



Αριστοτέλειο Πανεπιστήμιο Θεσσαλονίκης
Τμήμα Ηλεκτρολόγων Μηχανικών και Μηχανικών Ηλεκτρονικών
Υπολογιστών

Project

Γενετικοί Αλγόριθμοι

Μάθημα: Τεχνικές Βελτιστοποίησης
Επιβλέπων Καθηγητής: Γεώργιος Ροβιθάκης
Φοιτήτρια: Γκαβανόζη Κωνσταντίνα
ΑΕΜ: 9993

Περιεχόμενα

1. Εισαγωγή	3
Περιγραφή του προβλήματος	3
2. Γενετικοί Αλγόριθμοι	3
2.1 Περιγραφή	3
2.2 Περιγραφή Διαδικασιών Γενετικού Αλγορίθμου	4
2.2.1 Κωδικοποίηση Γονιδίων	4
2.2.2 Χρωμοσώματα	4
2.2.3 Συνάρτηση Ικανότητας (Fitness Function)	4
2.2.4 Συνάρτηση Επιλογής (Selection)	5
2.2.5 Συνάρτηση Διασταύρωσης (Crossover)	5
2.2.6 Συνάρτηση Μετάλλαξης (Mutate)	5
3. Πειραματικά Αποτελέσματα	6
4. Παρατηρήσεις	8

1. Εισαγωγή

Περιγραφή του προβλήματος

Σε αυτή την αναφορά γίνεται χρήση ενός γενετικού αλγορίθμου με σκοπό τον προσδιορισμό της αναλυτικής έκφρασης της συνάρτησης f που είναι συνεχής συνάρτηση των u_1 και u_2 . Στο πλαίσιο της αναφοράς αυτής θεωρείται στατικό σύστημα δύο εισόδων, u_1 και u_2 , και μίας εξόδου y που περιγράφεται από την σχέση:

$$y = f(u_1, u_2)$$

Προκειμένου να προσδιοριστεί η f , χρησιμοποιούνται μετρήσεις εισόδου – εξόδου καθώς και κατάλληλα σχεδιασμένος γραμμικός συνδυασμός γκαουσιανών συναρτήσεων της μορφής:

$$G(u_1, u_2) = e^{-\left(\frac{(u_1 - c_1)^2}{2\sigma_1^2} + \frac{(u_2 - c_2)^2}{2\sigma_2^2}\right)}$$

2. Γενετικοί Αλγόριθμοι

2.1 Περιγραφή

Οι Γενετικοί Αλγόριθμοι αποτελούν τεχνικές ολικής βελτιστοποίησης και χρησιμοποιούνται ευρέως σε προβλήματα όπου η αναλυτική έκφραση της συνάρτησης είναι άγνωστη. Ως φιλοσοφία οι γενετικοί αλγόριθμοι προσομοιώνουν τις γενετικές πληροφορίες που είναι κωδικοποιημένες και αποθηκευμένες στο DNA. Πιο αναλυτικά κάθε πιθανή λύση του αλγορίθμου ονομάζεται χρωμόσωμα, όπως και στο DNA. Κάθε παράμετρος του χρωμοσώματος κωδικοποιείται σε δυαδική μορφή. Το σύνολο των χρωμοσωμάτων (λύσεων) του προβλήματος αποτελούν τον πληθυσμό. Ο πληθυσμός αυτός υφίσταται συνεχείς γενετικές εξελίξεις όπως και στη βιολογία καθώς εξελίσσεται και περνάει από τη μια γενιά στην άλλη. Οι εξελίξεις αυτές επιτυγχάνονται με τις τεχνικές της επιλογής, διασταύρωσης και μετάλλαξης. Πιο συγκεκριμένα επιλέγονται δύο χρωμοσώματα, γονείς, που διασταυρώνονται μεταξύ τους και δημιουργούν δύο νέους απογόνους. Οι απόγονοι αυτοί στη συνέχεια με μικρή πιθανότητα υφίστανται κάποιες μεταλλάξεις και έπειτα με τη βοήθεια της συνάρτησης ικανότητας αξιολογείται το πόσο ικανοί είναι. Τα χρωμοσώματα με την μεγαλύτερη ικανότητα περνάνε στην επόμενη γενιά όπου με τη σειρά τους μπορούν να αξιοποιηθούν ως γονείς.

2.2 Περιγραφή Διαδικασιών Γενετικού Αλγορίθμου

2.2.1 Κωδικοποίηση Γονιδίων

Ο πιο συνηθισμένος τρόπος κωδικοποίησης των γονιδίων είναι με τη χρήση του δυαδικού συστήματος δηλαδή κωδικοποίηση του κάθε γονιδίου σε 0 και 1. Όμως στο πλαίσιο αυτής της αναφοράς γίνεται χρήση πραγματικών αριθμών για την κωδικοποίηση των παραμέτρων του κάθε χρωμοσώματος. Αυτό συμβαίνει επειδή οι παράμετροι του κάθε χρωμοσώματος είναι το πλάτος, τα κέντρα και οι τυπικές αποκλίσεις των γκαουσιανών συναρτήσεων. Κάθε μια από αυτές τις παραμέτρους έχει ένα συγκεκριμένο εύρος τιμών που φαίνεται παρακάτω:

- Πλάτος A παίρνει τιμές με βάση την παρακάτω σχέση

$$f_{min} \leq A \leq f_{max}$$

Όπου f_{min} και f_{max} η ελάχιστη και η μέγιστη τιμή της f αντίστοιχα.

- Κέντρα (centers) c_1, c_2 με πεδία ορισμού που συμβαδίζουν με την δοθείσα συνάρτηση.
- Τυπική απόκλιση σ που παίρνει τιμές στο διάστημα (0.2, 1.3)

Τέλος στο κάθε χρωμόσωμα αποθηκεύεται και η ικανότητα του χρωμοσώματος που προκύπτει από τη συνάρτηση ικανότητας.

2.2.2 Χρωμοσώματα

Όπως αναφέρθηκε και παραπάνω τα χρωμοσώματα αποτελούν πιθανές λύσεις του προβλήματος. Προκειμένου να δημιουργηθούν τα χρωμοσώματα, χρειάζεται πρώτα να οριστεί η πιθανότητα διασταυρώσεων καθώς επίσης και η πιθανότητα μετάλλαξής τους. Επειδή ο αλγόριθμος που εκτελείται είναι γενετικός η πιθανότητα διασταύρωσης είναι μεγαλύτερη από αυτή της μετάλλαξης. Πιο συγκεκριμένα στο πλαίσιο αυτής της αναφοράς χρησιμοποιείται πιθανότητα διασταύρωσης ίση με 0.8 και πιθανότητα μετάλλαξης ίση με 0.1. Τέλος είναι σημαντικό να οριστεί εκ των προτέρων ο αριθμός των χρωμοσωμάτων που θα μπορούν να περνάνε από τη μία γενιά στην επόμενη.

2.2.3 Συνάρτηση Ικανότητας (Fitness Function)

Προκειμένου να ελεγχθεί το πόσο κοντά είναι στο επιθυμητό σύστημα η εκάστοτε προτεινόμενη λύση (χρωμόσωμα), ορίζεται μια συνάρτηση ικανότητας. Οι λύσεις που κρίνονται περισσότερο ικανές μέσω της συνάρτησης ικανότητας περνάνε στην επόμενη γενιά. Στην παρούσα εργασία ως δείκτης καταλληλότητας της λύσης χρησιμοποιήθηκε το μέσο σφάλμα.

2.2.4 Συνάρτηση Επιλογής (Selection)

Ο ρόλος αυτής της συνάρτησης είναι η επιλογή δύο γονέων που θα χρησιμοποιηθούν για να δημιουργηθούν οι νέοι απόγονοι. Όλα τα χρωμοσώματα που ανήκουν σε μια γενιά είναι υποψήφιοι γονείς. Προκειμένου όμως να είναι ο αλγόριθμος αποτελεσματικός, αφού τα χρωμοσώματα αξιολογηθούν μέσω της συνάρτησης ικανότητας, η ικανότητα του κάθε χρωμοσώματος μεταφράζεται σε πιθανότητα. Δηλαδή όσο πιο ικανό το χρωμόσωμα τόσο μεγαλύτερη η πιθανότητα του να χρησιμοποιηθεί ως γονέας. Η επιλογή των γονέων γίνεται χρησιμοποιώντας τη λογική του τροχού της τύχης. Πιο αναλυτικά, προσομοιάζεται το πλήθος των χρωμοσωμάτων με μια πίτα. Όσο μεγαλύτερη η πιθανότητα του χρωμοσώματος τόσο μεγαλύτερο και το κομμάτι που καταλαμβάνει στην πίτα. Γυρνώντας τον τροχό επιλέγονται τυχαία δύο γονείς του οποίους επιστρέφει και η συνάρτηση. Η συνάρτηση αναπτύχθηκε με τέτοιο τρόπο ώστε να εξασφαλίζεται ότι οι γονείς είναι δύο διαφορετικά χρωμοσώματα.

2.2.5 Συνάρτηση Διασταύρωσης (Crossover)

Η συνάρτηση αυτή χρησιμοποιεί τους δύο γονείς που επιλέχθηκαν με την παραπάνω διαδικασία με σκοπό την παραγωγή δύο απογόνων. Κάθε απόγονος προκύπτει από τον συνδυασμό των δύο γονέων. Πιο αναλυτικά, επιλέγεται τυχαία ένα σημείο διασταύρωσης (`crossover_point`), το οποίο είναι το ίδιο στον κάθε γονέα. Οι νέοι απόγονοι προκύπτουν κρατώντας αμετάβλητα τα γονίδια του κάθε γονέα μέχρι το σημείο διασταύρωσης και μετά από αυτό το σημείο τα γονίδια του ενός γονέα ανταλλάσσονται με αυτά του άλλου γονέα.

2.2.6 Συνάρτηση Μετάλλαξης (Mutate)

Η συνάρτηση μετάλλαξης προσθέτει ποικιλία στον πληθυσμό εισάγοντας τυχαίες αλλαγές στα γονίδια των ατόμων. Αυτό βοηθάει στην εξερεύνηση νέων λύσεων και στην αποφυγή της σύγκλισης σε μία λύση που δεν είναι η βέλτιστη. Στην παρούσα αναφορά οι μεταλλάξεις που υφίστανται τα γονίδια είναι τυχαίες αλλά εντός των ορίων μέσα στα οποία κυμαίνεται η κάθε μεταβλητή.

3. Πειραματικά Αποτελέσματα

Για την διεξαγωγή του πειράματος και την παραγωγή δεδομένων εισόδου-εξόδου, χρησιμοποιείται η παρακάτω συνάρτηση

$$f(u_1, u_2) = \sin(u_1 + u_2) * \sin(u_2^2)$$

Όπου $u_1 \in [-1, 2]$ και $u_2 \in [-2, 1]$.

Σκοπός του πειράματος αυτού είναι χρησιμοποιώντας τον τύπο της γκαουσιανής συνάρτησης που δίνεται στην εισαγωγή και χρησιμοποιώντας μέχρι 15 συναρτήσεις να προσδιοριστεί η αναλυτική έκφραση της f . Επειδή ο τύπος που δόθηκε παραπάνω για τις γκαουσιανές παίρνει μόνο θετικές τιμές, γεγονός που δυσχεραίνει τον γενετικό αλγόριθμο μειώνοντας την ακρίβειά του, στο πλαίσιο αυτής της εργασίας χρησιμοποιείται ο παρακάτω τύπος για τις γκαουσιανές συναρτήσεις:

$$G(u_1, u_2) = A * e^{-\left(\frac{(u_1 - c_1)^2}{2\sigma_1^2} + \frac{(u_2 - c_2)^2}{2\sigma_2^2}\right)}$$

Ο τελεστής A συμβάλει στο να παίρνει ο αλγόριθμος τόσο θετικές όσο και αρνητικές τιμές.

Για την εκτέλεση του αλγορίθμου ορίζεται το μέγεθος του πληθυσμού να είναι 150, ο αριθμός των γενεών είναι 10000, η πιθανότητα μετάλλαξης ορίζεται στο 0.3 ενώ η πιθανότητα διασταύρωσης είναι ίση με 0.8.

Για τον προσδιορισμό της f χρησιμοποιούνται και οι 15 γκαουσιανές συναρτήσεις. Οι τιμές που παίρνουν οι παράμετροι φαίνονται στον παρακάτω πίνακα.

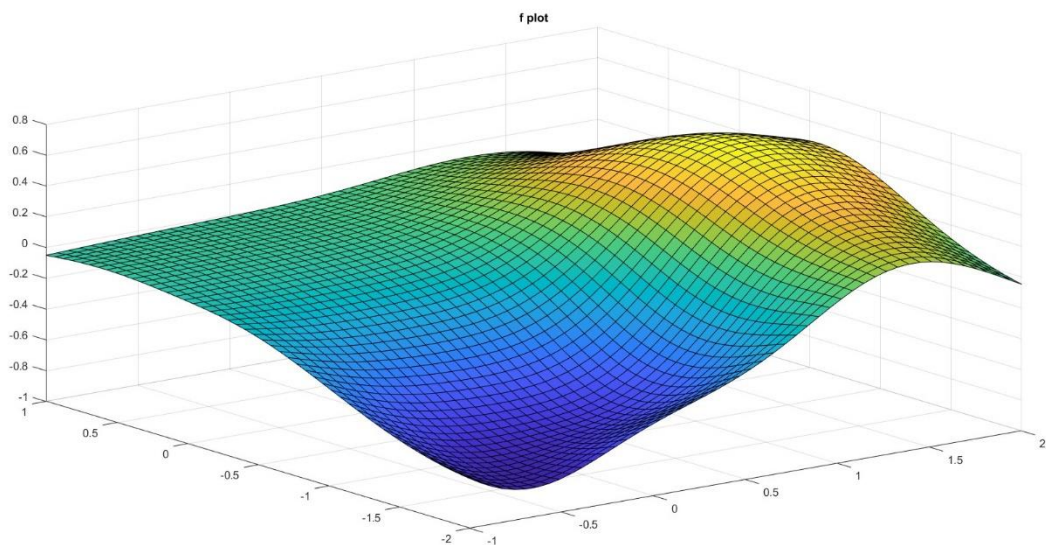
gaussianNames	A	center1	center2	sigma1	sigma2
{'1st Gaussian' }	-0.70106	-1.3436	-1.7475	1.0325	0.47364
{'2nd Gaussian' }	-0.45842	3.0467	1.4561	0.42486	0.45248
{'3rd Gaussian' }	-0.8901	1.0661	-3.9701	0.29355	0.70163
{'4th Gaussian' }	-0.31012	2.6813	1.7625	0.20008	0.61587
{'5th Gaussian' }	0.41467	0.42802	1.4314	0.58611	0.80137
{'6th Gaussian' }	-0.56854	3.0477	1.5841	1.0459	0.41056
{'7th Gaussian' }	-0.65991	-0.36216	-0.6927	0.61134	0.69966
{'8th Gaussian' }	0.64005	2.7755	-3.9793	0.52402	0.52846
{'9th Gaussian' }	-0.43758	-2.1137	0.0038821	0.43388	0.40403
{'10th Gaussian' }	-0.40859	-1.3411	1.8093	1.0303	0.63114
{'11th Gaussian' }	-0.3279	2.6102	-3.9696	0.49315	1.2885
{'12th Gaussian' }	0.089078	-2.1829	-3.5743	0.35204	0.39491
{'13th Gaussian' }	0.56189	-0.0068298	0.29653	1.0772	0.48043
{'14th Gaussian' }	0.13303	2.5931	2.4746	1.0215	0.87913
{'15th Gaussian' }	-0.57188	-2.6051	-3.1902	1.0565	0.64953

Για να βρεθεί η ακριβής έκφραση της f χρησιμοποιείται ο τύπος:

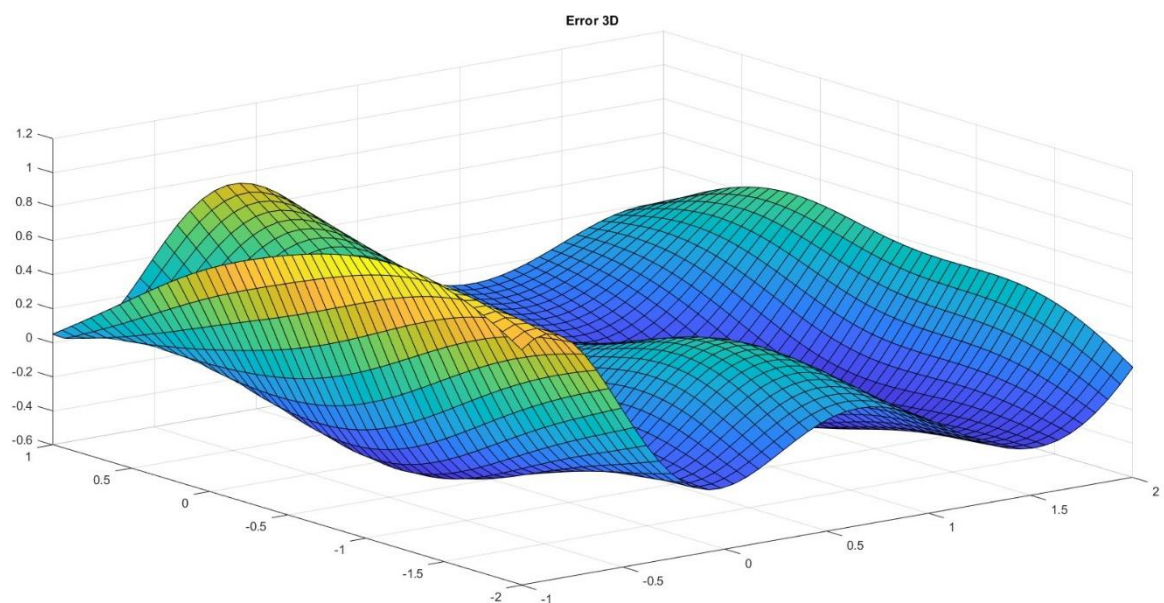
$$G_i(u_1, u_2) = A_i * e^{-\left(\frac{(u_1 - c_{1i})^2}{2\sigma_{1i}^2} + \frac{(u_2 - c_{2i})^2}{2\sigma_{2i}^2}\right)}$$

$$f(u_1, u_2) = \sum_{i=1}^{15} G_i(u_1, u_2)$$

Η αναπαράσταση της f σύμφωνα με τις παραπάνω τιμές είναι η εξής:

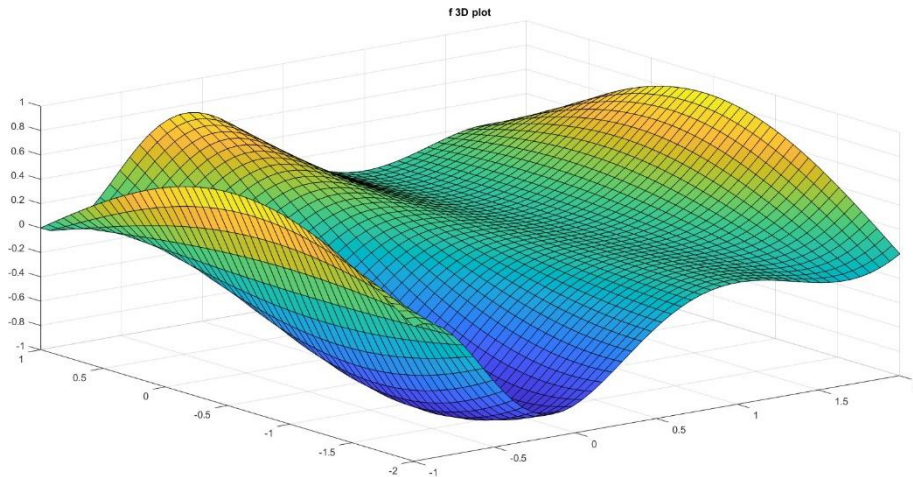


Τέλος στο παρακάτω διάγραμμα φαίνεται το σφάλμα



4. Παρατηρήσεις

Μετά το πέρας των επαναλήψεων και σύμφωνα με τη δοθείσα συνάρτηση το αποτέλεσμα θα έπρεπε να πλησιάζει την παρακάτω μορφή.



Παρατηρείται ότι ο αλγόριθμος που αναπτύχθηκε πλησιάζει αυτή τη μορφή χωρίς να έχει όμως πολύ μεγάλη ακρίβεια. Πιο συγκεκριμένα εντοπίζει ορθά το ολικό ελάχιστο και το ολικό μέγιστο, ωστόσο αδυνατεί να πλαισιώσει τα τοπικά ακρότατα της συνάρτησης με αποτέλεσμα αυτή να αναπαρίσταται πιο επίπεδη από ότι πραγματικά είναι.

Αντιμετωπίστηκαν προβλήματα κατά τη διάρκεια της επιλογής όπου και αναπτύχθηκε κώδικας προκειμένου ο αλγόριθμος να μην εγκλωβίζεται μέσα σε ατέρμονα βρόχο. Πέρα από τη συνάρτηση επιλογής οι υπόλοιπες συναρτήσεις που απαρτίζουν τον αλγόριθμο λειτουργούν ικανοποιητικά και οδηγούν σε σωστή εκτέλεση του γενετικού αλγορίθμου. Συνοψίζοντας η προσέγγιση του αλγορίθμου είναι σχετικά ικανοποιητική και δίνει μια χαμηλής πολυπλοκότητας αναλυτική έκφραση της f .