

GENETIC ALGORITHMS Exams

CHEN SHANG

Monday 27th November, 2023

2021 - 2022

1.

(a)

$$f(\lambda) = (px_1^2 + qy_1^2 - h)^2 + (px_2^2 + qy_2^2 - h)^2 + (px_3^2 + qy_3^2 - h)^2$$

(b)

$$a = 8\alpha_1 + 4\alpha_2 + 2\alpha_3 + \alpha_4$$

$$b = 8\alpha_5 + 4\alpha_6 + 2\alpha_7 + \alpha_8$$

$$p = \frac{a}{a+b} = \frac{8\alpha_1+4\alpha_2+2\alpha_3+\alpha_4}{8\alpha_1+4\alpha_2+2\alpha_3+\alpha_4+8\alpha_5+4\alpha_6+2\alpha_7+\alpha_8}$$

$$q = \frac{b}{a+b} = \frac{8\alpha_5+4\alpha_6+2\alpha_7+\alpha_8}{8\alpha_1+4\alpha_2+2\alpha_3+\alpha_4+8\alpha_5+4\alpha_6+2\alpha_7+\alpha_8}$$

$$h = 8\alpha_9 + 4\alpha_{10} + 2\alpha_{11} + \alpha_{12}$$

(c)

$$f_1 = 13658.4495$$

$$f_2 = 5067.2700$$

$$f_3 = 2590.3141$$

2.

(b)

0	7.28	5	15	24.17	13.45	22.2	20.88	6.08	22.2
7.28	0	12.08	14.14	29.41	20.25	29.15	27.29	11.31	24.33
5	12.08	0	15.81	19.92	8.49	17.2	18.36	4.24	20.25
15	14.14	15.81	0	21.47	19.24	27.02	34.13	11.66	11.66
24.17	29.41	19.92	21.47	0	13	12.04	29.73	18.36	13
13.45	20.25	8.49	19.24	13	0	8.94	18.03	9.49	18.38
22.2	29.15	17.2	27.02	12.04	8.94	0	19.1	18.38	22.85
20.88	27.29	18.36	34.13	29.73	18.03	19.1	0	22.47	36.24
6.08	11.31	4.24	11.66	18.36	9.49	18.38	22.47	0	16.49
22.2	24.33	20.25	11.66	13	18.38	22.85	36.24	16.49	0

(c)

196.96

174.39

(d)

$$\pi_1^* = [8, 2, 3, 10, 4, 1, 9, 5, 7, 6]$$

$$f_1 = 149.73$$

$$\pi_2^* = [5, 4, 10, 3, 7, 6, 2, 8, 9, 1]$$

$$f_2 = 179.78$$

(e)

$$C(\pi) = \sum_{i=1}^{n-1} a_{\alpha_i, \alpha_{i+1}} + a_{\alpha_n, \alpha_1}$$

$$C(\pi_1) = 6$$

$$C(\pi_2) = 8$$

$$C(\pi_1^*) = 4$$

$$C(\pi_2^*) = 4$$

(f)

在遗传算法 (GA) 中寻找旅行商问题的最优有效路径时, 原始的适应度函数 $f(\pi) = K - d(\pi)$, 其中 K 是一个适当选择的常数, $d(\pi)$ 是旅行序列的总距离。为了考虑给定序列的连通性, 可以修改适应度函数来引入一个针对序列连通性的惩罚项。这样的适应度函数可以表示为 $v(\pi)$ 。

$v(\pi)$ 可以结合总距离和连通性适应度, 表示为:

$$v(\pi) = K - d(\pi) - P \cdot (n - C(\pi))$$

在这个函数中: - K 是一个常数, 它可以是足够大的数, 以确保适应度函数的值不会是负数。- $d(\pi)$ 是旅行序列 π 的总距离。- P 是连通性惩罚系数, 一个正值, 用于根据序列的连通性缺失来减少适应度。- n 是旅行序列中城市的总数。- $C(\pi)$ 是旅行序列 π 的连通性适应度, 即序列中直接相连的城市对的数量。

所以, $P \cdot (n - C(\pi))$ 是惩罚项, 它会根据序列中未直接相连的城市对的数量来减少适应度值。这意味着, 如果序列中有更多的城市对不直接相连 (即, 邻接矩阵中对应的元素为 0), 则该序列的适应度会更低, 这反映了一条较差的路径。

此适应度函数鼓励找到总距离短且连通性好的路径。这样, GA 会倾向于选择那些既短又连通性好的序列作为解决方案。

3.

(a)

问题是如何使用给定的两个类的均值向量和协方差矩阵来设计一个决策规则，并用它来分类一个新的样本点 x_1 。

我们可以使用贝叶斯决策理论来解决这个问题。在这种情况下，我们有两个类，每个类的样本数量和参数（均值向量和协方差矩阵）如下所示：

类 1: $n_1 = 1200$ ，均值向量 μ_1 ，协方差矩阵 Σ_1

类 2: $n_2 = 800$ ，均值向量 μ_2 ，协方差矩阵 Σ_2

新的样本点是 $x_1 = \begin{bmatrix} 0.2576 \\ 0.2544 \end{bmatrix}$ 。

贝叶斯决策规则的设计步骤如下：

1. 计算先验概率：每个类的先验概率是该类中样本数量与总样本数量的比例。对于类 1， $P(\omega_1) = \frac{1200}{2000} = 0.6$ ，对于类 2， $P(\omega_2) = \frac{800}{2000} = 0.4$ 。

2. 计算类条件概率密度：对于多变量正态分布，类条件概率密度可以用下面的公式计算：

$$P(x|\omega_i) = \frac{1}{(2\pi)^{d/2}|\Sigma_i|^{1/2}} \exp\left(-\frac{1}{2}(x - \mu_i)^T \Sigma_i^{-1}(x - \mu_i)\right)$$

其中 d 是特征的数量，在这个问题中 $d = 2$ ， μ_i 是类 i 的均值向量， Σ_i 是类 i 的协方差矩阵。

3. 计算后验概率：利用贝叶斯定理，我们可以计算出新样本点属于每个类的后验概率：

$$P(\omega_i|x) = \frac{P(x|\omega_i)P(\omega_i)}{P(x)}$$

由于 $P(x)$ 对于所有类是常数，我们可以忽略它，只需要比较 $g_i(x) = P(x|\omega_i)P(\omega_i)$ 的大小。

4. 决策规则：如果 $P(\omega_1|x) > P(\omega_2|x)$ ，则将 x 分类为类 1；否则，将 x 分类为类 2。

现在，让我们来计算这些值，并为 x_1 做出分类决策。

根据计算结果，新样本点 x_1 的后验概率分别为：

类 1 的后验概率约为 0.059

类 2 的后验概率约为 0.008

由于类 1 的后验概率高于类 2，根据贝叶斯决策规则，我们将新样本点 x_1 分类为类 1。

(b)

要求设计一个 Fisher 线性判别分类器来解决一个二分类问题，并使用这个分类器对一个新的样本点 x_2 进行分类。

Fisher 线性判别分析 (LDA) 是一种常用的降维技术，也常用于分类。它的目标是找到一个投影，使得两类数据在这个新的维度上有最大的类间距离和最小的类内方差。

为了设计一个 Fisher 线性判别分类器，我们需要遵循以下步骤：

1. 计算类内散布矩阵 S_W : $S_W = S_1 + S_2$ 其中 S_1 和 S_2 是每个类的散布矩阵，可以通过以下公式计算: $S_i = \sum_{x \in \text{类 } i} (x - \mu_i)(x - \mu_i)^T$

在这个问题中，我们没有每个样本点的数据，因此我们无法直接计算 S_i 。但是，我们可以使用协方差矩阵来代替，因为它们与散布矩阵成比例（仅在均匀分布的样本大小的情况下）。

2. 计算类间散布矩阵 S_B : $S_B = (\mu_2 - \mu_1)(\mu_2 - \mu_1)^T$

3. 求解特征向量 w : 我们需要找到一个向量 w ，使得 $w^T S_B w$ 最大，同时 $w^T S_W w$ 最小。这可以通过求解以下广义特征值问题来实现: $S_W^{-1} S_B w = \lambda w$

4. 投影样本点: 使用找到的特征向量 w 投影样本点 x : $y = w^T x$

5. 设定阈值：选择一个阈值 c ，将 y 与 c 比较以进行分类。通常情况下， c 可以被设定在两类数据投影的均值之间。

6. 分类决策：如果 y 大于阈值 c ，则 x 属于一个类；如果小于或等于 c ，则属于另一个类。

接下来，我们将使用给定的均值和协方差矩阵来计算 S_W 、 S_B 和 w ，然后对新样本 $x_2 = \begin{bmatrix} 2.244 \\ 1.491 \end{bmatrix}$ 进行分类。由于我们没有具体的样本数据，我们将使用协方差矩阵来近似 S_W 。

根据 Fisher 线性判别分析的计算结果：

新样本点 x_2 在判别线性空间上的投影值约为 -2.461。

设定的阈值约为 -0.881。

由于 x_2 的投影值小于阈值，根据 Fisher 判别规则，我们将这个样本点分类为类 1。

2022 - 2023

1.

(a)

i.

x	$g(x)$	$f(x)$	$f^*(x)$
0	80	80	0.60
0.05	$50 + 30e^{-5}$	53.69	1.00
0.1	$50 + 30e^{-10}$	57.00	0.95
0.15	$50 + 30e^{-15}$	60.50	0.90
0.2	$50 + 30e^{-20}$	64.00	0.84
0.25	$50 + 30e^{-25}$	67.50	0.79
0.3	$50 + 30e^{-30}$	71.00	0.74
0.35	$50 + 30e^{-35}$	74.50	0.69
0.4	$50 + 30e^{-40}$	78.00	0.63
0.45	$50 + 30e^{-45}$	81.50	0.58
0.5	$50 + 30e^{-50}$	85.00	0.53
0.55	$50 + 30e^{-55}$	88.50	0.48
0.6	$50 + 30e^{-60}$	92.00	0.42
0.65	$50 + 30e^{-65}$	95.50	0.37
0.7	$50 + 30e^{-70}$	99.00	0.32
0.75	$50 + 30e^{-75}$	102.50	0.26
0.8	$50 + 30e^{-80}$	106.00	0.21
0.85	$50 + 30e^{-85}$	109.50	0.16
0.9	$50 + 30e^{-95}$	113.00	0.11
1	$50 + 30e^{-100}$	120.00	0.00

$$x_{\text{optimum}} = 0.05$$

ii.

$$f^*(x) = 1 - \frac{f(x) - f_{\min}}{f_{\max} - f_{\min}}$$

iii.

It is not difficult to solve the optimal x. as the fitness function is smooth. and its gradient is easy to compute. Whether or not be using EA, the optimal a is easy to calculate.

(b)

(i) black box model

(ii) search problems

(iii) optimisation problems

(iv) search problems

2.

(a)

Chromosome ID	$X = (x_1, x_2, x_3)$	$f(X)$	Crossover Mate	Child 1	Child 2
1	(-2.3, 1.5, 0.5)	0.8367	3	(-0.2, 1.08, -0.88)	(-0.9, 1.22, -0.42)
2	(1.1, -0.3, -5)	0.020	4		
3	(1.2, 0.8, -1.8)	0.375	5		
4	(7.8, 9.2, 3.3)	0.967	1		
5	(-0.5, 0.5, 0.8)	0.947	2		

(b)

(c)

Chromosome 2 and Chromosome 3

(d)

$$X = (0.32, 0.32, 0.32)$$

3.

(b)

$$\mathbf{S}_w = \mathbf{S}_1 + \mathbf{S}_2 = \begin{bmatrix} 420.8 & -6.55 & -21.86 \\ -6.55 & 364.41 & 12.75 \\ -21.86 & 12.75 & 181.82 \end{bmatrix}$$

$$\mathbf{S}_w^{-1} = \begin{bmatrix} 0.002 & 0. & 0. \\ 0. & 0.003 & -0. \\ 0. & -0. & 0.006 \end{bmatrix}$$

$$\mathbf{w} = \mathbf{S}_w^{-1}(\mathbf{m}_1 - \mathbf{m}_2) = \begin{bmatrix} -0.00388 \\ -0.01209 \\ -0.012 \end{bmatrix}$$

$$w_0 = -\frac{\mathbf{w}^T(\mathbf{m}_1 + \mathbf{m}_2)}{2} = 0.00146885$$

4.