

Computational Intelligence

- HW2
- YASAMAN MIRMOHAMMAD
- 9431022

گزارش تمرین دوم هوش محاسباتی

• نحوه بازنمایی مسئله

دو کلاس ES و کروموزوم، مساله را مدل کرده اند.

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

مشاهده شد که هر چه احتمال ترکیب بالاتر برود، سرعت همگرایی بیشتر خواهد شد.

```
def crossover(self):
    num_crossovers = np.round(len(self.select_population_set) * self.p_combination)
    select_index_combination = np.random.randint(0, self.initial_number * 3 - 1,
int(num_crossovers))
    for i in range(0, len(select_index_combination) - 1):
        # try:
            self.select_population_set[select_index_combination[i]].gene[0] = \
statistics.mean([self.select_population_set[select_index_combination[i]].gene[0],
self.select_population_set[select_index_combination[i +
1]].gene[0]])
            self.select_population_set[select_index_combination[i]].evluate_update()

            self.select_population_set[select_index_combination[i + 1]].gene[1] = \
statistics.mean([self.select_population_set[select_index_combination[i]].gene[1],
self.select_population_set[select_index_combination[i +
1]].gene[1]])
            self.select_population_set[select_index_combination[i + 1]].evluate_update()
            i += 1
```

• نحوه جهش و نحوه تعیین گام جهش و تاثیر جهش در سرعت همگرایی.

نحوه ی جهش :

```
chromosome.gene[2] = chromosome.gene[2] * math.exp(-np.random.normal(0, 1) * self.sigma)
chromosome.gene[0] += N01[0] * chromosome.gene[2]
chromosome.gene[1] += N01[1] * chromosome.gene[2]
norm = ((chromosome.gene[0]) ** 2 + (chromosome.gene[1]) ** 2) ** 0.5
chromosome.gene[0] /= norm
chromosome.gene[1] /= norm
self.sigma= np.random.normal(0,0.05) ;
```

با استفاده از یک تابع گاوسی ، ژن ها را جهش میدهیم و نتیجه ی به دست آمده را نرمال سازی میکنیم.

• نحوه انتخاب والدین و بازماندگان.

```
def choose_parent(self):
    for i in range(1, 4):
        select_index = np.random.randint(0, self.initial_number - 1, self.initial_number)

        for index in select_index:
            self.select_population_set.append(self.initial_population_set[index])
```

```

def choose_new_generation(self):
    # Todo
    """
    Use one of the discussed methods in class.
    Q-tournament is suggested !
    :return: Mu selected chromosomes for next cycle
    """
    select_chrom_set = [0, 0, 0, 0]
    q_tournament = 4

    #
    chromosome_set = self.select_population_set
    chromosome_set.extend(self.initial_population_set)
    self.initial_population_set.clear()
    for i in range(0, self.initial_number):
        select_index = np.random.randint(0, len(chromosome_set) - 1 - i, q_tournament)
        j = 0
        for index in select_index:
            select_chrom_set[j] = chromosome_set[index]
            j += 1

        sorted(select_chrom_set, key=lambda x: x.score, reverse=False)
        self.initial_population_set.append(select_chrom_set[0])
        chromosome_set.remove(select_chrom_set[0])
        self.initial_population_set = sorted(self.initial_population_set, key=lambda x:
x.score, reverse=False)

    return

```

- تعداد جمعیت و تعداد فرزندان (مقادیر مختلف را امتحان کرده و سرعت همگرایی را مشاهده کرده و نتیجه را ارائه دهید)
- تعداد جمعیت و تعداد فرزندان رابطه مستقیمی با سرعت همگرایی دارد چرا که در راستای افزایش تنوع است.

- شرط خاتمه الگوریتم تکاملی.

```

def evolution_process(self):
    self.initial_population()
    i = 0
    while (i in range(0, 20)):
        for x in self.initial_population_set:
            print(x.score)

        self.select_parent()
        self.mutation()
        self.crossover()
        self.select_population()

        print("*****")
        i += 1
        print("best chromosome:", self.initial_population_set[0].score,
              statistics.stdev(self.initial_population_set[0].Z,
statistics.mean(self.initial_population_set[0].Z)))
        print("worst chromosome:", self.initial_population_set[self.initial_number -
1].score)
        print("mean score:", statistics.mean(chrom.score for chrom in
self.initial_population_set))

    if i > 100:
        break

```

```
return self.initial_population_set[0]
```

اگر به پایان تنوع یا شایستگی برسیم الگوریتم خاتمه یافته است.

توضیحات و نتایج:

PCA یک روش تحلیل داده هاست که در آن، گویی، محورهای مختصات چرخانده میشوند تا ما از زاویه ی دیگری به توزیع داده هایمان نگاه کنیم.

PCA، تبدیلی در فضای برداری است، که بیشتر برای کاهش ابعاد مجموعه داده ها مورد استفاده قرار می گیرد. [تحلیل مولفه های اصلی در سال ۱۹۰۱ توسط کارل پیرسون]^۱ ارائه شد. این تحلیل شامل تجزیه مقادارهای ویژه^۲ ماتریس کواریانس می باشد.

تعریف: یک تبدیل خطی متعامد است که داده را به دستگاه مختصات جدید می برد به طوری که بزرگترین واریانس داده بر روی اولین محور مختصات، دومین بزرگترین واریانس بر روی دومین محور مختصات قرار می گیرد و همین طور برای بقیه. تحلیل مولفه های اصلی می تواند برای کاهش ابعاد داده مورد استفاده قرار بگیرد، به این ترتیب مولفه هایی از مجموعه داده را که بیشترین تاثیر در واریانس را دارند حفظ می کند برای ماتریس داده X ، با میانگین تجربی صفر، که هر سطر یک مجموعه مشاهده و هر ستون داده های مربوط به یک شاخصه است، تحلیل مولفه های اصلی به صورت زیر تعریف می شود:

به طوری که :

$$Y^T = X^T W = V \Sigma$$

به طوری که $V \Sigma W^T$ تجزیه مقادارهای منفرد ماتریس X^T می باشد.

محدودیت ها:

استفاده از تحلیل مولفه های اصلی منوط به فرض هایی است که در نظر گرفته می شود. از جمله:

- فرض خطی بودن
- ما فرض می کنیم مجموعه داده ترکیب خطی پایه هایی خاص است.

- فرض بر این که میانگین و کواریانس از نظر احتمالاتی قابل اتکا هستند.
- فرض بر این که واریانس شاخصه اصلی داده است.

The covariance between two features x_j and x_k on the population level can be calculated via the following equation:

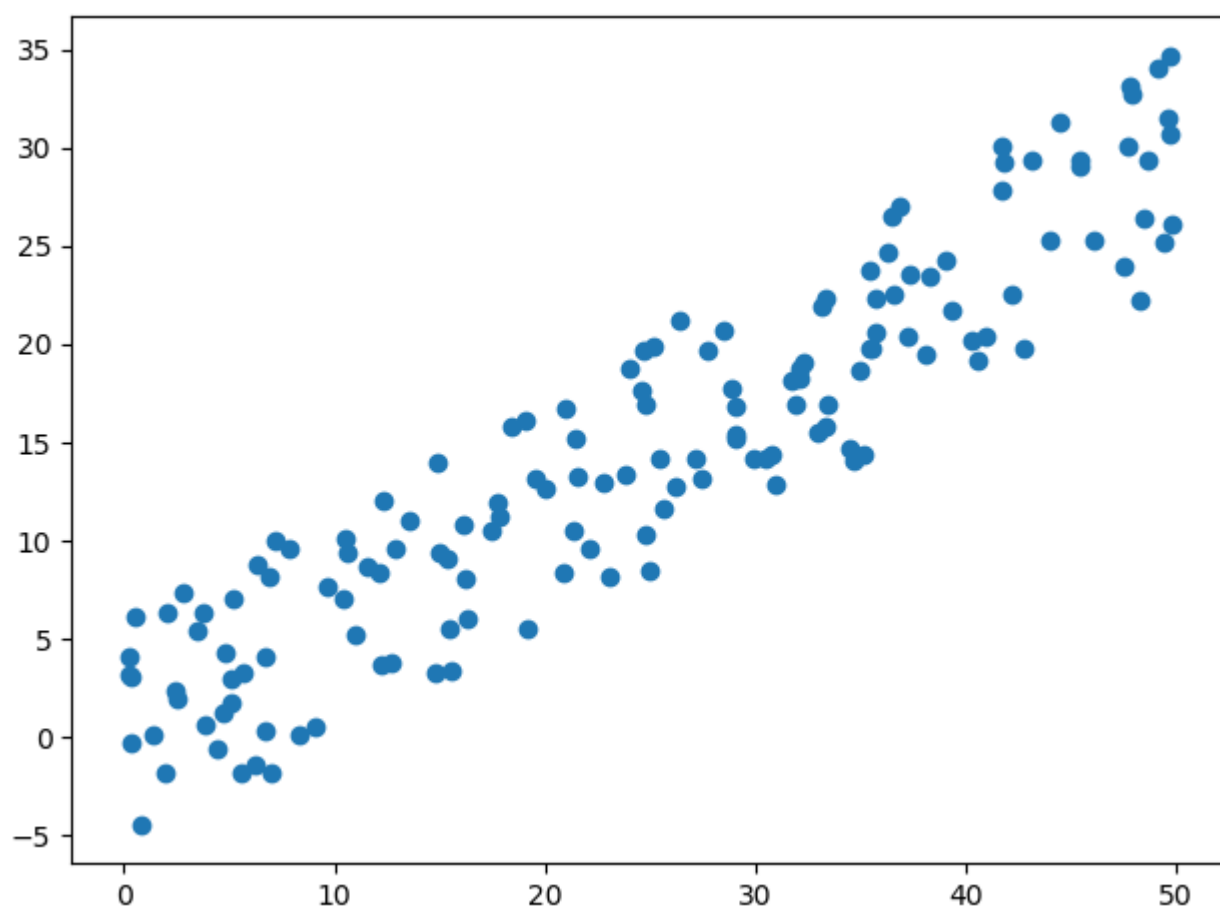
$$\sigma_{jk} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (x_j^{(i)} - \mu_j)(x_k^{(i)} - \mu_k)$$

μ_j and μ_k are the sample means of features j and k .

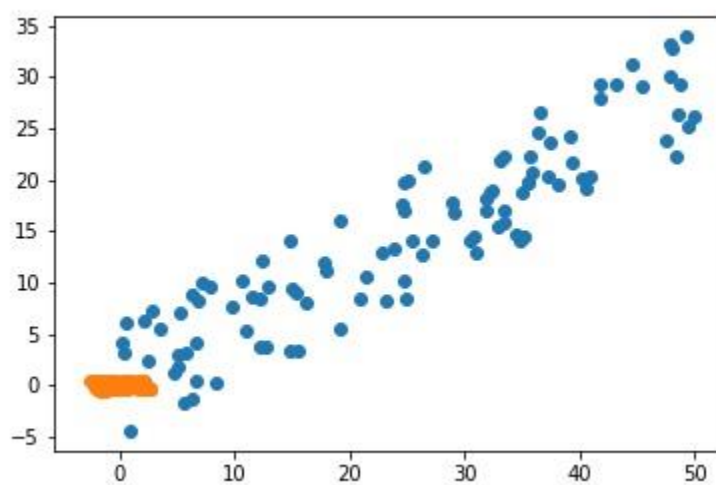
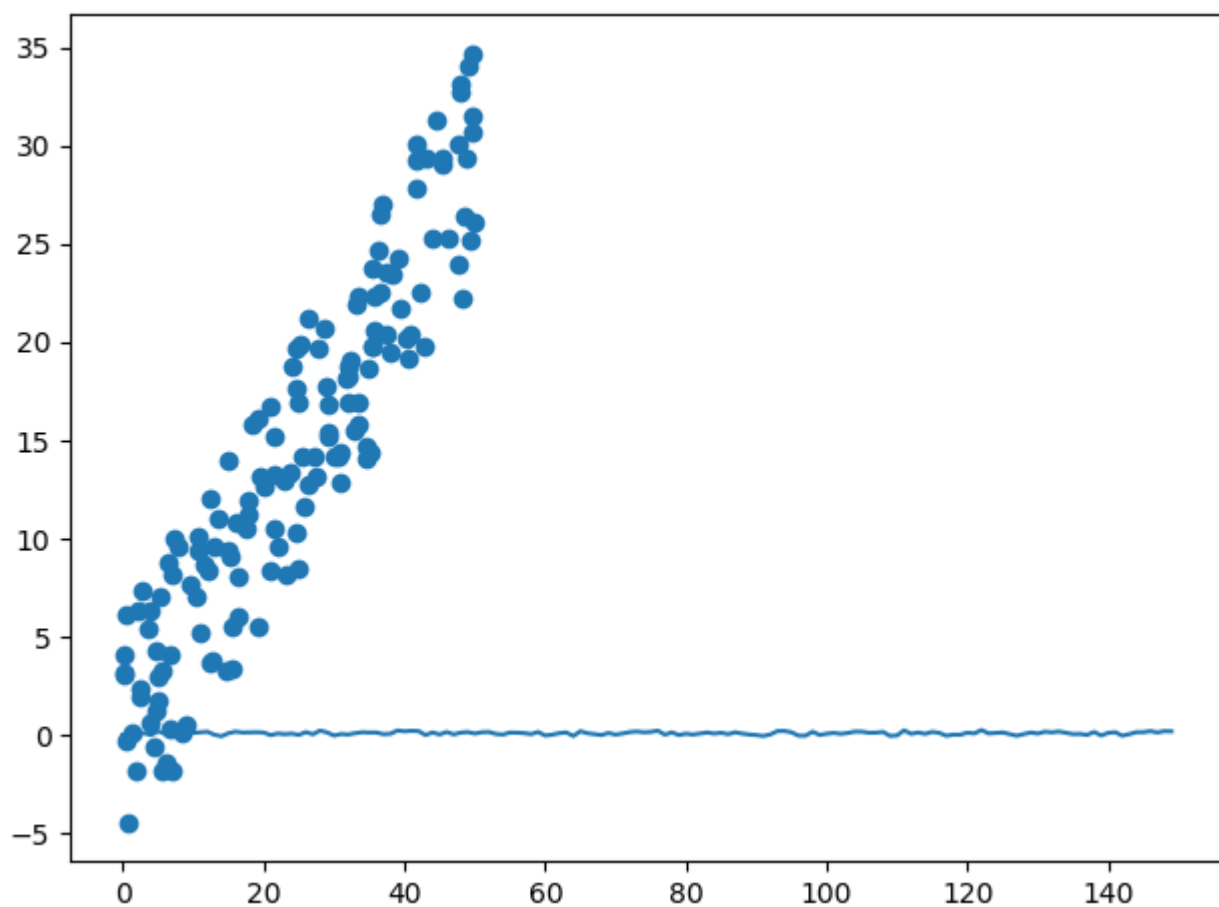
Want to insert a picture from your files or add a shape, text box, or table? You got it!
On the Insert tab of the ribbon, just tap the option you need.

خروجی:

داده ها:

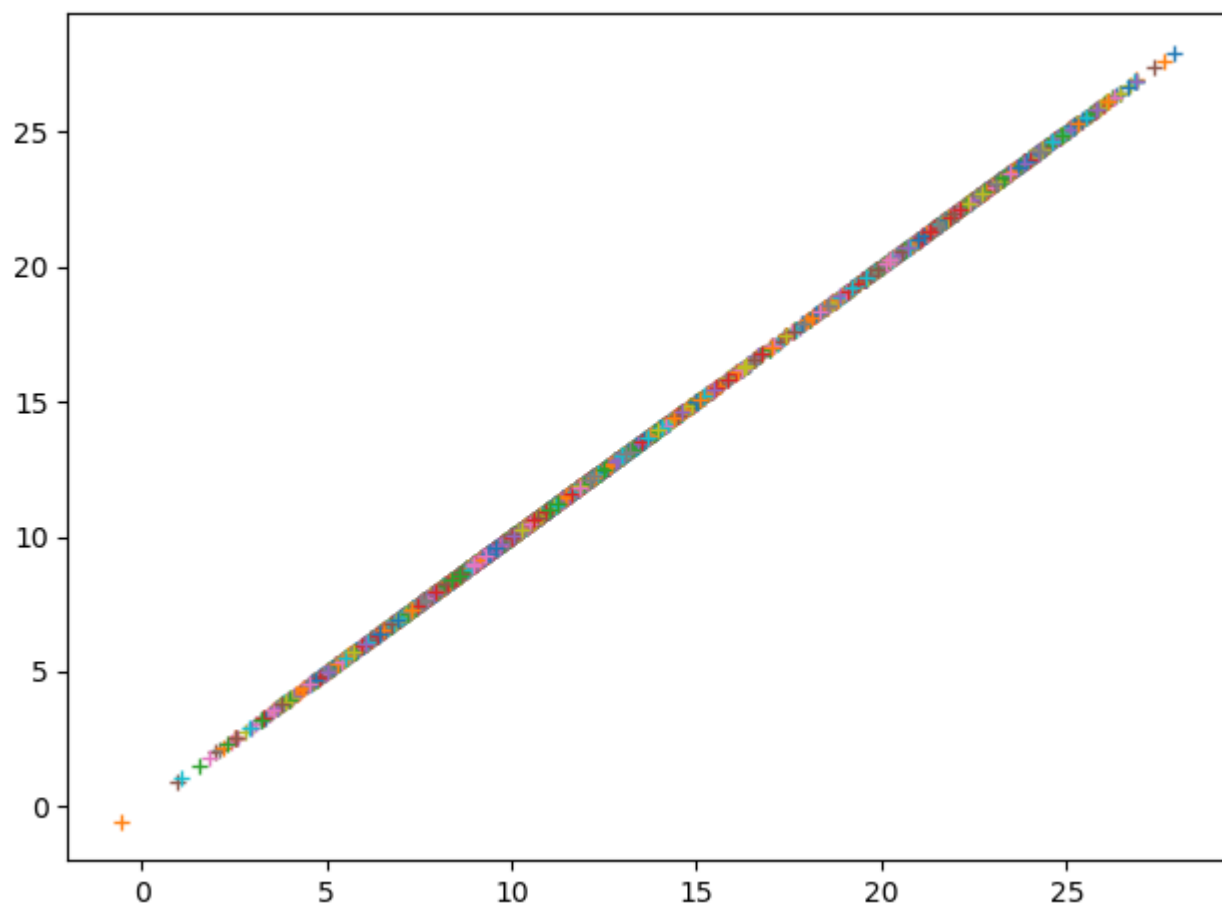


به این شکل مشاهده می شود که داده ها روی یک بعد تصویر شده اند (محور افقی):



نقاط **Z** تبدیل یافته (نارنجی)

خط **pca**: در محور داده ها:



بدین شکل مشاهده شد که کاهش بعد انجام شده است.