D-045

MapReduce 上の編集距離結合における２段階ハッシュ分割技法の効果

Effects of two-level hash-partitioning for edit-distance join on mapreduce

大森匡 †　今野篤人 †　新谷隆彦 †
Tadashi OHMORI　Atsuhito KONNO　Takahiko SHINTANI

1. はじめに

mapreduce モデルで類似結合を計算する算法は多く提案されているが，算法固有のパラメタとデータに応じて性能特性が大きく異なることが知られている [1]．著者らは文献 [3] において，mapreduce 上の編集距離結合の既存技法の 1 つ landmark join[2] を例にとり，prefix-filtering 技法に特有なレコードコピー量を制御して map/shuffle コストの削減と reduce 処理の効率化を行うため，２段階に分けたハッシュ分割技法を２つ提案している．本稿では，そのうちの１つである，Q1/Q2 分割法について実装評価を述べる．

2. 問題の概要

2.1 編集距離結合と既存技法 landmark join

文字列 x, y の編集距離 $ed(x, y)$ とは，x を y に変換する単位操作として 1 文字の削除, 追加, 置換の 3 つを用意したとき，その総回数の最小値である．編集距離の閾値を τ としたとき，文字列データの集合 X と Y の編集距離結合 (edit-distance join) とは，$x \in X$,$y \in Y$ のうち，$ed(x, y) \leq \tau$ となる組み (x, y) を全て求めることである．本稿では，$X = Y$ の場合，つまり自己結合 (self-join) のみを扱う．また，各文字列 1 つを 1 レコードとして扱い，そのレコード集合 X を入力として mapreduce 処理を行う．

本稿では，MapReduce 向けの編集距離結合アルゴリズムの 1 つである landmark join [2] を題材に選び，map/shuffle/reduce の負荷効率化を考える．

landmark join は，文献 [1] で言うところの部分列取り出し (subsequence) 戦略を prefix に適用した手法の一つである．2 ジョブ構成であり，1 ジョブ目 (job1) で重複した正解候補の集合を求め，2 ジョブ目で重複除去を行う．この 1job 目 (job1) の map，reduce 処理は以下の通り [2,3]：

(1) map 側の処理：q-バケット分割

map タスクは，各入力レコード x について，x の先頭から長さ $q+\tau$ の接頭辞 (prefix) を考え，そこから長さ q となる文字の組み合わせを全て選び，各組み合わせをラベル L_i とする．そして，⟨ key, value⟩ 形式の出力として，L_i を key とし，３つ組 [x のレコード ID，x の値，付加情報] を value としたレコードを作り，shuffle に渡す．結果，入力 1 レコードあたり，L_i は $\binom{q+\tau}{q}$ 個生成され，それと同数のレコードが shuffle に出力される．(x, y の先頭 $q+\tau$ 文字の編集距離が τ を超えているなら，必ず $ed(x, y) > \tau$ である，という性質を使っている)．

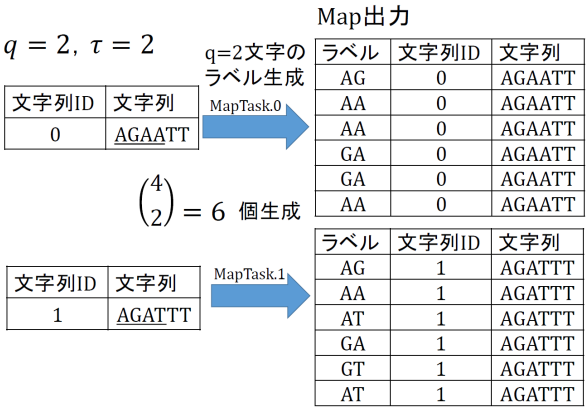


図 1: Landmark Join の map 処理

例：2 つの文字列レコード AGAATT と AGATTT に対して，$q = \tau = 2$ のときの map 動作例を図 1 に示す．図中，レコード x=AGAATT の場合，x の長さ $q+\tau = 4$ の接頭辞 (x_0^4=AGAA) から 2 文字選んで作った長さ 2 の文字列をラベル L_i として作る．L_i は，L_0=AG, L_1=AA, L_2=AA, L_3=GA，L_4=GA，L_5=AA の 6 つである．L_1, L_2, L_5 の値は AA で同じだが，生成に使われた x 中の文字の座標は異なる．この文字座標を，landmark join では付加情報 $pos(L_i, x)$ として value の一部として出力レコードに含め，reduce が L_i の一致するレコード間で行う照合処理の削減に用いる．

(2) reduce 側の処理

reduce 処理は，ラベル L が一致するレコード集合に属すレコード x, y についてのみ編集距離の計算を行う．この時，τ を越える $ed(x, y)$ の計算回数を減らすため，$pos(L_i, x)$ と $pos(L_i, y)$ を用いて，各 x, y の接頭辞で生じる編集距離の上界値 (ub_1) を先に求め，その値が τ 以下のときのみ，さらに x, y 全体で生じる編集距離の上界 $ub(x, y; L)$ を計

† 電気通信大学, UEC

算する．そして，$ub(x, y; L) \leq \tau$ のときのみ，その値と (x, y) を解候補として出力する．

以上が job1 である．2job 目 (job2) では各 (x, y) について上記の出力値の最小値を求めて正確な $ed(x, y)$ 値とする．

2.2 修正版 landmark join [3]

我々は文献 [3] で，下記のように landmark join を修正して用いている：

(1) map 側処理の修正：入力レコード x に対し，x から生成したラベルを L, x のレコード ID(rid) を ridX，x の文字列を strX，としたとき，$L.rid$ を key，3 つ組 [ridX, strX, $pos(L, x)$] を value として shuffle へ出力．(L で行き先となる reduceID を決め，$L.rid$ の 2 フィールドでソートする)．

(2) reduce 側の修正：Shuffle からの入力レコード列を，L が一致する入力の集合 R_L を単位にして扱う．さらに，R_L を，$L.rid$ が一致するレコード集合に分割して考える．この 1 分割は，rid(レコード ID) が一致するレコード x から作られ，pos(L,x) が違うだけのレコード群であり，これらを 1 つにまとめて，[ridX,strX, [posX]] と表記する．posX は，1 つの $pos(L, x)$ を表し，[posX] は，そのような posX の集合である．このとき，R_L に対する reduce 処理 **reduce1()** を，Algorithm1 に示す．

Algorithm 1 reduce1(R_L)

Input: ラベル L に属すレコード集合 R_L
Output: $ed(x, y) \leq \tau$ となる (x, y) と正確な $ed(x, y)$ 値

```
1: for all rid が異なる [ridX,strX, [posX]] と [ridY,strY,[posY]] の対 (pair) in R_L do
2:   if Dmap(ridX,ridY) == false then
3:     for all (posX ,posY) in [posX] × [posY] do
4:       C1 ← ub(strX, strY;L) の第一項;
5:       if C1 ≤ τ then
6:         Dmap に (ridX, ridY) を追加;
7:         ed(strX,strY) を計算し，τ 以下なら (x, y) と ed 値を出力;
8:         goto 1 行目; // 次の rid の対 (ペア) の検査へ.
9:       end if
10:    end for
11:  end if
12: end for
```

reduce1() の特徴は次の通り： 説明の都合上，4-5 行目の「ub() 式第 1 項計算値 (ub_1 のこと) が τ 以下か」を試す枝刈り処理を FirstTest と呼ぶ．2 行目の Dmap(ridX, ridY) は，一度でも FirstTest が成功した rid の組み (ridX,ridY) を記憶する表である．このとき，reduce1 は，FirstTest が成功した元レコード x, y の組み (ridX, ridY) について，Dmap に登録後，直接，レコード全体の正確な編集距離 $ed(x, y)$ を 7 行目で計算し，τ 以下なら正解として出力して，次の (ridX,ridY) の検査へ移る．その結果，1 つの reduce タスク内では，特定の (ridX, ridY) の FirstTest と $ed(x, y)$ の計算は高々 1 回しか行わない．以下，landmark join というときは，この修正版のことを指す．

2.3 処理効率上の問題

我々は修正版 landmark join を遺伝子データセット上で $q = 16, \tau = 2$ で試したところ，レコードのコピー量の多さによって次の 2 点が処理効率の問題になった [3]：

(1) map/shuffle コストの増加： $q = 16, \tau = 2$ の場合、map 処理の際に 1 レコード x を $\binom{18}{2} = 153$ 個コピーする事になる．このコピーの量は無視できず、map 処理のコスト増加、shuffle フェイズの通信コストの増加になり，全体の計算時間の支配項になる．(reduce 処理の計算時間は軽くなっている)

(2) reducer 間の冗長計算： 1 レコードを 153 倍にコピーして R 個の reducer に分配するため，例えば，5 ノードクラスタで $R = 5$ の場合、ほとんどの入力レコード x は全 reducer にコピーされて配布される．その結果，全 reduce タスクは，ほぼ同じレコードの組み合わせ (x, y) の検査を（異なるラベルの下で）重複して行う．本来なら，複数の reducer 間で，(x, y) の検査をできるだけ排他的に分割して担当したい．

3. 2 段階ハッシュ分割技法

3.1 効率化の考え方

2.3 の問題を解決するためには，map で入力 1 レコード x を変換しラベルをつけて reduce に送り出すとき，x の行き先になる reduce タスクの数 C_r を，システムが用意した reduce の総数 N_r より大幅に小さくなるよう制御すれば良い．

例えば，landmark join で $q = 16, \tau = 2$ なら，そのままでは map 処理は 1 レコード x を 153 個コピーして shuffle へ送るが，もしシステムの reducer 数が 20 個なら，x の宛先になる reduce の総数を 10 程度に制御できれば良い．もちろん，同一ラベルを持つレコード群は必ず同一の reduce へ送る必要があるし，しかも，全 reducer に処理を分配すべきである．これができれば，システムの全ノード間の通信による総当たり処理よりも shuffle コストを下げ，しかも，複数 reduce タスク間での同一レコード対の照合の重複を削減できる．

この考えを landmark join に適用した手法として，我々は，Q1/Q2 分割法と呼ぶ方法と，ラベル prefix 分割法の 2 つを提案している [3]．以下に Q1/Q2 分割法の戦略と正確な実装方法を述べる．

3.2 Q1/Q2 分割法の設計と実装

まず，[3] で述べた Q1/Q2 分割法の設計方針を述べる：

[Q1/Q2 分割法： $q = q1$ と $q2$ を使った 2 段階ハッシュ分割方式]:

q-バケット分割 (2.1 節の (1) の方法) を用いるが，map と reduce の各々において，q の値を変えて独立して q-バケット分割を行う方法である．すなわち，map 処理においては，q の値を小さく (例えば，$q1 = 3$ に) 設定して q-バケット分割を行い，$q = q1$ により生成されたラベル L_{q1} を key に，レコード ID とレコード実体 x を value にして shuffle へ送出する．(正確には，$L_{q1}.rid$ をキーに，行き先を L_{q1} で決める)．例えば，$q1 = 3, \tau = 2$ なら，1 レコード x のコピー数は $\binom{5}{2} = 10$ 個であり，同一ラベルもありうるので，x の送り先になる reduce タスクの総数は 10 以下になる．reduce 処理では，L_{q1} ラベルの一致するレコード集合ごとに，当該レコードから新たに（効率的な照合に最適な）$q = q2$（例えば，$q2 = 16$) によるラベル L_{q2} を作成して，L_{q2} の一致するレコード群ごとに landmark join の reduce 部の照合処理を行う．[]

上記の設計方針に基づき，本稿では，次のように Q1/Q2 分割法の map/reduce 処理を実装した：

* map 側処理：レコード x から $q = q1$ により生成されたラベル L_{q1} を key に，レコード ID(ridX) とレコード実体 x を value にして $\langle key, value \rangle$ 形式で shuffle へ送出する．正確には，$L_{q1}.ridX$ を key にし，行き先 reducer を L_{q1} で決める．reducer 側のソートは $L_{q1}.ridX$ の 2 フィールドで行い，グループ化は L_{q1} で行う．また，修正版 landmark join やラベル prefix 分割法とは異なる点として，Q1/Q2 分割法では，reducer 側がラベル L_{q1} で受け取るレコード x については，付加情報 $pos(L_{q1}, x)$ を必要としない．そのため，map 側では，レコード x から同一ラベルが複数生じても，重複除去して，ユニークなラベル値についてのみ，付加情報をつけずに shuffle へ送出する．(例：図 2)．

* reduce 側処理：L_{q1} が一致するレコード集合に属すレコード x について $q = q2$ のラベル $L_{q2}(x)$ を生成して，L_{q2} が一致するレコードと照合する．本稿では，reducer 内で L_{q2} に関してエントリ (L_{q2}, レコード x) を登録するハッシュ表 T を用意して，L_{q2} と一致する登録済みレコード y と Algorithm1 に沿った照合処理を行う．すなわち，x から $L_{q2}(x)$ を 1 つ作る度に T を probe 照合し，その後に T に当該エントリを登録する．ここで重要な点として，L_{q1} に属すレコード集合から生成する L_{q2} については，L_{q2} の先頭 $q1$ 文字が L_{q1} に一致するものに限るように制約する．こうすることで，相異なる L_{q1} に属すレコード集合の処理の際に同じ L_{q2} を作る可能性を排除し，冗長な照合処理を避ける．[]

上述した方式では，1 レコードあたりの行き先 reduce の数を $\binom{q1+\tau}{\tau}$ $(<< N_r)$ としており，しかも，正解を脱落しない．$q1$ が小さく，補助情報も不要なため，shuffle コストを大幅に削減できる．しかし，その分，reduce 内で行う $q = q2$ による処理が重くなる．(そもそも，各 reduce 内では 1 ノード向けの別の計算アルゴリズムを使うこともできる．)　そこで，本稿では，reduce 内で 1 レコード x から L_{q2} ラベルを生成してハッシュ表 T を検索する際，x の付加情報 $pos(L_{q2}, x)$ を null にして無視し，相異なる L_{q2} ラベルのリストだけに射影してから T を検索して reduce1() 関数を実行するオプションをつけた．これにより x から生じた L_{q2} が同じで $pos()$ 情報が異なるだけによるループ回数を削減できる．他にも，Q1/Q2 分割法は，$q1$ に依存してデータ分配するため負荷の偏りが生じやすい，mapreduce モデルのソートマージ機能を積極的に使っていない，という課題がある．

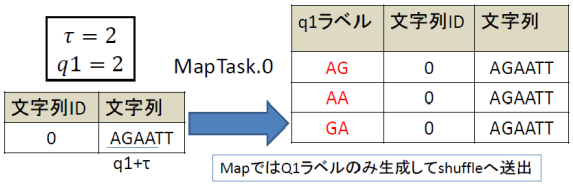


図 2: Q1/Q2 分割法の map 処理

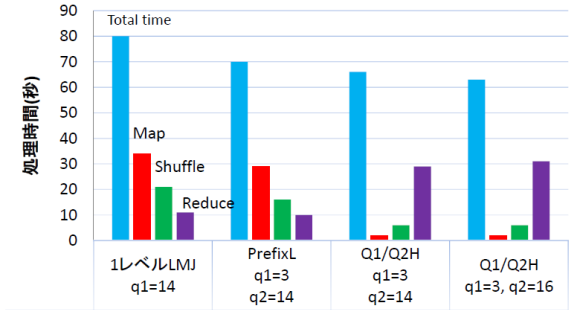
これに対して，ラベル prefix 分割法は，先に map 側で $q = q2$ のラベル L_{q2} を作るが，その先頭 $q1$ 文字の prefix をラベル L_{q1} として用い，$L_{q1}.L_{q2}.rid$ を key，4 つ組み [rid, L_{q2}, x の文字列, $pos(L_{q2}, x)$] を value とした ⟨key,value⟩ レコードを shuffle に送り出して，reduce 側で L_{q2} の一致するレコード集合内で reduce1() の照合処理を行う方式である．shuffle 量を減らすため，reducer 1 つには同一レコードは高々一回しか送らないようにするが，補助情報 $pos(L_{q2}, x)$ は省略できず，reduce 側で使用する．また，L_{q1} が高々 $\binom{q1+\tau}{\tau}$ 個しかないので，reducer 間の冗長な照合処理を削減できる．

4. 評価実験

4.1 実験条件

修正版の landmark join（一段階方式と呼ぶ）と，2 段階ハッシュ分割法である Q1/Q2 分割法，ラベル prefix 分割法の合計 3 つを実装して，遺伝子データを使った編集距離結合時の動作特性を調べた．

使用したデータは [3] と同じ遺伝子データ 300,000 件である．(1 文字を A,C,G,T,N のどれか 1 つとして，1 レコードは長さ 100 文字前後の文字列)．使用環境は，5 ノード構成の Hadoop クラスタ（Xeon 3.2GHz/4 コアを 4 ノード，2.6GHz/4 コアを 1 ノード，ノードあたりメモリ 12GB，ノードあたりの同時並行 map 数，reduce 数は各 2．[3] の場合よりも速いノード構成）である．Hadoop Streaming ライブラリを使用して各方式を実行し，起動する map タ



	1レベルLMJ q1=14	PrefixL q1=3 q2=14	Q1/Q2H q1=3 q2=14	Q1/Q2H q1=3, q2=16
totaltime	80	70	66	63
map	34	29	2	2
shuffle	21	16	6	6
reduce	11	10	29	31

図 3: 各方式の map/shuffle/reduce 処理時間 (秒)

表 1: 各方式の shuffle 量，reduce あたり平均出力数

	1-level LMJ	prefix-L q1=3,q2=14	Q1/Q2-H q1=3,q2=14
shuffle 量	5.1GB	1.99GB	0.19GB
平均出力数	14203 組	7345 組	6187 組

スク総数と reduce タスク総数は各 10 とした．

実装では，ラベル prefix 分割法と一段階方式の 2 つは直接 C 言語で記述した．Q1/Q2 分割法については，編集距離計算関数は同じ C 版を使い，全体の制御を python で記述して Cython で C に変換したものを用いた．[3] と同じく，編集距離結合の閾値は $\tau = 2$ とし，Q1/Q2 分割法とラベル prefix 分割法については，[3] の評価で最も処理時間が良かったパラメタ値 $q1 = 3$，$q2 = 14$ を基準にした．

4.2 処理時間，Shuffle 量，reduce 間の重複計算の度合い

図 3 に，各方式について編集距離結合の総処理時間 (total time)，map タスク 1 つあたりの平均処理時間，shuffle1 つあたりの平均処理時間，reduce タスク 1 つあたりの平均処理時間，を示した．図中の横軸は左から順に，一段階方式 (1 レベル LMJ), ラベル prefix 分割法 (prefix-L), Q1/Q2 分割法 (Q1/Q2H) の $q1 = 3, q2 = 14$, Q1/Q2 分割法 (Q1/Q2H) の $q1 = 3, q2 = 16$, である．Q1/Q2 分割法は，$pos()$ 情報を無視するオプションの場合である．($pos()$ 情報を使う場合は，reduce 処理時間は図の値より 10 秒程度遅かった.）また，表 1 に $q2 = 14$ に相当する場合の各方式の shuffle データ総量と reduce タスクあたりの平均正解組の数を示す．

図 3 において，$q2 = 14$ に相当する場合について見ると，総処理時間は一段階方式 ($q = 14$) の 80 秒に比べラベル prefix 型分割法の方が 70 秒で短い．これは前回と同じ傾向である．さらに Q1/Q2 分割法の処理時間は 66 秒で最速となった．これは一段階方式とラベル prefix 分割法が共に map/shuffle 時間が支配項になるのに対して，Q1/Q2 分割法の設計方針が奏功したためである．すなわち，shuffle データ量（表 1) が一段階方式の 5.1GB，ラベル prefix 分割法の 1.99GB から，Q1/Q2 分割法では 0.19GB まで低下したことが反映されている．

一方，Q1/Q2 分割法では，reduce 処理時間が支配項になるため，コピーしたレコード負荷の偏りとノードの速度差の影響を受けて，reduce の処理時間は 12 秒から 45 秒の間に大きくばらつき，total time が下がらない原因になった．

reduce タスク間の重複計算の排除の度合いについては，表 1 を見ると，reduce 1 つあたりの正解出力数の平均値は，一段階方式では 14203 組に対し，ラベル prefix 分割法では 7344 組，Q1/Q2 分割法では 6188 組であった．(ユニークな正解総数は 15958 組)

最後に，Q1/Q2 分割法について，$q2 = 14$ の場合から $q2 = 16$ に変えたところ，処理時間は 63 秒まで漸減した．これは $q2$ が大きい方が reduce 内のデータ偏りによる CPU 時間の差を軽減できたためである．

5. まとめ

mapreduce モデル上の類似結合の算法は多いが，データ分布やパラメタによって map/shuffle/reduce コストが大きく異なることが知られている．本稿では，編集距離結合を対象に，部分列取り出し戦略による既出技法の一つ landmark join[2] を例にとって，map/shuffle コストを削減して reduce 側の設計自由度を上げる戦略として，2 段階ハッシュ分割技法の一つ Q1/Q2 分割法を述べ，その実装と動作特性を述べた．遺伝子データ上の試験から，Q1/Q2 分割法の「reduce 総数よりレコードコピー量を下げて，shuffle 量削減と reduce 間の重複計算を排除する」という戦略は，landmark join のような典型的な prefix filtering 技法の算法では効率化に有効であった．一方で，部分列取り出し戦略の下で Q1/Q2 分割法を使うだけでは，shuffle 量削減の他の効率化は難しい．reduce 側の処理アルゴリズムを別の手法に変えて Q1/Q2 分割のような戦略を適用することなどが課題である．

謝辞 本研究の一部は科研費 (課題番号 24500109) による．

参考文献

[1] F.N.Afrati, et al., ”Fuzzy Joins Using MapReduce,” ICDE’12,pp.498–509,2012.

[2] K.Narita, et al., ”Landmark-Join: Hash-Join Based String Similarity Joins with Edit Distance Constraints,” DaWaK 2012, pp.180–191, 2012.

[3] 今野, 大森, 新谷, ”MapReduce における編集距離結合の負荷分散・効率化方式,” DEIM 2015, E7-6, 2015.