Paralelizácia databázových dotazov v aplikácii MedSavant

Miroslav Cupák

Diplomová práca

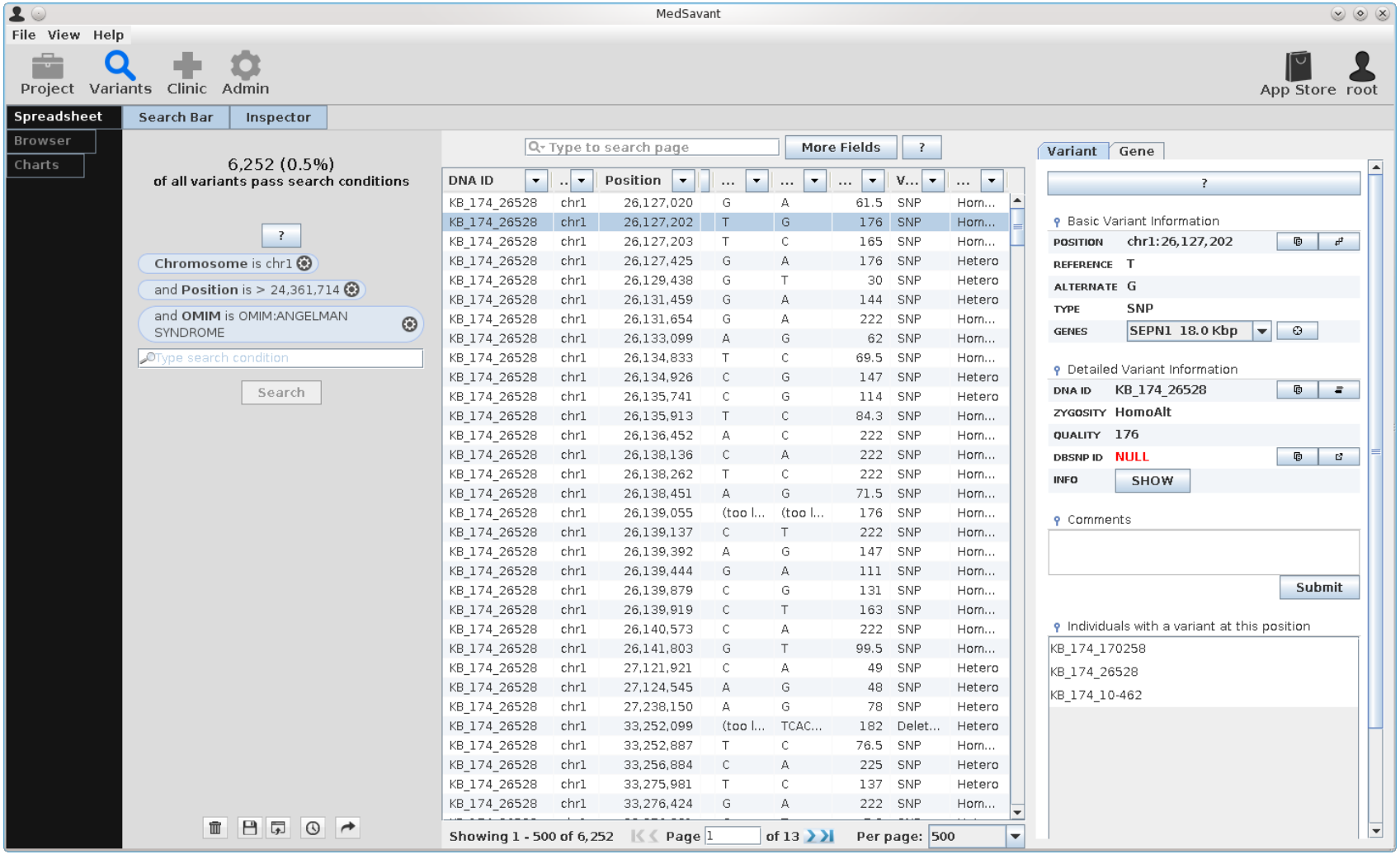
10. 2. 2014

Problém

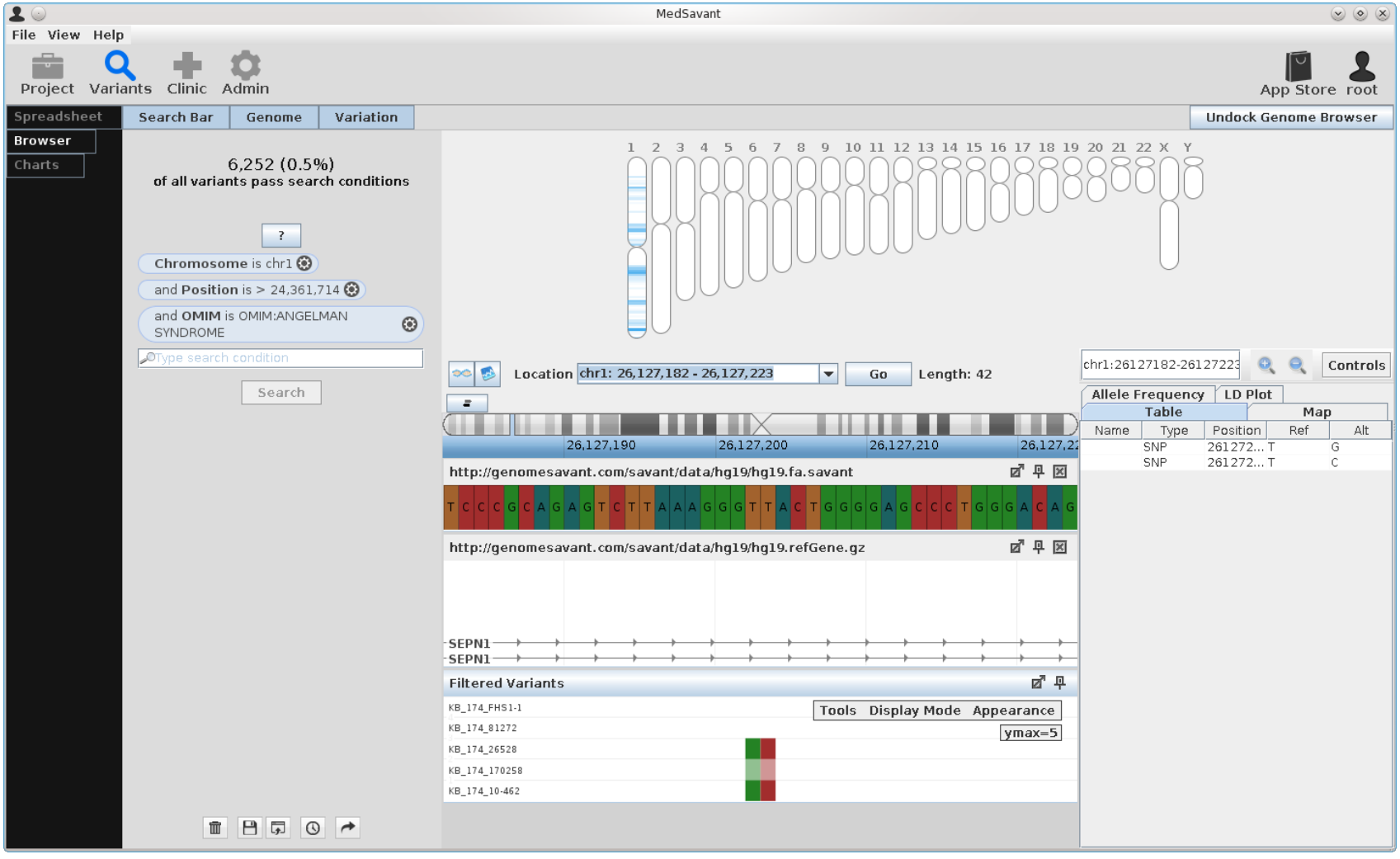
- aplikácia: vyhľadávač nad genetickými variáciami (MedSavant)
- problém: jednovláknové spracovanie dotazov v databáze (Infobright Community Edition)
- riešenie: paralelizácia spracovania databázových dotazov na úrovni aplikácie (sharding)
- cieľ: vyšší výkon a škálovateľnosť

- spolupráca: Centre for Computational Medicine (SickKids Research Institute) a Computational Biology Lab (University of Toronto)

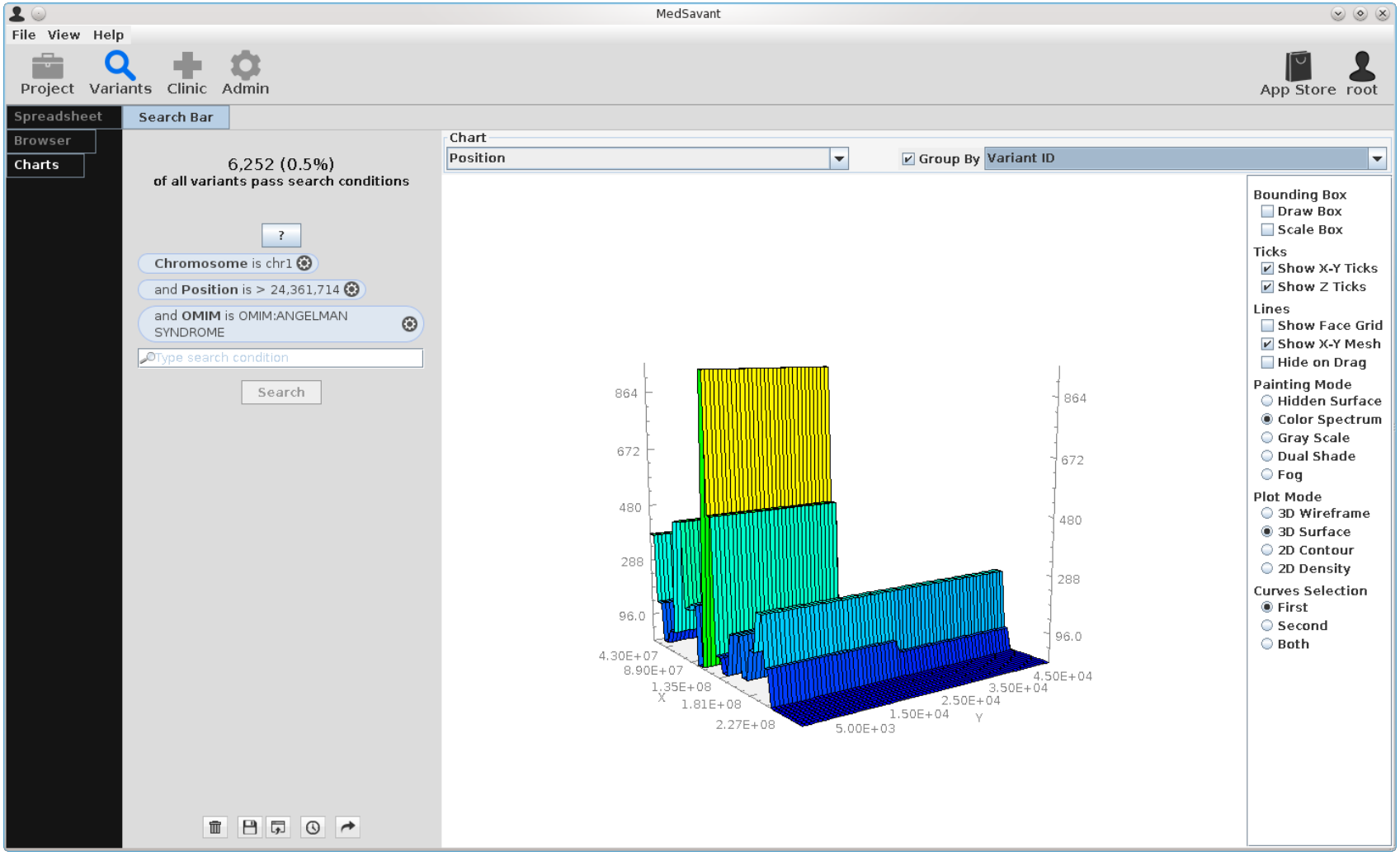
MedSavant


MedSavant
File View Help
Project Variants Clinic Admin
App Store root
Spreadsheet Search Bar Inspector
Browser
Charts
6,252 (0.5%)
of all variants pass search conditions
Chromosome is chr1
and Position is > 24,361,714
and OMIM is OMIM:ANGELMAN SYNDROME
Type search condition
Search
Type to search page
More Fields
DNA ID Position
Showing 1 - 500 of 6,252
Page 1 of 13
Per page: 500
Variant Gene
Basic Variant Information
POSITION chr1:26,127,202
REFERENCE T
ALTERNATE G
TYPE SNP
GENES SEPN1 18.0 Kbp
Detailed Variant Information
DNA ID KB_174_26528
ZYGOSITY HomoAlt
QUALITY 176
DBSNP ID NULL
INFO SHOW
Comments
Submit
Individuals with a variant at this position
KB_174_170258
KB_174_26528
KB_174_10-462

MedSavant


MedSavant
File View Help
Project Variants Clinic Admin
App Store root
Spreadsheet
Browser
Charts
Search Bar Genome Variation
Undock Genome Browser
6,252 (0.5%)
of all variants pass search conditions
?
Chromosome is chr1
and Position is > 24,361,714
and OMIM is OMIM:ANGELMAN SYNDROME
Type search condition
Search
1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 X Y
Location chr1: 26,127,182 - 26,127,223
Go
Length: 42
chr1:26127182-26127223
Controls
Allele Frequency
LD Plot
Table
Map
Name Type Position Ref Alt
SNP 261272... T G
SNP 261272... T C
26,127,190
26,127,200
26,127,210
http://genomesavant.com/savant/data/hg19/hg19.fa.savant
T C C C G C A G A G T C T T A A A G G G T T A C T G G G G A G C C C T G G G A C A G
http://genomesavant.com/savant/data/hg19/hg19.refGene.gz
SEPN1
SEPN1
Filtered Variants
Tools Display Mode Appearance
ymax=5
KB_174_FHS1-1
KB_174_81272
KB_174_26528
KB_174_170258
KB_174_10-462

MedSavant


MedSavant
File View Help
Project
Variants
Clinic
Admin
App Store
root
Spreadsheet
Browser
Charts
Search Bar
6,252 (0.5%)
of all variants pass search conditions
?
Chromosome is chr1
and Position is > 24,361,714
and OMIM is OMIM:ANGELMAN SYNDROME
Type search condition
Search
Chart
Position
Group By
Variant ID
Bounding Box
Draw Box
Scale Box
Ticks
Show X-Y Ticks
Show Z Ticks
Lines
Show Face Grid
Show X-Y Mesh
Hide on Drag
Painting Mode
Hidden Surface
Color Spectrum
Gray Scale
Dual Shade
Fog
Plot Mode
3D Wireframe
3D Surface
2D Contour
2D Density
Curves Selection
First
Second
Both
864
672
480
288
96.0
4.30E+07
8.90E+07
1.35E+08
1.81E+08
2.27E+08
X
5.00E+03
1.50E+04
2.50E+04
3.50E+04
4.50E+04
Y

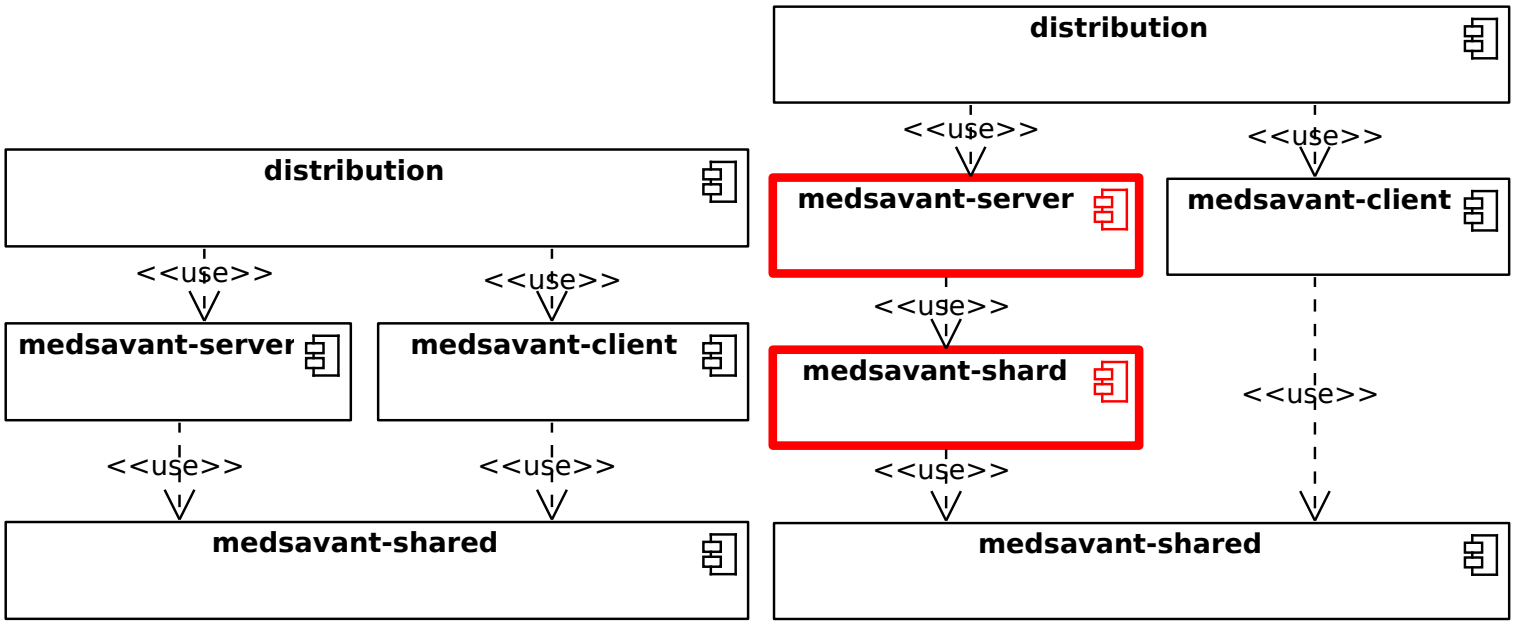
Sharding

- z angl. rozlomenie, rozbitie
- SHAReD-nothING architektúra
- horizontálne rozdelenie množiny dát na nezávislé servery
- distribúcia dotazov a agregácia výsledkov
- sharding stratégia

Požiadavky

- vyšší výkon pri spracovaní pomalých dotazov
- lepšia škálovateľnosť
- plná podpora ICE
- využitie viacerých výpočetných jednotiek zariadenia
- podpora dát rozložených na distribuované servery
- integrácia so serverom
- objektovo orientovaný prístup
- jednoduchá migrácia
- dobre merateľný a reprodukovateľný výkon

Modul



- 2 časti
  - všeobecný sharding rámec
  - sharding logika špecifická pre MedSavant

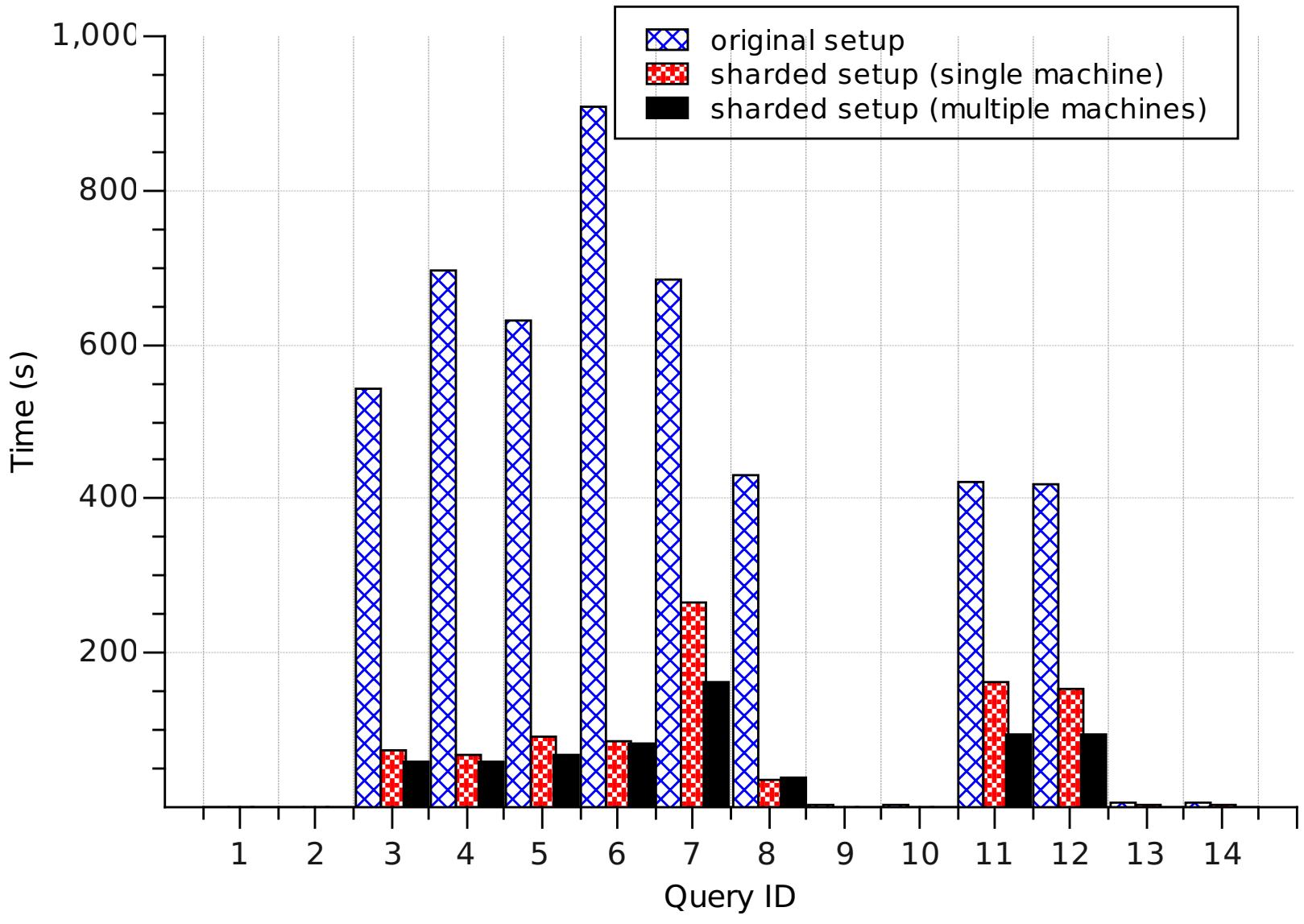
Spracovanie dotazov

- čítanie/zápis
  - rovnaký dotaz na všetky uzly/dotaz pre konkrétny uzol
  - 1 logická databáza/prístup ku konkrétnym uzlom
- fázy spracovania dotazu
  - vygenerovanie pôvodného dotazu v SQL
  - transformácia dotazu do distribuovaného prostredia
  - zaslanie dotazu na databázové servery
  - prijatie čiastkových výsledkov a ich agregácia
  - úprava výsledkov pre potreby aplikácie
- 2 sharding stratégie založené na pozícii v chromozóme
- ďalšie úlohy
  - správa spojení, konfigurácia, udržovanie mapovania...

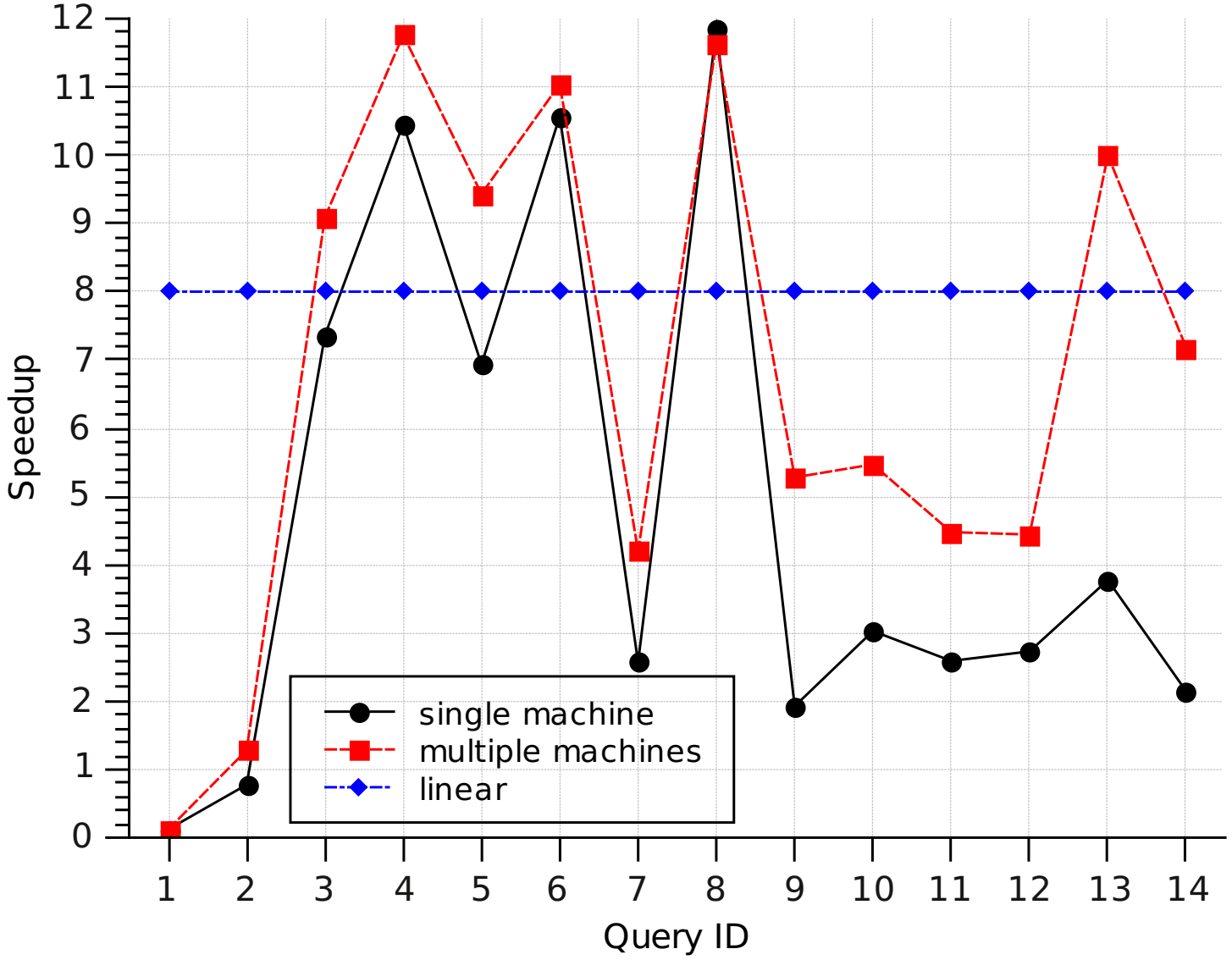
Merania

- 2 aspekty
  - zlepšenie výkonu
  - úspech sharding stratégie
- 2 databázy
  - DB_1: 134 958 340 variácií
  - DB_2: 1 378 423 987 variácií
- 2 konfigurácie
  - C_1: žiadna paralelizácia (1 databáza, pôvodná implementácia)
  - C_2: paralelizácia v rámci 1 stroja (1 server, 8 shards)
  - C_3: paralelizácia v distribuovanom prostredí (8 serverov, 8 shards)
- 14 základných dotazov (Q_1-Q_{14})

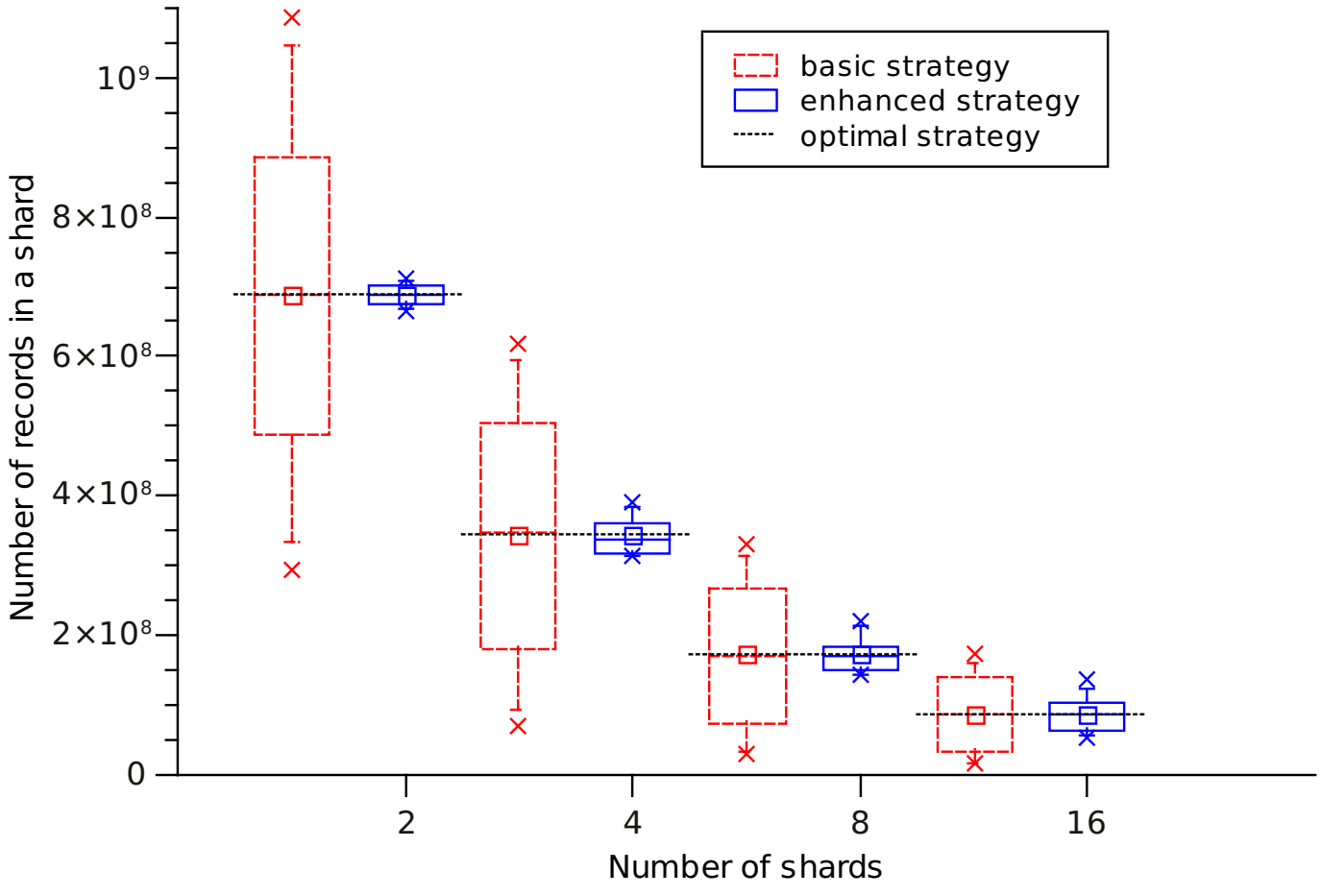
Čas spracovania (DB_2)



Zrýchlenie (DB_2)



Distribúcia dát (DB_2)



- relatívna smerodajná odchýlka 65.44+%, resp. 4.71+%

Zhrnutie

- vytvorenie sharding rámca, návrh sharding stratégie pre genetické dáta, plná integrácia s MedSavant
- riešenie spĺňa všetky požiadavky, predovšetkým:
  - vyšší výkon pri spracovaní pomalých dotazov (75+%)
  - dobrá škálovateľnosť (lineárna až superlineárna)
- od odovzdania práce:
  - spätná väzba od CCM
  - demo tento týždeň
  - plány na zaradenie funkcionality do produktu
  - vedecký článok
  - súvisiaci projekt: *sharding in the cloud*

Ďakujem.
Otázky?