

Project: Γενετικοί Αλγόριθμοι

Στην παρούσα εργασία προσπαθούμε να προσδιορίσουμε την αναλυτική έκφραση της συνάρτησης $f(\mathbf{u}_1, \mathbf{u}_2)$ η οποία είναι συνεχής συνάρτηση των μεταβλητών $\mathbf{u}_1, \mathbf{u}_2$ αλλά είναι άγνωστη. Προκειμένου να προσδιορίσουμε μια αναλυτική έκφραση της $f(\mathbf{u}_1, \mathbf{u}_2)$ χρησιμοποιούμε μετρήσεις εισόδου-εξόδου καθώς επίσης και κατάλληλο γραμμικό συνδυασμό 15 γκαουσιανών συναρτήσεων οι οποίες έχουν την μορφή :

$$G(\mathbf{u}_1, \mathbf{u}_2) = e^{-\left(\frac{(u_1-c_1)^2}{2\sigma_1^2} + \frac{(u_2-c_2)^2}{2\sigma_2^2}\right)}$$
. Αυτό θα το πετύχουμε με την βοήθεια του γενετικού αλγορίθμου ο οποίος για ένα συγκεκριμένο αριθμό πιθανών προσεγγίσεων (δηλαδή ο πληθυσμός) και μετά από την δημιουργία αρκετών τέτοιων πληθυσμών θα μας δώσει την καταλληλότερη συνάρτηση η οποία θα προσομοιώνει την πραγματική αλλά άγνωστη συνάρτηση $f(\mathbf{u}_1, \mathbf{u}_2)$.

Η λογική με την οποία λειτουργεί ο γενετικός αλγόριθμος είναι η εξής : Βασικός μας στόχος είναι η ελαχιστοποίηση μιας αντικειμενικής συνάρτησης, της συνάρτησης ικανότητας ή αλλιώς την fitness function η οποία είναι, στην παρούσα άσκηση καθώς και στον κώδικα, συνάρτηση των ελαχίστων τετραγώνων της διαφοράς των μετρήσεων εισόδου-εξόδου του κάθε ατόμου του πληθυσμού. Αρχικά ξεκινάμε με 100 πιθανές λύσεις (χρωμοσώματα) που ελαχιστοποιούν την fitness function. Για όλες αυτές τις πιθανές λύσεις βρίσκω τις τιμές της fitness function και τις ταξινομώ με βάση ποια από αυτές μου δίνει το μέγιστο. Στην συνέχεια ακολουθεί μία διαδικασία επιλογής μέσα από την οποία επιλέγονται τυχαία 50 από τις 100 πιθανές λύσεις οι οποίες θα προχωρήσουν στην επόμενη γενιά εύρεσης των λύσεων. Ο τρόπος με τον οποίο επιλέγονται είναι τυχαίος αλλά οι λύσεις οι οποίες δίνουν την μεγαλύτερη τιμή στην συνάρτηση ικανότητας έχουν και την μεγαλύτερη πιθανότητα να επιλεγούν και να συνεχίσουν. Αφού επιλεγούν οι πιο «δυνατές» λύσεις πρέπει να κάνουμε κάποιες γενετικές πράξεις πάνω σε αυτές. Μια από αυτές τις πράξεις είναι η πράξη της διασταύρωσης δηλαδή του crossover. Για την διασταύρωση χρησιμοποιούμε το intermediate crossover επιλέγοντας με τυχαίο τρόπο τους γονείς (που επιλέχθηκαν προηγουμένως) οι οποίοι θα μας δώσουν δύο απογόνους που θα συνεχίσουν στην επόμενη γενιά. Ο τρόπος με τον οποίο γίνεται το crossover θα εξηγηθεί παρακάτω πιο αναλυτικά. Μια ακόμα γενετική πράξη που εφαρμόζουμε είναι αυτή της μετάλλαξης η οποία πραγματοποιεί πολύ μικρές αλλαγές σε κάθε χρωμόσωμα οπότε η λύση διαφοροποιείται και δεν παραμένει κάθε φορά ο ίδιος πληθυσμός. Βέβαια, η πράξης της μετάλλαξης συμβαίνει με πολύ μικρότερη συχνότητα καθότι σε μεγαλύτερο βαθμό δεν βοηθάει στο συνολικό μας στόχο. Οι πράξεις αυτές, αν και είναι δεδομένο ότι θα γίνουν, δεν γνωρίζουμε σε ποια χρωμοσώματα θα γίνουν, δηλαδή σε ποιες πιθανές λύσεις, όμως πρέπει να γίνουν προκειμένου να έχουμε σε κάθε γενιά έναν σταθερό πληθυσμό οπότε δηλαδή θέλουμε και άλλα χρωμοσώματα και άρα και άλλες λύσεις διότι μειώθηκαν λόγω της επιλογής μας.

Δημιουργία του πληθυσμού

Το πρώτο και βασικό βήμα που πρέπει να κάνουμε για την υλοποίηση του γενετικού μας αλγορίθμου είναι η αρχικοποίηση του πληθυσμού μας. Όπως προτείνει και το βιβλίο, θέλουμε να έχουμε σε κάθε γενιά **100** χρωμοσώματα δηλαδή **100** πιθανές λύσεις του προβλήματος οι οποίες θα μας είναι όσο το δυνατόν πιο κοντά στην πραγματική αλλά άγνωστη συνάρτηση $f(u_1, u_2)$. Η κάθε πιθανή λύση του προβλήματος, δηλαδή η κάθε συνάρτησή μας, θα αποτελείται από το άθροισμα 15 γκαουσιανών συναρτήσεων. Επομένως, θέλουμε σίγουρα για το κάθε άτομο του πληθυσμού 15 διαφορετικές τιμές για την μέση τιμή c_1 , 15 διαφορετικές τιμές για την μέση τιμή c_2 , 15 διαφορετικές τιμές για την διασπορά s_1 , 15 διαφορετικές τιμές για την διασπορά s_2 και τέλος θα χρειαστούμε σίγουρα και 15 διαφορετικές τιμές για τις σταθερές που θα βρίσκονται μπροστά και θα πολλαπλασιάζονται με την κάθε γκαουσιανή συνάρτηση. Επομένως, για την πρώτη γενιά όλες αυτές οι παράμετροι θα επιλεγούν με τελείως τυχαίο τρόπο αφού δεν μπορούμε να γνωρίζουμε κάποια πληροφορία για αυτές. Ο τρόπος με τον οποίο βάζουμε τα γονίδια, δηλαδή τις 5 παραμέτρους των 15 γκαουσιανών συναρτήσεων, στα χρωμοσώματα είναι ο εξής : $A|c_1|c_2|s_1|s_2$ όπου αυτή η αλληλουχία επαναλαμβάνεται 15 φορές. Επίσης ο τρόπος με τον οποίο επιλέγουμε τις παραμέτρους για την πρώτη γενιά είναι ο εξής : Αρχικά προσδιορίζω την μέγιστη και την ελάχιστη τιμή της συνάρτησης $f(u_1, u_2)$ μέσω της συνάρτησης που μας δόθηκε για τις μετρήσεις εισόδου-εξόδου δηλαδή της $f(u_1, u_2) = \sin(u_1 + u_2) \sin(u_2^2)$. Αφού τις προσδιορίσω ορίζω την σταθερά να επιλεγεί τυχαία μέσα σε αυτό το διάστημα, δηλαδή $A \in (minF, maxF)$. Επιπλέον ορίζω τις μέσες τιμές να επιλεγούν μέσα στο εύρος τιμών της κάθε παραμέτρου συν κάποια σταθερά που επέλεξα τυχαία, για παράδειγμα για την c_1 θα έχουμε **(-1-3,2+3)** διότι η μεταβλητή $u_1 \in (-1, 2)$. Με παρόμοιο τρόπο επιλέγω και την μέση τιμή c_2 . Τέλος, οι διασπορές επιλέγονται με τελείως τυχαίο τρόπο και θα βρίσκονται και οι δύο στο διάστημα **(0.3, 1.4)**

Fitness Function

Στην συγκεκριμένη συνάρτηση υπολογίζω το fitness value του κάθε ατόμου. Ο τρόπος με τον οποίο γίνεται αυτό είναι μέσω των ελαχίστων τετραγώνων της διαφοράς των τιμών της πραγματικής συνάρτησης και της συνάρτησης που προσπαθεί να εκτιμήσει την πραγματική. Όσο μικρότερο είναι το MSE του ατόμου τόσο πιο μεγάλη είναι και η fitness value του καθότι ο τρόπος με τον οποίο υπολογίζεται είναι ο εξής : $fitness\ value = \frac{10}{1+MSE}$. Αυτές όλες οι τιμές είναι πολύ χρήσιμες καθότι με αυτές θα γίνει η επιλογή των ατόμων που θα συνεχίσουν στην επόμενη γενιά.

Selection

Με την συνάρτηση αυτή επιλέγω με τυχαίο τρόπο **50** άτομα από την τωρινή γενιά, με βάση το fitness value τους, τα οποία θα συνεχίσουν στην επόμενη. Ο τρόπος με τον οποίο τα γίνεται η επιλογή είναι ο εξής: Αρχικά αθροίζω όλα τα fitness values των ατόμων της τωρινής γενιάς. Στην συνέχεια υπολογίζω την πιθανότητα τους διαιρώντας το fitness value τους με το συνολικό άθροισμα που βρήκα προηγουμένως. Κατόπιν, φτιάχνω την αθροιστική συνάρτηση πιθανότητας με βάση την οποία θα κάνω την επιλογή των ατόμων που θα προχωρήσουν στην επόμενη γενιά. Με αυτό τον τρόπο επιλογής είναι πολύ πιο πιθανό να επιλεγούν τα άτομα που έχουν το μεγαλύτερο fitness value. Ωστόσο, αυτό δεν εγγυείται ότι θα συμβαίνει πάντα καθότι ο τρόπος επιλογής τους βασίζεται καθαρά στην πιθανότητα και δεν επιλέγονται πάντα με σίγουρο τρόπο οι πιο δυνατοί. Για να «βοηθήσω» λίγο την σύγκλιση του γενετικού

αλγορίθμου έχω βάλει και μια επιπλέον συνθήκη κατά την οποία σε περίπτωση που δεν επιλεγεί κάποιο άτομο σε μια συγκεκριμένη επανάληψη να επιλέξει, άμα δεν το έχει κάνει έως τώρα, ένα από τα πιο δυνατά άτομα της τωρινής γενεάς. Με αυτό τον τρόπο, επιλέγω **50** άτομα τα οποία θα συνεχίσουν στην επόμενη γενιά και με τα οποία θα πραγματοποιήσω την πράξη της διασταύρωσης.

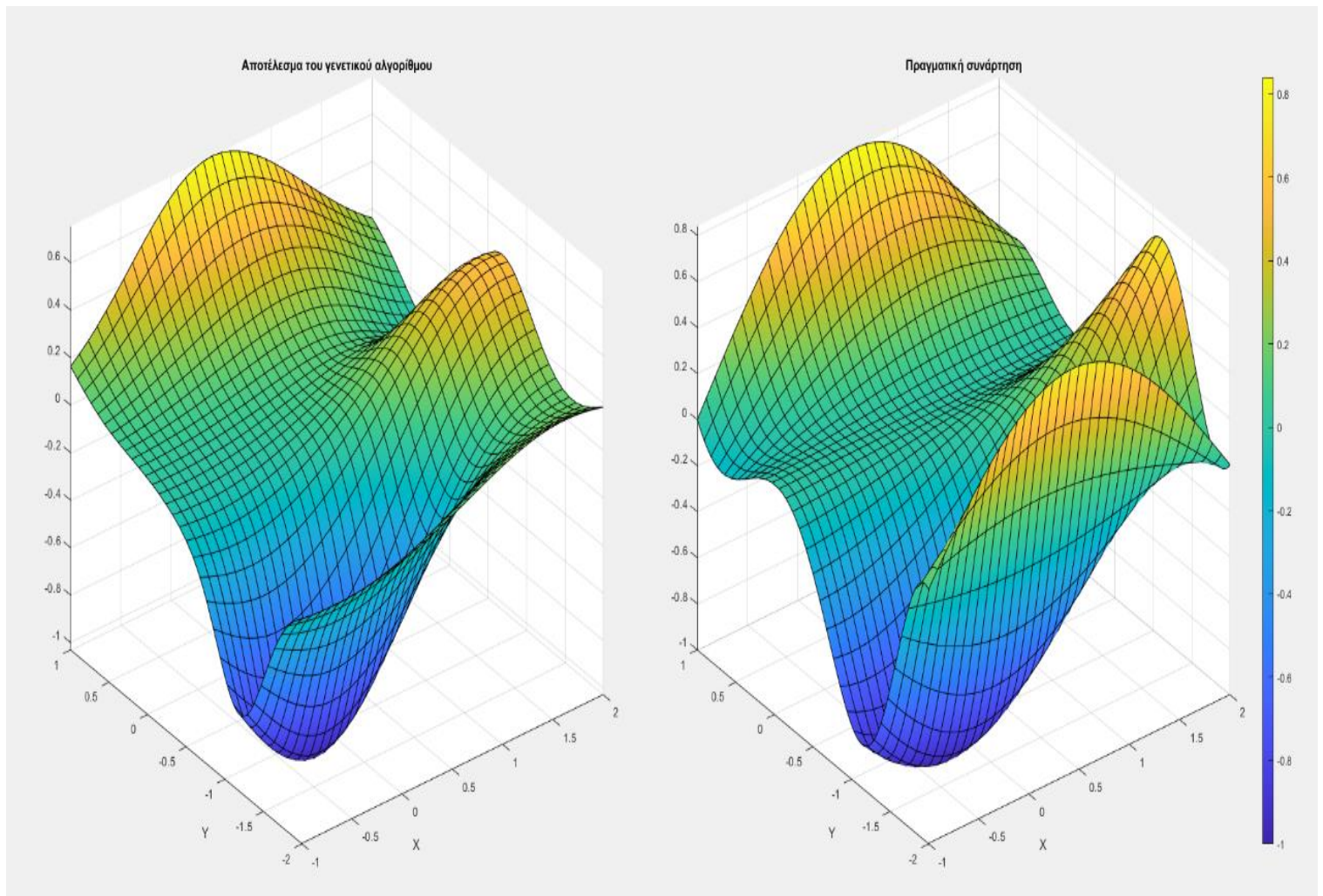
Intermediate Crossover

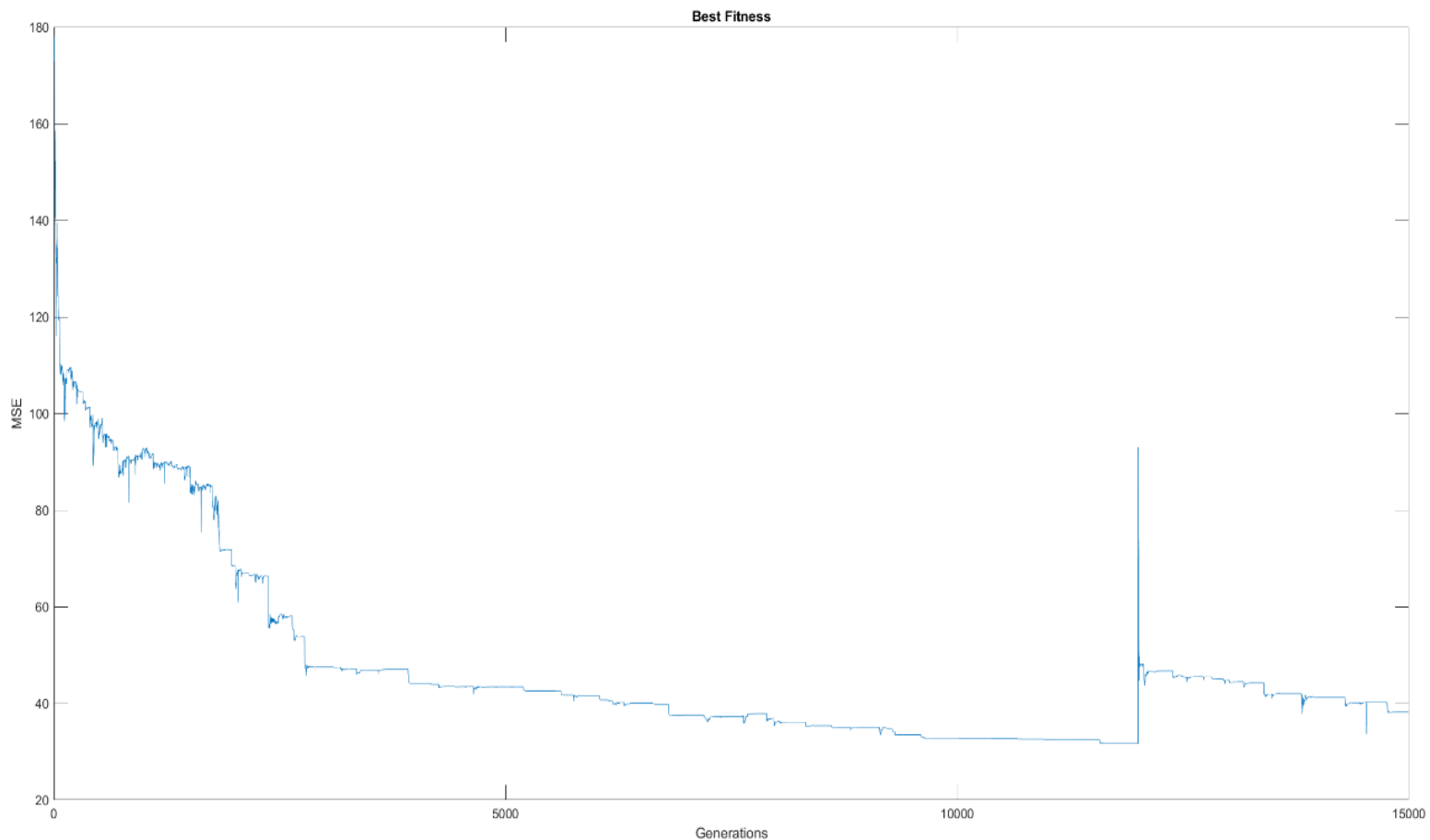
Βασικός στόχος μου είναι να συμπληρώσω την επόμενη γενιά καθώς πλέον ο πληθυσμός μου μετά την επιλογή είναι ο μισός. Ο τρόπος με τον οποίο κάνω την γενετική πράξη της διασταύρωσης στον κώδικα μου είναι ο εξής : Αρχικά, διαλέγω με τελείως τυχαίο τρόπο από τα επιλεγμένα χρωμοσώματα 2 τα οποία θα αναπαριστούν τους γονείς. Στην συνέχεια αφού εξαγάγω τα στοιχεία από τους γονείς ο τρόπος με τον οποίο θα δημιουργήσω τους απογόνους (offsprings) θα είναι με την εξής λογική $\alpha_i = a_{p_1}\beta + a_{p_2}(1 - \beta)$ όπου τα στοιχεία a_{p_1}, a_{p_2} αναπαριστούν τα στοιχεία που παίρνουμε αντίστοιχα από τον πρώτο και τον δεύτερο γονέα ενώ το β είναι μια παράμετρος που κινείται στο διάστημα **[0.25, 1.25]**. Με τον τρόπο αυτό φτιάχνουμε δύο απογόνους(ο δεύτερος προκύπτει άμα εναλλάξουμε τα a_{p_1}, a_{p_2} στην σχέση που αναφέρθηκε προηγουμένως). Επαναλαμβάνοντας την παραπάνω διαδικασία 25 φορές δημιουργούμε 50 νέα χρωμοσώματα τα οποία μαζί με τους γονείς τους συνεχίζουν στην επόμενη γενιά και μπορούν να δεχτούν και κάποια μετάλλαξη.

Mutation

Στην συγκεκριμένη συνάρτηση πραγματοποιώ την πράξη της μετάλλαξης. Ο τρόπος με τον οποίο γίνεται αυτό είναι ο εξής : Σαν όρισμα η συνάρτηση αυτή δέχεται τους γονείς που επιλέχθηκαν από την προηγούμενη γενιά καθώς επίσης και τους απογόνους που φτιάξαμε προηγουμένως με τους επιλεγμένους γονείς. Κατόπιν επιλέγεται τυχαία ένα άτομο από τον πληθυσμό που έχουμε δημιουργήσει και με μια πολύ μικρή πιθανότητα επιλέγεται να μεταλλαχθεί. Σκοπός της μετάλλαξης είναι να πραγματοποιήσει πολύ μικρές αλλαγές έτσι ώστε να μπορέσει να εξελιχθεί ο πληθυσμός προς το καλύτερο. Ο τρόπος με τον οποίο την πραγματοποιώ είναι αφού επιλεγθεί για μετάλλαξη το άτομο αλλάζουν όλα τα στοιχεία του με τον ίδιο τρόπο που κάναμε την αρχικοποίηση.

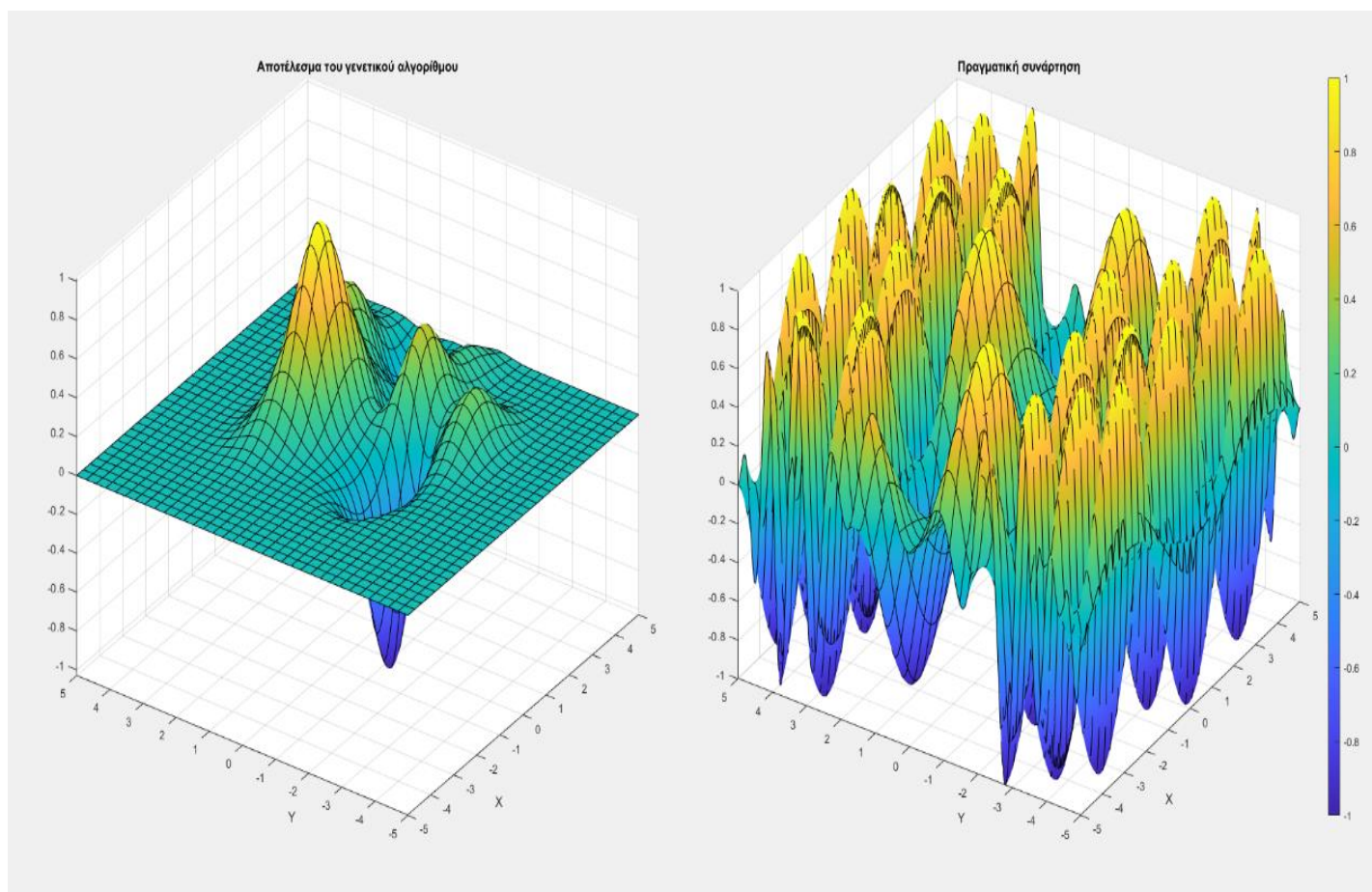
Παρακάτω φαίνονται τα αποτελέσματα του γενετικού αλγορίθμου για δυο διαφορετικές δοκιμές που έγιναν. Αρχικά φαίνονται τα αποτελέσματα για 15000 γενεές και για 25x25 σημεία του \mathbb{R}^2 (τα δεδομένα των οποίων έχουν σωθεί στο αρχείο **15000gen.mat**), όπου στα ακόλουθα σχήματα παρουσιάζεται η μείωση του **MSE** καθώς προχωράμε στην επόμενη γενεά καθώς επίσης φαίνεται και το γράφημα για την σύγκριση της συνάρτησης που προκύπτει από το άθροισμα των 15 γκαουσιανών συναρτήσεων με αυτή που μας δόθηκε για μετρήσεις εισόδου.





Παρατηρούμε από την αποτύπωση του MSE ότι έχουμε μια συνεχή μείωση του σφάλματος εκτός από μια χρονική στιγμή όπου έχουμε μια απότομη αύξηση αλλά και μετά πέρα από αυτό εξακολουθούμε να έχουμε μείωση. Αυτό πιθανόν να οφείλεται στην τυχαία επιλογή που κάνουμε στον γενετικό αλγόριθμο καθώς επίσης και σε άλλους παράγοντες που γίνονται με τυχαιότητα (**crossover, mutation**). Ωστόσο, το αποτέλεσμα που λαμβάνουμε στο τέλος φαίνεται να είναι αρκετά ικανοποιητικό και να μοιάζει σε πολύ μεγάλο βαθμό με το γράφημα της πραγματικής συνάρτησης που χρησιμοποιήσαμε για μετρήσεις εισόδου-εξόδου και ελαχιστοποίηση του σφάλματος μεταξύ αυτών.

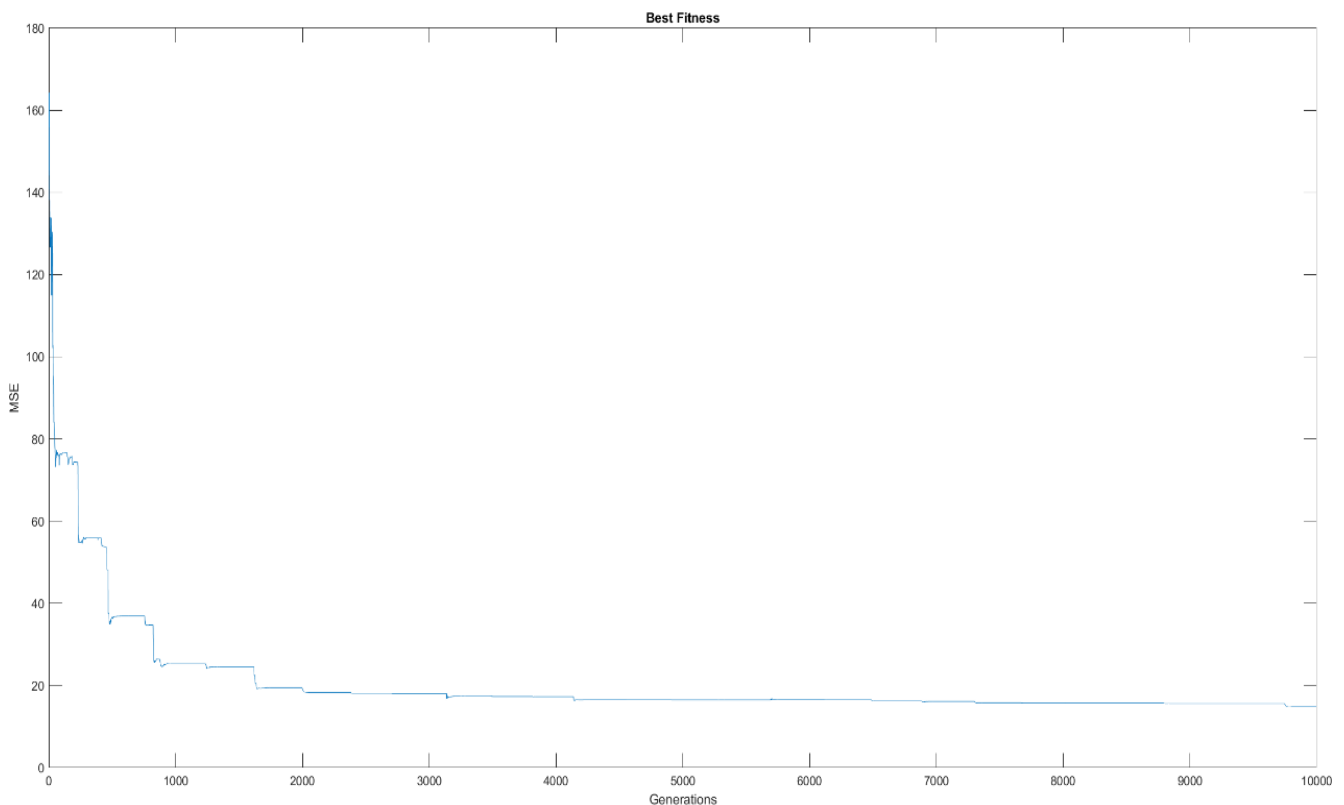
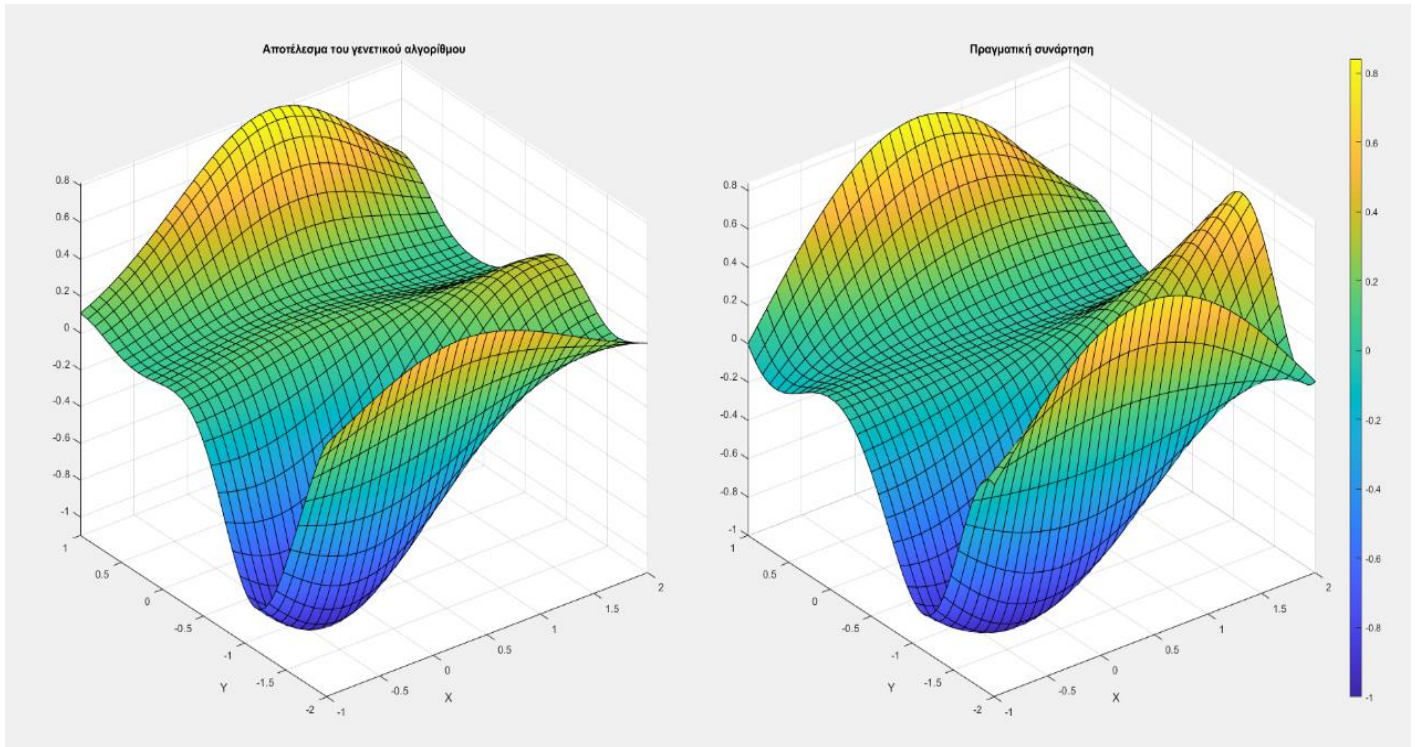
Παρόλα αυτά βλέπουμε ότι εκτός του εύρους τιμών όπου υπολογίζουμε το σφάλμα και προσπαθούμε να το ελαχιστοποιήσουμε, οι συναρτήσεις διαφέρουν σημαντικά. Δηλαδή πέρα από το διάστημα που μας δόθηκε στην εκφώνηση έχουμε τεράστιες διαφορές κάτι που ήταν αναμενόμενο καθώς δεν επιδιώξαμε ελαχιστοποίηση του σφάλματος πέρα από τα όρια που μας δόθηκαν. Παρακάτω φαίνεται και το σχετικό σχήμα



Στην συνέχεια παρατίθεται ο πίνακας με τις παραμέτρους των 15 γκαουσιανών συναρτήσεων για τις οποίες πήραμε το παραπάνω αποτέλεσμα το οποίο μοιάζει σε πολύ μεγάλο βαθμό με την πραγματική συνάρτηση.

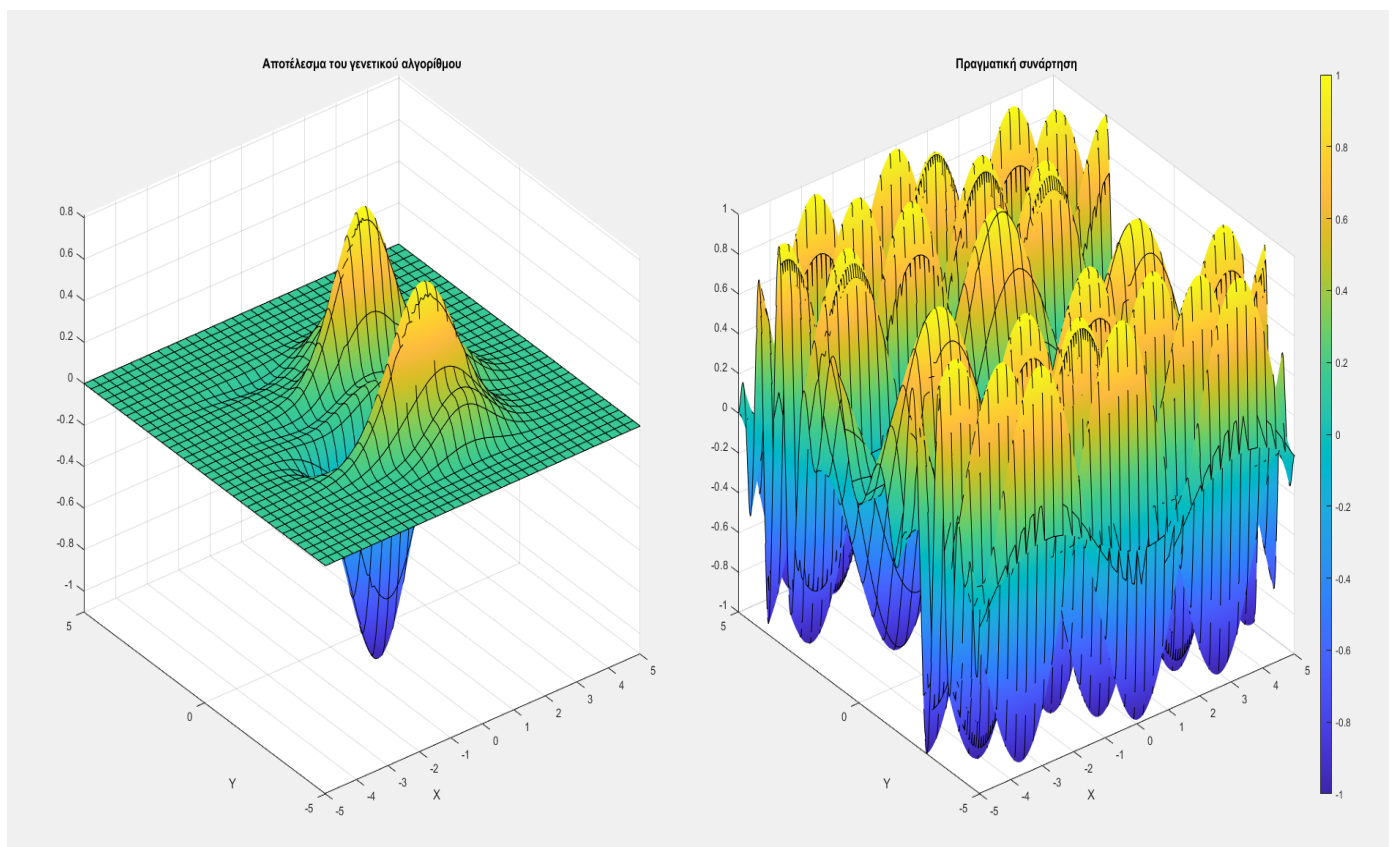
Αριθμός Γκαουσιανής	Σταθερά A	Μέση τιμή c_1	Μέση τιμή c_2	Διασπορά s_1	Διασπορά s_2
1 ^η	-0.0109	1.5820	-0.0471	0.7555	0.3893
2 ^η	0.1413	3.8104	-0.5626	0.7684	0.4256
3 ^η	-0.3168	1.9118	0.1967	0.6506	0.4674
4 ^η	0.0310	1.6749	-2.1038	0.7470	0.4435
5 ^η	0.6603	0.1805	1.2937	0.6971	0.4345
6 ^η	-0.2372	3.7631	1.3097	0.6921	0.4727
7 ^η	0.2835	1.3555	0.6872	0.7185	0.4307
8 ^η	0.4150	0.7664	1.6396	0.7557	0.4890
9 ^η	0.2670	1.5537	-2.3936	0.7883	0.4258
10 ^η	-0.2635	-0.6663	-1.1053	0.7893	0.5816
11 ^η	-0.0584	5.5680	-0.0618	0.7304	0.4427
12 ^η	0.4136	2.7062	2.1439	0.8270	0.5320
13 ^η	0.5416	1.8225	-0.6058	0.7172	0.4748
14 ^η	0.2017	-0.6835	1.9224	0.8122	0.4627
15 ^η	-0.8159	-0.1415	-1.2094	0.8171	0.2874

Στην συνέχεια φαίνονται τα αποτελέσματα για 10000 γενεές και για **40x40** σημεία του \mathbb{R}^2 (τα δεδομένα των οποίων έχουν σωθεί στο αρχείο **10000gen.mat**), όπου στα ακόλουθα σχήματα παρουσιάζεται η μείωση του **MSE** καθώς προχωράμε στην επόμενη γενεά καθώς επίσης φαίνεται και το γράφημα για την σύγκριση της συνάρτησης που προκύπτει από το άθροισμα των 15 γκαουσιανών συναρτήσεων με αυτή που μας δόθηκε για μετρήσεις εισόδου.



Παρατηρούμε από την αποτύπωση του MSE ότι έχουμε μια συνεχή μείωση του σφάλματος μέχρι και ένα σημείο όπου μετά πρακτικά σταθεροποιείται το σφάλμα ή μειώνεται με πολύ μικρό βαθμό. Το αποτέλεσμα που λαμβάνουμε στο τέλος φαίνεται να είναι αρκετά ικανοποιητικό και να μοιάζει σε πολύ μεγάλο βαθμό με το γράφημα της πραγματικής συνάρτησης που χρησιμοποιήσαμε για μετρήσεις εισόδου-εξόδου και ελαχιστοποίηση του σφάλματος μεταξύ αυτών. Επίσης παρατηρούμε ότι είναι πιο αναλυτικό και πιο κοντά στην πραγματική συνάρτηση από το προηγούμενο. Αυτό το συμπέρασμα ήταν αναμενόμενο καθώς αυτή την φορά βάζουμε περισσότερα σημεία οπότε γίνεται καλύτερος υπολογισμός και ελαχιστοποίηση του σφάλματος.

Παρόλα αυτά βλέπουμε ότι εκτός του εύρους τιμών όπου υπολογίζουμε το σφάλμα και προσπαθούμε να το ελαχιστοποιήσουμε, οι συναρτήσεις διαφέρουν σημαντικά. Δηλαδή πέρα από το διάστημα που μας δόθηκε στην εκφώνηση έχουμε τεράστιες διαφορές κάτι που ήταν αναμενόμενο καθώς δεν επιδιώξαμε ελαχιστοποίηση του σφάλματος πέρα από τα όρια που μας δόθηκαν. Παρακάτω φαίνεται και το σχετικό σχήμα



Στην συνέχεια παρατίθεται ο πίνακας με τις παραμέτρους των 15 γκαουσιανών συναρτήσεων για τις οποίες πήραμε το παραπάνω αποτέλεσμα το οποίο μοιάζει σε πολύ μεγάλο βαθμό με την πραγματική συνάρτηση.

Αριθμός Γκαουσιανής	Σταθερά A	Μέση τιμή c_1	Μέση τιμή c_2	Διασπορά s_1	Διασπορά s_2
1 ^η	0.3909	0.8130	-0.6917	1.2070	0.7041
2 ^η	0.1786	1.0806	-2.8392	0.8839	0.3655
3 ^η	-0.1397	1.7139	-0.1541	0.6740	0.4320
4 ^η	0.2059	1.6207	-0.9827	0.7501	0.3253
5 ^η	-0.1150	0.8049	-0.1798	0.7689	0.6793
6 ^η	0.2445	0.9795	2.0976	0.8405	0.4257
7 ^η	-0.3351	0.2524	-1.4871	0.9651	0.2676
8 ^η	-0.4420	-0.4585	-1.0091	1.1109	0.3805
9 ^η	0.8137	0.7664	0.9927	0.8784	0.3100
10 ^η	0.1451	0.5697	-3.1773	0.7768	0.2535
11 ^η	-0.0404	-1.3544	2.4652	1.0355	0.2464
12 ^η	-0.7463	-0.3289	-1.1295	0.8351	0.3448
13 ^η	-0.0600	-1.1584	0.2485	0.9652	0.3600
14 ^η	0.7348	0.1418	-2.2014	1.0210	0.2971
15 ^η	0.0044	3.0822	-2.7271	0.6994	0.0655

Στην συνέχεια πήρα παραπάνω σημεία από αυτά που χρησιμοποίησα για να εκπαιδεύσω τον αλγόριθμο για να εντοπίσω τυχόν πιθανές ανακρίβειες και αφού υπολόγισα πάλι τα τετράγωνα των σφαλμάτων μεταξύ της πραγματικής συνάρτησης και αυτής που προέκυψε από την βελτιστοποίηση του γενετικού αλγορίθμου, άθροισα όλα αυτά τα σφάλματα (σαν δηλαδή ένα ολοκλήρωμα) και πήρα ότι το άθροισμα των τετραγώνων των σφαλμάτων είναι ίσο με **88.868163054373110** για 10000 γενεές και για **40x40** σημεία του \mathbb{R}^2

Στην συνέχεια πήρα παραπάνω σημεία από αυτά που χρησιμοποίησα για να εκπαιδεύσω τον αλγόριθμο για να εντοπίσω τυχόν πιθανές ανακρίβειες και αφού υπολόγισα πάλι τα τετράγωνα των σφαλμάτων μεταξύ της πραγματικής συνάρτησης και αυτής που προέκυψε από την βελτιστοποίηση του γενετικού αλγορίθμου, άθροισα όλα αυτά τα σφάλματα (σαν δηλαδή ένα ολοκλήρωμα) και πήρα ότι το άθροισμα των τετραγώνων των σφαλμάτων είναι ίσο με **216.8544674543253** για 15000 γενεές και για **25x25** σημεία του \mathbb{R}^2

Οπότε από τα παραπάνω γίνεται φανερό ότι για την καλύτερη βελτιστοποίηση πιο σημαντικό ρόλο παίζει ο παράγοντας του αριθμού των μετρήσεων εισόδου-εξόδου που λαμβάνουμε παρά ο αριθμός των γενεών που παίρνουμε. Βλέπουμε ότι πράγματι το σφάλμα μας είναι πολύ μικρό και ότι κάνουμε πολύ καλή προσέγγιση της συνάρτησης μέσω του γενετικού αλγορίθμου.