

Algoritmo memético paralelo: Avance II

Pablo Zapata



CSP: Closest string problem

- Encontrar el centro geométrico de un set de strings.
- En palabras más simples, encontrar una string donde la distancia hamming entre ella y cada una de un conjunto sea de a lo más x . Objetivo: minimizar x .
- NP-Hard.
- Útil para encontrar señales en secuencias de ADN.

CSP: Closest string problem

Instancia: $C = \{s_1, s_2, \dots, s_n\}$, n strings de tamaño m sobre un alfabeto A .

Objetivo: Encontrar una string x de tamaño m sobre A tal que $d_H(x, s_i) \leq d_c$ para todo s_i en C , donde d_c es mínimo.

$C = \{\text{ACGT}, \text{TTAC}, \text{CCGC}\}$, $x = \text{TCGC}$

$$d_H(x, s_1) = 2 \quad d_H(x, s_2) = 2 \quad d_H(x, s_3) = 1$$

Avances

Cálculo de la distancia hamming usando cuda.

```
TAATCGT ... GCGGCCC
TCTTCGG ... ACCCATA
0110001 ... 1011111
```

Reducción

```
__global__ void kernelHamming(char *s1, char *s2, int *dist){
    extern __shared__ int temp[];
    int offset = blockIdx.x*blockDim.x;
    thread_group g = this_thread_block();

    int tid = g.thread_rank();

    if(s1[tid + offset] != s2[tid + offset]) temp[tid] = 1;
    else temp[tid] = 0;
    g.sync();

    for(int i=512; i>0; i/=2){
        if(tid < i && i < blockDim.x) temp[tid] += temp[tid + i];
        g.sync();
    }

    if(threadIdx.x == 0) atomicAdd(dist, temp[0]);
}
```

Avances

```
void procesarCUDA(){
    datasetDst = vector<char*>(n);
    dist = vector<int*>(n);

    cudaMalloc(&solDst, m*sizeof(char));
    for(int i=0; i<n; i++){
        cudaMalloc(&datasetDst[i], m*sizeof(char));
        cudaMallocHost(&dist[i], sizeof(int));
    }

    stream = vector<cudaStream_t>(n);
    for(int i=0; i<n; i++) cudaStreamCreate(&stream[i]);

    bloques = m/1000;
    hebras = 1000;
    sharedBytes = hebras * sizeof(int);

    for(int i=0; i<n; i++)
        cudaMemcpyAsync(datasetDst[i], &dataset[i][0], m*sizeof(char), cudaMemcpyHostToDevice, stream[i]);
}
```

```
vector<string> dataset;
char *solDst;
vector<char*> datasetDst;
vector<int*> dist;
vector<cudaStream_t> stream;
int bloques, hebras, sharedBytes;
```

Avances

```
vector<int> calidadCUDA(string sol){  
    cudaMemcpyAsync(solDst, &sol[0], m*sizeof(char), cudaMemcpyHostToDevice);  
    for(int i=0; i<n; i++) *dist[i] = 0;  
  
    for(int i=0; i<n; i++) kernelHamming<<<bloques, hebras, sharedBytes, stream[i]>>>(solDst, datasetDst[i], dist[i]);  
    cudaDeviceSynchronize();  
  
    vector<int> distHamming(n);  
    for(int i=0; i<n; i++) distHamming[i] = *dist[i];  
  
    return distHamming;  
}
```

Análisis experimental

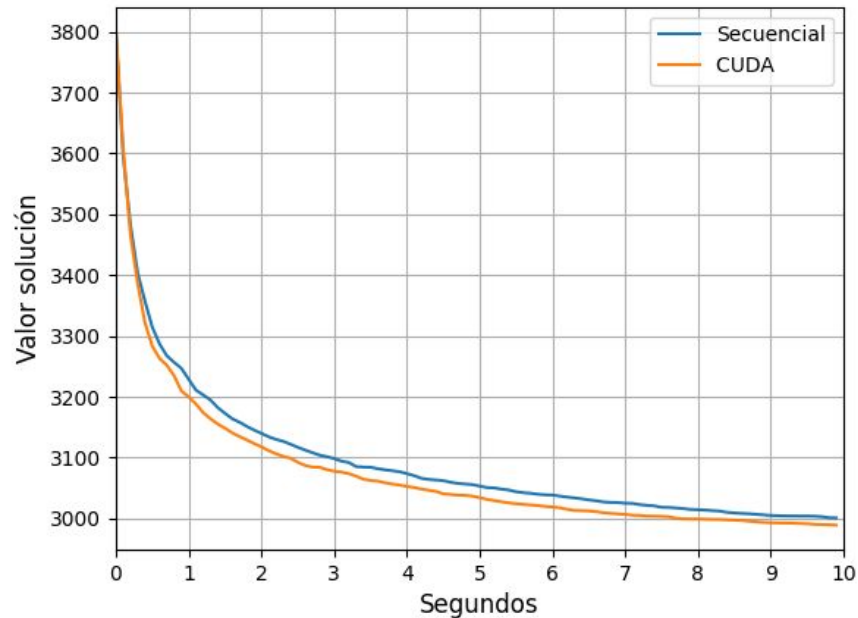
- Cálculo de distancia hamming secuencial vs CUDA.

	Milisegundos	
	Secuencial	CUDA
10-1000	0.161	0.087
10-2000	0.323	0.083
10-3000	0.487	0.084
10-4000	0.645	0.085
10-5000	0.809	0.083

	Milisegundos	
	Secuencial	CUDA
30-1000	0.492	0.218
30-2000	0.971	0.219
30-3000	1.462	0.22
30-4000	1.938	0.206
30-5000	2.427	0.205

Análisis experimental

Mejor solución en el tiempo
10-5000



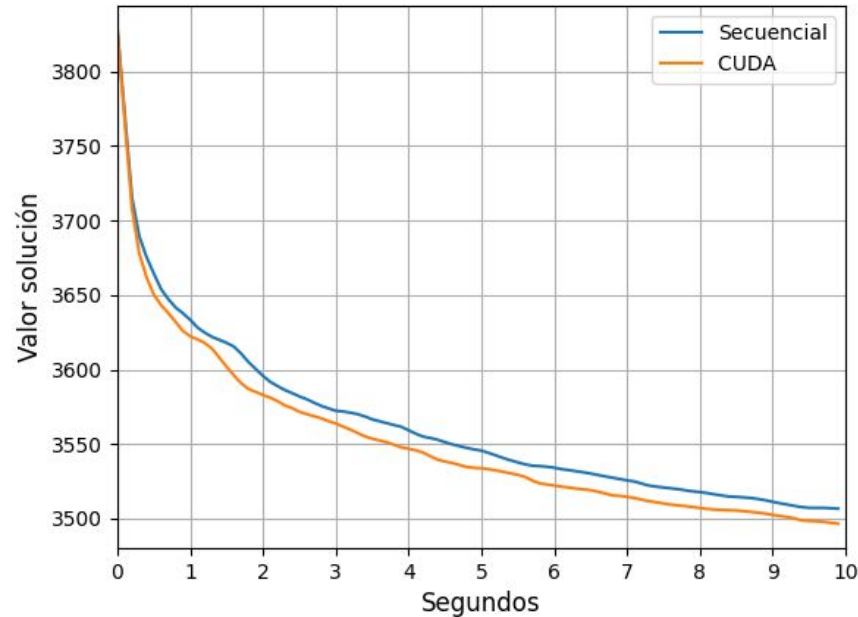
n: 10
m: 5000

Calidad	Tiempo (Segundos)	
	Secuencial	CUDA
3200	1.24	1
3100	2.95	2.36
3000	10	7.73

Reducción de tiempo: 20.7%

Análisis experimental

Mejor solución en el tiempo
30-5000



n: 10
m: 5000

Calidad	Tiempo (Segundos)	
	Secuencia	CUDA
3600	1.91	1.53
3550	4.58	3.78
3510	9.13	7.53

Reducción de tiempo: 18.3%

Análisis teórico

**Calculo distancia
hamming secuencial:**
 $O(n*m)$

**Calculo distancia
hamming CUDA:**
 $O(n + b)$

p: población

Pseudocódigo
crearPoblacion()
while(condiciones):
 crearAntibiotico()
 mutacion()
 busquedaLocal()
 evaluarBacterias()
 clasificacion()
 actualizarFeromonas()
 administrarAntibiotico()

Complejidad del ciclo:

Secuencial
 $O(p*n*m)$

$O(1)$
 $O(p*m)$
 $O(p*n*m)$
 $O(p*n*m)$
 $O(p)$
 $O(m)$
 $O(p)$

$O(p*n*m)$

CUDA
 $O(p*n*m)$
 $O(1)$
 $O(p*m)$
 $O(p*n*m)$
 $O(p) * O(n + b)$
 $O(p)$
 $O(m)$
 $O(p)$

$O(p*n*m)$

Planificación

- Entrega final: Asignación de cada hilo a un grupo de la población junto a la integración del avance 2.
- Cada entrega tendrá análisis teórico y experimental.