



YAPAY ZEKA

DR. ÖĞR. ÜYESİ TAHİR SAĞ

BİLGİSAYAR MÜHENDİSLİĞİ

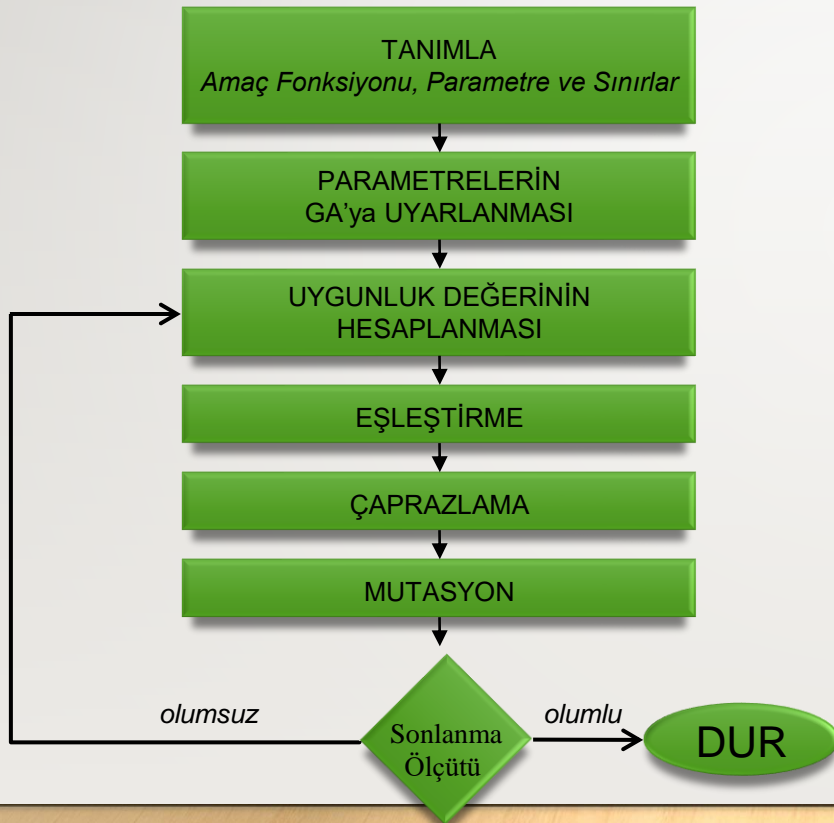
KONYA, 2021

Anahtar Kelimeler

- Evolutionary Algorithms
- Stochastic search
- Natural genetics
- Natural selection

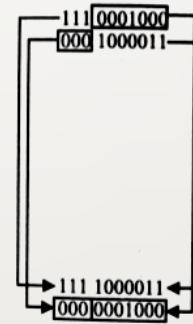
GENETİK ALGORİTMALAR

2



1010101010
1110001000
0011011100
0100001111
1101100011
0011101010

1111001101
1110001000
0001000011
0100001111



1111001101
1110001000
0001000011
0100001111
1111000011
0000001000

POPULASYON



EŞLEME HAVUZU



SEÇİLEN EŞLER



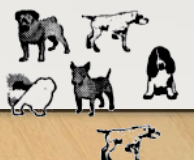
EŞLEME



YENİ NESİL



YENİ POPULASYON



3

GENETİK ALGORİTMALAR

Gene = Decision Variable = Parameter

Individual = Chromosome = Candidate Solution

En basit haliyle bir gen **binary string** şeklinde gösterilir.

$$11010 = 1.2^4 + 1.2^3 + 0.2^2 + 1.2^1 + 0.2^0 = 26$$

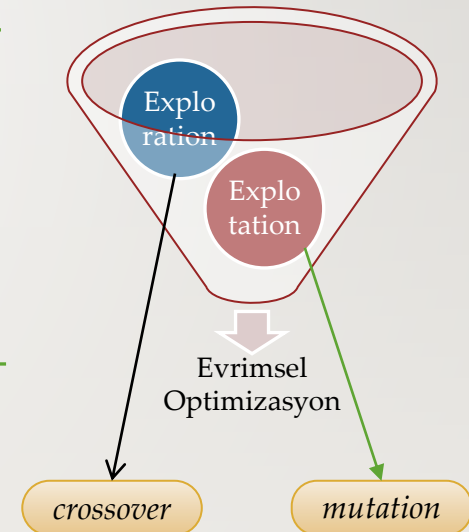
26 sayısını bir maksimize edilmesi gereken bir fonksiyonun değerini hesaplamak için kullanılan bir değişkenin değerini gösterir.

Bu fonksiyonunun kendisi de yaşayan bir organizma gibi görülebilir.

Arama uzayındaki bir aday çözümü gösteren her bir string'in değerlendirilmesi probleme bağlı olarak tanımlanan Uygunluk Fonksiyonu ile ölçülür.

Uygunluk Fonk. = Fitness Func. \equiv Amaç Fonk. = Objective Func.

2 Önemli Süreç:



4

GENETİK ALGORİTMALAR

Genetik
Algoritmanın
avantajları;

Sürekli ve ayrık parametreleri optimize etmesi

Türevsel bilgiler gerektirmemesi

Amaç fonksiyonunu geniş bir spektrumda araştırması

Çok sayıda parametrelerle çalışma imkânı olması

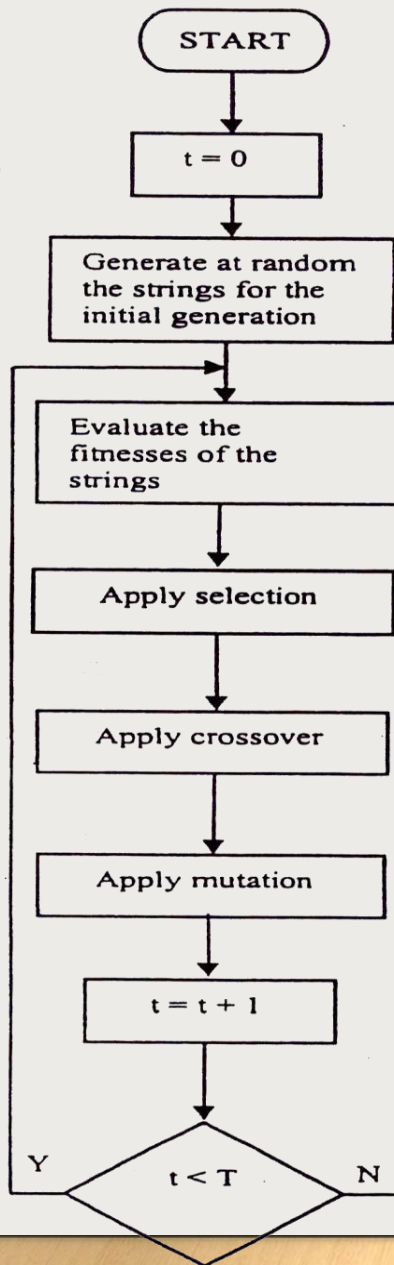
Paralel PC 'ler kullanılarak çalıştırılabilmesi

Karmaşık amaç fonksiyonu parametrelerini, lokal minimum veya maksimumlara takılmadan optimize edebilmesi

Sadece tek çözüm değil, birden fazla parametrelerin optimum çözümlerini elde edebilmesi olarak sıralanabilir.

Basit Bir GA Çözüm Örneği: $f(x) = -x^2 + 30x$
Hedef \longrightarrow maksimizasyon $x \in [0, 30]$

5



GENERATION 0

a)

No.	Strings
1	0 1 0 0 0
2	0 1 1 0 1
3	1 1 0 1 0
4	1 0 0 1 0

b)

No.	x	f(x)	%
1	8	176	24.6
2	13	221	30.8
3	26	104	14.5
4	18	216	30.1
		717	100

c)

New strings	Mates
0 1 0 0 0	1
0 1 1 0 1	2
0 1 1 0 1	2
1 0 0 1 0	4

d)

No.	Before	After
1	0 1 0 0 0	0 1 1 0 1
2	0 1 1 0 1	0 1 0 0 0
3	0 1 1 0 1	0 1 1 1 0
4	1 0 0 1 0	1 0 0 0 1

e)

No.	Before	After
1	0 1 1 0 1	0 1 1 0 1
2	0 1 0 0 0	0 1 0 1 0
3	0 1 1 1 0	0 1 1 1 0
4	1 0 0 0 1	1 0 0 0 1

0 mutated bit
| crossover point

GENERATION 1

No.	x	f(x)	%
1	13	221	25.5
2	10	200	23.1
3	14	224	25.9
4	17	221	25.5
		866	100

New strings	Mates
0 1 1 0 1	1
0 1 1 1 0	3
0 1 1 1 0	3
1 0 0 0 1	4

No.	Before	After
1	0 1 1 0 1	0 1 1 1 0
2	0 1 1 1 0	0 1 1 0 1
3	0 1 1 1 0	0 1 1 1 1
4	1 0 0 0 1	1 0 0 0 0

No.	Before	After
1	0 1 1 1 0	0 1 1 0 0
2	0 1 1 0 1	0 1 1 0 1
3	0 1 1 1 1	0 1 1 1 1
4	1 0 0 0 0	1 0 0 0 0

6

Objective Function

$$f(x_1, x_2) = 40 - \frac{9}{2}x_1 + 4x_2 - x_1^2 - 2x_2^2 + 2x_1x_2 - x_1^4 + 2x_1^2x_2$$

$$-1.5 \leq x_1 \leq 2.5$$

$$0 \leq x_2 \leq 5$$

GA'da Kromozom kodlanma mekanizmalarını genellikle 4 başlık adı altında toplayabiliriz.

Binary Coded Strings

Gray Coding

Real Coding

Permutation Coding

7

Objective Function

$$f(x_1, x_2) = 40 - \frac{9}{2}x_1 + 4x_2 - x_1^2 - 2x_2^2 + 2x_1x_2 - x_1^4 + 2x_1^2x_2$$

$$-1.5 \leq x_1 \leq 2.5$$

$$0 \leq x_2 \leq 5$$

Binary Coding

İstenilen hassasiyetin her iki parametre içinde virgülden sonra 3 rakam olduğunu varsayalım

Hassasiyet ayarlaması = değişkenin domain uzunluğu x istenen rakam hassasiyeti

x'_1 in alan uzunluğu=4 olduğundan $[-1.5, 2.5]$ aralığı 4x1000 eşit aralığa bölünür.

$$2^{11} < 4000 < 2^{12} \quad \text{ise} \quad 12 \text{ bit}$$

x'_2 nin alan uzunluğu=5 olduğundan $[0, 5]$ aralığı 5x1000 eşit aralığa bölünür.

$$2^{12} < 5000 < 2^{13} \quad \text{ise} \quad 13 \text{ bit}$$

Bir kromozomun toplam uzunluğu = 12 + 13 = 25 bit olarak elde edilir.

| ← 25 bits → |
 v_j 000010101001 1011110111110
 | ← 12 bits → | | ← 13 bits → |

8

	Binary Number	Decimal Number
for x_1	000010101001	169
for x_2	1011110111110	6078

and the values of variables are:

$$x_1 = -1.5 + \frac{169}{2^{12} - 1} \times (2.5 - (-1.5)) = -1.335$$

$$x_2 = 0 + \frac{6078}{2^{13} - 1} \times (5 - 0) = 3.711$$

Genelleme yapılırsa;

$$2^{b_n-1} < (x_n^u - x_n^l) \times 10^q \leq 2^{b_n} - 1$$

q : x_n değişkeni için gereken hassasiyeti

x_n^l ve x_n^u : x_n değişkeninin alt ve üst sınırları

b_n : n . değişken için gereken bit sayısı

binary'den gerçel sayı değerine çevirmek için;

$$x_n = x_n^l + \frac{\text{decimal}(\text{substring}_n)}{2^{b_n} - 1} \times (x_n^u - x_n^l)$$

Başlangıç Popülasyonu

İlk popülasyonun random şekilde aşağıdaki değerlerle oluşturulduğunu varsayalım;

$v_1 = [0000101010011011110111110]$
 $v_2 = [1010001010110101110001001]$
 $v_3 = [0101110010110100000111010]$
 $v_4 = [1000111010110011011011100]$
 $v_5 = [0010011101010011101011100]$
 $v_6 = [1010111001011001100111010]$
 $v_7 = [0011010110001111011001011]$
 $v_8 = [0110011110110111001101011]$
 $v_9 = [1110011010111001010101110]$
 $v_{10} = [1010101101010011001101010]$

Değişkenlerin reel değerleri hesaplanır;

$v_1 = [x_1, x_2] = [-1.335, 3.711]$
 $v_2 = [x_1, x_2] = [1.043, 1.803]$
 $v_3 = [x_1, x_2] = [-0.052, 3.143]$
 $v_4 = [x_1, x_2] = [0.729, 1.072]$
 $v_5 = [x_1, x_2] = [-0.885, 1.150]$
 $v_6 = [x_1, x_2] = [1.225, 3.005]$
 $v_7 = [x_1, x_2] = [-0.664, 4.812]$
 $v_8 = [x_1, x_2] = [0.121, 2.253]$
 $v_9 = [x_1, x_2] = [2.105, 2.919]$
 $v_{10} = [x_1, x_2] = [1.177, 1.002]$

Değerlendirme

$eval(v_1) = f(-1.335, 3.711) = 31.669$
 $eval(v_2) = f(1.043, 1.803) = 41.429$
 $eval(v_3) = f(-0.052, 3.143) = 32.737$
 $eval(v_4) = f(0.729, 1.072) = 40.598$
 $eval(v_5) = f(-0.885, 1.150) = 44.308$
 $eval(v_6) = f(1.225, 3.005) = 41.076$
 $eval(v_7) = f(-0.664, 4.812) = 18.894$
 $eval(v_8) = f(0.121, 2.253) = 38.912$
 $eval(v_9) = f(2.105, 2.919) = 39.255$
 $eval(v_{10}) = f(1.177, 1.002) = 38.627$

En güçlü olan v_5 aday çözümü
En zayıf olan ise v_7 aday çözümüdür.

Seçim İşlemi (Eşleşme)

Seçim Mekanizmaları genel olarak 3 grupta toplanabilir:

Proportional Selection (Rulet Tekerleği)

Tournament Selection

Ranking Selection

10

1. Calculate the fitness value $eval(\mathbf{v}_j)$ for each chromosome \mathbf{v}_j

$$eval(\mathbf{v}_j) = f(\mathbf{x}) \quad j = 1, 2, \dots, J \text{ were } J - \text{population size.}$$

2. Calculate the total fitness for the population:

$$F = \sum_{j=1}^J eval(\mathbf{v}_j)$$

3. Calculate the selection probability p_k for each chromosome \mathbf{v}_j :

$$p_j = \frac{eval(\mathbf{v}_j)}{F} \quad j = 1, 2, \dots, J$$

4. Calculate the cumulative probability q_j for each chromosome \mathbf{v}_j :

$$q_j = \sum_{l=1}^j p_l \quad j = 1, 2, \dots, J$$

En yaygın olarak bilinen seçim stratejisidir.

Bireyler rölatif uygunluk değerlerine göre seçilir.

Bu rölatif uygunluk değeri, gerçek uygunluk değerlerinin olasılık dağılımına göre hesaplanır.

Başlıca dezavantajı sadece tüm domaini pozitif değerli olan maksimizasyon problemlerine uygulanabilmesidir.

1. Set $j = 1$, where j is the number of the string.
2. Generate a random number ρ from the range $[0,1]$.
3. If $\rho \leq q_1$, select the first chromosome v_1 ; otherwise, select the j -th chromosome v_j such that $q_{j-1} < \rho \leq q_j$, where $2 \leq j \leq J$.
4. Set $j = j + 1$ and if $j \leq J$ go to step 2; otherwise, terminate the process of selection.

For our example the total fitness F of the population is:

$$F = \sum_{j=1}^{10} eval(v_j) = 367.549$$

The probability of selecting p_j for each chromosome v_j ($j = 1, 2, \dots, 10$) is:

$$\begin{aligned} p_1 &= 0,086 & p_2 &= 0,113 & p_3 &= 0,089 & p_4 &= 0,011 & p_5 &= 0,120 \\ p_6 &= 0,112 & p_7 &= 0,051 & p_8 &= 0,106 & p_9 &= 0,108 & p_{10} &= 0,105 \end{aligned}$$

The cumulative probabilities q_j for each chromosome v_j ($j = 1, 2, \dots, 10$) are:

$$\begin{aligned} q_1 &= 0,086 & q_2 &= 0,199 & q_3 &= 0,288 & q_4 &= 0,398 & q_5 &= 0,518 \\ q_6 &= 0,630 & q_7 &= 0,681 & q_8 &= 0,787 & q_9 &= 0,895 & q_{10} &= 1,000 \end{aligned}$$

Bu noktada, rulet tekerleğini 10 defa çevirdiğimizi ve popülasyondan her seferinde bir kromozoma karşılık geldiğini varsayalım.

$$\begin{aligned} \rho_1 &= 0,512 & \rho_2 &= 0,324 & \rho_3 &= 0,756 & \rho_4 &= 0,891 & \rho_5 &= 0,443 \\ \rho_6 &= 0,542 & \rho_7 &= 0,289 & \rho_8 &= 0,745 & \rho_9 &= 0,032 & \rho_{10} &= 0,686 \end{aligned}$$



Seçim işleminden sonra elde edilen popülasyon

$v_1' = [0010011101010011101011100]$	(v_5)
$v_2' = [1000111010110011011011100]$	(v_4)
$v_3' = [0110011110110111001101011]$	(v_8)
$v_4' = [1110011010111001010101110]$	(v_9)
$v_5' = [0010011101010011101011100]$	(v_5)
$v_6' = [1010111001011001100111010]$	(v_6)
$v_7' = [1000111010110011011011100]$	(v_4)
$v_8' = [0110011110110111001101011]$	(v_8)
$v_9' = [0000101010011011110111110]$	(v_1)
$v_{10}' = [0110011110110111001101011]$	(v_8)

CROSSOVER OPERATORS \equiv ÇAPRAZLAMA OPERATÖRLERİ

Eşleme sürecinde, seçilen kromozomlardan bir ve birden fazla yeni nesil oluşturma olayına “çaprazlama” denir.

Kodlama türüne göre çok sayıda farklı çaprazlama operatörü önerilmiştir.

Binary Kodlamada en yaygın olarak kullanılan iki kromozomdan iki tane yeni nesil elde edilmesini sağlayan tek-noktalı-çaprazlama operatörüdür.

p_c çaprazlama oranı olmak üzere $p_c = 0.25$ alındığını varsayalım.

Bu oran; J popülasyon boyutunu göstermek üzere $J \times p_c$ adedince aday çözümün çaprazlamaya tabi tutulacağını kontrol altında tutmayı sağlar.

Bu amaçla popülasyondaki her bir kromozom için $[0, 1]$ aralığında random bir ρ sayısı üretilir.

Eğer ρ sayısı $< p_c$ ise kromozom çaprazlama için seçilir.

Ele alınan örnek için aşağıdaki ρ sayılarının random üretildiğini varsayalım:

0.823	0.152	0.202	0.625	0.314
0.347	0.917	0.519	0.401	0.607

$v_1' = [0010011101010011101011100]$
 $v_2' = [1000111010110011011011100]$
 $v_3' = [0110011110110111001101011]$
 $v_4' = [1110011010111001010101110]$
 $v_5' = [0010011101010011101011100]$
 $v_6' = [1010111001011001100111010]$
 $v_7' = [1000111010110011011011100]$
 $v_8' = [0110011110110111001101011]$
 $v_9' = [0000101010011011110111110]$
 $v_{10}' = [0110011110110111001101011]$

v_2' ve v_3' çaprazlama için seçilir.