

ROZWÓJ ALGORYTMU EWOLUCJI RÓŻNICOWEJ

Konrad Wypchło

Plan prezentacji

2

- Wprowadzenie
- Elementy klasycznego algorytmu ewolucyjnego
- Ewolucja różnicowa
- DMEA i inne modyfikacje
- Adaptacja zasięgu mutacji (AHDMEA, SaHDMEA)
- Analiza środka populacji
- Ograniczenia kostkowe

Wprowadzenie

3

- Praca magisterska „Rozwój algorytmu ewolucji różnicowej”
- Cel pracy
 - ▣ Wprowadzenie reguł adaptacji parametrów w algorytmach z rodziny DMEA
 - ▣ Zbadanie wpływu modyfikacji proponowanych przez promotora oraz stworzonych podczas prac nad algorytmami

Optymalizacja globalna

4

- Wielowymiarowa rzeczywista funkcja celu

$$q: R^n \rightarrow R$$

- Ograniczenia dziedziny

- ▣ Kostkowe $x_i \in [lb_i, ub_i], i \in \{1, \dots, n\}$

- ▣ Funkcyjne $g_i(x) \leq 0, i \in \{1, \dots, c_{ne}\}$

- Poszukiwane

$$x_{opt} = \operatorname{argmin}_{x \in \Omega} q(x)$$

Algorytmy ewolucyjne

5

- Klasyczne algorytmy ewolucyjne
- Estimation of Distribution Algorithms (EDA)
- Ewolucja różnicowa
- Optymalizacja rojowa (PSO)
- Algorytmy mrówkowe

Plan prezentacji

6

- Wprowadzenie
- Elementy klasycznego algorytmu ewolucyjnego
- Ewolucja różnicowa
- DMEA i inne modyfikacje
- Adaptacja zasięgu mutacji (AHDMEA, SaHDMEA)
- Analiza środka populacji
- Ograniczenia kostkowe

Schemat EA

7

- **Algorytm EA**
- zainicjalizuj populację P^0
- **while** nie zachodzi warunek stopu
- **if** krzyżować **then**
- $Y^t \leftarrow$ krzyżowanie(selekcja(P^t))
- $U^t \leftarrow$ mutacja(Y^t)
- **else**
- $U^t \leftarrow$ mutacja(selekcja(P^t))
- **end if**
- $P_i^{t+1} \leftarrow$ sukcesja(Y^t, U^t, P^t)
- $t \leftarrow t + 1$
- **end while**

Elementy EA

8

- Selekcja
- Sukcesja
- Mutacja
- Krzyżowanie

Mutacja

9

- W klasycznych algorytmach EA – mutacja gaussowska

$$u_i = x_i + m_i, \quad i \in \{1, \dots, n\}$$
$$m_i \sim \mathcal{N}(0, v_m)$$

- Wariancja rozkładu normalnego jest zasięgiem mutacji
- Celem mutacji jest generowanie punktów w nowych obszarach przestrzeni – eksploracja

Krzyżowanie

10

□ Krzyżowanie uśredniające

▣ dwuosobnicze

$$x_{cross} = (1 - \alpha)x_1 + (\alpha)x_2, \quad \alpha \in (0,1)$$

▣ wieloosobnicze

$$x_{cross} = x_{middle} + \sum_{i=1}^k \alpha_i(x_i - x_{middle}), \quad \alpha_i \in (0,1)$$

□ Krzyżowanie wymieniające

$$y_i = \begin{cases} u_i, & \text{jeżeli } r_i < p_c \\ x_i, & \text{jeżeli } r_i \geq p_c \end{cases}, \quad i \in \{0, \dots, n\}$$

□ Operator krzyżowania w większości przypadków służy eksploatacji

Selekcja i sukcesja

11

□ Selekcja

□ proporcjonalna

$$P_{sel}(P_i^t) = \frac{q_{corr} - q(P_i^t)}{\sum_{i=1}^{\mu} (q_{corr} - q(P_i^t))}$$

□ turniejowa

□ losowa

□ Sukcesja

□ prosta

□ elitarna

Plan prezentacji

12

- Wprowadzenie
- Elementy klasycznego algorytmu ewolucyjnego
- Ewolucja różnicowa
- DMEA i inne modyfikacje
- Adaptacja zasięgu mutacji (AHDMEA, SaHDMEA)
- Analiza środka populacji
- Ograniczenia kostkowe

Schemat DE

13

- **Algorytm DE**
- zainicjalizuj populację P^0
- **while** nie zachodzi warunek stopu
- **for** $i \in \{1, \dots, \mu\}$
- $P_{r_1}^t \leftarrow \text{selekcja}(P^t)$
- $P_{r_2}^t, P_{r_3}^t \leftarrow \text{losowa_selekcja}(P^t)$
- $u \leftarrow \text{mutacja_roznicowa}(P_{r_1}^t, P_{r_2}^t, P_{r_3}^t)$
- $y \leftarrow \text{krzyzowanie_wymieniajace}(P_i^t, u)$
- $P_i^{t+1} \leftarrow \text{sukcesja_elitarna}(P_i^t, y)$
- **end for**
- $t \leftarrow t + 1$
- **end while**

Główne elementy DE

14

- Selekcja losowa
- Krzyżowanie wymieniające
 - ▣ Zwiększa licznosc zbioru generowanych punktów
- Sukcesja elitarna
 - ▣ Zapewnia zbieżność algorytmu
- Mutacja różnicowa
 - ▣ Generuje punkty odległe – eksploracja
 - ▣ Generuje punkty wewnątrz zajmowanego obszaru – eksploatacja
 - ▣ Posiada dynamiczny zasięg uzależniony od stanu populacji

Mutacja różnicowa

15

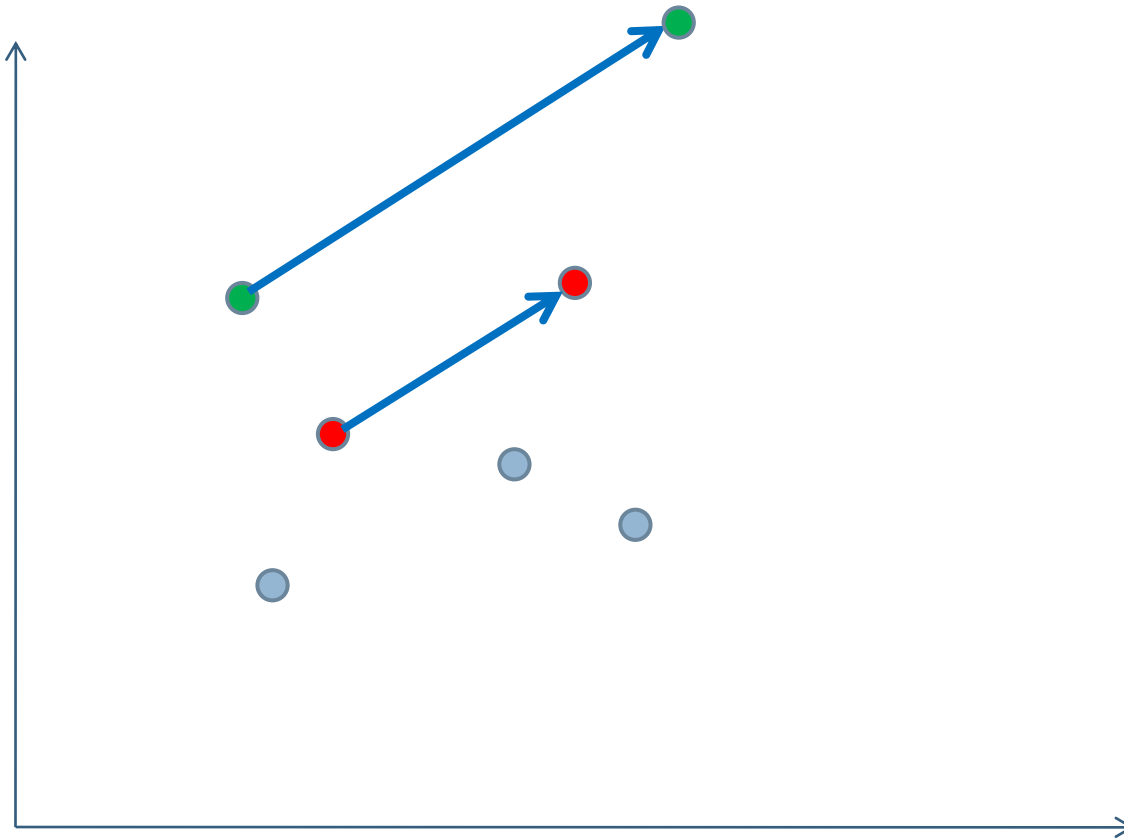
- Przesunięcie mutowanego punktu o tzw. wektor różnicowy pomnożony przez współczynnik skalowania F
- Wektor różnicowy wyznaczany jako różnica dwóch punktów z populacji

$$u = x_{r_1} + Fv, \quad v = x_{r_2} - x_{r_3}$$

$$F \in (0,1)$$

Mutacja różnicowa – ilustracja

16



Zasięg mutacji różnicowej

17

- Zasięg mutacji różnicowej jest ściśle powiązany z aktualnym stanem populacji (różnorodnością)
- Algorytm DE zapewnia pewnego rodzaju adaptację zasięgu mutacji
- Sterowanie zasięgiem poprzez współczynnik F

Plan prezentacji

18

- Wprowadzenie
- Elementy klasycznego algorytmu ewolucyjnego
- Ewolucja różnicowa
- DMEA i inne modyfikacje
- Adaptacja zasięgu mutacji (AHDMEA, SaHDMEA)
- Analiza środka populacji
- Ograniczenia kostkowe

Znane modyfikacje DE

19

- DE/X/Y/Z
 - np. DE/rand/k/bin
 - DE/rand/inf/bin
- SaDE, jDE (losowa adaptacja zasięgu)
- JADE (koewolucja wzorowana na PSO)
- FDE
- DEPD, DE1-3
- **DMEA**

DMEA

20

- Differential Mutation Evolutionary Algorithm
- Wybór mutowanego punktu selekcją proporcjonalną
- Wprowadzenie dodatkowego szumu Gaussowskiego do mutacji
- Zmiany wartości współczynnika F
- Brak sukcesji elitarnej

HDMEA

21

- Hybrid Differential Mutation Evolutionary Algorithm
- Optymalizacja lokalna w końcowej fazie optymalizacji (L-BFGS-B)
- Zmiany wartości $F = 0,1 + F_{max} \left(1 - \frac{\cos\left(\left\lceil \frac{t}{10} \right\rceil\right)}{10} \right)$
- Wektor różnicowy wyznaczany na podstawie k wektorów
- Wykorzystanie historycznych populacji

HDMEA – Schemat

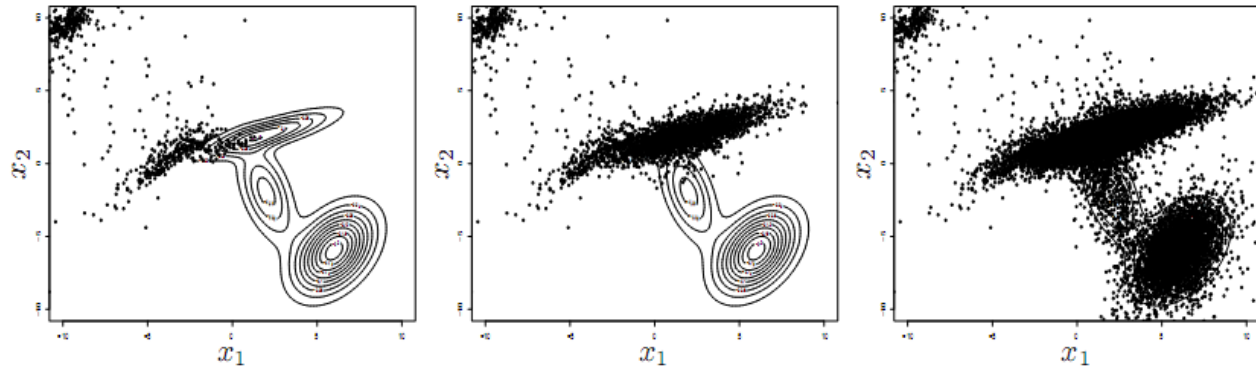
22

- **Algorytm HDMEA**
- 1 *zainicjalizuj populację P^0*
- 2 **while** *nie zachodzi warunek stopu*
- 3 $F = 0,1 + F_{max} \left(1 - \frac{\cos\left(\frac{t}{10}\right)}{10} \right)$
- 4 **for** $i \in \{1, \dots, \mu\}$
- 5 $P_{r_1}^t \leftarrow \text{selekcja_proporcjonalna}(P^t)$
- 6 $v \leftarrow 0$
- 7 **for** $j \in \{1, \dots, k\}$
- 8 $a \in (0,1)$ – losowanie z rozkładem jednostajnym
- 9 $H_{r_2}^t, H_{r_3}^t \leftarrow \text{losowa selekcja}(H^t), r_2, r_3 \in \{1, \dots, h\mu\}$
- 10 $v \leftarrow v + a_j(H_{r_2}^t - H_{r_3}^t)$
- 11 **end for**
- 12 $v \leftarrow \frac{v}{\sqrt{\sum_{j=1}^k (a_j)^2}}$
- 13 $u \leftarrow P_{r_1}^t + Fv + m$
- 14 $y \leftarrow u$
- 15 $y \leftarrow \text{napraw}(y)$
- 16 **end for**
- 17 $t \leftarrow t + 1$
- 18 **end while**
- 19 $x_{best} = \text{uruchom metodę optymalizacji lokalnej}(x_{best})$

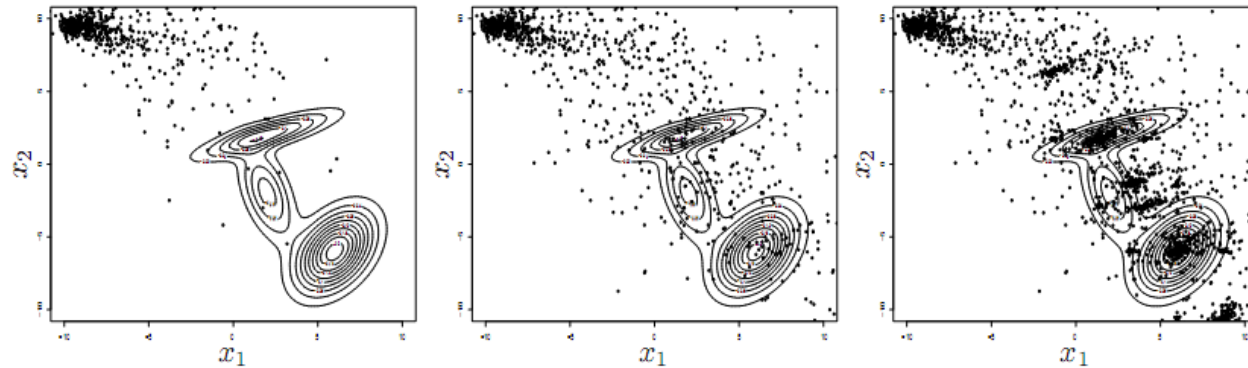
Przebieg optymalizacji

23

□ HDMEA



□ DE

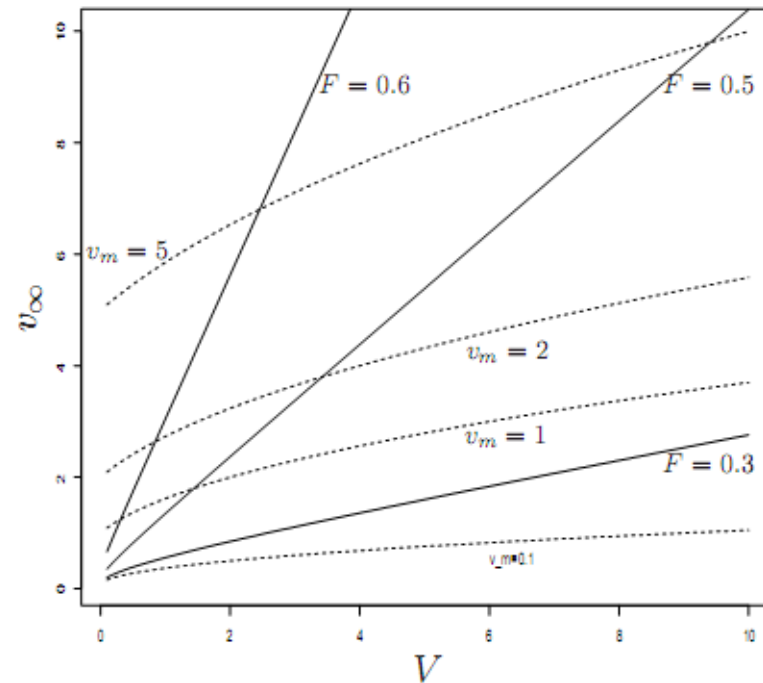


Właściwości DMEA

24

- Model nieskończonej populacji w iteracji o nieskończonym numerze dla funkcji celu będącej pojedynczą funkcją Gaussa
- Wariancja populacji

$$v_{\infty} = V \frac{2F^2}{1 - 2F^2}$$



Plan prezentacji

25

- Wprowadzenie
- Elementy klasycznego algorytmu ewolucyjnego
- Ewolucja różnicowa
- DMEA i inne modyfikacje
- Adaptacja zasięgu mutacji (AHDMEA, SaHDMEA)
- Analiza środka populacji
- Ograniczenia kostkowe

- Adaptive Hybrid Differential Mutation Evolutionary Algorithm

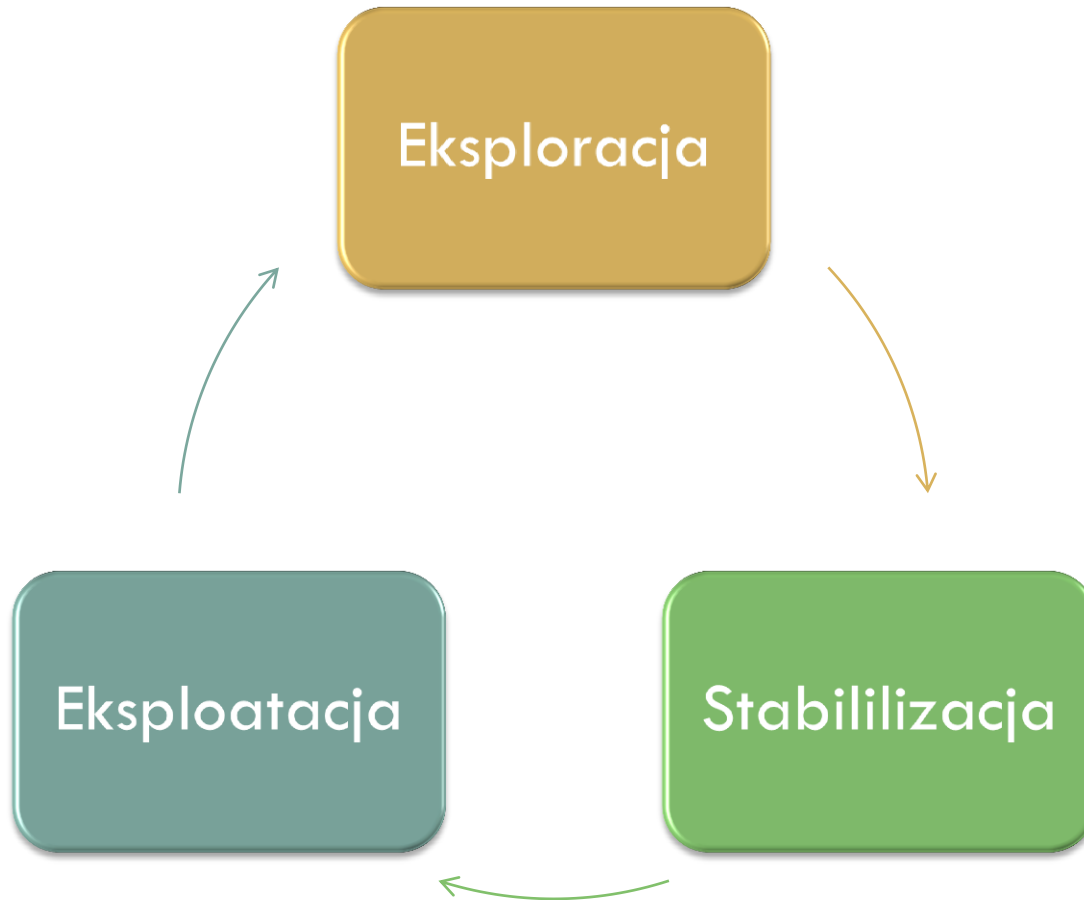


- Badanie współczynnika korelacji pomiędzy wartościami funkcji celu punktów bazowych a wartościami funkcji celu punktów zmutowanych

$$r_{XY} = \frac{\sum_{i=1}^{\mu} (x_i - \bar{x})(y_i - \bar{y})}{\sqrt{\sum_{i=1}^{\mu} (x_i - \bar{x})^2} \sqrt{\sum_{i=1}^{\mu} (y_i - \bar{y})^2}}$$

Etapy pracy algorytmu

27



AHDMEA

28

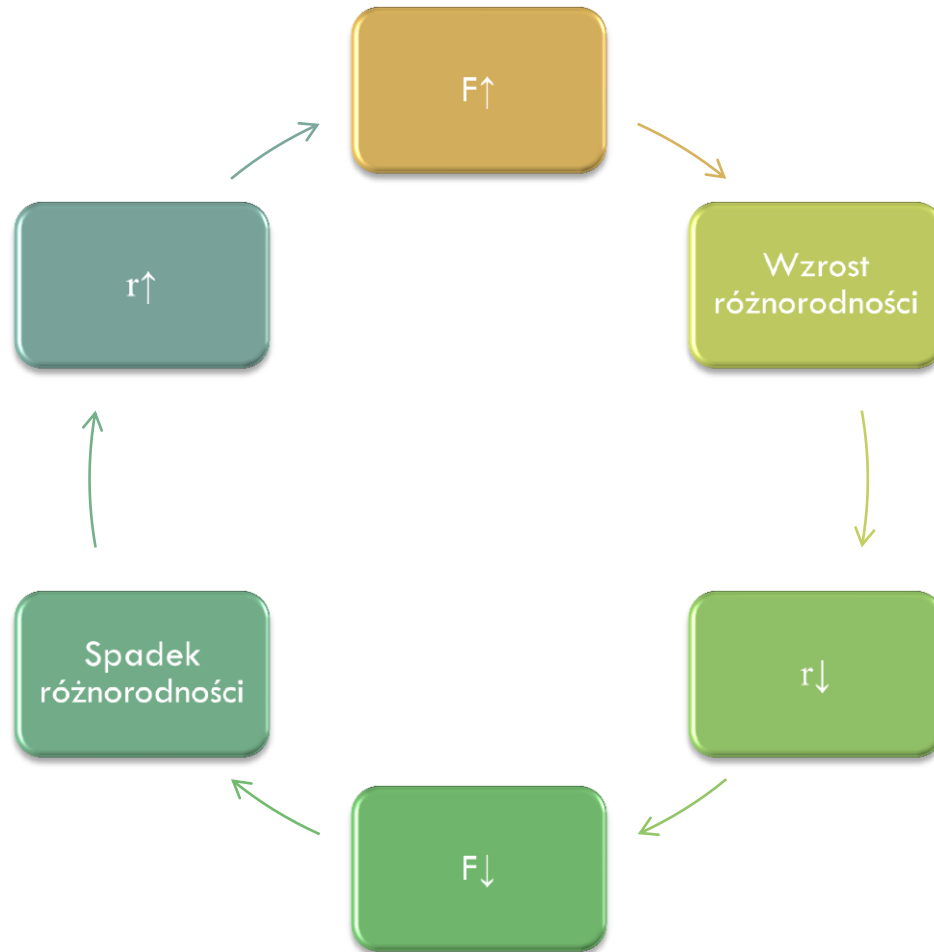
- Adaptacja współczynnika F mająca na celu zwiększenie różnorodności populacji

- Reguła adaptacyjna:
$$F^{t+1} = \begin{cases} F^t \cdot 1,05 & \text{jeżeli } \bar{r}_1 > \bar{r}_2 \\ \frac{F^t}{1,05} & \text{jeżeli } \bar{r}_1 < \bar{r}_2 \\ F^t & \text{w p.p.} \end{cases}$$

- Wysoka wartość szumów współczynnika korelacji – analiza wartości średnich kroczących $\bar{r}_1 = \frac{\sum_{i=t-19}^t |r_i|}{20}$

AHDMEA – Cykl działania

29



Wyniki AHDMEA

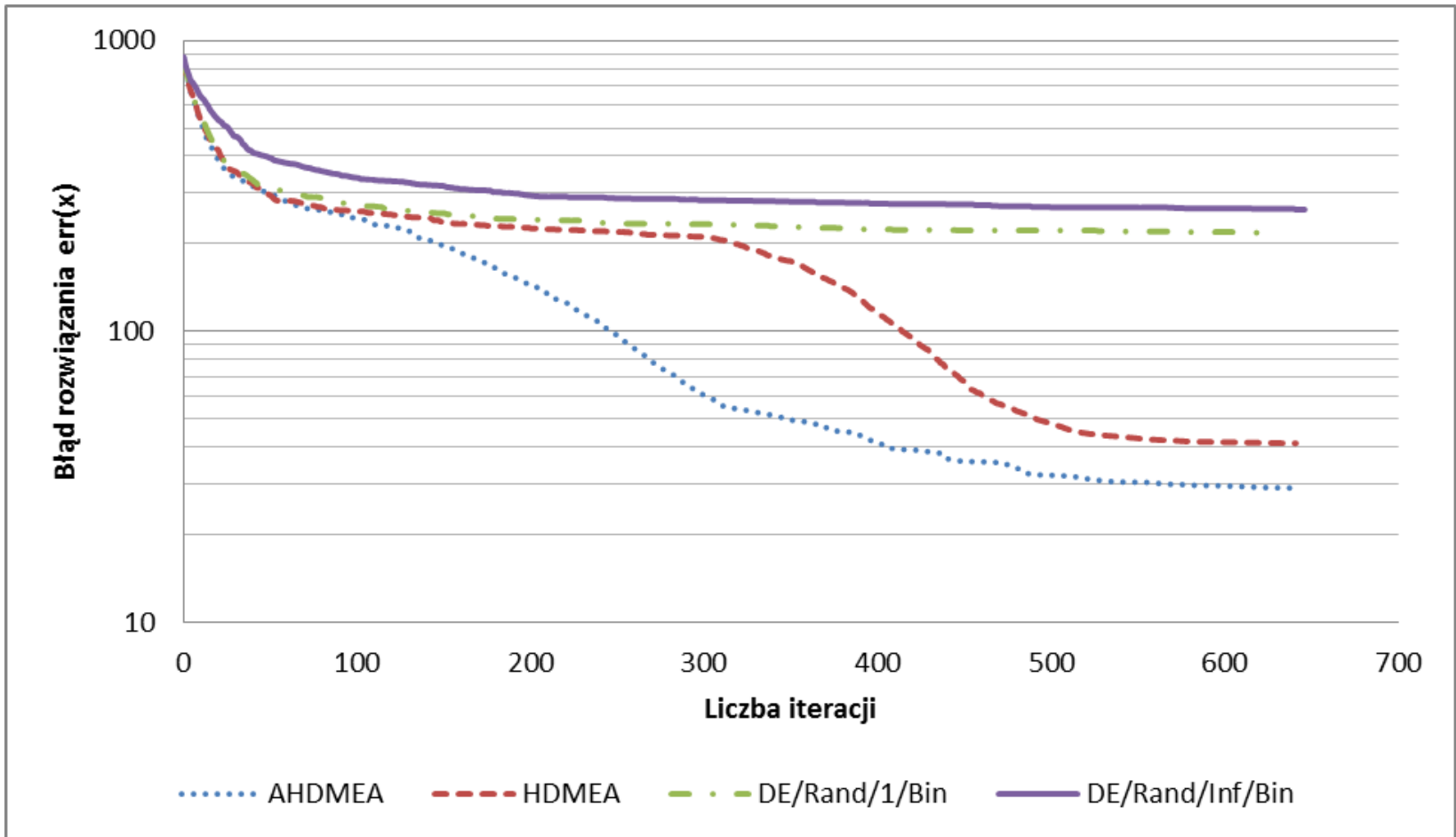
30

□ Porównanie z HDMEA

	CEC 2005 (30)																									
	F1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	
AHDMEA H=4 K=5	.	.	-	-	-	.	.	.	+	+	-	-	.	+	.	-	-	.	-	+	
AHDMEA	.	.	-	-	-	+	-	.	.	+	.	.	+	-	.	.	-	+

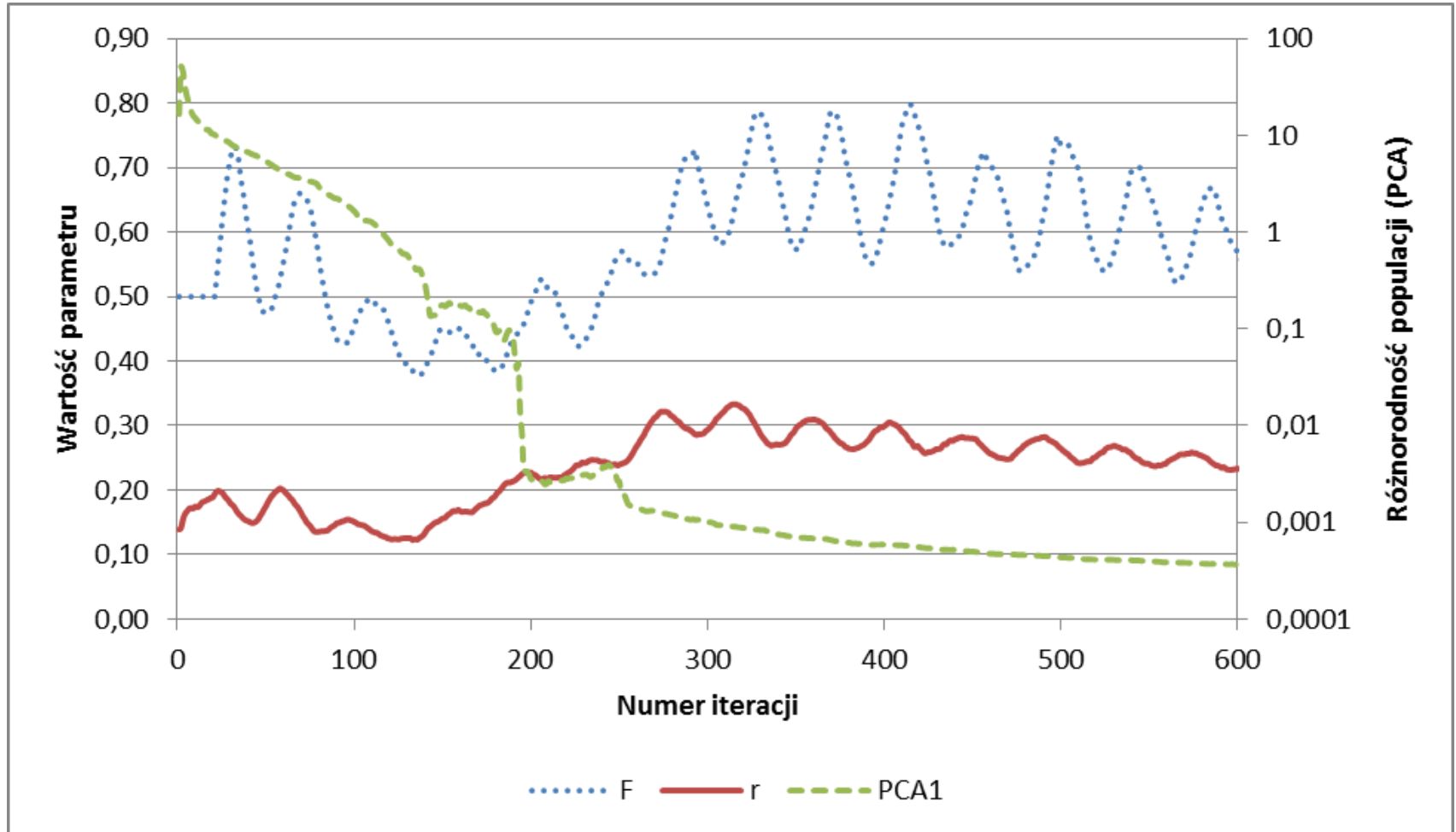
Przebieg AHDMEA

31



Zależność parametrów AHDMEA

32



SaHDMEA

33

- Self-adaptive Hybrid Differential Mutation Evolutionary Algorithm
- Samoczynna adaptacja współczynnika F
- Wprowadzanie indywidualnych wartości F dla każdego z osobników populacji

$$P_i^t = \{P_{1i}^t, P_{2i}^t, \dots, F_{P_i^t}\}$$

SaHDMEA

34

- Adaptacja współczynnika F przy pomocy mutacji różnicowej
 - ▣ Brak losowych zmian współczynników F (w odróżnieniu od SaDE i jDE)
 - ▣ $F_{P_i^t} \in [0,1]$
- Mutacja zdefiniowana następująco

$$U_i^t = P_{r1}^t + F_{P_i^t}v + m$$

v, m – jak w HDMEA

Wyniki SaHDMEA

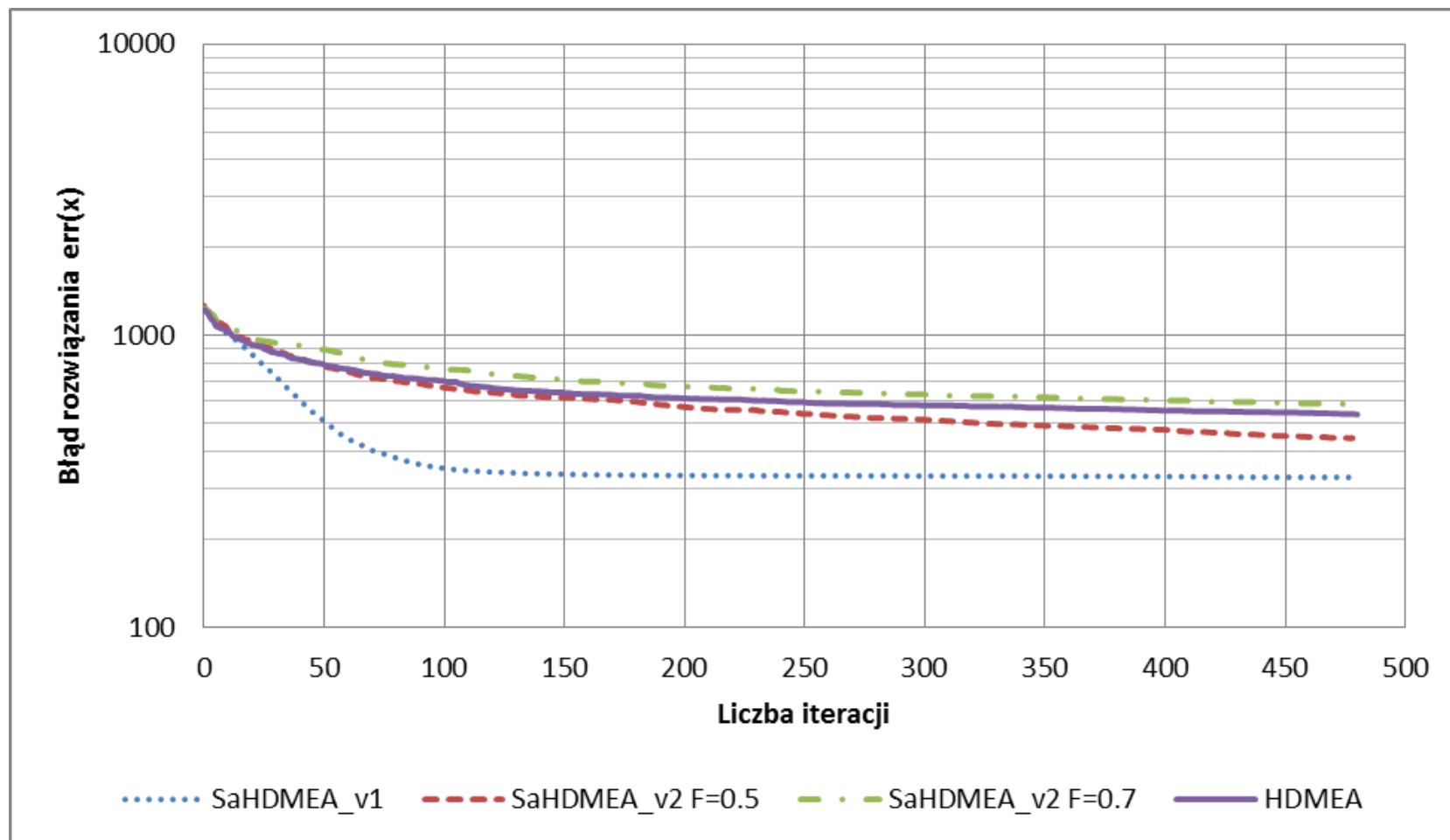
35

□ Porównanie z HDMEA

	CEC 2005 (30)																								
	F1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25
SaHDMEA_v2 F=0.5	+	.	.	.	+	+	+	.	+	+	+	.	+	.	+	+
SaHDMEA_v2 F=0.6	.	.	.	-	+	.	.	.	+	.	.	-	-	-	.	-	.	+	-
SaHDMEA_v2 F=0.7	.	.	.	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	.	-	-
SaHDMEA_v1	.	.	.	+	+	.	.	.	+	+	+	.	+	.	+	+	+	+	+	+	.	+	.	+	+

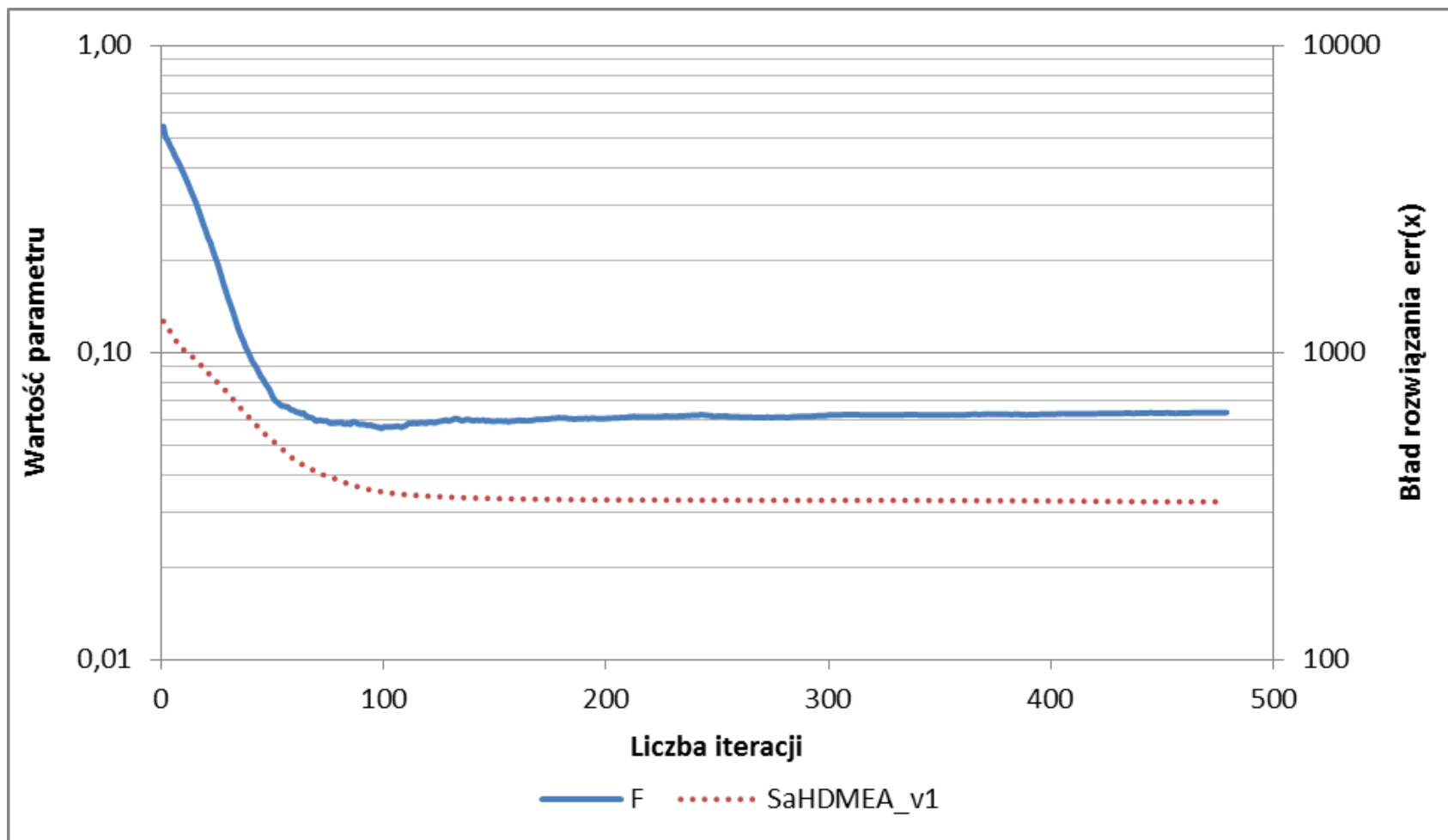
Przebieg zbieżności CEC2005-F1 5(30)

36



Zależność parametrów CEC2005-F1 5(30)

37



Plan prezentacji

38

- Wprowadzenie
- Elementy klasycznego algorytmu ewolucyjnego
- Ewolucja różnicowa
- DMEA i inne modyfikacje
- Adaptacja zasięgu mutacji (AHDMEA, SaHDMEA)
- Analiza środka populacji
- Ograniczenia kostkowe

Analiza środka populacji

39

- Populacje w wielu algorytmach ewolucyjnych mają tendencje do skupiania się na wzgórzu będącym ekstremum lokalnym
- Środek populacji może leżeć blisko wartości danego ekstremum lokalnego (bliżej niż każdy inny osobnik populacji)
- Środek geometryczny $q(P_{middle}^t) = q\left(\frac{\sum_{i=0}^{\mu} P_i^t}{\mu}\right)$
- Środek ważony $q(P_{wMiddle}^t) = q\left(\sum_{i=0}^{\mu} w_i^t P_i^t\right)$

Analiza środka - wyniki

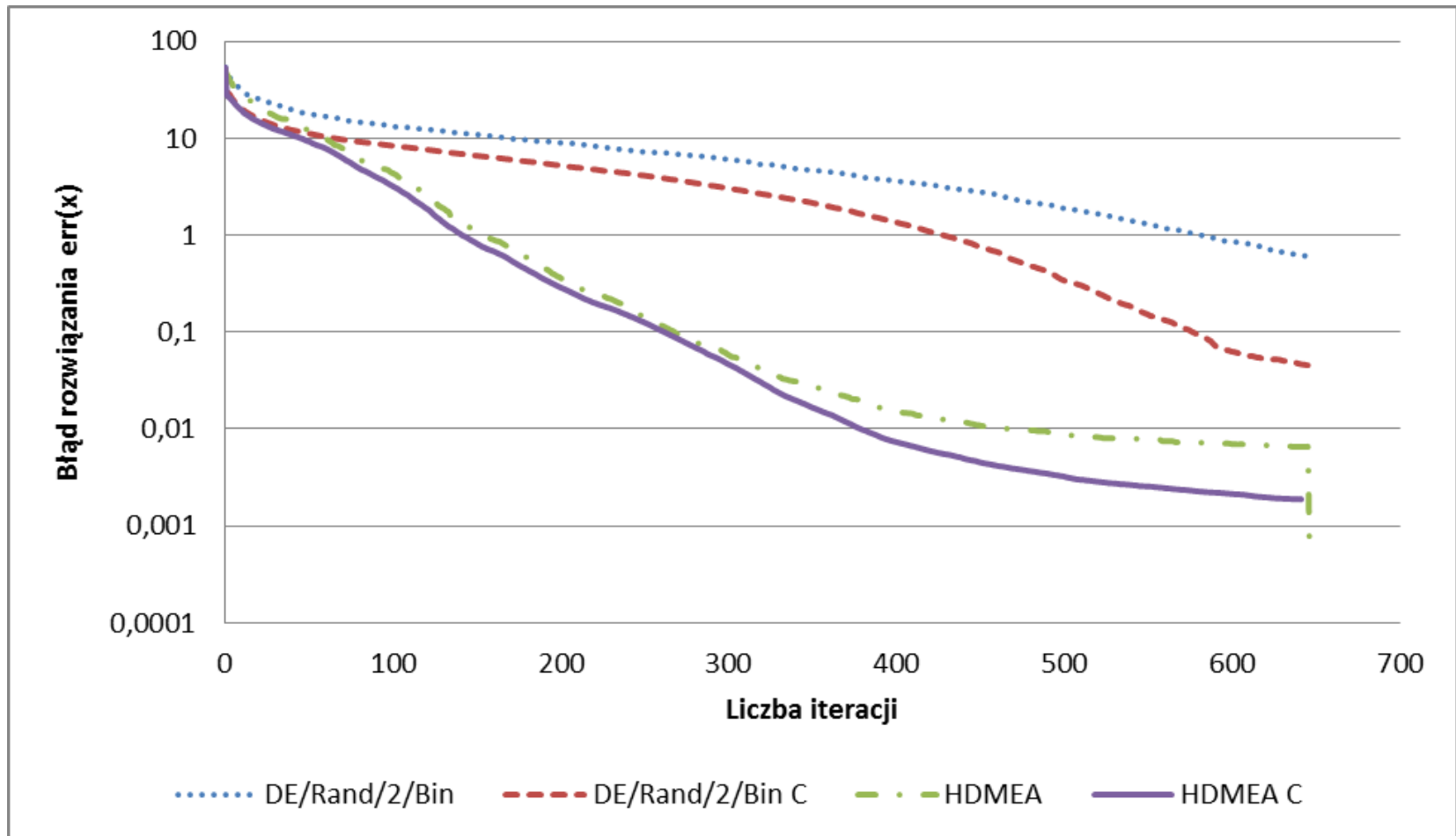
40

□ Porównanie z algorytmami bazowymi

	CEC 2005 (30)																								
	F1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25
DE/Rand/1/Bin C	+	+	+	+	+	+	.	+	+	+
DE/Rand/2/Bin C	+	+	+	+	+	+	.	.	.	+	.	.	+	+	.	+	+	+
DE/Rand/Inf/Bin C	+	+	+	+	.	+	+	+	+	.
DE/Rand/K/Bin C K=5	+	+	+	+	+	+	-	.	.	+	-	+	.	+	+	+
DMEA C	.	.	.	+	+	+	+
HDMEA C	-	+	+	+
AHDMEA C	+
ADHDMEA C	+	.	+	+	+	+
HMEA C H=4 K=5	+	+	-

Analiza środka – przebieg zbieżności BBOB2009-F1 4(30)

41



Plan prezentacji

42

- Wprowadzenie
- Elementy klasycznego algorytmu ewolucyjnego
- Ewolucja różnicowa
- DMEA i inne modyfikacje
- Adaptacja zasięgu mutacji (AHDMEA, SaHDMEA)
- Analiza środka populacji
- Ograniczenia kostkowe

Istotność problemu uwzględniania ograniczeń

43

- Odsetek punktów niedopuszczalnych (generowanych poza ograniczeniami) dochodzi nawet do 90%, przy średniej na poziomie 50%.
- Nieodpowiednio dobrana metoda uwzględniania ograniczeń, znacząco wpływa na stan populacji
 - ▣ Zmniejszenie różnorodności
 - ▣ Degeneracja wymiaru
 - ▣ Błądzenie losowe

Znane metody uwzględniania ograniczeń

44

- Metoda konserwatywna (conservatism)
- Reinicjalizacja (reinitialization)
- Odbicie (reflection)
- Rzutowanie (projection)
- Zawijanie (wrapping)
- **Ponowne próbkowanie (resampling)**
- **Obcięcie (center cutting) (metoda z algorytmu DMEA)**

Obcięcie (center cutting)

45

- Do naprawy punktów stosowany jest wzór

$$x' = P_{middle}^t + a(x - P_{middle}^t)$$

Gdzie $a = \frac{1}{2}$. Jeżeli po zastosowaniu wzoru punkt dalej jest niedopuszczalny, współczynnik a dzielony jest przez 2 oraz następuje ponowne obliczenie nowego punktu.

- Zasada stworzona dla algorytmu DMEA, tak aby w jak najmniejszym stopniu wpływać na macierz kowariancji populacji.

Ponowne próbkowanie (resampling)

46

- Naprawa punktów niedopuszczalnych odbywa się poprzez ponowne ich wygenerowanie przy pomocy operatorów genetycznych.
- W przypadku zbyt dużej liczby prób ponownego generowania, stosowana jest metoda inicjalizacji (punkt losowany jest z całego zbioru dopuszczalnego)
- Metoda osiągająca najlepsze wyniki dla klasycznych algorytmów DE

Resampling – Wyniki

47

□ Porównanie z innymi metodami dla HDMEA

	CEC 2005 (30)																								
	F1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25
Conservative HDMEA	.	.	-	-	-	.	.	.	-	-	.	-	.	.	-	-	-	-	.	.	-	-	-	-	-
Center Cutting HDMEA	.	.	-	-	-	.	.	.	-	-	-	-	.	+	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-
Projection HDMEA	.	.	+	.	-	-	.	-	-	-	-	+	.	.	.	-	+	-	-	-	+
Reflection HDMEA	.	.	+	.	-	.	.	.	-	-	.	-	.	.	.	-	+	+	+	.	-	+	-	.	+
Reinit HDMEA	.	.	-	-	-	.	.	.	-	-	.	-	.	-	-	-	.	.	-	-	-	-	-	-	-
Wrapping HDMEA	.	.	.	-	-	.	.	.	-	-	-	-	.	.	+	+	.	.	-	.	-

Odsetek naprawianych punktów (HDMEA)

48

Funkcja (CEC2005)	10		30	
	Ponowne próbkiwanie	Obcinanie	Ponowne próbkiwanie	Obcinanie
F1	0,01 (0,00)	0,00 (0,00)	0,13 (0,01)	0,03 (0,02)
F2	0,01 (0,00)	0,00 (0,00)	0,16 (0,02)	0,05 (0,02)
F7	0,97 (0,00)	0,09 (0,03)	0,98 (0,00)	0,20 (0,02)
F8	0,78 (0,03)	0,33 (0,04)	0,88 (0,20)	0,42 (0,02)
F9	0,03 (0,01)	0,01 (0,00)	0,66 (0,06)	0,05 (0,01)
F10	0,01 (0,00)	0,01 (0,02)	0,35 (0,04)	0,09 (0,10)
F11	0,16 (0,14)	0,15 (0,21)	0,43 (0,14)	0,34 (0,14)
F12	0,04 (0,09)	0,14 (0,22)	0,32 (0,07)	0,30 (0,18)
F13	0,00 (0,00)	0,00 (0,00)	0,08 (0,01)	0,01 (0,00)
F17	0,28 (0,09)	0,13 (0,05)	0,97 (0,01)	0,30 (0,02)
F18	0,02 (0,00)	0,10 (0,19)	0,88 (0,01)	0,42 (0,12)
F19	0,02 (0,00)	0,06 (0,14)	0,88 (0,01)	0,42 (0,08)
F24	0,01 (0,00)	0,01 (0,01)	0,17 (0,01)	0,24 (0,12)
F25	0,68 (0,01)	0,49 (0,10)	0,88 (0,01)	0,37 (0,06)
Średnia	0,16 (0,02)	0,08 (0,06)	0,47 (0,04)	0,20 (0,07)

Podsumowanie

49

- Dobre wyniki metody SaHDMEA
- Trudności w stworzeniu reguły adaptacyjnej (AHDMEA, ADHDMEA)
 - ▣ Wyniki zaciemnione przez stosowanie optymalizacji lokalnej
 - ▣ Odległe od rzeczywistości modele teoretyczne funkcji celu
- Korzystny wpływ analizy środka populacji na wyniki
- Wyznaczanie ponownego próbkowania na najlepszą metodę uwzględniania ograniczeń kosztowych

Źródła

50

1. K. V. Price, R. M. Storn i J. A. Lampinen, *Differential Evolution: A Practical Approach to Global Optimization*, Springer, 2005.
2. J. Arabas, Ł. Bartnik i K. Opara, „Crossing saddles by combining differential mutation with the fitness proportional selection”, *Niepublikowana praca*.
3. J. Arabas, A. Szczepankiewicz i T. Wroniak, „Experimental Comparison of Methods to Handle Boundary Constraints in Differential Evolution”.
4. K. Opara i J. Arabas, „Differential Mutation Based on Population Covariance Matrix,” w *PPSN'10 Proceedings of the 11th international conference on Parallel problem solving from nature: Part I*, 2010.

51

Dziękuję za uwagę