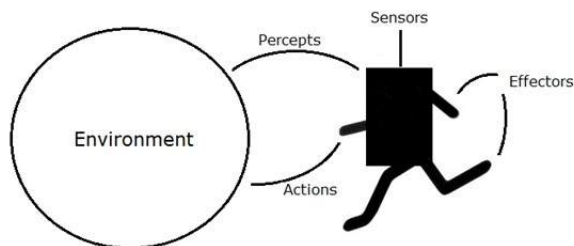


ALGORITHMES GÉNÉTIQUES POUR L'INTELLIGENCE ARTIFICIELLE



THÈSE DE BACHELOR PRÉSENTÉE PAR

M. Thomas Ibanez

POUR L'OBTENTION DU TITRE BACHELOR OF SCIENCE HES-SO EN

**Ingénierie des technologies de l'information avec orientation en
Logiciels et Systèmes complexes**

Professeur HES responsable
Orestis Malaspinas

Juillet 2018

<p align="center">INGÉNIERIE DES TECHNOLOGIES DE L'INFORMATION ORIENTATION – LOGICIELS ET SYSTEMES COMPLEXES ALGORITHMES GENETIQUES POUR L'INTELLIGENCE ARTIFICIELLE</p>

Descriptif :

Le développement des algorithmes et l'augmentation de la puissance de calcul à faible prix a permis un grand développement de l'intelligence artificielle (IA) dans les dernières années. Une application typique de l'IA est les jeux et certaines victoires récentes contre les meilleurs humains ont démontré le grand potentiel l'apprentissage automatique dans le domaine (go, poker, dota, ...). Dans ce projet, le but est de se familiariser avec les méthodes d'apprentissage par réseaux de neurones et des algorithmes génétiques. Pour ce faire, l'apprentissage se fera sur un jeu simple (asteroid) dont les entrées et sorties sont très limitées en nombre. Deux méthodes basées sur des algorithmes génétiques seront utilisées. La première consistera à utiliser un perceptron multicouche, dont les poids seront optimisés à l'aide d'un algorithme génétique. La seconde est l'implémentation d'une méthode NEAT (Neuroevolution of augmenting topologies) qui optimisera non seulement les poids mais également la topologie du réseau de neurones.

Travail demandé :

En fonction du temps à disposition, l'étudiant devra effectuer les tâches suivantes :

- Écriture du jeu asteroid.
- Implémentation d'un perceptron.
- Entraînement à l'aide d'un algorithme génétique du réseau de neurones.
- Analyse des résultats.
- Implémentation de la méthode NEAT.
- Entraînement à l'aide de la méthode NEAT.
- Analyse des résultats et comparaison avec l'apprentissage par algorithme génétique.

Candidat :

M. Ibanez Thomas

Filière d'études : ITI

Professeur(s) responsable(s) :

MALASPINAS ORESTIS

En collaboration avec :

Travail de bachelor soumis à une convention
de stage en entreprise : **non**

Travail de bachelor soumis à un contrat de
confidentialité : **non**

Table des matières

1	Introduction	6
2	Agent Intelligent	7
2.1	Mesure de la performance	7
2.2	Rationalité	7
2.3	Environnement	7
2.3.1	Discret / Continu	7
2.3.2	Observable / Partiellement Observable	8
2.3.3	Statique / Dynamique	8
2.3.4	Simple agent / Multi-agents	8
2.3.5	Déterministe / Non-déterministe	8
2.3.6	Épisodique / Non-épisodique	8
3	Réseau de Neurones Artificiels	9
3.1	Apprentissage supervisé	11
3.2	Apprentissage non supervisé	12
3.3	Apprentissage par renforcement	12
3.4	Neuroévolution	12
3.5	Fonctions d'activation	12
4	Algorithmes évolutionnistes	15
4.1	Génome & Phénotype	15
4.2	Population initiale	15
4.3	Sélection	15
4.4	Crossover	16
4.5	Mutation	16
4.6	Elitisme	16
5	Evolution du perceptron multicouche - Algorithme Naïf	17
5.1	Génome & Phénotype	17
5.2	Population initiale	18
5.3	Sélection	18
5.4	Crossover	18
5.5	Mutation	19
5.6	Elitisme	20
5.7	Déroulement de l'algorithme	20
6	NEAT	22
6.1	Génome & Phénotype	22
6.2	Population initiale	23
6.3	Historique des innovations	23
6.4	Spéciation	23
6.5	Sélection	25
6.6	Crossover	26
6.7	Mutation	27

6.7.1	Mutation de poids	27
6.7.2	Mutation de connexion	28
6.7.3	Mutation de neurone	28
6.8	Elitisme	29
6.9	Déroulement de l'algorithme	29
7	Architecture Réseau	31
7.1	Serveur	31
7.2	Client	34
7.2.1	Réseaux de neurones	35
7.2.2	Simulateur	36
7.2.3	Ouvrier / Spectateur	37
7.2.4	Tests	37
7.3	Protocole	37
8	Interface de Controle	40
8.1	Mode	40
8.2	Tâche	40
8.3	Ouvriers	40
8.4	Graphs	40
9	Base de donnés	41
10	API	42
11	Jeux	43
11.1	Asteroid	43
11.1.1	Principe	43
11.1.2	Entrées	43
11.1.3	Sorties	43
11.1.4	Résultats	43
12	Conclusion	44

Table des figures

1	Illustration d'un agent	7
2	Représentation des neurones dans le cerveau humain [1]	9
3	Porte logique "ou exclusif" (XOR) simulée par un réseau de neurones	10
4	Réseau de neurones	11
5	Fonction Sigmoid avec des β variables	13
6	Fonction tangente hyperbolique	13
7	Fonction step	14
8	Exemple de sélection proportionnelle au fitness, soit r une variable aléatoire, il y a plus de chance que celle-ci sélectionne un organisme plus performant (A, B) qu'un organisme faible (F, G)[2]	16
9	Passage du génome au phénomène	17
10	Exemple de population initiale	18
11	Fonctionnement d'un crossover	19
12	Exemple de mutation dans un génome	19
13	Elitisme d'une génération vers la suivante	20
14	Organigramme de l'algorithme naïf	21
15	Passage du génome au phénomène dans NEAT	22
16	Exemple de population initiale dans NEAT	23
17	Comparaison de deux génomes dans NEAT[3]	24
18	Problème des conventions concurrentes, les deux réseaux atteignent le même résultat mais leurs possibles enfants n'auront que 2/3 de l'information [3]	26
19	Crossover dans NEAT	27
20	Ajout d'une connexion	28
21	Ajout d'un neurone	29
22	Organigramme de l'algorithme NEAT	30
23	Architecture réseau	31
24	Architecture des modules du serveur	32
25	Encodage du réseau NEAT	34
26	Communication Client-Serveur	39

Remerciements

Acronymes

IA NEAT MLP TLV API

1 Introduction

Ces dernières années, l'apprentissage automatique (Machine Learning) a pris une place très importante dans le monde de l'informatique et nous avons pu assister aux prouesses accomplies par des intelligences artificielles tels que la victoire d'AlphaGo face à Lee Sedol au jeu de Go en 2016[4]. Cet événement n'est pas sans rappeler la défaite de Kasparov contre Deep Blue en 1997 qui avait défrayé le chronique[5]. Mais comment en sommes nous arrivés là, et quels sont les techniques qui se cachent derrière ces impressionnants résultats ?

Il y a plusieurs manières de faire du machine learning ; une des plus populaire, celle qui est utilisée pour ce travail, est le réseau de neurones artificiels. Cette technologie existe depuis bien longtemps, mais ce sont les récents progrès en terme de puissance de calcul qui ont amorcé sa montée comme technologie phare du domaine[6].

La méthode classique pour entrainer des réseaux de neurones est la rétropropagation du gradient (back-propagation). Cette technique consiste à comparer les résultats obtenus aux résultats attendus afin de corriger le réseau de neurones petit à petit jusqu'à atteindre le résultat désiré. Le désavantage est qu'il faut avoir à sa disposition un grand nombre d'entrées dont on connaît la nature afin de pouvoir les comparer aux résultats du réseau. Par exemple, il existe une base de données de chiffres écrit à la main avec leur valeur réelle sur <http://yann.lecun.com/exdb/mnist/> (70'000 entrées).

Cependant, générer une telle base de données est un travail énorme, ainsi ces dernières années nous avons assisté à l'émergence de nouvelles techniques ne nécessitant pas d'exemples.

Une de ces techniques, qui a été utilisée pour l'apprentissage d'AlphaGo[7], est l'apprentissage par renforcement (Reinforcement learning). Cette méthode consiste à juger les décisions prises par un agent autonome en lui donnant une récompense positive ou négative afin que l'agent, au fur et à mesure des expériences trouve une stratégie optimale[8]. Cette façon de faire peut être comparée au comportement d'un enfant qui apprend à faire du vélo. Quand il tombe il va avoir mal, c'est une récompense négative. Il va donc corriger son comportement de façon à ne plus tomber. A l'inverse, quand il arrive à aller loin, il va être fier et donc favoriser ce comportement, c'est une récompense positive.

Cependant il existe une méthode encore plus généraliste pour l'apprentissage : la neuroévolution. Cette méthode se base sur les algorithmes évolutionnistes dont le fonctionnement est inspiré de la sélection naturelle qui a guidé l'évolution de la vie sur terre. En effet, à partir d'un ensemble d'organismes que nous allons évaluer à leur capacité à effectuer une tâche donnée, ce que nous appelons le *fitness* de l'organisme, nous allons sélectionner les meilleurs d'entre eux afin de les faire se "reproduire" pour créer la génération suivante qui sera à son tour évaluée et nous recommencerons ce processus autant de fois que nécessaire[9].

Le but de ce travail de bachelor est d'étudier et de comparer le comportement de deux algorithmes de neuroévolution en analysant la faculté de chacun à apprendre à jouer à des jeux vidéo. Cette technique a été choisie car elle permet un développement plus libre de l'IA en ne jugeant que le résultat et non pas les actions qui y mènent.

2 Agent Intelligent

Un agent intelligent est une entité autonome qui observe son environnement grâce à des capteurs et qui peut agir sur l'état de son environnement grâce à des effecteurs. Cette entité doit avoir un objectif (gagner une partie de Go par exemple), elle peut également apprendre ou utiliser ses connaissances pour atteindre son but[10].

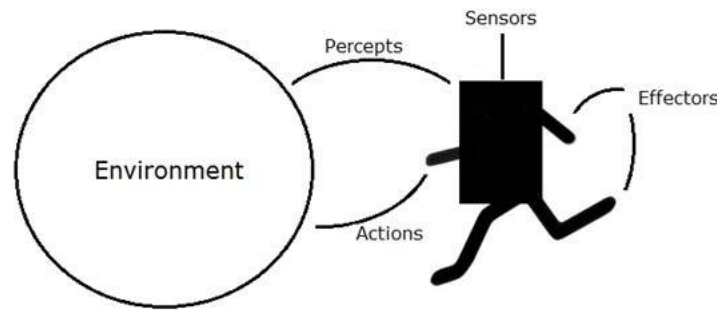


FIGURE 1 – Illustration d'un agent

2.1 Mesure de la performance

La mesure de la performance est un critère qui va définir l'efficacité d'un agent, ce critère dépend évidemment de la tâche demandée à l'agent. Cette mesure est analogue à la mesure de la valeur sélective (fitness) d'un organisme en biologie. Ainsi, si la tâche demandée à l'agent est de séparer les M&M's bleus des M&M's rouges, sa performance peut être mesurée par son taux d'erreur et sa rapidité.

2.2 Rationalité

La rationalité est le fait d'être raisonnable, sensible et d'avoir un bon sens du jugement.

Un agent rationnel va toujours effectuer la "bonne" action, celle qui va apporter le plus de succès à l'agent par rapport à la séquence perçue[11].

2.3 Environnement

L'environnement peut être de différentes natures en fonction du problème pour lequel l'agent est déployé.

2.3.1 Discret / Continu

Si les états possibles de l'environnement sont dénombrables et clairement définis, l'environnement est dit "discret". Par exemple, le jeu de Go est un environnement discret car on peut lister tous les états possibles du plateau. En revanche, un simulateur de conduite est continu, on ne peut pas lister toutes les positions possibles de la voiture[11].

2.3.2 Observable / Partiellement Observable

L'environnement est observable si l'agent peut à tout moment en observer la totalité, sinon l'environnement est partiellement observable. Par exemple le jeu DotA 2 n'est que partiellement observable car du brouillard cache une partie de l'environnement[11].

2.3.3 Statique / Dynamique

Si l'environnement ne change pas tant qu'un agent n'agit pas il est dit statique, sinon il est dynamique. Un exemple d'environnement statique est le jeu du monopoly, tant qu'un joueur n'agit pas l'état du jeu ne change pas. Au contraire dans les flippers, la balle va continuer à bouger même si le joueur ne fait rien[11].

2.3.4 Simple agent / Multi-agents

Lorsque l'environnement n'est influencé que par un seul agent il est dit simple agent, c'est la cas du jeu space invaders qui se joue seul. Si l'environnement est influencé par plusieurs agents il est dit multi-agents, la planète terre est donc un environnement multi-agents[11].

2.3.5 Déterministe / Non-déterministe

L'environnement est dit déterministe si on peut prévoir, à partir d'une observation de l'état actuel de l'environnement, l'état suivant de l'environnement. Autrement dit si l'aléatoire n'intervient pas dans l'évolution de l'environnement alors il est déterministe[11].

2.3.6 Épisodique / Non-épisodique

Un environnement épisodique est divisé en épisodes, un épisode est une série d'observation qui mène à une et une seule action, une fois l'action effectuée, l'épisode est terminé. Ainsi les actions et décisions passées de l'agent (les épisodes passés) n'ont aucune influence sur l'état actuel de l'environnement.

Un exemple d'environnement épisodique est un agent qui regarde des images pour les classer, une fois le choix fait celui-ci n'aura pas d'influence sur les images suivantes. Au contraire dans un jeu comme le jeu d'échecs, chaque coup dépend du coup précédent, c'est donc un environnement non-épisodique[11].

3 Réseau de Neurones Artificiels

Un réseau de neurones est un modèle, inspiré du fonctionnement du cerveau humain, qui va consister en un ensemble de neurones artificiels (aussi appelés perceptrons), disposés en couches qui vont communiquer en propageant une information[12]. En effet, les neurones de notre cerveau vont collecter les signaux en provenance de leurs dendrites, puis si les signaux sont assez forts envoyer une impulsion le long de leur axone vers les neurones suivants qui vont faire de même. A noter que les connexions entre deux neurones peuvent être plus ou moins fortes (le signal va donc se propager avec une intensité variable)[13].

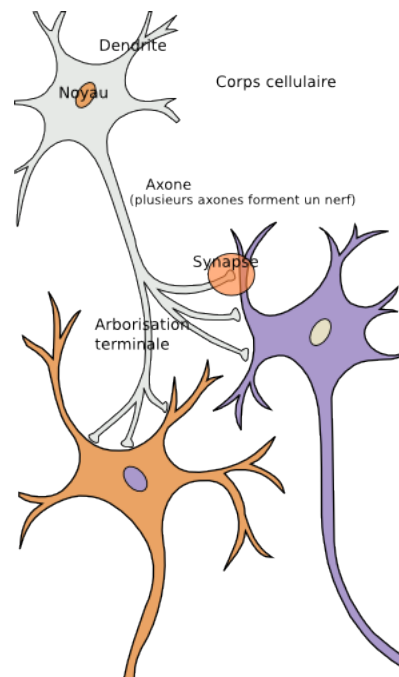


FIGURE 2 – Représentation des neurones dans le cerveau humain [1]

Les perceptrons quant à eux vont imiter (de manière simplifiée) ce comportement, chaque perceptron va prendre le signal envoyé par chacun de ses voisins de la couche précédente, puis multiplier cette valeur par le poids de la connexion et finalement faire la somme de toutes les valeurs pondérées. Cette somme est ensuite passée dans une fonction (dites fonction d'activation) qui va la placer dans un intervalle (entre 0 et 1 par exemple) et renvoyer le résultat à tous ses voisins de la couche suivante qui vont faire de même[14]. D'un point de vue mathématique le comportement d'un perceptron peut être écrit comme :

$$o = f\left(\sum_{i=0}^n S_i \cdot W_i\right) \quad (1)$$

Où

o est le signal qui va sortir du perceptron

f est la fonction d'activation

n est le nombre de voisins de la couche précédente

S est le vecteur des signaux des voisins la couche précédente

W est le vecteur des poids entre le perceptrons et ses voisins de la couche précédente

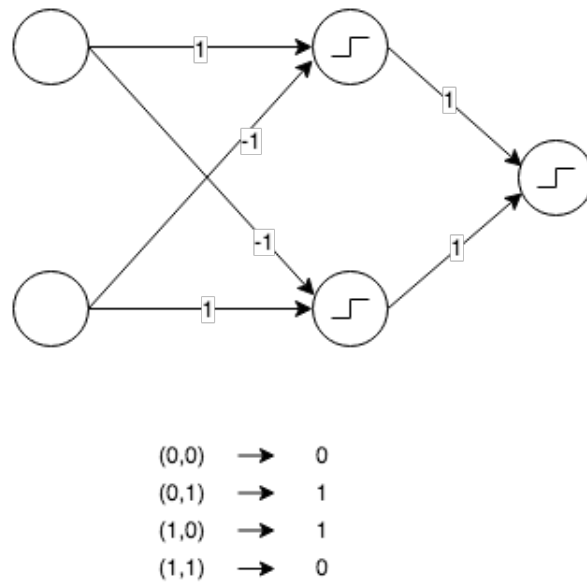


FIGURE 3 – Porte logique "ou exclusif" (XOR) simulée par un réseau de neurones

Les neurones de la première couche vont recevoir leur valeur depuis l'extérieur. Ces entrées (aussi appelées *features*) dépendent du problème pour lequel le réseau est employé. Ainsi si nous cherchons à prédire la note d'un examen en fonction du temps de révision et du nombre d'heures de sommeil, les entrées du réseau seront le temps de révision et le nombre d'heures de sommeil.

Chaque neurone de la couche suivante calculera sa valeur par propagation du signal de la couche précédente afin d'arriver jusqu'à la dernière couche de neurones qui déterminera la prédiction du réseau de neurones. Cette prédiction est également appelée *label*. Dans le cas de notre exemple, le label du réseau sera la note prévue.

Avant de pouvoir utiliser notre réseau pour faire des prédictions, il faut l'entraîner, c'est à dire ajuster les paramètres (poids, topologie) afin que les labels soient le plus correct possible pour des features données.

Les réseau de neurones possèdent également une entrée particulière, dont la valeur sera toujours le maximum selon l'intervall de fonctionnement, cette entrée est appelée le biais (bias en anglais). Dans les figures suivantes je ne représenterai pas le biais pour alléger la lecture.

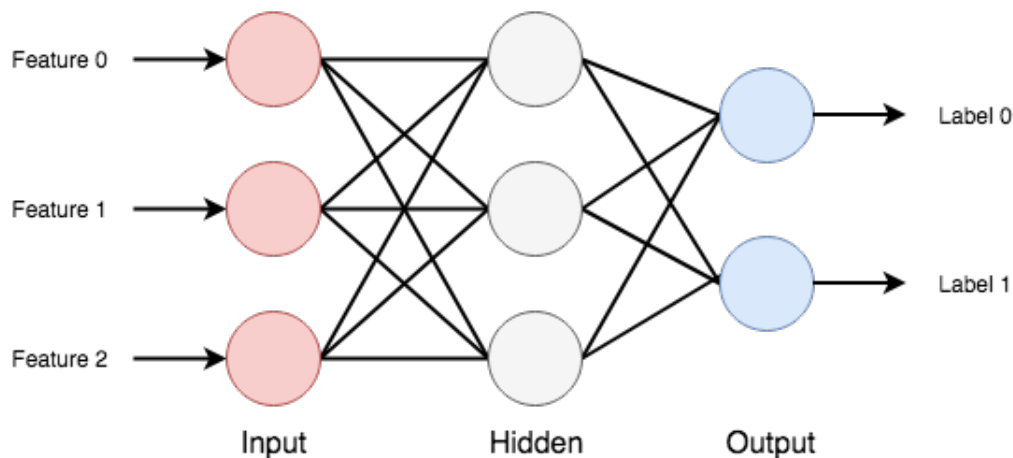


FIGURE 4 – Réseau de neurones

Il est cependant important de ne pas mystifier le fonctionnement des réseaux de neurones. Ce sont certes des "boîtes noires", c'est à dire qu'il n'est pas possible d'analyser un réseau et d'expliquer pourquoi une connexion donnée a un tel poids. En revanche, il ne faut pas perdre de vue que leur comportement est exprimable par une fonction mathématique. En effet tout comme le comportement d'un perceptron est décrit dans l'équation 1 le comportement de n'importe quel réseau de neurones peut-être décrit par une equation dépendant du réseau.

3.1 Apprentissage supervisé

L'apprentissage supervisé est une manière d'entraîner un réseau de neurones avec un ensemble de couples (features, labels). Le but est de commencer avec un réseau initialisé aléatoirement, puis de lui donner en entrée des features dont les labels sont connus et de comparer les labels donnés par le réseau aux labels attendus.

En fonction du taux d'erreur, il sera possible de corriger les poids des connexions du réseau pour minimiser ce taux[15].

Les avantages principaux de cette technique d'apprentissage sont la rapidité d'entraînement et la justesse atteignable étant donné que le fonctionnement ne dépend pas d'heuristiques.

Les désavantages sont le temps de génération de la base d'exemples et le fait qu'il faille connaître le label attendu pour chaque feature (nous savons à coup sûr qu'une image de chien doit être classifiée comme "chien" mais nous ne savons pas le coup idéal à jouer selon l'état d'un plateau de jeu). Le problème du sur-apprentissage (overfitting) intervient également, la conséquence du sur-apprentissage est que le réseau va analyser de manière trop exacte les données de son ensemble d'exemples en faisant des lien de causalité qui n'ont pas lieu d'être et va ensuite faire des erreurs lorsqu'il devra classer des nouvelles données.

3.2 Apprentissage non supervisé

L'apprentissage non supervisé est une méthode d'apprentissage où l'entraînement se fait avec un ensemble de features dont le label n'est pas connu. Une utilisation de cette technique est le partitionnement de données où le réseau va apprendre à regrouper des features similaires dans la même catégorie[16].

Cette méthode peut être comparée à la manière dont un enfant apprend à reconnaître son environnement. Si il voit 50 voitures, il va pouvoir les associer comme étant des objets similaires, sans pour autant qu'on ait eu besoin de lui expliquer ce qu'est une voiture.

3.3 Apprentissage par renforcement

L'apprentissage par renforcement intervient lorsqu'on veut optimiser les décisions prises par un agent intelligent en fonction de son environnement. Il est possible que l'agent soit contrôlé par un réseau de neurones, dans ce cas, les décisions seront les labels et les informations sur son environnement seront les features. Le concept de l'apprentissage par renforcement est de récompenser ou de pénaliser les choix faits par l'agent afin qu'au fur et à mesure des expériences il optimise son comportement[8].

3.4 Neuroévolution

La neuroévolution est une technique d'entraînement dont le but est d'utiliser les principes des algorithmes évolutionnistes afin d'optimiser un réseau de neurones pour effectuer la tâche désirée. A la différence de l'apprentissage par renforcement, ce ne sont pas les actions individuelles qui vont être jugées mais l'efficacité totale du réseau. Nous ne cherchons donc pas à développer un comportement particulier mais juste à être plus optimal, le choix de la stratégie pour atteindre son but est laissée au réseau de neurones[9].

3.5 Fonctions d'activation

Les fonctions d'activation sont des fonctions qui ont pour tâche de limiter la valeur des neurones dans un intervalle donné. Afin de pouvoir appliquer la rétropropagation du gradient il faut également que la fonction soit dérivable. Voici quelques exemples de fonctions utilisées couramment :

La sigmoïde $\sigma : \mathbb{R} \rightarrow]0, 1[$

$$\sigma : x \mapsto \frac{1}{1 + e^{-\beta x}} \quad (2)$$

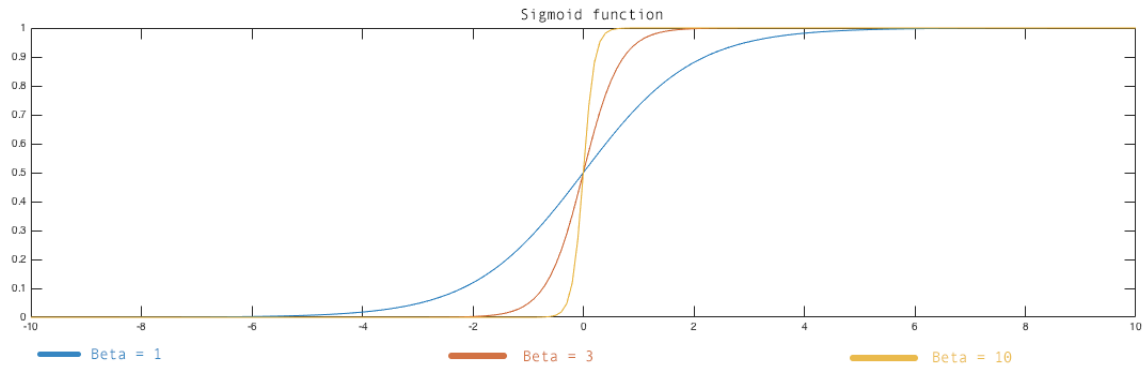


FIGURE 5 – Fonction Sigmoid avec des β variables

La tangente hyperbolique $\tanh : \mathbb{R} \rightarrow]-1, 1[$

$$\tanh : x \mapsto \frac{e^x - e^{-x}}{e^x + e^{-x}} \quad (3)$$

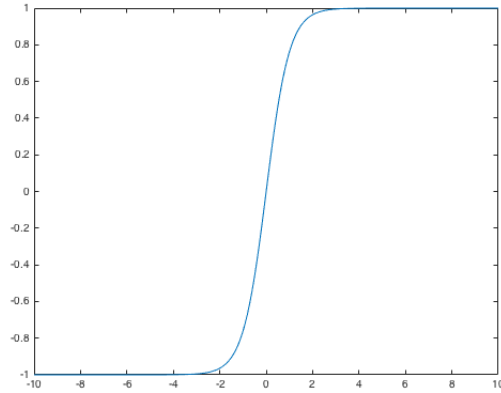


FIGURE 6 – Fonction tangente hyperbolique

La fonction step $\text{step} : \mathbb{R} \rightarrow [0, 1]$

$$\text{step} : x \mapsto \begin{cases} 0, & \text{if } x \leq 0 \\ 1, & \text{otherwise} \end{cases} \quad (4)$$

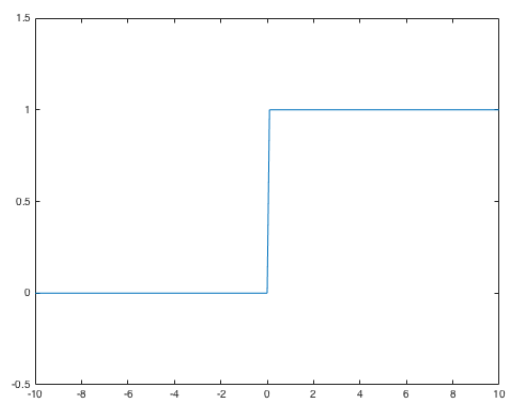


FIGURE 7 – Fonction step

4 Algorithmes évolutionnistes

Un algorithme évolutionniste est un algorithme d'optimisation métaheuristique qui cherche, par un processus inspiré de la sélection naturelle, une solution optimale à un problème. Ces algorithmes utilisent des iterations stochastiques pour arriver à maximiser une fonction évaluant leurs performances, dite fonction de fitness[17].

Les sections suivantes expliquent de manière générale les différents points clef de ces algorithmes.

4.1 Génome & Phéno

Le génome est l'ensemble du matériel génétique d'un individu, celui-ci contient toutes les informations nécessaires à la création de l'individu[18]. Chez les humains le génome est organisé en 23 paires de chromosomes. A partir de ces chromosomes, qui sont uniques à chaque organisme, on peut créer le phéno. Le phéno est l'ensemble de tout les traits observables chez un individu (p.ex la couleur des yeux, de la peau, des cheveux, etc...)[19].

Dans le cadre de la neuroévolution, le génome est un encodage refermant les différents paramètres du réseau de neurones tels que les poids des connexion et le topologie du réseau. En décodant le génome il est donc possible de construire le phéno, un réseau de neurones dans notre cas.

4.2 Population initiale

La base d'un algorithme évolutionniste est la population initiale. Celle-ci doit être générée aléatoirement afin de représenter un vaste spectre de possibilités. Nous ne retrouverons dans cette population aléatoire aucun individu capable d'accomplir parfaitement la tâche demandée, mais certains auront des comportements qui les aideront à obtenir un fitness plus élevé que leurs voisins. C'est donc ceux-ci vont donc passer leurs caractéristiques à la génération suivante par le processus de sélection naturelle.

4.3 Sélection

La sélection est un concept essentiel dans l'utilisation d'algorithmes évolutionnistes. L'objectif est de privilégier, en tenant compte du fitness, les individus les plus performants afin qu'ils soient plus souvent sélectionnés pour être parents. Ainsi, les caractéristiques qui les rendent plus performants seront plus largement passés à la génération suivante alors que les caractéristiques des individus plus faibles disparaîtront rapidement[2].

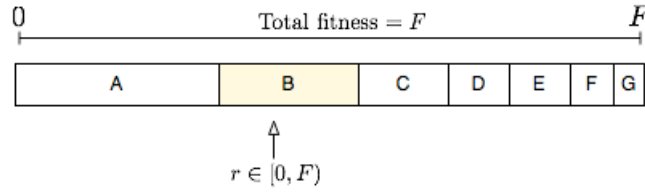


FIGURE 8 – Exemple de sélection proportionnelle au fitness, soit r une variable aléatoire, il y a plus de chance que celle-ci sélectionne un organisme plus performant (A, B) qu'un organisme faible (F, G)[2]

Les organismes sélectionnés vont donc pouvoir mélanger leurs gènes pour créer des enfant héritants des caractéristiques qui ont rendu leurs parents performants. Ce mélange est fait par l'opération de crossover.

4.4 Crossover

Un crossover (ou enjambement en français) est une opération génétique qui consiste à croiser les gènes de deux parents afin de créer le gène de l'enfant. Ce dernier va donc hériter de certaines caractéristiques de l'un ou l'autre parent. Un exemple visible de cette opération chez les humains est que l'on reconnaît des traits (couleur de peau, yeux, cheveux) des parents chez les enfants[20].

Le crossover va donc permettre un mélange de gènes forts dans le but de créer des enfant meilleurs que leurs parents, cependant le crossover ne va pas permettre l'apparition d'innovations ou de comportements nouveaux. C'est pour cette raison que cette opération va de paire avec la mutation.

4.5 Mutation

Les mutations sont des événements aléatoires qui vont altérer le génome de façon à créer une innovation, qui va par exemple se traduire par un comportement différent du génome. Dans certains cas les mutations seront bénéfiques (p.ex la capacité à respirer hors de l'eau), dans d'autre la mutation causera un comportement désavantageux (p.ex malformation des membres)[21].

L'utilisation de mutations dans les algorithmes génétiques va permettre l'apparitions de nouveaux comportements qui peuvent être avantageux pour l'obtention d'une solution optimale. Cependant les mutations pouvant aussi être désavantageuses, il est important de conserver les meilleurs solutions de chaque itération grâce au principe d'élitisme.

4.6 Elitisme

L'élitisme est un concept qui va permettre la survie des meilleurs individus d'une génération vers la génération suivante sans que leur code génétique soit modifié[22].

La raison pour laquelle ce concept est mis en place est que les solutions optimales trouvées ne doivent pas être perdues à cause de mutations désavantageuses.

5 Evolution du perceptron multicouche - Algorithme Naïf

Cette section détaille le fonctionnement de l'algorithme évolutionniste mis en place pour faire évoluer les perceptrons multicouches à topologie fixe. Celui-ci va donc uniquement faire varier les poids des connexions dans le réseau pour optimiser son comportement. L'algorithme a été créé en s'inspirant des concepts d'algorithmes évolutionnistes décrits précédemment.

5.1 Génome & Phénotype

Pour cet algorithme le génome est simplement la liste des poids constituant le réseau de neurones. Ainsi, étant donné que la topologie du réseau est fixe, on peut le reproduire à l'identique en assignant les bons poids.

Le phénotype dans le cas de cet algorithme sera un réseau de neurones à topologie fixe et entièrement connecté (Chaque neurone d'une couche donnée est connecté à chaque neurone de la couche suivante).

Le réseau de neurones utilise la fonction d'activation Sigmoid avec $\beta = 3$.

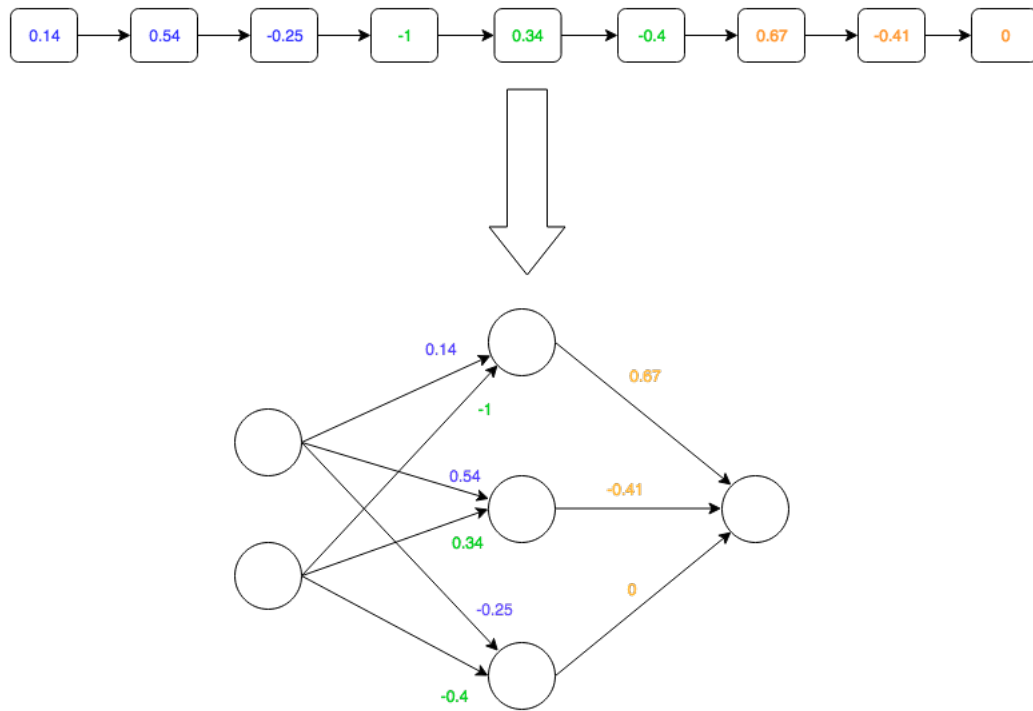


FIGURE 9 – Passage du génome au phénotype

5.2 Population initiale

La population initiale est un ensemble de perceptrons multicouche dont la topologie est la même. Les poids entre les couches sont assignés aléatoirement à une valeur entre -1 et +1 afin de représenter un spectre de possibilités aussi large que possible.

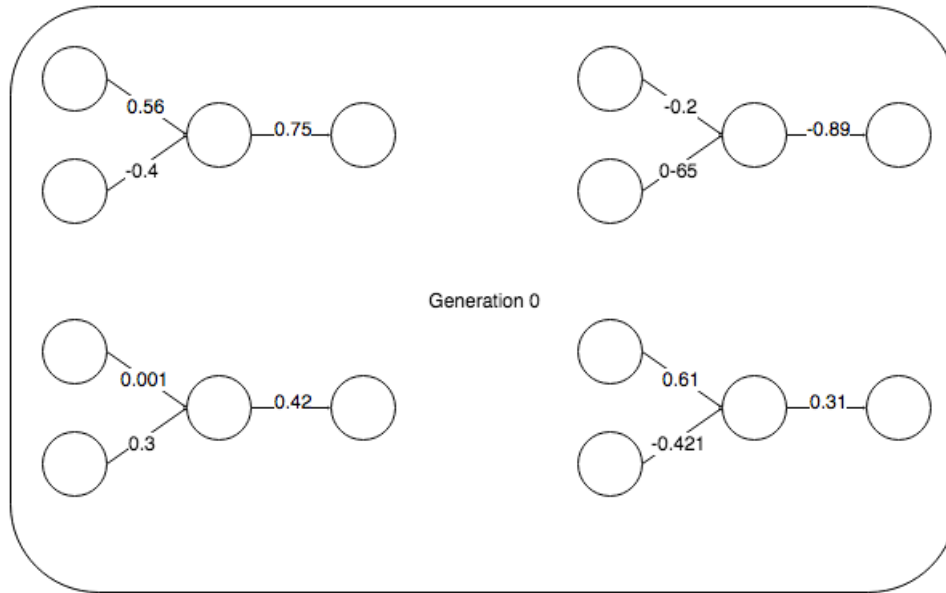


FIGURE 10 – Exemple de population initiale

5.3 Sélection

La sélection est utilisée pour choisir un individu de la génération précédente qui va soit passer ses gènes directement (être cloné), soit faire un crossover avec les gènes d'un autre individu lui aussi sélectionné. La probabilité de l'une ou l'autre de ces actions est de 50%.

Le génome résultant de cette sélection subira ensuite une potentielle mutation. Ce processus est répété autant de fois que nécessaire pour créer une nouvelle génération contenant autant d'organismes que la précédente.

5.4 Crossover

Le crossover fonctionne d'après un principe très simple :

- Choisir un point de croisement
- Assigner à l'enfant tous les gènes qui précèdent ce point depuis le premier parent
- Assigner à l'enfant tous les gènes qui suivent ce point depuis le second parent

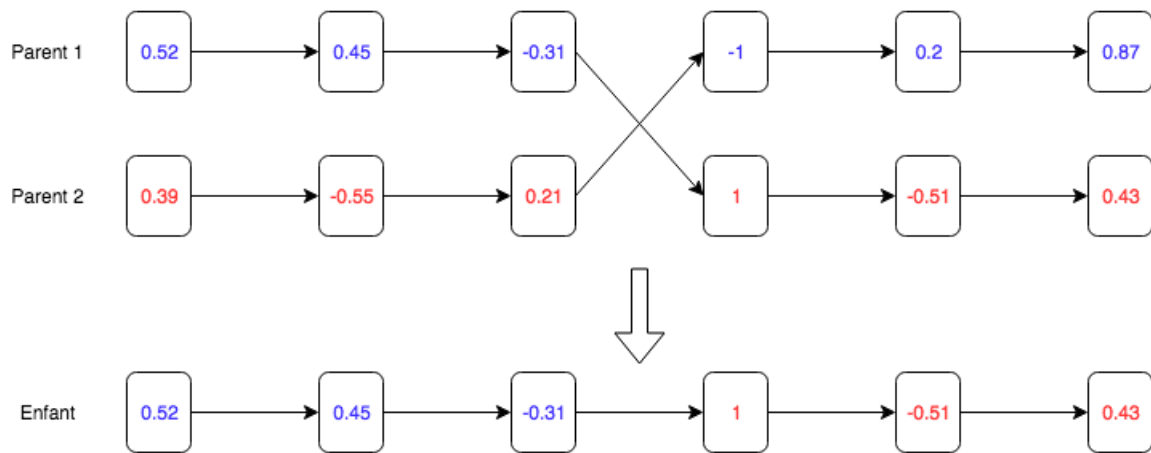


FIGURE 11 – Fonctionnement d'un crossover

Ainsi, les traits permettant une meilleure survie vont rapidement se répandre dans la population car les individus ayant obtenu un meilleur fitness seront plus souvent sélectionnés pour faire une crossover avec un autre individu.

5.5 Mutation

Dans le cas de cet algorithme, étant donné que la topologie est fixe, la mutation sera simplement une variation aléatoire d'un poids dans le réseau de neurones. Ainsi chaque enfant de chaque génération aura 10% de chance que l'un de ses gènes subisse une mutation.

Le poids subira donc une variation d'une valeur aléatoire choisie entre +0.5 et -0.5 cependant le poids sera ensuite fixée dans l'intervalle $[-1, 1]$.

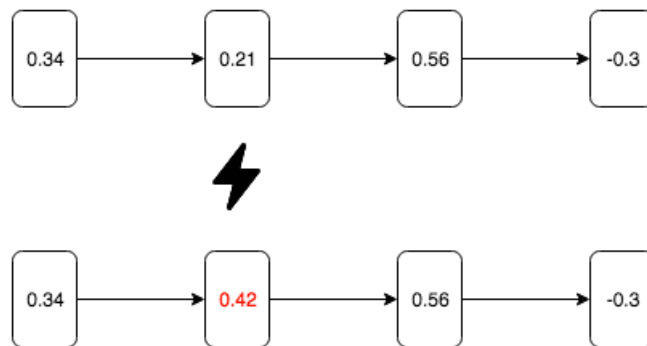


FIGURE 12 – Exemple de mutation dans un génome

5.6 Elitisme

Pour cet algorithme, seul le champion de la génération (organisme ayant obtenu le meilleur fitness) est préservé sans altération de son code génétique pour la génération suivante.

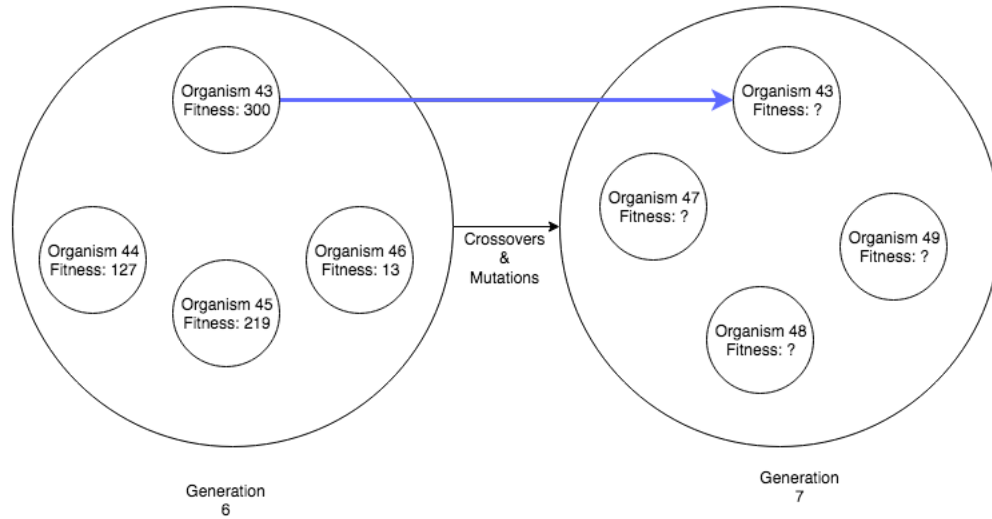


FIGURE 13 – Elitisme d’une génération vers la suivante

5.7 Déroulement de l’algorithme

L’organigramme ci-dessous décrit le comportement global de l’algorithme. La fonction $\text{random}(0, 1)$ va tirer un nombre aléatoire entre compris dans l’intervalle $[0, 1[$. L’algorithme va donc répéter tant que la solution n’est pas optimale les étapes décrites ci-dessus pour générer des populations s’améliorant à chaque itération.

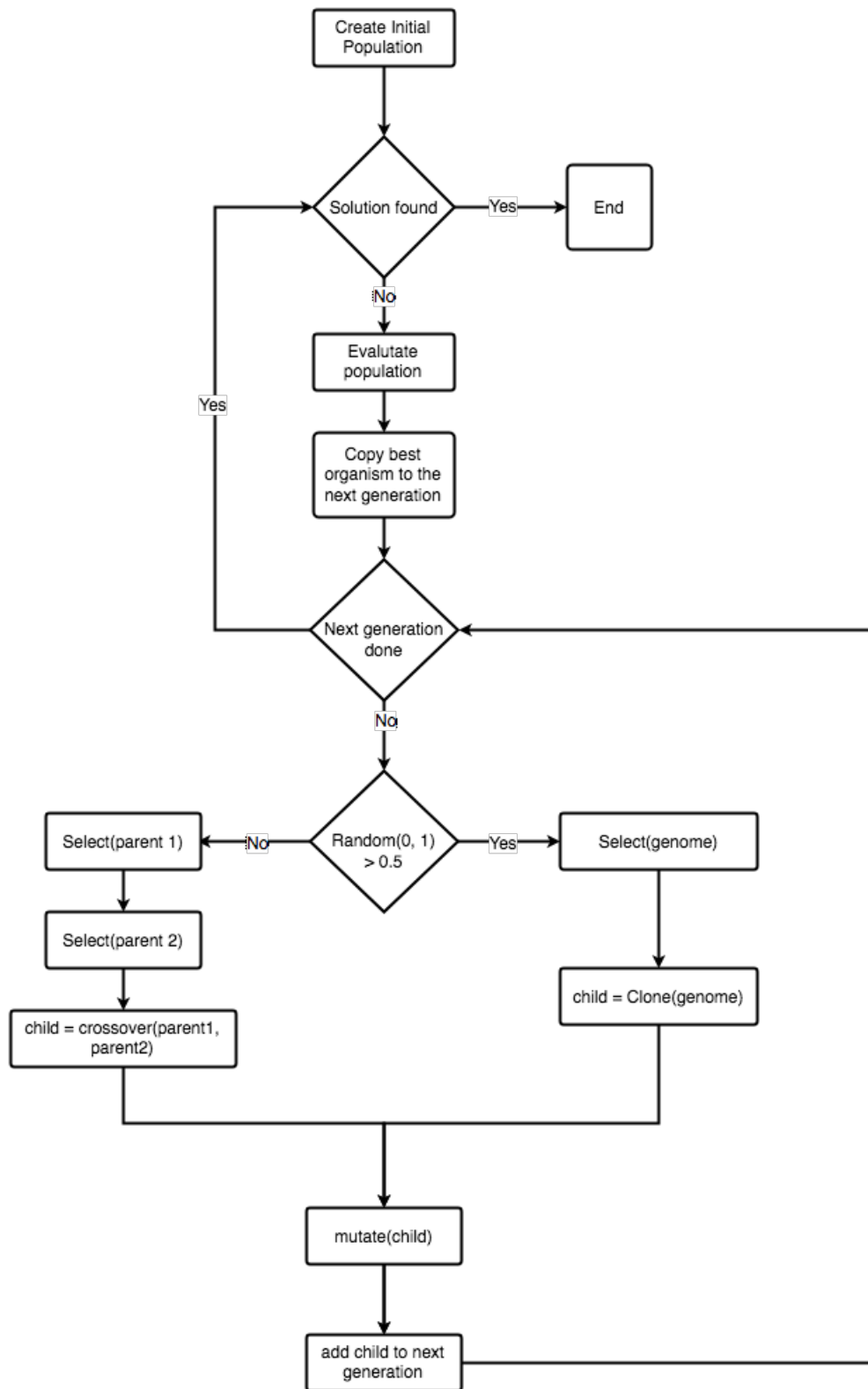


FIGURE 14 – Organigramme de l’algorithme naïf

6 NEAT

L'autre algorithme de neuroévolution mis en place est le NEAT, créé par Ken Stanley à Université du Texas à Austin. Cet algorithme détaille comment obtenir des réseaux de neurones dont la topologie change au fil des évolutions.

Il apporte trois techniques essentielles à son fonctionnement : suivre l'évolution des gènes avec un historique pour permettre les crossover parmi les différentes topologies, séparer les organismes en espèces afin de préserver l'innovation et faire évoluer les topologies de manière incrémentale en partant de structures simples afin d'obtenir des résultats minimaux[23].

6.1 Génome & Phénotype

Dans le cas de NEAT, le génome est plus complexe, en effet il doit représenter tous les neurones et toutes les connexions. Etant donné que le réseau n'est pas forcément entièrement connecté, et que les connexions peuvent "sauter" des couches, le génome est constitué de deux listes, une qui représente tout les neurones du réseau et une qui représente toutes les connexions du réseau.

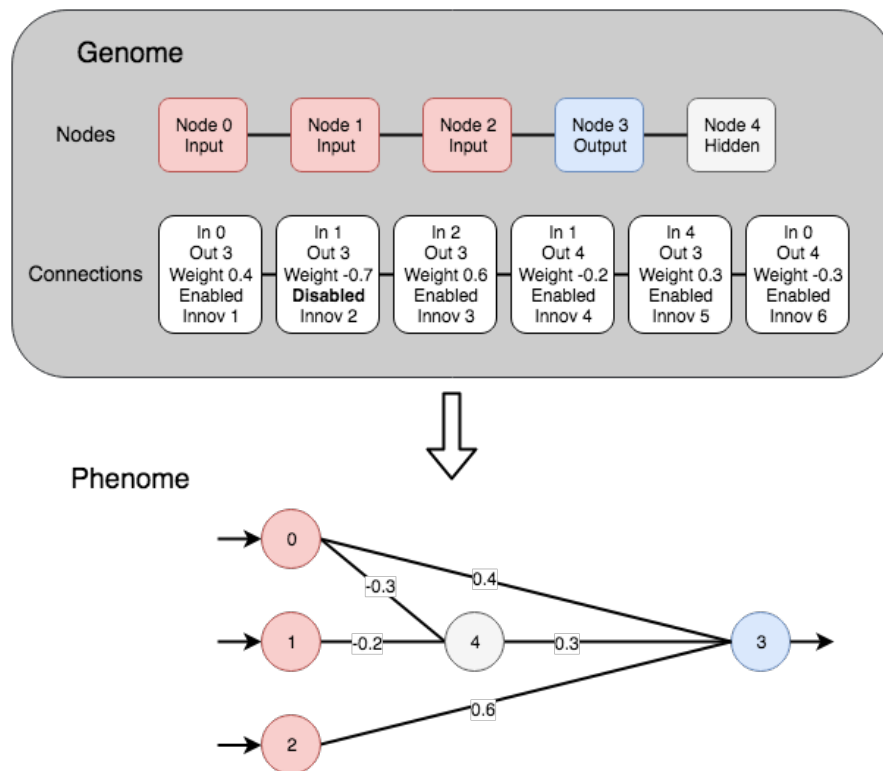


FIGURE 15 – Passage du génome au phénotype dans NEAT

6.2 Population initiale

La population initiale doit être aussi simple que possible, cependant il n’y a pas de règles dictant la manière dont elle doit être faite. Pour cet algorithme, la population initiale est donc un ensemble de perceptrons multicouche avec seulement une couche d’entrée et une couche de sortie dans lequel chaque entrée est reliée à chaque sortie.

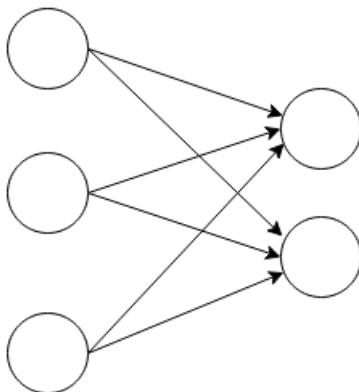


FIGURE 16 – Exemple de population initiale dans NEAT

Ce choix a été fait pour conserver un équilibre entre une population simple (pas de couche intermédiaire) mais qui est rapidement capable de s’ajuster car les connexions sont déjà disponibles. On ne perd donc pas de générations uniquement pour créer les connexions.

6.3 Historique des innovations

Une innovation est l’apparition dans le génome d’une nouvelle connexion. Un point central de l’algorithme est de suivre l’émergence de ces innovations afin d’étiqueter les innovations semblables par un même numéro. Ainsi, si nous avons deux réseaux ayant la même topologie qui, l’un après l’autre font apparaître une nouvelle connexion entre les mêmes neurones, leurs deux connexions auront le même numéro d’innovation.

Afin de faire ce lien, il faut d’abord faire une recherche pour savoir si cette connexion a déjà été ajoutée dans un autre réseau. Si oui, la connexion ajoutée prend le numéro d’innovation déjà existant. Sinon un nouveau numéro d’innovation est généré et on ajoute à l’historique des innovation sous le format suivant (numéro d’innovation, neurone d’entrée, neurone de sortie, innovations déjà présentes dans le génome).

6.4 Spéciation

Une particularité de NEAT est la séparation des organismes en espèces. L’objectif de cette séparation est de protéger les nouvelles topologies pour qu’elles aient le temps de se développer et de pénaliser les espèces ne s’améliorant pas avec le temps.

Pour effectuer cette spéciation, il faut comparer les similarités entre les génomes, plus particulièrement il faut aligner les gènes homologues (ayant le même numéro d'innovation) et compter les gènes dit *disjoints* où *excess*.

Un gène est dit disjoint s'il n'apparaît que dans un des deux génomes comparés mais que son numéro d'innovation est plus petit que le plus grand numéro d'innovation de l'autre génome. Un gène est dit excess s'il n'apparaît que dans un des deux génomes comparés mais que son numéro d'innovation est plus grand que le plus grand numéro d'innovation de l'autre génome. Les gènes qui ne sont ni disjoints ni excess sont dit *matching*.

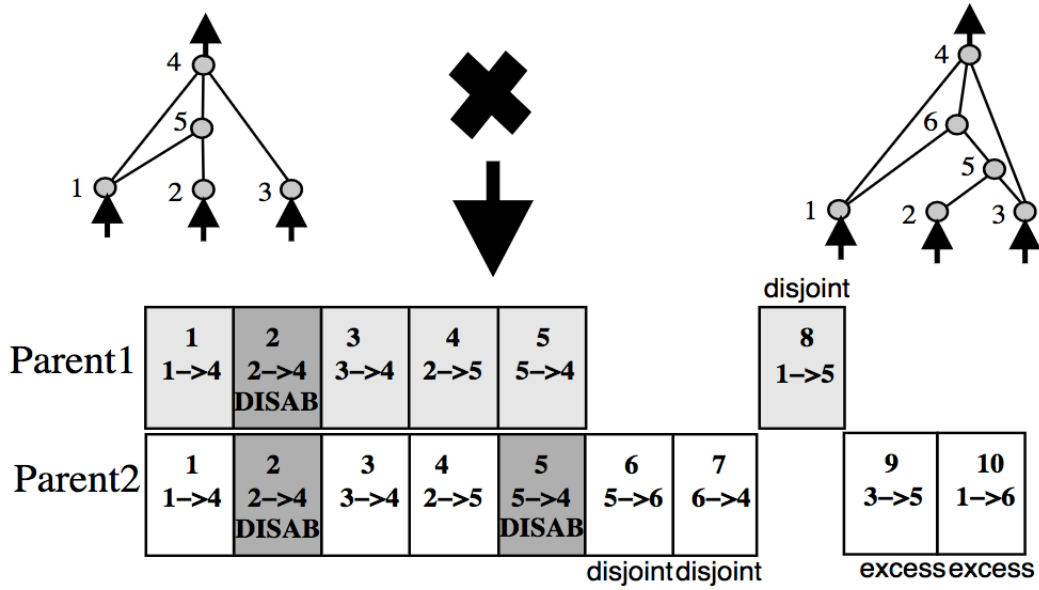


FIGURE 17 – Comparaison de deux génomes dans NEAT[3]

La dernière étape avant de pouvoir calculer la distance entre deux génomes est de calculer la moyenne des écarts entre les poids de chaque connexion. La formule calculant la disparité entre deux génomes est la suivante :

$$\delta = \frac{c_1 * E}{N} + \frac{c_2 * D}{N} + c_3 * \overline{W} \quad (5)$$

Où

c_1 est le coefficient d'excess

E est le nombre de gènes excess

c_2 est le coefficient de disjoints

D est le nombre de gènes excess

N est le nombre total de gènes, peut être assigné à 1 si le réseau est petit (moins de 20 connexions)

c_3 est le coefficient de l'écart des poids

\overline{W} est la moyenne des écarts des poids

Les coefficients peuvent être modifiés pour changer la sensibilité de la classification aux différents paramètres. Une fois la valeur de δ calculée, elle est comparée avec un seuil δ_t , si la valeur est plus grande, les génomes ne font pas partie de la même espèce, sinon ils font partie de la même espèce.

Afin de préserver l'innovation et d'éviter qu'une espèce ne domine rapidement la totalité de la population, un mécanisme de *fitness sharing* est mis en place. Pour ce faire, le fitness de chaque organisme d'une espèce est divisé par le nombre d'organismes dans cette espèce. Ainsi, les petites espèces qui émergent d'une innovation topologique seront protégées de l'extinction pendant quelques générations afin de laisser le temps aux organismes de s'ajuster.

Plus formellement le fitness ajusté de l'organisme i f'_i est défini comme :

$$f'_i = \frac{f_i}{\sum_{j=1}^n sh(\delta(i, j))} \quad (6)$$

Où

f_i est le fitness non ajusté de l'organisme i

n est le nombre d'organismes

sh est la fonction de sharing, celle si renvoie 0 quand son paramètre est inférieur à δ_t et 1 sinon

δ est la fonction comparant les génomes vue dans l'équation 5

6.5 Sélection

Dans NEAT, la sélection intervient au moment de la création d'une nouvelle génération. Cette sélection va d'abord être effectuée sur les espèces, en effet les organismes faisant partie de la moitié la moins performante de chaque espèce vont être supprimés.

Ensuite les espèces dont le meilleur organisme ne s'est pas amélioré depuis 15 générations sont supprimées.

Pour finir chaque espèce i se voit attribuer un nombre d'enfants n_i calculé selon la formule suivante :

$$n_i = \left\lfloor \frac{\overline{sf_i}}{pop * \sum_{j=1}^m \overline{sf_j}} \right\rfloor \quad (7)$$

Où

$\overline{sf_i}$ est la moyenne des fitness des organismes de l'espèce i

m est le nombre d'espèces

pop est le nombre total d'organismes

Si le nombre d'enfants d'une espèce est inférieur à un, l'espèce disparaît. Sinon l'espèce va produire n enfants dans la génération suivante en utilisant le principe de la sélection proportionnelle au fitness. En effet lors de la création d'un enfant il y a 25% de chance que l'enfant soit une copie d'un parent sélectionné et 75% de chance que l'enfant soit le fruit d'un crossover entre deux parents sélectionnés (il subira dans les deux cas une potentielle mutation).

6.6 Crossover

Le crossover dans NEAT est fait pour palier au problème des conventions concurrentes (competing conventions). En effet il est possible que deux réseaux produisent le même résultat mais de manière différente, le risque est que lorsque nous croisons les deux réseaux nous perdions une partie de l'information qui les rend efficaces.

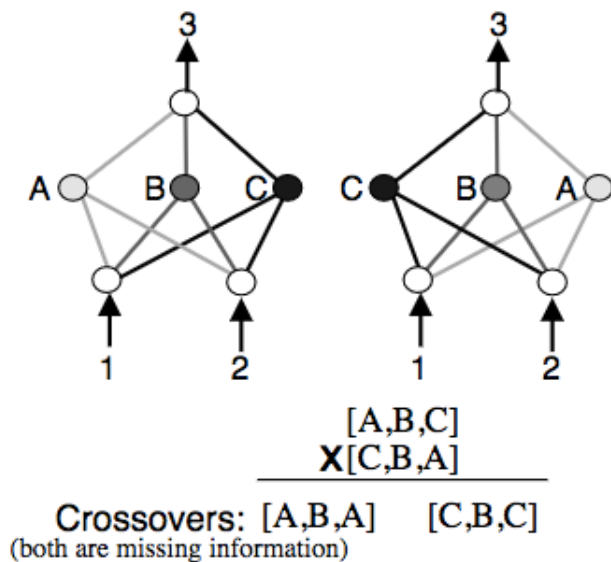


FIGURE 18 – Problème des conventions concurrentes, les deux réseaux atteignent le même résultat mais leurs possibles enfants n'auront que 2/3 de l'information [3]

Pour palier à ce problème, il faut que seuls les éléments qui divergent entre deux génomes soient échangés et que les éléments similaires soient conservés.

Le crossover dans NEAT se fait en alignant tous les gènes homologues (ayant le même numéro d'innovation). Pour chaque gène aligné il faut choisir aléatoirement de prendre celui du parent 1 ou du parent 2. Pour les gènes disjoint ou excess, seuls ceux du parent ayant le fitness le plus élevé sont conservés.

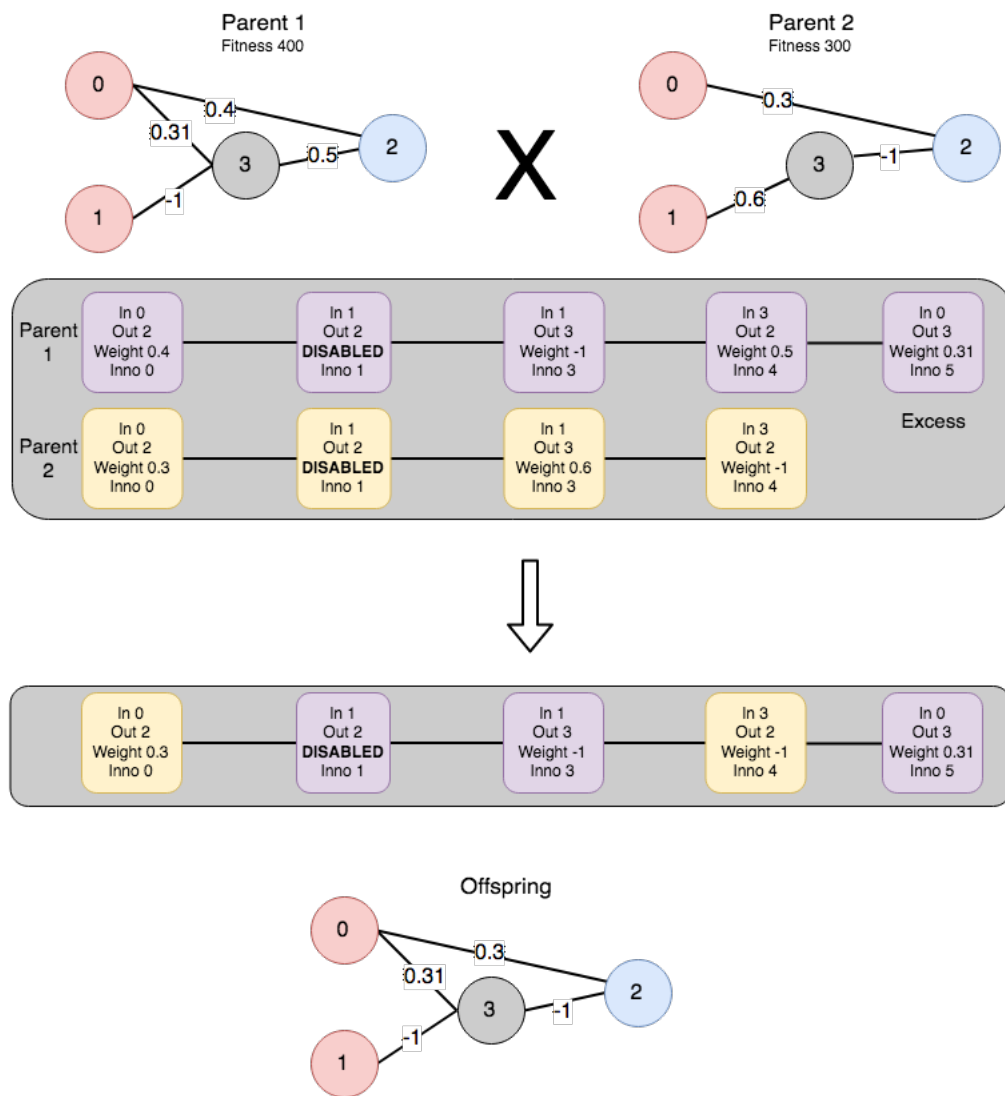


FIGURE 19 – Crossover dans NEAT

6.7 Mutation

Les mutations dans NEAT peuvent être de trois types différents.

6.7.1 Mutation de poids

Une mutation de poids à 80% de chance de se produire, si c'est le cas, tout les poids du réseau vont subir une mutation. Il y a 10% de chance que le poids change totalement et 90% de chance que le poids varie

très légèrement.

6.7.2 Mutation de connexion

Une mutation de connexion consiste en l'ajout d'une connexion entre deux neurones n'étant pas déjà connectés et ne faisant pas partie de la même couche. Ce type de mutation à 5% de chance de se produire.

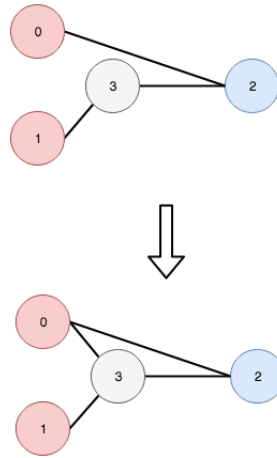


FIGURE 20 – Ajout d'une connexion

6.7.3 Mutation de neurone

Une mutation de neurone va ajouter un neurone dans le réseau, pour ce faire il faut choisir une connexion qui va être désactivée afin de la remplacer par deux connexions qui passent par le neurone ajouté. Cette mutation à 3% de chance de se produire.

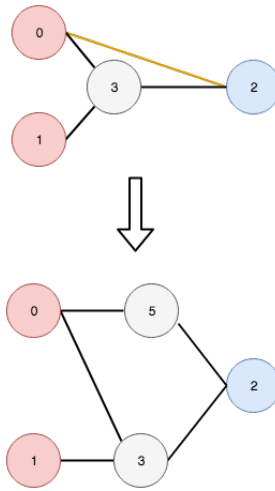


FIGURE 21 – Ajout d'un neurone

6.8 Elitisme

L'élitisme intervient dans l'algorithme car chaque espèce ayant au moins un enfant à créer va d'abord copier son champion de la génération passée sans lui faire subir de mutation vers la génération suivante.

6.9 Déroulement de l'algorithme

L'organigramme de l'algorithme NEAT se présente comme suit, il n'est pas possible de représenter en détail toutes les opérations faites, ce diagramme montre uniquement une vue globale de l'algorithme.

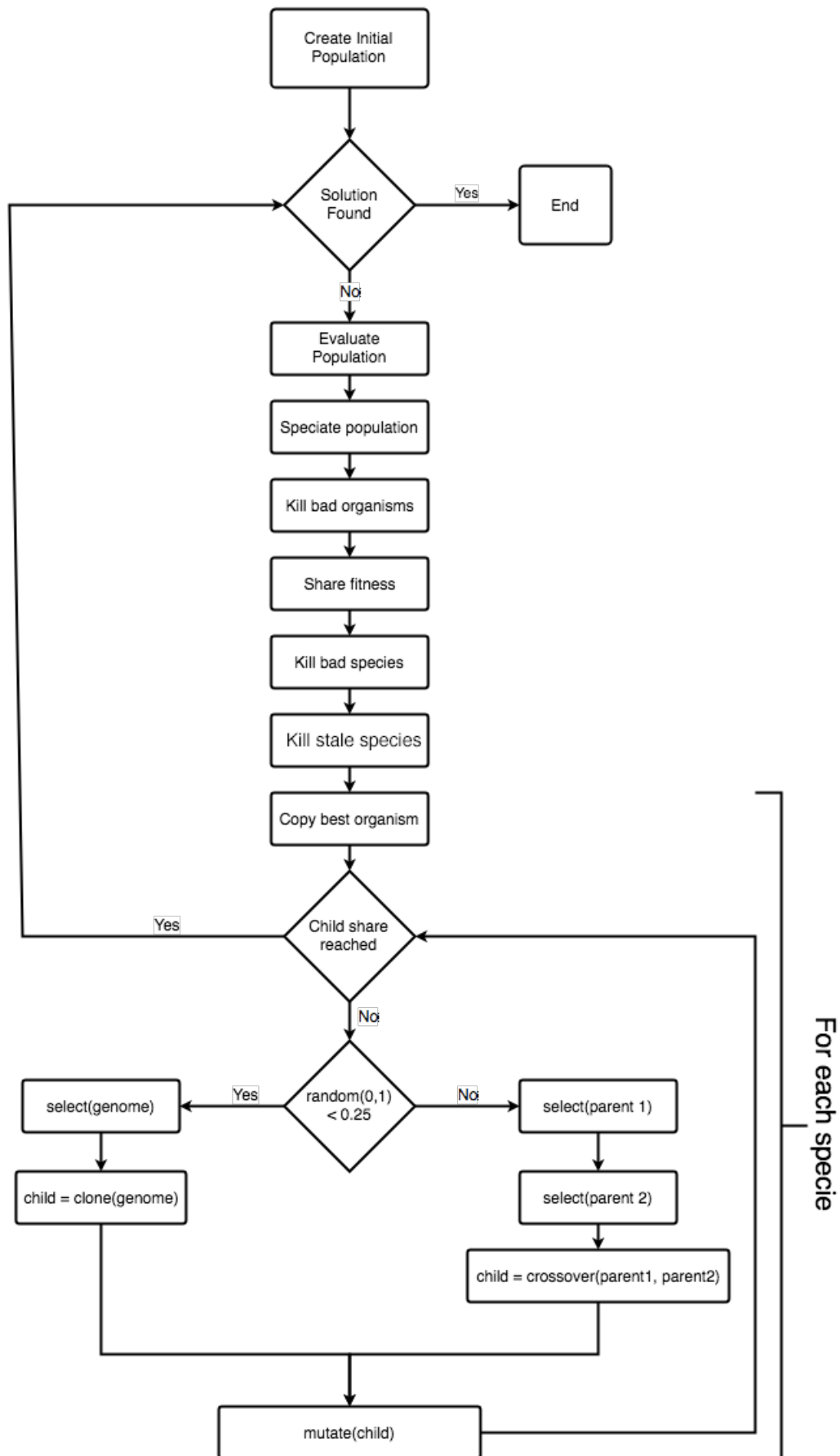


FIGURE 22 – Organigramme de l'algorithme NEAT

7 Architecture Réseau

Afin d'optimiser la vitesse de calcul, un système distribué à été mis en place. Celui-ci repose sur une architecture client-serveur où le client effectue les simulations et le serveur gère les génomes et s'occupe de distribuer de manière équitable le travail entre tout les clients.

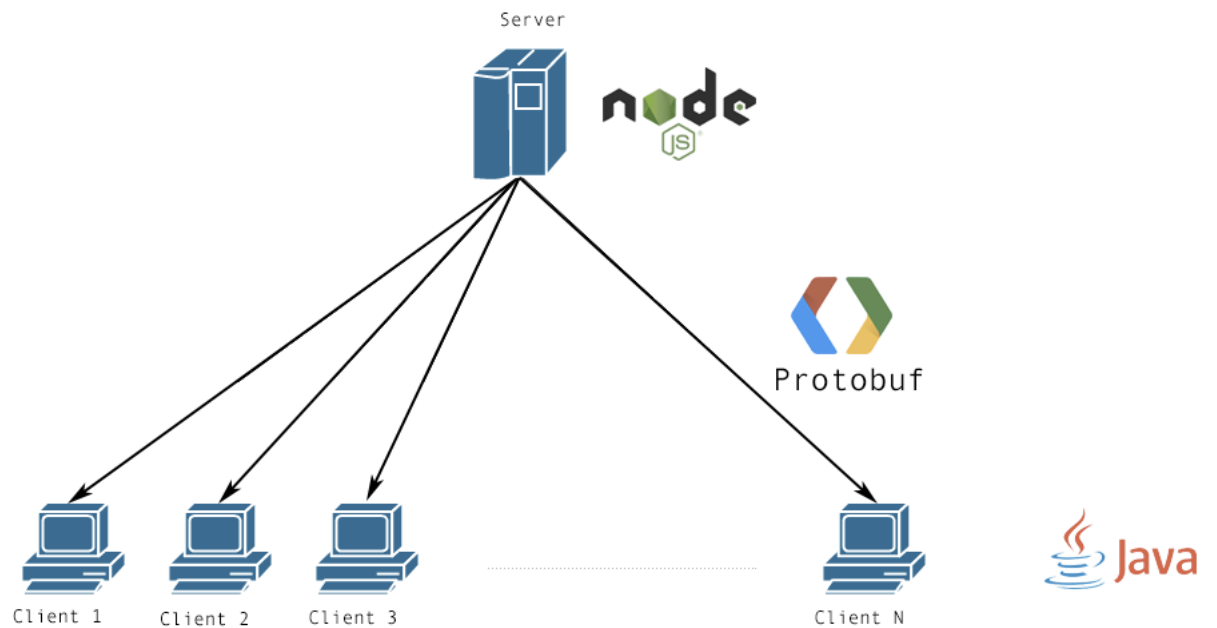


FIGURE 23 – Architecture réseau

7.1 Serveur

Comme écrit ci-dessus, le serveur à la lourde tâche de gérer tous les génomes et leurs fitness afin de mettre en oeuvre les algorithmes évolutionniste qui vont permettre l'évolution. En plus de cela il va également

devoir servir les pages web servant à la gestion et à la surveillance du processus évolutif et répondre aux requêtes sur l'API.

Afin de pouvoir effectuer toutes ces tâches, le serveur est constitué de modules node.js qui vont chacun gérer une partie de ce qui est lui est demandé.

L'architecture se présente ainsi :

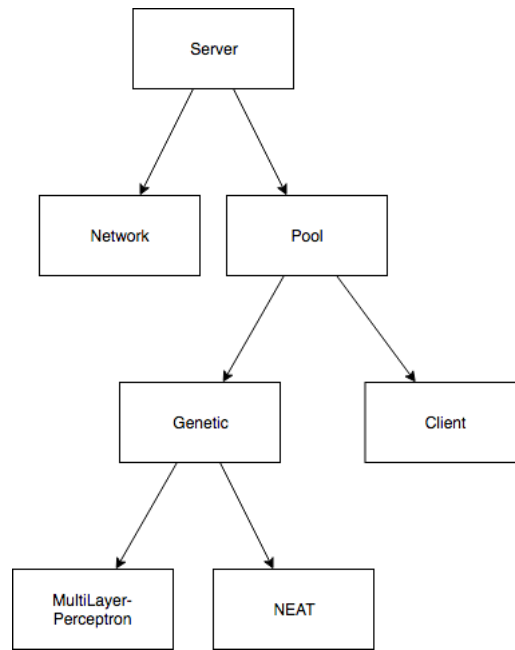


FIGURE 24 – Architecture des modules du serveur

Le module `server.js` contient le point d'entrée du serveur, ainsi que les callbacks en cas de requêtes web / API.

Le module `mgnetwork.js` gère les communications web entre le serveur et les clients.

Le module `pool.js` gère la tâche en cours et s'occupe de la distribution des génomes aux clients.

Le module `client.js` donne une abstraction d'un client.

Le module `genetic.js` donne une interface générique pour les algorithmes génétiques, les fonctions disponibles sont :

- `createRandomPopulation` qui va générer une population initiale selon l'algorithme passé en paramètres.
- `metadataFromTopology` qui va générer une chaîne de caractères représentant les hyperparamètres d'un réseau.

- `genomeString` qui va convertir un génome dans une représentation sous la forme d'une chaîne de caractères.
- `createNextGeneration` qui va utiliser le bon algorithme évolutionniste pour créer la génération suivante.

Genetic functions

```

/**
 * Creates a random population
 * @param {MGNetworkType} genomeType The type of the genomes to create
 * @param {Number} population The amount of genome to create
 * @param {Object} netMetadata The metadata of the genomes to create
 * @return {Array} Array containing the random genomes
 */
function createRandomGeneration(genomeType, population, netMetadata) {...}

/**
 * Gives the metadata string to send to the client for a network topology
 * @param {Object} topo The topology of the network
 * @return {String} String representation of the topology
 */
function metadataFromTopology(topo) {...}

/**
 * Encodes the genome to a string
 * @param {Object} genome The genome to encode
 * @param {MGNetworkType} type Enum value of the type of the genome
 * @return {String} String representation of the genome
 */
function genomeString(genome, type) {...}

/**
 * Creates the next generation of genomes, using the previous generation which has
 * been evaluated
 * @param {Array} genomes The previous generation
 * @param {MGNetworkType} genomeType The type of the genomes
 * @return {Array} The next generation, using the right genetic algorithm
 */
function createNextGeneration(genomes, genomeType) {...}

```

Le module `neat.js` gère la totalité de l'algorithme NEAT.

Le module `mlp.js` gère la totalité de l'algorithme naïf.

7.2 Client

Le client va devoir effectuer la simulation demandée par le serveur avec le bon réseau de neurones afin d'obtenir le fitness de ce réseau. Pour ce faire il a fallu définir un format pour l'envoi d'un génome par le serveur qui puisse être transformé en réseau de neurones par le client.

Ce format est constitué de deux éléments, la métadonnée du réseau qui est une chaîne de caractères représentant le topologie du réseau. Ainsi que le génome qui va donner les informations sur les connexions, les poids etc...

La métadonnée est encodée dans un format simple : "#entrées,#couche cachées,#neurones couche 1,#neurones couche 2,...,#sorties". Par exemple soit un réseau à topologie fixe avec 8 entrées, 2 couches cachées, la première avec 6 neurones, la deuxième avec 4 neurones et enfin 4 sorties. La métadonnée sera "8,2,6,4,4".

L'encodage du génome dépend du type de réseau, pour les réseaux à topologie fixe, il s'agit simplement de la liste des poids à appliquer sur le réseau. Dans le cas d'un réseau de l'algorithme NEAT l'encodage est plus complexe : "#connexions,#neurones,id du biais,#couches,entrée de la connexion 0,sortie de la connexion 0,poids de la connexion 0,...,neurone 0, couche du neurone 0,...".

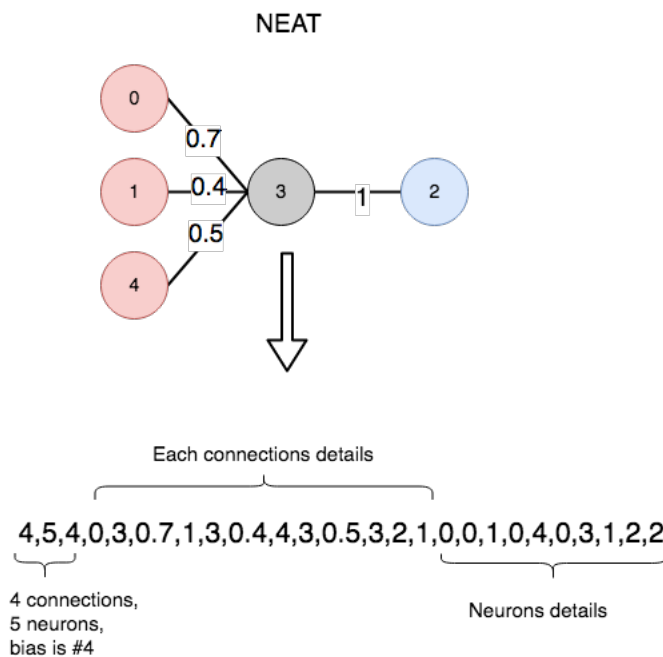


FIGURE 25 – Encodage du réseau NEAT

7.2.1 Réseaux de neurones

Les réseaux de neurones sont utilisés de manière transparente via une classe abstraite laissant paraître un constructeur minimaliste et deux fonctions, une pour propager un signal dans le réseau de neurones, l'autre pour afficher le réseau de neurones.

```

                                Neural network
public NeuralNetwork(int inputCount, int outputCount, ActivationFunction
activationFunction) {
    this.inputCount = inputCount;
    this.outputCount = outputCount;
    this.activationFunction = activationFunction;
}

/**
 * Propagates the input through the neural network all the way until the outputs are
 * set
 * @param input    The input signals to propagate
 * @return         The output result
 */
public abstract float[] propagateForward(float[] input);

/**
 * Displays the neural network on the specified rectangle
 * @param g        The graphics to access the frame
 * @param x        The rectangle's top left corner x coordinate
 * @param y        The rectangle's top left corner y coordinate
 * @param w        The width of the rectangle
 * @param h        The height of the rectangle
 */
public abstract void display(Graphics g, int x, int y, int w, int h);

```

Cette classe est ensuite héritée par deux autres classes, une pour le réseau à topologie fixe et l'autre pour le réseau NEAT. La classe `GenomeCodec` se charge du décodage des génomes et de la création des réseaux de neurones via la fonction `toNeuralNetwork`.

```

                                Genome Codec
/**
 * Converts a genome string to a neural network object
 * @param genome    Genome string
 * @param metadata  Metadata of the network
 * @param type      Type of the network
 * @return         Neural network corresponding to the genome
 */
public NeuralNetwork toNeuralNetwork(String genome, String metadata, MGNetworkType
type) {...}

```

Les fonctions d'activations sont représentées par l'interface `ActivationFunction`. Les fonctions `step`, `sigmoid` et `tanh` sont implémentés dans la classe `ActivationFunctions`.

Activation Functions

```
public interface ActivationFunction {

    /**
     * Gets the activation result of the function
     * @param in    input to feed the function with
     * @return      The output of the function
     */
    float activate(float in);

}

public final class ActivationFunctions {

    public static float Sigmoid(float in) {
        return (float) (1.0 / (1.0 + Math.exp(-3 * in)));
    }

    public static float Sng(float in) {
        return in <= 0 ? 0 : 1;
    }

    public static float Tanh(float in) {
        return (float) Math.tanh(in);
    }

}
```

Etant donné que les types des fonctions et leurs paramètres sont compatibles avec la définition de l'interface, l'accès à ces fonctions peut être fait par référence (p.ex `ActivationFunctions::Sigmoid`).

7.2.2 Simulateur

Le simulateur va permettre au réseau de neurones de jouer au jeu demandé et calculer son fitness pendant la partie de jeu.

Les simulateurs sont représentés par une interface, ainsi chaque jeu pouvant être simulé devra implémenter l'interface et notamment la fonction `simulate` qui va effectuer la totalité de la simulation puis renvoyer le fitness obtenu par le génome testé.

Simulator

```
public interface Simulator {

    /**
     * Simulates the whole game and computes the fitness
     * @param nn      Neural network to simulate with
     * @param display  True if the game should be displayed, false otherwise
     */
}
```

```

    * @return      Fitness of the network
    */
    float simulate(NeuralNetwork nn, boolean display);

    /**
     * Draws the simulation
     * @param g      Graphics to draw with
     */
    void paint(Graphics2D g);
}

```

La simulation peut également être affichée en temps réel pour avoir une visualisation du comportement de l'organisme testé. Cette visualisation est notamment lancée lorsque le client est mode spectateur

7.2.3 Ouvrier / Spectateur

Le client possède deux modes de fonctionnement, le mode ouvrier dans lequel il va recevoir des génomes et les évaluer dans un simulateur avant de renvoyer le fitness obtenu au serveur, et le mode spectateur. Dans ce mode le client va recevoir de la part du serveur le meilleur génome de chaque génération évaluée afin que le client affiche le résultat obtenu. En mode spectateur le client n'est donc pas chargé de faire de calculs de fitness, il est uniquement utile pour observer l'évolution.

7.2.4 Tests

Afin de s'assurer du bon fonctionnement des réseaux de neurones, un package de test a été créé, ce dernier contient deux fichiers qui vont tester les deux types de réseau de neurones sur leur capacité à effectuer un ou exclusif (XOR) avec les bons paramètres.

7.3 Protocole

Le protocole a été établi à l'aide du langage protobuf (Protocol Buffers). Ce dernier a été développé par Google, il permet d'avoir une définition claire ne dépendant pas des langages dans lesquels le protocole est ensuite implémenté.

Le compilateur protoc permet d'obtenir un fichier de gestion en Java pour le côté client et un en JavaScript (node) pour le côté serveur. Ainsi nous avons une interface pour permettre la communication entre les deux technologies.

Avant d'être envoyés sur le réseau, les messages doivent d'abord être sérialisés dans un format TLV (type, longueur, valeur). Le type sera l'identifiant du type du message (un byte), la longueur sera la longueur du message généré par protobuf (quatre bytes) et la valeur sera le message encodé par protobuf[24].

Voici le fichier qui définit le protocole dans la syntaxe proto2 :

```

                                Protocole
syntax = "proto2";
option java_package = "me.pv.mg.protobuf";

```

```

enum MGMessages {
    MG_JOIN = 1;
    MG_JOIN_RESPONSE = 2;
    MG_COMPUTE_REQUEST = 3;
    MG_COMPUTE_RESPONSE = 4;
    MG_COMPUTE_RESULT = 5;
    MG_END = 6;
}

enum MGNetworkType {
    MG_MULTILAYER_PERCEPTRON = 1;
    MG_NEAT = 2;
}

message MGJoin {
    optional string pretty_name = 1;
    optional bool spectator = 2;
}

message MGJoinResponse {
    required bool accepted = 1;
    optional string reason = 2;
}

message MGComputeInfo {
    required string game = 1;
    required MGNetworkType net_type = 3;
    required string net_metadata = 4;
}

message MGComputeRequest {
    required MGComputeInfo compute_info = 1;
    required string genome = 2;
}

message MGComputeResponse {
    required bool can_do = 1;
}

message MGComputeResult {
    required float fitness = 1;
    optional uint32 time = 2;
}

message MGEnd {

```

```

    optional string message = 1 ;
}

```

Le protocole définit donc 6 types de messages :

- MG_JOIN, Envoyé par le client, c'est une demande à rejoindre le groupe de calcul. En paramètres sont donnés le nom du client et si il veut rejoindre en tant que spectateur ou non.
- MG_JOIN_RESPONSE, Envoyé par le serveur, confirme ou infirme l'ajout au groupe du client. Il n'existe pour l'instant aucune raison pour le rejet d'un client.
- MG_COMPUTE_REQUEST, Envoyé par le serveur, demande au client de calculer le fitness d'un génome donné sur un jeu donné.
- MG_COMPUTE_RESPONSE, Envoyé par le client, indique au serveur si oui ou non le client est en mesure d'effectuer la simulation.
- MG_COMPUTE_RESULT, Envoyé par le client, donne le fitness obtenu par le génome donné dans le message MG_COMPUTE_REQUEST sur le jeu donné dans ce même message et le temps (ms) pris par le client pour effectuer la simulation.
- MG_END, Envoyé par n'importe quel entité, indique un désir de terminer la connexion.

Voici un exemple de communication entre le serveur et un client :

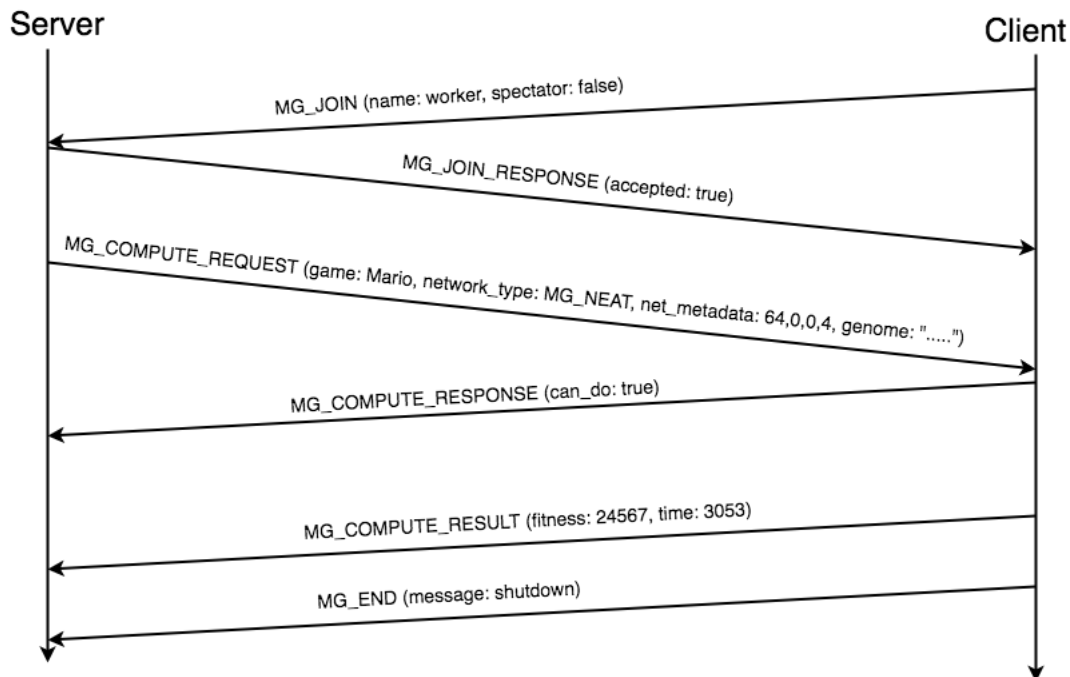


FIGURE 26 – Communication Client-Serveur

8 Interface de Controle

Une interface web servie par le serveur permet de contrôler la tâche à effectuer.

8.1 Mode

8.2 Tâche

8.3 Ouvriers

8.4 Graphs

9 Base de donnés

10 API

11 Jeux

11.1 Asteroid

11.1.1 Principe

11.1.2 Entrées

11.1.3 Sorties

11.1.4 Résultats

12 Conclusion

Références

- [1] Fernandes. Exosquelette et bionique, le système nerveux, 2013. [Online ; accessed 30-June-2018].
- [2] Wikipedia contributors. Fitness proportionate selection — Wikipedia, the free encyclopedia, 2018. [Online ; accessed 4-July-2018].
- [3] Kenneth Stanley and Risto Miikkulainen. Evolving neural networks through augmenting topologies. *The MIT Press*, 2002.
- [4] Wikipedia contributors. Alphago versus lee sedol — Wikipedia, the free encyclopedia, 2018. [Online ; accessed 3-July-2018].
- [5] Mark Robert Anderson. Twenty years on from deep blue vs kasparov : how a chess match started the big data revolution. *The Conversation*, 2017.
- [6] Robert D. Hof. With massive amounts of computational power, machines can now recognize objects and translate speech in real time. artificial intelligence is finally getting smart. *The Conversation*.
- [7] David Silver and Demis Hassabis. Alphago : Mastering the ancient game of go with machine learning. *Google AI Blog*, 2016.
- [8] Wikipedia contributors. Reinforcement learning — Wikipedia, the free encyclopedia, 2018. [Online ; accessed 3-July-2018].
- [9] Wikipedia contributors. Neuroevolution — Wikipedia, the free encyclopedia, 2018. [Online ; accessed 22-April-2018].
- [10] Wikipedia contributors. Intelligent agent — Wikipedia, the free encyclopedia, 2018. [Online ; accessed 8-July-2018].
- [11] tutorialspoint. Ai - agents & environments, 2018. [Online ; accessed 8-July-2018].
- [12] Wikipedia contributors. Artificial neural network — Wikipedia, the free encyclopedia, 2018. [Online ; accessed 30-June-2018].
- [13] Stephen Williams and Pankaj Sah. Brain functions, 2018. [Online ; accessed 21-April-2018].
- [14] Wikipedia contributors. Perceptron — Wikipedia, the free encyclopedia, 2018. [Online ; accessed 3-July-2018].
- [15] Wikipedia contributors. Unsupervised learning — Wikipedia, the free encyclopedia, 2018. [Online ; accessed 7-July-2018].
- [16] Wikipedia contributors. Supervised learning — Wikipedia, the free encyclopedia, 2018. [Online ; accessed 7-July-2018].
- [17] Wikipedia contributors. Evolutionary algorithm — Wikipedia, the free encyclopedia, 2018. [Online ; accessed 4-July-2018].
- [18] Wikipedia contributors. Genome — Wikipedia, the free encyclopedia, 2018. [Online ; accessed 4-July-2018].
- [19] Wikipedia contributors. Phenome — Wikipedia, the free encyclopedia, 2018. [Online ; accessed 4-July-2018].
- [20] Wikipedia contributors. Chromosomal crossover — Wikipedia, the free encyclopedia, 2018. [Online ; accessed 4-July-2018].
- [21] Wikipedia contributors. Mutation — Wikipedia, the free encyclopedia, 2018. [Online ; accessed 4-July-2018].

- [22] Shumeet Baluja and Rich Caruana. Removing the genetics from the standard genetic algorithm, 1995.
- [23] Wikipedia contributors. Neuroevolution of augmenting topologies — Wikipedia, the free encyclopedia, 2018. [Online; accessed 30-June-2018].
- [24] Google. Protocol buffers - encoding.