

METODY SZTUCZNEJ INTELIGENCJI - PROJEKTY

PB



Spis treści

1 Projekt z obliczeń ewolucyjnych	2
1.1 Nazewnictwo	2
2 Przykładowe operacje podczas implementacji Strategii Ewolucyjnej	3

1 Projekt z obliczeń ewolucyjnych

Liczba osób realizujących projekt: 1-2 osoby

1. Wyznaczanie miejsc zerowych predefiniowanych funkcji
2. Funkcje predefiniowane, jedno lub dwuwymiarowe, przyjmujące wartości rzeczywiste, wybór funkcji oraz jej parametrów, na przykład: $y(x) = \cos(x*x) + \sin(a * \cos(b * x))$
3. Wprowadzanie zakresu wartości w jakim ma zostać wykonane przeszukiwanie
4. Pobranie parametrów dla algorytmu ewolucyjnego (Strategii Ewolucyjnej):
 - (a) Parametry μ oraz λ
 - (b) liczba iteracji
 - (c) Prawdopodobieństwa mutacji początkowe
5. Wykonanie kolejnych iteracji, wypisywanie wyników i statystyk bieżącej populacji
6. Wypisanie wyniku końcowego, ocena jakości poszczególnych rozwiązań.

1.1 Nazewnictwo

(x_1, x_2, \dots) - zbiór obiektów, reprezentujących dane

$x_i = \{x_i^1, x_i^2, \dots, x_i^p\}$, gdzie x_i^j oznacza atrybut o indeksie j obiektu x_i .

U - przestrzeń wszystkich obiektów

X - podzbiór zbioru wszystkich obiektów U

x_i - obiekt należący do podzbioru wszystkich obiektów U

A - zbiór wszystkich atrybutów, cech, właściwości

a_i - atrybut należący do zbioru atrybutów A

V_{a_i} - zbiór wszystkich wartości atrybutu a_i (nazywany dziedziną a_i)

$V(a_i)$ - zbiór wszystkich wartości atrybutu a_i (nazywany dziedziną a_i)

B - niepusty podzbiór A ($B \subseteq A$)

$LOW(X_B)$ - dolna aproksymacja X względem B

\underline{X}_B - dolna aproksymacja X względem B

$UPP(X_B)$ - górna aproksymacja X względem B

\overline{X}_B - górna aproksymacja X względem B

AS_B - standardowa przestrzeń aproksymacyjna

$AS_{\#, \$}$ - sparametryzowana przestrzeń aproksymacyjna

$R_{a_i}(X)$ - przybliżoność ze względu na $\{a_i\}$

$Rough_{a_j}(a_i)$ - średnia przybliżoność atrybutu a_i względem atrybutu $\{a_j\}$

$MR(a_i)$ - minimalna przybliżoność atrybutu a_i

MMR - minimalna wartość MR wszystkich atrybutów

$IND(B)$ - relacja nierozróżnialności
 $[x_i]_{IND(B)}$ - klasa równoważności obiektu x_i w relacji $IND(B)$, nazywana także zbiorem elementarnym w B
 (C_1, C_2, \dots, C_K) - klasy, skupienia w danym pogrupowaniu danych
 $Card(X)$ - liczebność zbioru X
 $|X|$ - liczebność zbioru X
 $P(U)$ - zbiór potęgowy zbioru U

2 Przykładowe operacje podczas implementacji Strategii Ewolucyjnej

Wykonać polecenie z ćwiczenia I polegające na wyszukaniu ekstremum funkcji

$$f(x_1, x_2) = x_1^2 + x_2^2$$

przy podanych ograniczeniach:

$$-1 \leq x_1, x_2 \leq 1$$

Zadanie rozwiązujemy z wykorzystaniem strategii ewolucyjnych typu $(\mu + \lambda)$. Przyjmujemy $\mu = 4$ oraz $\lambda = 2$. Z operatorów genetycznych stosujemy wyłącznie operator mutacji. Funkcja dostosowania określona jest podanym powyżej wzorem. Za najlepiej przystosowane osobniki uważamy te, dla których wartość podanej funkcji dostosowania jest najmniejsza.

Populacja rodzicielska \mathbf{P} składa się z 4 ($\mu = 4$) osobników, a każdy z nich zawiera dwuelementowe wektory $x = [x_1, x_2]^T$ oraz $\sigma = [\sigma_1, \sigma_2]^T$. Początkową populację rodzicielską generujemy losowo. Wartości x_1, x_2 losujemy z zakresu $\langle -1, 1 \rangle$ oraz przyjmujemy $\sigma_1 = \sigma_2 = 1$. Przykładowo, po wykonaniu powyższych kroków uzyskaliśmy następującą populację złożoną z 4 osobników:

Nr osobnika	x_1	x_2	σ_1	σ_2	$f(x_1, x_2)$
1	0.63	0.41	1.0	1.0	0.57
2	0.57	-0.91	1.0	1.0	1.15
3	-0.67	-0.62	1.0	1.0	0.83
3	0.38	0.65	1.0	1.0	0.57

Stosując losowanie ze zwracaniem, otrzymujemy populację tymczasową \mathbf{T} złożoną z czterech osobników 4, 2, 3 oraz 4 (gdyż w zadaniu zakładamy że parametr $\lambda = 4$).

Nr osobnika	x_1	x_2	σ_1	σ_2	$f(x_1, x_2)$
3	0.38	0.65	1.0	1.0	0.57
2	0.57	-0.91	1.0	1.0	1.15
3	-0.67	-0.62	1.0	1.0	0.83
3	0.38	0.65	1.0	1.0	0.57

W kolejnym kroku, na populacji tymczasowej \mathbf{T} wykonujemy operacje genetyczne, w wyniku których otrzymamy populację potomną \mathbf{O} . Mutacja chromosomu

σ wymaga ustalenia parametrów τ_1, τ_2 . Przyjmujemy, że $C=1$. Wówczas dla $n = 2$, parametry τ_1, τ_2 są równe odpowiednio 0.5 oraz 0.5946. Poniżej podany został przebieg mutacji parametru σ oraz elementów x_i .

Mutacja parametru σ_1

Nr osobnika	N(0,1)	Gen 1			
		σ_1	$N_1(0, 1)$	$\exp(\tau' N(0, 1) + \tau N_1(0, 1))$	σ'_1
1	1.27	1	0.47	2.50	2.50
2	-0.58	1	0.05	0.77	0.77
3	-0.47	1	-0.82	0.78	0.78
4	-2.38	1	0.31	0.37	0.37

Mutacja parametru σ_2

Nr osobnika	N(0,1)	Gen 1			
		σ_2	$N_2(0, 1)$	$\exp(\tau' N(0, 1) + \tau N_2(0, 1))$	σ'_2
1	1.27	1	0.38	1.51	1.51
2	-0.58	1	-0.46	0.57	0.57
3	-0.47	1	-0.44	1.64	1.64
4	-2.38	1	-1.05	0.16	0.16

Przebieg mutacji chromosomu x

Nr	Gen 1				Gen 2			
	x_1	$N_1(0, 1)$	$\sigma_1 N_1(0, 1)$	x'_1	x_2	$N_2(0, 1)$	$\sigma_2 N_2(0, 1)$	x'_2
1	0.38	-0.27	-0.67	-0.29	0.65	-1.03	-1.55	-0.90
2	0.57	0.20	0.15	0.72	-0.91	-0.30	-0.17	-1.08
3	0.67	-1.14	-0.89	-1.56	-0.62	-1.32	-2.17	-2.79
4	0.38	-0.27	-0.10	-0.28	-0.65	-1.71	-0.28	-0.37

Wartości z rozkładu normalnego otrzymujemy wykorzystując formułę:

$$N(0, 1) = \text{NORMINV}(\text{RAND}(), \text{mean}, \text{standard}_{dev})$$