

Sistemi Intelligenti Algoritmi genetici

Alberto Borghese

Università degli Studi di Milano
Laboratory of Applied Intelligent Systems (AIS-Lab)
Dipartimento di Scienze dell'Informazione
borgnese@di.unimi.it



A.A. 2012-2013

1/62

<http://di.unimi.it/~borgnese/>



Sommario



- **Algoritmi genetici**
- Ottimizzazione evolutivistica
- Applicazione delle strategie evolutive alla visione
- Ottimizzazione evolutivistica completa

A.A. 2012-2013

2/62



Evoluzione



- Processo discontinuo su un arco tempo reale ampio e su un numero di individui grande, che porta la specie al successo.
- Computazione evoluzionistica è un termine generico che indica una gamma di sistemi di risoluzione di problemi di ottimizzazione che emulano l'evoluzione naturale nel ricercare la soluzione migliore.
- Algoritmi genetici, Ottimizzazione evolutiva. Programmazione Genetica.

A.A. 2012-2013

3/62

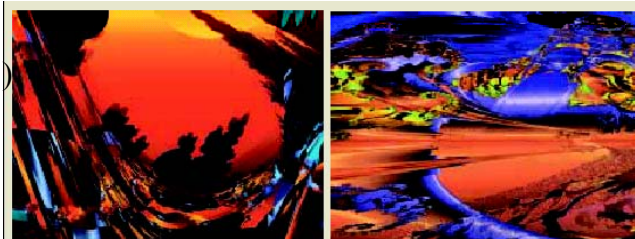


Alcune pietre miliari



- 1960: Ingo Rechenberg introduce l'idea della computazione evoluzionistica nel suo lavoro "Evolution strategies"
- L. Fogel 1962 (San Diego, CA): Programmazione evoluzionistica
- I.Rechenberg, H.P.Schwefel, 1972, Ottimizzazione evolutiva.
- 1975: John Holland inventa gli algoritmi genetici e pubblica il libro "Adaption in Natural and Artificial Systems"
- 1992: John Koza propone gli algoritmi genetici per fare evolvere programmi software che effettuano specifici compiti. Tale metodo viene chiamato da lui Programmazione Genetica

- Applicazioni varie (Steven Rooke, 1991)



A.A. 2012-2013

"In the Beginning" (left); "The High Plains of Kilimanjaro" (right).



Algoritmi Genetici



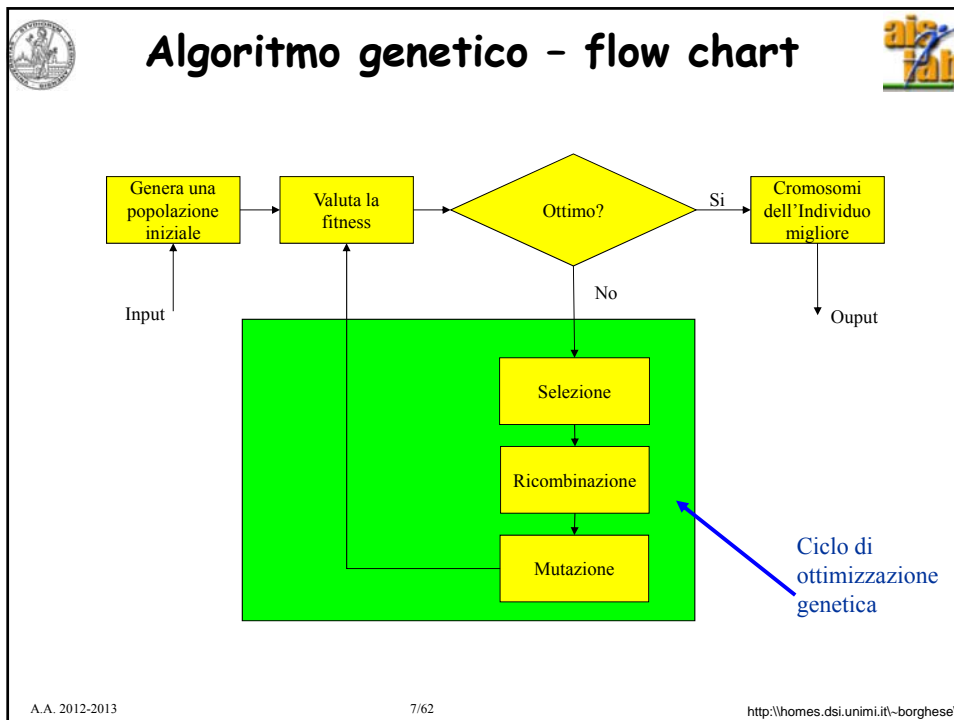
- **Cromosoma:** La codifica di una possibile **soluzione** per un dato problema di solito rappresentata tramite un array di bit o caratteri. Un cromosoma può essere associato ad una variabile, più variabili possono essere associate a diversi cromosomi.
- Corpuscolo all'interno della cellula contenente un tratto di DNA. Il DNA è una struttura allungata, a doppia elica, costituita da filamenti di basi affacciate e connesse a coppie: Adenina-Timina, Citosina-Guanina o Uracile.
- **Gene.** Un singolo bit o un insieme di bit, parte della soluzione (e.g. parte di una variabile).
- Sequenza di basi del DNA che codifica un'informazione (e.g. colore occhi), sottoparti di un cromosoma.
- **Ricombinazione.** Vengono generate nuove soluzioni mescolando due soluzioni (cromosomi).
- Nel generare il cromosoma di un figlio, tratti omologhi del cromosoma dei genitori si scambiano materiale genetico.
- **Mutazione.** Cambiamenti casuali nella soluzione.
- "Errore" che avviene durante la replicazione del DNA generato dalla ricombinazione.



Ottimizzazione genetica



- Codifica della potenziale soluzione di uno specifico problema in una struttura dati associabile ad un cromosoma artificiale.
- Applicazione iterativa del processo di ricombinazione e mutazione a queste strutture.
- Valutazione del risultato mediante funzione di **fitness**.
- **Fitness:** misura del successo di un individuo della specie in relazione alla sua **interazione con l'ambiente**.
- La fitness è misurata nell'interazione con l'ambiente.
- Non si riesce spesso a calcolare un gradiente.



-
- ## Algoritmo genetico - i passi
1. [Inizializzazione] Genera una popolazione random di n cromosomi (soluzioni plausibili - genitori)
 2. [Fitness] Valuta la fitness $f(x)$ di ciascun cromosoma x nella popolazione corrente (bontà della soluzione associata al cromosoma).
 3. [Nuova popolazione] Crea una nuova popolazione (prole) attraverso:
 - (a) [Selezione] Seleziona i cromosomi genitori in base alla loro fitness (criterio)
 - (b) [Ricombinazione] Con una certa probabilità di ricombinazione incrocia due genitori per generare un nuovo figlio.
 - (c) [Mutazione] Con una certa probabilità di mutazione cambia i geni che costituiscono il figlio
 - (d) [Accettazione] Introduce il nuovo figlio nella popolazione.
- La soluzione è ricavata dall'elemento con la miglior fitness.
- A.A. 2012-2013 8/62 http://homes.dsi.unimi.it/~borghese/



Gli elementi da definire



- Come creare i cromosomi e che tipo di codifica utilizzare
- Come selezionare i genitori per la ricombinazione nella speranza che i genitori migliori produrranno migliore prole
- Come definire la ricombinazione.
- Come definire la mutazione.



Codifica della soluzione



La soluzione è codificata nel cromosoma.

- Un cromosoma deve contenere l'informazione sulla soluzione che rappresenta
- La codifica dipende principalmente dal problema da risolvere:
 - ◆ Codifica binaria implicita
 - ◆ Codifica binaria esplicita
 - ◆ Codifica reale esplicita
 - ◆ Codifica mediante permutazione
 - ◆ Codifica mediante alberi di parsing....



Codifica binaria implicita



- La codifica binaria è la più comune negli algoritmi genetici.
- La **codifica implicita** (la prima ricerca di GA utilizzava tale codifica) prevede:
 - ◆ Codifica binaria: ogni cromosoma è una stringa di bit (1 o 0)
 - ◆ L'implementazione di operatori genetici risulta essere immediata
 - ◆ Non rappresenta la soluzione direttamente, ma come ricavarla

Esempio: problema dello zaino (cf. bioinformatica)

Date un certo numero di oggetti caratterizzati ciascuno da un valore e una dimensione, massimizzare il valore degli oggetti in uno zaino che ha una capacità fissata.

In questo caso, ogni bit può rappresentare il fatto che un oggetto sia inserito o meno nello zaino.

Cromosoma 1

1101100100110110

Cromosoma 2

1110111000011110



Codifica binaria esplicita



- La codifica binaria non è sempre naturale per molti problemi

Esempio: ottimizzazione,

La soluzione viene codificata in un certo numero di bit. Variando i bit più significativi varia il range della soluzione, con i bit meno significativi, si sposta di poco la soluzione.



Codifica esplicita generalizzata



La codifica esplicita o diretta codifica direttamente la soluzione. Essa è indicata in problemi dove le entità coinvolte sono caratterizzate da una certa complessità

- Il cromosoma è una sequenza di valori connessi al problema (numeri, caratteri, stringhe di caratteri, ...)
- Rappresenta la scelta migliore per ottimizzazione in spazi multidimensionali e/o multimodali. Gli operatori di ricombinazione e mutazione richiedono specifici controlli di consistenza

Esempio: addestramento di un agente (determinazione della policy)

I numeri reali nel cromosoma rappresentano le probabilità di scegliere le azioni in un certo stato.

A	B	D	H	Y	V	S	V
---	---	---	---	---	---	---	---

2.5678	1.4361	3.3426	7.8761
--------	--------	--------	--------

open	walk	back	close
------	------	------	-------



Codifica di permutazioni



La codifica di permutazione è una particolare codifica implicita. Essa viene utilizzata per problemi di ordinamento: il cromosoma è una stringa di numeri che rappresenta la posizione in una sequenza

Esempio: problema del commesso viaggiatore (Traveling salesman problem)

- È dato un insieme di città e le corrispondenti distanze a coppie. Il commesso viaggiatore deve visitarle tutte ma non vuole viaggiare più del necessario. Scopo: Trovare una sequenza di città che minimizza la distanza percorsa.
 - ◆ Il cromosoma descrive l'ordine delle città visitate

Cromosoma 1

1	5	7	8	3	5	1	3	1	0	1	1	6	1	2	1	1	4	2	4	6	9
---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---

Cromosoma 2

2	9	1	4	1	1	5	8	1	5	1	3	6	1	2	1	6	7	3	1	0	4
---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---



Selezione



- In accordo alla teoria evolutiva di Darwin il migliore cromosoma sopravvive per creare nuova prole. Per selezionare il migliore cromosoma esistono diversi criteri:
 - ◆ Ordinamento (priorità diretta ai cromosomi che si sono espressi meglio)
 - ◆ Casualità (eventualmente solo per i cromosomi migliori)
 - ◆ Probabilità crescente con l'incremento di espressione (metodo della roulette)
 - ◆ ...

In particolare è possibile dare una probabilità di selezione proporzionale alla fitness (Roulette)

- **Elitismo.** Quando si selezionano i nuovi padri si tiene conto della loro fitness, implicitamente si salvano via via le soluzioni migliori. Nel caso della codifica binaria si può introdurre un "blocco" o una "resistenza" alla modifica dei geni migliori.

A.A. 2012-2013

15/62

http://homes.dsi.unimi.it/~borghese/



Selezione tramite roulette



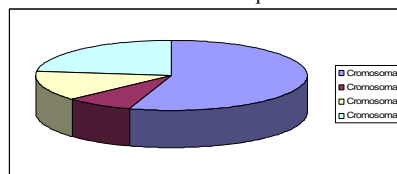
Gli individui sono selezionati proporzionalmente alla loro fitness. Migliore essa è e più alta è la probabilità di selezione

1. Si immagina una roulette dove sono sistemati tutti i cromosomi della popolazione
2. La dimensione della sezione nella roulette è proporzionale al valore di fitness di ciascun cromosoma
3. La pallina viene lanciata all'interno della roulette e il cromosoma in corrispondenza del quale si ferma è quello selezionato

Esempio:

Generazione casuale di 6 numeri (0 1)

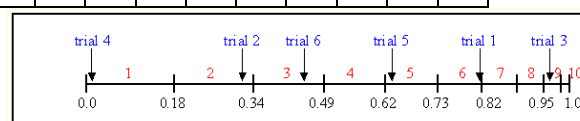
0.81, 0.32, 0.96, 0.01, 0.65, 0.42



Numero di individui	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
Fitness	3.0	2.7	2.4	2.1	1.8	1.5	1.2	0.9	0.6	0.3	0.0
Probabilità di selezione	0.18	0.16	0.15	0.13	0.11	0.09	0.07	0.06	0.03	0.02	0.00

$$\sum_k f_k = 16.5$$

Cromosoma 1:
 $P(\text{figlio} = 1) = 3.0 / 16.5 = 0.1818$



A.A. 2012-2013

Selezione gli elementi 1, 2, 3, 5, 6, 9 per la generazione successiva

dsi.unimi.it/~borghese/

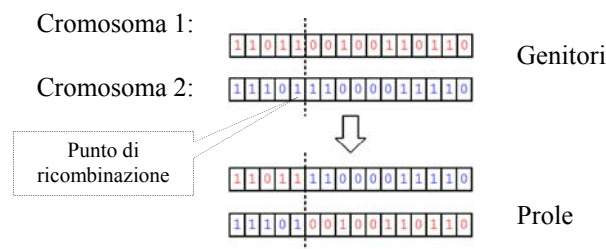


Ricombinazione (binaria)



Il processo di ricombinazione di base opera su geni selezionati dal cromosoma genitore e crea nuova prole:

1. Selezione random di un **punto di ricombinazione** all'interno del cromosoma
2. Copia tutti i geni precedenti questo punto dal primo genitore e poi copia tutti i geni successivi a questo punto dal cromosoma del secondo genitore



A.A. 2012-2013

17/62

<http://homes.dsi.unimi.it/~borgese/>



Estensione della ricombinazione binaria



Per la codifica binaria esistono diverse modalità:

- **Ricombinazione da un singolo punto:** selezionato un punto all'interno del cromosoma, la stringa binaria compresa tra l'inizio e il punto di ricombinazione è copiata dal primo genitore, il resto è copiato dal secondo genitore
- **Ricombinazione da due punti:** selezionati i due punti all'interno del cromosoma, la stringa binaria compresa tra l'inizio e il primo punto di ricombinazione è copiata dal primo genitore, la parte compresa tra il primo e il secondo punto è copiata dal secondo genitore, la parte compresa tra il secondo punto e la fine del cromosoma è copiata ancora dal primo genitore
- **Ricombinazione uniforme:** i bit sono copiati casualmente dal primo o dal secondo genitore
- **Ricombinazione aritmetica:** operatori algebrici (e.g., logica AND, OR, ..). Altre funzioni booleane possono essere utilizzate.

In alcuni problemi la ricombinazione può generare soluzioni non ammissibili. Queste soluzioni non evolveranno ulteriormente.

A.A. 2012-2013

18/62

<http://homes.dsi.unimi.it/~borgese/>



Mutazione (binaria)



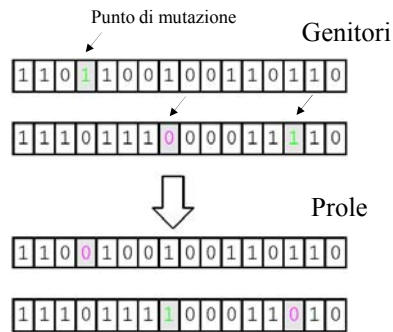
Dopo la ricombinazione interviene il processo di mutazione

Nella mutazione di base cambia in modo casuale un numero contenuto di bit da 0 a 1 o viceversa da 1 a 0

Problemi:

Come preservare i cromosomi che danno soluzioni già buone (Elitismo)?

Come conservare la consistenza della soluzione (e.g. problema del commesso viaggiatore)?



A.A. 2012-2013

19/62

<http://homes.dsi.unimi.it/~borgese/>



Riflessioni



Che relazione c'è tra i metodi di selezione utilizzati negli algoritmi genetici e le politiche ϵ -greedy di scelta dell'azione?

Che differenze e similitudini ci sono con gli algoritmi di ottimizzazione classici (cf. algoritmo del gradiente)?

Come si può fare per estrarre più soluzioni lungo le direzioni dello spazio delle soluzioni lungo le quali la funzione obiettivo diminuisce più rapidamente?

=

Come si possono scegliere più individui lungo le direzioni in cui la fitness aumenta più rapidamente?

Introduzione di variabili *strategiche*.

A.A. 2012-2013

20/62

<http://homes.dsi.unimi.it/~borgese/>



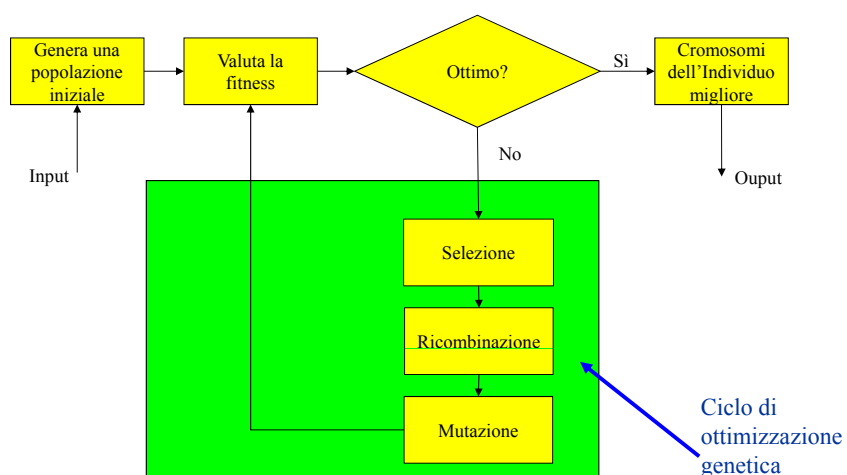
Sommario



- Algoritmi genetici
- **Ottimizzazione evolutivistica**
- Applicazione delle strategie evolutive alla visione
- Ottimizzazione evolutivistica completa



Ottimizzazione evolutiva - flow chart





I genitori della prima generazione



- Codifica esplicita della soluzione.
- I genitori iniziali sono scelti da una distribuzione statistica, solitamente uniforme
- Obiettivo è utilizzare la storia della popolazione per indirizzarne l'evoluzione.
- La selezione dei genitori nei modelli più semplici di ES non è polarizzata: ciascun individuo ha la stessa probabilità di essere scelto
- Tra una generazione e la successiva avvengono gli eventi evolutivi:
 - ◆ Ricombinazione
 - ◆ Mutazione
 - ◆ Selezione



Ricombinazione in ES



Dato un certo numero di figli, come saranno fatti i genitori della generazione successiva?

- Potrei definire come genitori, gli elementi migliori (massima fitness) della generazione precedente.
- Potrei scegliere come genitori (con probabilità più bassa) elementi meno buoni che possono portare ad esplorare nuovi spazi di soluzione (cf. metodo della roulette). Anche gli individui valutati meno buoni possono portare ad una stirpe migliore.....
- **Potrei scegliere come genitori un mix di diversi individui**
- **Elitismo.** Quando si selezionano i nuovi padri si tiene conto della loro fitness, implicitamente si salvano via via le soluzioni migliori. Nel caso della codifica binaria si può introdurre un "blocco" o una "resistenza" alla modifica dei geni migliori.



Ricombinazione in ES



1. Agisce sui figli correnti per determinare i nuovi genitori:
 - ◆ Combinando cromosomi corrispondenti agli elementi (nel caso comune di più elementi)
 - ☞ **Ricombinazione discreta**

Individuo 1: [12 25 5]	estrazione 1: 2 2 1	Figlio 1: [123 4 5]
Individuo 2: [123 4 34]	estrazione 1: 1 2 1	Figlio 2: [12 4 5]
 - ☞ **Ricombinazione intermedia**

Figlio = individuo1 + α (individuo2-individuo1) $0 \leq \alpha \leq 1$
 (estendibile alla combinazione lineare di n individui)
 - ◆ Selezionando uno tra gli elementi disponibili.
 - ☞ Esempio di soluzione a valori discreti → elemento intermedio
 - ☞ Esempio di soluzione a valori reali: → posizione media.



Mutazione in ES



$$\text{Genitore}^{t+1} = \text{Elemento}^t + z$$

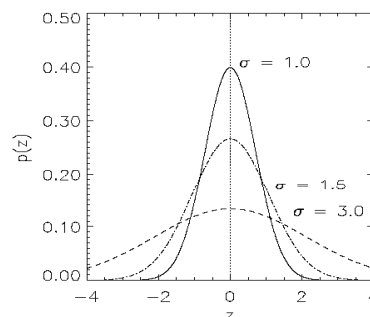
■ **Mutazione**: perturbare i valori aggiungendo un rumore casuale Spesso è utilizzata una distribuzione Gaussiana a media nulla e deviazione standard σ , $N(0, \sigma) \rightarrow$

$$x'_i = x_i + N(\sigma, 0)$$

- ☞ Media nulla
- ☞ Deviazione standard σ

La deviazione standard σ è chiamata passo di mutazione ed è una proprietà comune a tutti i cromosomi.

σ definisce l'ampiezza dello spazio locale di ricerca (isotropo).





Selezione in ES



μ - # genitori λ - # figli.

Metto in competizione padri e figli nel processo di selezione.

Strategia $(\mu + \lambda)$ – I genitori della generazione successiva vengono scelti tra i $\mu + \lambda$ elementi della popolazione attuale. E' una strategia elitista.

Strategia (μ, λ) – I genitori della generazione successiva vengono scelti solamente tra i λ figli. E' la strategia preferita, soprattutto con adattamento della matrice di covarianza. La strategia $(\mu + \lambda)$ tende a concentrare le soluzioni in luoghi che possono dare soluzioni sub-ottimali.

$\lambda \gg \mu$ e.g. $\lambda = 7 \mu$

I genitori selezionati vengono poi ricombinati per diventare gli elementi della generazione successiva.



Adattamento della mutazione



L'ampiezza della mutazione consente di definire attorno alla soluzione associata al figlio una regione all'interno della quale la nuova soluzione associata al figlio mutato può cadere.

- 1/5 strategy
- Matrice di covarianza



Adattamento dell'ampiezza della regione di mutazione - I



$$\mathbf{x}'(n) = \mathbf{x}(n) + \sigma'(n) \cdot \mathbf{N}(0,1)$$

- σ viene aggiornata run-time con la regola euristica "1/5 success rule".

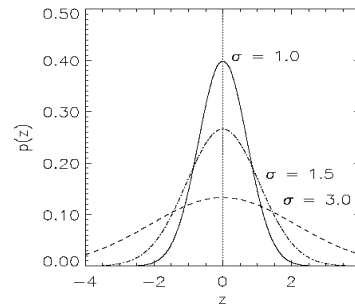
Questa regola ricalcola σ ogni k epoche tramite $r(n)$:

$$\rightarrow r(n) = 1/c \quad \text{se } p_s > 1/5$$

$$\rightarrow r(n) = c \quad \text{se } p_s < 1/5$$

$$\rightarrow r(n) = 1 \quad \text{se } p_s = 1/5$$

dove p_s è la percentuale di mutazioni con successo, $0.8 \leq c \leq 1$.



Smaller steps occur more likely than big ones, until a child performs better than its ancestor and takes its place.

$$\sigma'(n) = \sigma(n) \cdot r(n) = \mathbf{RF}(\sigma)$$

$$\mathbf{x}'(n) = \mathbf{x}(n) + \mathbf{RF}(\sigma) \mathbf{N}(0,1) = \mathbf{x}(n) + \mathbf{N}(0,\sigma)$$

A.A. 2012-2013

29/62

<http://homes.dsi.unimi.it/~borghese/>



Esempio di mutazione per un singolo gene



Valuto se il figlio è migliore del padre. Supponiamo ES (1+10)

- Es: $k=10$
 - ◆ $k=1$ -- fitness figlio > fitness padre
 - ◆ $k=2$ -- fitness figlio > fitness padre
 - ◆ $k=3$ -- fitness figlio < fitness padre
 - ◆ $k=4$ -- fitness figlio > fitness padre
 - ◆ $k=5$ -- fitness figlio < fitness padre
 - ◆ $k=6$ -- fitness figlio > fitness padre
 - ◆ $k=7$ -- fitness figlio < fitness padre
 - ◆ $k=8$ -- fitness figlio < fitness padre
 - ◆ $k=9$ -- fitness figlio > fitness padre
 - ◆ $k=10$ -- fitness figlio > fitness padre
- $6/10 > 1/5$ quindi $\sigma = \sigma / c$.

σ decresce esponenzialmente ad ogni generazione. In aggiunta, se $p_s < 1/5$, si somma uno scalino crescente o decrescente.

A.A. 2012-2013

30/62

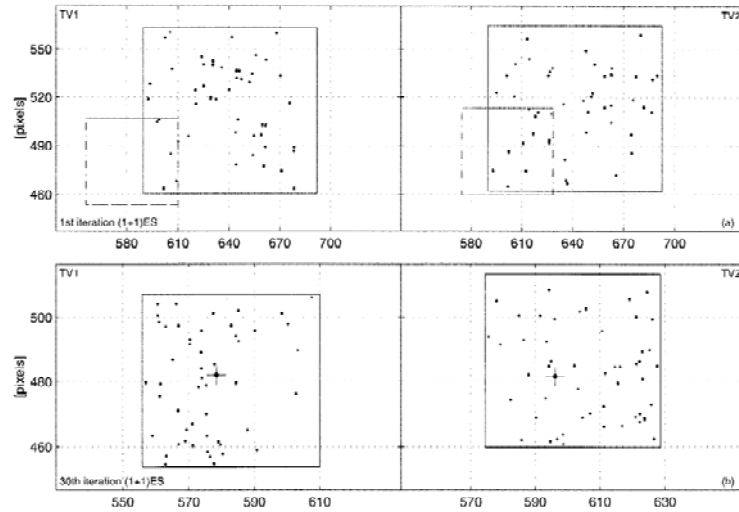
<http://homes.dsi.unimi.it/~borghese/>



Esempio



Si parte da una regione ampia centrata in $\{640, 640\}$. Dopo un certo numero di iterazioni si arriva ad una regione di ricerca più piccola attorno a $\{581, 482\}$ per la prima camera e $\{600, 490\}$ per la seconda camera.



A.A. 2012-2013

31/62

<http://homes.dsi.unimi.it/~borghese/>



Adattamento della mutazione avanzato



Vorrei trovare un modo di adattare l'ampiezza della regione di ricerca nelle diverse direzioni (variabili) in funzione della fitness (bontà) della soluzione.

Correlazione tra fitness e variabili.

A.A. 2012-2013

32/62

<http://homes.dsi.unimi.it/~borghese/>



Variabili strategiche



Ogni gene di un cromosoma (variabile) ha associato un'ampiezza di mutazione personalizzata, mutazione scorrelata.

La **mutazione** dipende da σ :

Figlio^t = Elemento^t + z, con $z = N(0, \sigma)$ → $\mathbf{x}^{(t)'}(n) = \mathbf{x}^{(t)}(n) + \mathbf{z}$
quanto vale σ ?

Cromosomi: $[x_1, \dots, x_n; \mathbf{w}]$

$\{x_1, x_n\}$ rappresentano gli elementi della soluzione (ad esempio gli elementi di un vettore), $\{\mathbf{w}\}$ rappresentano le **variabili strategiche**, ad esempio σ , che determinano l'ampiezza della mutazione.

$$\mathbf{x}'(n) = \mathbf{x}(n) + N(0, \sigma) = \begin{bmatrix} \sigma & 0 \\ 0 & \sigma \end{bmatrix} \begin{bmatrix} N(0,1) \\ N(0,1) \end{bmatrix}$$



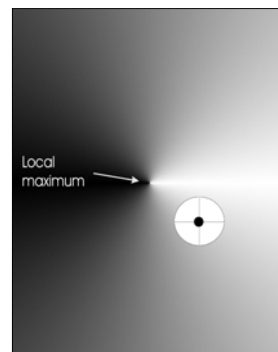
Spazio isotropo di mutazione



La mutazione **isotropa** genera figli distribuiti uniformemente all'interno di un'ipersfera nello spazio delle soluzioni

$$\mathbf{x}'(n) = \mathbf{x}(n) + \sigma N(0,1)$$

Ampiezza della regione: σ





Mutazione - σ personalizzato



- Inserisco valori diversi di σ per diverse variabili, cioè per i diversi cromosomi. Concedo che lo spazio delle soluzioni sia esplorato maggiormente lungo alcune direzioni rispetto altre.
- Mutazione scorrelata con un valore di σ_i associato ad ogni cromosoma.
 - ◆ Cromosomi: $[x_1, \dots, x_n, \sigma_1, \dots, \sigma_n]$
 - ◆ $x'_i(n) = x_i(n) + \sigma'_i(n) \cdot N_i(0,1)$

In forma matriciale:

$$\text{◆ } \mathbf{X}'(n) = \mathbf{X}(n) + \mathbf{D}(n) \cdot \mathbf{N}_i(0,1)$$

Come aggiorno in modo diverso l'ampiezza della mutazione associata ai diversi cromosomi?

$$\mathbf{x}'(n) = \mathbf{x}(n) + \mathbf{N}(0, \mathbf{D}) = \begin{bmatrix} D_{11} & 0 \\ 0 & D_{22} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} N(0,1) \\ N(0,1) \end{bmatrix}$$

A.A. 2012-2013

35/62

<http://homes.dsi.unimi.it/~borghese/>



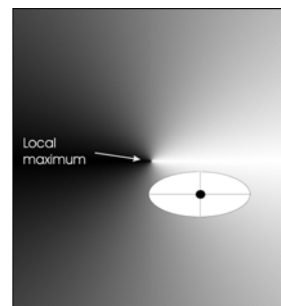
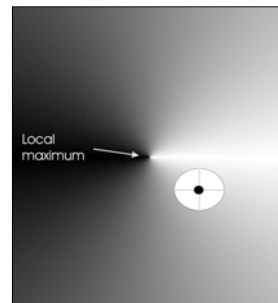
La mutazione isotropa genera figli distribuiti uniformemente all'interno di un'ipersfera nello spazio delle soluzioni

$$\mathbf{x}'(n) = \mathbf{x}(n) + \sigma N(0,1)$$

$$(x = [x_1 \ x_2] \in \mathbb{R}^2)$$

La mutazione anisotropa genera figli distribuiti uniformemente all'interno di un'iperellissoide nello spazio delle soluzioni

$$\mathbf{x}'(n) = \mathbf{x}(n) + \mathbf{N}(0, \mathbf{D}) = \begin{bmatrix} D_{11} & 0 \\ 0 & D_{22} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} N(0,1) \\ N(0,1) \end{bmatrix}$$



A.A. 2012-2013

36/62

<http://homes.dsi.unimi.it/~borghese/>

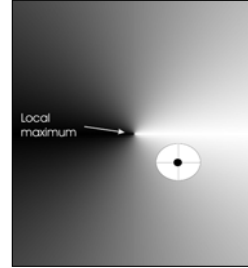


Deformazione della regione di mutazione



Supponiamo la superficie di equiprobabilità di mutare la soluzione si una circonferenza centrata nella soluzione attuale. La circonferenza potrà essere espressa come: $\sigma^2 N(0,1) = N(0, \sigma^2) =$

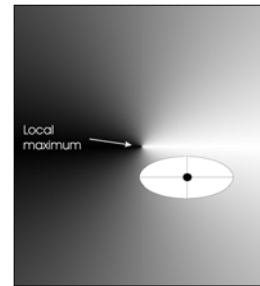
$$\begin{bmatrix} \sigma^2 & 0 \\ 0 & \sigma^2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} N(0,1) \\ N(0,1) \end{bmatrix}$$



Supponiamo la superficie di equiprobabilità di mutare la soluzione sia un'ellisse elongata come uno degli assi coordinati. L'ellisse potrà essere espressa come una Guassiana isotropa per una matrice di deformazione: $D N(0, 1) = N(0,D) =$

$$\begin{bmatrix} D_{11} & 0 \\ 0 & D_{22} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} N(0,1) \\ N(0,1) \end{bmatrix}$$

$D_{11} \neq D_{22}$



A.A. 2012-2013

37/62

<http://homes.dsi.unimi.it/~borghese/>

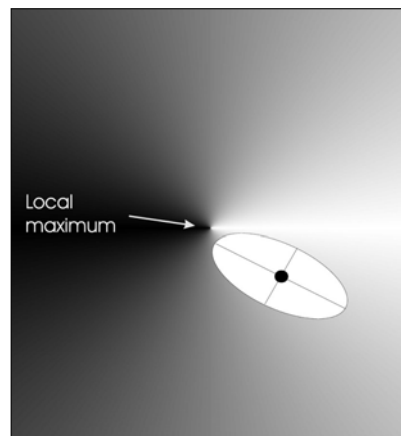


Deformazione della regione di mutazione



Supponiamo la superficie di equiprobabilità di mutare la soluzione sia un'ellisse elongata in direzione arbitraria nello spazio. L'ellisse potrà essere espressa come una Guassiana isotropa per una matrice di deformazione, D, per una matrice di rotazione, B: $B D N(0, 1) = N(0,BD) = N(0, H)$ dove $H = BD$

La matrice BD è legata alla matrice di covarianza, C: $C^2 = (BD) (BD)^T = B D^2 B^T$.



A.A. 2012-2013

38/62

<http://homes.dsi.unimi.it/~borghese/>



Rotazione della regione di mutazione



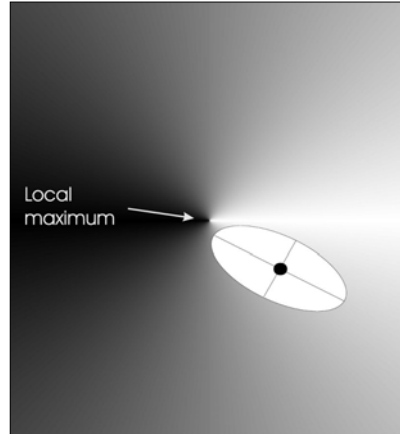
Come adattare la regione di ricerca al meglio?

Ellissoide orientato nello spazio.

$$\Delta \mathbf{x}(n) = \begin{bmatrix} H_{11} & H_{12} \\ H_{21} & H_{22} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} N(0,1) \\ N(0,1) \end{bmatrix} =$$

$$= \mathbf{B} \mathbf{D} \begin{bmatrix} N(0,1) \\ N(0,1) \end{bmatrix}$$

$H_{12} = H_{21}$



B – matrice ortonormale (Matrice di rotazione)

D – matrice diagonale (asimmetria della lunghezza degli assi nelle due direzioni ortogonali)

A.A. 2012-2013

39/62

<http://homes.dsi.unimi.it/~borghese/>



Mutazione anisotropa



$$\mathbf{x}_k^{(g+1)} = \mathbf{x}_k^{(g)} + \rho^{(g)} \mathbf{H}^{(g)} \mathbf{z}_k^{(g)}$$

$$\mathbf{z}_k = [z_1 = N(0,1), z_2 = N(0,1), \dots, z_n = N(0,1)]^T \quad \text{Gaussiana}$$

- Vengono generati λ figli, \mathbf{x}_k , a partire dalla mutazione di un genitore, \mathbf{x}_j .
- $\mathbf{x}^{(g+1)}$ sarà funzione dei padri selezionati
- **H** definisce l'iper-ellissoide, orientato arbitrariamente nello spazio, all'interno del quale effettuare le mutazioni.
- $\rho^{(g)}$ è un parametro di ampiezza globale che per ora consideriamo = 1.

Devo determinare H e per questo utilizzo l' "evolution path"

A.A. 2012-2013

40/62

<http://homes.dsi.unimi.it/~borghese/>



Derandomizzazione tramite Evolution Path



La matrice \mathbf{D} viene aggiornata indirettamente tramite il cosiddetto evolution path \mathbf{s} .

$$\mathbf{s}^{(g+1)} = (1 - \alpha_s) \mathbf{s}^{(g)} + \alpha_u \mathbf{H}^{(g)} \mathbf{z}_{i_{sel}}^{(g)} \quad \mathbf{z}_{i_{sel}} \text{ rappresenta il genitore migliore}$$

$$\text{Nuovo_valore} = a * \text{Vecchio_valore} + b * \text{Innovazione}$$

Cf. Value estimate in RL

s unisce tutti i genitori migliori. Dà un'idea dell'evoluzione. Path evolutivo all'interno dello spazio delle soluzioni. Connette i genitori migliori. s viene rinforzato ogni volta che il genitore migliore si trova lungo l'evolution path.



Aggiornamento della matrice di Covarianza



$$\text{Nuovo_valore} = a * \text{Vecchio_valore} + b * \text{Innovazione}$$

$$\mathbf{H}^{(g+1)} = (1 - \alpha_C) \mathbf{H}^{(g)} + \alpha_C \mathbf{S}^{(g+1)}$$

$$\mathbf{S}^{(g+1)} = \mathbf{s} \mathbf{s}^T \quad \text{Matrice di covarianza calcolata sul path evolutivo}$$

Cosa vuol rappresentare questa equazione di aggiornamento?

Tanto più la covarianza rimane stabile, cioè la direzione di spostamento rimane la stessa, tanto più \mathbf{H} cresce $\rightarrow \mathbf{x}_k$ si muove più velocemente.

$$\mathbf{x}_k^{(g+1)} = \mathbf{x}_k^{(g)} + \mathbf{H}^{(g)} \mathbf{z}_k^{(g)}$$



Esempio - I



$$\mathbf{x}_k^{(g+1)} = \mathbf{x}_k^{(g)} + \rho^{(g)} \mathbf{H}^{(g)} \mathbf{z}_k^{(g)} \quad \rho^{(g)} = 1 \quad \mathbf{H}^{(g)} = \begin{bmatrix} 3 & 0 \\ 0 & 1 \end{bmatrix} \quad \mathbf{s}^{(g)} = \begin{bmatrix} 2 \\ 0 \end{bmatrix}$$

Si consideri il caso $\mathbf{z}^* = \begin{bmatrix} 1 \\ 0 \end{bmatrix}$ $\alpha_s = \alpha_c = 0.1$

$$\mathbf{s}^{(g+1)} = (1 - \alpha_s) \begin{bmatrix} 2 \\ 0 \end{bmatrix} + \alpha_s \mathbf{H}^{(g)} \mathbf{z}^{*(g)} = \begin{bmatrix} 2.1 \\ 0 \end{bmatrix} \quad \text{s si allunga leggermente lungo x}$$

$$\mathbf{H}^{(g+1)} = (1 - \alpha_c) \begin{bmatrix} 3 & 0 \\ 0 & 1 \end{bmatrix} + \alpha_c \begin{bmatrix} 4.41 & 0 \\ 0 & 0 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 3.141 & 0 \\ 0 & 0.9 \end{bmatrix} \quad \text{H si schiaccia e si allunga leggermente lungo x}$$

$$\mathbf{H}^{(g)} = \mathbf{B}^{(g)} \mathbf{D}^{(g)} = \begin{bmatrix} 1 & 0 \\ 0 & 1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 3 & 0 \\ 0 & 1 \end{bmatrix}$$

Modifica dell'ampiezza, \mathbf{D} ,
ma non della direzione \mathbf{B} .

$$\mathbf{H}^{(g+1)} = \mathbf{B}^{(g+1)} \mathbf{D}^{(g+1)} = \begin{bmatrix} 1 & 0 \\ 0 & 1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 3.141 & 0 \\ 0 & 0.9 \end{bmatrix}$$

A.A. 2012-2013

43/62

<http://homes.dsi.unimi.it/~borghese/>



Esempio - II



$$\mathbf{x}_k^{(g+1)} = \mathbf{x}_k^{(g)} + \rho^{(g)} \mathbf{H}^{(g)} \mathbf{z}_k^{(g)} \quad \rho^{(g)} = 1 \quad \mathbf{H}^{(g)} = \begin{bmatrix} 3 & 0 \\ 0 & 1 \end{bmatrix} \quad \mathbf{s}^{(g)} = \begin{bmatrix} 2 \\ 0 \end{bmatrix}$$

Si consideri il caso $\mathbf{z}^* = \begin{bmatrix} -1 \\ 0 \end{bmatrix}$ $\alpha_s = \alpha_c = 0.1$

$$\mathbf{s}^{(g+1)} = (1 - \alpha_s) \begin{bmatrix} 2 \\ 0 \end{bmatrix} + \alpha_s \mathbf{H}^{(g)} \mathbf{z}^{*(g)} = \begin{bmatrix} +1.5 \\ 0 \end{bmatrix} \quad \text{s si accorcia lungo x}$$

$$\mathbf{H}^{(g+1)} = (1 - \alpha_c) \begin{bmatrix} 3 & 0 \\ 0 & 1 \end{bmatrix} + \alpha_c \begin{bmatrix} 2.25 & 0 \\ 0 & 0 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 2.925 & 0 \\ 0 & 0.9 \end{bmatrix} \quad \text{H si contrae leggermente}$$

A.A. 2012-2013

44/62

<http://homes.dsi.unimi.it/~borghese/>



Esempio - III



$$\mathbf{x}_k^{(g+1)} = \mathbf{x}_k^{(g)} + \rho^{(g)} \mathbf{H}^{(g)} \mathbf{z}_k^{(g)} \quad \rho^{(g)} = 1 \quad \mathbf{H}^{(g)} = \begin{bmatrix} 3 & 0 \\ 0 & 1 \end{bmatrix} \quad \mathbf{s}^{(g)} = \begin{bmatrix} 2 \\ 0 \end{bmatrix}$$

Si consideri il caso $\mathbf{z}^* = \begin{bmatrix} 0 \\ 1 \end{bmatrix}$ $\alpha_s = 0.1 \quad \alpha_c = 0.1$

$$\mathbf{s}^{(g+1)} = (1 - \alpha_s) \begin{bmatrix} 2 \\ 0 \end{bmatrix} + \alpha_s \mathbf{H}^{(g)} \mathbf{z}^{*(g)} = \begin{bmatrix} 1.8 \\ 0.1 \end{bmatrix} \quad \text{s ruota e si accorcia leggermente}$$

$$\mathbf{H}^{(g+1)} = (1 - \alpha_c) \begin{bmatrix} 3 & 0 \\ 0 & 1 \end{bmatrix} + \alpha_c \begin{bmatrix} 3.24 & 0.18 \\ 0.18 & 0.01 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 3.024 & 0.018 \\ 0.018 & 0.901 \end{bmatrix}$$

La matrice di covarianza non è più allineata con gli assi, vedremo più avanti come viene gestita. Si ha una crescita più contenuta dello schiacciamento.



Esempio - IV



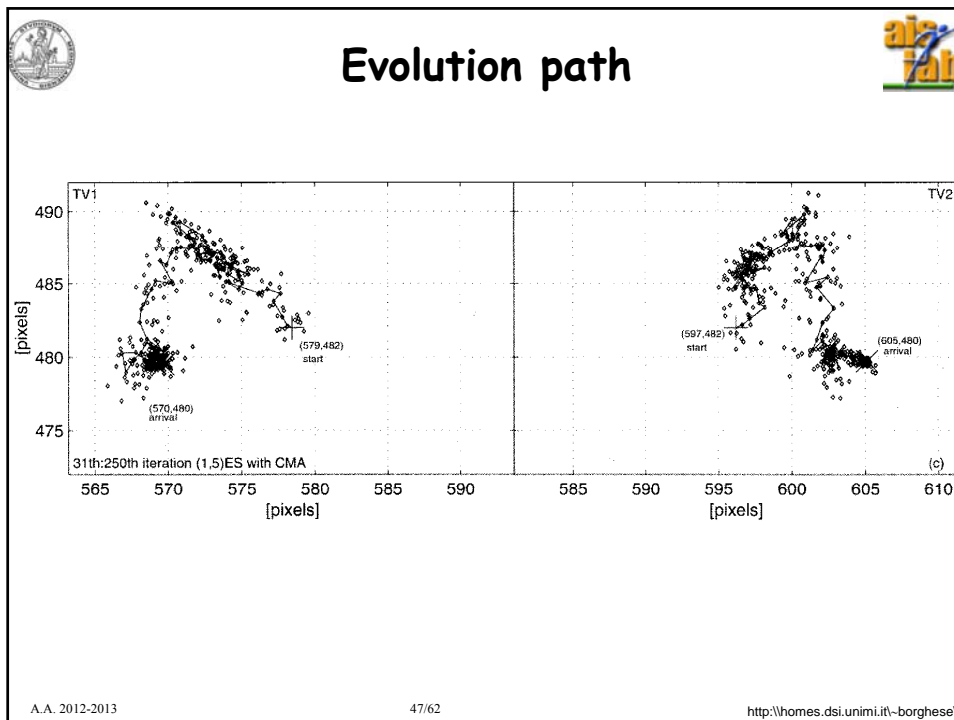
$$\mathbf{x}_k^{(g+1)} = \mathbf{x}_k^{(g)} + \rho^{(g)} \mathbf{H}^{(g)} \mathbf{z}_k^{(g)} \quad \rho^{(g)} = 1 \quad \mathbf{D}^{(g)} = \begin{bmatrix} 3 & 0 \\ 0 & 1 \end{bmatrix} \quad \mathbf{s}^{(g)} = \begin{bmatrix} 2 \\ 0 \end{bmatrix}$$

Si consideri il caso $\mathbf{z}^* = \begin{bmatrix} 1 \\ 1 \end{bmatrix}$ $\alpha_s = 0.1 \quad \alpha_c = 0.1$

$$\mathbf{s}^{(g+1)} = (1 - \alpha_s) \begin{bmatrix} 2 \\ 0 \end{bmatrix} + \alpha_s \mathbf{H}^{(g)} \mathbf{z}^{*(g)} = \begin{bmatrix} 2.1 \\ 0.1 \end{bmatrix} \quad \text{s ruota e si accorcia leggermente}$$

$$\mathbf{H}^{(g+1)} = (1 - \alpha_c) \begin{bmatrix} 3 & 0 \\ 0 & 1 \end{bmatrix} + \alpha_c \begin{bmatrix} 4.41 & 0.21 \\ 0.21 & 0.01 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 3.141 & 0.021 \\ 0.021 & 0.901 \end{bmatrix}$$

La matrice di covarianza non è più allineata con gli assi, vedremo più avanti come viene gestita. Si ha una crescita più contenuta dello schiacciamento, simile a quella ottenuta in precedenza. Si noti che in questo caso l'elemento migliore si sposta in diagonale ma con modulo $\sqrt{2}$ mentre nel caso precedente si spostava lungo y con modulo 1.



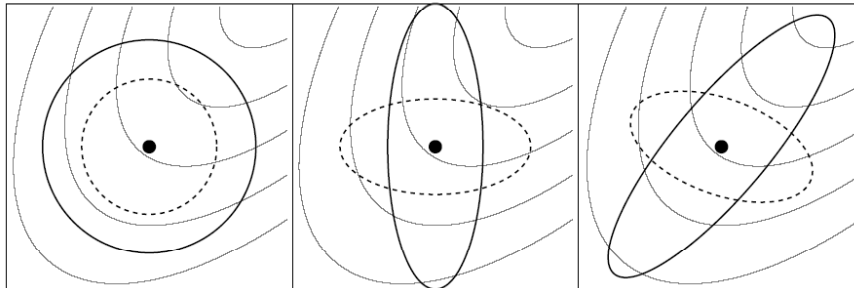
**σ correlato tra i vari cromosomi:
parametri strategici**

- Mutazioni correlate; la correlazione viene rappresentata nella matrice di covarianza.
 - ◆ Cromosomi: $[x_1, \dots, x_n; \sigma_1, \dots, \sigma_n; \alpha_{12}, \alpha_{13}, \dots, \alpha_{N-1, N-1}]$.
 - ◆ La matrice di covarianza $C_{n \times n}$ gode di queste proprietà:
 - ☞ simmetrica
 - ☞ $c_{ii} = \sigma_i^2$
 - ☞ $c_{ij} = 0$ se i e j sono scorrelati.
 - ☞ $c_{ij} \neq 0, i \neq j, c_{ij}$ viene codificato dai parametri α_{ij}^2 .
 - ☞ In questa prima fase supporremo i parametri $\alpha_{ij}^2 = 0$.

A.A. 2012-2013 48/62 <http://homes.dsi.unimi.it/~borghese/>



Sintesi



$$\mathcal{N}(\mathbf{0}, \sigma^2 \mathbf{I})$$

$$\mathcal{N}(\mathbf{0}, D^2)$$

$$\mathcal{N}(\mathbf{0}, C)$$

A.A. 2012-2013

49/62

<http://homes.dsi.unimi.it/~borghese/>



Sommario



- Algoritmi genetici
- Ottimizzazione evolutiva
- **Applicazione delle strategie evolutive alla visione**
- Ottimizzazione evolutiva completa

A.A. 2012-2013

50/62

<http://homes.dsi.unimi.it/~borghese/>



Problema 1: Calibrazione geometrica di una coppia stereo di telecamere



- Determinazione dei parametri geometrici del set-up:
 - ◆ Posizione e orientamento relativi di una coppia di camera.
 - ◆ Lunghezza focale e punto principale di ciascuna camera.
- Utilizzando la geometria epipolare
 - ◆ Relazione tra punti omologhi sulle due telecamere
 - ◆ Matrice fondamentale 3x3 (7 parametri liberi)
 - ⇒ 3 rotazioni, 3 traslazioni a meno di un fattore di scala (2Dofs) , 2 lunghezze focali
 - ◆ **Consente di calcolare 7 parametri in forma chiusa utilizzando la geometria proiettiva.**
- Punti principali
 - Stimo a posteriori i 2 punti principali, c_1 e c_2 , tramite **Ricerca evolutiva**

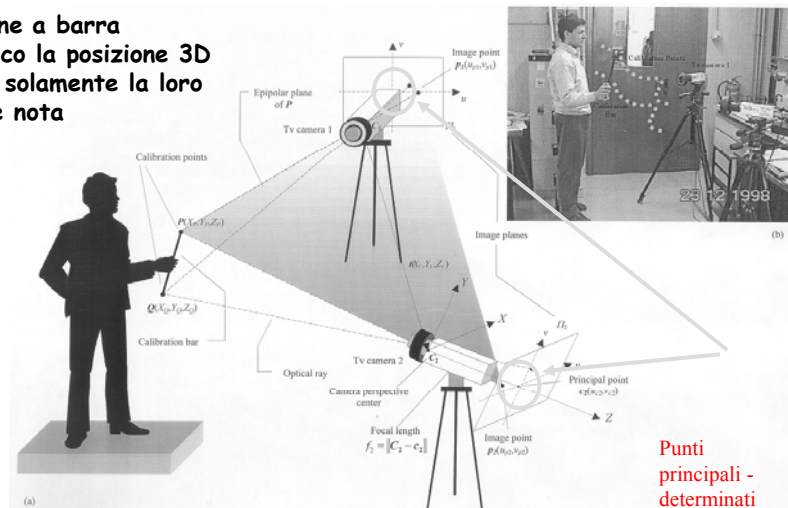
Spazio della ricerca quadridimensionale, $c_1[x_1, y_1]$ e $c_2[x_2, y_2]$ (“mondo” della popolazione).



Il set-up



Calibrazione a barra
Non conosco la posizione 3D dei punti, solamente la loro distanza è nota



Punti principali - determinati mediante ES

Geometria epolare

Le rette r ed s per p_1 e p_2 si intersecano in P .

Determino 7 parametri:
 2 focali
 3 angoli di orientamento
 2 elementi del vettore posizione relativa

I parametri sono contenuti nella matrice F

Linee epipolari corrispondenti

$$\overline{PC_2} \cdot \overline{C_1 C_2} \wedge \overline{PC_1} = p_2^T K_2^{-T} R(T \wedge) K_1^{-1} p_1 = 0 \Rightarrow p_2^T F p_1 = 0$$

p_1 e p_2 sono misurati rispetto a c_1 e c_2 non noti.

A.A. 2012-2013 53/62 <http://homes.dsi.unimi.it/~borghese/>

Soluzione tramite "Evolution strategies"

Procedura: ES(1,10)

1. scelgo una possibile soluzione per la coppia di punti principali
2. calcolo 7 parametri geometrici in forma chiusa, tramite matrice fondamentale.
3. effettuo la ricostruzione 3D e calcolo il fattore di scala (1 parametro).
4. Valuto la fitness della soluzione.

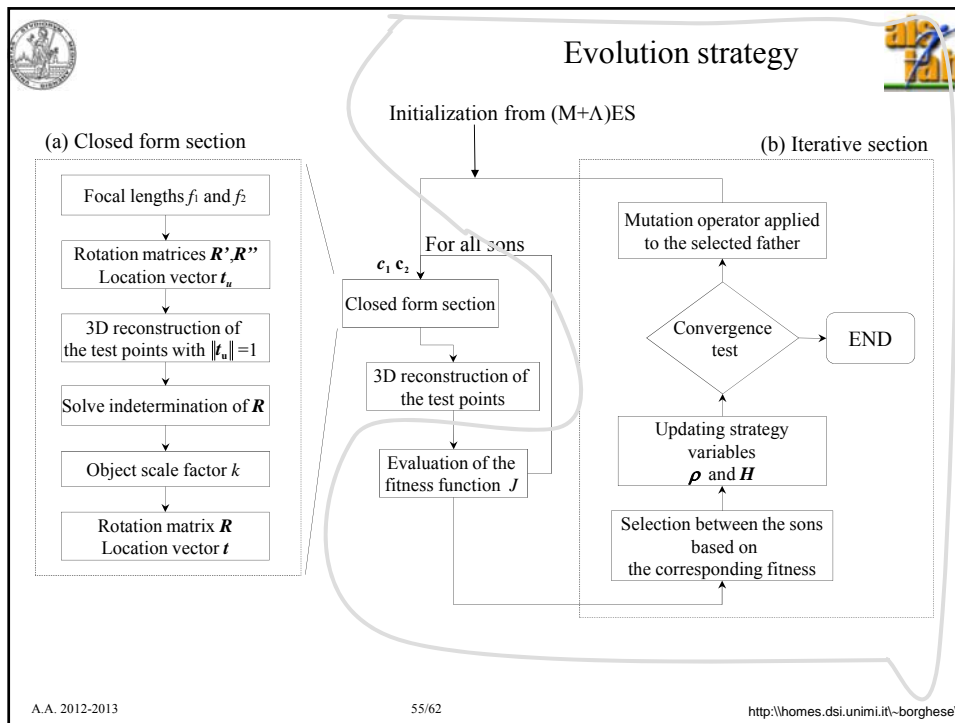
Funzione fitness: $J = \alpha \sqrt{\frac{1}{N} \sum_{j=1}^N (d_j - L)^2} + \beta \sqrt{\frac{1}{N} \sum_{j=1}^N \left(\frac{e_{int j_P}^2 + e_{int j_Q}^2}{2} \right)}$

Errore sulla lunghezza della barra. Errore di intersezione (tra r ed s)

$$\min_{S_2 = \{c_1, c_2\}} J(\{c_1, c_2\} | \{p_1\}, \{p_2\})$$

Elemento della popolazione: $\{w [c_1(u_{c_1}, v_{c_1}), c_2(u_{c_2}, v_{c_2})]^T\}$

A.A. 2012-2013 54/62 <http://homes.dsi.unimi.it/~borghese/>



-
- ## Sommarario
- Algoritmi genetici
 - Ottimizzazione evuzionistica
 - Applicazione delle strategie evolutive alla visione
 - **Ottimizzazione evuzionistica completa**
- A.A. 2012-2013 56/62 <http://homes.dsi.unimi.it/~borghese/>



Mutazione



$$\mathbf{x}_k^{(g+1)} = \mathbf{x}_j^{(g)} + \rho^{(g)} \mathbf{B} \mathbf{D} \mathbf{z}_k$$

$$\mathbf{z}_k = [z_1 = N(0,1), z_2 = N(0,1), \dots, z_n = N(0,1)]^T \quad \text{Gaussiana}$$

- Vengono generati λ figli, \mathbf{x}_k , a partire dalla mutazione di un genitore, \mathbf{x}_j .
- $\mathbf{x}^{(g+1)}$ sarà funzione dei padri selezionati
- $\rho^{(g)}$ è globale: global step size
- \mathbf{B} \mathbf{D} definiscono l'iper-ellissoide all'interno del quale effettuare le mutazioni.

Devo determinare ancora ρ . Per questo utilizzo l' "evolution path"



Adattamento del global step size ρ



$\sigma_\rho^{(g+1)}$ Evolution path normalizzato (contiene solamente informazioni sulla direzione).

$$\mathbf{s}_\rho^{(g+1)} = (1 - \alpha_s) \mathbf{s}_\rho^{(g)} + \alpha_s \mathbf{B}^{(g)} \mathbf{z}_{i_{\text{sel}}}^{(g)}$$

$$\bar{e}_n = \left(1 - \frac{1}{4n} + \frac{1}{21n^2} \right) \quad \text{▪ Approssimazione al 2° ordine del valore atteso della distribuzione della lunghezza dei vettori estratti da } N(\mathbf{0}, \mathbf{I})$$

$$\rho^{(g+1)} = \rho^{(g)} e^{\gamma \left(\|\mathbf{s}_\rho^{(g+1)}\| - \bar{e} \right)} \quad \text{▪ } \rho \text{ decresce quando la direzione dell'evolution path cambia frequentemente. Quando una stessa direzione è ripetutamente selezionata } \rho \text{ è incrementato.}$$

$$\gamma = 0.1$$

Se l'evoluzione cambia spesso direzione, meglio generare figli più vicini (e saranno sparsi lungo tutte le direzioni).



I parametri secondari::riassumendo



$$\mathbf{x}_k^{(g+1)} = \mathbf{m}^{(g)} + \rho^{(g)} \mathbf{B} \mathbf{D} \mathbf{z}_k$$

$$\mathbf{s}^{(g+1)} = (1 - \alpha_s) \mathbf{s}^{(g)} + \alpha_u \mathbf{B}^{(g)} \mathbf{D}^{(g)} \mathbf{z}_{i_{\text{sel}}}^{(g)}$$

$$\mathbf{s}_p^{(g+1)} = (1 - \alpha_s) \mathbf{s}_p^{(g)} + \alpha_s \mathbf{B}^{(g)} \mathbf{z}_{i_{\text{sel}}}^{(g)}$$

$$a_u^2 + (1 - a_s)^2 = 1$$

$$\mathbf{H}^{(g+1)} = (1 - \alpha_C) \mathbf{H}^{(g)} + \alpha_C \mathbf{S}^{(g+1)}$$

$$\mathbf{S}^{(g+1)} = \mathbf{s} \mathbf{s}^T$$

$$\rho^{(g+1)} = \rho^{(g)} e^{\gamma \left(\left\| \mathbf{s}_p^{(g+1)} \right\| - \bar{e} \right)}$$

Rimangono da determinare: α_C , α_s , α_u

A.A. 2012-2013

59/62

http://homes.dsi.unimi.it/~borghese/



Aggiornamento di α_s



Regola l'aggiornamento di ρ . Questo deve essere particolarmente sensibile all'innovazione, in modo da pilotare le generazioni future dove più serve.

$$a_s = 1 / \sqrt{n}$$

Dove n è la dimensionalità dello spazio della popolazione

$$\alpha_C = 1 / n^2$$

Il numero di parametri liberi della matrice di covarianza è dell'ordine di $n^2 \rightarrow 1/n^2$.

Rappresentano due fenomeni diversi: r è sensibile alle variazioni rapide della fitness della popolazione, mentre C è più sensibile alle variazioni lente, filtrando perciò le variazioni brusche occasionali.

- Es: $n=10$
 - ◆ $\alpha_C=0.01$, $a_u=0.72$
- La matrice di covarianza ha un *time span* molto più ampio dell'evolution path $O(n^2)$
- L'evolution path può subire cambiamenti veloci mentre la matrice di covarianza ha bisogno di molto più tempo per fissare la memoria della direzione (deve essere selezionata molte volte)

A.A. 2012-2013

60/62

http://homes.dsi.unimi.it/~borghese/

