



ΑΡΙΣΤΟΤΕΛΕΙΟ ΠΑΝΕΠΙΣΤΗΜΙΟ ΘΕΣΣΑΛΟΝΙΚΗΣ
ΠΟΛΥΤΕΧΝΙΚΗ ΣΧΟΛΗ
ΤΜΗΜΑ ΑΓΡΟΝΟΜΩΝ ΚΑΙ ΤΟΠΟΓΡΑΦΩΝ ΜΗΧΑΝΙΚΩΝ
ΤΟΜΕΑΣ ΣΥΓΚΟΙΝΩΝΙΑΚΩΝ ΚΑΙ ΥΔΡΑΥΛΙΚΩΝ ΕΡΓΩΝ

ΕΞΟΜΟΙΩΣΗ ΤΗΣ ΛΕΙΤΟΥΡΓΙΑΣ ΛΕΚΑΝΗΣ ΑΠΟΡΡΟΗΣ ΜΕ ΓΕΝΕΤΙΚΟ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟ

Διπλωματική Εργασία

Γαϊσίδης Σάββας

A.E.M.: 5079

Επιβλέπων: Καθηγητής κ. Ε. Σιδηρόπουλος

Θεσσαλονίκη, Ιούλιος 2015

ΕΥΧΑΡΙΣΤΙΕΣ

Σε αυτό το σημείο θα ήθελα να ευχαριστήσω τον αναπληρωτή καθηγητή του Αριστοτελείου Πανεπιστημίου Θεσσαλονίκης κ. Σιδηρόπουλο Επαμεινώνδα, του οποίου οι γνώσεις αποδείχθηκαν υπερπολύτιμες και η καθοδήγηση του έως το τέλος της διπλωματικής, ιδιαίτερα σπουδαία. Επίσης, θέλω να ευχαριστήσω τον φίλο και συνάδελφο Κωνσταντίνο Τακατζόγλου για την βοήθεια του στο στήσιμο της παρουσίασης της διπλωματικής. Τέλος, θα ήθελα να ευχαριστήσω και την οικογένειά μου, οι οποίοι συμπαραστάθηκαν και μου παρείχαν αμέριστη στήριξη καθ' όλη τη διάρκεια των σπουδών μου.

ΠΙΝΑΚΑΣ ΠΕΡΙΕΧΟΜΕΝΩΝ

ΠΡΟΛΟΓΟΣ	8
ΠΕΡΙΛΗΨΗ	9
ABSTRACT	10
1 ΛΕΚΑΝΕΣ ΑΠΟΡΡΟΗΣ ΚΑΙ ΤΑΜΙΕΥΤΗΡΕΣ	11
1.1 ΕΙΣΑΓΩΓΗ	11
1.2 ΕΞΟΜΟΙΩΣΗ ΜΕ ΓΡΑΜΜΙΚΟΥΣ ΤΑΜΙΕΥΤΗΡΕΣ	15
1.2.1 ΜΟΝΤΕΛΟ VEN TE CHOW	15
1.2.2 ΜΟΝΤΕΛΟ ΜΕ ΔΙΑΦΟΡΕΤΙΚΟΥΣ ΤΑΜΙΕΥΤΗΡΕΣ ΚΑΙ ΑΓΝΩΣΤΟ ΑΡΙΘΜΟ ΤΑΜΙΕΥΤΗΡΩΝ	18
1.3 ΕΞΟΜΟΙΩΣΗ ΜΕ ΜΗ ΓΡΑΜΜΙΚΟΥΣ ΤΑΜΙΕΥΤΗΡΕΣ	20
1.3.1 ΜΟΝΤΕΛΟ SINGH V.P. & BUAPENG S.	20
1.3.2 ΓΕΝΕΤΙΚΟΣ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΣ ΓΙΑ ΕΠΙΛΥΣΗ ΜΗ ΓΡΑΜΜΙΚΟΥ ΣΥΣΤΗΜΑΤΟΣ ΤΑΜΙΕΥΤΗΡΩΝ ΑΓΝΩΣΤΟΥ ΑΡΙΘΜΟΥ	23
2 ΓΕΝΕΤΙΚΟΙ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΙ	29
2.1 ΕΙΣΑΓΩΓΗ	29
2.2 ΒΑΣΙΚΕΣ ΕΝΝΟΙΕΣ	30
2.3 ΙΔΙΟΤΗΤΕΣ ΓΕΝΕΤΙΚΩΝ ΑΛΓΟΡΙΘΜΩΝ	30
2.4 ΔΟΜΗ ΓΕΝΕΤΙΚΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ	31
2.5 ΛΕΙΤΟΥΡΓΙΑ ΑΠΛΟΥ ΓΕΝΕΤΙΚΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ	33
2.5.1 ΕΠΙΛΟΓΗ ΜΕΤΑΒΛΗΤΩΝ ΚΑΙ ΑΝΤΙΚΕΙΜΕΝΙΚΗΣ ΣΥΝΑΡΤΗΣΗΣ	34
2.5.2 ΠΛΗΘΥΣΜΟΣ.....	36
2.5.3 ΦΥΣΙΚΗ ΕΠΙΛΟΓΗ.....	36
2.5.4 ΔΙΑΣΤΑΥΡΩΣΗ.....	37
2.5.4.1 ΔΙΑΣΤΑΥΡΩΣΗ ΜΕ ΕΝΑ ΔΙΑΧΩΡΙΣΤΙΚΟ ΣΗΜΕΙΟ.....	38
2.5.4.2 ΔΙΑΣΤΑΥΡΩΣΗ ΜΕ ΔΥΟ ΔΙΑΧΩΡΙΣΤΙΚΑ ΣΗΜΕΙΑ	39
2.5.5 ΜΕΤΑΛΛΑΞΗ	40
2.5.5.1 ΣΗΜΕΙΑΚΗ ΜΕΤΑΛΛΑΞΗ.....	41
2.5.6 ΕΠΑΝΑΛΗΨΗ ΔΙΑΔΙΚΑΣΙΑΣ	41
2.6 ΓΕΝΕΤΙΚΟΣ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΣ ΜΕΤΑΒΛΗΤΟΥ ΜΗΚΟΥΣ ΧΡΩΜΟΣΩΜΑΤΩΝ	41
2.7 ΛΕΙΤΟΥΡΓΙΑ ΓΕΝΕΤΙΚΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ ΜΕΤΑΒΛΗΤΟΥ ΜΗΚΟΥΣ ΧΡΩΜΟΣΩΜΑΤΩΝ	43
2.7.1 ΤΡΟΠΟΠΟΙΜΕΝΗ ΔΙΑΣΤΑΥΡΩΣΗ.....	43
2.7.1.1 ΤΡΟΠΟΠΟΙΗΜΕΝΗ ΔΙΑΣΤΑΥΡΩΣΗ ΜΕ ΕΝΑ ΔΙΑΧΩΡΙΣΤΙΚΟ ΣΗΜΕΙΟ	43
2.7.1.2 ΤΡΟΠΟΠΟΙΗΜΕΝΗ ΔΙΑΣΤΑΥΡΩΣΗ ΜΕ ΔΥΟ ΔΙΑΧΩΡΙΣΤΙΚΑ ΣΗΜΕΙΑ.....	45
2.7.2 ΜΕΤΑΛΛΑΞΗ	48
2.7.2.1 ΕΙΣΑΓΩΓΗ ΤΜΗΜΑΤΟΣ.....	48
2.8 ΠΛΕΟΝΕΚΤΗΜΑΤΑ ΚΑΙ ΜΕΙΟΝΕΚΤΗΜΑΤΑ ΓΕΝΕΤΙΚΩΝ ΑΛΓΟΡΙΘΜΩΝ	48
2.8.1 ΠΛΕΟΝΕΚΤΗΜΑΤΑ	48
2.8.2 ΜΕΙΟΝΕΚΤΗΜΑΤΑ	50
3 ΕΦΑΡΜΟΓΗ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ - ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ	53
3.1 ΕΙΣΑΓΩΓΗ	53
3.2 ΠΡΟΤΕΙΝΟΜΕΝΟΣ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΣ	53
3.3 ΔΕΔΟΜΕΝΑ	54
3.4 ΕΦΑΡΜΟΓΗ	54
3.4.1 Γ.Α ΜΕΤΑΒΛΗΤΟΥ ΜΗΚΟΥΣ ΧΡΩΜΟΣΩΜΑΤΩΝ	54
3.4.2 ΑΠΛΟΣ Γ.Α.....	58

3.5 ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ	60
4 ΣΧΟΛΙΑ - ΣΥΜΠΕΡΑΣΜΑΤΑ.....	67
4.1 ΣΧΟΛΙΑ.....	67
4.2 ΣΥΜΠΕΡΑΣΜΑΤΑ	70
ΒΙΒΛΙΟΓΡΑΦΙΑ	71
ΠΑΡΑΡΤΗΜΑ Α	73

ΕΥΡΕΤΗΡΙΟ ΕΙΚΟΝΩΝ

ΚΕΦΑΛΑΙΟ 1

Εικόνα 1.1 Υδρολογική λεκάνη ή λεκάνη απορροής.....	11
Εικόνα 1.2 Τεχνητός ταμιευτήρας.....	12
Εικόνα 1.3 Υδρογράφημα απορροής.....	13
Εικόνα 1.4 Μοναδιαίο υδρογράφημα	14

ΚΕΦΑΛΑΙΟ 3

Εικόνα 3.1 Φόρμα εισαγωγής δεδομένων Γ.Α μεταβλητού μήκους χρωμοσωμάτων	55
Εικόνα 3.2 Μορφή δεδομένων εισόδου	56
Εικόνα 3.3 Ερώτηση για επανάληψη προγράμματος	57
Εικόνα 3.4 Μορφή αρχείου "results_variable.txt" Γ.Α μεταβλητού μήκους χρωμοσωμάτων	57
Εικόνα 3.5 Φόρμα εισαγωγής δεδομένων απλού Γ.Α	58
Εικόνα 3.6 Μορφή αρχείου "results.txt" απλού Γ.Α	59
Εικόνα 3.7 Μορφή αρχείου "max.txt" απλού Γ.Α	60

ΕΥΡΕΤΗΡΙΟ ΣΧΗΜΑΤΩΝ

ΚΕΦΑΛΑΙΟ 1

Σχήμα 1.1 Γραμμικοί ταμιευτήρες σε σειρά	15
Σχήμα 1.2 Ιστόγραμμα βροχόπτωσης	18
Σχήμα 1.3 Μη γραμμική υδρολογική συστοιχία με κατανεμημένη είσοδο	21
Σχήμα 1.4 Εξομοίωση λεκάνης απορροής με ένα ταμιευτήρα.....	24
Σχήμα 1.5 Συστοιχία μη γραμμικών ταμιευτήρων σε σειρά.....	26

ΚΕΦΑΛΑΙΟ 2

Σχήμα 2.1 Δομή ενός εξελικτικού προγράμματος (γενετικός αλγόριθμος).....	32
Σχήμα 2.2 Διάγραμμα ροής δυαδικού γενετικού αλγορίθμου	34
Σχήμα 2.3 Χρωμοσώματα-γονείς προς διασταύρωση.....	38
Σχήμα 2.4 Διασταύρωση με ένα διαχωριστικό σημείο	39
Σχήμα 2.5 Διασταύρωση με δύο διαχωριστικά σημεία	40
Σχήμα 2.6 Σημειακή μετάλλαξη	41
Σχήμα 2.7 Τυπικό χρωμόσωμα	44
Σχήμα 2.8 Τροποποιημένη διασταύρωση με ένα διαχωριστικό σημείο.....	45
Σχήμα 2.9 Τροποποιημένη διασταύρωση με δύο διαχωριστικά σημεία	47
Σχήμα 2.10 Μετάλλαξη με εισαγωγή τμήματος	48

ΚΕΦΑΛΑΙΟ 3

Σχήμα 3.1 Υδρογραφήματα μετρημένων και υπολογιζόμενων εκροών για τέσσερις ταμιευτήρες	62
---	----

Σχήμα 3.2 Υδρογραφήματα μετρημένων και υπολογιζόμενων εκροών για τρεις και πέντε ταμιευτήρες	64
Σχήμα 3.3 Διαφορές υδρογραφημάτων εξόδου με υδρογράφημα μετρημένων τιμών εκροών	65

ΚΕΦΑΛΑΙΟ 4

Σχήμα 4.1 Σύγκριση υδρογραφημάτων μετρημένων και υπολογιζόμενων εκροών	68
--	----

ΕΥΡΕΤΗΡΙΟ ΠΙΝΑΚΩΝ

ΚΕΦΑΛΑΙΟ 3

Πίνακας 3.1 Υδρολογικά στοιχεία εισόδου	54
Πίνακας 3.2 Αποτελέσματα Γ.Α μεταβλητού μήκους χρωμοσωμάτων	61
Πίνακας 3.3 Αποτελέσματα απλού Γ.Α (τέσσερις ταμιευτήρες)	61
Πίνακας 3.4 «Βέλτιστες» τιμές παραμέτρων ταμιευτήρων.....	62
Πίνακας 3.5 Αποτελέσματα απλού Γ.Α (τρεις ταμιευτήρες).....	63
Πίνακας 3.6 Αποτελέσματα απλού Γ.Α (πέντε ταμιευτήρες).....	63

ΚΕΦΑΛΑΙΟ 4

Πίνακας 4.1 Καλύτερες τιμές αντικειμενικής συνάρτησης απλού Γ.Α (τέσσερις ταμιευτήρες) ...	67
Πίνακας 4.2 Αποτελέσματα απλού Γ.Α (περιορισμένο διάστημα αναζήτησης)	68
Πίνακας 4.3 Νέες καλύτερες τιμές αντικειμενικής συνάρτησης απλού Γ.Α (τέσσερις ταμιευτήρες)	69
Πίνακας 4.4 Καλύτερες τιμές αντικειμενικής συνάρτησης απλού Γ.Α (τέσσερις ταμιευτήρες, 10000 γενιές)	69

ΠΡΟΛΟΓΟΣ

Η παρούσα διπλωματική εργασία εκπονήθηκε στον τομέα Συγκοινωνιακών και Υδραυλικών Έργων του Τμήματος Αγρονόμων και Τοπογράφων Μηχανικών (TATM) της Πολυτεχνικής Σχολής του Αριστοτελείου Πανεπιστημίου Θεσσαλονίκης. Ο σκοπός της, είναι η εκμετάλλευση και εφαρμογή της θεωρίας των Γενετικών Αλγορίθμων, πάνω σε ένα υδρολογικό πρόβλημα, ως μέσο βελτιστοποίησης του.

ΠΕΡΙΛΗΨΗ

Ο στόχος της παρούσας διπλωματικής εργασίας είναι η βέλτιστη προσαρμογή μιας λεκάνης απορροής με μια σειρά ταμιευτήρων το οποίο αποτελεί πρόβλημα επιφανειακής υδρολογίας. Για την βελτιστοποίηση εφαρμόστηκε η μέθοδος των Γενετικών Αλγορίθμων. Τα προγράμματα που δημιουργήθηκαν, δίνουν την δυνατότητα εύρεσης του βέλτιστου αριθμού ταμιευτήρων όπως επίσης και των τιμών των παραμέτρων που εκφράζουν τους ταμιευτήρες αυτούς.

Αρχικά, στο πρώτο κεφάλαιο γίνεται αναφορά του προβλήματος που αντιμετωπίζεται, όπως επίσης και αναφορά σε διάφορα μοντέλα τα οποία έχουν αναπτυχθεί για την εξομοίωσης λεκανών απορροής, από διάφορους μελετητές.

Στο επόμενο κεφάλαιο, γίνεται μια περιγραφή της θεωρίας των Γενετικών Αλγορίθμων. Αναφέρονται αναλυτικά οι ιδιότητες τους, η δομή τους όπως επίσης και όλοι εκείνοι οι παράγοντες οι οποίοι παίζουν καθοριστικό ρόλο στην λειτουργία τους. Επίσης, αναφέρεται και τονίζεται η σημασία των Γενετικών Αλγορίθμων με μεταβλητό μήκος χρωμοσωμάτων, οι οποίοι παρόλο τα πλεονεκτήματά τους, δεν εφαρμόζονται συχνά σε πολύπλοκα και πολυδιάστατα προβλήματα βελτιστοποίησης.

Στο τρίτο κεφάλαιο παρουσιάζονται και μελετώνται τα αποτελέσματα που προκύπτουν από την εφαρμογή των αλγορίθμων. Ακόμη γίνονται συγκρίσεις μεταξύ των αποτελεσμάτων και προτείνεται η βέλτιστη λύση.

Στο τελευταίο κεφάλαιο, δίδονται κάποιες ερμηνείες σχετικά με ορισμένες «αδυναμίες» των Γενετικών Αλγορίθμων και καταλήγει σε γενικά συμπεράσματα από την εφαρμογή τους.

Συμπερασματικά, στην προκείμενη διπλωματική, γίνεται μια ενδιαφέρουσα εφαρμογή των γενετικών αλγορίθμων σε πρόβλημα εξομοίωσης της λειτουργίας λεκάνης απορροής. Ειδικότερα εφαρμόζεται γενετικός αλγόριθμος με μεταβλητό μήκος χρωμοσώματος και έτσι αντιμετωπίζεται και ο

προσδιορισμός της διάστασης του προβλήματος, πέρα από τον κλασικό προσδιορισμό των βέλτιστων τιμών των παραμέτρων.

ABSTRACT

The objective of this diploma thesis is the optimal adjustment of a watershed model, which consists in the representation of the watershed by a series of non-linear reservoirs. For the optimization the method of Genetic Algorithms has been chosen. The programs that were created, give the possibility of finding the best number of reservoirs and also the values of the parameters that characterize these reservoirs.

Initially, in the first chapter a reference is made to the problem being treated, as well as a report on models which have been developed by various researchers for the simulation of watersheds.

In the next chapter, the theory of Genetic Algorithms is outlined. Details are given of their properties, their structure and also all those factors that play a key role in their function. Moreover, special note is made of Genetic Algorithms with variable length chromosomes, which despite their advantages, are not frequently applied to complex and multidimensional optimization problems.

The third chapter presents and studies the results obtained from the application of the algorithms. Also comparisons are made among the results obtained, leading to the selection of the optimal solution.

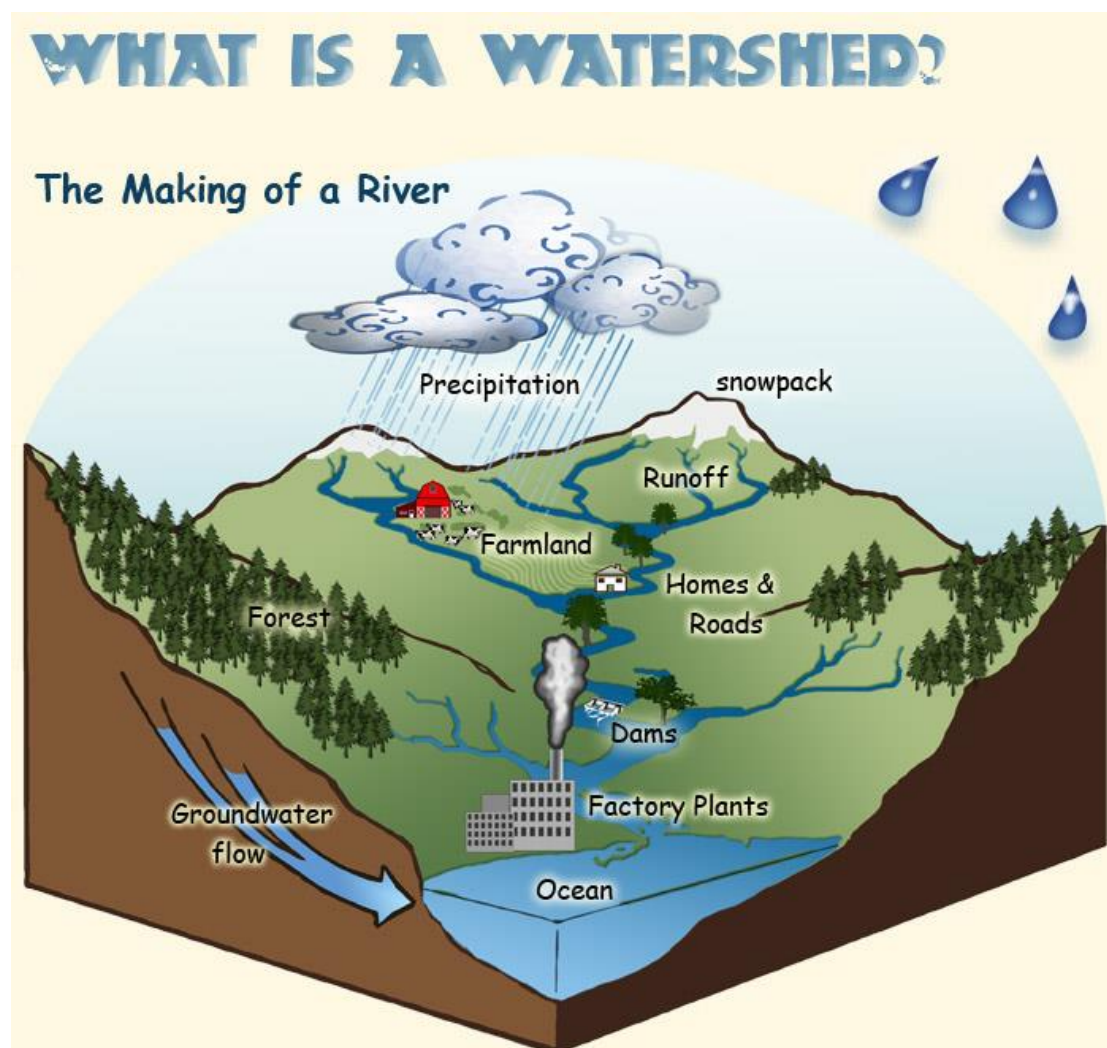
In the last chapter, some interpretations are given on certain "weaknesses" of Genetic Algorithms and in the end general conclusions are drawn.

In conclusion, this diploma thesis presents an interesting application of genetic algorithms to a problem of simulating the function of a watershed. Specifically, a genetic algorithm is applied with a variable length chromosome and, in this way, the dimension of the problem is determined, beyond the classical determination of optimal parameter values.

1 ΛΕΚΑΝΕΣ ΑΠΟΡΡΟΗΣ ΚΑΙ ΤΑΜΙΕΥΤΗΡΕΣ

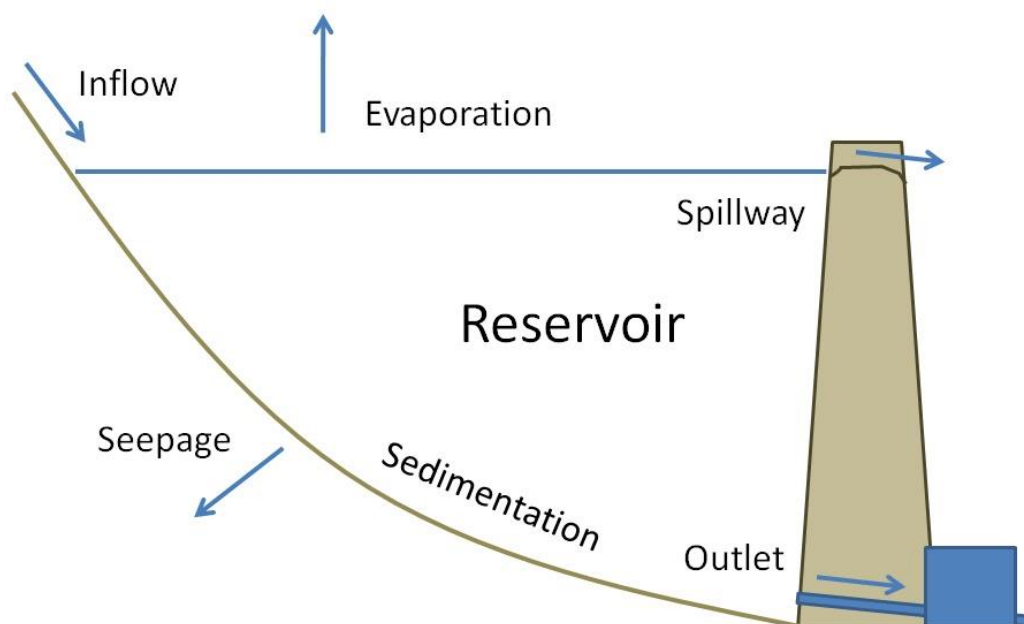
1.1 ΕΙΣΑΓΩΓΗ

Η **λεκάνη απορροής** ή **υδρολογική λεκάνη** είναι η οριζόντια προβολή περιοχής, το υδρογραφικό δίκτυο της οποίας καταλήγει σε τυχούσα διατομή υδατορρεύματος (Δερμίσης Β. Δ. 2013) (Εικόνα 1.1).



Εικόνα 1.1 Υδρολογική λεκάνη ή λεκάνη απορροής
(<http://uown.org/Pictures/watershed.jpg>)

Ο **ταμιευτήρας** είναι μια υδραυλική κατασκευή που προορίζεται για αποθήκευση του νερού. Αποτελεί ένα «σύστημα» το οποίο δέχεται ένα σύνολο παροχών νερού από τη λεκάνη απορροής (εισερχόμενες ποσότητες), τις επεξεργάζεται, διαμορφώνει, φιλτράρει και αποδίδει τις εκροές (εξερχόμενες ποσότητες) από τον ταμιευτήρα (Δερμίσης Β. Δ. 2013) (Εικόνα 1.2).

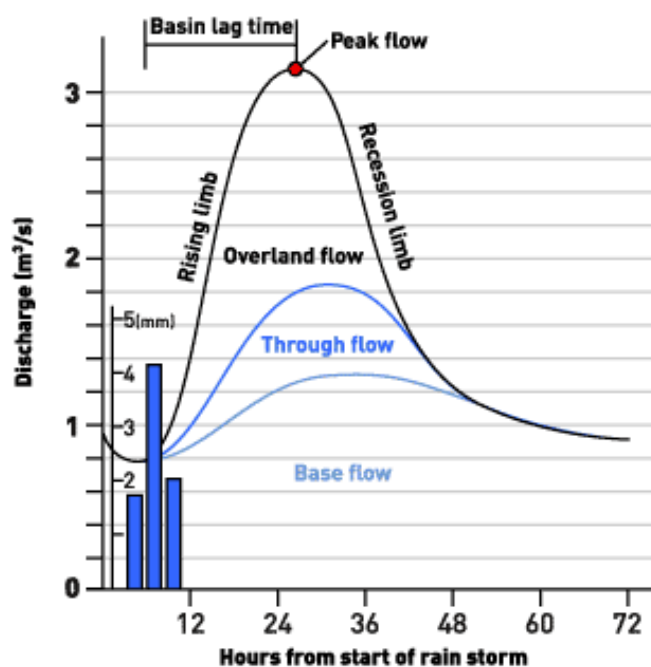


Εικόνα 1.2 Τεχνητός ταμιευτήρας

(<http://3.bp.blogspot.com/-28D07aluln0/TZT3CGSc2-I/AAAAAAAABNs/fMz9s42K9JI/s1600/Reservoir.bmp>)

Μια υδρολογική λεκάνη μπορεί να εξομοιωθεί από ένα σύστημα ταμιευτήρων. Η εξομοίωση αυτή μπορεί να περιλαμβάνει μια αλληλουχία γραμμικών ή μη γραμμικών ταμιευτήρων. Το πρόβλημα το οποίο θα αντιμετωπίσουμε αφορά στην βέλτιστη εξομοίωση της λεκάνης απορροής με ένα σύστημα μη γραμμικών ταμιευτήρων, το οποίο εκφράζει μια πιο ρεαλιστική συμπεριφορά έναντι του συστήματος γραμμικών ταμιευτήρων. Προτού όμως προχωρήσουμε σε εκτενέστερη ανάλυση, ας κάνουμε μια αναφορά σε κάποιες ακόμα βασικές έννοιες για να κατανοήσουμε την συμπεριφορά τους.

Υδρογράφημα απορροής (Υ.Α): Υδρογράφημα απορροής είναι η γραφική παράσταση παροχής - χρόνου σ' ένα σημείο του ποταμού ή υδατορρεύματος που δέχεται τα νερά της απορροής της υπό εξέταση λεκάνης (Σιδηρόπουλος Ε. και Τολίκας Δ.) (Εικόνα 1.2).



Εικόνα 1.3 Υδρογράφημα απορροής

(<http://www.bbc.co.uk/staticarchive/d7058eb1da075973f99bfff1273051f8fad79c99.gif>)

Βροχογράφημα ή ιστόγραμμα βροχόπτωσης (I.B): Το βροχογράφημα ή ιστόγραμμα βροχόπτωσης είναι η γραφική παράσταση της βροχής που πέφτει σε μια λεκάνη απορροής ή υπολεκάνη συναρτήσει του χρόνου.

(<http://users.auth.gr/vmarios/courses/UH.pdf>)

Μοναδιαίο υδρογράφημα (M.Y): Οι πρώτες ιδέες για την ανάπτυξη της θεωρίας του μοναδιαίου υδρογραφήματος διατυπώθηκαν από τον Folse (1929) και η θεμελίωση του ολοκληρώθηκε από τον Sherman (1932). Μοναδιαίο υδρογράφημα λεκάνης απορροής ορίζεται το υδρογράφημα της απευθείας απορροής που είναι αποτέλεσμα μοναδιαίας (1cm ή 1mm) βροχόπτωσης ομοιόμορφα κατανεμημένης σε όλη τη λεκάνη και με ομοιόμορφη ένταση σε μια ορισμένη περίοδο χρόνου (Δερμίσσης Β. Δ. 2013) (Εικόνα 1.4).

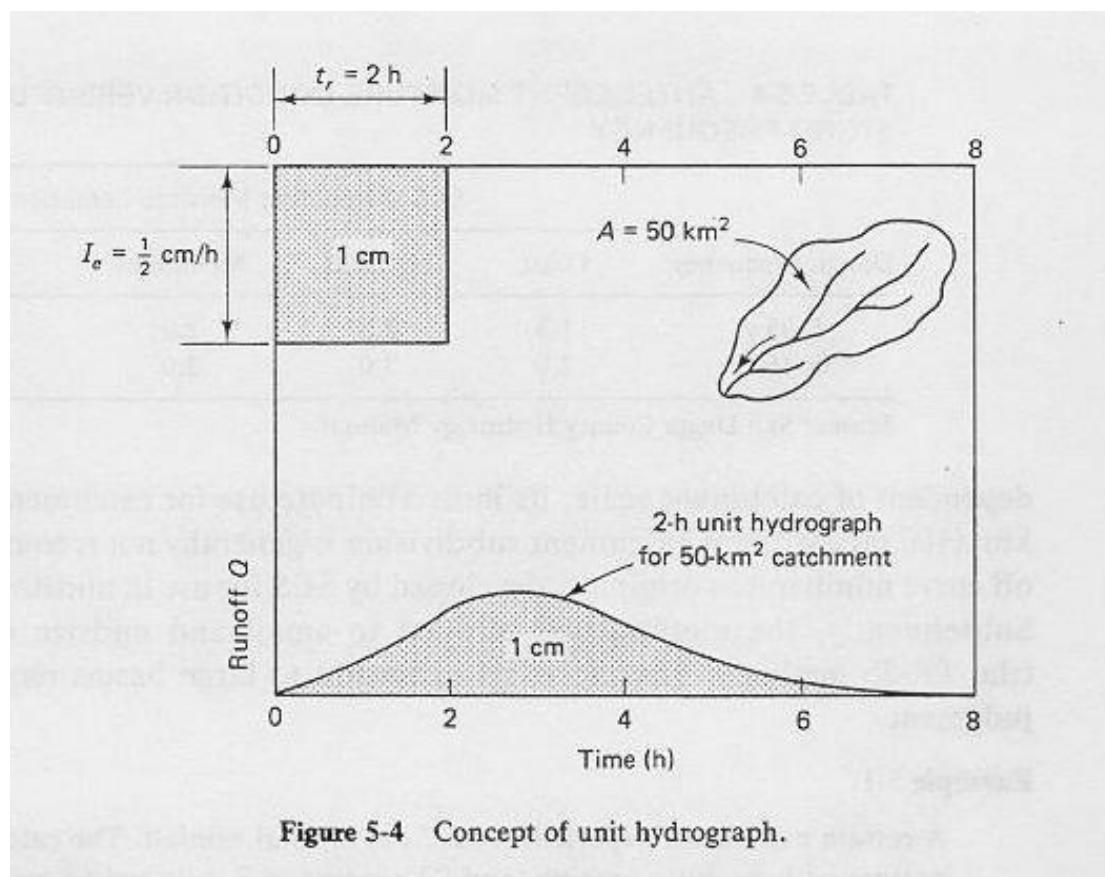


Figure 5-4 Concept of unit hydrograph.

Εικόνα 1.4 Μοναδιαίο υδρογράφημα

(<http://ponce.sdsu.edu/textbookhydrology168cropped.jpg>)

Στιγμιαίο μοναδιαίο υδρογράφημα (Σ.Μ.Υ): Αν η βροχή συγκεντρώσει απότομα, δηλαδή σε χρονικό διάστημα που τείνει στο μηδέν, ύψος βροχής μίας μονάδας (1cm ή 1mm) τότε αυτή η βροχόπτωση ορίζει την έννοια της «στιγμιαίας» μοναδιαίας βροχόπτωσης. Το υδρογράφημα που αντιστοιχεί σε αυτήν την βροχόπτωση ονομάζεται στιγμιαίο μοναδιαίο υδρογράφημα. (<http://users.auth.gr/vmarios/courses/UH.pdf>)

Στις επόμενες ενότητες θα αναλύσουμε μοντέλα τα οποία έχουν αναπτυχθεί και εφαρμοστεί από διάφορους μελετητές για την εξομείωση των λεκανών απορροής με μια αλληλουχία ταμιευτήρων. Επίσης, στην τελευταία ενότητα του κεφαλαίου αυτού θα γίνει ανάλυση του μοντέλου που μελετάται στην παρούσα διπλωματική.

1.2 ΕΞΟΜΟΙΩΣΗ ΜΕ ΓΡΑΜΜΙΚΟΥΣ ΤΑΜΙΕΥΤΗΡΕΣ

1.2.1 ΜΟΝΤΕΛΟ VEN TE CHOW

Όπως αναφέρεται στο βιβλίο των Ven te Chow et al (1988), ένας γραμμικός ταμιευτήρας είναι ένας του οποίου η αποθήκευση S σχετίζεται γραμμικά με την έξοδο Q , μέσω της σταθεράς αποθήκευσης k , η οποία έχει την διάσταση του χρόνου, αφού το S εκφράζει όγκο και το Q ρυθμό ροής.

$$S = kQ \quad (1.1)$$

Ένα υδατικό σύστημα διέπεται από την εξίσωση αποθήκευσης:

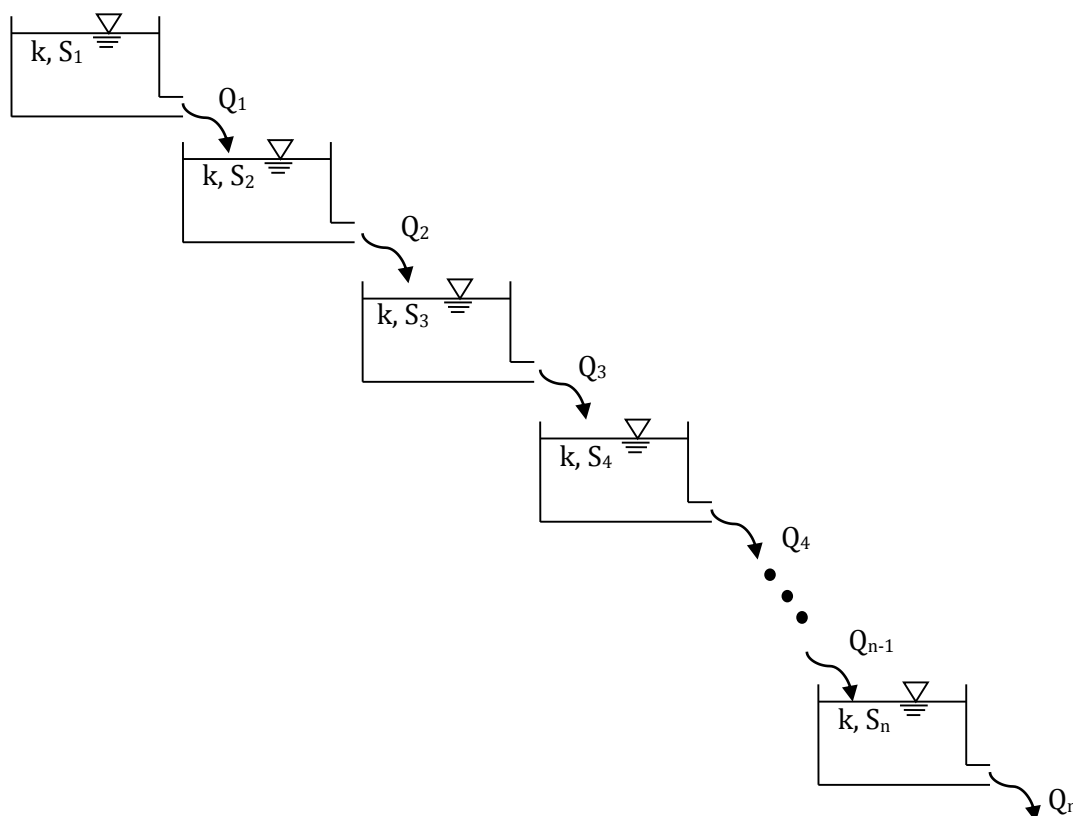
$$\frac{dS}{dt} = I - Q \quad (1.2)$$

όπου, I : η εισερχόμενη ποσότητα

Q : η εξερχόμενη ποσότητα/ρυθμός ροής

$\frac{dS}{dt}$: η μεταβολή του όγκου αποθηκευμένου νερού ΔS σε χρονικό

διάστημα Δt , όταν $\Delta t \rightarrow 0$.



Σχήμα 1.1 Γραμμικοί ταμιευτήρες σε σειρά

Σύμφωνα με την ορολογία της Μηχανικής των ταλαντώσεων, την είσοδο I μπορούμε να την ονομάσουμε **διέγερση** και την έξοδο Q **απόκριση** του συστήματος. Αν η διέγερση ασκείται μέσα σε απειροελάχιστο χρόνο, είναι δηλαδή στιγμιαία, τότε ονομάζεται **ώθηση**. Στην περίπτωση του ταμιευτήρα μια ώθηση συνίσταται στη στιγμιαία είσοδο μιας ποσότητας νερού, ενώ στην περίπτωση της λεκάνης απορροής, ώθηση θεωρείται η στιγμιαία κάλυψη της λεκάνης με μία πλάκα νερού ομοιόμορφου πάχους.

Η συνολική απόκριση Q , που οφείλεται σε ένα συνδυασμό ωθήσεων, δίνεται από τον εξής τύπο, ορισμένου ολοκληρώματος:

$$Q = Q(t) = \int_0^t u(t - \tau) I(\tau) d\tau \quad (1.3)$$

όπου, $u(t - \tau)$: στιγμιαία μοναδιαία απόκριση

Μια λεκάνη απορροής μπορεί να παρασταθεί από μια σειρά n όμοιων γραμμικών ταμιευτήρων, με τον καθένα να έχει την ίδια σταθερά αποθήκευσης k (Σχήμα 1.1). Όταν εισάγουμε μια μονάδα όγκου μέσα στους n γραμμικούς ταμιευτήρες, μπορούμε να εξάγουμε ένα μαθηματικό μοντέλο για το στιγμιαίο μοναδιαίο υδρογράφημα. Η αντίστοιχη απόκριση για αυτό είναι η παρακάτω:

$$u(t - \tau) = \frac{1}{k} e^{-\frac{t-\tau}{k}}$$

Αυτή εκφράζει την έξοδο από τον πρώτο ταμιευτήρα και η οποία θα αποτελεί την είσοδο $I(\tau)$ για τον δεύτερο ταμιευτήρα, με το $t - \tau$ να αντικαθίσταται από το τ :

$$I(\tau) = \frac{1}{k} e^{-\frac{\tau}{k}}$$

Σύμφωνα με την συνάρτηση (1.3) που δίνει την έξοδο από τον δεύτερο ταμιευτήρα και τις παραπάνω δυο σχέσεις θα έχουμε:

$$\begin{aligned} Q_2(t) &= \int_0^t I(\tau) u(t - \tau) d\tau \\ &= \int_0^t \left(\frac{1}{k}\right) e^{-\tau/k} \frac{1}{k} e^{-(t-\tau)/k} d\tau \end{aligned}$$

$$= \frac{1}{k^2} e^{-t/k}$$

Η έξοδος τότε χρησιμοποιείται σαν είσοδος από τον τρίτο ταμιευτήρα. Συνεχίζοντας αυτή την διαδικασία, θα αποδώσει την έξοδο Q_n από τον n -οστό ταμιευτήρα ως:

$$Q_n(t) = \frac{1}{k\Gamma(n)} \left(\frac{t}{k}\right)^{n-1} e^{-t/k} \quad (1.4)$$

όπου, $\Gamma(n) = (n-1)!$

Οι άγνωστες ποσότητες στην εξίσωση (1.4), δηλαδή ο αριθμός των ταμιευτήρων n και οι σταθερές παράμετροι k , θα πρέπει να υπολογιστούν με κάποια μέθοδο, η οποία αναλύεται στη συνέχεια.

Μπορεί να αποδειχθεί ότι οι πρώτες και οι δεύτερες ροπές του στιγμιαίου μοναδιαίου υδρογραφήματος (Σ.Μ.Υ) κοντά στον χρόνο αναφοράς $t = 0$ είναι αντίστοιχα:

$$\begin{aligned} M_1 &= nk \\ M_2 &= n(n+1)k^2 \end{aligned}$$

Η πρώτη ροπή M_1 αντιπροσωπεύει την χρονική καθυστέρηση του κέντρου βάρους, της περιοχής κάτω του Σ.Μ.Υ. Για να εφαρμοστεί το Σ.Μ.Υ στο ορισμένο ολοκλήρωμα (1.3) ώστε να συσχετιστεί το ιστόγραμμα βροχόπτωσης (Ι.Β) και το υδρογράφημα άμεσης απορροής (Υ.Α), απαιτείται βάση της αρχής της γραμμικότητας, το κάθε απειροελάχιστο στοιχείο του (Ι.Β) να παράγει τα αντίστοιχα του Υ.Α με τον ίδιο χρόνο καθυστέρησης. Με άλλα λόγια, η διαφορά χρόνου μεταξύ των κέντρων βάρους των περιοχών κάτω από τα Ι.Β και Υ.Α να ισούνται με M_1 .

Με την μέθοδο των ροπών, οι τιμές των k και n , μπορούν να υπολογισθούν από έναν δοθέν Ι.Β και Υ.Α, παρέχοντας έτσι έναν απλό αλλά προσεγγιστικό υπολογισμό του Σ.Μ.Υ όπως εκφράστηκε στην εξίσωση (1.4). Αν M_{I_1} , είναι η πρώτη ροπή του Ι.Β για τον χρόνο αναφοράς διαιρεμένο με την συνολική ωφέλιμη βροχόπτωση και M_{Q_1} , είναι η πρώτη ροπή του Υ.Α για τον χρόνο αναφοράς διαιρεμένο με την άμεση συνολική απορροή, τότε:

$$M_{Q_1} - M_{I_1} = nk \quad (1.5)$$

Αν M_{I_2} , είναι η δεύτερη ροπή του Ι.Β σχετικά με τον χρόνο αναφοράς διαιρεμένο με το συνολικό πλεόνασμα των βροχοπτώσεων και M_{Q_2} , είναι η δεύτερη ροπή του Υ.Α σχετικά με το χρόνο αναφοράς διαιρεμένο με την άμεση συνολική απορροή, μπορεί να αποδειχθεί ότι:

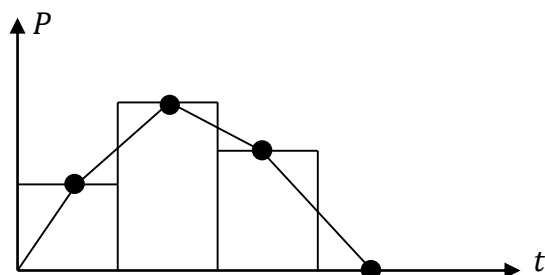
$$M_{Q_2} - M_{I_2} = n(n+1)k^2 + 2nkM_{I_1} \quad (1.6)$$

Από τη στιγμή που οι τιμές των M_{I_1} , M_{Q_1} , M_{I_2} και M_{Q_2} μπορούν να υπολογιστούν από συγκεκριμένα υδρολογικά δεδομένα, οι τιμές των k και n μπορούν επίσης να υπολογιστούν λύνοντας το σύστημα των εξισώσεων (1.5) και (1.6). Για ακρίβεια στον υπολογισμό, θα πρέπει να χρησιμοποιούνται μικρά χρονικά διαστήματα και πολλά ψηφία.

1.2.2 ΜΟΝΤΕΛΟ ΜΕ ΔΙΑΦΟΡΕΤΙΚΟΥΣ ΤΑΜΙΕΥΤΗΡΕΣ ΚΑΙ ΑΓΝΩΣΤΟ ΑΡΙΘΜΟ ΤΑΜΙΕΥΤΗΡΩΝ

Στο άρθρο που συντάχθηκε, προς τιμή του Ομότιμου καθηγητή κ. Τολίκα Δ. από τον αναπληρωτή καθηγητή κ. Σιδηρόπουλο Ε. (2013), αναλύεται η χρήση ενός μοντέλου γραμμικών ταμιευτήρων, του οποίου οι παράμετροι k δεν είναι όμοιες στους ταμιευτήρες και ο αριθμός αυτών άγνωστος.

Όπως περιγράφηκε, η λειτουργία μιας λεκάνης απορροής μπορεί να εξομοιωθεί από μια αλληλουχία n γραμμικών ταμιευτήρων, όπως αυτοί εκφράζονται από τη σχέση (1.1). Έστω ότι ο πρώτος ταμιευτήρας παραλαμβάνει την βροχόπτωση η οποία περιγράφεται από ένα ιστόγραμμα $P_j, j = 1, 2, \dots, J_0$ (Σχήμα 1.2).



Σχήμα 1.2 Ιστόγραμμα βροχόπτωσης

Το συνελικτικό ολοκλήρωμα της εξίσωσης (1.3) μπορεί να γραφεί σε διακριτικοποιημένη μορφή ως εξής:

$$Q(t) = \sum_{j=1}^{J_0} [(P_j \Delta \tau) u(k; t - t_j)] \quad (1.7)$$

όπου, $u(k; t - t_j) = e^{-t/k}/k$

k : η σταθερά του ταμιευτήρα

$t_j = (j - 1/2)\Delta \tau$

Στην παραπάνω παράσταση υποτίθεται ότι το ιστόγραμμα της βροχόπτωσης διοδεύεται μέσα από τον γραμμικό ταμιευτήρα και δίνει ως αποτέλεσμα την απορροή $Q(t)$. Αν η διόδευση λάβει χώρα μέσα από διαδοχικούς ταμιευτήρες, από τους οποίους ο πρώτος δέχεται τη βροχόπτωση, ο δεύτερος δέχεται ως εισροή την εκροή του πρώτου κ.ο.κ., τότε ο τελευταίος θεωρείται ότι αποδίδει ως έξοδο την απορροή της λεκάνης. Αν οι ταμιευτήρες αυτοί χαρακτηρίζονται από την ίδια σταθερά, τότε προκύπτει ο γνωστός από τα διδακτικά βιβλία Υδρολογίας τύπος του Σ.Μ.Υ. Όταν όμως υποτεθούν διαφορετικές τιμές των συντελεστών k των επί μέρους ταμιευτήρων, τότε η έξοδος του n -οστού ταμιευτήρα μπορεί να παρασταθεί, με βάση την εξίσωση (1.7), ως εξής:

$$q_i^{(m)} = q_i^{(m)}(t_i) = \sum_{j=1}^{J_{m-1}} \left[(q_j^{(m-1)} \Delta \tau) u(k_m; t_i - (j - 1/2) \Delta \tau) \right] \quad (1.8)$$

για $m = 1, 2, \dots, n$ και $t_i = i \Delta \tau$, $i = 0, 1, 2, \dots$

όπου, n : ο αριθμός των ταμιευτήρων

k_m : η σταθερά του m -ταμιευτήρα

J_m : είναι ο μεγαλύτερος δείκτης j για τον οποίο ισχύει $q_j > 0$

$q_j^{(0)} = P_j$, $j=1, 2, \dots, J_0$

Η απορροή της λεκάνης είναι ίση με $Q_j = q_j^{(n)}$, $j=1, 2, \dots, J_n$ (1.9)

Για τον προσδιορισμό των τιμών των παραμέτρων $k_1, k_2, \dots, k_n$ επιλέγεται το κριτήριο των ελαχίστων τετραγώνων. Πιο συγκεκριμένα ελαχιστοποιείται το μέσο άθροισμα των τετραγώνων των διαφορών ανάμεσα στην απορροή που υπολογίζεται και σε αυτήν που προέρχεται από μετρήσεις βάσει των βροχοπτώσεων. Οπότε η αντικειμενική συνάρτηση ελαχιστοποίησης f διαμορφώνεται ως:

$$f(k_1, k_2, \dots, k_n) = \sum_{j=1}^J (Q_j - Q_{\mu j})^2 / J$$

όπου, $J : \max\{J_\mu, J_n\}$

Q_j , $j=1, 2, \dots, J_n$: η απορροή που υπολογίζεται βάσει του τύπου (1.9)

$Q_{\mu j}$, $j=1, 2, \dots, J_\mu$: η απορροή που προέρχεται από μετρήσεις ταυτόχρονες με εκείνες της βροχόπτωσης P_j , $j=1, 2, \dots, J_0$

Η συνάρτηση f ορίζει ένα απλό πρόβλημα βελτιστοποίησης, αφού είναι μια συνάρτηση n συνεχόμενων μεταβλητών. Στη συγκεκριμένη μελέτη, ο αριθμός n των ταμιευτήρων θεωρείται άγνωστος και έτσι το πρόβλημα αποκτά μια επιπλέον δυσκολία, διότι η διάστασή του, γίνεται ένα από τα ζητούμενα.

Για την επίλυση αυτού του προβλήματος, χρησιμοποιείται ο γενετικός αλγόριθμος μεταβλητού μήκους χρωμοσωμάτων, ο οποίος μπορεί να ενσωματώσει και την εύρεση των «βέλτιστων» τιμών των παραμέτρων k_m αλλά και τον «βέλτιστο» αριθμό ταμιευτήρων n . Ο τρόπος με τον οποίο λειτουργεί ένας τέτοιος αλγόριθμος, παρουσιάζεται στο επόμενο κεφάλαιο.

1.3 ΕΞΟΜΟΙΩΣΗ ΜΕ ΜΗ ΓΡΑΜΜΙΚΟΥΣ ΤΑΜΙΕΥΤΗΡΕΣ

1.3.1 ΜΟΝΤΕΛΟ SINGH V.P. & BUAPENG S.

Τις τελευταίες δεκαετίες έχει αρχίσει να παρατηρείται μια μεγάλη ποικιλία για μοντελοποίηση απορροών μέσω μη γραμμικών μεθόδων. Από αυτά, τα μοντέλα αποθήκευσης φαίνεται να έχουν την περαιτέρω απήχηση και πολλοί είναι αυτοί που έχουν ασχοληθεί με αυτά. Στο παρόν κεφάλαιο θα αναλύσουμε το μοντέλο που αναπτύχθηκε στην μελέτη των Singh V.P. & Buapeng S. (1981). Όπως όλα τα μοντέλα αποθήκευσης, έτσι και αυτό βασίζεται σε κάποιες αρχές που είναι κυρίως:

1. Η χωρική συγκεντρωτική μορφή της εξίσωσης συνέχειας
2. Η σχέση αποθήκευσης-εκροής

Η διαφορά όλων των μοντέλων προσομοίωσης που έχουν αναπτυχθεί έγκειται περισσότερο στην σχέση αποθήκευσης και εκροής. Επίσης, η γεωμετρία των λεκανών απορροής δεν λαμβάνεται υπόψη καθώς επίσης και η χωρική μεταβλητότητα της βροχόπτωσης.

Όπως και στην περίπτωση των γραμμικών ταμιευτήρων, έτσι και εδώ, η λεκάνη απορροής μπορεί να παρασταθεί από μια αλληλουχία ταμιευτήρων μη γραμμική μορφής. Οι εξισώσεις που διέπουν ένα μη γραμμικό ταμιευτήρα είναι μια χωρική εξίσωση συνέχειας και μια μη γραμμική σχέση εκροής - αποθήκευσης, οι οποίες μπορούν να γραφούν αντίστοιχα:

$$\begin{aligned} p &= q + ds/dt \\ q &= ks^x \end{aligned} \quad (1.10)$$

όπου, p : η εισροή στον ταμιευτήρα

q : η εκροή από τον ταμιευτήρα

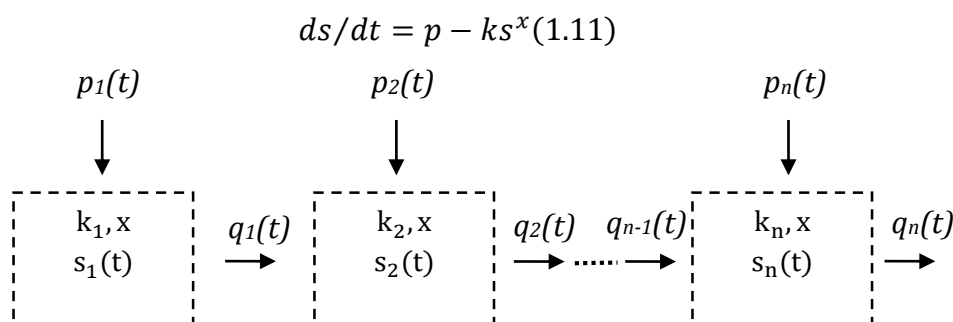
s : ο όγκος αποθήκευσης στον ταμιευτήρα

ds/dt : η μεταβολή της αποθήκευσης στον ταμιευτήρα

k : χαρακτηριστική παράμετρος αποθήκευσης

x : δείκτης μη γραμμικότητας

Βάση των δυο εξισώσεων (1.10) καταλήγουμε στην ακόλουθη, η οποία συνδυάζει την εισροή και την αποθήκευση:



Σχήμα 1.3 Μη γραμμική υδρολογική συστοιχία με κατανεμημένη είσοδο

Η μη γραμμική συστοιχία (Σχήμα 1.3) μπορεί να παρασταθεί με ένα σύστημα εξισώσεων (1.12)

$$\left(\begin{array}{l} ds_1/dt = p_1 - k_1 s_1^x \\ ds_2/dt = p_2 + k_1 s_1^x - k_2 s_2^x \\ \vdots \\ ds_{n-1}/dt = p_{n-1} + k_{n-2} s_{n-2}^x - k_{n-1} s_{n-1}^x \\ ds_n/dt = p_n + k_{n-1} s_{n-1}^x - k_n s_n^x \end{array} \right) \quad (1.12)$$

Το n στο παραπάνω σύστημα αντιπροσωπεύει τον αριθμό των ταμιευτήρων. Παρατηρούμε πως η τιμή των x παραμένει σταθερή από τον ένα ταμιευτήρα στον άλλο, ενώ η τιμή των k μεταβάλλεται. Οι εξισώσεις του παραπάνω συστήματος μπορούν να γραφούν πιο εύκολα με τη βοήθεια πινάκων ως εξής:

$$\dot{S} = P + KBS \quad (1.13)$$

όπου,

$$\dot{S} = \begin{bmatrix} ds_1/dt \\ ds_2/dt \\ \vdots \\ ds_{n-1}/dt \\ ds_n/dt \end{bmatrix}, \quad P = \begin{bmatrix} p_1 \\ p_2 \\ \vdots \\ p_{n-1} \\ p_n \end{bmatrix}, \quad K = \begin{bmatrix} k_1 \\ k_2 \\ \vdots \\ k_{n-1} \\ k_n \end{bmatrix}, \quad S = \begin{bmatrix} s_1 \\ s_2 \\ \vdots \\ s_{n-1} \\ s_n \end{bmatrix}$$

$$B = \begin{bmatrix} s_1^{x-1} & 0 & 0 & \dots & 0 & 0 \\ s_1^{x-1} & -s_2^{x-1} & 0 & \dots & 0 & 0 \\ 0 & s_2^{x-1} & -s_3^{x-1} & \dots & 0 & 0 \\ \vdots & \vdots & \vdots & & \vdots & \vdots \\ 0 & 0 & 0 & & s_{n-1}^{x-1} & -s_n^{x-1} \end{bmatrix}$$

Η σχέση μεταξύ αποθήκευσης - εκροής για την λεκάνη απορροής μπορεί να εκφραστεί από την παρακάτω σχέση πινάκων:

$$Q = KCS \quad (1.14)$$

όπου,

$$Q = \begin{bmatrix} q_1 \\ q_2 \\ \vdots \\ q_{n-1} \\ q_n \end{bmatrix}, \quad C = \begin{bmatrix} s_1^{x-1} & 0 & \dots & 0 & 0 \\ 0 & s_2^{x-1} & & 0 & 0 \\ \vdots & \vdots & & s_{n-1}^{x-1} & 0 \\ 0 & 0 & \dots & 0 & s_n^{x-1} \end{bmatrix}$$

Οι εξισώσεις (1.13) και (1.14) μας παρέχουν μια κατάσταση μεταβλητής αναπαράστασης της αλληλουχίας ταμιευτήρων. Όμως, για την εξομοίωση της απορροής, θεωρήθηκε ότι έχουμε συγκεντρωμένη είσοδο. Άρα, οι είσοδοι $p_2, p_3, \dots, p_n$ στον πίνακα P είναι 0 και η p_1 είναι θετική.

Ο σκοπός της μελέτης είναι η εξομοίωση των υδρολογικών λεκανών από μια συστοιχία μη γραμμικών ταμιευτήρων. Επιλέχθηκαν τριάντα οχτώ υδρολογικές λεκάνες, από διάφορες περιοχές των Η.Π.Α. Ως δεδομένα χρησιμοποιήθηκαν τα υδρογραφικά στοιχεία των υδρολογικών λεκανών, δηλαδή τα φαινόμενα βροχοπτώσεων - απορροών και επομένως τα αντίστοιχα υδρογραφήματα. Σαν αντικειμενική συνάρτηση ορίστηκε:

$$F = \sum_{j=1}^M [Q_{p_0}(j) - Q_{p_e}(j)]^2 \Rightarrow \min \quad (1.15)$$

όπου, F : η αντικειμενική συνάρτηση

$Q_{p_0}(j)$: τα παρατηρημένα μέγιστα στο υδρογράφημα του n -οστού ταμιευτήρα

$Q_{p_e}(j)$: τα αναμενόμενα μέγιστα στο υδρογράφημα του n -οστού ταμιευτήρα

M : ο αριθμός των βροχοπτώσεων - απορροών στα δεδομένα βελτιστοποίησης

Η επιλογή αυτής της αντικειμενικής συνάρτησης βασίζεται στα πορίσματα των V.P. Singh (1975a, b, c, 1976) και Shelburne & Singh (1976). Λόγω του ότι απαιτεί μόνο τα μέγιστα των υδρογραφημάτων σε κάθε συμβάν βροχόπτωσης

- απορροής, καθίσταται πιο αποτελεσματική. Όταν η F διαιρεθεί με το σύνολο των συμβάντων στα δεδομένα βελτιστοποίησης, μπορεί να ληφθεί το μέσο τετραγωνικό σφάλμα, το οποίο αντανακλά το μέσο σφάλμα που εμφανίζεται στη διαδικασία της βελτιστοποίησης.

Η μη γραμμική συστοιχία των ταμιευτήρων όπως περιγράφηκε θα έχει $n + 2$ άγνωστες παραμέτρους: $\{n, x, k_1, k_2, \dots, k_n\}$. Το n αντιπροσωπεύει τον αριθμό ταμιευτήρων, η παράμετρος x εκφράζει το βαθμό της μη γραμμικότητας και τα $k_1, k_2, \dots, k_n$ εκφράζουν τις παραμέτρους αποθήκευσης των ταμιευτήρων. Βάση των ερευνών του V.P. Singh (1975a, b, c, 1976) και Shelburne & Singh (1976) οι τιμές των n, x βρέθηκαν και είναι 3, 1.5 αντίστοιχα (σταθερές). Οπότε οι παράμετροι για την βελτιστοποίηση θα είναι τα k_1, k_2 και k_3 . Έτσι, χρησιμοποιώντας τον τροποποιημένο αλγόριθμο Rosenbork - Palmer (Rosenbrock, 1960, Palmer, 1969, Himmelblau, 1972) βάση της εξίσωσης (1.15) για κάθε σετ δεδομένων, βρέθηκαν οι τιμές των τριών παραμέτρων k_i , $i = 1, 2, 3$ για κάθε μια λεκάνη απορροής.

1.3.2 ΓΕΝΕΤΙΚΟΣ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΣ ΓΙΑ ΕΠΙΛΥΣΗ ΜΗ ΓΡΑΜΜΙΚΟΥ ΣΥΣΤΗΜΑΤΟΣ ΤΑΜΙΕΥΤΗΡΩΝ ΑΓΝΩΣΤΟΥ ΑΡΙΘΜΟΥ

Ένας μη γραμμικός ταμιευτήρας μπορεί να χαρακτηριστεί και από την σχέση:

$$S = kQ^m \quad (1.16)$$

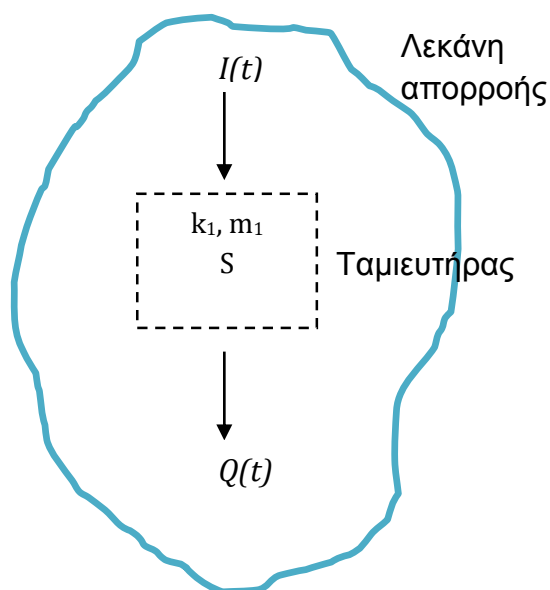
όπου, k : χαρακτηριστική παράμετρος αποθήκευσης

m : δείκτης μη γραμμικότητας (αν $m = 1$ τότε το σύστημα γίνεται γραμμικό)

S : αποθηκευτικός χώρος ταμιευτήρα

η οποία είναι η ίδια με αυτή της εξίσωσης (1.10) λυμένη όμως ως προς S .

Έστω ότι η υδρολογική λεκάνη προσομοιώνεται αρχικά με έναν ταμιευτήρα όπως αυτός περιγράφηκε παραπάνω. Βλέπουμε και στο σχήμα που ακολουθεί (Σχήμα 1.4) ότι ο ταμιευτήρας δέχεται μια διέργεση/εισροή I και αποδίδει την απόκριση/εκροή Q για κάποια χρονική στιγμή t . Ο χώρος αποθήκευσης συμβολίζεται με S και οι συντελεστές που εμφανίζονται την σχέση (1.16) συμβολίζονται με k_1 και m_1 .



Σχήμα 1.4 Εξομοίωση λεκάνης απορροής με ένα ταμιευτήρα

Για το χρονικό διάστημα $\Delta t = t_1 - t_0$ από την (1.2) θα πάρουμε:

$$\frac{\Delta S}{\Delta t} = \frac{I_{(t=t_1)} + I_{(t=t_0)}}{2} - \frac{Q_{(t=t_1)} + Q_{(t=t_0)}}{2} \quad (1.17)$$

Χρησιμοποιούμε τον μέσο όρο των εισροών I και των εκροών Q για το χρονικό διάστημα Δt . Συμβολίζουμε με I_1 το $I_{(t=t_0)}$ και I_2 το $I_{(t=t_1)}$ και ομοίως Q_1 το $Q_{(t=t_0)}$ και Q_2 το $Q_{(t=t_1)}$. Βάση των σχέσεων (1.16) και (1.17) έχουμε:

$$\frac{k_1 Q_2^{m_1} - k_1 Q_1^{m_1}}{\Delta t} = \frac{I_2 + I_1}{2} - \frac{Q_2 + Q_1}{2} \quad (1.18)$$

Αναλύοντας την (1.18) καταλήγουμε στην μη γραμμική σχέση για το Q_2 :

$$Q_2 = \sqrt[m_1]{\frac{\Delta t}{2k_1} [I_2 + I_1 - (Q_2 + Q_1)] + Q_1^{m_1}} \quad (1.19)$$

Για να επιλύσουμε την σχέση (1.19) θα πρέπει να χρησιμοποιήσουμε κάποια αριθμητική μέθοδο (π.χ. διχοτόμηση, Newton-Raphson κ.α.) όπως επίσης και μια αρχική συνθήκη. Η αρχική συνθήκη που θα λάβουμε υπόψη μας είναι πως για χρόνο $t_0 = 0$ η εκροή Q_1 είναι μηδενική. Με αυτό τον τρόπο μπορούμε να υπολογίσουμε την τιμή της εκροής για χρόνο t_1 , δηλαδή το Q_2 . Στη συνέχεια, υπολογίζουμε τις τιμές των εκροών για όλους τους χρόνους που μας δίνονται δεδομένα μετρήσεων.

Επομένως, έχοντας υπολογίσει μια αριθμητική μέθοδο τις εκροές Q , βάση κάποιων εκτιμώμενων παραμέτρων k_1 και m_1 , τις συγκρίνουμε με τις μετρημένες εκροές Q^{obs} . Η σύγκριση των τιμών αυτών γίνεται βάση του κριτηρίου ελαχίστων τετραγώνων. Τελικά η συνάρτηση η οποία θα πρέπει να ελαχιστοποιηθεί είναι η παρακάτω:

$$F = \sum_{i=1}^M (Q_i - Q_i^{obs})^2 \Rightarrow \min$$

όπου, F : η αντικειμενική συνάρτηση

Q_i : η συνολική εκτιμώμενη εκροή για κάθε χρονική στιγμή

Q_i^{obs} : οι παρατηρημένες/μετρημένες εκροές για κάθε χρονική στιγμή

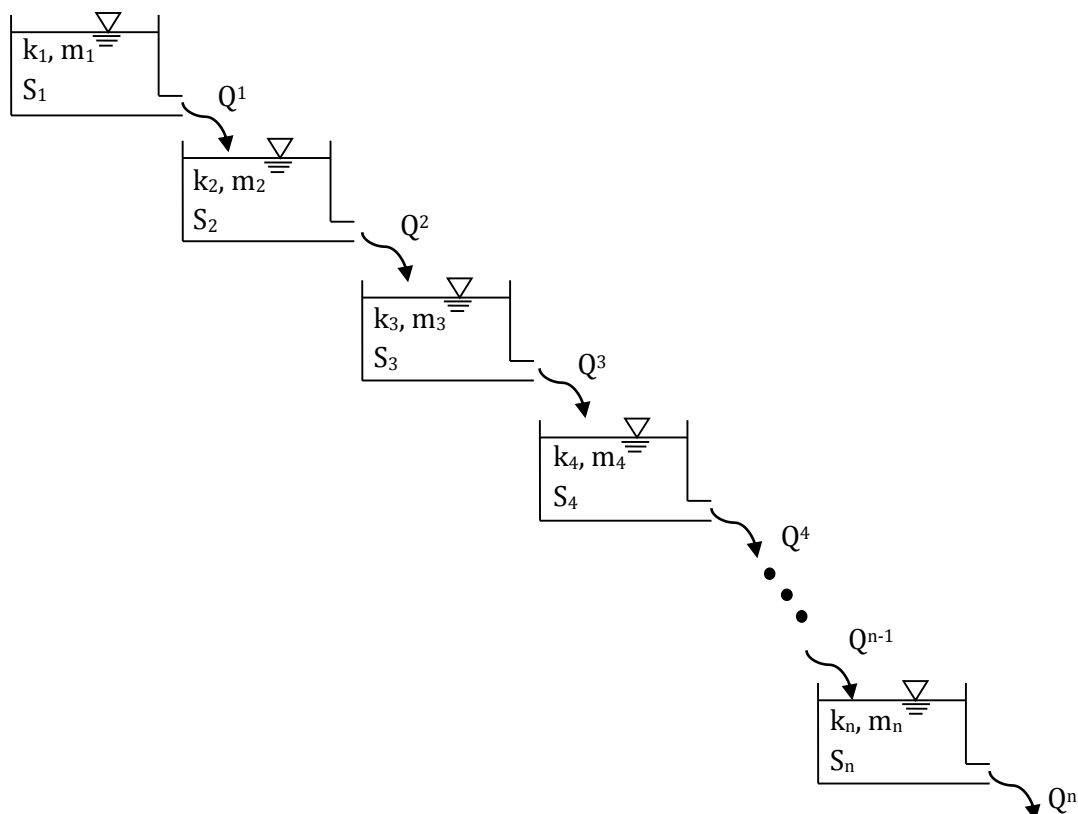
M : ο αριθμός των παρατηρήσεων

Το ζευγάρι των παραμέτρων k_1 και m_1 που ελαχιστοποιούν την παραπάνω συνάρτηση είναι το ζητούμενο, δηλαδή οι παράμετροι της «βέλτιστης» λύσης για την εξομοίωση της λεκάνης απορροής με έναν ταμιευτήρα.

Αν τώρα θέλουμε να εξετάσουμε την συμπεριφορά περισσοτέρων του ενός ταμιευτήρα, για την εξομοίωση μιας λεκάνης απορροής (Σχήμα 1.5), ακολουθούμε παρόμοια διαδικασία με αυτήν που παρουσιάστηκε.

Η διαδικασία που ακολουθούμε είναι:

1. Εφαρμόζουμε την μέθοδο που περιγράψαμε στο προηγούμενο υποκεφάλαιο για να βρούμε τις εκτιμώμενες εκροές $Q^1(t)$ για τον πρώτο ταμιευτήρα, βάση της σχέσης (1.19)
2. Για τον επόμενο ταμιευτήρα, σαν εισροές $I(t)$ θεωρούνται οι εκροές $Q^1(t)$ του προηγούμενου ταμιευτήρα
3. Χρησιμοποιώντας πάλι την (1.19) βρίσκουμε τις εκροές του επόμενου ταμιευτήρα
4. Συνεχίζουμε τα ίδια βήματα από το (2), έως τον τελευταίο ταμιευτήρα, για να πάρουμε τις τιμές εκροών που εν τέλει θα συγκρίνουμε με τις παρατηρούμενες/μετρημένες τιμές εκροών Q^{obs}



Σχήμα 1.5 Συστοιχία μη γραμμικών ταμιευτήρων σε σειρά

Σε περίπτωση αυτή, που το σύστημα εξομοιώνεται με συστοιχία ταμιευτήρων, η συνάρτηση F που θα πρέπει να ελαχιστοποιηθεί είναι η:

$$F = \sum_{i=1}^M (Q_i^n - Q_i^{obs})^2 \Rightarrow \min$$

όπου, F : η αντικειμενική συνάρτηση

Q_i^n : οι εκροές του n -οστού ταμιευτήρα (τελευταίου) κάθε χρονική στιγμή

Q_i^{obs} : οι παρατηρημένες/μετρημένες εκροές κάθε χρονική στιγμή

M : ο αριθμός των παρατηρήσεων

Σε αντίθεση με τον ένα ταμιευτήρα, όπου οι άγνωστες τιμές ήταν δύο $\{k_1, m_1\}$, στην συστοιχία από ταμιευτήρες οι άγνωστες παράμετροι είναι $\{2n + 1\}$. Αυτό συμβαίνει διότι, έχουμε τις άγνωστες παραμέτρους k_i και m_i , με $i = 0, 1, \dots, n$ αλλά και τον αριθμό n των ταμιευτήρων. Το πρόβλημα λοιπόν αναλύεται στις εξής συνιστώσες:

- Ποιες είναι οι τιμές των παραμέτρων k και m του κάθε ταμιευτήρα οι οποίες δίνουν την «βέλτιστη» λύση;
- Ποιός είναι ο «βέλτιστος» αριθμός των ταμιευτήρων που εξομοιώνουν την λεκάνη απορροής;

Για να απαντήσουμε στις παραπάνω ερωτήσεις θα πρέπει να αναλογιστούμε ότι το πρόβλημα αυτό ουσιαστικά αποτελεί ένα πρόβλημα βελτιστοποίησης. Για την λύση του απαιτείται κάποιος αλγόριθμος ο οποίος να μπορεί αρχικά, να διαχειριστεί σωστά την μη γραμμικότητα του προβλήματος. Επίσης να είναι σε θέση να μας παρέχει μια εκτίμηση του αριθμού των ταμιευτήρων που απαιτούνται, δηλαδή την τάξη του μεγέθους του συγκεκριμένου προβλήματος. Ένας τέτοιος αλγόριθμος βελτιστοποίησης είναι ο Γενετικός Αλγόριθμος και πιο συγκεκριμένα ο Γενετικός Αλγόριθμος με μεταβλητό μήκος χρωμοσωμάτων, τους οποίους θα αναλύσουμε στο επόμενο κεφάλαιο.

Οφείλουμε να τονίσουμε πως οι Γενετικοί Αλγόριθμοι, λόγω της φύσης και της δομής τους, η οποία εντάσσεται στους εξελικτικούς αλγορίθμους, οι λύσεις στις οποίες καταλήγει σε προβλήματα με ιδιαίτερη πολυπλοκότητα και αυξημένο αριθμό παραμέτρων προς βελτιστοποίηση, δεν είναι οι «πραγματικές». Με την έννοια «πραγματικές» εννοούμε τις τελικές λύσεις του προβλήματος, που προφανώς είναι συγκεκριμένες. Με τον αλγόριθμο που θα περιγράψουμε, βρίσκουμε τις «βέλτιστες» λύσεις, που αποτελούν μια εκτίμηση των «πραγματικών» λύσεων. Τέτοιου είδους αλγόριθμοι προσεγγίζουν την/τις πραγματική/κες λύση/εις, αλλά λόγω του πιθανολογικού τους χαρακτήρα, ενδέχεται να παρουσιάζουν κάποιες αποκλίσεις.

2 ΓΕΝΕΤΙΚΟΙ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΙ

2.1 ΕΙΣΑΓΩΓΗ

Όπως ήδη έχουμε αναφέρει, η λύση του προβλήματος που περιγράφηκε και αναλύθηκε, αποτελεί ένα πρόβλημα βελτιστοποίησης. Από την γκάμα των τεχνικών που θα μπορούσαν να χρησιμοποιηθούν για την εύρεση της λύσης, θα γίνει χρήση του Γενετικού Αλγόριθμου (Γ.Α). Ας αναλύσουμε όμως περεταίρω την έννοια του Γ.Α και τα βασικά του στοιχεία, βάση άρθρων που έχουν συνταχθεί από τους Michalewicz Z. (1988), Mitcel M. (1988), Haupt R. L. & Haupt Sue Ellen (2004) και Chambers L. D. (2001).

Γενικά, οποιαδήποτε αφηρημένη εργασία που θέλουμε να επιτύχουμε μπορεί να θεωρηθεί ως η λύση ενός προβλήματος, το οποίο με τη σειρά του μπορεί να γίνει αντιληπτό σαν μια αναζήτηση μέσα σε ένα διάστημα ενδεχόμενων λύσεων. Από τη στιγμή που ψάχνουμε την «καλύτερη» λύση, μπορούμε να θεωρήσουμε αυτήν την εργασία σαν μια διαδικασία βελτιστοποίησης. Για μικρά διαστήματα, οι κλασσικές μέθοδοι συνήθως αρκούν. Για μεγαλύτερα όμως διαστήματα, πρέπει να χρησιμοποιούνται τεχνικές τεχνητής νοημοσύνης. Οι Γ.Α είναι μέσα σε αυτές τις τεχνικές. Είναι στοχαστικοί αλγόριθμοι όπου οι μέθοδοι αναζήτησης μοντελοποιούν τα φυσικά φαινόμενα: την γενετική κληρονομιά και την δαρβινική διαμάχη για επιβίωση.

Ο «πατέρας» των Γ.Α θεωρείται ο John Holland, ο οποίος εμπνεύστηκε από τη βιολογία. Κάθε Γ.Α αποτελείται από έναν πληθυσμό ατόμων, το καθένα από αυτά να αντιπροσωπεύει μια πιθανή λύση ενός προβλήματος, βάση της καταλληλότητας του. Ο πληθυσμός εξελίσσεται από γενιά σε γενιά έως έναν αριθμό γενεών που εμείς ορίζουμε. Μπορεί να υπάρξουν αρκετές γενεές έως ότου «δημιουργήσουμε» τα άτομα με τα επιθυμητά χαρακτηριστικά.

Η καταλληλότητα ενός ατόμου μέσα στον πληθυσμό υπολογίζεται βάση των χαρακτηριστικών του. Αυτά τα χαρακτηριστικά, στους Γ.Α παριστάνονται μέσω διανυσμάτων ορισμένου μήκους. Επειδή το κάθε άτομο, αντιπροσωπεύει ένα σημείο του πεδίου αναζήτησης και η καταλληλότητα του καθορίζεται από την συνάρτηση κόστους, οι Γ.Α μπορούν να εξετάσουν ταυτόχρονα πολλά σημεία και όχι μεμονωμένα σημεία του πεδίου ορισμού, όπως πολλοί άλλοι αλγόριθμοι βελτιστοποίησης κάνουν.

Η βελτιστοποίηση με τη χρήση γενετικών αλγόριθμων αποτελεί μια ισχυρή στοχαστική μέθοδο αναζήτησης, η οποία είναι ιδιαίτερα αποτελεσματική όταν ο στόχος είναι η εύρεση ενός ολικού μέγιστου, σε ένα πολυδιάστατο πεδίο τιμών.

2.2 ΒΑΣΙΚΕΣ ΕΝΝΟΙΕΣ

Οι Γ.Α χρησιμοποιούν ένα λεξιλόγιο δανεισμένο από την φυσική γενετική. Παρακάτω αναλύουμε τις κύριες έννοιες που χρησιμοποιούνται για την περιγραφή των κυρίαρχων λειτουργιών του:

- **Γονίδια και χρωμοσώματα (genes and chromosomes):** Ένα γονίδιο, όπως ορίζεται και από την βιολογία, αποτελεί το βασικό δομικό στοιχείο ενός οργανισμού. Στην συγκεκριμένη περίπτωση τα γονίδια αποτελούν τις άγνωστες παραμέτρους προς βελτιστοποίηση (κωδικοποιημένα) και ο οργανισμός που περιέχει τα γονίδια ονομάζεται χρωμόσωμα. Ως επί το πλείστον μια «ομάδα» γονιδίων κωδικοποιεί κάποια άγνωστη παράμετρο, με δυαδική μορφή. Τα χρωμοσώματα επίσης παρουσιάζονται κωδικοποιημένα και συνήθως ως μια τυχαία ακολουθία δυαδικών αριθμών (γονιδίων).
- **Γονότυπος και φαινότυπος (genotype and phenotype):** Στην φύση τα χρωμοσώματα συνδυάζονται με σκοπό τη δημιουργία γενετικών ομάδων που μετέχουν στην λειτουργία των οργανισμών. Μια τέτοια ομάδα, όπως περιγράφηκε, ονομάζεται γονότυπος. Στους Γ.Α, η συνολική δομή ενός ατόμου περιλαμβάνει ένα ή περισσότερα χρωμοσώματα. Στην παρούσα εργασία όμως, ο γενότυπος θα ταυτίζεται με ένα χρωμόσωμα. Ο φαινότυπος, για την θεωρία των Γ.Α, αποτελεί την έκφραση του γονότυπου στο πεδίο λύσεων.
- **Πληθυσμοί και γενιές (populations and generations):** Ο πληθυσμός ενός Γ.Α αποτελείται από έναν αριθμό χρωμοσωμάτων που εκφράζουν πιθανές λύσεις. Οι επαναλήψεις που εκτελούνται για την εξέλιξη του πληθυσμού, ονομάζονται γενιές.
- **Συνάρτηση Κόστους (Cost function):** Η αντικειμενική συνάρτηση, η οποία καθορίζει τον στόχο της βελτιστοποίησης ονομάζεται συνάρτηση κόστους. Μέσω της συνάρτησης κόστους υπολογίζονται οι τιμές των χρωμοσωμάτων ενός πληθυσμού και έτσι μπορεί να προσδιοριστεί η καταλληλότητα του καθενός.

2.3 ΙΔΙΟΤΗΤΕΣ ΓΕΝΕΤΙΚΩΝ ΑΛΓΟΡΙΘΜΩΝ

Κάθε χρωμόσωμα αντιπροσωπεύει μια πιθανή λύση σε κάποιο πρόβλημα. Μια διαδικασία εξέλιξης «τρέχει» σε έναν πληθυσμό χρωμοσωμάτων που αντιστοιχεί σε μια αναζήτηση μέσα σε ένα διάστημα πιθανών λύσεων. Μια τέτοια αναζήτηση απαιτεί την εξισορρόπηση δυο αντικρουόμενων σκοπών:

- Την αξιοποίηση της καλύτερης λύσης και
- Την διερεύνηση του πεδίου αναζήτησης

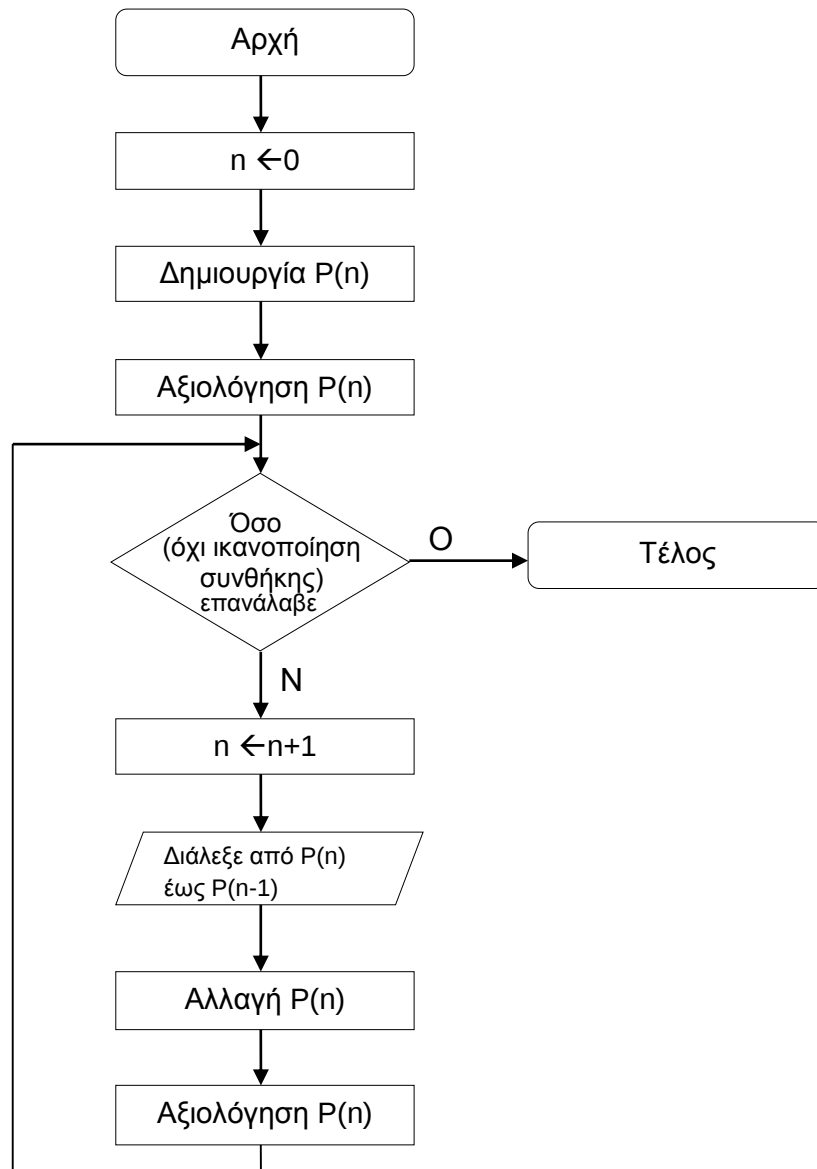
Για παράδειγμα η ορειβασία (hill climbing), απαιτεί μια στρατηγική στην οποία να αξιοποιείται η βέλτιστη λύση για πιθανή βελτίωσή της, ενώ από την άλλη απορρίπτει την εξερεύνηση όλου του πεδίου αναζήτησης. Η τυχαία αναζήτηση (random search) είναι ένα άλλο παράδειγμα στρατηγικής η οποία εξερευνά το πεδίο αναζήτησης αγνοώντας την αξιοποίηση των υποσχόμενων περιοχών του χώρου. Οι Γ.Α είναι μια κατηγορία μεθόδων αναζήτησης γενικού σκοπού (ανεξάρτητη του πεδίου αναζήτησης), οι οποίες επιτυγχάνουν μια αξιοσημείωτη ισορροπία μεταξύ εξερεύνησης και εκμετάλλευσης του χώρου αναζήτησης.

Οι Γ.Α ανήκουν στην κατηγορία των πιθανολογικών αλγόριθμων, ωστόσο είναι πολύ διαφορετικοί από τους τυχαίους αλγόριθμους καθώς συνδυάζουν στοιχεία της κατευθυνόμενης και στοχαστικής αναζήτησης. Λόγω αυτού, οι Γ.Α είναι πιο αποτελεσματικοί από πολλές ήδη υπάρχοντες κατευθυνόμενες μέθοδοι αναζήτησης. Μια ακόμα ιδιότητα αυτών των μεθόδων γενετικής, είναι πως διατηρούν ένα πληθυσμό πιθανών λύσεων, ενώ όλες οι άλλες μέθοδοι επεξεργάζονται ένα μοναδικό σημείο στο πεδίο ορισμού. Ο πληθυσμός υφίσταται μια προσομοίωση εξέλιξης: σε κάθε γενιά οι σχετικά «καλές» λύσεις αναπαράγονται, ενώ οι σχετικά «κακές» λύσεις πεθαίνουν. Για να γίνει διάκριση μεταξύ των διαφόρων λύσεων χρησιμοποιούμε μια αντικειμενική συνάρτηση ή συνάρτηση κόστους, η οποία παίζει το ρόλο του περιβάλλοντος.

Έχουν αποδειχθεί ιδιαίτερα αποτελεσματικοί για προβλήματα βελτιστοποίησης, όπως η δρομολόγηση καλωδίων (wire routing), ο προγραμματισμός (scheduling), ο προσομοιωμένος έλεγχος (adaptive control), τα παιχνίδια (game playing), γνωστικά μοντέλα (cognitive modeling), προβλήματα μεταφορών (transportation problems), προβλήματα ταξιδιωτών (travel salesman problem), ομαδοποίηση (clustering), δρομολόγηση συντομότερης διαδρομής (shortest path routing) κ.α.

2.4 ΔΟΜΗ ΓΕΝΕΤΙΚΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ

Η δομή ενός απλού Γ.Α είναι η ίδια με την δομή ενός οποιουδήποτε προγράμματος εξέλιξης (Σχήμα 2.1).



Σχήμα 2.1 Δομή ενός εξελικτικού προγράμματος (γενετικός αλγόριθμος)

Κατά τη n -οστή επανάληψη, ένας Γ.Α διατηρεί έναν πληθυσμό πιθανών λύσεων (χρωμοσώματα), $P(n) = \{x_1^n, x_2^n, \dots, x_t^n\}$. Κάθε λύση x_i^n αξιολογείται για να δώσει κάποιο μέτρο για την καταλληλότητα της. Μετά, δημιουργείται ένας καινούργιος πληθυσμός, στην επόμενη επανάληψη $(n + 1)$, διαλέγοντας τα πιο αντιπροσωπευτικά χρωμοσώματα. Μερικά από αυτά, υπόκεινται κάποιες διαδικασίες αλλαγής των στοιχείων τους, μέσω της μετάλλαξης και της διασταύρωσης, για να σχηματιστούν νέες λύσεις.

Κάθε Γ.Α για κάποιο συγκεκριμένο πρόβλημα πρέπει να αποτελείται από τα εξής πέντε στοιχεία:

1. Μια γενετική αναπαράσταση των πιθανών λύσεων στο πρόβλημα

2. Ένας τρόπος να δημιουργήσουμε έναν αρχικό πληθυσμό πιθανών λύσεων
3. Μια συνάρτηση κόστους που παίζει το ρόλο του περιβάλλοντος, βαθμολογώντας τις λύσεις βάση της καταλληλότητά τους
4. Γενετικοί τελεστές που αλλάζουν την σύνθεση των απογόνων (χρωμοσώματα που «δημιουργούνται» με το πέρασμα των γενιών)
5. Τιμές για τις διάφορες παραμέτρους που χρησιμοποιούνται (πληθυσμός, πιθανότητες εφαρμογής γενετικών τελεστών κ.α.)

2.5 ΛΕΙΤΟΥΡΓΙΑ ΑΠΛΟΥ ΓΕΝΕΤΙΚΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ

Ας αναλύσουμε τις δράσεις εκείνες που λαμβάνει ο απλός Γ.Α για ένα παραμετρικό πρόβλημα βελτιστοποίησης.

Υποθέτουμε, χωρίς κάποια απώλεια της γενικότητας, ότι έχουμε πρόβλημα μεγιστοποίησης. Αν το πρόβλημα μας ήταν ελαχιστοποίησης μιας συνάρτησης f , τότε αυτό θα μπορούσε να μετατραπεί σε μεγιστοποίησης μιας άλλης συνάρτησης g , όπου $g = -f$.

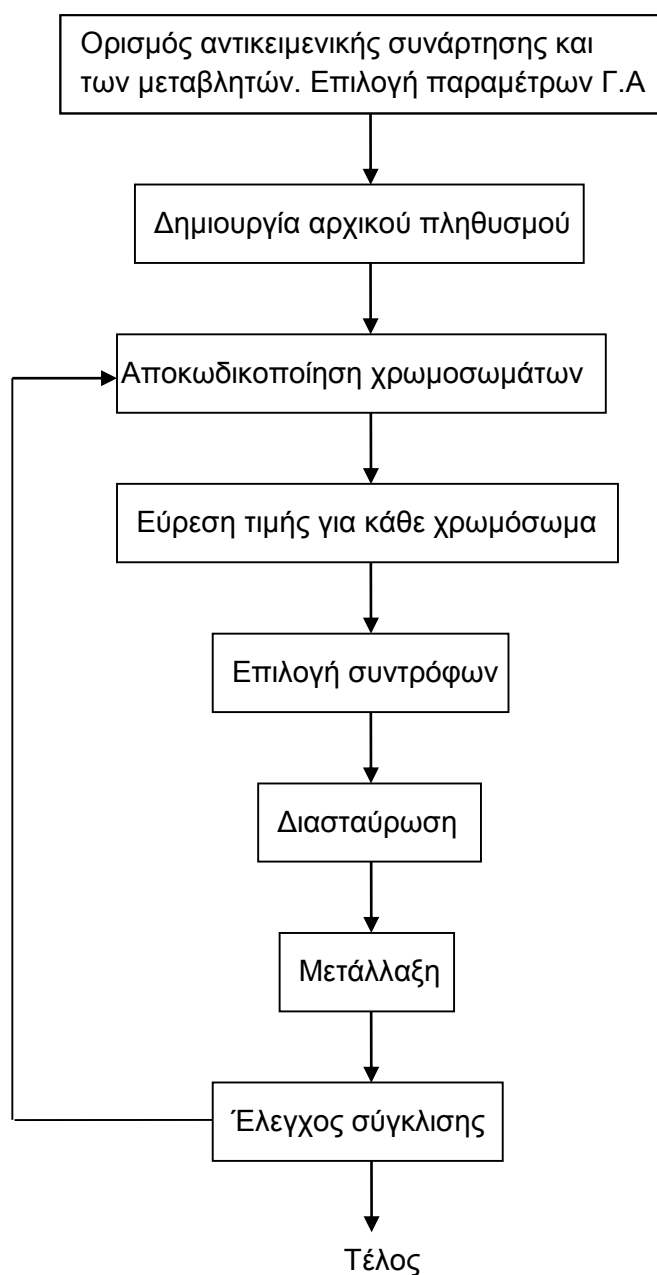
$$\min f(x) = \max g(x) = \max[-f(x)]$$

Επίσης μπορούμε να υποθέσουμε ότι η αντικειμενική συνάρτηση λαμβάνει μόνο θετικές τιμές στο πεδίο ορισμού της. Αλλιώς θα μπορούσαμε να προσθέσουμε μια θετική σταθερά c .

$$\max g(x) = \max[g(x) + c]$$

Εν συνεχεία ας δούμε το πως μεγιστοποιούμε μια συνάρτηση k μεταβλητών, $f(x_1, x_2, \dots, x_k) : R^k \rightarrow R$. Επίσης κάθε μεταβλητή x_i μπορεί να πάρει τιμές από ένα διάστημα $D_i = [a_i, \dots, b_i] \subseteq R$ και $f(x_1, x_2, \dots, x_k) > 0 \forall x_i \in D_i$.

Αρχικά ορίζουμε την αντικειμενική συνάρτηση και τις παραμέτρους βελτιστοποίησης, όπως κάθε άλλος αλγόριθμος βελτιστοποίησης. Καταλήγουμε όπως και στους άλλους με έλεγχο για σύγκλιση στη λύση. Στο ενδιαμέσο όμως, αυτός ο αλγόριθμος, είναι αρκετά διαφορετικός. Τα βήματα που ακολουθούνται φαίνονται στο διάγραμμα ροής (Σχήμα 2.2).



Σχήμα 2.2 Διάγραμμα ροής δυαδικού γενετικού αλγορίθμου

2.5.1 ΕΠΙΛΟΓΗ ΜΕΤΑΒΛΗΤΩΝ ΚΑΙ ΑΝΤΙΚΕΙΜΕΝΙΚΗΣ ΣΥΝΑΡΤΗΣΗΣ

Μια αντικειμενική συνάρτηση δίνει τα δεδομένα εξόδου, από κάποιο σετ μεταβλητών εισόδου (χρωμόσωμα). Η αντικειμενική συνάρτηση μπορεί να είναι μια μαθηματική συνάρτηση, ένα πείραμα ή ένα παιχνίδι. Ο σκοπός είναι να τροποποιήσει τα δεδομένα εξόδου για κάποιο επιθυμητό αποτέλεσμα, βρίσκοντας τις «κατάλληλες» τιμές για τις μεταβλητές εισόδου, δηλαδή τα χρωμοσώματα. Ο όρος «κατάλληλες» ουσιαστικά υποδηλώνει πως έχουμε πρόβλημα μεγιστοποίησης, όπως αναφέραμε παραπάνω. Χρησιμοποιείται

ευρέως για να προσδιορίσει την έξοδο της αντικειμενικής συνάρτησης στη βιβλιογραφία των Γ.Α.

Οι μεταβλητές οι οποίες πρέπει να προσδιοριστούν πριν την εφαρμογή ενός Γ.Α για την επίλυση ενός προβλήματος, είναι οι εξής:

- Πληθυσμός χρωμοσωμάτων
- Αριθμός γενεών
- Ακρίβεια αποτελεσμάτων
- Πιθανότητα διασταύρωσης
- Πιθανότητα μετάλλαξης

Έστω ότι η ακρίβεια με την οποία θέλουμε να πάρουμε τα δεδομένα εξόδου είναι p . Επομένως για να πετύχουμε την ακρίβεια που θέλουμε πρέπει να χωρίσουμε το διάστημα D_i σε $(b_i - a_i) * 10^p$ ίσα διαστήματα. Συμβολίζουμε με m_i τον μικρότερο ακέραιο για τον οποίο ισχύει:

$$(b_i - a_i) * 10^p \leq 2^{m_i} - 1 \quad (2.1)$$

Έτσι, κωδικοποιούμε κάθε μεταβλητή x_i ως μια δυαδική σειρά μήκους m_i και με αυτό τον τρόπο ικανοποιούμε και την επιθυμητή ακρίβεια.

Επιπλέον, ο ακόλουθος τύπος παίζει τον ρόλο του «αποκωδικοποιητή» ενός μέρους του χρωμοσώματος, για να μας δώσει την τιμή που εκφράζει.

$$x_i = a_i + decimal(1100101 \dots 001_2) \cdot \frac{b_i - a_i}{2^{m_i} - 1} \quad (2.2)$$

όπου το $decimal(\text{σειρά})$ συμβολίζει την δεκαδική μορφή της εκάστοτε δυαδικής σειράς.

Το κάθε χρωμόσωμα αντιπροσωπεύεται από μια δυαδική ακολουθία συνολικού μήκους $m = \sum_{i=1}^k m_i$. Τα πρώτα m_1 ψηφία κωδικοποιούν μια μεταβλητή με τιμή στο διάστημα $[a_1, \dots, b_1]$, τα επόμενα m_2 ψηφία κωδικοποιούν μια άλλη μεταβλητή με τιμή στο διάστημα $[a_2, \dots, b_2]$ κ.ο.κ. έως το τελευταίο σετ ψηφίων m_k .

Παράδειγμα: Έστω ότι έχουμε μια συνάρτηση $f(x_1, x_2)$, δύο αγνώστων μεταβλητών, την οποία θέλουμε να μεγιστοποιήσουμε. Τα διαστήματα στα οποία κυμαίνονται τα x_1 και x_2 είναι $[-3.0, \dots, 12.1]$ και $[4.1, \dots, 5.8]$ αντίστοιχα.

Επίσης η επιθυμητή ακρίβεια για την έξοδο είναι $p = 4$ ψηφία. Θα πρέπει να βρούμε πόσα ψηφία έχει το χρωμόσωμα που θέλουμε να κωδικοποιήσουμε. Για την μεταβλητή x_1 θα είναι:

$$[12.1 - (-3.0)] * 10^4 \leq 2^{m_1} - 1 \Rightarrow m_1 \geq 17.2$$

Αφού το m_1 είναι ο μικρότερος ακέραιος για τον οποίο ισχύει η παραπάνω ανισότητα, καταλήγουμε $m_1 = 18$. Με τον ίδιο τρόπο καταλήγουμε για την μεταβλητή x_2 να έχει $m_2 = 15$ ψηφία. Οπότε το σύνολο ψηφίων του χρωμοσώματος θα είναι $m = 18 + 15 = 33$.

Το χρωμόσωμα τώρα μπορεί να κωδικοποιηθεί με μια τυχαία δυαδική σειρά 33 ψηφίων. Έστω ότι προκύπτει η παρακάτω σειρά:

(0100010010110100001111100101000010)

Χρησιμοποιώντας την (2.2) μπορούμε τώρα να «αποκωδικοποιήσουμε» το χρωμόσωμα, με σκοπό να βρούμε τις τιμές των μεταβλητών.

Τα πρώτα 18 ψηφία, 010001001011010000 αντιπροσωπεύουν το x_1 :

$$x_1 = -3.0 + decimal(010001001011010000) \cdot \frac{12.1 - (-3.0)}{2^{18} - 1} \Rightarrow x_1 = 1.0524$$

Τα επόμενα 15 ψηφία, 1111100101000010 αντιπροσωπεύουν το x_2 :

$$x_2 = 4.1 + decimal(1111100101000010) \cdot \frac{5.8 - 4.1}{2^{15} - 1} \Rightarrow x_2 = 5.7553$$

2.5.2 ΠΛΗΘΥΣΜΟΣ

Για να δημιουργήσουμε έναν πληθυσμό χρωμοσωμάτων, αρκεί να ορίσουμε έναν αριθμό για το μέγεθος του πληθυσμού που πρόκειται να επεξεργαστεί από τον αλγόριθμο. Ωστόσο, αν υπάρχει σχετική πληροφορία σχετικά με τη διανομή των πιθανών βέλτιστων τιμών, μπορούμε να χρησιμοποιήσουμε τις εν λόγω πληροφορίες στην οργάνωση του συνόλου των αρχικών (πιθανών) λύσεων.

2.5.3 ΦΥΣΙΚΗ ΕΠΙΛΟΓΗ

Η κάθε γενιά ξεκινά με τη διαδικασία της φυσικής επιλογής των χρωμοσωμάτων που πληρούν κάποια κριτήρια. Επιλέγεται ένας νέος πληθυσμός χρωμοσωμάτων σε σχέση με την κατανομή πιθανοτήτων, η οποία βασίζεται στην καταλληλότητα των τιμών των χρωμοσωμάτων. Για τη διαδικασία της

επιλογής χρησιμοποιείται μια ρουλέτα (roulette wheel) με υποδοχές που έχουν μέγεθος σύμφωνα με την καταλληλότητα. Κατασκευάζουμε μια τέτοια ρουλέτα με τον εξής τρόπο:

- Υπολογίζουμε την τιμή της (αντικειμενικής) συνάρτησης $eval(v_i)$ που αντιστοιχεί σε κάθε χρωμόσωμα v_i
- Βρίσκουμε το άθροισμα των τιμών όλου του πληθυσμού

$$F = \sum_i eval(v_i)$$

- Υπολογίζουμε την πιθανότητα επιλογής p_i για κάθε χρωμόσωμα v_i :

$$p_i = eval(v_i)/F$$

- Υπολογίζουμε την σωρευτική πιθανότητα q_i για κάθε χρωμόσωμα v_i :

$$q_i = \sum_{j=1}^i p_j$$

Η διαδικασία της επιλογής βασίζεται στο να γυρίζει την ρουλέτα τόσες φορές όσος είναι και ο πληθυσμός. Σε κάθε στροφή διαλέγουμε ένα χρωμόσωμα για τον νέο πληθυσμό με τον εξής τρόπο:

- Δημιουργούμε έναν τυχαίο αριθμό r από το διάστημα $[0, \dots, 1]$
- Αν το $r < q_1$ τότε διαλέγουμε τον πρώτο χρωμόσωμα v_1 . Σε αντίθετη περίπτωση διαλέγουμε το i -οστό χρωμόσωμα v_i για το οποίο θα ισχύει: $q_{i-1} \leq r \leq q_i$

Προφανώς, κάποια χρωμοσώματα αναμένονται να επιλεγθούν πάνω από μια φορά. Συνήθως τα «καλύτερα» χρωμοσώματα θα έχουν πιο πολλά αντίγραφα και τα «χειρότερα» θα πεθαίνουν με το πέρασμα των γενεών.

2.5.4 ΔΙΑΣΤΑΥΡΩΣΗ

Η διασταύρωση και ο αντίστοιχος τελεστής διασταύρωσης συνδυάζει τα στοιχεία δύο χρωμοσωμάτων-γονέων για να δημιουργήσουν δύο παρόμοιους απογόνους, με εναλλαγή τμημάτων των γονέων. Υπάρχουν διάφοροι τρόποι με τους οποίους μπορεί να γίνει η διασταύρωση δύο γονέων σταθερού μήκους (ένα διαχωριστικό σημείο, αριθμητική διασταύρωση κ.α.). Εμείς θα αναλύσουμε

δύο από αυτές, την διασταύρωση με ένα σημείο διαχωρισμού και με δύο σημεία διαχωρισμού. Η ιδέα για την εφαρμογή του τελεστή διασταύρωσης είναι η ανταλλαγή πληροφοριών μεταξύ των διαφόρων πιθανών λύσεων.

Όπως έχει ήδη αναφερθεί μια παράμετρος των γενετικών συστημάτων είναι και η πιθανότητα διασταύρωσης p_c . Η πιθανότητα αυτή εκφράζει το ποσοστό του πληθυσμού που αναμένεται να υποστεί τον αντίστοιχο τελεστή διασταύρωσης. Ακολουθούμε την εξής διαδικασία:

Για κάθε χρωμόσωμα στον (νέο) πληθυσμό:

- Δημιουργούμε έναν τυχαίο αριθμό r από το διάστημα $[0, \dots, 1]$
- Αν $r < p_c$, διαλέγουμε το συγκεκριμένο χρωμόσωμα για διασταύρωση

Στη συνέχεια ζευγαρώνουμε τα επιλεγμένα χρωμοσώματα τυχαία, ανά δυο μεταξύ τους. Αν ο αριθμός των επιλεγμένων χρωμοσωμάτων είναι περιττός, τότε είτε τυχαία αφαιρούμε ένα από αυτά είτε προστίθεται κάποιο άλλο χρωμόσωμα από τον πληθυσμό. Για κάθε ζευγάρι χρωμοσωμάτων, χρησιμοποιούμε μια από τις δύο τεχνικές διασταύρωσης όπως αναλύονται παρακάτω.

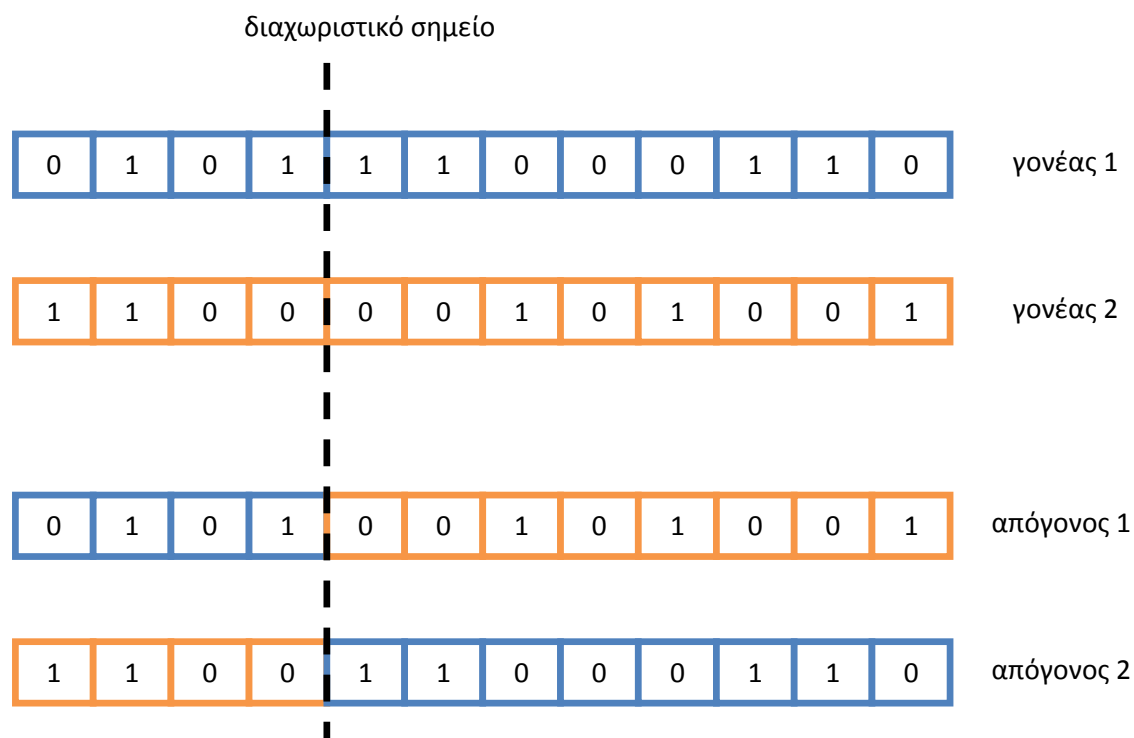
2.5.4.1 ΔΙΑΣΤΑΥΡΩΣΗ ΜΕ ΕΝΑ ΔΙΑΧΩΡΙΣΤΙΚΟ ΣΗΜΕΙΟ

Έστω ότι έχουμε δύο χρωμοσώματα τα οποία αντιπροσωπεύονται από διανύσματα δώδεκα διαστάσεων (δώδεκα γονιδίων). Τα στοιχεία των διανυσμάτων αυτών αναπαρίστανται με 0 ή 1 (Σχήμα 2.3) για να γίνει κατανοητή η λειτουργία του διαχωριστή και της δυαδικής μορφής χρωμοσώματος.

0	1	0	1	1	1	0	0	0	1	1	0	γονέας 1
1	1	0	0	0	0	1	0	1	0	0	1	γονέας 2

Σχήμα 2.3 Χρωμοσώματα-γονείς προς διασταύρωση

Επιλέγουμε τυχαία έναν αριθμό από το 1 έως το 11 (μήκος διανύσματος χρωμοσώματος-1) και ο οποίος θα συμβολίζει το σημείο διαχωρισμού. Έστω ότι επιλέγουμε τυχαία τον αριθμό 4 ως σημείο διαχωρισμού. Όποτε η διασταύρωση γίνεται στο τέταρτο στοιχείο των δύο γονέων και με την εναλλαγή των τμημάτων (Σχήμα 2.4), προκύπτουν οι δύο απόγονοι.



Σχήμα 2.4 Διασταύρωση με ένα διαχωριστικό σημείο

2.5.4.2 ΔΙΑΣΤΑΥΡΩΣΗ ΜΕ ΔΥΟ ΔΙΑΧΩΡΙΣΤΙΚΑ ΣΗΜΕΙΑ

Με τη βοήθεια του προηγούμενου παραδείγματος θα δούμε πως γίνεται να εφαρμόσουμε δύο σημεία διαχωρισμού για την διασταύρωση των χρωμοσωμάτων-γονέων. Αυτή τη φορά, διαλέγουμε δύο διαφορετικούς τυχαίους αριθμούς (διαχωριστικά σημεία), από το διάστημα 1 έως 11. Από αυτούς ο μικρότερος είναι το πρώτο διαχωριστικό σημείο και ο μεγαλύτερος, το δεύτερο. Έστω ότι οι αριθμοί που επιλέγουμε είναι οι 3 και 9. Στη συνέχεια φαίνεται πως πραγματοποιείται η διασταύρωση σε αυτήν την περίπτωση (Σχήμα 2.5).



Σχήμα 2.5 Διασταύρωση με δύο διαχωριστικά σημεία

2.5.5 ΜΕΤΑΛΛΑΞΗ

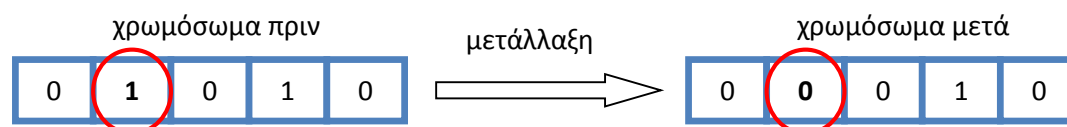
Η μετάλλαξη και ο αντίστοιχος γενετικός τελεστής, χρησιμοποιείται για την διατήρηση της γενετικής ποικιλομορφίας από τη μια γενιά ενός πληθυσμού στην επόμενη. Η σκέψη πίσω από αυτόν τον τελεστή είναι η εισαγωγή κάποιας επιπλέον μεταβλητότητας στον πληθυσμό των χρωμοσωμάτων. Μπορεί να μεταβάλλει ένα ή περισσότερα γονίδια σε ένα χρωμόσωμα και έτσι μπορεί η λύση που δίνει να αλλάξει εντελώς από την προηγούμενη. Μια κοινή μέθοδος για την εφαρμογή του τελεστή μετάλλαξης αποτελεί η παραγωγή μιας τυχαίας μεταβλητής για κάθε γονίδιο σε μια ακολουθία. Αυτή η τυχαία μεταβλητή δείχνει αν ένα συγκεκριμένο κομμάτι θα πρέπει να τροποποιηθεί ή όχι. Αυτή η διαδικασία μετάλλαξης, την οποία και χρησιμοποιούμε πιο συχνά, ονομάζεται σημειακή μετάλλαξη.

Όπως και στην διαδικασία της διασταύρωσης χρωμοσωμάτων, έτσι και εδώ υπάρχει η αντίστοιχη πιθανότητα μετάλλαξης που συμβολίζεται με p_m . Εκφράζει το ποσοστό των γονιδίων του πληθυσμού που ενδέχεται να υποστούν κάποιες μεταλλάξεις. Για κάθε γονίδιο στον (νέο) πληθυσμό:

- Δημιουργούμε έναν τυχαίο αριθμό r από το διάστημα $[0, \dots, 1]$
- Αν $r < p_m$, διαλέγουμε το συγκεκριμένο γονίδιο για μετάλλαξη

2.5.5.1 ΣΗΜΕΙΑΚΗ ΜΕΤΑΛΛΑΞΗ

Αν για παράδειγμα έχουμε ένα χρωμόσωμα που αντιπροσωπεύεται από ένα διάνυσμα πέντε διαστάσεων (πέντε γονίδια), τότε ο τελεστής μετάλλαξης θα αλλάξει ένα ή περισσότερα γονίδια του, αναλόγως την πιθανότητα μετάλλαξης, δηλαδή την σύγκριση της τιμής της μεταβλητής για κάθε γονίδιο r με την πιθανότητα μετάλλαξης p_m . Αν υποθέσουμε ότι θα αλλάξει μόνο το δεύτερο στοιχείο του χρωμοσώματος τότε το τελικό χρωμόσωμα είναι (Σχήμα 2.6):



Σχήμα 2.6 Σημειακή μετάλλαξη

2.5.6 ΕΠΑΝΑΛΗΨΗ ΔΙΑΔΙΚΑΣΙΑΣ

Αφού τελειώσει και η εφαρμογή του τελεστή της μετάλλαξης, τότε αυτό σηματοδοτεί το τέλος μια γενιάς. Η επόμενη ξεκινά με την διαδικασία της φυσικής επιλογής που περιγράψαμε και σαν πληθυσμό, θεωρούμε αυτόν που προέκυψε στο τέλος της προηγούμενης γενιάς. Η διαδικασία αυτή επαναλαμβάνεται έως ότου επιτευχθεί κάποια σύγκλιση των λύσεων που προκύπτουν ή όταν φτάσει σε έναν ορισμένο αριθμό γενιών που εμείς καθορίζουμε.

2.6 ΓΕΝΕΤΙΚΟΣ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΣ ΜΕΤΑΒΛΗΤΟΥ ΜΗΚΟΥΣ ΧΡΩΜΟΣΩΜΑΤΩΝ

Περιγράψαμε στη προηγούμενη ενότητα ότι στον απλό Γ.Α το χρωμόσωμα, το οποίο αποτελεί μια πιθανή λύση του εκάστοτε προβλήματος, είναι το βασικό δομικό του στοιχείο. Η διάσταση του χρωμοσώματος, δηλαδή ο αριθμός των γονιδίων που εμπεριέχει, παραμένει σταθερός καθ' όλη την γενετική διαδικασία που ακολουθείται.

Το χρωμόσωμα αντικατοπτρίζει τον αριθμό των μεταβλητών που συμβάλουν στην μελέτη του προβλήματος. Έτσι, γίνεται αντιληπτό ότι συνεπάγεται και στο μέγεθος-διάσταση που θα έχει το συγκεκριμένο πρόβλημα. Στα περισσότερα, η διάσταση είναι γνωστή ή μπορεί να βρεθεί εύκολα. Υπάρχουν όμως ορισμένα, των οποίων η διάσταση δεν είναι δεδομένη. Τέτοια προβλήματα μπορούν εύκολα να προκύψουν στον σχεδιασμό κατασκευών ή στην εύρεση του πλήθους των ομάδων για ομαδοποίηση δεδομένων.

Σε τέτοιου είδους προβλήματα ή γενικά σε οποιοδήποτε πρόβλημα για το οποίο δεν γνωρίζουμε εκ των προτέρων το μέγεθος της διάστασης του, ενδείκνυται η

εφαρμογή **γενετικών αλγορίθμων με μεταβλητό μήκος χρωμοσώματος**. Το πρόβλημα μπορεί να παρασταθεί με τρόπο φυσικότερο και μπορούν να διευθυνθούν οι δυνατότητες ενός απλού Γ.Α για πολύπλοκες εφαρμογές.

Χρωμοσώματα μεταβλητού μήκους χρησιμοποιούνται σε ανάγκες προσομοίωσης και βελτιστοποίησης δικτύων (Gen, Cheng and Lin, 2008). Περισσότερο γνωστή είναι η χρήση τέτοιων χρωμοσωμάτων στον προσδιορισμό της αρχιτεκτονικής νευρωνικών δικτύων, ειδικότερα του αριθμού των κόμβων της κορυφής στιβάδας, ο οποίος θεωρείται άγνωστος. Μία άλλη σχετική εφαρμογή αφορά στην ομαδοποίηση δεδομένων (Śmigielski P. 2012), στην οποία τα χρωμοσώματα που επιλέγονται για διασταύρωση ανταλλάσσουν τμήματα, με παρόμοιο τρόπο όπως θα αναλύσουμε στην επόμενη ενότητα. Περισσότερο ενδιαφέρουσα είναι η εφαρμογή σε προβλήματα τοπολογικής βελτιστοποίησης, η οποία αφορά στον βέλτιστο σχεδιασμό κατασκευών. Οι Kim and deWeck (2005) εισήγαγαν στην τοπολογική βελτιστοποίηση την έννοια του χρωμοσώματος που το μήκος του αυξάνεται προοδευτικά. Η επενέργεια των γενετικών τελεστών λαμβάνει χώρα ανάμεσα σε διαδοχικές αυξήσεις του μήκους και έτσι οι τελεστές εφαρμόζονται κάθε φορά σε χρωμοσώματα του ίδιου μήκους. Οι λύσεις που δίνονται από τον γενετικό αλγόριθμο γίνονται όλο και πιο εκλεπτυσμένες, καθώς το τυπικό χρωμόσωμα εμπλουτίζεται με περισσότερα στοιχεία.

Οι χρήσεις αυτού του τύπου Γ.Α σπανίζουν, παρόλο που υπάρχουν σημαντικές εφαρμογές όπου θα μπορούσαν να φανούν ιδιαίτερα αποτελεσματικοί. Αυτό συμβαίνει και στην επιστήμη του Υδραυλικού Μηχανικού, τόσο σε προβλήματα σχεδιασμού υδατικών συστημάτων, όσο και σε προσομοιώσεις φυσικών ή τεχνητών καταστάσεων. Η χαρακτηριστικότερη εισαγωγή μεταβλητού μήκους χρωμοσώματος αναφέρεται στην εργασία των Kerachian και Karamouz (2005), όπου τα χρωμοσώματα καλύπτουν με τον πέρασμα των γενεών την αρκετά σημαντική διάσταση του προβλήματος. Οι ίδιοι συγγραφείς (Kerachian & Karamouz, 2006) εφάρμοσαν αυτή μορφή του γενετικού αλγορίθμου και σε πρόβλημα βέλτιστης λειτουργίας ταμιευτήρων.

Για την σωστή εκτέλεση αυτών των αλγορίθμων, θα πρέπει να επαναπροσδιοριστούν οι γενετικοί τελεστές, ώστε η χρήση τους να παράγει απογόνους αποδεκτής μορφής. Παρακάτω θα περιγράψουμε τους νέους, τροποποιημένους, γενετικούς τελεστές, οι οποίοι διατηρούν την έγκυρη μορφή των χρωμοσωμάτων.

2.7 ΛΕΙΤΟΥΡΓΙΑ ΓΕΝΕΤΙΚΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ ΜΕΤΑΒΛΗΤΟΥ ΜΗΚΟΥΣ ΧΡΩΜΟΣΩΜΑΤΩΝ

Η λειτουργία αυτού του τύπου Γ.Α δεν παρουσιάζει ουσιαστικές διαφορές σε σχέση με αυτή του απλού Γ.Α. Τα μόνο σημεία στα οποία τροποποιείται, είναι αυτό της διασταύρωσης και της μετάλλαξης. Σε αυτά τα δύο τμήματα και ιδιαίτερα στην διασταύρωση και τον αντίστοιχο τελεστή, παρατηρείται μια τροποποίηση από τον κλασσικό αλγόριθμο και αυτό οφείλεται στα μεταβλητά μήκους χρωμοσώματα τα οποία παράγονται κατά την σύνθεση του αρχικού πληθυσμού. Συγκεκριμένα, για τον τελεστή διασταύρωσης θα αναλύσουμε δύο περιπτώσεις, την διασταύρωση με ένα διαχωριστικό σημείο και αυτήν με δύο διαχωριστικά σημεία. Για τον τελεστή της μετάλλαξης θα δούμε την περίπτωση εισαγωγής τμήματος στο χρωμόσωμα.

2.7.1 ΤΡΟΠΟΠΟΙΜΕΝΗ ΔΙΑΣΤΑΥΡΩΣΗ

2.7.1.1 ΤΡΟΠΟΠΟΙΗΜΕΝΗ ΔΙΑΣΤΑΥΡΩΣΗ ΜΕ ΕΝΑ ΔΙΑΧΩΡΙΣΤΙΚΟ ΣΗΜΕΙΟ

Έστω ότι ο πληθυσμός που δημιουργούμε εμπεριέχει χρωμοσώματα διαφόρων διαστάσεων τα οποία κωδικοποιούν τις άγνωστες μεταβλητές/παραμέτρους μέσω των γονιδίων τους. Επειδή δεν ξέρουμε την διάσταση του προβλήματος, ο αριθμός των παραμέτρων που «κρύβονται» μέσα στο χρωμόσωμα μεταβάλλεται. Οπότε σε κάθε χρωμόσωμα μια «ομάδα» γονιδίων παριστάνει μια άγνωστη μεταβλητή του προβλήματος. Κατά τη διαδικασία της διασταύρωσης, δύο από τα χρωμοσώματα - γονείς που επιλέγουμε είναι τα e_1 και e_2 , τα οποία ορίζονται με τον εξής τρόπο:

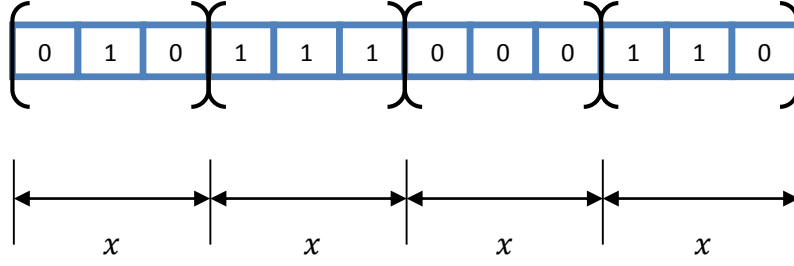
$$\begin{aligned} e_1 &= \{k_1, k_2, \dots, k_{n_1}\} \\ e_2 &= \{t_1, t_2, \dots, t_{n_2}\} \end{aligned}$$

όπου, $k_i, i = 1, 2, \dots, n_1$ τα γονίδια του χρωμοσώματος - γονέα e_1

$t_i, i = 1, 2, \dots, n_2$ τα γονίδια του χρωμοσώματος - γονέα e_2

$n_i, i = 1, 2$ το μήκος του i -οστού γονέα

Επιπλέον, υποθέτουμε πως αυτές οι «ομάδες» γονιδίων έχουν το ίδιο μήκος x (Σχήμα 2.7), δηλαδή περιέχουν ίδιο αριθμό γονιδίων, για την διευκόλυνση εφαρμογής του (νέου) τελεστή διασταύρωσης. Αυτό πρακτικά μεταφράζεται στο ότι όλοι οι άγνωστοι παράμετροι προς βελτιστοποίηση κυμαίνονται στο ίδιο πεδίο αναζήτησης $D_i = [a_i, \dots, b_i] \subseteq R$ (2.1).



Σχήμα 2.7 Τυπικό χρωμόσωμα

Αν επίσης υποθέσουμε, χωρίς κάποια απώλεια των γενικεύσεων, πως στο πρώτο γονέα οι άγνωστες παράμετροι είναι l_1 και στον δεύτερο l_2 με $l_1 \neq l_2$ τότε μπορούμε να πούμε πως ισχύει:

$$n_1 = l_1 x \text{ και } n_2 = l_2 x \quad (2.3)$$

Δημιουργούνται δύο τυχαία διαχωριστικά σημεία r_1 και r_2 , όπου $r_1, r_2 > 0$ με $1 \leq r_1 \leq n_1 - 1$ και $1 \leq r_2 \leq n_2 - 1$ για τα χρωμοσώματα e_1 και e_2 αντίστοιχα.

Στη συνέχεια ορίζονται οι ποσότητες:

$$\begin{aligned} r_{1x} &= \text{int}(r_1/x) \cdot x \\ r_{2x} &= \text{int}(r_2/x) \cdot x \end{aligned}$$

όπου το $\text{int}(a)$ συμβολίζει την ακέραια τιμή του αριθμού που βρίσκεται μέσα στην παρένθεση.

Επιπλέον, υπολογίζονται και οι εξής ποσότητες:

$$\begin{aligned} dr_1 &= r_1 - r_{1x} \\ dr_2 &= r_2 - r_{2x} \\ r_{12} &= r_{1x} + dr_2 \\ r_{21} &= r_{2x} + dr_1 \end{aligned}$$

Για να αναπαράγουμε τους δύο απογόνους που θα προκύψουν από την διασταύρωση, συνδυάζουμε το πρώτο μέρος από τον έναν γονέα, δηλαδή από την αρχή του διανύσματος μέχρι το διαχωριστικό σημείο με το συμπληρωματικό τμήμα του άλλου γονέα. Η διαδικασία αυτή γίνεται ως εξής:

Αποκόπτεται το πρώτο τμήμα των γονέων, έως το αντίστοιχο διαχωριστικό σημείο r_i , $i = 1, 2$:

$$\begin{aligned} e_{11} &= \{k_1, k_2, \dots, k_{r_1}\} \\ e_{22} &= \{t_1, t_2, \dots, t_{r_2}\} \end{aligned}$$

Ορίζονται και τα συμπληρωματικά τμήματα ως εξής:

$$e_{12} = \{k_{r_{12}+1}, \dots, k_{n_1}\}$$

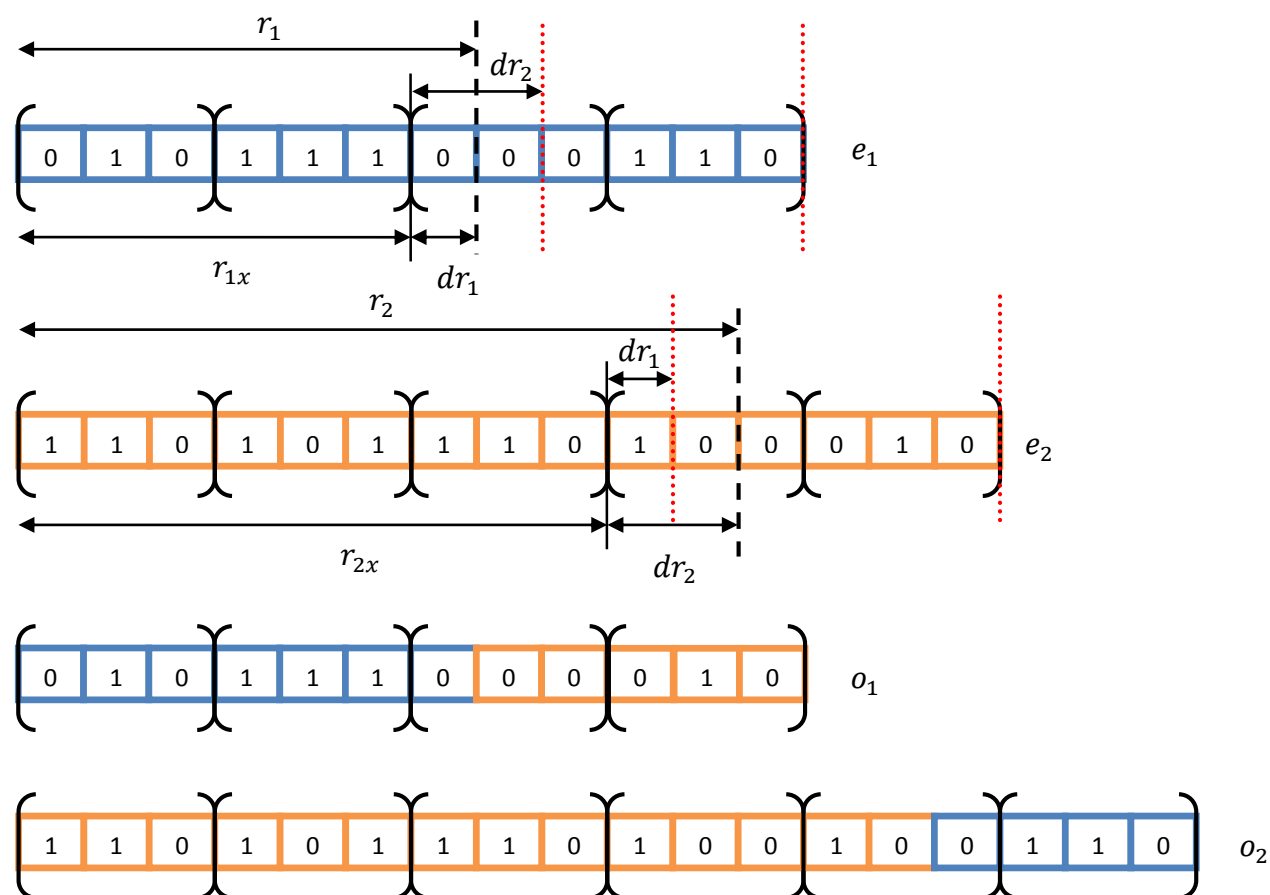
$$e_{21} = \{t_{r_{21}+1}, \dots, t_{n_2}\}$$

Τελικά οι απόγονοι o_1 και o_2 που προκύπτουν από την διασταύρωση των e_1 και e_2 είναι οι :

$$o_1 = e_{11} + e_{21}$$

$$o_2 = e_{22} + e_{12}$$

όπου το σύμβολο + σημαίνει την ενοποίηση των δύο τμημάτων. Η δράση του τελεστή διασταύρωσης παριστάνεται παρακάτω (Σχήμα 2.8).



Σχήμα 2.8 Τροποποιημένη διασταύρωση με ένα διαχωριστικό σημείο

2.7.1.2 ΤΡΟΠΟΠΟΙΗΜΕΝΗ ΔΙΑΣΤΑΥΡΩΣΗ ΜΕ ΔΥΟ ΔΙΑΧΩΡΙΣΤΙΚΑ ΣΗΜΕΙΑ

Με παρόμοιο τρόπο, ορίζεται και η διασταύρωση με την βοήθεια δύο διαχωριστικών σημείων αντί για ένα.

Δημιουργούνται τέσσερα τυχαία διαχωριστικά σημεία. Πρώτα τα $\{r_{1a}, r_{1b}\}$ για το χρωμόσωμα e_1 και στη συνέχεια τα $\{r_{2a}, r_{2b}\}$ για το χρωμόσωμα e_2 ($r_{1a}, r_{1b}, r_{2a}, r_{2b} > 0$), με $1 \leq r_{1a} < r_{1b} \leq n_1 - 1$ και $1 \leq r_{2a} < r_{2b} \leq n_2 - 1$ (n_1 και n_2 όπως ορίστηκαν από (2.3)).

Στη συνέχεια ορίζονται οι ποσότητες:

$$\begin{aligned} r_{1ax} &= \text{int}(r_{1a}/x) \cdot x \\ r_{1bx} &= \text{int}(r_{1b}/x) \cdot x \\ r_{2ax} &= \text{int}(r_{2a}/x) \cdot x \\ r_{2bx} &= \text{int}(r_{2b}/x) \cdot x \end{aligned}$$

Επίσης, υπολογίζονται οι εξής ποσότητες, με τον ίδιο τρόπο που υπολογίστηκαν και στην προηγούμενο μέθοδο:

$$\begin{aligned} dr_{1a} &= r_{1a} - r_{1ax} \\ dr_{1b} &= r_{1b} - r_{1bx} \\ dr_{2a} &= r_{2a} - r_{2ax} \\ dr_{2b} &= r_{2b} - r_{2bx} \\ r_{11} &= r_{1ax} + dr_{2a} \\ r_{12} &= r_{1bx} + dr_{2b} \\ r_{21} &= r_{2ax} + dr_{1a} \\ r_{22} &= r_{2bx} + dr_{1b} \end{aligned}$$

Αυτή η διαδικασία της διασταύρωσης, απαιτεί την συγχώνευση/ενοποίηση τριών τμημάτων από τα δύο χρωμοσώματα, το πρώτο τμήμα, το ενδιάμεσο και το τελευταίο. Ο τρόπος συγχώνευσης είναι ο ακόλουθος:

Αποκόπτεται το πρώτο τμήμα των γονέων, έως το αντίστοιχο διαχωριστικό σημείο r_{ia} , $i = 1, 2$:

$$\begin{aligned} e_{f1} &= \{k_1, k_2, \dots, k_{r_{1a}}\} \\ e_{f2} &= \{t_1, t_2, \dots, t_{r_{2a}}\} \end{aligned}$$

Στη συνέχεια ορίζονται τα ενδιάμεσα τμήματα των γονέων ως εξής:

$$\begin{aligned} e_{m1} &= \{k_{r_{11}+1}, \dots, k_{r_{12}}\} \\ e_{m2} &= \{t_{r_{21}+1}, \dots, t_{r_{22}}\} \end{aligned}$$

Τέλος, τα τελευταία τμήματα των γονέων, ορίζονται ως εξής:

$$e_{l1} = \{k_{r_{1b}+1}, \dots, k_{n_1}\}$$

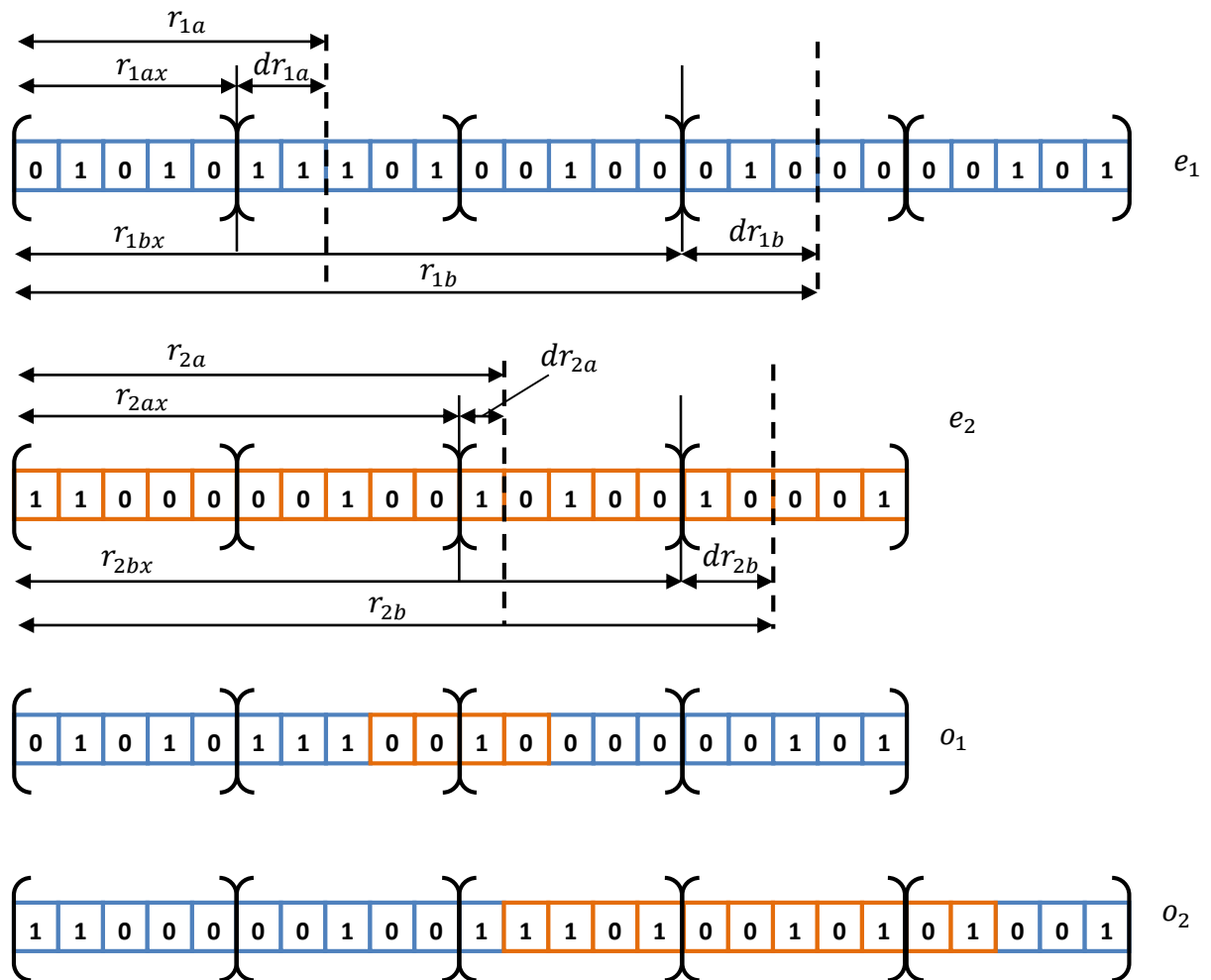
$$e_{l2} = \{t_{r_{2b}+1}, \dots, t_{n_2}\}$$

Τελικά οι απόγονοι o_1 και o_2 που προκύπτουν από την διασταύρωση των e_1 και e_2 είναι οι:

$$o_1 = e_{f1} + e_{m2} + e_{l1}$$

$$o_1 = e_{f2} + e_{m1} + e_{l2}$$

Η δράση του συγκεκριμένου τελεστή διασταύρωσης παριστάνεται παρακάτω (Σχήμα 2.9):

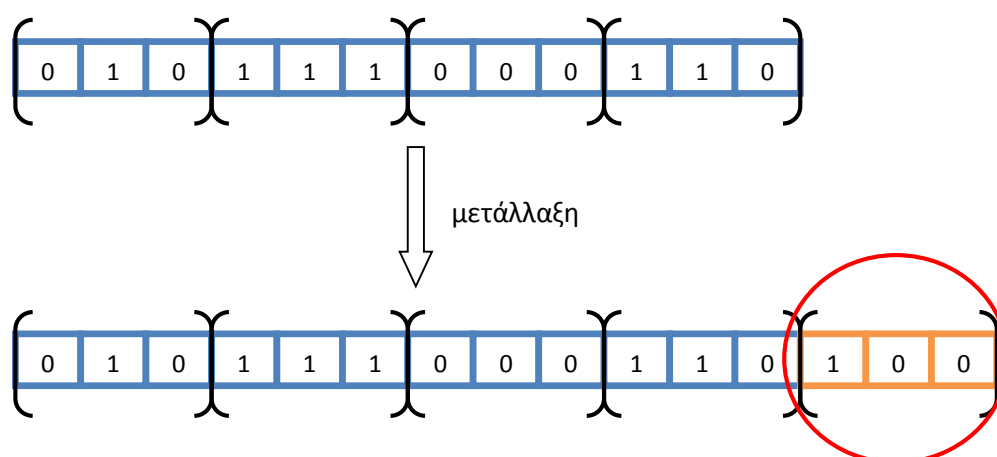


Σχήμα 2.9 Τροποποιημένη διασταύρωση με δύο διαχωριστικά σημεία

2.7.2 ΜΕΤΑΛΛΑΞΗ

2.7.2.1 ΕΙΣΑΓΩΓΗ ΤΜΗΜΑΤΟΣ

Σε αυτήν την περίπτωση ο τελεστής της μετάλλαξης εφαρμόζεται σε ακραία θέση ενός τυπικού χρωμοσώματος (Σχήμα 2.7). Δημιουργείται μια ακολουθία τυχαίων δυαδικών ψηφίων τα οποία προστίθενται/εισάγονται στο τέλος ή στην αρχή του χρωμοσώματος προς μετάλλαξη, μεταβάλλοντας έτσι το μήκος του. Επίσης, η ακολουθία που δημιουργείται έχει σταθερό μήκος x , όπως ήδη έχει οριστεί. Στο σχήμα που ακολουθεί (Σχήμα 2.10) φαίνεται η επενέργεια του τροποποιημένου τελεστή μετάλλαξης.



Σχήμα 2.10 Μετάλλαξη με εισαγωγή τμήματος

2.8 ΠΛΕΟΝΕΚΤΗΜΑΤΑ ΚΑΙ ΜΕΙΟΝΕΚΤΗΜΑΤΑ ΓΕΝΕΤΙΚΩΝ ΑΛΓΟΡΙΘΜΩΝ

2.8.1 ΠΛΕΟΝΕΚΤΗΜΑΤΑ

Μερικά από τα πλεονεκτήματα της χρήσης των Γ.Α για την επίλυση προβλημάτων είναι τα παρακάτω:

1. Επιλύουν με ταχύτητα και μεγάλη αξιοπιστία πολύπλοκα προβλήματα. Ακόμα και πρακτικά, έχουν δείξει πως μπορούν να χειριστούν ικανοποιητικά δύσκολες προσδιορισμένες λύσεις και μάλιστα σε σύντομο χρονικό διάστημα. Επίσης σε κάποιες συναρτήσεις, στις οποίες άλλες μέθοδοι αδυνατούν να βρουν τα ακρότατά τους, λόγω μεγάλων διακυμάνσεων, οι Γ.Α δεν συναντούν καμία δυσκολία εύρεσης αυτών των ακρότατων.

2. Συνεργάζονται άνετα με υπάρχοντα μοντέλα και συστήματα. Δεν απαιτούν την επανασχεδίαση του κώδικα του κάθε μοντέλου που χρησιμοποιείται. Αυτό συμβαίνει, διότι χρησιμοποιούν μόνο πληροφορίες της συνάρτησης ή της διαδικασίας που πρόκειται να βελτιστοποιήσουν χωρίς να λαμβάνεται υπόψη ο ρόλος της μέσα στην δομή του συστήματος.
3. Είναι επεκτάσιμοι και εξελίξιμοι. Οι Γ.Α δεν αντιστέκονται σε αλλαγές, επεκτάσεις και μετεξελίξεις. Ο σχεδιαστής, αναλόγως το πρόβλημα που αντιμετωπίζει, μπορεί να προσαρμόσει τον αλγόριθμο, κάνοντας επεμβάσεις πάνω στη δομή του και έτσι μπορεί να αποφασίσει να μην ακολουθεί τις λειτουργίες της φύσης, προς όφελός του.
4. Μπορούν να συνεργάζονται και με άλλες μεθόδους. Αν και η ισχύς των Γ.Α είναι μεγάλη, σε κάποιες περιπτώσεις, όπου ορισμένες μέθοδοι συμβαίνει να έχουν μεγαλύτερη αποδοτικότητα από αυτήν των Γ.Α, δύναται η χρήση των Γ.Α με άλλες μεθόδους. Αυτό συμβαίνει λόγω της μεγάλης ευελιξίας των Γ.Α.
5. Εφαρμόζονται σε πολλά πεδία. Το χαρακτηριστικό που τους εξασφαλίζει την συμμετοχή σε πολλά επιστημονικά πεδία, είναι η ελευθερία επιλογής των κριτηρίων που καθορίζουν την διαδικασία επιλογής μέσα στο περιβάλλον του αλγορίθμου. Έτσι, Γ.Α μπορούν να χρησιμοποιηθούν στην οικονομία, στο σχεδιασμό μηχανών, στην επίλυση μαθηματικών διατάξεων και σε πολλούς άλλους τομείς.
6. Δεν απαιτούν περιορισμούς στις συναρτήσεις που επεξεργάζονται. Οι περισσότερες κλασσικές μέθοδοι, απαιτούν την ύπαρξη περιορισμών, όπως παράγωγοι, συνέχεια κ.τ.λ. Τέτοιου είδους περιορισμούς, οι Γ.Α τους αγνοούν, πράγμα που τους κάνει κατάλληλους για μεγάλο φάσμα προβλημάτων.
7. Δεν ενδιαφέρει η σημασία της υπό εξέταση πληροφορίας. Ο κάθε Γ.Α στηρίζεται αποκλειστικά στην αντικειμενική του συνάρτηση. Αυτό το γεγονός είναι που τον καθιστά επιτυχή, ανεξάρτητα από την σημασία του προβλήματος. Υπάρχουν φυσικά και προβλήματα τα οποία δεν μπορούν να λύσουν οι Γ.Α. Αυτό όμως, οφείλεται κυρίως στη φύση του χώρου που μελετούν και όχι στις πληροφορίες που εντάσσονται στο πρόβλημα.
8. Έχουν από τη φύση τους, το στοιχείο του παραλληλισμού. Σε κάθε βήμα των Γ.Α, επεξεργάζονται μεγάλες ποσότητες πληροφορίας, αφού το κάθε χρωμόσωμα/άτομο θεωρείται αντιπρόσωπος πολλών

πληροφοριών. Καταλαβαίνουμε έτσι ότι μπορούν να καλύψουν μεγάλους χώρους στο πεδίο αναζήτησης σε μικρό χρονικό διάστημα.

9. Είναι μια μέθοδος που κάνει ταυτόχρονα εξερεύνηση του χώρου αναζήτησης και εκμετάλλευσης της ήδη επεξεργασμένης πληροφορίας. Ο συνδυασμός αυτός σπάνια συναντάται, σε άλλες μεθόδους. Οι Γ.Α επιτυγχάνουν τον βέλτιστο συνδυασμό εξερεύνησης και εκμετάλλευσης, πράγμα που τους καθιστά ιδιαίτερα ελκυστικούς και αποτελεσματικούς.
10. Επιδέχονται παράλληλη υλοποίηση. Οι Γ.Α μπορούν να εκμεταλλευτούν τα πλεονεκτήματα των παράλληλων μηχανών, αφού λόγω της φύσης τους, εύκολα μπορούν να δεχτούν παράλληλη υλοποίηση. Το χαρακτηριστικό αυτό αυξάνει ακόμη περισσότερο την απόδοσή τους, ενώ σπάνια συναντάται σε ανταγωνιστικές μεθόδους.
11. Προσδιορίζουν την διάσταση του προβλήματος. Όταν δεν είναι γνωστή το μέγεθος του εκάστοτε προβλήματος, τότε με τη μέθοδο των Γ.Α και ιδιαίτερα με αυτούς που χρησιμοποιούν χρωμοσώματα μεταβλητού μήκους, μπορεί να προσδιοριστεί αυτό το μέγεθος/διάσταση, έναντι πολλών άλλων αλγορίθμων, που αδυνατούν να αντιμετωπίσουν τέτοιου είδους προβλήματα.

2.8.2 ΜΕΙΟΝΕΚΤΗΜΑΤΑ

Είναι φυσικό πως θα υπάρχουν και κάποια μειονεκτήματα της χρήσης των Γ.Α. Μερικά από αυτά είναι:

1. Μπορούν να εντοπίσουν κάποιο τοπικό μέγιστο/ελάχιστο και να σταματήσουν την αναζήτηση εκεί. Αυτό σημαίνει πως όταν ο αλγόριθμος κάνει την αναζήτηση της καλύτερης λύσης μέσα στο πεδίο αναζήτησης, μπορεί να εντοπίσει κάποιο τοπικό μέγιστο, και να αρχίσει την σύγκλιση σε εκείνο το διάστημα που εντάσσεται αυτό το μέγιστο, χωρίς να ελέγξει αν υπάρχει αλλού κάποιο καλύτερο.
2. Το πεδίο αναζήτησης πιθανών να μην περιέχει την λύση. Καθώς γίνεται έλεγχος των πιθανών λύσεων μέσα στο πεδίο αναζήτησης που εμείς ορίζουμε, ενδέχεται οι λύσεις στις οποίες καταλήγει να μην ανταποκρίνονται στις πραγματικές λύσεις.
3. Δεν είναι βέβαιο ότι θα υπάρξει σύγκλιση σε συγκεκριμένη τιμή. Αυτό μπορεί να οφείλεται στην αντικειμενική συνάρτηση ή ακόμη και σε λανθασμένη εισαγωγή τιμών στις παραμέτρους των γενετικών αλγορίθμων (π.χ. μεγάλη τιμή πιθανότητας μετάλλαξης κ.α.).

-
4. Μεγάλος αριθμός αξιολογήσεων της καταλληλότητας του πληθυσμού. Οι επαναλαμβανόμενες αξιολογήσεις καταλληλότητας, μέσω των συναρτήσεων κόστους, συνεπάγονται μεγάλο υπολογιστικό χρόνο και ισχύ, κάτι που μπορεί να αντιμετωπιστεί με εισαγωγή κατάλληλου κώδικα, αλλά εις βάρος της ακρίβειας.

3 ΕΦΑΡΜΟΓΗ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ - ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ

3.1 ΕΙΣΑΓΩΓΗ

Το πρόβλημα προσδιορισμού των τιμών των παραμέτρων k και m , καθώς και του προσδιορισμού των n αγνώστων ταμιευτήρων με τους οποίους θα εξομοιωθεί η λειτουργία της λεκάνης απορροής που μελετάται, γίνεται βάση του κριτηρίου της ελαχιστοποίησης του αθροίσματος του τετραγώνου των αποκλίσεων μεταξύ των μετρημένων τιμών εκροής Q^{obs} και υπολογιζόμενων τιμών εξόδου/εκροής Q^n του τελευταίου ταμιευτήρα, για κάθε χρονική στιγμή t .

Η συνάρτηση που ελαχιστοποιήσουμε όπως έχει αναφερθεί στο Κεφάλαιο 2 είναι:

$$F = \sum_{i=1}^M (Q_i^n - Q_i^{obs})^2 \quad (3.1)$$

όπου, F : η αντικειμενική συνάρτηση

Q_i^n : η εκροή του n -οστού ταμιευτήρα (τελευταίου)

Q_i^{obs} : οι παρατηρημένες/μετρημένες εκροές

M : ο αριθμός των παρατηρήσεων

3.2 ΠΡΟΤΕΙΝΟΜΕΝΟΣ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΣ

Το μαθηματικό μοντέλο, έτσι όπως ορίστηκε, επιλύεται με τον συνδυασμό ενός Γ.Α μεταβλητού μήκους χρωμοσωμάτων και ενός απλού Γ.Α.

- Αρχικά με τον Γ.Α μεταβλητού μήκους χρωμοσωμάτων, θα γίνει μια εκτίμηση του αριθμού των ταμιευτήρων n και των τιμών των παραμέτρων k και m για τον κάθε ταμιευτήρα. Οι τιμές αυτών των παραμέτρων δεν αντιπροσωπεύουν τις «βέλτιστες» τιμές, απλά δίνουν μια ένδειξη σε τι διαστήματα κυμαίνονται.
- Στη συνέχεια με τον απλό Γ.Α υπολογίζουμε τις «βέλτιστες» τιμές των παραμέτρων των n ταμιευτήρων που εκτιμήθηκαν με τον προηγούμενο αλγόριθμο.
- Τέλος για να επιβεβαιώσουμε ότι ο αριθμός των ταμιευτήρων που εκτιμήθηκε και επιλέχθηκε είναι ο «βέλτιστος», εκτελούμε τον απλό Γ.Α για ταμιευτήρες που κυμαίνονται στο διάστημα $[n - 1, \dots, n + 1]$.

3.3 ΔΕΔΟΜΕΝΑ

Τα υδρολογικά δεδομένα (Πίνακας 3.1) εισόδου που έχουμε στη διάθεσή μας είναι:

- οι χρόνοι t (h)
- οι εισροές I για κάθε χρονική στιγμή (m^3/s)
- οι μετρημένες εκροές Q^{obs} για κάθε χρονική στιγμή (m^3/s)

Πίνακας 3.1 Υδρολογικά στοιχεία εισόδου

Χρόνος (h)	0	6	12	18	24	30	36	42	48	54
Υδρογράφημα απορροής (m^3/s)	0	40	80	35	17	7	0	0	0	0
Υδρογράφημα εκροής (m^3/s) (από μετρήσεις)	0	3.5	16.5	22.7	25.0	23.0	20.0	15	12	8

Για την εφαρμογή των αλγορίθμων, εκτός από την συνάρτηση κόστους και τα υδρολογικά δεδομένα εισόδου, χρειάζεται να καθορίσουμε το πεδίο ορισμού ή πεδίο αναζήτησης των τιμών των παραμέτρων, δηλαδή τον προσδιορισμό των ορίων μέσα στα οποία θα αναζητήσει ο αλγόριθμος την λύση στο συγκεκριμένο πρόβλημα βελτιστοποίησης. Ακόμα, εισάγουμε και τις παραμέτρους του Γ.Α. Αυτοί οι παράμετροι αποτελούνται από την ακρίβεια των δεδομένων εξόδου, τον πληθυσμό των χρωμοσωμάτων, την πιθανότητα διασταύρωσης και μετάλλαξης καθώς και τις γενιές (επαναλήψεις) που θα πραγματοποιήσει ο αλγόριθμος. Η εξίσωση (3.1) ορίζει την συνάρτηση κόστους, η οποία αποτελεί τον κορμό πάνω στον οποίο βασίζεται η λειτουργία του Γ.Α.

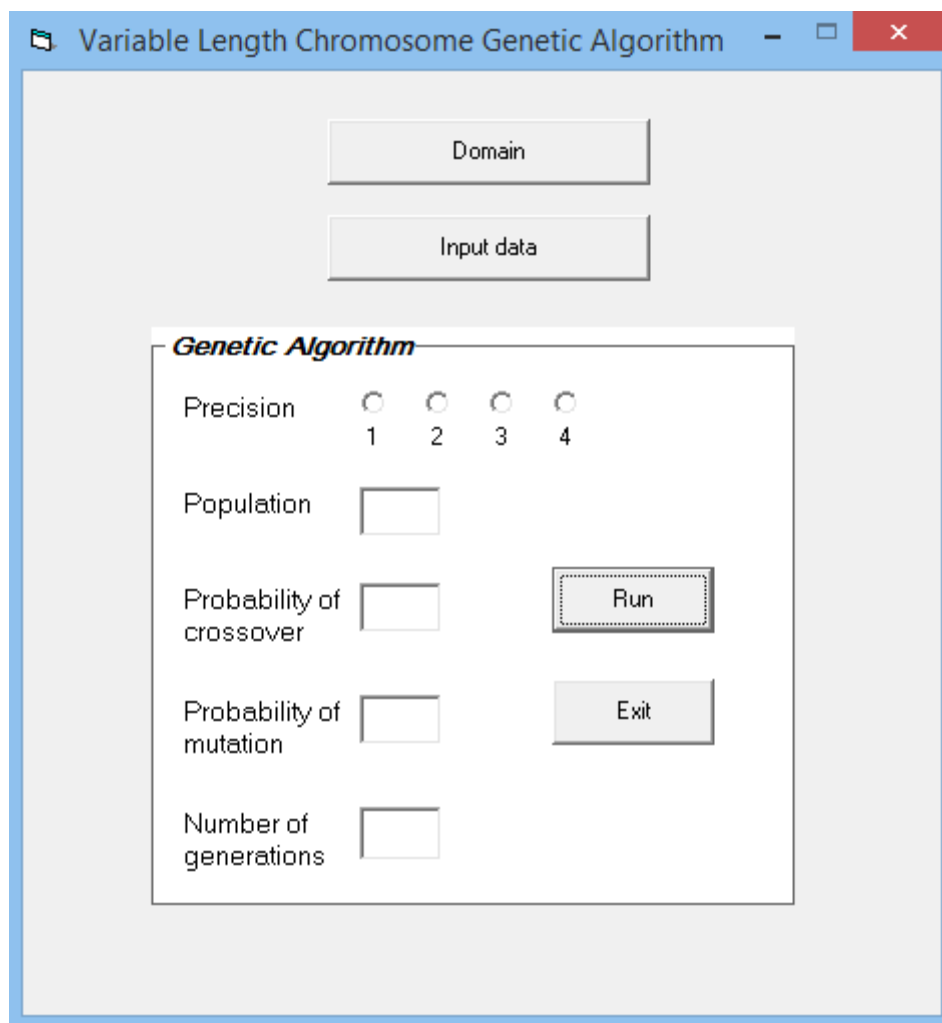
3.4 ΕΦΑΡΜΟΓΗ

Τα δύο είδη αλγορίθμου που περιγράφηκαν στην προηγούμενη ενότητα (απλός Γ.Α και Γ.Α μεταβλητού μήκους χρωμοσωμάτων) είναι προγραμματισμένα με γλώσσα προγραμματισμού **Visual Basic 6.0**. Θα δούμε αρχικά την εφαρμογή του Γ.Α με μεταβλητό μήκος χρωμοσώματος. Τα βήματα της διαδικασίας αναλύονται παρακάτω:

3.4.1 Γ.Α ΜΕΤΑΒΛΗΤΟΥ ΜΗΚΟΥΣ ΧΡΩΜΟΣΩΜΑΤΩΝ

✓ Πρώτο Βήμα

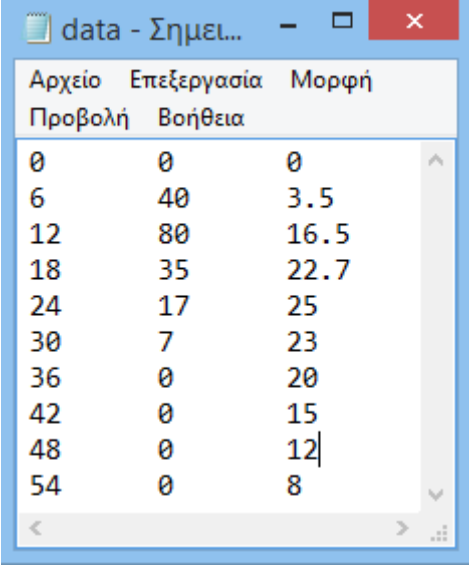
Ανοίγουμε το εκτελέσιμο αρχείο **variable_length_genetic.exe** το οποίο εμφανίζει την φόρμα στην οποία θα εισάγουμε όλα τα απαραίτητα δεδομένα για την εκτέλεση του αλγορίθμου (Εικόνα 4.1).



Εικόνα 3.1 Φόρμα εισαγωγής δεδομένων Γ.Α μεταβλητού μήκους χρωμοσωμάτων

✓ Δεύτερο Βήμα

Πατώντας το κουμπί που γράφει "**Domain**" ορίζουμε το πεδίο αναζήτησης για τις παραμέτρους k και m . Από έρευνες που έχουν γίνει (π.χ. Singh V.P, 1981) έχει παρατηρηθεί πως οι τιμές που κυμαίνονται οι σταθερές k είναι από 5 έως 15 και για τα m τιμές μικρότερων της μονάδας. Ορίζουμε αυθαίρετα ένα διάστημα για τα k και m . Έπειτα, πατώντας το "**Input data**" εισάγουμε τα δεδομένα που αφορούν την λεκάνη απορροής (Πίνακας 3.1). Τα δεδομένα αυτά πρέπει να είναι αποθηκευμένα σε μορφή ".txt" ή ".dat" και να γράφονται σε στήλες (Εικόνα 3.2).



Αρχείο	Επεξεργασία	Μορφή
0	0	0
6	40	3.5
12	80	16.5
18	35	22.7
24	17	25
30	7	23
36	0	20
42	0	15
48	0	12
54	0	8

Εικόνα 3.2 Μορφή δεδομένων εισόδου

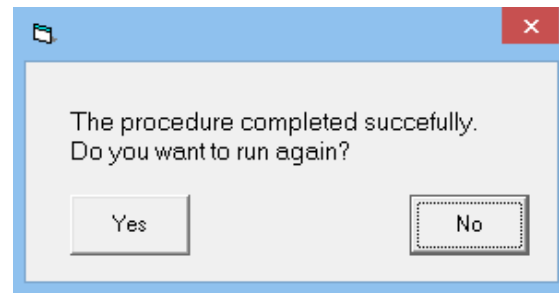
Τέλος εισάγουμε και τις κατάλληλες παραμέτρους για την λειτουργία του Γ.Α. Αυτές είναι:

- **Ακρίβεια (Precision)**: Είναι η ακρίβεια που θα έχουν τα αποτελέσματα. Οι αριθμοί εκφράζουν τα δεκαδικά ψηφία.
- **Πληθυσμός (Population)**: Ο μέγιστος αριθμός πληθυσμού (**pop_size**) που μπορούμε να επεξεργαστούμε είναι συνήθως γύρω στα 200 άτομα/χρωμοσώματα.
- **Πιθανότητα διασταύρωσης (Probability of crossover)**: Επιλέγουμε μεγάλη τιμή πιθανότητας (p_c) (80% έως 95%) για τους Γ.Α με μεταβλητό μήκος χρωμοσωμάτων, επειδή απαιτούν υψηλά ποσοστά πιθανότητας ζευγαρώματος χρωμοσωμάτων. Στους απλούς Γ.Α αποδίδουμε μικρότερα ποσοστά πιθανότητας (συνήθως από 20% έως 50%).
- **Πιθανότητα μετάλλαξης (Probability of mutation)**: Οι τιμές αυτού του τελεστή (p_m) κυμαίνονται συνήθως από 1% έως 4%.
- **Αριθμός γενιών (Number of generations)**: Ο αριθμός των γενιών (**gen**) λαμβάνεται συνήθως σε ένα εύρος τιμών από 200 έως 2000.

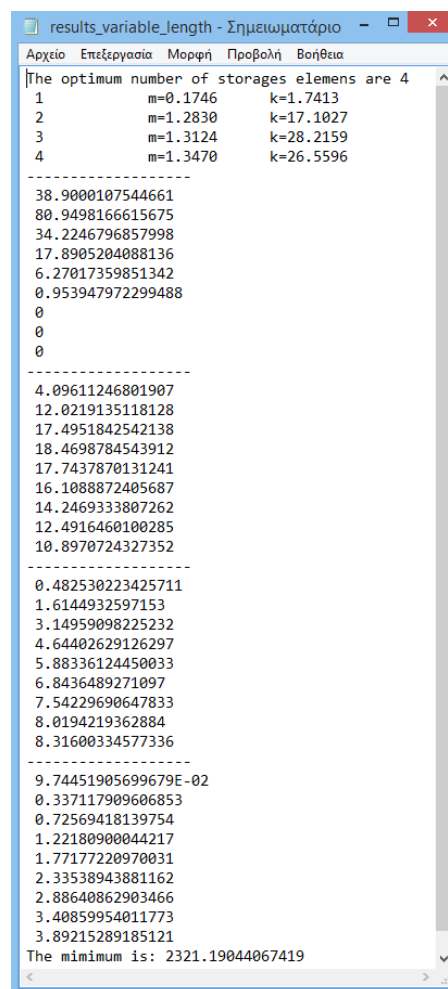
✓ Τρίτο Βήμα

Αφού εισάγουμε τις τιμές των παραμέτρων του Γ.Α ξεκινάμε πατώντας του κουμπί "**Run**". Όταν τελειώσει η διαδικασία (το οποίο συνεπάγεται στην εκτέλεση όλων των γενιών), εμφανίζεται ένα παράθυρο το οποίο ενημερώνει ότι η διαδικασία ολοκληρώθηκε και ρωτάει τον χρήστη αν θέλει να την ξανά τρέξει (Εικόνα 3.3). Παράλληλα με αυτό, το πρόγραμμα παράγει ένα αρχείο (**results_variable.txt**), μέσα στο οποίο αναγράφονται η εκτίμηση του «βέλτιστου» αριθμού ταμιευτήρων καθώς και οι αντίστοιχες «βέλτιστες» τιμές των παραμέτρων k και m , για κάθε ένα ταμιευτήρα. Ακόμα, στο ίδιο αρχείο

αναγράφεται η εκροή Q_i για κάθε ταμιευτήρα και για όλες τις χρονικές στιγμές, όπως επίσης και η ελάχιστη τιμή της αντικειμενικής συνάρτησης F .



Εικόνα 3.3 Ερώτηση για επανάληψη προγράμματος



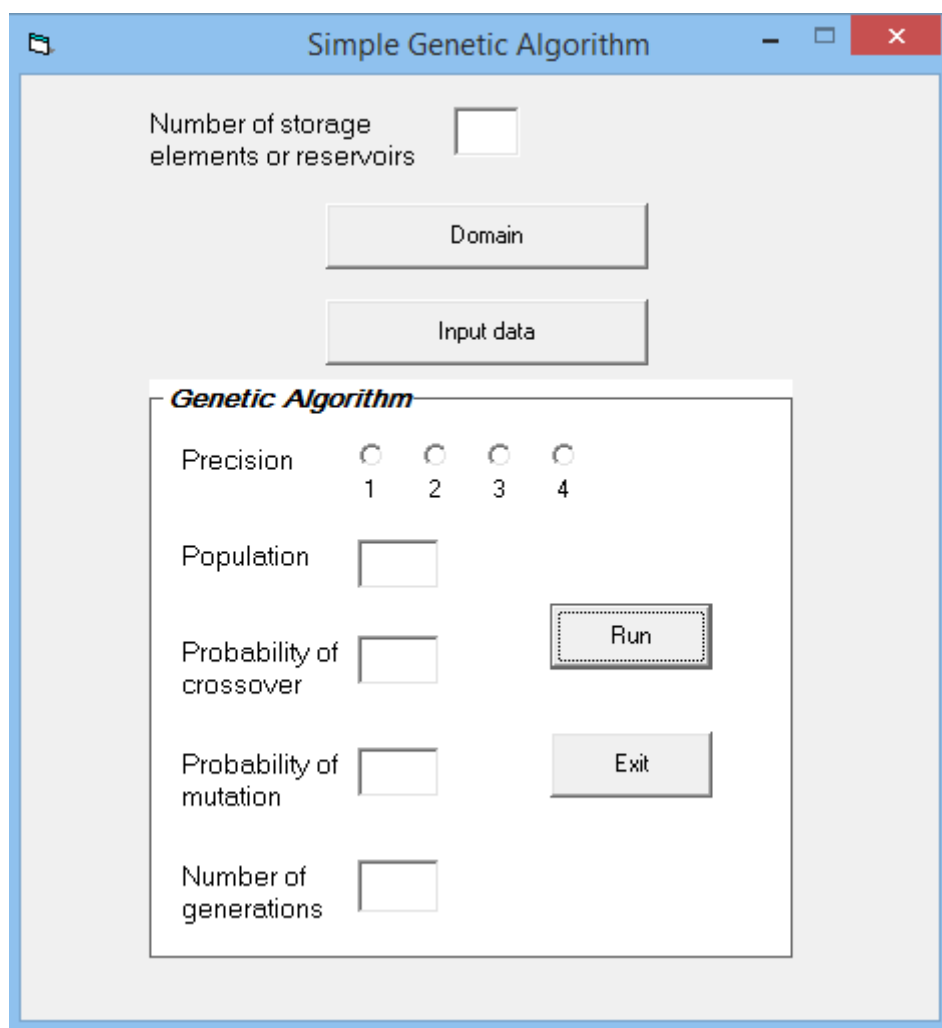
Εικόνα 3.4 Μορφή αρχείου "results_variable.txt" Γ.Α μεταβλητού μήκους χρωμοσωμάτων

3.4.2 ΑΠΛΟΣ Γ.Α

Με την εκτέλεση του προηγούμενου αλγορίθμου, έχουμε πλέον μια ένδειξη του αριθμού n των ταμιευτήρων. Επόμενο στάδιο είναι η εκτέλεση του απλού Γ.Α.

✓ Πρώτο βήμα

Τρέχουμε το εκτελέσιμο αρχείο **simple_genetic.exe**. Η φόρμα που εμφανίζεται (Εικόνα 3.5) είναι παρόμοια με την αντίστοιχη φόρμα του προηγούμενου αλγορίθμου, με μόνο επιπρόσθετο στοιχείο, στην αρχή να ζητάει τον αριθμό των ταμιευτήρων (**Number of storage elements or reservoirs**).



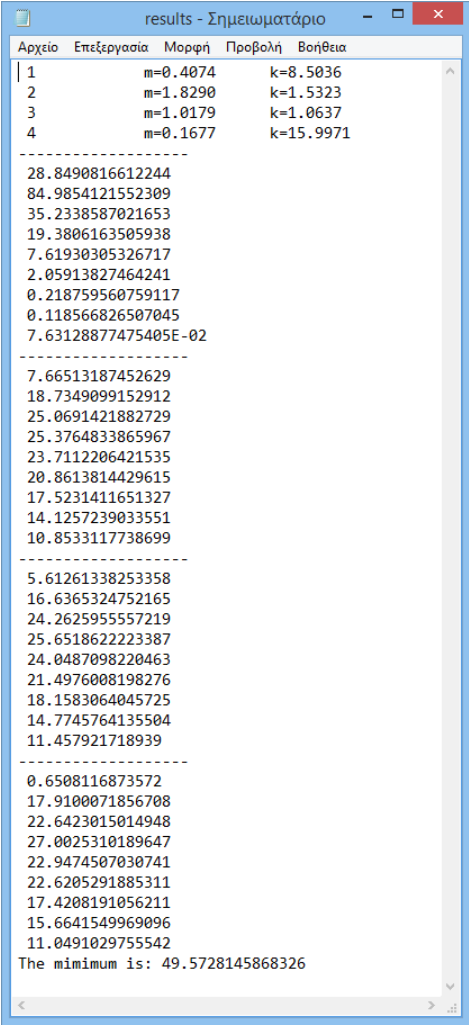
Εικόνα 3.5 Φόρμα εισαγωγής δεδομένων απλού Γ.Α

✓ Δεύτερο βήμα

Ομοίως με τον προηγούμενο αλγόριθμο, έτσι και εδώ συμπληρώνουμε τα στοιχεία που απαιτούνται για την εκτέλεση του. Το πεδίο αναζήτησης για τις παραμέτρους των ταμιευτήρων μπορούμε να το ορίσουμε βάση των αποτελεσμάτων του Γ.Α μεταβλητού μήκους χρωμοσωμάτων. Τα υδρολογικά δεδομένα που εισάγουμε είναι προφανώς τα ίδια.

✓ **Τρίτο βήμα**

Πατώντας το κουμπί "**Run**", ο αλγόριθμος ξεκινά τις γενετικές διαδικασίες. Όπως και πριν, έτσι και τώρα, στο τέλος της διαδικασίας, εμφανίζεται το παράθυρο για τερματισμό του προγράμματος (Εικόνα 3.4). Το τελικό αποτέλεσμα, παρουσιάζεται σε ένα αρχείο που δημιουργείται αυτόματα (**results.txt**). Μέσα σε αυτό εμφανίζονται οι «βέλτιστες» τιμές των παραμέτρων k και m , όπως επίσης και οι εκροές Q_i κάθε ταμειυτήρα για κάθε χρονική στιγμή. Στο τέλος γράφεται και η ελάχιστη τιμή της αντικειμενικής συνάρτησης F , βάση των «βέλτιστων» παραμέτρων (Εικόνα 3.6).



Αρχείο	Επεξεργασία	Μορφή	Προβολή	Βοήθεια
1	m=0.4074	k=8.5036		
2	m=1.8290	k=1.5323		
3	m=1.0179	k=1.0637		
4	m=0.1677	k=15.9971		

28.8490816612244				
84.9854121552309				
35.2338587021653				
19.3806163505938				
7.61930305326717				
2.05913827464241				
0.218759560759117				
0.118566826507045				
7.63128877475405E-02				

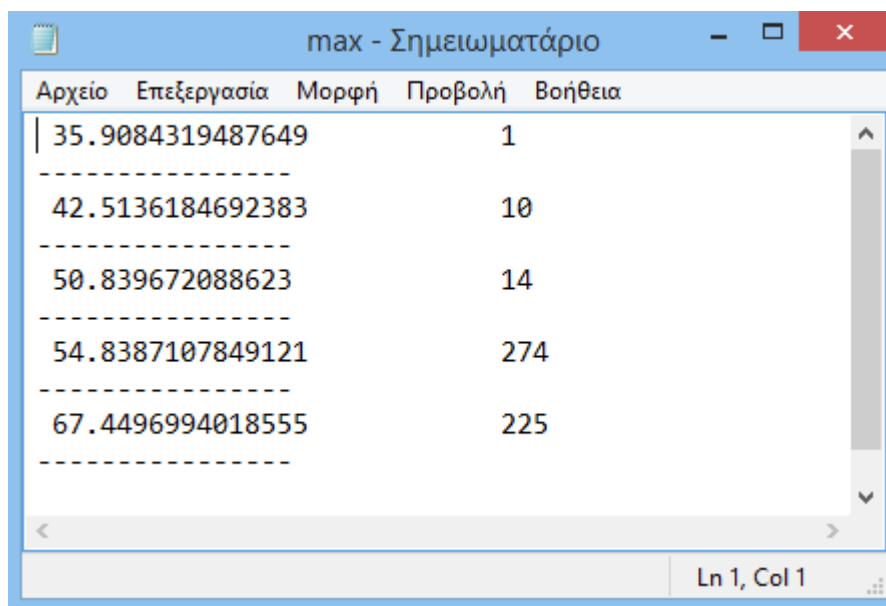
7.66513187452629				
18.7349099152912				
25.0691421882729				
25.3764833865967				
23.7112206421535				
20.8613814429615				
17.5231411651327				
14.1257239033551				
10.8533117738699				

5.61261338253358				
16.6365324752165				
24.2625955557219				
25.6518622223387				
24.0487098220463				
21.4976008198276				
18.1583064045725				
14.7745764135504				
11.457921718939				

0.6508116873572				
17.9100071856708				
22.6423015014948				
27.0025310189647				
22.9474507030741				
22.6205291885311				
17.4208191056211				
15.6641549969096				
11.0491029755542				
The minimum is: 49.5728145868326				

Εικόνα 3.6 Μορφή αρχείου "results.txt" απλού Γ.Α

Σε ένα ακόμα αρχείο που παράγεται (**max.txt**), φαίνονται οι πέντε μεγαλύτερες τιμές της αντικειμενικής συνάρτησης και σημειώνονται οι αντίστοιχες θέσεις τους, δηλαδή οι γενιές που εντοπίστηκαν, σε φθίνουσα σειρά (Εικόνα 3.7). Αυτές οι τιμές είναι κοντά η μία με την άλλη και μας δείχνουν ότι ο αλγόριθμος έχει εντοπίσει την βέλτιστη λύση.



max - Σημειωματάριο	
Αρχείο Επεξεργασία Μορφή Προβολή Βοήθεια	
35.9084319487649	1

42.5136184692383	10

50.839672088623	14

54.8387107849121	274

67.4496994018555	225

Ln 1, Col 1	

Εικόνα 3.7 Μορφή αρχείου "max.txt" απλού Γ.Α

Αφού το πρόγραμμα ολοκληρώσει όλες τις γενιές, μπορούμε να το ξανά εκτελέσουμε περιορίζοντας το πεδίο αναζήτησης, εφόσον εντοπίσουμε τα όρια μέσα στα οποία κυμαίνονται οι τιμές των παραμέτρων των ταμιευτήρων που έχουν ήδη προκύψει. Έτσι πετυχαίνουμε μια καλύτερη τιμή της αντικειμενικής συνάρτησης F , η οποία θα αντιστοιχεί σε καλύτερη εξομοίωση της λεκάνης απορροής.

3.5 ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ

Η εκτέλεση των παραπάνω προγραμμάτων πραγματοποιείται δέκα φορές το καθένα και αυτό λόγω του ότι οι Γ.Α εμπεριέχουν μια πιθανολογική προσέγγιση του εκάστοτε προβλήματος. Οπότε, με αυτές τις δοκιμές, θα επιτύχουμε ένα καλύτερο αποτέλεσμα για την βελτιστοποίηση. Ακόμη, μπορούμε να πειραματιστούμε στις παραμέτρους που ορίζουμε για την λειτουργία του Γ.Α, ώστε να δούμε τις αλλαγές που προκαλούν στα αποτελέσματα.

Πίνακας 3.2 Αποτελέσματα Γ.Α μεταβλητού μήκους χρωμοσωμάτων

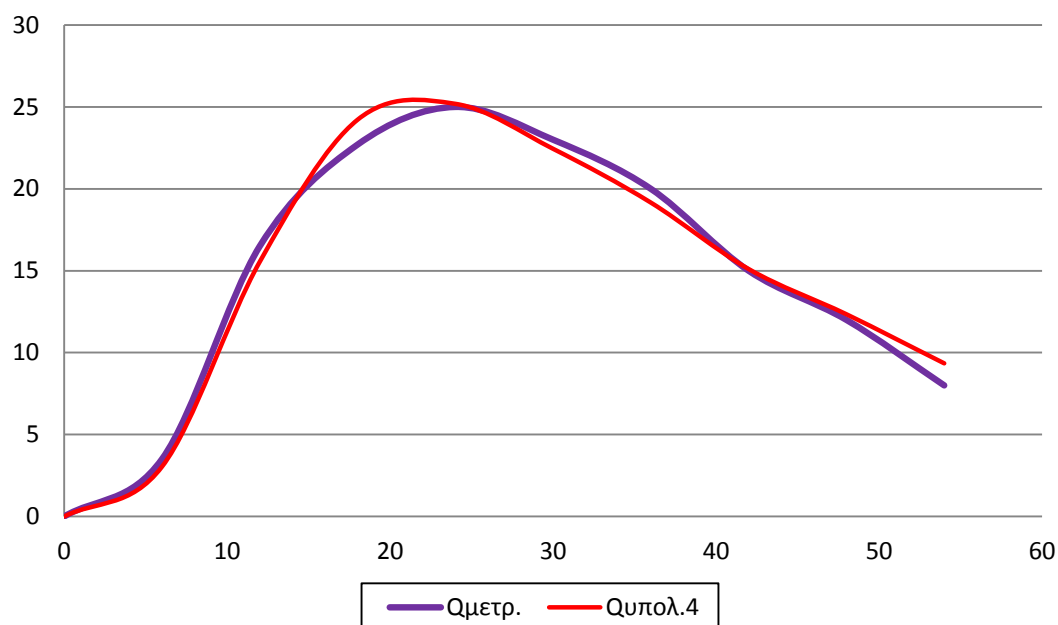
Γ.Α μεταβλητού μήκους χρωμοσωμάτων				
<i>Ακρίβεια (ψηφία)</i>	<i>Πληθυσμός</i>	<i>Πιθανότητα διασταύρωσης</i>	<i>Πιθανότητα μετάλλαξης</i>	<i>Γενιές</i>
4	200	0.90	0.03	1000
Δοκιμές	Τιμή αντικειμενικής συνάρτησης		Εκτίμηση αριθμού ταμειυτήρων	
1η	2209.082		6	
2η	2431.317		5	
3η	835.666		5	
4η	1453.633		5	
5η	405.010		4	
6η	2147.428		5	
7η	1911.781		5	
8η	2551.821		5	
9η	2042.178		5	
10η	2187.865		6	

Όπως παρατηρούμε, βάση των αποτελεσμάτων του Γ.Α μεταβλητού μήκους χρωμοσωμάτων (Πίνακας 3.2), ο καλύτερος αριθμός ταμειυτήρων που προκύπτει εκτιμάται να είναι τέσσερις. Στη συνέχεια, χρησιμοποιώντας αυτόν τον αριθμό ταμειυτήρων, μέσω του απλού Γ.Α καταλήγουμε στην ελάχιστη τιμή της αντικειμενικής συνάρτησης ανάμεσα στις δέκα δοκιμές (Πίνακας 3.3).

Πίνακας 3.3 Αποτελέσματα απλού Γ.Α (τέσσερις ταμειυτήρες)

Απλός Γ.Α					
Αριθμός ταμειευτήρων	Ακρίβεια (ψηφία)	Πληθυσμός	Πιθανότητα διασταύρωσης	Πιθανότητα μετάλλαξης	Γενιές
4	4	100	0.25	0.01	1000
	Δοκιμές		Τιμή αντικειμενικής συνάρτησης		
	1η		33.214		
	2η		10.942		
	3η		6.417		
	4η		10.476		
	5η		14.856		
	6η		15.452		
	7η		13.696		
	8η		10.646		
	9η		12.281		
	10η		12.997		

Για να ελέγξουμε αν όντως οι τιμές των παραμέτρων της τρίτης δοκιμής ανταποκρίνονται βέλτιστα στην εξομοίωση της υπό μελέτης υδρολογικής λεκάνης από το σύστημα των ταμιευτήρων, συγκρίνουμε το υδρογράφημα που αντιστοιχεί στις τιμές εκροής που παρατηρούνται Q_i^{obs} (**Qμετρ.**) και τις τιμές που προκύπτουν από τους υπολογισμούς του προγράμματος για τον τελευταίο ταμιευτήρα Q_i (**Qυπολ.4**), $i = 1, 2, \dots, M$, όπου M ο αριθμός των παρατηρήσεων (Σχήμα 3.1).



Σχήμα 3.1 Υδρογραφήματα μετρημένων και υπολογιζόμενων εκροών για τέσσερις ταμιευτήρες

Όπως φαίνεται και από το παραπάνω διάγραμμα, οι τιμές των παραμέτρων k και m των ταμιευτήρων που εκφράζουν τους μη γραμμικούς ταμιευτήρες, ανταποκρίνονται αρκετά ικανοποιητικά στο ρόλο τους. Αυτό διαπιστώνεται από την σχεδόν ταύτιση των δυο γραμμών, οι οποίες παριστάνουν τις μετρημένες και υπολογισμένες εκροές. Όσο πιο μικρή η τιμή της αντικειμενικής συνάρτησης (6.417), τόσο καλύτερη η σύγκλιση μεταξύ των υδρογραφημάτων εξόδου. Οι «βέλτιστες» τιμές των παραμέτρων k και m των ταμιευτήρων που υπολογίζονται μέσα από το πρόγραμμα (**simple_genetic.exe**) αναγράφονται παρακάτω (Πίνακας 3.4).

Πίνακας 3.4 «Βέλτιστες» τιμές παραμέτρων ταμιευτήρων

Ταμιευτήρας	m	k
1	0.2948	11.189
2	0.2800	1.6453
3	1.0874	18.5805
4	0.3688	1.0981

Αναφέραμε πως η εκτίμηση του αριθμού των ταμιευτήρων που προκύπτει από την εφαρμογή του Γ.Α με μεταβλητό μήκος χρωμοσώματος, δεν είναι απαραίτητα ο ιδανικός αριθμός αυτών. Ελέγχουμε για ένα εύρος τιμών ± 1 . Οπότε θα εκτελέσουμε το πρόγραμμα του απλού Γ.Α, με τρεις και πέντε ταμιευτήρες. Τα αποτελέσματα που προκύπτουν (Πίνακες 3.5 & 3.6), κάνοντας πάλι δέκα δοκιμές, είναι τα εξής:

Πίνακας 3.5 Αποτελέσματα απλού Γ.Α (τρεις ταμιευτήρες)

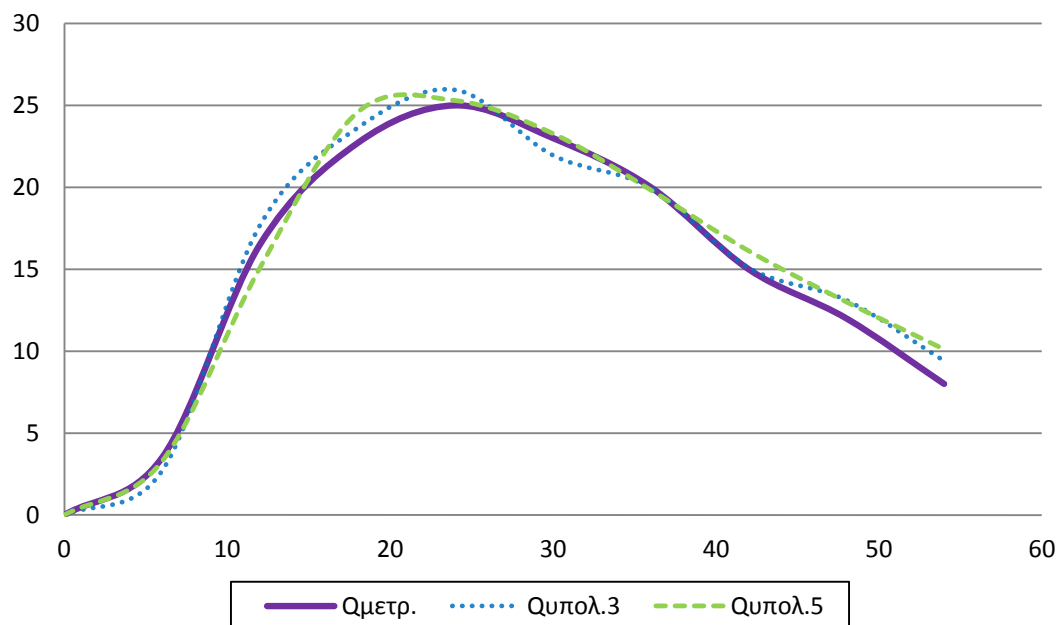
Αριθμός ταμιευτήρων	Ακρίβεια (ψηφία)	Πληθυσμός	Πιθανότητα διασταύρωσης	Πιθανότητα μετάλλαξης	Γενιές
3	4	100	0.25	0.01	1000
	Δοκιμές		Τιμή αντικειμενικής συνάρτησης		
	1η		9.882		
	2η		10.353		
	3η		8.136		
	4η		9.995		
	5η		11.235		
	6η		11.202		
	7η		8.998		
	8η		10.374		
	9η		9.355		
	10η		10.748		

Πίνακας 3.6 Αποτελέσματα απλού Γ.Α (πέντε ταμιευτήρες)

Αριθμός ταμιευτήρων	Ακρίβεια (ψηφία)	Πληθυσμός	Πιθανότητα διασταύρωσης	Πιθανότητα μετάλλαξης	Γενιές
5	4	100	0.25	0.01	1000
	Δοκιμές		Τιμή αντικειμενικής συνάρτησης		
	1η		53.315		
	2η		43.921		
	3η		23.326		
	4η		15.830		
	5η		40.067		
	6η		18.493		
	7η		12.529		
	8η		25.422		
	9η		23.233		
	10η		15.640		

Όπως διαπιστώνουμε, η ελάχιστη τιμή της αντικειμενικής συνάρτησης για τους τρεις και τους πέντε ταμιευτήρες δεν είναι μικρότερη από την ελάχιστη των τεσσάρων ταμιευτήρων. Αυτό σημαίνει πως ο Γ.Α μεταβλητού μήκους χρωμοσωμάτων εκτίμησε σωστά τον «βέλτιστο» αριθμό ταμιευτήρων. Οι αποκλίσεις που παρουσιάζουν τα υδρογραφήματα εκροών (Σχήμα 3.2) τα οποία αντιστοιχούν στην ελάχιστη τιμή της αντικειμενικής συνάρτησης για τους

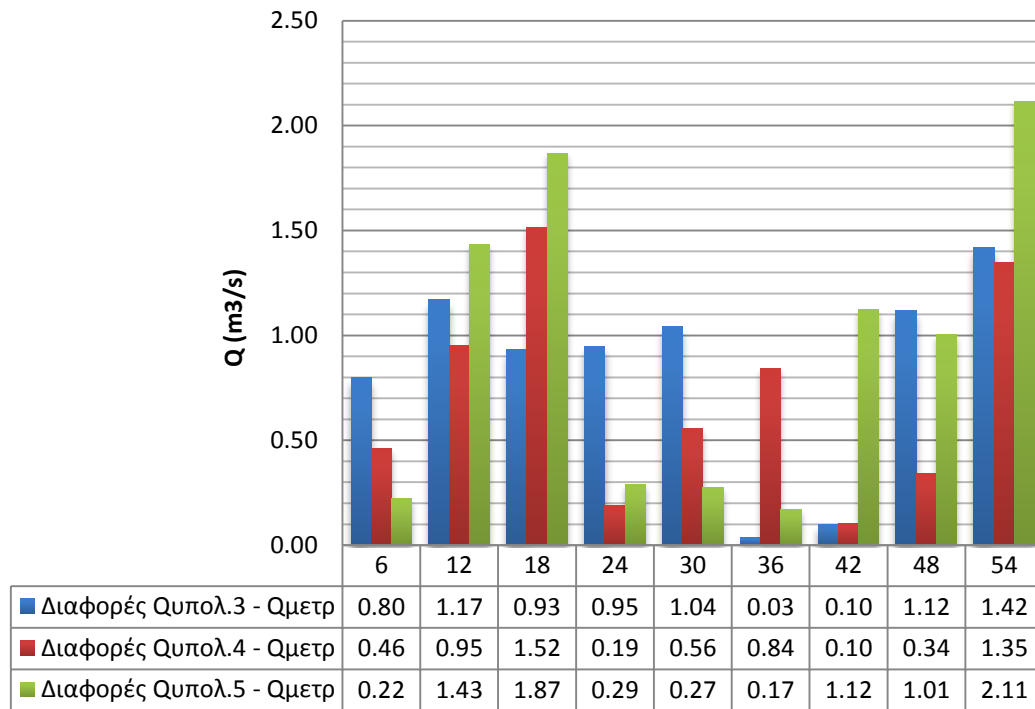
τρεις και πέντε ταμειυτήρες (**Qυπολ.3 & Qυπολ.5**) από το υδρογράφημα εκροής το οποίο προκύπτει από παρατηρήσεις (**Qμετρ.**) είναι εντονότερες στα περισσότερα σημεία από τις αντίστοιχες αποκλίσεις που εμφανίζονται στην περίπτωση των τεσσάρων ταμειυτήρων.



Σχήμα 3.2 Υδρογραφήματα μετρημένων και υπολογιζόμενων εκροών για τρεις και πέντε ταμειυτήρες

Βάση του διαγράμματος που προκύπτει, επιβεβαιώνουμε ότι η μπλε γραμμή (**Qυπολ.3**), η οποία συμβολίζει την λύση με τρεις ταμειυτήρες, πλησιάζει περισσότερο την μωβ (**Qμετρ.**), η οποία δείχνει τις μετρημένες τιμές εκροής για τα διάφορα χρονικά διαστήματα, απ' ό,τι η πράσινη (**Qυπολ.5**). Αυτό είναι λογικό, από τη στιγμή που η ελάχιστη τιμή της αντικειμενικής συνάρτησης που προκύπτει από την λύση με τρεις ταμειυτήρες (**8.136**) είναι μικρότερη από την αντίστοιχη λύση με πέντε ταμειυτήρες (**12.529**). Παρόλα αυτά, σε ορισμένα σημεία του διαγράμματος, η πράσινη γραμμή, η οποία με τη σειρά της αντιπροσωπεύει την λύση με τους πέντε ταμειυτήρες, συγκλίνει περισσότερο στην μωβ.

Για να αποκτήσουμε μια καλύτερη εικόνα των διαφορών που προκύπτουν, για κάθε ένα υδρογράφημα με τις μετρημένες τιμές εκροών, παριστάνουμε σε ένα γράφημα όλες τις διαφορές στις τιμές των Q για κάθε χρονική στιγμή (Σχήμα 3.3). Όσο μικρότερο το ύψος μια στήλης, τόσο καλύτερη η προσαρμογή της συγκεκριμένης λύσης (αριθμού ταμειυτήρων) στην συγκεκριμένη χρονική στιγμή.



Σχήμα 3.3 Διαφορές υδρογραφημάτων εξόδου με υδρογράφημα μετρημένων τιμών εκροών

4 ΣΧΟΛΙΑ - ΣΥΜΠΕΡΑΣΜΑΤΑ

4.1 ΣΧΟΛΙΑ

Οι τιμές των παραμέτρων που προέκυψαν με τον συνδυασμό των δύο αλγορίθμων, θεωρούνται οι «βέλτιστες». Αυτό όμως δεν σημαίνει πως είναι και οι «πραγματικές» τιμές που μας δίνουν την ελάχιστη τιμή της αντικειμενικής συνάρτησης που μελετούμε. Με αλλαγή των παραμέτρων που ορίζουν τον Γ.Α, όπως π.χ. την ακρίβεια, θα μπορούσαμε ενδεχομένως να προσεγγίσουμε μια ακόμα καλύτερη λύση.

Θεωρητικά οι πέντε καλύτερες τιμές της αντικειμενικής συνάρτησης που εξάγει το πρόγραμμα του απλού Γ.Α, πρέπει να έχουν μικρές αποκλίσεις μεταξύ τους και να κυμαίνονται σε λογικά πλαίσια, αναλόγως το εκάστοτε πρόβλημα. Στη συγκεκριμένη περίπτωση, η λύση των τεσσάρων ταμιευτήρων που θεωρήθηκε η «βέλτιστη» μεταξύ όλων των άλλων, έχει την ιδιαιτερότητα ότι οι κοντινές λύσεις της παρουσιάζουν μεγάλες αποκλίσεις μεταξύ τους (Πίνακας 4.1).

Πίνακας 4.1 Καλύτερες τιμές αντικειμενικής συνάρτησης απλού Γ.Α (τέσσερις ταμιευτήρες)

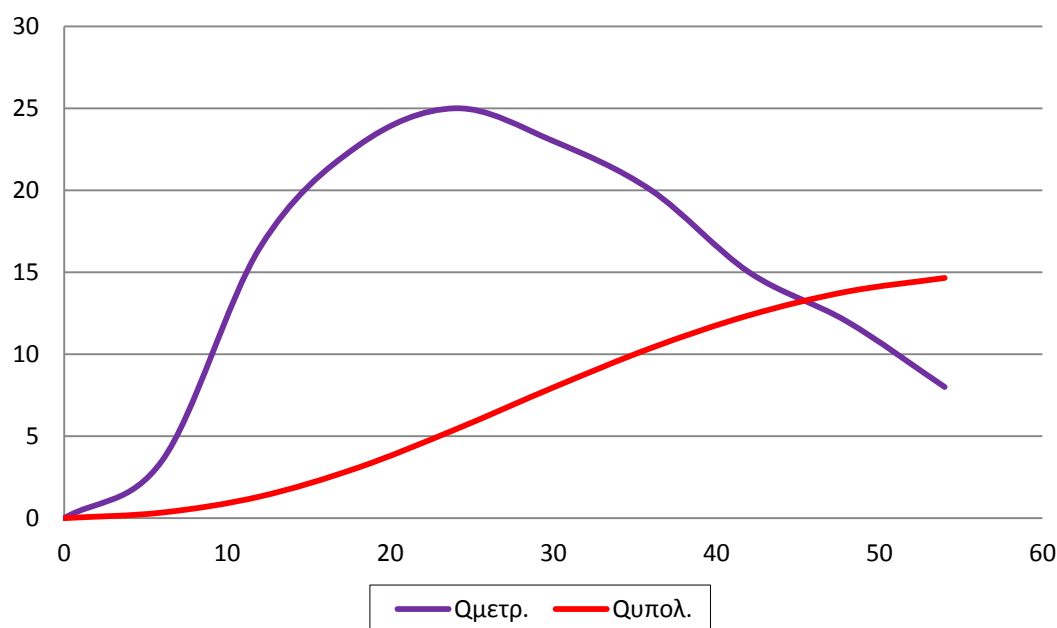
Τιμή αντικειμενικής συνάρτησης	Αριθμός γενιάς
6.417	312
20.782	545
32.710	560
34.832	680
41.049	739

Με το πέρασμα των γενεών θα υπάρχουν κάποιοι συνδυασμοί των k και m , για τους οποίους η αντικειμενική συνάρτηση δεν είναι δυνατόν να υπολογιστεί. Αυτό αποδίδεται στην μορφή της εξίσωσης (1.19), όπου μπορούν να σχηματιστούν αρνητικές ποσότητες κάτω από την ύψωση στη δύναμη ($1/m_1$). Οπότε, οι μεγάλες διακυμάνσεις τιμών της αντικειμενικής συνάρτησης μέσα στο αρχείο των καλύτερων λύσεων (max.txt) που επιτεύχθηκαν κατά την διαδρομή όλων των γενεών, ενδεχομένως να οφείλονται σε αυτό το γεγονός.

Για να αντιμετωπίσουμε αυτήν την «αδυναμία» του προγράμματος, θα πρέπει να ορίσουμε κάποια διαστήματα τιμών των παραμέτρων των ταμιευτήρων, έτσι ώστε να μην σχηματίζονται ζευγάρια k και m τα οποία θα δημιουργούν αρνητικές ποσότητες. Μέσα από κάποιες ανισότητες, καταλήγουμε ότι αυτά τα πεδία αναζήτησης των δύο παραμέτρων είναι: $m > 1$ και $k \geq 4$. Κάνοντας πάλι δοκιμές και με κάποιες αλλαγές στις παραμέτρους, παίρνουμε τα εξής αποτελέσματα (Πίνακας 4.2):

Πίνακας 4.2 Αποτελέσματα απλού Γ.Α (περιορισμένο διάστημα αναζήτησης)

Αριθμός ταμιευτήρων	Ακρίβεια (ψηφία)	Πληθυσμός	Πιθανότητα διασταύρωσης	Πιθανότητα μετάλλαξης	Γενιές
4	4	80	0.40	0.01	600
		Δοκιμές	Τιμή αντικειμενικής συνάρτησης		
		1η	1598.823		
		2η	1629.128		
		3η	1728.871		
		4η	1610.777		
		5η	1413.365		
		6η	1504.307		
		7η	1589.094		
		8η	1382.012		
		9η	1695.258		
		10η	1763.480		

**Σχήμα 4.1** Σύγκριση υδρογραφημάτων μετρημένων και υπολογιζόμενων εκροών

Παρατηρούμε πως οι τιμές των εκροών του τέταρτου ταμιευτήρα (**Qυπολ.**) για κάθε χρονική στιγμή, απέχουν πολύ από τις μετρημένες τιμές εκροών (**Qμετρ.**). Γι' αυτό και η τιμή της αντικειμενικής συνάρτησης είναι μεγάλη σε σχέση με την «βέλτιστη» τιμή που βρέθηκε στην προηγούμενη ενότητα. Επομένως, στα διαστήματα που ορίσαμε, για τα k και m , δεν επιτυγχάνεται η εξομοίωση της λεκάνης απορροής από τους ταμιευτήρες, παρότι οι καλύτερες τιμές που επιτυγχάνονται είναι σχετικά κοντά μεταξύ τους (Πίνακας 4.3).

Πίνακας 4.3 Νέες καλύτερες τιμές αντικειμενικής συνάρτησης απλού Γ.Α (τέσσερις ταμιευτήρες)

Τιμή αντικειμενικής συνάρτησης	Αριθμός γενιάς
1382.012	1
1389.556	2
1831.240	7
1888.649	545
1931.664	381

Ένας άλλος τρόπος για να πάρουμε τις καλύτερες τιμές της αντικειμενικής συνάρτησης, χωρίς όμως να αποφύγουμε το πρόβλημα στη σχέση (1.9), ώστε να μην παρατηρούνται μεγάλες αποκλίσεις μεταξύ τους, είναι να αυξήσουμε τον αριθμό των γενεών. Θεωρητικά, με μεγαλύτερο αριθμό γενεών, ο αλγόριθμος θα καταφέρει να «αναπροσαρμόσει» τις «κακές» λύσεις που δημιουργούνται, λόγω κάποιων συνδυασμών k και m . Με μία δοκιμή για 10000 γενιές και με τις υπόλοιπες παραμέτρους όπως ορίστηκαν παραπάνω, οι καλύτερες πέντε τιμές αντικειμενικής συνάρτησης που προκύπτουν είναι (Πίνακας 4.4):

Πίνακας 4.4 Καλύτερες τιμές αντικειμενικής συνάρτησης απλού Γ.Α (τέσσερις ταμιευτήρες, 10000 γενιές)

Τιμή αντικειμενικής συνάρτησης	Αριθμός γενιάς
8.126	894
8.738	18077
9.776	14025
10.344	14187
12.279	9892

Επιβεβαιώνουμε λοιπόν, πως με έναν μεγάλο αριθμό γενιών, οι καλύτερες τιμές της αντικειμενικής συνάρτησης, είναι κοντά. Αυτό πρακτικά όμως δεν συμφέρει, αφού απαιτεί μεγάλο χρονικό διάστημα, για την εκτέλεση του προγράμματος.

Ένα ακόμη σχόλιο που θα μπορούσαμε να κάνουμε, αφορά στην λύση που προκύπτει από την εφαρμογή του αλγορίθμου με μεταβλητό μήκος χρωμοσωμάτων. Όπως είδαμε, καταλήξαμε σε σωστή εκτίμηση του ιδανικού αριθμού ταμιευτήρων αλλά η αντίστοιχη τιμή αντικειμενικής συνάρτησης, να είναι μεγάλη και να μην πλησιάζει καθόλου στην ελάχιστη. Αυτό το αρνητικό των Γ.Α με μεταβλητό μήκος χρωμοσωμάτων, εμφανίζεται συχνά όταν το πρόβλημα στο οποίο συμμετέχουν είναι πολυδιάστατο και με αυξημένη πολυπλοκότητα. Στα απλά προβλήματα βελτιστοποίησης, δεν συναντά δυσκολίες στην εύρεση της «βέλτιστης» λύσης.

4.2 ΣΥΜΠΕΡΑΣΜΑΤΑ

Με την εφαρμογή των δύο προγραμμάτων, του απλού και του μεταβλητού μήκους χρωμοσώματος Γ.Α, βρίσκουμε με ευκολία και σχετική ταχύτητα τις τιμές των παραμέτρων που αντιπροσωπεύουν το σύστημα των μη γραμμικών ταμιευτήρων για την «βέλτιστη» εξομοίωση της λεκάνης απορροής, βάση της αντικειμενικής συνάρτησης που επιλέξαμε. Ξεκινώντας την διαδικασία εξομοίωσης, με μόνο δεδομένα τα υδρολογικά στοιχεία της λεκάνης απορροής, καταφέραμε να προσδιορίσουμε εκτός των τιμών των παραμέτρων και την διάσταση του προβλήματος, δηλαδή των αριθμό των ταμιευτήρων, η οποία ήταν άγνωστη.

Έτσι, μέσω αυτού του προβλήματος τονίζεται η σημαντικότητα των Γ.Α και ιδιαίτερα αυτών με μεταβλητό μήκος χρωμοσωμάτων. Βοηθούν στην αντιμετώπιση δύσκολων, πολυδιάστατων προβλημάτων σε μικρό χρονικό διάστημα, χωρίς εκ των προτέρων να ξέρουμε το μέγεθός τους και αυτό είναι ένα ισχυρό πλεονέκτημα έναντι πολλών άλλων αλγορίθμων βελτιστοποίησης.

ΒΙΒΛΙΟΓΡΑΦΙΑ

1. Ahn Chang Wook (Student Member, IEEE) & Ramakrishna R. S. (Senior Member, IEEE) (2002). **"A Genetic Algorithm for Shortest Path Routing Problem and the Sizing of Populations"**. IEEE Transactions on evolutionary computation, vol. 6, no. 6.
2. Chambers L. D. (2001). **"The practical handbook of genetic algorithms, applications"**. CHAPMAN & HALL/CRC, 2nd edition.
3. Haupt R. L. & Haupt S. E. (2004). **"Practical Genetic Algorithms"**. Willey Interscience.
4. Kerachian R.& Karamouz M. (2006). **"Optimal reservoir operation considering the water quality issues: A stochastic conflict resolution approach"**. Water Resource Res., 42, W12401.
5. Michalewicz Z.(1996). **"Genetic Algorithms + Data Structures = Evolution Programs"**. Springer-Verlag.
6. Mitchell M.(1996). **"An Introduction to Genetic Algorithms"**. Cambridge, MA: MIT Press.
7. Singh, V.P. & Buapeng, S. (1981). **"A nonlinear hydrologic cascade"**. Water for Survival, J. Hydrol.
8. Śmigielski P. (2012). **"Genetic algorithm for clustering, finding the number of clusters"**. Published online.
9. Stringer H. I. (2007). **"Behavior of variable-length genetic algorithms under random selection"**. B.S. University of Florida.
10. Ven Te Chow, Maidment D. R. & Mays L. W. (1988). **"Applied Hydrology"**. McGraw-Hill.
11. Βερυκάκη Γ. Ι. & Παπαγιάννη Χ. Α. (2003). **"Βελτιστοποίηση Σχεδίασης Ευφούς Κεραίας Με Τη Χρήση Γενετικών Αλγορίθμων"**. Διπλωματική εργασία, Σχολή Ηλεκτρολόγων Μηχανικών και Μηχανικών Υπολογιστών, ΕΜΠ.
12. Γεωργάκης Θ.& Κατσάμπαλος Κ. (2008). **"ΟΔΗΓΟΣ ΠΡΟΓΡΑΜΜΑΤΙΣΜΟΥ στο περιβάλλον της VISUALBASIC 6"**. Έκδοση 1.3.2
13. Γεωργόπουλος Ε. Φ. και Λυκοθανάσης Σ. Δ. (1999). **"Εισαγωγή στους Γενετικούς Αλγορίθμους"**. Τμήμα Μηχανικών Ηλεκτρονικών Υπολογιστών & Πληροφορικής, Πολυτεχνική Σχολή, Πανεπιστήμιο Πατρών, Εργαστήριο Αναγνώρισης Προτύπων.
14. Δερμίσης Β. Δ. (2013). **"Διευθετήσεις Υδατορρευμάτων"**. Εκδόσεις Τζιόλα.

15. Ουλκέρογλου Ν. Μ. (2004). **"Βελτιστοποίηση προγραμματισμού παραγωγής με χρήση γενετικών αλγορίθμων"**. Διπλωματική εργασία, Σχολή Ηλεκτρολόγων Μηχανικών και Μηχανικών Υπολογιστών, ΕΜΠ.
16. Σιδηρόπουλος Ε.& Τολίκας Δ.(2009). **"Τεχνική Υδρολογία"**. Σημειώσεις μαθήματος.
17. Σιδηρόπουλος Ε.& Φωτιάδης Χ. (2010). **"Αριθμητική ανάλυση με χρήση Η/Υ"**. Σημειώσεις μαθήματος.
18. Σιδηρόπουλος Ε. (2013). **"Γενετικός Αλγόριθμος με μεταβλητό μήκος χρωμοσώματος: Εφαρμογή σε υδρολογικό πρόβλημα"**. Τιμητικός Τόμος για τον Ομότιμο καθηγητή Δ. Τολίκα, Επιμέλεια: Κατσιφαράκης Κ. και Βαφειάδης Μ. Τμήμα Πολιτικών Μηχανικών, Πολυτεχνική Σχολή, ΑΠΘ.
19. Τσότσος Θ. (2013). **"Βελτιστοποίηση τοποθέτησης τεμαχίου για μέτρηση σε c.m.m. και κινήσεων αισθητήρα μέσω υβριδικής μεθόδου"**. Διπλωματική εργασία, Τμήμα Μηχανολόγων Μηχανικών, Πολυτεχνική Σχολή ΑΠΘ.
20. <http://users.auth.gr/vmarios/courses/UH.pdf>
21. <http://www.obitko.com/tutorials/genetic-algorithms/>
22. <http://www.sosmath.com/calculus/limcon/limcon07/limcon07.html>

ΠΑΡΑΡΤΗΜΑ Α

Καλύτερο αποτέλεσμα τεσσάρων ταμειευτήρων (results4.txt)

1	m=0.2948	k=11.1890
2	m=0.2800	k=1.6453
3	m=1.0874	k=18.5805
4	m=0.3688	k=1.0981

29.8502441997528
86.4147530182234
32.1004504681624
21.1053232395608
5.79731644880088
2.54937715637344
0.166568528222504
0.106295708450757
7.58592401610412E-02

28.4497454339662
87.2987270372611
31.6900609433352
21.6615773161645
5.64807505789539
2.85358984362139
0.233151307762923
0.109414001531995
8.91819961577856E-02

3.58971961493895
15.4513070702557
24.4918087480102
24.9324630633949
22.6505819938904
18.8872889939769
15.2851130256747
12.0910409971137
9.5094716347628

3.03829929343922
15.5473275750534
24.217036830566
25.1898880157469
22.4432963444058
19.1598936444173

15.1038366943718
 12.3437551857075
 9.34689304772352
 The minimum is: 6.41697639834394

Καλύτερες τιμές τεσσάρων ταμειυτήρων (max4.txt)

6.41697645187378	312

20.7822704315186	545

32.7101593017578	560

34.8315505981445	680

41.0486030578613	739

Καλύτερο αποτέλεσμα τριών ταμειυτήρων (results3.txt)

1	m=0.1805	k=8.2626
2	m=1.2246	k=11.8651
3	m=0.2849	k=5.5935

34.7737677969932
 84.3201740380137
 31.6732408083761
 20.7062594775264
 4.44749994479921
 2.83413564355189
 1.19576015803499E-04
 1.31679576102613E-04
 1.33988875447499E-04

5.17421375651269
 16.9497987017333
 24.7179289768031
 24.9864229191922
 22.7035166482119
 19.1008919841727
 15.6305689280811
 12.4278516628335
 9.75816736718775

2.69981758731338
 17.6721533634036
 23.6307564002699
 25.9494912610719

21.959521868936
 19.9652264062649
 15.1009299862593
 13.1165196106957
 9.41907366542105
 The minimum is: 8.13645202731531

Καλύτερες τιμές τριών ταμιευτήρων (max3.txt)

8.13645172119141	156

13.4982614517212	259

17.0101470947266	299

19.703067779541	725

24.0239143371582	826

Καλύτερο αποτέλεσμα πέντε ταμιευτήρων (results5.txt)

1	m=0.1246	k=10.2731
2	m=0.1777	k=8.9982
3	m=0.1411	k=4.0366
4	m=0.5991	k=4.1287
5	m=1.2330	k=10.9299

 34.6730364847183
 84.6998398681834
 31.0010719961436
 21.2406968998975
 3.73522603835442
 3.32314222923459
 7.98256103514727E-05
 1.28966307397621E-04
 1.36905163161085E-04

 29.2094194827757
 88.9675566721272
 27.9711504376912
 24.4006167142499
 2.37039401846163
 4.29792167752656
 0.382971601236038
 0.112385956413539
 6.68526125351208E-02

27.0665531771548
 90.7117314140982
 26.6305798199535
 25.751293269739
 1.6977229926091
 4.7443699964362
 0.421513496288061
 0.195932325980325
 9.18440366472376E-02

 19.0280281579893
 86.829317510354
 38.2573624330819
 18.4486311077255
 11.0779947917531
 0.39206943840373
 2.93563100125544
 5.72511763166873E-02
 0.110627493296524

 3.27824419004096
 15.06605850798
 24.5686238705281
 25.2892595255076
 23.2736083807626
 19.8293074845824
 16.1232673940072
 13.0050005457929
 10.114846913525

The minimum is: 12.5291179170713

Καλύτερες τιμές πέντε ταμειευτήρων (max5.txt)

12.5291175842285 108

 14.4429197311401 216

 24.5516204833984 381

 42.7384948730469 558

 48.4601020812988 601