

Croisement Auto-Adaptatif

Mini-projet de M1 SDSC 2021-22
à rendre en binôme pour le **18 janvier 2022**

Inscrivez-vous sur <https://tinyurl.com/2h4r5asd>

Problématique : Comme on l'a vu en cours, en évolution artificielle, l'objectif du croisement est de créer un enfant qui ressemble aux parents. Une des implications consiste à ne pas prendre comme point de croisement un *locus* qui tombera au milieu de deux (ou plusieurs) gènes formant un bloc sémantique.

Concernant la mutation, Hans-Paul Schwefel a proposé une mutation auto-adaptative (cf. <https://www.cs.bham.ac.uk/~pxt/NIL/es.pdf>), en associant à chaque gène réel un paramètre sigma représentant l'écart-type d'une gaussienne ayant pour objectif de trouver la bonne dynamique du gène en question.

Objectifs : Pour ce mini-projet, l'idée est similaire : dans un premier temps, on pourra associer aux $n-1$ points de croisement d'un génome de taille n une probabilité x d'y effectuer un croisement. Si on prend pour base sinus-it, avec 3 sinus représentés par 9 valeurs, il y a donc 8 points de croisement possibles. Certains points de croisement seront disruptifs et pas d'autres. L'objectif est de voir si l'évolution pourra prescrire des probabilités de croisement quasi nulles à l'intérieur d'un même sinus ou pas. Si c'est le cas, cela montrera que nous aurons un croisement auto-adaptatif "intelligent" capable, de lui-même, de déterminer l'épistasie (la corrélation) entre certains gènes.

La différence avec le projet de TER est que les 2 paragraphes ci-dessous ne seront pas considérés :

Mais comme, dans la plupart des cas réels, on ne sait pas si, ou comment sont reliés les gènes, le problème est plus difficile. En effet, si les 9 paramètres des sinus sont placés dans le désordre, où sont les bons points de croisement et où sont les mauvais.

C'est là où la recherche démarre vraiment : il faudra associer à un génome de longueur n l points de croisements possibles (L pour locus), charge à l'évolution artificielle de trouver les meilleurs points de croisement si les 9 paramètres des sinus sont mélangés.

Il s'agit donc du cas simple avec seulement 8 points de croisement (il suffira d'ajouter au génome 8 valeurs $x_0 \dots x_7$ représentant chacune une probabilité d'effectuer le croisement à cet endroit).

A rendre pour le 18 janvier : un rapport d'une 10aine de pages décrivant ce que vous avez fait, mais surtout des runs montrant :

- L'influence (ou non) de points de croisement tombant au milieu d'un sinus ou entre deux sinus
- La comparaison entre les runs précédents et des runs où les valeurs $x_0 \dots x_7$ évoluent en même temps que le génome (par mutation et croisement)