AKADEMIA GÓRNICZO-HUTNICZA IM. STANISŁAWA STASZICA W KRAKOWIE

WYDZIAŁ INFORMATYKI, ELEKTRONIKI I TELEKOMUNIKACJI

KATEDRA INFORMATYKI

Praca dyplomowa magisterska

Skuteczność algorytmu roju cząstek w wybranych problemach optymalizacji ciągłej

Effectiveness of particle swarm algorithm in selected continuous optimization problems

Autor: *Mateusz Gruszka*
Kierunek studiów: *Informatyka*
Opiekun pracy: *dr hab. inż. Marek Kisiel-Dorohinicki*

Kraków, 2015

Oświadczam, świadomy(-a) odpowiedzialności karnej za poświadczenie nieprawdy, że niniejszą pracę dyplomową wykonałem(-am) osobiście i samodzielnie i nie korzystałem(-am) ze źródeł innych niż wymienione w pracy.

Serdecznie dziękuję . . . tu ciąg dalszych podziękowań które zostaną uzupełnione pod koniec :)

Spis treści

Spis rysunków

1. Wprowadzenie

Tematem niniejszej pracy jest sprawdzenie skuteczności algorytmu roju cząstek w wybranych problemach optymalizacji ciągłej. Skuteczność rozwiązania została oceniona względem dostarczonej platformy wraz z istniejącym rozwiązaniem.

Algorytm roju cząstek jest heurystyką, która doskonali rozwiązanie danego problemu, poprzez iteracyjne modyfikowanie parametrów. Dokładny opis działania algorytmów rojowych został opisany w rozdziale 3.

Heurystyką nazywamy taką metodę znajdowania rozwiązań, która nie daje gwarancji znalezienia optymalnego rozwiązania. Metody takie używane są w przypadkach, gdy pełny algorytm jest nieznany lub jest zbyt kosztowny w wykonaniu.

Wykorzystywane w niniejszej pracy w celu porównania skuteczności algorytmy ewolucyjne, również należą do heurystyk. Ich metoda działania została opisana w rozdziale 4.

Optymalizacja ciągła jest takim rodzajem optymalizacji, w którym wszystkie zmienne funkcji celu są ciągłe, czyli należa do nieprzerwanego zbioru liczb.

1.1. Cele pracy

Celem pracy jest realizacja implementacji algorytmu roju cząstek, oraz badanie ich skuteczności. W implementacji zostanie wykorzystane istniejące środowisko agentowe (pyAgE). Wspiera ono budowę rozproszonych modeli obliczeniowych oraz zostało napisane w języku Python.

Dzięki zastosowaniu środowiska agentowego zostanie sprawdzona użyteczność algorytmów rojowych przy przyjęciu każdego osobnika jako osobnego agenta.

Skuteczność zaimplementowanych rozwiązań będzie sprawdzana w wybranych problemach benchmarkowych. Warianty konfiguracji jak i dobrane parametry zostaną dobrane eksperymentalnie.

Finalnym celem jest porównanie otrzymanych rozwiązań z już istniejącym na platformie algorytmem ewolucyjnym - EMAS.

1.2. Zakres pracy

W czasie realizacji pracy, została rozszerzona platforma pyAgE o możliwość dokonywania obliczeń za pomocą algorytmu roju cząstek. Zostały zaimplementowane zarówno elementy składowe algorytmu

jak i przetestowane konfiguracje pozwalające na badanie skuteczności algorytmu.

Porównanie odbywało się pomiędzy dostarczonym wraz z platformą pyAgE algorytmem genetycznym EMAS, a różnymi konfiguracjami algorytmu roju cząstek.

Algorytm roju cząstek został przystosowany aby sprawdzić jego skuteczność w kilku wersjach:

- Podstawowa wersja, zawierająca możliwość sterowania:
  - Prędkością
  - Wagami składowych
- Rozszerzoną o kroki algorytmu ewolucyjnego wykonywane razem z rojowymi
- Rozszerzoną o informację o sąsiadach, dostarczaną przez platformę pyAgE
- Rozszerzoną o wyspy obliczeniowe

1.3. Zawartość pracy

Rozdział 2 zawieraja informację o platformie pyAgE i jej komponentach. Znajdują się tam również informacje o funkcjach benchamrkowych, ze szczególnym uwzględnieniem funkcji stosowanej do porównania w niniejszej pracy.

Następną częścią pracy (rozdziały 3 i 4) jest przybliżenie mechanizmów działania zarówno algorytmów rojowych jak i ewolucyjnych, szczególnie tych, które zostały zastosowane w implementacji. W rodziale 3.3 zostały opisane częste modyfikacje algorytmu roju cząstek.

W rozdziale 6 znajdują się informację o zaimplementowanych rozwiązaniach oraz wyniki badań prowadzące do uzyskania najlepszych parametrów algorytmu roju cząstek.

Pod koniec pracy znajdują się porównania algorytmów rojowego i ewolucyjnego oraz analiza skuteczności algorytmu rojowego pod kątem postawionego problemu.

2. Wieloagentowa platforma uruchomieniowa

Platformą na której zostały uruchomione porównywane algorytmy był napisany w języku Python pyAgE. Jest to środowisko wieloagentowe, bazujące na implementacji pod nazwą AgE (ang. Agent-based Evolution), którego bardziej szczegółowy opis został przedstawiony w rozdziale 2.1

W roku 1997 została zaproponowana definicja agenta, która definiuje go jako ŷstem, który usytuowany jest w pewnym środowisku, i którego jednocześnie jest częścię; agent obserwuje (odbiera, odczuwa) to środowisko oraz działa w nim, w czasie, według własnego planu, wpływając na to, co będzie mógł zaobserwować w przyszłości"[21]. Definicja powstała na skutek wnikliwej różnych podejść agentowości.

Zgodnie z powyższą definicją, za najistotniejsze cechy agenta należy uznać [20]:

– usytuowanie - agent jest częścią środowiska w którym się znajduje

– autonomia - agent ma pełną kontrolę nad swoim stanem wewnętrznym oraz akcjami

– reaktywność - agent postrzega środowisko i zmiany zachodzące w nim i reaguje na nie

– zdolności socjalne - agent współdziała z innymi agentami

System agentowy to system komputerowy, którego główną abstrakcją jest pojęcie agenta [22]. System składający się z wielu współdziałających agentów nazywany jest systemem wieloagentowym. Interakcje między agentami, mogące przyjąć formę kooperacji, koordynacji bądź negocjacji są najistotniejszą cechą charakterystyczną tej klasy systemów i stanowią o ich sile.

2.1. Platforma pyAgE

Na podstawie założeń i wymagań przedstawionych powyżej powstała implementacja AgE, jej rozbudowana wersja, zaimplementowana w języku Python nosi nazwę pyAgE [23].

Najważniejszą częścią implementacji systemu jest samo obliczenie. Podstawowe elementy jego implementacji stanowią bazę dla realizacji różnej klasy systemów, a dzięki odpowiedniej konfiguracji mogą zostać uruchomione w środowisku węzła jako usługa obliczeniowa.

Jak zostało wspomniane wcześniej, podstawową jednostką jest agent, gdzie każdy agent jest unikalny w skali całego systemu. W środowisku można wyróżnić również agregaty, które mogą 'posiadać'

agentów, którzy współdziałając ze sobą tworzą system agentowy. Agregaty zarządzają działaniem podległych im agentów między innymi pośredniczą w komunikacji między nimi, nadzorują cykl ich życia czy wykonywanie akcji.

W środowisku dostępne są następujące funkcjonalności:

– zlecenie przez agenta wykonania pewnej akcji

– zapytanie przez agenta o własności innych agentów

– dodanie nowego agenta

– migrację agenta

– śmierć agenta

Ponieważ platforma została stworzona z myślą o algorytmach genetycznych a w szczególności algorytmie EMAS więc dostarcza mechanizmu wysp obliczeniowych, które są jedną ze składowych części algorytmu EMAS, szerzej opisanego w rozdziale 4.2. To właśnie pomiędzy tymi wyspami możliwa jest migracja poszczególnych agentów.

2.2. Rozwinięcie platformy pyAgE

Jednym z celów pracy było rozszerzenie istniejącej platformy o możliwość wykonywania obliczeń za pomocą algorytmów rojowych. W tym celu wykonany został szereg modyfikacji dostosowywujących ją do nowej klasy algorytmów.

W analizowanym podejściu każda cząsteczka jest zastępowana przez pojedynczego agenta. Wymagało to rozszerzenia wiedzy agenta o wymagane informacje wymagane przez algorytmy rojowe, takie jak najlepsza pozycja w stadzie czy historycznie najlepsza pozycja. Skutkowało to dodaniem dla każdego agenta struktur przechowujących pewne informacje.

Kolejnym rozszerzeniem było dodanie konfiguracji uruchomieniowej, uwzględniającej możliwość modyfikacji wszystkich istotnych parametrów. Konfiguracja ta, bazująca na już istniejących, nadała możliwość łatwego i szybkiego porównywania dobieranych parametrów, ale także analizy rozwiązań względem istniejących algorytmów.

3. Algorytmy rojowe

Inteligencją stadną nazywane są techniki sztucznej inteligencji bazujące na wiedzy o społecznych zachowaniach w samo zorganizowanym systemie.

Systemy rojowe są najczęściej zbudowane z populacji prostych osobników oddziałujących na siebie nawzajem oraz na środowisko w którym się znajdują. Nie posiadają scentralizowanej struktury kierującej zachowaniem indywidualnych osobników. Jednostki posiadają jedynie wiedzę o akcji jaką powinni podjąć przy danych bodźcach zewnętrznych. Wzajemne oddziaływanie pomiędzy osobnikami prowadzi do złożonych zachowań populacji.

Przykłady takich zachowań są bardzo liczne w naturze. Zaliczyć do nich można kolonie mrówek, klucze ptaków, ławice ryb czy roje pszczół. W przypadkach tych mamy doczynienia z licznymi osobnikami, którzy wpływając na siebie nawzajem osiągają złożone populacje zdolne realizować wielopoziomowe zadania.

3.1. Przegląd wiedzy

Pierwszy raz idea wykorzystania zachowań zaobserwowanych w naturze została zaproponowana w 1987 roku [1]. Dzięki wykorzystaniu kilku względnie prostych reguł udało się osiągnąć w animacjach symulowanie bardziej skomplikowanych, realistycznie wyglądających zachowań stada ptaków.

Pojęcie inteligencji stadnej zostało po raz pierwszy użyte w 1989 roku[2] w kontekście zrobotyzowanych systemów komórkowych, natomiast w roku 1995 [3] pojawiła się pierwsza wersja algorytmu roju cząstek (ang. Particle Swarm Optimization (PSO)). Pierwotnym założeniem algorytmu PSO była sumylacja społeczeństwa, jednak problem okazał się zbyt złożony dla takiego algorytmu. Odnalazł on jednak zastosowanie w problemach optymalizacji ciągłej.

Wraz ze wzrostem zainteresowania algorytmami rojowymi, pojawiło się wiele badań i publikacji nad różnymi algorytmami. Do najpopularniejszych i najdokładniej opisanych należy zaliczyć takie jak algorytm mrówkowy (ang. Ant colony optimization (ACO)) [7], czy algorytmy pszczele (ang. Bees algorithm (BA)) [5] i pszczelej kolonii (ang. Artifical bee colony algorithm (ABC)) [4]. Część z algorytmów mimo, że ich pierwotne wersje były dostosowane do rozwiązywania problemów dyskretnych, z czasem została zmodyfikowana również do rozwiązywania problemów ciągłych. Przykładem takiego algorytmu może być algorytm kolonii mrówek, którego dostosowanie zostało opublikowane ponad dziesięć lat od zaproponowania pierwotnej wersji [6].

Ze względu na różnorodność otaczającej przyrody kolejne algorytmy inspirowane naturą są nieustannie proponowane i rozwijane. W momencie pisania niniejszej pracy (rok 2015), jednym z nowszych zaproponowanych jest algorytm lwich mrówek (ang. Ant lion optimizer (ALO)) [8], którego działanie oparte jest na mechanizmach polowania lwich mrówek.

3.2. Algorytm roju cząstek

Algorytm roju cząstek naśladuje zachowania stadne. Podczas zdobywania doświadczenia(wiedzy), cząsteczki wzajemnie na siebie oddziałując, jednocześnie przesuwając się w coraz lepszy obszar przestrzeni rozwiązań.

Optymalizacja nie jest wymagająca pod względem zasobów. Zapotrzebowanie na pamięć i czas procesora w każdej iteracji są niskie, a sama zmiana parametrów cząstki odbywa się przy wykorzystaniu podstawowych operatorów matematycznych. Algorytm roju cząstek jest jest wystarczający dla wielu problemów i nie wymaga skomplikowanych metod używanych na przykład przez algorytmy ewolucyjne.

Każdy osobnik w populacji posiada zestaw mechanizmów warunkujących jego ruch po przestrzeni rozwiązań. Ponadto ma pamięć o najlepszym miejscu w przestrzeni jakie odwiedził, oraz wiedzę o położeniu jednostki z najlepszym rozwiązaniem z populacji.

3.2.1. Opis algorytmu

Jeśli przestrzeń poszukiwań jest D-wymiarowa, można zaprezentować i-tą cząsteczkę populacji jako D-wymiarowy wektor 3.1,

$$x_i = (x_i1, x_i2, x_i3, \ldots, x_iD)^T \tag{3.1}$$

gdzie T oznacza numer iteracji. Najlepszą odwiedzoną pozycję (particle best) i-tej cząsteczczki można oznaczyć jako 3.2.

$$p_{b_i} = (p_{b_{i1}}, p_{b_{i2}}, p_{b_{i3}}, \ldots, p_{b_{iD}}) \tag{3.2}$$

Na podobnej zasadzie, wprowadzając oznaczenie g_b (global best) oznaczona zostaje najlepsza pozycja w przestrzeni rozwiązań w stadzie. Przyjmując takie oznaczenia, każdy osobnik populacji przemieszcza się według równania ruchu 3.3.

$$v_{id}^{n+1} = v_{id}^{n} + (p_{b_{id}}^{n} - x_{id}^{n}) + (g_{b_{id}}^{n} - x_{id}^{n}) \tag{3.3}$$

co skutkuje, że w kolejnych iteracjach jego pozycja jest uaktualniana zgodnie z równaniem 3.4

$$x_{id}^{n+1} = x_{id}^{n} + v_{id}^{n+1} \tag{3.4}$$

gdzie:

d = 1, 2, 3, . . . , D

i = 1, 2, 3, . . . , N

N - rozmiar populacji

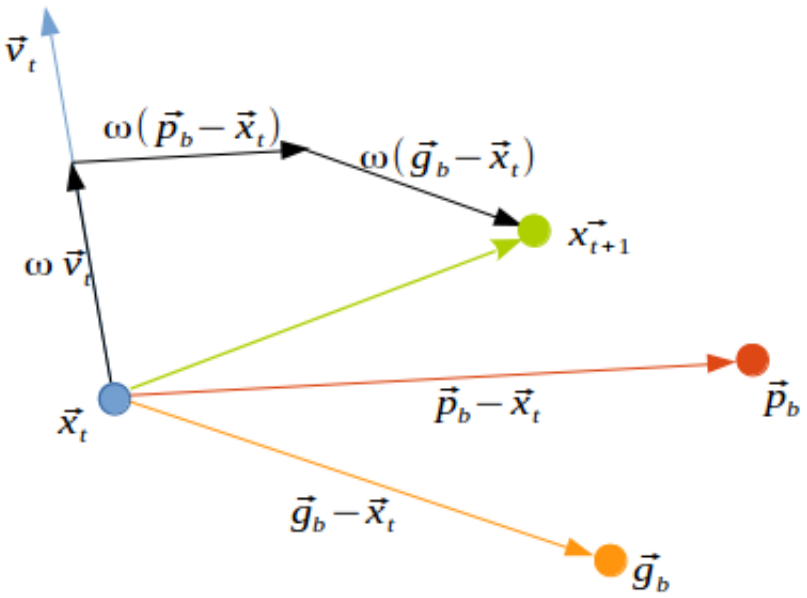
n = 1,2,3, . . . - numer iteracji

Zgodnie z równaniem 3.3, każda nowa pozycja w przestrzeni rozwiązań zależy wyłącznie od poprzednich wartości cząsteczki oraz wartości jej sąsiadów. W celu manipulowania prędkością przesunięcia w konkretnej iteracji, równanie ruchu cząsteczki zostało rozszerzone o współczynnik inercji ω (3.5).

$$v_{id}^{n+1} = \omega(v_{id}^{n} + (p_{b_{id}}^{n} - x_{id}^{n}) + (g_{b_{id}}^{n} - x_{id}^{n}) \tag{3.5}$$

3.2.2. Przemieszczenie

Wizualizację zgodnie z równaniami zamieszczonymi w rozdziale 3.2.1, można prześledzić na rysunku 3.1.

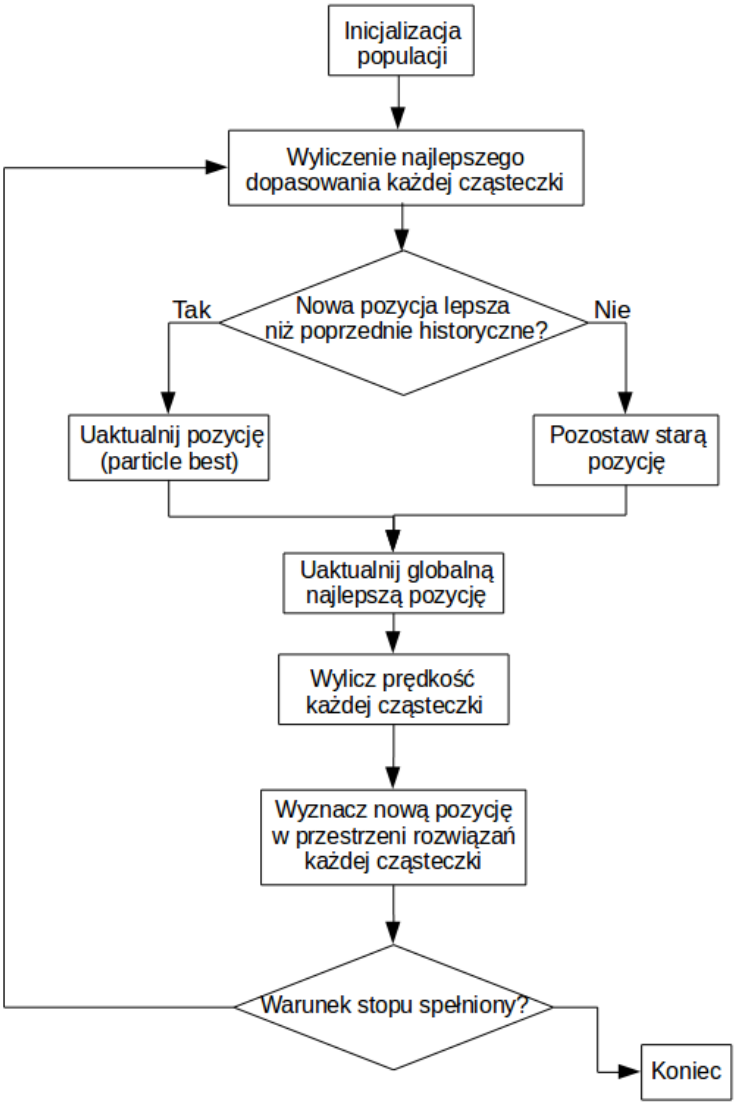


Rysunek 3.1: Wizualizacja ruchu cząstki PSO

W danej iteracji, cząsteczka znajduje się w konkretnym punkcie x_t. Zna położenie najlepszej cząsteczki z całej populacji g_b, oraz pamięta swoją najlepszą odwiedzoną do tej pory pozycję p_b. Osobnik wyzacza wektory przesunięcia względem tych punktów, oraz przemieszczenia z poprzedniej iteracji v_t. Każdy z wektorów jest mnożony przez współczynnik inercji ω, a następnie wszystkie wektory są ze sobą składane. Wynikiem złożenia jest nowa pozycja cząsteczki w przestrzeni rozwiązań.

3.2.3. Zasada działania algorytmu

Diagram 3.2 przedstawia pełny mechanizm działania algorytmu. Pierwszym krokiem jest zainicjalizowanie startowej populacji w losowych miejscach przestrzeni rozwiązań. Następnie dla każdego osobnika liczone jest dopasowanie. Jeśli aktualne dopasowanie jest lepsze niż zapamiętane, uaktualniana jest pamiętana pozycja w przestrzeni rozwiązań. W przypadku gdy dopasowanie jest gorsze, zapamiętana informacja pozostaje bez zmian. Kolejnym krokiem jest uaktualnienie informacji najlepszej pozycji z całej populacji. Posiadając wszystkie informacje, cząsteczka wyznacza swoją prędkość w danej iteracji, a następnie przemieszcza się zgodnie z nią w przestrzeni rozwiązań. Aż do spełnienia warunku stopu (uzyskanie pożądanego dopasowania lub osiągnięcia limitu iteracji), cząsteczki ponownie wyliczają sewoje dopasowanie i powtarzają cały cykl.



Rysunek 3.2: Diagram blokowy algorytmu PSO

3.3. Modyfikacje algorytmu roju cząstek

W paragrafie 3.2 została przedstawiona podstawowa, najprostsza wersja algorytmu roju cząstek. Istnieje szereg rozszerzeń i modyfikacji algorytmu, które powodują zwiększenie jego dokładności i skuteczności.

3.3.1. Rozszerzenie wiedzy cząstek

Rozszerzając wiedzę jednostek o dodatkowe informacje o otoczeniu, często okazuje się, że zwiększa się dokładność jak i prędkość w jakiej otrzymywany jest satysfakcjonujący wynik. Jednym ze sposobów, jest dodanie wiedzy o położeniu najlepszej cząsteczki w pewnym otoczeniu danego osobnika [9]. Dołożenie takiego parametru, pociąga za sobą zmianę wyliczania ruchu cząstki (rys. 3.1) o dodatkowy wektor. Podejście takie zwiększa skupienie cząsteczek i pozwala na dokładniejsze przeszukiwanie przestrzeni rozwiązań w danym zakresie.

3.3.2. Dodanie losowej składowej

Uwzględnienie podczas ruchu cząstki dodatkowego składowego wektora, którego wartość oraz kierunek generowana jest losowo, daje możliwość pozbycia się pewnych potencjalnych problemów [10]. Cząstki które poruszają się w sposób opisany w rozdziale 3.2.2, oraz te rozszerzone o informacje o sąsiedztwie, obarczone są ryzykiem wpadania w lokalne ekstrema. Dodając losową składową, wymuszany jest ruch często oddalający osobnika od roju, co może skutkować wyskoczeniem z lokalnego ekstremum i dalsze przeszuiwanie przestrzeni rozwiązań w celu znalezienia ekstremum globalnego.

3.3.3. Nadawanie wag parametrom

Podstawowa wersja algorytmu roju cząstek zakłada jednakową wagę każdego z wektorów podczas wyliczania nowej pozycji cząstki. Modyfikacja wprowadzająca dla każdego wektora parametr definiujący jego wagę, pozwala na lepsze dostosowanie algorytmu dla danego problemu [11].

3.3.4. Zmiana prędkości ruchu

Algorytm roju cząstek w swojej pierwotnej wersji nie zakładał zmiany prędkości osobników w czasie. Rozszerzenie dające możliwość manipulowania współczynnikiem inercji ω na przestrzeni kolejnych iteracji pozwala na uniknięcie potencjalnego "przeskakiwania"poprawnego rozwiązania przez członków populacji. Wersja podstawowa niesie za sobą ryzyka, że po pewnej ilości iteracji cząsteczki będą krążyły wokół ekstremum, jednak długość wektora będzie zbyt duża, aby udało się im "trafić"w rozwiązanie. Zmniejszanie współczynnika ω wraz z kolejnymi iteracjami pozwoli cząstkom dokładniej przeszukać dany zakres, jednocześnie utrzymując szeroki zasięg przeszukiwań na początku działania algorytmu [12].

4. Algorytmy ewolucyjne

Algorytmami ewolucyjnymi nazywne są algoytmy, które w celu przeszukania przestrzeni rozwiązań wykorzystują mechanizmy zaczerpnięte ze zjawiska ewolucji biologicznej. Jest to ogólna nazwa dla metod takich jak algorytmy genetyczne, strategie ewolucyjne czy neuroewolucje.

Podobnie jak opisane w rozdziale 3 algorytmy rojowe, ewolucyjne również zawierają populację osobników wpływających nawzajem na siebie. Populacja generowana jest losowo, wraz z pewnym zestawem cech dla każdego osobnika - genotypem. Genotyp jest takim zestawem cech, który umiejscawia go w pewnej przestrzeni rozwiązań, co umożliwia jego ewaluację. Podczas działania algorytmu, osobniki poprzez krzyżowanie się, umieranie i rodzenie wpływają na swoje genotypy.

Jednocześnie genotyp jest rozwiązaniem danego problemu proponowanym przez danego osobnika. Finalne rozwiązanie wybierane jest spośród genotypów wszystkich osobników w danej populacji.

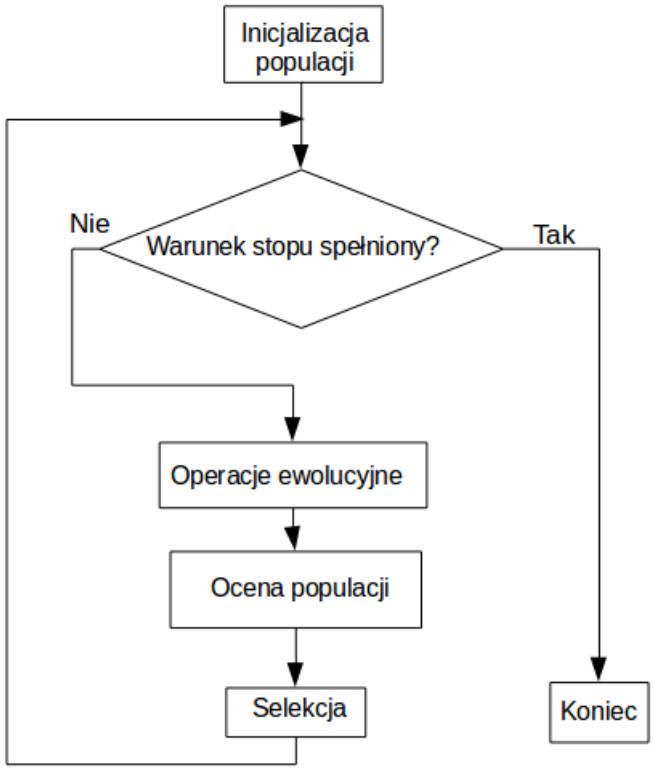
Na przestrzeni lat zostało zaproponowanych wiele algorytmów bazujących na mechanizmach genetycznych, jednak wszystkie z nich opierały się na tych samych bazowych mechanizmach. Każdy z osobników populacji mógł, zmieniając swój genotyp, przybliżyć całą populację do znalezienia optymalnego rozwiązania postawionego problemu. Większość współczesnych rozwiązań stosuje również krzyżowanie się osobników, jako drugą główną składową działania algorytmów tego typu.

4.1. Przegląd wiedzy

Początki algorytmów ewolucyjnych sięgają lat 50 XX wieku [13], jednak ich idee nie były rozwijane przez wiele lat, głównie ze względu na ograniczenia sprzętowe jak i metodologiczne. Dopiero dwadzieścia lat później [14] pojawiły się prace rozwijające modele ewolucyjne. Wtedy też zostało zaproponowane twierdzenie Hollanda o schematach, które uważane jest za podstawę wyjaśnienia algorytmów genetycznych.

Znaczącą kwestią wpływającą na tempo rozwoju algorytmów genetycznych, było użycie techniki uwzględniającej ewolucję zarówno przez mutację jak i krzyżowanie się osobników z danej populacji. Podczas kolejnych lat badań, algorytmy tego typu zostały poszerzone o kod genetyczny pozwalający reprezentować strukturę każdego problemu.

Klasyczne algorytmy ewolucyjne działają zgodnie z algorytmem przedstawionym na diagramie 4.1, lub podobnie do niego.



Rysunek 4.1: Diagram blokowy klasycznego algorytmu genetycznego

Początkowo inicjalizowana jest losowa populacja, która aż do spełnienia warunku stopu, oddziałowuje na siebie zogdnie z pewnymi zasadami. Warunkiem stopu podobnie jak w algorytmie roju cząstek może to być osiągnięcie limitu iteracji lub osiągnięcie zadowalającego wyniku. Podczas każdej iteracji z całej populacji wybierana jest część osobników która zostanie poddana krzyżowaniu się między sobą. Następnie te osobniki poddawane są mutacji. Dla każdego z nich wyliczana jest funkcja przystosowania, pozwalająca ocenić jakość jego genotypu.

4.2. Algorytm EMAS

Algorytm EMAS (ang. Evolutionary Multi-Agent System) jest paradygmatem obliczeniowym zaproponowanym w 1996 roku [16]. Jest to połączenie algorytmu ewolucyjnego z systemem wieloagentowym. Idea algorytmu opiera się na koncepcji, że agenci w środowisku mogą się spotykać, reprodukować i umierać.

Przeznaczony jest do pracy bez zachowania jakiejkolwiek globalnej wiedzy o problemie. Agenci są niezależni oraz zdolni do podejmowania własnych decyzji dotyczących ich akcji. Ta cecha sprawia, że algorytm jest łatwo skalowalny.

Dziedziczenie i selekcja to dwa główne elementy algorytmów ewolucyjnych, które w algorytmie EMAS realizowane są za pomocą zjawisk śmierci i reprodukcji. Agenci o najlepszym przystosowaniu

są zachowane i mogę produkować swoje potomstwo. Agenci o najgorszych parametrach są całkowicie usuwane z otoczenia. Takie zachowanie zmusza populację do ewolucji oraz poprawia jej parametry [17].

4.2.1. Agent

Każdy z agentów charakteryzuje się trzema parametrami:

– genotyp (ang. genotype)

– dopasowanie (ang. fitness)

– energia (ang. energy)

Genotyp agenta jest pojedynczą instancją rozwiązania na zadany problem populacji. Jest to podstawa do obliczenia dopasowania. Genotyp jest cechą dziedziczoną podczas reprodukcji i ulega mutacji w procesie ewolucji. Jako zasadniczy parametr agenta jest to podstawa dla pozostałych parametrów.

Kolejną cechą jest dopasowanie, które jest liczbą reprezentującą jakość genotypu. Lepsze genotypy mają lepsze wartości dopasowania i mają większe prawdopodobieństwo aby być wybranym przy procesie reprodukcji. Sama wartość jest obliczana bezpośrednio z parametru genotypu po stworzeniu agenta. Dopasowanie danego agenta, tak samo jak jego genotyp nie zmienia sie w czasie jego życia.

Ostatnią cechą, wpływającą na sposób selekcji jest energia. Ze względu na brak globalnej wiedzy agentów, nie jest możliwa ocena ich wszystkich w tym samym czasie. Ponieważ proces ewolucji jest asynchroniczny, metody selekcji znane z klasycznych algorytmów ewolucyjnych nie mogły zostać użyte. Z tego powodu została wprowadzona energia, można opisać ten parametr jako stan agenta, który podczas interakcji może ją zyskiwać lub tracić, zależnie od jakości genotypu. Agenci z lepszym genotypem są bardziej skłonni do gromadzenia energii, jednak całkowita ilość energii w populacji jest stała.

Ponieważ agenci w algorytmie EMAS są całkowicie autonomiczni, decyzję o swoim zachowaniu podejmują na podstawie poziomu energii. Jeśli jej liczba przekracza pewien próg to będą się reprodukować, a jeśli osiągnie zero to agent umiera [18].

4.2.2. Interakcje agentów

Istnieją trzy możliwe działania agenta, które może podjąć w danym kroku iteracji:

– śmierć (ang. death)

– reprodukcja (ang. reproduction)

– walka (ang. fight)

Śmierć to usunięcie agenta z populacji, spowodowane jest najczęściej poprzez osiągnięcie przez danego agenta zerowego poziomu energii.

Reprodukcja jest procesem tworzenia nowych agentów. Wymaga wystąpienia jednego lub dwójki rodziców i skutkuje odpowiednio jednym lub dwójką nowo powstałych agentów. Jak zostało wspomniane

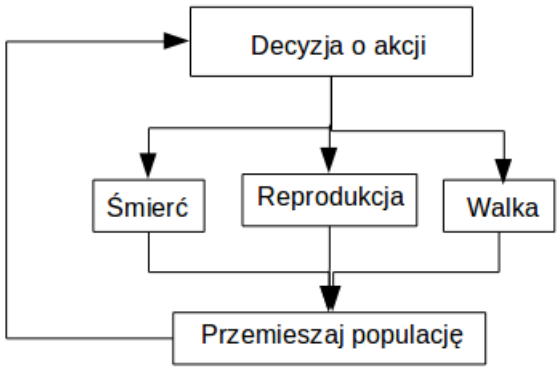
w rozdziale 4.2.1, rozwiązanie oraz dopasowanie są stałe podczas życia agenta, więc ich wartość u rodziców się nie zmienia. Jedyną zmianą parametru jest zmniejszenie ich poziomu energii, która jest przekazywana nowopowstałym agentom. Genotypy nowo narodzonych agentów są tworzone poprzez losowe zmieszanie genotypów ich rodziców. W momencie uzyskania genotypu, możliwe jest obliczenie dopasowania danego agenta.

Walka jest działaniem odpowiedzialnym za wymianę energii. Dzięki niej, agenci o lepszym genotypie są w stanie pobrać energię od tych z gorszym. Walka sprowadza się do porównaniu dopasowania dwóch agentów i w jego efekcie transferze energii. Jest to szybki sposób porównania i nagradzania najlepszych rozwiązań.

Jak zostało wspomniane wcześniej, ilość energii jest stała w całym układzie. W wyniku reprodukcji nowo narodzony agent dostaje energię od rodziców, natomiast w przypadku walki następuje wymiana pomiędzy dwoma agentami.

4.2.3. Sąsiedztwo agentów

Wszystkie akcje, przedstawione na rysunku 4.2, jakie agenci mogą pomiędzy sobą wykonać mogą zaistnieć wyłącznie wtedy, gdy agenci sąsiadują ze sobą. Pod koniec każdej z iteracji następuje przemieszczenie się agentów. Pozwala to na uniknięcie ciągłej interakcji tych samych agentów ze sobą.



Rysunek 4.2: Akcje agentów w algorytmie EMAS

4.2.4. Wyspy obliczeniowe

Populacją nazywany jest cały zbiór agentów, Jej początkowy rozmiar jest parametryzowany i zmienia się w czasie wykonywania programu.

Podczas pojedynczego przebiegu programu można podzielić populację na grupy nazywane wyspami [18], zmieniających się niezależnie od siebie w tym samym czasie.

Poprzez wprowadzenie migracji między różnymi wyspami, jest możliwe eksportowanie pewnych rozwiązań pomiędzy nimi. Ma to pozytywny wpływ na minimalizowanie tendencji populacji do wpa-

dania w lokalne ekstrema poprzez zwiększenie różnorodności. Dobre rozwiązanie opracowane w jednej populacji może być wprowadzone do innej, powodując modyfikację genotypów osobników na wyspie.

Wprowadzenie wysp obliczeniowych dodaje każdemu agentowi dodatkową akcję jaką może podjąć, a mianowicie migrację. Jak wszystkie pozostałe akcje, zależna jest ona od wartości energii danego agenta.

Istnienie tego typu rozwiązania może wpłynąc na zrównoleglenie a co za tym idzie czas działania algorytmu. Niezależne od siebie wyspy obliczeniowe można bowiem uruchomić na osobnych węzłach obliczeniowych.

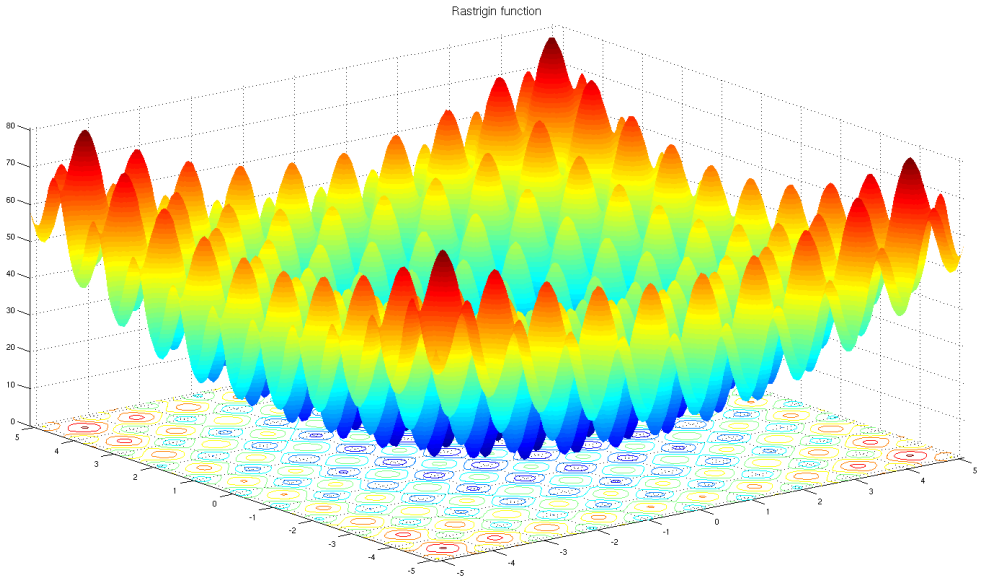
5. Ewaluacja

5.1. Sposób porównywania wyników

opis ile bylo przeprowadzonych prob, na jakim sprzecie(?)

5.2. Funkcja Rastrigina

krotki opis czym jest funckja rastrigina



Rysunek 5.1: Funkcja Rastrigina dwóch zmiennych [19]

6. Algorytm roju cząstek na platformie PyAGE

W celu znalezienia najlepszej konfiguracji algorytmu roju cząstek został wykonany szereg modyfikacji implementacji. Został wykonany podstawowy algorytm, bazujący na trzech parametrach:

– najlepsza pozycja w stadzie (ang. global best)

– najlepsza pozycja danej cząsteczki (ang. local best)

– poprzedni wektor przemieszczenia

Następnie algorytm został rozszerzony o możliwość zmiany prędkości cząstek w czasie obliczeń. Kolejnymi krokami było dodanie losowego wektora o który przemieszcza się dana cząsteczka oraz nadanie wag konkretnym parametrom.

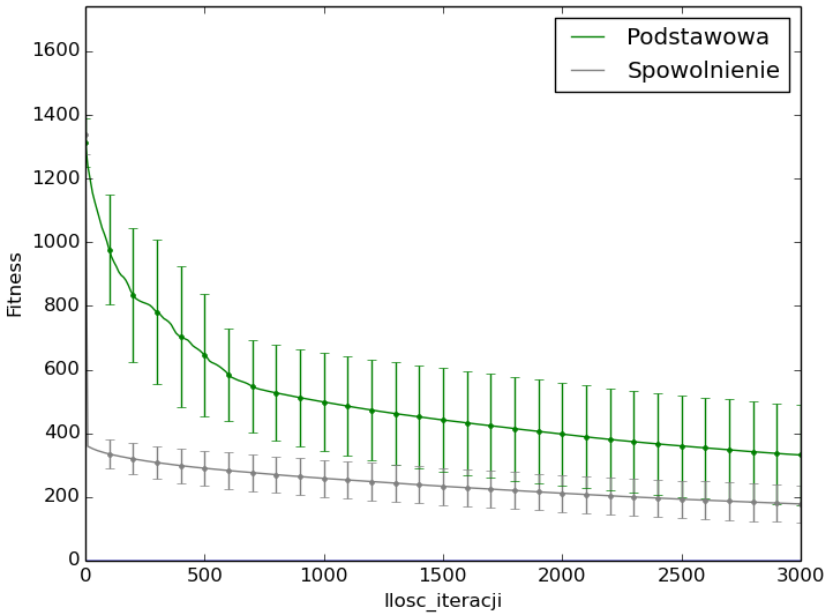
Algorytm w wersji podstawowej, który jest podstawą do porównania wszystkich modyfikacji nie posiadał przemieszczenia o losowy wektor, w czaqsie trwania obliczeń prędkość cząstek nie zmieniała się, a wszystkie wykorzystywane parametry miały taką samą wagę równą jeden.

6.1. Zmiana prędkości w czasie

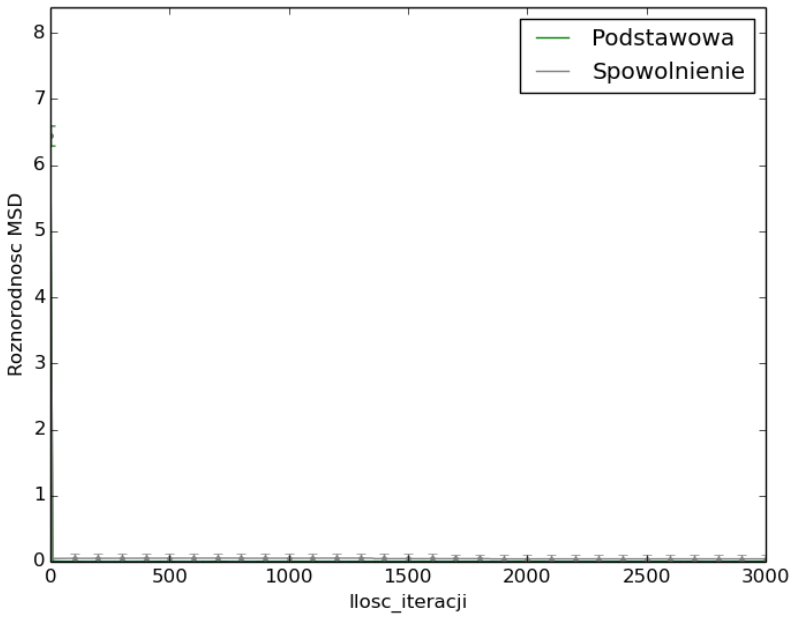
Pierwszą wykonaną modyfikacją była zmiana prędkości cząstek w czasie. Wraz z postępem algorytmu prędkość przemieszczania się cząsteczek mnożona jest o współczynnik ω wyznaczany ze wzoru 6.1, gdzie T jest numerem aktualnej iteracji, a T_{max} ilością iteracji podaną jako warunek stopu.

$$\omega = 1 - \frac{T}{T_{max}} \tag{6.1}$$

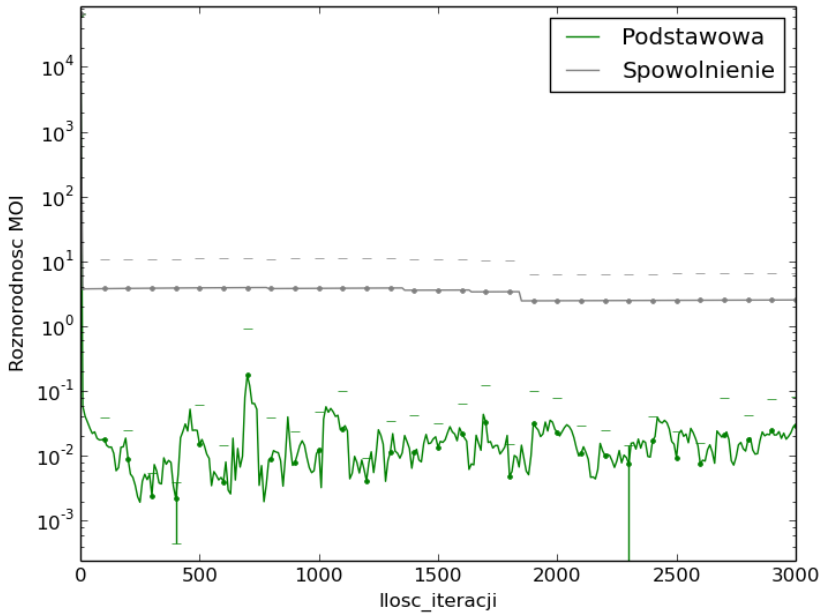
Wykresy 6.1, 6.2 i 6.3 obrazują różnice w wartości funkcji dopasowania oraz różnorodności opracowanych przez cząsteczki rozwiązań pomiędzy podstawową wersją algorytmu, a tą spowalniającą cząsteczki.



Rysunek 6.1: Porównanie dopasowania przy spowolnieniu cząsteczek



Rysunek 6.2: Porównanie różnorodności MSD przy spowolnieniu cząsteczek

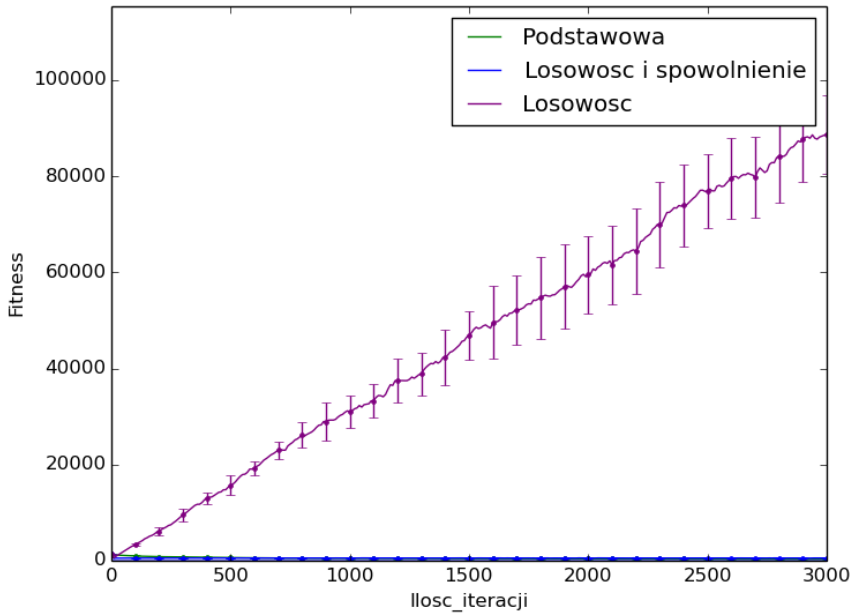


Rysunek 6.3: Porównanie różnorodności MOI przy spowolnieniu cząsteczek

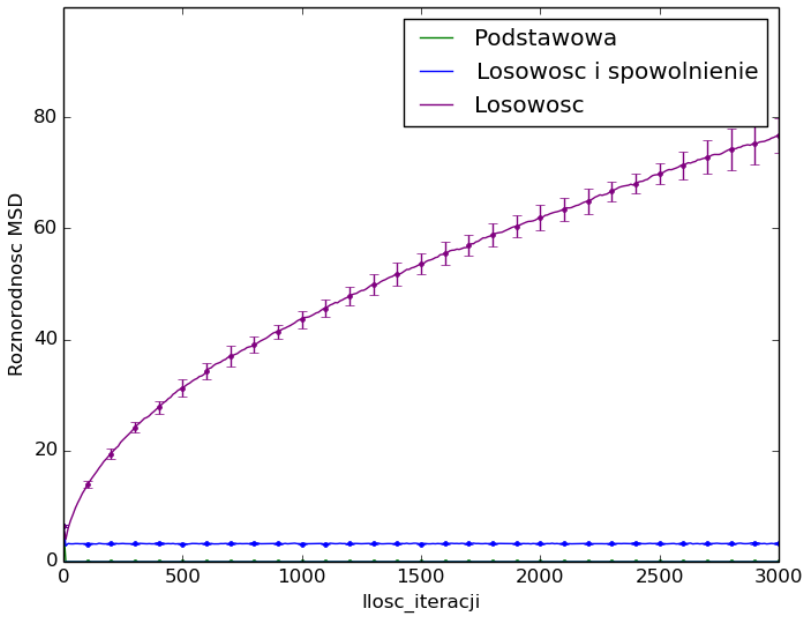
6.2. Dodanie losowego parametru

Innym potencjalnym sposobem polepszenia jakości algorytmu było dodanie losowego składowego wektora o ktory przemieściłaby się cząsteczka w przestrzeni rozwiązań. Wykresy 6.4, 6.5 i 6.6 obrazują jakość takiej modyfikacji.

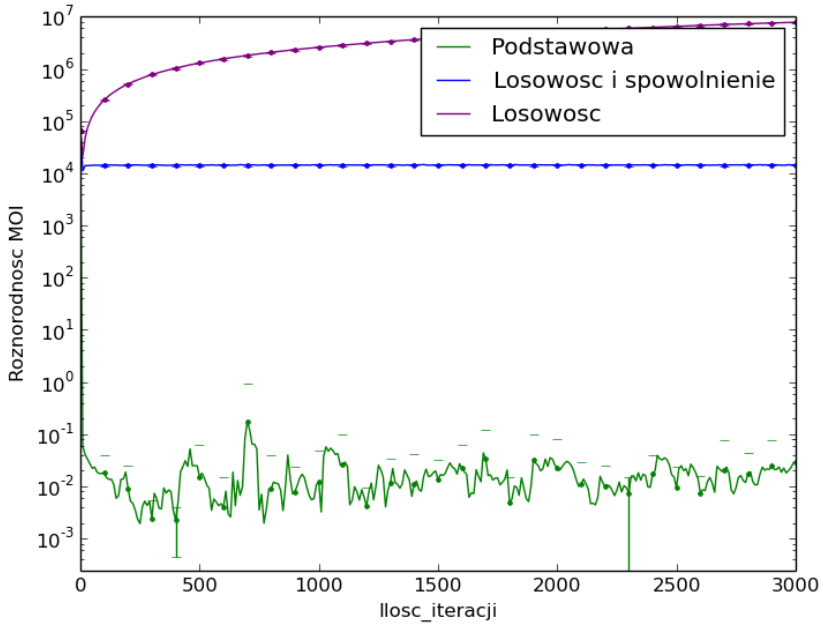
Jak widać na wykresie 6.4, dodanie przesunięcia o losowy wektor bez zastosowania spowalniania cząsteczek spowodowało znaczące pogarszanie się jakości rozwiązania wraz z postępem iteracji.



Rysunek 6.4: Porównanie dopasowania przy dodaniu losowego wektora



Rysunek 6.5: Porównanie różnorodności MSD przy dodaniu losowego wektora



Rysunek 6.6: Porównanie różnorodności MOI przy dodaniu losowego wektora

6.3. Dodanie wag dla parametrów

Ostatnią z modyfikacji było nadanie wszystkim parametrom wag w taki sposób, aby odzwierciedlić faktyczną ważność danego parametru względem przesuwania się cząsteczki po przestrzeni rozwiązań.

Rysunki 6.7, 6.8 i 6.9 obrazują dopasowanie i różnorodność cząsteczek w przypadku gdy dla wszystkich parametrów zostały nadane wagi oraz różnicę w zastosowaniu jednocześnie spowolnienia opisanego w rozdziale 6.1.

Podczas pracy nad algorytmem zostały badane eksperymentalnie różne wartości wag dla parametrów, w niniejszej pracy zostały przedstawione te, które dawały najlepsze wyniki.

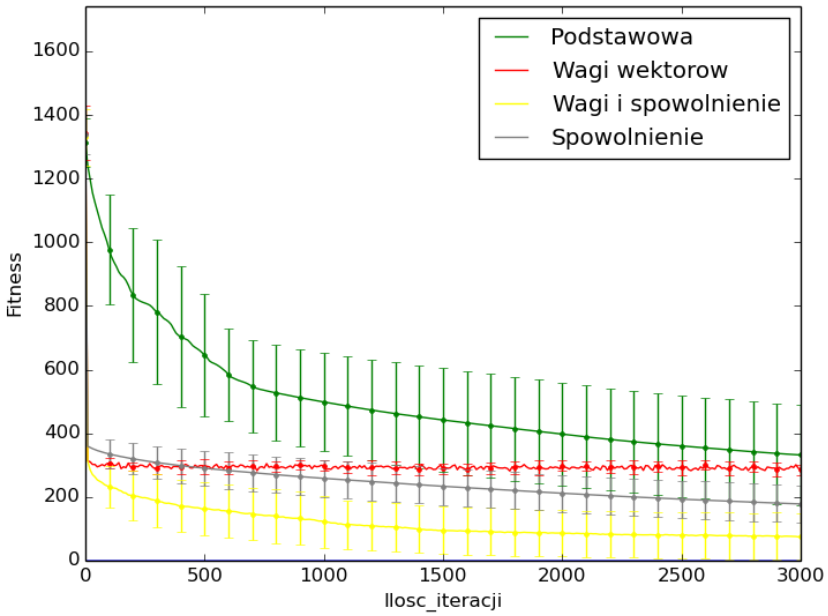
Poszczególnym parametrom zostały nadane następujące wagi:

– pozycja najlepszej cząsteczki z populacj: 0,4

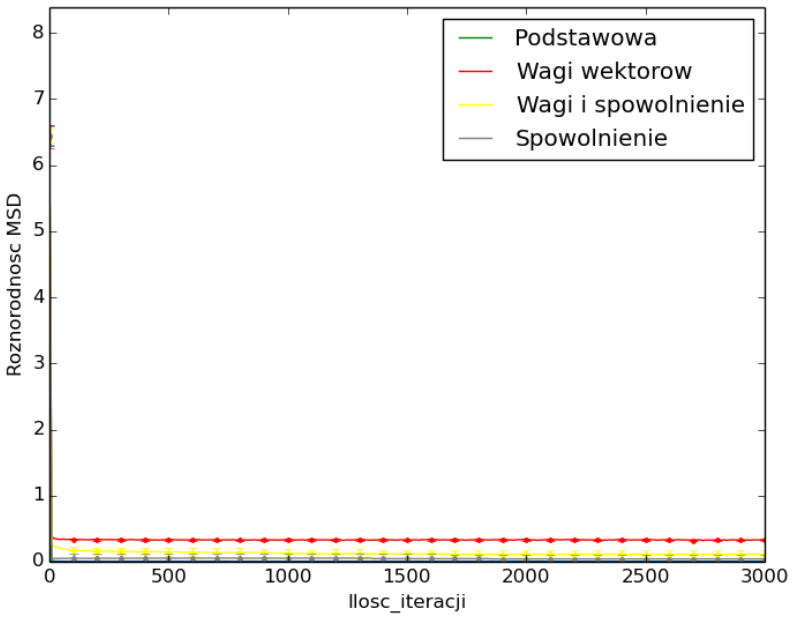
– historycznie najlepsza pozycja danej cząsteczki: 0,2

– poprzednia pozycja cząsteczki: 0,5

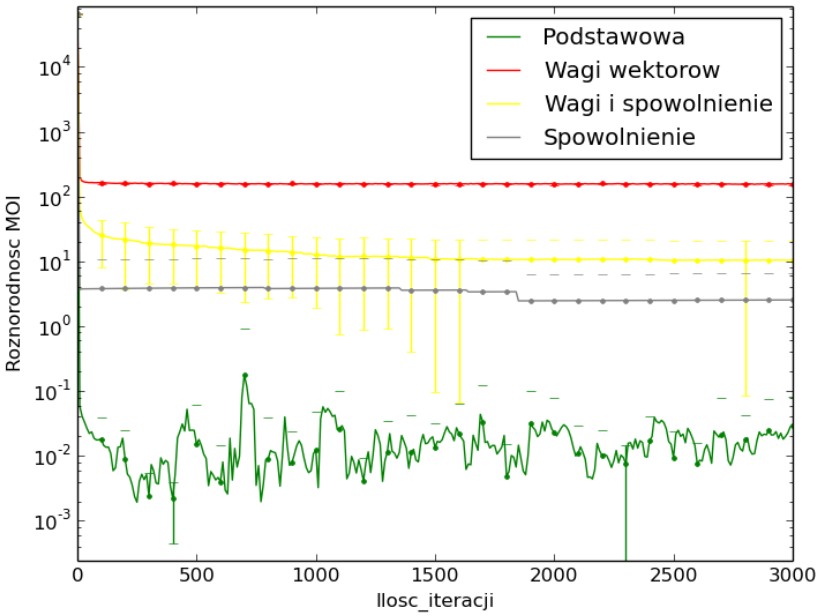
– losowy wektor: 0,1



Rysunek 6.7: Porównanie dopasowania przy dodaniu wag parametrom



Rysunek 6.8: Porównanie różnorodności MSD przy dodaniu wag parametrom



Rysunek 6.9: Porównanie różnorodności MOI przy dodaniu wag parametrom

6.4. Podsumowanie

Jak można zauważyć na wykresie 6.10, najlepsze dopasowanie zostało osiągnięte gdy zostały połączone ze sobą wszystkie trzy modyfikacje, czyli spowolnienie prędkości cząsteczek w czasie, dodanie losowego wektora oraz nadanie wag wszystkim parametrom.

Zastosowanie spowolnienia pozwoliło cząsteczkom na początkowe szybkie ale niedokładne przeszukiwanie przestrzeni rozwiązań. Wraz z postępem algorytmu ich wolniejsza prędkość przemieszczania pozwoliła na dokładniejsze przeszukiwania w momencie gdy rój znajdował się bliżej prawidłowego rozwiązania. Jednocześnie pozwoliło to cząsteczkom na uniknięcie "porzeskakiwania"prawidłowego rozwiązania, czyli omijania go w przypadku gdy były już bardzo blisko niego.

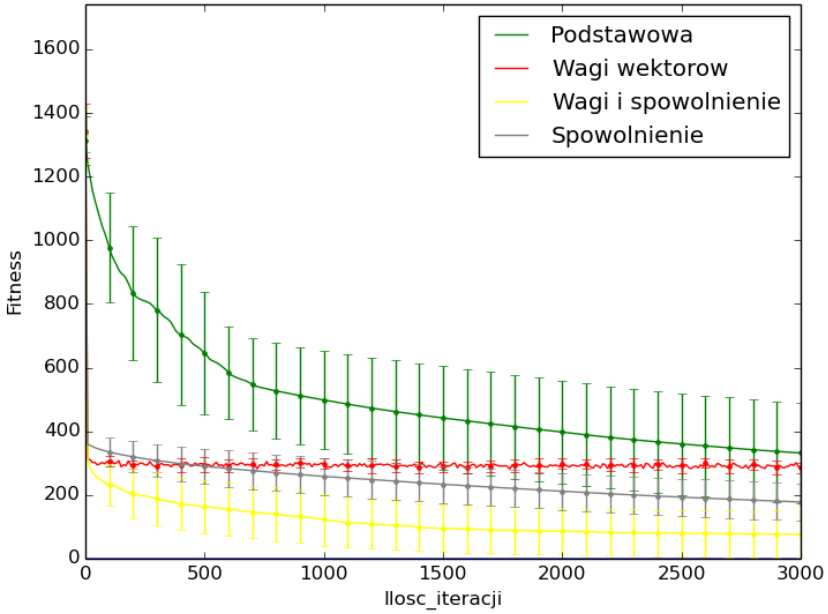
Wykorzystanie losowego wektora pozwoliło cząsteczkom na uniknięcie ryzyka pozostania w lokalnym ekstremum. Nadawany dodatkowy kierunek przemieszczenia wymuszał na części roju rozpoczęcie przeszukiwania innego fragmentu przestrzeni rozwiązań.

Nadanie wag parametrom rozwiązało problemy zobrazowane na wykresie 6.4, kiedy to losowy wektor zbyt mocno wpływał na ruch cząsteczki i nie pozwalał jej na znalezienie prawidłowego rozwiązania. Zwiększenie wagi najlepszej pozycji stada względem historycznie najlepszej danej cząsteczki pozwoliło na mocniejsze zgrupowanie roju. Jednoczesna wysoka waga poprzedniego ruchu pozwalała cząsteczce na przeszukiwania po własnej ścieżce, eliminując ryzyko zebrania się roju wokół jednego punktu.

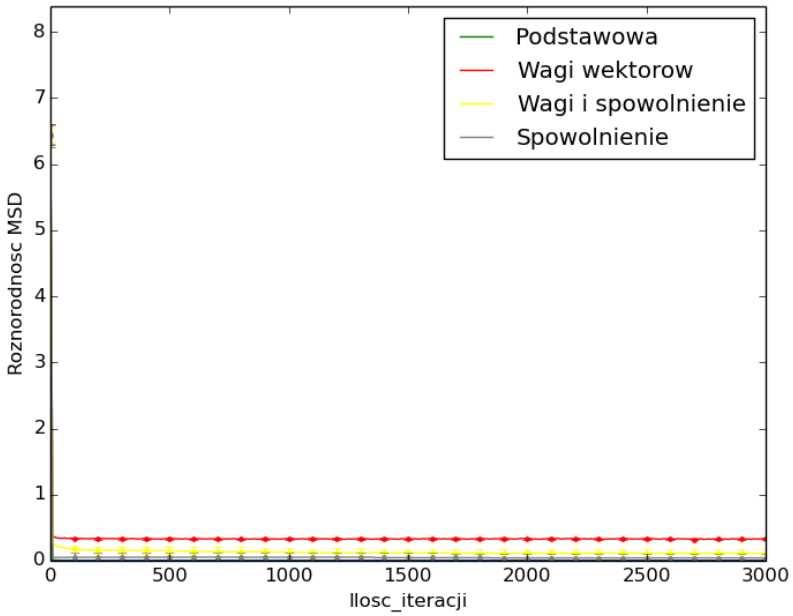
Wykresu 6.11, obrazujący różnorodność cząsteczek opartą o odchylenie standardowe, oraz 6.12, oparty na momencie bezwładności środka ciężkości układu punktów, obrazują najmniejszą różnorodność

cząsteczek w podstawowej wersji algorytmu. Nadawanie wag wektorom, bez jednoczesnego ich spowalniania spowodowało najwięszką różnorodność, co jest wynikiem najmniejszej szansy na grupowanie się cząsteczek. Większość analizowanych algorytmów, wraz z postępem iteracji utrzymuje różnorodność na stałym poziomie, wynika to z faktu scalenia roju od losowego położenia i następnie przemieszczania się już wspólnie.

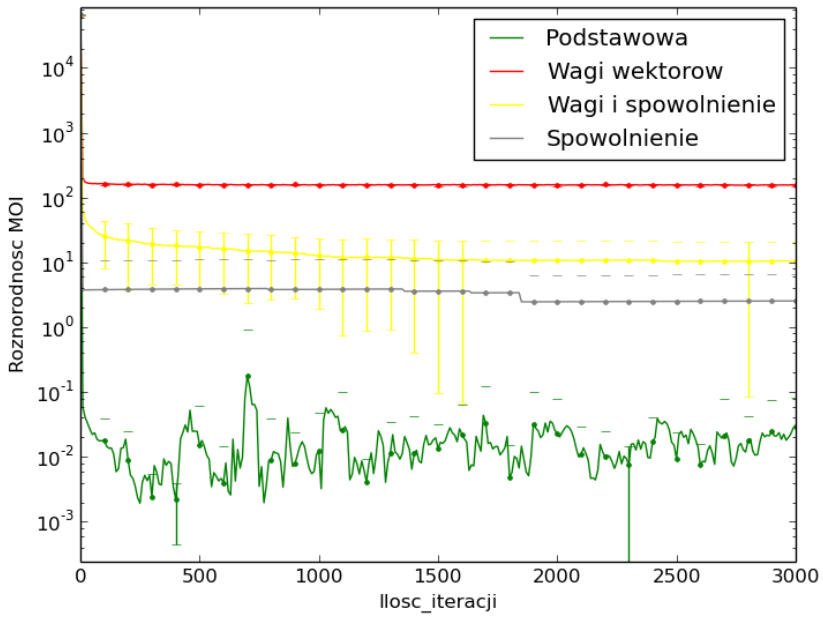
Analizując czasy wykonanania poszczególnych konfiguracji, zobrazowane na wykresie 6.13 można zauważyć, że wraz z dokładaniem kolejnych składowych algorytmu czas ich wykonywania rośnie. Różnica między najszybciej wykonującą się konfiguracją, podstawową, a najdłużej wykonującą się, z dodanym losowym wektorem, wagami parametrów i zmianą prędkości wynosi jedynie niecałe trzy sekundy, co stanowi około 7%. Jednocześnie różnica w jakości rozwiązania jest prawie dwukrotna, na korzyść wolniejszego z nich.



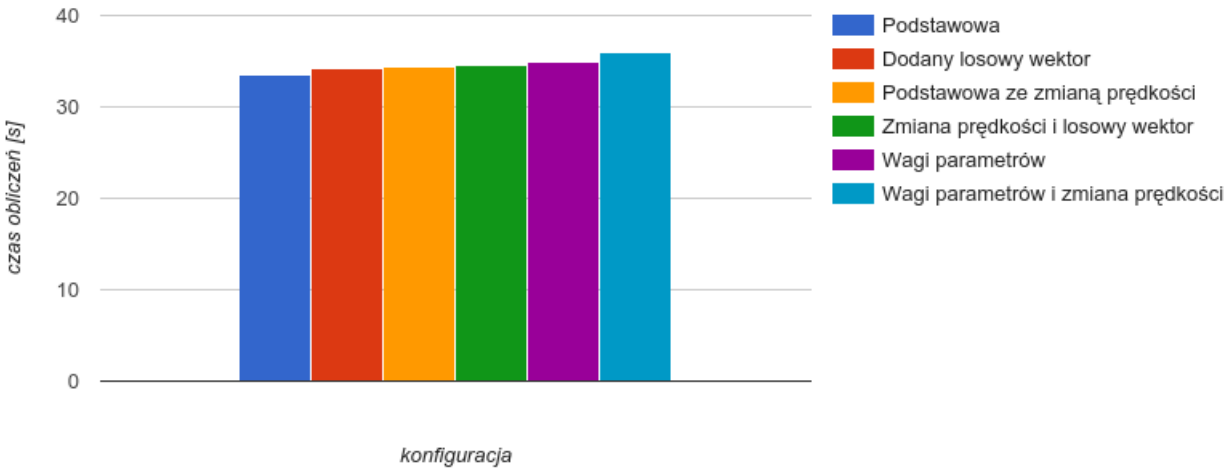
Rysunek 6.10: Porównanie dopasowania najlepszych konfiguracji



Rysunek 6.11: Porównanie różnorodności MSD najlepszych konfiguracji



Rysunek 6.12: Porównanie różnorodności MOI najlepszych konfiguracji

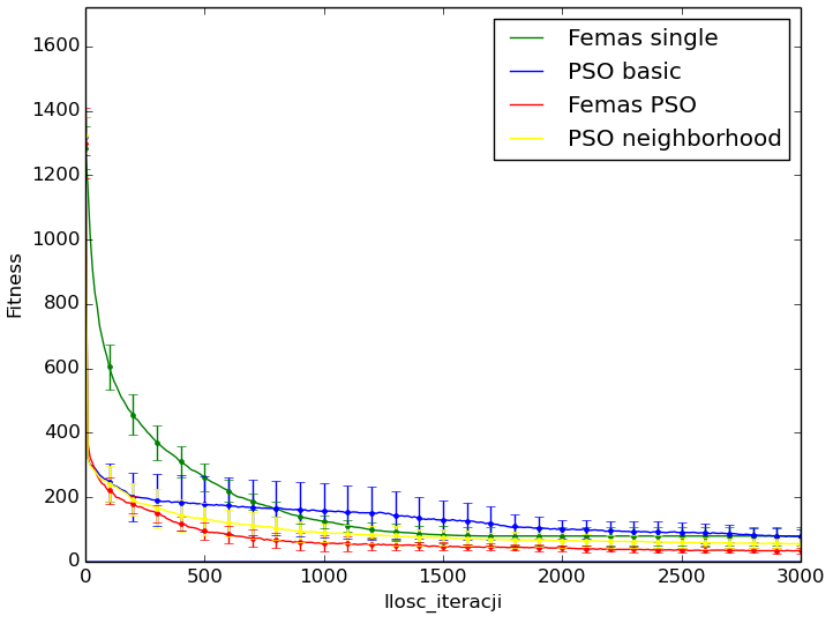


Rysunek 6.13: Porównanie czasu wykonania dla każdej konfiguracji

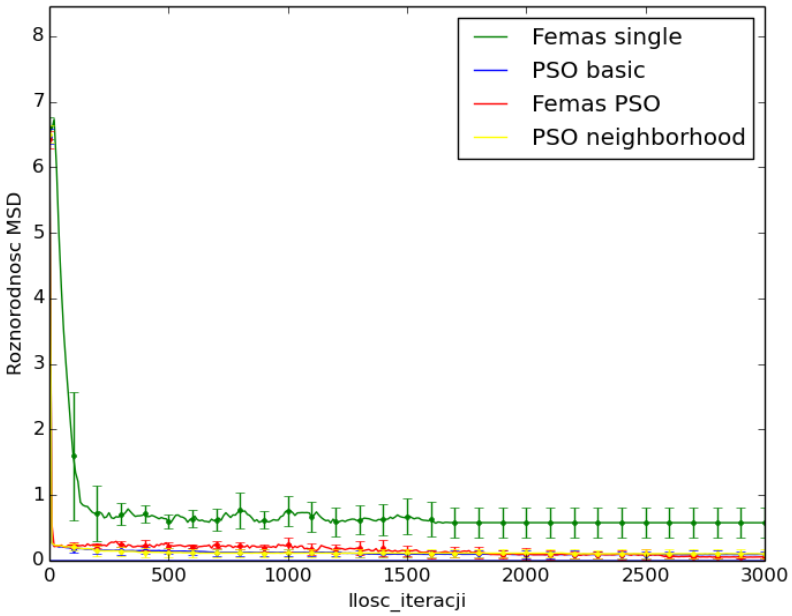
7. Porównanie algorytmów genetycznego i PSO

tutaj będą te wszystkie wykresy które do tej pory konsultowaliśmy, i wszystkie ich opisy itp. tutaj juz beda tylko takie pso(pso, pso+sasiedztwo, pso+wyspy) ktore w poprzednim rozdziale bylo jako najlepsze

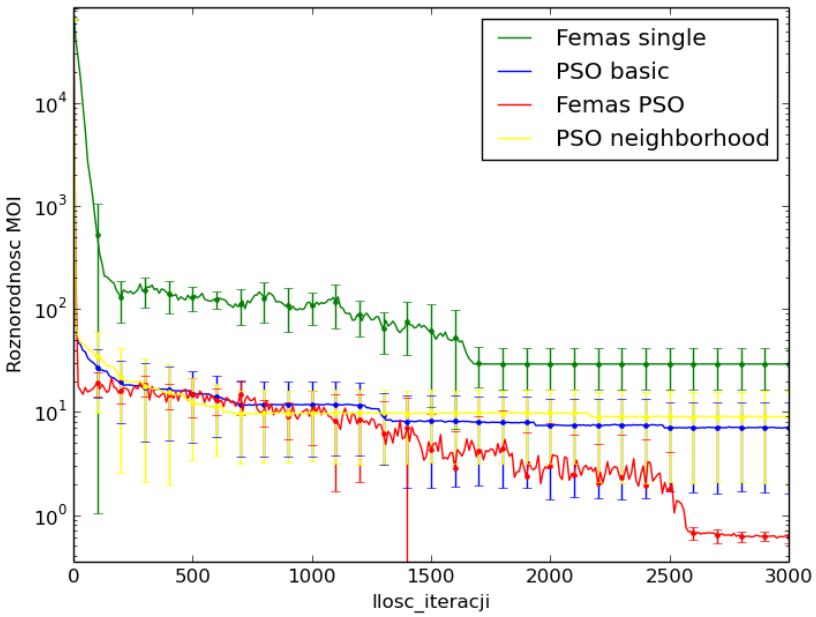
7.1. Jedna wyspa obliczeniowa



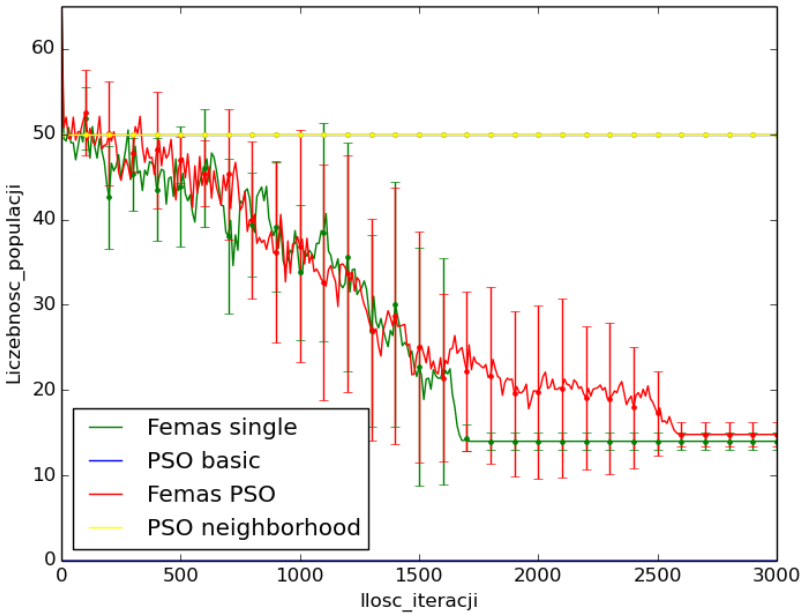
Rysunek 7.1: Porównanie dopasowania przy jednej wyspie



Rysunek 7.2: Porównanie różnorodności MSD przy jednej wyspie

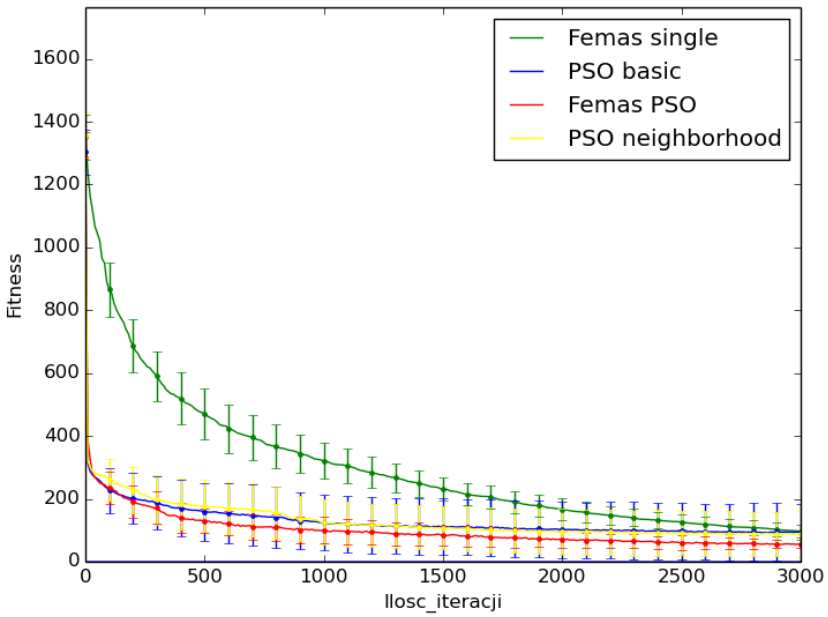


Rysunek 7.3: Porównanie różnorodności MOI przy jednej wyspie

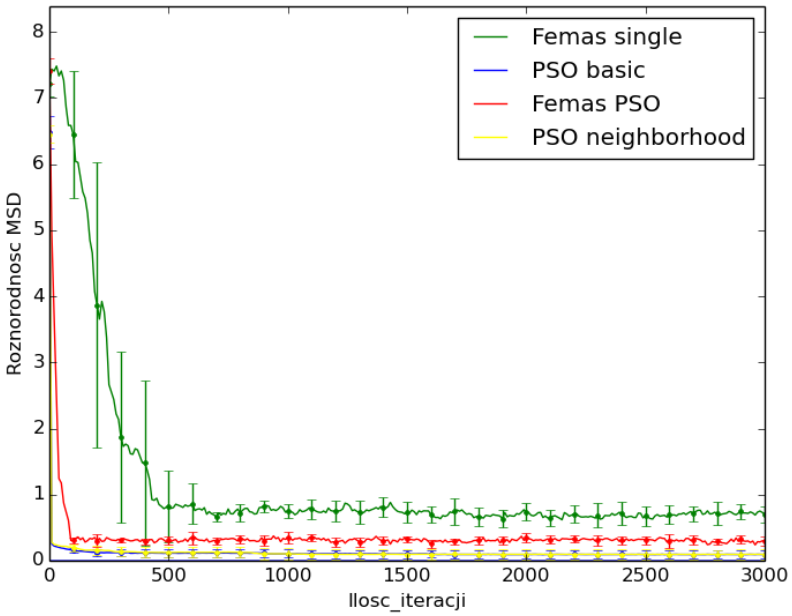


Rysunek 7.4: Porównanie liczebności przy jednej wyspie

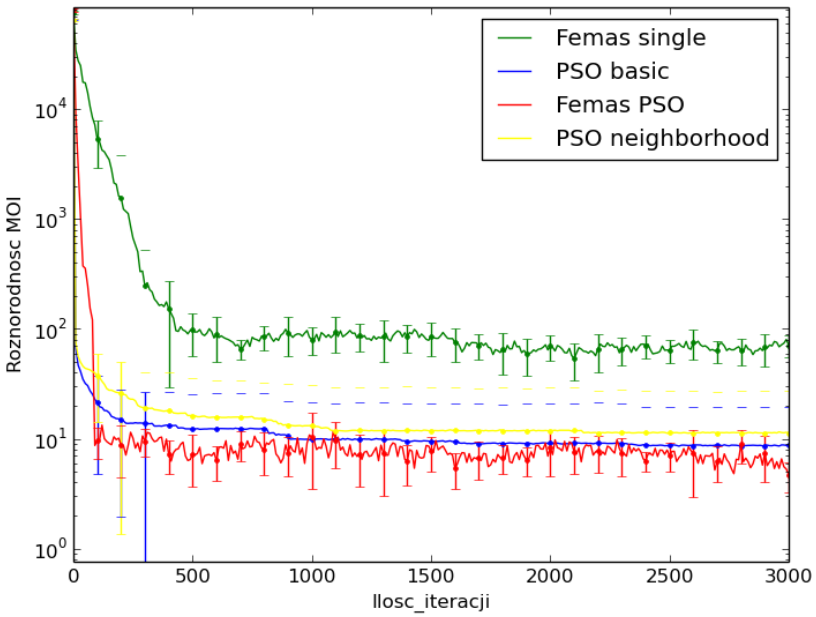
7.2. Trzy wyspy obliczeniowe



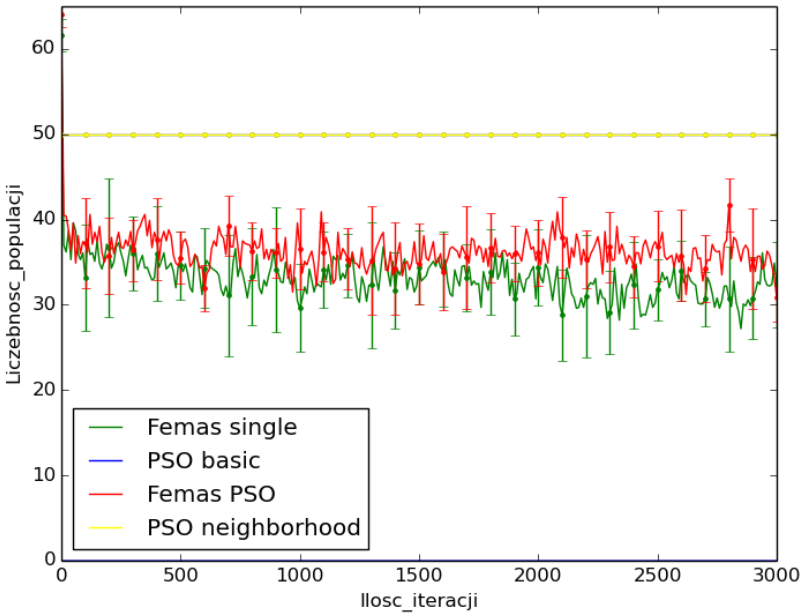
Rysunek 7.5: Porównanie dopasowania przy trzech wyspach



Rysunek 7.6: Porównanie różnorodności MSD przy trzech wyspach

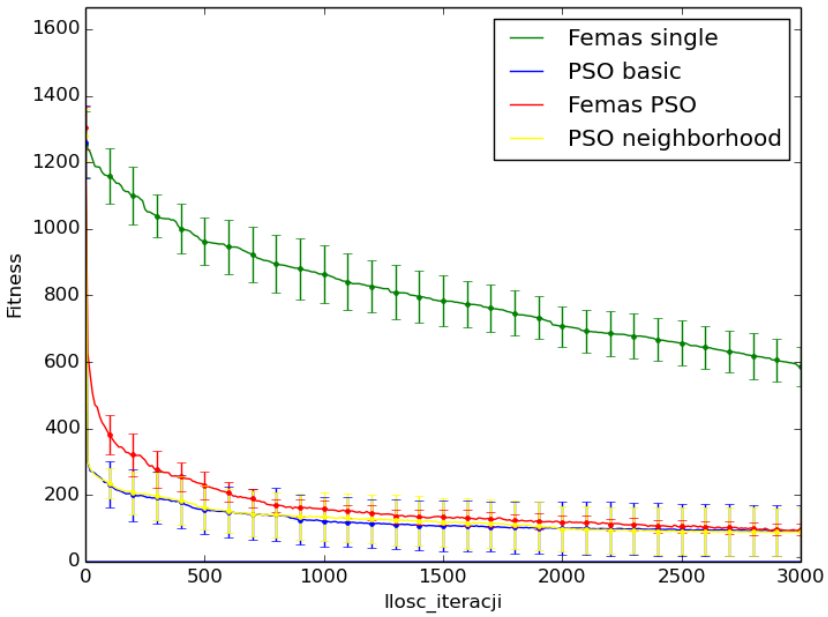


Rysunek 7.7: Porównanie różnorodności MOI przy trzech wyspach

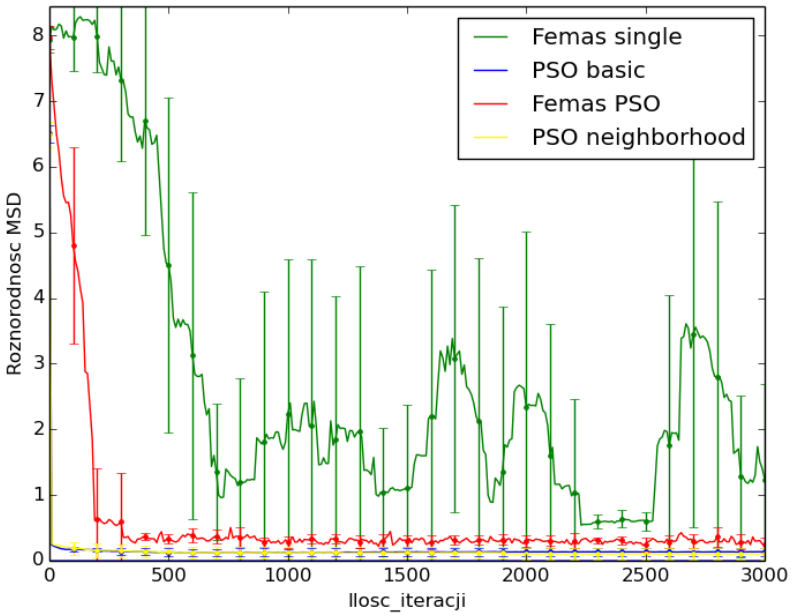


Rysunek 7.8: Porównanie liczebności przy trzech wyspach

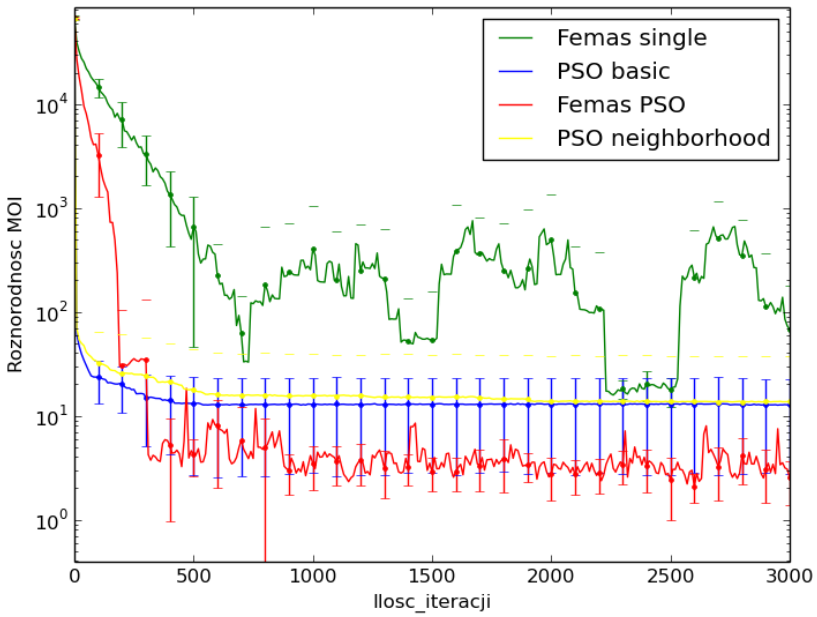
7.3. Sześć wysp obliczeniowych



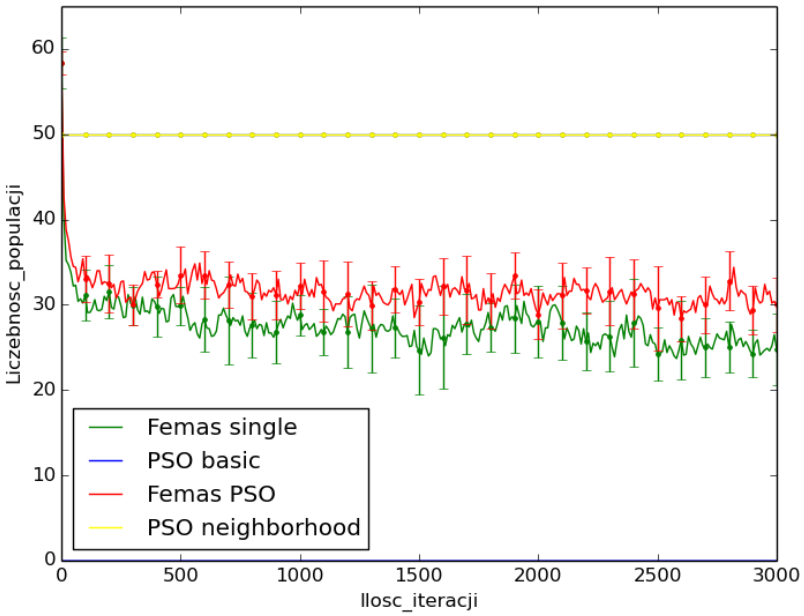
Rysunek 7.9: Porównanie dopasowania przy sześciu wyspach



Rysunek 7.10: Porównanie różnorodności MSD przy sześciu wyspach

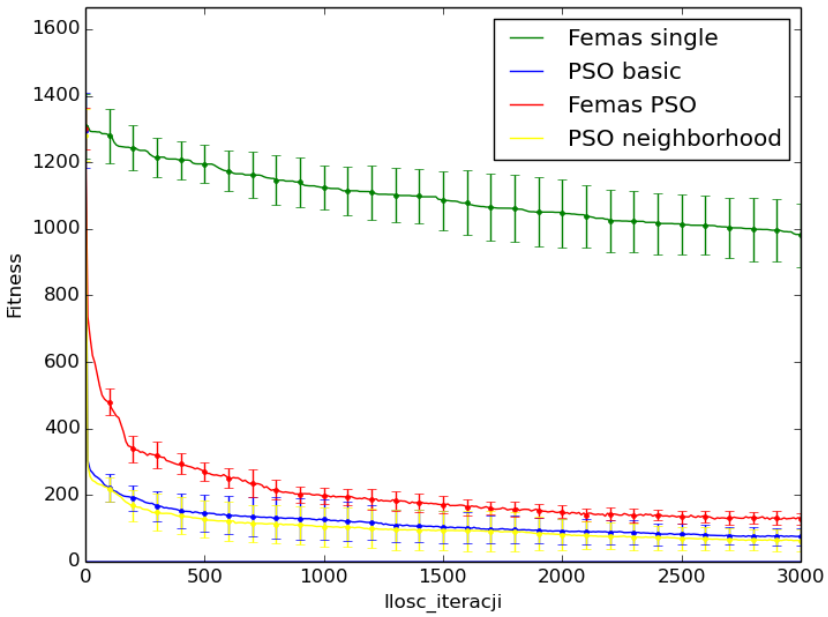


Rysunek 7.11: Porównanie różnorodności MOI przy sześciu wyspach

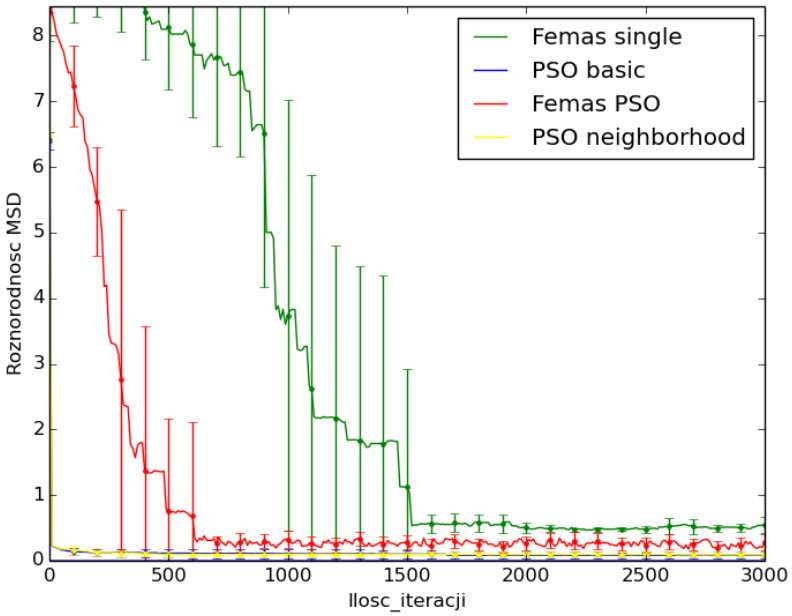


Rysunek 7.12: Porównanie liczebności przy sześciu wyspach

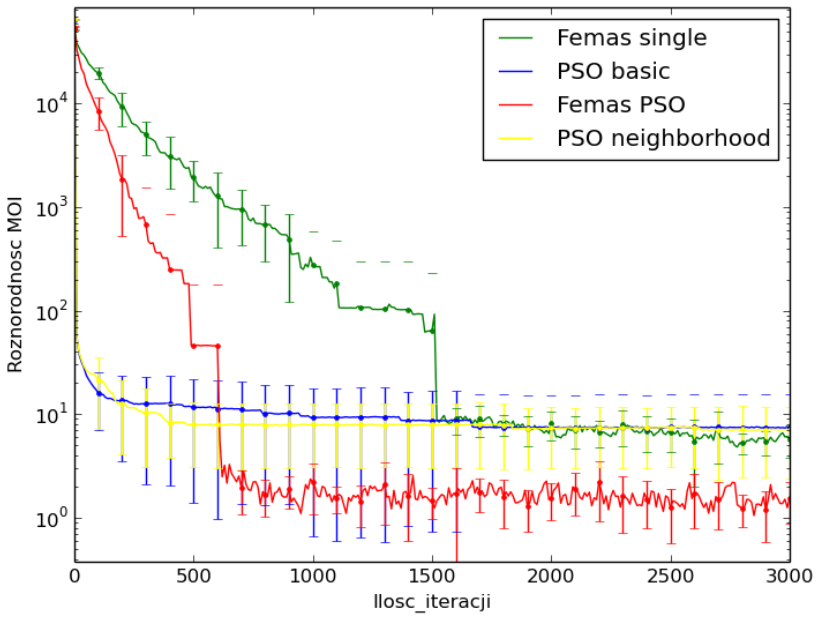
7.4. Dziewięć wysp obliczeniowych



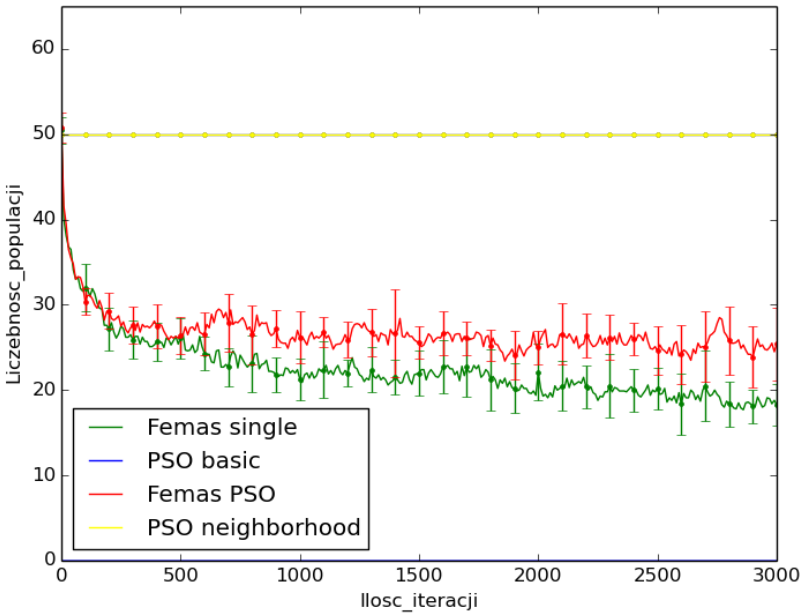
Rysunek 7.13: Porównanie dopasowania przy dziewięciu wyspach



Rysunek 7.14: Porównanie różnorodności MSD przy dziewięciu wyspach

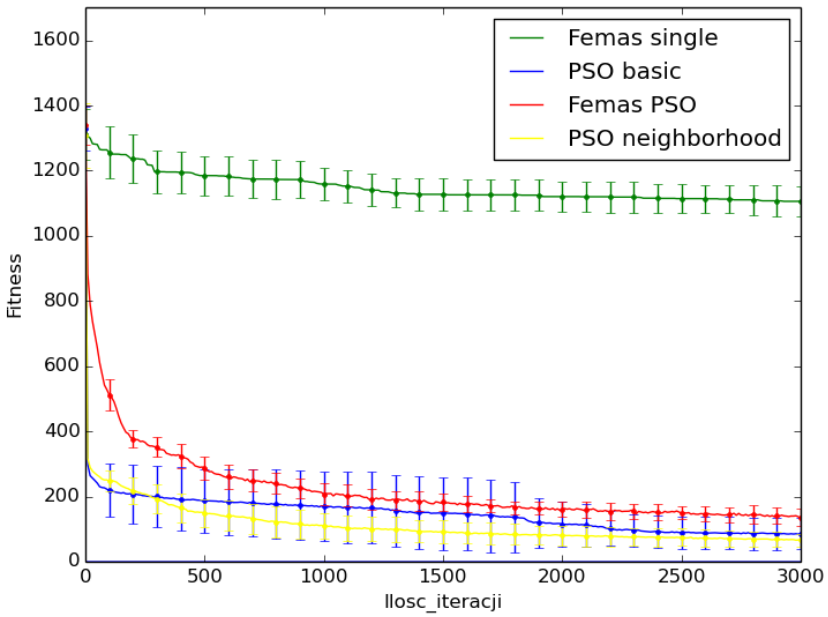


Rysunek 7.15: Porównanie różnorodności MOI przy dziewięciu wyspach

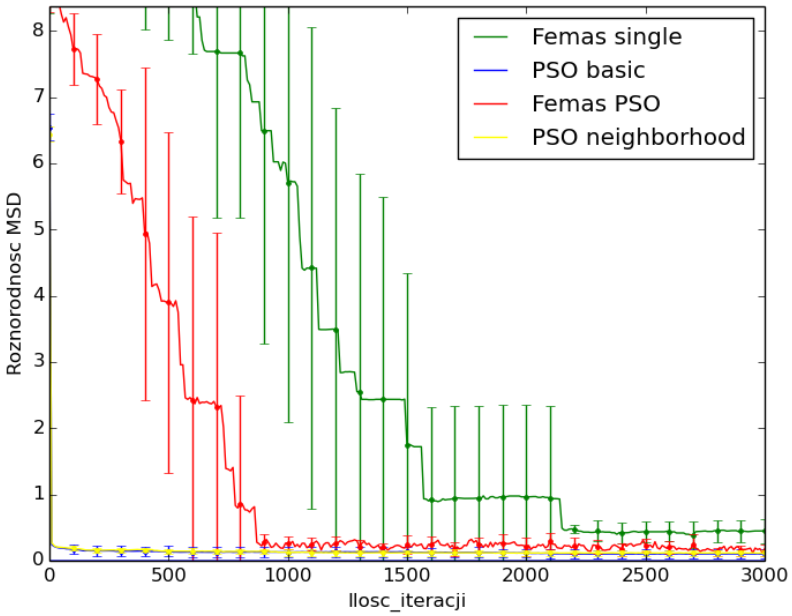


Rysunek 7.16: Porównanie liczebności przy dziewięciu wyspach

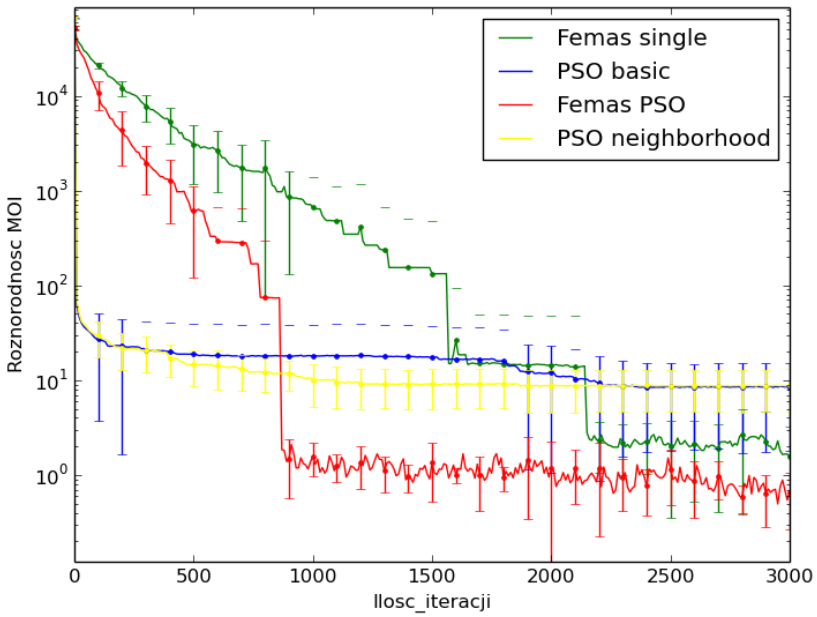
7.5. Dwanaście wysp obliczeniowych



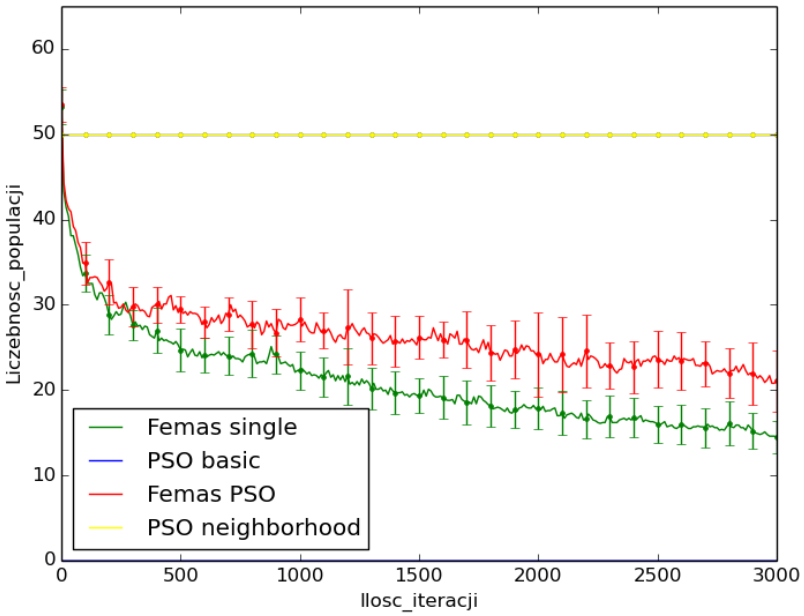
Rysunek 7.17: Porównanie dopasowania przy dwunastu wyspach



Rysunek 7.18: Porównanie różnorodności MSD przy dwunastu wyspach

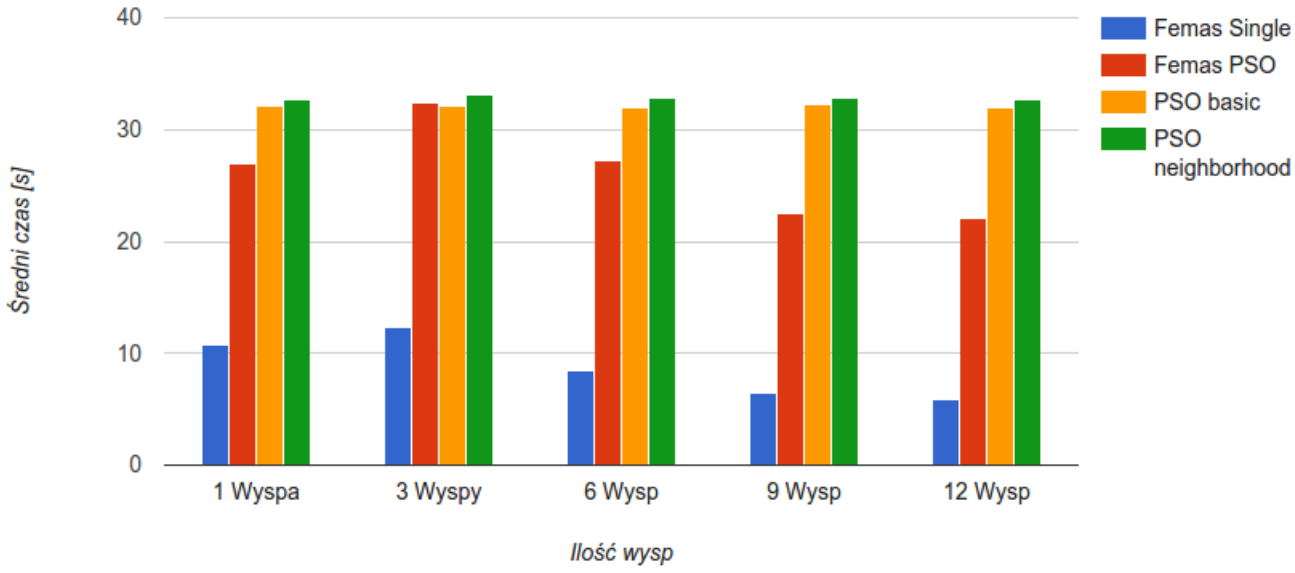


Rysunek 7.19: Porównanie różnorodności MOI przy dwunastu wyspach



Rysunek 7.20: Porównanie liczebności przy dwunastu wyspach

7.6. Porównanie czasu działania - poprawic z nowymi danymi



Rysunek 7.21: Porównanie czasu obliczeń

8. Podsumowanie

Rozdzial podsumowywujący wszystkie wyniki razem z jakims ogolnym komentarzem

8.1. zalety pso wzgledem emas

8.2. mozliwy rozwoj

Bibliografia

[1] C. W. Reynolds *Flocks, Herds, and Schools: A Distributed Behavioral Model*. Computer Graphics, 21(4), Lipiec 1987, str. 25-34

[2] G. Beni, J. Wang *Swarm Intelligence in Cellular Robotic Systems*. NATO Advanced Workshop on Robots and Biological Systems, Włochy, Lipiec 1989

[3] J. Kennedy, R. Eberhart *Particle Swarm Optimization*. Proceedings of IEEE International Conference on Neural Networks IV, 1995, str. 1942–1948

[4] D. Karaboga *An Idea Based On Honey Bee Swarm for Numerical Optimization*. Technical Report-TR06, Erciyes University, Engineering Faculty, Computer Engineering Department, Turcja, 2005

[5] D.T. Pham, A. Ghanbarzadeh, E. Koç, S. Otri , S. Rahim , M. Zaidi *The Bees Algorithm – A Novel Tool for Complex Optimisation Problems*. Technical Note, Manufacturing Engineering Centre, Cardiff University, Wielka Brytania, 2005

[6] X Hu, J Zhang, and Y Li *Orthogonal methods based ant colony search for solving continuous optimization problems*. Journal of Computer Science and Technology, Springer, Styczeń 2008, str. 2-28

[7] M. Dorigo, L.M. Gambardella *Ant Colony System : A Cooperative Learning Approach to the Traveling Salesman Problem*. IEEE Transactions on Evolutionary Computation, 1997, str. 53-66

[8] S. Mirjalili *The Ant Lion Optimizer*. Advances in Engineering Software 83, 2015, str. 80–98.

[9] P.N. Suganthan *Particle swarm optimiser with neighbourhood operator*. Evolutionary Computation, IEEE, Washington, 1999

[10] M. Clerc *Standard Particle Swarm Optimisation*. HAL open access archive, 2012

[11] Y. Shi, R.C. Eberhart *Parameter selection in particle swarm optimization*. Evolutionary Computation, IEEE, Washington, 1999 Proceedings of Evolutionary Programming VII (EP98), 1998

[12] R.C. Eberhart, Y. Shi *Comparing inertia weights and constriction factors in particle swarm optimization*. Proceedings of the Congress on Evolutionary Computation 1, 2000

[13] G.E.P. Box *Evolutionary operation: A method for increasing industrial productivity*. Appl. Statistics, vol. VI, no.2, 1957, str. 81–101

[14] J. H. Holland *Adaptation in Natural and Artificial Systems*. University of Michigan Press, Ann Arbor, 1975

[15] A. Byrski, R. Dreżewski, M. Kisiel-Dorohinicki, L. Siwik *Evolutionary Multi-Agent Systems*. AGH University of Science and Technology, 2012
`https://age.iisg.agh.edu.pl/emas/emas.html`.

[16] K. Cetnarowicz, M. Kisiel-Dorohinicki, E. Nawarecki *The application of evolution process in multi-agent world (MAW) to the prediction system*. M. Tokoro, editor, Proc. of the 2nd Int. Conf. on Multi-Agent Systems (ICMAS'96). AAAI Press, 1996

[17] A. Byrski, R. Drezewski, L. Siwik, M. Kisiel-Dorohinicki *Evolutionary multiagent systems*. The Knowledge Engineering Review, 2013

[18] M. Kisiel-Dorohinicki *Agent-oriented model of simulated evolution*. In William I. Grosky and Frantisek Plasil, editors, SofSem 2002: Theory and Practice of Informatics, volume 2540 of LNCS. Springer-Verlag, 2002.

[19] Wikimedia Commons *Rastrigin function*.
`http://commons.wikimedia.org/wiki/File:Rastrigin function.png`.

[20] M. Kisiel-Dorohinicki *Agentowe architektury populacyjnych systemów inteligencji obliczeniowej*. Rozprawy monograficzne 269, Wydawnictwo AGH, Kraków, 2013

[21] S. Franklin, A. Graesser *Is it an agent or just a program?: A taxonomy for antonomous agents.*. Intelligent Agents III vol. 1193, LNAI. Springer-Verlag, 1997

[22] M. Wooldridge *Agent-based Software Engineering.*. IEEE Trans. on Software Engineering, vol. 144, no. 1, 1997

[23] M. Kaziród, W. Korczynski, A. Byrski. *Agent-oriented computing platform in python.*. Web Intelligence (WI) and Intelligent Agent Technologies (IAT), 2014 IEEE/WIC/ACM International Joint Conferences on, vol. 3, pages 365-372. IEEE, 2014