

ΠΟΛΥΤΕΧΝΕΙΟ ΚΡΗΤΗΣ
ΣΧΟΛΗ ΗΛΕΚΤΡΟΝΙΚΩΝ ΜΗΧΑΝΙΚΩΝ ΚΑΙ
ΜΗΧΑΝΙΚΩΝ ΥΠΟΛΟΓΙΣΤΩΝ

ΔΙΠΛΩΜΑΤΙΚΗ ΕΡΓΑΣΙΑ

“ΕΠΙΤΑΧΥΝΣΗ ΠΡΟΣΟΜΟΙΩΣΗΣ ΔΙΚΤΥΟΥ ΝΕΥΡΩΝΩΝ ΜΕ
ΧΡΗΣΗ ΑΝΑΔΙΑΤΑΣΣΟΜΕΝΗΣ ΛΟΓΙΚΗΣ”



Κουσανάκης Εμμανουήλ

ΕΞΕΤΑΣΤΙΚΗ ΕΠΙΤΡΟΠΗ

Επιβλέπων : Καθηγητής Απόστολος Δόλλας(ΗΜΜΥ)
Μέλος Επιτροπής : Καθηγητής Διονύσιος Πνευματικάτος(ΗΜΜΥ)
Μέλος Επιτροπής : Δρ. Παναγιώτα Ποϊράζη(IMBB/ΙΤΕ)

Χανιά, Κρήτη
2015

Περίληψη

Τα τελευταία χρόνια η ανάπτυξη βιολογικών νευρωνικών μοντέλων έχει κεντρίσει το ενδιαφέρον των ερευνητών. Στόχος είναι η κατανόηση σε μεγαλύτερο βαθμό της συμπεριφοράς του εγκεφάλου. Έτσι, δημιουργήθηκαν ποικίλα βιολογικά νευρωνικά μοντέλα τα οποία προσομοιώνουν με μεγάλη λεπτομέρεια τον τρόπο επεξεργασίας και διάδοσης της πληροφορίας σε δίκτυα νευρώνων, αλλά και μοντέλα τα οποία από την πλευρά της βιολογικής πιστότητας είναι αρκετά περιληπτικά.

Η παρούσα διπλωματική εργασία στοχεύει στην επιτάχυνση προσομοίωσης ενός δικτύου νευρώνων, σύμφωνα με το απλοποιημένο υπολογιστικό μοντέλο των Hodgkin and Huxley ως ένα νευρωνικό δίκτυο 2 επιπέδων. Το μοντέλο που υλοποιήθηκε, προσεγγίστηκε διαφορετικά από παρόμοιες υλοποιήσεις σε hardware, καθώς η διασυνδεσιμότητα των νευρώνων αποθηκεύτηκε σε εξωτερική μνήμη. Έτσι, η αποτύπωση του συστήματος πραγματοποιήθηκε σε ένα υβριδικό υπέρ-υπολογιστή βασισμένο σε αναδιατασσόμενη λογική, ώστε να εκμεταλλευτούμε τόσο τα πλεονεκτήματα της αναδιατασσόμενης λογικής, όσο και το υψηλό εύρος ζώνης των ελεγκτών εξωτερικής μνήμης της υβριδικής πλατφόρμας.

Πιο συγκεκριμένα, υλοποιήθηκε ένα δίκτυο από 70 νευρώνες, όπου ο καθένας αποτελείται από 64 δενδρίτες και κάθε δενδρίτης από 512 συνάψεις. Το δίκτυο που δημιουργείται κατά την σύνδεση των νευρώνων μεταξύ τους είναι μερικώς συνδεδεμένο και μεταδίδει πληροφορία όταν είναι εφικτό. Το σύστημα είναι ευέλικτο, αφού τα δεδομένα του μοντέλου, ο χρόνος προσομοίωσης και το εξωτερικό ερέθισμα, είναι αποθηκευμένα στην εξωτερική μνήμη δίνοντας έτσι τη δυνατότητα στο χρήστη να εκτελέσει διαφορετικών ειδών προσομοιώσεις.

Τέλος, το αποτέλεσμα ήταν 35 φορές πιο γρήγορη εκτέλεση της προσομοίωσης του δικτύου νευρώνων που υλοποιήθηκε σε μία Virtex-6 LX760 FPGA, σε σχέση με παρόμοιες προσομοιώσεις που υλοποιήθηκαν σε Software και εκτελέστηκαν σε ένα σύστημα με επεξεργαστή 4 πυρήνων στα 3.10 GHz.

Ευχαριστίες

Πρωτίστως θα ήθελα να ευχαριστήσω τον επιβλέποντα καθηγητή κ. Απόστολο Δόλλα, για την εμπιστοσύνη που έδειξε στις ικανότητες μου και για τις σημαντικές συμβουλές που μου έδωσε σε όλη την διάρκεια εκπόνησης της διπλωματικής μου εργασίας. Ακόμα, θα ήθελα να ευχαριστήσω την Δρ. Παναγιώτα Ποϊράζη για την συνεργασία που είχαμε και για την καθοδήγηση στα βιολογικά ζητήματα που έπρεπε να κατανοήσω. Επίσης, τον καθηγητή Διονύσιο Πνευματικό για το ενδιαφέρον που έδειξε για τη συγκεκριμένη εργασία και για τη συμμετοχή του ως μέλος της εξεταστικής επιτροπής.

Στην συνέχεια, θα ήθελα να ευχαριστήσω τον Δρ. Ευριπίδη Σωτηριάδη για τις χρήσιμες συμβουλές, την καθοδήγηση από την αρχή έως το τέλος αυτής της εργασίας, και το πιο σημαντικό, για την ψυχολογική υποστήριξη όλο αυτό το διάστημα. Ακόμα, θα ήθελα να ευχαριστήσω τους ερευνητές Παναγιώτη Πετραντωνάκη, Νάση Παπουτσή, Κωνσταντίνο Μελαχρινό, Στέφανο Στεφάνου και Σπύρο Χαυλή από το εργαστήριο υπολογιστής βιολογίας(IMBB/ITE) του Ιδρύματος Τεχνολογίας και Ερευνάς για την άριστη συνεργασία, το χρόνο που αφιέρωσαν για την επεξήγηση του βιολογικού μοντέλου και την επιβεβαίωση των αποτελεσμάτων.

Ευχαριστώ επίσης τον μεταπτυχιακό, πλέον, φοιτητή Κωνσταντίνο Καλαιτζή για την βοήθεια του κατά την εγκατάσταση της σχεδίασης στο Convey και τους προπτυχιακούς φοιτητές που δουλεύαμε καθημερινά μαζί, Αντώνη Σωτηρόπουλο και Γιώργο Φωτεινόπουλο, για τις εποικοδομητικές συζητήσεις και για την υπομονή τους να ακούν τα προβλήματα που αντιμετωπίζα. Ακόμα, θέλω να ευχαριστήσω τον Δρ. Γρηγόρη Χρυσό για την σημαντική βοήθεια του, όποτε τον χρειαζόμουν.

Ένα μεγάλο ευχαριστώ στην Αθηνά για την υπομονή της όλο αυτό το διάστημα, τη ψυχολογική της υποστήριξη και την βοήθεια της στο Matlab. Ακόμα, θέλω να ευχαριστήσω όλους τους φίλους μου στα Χανιά που όλα αυτά τα χρόνια περάσαμε αξέχαστες στιγμές και ελπίζω ότι στο μέλλον δεν θα χαθούμε. Ακόμα, ευχαριστώ την Μάνια για την επιμέλεια του κειμένου.

Ευχαριστώ τον αδερφό μου Βασίλη, που σε όλη την διάρκεια των σπουδών πίστευε στις δυνατότητες μου και κατά την διάρκεια της διπλωματικής ήταν αυτός που πίστευε περισσότερο, ακόμα και από μένα, ότι θα βγει ένα καλό αποτέλεσμα. Μπορεί να μην θέλω να το παραδεχτώ αλλά κάποιες φορές μου λείπει η συγκατοίκησή που είχαμε.

Τέλος, θέλω να ευχαριστήσω τον μεγάλο μου αδερφό Γιάννη και τους γονείς μου που είναι πάντα δίπλα μου και με στηρίζουν όλα αυτά τα χρόνια.

Χανιά, Απρίλιος 2015
Εμμανουήλ Κουσανάκης

αφιερώνεται
στην οικογένεια μου

Περιεχόμενα

Κατάλογος Εικόνων.....	x
Κατάλογος Πινάκων.....	xiii
Κεφάλαιο 1	1
<i>Εισαγωγή</i>	<i>1</i>
1.1 Αντικείμενο Διπλωματικής.....	2
1.2 Συνεισφορά	2
1.3 Δομή Διπλωματικής Διατριβής.....	3
Κεφάλαιο 2	5
<i>Σχετική Έρευνα</i>	<i>5</i>
2.1 Βιολογικοί Νευρώνες.....	5
2.2 Λειτουργία του Νευρώνα.....	7
2.3 Παρόμοιες δουλειές	9
2.4 Βασικά Χαρακτηριστικά του Υβριδικού υπέρ-υπολογιστή της Convey.....	17
Κεφάλαιο 3	21
<i>Μοντελοποίηση Συστήματος</i>	<i>21</i>
3.1 Περιγραφή μοντελοποίησης βιολογικών νευρώνων	21
3.2 Περιγραφή μοντελοποίησης λειτουργίας βιολογικού νευρώνα.....	25
3.3 Περιγραφή μοντελοποίησης δια συνδεσιμότητας της τοπολογίας των νευρώνων.....	28
3.4 Λειτουργίες Συστήματος	29
3.5 Διαστασιολόγηση Συστήματος	33
Κεφάλαιο 4	37
<i>Σχεδίαση και Υλοποίηση Αρχιτεκτονικής Συστήματος.....</i>	<i>37</i>
4.1 Σχεδίαση και Υλοποίηση Αρχικών Αρχιτεκτονικών	37
4.2 Τελική Σχεδίαση και Υλοποίηση Αρχιτεκτονικής	42
4.3 Εγκατάσταση Αρχιτεκτονικής και Κατανάλωση πόρων	55
Κεφάλαιο 5	57
<i>Αποτελέσματα</i>	<i>57</i>
5.2 Πειραματικά Αποτελέσματα	57
5.3 Επιβεβαίωση λειτουργίας και Σύγκριση Απόδοσης	63

Κεφάλαιο 6	65
<i>Συμπεράσματα και Μελλοντική Εργασία</i>	<i>65</i>
6.1 Συμπεράσματα	65
6.2 Μελλοντική Εργασία	65
Αναφορές.....	67

Κατάλογος Εικόνων

Figure 1.1 Αντιγραφή ενός σχεδίου του Ramón y Cajal, το οποίο δείχνει λίγους νευρώνες στο φλοιό των θηλαστικών, όπως το παρατήρησε στο μικροσκόπιο. (Πηγή: [2])	1
Figure 2.1 Σχηματική αναπαράσταση νευρώνων με τους δενδρίτες, τους άξονες και τις συνάψεις. (Πηγή: [13])	6
Figure 2.2 Μεταβολή στο δυναμικό μεμβράνης κατά την πρόκληση δυναμικού ενέργειας. (Πηγή: [14])	8
Figure 2.3 Σύγκριση των γνωστότερων υπολογιστικών μοντέλων προσομοίωσης νευρώνων με βάση την βιολογική τους αληθοφάνεια (κατακόρυφος άξονας) και την υπολογιστική τους πολυπλοκότητα (οριζόντιος άξονας). (Πηγή: [21])	10
Figure 2.4 Αρχιτεκτονική μίας σύναψης (αριστερά) και ενός δικτύου νευρώνων (δεξιά). (Πηγή [8])	11
Figure 2.5 Αρχιτεκτονική του προσομοιωτή spiking neural network. Τέσσερα PEs $K=4$ παρουσιάζονται, καθένα από τα οποία χειρίζεται C νευρώνες, Έτσι, μπορούν να προσομοιωθούν συνολικά 4C νευρώνες. (Πηγή: [9])	12
Figure 2.6 Συνολική Αρχιτεκτονική η οποία παρουσιάζει την σύνδεση μεταξύ των δυο κύριων μονάδων (μονάδα του νευρώνα και μονάδα κατανομής συναπτικού βάρους), του ελεγκτή κατανομής συναπτικού βάρους και την off-chip DRAM. (Πηγή: [10])	13
Figure 2.7 Διάγραμμα του πλήρους συστήματος πολλαπλών FPGA. (Πηγή: [11])	14
Figure 2.8 Διαδρομή του αλγορίθμου χειρισμού της συνοπτικής ενημέρωσης μέσα από τη off-chip μνήμη. (Πηγή: [12])	15
Figure 2.9 Μονάδα άθροισης - Ενεργοποίησης. Η μονάδα έχει ανασταλτικά και διεγερτικά κυκλώματα και ένα συγκριτή που παράγει ένα παλμό εξόδου όταν τα διεγερτικά σήματα είναι μεγαλύτερα από τα ανασταλτικά. (Πηγή [38])	16
Figure 2.10 Διάγραμμα του Συνεπεξεργαστή του Convey. (Πηγή: [39])	17
Figure 2.11 Συνδεσιμότητα μεταξύ AE-to-MC στο συνεπεξεργαστή. (Πηγή: [39])	19
Figure 2.12 Συνδεσιμότητα της διεπαφής του MC με τους ελεγκτές μνήμης στο συνεπεξεργαστή. (Πηγή: [39])	19
Figure 2.13 Ιεραρχία Μνήμης. (Πηγή: [39])	20
Figure 3.1 Χαρακτηριστική απόκριση σύναψης τύπου AMPA.	21
Figure 3.2 Χαρακτηριστική απόκριση σύναψης τύπου NMDA.	21
Figure 3.3 Χαρακτηριστική απόκριση σύναψης τύπου GABA _A	22
Figure 3.4 Χαρακτηριστική απόκριση σύναψης τύπου GABA _B	22
Figure 3.5 Αποκρίσεις συνάψεων τύπου AMPA όλων των μορφολογιών από τα δεδομένα. Κάθε απόκριση αντιστοιχίζεται σε διαφορετικό χρωματισμό	23

Figure 3.6 Αποκρίσεις συνάψεων τύπου NMDA όλων των μορφολογιών από τα δεδομένα. Κάθε απόκριση αντιστοιχίζεται σε διαφορετικό χρωματισμό	23
Figure 3.7 Αποκρίσεις συνάψεων τύπου GABAA όλων των μορφολογιών από τα δεδομένα. Κάθε απόκριση αντιστοιχίζεται σε διαφορετικό χρωματισμό	24
Figure 3.8 Αποκρίσεις συνάψεων τύπου GABAB όλων των μορφολογιών από τα δεδομένα. Κάθε απόκριση αντιστοιχίζεται σε διαφορετικό χρωματισμό	24
Figure 3.9 Απλοϊκό διάγραμμα μοντελοποίησης.....	25
Figure 3.10 Άθροιση συνάψεων σε επίπεδο δενδρίτη	27
Figure 3.11 Άθροιση σε επίπεδο σώματος	28
Figure 3.12 Είσοδοι -Έξοδοι προσομοιωτή	29
Figure 3.13 Ενδεικτικό παράδειγμα δεδομένων εισόδου για αρχικοποίηση συνάψεων.....	31
Figure 3.14 Ενδεικτικό παράδειγμα δεδομένων εισόδου για αρχικοποίηση κατωφλίων δενδριτών και ενημέρωσης συνδεσμολογίας νευρώνων.....	32
Figure 4.1 Υλοποίηση 1 ^{ης} αρχιτεκτονικής.....	38
Figure 4.2 Επέκταση υλοποίησης 1 ^{ης} αρχιτεκτονικής.....	40
Figure 4.3 Πακέτα 8 bits στο κοινό δίαυλο επικοινωνίας.....	41
Figure 4.4 Γενικό διάγραμμα τελικής αρχιτεκτονικής.....	42
Figure 4.5 Αρχιτεκτονική αρχικοποίησης συνάψεων.....	45
Figure 4.6 Αρχιτεκτονική αρχικοποίησης κατωφλίων δενδριτών	46
Figure 4.7 Αρχιτεκτονική Ενημέρωση Συνδεσμολογίας Νευρώνων	47
Figure 4.8 Αρχιτεκτονική για τον υπολογισμό κατάστασης νευρώνων και αποθήκευσης.	50
Figure 4.9 Διάγραμμα ροής λειτουργιών συστήματος	52
Figure 4.10 Τελική Αρχιτεκτονική Νευρώνα	53
Figure 5.1 Ενδεικτική εικόνα από το αρχείο εξόδου. Τα αποτελέσματα αφορούν το 3ms προσομοίωσης για 51 νευρώνες.	58
Figure 5.2 Raster Plot πειράματος 1 για δίκτυο με 70 νευρώνες σε 5sec προσομοίωσης.....	59
Figure 5.3 Raster Plot πειράματος 2.1 για δίκτυο με 70 νευρώνες σε 2sec προσομοίωσης. Εξωτερικό ερέθισμα στους νευρώνες 1, 4, 6, 8, 10, 12 και 16.	60
Figure 5.4 Raster Plot πειράματος 2.2 για δίκτυο με 70 νευρώνες σε 2sec προσομοίωσης. Εξωτερικό ερέθισμα στους νευρώνες 1, 8, 12, 16, 18 και 19	60
Figure 5.5 Raster Plot πειράματος 2.3 για δίκτυο με 70 νευρώνες σε 2sec προσομοίωσης. Εξωτερικό ερέθισμα στους νευρώνες 8, 10, 12, 13, 16 και 20.	61
Figure 5.6 Raster Plot πειράματος 2.4 για δίκτυο με 70 νευρώνες σε 2sec προσομοίωσης. Εξωτερικό ερέθισμα στους νευρώνες 1, 4, 8, 12, 16, 20 και 21.	61
Figure 5.7 Καταγραφή δραστηριότητας του νευρώνα 54 του πειράματος 2.4.	62

Figure 5.8 Καταγραφή δραστηριότητας του νευρώνα 53 του πειράματος 2.3.	62
Figure 5.9 Κοινό διάγραμμα χρόνου εκτέλεσης δικτύου 70 νευρώνων για διαφορετικούς χρόνους προσομοίωσης.....	64

Κατάλογος Πινάκων

Πίνακας 3.1	ποσοστό συνάψεων ανά δένδριτη	25
Πίνακας 3.2	Κατανομή bits πληροφορίας που χαρακτηρίζουν τις ιδιότητες κάθε σύναψης	33
Πίνακας 3.3	Κωδικοποίηση συνάψεων.....	34
Πίνακας 3.4	Διαστασιολόγηση του προβλήματος.	35
Πίνακας 4.1	Γενική κωδικοποίηση δεδομένων εισόδου.	43
Πίνακας 4.2	Κωδικοποίηση δεδομένων εισόδου για την αρχικοποίηση συνάψεων.....	44
Πίνακας 4.3	Κωδικοποίηση δεδομένων εισόδου για την αρχικοποίηση κατωφλίων δένδριτών.	45
Πίνακας 4.4	Κωδικοποίηση δεδομένων εισόδου για την ενημέρωση συνδεσμολογίας νευρώνων.	47
Πίνακας 4.5	Κατανομή bits πληροφορίας που χαρακτηρίζουν τις ιδιότητες κάθε σύναψης.	49
Πίνακας 4.6	Συνολικοί πόροι σχεδίασης και συχνότητα ρολογιού μετά την εγκατάσταση στο Convey.....	55
Πίνακας 5.1	Χρόνοι εκτέλεσης δικτύου 70 νευρώνων σε FPGA.....	63
Πίνακας 5.2	Χρόνοι εκτέλεσης πανομοιότυπου δικτύου 70 νευρώνων σε συμβατικό υπολογιστή με CPU Intel Core i5-3450(4cores,4 threads) @ 3.10 GHz.	63
Πίνακας 5.3	Χρόνοι εκτέλεσης πανομοιότυπου δικτύου 70 νευρώνων σε συμβατικό υπολογιστή με CPU Intel i7 920(2 cores,8 threads) @ 3.4GHz.	64

Κεφάλαιο 1

Εισαγωγή

Τα τελευταία εκατό χρόνια, η έρευνα στον τομέα της βιολογίας έχει συσσωρεύσει ένα τεράστιο ποσό λεπτομερών γνώσεων για τη δομή και τη λειτουργία του εγκεφάλου. Η βασική μονάδα επεξεργασίας στο νευρικό σύστημα είναι οι νευρώνες, οι οποίοι είναι συνδεδεμένοι μεταξύ τους σε ένα περίπλοκο σχέδιο. Μια μικρογραφία ενός τέτοιου νευρικού δικτύου φαίνεται στην παρακάτω εικόνα [Figure 1.1], η οποία παρουσιάζει ένα σχέδιο του Ramón y Cajal, έναν από τους πρωτοπόρους στις νευροεπιστήμες περίπου το 1900. Διακρίνονται αρκετοί νευρώνες με τριγωνικά ή κυκλικά κυτταρικά σώματα και τεράστιες επεκτάσεις «συρμάτων». Η εικόνα αυτή, είναι μια μικρή γεύση του δικτύου των νευρώνων στο φλοιό. Στην πραγματικότητα, οι νευρώνες και οι συνδέσεις τους, δημιουργούν ένα πυκνό δίκτυο με περισσότερα από 10^4 κυτταρικά σώματα και αρκετά χιλιόμετρα από «σύρματα» ανά κυβικό εκατοστό. Σε άλλες περιοχές του εγκεφάλου, το δίκτυο των νευρώνων ίσως είναι διαφορετικό, το μόνο σίγουρο όμως είναι, ότι οι διαφορετικοί σε μέγεθος και σχήμα νευρώνες αποτελούν τα βασικά στοιχεία [1].

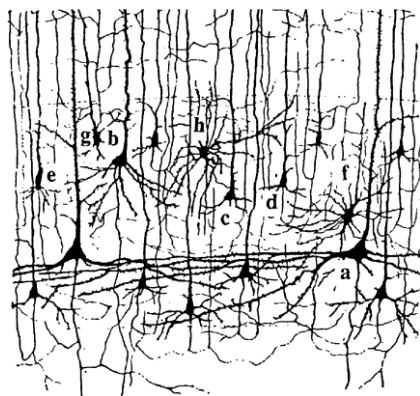


Figure 1.1 Αντιγραφή ενός σχεδίου του Ramón y Cajal, το οποίο δείχνει λίγους νευρώνες στο φλοιό των θηλαστικών, όπως το παρατήρησε στο μικροσκόπιο. (Πηγή: [2])

Οι ερευνητές εμπνευσμένοι από τον τρόπο που ο εγκέφαλος επεξεργάζεται την πληροφορία, ανέπτυξαν ποικίλα τεχνητά νευρωνικά μοντέλα [3] με σκοπό, τόσο την εξαγωγή πληροφορίας για την κατανόηση του εγκεφάλου του ανθρώπου αλλά και των ζώων, όσο και την χρήση των μοντέλων ως πρακτικά εργαλεία για τομείς γενικότερου σκοπού και ενδιαφέροντος. Ενδεικτικά αντιπροσωπευτικά παραδείγματα [4] προβλημάτων στα οποία η ανάλυση των νευρωνικών δικτύων έχει εφαρμοστεί με επιτυχία είναι η ιατρική διάγνωση, χρηματιστηριακές προβλέψεις, πιστωτική ανάθεση, συστήματα διαχείρισης κινητήρα, παρακολούθηση της

κατάστασης των μηχανημάτων καθώς και αρκετά ακόμα. Όμως, τα τεχνητά νευρωνικά μοντέλα δεν έχουν ακόμα καταφέρει, σε ικανοποιητικό βαθμό, να μοντελοποιήσουν την υψηλού επιπέδου συμπεριφορά του εγκεφάλου.

Έτσι, ο κορεσμός στην έρευνα των τεχνητών νευρωνικών δικτύων (ANN), είχε σαν συνέπεια οι επιστήμονες να θέλουν να εξερευνήσουν καλύτερα την περιοχή των βιολογικών νευρωνικών δικτύων, ώστε να κατανοήσουν με μεγαλύτερη λεπτομέρεια τον τρόπο επεξεργασίας της πληροφορίας σε βιολογικά δίκτυα και να την εφαρμόσουν για την βελτίωση των υπαρχόντων τεχνικών. Αποτέλεσμα ήταν η ανάπτυξη αρκετών υπολογιστικών μοντέλων [5], όπως του Hodgkin and Huxley, το leaky integrate & fire και του Izhikevich, με στόχο την μίμηση σε ένα ορισμένο βαθμό της βιολογικής συμπεριφοράς των νευρώνων και την δημιουργία σημαντικών βιολογικά εμπνευσμένων νευρωνικών δικτύων.

1.1 Αντικείμενο Διπλωματικής

Η διπλωματική εργασία που παρουσιάζεται, αφορά τη δημιουργία ενός προσομοιωτή βιολογικών νευρικών κυττάρων με χρήση αναδιατασσόμενης λογικής (FPGA). Ο συγκεκριμένος προσομοιωτής στοχεύει στη μοντελοποίηση δικτύου νευρώνων, σύμφωνα με το απλοποιημένο υπολογιστικό μοντέλο των Hodgkin and Huxley ως ένα νευρωνικό δίκτυο 2 επιπέδων [6]. Σκοπός είναι, η κατασκευή ρεαλιστικών μοντέλων για την καλύτερη κατανόηση της συμπεριφοράς των βιολογικών νευρικών συστημάτων. Λόγω της λεπτομέρειας των νευρώνων αλλά και της περίπλοκης διασυνδεσιμότητάς τους, το πρόβλημα είναι απαιτητικό όχι τόσο υπολογιστικά, αλλά σε επίπεδο επικοινωνίας και μνήμης. Έτσι, η αποτύπωση της αρχιτεκτονικής έγινε σε ένα υβριδικό υπέρ-υπολογιστή βασισμένο σε FPGA, με στόχο την εκμετάλλευση, τόσο των πλεονεκτημάτων [7] της αναδιατασσόμενης λογικής έναντι σε συμβατικούς υπολογιστές, όσο και του επιταχυντή υψηλού εύρους ζώνης εξωτερικής μνήμης, που παρέχεται από την υβριδική πλατφόρμα.

1.2 Συνεισφορά

Το εργαστήριο Μικροεπεξεργαστών και Υλικού του Πολυτεχνείου Κρήτης έχει ασχοληθεί επιτυχώς με αρκετούς τομείς της βιοπληροφορικής. Η συγκεκριμένη διπλωματική εργασία αποτελεί το έναυσμα για την ενασχόλησή με ένα ακόμα τομέα, τον τομέα της υπολογιστικής βιολογίας με δένδριτες.

Η εργασία επικεντρώθηκε σε ένα μερικώς συνδεδεμένο βιολογικό δίκτυο νευρώνων σε αναδιατασσόμενη λογική, εκμεταλλευόμενη την εσωτερική παραλληλία και το υψηλό bandwidth της εσωτερικής αλλά και εξωτερικής μνήμης. Έτσι, δημιουργείται ένας ευέλικτος προσομοιωτής,

ο οποίος παράγει αποτελέσματα σε γρηγορότερους χρόνους από παρόμοιες προσομοιώσεις σε συμβατικούς υπολογιστές. Βασική συνεισφορά της εργασίας είναι ότι η υλοποίηση του βιολογικού μοντέλου προσεγγίστηκε διαφορετικά από παρόμοιες υλοποιήσεις [8] [9] [10] [11] [12], αποθηκεύοντας την διασυνδεσιμότητα στην εξωτερική μνήμη, ώστε το σύστημα να είναι πλήρως παραμετροποιήσιμο. Έτσι, προσφέρεται η δυνατότητα για διαφορετικές προσομοιώσεις, ανάλογα με τα δεδομένα εισόδου. Απώτερος σκοπός είναι η δημιουργία μιας πλήρους πλατφόρμας βασισμένη σε hardware, όπου οι ερευνητές θα έχουν την δυνατότητα να εκτελούν προσομοιώσεις υψηλών επιδόσεων και ταχυτήτων.

1.3 Δομή Διπλωματικής Εργασίας

Η δομή που ακολουθείται στη διπλωματική εργασία είναι η παρακάτω:

Στο Κεφάλαιο 2 γίνεται μία εισαγωγή στους βιολογικούς νευρώνες και στη λειτουργία τους. Αναφέρονται δημοσιεύσεις με παρόμοιες υλοποιήσεις και γίνεται μία αναφορά στα βασικά χαρακτηριστικά του υβριδικού υπέρ-υπολογιστή της Convey.

Το Κεφάλαιο 3 αναφέρεται η μελέτη της μοντελοποίησης του συστήματος. Περιγράφεται η μοντελοποίηση των βιολογικών νευρώνων, της λειτουργίας τους και η διασυνδεσιμότητά τους. Ακόμα, γίνεται μία πρώτη αναφορά στην διαστασιολόγηση του προβλήματος.

Στο Κεφάλαιο 4 γίνεται η ανάλυση και η σχεδίαση της αρχιτεκτονικής του συστήματος. Παρουσιάζονται οι πρώτες αρχιτεκτονικές και η σταδιακή υλοποίηση κάθε λειτουργίας του συστήματος, έως ότου ολοκληρωθεί η συνολική αρχιτεκτονική.

Στο Κεφάλαιο 5 γίνεται αναφορά στην εγκατάσταση της αρχιτεκτονικής στην υβριδική πλατφόρμα και η παρουσίαση των τελικών πειραματικών αποτελεσμάτων. Ταυτόχρονα, αναφέρονται οι επιδόσεις του συστήματος.

Στο Κεφάλαιο 6 πραγματοποιείται μία σύνοψη της διπλωματικής εργασίας. Εξάγονται συμπεράσματα και προτείνονται μελλοντικές επεκτάσεις.

Κεφάλαιο 2

Σχετική Έρευνα

Σε αυτό το κεφάλαιο αναλύεται ο βιολογικός νευρώνας και η λειτουργία του, για την καλύτερη κατανόηση των εννοιών που θα αναφερθούν στα επόμενα κεφάλαια. Ακόμα, αναφέρονται δημοσιεύσεις με παρόμοιες hardware και software υλοποιήσεις βιολογικών μοντέλων. Τέλος, γίνεται αναφορά στα βασικά χαρακτηριστικά του υβριδικού υπέρ-υπολογιστή της εταιρείας Convey Computers, ο οποίος αποτελεί την πλατφόρμα που υλοποιήθηκε το σύστημα.

2.1 Βιολογικοί Νευρώνες

Σε όλους τους βιολογικούς οργανισμούς, ο κυρίαρχος ρόλος του νευρικού συστήματος είναι η επικοινωνία, δηλαδή η μεταφορά και η επεξεργασία, της εκάστοτε πληροφορίας. Ο **νευρώνας (neuron)** [Figure 2.1] αποτελεί την κύρια λειτουργική και ανατομική μονάδα του νευρικού συστήματος, έχοντας την δυνατότητα να μεταδίδει ηλεκτρικά σήματα από το ένα μέρος του κυττάρου στο άλλο, ενώ παράλληλα επικοινωνεί με άλλους νευρώνες εκλύοντας νευροδιαβιβαστές. Ο ανθρώπινος εγκέφαλος αποτελείται περίπου από 10^{11} διασυνδεδεμένους νευρώνες που είναι όλοι διαφορετικοί μεταξύ τους. Οι νευρώνες επικοινωνούν ο ένας με τον άλλον μέσω των συναπτικών συνδέσεων, ο αριθμός των οποίων δεν είναι σταθερός αλλά κατά μέσο όρο κάθε νευρώνας έχει περίπου 10^4 συναπτικές συνδέσεις. Οι βιολογικοί νευρώνες μαζί με τις διασυνδέσεις τους δημιουργούν νευρωνικά δίκτυα. Το σύνολο αυτών των δικτύων στον ανθρώπινο οργανισμό αποτελούν το Κεντρικό Νευρικό Σύστημα. Ένας τυπικός βιολογικός νευρώνας [Figure 2.1] αποτελείται από το *σώμα(soma)* του κυττάρου, τον *άξονα(axon)*, τους *δενδρίτες(dendrites)* και τις *συνάψεις(synapses)*.

Το **σώμα** είναι ο πυρήνας του κυττάρου, το σημείο δηλαδή που συμβαίνει η πιο έντονη χημική δράση για την σύνθεση των ενζύμων, πρωτεϊνών και άλλων μορίων που είναι απαραίτητα για την ζωή του. Στον πυρήνα βρίσκεται όλο το γενετικό υλικό του οργανισμού .

Ο **άξονας** είναι η έξοδος από τον νευρώνα, μία μεγάλη επέκταση από το σώμα και ένα μέσο σύνδεσης με τους άλλους νευρώνες. Κάθε νευρώνας έχει ένα μόνο άξονα, ο οποίος μεταδίδει τα σήματα εξόδου σε άλλους.

Οι **δενδρίτες** είναι λεπτές επεκτάσεις από το κυτταρικό σώμα και αποτελούν το δίκτυο με το οποίο ο νευρώνας δέχεται τα σήματα εισόδου από τα άλλα κύτταρα. Κάθε νευρώνας έχει πολλούς δενδρίτες με πολλές διακλαδώσεις .

Σε κάθε δενδρίτη υπάρχει ένα απειροελάχιστο κενό, η **σύναψη**, μέσω της οποίας οι νευροαξονικές απολήξεις ενός νευρώνα(προσυναπτικός νευρώνας) διασταυρώνονται και αλληλοεπιδρούν με τους δενδρίτες ή το σώμα ενός άλλου νευρωνικού κυττάρου (μετασυναπτικού νευρώνα). Ο νευρώνας που άγει σήματα προς μία σύναψη ονομάζεται προσυναπτικός, ενώ ο νευρώνας που δέχεται τις αξονικές απολήξεις ενός άλλου νευρώνα ονομάζεται μετασυναπτικός. Ένας νευρώνας είναι ταυτόχρονα προσυναπτικός σε κάποιες συνάψεις, και μετασυναπτικός σε κάποιες άλλες, ανάλογα με τον τρόπο με τον οποίο συμμετέχει σε αυτές. Οι συνάψεις έχουν μια πολύ περίπλοκη δομή και επιτελούν και περίπλοκες διεργασίες κατά την μετάδοση του σήματος. Υπάρχουν διεγερτικές συνάψεις και ανασταλτικές συνάψεις οι οποίες είναι το ίδιο σημαντικές γιατί έχουν την ικανότητα να περιορίζουν ή και να επιλέγουν τη συνεχή ροή των νευρικών σημάτων .

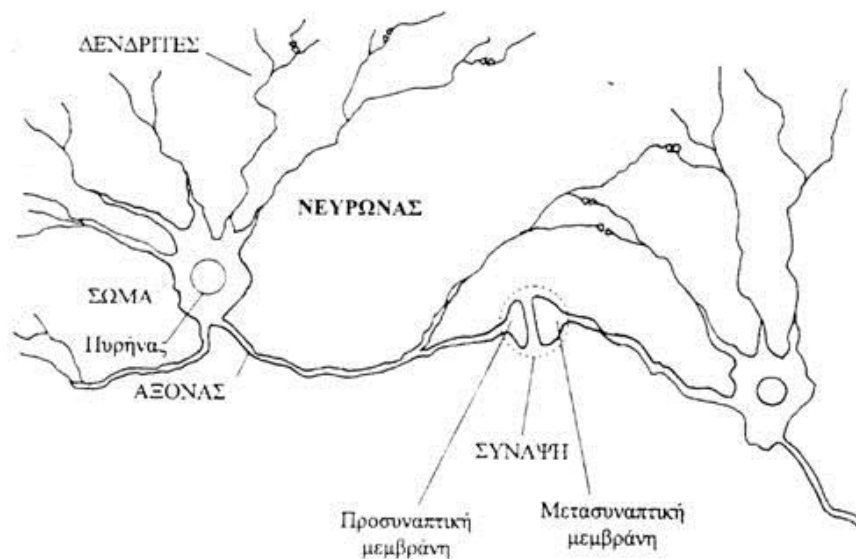


Figure 2.1 Σχηματική αναπαράσταση νευρώνων με τους δενδρίτες, τους άξονες και τις συνάψεις. (Πηγή: [13])

Η μεταφορά της πληροφορίας μεταξύ των νευρικών κυττάρων περιλαμβάνει μία χημική διαδικασία που ονομάζεται **συναπτική διαβίβαση**. Η χημική διαδικασία προϋποθέτει την απελευθέρωση ενός χημικού νευροδιαβιβαστή που στη συνέχεια ενεργοποιεί συγκεκριμένες πρωτεΐνες, που ονομάζονται υποδοχείς. Ανάλογα με τον τύπο του νευροδιαβιβαστή που εκκρίνεται, μία σύναψη μπορεί να είναι διεγερτική (AMPA, NMDA) ή ανασταλτική (GABAA,

GABAB). Οι υποδοχείς AMPA διαμεσολαβούν τη γρήγορη(κατά μέσο όρο 40 ms) συναπτική διαβίβαση στις διεγερτικές συνάψεις του κεντρικού νευρικού συστήματος και είναι κρίσιμοι κατά τη νευρωνική ανάπτυξη, τη συναπτική πλαστικότητα και τη δομική αναδιαμόρφωση. Οι υποδοχείς NMDA διαμεσολαβούν σε μια πιο αργή συναπτική διαβίβαση κατά μέσο όρο της τάξης των 150 ms. Από την άλλη πλευρά, οι ανασταλτικοί υποδοχείς GABAA και GABAB ενεργούν ανασταλτικά, εμποδίζοντας τη μετάδοση σημάτων μεταξύ των νευρώνων με στόχο τη μείωση της δραστηριότητας του νευρώνα. Οι GABAA υποδοχείς είναι γρήγοροι ανασταλτικοί διάρκειας κατά μέσο όρο 10 ms, ενώ οι GABAB είναι πιο αργοί με διάρκεια κατά μέσο όρο 100 ms.

Η ευκολία μετάδοσης της ηλεκτρικής δραστηριότητας από τον άξονα στον δενδρίτη επηρεάζεται από παράγοντες όπως το πλάτος της σύναψης, την απόσταση της από τον δενδρίτη και το σώμα, καθώς και από την πυκνότητα του ηλεκτροχημικού υλικού. Το ποσοστό της ηλεκτρικής δραστηριότητας το οποίο τελικά μεταδίδεται από τον δενδρίτη ονομάζεται **συναπτικό βάρος** και διαφέρει σε κάθε σύναψη. Το συναπτικό βάρος αποτελεί ένα σημαντικό παράγοντα καθώς η γνώση για το βιολογικό νευρικό σύστημα είναι αποθηκευμένη στις κατανεμημένες τιμές του.

2.2 Λειτουργία του Νευρώνα

Ο νευρώνας, σε ένα νευρωνικό δίκτυο, έχει σαν κύριο σκοπό να λαμβάνει όλα τα σήματα που έρχονται από άλλους νευρώνες, να τα επεξεργάζεται και να μεταδίδει το επεξεργασμένο σήμα σε άλλους, διαδίδοντας το σήμα σε ένα μεγάλο δίκτυο νευρώνων. Ένα τυπικό νευρωνικό κύτταρο μπορεί να δέχεται σήματα εισόδου από πάνω από 10.000 άλλους νευρώνες μέσω των συνάψεων του. Τα σήματα εισόδου είναι ηλεκτρικής μορφής και είναι της τάξης μερικών mV. Ο παλμός τάσης που παράγεται όταν ο νευρώνας διεγείρεται ηλεκτρικά από άλλους, ονομάζεται **δυναμικό ενέργειας ή δυναμικό δράσης ή αιχμή (spike)** [Figure 2.2]. Αποτελεί μια παροδική, αναγεννητική, ηλεκτρική ώση, κατά την παραγωγή της οποίας το δυναμικό της μεμβράνης ενός κυττάρου αυξάνει ταχέως σε μια τιμή που είναι περίπου 100mV θετικότερου του φυσιολογικού, αρνητικού, δυναμικού ηρεμίας. Αυτό προκαλεί τη διάδοση ενός σήματος κατά μήκος των νευρώνων σε μεγάλη απόσταση. Ωστόσο, οι αιχμές δεν δημιουργούνται από μόνες τους, αλλά είναι αποτέλεσμα είτε αιχμών που δέχονται στις συνάψεις τους από άλλους νευρώνες είτε εξωτερικών ερεθισμάτων. Η αιχμή ή spike είναι ο τρόπος επικοινωνίας μεταξύ των νευρώνων και κατ' επέκταση της μεταφοράς πληροφορίας. Έτσι, τα δίκτυα που δημιουργούνται κατά την σύνδεση των νευρώνων μεταξύ τους ονομάζονται **Spiking Neural Networks (SNN)**.

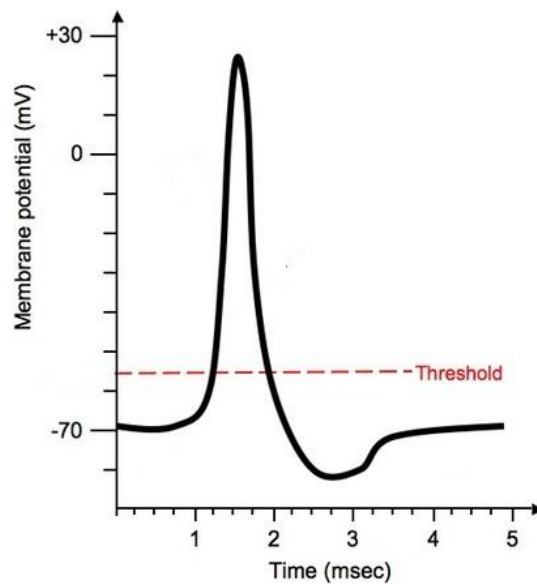


Figure 2.2 Μεταβολή στο δυναμικό μεμβράνης κατά την πρόκληση δυναμικού ενέργειας. (Πηγή: [14])

Ο νευρώνας ελέγχει σε δύο επίπεδα αν θα «**πυροδοτήσει(fire)**» μια αιχμή . Αρχικά, σε επίπεδο δένδριτη, όλα τα εισερχόμενα ηλεκτρικά δυναμικά των συνάψεων που καταφθάνουν σε μια δεδομένη στιγμή αθροίζονται. Αν το συνολικό άθροισμα έχει φτάσει ή ξεπεράσει μια συγκεκριμένη τιμή τάσης που ονομάζεται **κατώφλι πυροδότησης (firing threshold)**, τότε ο δένδριτης παράγει μια αιχμή και στέλνει το ηλεκτρικό δυναμικό στο σώμα ώστε να συνεισφέρει στην διέγερση του νευρώνα, συμμετέχοντας στο συνολικό έλεγχο που πραγματοποιείται στο επίπεδο του σώματος για την τελική πυροδότηση του νευρώνα. Σε αντίθετη περίπτωση, αν το άθροισμά είναι μικρότερο από την δεδομένη αυτή τιμή, τότε ο δένδριτης δεν παράγει έξοδο και το δυναμικό χάνεται. Ο δένδριτης δέχεται ηλεκτρικά δυναμικά από διεγερτικές ή από ανασταλτικές συνάψεις. Αν το εισερχόμενο σήμα είναι από διεγερτική σύναψη, τότε σημαίνει είναι θετικό με αποτέλεσμα να οδηγεί το δυναμικό του νευρώνα προς το κατώφλι πυροδότησης. Διαφορετικά, αν το σήμα είναι ανασταλτικό, τότε απομακρύνει το δυναμικό από το κατώφλι. Στο επίπεδο του δένδριτη η πυροδότηση έχει διάρκεια 50 ms, σε εκείνη την χρονική περίοδο δεν λαμβάνονται υπόψιν οι αιχμές από τις διεγερτικές συνάψεις (AMPA και NMDA) παρά μόνο από τις ανασταλτικές (GABAA, GABAB) οι οποίες μπορούν να ρίξουν το άθροισμα κάτω από το όριο του κατωφλίου πυροδότησης και να αναστείλουν την αιχμή του δένδριτη . Σε επίπεδο σώματος, αθροίζονται οι αιχμές εισόδου των συνάψεων που ξεπέρασαν το κατώφλι πυροδότησης του πρώτου επιπέδου. Εάν το συνολικό άθροισμα των εισερχόμενων αιχμών είναι μικρότερο από το κατώφλι πυροδότησης, τότε ο νευρώνας παραμένει σε κατάσταση ηρεμίας, διαφορετικά

πυροδοτεί μια αιχμή διάρκειας περίπου 1 ms και σταδιακά επιστρέφει στην κανονική του κατάσταση, στο δυναμικό ηρεμίας. Το κατώφλι πυροδότησης ποικίλει τόσο σε κάθε δενδρίτη όσο και σε κάθε νευρώνα.

2.3 Παρόμοιες δουλειές

Η έρευνα σε αυτόν τον τομέα έχει ξεκινήσει αρκετά χρόνια πριν με την υλοποίηση των τεχνητών νευρωνικών δικτύων (ANNs). Οι ερευνητές ανέπτυξαν ποικίλα τεχνητά νευρωνικά μοντέλα [3] αλλά και πιο ρεαλιστικά βιολογικά μοντέλα [5]. Όμως, η ανάγκη για μοντέλα που θα μπορούν να μιμούνται τις διεργασίες που επιτελεί ο ανθρώπινος νους, είχε σαν συνέπεια να θέλουν να εξερευνήσουν καλύτερα την περιοχή των βιολογικών νευρωνικών δικτύων και να κατανοήσουν με μεγαλύτερη λεπτομέρεια τον τρόπο επεξεργασίας πληροφορίας σε βιολογικά δίκτυα, ώστε να την εφαρμόσουν για την βελτίωση των υπάρχοντων τεχνικών. Έτσι, αναπτύχθηκαν αρκετά βιολογικά μοντέλα [1] όπως I&F, I&F with Adaptation, Integrate-and-Fire-or-Burst, Resonate-and-Fire, Quadratic I&F, Spiking Model by Izhikevich, Fitzhugh-Nagumo, Hindmarsh-Rose, Morris-Lecar, Wilson Polynomial Neurons, Hodgkin-Huxley, στοχεύοντας στην διαφορετική προσέγγιση των βιολογικών δικτύων τόσο σε επίπεδο λεπτομέρειας όσο και σε επίπεδο κλίμακας.

Πιο συγκεκριμένα, το μοντέλο του Hodgkin-Huxley [15] είναι ένα από τα πιο σημαντικά, καθώς περιγράφει λεπτομερώς τις ιδιότητες του νευρώνα. Όμως αυτό το μοντέλο, λόγω της ανάλυσης και της δυνατότητας του να είναι τόσο κοντά στα πραγματικά βιολογικά δεδομένα καθίστανται βαρύ υπολογιστικά στην υλοποίησή του. Έτσι, η αύξηση της πολυπλοκότητας έχει σαν αποτέλεσμα την ικανότητα αναπαράστασης μικρού αριθμού νευρώνων, διαφορετικά ο χρόνος προσομοίωσης είναι αρκετά μεγάλος. Από την άλλη πλευρά, μοντέλα όπως το I&F [16] δίνουν την δυνατότητα για αναπαράσταση αρκετών εκατοντάδων νευρώνων λόγω της έλλειψης λεπτομέρειας των ιδιοτήτων του νευρώνα. Το μοντέλο αυτό ίσως είναι το πιο πολύ-χρησιμοποιημένο στον τομέα λόγω της απλότητας υλοποίησης, όμως από την πλευρά της βιολογικής πιστότητας είναι αρκετά περιληπτικό. Υπάρχουν βέβαια παραλλαγές, όπου εισάγονται κάποιες ακόμα λειτουργίες όπως το I&F with Adaptation [17] και το Integrate-and-Fire-or-Burst [18]. Η καλύτερη παραλλαγή του leaky I&F είναι το Quadratic I&F [19] όπου προσομοιώνει πολλές λειτουργίες του νευρώνα και παράλληλα είναι ιδανικό για μοντελοποιήσεις μεγάλης κλίμακας. Τέλος, ένα ακόμα σημαντικό μοντέλο είναι το spiking model του Izhikevich [20]. Ένα μοντέλο αρκετά απλό, ικανό όμως να αναπαραστήσει όλα τα μοτίβα fire του νευρώνα και αρκετές

λειτουργίες του. Η απλότητα υλοποίησης προσφέρει δυνατότητα για αρκετά μεγάλης κλίμακας spiking neural networks. Η [Figure 2.3] συγκρίνει τα υπολογιστικά μοντέλα προσομοίωσης, που αναφέραμε παραπάνω, με βάση δύο κύριες παραμέτρους που πρέπει να ληφθούν υπόψιν κατά τη σχεδίαση ενός βιολογικού δικτύου, την βιολογική τους αληθοφάνεια και την υπολογιστική τους πολυπλοκότητα.

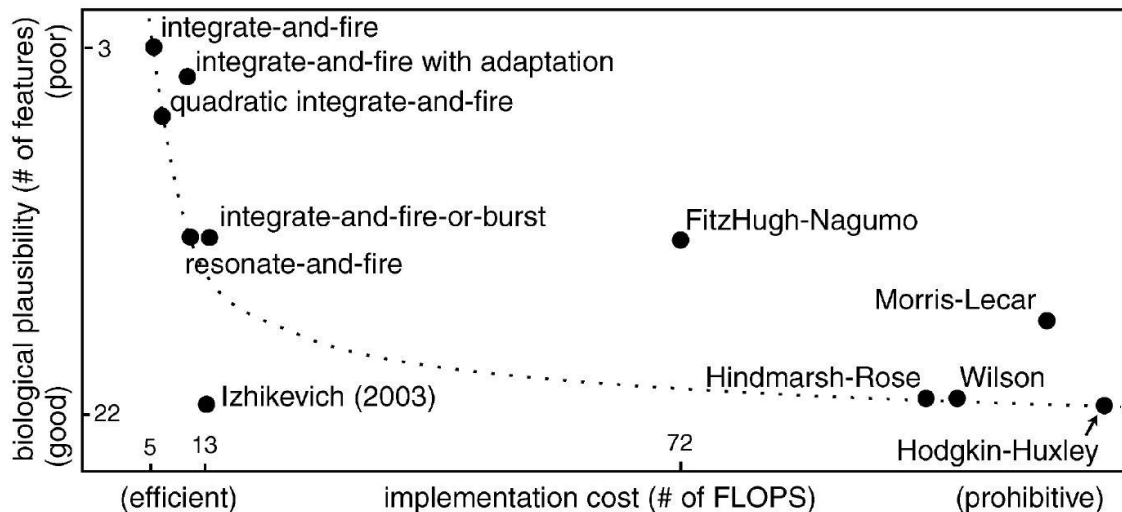


Figure 2.3 Σύγκριση των γνωστότερων υπολογιστικών μοντέλων προσομοίωσης νευρώνων με βάση την βιολογική τους αληθοφάνεια (κατακόρυφος άξονας) και την υπολογιστική τους πολυπλοκότητα (οριζόντιος άξονας). (Πηγή: [21])

Έτσι δημιουργήθηκαν αρκετοί προσομοιωτές σε Software (NEURON [22], GENESIS [23], SpikeNNS [24], RCS [25], SpikeNet [26], SPIKELAB [27], Miligan [28] κ.α.) όπου επιτρέπουν την κατασκευή βιολογικά ρεαλιστικών μοντέλων. Οι προσομοιώσεις όμως μεγάλης κλίμακας βιολογικών νευρωνικών δικτύων οδήγησε τους ερευνητές σε Hardware υλοποιήσεις, ώστε να εκμεταλλευτούν την παραλληλία και να εκτελούν προσομοιώσεις σε γρηγορότερους χρόνους απ' ότι σε Software.

Υλοποιήθηκαν τόσο ASIC (NESPINN [29], MASPINN [30], κ.α.) συστήματα όσο και συστήματα με DSP (PaSPIKE [31], SPIKE128k [32], κ.α.) προσομοιώνοντας πολλά διαφορετικά βιολογικά μοντέλα και δίνοντας χρόνους μικρότερους από το Real time. Επίσης υπήρξαν FPGA [33] [34] [35] [36] [37], προσεγγίσεις όπου υιοθετήθηκαν από αρκετές ομάδες εξαιτίας της ευελιξίας, του κόστους και της δυνατότητας επαναπρογραμματισμού του hardware. Σε γενικές γραμμές, hardware υλοποιήσεις πραγματοποιήθηκαν, είτε για υψηλής ταχύτητας προσομοιώσεις ώστε οι ερευνητές να κατανοήσουν τις ιδιότητες των πραγματικών νευρώνων, είτε για να ενσωματώσουν τα βιολογικά νευρωνικά δίκτυα σε υπολογιστικές εφαρμογές. Απώτερος σκοπός

είναι η ανάπτυξη ενός μοντέλου ίσου με τον ανθρώπινο εγκέφαλο, τόσο σε επίπεδο κλίμακας όσο και σε επίπεδο λεπτομέρειας.

Στις περισσότερες υλοποιήσεις σε hardware, το Spiking Neural Model που χρησιμοποιήθηκε είναι του Izhikevich [20], καθώς προσφέρει ένα συνδυασμό βιολογικής ακριβείας και υπολογιστικής απόδοσης σε μεγάλης κλίμακας νευρωνικά δίκτυα.

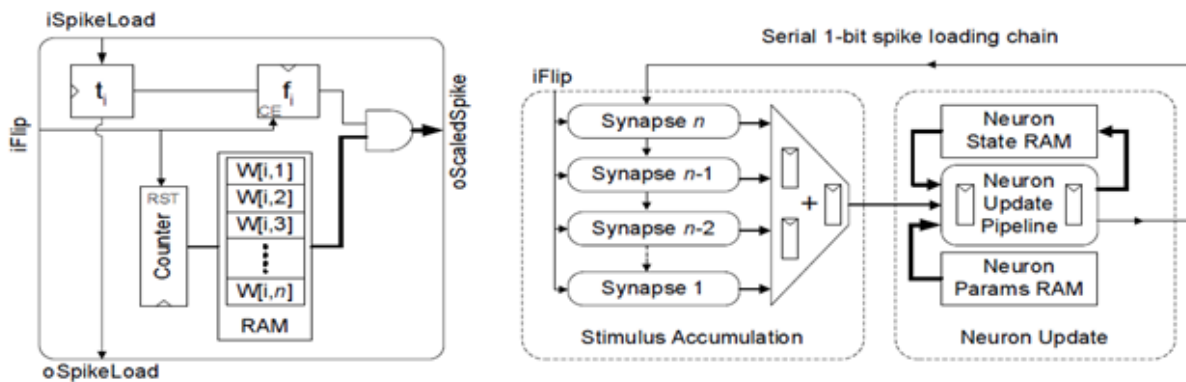


Figure 2.4 Αρχιτεκτονική μίας σύναψης (αριστερά) και ενός δικτύου νευρώνων (δεξιά). (Πηγή [8])

Πιο συγκεκριμένα, η δημοσίευση [8] αναλύει την υλοποίηση [Figure 2.4] ενός spiking neural network σε FPGA βασιζόμενο στο spiking model του Izhikevich. Οι ερευνητές δημιούργησαν ένα μοντέλο 1024 νευρώνων, με 1024 συνάψεις ο κάθε νευρώνας. Όλοι οι νευρώνες είναι πλήρως συνδεδεμένοι μεταξύ τους δημιουργώντας διαφορετικά είδη spikes (phasic spiking, tonic spiking, tonic bursting) τα οποία παράγονται ανάλογα με το άθροισμα των συνάψεων και την κατάσταση του νευρώνα. Κάθε νευρώνας έχει τα συναπτικά βάρη σε μια Block RAM και σε συνδυασμό με τον πίνακα των νευρώνων που έχουν πυροδοτήσει αιχμή, υπολογίζεται το συνολικό δυναμικό στο σώμα (thalamic input) για τον κάθε νευρώνα και ανανεώνεται ο πίνακας με τις αιχμές. Η υλοποίηση ενσωματώθηκε σε μια Virtex-5 xc5v1x330 καταλαμβάνοντας σε επίπεδο λογικής και σε επίπεδο μνήμης το 20% και 80% αντίστοιχα. Ο προσομοιωτής συγκρίθηκε τόσο με Software που έγραψαν οι ίδιοι όσο και με προηγούμενες δημοσιεύσεις και πέτυχε χρόνο 16 φορές γρηγορότερο από ένα 3GHz core2 CPU αλλά και 1,1 φορές γρηγορότερο από 1.2GHz 30-core GPU .

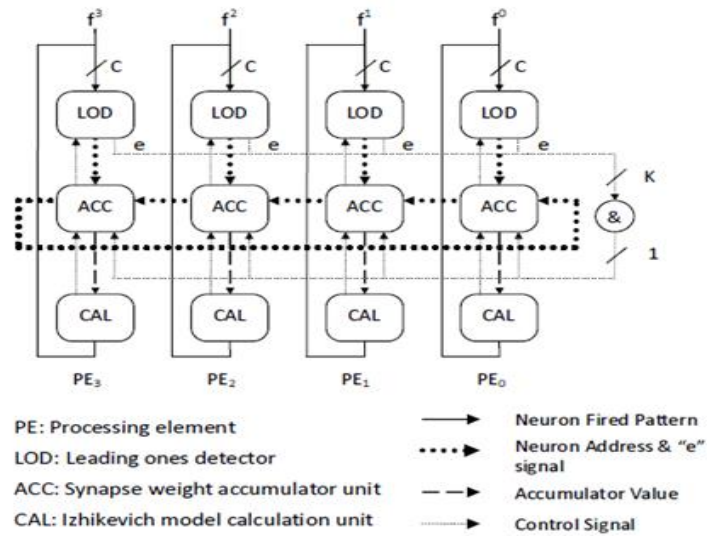


Figure 2.5 Αρχιτεκτονική του προσομοιωτή *spiking neural network*. Τέσσερα PEs $K=4$ παρουσιάζονται, καθένα από τα οποία χειρίζεται C νευρώνες, Έτσι, μπορούν να προσομοιωθούν συνολικά $4C$ νευρώνες. (Πηγή: [9])

Οι συγγραφείς της [9] δημοσίευσαν δημιούργησαν ένα παράλληλο *spiking neural network* προσομοιωτή σε FPGA, με χρήση *systolic architecture* [Figure 2.5]. Ο προσομοιωτής αποτελείται από 800 νευρώνες και 800 συνάψεις ο καθένας, βασισμένος στην υλοποίηση του Izhikevich μοντέλου από τους Thomas and Luk [1]. Οι Cheung, Schultz and Leong στόχευσαν σε μια *event driven* αρχιτεκτονική, όπου η κατάσταση των νευρώνων θα υπολογιζόταν εκ νέου, μόνο όταν ο νευρώνας πυροδοτούσε αιχμή. Ταυτόχρονα η συστολική αρχιτεκτονική που χρησιμοποιήθηκε δίνει την δυνατότητα σε διαφορετικά επεξεργαστικά στοιχεία (PE) να υπολογίζουν την κατάσταση των νευρώνων που τους έχει ανατεθεί. Έτσι, ο πίνακας με τις αιχμές των νευρώνων κατακερματίζεται στα κατάλληλα PE, παραλληλοποιώντας το πρόβλημα. Για την επίτευξη της *event driven architecture* στην αρχή κάθε PE υπάρχει ένας μηχανισμός ώστε να υπολογίζεται μόνο η κατάσταση των νευρώνων που έχουν πυροδοτήσει αιχμή. Η υλοποίηση ενσωματώθηκε σε μια Virtex-5 XC5VLX155T πετυχαίνοντας $1400 \times \text{real time}$ καλύτερο χρόνο από οποιαδήποτε δημοσίευση. Επίσης σε σύγκριση με την δημοσίευση των Thomas and Luk επιτεύχθηκε χρόνος $148 \times \text{real time}$ φορές γρηγορότερο .

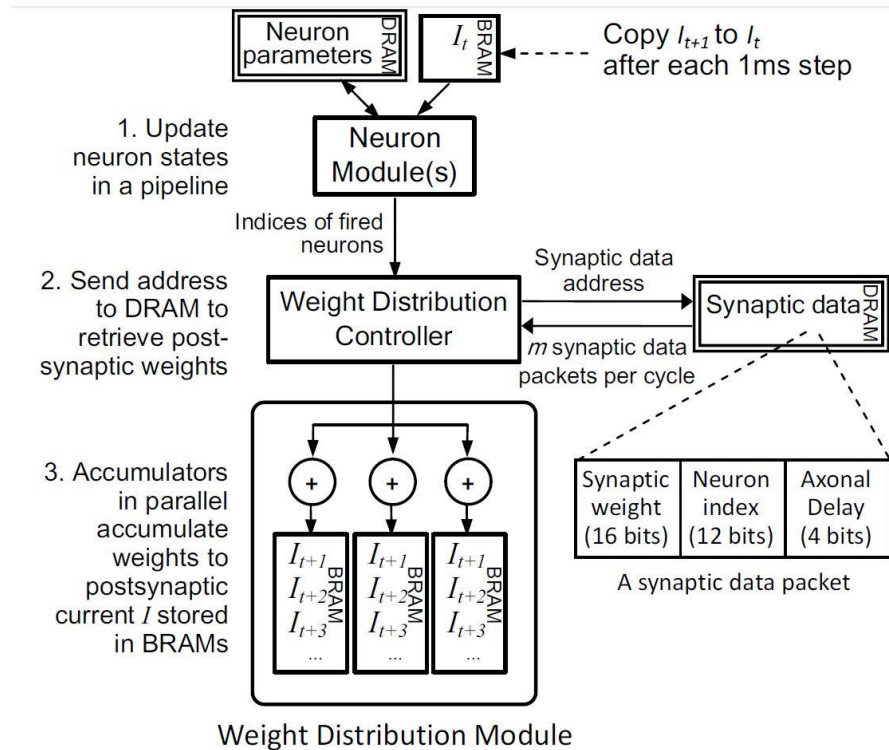


Figure 2.6 Συνολική Αρχιτεκτονική η οποία παρουσιάζει την σύνδεση μεταξύ των δυο κύριων μονάδων(μονάδα του νευρώνα και μονάδα κατανομής συναπτικού βάρους),του ελεγκτή κατανομής συναπτικού βάρους και την off-chip DRAM. (Πηγή: [10])

Μία ακόμη αξιόλογη δημοσίευση [10] από τους Kit Cheung , Simon R. Schultz και Wayne Luk οι οποίοι βασιζόμενοι και πάλι στον αλγόριθμο του Izhikevich ανέπτυξαν ένα large scale spiking neural network σε FPGA .Το μοντέλο τους [Figure 2.6] περιλαμβάνει 64.000 νευρώνες και περίπου 1000 συνάψεις ο κάθε νευρώνας. Στόχευσαν και αυτοί σε μια event driven αρχιτεκτονική, στην οποία όλα τα δεδομένα θα είναι υποθηκευμένα σε εξωτερική μνήμη και μόνο όταν ήταν αναγκαίο είχαν πρόσβαση σε αυτήν. Αρχικά υπολόγιζαν τις εξισώσεις του μοντέλου του Izhikevich, ώστε να αποφασιστεί ποιοι νευρώνες κάνουν fire και στην συνέχεια με κατάλληλο μηχανισμό, διάβαζαν τα συναπτικά βάρη από την εξωτερική μνήμη και υπολόγιζαν το δυναμικό στο σώμα. Η event driven αρχιτεκτονική έγκειται στο γεγονός ότι από την εξωτερική μνήμη δεν διαβάζονταν τα συναπτικά βάρη όλων των συνάψεων αλλά μόνο αυτά που είχαν σχέση με τους νευρώνες που πυροδοτούσαν αιχμές, μειώνοντας τις προσβάσεις στην μνήμη. Η υλοποίηση ενσωματώθηκε στην πλατφόρμα της Maxeler χρησιμοποιώντας μία από τις 4 Virtex6 SX475T FPGA με συχνότητα ρολογιού 100MHz. Σαν μέτρο επίδοσης θεωρήθηκε το spike delivery rate και η σύγκριση έγινε με το GPU NeMo accelerator (Tesla C1060 65nm process) δίνοντας έως 5.27 φορές γρηγορότερους χρόνους.

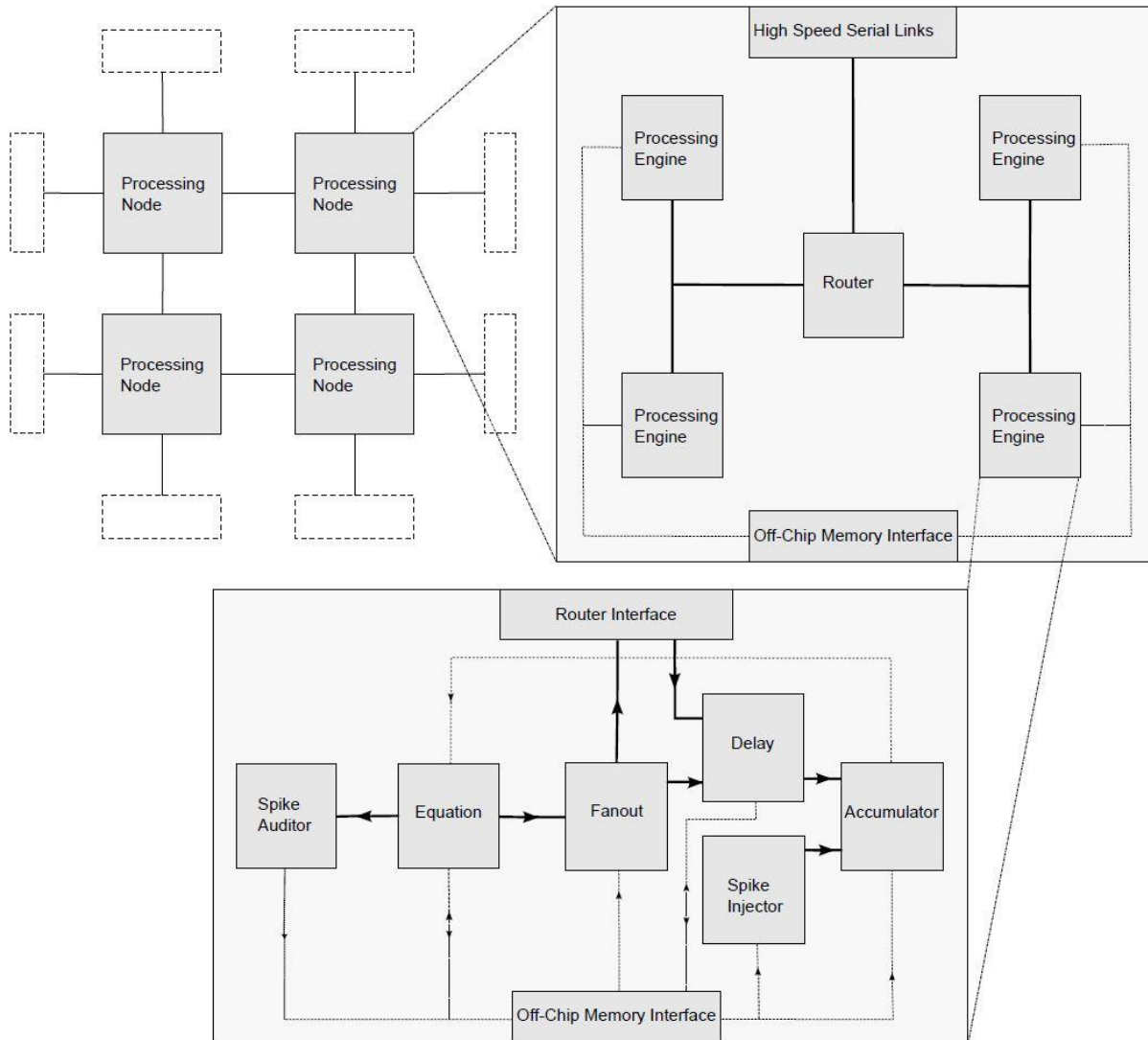


Figure 2.7 Διάγραμμα του πλήρους συστήματος πολλαπλών FPGA. (Πηγή: [11])

Ακόμα μία σημαντική δουλειά έγινε στην δημοσίευση [11] όπου δημιούργησαν ένα Real-time Spiking Neural Network σε ένα cluster από FPGAs. Έφτιαξαν ένα σύστημα με 64 FPGAs (BlueHive) οι οποίες συνδέονται μεταξύ τους μέσω SATA connectors, με στόχο την προσομοίωση ενός μοντέλου μεγάλης κλίμακας. Κάθε FPGA έχει 64.000 νευρώνες και 1000 συνάψεις ο κάθε νευρώνας βασιζόμενοι στο μοντέλο του Izhikevich. Αρχικά για τον υπολογισμό των εξισώσεων του μοντέλου οι παράμετροι και τα συναπτικά βάρη διαβάζονται από την εξωτερική μνήμη που είναι αποθηκευμένα. Έπειτα για κάθε νευρώνα που πυροδοτεί αιχμή, ομαδοποιούνται και προστίθενται τα συναπτικά βάρη των νευρώνων που θα ενεργοποιηθούν. Η ομαδοποίηση γίνεται ανάλογα με την καθυστέρηση, ώστε να επιτευχθεί η πραγματικού χρόνου προσομοίωση. Για την σύνδεση νευρώνων μεταξύ των FPGA υπάρχει κατάλληλος μηχανισμός συγχρονισμού. Για την

υλοποίηση χρησιμοποίησαν Bluespec SystemVerilog και η αρχιτεκτονική [Figure 2.7] αποτυπώθηκε σε FPGAs της Altera Stratix IV 230 με 2 DDR2 memory. Η σύγκριση έγινε με λογισμικό που έγραψαν οι ίδιοι σε γλώσσα C και οι χρόνοι που πέτυχαν ήταν 162 φορές γρηγορότερο από ένα 4-core Xeon X5560 2.8Ghz server με 48GB RAM. Η εγκυρότητα του λογισμικού τους επικυρώθηκε με προηγούμενες δημοσιεύσεις δίνοντας παρόμοιους χρόνους.

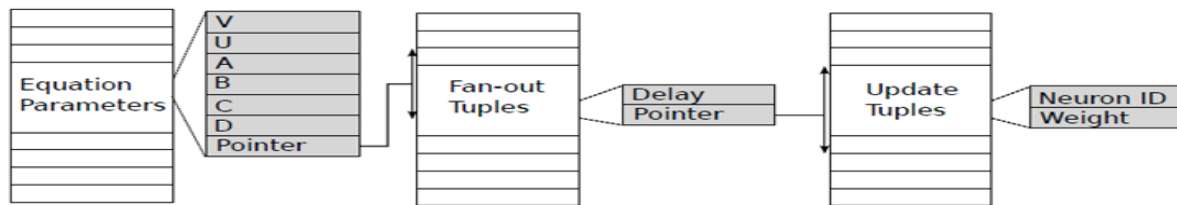


Figure 2.8 Διαδρομή του αλγορίθμου χειρισμού της συνοπτικής ενημέρωσης μέσα από τη off-chip μνήμη. (Πηγή: [12])

Η [12] έρευνα παρουσιάζει ένα βελτιστοποιημένο τρόπο υλοποίησης [Figure 2.8] ενός real time spiking neural network σε ένα cluster από FPGAs, βασιζόμενη σε μια προηγούμενη δημοσίευση [11] του ίδιου εργαστηρίου και πιο συγκεκριμένα στο σύστημα Bluehive [Figure 2.7]. Έτσι, δημιούργησαν ένα ίδιο σε μέγεθος προσομοιωτή, με 64.000 νευρώνες και 64.000.000 συνάψεις συνολικά, σύμφωνα με το μοντέλο του Izhikevich, και στόχευσαν σε μια αρχιτεκτονική η οποία θα μείωνε αισθητά τις προσβάσεις στην εξωτερική μνήμη. Για την επίτευξη του σκοπού πρόσθεσαν ένα επιπλέον pointer στις παραμέτρους κάθε νευρώνα. Έτσι, όταν ο νευρώνας κάνει fire, ο pointer δείχνει σε ποιο σημείο στην μνήμη βρίσκονται οι νευρώνες που ενεργοποιεί, ελαχιστοποιώντας τις προσβάσεις στην μνήμη, αφού πλέον για κάθε ομάδα νευρώνων που ενεργοποιείται χρειάζεται μια πρόσβαση στην μνήμη. Ο προσομοιωτής ενσωματώθηκε στο ίδιο σύστημα όπως και η προηγούμενη δημοσίευση και συγκρίθηκε με software που έγραψαν οι ίδιοι. Παρατηρήθηκαν ίδιοι χρόνοι εκτέλεσης όπως με το προηγούμενο σύστημα όμως, εξαιτίας των λιγότερων προσβάσεων στην μνήμη, δίνεται η δυνατότητα για προσομοίωση περισσότερων νευρώνων συνολικά.

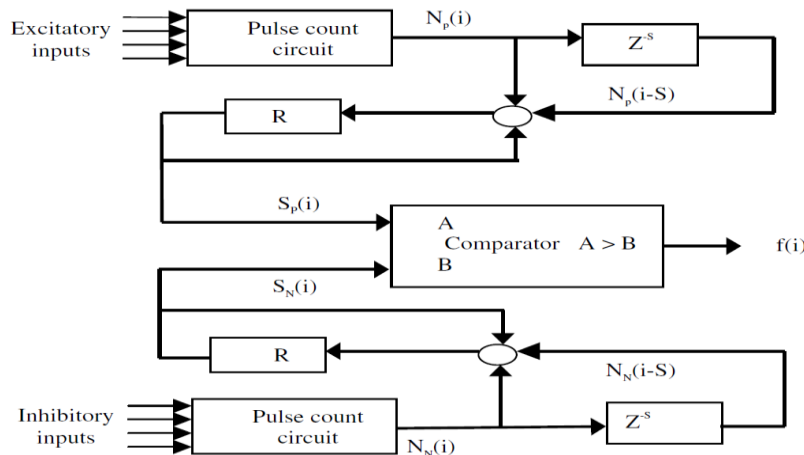


Figure 2.9 Μονάδα άθροισης - Ενεργοποίησης. Η μονάδα έχει ανασταλτικά και διεγερτικά κυκλώματα και ένα συγκριτή που παράγει ένα παλμό εξόδου όταν τα διεγερτικά σήματα είναι μεγαλύτερα από τα ανασταλτικά. (Πηγή [38])

Υπήρξαν δημοσιεύσεις όπως η [38] που οι συγγραφείς βασίστηκαν σε pulse coupled neural networks (PCNN) models για την δημιουργία spiking neural network σε FPGA. Το μοντέλο τους είναι με 3 νευρώνες οι οποίοι δημιουργούν ένα XOR problem network. Υιοθέτησαν pulse code scheme για την αναπαράσταση παλμών δίνοντας την δυνατότητα για σημαντική μείωση τόσο των αριθμητικών πράξεων όσο και της επικοινωνίας μεταξύ των νευρώνων. Το πλεονέκτημα των PCNN έγκειται στο γεγονός ότι χρησιμοποιεί streams από στοχαστικούς παλμούς καθώς και στον τρόπο που τους συνδυάζει και χειρίζεται. Η υλοποίηση βασίζεται σε 2 επίπεδα [Figure 2.9], ένα synapse module και ένα summing-activation module. Στο επίπεδο σύναψης υπάρχει ένας συσσωρευτής όπου αθροίζει τα βάρη κάθε φορά που λαμβάνει κάποιο παλμό εισόδου και παράγει ένα παλμό εξόδου, ο οποίος είναι ανασταλτικός ή διεγερτικός, ανάλογα με το πρόσημο του βάρους. Στο δεύτερο επίπεδο ο νευρώνας συγκεντρώνει τους παλμούς όλων των συνάψεων και ελέγχει αν το άθροισμα των διεγερτικών εισόδων είναι μεγαλύτερο από των ανασταλτικών ώστε να παράγει παλμό. Για την επικοινωνία μεταξύ των νευρώνων χρησιμοποιήθηκε ένα address event protocol που δίνει την δυνατότητα σε κάθε παλμό εξόδου να λειτουργεί σαν event, περιέχοντας μόνο την διεύθυνση ή την θέση του στο δίκτυο. Η ενσωμάτωση της αρχιτεκτονικής έγινε σε μια FPGA Virtex XV50-6, καταλαμβάνοντας 240 slices και δεν αναφέρεται καμία σύγκριση είτε με παλαιότερη αρχιτεκτονική είτε με κάποιο software.

2.4 Βασικά Χαρακτηριστικά του Υβριδικού υπέρ-υπολογιστή της Convey

Αυτή η ενότητα περιέχει κάποια βασικά χαρακτηριστικά [39] του υβριδικού υπέρ-υπολογιστή της εταιρείας Convey Computers.

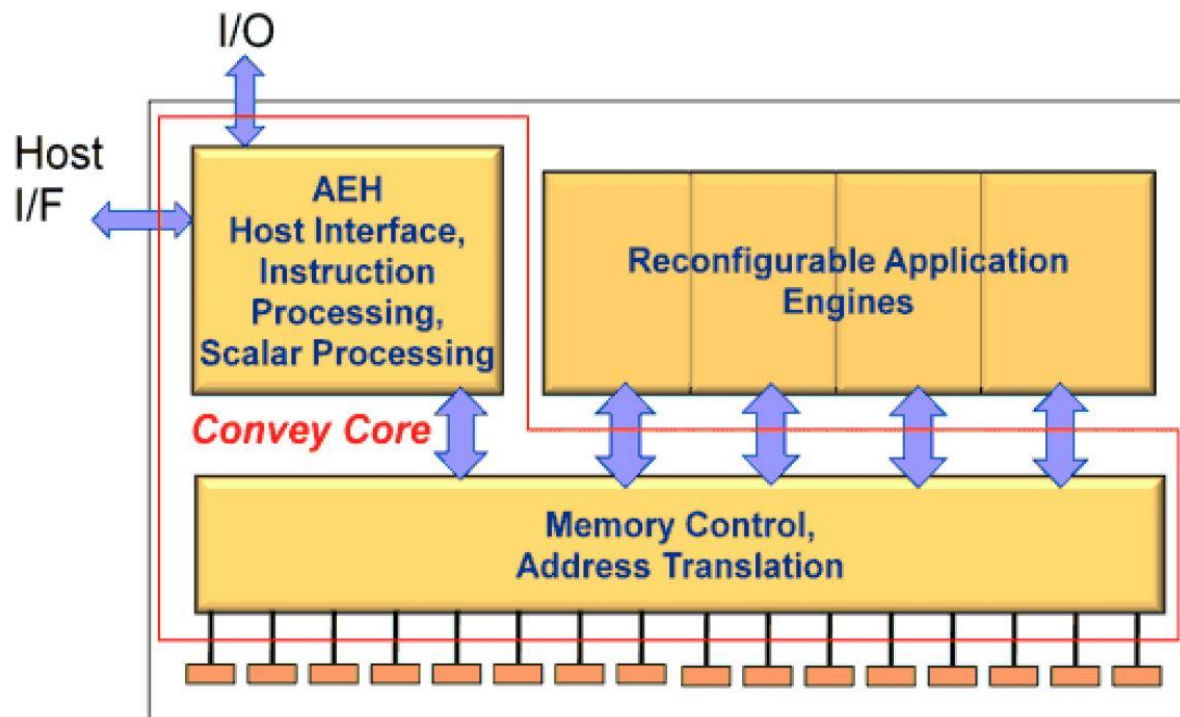


Figure 2.10 Διάγραμμα του Συνεπεξεργαστή του Convey. (Πηγή: [39])

2.4.1 Γενικά

Ο συνεπεξεργαστής του συστήματος [Figure 2.10] είναι βασισμένος σε αναδιατασσόμενη λογική για την αύξηση της απόδοσης των εφαρμογών, πέρα απ' ότι είναι συνήθως δυνατό, από συστήματα βασισμένα στο πρότυπο X86. Εξαιτίας της προγραμματιζόμενης φύσης, το hardware επιτρέπει στην αρχιτεκτονική να επαναπροσδιορίζεται, ώστε να προσαρμόζεται στις εκάστοτε εφαρμογές. Αυτά τα επαναπροσδιοριζόμενα σύνολα εντολών ονομάζονται personalities. Το σύστημα προσφέρει κάποια personalities, όπως single-precision, double precision vector personalities, financial analytics personality και Smith-Waterman personality, τα οποία μπορούν να χρησιμοποιηθούν για να επιταχύνουν ορισμένες εφαρμογές. Όμως, κάποιες εφαρμογές απαιτούν εξειδικευμένη λειτουργικότητα, η οποία δεν προσφέρεται από τα υπάρχοντα personalities, έτσι η convey σχεδίασε ένα framework για να καταστεί δυνατή η ανάπτυξη Custom Application Engine Personalities, συμπεριλαμβανομένων και επεκτάσεων συνόλων εντολών που επιτρέπουν εκτέλεση custom εντολών.

2.4.2 Coprocessor Architecture

Ο συνεπεξεργαστής του convey αποτελείται από τρεις βασικές μονάδες: The Application Engine Hub (AEH), the Memory Controllers (MCs) και the Application Engines (AEs). Custom εντολές που αναπτύχθηκαν για τον συνεπεξεργαστή εφαρμόζονται στις Application Engines FPGAs και οι AEs είναι οι μόνες FPGAs οι οποίες επαναπροσδιορίζονται για διαφορετικά personalities. Τα AEs περιέχουν τέσσερις βασικές διεπαφές με το υπόλοιπο σύστημα: την διεπαφή αποστολής, την διεπαφή ελεγκτή μνήμης, την διεπαφή CSR/Debug και την διεπαφή AE-to-AE.

2.4.3 Personalities

Ο χρήστης, για την σχεδίαση μιας δικιάς του personality, απαιτεί τη χρήση του PDK που διαθέτει:

- Ένα σετ από Makefiles που υποστηρίζουν simulation και synthesis design flow.
 - Ένα σετ από αρχεία Verilog για την επικοινωνία του επεξεργαστή με τις FPGAs
 - Ένα σετ από μοντέλα προσομοίωσης για όλα τα μη προγραμματιζόμενα κομμάτια του συνεπεξεργαστή (memory controllers, memory modules)
- Ένα interface γλώσσας προγραμματισμού για να μπορεί ο κώδικας να ελεγχθεί από ένα εργαλείο Simulation, όπως το Modelsim.

2.4.4 Διεπαφή ελεγκτών Μνήμης (Memory Controller)

Η διεπαφή των Memory Controller (MC) δίνει στις AEs άμεση πρόσβαση στη μνήμη του συνεπεξεργαστή. Κάθε μία από τις 4 AEs είναι συνδεδεμένη με κάθε ένα από τους 8 MCs μέσω μίας DDR διεπαφής με συχνότητα ρολογιού 333MHz. Η διεπαφή του MC μέσα στην AE FPGAs παρέχεται από το Convey. Κάθε μία διεπαφή από τους 8 MC στην AE FPGA είναι άμεσα συνδεδεμένη με ένα ενιαίο Memory Controller και κάθε MC συνδέεται με το 1/8 της μνήμης του συνεπεξεργαστή. Το διάγραμμα παρακάτω [Figure 2.11] δείχνει την συνδεσιμότητα μεταξύ AE-to-MC στο συνεπεξεργαστή.

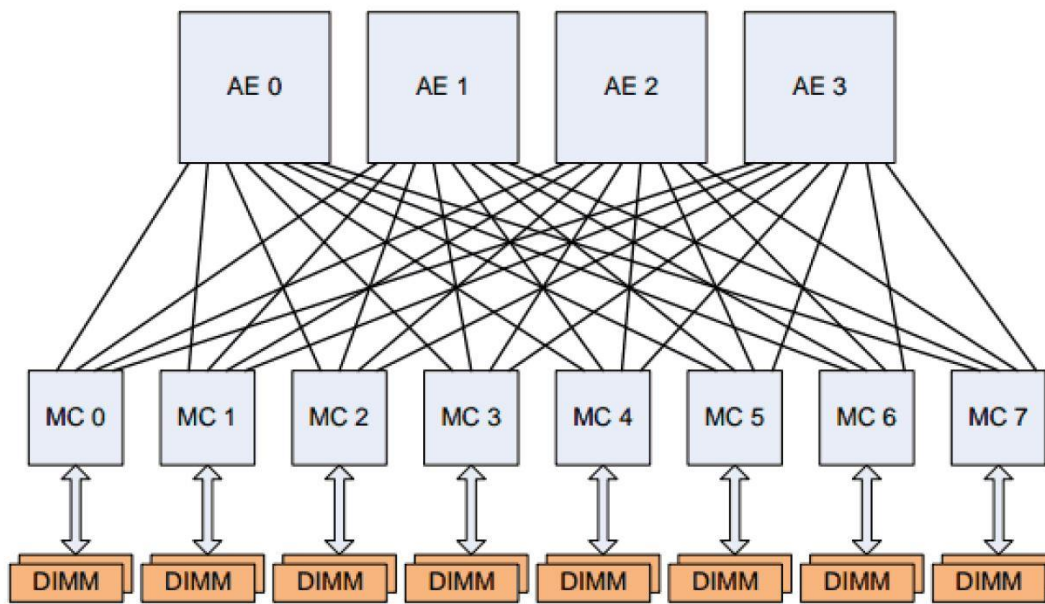


Figure 2.11 Συνδεσιμότητα μεταξύ AE-to-MC στο συνεπεξεργαστή. (Πηγή: [39])

Το σχήμα [Figure 2.12] δείχνει τις συνδέσεις της διεπαφής του MC με τους ελεγκτές μνήμης στο συνεπεξεργαστή. Οι διεπαφές των 8 Memory Controller βρίσκονται στην αριστερή και στην δεξιά πλευρά της AE FPGA. Κάθε ελεγκτής μνήμης είναι συνδεδεμένος με 2 μονάδες DIMM. Η AE personality είναι υπεύθυνη για την αποκωδικοποίηση των διευθύνσεων εικονικής μνήμης, έτσι ώστε μόνο οι αιτήσεις που προορίζονται για ένα συγκεκριμένο MC να στέλνονται σε αυτό το MC.

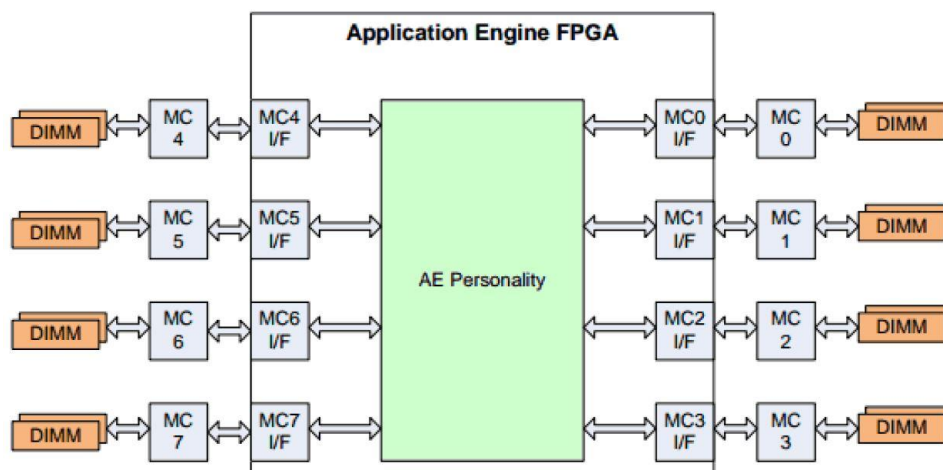


Figure 2.12 Συνδεσιμότητα της διεπαφής του MC με τους ελεγκτές μνήμης στο συνεπεξεργαστή. (Πηγή: [39])

2.4.5 Μνήμη Συστήματος

Το σύστημα μνήμης του Convey χρησιμοποιεί Scatter/Gather DIMMs, τα οποία έχουν 1014 bank μνήμης. Τα banks είναι εξαπλωμένα δια μέσου 8 Memory Controllers. Κάθε ελεγκτής μνήμης έχει δύο 64-bit διαύλους και κάθε δίαυλος έχει πρόσβαση σε οκτώ επιμέρους διαύλους (8-bit ανά υπό δίαυλο). Τέλος, κάθε επιμέρους δίαυλος έχει οκτώ banks. Τα 1024 banks προκύπτουν ως εξής:

$$8 \text{ MCs} * 2 \text{ DIMMs/MC} * 8 \text{ sub bus/DIMM} * 8 \text{ bank/sub bus}$$

Το παρακάτω διάγραμμα [Figure 2.13] δείχνει τη μνήμη συνεπεξεργαστή

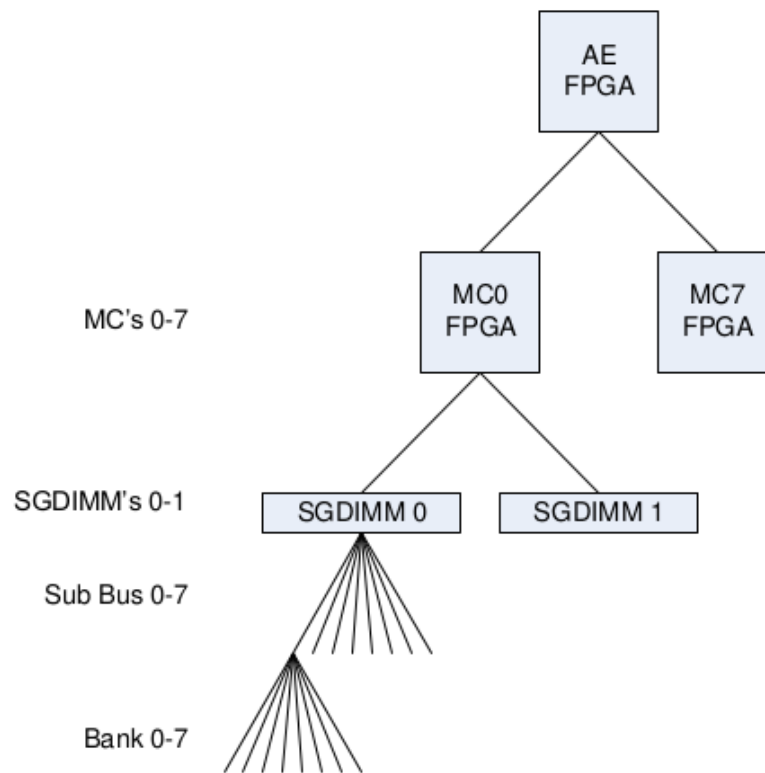


Figure 2.13 Ιεραρχία Μνήμης. (Πηγή: [39])

Κεφάλαιο 3

Μοντελοποίηση Συστήματος

Στο κεφάλαιο αυτό παρουσιάζεται η μελέτη της μοντελοποίησης του βιολογικού μοντέλου με σκοπό τον πιο εύκολο σχεδιασμό της αρχιτεκτονικής. Επίσης, παρουσιάζεται η διαστασιολόγηση του προβλήματος, επισημαίνοντας πώς μπορεί να παραμετροποιηθεί ανάλογα με την επιθυμία του χρήστη, ώστε να προσομοιώσει συστήματα με πολλούς νευρώνες και λιγότερους δενδρίτες και συνάψεις ή συστήματα με λιγότερους νευρώνες αλλά με εκατοντάδες δενδρίτες και συνάψεις.

3.1 Περιγραφή μοντελοποίησης βιολογικών νευρώνων

Στην παρούσα διπλωματική εργασία, υλοποιήθηκε ένα δίκτυο από 70 νευρώνες, όπου ο καθένας αποτελείται από 64 δενδρίτες και κάθε δενδρίτης από 512 συνάψεις. Το δίκτυο που δημιουργείται κατά την σύνδεση των νευρώνων μεταξύ τους είναι μερικώς συνδεδεμένο. Το μεγαλύτερο ποσοστό των συνάψεων, δηλαδή, είναι συνδεδεμένες με κάποιο νευρώνα του δικτύου, έτσι κατασκευάζεται ένα περίπλοκο δίκτυο το οποίο λειτουργεί παράλληλα και επεξεργάζεται πληροφορία, μεταδίδοντας την στις περιπτώσεις που είναι εφικτό.

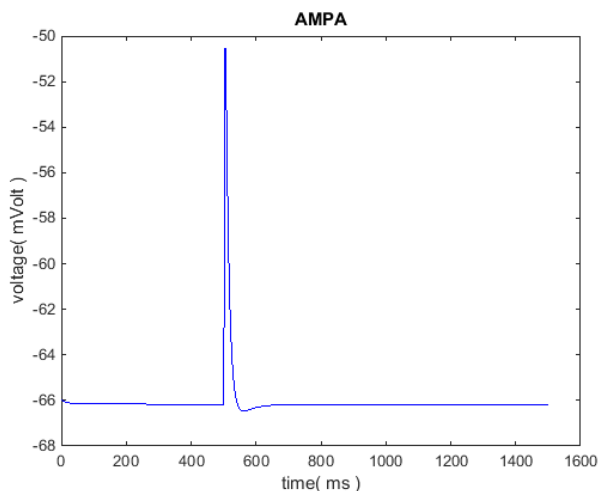


Figure 3.1 Χαρακτηριστική απόκριση
σύναψης τύπου AMPA.

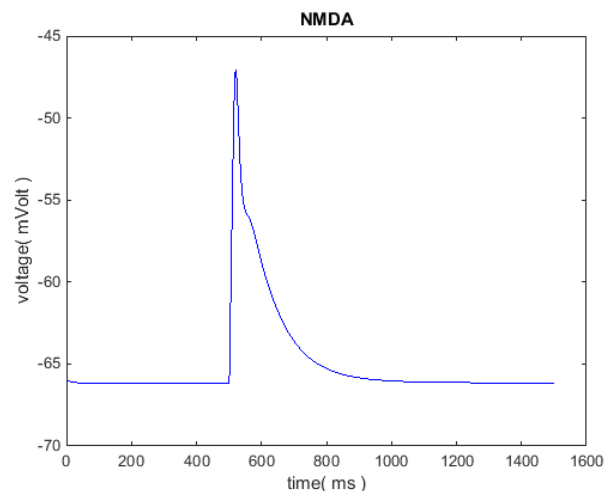


Figure 3.2 Χαρακτηριστική απόκριση
σύναψης τύπου NMDA.

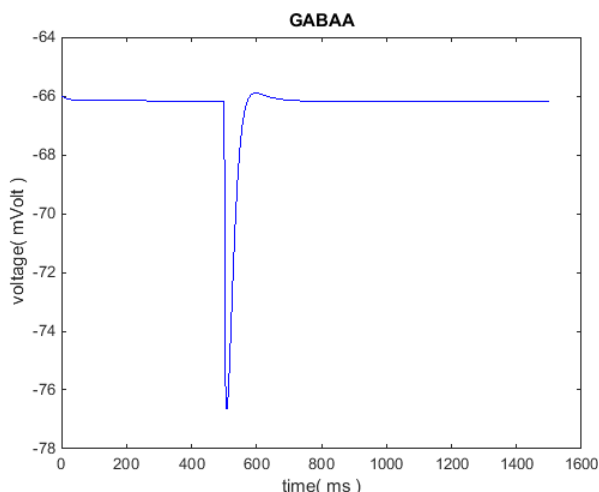


Figure 3.3 Χαρακτηριστική απόκριση
σύναψης τύπου GABA α .

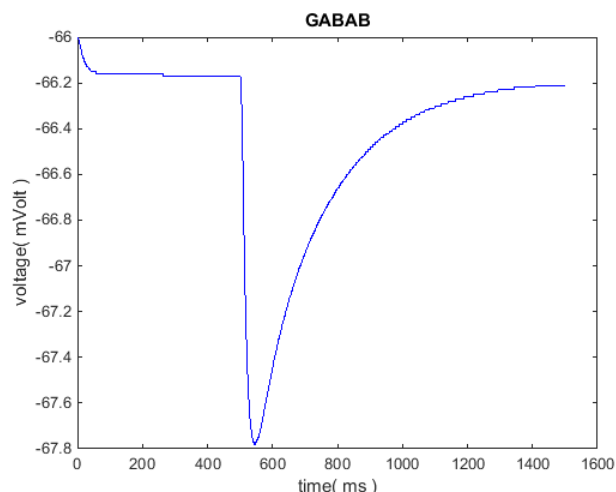


Figure 3.4 Χαρακτηριστική απόκριση
σύναψης τύπου GABA β .

Πιο συγκεκριμένα, το μοντέλο που δημιουργήθηκε είναι ικανό να προσομοιώσει διαφορετικών ειδών συνάψεις τόσο διεγερτικές όσο και ανασταλτικές. Στα [Figure 3.1] [Figure 3.2] [Figure 3.3] [Figure 3.4] παριστάνονται οι χαρακτηριστικές αποκρίσεις των 4 ειδών συνάψεων AMPA, NMDA, GABA α και GABA β , όπως προσομοιώθηκαν στο περιβάλλον του Matlab. Εύκολα συμπεραίνεται, ότι οι συνάψεις διαφορετικού είδους διαφέρουν τόσο σε διάρκεια αλλά και σε μορφή. Στην πραγματικότητα, ακόμα και οι συνάψεις ίδιου είδους διαφέρουν. Για να εξασφαλιστεί αυτή την λεπτομέρεια στο μοντέλο, μελετήθηκαν και προσομοιώθηκαν μέσω Matlab τα δεδομένα με τα οποία οι ερευνητές του εργαστηρίου υπολογιστικής βιολογίας [40] πραγματοποιούν πειράματα. Το συμπέρασμα, όπως φαίνεται και στα σχήματα [Figure 3.6] [Figure 3.7] [Figure 3.5] [Figure 3.8], είναι ότι ενώ η μορφή της απόκρισης είναι ίδια, το πλάτος και η διάρκεια διαφοροποιείται. Η διαφοροποίηση εξαρτάται από αρκετούς παράγοντες όπως η απόσταση από τον δενδρίτη, το πάχος του δενδρίτη και γενικότερα την μορφολογία του νευρώνα. Για την αντιμετώπιση του προβλήματος, αποφασίστηκε να αποδοθεί συναπτικό βάρος σε κάθε σύναψη. Έτσι εντοπίστηκε για κάθε είδος σύναψης, η μικρότερη και η μεγαλύτερη σε διάρκεια και πλάτος απόκριση. Έχοντας λοιπόν σαν άνω και κάτω φράγμα αυτές τις αποκρίσεις, δημιουργήθηκαν με τυχαίο τρόπο τα συναπτικά βάρη, ώστε ο συνδυασμός τους με την μεγαλύτερη απόκριση κάθε είδους να συμβαδίζει προσεγγιστικά με τα πραγματικά δεδομένα. Η μεγαλύτερη απόκριση κάθε είδους είναι αποθηκευμένη στο σύστημα και για την μοντελοποίηση της αποφασίστηκε αριθμητική signed fixed-point. Οι ερευνητές έκριναν ότι μία ακρίβεια της τάξης των 2 δεκαδικών ψηφίων είναι μια ρεαλιστική προσέγγιση του προβλήματος και δεν θα υπάρξουν απώλειες στην προσομοίωση. Έτσι, αποφεύχθηκε η αριθμητική signed floating point. Μια μοντελοποίηση μεγαλύτερης ακρίβειας

δεν θα επηρέαζε το αποτέλεσμα της συμπεριφοράς των νευρώνων αλλά θα είχε επιπτώσεις τόσο σε πόρους συστήματος αλλά και στην ταχύτητα της αρχιτεκτονικής. Ως εκ τούτου, μεταφέρθηκε η υποδιαστολή δυο δεκαδικά ψηφία δεξιότερα ώστε να αποφευχθεί η πολυπλοκότητα τις floating point αριθμητικής. Επιπρόσθετα, χρησιμοποιήθηκαν προσημασμένοι ακέραιοι λόγο ύπαρξης ανασταλτικών συνάψεων που η αναπαράστασή τους απαιτεί αρνητικές τιμές.

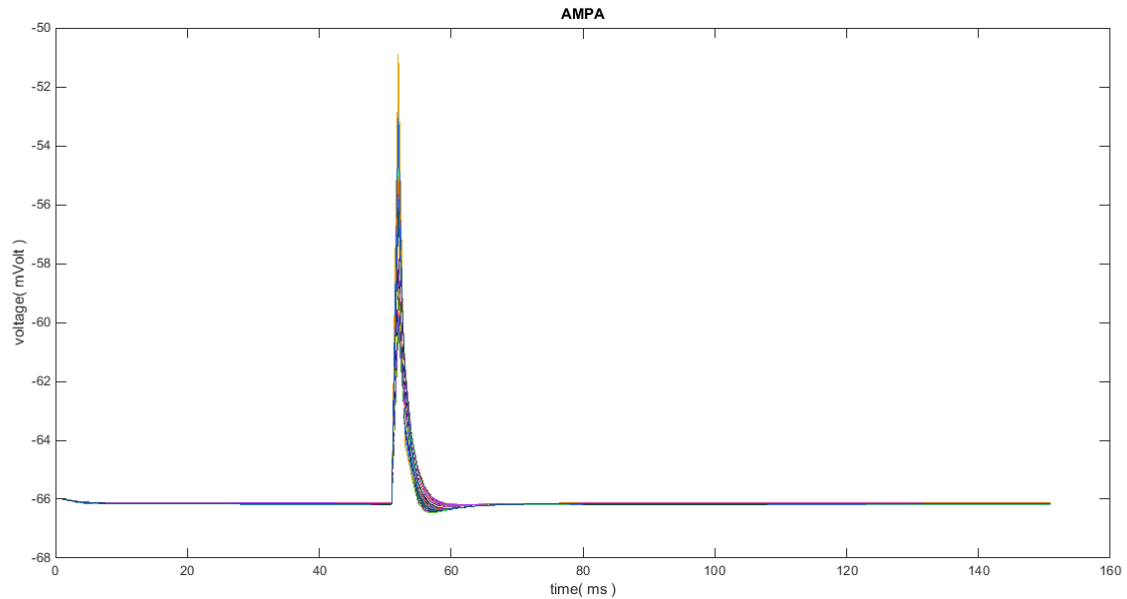


Figure 3.5 Αποκρίσεις συνάψεων τύπου AMPA όλων των μορφολογιών από τα δεδομένα. Κάθε απόκριση αντιστοιχίζεται σε διαφορετικό χρωματισμό .

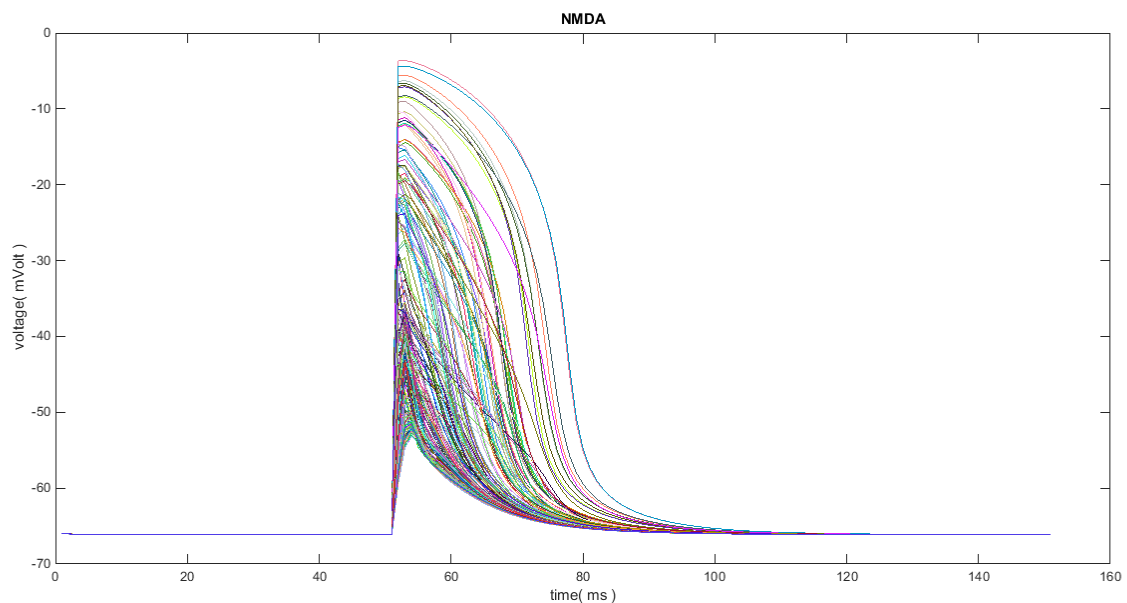


Figure 3.6 Αποκρίσεις συνάψεων τύπου NMDA όλων των μορφολογιών από τα δεδομένα. Κάθε απόκριση αντιστοιχίζεται σε διαφορετικό χρωματισμό .

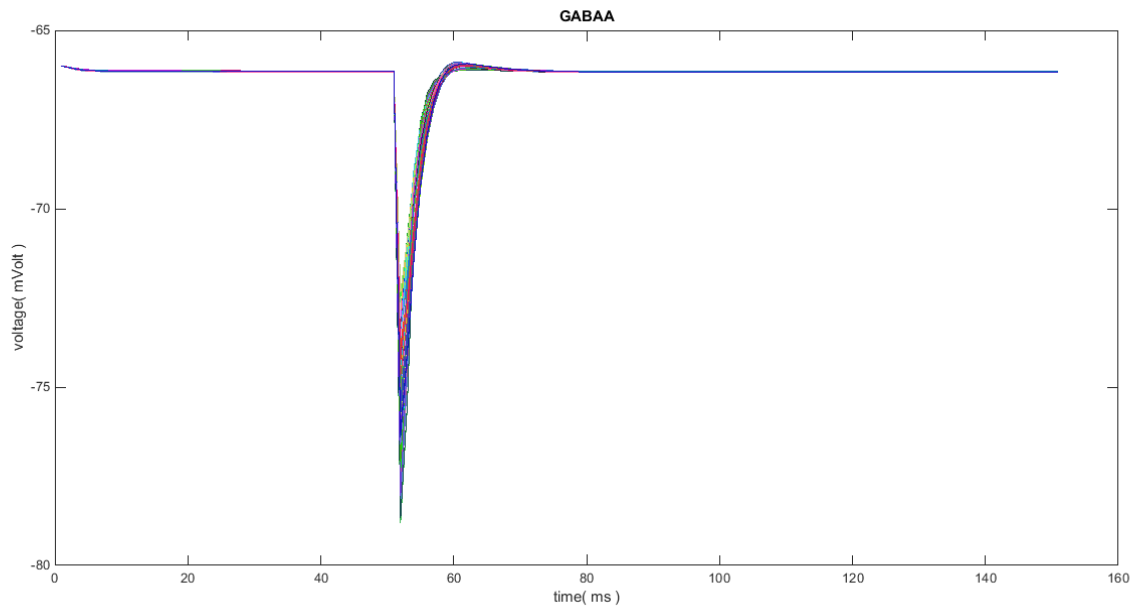


Figure 3.7 Αποκρίσεις συνάψεων τύπου GABAA όλων των μορφολογιών από τα δεδομένα.
Κάθε απόκριση αντιστοιχίζεται σε διαφορετικό χρωματισμό.

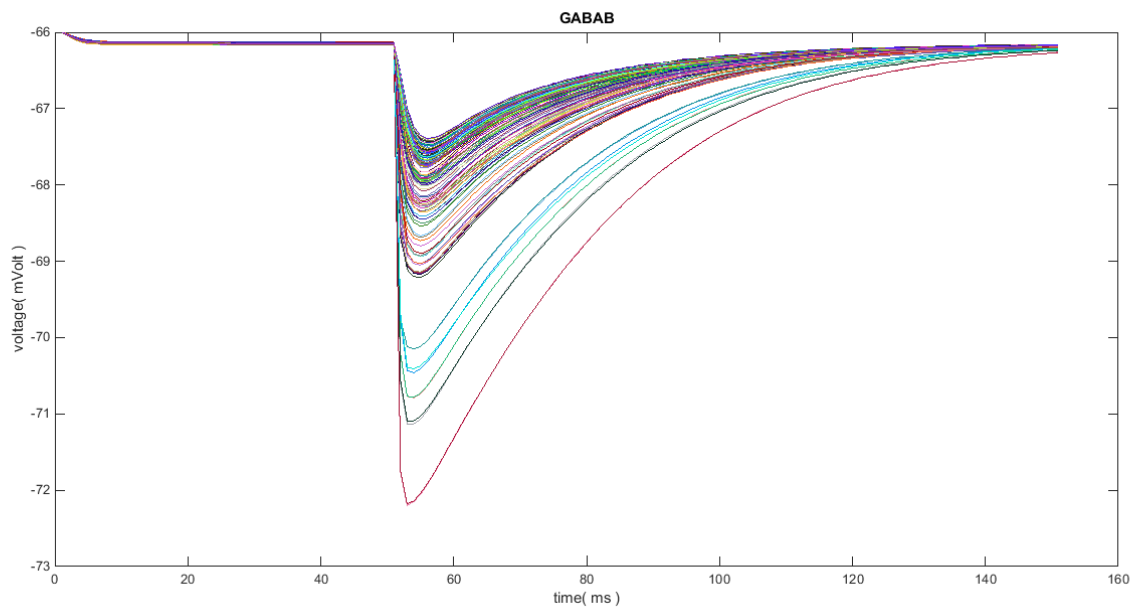


Figure 3.8 Αποκρίσεις συνάψεων τύπου GABAB όλων των μορφολογιών από τα δεδομένα.
Κάθε απόκριση αντιστοιχίζεται σε διαφορετικό χρωματισμό

Ένα ακόμα χαρακτηριστικό του βιολογικού μοντέλου είναι κατανομή των συνάψεων στους δενδρίτες [Πίνακας 3.1]. Η βάση για την μοντελοποίηση της κατανομής, ήταν μελέτες ερευνητών,

που ισχυρίζονται ότι σε κάθε δενδρίτη το ποσοστό των διεγερτικών συνάψεων είναι περίπου το 80% και των ανασταλτικών το υπόλοιπο 20%. Σύμφωνα με τον πίνακα [Πίνακας 3.1], τόσο οι AMPA, όσο και οι NMDA συνάψεις καταλαμβάνουν περίπου το 40% η καθεμία του συνολικού ποσοστού, ενώ οι ανασταλτικές συνάψεις GABA α και GABA β αποτελούν το 10%. Η ανάγκη για πολλές διαφορετικές μορφολογίες νευρώνων, οδήγησε στην τυχαία κατανομή των συνάψεων στους δενδρίτες καθώς επίσης και σε τυχαίο αριθμό δενδριτών συνολικά σε κάθε νευρώνα. Σε καμία περίπτωση όμως δεν παραβιάστηκαν τα όρια που αναφέρθηκαν εξαρχής, τόσο στο ποσοστό συνάψεων ανά δενδρίτη όσο και στο συνολικό αριθμό δενδριτών ανά νευρώνα, που δεν μπορεί να ξεπεράσει τους 64. Η παραδοχή αυτή πραγματοποιήθηκε ώστε να συμβαδίζει το μοντέλο όσο το δυνατόν περισσότερο με το βιολογικό μοντέλο.

Είδος σύναψης	AMPA	NMDA	GABA α	GABA β
Ποσοστό συνάψεων ανά δενδρίτη	40%	40%	10%	10%

Πίνακας 3.1 ποσοστό συνάψεων ανά δενδρίτη

Ένα σημαντικό στοιχείο της μοντελοποίησης είναι το βήμα προσομοίωσης του βιολογικού μοντέλου. Τόσο οι ερευνητές του εργαστηρίου υπολογιστικής βιολογίας [40] αλλά και έρευνες από παρόμοια βιολογικά μοντέλα θεωρούν ότι το 1 ms είναι ένα ικανοποιητικό βήμα για τέτοιου είδους προσομοιώσεις. Με γνώμονα την ρεαλιστική θεώρηση αυτή, έγινε δειγματοληψία στις αποκρίσεις των συνάψεων ανά 1 ms, ώστε σε κάθε βήμα προσομοίωσης ο υπολογισμός της κατάστασης του δενδρίτη και του σώματος να είναι πιο εύκολος και οικείος στο hardware.

3.2 Περιγραφή μοντελοποίησης λειτουργίας βιολογικού νευρώνα

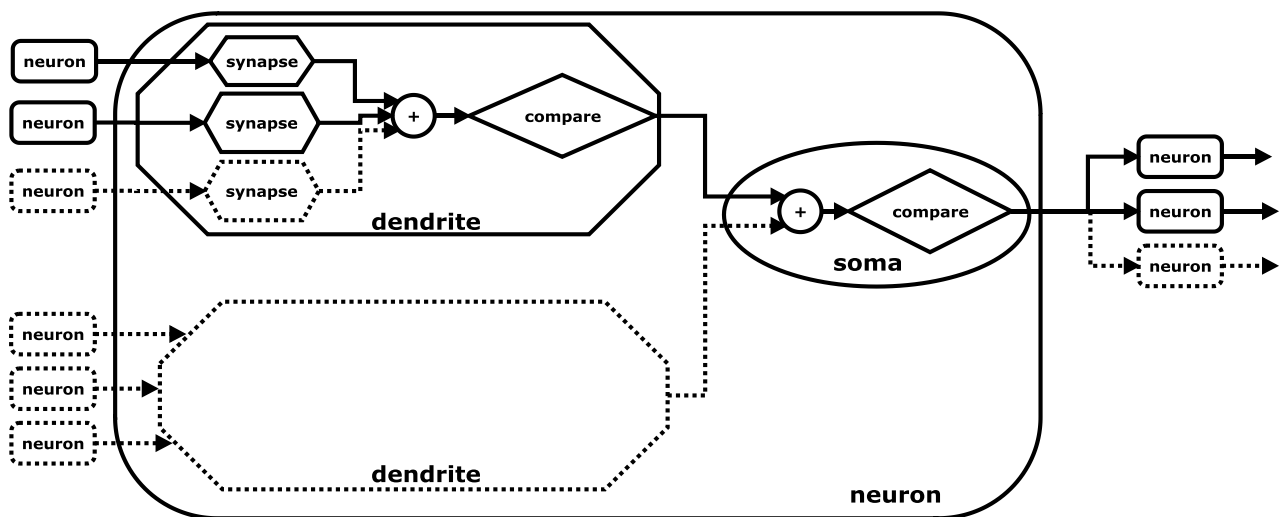


Figure 3.9 Απλοϊκό διάγραμμα μοντελοποίησης

Το [Figure 3.9] , παρέχει μια αφηρημένη εικόνα της μοντελοποίησης του δικτύου των νευρώνων. Παρατηρείται, ότι η σύναψη, ο δενδρίτης, το σώμα και ο νευρώνας αναπαρίσταται με διαφορεικά σχήματα (σύναψη με εξάγωνο, δενδρίτης με οκτάγωνο, σώμα με οβάλ και ο νευρώνας με στρογγυλεμένο ορθογώνιο), ώστε να γίνει πιο ευδιάκριτη η διαφοροποίηση με σκοπό την καλύτερη κατανόηση της μοντελοποίησης και αρχιτεκτονικής. Αυτή η παραδοχή ακολουθείται στο σύνολο του κειμένου. Στην αριστερή πλευρά φαίνεται το πλήθος των νευρώνων, καθένας από τους οποίους έχει μία έξοδο ηλεκτρικής μορφής που περιστασιακά παράγει μία αιχμή. Η αιχμή στο σύστημα, μοντελοποιείται με χρήση δυαδικών σημάτων στα οποία η τιμή 0 και 1 αντιστοιχίζεται στην ύπαρξη ή όχι δυναμικού δράσης. Κάθε νευρώνας έχει έναν αριθμό από δενδρίτες που με την σειρά τους έχουν κάποιο αριθμό συνάψεων. Οι συνάψεις είναι συνδεδεμένες με τις εξόδους των άλλων νευρώνων μέσω των αξόνων, που μεταφέρουν την πληροφορία σε ενδεχόμενη πυροδότηση αιχμής από τον νευρώνα. Στην περίπτωση που κάποιος νευρώνας πυροδοτήσει μια αιχμή, τότε οι συνάψεις που είναι συνδεδεμένες μαζί του ενεργοποιούνται και παράγουν έξοδο ηλεκτρικής μορφής που εξαρτάται από την απόκριση της κάθε σύναψης. Η ενεργοποίηση στο μοντέλο σημαίνει ότι, με την βοήθεια ενός μετρητή, ξεκινάει η δειγματοληψία των διακριτών τιμών της απόκρισης από το σημείο που το δυναμικό αυξάνεται από το baseline, περίπου στο χρονικό διάστημα των 50ms. Ο μετρητής σε κάθε βήμα προσομοίωσης αυξάνεται, αν η σύναψη έχει ενεργοποιηθεί, έως ότου η δειγματοληψία αποπερατωθεί. Μία λεπτομέρεια που αξίζει να αναφερθεί είναι ότι αν ο νευρώνας που είναι συνδεδεμένος με την σύναψη, πυροδοτήσει εκ νέου αιχμή τότε η δειγματοληψία της απόκρισης ξεκινάει και πάλι από την αρχή. Με λίγα λόγια ο μετρητής μηδενίζει. Αν όμως, η σύναψη δεν ενεργοποιηθεί από κάποιο νευρώνα ο μετρητής είναι μηδέν , έτσι και η έξοδος με την σειρά της θα είναι μηδενική. Στην πραγματικότητα βέβαια, όπως φαίνεται στα σχήματα [Figure 3.1] [Figure 3.2] [Figure 3.3] [Figure 3.4] πριν τα 50 ms η έξοδος της σύναψης δεν είναι μηδενική αλλά λίγων mV που η συνεισφορά της στο συνολικό άθροισμα είναι αμελητέα, έτσι για χάρη απλούστευσής της μοντελοποίησης θεωρείται μηδενική.

Ένα ακόμα στοιχείο το οποίο απλοποιεί αρκετά το μοντέλο, είναι ότι ένας νευρώνας συνδέεται με 5 ή 10 συνάψεις σε κάθε δενδρίτη των υπόλοιπων νευρώνων. Έτσι, ομαδοποιήθηκαν οι συνάψεις αυτές με αποτέλεσμα την ελαχιστοποίηση της πολυπλοκότητας του προβλήματος και την εξοικονόμηση πόρων του συστήματος. Πλέον, για τον έλεγχο της κατάστασης του κάθε δενδρίτη δεν υπολογίζουμε άμεσα και τις 512 συνάψεις, αλλά ένα μέγιστο αριθμό 103 ομάδων συνάψεων, με την θεώρηση ότι ο δενδρίτης έχει μόνο ομάδες των 5 συνάψεων. Όπως θα αναφερθεί και παρακάτω στην διαστασιολόγηση του προβλήματος, το δεδομένο αυτό δίνει την ευκαιρία για προσομοίωση ακόμα περισσότερων νευρώνων.

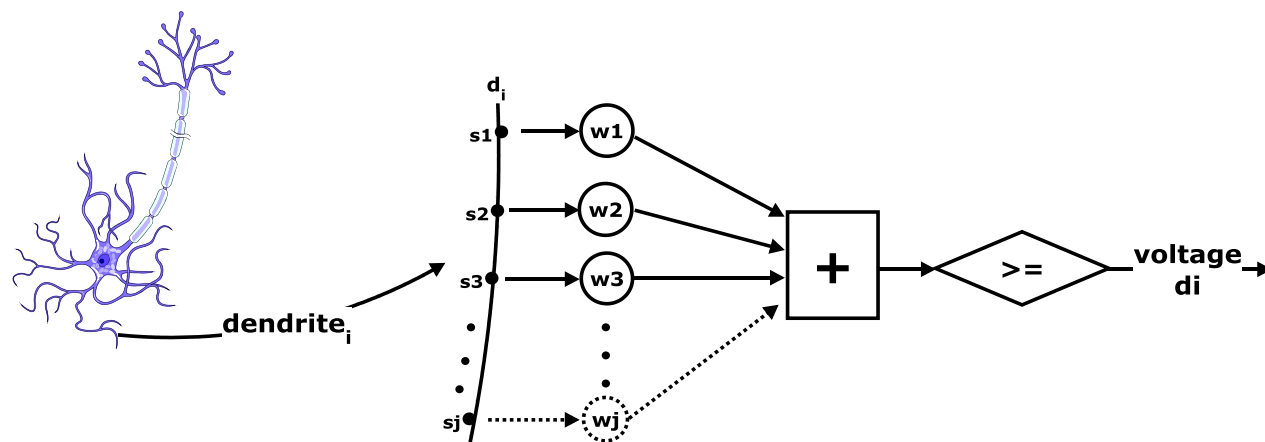


Figure 3.10 Άθροιση συνάψεων σε επίπεδο δενδρίτη

Στο δενδρίτη [Figure 3.10] λοιπόν του κάθε νευρώνα αθροίζονται οι έξοδοι των συνάψεων και αποφασίζεται αν το άθροισμα έχει ξεπεράσει το κατώφλι πυροδότησης του δενδρίτη. Κάθε δενδρίτης, ανάλογα με την μορφολογία του, έχει διαφορετικό κατώφλι πυροδότησης. Στο μοντέλο που δημιουργήθηκε για να προσομοιώσει αυτή την ιδιαιτερότητα ορίστηκαν τυχαία κατώφλια σε κάθε δενδρίτη. Το εύρος τιμών των κατωφλίων καθορίστηκε ύστερα από μελέτη των πραγματικών δεδομένων των μορφολογιών και κυμαίνεται στο διάστημα $[14,40]\text{mV}$. Αν το δυναμικό ενέργειας σε επίπεδο δενδρίτη ξεπεράσει το κατώφλι πυροδότησης του, τότε ο δενδρίτης πυροδοτεί μία αιχμή διάρκειας 50ms και το συνολικό άθροισμα μεταφέρεται στο σώμα του κυττάρου. Ο κάθε δενδρίτης έχει ένα μετρητή ώστε να υπολογίζει το χρόνο πυροδότησης της αιχμής, διότι σε όλη την διάρκεια του φαινομένου, μόνο οι ανασταλτικές συνάψεις του είναι ικανές να συνεισφέρουν στο δυναμικό δράσης του δενδρίτη και να «ρίξουν» το συνολικό άθροισμα κάτω από το κατώφλι πυροδότησης. Αντίθετα, κατά την διάρκεια της πυροδότησης του δενδρίτη η συνεισφορά των διεγερτικών συνάψεων δεν είναι εφικτή.

Η λειτουργία του σώματος του κυττάρου ακολουθεί μία παρόμοια διαδικασία [Figure 3.11]. Οι έξοδοι των δενδριτών αθροίζονται στο σώμα και αν το αποτέλεσμα είναι μεγαλύτερο από το κατώφλι πυροδότησης του σώματος τότε πυροδοτεί μία αιχμή διάρκειας 1ms . Η αιχμή είναι το σήμα ενεργοποίησης των συνδεδεμένων συνάψεων, όπως αναλύθηκε. Το κατώφλι πυροδότησης είναι ίδιο για κάθε κυτταρικό σώμα και ορίζεται στα 30mV . Αξίζει να σημειωθεί ότι αιχμές δεν στέλνουν μόνο οι νευρώνες αλλά και τα εξωτερικά ερεθίσματα. Χωρίς την παρουσία τους, το σύστημα θα ήταν σε μια συνεχή κατάσταση ηρεμίας.

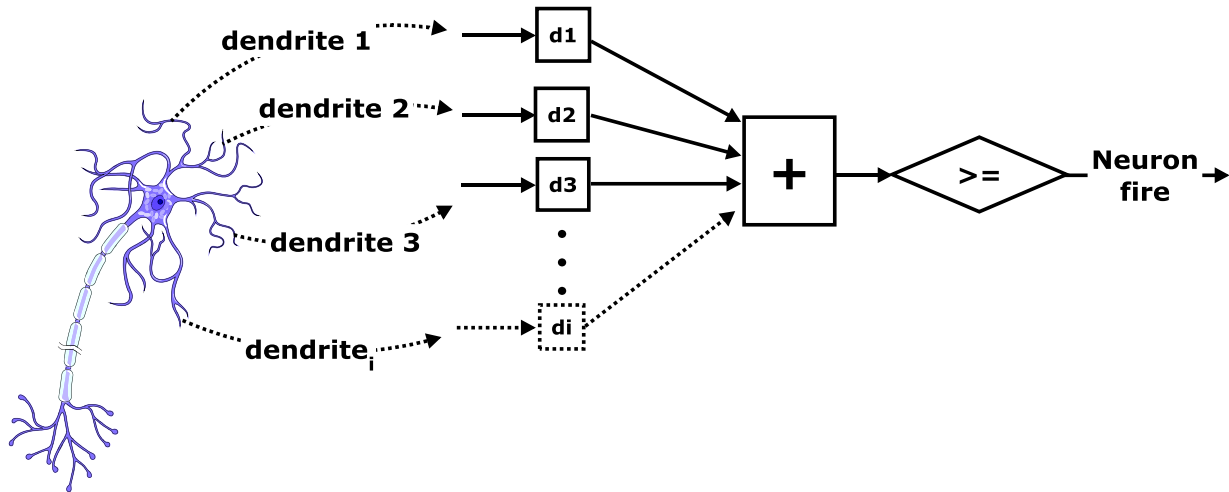


Figure 3.11 Άθροιση σε επίπεδο σώματος

Όλα τα χαρακτηριστικά των συνάψεων που αναλύθηκαν παραπάνω, συνοψίζονται σε 7 παραμέτρους που περιγράφουν κάθε σύναψη :

- A) διεύθυνση νευρώνα
- B) διεύθυνση δενδρίτη
- Γ) διεύθυνση σύναψης
- Δ) είδος σύναψης
- E) συναπτικό βάρος
- Z) μετρητής απόκρισης
- ΣΤ) κατάσταση σύναψης

3.3 Περιγραφή μοντελοποίησης δια συνδεσιμότητας της τοπολογίας των νευρώνων

Η μεγαλύτερη πρόκληση στην ανάπτυξη του βιολογικού μοντέλου ήταν η διασυνδεσιμότητα των νευρώνων. Εξαρχής, ήταν γνωστό ότι το πρόβλημα δεν ήταν υπολογιστικά απαιτητικό, αφού απαιτούνται απλές προσθήσεις σε κάθε βήμα προσομοίωσης, αλλά πρόβλημα επικοινωνίας. Κάθε νευρώνας μπορεί να συνδεθεί με κάθε δενδρίτη των υπόλοιπων νευρώνων με μια μόνο ομάδα συνάψεων. Το fan-out του νευρώνα δίνεται από την σχέση:

$$fanout_{neuron} = \sum_{i=0}^{i=NumberOfNeurons-1} NumberOfDendrites_i$$

Το fanout έχει άμεση εξάρτηση από το συνολικό αριθμό των νευρώνων. Βέβαια, σημαντικός παράγοντας είναι και ο αριθμός των δενδριτών ανά νευρώνα, που όπως αναφέρθηκε παραπάνω, είναι αποτέλεσμα τυχαίας κατανομής. Στο μοντέλο που υλοποιήθηκε, η διασυνδεσιμότητα ορίζεται με τυχαίο τρόπο, κάθε νευρώνας συνδέεται με όλους τους δενδρίτες των υπόλοιπων νευρώνων σε μία τυχαία ομάδα συνάψεων. Αυτός είναι και ο κύριος λόγος που το δίκτυο που δημιουργείται δεν είναι πλήρως συνδεδεμένο αλλά μερικώς γιατί ο αριθμός των νευρώνων δεν μπορεί να καλύψει όλες τις ομάδες συνάψεων.

3.4 Λειτουργίες Συστήματος

Στόχος της διπλωματικής εργασίας ήταν η δημιουργία ενός ευέλικτου προσομοιωτή ώστε ο χρήστης να έχει την δυνατότητα να διεξάγει, ανάλογα με τις ανάγκες του και τα πειραματικά του δεδομένα, ποικίλες προσομοιώσεις. Έτσι [Figure 3.12] το είδος σύναψης, το συναπτικό βάρος, η συνδεσμολογία των νευρώνων, οι αποκρίσεις κάθε σύναψης, το εξωτερικό ερέθισμα, ο επιθυμητός χρόνος προσομοίωσης καθώς και τα κατώφλια πυροδότησης των δενδριτών είναι είσοδοι του συστήματος ενώ οι αιχμές πυροδότησης των νευρώνων και το voltage στο σώμα του νευρώνα αποτελούν έξοδο του προσομοιωτή.

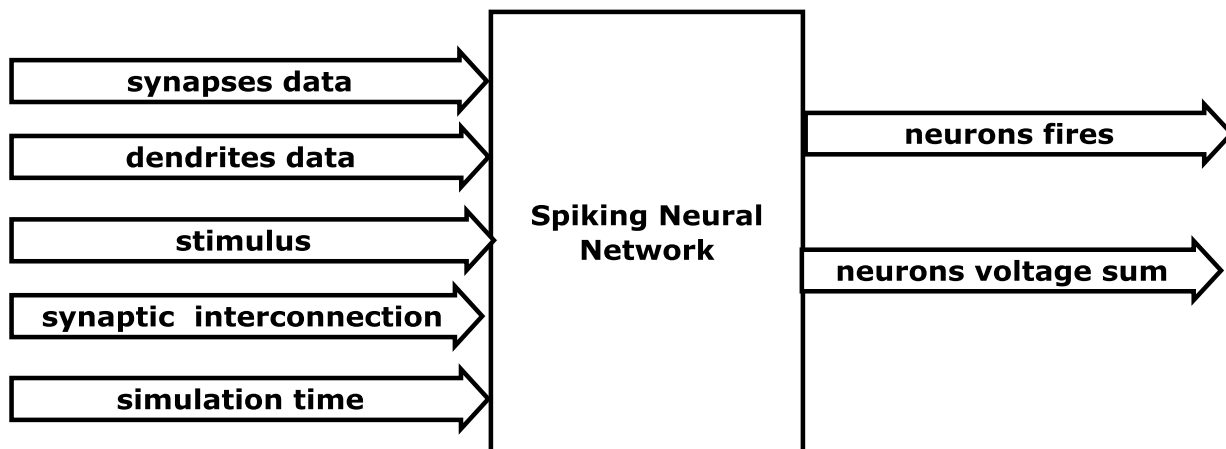


Figure 3.12 Είσοδοι -Έξοδοι προσομοιωτή

Συγκεντρώνοντας όλες τις λειτουργίες και τις λεπτομέρειες των νευρώνων που αναλύθηκαν παραπάνω, η υλοποίηση χωρίζεται σε 5 βασικές λειτουργίες: στην **αρχικοποίηση συνάψεων**, **αρχικοποίηση κατωφλίων δενδριτών**, στην **ενημέρωση συνδεσμολογίας**

νευρώνων, στον υπολογισμό της κατάστασης νευρώνων και στην αποθήκευση των δεδομένων εξόδου.

Πιο συγκεκριμένα, η αρχικοποίηση συνάψεων πραγματοποιείται μία φορά στην αρχή κάθε προσομοίωσης και αποδίδει στις συνάψεις τις παραμέτρους που τις χαρακτηρίζουν, όπως το είδος σύναψης, το συναπτικό βάρος, το μετρητή απόκρισης και την κατάσταση σύναψης. Αν μια σύναψη δεν λάβει τιμές κατά την διαδικασία αυτή τότε παραμένει ανενεργή και δεν επηρεάζει το σύστημα. Η αρχικοποίηση κατωφλίων δενδριτών είναι μια διαδικασία που λαμβάνει χώρα μόνο στην αρχή της προσομοίωσης. Κατά τη διάρκεια της λειτουργίας αυτής, αποδίδονται τιμές στα κατώφλια των δενδριτών όλων των νευρώνων. Αντίστοιχα όπως και στην πρώτη λειτουργία, αν ένας δενδρίτης δεν λάβει τιμή τότε σημαίνει ότι ο δενδρίτης είναι ανενεργός και δεν λαμβάνει μέρος στην προσομοίωση.

Η ενημέρωση της συνδεσμολογίας είναι μια διαδικασία που επαναλαμβάνετε σε κάθε βήμα προσομοίωσης. Η διαδικασία αυτή, σε συνδυασμό με τον πίνακα που είναι αποθηκευμένη η πληροφορία, μέσω των αιχμών των νευρώνων ενημερώνει τις συνάψεις που πρέπει να ενεργοποιηθούν. Με αυτό τον τρόπο απαλλάσσετε το σύστημα από την ανάγκη να έχει αποθηκευμένη την πληροφορία για την τοπολογία των νευρώνων, εξοικονομώντας πόρους του συστήματος για προσομοίωση περισσότερων νευρώνων.

Κατά τον υπολογισμό της κατάστασης των νευρώνων πραγματοποιείται ο υπολογισμός του δυναμικού δράσης για ένα κύκλο προσομοίωσης (1 ms), σε πρώτη φάση σε επίπεδο δενδρίτη και σε δεύτερη φάση σε επίπεδο νευρώνα. Οι συνάψεις σύμφωνα με το μετρητή απόκρισης τους, το είδος σύναψης τους, το συναπτικό βάρος τους και την κατάσταση τους, παράγουν έξοδο και ακολουθεί η διαδικασία που αναλύθηκε. Όταν ολοκληρωθούν οι υπολογισμοί για όλους τους νευρώνες ενημερώνεται ο πίνακας με τις αιχμές των νευρώνων και ο κύκλος προσομοίωσης φθάνει στο τέλος του. Ακολουθεί η λειτουργία της αποθήκευσης, που ο πίνακας με τις αιχμές και το δυναμικό δράσης των νευρώνων εξέρχονται από το σύστημα ώστε να ενημερώνεται ο χρήστης για το αποτέλεσμα της προσομοίωσης. Σε αυτό το σημείο ολοκληρώνεται ένας κύκλος προσομοίωσης της τάξεως του 1 ms.

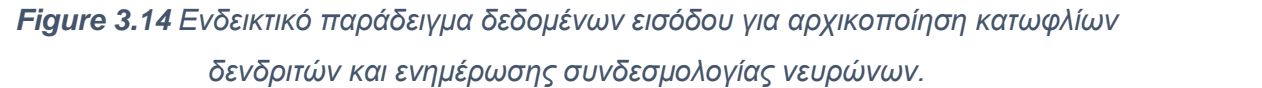
Στις εικόνες [Figure 3.13][Figure 3.14] παρουσιάζεται ένα ενδεικτικό αρχείο εισόδου για κάθε λειτουργία ξεχωριστά, σημειώνοντας για κάθε περίπτωση την πληροφορία που συγκροτούν τα δεδομένα. Οι ερευνητές για την διεξαγωγή διαφορετικών πειραμάτων χρησιμοποιούν τυχαία συναπτικά βάρη, κατώφλια πυροδότησης και συνδεσμολογία. Το σύστημα που δημιουργήθηκε ακολουθεί το ίδιο μοτίβο και με κατάλληλο software δημιουργεί τα αρχεία εισόδου. Βαθύτερη

ανάλυση πραγματοποιείται στο κεφάλαιο 4 και πιο συγκεκριμένα στην υποενότητα [4.2 Τελική Σχεδίαση και Υλοποίηση Αρχιτεκτονικής], όπου εξηγείται παράλληλα με την υλοποίηση της αρχιτεκτονικής κάθε διαφορετικό δεδομένο εισόδου.

synapse address (63 downto 32)					synapse data (31 downto 0)					
Tag input 5bits	unused bits 7bits	destination neuron address 7bits	destination dendrite address 6bits	destination synapse address 7bits	unused bits 6bits	synapse counter 10bits	synaptic weight 4bits	synapse step 8bits	synapse kind 3bits	fire 1bit
0000	1000000000000000	00000000	1000000000000000	0000000000000000	0000000000000000	0000000000000000	0000	1000101111000010		10
0000	1000000000000000	00000000	1000000000000000	0000000000000000	0000000000000000	0000000000000000	0000	1010011000000010		10
0000	1000000000000000	00000000	1000000000000000	0000000000000000	0000000000000000	0000000000000000	0000	1000010000100010		10
0000	1000000000000000	00000000	1000000000000000	0000000000000000	0000000000000000	0000000000000000	0000	100001110010010		10
0000	1000000000000000	00000000	1000000000000000	0000000000000000	0000000000000000	0000000000000000	0000	100001010110010		10
0000	1000000000000000	00000000	1000000000000000	0000000000000000	0000000000000000	0000000000000000	0000	1000000100000010		10
0000	1000000000000000	00000000	1000000000000000	0000000000000000	0000000000000000	0000000000000000	0000	101000001010010		10
0000	1000000000000000	00000000	1000000000000000	0000000000000000	0000000000000000	0000000000000000	0000	100000000100010		10
0000	1000000000000000	00000000	1000000000000000	0000000000000000	0000000000000000	0000000000000000	0000	100000000100010		10
0000	1000000000000000	00000000	1000000000000000	0000000000000000	0000000000000000	0000000000000000	0000	100011000010010		10
0000	1000000000000000	00000000	1000000000000000	0000000000000000	0000000000000000	0000000000000000	0000	101001101000010		10
0000	1000000000000000	00000000	1000000000000000	0000000000000000	0000000000000000	0000000000000000	0000	100000001100010		10
0000	1000000000000000	00000000	1000000000000000	0000000000000000	0000000000000000	0000000000000000	0000	101000011010010		10
0000	1000000000000000	00000000	1000000000000000	0000000000000000	0000000000000000	0000000000000000	0000	101001111000010		10
0000	1000000000000000	00000000	1000000000000000	0000000000000000	0000000000000000	0000000000000000	0000	100010111000010		10
0000	1000000000000000	00000000	1000000000000000	0000000000000000	0000000000000000	0000000000000000	0000	101000011110010		10
0000	1000000000000000	00000000	1000000000000000	0000000000000000	0000000000000000	0000000000000000	0000	100000100100010		10
0000	1000000000000000	00000000	1000000000000000	0000000000000000	0000000000000000	0000000000000000	0000	100000011100010		10
0000	1000000000000000	00000000	1000000000000000	0000000000000000	0000000000000000	0000000000000000	0000	100010011000010		10
0000	1000000000000000	00000000	1000000000000000	0000000000000000	0000000000000000	0000000000000000	0000	1001001010100010		10
0000	1000000000000000	00000000	1000000000000000	0000000000000000	0000000000000000	0000000000000000	0000	101010101100010		10
0000	1000000000000000	00000000	1000000000000000	0000000000000000	0000000000000000	0000000000000000	0000	101011001000010		10
0000	1000000000000000	00000000	1000000000000000	0000000000000000	0000000000000000	0000000000000000	0000	101010010000010		10

init
synapse
data

Figure 3.13 Ενδεικτικό παράδειγμα δεδομένων εισόδου για αρχικοποίηση συνάψεων.



3.5 Διαστασιολόγηση Συστήματος

Η δημιουργία του βιολογικά εμπνευσμένου προσομοιωτή νευρωνικών δικτύων ήταν εξ αρχής μία πρόκληση, εξαιτίας των πολλών διαφορετικών δεδομένων που έπρεπε να επεξεργαστούν και τις πολυπλοκότητας του προβλήματος σε επίπεδο λεπτομέρειας. Οι αποφάσεις που λήφθηκαν πριν την υλοποίηση της αρχιτεκτονικής ήταν κρίσιμες καθώς θα περιόριζαν τις μετέπειτα επιλογές. Ο αρκετά μεγάλος αριθμός συνάψεων ανά δενδρίτη και η μεγάλη λεπτομέρεια σε επίπεδο σύναψης οδήγησε σε μια αρχιτεκτονική που η πληροφορία της κάθε σύναψης είναι αποθηκευμένη στις εσωτερικές μνήμες της FPGA. Ένας ακόμα λόγος στροφής προς αυτή την προσέγγιση είναι η συχνή χρήση των πληροφοριών για κάθε σύναψη. Έτσι, το σύστημα εκμεταλλεύεται το υψηλότερο εύρος ζώνης των εσωτερικών μνημών σε τυχαία δεδομένα σε σχέση με την εξωτερική μνήμη της πλατφόρμας. Η μοναδική πληροφορία που δεν αποθηκεύτηκε στις εσωτερικές μνήμες είναι με ποιο νευρώνα συνδέεται η σύναψη. Το μειονέκτημα σε αυτή την προσέγγιση είναι ότι υπάρχει περιορισμός στον αριθμό των νευρώνων, δενδριτών και συνάψεων που μπορούν να προσομοιωθούν. Το στοιχείο που διαδραματίζει το σημαντικότερο ρόλο στη διαστασιολόγηση του προβλήματος είναι ο αριθμός των συνάψεων ανά δενδρίτη.

Το μοντέλο θα υλοποιηθεί, όπως θα αναφερθεί και στην συνέχεια, σε μία Virtex-6 LX760 FPGA. Σύμφωνα με τους πόρους της συγκεκριμένης συσκευής, ο μέγιστος αριθμός Block Ram Blocks είναι 25.920 Kbits. Έτσι, λαμβάνοντας υπόψιν ότι το μέγεθος της πληροφορίας που θα αποθηκευτεί στις Block Rams αλλά και τους διαθέσιμους πόρους, παρουσιάζεται μία προσέγγιση στον αριθμό των νευρώνων, δενδριτών και συνάψεων που θα είναι σε θέση να προσομοιώσει στο σύστημα.

Συνολικά	Μετρητής απόκρισης	Συναπτικό βάρος	Βήμα απόκρισης	Είδος σύναψης	Κατάσταση σύναψης
26bits	10 bits	4 bits	8 bits	3 bits	1bit

Πίνακας 3.2 Κατανομή bits πληροφορίας που χαρακτηρίζουν τις ιδιότητες κάθε σύναψης

Κάθε σύναψη [Πίνακας 3.2] απαιτεί συνολικά 26bits πληροφορίας για την αποθήκευση των πληροφοριών που την χαρακτηρίζουν. Πιο συγκεκριμένα, τα είδη των συνάψεων είναι 4, (AMPA, NMDA, GABA_B, GABA_A) άρα 3 bits είναι ένας ικανός αριθμός για την κωδικοποίηση των διαφορετικών ειδών [Πίνακας 3.3]. Άλλο ένα στοιχείο της σύναψης είναι ο μετρητής για την δειγματοληψία της απόκρισης. Η μεγαλύτερη σε διάρκεια απόκριση σύναψης είναι η τύπου NMDA, συνολικού χρονικού διαστήματος 350ms. Επειδή στόχος είναι ένας ευέλικτος

προσομοιωτής, δεν ορίζεται διαφορετικό μέγεθος μετρητή για κάθε είδος σύναψης αλλά περιορίζεται η μέγιστη τιμή του μέσα στην σχεδίαση. Έτσι, ο μετρητής για την δειγματοληψία της απόκρισης των συνάψεων ορίζεται με 10 bits. Η κωδικοποίηση αυτή δίνει την δυνατότητα για δειγματοληψία ακόμα μεγαλύτερων αποκρίσεων σε περίπτωση που κριθεί κατάλληλο να διαφοροποιηθούν οι αποκρίσεις των συνάψεων, που λαμβάνονται σαν σημείο αναφοράς μέσα στην σχεδίαση. Σημαντικό στοιχείο της σύναψης είναι το συναπτικό βάρος, το οποίο μπορεί να κωδικοποιηθεί με 4bits. Περισσότερες λεπτομέρειες για την λειτουργία του αναλύονται στην υπό ενότητα [4.2 Τελική Σχεδίαση και Υλοποίηση Αρχιτεκτονικής]. Μία επιπλέον διαφοροποίηση, ακόμα και ομοειδών συνάψεων, είναι η διάρκεια των αποκρίσεων. Έτσι με το βήμα απόκρισης, η δειγματοληψία μιας σύναψης μπορεί να ολοκληρωθεί σε μικρότερο χρονικό διάστημα επηρεάζοντας το μετρητή απόκρισης. Κρίθηκε ότι 8bits κωδικοποίηση παρέχουν ικανοποιητικό εύρος τιμών για την λειτουργία αυτή. Τέλος, 1bit χρειάζεται η σύναψη ώστε να χαρακτηρίζει την κατάσταση της, αν έχει ενεργοποιηθεί ή όχι από τον νευρώνα.

Σύναψη	Κωδικοποίηση
AMPA	001
NMDA	010
GABA _A	011
GABA _B	100
Nothing	000/101/110/111

Πίνακας 3.3 Κωδικοποίηση συνάψεων

Οι τιμές της χαρακτηριστικής απόκρισης κάθε είδους σύναψης αλλά και τα κατώφλια πυροδότησης των δενδριτών κωδικοποιούνται με 16bits πληροφορίας, που προσφέρει ένα εύρος, αρκετά μεγαλύτερο από το διάστημα [-70.00mV, 70.00mV]. Η υποδιαστολή δεν λαμβάνεται υπόψιν ώστε να έχουμε ακρίβεια 2 δεκαδικών ψηφίων, όπως αναφέραμε στην υποενότητα [3.1 Περιγραφή μοντελοποίησης βιολογικών νευρώνων], έτσι το επιθυμητό εύρος είναι [-7000mV , 7000mV] . Στην προκειμένη περίπτωση, τα παραπάνω bits είναι σπατάλη πόρων, όμως εφοδιάζεται η σχεδίαση με δυνατότητες που στο μέλλον ίσως είναι χρήσιμες.

Στον παρακάτω [Πίνακας 3.4] αναλύεται ο αριθμός των νευρώνων, συνάψεων και δενδριτών που μπορεί θεωρητικά να προσομοιώσει το σύστημα με τους υπάρχων πόρους. Η διαστασιολόγηση πραγματοποιείται με βάση τον αριθμό συνάψεων που είναι μπορεί να αποθηκευτεί στις εσωτερικές μνήμες. Ο συνολικός αριθμός των συνάψεων ανά νευρώνα είναι ο

αριθμός των θέσεων μνήμης που θα δεσμευτεί. Κάθε θέση μνήμης κρατάει την πληροφορία για μια σύναψη. Οι υπολογισμοί πραγματοποιούνται βασισμένοι στην ιδιαιτερότητα των Block Ram να δεσμεύουν θέσεις μνήμης που ο αριθμός τους είναι δύναμη του 2. Αρχικά, παρουσιάζετε ο αριθμός των νευρώνων που θα μπορούσε να προσομοιώσει το σύστημα χωρίς την ομαδοποίηση που αναλύσαμε στην υποενότητα [3.2 Περιγραφή μοντελοποίησης λειτουργίας βιολογικού νευρώνα], έπειτα ακολουθεί η βελτιστοποίηση του συστήματος, με την ομαδοποίηση των συνάψεων - η περίπτωση που έχει σημειώσει είναι και η χειρότερη πιθανή, δηλαδή η ομαδοποίηση μόνο ανά 5 συνάψεων. Έτσι κάθε δενδρίτης έχει περίπου 128 ομάδες συνάψεων. Παρατηρείται, ότι ο αριθμός των νευρώνων αυξήθηκε αρκετά. Όσο μειώνεται ο αριθμός των δενδριτών, ο συνολικός αριθμός συνάψεων μειώνεται επίσης, δίνοντας την δυνατότητα για προσομοίωση ακόμα περισσότερων νευρώνων.

Αριθμός νευρώνων	Αριθμός δενδριτών	Αριθμός συνάψεων ανά δενδρίτη	Συνολικός αριθμός συνάψεων ανά νευρώνα
≈24	64	512	32768
≈90	64	128(ομάδες)	8192(ομάδες)
≈180	32	128(ομάδες)	4096(ομάδες)
≈280	16	128(ομάδες)	2048(ομάδες)
≈560	8	128(ομάδες)	1024(ομάδες)
≈180	64	64(ομάδες)	4096(ομάδες)
≈280	64	32(ομάδες)	2048(ομάδες)

Πίνακας 3.4 Διαστασιολόγηση του προβλήματος.

Κεφάλαιο 4

Σχεδίαση και Υλοποίηση Αρχιτεκτονικής Συστήματος

Αυτό το κεφάλαιο αναφέρεται στο τρόπο υλοποίησης και σχεδίασης της αρχιτεκτονικής του συστήματος σε αναδιατασσόμενη λογική. Η σχεδίαση και η υλοποίηση της αρχιτεκτονικής γινόταν παράλληλα, ώστε μέσω δοκιμών να επιβεβαιώνεται από τους βιολόγους η σωστή λειτουργία του συστήματος. Αρχικά γίνεται αναφορά στις πρώτες αρχιτεκτονικές που υλοποιήθηκαν και στην συνέχεια παρουσιάζεται η μετάβαση σε μία διαφορετική τελική υλοποίηση. Παρατίθενται οι δυσκολίες και τα προβλήματα που προέκυψαν, τα οποία οδήγησαν στην εκ νέου σχεδίαση του συστήματος και στην μεταφορά από μια απλή FPGA σε μια υβριδική πλατφόρμα βασισμένη σε αναδιατασσόμενη λογική. Ταυτόχρονα, πραγματοποιείται μια αναλυτική περιγραφή των δεδομένων εισόδων τα οποία αποτελούν σημαντικό παράγοντα στο προσομοιωτή που τελικά δημιουργήθηκε. Τέλος, παρατίθεται η αναλυτική κατανάλωση των πόρων του συστήματος.

4.1 Σχεδίαση και Υλοποίηση Αρχικών Αρχιτεκτονικών

Κατά την αρχική προσέγγιση του προβλήματος υλοποιήθηκε ένα μικρής κλίμακας μοντέλο, με 5 νευρώνες και 5 δενδρίτες το καθένα καθώς και 5 συνάψεις ανά δενδρίτη. Όλα τα κύτταρα είναι πλήρως συνδεδεμένα μεταξύ τους, μέσω των συνάψεων, δημιουργώντας ένα δίκτυο. Το βήμα προσομοίωσης ορίστηκε στο 1ms. Η αρχική αρχιτεκτονική ήταν η βάση για την κατανόηση του προβλήματος, γι' αυτό το λόγο ήταν αρκετά απλοϊκή. Η αποτύπωση πραγματοποιήθηκε σε μία Atlys Spartan-6 XC6SLX45. Στην παρακάτω εικόνα [Figure 4.1] φαίνεται η αρχιτεκτονική σε επίπεδο σύναψης, δενδρίτη και σώματος.

Πιο συγκεκριμένα, η σύναψη έχει αποθηκευμένη την απόκριση της σε μία μνήμη τύπου single port Block Ram. Οι θέσεις μνήμης των Block Rams έχουν άμεση συνάρτηση με το είδος της σύναψης. Έτσι, χρησιμοποιούνται Block Rams με 128 θέσεις μνήμης για αποθήκευση απόκρισης σύναψης τύπου AMPA και GABA_A, αλλά και Block Rams με 512 και 1024 θέσεις μνήμης για απόκριση σύναψης τύπου NMDA και GABA_B αντίστοιχα. Από την άλλη πλευρά, το πλάτος είναι όμοιο στο σύνολο των συνάψεων, αφού χρησιμοποιείται 16bits signed fixed-point αριθμητική. Όταν ο νευρώνας που είναι συνδεδεμένος πυροδοτήσει αιχμή τότε ο μετρητής, που διαδραματίζει και ρόλο διεύθυνσης μνήμης, ξεκινάει την δειγματοληψία της κυματομορφής. Οι κυματομορφές και κατ' επέκταση οι μετρητές, διαφέρουν σε διάρκεια ανάλογα με τον τύπο της

σύναψης. Κατά την διαδικασία αυτή, σε κάθε βήμα προσομοίωσης, οι διακριτές τιμές πολλαπλασιάζονται με το συναπτικό βάρος και η έξοδος της σύναψης οδηγείται στο επίπεδο του δενδρίτη. Όταν η δειγματοληψία φτάσει στο τέλος, ο μετρητής μηδενίζει και περιμένει να πυροδοτήσει εκ νέου ο νευρώνας. Στην περίπτωση που ο νευρώνας που είναι συνδεδεμένος με την σύναψη, πυροδοτούσε ξανά αιχμή κατά την διάρκεια της δειγματοληψίας τότε, ο μετρητής ξεκινούσε και πάλι από το μηδέν, ακολουθώντας την ίδια διαδικασία.

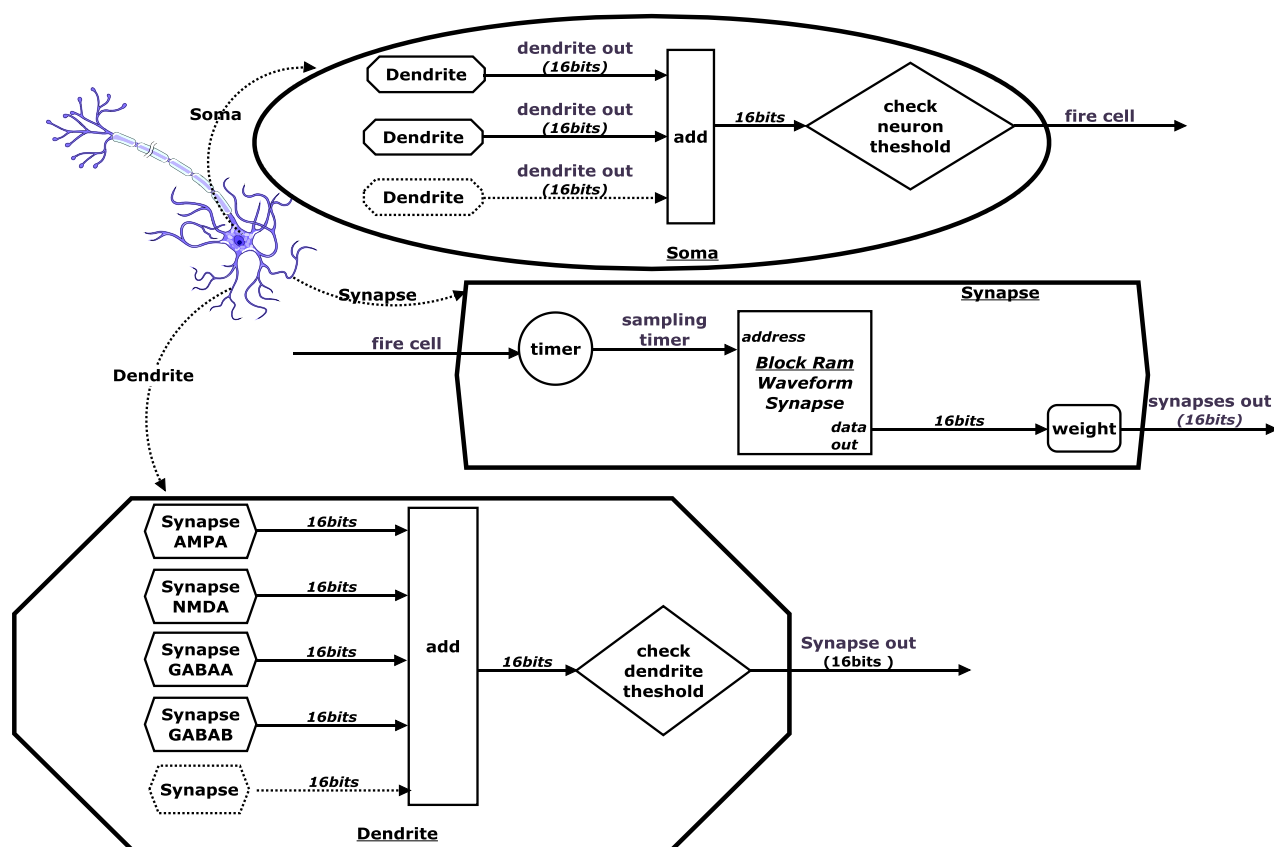


Figure 4.1 Υλοποίηση 1ης αρχιτεκτονικής.

Σε επίπεδο δενδρίτη οι έξοδοι των συνάψεων αθροίζονται και συγκρίνονται με το κατώφλι πυροδότησης του δενδρίτη ώστε να αποφασιστεί αν ο δενδρίτης θα πυροδοτήσει αιχμή, επιτρέποντας στο δυναμικό που έχει συγκεντρωθεί να οδηγηθεί στο σώμα του νευρώνα. Αν δεν ισχύει η συνθήκη, τότε το δυναμικό στο δενδρίτη μηδενίζεται. Σε επίπεδο σώματος, οι έξοδοι των δενδριτών αθροίζονται. Αν το δυναμικό είναι μεγαλύτερο ή ίσο με το κατώφλι πυροδότησης του σώματος, τότε το σώμα πυροδοτεί αιχμή, με αποτέλεσμα να ενεργοποιηθούν οι συνάψεις που είναι συνδεδεμένες και να συνεχιστεί η ίδια διαδικασία. Το σύστημα ξεκινάει από κατάσταση

ηρεμίας, έτσι σε κάθε σύναψη η είσοδος είναι μηδέν και όταν του δοθεί εξωτερικό ερέθισμα ενεργοποιείται η κυματομορφή της αντίστοιχης σύναψης που είναι συνδεδεμένη με το εξωτερικό ερέθισμα και ξεκινάει η διαδικασία. Η είσοδος του ερεθίσματος πραγματοποιείται μέσω των push button του αναπτυσζακού κυκλώματος που χρησιμοποιήθηκε και έχει διάρκεια ένα κύκλο προσομοίωσης (1ms).

Με την συγκεκριμένη αρχιτεκτονική εξισώθηκε το βήμα προσομοίωσης με τον κύκλο ρολογιού του αναπτυσζακού. Αυτό συμβαίνει γιατί το σύστημα υπολογίζει παράλληλα τόσο τις εξόδους των συνάψεων, όσο και των δενδριτών, δίνοντας την δυνατότητα στο σύστημα να αποφασίζει για την κατάσταση των νευρώνων σε κάθε κύκλο.

Όμως, η αρχική υλοποίηση ήταν σχετικά απλή και τα δεδομένα των συνάψεων ήταν αποθηκευμένα εξ αρχής στις μνήμες, το ίδιο συνέβαινε και για την συνδεσμολογία. Έτσι το σύστημα δεν ήταν εύκολο να παραμετροποιηθεί, καθώς επίσης σε μεγαλύτερης κλίμακας δίκτυα ήταν εμφανής ο περιορισμός στο τομέα της διασυνδεσιμότητας εξαιτίας της έλλειψης πόρων σε επίπεδο συρμάτων. Ένας ακόμα περιοριστικός παράγοντας, από θέμα μνήμης, για την μοντελοποίηση περισσότερων νευρώνων ήταν οι διαφορετικές αποκρίσεις σε κάθε σύναψη. Έτσι το επόμενο στάδιο [Figure 4.2] ήταν η επέκταση της υπάρχουσας αρχιτεκτονικής, λύνοντας κατά ένα τρόπο τα προβλήματα που εντοπίστηκαν μέχρι εκείνη την στιγμή. Εμπνευσμένοι, λοιπόν, από network on a chip (NOC) αρχιτεκτονικές, αντιμετωπίστηκε το πρόβλημα της διασυνδεσιμότητας μεταξύ των νευρώνων, μειώνοντας τον αριθμό των συρμάτων που απαιτείται για την μετάδοση πληροφορίας. Οι συνάψεις και το σώμα των νευρώνων δέχονται και στέλνουν πακέτα πληροφορίας μέσω ενός κοινού δίαυλου που είναι προσαρτημένες. Ο δίαυλος μεταφέρει τα πακέτα πληροφορίας που είναι της τάξης των 8 bits, και όπως παρουσιάζεται στην εικόνα [Figure 4.3], η πληροφορία διαφέρει ανάλογα με τα δεδομένα και την λειτουργία του συστήματος. Η επιλογή των 8 bits εφαρμόστηκε ώστε να υπάρχει μια εξισορρόπηση της εκμετάλλευσης των πόρων του συστήματος και την όσο πιο γρήγορη μεταφορά πληροφορίας. Το σύστημα πλέον αποτελείται από 3 βασικές λειτουργίες, την αρχικοποίηση σύναψης, την αρχικοποίηση δενδρίτη και την ενημέρωση του συστήματος.

Ο δίαυλος επικοινωνίας τροφοδοτείται με πακέτα των 8 bits από την μνήμη ή από τους νευρώνες και με βάση τα header packets αναγνωρίζει αν τα επόμενα πακέτα που ακολουθούν παρέχουν πληροφορία για αρχικοποίηση ή ενημέρωση. Σε περίπτωση αρχικοποίησης σύναψης, τα ακόλουθα πακέτα κρατούν πληροφορία για να συγκεκριμενοποιηθεί ο αριθμός του νευρώνα, του δενδρίτη και της σύναψης ώστε να λάβει η σύναψη τα δεδομένα που την χαρακτηρίζουν. Χρειάζονται 3 πακέτα για να αναγνωριστεί η σύναψη που θα λάβει αρχικές τιμές. Στην συνέχεια, τα επόμενα πακέτα περιέχουν την πληροφορία για το είδος, το συναπτικό βάρος, τις διακριτές

τιμές της απόκρισης και τον αριθμό του νευρώνα που είναι συνδεδεμένη η σύναψη. Ο αριθμός των πακέτων που απαιτείται για την απόδοση των αρχικών τιμών στην σύναψη διαφέρει ανάλογα το είδος το σύναψης, εξαιτίας της διαφοράς στην διάρκεια της απόκρισης κάθε είδους. Κάθε διακριτή τιμή της απόκρισης χρειάζεται 3 πακέτα και ο λόγος είναι ότι απαιτούνται 16 bits για την αναπαράσταση της διακριτής τιμής. Έτσι, χωρίζονται σε 2 πακέτα των 8 bits και επιπλέον με ένα βοηθητικό πακέτο, η τιμή αποθηκεύεται στην σωστή θέση μνήμης. Αντίστοιχα, για την αρχικοποίηση δενδρίτη, τα πακέτα παρέχουν πληροφορία για τον αριθμό του νευρώνα και του δενδρίτη ώστε να πραγματοποιηθεί η αρχικοποίηση στο κατώφλι πυροδότησης και το βάρος του δενδρίτη. Τέλος, κατά την ενημέρωση του συστήματος, το πακέτο συγκρατεί πληροφορία, τόσο για τον αριθμό του νευρώνα, όσο και την πυροδότηση ή μη, αιχμής από την πλευρά του, ώστε να ενεργοποιηθούν, αν είναι εφικτό, οι συνάψεις που είναι συνδεδεμένες.

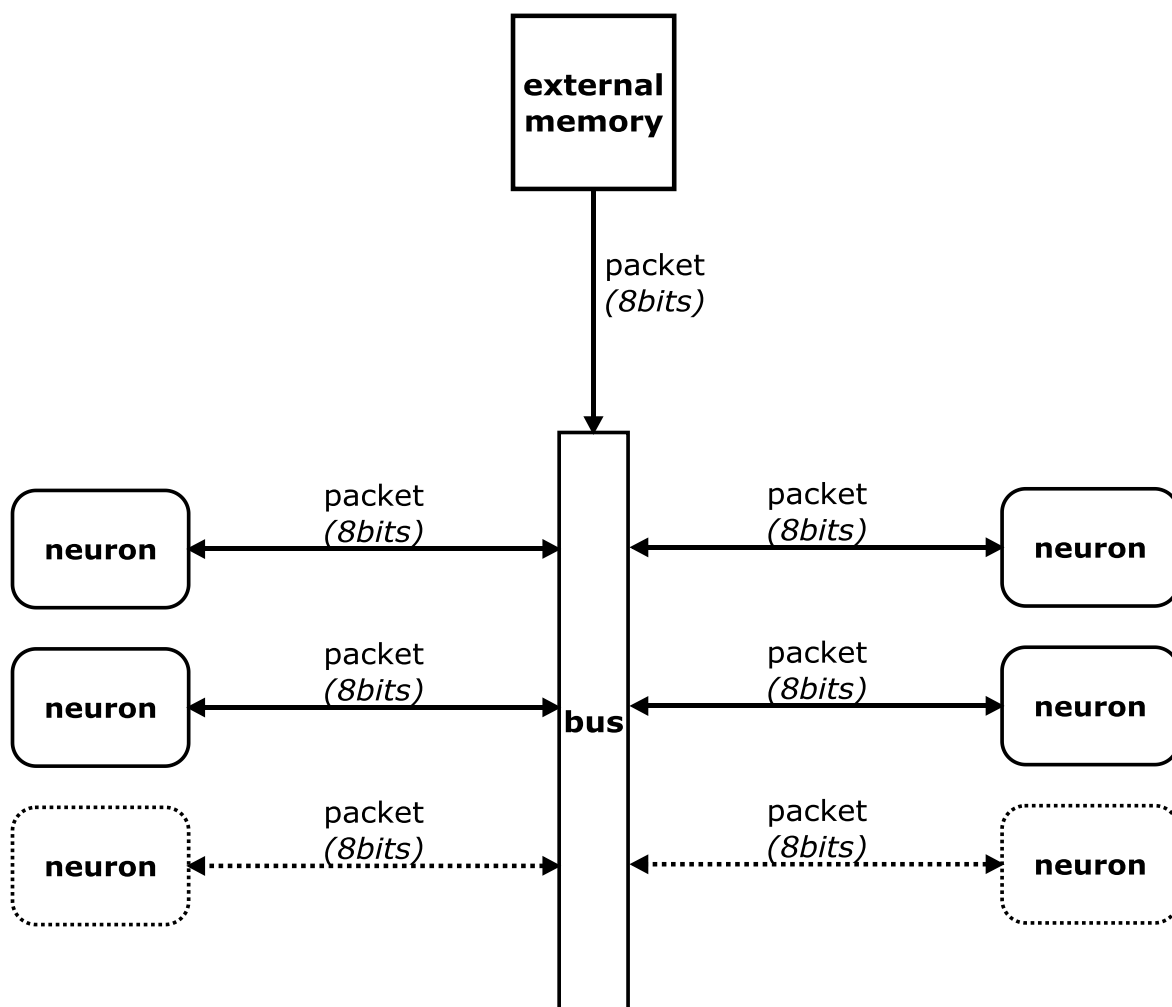


Figure 4.2 Επέκταση υλοποίησης 1^{ης} αρχιτεκτονικής.

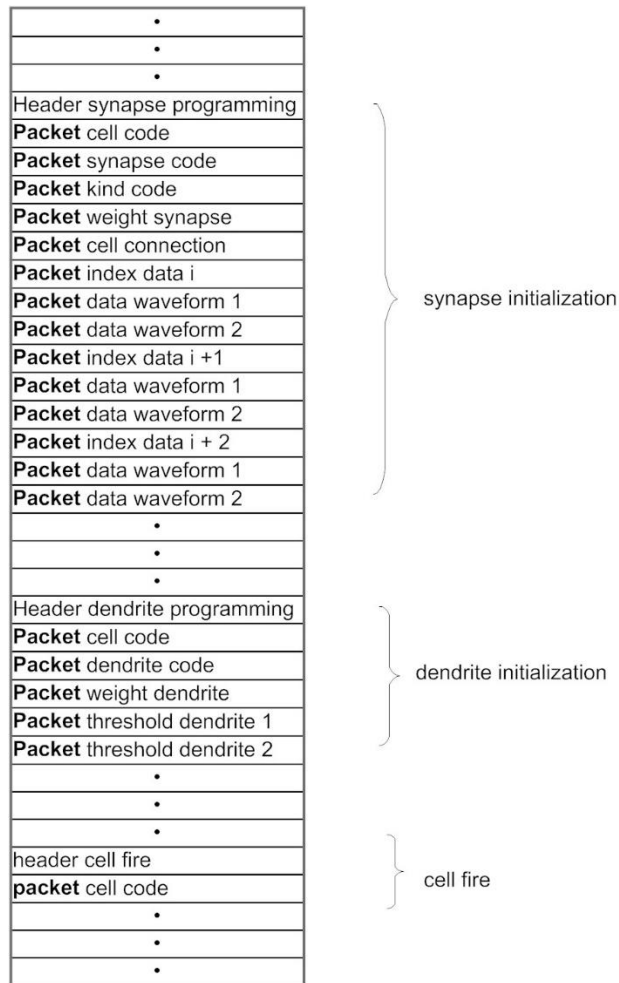


Figure 4.3 Πακέτα 8 bits στο κοινό δίαυλο επικοινωνίας

Τα μειονεκτήματα της πρώτης υλοποίησης, εντοπίστηκαν κατά την διάρκεια της βαθύτερης μελέτης του βιολογικού μοντέλου που θα στόχευε το σύστημα. Όλες οι συνάψεις στους δενδρίτες διέφεραν μεταξύ τους, με συνέπεια η δημιουργία μεγαλύτερης κλίμακας μοντέλων να είναι συνάρτηση των διαθέσιμων πόρων σε επίπεδο εσωτερικής μνήμης. Έτσι, όπως αναφέρθηκε και στην υποενότητα [3.1 Περιγραφή μοντελοποίησης βιολογικών νευρώνων] μελετήθηκαν οι αποκρίσεις όλων των συνάψεων από τα διαθέσιμα δεδομένα και αποδόθηκε σε κάθε είδος σύναψης μία χαρακτηριστική απόκριση. Ο συνδυασμός με το συναπτικό βάρος σε κάθε σύναψη έχει σαν αποτέλεσμα παρόμοιες κατά προσέγγιση, με τα αρχικά δεδομένα, αποκρίσεις. Ταυτόχρονα, αντιμετωπίστηκε διαφορετικά το πρόβλημα της διασυνδεσιμότητας, αποθηκεύοντας την στην εξωτερική μνήμη της πλατφόρμας. Αυτός ήταν και ο κύριος λόγος που έγινε η μεταφορά

από μια απλή FPGA στην υβριδική πλατφόρμα της Convey, η οποία προσφέρει ελεγκτές μνήμης με μεγάλο εύρος ζώνης και δυνατότητα για αποθήκευση πολλών δεδομένων.

4.2 Τελική Σχεδίαση και Υλοποίηση Αρχιτεκτονικής

Η γενική εικόνα της τελικής αρχιτεκτονικής παρουσιάζεται στο σχήμα [Figure 4.4]. Σε περίπτωση αρχικοποίησης ή ενημέρωσης, όλοι οι νευρώνες δέχονται τα δεδομένα εισόδου από την εξωτερική μνήμη, όμως, μόνο ένας νευρώνας τα συγκρατεί στο εσωτερικό του. Κατά τον υπολογισμό της κατάστασης των νευρώνων, όλοι λειτουργούν παράλληλα, ενημερώνοντας στο τέλος του υπολογισμού ένα κοινό πίνακα με τις αιχμές πυροδότησης, ο οποίος αποθηκεύεται και στην εξωτερική μνήμη μαζί με το συνολικό δυναμικό στο σώμα του νευρώνα.

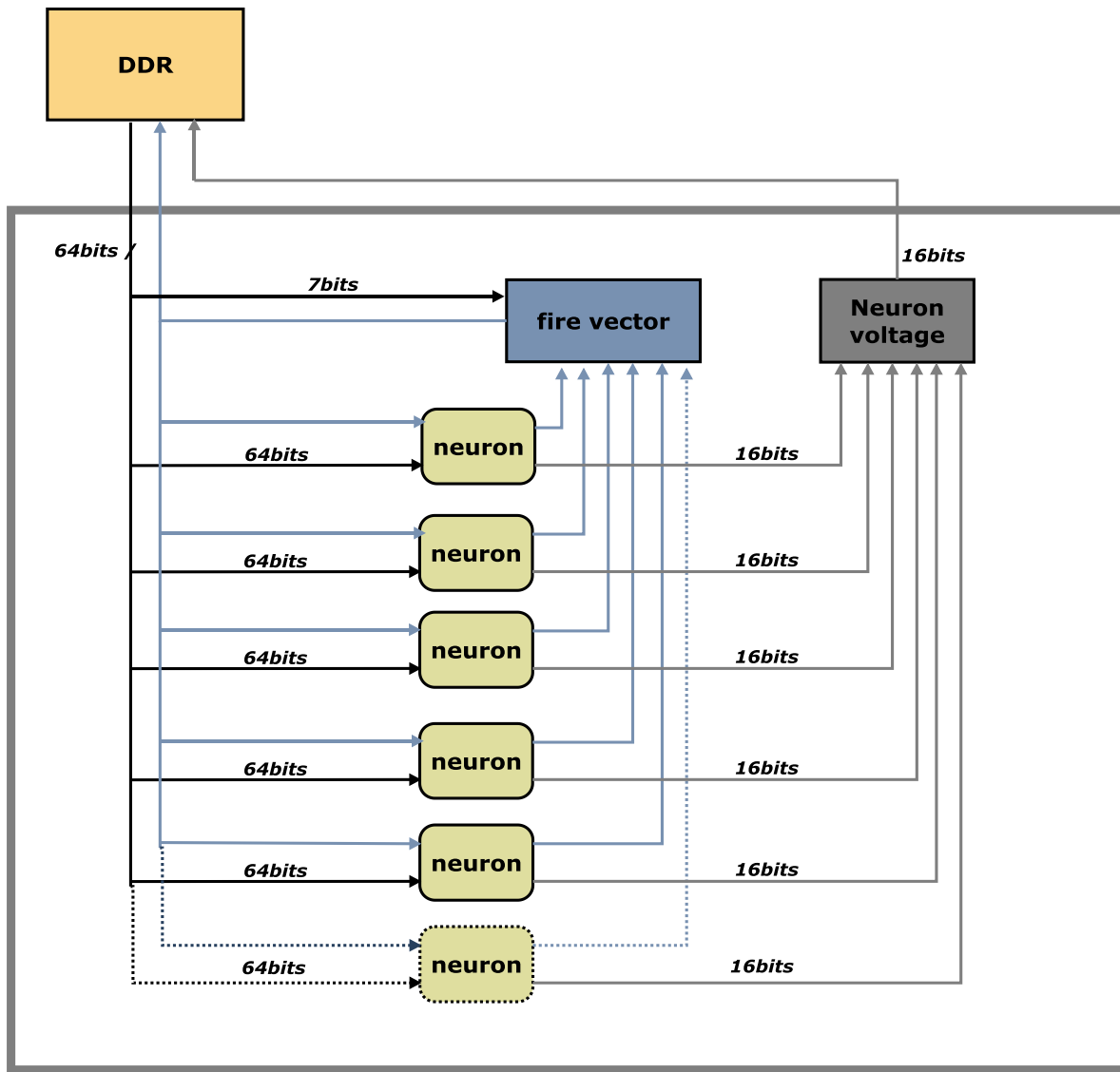


Figure 4.4 Γενικό διάγραμμα τελικής αρχιτεκτονικής

Για την καλύτερη κατανόηση της αρχιτεκτονικής του συστήματος, αρχικά θα αναλυθεί η υλοποίηση σε επίπεδο νευρώνα και θα χωριστεί το πρόβλημα στις 5 επιμέρους λειτουργίες όπως αναφέρθηκαν στην υπό ενότητα [3.4 Λειτουργίες Συστήματος]. Όταν η λειτουργία δέχεται είσοδο από την εξωτερική μνήμη, θα αναλύεται σε βάθος, ώστε να ολοκληρωθεί με σαφήνεια η ανάλυση και η υλοποίηση της αρχιτεκτονικής. Στην συνέχεια, θα εξηγηθεί η συνολική αρχιτεκτονική του δικτύου, οι αριθμητικές μονάδες και τα προβλήματα που προέκυψαν.

4.2.1 Σχεδίαση και Υλοποίηση Αρχιτεκτονικής σε επίπεδο νευρώνα.

Μία σημαντική λεπτομέρεια είναι ότι τα δεδομένα που διαβάζονται από την εξωτερική μνήμη της πλατφόρμας είναι μέγιστου μεγέθους 64bits και έχουν φορτωθεί μέσω του host της πλατφόρμας της convey. Το στοιχείο αυτό είναι αρκετά σημαντικό, διότι προσφέρει ικανό μέγεθος για μεταφορά πληροφορίας. Στην παρούσα αρχιτεκτονική, η ποσότητα των 64bits χωρίζεται σε 2 μικρότερες, της τάξεως των 32bits, ώστε να εξυπηρετηθούν διαφορετικές ενέργειες. Ακολουθείται μία άτυπη σύμβαση, ώστε τα πρώτα 32bits να διαδραματίζουν ρόλο δεδομένων και τα υπόλοιπα ρόλο διευθυνσιοδότησης, είτε σε πίνακες είτε σε μνήμες. Βέβαια, κάθε λειτουργία χρησιμοποιεί το σύνολο ή ένα μέρος των διαθέσιμων bits από κάθε 32bits ποσότητα, ανάλογα με τις απαιτήσεις.

Στο πίνακα [Πίνακας 4.1] αναλύεται η γενική μορφή της 64 bits ποσότητας. Η κωδικοποίηση επιλέχτηκε με βάση τα χαρακτηριστικά που στοχεύει το σύστημα να προσομοιώσει. Ανώτατο όριο σύμφωνα με την διαστασιολόγηση του προβλήματος είναι η προσομοίωση 90 νευρώνων, άρα 7 bits είναι αρκετά για την κωδικοποίηση του αριθμού των νευρώνων. Επίσης, κάθε νευρώνας έχει μέγιστο αριθμό 64 δενδριτών κατά συνέπεια 6 bits μπορούν επαρκώς να τους αναπαραστήσουν. Τέλος, με 9 bits μπορούν να αναπαρασταθούν και οι 512 συνάψεις σε κάθε δενδρίτη.

Source Neuron address	Destination Neuron address	Destination Dendrite address	Destination Synapse address	data
58 downto 52	51 downto 45	44 downto 39	38 downto 32	31 downto 0

Πίνακας 4.1 Γενική κωδικοποίηση δεδομένων εισόδου.

4.2.1.1 Αρχικοποίηση Συνάψεων

Τα δεδομένα για την αρχικοποίηση των συνάψεων έχουν την εξής γενική μορφή:

Destination Neuron address	Destination Dendrite address	Destination Synapse address	Synapse data
51 downto 45	44 downto 39	38 downto 32	25 downto 0

Πίνακας 4.2 Κωδικοποίηση δεδομένων εισόδου για την αρχικοποίηση συνάψεων.

Από τα 32 MSB αρκούν μόνο 20 bits για την διευθυνσιοδότηση της σύναψης, ενώ από τα 32 LSB, τα δεδομένα εισόδου που θα αποθηκευτούν στην εσωτερική μνήμη είναι 26 bits. Στην εικόνα [Figure 4.5] παρουσιάζεται η αρχιτεκτονική για την αρχικοποίηση των συνάψεων ενός νευρώνα. Κάθε νευρώνας έχει ένα μοναδικό TAG, που αποτελεί το αναγνωριστικό στοιχείο, ότι τα δεδομένα εισόδου τον αφορούν. Από τα δεδομένα εισόδου, το **Destination neuron address** επιτελεί αυτό το σκοπό, ενώ το **Destination Dendrite address** και **Destination Synapse address** αφορούν την διεύθυνση προς την εσωτερική μνήμη όπου θα εγγραφούν τα δεδομένα της σύναψης (**Synapse data**). Το Destination Dendrite address είναι η διεύθυνση του δενδρίτη, ενώ το Destination Synapse address είναι η διεύθυνση της σύναψης στο συγκεκριμένο δενδρίτη. Η ένωση τους (το **Destination Init address**) αποτελεί την διεύθυνση προς την μνήμη με τις συνάψεις. Κάθε νευρώνας έχει μία dual port Block Ram 8192 θέσεων και πλάτους 26bits, ικανή για αποθήκευση των πληροφοριών [Πίνακας 4.5] όλων των συνάψεων του. Καθένας από τους 64 δενδρίτες έχει 512 συνάψεις. Τα νούμερα δεν είναι τυχαία, αφού προσφέρουν ευελιξία κατά την διευθυνσιοδότηση. Τα πρώτα 6 bits του Destination Init address δείχνουν στο block μνήμης - αριθμό δενδρίτη- και τα υπόλοιπα 7 bits στην διεύθυνση της σύναψης - αριθμό σύναψης. Η [Figure 4.5] παρουσιάζει, επίσης, το εσωτερικό της εσωτερικής μνήμης και την κατανομή των συνάψεων σε συνάρτηση με τους δενδρίτες.

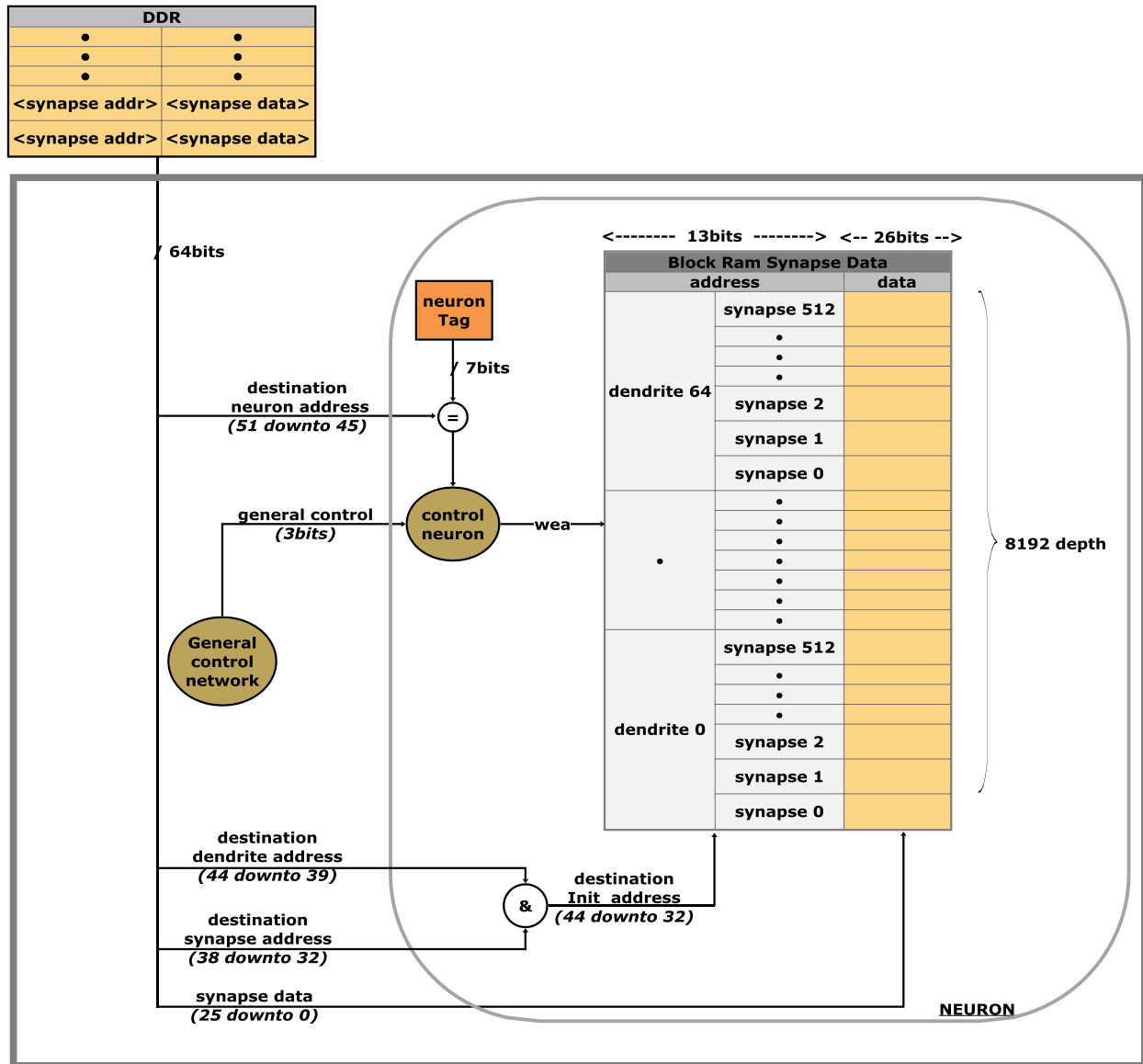


Figure 4.5 Αρχιτεκτονική αρχικοποίησης συνάψεων

4.2.1.2 Αρχικοποίηση Κατωφλίων Πυροδότησης των Δενδριτών

Τα δεδομένα για την αρχικοποίηση των κατωφλίων πυροδότησης των δενδριτών ακολουθούν παρόμοια λογική όπως προηγούμενα. Η διαφορά είναι ότι πλέον χρειάζονται μόνο τα bits για την διευθυνσιοδότηση δενδρίτη. Έτσι τα δεδομένα για την αρχικοποίηση των κατωφλίων έχουν την εξής γενική μορφή:

Destination Neuron address	Destination Init address	threshold data
51 downto 45	44 downto 39	15 downto 0

Πίνακας 4.3 Κωδικοποίηση δεδομένων εισόδου για την αρχικοποίηση κατωφλίων δενδριτών.

Στο σχήμα [Figure 4.6] παρουσιάζετε η αρχιτεκτονική η οποία είναι παρόμοια με την αρχικοποίηση των συνάψεων. Κάθε νευρώνας έχει μία simple Block Ram 64 θέσεων, όσοι και οι δενδρίτες του νευρώνα. Το πλάτος της μνήμης είναι 16 bits, ικανό για αποθήκευση των κατωφλίων πυροδότησης κάθε δενδρίτη.

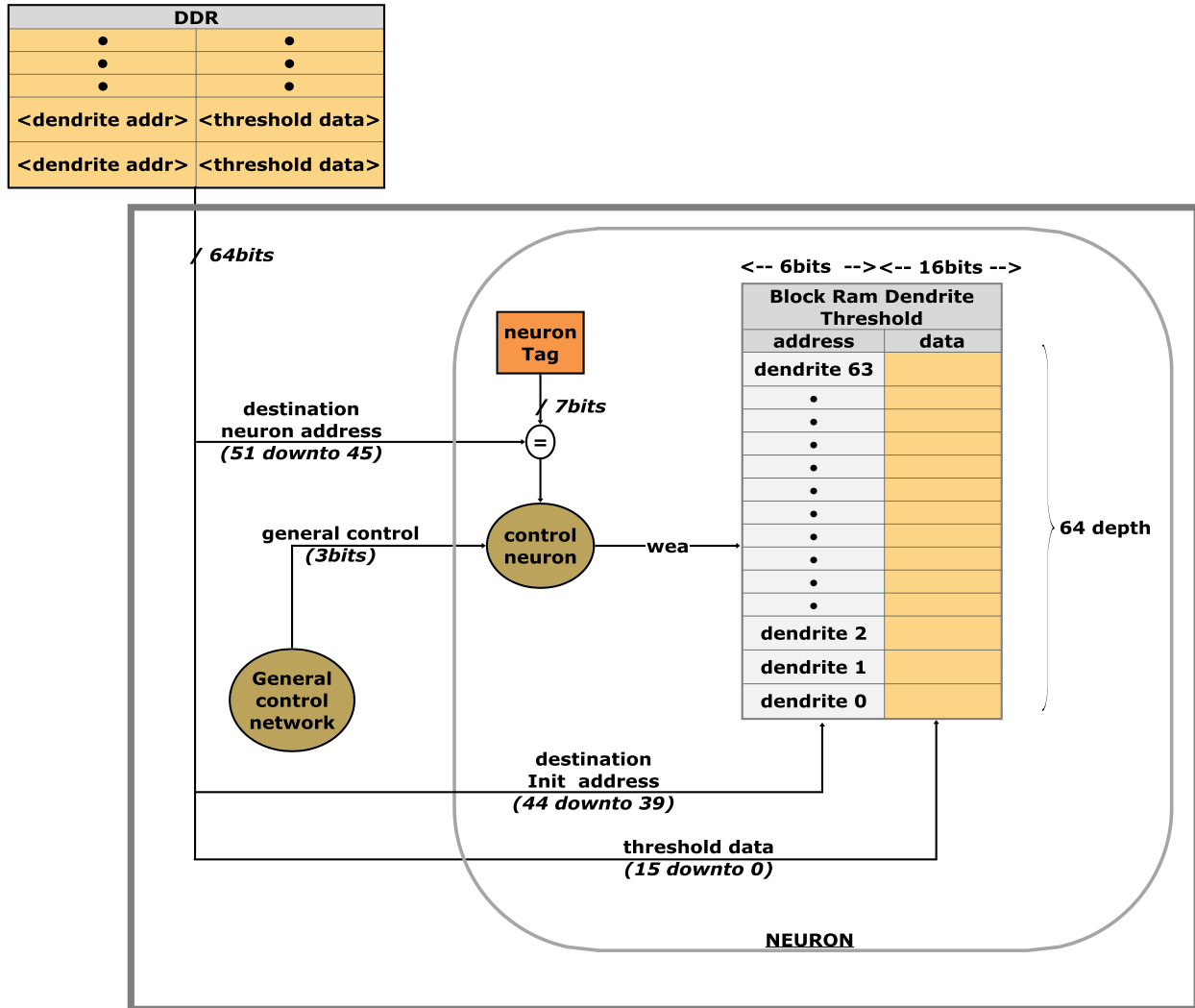


Figure 4.6 Αρχιτεκτονική αρχικοποίησης κατωφλίων δενδριτών

4.2.1.3 Ενημέρωση Συνδεσμολογίας Νευρώνων

Τα δεδομένα για την ενημέρωση της συνδεσμολογίας των νευρώνων, όπως έχει αναφερθεί αρκετές φορές είναι αποθηκευμένα στην εξωτερική μνήμη. Η δομή των δεδομένων εισόδων όπως παρατηρείτε παρακάτω, ακολουθεί και αυτή ίδια δομή με σκοπό την αξιοποίηση των κοινών πόρων:

Source Neuron address	Destination Neuron address	Destination Update address
58 downto 52	51 downto 45	44 downto 32

Πίνακας 4.4 Κωδικοποίηση δεδομένων εισόδου για την ενημέρωση συνδεσμολογίας νευρώνων.

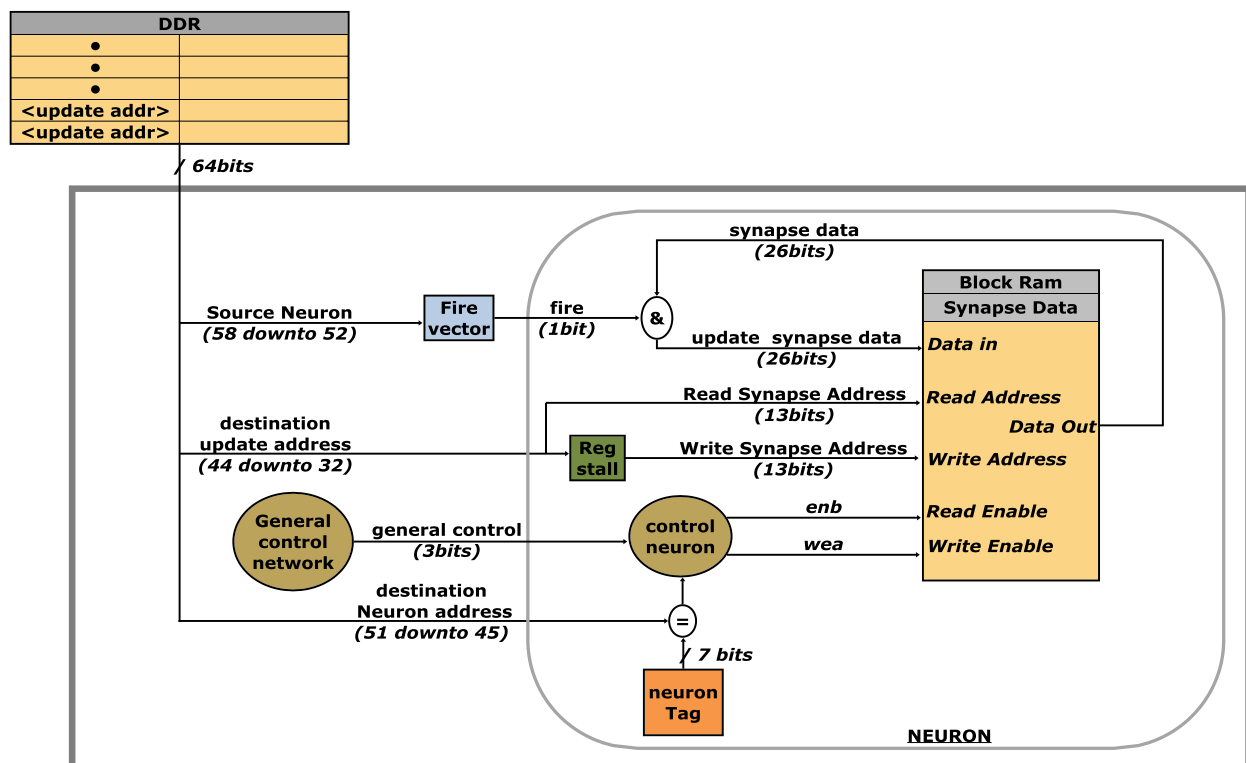


Figure 4.7 Αρχιτεκτονική Ενημέρωση Συνδεσμολογίας Νευρώνων

Το σχήμα [Figure 4.7] αντιπροσωπεύει την αρχιτεκτονική για την ενημέρωση της συνδεσμολογίας των συνάψεων. Κατά την διάρκεια της διαδικασίας, οι νευρώνες που έχουν πυροδοτήσει αιχμή θα ενεργοποιήσουν τις συνάψεις που είναι συνδεδεμένες, αν δεν έχει πραγματοποιηθεί σε προηγούμενους κύκλους προσομοίωσης. Το **Source neuron address** αποτελεί τον αριθμό του νευρώνα που συνδέεται με την σύναψη. Η διεύθυνση αυτή εισέρχεται στο fire vector που είναι αποθηκευμένες οι αιχμές πυροδότησης των νευρώνων. Η μονάδα fire vector αποτελείται από ένα register 70bits, όπου κάθε bit αντιστοιχεί στην αιχμή πυροδότησης διαφορετικού νευρώνα. Η έξοδος του fire vector είναι 1 bit, 0 αν ο συγκεκριμένος νευρώνας δεν έχει πυροδοτήσει αιχμή και 1 σε αντίθετη περίπτωση. Το **Destination neuron address** και **Destination update address** είναι οι διευθύνσεις για τον νευρώνα και τον δενδρίτη που βρίσκεται η συγκεκριμένη σύναψη που θα ενεργοποιήσει ή όχι ο νευρώνας. Η φιλοσοφία για destination

neuron address είναι ακριβώς η ίδια όπως και στις προηγούμενες λειτουργίες, ένας μόνο νευρώνας θα πρέπει να αποδεχτεί το δεδομένο εισόδου και να ενημερώσει την σύναψη που στοχεύει. Το destination update address έχει διττή φύση, αποτελεί αρχικά την διεύθυνση προς την block ram που είναι αποθηκευμένη η πληροφορία για την σύναψη και επίσης είναι η διεύθυνση που θα εγγραφεί η ανανεωμένη πληροφορία για την σύναψη μετά την ενημέρωση. Για την επιτυχία του σκοπού, χρησιμοποιείται ένας register καθυστέρησης ενός κύκλου έως ότου διαβαστούν τα δεδομένα και ταυτόχρονα ανανεωθούν. Η ενημέρωση σε περίπτωση πυροδότησης του νευρώνα, δηλαδή η έξοδος του fire vector να είναι '1', πραγματοποιείται σε 2 σημεία και υπόκεινται σε 2 ξεχωριστές φάσεις. Αν η σύναψη δεν έχει ενεργοποιηθεί στο παρελθόν, το τελευταίο bit γίνεται 1 ώστε να αναγνωρίζει το σύστημα στην λειτουργία του υπολογισμού ότι είναι έτοιμο για την δειγματοληψία απόκρισης. Σε αντίθετη περίπτωση, αν η σύναψη έχει ενεργοποιηθεί στο παρελθόν σημαίνει ότι ο μετρητής δειγματοληψίας είναι διαφορετικός από το μηδέν, οπότε η δειγματοληψία θα ξεκινήσει και πάλι από την αρχή, άρα μηδενίζεται ο μετρητής απόκρισης και το τελευταίο bit γίνεται 1.

4.2.1.4 Λειτουργία υπολογισμού κατάστασης νευρώνων και αποθήκευσης δεδομένων

Ίσως το σημαντικότερο στοιχείο της αρχιτεκτονικής, είναι η λειτουργία υπολογισμού της κατάστασης των νευρώνων, αφού με βάση αυτό επεξεργάζεται και μεταφέρεται η πληροφορία στο δίκτυο. Το σύστημα δεν δέχεται δεδομένα από την εξωτερική μνήμη, αφού ότι χρειάζεται υπάρχει στις εσωτερικές μνήμες των νευρώνων. Η εικόνα [Figure 4.8] παρουσιάζει την αρχιτεκτονική που εξυπηρετεί την λειτουργία αυτή. Εκτός από τις Block Ram με τις πληροφορίες των συνάψεων και τα κατώφλια πυροδότησης των δενδριτών, υπάρχουν άλλες 4 Single-Port Block Rom, οι οποίες συγκρατούν τις χαρακτηριστικές αποκρίσεις των συνάψεων. Οι μνήμες αυτές διαφέρουν σε αριθμό θέσεων εξαιτίας της διαφοράς στην διάρκεια κάθε είδους. Η AMPA και GABA_A αποκρίσεις έχουν 128 θέσεις μνήμης, η NMDA 512 θέσεις και GABA_B 1024 θέσεις. Όμως, όλων το πλάτος είναι 16bits και η αρχικοποίησή τους έχει γίνει μέσω coe file. Τέλος, μία ακόμη single-Port Block Ram χρησιμοποιείται για την αποθήκευση του δυναμικού του δενδρίτη και του μετρητή διάρκειας πυροδότησης δενδρίτη, σε περίπτωση που ξεπεράσει το κατώφλι πυροδότησης και πυροδοτήσει αιχμή. Η αποθήκευση πραγματοποιείται για 50 κύκλους προσομοίωσης (δηλαδή για 50ms), αν δεν καταφέρουν στο διάστημα αυτό, οι ανασταλτικές συνάψεις να το ρίξουν κάτω από το κατώφλι πυροδότησης. Διαφορετικά, το δυναμικό που αποθηκεύεται είναι μηδενικό. Η Block Ram για τα δυναμικά των δενδριτών είναι 64 θέσεων και πλάτους 16bits.

Κατά την έναρξη του υπολογισμού σε κάθε νευρώνα, οι συνάψεις διαβάζονται σειριακά από την Block Ram. Η έξοδος έχει την μορφή που φαίνεται στο παρακάτω [Πίνακας 4.5]. Σε κάθε

σύναψη ελέγχεται η κατάσταση της, αν είναι ενεργοποιημένη ή όχι, αυτό εξαρτάται από το τελευταίο bit ή από το μετρητή απόκρισης. Αν μια από τις δύο συνθήκες είναι αληθής, τότε ο μετρητής απόκρισης αυξάνεται και η ανανεωμένη τιμή αποθηκεύεται ξανά στην Block Ram με τις συνάψεις. Ταυτόχρονα, ο μετρητής απόκρισης ο οποίος αποτελεί και διεύθυνση προς τις Block Ram με τις αποκρίσεις, διαβάζει την διακριτή τιμή από τις μνήμες. Η επιλογή της σωστής διακριτής τιμής πραγματοποιείται με βάση το είδος σύναψης, που διαδραματίζει ρόλο του 1^{ου} select στον 4to1 πολυπλέκτη. Ταυτόχρονα, σημαντικό ρόλο λαμβάνει η εσωτερική μνήμη με τα δυναμικά των δενδριτών και τον μετρητή πυροδότησης αιχμής, τα οποία συγκρατεί σε περίπτωση αιχμής. Ο μετρητής πυροδότησης αιχμής αποτελεί και το 2^ο select στον πολυπλέκτη. Αν η τιμή του είναι μικρότερη των 50ms, προωθεί το δυναμικό στο δενδρίτη και επιτρέπει μόνο σε ανασταλτικές συνάψεις να αθροιστούν. Σε αντίθετη περίπτωση, που ο δενδρίτης δεν έχει πυροδοτήσει αιχμή στο παρελθόν, ακολουθείται κανονική πορεία. Η τιμή από τις μνήμες των αποκρίσεων, συνδυάζεται με το συναπτικό βάρος και η τελική τιμή αθροίζεται σε επίπεδο δενδρίτη. Όταν όλες οι συνάψεις του δενδρίτη αθροιστούν τότε συγκρίνονται με το κατώφλι του δενδρίτη. Η τιμή του κατωφλίου είναι έξοδος από την Block Ram με τους δενδρίτες. Ο δενδρίτης πυροδοτεί αιχμή αν το συνολικό δυναμικό του είναι ίσο ή μεγαλύτερο από το κατώφλι, τότε το δυναμικό οδηγείται στο σώμα όπου θα αποφασιστεί η πυροδότηση αιχμής σε επίπεδο σώματος, καθώς επίσης και στην εσωτερική μνήμη με τα δυναμικά των δενδριτών. Το σύστημα αντιλαμβάνεται κάθε 512 συνάψεις και ενεργοποιεί ένα σήμα ώστε το δυναμικό σε επίπεδο δενδρίτη να συγκριθεί με το κατώφλι. Όταν όλοι οι δενδρίτες αποφασίσουν αν πυροδοτήσαν αιχμή, στέλνεται σήμα στο σώμα ώστε να αποφασίσει και αυτό με την σειρά του και να ενημερώσει τον πίνακα με τις αιχμές. Σε αυτό το σημείο τερματίζει και η λειτουργία του υπολογισμού. Ο πίνακας με τις αιχμές και το συνολικό δυναμικό στο σώμα αποθηκεύεται στην εξωτερική μνήμη και η προσομοίωση συνεχίζεται.

Συνολικά	Μετρητής απόκρισης	Συναπτικό βάρος	Βήμα απόκρισης	Είδος σύναψης	Κατάστασ η σύναψης
26bits	10 bits	4 bits	8 bits	3 bits	1bit

Πίνακας 4.5 Κατανομή bits πληροφορίας που χαρακτηρίζουν τις ιδιότητες κάθε σύναψης.

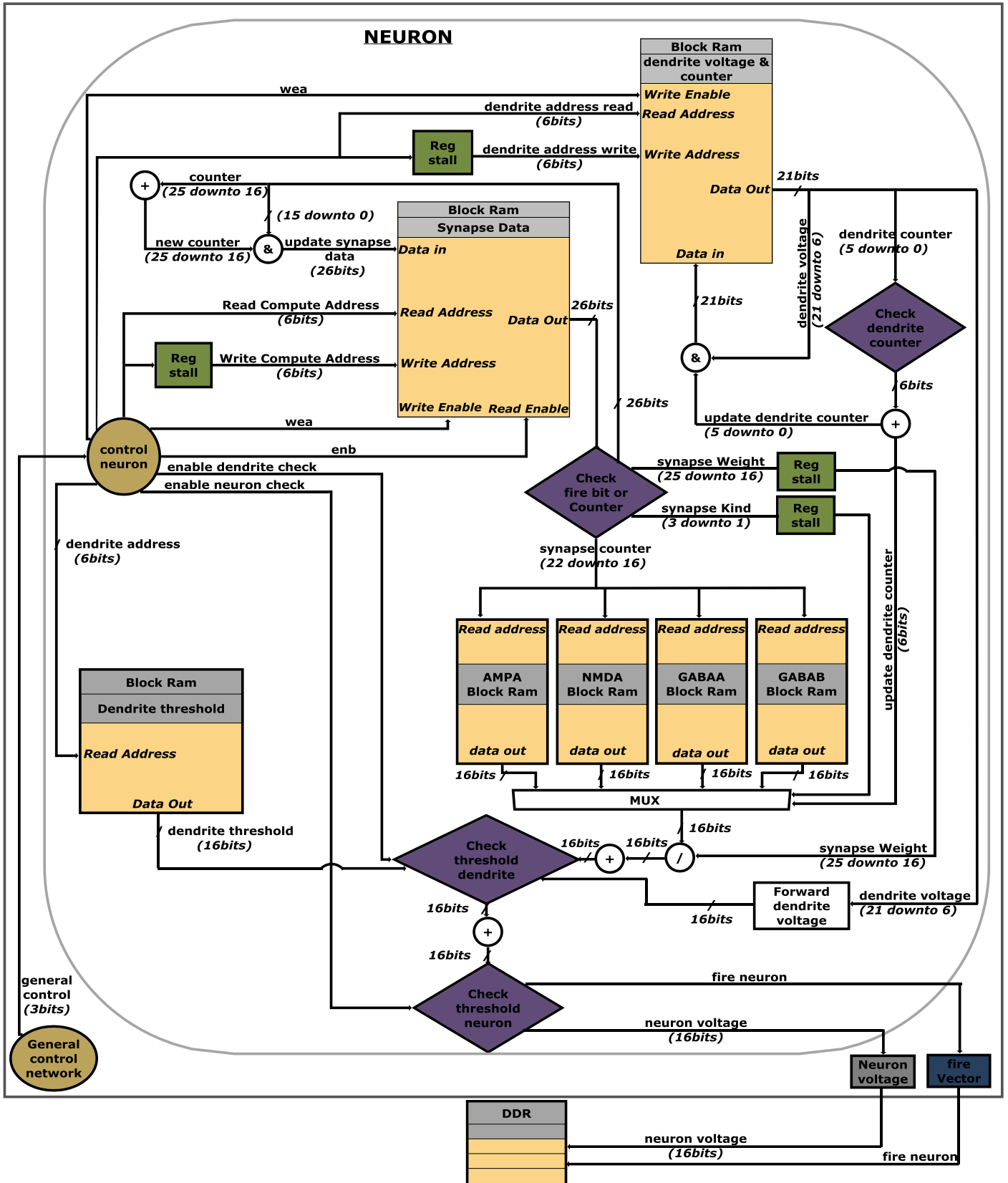


Figure 4.8 Αρχιτεκτονική για τον υπολογισμό κατάστασης νευρώνων και αποθήκευσης.

4.2.1.5 Υλοποίηση Αριθμητικών Μονάδων.

Σημαντική απόφαση για την ελαχιστοποίηση των κύκλων υπολογισμού πάρθηκε κατά τον συνδυασμό του συναπτικού βάρους με την διακριτή τιμή της απόκρισης. Το συναπτικό βάρος αποτελείται μόνο από τιμές των δυνάμεων του 2, έτσι η διαίρεση πραγματοποιήθηκε με right shift, εξοικονομώντας κύκλους υπολογισμού έναντι της συμβατικής διαίρεσης, χάνοντας όμως σε επίπεδο λεπτομέρειας. Το συναπτικό βάρος έχει κωδικοποιηθεί με 4bits, ο συνδυασμός του με την χαρακτηριστική σύναψη κάθε είδους έχει σαν αποτέλεσμα 16 διαφορετικές αποκρίσεις για κάθε είδος σύναψης. Επιπλέον, οι αριθμητικές μονάδες της πρόσθεσης είναι τύπου 16 bits signed fixed point και για την κατασκευή τους χρησιμοποιήθηκε ο τελεστής “+”.

4.2.1.6 Μονάδα Ελέγχου Συστήματος σε επίπεδο νευρώνα.

Κάθε νευρώνας έχει μία μονάδα ελέγχου που οργανώνει και ελέγχει τις λειτουργίες με στόχο τον συγχρονισμό του συστήματος. Η μονάδα επικοινωνεί τόσο με την γενική μονάδα ελέγχου του δικτύου, η οποία ενημερώνει ποια λειτουργία θα εκτελεστεί, όσο και με τη μονάδα tag ώστε να ενημερώνεται για τα δεδομένα που προορίζονται για τον νευρώνα. Σε περίπτωση αρχικοποίησης είναι υπεύθυνη για την ανάγνωση και εγγραφή δεδομένων στις μνήμες, ενώ σε περίπτωση υπολογισμού με την βοήθεια ενός μετρητή διαβάζει και εγγράφει σειριακά τα δεδομένα στην μνήμη.

4.2.2 Σχεδίαση και Υλοποίηση Συνολικής αρχιτεκτονικής δικτύου

Κατά την συνολική υλοποίηση των λειτουργιών στο νευρώνα, τοποθετήθηκαν σε κατάλληλα σημεία καταχωρητές με στόχο την καλύτερη σε θέμα ταχύτητας αρχιτεκτονική. Ταυτόχρονα, κρίθηκε αναγκαία η χρησιμοποίηση πολυπλεκτών σε αρκετά σημεία που οι λειτουργίες αξιοποιούσαν κοινούς πόρους. Select των πολυπλεκτών κατά γενική ομολογία είναι το general control από την μονάδα ελέγχου του συστήματος, ώστε ανάλογα την λειτουργία να επιτρέπεται η διέλευση των κατάλληλων τιμών. Η καθυστέρηση των select σε κάποιους πολυπλέκτες ήταν επιτακτική ανάγκη για τον σωστό συγχρονισμό των δεδομένων. Ένα σημαντικό πρόβλημα κατά την δημιουργία του δικτύου των νευρώνων ήταν η χαμηλή συχνότητα του ρολογιού, πολύ μικρότερη σε σχέση με την συχνότητα ρολογιού 150Mhz που είναι σχεδιασμένη η διεπαφή των memory controller τις convey από την εταιρεία. Το πρόβλημα έγκειται στο γεγονός ότι όλοι οι νευρώνες είναι συνδεδεμένοι με την εξωτερική μνήμη ώστε να δέχονται τα δεδομένα εισόδου, την γενική μονάδα ελέγχου και τους πίνακες με τις αιχμές και τα δυναμικά των νευρώνων, με αποτέλεσμα το fanout να είναι μεγάλο και η συχνότητα ρολογιού να μειώνεται αισθητά όταν

υλοποιήθηκε ολόκληρο το δίκτυο. Έτσι τοποθετήθηκαν pipeline register σχεδόν σε όλη την σχεδίαση αλλά επίσης και δενδρικοί register για περιορισμό του Fanout. Η τελική αρχιτεκτονική του νευρώνα παρουσιάζεται στην [Figure 4.10]. Εξαιτίας της έκτασης της αρχιτεκτονικής, ομαδοποιήθηκε (compute module) η λειτουργία του υπολογισμού που αναλύθηκε εκτενώς παραπάνω και παρουσιάστηκε μόνο το μέρος που γίνεται χρήση των κοινών πόρων του συστήματος.

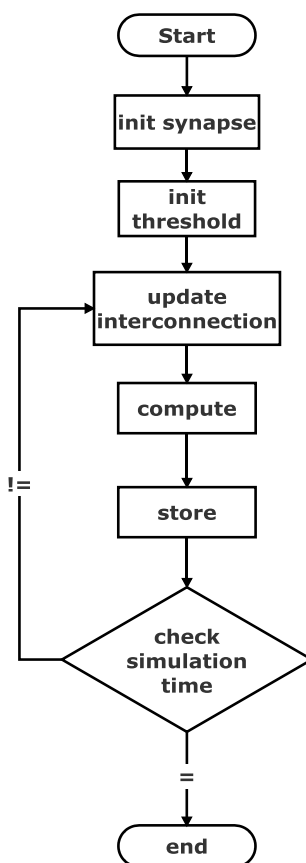


Figure 4.9 Διάγραμμα ροής λειτουργιών συστήματος.

4.2.2.1 Μονάδα Ελέγχου Συστήματος σε επίπεδο δικτύου.

Η εικόνα [Figure 4.9] δείχνει το διάγραμμα ροής των λειτουργιών του συστήματος. Η αρχικοποίηση συνάψεων και κατωφλίων των δενδριτών πραγματοποιείται μια φορά κατά την εγκατάσταση του συστήματος. Έπειτα εναλλάσσονται οι λειτουργίες της ενημέρωσης της συνδεσμολογίας, υπολογισμού κατάστασης νευρώνων και αποθήκευσης δεδομένων, όπου όλες μαζί συντελούν ένα βήμα προσομοίωσης της τάξης του 1 ms. Η μονάδα ελέγχου δέχεται σαν σήμα εισόδου το χρόνο προσομοίωσης που επιθυμεί ο χρήστης και εναλλάσσει τις λειτουργίες έως ότι ολοκληρωθεί ο χρόνος προσομοίωσης. Επιπλέον είσοδοι της μονάδας είναι ο αριθμός των δεδομένων εισόδου για τις λειτουργίες της αρχικοποίησης των συνάψεων και κατωφλίων των

δενδριτών και για την λειτουργία της ενημέρωσης συνδεσμολογίας. Η μονάδα ελέγχου γνωρίζει τον ακριβή αριθμό των δεδομένων εισόδων, ώστε να εναλλάσσει τις λειτουργίες όταν δέχεται τον επιθυμητό αριθμό δεδομένων σε κάθε λειτουργία. Η μέτρηση των εισερχόμενων δεδομένων στην σχεδίαση υπολογίζεται με μετρητές.

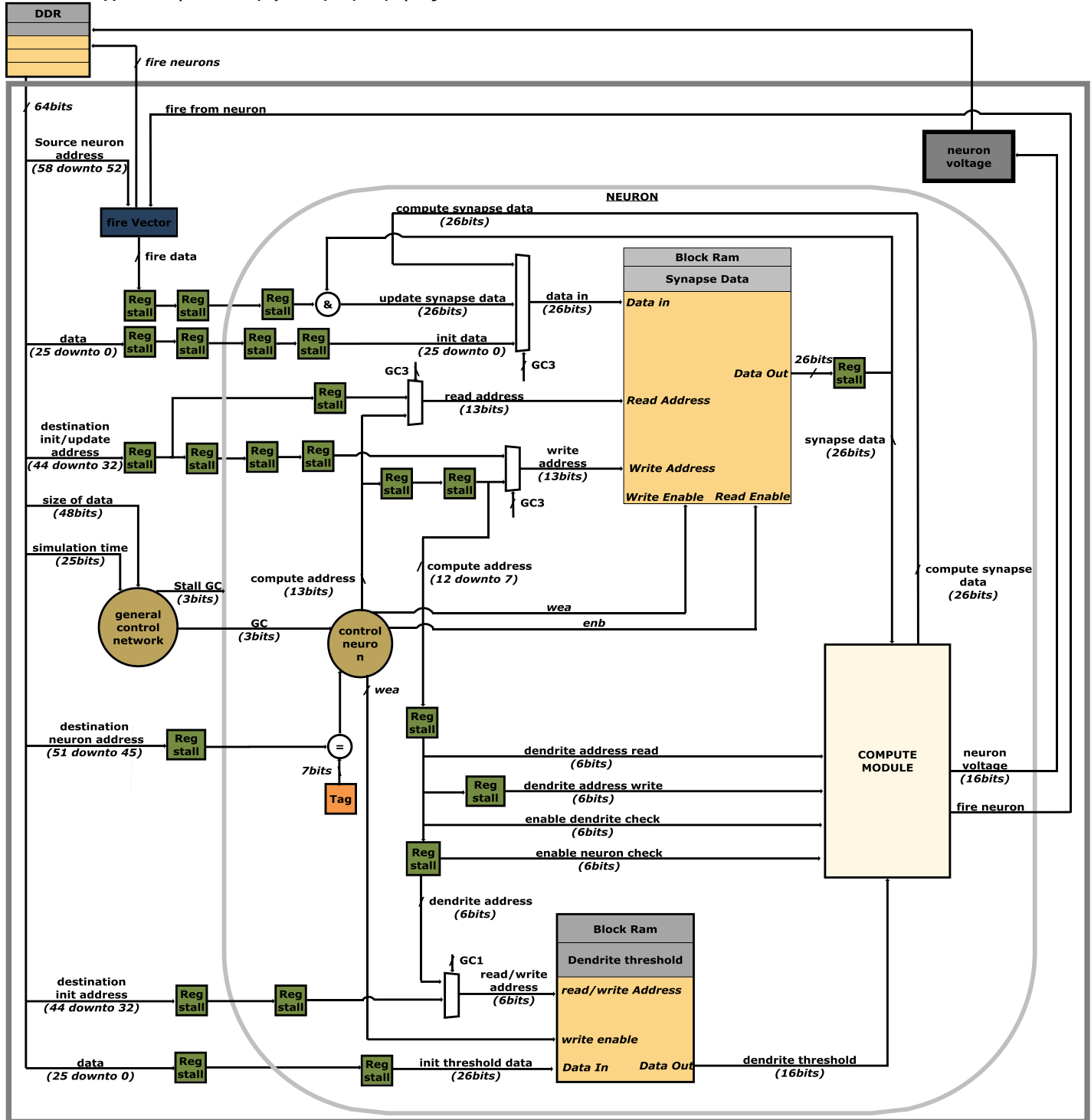


Figure 4.10 Τελική Αρχιτεκτονική Νευρώνα

4.2.3 Χαρακτηριστικά Αρχιτεκτονικής

Συνοψίζοντας τα παραπάνω, η λειτουργία της αρχιτεκτονικής χωρίζεται σε 4 γενικές φάσεις. Η πρώτη είναι η διαδικασία της φόρτωσης των δεδομένων στις εσωτερικές μνήμες, δεύτερη η διαδικασία της ενημέρωσης δεδομένων, η τρίτη η διαδικασία του υπολογισμού και τέλος η αποθήκευση. Ο χρόνος που απαιτείται για την φόρτωση των δεδομένων εξαρτάται από το συνολικό αριθμό των συνάψεων. Το σύστημα είναι έτοιμο να προσομοιώσει μέγιστο αριθμό 8192 ομάδες συνάψεων ανά νευρώνα. Ο συνολικός αριθμός των νευρώνων ανέρχεται στους 70. Παρατηρείται, μια αναντιστοιχία με την αρχική πρόβλεψη κατά την διαστασιολόγηση του προβλήματος. Όμως, στους αρχικούς υπολογισμούς δεν λήφθηκαν υπόψιν οι πόροι που καταναλώνεται από την ίδια την πλατφόρμα, που όπως φάνηκε στην πορεία καταλαμβάνουν ένα μεγάλο ποσοστό, καθώς επίσης και η χρησιμοποίηση επιπλέον εσωτερικών μνημών για αποθήκευση χαρακτηριστικών αποκρίσεων, κατωφλίων πυροδότησης δένδριτών και δυναμικού δένδριτών.

Οι διαδικασίες της φόρτωσης και ενημέρωσης δεδομένων δεν εκμεταλλεύονται κάποιου είδους παραλληλία, γι' αυτό το λόγο απαιτούνται κύκλοι ρολογιού ίσοι με τον αριθμό των δεδομένων εισόδου. Σε αυτό τον χρόνο προστίθενται χρόνοι καθυστέρησης των ελεγκτών εξωτερικής μνήμης της πλατφόρμας κατά την ζήτηση των πρώτων δεδομένων. Όμως, εξαιτίας του σχετικά μεγάλου αριθμού δεδομένων εισόδου και της ζήτησης συνεχόμενων διευθύνσεων μνήμης οι πρόσθετοι χρόνοι είναι ασήμαντοι.

Το σύστημα παρουσιάζει σημαντική παραλληλία κατά την φάση του υπολογισμού της κατάστασης των νευρώνων. Κατά την διάρκεια της λειτουργίας, όλοι οι νευρώνες διατρέχουν παράλληλα την εσωτερική τους μνήμη που έχουν αποθηκεύσει τις συνάψεις και υπολογίζουν ταυτόχρονα την κατάσταση των νευρώνων. Το σύστημα είναι πλήρως pipelined, οπότε η διαδικασία αυτή απαιτεί $(8192+N)$ κύκλους ρολογιού για την ολοκλήρωση υπολογισμού όλων των νευρώνων. Όπου N - σχετικά μικρός αριθμός - είναι οι κύκλοι που απαιτούνται για τον υπολογισμό μίας σύναψης. Η σχεδιαστική απόφαση, όπως αναφέρθηκε κατά την διαστασιολόγηση του προβλήματος στην υποενότητα [3.5 Διαστασιολόγηση Συστήματος], περιορίζει την αρχιτεκτονική ώστε να πρέπει να διατρέχει όλη την Block Ram με τις συνάψεις ακόμα και στην περίπτωση που το σύνολο των συνάψεων είναι ανενεργό. Η παραλληλία σε επίπεδο νευρώνων έχει σαν αποτέλεσμα να μην επηρεάζονται οι χρόνοι προσομοίωσης σε περίπτωση ανενεργών νευρώνων. Έτσι, εφοδιάστηκε η αρχιτεκτονική με το μέγιστο αριθμό νευρώνων που μπορεί να αποτυπωθεί στην συγκεκριμένη FPGA.

Οι ελεγκτές μνήμης της πλατφόρμας Convey δίνουν την δυνατότητα για παράλληλη εξυπηρέτηση 14 διαφορετικών διευθύνσεων. Η διαδικασία της αποθήκευσης δεδομένων

εκμεταλλεύεται αυτό το πλεονέκτημα και εγγράφει τον πίνακα με τις αιχμές των νευρώνων και τον πίνακα με τα δυναμικά μέσω διαφορετικών ελεγκτών προσφέροντας παραλληλία σε ένα ακόμα επίπεδο.

4.3 Εγκατάσταση Αρχιτεκτονικής και Κατανάλωση πόρων

Η αρχιτεκτονική, εξαιτίας των πολλών δεδομένων που έπρεπε να αποθηκευτούν σε εξωτερική μνήμη, αποτυπώθηκε σε ένα υπέρ-υπολογιστή βασισμένο σε αναδιατασσόμενη λογική. Συγκεκριμένα, χρησιμοποιήθηκε η πλατφόρμα της Convey HC-2, η οποία είναι εφοδιασμένη με 4 Virtex-6 LX760 FPGA. Όλες οι FPGA μοιράζονται την ίδια μνήμη και ένα συνεπεξεργαστή. Ταυτόχρονα η πλατφόρμα δίνει την δυνατότητα για παράλληλο διάβασμα 14 δεδομένων από την DRAM. Η παρούσα υλοποίηση ενσωματώθηκε σε μία μόνο FPGA και εκμεταλλεύεται μόνο τον έναν ελεγκτή κατά την ανάγνωση δεδομένων από την μνήμη, και άλλους 2 κατά την αποθήκευση των αποτελεσμάτων στην μνήμη.

Η ανάπτυξη του συστήματος πραγματοποιήθηκε με χρήση του εργαλείου Xilinx ISE Design 12.4. Η σχεδίαση όλων των μονάδων έγινε σε γλώσσα περιγραφής υλικού VHDL. Κατά την διαδικασία της υλοποίησης της αρχιτεκτονικής, προσομοιώθηκε η λειτουργία των επιμέρους φάσεων και διαπιστώθηκε η σωστή λειτουργία τους με την βοήθεια του ISE Modelism 12.4(M.81d). Έπειτα, αφού ενώθηκαν όλα τα τμήματα προσομοιώθηκε όλο το σύστημα και ελέγχθηκε διεξοδικά. Για να γίνει η δυνατή η σύνδεση της σχεδίασης με την πλατφόρμα Convey HC-2, υλοποιήθηκε κώδικας σε γλώσσας C και Verilog, ώστε να διαβαστούν τα δεδομένα από τα αρχεία εισόδου και να σταλούν στο εσωτερικό της σχεδίασης αντίστοιχα. Ο πίνακας δείχνει την κατανάλωση πόρων ολόκληρης της σχεδίασης ύστερα από την διαδικασία Sythesis και Place and Route σε μία Virtex-6 LX760 FPGA της υβριδικής πλατφόρμας. Ταυτόχρονα, αναφέρεται και η συχνότητα ρολογιού για την συγκεκριμένη σχεδίαση.

	Convey HC-2 Virtex-6 LX760 FPGA
Number of occupied Slices	27%
Number of BRAM/FIFO	91%
Συχνότητα ρολογιού	150Mhz

Πίνακας 4.6 Συνολικοί πόροι σχεδίασης και συχνότητα ρολογιού μετά την εγκατάσταση στο Convey

Στα συνολικά ποσοστά πρέπει να διευκρινιστεί ότι ένα ποσοστό είναι εξαιτίας της πλατφόρμας της Convey. Ο λόγος είναι ότι η πλατφόρμα αξιοποιεί ένα ποσοστό λογικής και

BRAMs για την υλοποίηση της διεπαφής των Memory Controller. Όσο πιο περίπλοκη είναι η μηχανή πεπερασμένων καταστάσεων που χειρίζεται τους ελεγκτές, το ποσοστό αυξάνεται. Βέβαια σημαντικό στοιχείο είναι και ο αριθμός των Memory Controller που χρησιμοποιείται. Η σχεδίαση που αναλύθηκε, χρησιμοποιεί 1 ελεγκτή μνήμης κατά την ανάγνωση δεδομένων και 2 για την αποθήκευση.

Από τα ποσοστά επιβεβαιώνεται ότι το περιοριστικό στοιχείο της σχεδίασης ήταν ο αριθμός BRAMs της FPGA. Σε επίπεδο λογικής το ποσοστό είναι αρκετά χαμηλό, πράγμα που δίνει την δυνατότητα για επιπλέον βελτιστοποιήσεις σε θέμα συχνότητας ρολογιού αλλά και υλοποίηση επιπλέον λειτουργικότητας των νευρώνων.

Κεφάλαιο 5

Αποτελέσματα

Το παρόν κεφάλαιο έχει ως αντικείμενο, την παρουσίαση των αποτελεσμάτων της απόδοσης της αρχιτεκτονικής σε σύγκριση με παρόμοιες προσομοιώσεις σε συμβατικούς υπολογιστές. Έπειτα, αναφέρεται ο τρόπος επικύρωσης των πειραματικών αποτελεσμάτων, καθώς επίσης και η παρουσίαση τους μέσω ειδικών διαγραμμάτων.

5.2 Πειραματικά Αποτελέσματα

Ο προσομοιωτής μέσω του Host της πλατφόρμας διαβάζει τα δεδομένα εισόδου για την αρχικοποίηση των συνάψεων, κατωφλίων δενδριτών και ενημέρωση διασυνδεσιμότητας. Με την ολοκλήρωση κάθε κύκλου προσομοίωσης ο πίνακας με τις αιχμές και τα δυναμικά των νευρώνων αποθηκεύονται στην εξωτερική μνήμη. Με την αποπεράτωση του χρόνου προσομοίωσης, τα αποθηκευμένα δεδομένα εξάγονται προς τον χρήστη μέσω ενός txt αρχείου ώστε να ενημερωθεί για τα πειραματικά αποτελέσματα. Η εικόνα [Figure 5.1] αποτελεί ένα ενδεικτικό παράδειγμα αρχείου εξόδου, όπου παρουσιάζεται το δυναμικό στο σώμα του νευρώνα και η πυροδότηση αιχμής για το 3^οms προσομοίωσης. Για καλύτερη οπτικοποίηση των αποτελεσμάτων δημιουργήθηκαν raster plot με την βοήθεια της python και κατάλληλη βιβλιοθήκη του Matlab, μέσω των οποίων η εξαγωγή συμπερασμάτων είναι πιο φιλική προς τους βιολόγους.

Στην παρακάτω εικόνα [Figure 5.2] παρατηρείται το raster plot για μία προσομοίωση 5sec. Το δίκτυο αποτελείται από 70 νευρώνες συνολικά 2278 δενδρίτες και 195103 ομάδες συνάψεων (στην πραγματικότητα συνολικά 1461210 συνάψεις), από τις οποίες οι 157114 είναι συνδεδεμένες με κάποιο νευρώνα του δικτύου. Εξωτερικό ερέθισμα δόθηκε στους 4, 8, 10, 13, 15 νευρώνες, για χρονική διάρκεια 1 ms. Το διάγραμμα παρουσιάζει τις αιχμές(Fires) των νευρώνων καθ' όλη την διάρκεια της προσομοίωσης. Έτσι, διακρίνεται ο κάποιος νευρώνας είναι λιγότερο ενεργός, όπως ο 4, 27, 43, 44 και 58, σε σχέση με τους υπόλοιπους νευρώνες. Επίσης, κάποιος νευρώνας, όπως ο 12 και 21, αρχικά είναι λιγότερο ενεργός, ενώ στην πορεία της προσομοίωσης σταθεροποιούνται. Η συχνότητα εκπόλωσης του δικτύου είναι στα 1Khz.

time	3	neuron	1	neuron voltage	47703	fire	1
time	3	neuron	2	neuron voltage	13948	fire	1
time	3	neuron	3	neuron voltage	1253	fire	0
time	3	neuron	4	neuron voltage	2767	fire	0
time	3	neuron	5	neuron voltage	5471	fire	1
time	3	neuron	6	neuron voltage	2219	fire	0
time	3	neuron	7	neuron voltage	27107	fire	1
time	3	neuron	8	neuron voltage	58389	fire	1
time	3	neuron	9	neuron voltage	62976	fire	1
time	3	neuron	10	neuron voltage	61043	fire	1
time	3	neuron	11	neuron voltage	31988	fire	1
time	3	neuron	12	neuron voltage	50972	fire	1
time	3	neuron	13	neuron voltage	20048	fire	1
time	3	neuron	14	neuron voltage	15995	fire	1
time	3	neuron	15	neuron voltage	34882	fire	1
time	3	neuron	16	neuron voltage	32829	fire	1
time	3	neuron	17	neuron voltage	35050	fire	1
time	3	neuron	18	neuron voltage	10063	fire	1
time	3	neuron	19	neuron voltage	59157	fire	1
time	3	neuron	20	neuron voltage	10175	fire	1
time	3	neuron	21	neuron voltage	535	fire	0
time	3	neuron	22	neuron voltage	40739	fire	1
time	3	neuron	23	neuron voltage	17364	fire	1
time	3	neuron	24	neuron voltage	19293	fire	1
time	3	neuron	25	neuron voltage	27087	fire	1
time	3	neuron	26	neuron voltage	27207	fire	1
time	3	neuron	27	neuron voltage	28675	fire	1
time	3	neuron	28	neuron voltage	39634	fire	1
time	3	neuron	29	neuron voltage	44816	fire	1
time	3	neuron	30	neuron voltage	15440	fire	1
time	3	neuron	31	neuron voltage	8464	fire	1
time	3	neuron	32	neuron voltage	33459	fire	1
time	3	neuron	33	neuron voltage	42765	fire	1
time	3	neuron	34	neuron voltage	7962	fire	1
time	3	neuron	35	neuron voltage	9882	fire	1
time	3	neuron	36	neuron voltage	36844	fire	1
time	3	neuron	37	neuron voltage	11705	fire	1
time	3	neuron	38	neuron voltage	27111	fire	1
time	3	neuron	39	neuron voltage	13389	fire	1
time	3	neuron	40	neuron voltage	27083	fire	1
time	3	neuron	41	neuron voltage	33498	fire	1
time	3	neuron	42	neuron voltage	52490	fire	1
time	3	neuron	43	neuron voltage	39590	fire	1
time	3	neuron	44	neuron voltage	7849	fire	1
time	3	neuron	45	neuron voltage	1924	fire	0
time	3	neuron	46	neuron voltage	62889	fire	1
time	3	neuron	47	neuron voltage	34507	fire	1
time	3	neuron	48	neuron voltage	28487	fire	1
time	3	neuron	49	neuron voltage	16848	fire	1
time	3	neuron	50	neuron voltage	20186	fire	1
time	3	neuron	51	neuron voltage	60452	fire	1

Figure 5.1 Ενδεικτική εικόνα από το αρχείο εξόδου. Τα αποτελέσματα αφορούν το 3ms προσομοίωσης για 51 νευρώνες.

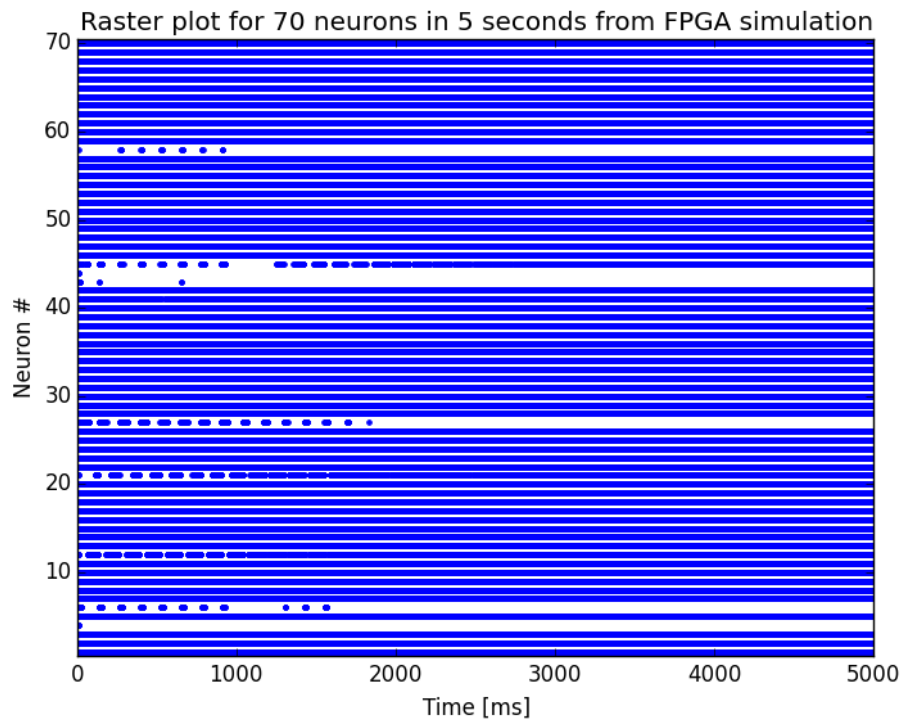


Figure 5.2 Raster Plot πειράματος 1 για δίκτυο με 70 νευρώνες σε 5sec προσομοίωσης

Παρακάτω παρατίθενται [Figure 5.3] [Figure 5.4] [Figure 5.5] [Figure 5.6] Raster Plots από προσομοιώσεις διάρκειας 2sec, με διαφορετική συνδεσμολογία και περισσότερες ενεργές συνάψεις από την αρχική προσομοίωση [Figure 5.2]. Το δίκτυο αποτελείται από 70 νευρώνες, συνολικά 2390 δένδριτες και 204382 ομάδες συνάψεων, από τις οποίες οι 164910 είναι συνδεδεμένες με κάποιο νευρώνα του δικτύου. Δόθηκαν διαφορετικά ερεθίσματα διάρκειας 1ms για την διεξαγωγή διαφορετικών πειραμάτων. Η συχνότητα εκπόλωσης του δικτύου σε όλες τις περιπτώσεις είναι στα 1kHz.

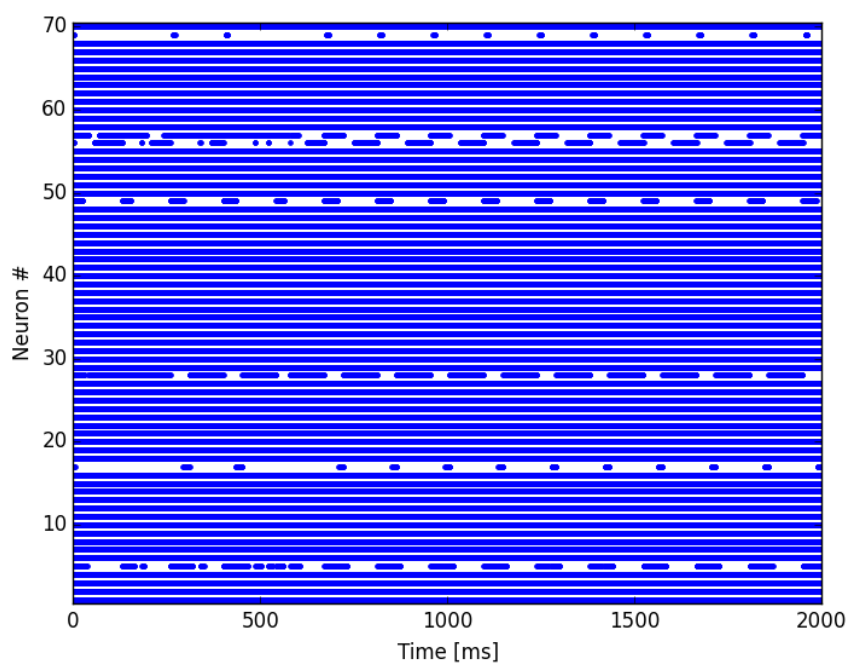


Figure 5.3 Raster Plot πειράματος 2.1 για δίκτυο με 70 νευρώνες σε 2sec προσομοίωσης.
Εξωτερικό ερέθισμα στους νευρώνες 1, 4, 6, 8, 10, 12 και 16.

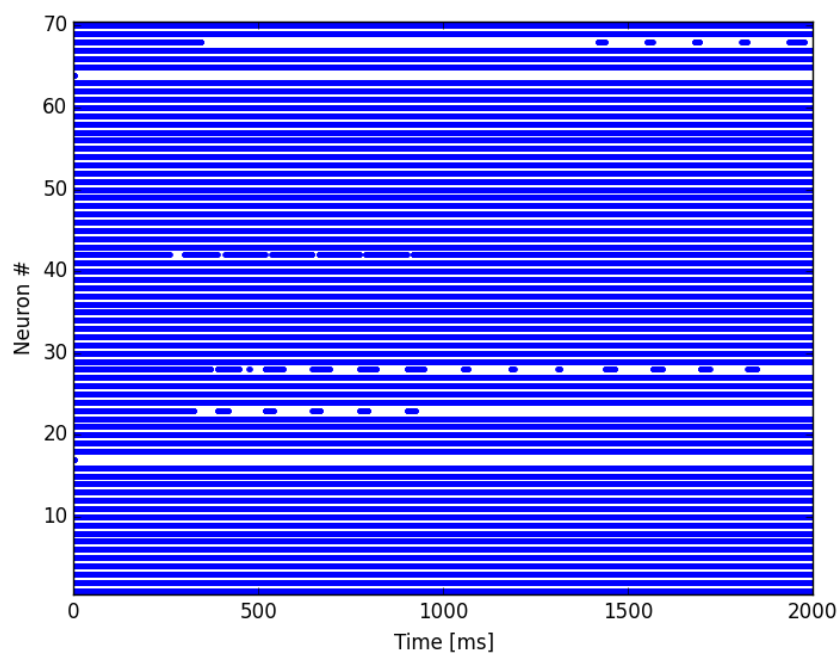


Figure 5.4 Raster Plot πειράματος 2.2 για δίκτυο με 70 νευρώνες σε 2sec προσομοίωσης.
Εξωτερικό ερέθισμα στους νευρώνες 1, 8, 12, 16, 18 και 19

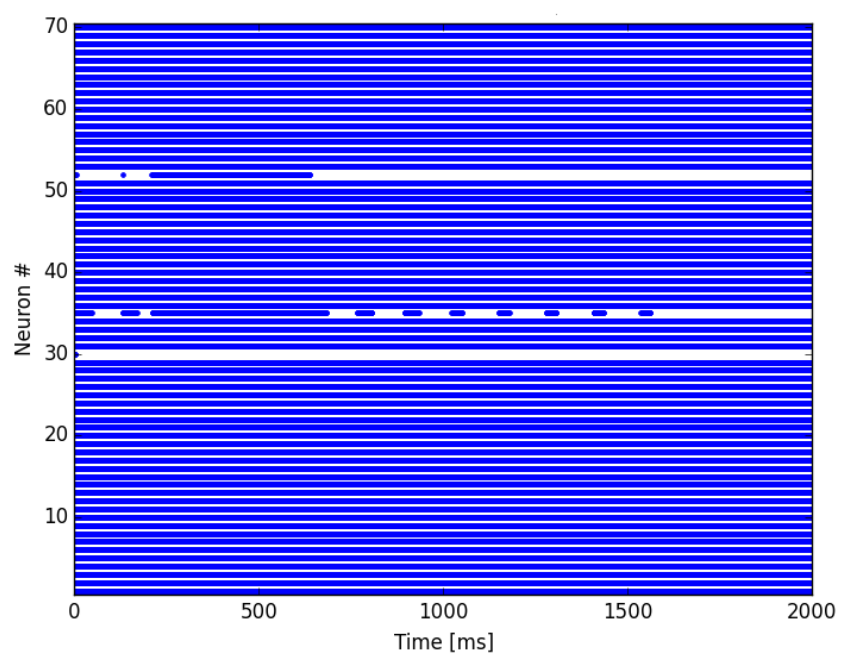


Figure 5.5 Raster Plot πειράματος 2.3 για δίκτυο με 70 νευρώνες σε 2sec προσομοίωσης. Εξωτερικό ερέθισμα στους νευρώνες 8, 10, 12, 13, 16 και 20.

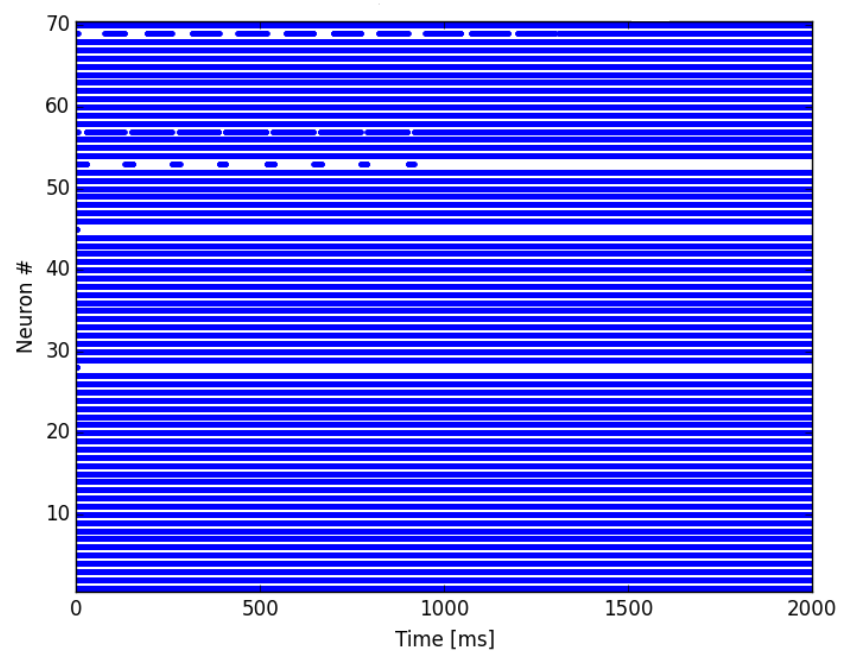


Figure 5.6 Raster Plot πειράματος 2.4 για δίκτυο με 70 νευρώνες σε 2sec προσομοίωσης. Εξωτερικό ερέθισμα στους νευρώνες 1, 4, 8, 12, 16, 20 και 21.

Ακόμα στις εικόνες [Figure 5.7][Figure 5.8] παρουσιάζεται το δυναμικό στο σώμα του νευρώνα κατά την διάρκεια της προσομοίωσης για τα πειράματα 2.4 και 2.3 αντίστοιχα.

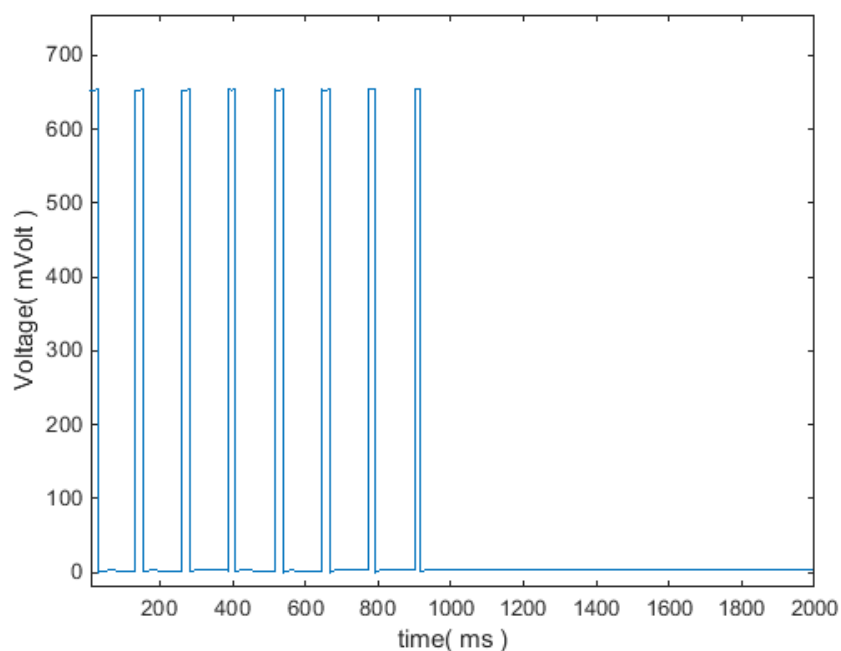


Figure 5.7 Καταγραφή δραστηριότητας του νευρώνα 54 του πειράματος 2.4.

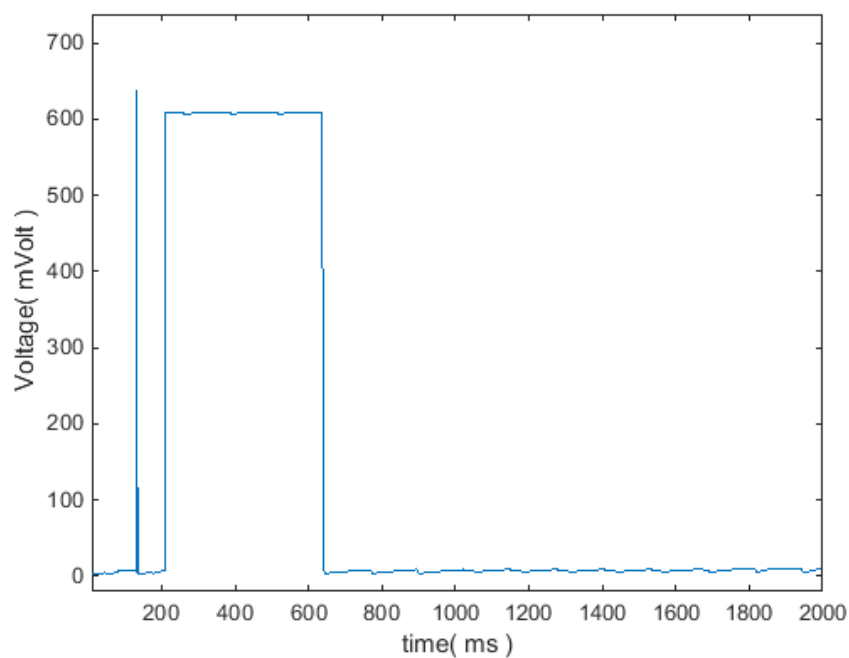


Figure 5.8 Καταγραφή δραστηριότητας του νευρώνα 53 του πειράματος 2.3.

Έπειτα από την αποτύπωση της σχεδίασης στην υβριδική πλατφόρμα, ο προσομοιωτής είναι ικανός να παράγει αποτελέσματα ανάλογα με τα δεδομένα εισόδου αλλά και να δεχτεί διαφορετικό εξωτερικό ερέθισμα για την διεξαγωγή διαφορετικών πειραμάτων. Ταυτόχρονα, δίνεται η δυνατότητα στο χρήστη να επιλέγει τον χρόνο προσομοίωσης του δικτύου, ώστε να τρέχει προσομοιώσεις, είτε λίγων ms, είτε αρκετών ωρών. Φυσικά, τα δεδομένα θα πρέπει να υπόκεινται σε κάποιους κανόνες, με πιο σημαντικούς ότι το ανώτατο όριο νευρώνων, δενδριτών ανά νευρώνα και συνάψεων ανά δενδρίτη είναι 70, 64 και 512 αντίστοιχα.

5.3 Επιβεβαίωση λειτουργίας και Σύγκριση Απόδοσης

Για την επιβεβαίωση των αποτελεσμάτων τα πειραματικά αποτελέσματα και τα δεδομένα εισόδου μελετήθηκαν από τους ερευνητές του εργαστηρίου υπολογιστής βιολογίας [40], όπου και επιβεβαίωσαν την ορθότητα τους.

Στην συνέχεια, πραγματοποιήθηκε σύγκριση επιδόσεων του συστήματος που υλοποιήθηκε σε hardware, σε σχέση με παρόμοιες προσομοιώσεις υλοποιημένες σε software. Η προσομοίωση, στον υβριδικό υπέρ-υπολογιστή της Convey με χρήση μίας FPGA, για ένα δίκτυο που αποτελείται από 70 νευρώνες, συνολικά 2278 δενδρίτες και 195103 ομάδες συνάψεων χρειάστηκε [Πίνακας 5.1]:

Χρόνος Προσομοίωσης	Πραγματικός χρόνος εκτέλεσης
5 sec	22,27 sec
30 sec	125,62 sec
60 sec	245,14 sec

Πίνακας 5.1 Χρόνοι εκτέλεσης δικτύου 70 νευρώνων σε FPGA.

Αντίστοιχα, μία προσομοίωση ενός πανομοιότυπου δικτύου νευρώνων, το οποίο υλοποιεί ίδιους μηχανισμούς σε επίπεδο σύναψης, δενδρίτη και νευρώνα, εκτελέστηκε σε ένα συμβατικό υπολογιστή με CPU Intel Core i5-3450(4cores,4 threads) @ 3.10 GHz, RAM: 8GB, Operating System: Linux Mint x64, kernel 3.18 (latest), χρειάστηκε [Πίνακας 5.2]:

Χρόνος Προσομοίωσης	Πραγματικός χρόνος εκτέλεσης
5 sec	800 sec
30 sec	4800 sec
60 sec	8000 sec

Πίνακας 5.2 Χρόνοι εκτέλεσης πανομοιότυπου δικτύου 70 νευρώνων σε συμβατικό υπολογιστή με CPU Intel Core i5-3450(4cores,4 threads) @ 3.10 GHz.

Ακόμα, έγινε μία σύγκριση με ένα δίκτυο που οι νευρώνες υλοποιούν λίγο πιο περίπλοκους μηχανισμούς αλλά από θέμα διαστασιολόγησης το δικτύου είναι πανομοιότυπο. Η συγκεκριμένη με υλοποίηση εκτελέστηκε σε συμβατικό υπολογιστή με CPU Intel i7 920(2 cores,8 threads) @ 3.4GHz . Ο παρακάτω [Πίνακας 5.3] συγκρίνει τον χρόνο προσομοίωσης με τον πραγματικό χρόνο εκτέλεσης.

Χρόνος Προσομοίωσης	Πραγματικός χρόνος εκτέλεσης
5 sec	1086 sec
30 sec	6822 sec
60 sec	14190 sec

Πίνακας 5.3 Χρόνοι εκτέλεσης πανομοιότυπου δικτύου 70 νευρώνων σε συμβατικό υπολογιστή με CPU Intel i7 920(2 cores,8 threads) @ 3.4GHz.

Με βάση τους παραπάνω χρόνους παρατηρείται ότι μια ίδια προσομοίωση, από θέμα μηχανισμών νευρώνων και διαστασιολόγησης δικτύου, στην FPGA είναι περίπου 35 φορές πιο γρήγορη από ένα συμβατικό υπολογιστή με 4 threads CPU. Επίσης, σε σχέση με μια προσομοίωση που υλοποιεί λίγο πιο περίπλοκους μηχανισμούς είναι περίπου 52 φορές πιο γρήγορη από ένα συμβατικό υπολογιστή με 8 threads CPU. Όμως, η τελευταία σύγκριση δεν είναι απόλυτα σωστή γιατί μπορεί η έκταση του δικτύου να είναι ίδια, όμως η λειτουργικότητα των νευρώνων είναι διαφορετική από την αντίστοιχη που υλοποιήθηκε στην FPGA.

Η παρακάτω εικόνα [Figure 5.9] αναπαριστά γραφικά τους χρόνους που αναφέρθηκαν. Παρατηρείται μία γραμμική αύξηση των χρόνων εκτέλεσης τόσο των προσομοιώσεων που έτρεξαν σε συμβατικούς υπολογιστές, όσο και αυτών που έτρεξαν στο Convey HC-2.

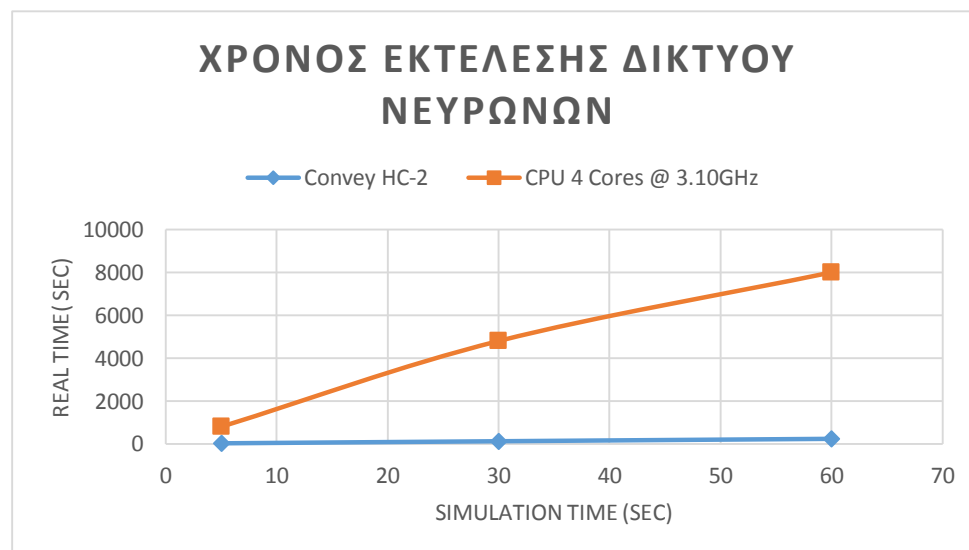


Figure 5.9 Κοινό διάγραμμα χρόνου εκτέλεσης δικτύου 70 νευρώνων για διαφορετικούς χρόνους προσομοίωσης.

Κεφάλαιο 6

Συμπεράσματα και Μελλοντική Εργασία

Στο τελευταίο αυτό κεφάλαιο πραγματοποιείται μια τελική αποτίμηση της σχεδίασης και παρουσιάζονται προτάσεις για το μέλλον που αποσκοπούν στην βελτίωση της υπάρχουσας υλοποίησης τόσο στον τομέα των επιδόσεων όσο και την περεταίρω ανάπτυξη της βιολογικής συμπεριφοράς του προσομοιωτή.

6.1 Συμπεράσματα

Σε αυτή την διπλωματική εργασία έγινε μελέτη και ανάλυση ενός δικτύου από βιολογικούς νευρώνες. Κατανοήθηκαν έννοιες, ξένες προς τον τομέα της αρχιτεκτονικής υπολογιστών, με σκοπό την υλοποίηση ενός προσομοιωτή που θα είναι ικανός να παράγει γρηγορότερα αποτελέσματα από αντίστοιχους, υλοποιημένους σε software. Σε όλη αυτή την προσπάθεια κατανόησης των βιολογικών εννοιών, καταλυτικό ρόλο είχαν οι ερευνητές του εργαστηρίου υπολογιστής βιολογίας [40]. Σκοπός ήταν η δημιουργία ενός, όσο το δυνατόν, παραμετροποιήσιμου προσομοιωτή ο οποίος θα ενσωματωθεί στον υβριδικό υπέρ-υπολογιστή της Convey, και θα δώσει την δυνατότητα στους ερευνητές της απομακρυσμένης χρήσης του. Η εκμετάλλευση των πλεονεκτημάτων της αναδιατασσόμενης λογικής, είχε σαν αποτέλεσμα την σχεδίαση ενός δικτύου νευρώνων που ανταποκρίνεται σε βασικές βιολογικές λειτουργίες. Έτσι, επιβεβαιώθηκε η συνεισφορά των FPGAs σε ένα ακόμα επιστημονικό κλάδο. Η πλατφόρμα της Convey είχε καταλυτικό ρόλο στο τελικό αποτέλεσμα, εξαιτίας της εξελιγμένης διεπαφής για την επικοινωνία της FPGA με την εξωτερική μνήμη. Το τελικό σύστημα που υλοποιήθηκε είναι έτοιμο να προσομοιώσει μεγάλης έκτασης δίκτυα νευρώνων, ενώ ενσωματώνει βασικές λειτουργίες ενός βιολογικού νευρώνα.

6.2 Μελλοντική Εργασία

Όπως αναφέρθηκε, αυτή η διπλωματική εργασία αποτελεί ένα πρώτο βήμα για την ενασχόληση με τον τομέα της υπολογιστικής βιολογίας με δένδριτες, έτσι επιδέχεται βελτιώσεις σε αρκετά σημεία τόσο σε βιολογικό επίπεδο, αλλά και σε επίπεδο υλοποίησης στο hardware.

Πιο συγκεκριμένα, μια από τις πιο σημαντικές επεκτάσεις της παρούσας υλοποίησης, είναι η αξιοποίηση και των 4 FPGAs της πλατφόρμας Convey. Έτσι, θα μπορεί να αυξηθεί ο μέγιστος

αριθμός νευρώνων του δικτύου έως και 4 φορές, δίνοντας την δυνατότητα για προσομοίωση πάνω από 200 νευρώνων.

Ακόμα, το σύστημα επιδέχεται βελτίωση και σε επίπεδο επίδοσης, με υλοποίηση κάποιων επιμέρους μηχανισμών. Κατ' αρχάς, η υπάρχουσα σχεδίαση δεν εκμεταλλεύεται και τα 64bit δεδομένων κατά την διαδικασία της ενημέρωσης συνδεσμολογίας των νευρώνων. Έτσι, μια λύση που μπορεί να δώσει έως και 2 φορές καλύτερους χρόνους σε σχέση με τους ήδη υπάρχοντες, είναι η αξιοποίηση και των 64bits, σε συνδυασμό με την υλοποίηση δύο «μηχανών» που θα δέχονται δεδομένα για ενημέρωση συνάψεων. Η λύση αυτή είναι εφικτή εξαιτίας της ανεξαρτησίας μεταξύ των δεδομένων εισόδου. Άλλη μια βελτίωση στην ίδια λειτουργία, είναι η μεταπήδηση των νευρώνων που δεν έχουν πυροδοτήσει αιχμή. Όταν ένας νευρώνας δεν έχει πυροδοτήσει αιχμή, σημαίνει ότι οι συνάψεις που είναι συνδεδεμένες δεν θα ενεργοποιηθούν, άρα στην πραγματικότητα δεν θα έπρεπε να ενημερωθούν. Έτσι, η μεταπήδηση block νευρώνων θα βελτίωνε αισθητά τον χρόνο προσομοίωσης, αφού η λειτουργία της ενημέρωσης διεξάγεται σε κάθε βήμα προσομοίωσης. Επίσης, στην λειτουργία του υπολογισμού, που και αυτή διεξάγεται σε κάθε βήμα προσομοίωσης, η ανάπτυξη ενός μηχανισμού παράληψης υπολογισμού των ανενεργών συνάψεων και δενδριτών θα ήταν αρκετά σημαντική βελτίωση. Ακόμα, η παραλληλοποίηση σε επίπεδο δενδριτών, είναι μια ελπιδοφόρα προσθήκη.

Η αξιοποίηση και των 14 ελεγκτών μνήμης, κατά την ανάγνωση δεδομένων από την εξωτερική μνήμη, είναι άλλη μια βελτίωση στον τομέα των επιδόσεων. Από την άλλη πλευρά, η υλοποίηση επιπλέον λεπτομέρειας σε επίπεδο νευρώνων, δενδριτών και συνάψεων είναι ίσως η σημαντικότερη προσθήκη που μπορεί να πραγματοποιηθεί στο μέλλον. Μηχανισμοί εκπαίδευσης της συμπεριφοράς των νευρώνων, σε συνδυασμό με δυναμική παραμετροποίηση, τόσο των συναπτικών βαρών, όσο και της συνδεσιμότητας θα οδηγήσουν το μοντέλο σε καλύτερα επίπεδα αληθοφάνειας.

Αναφορές

- [1] W. Gerstner, Spiking neuron models: Single neurons, populations, plasticity, Cambridge University Press, 2002.
- [2] S. Ramón y Cajal, Histologie du système nerveux de l'homme & des vertébrés, vol. 1, Paris : Maloine, 1909, p. 1014.
- [3] W. S. McCulloch and W. Pitts, "A logical calculus of the ideas immanent in nervous activity," in *The bulletin of mathematical biophysics*, vol. 5, 1943, p. 15–133.
- [4] http://el.wikipedia.org/wiki/%CE%9D%CE%B5%CF%85%CF%81%CF%89%CE%BD%CE%B9%CE%BA%CF%8C_%CE%B4%CE%AF%CE%BA%CF%84%CF%85%CE%BF.
- [5] G. Wulfram and W. Werner, Spiking Neuron Models, Cambridge: Cambridge University Press, 2002.
- [6] P. Poirazi, T. Brannon and B. W. Mel, "Network, Pyramidal Neuron as Two-Layer Neural," in *Neuron*, vol. 37, Cell Press, March 27, 2003, p. 989–999.
- [7] T. Hill, The benefits of fpga coprocessing, vol. 3rd Qtr, Xcell Journal, pp. 29-31.
- [8] D. B. Thomas and W. Luk, "FPGA accelerated simulation of biologically plausible spiking neural networks," in *Proc. IEEE Symp. Field-Programmable Custom Computing Machines (FCCM)*, 5–7 April 2009.
- [9] K. Cheung, S. R. Schultz and P. H. W. Leong, "A parallel spiking neural network simulator," in *Proceedings of the IEEE International Conference on Field-Programmable Technology (FPT'09)*, p. 247–254, 2009.
- [10] K. Cheung, S. R. Schultz and W. Luk, "Large-scale spiking neural network accelerator for FPGA systems.," in *Proceedings of the International Conference on Artificial Neural Networks and Machine Learning (ICANN'12)*, pp. 113-120, 2012.
- [11] S. Moore, P. Fox, S. Marsh, A. Markettos and A. Mujumdar, "Bluehive—a field-programmable custom computing machine for extreme-scale real-time neural network simulation," in *Proceedings of the 10th Annual IEEE Symposium on Field-Programmable Custom Computing Machines (FCCM'12)*, p. 133–140, 2012.
- [12] P. J. Fox and S. W. Moore, "Efficient handling of synaptic updates in FPGA-Based large-scale neural network simulations". in *Proceedings of the Workshop on Neural Engineering using Reconfigurable Hardware, Held in Conjunction*.
- [13] http://psi-gr.tripod.com/choc_20_app_neuro.html.
- [14] <http://www.ib.bioninja.com.au/standard-level/topic-6-human-health-and/65-nerves-hormones-and.html>.
- [15] L. A. Hodgkin and F. A. Huxley, "A quantitative description of membrane current and its application to conduction and excitation in nerve," *The Journal of physiology* 117, vol. 117, p. 500–544, 28 August 1952.
- [16] F. L. Abbotta, "Lapicque's introduction of the integrate-and-fire model neuron (1907)," in *Brain Research Bulletin*, vol. 50, 1999, pp. 303-304.

-
- [17] Ying-Hui Liu και Xiao-Jing Wang, «Spike-Frequency Adaptation of a Generalized Leaky Integrate-and-Fire Model Neuron,» *Journal of Computational Neuroscience*, τόμ. 10, pp. 25-45, January 2001.
 - [18] G. D. Smith, C. L. Cox, M. S. Sherman and J. Rinzel, "Fourier Analysis of Sinusoidally Driven Thalamocortical Relay Neurons and a Minimal Integrate-and-Fire-or-Burst Model," *Journal of Neurophysiology*, pp. 588-610, 1 January 2000.
 - [19] N. Brunel and P. Latham, "Firing Rate of the Noisy Quadratic Integrate-and-Fire Neuron," in *Neural Computation*, 2003, pp. 2281-2306.
 - [20] M. E. Izhikevich, "Simple Model of Spiking Neurons," *IEEE TRANSACTIONS ON NEURAL NETWORKS*, vol. 14, NOVEMBER 2003.
 - [21] E. M. Izhikevich, "Which model to use for cortical spiking neurons?," *IEEE TRANSACTIONS ON NEURAL NETWORKS*, vol. 15, no. 5, pp. 1063-1070, SEPTEMBER 2004.
 - [22] <http://neuron.duke.edu>.
 - [23] <http://www.genesis-sim.org/GENESIS>.
 - [24] <http://www-ra.informatik.uni-tuebingen.de/SNNS>.
 - [25] N. H. Goddard, K. J. Lynne and T. Mintz, "The Rochester Connectionist Simulator," Computer Science Department, University of Rochester, 1988.
 - [26] A. Delorme and S. J. Thorpe, "Spikenet: an event-driven simulation package for modelling large networks of spiking neurons," in *Network: Computation in Neural Systems*, vol. 14, 2003, pp. 613-627.
 - [27] C. Grassmann and J. K. Anlauf, "Fast digital simulation of spiking neural networks and neuromorphic integration with SPIKELAB," in *Proceedings of the International Journal of Neural Systems*, 1999, p. 473–478.
 - [28] <http://darwin.ucd.ie/milligan>.
 - [29] A. Jahnke, U. Roth and H. Klar, "A SIMD/dataflow architecture for a neurocomputer for spike-processing neural networks (NESPINN)," in *Proceedings of the Fifth International Conference on Microelectronics for Neural Networks*, p. 232–237, 1996.
 - [30] T. Schoenauer, N. Mehrtash, A. Jahnke and H. Klar, "MASPINN: novel concepts for a neuro-accelerator for spiking neural networks," in *Proceedings of the Ninth Workshop on Virtual Intelligence/Dynamic Neural Networks(VIDYNN'98)*, 1998.
 - [31] C. Wolff, G. Hartmann and U. Ruckert, "ParSPIKE - a parallel DSP-accelerator for dynamic simulation of large spiking neural networks," in *Proceedings of the Seventh International Conference on Microelectronics for Neural, Fuzzy and Bio-Inspired Systems(MicroNeuro'99)*, pp. 324 - 331, 1999.
 - [32] G. Hartmann, G. Frank, M. Schaefer and C. Wolff, "SPIKE128K—an accelerator for dynamic simulation of large pulse-coded networks," in *Proceedings of the 6th International Conference on Microelectronics for Neural Networks, Evolutionary & Fuzzy Systems(MicroNeuro'99)*, pp. 130-139, 1997.
 - [33] D. Roggen, S. Hofmann, Y. Thoma and D. Floreano, "Hardware spiking neural network with run-time reconfigurable connectivity in an autonomous robot," in *Proceedings of the NASA/DoD Conference on Evolvable Hardware*, 2003.
 - [34] A. Upegui, C. A. Peñ a-Reyes and E. Sanchez, "A functional spiking neuron hardware oriented model," in *Proceedings of Artificial Neural Networks(IWANN'03)*, p. 136–143, 2003.

-
- [35] E. Ros, E. M. Ortigosa, R. Agis, R. Carrillo και M. Arnold, «Real-time computing platform for spiking neurons (RT-spike),» *IEEE Transactions on Neural Networks*, pp. 1050-1063, 2006.
- [36] H. H. Hellmich και H. Klar, «SEE: a concept for an FPGA based emulation engine for spiking neurons with adaptive weights,» *in Proceedings of the 5th WSEAS International Conference on Neural Networks Applications (NNA '04)*, p. 930–935, 2004.
- [37] E. L. Graas, E. A. Brown and R. H. Lee, "An FPGA-based approach to high-speed simulation of conductance-based neuron models," *in Neuroinformatics*, 417-436, 2000, pp. 417-436.
- [38] S. Maya, R. Reynoso, C. Torres and M. Arias Estrada, "Compact spiking neural network implementation in FPGA," *in Proceedings of the 10th International Workshop on Field-Programmable Logic and Applications, The Roadmap to Reconfigurable Computing(FPT'00)*, pp. 270-276, 2000.
- [39] <http://wikis.ece.iastate.edu/cpre584/images/6/64/ConveyPDKReferenceManual.pdf>.
- [40] <http://www.dendrites.gr>.
- [41] E. Ros, E. M. Ortigosa, R. Agis, R. Carrillo and M. Arnold, "Real-time computing platform for spiking neurons (RT-spike)," *IEEE Transactions on Neural Networks*, pp. 1050-1063, 2006.
- [42] H. H. Hellmich and H. Klar, "SEE: a concept for an FPGA based emulation engine for spiking neurons with adaptive weights," *in Proceedings of the 5th WSEAS International Conference on Neural Networks Applications (NNA '04)*, p. 930–935, 2004.