



Αριστοτέλειο Πανεπιστήμιο Θεσσαλονίκης
Πολυτεχνική Σχολή
Τμήμα Ηλεκτρολόγων Μηχανικών και Μηχανικών Υπολογιστών

ΤΕΧΝΙΚΕΣ ΒΕΛΤΙΣΤΟΠΟΙΗΣΗΣ

ΤΕΛΙΚΟ PROJECT (2023-2024)

ΓΕΝΕΤΙΚΟΙ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΙ

Ημερομηνία: 09/02/2024

Οικονόμου Χρήστος

A.E.M.: 10268

Email: cn οικον ο μ @ ece . auth . gr

ΠΕΡΙΕΧΟΜΕΝΑ

Εισαγωγή.....	σελ.3
Γενετικοί Αλγόριθμοι	3
Διεργασίες Γενετικών Αλγορίθμων	4
Κωδικοποίηση Γονιδίων	4
Χρωμοσώματα	4
Συνάρτηση Ικανότητας (Fitness Function)	5
Διασταυρώσεις (Crossovers)	5
Μεταλλάξεις (Mutations)	5
Υλοποίηση Αλγορίθμου - Προσέγγιση και Αναλυτική Έκφραση Συνάρτησης	6
Παρατηρήσεις - Συμπεράσματα	9
Βιβλιογραφικές Πηγές	9

Εισαγωγή

Η παρούσα εργασία πραγματεύεται τη σχεδίαση ενός **γενετικού αλγορίθμου** για την προσέγγιση μιας συνάρτησης $f(u_1, u_2)$, της οποίας η αναλυτική μορφή είναι άγνωστη, πέρα από το γεγονός ότι είναι συνεχής. Η ζητούμενη προσέγγιση θα βασιστεί σε γραμμικό συνδυασμό δεκαπέντε Gaussian συναρτήσεων της μορφής:

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

όπου, c_1, c_2 τα κέντρα (μέσες τιμές) και σ_1, σ_2 οι τυπικές αποκλίσεις για τις μεταβλητές u_1 και u_2 , αντίστοιχα.

Για την παραγωγή δεδομένων εισόδου και εξόδου, καθώς και για την αξιολόγηση των παραγόμενων αποτελεσμάτων, γίνεται χρήση της συνάρτησης:

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

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

Γενετικοί Αλγόριθμοι

Οι ρίζες των γενετικών αλγορίθμων εντοπίζονται στις επιστήμες της Βιολογίας και της Γενετικής και, συγκεκριμένα, στη θεωρία της εξέλιξης των ειδών. Αναπτύχθηκαν αρχικά από τον John Holland στη δεκαετία του 1960 και έκτοτε έχουν εφαρμοστεί σε πολλά προβλήματα βελτιστοποίησης, αναζήτησης και μηχανικής μάθησης.

Ο βασικός τρόπος λειτουργίας ενός γενετικού αλγορίθμου είναι η δημιουργία μιας πληθυσμιακής συλλογής από ατομικά στοιχεία, τα οποία αντιπροσωπεύουν λύσεις του προβλήματος προς επίλυση, οι οποίες είναι γνωστές ως χρωμοσώματα. Αυτά υπόκεινται σε διαδοχικές διεργασίες **επιλογής**, **διασταύρωσης** και **μετάλλαξης**, οι οποίες μιμούνται τη βιολογική εξέλιξη. Οι “ικανότερες” από αυτές τις λύσεις συνεχίζουν να εξελίσσονται και να ανασυνδυάζονται, έως ότου να “επιβιώσουν” οι καλύτερες από αυτές. Το κριτήριο για την εύρεση αυτών των καλύτερων χρωμοσωμάτων ονομάζεται **συνάρτηση ικανότητας**.

Μέσω της εφαρμογής αυτών των διεργασιών, οι γενετικοί αλγόριθμοι εκτελούν μια αυτοματοποιημένη εξερευνητική διαδικασία χώρου λύσεων, προσπαθώντας να βρουν τη βέλτιστη λύση ή μια πολύ καλή προσέγγιση αυτής. Είναι ιδιαίτερα χρήσιμοι σε προβλήματα όπου ο χώρος αναζήτησης είναι μεγάλος και δύσκολος, καθώς και σε προβλήματα όπου η αναλυτική έκφραση της συνάρτησης, όπως και στην προκειμένη περίπτωση, είναι άγνωστη.

Διεργασίες Γενετικών Αλγορίθμων

Κωδικοποίηση Γονιδίων

Στους γενετικούς αλγορίθμους, όλες οι παράμετροι του χρωμοσώματος κωδικοποιούνται ως δυαδικοί αριθμοί, ενώ ο αριθμός των ψηφίων της κωδικοποίησης διαδραματίζει σημαντικό ρόλο στην ακρίβειά της (με την προσθήκη ψηφίου, διπλασιάζεται η ακρίβεια), καθώς και στη διάσταση του χώρου αναζήτησης. Ωστόσο, η κωδικοποίηση αυτή δεν γίνεται να εφαρμοστεί στην περίπτωση που μελετάμε, καθώς δεν το επιτρέπει η ίδια η φύση του προβλήματος. Αντ' αυτού, έγινε χρήση πραγματικών αριθμών, λόγω του ότι τα χρωμοσώματα μας θα αποτελούνται από τα πλάτη, τα κέντρα και τις τυπικές αποκλίσεις του γραμμικού συνδυασμού των Γκαουσιανών συναρτήσεων. Κάθε μία, όμως, από τις παραμέτρους αυτές θα λαμβάνει τιμές μεταξύ κάποιων ορίων:

- **Πλάτος** $A \in (f_min, f_max)$, όπου f_min και f_max η ελάχιστη και η μέγιστη τιμή της συνάρτησης αντίστοιχα.
- **Κέντρα** $(c1, c2)$, με πεδία ορισμού βάσει της εκάστοτε συνάρτησης μας. Για παράδειγμα, για πεδίο ορισμού $u1 = (\alpha, \beta)$ και $u2 = (\gamma, \delta)$, θα έχουμε για τα κέντρα $c1 \in (\alpha - 3, \beta + 3)$, $c2 \in (\gamma - 3, \delta + 3)$.
- **Τυπική απόκλιση** $\sigma \in (0.2, 1.3)$.

Χρωμοσώματα

Εκτός από την κωδικοποίηση κάθε γονιδίου των χρωμοσωμάτων, θα πρέπει να οριστεί ένας αρχικός πληθυσμός λύσεων, καθώς και ο αριθμός των “καλύτερων” χρωμοσωμάτων που θα μεταφερθούν στην επόμενη γενιά. Στη συνέχεια, πρέπει να οριστεί το ποσοστό διασταυρώσεων (crossover), το οποίο θα πρέπει να παραμείνει σταθερό καθ' όλη την διάρκεια της διαδικασίας. Τέλος, θα καθοριστεί και η πιθανότητα μετάλλαξης (mutation) σε κάποια από τα επιμέρους γονίδια.

Συνάρτηση Ικανότητας (Fitness Function)

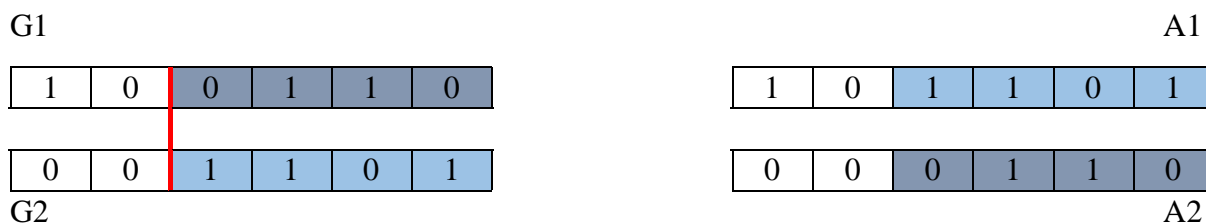
Όπως προαναφέρθηκε, η συνάρτηση ικανότητας (Σ.Ι.) αποτελεί το κριτήριο, με βάση το οποίο γίνεται η διάκριση των “καλύτερων” χρωμοσωμάτων, ώστε αυτά να “περάσουν” στην επόμενη γενιά. Για την προσέγγιση της συνάρτησης που μελετάται, χρησιμοποιήθηκε το **μέσο τετραγωνικό σφάλμα** (Mean Square Error – MSE), όπου για $f(x_i)$ πραγματική τιμή της συνάρτησης και $\bar{f}(x_i)$ προσεγγιστική τιμή, θα είναι:

$$e_{mse} = \left(\frac{1}{n}\right) \cdot \sum \left(f(x_i) - \bar{f}(x_i)\right)^2$$

όπου n ο αριθμός των σημείων που χρησιμοποιήθηκαν στην προσέγγιση.

Διασταυρώσεις (Crossover)

Στους γενετικούς αλγορίθμους, η διασταύρωση αποτελεί τον κυριότερο τελεστή. Τα χρωμοσώματα των δύο γονέων χωρίζονται σε δύο μέρη, τα οποία διασταυρώνονται μεταξύ τους. Με τη διαδικασία αυτή, προκύπτουν δύο απογόνους, οι οποίοι αποτελούνται από γενετικό υλικό και των δύο γονέων, σε ποσοστά που καθορίζονται από το **σημείο τομής** των χρωμοσωμάτων τους. Στο Σχήμα 1 παρατίθεται ένα παράδειγμα λειτουργίας της μεθόδου διασταύρωσης.



Σχήμα 1: Παράδειγμα λειτουργίας της μεθόδου διασταύρωσης. Με G δηλώνονται τα χρωμοσώματα των γονέων και με A αυτά των απογόνων. Η κόκκινη γραμμή συμβολίζει το σημείο τομής των χρωμοσωμάτων.

Εφόσον η κωδικοποίηση που έχει υιοθετηθεί στην παρούσα εργασία δεν είναι δυαδική, είναι αδύνατο να χρησιμοποιηθεί η κλασσική μέθοδος διασταύρωσης. Αντί αυτής, για δύο γονείς (έστω A και B), το νέο παιδί θα αποτελείται από το ημίθροισμα των χρωμοσωμάτων των δύο γονέων, δηλαδή με $\frac{A+B}{2}$.

Μεταλλάξεις (Mutations)

Στην κλασσική (δυαδική) υλοποίηση των γενετικών αλγορίθμων, ως μετάλλαξη νοείται η αντιστροφή ενός ή περισσότερων ψηφίων του χρωμοσώματος. Η πιθανότητα μετάλλαξης σε ένα χρωμόσωμα είναι αρκετά μικρότερη από την πιθανότητα διασταύρωσης, οπότε η μετάλλαξη αντιμετωπίζεται ως ένας λιγότερο σημαντικός τελεστής. Κύριος σκοπός της είναι το να εμποδίσει τον γενετικό αλγόριθμο από το να “κολλήσει” σε περιοχές του χώρου αναζήτησης, διαταράσσοντας ελαφρά τη δομή του χρωμοσώματος. Το Σχήμα 2 απεικονίζει ένα παράδειγμα λειτουργίας του τελεστή μετάλλαξης.



Σχήμα 2: Εφαρμογή του τελεστή μετάλλαξης. Με G και A δηλώνονται τα χρωμοσώματα του γονέα και του απογόνου αντίστοιχα, ενώ τα σκιασμένα κελιά ορίζουν τα σημεία στα οποία συνέβη μετάλλαξη.

Στην περίπτωση της παρούσας εργασίας, η μετάλλαξη ενός τυχαίου γονιδίου θα υλοποιηθεί μέσω εναλλαγής της τιμής του από μια τιμή μέσα στα αντίστοιχα πραγματικά εύρη τιμών του που έχουν οριστεί παραπάνω. Για αυτή τη διαδικασία, ορίζεται η πιθανότητα αυτής της μετάλλαξης στην αρχή του αλγορίθμου.

Υλοποίηση Αλγορίθμου - Προσέγγιση και Αναλυτική Έκφραση Συνάρτησης

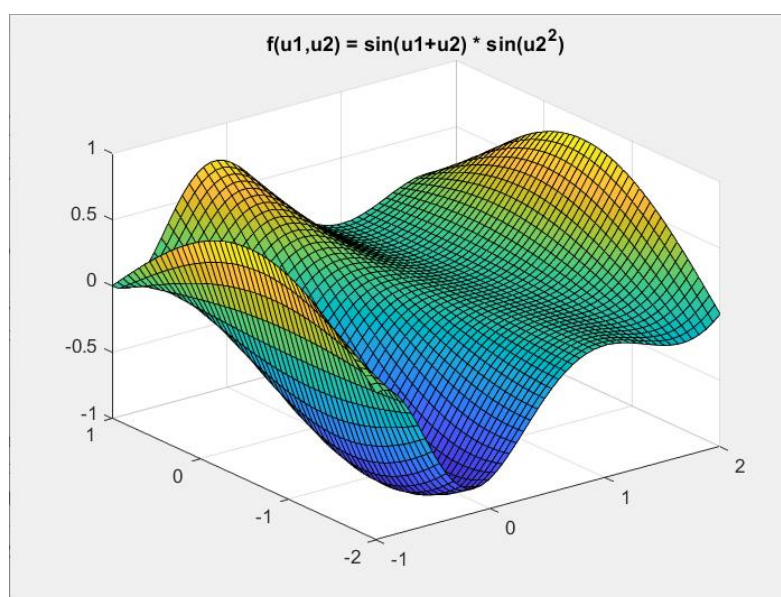
Όπως αναφέρθηκε και στην εισαγωγή, για την αξιολόγηση του αλγορίθμου και την παραγωγή των δεδομένων εισόδου και εξόδου θα χρησιμοποιηθεί η $f(u_1, u_2) = \sin(u_1 + u_2) \cdot \sin(u_2^2)$ με $u_1 \in [-1, 2]$ και $u_2 \in [-2, 1]$, ενώ, παράλληλα, θα γίνει χρήση γραμμικού συνδυασμού δεκαπέντε Γκαουσιανών συναρτήσεων της μορφής:

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

Από την τρισδιάστατη αναπαράσταση όμως της $f(u_1, u_2)$, βλέπουμε ότι η συνάρτηση παίρνει και αρνητικές τιμές. Επομένως η χρησιμοποίηση Γκαουσιανών της παραπάνω μορφής δεν θα είχε πάρα πολύ νόημα μιας και θα ήταν συνδυασμός μόνο θετικών τιμών με αποτέλεσμα η προσέγγιση του γενετικού αλγορίθμου μας να μην θεωρηθεί ακριβής. Αντί αυτού θα γίνει χρήση Γκαουσιανών συναρτήσεων της μορφής:

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

οπου A ο παράγοντας του πλάτους, ο οποίος θα παρέχει τις επιθυμητές αρνητικές τιμές.



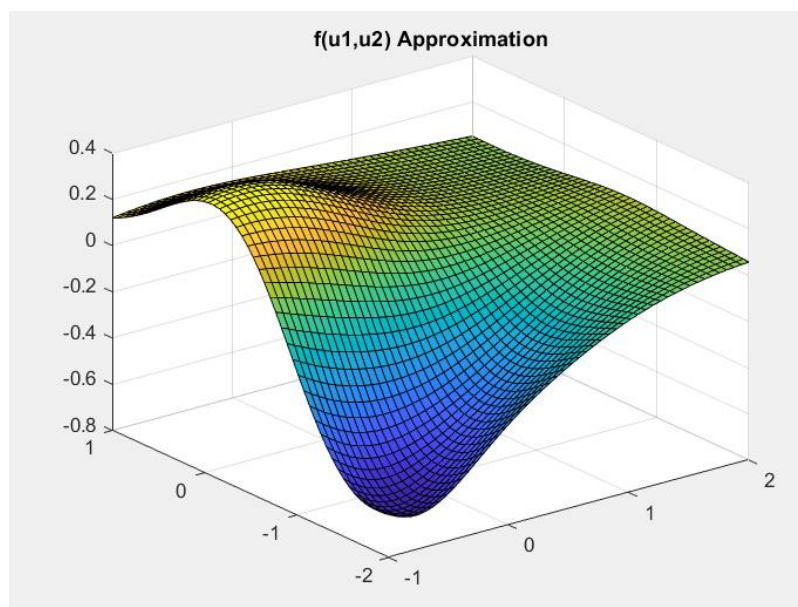
Σχήμα 3: Τρισδιάστατη αναπαράσταση της $f(u_1, u_2)$

Υπολογίζονται, λοιπόν, τα ελάχιστα και μέγιστα όρια (fmin και fmax αντίστοιχα) της συνάρτησης παραγωγής δεδομένων και ορίζεται το εύρος τιμών των πλατών A και, κατά συνέπεια, και των υπόλοιπων παραμέτρων που αναφέρθηκαν παραπάνω. Τελικά, θα έχουμε:

- Πλάτος: $A \in (-0.9996, 0.8415)$,
- Κέντρα: $c1 \in (-3, 4)$, $c2 \in (-4, 3)$,
- Τυπική απόκλιση: $\sigma1, \sigma2 \in (0.2, 1.3)$.

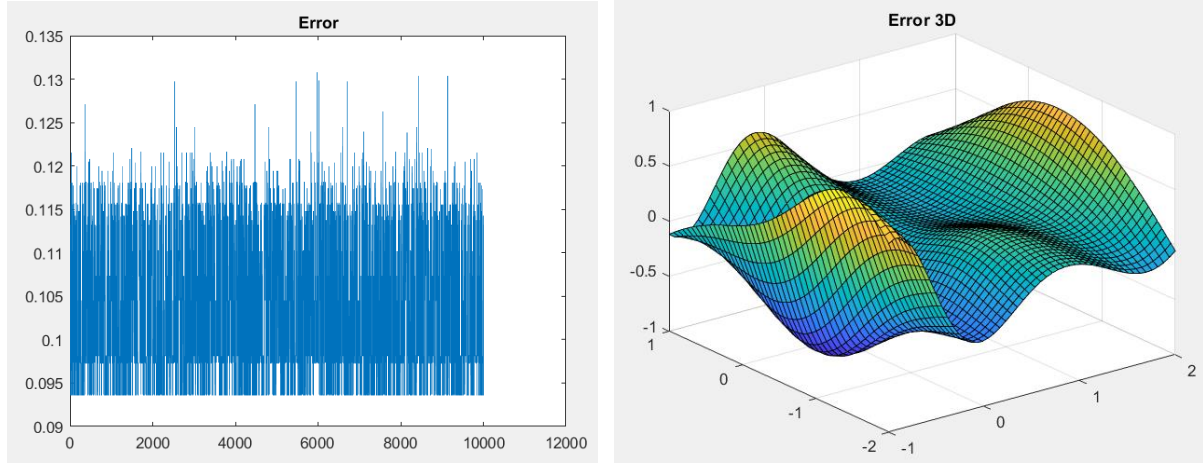
Ο αριθμός των χρωμοσωμάτων που θα αποτελέσουν τον πληθυσμό ορίζεται στα 50, με τον πληθυσμό της επόμενης γενιάς να αποτελείται κατά 30% από τα “καλύτερα” της προηγούμενης, κατά 10% από τυχαίες λύσεις και κατά 60% από απογόνους που προκύπτουν μέσω του τελεστή crossover. Έπειτα από αρκετές δοκιμές πάνω στον κώδικα, η πιθανότητα μετάλλαξης επιλέχθηκε να είναι ίση με 30%, να μεταλλάσσεται, δηλαδή, περίπου το 1/3 του πληθυσμού. Παρατηρήθηκε, επιπλέον, η μεγάλη σημασία που έχει στον γενετικό αλγόριθμο η διαδικασία της μετάλλαξης και πόσο αυτή επηρεάζει τη σύγκλισή του, ανάλογα με την επιλογή της πιθανότητάς της.

Στο Σχήμα 4 φαίνεται η γραφική παράσταση που επιτεύχθηκε με την προσέγγιση μέσω του γραμμικού συνδυασμού των 15 Γκαουσιανών συναρτήσεων (χρησιμοποιούνται όλες, ώστε να επιτευχθεί το μικρότερο δυνατό σφάλμα). Για τον συγκεκριμένο “καλύτερο” πληθυσμό, υπολογίστηκε $MSE = 0.0667$, τιμή αρκετά ικανοποιητική, κάτι που γίνεται αντιληπτό και από την τρισδιάστατη αναπαράσταση, η οποία φαίνεται να προσεγγίζει επαρκώς την παραπάνω τρισδιάστατη αναπαράσταση της $f(u1, u2)$.



Σχήμα 4: Τρισδιάστατη απεικόνιση της προσέγγισης της $f(u1, u2)$ μέσω Γενετικού Αλγορίθμου

Επιπλέον, στα παρακάτω σχήματα παρατίθενται παραστάσεις, σε δύο και τρεις διαστάσεις, του Μέσου Τετραγωνικού Σφάλματος, το οποίο χρησιμοποιήθηκε, όπως αναφέρθηκε προηγουμένως, ως εργαλείο για την προσέγγιση που φαίνεται παραπάνω. Παράλληλα, στον Πίνακα 1 φαίνονται οι τιμές των παραμέτρων των Gaussian συναρτήσεων που χρησιμοποιήθηκαν.



Σχήμα 5: Δισδιάστατη και τρισδιάστατη απεικόνιση του Μέσου Τετραγωνικού Σφάλματος

gaussians	A	c1	c2	s1	s2
{'Gaussian 1' }	-0.049824	-1.3283	-0.049824	-0.049824	-0.049824
{'Gaussian 2' }	0.088481	-0.10289	0.088481	0.088481	0.088481
{'Gaussian 3' }	0.53266	0.37924	0.53266	0.53266	0.53266
{'Gaussian 4' }	-0.083518	0.47209	-0.083518	-0.083518	-0.083518
{'Gaussian 5' }	0.23313	0.44897	0.23313	0.23313	0.23313
{'Gaussian 6' }	-0.83263	-0.15855	-0.83263	-0.83263	-0.83263
{'Gaussian 7' }	0.13259	3.0647	0.13259	0.13259	0.13259
{'Gaussian 8' }	-0.20219	-1.675	-0.20219	-0.20219	-0.20219
{'Gaussian 9' }	-0.39901	-0.89711	-0.39901	-0.39901	-0.39901
{'Gaussian 10' }	0.052445	0.35622	0.052445	0.052445	0.052445
{'Gaussian 11' }	-0.056545	0.74492	-0.056545	-0.056545	-0.056545
{'Gaussian 12' }	-0.13969	1.4738	-0.13969	-0.13969	-0.13969
{'Gaussian 13' }	0.19628	2.8677	0.19628	0.19628	0.19628
{'Gaussian 14' }	0.21385	-0.73775	0.21385	0.21385	0.21385
{'Gaussian 15' }	-0.29714	-0.019537	-0.29714	-0.29714	-0.29714

Πίνακας 1: Πίνακας παραμέτρων για τις 15 Gaussian συναρτήσεις

Επομένως, καταλήγουμε στο ότι η αναλυτική έκφραση της $f(u_1, u_2)$ θα έχει την εξής μορφή:

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

όπου G_i κάθε μία από τις 15 Gaussian συναρτήσεις, των οποίων οι παράμετροι φαίνονται στον Πίνακα 1.

Συμπεράσματα - Παρατηρήσεις

Γενικά, οι γενετικοί αλγόριθμοι είναι αποδοτικοί στην προσέγγιση άγνωστων συναρτήσεων, ειδικά όταν η συνάρτηση είναι πολύπλοκη ή δυσκολεύει την αναζήτηση της βέλτιστης λύσης με παραδοσιακές μεθόδους. Ωστόσο, η επιτυχία τους εξαρτάται σε μεγάλο βαθμό από την κατάλληλη ρύθμιση των παραμέτρων τους και την κατάλληλη αναπαράσταση του προβλήματος που προσπαθούν να λύσουν. Για τον λόγο αυτό, παρόλο που καταλήξαμε σε μια σχετικά καλή προσέγγιση για την ζητούμενη f , σίγουρα ο αλγόριθμος που υλοποιήσαμε δεν μπορεί να θεωρηθεί 100% ακριβής και σωστός.

Στην περίπτωση της παρούσας εργασίας, εντοπίστηκαν προβλήματα στο fitness score των πληθυσμών, τα οποία σε αρκετές δοκιμές φαίνεται να μην μειώνονται με την πάροδο των γενεών μας, κάτι δηλαδή που θα περιμέναμε σε έναν γενετικό αλγόριθμο. Αντίθετα, παρατηρήθηκε ταλάντωση του σφάλματος (βλ. Σχήμα 5) ανάμεσα σε μικρές τιμές, οι οποίες, θεωρητικά, θα ήταν επιθυμητές. Επίσης, σε δοκιμές του αλγορίθμου για ίδιες αρχικές συνθήκες εκκίνησης, οι αποκλίσεις στα αποτελέσματα ήταν συχνά μεγάλες. Συμπεραίνουμε, λοιπόν, πως η παραπάνω υλοποίηση δεν είναι σε καμία περίπτωση τέλεια, όμως προσεγγίζει σε έναν καλό βαθμό τη ζητούμενη συνάρτηση και δίνει μια ικανοποιητική, χαμηλής πολυπλοκότητας, αναλυτική έκφραση για αυτήν.

Βιβλιογραφικές Πηγές

1. Γεώργιος Α. Ροβιθάκης, «Τεχνικές Βελτιστοποίησης», Εκδόσεις TZIOΛΑ