

WAE
Jarosław Arabas
Ewolucja różnicowa
Rój cząstek
EDA

Ewolucja różnicowa

algorytm differential evolution

inicjuj $P^0 \leftarrow \{P_1^0, P_2^0 \dots P_\mu^0\}$

$H \leftarrow P^0$

$t \leftarrow 0$

while ! stop

for ($i \in 1:\mu$)

$P_j^t \leftarrow \text{select}(P^t)$

$P_k^t, P_l^t \leftarrow \text{sample}(P^t)$

$M_i^t \leftarrow P_j^t + F(P_k^t - P_l^t)$

$O_i^t \leftarrow \text{crossover}(P_i^t, M_i^t)$

$H \leftarrow H \cup \{O_i^t\}$

$P_i^{t+1} \leftarrow \text{tournament}(P_i^t, O_i^t)$

$t \leftarrow t + 1$

sample jest procesem wyboru pary punktów z jednakowym p-stwem

crossover jest operacją krzyżowania wymieniającego

Typy ewolucji różnicowej - klasyka

- Typ selekcji
 - wybór losowego (rand)
 - wybór najlepszego w populacji (best)
- Typ krzyżowania
 - dwumianowe (bin)
 - wykładnicze (exp)
- Liczba par różnicowanych punktów – 1 albo 2
- Konwencja oznaczeń: DE/rand/1/bin

Typy krzyżowania

procedure binomial crossover

arguments : x , y

for ($i \in 1:n$)

if $a < c_r$

$z_i \leftarrow y_i$

else

$z_i \leftarrow x_i$

return z

procedure exponential crossover

arguments : x , y

$i \leftarrow 1$

while ($i \leq n$)

if $a < c_r$

$z_i \leftarrow y_i$

else break

while ($i \leq n$)

$z_i \leftarrow x_i$

return z

a jest zmienną losową o rozkładzie jednostajnym w $(0,1)$

c_r jest parametrem

Krzyżowanie wykładnicze a jednopunktowe

0.0759	0.062	-1.893	0.053
--------	-------	--------	-------

Rodzic 1

1	1	1	0
---	---	---	---

wagi

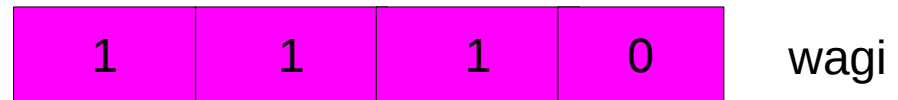
0.328	0.631	-0.299	0.194
-------	-------	--------	-------

Rodzic 2

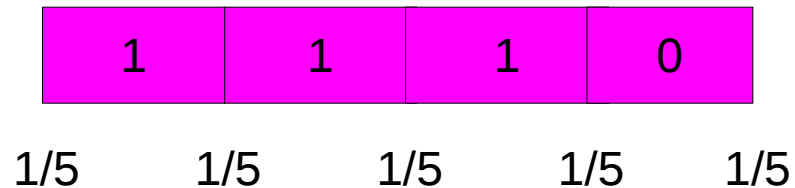
0.328	0.631	-0.299	0.053
-------	-------	--------	-------

Potomek

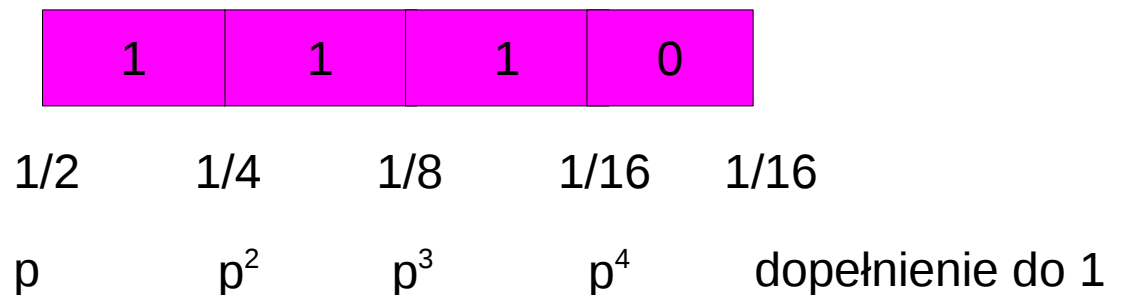
Krzyżowanie wykładnicze a jednopunktowe



W krzyżowaniu **jednopunktowym** rozkład prawdopodobieństwa pojawienia się przejścia między jedyką a zerem jest rozkładem **jednostajnym**



W krzyżowaniu wykładniczym rozkład ten jest rozkładem (prawie) wykładniczym



Krzyżowanie równomierne a dwumianowe

0.0759	0.062	-1.893	0.053
--------	-------	--------	-------

Rodzic 1

0	1	1	0
---	---	---	---

wagi

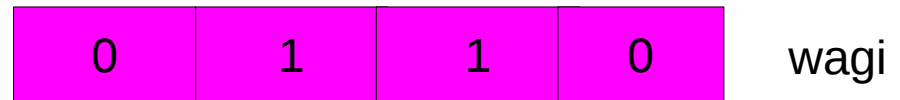
0.328	0.631	-0.299	0.194
-------	-------	--------	-------

Rodzic 2

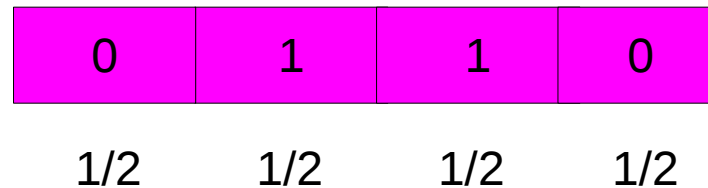
0.0759	0.631	-0.299	0.053
--------	-------	--------	-------

Potomek

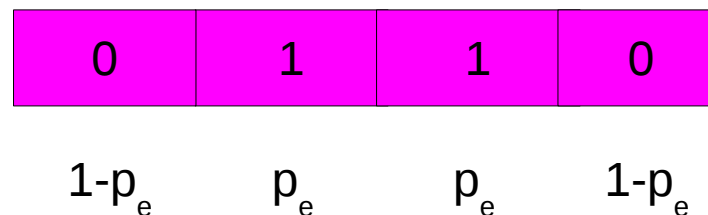
Krzyżowanie równomierne a dwumianowe



W krzyżowaniu **równomiernym** prawdopodobieństwo pojawienia się jedynek i zera na każdej pozycji jest równe $1/2$

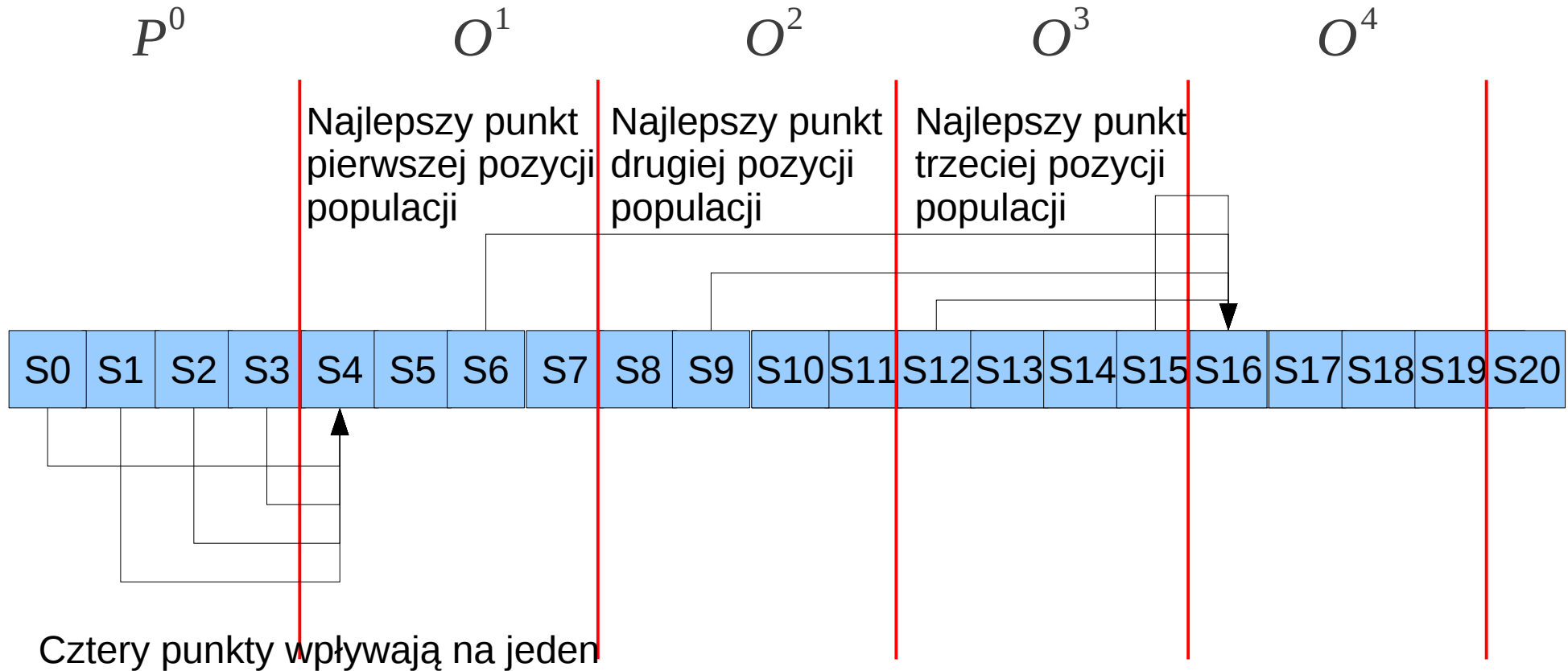


W krzyżowaniu **dwumianowym** te p-stwa są różne

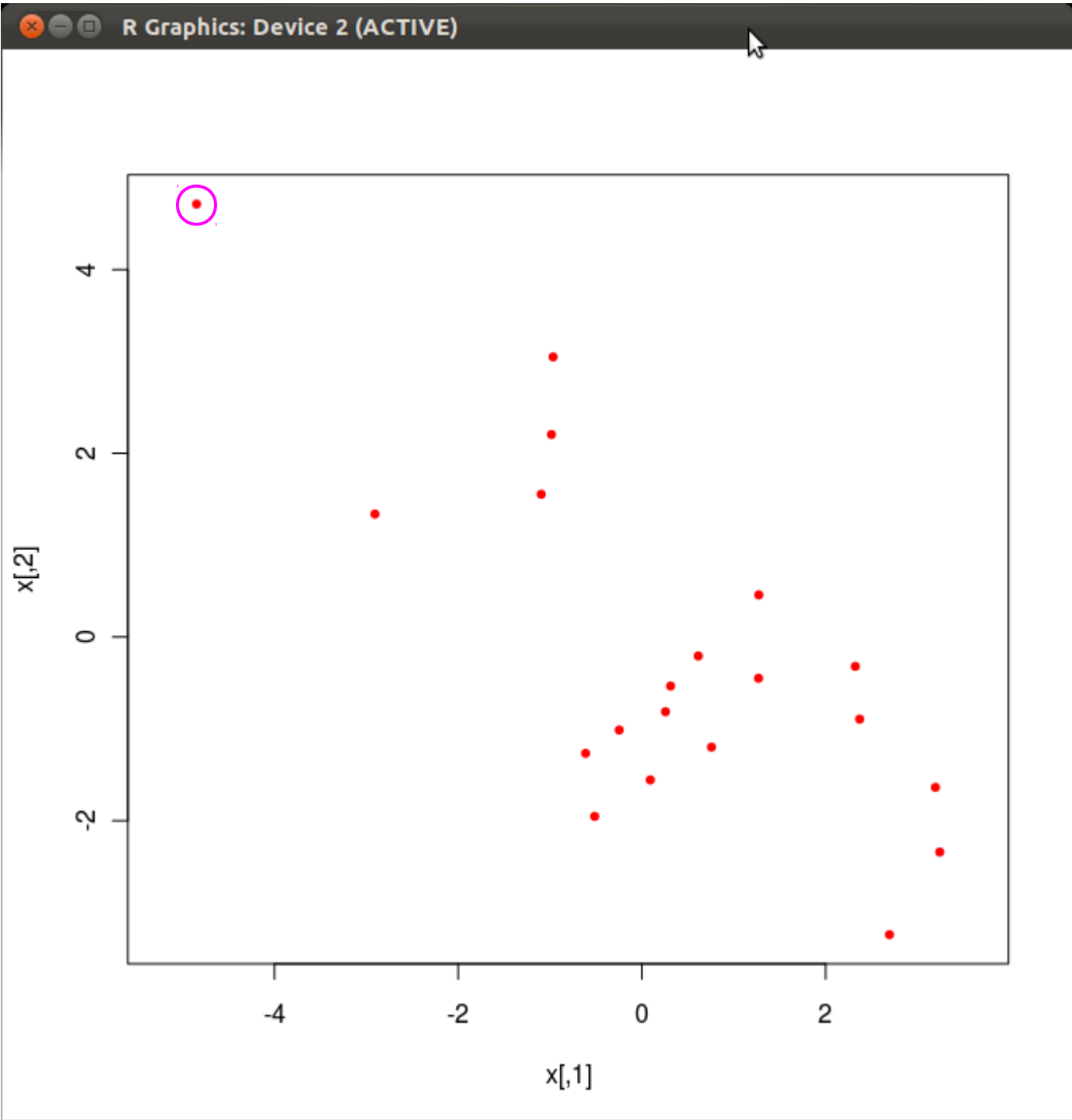


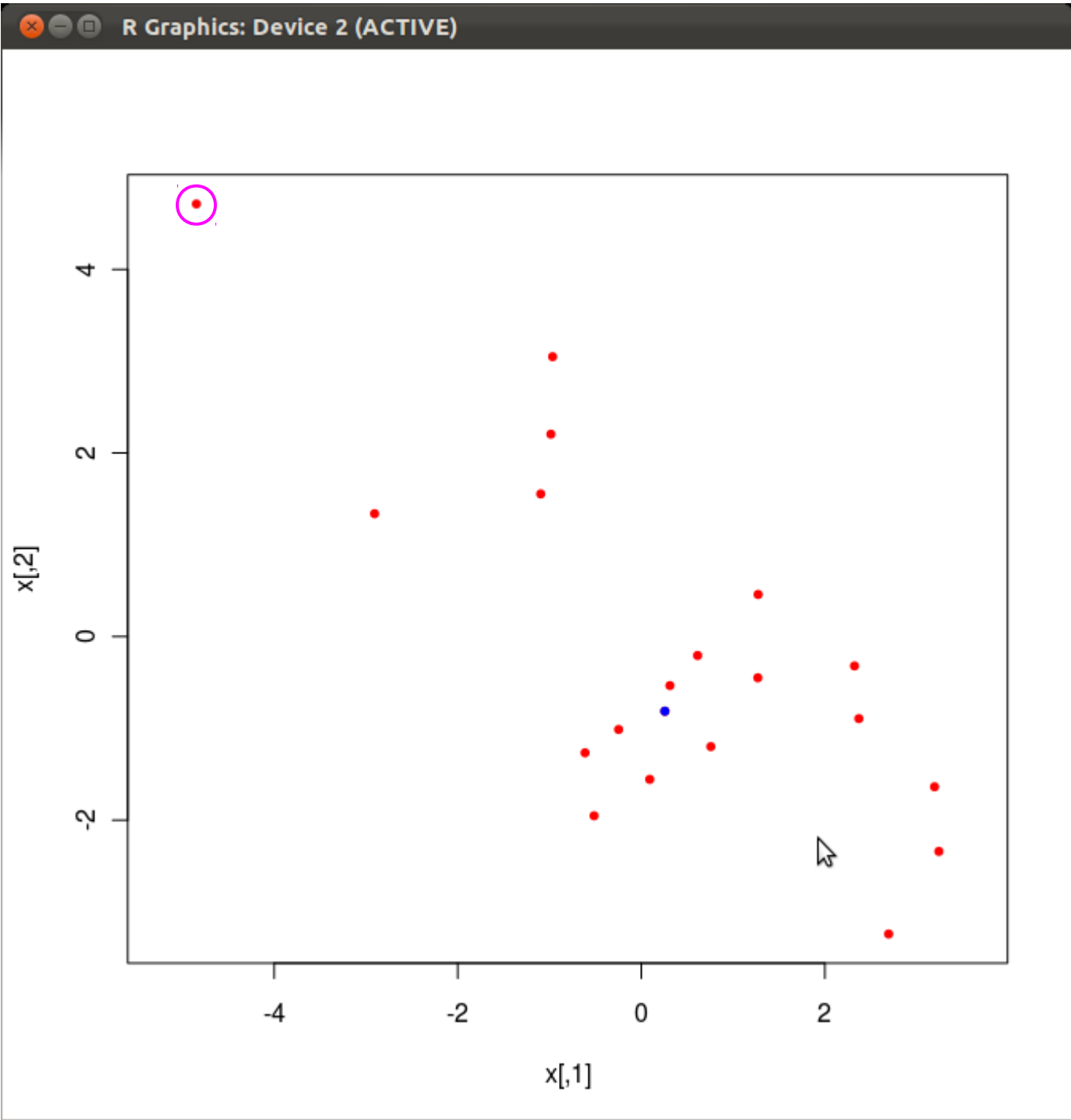
W obu przypadkach, rozkład p-stwa pojawienia się k jedynek i n-k zer jest rozkładem Bernoulliego (wg angielskiej nomenklatury dwumianowym)

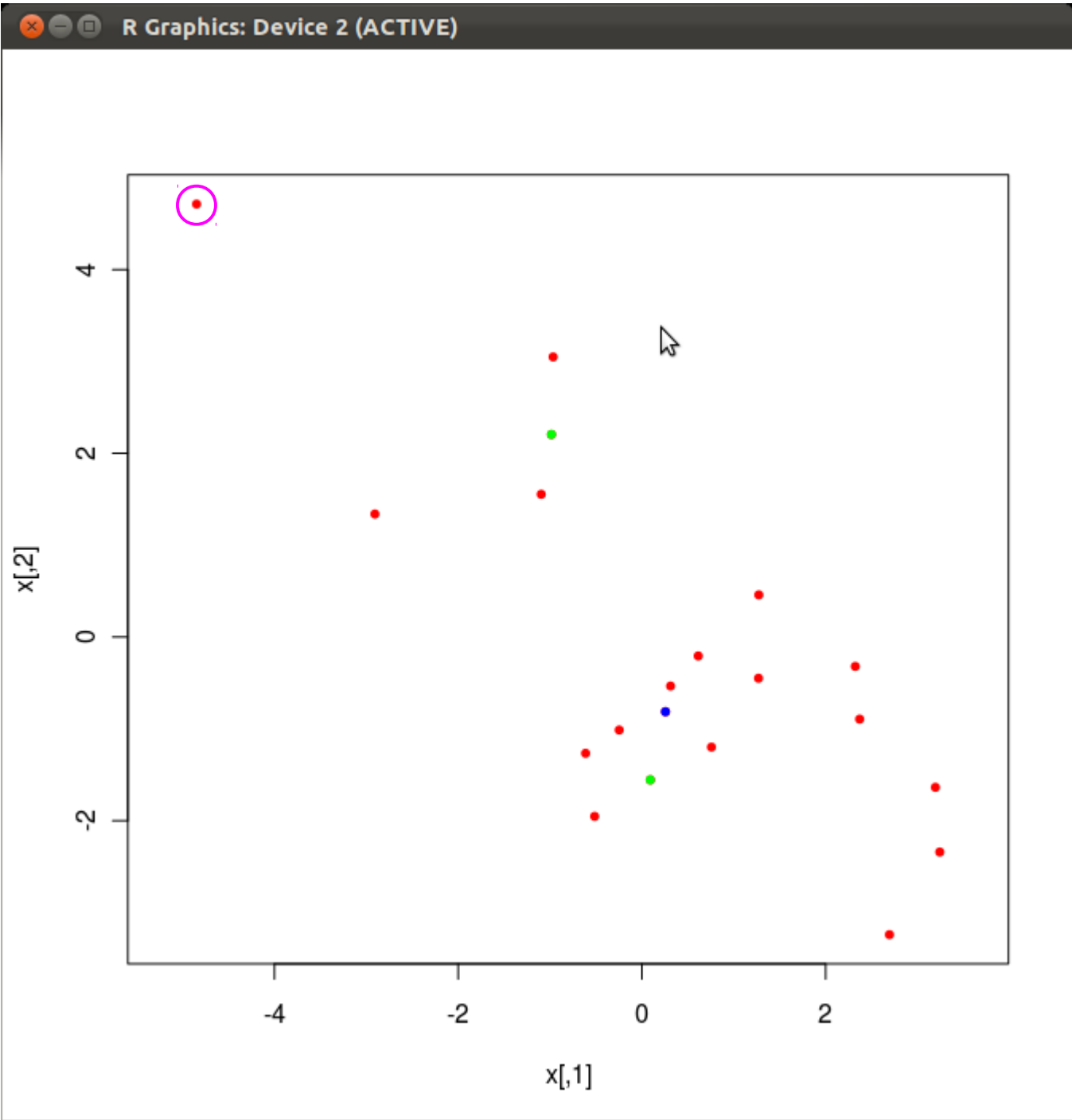
DE/rand/1/bin

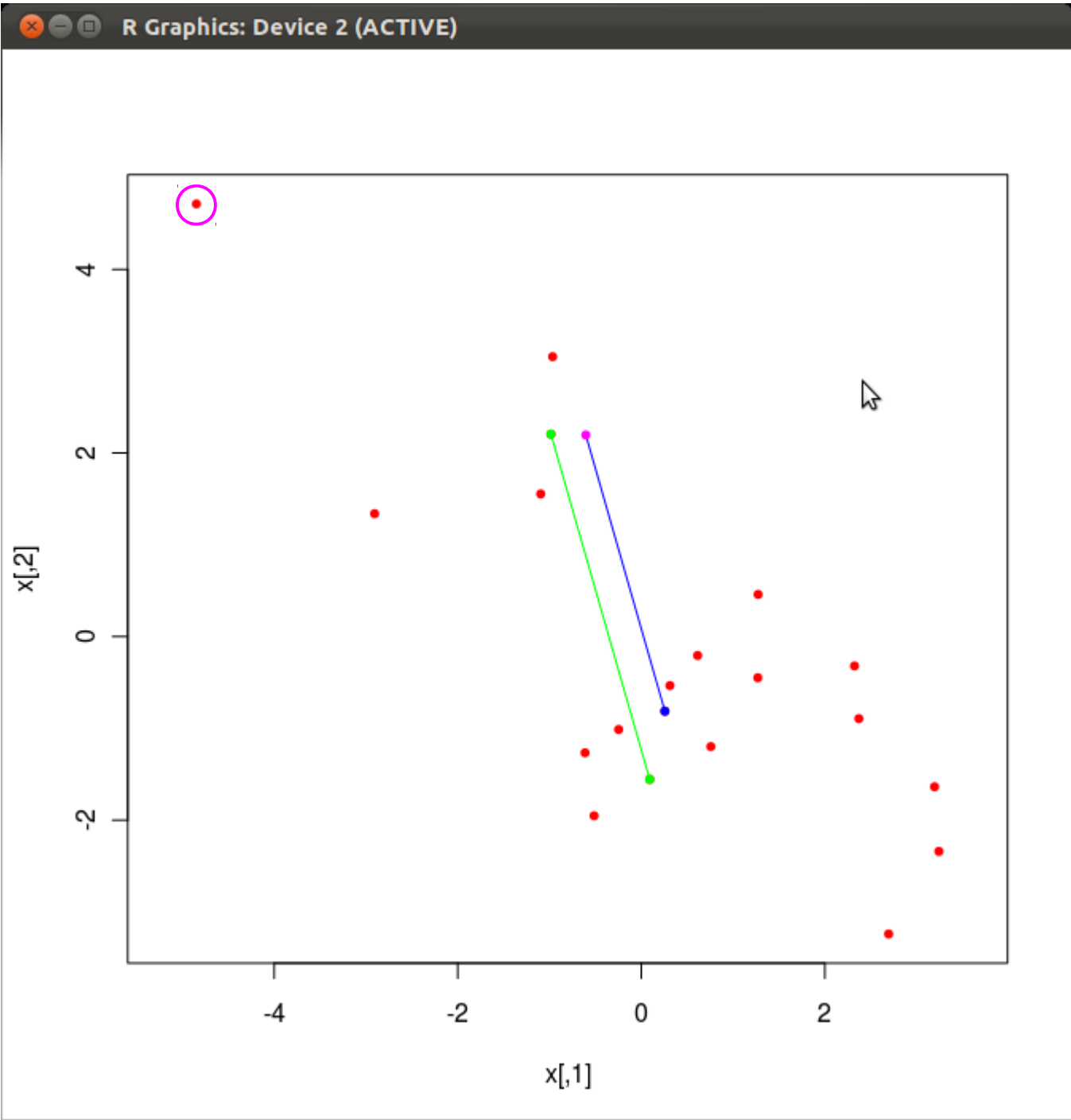


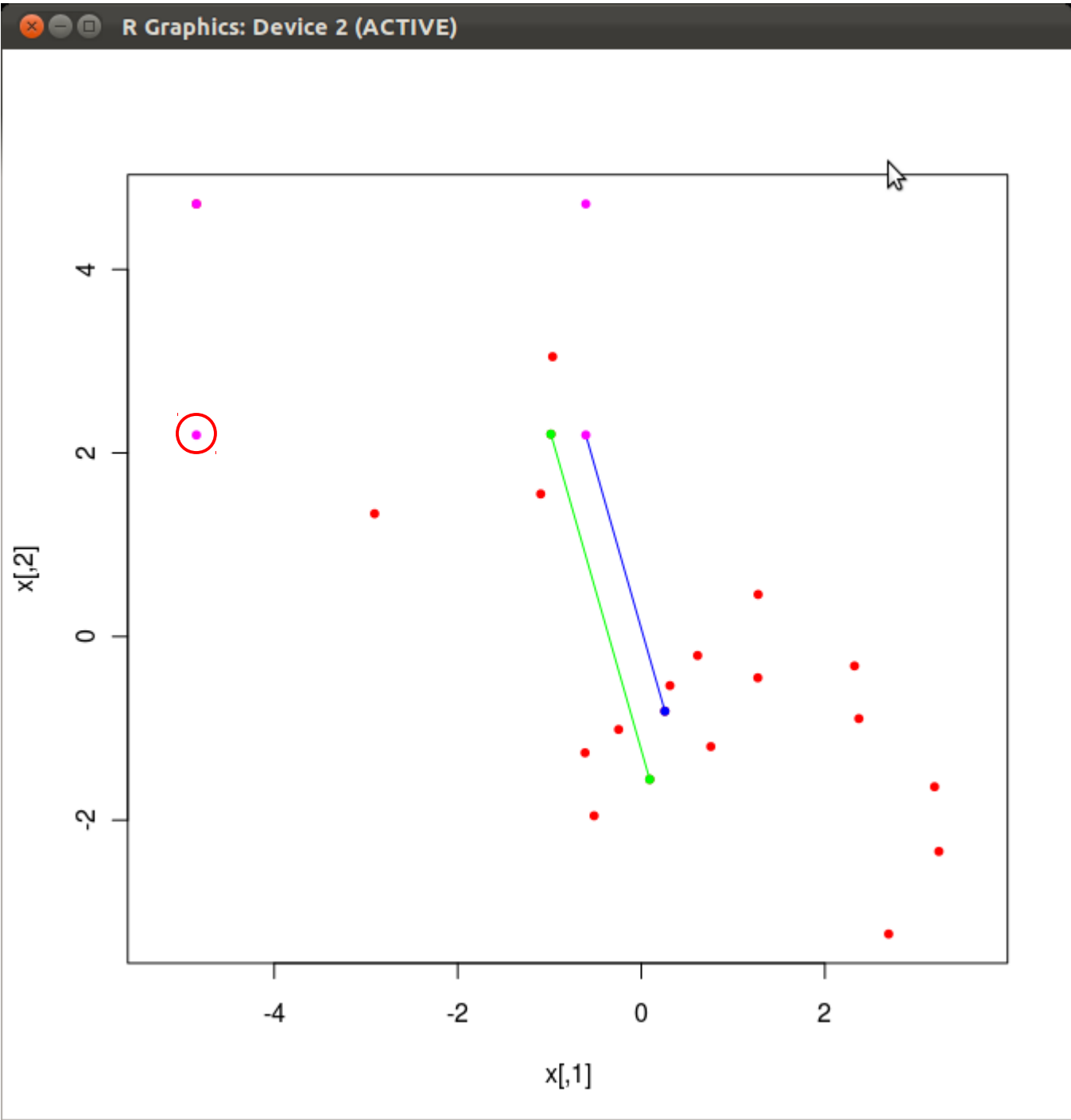
Strzałki między punktami S_x oraz S_y oznaczają, że punkt S_y jest lokalną modyfikacją punktu S_x

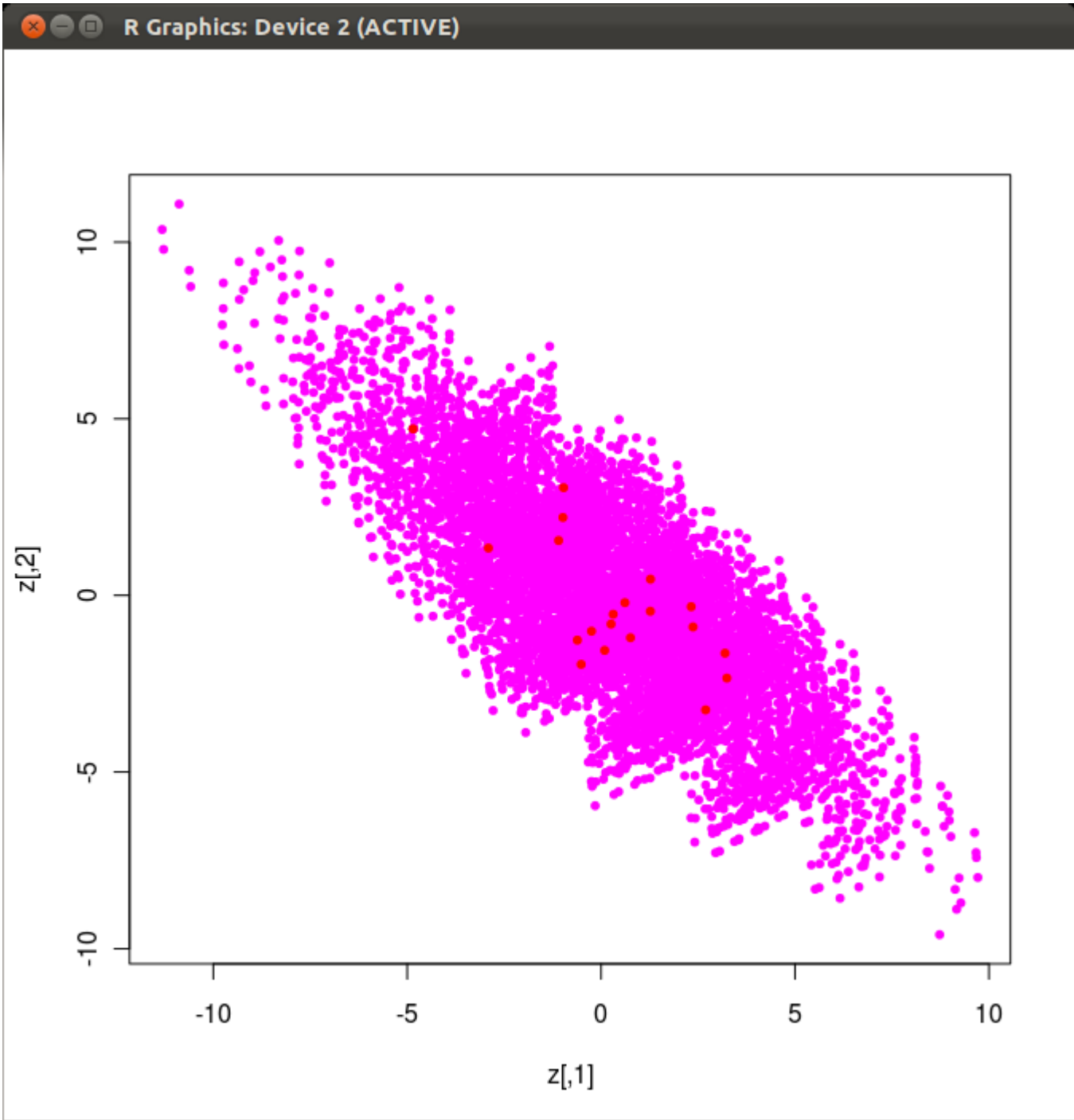


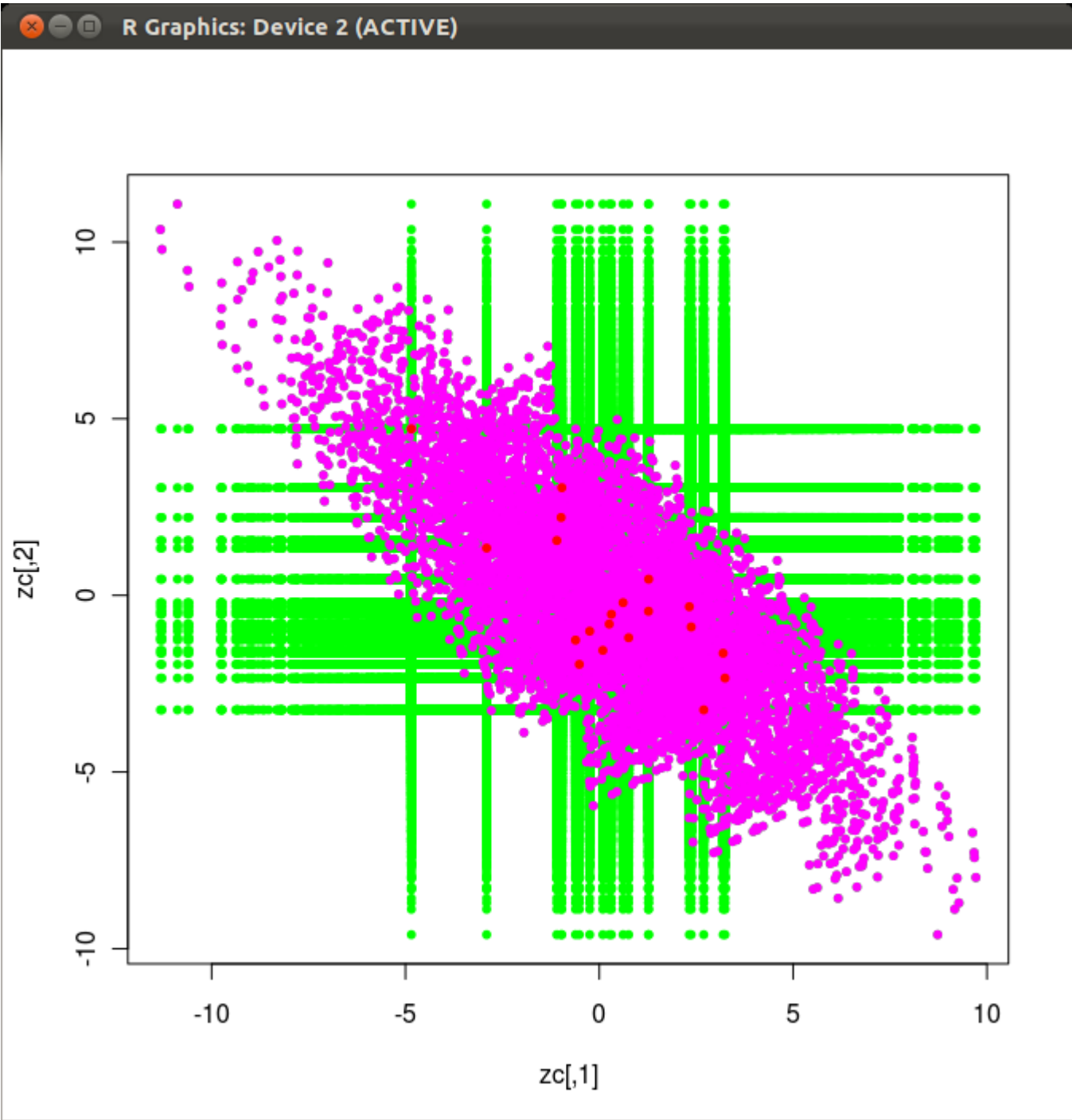












Ewolucja różnicowa

- Inne metody selekcji

- current-to-best $KP_i^t + (1 - K)P_{best}^t$

- current-to-rand $KP_i^t + (1 - K)P_j^t$

- rand-to-best $KP_{best}^t + (1 - K)P_j^t$

- Krzyżowanie uśredniająca $z = KP_i^t + (1 - K)v$

- DE/either-or

$$z = \begin{cases} P_i^t + F(P_j^t - P_k^t) & \text{z } p\text{-stwem } p_F \\ KP_i^t + (1 - K)(P_j^t + P_k^t) & \text{z } p\text{-stwem } 1 - p_F \end{cases}$$

Algorytm ewolucyjny wypukła funkcja celu

- Model populacji nieskończonej
- Dystrybuanta empiryczna punktów populacji (skokowa) → dystrybuanta rozkładu próbkowania (ciągła)

DE/rand/1

wypukła funkcja celu

- Wariancja punktów po selekcji v_P
- Wariancja punktów po mutacji

$$v_O = v_P + F^2(v_P + v_P) = v_P(1 + 2F^2)$$

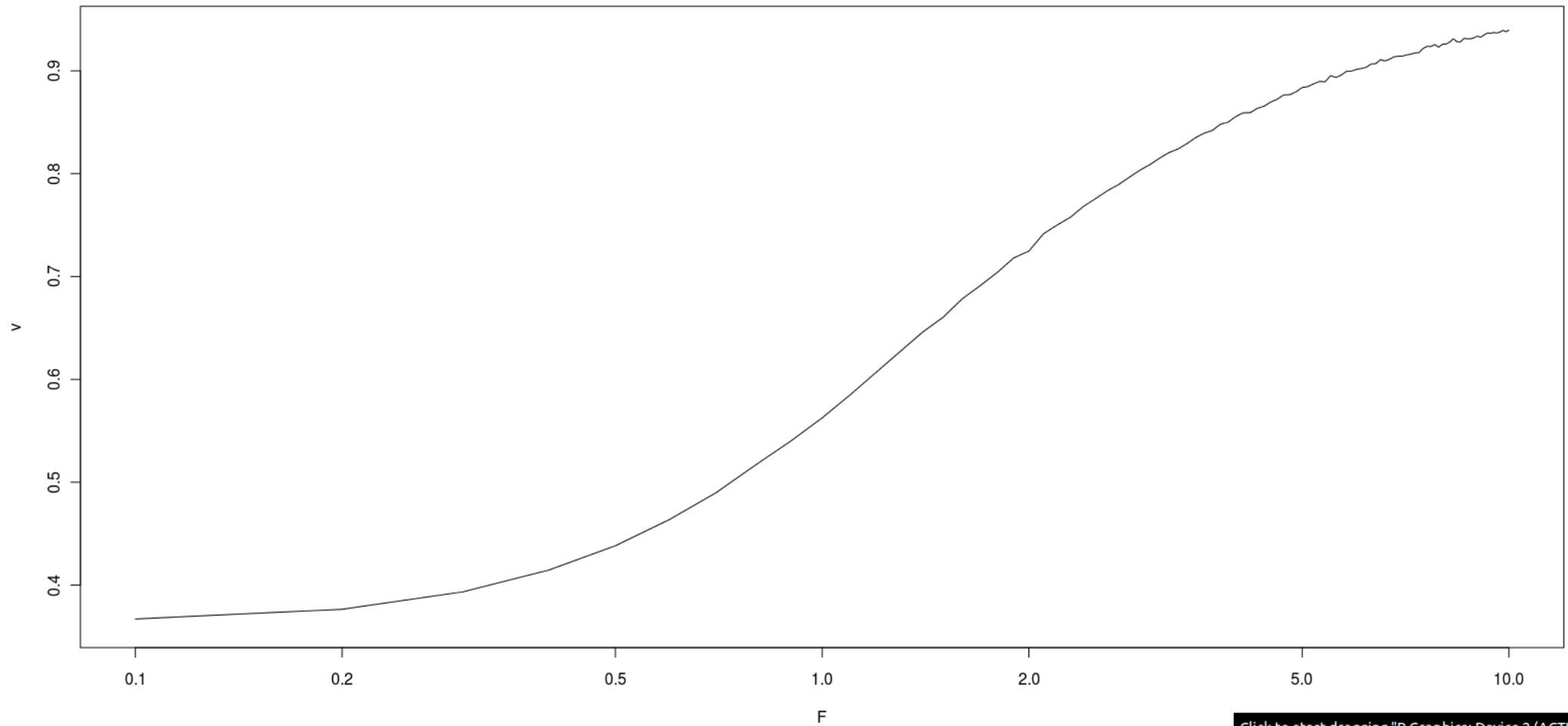
- Krzyżowanie zmienia wariancję (wzór dla bin)

$$v_C = (1 + 2F^2(1 - c_r))v_P$$

-

DE/rand/1

wypukła funkcja celu -
wariancja po sukcesji



DE/rand/1

wypukła funkcja celu

- Wariancja punktów po sukcesji

$$v_P(t+1) = k(F)v_P(t) \quad 0 < k < 1$$

- Równowagowa wariancja populacji:

$$v_P(\infty) = 0$$

- A dla alg. ewolucyjnego
(np. selekcja turniejowa, $s=2$, $pc=0$)

$$v_P(\infty) = \frac{\pi}{2} v_m$$

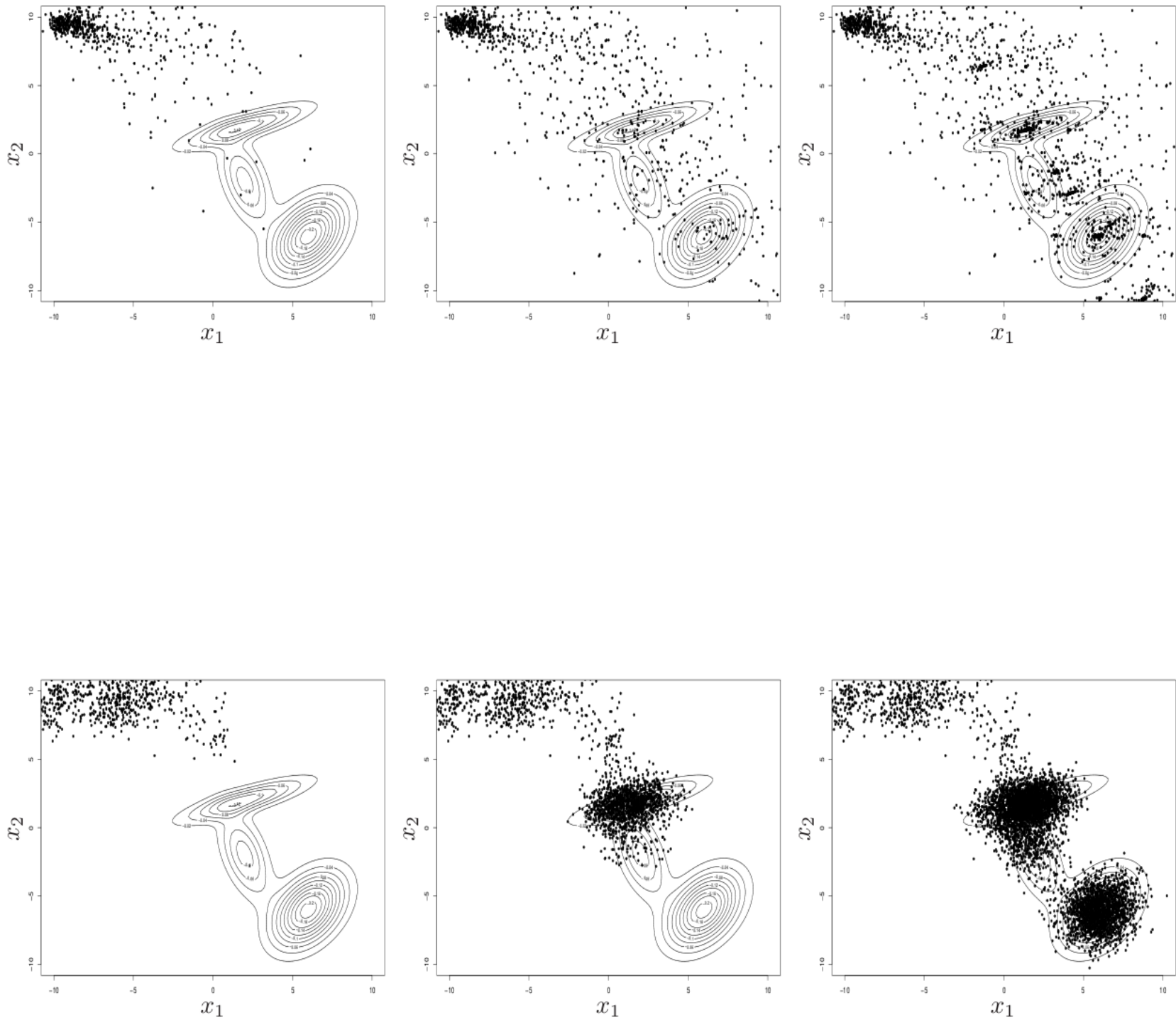
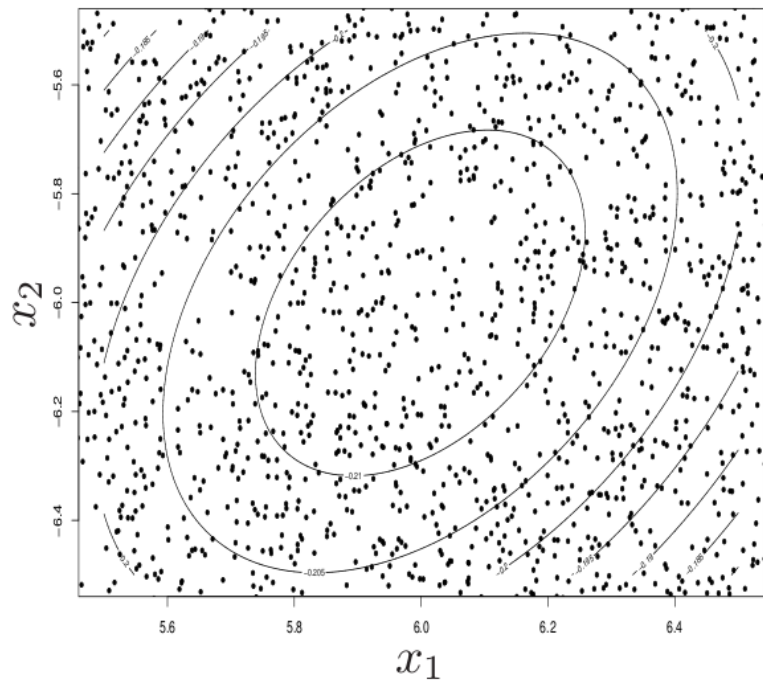
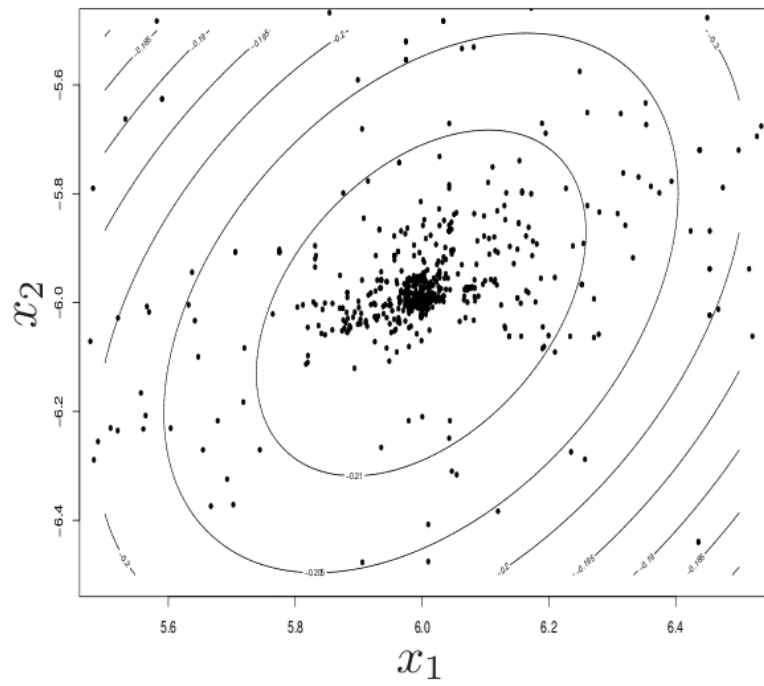


Fig. 6 Set of chromosomes generated by the GMEA algorithm with $\mu = 16$ points in population and mutation standard deviation equal to 0.6 : consecutive



Algorytm ewolucyjny

- Algorytm ewolucyjny jest techniką **adaptacji rozkładu populacji**
- Celem jest maksymalizacja wartości oczekiwanej jakości generowanych punktów
- Środek populacji – najlepszy estymator ekstremum lokalnego dla funkcji symetrycznej
- *Survival of the fittest vs. survival of the flattest*

Metoda EDA

Estimation of Distribution Algorithm

algorithm EDA

initialize($\mathbf{m}^0, \mathbf{C}^0$)

$H \leftarrow \emptyset$

$t \leftarrow 0$

while ! stop

$P^t \leftarrow \text{sample } N(\mathbf{m}^t, \mathbf{C}^t)$

$H \leftarrow H \cup P^t$

$O^t \leftarrow \text{select}(P^t)$

$(\mathbf{m}^{t+1}, \mathbf{C}^{t+1}) \leftarrow \text{update}(O^t, \mathbf{m}^t, \mathbf{C}^t)$

$t \leftarrow t + 1$

Wariant z rozkładem normalnym

Metoda EDA

Estimation of Distribution Algorithm

- UMDA (Univariate Marginal Distribution)
- Wartość oczekiwana i wariancja estymowana z próby jako

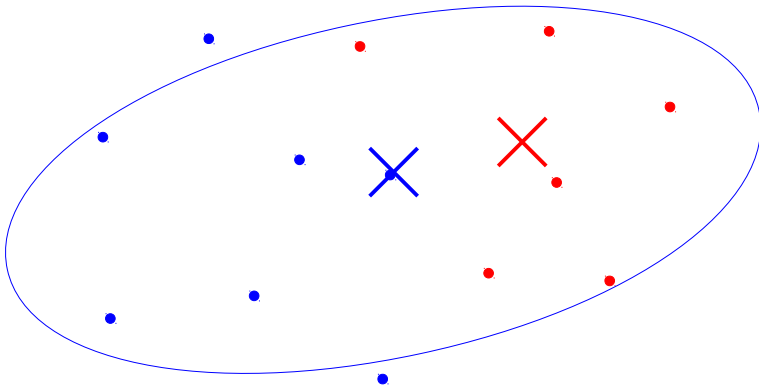
$$m(t+1)_j \leftarrow \sum_{i=1}^{\mu} w(i) P_{ij}^t$$

$$C(t+1)_{jj} \leftarrow \sum_{i=1}^{\mu} w(i) (P_{ij}^t - m(t+1)_j)^2$$

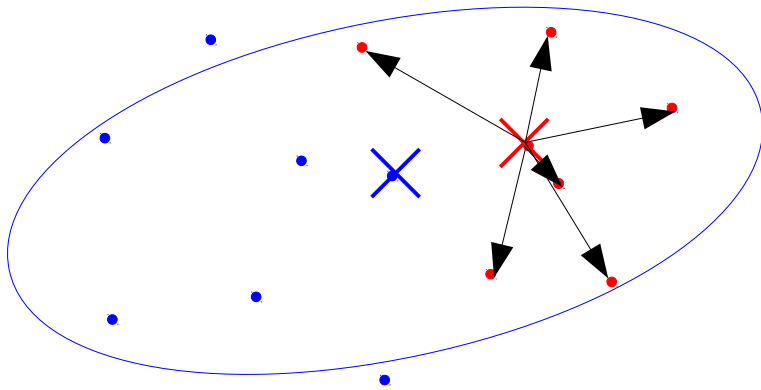
$$C(t+1)_{ij} = 0 \quad i \neq j$$

$$w(i) = \frac{q(P_i^t)}{\sum q(P_i^t)}$$

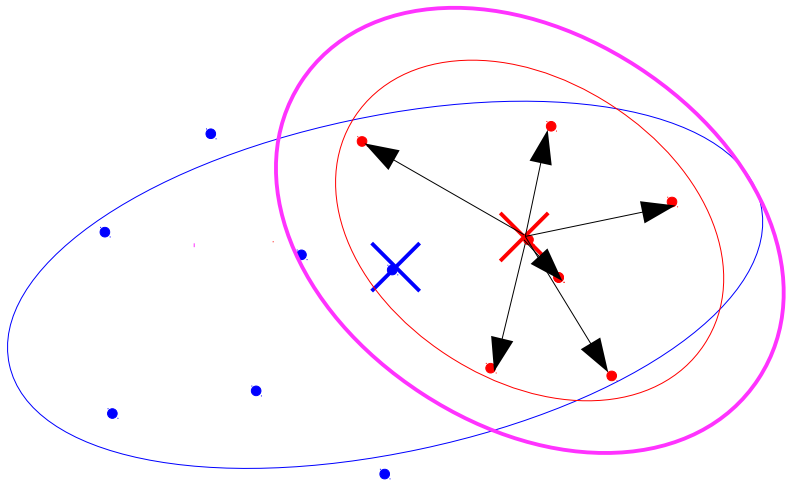
EDA



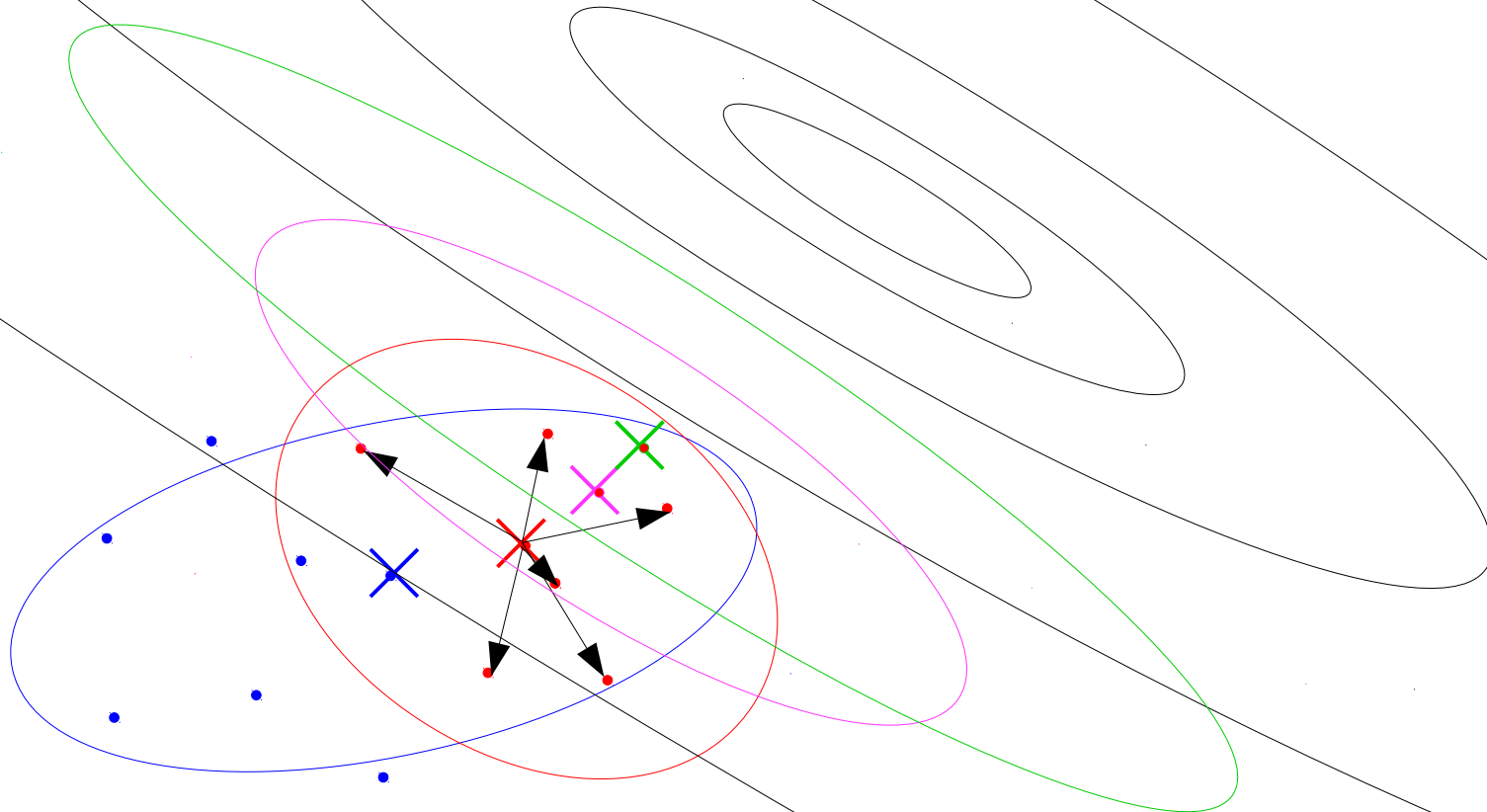
EDA



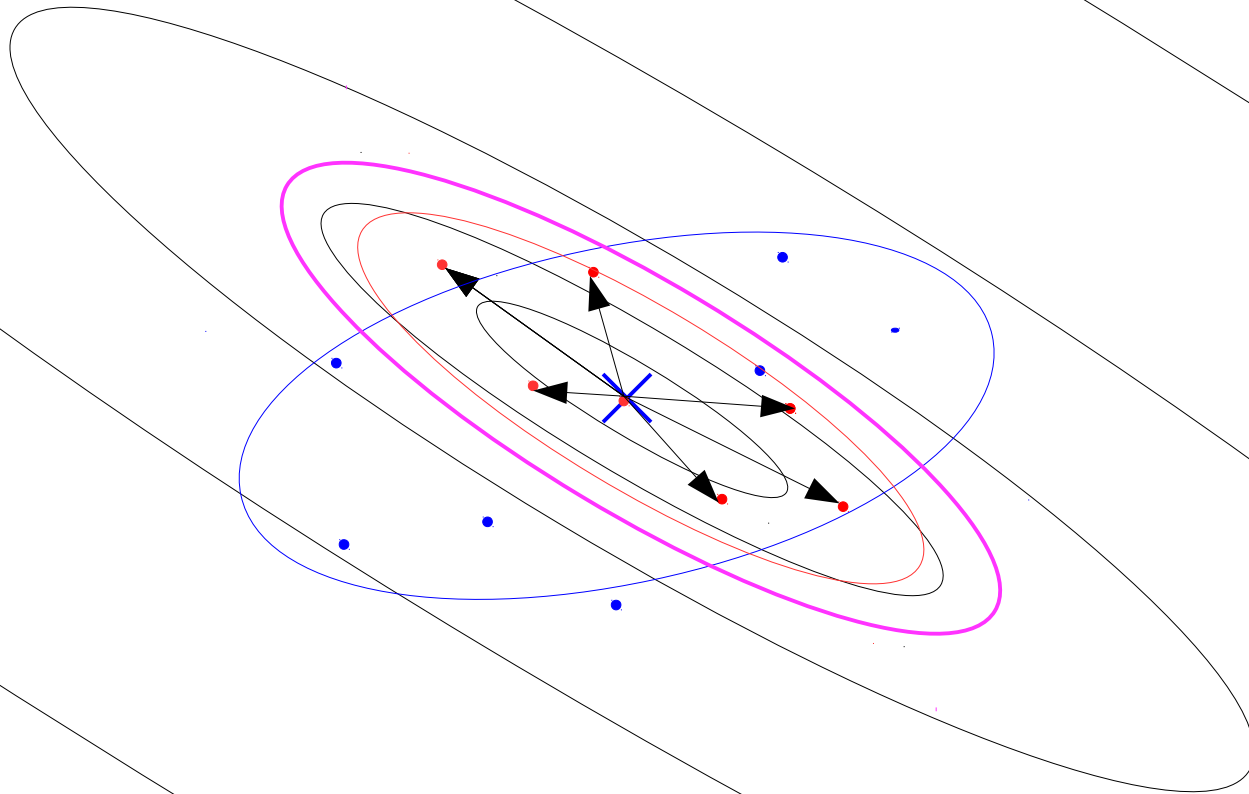
EDA



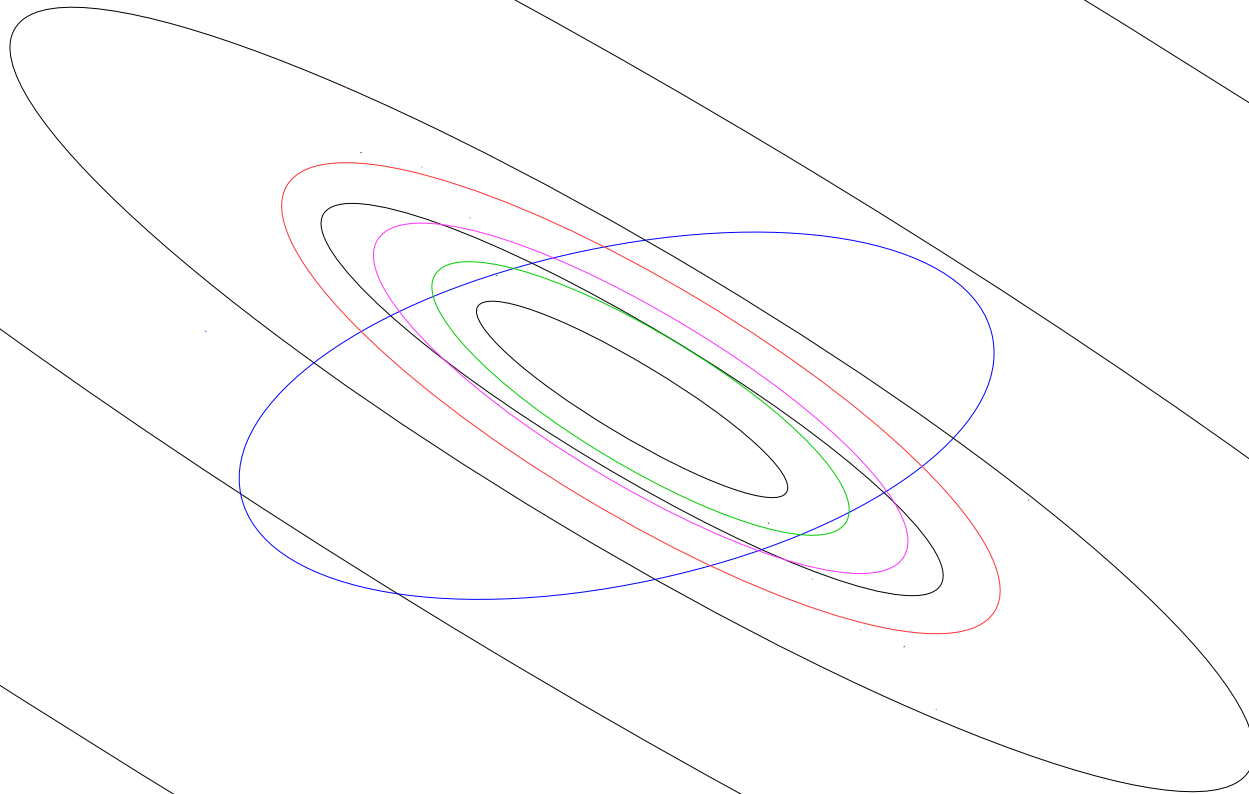
EDA na zboczu



EDA na wzgórzu

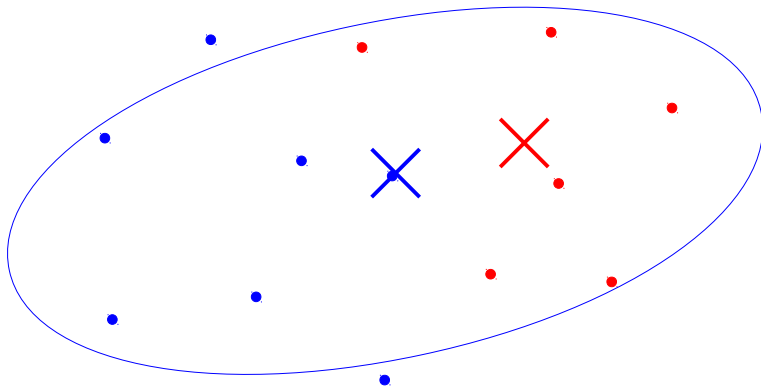


EDA na wzgórzu



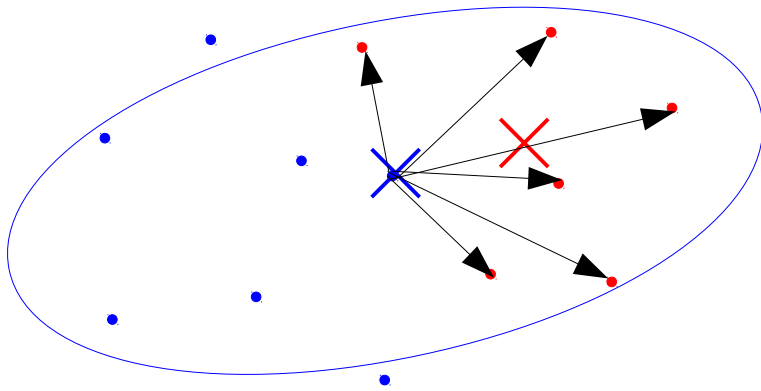
CMAES

Covariance Matrix Adaptation Evolution Strategy



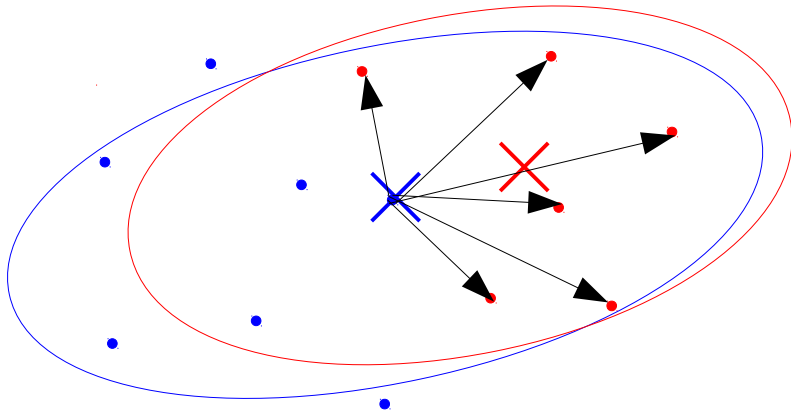
CMAES

Covariance Matrix Adaptation Evolution Strategy

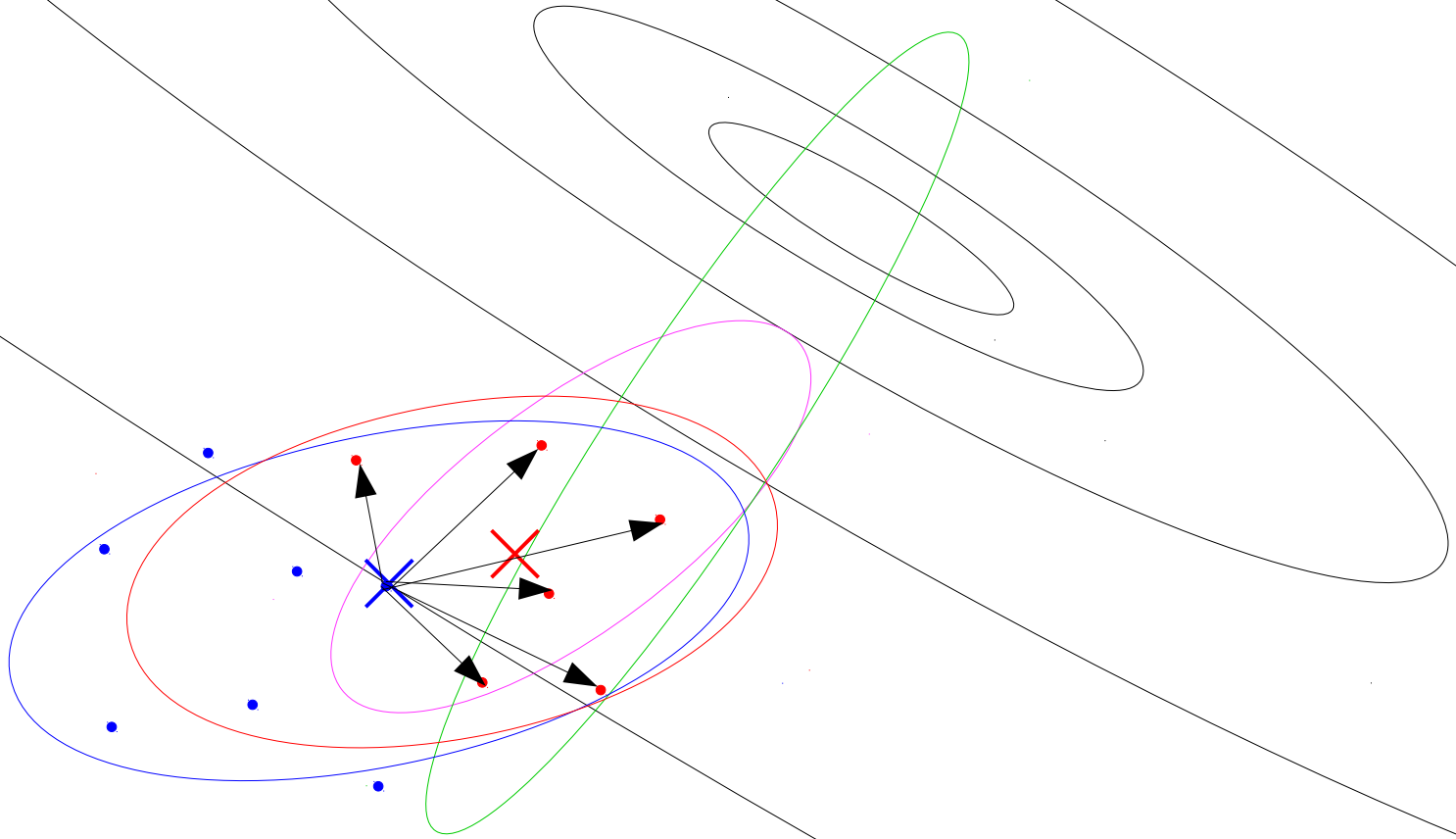


CMAES

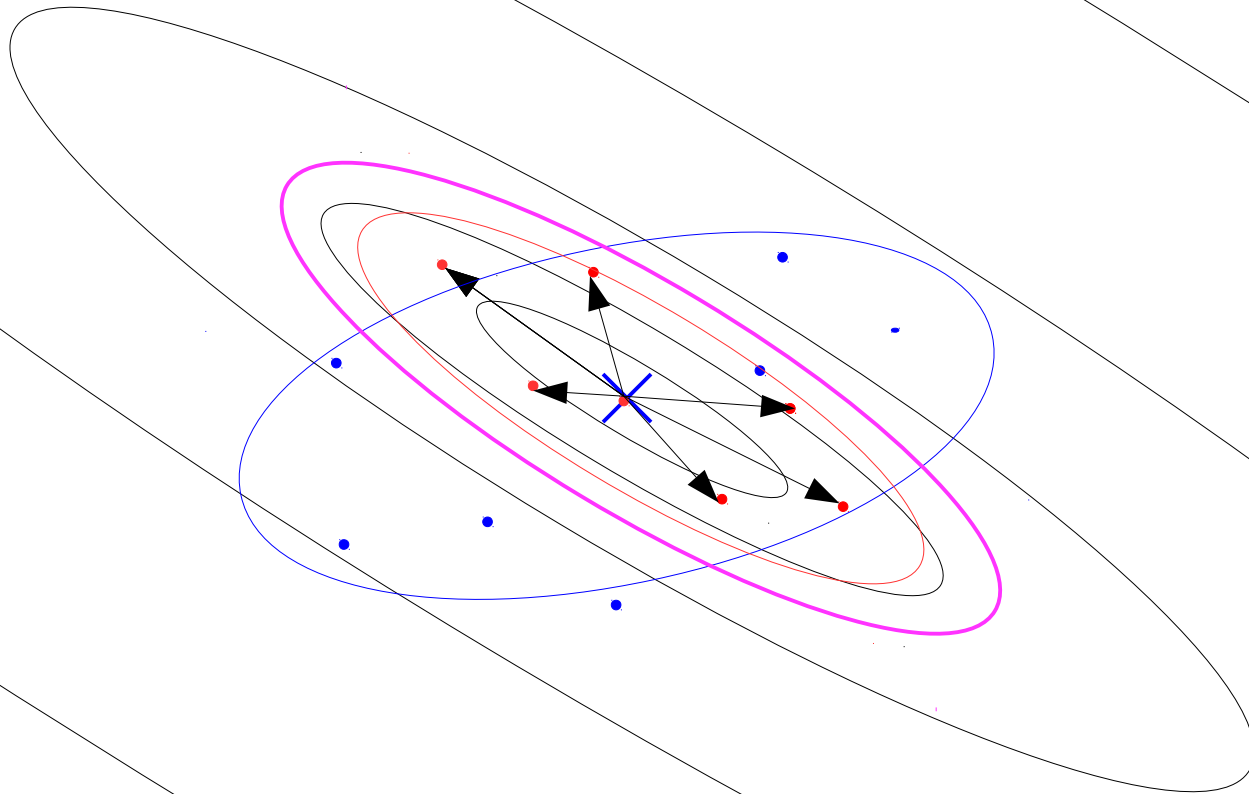
Covariance Matrix Adaptation Evolution Strategy



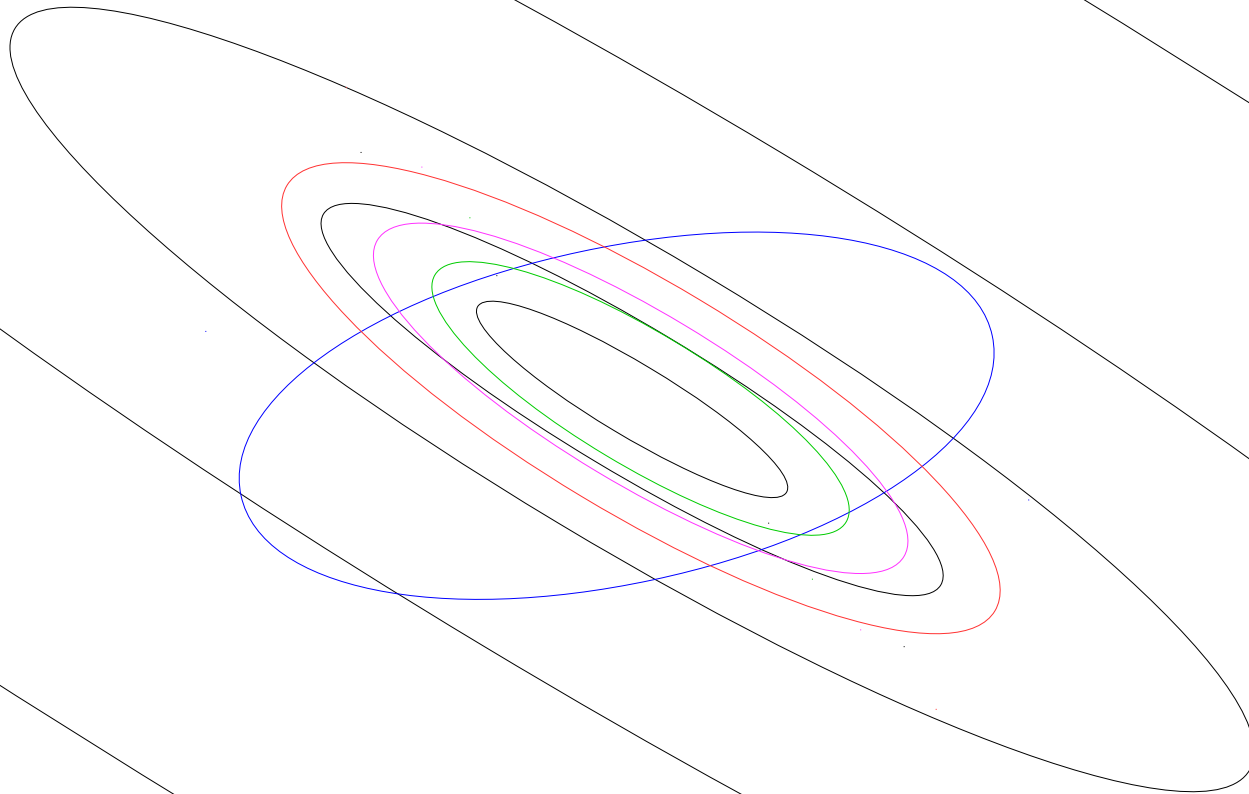
CMAES na zboczcu



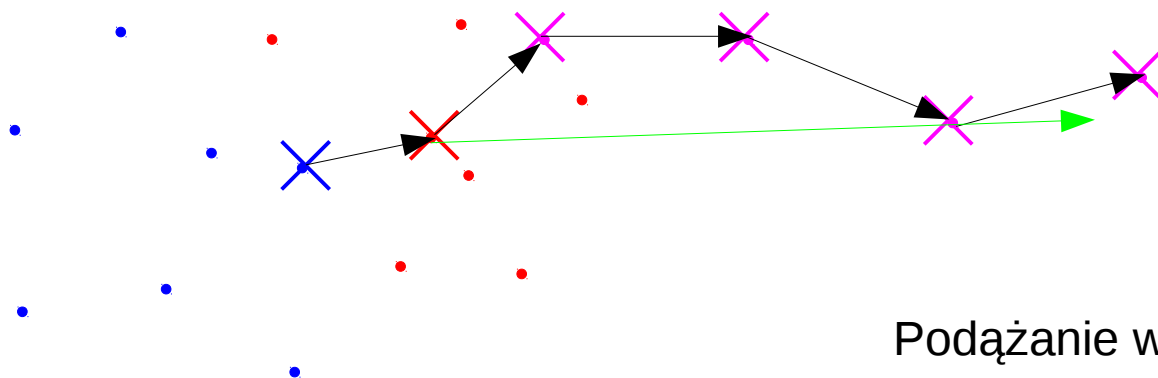
CMAES na wzgórzu



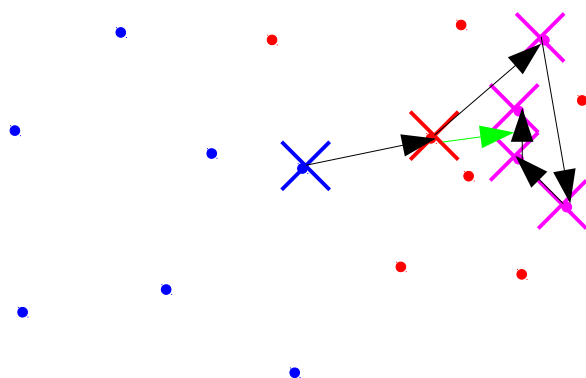
CMAES na wzgórzu



CMAES evolution path



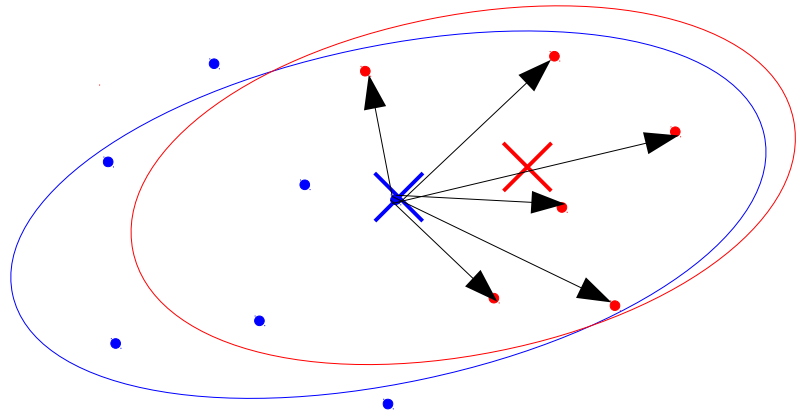
Podążanie w +/- zgodnych kierunkach



Populacja fluktuuje w jednym obszarze

CMAES

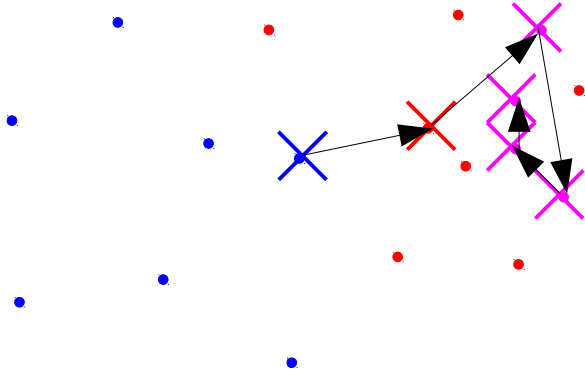
Covariance Matrix Adaptation Evolution Strategy



Na podstawie selekcji adaptuje się kształt macierzy kowariancji

Jej skala zależy od ścieżki ewolucji

+



= CMAES

Przeszukiwanie rojem cząstek

algorytm *particle swarm*

inicjuj $P^0 \leftarrow \{P_1^0, P_2^0 \dots P_\mu^0\}$

inicjuj $V^0 \leftarrow \{V_1^0, V_2^0 \dots V_\mu^0\}$

$H \leftarrow P^0$

$t \leftarrow 0$

while ! stop

$\mathbf{g}(t) \leftarrow \arg \max_{i,t} q(P_i^t)$

for ($i \in 1:\mu$)

$\mathbf{b}_i(t) \leftarrow \arg \max_t q(P_i^t)$

$V_i^{t+1} \leftarrow a(V_i^t + c(r_g(\mathbf{g}(t) - P_i^t) + r_l(\mathbf{b}_i(t) - P_i^t)))$

$P_i^{t+1} \leftarrow P_i^t + V_i^{t+1}$

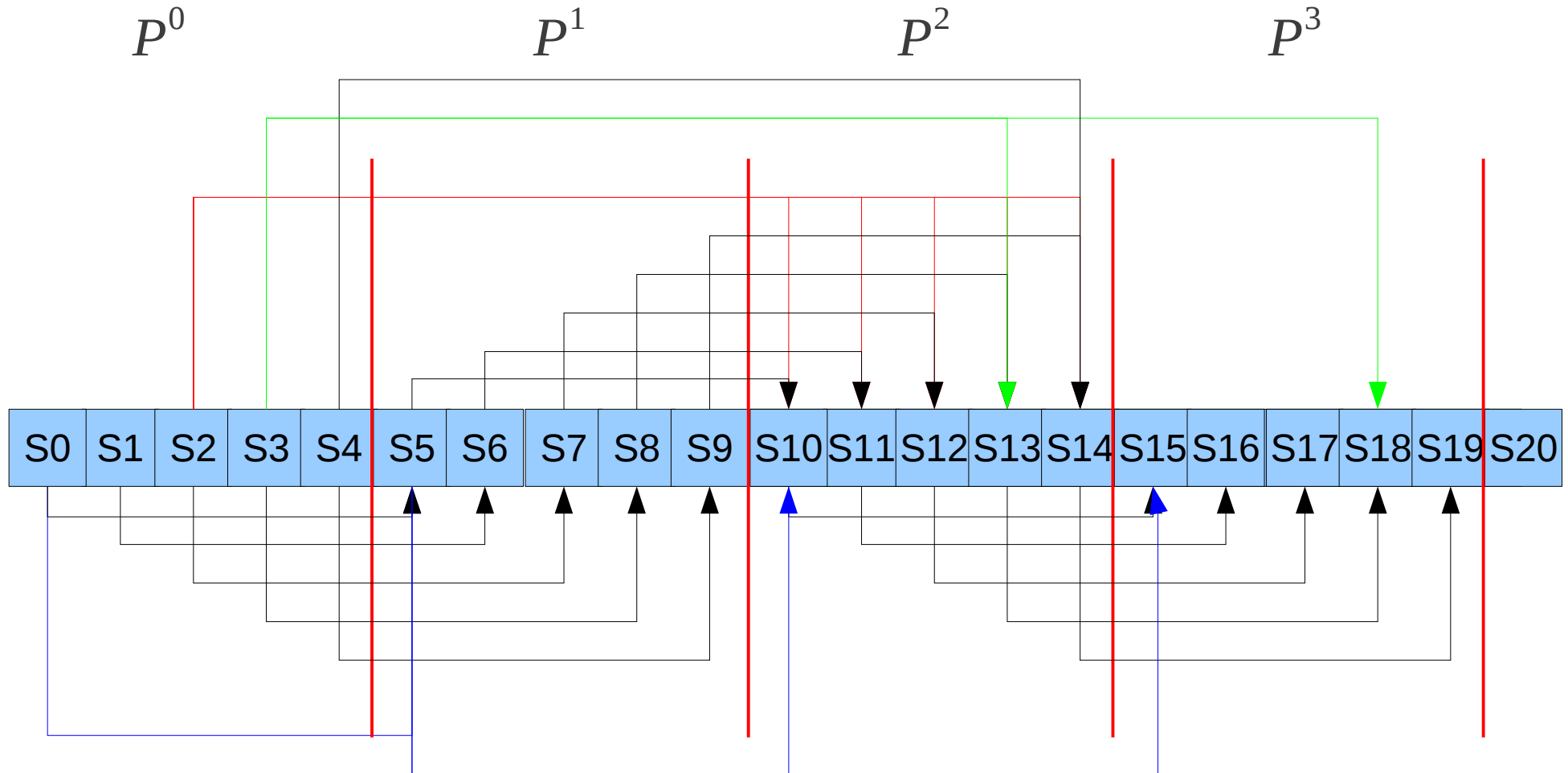
$H \leftarrow H \cup P^{t+1}$

$t \leftarrow t + 1$

a, c są parametrami
typowo a=0.73, c=2.05

$r_g, r_l \sim U(0,1)$

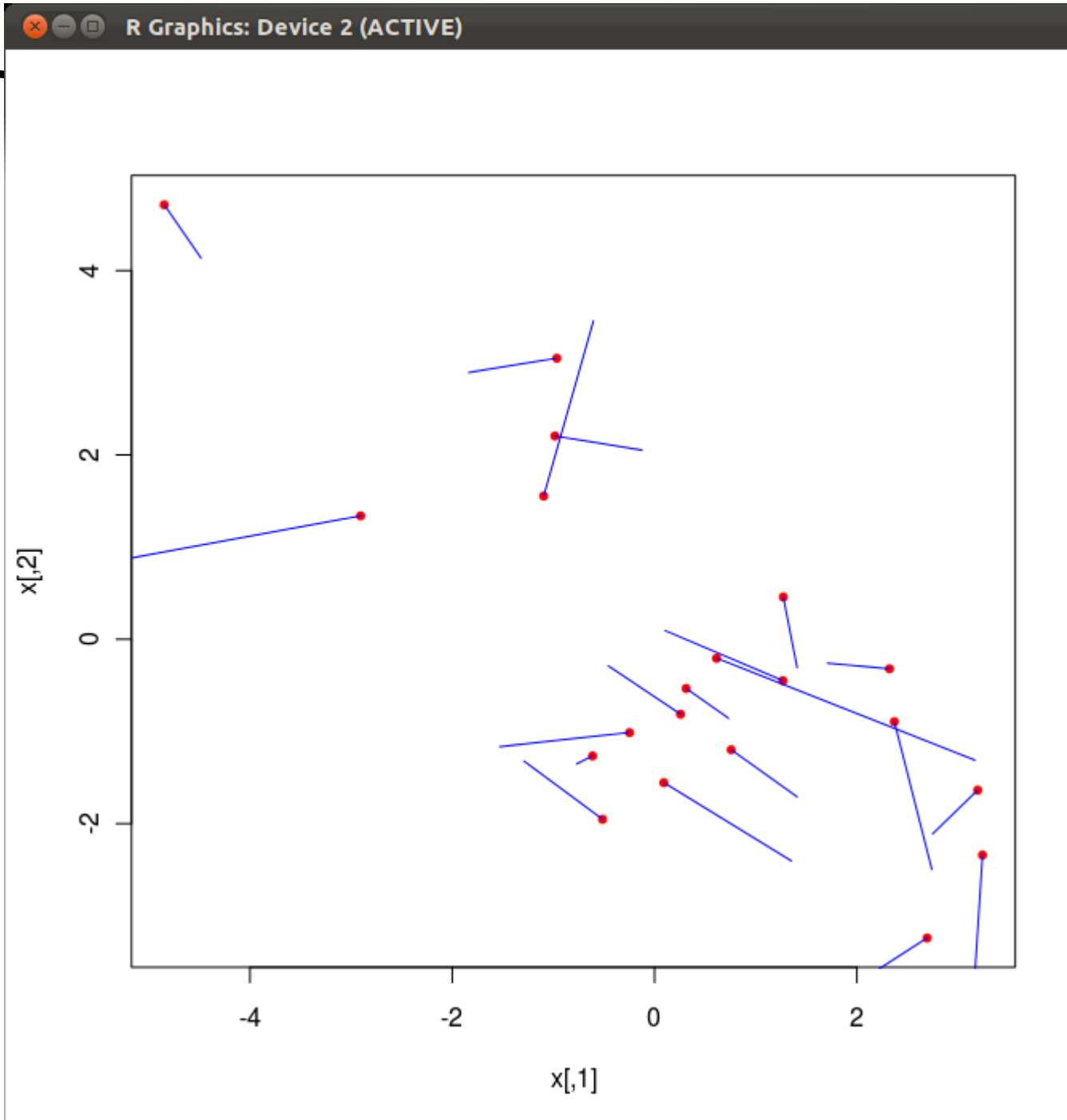
Przeszukiwanie rojem cząstek



Strzałki między punktami S_x oraz S_y oznaczają, że punkt S_y jest lokalną modyfikacją punktu S_x

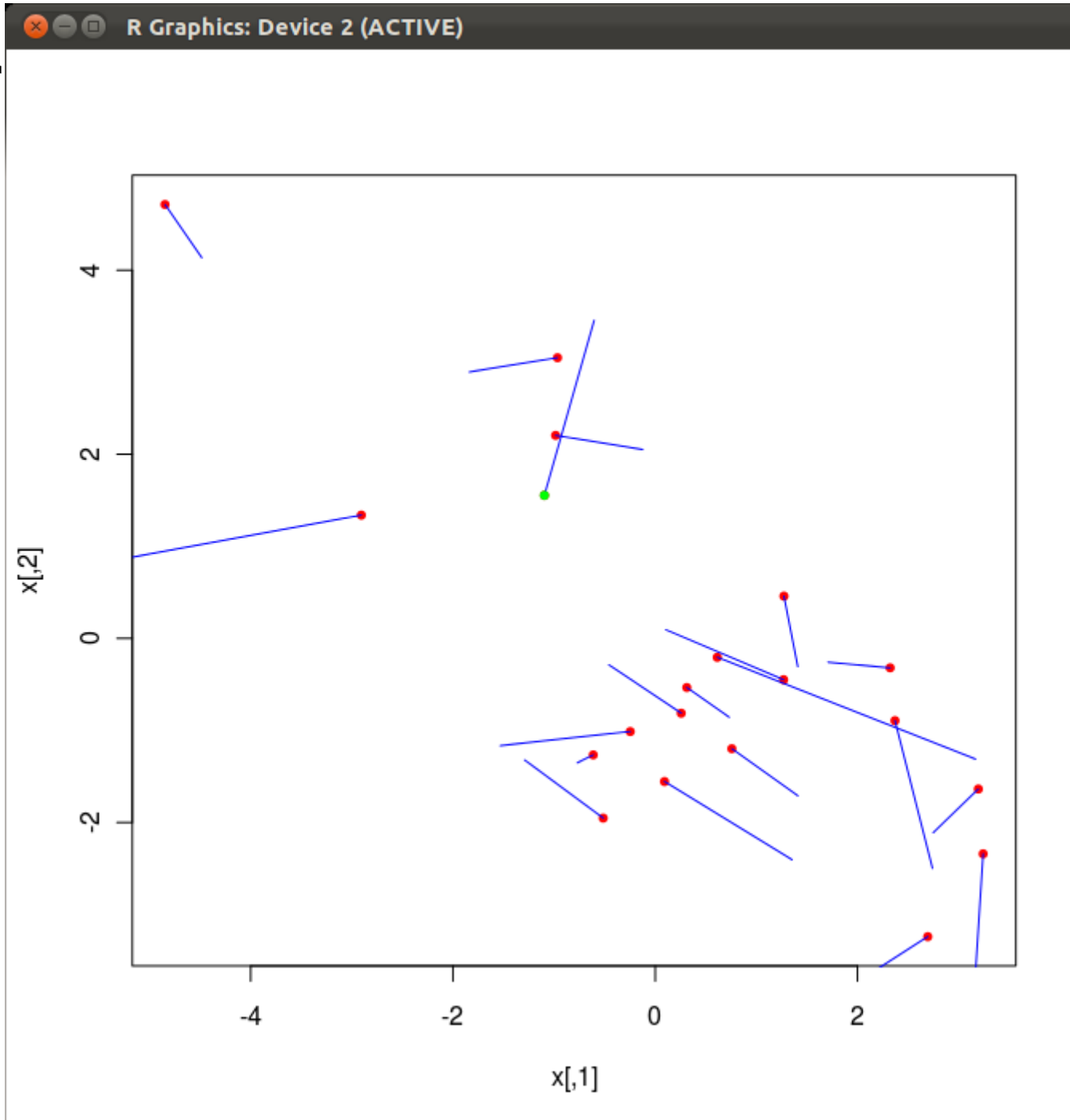
Pr

ek



Pr

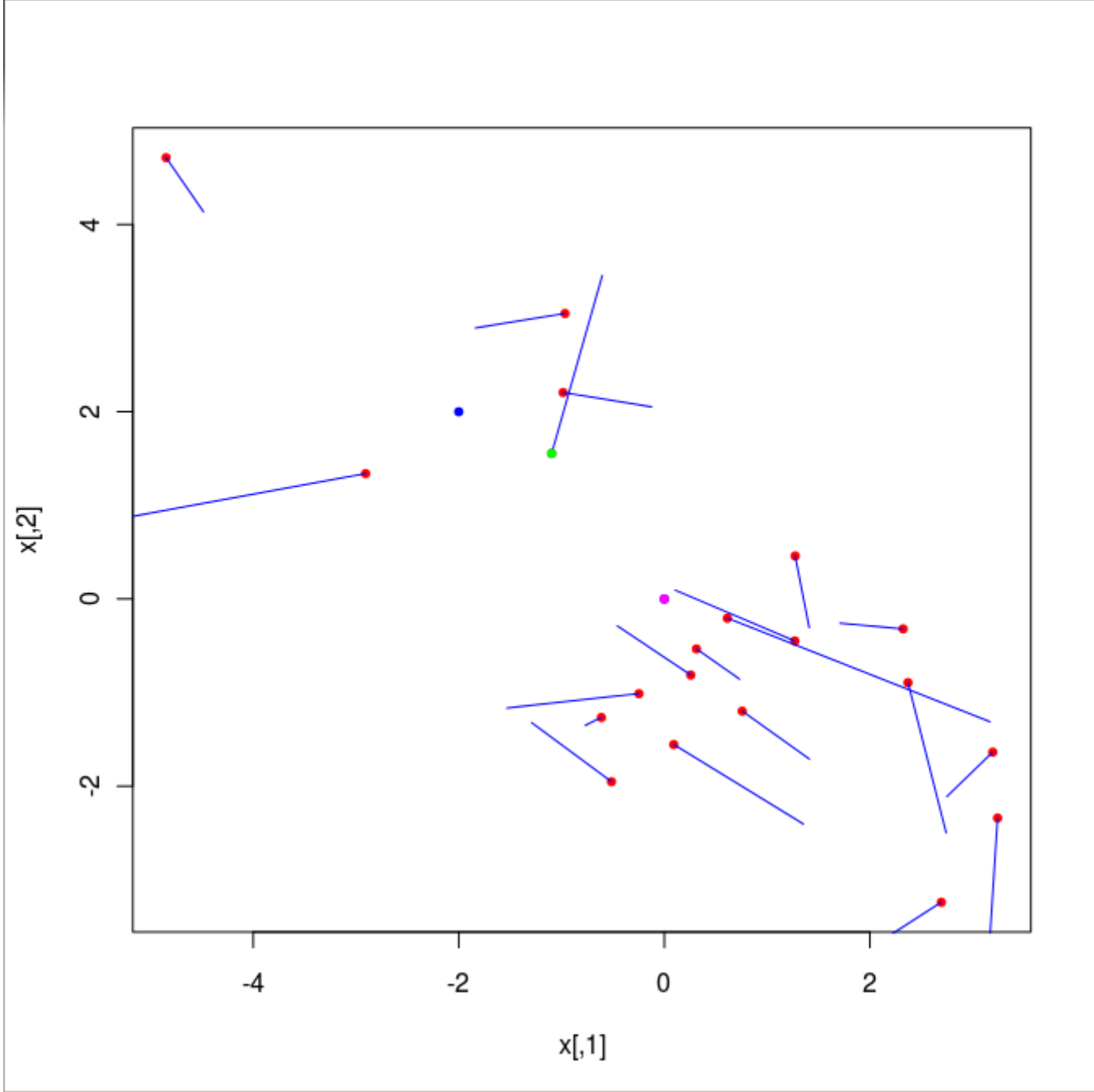
ek



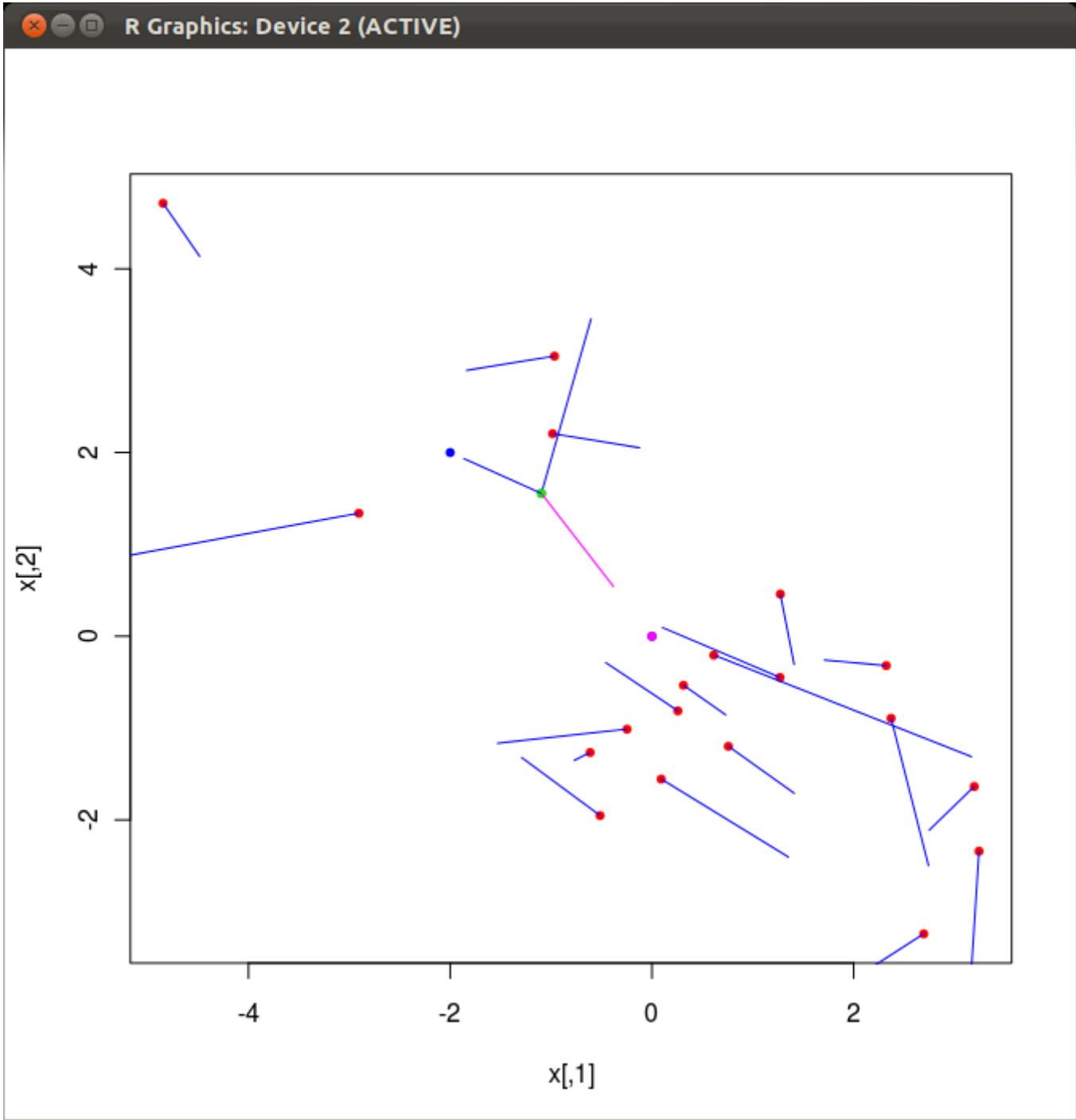
Pr

R Graphics: Device 2 (ACTIVE)

ek



Pr



ek

Pr

R Graphics: Device 2 (ACTIVE)

ek

