# 1 Wprowadzenie

W licznej grupie algorytmów populacyjnych, w ostatnim czasie coraz większą rolę odgrywać zaczynają algorytmy wykorzystujące modele probabilistyczne.

Są to najczęściej metody o strukturze bardzo podobnej do struktury algorytmu ewolucyjnego, z tą różnicą, że kolejne pokolenia osobników/rozwiązań generowane są na bazie modelu probabilistycznego populacji rozwiązań obiecujących, nie zaś jako efekt krzyżowania bądź mutacji osobników z populacji bieżącej.

Populacja rozwiązań obiecujących powstaje z osobników wyłonionych w wyniku klasycznej selekcji (zwykle turniejowej). W populacji takiej pojawiają się osobniki o wyższym od średniego przystosowaniu, a zbudowany na ich podstawie model powinien promować te cechy rozwiązania, które prowadzą do optymalizowanego celu.

Kolejne pokolenie rozwiązań generowane jest w sposób pseudolosowy, ale z uwzględnieniem modelu probabilistycznego. Oznacza to, że w metodach tego typu sposób budowania modelu odpowiada zarówno za samą zbieżność, jak i jej tempo.

Aby w pełni wykorzystać cechy omawianych metod, należy zadbać o taki sposób budowy modelu probabilistycznego, aby przy efektywnej zbieżności nie utracić możliwości właściwego przeszukiwania przestrzeni. Jeśli populacja zbyt mocno będzie wpływa na zmiany modelu w kolejnych iteracjach, to może prowadzić to do szybkiego ujednolicania populacji i niewłaściwej eksploracji przestrzeni. Z drugiej strony, zbyt powolna zmiana modelu będzie sprawiała, że metoda optymalizacyjna w swoim działaniu przypominała będzie przeszukiwanie losowe.

To w jaki sposób budowany będzie model jest kluczowe z punktu widzenia tego typu metod. Pozostałe elementy algorytmu, takie jak np. sukcesja, mają zwykle klasyczną formę (znaną z GA) i służą do prowadzenie procesu iteracyjnego.

W prezentowanej pracy przedstawione zostaną dwie metody optymalizacyjne wykorzystujące model probabilistyczny. Są to metody w których zakłada się, że przeszukiwaną przestrzenią jest zbiór ciągów binarnych. Model probabilistyczny będzie odpowiedzialny za to z jakim prawdopodobieństwem pojawiać mają się w takich ciągach zera lub jedynki.

Obie metody testowane będą na funkcjach, których optimum poszukuje się w zbiorze ciągów binarnych.

# 2 Przegląd literatury

W pracy zaprezentowane zostaną dwie wersje algorytmów z modelem probabilistycznym *PBIL* (ang. Population-based incremental learning) oraz cGA (ang. Compact Genetic Algorithm). Obie metody są heurystykami populacyjnymi, które rozważają populację w procesie iteracyjnym.

## 3 PBIL

Pierwszą z prezentowanych w pracy metod jest algorytm wykorzystujący proces uczenia oparty na "obserwacji" populacji bieżącej, w skrócie *PBIL* (ang. Population-based incremental learning).

W metodzie tej osobniki należące do kolejnych populacji/pokoleń tworzone są na podstawie wektora  $\mathbf{p} = [p_1, p_2, \dots, p_m]$ , którego składowe  $p_i$  określają prawdopodobieństwo wystąpienia jedynki na i-tej pozycji generowanego osobnika. Wektor ten pełni rolę modelu probabilistycznego.

Charakterystyczne dla algorytmu PBIL jest wykorzystanie do uaktualnienia wektora  $\mathbf{p}$  wyłącznie najlepszego osobnika w pokoleniu bieżącym. Oznacza to, że model taki powstaje w oparciu o jednego, najbardziej obiecującego osobnika, oznaczanego  $\mathbf{b}$ .

Na początku procesu przyjmuje się, że składowe wektora  $\mathbf{p}$  mają jednakową wartość, równą  $\frac{1}{2}$ . Generuje się także populację startową (z rozkładem równomiernym, czyli zgodnie z modelem reprezentowanym przez  $\mathbf{p}$ ) składającą się z ciągów 0–1 o długości k.

W kolejnych iteracjach, składowe wektora **p** uaktualnia się według wzoru:

$$p_i^{(k+1)} = (1 - \lambda) \cdot p_i^{(k)} + \lambda b_i, \tag{1}$$

gdzie  $p_i^{(k)}$  to i-ta składowa wektora  $\mathbf{p}$  w pokoleniu  $k, b_i$  – składowa bieżącego wektora  $\mathbf{b}$ , a  $\lambda$ – tzw. współczynnik uczenia.

Osobniki populacji k+1 losowane są zawsze z uwzględnieniem aktualnego wektora prawdopodobieństw. W przeciwieństwie do standardowego algorytmu genetycznego, PBIL nie zachowuje najlepszego osobnika w populacji, ale

specyfika procedury daje ogromne szanse na jego wylosowanie, gdyż właśnie na jego podstawie modyfikowany jest model probabilistyczny. Losowanie całej populacji, uwzględniające model (reprezentowany przez  $\mathbf{p}$ ) daje spore szanse na pojawienie się większej liczby "dobrych" (z punktu widzenia funkcji celu) osobników, zwykle lepszych niż w poprzedniej generacji.

Wartość współczynnika uczenia  $\lambda$  jest perametrem ustalanym na początku procesu iteracyjnego i ma wpływ na jego przebieg. Należy pamiętać, że mała jego wartość spowalnia modyfikację modelu, a zbyt duża może wpływać na zbyt szybkie ujednolicenie populacji. Współczynnik  $\lambda$  powinien być dobrany tak, aby równoważyć zdolność do ukierunkowanej eksploracji z możliwością eksploatacji przestrzeni.

Poniżej przedstawiono schemat metody PBIL.

procedure PBIL:

- 1. Losowanie populacji startowej, zainicjowanie wektora prawdopodobieństw  $\mathbf{p}$ ,  $(p_i = 0.5, \forall i = 1, \dots, n)$
- 2. Ocena osobników, wybór najlepszego wektora **b**.
- 3. Modyfikacja składowych wektora prawdopodobieństw **p** według wzoru

$$p_i = (1 - \lambda) \cdot p_i + \lambda \cdot b_i,$$

 $gdzie \lambda - współczynnik uczenia$ 

- 4. Wylosowanie nowej populacji zgodnie z modelem (z uwzględnieniem aktualnego p)
- 5. Sprawdzenie warunku zatrzymania, jeśli spełniony zakończenie algorytmu, w przeciwnym razie powrót do 2.

## 4 cGA

Kolejnym omawianym w pracy algorytmem jest cGA (ang. Compact Genetic Algorithm), metoda będąca modyfikacją AG i wykorzystująca model probabilistyczny.

Podobnie jak w PBIL, kolejne pokolenia osobników tworzone są w oparciu o model probabilistyczny. Model budowany jest w oparciu o rozwiązania z pokolenia bieżącego, przy czym w jego konstrukcji rolę odgrywa zarówno najlepszy, jak i najgorszy osobnik. Rolę modelu ponownie pełni wektor prawdopodobieństw  $\mathbf{p}$ , którego składowe wyznacza się według wzoru:

$$p_{i} = \begin{cases} p_{i} + \frac{1}{m}, & x_{i} = 1 \land y_{i} = 0\\ p_{i} - \frac{1}{m}, & x_{i} = 0 \land y_{i} = 1\\ p_{i}, & \text{pozostałe} \end{cases}$$
 (2)

gdzie  $\mathbf{x} = [x_1, \dots, x_k]$  i  $\mathbf{y} = [y_1, \dots, y_k]$  to odpowiednio najlepszy i najgorszy osobnik w populacji, zaś m to liczebność populacji.

Tak jak w poprzedniej metodzie, składowe wektora  $\mathbf{p}$  określają prawdopodobieństwo występowania 1 na i-tym miejscu osobnika generowanego do kolejnej populacji. Współczynnik  $\frac{1}{m}$  pełni we wzorze (2) rolę współczynnika uczenia się i może być zastąpiony dowolną inną, ustaloną wielkością. Dzięki wykorzystaniu najlepszego i najgorszego osobnika z pokolenia bieżącego, algorytm cGA pozwala efektywniej tworzyć model probabilistyczny. Procedura budowy wektora  $\mathbf{p}$  sprawia, że szansa wylosowania osobnika zbliżonego do najlepszego rośnie, a najgorszego maleje.

Schemat algorytmu zaprezentowano poniżej w formie pseudokodu.

procedure cGA

- 1. Losowanie populacji startowej, zainicjowanie wektora prawdopodobieństw p (wszystkie wartości  $p_i = 0.5, i = 1, ..., n$ ).
- 2. Ocena osobników, wybór najlepszego i najgorszego (porównanie z najlepszym i najgorszym z poprzedniej populacji po co?).
- 3. Obliczenie wektora prawdopodobieństw według wzoru

$$p_i = \begin{cases} p_i + \frac{1}{m}, & x_i = 1 \land y_i = 0 \\ p_i - \frac{1}{m}, & x_i = 0 \land y_i = 1 \\ p_i, & pozostale \end{cases}$$

- 4. Wygenerowanie nowej populacji z uwzględnieniem prawdopodobieństw **p**
- 5. Sprawdzenie warunku zatrzymania, jeśli spełniony zakończenie algorytmu, w przeciwnym razie powrót do punktu 2.

# 5 Opis zadań testowych

W ramach prezentowanej pracy optymalizacji poddano trzy funkcje testowe. We wszystkich przypadkach przyjmowano, że poszukiwane rozwiązanie jest k-elementowym ciągiem binarnym. Założenie to było wymuszone specyfiką omawianych metod optymalizacyjnych.

Każda z testowanych funkcji miała odmienny charakter, aby możliwe było jak najlepsze rozpoznanie zalet i wad prezentowanych heurystyk.

### 5.1 $trap_n$

Pierwszą funkcją testową była funkcja  $trap_n$  dana wzorem:

$$f_{trap_n}(\mathbf{u}) = \begin{cases} n - 1 - u_1, & \text{dla } u_1 < n \\ n, & \text{w pozostalych przypadkach} \end{cases}$$
(3)

gdzie n oznacza rząd funkcji, a  $u_1$  to liczba jedynek występujących z wektorze **u**. Zwykle przyjmuje się, że rząd funkcji  $trap_n$  jest taki sam jak wymiar zadania, tzn. k=n Przykładowo, funkcja  $trap_5$  wyraża się wzorem:

$$f_{trap_5}(\mathbf{u}) = \begin{cases} 4 - u_1, & \text{dla } u_1 < 5 \\ 5, & \text{w pozostałych przypadkach} \end{cases},$$

i osiąga swoje maksimum globalne, o wartości 5, dla  $\mathbf{u}_{opt} = (1, 1, 1, 1, 1)$ .

W odróżnieniu od klasycznie wykorzystywanej do testów funkcji OneMax, wartości funkcji  $trap_n$  nie zależą liniowo od liczby jedynek w wektorze  $\mathbf{u}$ , co może być dodatkową trudnością w optymalizacji (rys.1).

Rysunek 1: Wykres funkcji  $trap_5$ 

#### $5.2 \quad 3-deceptive$

Drugą testowaną w ramach pracy funkcją była funkcja 3 - deceptive zadana wzorem:

$$f_{3deceptive}(\mathbf{u}) = \begin{cases} 0.9, & \text{dla } u_1 = 0\\ 0.8, & \text{dla } u_1 = 1\\ 0, & \text{dla } u_1 = 2\\ 1, & \text{w pozostałych przypadkach} \end{cases}$$
 (4)

Podobnie jak w poprzednim przypadku  $u_1$  oznacza liczbę składowych wektora  $\mathbf{u}$ , które przyjmują wartość 1. Jest to funkcja posiadająca jedno minimum globalne oraz dwa, niewiele różniące się co do wartości, maxima lokalne. Dodatkowo, jeśli tylko długość k wektora  $\mathbf{u}$  jest większa od 3, maximum globalne o wartości 1 osiągane jest w wielu punktach. Sytuacja taka utrudnia optymalizację, gdyż nawet znacznie różniące się rozwiązania mają dokładnie taką samą jakość.

Rysunek 2: Wykres funkcji 3deceptive

### **5.3** MaxDiversity

Ostatnią i równocześnie najciekawszą funkcją wykorzystaną do testów była funkcja MaxDiversity. W tym przypadku optymalizacja polega na znalezieniu w k-elementowym zbiorze X, m-elementowego podzbioru A, do któego należą punkty, których suma wzajemnych odległości jest największa.

Danymi wejściowymi są tutaj zbiór punktów X oraz m czyli liczba punktów, z których złożony ma być szukany podzbiór. W zadaniu MaxDiversity rozwiązania poszukuje się w postaci wektora o k składowych z których m ma wartość jeden (jedynka na pozycji i oznacza, że i-ty punkt zbioru X należy do A).

Przykładowo, przyjmując za X zbiór wierzchołków kwadratu jednostkowego i szukając 2-elementowego podzbioru A spełniającego powyższe założenia, otrzymać powinno się parę przeciwległych wierzchołków kwadratu (ich odległość wynosi  $\sqrt{2}$ ). Tak postawione zadanie ma oczywiście dwa równoważne rozwiązania optymalne.

Funkcja MD (MaxDiversity), funkcja celu której maximum poszukujemy przyjmuje postać:

$$MD(A, X) = \sum_{i=1}^{n-1} \sum_{j=i+1}^{n} d(\mathbf{x}_i, \mathbf{x}_j),$$

gdzie  $A = \{\mathbf{x}_1, \mathbf{x}_2 \dots \mathbf{x}_m\}$  to m-elementowy podzbiór zbioru X, a  $d(\cdot, \cdot)$  to odległość pomiędzy punktami  $\mathbf{x}_i$  oraz  $\mathbf{x}_i$  należącymi do zbioru X.

Na potrzeby pracy przyjęto standardową definicję odległości - odległość Euklidesową:

$$d(\mathbf{x}, \mathbf{y}) = \sqrt{\sum_{i=1}^{n} (x_i - y_i)^2},$$

gdzie  $\mathbf{x} = (x_1, x_2, \dots, x_n), \mathbf{y} = (y_1, y_2, \dots, y_n), (n - \text{wymiar przestrzeni } X).$ 

# 6 Wyniki testów

Celem testów numerycznych była ocena metod PBIL oraz cGA, ich porównanie oraz ewentualny dobór parametrów.

Do rozwiązania każdego z zadań testowych wykorzystano obie metody, przy czy metodę PBIL testowano dodatkowo dla różnych współczynników uczenia. Zmienniana była takżę liczebność populacji.

W pojedyńczym teście wykonywano 100 eksperymentów, przy czym eksperyment rozumie się jako proceurę iteracyjną prowadzoną do uzyskania rozwiązania dokładnego, ale nie dłużej niż przez 100 iteracji. Za wynik testu przyjmowano średnią (ze 100 eksperymentów) liczbę iteracji koniecznych do uzyskania rozwiązania optymalnego.

## **6.1** Funkcja $Trap_n$

W ramach testów, poszukiwano maximum funkcji  $trap_n$  dla różnych wartości n. W ogólnym przypadku maksimum globalne funkcji  $trap_n$  wynosi n i jest osiągane w  $u^{max} = (1, 1, \dots, 1)$ , tzn.

$$f_{trap_n}^{max}\underbrace{(1,1,\ldots,1)}_{n} = n$$

Uzyskane rezultaty zamieszczono w tabelach poniżej.

W nielicznych przypadkach, liczba 100 kroków iteracyjnych nie wystarczała do wyznaczenia maksimum globalnego. Wówczas w tabeli zamieszczono dodatkowo (w nawiasie) informacje o średnim (trzeba napisać jak liczono ten błąd?) błędzie rozwiązania w 100 doświadczeniach. W tabelach wyróżniono dodatkowo przypadki, w których algorytm znalazł dokładne rozwiązanie w (średnio) najmniejszej liczbie iteracji.

Ilość iteracji (błąd) CGAPBILLiczebność populacji  $\lambda = 0.5$  $\lambda = 0.2$  $\lambda = 0.1$  $\lambda = 0.0001$  $\lambda = 0.01$ 2.97 5 24.62(0.58)6.03(0.04)3.94 6.77 5.94 20 1.77 1.63 1.591.88 2.02 2.6 50 1.16 1.2 1.18 1.21 1.32 1.21

Tabela 1: Wyniki testów na  $trap_5$ 

Tabela 2: Wyniki testów na  $trap_6$ 

		Ilość iteracji (bląd)									
	CGA		PBIL								
Liczebność populacji		$\lambda = 0.5$	$\lambda = 0.2$	$\lambda = 0.1$	$\lambda = 0.01$	$\lambda = 0.0001$					
5	3.55	47.91(1.29)	13.76(0.3)	6.76(0.03)	10.6	12.46(0.01)					
20	2.65	3.84(0.06)	2.26	2.6	3.05	3.44					
50	1.71	1.42	1.46	1.53	1.63	1.71					
100	1.24	1.22	1.25	1.15	1.19	1.19					

Tabela 3: Wyniki testów na  $trap_7$ 

		Rość iteracji (błąd)								
	CGA	PBIL								
Liczebność populacji		$\lambda = 0.5$ $\lambda = 0.2$ $\lambda = 0.1$ $\lambda = 0.01$ $\lambda = 0.000$								
5	4.86	63.61(1.84)	34.72(0.92)	19.53(0.39)	14.99	25.91(0.02)				
20	3.08	15.71(0.41)	4.(0.03)	3.76	5.61	7.89				
50	2.42	2.81(0.03)	2.06	2.18	2.59	3.08				
100	1.61	1.43	1.42	1.44	1.65	1.76				
200	1.22	1.16	1.26	1.19	1.26	1.2				

Tabela 4: Wyniki testów na  $trap_{10}$ 

		Ilość iteracji (bląd)									
	CGA			PBIL							
Liczebność populacji		$\lambda = 0.5$	$\lambda = 0.5$ $\lambda = 0.2$ $\lambda = 0.1$ $\lambda = 0.01$ $\lambda = 0$								
5	5.42	141.76(3.6)	71.36(2.59)	56.78(1.8)	42.21(0.06)	78.45(0.97)					
20	6.18	84.58(1.97)	30.72(0.92)	12.78(0.18)	20.21	40.79(0.13)					
50	6.27	37.64(0.77)	7.78(0.12)	4.79	12.49	21.14(0.01)					
100	5.76	7.94(0.12)	2.86	3.85	7.42	10.82					
200	4.78	4.78(0.06)	2.22	2.79	4.7	4.88					
500	2.49	1.79	1.66	1.69	2.16	2.28					

**Podsumowanie:** Z przeprowadzonych testów wynika, że dla funkcji  $trap_n$  metoda cGA sprawdza się lepiej od PBIL w przypadku mniejszej licznych populacji, ale gdy do obliczeń można wykorzystać większe populacje, błąd metody PBIL spada do zera i szukane maksimum znajdowane jest w mniejszej liczbie korkó niż w przypadku cGA.

Jeśli chodzi o zależność ilość iteracji w stosunku do współczynnika uczenia się, to trudno sformułować uogólnione wnioski. Na przykład dla populacji 50 osobników lepszy rezultat uzyskiwany jest dla  $\lambda=0.1$ , a dla populacji dwukrotnie większej  $\lambda=0.2$  daje lepsze rezultaty.

Dodatkowo warto zauważyć, że wraz ze wzrostem rzędu n, rośnie złożoność funkcji  $trap_n$ , co oczywiście wpływa na czas pracy obu metod. Jeśli więc istnieje potrzeba optymalizacji przy wukorzystaniu mniejszych populacji, algorytm cGA wydaje się być lepszym wyboram. Wykorzystując PBIL, najbezpieczniejszą wartością  $\lambda$  jest 0.01, (dla tej wartości ryzyko nieuzyskania dokładnego wyniku było najmniejsze).

### 6.2 3-deceptive

Funkcja 3-deceptive osiąga maksimum globalne o wartości 1 jeśli co najmniej 3 ze składowych wektora są jedynkami.

W pracy rozważono 3 warianty funkcji, określonej ogólnym wzorem (4):

W wariancie pierwszym, rozwiązania poszukiwano w zbiorze wektorów długości 3, co implikuje istnienie dokładnie jednego ekstremum globalnego. W pozostałych przypadkach funkcja 3-deceptive przyjmuje optimum w kilku różnych punktach przestrzeni.

Dokładniej mówiąc, dla wektorów n-elementowych,

$$f_{3deceptive}^{max}(u) = 1,$$

dla każdego  $u \in A$ ,, gdzie A-zbiór wektorów z co najmniej trzema jedynkami.

Interpretacja wyników przedstawionych w tabelach jest analogiczna jak w punkcie 6.1.

### Wariant 1 - przestrzeń wektorów długości 3

Ilość iteracji (błąd) CGAPBILLiczebność populacji  $\lambda = 0.5$  $\lambda = 0.2$  $\lambda = 0.1$  $\lambda = 0.01$  $\lambda = 0.0001$ 1.8 6.26(0.01\*)1.36 1.84 1.77 1.89 5 20 0.920.941.01 0.97 0.93 1.07 0.87 0.88 50 0.87 0.84 0.860.88 0.84 100 0.89 0.86 0.88 0.91 0.83 0.86200 0.87 0.850.850.860.89

0.91

Tabela 5: Wyniki testów na 3-deceptive dla wektorów dł.3

0.82

0.93

0.84

0.86

**Podsumowanie** W przypadku najmniej licznej populacji oraz współczynnika uczenia się na poziomie 0.5 algorytm PBIL nie zawsze w 100 iteracjach znajdował wynik dokładny. Przyczyną jest tutaj z pewnością zbyt szybkie (duża wartość  $\lambda$ ) zdominowanie populacji przez jednego osobnika. Każda inna konfiguracja parametrów daje bardzo zbliżone rezultaty.

W przypadku tak sformułowanego zadania, nie ma znacznej różnicy między działaniem algorytmów cGA a PBIL.

Wariant 2 - przestrzeń wektorów długości 5

0.82

500

rabela of trylling teston has a acceptive dia wenteren and											
		Ilość iteracji (bląd)									
	CGA		PBIL								
Liczebność populacji		$\lambda = 0.5$ $\lambda = 0.2$ $\lambda = 0.1$ $\lambda = 0.01$ $\lambda = 0.0001$									
5	0.41	0.61	0.47	0.53	0.55	0.57					
20	0.51	0.43	0.40	0.40	0.49	0.61					
50	0.53	0.58	0.47	0.48	0.59	0.47					
100	0.50	0.52	0.5	0.48	0.43	0.48					
200	0.48	0.61	0.51	0.54	0.5	0.54					
500	0.52	0.47	0.46	0.58	0.55	0.5					

Tabela 6: Wyniki testów na 3-deceptive dla wektorów dł.5

<sup>\* –</sup> algorytm PBIL dla optymalizowanej funkcji,  $\lambda=0.5$  i bardzo małej populacji (5 osobnikó) zwrócił niedokładną wartość.

**Podsumowanie:** Metoda daje porównywalnie dobre rezultaty w przypadku obu stosowanych algorytmów. W tym przypadku dobór współczynnika uczenia się nie ma znacznego wpływu na rezultat. W wielu eksperymentach na dokłoptymalny wynik trafiono w iteracji zerowej. Czy w zadaniu obserwowano tylko wartośc funkcji, czy też zwracano uwagę na to dla jekiego wektora zostałą ona znaleziona?

nie wiem czy nie zrezygnować z tego testu :/

### Wektory 10-cio elementowe

Tabela 7: Wyniki testów na 3 - deceptive dla wektorów dł. 10

		Ilość iteracji (błąd)								
	CGA	PBIL								
Liczebność populacji		$\lambda = 0.5$ $\lambda = 0.2$ $\lambda = 0.1$ $\lambda = 0.01$ $\lambda = 0.0001$								
5	0.11	0.02	0.07	0.05	0.1	0.04				
20	0.06	0.03	0.05	0.06	0.07	0.05				
50	0.06	0.05	0.02	0.08	0.02	0.07				
100	0.13	0.07	0.02	0.0	0.03	0.1				
200	0.05	0.06	0.04	0.07	0.08	0.02				
500	0.04	0.03	0.06	0.06	0.04	0.04				

Podsumowanie: Metoda działa lepiej im dłuży jest wektor i populacja jest bardziej liczna. Błąd występuje w pojedynczym przypadku, gdy badamy małą populację i przyjmiemy w algorytmie stosunkowo wysoki współczynnik uczenia się ( $\lambda=0.5$ ). Dla problemu 3-deceptive i wektora n-elementowego wystarczy wybrać populację 20 elementową i dowolny współczynnik uczenia, gdyż dla każdego z przyjętych parametrów czas wyznaczania maksimum nie przekracza jednej iteracji zarówno dla cGA, jak i PBIL. Dla wektorów długości powyżej 10, liczba iteracji jest bliska zeru, ponieważ prawdopodobieństwo wylosowania na starcie wektora z co najmniej trzema jedynkami jest bardzo duże i rośnie wraz ze wzrostem długości wektora. Moc zbioru rozwiązań A dla wektora długości n wynosi bowiem

$$||A|| = \sum_{i=3}^{n} \binom{n}{i},$$

co daje prawdopodobienstwo wylosowania ekstremum równe

$$P = \frac{\sum_{i=3}^{n} \binom{n}{i}}{2^n} \underset{n \to \infty}{\longrightarrow} = 1$$

## 6.3 MaxDiversity

W przypadku funkcji MaxDiversity, zadanie polega na znalezieniu m-elementowego podzbioru A danego zbioru X (o mocy k). Rozwiązanie reprezentowne jest przez k-elementowy wektor binarny, przy czym jedynka na i-tej pozycji oznacza, że i-ty element zbioru X należy do podzbioru A. Ze względu na odmienną naturę problemu, błąd rozwiązania będzie przedstawiany w skali procentowej. Wielkość tą należy rozumieć jako odsetek poprawnie wyznaczonych rozwiązań w 100 doświadczeniach. Podobnie jak w poprzednich testach, kryterium zatrzymania algorytmu jest znalezienie rozwiązania optymalnego, bądź wykonanie maksymalnej dopuszczalnej liczby iteracji (wówczas za rozwiązanie przyjmuje się najlepszy uzyskany wynik).

#### 6.3.1 X - wierzchołki kwadratu w przestrzeni 2-wymiarowej

W zadaniu szukamy n-elementowego podzbioru zbioru wierzchołków

$$X = \{(0,0), (0,1), (1,0), (1,1)\},\$$

takiego, aby suma odległość pomiędzy punktami była największa.

1. Szukamy pary punktów (m=2) ze zbioru X, których odległość jest maksymalna. W tym wypadku rozwiązanie optymalne to

$$MD^{max}(A, X) = \sqrt{2},$$

gdzie 
$$A = \{(0,0), (1,1)\}$$
 lub  $A = \{(1,0), (0,1)\}$ 

Tabela 8: Wyniki testów na MaxDiversity dla wierzchołków kwadratu (m=2)

		Ποść iteracji											
Liczebność	CGA		PBIL										
populacji		λ =	$\lambda = 0.5$ $\lambda = 0.2$ $\lambda = 0.1$ $\lambda = 0.01$ $\lambda = 0.000$										
3	2.03	2.26	95%	2.14	99%	2.09	99%	2.00	98%	2.18	95%		
5	1.89	1.96	99%	1.88	100%	1.82	100%	1.84	100%	1.82	100%		
20	1.62	1.73	100%	1.69	100%	1.64	100%	1.66	100%	1.72	100%		
50	1.68	1.62	100%	1.65	100%	1.73	100%	1.7	100%	1.7	100%		
100	1.68	1.60	100%	1.62	100%	1.72	100%	1.66	100%	1.61	100%		

2. W zbiorze X szukamy 3-elementowego podzbioru A.

W tym przypadku, każdy dowolny 3-elementowy podzbiór badanego problemu daje rozwiązanie optymalne  $MD^{max}(A,X)=2+\sqrt{2}$ 

.

Oba algorytmy zadziałały poprawnie i zwróciły dokładne wartości ekstremum już na etapie losowania populacji startowej. W związku z tym, nieistotny był dobór parametrów algorytmów, tj. liczebności populacji i współczynnika uczenia się.

#### 6.3.2 X - zbiór 10 losowo wybranych punktów w kuli jednostkowej o środku w punkcie (0,0)

### Rysunek 3: Kula jednostkowa z punktami zbioru X

W zadaniu przyjęto, że  $X = \{(0.5, -0.5), (0.4, 0.1), (-0.9, -0.1), (0.1, 0.12), (-0.32, 0.14), (-0.1, 0.58), (0.911, 0.2), (-0.77, 0.58), (0.14, -0.85), (-0.14, -0.13)\}$  oraz że w zbiorze X poszukuje się 3-elementowego podzbioru A.

Dla tak sformułowanego problemu rozwiązanie dokładne to  $A = \{(0.911, 0.2), (-0.77, 0.58), (0.14, -0.85)\}$ , przy czym  $MD^{max}(X, A) \simeq 4.721$  (rys. ???)

W tabeli poniżej zaprezentowano wyniki uzyskane w eksperymentach numerycznych:

		${\it \Pio\'s\'e iteracji}$											
Liczebność	c	GA		PBIL									
populacji			λ =	$\lambda = 0.5$ $\lambda = 0.2$ $\lambda = 0.1$ $\lambda = 0.01$							$\lambda = 0.0001$		
3	28.5	77%	77.41	24%	39.07	68 %	23.26	92%	27.99	99%	33.55	93%	
5	11.78	94%	65.25	40%	26.57	81%	14.25	100%	17.31	100%	25.59	98%	
20	5.51	100%	12.43	91 %	4.55	100%	5.5	100%	7.17	100%	6.63	100%	
50	3.72	100%	2.84	100%	3.2	100%	3.37	100%	4.12	100%	4.12	100%	
100	2.79	100%	2.54	100%	2.46	100%	2.68	100%	2.67	100%	2.91	100%	

Tabela 9: Wyniki testów na MaxDiversity dla punktów kuli (m=3)

Wnioski: jeszcze to trzeba przemyśleć Jeśli rozważamy przypadki w któych nie udało się znaleźć rozwiązania dokładnego, to warto zauważyć, że algorytm cGA zwraca poprawne wyniki dla populacji o mniejszej liczebności. Porównując czas pracy algorytmów, można zauważyć, że cGA zwraca rezultat w krótszym czasie niż PBIL. Zarówno wysoki, jak i bardzo niski wskaźnik uczenia się algorytmu PBIL znacznie zmniejsza efektywność pracy algorytmu. Dodatkowo wskaźnik rzędu 0.5 powoduje wzrost częstotliwości wystąpienia błędu w obliczeniach. Najbardziej optymalną wartością współczynnika uczenia się okazała się wartość 0.1, dla której rezultaty cGA i PBIL są zbliżone