

# **Zastosowanie adaptacyjnego algorytmu ewolucji różnicowej do wyznaczania rozkładów różniczkowej miary emisji (DEM)**

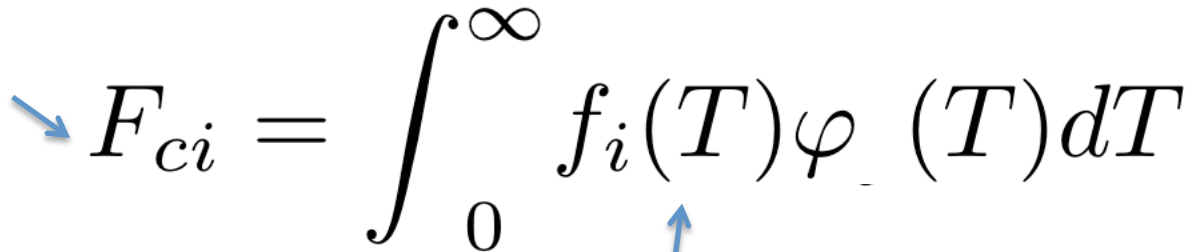
Anna Kępa

Seminarium heliofizyczne, 20 IV 2015 r.

Cel = równoczesne wyznaczanie DEM i obfitości

$$DEM \equiv \varphi(T) \equiv N_e^2 \frac{dV}{dT}$$

Strumień w linii  
przedziale  
widmowym


$$F_{ci} = \int_0^{\infty} f_i(T) \varphi(T) dT$$

Funkcja emisji (obfitości, równowaga jonizacyjna)

# Algorytmy genetyczne

Algorytmy genetyczne są to algorytmy poszukiwania, które w rozwiązywaniu zadań stosują zasady ewolucji i dziedziczności, posługują się populacją potencjalnych rozwiązań, zawierają pewien proces selekcji, oparty na dopasowaniu osobników i pewne operatory genetyczne.

Każde rozwiązanie ocenia się na podstawie pewnej miary jego dopasowania - funkcja przystosowania (celu).

Nową populację, w kolejnej iteracji, tworzy się przez selekcję osobników najlepiej dopasowanych.

# Podstawowe informacje

- **Populacja** to zbiór osobników o określonej liczebności (**zbiór rozkładów DEM**)
- **Osobniki** — inaczej łańcuchy lub ciągi kodowe — to uporządkowane ciągi genów (**pojedynczy rozkład DEM**)
- **Gen** — najmniejsza składowa chromosomu, decydująca o dziedziczności jednej lub kilku cech (**wartość DEM dla danej temperatury**)

# Podstawowe informacje

- **Operacja krzyżowania** polega na losowym przecięciu dwóch chromosomów (ciągów bitów) w jednym punkcie i zamianie podzielonych części między chromosomami. Powstają dwa nowe chromosomy.
- **Operacja mutacji** polega na zamianie na przeciwny losowo wybranego bitu.
- **Selekcja** osobników następuje na podstawie **jednej** funkcji oceny.
- **Rozwiązaniem** problemu jest najlepiej przystosowany osobnik z ostatniej wygenerowanej populacji. Należy dodać, że musimy z góry określić warunek zatrzymania ewolucji (np. uzyskanie osobnika o wystarczająco dobrych parametrach albo po z góry określonej maksymalnej liczbie iteracji).

## GENETIC ALGORITHMS IN ASTRONOMY AND ASTROPHYSICS

P. CHARBONNEAU

High Altitude Observatory, National Center for Atmospheric Research,<sup>1</sup> P.O. Box 3000, Boulder, CO 80307-3000;  
paulchar@hao.ucar.edu

*Received 1994 December 30; accepted 1995 June 9*

### ABSTRACT

This paper aims at demonstrating, through examples, the applicability of *genetic algorithms* to wide classes of problems encountered in astronomy and astrophysics. Genetic algorithms are heuristic search techniques that incorporate, in a computational setting, the biological notion of evolution by means of natural selection. While increasingly in use in the fields of computer science, artificial intelligence, and computed-aided engineering design, genetic algorithms seem to have attracted comparatively little attention in the physical sciences thus far.

The following three problems are treated: (1) modeling the rotation curve of galaxies, (2) extracting pulsation periods from Doppler velocities measurements in spectral lines of  $\delta$  Scuti stars, and (3) constructing spherically symmetric wind models for rotating, magnetized solar-type stars. A listing of the genetic algorithm-based general purpose optimization subroutine PIKATA, used to solve these problems, is given in the Appendix.

*Subject headings:* galaxies: kinematics and dynamics — methods: numerical — stars: mass loss — stars: oscillations

.....

1995APJ...101..309C



Rozprawa doktorska

Przemysław Juszcuk

**Adaptacyjny algorytm ewolucji różnicowej  
w rozwiązywaniu problemów teorii gier**

Promotor: dr hab. Urszula Boryczka, prof UŚ

Sosnowiec, 2013 r.

# Ewolucja różnicowa - wstęp

- Stosunkowo nowy (połowa lat 90tych) algorytm optymalizacji numerycznej (autorzy: R. Storn i K. Price).
- Osobniki są  $s$ -wymiarowymi wektorami liczb rzeczywistych.
- Mutacja polega na perturbacji losowo wybranego wektora o różnicę dwóch innych wektorów pomnożoną przez stały współczynnik.
- Algorytm jest bardzo prosty i działa bardzo dobrze na typowych funkcjach testowych, choć nie do końca wiadomo dlaczego.
- Algorytm wymaga tylko trzech parametrów, z których jeden ( $S$ ) jest rozmiarem populacji, drugi ( $F$ ) steruje mutacją, a trzeci ( $CR$ ) krzyżowaniem.



# Selekcja i sukcesja

- Algorytm operuje na populacji  $S$  osobników  $s_1, s_2, \dots, s_S$
- W każdym kroku algorytmu dla każdego osobnika  $s_i$  tworzony jest **osobnik próbny**  $u_i$  ( $u_i$  powstaje poprzez zastosowanie operatorów mutacji i krzyżowania).
- Następnie dopasowanie osobnika próbnego  $u_i$  jest porównywane z dopasowaniem rodzica  $s_i$ .
  - Jeżeli dopasowanie  $u_i$  jest lepsze (mniejsze bądź większe w zależności od rodzaju problemu optymalizacyjnego) niż  $s_i$ ,  $u_i$  zastępuje  $s_i$  w populacji.
  - Jeżeli dopasowanie  $u_i$  jest gorsze niż  $s_i$ ,  $u_i$  jest odrzucany.

Ten schemat możemy zaimplementować utrzymując dwie populacje, każdą składającą się z  $S$  wektorów  $L$ -elementowych: populację główną i populację próbną.

# Mutacja

- Wynikiem mutacji jest nowy wektor  $v_i$  otrzymany w sposób następujący:  $v_i = s_{r_1} + F * (s_{r_2} - s_{r_3})$ .  
gdzie  $0 \leq F \leq 1$  jest stałym parametrem, zwanym **współczynnikiem amplifikacji**,  $r_1, r_2, r_3$  to trzy losowo wygenerowane numery osobników ze zbioru  $\{1, 2, \dots, S\}$ , przy czym spełniona jest zależność  $i \neq r_1 \neq r_2 \neq r_3$  (trzy liczby losowe nie mogą się powtarzać i każda musi być różna od  $i$ )
- $v_i$  jest nazywany osobnikiem **mutantem**.
- Typowa wartość  $F$  to 0.5.

**Uwaga: rodzic  $x_i$  nie bierze udziału w procesie mutacji.**

# Krzyżowanie

- Wynikiem krzyżowania operującego na rodzicu  $s_i$  i mutancie  $v_i$  jest osobnik próbny  $u_i$ , który następnie w procesie sukcesji zostanie porównany z  $s_i$ .

Każdy element  $u_{i,j}$  ( $j=1,2,..s$ ) wektora  $u_i$  jest wyznaczany w sposób następujący:

$$u_{i,j} = v_{i,j} \text{ jeżeli } rnd_j < CR$$

lub  $s_{i,j}$  w przeciwnym wypadku

gdzie  $rnd_j$  jest liczbą losową z przedziału  $[0,1)$  losowaną niezależnie dla każdego  $j$ .

**CR** ( $0 \leq CR \leq 1$ ) jest stałym parametrem algorytmu i oznacza prawdopodobieństwo przejścia elementu z wektora mutantu  $v_i$  do wektora próbnego  $u_i$ .

$CR=1 \rightarrow$  wszystkie elementy wektora próbnego  $u_i$  pochodzą od mutantu  $v_i$

# Inne schematy mutacji

$$\lambda \cdot S_{r_1,j} + F \cdot (S_{r_2,j} - S_{r_3,j}),$$

$$\lambda \cdot S_{i,j} + F \cdot (S_{best,j} - S_{r_1,j}) + F \cdot \sum_{k=1}^{n_s} (S_{r_{k.2},j} - S_{r_{k.3},j})$$

$$\lambda \cdot (\gamma S_{best,j} + (1-\gamma) S_{r_1,j}) + F \cdot \sum_{k=1}^{n_s} (S_{r_{k.2},j} - S_{r_{k.3},j}),$$

$$\lambda \cdot S_{r_1,j} + F \cdot \sum_{k=1}^{n_s} (S_{r_{k.2},j} - S_{r_{k.3},j}),$$

$$\lambda \cdot S_{best,j} + F \cdot (S_{r_1,j} - S_{r_2,j}),$$

# Inne schematy mutacji

$$\lambda \cdot S_{r_1,j} + F \cdot (S_{r_2,j} - S_{r_3,j}),$$

$$\lambda \cdot S_{i,j} + F \cdot (S_{best,j} - S_{r_1,j}) + F \cdot \sum_{k=1}^{n_s} (S_{r_{k.2},j} - S_{r_{k.3},j})$$

$$\lambda \cdot (\gamma S_{best,j} + (1-\gamma) S_{r_1,j}) + F \cdot \sum_{k=1}^{n_s} (S_{r_{k.2},j} - S_{r_{k.3},j}),$$

$$\lambda \cdot S_{r_1,j} + F \cdot \sum_{k=1}^{n_s} (S_{r_{k.2},j} - S_{r_{k.3},j}),$$

$$\underline{\lambda \cdot S_{best,j} + F \cdot (S_{r_1,j} - S_{r_2,j}),}$$

# Dobór parametrów

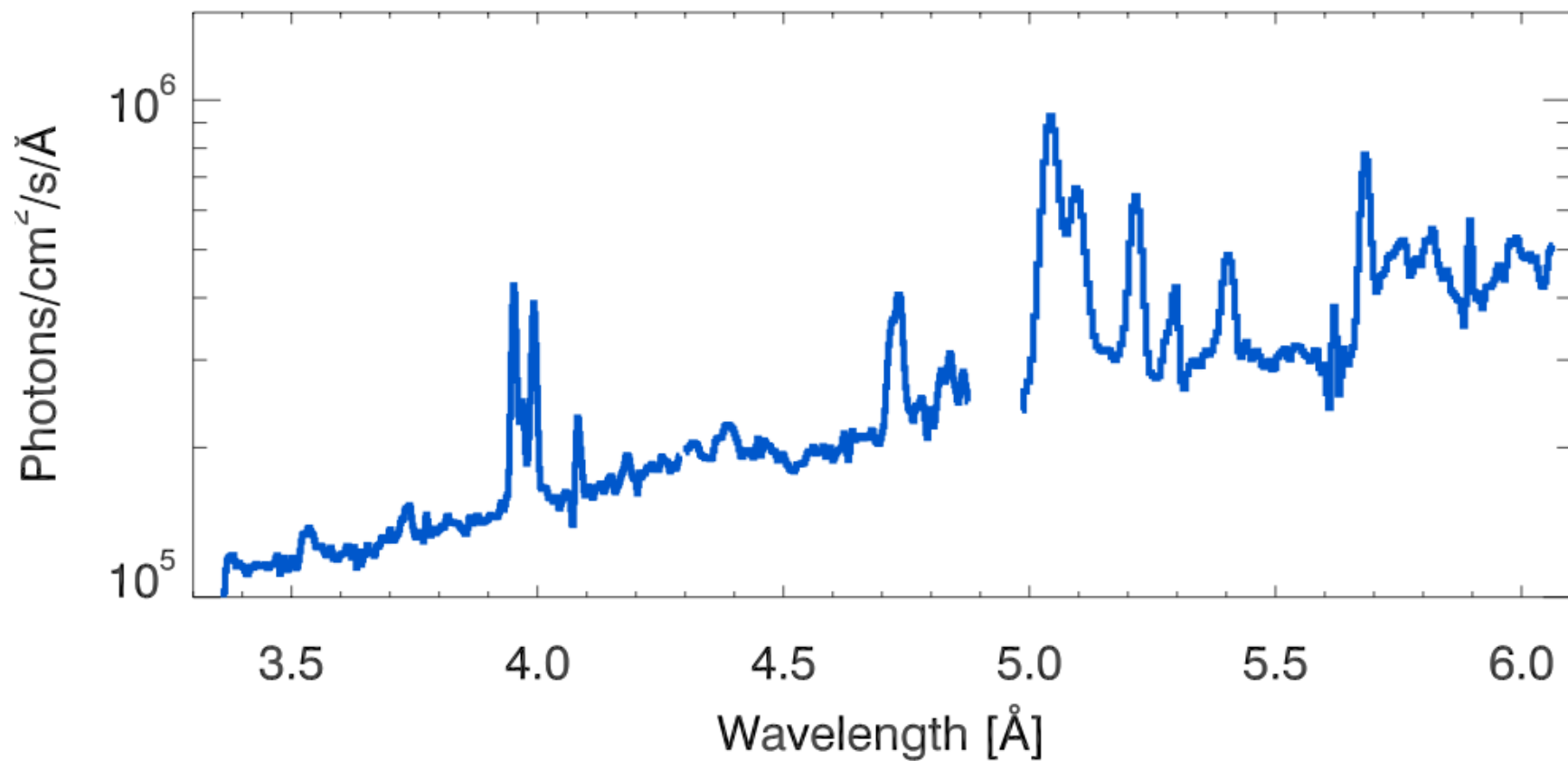
- Algorytm posiada tylko trzy parametry:  $F$ ,  $CR$ ,  $S$ .
- Zazwyczaj  $0.4 \leq F \leq 0.9$ . – przyjąłam 0.9
- Rozmiar populacji  $S = 150$
- $0 \leq CR \leq 1$ . - przyjąłam 0.93
- Zaburzyłam dodatkowo populację próbną o (1%)

# Najważniejsze cechy ewolucji różnicowej

- W ewolucji różnicowej stosowane są dwa podstawowe operatory genetyczne: krzyżowanie oraz mutacja. W odróżnieniu od klasycznych algorytmów ewolucyjnych wskazać należy dwa istotne elementy ukazujące skuteczność ewolucji różnicowej:
  - mutacja w ewolucji różnicowej wykonywana jest przed krzyżowaniem;
  - krok mutacji w każdej iteracji nie zależy od rozkładu prawdopodobieństwa.

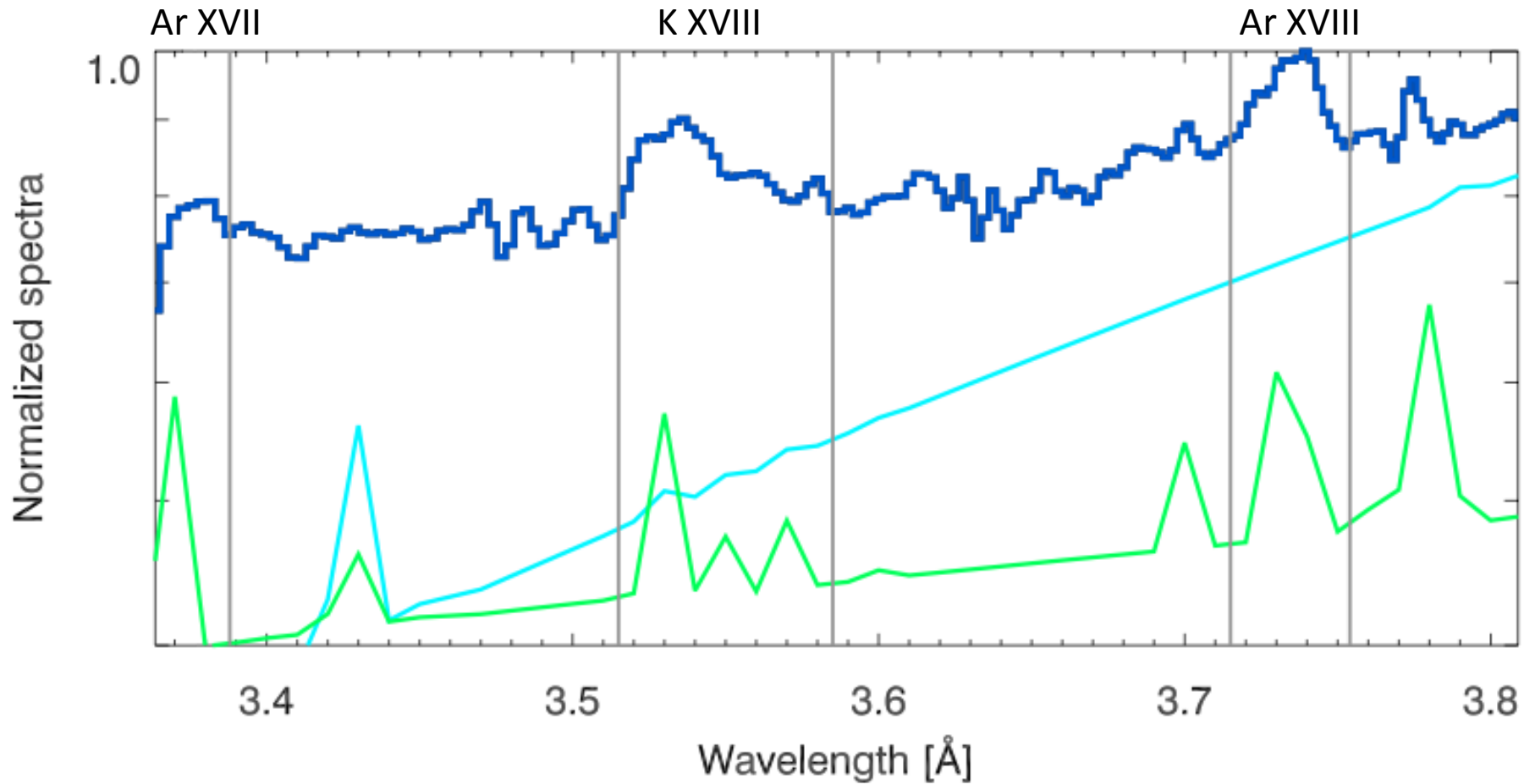
# RESIK

29 March 2003 ~ 10:15 UT



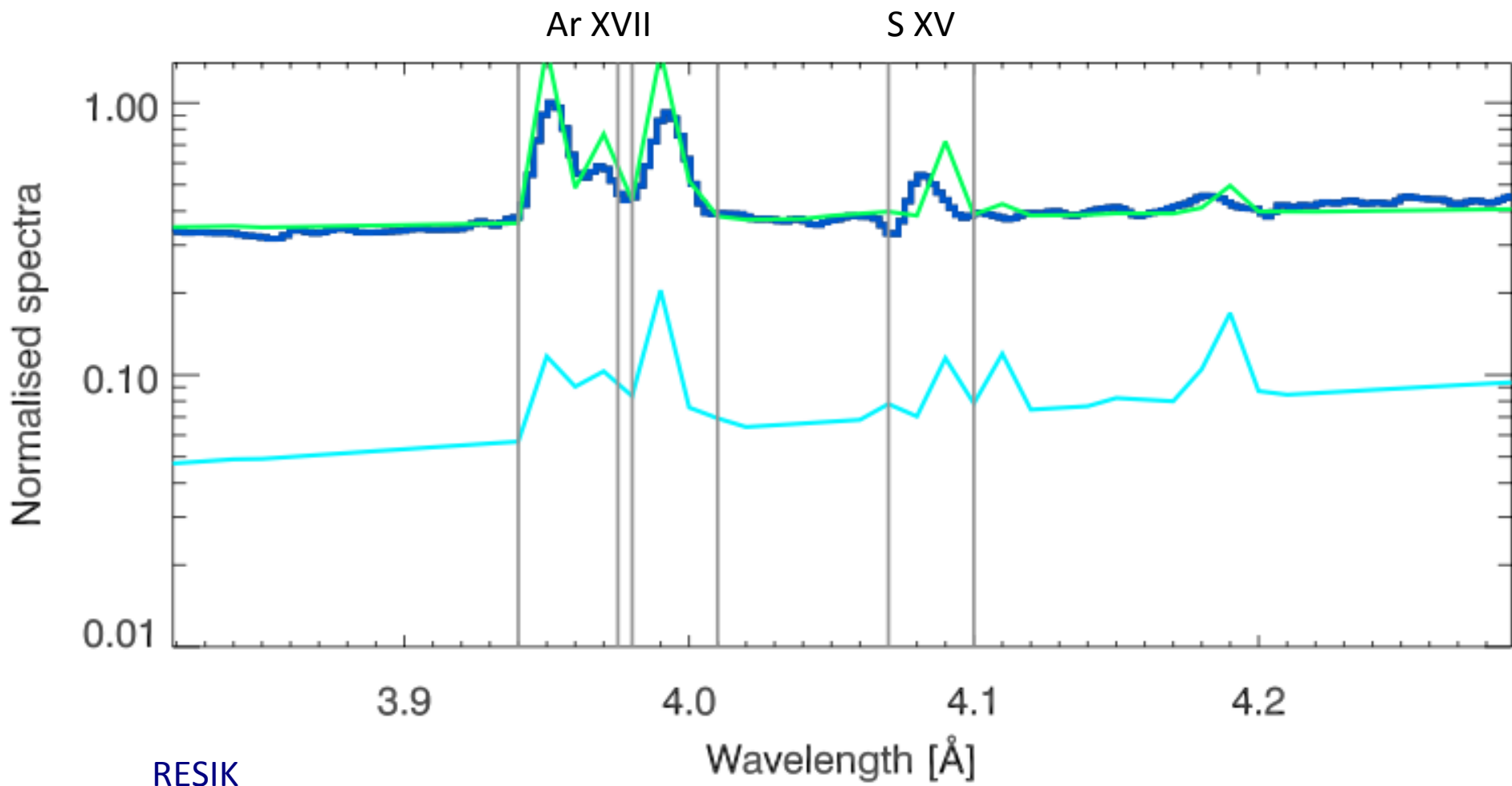


# Wybór przedziałów #1



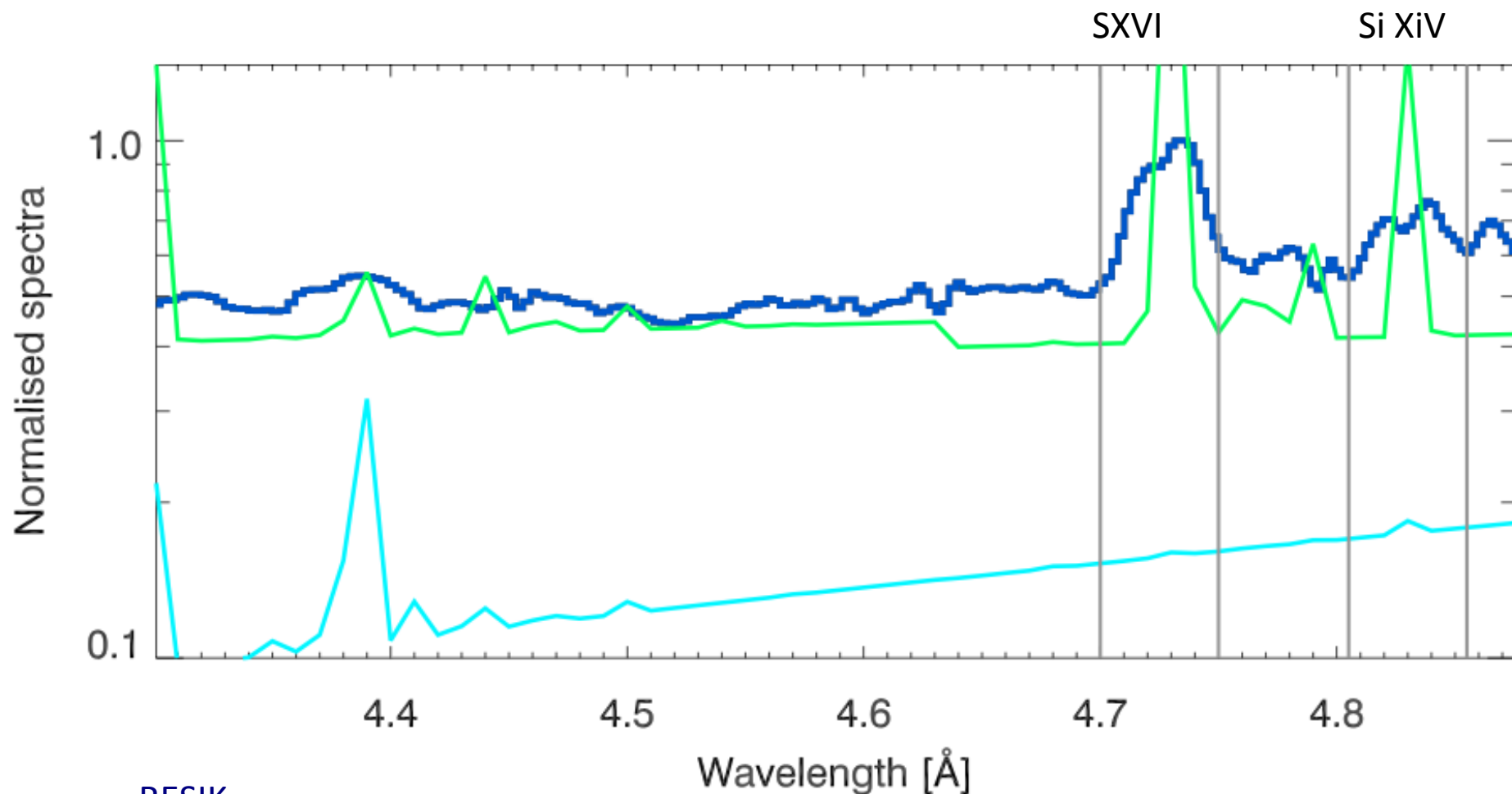
- RESIK
- CHIANTI 5MK (sun\_coronal\_ext.abund, bryans\_etal\_09.ioneq)
- CHIANTI 15 MK (sun\_coronal\_ext.abund, bryans\_etal\_09.ioneq)

# Wybór przedziałów #2



- RESIK
- CHIANTI 5MK (sun\_coronal\_ext.abund, bryans\_etal\_09.ioneq)
- CHIANTI 15 MK (sun\_coronal\_ext.abund, bryans\_etal\_09.ioneq)

# Wybór przedziałów #3

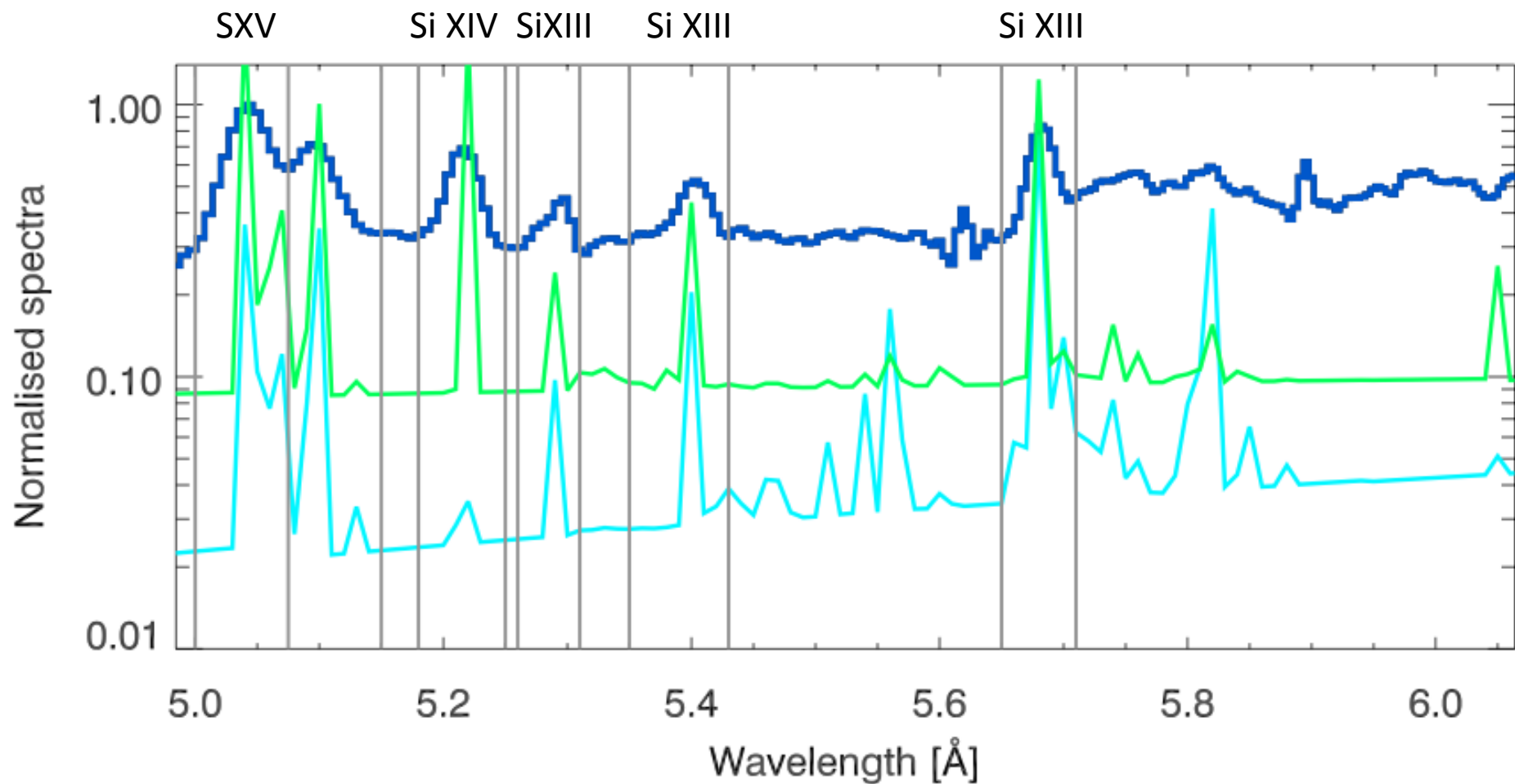


RESIK

CHIANTI 5MK (sun\_coronal\_ext.abund, bryans\_etal\_09.ioneq)

CHIANTI 15 MK (sun\_coronal\_ext.abund, bryans\_etal\_09.ioneq)

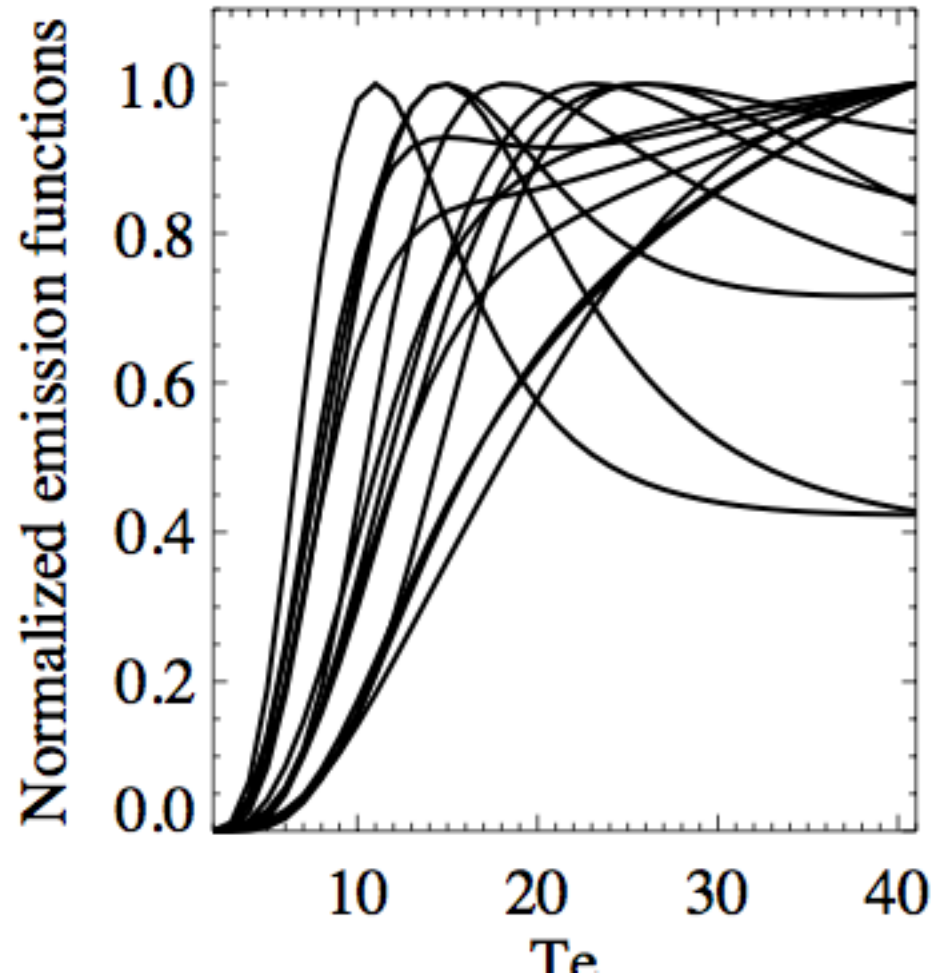
# Wybór przedziałów #4



- RESIK
- CHIANTI 5MK (sun\_coronal\_ext.abund, bryans\_etal\_09.ioneq)
- CHIANTI 15 MK (sun\_coronal\_ext.abund, bryans\_etal\_09.ioneq)

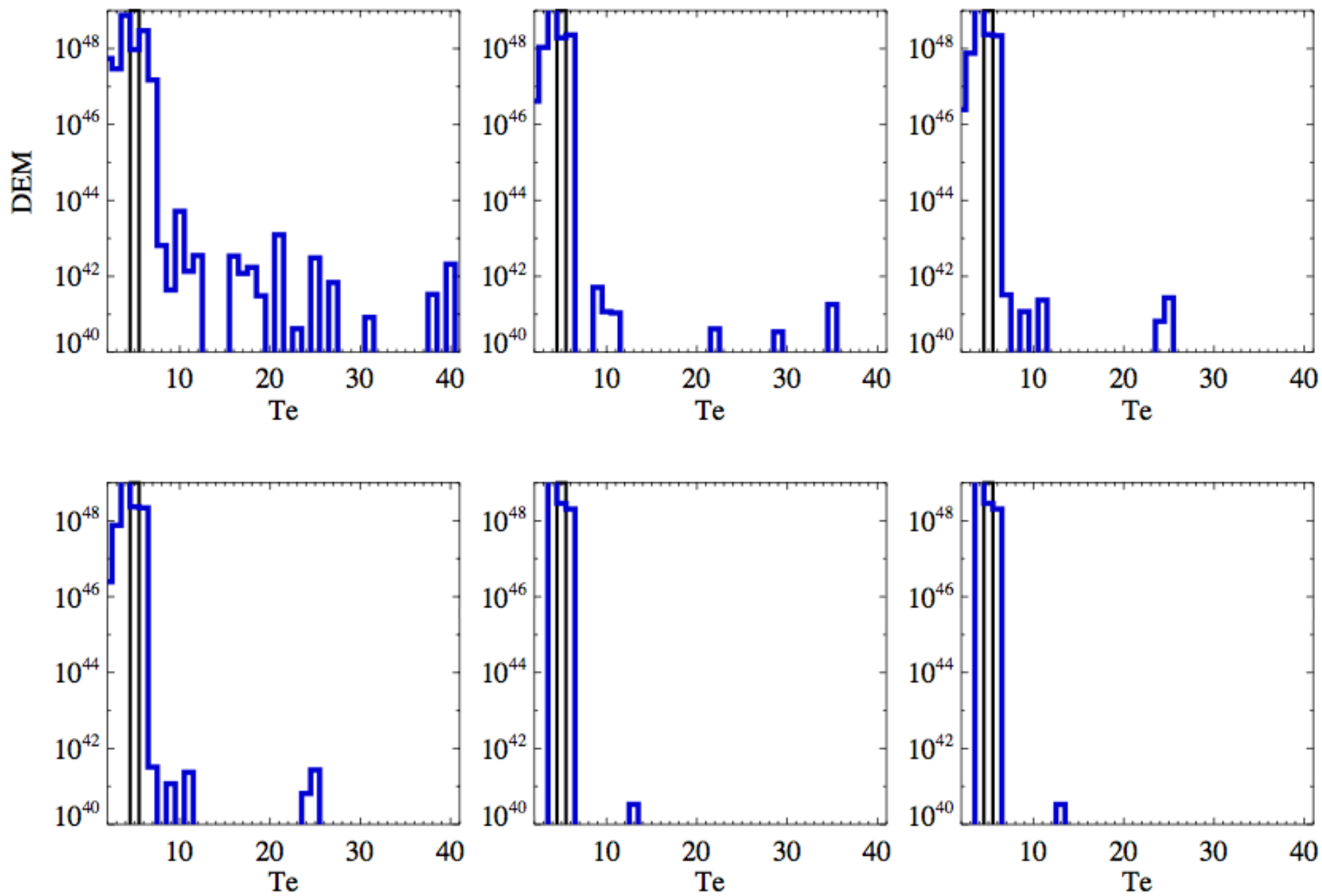
# Funkcje emisji

- Zakres temperatur:  
2 – 41 MK,  
krok 1 MK
- Obfitości koronalne  
(Feldman, 2000)
- Równowaga  
jonizacyjna  
Bryans et al., 2009

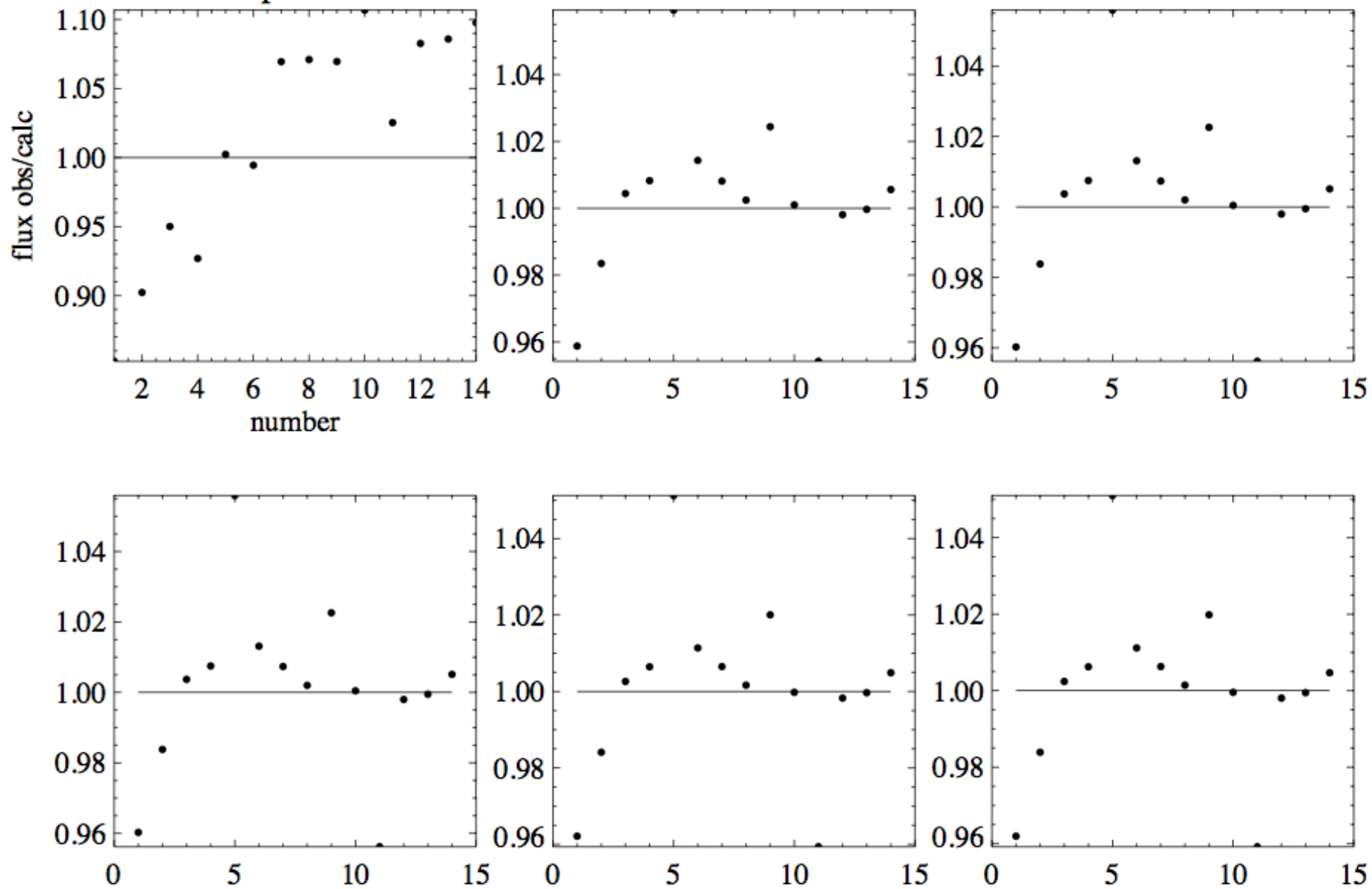


# Testy

- Dla zadanego rozkładu DEM wyznaczyłam strumienie teoretyczne
- Zaburzyłam je o 10%
- Dopasowanie przerywałam po 30 000 krokach

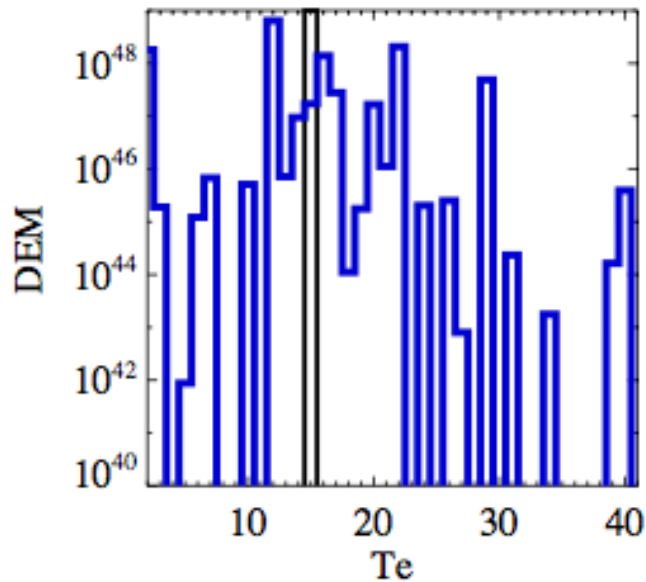


steps=100

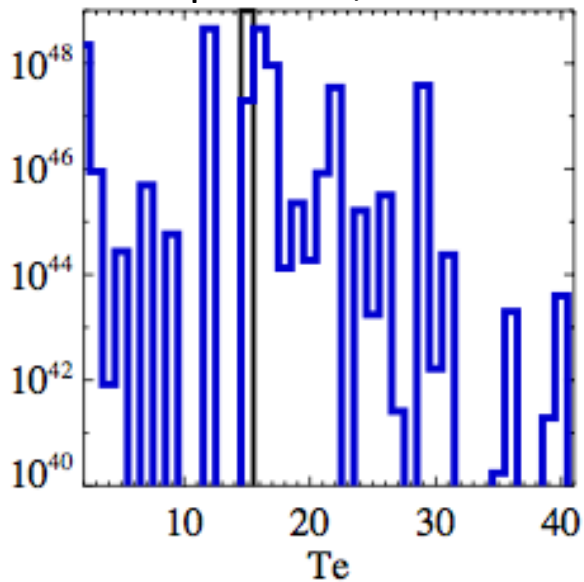




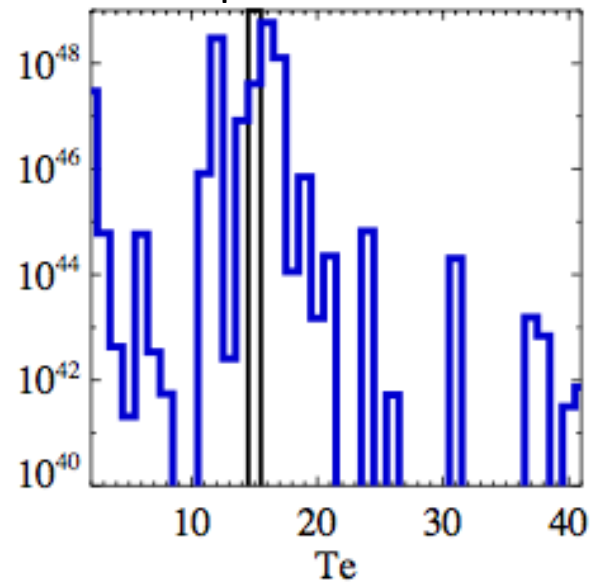
Steps= 100, .5 min



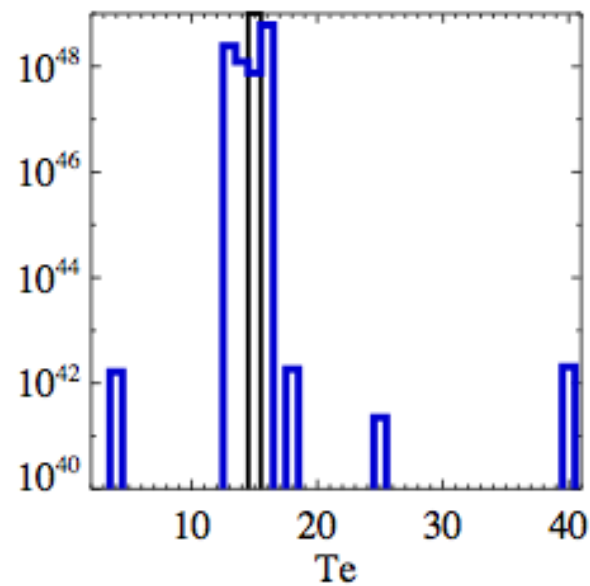
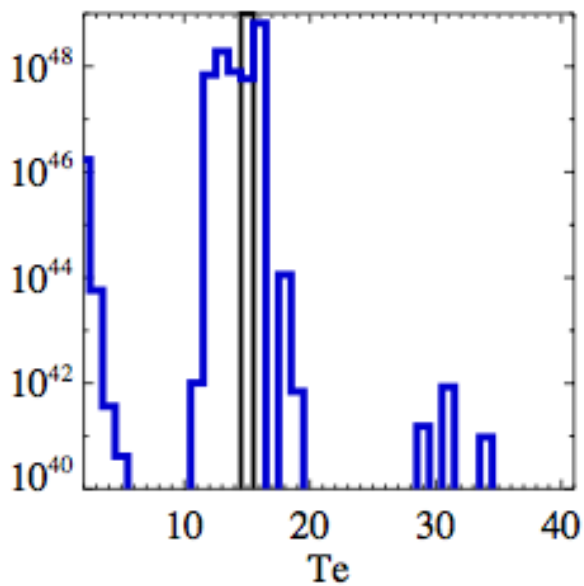
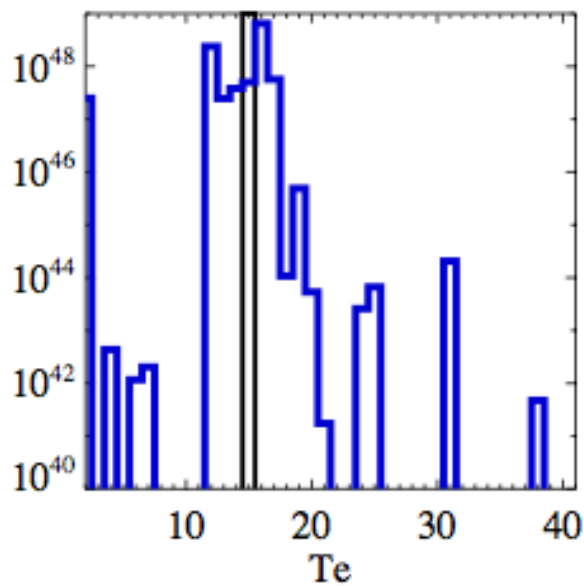
Steps=1400, 1 min



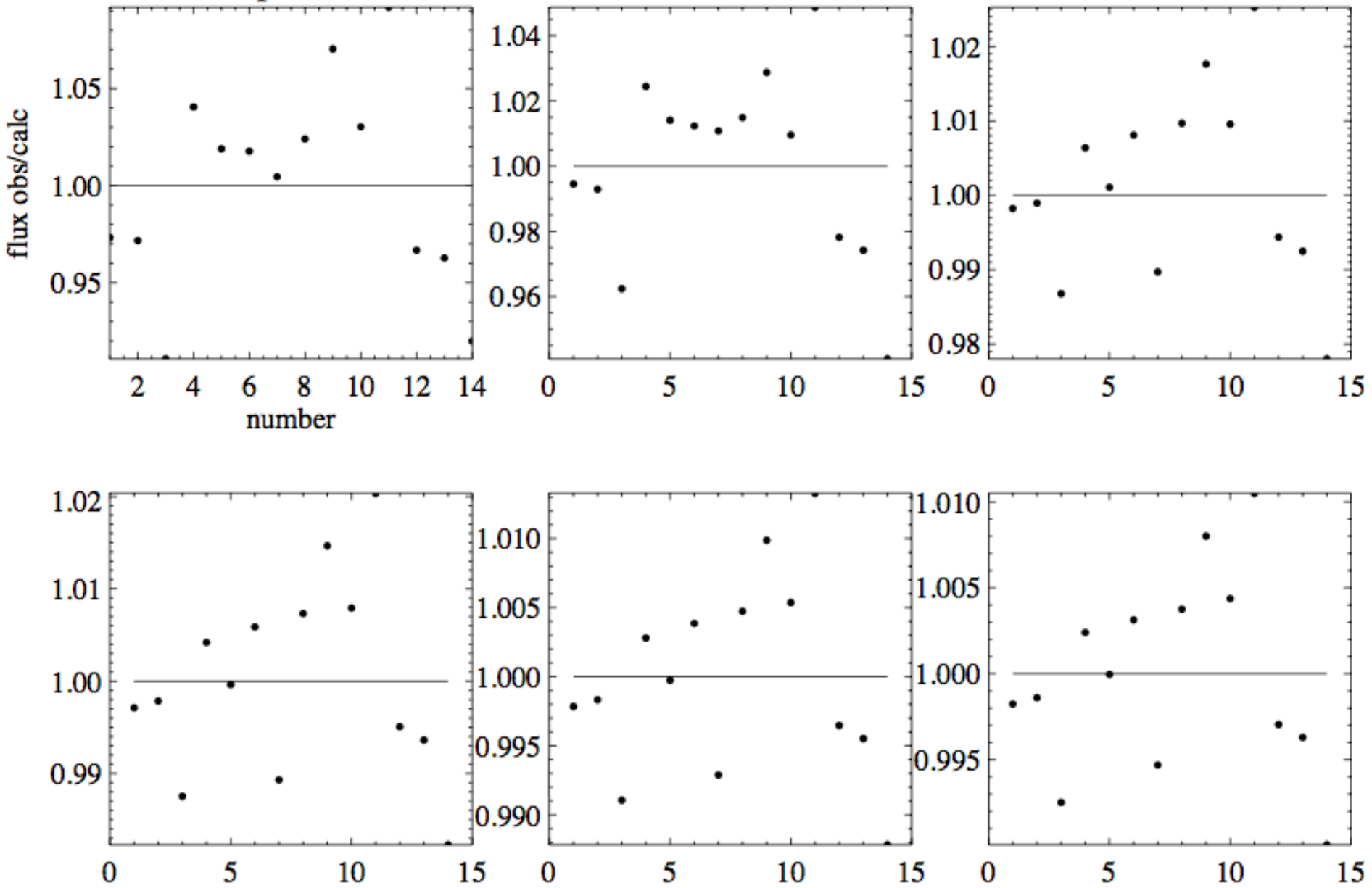
Steps=3500

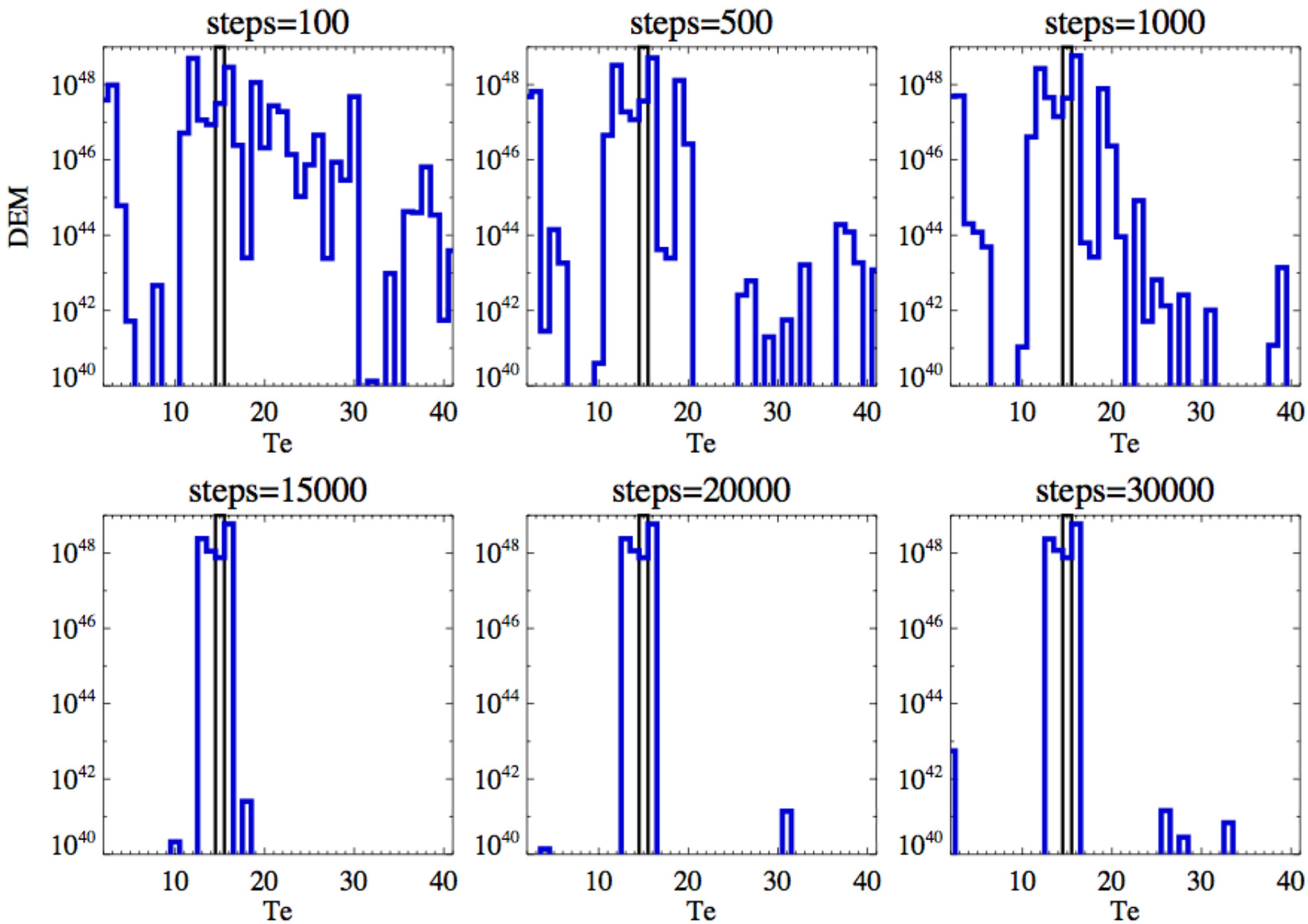


Steps=15000

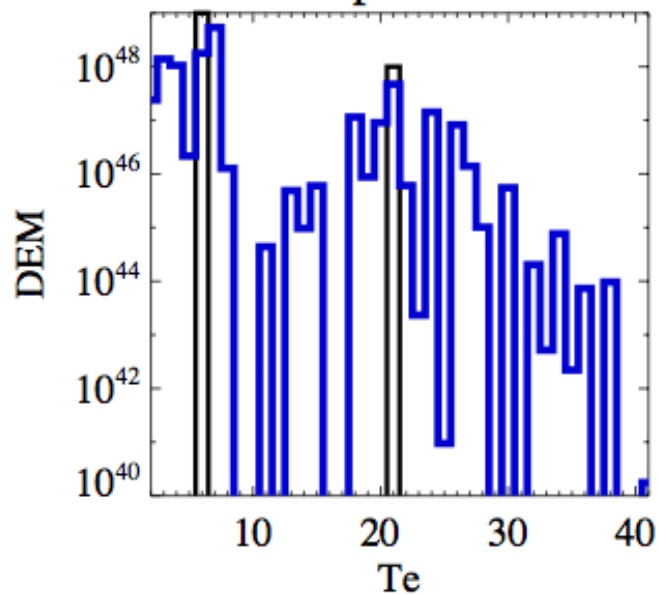


steps=100

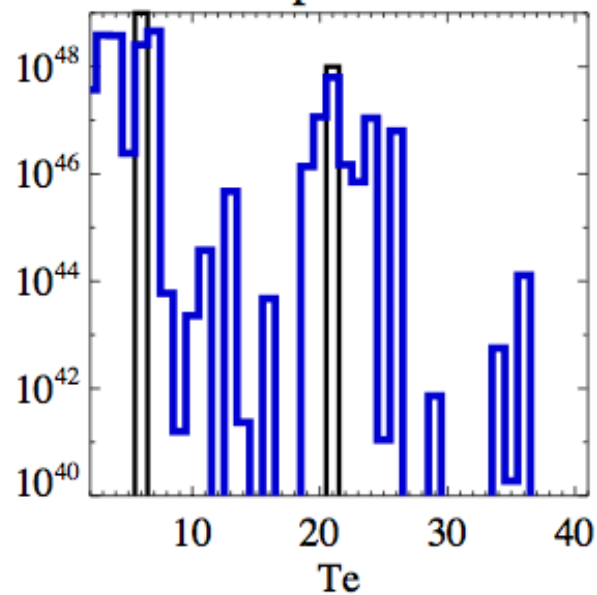




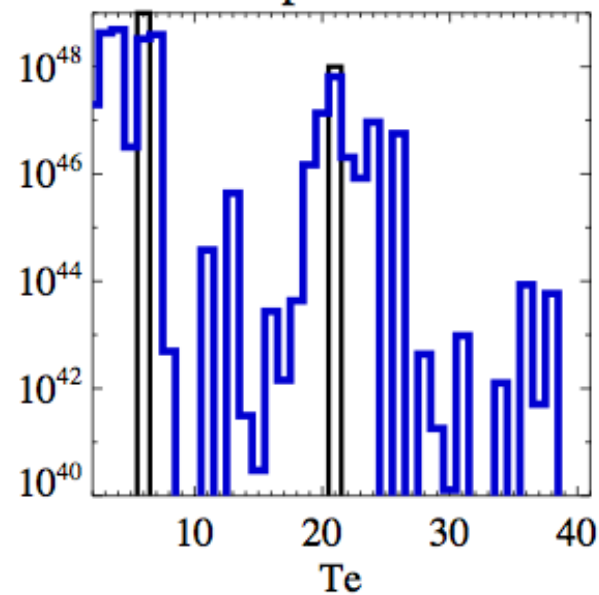
steps=100



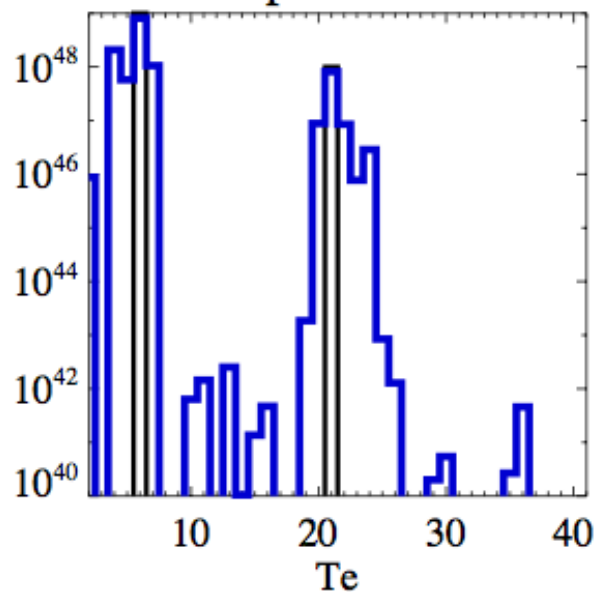
steps=500



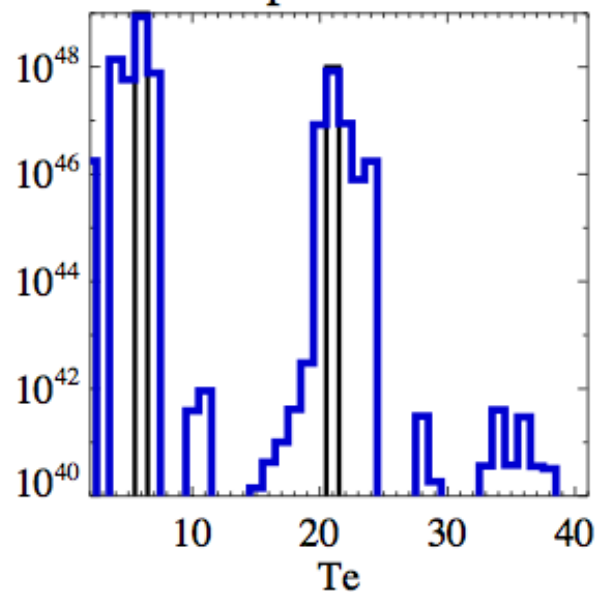
steps=1000



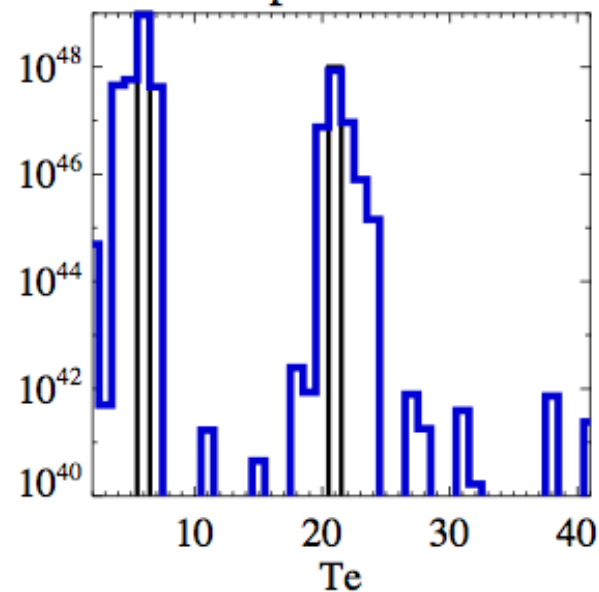
steps=15000



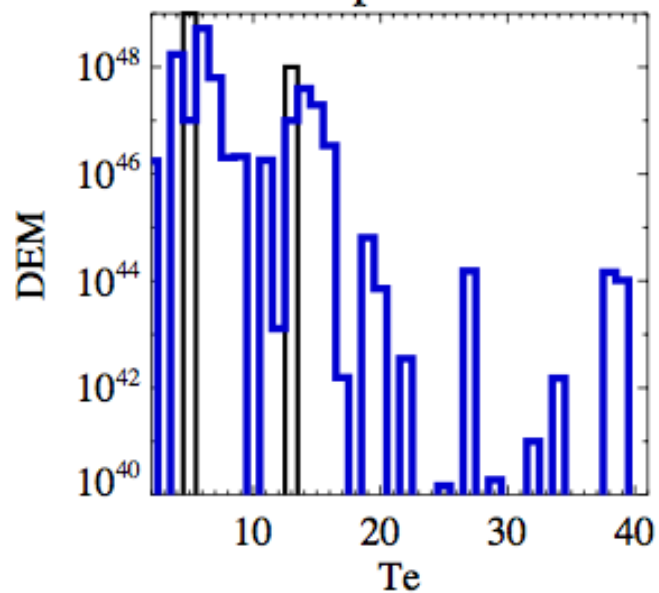
steps=20000



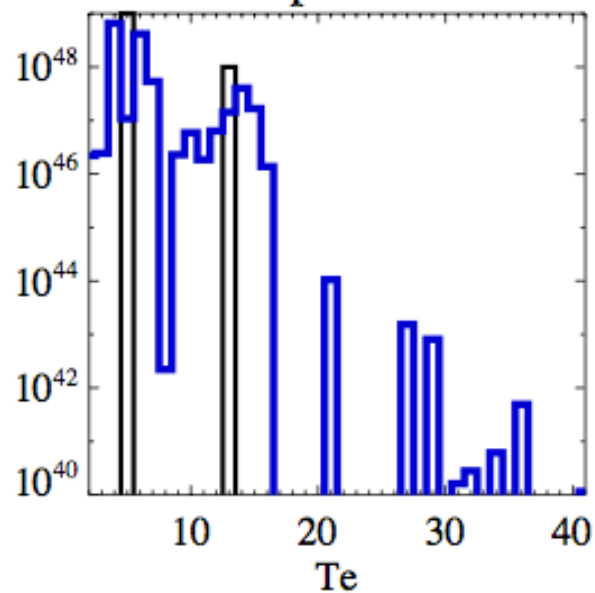
steps=30000



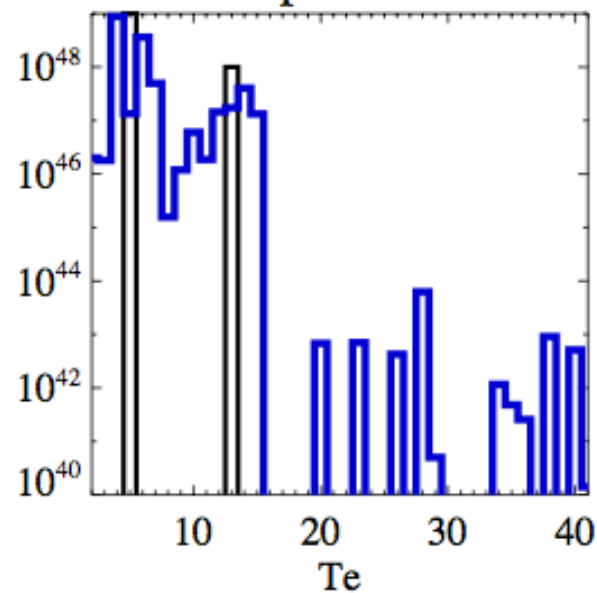
steps=100



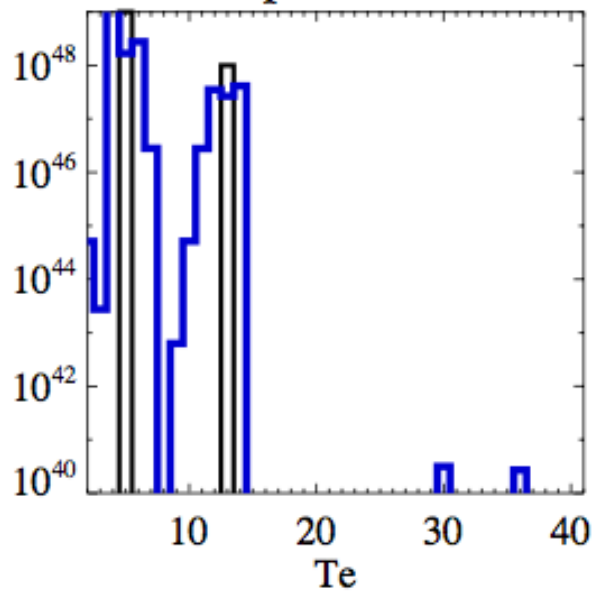
steps=500



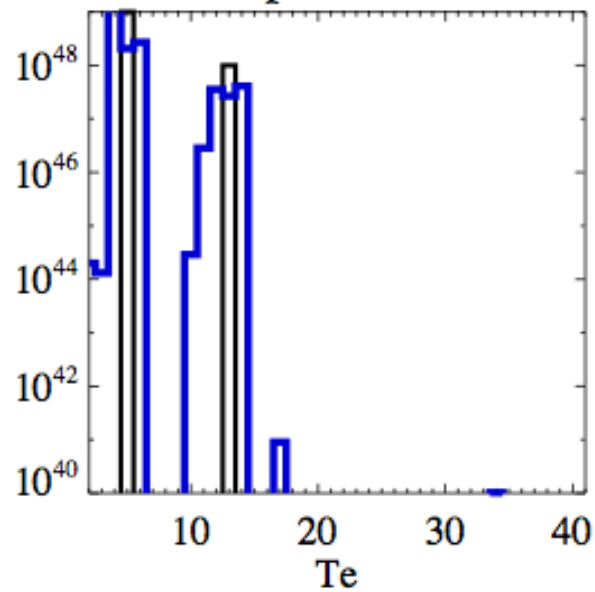
steps=1000



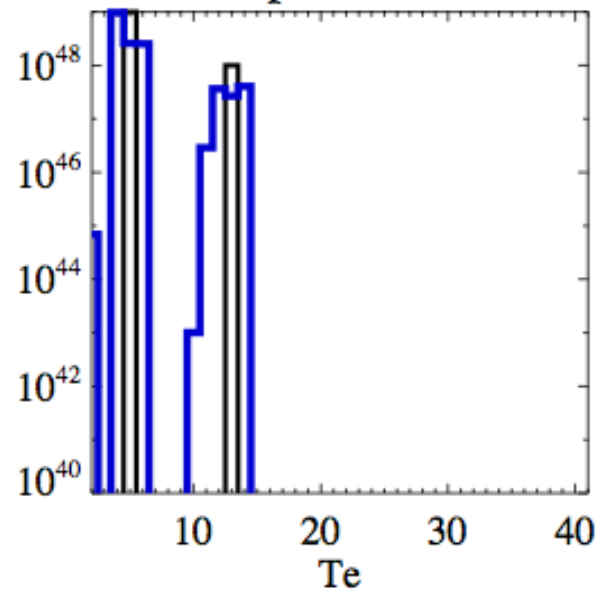
steps=15000

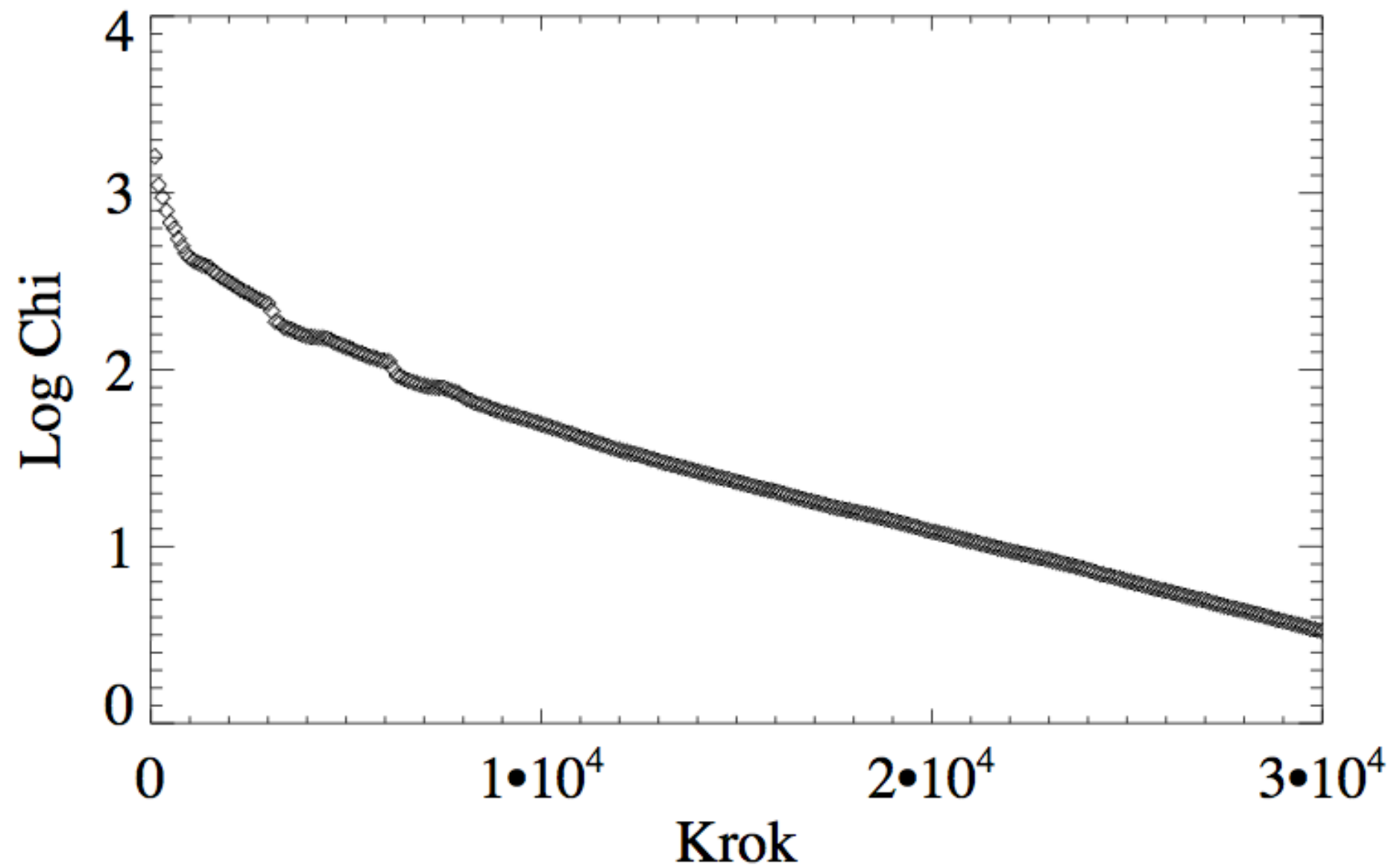


steps=20000

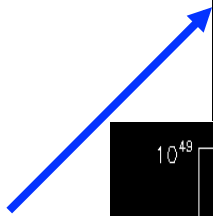
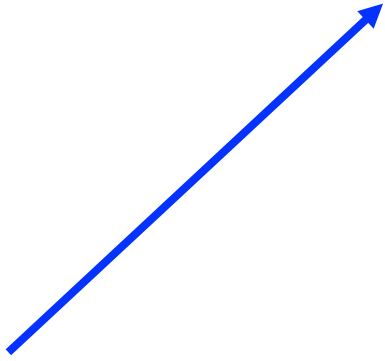


steps=30000

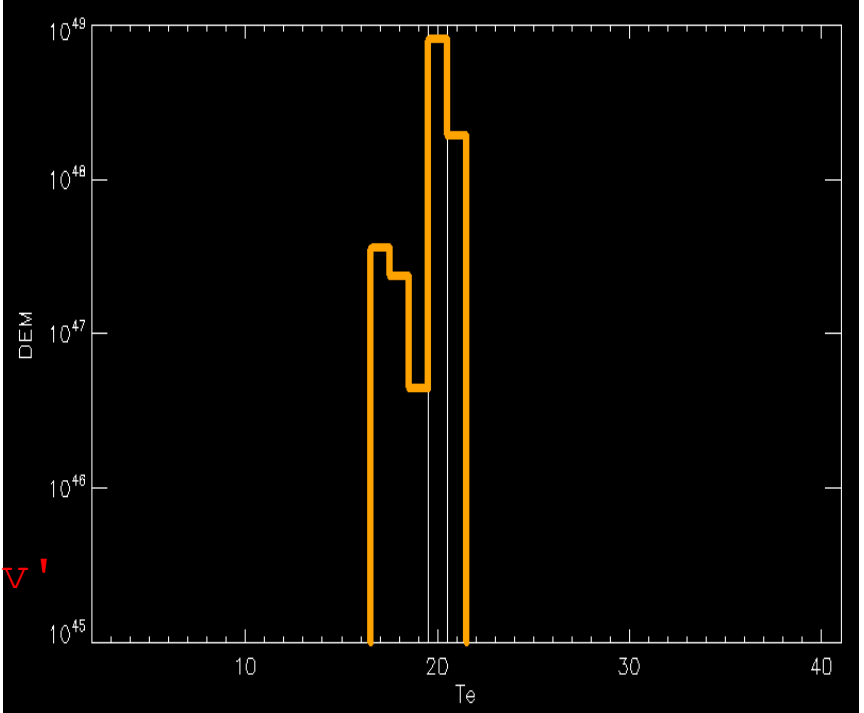
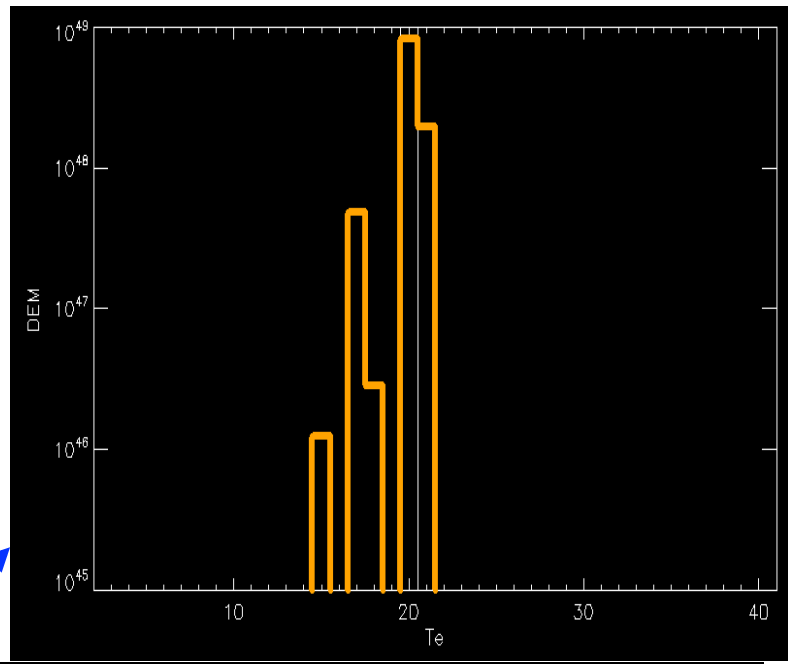




30000 29.2529  
30000 27.5389  
30000 26.7865  
30000 26.4189  
30000 24.3611  
30000 23.5199  
30000 23.2090  
30000 22.8823  
30000 21.1323  
30000 20.7847  
30000 20.6023  
30000 18.9352  
30000 18.6498  
30000 8.78487  
30000 8.23185  
30000 8.11210  
30000 7.94996  
30000 7.76795  
30000 7.65816  
30000 7.57227  
30000 7.44912  
30000 7.33304  
30000 7.06529  
30000 6.92967  
30000 6.78565



'model\_1T\_msv1.sav'

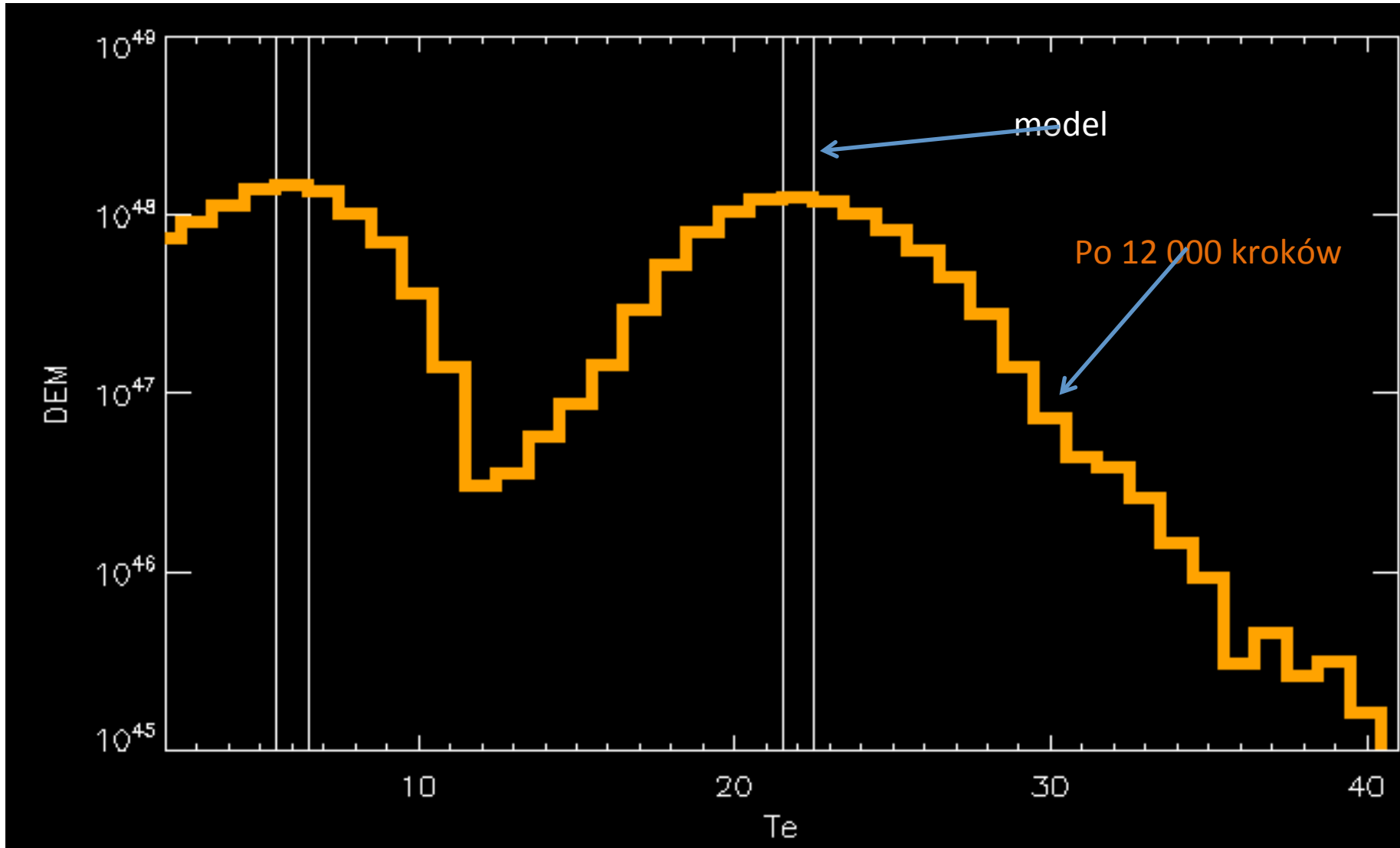


# Podsumowanie

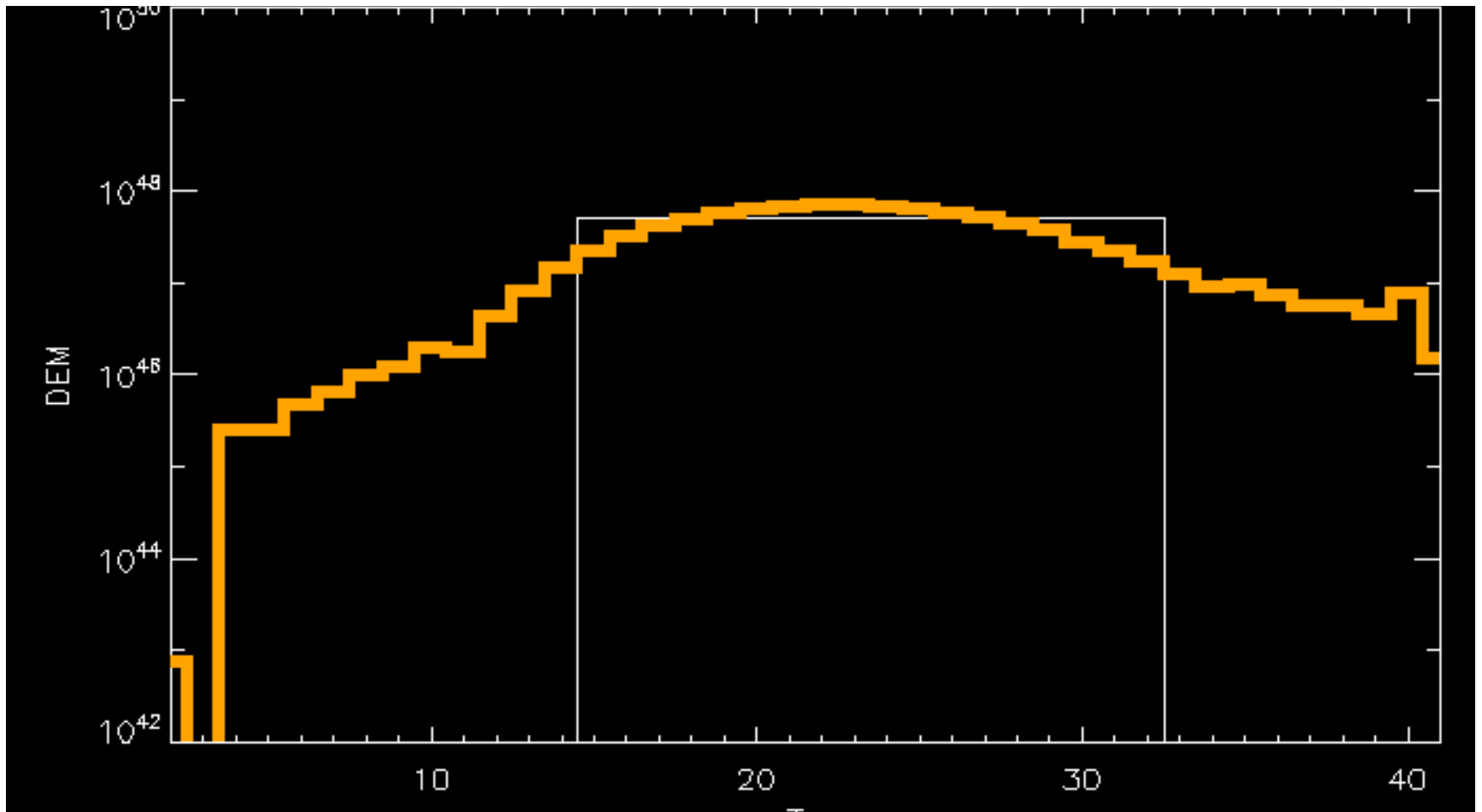
- Metoda adaptacji różnicowej odtwarza zadane modele DEM
- Jej zaletą jest szybka zbieżność
- Konieczne jest jeszcze wygładzanie rozkładów DEM
- Konieczne są dalsze testy w celu zoptymalizowania doboru parametrów



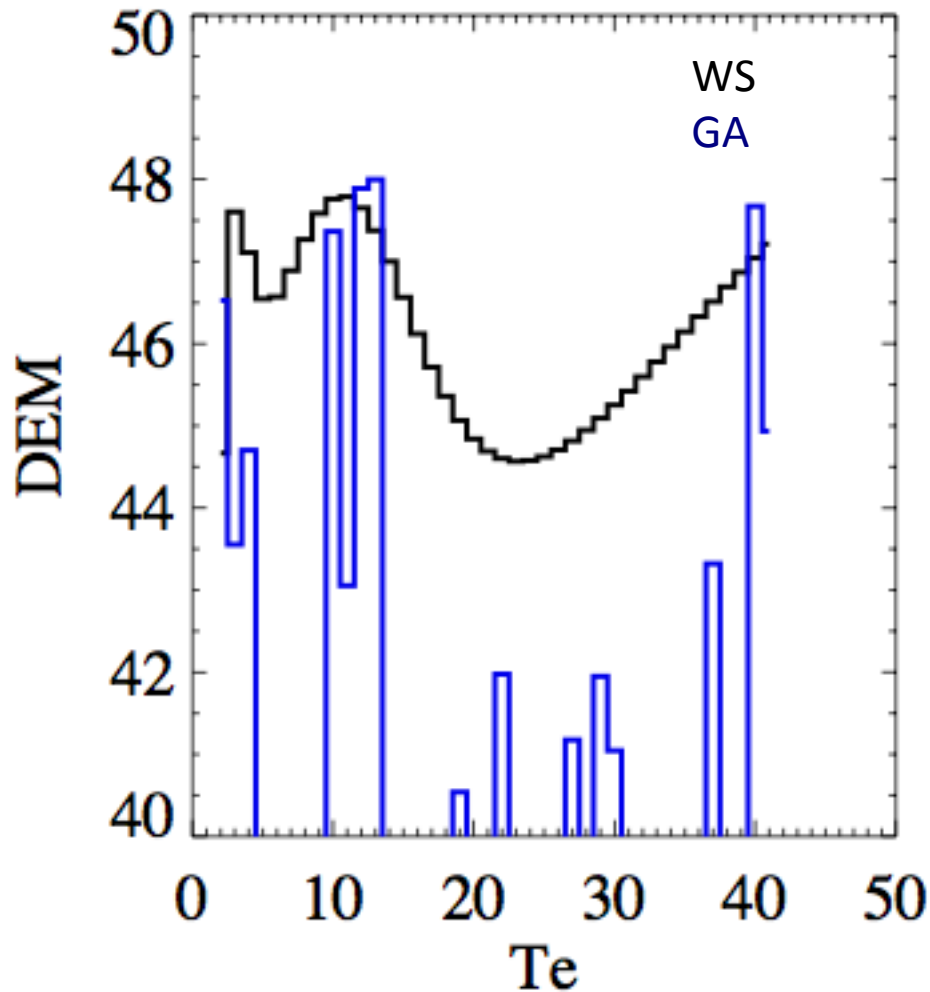
# Testy metody



# Testy metody – 12 tys. kroków



# DEM dla rozbiłysku z 29 marca 2003 r.



- 14 strumieni w wybranych przedziałach
- Zakres temperatur 2-40 MK
- 9000 kroków