

Les Algorithmes Génétiques Multiobjectifs

1. Introduction :

Les méthodes des algorithmes génétiques multiobjectifs connaissent un intérêt croissant depuis le début des années 1990 car elles sont particulièrement bien adaptées au traitement de problèmes multiobjectifs où l'on recherche un ensemble de solutions. Les algorithmes génétiques travaillent sur une population de solution cette caractéristique leur permet de trouver plusieurs solution potentiellement Pareto optimales. Donc l'approche des algorithmes génétiques peut être capable de résoudre le problème de contrôle multiobjectif. Nous présentons dans ce chapitre les concepts principaux d'un algorithme génétique multiobjectif.

2. Les Algorithmes Génétiques (AGs):

Les algorithmes génétiques ont été développés par Holland en 1975. Ils sont basés sur la théorie de l'évolution naturelle des espèces énoncée par Darwin en 1859 et la procréation selon les règles de Mendel. Ils ont été efficacement utilisés pour résoudre plusieurs problèmes d'optimisation multicritères. L'algorithme génétique est une technique d'optimisation basée sur les concepts de la sélection naturelle et génétique. L'algorithme commence avec un ensemble de solutions possibles du problème (individus), constituant une population. Les individus sont formés par des variables, qui sont les paramètres à ajuster dans un dispositif. Cette population est conçue aléatoirement à l'intérieur de limites prédéfinies. Certaines solutions de la première population sont utilisées pour former une nouvelle population, à partir d'opérateurs génétiques (croisement, mutation, etc.). Ceci est motivé par l'espoir que la nouvelle population soit meilleure que la précédente. Les solutions qui serviront à former de nouvelles solutions sont sélectionnées aléatoirement d'après leurs mérites (représentés par une fonction objectif spécifique au problème posé, qui devra être minimisée ou maximisée) : meilleur est l'individu, plus grandes seront ses chances de se reproduire c'est-à-dire, plus grande sera sa probabilité d'être sélectionné pour subir les opérateurs génétiques. Ceci est répété jusqu'à ce qu'un critère de convergence soit satisfait (par exemple, le nombre de générations ou le mérite de la meilleure solution) [15].

Comme indiqué auparavant, plusieurs travaux de recherche sont en cours, qui utilisent les AGs, pour les problèmes l'optimisation multicritères. On peut résumer ce qui différencie les AGs des autres approches d'optimisation en quatre points :

- Les AGs utilisent un codage des paramètres et non les paramètres eux-mêmes.
- Les AGs travaillent sur une population de points et non sur un point particulier. Ce qui permet la recherche sur un espace multi dimensionnel.
- Les AGs ne posent aucune condition sur la nature des fonctions à optimiser.
- Les AGs utilisent des règles de transitions probabilistes et non déterministes

2.1. Les opérateurs des algorithmes génétiques :

2.1.1. Population initiale :

L'AG démarre avec une population composée de N individus dans le codage retenu. Le choix des individus conditionne fortement la rapidité de l'algorithme. Si la position de l'optimum dans l'espace de recherche est totalement inconnue, il est intéressant que la population soit répartie sur tout l'espace de recherche. Si par contre des informations à priori sur le problème sont disponibles, il paraît évident de générer les individus dans un espace particulier afin d'accélérer la convergence. Disposant d'une population initiale souvent non homogène, la diversité de la population doit être entretenue aux cours des générations afin d'explorer le plus largement possible l'espace de recherche. C'est le rôle des opérateurs de croisement et de mutation [18].

2.1.2. Codage des éléments d'une population:

Premièrement, il faut représenter les différents états possibles de la variable dont on cherche la valeur optimale sous forme utilisable pour un AG c'est le codage. Où a chaque paramètre X_i on doit faire correspondre un gène.

Pour les algorithmes génétiques un des facteurs les plus importants est la façon dont sont codées les solutions (ce que l'on a nommé ici les chromosomes), c'est-à-dire les structures de données qui coderont les gènes. Un chromosome regroupe un ensemble d'attributs ordonnés appelés gènes. Un gène prend pour valeur l'une parmi celles possibles : ces valeurs sont les allèles. L'emplacement d'un gène s'appelle locus. Dans le cas d'un codage binaire les allèles possibles sont $\{0, 1\}$. Le codage se base sur deux notions importantes : le génotype et le phénotype [19].

Un génotype : représente l'ensemble des valeurs des gènes d'un chromosome.

Un phénotype : c'est la représentation de la solution du problème qui traduit les données contenues dans le génotype. Par exemple, si une solution s'exprime naturellement sous forme d'un vecteur de nombres entiers, le phénotype sera ce vecteur. Le génotype sera ainsi une chaîne de symboles binaires qui code ce vecteur.

Cela permet d'établir une connexion entre la valeur de la variable et les individus de la population, de manière à imiter la transcription génotype-phénotype qui existe dans le monde vivant [18].

Il existe principalement trois types de codage : le codage binaire, le codage réel (appelé aussi codage symbolique) et le codage sous forme d'arbre, alors que le plus utilisé est le codage binaire.

2.1.2.1. Codage binaire :

Ce codage a été le premier à être utilisé dans le domaine des AGs. Il présente plusieurs avantages : alphabet minimum $\{0,1\}$, facilité de mise au point d'opérateurs génétiques et existence de fondements théoriques (théorie sur les schémas).

Néanmoins ce type de codage présente quelques inconvénients :

1. Les performances de l'algorithme sont dégradées devant les problèmes d'optimisation de grande dimension à haute précision numérique. Pour de tels problèmes, les AG basés sur les chaînes binaires ont de faibles performances.
2. La distance de Hamming entre deux nombres voisins (nombre de bits différents) peut être assez grande dans le codage binaire : l'entier 7 correspond à la chaîne 0111 et la chaîne 1000 correspond à l'entier 8. Or la distance de hamming entre ces deux chaînes est de 4, ce qui crée bien souvent une convergence, et non pas l'obtention de la valeur optimale [18].

Cet inconvénient peut être évité en utilisant un codage de Gray par exemple [20].

2.1.3. L'évaluation:

L'évaluation permet de s'assurer que les individus performants seront conservés, alors que les individus peu adaptés seront progressivement éliminés de la population. L'évaluation d'un individu ne dépendant pas de celle des autres individus, pour calculer le coût d'un point de l'espace de recherche, on utilise une *fonction d'évaluation* f , cette fonction est souvent une transformation g de la fonction objectif $f(x) = g(\Phi(x))$, appelée aussi la fonction *fitness*, le résultat fourni par cette fonction va permettre de sélectionner ou de refuser un individu pour ne garder que les individus ayant le meilleur coût en fonction de la population courante [21].

L'évaluation de chaque individu consiste à transformer la chaîne binaire 0 et 1 du chromosome en une valeur réelle, appelée *valeur d'adaptation* [11].

2.1.4. La Sélection:

Une opération de sélection est nécessaire pour pouvoir choisir les chromosomes qui garantiront une amélioration de la qualité des solutions. La sélection est un processus qui consiste à choisir parmi tous les individus de la population ceux qui vont participer à la construction d'une nouvelle génération où ce choix est basé essentiellement sur les valeurs d'adaptation de chaque individu. Un membre ayant une grande valeur de la fonction objectif aura plus de chance d'être sélectionné pour participer à la reproduction de la prochaine génération. Nous citons quelques méthodes utilisées pour la sélection des individus, qui vont se reproduire :

- Sélection par roulette (RWS : Roulette Wheel Selection).
- Sélection par (SUS : Stochastic Universal Sampling).
- Sélection par Rang.
- Sélection par Tournoi [15].

2.1.4.1. Sélection par roulette (RWS : Roulette Wheel Selection):

La sélection par la roulette (RWS) consiste à affecter une probabilité de sélection à chaque individu. Cette probabilité est proportionnelle à la valeur d'évaluation, soient :

F_p : l'évaluation de l'individu p .

P_{SP} : Probabilité de sélection de l'individu p .

Pour maximiser la fonction d'évaluation, la probabilité de sélection d'un individu est la suivante :

$$P_{SP} = \frac{F_p}{\sum_P F_p} \quad (\text{III-1})$$

Pour minimiser la fonction d'évaluation, la probabilité de sélection d'un individu est la suivante :

$$P_{SP} = \frac{\frac{1}{F_p}}{\sum_P \frac{1}{F_p}} \quad (\text{III-2})$$

Se voyant affectés ces probabilités, tous les individus de la population peuvent participer à la reproduction. En effet, une roulette divisée en un nombre de secteur égal au nombre des chromosomes est lancée. L'aire de chaque secteur est proportionnelle à l'évaluation de

l'individu correspondant, ainsi un indicateur sur cette roulette indique l'individu sélectionné après l'arrêt de roulette.

L'inconvénient de cette méthode réside dans la présence probable d'un Super individu. Le Super individu est un individu dont la probabilité de sélection est très supérieure à celle des autres individus. Il risque alors d'être toujours choisi ce qui peut limiter le champ d'exploration [15].

On préfère souvent des méthodes qui n'autorisent en aucun cas l'apparition de super-individu. Par exemple, la sélection par tournoi.

2.1.4.2. Sélection par Tournoi :

La sélection par tournoi consiste à comparer une paire d'individus choisis au hasard, où le meilleur de ces deux est gagnant et sera déclaré sur le tournoi, avec une population de N chromosomes, on forme N paires de chromosomes pour la reproduction.

L'avantage de cette méthode est d'éviter d'avoir le super individu qu'on peut rencontrer dans la méthode de sélection précédente. Par contre, le meilleur individu peut ne pas être sélectionné par cette méthode, et ainsi le champ d'exploration est réduit [15].

2.1.4.3. Sélection par Stochastic Universal Sampling (SUS) :

Cette méthode de sélection, a le même principe de sélection par roulette, mais avec des indicateurs multiples et équidistants.

Ces méthodes proportionnées de choix, ont un problème de graduation (scaling problem), ce problème peut être également évité en employant la méthode *de sélection par rang* [7].

2.1.4.4. Sélection par rang :

La sélection par rang d'un chromosome est la même que par roulette, mais les proportions sont en relation avec le rang plutôt qu'avec la valeur de l'évaluation. La sélection par rang trie d'abord la population par fitness. Ensuite, chaque chromosome se voit associé un rang en fonction de sa position. Ainsi le plus mauvais chromosome aura le rang 1, le suivant 2, et ainsi de suite jusqu'au meilleur chromosome qui aura le rang N (pour une population de N chromosomes) [21].

2.1.5. Le Croisement :

L'opérateur de croisement est un opérateur génétique qui permet à deux chromosomes parents de donner deux chromosomes enfants. Cet opérateur se produit selon une probabilité

P_c fixée par l'utilisateur selon le problème à optimiser. A travers cette reproduction les chromosomes enfants héritent parties de patrimoine génétique de leurs parents.

L'opérateur de croisement permet de créer de nouvelles séquences de gènes pour les chromosomes enfants à partir d'une base de configuration des séquences héritées des chromosomes parents.

Il existe plusieurs opérateurs de croisement qui dépendent essentiellement du type du codage et de la nature du problème à traiter. Pour le codage binaire, nous distinguons plusieurs opérateurs de croisement tels que le croisement à un point, le croisement multipoints [15].

A. Croisement en un point :

Pour chaque couple, on choisit au hasard un point de croisement (figure III.1). Le croisement s'effectue directement au niveau binaire, et non au niveau des gènes. Un croisement peut être coupé au milieu d'un gène.

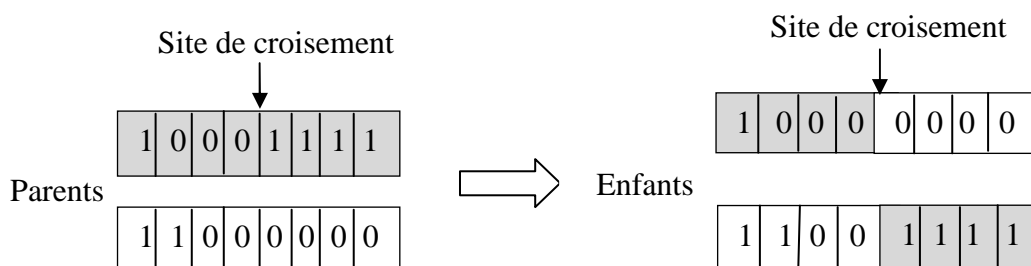


Figure III.1. Représentation schématique du croisement en un point.

B. Croisement en deux points :

On choisi au hasard deux points de croisements successifs. Cet opérateur est généralement considéré comme plus efficace que le précédent [22].

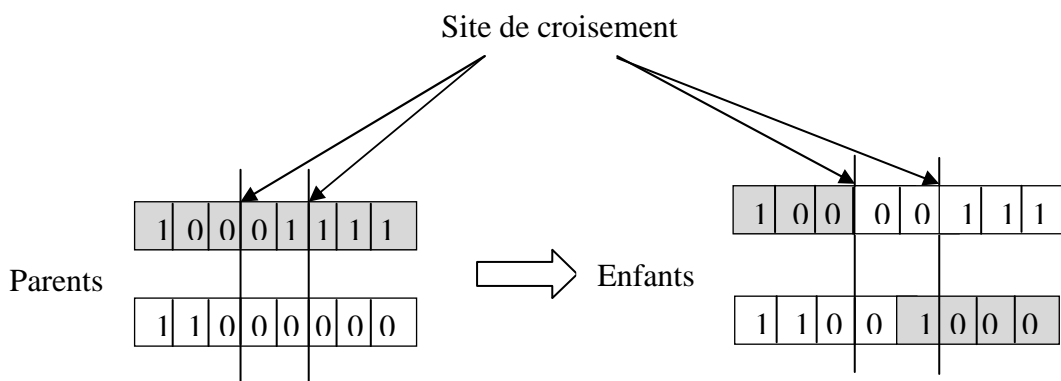


Figure III.2. Représentation schématique du croisement en deux points.

C. Croisement uniforme :

Il opère à l'aide d'un masque qui représente les tirages aléatoires, pour décider de la transmission de la valeur de l'allèle à l'un ou l'autre des descendants. Si, à la même position que l'allèle, la valeur du masque est égale à 1, l'allèle du parent 1 passe à celui de l'enfant 1 et l'allèle du parent 2 passe à l'enfant 2. Sinon, c'est l'inverse qui se produit (Tableau III.1) [23].

Parent 1	1	0	0	0	1	1	1	1	1	0
Parent 2	1	1	1	1	0	0	0	0	0	1
Masque	1	0	0	1	1	1	0	0	1	0
Enfant 1	1	1	1	0	1	1	0	0	1	1
Enfant 2	1	0	0	1	0	0	1	1	0	0

Tableau III.1. Exemple de croisement uniforme.

2.1.6. Mutation :

La mutation est un changement aléatoire selon une certaine règle probabiliste qui doit faire sur les génotypes, avec une faible probabilité P_m (fixée par l'utilisateur) de la valeur d'un ou plusieurs allèles d'un chromosome. En général, la mutation ne permet pas l'obtention de meilleures solutions, mais elle permet de garder une diversité dans l'évolution des individus et d'éviter les optimums locaux, et se protège contre une perte irrécouvrable dans les caractéristiques des individus.

La mutation classique consiste à transformer dans un chromosome binaire un 1 en un 0 ou le contraire. (Figure III.3) [15].

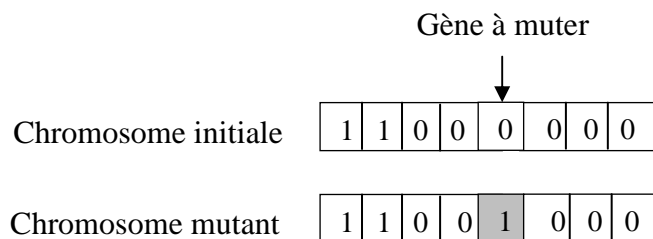


Figure III.3. Représentation schématique de la mutation.

La probabilité P_m de mutation selon Fonseca est calculée comme suivant :

$$P_m = 1 - \sigma^{-\frac{1}{l}} \tag{III-3}$$

l : est le longueur du chromosome.

σ : est la pression sélective, où sa valeur recommandée est: 1,8 [7].

Cependant, il existe plusieurs opérateurs de mutation :

- **Transposition de deux allèles consécutifs** : Cette mutation consiste à choisir deux allèles consécutifs au hasard et d'échanger leurs valeurs respectives.
- **Transposition de deux allèles quelconques** : Cette mutation consiste à choisir deux allèles au hasard et d'échanger leurs valeurs respectives
- **Inversion d'allèles** : Cette mutation consiste à choisir deux allèles au hasard et d'inverser l'ordre des allèles contenus dans la zone sélectionnée [15].

3. Fonctionnement d'un Algorithme Génétique :

Un Algorithme Génétique (AG) est un processus itératif de recherche exploratoire dont les étapes sont les suivantes :

1. Initialisation de la population initiale P_0 (population de génération 0).
2. Évaluation des chromosomes de la population P_i
3. Sélection des meilleurs chromosomes de P_i qui vont constituer les « procréateurs » de la génération P_{i+1} .
4. Croisement deux-à-deux des chromosomes sélectionnés pour générer de nouveaux individus, les « descendants ».
5. Mutation opérée aléatoirement sur un chromosome également choisi au hasard pour apporter de la diversité dans le patrimoine génétique de la population.
6. Remplacement et génération de la nouvelle population P_{i+1} .
7. Répéter le processus à partir de 2 tant que le critère d'arrêt n'est pas satisfait (i.e. génération N terminale non atteinte, solution optimale non trouvée...) [24].

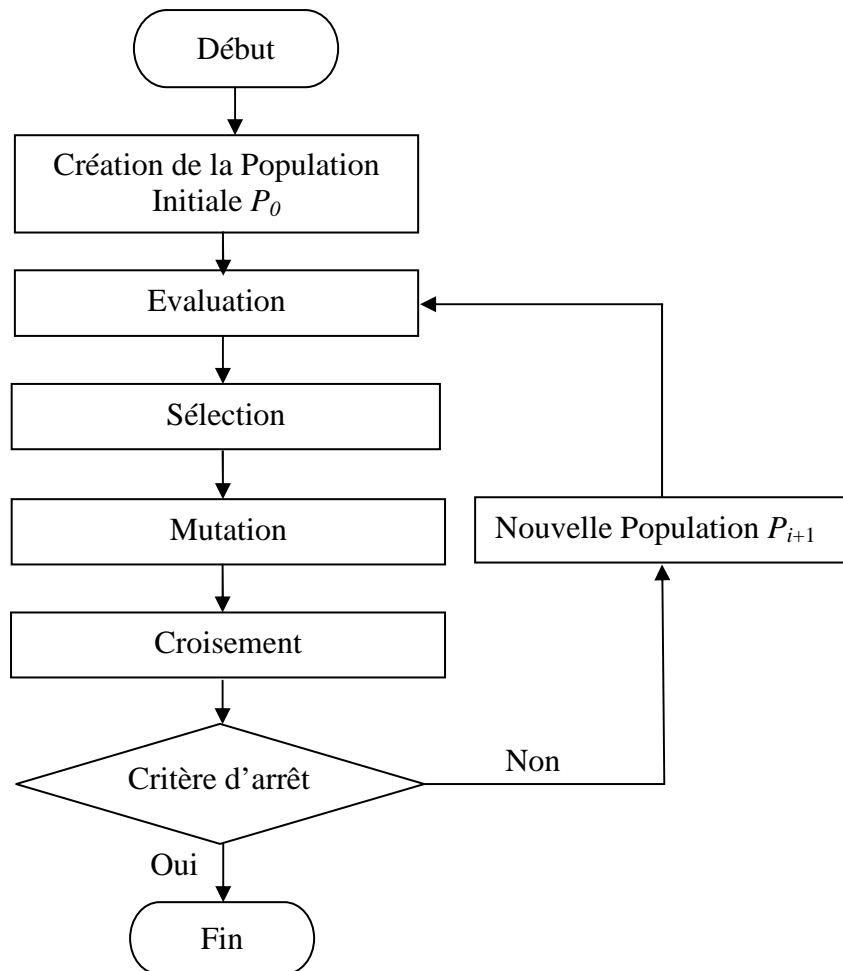


Figure III.4. Schéma de principe d'un Algorithme Génétique.

4. Les paramètres de l'AG :

Les opérateurs de l'AG sont guidés par un certain nombre de paramètres généralement fixés à l'avance et dont dépend très fortement la « bonne » convergence de l'algorithme.

Présentons brièvement les principaux paramètres de l'AG.

- La taille de la population et la longueur du codage de chaque individu. Il est conseillé de prendre comme taille de la population la valeur correspondant à la longueur du codage des individus. En effet, si cette taille est très grande, l'évaluation de tous les individus de la population peut s'avérer trop longue. Par contre, si elle est très petite, l'algorithme peut converger trop rapidement [25].
- La probabilité de croisement P_c dépend de la forme de la fonction d'évaluation. Son choix est généralement expérimental et sa valeur est très souvent prise entre 0.5 et 0.9. Plus elle

est élevée, plus la population subit des changements importants. Ainsi, la convergence est très rapide si le taux de croisement est proche de 1.

- La probabilité de mutation P_m : le taux de mutation est généralement faible, le risque d'un taux élevé étant de modifier les meilleurs individus et ainsi, de s'éloigner de l'optimalité [26].

5. Algorithmes Génétiques Multi-Objectifs (MOGA) :

En 1993 Fonseca et Fleming ont proposé une méthode dans laquelle chaque individu de la population est rangé en fonction du nombre d'individus qui le dominent. Ensuite, ils ont utilisé une fonction de notation permettant de prendre en compte le rang de l'individu et le nombre d'individus ayant le même rang.

Soit un individu x_i à la génération t , dominé par $p_i(t)$ individus. Le rang de cet individu est :

$$\text{Rang}(x_i, t) = 1 + p_i(t) \quad (\text{III-4})$$

Tous les individus non dominés sont de rang 1.

Dans l'exemple ci-dessous, les points 1,3 et 5 ne sont dominés par aucun autre. Alors que le point 2 est dominé par le point 1, et que le point 4 est dominé par les points 3 et 5.

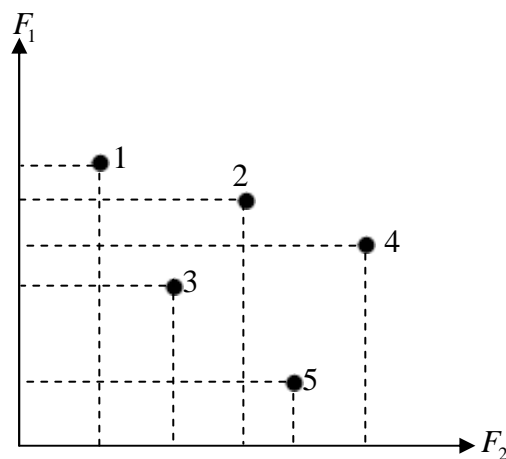


Figure III.5. Exemple de dominance.

Dans cet exemple, le tableau de dominance est le suivant :

Point	Dominé par	Rang
1	aucun	1
2	1	2
3	aucun	1
4	3 et 5	3
5	aucun	1

Tableau III.2 : Tableau de dominance

Fonseca et Fleming (1993) calculent la fitness de chaque individu de la façon suivante :

- a) Calcul du rang de chaque individu.
- b) Affectation de la fitness de chaque individu par application d'une fonction de changement d'échelle (On parle aussi de fonction de scaling.) sur la valeur de son rang. Cette fonction est en général linéaire. Suivant le problème, d'autres types de fonction pourront être envisagés afin d'augmenter ou de diminuer l'importance des meilleurs rangs ou d'atténuer la largeur de l'espace entre les individus de plus fort rang et de plus bas rang.

Discussion :

L'utilisation de la sélection par rang a tendance à répartir la population autour d'un même optimum. Or cela n'est pas satisfaisant pour un décideur car cette méthode ne lui proposera qu'une seule solution. Pour éviter cette dérive, les auteurs utilisent une fonction de sharing. Ils espèrent ainsi répartir la population sur l'ensemble de la frontière de Pareto.

Le sharing utilisé dans cette méthode agit sur l'espace des objectifs. Cela suppose que deux actions qui ont le même résultat dans l'espace des objectifs ne pourront pas être présentes dans la population. Cette méthode obtient des solutions de bonne qualité et son implémentation est facile. Mais les performances sont dépendantes de la valeur du paramètre δ_{share} utilisé dans le sharing [17].

L'adaptation des algorithmes génétiques à l'optimisation multi-objectifs se fait principalement au niveau de l'étape d'évaluation de l'efficacité d'une solution qui est alors divisée en deux étapes :

- évaluation de l'efficacité de la solution en termes de convergence.
- évaluation de l'efficacité de la solution en termes de diversification.

Le schéma de l'algorithme génétique avec ajout de ses phases est représenté dans la (figure III.6). L'étape 2a correspond au calcul de l'efficacité par rapport à la convergence et l'étape 2b correspond au calcul de la diversité de la solution. Les principaux mécanismes employés pour ces tâches sont présentés dans les sous sections qui suivent. Il est à noter que selon les mécanismes employés il est possible d'obtenir deux efficacités différentes pour une même solution un pour la convergence et l'autre pour la déversification. il est alors nécessaire de prendre en compte ce fait dans la phase de sélection lorsqu'il s'agit de comparer deux solutions .un autre mécanismes, l'élitisme est présenté dans cette partie.

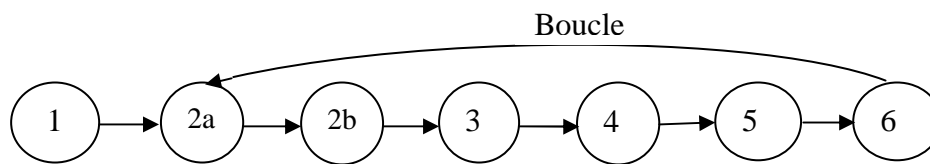


Figure III.6 Etapes d'un algorithme génétique multiobjectif

Les étapes de l'algorithme génétique multi-objectif sont les mêmes que celles de la (figure III.6). L'étape scindée en deux sous étapes la première (2a) correspond à l'évaluation de la qualité de la solution en termes de la convergence et la seconde (2b) correspond à l'évaluation de la qualité de la solution en termes de la diversité

1. initialisation de la population.
3. sélection.
4. croisement.
5. mutation.
6. remplacement [27].

5.1. Sélection multicritère:

Le problème posé consiste à sélectionner les individus mais en tenant compte de plusieurs critères au lieu d'un seul. On considère que la technique de base consistant à réunir tous les critères sous la forme d'une somme pondérée ne répond pas correctement à ce problème. Il faut donc adapter les opérateurs de sélection. Une première méthode consiste à sélectionner tour à tour les individus sur chacun des critères. Mais il est encore plus efficace d'utiliser la notion de Pareto-optimalité. Cette notion de pareto optimalité permet d'établir une relation de dominance entre les individus portant sur plusieurs critères. où seuls deux individus se confrontent, l'individu finalement sélectionné sera celui qui domine l'autre au sens de pareto. L'ordre induit par l'optimalité selon Pareto étant partiel, il arrive qu'il soit impossible de

décider si un individu domine l'autre. Dans ce cas, il faut utiliser des techniques plus avancées. On peut choisir par exemple de ne sélectionner que les individus non dominés. Cependant, s'il est nécessaire de fixer un ordre sur les individus, alors plusieurs approches sont possibles. Par exemple, on peut utiliser une dominance de rang pour laquelle on prend en compte le nombre d'individus dominant un individu. D'autres approches utilisent la profondeur de dominance, dans ce cas la population est divisée en plusieurs fronts, chacun correspondant à l'ensemble des individus n'étant dominé par aucun autre. Enfin une autre technique consiste à utiliser le nombre d'individus dominés par un certain individu. Les individus non dominés peuvent alors être ordonnés entre eux [28].

5.2. Assignment de l'efficacité :

L'idée de calculer l'efficacité d'un individu en utilisant la dominance Pareto a été introduite par Goldberg. En général on parle alors du rang de l'individu. Plusieurs approches ont été proposées pour assigner un rang aux différentes solutions. La première technique consiste à attribuer à chaque solution un rang de dominance qui correspond au nombre de solutions dans la population qui domine l'individu. Le rang d'un individu est alors égal au nombre d'individus de la population qui le domine plus un. Cette technique est notamment employée par l'algorithme de Fonseca et Fleming.

Une autre possibilité est d'attribuer une profondeur de dominance. Il s'agit de diviser la population en plusieurs fronts et le rang d'une solution correspond à la profondeur du front auquel elle appartient. Le rang d'un individu est calculé par l'algorithme. Les individus qui ne sont dominés que par des solutions de E_1 reçoivent le rang 2 et forme par l'ensemble E_2 . De manière générale un individu ne reçoit le rang k que s'il est dominé par des individus de la population appartenant à l'ensemble $E_1 \cup E_2 \cup \dots \cup E_{k-1}$. Cette est notamment utilisée dans l'algorithme NSGA II.

Une dernière possibilité, le compte de dominance consiste à compter le nombre de solutions qu'un individu domine cette mesure ne donne pas tout de suite une information sur l'efficacité de la solution et doit être utilisée, à l'instar de ce qui est fait dans SPEA et SPAE 2, en conjonction avec une autre technique.

Les différentes techniques sont illustrées dans la figure III.7, leur intérêt par rapport à des méthodes scalaires ou autres est qu'elles permettent d'évaluer l'efficacité d'une solution par rapport à tout l'ensemble de la population et qu'elles ne sont pas affectées par la forme ou la continuité de la frontière Pareto [27].

5.3. Préservation de la diversité :

Les méthodes présentées précédemment tendent à favoriser la convergence vers le front Pareto optimale en avantageant les individus qui sont peu ou pas dominés. Cependant ces méthodes ne sont pas capables de garantir que l'approximation obtenue sera de bonne qualité

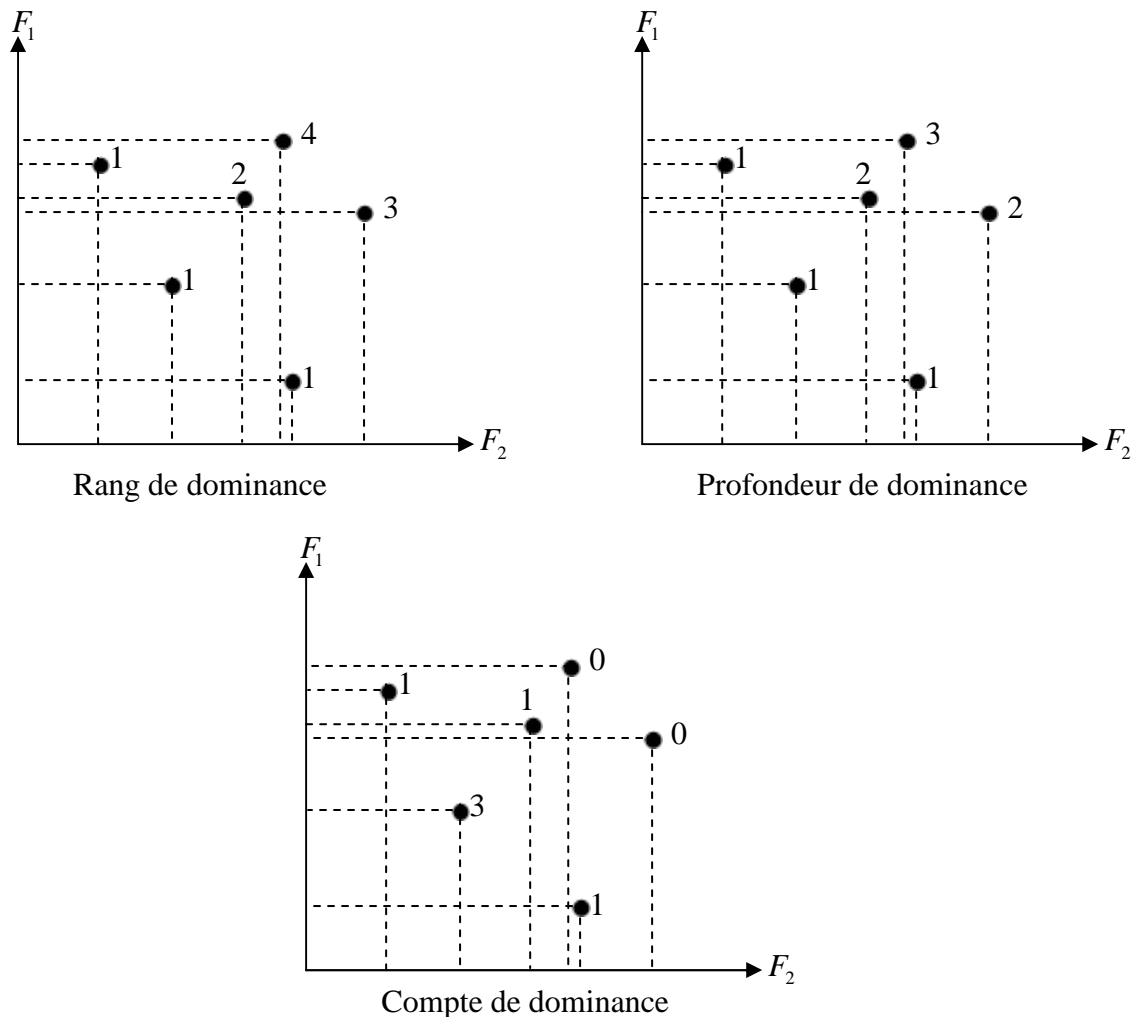


Figure III.7. Assignment de l'efficacité d'un point de vue de dominance

En termes de diversification. Ainsi les algorithmes génétique incorporent des méthodes qui évaluent la diversité d'une solution par rapport aux autres solutions de la population les différentes approches prennent en compte une notion de voisinage qu'il est possible de définir de trois manières différentes comme suggéré par Zitzler et al, les trois catégories sont basées sur celles utilisées en estimation de densité statistique.

Les méthodes à noyau définissent le voisinage d'une solution i par rapport à une fonction K qui prend en paramètre la distance d_{ij} entre i et les autres points j sont calculées et la somme des $K(d_{ij})$ effectuée cette somme représente la densité autour de l'individu i le fitness sharing

utilisé notamment dans MOGA, NSGA et NPGA est certainement la technique la plus populaire dans les algorithmes évolutionnaire.

Les techniques de voisin le plus proche calculent la distance entre un point donné et son $k^{\text{ème}}$ voisin le plus proche pour estimer la densité dans son voisinage. Cette technique a notamment été utilisée dans SPEA 2

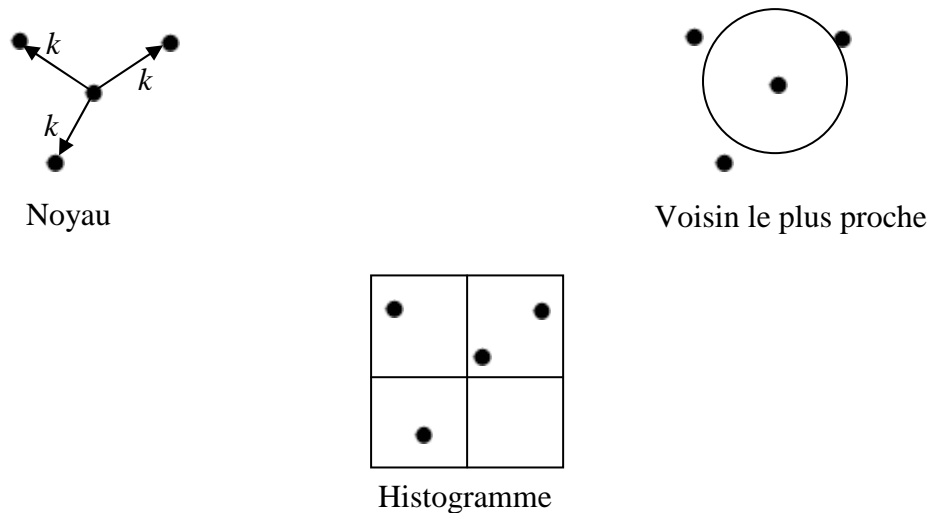


Figure III.8 Illustration des techniques de la préservation de la diversité.

Une troisième catégorie utilise les histogrammes, dans cette technique, l'espace est divisé en voisinage par une hypergrille. La densité autour d'une solution est estimée par le nombre de solutions se trouvant dans la même case de la grille. Cette technique a été employée dans PAES.

Les différentes approches sont illustrées dans la figure III.8, pour toutes ces méthodes il est nécessaire de définir une métrique qui peut être calculée sur le génotype et/ou le phénotype dans l'espace décisionnel et/ou dans l'espace des objectifs [27].

5.4. Elitisme :

La stratégie élitiste consiste à conserver le meilleur individu à chaque génération. Ainsi l'élitisme empêche l'individu le plus performant de disparaître au cours de la sélection ou que ses bonnes combinaisons soient affectées par les opérateurs de croisement et de mutation. Après chaque évaluation de la performance des individus à une génération t donnée, le meilleur individu de la génération précédente ($t - 1$) est réintroduit dans la population si aucun des individus de la génération t n'est meilleur que lui. Par cette approche, la performance du meilleur individu de la population courante est monotone de génération en génération. Il apparaît que l'élitisme améliore considérablement les performances de l'algorithme génétique

pour certaines classes de problèmes, mais peut les dégrader pour d'autres classes, en augmentant le taux de convergences prématurées.

L'algorithme génétique multiobjectif (MOGA) a été appliqué avec succès aux problèmes de contrôle des systèmes, par exemple : contrôleur d'un système MIMO et l'optimisation des paramètres, contrôle des systèmes par la commande H_∞ .

MOGA est un algorithme évolutionnaire emploie les opérateurs suivantes :

- le rang de Pareto optimal.
- Fitness Sharing.
- restriction d'accouplement (Mating Restriction).
- sélection, croisement et mutation.

La philosophie de MOGA est de développer une population des solutions Pareto optimales ou proches de Pareto optimales dans tout le processus d'optimisation [7].

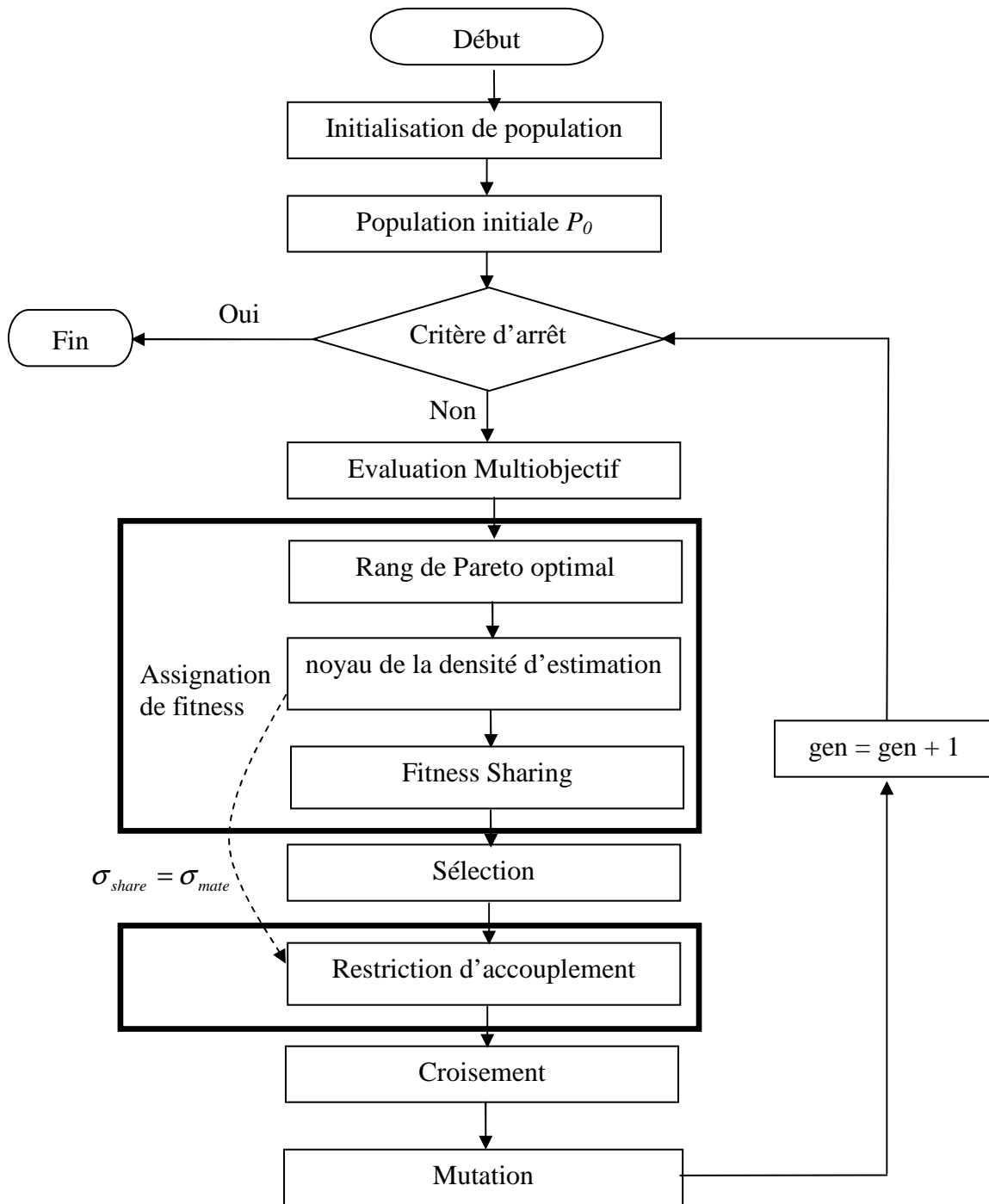


Figure III.9 Algorithme Génétique Multiobjectifs

Dans MOGA, la population initiale est choisie aléatoirement dans une marge définie et alors décodée (en cas de chromosome non réel). Et puis évalué chacun individu de population initiale par un ensemble de valeurs de fonction objectif. Alors la séquence des opérateurs génétiques est appliquée, ayant un résultat pour la génération suivante, Noté que la tâche

d'assigner fitness est un processus plus raffiné et importante (voir la région ombreuse sur le Figure III.9).

5.5. Rang de Pareto optimal

En absence d'information concernant l'importance des objectifs, la dominance de Pareto est la seule méthode de déterminer l'évaluation de performance. Donc tous les individus Non dominés sont considéré les meilleurs individus et ainsi sont assignés la même fitness, par exemple zéro. Cependant, la détermination d'une valeur de fitness pour les individus dominés est une question plus subjective.

Les individus sont rangés, en un vecteur but et on fait la préférence (but, priorité). La considération du but et de la priorité sélective exclut des objectifs selon leurs priorités et s'ils atteignent aux leurs buts, l'information de priorité et de but peuvent être souvent extraite directement à partir de la description de problème. Les priorités sont des valeurs de nombre entier qui déterminent auxquels ordre d'objectifs doivent être optimisés, selon leur importance. Fréquemment dans le contrôle des systèmes, la stabilité en boucle fermé a la priorité la plus élevée et il est d'abord minimiser les valeurs de buts indiquent le niveau désiré de performance dans chaque dimension d'objectif. Le vecteur de but trace la région de l'échange où MOGA concentre son effort de calcul. Une fois le rang est trié, cet opérateur génétique assignera la fitness aux individus par l'interpolation du meilleur au plus mauvais, selon une règle exponentielle. Alors une valeur simple de fitness est dérivée pour chaque groupe d'individus avec le même coût, en utilisant la moyenne.

5.6. Fitness Sharing et noyau de la densité d'estimation

Bien que la population puisse rechercher potentiellement à beaucoup d'optimums locaux, une population finie tendra à évoluer vers une petite région de l'espace de recherche même s'ils existent d'autres optimums équivalents. Ce phénomène est connu par la migration génétique. Un remède pour ce problème a proposé par Fonseca et Fleming (1995) avec le *Fitness Sharing* C'est une technique comportant l'estimation de la densité de population, aux points définis par chacun individu. Une taille de niche σ_{share} appropriée a été développée par Fonseca et Fleming en employant une méthode semblable par l'estimation de densité connue sous le nom de noyau d'Epanechnikov, est employée pour pénaliser des individus selon la proximité d'autres individus [7].

5.7. Technique de niche

Cette technique permet l'exploration de régions distinctes qui constituent des optimums locaux. En pratique, la détection de solutions différentes donne à l'ingénieur la possibilité d'un choix final pas seulement à partir des objectifs prédéfinis, mais aussi par exemple à partir de la facilité de construction de l'une ou de l'autre solution. Nous proposons de calculer des indices de niche, ou de ressemblance, dans les domaines des objectifs (N_{obj}) et des paramètres (N_{par}), de façon à prendre en compte les deux domaines. Ces indices sont les distances entre individus pris dans l'ordre des valeurs de chaque objectif. L'opérateur génétique de sélection ira travailler avec ces indices, et pas avec les évaluations du problème. Le but est de détecter des niches distinctes (dans l'espace de paramètres), c'est-à-dire de détecter des optimums locaux et/ou globaux dans un problème multimodal.

Le processus est constitué de deux étapes. Premièrement, pour chaque objectif k , on met la population en ordre croissant (ou décroissant) selon l'objectif analysé (il faut sauvegarder un vecteur qui indique l'ordre initial) et on calcule les distances entre les individus dans les deux espaces, N_{objk} et N_{park} , par rapport à l'ordre établi. La deuxième étape consiste à joindre des deux indices de ressemblance par une fonction de transfert [4].

5.8. La restriction d'accouplement

Cette issue de restriction est de garder la diversité sur le long de la surface du compromis, Ceci évite une combinaison arbitraire des paires en dehors d'une distance donnée de σ_{mate} cela qui pourrait conduire à la formation d'un grand nombre de génération incapable. La distance est généralement $\sigma_{mate} = \sigma_{share}$. En outre, la diversité de population est encouragée en appliquant un opérateur de mutation à un nombre restreint d'individus existants.

L'approximation de Pareto optimal est particulièrement difficile parce qu'il est inconnu. La manière traditionnelle est d'expérimenter et décider en employant la connaissance a priori ou en rivalisant avec les résultats d'autres méthodes si le front de Pareto disponible s'améliore vers Pareto optimal. Généralement doit être prise l'attention en employant des algorithmes évolutionnaires. Même si un bon choix des paramètres est trouvé pour une application particulière ; cet ensemble sera sous-optimal pour beaucoup d'autres problèmes. La réalisation du choix faux des paramètres peut produire excessivement des mauvaises résultats [7]

6. Conclusion

Les algorithmes génétiques (AG's) semblent être une solution intéressante pour résoudre le problème d'optimisation multiobjectifs. Ce chapitre montre les principes et l'intérêt des AG's à la recherche du Pareto optimale pour un problème d'optimisation multiobjectifs.