

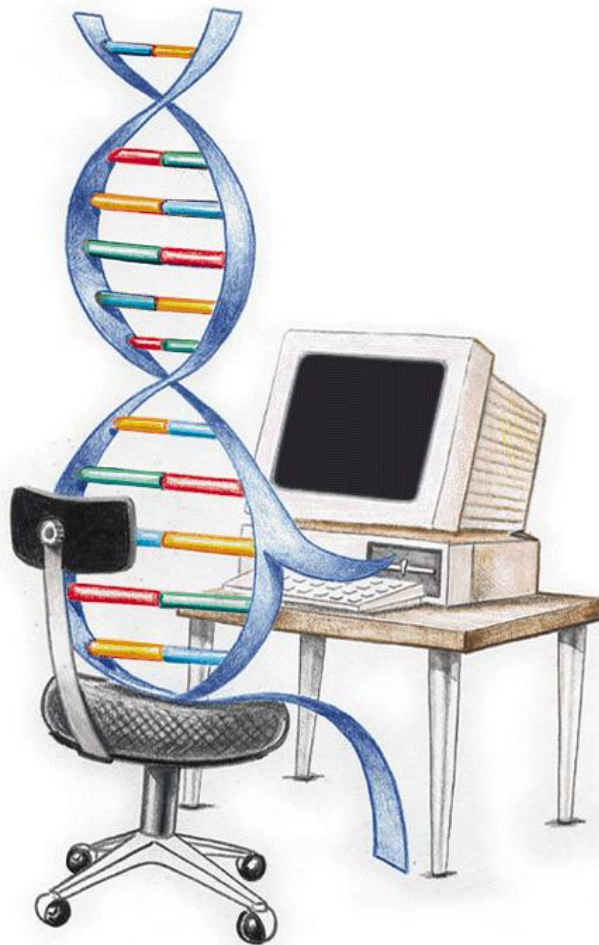
Τεχνικές Βελτιστοποίησης

Project

Ιορδάνης Κωνσταντίνιδης

AEM: 9492

iordaniak@ece.auth.gr



Εισαγωγή

Στα πλαίσια του Project ασχολούμαστε με τον προσδιορισμό της αναλυτικής έκφρασης μιας συνάρτησης f για την οποία το μόνο που γνωρίζουμε είναι ένας περιορισμένος αριθμός σημείων εισόδου - εξόδου $(u_1, u_2) \rightarrow y = f(u_1, u_2)$.

Η άγνωστη αυτή συνάρτηση f είναι η :

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

$$u_1 \in [-1, 2] \quad , \quad u_2 \in [-2, 1]$$

και ο τύπος της μας δίνεται μόνο και μόνο για να συλλέξουμε τα σημεία αυτά αλλά και για να αξιολογήσουμε τα αποτελέσματα μας.

Gaussian Process

Η αναλυτική έκφραση που θα προσδιορίσουμε θα συμβολίζεται με \hat{f} και θα είναι ουσιαστικά η προσέγγιση της άγνωστης συνάρτησης f . Η \hat{f} προκύπτει μέσω γραμμικού συνδυασμού 15 Gaussian συναρτήσεων της μορφής:

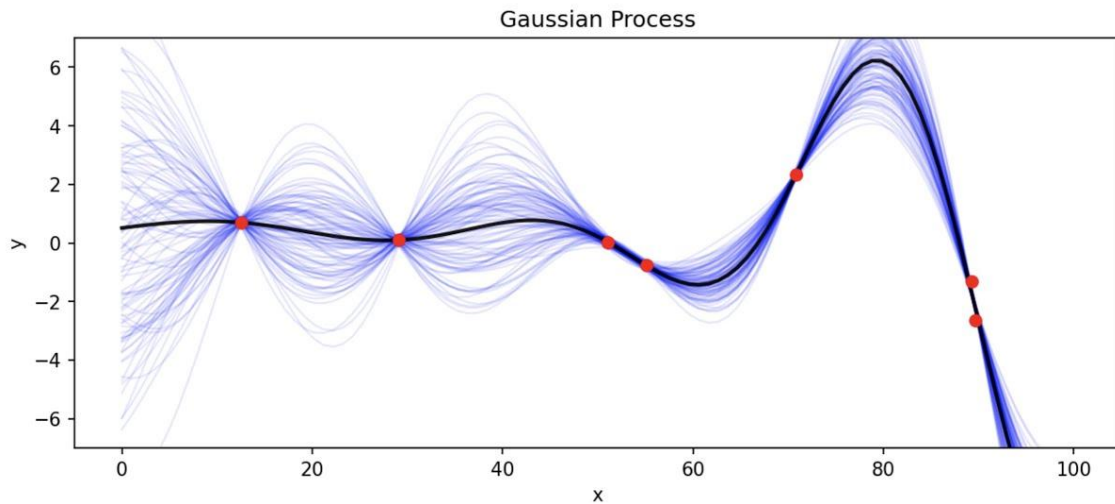
$$G(u_1, u_2) = e^{-\left(\frac{(u_1 - c_1)^2}{2\sigma_1^2} + \frac{(u_2 - c_2)^2}{2\sigma_2^2}\right)}$$

Επομένως η \hat{f} γράφεται ως:

$$\hat{f} = a_1 G_1 + a_2 G_2 + a_3 G_3 + \dots + a_{15} G_{15} + \beta$$

όπου:

$$G_i = e^{-\left(\frac{(u_1 - c_{1i})^2}{2\sigma_{1i}^2} + \frac{(u_2 - c_{2i})^2}{2\sigma_{2i}^2}\right)} \quad i = 1, 2, \dots, 15$$



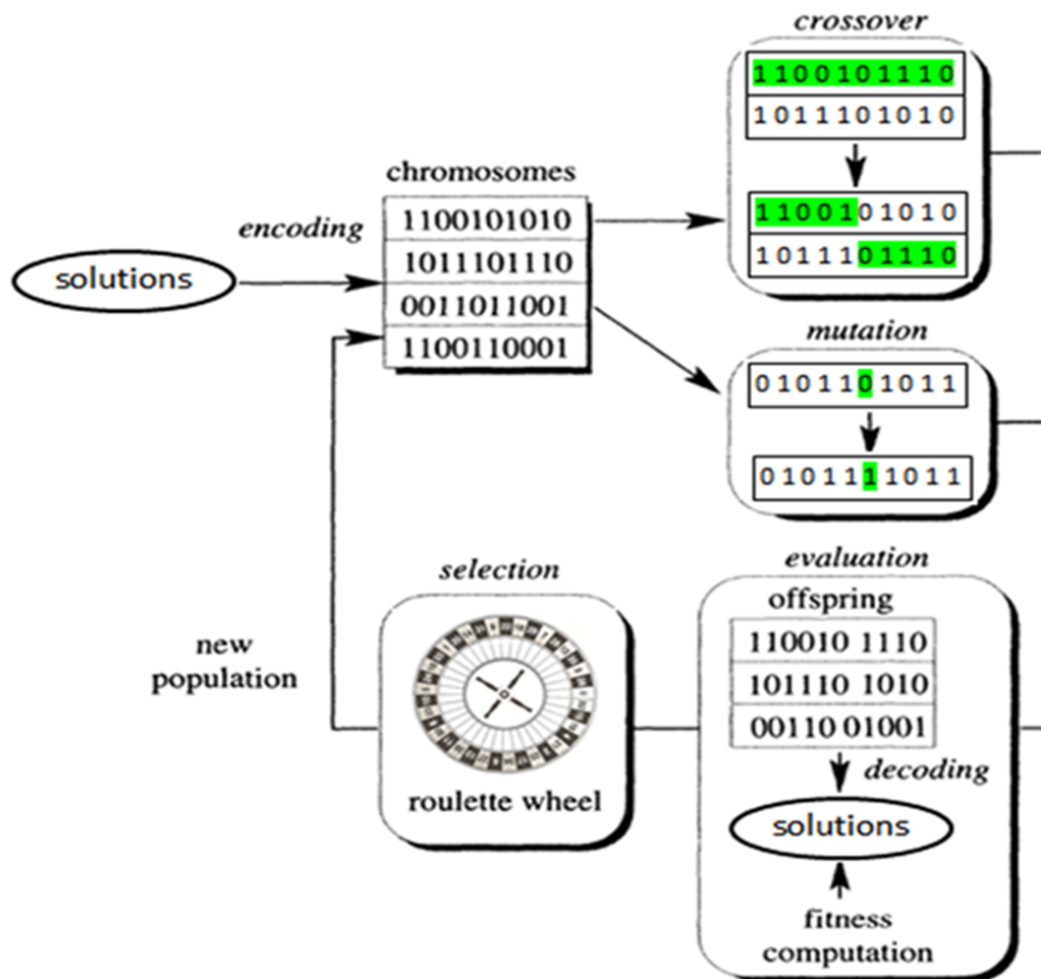
Η \hat{f} εξαρτάται από τις παραμέτρους

$$a_i, c_{1i}, c_{2i}, \sigma_{1i}, \sigma_{2i}, b \quad \text{με } i = 1, 2, \dots, 15$$

Επομένως αυτό που μένει να κάνουμε είναι να προσδιορίσουμε βέλτιστα τις παραμέτρους αυτές έτσι ώστε να έχουμε όσο το δυνατόν μικρότερη απόκλιση της \hat{f} από την f . Για τον λόγο αυτό θα χρησιμοποιήσουμε γενετικό αλγόριθμο τον οποίο θα αναλύσουμε στην συνέχεια.

Γενετικός Αλγόριθμος

Οι γενετικοί αλγόριθμοι αποτελούν τεχνικές βελτιστοποίησης οι οποίες δίνουν λύση σε μη γραμμικά και μη παραγωγίσιμα προβλήματα. Η λειτουργία τους βασίζεται στην βιολογία και στην θεωρία της εξέλιξης και έχει ως σκοπό την αναζήτηση ολικού ελαχίστου (ή μεγίστου) σε ένα πρόβλημα βελτιστοποίησης. Ο γενετικός αλγόριθμος ξεκινάει από ένα σύνολο τυχαίων λύσεων το οποίο ονομάζει πληθυσμό (**population**). Κάθε άτομο αυτού του πληθυσμού ονομάζεται χρωμόσωμα (**chromosome**) και αποτελεί μία λύση του προβλήματος. Τα χρωμοσώματα εξελίσσονται μέσω διαδοχικών επαναλήψεων που ονομάζονται γενιές (**generations**). Για την δημιουργία της επόμενης γενιάς, σχηματίζονται νέα χρωμοσώματα που ονομάζονται απόγονοι και τα οποία προκύπτουν μέσω είτε: α) της συγχώνευσης δύο χρωμοσωμάτων της τωρινής γενιάς (**crossover**) είτε: β) μέσω της μετάλλαξης ενός χρωμοσώματος (**mutation**). Κατά την διάρκεια κάθε γενιάς, τα χρωμοσώματα αξιολογούνται μέσω μιας συνάρτησης ικανότητας (**fitness function**). Μία νέα γενιά σχηματίζεται επιλέγοντας ορισμένα χρωμοσώματα γονείς και απογόνους με κριτήριο την συνάρτηση ικανότητας (**selection**). Βέβαια, στην επόμενη γενιά θα οδηγηθούν και μερικά τυχαία χρωμοσώματα, έτσι ώστε να αποφύγουμε φαινόμενα γρήγορης σύγκλισης σε λύση, που δεν είναι η βέλτιστη δυνατή. Αυτό σημαίνει ότι κάποια χρωμοσώματα απορρίπτονται καθώς το μέγεθος του πληθυσμού πρέπει να παραμείνει σταθερό. Μετά από αρκετές γενιές, ο αλγόριθμος συγκλίνει στο καλύτερο χρωμόσωμα, το οποίο ελπίζουμε ότι θα αντιπροσωπεύει τη βέλτιστη λύση στο πρόβλημα μας.



Σχήμα 1

Επιστρέφοντας στο πρόβλημα μας, για τον προσδιορισμό της άγνωστης συνάρτησης f το μόνο που μας δίνεται είναι ένας περιορισμένος αριθμός σημείων εισόδου - εξόδου $(u_1, u_2) \rightarrow y = f(u_1, u_2)$ τα οποία εμείς με κάποιο τρόπο θα πρέπει να εκμεταλλευτούμε προκειμένου να προσδιορίσουμε τις παραμέτρους μας.

Οι παράμετροι μας είναι οι

$$a_i, c_{1i}, c_{2i}, \sigma_{1i}, \sigma_{2i}, b \text{ με } i = 1, 2, \dots, 15$$

και στο σύνολο είναι 76. Επομένως μία 76-αδα τιμών στις παραμέτρους αποτελεί μία λύση στο πρόβλημα. Το ζητούμενο είναι να βρούμε την βέλτιστη εξ αυτών.

Population

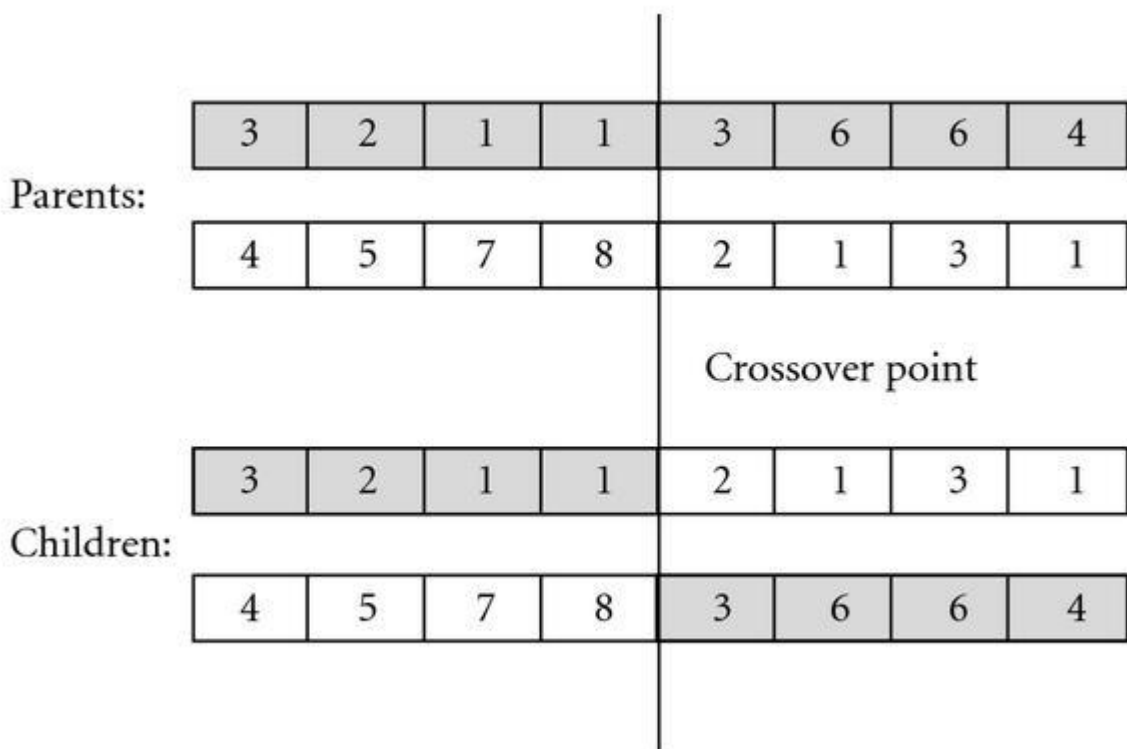
Ξεκινώντας με την κωδικοποίηση των γονιδίων, είναι επιτακτική ανάγκη η αναπαράσταση των παραμέτρων μας σε δυαδική μορφή. Σημειώνεται ότι ο αριθμός των bits εξαρτάται από την απαιτούμενη ακρίβεια, δηλαδή τον αριθμό των ψηφίων μετά την υποδιαστολή. Στην συγκεκριμένη περίπτωση, θα αρκεστούμε στην ακρίβεια ενός δεκαδικού ψηφίου. Θεωρούμε ότι η παράμετρος a_i , $i = 1, 2, \dots, 15$ μπορεί να πάρει τιμές στο διάστημα $[-1.5, 1.5]$. Επομένως για την μετατροπή της από πραγματικό αριθμό, ενός δεκαδικού ψηφίου, σε δυαδικό θα χρειαστούν 5 bits ανά a_i δηλαδή στο σύνολο $15 \times 5 = 75$ bits. Κάνοντας το ίδιο και για τις υπόλοιπες παραμέτρους του προβλήματος, καταλήγουμε στο ότι το χρωμόσωμα μας θα έχει μήκος **320 bits**. Η συνάρτηση matlab με όνομα `population.m` δέχεται ως όρισμα το μέγεθος του πληθυσμού: n και επιστρέφει τον πληθυσμό των χρωμοσωμάτων.

Population



Crossover

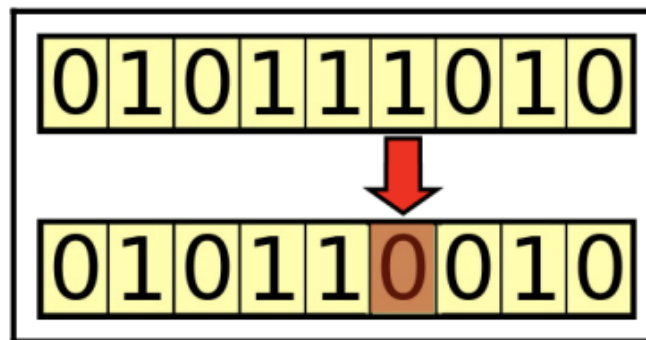
Έπειτα, σύμφωνα με το Σχήμα 1, ένα μέρος του πληθυσμού θα παράξει νέα χρωμοσώματα με την μέθοδο της διασταύρωσης. Όπως φαίνεται και στο Σχήμα 2, οι ψηφιοσειρές δύο γονέων χωρίζονται σε δύο τμήματα τα οποία και διασταυρώνουν δημιουργώντας με τον τρόπο αυτό δύο απογόνους. Πιο συγκεκριμένα, η συνάρτηση `matlab` με όνομα `crossover.m` δέχεται ως όρισμα τον πληθυσμό P , καθώς και τον αριθμό n των ζευγαριών τα οποία θα διασταυρωθούν. Έπειτα αφού εφαρμόσει τον τελεστή της διασταύρωσης μας επιστρέφει το νέο πληθυσμό Y ο οποίος είναι μεγαλύτερος του P αφού περιέχει και τους γονείς και τους απογόνους.



Σχήμα 2

Mutation

Παράλληλα, ένα μέρος του πληθυσμού θα παράξει νέα χρωμοσώματα με την μέθοδο της μετάλλαξης. Η μέθοδος αυτή αντιστρέφει ένα τυχαίο ψηφίο του χρωμοσώματος με σκοπό να εμποδίσει τον γενετικό αλγόριθμο από το να κολλήσει σε περιοχές του χώρου αναζήτησης. Πιο συγκεκριμένα, η συνάρτηση `mutation.m` δέχεται ως όρισμα τον πληθυσμό P , καθώς και τον αριθμό n των χρωμοσωμάτων τα οποία θα μεταλλαχθούν. Έπειτα αφού εφαρμόσει τον τελεστή της μετάλλαξης μας επιστρέφει το νέο πληθυσμό Y ο οποίος είναι μεγαλύτερος του P καθώς περιέχει και τους γονείς και τους απογόνους.



Σχήμα 3

Evaluation

Στην συνέχεια, σύμφωνα με το Σχήμα 1, ο πληθυσμός που έχει προκύψει μετά από τους τελεστές της διασταύρωσης και της μετάλλαξης, θα περάσει από μία αξιολόγηση. Ως συνάρτηση ικανότητας χρησιμοποιήσαμε το μέσο τετραγωνικό σφάλμα (Mean Squared Error). Έτσι, το κάθε χρωμόσωμα, αφού μετατραπεί από ψηφιοσειρά σε παραμέτρους δεκαδικών τιμών, θα σχηματίσει μία αναλυτική έκφραση της συνάρτησης \hat{f} για την οποία θα υπολογίσουμε το σφάλμα απόκλισης από την f . Επομένως, όσο μικρότερη είναι αυτή η τιμή αξιολόγησης τόσο καταλληλότερο είναι το χρωμόσωμα που αξιολογείται. Πιο συγκεκριμένα, η συνάρτηση `matlab` με όνομα `evaluation.m` δέχεται ως όρισμα τον πληθυσμό P , καθώς και τα γνωστά σημεία εισόδου-εξόδου της συνάρτησης f . Έπειτα, αφού εφαρμόσει την συνάρτηση αξιολόγησης, μας επιστρέφει σε έναν πίνακα την αξιολόγηση του κάθε χρωμοσώματος του πληθυσμού.

$$\text{MSE} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (Y_i - \hat{Y}_i)^2$$

Selection

Τέλος, έχουμε την διαδικασία της επιλογής όπου ο γενετικός αλγόριθμος επιλέγει ποια χρωμοσώματα θα συνεχίσουν στην επόμενη γενιά διατηρώντας το μέγεθος του πληθυσμού σταθερό. Αυτό το κάνει κρατώντας τα κορυφαία χρωμοσώματα, δηλαδή αυτά με την μικρότερη τιμή αξιολόγησης, αλλά και επιλέγοντας τυχαία τα υπόλοιπα μέσα από τον πληθυσμό. Πιο συγκεκριμένα, η συνάρτηση `matlab` με όνομα

selection.m δέχεται ως όρισμα τον πληθυσμό P και τον πίνακα E των αξιολογήσεων των χρωμοσωμάτων. Στην συνέχεια, κρατάει τα 3 κορυφαία χρωμοσώματα βρίσκοντας τα minimum των αξιολογήσεων, και επιλέγει εντελώς τυχαία τα υπόλοιπα. Έτσι, καταλήγει να απορρίπτει τα χρωμοσώματα που δεν επιλέχθηκαν και μας επιστρέφει τον νέο πληθυσμό δηλαδή την νέα γενιά χρωμοσωμάτων.

Genetic Algorithm

Αρχικά, ξεκινάμε ορίζοντας την άγνωστη συνάρτηση f και δειγματοληπτώντας από αυτήν έναν περιορισμένο αριθμό σημείων εισόδου-εξόδου. Με σκοπό να έχουμε μία ικανοποιητική εικόνα της f φροντίζουμε η δειγματοληψία να καλύπτει ένα ευρύ φάσμα του επιπέδου u_1, u_2 . Στην συνέχεια, ορίζουμε τις μεταβλητές:

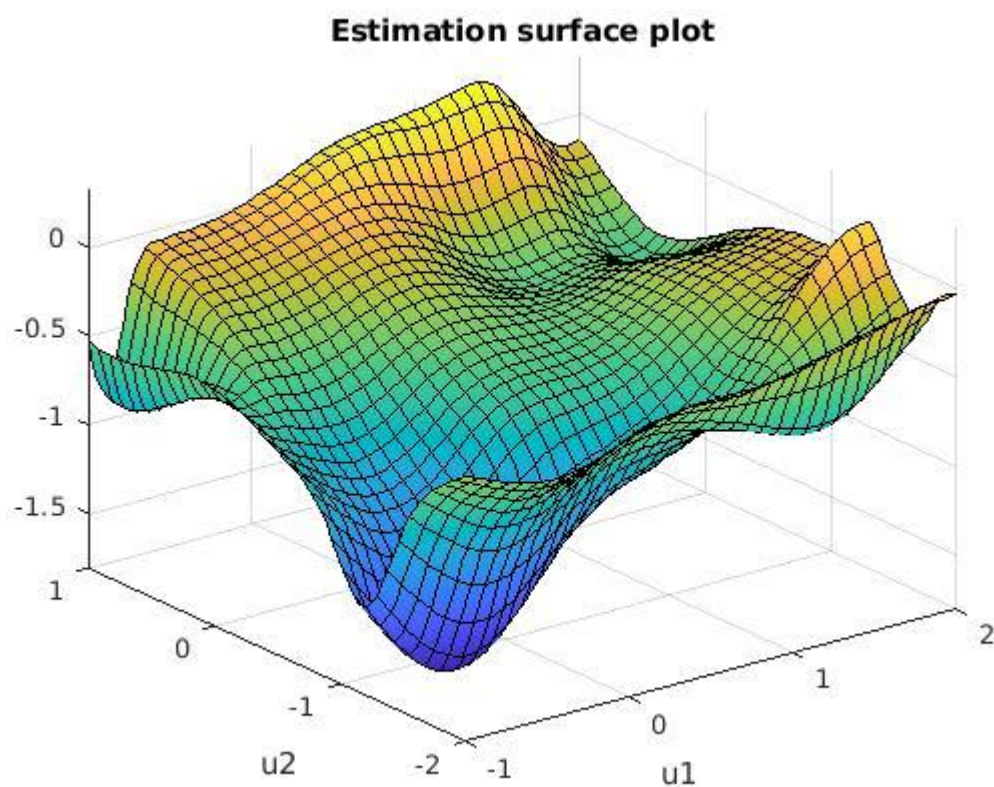
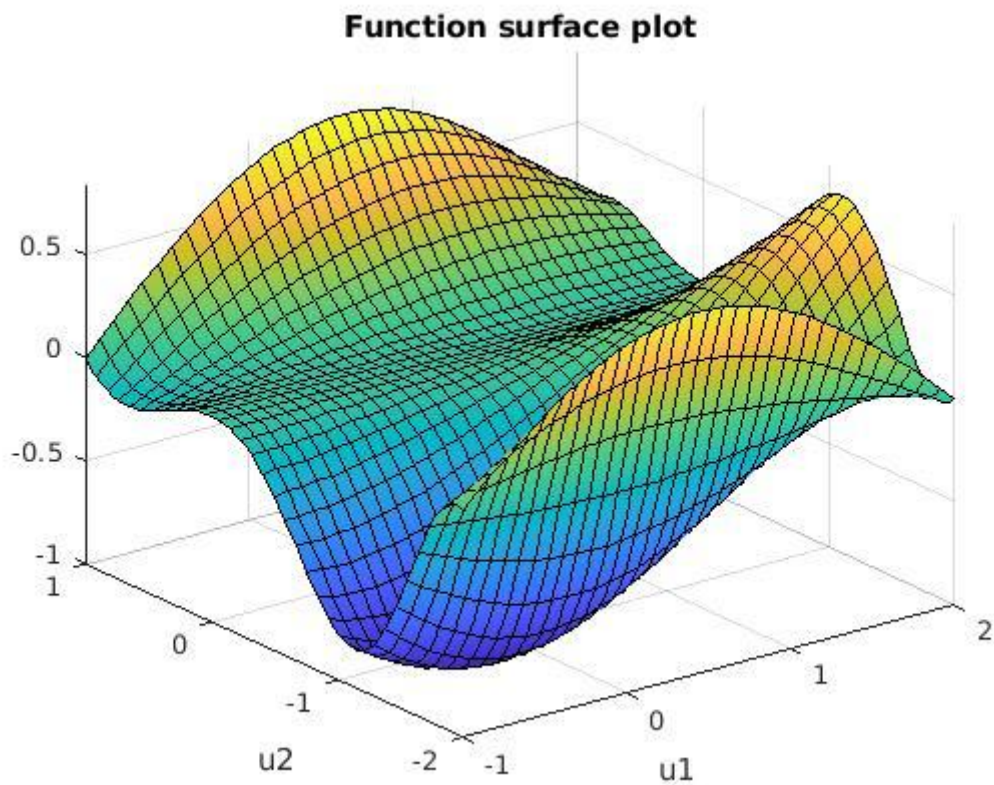
- $p = 100$ population size
- $c = 30$ number of pair of chromosomes to be crossovered
- $m = 30$ number of chromosomes to be mutated
- $ng = 1000$ number of generations

Ο αλγόριθμος μας αφού ορίσει τον αρχικό πληθυσμό τυχαίων χρωμοσωμάτων θα εισέλθει σε μία επανάληψη όπου θα ακολουθήσουν οι εξής διαδικασίες:

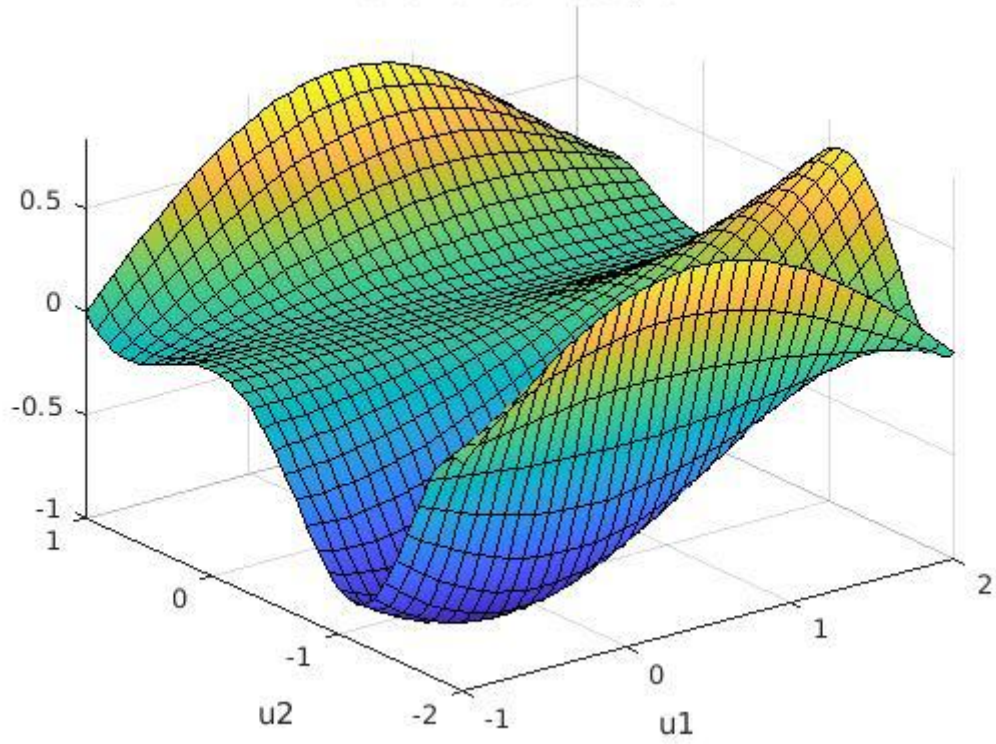
1. Crossover
2. Mutation
3. Evaluation
4. Selection
5. New Population

και θα σταματήσει έπειτα από 1000 επαναλήψεις (γενιές). Έτσι, έχοντας φτάσει στην 1000στή γενιά χρωμοσωμάτων, συλλέγουμε το καλύτερο χρωμόσωμα του πληθυσμού δηλαδή εκείνο με το μικρότερο σφάλμα απόκλισης. Το χρωμόσωμα αυτό το αποκωδικοποιούμε ώστε να πάρουμε τις τιμές των παραμέτρων του γραμμικού συνδυασμού των Gaussian συναρτήσεων. Τέλος, έχοντας προσεγγίσει τις παραμέτρους

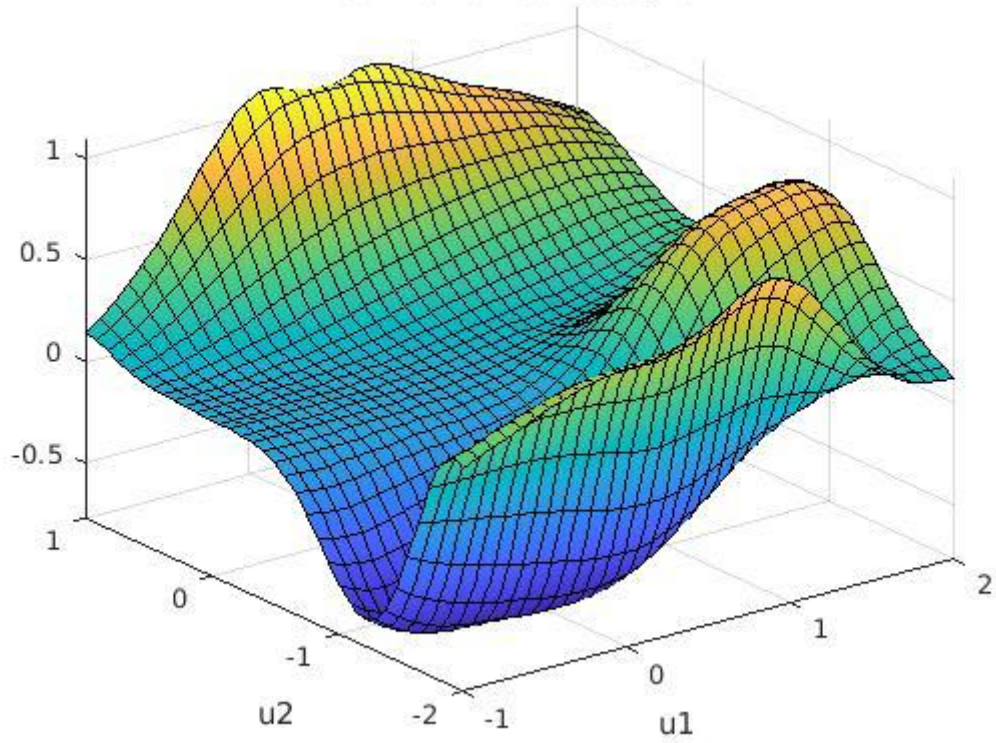
μας μπορούμε να σχεδιάσουμε την προσέγγιση \hat{f} της άγνωστης συνάρτησης f . Παρακάτω φαίνονται τα αποτελέσματα για διαφορετικές εκτελέσεις του αλγορίθμου. Ο κώδικας βρίσκεται στο αρχείο matlab με όνομα Project.m



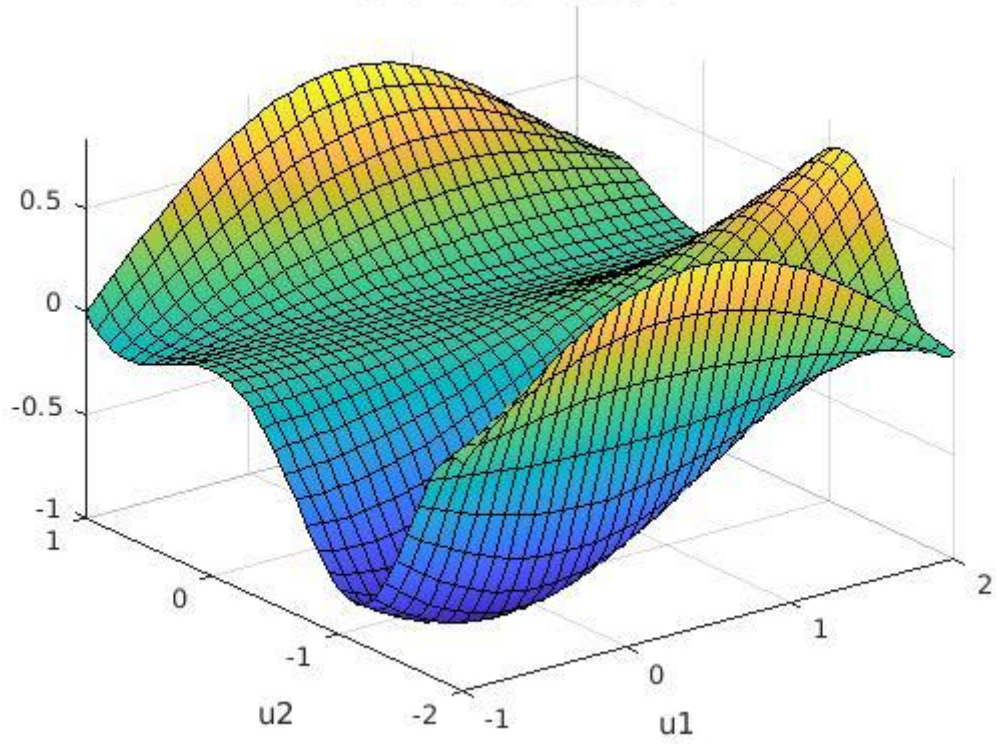
Function surface plot



Estimation surface plot



Function surface plot



Estimation surface plot

