

PRAWO DŻUNGLI  
CZYLI  
EWOLUCJA W DZIAŁANIU

Celem projektu jest implementacja prostej wersji algorytmu minimalizacji bez ograniczeń funkcji 2 zmiennych opartego na analogii do działania ewolucji, czyli tzw. algorytmu ewolucyjnego.

Możecie przy tym wykorzystać gotową procedurę obliczającą wartość funkcji celu w obszarze  $[-1, 1] \times [-1, 1]$  oraz skrypt rysujący mapę poziomową tejże funkcji.

Ponieważ w zapisie algorytmu będziemy często wykorzystywać liczby losowe, przyjmijmy konwencję, że  $r$  oznacza liczbę losową o rozkładzie równomiernym w przedziale  $[0, 1]$ , inną przy każdym swoim pojawieniu się, tzn. faktycznie wywołanie funkcji `rand(1,1)`.

Ewolucja gatunku najogólniej mówiąc polega na następujących procesach:

1. Pojawienie się populacji startowej, np na izolowanej wyspie.
2. Dobór rodziców w pary.
3. Rozmnażanie polegające na mieszaniu genów rodziców.
4. Mutacje polegające na przypadkowej zmianie genotypu, zachodzące z pewnym prawdopodobieństwem  $0 < p < 1$ .
5. Selekcja polegająca na eliminacji najgorzej przystosowanych osobników z puli potencjalnych rodziców.

W naszym przypadku osobniki to punkty na płaszczyźnie, a ich genotyp to wartości liczbowe współrzędnych:  $\mathbf{x}_k = [x_{1k}, x_{2k}]$ . Miarą ich przystosowania jest wartość funkcji celu, im mniejsza tym lepiej, gdyż przeprowadzamy minimalizację.

Parametrami wejściowymi naszego programu będą:  $N$  – liczebność populacji,  $p$  – prawdopodobieństwo mutacji oraz  $M$  – ilość generacji.

Rozmnażanie dla pary rodziców  $\mathbf{x}_f$ ,  $\mathbf{x}_m$  będzie polegało na utworzeniu leżącego gdzieś na odcinku pomiędzy nimi potomka (tzw. mieszanie arytmetyczne):

$$t := r; \quad \mathbf{x}_c := (1 - t)\mathbf{x}_f + t\mathbf{x}_m;$$

Mutacja, zachodząca z prawdopodobieństwem  $p$  będzie polegała po prostu na zaburzeniu genotypu potomka o małą wartość, np

$$\text{jeżeli } r < p \text{ to } \mathbf{x}_c := \mathbf{x}_c + 0.2[0.5 - r, 0.5 - r];$$

Dobór par rodziców pozostawiamy Waszej inwencji. Dla przykładu taką regułą może być zasada, że osobnik najlepiej przystosowany ma potomstwo z każdym z pozostałych (władca haremu – patrz jelenie, słonie morskie itp.) produkując  $N - 1$  potomków, z których każdy następnie może mutować. W rezultacie powstaje populacja zawierająca  $N + (N - 1)$  osobników (rodzice + potomstwo).

W ramach selekcji będziemy eliminowali osobników gorzej przystosowanych, zostawiając tylko  $N$  najlepszych, tak że w każdej generacji liczebność populacji rodziców pozostaje taka sama.

Formalnie algorytm ten można zapisać następująco:

- Wczytaj dane.
- Wygeneruj losowo początkową populację  $N$  punktów z obszaru  $[-1, 1] \times [-1, 1]$ .
- Powtórz  $M$  razy
  - wyświetl mapę i położenie populacji rodziców;
  - dobierz pary rodziców;
  - wygeneruj potomstwo;
  - każdego potomka poddaj z prawdopodobieństwem  $p$  mutacji;
  - wybierz  $N$  najlepiej przystosowanych osobników i uczyni z nich nową populację rodziców;
- Wyświetl mapę i położenie najlepszego punktu oraz podaj jego współrzędne wraz z wartością funkcji celu.

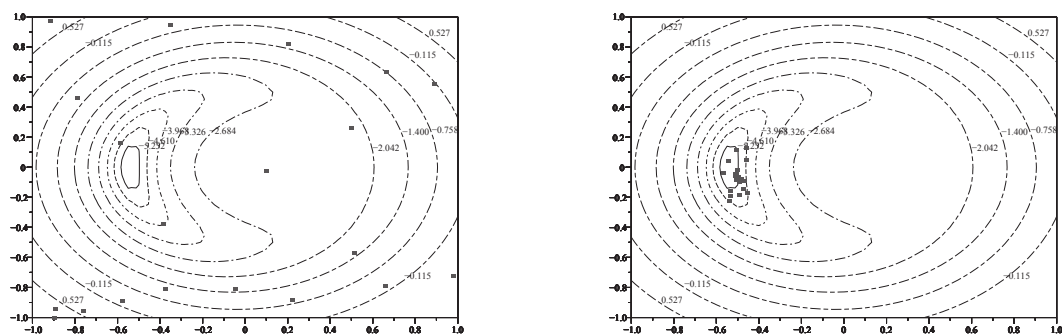
#### **Uwagi realizacyjne.**

- Dla szeregowania wartości elementów wektora w kolejności rosnącej służy funkcja wbudowana `[fsorted,rows]=sort(f)` (patrz pomoc do programu).
- Ponieważ kolejne generacje będą prawdopodobnie migać na ekranie zbyt szybko, jako komendy opóźniającej można użyć np

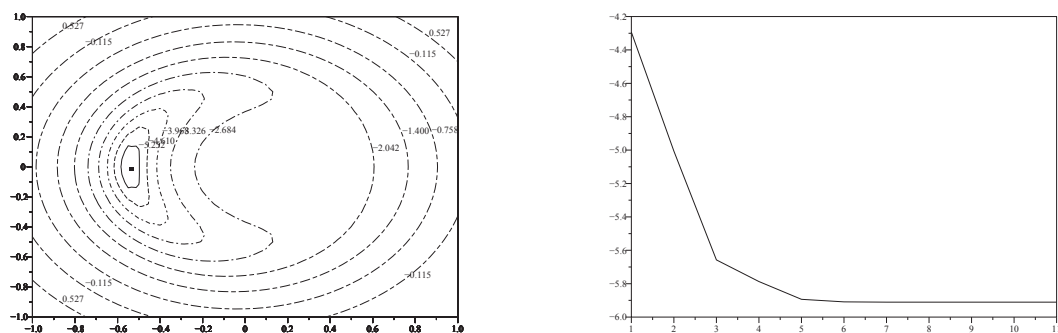
```
A=(rand(300,300))(-1);
```

gdzie wymiar macierzy zależy od szybkości komputera.

Przykładowe wyniki dla  $N = 20$ ,  $M = 10$ ,  $p = 0.2$  oraz funkcji rogalikowa dolina.



Rysunek 1: Pierwsza (na lewo) i trzecia generacja na tle mapy poziomicowej.



Rysunek 2: Dziesiąta generacja (po lewej) i przebieg najlepszej wartości funkcji celu w kolejnych generacjach.