• نحوه بازنمایی مسئله

در این مساله میخواهیم یک مجموعه داده ی دو بعدی را کاهش بعد داده و یک مجموعه داده یک بعدی بدست بیاوریم به طوری که مجموعه یک بعدی بدست آمده بیشترین انحراف معیار را داشته باشند (تا $y \times y$ ها روی نقاط متمایزی بازنمایی شوند). برای اینکار دو مجموعه داده در اختیار داریم که شامل تعدادی $y \times y$ هستند که مطابق فرمول زیر قرار است کاهش بعد داده شوند.

z = a*x + b*y

در این مسئله هر کروموزوم یک ژن دارد که همان a و d مسئله است که مقداری رندوم بین مینیمم و ماکسیمم تعریف شده ای دارند.

طول کروموزوم همان طول مجموعه داده است و شایستگی هر کروموزوم انحراف معیار Z های بدست آمده بر اساس ژن آن کروموزوم دارد.

براى حل از مساله از الگوريتم evolution strategy استفاده ميكنيم.

مراحل الگوريتم تكاملي ES:

۱.تولید جمعیت اولیه

٢.انتخاب والدين

۳.جهش

۴.بازترکیبی

۵.ار زیابی

انتخاب بازماندگان

٧.شرط خاتمه

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

در اینجا به اندازه ی احتمال بازترکیبی*اندازه جمعیت کروموزوم انتخاب میشوند و دو به دو ژن های آنها باهم بازترکیبی میشوند. به این صورت که a ها باهم و b ها باهم.

```
crossovered = []
toCrossOver = int(crossover_probability * len(lambdaParent) / Y)
for j in range(toCrossOver):
   index) = random.randint(·, len(lambdaParent) - Y)
   chromosome() = lambdaParent.pop(index)()
   indexY = random.randint(·, len(lambdaParent) - Y)
   chromosome(Y = lambdaParent.pop(indexY))
```

```
crossovered.extend(crossover(chromosome), chromosome, alpha))
lambdaParent.extend(crossovered)
مقادیر مختلفی برای مینیمم و ماکسیمم ژن ها انتخاب شد که از نتایج بدست آمده، که تعدادی برای
                                    نمونه در انتهای گزارش ذکر شده، مقادیر زیر انتخاب شد.
min = •
max = 1
به از ای احتمال باز ترکیبی ۰/۶ همگر ایی در t=٦٨ اتفاق می افتد و برای کروموزوم نهایی داریم:
       به از ای احتمال باز تر کیبی ۰/۶ همگر ایی در t=۳۲ اتفاق می افتد و بر ای کر و مو ز و م نهایی داریم:
```

worst: 17,7777777400 £ £ 1

average fitness: ነገ, ሃሃሃፕፕሃሃ • ፕለወወ ٤ ፕለለ

به ازای احتمال بازترکیبی ۰/۱ همگرایی در t=۸ اتفاق می افتد و برای کروموزوم نهایی داریم:

worst: \7/YYYYYY · YAOO E E \

هر جه احتمال باز تر کبیی کمتر باشد همگر ابی دیر تر اتفاق می افتد.

● نحوه جهش و نحوه تعیین گام جهش و تاثیر جهش در سرعت همگرایی با روش deterministic به این صورت که در هر مرحله، sigma برای هر کروموزوم با فرمول زیر محاسبه میشود.

```
sigma(t) = sigma_max + (sigma_min - sigma_max) * t / N
```

که sigma min دقت انتخاب ۱٫ مشخص میکند و sigma max معمولا ضریبی از بیشترین فاصله را در نظر میگیرد.

```
Smin = 1
k = \cdot, 170
max_node = max(Mu, key=lambda node: node.fitness)
min_node = min(Mu, key=lambda node: node.fitness)
Smax = k * (max_node.fitness - min_node.fitness)
```

که k=٠,١٢۵ به صورت آزمایشی نتیجه بهتری گرفت؛ به این صورت که سرعت همگرایی کمتر بود و هم شایستگی کروموزوم نهایی بهتر بود. نتایج این آزمایش ها نیز در انتهای گزارش آورده شده است. جهش باعث كاهش سرعت همگرایی میشود.

• نحوه انتخاب والدین و بازماندگان

با روش q-tournament هربار به اندازه ۵<۲<۲ کروموزوم بخ صورت رندوم انتخاب کرده و بهترین آنها (از نظر شایستگی) را انتخاب کرده و از مجموعه lambda + Mu حذف میکنیم. q-tournament بدون جایگزینی تنوع بیشتر و سرعت همگرایی کمتری دارد. برای انتخاب والدین به تعداد اندازه جمعیت q-tournament را صدا میزنیم.

• تعداد جمعیت و تعداد فرزندان

در الگوريتم تكاملي ES داريم : Iambda = ۲*Mu

با ثابت نگه داشتن ۱۰ = Mu

Lambda = ۵*Mu در t=۱۶ به ۱۶٫۷۷ همگرا میشود و برای کروموزوم نهایی داریم :

t= \ • •

best fitness: 19,7711797-24979

worst: 19,7711797.04979

average fitness: 19,7711797. 249797

Lambda = ۷*Mu در t=۲۷ به ۱۶٫۷۷ همگرا میشود و برای کروموزوم نهایی داریم :

t= \ • •

best fitness: 19,777-1-77774917

worst: 18.777.1.77774917

average fitness: 19,777.1.777749170

Lambda = 9*Mu در ۲=۷۲ به ۱۶٫۷۷ همگرا میشود و برای کروموزوم نهایی داریم :

t=\ • •

best fitness: 19, YYYYYYX91. 4911

worst: 15,7777777491.4591A

با ثابت نگه داشتن اambda = ۷*Mu

در t=4 همگرا میشود و برای کروموزوم نهایی داریم: t=4

t= \ • •

best fitness: 19,7719.90TA991

worst: 19,7719.90TA991

average fitness: 19,7719.90TA991.TV

در t=1 همگرا میشود و برای کروموزوم نهایی داریم:

t=\ • •

best fitness: ۱۶,۷۷۱۲۰۰۴۴۹۴۵۸۹۴

worst: 19,7717 - + 4946194

average fitness: 19,7717 . . * F9461977

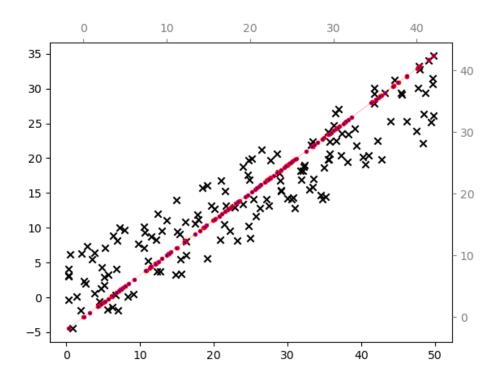
با کاهش اندازه جمعیت همگرایی سریع تر اتفاق می افتد و با افزاریش lambda همگرایی دیرتر اتفاق می افتند.

• شرط خاتمه الگوریتم تکاملی

مراحل ۱ تا ۶ را در یک حلقه با تکرار N تکرار میکنیم.

و در نهایت نتیجه به ازای :

```
MuSize = \odots
crossover_probability = \cdots, \xi
N = \cdots
min_ab = \cdot
max_ab = \cdot
chromosome_length = len(x)
alpha = \cdots, \odot
Smin = \cdot
k = \cdots, \cdot\cdots
Mu = \cdot\cdot
Lambda = \cdot\cdot*Mu
```



t=\··

in best chromosome:

نتایج آزمایش برای انتخاب min و max مناسب

شایستگی های ذکر شده برای بهترین کروموزوم امین جمعیت است

min = ' max= ' min_sigma= ' k= £

min = ' max= o min_sigma= \ k= &

min = \ max= \ min_sigma= \ k= \ \

worst: 17,771177.77....7

بین حالات امتحان شده برای مینیمم و ماکسیمم a و d مقادیر ۰ و ۱ بهترین نتیجه را داشت

نتایج آزمایش برای انتخاب k مناسب

min =+ max=1 min_sigma=1 k=7

best fitness: 19,77174719.707470

worst: 19,77174719. Tat478

min =+ max=1 min_sigma=1 k=1

best fitness: 19,77191467914464

[Type here]

worst: 19,771914679144464

average fitness: ۱۶,۷۷۱۶۱۴۵۲۹۱۴۸۴۷۶

min =+ max=1 min_sigma=1 k=9

best fitness: ۱۶,۷۷۱۳۸۴۲۰۸۷۱۷۸۵۵

average fitness: ۱۶,۷۷۱۳۸۴۲۰۸۷۱۷۸۲۶

min =+ max=\ min_sigma=\ k=+,∆

best fitness: ۱۶,۷۷۲-۵-۵۱۱۳۸۴۳۲۵

average fitness: ۱۶,۷۷۲ • ۵ • ۵ ۱ ۱۳۸۴۳۴۷

min =+ max=1 min_sigma=1 k=+. T\(\Delta \)

best fitness: ١۶,٧٧٣١٢١٨٨٩٢٩١٨۶۵

average fitness: ۱۶,۷۷۳۱۲۱۸۸۹۲۹۱۸۲۶

k=٠,١٢۵ نتیجه بهتری گرفت؛ به این صورت که سرعت همگرایی کمتر بود