

نحوه ی بازنمایی مسئله:

بازنمایی در الگوریتم های ES به صورت اعداد حقیقی می باشد. در این مسئله ی خاص برای یافتن بهترین ترکیب a و b ، آن ها را به صورت اعداد حقیقی در بازه ی $[0,1]$ در نظر گرفته ایم زیرا a و b پارامتر های یک بردار یکه هستند.

نحوه ترکیب کروموزمها با همدیگر و مقدار احتمال ترکیب و تاثیر آن در سرعت همگرایی:

هر کروموزوم در این مسئله دارای سه ژن a و b و σ می باشد. برای بازترکیبی، هر بار دو کروموزوم والد به عنوان ورودی دریافت می شوند. یک عدد تصادفی یکنواخت بین 0 و 1 ایجاد می شود. اگر مقدار آن از P_c (احتمال بازترکیبی) کوچکتر بود، بازترکیبی به صورت زیر انجام می شود:

یک عدد تصادفی یکنواخت بین 0 و 1 به عنوان α ایجاد می شود و طبق فرمول

$$a'1 = \alpha * a1 + (1-\alpha) * a2$$

$$b'1 = \alpha * b1 + (1-\alpha) * b2$$

$$\sigma'1 = \alpha * \sigma1 + (1-\alpha) * \sigma2$$

$$a'2 = (1-\alpha) * a1 + \alpha * a2$$

$$b'2 = (1-\alpha) * b1 + \alpha * b2$$

$$\sigma'2 = (1-\alpha) * \sigma1 + \alpha * \sigma2$$

دو فرزند تولید می شوند.

هر چه P_c به 1 نزدیکتر باشد، سرعت همگرایی کمتر می شود. (نحوه ی بررسی به این صورت است که هر چه با گذشت تعداد نسل های کمتر $Best\ score$ و $Worst\ score$ به هم برسند، سرعت همگرایی بالاتر است.)

اما به طور کلی در الگوریتم ES بهترین مقدار P_c برابر با 0.4 می باشد.

نحوه جهش و نحوه تعیین گام جهش و تاثیر جهش در سرعت همگرایی:

در این گام از روش خود تطبیقی استفاده شده است. در الگوریتم ES مقدار P_m (احتمال جهش) برابر با 1 در نظر گرفته می شود. به این معنا که تمام فرزندان جهش پیدا می کنند. از آنجا که در الگوریتم ES بهترین مقدار λ برابر با 7μ می باشد و احتمال چند بار انتخاب شدن یک کروموزوم به عنوان والد وجود دارد، قبل از بازترکیبی جهش را روی تمام والدان اعمال می کنیم تا فرزندان از روی دو والد یکسان ساخته نشوند.

یک کروموزوم به عنوان ورودی دریافت می شود. یک نویز نرمال تولید می کنیم و با فرمول

$$\sigma' = \sigma * e^{(-T * N(0,1))}$$

سیگما (اندازه قدم) را جهش می دهیم. (T برابر با 0.01 در نظر گرفته شده است.) سپس برای هر ژن کروموزوم یک عدد تصادفی نرمال جدید تولید می کنیم و با فرمول زیر آن را جهش می دهیم:

$$a' = a + \sigma' * N(0,1)$$

$$b' = b + \sigma' * N(0,1)$$

در نهایت کروموزوم جهش یافته را به عنوان خروجی برمی گردانیم.

✱ مقدار اولیه ی سیگما برای هر کروموزوم در مرحله ی تولید جمعیت اولیه به صورت یک عدد تصادفی

یکنواخت در بازه ی $[-1.5 \ 1.5]$ ایجاد می شود.

تاثیر جهش در سرعت همگرایی به این صورت است که هر چه احتمال جهش بیشتر باشد، سرعت همگرایی کمتر می شود.

نحوه انتخاب والدین و بازماندگان:

برای انتخاب والدین به تعداد $\mu * 7$ عدد صحیح تصادفی یکنواخت در بازه ی $[1 \ \mu]$ تولید می کنیم و هر بار، هر index ای که به دست آمد، یک کپی از کروموزوم متناظر آن در لیست `list_of_chromosomes` را به لیست `list_of_parents` اضافه می کنیم.

برای انتخاب بازماندگان از روش Q-tournament استفاده شده است.

به تعداد μ بار، هر بار به طور رندم Q کروموزوم از لیست کروموزوم های اولیه به علاوه ی فرزندان $(\mu + \lambda)$ برمی داریم و با استفاده از تابع `Best_evaluation` بهترین کروموزوم را به لیست `list_of_survivors` می افزاییم.

در نهایت خروجی به صورت لیست `list_of_survivors` به عنوان جمعیت اولیه برای نسل بعد بازگردانده می شود.

تعداد جمعیت و تعداد فرزندان: (مقادیر مختلف را امتحان کرده و سرعت همگرایی را مشاهده کرده و نتیجه را ارائه دهید)

هر چه تعداد اعضای جمعیت بیشتر باشد، سرعت همگرایی بیشتر می شود.

هر چه تعداد فرزندان بیشتر باشد، سرعت همگرایی کمتر می شود.

شرط خاتمه الگوریتم تکاملی:

برای تعیین شرط خاتمه از روش تعداد ارزیابی استفاده شده است.

تابع ارزیابی در این مسئله در هر `iteration` حدودا به تعداد $\mu + \lambda$ بار صدا زده می شود و در این مسئله شرط خاتمه پیمایش 200 نسل پیاپی در نظر گرفته شده است.