

Optimizacija maksimalne k-zadovoljivosti populacionim metahauristikama

Seminarski rad u okviru kursa
Računarska inteligencija
Matematički fakultet, Beograd

David Dimić, Zorana Gajić
daviddimic@hotmail.com, zokaaa_gajich@bk.ru

Maj 2019.

Sadržaj

1	Uvod	3
2	Evolucionni algoritmi (EA)	3
2.1	Pseudokod EA	4
2.2	Inicijalizacija rešenja	4
2.3	Fitnes funkcija	4
2.3.1	SAW	5
2.3.2	REF	5
2.4	Selekcija	5
2.4.1	Ruletska selekcija	6
2.4.2	Turnirska selekcija	6
2.5	Ukrštanje	6
2.6	Mutacija	6
2.6.1	Slučajna mutacija	6
2.6.2	Mutacija jednog bita	6
2.6.3	Slučajno-prilagodljiva mutacija	6
2.6.4	Mutacija zasnovana na znanju	7
2.6.5	Lamarckian SEA-SAW mutacija	7
2.7	Politika zamene generacija	7
2.8	Lokalna pretraga flip heuristikom	7
2.9	Varijante EA algoritma	8
2.9.1	SAWEA	9
2.9.2	RFEA	9
2.9.3	FlipGA	9
2.9.4	ASAP	9
2.10	Rezultati	11
3	Optimizacija rojem čestica (PSO)	12
3.1	Pseudokod PSO	13
3.2	Inicijalizacija rešenja	14
3.3	Fitnes funkcija	14
3.4	Varijante PSO algoritma	14
3.4.1	PSO-LS	14

3.4.2	PSOSAT	15
3.4.3	WPSOSAT	15
3.5	Rezultati	15
4	Zaključak	15
	Literatura	15

Sažetak

U ovom radu biće objedinjene i upoređene dve grupe algoritama za rešavanje optimizacionog problema maksimalne k-zadovoljivosti zasnovane na populacijama - evolucionim algoritmi implementirani u nekoliko različitih varijanti SAWEA, RFEA, FlipGA i ASAP, i rojevi čestica PSO sa verzijama PSO-LS, PSOSAT i WPSOSAT. Biće iznete njihove osobine, prednosti, mane i unapređenja, da bi se na kraju, na konkretnim rezultatima implementiranih algoritama pokazale njihove razlike i mogućnosti.

1 Uvod

Data je formula F u KNF obliku sa n promenljivih (x_1, x_2, \dots, x_n) i m klauza. Problem maksimalne k-zadovoljivosti može se definisati na sledeći način:

Klauza C_i dužine k je disjunkcija k literala: $C_i = (x_1 \vee x_2 \dots \vee x_k)$, gde je svaki literal promenjiva ili njegova negacija i može se pojavljivati više puta u izrazu. Cilj je pronaći istinitosne vrednosti promenljivih, valuaciju koja je vektor $\vec{v} = (x_1, x_2, \dots, x_n) \in \{0, 1\}^n$ tako da ova valuacija maksimizuje broj zadovoljenih klauza u formuli F .

Ako valuacija zadovoljava formulu, onda se ona naziva modelom formule F . Max k-SAT problem može se definisati parom (Ω, SC) , gde je Ω skup svih potencijalnih rešenja iz $\{0, 1\}^n$, vektor n promenljivih, a $SC : \Omega \rightarrow \mathbb{N}$, skor valuacije koji je jednak broju zadovoljenih klauza. Shodno ovome, problem max k-SAT je naći $\vec{v} \in \Omega$ za koje je SC maksimalno:

$$\max_{\vec{v} \in \Omega} \{SC(\vec{v})\}$$

Očigledno, ima 2^n potencijalnih rešenja koji zadovoljavaju formulu F . Dokazano je da je problem max k-SAT je NP-kompletni za svako $k > 2$.

Kroz dalja poglavlja pristupiće se rešavanju ovako formulisanog problema prvo evolucionim algoritmima (EA) 2, gde će biti reči o osnovnim osobinama, biće dat njegov pseudokod i objašnjenja svake od akcija koje se preduzimaju. Potom će biti iznete nekoliko verzija algoritma i njihova unapređenja u delu 2.9 i prikazane njihove mogućnosti u rezultatima 2.10. U drugom delu biće predstavljena optimizacija rojem čestica (PSO) 3 u njegovoj diskretnoj formi sa nekoliko različitih verzija 3.4 koji će biti upoređeni u rezultatima 3.5.

2 Evolucionim algoritmi (EA)

Genetski algoritmi [9] su bazirani na Darvinovoj teoriji evolucije, u kojoj unutar jedne populacije najčešće opstaju najbolje prilagođene jedinke. Reprezentacija jedinke naziva se hromozom ili genotip. Cilj je naći vrednost za koju zadata funkcija cilja dostiže svoj ekstremum ili vrednost koja je dovoljno blizu ekstremuma. Potencijalna rešenja, tj. jedinke obično su predstavljene nizovima nula i jedinica, ali moguće su i druge reprezentacije. Postupak se odvija kroz generacije.

U svakoj generaciji postoji isti broj jedinki i za svaku od njih računa se njen kvalitet. Funkcija koja pridružuje te vrednosti jedinkama naziva se funkcija prilagođenosti ili fitnes funkcija. Iz jedne generacije se na osnovu vrednosti fitnes funkcije, kroz proces selekcije biraju jedinke koje će biti iskorišćene za stvaranje novih jedinki. One kvalitetnije se biraju sa većom verovatnoćom. Videćemo različite tehnike selekcija kao što su turnirska i ruletska.

Nad izabranim jedinkama primenjuju se genetski operatori ukrštanja i tako se dobijaju nove jedinke. Ukrštanjem se od dve jedinke dobija nova (ili dve nove) sa genetskim

materijalom koji je dobijen neposredno od roditelja, tj. od polaznih jedinki. U ovom radu smo koristili samo uniformno ukrštanje.

Operatorom mutacije može da se modifikuje deo polazne jedinke. U svakoj generaciji, dakle, može da dođe do rekombinacije gena zbog koje se javlja sličnost ali i različitost između jedinki iste generacije. Videćemo različite vrste mutacija: slučajna, zasnovana na znanju, jednog bita i ostale.

Politika zamene generacija određuje kako se od postojećih jedinki i njihovog potomstva kreira nova generacija. Neke jedinke u novoj generaciji mogu biti bolje, a neke lošije od jedinki u prethodnoj generaciji.

Kriterijumi zaustavljanja mogu biti razni, ali smo koristili zaustavljanje postupka kada se dostigne zadati broj iteracija.

2.1 Pseudokod EA

U ovom poglavlju biće predstavljen osnovni oblik EA algoritma na kojem se dalje zasnivaju ostale varijante. Potom će, u narednim poglavljima, biti opisane svake od pojedinačnih delova koji čine ovaj algoritam, a koji će se nadalje koristiti: fitnes funkcija, selekcija, ukrštanje i mutacija, kao i neke od adaptacija.

```

Input : Formula  $F$  u KNF-u,  $n$  i  $m$ 
Output: Najbolja procenjena valuacija i broj zadovoljenih klauza
inicijalizacija populacije;
 $t = 0$ ; // tekuća iteracija
while nije zadovoljen uslov zaustavljanja do
     $t = t + 1$ ;
    Selekcija jedinki za primenu genetskih operatora;
    Ukrštanje za izabrane parove jedinki;
    Mutacija izabranih jedinki;
    Određivanje funkcije prilagođenosti populacije;
end

```

Algorithm 1: Osnovni evolutivni algoritam

2.2 Inicijalizacija rešenja

Populaciju jedinki jedne generacije čini skup hromozoma, odnosno rešenja problema. Hromozome možemo predstaviti na različite načine, ali će ovde biti korišćeno prirodno predstavljanje nizom binarnih cifara. Potrebno je da inicijalizujemo hromozome pseudoslučajnim brojevima $\{0, 1\}$. Veoma važnu ulogu igra odabir parametara. Parametri mogu biti fiksni ili im se vrednosti mogu na određen način menjati iz generacije u generaciju.

2.3 Fitnes funkcija

U različitim verzijama EA koriste se različite funkcije prilagođenosti, koja je od suštinske važnosti za dobro rešavanje problema. Prva fitness funkcija koja se sama nameće jeste broj zadovoljenih klauza, koja će biti upotrebljena u FlipGA i ASAP algoritmima.

$$f_{MAXSAT}(x) = \sum_{k=1}^N f(x, c_k)$$

gde je N ukupan broj klauza, x predstavlja jedan hromozom i

$$f(x, c_k) = \begin{cases} 1, & \text{ako je klauza } c_k \text{ zadovoljena hromozomom } x \\ 0, & \text{inače.} \end{cases}$$

Nešto komplikovanije funkcije prilagođenosti su SAW i REF koje se koriste u SAWEA i RFEA algoritmima.

2.3.1 SAW

Eiben i van der Hauw su razvili evolutivni algoritam koji koristi stepenasto prilagođavanje težina (eng. *stepwise adaptation of weights*). Svakoju klauzi c_i pridružuje se težina w_i , u početku inicijalizovana sa jedan. Ove težine se potom, posle određenog vremena, ažuriraju po pravilu:

$$w_i = w_i + \Delta w$$

gde je Δw :

$$\Delta w = 1 - f(x^*, c_i)$$

gde f označava da li je klauza c_i zadovoljena trenutno najboljim hromozomom x^* . Stoga, Δw može biti samo 1, ako c_i nije zadovoljena, ili 0, ako jeste. Iz ovoga se vidi da se težine nezadovoljenih klauza vremenom uvećavaju i time se pretraga usmerava ka njima.

Finalno za jedan hromozom i definišemo funkciju prilagođenosti kao:

$$f_{SAW}(i) = w_1 f(i, c_1) + \dots + w_N f(i, c_N) = \sum_{k=1}^N w_k f(i, c_k)$$

2.3.2 REF

Gotlieb i Vos [5] predstavili su koncept funkcija prerada (eng. *refining functions*) koje su nastale iz želje da se prevaziđe mana obične funkcije prilagođenosti koja često vraća isti rezultat za različite hromozome. Definišemo je koristeći f_{MAXSAT} za hromozom x na sledeći način:

$$f_{REF}(x) = f_{MAXSAT}(x) + \alpha r(x)$$

gde je $\alpha > 0$ predstavlja nivo uticanja funkcije r , $r : \{0, 1\}^n \rightarrow [0, 1]$. Za $\alpha = 0$ f_{REF} se ponaša kao f_{MAXSAT} .

Funkcija r za hromozom x se definiše na sledeći način:

$$r(x) = \frac{1}{2} \left(1 + \frac{\sum_{i=1}^N K(x_i) v_i}{1 + \sum_{i=1}^N |v_i|} \right)$$

gde $K(0) = -1, K(1) = 1$. Autori su predložili da ažuriranje v_i izgleda ovako:

$$v_i = v_i - K(x^*) \sum_{k \in U_i(x^*)} w_k$$

gde je x^* trenutno najbolja jedinka, $U_i(x^*)$ je skup nezadovoljenih klauza u kojima se pojavljuje promenljiva i , w_k je definisano na isti način kao i u 2.3.1. v_i predstavlja težine promenljivih. Visoke pozitivne težine ukazuju da se za odgovarajuće promenljive preferira da budu 1, dok za negativne 0. Inicijalno, sve težine promenljivih su postavljene na vrednost 0.

2.4 Selekcija

Selekcija predstavlja izbor jedinki iz trenutne populacije koje će biti korišćene za dobijanje naredne generacije. Ona obezbeđuje čuvanje i prenošenje dobrih osobina populacije. U ovom radu koriste se dve najpopularnije strategije selekcije: ruletska i turnirska.

2.4.1 Ruletska selekcija

Ruletska selekcija (eng. *roulette wheel selection*) [9] je proces selekcije u kojem veće šanse da učestvuju u reprodukciji imaju prilagođenije jedinke. Ako $f(i)$ vrednost funkcije prilagođenosti za jedinku i , a N broj jedinki u populaciji, verovatnoća da će jedinka i biti izabrana da učestvuje u reprodukciji je:

$$p_i = \frac{f(i)}{\sum_j^N f(j)}$$

Ovakvo definisana ruletska selekcija imaće primenu u FlipGA algoritmu.

2.4.2 Turnirska selekcija

U turnirskoj selekciji [9] jedinke odigravaju turnire u kojima veće šansu za pobedu imaju one sa boljom prilagođenošću. Za jedan turnir bira se slučajno k jedinki iz populacije. Pobednikom se smatra jedinka sa najvećom prilagođenošću. Turnirska selekcija primnjuje se u RFEA.

2.5 Ukrštanje

Ukrštanje [9] je proces u kome učestvuju dve jedinke koje se nazivaju roditelji. Rezultat ukrštanja je jedna nova jedinka ili dve nove jedinke koje nazivamo decom, koje za cilj imaju kombinovanje gena oba roditelja radi postizanja boljih osobina. U FlipGA algoritmu biće korišćeno uniformno ukrštanje. Uniformno ukrštanje daje dva deteta. Kod ovog ukrštanja svaki bit prvog roditelja se sa verovatnoćom p prenosi na prvo dete, a sa verovatnoćom $1 - p$ na drugo dete. Za verovatnoću p uzeta je vrednost 0.5.

2.6 Mutacija

Mutacija [9] se primenjuje nakon operatora ukrštanja (ako se on uopšte i primenjuje). To je operator koji sa određenom verovatnoćom menja jedan deo jedinke na određeni način. Uloga mutacije je da spreči da jedinke u populaciji postanu suviše slične i da pomogne u obnavljanju izgubljenog genetskog materijala. U narednom delu biće izložene neke od mutacija koje će se koristiti u različitim varijantama EA algoritama, koji će biti objašnjeni u poglavlju 2.9.

2.6.1 Slučajna mutacija

Najjednostavnija vrsta mutacije je slučajna mutacija (eng. *random mutation*). Primenjuje se nad celim hromozomom tako što za svaki gen na slučajan način biramo vrednost $t \in [0, 1]$ i ako je ta vrednost manja od zadatog parametra mutiranja *mutation_rate* tj. $t < \text{mutation_rate}$ onda vršimo invertovanje tog gena. Ovakav operator mutiranja biće korišćen u FlipGA algoritmu 2.9.3.

2.6.2 Mutacija jednog bita

Za razliku od slučajne mutacije koja je prolazila kroz ceo hromozom i menjala gene u zavisnosti od slučajnog broja, u mutaciji jednog bita (eng. *mutation one operator*) bira se proizvoljno tačno jedan gen i on se potom menja. Ova mutacija koristiće se u SAWEA verziji 2.9.1.

2.6.3 Slučajno-prilagodljiva mutacija

Slučajno-prilagodljiva mutacija (eng. *random-adaptive mutation*) [1] je u svojoj srži zapravo slučajna mutacija sa jednom izmenom: Neki geni hromozoma mogu biti „zamrznuti” radi očuvanja dobrog rešenja do kog se došlo, dok se ostali, za koje se utvrdilo

da ne vode do rešenja, mogu menjati.

Ova ideja uvodi se u ASAP algoritmu 2.9.4 gde će biti detaljnije obrađena. Dakle, ova mutacija radi isto kao slučajna mutacija, osim kada naiđe na „zamrznuti” gen. U tom slučaju ne radi ništa i prelazi na sledeći gen hromozoma.

2.6.4 Mutacija zasnovana na znanju

Kod mutacije zasnovane na znanju (eng. *knowledge-based mutation*) [4] pokušavamo da iskoristimo nešto što znamo o trenutnom rešenju i da ne vršimo mutaciju na potpuno slučajan način. Mutaciju ćemo vršiti nad onim hromozomima koje nismo zadovoljili, jer će možda, posle mutacija nad njima, postati zadovoljene i time uvećati broj ukupno zadovoljenih klauza.

Za dati hromozom, koji predstavlja tekuće rešenje, možemo naći skup nezadovoljenih klauza. Iz skupa nezadovoljenih klauza na slučajan način biramo tačno jednu klauzu, a potom iz nje, ponovo, biramo jednu njenu promenljivu koju ćemo mutirati. Primena ove mutacije nalazi se u RFEA algoritmu 2.9.2.

2.6.5 Lamarckian SEA-SAW mutacija

Da bi se poboljšali SAWEA i RFEA algoritmi koristi se Lamarckian mutacija koju su predstavili de Jong i Kisters [3, 4]. Ovakav operator mutacije liči na lokalnu pretragu, naime, nakon dobijanja dece za novu populaciju bira se jedno dete c na slučajan način. Takođe, kreiramo skup slučajno odabranih klauza. Ako je svaka klauza u ovakvom skupu zadovoljena hromozomom c onda se ne radi ništa. Inače, izabere se jedna slučajna promenljiva u nezadovoljenoj klauzi i mutira se.

2.7 Politika zamene generacija

Politika zamene generacije [9, 3] opisuje kako se od tekuće generacije dobija nova. Osnovna podela po ovom kriterijumu je na generacijske genetske algoritme (μ, λ) (eng. *generational genetic algorithm*) i genetske algoritme stabilnog stanja $(\mu + \lambda)$ (eng. *steady state genetic algorithm*), gde μ predstavlja broj pojedinaca u populaciji, a λ broj dece.

U slučaju generacijskih genetskih algoritama, nova generacija se dobija tako što se selekcijom bira dovoljno jedinki iz tekuće generacije da se napravi cela nova generacija. Izabrane jedinke se ukrštaju i mutiraju i tako dobijena generacija zamenjuje staru. (μ, λ) - od μ roditelja kreira se λ dece i za novu generaciju uzimaju se najbolji među decom.

U slučaju genetskih algoritama stabilnog stanja, čim se izabere par roditelja, vrši se ukštanje i mutacija, a potom umetanje potomaka u populaciju u skladu sa nekom politikom zamene. $(\mu + \lambda)$ - od μ roditelja kreira se λ dece i biraju se najbolje jedinke iz skupa roditelja i dece zajedno.

2.8 Lokalna pretraga flip heuristikom

Da bi se unapredili standardni evolutivni algoritmi uvodi se stohastička lokalna pretraga heuristikom okretanja bitova (eng. *flip heuristic*) [2]. Ova heuristika zasniva se na izmeni pojedinačnih bitova u tekućem rešenju. Za svaki bit u hromozomu pokušava se njegovo okretanje. Ako sa tom izmenom ima dobiti (eng. *gain*), u smislu ne pogoršavanja funkcije cilja, onda se čuva nova vrednosti okrenutog bita, dok se u suprotnom vraća na njegovu staru vrednost. Čitav proces se ponavlja dokle god ima napretka, odnosno dok postoji bar jedna izmena koja je poboljšala tekuće rešenje, ili dok se ne

dostigne maksimalni dozvoljeni broj okretanja bitova $maxFlip$.

Input : hromozom p , Formula F u KNF-u, $maxFlip$
Output: novi hromozom

```

improvement = 1;
numFlip = 0;
while improvement > 0 and numFlip < maxFlip do
    improvement = 0;
    for i ← 0 to n do
        flip p[i];
        numFlip += 1;
        Izračunaj dobit: gain;
        if gain >= 0 then
            prihvati flip;
            improvement += gain;
        end
    else
        odbaci flip, vrati na staru vrednost p[i];
    end
end
end

```

Algorithm 2: Funkcija lokalne pretrage

Ovakva lokalna pretraga usporava celokupno izvršavanje algoritma, ali sa druge strane, umnogu ubrzava konvergenciju ka lokalnom optimumu. Ovu lokalnost razbijaju slučajni faktori ukrštanja i mutacije evolutivnih algoritama, u čijem se prisustvu obično koristi. Njena primena prvi put predstavljena je u FlipGA algoritmu o kome će biti reči u sledećem poglavlju.

2.9 Varijante EA algoritma

Da bismo dobili što bolje rešenje pokušavamo da kombinujemo različite tehnike operatora selekcije, ukrštanja i mutacije, koje su opisane u prethodnim poglavljima. Negde čak nećemo imati sve navedene operatore, već samo neke od njih. U tabeli 1 možemo da vidimo osnovna svojstva varijanti evolutivnog algoritma koji su implementirani, odnosno šta koristi svaki od pobrojanih algoritama. Zajedničko za sve vrste EA je reprezentacija rešenja kao niz bitova i inicijalizacija koja se vrši na slučajan način.

Tabela 1: Varijante EA algoritma

Svojstvo	SAWEA	RFEA	FlipGA	ASAP
politika zamene	$(1, \lambda^*)$	stabilno stanje	generacijski	$(1 + 1)$
selekcija	-	turnirska	ruletska	-
fitnes funkcija	f_{SAW}	f_{REF}	f_{MAXSAT}	f_{MAXSAT}
ukrštanje	-	-	uniformno	-
mutacija	jednog bita	zasnovana na znanju	slučajna	slučajno-prilagodljiva
lokalna pretraga	-	-	flip heuristika	flip heuristika
adaptacija	fitnes	fitnes	-	tabu lista

U narednom delu biće opisani svaki od navedenih algoritama iz tabele 1. Obratiće se pažnja na njihove prednosti i mane, a praktični rezultati implementacija biće prikazani u poglavlju. 2.10.

2.9.1 SAWEA

SAWEA je evolutivni algoritam koji koristi stepenasto prilagodavanje težina (eng. *Stepwise Adaptation of Weights*) [4, 3] koji su razvili Eiben i van der Hauw. Prema preporuci autora koristi se politika zamene generacije $(1, \lambda^*)$ 2.7 i mutacija jednog bita 2.6.2.

S obzirom da je politika zamene $(1, \lambda^*)$ znamo da je populacija veličine jedan, zbog čega nije moguće vršiti selekciju i ukrštanje, već samo mutaciju. Jedan od parametara ovog algoritma je i λ^* koji podrazumevano ima vrednost 10. Kreiranje nove generacije vrši se na sledeći način: Uzima se jedan jedini mogući roditelj, λ^* puta primenjuje se operator mutacije da bi se dobilo najviše λ^* dece. Za novu generaciju bira se najbolji od njih, pri čemu je funkcija prilagođenosti f_{SAW} .

Klauzama su pridružene težine w_i čija je inicijalna vrednost 1 (primetimo da je tada $f_{SAW} = f_{MAXSAT}$). Potom se se, nakon određenog broja iteracija (uzeto je 10), ažuriraju, čime se akcenat stavlja na „teže” klauze.

Dalje poboljšanje ovog SAWEA algoritma izveli su Jong i Kusters [8]. Oni su uveli novu funkciju prilagođenosti poznatu kao Lamarckian-ovu funkciju opisanu u delu 2.6.5. Ovo unapredene pokazalo se kao bolje rešenje za SAWEA algoritam.

2.9.2 RFEA

Gotlieb i Vos [5, 4, 3] predstavili su koncept funkcija prerada (eng. *refining functions*) i uveli f_{REF} funkciju prilagođenosti opisanu u delu 2.3.2. RFEA koristi populaciju veličine četiri, turnirsku selekciju 2.4.2 veličine dva i politiku zamene generacije stabilnog stanja 2.7 sa eliminacijom najgore jedinke. Takođe je korišćena eliminacija duplikata, tj. dete je odbijeno ukoliko je već u populaciji. Jedini variacioni operator je mutacijski operator zasnovan na znanju 2.6.4. Pošto se koriste težine potrebno je nakon određenog vremena izvršiti njihovo ažuriranje.

2.9.3 FlipGA

FlipGA (eng. *Flipping Evolutionary Algorithm*) predstavili su Marchiori i Rossi 1999. godine [2, 4]. Ovo je zapravo klasičan evolutivni algoritam sa ukrštanjem i mutacijom koji je unapređen lokalnom pretragom 2.8, pa se zbog ovoga često naziva i Hibridni-EA. Koristi se funkcija prilagođenosti f_{MAXSAT} i ruletska selekcija 2.4.1.

FlipGA koristi generacijsku politiku zamene sa populacijom veličine 10. Primenjuje se strategija elitizma koja ostavlja najbolje dve jedinke iz trenutne generacije u narednu. Ovo je jedini algoritam u kojem se uvek vrši uniformno ukrštanje i klasičan operator mutacije. Da bi se izbegli lokalni optimumi parametar mutiranja ima visoku verovatnoću od 0.9. Ovaj algoritam, sa svojom lokalnom pretragom putem flip heuristike, dalje je unapređen u ASAP algoritam.

2.9.4 ASAP

ASAP (eng. *Adaptive ea for the SATisfiability Problem*) [1, 4] nastaje kao dalje unapređenje FlipGA u cilju izbegavanja lokalnih optimuma i vremenskom ubrzanju algoritma koji su dali Rossi, Marchiori i Kok. Osnovna ideja je promeniti prostor pretrage prilagodljivim mehanizmom kada se utvrdi da je došlo do zaglavljivanja u lokalnom optimumu.

Ovo se izvodi pomoću tabu liste (zapravo matrica, jer je lista listi) u koju se smeštaju slični hromozomi koji imaju istu fites funkciju, a do kojih se došlo lokalnom pretragom. Očigledno da oni vode u jedan lokalni optimum, ali i među njima ima razlike. Kada se lista napuni vrši se poređenje gena duž cele tabu liste. Oni geni koji se ne menjaju verovatno su nas doveli do lokalnog optimuma i njih je potrebno menjati, dok ostale

treba zadržati tako što će njihova promena biti zabranjena. Takvi geni, koji nisu isti duž cele tabu liste, biće „zamrznuti”. Zamrznute gene ne mogu izmeniti ni operator mutacije ni lokalna pretraga. Veličina tabu liste po preporuci autora je 10.

U tabeli 2 geni duž prve i četvrte kolone su svuda isti geni i te se kolone neće zamrznuti, odnosno u listu zamrznutih gena (eng. *frozen*) na pozicije 1 i 4 upisuje se nula, dok su na ostalim mestima, gde se geni menjaju, jedinice. Ova lista je inicijalno popunjena nulama.

Tabela 2: Tabu lista i zamrznuti geni

1	1	0	0	...	0
1	0	0	0	...	1
1	0	1	0	...	1
1	1	0	0	...	0
1	0
1	0	0	0	...	1
Lista zamrznutih gena					
0	1	1	0	...	1

Kada se fitness najboljeg hromozoma poveća, tabu lista se prazni i svi geni se odmrzavaju. Takođe, hromozomi u listi su grupisani po klasama ekvivalencije, gde svaka klasa sadrži iste hromozome (sva rešenja u tabu listi imaju isti fitness, ali ne moraju biti ista po genima). Kada je broj klasa vrlo mali, manji ili jednak od dva, to znači da je pretraga u potpunosti usmerena prema tim rešenjima, i potrebno je restartovati pretragu od novog slučajno generisanog hromozoma.

Input : otac $c0$, dete c , tabu lista T , lista zamrznutih gena

Output: ažurirana tabu lista T

```
odmrzmi sve gene;
if  $fitness(c0) > fitness(c)$  then
    //odbaci dete jer je roditelj bolji
     $c = c0$ ;
end
else
    if  $fitness(c) > fitness(c0)$  then
        isprazni  $T$ ;
        dodaj  $c$  u  $T$ ;
    end
    else
        //isti fitness
        dodaj  $c$  u  $T$ ;
        if  $T$  puna then
            izračunaj zamrznute gene;
            ažuriraj  $mutation\_rate$ ;
            izračunaj klase ekvivalencije;
            if  $brojKlasa \leq 2$  then
                RESTART;
            end
            isprazni  $T$ ;
        end
    end
end
```

Algorithm 3: Ažuriranje tabu liste

Sa tehničke strane promenjena je politika zamene i koristi se $(1 + 1)$ strategija

(jedan roditelj proizvodi jedno dete), pa je populacija veličine jedan. Ovo u startu dosta ubrzava algoritam i lokalna pretraga sada ne usporava rad. Kako je populacija veličine jedan, nije moguća selekcija ni ukrštanje, pa se kreiranje nove generacije se vrši na sledeći način: Uzima se jedini mogući roditelj, potom se slučajno-prilagodljivom mutacijom 2.6.3 dobija jedno dete. Na njega se primenjuje lokalna pretraga sa flip heuristikom (koja je takođe adaptivna - ne menja zamrznute gene), a potom se ažurira tabu lista. Pošto je $(1 + 1)$ u pitanju, nova generacija je ili roditelj ili dobijeno dete u zavisnosti od prilagođenosti izračunate sa f_{MAXSAT} .

2.10 Rezultati

Svi algoritmi pokretani su pet puta sa istim parametrima i beležen je prosečan broj zadovoljenih klauza, pri čemu podebljan rezultat označava da se do rešenja dolazilo u prvoj iteraciji.

Tabela 3: Parametri

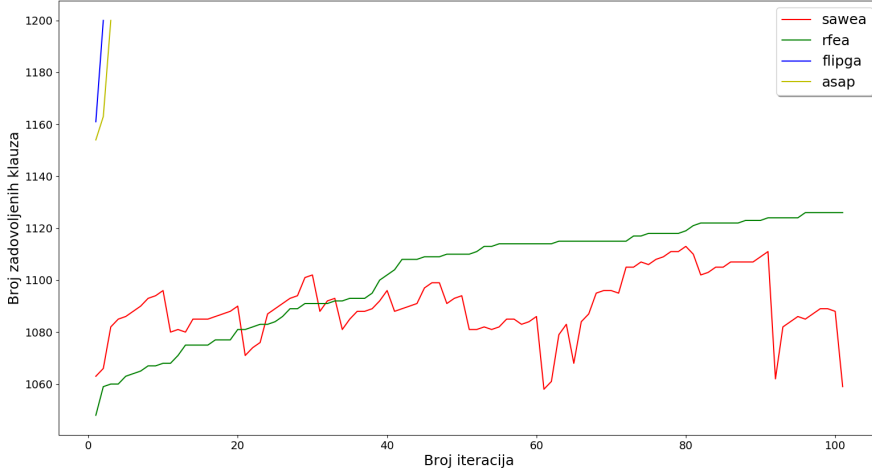
Parametar	Vrednost
Broj iteracija	1000
max flip	30000

Tabela 4: AIM nezadovoljivi testovi

Instanca	Broj literala	Broj klauza	SAWEA	RFEA	FlipGA	ASAP
aim-50-1_6-no	50	80	79	79	79	79
aim-50-2_0-no	50	100	98.6	99	99	99
aim-100-1_6-no	100	160	158.8	159	159	159
aim-100-2_0-no	100	200	197.8	199	199	199
aim-200-2_0-no	200	400	396	397.8	399	399

Tabela 5: AIM zadovoljivi testovi

Instanca	Broj literala	Broj klauza	SAWEA	RFEA	FlipGA	ASAP
aim-50-1_6-yes	50	80	79	79	79	79
aim-50-2_0-yes		100	98.4	99	99	99
aim-50-3_4-yes		170	167	167.2	170	170
aim-50-6_0-yes		300	300	290	300	300
aim-100-1_6-yes	100	160	158.2	158	159	159
aim-100-2_0-yes		200	195.8	197.8	199	199
aim-100-3_4-yes		340	324.6	332.4	340	340
aim-100-6_0-yes		600	586.8	576	600	600
aim-200-2_0-yes	200	400	392.2	396	399	399
aim-200-6_0-yes		1200	1133	1173	1200	1200



Slika 1: Broj zadovoljenih klauza kroz iteracije za aim-50-6.0-yes

3 Optimizacija rojem čestica (PSO)

Optimizacija rojem čestica (Particle swarm optimization – PSO) je jedna od tehnika pretraživanja zasnovana na populaciji kao što je genetski algoritam, ali ne koriste evolutivne algoritme kao što su mutacija i ukrštanje. PSO algoritmi su 1995. godine uveli Kenedi i Eberhart kao alternativu standardnim genetskim algoritmima.

Optimizacija rojem čestica je algoritam zasnovan na ponašanju pojedinačnih jedinki unutar određene grupe (na primer, jata ptica ili roja insekata). Ukoliko se, vođeno instinktom, jato prica uputi u određenom smeru u potrazi za hranom, očekivanje je da će čitavo jato slediti upravo onu pticu koja je pronašla izvor hrane. Međutim, i svaka ptica ponaosob može biti vođena sopstvenim instinktom i time na trenutak u potrazi za hranom napustiti jato. Tada se verovatno može desiti da, ukoliko pronađe bolji izvor hrane, čitavo jato upravo krene da sledi tu pticu.

PSO pripada skupu algoritama koji se zasnivaju na inteligenciji roja (swarm intelligence). Algoritam radi nad skupom jedinki, koji se naziva rojem. Elementi ovog skupa se nazivaju česticama. Svaka čestica predstavlja kandidatsko rešenje optimizacionog problema. Čestice se na unapred definisan način kreću po prostoru pretraživanja. Njihovo kretanje se usmerava imajući u vidu njihovu trenutnu poziciju, njihovu do sada najbolju poziciju, kao i do sada najbolju poziciju čitavog roja. Pod najboljom pozicijom čitavog roja se podrazumeva do sada najbolja pozicija, uzimajući u obzir sva njegova rešenja. Proces se ponavlja dok ne bude zadovoljen kriterijum zaustavljanja, a u svakoj iteraciji se ažurira najbolja vrednost rešenja za svaku česticu, kao i za roj u celini.

Neka je dat roj sa \vec{S} čestica. Svaka čestica se sastoji od tri elementa:

- Pozicija u prostoru za pretragu \vec{x}_i
- Brzina, vektor \vec{v}_i
- Sećanje, koje se koristi za skladištenje elitnih čestica globalne pretrage \vec{P}_g , kao i najboljih individualnih rešenja \vec{P}_i koja su do sada pronašle zasebne čestice

Nije neophodno da se u budućim populacijama nalazi bilo koji elitni pojedinac, iako svaka čestica u populaciji pokušava da bude blizu svog najboljeg rešenja i globalnog

najboljeg rešenja.

Osnovni oblik PSO algoritma dat je sledećim samoažurirajućim jednačinama:

$$\vec{v}_i^{t+1} = w \cdot \vec{v}_i^t + c_1 \cdot \vec{r}_1 \times (\vec{P}_i^t - \vec{x}_i^t) + c_2 \cdot \vec{r}_2 \times (\vec{P}_g^t - \vec{x}_i^t) \quad (1)$$

$$\vec{x}_i^{t+1} = \vec{x}_i^t + \vec{v}_i^{t+1} \quad (2)$$

Jednačina 1 opisuje kako se ažurira brzina i -te čestice, a 2 koja je sledeća pozicija i -te čestice, pri čemu je:

- w - faktor inercije
- c_1, c_2 - faktori učenja: kognitivna i socijalna
- \vec{v}_{id}^t - brzina i -te čestice u iteraciji t
- \vec{x}_{id}^t - pozicija i -te čestice u iteraciji t
- \vec{r}_1, \vec{r}_2 - pseudoslučajni brojevi iz uniformnog intervala $[0, 1]$
- \vec{P}_i - najbolje individualno rešenje čestice i
- \vec{P}_g - trenutno najbolje globalno rešenje

Kako je max k-SAT problem diskretan potrebno je prilagoditi jednačinu 2. Izračunata brzina \vec{v}_i je iz \mathbb{R}^n , pa je potrebno da se svede na $\{0, 1\}^n$. Jedan predlog za ažuriranje položaja čestice, izložen u radu [7], dat je sigmoidnom transformacijom. Sada v_i^t predstavlja verovatnoću da bit x_i^t uzme vrednost 1.

$$x_i^t = \begin{cases} 1, & \text{rand}(0, 1) < \text{sigmoid}(v_i^t) \\ 0, & \text{inace} \end{cases} \quad (3)$$

$$\text{sigmoid}(v_i^t) = \frac{1}{1 + e^{-v_i^t}} \quad (4)$$

3.1 Pseudokod PSO

U ovom poglavlju dat je osnovni oblik algoritma na kojem se zasnivaju ostale varijante i izmene koje će biti detaljnije izložene. Jednu populaciju, odnosno roj, čini unapred određen broj čestica, lista potencijalnih rešenja kao i dodeljene brzine za svaku od njih. Kroz iteracije računa se fitness, ažuriraju se brzine i pozicije čestica dok se ne zadovolji kriterijum zaustavljanja. Jedna varijanta (WPSOSAT) uvodi i lokalnu pretragu koja se izvodi umesto ažuriranja pozicija, odnosno jednačine 3. Kriterijumi zaustavljanja koji se mogu koristiti u opštem slučaju su: da li je dostignut maksimalan broj unapred zadatih iteracija ili, da li u poslednjih nekoliko iteracija nema značajnog napretka. U test primerima za koje unapred znamo da je formula zadovoljiva, ili koliko je klauza zadovoljivo, možemo koristiti kriterijum da se dostigao ukupan broj zadovoljivih klauza.

Input : Formula F u KNF-u, n i m
Output: Najbolja procenjena valuacija i broj zadovoljenih klauza
inicijalizacija populacije: pozicije i brzine;
 $t = 0$; // **tekuća iteracija**
while *nije zadovoljen uslov zaustavljanja* **do**
 $t = t + 1$;
 for $i \leftarrow 0$ **to** *broj čestica u roju* **do**
 Izračunaj $Fitness(\vec{P}_i^t)$;
 Sačuvaj individualni najbolji rezultat kao globalni \vec{P}_g ;
 Ažuriraj brzine na osnovu \vec{P}_i i \vec{P}_g ;
 Ažuriraj pozicije \vec{v}_i^t ;
 Ažuriraj individualni najbolji rezultat \vec{P}_i ;
 Ažuriraj globalni najbolji rezultat \vec{P}_g ;
 end
end

Algorithm 4: Osnovni PSO algoritam

3.2 Inicijalizacija rešenja

Potrebno je inicijalizovati pozicije čestica i vektora brzine. Pozicije su inicijalizovane pseudo-slučajnim brojevima $\{0, 1\}$, a vektor brzine realnim brojevima iz intervala $[-V_{min}, V_{max}]$, gde su granice intervala jedan od parametara PSO algoritma.

3.3 Fitnes funkcija

Fitnes funkcija je veoma važna za performanse algoritma. Prva fitnes funkcija koja se sama nameće jeste broj zadovoljenih klauza, kakva je data u samoj formulaciji problema, ali se takva funkcija nije pokazala kao dovoljno dobra. Bolji mehanizam je stepenasto ažuriranje težina (SAW - stepwise adaptation weights) uvedena od strane Eiben-a [6]. Ona je data sledećim formulama:

$$F_{SAW}(x) = \sum_{i=1}^m W_i C_i(x) \quad (5)$$

$$W_{i+1} = W_i + 1 - C_i(x^*) \quad (6)$$

Svakoј klauzi C_i dodeljuje se težina W_i . Ova funkcija ima za cilj identifikovanje težih klauza u procesu učenja koja je predstavljena većom vrednošću W_i . Na početku su težine inicijalizovane na 1, pa se potom ažuriraju jednačinom 6. x^* je tekuće najbolje rešenje.

3.4 Varijante PSO algoritma

Da bismo uporedili kombinaciju lokalne pretrage, SAW fitnes funkcije i klasičnog PSO algoritma implementirani su i testirane sledeće tri verzije:

3.4.1 PSO-LS

PSO-LS je osnovna varijanta algoritma koji ne koristi lokalnu pretragu, već sigmoidnu transformaciju, jednačine 1 i 3 za ažuriranje brzina i pozicije čestica. Fitnes funkcija je F_{SAW} , sa korišćenjem težina nad klauzama. Karakteriše ga sporija konvergencija do globalnog optimuma, ali pojedinačne iteracije se izvršavaju brže.

3.4.2 PSOSAT

PSOSAT koristi lokalnu pretragu, ali ne i F_{SAW} , pa je funkcija cilja broj zadovoljenih klauza. Mana ovog algoritma je teško izlaženje iz lokalnih optimuma zbog korišćenja fitnes funkcije koja ne razaznaje težinu klauza.

3.4.3 WPSOSAT

WPSOSAT - Modifikovan PSO algoritam sa korišćenjem flip heuristike i F_{SAW} fitnes funkcije. Značaj lokalne pretrage ogleda se u poređenju sa PSO-LS, a korišćenje F_{SAW} u poređenju sa PSOSAT.

3.5 Rezultati

Svi algoritmi pokretani su pet puta sa istim parametrima i beležen je prosečan broj zadovoljenih klauza, pri čemu podebljan rezultat označava da se do rešenja dolazilo u prvoj iteraciji. U tabeli 7 skoro svi algoritmi su uspeli da brzo nađu rešenje. Za sada između PSOSAT i WPSOSAT nema razlike. Već za poslednji test vidi se slabost ne korišćenja lokalne pretrage. Već u tabeli 8 PSO-LS nije mogao da se uporedi sa ostala dva algoritma. Za neke instance do globalnog optimuma došao je jedino WPSOSAT odakle se vidi značaj SAW funkcije.

Tabela 6: Parametri

Parametar	Vrednost
Broj iteracija	1000
w	1
c1	1.7
c2	2.1
Broj čestica	20
max flip	30000
v_{min}	-1
v_{max}	1

Tabela 7: AIM nezadovoljivi testovi

Instanca	Broj literala	Broj klauza	PSO-LS	PSOSAT	WPSOSAT
aim-50-1.6-no	50	80	79	79	79
aim-50-2.0-no	50	100	99	99	99
aim-100-1.6-no	100	160	159	159	159
aim-100-2.0-no	100	200	199	199	199
aim-200-2.0-no	200	400	398.6	399	399

4 Zaključak

Literatura

- [1] J. Kok C. Rossi, E. Marchiori. An adaptive evolutionary algorithm for the satisfiability problem. *Proceedings of the 2000 ACM Symposium on Applied Computing*, 2000.

Tabela 8: AIM zadovoljivi testovi

Instanca	Broj literala	Broj klauza	PSO-LS	PSOSAT	WPSOSAT
aim-50-1.6-yes	50	80	79	79.2	80
aim-50-2.0-yes		100	99	99	100
aim-50-3.4-yes		170	168.6	170	170
aim-50-6.0-yes		300	300	300	300
aim-100-1.6-yes	100	160	158.6	159	159
aim-100-2.0-yes		200	198	199	200
aim-100-3.4-yes		340	328	339.4	340
aim-100-6.0-yes		600	580.2	600	600
aim-200-2.0-yes	200	400	395.4	399	399
aim-200-6.0-yes		1200	1135.6	1200	1200

- [2] C. Rossi E. Marchiori. A flipping genetic algorithm for hard 3-sat problems. 1999. In Proceedings of the Genetic and Evolutionary Computation Conference.
- [3] B. Stein H. K. Buning. A study of evolutionary algorithms for the satisfiability problem, 2004.
- [4] C. Rossi J. Gottlieb, E. Marchiori. Evolutionary algorithms for the satisfiability problem.
- [5] N. Voss J. Gottlieb. Improving the performance of evolutionary algorithms for the satisfiability problem by refining functions. *Parallel Problem Solving from Nature*, 1998.
- [6] N. Voss J. Gottlieb. Adaptive fitness functions for the satisfiability problem. 2000. In Parallel Problem Solving from Nature.
- [7] R.C. Eberhart J. Kennedy. A discrete binary version of the particle swarm algorithm, 2007.
- [8] W. Kusters M. de Jong. Solving 3-sat using adaptive sampling. 1998. In Proceedings of the Tenth Dutch/Belgian Artificial Intelligence Conference.
- [9] Mladen Nikolić Predrag Janičić. *Veštačka inteligencija*. Beograd, 2019.