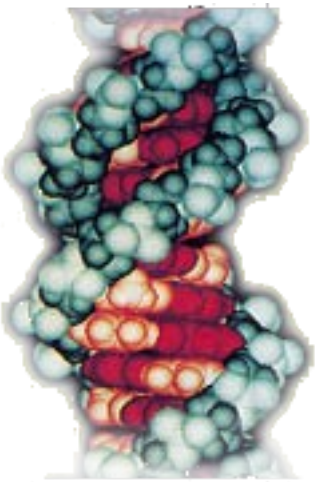
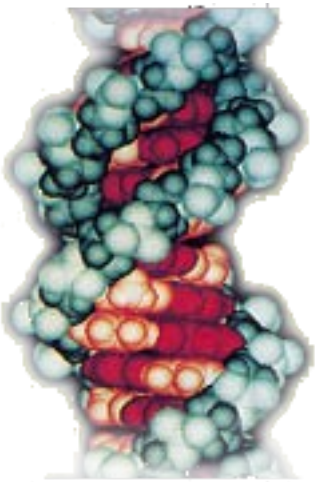


Skuteczność genetycznego systemu wyznaczania reguł w zbiorze danych na przykładzie problemu MONKS – część II

Seminarium Metod Inteligencji Obliczeniowej
Warszawa 14 V 2008

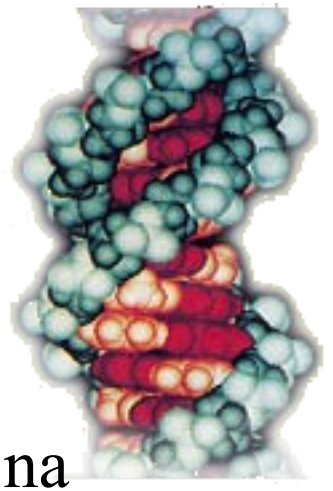
mgr inż. Marcin Borkowski

Dziś opowiem:



- Problemie MONKS
- Wynikach
- Działaniu niszowego AG
- Mojej aplikacji niszowego AG do problemu MONKS -Rule EXtractor (REX)

Problem MONKS



- MONKS sztucznie stworzone zadanie, które powstało na potrzeby testów porównawczych różnych algorytmów – klasyfikatorów. (1991 rok)
- W zadaniu występują roboty opisane 6-cioma zmiennymi:

  x0: head shape $\in$ {round, square, octagon} lub {1,2,3}

  x1: body shape $\in$ {round, square, octagon} lub {1,2,3}

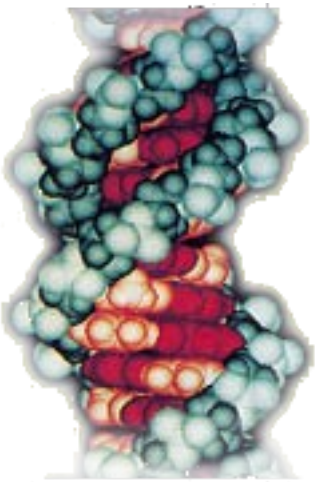
  x2: is smiling $\in$ {yes, no} lub {1,2}

  x3: holding $\in$ {sword, balloon, flag} lub {1,2,3}

  x4: jacket color $\in$ {red, yellow, green, blue} lub {1,2,3,4}

  x5: has tie $\in$ {yes, no} lub {1,2}

Problem MONKS



- Lokalizacja danych - zastępujemy 6 zmiennych całkowitoliczbowych 17 binarnymi:

  x0: head shape round $\in\{0,1\}$,

  x1: head shape square $\in\{0,1\}$, x2 analogicznie

  x3: body shape round $\in\{0,1\}$ x4 i x5 analogicznie

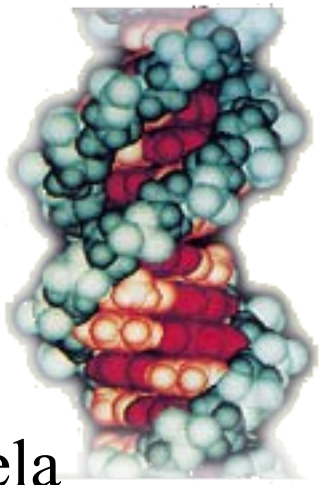
  x6: is smiling $\in\{0,1\}$ x7 is not smiling $\in\{0,1\}$

  x8: holding sword $\in\{0,1\}$, x9,x10

  x11: jacket color red$\in\{0,1\}$, x12,x13,x14

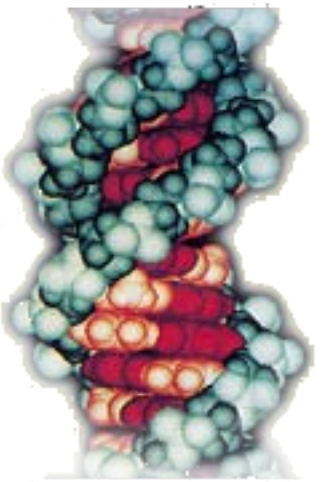
  x15: has tie $\in\{0,1\}$ x16: has no tie $\in\{0,1\}$

Problem MONKS



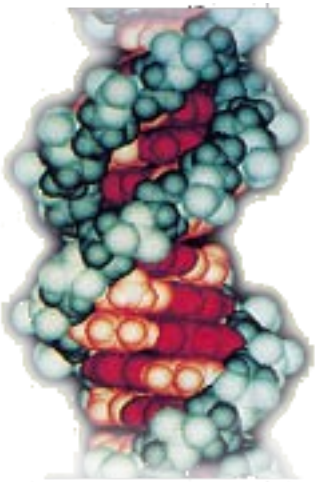
- Klasyfikacja jest binarna t.j. dane uczące i testowe dzielą się na 2 klasy
- Wszystkich możliwych stanów robotów jest 432
- Zadania są postawione w następujący sposób:
  - zbiór danych uczących z rozróżnieniem które przykłady należą do której klasy (ewentualnie 2 zbiory, po jednym na klasę)
  - zbiór testowy - wszystkie 432 przypadki
- 3 zadania testowe:

Problem MONKS



- MONKS 1
  - (head shape = body shape) or (jacket color = red)
  - (x0=x1)or(x4=1)
  - 124 przykłady uczące po 62 na klasę.
  - dane bez szumu
  - zadanie rozgrzewka, powinno być łatwe dla wszystkich metod używających normalnej formy dysjunkcyjnej

REX wyniki



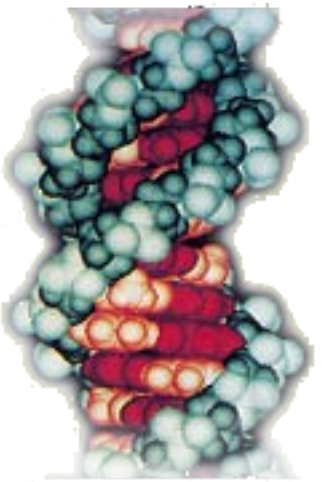
- Test MONKS1
  - wyniki (jedna z postaci):
    - 1 x4 = x0 x1 >
    - 1 x4 = x1 x0 >
    - x1x0/1=
  - oczywiste redukcje, których nie umie wykonać REX

    (x1>x0 and x4=1) xor

    (x1<x0 and x4=1) xor

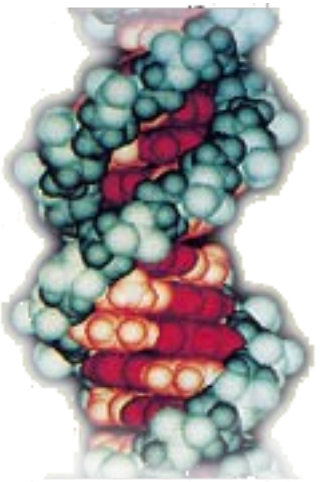
    (x0=x1)
  - 100% poprawności, czytelny i krótki wynik
  - 100% powtarzalność poprawnego wyniku

REX wyniki



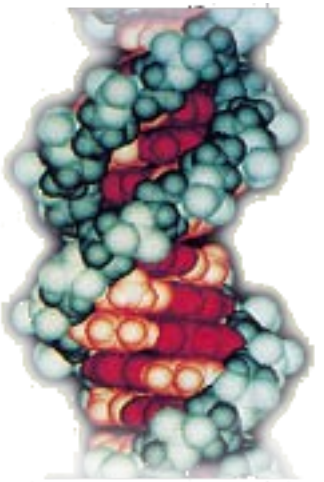
- Test MONKS1 cd.
  - parametry:
    - maksymalna ilość symboli na stosie RPN 20 (5bitów każdy)
    - populacja 100 osobników
    - ilość generacji 3000
      - przykładowo ostatnia poprawa wyniku po (generacje): 183,1052,1386,552,1935,540,1285,800,1315,2329 (średnio:1138)
      - przykładowo pierwszy dobry wynik po (generacje): 46,119,424,145,105,540,139,266,255,441 (248)
    - czas poniżej 2 minut

Problem MONKS



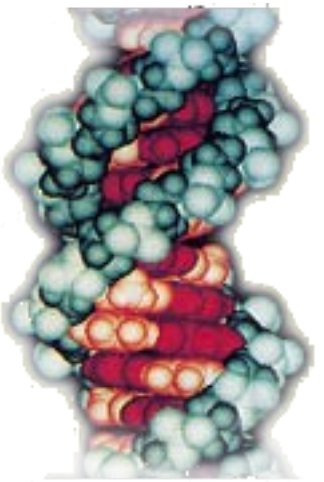
- MONKS 2
  - dokładnie 2 z 6 atrybutów przyjmuje pierwszą wartość ze swojej dziedziny
  - ????
  - 169 przykłady uczące (klasy liczące 64 i 105)
  - dane bez szumu
  - zadanie trudne do zapisania w klasycznych formach (koniunkcyjnej lub dysjunkcyjnej)
  - w testach wielu badaczy używane jest zlokalizowana wersja problemu, w której zapis problemu jest prosty

REX wyniki



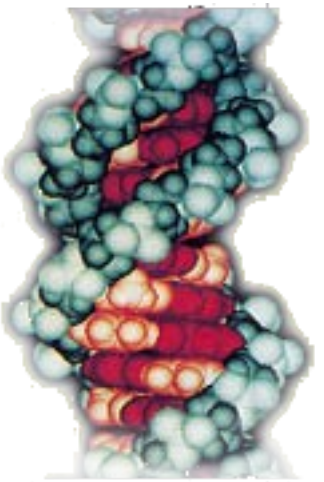
- Test MONKS2
  - zlokalizowana wersja danych wejściowych
  - wynik (jedna z postaci):
    - x7x0-x8+x3+x16-x11=
    - Co odpowiada: x0+x3+x6+x8+x11+x15=6
  - parametry:
    - maksymalna ilość symboli na stosie RPN 30 (5bitów każdy)
    - populacja 300 osobników
    - ilość generacji 100 000, średnio dobre wyniki pojawiają się po : 40906, 89945, 76554, 80340 8292 37498 (56k)
    - czas jednej próby 265 minut

REX wyniki



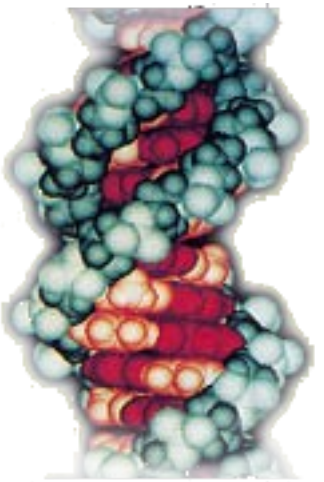
- Test MONKS2 cd.
  - czytelny krótki wynik
  - 60% powtarzalność poprawnego (jedno-formułkowego) wyniku
    - nie poprawia się wraz ze zwiększaniem ilości iteracji do 150k
    - świadczy o zbyt dużej zależności od populacji startowej lub o zbyt małej zdolności wyrywania się z lokalnych ekstremów (może da się to jeszcze poprawić)
  - pozostałe 30% bardzo blisko nie gorzej niż 97,5% zgodności

Problem MONKS



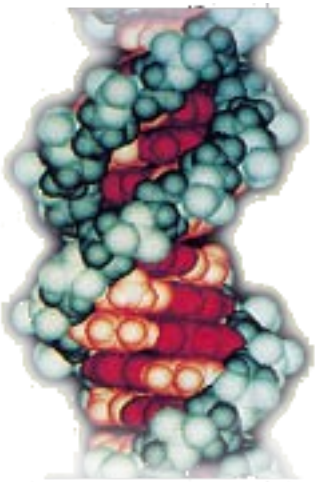
- MONKS 3
  - (jacket color is green and holding a sword) or (jacket color is not blue and body shape is not octagon)
  - (x4=3 and x3=1) or (x4!=3 and x1 != 3)
  - 122 przykłady uczące (klasy liczące 60 i 62)
  - dane z 5% szumem (5 wadliwych klasyfikacji)
  - zadanie trudne ze względu na szum

REX wyniki



- Test MONKS 3
  - wyniki (przykładowe):
    - 2 x1 - x3 = 3 x4 =
    - x4 3 % 2 > x1 3 >
  - 100% poprawności (zbiór walidacyjny)
  - czytelny i krótki wynik
  - 80% powtarzalność poprawnego wyniku
  - 20% rzędu 96% poprawności
  - system wymaga ustawienia parametru % oczekiwanych błędów, przy czym parametr ten jest na razie traktowany jako binarny (on/off)

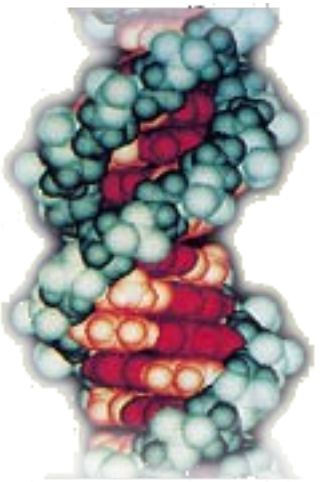
REX wyniki



- Test MONKS 3
  - parametry
    - maksymalna ilość symboli na stosie RPN 30 (5bitów każdy)
    - populacja 100 osobników
    - ilość generacji 12 000, średnio dobre wyniki pojawiają się po: 1969 2074 4052 212 326 1323 198 2294 670 (1649)
    - czas około 30 minut (całe 12k iteracji)

Niszowy AG

Nabór



- Stały rozmiar populacji
- Kodowanie binarne
- Nabór:

Osobniki w populacji są sortowane względem ich przystosowania.(za wyjątkiem tych z minimalnym ściskiem, które są zawsze na początku) Osobniki najsłabsze są następnie zastępowane przez wyniki operatorów genetycznych.

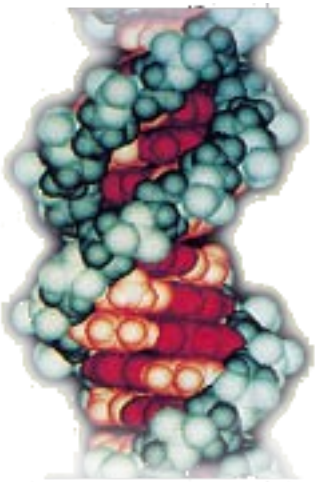
Pozwala to najlepszym osobnikom unikać “śmierci” tak długo aż zostaną wyparte przez osobniki jeszcze lepsze.

Wyniki operatorów są umieszczane w tymczasowej kopii populacji co daje równe szanse także osobnikom spisanym na straty

Nie ma klonowania osobników

Niszowy AG

Nabór przykład



Bieżąca Pop.
0,6441
0,6569
0,6697
0,6825
0,7593
0,7721
0,5673
0,5801
0,5929
0,6057
0,6185
0,6313
0,8489
0,8617
0,8745
0,8873
0,7849
0,7977
0,8105
0,8233
0,8361

Sortowana Pop.
0,5673
0,5801
0,5929
0,6057
0,6185
0,6313
0,6441
0,6569
0,6697
0,6825
0,7593
0,7721
0,7849
0,7977
0,8105
0,8233
0,8361
0,8489
0,8617
0,8745
0,8873

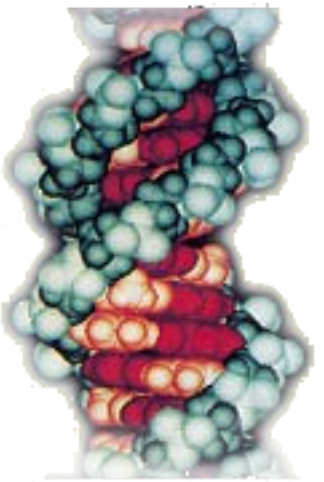
Krzyżowanie

Mutacja

Nowa Populacja
0,9023
0,4582
0,7921
0,6057
0,6185
0,6313
0,6441
0,6569
0,6697
0,6825
0,7593
0,7721
0,7849
0,7977
0,8105
0,8233
0,8361
0,8489
0,8617
0,8745
0,8873

Niszowy AG

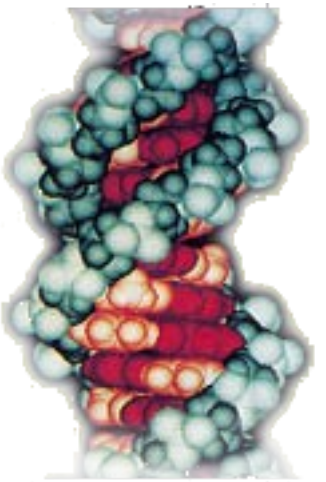
Mutacja



- Mutacja sterowana dwoma parametrami:
  - Każdy osobnik podlega mutacji z zadanym prawdopodobieństwem mutacji struktury *pms*.
  - Każdy bit osobnika wylosowanego do mutacji podlega mutacji (inwersja) z prawdopodobieństwem *pm*.
  - Wynik mutacji wypiera z populacji osobnika najsłabszego z jeszcze niepodmienionych

Niszowy AG

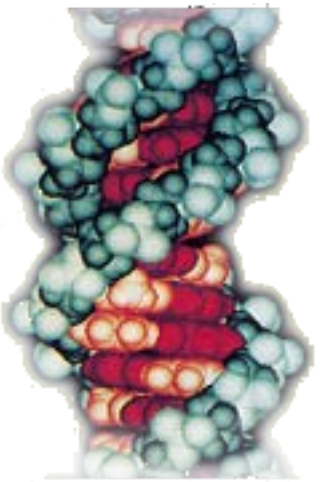
Krzyżowanie



- Krzyżowanie klasyczne jednopunktowe z prawdopodobieństwem *pc*
- Z sumy wartości oczekiwanych *pms* i *pc* wynika ze można oczekiwać, że najlepsze osobniki nie zostaną zniszczone, dodatkowo wprowadzony został mechanizm sprawdzania czy kolejne operacje nie przekraczają oczekiwanych liczności
- Nabór nie namnaża super osobników, dłuższe przetrwanie w populacji gwarantuje ich pozycja w rankingu
- Kopie powstają rzadko na skutek znoszących się mutacji lub krzyżowania już istniejących kopii
- Jeśli jednak już powstaną osobniki identyczne to nie będą one jednocześnie zajmować wysokiej pozycji w populacji – patrz ścisk

Niszowy AG

Ocena



- Funkcja oceny:

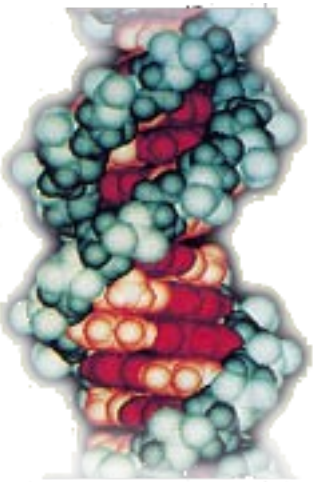
Ponieważ rozważane są głównie problemy dopasowania wzorca do serii danych konieczne jest policzenie wielu ocen – stopnia dopasowania dla wszystkich możliwych pozycji wzorca, do AG brana jest wartość uśredniona

Ocena rozbita jest na dwa etapy, poza zwyczajową ewaluacją osobnika następuje redukcja oceny na skutek działania czynnika ścisku – patrz ścisk

Ścisk wyznaczany jest dopiero gdy znane są wszystkie funkcje oceny z pierwszego etapu

Niszowy AG

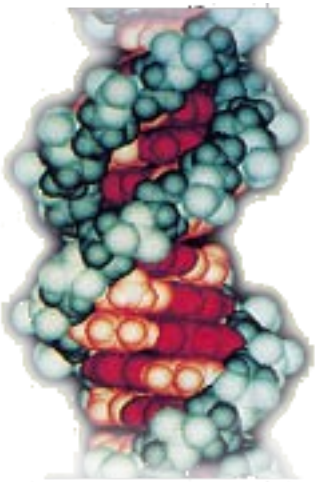
Nisze-ścisk



- Rozwiązań dostarczanych przez AG jest wiele, są to najlepsze optima w przeszukiwanej przestrzeni. Ich ilość zależy od badanej przestrzeni (ilość ekstremów) i rozmiaru populacji
- Przy odpowiednio dobranym parametrze podobieństwa osobników jedno optimum przekłada się na jedną niszę
- Przeszukiwanie wielu optimów naraz jest możliwe dzięki ściskowi

Niszowy AG

Ścisk



W zamyśle ma działać jako narzędzie limitujące ilość podobnych do siebie osobników zamieszkujących tą samą niszę poprzez redukowanie ich wartości dopasowania.

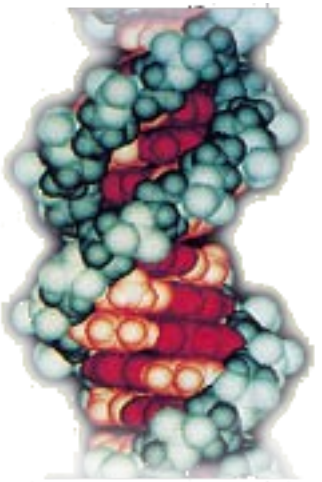
Nie wszystkie osobniki w niszy będą tak samo zredukowane - redukcja jest proporcjonalna do dotychczasowej wartości dopasowania.

Poza numeryczną wartością dopasowania pod uwagę brane są także inne czynniki np:. Długość wzorca, ilość wzorców uczących, przydatność itp.

Osobniki są podobne wtedy, gdy dla tych samych zadanych problemów dają podobne wyniki (podobna fizyczna budowa nie wystarcza)

Niszowy AG

Ścisk-przykład:



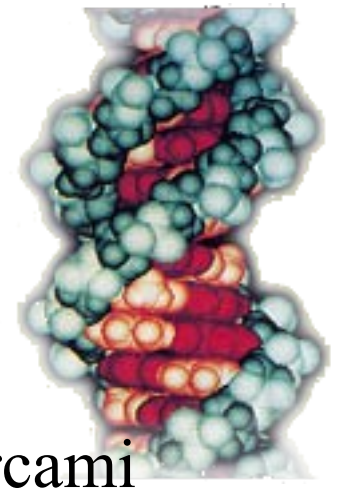
Osobniki A, B i C są podobne, tj. zajmują tą samą niszę

	Ocena	Długość wzorca	Suma ścisku	Ocena z ściskiem
Osobnik A:	*0,901*	*5*	*1*	**0,451**
Osobnik B:	*0,943*	*6*	*0*	**0,943**
Osobnik C:	*0,901*	*7*	*2*	**0,300**

Porównanie	**A**	**B**
Ścisk	1	0
Porównanie	A	C
Ścisk	0	1
Porównanie	B	C
Ścisk	**0**	**1**

Niszowy AG

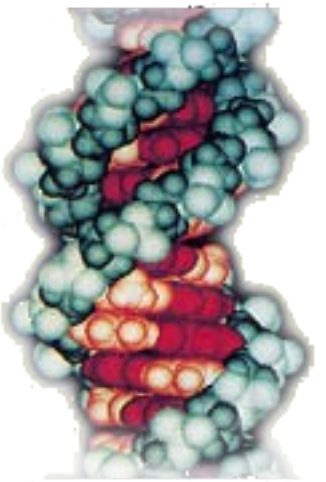
Ścisk



- Ściśk wspomaga rozłączne pokrycie serii danych wzorcami
- Osobniki należące do więcej niż jednej niszy “cierpią” na większy ścisk – są praktycznie eliminowane z rozwiązania.
- Sam ścisk nie gwarantuje powstania pełnego pokrycia przykładów uczących aby zwiększyć szansę powstawania takich układów w trakcie wyznaczania ścisku każdej parze osobników nie kolidujących ze sobą doliczany jest mały (ok 1%) bonus do wartości dopasowania
- Dodatkowo do wyliczenia ścisku uwzględnia się fakt czy jeden z porównywanych wzorców nie współgra z najlepszymi osobnikami w populacji np.:

Niszowy AG

Ścisk

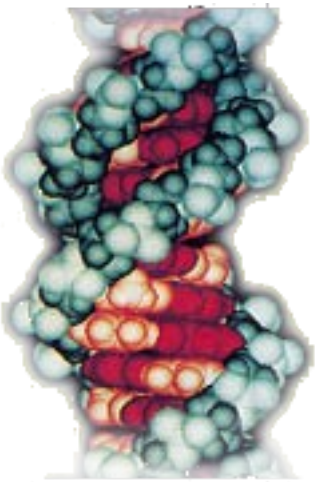


	Pokrycie danych uczących	początkowa wartość dopasowania	Ścisk	Min. ścisku osobników dominujących	Ścisk po korekcie	Końcowe dopasowanie
A	000010000	0,001	2	3	1	0,001
B	000111000	0,003	3	1	3,1	0,001
C	111100000	0,004	1	brak	1	0,004
D	000001111	0,004	1	brak	1	0,004

Po korekcie osobnik A pozostaje w uprzywilejowanej puli osobników chronionych na szczycie populacji

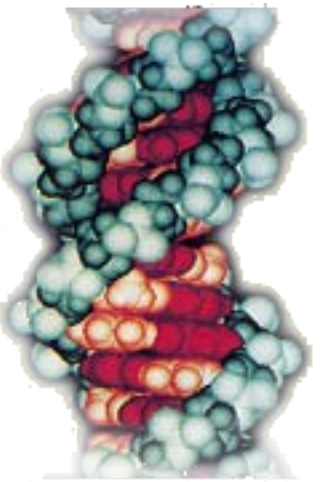
Niszowy AG

Uwagi



- Algorytm wychodzi od losowej populacji
- Po osiągnięciu pierwszych wyników zawsze można oczekiwać lepszych lub zmienić problem i pozwolić populacji przemigrować do nowych nisz
- Nisze pozwalają szukać rozwiązań kompleksowych w jednym przebiegu AG, np.: wyszukać zbiór rozłącznych wzorców opisujących serię danych.
- Większość metodologii wyszukuje po jednym wzorcu na raz, a następnie dokonuje integracji rozwiązania, usuwa sprzeczności
- Niszowy AG nie wymaga integracji rozwiązań, ani usuwania sprzeczności

Opis REX



- Genetyczny Algorytm wyszukiwania formuł matematycznych
- Reguły są zapisane w postaci:

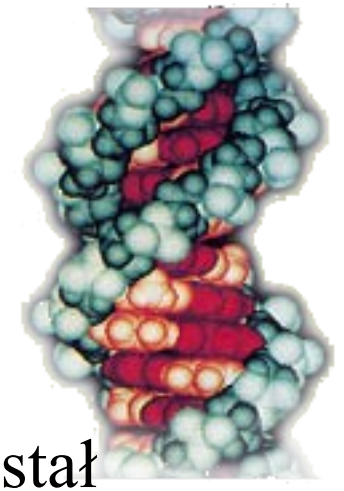
  (W11 and W12 and ... and W1a) xor

  (W21 and W22 and ... and W2b) xor

  ...

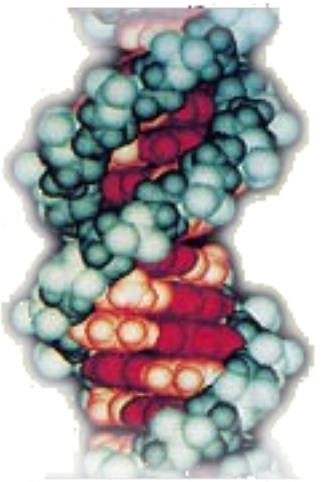
  (Wm1 and Wm2 and ... and Wmn)
- Gdzie Każde wyrażenie Wxy ma postać relacji (=,!=,>,<,>=,<=) 2 wyrażeń arytmetycznych zawierających operatory (+,-,*,/,%), zmienne występujące w problemie oraz stałe ze odgórnie zdefiniowanego zbioru

Opis REX



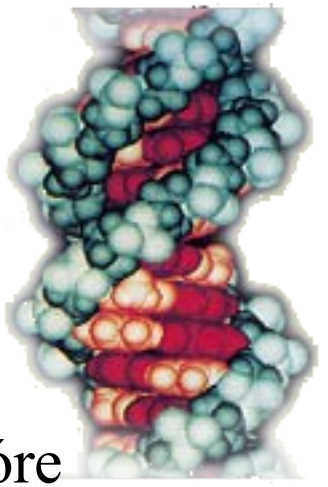
- Problem nawiasów w wyrażeniach arytmetycznych został wyeliminowany poprzez użycie Odwrotnej Notacji Polskiej
- Przykład reguły (z MONKS 1)
  - (x4 x0 / x1!= and 1 x4 =)xor
  - (x1 x0 =)
- Co należy czytać:
  - (x0 /x4 != x1 and x4 = 1)xor
  - (x0 = x1)

Opis REX



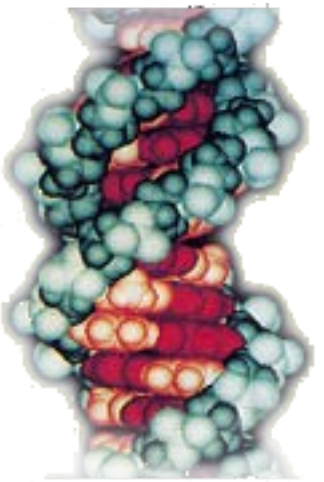
- Osobniki z AG reprezentują sekcje:
  - (Wx1 and Wx2 and ... and Wxn)
- Nisze, ścisk i rozłączne pokrycie całego zbioru uczącego gwarantują poprawne wyrażenie operatora xor
- Dane uczące są podzielone na 2 zbiory: pozytywne przykłady i negatywne przykłady
- Proces genetyczny jest uruchamiany na zadaną z góry ilość iteracji, po każdej zakończonej generacji osobniki są sprawdzane pod kontem możliwego wyniku

Opis REX



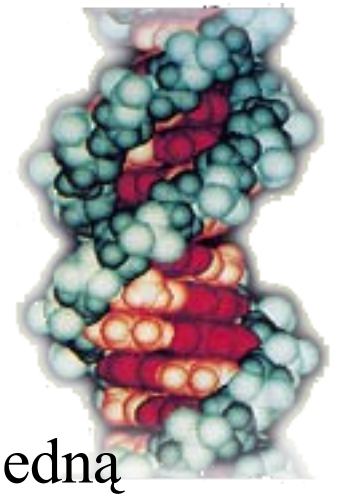
- Wynik to zbiór osobników z minimalnym ściskiem (1.0), które dla wszystkich przykładów negatywnych dają logiczną wartość *fałsz* i przynajmniej dla jednego przykładu pozytywnego wartość *prawda*
- System zlicza dla takich osobników ilość przykładów dla których jedna z reguł (zawsze jedna) daję wynik *prawda* i jeśli ilość ta odpowiada rozmiarowi zbioru pozytywnych przykładów ogłasza wynik
- Wraz z takim wynikiem formuły są weryfikowane na zbiorze testowym, ale wynik tej weryfikacji nie jest brany pod uwagę podczas dalszego procesu
- System przechodzi kolejne iteracje AG i wyświetla kolejne, zazwyczaj lepsze wyniki. (krótsze formuły, lepsze uogólnienie na zbiorze testowym)

REX kodowanie



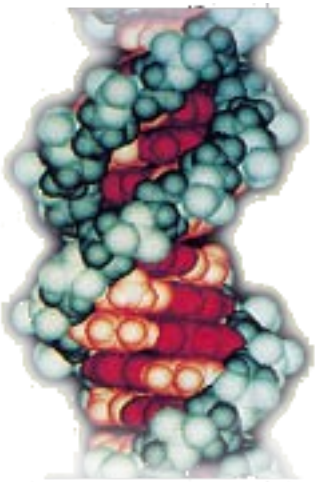
- Kodowanie binarne
- Chromosom jest podzielony na n sekcji po k bitów
- Każda sekcja koduje liczbę $[0,2^k-1]$
  - 0=, 1> , 2>= (}), 3<=({), 4 <, 5!=(!)
  - 6/, 7-, 8+, 9*, 10 %
  - od 11 do 11 + p - 1 kodowane są indeksy zmiennych ze zbioru uczącego np(p=6 jak w MONKS): 11– x0, 12–x1, 13–x2, 14–x3 , 15–x4, 16-x5
  - od 11+p do 11 + p + t -1 kodowane są stałe, przykład z MONKS(t=4): 17-1.0, 18-2.0, 19-3.0, 20-4.0
  - reszta liczb ma na stałe przypisaną tą samą nie zerową losową wartość (21-31)

REX kodowanie



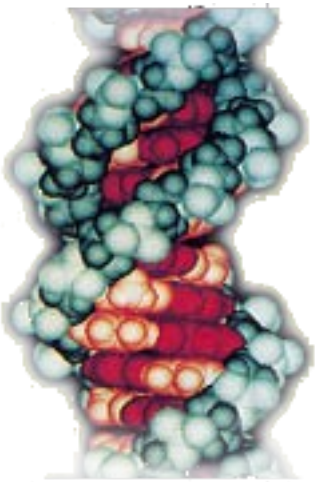
- Wszystkie symbole aż do wystąpienia znaku relacji budują jedną sekcje (Wxy), symbole po ostatniej relacji są ignorowane, np.:
  - x0 x0 = x3x4 < x4 x3 * 3 > x0 4 / * koduje:
  - (x0 = x0) and (x4 < x3) and (3 > x3 * x4)
- Przed ocenieniem lub wyświetleniem osobnika system dokonuje szeregu prostych redukcji (które nie zmieniają binarnej reprezentacji):
  - redukcja nadmiarowych operatorów
    - x1*+x2+*4= redukuje do x1x2+4=
  - redukcja nadmiarowych zmiennych i stałych
    - x2x0x1x3+= redukuje do x0x1x3+=
  - redukcja za krótkich sekcji
    - x1x2+= zostaje usunięte

REX kodowanie



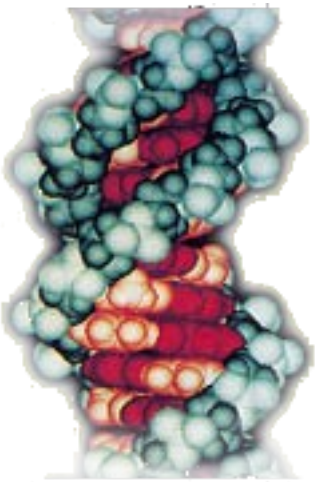
- redukcja tautologii i nieużytecznych sekcji
  - x1x1=x2x2/1= zostanie usunięte
  - x104> w przypadku MONKS zostanie usunięte
  - za tautologie jest uważana sekcja która jest prawdziwa dla wszystkich przykładów z obu zbiorów uczących
- normalizacja sekcji
  - x1x2< zamienia na x2x1> (analogicznie <=)
  - x1x0= zamienia x0x1= (analogicznie !=)
  - x2x1+x3= zamienia na x1x2+x3= (analogicznie *)
  - normalizacja wspomaga redukcje (nast. slajd)

REX kodowanie



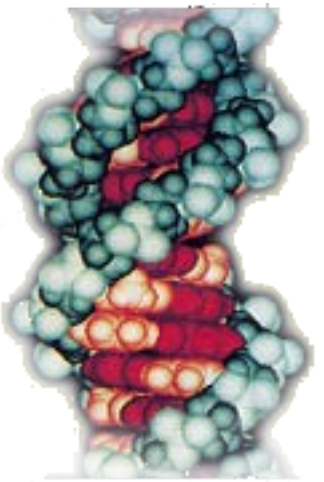
- redukcja identycznych lub pokrywających się sekcji
  - x0x1=x0x1= redukuje się do x0x1=
  - x0x1=x0x1} redukuje się do x0x1= (analogicznie {)
  - x0x1!x0x1> redukuje się do x0x1> (analogicznie <)
  - x0x1!x1x0> też będzie zredukowane
- Wyniki redukcji nie są wpisywane do chromosomu, ale osobniki z dużym redukowanym narzutem mają ograniczone możliwości rozwoju i utrudniają działanie AG.
- Za każdy znak usunięty podczas redukcji zmniejsza **współczynnik redukcji (WR)**, który jest proporcjonalny do ilości znaków usuniętych. Np. chromosom bez redukcji (WR=1.0), chromosom w połowie zredukowany (WR=0.5)

REX funkcja oceny



- Dla ocenianego osobnika wyznacza się:
  - procentowe pokrycie zbioru pozytywnych przykładów (**PP**), ta sama wartość wyrażona procentowo (**PPp**)
  - ilość omyłkowych przypadków w zbiorze negatywnych przykładów (**NP**), ta sama wartość wyrażona procentowo (**NPp**)
  - współczynnik redukcji (**WR**)
  - współczynnik wartości (**WW**):
    - średnia arytmetyczna z wartości typu relacji:
      - 1.0 dla = 0.9 dla <>
      - 0.8 dla {} 0.85 dla !

REX funkcja oceny

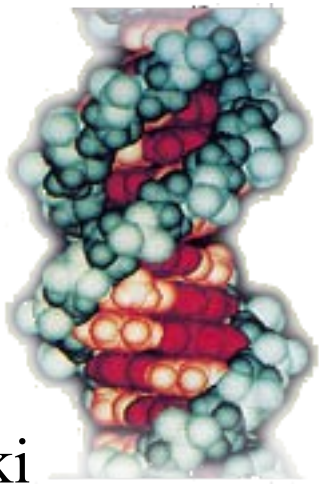


- Wartość oceny osobnika to:

$$PPp*(1-NPp)*sqrt(WR*WW)$$

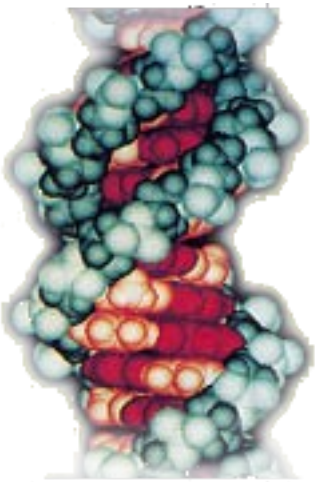
- Gdy system nie spodziewa się szumu w danych lub NP>PP/4 - całość jest dzielona przez NP+1
- Osobniki spełniające warunek NP>PP/4 dodatkowo mają doliczaną wartość 0.1 do współczynnika ścisku tak aby nie mogły być częścią rozwiązania
- Gdy system spodziewa się szumu w danych osobniki spełniające warunek PP=1 również mają doliczane 0.1 do ścisku aby wyeliminować słabo poparte formuły z rozwiązania

REX funkcja oceny



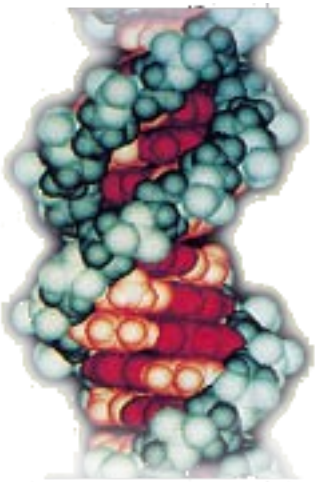
- Na sposób oceniania osobnika ma także wpływ sposób w jaki naliczany jest ścisk osobnikom podobnym
- Dla każdej populacji wyliczana jest wartość (**D**) będąca średnią z wartości dopasowania osobników stanowiących potencjalne rozwiązanie (PN=0,PP>0,ścisk=1.0)
- Tam gdzie różnica w ocenie osobników jest większa od D/400 ścisk nalicza się osobnikowi słabszemu
- Tam gdzie wartość ta jest poniżej D/400 ścisk nalicza się temu osobnikowi który:
  - ma mniej zmiennych w bloku
  - ma mniejsze pokrycie zbioru przykładów pozytywnych
  - ma więcej bloków
  - używa więcej znaków na stosie RPN

REX dalsze prace



- Ponowne testy M3 po zmianach związanych z testami M2
- Testy całości bez operatora %
- Testy bez górnych limitów dla liczby zmienianych osobników przez mutacje i krzyżowanie
- Inne benchmarki

To już wszystko!



Dziękuję za uwagę,
proszę o pytania i komentarze.

Marcin Borkowski
marcinbo@mini.pw.edu.pl