

並列データベース管理システム Kappa-P

概要

Kappa-P (Knowledge Application-Oriented Advanced Database Management System) は、PIM上の並列データベース管理システムである。このシステムは、知識情報処理システムや知識ベース管理システムに、効率的なデータベース管理機能を提供するものである。

特徴

非正規関係モデル

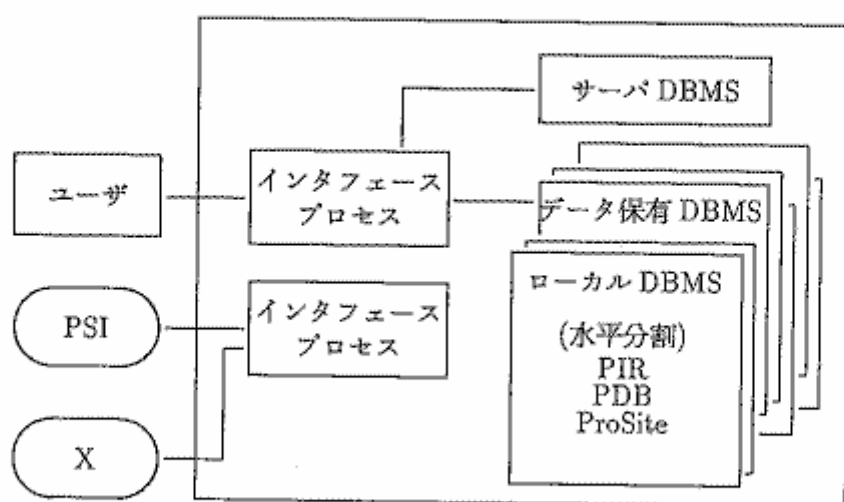
複雑な構造のデータを効率的に処理するために、非正規関係モデルを採用している。これは、集合構成子と属性の階層構造をもつため、関係モデルに比べ、データ構造を自然に表現できる。

データ配置と並列処理

各クラスタごとに問合せ処理能力をもっているため、非正規関係の分散配置や、一つの非正規関係を複数のクラスタに分ける水平分割によって、クラスタ間の並列処理が可能になる。クラスタ内で、主記憶と二次記憶の両方に複製を配置する擬似主記憶データベースは、クラスタ内並列処理をねらう。

応用プログラムの取り込み

同じマシン上で動作する応用プログラムとの通信量を減らすため、応用プログラムの一部を問合せ処理をおこなうクラスタで実行する機能を持つ。



Kappa-P システム構成

Kappa-P の特徴

Kappa-P の開発目的は、知識情報処理システムにデータベース管理機能を提供することである。代表的なものとして、電子化辞書をもつ自然言語処理システム、分子生物学データベースをもつ遺伝子情報処理システムなどがあり、複雑かつ大量のデータを効率的に処理する必要がある。このために、つぎのような特徴を持つ。

非正規関係モデル

従来の関係モデルはよい性質を持っているが、複雑かつ大量のデータを効率的に扱うのには適していない。非正規関係モデルは、集合構成子と属性の階層構造を許し、複雑な構造のデータを自然に表現でき、関係の不必要な分割を避けることができる。Kappa-P は、FGCS プロジェクトの KBMS のためのデータベース・エンジンでもあるため、その意味論は KBMS の知識表現言語である *QUIXOTE* にそったものとなっている。

実装に当たって、様々な知識を格納できるようにタームをデータ型として追加し、大容量のデータを扱うためにデータの圧縮やインデックスの強化などをおこなった。

システム構成

Kappa-P のシステム構成は、PIM の構成に対応し、クラスタ間並列とクラスタ内並列を分けている。Kappa-P は、要素 DBMS の集まりから成り立ち、それはクラスタに割り当てられる。要素 DBMS は、それぞれ独立した DBMS でもあり、協調して問合せを処理する。

非正規関係の大域情報は、サーバ DBMS と呼ばれる複数の要素 DBMS で複製されている。このサーバ DBMS は、大域情報だけではなく、普通の非正規関係も管理している。サーバ DBMS 以外の要素 DBMS は、ローカル DBMS と呼ばれる。応用プログラムと Kappa-P を結び付けるために、インタフェース・プロセスが作られ、問合せを受けとり、結果を返す。

データ配置

非正規関係の配置は、並列性に対応し、要素 DBMS 間配置と、要素 DBMS 内配置の二種類がある。

クラスタ間並列を利用するためには、非正規関係を複数の要素 DBMS に配置する必要がある。単純な場合が、分散データベースのように複数の要素 DBMS に分散配置することである。処理能力やディスク・アクセス速度が重要な非正規関係は、水平分割関係としてタプル単位で分けられ、複数の要素 DBMS に配置することができる。頻繁に利用される非正規関係は、その複製

をいくつかの要素 DBMS に置くことができる。現在の実装では、この複製はサーバ DBMS の大域情報でのみ使われる。

要素 DBMS 内では、非正規関係は、主記憶か二次記憶あるいはその両方に置かれる。主記憶のみに存在する非正規関係は、一時関係である。擬似主記憶関係は、主記憶と二次記憶の両方に存在し、更新が二次記憶に反映されることが保証される。

問合せ処理

問合せ処理のために原始コマンドと KQL の二種類のコマンドがある。原始コマンドは、非正規関係に対する基本操作のみに限定されるが、効率的である。KQL は、拡張関係代数に基づく問合せ言語であり、構文的には KL1 に似せている。問合せ時に、新たな演算を定義し使うことができる。

KQL の問合せは、拡張関係代数のための中間言語の部分問合せに変換され、対応する要素 DBMS に送られる。原始コマンドの問合せは、直接対応する要素 DBMS に送られる。これらの問合せは、関係する要素 DBMS 間の分散トランザクションとして処理され、二相コミットプロトコルで制御される。

並列処理

Kappa-P の並列処理には、要素 DBMS 間のクラスタ間並列処理と要素 DBMS 内のクラスタ内並列処理がある。クラスタ間並列処理は、大きな処理能力が利用できるが、通信オーバーヘッドが増加する。大量のデータを扱う DBMS ではその判断が重要である。

一方、クラスタ内並列処理は、大量のデータを扱う DBMS に向いている。Kappa-P ではそれを要素 DBMS の内部処理に使っている。たとえば、タブルのストリームや、集合演算、主記憶インデックス操作などがある。

タンパク質データベース統合利用環境

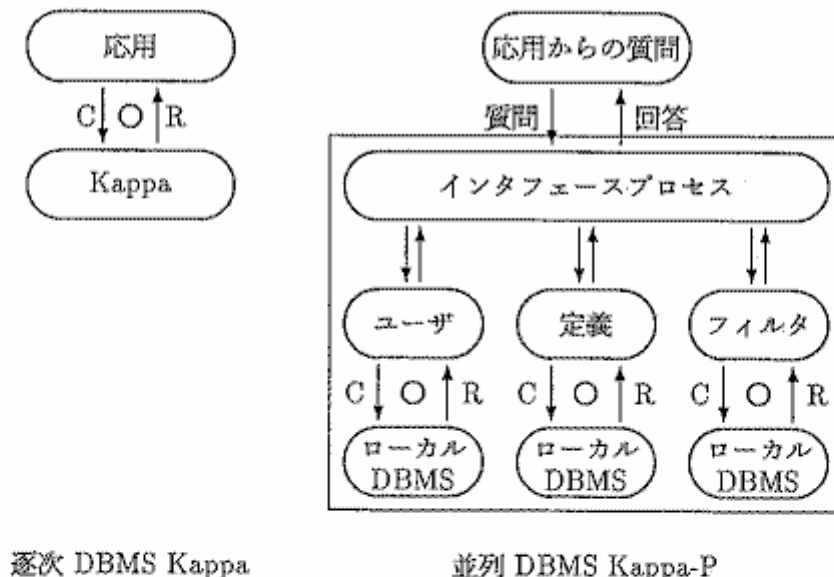
タンパク質に関するデータベースを一つのデータベースシステムとして Kappa-P 上に格納し、ユーザインタフェースのレベルでの統合環境を実現した。

目的

- 分子生物学のデータベースに適した DBMS の提供
- 視覚化し統合化したタンパク質データベースシステムの提供
- Kappa-P の評価のための応用システムの提供

構成

Kappa-P にタンパク質の配列 (PIR)・構造 (PDB)・特徴 (ProSite) の各データベースを格納した。特徴表示に関しては X ウィンドウ上に統合的なグラフィックユーザインタフェース (GUI) を用意し、RPC を介して Kappa-P に質問を対話的に発行できるようにした。Kappa-P の並列検索用のフィルタとしてモチーフ検索プログラムを指定し、GUI から起動できるようにした。



質問処理における Kappa-P の構成

評価

- 既存の公共データベースに適したデータモデル
特徴記述に関するテーブルの属性の階層的な構造は非正規関係表現によって自然に表現できる。タンパク質の名称、分類などに関する静的な部分と生物

学者によって動的に追加更新が起こる特徴記述とは分離して格納し、追加更新の効率化を図っている。このように、必要に応じてテーブルを分離できるのは関係モデルと同様である。

- タンパク質データベースの統合的な利用環境

公共のタンパク質データベースは保有データの種類により管理主体が異なり、従って属性名称などさまざまな点で互いに異なる。特徴記述は典型的な例で、部分的な機能や特徴、構造的な特徴、ある特徴に共通なアミノ酸パターン、とそれぞれ別のデータベースに記述されている。X ウィンドウ上に構築した統合的な GUI により、位置情報の図示と併せてこれらの特徴を一元的に表示することができる。

- 網羅的な検索 (モチーフ検索) の高速化

機能未知のタンパク質のアミノ酸配列と機能既知の配列との相同性から機能予測を行うことが、タンパク質配列データベースの最も一般的な利用法である。一方モチーフ検索は、アミノ酸の配列パターンからデータベースを検索する利用法である。いずれも全解探索が必要とされ、並列処理の効果が期待できる課題と言える。

Kappa-P には、ユーザから指定されたプログラムをインタフェースプロセスが各ローカル DBMS へ渡して実行させるという機構がある。各 DBMS で検索された結果は、インタフェースプロセスに集められ、ユーザに返される。これにより、インタフェースプロセスが各ローカル DBMS からデータを一度全て受けとり、作業を各 PE にデータの一部とともに再配分するような形式に比べ、通信コストの大きな節約が期待できる。

デモ概要

二側面からの実演を交互に行う。

- Kappa-P

Kappa-P のシステムについて、水平分割と質問処理の機能および性能を示す。

- タンパク質統合データベースシステム

Kappa-P の応用システムであるタンパク質統合データベースシステムについて、応用システムの X ウィンドウ上の GUI の機能と、モチーフ検索の並列化による性能向上を示す。

いずれの実演も以下のデータベースを用いる。各データベースの内容、大きさ、Kappa-P におけるテーブルの数と種類はそれぞれ以下の通り。

PIR : アミノ酸配列、および機能的な特徴を格納

60 メガバイト (1991 年 9 月)、配列、特徴、文献の 3 テーブル

PDB : 立体構造、および構造上の特徴を格納

150 メガバイト (11 月)、配列、特徴、構造、座標軸情報の 4 テーブル

ProSite : 特徴部位のアミノ酸パターンを格納

508 パターン、1 メガバイト (5 月)、1 テーブル