

Trabajo Práctico Especial 4

Algoritmos Genéticos

Q1-2014 ITBA

Grupo 5

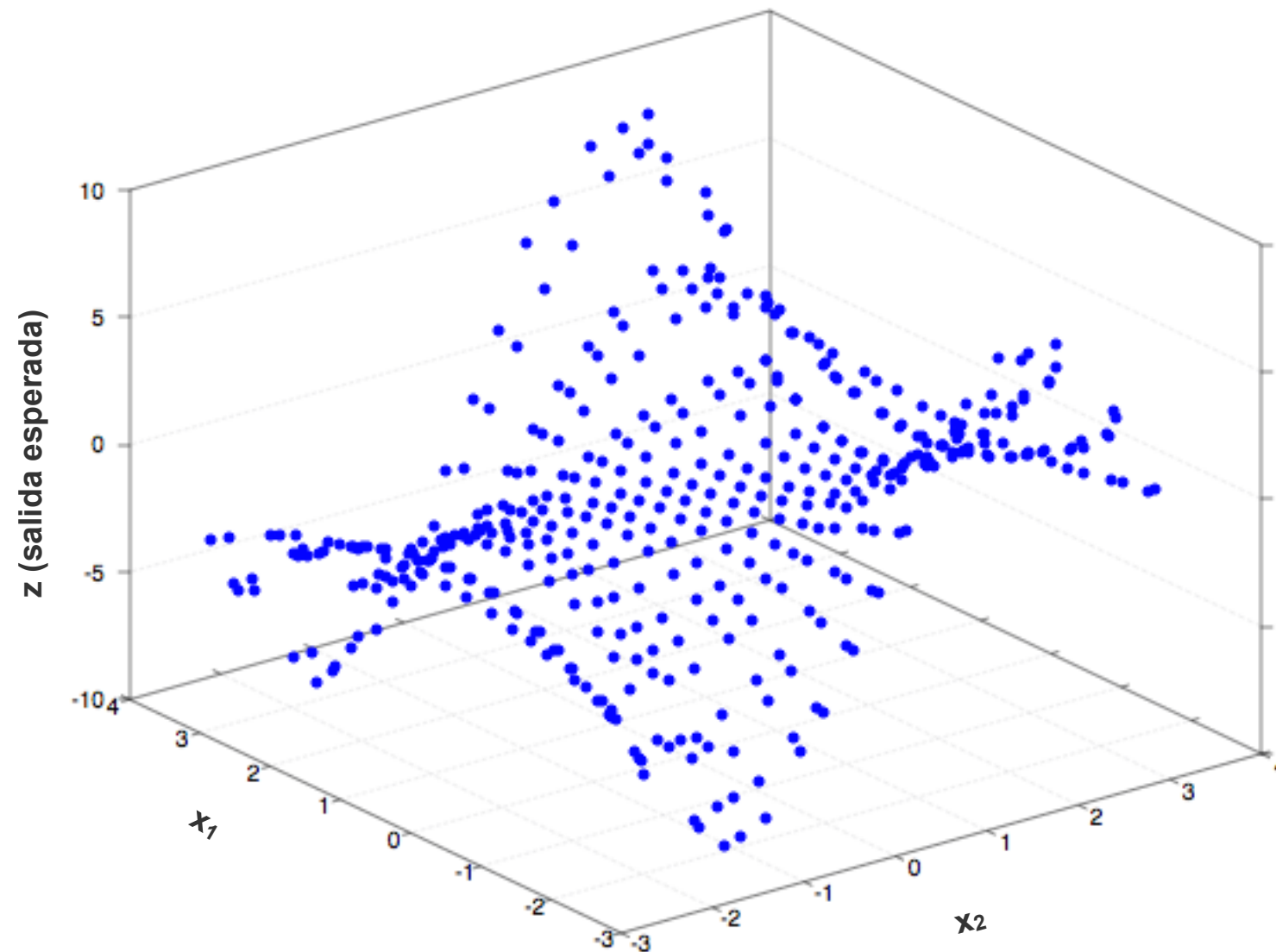
Julián Gutierrez
Alexis Medvedeff
Javier Perez Cuñarro

Agenda

1. Problema a resolver
2. Modelado del motor
3. Configuración óptima
4. Resultados
5. Conclusiones

Problema

Encontrar los **pesos óptimos**
para una red neuronal



Conjunto de puntos
samples8.txt

¿Qué red neuronal?

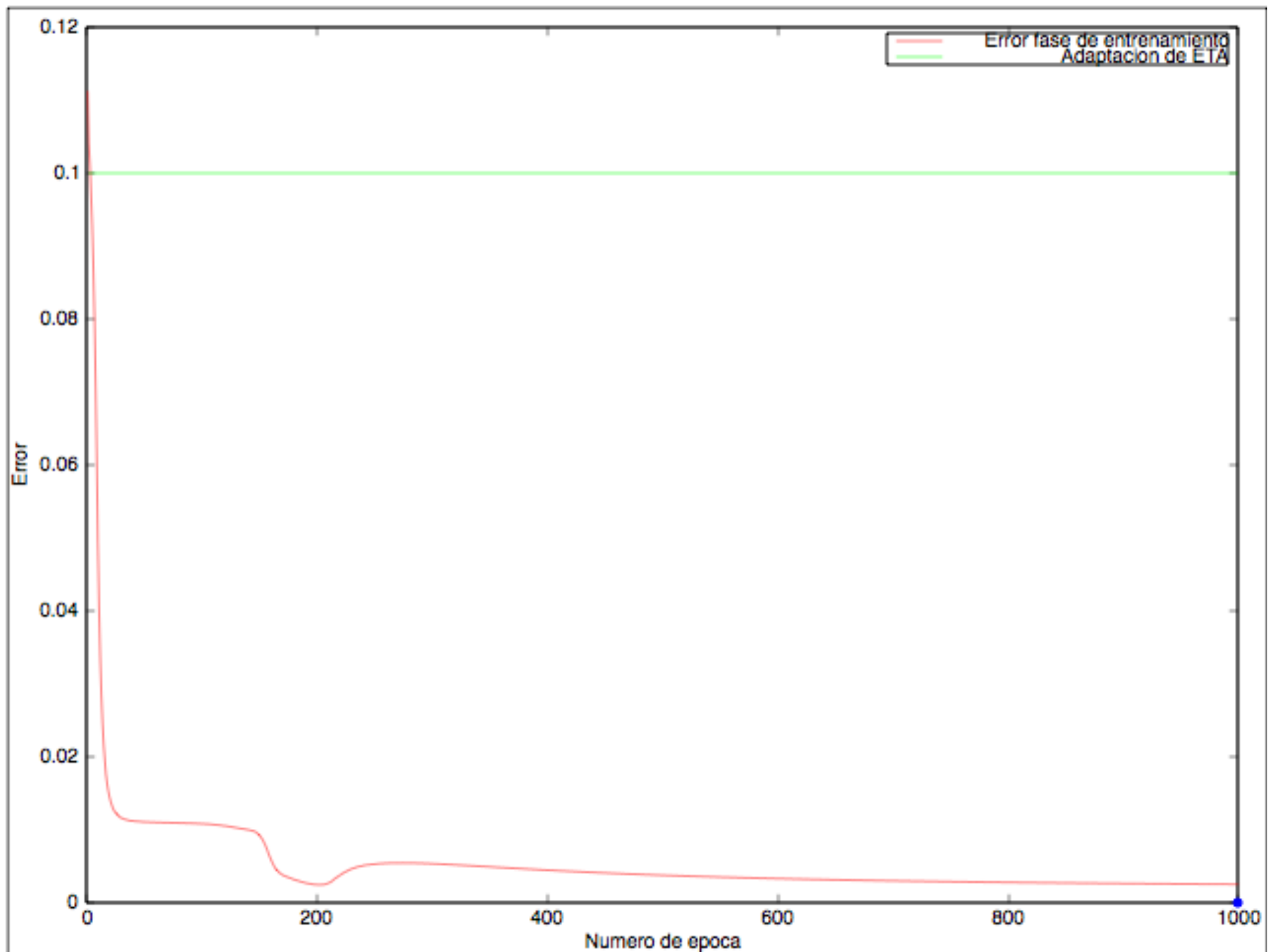
Recordemos

Arquitectura	Error cuadrático medio en testeo	Porcentaje de aciertos con error menor a 10^{-3}
[20]	0.9456	36.7647%
[4 3]	0.2237	39.1636%
[10 20 30]	0.6844	40.2934%

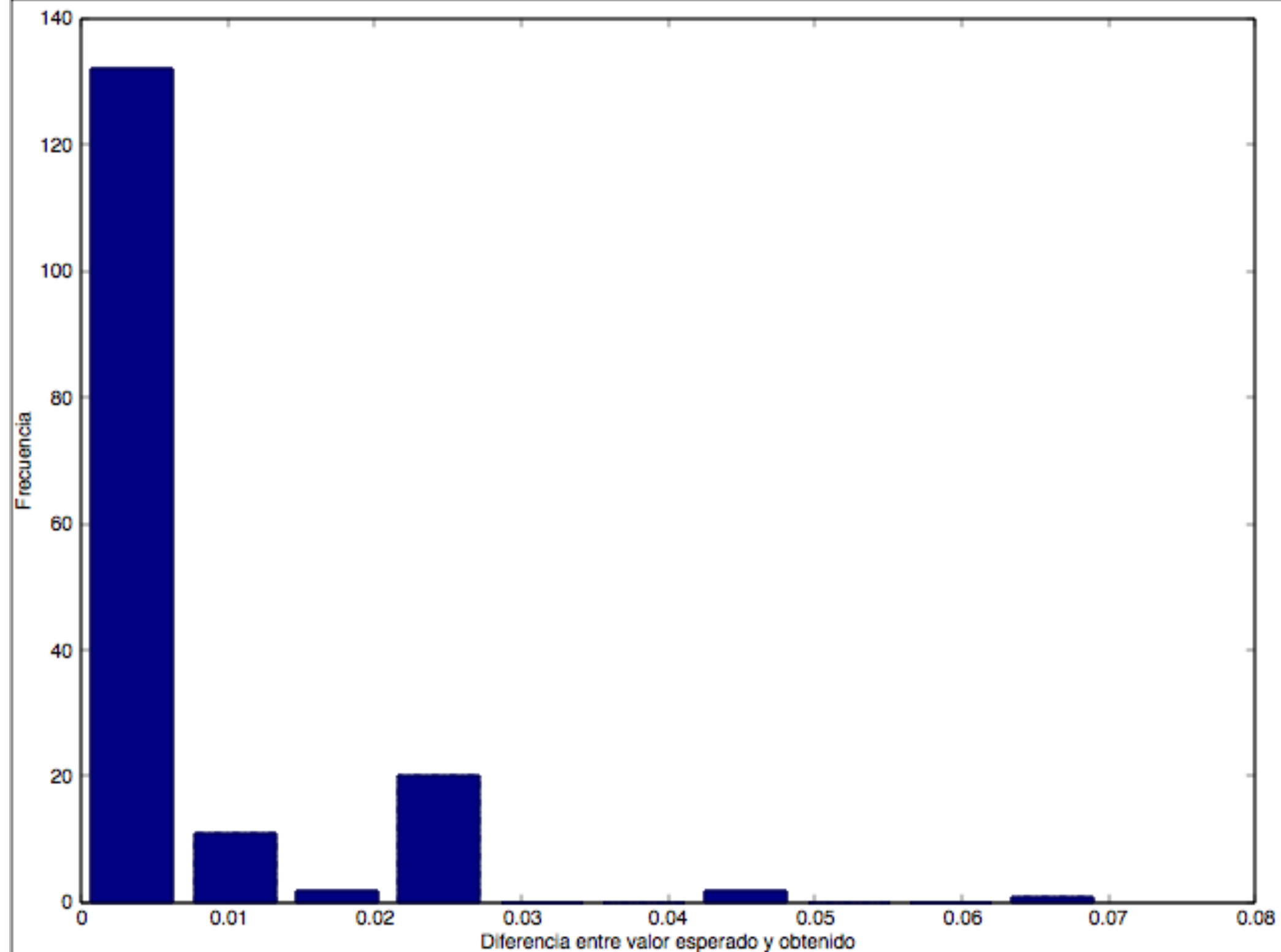
Arquitectura [4 3], 60% de datos de entrenamiento, tangente hiperbólica, 1000 épocas.

Mejoras	Error cuadrático medio, en testeo	Aprendizaje en entrenamiento	Predicción en testeo
Ninguna	0.0100	24.1636%	29.6512%
Momentum	0.0031	46.1538%	41.6667%
ETA Adaptativo	0.0100	19.7026%	20.3488%
Momentum y ETA Adaptativo	0.0113	18.5874%	3.8372%

Arquitectura [4 3], 60% de datos de entrenamiento, tangente hiperbólica, 1000 épocas.



**Error cuadrático medio
en función del número de épocas**

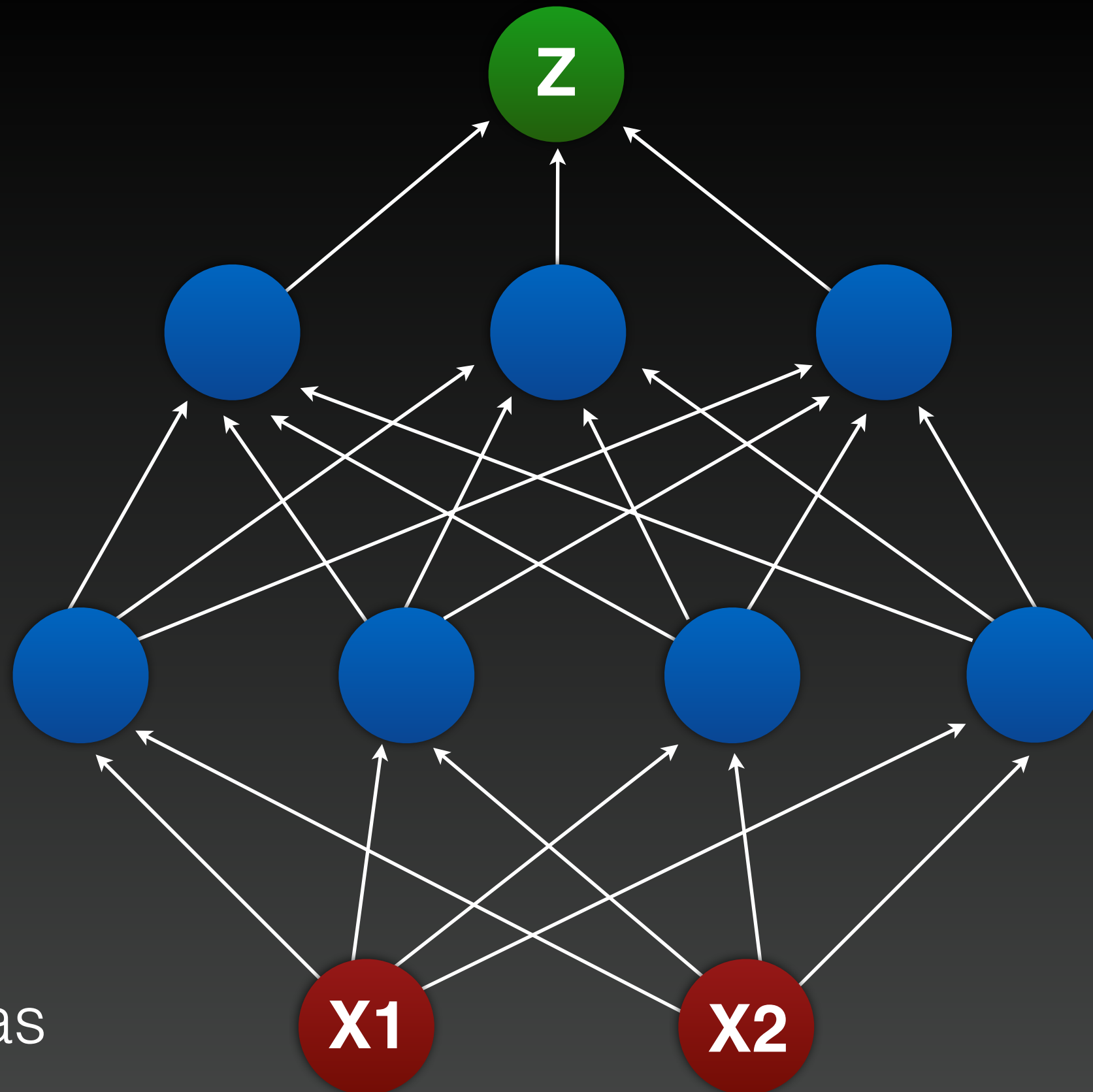


**Histograma de diferencia
valor esperado - valor calculado**

Salida

Capas
ocultas

Entradas



Red neuronal con arquitectura **[4 3]**

Red elegida

Arquitectura **[4 3]**

60% entrenamiento, **40%** testeo

Función de act. **tangente hiperbólica**

Mejora **momentum**

1000 épocas

Error cuadrático medio: **0.0031**

Aprendizaje: **46.15%**

Predicción: **41.6667%**

Solución

Motor de algoritmos genéticos
que pueda calcular los pesos

Modelado del motor

Representación de individuos

Matriz con valores reales

0.4	0.3	0.2	0.9
0.5	0.7	0.1	0.6
0.8	0.6	0.5	0.3

Vector

0.4	0.3	0.2	0.9	0.5	0.7	0.1	0.6	0.8	0.6	0.5	0.3
-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----

Fidelidad del individuo

Coherencia

Compleitud

Localidad

Uniformidad

Sencillez

Función de fitness

$$f1(i) = \frac{1}{\text{error_cuadrático_medio}}$$

$$f2(i) = \text{tasa_de_aprendizaje}$$

*obtenido a partir de feed forward
con datos de entrenamiento + testeo

¿Configuración óptima?

Resultados

Tamaño de la población

[2, 50] No se aprecian los beneficios de la mutación

[100, 150] Mucho tiempo de computo, sin demasiada mejora en el error

[50, 100] Balance entre tiempo de computo y error

*Pruebas corridas sin backpropagation con classic crossover $p=0.5$, elite selection, metodo de reemplazo 2, classic mutation $p=0.2$

Inicialización

- **50 individuos** al azar
- Entrenados por **100 épocas**
- Población inicial **constante**

Numero de progenitores

Número de progenitores	Error cuadratico Medio en testeo	Porcentaje de aciertos
40	0.9467	0%
26	0.8856	0%
16	0.2707	3.570%
10	0.1026	10.9890%

*parametros: sin backpropagation 500 generaciones,classic crossover $p=0.4$, elite selection, método de reemplazo 2, Mutación No uniforme $pMutar=0.1$, $pAlelo=0.15$

Probabilidad de aplicar backpropagation

Prob. back-propagation	Número de épocas	Número de generaciones	Error cuadrático medio en testeo	Predicción en testeo
0	n/a	200	0.2380	3.2967%
1	100	50	0.0006	66.4835% (*)
1	30	50	0.0052	34.6154% (*)
0.4	30	50	0.0078	14.8352%
0.4* log(nroGeneracion/2)	30	100	0.0059	29.3103%

Parámetros: progenitores=10, classic crossover p=0.4, elite selection, método de reemplazo 2, Mutación No uniforme pMutar=0.1, pAlelo=0.15

(*) El tiempo de ejecución superó las 3 horas, alrededor de 6 veces superior al tiempo de los otros casos.

Mutación

Método de mutación	Prob. de mutación	Prob. de mutación por alelo	Error cuadrático medio en testeo	Predicción en testeo
Uniforme	1	n/a	0.0071	19.7802%
Uniforme	0.5	n/a	0.0043	46.7033%
No uniforme	0.2	0.3	0.0090	23.0769%
No uniforme	0.1	0.15	0.0060	35.1648%

*parámetros: backpropagation $p = 0.4 \cdot \log(\text{nroGeneracion}/2)$, 30 épocas si corresponde, 50 generaciones, classic crossover $p=0.4$, elite selection, método de reemplazo 2, 10 progenitores

Probabilidad de cruza de individuos

Probabilidad de crossover	Error cuadrático medio en testeo	Predicción en testeo
1	0.0020	36.7816%
0.4	0.0105	25.2874%
0.85	0.0014	51.1494%

Parámetros: backpropagation con $p = 0.4 * \log(\text{nroGeneracion}/2)$, 30 épocas si corresponde, 50 generaciones, torneos probabilísticos, método de reemplazo 2, 10 progenitores, mutación no uniforme con $p\text{Mutar}=0.1$ y $p\text{Alelo}=0.15$.

Métodos de cruza

Operador genético	Fitness	Generación	Corte
Cruce clásico	148.39	29	Contenido
Cruce dos puntos	32	57	Contenido
Cruce uniforme	49	5	Contenido
Cruce anular	50	6	Contenido

*parametros = backpropagation $p = 0.4 \cdot \log(\text{nroGeneracion}/2)$, 30 épocas si corresponde, crossover $p = 0.85$, elite selection, método de reemplazo 2, 10 progenitores. Mutación No uniforme $p\text{Mutar} = 0.1$, $p\text{Alelo} = 0.15$

Selección vs Reemplazo de individuos

Parámetros: progenitores=10, backpropagation con $p = 0.4 * \log(\text{nroGeneracion}/2)$, crossover uniforme con $p = 0.85$, 30 épocas si corresponde, mutación no uniforme con $p\text{Mutar}=0.1$ y $p\text{Alelo}=0.15$.

Función de fitness f1 salvo los (*) que usan f2.

Criterio de selección	Criterio de reemplazo	Método	Generación	Corte	Fitness
Ruleta	Torneos p.	1	3	Contenido	91.5420
Ruleta	Elite	3	30	Generacio nes	48.5(*)
Torneos p.	Elite	1	3	Contenido	100.3145
Torneos d.	Elite	3	20	Generacio nes	1040
Universal	Ruleta	1	3	Contenido	97.746
Torneos p.	Torneos d.	3	20	Generacio nes	41.43(*)
Elite	Universal	1	3	Contenido	92.691
Universal	Torneos p.	3	20	Generacio nes	31.52(*)
Torneos p.	Universal	1	10	Generacio nes	24.78(*)
Elite	Ruleta	3	20	Contenido	40.23(*)

Red neuronal vs algoritmo genético

Método	Error cuadrático medio		Porcentaje de aciertos	
	Entrena- miento	Testeo	Entrena- miento	Testeo
Aprendizaje supervisado	0.0024	0.0031	46.1538%	41.6667%
Algoritmos genéticos (mejor individuo)	0.0018	0.0027	52.4323%	49.5218%

*Configuración de las neuronas en las capas internas [4 3], 60% de datos para entrenamiento, función de activación tangente hiperbólica, 1000 épocas.

Conclusiones

Conclusiones

- **Gran cantidad de parámetros** dificultan hallar la mejor configuración.

Conclusiones

- Método **elite** puede perjudicar los resultados.
Elitismo vs. diversidad

Conclusiones

- Notables mejoras con **backpropagation**.

Gracias