Implementacja i ocena algorytmu NSGA-II w optymalizacji wielokryterialnej na funkcjach ZDT

Michał Żelazko

Damian Kantorowski

Opis algorytmu

Kod programu napisany został w języku Python. Do uruchomienia wymagane są biblioteki Numpy, random, matplotlib i copy.

- **Reprezentacja i inicjalizacja**
  Populacja początkowa zawiera 150 osobników składających się z wektora współrzędnych rzeczywistych z dziedziny funkcji wylosowanych z użyciem rozkładu jednostajnego oraz z wektora sigm o takim samym rozmiarze z początkowymi wartościami zależnymi od wymiaru. Wartość sigma jest odchyleniem standardowym rozkładu normalnego.

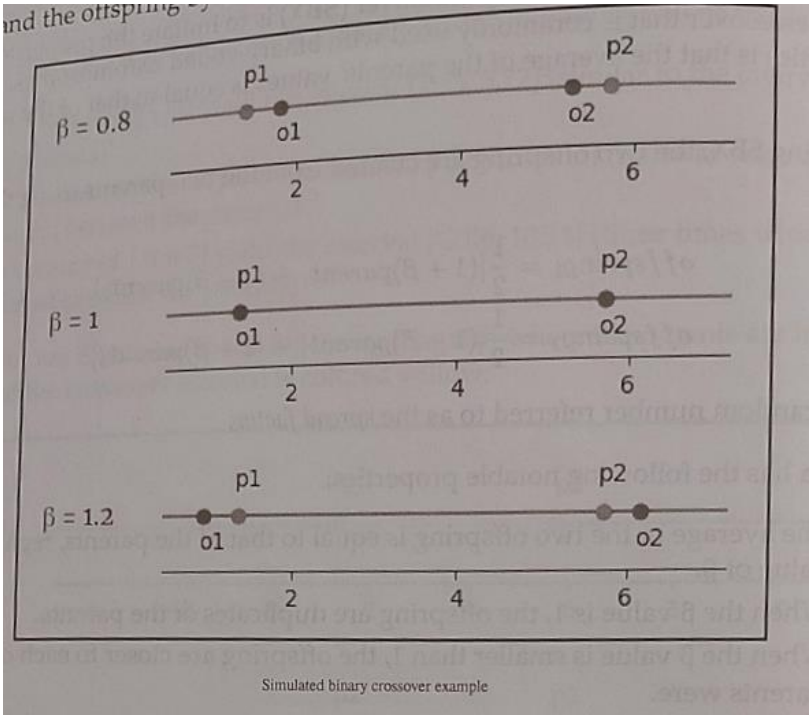
- **Przypisanie frontów**
  Wykorzystany został algorymt Kunga – najpierw osobniki są sortowane rosnąco po funkcji oceny f2, a gdy ta wartość jest taka sama, rosnąco po f1. Następnie posortowana lista jest rekurencyjnie dzielona na połowy **T** i **B** aż do osiągnięcia 1 osobnika w każdej. Listy są następnie łączone poprzez zwrócenie listy niedominujących się osobników, czyli wszystkich z **T** i tych z **B** które nie są dominowane przez **T**. Sprawdzając dominacje porównywana jest wyłącznie wartośc oceny f1, ponieważ posortowana lista gwarantuje lepszą wartość funkcji f2 osobników **T** względem **B**. Łączone są tak listy aż wszystkie podziały **T** i **B** zostaną rozpatrzone.
- **Obliczenie crowding distance**
  Każdej instancji z tego samego frontu przypisuje się wartość wskazującą jak bardzo jego najbliżsi sąsiedzi są od siebie oddaleni. Oblicza się długość od każdego wymiaru oraz normalizuje się dzieląc przez różnicę maksymalnej i minimalnej wartości osiąganej na froncie w danym wymiarze. Na koniec sumuje się wyniki ze wszystkich wymiarów. Punkty graniczne mają przypisaną największą odległość.

- **Selekcja**
  Wykorzystano selekcję turniejową. Wybrane zostają losowo dwa osobniki, żeby następnie wybrać lepszy. Najpierw uwzględnia się hierarchie frontów Pareto, a w razie należenia do tego samego, wybierany jest ten z większą odległością crowding.
- **Krzyżowanie**
  Wybrane na etapie selekcji osobniki wykorzystywane są do rekombinacji. Wykorzystany został algorytm Simulated Binary Crossover. (Eyal Wirsansky, *Hands-On Genetic Algorithms with Python*) Celem jest imitowanie działania krzyżowania liczb binarnych jedną linią przecięcia. Jednym z własności zachowanych w SBX jest średnia rodziców równa średniej potomków.

  Dwóch potomków wyznacza się wzorem:

$$offspring_1 = \frac{1}{2}[(1+\beta)parent_1 + (1-\beta)parent_2]$$
$$offspring_2 = \frac{1}{2}[(1-\beta)parent_1 + (1+\beta)parent_2]$$

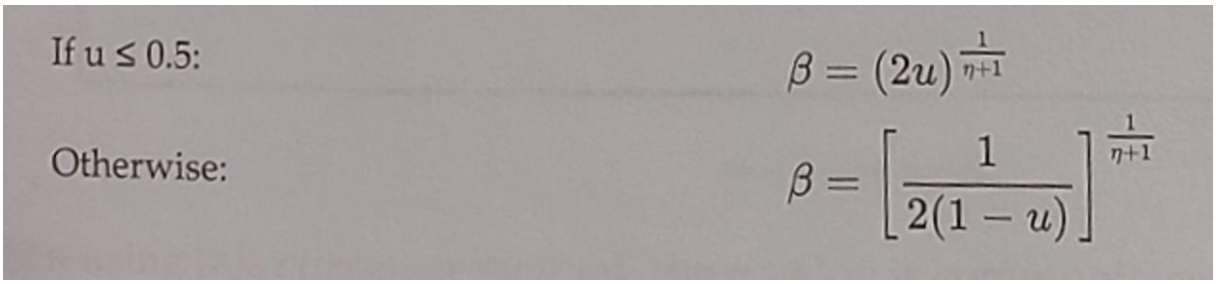
  Potomkowie są symetryczni względem średniej rodziców. Wpływ zmiennej β na potomków:



Simulated binary crossover example

  Gdzie *p1* i *p2* to rodzice, *o1* i *o2* to potomkowie

β jest wyznaczana przez wylosowanie liczby *u* z rokładu jednostajnego o przedziale [0, 1] . Parametr ŋ pozwala na kontrole eksploracji/eksploatacji – większa ŋ zbliża potomków do wartości pomiędzy rodzicami.



By nie dopuścić do stworzenia niepoprawnego punktu, współrzędna nie należąca do dziedziny funkcji jest do niej sprowadzana poprzez odbijanie od brzegu przedziału.

- **Mutacja**
  Podczas mutacji modyfikowane najpierw wartości sigma:
  $\sigma' \leftarrow \sigma \cdot \exp(\tau \cdot N(0,1))$
  a następnie współrzędne:
  $x_i^{t+1} = x_i^t + N(0,\sigma')$
  Gdzie $\tau \propto \frac{1}{\sqrt{n}}$
  Tak jak w trakcie krzyżowania, niepoprawne współrzędne odbijane są tak by trafiły do dziedziny.
  Odbicie sprowadza wartość sigmy do przedziału $[sigma\_min,\ sigma\_start]$, gdzie *sigma_min* i *sigma_start* to parametry algorytmu.
- **Zastępowanie**
  Operacja najpierw łączy populację rodziców i potomków. Przypisywane są fronty pareto oraz crowding distance. Następnie do nowej generacji dodawane są kolejne fronty pareto, aż maksymalna wielkość populacji zostanie osiągnięta. Jeśli ostatni wybrany front nie mieści się w całości w nowej generacji, wybierane są z niego te osobniki które mają największy crowding distance.

Metodologia pomiarów

Wartości parametrów:

parametr \ wymiar	**10**	**30**	**50**
eta_start	10	2	1
eta_end	18	20	5
sigma_start	1	1	1.5
sigma_min	1e-6	1-e3	1e-3

parametr *eta* zmienia się liniowo wraz ze wzrostem liczby iteracji. *sigma_start* wyznacza wartosc początkową i maksymalną wartość sigmy a *sigma_min* wartość minimalną.

Dla każdej konfiguracji został stworzony wykres na którym widać postęp po 20, 50 , 100 i 500 iteracjach. Widoczna jest poprawa rozwiązania z zwiększająco się ilością iteracji. Widoczne jest jednak zbieranie się punktów w okolicy wartości f1=0.

Aby zapobiec temu zjawisku próbowaliśmy różnych funkcji clippingu wartości, np. odbicie wartości od dziedziny pomnożony przez skalar. Zastosowane zostały również wartości parametrów, które pomagają eksploracji. (zwiekszanie wart. pocz. sigmy, zwiekszanie wart. min. sigmy, zmniejszanie wart początkowej i koncowej parametru η). Wypróbowane zostały również inne operatory rekombinacji: BLX-alpha i uśrednianie dwóch losowych instancji. W mutacji przetestowany został także rozkład Cauchiego zamiast Normalnego przy zmianie **x**.

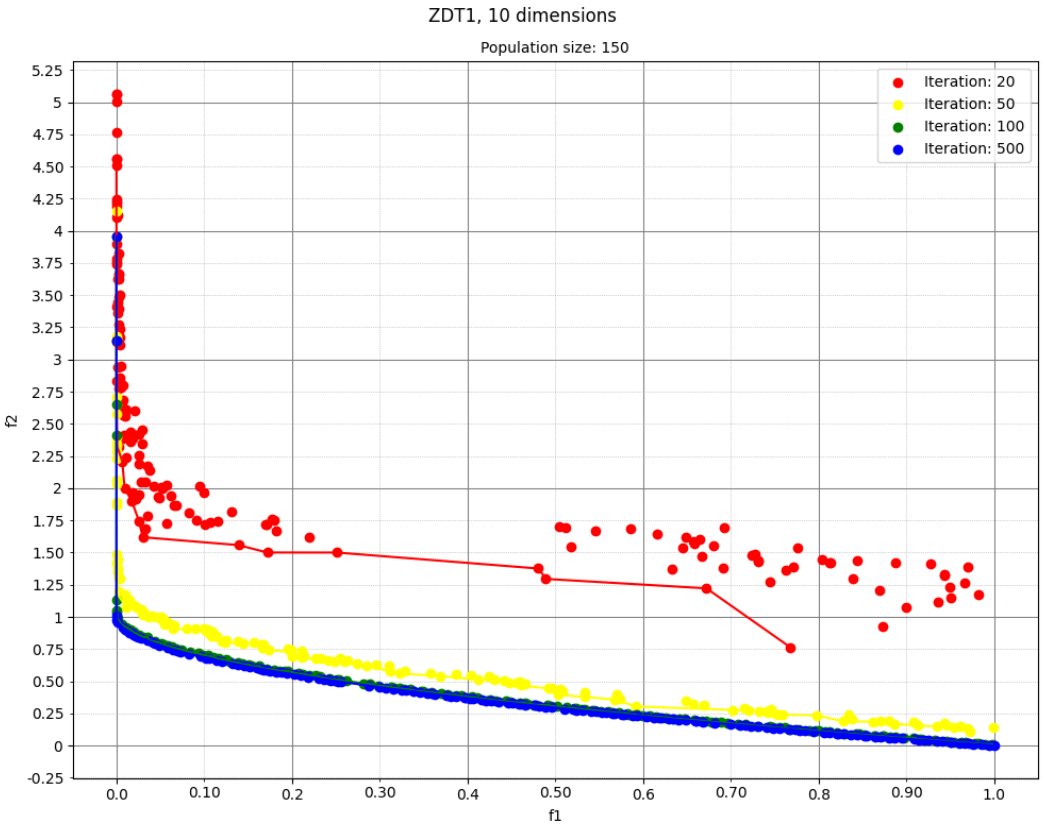
Algorytm dla ZDT1, ZDT2 i ZDT3 dla wymiarów 10 i 30 znajduje front Pareto po pełnym przebiegu. Dla wymiaru 50 jest bardzo blisko optymalnego rozwiązania.

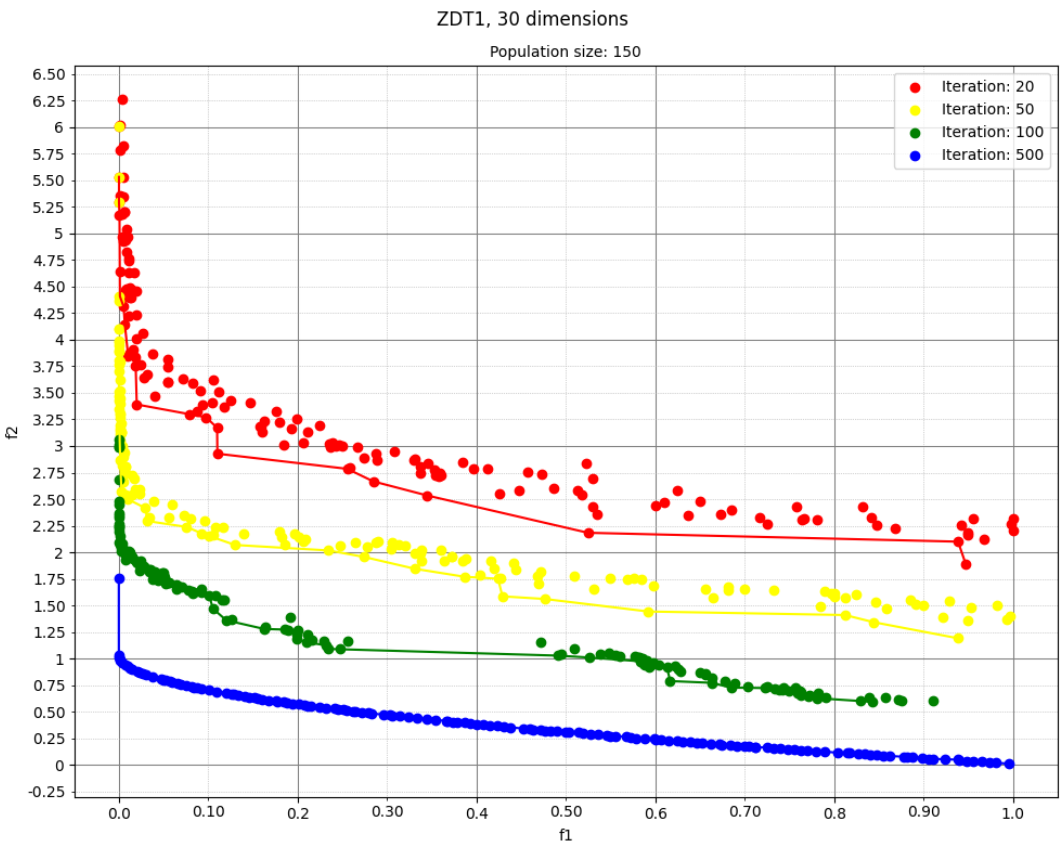
Funkcje ZDT4 i ZDT6 są dużą trudnością dla naszego algorytmu. Dla ZDT4 odległość funkcji celu do frontu Pareto po 500 iteracjach jest średnio: 1, 13 i 18 dla kolejnych wymiarów. Funkcja ZDT6 nieco bliżej frontu: 0.5, 2 , 3.

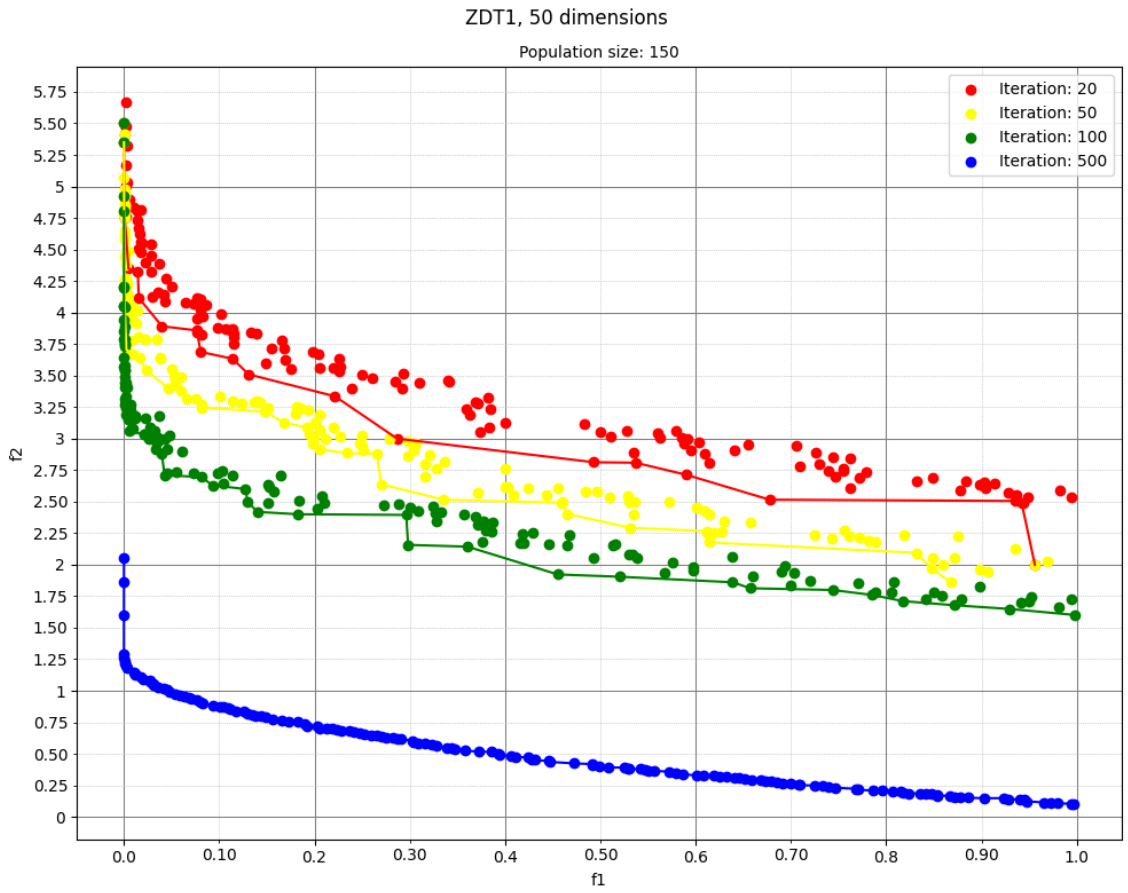
Obserwacje

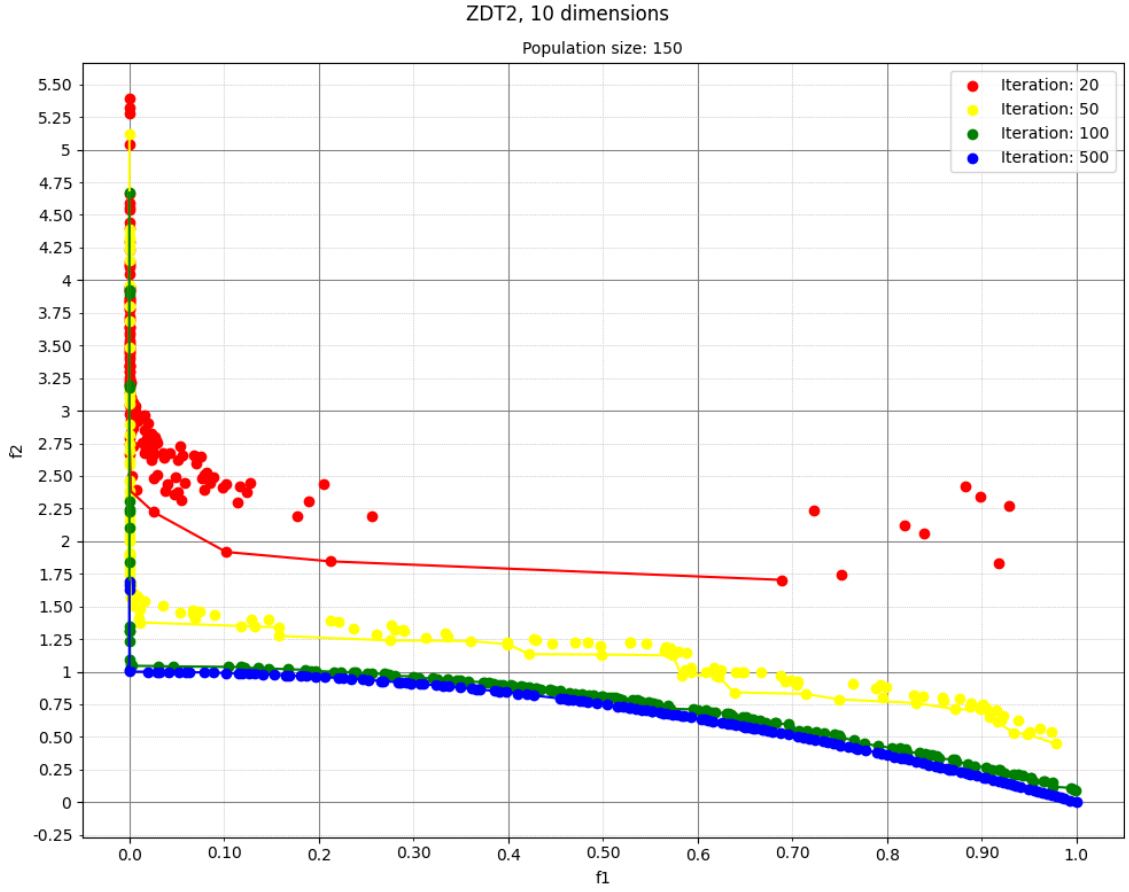
Wydaje się, że gdyby nie zbieranie się punktów w pobliżu jednego miejsca, algorytm mógłby sobie poradzić znacznie lepiej. Możliwą modyfikacją jest zastąpienie rozkładu normalnego przy mutacji **x** przez α-stable distribution. Mimo wszystko widać, że algorytm potrafi znajdywać fronty Pareto lub systematycznego zbliżać się do nich.

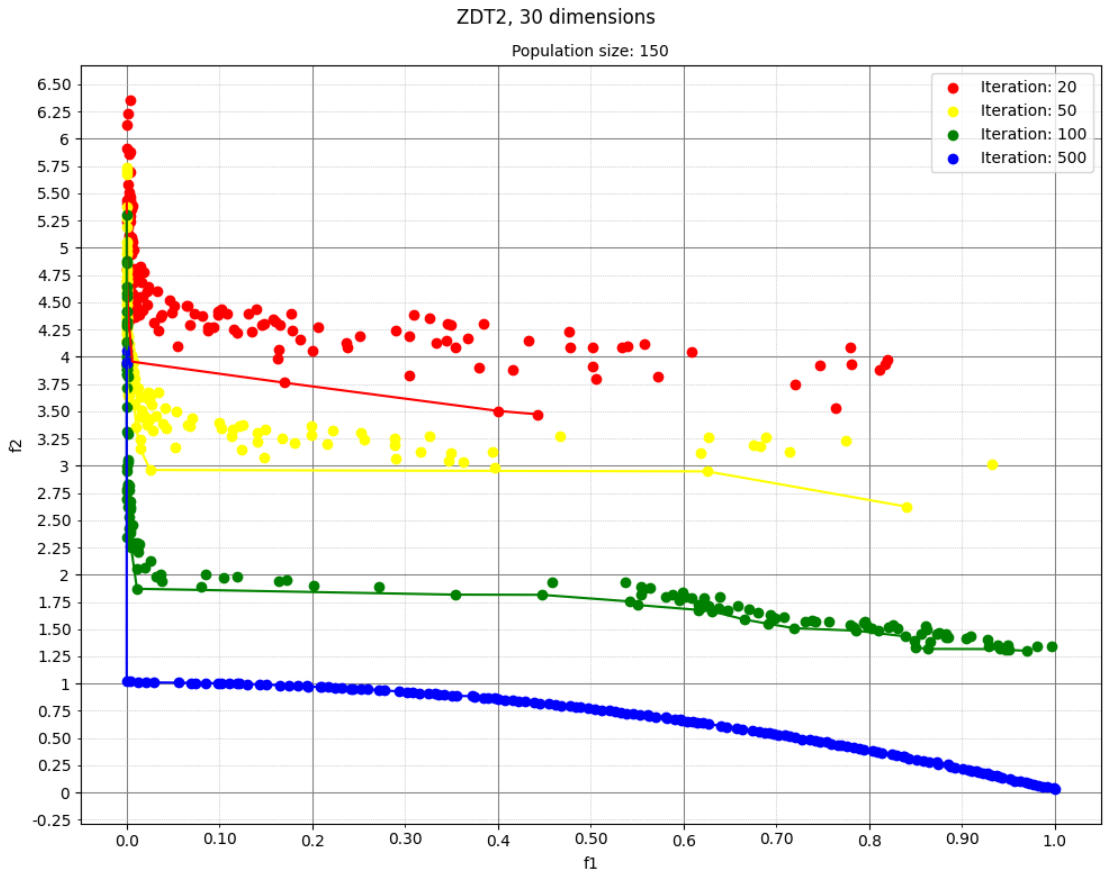
Wykresy funkcji ewaluacyjnych

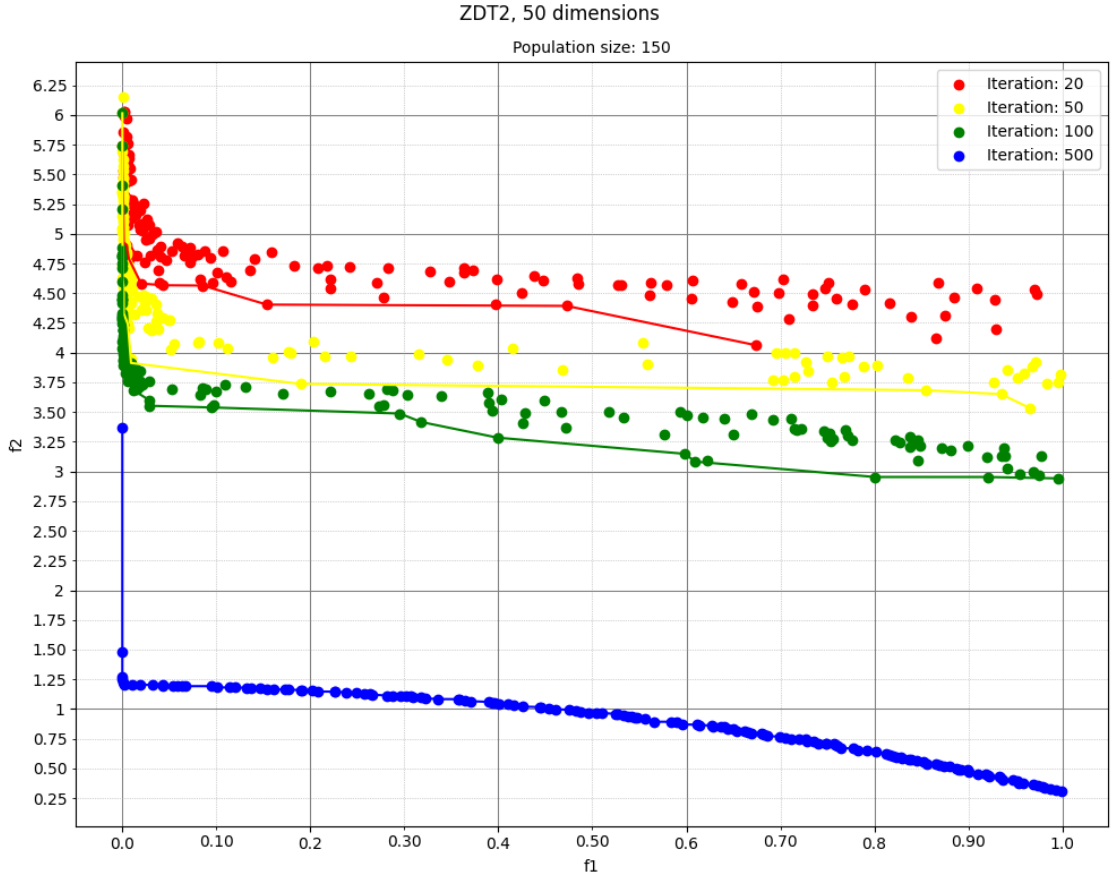


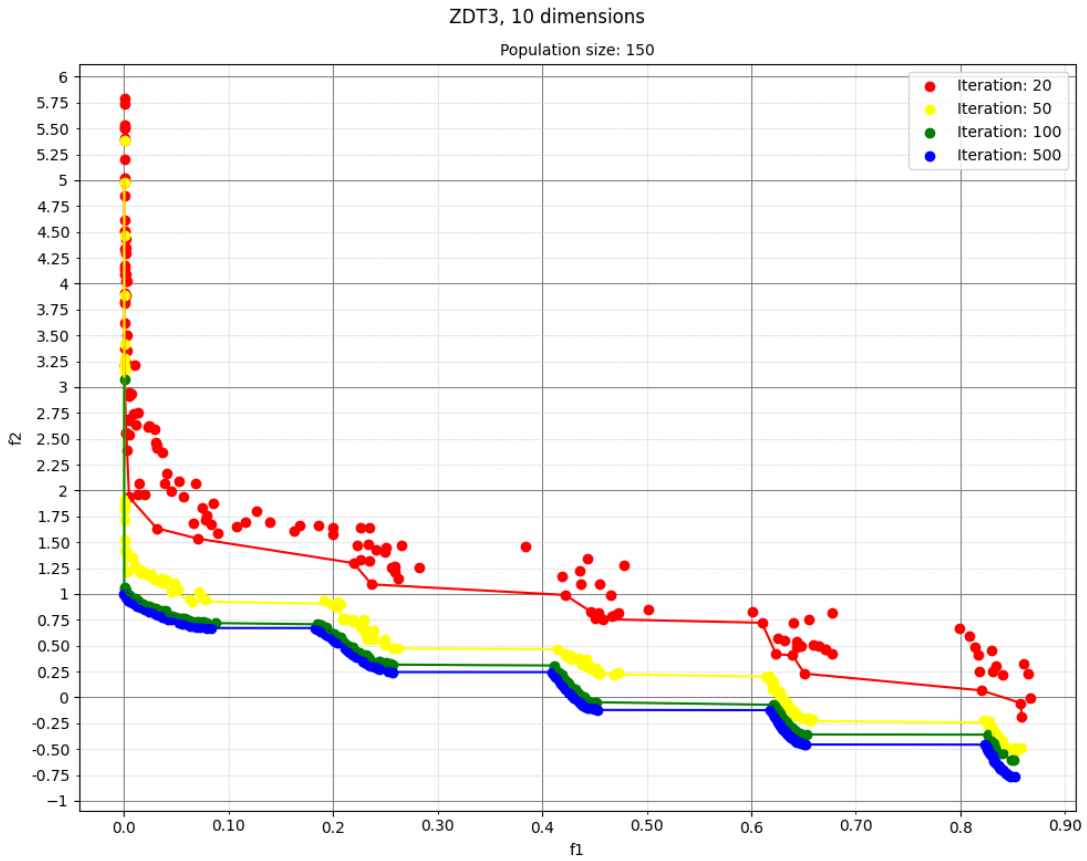


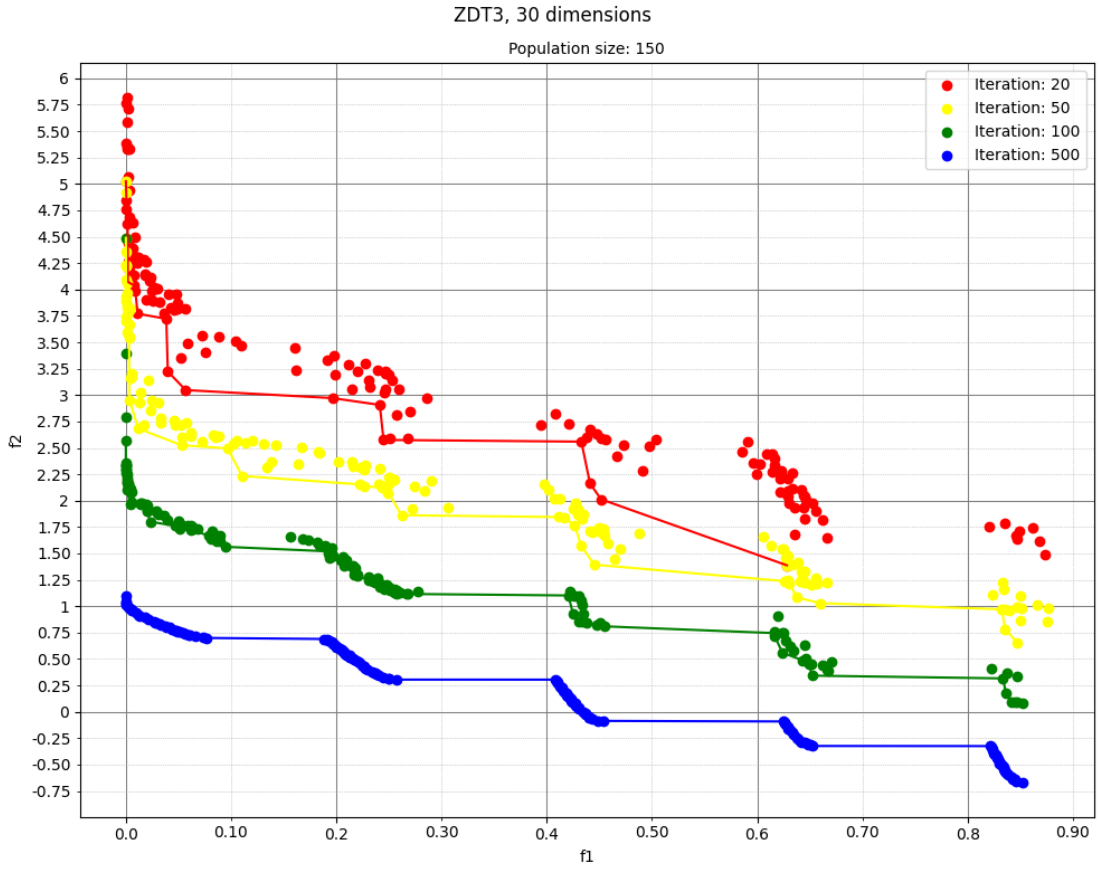

ZDT1, 50 dimensions
Population size: 150
Iteration: 20
Iteration: 50
Iteration: 100
Iteration: 500
f2
f1

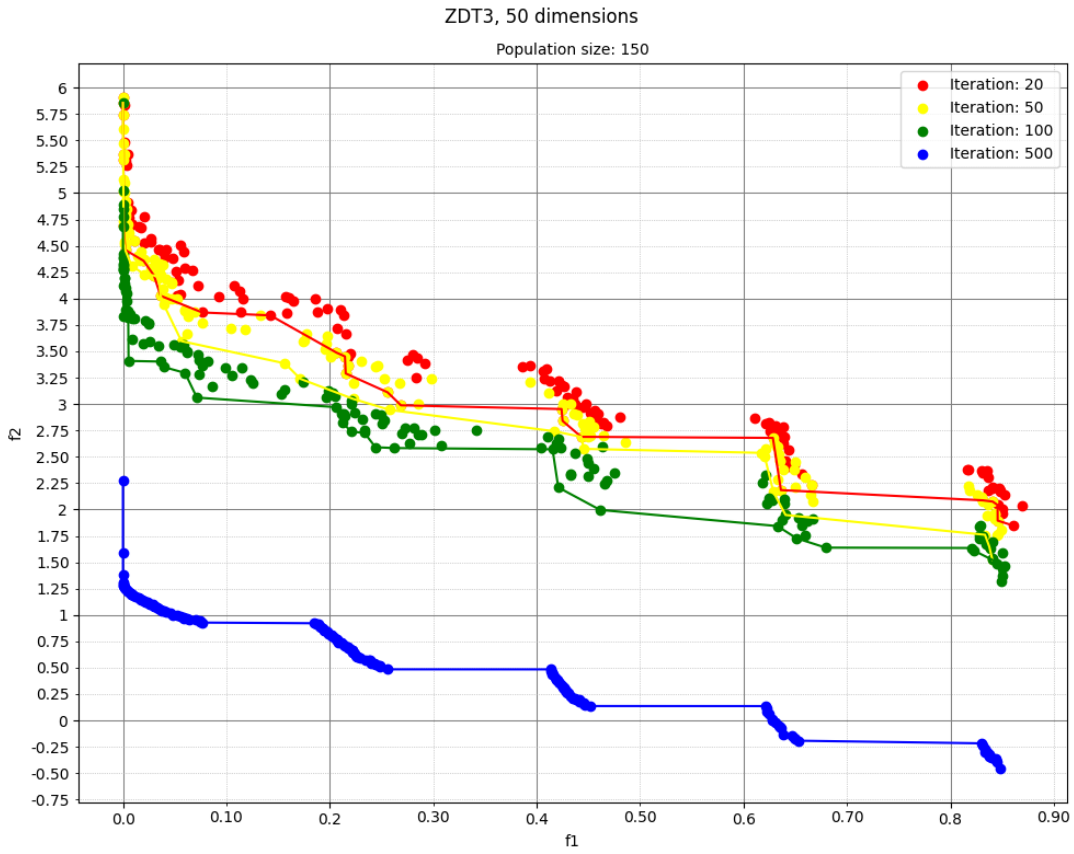

ZDT2, 10 dimensions
Population size: 150
Iteration: 20
Iteration: 50
Iteration: 100
Iteration: 500
f2
f1

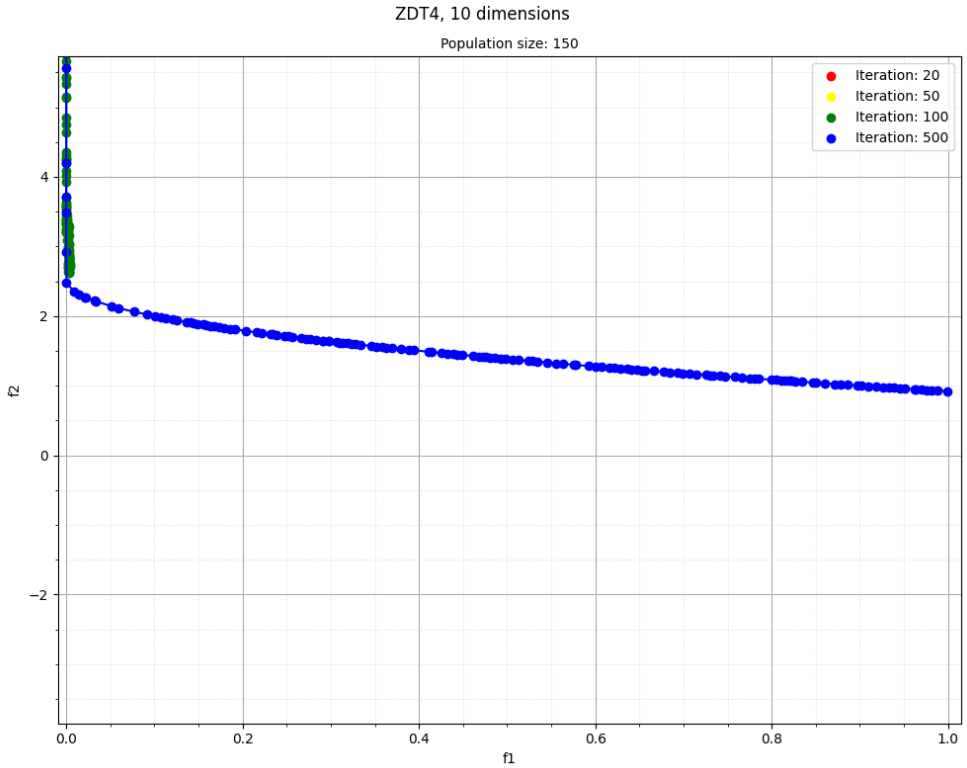

ZDT2, 30 dimensions
Population size: 150
Iteration: 20
Iteration: 50
Iteration: 100
Iteration: 500
f2
f1

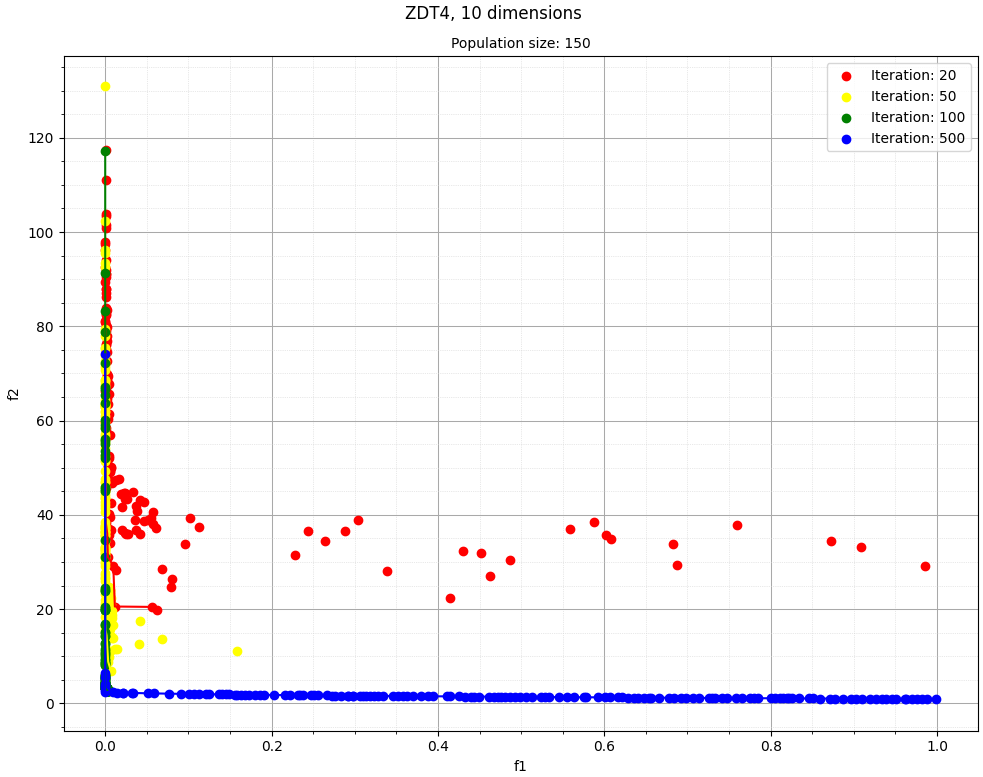

ZDT2, 50 dimensions
Population size: 150
Iteration: 20
Iteration: 50
Iteration: 100
Iteration: 500
f2
f1

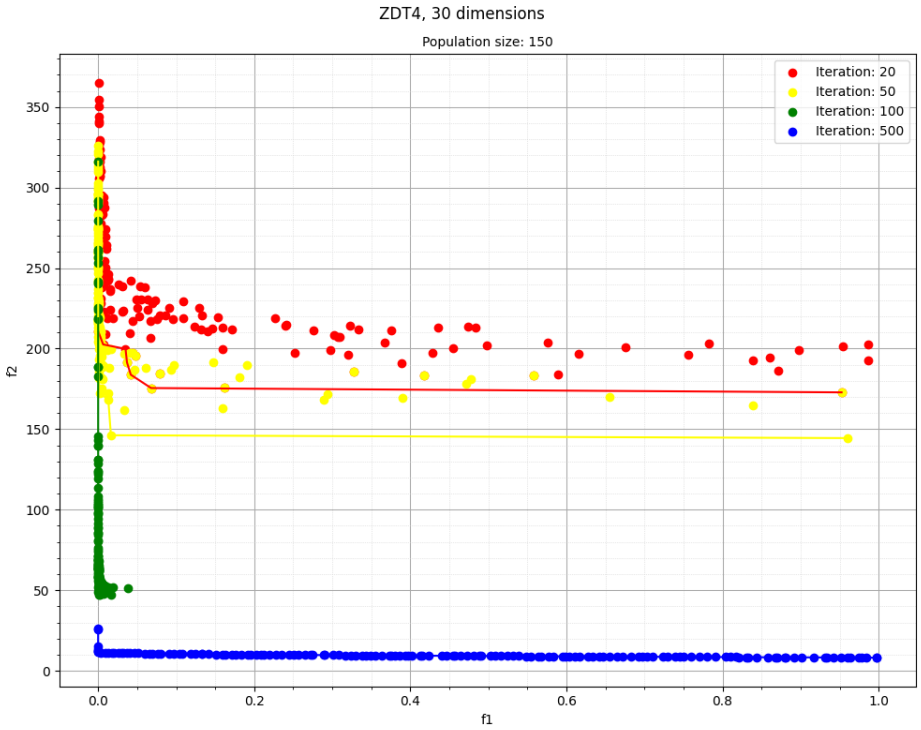

ZDT3, 10 dimensions
Population size: 150
Iteration: 20
Iteration: 50
Iteration: 100
Iteration: 500
f1
f2

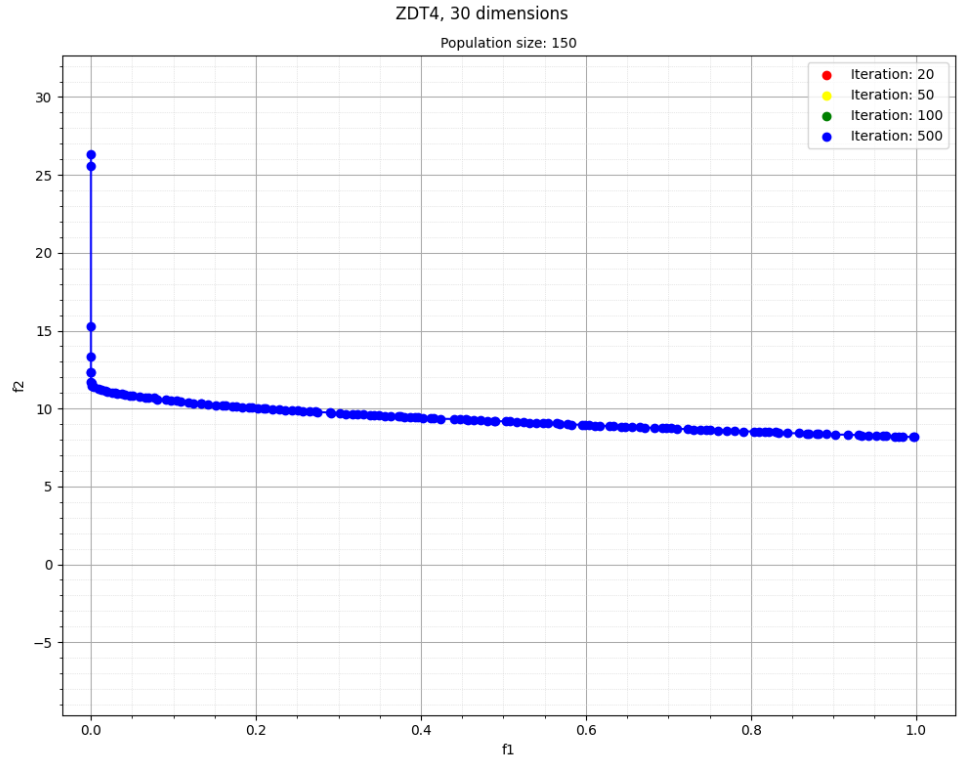

ZDT3, 30 dimensions
Population size: 150
Iteration: 20
Iteration: 50
Iteration: 100
Iteration: 500
f1
f2

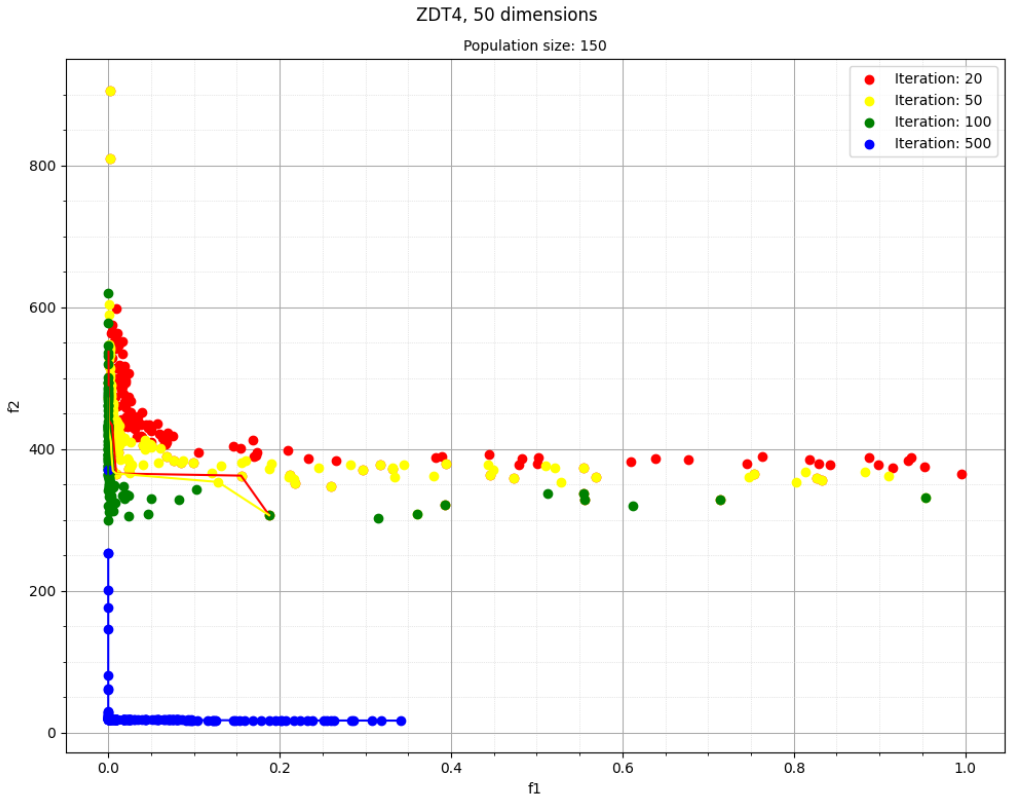

ZDT3, 50 dimensions
Population size: 150
Iteration: 20
Iteration: 50
Iteration: 100
Iteration: 500
f1
f2

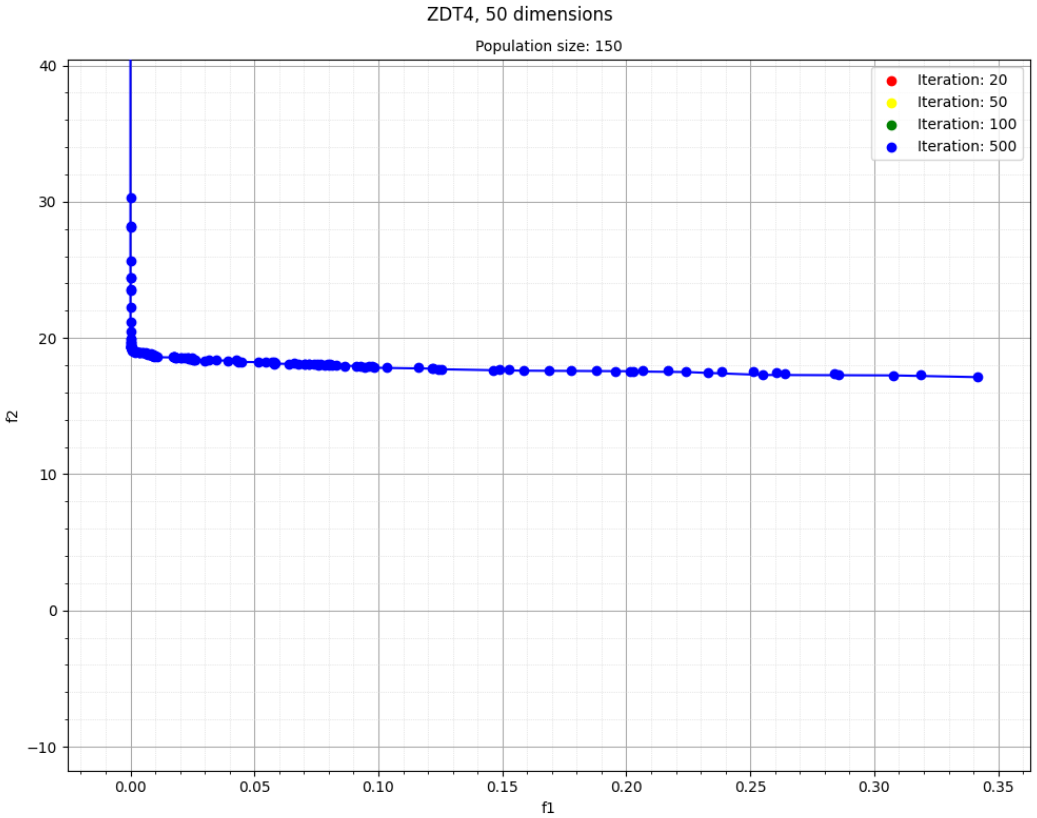

ZDT4, 10 dimensions
Population size: 150
Iteration: 20
Iteration: 50
Iteration: 100
Iteration: 500
f1
f2

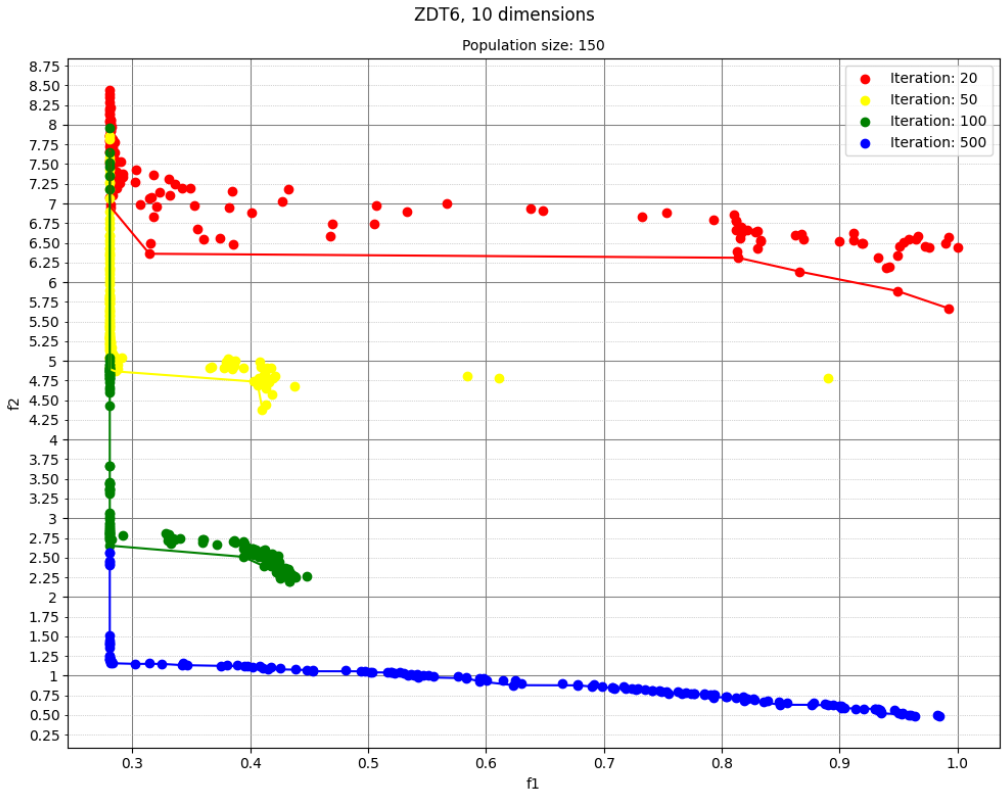

ZDT4, 10 dimensions
Population size: 150
Iteration: 20
Iteration: 50
Iteration: 100
Iteration: 500
f1
f2

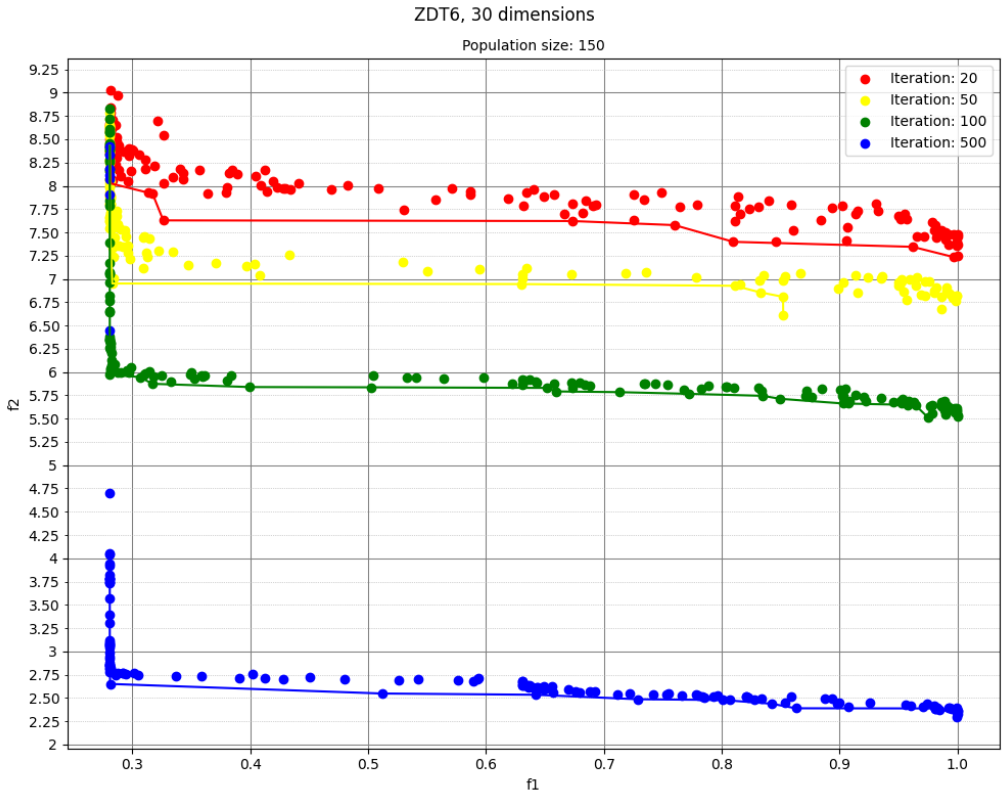

ZDT4, 30 dimensions
Population size: 150
Iteration: 20
Iteration: 50
Iteration: 100
Iteration: 500
f1
f2

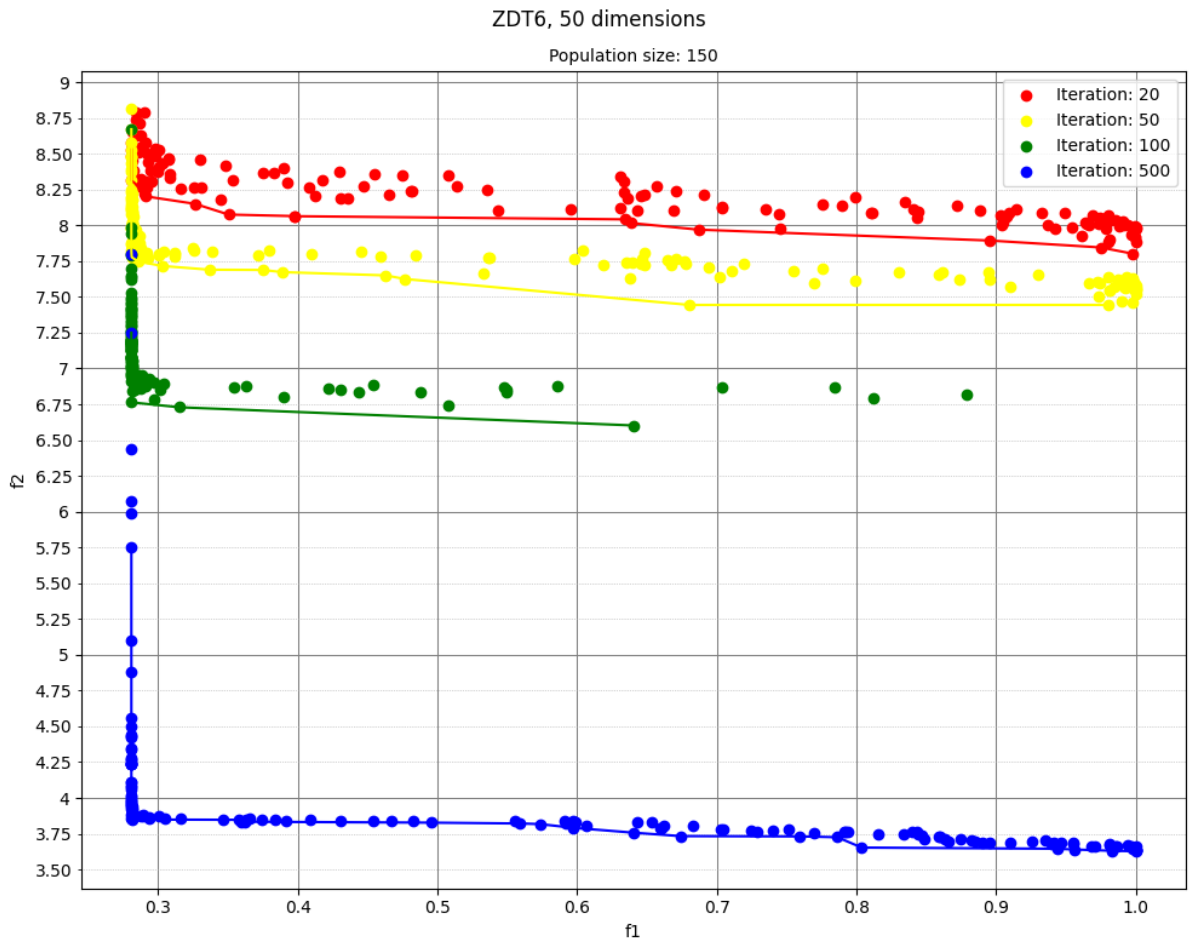

ZDT4, 30 dimensions
Population size: 150
Iteration: 20
Iteration: 50
Iteration: 100
Iteration: 500
f1
f2


ZDT4, 50 dimensions
Population size: 150
Iteration: 20
Iteration: 50
Iteration: 100
Iteration: 500
f1
f2


ZDT4, 50 dimensions
Population size: 150
Iteration: 20
Iteration: 50
Iteration: 100
Iteration: 500
f1
f2


ZDT6, 10 dimensions
Population size: 150
Iteration: 20
Iteration: 50
Iteration: 100
Iteration: 500
f1
f2


ZDT6, 30 dimensions
Population size: 150
Iteration: 20
Iteration: 50
Iteration: 100
Iteration: 500
f1
f2


ZDT6, 50 dimensions
Population size: 150
Iteration: 20
Iteration: 50
Iteration: 100
Iteration: 500
f1
f2
9
8.75
8.50
8.25
8
7.75
7.50
7.25
7
6.75
6.50
6.25
6
5.75
5.50
5.25
5
4.75
4.50
4.25
4
3.75
3.50
0.3
0.4
0.5
0.6
0.7
0.8
0.9
1.0