

VERS UN OUTIL PEER-TO-PEER ORIENTÉ CALCUL INTENSIF

Nabil
Abdennadher

UNIVERSITÉ DES
SCIENCES APPLIQUÉES
SUISSE OCCIDENTALE
ÉCOLE D'INGÉNIEURS DE
GENÈVE



abdennad@eig.unige.ch

Régis Boesch

UNIVERSITÉ DES
SCIENCES APPLIQUÉES
SUISSE OCCIDENTALE
ÉCOLE D'INGÉNIEURS DE
GENÈVE

rboesch@eig.unige.ch

INTRODUCTION

Le développement des réseaux haut débit et la disponibilité de ressources informatiques faiblement utilisées sur Internet laissent penser qu'il est tout à fait possible de construire un gigantesque ordinateur virtuel permettant un accès homogène et transparent à ces ressources.

L'objectif des systèmes Peer-To-Peer (P2P) est de faire collaborer des milliers d'ordinateurs pour exécuter un service donné: échange de données [1], [2], exécution d'une application de calcul intensif^{c,d,e,f}, etc.

Cet article présente une plate-forme P2P appelée XtremWeb-CH (XW-CH^b), développée à l'École d'Ingénieurs de Genève (EIG). XW-CH est une amélioration de l'environnement XtremWeb, développé à l'Université d'Orsay (Paris, France). XW-CH est utilisé pour exécuter des applications distribuées de haute performance sur des ordinateurs anonymes connectés à Internet.

Ce papier est organisé comme suit. La prochaine section présente l'environnement XW tel que développé par l'Université d'Orsay. Le paragraphe XtremWeb-CH présente l'environnement XW-CH et les améliorations qu'il apporte par rapport à XW. Enfin, le déploiement de XW-CH est détaillé en dernière section.

XTREMWEB

XtremWeb [3] est un environnement de calcul P2P orienté hautes performances. Il permet à des centres de recherche, des universités et des industriels d'installer et d'utiliser leur propre système de calcul P2P pour leurs travaux de recherche ou pour la production de calcul. XW^a est une plate-forme généraliste: à la différence de projets tels que SETI@HOME^c, XW n'est pas dédié à une application particulière, mais peut supporter toute application proposée par l'utilisateur. L'architecture générale d'XtremWeb est centralisée (fig. 1): un serveur organise les calculs sur des machines distantes anonymes appelées *workers*.

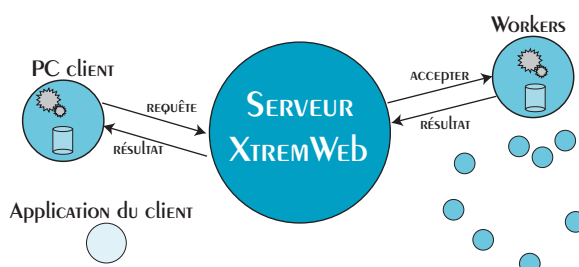


fig. 1 – ARCHITECTURE DE XTREMWEB

À la demande d'un client qui désire exécuter son application, le serveur XW l'affecte à un *worker* en lui transmettant son code et ses données d'entrée. À la réception des résultats, le serveur XW les renvoie au client. Dans sa version originale, XW supporte des applications mono-module (par opposition aux applications distribuées multi-modules).

XTREMWEB-CH

XtremWeb-CH est une version améliorée de XtremWeb. Cet environnement permet l'exécution d'applications parallèles/distribuées composées de modules communicants. L'application est décrite par un graphe **flux de données** où les nœuds sont les modules de traitement et les liens inter-nœuds

LES LIENS

^a XW
www.xtremweb.net

^b XW-CH
www.xtremwebch.net

^c SETI@HOME

setiathome.ssl.berkeley.edu

^d ENTROPIA™

www.entropia.com

^e UNITED DEVICE™

www.ud.com/home.htm

^f PARABON
COMPUTATION™

www.parabon.com

^g PHYLIP
evolution.genetics.washington.edu/phylip.html

SUR LE WEB

dit.epfl.ch/publications-spi/article.php3?id_article=914

août 2005

LUN. MAR. MER. JEU. VEN. SAM. DIM.
1 2 3 4 5 6 7
8 9 10 11 12 13 14
15 16 17 18 19 20 21
22 23 24 25 26 27 28
29 30 31

fi SPÉCIAL ÉTÉ
ALTERIT
PAGE 51

représentent les échanges de données entre ces modules. Le graphe **flux de données** est représenté par un fichier XML qui décrit les modules et les données échangées.

Un module n'est affecté à un *worker* que si ses données d'entrées sont disponibles. Une donnée est dite disponible si elle a été générée par un module précédent. Initialement, la seule donnée d'entrée disponible est celle qui est fournie par l'utilisateur pour exécuter le (ou les) premier(s) module(s). Les différents modules de l'application (à l'exception du premier) sont initialement *bloqués*: ils ne peuvent être exécutés puisque leurs données d'entrée ne sont pas disponibles.

A la fin de l'exécution d'un module par un *worker*, celui-ci informe le serveur. Un processus particulier de *XW-CH*, appelé *espion*, parcourt alors tous les modules bloqués pour débloquer ceux dont les données d'entrée sont maintenant disponibles. Le processus ordonnanceur de *XW-CH* se charge alors de les affecter à des *workers* libres.

La communication entre les modules se fait directement entre les *workers* exécutant ces modules (sans passer par le serveur). Cette nouvelle fonctionnalité est une extension de *XW-CH* par rapport à *XW*. En effet, dans *XW* les communications entre *workers* ne peuvent avoir lieu que via le serveur. Ce dernier se trouve alors déchargé des tâches de communication. *XW-CH* s'approche donc davantage du concept P2P: les nœuds ont les mêmes fonctions, le même *pouvoir*. L'architecture de *XW-CH* est donc partiellement décentralisée par rapport à celle de *XW*.

Lorsqu'un *worker* finit son exécution, il stocke ses résultats dans un fichier temporaire et envoie un signal au serveur *XW-CH* lui indiquant la fin normale de son exécution et l'emplacement du fichier résultat: adresse IP et répertoire. Lorsque le serveur *XW-CH* affecte les modules nouvellement débloqués à des *workers* libres, il leur envoie aussi l'emplacement de leur donnée d'entrée. Le transfert des données se fait donc directement entre *workers*. Dans le cas où l'un des *workers* est protégé (adresse interne, pare-feu, etc.), la communication directe ne peut avoir lieu. L'échange de données se fait alors via une machine relais.

DÉPLOIEMENT DE XTREMWEB-CH

Aujourd'hui, le serveur de *XW-CH* tourne sous Linux alors que les *workers* tournent sous les systèmes Linux, Windows et SunOS. La plate-forme expérimentale de *XW-CH* est constituée de 100 machines installées à l'EIG. Celles-ci sont très hétérogènes: Pentium 2, 3 et 4. Il est possible de charger et installer le module *worker* à partir de l'URL: <http://www.xtremwebch.net/xtremweb.php>. La plate-forme expérimentale actuelle est utilisée dans le cas concret d'une application de génération d'arbres phylogénétiques.

La phylogénétique est la science qui permet de reconstruire les relations de parenté entre organismes vivants à partir de leurs séquences ADN. Un arbre phylogénétique (appelé aussi arbre de vie) est alors construit pour montrer les liens de parenté entre les espèces. L'arbre phylogénétique montre la succession chronologique de l'apparition de nouvelles espèces (et/ou de nouveaux caractères) au cours du temps ainsi que leurs relations de parenté (fig. 2).

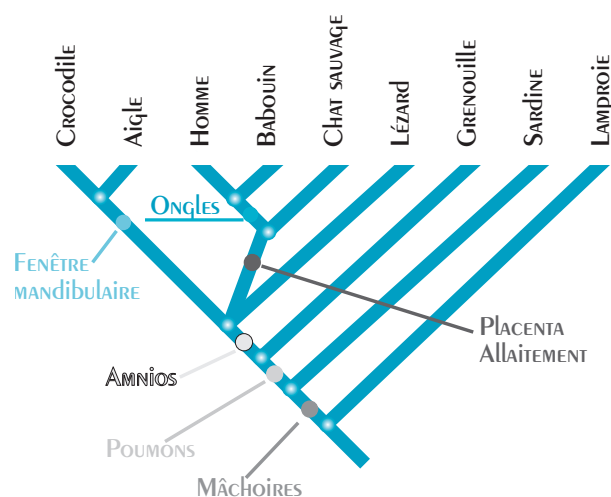


fig. 2 – EXEMPLE D'ARBRE PHYLOGÉNÉTIQUE

La reconstruction de l'arbre de vie est particulièrement utile dans le cas des virus ARN (*Acide Ribo Nucléique*) tels que le HIV (*Human Immunodeficiency Virus*) connu sous le nom de sida, le HCV (*Hepatitis C Virus*), etc. Dans le cas du HIV, l'identification des mutations associées à la résistance du virus est cliniquement importante. L'analyse de la diversité du HIV fournit de précieuses informations quant à sa propagation à partir de son lieu.

Dans le cas du HIV ou du HCV, la génération d'un arbre de vie peut s'avérer lente. En effet, ces virus se distinguent (des autres virus) par le manque de fidélité de leur *processus de réplication*. Ceci se traduit, inévitablement, par un nombre important de séquences correspondant à la même famille de virus.

Le laboratoire de virologie de l'Hôpital Universitaire de Genève (HUG) travaille depuis plusieurs années sur les stades précoces de l'infection HIV. Pour générer ses arbres phylogénétiques, ce laboratoire utilise une application appelée *PHYLIP* (logiciel libre) ⁸. Plusieurs méthodes de reconstitution d'arbres phylogénétiques sont supportées par *PHYLIP*. Dans certains cas, la lenteur de traitement de *PHYLIP* empêche les chercheurs de lancer de gros calcul pour approfondir leurs analyses. Cette lenteur est fonction de la méthode employée et du nombre de séquences (en entrée de l'application). Le temps de réponse des applications de reconstitution des arbres phylogénétiques reste donc un problème ouvert dans le cas où le nombre de séquences analysées est important (cas des virus HIV).

Le portage de *PHYLIP* sur *XW-CH* vise donc à réduire le temps de réponse de cette application lorsque la taille de l'arbre est importante (nombre important de séquences). L'objectif est de fournir aux chercheurs du Laboratoire de virologie une puissance de calcul dont les coûts de maintenance et d'exploitation sont quasiment nuls.

Conclusion

Les premiers tests effectués avec *XW-CH* ont permis de valider les choix retenus lors des phases de conception et de développement: modélisation de l'application distribuée, communication directe entre *workers*, etc.

D'autres travaux sont en cours pour:

- valider *XW-CH* dans le cas concret d'autres applications parallèles/distribuées notamment dans le domaine des télécommunications;
- résoudre les problèmes de sécurité liés à l'asymétrie du réseau Internet;
- générer de manière automatique la granularité de l'application en fonction du nombre de *workers* disponibles;
- concevoir une version multiserveur permettant la communication interserveur et l'équilibrage de charges.

Bibliographie

- [1] **Kan G.**, *Peer-to-Peer: harnessing the power of disruptive technologies*, Chapter Gnutella, O'Reilly, Mars 2001.
- [2] **Ian Clarke**. *A Distributed Decentralised Information Storage and Retrieval System*. Division of Informatics. Univ. of Edinburgh. 1999. <http://freenet.sourceforge.net>
- [3] **Franck Cappello et al.** *Computing on Large Scale Distributed Systems: XtremWeb Architecture, Programming Models, Security, Tests and Convergence with Grid*. In Future Generation Computer Science (FGCS), 2004. ■