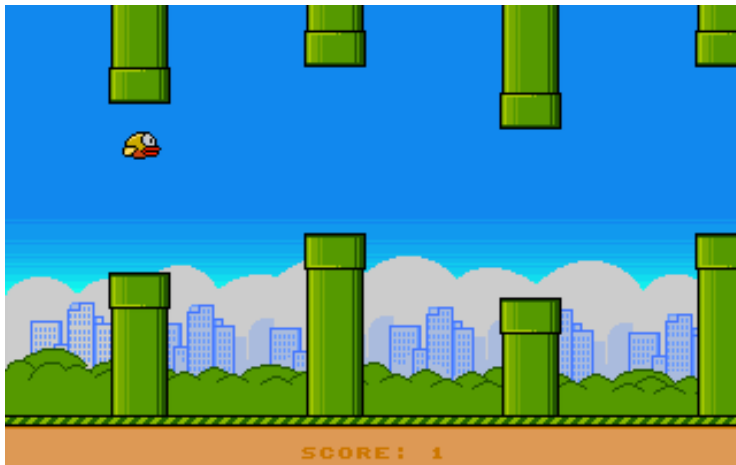


Implementacja algorytmu NEAT na CUDA

Michał Michniak, Zofia Jankowska, Julia Zoń

Wydział EAIiB

Gra Flappy Bird



Rysunek: Gra zręcznościowa Flappy Bird

Algorytmy genetyczne

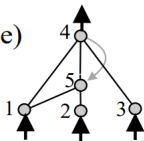


- heurystyczne metody optymalizacji zainspirowane naturalną selekcją i teorią ewolucji
- należą do klasy algorytmów ewolucyjnych
- rozważają całą populację rozwiązań umożliwiając równoległą ewaluację rozwiązań
- elementy prostego algorytmu genetycznego:
 - mechanizm kodowania rozwiązania
 - funkcja celu
 - mechanizm selekcji
 - operatory genetyczne (krzyżowania i mutacji)

NEAT

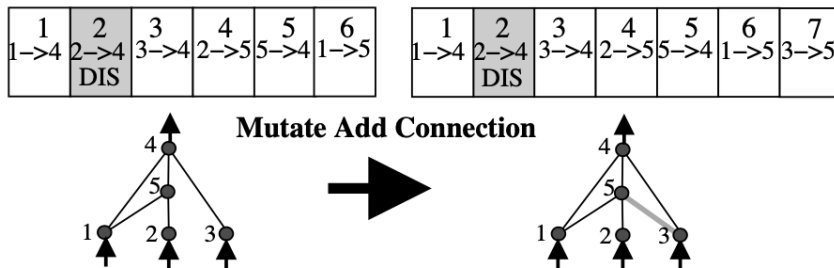
Genome (Genotype)							
Node Genes	Node 1	Node 2	Node 3	Node 4	Node 5		
	Sensor	Sensor	Sensor	Output	Hidden		
Connect. Genes	In 1	In 2	In 3	In 2	In 5	In 1	In 4
	Out 4	Out 4	Out 4	Out 5	Out 4	Out 5	Out 5
	Weight 0.7	Weight -0.5	Weight 0.5	Weight 0.2	Weight 0.4	Weight 0.6	Weight 0.6
	Enabled	DISABLED	Enabled	Enabled	Enabled	Enabled	Enabled
	Innov 1	Innov 2	Innov 3	Innov 4	Innov 5	Innov 6	Innov 11

Network (Phenotype)



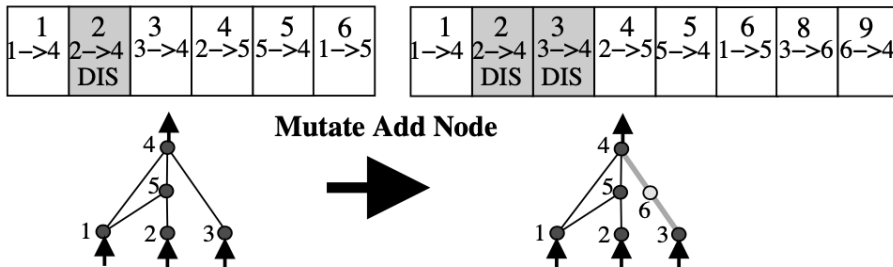
Rysunek: Instancja populacji

NEAT Mutacje



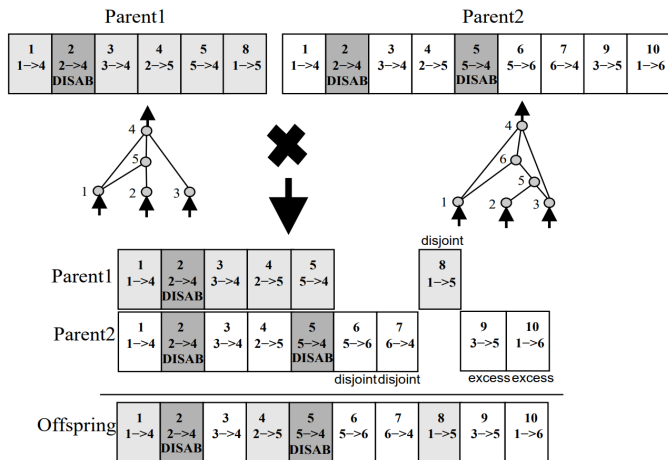
Rysunek: Mutacja: dodanie krawędzi

NEAT Mutacje



Rysunek: Mutacja: dodanie wierzchołka

NEAT Krzyżowanie



Rysunek: Krzyżowanie

NEAT Krzyżowanie



Jeżeli przyjmiemy, że wierzchołki rodziców to zbiory:

$$V_1 = \{v_1, v_2, \dots\} \quad V_2 = \{v'_1, v'_2, \dots\}$$

zbiór wierzchołków potomka przyjmie postać:

$$V_{1,2} = V_1 \cup V_2$$

Podobnie dla krawędzi, tylko względem numeru innowacji. Wartości wag krawędzi potomka są średnią arytmetyczną wag krawędzi rodziców.

$$E_1 = \{(e_1, w_1), (e_2, w_1), \dots\} \quad E_2 = \{(e'_1, w_1), (e'_2, w_1), \dots\}$$

$$E_{1,2} = \left\{ (e_i, w_i) : \exists_{(e_i, w'_i) \in E_1} \exists_{(e_i, w''_i) \in E_2} w_i = \frac{w'_i + w''_i}{2} \right\}$$

$$\cup \left\{ (e_i, w_i) : \exists_{(e_i, w'_i) \in E_1} \neg \exists_{(e_i, w''_i) \in E_2} w_i = w'_i \right\}$$

$$\cup \left\{ (e_i, w_i) : \neg \exists_{(e_i, w'_i) \in E_1} \exists_{(e_i, w''_i) \in E_2} w_i = w''_i \right\}$$

Zapis populacji



Zapis populacji odbywa się w 8-śmiu wektorach (konkatenacja instancji populacji):

- $blocks_nodes \in \mathbb{N}^{N+1}$ - histogram skumulowany ilości wierzchołków (node) instancji (zaczynający się od 0)
- $blocks_edges \in \mathbb{N}^{N+1}$ - histogram skumulowany ilości krawędzi (edges) instancji
- $translation \in \mathbb{N}^{blocks_nodes[N]}$ - mapowanie odcinków liczb naturalnych $[0, n]$ do rzeczywistych numerów wierzchołków (założenie, że w instancjach posortowane rosnąco)
- $in \in \mathbb{N}^{blocks_edges[N]}$ - wejścia synaps (krawędzi) instancji zmapowane do odcinka $[0, n]$

Zapis populacji



- $out \in \mathbb{N}^{blocks_edges[N]}$ - wyjścia synaps (krawędzi) instancji zmapowane do odcinka $[0, n]$
- $w \in \mathbb{R}^{blocks_edges[N]}$ - wagi synaps (krawędzi) instancji
- $enabled \in \{0, 1\}^{blocks_edges[N]}$ - flagi opisujące aktywność krawędzi (true jeżeli biorą udział w ewaluacji, w przeciwnym wypadku - false)
- $innov \in \mathbb{N}^{blocks_edges[N]}$ - numer innowacji, unikatowy numer rozróżniający krawędzie pomiędzy genami

Symulacja



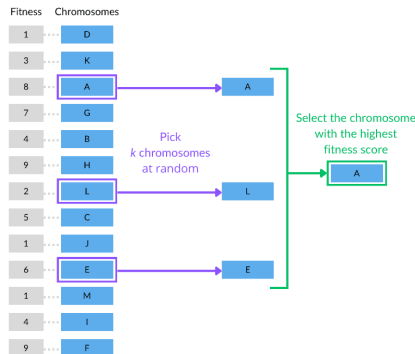
Zmiana zapisu populacji na macierze CSR [wzorzec skanu + zrównoleglenie na poziomie instancji] o postaci (w czasie jednego kroku symulacji jedna iteracja sieci Hopfielda) [zrównoleglane na poziomie wierszy wyjściowych + wzorzec redukcji do kryterium STOP-u 2]:

$$\begin{bmatrix} \begin{bmatrix} w_{11}^1 & w_{12}^1 & \dots \\ w_{21}^1 & \ddots & \\ \vdots & & w_{mm}^1 \end{bmatrix} & & \\ & \ddots & \\ & & \begin{bmatrix} w_{11}^N & w_{12}^N & \dots \\ w_{21}^N & \ddots & \\ \vdots & & w_{kk}^N \end{bmatrix} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \begin{bmatrix} out(t)_1 \\ in(t)_1 \\ \vdots \\ \vdots \\ out(t)_N \\ in(t)_N \\ \vdots \end{bmatrix} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \begin{bmatrix} out(t+1)_1 \\ in(t+1)_1 \\ \vdots \\ \vdots \\ out(t+1)_N \\ in(t+1)_N \\ \vdots \end{bmatrix} \end{bmatrix}$$

Generacja nowej populacji



Maska binarna, która instancja przetrwa jest generowana poprzez tzw. selekcję turniejową [zrównoleglenie na poziomie turniejów]:

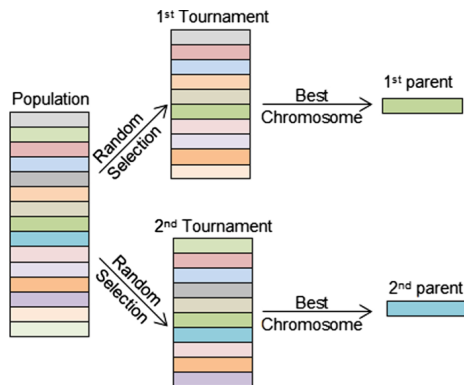


Następnie na CPU zliczane są instancje z maski i przyporządkowywana jest im kolejność w nowej populacji (jedyna część sekwencyjna w programie).

Generacja nowej populacji



Dobieranie rodziców także za pomocą turniejów [zrównoleglenie na poziomie turniejów]:



Obliczanie pamięci



Po wybraniu rodziców, a także instancji, które przechodzą do następnej populacji oraz instancji, które dołączymy do populacji z mutacjami, liczy się potrzebną ilość miejsca do alokacji (dynamicznie dla każdej populacji) [zrównoleglenie na poziomie instancji + wzorzec skan hierarchiczny].

Nowa populacja



Po obliczeniu pamięci i offsetów dla każdej instancji następuje wygenerowanie (lub przepisanie) ich w wybrane miejsca w nowej populacji. [zrównoleglenie na poziomie instancji]. Następnie mutacje wag w krawędziach [zrównoleglenie na poziomie krawędzi].

Na koniec działania algorytmu wybierana jest najlepsza instancja i jest ona zapisywana [wzorzec skan].

Bibliografia I



Stanley, Kenneth O., and Risto Miikkulainen. "Evolving neural networks through augmenting topologies." *Evolutionary computation* 10.2 (2002): 99-127. <https://nn.cs.utexas.edu/downloads/papers/stanley.ec02.pdf>