

A dark blue vertical bar on the left side of the page. A blue arrow points to the right from this bar, containing the date.

27/12/2023

Τεχνικές Βελτιστοποίησης

Project

Several thin, curved lines in dark blue and light grey that sweep upwards from the bottom left corner of the page.

Μάριος Τζαμτζής ΑΕΜ: 10038

ΕΙΣΑΓΩΓΗ

Αντικείμενο της εργασίας είναι η σχεδίαση ενός γενετικού αλγορίθμου για την προσέγγιση μιας συνάρτησης $f(u_1, u_2)$ της οποίας δεν γνωρίζουμε την αναλυτική μορφή παρά μόνο το ότι είναι συνεχής. Η ζητούμενη προσέγγιση θα γίνει με την σχεδίαση ενός γενετικού αλγορίθμου και θα βασιστεί σε γραμμικό συνδυασμό 15 Γκαουσιανών συναρτήσεων της μορφής:

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

Η άγνωστη αυτή συνάρτηση f είναι η :

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

$$u_1 \in [-1, 2],$$

$$u_2 \in [-2, 1].$$

Ο τύπος της μας δίνεται μόνο για να συλλέξουμε τα σημεία αυτά αλλά και για να αξιολογήσουμε τα αποτελέσματά μας.

Η αναλυτική έκφραση που θα προσδιορίσουμε θα συμβολίζεται με \hat{f} .

Η \hat{f} γράφεται ως εξής:

$$\hat{f} = a_1 G_1 + a_2 G_2 + \dots + a_{15} G_{15} + \beta$$

Η \hat{f} εξαρτάται από τις παραμέτρους: $\alpha_i, c_{1i}, c_{2i}, \sigma_{1i}, \sigma_{2i}, \beta$.

Επομένως αυτό που μένει να κάνουμε είναι να προσδιορίσουμε βέλτιστα τις παραμέτρους αυτές έτσι ώστε να έχουμε όσο το δυνατόν μικρότερη απόκλιση της \hat{f} από την f . Για τον λόγο αυτό θα χρησιμοποιήσουμε γενετικό αλγόριθμο.

ΓΕΝΕΤΙΚΟΙ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΙ

Οι Γενετικοί Αλγόριθμοι αποτελούν μια μέθοδο αναζήτησης βέλτιστων λύσεων και χρησιμοποιούνται ευρέως σε προβλήματα όπου η αναλυτική έκφραση της συνάρτησης είναι άγνωστη. Χρησιμοποιούν έννοιες που προέρχονται από τη βιολογία και τη θεωρία της εξέλιξης. Ξεκινούν με έναν αρχικό πληθυσμό τυχαίων λύσεων που αποτελούνται από χρωμοσώματα, κάθε ένα από τα οποία αντιπροσωπεύει μία πιθανή λύση του προβλήματος. Κατά την εξέλιξη, τα χρωμοσώματα αλληλεπιδρούν διαδοχικά σε γενιές. Για τη δημιουργία μιας νέας γενιάς, εφαρμόζονται δύο κύριες διαδικασίες: ο συνδυασμός δύο χρωμοσωμάτων από την τρέχουσα γενιά μέσω του crossover και η μετάλλαξη ενός χρωμοσώματος (mutation). Οι νέοι απόγονοι που προκύπτουν από αυτές τις διαδικασίες αποτελούν τη νέα γενιά. Η αξιολόγηση της ποιότητας των χρωμοσωμάτων γίνεται μέσω μιας συνάρτησης ικανότητας (fitness function). Η επιλογή των χρωμοσωμάτων γονέων και απογόνων για τη δημιουργία της επόμενης γενιάς βασίζεται στην αξιολόγησή τους με βάση αυτήν τη συνάρτηση. Ωστόσο, προκειμένου να διατηρηθεί η ποικιλομορφία στον πληθυσμό και να αποφευχθεί η πρόωρη σύγκλιση σε μη βέλτιστες λύσεις, εισάγονται και τυχαία χρωμοσώματα στην επόμενη γενιά. Μετά από αρκετές επαναλήψεις του κύκλου αυτού, ο γενετικός αλγόριθμος συγκλίνει στο καλύτερο χρωμόσωμα, που αναμένεται να αντιστοιχεί στη βέλτιστη λύση του προβλήματος βελτιστοποίησης. Πιθανώς, μια πτυχή που μπορεί να έχει παραλειφθεί είναι η επιλογή των παραμέτρων του αλγορίθμου, όπως ο αριθμός των γενεών, το μέγεθος του πληθυσμού και η πιθανότητα εφαρμογής της μετάλλαξης. Η επιλογή αυτών των παραμέτρων μπορεί να επηρεάσει την απόδοση του αλγορίθμου και την ταχύτητα σύγκλισής του προς τη βέλτιστη λύση.

Στο πρόβλημά μας οι παράμετροί μας είναι οι $\alpha_i, c_{1i}, c_{2i}, \sigma_{1i}, \sigma_{2i}, \beta$ για $i=1, \dots, 15$, οπότε έχουμε συνολικά 76 παραμέτρους. Το ζητούμενο είναι να βρούμε την βέλτιστη 76-αδα των τιμών αυτών.

ΠΛΗΘΥΣΜΟΣ

Ξεκινώντας με την κωδικοποίηση των γονιδίων αναπαριστάμε τις παραμέτρους μας σε δυαδική μορφή. Σημειώνεται ότι ο αριθμός των bits εξαρτάται από την απαιτούμενη ακρίβεια, δηλαδή τον αριθμό των ψηφίων μετά την υποδιαστολή. Στην συγκεκριμένη περίπτωση, θα αρκεστούμε στην ακρίβεια ενός δεκαδικού ψηφίου. Θεωρούμε ότι η παράμετρος α_i μπορεί να πάρει τιμές για $i = 1, 2, \dots, 15$ στο διάστημα $[-1.5, 1.5]$. Επομένως για την μετατροπή της από πραγματικό αριθμό, ενός δεκαδικού ψηφίου, σε δυαδικό θα χρειαστούν 5 bits ανά α_i δηλαδή στο σύνολο $15 \cdot 5 = 75$ bits. Κάνοντας το ίδιο και για τις υπόλοιπες παραμέτρους του προβλήματος, καταλήγουμε στο ότι το χρωμόσωμα μας θα έχει μήκος 320 bits. Η συνάρτηση `population.m` δέχεται ως όρισμα το μέγεθος του πληθυσμού n και επιστρέφει τον πληθυσμό των χρωμοσωμάτων.

ΔΙΑΣΤΑΥΡΩΣΗ(CROSSOVER)

Ένα μέρος του πληθυσμού παράγει νέα χρωμοσώματα με την μέθοδο της διασταύρωσης. Οι ψηφιοσειρές δύο γονέων χωρίζονται σε δύο τμήματα τα οποία και διασταυρώνουν δημιουργώντας με τον τρόπο αυτό δύο απογόνους. Πιο συγκεκριμένα, η συνάρτηση `crossover.m` δέχεται ως όρισμα τον πληθυσμό P , καθώς και τον αριθμό n των ζευγαριών τα οποία θα διασταυρωθούν. Έπειτα αφού εφαρμόσει τον τελεστή της διασταύρωσης μας επιστρέφει το νέο πληθυσμό Y ο οποίος είναι μεγαλύτερος του P αφού περιέχει και τους γονείς και τους απογόνους.

ΜΕΤΑΛΛΑΞΗ(MUTATION)

Παράλληλα, ένα μέρος του πληθυσμού παράγει νέα χρωμοσώματα με την μέθοδο της μετάλλαξης. Η μέθοδος αυτή αντιστρέφει ένα τυχαίο ψηφίο του χρωμοσώματος με σκοπό να εμποδίσει τον γενετικό αλγόριθμο από το να κολλήσει σε περιοχές του χώρου αναζήτησης. Πιο συγκεκριμένα, η συνάρτηση `mutation.m` δέχεται ως όρισμα τον πληθυσμό P , καθώς και τον αριθμό n των χρωμοσωμάτων τα οποία θα μεταλλαχθούν. Έπειτα αφού εφαρμόσει τον τελεστή της μετάλλαξης μας επιστρέφει το νέο πληθυσμό Y ο οποίος είναι μεγαλύτερος του P καθώς περιέχει και τους γονείς και τους απογόνους.

ΑΞΙΟΛΟΓΗΣΗ(EVALUATION)

Στην συνέχεια ο πληθυσμός που έχει προκύψει μετά από τους τελεστές της διασταύρωσης και της μετάλλαξης, θα περάσει από μία αξιολόγηση. Ως συνάρτηση ικανότητας χρησιμοποιούμε το μέσο τετραγωνικό σφάλμα (Mean Squared Error). Έτσι, το κάθε χρωμόσωμα, αφού μετατραπεί από ψηφιοσειρά σε παραμέτρους δεκαδικών τιμών, θα σχηματίσει μία αναλυτική έκφραση της συνάρτησης \hat{f} για την οποία υπολογίζουμε το σφάλμα απόκλισης από την f . Επομένως, όσο μικρότερη είναι αυτή η τιμή αξιολόγησης τόσο καταλληλότερο είναι το χρωμόσωμα που αξιολογείται. Πιο συγκεκριμένα, η συνάρτηση `evaluation.m` δέχεται ως όρισμα τον πληθυσμό P , καθώς και τα γνωστά σημεία εισόδου-εξόδου της συνάρτησης f . Έπειτα, αφού εφαρμόσει την συνάρτηση αξιολόγησης, μας επιστρέφει σε έναν πίνακα την αξιολόγηση του κάθε χρωμοσώματος του πληθυσμού.

ΕΠΙΛΟΓΗ(SELECTION)

Τέλος, έχουμε την διαδικασία της επιλογής όπου ο γενετικός αλγόριθμος επιλέγει ποια χρωμοσώματα θα συνεχίσουν στην επόμενη γενιά διατηρώντας το μέγεθος του πληθυσμού σταθερό. Αυτό το κάνει κρατώντας τα κορυφαία χρωμοσώματα, δηλαδή αυτά με την μικρότερη τιμή αξιολόγησης, αλλά και επιλέγοντας τυχαία τα υπόλοιπα μέσα από τον πληθυσμό. Πιο συγκεκριμένα, η συνάρτηση `selection.m` δέχεται ως όρισμα τον πληθυσμό P και τον πίνακα E των αξιολογήσεων των χρωμοσωμάτων. Στην συνέχεια, κρατάει τα 3 κορυφαία χρωμοσώματα βρίσκοντας τα `minimum` των αξιολογήσεων, και επιλέγει εντελώς τυχαία τα υπόλοιπα. Έτσι, καταλήγει να απορρίπτει τα χρωμοσώματα που δεν επιλέχθηκαν και μας επιστρέφει το νέο πληθυσμό δηλαδή τη νέα γενιά χρωμοσωμάτων.

ΓΕΝΕΤΙΚΟΣ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΣ

Ορίζουμε την άγνωστη συνάρτηση f και δειγματοληπτούμε από αυτήν έναν περιορισμένο αριθμό σημείων εισόδου-εξόδου. Με σκοπό να έχουμε μία ικανοποιητική εικόνα της f φροντίζουμε η δειγματοληψία να καλύπτει ένα ευρύ φάσμα του επιπέδου u_1, u_2 . Στην συνέχεια, ορίζουμε τις μεταβλητές:

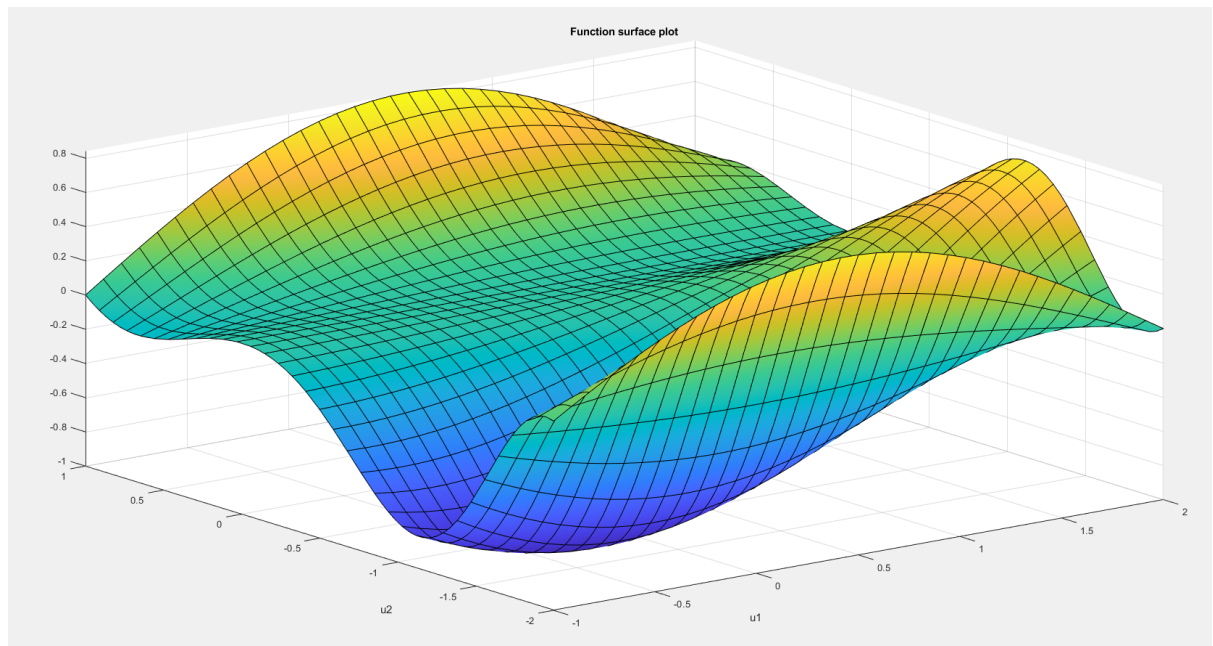
- p = μέγεθος πληθυσμού
- c = αριθμός χρωμοσωμάτων που θα διασταυρωθούν
- m = αριθμός χρωμοσωμάτων που θα μεταλλαχθούν
- ng = αριθμός γενεών

Ο αλγόριθμος μας αφού ορίσει τον αρχικό πληθυσμό τυχαίων χρωμοσωμάτων θα εισέλθει σε μία επανάληψη όπου ακολουθούν οι εξής διαδικασίες:

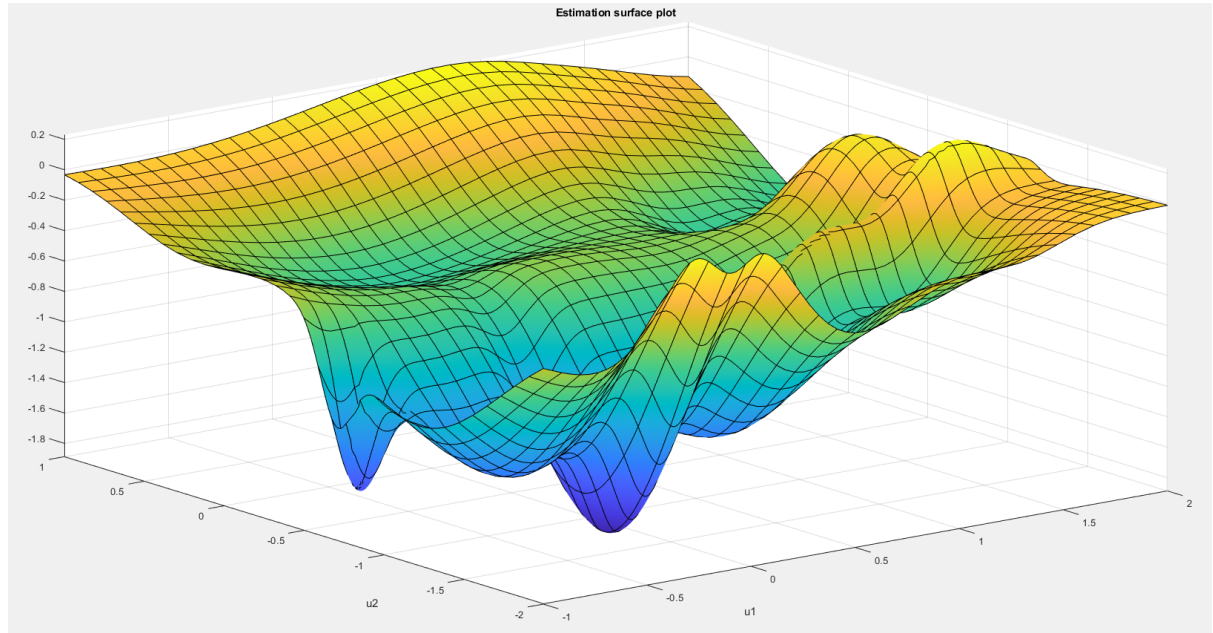
- Διασταύρωση
- Μετάλλαξη
- Αξιολόγηση
- Επιλογή
- Νέος πληθυσμός

και σταματάει έπειτα από ng επαναλήψεις. Έτσι, έχοντας φτάσει στην ng -γενιά χρωμοσωμάτων, συλλέγουμε το καλύτερο χρωμόσωμα του πληθυσμού δηλαδή εκείνο με το μικρότερο σφάλμα απόκλισης. Το χρωμόσωμα αυτό το αποκωδικοποιούμε ώστε να πάρουμε τις τιμές των παραμέτρων του γραμμικού συνδυασμού των Gaussian συναρτήσεων. Τέλος, έχοντας προσεγγίσει τις παραμέτρους μας μπορούμε να σχεδιάσουμε την προσέγγιση \hat{f} της άγνωστης συνάρτησης f . Παρακάτω φαίνονται τα αποτελέσματα για διαφορετικές εκτελέσεις του αλγορίθμου.

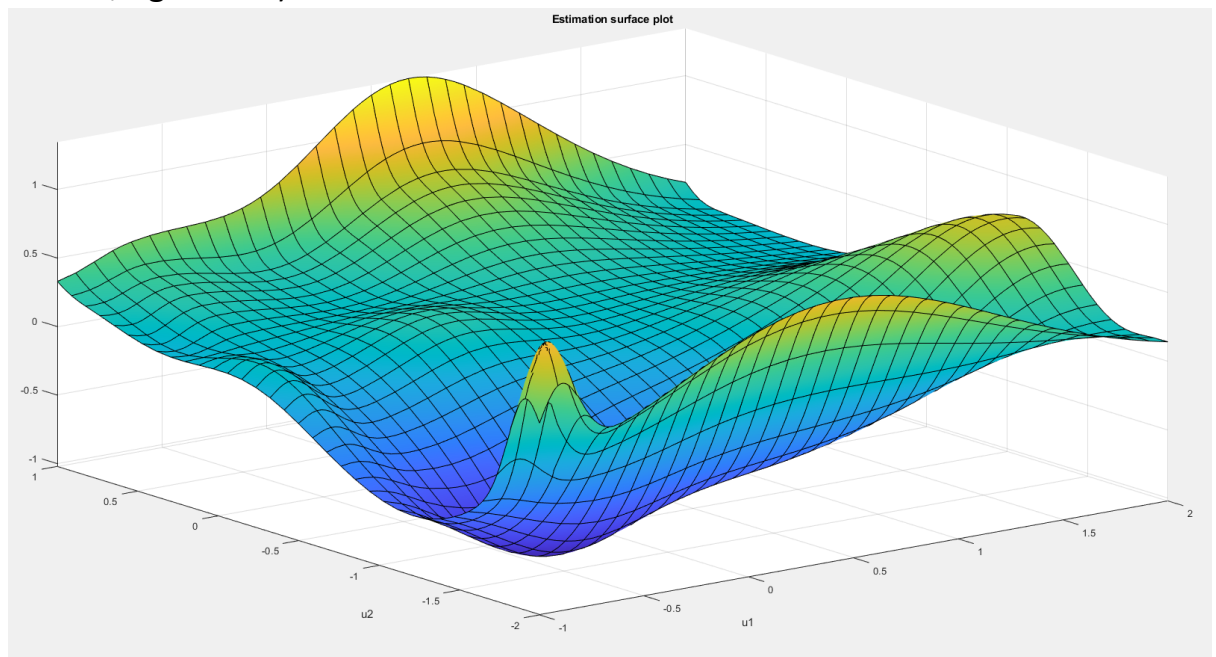
- 3-D ΑΝΑΠΑΡΑΣΤΑΣΗ ΤΗΣ ΖΗΤΟΥΜΕΝΗΣ ΣΥΝΑΡΤΗΣΗΣ:



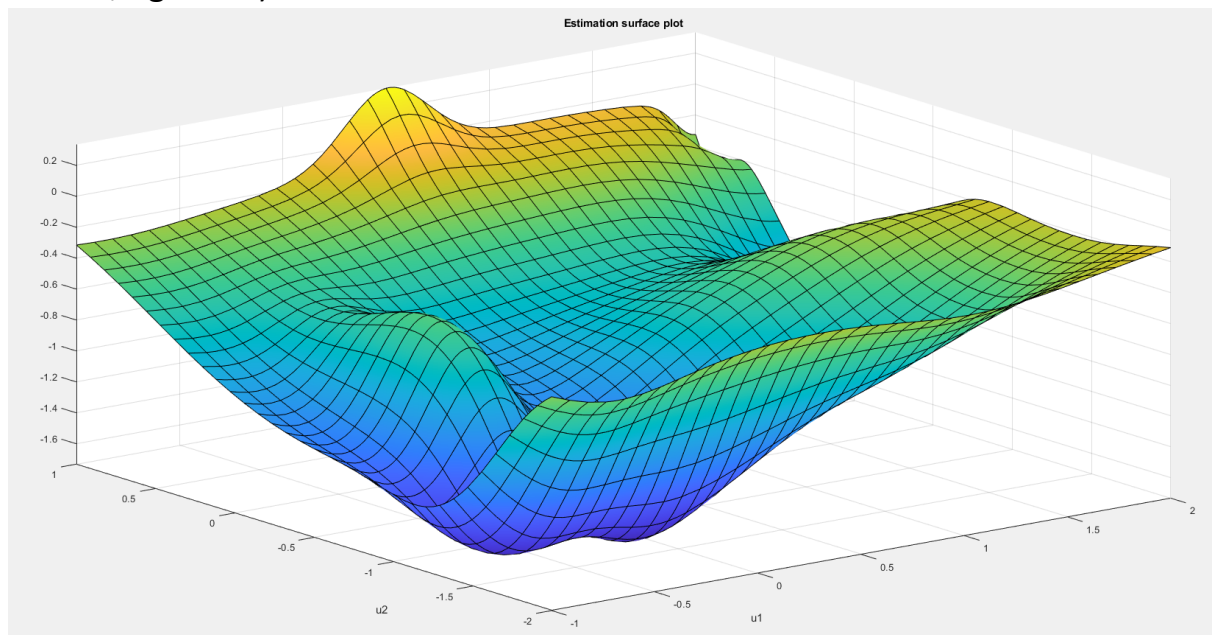
- 3-D ΑΝΑΠΑΡΑΣΤΑΣΗ ΤΗΣ ΠΡΟΣΕΓΓΙΣΗΣ ΜΕ ΜΕΤΑΒΛΗΤΕΣ($p = 100$, $c = 30$, $m = 30$, $ng = 1000$):



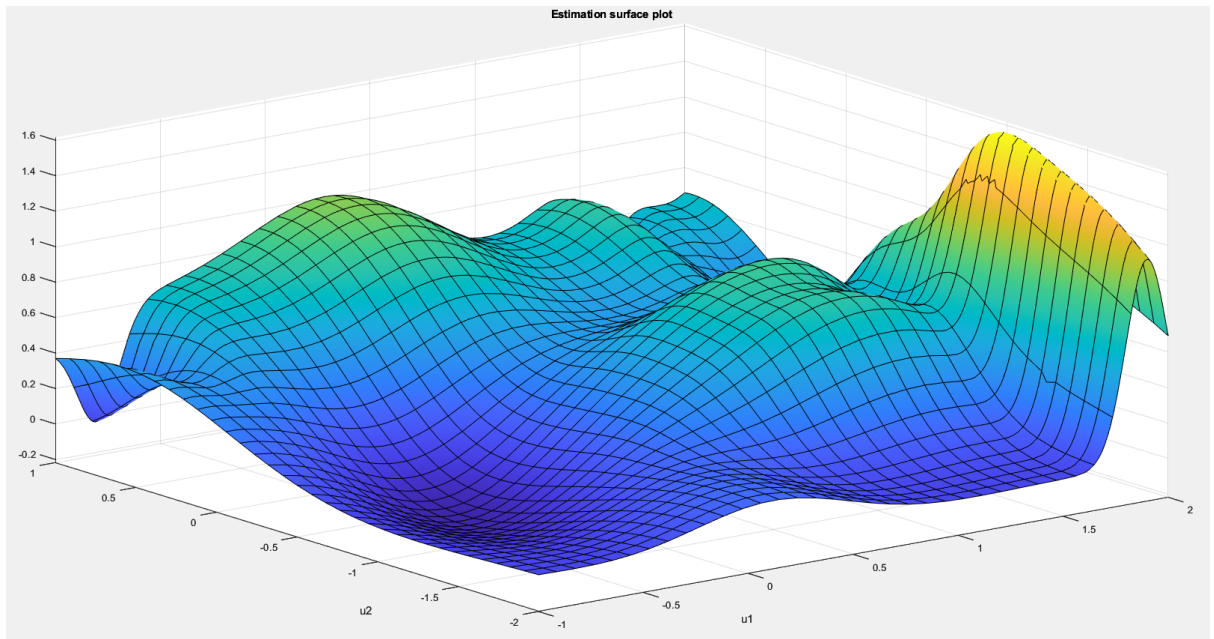
- 3-D ΑΝΑΠΑΡΑΣΤΑΣΗ ΤΗΣ ΠΡΟΣΕΓΓΙΣΗΣ ΜΕ ΜΕΤΑΒΛΗΤΕΣ($p = 200$, $c = 50$, $m = 50$, $ng = 1200$):



- 3-D ΑΝΑΠΑΡΑΣΤΑΣΗ ΤΗΣ ΠΡΟΣΕΓΓΙΣΗΣ ΜΕ ΜΕΤΑΒΛΗΤΕΣ($p = 100$, $c = 30$, $m = 30$, $ng = 700$):



- 3-D ΑΝΑΠΑΡΑΣΤΑΣΗ ΤΗΣ ΠΡΟΣΕΓΓΙΣΗΣ ΜΕ ΜΕΤΑΒΛΗΤΕΣ($p = 100$, $c = 30$, $m = 30$, $ng = 300$):



ΣΥΜΠΕΡΑΣΜΑ

Ο γενετικός αλγόριθμος που εφαρμόστηκε στο πρόβλημα βελτιστοποίησης επέδειξε ευρωστία στην αναζήτηση του χώρου λύσεων, συγκλίνοντας προς πιθανές βέλτιστες λύσεις για πολλές γενιές. Μέσω μιας διαδικασίας διασταύρωσης, μετάλλαξης, αξιολόγησης και επιλογής, ο αλγόριθμος ανέπτυξε έναν πληθυσμό χρωμοσωμάτων, με στόχο την προσέγγιση της δεδομένης συνάρτησης. Ωστόσο, ενώ ο αλγόριθμος επέδειξε αποτελεσματικότητα στη σύγκλιση προς μια λύση, ειδικά με αυξημένο αριθμό γενεών(επαναλήψεων) απαιτείται περαιτέρω ανάλυση για τη βελτίωση της απόδοσής του, λαμβάνοντας υπόψη παράγοντες όπως η ρύθμιση των παραμέτρων, η προσαρμογή του μεγέθους του πληθυσμού, τα ποσοστά μετάλλαξης και οι μηχανισμοί διασταύρωσης. Επιπλέον, η ακρίβεια της λαμβανόμενης λύσης, που προέκυψε από το καλύτερο χρωμόσωμα, εξαρτάται από την αποκωδικοποίηση και την κλιμάκωση των δυαδικά κωδικοποιημένων παραμέτρων, εισάγοντας ένα επίπεδο ακρίβειας και προσέγγισης στο τελικό αποτέλεσμα. Συνολικά, αυτός ο γενετικός αλγόριθμος ανέδειξε τις δυνατότητές του ως εργαλείο βελτιστοποίησης, αν και με δυνατότητες περαιτέρω βελτίωσης και εξειδίκευσης για πιο σύνθετα σενάρια επίλυσης προβλημάτων.