

# **Specyfikacja wstępna**

Przedmiot: **Wstęp do algorytmów ewolucyjnych**

Temat:

**Porównać wyniki uzyskiwane przez wybrany algorytm ewolucyjny z wyspami do klasycznej wersji AE. Testy powinny zostać przeprowadzone na benchmarku CEC 2013.**

**Łukasz Dragan**

**Mateusz Flis**

## 1. Wstęp

Naszym zadaniem jest porównanie wyników uzyskanych przez klasyczny algorytm genetyczny z algorytmem ewolucyjnym z wyspami. W tym dokumencie przedstawimy krótkie opisy obu algorytmów z pseudokodem oraz opis przebiegu testów i zmian parametrów w celu zbadania zachowania algorytmów w zależności od wybranych parametrów.

## 2. Klasyczny algorytm ewolucyjny

Pseudokod klasycznej wersji algorytmu ewolucyjnego:

```
inicjuj  $P^0 \leftarrow \{P_1^0, P_2^0 \dots P_\mu^0\}$   
 $t \leftarrow 0$   
 $H \leftarrow P^0$   
while !stop  
     $R^t \leftarrow \text{reprodukcja}(P^t)$   
     $C^t \leftarrow \text{krzyżowanie}(R^t, p_c)$   
     $O^t \leftarrow \text{mutacja}(C^t)$   
     $H \leftarrow H \cup O^t$   
     $P^{t+1} \leftarrow \text{sukcesja}(P^t, O^t)$   
     $t \leftarrow t + 1$ 
```

$\mu$ - liczebność populacji

W klasycznym algorytmie ewolucyjnym do ustalenia są:

-**metoda krzyżowania**: jednopunktowa

Polega na wybraniu punktu rozdziału, dwaj osobniki poddani tej operacji są dzieleni w wybranym punkcie, następnie przeciwne końce z różnych osobników zostają łączone, co daje nam dwa nowe osobniki.

-**metoda mutacji**: gaussowska

Polega na przyjęciu przez wylosowany gen wartości losowej (z rozkładem Gaussa) o wartości oczekiwanej równej wartości przed zmianą.

-**metoda reprodukcji**: koło ruletki

Polega na n-krotnym losowaniu (n-liczba osobników w populacji) osobników, które zostaną poddane dalszym obliczeniom, oczywiście wszystkie osobniki mają różne prawdopodobieństwo wylosowania w zależności od funkcji oceny.

-**metoda sukcesji**: generacyjna

Polega na tworzeniu nowej populacji bazowej  $P^{t+1}$  z populacji potomnej  $O^t$  oraz starej populacji bazowej. Wybraliśmy sukcesję generacyjną:  $P^{t+1} \leftarrow O^t$ .

-**liczba osobników w populacji**: parametr zmienny

-**prawdopodobieństwo krzyżowania**: parametr zmienny

-prawdopodobieństwo mutacji: parametr zmienny

### 3. Algorytm ewolucyjny z wyspami

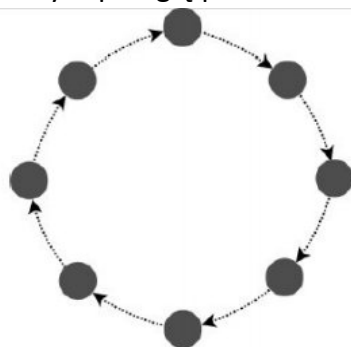
Pseudokod algorytmu ewolucyjnego z wyspami

```
for( $i \in 1:\alpha$ )  
    inicjuj  $P_i^0 \leftarrow \{P_{i,1}^0, P_{i,2}^0 \dots P_{i,\mu}^0\}$   
 $t \leftarrow 0$   
for( $i \in 1:\alpha$ )  
     $H_i \leftarrow P_i^0$   
while !stop  
    for( $i \in 1:\alpha$ )  
         $R_i^t \leftarrow \text{reprodukcja}(P_i^t)$   
         $C_i^t \leftarrow \text{krzyżowanie}(R_i^t, p_c)$   
         $O_i^t \leftarrow \text{mutacja}(C_i^t)$   
    for( $i \in 1:\alpha$ )  
         $O_i^t \leftarrow \text{migracja}(O_i^t, p_m)$   
    for( $i \in 1:\alpha$ )  
         $H_i \leftarrow H_i \cup O_i^t$   
         $P_i^{t+1} \leftarrow \text{sukcesja}(P_i^t, O_i^t)$   
     $t \leftarrow t + 1$ 
```

$\alpha$ - liczba podpopulacji(wysp)

W algorytmie ewolucyjnym w modelu wyspowym cała populacja dzieli się na podpopulacje (wyspy), gdzie ewolucja zachodzi w izolacji od reszty osobników. Każda z podpopulacji przechodzi inną ścieżkę ewolucji i może zbiec się w innym ekstremum. Znacznym przyspieszeniem, w znalezieniu rozwiązania, jest proces migracji, w którym co pewien okres podpopulacje wymieniają się kilkoma osobnikami w procesie migracji. Poza kwestiami wspomnianymi w klasycznym algorytmie ewolucyjnym, podczas konstrukcji algorytmu w modelu wyspowym należy dodatkowo rozstrzygnąć: topologia połączeń między populacjami, rozmiar i interwały między migracjami oraz metoda selekcji migrantów.

W naszym zadaniu wykorzystamy topologię pierścienia:



W każdej iteracji będzie sprawdzany numer iteracji, jeśli odpowiada ustawionemu interwałowi migracji, następuje proces migracji. Z każdej podpopulacji zostaje wybrany podany procent najlepszych osobników i wysłany do sąsiadującej podpopulacji, w to miejsce zostają przyjęci osobnicy z wyspy, dla których dana wyspa jest sąsiadem.

Rozmiar migracji(procent osobników, która jest wysyłana do sąsiadującej populacji) oraz interwał między migracjami będzie parametrem zmiennym.

Metoda selekcji migrantów: podany procent najlepszych osobników podpopulacji.

#### 4. Testowanie

Wspomniane wyżej parametry zmienne zostaną użyte przy eksperymentowaniu działaniem algorytmów i porównaniu uzyskanych wyników. Algorytmy zostaną zaimplementowane w języku R i przetestowane na benchmarku CEC 2013. Testy planujemy wykonać dla każdej z 28 funkcji benchmarku cec2013, dla każdej konfiguracji parametrów po 20 razy dla wektorów wejściowych o rozmiarze 2. Następnie porównamy średnie wyników dla algorytmu klasycznego i algorytmu wyspowego.

Zakresy testowe parametrów:

Parametr	Dolne ograniczenie	Górne ograniczenie	Iterator
Liczba populacji	70	120	10
Liczba wysp	2	8	1
Prawdopodobieństwo krzyżowania	0	0.6	0.3
Prawdopodobieństwo mutacji	0.005	0.02	0.005
Rozmiar migracji	5%	30%	5%
Interwał między migracjami	35	65	5