Politechnika Wrocławska

Inteligencja Obliczeniowa i jej zastosowania

# Badanie algorytmu genetycznego, memetycznego i rojowego w zadaniu optymalizacji wybranej funkcji testowej oraz badanie algorytmu genetycznego dla problemu TSP

*Autorzy:*
Paweł Andziul 200648
Marcin Słowiński 200638

*Prowadzący:*
dr hab. inż. Olgierd Unold,
prof. nadzw. PWr

26 kwietnia 2017

# Spis treści

# 1 Wprowadzenie

Algorytm genetyczny – algorytm heurystyczny, który swoim działaniem przypomina działanie ewolucji w naturze. Osobniki będące zbyt słabe zostają wyeliminowane z populacji w kolejnych pokoleniach, a na ich miejsce przyjmowane są lepsze, silniejsze, bardziej podatne adaptacji. Algorytmy te zakładają możliwość mutacji i krzyżowania wśród potomków, przez co nie zawsze są oni silniejsi od poprzednio wyeliminowanych członków. Dodatkowo wprowadzają pojęcie elity, która jest bezpośrednio przenoszona do następnego - teoretycznie lepszego pokolenia.
*dla wybranej funkcji własnej funkcje krzyżowania (dla branina) dla tsp (np–trudny) genetyczny – tsplib wykorzystać do badań (2–3 instancje srednie male duze) z wlasnym operatorem z domyslnym algorytm ga z lokalnym wyszukiwaniem, dla komiwojażera, założyć czy ma lepsze wartości, czy szybciej zbiega, jak operatory się zachowują, psoptim, dla jednej funkcji i komiwojażera*

W ramach laboratorium należało przeprowadzić testy algorytmu genetycznego dla różnych parametrów. Jako benchmark oceny należało użyć pakietu „getGlobalOpts" oraz języka R.

Pomiary wykonywano na 2 różnych jednostkach roboczych. Ich parametry nie są istotne z punktu widzenia analizy i możliwości porównania rezultatów.

# 2 Implementacja

Poniżej zamieszczono kody skryptów w języku R przygotowanych w celu umożliwienia przeprowadzenia pomiarów.

Listing 1: Skrypt w języku R wykorzystany do badań optymalizacji funkcji

```
# initialize ----
# clean old data
rm(list=ls())
dev.off(dev.list()["RStudioGD"])

# load libraries
require("GA")
require("globalOptTests")
require("rgl")
require("psoptim")

# custom functions ----
# mutation function
myMutationFunction <- function(object, parent) {
  # get GA population
  population <- parent <- as.vector(object@population[parent, ])

  # calculate randoms
  rnd <- sample(1:length(population), 1)

  # get min and max from population vector
  min_value <- which.min(population)

  # set random element to min value
  population[rnd] = min_value

```

```
  return (population);
}

# Settings ----

nOfRuns <- 15 # 30 number of runs to calc avg scores

# colors and titles for plot series
colors <- c("red", "purple")
series <- c("GA", "GA + własna mutacja")

GAWithHybridSeries <- c("GA", "GA + własna mutacja", "Mem", "Mem + własna
    mutacja")
GAWithHybridColors <- c("red", "purple", "blue", "orange")

# name of function from globalOptTests package
funcName <- "Hartman6"

# graph settings
graphs <- TRUE #true if you want to print graphs
quality <- 100 #number of probes

#hybrid algorithm settings
poptim = 0.05 #a value [0,1] specifying the probability of performing a local
    search at each iteration of GA (def 0.1)
pressel = 0.5 #a value [0,1] specifying the pressure selection (def 0.5)

# Processing ----

customGAMeasure <- function(values, mType, xlab, main) {

  # main measurement loop (for each serie and sequence calculate average
      results)
  temp <- c()
  for (serie in 1:length(series)) {
    averages <- c()
    for (value in values) {
      sum <- 0
      for (i in 1:nOfRuns) {

        message(paste("Seria: ", serie))
        message(paste("Sekwencja: ", value))
        message(paste("Przebieg: ", i))

        GAmin <- ga(type = "real-valued",
            mutation = if (serie == 2) myMutationFunction else
                gaControl("real-valued")$mutation,
            fitness = function(xx) -f(xx),
            min = c(B[1,]), max = c(B[2,]),
            popSize = if (mType == "pop") value else 50,
            pmutation = if (mType == "mut") value else 0.1)
        solution <- matrix(unlist(GAmin@solution),ncol=dim,byrow=TRUE)
        eval <- f(solution[1,])
        sum <- sum + eval
      }
      averages <- c(averages, (sum / nOfRuns))
```

```
    }
    temp <- c(temp, averages)
  }
  result <- matrix(c(temp), nrow = length(series), ncol = length(values))

  if (graphs) {

    # save graph with measurement series to file
    png(file = paste(funcName, mType, ".png", sep=""), width=600, height=400,
        units="px")
    plot(0, 0, main=main,
         ylim=c(min(c(temp,globalOpt)),max(c(temp,globalOpt))),
         xlim=c(min(values),max(values)),
         type="n", xlab=xlab, ylab="wartosc")
    abline(globalOpt,0, col="green")
    colorNames <- c()
    seriesNames <- c()
    for (i in 1:length(series)) {
      color <- colors[i]
      colorNames <- c(colorNames, color)
      seriesNames <- c(seriesNames, series[i])
      lines(values, result[i,], col = color, type = 'l')
    }
    legend("topright", seriesNames, lwd=rep(2,length(series)),
        lty=rep(1,length(series)), col=colorNames)
    dev.off()

  }
}

customMeasureGAWithHybrid <- function(values, mType, xlab, main) {

  # main measurement loop (for each serie and sequence calculate average
      results)
  temp <- c()
  for (serie in 1:length(GAWithHybridSeries)) {
    averages <- c()
    for (value in values) {
      sum <- 0
      for (i in 1:nOfRuns) {

        message(paste("Seria: ", GAWithHybridSeries[serie]))
        message(paste("Sekwencja: ", value))
        message(paste("Przebieg: ", i))

        if(GAWithHybridSeries[serie] == "GA" || GAWithHybridSeries[serie] == "GA
            + własna funkcja")
        {
          GAmin <- ga(type = "real-valued",
                      mutation = if (serie == 2) myMutationFunction else
                          gaControl("real-valued")$mutation,
                      fitness = function(xx) -f(xx),
                      min = c(B[1,]), max = c(B[2,]),
                      popSize = if (mType == "pop") value else 50,
                      pmutation = if (mType == "mut") value else 0.1)
        }
```

```
      else
      {
        GAmin <- ga(type = "real-valued",
                    mutation = if (serie == 4) myMutationFunction else
                        gaControl("real-valued")$mutation,
                    fitness = function(xx) -f(xx),
                    min = c(B[1,]), max = c(B[2,]),
                    optim = TRUE,
                    optimArgs = list (
                      poptim = if (mType == "poptim") value else 0.05,
                      pressel = if (mType == "pressel") value else 0.5))
      }

      solution <- matrix(unlist(GAmin@solution),ncol=dim,byrow=TRUE)
      eval <- f(solution[1,])
      sum <- sum + eval
    }
    averages <- c(averages, (sum / nOfRuns))
  }
  temp <- c(temp, averages)
}
result <- matrix(c(temp), nrow = length(GAWithHybridSeries), ncol =
    length(values))

if (graphs) {
  # create standalone graph for each serie
  for (serie in 1:length(GAWithHybridSeries)) {
    legendColors <- rep("darkslateblue", length(GAWithHybridSeries))
    legendColors[serie] = "red"
    # save graph with measurement series to file
    png(file = paste(funcName, mType, serie, ".png", sep=""), width=600,
        height=400, units="px")
    plot(0, 0, main=main,
         ylim=c(min(c(temp,globalOpt)),max(c(temp,globalOpt))),
         xlim=c(min(values),max(values)),
         type="n", xlab=xlab, ylab="wartosc")
    abline(globalOpt,0, col="green")

    lastLine <- NA
    seriesNames <- c()
    for (i in 1:length(GAWithHybridSeries)) {
      seriesNames <- c(seriesNames, GAWithHybridSeries[i])
      if (i != serie)
      {
        lines(values, result[i,], col = "darkslateblue", type = 'l', lwd = 2)
      }
    }
    lines(values, result[serie,], col = "red", type = 'l', lwd = 2)

    legend("topright", seriesNames, lwd=rep(2,length(GAWithHybridSeries)),
        lty=rep(1,length(GAWithHybridSeries)), col = legendColors)
    dev.off()
  }
}
```

```
{
# get data from globalOptTests package
dim <- getProblemDimen(funcName)
B <- matrix(unlist(getDefaultBounds(funcName)),ncol=dim,byrow=TRUE)
f <- function(xx) goTest(par=c(xx, rep(0, dim-length(xx))),
                  fnName=funcName, checkDim = TRUE)
globalOpt <- getGlobalOpt(funcName)

if (graphs) {
  # prepare overview graph
  xprobes <- abs(B[2,1] - B[1,1]) / quality
  yprobes <- abs(B[2,2] - B[1,2]) / quality
  x <- seq(B[1,1], B[2,1], by = xprobes)
  y <- seq(B[1,2], B[2,2], by = yprobes)
  z <- outer(x, y, Vectorize(function(x,y) f(c(x,y))))
  png(file = paste(funcName, "_overview.png", sep=""), width=600, height=400,
      units="px")
  persp3D(x, y, z, theta = -45, phi = 20, color.palette = jet.colors)
  dev.off()
}
}


# perform set of measurements ----
customMeasureGAWithHybrid(seq(0, 1, 0.01), "mut", "p.mutacji", "Znalezione
    minimum dla różnych p. mutacji")

customGAMeasure(seq(0, 1, 0.1), "mut",
   "p. mutacji", "Znalezione minimum dla różnych p. mutacji")
customGAMeasure(seq(10, 100, 10), "pop",
   "rozmiar populacji", "Znalezione minimum dla różnych rozmiarów populacji")



# hybrid algorithm ----

customHybridMeasure <- function(values, mType, xlab, main) {

  averages <- c()
  for (value in values) {
    sum <- 0
    for (i in 1:nOfRuns) {

      message(paste("Sekwencja: ", value))
      message(paste("Przebieg: ", i))

      GAmin <- ga(type = "real-valued",
                  fitness = function(xx) -f(xx),
                  min = c(B[1,]), max = c(B[2,]),
                  optim = TRUE,
                  optimArgs = list (
                    poptim = if (mType == "poptim") value else 0.05,
                    pressel = if (mType == "pressel") value else 0.5))
      solution <- matrix(unlist(GAmin@solution),ncol=dim,byrow=TRUE)
      eval <- f(solution[1,])
      sum <- sum + eval
```

```
    }
    averages <- c(averages, (sum / nOfRuns))
  }

  if (graphs) {

    # save graph with measurement series to file
    png(file = paste(funcName, mType, ".png", sep=""), width=600, height=400,
        units="px")
    plot(0, 0, main=main,
         ylim=c(min(c(averages,globalOpt)),max(c(averages,globalOpt))),
         xlim=c(min(values),max(values)),
         type="n", xlab=xlab, ylab="wartość")
    abline(globalOpt,0, col="green")
    lines(values, averages, col = "red", type = 'l')
    legend("topright", c("memetyczny"), lwd=rep(2,1), lty=rep(1,1), col=c("red"))
    dev.off()
  }
}

customHybridMeasure(seq(0, 1, 0.05), "poptim",
               "p. lokalnego searcha", "Znalezione minimum dla różnych poptimów")
customHybridMeasure(seq(0, 1, 0.1), "pressel",
                  "ciśnienie", "Znalezione minimum dla różnych ciśnień")


# PSO tests ----


nOfRuns = 1 # zostaje bo niby nie można uśredniać?


#TODO
customPSOMeasure <- function(values, mType, xlab, main) {

  averages <- c()
  for (value in values) {
    sum <- 0
    for (i in 1:nOfRuns) {

      message(paste("Sekwencja: ", value))
      message(paste("Przebieg: ", i))

      GAmin <- ga(type = "real-valued",
                  fitness = function(xx) -f(xx),
                  min = c(B[1,]), max = c(B[2,]),
                  optim = TRUE,
                  optimArgs = list (
                    poptim = if (mType == "poptim") value else 0.05,
                    pressel = if (mType == "pressel") value else 0.5))

      solution <- matrix(unlist(GAmin@solution),ncol=dim,byrow=TRUE)
      eval <- f(solution[1,])
      sum <- sum + eval
    }
    averages <- c(averages, (sum / nOfRuns))
```

```
291   }
292
293   if (graphs) {
294
295     # save graph with measurement series to file
296     png(file = paste(funcName, mType, ".png", sep=""), width=600, height=400,
          units="px")
297     plot(0, 0, main=main,
298          ylim=c(min(c(averages,globalOpt)),max(c(averages,globalOpt))),
299          xlim=c(min(values),max(values)),
300          type="n", xlab=xlab, ylab="wartość")
301     abline(globalOpt,0, col="green")
302     lines(values, averages, col = "red", type = 'l')
303     legend("topright", c("memetyczny"), lwd=rep(2,1), lty=rep(1,1), col=c("red"))
304     dev.off()
305   }
306 }
307
308
309 n <- 500 #ilosc czastek
310 m.l <- 50 #ilosc przebiegow
311 w <- 0.95
312 c1 <- 0.2
313 c2 <- 0.2
314 xmin <- c(-5.12, -5.12)
315 xmax <- c(5.12, 5.12)
316 vmax <- c(4, 4)
317
318 #inaczej są parametry podawane, trzeba zrobić dodatkowego wrappera na f()
319 g <- function(x) {
320   -(200 + x[,1]^2 + x[,2]^2 + cos(2*pi*x[,2]))
321 }
322
323 psoptim(FUN=g, n=n, max.loop=m.l, w=w, c1=c1, c2=c2,
324         xmin=xmin, xmax=xmax, vmax=vmax, seed=NULL, anim=FALSE)
```

Skrypt przygotowano w sposób który umożliwia w pełni automatyczne przeprowadzenie wszystkich pomiarów. Jednocześnie wszystkie wykresy mogą być natychmiast podmienione w sprawozdaniu. Poniżej pokrótce omówiono podstawowe parametry.

- nOfRuns

  Ilość powtórzeń dla każdego pomiaru w celu uśrednienia.

- colors, series

  Wektory kolorów i nazw kolejnych serii pomiarowych.

- params

  Macierz parametrów domyślnych algorytmu dla każdej z serii. W każdym wierszu kolejno są zawarte: p. mutacji, p. krzyżowania, rozmiar populacji, ilość iteracji oraz kolor serii na wykresach.

- functions

  Wektor nazw funkcji dla których przeprowadzane są kolejno pomiary.

Całość informacji niezbędnych do przeprowadzenia obliczeń odczytywana jest na podstawie nazwy funkcji z pakietu „globalOptTests". Są to: rozmiar problemu (ilość parametrów), domyślne ograniczenia, wartość w danym punkcie oraz optimum dla domyślnych ograniczeń.

Poniżej skrypt wykorzystany dla problemu komiwojażera.

Listing 2: Skrypt w języku R wykorzystany do badań dla problemu komiwojażera

```
# clean old data
rm(list=ls())
dev.off(dev.list()["RStudioGD"])

# load libraries
require("GA")
require("globalOptTests")
require("rgl")
require("TSP")
require("psoptim")

numberOfMeasurements <- 1 #15

# instances to test and best known solutions
instances <- c("eil51", "eil76", "eil101")
best_solutions <- c(426, 538, 629)
colors <- c("red", "green", "blue")

tourLength <- function(tour, distMatrix) {
  tour <- c(tour, tour[1])
  route <- embed(tour, 2)[,2:1]
  sum(distMatrix[route])
}

fit <- function(tour, distMatrix) 1/tourLength(tour, distMatrix)

customMutation <- function(object, parent, ...) {

  # Insertion mutation
  parent <- as.vector(object@population[parent,])
  n <- length(parent)
  m <- sample(1:n, size = 1)
  pos <- sample(1:(n-1), size = 1)
  i <- c(setdiff(1:pos,m), m, setdiff((pos+1):n,m))
  mutate <- parent[i]

  # Displacement mutation
  parent <- mutate
  m <- sort(sample(1:n, size = 2))
  m <- seq(m[1], m[2], by = 1)
  l <- max(m)-min(m)+1
  pos <- sample(1:max(1,(n-l)), size = 1)
  i <- c(setdiff(1:n,m)[1:pos], m, setdiff(1:n,m)[-(1:pos)])
  mutate <- parent[na.omit(i)]

  # Scramble mutation
  parent <- mutate
  m <- sort(sample(1:n, size = 2))
```

```
  m <- seq(min(m), max(m), by = 1)
  m <- sample(m, replace = FALSE)
  i <- c(setdiff(1:min(m),m), m, setdiff(max(m):n,m))
  mutate <- parent[i]
  return(mutate)

}

performTest <- function(testName, graphMain, graphXLab,
                        sequenceType, sequence,
                        popsize=50, pcrossover=0.8,
                        pmutation=0.1, maxiter=100, mutation = NULL) {

  solution_qualities <- c()

  # each instance as separate serie
  for (i in 1:length(instances)) {

    fileName = paste("examples/", instances[i], ".tsp", sep="")
    graphTitle = paste("TSPLIB: ", instances[i], sep="")

    drill <- read_TSPLIB(system.file(fileName, package = "TSP"))
    D <- as.matrix(dist(drill, method = "euclidean"))
    N <- max(dim(D))

    solution_quality <- c()

    bestTour <- NA
    bestTourLength <- .Machine$integer.max
    averageLength <- 0

    for (s in 1:length(sequence)) {

      for (n in 1:numberOfMeasurements) {

        message(paste("Instancja: ", i))
        message(paste("Sekwencja: ", s))
        message(paste("Pomiar: ", n))

        GA <- ga(type = "permutation",
                 fitness = fit,
                 distMatrix = D,
                 min = 1,
                 max = N,
                 popSize = if (sequenceType == "popsize") sequence[s] else
                     popsize,
                 pcrossover = if (sequenceType == "pcrossover") sequence[s] else
                     pcrossover,
                 pmutation = if (sequenceType == "pmutation") sequence[s] else
                     pmutation,
                 maxiter = if (sequenceType == "maxiter") sequence[s] else
                     maxiter,
                 mutation = if (is.null(mutation))
                     gaControl("permutation")$mutation else mutation)

        tour <- GA@solution[1, ]
```

```
100         tl <- tourLength(tour, D)
101
102         if (tl < bestTourLength) {
103           bestTourLength <- tl
104           bestTour <- tour
105         }
106
107         averageLength <- averageLength + (tl - averageLength) / n
108
109       }
110
111       solution_quality <- c(solution_quality,
112                             (best_solutions[i]/averageLength) * 100)
113
114     }
115
116     png(file = paste(testName, "_", instances[i], ".png", sep=""), width=600,
          height=400, units="px")
117     plot(drill, bestTour, cex=.6, col = "red", pch=3, main = graphTitle)
118     dev.off()
119
120     solution_qualities <- c(solution_qualities, solution_quality)
121
122   }
123
124
125   qualities = matrix(solution_qualities,
126                 nrow=length(instances), ncol=length(sequence), byrow = TRUE)
127
128   # save graph with measurement series to file
129   png(file = paste(testName, ".png", sep=""), width=600, height=400, units="px")
130   plot(0, 0, main=graphMain,
131        ylim=c(0,100),
132        xlim=c(min(sequence),max(sequence)),
133        type="n", xlab=graphXLab, ylab="jakość rozwiązań [%]")
134   for (i in 1:length(instances)) {
135     lines(sequence, qualities[i,], col = colors[i], type = 'l')
136   }
137   legend("topright", instances, lwd=rep(2,length(instances)),
        lty=rep(1,length(instances)), col=colors)
138   dev.off()
139
140 }
141
142 performTest(testName = "tsp_pop",
143             graphMain = "Pomiary dla różnych rozmiarów populacji",
144             graphXLab = "rozmiar populacji",
145             sequenceType = "popsize", sequence = seq(50, 500, 50))
146
147 performTest(testName = "tsp_mut",
148             graphMain = "Pomiary dla różnych p. mutacji",
149             graphXLab = "p. mutacji",
150             sequenceType = "pmutation", sequence = seq(0, 1, 0.1))
151
152 performTest(testName = "tsp_mut_custom",
153             graphMain = "Pomiary dla różnych p. mutacji (własny op. mutacji)",
```

```
154             graphXLab = "p. mutacji",
155             sequenceType = "pmutation", sequence = seq(0, 1, 0.1), mutation =
                    customMutation)
```

### 2.1 Opis własnych operatorów

Własna funkcja mutacji została utworzona w taki sposób by nie doprowadzić do sytuacji, w której przekroczona zostanie minimalna lub maksymalna wartość populacji.

Jej działanie opiera się na wybraniu minimalnej jednostki z populacji i podmianie innej, losowej na znaleziona minimalną. Gwarantuje to niepojawienie się z populacji wartości nieoczekiwanej, lecz tylko te otrzymane podczas działania algorytmu.

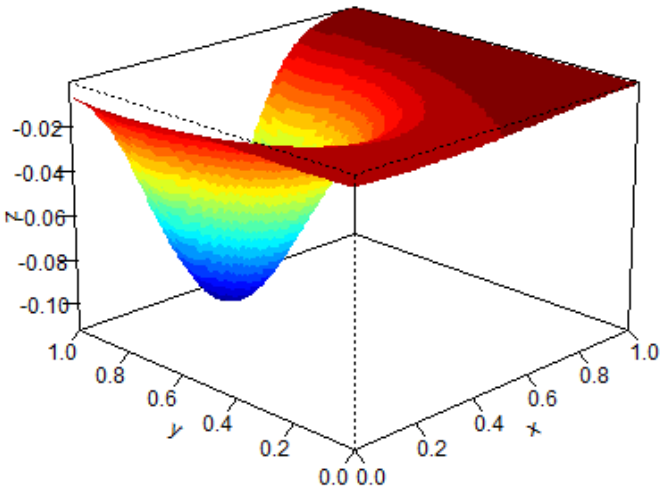
## 3 Przebieg badań dla problemu optymalizacji rzeczywistej Hartman6

Badania przeprowadzono dla algorytmu genetycznego w wersji podstawowej, ze zmienioną funkcją mutacji oraz hybrydowej, a także dla optymalizacji rojem cząstek (PSO).

Hartman6 jest funkcją określoną dla ilości parametrów równej 6. Na ilustracji (rys. **??**) przedstawiono jej wykres dla pierwszych dwóch. Poniżej zamieszczono jej wzór (1).

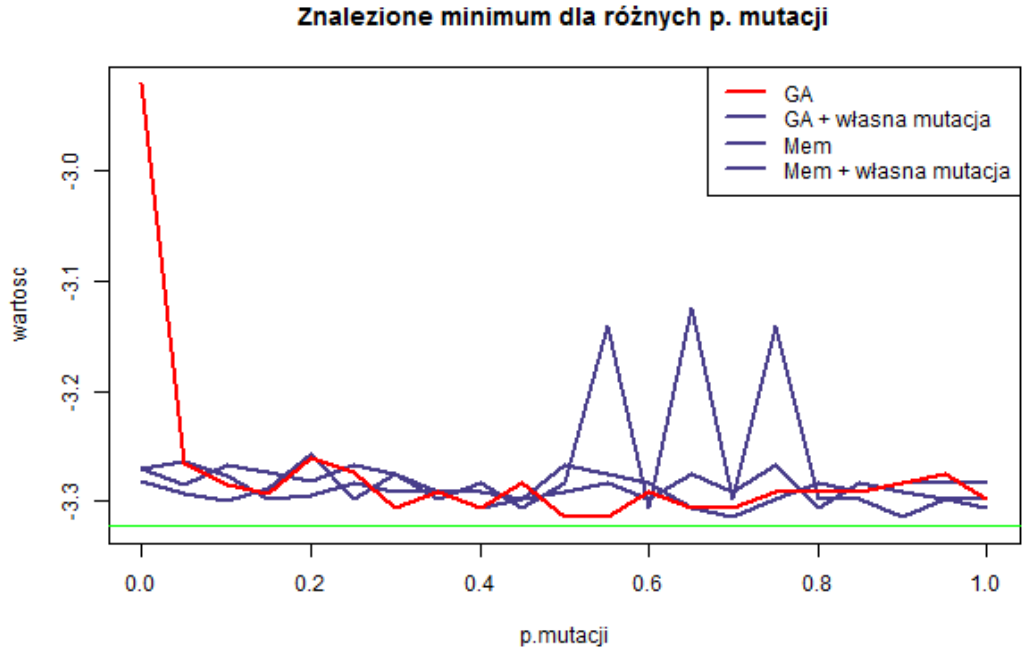
$$f(\boldsymbol{x}) = -\sum_{i=1}^{4} c_i \exp[-\sum_{j=1}^{6} a_{ij}(x_j - p_{ij})^2] \tag{1}$$

, gdzie $x_i \in [0,1]$, $i \in \{1,...,6\}$.

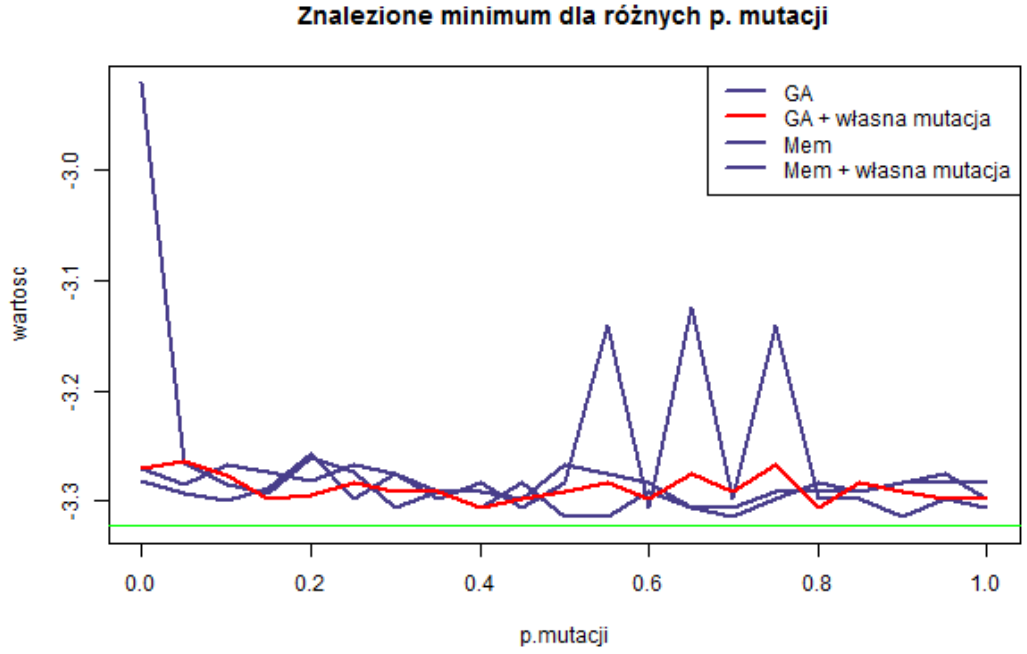



Rysunek 1: Wykres funkcji Hartman6

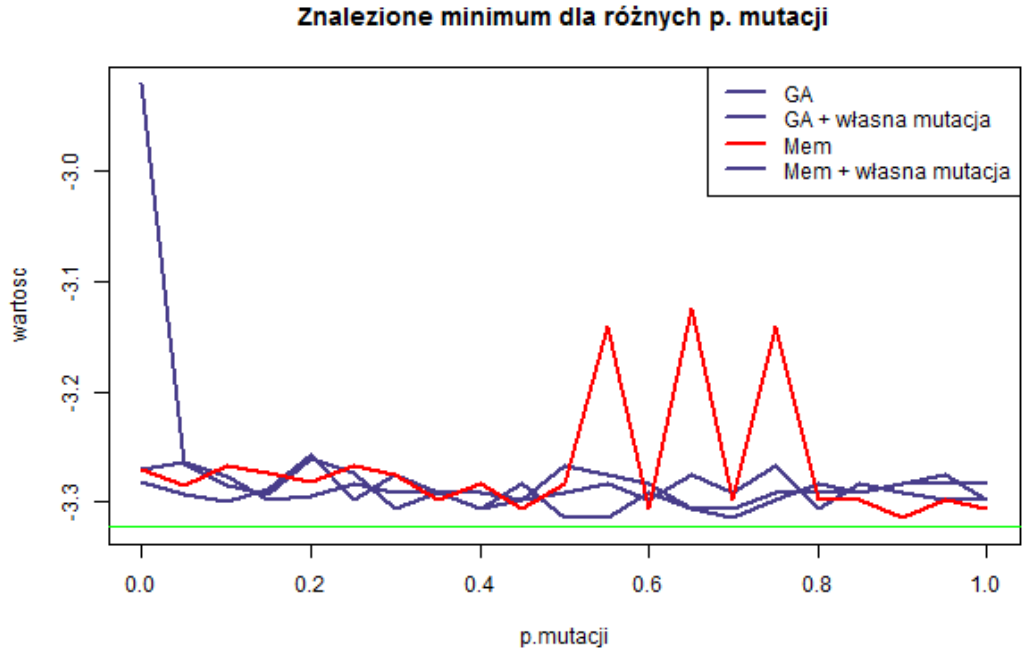
Na kolejnych stronach zamieszczono wyniki badań porównawczych mutacji przeprowadzonych na algorytmie.



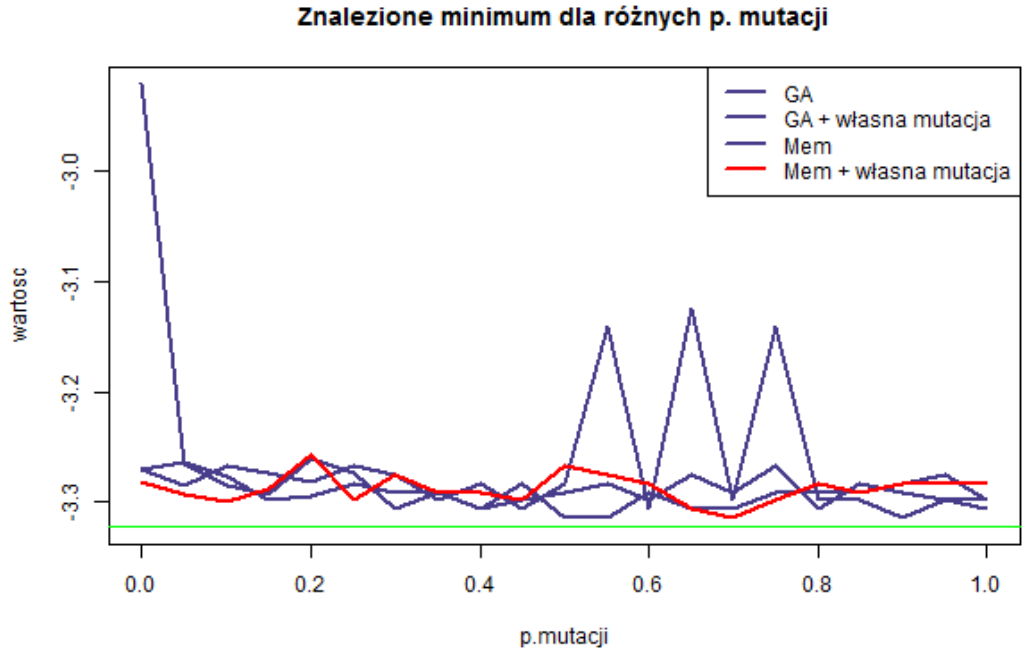

Rysunek 2: Wykres funkcji Hartman6




Rysunek 3: Wykres funkcji Hartman6




Rysunek 4: Wykres funkcji Hartman6




Rysunek 5: Wykres funkcji Hartman6

Z wykresów badań można odczytać zbliżone wyniki dla różnych funkcji mutacji.

Żadna z funkcji nie osiągnęła minimum co świadczy o tym, że sama mutacja do tego nie wystarczy.

Zauważalny jest również niski wpływ własnej funkcji mutacji na otrzymywane wyniki. Pod względem jakości rozwiązań nie odstaje ona od istniejących implementacji.

Na wykresach można zauważyć znaczące pogorszenie się wyników dla funkcji memetycznej z domyślną funkcją mutacji. W przedziale 0.5-0.8 wygenerowała ona wyniki oddalone od średniej pozostałych.

# 4 Przebieg badań dla problemu komiwojażera

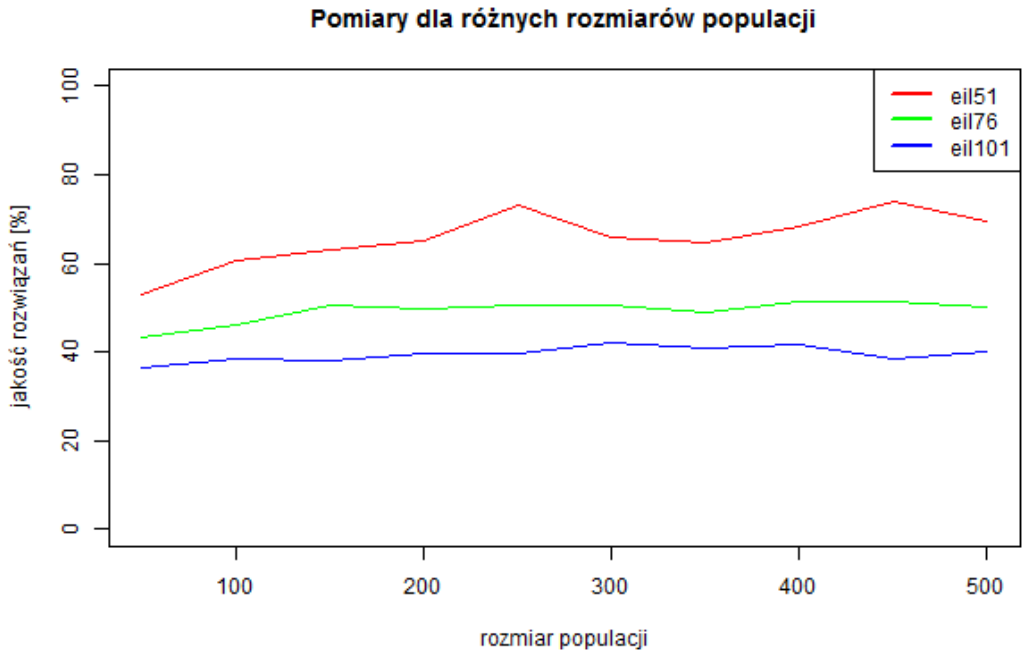
Przeprowadzono badania z zakresu optymalizacji marszruty dla problemu komiwojażera. Wykorzystano trzy instancje problemu z biblioteki TSPLIB:

- eil51
- eil76
- eil101

Jakość rozwiązań wyraża się wzorem:

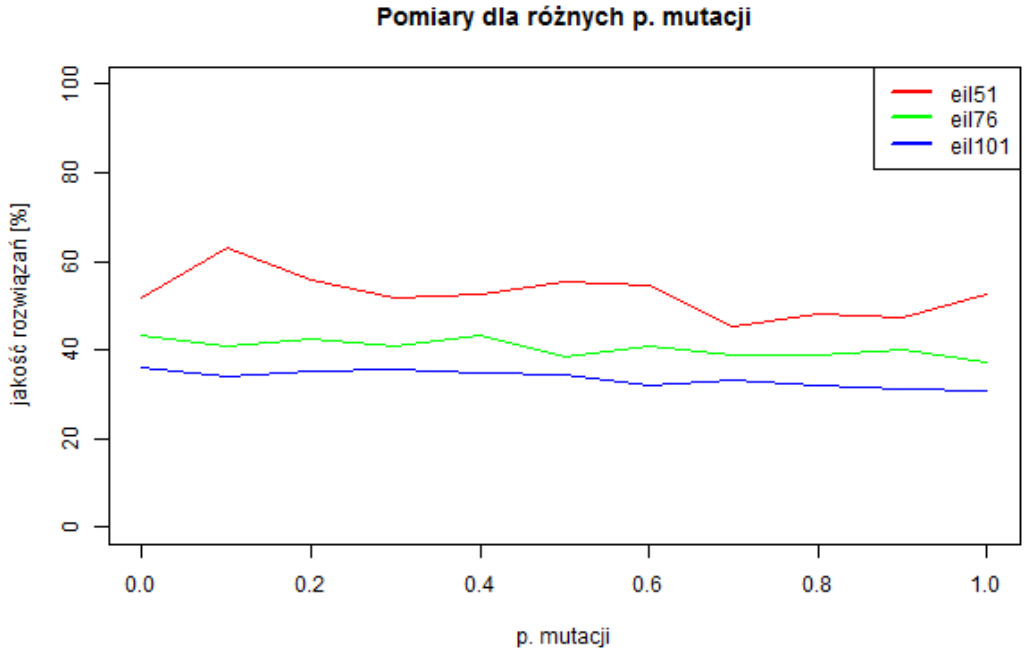
$$quality\ of\ solution = \frac{shortest\ known\ path}{found\ path} * 100\% \tag{2}$$

Na ilustracji (rys. 6) przedstawiono wyniki pomiarów dla różnych rozmiarów populacji.



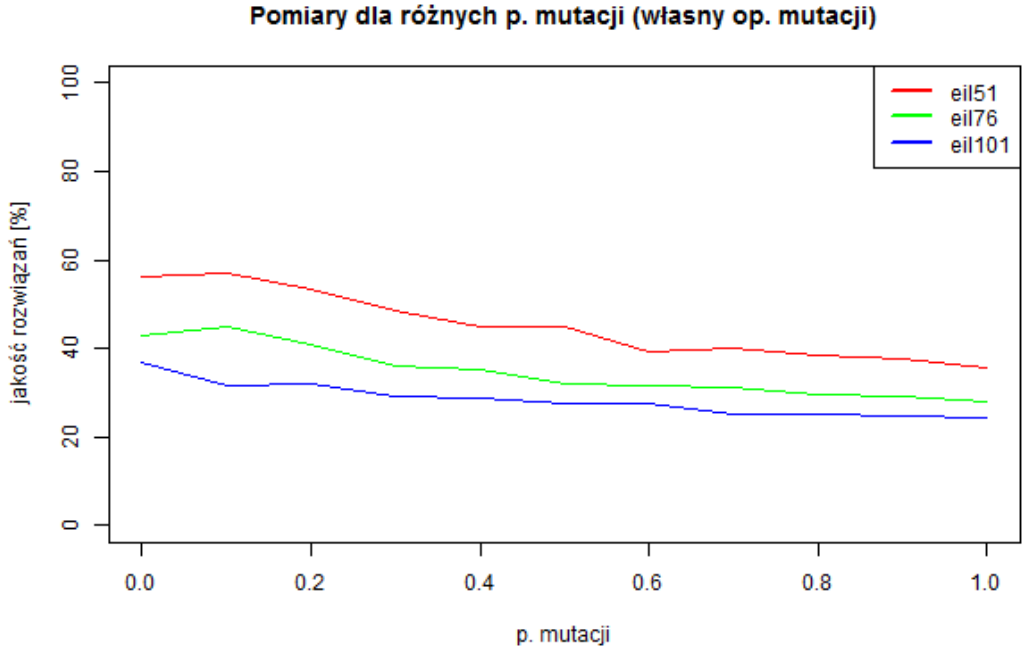

Rysunek 6: Jakość rozwiązań dla różnych rozmiarów populacji

Na ilustracji (rys. 7) przedstawiono wyniki pomiarów dla różnych wartości p. mutacji.




Rysunek 7: Jakość rozwiązań dla różnych wartości p. mutacji

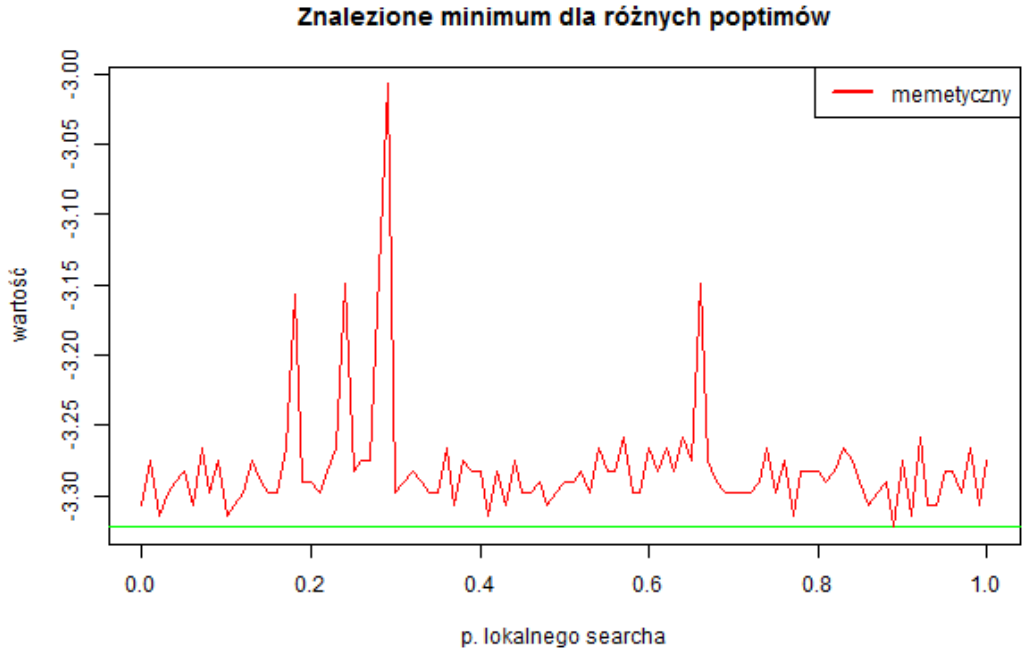
Na ilustracji (rys. 8) przedstawiono wyniki pomiarów dla różnych wartości p. mutacji z niestandardowym operatorem.



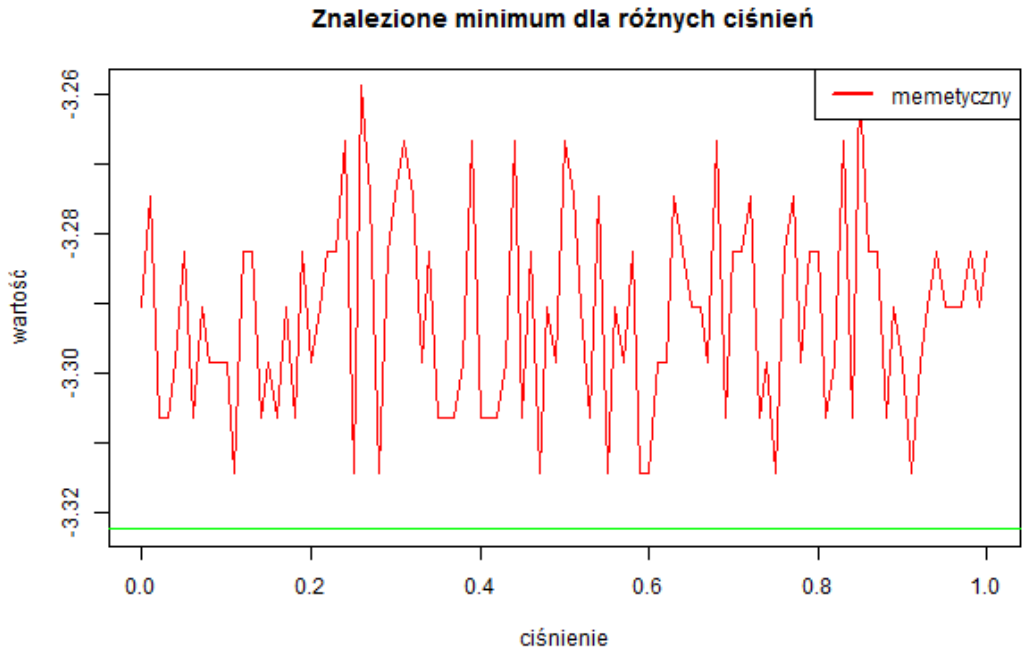

Rysunek 8: Jakość rozwiązań dla różnych wartości p. mutacji (dla własnego operatora)

# 5 Badania algorytmów dla różnych wartości ich unikalnych parametrów

Wstęp[todo]




Rysunek 9: Jakość rozwiązań dla różnych wartości poptimum




Rysunek 10: Jakość rozwiązań dla różnych wartości ciśnienia

# 6 Podsumowanie

W trakcie prowadzonych badań przetestowano algorytm genetyczny w zadaniu optymalizacji dla... [TODO]

# Literatura


[1] Artur Suchwałko „Wprowadzenie do R dla programistów innych języków” https://cran.r-project.org/doc/contrib/R-dla-programistow-innych-jezykow.pdf

[2] Luca Scrucca „Package GA” https://cran.r-project.org/web/packages/GA/GA.pdf

[3] Surjanovic, S. & Bingham, D. (2013). „Virtual Library of Simulation Experiments: Test Functions and Datasets.” Retrieved April 3, 2017, from http://www.sfu.ca/ ssurjano.

[4] Momin Jamil, Xin-She Yang „A literature survey of benchmark functions for global optimization problems”, Int. Journal of Mathematical Modelling and Numerical Optimisation, Vol. 4, No. 2, pp. 150–194. (2013)

[5] Ajith Abraham, Aboul-Ella Hassanien, Patrick Siarry, Andries Engelbrecht, „Foundations of Computational Intelligence Volume 3” (2009)

[6] Onay Urfalioglu, Orhan Arikan „Self-adaptive randomized and rank-based differential evolution for multimodal problems” (2011)