

## Τεχνικές Βελτιστοποίησης - Project 2023-2024

### Εύρεση αναλυτικής έκφρασης συνάρτησης με χρήση γενετικού αλγόριθμου

Δάφνη Νικολαΐδου AEM:10546

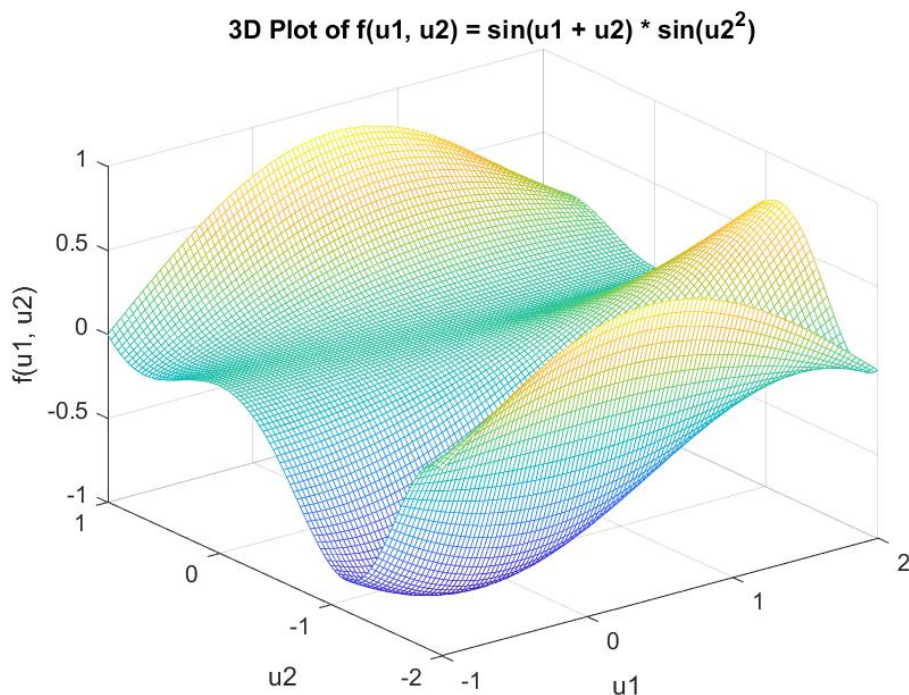
Σε αυτή την εργασία, σχεδιάζεται ένας γενετικός αλγόριθμος με σκοπό την προσέγγιση της συνεχούς συνάρτησης  $f(u_1, u_2)$ , της οποίας η αναλυτική έκφραση μας είναι άγνωστη. Για τη ζητούμενη προσέγγιση θα χρησιμοποιηθεί γραμμικός συνδυασμός 15 Γκαουσιανών συναρτήσεων της μορφής:

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

Όπως ζητείται στην εκφώνηση της άσκησης, για τη παραγωγή δεδομένων εισόδου-εξόδου, καθώς και για την αξιολόγηση των αποτελεσμάτων μας, θα χρησιμοποιήσουμε την συνάρτηση:

$$f(u_1, u_2) = \sin(u_1 + u_2) \sin(u_2^2), \text{ με } u_1 \in [-1, 2] \text{ και } u_2 \in [-2, 1].$$

Σχεδιάζουμε την  $f$  στο τρισδιάστατο επίπεδο (αρχείο κώδικα `fgraph.m`) και διαπιστώνουμε πως παίρνει και αρνητικές τιμές.



Προκειμένου, λοιπόν να μπορέσουμε να προσεγγίσουμε την  $f$  μέσα από τις Γκαουσιανές συναρτήσεις, θα χρειαστεί να προσθέσουμε σε αυτές έναν παράγοντα πλάτους  $A$ , ο οποίος θα επιτρέπει στις συναρτήσεις να παίρνουν και αρνητικές τιμές. Δηλαδή θα έχουμε:

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

## Γενετικοί Αλγόριθμοι

Οι γενετικοί αλγόριθμοι αποτελούν μέθοδο αναζήτησης βέλτιστων, με ευρεία χρήση σε περιπτώσεις μη γραμμικών και μη παραγωγίσιμων προβλημάτων.

Η λειτουργία των γενετικών αλγόριθμων βασίζεται στην βιολογία και πιο συγκεκριμένα, στην θεωρία της εξέλιξης. Ο πληθυσμός (*population*) αποτελεί το σύνολο των λύσεων, ενώ κάθε άτομο του πληθυσμού (μια λύση) ονομάζεται *χρωμόσωμα*, οι παράμετροι του οποίου (*γονίδια*) κωδικοποιούνται ως δυαδικοί αριθμοί. Ο πληθυσμός υφίσταται μια 'γενετική εξέλιξη', κατά την οποία τα καλύτερα χρωμοσώματα "επιβιώνουν" και υπάρχουν κι στην επόμενη γενιά. Το κριτήριο για την εύρεση των καλύτερων χρωμοσωμάτων ονομάζεται *συνάρτηση ικανότητας (fitness function)*.

Για την υλοποίηση της διαδικασίας διενεργούνται διαδικασίες επιλογής μεταξύ των καλύτερων λύσεων και έπειτα διασταύρωσης (*crossover*) και η μετάλλαξης (*mutation*) με σκοπό τη παραγωγή νέων καλύτερων λύσεων, κρατώντας πάντα το μέγεθος του πληθυσμού σταθερό, ενώ στη επόμενη γενιά προχωρούν και μερικά τυχαία χρωμοσώματα, προκειμένου να αποφευχθεί η ταχεία σύγκλιση σε κάποια υποβέλτιστη λύση. Μπορούν να εφαρμοστούν διάφορες τεχνικές υλοποίησης, ανάλογα το πρόβλημα.

### Διαδικασίες του Γενετικού Αλγορίθμου - Υλοποίηση για προσέγγιση της συνάρτησης $f$

#### 1. Κωδικοποίηση Γονιδίων

Κάθε άτομο στον πληθυσμό χαρακτηρίζεται από 1 χρωμόσωμα το οποίο αποτελείται από 5 γονίδια, που εκφράζουν τις παραμέτρους των γκαουσιανών συναρτήσεων ( $A, c1, c2, s1, s2$ ). Στην πρώτη γενιά οι τιμές των γονιδίων επιλέγονται τυχαία μέσα στο επιτρεπτό τους εύρος.

Σε αυτό το πρόβλημα, δεν θα χρησιμοποιηθεί σε όλο το εύρος του αλγορίθμου η έκφραση των γονιδίων με χρήση των bits 0, 1, όπως συνηθίζεται, αλλά μόνο κατά τη διαδικασία του *crossover*. Στις υπόλοιπες διεργασίες, τα χρωμοσώματα θα χαρακτηρίζονται από τα κέντρα, τα πλάτη και τις τυπικές αποκλίσεις των γκαουσιανών συναρτήσεων, εκφρασμένα σε πραγματικούς αριθμούς και εντός συγκεκριμένων ορίων:

- Κέντρα ( $c1, c2$ ), με εύρη τιμών γύρω από τα εύρη των τιμών  $u1, u2$  αντίστοιχα. Επιλέχθηκαν  $c1 = [-4, 5]$  και  $c2 = [-5, 4]$ .
- Πλάτος  $A \in (fmin, fmax)$ , όπου  $fmin, fmax$  η ελάχιστη τιμή και η μέγιστη της συνάρτησης αντίστοιχα, όπως προκύπτουν από τη συνάρτηση  $fLimits$ .
- Τυπική απόκλιση  $\sigma \in (0.2, 1.3)$

#### 2. Επιπλέον παράμετροι για την επιλογή χρωμοσωμάτων

Πρέπει να επιλεγεί αριθμός πληθυσμού ικανός να παράξει μεγάλο πλήθος λύσεων, χωρίς όμως να δημιουργηθούν προβλήματα διαχείρισης του όγκου των δεδομένων και υπερβολικά αργής σύγκλισης. Ορίστηκε πληθυσμός 160 ατόμων, ο οποίος διατηρείται σταθερός από κάθε γενιά στην επόμενη.

Στη συνέχεια, θα πρέπει να ορίσουμε τον τρόπο με τον οποίο τα χρωμοσώματα θα μεταφέρονται στην επόμενη γενιά. Αρχικά, ορίστηκε το ποσοστό του πληθυσμού που προχωρούν αυτόματα στην επόμενη γενιά όντας τα "καλύτερα" στο 20% και τυχαίας επιλογής μεταξύ των υπόλοιπων στο 10%. Το εναπομείναν 70% του πληθυσμού

κάθε επόμενης γενιάς προέρχεται από τη διαδικασία της διασταύρωσης (*crossover*). Επιπλέον, ορίστηκε η πιθανότητα μετάλλαξης (*mutation*) για κάθε άτομο του πληθυσμού στο 20%.

### 3. Συνάρτηση Ικανότητας (Fitness Function)

Η απόκλιση κάθε λύσης από την επιθυμητή τιμή ελέγχεται μέσω μιας συνάρτησης, η οποία ονομάζεται συνάρτηση ικανότητας (Σ.Ι). Σε αυτή την εφαρμογή, θα χρησιμοποιήσουμε για το σκοπό αυτό, τη συνάρτηση μέσου τετραγωνικού σφάλματος (MSE) που δίνεται ως εξής:

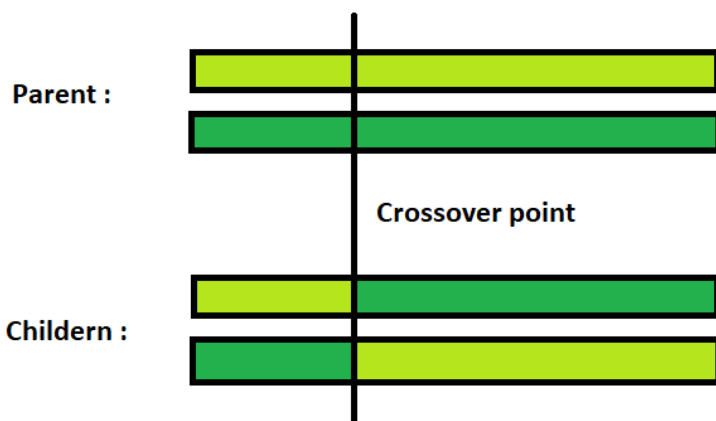
$$e_{mse} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \left( f(x_i) - \bar{f}(x_i) \right)^2$$

όπου  $f(x_i)$  η πραγματική τιμή της συνάρτησης (από real\_f.m) και  $\bar{f}(x_i)$  η εκτίμησή μας (από fBar.m) και  $n$  ο αριθμός των σημείων που χρησιμοποιήθηκαν.

Τα καλύτερα χρωμοσώματα είναι αυτά που ελαχιστοποιούν την Σ.Ι. Έτσι, σε κάθε επανάληψη του αλγορίθμου, ο πληθυσμός ελέγχεται μέσω της fitness function και ταξινομείται κατά αύξουσα τιμή του mse.

### 4. Διασταύρωση (Crossover)

Στη διαδικασία της διασταύρωσης, αφού έχουμε επιλέξει από το σύνολο του πληθυσμού τα χρωμοσώματα - γονείς, δημιουργούμε δύο νέα άτομα (παιδιά) ανταλλάσσοντας γονίδια μεταξύ των γονέων. Στην μέθοδο crossover, αφού έχουμε μετατρέψει τα γονίδια των “γονέων” σε δυαδικές ψηφιοσειρές, επιλέγεται τυχαία ένα σημείο της σειράς γονιδίων. Το σημείο αυτό χωρίζεται σε δύο τμήματα η κάθε ψηφιοσειρά, τα οποία έπειτα διασταυρώνονται, δημιουργώντας δύο απογόνους, όπως φαίνεται στο παρακάτω σχήμα.



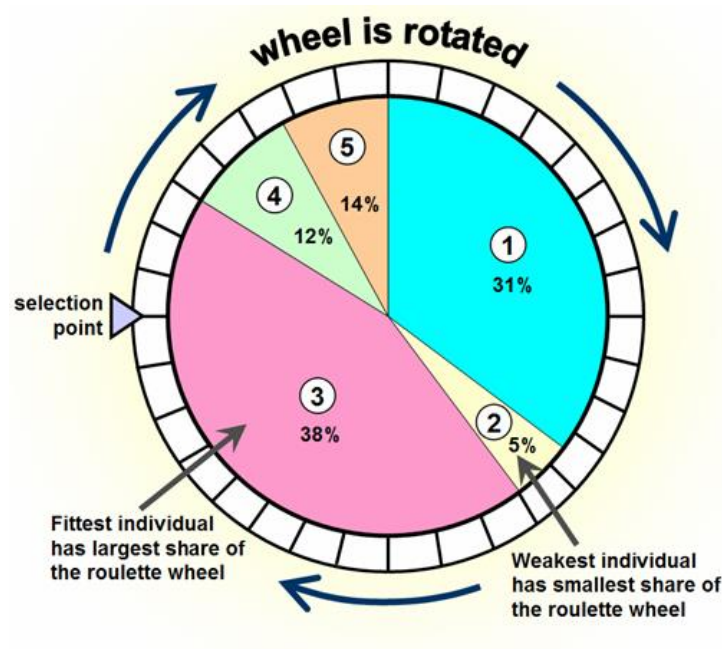
### 5. Μετάλλαξη (Mutation)

Σε αυτή τη διαδικασία, έχοντας πρώτα ορίσει τη συχνότητα με την οποία αυτή θα συμβαίνει, θα επιλέγεται τυχαία ένα από τα γονίδια και θα εναλλάσσεται η τιμή του με μία άλλη τιμή, εντός φυσικά, του εύρους τιμών που ορίστηκε για το γονίδιο αυτό.

## 6. Τυχαία επιλογή (Wheel of Fortune)

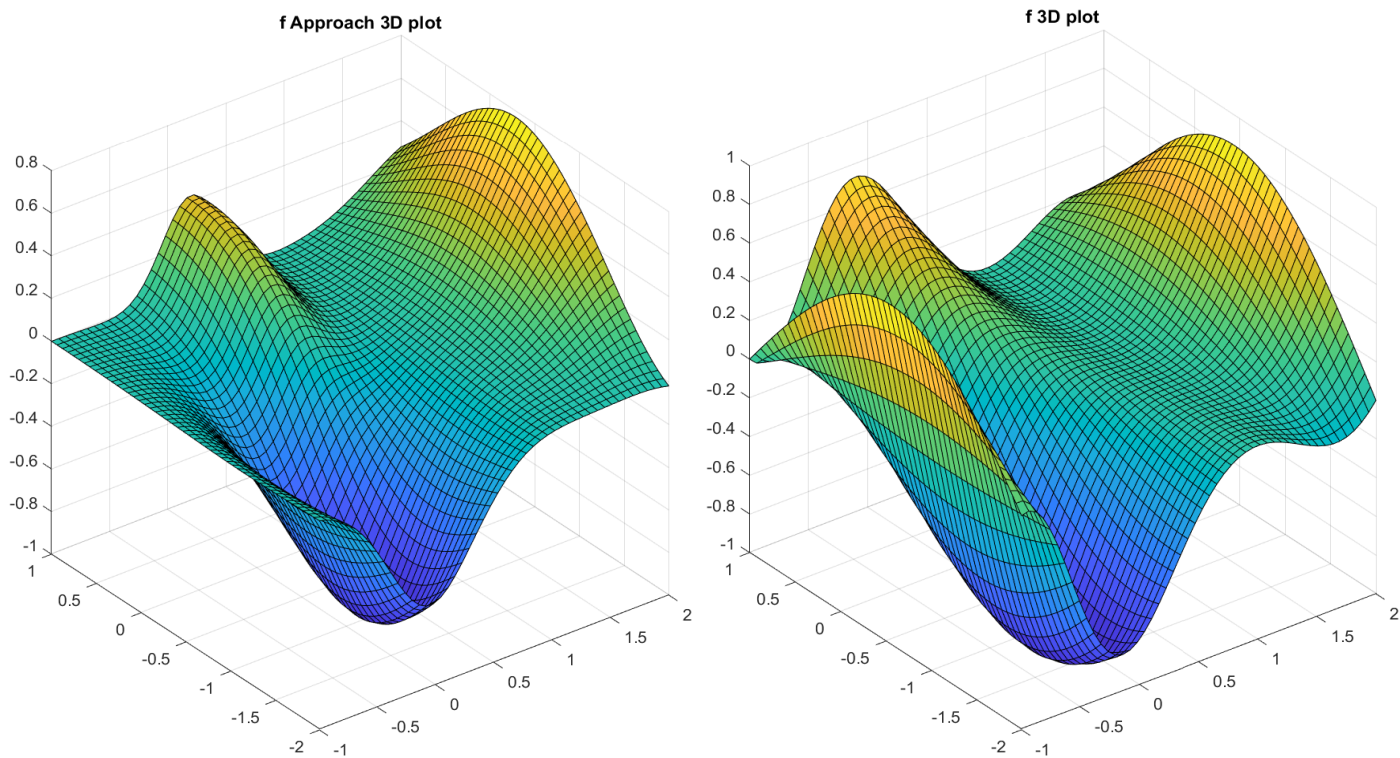
Για ορισμένες από τις παραπάνω διαδικασίες (διασταύρωση, τυχαία επιλογή για επόμενη γενιά) πρέπει να επιλέγουν άτομα με τυχαίο τρόπο, λαμβάνοντας όμως υπ' όψιν και την "ικανότητα" τους. Και αυτό γιατί, όπως και στην πραγματική ζωή, έτσι και στον αλγόριθμό μας, δεν έχουν όλοι την ίδια πιθανότητα επιβίωσης. Για το σκοπό αυτό εντάχθηκε και μία υλοποίηση του τροχού της τύχης.

Ο υποθετικός τροχός χωρίζεται σε τόσα τμήματα όσα και ο αριθμός ατόμων που ελέγχονται, όμως το μέγεθος κάθε τμήματος εξαρτάται από τη τιμή της αντικειμενικής συνάρτησης. Έτσι, όταν "γυρίσει ο τροχός", δηλαδή επιλεγεί ένα τυχαίο σημείο του, τα άτομα με μικρότερο  $mse$  θα έχουν μεγαλύτερο τμήμα της πίτας, άρα και περισσότερες πιθανότητες να επιλεγούν.

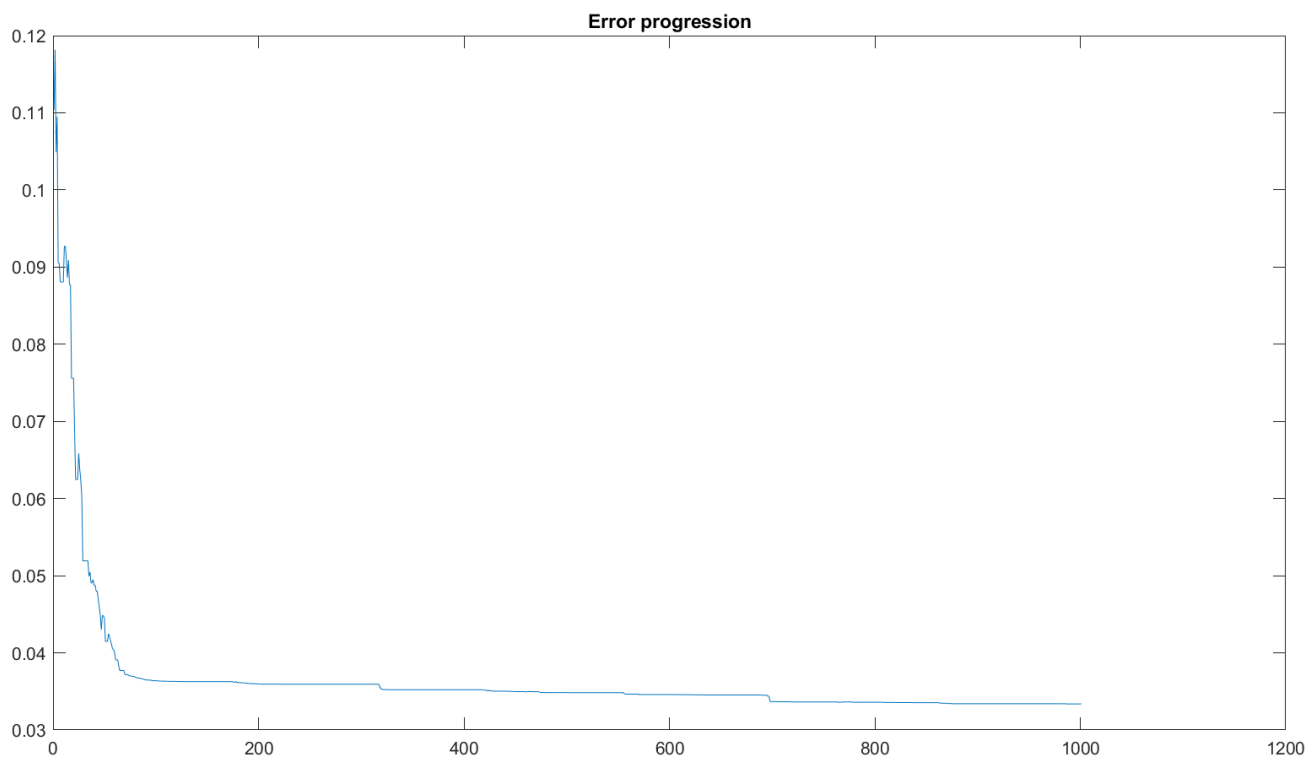


### Αποτελέσματα - Παρατηρήσεις

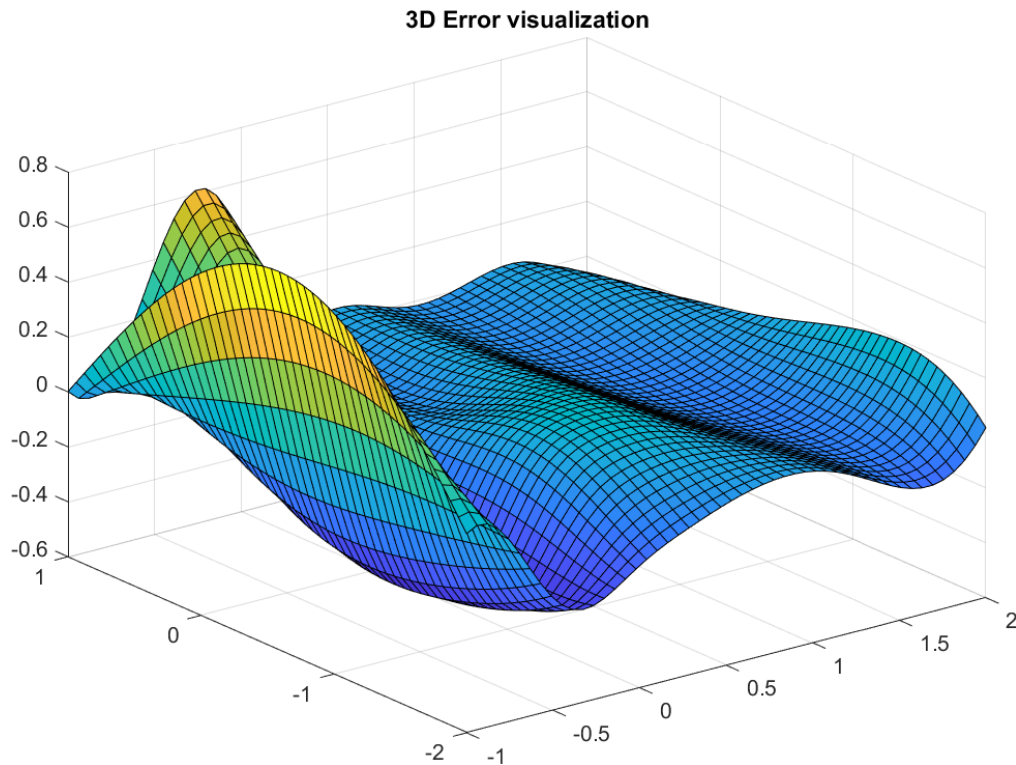
Κύρια συνάρτηση του αλγορίθμου είναι η `main.m`. Ως κριτήρια τερματισμού του αλγορίθμου τέθηκαν η επίτευξη  $mse = 0.02$  ή ο μέγιστος αριθμός γενεών ίσος με 1000 (πέραν του οποίου δε παρατηρείται ιδιαίτερη βελτίωση), όποιο παρέλθει πρώτο. Μετά το πέρας αυτών, συλλέγεται το καλύτερο χρωμόσωμα, από το οποίο δημιουργούνται, μέσω της συνάρτησης `result_plot.m`, οι γραφικές παραστάσεις που απεικονίζουν το αποτέλεσμα.



Στο παρακάτω γράφημα, φαίνεται η εξέλιξη του σφάλματος από γενιά σε γενιά. Εύκολα παρατηρεί κανείς, ότι ο ραγδαίος ρυθμός βελτίωσης του σφάλματος μειώνεται με την αύξηση των γενεών, έως ότου ο αλγόριθμος τερματίσει στην 1000η γενιά.



Τέλος, στο γράφημα που ακολουθεί φαίνεται η κατανομή του σφάλματος στα τμήματα της γραφικής παράστασης της  $f$ , η οποία παρατηρούμε πως δεν είναι ομοιόμορφη για όλα τα σημεία της  $f$ .



Ο γενετικός αλγόριθμος εξετάστηκε πολλές φορές και η επίτευξή του σε ότι αφορά τη σύγκλιση του μέσου τετραγωνικού σφάλματος κυμαίνεται στο 0.035 με 0.065 περίπου. Το καλύτερο αποτέλεσμα, το οποίο επιλέχθηκε και για τη παρουσίαση των παραπάνω διαγραμμάτων ήταν σύγκλιση του mse στο 0.0333.

Η αναλυτική έκφραση της  $f$  θα δίνεται από τη  $f(u_1, u_2) = \sum_{i=1}^{15} G_i(u_1, u_2)$ ,

με τις 15 Γκαουσιανές να φαίνονται στον παρακάτω πίνακα (τιμές από την opt5.mat):

Γκαουσιανή	Πλάτος $A$	Κέντρο $c1$	Κέντρο $c2$	Τυπική απόκλιση $\sigma1$	Τυπική απόκλιση $\sigma2$
1η	-0.3744	61.7312	126.3978	2.2219	1.0469
2η	-0.9120	-0.9980	2.9198	0.5034	1
3η	-0.0147	2.8690	2.8495	1.0098	0.6461
4η	0.1867	2.1632	94.8710	0.9120	0.0029
5η	-0.9022	124.1065	2.5230	1.4497	0.4057
6η	0.4897	5.3597	95.3539	-0.6970	0.4800
7η	-0.2493	112.8358	124.3607	-0.5738	2.3529
8η	-0.2004	5.8524	1.2463	1.2366	0.5034
9η	0.8729	0.7165	1.2502	0.9003	0.5034
10η	0.3294	113.9795	121.0958	0.7243	0.9531
11η	0.1652	117.4379	55.3402	0.7830	0.4194
12η	-1	-0.2317	-1	0.8788	0.3724
13η	-0.7341	63.2307	-0.1828	0.4370	1.4203
14η	-0.9902	0.8964	123.4438	0.8377	1.0235
15η	0.4995	1.4848	-0.8104	1.3754	0.2493

