Τεχνικές Βελτιστοποίησης Project

Κουχουλέτσου Αικατερίνη 10218

Φεβρουάριος 2023

Θεωρητική Ανάλυση

Η εργασία αφορά την μελέτη γενετικών αλγορίθμων. Οι γενετικοί αλγοριθμοι στοχεύουν στην εύρεση βέλτιστων λύσεων σε προβλήματα τα οποία έχουν πολλούς παραμέτρους και άρα δεν μπορούν να εφαρμοστούν εύκολα οι άλλες κλασικές μέθοδοι. Ο βασικός μηχανισμός τους είναι εμπνευσμένος από την βιολογία και μάλιστα από την θεωρία της εξέλιξης του Δαρβίνου. Συγκεκριμένα, ακολουθώντας τον κανόνα της φυσικής επιλογής, οι οργανισμοί που είναι καλύτερα προσαρμοσμένοι στο περιβάλλον μεταβιβάζουν χαρακτηριστικά στους απογόνους σε αντίθεση με εκείνους που είναι λιγότερο προσαρμοσμένοι. Επιβιώνει δηλαδή ο ισχυρότερος, ο οποίος δημιουργεί και τους απογόνους. Η επόμενη γενιά αναπαράγεται με την ίδια λογική και η διαδικασία επαναλαμβάνεται έως ώτου να εντοπιστεί η βέλτιστη λύση.

Με τον όρο γενιά (Generation), ορίζεται ένας αρχικός πληθυσμός N πιθανών λύσεων. Οι λύσεις αυτές επιλέγονται τυχαία ε/ώ να ικανοποιούν κάθε φορά τις προδιαγραφές του προβλήματος. Η αναπαράσταση κάθε λύσης γίνεται με την βοήθεια χρωμοσωμάτων, δηλαδή χρησιμοποιούνται διανύσματα μεγέθους 1xM για κάθε λύση (όπου M ο συνολικός αριθμός των παραμέτρων της λύσης). Στα χρωμοσώματα, η κωδικοποίηση μπορεί να γίνει δυαδικά (binary encoded), με πραγματικές τιμές (real value), με την σειρά (permutation) κλπ. Μόλις δημιουργηθεί η πρώτη γενιά με την βοήθεια των πράξεων της επιλογής(selection), διασταύρωσης(crossover) και μετάλλαξης(mutation) προκύπτει η επόμενη. Οι πράξεις αυτές, οι οποίες εξηγούνται αναλυτικά παρακάτω γίνονται με κριτήριο την μεγιστοποίηση της συνάρτησης καταλληλότητας(fitness function). Ο αλγόριθμος ακολουθεί αυτά τα βήματα επαναληπτικά και τερματίζει μόλις το $|\frac{f(x_{\kappa+1}-f(x_{\kappa}))}{f(x_{\kappa})}|<\varepsilon$ όπου ως ε ορίζουμε την ακρίβεια της λύσης.

Μαθηματική Διατύπωση Προβλήματος

Συνάρτηση καταλληλότητας

Στόχος είναι η ελαχιστοποίηση του χρόνου διάσχισης του δικτύου για συνολικό ρυθμό αυτοκινήτων V=100. Επομένως, ορίζουμε συνάρτηση προς ελαχιστοποίηση την

$$f(x) = \sum_{i=1}^{17} x_i \cdot T_i$$

όπου ${\bf i}$ η διαδρομή μεταξύ δύο κόμβων, x_i ο ρυθμός κίνησης και T_i ο χρόνος κίνησης στον κόμβο i. Κάθε T_i υπολογίζεται από τον τύπο

$$T_i = t_i + a_i \cdot \frac{x_i}{1 - \frac{x_i}{c_i}}$$

Επειδή t_i είναι ο σταθερός χρόνος που απαιτείται για να κινηθούμε στον δρόμο i οταν η κίνηση είναι ασθενής, η τιμή του δεν επηρεάζει την ελαχιστοποίηση της συνάρτησης. Επειδή κατά κύριο λόγο, οι γενετικοί αλγόριθμοι είναι αλγόριθμοι μεγιστοποίησης τελικά ως συνάρτηση καταλληλότητας fitness function ορίζεται η $\frac{1}{f(x)}$.

Περιορισμοί

Για κάθε διαδρομή ορίζεται ο μέγιστος ρυθμός διέλευσης c_i . Αν το x_i ξεπεράσει το c_i τότε ο χρόνος δίασχισης της διαδρομής γίνεται άπειρος και άρα η βελτιστοποίηση αποτυγχάνει. Επομένως πρέπει για κάθε $i,\ x_i < c_i$. Επιπλέον, θεωρούμε ότι σε κόμβο το άθροισμα των εισερχόμενων ρυθμών ισούται με το άθροισμα των εξερχόμενων. Επομένως προκύπτει $x_1+x_2+x_3+x_4=100, x_1=x_6+x_5, x_2=x_7+x_8, x_4=x_9+x_{10}, x_3+x_9+x_8=x_{11}+x_{12}+x_{13}, x_6+x_7+x_{13}=x_{14}+x_{15}, x_5+x_{14}=x_{16}, x_{10}+x_{11}=x_{17}$ και $x_{17}+x_{12}+x_{15}+x_{16}=100$

Χρωμόσωμα και κωδικοποίηση

 Ω ς τρόπο χωδιχοποίησης επιλέγουμε την χωδιχοποίηση με πραγματιχές τιμές (real value). Κάθε χρωμόσωμα για να περιλαμβάνει όλη την πληροφορία της λύσης θα πρέπει να έχει όλες τις τιμές x_i . Επομένως, στην υλοποίηση του χώδιχα, χάθε χρωμόσωμα είναι ένα διάνυσμα με διαστάσεις 1x17, το οποίο έχει την μορφή $A=[x_1\ x_2\ ...\ x_{17}].$

Μέρος Α

Πρώτη Γενιά και Αξιολόγηση

Μετά από την δημιουργία της πρώτης γενιάς καλείται η συνάρτηση καταλληλότητας η οποία αξιολογεί τις πρώτες τυχαίες λύσεις. Η fitness function επιστρέφει μία βαθμολογία για κάθε χρωμόσωμα η οποία αντιπροσωπέυει την αποτελεσματικότητα της λύσης. Όσο μεγαλύτερη η τιμή που επιστρέφει η fitness function τόσο καλύτερο είναι και το αποτέλεσμα, δηλαδή τόσο πιο κοντά είναι η λύση στην βέλτιστη. Επειδή όμως προκειται για πρόβλημα πολλών παραμέτρων, μία κακή λύση δεν θα πρέπει να απορρίπτεται αυθαίρετα καθώς μπορεί να μην έχει καλό αποτέλεσμα συνολικά αλλά να περιλαμβάνει κάποια στοιχεία της βέλτιστης λύσης τα οποία θέλουμε να "επιβιώσουν" στις επόμενες γενιές. Αυτό βέβαια είναι μία πληροφορία που δεν μπορούμε να γνωρίζουμε. Για να ξεπεραστεί αυτό το πρόβλημα, η επιλογή των χρωμοσωμάτων που θα επιβιώσουν στην επόμενη γενιά γίνεται πιθανοκρατικά, με την βοήθεια της Ρουλέτας.

Πράξη τυχαίας επιλογής - Ρουλέτα

Η ρουλέτα αφού ταξινομήσει τις βαθμολογίες των χρωμοσωμάτων σε αύξουσα σειρά, βρίσκει την αθροιστική πιθανότητα και κατασκευάζει ένα κυκλικό διάγραμμα. Με την τυχαία παραγωγή αριθμών στο διάστημα [0, 1] επιλέγεται το αντίστοιχο χρωμόσωμα και τελικά παράγεται η δεύτερη γενιά. Με αυτόν τον τρόπο αν μία λύση είναι καλή, καταλαμβάνει μεγαλύτερο μέρος του κυκλικού διαγράμματος και άρα έχει περισσότερες πιθανότητες να επιλεχθεί ενώ αν μια λύση είναι κακή καταλαμβάνει μικρότερο τμήμα και άρα είναι πιο δύσκολο να επιβιώσει. Παρόλ'αυτα ο αλγόριθμος αποφασίζει τυχαία ποιά θα είναι τα επόμενα χρωμοσώματα και άρα καμία λύση δεν απορρίπτεται αυθαίρετα, το οποίο θα μπορούσε να οδηγήσει σε εγκλωβισμό σε τοπικό ελάχιστο.

Πράξη Μετάλλαξης

Η πράξη της μετάλλαξης γίνεται με την βοήθεια της Gaussian κατανομής. Για κάθε χρωμόσωμα ξεχωριστά και για τυχαία επιλεγμένα πεδία του χρωμοσώματος αυτού, μεταβάλλεται η ποσότητα x_i κατά ένα Δx_i . Λόγω των περιορισμών του προβλήματος που θέλουν το άθροισμα των εισερχόμενων ρυθμών να είναι ίσο με το άθροισμα των εξερχόμενων για κάθε κόμβο, προκύπτει ότι μεταλλάξεις μπορούν να γίνουν μόνο στα x_1, x_2, x_3 και x_4 . Αυτό συμβαίνει γιατί, αν σε κάθε κόμβο πρέπει το άθροισμα των εισερχόμενων και των εξερχόμενων ρυθμών να είναι ίσο με μηδέν, κάθε μεταβολή που συμβαίνει σε x_i για i=5,6,...17 είναι αποτέλεσμα μιας μεταβολής που έγινε στους αρχικούς κλάδους 1,2,3,4. Με άλλα λόγια, μια μεταβολή π.χ. στο x_{15} συνεπάγεται μεταβολές στα 14,13,7 και 6 έτσι ώστε να εξακολουθεί να ισχύει $x_{13}+x_7+x_6=x_{14}+x_{15}$ καθώς και στα x_{16},x_{12},x_{17} έτσι ωστε να εξακολουθεί να ισχύει $x_{12}+x_{17}+x_{15}+x_{16}=100$. Οι μεταβολές αυτές με την σειρά τους προκαλούν μεταβολές στους υπόλοιπους κλάδους και τελικά στους x_1,x_2,x_3,x_4 . Επομένως κάθε μεταβολή που συμβαίνει σε κάποιον κλάδο

είναι αποτέλεσμα της μεταβολής των κλάδων 1, 2, 3 ή 4.

Μελετώντας όλες τις πιθανές μεταλλάξεις που μπορούν να γίνουν στους κλάδους $1,\,2,\,3,\,4$, οι οποίες όπως είπαμε πριν καλύπτουν όλες τις πιθανές περιπτώσεις μετάλλαξης, προκύπτουν τα ακόλουθα αποτελέσματα. Αν γίνει μετάλλαξη σε έναν μόνο κλάδο π.χ. $x_1+\Delta x_1$ τότε για να ισχύει $x_1+x_2+x_3+x_4=100$ θα πρέπει ένας τουλάχιστον από τους υπόλοιπους κλάδους π.χ. ο κλάδος 2 να μεταβληθεί $x_2-\Delta x_1$, έτσι ώστε το άθροισμα να παραμείνει σταθερό. Μπορεί όμως η μεταβολή αυτή να μοιραστεί σε 2 άλλους κλάδους π.χ. $x_2-\frac{k}{100}\cdot\Delta x_1$ και $x_3-\frac{1-k}{100}\cdot\Delta x_1$ ή μπορεί να μοιραστεί και στους τρεις.

Συγκεντρωτικά, οι περιπτώσεις για τον κλάδο 1 είναι οι ακόλουθες:

```
α)μεταβολή του κλάδου 1 και του 2
```

- β)μεταβολή του κλάδου 1 και του 3
- γ)μεταβολή του κλάδου 1 και του 4
- δ)μεταβολή του κλάδου 1 και του 2 και 3
- ε)μεταβολή του κλάδου 1 και του 2 και 3 και 4

αντίστοιχα προχύπτουν οι περιπτώσεις για τον κλάδο 2, 3 και 4.

Στην υλοποίηση του κώδικα επιλέγεται τυχαία ποιό από τα x_1, x_2, x_3, x_4 θα αλλάξει και τυχαία σε πόσα από τα υπόλοιπα θα μοιραστεί η μεταβολή του. Επίσης, όταν η μεταβολή μοιράζεται σε 2 ή παραπάνω κλάδους το ποσοστό της μεταβολής που θα πάει σε κάθε κλάδο επιλέγεται και πάλι τυχαία. Μετά την μετάλλαξη που υλοποιείται στο αρχείο με όνομα Mutation.m, καλείται η Split.m η οποία αναλαμβάνει το μοίρασμα των x_i εκ νέου, έτσι ώστε να πληρούνται όλες οι προδιαγραφές. Τέλος, καλείται η Check.m η οποία ελέγχει άλλη μία φορά ότι η λύση που προέκυψε μετά την μετάλλαξη είναι μία έγκυρη λύση. 1

 $^{^1\}Gamma$ ια τον έλεγχο των συνθηκών, αντί να ελέγξω π.χ. αν το $x_1+x_2+x_3+x_4==100$ έλεγξα αν το $x_1+x_2+x_3+x_4=100$ $<\varepsilon$, όπου $\varepsilon=10^{-9}$, γιατί αλλιώς απέρριπτε λύσεις που ήταν έγκυρες λόγω του floating point error και δεν ήξερα πως αλλιώς να το διορθώσω.

Πράξη Διαστάυρωσης

Η πράξη διασταύρωσης που υλοποιείται στο αρχείο με όνομα Crossover.m μπορεί να γίνει με είτε εναλλάσοντας τμήματα δύο χρωμοσωμάτων από ένα σημείο και μετά, είτε μεταβάλλοντας την τιμή, χρησιμοποιώντας τον μέσο όρο. Η πρώτη μέθοδος χρησιμοποιείται συνήθως όταν η κωδικοποίηση του χρωμοσώματος έχει γίνει δυαδικά. Στη συγκεκριμένη άσκηση, η χρήση αυτής της μεθόδου θα προκαλούσε πολλά προβλήματα γιατί όπως αναφέρθηκε και πριν, ακόμη και μια πολλή μικρή μεταβολή στην τιμή κάποιου x_i επηρεάζει όλο το δίκτυο. Αυτό σημαίνει πως θα κατέληγε να έχει την ίδια λειτουργία με την πράξη της μετάλλαξης και άρα θα έχανε την χρησιμότητα της, η οποία είναι να κάνει μικρές αλλαγές (tuning). Επιπλέον λόγω των περιορισμών, όλες σχεδόν η μεταβολες που θα γινόντουσαν με αυτόν τον τρόπο θα ήταν άχυρες.

Συμπερασματικά, λόγω του τρόπου κωδικοποίησης και των πολλών και αυστηρών περιορισμών που έχει το πρόβλημα επιλέχθηκε η δεύτερη μέθοδος. Ο αλγόριθμος της Δ ιαστάυρωσης παίρνει ως όρισμα δύο τυχαία χρωμοσώματα και δημιουργεί ένα νέο, στο οποίο κάθε στοιχείο x_i είναι ίσο με $\frac{x_{1i}+x_{2i}}{2}$.

Μέρος Β

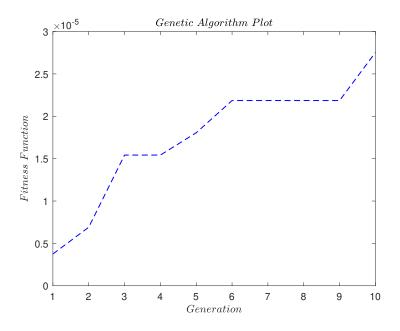
Στο αυτό το μέρος της άσχησης αλλάζει το V και παύει πια να θεωρείται σταθερό. Πλέον η τιμή του V που αντιπροσωπεύει το συνολικό άθροισμα των ρυθμών σε όλους τους χλάδους είναι μεταβλητή και μπορεί μάλιστα να μεταβάλλεται μέχρι ± 15

Ο τρόπος με τον οποίο προσεγγίστηκε η αλλαγή είναι θεωρώντας πως το πρόβλημα πλέον έχει 18 παραμέτρους. Δηλάδη, κάθε χρωμόσωμα είναι πάλι ένα διάνυσμα που αυτήν την φορά έχει μέγεθος 1x18 και ως 18η παράμετρο έχει την τιμή του V.

Οι αλλαγές που χρειάστηκε να γίνουν είναι λίγες. Αρχικά, για την δημιουργία της πρώτης γεννιάς, γίνεται τυχαία επιλογή για το V και έπειτα γίνεται το μοίρασμα σε όλες τις κατευθύνσεις όπως πριν. Επίσης, στην συνάρτηση της μετάλλαξης πλέον μπορεί να αλλάζει και η 18η παράμετρος και άρα να επιλεχθεί V βέλτιστο, ενώ κατα τα άλλα ακολουθεί την λογική που αναφέρθηκε προηγουμένως. Στην διασταύρωση δεν χρειάστηκαν ιδιαίτερες αλλαγές καθώς είναι ανεξάρτητη του μεγέθους V. Με αυτές τις τροποποιήσεις προκύπτει καλύτερος ελάχιστος χρόνος και πάντα η τελική τιμή του V καταλήγει να είναι μικρότερη του 100, το οποίο είναι και το αναμενόμενο αποτέλεσμα.

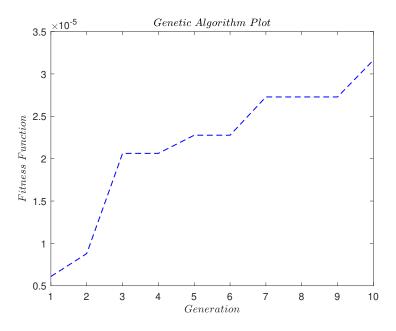
Δ ιαγράμματα

Καθώς τα δέκα χρωμοσώματα της πρώτης γενιάς, παράγονται τυχαία και άρα είναι διαφορετικά κάθε φορά που εκτελείται ο αλγόριθμος, τα διαγράμματα που παρατίθενται είναι ενδεικτικά.



>> GeneticAlgorithmMain
Number of iterations is 21
Final Chromosome is
40.7518 12.1884 24.5211 22.5386 24.8519 15.8999 5.6524 6.5360 14.0526 8.4860 17.8221 15.5931 11.6946 12.4817 20.7653 37.3336 26.3081
Total time is 979.7326
This is a valid solution.

Φαίνεται πως μεγιστοποιείται η συνάρτηση καταλληλότητας όσο περνάμε από γενιά σε γενιά. Από το command line φαίνεται το τελικό χρωμόσωμα και άρα η τελική λύση που προκύπτει. Φαίνεται επίσης ο χρόνος που απαιτείται. Μετά από πολλές επαναλήψεις προκύπτει ότι ο ελάχιστος χρόνος είναι κοντά στα 900s. Κάποιες φορές όμως, ο αλγόριθμος φαίνεται πως εγκλωβίζεται σε τοπικό ελάχιστο και προκύπτουν τιμές έως 1200s.



```
>> GeneticAlgorithmMainPart2
Number of iterations is 25
Final Chromosome is
Columns 1 through 17
21.7255 10.4414 25.7907 28.5650 5.5660 16.1594 0.1704 10.2710 25.0138 3.5512 9.2915 18.2873 33.4966 17.7033 32.1232 23.2693 12.8427

Column 18
86.5225
Total time is 931.5245
Value of V is 86.5225
This is a valid solution.
```

Φαίνεται πάλι η μεγιστοποίηση της fitness function με το πέρασμα των γενεών. Το 18ο στοιχείο στο διάνυσμα είναι το μέγεθος V και είναι ίσο με 86.5225, αναμενόμενο αποτέλεσμα αφού λιγότερη κίνηση συνεπάγεται λιγότερο χρόνο. Φαίνεται και πάλι το τελικό χρωμόσωμα και ο χρόνος που απαιτείται. Αυτην την φορά ο αλγόριθμος δεν φαίνεται να αντιμετωπίζει προβλήματα όπως προηγουμένως αφού να διακυμένεται σε τόσο μεγάλο έυρος τιμών από επανάληψη σε επανάληψη.