

Bogusław Filipowicz*, Wojciech Chmiel*, Maciej Dudek*, Piotr Kadłuczka*

Efektywność wielopopulacyjnego algorytmu ewolucyjnego dla zagadnień permutacyjnych

1. Wprowadzenie

Przedstawiona w artykule problematyka stanowi pewien wycinek prac, związany z tworzonym systemem wieloagentowym, bazującym na wielopopulacyjnym algorytmie ewolucyjnym. Elementami tego systemu są niezależnie działające algorytmy ewolucyjne, które komunikują się ze sobą w celu wymiany informacji, dotyczącej uzyskanych rozwiązań oraz parametrów algorytmu.

Już w 1931 roku genetyk Sewall Wright w swojej pracy poświęconej dryfowi genetycznemu stwierdził, że: „...podział gatunku na lokalne rasy stanowi najefektywniejszy mechanizm prób i błędów na polu kombinacji genów”.

Pierwsze równoległe implementacje algorytmów genetycznych zostały stworzone w latach 80. Nie różniły się jednak one w znaczącym stopniu od klasycznych wersji algorytmu – służyły jedynie przyspieszeniu obliczeń poprzez użycie kilku maszyn i systemu współdzielenia pamięci. Zaczęto jednak zauważać, że pewne równoległe implementacje mogą doprowadzić do zmniejszenia całkowitej ilości obliczeń lub wręcz do wytworzenia „nowej jakości” w procesie ewolucyjnym.

Ważnym etapem rozwoju równoległych algorytmów genetycznych była praca zespołu Cohoona [1]. Autorów zainspirowała teoria punktualizmu (*punctuated equilibrium*) zaproponowana w 1972 roku przez paleontologów S. Goulda oraz N. Eldridge’a w celu wyjaśnienia gwałtownych zmian w populacjach. Teoria ta głosi, iż gatunki mają wrodzoną odporność na niewielkie zmiany genetyczne i zachowują pewną stabilność. Dopiero rzadki, złożony przypadek pozwala na utworzenie się nowego gatunku. Jest to przeciwieństwo gradualizmu, który zakłada continuum zmian.

* AGH Akademia Górniczo-Hutnicza, Wydział Elektrotechniki, Automatyki, Informatyki i Elektroniki, Katedra Automatyki

Opracowano schemat algorytmu, w którym cała populacja dzieli się na podpopulacje (wyspy, *islands*, *demes*), gdzie ewolucja zachodzi w izolacji od reszty osobników. Każda z podpopulacji przechodzi inną trajektorię ewolucji i może zbiec się w innym ekstremum. Co pewien okres podpopulacje wymieniają się kilkoma osobnikami w procesie migracji, co znacznie przyspiesza znalezienie rozwiązania. Model ten okazał się niezwykle skuteczny i górował nie tylko nad sekwencyjnym, ale także nad rozproszonym algorytmem bez migracji. Kontynuacją badań Coohona, dla zagadnienia TSP była praca [2], w której przebadano pięć równoległych architektur w zakresie porównania równoległego wykonywanie szeregowego algorytmu bez komunikacji oraz z cykliczną migracją, podziału przestrzeni rozwiązań pomiędzy podpopulacje, a także optymalizacji fragmentów rozwiązań za pomocą heurystyk.

Dodatkowymi kwestiami, które należy rozstrzygnąć w konstrukcji algorytmów wielopopulacyjnych są: topologia połączeń, rozmiar i interwały między migracjami oraz metoda selekcji migrantów.

W przeprowadzonych badaniach jako przykład testowy zagadnienia permutacyjnego użyto symetrycznego zagadnienia komiwojażera, dla którego zaproponowano miarę różnorodności. Może być ona stosowana do sterowania zbieżnością algorytmu, poprzez mechanizm migracji.

2. Algorytmy wielopopulacyjne – model wyspowy

Dla potrzeb prowadzonych badań zaimplementowano algorytm ewolucyjny operujący na permutacyjnej reprezentacji rozwiązania. Jako funkcję przystosowania dla zagadnienia komiwojażera przyjęto funkcję celu, minimalizując sumaryczną wagę wybranych krawędzi nieskierowanego grafu. Liczebność całej populacji wynosi N . Na całą populację składa się S jednakowych podpopulacji, które wymieniają się osobnikami według wybranej topologii *TOP*.

Selekcja osobników odbywa się w oparciu o model turniejowy (o rozmiarze r) lub losowy (z rozkładem równomiernym) jako:

- selekcja międzygeneracyjna – po ewaluacji osobników selekcja do kolejnej generacji,
- selekcja migracyjna – wyborze chromosomów do migracji w podpopulacji,
- selekcja osobników do usunięcia – wybór osobników w podpopulacji docelowej, w celu zwolnienia miejsce dla migrantów.

Zbiór operatorów genetycznych ograniczono do operatora krzyżowania z częściowym odwzorowaniem (*PMX*) – specjalizowanym dla zagadnienia permutacyjnego, operatora mutacji, przez inwersję (odwrócenie) części rozwiązania oraz operatora optymalizacji lokalnej *2opt*.

Parametrami algorytmu oraz elementami podlegającymi wyborowi są (w nawiasie podano przyjęte wartości i elementy domyślne algorytmu bazowego):

- całkowita liczba osobników (2000),
- liczba podpopulacji – wysp (16),
- licznosc podpopulacji (125),
- tworzenie populacji początkowej (rozwiązania losowe),
- selekcja międzygeneracyjna (turniejowa o rozmiarze $r = 7$),
- selekcja osobników do usunięcia (wybór losowy),
- selekcja migracyjna (wybór losowy),
- operator krzyżowania (PMX),
- prawdopodobieństwo krzyżowania (1),
- operator mutacji (inwersja),
- prawdopodobieństwo mutacji (0,05),
- miara różnorodności (tak),
- model elitarystyczny (brak),
- dynamiczne sterowanie parametrami (brak),
- maksymalna liczba iteracji bez poprawy rozwiązania (200),
- całkowita liczba iteracji (2000).


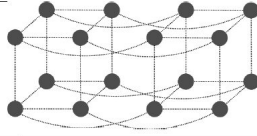

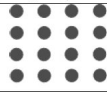
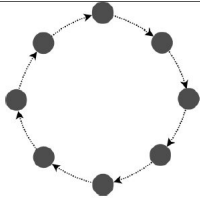
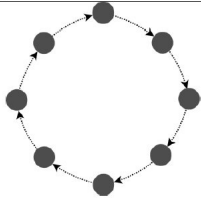
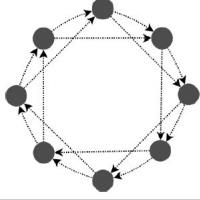
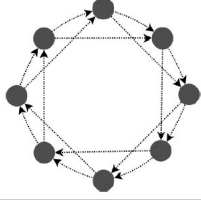
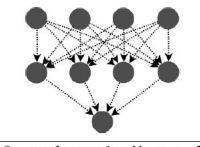
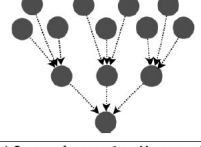
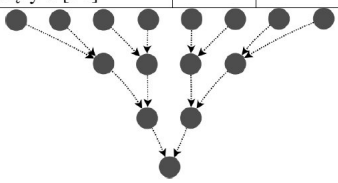
2.1. Topologia połączeń

W literaturze wymienia się następujące rozwiązania dotyczące topologii dla modelu wyspowego: topologie w kształcie okręgu z migracjami w jedną lub dwie strony, połączenie „każdy z każdym” [3], drabinę, okrąg 1+2, okrąg 2+3 [4], siatkę oraz topologie hierarchiczne [5].

Cantú-Paz wprowadził pojęcie stopnia wyspy (*degree*), które określa liczbę sąsiadów, czyli wysp, do których wysyłane są osobniki. Dowodzi, że to właśnie stopień wysp determinuje dynamikę całej populacji, a nie konkretna topologia. Wyniki teoretyczne dla topologii złożonej z ośmiu wysp, potwierdzone wynikami eksperymentalnymi, wskazują, że aby zminimalizować czas konwergencji, wyspy powinny być stopnia 2 lub 3.

Whitley [6], w swoich badaniach nad optymalizacją funkcji, rozdzielił 5000 kodowanych binarnie osobników pomiędzy różną liczbę wysp. Zauważył, iż optymalna liczba wysp może być zależna od instancji testowej. Większa granulacja dawała lepsze efekty dla problemów zwodniczych. Dla instancji o bardziej równomiernej przestrzeni rozwiązań nie zauważono istotnego wpływu granulacji na jakość rozwiązań.

Dla celów eksperymentalnych przyjęto 11 topologii przedstawionych na rysunku 1.

			
n-1	Jedna populacja licząca 2000 osobników	hip-16	16 podpopulacji po 125 osobników, migracje w obie strony
			
n-8	8 niezależnych podpopulacji po 250 osobników	n-16	16 niezależnych podpopulacji po 125 osobników
			
o-8-a	8 podpopulacji po 250 osobników ustawionych w okręgu, migracje do 1 wyspy	o-16-a	16 podpopulacji po 125 osobników ustawionych w okręgu, migracje do 1 wyspy
			
o-8-b	8 podpopulacji po 250 osobników ustawionych w okręgu, migracje do 2 wysp	o-16-b	16 podpopulacji po 125 osobników ustawionych w okręgu, migracje do 2 wysp
			
n-441	9 podpopulacji po 222 osobników, struktura hierarchiczna. Model pochodzący z [34]	h-931	13 podpopulacji po 153 osobniki, struktura hierarchiczna
			
h-8421	15 podpopulacji po 133 osobniki, struktura hierarchiczna		

Rys. 1. Testowane topologie wielopopulacyjnego algorytmu ewolucyjnego

2.2. Częstość migracji

Zagadnieniu częstości migracji w literaturze poświęcono relatywnie niewiele uwagi, nie oddzielając badań nad częstością migracji od badań nad rozmiarem całkowitego strumienia migracji. Najczęściej pomija się fakt, iż ze wzrostem częstości wysyłania stałej liczby migrantów, rośnie całkowita liczba migrujących osobników.

Skolicki oraz De Jong [7] przeprowadzili badanie wpływu interwałów między migracjami oraz ich liczebnością na przebieg obliczeń. Stwierdzili, iż z uwagi na skomplikowaną strukturę algorytmów genetycznych, trudno wyciągać ogólne wnioski dla wszystkich implementacji modeli wyspowych. Przeprowadzili oni badania nad częstością migracji zakładając stały strumień migrantów. Wyniki wskazały, że częstość migracji odgrywa, w stosunku do pozostałych parametrów, nieznaczną rolę.

2.3. Liczebność migracji

W zasadzie większość autorów jest zgodna, że algorytmy wielopopulacyjne uzyskują lepszą efektywność, gdy występuje migracja. Jednak zbyt duża lub za słaba intensywność migracji pogarsza efekty jej stosowania. Wynika stąd, że istnieje pewna optymalna intensywność migracji, która leży między skrajnymi wartościami.

Skolicki i De Jong [7], odnosząc się przy tym do innych badań, ocenili tę wartość poniżej 10% rozmiaru podpopulacji. Jednak zdecydowanie negatywny skutek ujawnia się dopiero przy liczebności bliskiej liczebności samej wyspy.

W pracy [8] zaproponowano dynamiczne dostrajanie intensywności migracji. Zdaniem autorów takie podejście uzyskuje przewagę nad algorytmem o stałej migracji. Decyzja o zwiększeniu lub zmniejszeniu intensywności migracji zależy od jej wpływu na jakość najlepszego uzyskanego rozwiązania.

2.4. Metoda wyboru osobników migrujących

Selekcja preferująca lepiej przystosowanych migrantów może znacząco zwiększyć napór selekcyjny. Działanie jest dodatkowo spotęgowane sytuacją, gdy osobniki są kopiowane, a nie przemieszczane między podpopulacjami. Używając losowego wyboru, można zrezygnować z presji selekcyjnej przy migracji.

Danzinger i Kidney w [9] zaproponowali wykorzystanie nie tylko wartości przystosowania, ale także różnorodności do selekcji osobników. Użyli mieszanej wagi, aby zwiększyć szansę na migrację zróżnicowanych osobników.

Borovska i Lazarova [3] uzyskały lepszy wynik przy wyborze osobników najlepszych niż przy wyborze losowym. Dotyczyło to wszystkich rozpatrywanych topologii.

2.5. Miara różnorodności rozwiązań populacji

Z pojęciem naporu selekcyjnego związana jest miara różnorodność populacji. Miary te zwykle dzieli się na genotypowe (różnice w zakodowanych rozwiązaniach) oraz fenotypowe

(określają różnice w wartości funkcji przystosowania). Wadami pierwszych są: większa złożoność obliczeniowa oraz konieczność dostosowania miary do użytego kodowania, natomiast drugich mniejsza dokładność przy niewielkim koszcie obliczeniowym.

Najczęściej spotykaną miarą genotypową jest odległość Hamminga między dwoma rozwiązaniami. Z punktu widzenia wybranego zagadnienia testowego TSP, jej wadą jest porównywanie wartości genów na absolutnych pozycjach (*locus*). Można stosować odległość Levenshteina, która bierze pod uwagę przestawienia, ale jest zbyt obciążająca obliczeniowo – wymaga $(N-1)!$ porównań.

W pracach Morrisona i DeJonga [10] oraz Tsujimury i Gena [11], autorzy zaproponowali dwa różne algorytmy o liniowej złożoności obliczeniowej $O(N)$. Pierwsza miara zdefiniowana jest w oparciu o wzór na inercję n -wymiarowej bryły, natomiast druga bazuje na entropii. Ze względu, że tożsame są one z miarą Hamminga, nie nadają się do zagadnienia komiwojażera.

Wśród miar fenotypowych można wymienić odchylenie standardowe wartości przystosowania lub liczbę różnych wartości funkcji przystosowania, a także miary z użyciem entropii.

W implementacji algorytmu zastosowano specyficzny sposób liczenia różnorodności dla zagadnienia permutacyjnego, kolejnościowego, którego przykładem jest rozważany problem TSP, przedstawiony w pracy [12]. Miara genotypowa M_{POP} , o złożoności liniowej zależnej od wielkości populacji, została zdefiniowana następująco:

$$M_{POP} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n M_i \quad (1)$$

gdzie:

n – rozmiar problemu,

N – liczność populacji,

$M_i = \frac{LP_i - 2}{n - 3} \in \langle 0, 1 \rangle$ – miara różnorodności połączeń i -tego wierzchołka,

LP_i – liczba różnych połączeń i -tego wierzchołka.

Dla każdego wierzchołka obliczamy liczbę wierzchołków sąsiednich w całej populacji. Miara ta zostaje unormowana i uśredniona dla wszystkich wierzchołków. Miara różnorodności populacji pozwala dostrzec wpływ poszczególnych parametrów na zbieżność algorytmu, a także sterować zbieżnością z wykorzystaniem mechanizmów migracji, operatorów mutacji, odświeżania populacji, restartu algorytmu .

3. Model zagadnienia i instancje testowe

Jako zadanie testowe przyjęto standardowe zagadnienie komiwojażera (TSP), które należy do klasy problemów permutacyjnych NP-trudnych i jest najbardziej popularnym zagadnieniem optymalizacji dyskretnej. Sprowadza się ono do znalezienia najkrótszego cyklu

Hamiltona w spójnym grafie o n wierzchołkach. Model matematyczny w ujęciu permutacyjnym możemy zdefiniować następująco:

Dany jest zbiór $N = \{1, \dots, n\}$ oraz macierz $(n \times n)$ -wymiarowa $A = [a_{i,k}]$. W terminologii teorii grafów: zbiór N jest zbiorem wierzchołków spójnego, ważonego grafu, A macierzą wag krawędzi lub łuków (macierzą kosztów lub odległości), natomiast $\pi(i) \in N, i = 1, \dots, n$ określa kolejność odwiedzanych wierzchołków (numer i -tego w kolejności wierzchołka).

Należy znaleźć permutację $\pi = (\pi(1), \dots, \pi(n))$ elementów zbioru N , która minimalizuje funkcję celu $\phi(\pi)$ o następującej postaci:

$$\phi(\pi) = \sum_{i=1}^{n-1} a_{\pi(i)\pi(i+1)} + a_{\pi(n)\pi(1)} \quad (2)$$

Funkcja celu $\phi(\pi), \pi \in \Pi$, określa globalny koszt zamkniętej drogi komiwojażera, natomiast Π jest zbiorem permutacji zbioru N .

Dla zagadnienia *TSP* instancje testowe pobrano z biblioteki o nazwie *TSPLib95* [13]. Dla każdego z 24 zadań każdy eksperyment powtarzano 5 razy, wyznaczając wartości średnie i odchylenie standardowe. W sumie wykonano ponad 5000 eksperymentów obliczeniowych, na podstawie których sformułowano wnioski dotyczące efektywności wielopopulacyjnego algorytmu ewolucyjnego. Znając rozwiązania referencyjne (optymalne – ϕ_{best}) dla wszystkich zadań, w celu porównania jakości uzyskiwanych przez algorytmy rozwiązań posługujemy się współczynnikiem względnej różnicy jakości – D [%]:

$$D = \frac{\phi(\pi) - \phi_{best}}{\phi_{best}} \cdot 100\% \quad (3)$$

4. Wyniki eksperymentów obliczeniowych

4.1. Topologia

Przebadano łącznie 11 różnych topologii (rys. 1), zachowując stałą liczebność łączną populacji 2000 oraz stały całkowity strumień migracji – 64 (3,2% populacji). Wyniki zebrano w tabeli 1. Przesłanką dla stworzenia modeli hierarchicznych było założenie, że podpopulacje z wyższych poziomów przekazywałyby produkty ewolucji podpopulacjom z poziomów niższych, w których dokonywałaby się ich rywalizacja. Model h-8421 przypomina strukturą turniej w systemie pucharowym. Model jednopopulacyjny oraz modele podpopulacji niezależnych służą weryfikacji opinii, że model z migracjami jest od nich lepszy. Założenia co do skuteczności modeli hierarchicznych okazały się błędne. Najgorsze wyniki otrzymano właśnie dla tych modeli (h-8421, h-931, h-441) oraz dla modeli niezależnych wysp (n-8, n-16). W modelach hierarchicznych przepływ migracji odbywa się tylko w jedną stronę. To sprawia, że zewnętrzne podpopulacje, nie otrzymując migrantów, przeszukują mniejszą część przestrzeni rozwiązań i w konsekwencji zbiegają się do wielu

lokalnych minimów. Za to modele o dużej liczbie połączeń zbiegają się do jednego rozwiązania suboptymalnego. Modele niezależnych wysp (n-8, n-16) nie różnią się niczym od wielokrotnego wykonywania algorytmu jednopopulacyjnego o mniej licznej populacji. To, że pojedyncza populacja (model n-1) radzi sobie lepiej, wynika z faktu, iż posiada większą ilość osobników, co pozwala jej w sumie przeglądać większą przestrzeń rozwiązań. Mała podpopulacja zbiega się w lokalnym minimum, z którego nie jest się w stanie wydostać. Ta zależność staje się bardziej widoczna wraz ze wzrostem stopnia złożoności problemu. Z drugiej strony modele z migracjami wykazują większą skuteczność dla złożonych problemów ($n > 100$) wtedy, gdy są bardziej rozdrobnione. Potwierdza to wnioski Whitleya dotyczące granulacji populacji. Topologie w kształcie okręgu osiągnęły najlepsze rezultaty, a zwyciężył model z 16 wyspami z wyspami o stopniu 2 (o-16-b). Można wnioskować, iż większe rozdrobnienie sprzyja eksploatacji nisz, a podwójne połączenia pomagają utrzymać jedność populacji.

Można także zauważyć wpływ liczby połączeń na czas konwergencji. Model hip-16 (hipersześcian) posiada aż 4 połączenia na wyspę. To sprawia, że szybciej się zbiega w minimum. Najszybszy czas konwergencji wystąpił w modelu n-1 składającego się z pojedynczej populacji.

Tabela 1
Wpływ topologii na względną różnicę jakości – D[%] (por. wzór (3))

Instancje	n-1	n-8	n-16	o-8-a	o-8-b	o-16-a	o-16-b	h-8421	h-931	h-441	hip-16
eil51	6.71	4.46	6.48	3.57	5.40	4.88	6.38	5.35	4.93	5.54	4.93
berlin52	7.79	5.77	4.50	7.45	8.41	8.02	4.84	5.62	5.60	6.09	6.66
st70	7.64	7.32	11.17	7.79	7.61	6.19	8.36	7.26	9.69	5.48	6.52
eil76	8.92	9.37	13.05	6.62	9.07	8.40	7.84	9.85	7.77	11.08	8.88
pr76	5.36	6.19	10.03	5.29	7.21	6.61	6.19	7.01	6.85	6.29	6.06
rat99	11.87	15.18	19.60	13.10	13.82	8.29	8.55	19.08	16.05	13.67	12.14
kroA100	8.36	14.16	20.80	7.58	10.98	6.87	8.79	15.16	18.67	12.26	7.89
kroB100	9.28	13.84	19.35	11.56	9.46	8.20	5.91	16.30	15.14	13.16	8.51
kroC100	10.97	14.35	25.79	8.59	10.54	8.51	13.58	15.96	14.90	12.02	10.83
kroD100	10.20	11.82	19.69	8.82	10.75	9.91	7.65	15.56	16.28	13.41	11.41
kroE100	11.10	13.46	19.44	8.16	6.50	7.67	7.14	12.99	16.48	9.70	8.80
rd100	10.87	13.02	22.76	9.30	11.63	9.96	10.83	16.62	18.67	11.38	11.26
eil101	10.75	13.26	17.71	10.11	10.43	9.89	9.67	15.33	13.90	12.21	8.46
lin105	8.42	13.83	28.38	10.65	10.53	5.38	9.25	21.09	21.18	11.96	7.36
pr107	9.04	10.78	16.80	6.34	7.91	10.13	8.21	11.16	12.28	7.62	10.54
pr124	7.58	28.42	35.74	6.15	6.93	5.88	6.16	27.10	33.61	22.72	5.46
bier127	9.21	15.97	25.70	10.21	9.54	9.00	7.50	21.70	16.97	14.11	9.42
ch130	12.60	20.06	31.45	10.53	10.04	9.57	9.46	28.07	27.63	18.71	10.33
pr136	11.38	19.71	31.92	11.61	13.93	10.49	10.89	28.28	25.51	20.61	13.34
pr144	10.41	37.63	59.98	10.59	13.46	7.66	6.48	46.31	47.04	39.04	6.79
ch150	15.28	31.45	46.54	11.05	9.52	12.43	14.14	40.11	38.71	29.76	10.60
kroA150	13.15	35.93	45.25	10.96	11.91	10.99	11.28	38.08	36.72	29.16	9.88
kroB150	12.26	28.51	46.10	10.23	11.30	12.07	11.69	39.01	41.27	23.71	10.77
u159	17.31	40.22	57.07	15.76	14.15	14.99	10.85	48.18	44.52	33.70	13.93
Średnia	10.27	17.70	26.47	9.25	10.04	8.83	8.82	21.30	21.27	15.97	9.20

4.2. Częstość migracji

Do badania częstości migracji wybrano model o-16-b, który uzyskał najlepszy wynik w pierwszym eksperymencie. Aby wskazać wpływ częstości migracji, przyjęto stałą liczbę migrujących osobników w ilości 64 osobników na generację. Jeśli migracje występują k razy rzadziej, odpowiednio k razy wzrasta jej liczebność. Wyniki dla migracji realizowanej co 1, 2, 3, 5, 10, 15 i 25 generacji zebrano w tabeli 2. Najlepsze wyniki uzyskano dla migracji o okresie 10 generacji. Jednak różnice w obrębie badanych modeli są niewielkie i trudno wyznaczyć trend, który definitywnie określiłby optymalną częstość. Wyniki te pokrywają się więc z wnioskami zawartymi w [7], że dla stałego strumienia migrantów częstość migracji nie wpływa znacząco na najlepsze uzyskane rozwiązanie.

Badania wskazują jednak na to, iż częstość ma znaczący wpływ na szybkość konwergencji. Krótkie odstępy między migracjami skracają całkowity czas obliczeń. Wiąże się to prawdopodobnie z faktem, iż w stosunku do częstych migracji, rzadsze migracje są liczniejsze i następują po dłuższej konwergencji, bardziej różnicując rozwiązania podpopulacji.

Tabela 2
Wpływ częstości migracji na względną różnicę jakości – D[%]

Instancje	1	2	3	5	10	15	25
eil51	6.38	5.59	7.32	5.45	5.96	4.41	3.19
berlin52	4.84	6.60	8.70	6.33	6.89	6.34	7.18
st70	8.36	9.21	6.49	8.77	6.22	5.69	5.72
eil76	7.84	7.47	8.40	8.62	8.29	8.25	6.39
pr76	6.19	3.65	6.14	6.25	5.97	3.82	2.48
rat99	8.55	11.76	11.81	10.67	10.64	9.84	9.93
kroA100	8.79	10.48	9.51	10.73	5.92	8.10	8.18
kroB100	5.91	6.71	8.63	7.31	6.58	7.88	5.74
kroC100	13.58	10.42	7.10	11.04	8.29	10.05	5.65
kroD100	7.65	10.83	8.28	7.90	10.32	7.36	8.57
kroE100	7.14	8.05	8.70	10.72	9.15	7.94	8.49
rd100	10.83	12.43	10.21	11.33	10.00	13.61	8.05
eil101	9.67	9.44	10.11	8.59	9.13	8.81	9.48
lin105	9.25	8.15	9.81	8.14	6.94	7.57	6.98
pr107	8.21	5.89	6.81	4.77	8.36	7.01	7.08
pr124	6.16	4.99	6.77	8.43	5.05	6.68	6.62
bier127	7.50	10.25	12.01	8.48	7.33	7.71	8.99
ch130	9.46	9.80	10.38	10.29	10.53	10.79	11.41
pr136	10.89	12.27	8.83	10.94	9.67	8.57	10.16
pr144	6.48	6.45	7.75	7.71	5.46	12.28	14.80
ch150	14.14	13.54	13.25	13.86	13.35	13.25	17.80
kroA150	11.28	9.74	12.09	8.92	11.20	12.50	15.52
kroB150	11.69	11.22	9.70	11.19	11.39	11.53	16.45
u159	10.85	13.01	19.04	17.64	15.51	17.98	23.98
Średnia	8.82	9.08	9.49	9.34	8.67	9.08	9.54

4.3. Wielkość strumienia migracji

W eksperymencie dla topologii o-16-b przyjęto stałą częstotliwość migracji równą 10. W tabeli 3 zawarto wyniki obliczeń dla całkowitej liczby migrantów 32, 64, 128, 192, 256 i 512, w nawiasie podano procentowy udział migrantów w populacji.

Najlepsze wyniki uzyskał model z rozmiarem migracji wynoszącym 9,6%. Mniejsze rozmiary migracji nie są w stanie znacząco wpłynąć na przebieg zbieżności, a za duże migracje zmieniają jej przebieg w sposób zbyt silny. Mimo że Skolicki i DeJong określają rozmiar 10% jako „niepotrzebnie duży”, to prawdopodobnie dla każdego modelu optymalny rozmiar strumienia jest nieco inny i wymaga dostrojenia. Można jednak przyjąć rozmiar 10% jako wartość domyślną.

Tabela 3
Wpływ liczebności strumienia migracji na względną różnicę jakości – D[%]

Instancja	32 (1,6%)	64 (3,2%)	128 (6,4%)	192 (9,6%)	256 (12,8%)	512 (25,6%)
eil51	5.07	5.92	5.16	4.23	5.77	4.32
berlin52	7.21	6.89	4.51	4.95	4.56	5.24
st70	4.30	6.76	6.22	4.06	4.59	7.91
eil76	9.11	7.25	7.51	6.80	8.10	9.44
pr76	4.94	4.44	5.87	3.59	6.33	5.43
rat99	10.57	10.70	11.45	8.84	10.01	11.25
kroA100	8.89	5.39	9.09	8.90	9.29	11.36
kroB100	9.17	6.78	8.40	6.01	8.46	8.68
kroC100	8.38	10.34	9.52	8.80	6.80	8.62
kroD100	7.21	7.59	8.73	7.89	6.84	7.91
kroE100	5.71	7.23	7.75	5.67	7.29	8.06
rd100	9.53	10.76	9.13	8.78	8.96	7.66
eil101	10.91	9.38	9.32	8.68	10.21	8.33
lin105	8.15	5.53	7.21	8.78	9.60	5.36
pr107	8.09	8.16	7.88	6.96	8.82	7.92
pr124	7.56	8.09	6.96	5.48	5.11	5.58
bier127	8.20	8.59	8.17	10.52	6.90	9.19
ch130	11.26	9.64	8.98	7.91	8.98	8.81
pr136	10.41	10.17	9.27	9.94	11.14	8.38
pr144	18.05	7.72	11.17	5.09	7.26	10.39
ch150	19.53	13.78	12.75	12.27	14.61	12.29
kroA150	16.88	11.48	9.73	9.55	10.93	10.72
kroB150	12.46	10.33	9.36	10.46	10.39	10.17
ul159	17.94	13.88	16.75	15.51	15.09	12.98
Średnia	9.98	8.62	8.79	7.9	8.59	8.58

4.4. Metoda wyboru osobników migrujących

Dla modelu algorytmu wielopopulacyjnego o-16-b i wcześniej dobranych parametrów zastosowano następujące metody wyboru migrantów: losowy z prawdopodobieństwem równomiernym, selekcję turniejową o rozmiarze $r = 2, 4, 7$ oraz selekcję proporcjonalną do funkcji przystosowania znaną pod nazwą „selekcji ruletkowej”. Wyniki zawiera tabela 4.

Tabela 4
Wpływ metody wyboru migrantów na względną różnicę jakości – D[%]

Instancja	Wybór losowy	Selekcja turniejowa (roz. 2)	Selekcja turniejowa (roz. 4)	Selekcja turniejowa (roz. 7)	Selekcja proporcjonalna	Wybór najlepszego
eil51	4.23	4.84	4.23	3.57	4.55	5.82
berlin52	4.95	7.30	5.18	6.57	7.08	3.84
st70	4.06	6.28	8.12	4.09	5.51	7.17
eil76	6.80	7.32	6.43	8.03	8.07	7.96
pr76	3.59	9.38	4.85	5.59	4.75	5.02
rat99	8.84	8.51	11.30	9.12	10.97	8.70
kroA100	8.90	9.46	9.15	10.13	5.14	9.43
kroB100	6.01	6.86	6.17	8.13	9.87	8.50
kroC100	8.80	8.61	8.41	12.18	7.32	11.68
kroD100	7.89	10.45	8.53	10.16	7.30	7.86
kroE100	5.67	7.23	8.19	6.98	10.32	9.21
rd100	8.78	10.14	8.22	10.41	9.43	9.63
eil101	8.68	10.81	9.70	10.02	9.89	8.74
lin105	8.78	7.43	10.84	5.52	8.32	8.18
pr107	6.96	8.93	9.60	6.69	9.62	6.18
pr124	5.48	6.02	4.85	8.11	6.18	6.87
bier127	10.52	8.22	9.85	8.97	7.32	8.26
ch130	7.91	9.47	9.03	8.06	8.74	9.63
pr136	9.94	10.56	9.43	11.17	10.08	10.07
pr144	5.09	7.88	8.19	6.83	6.88	7.17
ch150	12.27	12.54	12.41	13.04	11.36	11.70
kroA150	9.55	12.25	11.98	12.03	11.98	10.32
kroB150	10.46	10.92	9.07	10.02	11.45	10.45
u159	15.51	14.28	16.13	15.19	13.36	14.98
Srednia	7.90	8.99	8.74	8.78	8.56	8.64

Zdecydowanie najlepiej wypadła selekcja losowa. Przewaga selekcji losowej widoczna jest szczególnie w prostszych przypadkach. Ponieważ wybór losowy nie wywiera presji selekcyjnej, średni czas konwergencji jest dłuższy niż w przypadku innych metod. Algorytm przeszukuje zatem większą część przestrzeni rozwiązań.

W niniejszym algorytmie głównym źródłem naporu selekcyjnego jest jednak selekcja odbywająca się między generacjami, po krzyżowaniu. Mając zatem do dyspozycji parametry obu selekcji, można sterować naporem na wiele sposobów

5. Podsumowanie

Spośród przebadanych cech algorytmu wielopopulacyjnego najważniejszy wpływ na zbieżność ma topologia. Wybranie niewłaściwej sprawia, że algorytm może stać się całkowicie nieskuteczny. W szczególności źle wypadły topologie hierarchiczne z uwagi na jednokierunkowy przebieg migracji. Zgodnie z wynikami innych badań dobre wyniki osiągnęły topologie o dużej liczbie połączeń, w których każda podpopulacja otrzymywała i wysyłała migrantów.

Częstość migracji nie wpływa w sposób znaczący na wartość ostatecznego rozwiązania, lecz ma wpływ na zbieżność podobnie jak liczba migrantów przypadająca na generację. Wyniki niniejszych badań potwierdzają tezę mówiącą, że optymalna liczba migrantów jest zbliżona do 10% liczebności populacji. Zaproponowana miara pozwala na obserwację trajektorii różnorodności w czasie przebiegu algorytmu może być pomocna w sterowaniu jego zbieżnością.

Literatura

- [1] Cohoon J.P., Hegde S.U., Martin W.N., Richards D., *Punctuated equilibria: a parallel genetic algorithm*. Proceedings of the Second International Conference on Genetic Algorithms on Genetic algorithms and their application, Hillsdale, L. Erlbaum Associates Inc., 1987, 148.
- [2] Wang L., Maciejewski A., Siegel H., Roychowdhury V., *A comparative study of five parallel genetic algorithms using the traveling salesman problem*. Salesman Problem, IPPS: 11th International Parallel Processing Symposium, IEEE Computer, Society Press, 1998.
- [3] Borovska P., Lazarova M., *Migration policies for island genetic models on multicomputer platform*. [w:] Intelligent Data Acquisition and Advanced Computing Systems: Technology and Applications, IEEE, 2007, 143.
- [4] Cantu-Paz E., *Topologies, migration rates, and multi-population parallel genetic algorithms*.
- [5] Sekaj I., *Robust parallel genetic algorithms with re-initialisation*. Yao X. and a. editors, Lecture Notes in Computer Science, PPSN, Springer, 2004, 3242, 411.
- [6] Whitley D., Rana S., Heckendorn R., *Island model genetic algorithms and linearly separable problems*. Proceedings of AISB Workshop on Evolutionary Computation, LNCS, Springer-Verlag, 1997, 1305, 109.
- [7] Skolicki Z., DeJong K., *The influence of migration sizes and intervals on island models*. GECCO '05: Proceedings of the conference on Genetic and evolutionary computation, New York 2005, 1295.
- [8] Hong T.P., Lin W.Y., Liu S.M., Lin J.H., *Dynamically adjusting migration rates for multi-population genetic algorithms*. Journal of Advanced Computational Intelligence and Intelligent Informatics, 2006.
- [9] Denzinger J., Kidney J., *Improving migration by diversity*. Evolutionary Computation, CEC, 2003.
- [10] Morrison R., DeJong K., *Measurement of population diversity*. 5th International Conference EA 2001, Springer-Verlag, 2002, 2310, 31.
- [11] Tsujimura Y., Gen M., *Entropy-based genetic algorithm for solving TSP*. Knowledge-Based Intelligent Electronic Systems, Proceedings KES '98, IEEE, 1998, 285.
- [12] Dudek M., *Badanie efektywności wielopopulacyjnego algorytmu ewolucyjnego*. Praca magisterska, AGH, Kraków 2009.
- [13] Uni-Heidelberg, *TSPLib95*. <http://www.iwr.uni-heidelberg.de/groups/comopt/software/TSPLIB95>.