



ISTY

Institut des Sciences et Techniques des Yvelines

CAMPUS DE MANTES EN YVELINES

CAMPUS DE SAINT-QUENTIN-EN-YVELINES

Rapport Master M1

Master Calcul Haute Performance Simulation (CHPS)

Optimisation du Code CNN pour la Reconnaissance des Plantes

Réalisé par: Aicha Maaoui

Encadré par: Prof. Hugo Bolloré

Mai 2022

Institut des Sciences et Techniques des Yvelines (ISTY)

Abstract

Contents

1	Optimisation du code en séquentiel	1
1.1	Profilage du code	1
1.2	Flags de compilation: Options d'optimisation	1
2	Parallélisation du code avec <i>MPI</i>	3
2.1	Avant propos	3
2.2	Strucutre du code original	3
2.3	1ere tentative de parallélisation: Approche 1	4
2.3.1	Profilage du code avec <i>Gprof</i> et <i>Perf</i>	4
2.3.2	Approche 1: Parallélisation du calcul de convolution	5
2.3.3	Approche 1bis: Tentative d'amélioration de l'approche 1	7
2.4	Approche 2: Décomposition de l'image	9
2.5	Approche 3: Décomposition de l'ensemble des images	10
A	Appendix Chapter	11
	References	11

List of Figures

1.1	Speed-up obtenu en fonction de flags de compilation.	2
2.1	Structure du code original.	3
2.2	Résultat de profilage du code original avec <i>Gprof</i>	4
2.3	Résultat de profilage du code original avec <i>Perf</i>	4
2.4	Illustration de la procédure de convolution.	5
2.5	Utilisation de 3 processeurs pour le calcul de la convolution.	6
2.6	Speed-up obtenu en fonction du nombre de processus et taille des images d'entrée	7
2.7	Comparison du temps d'exécution avec les approches 1 et <i>1bis</i>	8
2.8	Précision obtenue en fonction du nombre de processus, pour les approches 1 et 1bis, tailles d'images 50×50 et 200×200	9
2.9	Partie a paralléliser dans l'approche 2.	10

List of Tables

1.1	Ajout de flags de compilation pour optimiser le temps de calcul.	1
-----	--	---

Chapter 1

Optimisation du code en séquentiel

1.1 Profilage du code

Pour faire un profilage du code, on utilise *Perf*. Pour se faire, on ajoute le flag `-g` dans le *Makefile*.

1.2 Flags de compilation: Options d'optimisation

On se propose dans cette partie de diminuer le temps d'exécution en ajoutant des flags de compilation pour le compilateur *g++*.

Pour se faire, on fixe le nombre d'Epochs et le taux d'apprentissage à 1 et 0.003, respectivement. La taille de chaque image du Data est égal à 50×50 (en cm^2). Le calcul étant séquentiel, l'exécution du code est faite sur un seul processus.

Le tableau (1.1) regroupe les flags de compilation ajoutés au fichier *Makefile*, dans *CFLAGS*.

Flag	Description	Temps Exec.
Default (gcc -Wall)	-	82.12 sec
-O2	Recommandé par Intel pour utilisation générale	11.76 sec
-O3	Optimisation (calcul intensif en virgule flottante)	10.95 sec
-Ofast	-O3 plus quelques extras	10.94 sec
-ffast-math	optimisation agressives en virgule flottante	13.08 sec
-ftree-vectorize	vectorisation automatique	11.65 sec

Table 1.1: Ajout de flags de compilation pour optimiser le temps de calcul.

Le speed-up suite à l'ajout des flags de compilation est illustré dans la figure (1.1).

Ainsi, on en déduit que:

- Le flag `-Ofast` est équivalent au flag `-O3` avec quelques extras. Cependant, le speed-up obtenu en utilisant chaque flag d'eux est presque comparable pour notre code. On conservera dans ce cas le flag de compilation `-O3`,
- Le flag `-ffast-math` peut être activé en utilisant le flag `-Ofast`,
- L'auto vectorisation est obtenue en utilisant le flag de compilation `-ftree-vectorize`, mais elle est incluse dans le flag de compilation `-O3`.

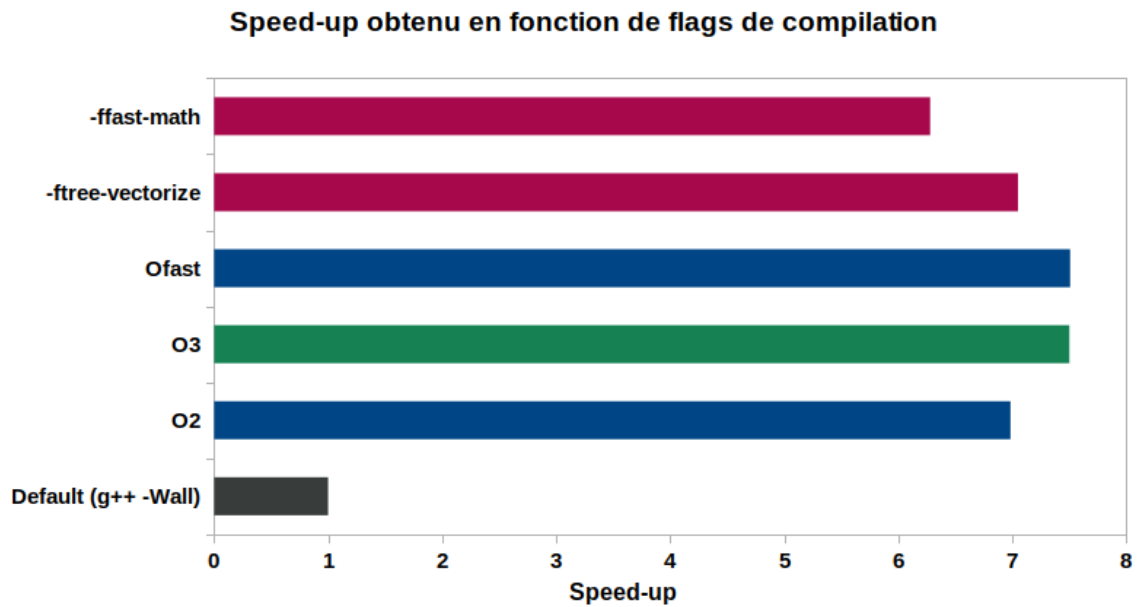


Figure 1.1: Speed-up obtenu en fonction de flags de compilation.

On conclut qu'on peut utiliser le flag de compilation `-O3` pour avoir un speed-up considérable du code d'environ 7.5%.

Chapter 2

Parallélisation du code avec *MPI*

2.1 Avant propos

Dans ce chapitre, l'analyse de performance est effectuée sur 3 nombre d'épochs pour des images de tailles 50×50 et 200×200 et un taux d'apprentissage égal à 0.003.

2.2 Structure du code original

Le code de la partie training est décrit par la figure (2.1).

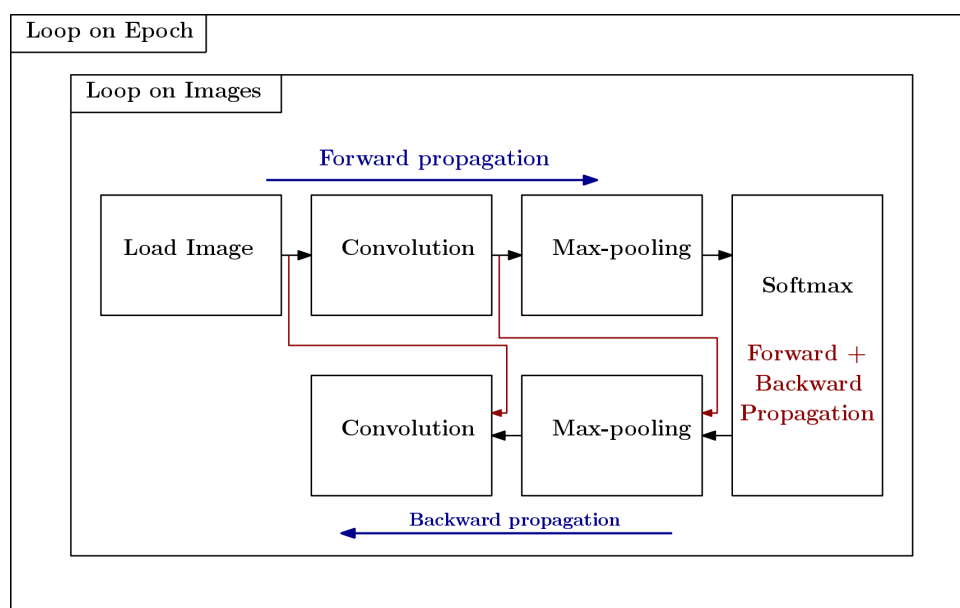


Figure 2.1: Structure du code original.

On a d'abord une première boucle sur le nombre d'épochs. A chaque epoch, on a une deuxième

D'après la figure (2.3), on remarque que la couche de convolution consomme 8.14% du temps d'exécution.

2.3.2 Approche 1: Parallélisation du calcul de convolution

Suite aux résultats obtenus lors du profilage du code, on a essayé de commencer par améliorer le calcul dans cette couche en le parallélisant. Cette première approche est implémentée dans la branche *Aicha_Optimization_MPI_Approach1*.

Initialement, cette partie applique sur une image de taille initiale 8 filtres de taille 3×3 chacun. A chaque étape, le filtre est superposé à l'image. On multiplie les nombres dans la matrice représentant l'image d'entrée et ceux du filtre, on les somme et on place le résultat dans la matrice convoluée. Ensuite, le filtre se déplace par le *stride* (ici égal à 1) et on refait cette procédure, jusqu'au remplissage de la matrice convoluée de sortie, comme illustré dans l'image (2.4).

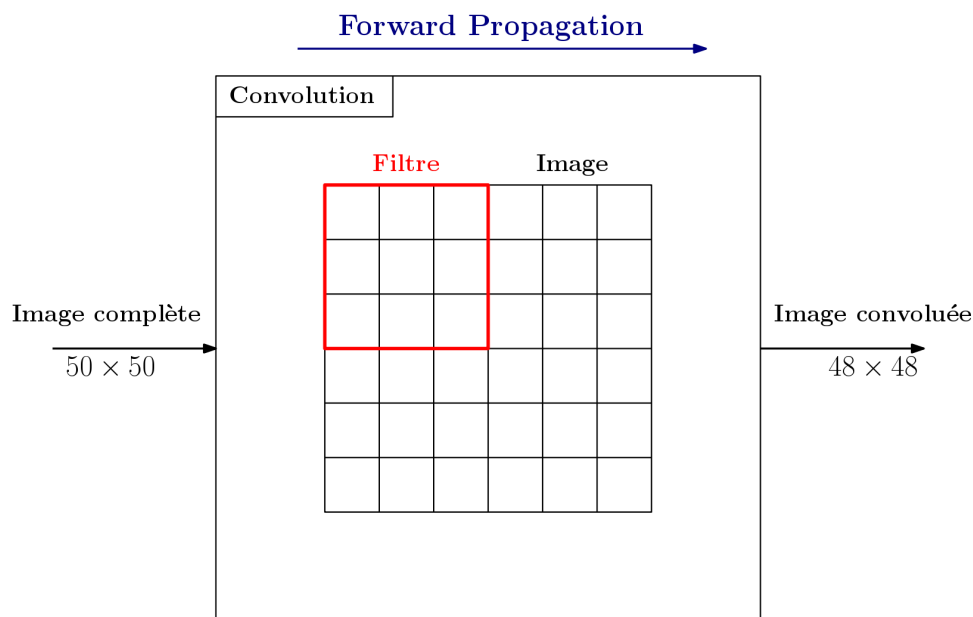
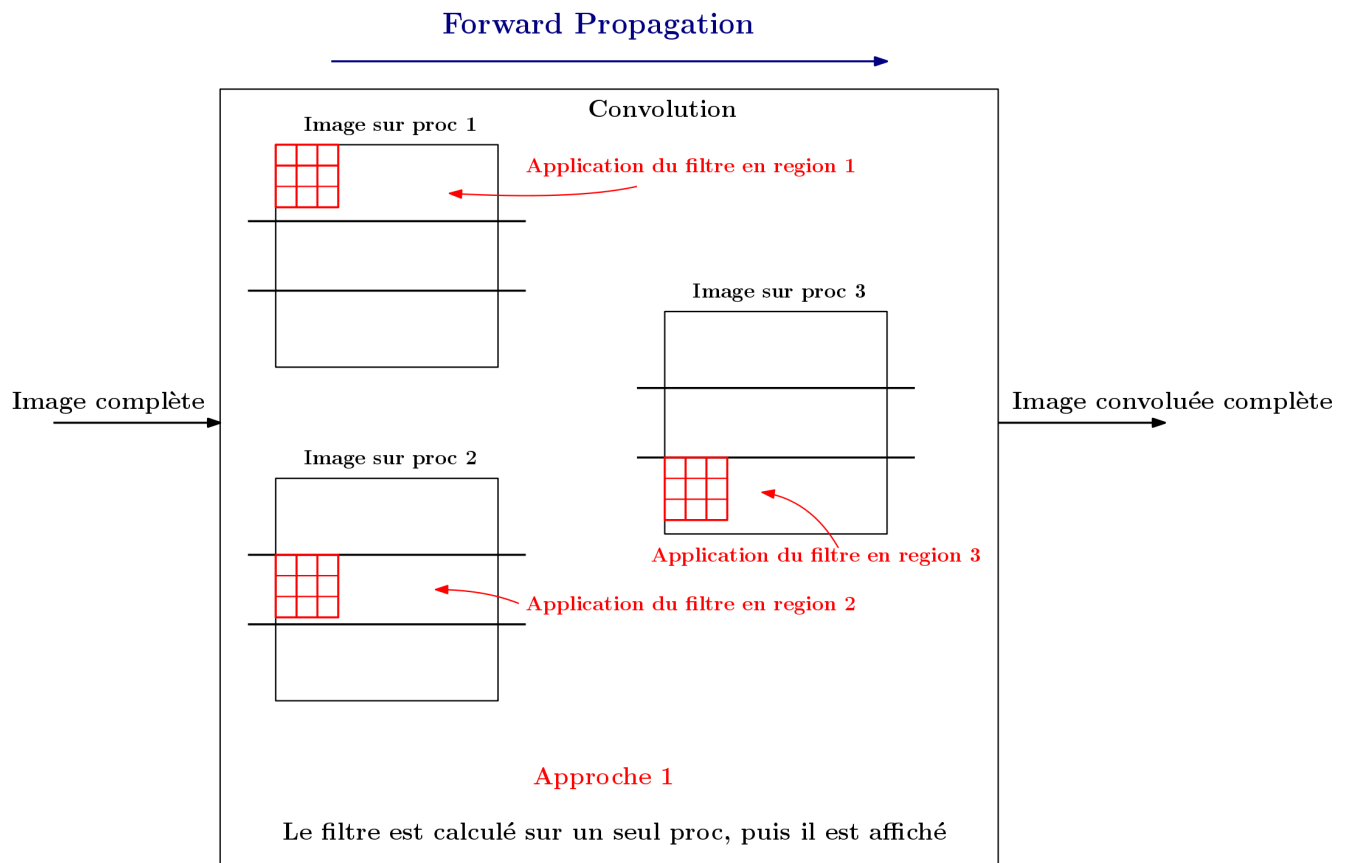


Figure 2.4: Illustration de la procédure de convolution.

Afin de paralléliser le calcul, on a lancé le code sur plusieurs processeurs. Donc, chaque processeur exécute la même chose que les autres et charge l' image entière. Le filtre cependant a été calculé sur un seul processeur (rank 0), ensuite partagé avec les autres (en utilisant *MPI_Bcast*). Avant de commencer le calcul de convolution, chaque processeur lui a été attribué une partie spécifique de l'image sur laquelle il va appliquer le filtre. La figure (2.5) illustre un exemple d'utilisation de 3 processeurs.



$$\text{Nombre de lignes dans chaque region} = \frac{\text{Nombre de lignes de l'image convoluée}}{\text{Nombre de processus}} + 2$$

Figure 2.5: Utilisation de 3 processeurs pour le calcul de la convolution.

Le découpage se fait toujours d'une manière horizontale. Ce découpage est adapté à notre structure de données car toute l' image est stockée horizontalement dans un seul vecteur à 1 dimension.

Le nombre de lignes attribuées à chaque processus est calculé par la formule suivante:

$$\text{Nombre de lignes dans chaque région} = \frac{\text{Nombre de lignes de l'image convoluée}}{\text{Nombre de processeurs}} + 2 \quad (2.1)$$

Il faut toujours laisser une ligne de plus en haut et une ligne de plus en bas pour l'application du filtre à l'image. Donc, on peut penser que cette méthode est plus adaptée aux grandes images qu'aux petites images. Par exemple, si on décompose une image 50×50 sur 16 procs, chaque processeur va prendre en charge 3 lignes sur lesquelles il va appliquer le filtre, plus 2 autres lignes. Ainsi, les résultats des différents processeurs sont rassemblées pour former l'image convoluée totale. On utilise pour ça la commande *MPI_Gatherv* qui va rassembler toutes les données dans le processus rank 0. Le calcul continue ensuite de manière normale sur le rank 0. On utilise

MPI_Gatherv et non pas *MPI_Gather* car cette commande rend possible un découpage qui n'est pas semblable pour tous les processeurs.

La figure (2.6) illustre le speed-up obtenu en utilisant cette première approche sur des images de tailles 50×50 et 200×200 .

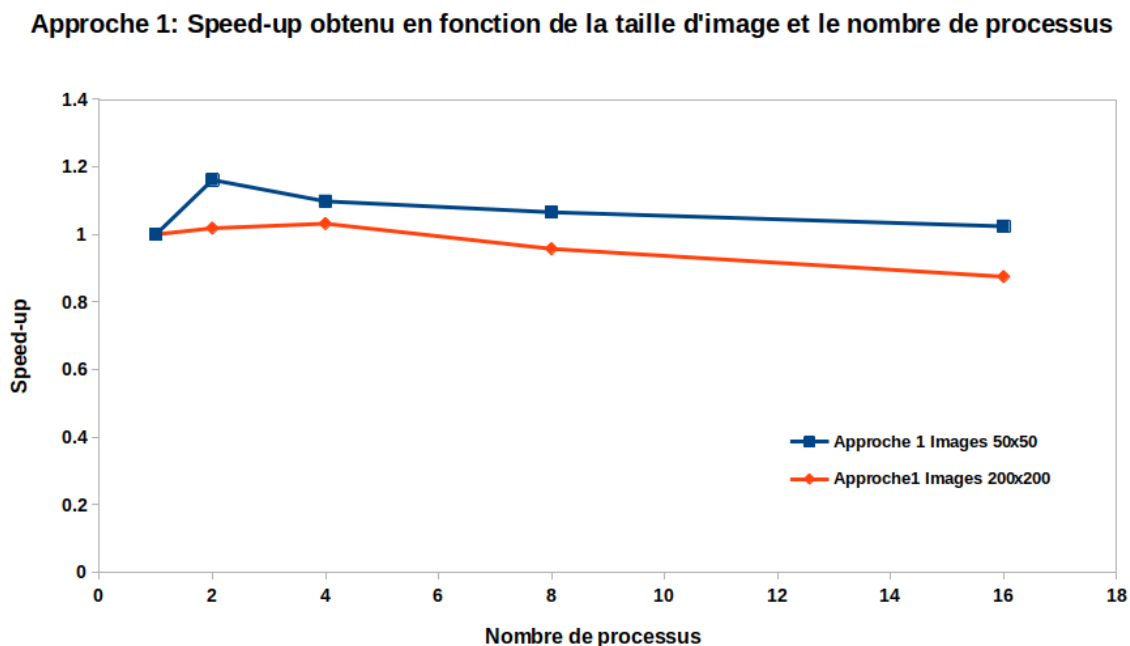


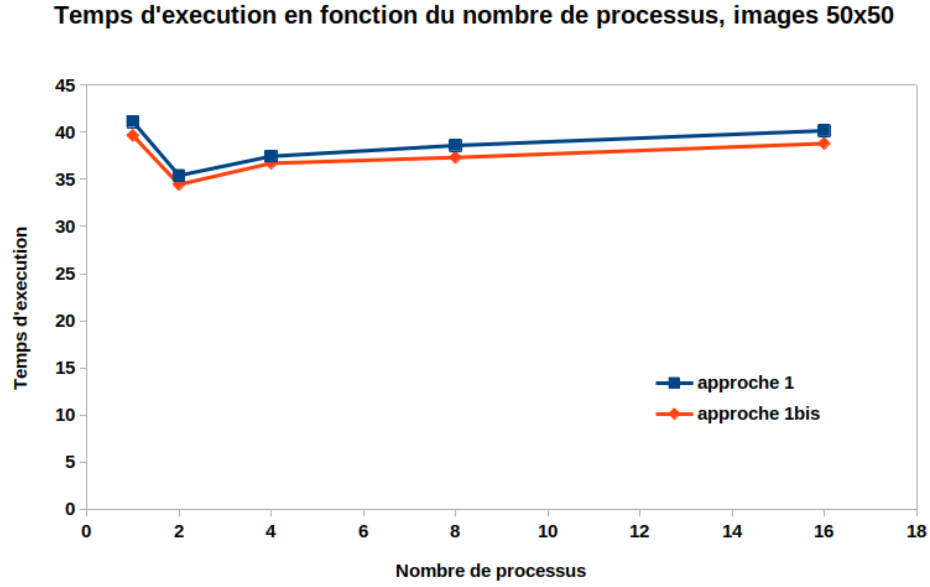
Figure 2.6: Speed-up obtenu en fonction du nombre de processus et taille des images d'entrée

On remarque que le speed-up obtenu dans le cas d'une image de taille 50×50 est plus grand que celle de taille 200×200 , ce qui est contraire à notre attentes. Parmi les hypothèses qui peuvent expliquer ce résultat inattendu, on peut citer:

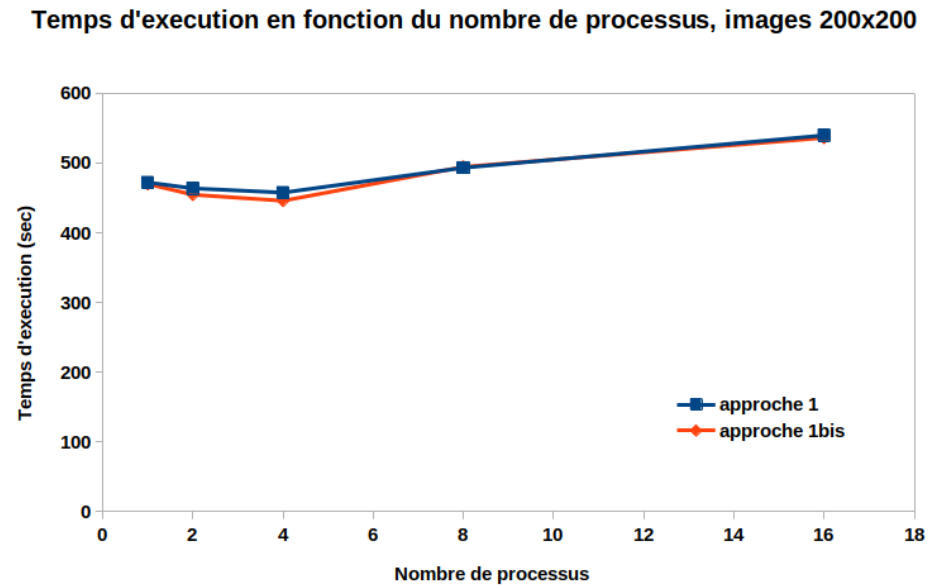
- le coût d'échange de données volumineux masque le coût gagné pendant le calcul,
- Il aussi probable que l'utilisation d'images plus grandes est accompagné par un surcoût dans d'autres parties du code qui masque le gain dans la couche de convolution

2.3.3 Approche 1bis: Tentative d'amélioration de l'approche 1

On a encore essayé d'optimiser cette approche. En réalité le calcul de filtre se fait 8 fois avec 8 filtres différents et donc le rassemblement de données avec *MPI_Gatherv* se fait de même 8 fois. Afin de réduire les communications MPI, on a essayé d'envoyer les résultats des 8 filtres en 1 seul bloc, comme le montre le listing (2.1). La figure (2.7) montre le résultat du speed-up et on ne constate pas une grande amélioration au niveau temps d'exécution.



(a) Temps d'exécution en fonction du nombre de processus, 3 epochs, images 50×50 .



(b) Temps d'exécution en fonction du nombre de processus, 3 epochs, images 200×200 .

Figure 2.7: Comparaison du temps d'exécution avec les approches 1 et *1bis*.

On peut constater d'après la figure (2.7) une légère amélioration du temps d'exécution. On peut aussi vérifier que tout au long de ces implémentations, la précision pour la même taille d'images varie peu, comme l'indique la figure (2.7). Mais pour le même nombre d'epochs, la précision est meilleure pour l'image 200×200 . Ceci peut s'expliquer par la présence de plus de détails. On note qu'initialement, le code d'origine avait une précision de 42.0338% pour 3 epochs et une taille d'image 50×50 .

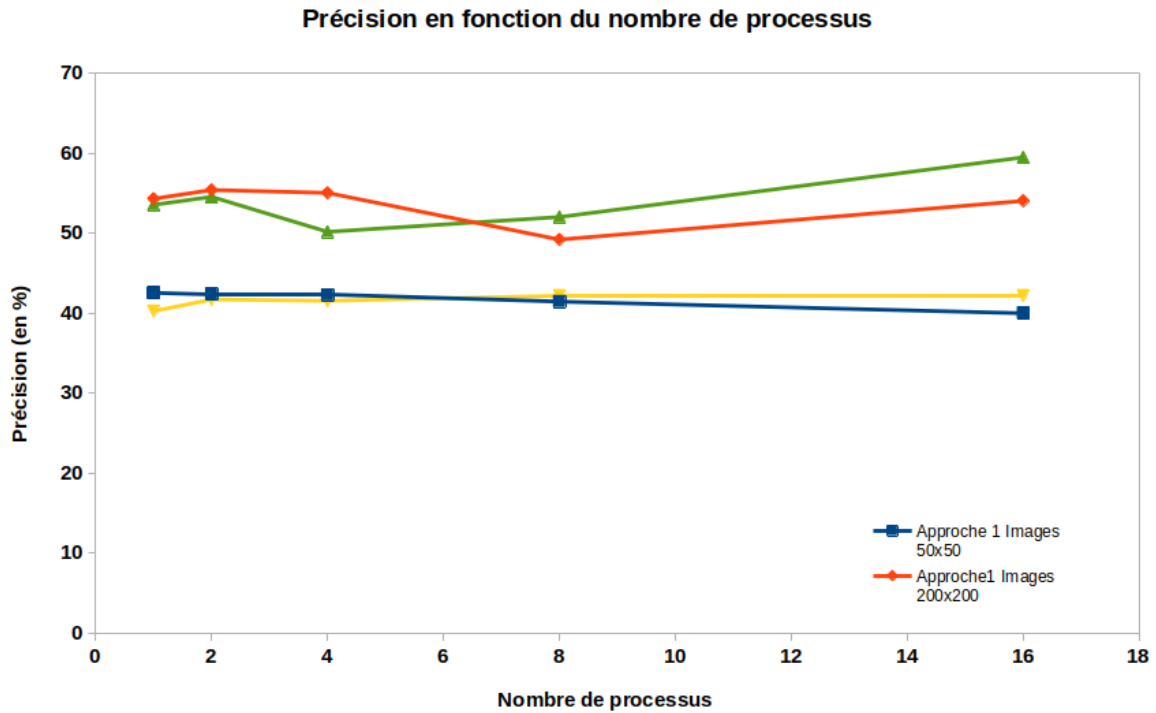


Figure 2.8: Précision obtenue en fonction du nombre de processus, pour les approches 1 et 1bis, tailles d'images 50×50 et 200×200 .

2.4 Approche 2: Décomposition de l'image

Jusqu'à maintenant, le programme est lancé sur plusieurs processus qui exécutent la même chose et seulement l'application du filtre dans la couche de convolution est parallélisée.

Il serait intéressant de décomposer l'image dès sa lecture. Ainsi, chaque processus reçoit uniquement un sous-domaine de l'image. L'application de cette approche est facile pour la couche de convolution et de max-pooling. Cependant, il n'est pas évident pour la partie softmax et calcul de backpropagation. On a essayé d'implémenter cette approche dans la branche *Aicha_Optimisation_Approach2*, mais malheureusement sans succès. La figure (2.9) montre la partie du code dans laquelle circule l'image décomposée.

L'image est lue (en utilisant *imread* de openCv) sur un seul processus, ensuite elle est décomposée et les sous-domaines sont partagés en utilisant *MPI_Scatterv*. Après la push de max-pooling, les différents sous-domaines doivent être assemblés pour continuer la couche de softmax avec une entrée complète. La difficulté d'implémentation réside dans le rassemblement des entrées des parties max-pooling et convolution dans la back-propagation.

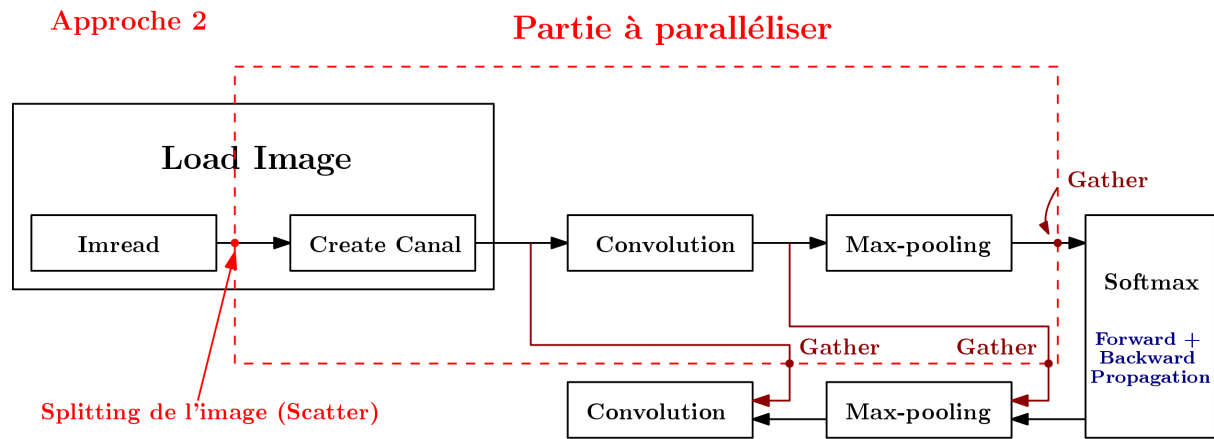


Figure 2.9: Partie a paralléliser dans l'approche 2.

2.5 Approche 3: Décomposition de l'ensemble des images

Appendix A

Appendix Chapter