IRISA
Institut de recherche en informatique et systèmes aléatoires

VALORIA

ReMIX

Mémoire Reconfigurable pour l'Indexation de Masses de Données

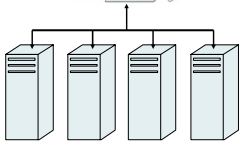
L. Amsaleg[3], F. Charot[2], S. Derrien[2], G. Georges[1], D. Lavenier[1], P-F. Marteau[4], G. Ménier[4], E. Popovici[4], F. Raimbault[4], S. Rubini[1].

Laboratoires : IRISA (Symbiose[1], R2D2[2], TEXMEX[3]) - VALORIA (APRIM[4])

Plate-forme matérielle

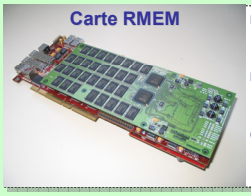
Cluster ReMIX

Nœud Frontal
Pentium IV 3.6GHz,
Disque dur 500Go,
4Go RAM



Nœuds de traitement
Pentium IV 3.4GHz,
Disque dur 320Go,
2Go RAM
2 cartes RMEM

Carte RMEM



FPGAs :
- Xilinx Virtex-II Pro 2VP30
- 2 Xilinx Spartan3 3S1000

Mémoire :
- 64 Go de Flash
- 128 Mo DDR SDRam

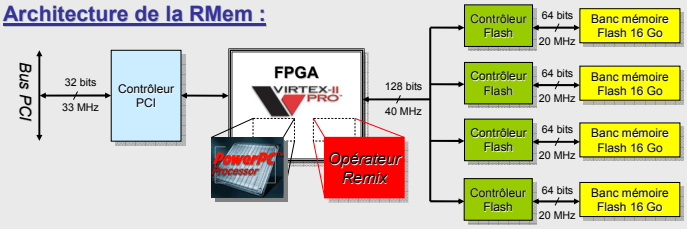
Communication :
- PCI 32 bits / 33 MHz
- UART RS232

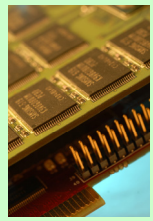
L'ACI ReMIX propose l'élaboration d'une mémoire spécialisée de très grande taille, dans le but d'accélérer la recherche d'informations dans des bases de données indexées. Une architecture matérielle dédiée a été développée. Trois champs disciplinaires représentatifs serviront de support pour valider cette proposition : la génomique, la recherche d'images par le contenu et la recherche documentaire basée sur les textes et leurs structures.

Caractéristiques :

✓Cluster de 5 PCs dont 4 nœuds de traitement et un nœud frontal. Chaque nœud de traitement est doté de 2 cartes mémoires reconfigurables (RMem) de 64Go, portant la mémoire d'index globale à 512Go.
✓ Index distribués sur 8 supports physique indépendants.
✓ Technologie mémoire « Flash Nand » : latence d'accès en 200 à 500 fois inférieure à un disque dur.
✓ Bande passante agrégée en sortie de mémoire est d'environ 5Go/s.
✓Implantation d'opérateurs matériels reconfigurables, dans un FPGA, permettant un traitement/filtrage efficace des données en sortie de la mémoire.
✓ Système de fichiers dédié à la gestion bancs mémoires Flash.
✓ Environnement de programmation de haut niveau parallélisant les traitements au niveau du cluster.

Architecture de la RMem :





Recherche par le contenu dans les bases de séquences génomiques

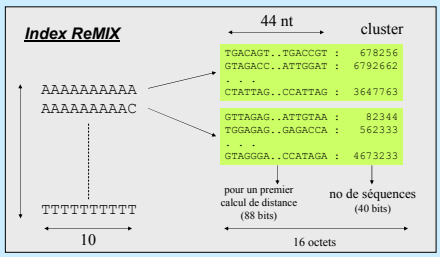
✓ **Objectif** : Indexation du programme BLAST sur ReMIX.

✓ **BLAST** (*Basic Local Alignment Search Tool*) : Programme le plus utilisé en biologie moléculaire pour la recherche d'alignement entre des séquences génomiques.
✓ **Temps de calcul** proportionnel à la taille des bases de données qui double tous les 14 mois.

✓ **Heuristique** : Dans un alignement les 2 séquences partagent au moins W caractères.

```
Banque
    tggcggatggcacgaccgagactggcgataacgattga
              |  |||||||||||||    |
Requête       gttgagaccgagactggccgga      W=4
```

✓ **Principe de BLAST** : Indexation de la séquence requête, et parcourt de toute la banque génomique.
=> Temps de calcul limité par le débit des données.
✓ **Indexation sur ReMIX (iBLAST)** : Indexation de la banque et parcourt de la requête.



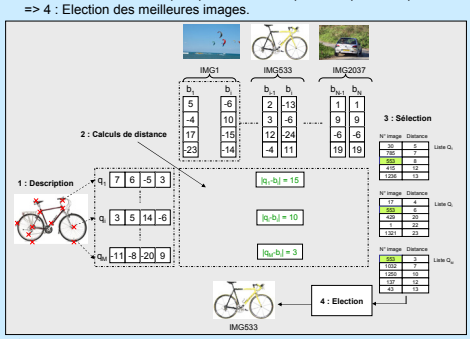
✓ **Opération implémentée sur FPGA :** Calcul d'alignement sur le voisinage de la clé d'index.

Recherche par le contenu dans des banques d'images

✓ **Objectif** : Retrouver une image éventuellement modifiée dans une banque d'images protégées par le copyright.
✓ 94% du chiffre d'affaire généré par le marché de la distribution de photos à usage professionnel (plus de 1600M Euros) est lié au copyright.
=> Importance de la vérification du respect du copyright.

✓ **Recherche par le contenu** : basée sur la présence de similitudes visuelles entre l'image piratée et l'image originale.
✓ **Nécessité** d'être robuste aux altérations éventuellement sévères.
✓ Une image est définie par des descripteurs locaux de 24 dimensions : 50 à 1000 descripteurs par image.
✓ Description d'une image (base ou requête) par détection automatique des points d'intérêts (Harris), puis traitement du signal autour de chaque point (convolution, dérivation, mélange spécifique).

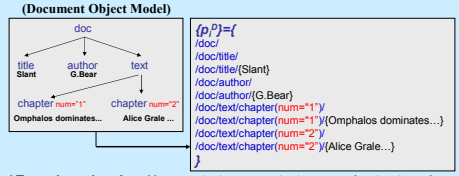
✓ **Processus de recherche :**
=> 1 : Description de l'image requête,
=> 2 : Interrogation de la base pour chaque descripteur,
=> 3 : Sélection, liste de plus proches voisins pour chaque descripteur,
=> 4 : Election des meilleures images.



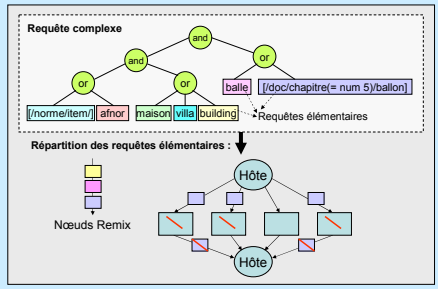
✓ **Opération implémentée sur FPGA :** Calcul de distance euclidienne entre descripteurs multidimensionnels.

Recherche approchée d'information dans des bases de documents semi-structurés

✓ **Objectif :** Indexation et interrogation de bases de documents semi-structurés de taille de l'ordre de 50 à 100 Go.
✓ **Documents** représentés sous la forme d'une arbre DOM, assimilable à un ensemble de chemins $\{P_i^D\}$.



✓ **Type de recherche** : Hors contexte, en contexte ou sur la structure des documents.
✓ **Requêtes complexes** fragmentées en requêtes élémentaires réparties sur les nœuds ReMIX.
✓ **Opérations assemblistes** et création du résultat réalisés sur l'hôte.



✓ **Opération à implémenter sur FPGA :** Calcul de distance entre deux chemins (Distance d'édition de Levenstein).

Publications

Conférences internationales

E. Popovici, G. Ménier, P-F. Marteau, SIRIUS: A Lightweight XML Indexing and Approximate Search System at INEX 2005, Advances in XML Information Retrieval and Evaluation: Fourth Workshop of the INitiative for the Evaluation of XML Retrieval (INEX 2005), Duisburg, Germany, Lecture Notes in Computer Science, vol.3977, 2006.
D. Lavenier, L. Xinchun, G. Georges, Seed-based Genomic Sequence Comparison using a FPGA/FLASH Accelerator, *International IEEE Conference on Field Programmable Technology (FPT)*, Bangkok, Thailand, 2006
Van Hoa Nguyen, D. Lavenier, Recherche dans les banques d'ADN par indexation parallèle, *4th International Conference on research, innovation & vision for the future*, Ho Chi Minh Ville, Vietnam, 2006
E. Popovici, G. Ménier, P-F. Marteau, Information Retrieval of Sequential Data in Heterogeneous XML Databases, Adaptive Multimedia Retrieval: User, Context, and Feedback: Third International Workshop, LNCS 3877, AMR 2005, Glasgow, UK , 2005.
G. Ménier, P-F. Marteau, A. Azarian, PARTAGE: Software Prototype for Dynamic Management of Document and Data, 18th International Conference on Software and Systems Engineering and their Applications, Paris, 2005.
S.-A. Berrani, L. Amsaleg, P. Gros, Robust Content-Based Image Searches for Copyright Protection. Proc. of the ACM International Workshop on Multimedia Databases, pages 70--77, New Orleans, Louisiana, USA, November 2003.
S.-A. Berrani, L. Amsaleg, P. Gros, Approximate Searches: k-Neighbors + Precision. Proc. of the 12th ACM International Conference on Information and Knowledge Management, pages 24--31, New Orleans, Louisiana, USA, November 2003.

Conférences nationales

E. Popovici, G. Ménier, P-F. Marteau, Recherche approchée d'information dans une base de documents semi-structurés, 3ème Conférence en Recherche d'Informations et Applications (CORIA'06), Lyon, France, 2006.
E. Popovici, G. Ménier, P-F. Marteau, Recherche approchée d'information dans une base de documents semi-structurés : une application ReMIX, Panorama des Recherches Incitatives en STIC (PaRISTIC), LaBRI, Bordeaux, France, 2005.
G. Georges, S. Derrien, S. Rubini, F. Raimbault, L. Amsaleg, D. Lavenier, ReMIX : une architecture pour la recherche dans les masses, *Sympa 2006, Symposium en Architecture de Machines*, Perpignan, France, 2006
N. Ben Zacour, R. Bouville, D. Lavenier, M. Gauthier, Y. Leloir, Utilisation de l'indexation de séquences et du calcul thermodynamique pour optimiser la spécificité des oligonucléotides, JOBIM 2005, Journées Ouvertes Biologie, Informatique et Mathématique, Lyon, juillet 2005.
E. Popovici, G. Ménier, P-F. Marteau, D-Pilgrim : une base relationnelle/documentaire mobile, 15ème journée francophone d'ingénierie des connaissances (IC'2004), Lyon, France, 2004

Contacts :

Dominique LAVENIER
IRISA
Campus de Beaulieu
35042 Rennes Cedex
Tel : (33) 2 99 84 72 17
Email : lavenier@irisa.fr

Gilles GEORGES
IRISA
Campus de Beaulieu
35042 Rennes Cedex
Tel : (33) 2 99 84 73 21
Email : georges@irisa.fr

http://www.irisa.fr/remix

Action Incitative Masse de Données

CENTRE NATIONAL DE LA RECHERCHE SCIENTIFIQUE

ministère délégué recherche et nouvelles technologies

DGA

INRIA