

ALGORITMO GENÉTICO APLICADO NO ESCALONAMENTO DE TAREFAS EM AMBIENTES DISTRIBUIDOS HOMOGÊNEOS

FRANCISCO, F.S., FALCHETO, V. F., COUTINHO, B. C.



Ifes Colatina - Tecnólogo em Redes de Computadores - Av. Arino Gomes Leal - 1700 - Bairro Santa Margarida - 29.700-660 - Colatina - ES - bccout@ifes.edu.br

Resumo. Temos cada vez mais necessidade de economizar tempo, em computação não é diferente. Em cluster de computadores, temos de aperfeiçoar o sequenciamento de tarefas para que tenhamos um bom escalonamento, respeitando suas prioridades e ordem de execução. Escalonar diz respeito à alocação de recursos no tempo para executar um conjunto de tarefas, sendo o algoritmo genético uma boa alternativa frente às soluções exatas que demandam muito tempo computacional. O desenvolvimento deste projeto, baseia-se em problemas reais encontrados no Cluster Enterprise 1, localizado no Laboratório de Alto Desempenho da Universidade Federal do Estado do Espírito Santo, principalmente no contexto de concorrência por processadores de tarefas paralelas e sequenciais com tempos de duração diversificados e relacionados à diferentes usuários.

Palavras-chave: Algoritmos Genéticos, Escalonamento de Tarefas, Otimização Combinatória.

1. Introdução

O problema de escalonamento de tarefas em ambientes distribuídos tem sido amplamente estudado nos últimos anos graças ao paradigma: custo de implementação de arquitetura paralela e poder de processamento para aplicações pesadas, em termos computacionais. Este projeto está inserido no contexto de *Clusters* de Computadores, mais especificamente o *Cluster Enterprise* 1 do LCAD da UFES.

Um problema verificado neste ambiente é a forma como o gerenciador do sistema trata certas tarefas seriais, com tempos de execução maiores, e paralelas, com tempos de execução menores, em relação ao contexto global de aplicações no sistema distribuído, no qual as tarefas sequenciais são geralmente processadas primeiro, criando um gargalo muito grande na vazão do *Cluster*. Um melhor escalonamento destas tarefas, pode minimizar o tempo total de execução de todas as aplicações, permitindo uma maior satisfação dos usuários do sistema.

2. Algoritmos Genéticos

Os algoritmos genéticos baseiam-se em um processo evolutivo no qual o resultado é uma solução viável para o problema proposto, no caso, o escalonamento de tarefas em um ambiente distribuído homogêneo.

Nos algoritmos genéticos, soluções aleatórias, são criadas e submetidas aos operadores genéticos de seleção, *crossover* e mutação. Ao final de várias gerações, os resultados evoluem, com o objetivo de encontrar sequenciamentos ótimos ou próximos do ótimo para o escalonamento de tarefas no *cluster*.



3. Metodologia

Neste trabalho estamos desenvolvendo um algoritmo genético para escalonamento de tarefas em ambientes distribuídos homogêneos, baseado em artigos publicados por outros grupos de pesquisa do mundo. O mesmo está sendo testado e calibrado, utilizando-se instâncias com quantidades variadas de tarefas (com precedências entre elas) e processadores para avaliar seu desempenho em situações diversas com as quais um *cluster* real pode ser submetido. Na Figura 1 temos o exemplo de instância com 14 tarefas e suas relações de precedências. As setas horizontais servem para separar as alturas de cada nó, que serão utilizadas como premissa básica para a conformidade do algoritmo genético em relação à restrição de precedência entre as tarefas de uma aplicação.

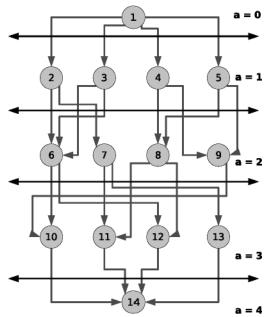


Figura 1: Exemplo gráfico de tarefas com precedência

4. Objetivos

Como objetivo principal deste trabalho temos a implementação de um algoritmo genético para o escalonamento de tarefas em ambiente distribuído homogêneo.

Como objetivos específicos temos:

- Estudo de Técnicas Heurísticas para resolução de problemas de otimização combinatória;
- Implementação de algoritmos evolutivos utilizando a biblioteca GALib em C++;
- Aplicação de algoritmos especializados em ambientes distribuídos reais.

5. Resultados

Espera-se com este projeto que consigamos maximizar a vazão de aplicações, paralelas ou sequencias, no Cluster Enterprise I da UFES.