

# Compte rendu du TP5 : Exploration d'un labyrinthe par une colonie de fourmis

## Présentation du problème

L'algorithme d'exploration de labyrinthe par une colonie de fourmis (**ACO**: *Ants Colonization Optimisation*) est un des algorithmes en essaim les plus connus. Cette classe d'algorithmes s'inspire du comportement d'une population d'insectes pour résoudre divers problèmes et son implémentation est massivement parallélisable.

ACO vise à résoudre le problème de fourrage, à savoir la recherche du chemin le plus court de la fourmilière à une source de nourriture.

**Remarque** : les simulations sont exécutées sur un processeur Ryzen 7 6800HS cadencé à 3201 MHz, disposant de 8 cœurs et de 16 threads.

**Remarque** : Certains fichiers concernant la deuxième version du programme (affichage et calcul séparés) ont dû être modifiés pour pouvoir paralléliser l'algorithme. Ils se terminent par `_affichage.py`. De même, les fichiers relatifs à la troisième version du programme se terminent par `_p.py`. Le rapport est rédigé en markdown afin de pouvoir automatiser au maximum l'insertion des valeurs dans les tableaux et les graphiques (qui sont mis à jour automatiquement lors de l'exécution des programmes). Pour lancer un programme, il faut rajouter le nombre d'itération. Dans ce rapport, toutes les simulations ont été faites sur 5000 itérations : `mpiexec -n "nbp" python ants_p.py 5000` par exemple.

## Question 1

Dans un premier temps, on cherche simplement à séparer l'affichage (**CPU0**), du calcul de l'itération suivante (**CPU1**). L'algorithme présente 3 classes :

Explication de ma séparation du code

- **Colony** : permettant de créer l'objet `ants`
- **Maze** : permettant de créer l'objet `a_maze`
- **Pheromon** : permettant de créer l'objet `pherom`

Ces 3 classes présentent chacune une méthode `display`, qui doit donc être appelée par CPU0. Néanmoins, les objets `ants`, `a_maze` et `pherom` sont construits dans CPU1, puisqu'ils sont majoritairement utilisés pour calculer l'itération suivante de l'algorithme. Afin de pouvoir utiliser la méthode `display` dans CPU0, ces dernières ont été modifiées de la manière suivante

### Class Colony

```
@classmethod
def display(self, screen, sprites, directions, historic_path, age):
    [screen.blit(sprites[directions[i]], (8*historic_path[i, age[i], 1], 8*historic_path[i, age[i], 0])) for i in
     range(directions.shape[0])]
```

### Class Maze

```
@classmethod
def display(self, maze, cases_img):
    """
    Create a picture of the maze :
    """
    maze_img = pg.Surface((8*maze.shape[1], 8*maze.shape[0]), flags=pg.SRCALPHA)
    for i in range(maze.shape[0]):
        for j in range(maze.shape[1]):
            maze_img.blit(cases_img[maze[i, j]], (j*8, i*8))
    return maze_img
```

### Class Pheromon

```
@classmethod
def getColor(self, i: int, j: int, pher):
    val = max(min(pher[i, j], 1), 0)
    return [255*(val > 1.E-16), 255*val, 128.]

@classmethod
def display(self, screen, pheromon):
    [[screen.fill(self.getColor(i, j, pheromon), (8*(j-1), 8*(i-1), 8, 8)) for j in range(1, pheromon.shape[1]-1)] for
     i in range(1, pheromon.shape[0]-1)]
```

la balise `@classmethod` permet d'utiliser une méthode comme une fonction sans créer un objet de la classe en question. Des arguments ont été rajoutés car CPU0 ne possède pas les objets construits dans CPU1. Par exemple, CPU0 n'a pas `ants.directions`, `ants.historic_path` ou encore `ants.age`, il faut donc que ces attributs soient envoyés par CPU1 à CPU0.

**Création des buffer (CPU0)**

```

maze_buff = np.empty(size_laby, dtype=np.uint8)
pherom_buff = np.empty((size_laby[0]+2, size_laby[1]+2), dtype=np.double)
directions_buff = np.empty(nb_ants, dtype=np.int8)
historic_path_buff = np.empty((nb_ants, max_life+1, 2), dtype=np.int16)
age_buff = np.empty(nb_ants, dtype=np.int64)
food_counter_buff = np.empty(1, dtype=np.int16)
fps_buff = np.empty(1, dtype=np.float32)

```

**Envoi des attributs nécessaires à l'affichage (CPU1)**

```

comm.Send(a_maze.maze, dest=0, tag=1)
comm.Send(pherom.pheromon, dest=0, tag=2)
comm.Send(ants.directions, dest=0, tag=3)
comm.Send(ants.historic_path, dest=0, tag=4)
comm.Send(ants.age, dest=0, tag=5)
comm.Send(np.array(food_counter, dtype=np.int16), dest=0, tag=6)

```

**Réception des attributs nécessaire à l'affichage (CPU0)**

```

comm.Recv(maze_buff, source=1, tag=1)
comm.Recv(pherom_buff, source=1, tag=2)
comm.Recv(directions_buff, source=1, tag=3)
comm.Recv(historic_path_buff, source=1, tag=4)
comm.Recv(age_buff, source=1, tag=5)
comm.Recv(food_counter_buff, source=1, tag=6)

```

Le partage des attributs est fait de cette manière car il n'est pas possible d'envoyer un objet complet (les fonctions `Recv()` et `Send()` ne peuvent être utilisés que pour envoyer et recevoir des `numpy array`). Cela permet également d'économiser la mémoire de CPU0. Enfin, les attributs qui ne sont pas nécessaire au calcul de l'itération suivante ont été supprimer des classes concernées, pour être directement définis dans CPU0:

```

cases_img = []
for i in range(0, 128, 8):
    cases_img.append(pg.Surface.subsurface(img, i, 0, 8, 8))

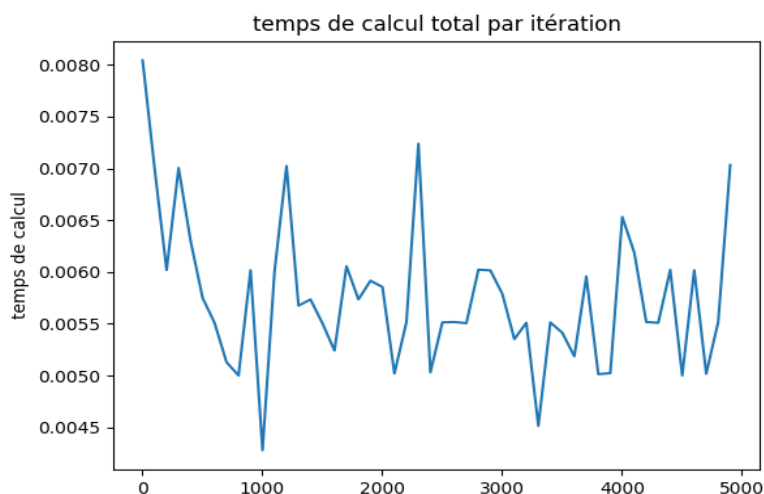
sprites = []
img = pg.image.load("ants.png").convert_alpha()
for i in range(0, 32, 8):
    sprites.append(pg.Surface.subsurface(img, i, 0, 8, 8))

```

Ce qui permet de préserver la mémoire de CPU1.

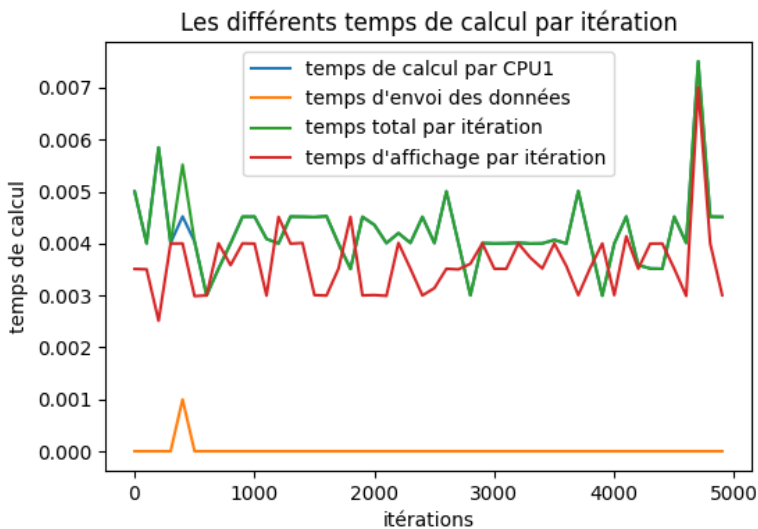
**Résultats obtenus**

Les performances sont établies sur 4000 itération et sur un labyrinthe 25x25

**Version non parallélisée**

itérations

Version parallélisée



Explication de la légende :

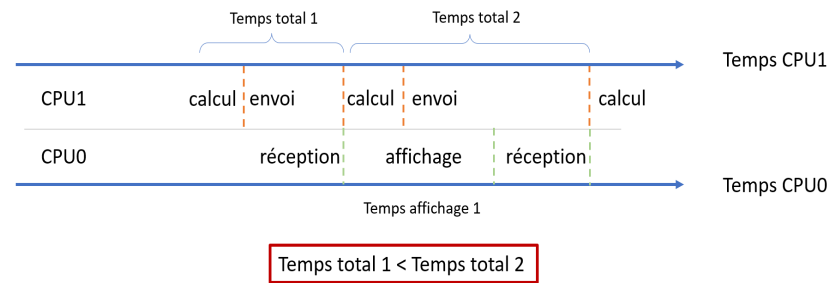
- Le *temps de calcul par CPU1* correspond au temps que met CPU1 pour calculer l'itération suivante, à savoir `ants.advance()` et `pherom.do_evaporation()`
- Le *temps d'envoi des données* correspond au temps que me CPU1 pour envoyer les données nécessaire à CPU0.
- Le *temps total par itération* correspond à la somme des deux temps précédent, c'est donc le temps total que prend CPU1.
- Le *temps d'affichage* correspond au temps que met CPU0 pour afficher le labyrinthe et la fourmis à l'écran.

Le temps d'envoi des données est très faible, et n'augmente le temps total de manière significative qu'à de rares occasions. En revanche, le temps d'affichage peut dépasser le temps total par itération, autrement dit, il arrive que l'affichage ralentisse la simulation. En effet, tant que l'affichage n'est pas terminé, les `Send()` de CPU1 vers CPU0 sont bloquant, augmentant donc *temps total par itération* et diminuant les fps. On ne peut pas utiliser de `Isend` et de `Irecv` puisqu'on risquerait de désynchroniser l'affichage du calcul de l'itération.

Comparatif

	FPS Moyen	Nourriture totale récupérée
Non Parallélisé	176.30496215820312	2327
Affichage et calcul séparés	241.98590087890625	2327

Les FPS sont calculés comme l'inverse de *temps total par itération*, cela prend bien en compte le temps d'affichage puisque si l'affichage prend plus de temps que le calcul de l'itération suivante, les `Send` de CPU1 vers CPU0 sont bloquant et *temps total par itération* augmente. Cela ne se voit pas sur le graphique ci-dessus puisque pour des raisons de lisibilité, seul les temps de une itération sur 100 sont affichés. Le schéma ci-dessous explicite cela. On constate un gain significatif de performance, avec un speedup de l'ordre de **1,5**.



Question 2

Explication du code

Répartition de la colonie dans les différents processus

Dans cette partie, la colonie de fourmis va être répartie dans plusieurs CPU. CPU0 s'occupe toujours de l'affichage. Cette version du programme sera référencée comme étant la \*version 3\* du programme. Les fourmis sont réparties dans les CPUs de la manière suivante:

```
nb_ants = total_ants//(nbp-1)
if total_ants % (nbp-1) != 0 and rank <= total_ants % (nbp-1):
    nb_ants +=1
    ants = Colony(nb_ants, pos_nest, max_life)
else:
    ants = Colony(nb_ants, pos_nest, max_life)
```

de cette manière, si le nombre de fourmis n'est pas divisible par le nombre de CPUs calculant la prochaine itération (nous noterons  $m$  ce nombre dans la suite du rapport), les CPUs dont le rang est inférieur au reste de la division euclidienne par  $m$  une fourmi en plus. Cela permet de garder un bon équilibre des charges.

#### Partage des informations au sein de la colonie

La colonie est répartie en  $m$  CPUs, mais doit se comporter comme une unique colonie. De ce fait, le tableau de pheromone de chaque sous-colonie doit être partagé:

```
newComm.Allreduce(pherom.pheromon,pherom_buff, MPI.MAX)
```

La fonction `Allreduce` permet de construire le buffer `pherom_buff` qui contient l'intensité maximale de pheromone de chaque case, ce qui correspond bien au comportement souhaité (identique à la version non parallélisé du programme). Ce buffer est ensuite renvoyé aux  $m$  CPUs pour que les fourmis de leur sous-colonie puissent choisir leur chemin en capitalisant sur les connaissances des autres sous-colonie.

Néanmoins, l'utilisation des fonctions `Allreduce`, `Gather` et `Gatherv` posent une difficulté. En effet, les données envoyées sont souvent les attributs d'une classe (`pherom.pheromon`, `ants.directions` ...). Cependant, le CPU0 - qui ne s'occupe que de l'affichage -, ne possède pas ces attributs, puisqu'il ne construit aucune instance de la classe `Pheromon`, `Colony`. De ce fait, utiliser simplement `comm.Allreduce(pherom.pheromon, pherom_buff, MPI.MAX)` conduit à une erreur, CPU0 n'ayant pas d'objet `pherom`. Pour résoudre ce problème, plusieurs solutions sont possibles:

- Éviter les fonctions `Allreduce`, `Gather` et `Gatherv`, pour les remplacer par des `Send` et `Recv`. Mais cela serait assez long à coder et on perdrait beaucoup de temps pour faire tous les envois (la communication point par point étant plus lente qu'un `>Gather` par exemple).
- Créer une instance de la classe visée dans CPU0. Cette solution n'est pas idéale, car l'instance de CPU0 posséderait de nombreux attributs qui lui sont inutiles, on perdrait alors l'intérêt d'avoir un CPU réservé pour l'affichage. On pourrait néanmoins tirer parti de cette solution en créant une "surcharge" de la classe `Pheromon`, ne possédant comme seul attribut le buffer `Pheromon.pheromon`.
- Créer des alias pour les attributs ayant le même nom que les buffers de CPU0. Mais cela nécessite de créer des buffers temporaires `comm.Allreduce(pherom_buff_old,pherom_buff_new, MPI.MAX)`, où `pherom_buff_old` est un alias de `pherom.pheromon` et `pherom_buff_new` accueille les valeurs mises à jour, puisque `Allreduce` requiert que ses deux buffers (de réception et d'envoi) soient différents. Cette solution n'est donc pas viable d'un point de vue mémoire.
- Enfin, nous pouvons créer un sous communicateur: `newComm = comm.Split(rank!=0); newRank = newComm.rank`. De cette manière, CPU0 est isolé tandis que les  $m$  CPUs sont dans le même sous-communicateur. `Allreduce` est alors appelée dans ce sous-communicateur. Les données devant être communiquées à CPU0 pour l'affichage sont transmises par l'intermédiaire de CPU1.

#### Implémentation de cette dernière méthode

```
newComm.Gatherv(sendbuf= ants.directions,
    recvbuf=(directions_buff, nb_ants_per_processus), root=0)
newComm.Gatherv(sendbuf=ants.historic_path.flatten(),
    recvbuf=(historic_path_buff, nb_historic_path), root=0)
newComm.Gatherv(sendbuf=ants.age,
    recvbuf=(age_buff, nb_ants_per_processus), root=0)
```

**Remarque :** `root = 0` fait ici référence à CPU1 qui est numéroté 0 dans le sous-communicateur `newComm`. CPU1 envoie alors ces données à CPU0 qui les réceptionnent:

```
if rank == 1:
    comm.Send(pherom_buff, dest=0, tag=1)
    comm.Send(directions_buff, dest=0, tag=2)
    comm.Send(historic_path_buff, dest=0, tag=3)
    comm.Send(age_buff, dest=0, tag=4)
```

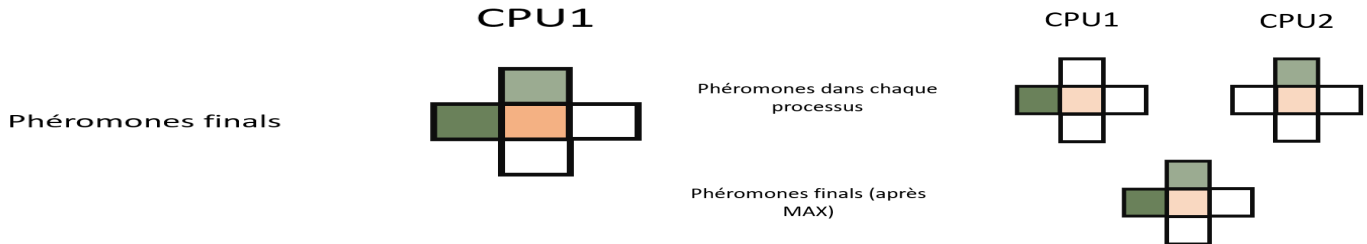
```
if rank == 1:
    comm.Recv(pherom_buff, source=1, tag=1)
    comm.Recv(directions_buff, source=1, tag=2)
    comm.Recv(historic_path_buff, source=1, tag=3)
    comm.Recv(age_buff, source=1, tag=4)
```

**Remarque :** Seul CPU0 et CPU1 possède les buffer `pherom_buff`, `directions_buff`, `historic_path_buff` et `age_buff` (ils sont mis à `None` pour les autres processus)

**\*\*Explication des Gatherv :** `Gatherv` permet de récupérer des buffers provenant de différent processus, même si ces derniers n'ont pas tous la même taille (ce qui est le cas si le nombre de fourmis n'est pas divisible par `m`). Pour cela, il est nécessaire de transmettre un tableau d'offset, indiquant le nombre de donnée (la taille des buffers) attendues de la part de chaque processus. `ants.historic_path` est un `np.array` de la forme `[nb_ants, max_life+1, 2]`, je ne suis pas parvenu à utiliser `Gatherv` avec des buffers à trois dimensions, c'est pourquoi il est *\*aplatit\** avec la méthode `flatten`.

**Comment assurer que le code parallèle se comporte de la même façon que le code séquentiel ?**

Chaque case du tableau de pheromone dépend des cases adjacentes. Dans la version séquentielle du programme, le tableau de pheromone est mis à jour séquentiellement. Autrement dit, si la première case est altérée, la deuxième case sera mise à jour en tenant compte de cette modification. Si ce comportement conduit aux mêmes résultats pour les deux premières versions du programme, il risque de donner des résultats différents pour la dernière version. En effet, il y a cette fois `m` tableaux de pheromones, comme la valeur de chaque case dépend des cases environnantes, et que ces cases environnantes n'ont pas la même valeur d'un processus à un autre, on n'obtient pas le même tableau de pheromone que dans les autres versions du programme.



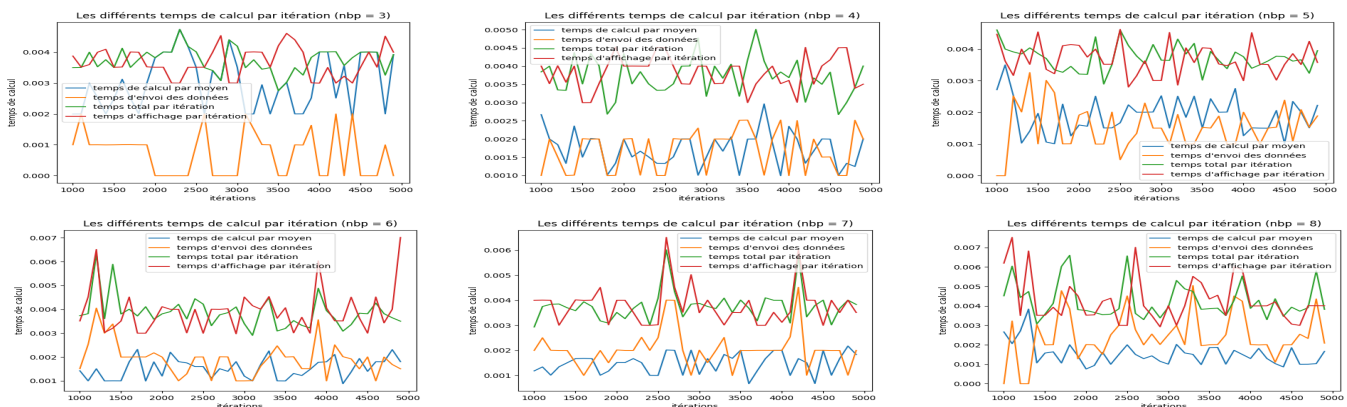
Dans ce schéma on se concentre sur la case central, qui dépend donc des cases environnantes. À gauche, (cas non-parallélisé) la case central est plus intense, en effet, elle est influencée par deux cases (à gauche et en haut). À droite (cas parallélisé), comme la colonie est séparée en plusieurs processus, il est possible que la case du haut (CPU1) ne soit pas explorée et donc que la valeur du phéromone soit nulle alors que la case de gauche est non nulle (et inversement pour CPU2). Après le `Allreduce`, on garde le maximum de chaque case, et la case central est moins intense car influencée par une seule case à la fois.

Afin de rendre le comportement identique quelque soit la version du programme, la méthode `Pheromon.mark` est modifiée pour se baser sur un tableau de phéromone fixe :

```
#Dans Colony.advance
old_pheromones = pheromones.pheromon.copy()

#Dans Pheromon : version modifiée de mark()
def mark(self, old_pheromon, the_position, has_WESN_exits):
    assert(the_position[0] >= 0)
    assert(the_position[1] >= 0)
    cells = np.array([old_pheromon[the_position[0]+1, the_position[1]] if has_WESN_exits[d.DIR_WEST] else 0.,
                      old_pheromon[the_position[0]+1, the_position[1]+2] if has_WESN_exits[d.DIR_EAST] else 0.,
                      old_pheromon[the_position[0]+2, the_position[1]+1] if has_WESN_exits[d.DIR_SOUTH] else 0.,
                      old_pheromon[the_position[0], the_position[1]+1] if has_WESN_exits[d.DIR_NORTH] else 0.],
                    dtype=np.double)
    pheromones = np.maximum(cells, 0.)
    self.pheromon[the_position[0]+1, the_position[1]+1] = self.alpha*np.max(pheromones) + (1-
self.alpha)*0.25*pheromones.sum()
```

**Résultats : comparaison entre la version où l'affichage et le calcul sont sur deux processus distincts avec la version où le calcul est effectué sur plusieurs processus**



**Remarque :** à la différence de la question 1, ici, **temps total par itération** prend également en compte le temps des `Gatherv` sur CPU1, autrement, le temps est moyenné sur les processus, et on ajoute le temps d'envoi des données de CPU1 vers CPU0.

Remarque : les plot commence à 10:

```
plt.plot(X[selection[10:]], temps_calcul[selection[10:]], label="temps de calcul par moyen")
plt.plot(X[selection[10:]], temps_envoi[selection[10:]], label="temps d'envoi des données")
plt.plot(X[selection[10:]], temps_total[selection[10:]], label="temps total par itération")
plt.plot(X[selection[10:]], temps_affichage[selection[10:]], label="temps d'affichage par itération")
```

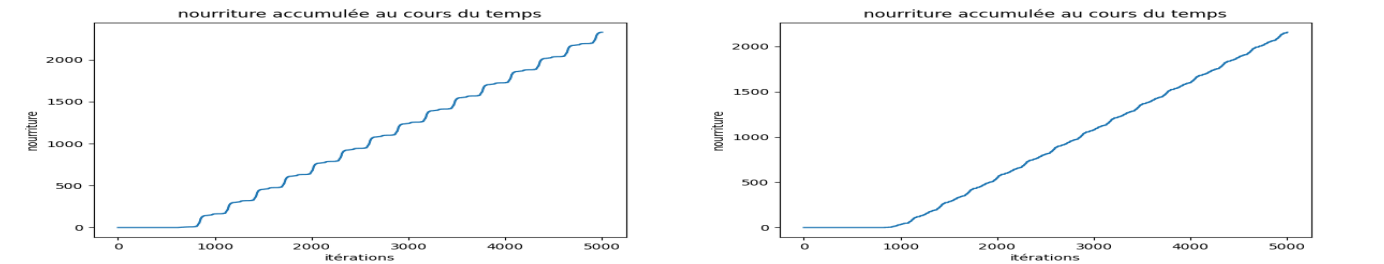
en effet, on observe un cold start, sur *temps total par itération*, qui correspond sûrement au temps d'initialiser les communications et de charger des données dans le cache.

On constate qu'à partir de 5 processus, le *temps d'affichage* dépasse le *temps total par itération*. En effet, le temps total diminue par processus, puisque chaque processus gère moins de fourmis à la fois. En revanche, le temps d'affichage lui reste constant (cf. tableau ci-dessous). L'affichage devient donc limitant à partir de 4 processus (1 pour l'affichage et 3 pour le calcul). On remarque égelement que pour 7 et 8 processus, le *temps total par itération* semble plus suivre la courbe du *temps d'affichage*, ce qui est normal, comme expliqué sur schéma en fin de question 2, le temps d'affichage impact le *temps total par itération* de l'itération suivante. Ainsi, si la courbe du *temps total* suit plus celle du *temps d'affichage* pour un plus grand nombre de CPU, c'est parceque le temps d'affichage est systématiquement plus long que le temps total. En d'autre terme, le *temps total* est majoritairement influencé par le *temps d'affichage*.

	FPS Moyen	Temps de calcul moyen	Temps d'envoi des données moyen	Temps total moyen	Temps d'affichage	Nourriture totale récupérée
Affichage et calcul séparés	241.98590087890625	0.003163543762639165	0.00015250258445739746	0.003260256489738822	0.0035371261183172464	2327
Calcul sur 3 processus	269.0768916134045	0.003163543762639165	0.0007919840335845948	0.003260256489738822	0.003686083936691284	2156
Calcul sur 4 processus	274.76682939754437	0.004164544762649165	0.0013937244415283202	0.004260256489748822	0.003752710962295532	2349
Calcul sur 5 processus	276.1996430468367	0.005165555762659165	0.0015756237506866456	0.005260256589758822	0.003776079273223877	1996
Calcul sur 6 processus	266.06077214288405	0.006166566762669165	0.001826386547088623	0.006260256689768822	0.0038754003524780274	2178
Calcul sur 7 processus	263.91825458751845	0.007167577762679165	0.002179884910583496	0.007260256789778822	0.0038964797019958495	2202
Calcul sur 8 processus	242.1956177355635	0.008168588762689165	0.002083338165283203	0.008260256889788822	0.0041294069290161136	1939

Remarque : Le temps de calcul moyen (*ants.advance* et *pherom.do\_evaporation*) augmente, alors qu'il y a de moins en oins de fourmis par processus, je ne vois pas de raison particulière à cela.

Remarque : On remarque que malgré notre tentative d'assurer le même comportement pour toutes les versions du programme, la nourriture finale varie suivant le nombre de CPU. Cela se confirme d'ailleurs en regardant de plus près la simulation qui se comporte différemment ou encore en regardant l'évolution de la quantité de nourriture au cours des itérations :



À gauche l'évolution de la nourriture pour la version non parallélisée et à droite l'évolution de la nourriture pour la version avec plusieurs processus sur le calcul. Après de longue recherche pour déboguer l'origine de cette divergence. On constate que cette dernière provient de l'attribut *seed* de la classe *Colony* est responsable de cette divergence:

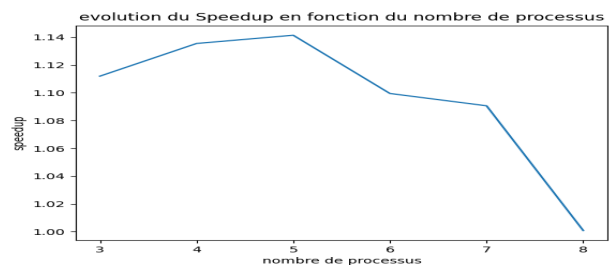
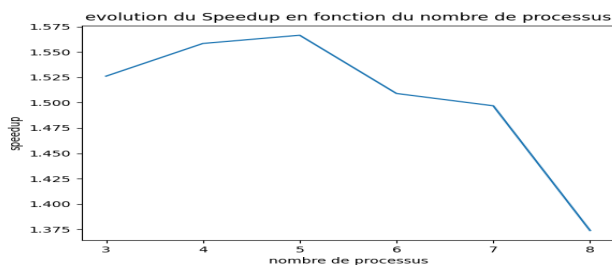
```
self.seeds = np.arange(1, nb_ants+1, dtype=np.int64)
self.seeds[:] = np.mod(16807*self.seeds[:], 2147483647)
```

Dans un premier temps, la seed est calculée en fonction du nombre de fourmis dans la colonie (où la sous-colonie). Comme dans la version 3 du programme, chaque CPU possède une sous-colonie (avec un moins grand nombre de fourmis), la seed diverge donc à partir des fourmis de la sous-colonie du processus numéroté 2, puisque `np.arange()` recommence de 0. Il est possible de réctifier cela en transmettant en argument les indices à utiliser pour le `np.arange` de sorte à ce que si l'on concatène toutes les seeds, on retrouve le tableau de seed de la version 1 du programme. Néanmoins, une autre ligne pose problème:

```
while np.any(valid_moves[ind_exploring_ants] == 0):
    # Calculating indices of ants whose last move was not valid:
    ind_ants_to_move = ind_exploring_ants[valid_moves[ind_exploring_ants] == 0]
    self.seeds[:] = np.mod(16807*self.seeds[:], 2147483647)
```

`valid_moves` fait la taille de la colonie, l'opération `self.seeds[:] = np.mod(16807*self.seeds[:], 2147483647)` est donc effectuée plus de fois dans la version 1 du programme que dans la version 3. Ainsi, `seeds` diffère d'une version à l'autre. Pour s'assurer d'avoir exactement le même comportement entre toutes les versions, il faudrait changer ces lignes. Toutefois, pour évaluer les performances de la parallélisation, il n'est pas forcément nécessaire de le faire, puisque quelque soit la version, autant d'opération seront effectuées.

**Speedup** On peut alors tracer l'évolution du speedup en fonction du nombre de processus:



À gauche, l'évolution du speedup par rapport à la version non parallélisé, à droite, l'évolution du speedup par rapport à la deuxième version du programme (affichage séparé).

Le speedup est donc maximal pour 5 processus, soit 4 travaillant sur le calcul de l'itération suivante et 1 sur l'affichage. En regardant de plus près les 6 courbes comparant le temps d'envoi des données, le temps de calcul moyen par processeur et le temps totale, on se rend compte que le temps d'envoi des données est près de deux fois plus long entre une exécution sur 8 processus et une exécution sur 3 processus. Si le temps d'envoi augmente, c'est parceque les opérations `Gatherv`, `Gather`, `Allreduce` et `Reduce` prennent d'autant plus de temps qu'il y a de processus.

Avec ce constat, on peut être tenter de réduire le temps d'envoi en enyoant un seul grand buffer:

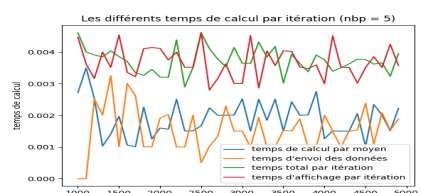
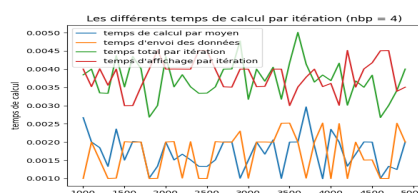
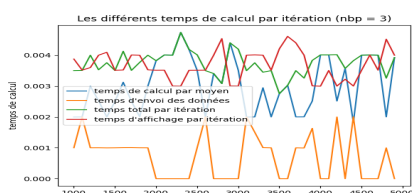
```
global_buffer = np.empty(total_ants+total_ants*(max_life+1)*2+total_ants+1, dtype=np.int16)
```

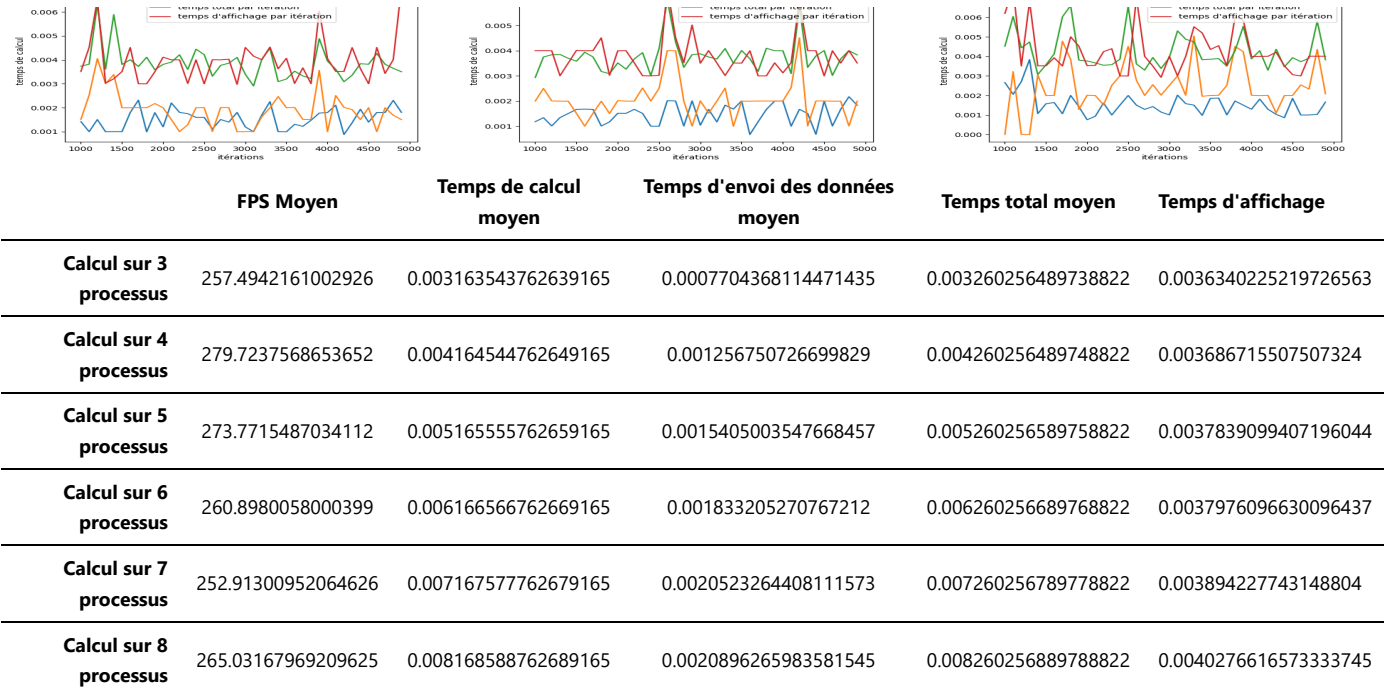
Tous les attributs nécessaire ont été converties en `np.int16`. Les Send du processus 1 vers 0 se résume alors à:

```
comm.Send(pherom_buff, dest=0, tag=2)
comm.Send(global_buffer, dest=0, tag=3)
```

`pherom_buff` doit être envoyé à part car il est de type flottant. Les `Gatherv` se résument à:

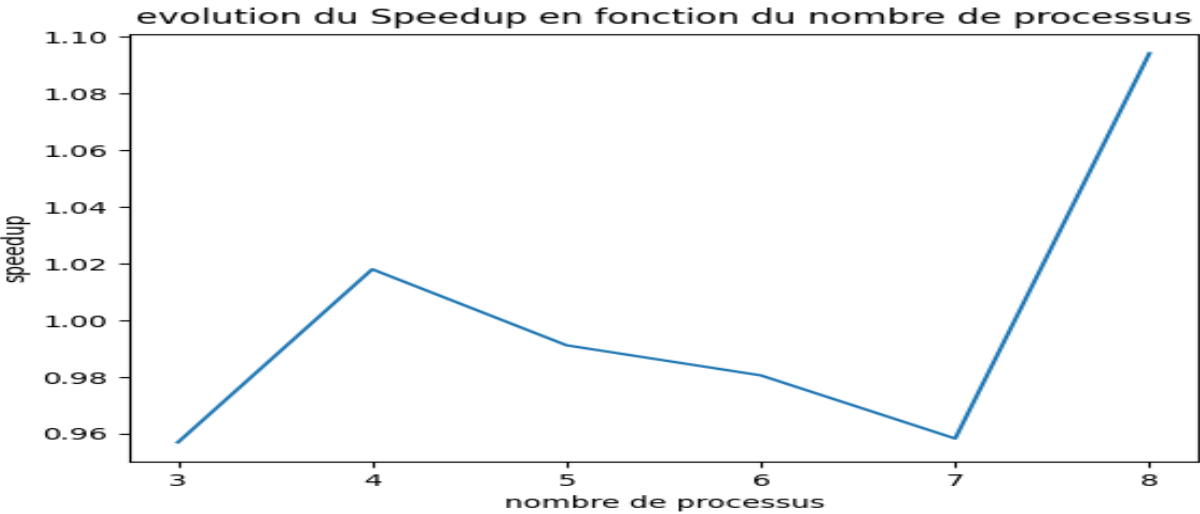
```
newComm.Gatherv(sendbuf= ants.directions,
                recvbuf=(global_buffer, nb_ants_per_processus), root=0)
newComm.Gatherv(sendbuf=ants.historic_path.flatten(),
                recvbuf=(global_buffer[total_ants:], nb_historic_path), root=0)
newComm.Gatherv(sendbuf=ants.age,
                recvbuf=(global_buffer[total_ants+total_ants*(max_life+1)*2:], nb_ants_per_processus), root=0)
```





On ne constate aucun gain sur le temps d'envoi des données, qui adopte un profil très similaire à la version précédente. On peut penser que `global_buffer` est trop grand et qu'il est de toutes manières envoyés en plusieurs fois. Aussi les `Gathervn`, `Gather`, `Allreduce` et `Reduce` prennent toujours autant de temps et sont toujours aussi nombreux, c'est sûrement le temps prit par ces opérations qui prédomine les temps d'envois.

**Speedup** On peut alors tracer l'évolution du speedup en fonction du nombre de processus:



Sans surprise, Le speedup par rapport à la version 3 n'est pas significatif. On peut peut-être espérer une différence plus marquante si un plus grand nombre de fourmis est utilisée. En effet, cela permettrait de jouer sur la granularité du problème, et d'obtenir un meilleur ratio  $\text{*calcul/données envoyées*}$ .

Question 3

Dans cette question, on cherche quelques piste de reflexion pour paralléliser à la fois la colonie et le labyrinthe. On s'attaque alors à un problème à la fois eulérien et lagrangien.

Première idée

Le temps d'affichage est limitant dans la parallélisation du problème, il faudrait donc réussir à séparer l'affichage en plusieurs processus. Il faudrait donc se renseigner sur la possibilité de séparer l'affichage avec pygame. Les processus calculant l'itération suivante auraient accès au labyrinthe en entier et enverraient à chaque processus gérant l'affichage la portion du labyrinthe qui le concerne. Il n'y aurait donc pas de ghost cells à gérer.

Deuxième idée

On peut séparer le problème en plusieurs sous labyrinthe, chacun de ces sous-labyrinthe serait afficher par 1 processus, et les fourmis de ce sous-labyrinthe seraient diriger par d'autres processus. Par exemple, si le labyrinthe est scindé en 4, il y aura  $m/4$  CPU pour calculer la prochaine itération au sein de ce sous labyrinthe.

Mais cette approche entraine des difficultés. Déjà, il faudra prendre en compte les ghost cells, puisque le calcul des phéromones dépend des valeurs environnantes et que les fourmis peuvent passer d'un sous-labyrinthe à un autre. Un autre problème est le load balancing, au vu des simulations, les fourmis on



tendance à explorer une partie du labyrinthe seulement, laissant ainsi de potentiel processus s'occupant des région inexploré du labyrinthe sans travail. Une approche maître esclave pourrait donc être envisagée. Accompagnée d'une heuristique, le processus maître pourrait alors rediriger les processus sans travail vers des régions plus exploré du labyrinthe. Cette heuristique pourrait prendre en compte le fait qu'une fois la nourriture trouvé, les régions inexplorées le resteront.