BOINC + R: Executando rotinas de bioinformática em grades oportunistas

Rodrigo L. M. Flores flores@ime.usp.br

Instituto de Matemática e Estatística Universidade de São Paulo

16 de novembro de 2009

BOINC + R: Executando rotinas de bioinformática em grades oportunistas

Rodrigo L. M. Flores flores@ime.usp. br

Introdução

Ferramentas utilizadas

Discussão e esultados



Introdução

Ferramentas utilizadas

Discussão e resultados

Conclusão

BOINC + R:

Executando rotinas de bioinformática em grades oportunistas

Flores flores@ime.usp.

Bioinformática

- Aplicação de técnicas computacionais e matemáticas para geração, gerenciamento e análise de bioinformação
- Análise de expressão de genes de dados, Clustering
- Algoritmos combinatórios e custosos

BOINC + R: Executando rotinas de bioinformática em grades oportunistas

Rodrigo L. M. Flores flores@ime.usp. br

Introdução Ferramentas

utilizadas

Discussão e resultados

..............

Computação em grade

- Clusters dedicados: caros e específicos;
- Computadores pessoais em um laboratório ociosos na maior parte do tempo
- ▶ Não há necessidade de se comprar novos equipamentos

BOINC + R: Executando rotinas de bioinformática em grades oportunistas

Rodrigo L. M. Flores flores@ime.usp. br

Introdução

Ferramentas utilizadas

> Discussão e resultados

> > -------



Computação voluntária

- Slogan: "Doe seus ciclos de CPU para um projeto";
- Normalmente projetos com apelo "humanitário" (pesquisas de enovelamento de proteínas, malária, descoberta de vida extraterrestre, resolução de instâncias grandes do N-Rainhas, etc);
- Computação em grade cuja rede em comum é a Internet;
- Vontade de entrar na grade é do dono do computador;
- ▶ É possível configurar para que os ciclos de CPU sejam doados se o computador estiver ocioso, se estiver funcionando na energia elétrica, ou programar perfis diferentes em horários ou dias da semana
- Exemplos de projetos: SETI@HOME, Folding@Home, N Queens At Home, World Community Grid
- Projetos consolidados e funcionando a anos

BOINC + R: Executando rotinas de bioinformática em grades oportunistas

> Rodrigo L. M. Flores flores@ime.usp. br

Introdução Ferramentas

utilizadas

Discussão e resultados



Uso de computação voluntária como uma grade

- Baseado no artigo [GGdVS08]
- Computadores são de uma empresa ou instituição, e a decisão de como eles devem ser utilizados, não são apenas mas sim de uma instituição
- Utilização de uma rede de laboratórios para isto
- Possibilidade de executar projetos próprios ou projetos já existentes

BOINC + R: Executando rotinas de bioinformática em grades oportunistas

Rodrigo L. M. Flores flores@ime.usp. br

Introdução

Ferramentas utilizadas

Discussão e

onelucão.



BOINC



- ► Um produto do projeto SETI@HOME (que infelizmente falhou em achar vida inteligente fora da terra)
- Middleware que possui suporte a vários projetos
- Software Livre (tanto no servidor como no cliente)

BOINC + R: Executando rotinas de bioinformática em grades oportunistas

Rodrigo L. M. Flores flores@ime.usp. br

Introdução

Ferramentas utilizadas

> Discussão e resultados





- Linguagem de programação interpretada, baseada na linguagem S e com enfoque estatístico
- Muito utilizada na área de bioinformática
- Possibilidade de se compartilhar módulos (há mais de mil pacotes disponíveis para download)

BOINC + R: Executando rotinas de bioinformática em grades oportunistas

Rodrigo L. M. Flores flores@ime.usp. br

Introdução

Ferramentas utilizadas

> Discussão e resultados



Hardware

Servidor

- ► Hardware: AMD Athlon X2 4600+, 4GB de RAM
- Sistema Debian GNU/Linux
- ▶ BOINC Server versão 6.7.0

Clientes

- ▶ 1 máquina Windows
- 3 máquinas Linux
- Em processo de expansão (rede em "reforma")

BOINC + R: Executando rotinas de bioinformática em grades oportunistas

Rodrigo L. M. Flores flores@ime.usp. br

Introdução

Ferramentas utilizadas

> Discussão e resultados



Aplicações Legadas

Aplicações legadas

- Aplicações já compiladas
- Não há a necessidade de conhecer ou alterar o código
- Uso do wrapper

Wrapper

- Programa feito com a API do Boinc que lê um XML (chamado job.xml) com informações de como executar um executável
- Disponível para Linux e Windows

BOINC + R: Executando rotinas de bioinformática em grades oportunistas

Rodrigo L. M. Flores flores@ime.usp. br

Introdução Ferramentas

utilizadas

Discussão e resultados



Wrapper



BOINC + R:

Executando rotinas de bioinformática em grades oportunistas

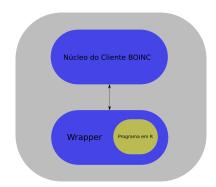
Rodrigo L. M. Flores flores@ime.usp br

Introdução

Ferramentas utilizadas

Discussão e resultados

Wrapper



BOINC + R:

Executando rotinas de bioinformática em grades oportunistas

Rodrigo L. M. Flores flores@ime.usp br

Introdução

Ferramentas utilizadas

Discussão e

Implementações da solução

Sistema Linux

- Processo simples de compilação (via makefile)
- Possibilidade de usar o truque do shebang e usar o script como binário

Sistema Windows

- Processo de compilação mais complexo (via Microsoft Visual C++)
- Configuração de compilação do wrapper com problema
- Uso do interpretador como binário
- Pequenas dificuldades relacionadas ao sistema

BOINC + R: Executando rotinas de bioinformática em grades oportunistas

Rodrigo L. M. Flores flores@ime.usp. br

Introdução Ferramentas

utilizadas

Discussão e resultados



Instalação na rede do CEC

- ► Instalação simples no sistema Linux e no Windows
- Reforma na rede do CEC
- No momento 3 máquinas Linux e 1 máquina Windows instalada
- Instalação não finalizada (mas em andamento)

BOINC + R: Executando rotinas de bioinformática

executando rotinas de bioinformática em grades oportunistas

Rodrigo L. M. Flores flores@ime.usp. br

Introdução

utilizadas

Discussão e resultados

onelucão.

Vantagens e desvantagens

Vantagens

- Facilidade de se adicionar novos nós;
- Processamento multiplataforma;
- Código aberto;
- Usuário não percebe que há uma tarefa executando;
- Solução funciona para qualquer linguagem de script;
- Solução boa para muitos workunits que gastam pouco tempo.

Desvantagens

- Necessidade de se ter o R instalado;
- Não há checkpoint;

BOINC + R: Executando rotinas de bioinformática em grades oportunistas

Rodrigo L. M. Flores flores@ime.usp. br

Introdução

Ferramentas utilizadas

Discussão e resultados



Conclusões

- Solução funciona;
- Único computador inutilizado foi o servidor;
- Custo baixo;
- Facilidade de instalação e configuração;
- Dificuldade do uso do Wrapper e mensagens de erro pouco amigáveis

BOINC + R: Executando rotinas de bioinformática em grades oportunistas

Rodrigo L. M. Flores flores@ime.usp. br

Introdução

Ferramentas utilizadas

> Discussão e resultados



Próximos passos

- Benchmark da grade e comparação com a grade com o mesmo propósito descrita no artigo [RAD09]
- Tentar o uso da GPU para aumentar o processamento;
- Comparação com o gasto energético deste tipo de grade com o gasto de processamento de uma grade "alugada";
- Analisar o desempenho dos dois sistemas utilizados
- Escrita de um artigo para ficar disponível na webpage do BOINC como alternativa da computação em grade;
- ► Uso de máquinas virtuais
- Disponibilizar a grade para submissões da comunidade científica;

BOINC + R: Executando rotinas de bioinformática em grades oportunistas

Rodrigo L. M. Flores flores@ime.usp. br

Ferramentas

utilizadas

Discussão e esultados



Agradecimentos

- CNPq
- Prof. Dr. Roberto Hirata Jr.
- Prof. Dr. Alfredo Goldman
- Prof. Dr. Roberto Marcondes
- Rodrigo Assirati Dias
- ► Rodrigo Bernardo Pimentel
- Nicolás Alvarez e Yoyo (desenvolvedores do BOINC)
- Gislaine Olivi e Janio Matsuura (administradores do CEC)

BOINC + R: Executando rotinas de bioinformática em grades oportunistas

Rodrigo L. M. Flores flores@ime.usp. br

Introdução

Ferramentas utilizadas

> Discussão e resultados



Referências

- D.L. Gonzalez, G.G. Gil, F.F. de Vega, and B. Segal, Centralized boinc resources manager for institutional networks, April 2008, pp. 1–8.
- Roberto Hirata Jr. Rodrigo A. Dias, *Middle-r a user level middleware for statistical computing*, VII Workshop on Grid Computing and Applications Recife, Pernambuco Brazil (2009).

BOINC + R: Executando rotinas de bioinformática em grades oportunistas

Rodrigo L. M. Flores flores@ime.usp. br

Introdução

Ferramentas utilizadas

> Discussão e resultados