



Αριστοτέλειο Πανεπιστήμιο Θεσσαλονίκης
Πολυτεχνική Σχολή
Τμήμα Ηλεκτρολόγων Μηχανικών και Μηχανικών Υπολογιστών
Τομέας Ηλεκτρονικής και Υπολογιστών

ΤΕΧΝΙΚΕΣ ΒΕΛΤΙΣΤΟΠΟΙΗΣΗΣ

Project: Κατασκευή γενετικού αλγορίθμου για προσέγγιση
συνάρτησης χαμηλής πολυπλοκότητας

Χειμερινό εξάμηνο 2023/24

Δεϊρμεντζόγλου Ιωάννης
Α.Ε.Μ.: 10015
Email: deirmentz@ece.auth.gr

Εισαγωγή

Ζητούμενο της παρούσας εργασίας είναι η ανάπτυξη ενός γενετικού αλγορίθμου με σκοπό τον προσδιορισμό της αναλυτικής έκφρασης μιας συνάρτησης $f(u_1, u_2)$ χαμηλής πολυπλοκότητας για την οποία είναι άγνωστος ο τύπος αλλά είναι γνωστό ότι είναι συνεχής. Η προσέγγιση θα βασιστεί στον γραμμικό συνδυασμό γκαουσιανών συναρτήσεων, της μορφής:

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

Δίνεται η δυνατότητα χρήσης το πολύ 15 γκαουσιανών συναρτήσεων. Επομένως η f γράφεται ως: $\hat{f} = A_1G_1 + A_2G_2 + A_3G_3 + \dots + A_{15}G_{15} + \beta$

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

Η \hat{f} εξαρτάται από τις παραμέτρους a με i , c_{1i} , c_{2i} , σ_{1i} , σ_{2i} , b $i = 1, 2, \dots, 15$. Επομένως, αυτό που πρέπει να γίνει είναι να προσδιοριστούν βέλτιστα οι παραπάνω παράμετροι έτσι ώστε η \hat{f} να έχει όσο το δυνατόν μικρότερη απόκλιση από την f . Για τον λόγο αυτό θα χρησιμοποιήσουμε γενετικό αλγόριθμο, ο οποίος θα αναλυθεί στην συνέχεια.

Γενετικοί αλγόριθμοι

Οι Γενετικοί Αλγόριθμοι αποτελούν μια μέθοδο αναζήτησης βέλτιστων λύσεων και χρησιμοποιούνται ευρέως σε προβλήματα όπου η αναλυτική έκφραση της συνάρτησης, όπως και στην αυτήν την άσκηση, είναι άγνωστη και επομένως η χρήση των κλασσικών τεχνικών αναζήτησης είναι απαγορευτική. Γενικά, οι γενετικοί αλγόριθμοι χρησιμοποιούνται ευρέως και σε περιπτώσεις εύρεσης ελαχίστου. Στην ουσία πρόκειται, για πιθανοκρατικούς αλγορίθμους που δεν εγγυώνται την εύρεση της βέλτιστης λύσης, αλλά είναι ικανοί να επιστρέψουν μια αρκετά καλή λύση σε εύλογο χρονικό διάστημα, αναζητώντας την σ' έναν χώρο υποψήφιας λύσεων σύμφωνα με κάποιο κριτήριο.

Η λειτουργία τους είναι εμπνευσμένη από την βιολογία και την θεωρία της εξέλιξης. Πιο συγκεκριμένα υπάρχει ο **πληθυσμός (population)** που αποτελείται από το σύνολο των λύσεων όπου κάθε τέτοια λύση ονομάζεται **χρωμόσωμα (chromosome)** και κάθε παράμετρος του κωδικοποιούνται ως δυαδικοί αριθμοί. Αυτός ο πληθυσμός υφίσταται μια προσομοιωμένη γενετική εξέλιξη

χρησιμοποιώντας διάφορους γενετικούς τελεστές όπως η επιλογή, η **διασταύρωση (crossover)** και η **μετάλλαξη (mutation)**. Στην πράξη δηλαδή από το σύνολο λύσεων του πληθυσμού εκκίνησης ακολουθείται μια σειρά τυχαίων ανασυνδυασμών και μεταλλάξεων των χρωμοσωμάτων. Οι πιο “ικανές” από αυτές τις λύσεις συνεχίζουν να εξελίσσονται και να ανασυνδυάζονται έως ότου να “επιβιώσουν” οι καλύτερες από αυτές. Το κριτήριο για την εύρεση αυτών των καλύτερων χρωμοσωμάτων ονομάζεται συνάρτηση ικανότητας (**fitness function**). Η όλη διαδικασία έχει διάφορες τεχνικές υλοποίησης που διαφέρουν από πρόβλημα σε πρόβλημα.

Πηγή (Wikipedia)

Στοιχεία και Διαδικασίες του γενετικού αλγορίθμου

1. Κωδικοποίηση Γονιδίων

Το πρόβλημα δεν επιτρέπει την αναπαράσταση των γονιδίων από bits 0, 1 όπως συνηθίζεται σε γενετικούς αλγορίθμους. Για αυτό τον λόγο έγινε χρήση πραγματικών αριθμών θεωρώντας ότι τα χρωμοσώματα θα αποτελούνται από τα πλάτη τα κέντρα και τις τυπικές αποκλίσεις του γραμμικού συνδυασμού των γκαουσιανών συναρτήσεων. Ωστόσο, ο κάθε “τύπος” γονιδίου έχει τα δικά του όρια τιμών και πιο συγκεκριμένα:

- **Πλάτος:** $A \in (fmin, fmax)$, όπου $fmax$ και $fmin$, η μέγιστη και η ελάχιστη τιμή της συνάρτησης αντίστοιχα.
- **Κέντρο ($c1$):** Το εύρος τιμών του εξαρτάται από το πεδίο ορισμού της εκάστοτε συνάρτησης. Συγκεκριμένα για συνάρτηση με πεδίο ορισμού (a,b) το $c1 \in (a-2, b+2)$.
- **Τυπική απόκλιση ($\sigma1$):** $\sigma1 \in (0.2, 1.3)$.

2. Χρωμοσώματα

Πέρα από την κωδικοποίηση για το κάθε γονίδιο των χρωμοσωμάτων θα πρέπει να οριστεί αρχικός πληθυσμός λύσεων αλλά και ο αριθμός των χρωμοσωμάτων, τα οποία θα μεταφερθούν στην επόμενη γενιά. Στην συνέχεια, πρέπει να οριστεί και το ποσοστό διασταυρώσεων (crossover) το οποίο διατηρείται σταθερό καθόλη την διάρκεια της διαδικασίας. Ενώ τέλος θα οριστεί και η

πιθανότητα μετάλλαξης(mutation) σε κάποια από τα επιμέρους γονίδια που έχουν χρησιμοποιηθεί.

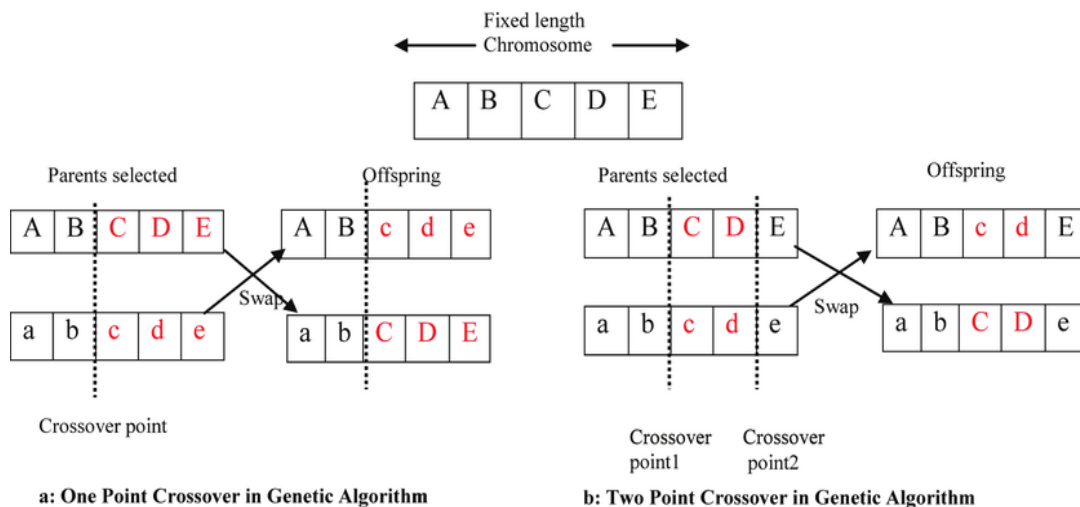
3. Συνάρτηση Ικανότητας (Fitness Function) – Evaluation

Κάθε λύση ελέγχεται για το πόσο κοντά φέρνει την αντίδραση του συστήματος στην επιθυμητή μέσω μιας συνάρτησης η οποία ονομάζεται συνάρτηση ικανότητας. Η προσέγγιση μιας συνάρτησης, συνήθως οδηγεί στην χρήση του σφάλματος, δηλαδή την απόκλιση από την πραγματική τιμή, ως συνάρτηση ικανότητας. Οι λύσεις που σύμφωνα με την Συνάρτηση Ικανότητας θα βρίσκονται πιο κοντά στην επιθυμητή αναπαράγονται στην επόμενη γενιά. Δηλαδή, το κάθε χρωμόσωμα, αφού μετατραπεί από ψηφιοσειρά σε παραμέτρους δεκαδικών τιμών, θα σχηματίσει μία αναλυτική έκφραση της συνάρτησης 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.

Αρχικά, χρησιμοποιήθηκε το απόλυτο σφάλμα (**Absolute Error**), $e_{abs} = \sum |f(x_i) - \hat{f}(x_i)|$, με $f(x_i)$ συμβολίζεται η πραγματική τιμή και με $\hat{f}(x_i)$ η προσέγγιση της. Ωστόσο, οι τιμές του σφάλματος ήταν αρκετά υψηλές με αποτέλεσμα την αργή σύγκλιση του αλγορίθμου. Έτσι, στην συνέχεια χρησιμοποιήθηκε το μέσο τετραγωνικό σφάλμα ως μετρική (**Mean Squared Error**), $e_{mse} = 1/n * \sum (f(x_i) - \hat{f}(x_i))^2$, με $f(x_i)$ και $\hat{f}(x_i)$ όμοια με πριν και n ο αριθμός των σημείων που χρησιμοποιήθηκαν για την προσέγγιση.

4. Διασταύρωση Crossover

Για την παραγωγή των νέων χρωμοσωμάτων, υπάρχουν διάφορες τεχνικές διασταύρωσης που χρησιμοποιούνται, στις εκάστοτε καλύτερες λύσεις κάθε γενιάς. Σύμφωνα , με αυτήν ένα μέρος του πληθυσμού θα παράξει νέα χρωμοσώματα με κάποια μέθοδο διασταύρωσης. Η τεχνική που εφαρμόστηκε σε πρώτη φάση είναι αυτή που φαίνεται στο παρακάτω σχήμα. Όπως φαίνεται και παρακάτω, οι ψηφιοσειρές δύο γονέων χωρίζονται σε δύο τμήματα τα οποία και διασταυρώνουν δημιουργώντας με τον τρόπο αυτό δύο απογόνους. Επειδή , αυτή η τεχνική δεν έδωσε ικανοποιητικά αποτελέσματα δοκιμάστηκε διασταύρωση και με 2 crossover points (δηλαδή καθένας γονέας χωρίζεται σε 3 μέρη , όχι απαραίτητα ισομήκη) όπως υποδεικνύεται παρακάτω :



Ωστόσο, τα αποτελέσματα στο τέλος της προσέγγισης παρουσίαζαν μεγάλη απόκλιση μεταξύ τους και δεν υπήρχε συνοχή. Έτσι, σαν μέθοδος διασταύρωσης επιλέχθηκε το νέο παιδί να αποτελείται από το ημίθροισμα των όρων, των δύο γονέων του. Παρακατω ακολουθεί και το σχηματικό των γονέων και του παιδιού. Στην εργασία περιλαμβάνονται και οι υλοποιήσεις για τα crossover με χρήση crossover points.

Parent 1

A1	A2	A3	A4	A5	A6	A7
----	----	----	----	----	----	----

B1	B2	B3	B4	B5	B6	B7
----	----	----	----	----	----	----

Parent 2

Child

$C1 = \frac{A_1 + B_1}{2}$	$C2 = \frac{A_2 + B_2}{2}$	$C3 = \frac{A_3 + B_3}{2}$	$C4 = \frac{A_4 + B_4}{2}$	$C5 = \frac{A_5 + B_5}{2}$	$C6 = \frac{A_6 + B_6}{2}$	$C7 = \frac{A_7 + B_7}{2}$
----------------------------	----------------------------	----------------------------	----------------------------	----------------------------	----------------------------	----------------------------

5. Μεταλλάξεις (Mutations)

Στην μετάλλαξη, είναι πιθανό να εμπλέκονται όλα τα χρωμοσώματα και είναι τυχαίο φαινόμενο. Έτσι, αφενός πρέπει να ορισθεί η πιθανότητα για την οποία θα υφίσταται και αφετέρου να βρεθεί η μέθοδος της μετάλλαξης. Σαν μέθοδος μετάλλαξης, χρησιμοποιείται η εναλλαγή ενός *τυχαίου* γονιδίου, με μια *τυχαία* τιμή, από το εύρος των τιμών του. Δηλαδή, ένα τυχαίο μέρος του πληθυσμού ή και ολόκληρος θα παράξει νέα χρωμοσώματα με την μέθοδο της μετάλλαξης. Η μέθοδος αυτή μεταβάλλει τυχαία κάποια γονίδια του χρωμοσώματος με σκοπό να εμποδίσει τον γενετικό αλγόριθμο από το να κολλήσει σε περιοχές του χώρου αναζήτησης.

Προσέγγιση και αναλυτική έκφραση συνάρτησης

Για τις διαδικασίες της παραγωγής δεδομένων εισόδου-εξόδου καθώς και για την αξιολόγηση των αποτελεσμάτων σας και μόνο, να θεωρήσετε την συνάρτηση:

$$\begin{aligned}f(u_1, u_2) &= \sin(u_1 + u_2) \sin(u_2^2), \\u_1 &\in [-1, 2], \\u_2 &\in [-2, 1].\end{aligned}$$

Όπως είδαμε και στην εισαγωγή θα πρέπει να χρησιμοποιηθεί γραμμικός συνδυασμός Γκαουσιανών συναρτήσεων της εξής μορφής:

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

Από την τρισδιάστατη αναπαράσταση όμως της δοθείσας συνάρτησης για την παραγωγή των δεδομένων φαίνεται ότι η συνάρτηση παίρνει και αρνητικές τιμές. Αρχικά, με σκοπό την εύρεση των ορίων της f , υπολογίζεται, μέσω προσέγγισης, η

μέγιστη και η ελάχιστη τιμή της, f_{max} και f_{min} , αντίστοιχα. Με αυτόν τον τρόπο, ορίζουμε, το εύρος τιμών, των πλατών (A) των γκαουσιανών. Για τον υπολογισμό των f_{min} και f_{max} και κατ' επέκταση του πλάτους A υλοποιείται η συνάρτηση `functionLimits.m`.

Πιο συγκεκριμένα,

- **Πλάτος:** $A \in (f_{min}, f_{max})$
- **Κέντρο ($c1, c2$):** $c1, c2 \in (a-3, b+3)$, όπου a, b το πεδίο ορισμού της συνάρτησης.
- **Τυπική απόκλιση ($\sigma1, \sigma2$):** $\sigma1, \sigma2 \in (0.2, 1.3)$.

Ο πληθυσμός ορίζεται στα 150 χρωμοσώματα, με τον πληθυσμό της επόμενης γενιάς να αποτελείται από το 30% των καλύτερων της προηγούμενης, το 10% τυχαίων λύσεων και το υπόλοιπο 60% δημιουργείται μέσω του `crossover`.

Για τον υπολογισμό της μέγιστης και της ελάχιστης τιμής της συνάρτησης υλοποιείται η συνάρτηση `functionLimits` που περιλαμβάνεται στο αρχείο με το ίδιο όνομα. Επίσης, δημιουργούνται οι βοηθητικές συναρτήσεις f και $fBar$, που περιλαμβάνουν τις εκφράσεις της f και της προσέγγισης της συνάρτησης μέσω των `gaussians`.

Αποτελέσματα Αλγορίθμου

Για την εκτέλεση του αλγορίθμου, η οποία γίνεται στο αρχείο `main.m` έγιναν αρκετοί πειραματισμοί όσον αφορά κάθε πιθανή παράμετρο. Προφανώς, για λογούς συντομίας δεν θα παρουσιαστεί κάθε πιθανός συνδυασμός παραμέτρων που δοκιμάστηκε.

Σε 1^η φάση δοκιμάστηκαν διαφορετικές τιμές στο πλήθος των `gaussians`. Παρατηρήθηκε ότι με 15 `gaussians` δηλαδή τον μέγιστο δυνατό αριθμό παρατηρείται καλύτερο αποτέλεσμα. Αυτό σημαίνει ότι κάθε γενιά έχει $5 \cdot 15 = 75$ χρωμοσώματα.

Όσον αφορά τον υπολογισμό για τα f_{min} και f_{max} της συνάρτησης παραγωγής δεδομένων (`functionLimits.m`), ορίζεται ο αριθμός των σημείων μετα από κάποιες δοκιμές (100, 150, **200**) μεταξύ των οποίων αναζητούνται και από τις 2 τιμές που προκύπτουν υπολογίζεται το εύρος τιμών των πλατών A που αναλύθηκε παραπάνω.

- Πλάτος: $A \in (-0.9996, 0.8415)$,
- Κέντρα ($c1, c2$) με $c1 \in (-4, 5)$, $c2 \in (-5, 4)$,

- Τυπική απόκλιση $\sigma_1, \sigma_2 \in (0.2, 1.3)$.

Μετα από κάποιους πειραματισμούς , το μέγεθος του πληθυσμού ορίζεται 150 χρωμοσώματα, με τον πληθυσμό της επόμενης γενιάς να αποτελείται από το 30% των καλύτερων της προηγούμενης, το 10% τυχαίων λύσεων και το υπόλοιπο 60% δημιουργείται μέσω του crossover.

Έπειτα από αρκετές δοκιμές πάνω στον κώδικα η πιθανότητα μετάλλαξης επιλέγεται μεταξύ 30%-40% . Παράλληλα παρατηρήθηκε μεγάλη σημασία που έχει στον γενετικό αλγόριθμο η διαδικασία της μετάλλαξης και πόσο αυτή επηρεάζει στην σύγκλιση του αλγορίθμου του ανάλογα την επιλογή που γίνεται .

Ένα άλλο σημαντικό κομμάτι είναι η ο χρόνος για την εκτέλεση του αλγορίθμου ο οποίος εξαρτάται από το σφάλμα για το οποίο θεωρείται ότι ο αλγόριθμος συγκλίνει και το μέγιστο αριθμό γενιών. Θεωρείται ότι ο αλγόριθμος συγκλίνει εάν το σφάλμα της προηγούμενης γενιάς είναι μικρότερο του 0.01 ή 0.05 και όσον αφορά το maxGenerations παρουσιάζονται οι χρόνοι στον παρακάτω πίνακα για τις εξής τιμές :

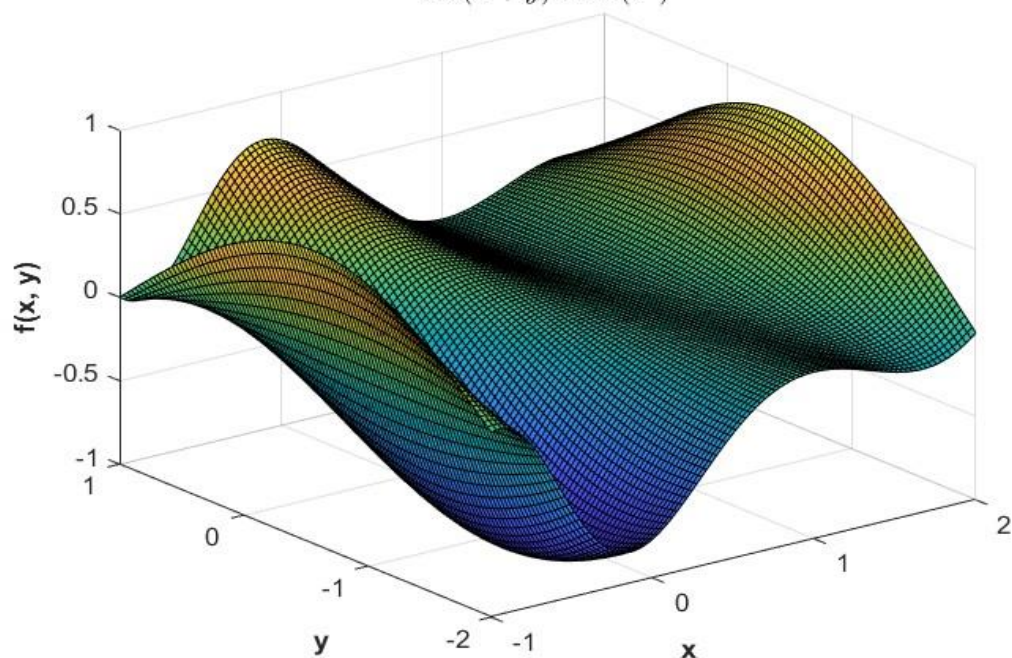
maxGenerations	Total Time (s)
100	24
500	103
1000	220
2000	487
10000	2300

Παρακατω , παρατίθενται τα αποτελέσματα για 10000 maxGenerations :

gaussianNames	A	center1	center2	sigma1	sigma2
{'1st Gaussian' }	0.83631	1.9283	3.2147	0.88127	1.1554
{'2nd Gaussian' }	0.49311	0.14016	3.506	0.52678	0.31509
{'3rd Gaussian' }	-0.40744	-0.50947	-2.4718	0.34672	0.65969
{'4th Gaussian' }	0.82766	-0.77346	-2.0418	0.87696	0.39249
{'5th Gaussian' }	-0.32866	-0.42646	-2.6988	1.2619	1.1257
{'6th Gaussian' }	0.5653	-2.791	3.759	0.53691	0.26899
{'7th Gaussian' }	-0.98509	0.17466	1.7657	0.41811	0.2238
{'8th Gaussian' }	0.78757	-1.895	1.4138	0.75322	1.1542
{'9th Gaussian' }	-0.010834	-0.76062	-3.2756	0.93853	0.33666
{'10th Gaussian' }	0.18865	1.5067	3.6385	1.129	0.88786
{'11th Gaussian' }	-0.07664	-1.5817	-0.47808	0.28379	0.47736
{'12th Gaussian' }	-0.80579	2.7085	-2.9691	0.70915	1.2188
{'13th Gaussian' }	0.55796	0.42707	1.0316	0.73066	0.30535
{'14th Gaussian' }	0.48587	0.31257	1.9463	0.29625	0.75151
{'15th Gaussian' }	0.091229	0.78056	1.8976	0.40931	1.0291

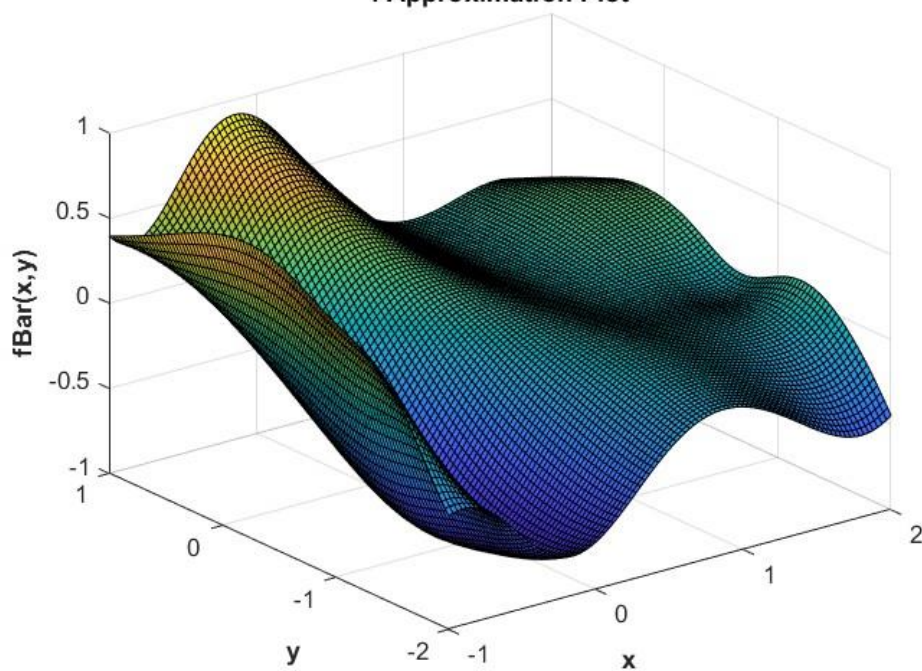
Εικόνα 1. Τιμές παραμέτρων για 15 γκαουσιανές

3D Plot of $f(x,y)$:
 $\sin(x+y) * \sin(x^2)$

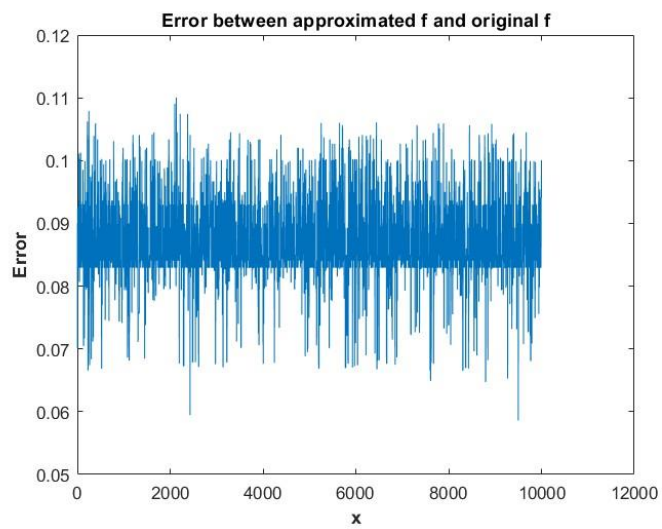


Εικόνα 2. 3D Plot of f

f Approximation Plot

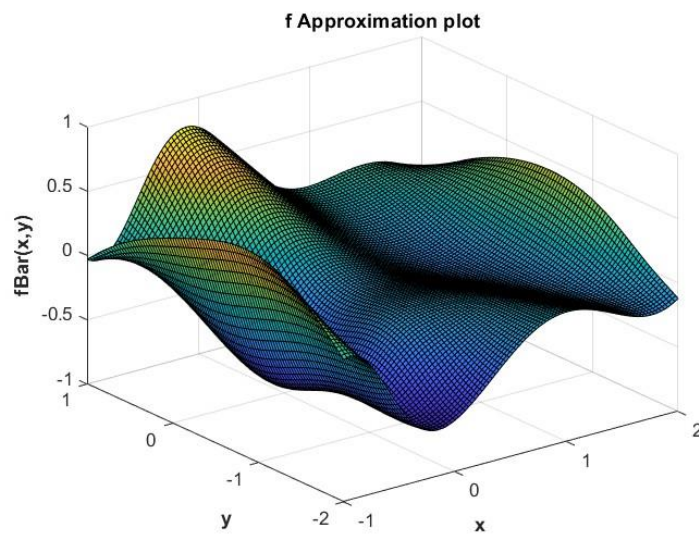


Εικόνα 3. 3D Plot of approximated f

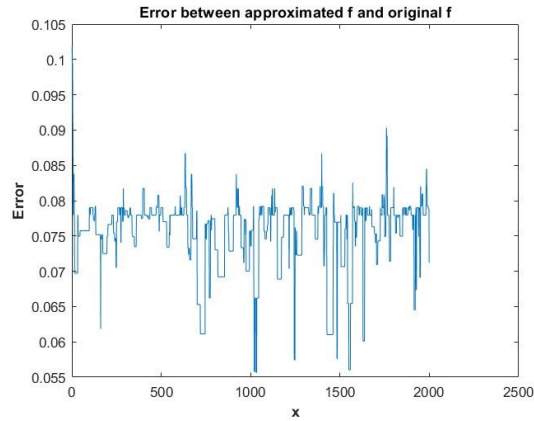


Εικόνα 3. Error σε συνάρτηση με την κάθε γενιά

Παρακατω , παρατίθενται τα αποτελέσματα για 1000 maxGenerations :



Εικόνα 4. 3D Plot of approximated f



Εικόνα 5. Error σε συνάρτηση με την κάθε γενιά

Παρατηρήσεις

Όπως φαίνεται από τις γραφικές παραστάσεις που παρουσιάστηκαν παραπάνω το αποτέλεσμα είναι μια σχετικά καλή προσέγγιση για την ζητούμενη f , όμως σίγουρα ο αλγόριθμος που υλοποιήθηκε δεν μπορεί να θεωρηθεί 100% ακριβής και σωστός. Αντιμετωπίστηκαν προβλήματα στο fitness score (MSE) των πληθυσμών τα οποία σε αρκετές δοκιμές φαίνεται να μην μειώνονται με την πάροδο των γενεών, κάτι είναι ζητούμενο σε έναν γενετικό αλγόριθμο. Αντί αυτού παρατηρήθηκε ταλάντωση του σφάλματος όπως φαίνεται στην εικόνα 3 παρότι αυτή ήταν ανάμεσα σε μικρές τιμές οι οποίες θεωρητικά είναι χαμηλές (της τάξης του 0.1 και κάτω). Επίσης σε δοκιμές του αλγορίθμου για ίδιες αρχικές συνθήκες εκκίνησης οι αποκλίσεις στα αποτελέσματα ήταν συχνά μεγάλες, ενώ συχνά κάποιες από τις παραμέτρους εμφάνιζαν ιδία τιμή και για τις 15 γκαουσιανές (πχ. ίδιο σ^2 για κάθε μια από τις 15). Τα παραπάνω δεν καθιστούν την υλοποίηση απολύτα ακριβή, προσεγγίζει όμως σε έναν ικανοποιητικό βαθμό το ζητούμενο όπως φαίνεται από τα plots της προσέγγισης και της συνάρτησης που δίνεται στην εκφώνηση, παρέχοντας ικανοποιητική χαμηλής πολυπλοκότητας αναλυτική έκφραση για την f .