



|                   |  |
|-------------------|--|
| <b>Evento</b>     | Salão UFRGS 2015: SIC - XXVII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS |
| <b>Ano</b>        | 2015   |
| <b>Local</b>      | Porto Alegre - RS  |
| <b>Título</b>     | Análise de desempenho via comparação de rastros                      |
| <b>Autor</b>      | ALEF FARAH   |
| <b>Orientador</b> | LUCAS MELLO SCHNORR  |

# Análise de desempenho via comparação de rastros

Alef Farah (bolsista), Lucas Mello Schnorr (orientador)

Instituto de Informática – Universidade Federal do Rio Grande do Sul

A análise de desempenho de aplicações paralelas apresenta desafios ausentes na de aplicações sequenciais, à medida em que deseja-se avaliar diversos fluxos de execução simultaneamente. Fatores que adicionam complexidade à análise incluem a interconexão de unidades de processamento em topologias complexas, em redes com tráfego possivelmente compartilhado, bem como o uso de diferentes ferramentas e escalonadores de recursos. Uma das abordagens para realizar tal diagnóstico consiste no rastreamento da execução da aplicação e na posterior análise de seus rastros de execução.

Como na análise de aplicações sequenciais, é desejável a comparação de diferentes versões ou execuções de uma mesma aplicação paralela. Dentro da análise de rastros de execução é, portanto, necessário realizar a comparação dos mesmos. Porém, à medida em que estes aumentam em tamanho e complexidade, a comparação manual torna-se ineficiente e até mesmo impraticável. Portanto, observa-se a necessidade de uma comparação automática.

Para enfrentar os diversos desafios apresentados pela complexidade de tal comparação, os autores buscaram na literatura as estratégias desenvolvidas até então, estudando-as na busca de melhorias e implementando-as verificando sua validade. No trabalho descrito neste resumo foi estudada a estratégia de alinhamento global de sequências. A estratégia consiste na comparação par-a-par dos eventos de dois rastros afim de alinhar regiões semelhantes. Realça-se tais regiões ao usuário, permitindo-o identificar facilmente porções comparáveis. Tal técnica é a mesma utilizada na comparação de sequências genéticas.

Realizada uma implementação própria da técnica supracitada procura-se diferenciar-se de trabalhos anteriores. Para tal, os autores estudam diferentes formas de apresentar os resultados da comparação ao usuário, utilizando técnicas de agregação de dados, bem como métodos de comparação diferenciados, como um alinhamento semi-global das sequências. Adicionalmente, a ferramenta desenvolvida pelos autores é de código aberto e livre, diferente de implementações anteriores.

No que diz respeito à viabilidade da implementação, primeiramente foram realizados testes de desempenho com rastros artificiais, e posteriormente com rastros de aplicações reais. Apesar de um estudo mais aprofundado ser necessário, os tempos de execução foram considerados aceitáveis, ficando próximos dos obtidos por trabalhos anteriores para aplicações de médio porte.

Tais resultados permitem pensar no desenvolvimento de uma ferramenta escalável ao tamanho de rastros de aplicações maiores. A continuação do trabalho resume-se em uma análise crítica das alternativas sugeridas até então, bem como na realização de testes com aplicações de larga escala, e a constante busca por melhora no desempenho.