

Algorytmy zrandomizowane (2)

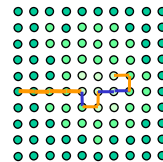
<http://zajecia.jakubw.pl/nai>

METODA WYCHŁADZANIA

(Simulated annealing)

*Schemat działania: startujemy z losowego punktu, wybieramy **losowo** nowy punkt z sąsiedztwa aktualnego, jeśli ma większą wartość - idziemy tam, jeśli mniejszą - z pewnym prawdopodobieństwem albo tam idziemy, albo testujemy następnego sąsiada.*

```
x0 = Random(X)
do
  x=Random(N(x0))
  if (f(x)>f(x0)) x0=x
  else
    if (Random()<P(x0,x))
      x0=x
while (time_out)
```



Metoda oparta na sąsiedztwie.

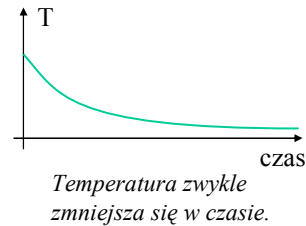
TEMPERATURA W ALG. WYCHŁADZANIA

Prawdopodobieństwo akceptacji gorszego stanu:

$$P(x_0, x) = e^{-\frac{|f(x_0) - f(x)|}{T}}$$

gdzie T - pewien parametr ("temperatura")

Prawdopodobieństwo zależy od temperatury (im niższa, tym mniejsze), oraz od spadku wartości funkcji f.



- Zalety: odporność na maksima lokalne.
- Wady: wolniejsza zbieżność.

ALGORYTMY MRÓWKOWE

Analogie biologiczne:

Mrówki wykorzystują do komunikacji feromony, czyli substancje zapachowe wyznaczające m.in. ścieżki prowadzące do pożywienia. Mrówki podążają śladem tych, którym się powiodło w poszukiwaniach (krótsza droga do pożywienia => częstsze odkładanie feromonu na ścieżce).

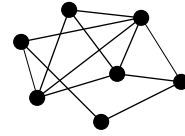
Algorytm:

Populacja niezależnych "agentów" buduje rozwiązanie (każdy swoje) w kolejnych, losowych krokach. Rozwiązania są oceniane, po czym wszystkie elementy ścieżki prowadzącej do danego rozwiązania są oznaczane "feromonem" (zwiększamy ich wagę) proporcjonalnie do jakości rozwiązania. Kolejne pokolenia agentów wybierają daną ścieżkę tym chętniej, im więcej jest na niej feromonu.

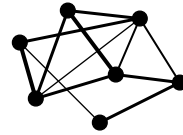
ALGORYTMY MRÓWKOWE

Przykład: Problem komiwojażera.

Każda krawędź grafu ma przypisaną wagę w_i (poziom feromonu, początkowo $w_i=1$), niezależną od jej długości d_i .



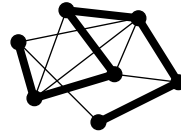
Każdy z N agentów przechodzi od wierzchołka do innego (nieodwiedzonego) wierzchołka, losując dalszą drogę zgodnie z rozkładem prawdopodobieństwa generowanym przez wagi.



Po odwiedzeniu wszystkich wierzchołków liczymy ocenę danej trasy:

$$f = 1 / (1 + \sum d_i)$$

Wagę każdej krawędzi użytej w rozwiązaniu powiększamy o f .



ALGORYTMY MRÓWKOWE

Uwagi:

- Metoda rozpowszechniona od lat 90-tych.
- Drogę (kolejne kroki) agenta można losować wykorzystując algorytm koła ruletki.
- Feromon powinien się ulatniać, tzn. w każdym kroku zmniejszamy wagę wszystkich ścieżek o ustalony czynnik.

Zasada działania: błędzenie losowe + sprzężenie zwrotne.

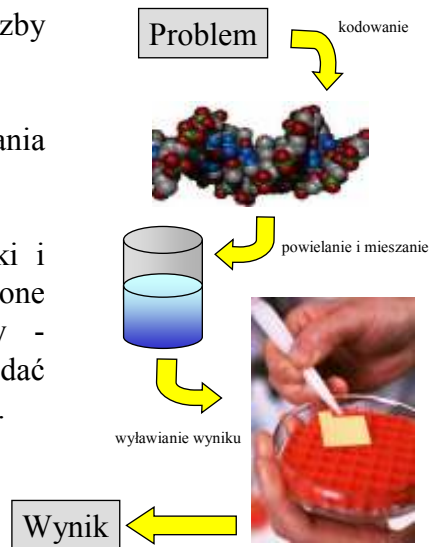
Milczące założenie: części dobrego rozwiązania mogą być wykorzystane w jeszcze lepszych rozwiązaniach.

OBLICZENIA NA DNA

1. Mamy problem, którego rozwiązanie wymaga przejrzania wielkiej liczby możliwości.

2. Zakodujemy części składowe zadania jako określone związki chemiczne.

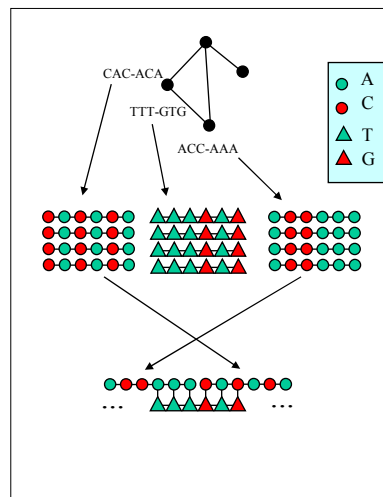
3. Wyprodukujemy potrzebne związki i zmieszamy je w próbówce. Będą się one łączyć losowo na różne sposoby - niektóre z tych połączeń mogą dać cząstkę kodującą rozwiązanie zadania.



PRZYKŁAD

Sprawdzenie, czy w grafie istnieje ścieżka Hamiltona.

Kodujemy wierzchołki i krawędzie jako sekwencje specyficznych zasad, przy czym umożliwiamy łączenie się tylko tych sekwencji, które kodują wierzchołki połączone krawędzią (np. wierzchołki ACC-AAA oraz CAC-ACA mogą być połączone krawędzią TTT-GTG). Każda dłuższa nić koduje więc pewną ścieżkę w grafie - wystarczy teraz znaleźć nić właściwej długości.



Zasada działania: maszynowa równoległość + błądzenie losowe.