

Computação Bio-Inspirada

Fabrício Olivetti de França

01 de fevereiro de 2020



1. Programação Genética
2. Representação
3. Inicialização
4. Operadores
5. Bloat

Programação Genética

Uma outra aplicação que despertou o interesse da comunidade de algoritmos evolutivos foi a *evolução* de programas de computador.

É possível construir um programa de computador partindo de alguns exemplos de entrada e saída?

O que é um programa?

Podemos pensar em um programa como uma função que recebem um argumento ou mais argumentos e retornam um valor.

Essa função pode ser decomposta em funções menores e elementares pertencentes a nossa gramática:

```
contaElementos [1, 2, 1, 3, 2, 1] = [(1,3), (2,2), (3,1)]
```

```
contaElementos = map (head, length) . group . sort
```

O que é um programa?

Dependendo do nosso contexto, a gramática pode ser reduzida! Em um problema de classificação temos uma estrutura:

```
if predicado
  then classe1
  else classe2
```

E o predicado é uma função booleana:

```
x1 > 3 && x2 <= 5
```

O que é um programa?

Precisamos apenas aprender a função predicado! Temos a disposição
>, >=, <, <=, ==, !=, number, var, &&, ||, not.

O que é um programa?

Uma expressão matemática também é um programa:

$$f(x) = x[1]^2 - x[2]*x[3]*\cos(\pi*x[1])$$

Evoluindo um programa

O problema de evoluir um programa requer que sejam definidos os conjuntos de funções e terminais.

Por exemplo:

Nome	Conjunto
Funções	$\{+, -, *, /, ^2\}$
Terminais	$\mathbb{R} \cup \{x1, x2, x3\}$

Cada função requer um número determinado de argumentos, esse número é denominado **aridade**.

A função `+` tem aridade 2, a função parcialmente aplicada `2` tem aridade 1.

A função `if-then-else` tem aridade 3.

Esses conjuntos devem obedecer as regras de Linguagens Formais:

- Todos os elementos do conjunto terminal T devem ser expressões válidas e corretas
- Se $f \in F$ é uma função de aridade n e e_1, e_2, \dots, e_n são expressões válidas e corretas, então $f(e_1, \dots, e_n)$ também é
- Não existe outra forma correta além dessas

Pode ser o caso que as expressões contenham informação de tipos. Uma função tipada deve receber como argumento expressões do tipo correto.

A expressão $e_1 \vee e_2$ exige que e_1, e_2 sejam booleanos.

O algoritmo evolutivo para criação de programas é denominado de **Programação Genética** (*Genetic Programming* - GP).

Duas vantagens de destaque da Programação Genética é que:

- O resultado da busca é um programa aberto (caixa branca, depurável) que pode ser lido e entendido
- Permite a alteração manual da solução encontrada

Além das aplicações já ilustradas, também destacam-se:

- Predição de séries temporais
- Geração de expressões simbólicas de sistemas de controle
- Processamento de imagem
- Criação de heurísticas
- Reconhecimento de Padrões
- Robótica

Todo ano o congresso GECCO apresenta o *Hummies awards* que premia as soluções obtidas por algoritmos de Computação Evolutiva que competem com soluções criadas por humanos. A Programação Genética costuma estar presente entre os vencedores:

- Removendo o efeito *neblina* de imagens
- Criação de testes estatísticos
- Síntese de Regras de comportamento de enxame

Na formulação original do GP existe uma diferença na aplicação dos operadores de mutação e recombinação.

Enquanto no GA é feita a sequência de recombinar para em seguida mutar, no GP apenas um dos dois é escolhido para cada indivíduo:

```
gp = do
  pop <- randomPopulation
  until convergence do
    children <- empty
    until length(children)==lambda do
      mut? <- random(0,1)
      if mut?
        then do ix      <- random(0, n)
                  child  <- mutate(pop[ix])
                  children <- children <> child
      else do (p1, p2) <- randomParents(pop)
              (child1 , child2 ) <- combine(p1, p2)
              children <- children <> [child1, child2]
```

Como avaliar o desempenho de um programa?

O fitness de um programa geralmente é calculado pela quantidade e qualidade dos acertos em relação a um conjunto de exemplos de entrada e saída.

Caso a representação permita programas inválidos, é possível aplicar algum tratamento similar aqueles dos tratamentos de restrições.

Caso de estudo: Regressão Simbólica

Para essa aula, vamos considerar o problema de Regressão

Simbólica:

Dado um conjunto de observações divididos entre um conjunto de atributos $x \in \mathbb{R}^d$ e um atributo resposta $y \in \mathbb{R}$, queremos encontrar uma função $f(x)$ que minimize o erro de quadrático de predição $(f(x) - y)^2$.

Caso de estudo: Regressão Simbólica

Essa aplicação é muito utilizada em sistemas físicos e de controle em que não queremos apenas a aproximação, mas também uma função analítica que nos permita extrair informações extras.

Representação

Temos diversas formas de representar um programa:

- Linear
- Árvore
- Grafo

Na representação linear, representamos um programa em sua forma imperativa com mudanças de estados, ou seja, um código próximo de uma linguagem Assembly.

Essa representação permite que os programas sejam codificados em *bytecodes* e, com isso, aproveitamos as mutações e recombinações da representação binária.

No algoritmo Gene Expression Programming, o programa é representado por uma array de tamanho pré-fixado:

$Q * - + abcd$

que representa uma expressão- k .

Também podemos usar a notação polonesa ou pré-fixada:

$$* + x 2 y = (x + 2) * y$$

Representação por Grafo

O algoritmo *Cartesian Genetic Programming* representa um programa através de um grafo:

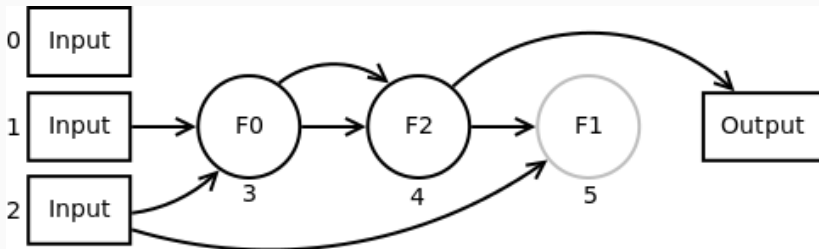
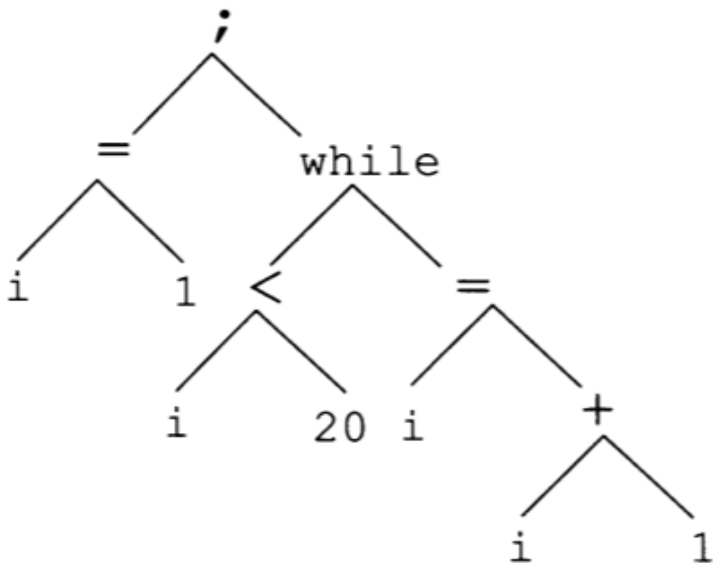


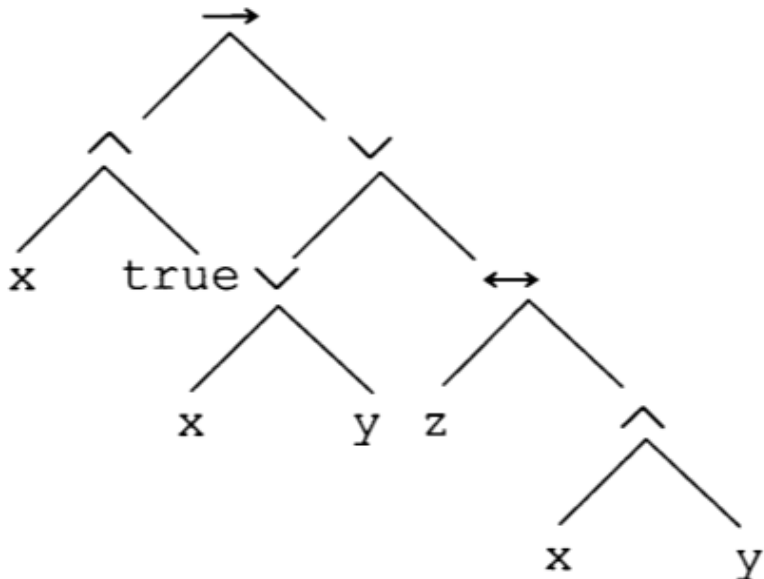
Figura 1: FONTE:

<http://www.cgplibrary.co.uk/files2/CartesianGeneticProgramming.txt.html>

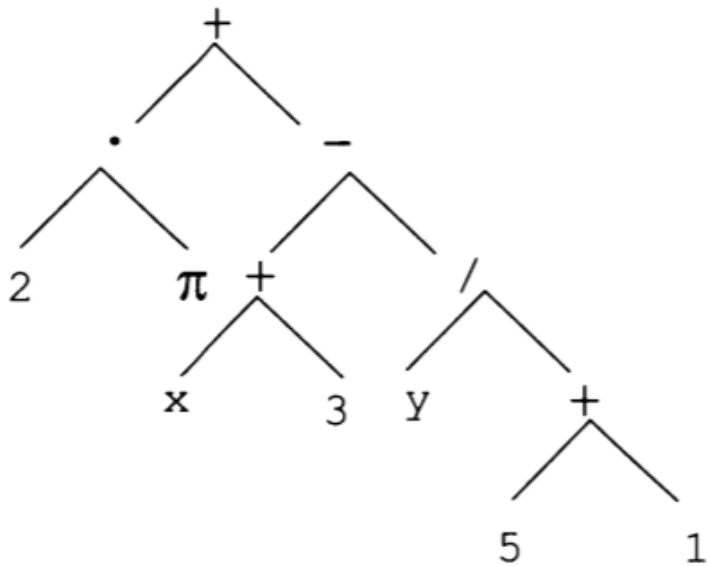
Porém, a forma mais conveniente e comum é a **árvore de expressão**, que permite flexibilidade e um controle maior de factibilidade da solução.

Árvore de Programa





Árvore Expressão



Inicialização

Para inicializar a população cada indivíduo deve formar uma árvore de expressão completa, ou seja, os nós-folhas devem necessariamente conter símbolos terminais.

Além disso, precisamos tomar certos cuidados para não criarmos árvores com uma profundidade muito alta.

No método **full** criamos uma árvore completa com profundidade d , ou seja, todos os ramos da árvore devem ter a mesma profundidade.

Método Full

```
full max_depth =  
  node <- if max_depth == 0  
    then sampleTerm  
    else sampleNonTerm  
  children <- for [1 .. arity(node)] (full (max_depth-1))  
  return (Node node children)
```

No método **grow** as árvores são geradas livremente até uma profundidade máxima d .

O sorteio de um novo nó é enviesado para os não-terminais.

Método Grow

```
grow max-depth =  
  ratio <- n_terms / n_symbols  
  r      <- random(0,1)  
  node   <- if max-depth == 0 or r < ratio  
             then sampleTerm  
             else sampleNonTerm  
  children <- for [1 .. arity(node)] (grow (max-depth-1))  
  return (Node node children)
```

Ramped Half-and-Half

O método **Ramped Half-and-Half** foi proposto para permitir uma diversidade maior de árvores de diferentes profundidades e formas.

Nesse método criamos (ou tentamos) um número igual de árvores de profundidade na faixa $[min_depth, max_depth]$, sendo metade delas geradas pelo método full e metade pelo método grow.

Ramped Half-and-Half

```
ramped min-depth max-depth n-pop =  
  range <- max-depth - min-depth + 1  
  n      <- n-pop / 2  -- divisão inteira  
  (q, r) <- (n / 2, n % 2)  
  treesFull <- for [1..q] (full min-depth)  
  treesGrow <- for [1..q+r] (grow min-depth)  
  trees      <- ramped(min-depth+1, max-depth, n-pop - n)  
  return (treesFull <> treesGrow <> trees)
```

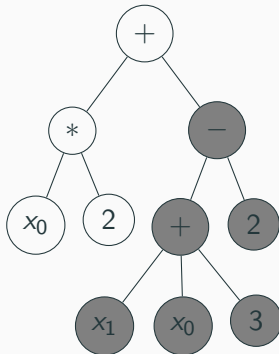
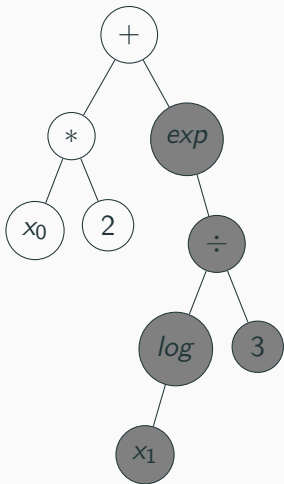
Operadores

A mutação na representação por árvore deve permitir diferentes níveis de alteração enquanto mantém a árvore de expressão correta. Portanto, ao fazer a troca de um nó por outro aleatório deve-se tomar cuidado em relação a aridade dele.

Na mutação tradicional escolhemos uma sub-árvore que deve ser removida e substituída por uma nova sub-árvore.

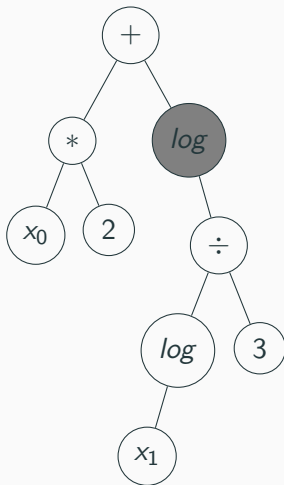
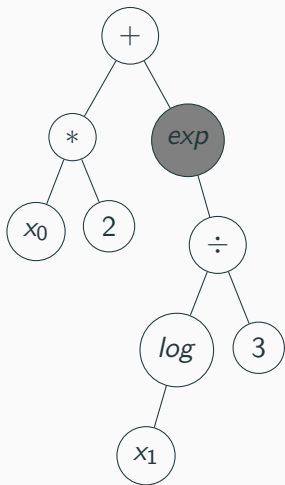
Essa nova ramificação deve ser amostrada aleatoriamente com um dos métodos de inicialização e uma profundidade máxima (que também pode ser amostrada)

Mutação Tradicional



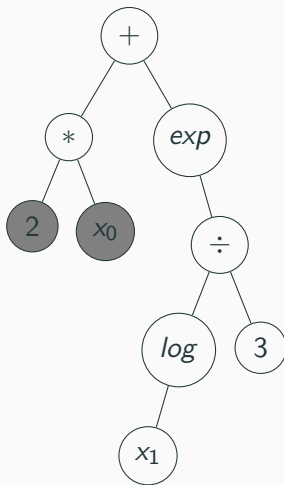
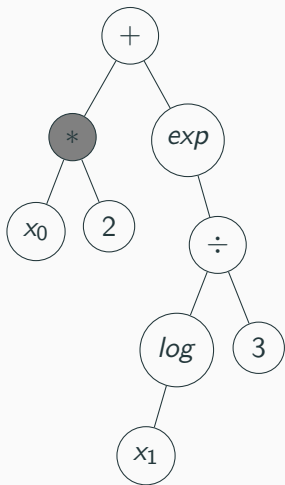
Na mutação no nó, escolhemos um certo nó para alterar e trocamos por um símbolo da mesma aridade.

Mutação no Nó



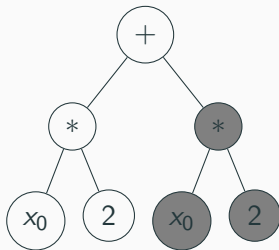
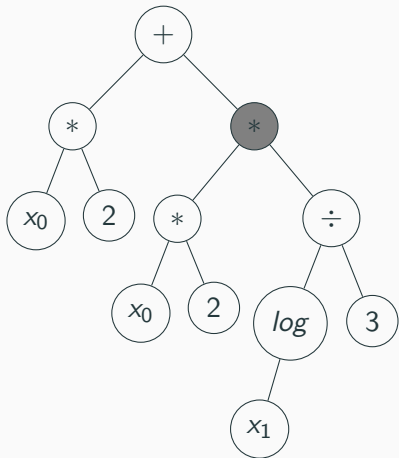
Na mutação por troca, um nó não-terminal é escolhido e tem seus filhos trocados.

Mutação no Troca



Na mutação por encolhimento, um nó não-terminal é escolhido e é substituído por um de seus filhos.

Mutação no Encolhimento



Implementando a mutação

```
mutation f tree = do
  n      <- numberOfNodes(tree)
  point  <- random(0, n-1)
  applytAt(point, f, tree)
```

Implementando a mutação

```
changeAt p f node = do
  if p <= 1
    then return(f(node))
    else do
      ts' <- changeChildren(p-1, f, ts)
      return(replaceChildren(node, ts'))
```

Implementando a mutação

```
changeChildren p f []      = return([])
changeChildren p f (t:ts) = do
  if numberOfNodes(t) < p
  then
    do ts' <- changeChildren(p - numberOfNodes(t), f, ts)
       return(prepend(t,ts'))
  else
    do t' <- changeAt(p,f,t)
       return(prepend(t',ts))
```

```
growMutation tree = mutation(const(grow(2)), tree)
```

Mutação no Nó

```
nodeMutation tree = mutation(changeNode, tree)
```

```
changeNode (Node n ts) = do  
  n' <- sampleSymb(arity(n))  
  return(Node n' ts)
```

Mutação no Troca

```
swapMutation tree = mutation(swap, tree)
```

```
swap (Node n ts) = do  
  tss <- permutations(ts)  
  ix  <- random(0, length(tss) - 1)  
  return(Node n tss[ix])
```

Mutação no Encolhimento

```
shrinkMutation tree = mutation(shrink, tree)
```

```
shrink (Node n []) = return (Node n [])
```

```
shrink (Node n ts) = do
```

```
  if length(ts) == 0
```

```
    then return(Node n [])
```

```
    else do ix <- random(0, length(ts) - 1)
```

```
      return(ts[ix])
```


Na recombinação entre duas soluções pais, escolhemos uma sub-árvore de cada um e trocamos entre eles.

Recombinação

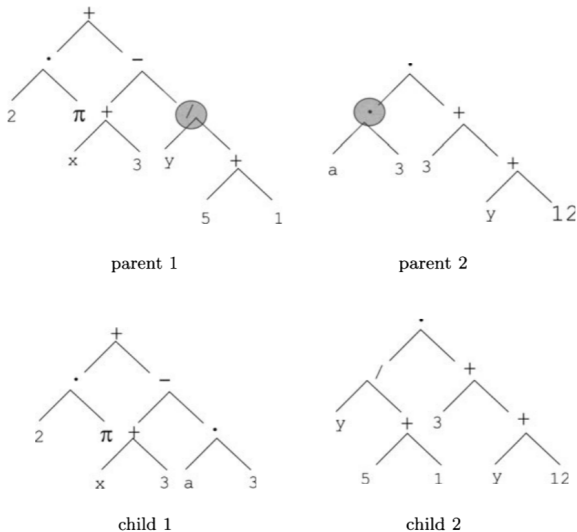


Fig. 6.6. GP crossover illustrated: the nodes designated by a *circle* in the parent trees are selected to serve as crossover points. The subtrees starting at those nodes are swapped, resulting in two new trees, which are the children.

```
crossover tree1 tree2 = do
  point1 <- random(0, numberOfNodes(tree1)-1)
  point2 <- random(0, numberOfNodes(tree2)-1)
  branch1 <- getBranchAt(point1, tree1)
  branch2 <- getBranchAt(point2, tree2)
  child1 <- changeAt(point1, const(branch2), tree1)
  child2 <- changeAt(point2, const(branch1), tree2)
  return(child1, child2)
```

```
getBranchAt p (Node n ts) = do
  if p <= 1
  then return(t)
  else (n', p') <- whichChildren(p-1, ts)
       return(getBranchAt(p', n'))
```

```
whichChildren p (t:ts) = do
  if numberOfNodes(t) < p
    then return(whichChildren(p - numberOfNodes(t), ts))
    else return((t,p))
```

O algoritmo de avaliação de uma árvore de expressão é um algoritmo simples e recursivo em que, a cada nó, verificamos a aridade do nó atual, avaliamos os filhos para recuperar os argumentos e executamos a função correspondente.

```
eval (Node v [])      = return (v)
eval (Node f children) xs = do
  vals <- map eval xs
  return (f vals)
```

Bloat

Os pesquisadores observaram que junto do aumento do fitness médio da população, a número médio de nós das árvores geradas também aumentavam.

Em certo momento da evolução o aumento no número de nós não era acompanhado de um aumento no fitness.

O fenômeno de aumentar o tamanho de um programa sem que exista algum benefício claro no fitness é conhecido como **bloat**.

Isso se torna um problema pois programas maiores tem um custo computacional maior para avaliar/executar.

Além disso, a solução perde seu potencial de interpretabilidade.

Uma teoria que isso ocorre é denominada de **teoria da replicação de acurácia** diz que a habilidade de gerar uma solução filha que é funcionalmente similar ao pai favorece sua replicação na população. Representações com *bloat* favorecem essa propriedade.

Na **teoria do viés da remoção**, observa-se que uma árvore pode ter códigos *inativos*. Quando aplicamos a reprodução e mutação nessas sub-árvores inativas, existe uma tendência de aumento no tamanho sem que isso faça algum efeito no fitness.

Finalmente, a **teoria do espaço de busca de programas** diz que após certo tamanho, o fitness médio não muda com o tamanho.

Ou seja, com o passar das gerações os programas maiores são escolhidos para gerarem novos filhos que tendem a ser ainda maiores.

Essa escolha é feita pois a maioria da população é composta de programas grandes.

Uma forma simples de lidar com o problema de *bloat* é, ao gerar uma solução filha que excede um limite de tamanho, retornamos uma cópia da solução pai.

O problema dessa solução é que as soluções que estão beirando o limiar tendem a ficar com muitas cópias dentro da população filha, favorecendo sua proliferação.

Uma alternativa é retornar a solução que viola a restrição com um fitness muito baixo que fará com que ela seja naturalmente descartada durante o operador de sobrevivência.

Outra forma é simplesmente repetir o procedimento de reprodução/mutação até que ele gere um filho de tamanho permitido.

Podemos também especializar os operadores de reprodução e mutação para que não permita a geração de filhos maiores do que o permitido.

Finalmente, podemos adicionar mecanismos que desfavoreçam a seleção de programas grandes como penalização, otimização multi-objetivo, pressão seletivo.

- Field Guide - GP
- Livro - Koza
- Livro 2 - Koza
- Livro 3 - Koza
- Livro 4 - Koza

- Genetic Programming The Movie Part 1
- Genetic Programming The Movie Part 2
- Genetic Programming III: Human Competitive Machine Intelligence
- Genetic Programming IV Video: Human-Competitive Machine Intelligence