

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 parallèle dans un environnement partagé ...
stopCluster(cl)
```

Le principe est d'exporter l'**environnement** (variables, functions 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)`