

# Parallélisme R

R est un thread unique, et en tant que tel il faut recourir à des bibliothèques pour paralléliser le travail.

Le Package `parallel` est inclus dans R depuis 2011. (*R v. 2.14.0*).

La fonction `parLapply` permet de lancer les calculs parallèles en **cluster** via différents protocoles :

**PSOCK** notamment permet de faire des clusters de **plusieurs machines** :

```
cl <- c( 'localhost', 'rstudio', 'xflr6' )  
makeCluster( cl, type='PSOCK' )
```

**Sur une seule machine** on peut paralléliser entre les CPU en créant un cluster de type **FORK**.

```
cl <- makeCluster(no_cores,type="FORK")  
clusterExport( cl, c("maVar1", "maVar2", "maliste_a_traiter", "fonction1", "result_file") )  
... travaille en parallele dans un environnement partagé ...  
stopCluster(cl)
```

Le principe est d'exporter l'**environnement** (variables, fonctions etc.) nécessaire aux tâches qui seront réparties en le passant sous la forme d'une **liste**: `clusterExport( cl, c("ground", "roof", "num", "result_file", "fibonacci") )`

## En terme de code :

- La fonction `parLapply` permet de traiter en parallèle **une liste** et renvoie une liste de la même longueur. Les fonctions à paralléliser doivent donc accepter une liste en entrée.

En pratique, les fonctions mono-thread traitée par la fonction `lapply` peuvent être appelées par la fonction `parLapply` au sein d'un cluster. :

Code pour mes tests:

```
system.time( capture.output( parLapply( cl, mylist, function(x) sort(mylist) ), file = result_file, append = TRUE ) )
```

La liste est générée par la ligne suivante : `mylist <- runif(num, ground, roof)`