

AKADEMIA GÓRNICZO-HUTNICZA im. ST. STASZICA W KRAKOWIE
WYDZIAŁ ELEKTROTECHNIKI, AUTOMATYKI, INFORMATYKI
I ELEKTRONIKI

mgr inż. Rafał Dreżewski

**Koewolucyjne techniki optymalizacji
funkcji wielomodalnych
z zastosowaniem technologii
agentowej**

Rozprawa doktorska

Promotor: dr hab. inż. Krzysztof Cetnarowicz, prof. nadzw. AGH

Kraków 2005

Copyright ©2005 Rafał Dreżewski.

Permission is granted to copy, distribute and/or modify this document under the terms of the GNU Free Documentation License, Version 1.2 or any later version published by the Free Software Foundation; with no Invariant Sections, no Front-Cover Texts, and no Back-Cover Texts. A copy of the license is included in the section entitled “GNU Free Documentation License”.

Chciałbym podziękować wszystkim osobom, które przyczyniły się w jakikolwiek sposób do powstania niniejszej pracy. Przede wszystkim dziękuję promotorowi, prof. Krzysztofowi Cetnarowiczowi za pomoc okazaną w trakcie realizacji pracy oraz cenne uwagi krytyczne. Najbliższymi współpracownikom pragnę podziękować za inspirujące dyskusje. Praca nie powstałaby z pewnością bez wspaniałej atmosfery panującej w Grupie Inteligentnych Systemów Informatycznych Katedry Informatyki AGH, kierowanej przez prof. Edwarda Nawareckiego.

Spis treści

Spis tabel	v
Spis rysunków	vi
Spis algorytmów	x
Wstęp	1
1. Algorytmy ewolucyjne i koewolucyjne	4
1.1. Problemy optymalizacji globalnej i wielomodalnej	4
1.2. Algorytmy ewolucyjne	7
1.2.1. Schemat działania algorytmu ewolucyjnego	9
1.2.2. Podstawowe rodzaje algorytmów ewolucyjnych	10
1.2.3. Równoległe algorytmy ewolucyjne	16
1.2.4. Różnorodność populacji	17
1.3. Ewolucyjne systemy wieloagentowe	18
1.3.1. Systemy wieloagentowe	18
1.3.2. Koncepcja ewolucyjnego systemu wieloagentowego	20
1.4. Algorytmy koewolucyjne	21
1.4.1. Podstawy biologiczne procesu koewolucji	22
1.4.2. Przegląd badań prowadzonych nad technikami koewolucyjnymi	25
1.4.3. Przegląd badań prowadzonych nad mechanizmem doboru płcio- wego	43
1.5. Podsumowanie	45
2. Techniki niszowania i specjacji	47
2.1. Podstawy biologiczne procesów powstawania gatunków	47
2.1.1. Nisza ekologiczna	47
2.1.2. Biologiczne modele specjacji	48
2.2. Cele stosowania technik niszowania i specjacji	49
2.3. Zastosowania technik niszowania i specjacji	51
2.4. Przegląd badań prowadzonych nad technikami niszowania i specjacji .	52
2.4.1. Klasyfikacja technik niszowania i specjacji	52
2.4.2. Techniki z modyfikacją mechanizmu sukcesji	55
2.4.3. Techniki z modyfikacją mechanizmu reprodukcji	59
2.4.4. Techniki z ograniczeniem zasięgu działania selekcji i/lub ope- ratora rekombinacji	68
2.5. Ocena zaprezentowanych modeli i technik oraz kierunki dalszych prac	75

2.6. Podsumowanie	77
3. Koewolucyjne systemy wieloagentowe	78
3.1. Koncepcja koewolucji w systemie wieloagentowym	78
3.2. Model koewolucyjnego systemu wieloagentowego	79
3.2.1. Środowisko systemu	80
3.2.2. Przystosowanie agentów	82
3.2.3. Pojęcie gatunku	82
3.2.4. Pojęcie płci	83
3.2.5. Oddziaływania ekologiczne	84
3.2.6. Agent	85
3.2.7. Realizacja celów i wybór strategii	87
3.2.8. Izolacja rozrodcza	88
3.2.9. Profil zasobowy	88
3.2.10. Profil reprodukcyjny	90
3.2.11. Profil interakcji	91
3.2.12. Profil migracji	93
3.2.13. Selekcja	94
3.2.14. Reprodukacja	94
3.2.15. Powstawanie i zanikanie gatunków	95
3.3. Podsumowanie	95
4. Systemy <i>CoEMAS</i> przeznaczone do optymalizacji funkcji wielomodalnych	97
4.1. Koewolucyjny system wieloagentowy z mechanizmem koewolucji gatunków	97
4.1.1. Środowisko systemu	99
4.1.2. Gatunki	99
4.1.3. Oddziaływania ekologiczne	101
4.1.4. Agent gatunku <i>nch</i>	101
4.1.5. Agent gatunku <i>ind</i>	106
4.2. Koewolucyjny system wieloagentowy z mechanizmem koewolucji płci .	110
4.2.1. Środowisko systemu	111
4.2.2. Gatunki	112
4.2.3. Oddziaływania ekologiczne	113
4.2.4. Agent płci <i>fem</i>	113
4.2.5. Agent płci <i>mal</i>	117
4.3. Koewolucyjny system wieloagentowy z mechanizmem specjacji allopatrycznej	118
4.3.1. Środowisko systemu	119
4.3.2. Gatunki	119
4.3.3. Oddziaływania ekologiczne	120
4.3.4. Agent gatunku <i>ind</i>	120
4.4. Ewolucyjny system wieloagentowy	122
4.5. System z mechanizmem ścisku deterministycznego	122
4.5.1. Środowisko systemu	123
4.5.2. Gatunki	123
4.5.3. Agent	124

4.6.	System z mechanizmem podziału przystosowania	126
4.6.1.	Środowisko systemu	126
4.6.2.	Gatunki	126
4.6.3.	Agent	126
4.7.	Uwagi na temat implementacji	128
4.8.	Podsumowanie i wnioski	128
5.	Eksperymentalne badania procesów powstawania i utrzymywania gatunków	129
5.1.	Metodologia badań	129
5.1.1.	Funkcje testowe	129
5.1.2.	Wskaźniki jakości procesów powstawania i utrzymywania gatunków	132
5.2.	Plan badań	135
5.3.	Porównanie wybranych wskaźników przebiegu procesów powstawania i utrzymywania gatunków w badanych systemach przeznaczonych do optymalizacji funkcji wielomodalnych	136
5.3.1.	Wartości parametrów przyjęte w eksperymentach	136
5.3.2.	Proces powstawania gatunków	138
5.3.3.	Liczba zlokalizowanych otoczeń minimów lokalnych	140
5.3.4.	Liczebność gatunków	148
5.3.5.	Liczebność populacji	151
5.3.6.	Przystosowanie populacji	153
5.3.7.	Odchylenie standardowe operatora mutacji	160
5.4.	Wyniki badań nad wpływem wartości wybranych parametrów na przebieg procesów ewolucyjnych w systemach z mechanizmami koewolucji gatunków i koewolucji płci	163
5.4.1.	System <i>NCoEMAS</i>	163
5.4.2.	System <i>SCoEMAS</i>	169
5.5.	Podsumowanie i wnioski	176
	Podsumowanie	180
A.	Wykaz ważniejszych symboli i konwencja tworzenia oznaczeń	183
A.1.	Konwencja tworzenia oznaczeń	183
A.2.	Ważniejsze symbole i oznaczenia	183
B.	GNU Free Documentation License	189
1.	APPLICABILITY AND DEFINITIONS	189
2.	VERBATIM COPYING	191
3.	COPYING IN QUANTITY	191
4.	MODIFICATIONS	192
5.	COMBINING DOCUMENTS	193
6.	COLLECTIONS OF DOCUMENTS	194
7.	AGGREGATION WITH INDEPENDENT WORKS	194
8.	TRANSLATION	194
9.	TERMINATION	195
10.	FUTURE REVISIONS OF THIS LICENSE	195

ADDENDUM: How to use this License for your documents	195
Literatura	197

Spis tabel

1.1. Rodzaje oddziaływań międzygatunkowych — podział ze względu na skutki	23
1.2. Rodzaje oddziaływań międzygatunkowych — zestawienie mechanizmów i skutków	23
1.3. Zestawienie ważniejszych cech przedstawionych w pracy technik koevolucyjnych	26
2.1. Zestawienie ważniejszych cech wybranych technik niszowania i specjacji	54
5.1. Wartości parametrów dla poszczególnych wskaźników oraz funkcji testowych przyjęte w eksperymentach	135
5.2. Wartości parametrów poszczególnych systemów przyjęte w eksperymentach	137
5.3. Wartości parametru $r_{eq}^{\gamma,v}$ w systemie <i>NCoEMAS</i> oraz parametru t_{max} w systemie <i>SCoEMAS</i> dla poszczególnych rodzajów eksperymentów .	164
5.4. Zestawienie średnich wartości wskaźnika $nnm(t)$ z 20 eksperymentów ($t = 5000$, $ni_{min} = 1$) dla poszczególnych systemów oraz funkcji testowych	177
5.5. Zestawienie średnich wartości wskaźnika $nnm(t)$ z 20 eksperymentów ($t = 5000$, $ni_{min} = 3$) dla poszczególnych systemów oraz funkcji testowych	177
5.6. Zestawienie średnich wartości wskaźnika $nnm(t)$ z 20 eksperymentów ($t = 5000$, $ni_{min} = 5$) dla poszczególnych systemów oraz funkcji testowych	177
5.7. Zestawienie średnich wartości wskaźnika $nnm(t)$ z 20 eksperymentów ($t = 5000$, $ni_{min} = 8$) dla poszczególnych systemów oraz funkcji testowych	177
5.8. Zestawienie średnich wartości wskaźnika $npd(t)$ z 20 eksperymentów ($t = 5000$) dla poszczególnych systemów oraz funkcji testowych	177
5.9. Zestawienie średnich wartości wskaźnika $ned(t)$ z 20 eksperymentów ($t = 5000$) dla poszczególnych systemów oraz funkcji testowych	178
5.10. Zestawienie liczebności populacji w chwili $t = 5000$ dla poszczególnych systemów oraz funkcji testowych	178

Spis rysunków

1.1. Przykładowe funkcje wielomodalne	5
1.2. Ewolucyjny system wieloagentowy	21
2.1. Rodzaje specjacji	49
2.2. Taksonomia technik niszowania i specjacji	53
2.3. Przykładowy wybór punktów dla funkcji <i>hill-valley</i>	71
3.1. Koewolucyjny system wieloagentowy	79
4.1. System <i>NCoEMAS</i>	98
4.2. System <i>SCoEMAS</i>	111
4.3. System <i>ACoEMAS</i>	119
5.1. Funkcja Michalewicza	130
5.2. Funkcja Rastrigin'a	130
5.3. Funkcja Schwefel'a	130
5.4. Funkcja Waves	131
5.5. Funkcja wykorzystywana przy ocenie proporcjonalnej i identycznej liczebności gatunków	133
5.6. Lokalizacja agentów systemu <i>DC</i> w trakcie typowego eksperymentu z funkcją Rastrigin'a dla $t = 0$, $t = 50$, $t = 500$ oraz $t = 5000$	139
5.7. Lokalizacja agentów systemu <i>FS</i> w trakcie typowego eksperymentu z funkcją Rastrigin'a dla $t = 0$, $t = 50$, $t = 500$ oraz $t = 5000$	139
5.8. Lokalizacja agentów systemu <i>EMAS</i> w trakcie typowego ekspe- rymentu z funkcją Rastrigin'a dla $t = 0$, $t = 50$, $t = 500$ oraz $t = 5000$.	140
5.9. Lokalizacja agentów systemu <i>ACoEMAS</i> w trakcie typowego ekspe- rymentu z funkcją Rastrigin'a dla $t = 0$, $t = 50$, $t = 500$ oraz $t = 5000$	141
5.10. Lokalizacja agentów systemu <i>NCoEMAS</i> w trakcie typowego ekspe- rymentu z funkcją Rastrigin'a dla $t = 0$, $t = 50$, $t = 500$ oraz $t = 5000$	142
5.11. Lokalizacja agentów systemu <i>SCoEMAS</i> w trakcie typowego ekspe- rymentu z funkcją Rastrigin'a dla $t = 0$ oraz $t = 50$, $t = 500$ oraz $t = 5000$	143
5.12. Liczba zlokalizowanych otoczeń minimów lokalnych funkcji Michale- wicza dla $ni_{min} = 1$ oraz $ni_{min} = 3$. Porównanie dla różnych systemów	143
5.13. Liczba zlokalizowanych otoczeń minimów lokalnych funkcji Michale- wicza dla $ni_{min} = 5$ oraz $ni_{min} = 8$. Porównanie dla różnych systemów	144
5.14. Liczba zlokalizowanych otoczeń minimów lokalnych funkcji Rastri- gin'a dla $ni_{min} = 1$ oraz $ni_{min} = 3$. Porównanie dla różnych systemów	144

5.15. Liczba zlokalizowanych otoczeń minimów lokalnych funkcji Rastrigin'a dla $ni_{min} = 5$ oraz $ni_{min} = 8$. Porównanie dla różnych systemów	145
5.16. Liczba zlokalizowanych otoczeń minimów lokalnych funkcji Schwefel'a dla $ni_{min} = 1$ oraz $ni_{min} = 3$. Porównanie dla różnych systemów . . .	146
5.17. Liczba zlokalizowanych otoczeń minimów lokalnych funkcji Schwefel'a dla $ni_{min} = 5$ oraz $ni_{min} = 8$. Porównanie dla różnych systemów . . .	146
5.18. Liczba zlokalizowanych otoczeń minimów lokalnych funkcji Waves dla $ni_{min} = 1$ oraz $ni_{min} = 3$. Porównanie dla różnych systemów	147
5.19. Liczba zlokalizowanych otoczeń minimów lokalnych funkcji Waves dla $ni_{min} = 5$ oraz $ni_{min} = 8$. Porównanie dla różnych systemów	147
5.20. Wartość wskaźnika proporcjonalnej liczebności gatunków dla funkcji Michalewicza oraz Rastrigin'a. Porównanie dla różnych systemów . .	149
5.21. Wartość wskaźnika proporcjonalnej liczebności gatunków dla funkcji Schwefel'a oraz Waves. Porównanie dla różnych systemów	149
5.22. Wartość wskaźnika identycznej liczebności gatunków dla funkcji Michalewicza oraz Rastrigin'a. Porównanie dla różnych systemów	150
5.23. Wartość wskaźnika identycznej liczebności gatunków dla funkcji Schwefel'a oraz Waves. Porównanie dla różnych systemów	150
5.24. Liczebność populacji w eksperymentach z funkcją Michalewicza oraz Rastrigin'a. Porównanie dla różnych systemów	152
5.25. Liczebność populacji w eksperymentach z funkcją Schwefel'a oraz Waves. Porównanie dla różnych systemów	153
5.26. Przystosowanie populacji w systemie <i>DC</i> w eksperymentach z funkcją Michalewicza oraz Rastrigin'a	154
5.27. Przystosowanie populacji w systemie <i>DC</i> w eksperymentach z funkcją Schwefel'a oraz Waves	154
5.28. Przystosowanie populacji w systemie <i>FS</i> w eksperymentach z funkcją Michalewicza oraz Rastrigin'a	155
5.29. Przystosowanie populacji w systemie <i>FS</i> w eksperymentach z funkcją Schwefel'a oraz Waves	155
5.30. Przystosowanie populacji w systemie <i>EMAS</i> w eksperymentach z funkcją Michalewicza oraz Rastrigin'a	156
5.31. Przystosowanie populacji w systemie <i>EMAS</i> w eksperymentach z funkcją Schwefel'a oraz Waves	156
5.32. Przystosowanie populacji w systemie <i>ACoEMAS</i> w eksperymentach z funkcją Michalewicza oraz Rastrigin'a	157
5.33. Przystosowanie populacji w systemie <i>ACoEMAS</i> w eksperymentach z funkcją Schwefel'a oraz Waves	157
5.34. Przystosowanie populacji w systemie <i>NCoEMAS</i> w eksperymentach z funkcją Michalewicza oraz Rastrigin'a	158
5.35. Przystosowanie populacji w systemie <i>NCoEMAS</i> w eksperymentach z funkcją Schwefel'a oraz Waves	158
5.36. Przystosowanie populacji w systemie <i>SCoEMAS</i> w eksperymentach z funkcją Michalewicza oraz Rastrigin'a	159
5.37. Przystosowanie populacji w systemie <i>SCoEMAS</i> w eksperymentach z funkcją Schwefel'a oraz Waves	159

5.38. Średnia dla populacji wartość normy wektora odchylenia standardowego mutacji w systemach <i>DC</i> oraz <i>FS</i> w eksperymentach z funkcją Rastrigin'a	161
5.39. Średnia dla populacji wartość normy wektora odchylenia standardowego mutacji w systemach <i>EMAS</i> oraz <i>ACoEMAS</i> w eksperymentach z funkcją Rastrigin'a	162
5.40. Średnia dla populacji wartość normy wektora odchylenia standardowego mutacji w systemach <i>NCoEMAS</i> oraz <i>SCoEMAS</i> w eksperymentach z funkcją Rastrigin'a	162
5.41. Liczba otoczeń minimów lokalnych funkcji Rastrigin'a zlokalizowanych przez system <i>NCoEMAS</i> przy różnych wartościach parametru $r_{eq}^{\gamma,v}$	164
5.42. Wartości wskaźników proporcjonalnej oraz identycznej liczebności gatunków dla systemu <i>NCoEMAS</i> przy różnych wartościach parametru $r_{eq}^{\gamma,v}$	164
5.43. Liczebność populacji w systemie <i>NCoEMAS</i> przy różnych wartościach parametru $r_{eq}^{\gamma,v}$. Porównanie dla wszystkich rodzajów eksperymentów .	165
5.44. Liczebność populacji w systemie <i>NCoEMAS</i> przy różnych wartościach parametru $r_{eq}^{\gamma,v}$: eksperymenty rodzaju E1 oraz E2	166
5.45. Liczebność populacji w systemie <i>NCoEMAS</i> przy różnych wartościach parametru $r_{eq}^{\gamma,v}$: eksperymenty rodzaju E3 oraz E4	166
5.46. Liczebność populacji w systemie <i>NCoEMAS</i> przy różnych wartościach parametru $r_{eq}^{\gamma,v}$: eksperymenty rodzaju E5 oraz E6	167
5.47. Przystosowanie populacji w systemie <i>NCoEMAS</i> przy różnych wartościach parametru $r_{eq}^{\gamma,v}$: eksperymenty rodzaju E1 oraz E2	168
5.48. Przystosowanie populacji w systemie <i>NCoEMAS</i> przy różnych wartościach parametru $r_{eq}^{\gamma,v}$: eksperymenty rodzaju E3 oraz E4	168
5.49. Przystosowanie populacji w systemie <i>NCoEMAS</i> przy różnych wartościach parametru $r_{eq}^{\gamma,v}$: eksperymenty rodzaju E5 oraz E6	169
5.50. Liczba otoczeń minimów lokalnych funkcji Rastrigin'a zlokalizowanych przez system <i>SCoEMAS</i> przy różnych czasach połączenia agentów w parę	170
5.51. Wartości wskaźników proporcjonalnej oraz identycznej liczebności gatunków dla systemu <i>SCoEMAS</i> przy różnych czasach połączenia agentów w parę	171
5.52. Liczebność populacji w systemie <i>SCoEMAS</i> przy różnych czasach połączenia agentów w parę. Porównanie dla wszystkich rodzajów eksperymentów	172
5.53. Liczebność populacji samic i samców w systemie <i>SCoEMAS</i> przy różnych czasach połączenia agentów w parę: eksperymenty rodzaju E1 oraz E2	172
5.54. Liczebność populacji samic i samców w systemie <i>SCoEMAS</i> przy różnych czasach połączenia agentów w parę: eksperymenty rodzaju E3 oraz E4	173
5.55. Liczebność populacji samic i samców w systemie <i>SCoEMAS</i> przy różnych czasach połączenia agentów w parę: eksperymenty rodzaju E5 oraz E6	173

-
- 5.56. Przystosowanie populacji w systemie *SCoEMAS* przy różnych czasach
połączenia agentów w parę: eksperymenty rodzaju E1 oraz E2 174
- 5.57. Przystosowanie populacji w systemie *SCoEMAS* przy różnych czasach
połączenia agentów w parę: eksperymenty rodzaju E3 oraz E4 175
- 5.58. Przystosowanie populacji w systemie *SCoEMAS* przy różnych czasach
połączenia agentów w parę: eksperymenty rodzaju E5 oraz E6 175

Spis algorytmów

1.1.	Ogólny schemat algorytmu ewolucyjnego	9
1.2.	Schemat strategii ewolucyjnej	11
1.3.	Schemat programowania ewolucyjnego	13
1.4.	Schemat prostego algorytmu genetycznego J. Holland'a	15
4.1.	Algorytm funkcji <i>probVH</i>	105

Wstęp

Algorytmy ewolucyjne to techniki znajdowania przybliżonych rozwiązań dla problemów optymalizacji i adaptacji, wzorowane na mechanizmach ewolucji biologicznej. Są one ostatnio przedmiotem wzrastającego zainteresowania i intensywnych prac badawczych. Algorytmy ewolucyjne wykazały w praktyce swoją przydatność w przypadku problemów nazywanych „trudnymi”, dla których metody tradycyjne nie dają zadowalających rozwiązań.

Pomimo licznych sukcesów zastosowań algorytmów ewolucyjnych w różnych dziedzinach, problemem w przypadku pewnych zadań jest zjawisko przedwczesnej utraty różnorodności populacji. Zjawisko to może prowadzić do utraty przez algorytm ewolucyjny zdolności do przeszukiwania przestrzeni rozwiązań przed znalezieniem rozwiązania będącego optimum globalnym. Utrata różnorodności populacji jest również jedną z przyczyn ograniczenia zdolności adaptacyjnych algorytmów ewolucyjnych w przypadku problemów niestacjonarnych oraz trudności pojawiających się przy próbach zastosowania tych algorytmów w problemach optymalizacji wielomodalnej.

Terminem *algorytm koewolucyjny* określa się najczęściej taki algorytm ewolucyjny, w którym wartość funkcji przystosowania dla danego osobnika zależy nie tylko od jakości reprezentowanego przez niego rozwiązania, ale również od cech innych osobników w populacji. Techniki koewolucyjne wykorzystywane są w celu utrzymywania różnorodności populacji, zwiększania zdolności adaptacyjnych algorytmów ewolucyjnych, realizacji ewolucji otwartej oraz w przypadkach, gdy określenie funkcji przystosowania jest trudne lub niemożliwe.

W przypadku problemów optymalizacji wielomodalnej algorytm ewolucyjny znajduje najczęściej tylko jedno rozwiązanie. Znalezienie wszystkich (lub większości) możliwych rozwiązań możliwe jest wyłącznie w przypadku zastosowania specjalnych technik optymalizacji wielomodalnej (tzw. *technik niszowania i specjacji*). W ostatnich latach zaproponowano dużo tego rodzaju technik, jednakże stosunkowo słabo zbadanym obszarem jest możliwość konstruowania technik niszowania i specjacji w oparciu o zasadę koewolucji. Mechanizmy koewolucyjne wydają się być tutaj szczególnie odpowiednie, gdyż przyczyniają się do utrzymywania różnorodności populacji oraz umożliwiają tworzenie nowych gatunków osobników zlokalizowanych w obszarach przyciągania różnych optimum funkcji wielomodalnych.

Model ewolucyjnego systemu wieloagentowego stanowi próbę połączenia paradygmatów algorytmów ewolucyjnych oraz systemów wieloagentowych i w efekcie prowadzi do zdecentralizowania procesu ewolucji (przybliżenia algorytmów ewolucyjnych do procesów ewolucyjnych obserwowanych w naturze). Ewolucyjne systemy wieloagentowe są aktualnie tematem intensywnych prac badawczych, jednakże nie zaproponowano jak dotąd żadnych specyficznych dla tych systemów (tj. nie naruszających zdecentralizowanego charakteru procesów ewolucyjnych) mechanizmów

koewolucji oraz technik niszowania i specjacji.

Zamierzeniem podjętym w niniejszej pracy jest opracowanie technik niszowania i specjacji przeznaczonych dla ewolucyjnych systemów wieloagentowych i działających w oparciu o zdecentralizowane mechanizmy koewolucyjne. W tym celu zaproponowano koncepcję i model formalny *koewolucyjnego systemu wieloagentowego*, które posłużyły następnie do opracowania modelu oraz realizacji systemów z technikami niszowania i specjacji działającymi w oparciu o koewolucję gatunków, koewolucję płci oraz mechanizm izolacji geograficznej podpopulacji. W celu sprawdzenia przedstawionych koncepcji, zrealizowano również trzy systemy ewolucyjne znane z literatury: ewolucyjny system wieloagentowy, system z techniką ścisłego deterministycznego oraz system z techniką podziału przystosowania. W trakcie przeprowadzonych eksperymentów porównano przebieg procesów tworzenia i stabilnego utrzymywania gatunków w zrealizowanych systemach z wykorzystaniem specjalnie w tym celu opracowanych wskaźników jakości.

Biorąc pod uwagę powyższe rozważania można sformułować następującą tezę pracy:

W oparciu o koncepcję koewolucji można skonstruować techniki niszowania i specjacji przeznaczone dla ewolucyjnych systemów wieloagentowych, które nie naruszają zdecentralizowanego modelu ewolucji tych systemów oraz wykazują, w przypadku pewnych problemów, lepsze działanie, pod względem jakości procesów formowania podpopulacji (gatunków) i zdolności do stabilnego ich utrzymywania w czasie przebiegu ewolucji, od klasycznych technik niszowania i specjacji.

Przedstawiona praca została podzielona na pięć rozdziałów. W rozdziale 1 przedstawione zostały główne pojęcia i koncepcje wykorzystywane w algorytmach ewolucyjnych, a także podstawowe rodzaje tych algorytmów. Szerzej omówiono mechanizmy zaawansowane, takie jak koewolucja oraz dobór płciowy, które są przedmiotem intensywnych prac badawczych w ostatnich latach. Przedstawiono tu również model ewolucyjnego systemu wieloagentowego, stanowiący próbę połączenia paradygmatów algorytmów ewolucyjnych oraz systemów wieloagentowych.

W rozdziale 2 przedstawiono wybrane zagadnienia związane z modelami oraz technikami niszowania i specjacji dla algorytmów ewolucyjnych oraz dokonano przeglądu aktualnego stanu badań w tej dziedzinie. Rozważania przedstawione w tym rozdziale stanowią podstawę dla dokonania oceny dotychczasowego stanu badań w zakresie technik niszowania i specjacji oraz sformułowania zasadniczego celu pracy, jakim jest opracowanie, w oparciu o mechanizmy koewolucji, technik niszowania i specjacji przeznaczonych dla ewolucyjnych systemów wieloagentowych, które będą wykazywać lepsze działanie, w wybranych aspektach i dla pewnych problemów, od klasycznych technik niszowania i specjacji.

W rozdziale 3 przedstawiona została koncepcja oraz model formalny *koewolucyjnego systemu wieloagentowego*. W porównaniu do podstawowej wersji modelu ewolucyjnego systemu wieloagentowego wprowadzone zostały nowe koncepcje, takie jak: gatunek, płeć oraz oddziaływanie pomiędzy agentami różnych gatunków oraz płci. W oparciu o tego rodzaju oddziaływanie możliwe jest konstruowanie technik niszowania i specjacji dla ewolucyjnych systemów wieloagentowych, co zostało przedstawione w kolejnym rozdziale pracy.

Opracowany formalizm został następnie wykorzystany do opisu trzech opracowa-

nych koewolucyjnych systemów wieloagentowych przeznaczonych do optymalizacji funkcji wielomodalnych, w których do powstawania gatunków dochodzi w wyniku oddziaływań koewolucyjnych gatunków, oddziaływań koewolucyjnych płci oraz izolacji geograficznej podpopulacji. Wspomniany formalizm posłużył również do opisu trzech systemów ewolucyjnych znanych z literatury (ewolucyjnego systemu wieloagentowego oraz dwóch systemów z klasycznymi technikami niszowania i specjacji) (rozdział 4). Przedstawiona w tym rozdziale próba opisanego w kategoriach modelu koewolucyjnego systemu wieloagentowego kilku różnych (zarówno pod względem architektury, jak i stosowanego modelu obliczeń ewolucyjnych) systemów ewolucyjnych potwierdza jego uniwersalność oraz możliwość zastosowania w praktyce. Opisane w tym rozdziale systemy zostały wykorzystane w późniejszych eksperymentach.

W ostatniej części pracy (rozdział 5) przedstawione zostały wyniki eksperymentów mających na celu zarówno porównanie przebiegu procesów tworzenia gatunków zachodzących w zrealizowanych systemach, jak również zbadanie wpływu wybranych parametrów na przebieg procesów ewolucyjnych w systemach z mechanizmami koewolucji gatunków oraz koewolucji płci. W podsumowaniu dokonano oceny wyników przeprowadzonych eksperymentów oraz sformułowano wnioski dotyczące przebiegu procesów powstawania i stabilnego utrzymywania w czasie ewolucji gatunków, w zależności od zastosowanych mechanizmów niszowania i specjacji.

Rozdział 1

Algorytmy ewolucyjne i koewolucyjne

Terminem *algorytmy ewolucyjne* (ang. *evolutionary algorithms* — *EA*) określa się w literaturze grupę technik wzorowanych na mechanizmach ewolucji biologicznej [5, 196, 132, 8, 178, 127, 10, 128, 72]. Techniki te umożliwiają znajdowanie przybliżonych rozwiązań dla tzw. „trudnych” problemów optymalizacji i adaptacji, w przypadku których metody tradycyjne zawodzą. Algorytmy ewolucyjne mogą być z powodzeniem stosowane w przypadkach, gdy rozwiązanie problemu optymalizacji globalnej generalnie nie jest możliwe, natomiast dużym sukcesem jest każde polepszenie już znalezionego rozwiązania (rozwiązania suboptymalne) [10]. W rozdziale niniejszym przedstawiono najważniejsze pojęcia związane z algorytmami ewolucyjnymi oraz ich podstawowe rodzaje. Obszerniej omówiono zaawansowane mechanizmy i techniki, takie jak koewolucja gatunków oraz koewolucja płci i wynikający z niej dobór płciowy, a także ewolucyjne systemy wieloagentowe, które to zagadnienia są ściślej związane z dalszymi rozważaniami.

1.1. Problemy optymalizacji globalnej i wielomodalnej

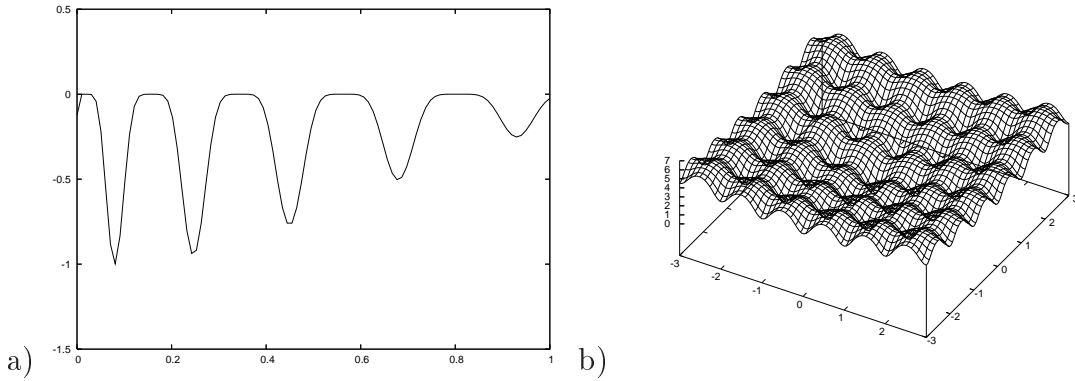
Załóżmy, że dana jest unormowana przestrzeń wektorowa nad ciałem $K = \mathbb{R}$, $X \equiv \langle X, \|\cdot\| \rangle$ (przestrzeń poszukiwań) oraz zbiór dopuszczalny $D \subseteq X$. Zbiór dopuszczalny D jest zdefiniowany przy użyciu zbioru $m \geq 0$ funkcji ograniczeń $g_i : X \rightarrow \mathbb{R}$ oraz $h_j : X \rightarrow \mathbb{R}$ [128]:

$$D = \left\{ \vec{x} \in X : g_i(\vec{x}) \leq 0 \text{ oraz } h_j(\vec{x}) = 0, \right. \\ \left. \text{dla } i = 1, \dots, q, \quad j = q + 1, \dots, m \right\} \quad (1.1)$$

Problem *optymalizacji globalnej* (oznaczymy go przez Θ_1) polega na znalezieniu wszystkich punktów $\vec{x}^* \in D$ realizujących minimum globalne funkcji f na D ([177]):

$$\forall \vec{x} \in D \quad f(\vec{x}) \geq f(\vec{x}^*) \quad (1.2)$$

gdzie $f : D \rightarrow \mathbb{R}$ jest pewnym kryterium jakości nazywanym *funkcją celu*. Bez utraty ogólności, w dalszych rozważaniach będziemy zajmować się problemami minimalizacji.



Rysunek 1.1. Przykładowe funkcje wielomodalne

Funkcje wielomodalne to funkcje, które mają wiele minimów lokalnych (rys. 1.1). Istnienie (lub nie istnienie) minimów lokalnych wynika najczęściej z postaci funkcji celu, natomiast w przypadku problemów z ograniczeniami może również wynikać z właściwości obszaru dopuszczalnego (przykładowo, minima lokalne mogą być wtedy zlokalizowane na jego brzegu).

Problemy ze skonstruowaniem funkcji celu spowodowane dużą złożonością pewnych problemów oraz niemierzalnym charakterem pewnych cech, mogą być przyczyną tego, że najlepsze rozwiązanie danego problemu występować będzie wśród minimów lokalnych [5]. W związku z tym, czasami pożądane jest znalezienie większej liczby propozycji rozwiązań, natomiast ostateczną decyzję pozostawia się ekspertowi z danej dziedziny. Problem *optymalizacji wielomodalnej* (Θ_2) polega na znalezieniu wszystkich punktów $\vec{x}^+ \in D$ spełniających warunek ([177, 10]):

$$\exists \varepsilon > 0 \quad \forall \vec{x} \in D \quad \|\vec{x} - \vec{x}^+\| < \varepsilon \Rightarrow f(\vec{x}) \geq f(\vec{x}^+) \quad (1.3)$$

czyli realizujących minima lokalne funkcji f na D . Jeżeli warunek (1.3) jest spełniony przez spójny zbiór punktów o jednakowej wartości funkcji celu, wtedy zbiór taki traktowany jest jak jeden punkt i mówimy wtedy o *minimum lokalnym niewłaściwym*. Jeżeli w warunku (1.3) spełniona jest ostra nierówność wtedy istnieje dokładnie jeden punkt, który nazywamy *minimum lokalnym właściwym* [5].

Założmy, że zbiór $D^{min} \subseteq D$ jest uporządkowanym zbiorem minimów lokalnych ($D^{min} \equiv \langle D^{min}, \preceq \rangle$). Relacja \preceq porządkuje zbiór D^{min} :

$$\preceq = \{ \langle \vec{x}_i^+, \vec{x}_j^+ \rangle \in D \times D : f(\vec{x}_i^+) \leq f(\vec{x}_j^+), \vec{x}_i^+, \vec{x}_j^+ \in D \} \quad (1.4)$$

Zbiór $D^{min} = \{ \vec{x}_1^+, \vec{x}_2^+, \dots, \vec{x}_q^+ \}$, gdzie minima lokalne są uporządkowane w kolejności niemalejącej wartości funkcji celu $\vec{x}_1^+ \preceq \vec{x}_2^+ \preceq \dots \preceq \vec{x}_q^+$ (\vec{x}_1^+ jest tu minimum globalnym: $\vec{x}_1^+ = \vec{x}^*$). Alternatywnie zdefiniowany problem optymalizacji wielomodalnej może polegać na znalezieniu jak największej liczby „najlepszych” (czyli takich, dla których wartość funkcji celu jest jak najmniejsza) minimów lokalnych [5]. Celem może być np. znalezienie k „najlepszych” minimów lokalnych (problem Θ_3), czyli zbioru:

$$D^{min+} = \{ \vec{x}_1^+, \dots, \vec{x}_k^+ \}, \quad k \leq q \quad (1.5)$$

lub też tych minimów lokalnych, dla których wartość funkcji celu jest mniejsza od pewnej ustalonej wartości f_{max} (problem Θ_4):

$$D^{min+} = \{ \vec{x}_i^+ : \vec{x}_i^+ \in D^{min} \text{ oraz } f(\vec{x}_i^+) \leq f_{max} \} \quad (1.6)$$

Ponieważ algorytmy ewolucyjne są technikami znajdowania przybliżonych rozwiązań (rozwiązań suboptymalnych), formułuje się nieco zmodyfikowane problemy, polegające na znalezieniu przynajmniej jednego punktu \vec{x} należącego do otoczenia $O^\varepsilon(\vec{x}^+) \subset D$ każdego punktu $\vec{x}^+ \in D$ będącego rozwiązaniem powyżej sformułowanych problemów optymalizacji (tak zmodyfikowane problemy będziemy oznaczać, odpowiednio, przez $\Theta'_1, \Theta'_2, \Theta'_3$ oraz Θ'_4). Zbiór $O^\varepsilon(\vec{x}^+)$ można określić jako ([177]):

$$O^\varepsilon(\vec{x}^+) = \{ \vec{x} \in D : \|\vec{x} - \vec{x}^+\| < \varepsilon \} \quad \text{dla pewnego ustalonego } \varepsilon > 0 \quad (1.7)$$

Zbiór ten można również określić następująco ([177]):

$$O^\varepsilon(\vec{x}^+) = \{ \vec{x} \in D : f(\vec{x}) \leq f(\vec{x}^+) + \varepsilon \} \quad \text{dla pewnego ustalonego } \varepsilon > 0 \quad (1.8)$$

Otrzymujemy wtedy, odpowiednio, problemy $\Theta''_1, \Theta''_2, \Theta''_3$ oraz Θ''_4 .

Na koniec sformułujemy jeszcze jedną, istotną w przypadku zastosowania algorytmów ewolucyjnych, wersję problemu optymalizacji wielomodalnej. W tym celu musimy najpierw wprowadzić kilka niezbędnych pojęć.

Metodą optymalizacji lokalnej (lok) będziemy nazywać metodę, która generuje w określony sposób skończony ciąg punktów $\{\vec{x}_i\} \subset D$, $i = 1, 2, \dots$ startując od dowolnego punktu $\vec{x}_0 \in D$ [177]. Metoda taka posiada dobrze określony warunek stopu. Efektem końcowym działania metody *lok* (który oznaczamy przez $lok(\vec{x}_0)$) jest ostatni wyraz ciągu $\{\vec{x}_i\}$ $i = 1, 2, \dots$.

Metoda optymalizacji lokalnej *lok* jest *ściśle malejąca* na D jeżeli dla dowolnego punktu startowego $\vec{x}_0 \in D$ generuje ciąg $\{\vec{x}_i\} \subset D$, $i = 1, 2, \dots$ taki, że dla dowolnej normy $\|\cdot\|$ w $X = \mathbb{R}^n$ zachodzi ([177]):

$$\forall i = 0, 1, \dots \exists \beta_i \in \mathbb{R} : \beta_i \geq 0 \exists \vec{p}_i \in \mathbb{R}^n : \|\vec{p}_i\| = 1 \quad \vec{x}_{i+1} = \vec{x}_i + \beta_i \vec{p}_i \quad (1.9)$$

Ciąg $\{\vec{x}_i\}$ zbiega do pewnego minimum lokalnego $\vec{x}^+ \in D$ oraz zachodzi następujący warunek ([177]):

$$\forall i = 0, 1, \dots \forall \beta \in \mathbb{R} \forall \eta \in \mathbb{R} : 0 \leq \beta < \eta \leq \beta_i \quad f(\vec{x}_i + \eta \vec{p}_i) \leq f(\vec{x}_i + \beta \vec{p}_i) \quad (1.10)$$

Obszarem (zbiorem) przyciągania właściwego minimum lokalnego \vec{x}^+ funkcji celu f dla ściśle malejącej metody optymalizacji lokalnej *lok* nazywamy zbiór $SA^{lok}(\vec{x}^+) = \{ \vec{x} \in D : lok(\vec{x}) = \vec{x}^+ \}$ [177, 5].

Dla uproszczenia, w dalszej części pracy mówiąc o *obszarze przyciągania właściwego minimum lokalnego \vec{x}^+ funkcji celu* będziemy mieć na myśli obszar przyciągania tego minimum lokalnego dla pewnej ściśle malejącej metody optymalizacji lokalnej *lok*, czyli $SA^{lok}(\vec{x}^+)$.

Przez $L(y) = \{ \vec{x} \in D : f(\vec{x}) \leq y \}$ oznaczmy *zbiór poziomicowy* funkcji celu f , natomiast przez $L_{\vec{x}}(y)$ składową spójną zbioru $L(y)$ zawierającą punkt \vec{x} .

Poziom odcięcia $\bar{y}(\vec{x}_i^+) \in \mathbb{R}$ dla dowolnego właściwego minimum lokalnego $\vec{x}_i^+ \in D$ funkcji celu f jest określony następująco ([177]):

$$\bar{y}(\vec{x}_i^+) = \begin{cases} \inf \{ y : \exists \vec{x}_j^+ \in D^{min}, \vec{x}_j^+ \in L_{\vec{x}_i^+}(y), i \neq j \} & \text{gdy } \vec{x}_j^+ \text{ istnieje} \\ \max \{ f(\vec{x}) : \vec{x} \in D \} & \text{w przeciwnym} \\ & \text{przypadku} \end{cases} \quad (1.11)$$

Basenem przyciągania właściwego minimum lokalnego $\vec{x}^+ \in D$ nazywamy zbiór $BA(\vec{x}^+)$ stanowiący składową spójną $\tilde{L}_{\vec{x}^+}(\vec{y})$ zawierającą \vec{x}^+ , gdzie ([177]):

$$\tilde{L}_{\vec{x}^+}(\vec{y}) = \{\vec{x} \in L_{\vec{x}^+}(\vec{y}) : f(\vec{x}) < \vec{y}\} \quad (1.12)$$

Dla uproszczenia zapisu przyjęto $\vec{y} \equiv \vec{y}(\vec{x}^+)$.

Ścisłe malejące metody optymalizacji lokalnej mają następujące własności ([177]):

- 1) Jeżeli punktem startowym ściśle malejącej metody *lok* jest punkt $\vec{x}_0 \in L_{\vec{x}}(y)$ (gdzie $\vec{x} \in D$ jest dowolnym punktem, natomiast $y \geq f(\vec{x})$), wtedy ciąg $\{\vec{x}_i\} \subset D$, $i = 1, 2, \dots$ wygenerowany przez tę metodę zbiega do minimum lokalnego $\vec{x}^+ \in L_{\vec{x}}(y)$.
- 2) Jeżeli punktem startowym ściśle malejącej metody *lok* jest punkt $\vec{x}_0 \in BA(\vec{x}^+)$, wtedy ciąg $\{\vec{x}_i\} \subset D$, $i = 1, 2, \dots$ wygenerowany przez tę metodę zbiega do minimum lokalnego \vec{x}^+ .
- 3) Dla ściśle malejącej metody *lok* zachodzi $BA(\vec{x}^+) \subset SA^{lok}(\vec{x}^+)$.

Wykorzystując wprowadzone pojęcia, możemy teraz zdefiniować jeszcze jeden problem optymalizacji wielomodalnej (Θ_5) [177]: dla każdego właściwego minimum lokalnego $\vec{x}^+ \in D$ takiego, że jego basen przyciągania $BA(\vec{x}^+)$ jest zbiorem pełnej miary (tzn. miara Lebesgue'a $leb(BA(\vec{x}^+)) > 0$) znaleźć zbiór domknięty $F \subset BA(\vec{x}^+)$ taki, że $\vec{x}^+ \in F$. Zbiór F może być zbiorem pełnej miary lub zbiorem miary 0 (np. skończonym zbiorem punktów).

Tak sformułowany problem jest istotny z następujących powodów ([177]):

- 1) Algorytmy ewolucyjne efektywnie rozwiązują problemy typu Θ_5 .
- 2) Jeżeli funkcja f jest dostatecznie regularna (klasy C^2) w pewnych dostatecznie dużych otoczeniach minimów lokalnych, wtedy mając rozwiązanie problemu Θ_5 można uzyskać rozwiązanie sformułowanych w niniejszym rozdziale problemów Θ_i , Θ'_i oraz Θ''_i (dla $i = 1, \dots, 4$) uruchamiając jedną metodę optymalizacji lokalnej w każdym znalezionym zbiorze F .

1.2. Algorytmy ewolucyjne

Koncepcje stosowane w algorytmach ewolucyjnych wywodzą się z *teorii ewolucji*, która stanowi podstawę teoretyczną współczesnej biologii i najszerzej integruje wszystkie jej działy [107]. Teoria ta dostarcza wyjaśnień dla dwóch grup zagadnień: powstawania różnych właściwości organizmów oraz powstawania różnych rodzajów organizmów (gatunków). Według stworzonej przez Karola Darwina [40] teorii ewolucji, głównym procesem kształtującym właściwości organizmów jest dobór naturalny. Drugim fundamentalnym elementem teorii ewolucji jest teza o wspólnym pochodzeniu wszystkich współcześnie żyjących organizmów i powstawaniu nowych form życia głównie w wyniku działania doboru naturalnego. Istnienie doboru naturalnego jest faktem empirycznym i konsekwencją występowania pewnych podstawowych cech wszystkich żywych organizmów, takich jak śmiertelność, rozmnażanie się oraz dziedziczna zmienność cech wpływających na sposób ich funkcjonowania. Występowanie

doboru naturalnego jest również związane z ograniczonymi zasobami środowiska, niezbędnymi organizmom do przeżycia i reprodukcji. Współczesna, *syntetyczna teoria ewolucji*, która stanowi syntezę darwinizmu z osiągnięciami genetyki populacji, została opracowana w latach 20-tych i 30-tych XX wieku.

Algorytm ewolucyjny przetwarza *populację osobników*, z których każdy jest punktem w przestrzeni potencjalnych rozwiązań pewnego problemu, dla którego zdefiniowana jest funkcja celu $f : D \rightarrow \mathbb{R}$. Funkcja celu może być zadana w postaci pewnego systemu świata rzeczywistego o dowolnej złożoności, symulacji komputerowej pewnego modelu lub też w postaci analitycznej. Każdy osobnik $a_i \in I$ (I jest przestrzenią osobników) posiada *genotyp* zawierający zestaw informacji niezbędnych do utworzenia *fenotypu* $\vec{x}^{a_i} \in D$. Genotyp osobnika składa się z *chromosomów*, z których przynajmniej jeden zawiera informacje kodujące fenotyp. Pozostałe chromosomy mogą zawierać pewne parametry istotne dla działania samego algorytmu ewolucyjnego. Chromosom składa się z kolei z *genów* będących jednostkami elementarnymi genotypu osobnika.

W *środowisku*, w którym działa algorytm ewolucyjny, zdefiniowana jest tzw. *funkcja przystosowania* $\varphi : I \rightarrow \mathbb{R}$. Funkcja ta stanowi miarę jakości poszczególnych osobników jako propozycji rozwiązań danego problemu. Funkcja przystosowania, w ogólnym przypadku, nie musi być identyczna z funkcją celu f , jednakże funkcja celu jest zawsze jej częścią składową. Funkcja przystosowania (φ) jest na ogół złożeniem funkcji celu (f) i funkcji dekodującej fenotyp osobnika ($fen : I \rightarrow D$; $fen' : D \rightarrow I$ jest funkcją kodującą fenotyp osobnika): $\varphi = f \circ fen$.

Populacja początkowa jest generowana losowo (lub z uwzględnieniem wiedzy o problemie) i stopniowo ewoluuje w kierunku coraz „lepszyc” (z punktu widzenia rozwiązywanego problemu) obszarów przestrzeni poszukiwań dzięki zastosowaniu probabilistycznego (lub deterministycznego) mechanizmu *selekcji* oraz operatorów *rekombinacji* i/lub *mutacji*.

Procesem *selekcji* określa się w literaturze łącznie proces *reprodukcji*, w którym powielane są losowo wybrane z populacji osobniki oraz proces *sukcesji*, w trakcie którego z *populacji potomnej* wybierane są osobniki tworzące *populację bazową* kolejnego pokolenia [5]. Proces selekcji faworyzuje osobniki o lepszym przystosowaniu, dzięki czemu mają one większe szanse na reprodukcję i wprowadzenie do kolejnego pokolenia swojego potomstwa niż osobniki gorzej przystosowane.

Mechanizm rekombinacji umożliwia wymianę informacji pomiędzy różnymi osobnikami populacji poprzez „wymieszanie” odpowiednich chromosomów pochodzących od różnych rodziców w trakcie przekazywania materiału genetycznego potomstwu.

Mechanizm mutacji odpowiedzialny jest za wprowadzanie innowacji. Jego działanie polega na losowym zaburzeniu genotypu potomka, przy czym najczęściej niewielkie zaburzenia są bardziej prawdopodobne od dużych.

W literaturze dotyczącej algorytmów ewolucyjnych często można spotkać się z pojęciami *eksploracji* i *eksploatacji* [5]. Mają one charakter intuicyjny i odnoszą się do różnych faz działania algorytmu ewolucyjnego. Faza eksploracji polega na zlokalizowaniu obszaru przyciągania minimum globalnego (lub przynajmniej jak „najlepszego”, czyli takiego dla którego wartość funkcji celu jest jak najmniejsza, minimum lokalnego), natomiast faza eksploatacji polega na przeszukiwaniu tego obszaru przyciągania w celu znalezienia jak najlepszego przybliżenia minimum lokalnego \vec{x}^+ (jest to więc problem optymalizacji lokalnej). W przypadku problemu opty-

```
t := 0;
wygenerowanie A(t);
ocena A(t);
while not warunek stopu do
begin
  A1(t) := reprodukcja A(t);
  A2(t) := rekombinacja A1(t);
  A3(t) := mutacja A2(t);
  ocena A3(t);
  A(t+1) := sukcesja (A3(t) ∪ A4(t));
  t := t + 1;
end
```

Algorytm 1.1. Ogólny schemat algorytmu ewolucyjnego

malizacji wielomodalnej faza eksploracji polega na zlokalizowaniu obszarów przyciągania wszystkich poszukiwanych minimów lokalnych, natomiast faza eksploatacji na przeszukiwaniu tych obszarów przyciągania w celu znalezienia jak najlepszego przybliżenia minimów lokalnych.

Algorytmy ewolucyjne znalazły zastosowanie praktyczne w wielu różnych dziedzinach [5]. Przykładowo, były one stosowane w oprogramowaniu typu CAD (projektowanie kształtu komory silnika odrzutowego, rozłożenia elementów na płycie krzemu, projektowanie anten), w badaniach operacyjnych (harmonogramowanie zadań, planowanie transportu), we wspomaganiu nawigacji, w planowaniu tras robotów, w narzędziach wspomaganie decyzji ekonomicznych oraz sztucznej inteligencji i maszynowym uczeniu (poszukiwanie optymalnych reguł klasyfikacji).

1.2.1. Schemat działania algorytmu ewolucyjnego

Ogólny schemat działania algorytmu ewolucyjnego został przedstawiony algorytmem 1.1.

$A(t) = \{a_1(t), \dots, a_\mu(t)\}$ jest *populacją bazową* pokolenia t złożoną z μ osobników, z których każdy stanowi propozycję rozwiązania postawionego problemu. Populacja $A^1(t)$ zawiera kopie wybranych losowo (z uwzględnieniem wartości funkcji przystosowania) osobników z populacji bazowej. Następnie osobniki populacji $A^1(t)$ poddawane są operacjom genetycznym (rekombinacji i/lub mutacji) w wyniku czego powstaje populacja potomna $A^3(t)$, złożona z $\lambda \geq \mu$ osobników. Ocena osobników polega na obliczeniu wartości funkcji przystosowania $\varphi(a_k)$ dla wszystkich $a_k \in A^3(t)$. $A^4(t)$ jest zbiorem osobników ze starej populacji bazowej, które muszą być uwzględnione w procesie sukcesji czyli tworzenia nowej populacji bazowej.

Główna pętla algorytmu jest powtarzana do osiągnięcia maksymalnej liczby pokoleń, znalezienia wystarczająco dobrego rozwiązania lub też spełnienia pewnego innego warunku zakończenia obliczeń.

1.2.2. Podstawowe rodzaje algorytmów ewolucyjnych

W trakcie wielu lat badań nad algorytmami ewolucyjnymi powstało dużo ich odmian, jednakże najsilniej rozwijane i najbardziej znane są trzy spośród nich: *strategie ewolucyjne* (ang. *evolution strategies* — *ES*) opracowane przez I. Rechenberg'a oraz H.-P. Schwefel'a [173, 20, 179], *programowanie ewolucyjne* (ang. *evolution programming* — *EP*) opracowane przez L. J. Fogel'a [161, 196] oraz *algorytmy genetyczne* (ang. *genetic algorithms* — *GA*) opracowane przez J. H. Holland'a [55, 72].

Strategie ewolucyjne

Strategie ewolucyjne (ang. *evolution strategies* — *ES*) są aktualnie najczęściej wykorzystywane w problemach optymalizacji ciągłej, gdzie funkcja celu jest określona następująco [10]:

$$f : \mathbb{R}^n \supseteq D \rightarrow \mathbb{R} \quad (1.13)$$

Dla strategii ewolucyjnych charakterystyczna jest reprezentacja zmiennopozycyjna, deterministyczny mechanizm sukcesji, nadawanie głównego znaczenia operatorowi mutacji oraz mechanizm autoadaptacji zasięgu mutacji.

W uproszczonym przypadku (gdy operator mutacji nie wykorzystuje macierzy kowariancji) osobnik $a = \langle \vec{x}, \vec{\sigma} \rangle$ składa się z wektora wartości zmiennych niezależnych $\vec{x} \in D$ oraz wektora odchyień standardowych wykorzystywanych podczas mutacji $\vec{\sigma}$, co ma na celu umożliwienie autoadaptacji zasięgu mutacji [10].

Schemat działania współczesnych strategii ewolucyjnych można opisać wykorzystując notację wprowadzoną przez H.-P. Schwefel'a [173]:

- W strategii (μ, λ) , w pokoleniu t , tworzonych jest λ potomków z μ rodziców ($1 \leq \mu < \lambda$) z wykorzystaniem operatorów reprodukcji, rekombinacji i mutacji. Następnie spośród λ potomków (czyli ze zbioru $A^3(t)$, por. alg. 1.2) wybieranych jest μ najlepszych osobników, z których zostaje utworzona populacja bazowa pokolenia $t + 1$.
- W strategii $(\mu + \lambda)$, w pokoleniu t , również tworzonych jest λ potomków z μ rodziców z wykorzystaniem operatorów reprodukcji, rekombinacji i mutacji ($1 \leq \mu \leq \lambda$). Następnie, spośród $\mu + \lambda$ osobników (czyli ze zbioru $A^3(t) \cup A(t)$, por. alg. 1.2) wybieranych jest μ najlepszych osobników w celu utworzenia populacji bazowej pokolenia $t + 1$.

W celu przeprowadzenia operacji rekombinacji w strategiach ewolucyjnych mogą być stosowane operatory *krzyżowania jednopunktowego*, *wielopunktowego*, *równomiernego* (w wersjach dla reprezentacji zmiennopozycyjnej [5] — wersje dla reprezentacji binarnej zostały przedstawione w dalszej części rozdziału poświęconej algorytmom genetycznym) lub też *krzyżowania uśredniającego*, które może być stosowane wyłącznie dla reprezentacji zmiennopozycyjnej [5, 14].

W jednej z wersji krzyżowania uśredniającego, i -ta wartość wektora \vec{x}^{a_i} potomka a_i rodziców a_j i a_k jest określona wzorem:

$$x_i^{a_i} = \xi_{U(0;1),i} x_i^{a_j} + (1 - \xi_{U(0;1),i}) x_i^{a_k} \quad (1.14)$$

gdzie $x_i^{a_j}$ jest i -tą wartością wektora \vec{x}^{a_j} osobnika a_j , $x_i^{a_k}$ jest i -tą wartością wektora \vec{x}^{a_k} osobnika a_k , $\xi_{U(0;1),i}$ jest realizacją zmiennej losowej o rozkładzie jednostajnym

```

t := 0;
wygenerowanie A(t) = {a1(t), ..., aμ(t)};
ocena A(t);
while not warunek stopu do
begin
  A1(t) := wylosowanie (ze zwracaniem) λ osobników z A(t);
  A2(t) := rekombinacja A1(t);
  A3(t) := mutacja A2(t);
  ocena A3(t);
  if (μ, λ)–ES then
    {strategia ewolucyjna (μ, λ)}
    A(t+1) := μ najlepszych osobników z A3(t)
  else
    {strategia ewolucyjna (μ + λ)}
    A(t+1) := μ najlepszych osobników z (A3(t) ∪ A(t))
  t := t + 1;
end

```

Algorytm 1.2. Schemat strategii ewolucyjnej

na odcinku (0; 1) dla i -tej wartości wektora \vec{x}^{a_i} . Operator ten jest stosowany również w przypadku wektora $\vec{\sigma}$:

$$\sigma_i^{a_i} = \xi_{U(0;1),i} \sigma_i^{a_j} + (1 - \xi_{U(0;1),i}) \sigma_i^{a_k} \quad (1.15)$$

Oczywiście nie jest konieczne stosowanie tego samego operatora rekombinacji w przypadku zarówno wektora \vec{x} , jak i $\vec{\sigma}$. Przykładowo, można zastosować krzyżowanie równomierne dla wektora \vec{x} , natomiast krzyżowanie uśredniające dla wektora $\vec{\sigma}$.

W strategiach ewolucyjnych stosowany jest operator mutacji z mechanizmem autoadaptacji zasięgu. Mutacja taka przebiega dwuetapowo: najpierw mutacji poddawane są parametry wykorzystywane w operatorze mutacji, a następnie wektor \vec{x} . W jednej z wykorzystywanych wersji operatora mutacji, wzór określający nową i -tą wartość wektora odchyłeń standardowych $\vec{\sigma}$ osobnika a jest następujący ([9]):

$$\sigma'_i = \sigma_i \exp(\tau_0 \xi_{N(0,1)} + \tau \xi_{N(0,1),i}) \quad (1.16)$$

gdzie $\xi_{N(0,1)}$ jest realizacją zmiennej losowej o standaryzowanym rozkładzie normalnym identyczną dla wszystkich elementów wektora $\vec{\sigma}$, natomiast $\xi_{N(0,1),i}$ jest realizacją zmiennej losowej o standaryzowanym rozkładzie normalnym dla i -tej wartości wektora $\vec{\sigma}$. Zalecane wartości τ_0 oraz τ wynoszą ([9]):

$$\tau_0 = \frac{k_1}{\sqrt{2n}} \quad (1.17)$$

$$\tau = \frac{k_2}{\sqrt{2}\sqrt{n}} \quad (1.18)$$

gdzie k_1 oraz k_2 są pewnymi stałymi.

W drugiej kolejności wykonywana jest mutacja wektora wartości zmiennych niezależnych \vec{x} osobnika a , zgodnie z formułą ([9]):

$$x'_i = x_i + \sigma'_i \xi_{N(0,1)} \quad (1.19)$$

Programowanie ewolucyjne

Programowanie ewolucyjne w swej oryginalnej formie było próbą uzyskania inteligentnego zachowania na drodze symulowanej ewolucji, natomiast współcześnie jest ono głównie stosowane w problemach optymalizacji ciągłej [10].

W pierwotnej, opracowanej przez L. J. Fogel'a, wersji programowania ewolucyjnego każdy osobnik populacji był automatem skończonym [161]. Automat taki rozpoznawał na wejściu symbole pochodzące z pewnego skończonego alfabetu, generował na wyjściu symbole również z pewnego skończonego alfabetu, posiadał skończony zbiór stanów oraz funkcję przejścia określającą nowy stan oraz symbol generowany na wyjściu automatu w zależności od aktualnego stanu oraz symbolu, który pojawił się na wejściu automatu.

Każdy osobnik z populacji miał za zadanie przewidywać zmiany środowiska na podstawie dotychczasowych zdarzeń (czyli przewidywać kolejny symbol alfabetu na podstawie ciągu symboli, które pojawiły się w środowisku do danej chwili czasu). Każda predykcja była oceniana przez środowisko. Po zakończeniu pojedynczej serii predykcji, dla każdego osobnika była obliczana wartość funkcji przystosowania na podstawie ocen otrzymanych za poszczególne predykcje.

W pokoleniu t z populacji bazowej o liczebności $\mu > 1$ tworzona była populacja potomna o liczebności $\lambda = \mu$ poprzez zastosowanie operatora mutacji. Losowa mutacja mogła polegać na: zmianie symbolu wyjściowego, zmianie przejścia pomiędzy stanami, dodaniu stanu, usunięciu stanu lub zmianie stanu początkowego. Zmiana stanu początkowego oraz usunięcie stanu były dopuszczalne wyłącznie w przypadku gdy automat rodzica posiadał więcej niż jeden stan. Liczba mutacji poszczególnego osobnika była zazwyczaj realizacją zmiennej losowej o pewnym rozkładzie lub ustalona z góry. Po dokonaniu oceny potomków, wybierano μ osobników spośród $\mu + \mu$ osobników (czyli ze zbioru $A^3(t) \cup A(t)$, por. alg. 1.3).

Współczesne wersje programowania ewolucyjnego są przeznaczone głównie dla problemów optymalizacji ciągłej i mają wiele wspólnego ze strategiami ewolucyjnymi. Stosowana jest w nich również reprezentacja zmiennopozycyjna, dostosowany do niej operator mutacji oraz mechanizm autoadaptacji zasięgu operatora mutacji. Osobnik $a = \langle \vec{x}, \vec{\sigma} \rangle$ składa się z wektora wartości zmiennych niezależnych $\vec{x} \in D$ oraz wektora odchyłeń standardowych wykorzystywanych podczas mutacji $\vec{\sigma}$ (podobnie jak ma to miejsce w przypadku strategii ewolucyjnych). W jednej z wykorzystywanych w programowaniu ewolucyjnym wersji operatora mutacji, wzór określający nową i -tą wartość wektora \vec{x} osobnika a jest następujący ([9]):

$$x'_i = x_i + \sigma_i \xi_{N(0,1)} \quad (1.20)$$

gdzie $\xi_{N(0,1)}$ jest realizacją zmiennej losowej o standaryzowanym rozkładzie normalnym identyczną dla wszystkich elementów wektora \vec{x} . W drugiej kolejności wykonywana jest mutacja wektora odchyłeń standardowych $\vec{\sigma}$ osobnika a , zgodnie z formułą ([9]):

$$\sigma'_i = \sigma_i + \kappa \sigma_i \xi_{N(0,1)} \quad (1.21)$$

gdzie κ jest parametrem sterującym intensywnością zmian σ_i . Jeżeli w rezultacie zastosowania powyższego wzoru $\sigma'_i < 0$ wtedy przyjmuje się, że $\sigma'_i = \varepsilon$, przy czym wartość $\varepsilon > 0$ jest ustalona i dowolnie bliska zera.

```

t := 0;
wygenerowanie A(t) = {a1(t), ..., aμ(t)};
ocena A(t);
while not warunek stopu do
begin
  A1(t) := A(t);
  A3(t) := mutacja A1(t);
  ocena A3(t);
  A(t+1) := μ najlepszych osobników z (A3(t) ∪ A(t));
  t := t + 1;
end

```

Algorytm 1.3. Schemat programowania ewolucyjnego

Jedną z różnic w stosunku do strategii ewolucyjnych, jest zastosowanie probabilistycznego mechanizmu sukcesji. Każdy spośród $\mu + \mu$ rodziców i potomków jest porównywany z $q > 1$ (zazwyczaj przyjmuje się $q = 10$) losowo wybranymi osobnikami ze zbioru $A^3(t) \cup A(t)$. Dany osobnik zostaje zwycięzcą w turnieju jeżeli posiada lepsze lub takie samo przystosowanie jak jego oponent. Następnie populacja bazowa pokolenia $t + 1$ tworzona jest z μ osobników, którzy zwyciężyli w największej liczbie turniejów.

Algoritmy genetyczne

Algoritmy genetyczne są prawdopodobnie najbardziej znaną i najczęściej wykorzystywaną w praktyce odmianą algorytmów ewolucyjnych. Główne cechy odróżniające zaproponowany przez J. Holland'a tzw. *prosty algorytm genetyczny* (p. alg. 1.4) od innych rodzajów algorytmów ewolucyjnych to: reprezentacja binarna, probabilistyczny mechanizm reprodukcji oraz nadawanie głównego znaczenia operatorowi rekombinacji [55].

W przypadku reprezentacji binarnej chromosom osobnika $a = \langle (b_1, \dots, b_m) \rangle$ jest m elementowym wektorem genów, z których każdy należy do zbioru $\{0, 1\}$, natomiast przestrzeń osobników jest określona następująco: $I = \{0, 1\}^m$ [10]. W celu zastosowania prostego algorytmu genetycznego do problemów optymalizacji ciągłej, w których funkcja celu ma postać $f : \mathbb{R}^n \supseteq D \rightarrow \mathbb{R}$ konieczne jest podzielenie chromosomu na n logicznych segmentów o (na ogół) równej długości m_x , z których każdy jest interpretowany jako kod binarny odpowiedniej wartości wektora zmiennych niezależnych \vec{x} (fenotypu osobnika a). Osobnik jest w takim przypadku zdefiniowany następująco: $a = \langle (b_{11}, \dots, b_{1m_x}, b_{21}, \dots, b_{2m_x}, \dots, b_{n1}, \dots, b_{nm_x}) \rangle \in I = \{0, 1\}^m$, gdzie $m = n \cdot m_x$.

Funkcja przystosowania jest zazwyczaj złożeniem funkcji celu i funkcji dekodującej fenotyp osobnika $\varphi = f \circ fen$, gdzie $fen : \{0, 1\}^m \rightarrow D$ jest funkcją dekodującą fenotyp osobnika, natomiast $fen' : D \rightarrow \{0, 1\}^m$ jest funkcją kodującą fenotyp [10].

W algorytmach genetycznych wykorzystywane są na ogół probabilistyczne mechanizmy reprodukcji. Jednym z takich mechanizmów jest zaproponowana przez J. Holland'a tzw. *reprodukcja proporcjonalna*, w której osobniki o lepszym przystosowaniu mają większe szanse na reprodukcję [5]. W tym celu określa się zmienną

losową na zbiorze $A(t)$ (populacji pokolenia t) o następującym rozkładzie:

$$p_{rep}(a_i) = \frac{\varphi(a_i)}{\sum_{j=1}^{\mu} \varphi(a_j)}, \quad \forall j \ a_j, a_i \in A(t) \quad (1.22)$$

gdzie a_i jest osobnikiem, natomiast $\varphi(a_i)$ jest wartością funkcji przystosowania dla osobnika a_i . Następnie μ razy wykonywana jest realizacja tej zmiennej losowej i wylosowane osobniki są kopiowane do zbioru $A^1(t)$ (por. alg. 1.4).

W przypadku mechanizmu reprodukcji proporcjonalnej, funkcja przystosowania powinna przyjmować wyłącznie wartości większe od zera oraz zapewniać, że im dany osobnik stanowi lepszą propozycję rozwiązania danego problemu, tym wartość jego przystosowania jest większa. W tym celu wprowadza się specjalną funkcję skalującą $\delta : \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{R}$, natomiast funkcja przystosowania jest wtedy zdefiniowana następująco:

$$\varphi = \delta \circ f \circ fen \quad (1.23)$$

Funkcja skalująca δ zapewnia, że funkcja przystosowania spełnia wspomniane powyżej kryteria.

Wśród innych stosowanych w algorytmach genetycznych mechanizmów reprodukcji wymienić można *reprodukcję rangową (rankingową)* oraz *reprodukcję turniejową* [5]. W trakcie reprodukcji rangowej populacja jest sortowana nierosnąco według wartości przystosowania (przy czym funkcja przystosowania jest określona zgodnie z formułą (1.23)). *Ranga* (czyli liczba określająca relatywną w stosunku do pozostałych osobników populacji jakość danego osobnika) może być albo tożsama z jego numerem w posortowanej populacji (osobniki o tej samej wartości przystosowania mają wtedy różne rangi) albo też rangi są kolejnymi liczbami całkowitymi (zaczynając od zera), przy czym zakłada się, że osobniki o tej samej wartości przystosowania mają taką samą rangę. Ranga danego osobnika określa jego prawdopodobieństwo reprodukcji.

W trakcie reprodukcji turniejowej rodzice wybierani są na podstawie rezultatów turniejów. W każdym z takich turniejów bierze udział n osobników, którzy są wybierani z populacji bazowej poprzez losowanie (ze zwracaniem lub bez zwracania). Zwycięzcą danego turnieju zostaje osobnik o lepszym przystosowaniu. Osobnik ten jest następnie kopiowany do populacji $A^1(t)$. Turnieje są przeprowadzane dotąd, aż zostanie wygenerowana cała populacja $A^1(t)$.

W algorytmach genetycznych operatorem o głównym znaczeniu jest operator rekombinacji. Parametr p_{rec} określa prawdopodobieństwo zastosowania operatora rekombinacji w trakcie tworzenia osobnika potomnego (prawdopodobieństwo to jest na ogół znacznie większe niż prawdopodobieństwo zastosowania mutacji). W prostym algorytmie genetycznym jako operator rekombinacji wykorzystywane jest tzw. *krzyżowanie jednopunktowe*. Polega ono na rozcięciu chromosomów osobników rodzicielskich, $a_i = \langle (b_1^{a_i}, \dots, b_m^{a_i}) \rangle$ oraz $a_j = \langle (b_1^{a_j}, \dots, b_m^{a_j}) \rangle$, na dwa fragmenty, a następnie zamianie odpowiadających sobie fragmentów i utworzeniu osobników potomnych a_k oraz a_l [19]:

$$a_k = \langle (b_1^{a_i}, \dots, b_{z-1}^{a_i}, b_z^{a_i}, b_{z+1}^{a_j}, \dots, b_m^{a_j}) \rangle \quad (1.24a)$$

$$a_l = \langle (b_1^{a_j}, \dots, b_{z-1}^{a_j}, b_z^{a_j}, b_{z+1}^{a_i}, \dots, b_m^{a_i}) \rangle \quad (1.24b)$$

```

t := 0;
wygenerowanie A(t) = {a1(t), ..., aμ(t)};
ocena A(t);
while not warunek stopu do
begin
  A1(t) := reprodukcja A(t);
  A2(t) := rekombinacja A1(t);
  A3(t) := mutacja A2(t);
  ocena A3(t);
  A(t + 1) := A3(t);
  t := t + 1;
end

```

Algorytm 1.4. Schemat prostego algorytmu genetycznego J. Holland'a

Miejsce rozcięcia $z \in \{1, \dots, m\}$ jest wybierane losowo z rozkładem równomiernym. Krzyżowanie jednopunktowe można łatwo uogólnić do *krzyżowania p-punktowego*, w którym wybieranych jest p miejsc rozcięcia, a następnie wykonywana jest zamiana co drugiego odpowiadającego sobie fragmentu chromosomów. *Krzyżowanie równomierne* polega z kolei na losowym podejmowaniu decyzji o zamianie każdego odpowiadającego sobie genu z chromosomów rodziców w trakcie tworzenia chromosomów potomków.

Mutacja jest traktowana w algorytmach genetycznych jako operator o zdecydowanie mniejszym znaczeniu niż rekombinacja. Mutacja jest wykonywana oddzielnie dla każdego genu i polega na zmianie wartości genu na przeciwną z prawdopodobieństwem p_{mut} (prawdopodobieństwo to jest na ogół znacznie mniejsze niż prawdopodobieństwo rekombinacji). W przypadku osobnika $a = \langle (b_1, \dots, b_m) \rangle$ działanie operatora mutacji jest określone następująco [19]:

$$\forall i \in \{1, \dots, m\} \quad b'_i = \begin{cases} b_i & \text{jeżeli } \xi_{U[0;1],i} > p_{mut} \\ 1 - b_i & \text{jeżeli } \xi_{U[0;1],i} \leq p_{mut} \end{cases} \quad (1.25)$$

gdzie $\xi_{U[0;1],i}$ jest realizacją zmiennej losowej o rozkładzie jednostajnym na odcinku $[0; 1]$ dla genu b_i .

W prostym algorytmie genetycznym najczęściej stosowana jest *sukcesja z całkowitym zastępowaniem* (tzw. *sukcesja trywialna*). Nową populacją bazową staje się tutaj populacja potomna ($A(t + 1) = A^3(t)$). Wśród innych mechanizmów sukcesji wymienić można *sukcesję elitarną*, w której nowa populacja bazowa tworzona jest z μ najlepszych osobników wybranych ze zbioru $A^3(t) \cup A^4(t)$, gdzie $A^3(t)$ jest populacją potomną, natomiast $A^4(t)$ to zbiór n najlepszych osobników ze starej populacji bazowej.

Z algorytmów genetycznych wywodzi się *programowanie genetyczne* (ang. *genetic programming*), które stanowi próbę zastosowania technik ewolucyjnych do automatycznego generowania programów komputerowych [102, 5]. Osobniki populacji są tutaj programami zapisanymi w pewnym języku (pierwotnie wykorzystywany był w tym celu LISP, natomiast ostatnio stosowane są również inne języki programowania). W programowaniu genetycznym stosuje się reprezentację drzewiastą i dostosowane do niej operatory rekombinacji oraz mutacji.

1.2.3. Równoległe algorytmy ewolucyjne

Badania w zakresie możliwości zrównoleglenia algorytmów ewolucyjnych doprowadziły do opracowania kilku konkurencyjnych modeli [22, 21, 1]. Generalnie można wyróżnić dwa podejścia do zrównoleglania algorytmów ewolucyjnych. Pierwsze z podejść polega na równoległym zaimplementowaniu sekwencyjnego algorytmu ewolucyjnego, natomiast w drugim próbuje się dzielić populację na podpopulacje poprzez wprowadzenie środowiska o pewnej topografii, co prowadzi do ograniczenia zasięgu działania selekcji i/lub operatora rekombinacji.

Do pierwszej grupy algorytmów można zaliczyć *model globalny* (ang. *global model parallel evolutionary algorithm — GMPEA*) zwany również *modelem master-slave*. Model ten zakłada utrzymywanie jednej populacji na wyróżnionym procesorze (*master*), który rozsyła do procesorów podrzędnych (*slave*) osobniki przeznaczone do rekombinacji, mutacji i oceny. Selekcja jest tu globalna, natomiast zrównoleglony jest sam proces oceny osobników i/lub zastosowanie operatorów rekombinacji oraz mutacji.

Do drugiej grupy algorytmów można zaliczyć *model wyspowy* (ang. *island model parallel evolutionary algorithm — IMPEA*) [123] oraz *model dyfuzyjny* (ang. *diffusion model parallel evolutionary algorithms — DMPEA*) nazywany również *algorytmem komórkowym* [158]. W modelu wyspowym populacja jest dzielona na pewną liczbę podpopulacji, z których każda jest przypisywana do innego procesora (wyspy). Na każdym z procesorów wykonywany jest sekwencyjny algorytm ewolucyjny przetwarzający daną podpopulację. Poszczególne podpopulacje są w pewnym stopniu izolowane od siebie (najczęściej dopuszcza się niewielką migrację najlepszych osobników pomiędzy wyspami w celu wymiany materiału genetycznego). Zastosowanie podziału na względnie izolowane podpopulacje przeciwdziała zanikaniu różnorodności całej populacji i umożliwia przeszukiwanie przez poszczególne podpopulacje różnych fragmentów przestrzeni rozwiązań.

Większość z zaproponowanych rozwiązań w zakresie modelu wyspowego polegała na uruchamianiu identycznego algorytmu ewolucyjnego na poszczególnych wyspach. Alternatywne rozwiązania polegały na stosowaniu różnego kodowania oraz rozmiaru genotypu osobników na poszczególnych wyspach, różnych prawdopodobieństw mutacji dla poszczególnych podpopulacji oraz różnych parametrów i operatorów ewolucyjnych na poszczególnych wyspach [1]. Badania w zakresie zastosowania modelu wyspowego jako techniki utrzymywania różnorodności populacji dotyczyły głównie wpływu mechanizmów migracji oraz topografii struktury przestrzennej środowiska [120].

W modelu dyfuzyjnym każdy osobnik jest najczęściej przypisany do jednego, wybranego procesora. Zakłada się tu występowanie pewnej topografii połączeń pomiędzy procesorami. Dany osobnik może konkurować oraz krzyżować się wyłącznie z osobnikami z pewnego zdefiniowanego sąsiedztwa (np. wyłącznie z osobnikami przypisanymi do procesorów połączonych z jego procesorem). Ponieważ sąsiedztwa zdefiniowane dla poszczególnych osobników zachodzą na siebie, możliwa jest dyfuzja najlepszych rozwiązań w populacji. Lokalna selekcja i rekombinacja przeciwdziała zanikowi różnorodności populacji, podobnie jak ma to miejsce w modelu wyspowym. Badania w zakresie modelu dyfuzyjnego koncentrowały się głównie na wpływie zastosowanej topografii połączeń, rozmiaru sąsiedztwa pojedynczego osobnika oraz schematu sukcesji na działanie algorytmu [1].

1.2.4. Różnorodność populacji

Pomimo licznych sukcesów zastosowań algorytmów ewolucyjnych w wielu różnych dziedzinach występują pewne niedoskonałości dotychczas zaproponowanych rozwiązań. Jednym z podstawowych problemów w przypadku pewnych zadań jest zjawisko przedwczesnej utraty różnorodności populacji. Zjawisko to może prowadzić do *przedwczesnej zbieżności* czyli utraty przez algorytm ewolucyjny zdolności do przeszukiwania przestrzeni rozwiązań przed znalezieniem rozwiązania będącego minimum globalnym [120]. Utrata różnorodności populacji jest przyczyną osłabienia (lub braku) zdolności adaptacyjnych algorytmu ewolucyjnego w przypadku problemów niestacjonarnych, jak również utrudnia (lub uniemożliwia) zastosowanie algorytmu ewolucyjnego do rozwiązywania problemów optymalizacji wielomodalnej [120].

Przedwczesna utrata różnorodności populacji przetwarzanej przez algorytm ewolucyjny może powstać w wyniku [120]:

- naporu selekcyjnego,
- zaburzeń w proporcjach potomstwa poszczególnych osobników (szczególnie w przypadku występowania konkurujących między sobą osobników o identycznym przystosowaniu) wprowadzanych przez mechanizm selekcji,
- niekorzystnego działania operatorów ewolucyjnych („niszczenia” dobrych rozwiązań).

Najczęściej stosowane techniki mające na celu usunięcie opisanych powyżej niekorzystnych zjawisk to [5, 120]:

- ulepszone mechanizmy selekcji,
- optymalne zestawy parametrów algorytmu ewolucyjnego (zwłaszcza mutacji),
- limitowanie maksymalnego czasu życia osobników,
- wprowadzanie do populacji losowych osobników (część populacji potomnej jest generowana losowo, tak jak w przypadku populacji początkowej),
- losowe zaburzanie funkcji przystosowania,
- okresowa „odnowa” algorytmu polegająca na wykonaniu ciągu powiązanych ze sobą algorytmów ewolucyjnych, gdzie populacja początkowa każdego kolejnego uruchomienia jest tworzona w oparciu o najlepsze rozwiązanie znalezione w poprzednim uruchomieniu algorytmu,
- równoległe algorytmy ewolucyjne (model wyspowy i dyfuzyjny),
- termodynamiczne algorytmy genetyczne, w których w miarę spadku „temperatury” systemu maleje prawdopodobieństwo pojawienia się w populacji osobnika z gorszym przystosowaniem (analogia do symulowanego wyżarzania),
- mechanizmy izolacji rozrodczej,
- techniki koewolucyjne,

- techniki niszczenia i specjacji.

Dwie ostatnie grupy technik zostaną szerzej omówione w dalszej części pracy.

1.3. Ewolucyjne systemy wieloagentowe

W rozdziale niniejszym omówiony zostanie model *ewolucyjnego systemu wieloagentowego* (ang. *evolutionary multi-agent system* — *EMAS*), będący wynikiem połączenia paradygmatów algorytmów ewolucyjnych oraz systemów wieloagentowych [29, 99]. Model ten zapewnia decentralizację procesu ewolucji i posiada szereg cech, odróżniających go od klasycznych algorytmów ewolucyjnych.

1.3.1. Systemy wieloagentowe

W ostatnich latach prowadzone były intensywne badania nad *autonomicznymi agentami* (ang. *autonomous agents*) oraz *systemami wieloagentowymi* (ang. *multi-agent systems* — *MAS*) [15, 94, 140, 56, 195, 204]. Paradygmat systemów wieloagentowych wywodzi się z badań nad rozproszoną sztuczną inteligencją (ang. *distributed artificial intelligence* — *DAI*) oraz sztucznym życiem (ang. *artificial life* — *AL*) [56, 174]. Ostatnio coraz częściej jest on traktowany również jako specyficzne podejście do konstrukcji złożonych, zdecentralizowanych i rozproszonych systemów informatycznych. Agentowa inżynieria oprogramowania (ang. *agent-oriented software engineering*) dostarcza technik i narzędzi do analizy, projektowania oraz implementacji tego rodzaju systemów [202, 93, 205, 207].

W literaturze poświęconej agentom i systemom wieloagentowym trudno jest znaleźć jedną, ogólnie przyjętą definicję autonomicznego agenta (przykładowo, por. [136, 94, 203, 174]). S. Franklin oraz A. Graesser zaproponowali definicję autonomicznego agenta, która (dzięki swojej ogólności) uwzględnia różne podejścia do problemu „agentowości” [66]. Według wspomnianych autorów autonomicznym agentem jest „system znajdujący się w pewnym środowisku, będący równocześnie jego częścią, który ma możliwość postrzegania środowiska oraz oddziaływania na niego w czasie według własnego planu, dzięki czemu wpływa on na to, co będzie mógł zaobserwować w przyszłości”. Zgodnie z tak szeroką definicją agentem jest zarówno człowiek, niektóre zwierzęta, jak i pewne programy komputerowe oraz układy sterowania. W celu zdefiniowania poszczególnych rodzajów agentów konieczne są dodatkowe jej uściślenia.

Na potrzeby niniejszej pracy przyjmujemy definicje agenta oraz systemu wieloagentowego zaproponowane przez J. Ferber’a [56]. Definicje te są bardziej ścisłe niż przedstawiona powyżej i w związku z tym lepiej oddają charakter systemów, którymi będziemy zajmować się w dalszej części pracy. Według wspomnianego autora, agentem jest dowolny byt fizyczny lub wirtualny, który:

- może działać w środowisku,
- może komunikować się bezpośrednio z innymi agentami,
- kieruje się w swoim działaniu indywidualnymi celami lub dążeniem do optymalizacji pewnej funkcji satysfakcji/przetrwania,

- posiada pewne zasoby,
- może obserwować środowisko (jednakże w ograniczonym zakresie),
- posiada tylko ograniczoną wiedzę o środowisku (lub nie posiada jej w ogóle),
- posiada pewne umiejętności i może oferować wykonanie pewnych usług,
- może posiadać zdolność reprodukcji,
- zachowuje się w sposób prowadzący do realizacji własnych celów z uwzględnieniem posiadanych zasobów, umiejętności oraz wiedzy zgromadzonej na podstawie obserwacji środowiska i komunikacji z innymi agentami.

System wieloagentowy natomiast, to system składający się z następujących elementów [56]:

- Środowiska, tj. przestrzeni o pewnych rozmiarach.
- Zbioru obiektów systemu, które są usytuowane w środowisku. Usytuowanie oznacza tu, że w danej chwili można powiązać dowolny obiekt systemu z pewną lokalizacją w przestrzeni. Obiekty, które są pasywne mogą być postrzegane, tworzone, niszczone oraz modyfikowane przez agentów.
- Zbioru agentów, którzy są aktywnymi bytami (specyficznymi obiektami) systemu.
- Zbioru relacji łączących obiekty (w tym również agentów) systemu.
- Zbioru operacji umożliwiających agentom postrzeganie, tworzenie, „konsumowanie”, przekształcanie oraz manipulowanie obiektami systemu.
- Operatorów, których zadaniem jest reprezentowanie poszczególnych operacji wykonywanych przez agentów oraz reakcji świata zewnętrznego na próbę jego modyfikacji w rezultacie ich wykonania (operatory te można nazwać „prawami natury”).

Prace badawcze w zakresie systemów wieloagentowych dotyczyły architektury autonomicznego agenta (np. model *belief-desire-intension* — BDI [98, 71], model M-agenta [28]), zewnętrznego modelu autonomicznego agenta ([47]), interakcji agent-agent oraz agent-środowisko, form, metod oraz organizacji współpracy pomiędzy agentami, przydziału zadań, mechanizmów tworzenia organizacji przez agentów działających w systemie wieloagentowym, koordynacji działań oraz mechanizmów komunikacji pomiędzy agentami [56].

Główne obszary zastosowań dla systemów wieloagentowych to rozproszone rozwiązywanie problemów, symulacje wieloagentowe i konstruowanie sztucznych światów na potrzeby badań w dziedzinie sztucznego życia, kolektywna robotyka oraz konstruowanie elastycznych i łatwo dostosowujących się do zmian otoczenia rozproszonych systemów informatycznych [56].

1.3.2. Koncepcja ewolucyjnego systemu wieloagentowego

Główną koncepcją leżącą u podstaw modelu ewolucyjnego systemu wieloagentowego jest poddanie procesowi ewolucji populacji agentów występujących w systemie wieloagentowym (p. rys. 1.2) [100].

Każdy agent w tego rodzaju systemach zostaje wyposażony w:

- genotyp,
- zdolność do reprodukcji (z wykorzystaniem operatorów rekombinacji i/lub mutacji),
- zdolność do „śmierci”.

Agenci działają w środowisku (o pewnej przyjętej topografii), które mogą obserwować oraz na które mogą wpływać. Mogą oni wchodzić w interakcje z pozostałymi agentami występującymi aktualnie w systemie, samodzielnie decydują o czasie reprodukcji oraz dobierają sobie partnerów.

Ewolucyjny system wieloagentowy musi być oczywiście wyposażony również w pewien mechanizm oceniania agentów (wyznaczania wartości funkcji przystosowania) umożliwiający eliminowanie agentów najgorzej wykonujących pewne zadania lub rozwiązujących dany problem.

W wyniku zastosowania opisanych powyżej mechanizmów otrzymujemy model zdecentralizowanych obliczeń agentowo-ewolucyjnych. Model taki jest bliższy zjawiskom ewolucji biologicznej niż klasyczne algorytmy ewolucyjne dzięki, między innymi, takim mechanizmom jak [101]:

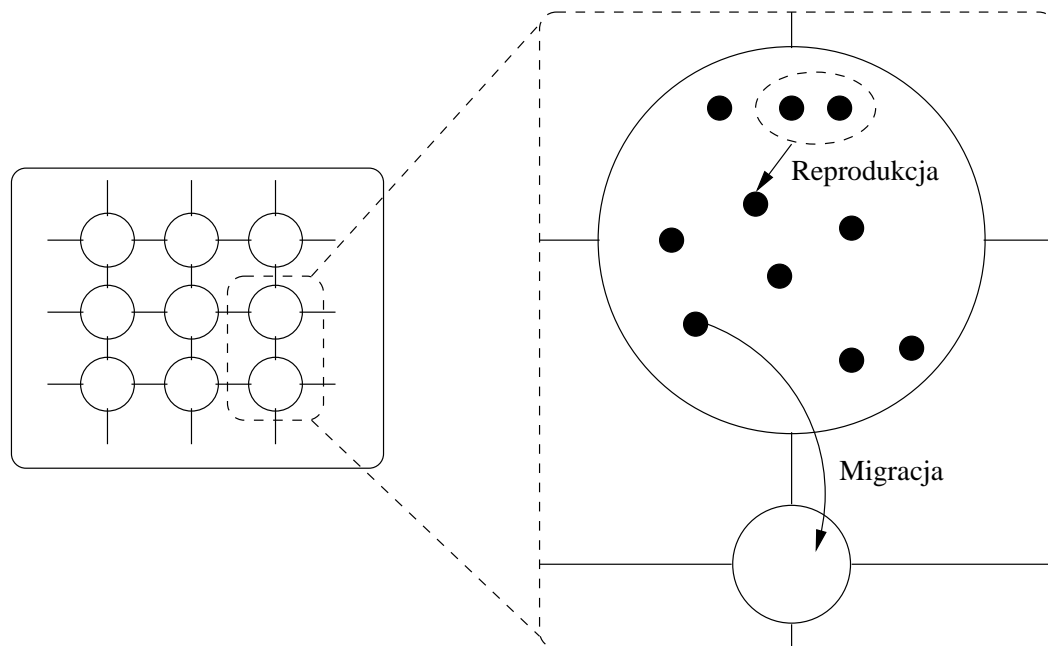
- lokalna selekcja, która zapewnia lepszą eksplorację przestrzeni rozwiązań,
- kształtowanie się fenotypu agenta pod wpływem warunków środowiska,
- autoadaptacja rozmiarów populacji do stopnia trudności problemu.

W rezultacie prowadzonych badań podjęto pierwsze próby zastosowania ewolucyjnych systemów wieloagentowych w problemach predykcji ciągów czasowych [99], optymalizacji wielokryterialnej [48], optymalizacji architektury sieci neuronowych [18] oraz klasyfikacji [137].

Sterowanie procesami ewolucji

Ze względu na zdecentralizowaną naturę ewolucyjnych systemów wieloagentowych i autonomię osobników (agentów) w tego rodzaju systemach nie jest możliwe wykorzystanie scentralizowanych mechanizmów sterowania przebiegiem procesów ewolucyjnych. Nie jest również możliwe zastosowanie żadnego z mechanizmów selekcji wykorzystywanych w klasycznych algorytmach ewolucyjnych.

W wyniku prowadzonych badań zaproponowana została koncepcja mechanizmu selekcji oraz sterowania procesami ewolucji w systemie wieloagentowym w oparciu o wyczerpywalne zasoby [99]. Mechanizm wymiany zasobów pomiędzy agentami a środowiskiem wymaga zdefiniowania w systemie pewnej liczby zasobów, które umożliwiają ocenę agentów z punktu widzenia ich przydatności w kontekście rozwiązywanego problemu.



Rysunek 1.2. Ewolucyjny system wieloagentowy

W ewolucyjnych systemach wieloagentowych wystarczającym okazało się wykorzystanie jednego zasobu, tzw. „energii życiowej”. „Energia” ta jest niezbędna ewoluującym osobnikom do wykonywania wszelkich czynności życiowych takich jak np. reprodukcja czy migracja w środowisku. „Energia życiowa” może być w posiadaniu zarówno osobników, jak i środowiska. W najprostszym przypadku środowisko może przyznawać agentom „energię życiową” w ten sposób, że osobniki o niższej wartości funkcji przystosowania (w przypadku problemów minimalizacji) dostają jej więcej. Mechanizm ten służy przede wszystkim do realizacji procesu selekcji w ewolucyjnych systemach wieloagentowych.

Koncepcja wymiany zasobów umożliwia również pośrednie sterowanie liczebnością populacji (poprzez np. zwiększanie lub zmniejszanie dostępnej w systemie ogólnej ilości zasobu), wpływanie na kierunek procesów ewolucyjnych oraz modelowanie szeregu zjawisk biologicznych. Szczególnie istotne jest to, że wpływanie na przebieg procesów ewolucyjnych za pośrednictwem zasobów nie narusza autonomii osobników i zdecentralizowanej natury systemu wieloagentowego.

1.4. Algorytmy koewolucyjne

Pod pojęciem *koewolucji* rozumie się w biologii występowanie długotrwałych oddziaływań pomiędzy gatunkami, w wyniku których wykształcają się u tych gatunków pewne specyficzne cechy [105]. Terminem *algorytm koewolucyjny* określa się najczęściej taki algorytm ewolucyjny, w którym wartość funkcji przystosowania dla danego osobnika zależy nie tylko od jakości reprezentowanego przez niego rozwiązania, ale również od cech innych osobników istniejących w populacji [152, 135]. Definicja taka zakłada nieco szersze niż w biologii pojmowanie koewolucji (przykładowo konkurencja wewnątrzgatunkowa o ograniczone zasoby jest tutaj również ujmowana

jako koewolucja). Generalnie, można wyróżnić dwie grupy technik koewolucyjnych: antagonistyczne oraz kooperacyjne [152] (klasyfikacja algorytmów koewolucyjnych została szerzej omówiona w dalszej części rozdziału).

Techniki koewolucyjne przyczyniają się do utrzymywania różnorodności populacji oraz umożliwiają realizację ewolucji otwartej, dzięki czemu zwiększają się zdolności adaptacyjne algorytmu ewolucyjnego, szczególnie w środowiskach niestacjonarnych [135]. Są one również wykorzystywane w przypadku zadań, dla których trudne lub niemożliwe jest określenie funkcji przystosowania.

W rozdziale niniejszym przedstawione zostaną podstawy biologiczne technik koewolucyjnych i algorytmów ewolucyjnych z mechanizmem doboru płciowego: koewolucja gatunków, koewolucja płci i dobór płciowy oraz różne rodzaje ekologicznych oddziaływań międzygatunkowych występujących w przyrodzie. Następnie dokonamy próby klasyfikacji oraz przeglądu aktualnego stanu badań w zakresie technik koewolucyjnych oraz technik działających w oparciu o dobór płciowy.

1.4.1. Podstawy biologiczne procesu koewolucji

Koewolucja gatunków

Koewolucja jest jedną z form ewolucji, w której istotną rolę odgrywają oddziaływania międzygatunkowe. O koewolucji możemy mówić wtedy, gdy dwa gatunki oddziałują na siebie wzajemnie przez dłuższy (w rozumieniu geologicznym) odcinek czasu [33]. Wynikiem tych interakcji jest wytworzenie się specyficznych cech u obu gatunków (określona cecha gatunku s_1 wykształca się jako reakcja na określoną cechę gatunku s_2) [105]. W przypadku występowania większej liczby oddziałujących na siebie gatunków, określony gatunek wywiera niejednorodną presję selekcyjną na inne gatunki (które go otaczają) i wzajemnie ulega niejednorodnej presji selekcyjnej ze strony otaczających go gatunków [33].

Oddziaływania pomiędzy gatunkami mogą być klasyfikowane ze względu na *mechanizm* lub ze względu na *skutki* [105]. W ekologii wyróżnia się następujące mechanizmy oddziaływań międzygatunkowych [105, 12, 107]:

- 1) *Konkurencja międzygatunkowa* ma miejsce wtedy, gdy dwa gatunki korzystają z tych samych, ograniczonych zasobów środowiska lub też, nawet jeśli zasoby te są nieograniczone, ograniczają (utrudniają) sobie wzajemnie do nich dostęp (przeszkadzają sobie wzajemnie w trakcie korzystania z tych samych zasobów).
- 2) *Drapieżnictwo* — oddziaływania polegające na zjadaniu przez osobniki jednego gatunku osobników drugiego gatunku.
- 3) *Roślinożerność* — oddziaływania polegające na zjadaniu przez osobniki jednego gatunku pewnych części roślin (częśćciej) lub całych roślin (rzadziej).
- 4) *Pasożytnictwo* — związek pomiędzy dwoma gatunkami, w którym jeden gatunek (pasożyt) jest zależny metabolicznie od drugiego (żywiciela). Związek ten jest konieczny dla gatunku-pasożyta, dla którego organizm żywiciela jest środowiskiem dostarczającym pokarmu, lecz również nieprzyjaznym immunologicznie.
- 5) *Chorobotwórczość* — związek pomiędzy mikroorganizmem patogennym a żywicielem. Związek ten wpływa niekorzystnie na pewne procesy fizjologiczne żywiciela.

		Wpływ gat. s_1 na dostosowanie gat. s_2		
		pozytywny	obojętny	negatywny
Wpływ gat. s_2 na dostosowanie gat. s_1	pozytywny	++		
	obojętny	+0	00	
	negatywny	-+	-0	--

Tabela 1.1. Rodzaje oddziaływań międzygatunkowych — podział ze względu na skutki (za [12])

<i>Mechanizm</i>	<i>Skutek</i>
Konkurencja międzygatunkowa	--
Drapieżnictwo	-+
Roślinożerność	-+
Pasożytnictwo	-+
Chorobotwórczość	-+
Komensalizm	+0
Amensalizm	-0
Mutualizm	++

Tabela 1.2. Rodzaje oddziaływań międzygatunkowych — zestawienie mechanizmów i skutków

- 6) *Komensalizm* — rodzaj oddziaływań pomiędzy dwoma gatunkami, w których jeden z nich utrzymuje lub stwarza warunki niezbędne dla egzystencji drugiego z neutralnymi skutkami dla samego siebie.
- 7) *Amensalizm* — rodzaj oddziaływań pomiędzy dwoma gatunkami, w których jeden z nich zmniejsza przeżywalność, tempo wzrostu lub płodność (ogólnie, przystosowanie) drugiego bez czerpania z tego żadnych korzyści.
- 8) *Mutualizm* — oddziaływania pomiędzy dwoma, żyjącymi w ścisłym związku, gatunkami korzystne dla nich obu.

Pomimo wielkiej różnorodności mechanizmów oddziaływań międzygatunkowych, z jakimi mamy do czynienia w przyrodzie, ich skutki możemy sprowadzić do trzech kategorii [12]:

- 1) Jeden z gatunków powoduje zmniejszenie przeżywalności, tempa wzrostu lub płodności drugiego gatunku (oznaczenie „-”).
- 2) Jeden z gatunków powoduje wzrost przeżywalności, tempa wzrostu lub płodności drugiego gatunku (oznaczenie „+”).
- 3) Efekt oddziaływań nie ujawnia się wcale (oznaczenie „0”).

Tabela 1.1 zawiera zestawienie wszystkich możliwych rodzajów oddziaływań międzygatunków ze względu na wywoływany przez nie skutek. W tabeli 1.2 zestawiono poszczególne mechanizmy oddziaływań koewolucyjnych oraz ich skutki dla obu gatunków.

Koewolucja płci

Koewolucja samic i samców związana jest z występującym w procesie reprodukcji konfliktem interesów obu płci (tzw. *konflikt płci*) [106, 69]. W trakcie procesu reprodukcji przedstawiciele obu płci nie tyle współpracują ze sobą w procesie propagowania swoich genów, lecz raczej formują przymierze, w którym każdy z osobników stara się maksymalizować swój własny sukces w przekazywaniu genów następnym pokoleniom [106]. Współpraca jest konieczna ze względu na to, że geny przekazywane są przez to samo potomstwo, jednak konflikt pojawia się w kwestiach wyboru partnera, zaopatrywania zygoty w pokarm oraz opieki nad jajami i młodymi [106].

Proporcja obu płci w populacji wynosi na ogół 1 : 1 ponieważ każde zachwianie równowagi nie jest ewolucyjnie stabilne [106]. W przypadku nawet nieznacznej przewagi jednej z płci, dobór naturalny będzie faworyzować rodziców produkujących potomstwo rzadszej płci. Proporcja płci może być różna od 1 : 1 w przypadku, gdy koszty produkcji osobników pewnej płci są wyższe (np. osobniki tej płci wymagają więcej pokarmu w trakcie rozwoju). W takiej sytuacji zachowana będzie proporcja 1 : 1 inwestycji (w sensie wydatkowania zasobów) w osobniki obu płci, a nie liczebności płci. Proporcja inwestycji 1 : 1 może być z kolei zachwiana w przypadku, gdy osobniki jednej z płci nie konkurują z rodzicami o zasoby, wspomagają w pewien sposób rodziców lub też w przypadku występowania lokalnej konkurencji o partnerów (np. bracia konkurują ze sobą o partnerki — w takim przypadku bardziej opłacalna będzie inwestycja w samice) [106].

W populacji na ogół samce konkurują o samice ponieważ proporcja obu płci wynosi 1 : 1, natomiast wydatek energetyczny związany z wydaniem potomstwa i późniejszą opieką nad nim jest zazwyczaj znacznie większy w przypadku samic, co powoduje, że mogą one reprodukować rzadziej niż samce i są trudno dostępnymi „zasobami” w populacji. Samce konkurują o samice gdyż mogą zwiększyć swój sukces reprodukcyjny poprzez znalezienie i zapłodnienie wielu różnych samic [68, 70, 69, 106]. Dla samicy jedyną metodą zwiększenia sukcesu reprodukcyjnego jest natomiast zwiększenie tempa przetwarzania zasobów (pokarmu) na jaja lub potomstwo [106]. Potencjalny zysk samców w przypadku sukcesu reprodukcyjnego jest ogromny, w wyniku czego występuje silna presja selekcyjna faworyzująca te ich cechy, które zwiększają zdolność do zdobywania partnerek [106].

Doborem płciowym nazywamy selekcję tych cech u osobników, które są związane wyłącznie ze zwiększeniem sukcesu rozrodczego [106]. Dobór płciowy może działać na dwa sposoby. Faworyzowane mogą być te cechy jednej z płci, które przyczyniają się do zwycięstwa w bezpośredniej konkurencji pomiędzy osobnikami tej samej płci o liczbę spłodzonych potomków (tzw. *dobór wewnętrzplciowy*). W drugim przypadku faworyzowane są te cechy jednej z płci, które są atrakcyjne dla osobników drugiej płci (tzw. *dobór międzyplciowy*) [106].

Ponieważ samice inwestują więcej zasobów w procesie reprodukcji, presja selekcyjna faworyzuje u nich te cechy, które powodują zmniejszenie tempa reprodukcji i utrzymanie go na optymalnym poziomie. Mamy tutaj do czynienia z koewolucją, w której selekcja faworyzuje u osobników jednej z płci (na ogół samców) te cechy, które przyczyniają się do zwiększenia częstotliwości reprodukcji, natomiast u osobników drugiej płci (na ogół samic) te cechy, które przyczyniają się do starannego wybierania partnera oraz zmniejszenia tempa reprodukcji i utrzymania go na optymalnym poziomie [69, 70]. Ponieważ samice mają dużo więcej do stracenia

w przypadku niepowodzenia reprodukcji, selekcja faworyzuje te z nich, które starannie dobierają partnerów (tzw. *wybiórczość samic*), czy to ze względu na korzyści genetyczne (potomstwo będzie miało większe szanse na przeżycie, konkurowanie i rozmnażanie się), czy też ze względu na korzyści nie-genetyczne (np. posiadanie przez samca terytorium zawierającego zasoby niezbędne do przeżycia lub posiadanie przez niego umiejętności zdobywania pożywienia).

Intensywność działania doboru płciowego zależy od dwóch czynników: różnicy w kosztach ponoszonych przez poszczególne płcie oraz *operacyjnej proporcji płci*, czyli względnej proporcji samców i samic dostępnych do reprodukcji w konkretnym momencie. W przypadku, gdy samice osiągną gotowość do reprodukcji w różnym czasie istnieje większe prawdopodobieństwo, że dostęp do samic będą miały ciągle te same samce, co zaostrza konkurencję o partnerów i intensyfikuje działanie doboru płciowego [106].

Zarówno koewolucja gatunków, jak i dobór płciowy pełnią w przyrodzie istotną rolę w procesie powstawania gatunków i utrzymywania różnorodności populacji (p. rozdz. 2.1.2) [68, 70, 49].

1.4.2. Przegląd badań prowadzonych nad technikami koewolucyjnymi

W rozdziale niniejszym przedstawione zostaną wybrane techniki koewolucyjne oraz ich zastosowania. Podjęto tu również próbę klasyfikacji omówionych technik w oparciu o wybrane kryteria.

Klasyfikacja technik koewolucyjnych

Główne kryterium klasyfikacji technik koewolucyjnych jest związane bezpośrednio z przedstawionym w rozdz. 1.4.1 podziałem oddziaływań koewolucyjnych ze względu na ich skutki. Biorąc pod uwagę skutki oddziaływań pomiędzy gatunkami wyróżnić można generalnie dwie grupy technik koewolucyjnych: antagonistyczne ([4, 148, 172]) oraz kooperacyjne ([133, 208, 166]). Techniki antagonistyczne odpowiadałyby tutaj oddziaływaniom typu $+-$ lub $--$, natomiast techniki kooperacyjne oddziaływaniom typu $++$.

Drugie kryterium podziału stanowić może liczba wykorzystywanych populacji osobników. W przypadku technik wielopopulacyjnych mamy do czynienia z wieloma, wzajemnie na siebie oddziałyującymi, populacjami (gatunkami) osobników ([148, 166]). Jest to klasyczny przypadek koewolucji, gdy mamy do czynienia z kilkoma oddziałyującymi na siebie gatunkami (p. 1.4.1). Techniki jednopopulacyjne, w których wartość funkcji przystosowania dla danego osobnika zależy od cech pozostałych osobników w populacji, działają najczęściej w oparciu o mechanizm *określenia przystosowania poprzez konkurencję* (ang. *competitive fitness functions* — *CFF*) [4, 38]. Techniki te również są zaliczane do technik koewolucyjnych, jakkolwiek mamy tu raczej do czynienia z modelem konkurencji o ograniczone zasoby w ramach jednego gatunku (czyli konkurencją wewnątrzgatunkową) [12].

Pełne zestawienie opisanych w niniejszym rozdziale technik koewolucyjnych, wraz z odpowiadającym im rodzajem oraz mechanizmem oddziaływań koewolucyjnych zawiera tabela 1.3.

<i>Technika koewolucyjna</i>	<i>Mechanizm oddziaływań</i>	<i>Skutek oddziaływań</i>	<i>Liczba populacji</i>
R. Axelrod (1987)	Konk. wewnątrzgat.	--	1
K. Deb i in. (1989)	Konk. wewnątrzgat.	--	1
P. Angeline i in. (1993)	Konk. wewnątrzgat.	--	1
C. W. Reynolds (1994)	Konk. wewnątrzgat.	--	1
P. Darwen (1995)	Konk. wewnątrzgat.	--	1
H. Juillé i in. (1997)	Konk. wewnątrzgat.	--	1
J. B. Pollack i in. (1997)	Konk. wewnątrzgat.	--	1
P. J. Darwen (2000)	Konk. wewnątrzgat.	--	1
W. Hillis (1991)	Pasożytnictwo	-+	2
J. Koza (1991)	Pasożytnictwo	-+	2
Ch. D. Rosin i in. (1995)	Pasożytnictwo	-+	2
J. Paredis (1995)	Pasożytnictwo lub mutualizm	-+ (++)	2
B. Olsson (1996)	Pasożytnictwo	-+	2
J. Morrison i in. (1998)	Dowolny	Dowolny	≥ 1
H. Juillé i in. (1998)	Pasożytnictwo lub mutualizm	-+ (++)	2
L. Pagie i in. (2000)	Pasożytnictwo	-+	2
S. G. Ficici i in. (2000)	Pasożytnictwo lub konk. wewnątrzgat.	-+ (--)	2(1)
M. Laumanns i in. (1998)	Drapieżnictwo	-+	2
X. Li (2003)	Drapieżnictwo	-+	2
K. Sims (1994)	Pasożytnictwo lub konk. wewnątrzgat.	-+ (--)	2(1)
D. Cliff i in. (1995)	Drapieżnictwo	-+	2
S. G. Ficici i in. (1998)	Pasożytnictwo i mutualizm	-+ i ++	3
T. Haynes i in. (1995)	Drapieżnictwo	-+	2
D. Floreano i in. (1997)	Drapieżnictwo	-+	2
E. H. Østergaard i in. (2003)	Pasożytnictwo	-+	2
P. Husbands (1994)	Mutualizm	++	≥ 1
M. A. Potter i in. (1994)	Mutualizm	++	≥ 1
R. P. Wiegand (1998)	Mutualizm	++	≥ 1
Q. Zhao (1998)	Mutualizm	++	≥ 1
D. Vrajitoru (2001)	Mutualizm	++	≥ 1
N. Keeratitittumrong i in. (2002)	Mutualizm	++	≥ 1
A. Iorio i in. (2004)	Mutualizm	++	≥ 1
D. E. Moriarty i in. (1998)	Mutualizm	++	2
C. H. Yong i in. (2001)	Mutualizm	++	≥ 1
H. A. Mayer (1998)	Mutualizm	++	2
P. Machado i in. (2002)	Mutualizm	++	2
D. E. Goldberg i in. (1997)	Mutualizm	++	2

Tabela 1.3. Zestawienie ważniejszych cech przedstawionych w pracy technik koewolucyjnych

Antagonistyczne techniki koewolucyjne

R. Axelrod prowadził badania w zakresie wykorzystania koewolucji i mechanizmu CFF do generowania optymalnych strategii dla problemu *iterowanego dylematu więźnia* (ang. *iterated prisoner's dilemma* — IPD) [6]. IPD jest grą, w której uczestniczy dwóch graczy. Każdy ma do wyboru dwie akcje: zdradę (D) lub współpracę (C). W przypadku, gdy obydwaj gracze wybierają akcję D dostają po jednym punkcie, gdy obydwaj wybierają C dostają po dwa punkty, natomiast jeżeli jeden z graczy wybierze D podczas gdy drugi wybierze C to pierwszy z nich dostaje trzy punkty a drugi zero. Każdy z graczy pamięta poprzednie akcje i na ich podstawie podejmowana jest aktualna decyzja. W technice R. Axelrod'a występowała jedna populacja osobników, z których każdy miał zakodowaną w swoim genotypie pewną strategię gry w IPD. Wartość przystosowania danego osobnika była określana na podstawie wyników jakie osiągnął w trakcie turnieju polegającego na grze w IPD przeciwko każdemu z pozostałych osobników populacji.

Do antagonistycznych technik koewolucyjnych, w których wykorzystywana jest jedna populacja, zaliczona może być również *technika podziału przystosowania* [45], ponieważ wartość przystosowania każdego osobnika populacji zależy w niej od pozostałych osobników. Technika ta wykorzystywana jest w problemach optymalizacji wielomodalnej i została szerzej omówiona w rozdziale 2.4.3.

P. Angeline oraz J. Pollack zaproponowali koewolucyjny algorytm przeznaczony do generowania optymalnych programów napisanych w bardzo prostym języku programowania, przeznaczonych do gry w *kółko i krzyżyk* [4]. W technice tej również wykorzystywana była jedna populacja oraz mechanizm CFF. Każdy z osobników populacji był programem zakodowanym w postaci drzewa. Podstawowa różnica, w stosunku do algorytmu Axelrod'a, polegała na sposobie przeprowadzania turnieju. Zamiast przeprowadzać turniej, w którym każdy osobnik w danym pokoleniu musiał rywalizować ze wszystkimi pozostałymi osobnikami populacji, zastosowany został mechanizm polegający na przeprowadzaniu w każdym pokoleniu turnieju składającego się z rund. W pierwszej rundzie brały udział wszystkie osobniki. Były one dobierane losowo w pary i rywalizowały przeciwko sobie w grze w *kółko i krzyżyk*. Następnie osobniki przegrane odpadały, natomiast te które wygrały przechodziły do kolejnej rundy. Cały proces był powtarzany dotąd, aż nie został wyłoniony jeden zwycięzca turnieju. Jeżeli w pewnej rundzie liczba osobników była nieparzysta wtedy osobnik, dla którego nie było pary przechodził do następnej rundy. Wartość przystosowania danego osobnika była określana jako numer rundy, w której odpadł z turnieju.

C. W. Reynolds prowadził badania nad koewolucją wykorzystując zasady programowania genetycznego do generowania optymalnych programów sterujących ruchem agentów poruszających się w dwuwymiarowym świecie [169]. Wykorzystywał on jedną populację osobników. Wartość przystosowania każdego z osobników była wyznaczana na podstawie rezultatów serii turniejów przeciwko osobnikom z wybranej losowo grupy. Celem jednego z osobników było dogonienie swojego przeciwnika. Jeżeli mu się to udało, następowała zmiana ról: osobnik, który do tej pory uciekał musiał teraz dogonić swojego przeciwnika. Wartością przystosowania danego osobnika był czas, przez który był on osobnikiem uciekającym. Dany osobnik brał udział w czterech turniejach przeciwko każdemu osobnikowi z wybranej grupy. Przeprowadzone zostały również eksperymenty z turniejami, w których każdy osobnik konkuro-

wał z najlepszym osobnikiem z populacji. W trakcie reprodukcji wybieranych było dwoje rodziców, z wykorzystaniem mechanizmu reprodukcji turniejowej. Polegała ona na losowym wybraniu siedmiu osobników z populacji. Rodzicem zostawał ten osobnik z grupy, który miał najlepsze przystosowanie. Po wybraniu rodziców tworzony był potomek, z wykorzystaniem operatorów rekombinacji i mutacji. Wartość przystosowania potomka była określana na podstawie rezultatów opisanej powyżej serii turniejów. Następnie potomek zastępował wybranego osobnika z populacji. Osobnik ten był wybierany w połowie przypadków w sposób losowy, a w drugiej połowie, jako najgorszy osobnik z grupy siedmiu wybranych losowo osobników.

P. J. Darwen prowadził badania w zakresie zwiększania różnorodności populacji poprzez zastosowanie technik niszowania i specjacji (p. rozdz. 2), a w szczególności różnych wersji *modelu podziału przystosowania* (p. rozdz. 2.4.1 oraz 2.4.3) w koewolucyjnym algorytmie Axelrod'a [38, 36, 39]. W wyniku zastosowania tych technik końcowa populacja składała się z osobników specjalizujących się w różnych strategiach gry w IPD. P. Darwen zaproponował również algorytm wybierania odpowiedniej strategii z otrzymanej populacji w zależności od strategii stosowanej przez przeciwnika [36].

H. Juillé oraz J. B. Pollack prowadzili badania nad zastosowaniem *mechanizmu podziału zasobów* (ang. *resource partitioning fitness*) w algorytmie koewolucyjnym [95]. W opracowanej przez nich technice koewolucyjnej wykorzystywana była jedna populacja. Wartość przystosowania danego osobnika była określona jako suma punktów uzyskanych w trakcie serii turniejów z pozostałymi osobnikami populacji. Liczba punktów w pojedynczym turnieju była równa liczbie testów, które dany osobnik rozwiązywał poprawnie, natomiast jego rywal nie był w stanie rozwiązać. W przypadku zastosowania mechanizmu podziału zasobów wartość przystosowania danego osobnika była określana w nieco odmienny sposób. Każdemu testowi była przypisywana liczba punktów odpowiadająca liczbie osobników, którzy nie rozwiązywali danego testu poprawnie. Następnie punkty te były dzielone równo pomiędzy osobniki, który rozwiązywały dany test. Wartość przystosowania danego osobnika była sumą punktów uzyskanych na podstawie wszystkich testów. Autorzy przeprowadzili eksperymenty porównujące działanie algorytmu ewolucyjnego, koewolucyjnego oraz koewolucyjnego z mechanizmem podziału zasobów w zadaniach generowania sieci sortujących, klasyfikacji oraz regresji symbolicznej [95].

J. B. Pollack, A. Blair oraz M. Land zastosowali algorytm koewolucyjny do optymalizacji wag połączeń sieci neuronowej przeznaczonej do gry w *backgammon* (*tryktraka*) [160]. W technice tej wykorzystywana była populacja złożona z jednego osobnika. W każdym pokoleniu generowany był potomek z wykorzystaniem operatora mutacji. Następnie potomek ten rywalizował z rodzicem o pozostanie w populacji. Potomek zastępował rodzica, gdy wygrał ponad połowę gier w backgammon. W innej wersji algorytmu, po wygraniu turnieju potomek nie zastępował rodzica w populacji, natomiast genotyp rodzica był nieznacznie modyfikowany, tak aby upodobnić go do genotypu potomka. Kolejny mechanizm wprowadzony przez autorów polegał na stopniowym zwiększaniu liczby gier, które potomek musiał wygrać, aby zostać zwycięzcą całego turnieju. Autorom udało się wygenerować sieć neuronową, która stosunkowo dobrze radziła sobie w grze przeciwko programowi PUBEVAL (na bazie którego został skonstruowany najlepszy komputer grający w backgammon — TD-Gammon) [160].

P. J. Darwen również zastosował koewolucję w celu optymalizacji wag połączeń sieci neuronowej przeznaczonej do gry w *backgammon* [37]. Wykorzystywał on jedną populację o stałej liczebności. Wartość przystosowania danego osobnika zależała od wyników uzyskanych przez niego w trakcie serii turniejów. Turniej dwóch osobników polegał na przeprowadzeniu pewnej liczby gier w *backgammon*. W każdym pokoleniu dany osobnik rywalizował z każdym z pozostałych osobników populacji. W algorytmie stosowana była reprezentacja zmiennopozycyjna, reprodukcja rangowa oraz sukcesja elitarna. Potomstwo było generowane z wykorzystaniem operatora mutacji albo operatora rekombinacji (nigdy obu równocześnie). Autorowi udało się wygenerować sieć neuronową, która grała porównywalnie do wspomnianego programu PUBEVAL [37].

W. Hillis był jednym z pierwszych, który zaproponował wykorzystanie mechanizmu oddziaływań antagonistycznych pomiędzy dwoma populacjami do konstrukcji *koewolucyjnego algorytmu z układem pasożyt-żywiciel* [82, 152]. Algorytm został zastosowany do optymalizacji sieci sortujących przeznaczonych do sortowania 16-elementowych list zawierających liczby. Celem było znalezienie sieci dokonującej najmniejszej liczby porównań. Każdy z osobników populacji żywicieli był siecią sortującą, natomiast osobniki populacji pasożytów były zbiorami list przeznaczonych do posortowania (testami dla sieci sortujących). Osobniki obydwu populacji były umieszczone w środowisku o strukturze grafu w taki sposób, że w każdym wierzchołku znajdował się jeden żywiciel i jeden pasożyt. W każdym pokoleniu dany osobnik z populacji żywicieli był testowany na zbiorze list osobnika z populacji pasożytów, który znajdował się w tym samym co on wierzchołku grafu. Wartość przystosowania żywiciela była określona jako procent poprawnie posortowanych list, natomiast pasożyta jako procent niepoprawnie posortowanych list pochodzących z jego zbioru. W algorytmie stosowana była selekcja lokalna: dany osobnik konkurował wyłącznie z osobnikami z najbliższego sąsiedztwa. Również rekombinacja była możliwa tylko w przypadku osobników sąsiadujących ze sobą. W. Hillis pokazał, że algorytm koewolucyjny z układem pasożyt-żywiciel znajduje lepsze sieci sortujące niż klasyczny algorytm ewolucyjny [152].

J. Koza stosował dwie koewoluujące populacje programów komputerowych grających w pewną prostą grę przeznaczoną dla dwóch graczy [103, 104]. Gra ta polegała na wykonywaniu na przemian ruchów przez dwóch graczy przemieszczających się od korzenia w kierunku liści drzewa binarnego. Gracz, który wykonywał ruch jako pierwszy wykonywał również ostatni ruch i otrzymywał pewną ilość punktów (1-32) w zależności od liścia drzewa do którego dotarł. Celem drugiego gracza była minimalizacja wygranej oponenta. Pierwsza populacja składała się z graczy mających na celu maksymalizację wygranej, natomiast druga z graczy mających na celu minimalizowanie wygranej przeciwnika. W algorytmie stosowana była reprezentacja drzewiasta oraz operatory rekombinacji i mutacji pochodzące z programowania genetycznego (p. rozdz. 1.2.2). Wartość przystosowania osobników danej populacji była średnią liczbą punktów uzyskanych w trakcie rywalizacji z każdym z osobników drugiej populacji.

Ch. D. Rosin oraz R. K. Belew prowadzili badania nad wykorzystaniem algorytmów koewolucyjnych do generowania optymalnych strategii dla gier w *kółko i krzyżyk*, *Nim* oraz *Go*, optymalizacji sieci sortujących, projektowania sterownika dla dozownika leków utrzymującego w normie ciśnienie pacjenta poddawanego ope-

racji, a także przy opracowywaniu nowych leków [171, 172, 170]. Podobnie jak W. Hillis, wykorzystywali oni dwie konkurujące populacje. Różnica w ich podejściu polegała na naprzemiennym wykorzystywaniu każdej populacji raz jako żywicieli (czyli osobników, którzy są oceniani przez osobniki populacji przeciwnej), a następnie jako pasożytów (czyli osobników, którzy oceniają osobniki z populacji przeciwnej). Autorzy wprowadzili szereg mechanizmów mających na celu poprawę uzyskiwanych rezultatów. Mechanizm *konkurencyjnego podziału przystosowania* (ang. *competitive fitness sharing*) miał na celu przeciwdziałanie utracie różnorodności populacji (p. rozdz. 2.4.3). Wartość przystosowania danego osobnika z populacji żywicieli była tutaj sumą punktów uzyskanych w poszczególnych turniejach z wybranymi osobnikami populacji pasożytów, przy czym liczba punktów uzyskanych w wyniku pokonania danego pasożyta była tym większa, im mniejszej liczbie żywicieli udało się go pokonać. W przypadku pokonania pasożyta a_j^p dany żywiciel otrzymywał $\frac{1}{n_j}$ punktów, gdzie n_j była liczbą żywicieli, którzy pokonali pasożyta a_j^p . Mechanizm *współdzielonego próbkowania* (ang. *shared sampling*) był wykorzystywany do wybierania grupy osobników z populacji pasożytów, przeciwko którym miały konkurować osobniki z populacji żywicieli. Dla każdego osobnika z populacji pasożytów pokolenia t , który nie został jeszcze wybrany, była wyliczana wartość przystosowania. Wartość ta była tym większa, im więcej osobników z populacji przeciwnej pokolenia $t - 1$ pokonał dany pasożyt oraz im rzadziej osobniki te były pokonywane przez pozostałe pasożyty, które już zostały wybrane do grupy mającej konkurować z żywicielami. Następnie pasożyt o największej wartości przystosowania był dodawany do grupy wybranych pasożytów. Operacje te były powtarzane dotąd, aż nie została skompletowana cała grupa pasożytów. W celu przeciwdziałania nadmiernej specjalizacji populacji rozwiązań wprowadzono specjalny mechanizm umieszczania najlepszego pasożyta z każdego pokolenia w tzw. *grupie zwycięzców* (ang. *hall of fame*). W przypadku zastosowania tego mechanizmu każdy żywiciel musiał konkurować nie tylko z wybranymi pasożytami z aktualnego pokolenia, ale również z wybranymi pasożytami z grupy zwycięzców. W celu przeciwdziałania niekorzystnemu zjawisku dominacji jednej z populacji (składającej się z osobników, których nie można pokonać), uniemożliwiającemu ewolucję populacji przeciwnej, wprowadzono tzw. mechanizm *wirtualnego pasożyta* (ang. *phantom parasite*). Działanie tego mechanizmu polegało na tym, że do grupy pasożytów wybranych w celu konkurowania z żywicielami w danym pokoleniu dodawany był specjalny osobnik (*wirtualny pasożyt*) nie posiadający genotypu. Z wirtualnym pasożytem zawsze wygrywali turniej ci żywiele, którzy przegrali z którymkolwiek pasożytem z aktualnego pokolenia, natomiast przegrywali ci żywiele, którzy pokonali wszystkie pasożyty z aktualnego pokolenia. Mechanizm *selekcji potomstwa* (ang. *brood selection*) polegał na tworzeniu większej niż zazwyczaj liczby potomków (w przeprowadzonych eksperymentach tworzono 5 potomków). Wartość przystosowania każdego z potomków była wyznaczana na podstawie rezultatów serii turniejów z wybranymi losowo pasożytami. Najlepszy potomek był następnie umieszczany w aktualnej populacji bazowej.

Praca W. Hillis'a stanowiła inspirację dla J. Paredis'a, który opracował *koewolucyjny algorytm genetyczny* (ang. *co-evolutionary genetic algorithm* — *CGA*) [148]. W algorytmie tym wykorzystywane są dwie populacje: rozwiązań oraz testów. Populacja rozwiązań jest generowana losowo, natomiast populacja testów składa się z pewnej liczby z góry określonych testów. Początkowo, każdy z osobników obu po-

populacji bierze udział w 20 turniejach z wybranymi losowo osobnikami z przeciwnej populacji. Osobnik z populacji rozwiązań otrzymuje 1 punkt w przypadku spełnienia testu lub 0 w przeciwnym przypadku. Osobnik z populacji testów dostaje 0 punktów jeżeli osobnik z populacji rozwiązań spełnił jego test, natomiast 1 w przeciwnym przypadku (koewolucja pasożyt-żywcicieli). W niektórych zastosowaniach wykorzystywane były również oddziaływania o charakterze mutualistycznym, co można łatwo osiągnąć przyznając osobnikowi z populacji testów identyczną ilość punktów, jak osobnikowi z populacji rozwiązań, który był jego przeciwnikiem w turnieju. Każdy osobnik przechowuje wyniki ostatnich 20 (liczba przyjęta arbitralnie przez autora algorytmu [148]) turniejów, w których brał udział. Wartość przystosowania danego osobnika jest określona jako średnia liczba punktów, które otrzymał w ostatnich 20 turniejach. Mechanizm ten nosi nazwę *uaktualniania wartości przystosowania w trakcie życia osobnika* (ang. *life-time fitness evaluation* — *LTFE*) [147]. W każdym pokoleniu przeprowadzanych jest 20 (liczba przyjęta arbitralnie przez autora algorytmu [148]) turniejów, do których osobniki z obu populacji są wybierane losowo, z tym że bardziej prawdopodobne jest wybranie osobnika o większej wartości przystosowania (osobniki lepsze muszą częściej się sprawdzać w trakcie turniejów). Po każdym turnieju uaktualniana jest wartość przystosowania biorących w nim osobników. Po przeprowadzeniu wszystkich turniejów, wybieranych jest losowo dwoje rodziców z populacji rozwiązań, przy czym również tutaj z większym prawdopodobieństwem wybierane są osobniki z większą wartością przystosowania. Następnie tworzony jest potomek z wykorzystaniem operatorów rekombinacji i mutacji. Do mutacji dochodzi z tym większym prawdopodobieństwem im bardziej podobni do siebie są rodzice (im mniejsza jest ich odległość w pewnej metryce w przestrzeni genotypów lub fenotypów). Wartość przystosowania potomka jest określana w trakcie 20 turniejów z losowo wybranymi osobnikami z populacji testów. W trakcie tych turniejów nie jest uaktualniana wartość przystosowania biorących w nich udział testów. Na koniec, potomek jest umieszczany w populacji bazowej jeżeli jego wartość przystosowania jest większa niż wartość przystosowania najgorszego osobnika z populacji rozwiązań (sukcesja typu $(\mu + 1)$, por. opis strategii ewolucyjnych w rozdz. 1.2.2). Populacja testów nie podlega ewolucji (zawiera cały czas te same, wybrane arbitralnie, osobniki — zmieniają się jedynie ich wartości przystosowania). Algorytm CGA zastosowany został do ewolucji sieci neuronowych wykorzystywanych w zadaniach klasyfikacji [148, 149], sterowania reaktora [150] oraz nawigacji [152]. Algorytm CGA był również stosowany jako metoda uwzględniania ograniczeń w algorytmie ewolucyjnym [147], do generowania jedno-wymiarowych automatów komórkowych przeznaczonych do klasyfikacji gęstości łańcuchów zer i jedynek (w tym przypadku obydwie populacje podlegały ewolucji) [151] oraz w zadaniu poszukiwania optymalnego sposobu kodowania fenotypu osobnika w algorytmie ewolucyjnym (zastosowano tu mechanizm oddziaływań mutualistycznych, obydwie populacje podlegały ewolucji, natomiast populacja rozwiązań nie podlegała działaniu mechanizmu LTFE — wartość przystosowania nie podlegała zmianom w trakcie życia osobnika) [148].

Technika koewolucyjna ze zmienną liczebnością populacji została zaprezentowana w pracy [142]. Podobnie jak W. Hillis, również B. Olsson był zainteresowany zastosowaniem algorytmu koewolucyjnego z dwoma populacjami (pasożytów i żywicieli) do optymalizacji sieci sortujących. Każdy osobnik populacji żywicieli był siecią sortującą, natomiast osobnik populacji pasożytów zbiorem list przeznaczonych

do posortowania (testów). Osobniki rozmieszczone były w środowisku o strukturze grafu, przy czym w danym wierzchołku mogło przebywać najwyżej dwóch osobników (po jednym z każdego gatunku). Żywiciele mogli przemieszczać się losowo pomiędzy węzłami, natomiast pasożyty samodzielnie nie mogły zmieniać lokalizacji. W środowisku występował zasób niezbędny osobnikom obydwu gatunków do reprodukcji, przy czym żywiciele pozyskiwali ten zasób ze środowiska, natomiast pasożyty wyłącznie od żywiciela. Prawdopodobieństwo „zainfekowania” żywiciela przez pasożyta zlokalizowanego w tym samym wierzchołku było tym większe, im gorzej dany żywiciel radził sobie z sortowaniem sieci ze zbioru testów danego pasożyta. W trakcie reprodukcji pasożyta dochodziło do pobrania od żywiciela pewnej ilości zasobu, następnie tworzonych było kilku potomków danego pasożyta z wykorzystaniem operatora mutacji. Reprodukacja pasożyta powodowała śmierć zarówno jego samego, jak i żywiciela. Potomstwo było rozmieszczane w losowo wybranych sąsiednich wierzchołkach (w przypadku braku wolnych wierzchołków potomstwo było usuwane z populacji). Z pewnym niewielkim prawdopodobieństwem mogło dojść do śmierci zarówno pasożyta, jak i żywiciela. W przypadku śmierci pasożyta był on usuwany z populacji, natomiast śmierć żywiciela powodowała dodatkowo śmierć pasożyta, którym był „zainfekowany”, jak również przekazanie do środowiska całego posiadanego przez niego zasobu. Do reprodukcji żywiciela dochodziło w przypadku, gdy posiadał on odpowiednią ilość zasobu. W wyniku reprodukcji i zastosowania operatora mutacji powstawał jeden potomek, który otrzymywał część zasobów rodzica. Podobnie, jak w przypadku pasożytów, potomek był umieszczany w losowo wybranym sąsiednim wierzchołku. Jeżeli wszystkie sąsiednie wierzchołki były zajęte potomek był usuwany z populacji. B. Olsson zastosował swój algorytm z powodzeniem do optymalizacji sieci sortujących, natomiast równocześnie wskazywał on, że otwartym zagadnieniem pozostaje możliwość zastosowania go do innych problemów.

J. Morrison i F. Oppacher opracowali *liniowy model symbiozy* (ang. *linear symbiosis model of co-evolution — LSM*) [134, 135]. W modelu tym zmodyfikowana wartość funkcji przystosowania dla osobnika a_i jest zdefiniowana następująco:

$$\varphi^e(a_i(t)) = \varphi^e(a_i(t-1)) + CH_i(t) \quad (1.26a)$$

$$\varphi^e(a_i(0)) = \varphi(a_i(0)) \quad (1.26b)$$

$$CH_i(0) = \varphi(a_i(0)) \quad (1.26c)$$

gdzie $\varphi(a_i(t))$ to wartość funkcji przystosowania dla osobnika $a_i(t)$, natomiast $CH_i(t)$ jest całkowitą zmianą wartości przystosowania wynikającą z oddziaływań innych osobników populacji na osobnika $a_i(t)$. Zmiana wartości przystosowania dla osobnika a_i w chwili t ($CH_i(t)$) jest zdefiniowana następująco:

$$CH_i(t) = \sum_{j=1}^{|A(t)|} ch_{ij}(t) + (\varphi(a_i(t)) - \varphi(a_i(t-1))) \quad (1.27a)$$

$$ch_{ij}(t) = \beta_{ij} CH_j(t-1) \quad (1.27b)$$

gdzie $ch_{ij}(t)$ jest zmianą wartości przystosowania osobnika $a_i(t)$ spowodowaną oddziaływaniem na niego osobnika $a_j(t)$, natomiast $|A(t)|$ to liczebność populacji bazowej pokolenia t . Wartość parametru β_{ij} określa zarówno skutek jak i siłę oddziaływań. Brak oddziaływań występuje gdy $\beta_{ij} = 0$, oddziaływania typu „-” gdy

$\beta_{ij} < 0$, natomiast gdy $\beta_{ij} > 0$ mamy do czynienia z oddziaływaniami typu „+” (p. rozdz. 1.4.1). Autorzy prowadzili badania nad trzema mechanizmami: konkurencją wewnątrzgatunkową (oddziaływania „--”), drapieżnictwem (oddziaływania „-+”) oraz mutualizmem (oddziaływania „++”). W eksperymentach wykorzystywana była jedna populacja, chociaż LSM może być również stosowany w przypadku występowania wielu nie krzyżujących się populacji. Eksperymenty miały na celu porównane działania wspomnianych technik koewolucyjnych z algorytmem ewolucyjnym, w przypadku problemów optymalizacji globalnej (funkcje Rosenbrock’a oraz Griewangk’a). Uzyskane wyniki wskazywały na to, że techniki koewolucyjne działające w oparciu o LSM powodują utrzymywanie dużej różnorodności populacji oraz umożliwiają uzyskanie lepszych wyników w przypadku problemów optymalizacji globalnej niż algorytm ewolucyjny [135].

H. Juillé oraz J. B. Pollack prowadzili badania nad zastosowaniem koewolucji do generowania jedno-wymiarowych automatów komórkowych przeznaczonych do klasyfikacji gęstości łańcuchów zer i jedynek [96]. Łańcuch zer i jedynek jest tutaj konfiguracją początkową automatu. W przypadku, gdy w konfiguracji początkowej przeważają zera, po pewnej liczbie iteracji automat powinien znaleźć się w stanie ustalonym, z zerami na wszystkich polach (w przypadku przewagi jedynek na wszystkich polach powinny występować jedynki). Autorzy przeprowadzili eksperymenty porównujące działanie różnych wersji algorytmu koewolucyjnego (koewolucja kooperacyjna, antagonistyczna, koewolucja antagonistyczna z mechanizmem podziału przystosowania). W wyniku zastosowania mechanizmu podziału przystosowania w technice antagonistycznej, wyższą wartość przystosowania miały te osobniki z populacji automatów, które poprawnie klasyfikowały większą liczbę takich łańcuchów, które równocześnie były stosunkowo rzadko poprawnie klasyfikowane przez pozostałe automaty. W przypadku populacji łańcuchów natomiast wyższą wartość przystosowania miały takie osobniki, które były niepoprawnie klasyfikowane przez większą liczbę takich automatów, które stosunkowo rzadko źle klasyfikowały pozostałe łańcuchy. Autorzy wprowadzili również mechanizm stopniowego zwiększania trudności zadania w trakcie procesu ewolucji. Osiągano to dzięki karaniu takich łańcuchów, dla których procent poprawnych klasyfikacji zbliżał się do 50%, ponieważ dostarczały one niewiele użytecznych informacji w procesie oceniania osobników z populacji automatów w danym pokoleniu.

L. Pagie, P. Hogeweg oraz M. Mitchell przeprowadzili eksperymenty porównujące działanie algorytmu koewolucyjnego i ewolucyjnego w przypadku zadania generowania jedno-wymiarowych automatów komórkowych przeznaczonych do klasyfikacji gęstości łańcuchów zer i jedynek (konfiguracji początkowych) [144, 145]. Autorzy opracowali algorytm koewolucyjny z dwoma populacjami (automatów oraz konfiguracji początkowych). Obie populacje były rozmieszczone w środowisku o strukturze grafu, w którym każdy wierzchołek był połączony krawędzią z ośmioma sąsiednimi wierzchołkami. W każdym wierzchołku znajdował się jeden automat oraz jedna konfiguracja początkowa. Wartość przystosowania danego automatu zależała od wyników klasyfikacji dziewięciu sąsiadujących z nim konfiguracji początkowych, natomiast konfiguracji początkowej wyłącznie od wyniku klasyfikacji automatu znajdującego się w tym samym wierzchołku. W każdym pokoleniu dany osobnik był zastępowany przez potomka rodzica wybieranego w trakcie turnieju, w którym uczestniczyło dziewięciu osobników (zastępowany osobnik oraz jego ośmiu sąsiadów). Wybranie danego

osobnika na rodzica było tym bardziej prawdopodobne, im większa była wartość jego przystosowania. Potomek był generowany z wykorzystaniem operatora mutacji. Wyniki przeprowadzonych eksperymentów wskazywały na to, że algorytm koewolucyjny generował większą niż algorytm ewolucyjny, liczbę automatów dobrze rozwiązujących postawione zadanie.

S. G. Ficici oraz J. B. Pollack zaproponowali technikę *Pareto-koewolucji* (ang. *Pareto-coevolution*) [59]. W technice tej, w trakcie oceny osobników wykorzystywana jest koncepcja dominacji zapożyczona z teorii gier. Mówimy, że dany osobnik a_i dominuje osobnika a_j ze względu na pewną grupę przeciwników, jeżeli w każdym turnieju przeciwko osobnikom z tej grupy osobnik a_i uzyskuje nie mniejszą liczbę punktów niż osobnik a_j , natomiast w co najmniej jednym turnieju liczba punktów uzyskanych przez niego jest większa. W technice Pareto-koewolucji mogą być wykorzystywane zarówno jedna, jak i dwie populacje. Wyniki poszczególnych turniejów przeprowadzanych w danym pokoleniu przechowywane są w macierzy i na ich podstawie wyznaczany jest następnie zbiór osobników niezdominowanych. Technika Pareto-koewolucji została zastosowana z powodzeniem w zadaniach generowania optymalnych strategii gry w pokera [138] (wykorzystywano w tym przypadku jedną populację) oraz generowania jedno-wymiarowych automatów komórkowych przeznaczonych do klasyfikacji gęstości łańcuchów zer i jedynek [61] (wykorzystywano dwie populacje: automatów oraz konfiguracji początkowych).

M. Laumanns, G. Rudolph oraz H.-P. Schwefel zaproponowali koewolucyjny algorytm przeznaczony do optymalizacji wielokryterialnej [110]. W algorytmie tym wykorzystywane były dwie populacje: ofiar (wektorów wartości zmiennych decyzyjnych) oraz drapieżników (osobników, których zadaniem było eliminowanie ofiar o niskim przystosowaniu). Osobniki obu populacji rozmieszczone były w wierzchołkach grafu (w eksperymentach wykorzystywany był graf o topografii powierzchni torusa). Drapieżniki mogły migrować pomiędzy wierzchołkami, natomiast ofiary były na stałe umieszczone w wierzchołkach (w każdym wierzchołku jedna ofiara). Każdy drapieżnik eliminował ofiary względem jednego (przyporządkowanego do niego) kryterium. Dany drapieżnik znajdując się w pewnym wierzchołku grafu wybierał (spośród osobników znajdujących się w sąsiednich wierzchołkach grafu) najgorzej przystosowaną pod względem danego kryterium ofiarę i eliminował ją. Następnie, spośród ofiar znajdujących się w sąsiednich wierzchołkach, wybierani byli losowo rodzice i ich potomek powstały w wyniku krzyżowania i mutacji (lub wyłącznie mutacji) był umieszczany w wierzchołku, z którego usunięta została ofiara. K. Deb [44] pokazał w serii eksperymentów, że algorytm ten nie utrzymuje różnorodnej populacji, przez co znalezione rozwiązania nie pokrywają równomiernie frontu Pareto, a czasami dochodzi nawet do całkowitego ujednoczenia populacji czyli zbiegnięcia się populacji do jednego rozwiązania (szersze omówienie zadania optymalizacji wielokryterialnej w sensie Pareto, relacji Pareto-dominacji, zbioru rozwiązań Pareto-optymalnych, frontu Pareto oraz zastosowania algorytmów ewolucyjnych do rozwiązywania zadań optymalizacji wielokryterialnej można znaleźć w pracach [44, 189]). W celu uniknięcia tych niekorzystnych zjawisk zaproponował on modyfikację algorytmu polegającą na tym, że każdy drapieżnik zamiast eliminować ofiary względem jednego kryterium robił to względem ważonej sumy wszystkich kryteriów (każdy drapieżnik posiadał natomiast inny wektor wag). Dodatkowa modyfikacja polegała na wybieraniu jako rodzica najlepszego (zamiast losowego) osobnika spośród ofiar znajdujących się w wierzchołkach

sąsiadujących z wierzchołkiem, z którego usunięta została ofiara. Zaproponował on również zmianę mechanizmu migracji dla drapieżników, dzięki której mogła być utrzymywana większa różnorodność populacji ofiar. Zamiast poruszać się losowo, dany drapieżnik przemieszczał się zawsze do tego z sąsiednich wierzchołków, w którym znajdowała się ofiara o najlepszym przystosowaniu względem ważonej sumy kryteriów.

X. Li zaproponował *algorytm genetyczny z mechanizmem drapieżnik-ofiara i reprezentacją zmiennopozycyjną przeznaczony do optymalizacji wielokryterialnej* (ang. *real-coded predator-prey GA for multiobjective optimization*) [111]. Główna różnica w stosunku do algorytmu M. Laumanns'a, G. Rudolph'a i H.-P. Schwefel'a polegała na umożliwieniu migracji osobnikom z obu populacji. Zarówno ofiary, jak i drapieżniki mogły przemieszczać się w losowo wybranym kierunku, z tym że w danym wierzchołku mógł się znajdować w danej chwili t wyłącznie jeden osobnik (drapieżnik lub ofiara). Ofiary mogły się krzyżować wyłącznie wtedy, gdy znajdowały się w sąsiadujących ze sobą wierzchołkach. W wyniku zastosowania krzyżowania i mutacji powstawał potomek, który był umieszczany w losowo wybranym wierzchołku grafu (jeżeli w trakcie 10 prób nie udało się znaleźć wolnego wierzchołka potomek był usuwany z populacji). Drapieżnik usuwał najgorzej przystosowaną spośród ofiar znajdujących się w sąsiednich wierzchołkach. Jeżeli w sąsiednich wierzchołkach nie było żadnej ofiary, drapieżnik przemieszczał się w losowym kierunku (autor rozpatrywał również wersję algorytmu, w której drapieżniki mogły przemieszczać się szybciej niż ofiary). Przeprowadzone zostały eksperymenty z dwoma mechanizmami wybierania ofiary przez drapieżnika. W pierwszym z nich każdy drapieżnik wybierał najślabszą ofiarę biorąc pod uwagę wyłącznie jedno kryterium, natomiast w drugim ważoną sumę wszystkich kryteriów. Eksperymenty przeprowadzone zostały z wykorzystaniem trzech funkcji testowych i w każdym przypadku algorytm poprawnie lokalizował front Pareto. Odpowiednio zmodyfikowana wersja algorytmu została również zastosowana w problemach optymalizacji globalnej [112]. Autorzy porównali wpływ zastosowanego mechanizmu umieszczania potomka w grafie (losowo wybrany wierzchołek spośród wszystkich wierzchołków grafu lub losowo wybrany wierzchołek spośród wierzchołków znajdujących się w bezpośrednim sąsiedztwie wierzchołka rodzica) na uzyskiwane rezultaty. Otrzymane wyniki porównano z rezultatami algorytmu genetycznego.

K. Sims prowadził eksperymenty nad koewolucją osobników, których celem było znalezienie i uchwycenie przedmiotu znajdującego się w trójwymiarowym świecie [181]. Każdy osobnik miał zakodowaną w genotypie zarówno sieć neuronową, wykorzystywaną do sterowania jego ruchem, jak i strukturę fizyczną. K. Sims przeprowadził eksperymenty zarówno z jednym, jak i dwoma gatunkami. Wartość przystosowania danego osobnika była określana na podstawie rezultatów serii turniejów. Przeprowadzone zostały eksperymenty z różnymi rodzajami turniejów: każdy z każdym w obrębie jednego gatunku, każdy z każdym z przeciwnego gatunku, losowy dobór w konkurujące pary osobników z tego samego gatunku, losowy dobór w konkurujące pary osobników z przeciwnych gatunków, turniej składający się z rund (osobniki z tego samego gatunku dobierane są w pary losowo, zwycięzcy poszczególnych pojedynków przechodzą do kolejnej rundy, aż do wyłonienia jednego zwycięzcy całego turnieju), każdy osobnik z danego gatunku z najlepszym osobnikiem poprzedniego pokolenia przeciwnego gatunku. Zwycięzcą turnieju był osobnik, który

jako pierwszy pochwycił przedmiot. Według autora najciekawsze rezultaty zostały osiągnięte w przypadku zastosowania dwóch gatunków oraz turnieju, gdzie każdy osobnik z danego gatunku konkurował z najlepszym osobnikiem poprzedniego pokolenia przeciwnego gatunku.

D. Cliff i G. F. Miller wykorzystywali techniki koewolucyjne do optymalizacji układów ruchu oraz sieci neuronowych dla drapieżników i ofiar poruszających się dwuwymiarowym świecie [31, 32]. Zastosowali oni w tym celu algorytm genetyczny z dwoma populacjami osobników (drapieżników i ofiar). Osobniki każdej z populacji były rozmieszczone w środowisku o strukturze grafu. Krzyżowaniu mogły podlegać wyłącznie osobniki znajdujące się w sąsiadujących ze sobą wierzchołkach. Potomek zastępował w populacji najgorzej przystosowanego osobnika z najbliższego sąsiedztwa. W pierwszym pokoleniu każdy osobnik konkurował z wybraną grupą osobników z przeciwnej populacji. W następnych pokoleniach każdy osobnik z danej populacji konkurował z najlepszym osobnikiem z poprzedniego pokolenia przeciwnej populacji. Każdy turniej polegał na umieszczeniu dwóch osobników w dwuwymiarowym świecie. Następnie drapieżnik próbował dogonić ofiarę, natomiast celem ofiary było uniknięcie złapania. Wartość przystosowania danego osobnika była średnią liczbą punktów jaką otrzymał w trakcie serii turniejów. Liczba punktów ofiary zależała od tego jak długo udawało jej się uniknąć złapania, natomiast liczba punktów drapieżnika zależała od tego na jaką odległość zbliżył się do ofiary.

S. G. Ficici i J. B. Pollack prowadzili badania nad koewolucją mechanizmów komunikacji pomiędzy agentami [58]. W ich technice wykorzystywane były trzy populacje (jedna populacja pasożytów oraz dwie populacje żywicieli). Każdy z osobników miał zakodowaną w genotypie sieć neuronową, przy czym ewolucji podlegała zarówno jej architektura, jak i wagi połączeń. W algorytmie stosowany był wyłącznie operator mutacji. Ocena osobników była dokonywana na podstawie serii turniejów typu „każdy z każdym”, w których uczestniczyły trzy osobniki reprezentujące każdy z gatunków. Zadaniem jednego z żywicieli było generowanie takiego binarnego ciągu czasowego, który byłby trudny do przewidzenia dla pasożyta, natomiast łatwy do przewidzenia dla drugiego żywiciela. Liczba punktów uzyskana przez poszczególne osobniki biorące udział w turnieju była określana na podstawie liczby poprawnych predykcji. W trakcie eksperymentów autorzy pokazali, że kombinacja mechanizmów antagonistycznego i kooperacyjnego (w przeciwieństwie do samego mechanizmu antagonistycznego) zapobiega stagnacji procesów koewolucyjnych oraz umożliwia realizację ewolucji otwartej.

T. Haynes i S. Sen stosowali koewolucję oraz programowanie genetyczne do generowania optymalnych strategii dla drapieżników i ofiar działających w dwuwymiarowym świecie o topografii powierzchni torusa [78, 81, 79, 80]. Wartości przystosowania drapieżników oraz ofiar były określone w trakcie turniejów, które polegały na umieszczeniu w środowisku grupy drapieżników oraz jednej ofiary. Celem ofiary było uniknięcie złapania przez drapieżniki, natomiast celem drapieżników było złapanie ofiary dzięki współpracy całej grupy. Każdy drapieżnik widział tylko ofiarę, natomiast ofiara widziała wszystkie drapieżniki. Przeprowadzono eksperymenty zarówno z dwoma ewoluującymi populacjami (drapieżników i ofiar), jak i jedną ewoluującą populacją (drapieżników — strategia ofiar była wtedy ustalona z góry). Autorzy przeprowadzili również eksperymenty, w których występowała pewna forma komunikacji pomiędzy drapieżnikami (drapieżniki były sterowane przez ten sam program),

jak i takie, w których drapieżniki wykonywały różne programy i nie mogły się ze sobą porozumiewać.

D. Floreano i S. Nolfi prowadzili badania nad możliwościami zastosowania koewolucji w robotyce [62, 63, 64, 139]. Wykorzystywali oni dwie populacje osobników (drapieżników i ofiar). Każdy osobnik miał zakodowaną w genotypie sieć neuronową, wykorzystywaną jako sterownik robota. Wartość przystosowania każdego z osobników była określana na podstawie rezultatów serii turniejów. Dany osobnik musiał konkurować z każdym z najlepszych osobników z 10 ostatnich pokoleń przeciwnego gatunku (z tym, że w pierwszym pokoleniu każdy osobnik konkurował z losowo wybranymi osobnikami z przeciwnego gatunku, natomiast w następnych dziewięciu pokoleniach z dziesięcioma losowo wybranymi osobnikami spośród najlepszych osobników z poprzednich pokoleń przeciwnego gatunku). Turniej polegał na zastosowaniu sieci neuronowych wybranych osobników, jako sterowników dwóch robotów. Obydwa roboty posiadały czujniki podczerwieni, dzięki którym mogły wykrywać zbliżanie się przeciwnika, robot-drapieżnik posiadał dodatkowo system wizyjny, natomiast robot-ofiara mógł poruszać się dwa razy szybciej niż robot-drapieżnik. Turniej kończył się, gdy drapieżnik zetknął się z ofiarą lub gdy upłynął maksymalny czas trwania turnieju. Ilość punktów uzyskana przez drapieżnika w danym turnieju była tym wyższa, im szybciej zetknął się on z ofiarą, ofiary natomiast tym wyższa, im dłużej unikała kontaktu z drapieżnikiem. Wartość przystosowania danego osobnika była średnią liczbą punktów uzyskaną w trakcie serii turniejów. W każdym pokoleniu do reprodukcji wybieranych było 20 najlepszych osobników. Potomkowie każdej losowo dobranej pary rodziców byli tworzeni z wykorzystaniem operatorów krzyżowania jednopunktowego i mutacji. Autorzy prowadzili badania nad dynamiką systemu koewolucyjnego i zaobserwowali wystąpienie szeregu ciekawych zachowań robotów, takich jak np. unikanie przeszkód, podążanie za ofiarą, śledzenie ofiary przy użyciu układu wizyjnego.

Podobnymi zagadnieniami interesowali się E. H. Østergaard oraz H. H. Lund [143]. Prowadzili oni badania nad możliwościami zastosowania koewolucji do generowania strategii dla robotów grających w piłkę nożną. W swoich eksperymentach autorzy wykorzystywali dwie populacje. Wartość przystosowania osobników była określana na podstawie wyników serii turniejów, gdzie każdy osobnik konkurował z połową osobników z populacji przeciwnej. Mechanizm oceniania był skonstruowany w ten sposób, że więcej punktów dostawały osobniki szybko strzelające gole oraz trzymające się blisko piłki. Turnieje przeprowadzane były w symulatorze, natomiast wygenerowane optymalne strategie były później testowane na rzeczywistych robotach. Optymalna liczebność populacji została ustalona eksperymentalnie na 50, liczebność elity (grupy osobników z populacji bazowej uwzględnianych na etapie sukcesji) na 10. Najlepszych 10 osobników było również wykorzystywanych jako rodzice. Potomstwo było tworzone z wykorzystaniem operatora mutacji. Autorom udało się wygenerować strategię, która z powodzeniem konkurowała, w trakcie zawodów robotów grających w piłkę nożną, ze strategiami opracowanymi przez człowieka. Autorzy pokazali również, że dzięki zastosowaniu mechanizmu koewolucji udało się wygenerować lepsze i bardziej elastyczne strategie niż w przypadku zastosowania algorytmu ewolucyjnego.

L. Panaït oraz S. Luke przeprowadzili eksperymentalne badania nad wpływem sposobu dobierania osobników w pary w trakcie turnieju w algorytmach koewolu-

cyjnych z jedną populacją i mechanizmem CFF [146]. S. G. Ficici oraz J. B. Pollack prowadzili badania nad dynamiką „wyścigu zbrojeń”, zjawiskami stagnacji procesu ewolucji oraz występowaniem ewolucji otwartej w systemach koewolucyjnych z wieloma gatunkami [57]. Zastosowanie ewolucyjnej teorii gier do analizy dynamiki algorytmów koewolucyjnych oraz mechanizmu *konkurencyjnego podziału przystosowania* zostało przedstawione w pracach [59, 60, 114].

Kooperacyjne techniki koewolucyjne

P. Husbands opracował *rozproszony koewolucyjny algorytm genetyczny* (ang. *distributed coevolutionary genetic algorithm*) [87]. Algorytm ten był stosowany do harmonogramowania zadań. Każda z populacji miała przypisane zadanie optymalizacji procesu wytwarzania pewnego komponentu. Osobnik danej populacji stanowił propozycję procesu wytwarzania jednego komponentu, przy czym proces ten korzystał ze wspólnych dla wszystkich populacji zasobów. Dodatkowa populacja tzw. *arbitrów* miała za zadanie rozwiązywanie konfliktów pomiędzy osobnikami poszczególnych gatunków w trakcie korzystania ze wspólnych zasobów. Osobniki były rozmieszczone w wierzchołkach grafu o topografii powierzchni torusa. W każdym wierzchołku znajdował się dokładnie jeden przedstawiciel każdej z populacji. Ocena danego osobnika była dokonywana na podstawie kosztów danego procesu produkcyjnego oraz interakcji z osobnikami pozostałych populacji, znajdujących się w tym samym wierzchołku w trakcie dostępu do wspólnych zasobów. Osobniki populacji arbitrów były oceniane na podstawie tego, jak dobrze rozwiązywały konflikty pomiędzy osobnikami poszczególnych populacji. W algorytmie zastosowano mechanizm selekcji lokalnej. W trakcie reprodukcji konkurowały ze sobą osobniki znajdujące się w sąsiadujących ze sobą wierzchołkach, przy czym prawdopodobieństwo tego, że rodzicem zostanie osobnik o najlepszym przystosowaniu spośród nich, było dwa razy większe niż w przypadku pozostałych konkurujących osobników. Potomek zastępował osobnika z sąsiadujących wierzchołków wybranego na podstawie podobnego mechanizmu, jak w przypadku reprodukcji (z tym że z większym prawdopodobieństwem były wybierane gorsze osobniki).

M. A. Potter oraz K. A. De Jong opracowali *model koewolucji kooperacyjnej* (ang. *model of cooperative coevolution*) [162, 166]. Model ten zakłada podział rozwiązywanego problemu na podproblemy, z których każdy jest przyporządkowywany odrębnej populacji osobników (gatunkowi). Każda z populacji jest następnie przetwarzana pewnym algorytmem ewolucyjnym (może tu być wykorzystany dowolny algorytm ewolucyjny — autorzy stosowali algorytmy genetyczne oraz strategie ewolucyjne). Model dopuszcza również możliwość stosowania odmiennej reprezentacji genotypu osobników w każdej z populacji. Równoległe ewoluujące gatunki oddziałują na siebie wyłącznie w trakcie oceny osobników (nie dochodzi nigdy do krzyżowania osobników odrębnych gatunków). Osobnik danego gatunku był oceniany w ramach grupy, do której należeli, oprócz niego, również przedstawiciele pozostałych gatunków. Dopiero tak sformowana grupa osobników stanowiła kompletne rozwiązanie danego problemu i podlegała ocenie. Reprezentantami pozostałych gatunków były na ogół najlepsze osobniki tych gatunków. Stosowane też były inne mechanizmy wybierania reprezentantów poszczególnych gatunków, np. wybieranie losowych osobników lub też wybieranie osobników z prawdopodobieństwem proporcjonalnym do wartości ich przystosowania. Osobniki danego gatunku były oceniane

w ramach tej samej grupy reprezentantów pozostałych gatunków. Wartością przystosowania ocenianego osobnika była wartość przystosowania całej grupy, w ramach której podlegał ocenie (wartość przystosowania nie była „dzielona” pomiędzy osobniki wchodzące w skład grupy). Autorzy zaproponowali również mechanizm automatycznego dostosowywania liczby gatunków do stopnia złożoności problemu. Nowy gatunek był dodawany, gdy wykryto stagnację gatunków, to znaczy gdy wartość funkcji przystosowania dla najlepszej grupy przedstawicieli poszczególnych gatunków nie poprawiała się znacząco przez kilka pokoleń. Dany gatunek mógł być również usunięty w przypadku, gdy jego wkład w rozwiązanie danego problemu był niewielki. W tym celu sprawdzano wartość przystosowania grupy zarówno z udziałem przedstawicieli danego gatunku, jak i bez nich. Model koewolucji kooperacyjnej znalazł zastosowanie w optymalizacji funkcji wielu zmiennych [163], ewolucji wag połączeń sieci neuronowej [164], przy konstrukcji koewolucyjnego systemu immunologicznego przeznaczonego do uczenia się pojęć [165] oraz w ewolucji wag połączeń sieci neuronowych, wykorzystywanych jako sterowniki dla grupy współpracujących robotów [167]. R. P. Wiegand, W. C. Liles oraz K. A. De Jong przeprowadzili eksperymenty mające na celu porównanie różnych mechanizmów dobierania przedstawicieli poszczególnych gatunków do współpracującej grupy osobników [200]. Wyniki analiz wpływu stosowanej reprezentacji zadania na mechanizmy dobierania przedstawicieli poszczególnych gatunków do współpracującej grupy osobników zostały przedstawione w pracy [197].

R. P. Wiegand zaproponował *algorytm genetyczny z dyfuzyjnym mechanizmem koewolucji kooperacyjnej* (ang. *diffusable cooperative coevolution genetic algorithm*) [198], stanowiący połączenie modelu M. A. Potter'a i K. A. De Jong'a z *techniką etykiet* W. M. Spears'a (technika ta przedstawiona została w rozdz. 2.4.4). W technice tej osobniki poszczególnych gatunków są odróżniane od siebie na podstawie etykiet (ciągu bitów) dołączonych do ich genotypów. W odróżnieniu od techniki W. M. Spears'a, w omawianym algorytmie etykiety te podlegały działaniu operatora mutacji, dzięki czemu liczebność poszczególnych gatunków mogła się zmieniać z pokolenia na pokolenie (w przypadku etykiet wykorzystywano inne prawdopodobieństwo mutacji niż dla pozostałej części genotypu). W celu przeciwdziałania wyginięciu gatunków zastosowano sukcesję elitarną. Dany podproblem mógł być rozwiązywany przez więcej niż jeden gatunek. W takim przypadku, decyzja o wyborze przedstawiciela do grupy współpracujących osobników była podejmowana na podstawie średniego przystosowania populacji poszczególnych gatunków rozwiązujących ten sam podproblem (wybierano osobnika z gatunku o najwyższym średnim przystosowaniu). Algorytm genetyczny z dyfuzyjnym mechanizmem koewolucji kooperacyjnej został zastosowany z powodzeniem do optymalizacji funkcji wielu zmiennych [198].

Q. Zhao zaproponował *ogólny model kooperacyjnego algorytmu koewolucyjnego* (ang. *general model for cooperative co-evolutionary algorithms*) [208]. Model ten oparty został na analogiach do społeczeństwa. Cały system (społeczeństwo) składał się ze zbioru organizacji oraz zbioru populacji. Każda organizacja składała się ze zbioru osobników (z których każdy stanowił propozycję rozwiązania pewnego podproblemu) wybranych z poszczególnych populacji, organizatora (zestawu reguł wybierania osobników z populacji i konstruowania z nich kompletnego rozwiązania — grupy) oraz zbioru zadań do wykonania przez grupę. Każda populacja składała się ze zbioru osobników oraz reguł ewolucji (mógł tu być stosowany dowolny algo-

rytm ewolucyjny). Każda z populacji była przypisana do pewnego podproblemu, natomiast poszczególne osobniki stanowiły propozycje rozwiązania tego podproblemu. Zarówno organizacje, jak i populacje mogły być poddane procesom ewolucji. W przypadku organizacji mogli ewoluować organizatorzy (czyli reguły tworzenia kompletnych rozwiązań), natomiast w przypadku zbioru populacji ewolucja mogła polegać na tworzeniu nowych i usuwaniu niepotrzebnych populacji. Omawiany model kooperacyjnego algorytmu koewolucyjnego został wykorzystany w pracy [208] do opisu zaproponowanych przez innych autorów kooperacyjnych technik koewolucyjnych (m. in. techniki M. A. Potter'a i K. A. De Jong'a). Posłużył on również do opracowania nowych technik kooperacyjnej koewolucji sieci neuronowych przeznaczonych do rozpoznawania wzorców [209] oraz aproksymacji funkcji [210].

D. Vrajitoru zaprezentowała koncepcję połączenia *modelu koewolucji kooperacyjnej* oraz *modelu wyspowego* (por. rozdz. 1.2.3) [191]. Populację każdej z wysp stanowiły osobniki będące propozycjami rozwiązań poszczególnych podproblemów. W celu oceny grupy osobników stanowiącej propozycję kompletnego rozwiązania, konieczne było przesyłanie osobników pomiędzy poszczególnymi podpopulacjami (wyspami). Wyspy połączone były w pierścien i co pewien czas dochodziło do wymiany osobników pomiędzy podpopulacjami. Każda wyspa przysyłała do sąsiadującej z nią po lewej stronie wyspy najlepszego osobnika ze swojej podpopulacji oraz wszystkie osobniki otrzymane od wyspy sąsiadującej z nią po prawej stronie. Proces taki miał miejsce dotąd, aż wszystkie wyspy posiadały najlepsze częściowe rozwiązania z pozostałych wysp.

Zastosowanie modelu koewolucji kooperacyjnej w problemach optymalizacji wielokryterialnej zostało przedstawione w pracy [97]. Podobnie, jak w przypadku techniki M. A. Potter'a i K. A. De Jong'a, problem dzielony był na podproblemy przypisywane do poszczególnych podpopulacji oraz oceniane były grupy osobników, złożone z reprezentantów tych podpopulacji. Jedyną różnicą polegała na wprowadzeniu mechanizmu reprodukcji rangowej w obrębie poszczególnych podpopulacji. Ranga danego osobnika była tu liczbą osobników z tego samego gatunku, które go dominowały (w sensie relacji Pareto-dominacji [189]).

A. Iorio i X. Li również stosowali model koewolucji kooperacyjnej w problemach optymalizacji wielokryterialnej [90]. Działanie opracowanej przez nich techniki było następujące. W pierwszym pokoleniu, osobniki z poszczególnych podpopulacji były oceniane w ramach grup utworzonych z losowo wybranych osobników pozostałych podpopulacji. Każda grupa (stanowiąca kompletne rozwiązanie) oceniana była względem poszczególnych kryteriów. Po dokonaniu oceny wszystkich grup były one sortowane według poziomu zdominowania czyli liczby grup, które dominowały daną grupę osobników (w sensie relacji Pareto-dominacji [189]). Każdy osobnik wchodzący w skład grupy miał przypisywane przystosowanie takie jak cała grupa. Następnie stosowana była reprodukcja turniejowa, w trakcie której osobniki konkurowały ze sobą w ramach poszczególnych podpopulacji. Dany osobnik wygrywał turniej jeżeli był członkiem grupy o niższym poziomie zdominowania (jeżeli grupy obydwu osobników miały ten sam poziom zdominowania, uwzględniany był poziom unikalności grupy, tzn. dana grupa była oceniana tym wyżej, im mniej podobnych, w sensie odległości w przestrzeni genotypów lub fenotypów w pewnej ustalonej metryce, do niej grup występowało w populacji). Potomstwo, w ramach poszczególnych podpopulacji, było generowane z wykorzystaniem operatorów krzyżowania i mutacji. Oceny

osobników potomnych dokonywano w ramach grup, w skład których, oprócz oceniającego potomka, wchodziło losowo wybrani przedstawiciele poszczególnych podpopulacji. Wybranie danego osobnika, jako przedstawiciela podpopulacji było tym bardziej prawdopodobne, im lepsze było jego przystosowanie. W algorytmie stosowana była sukcesja elitarna. Autorzy zweryfikowali działanie swojej techniki w trakcie eksperymentów z wykorzystaniem standardowych problemów wielokryterialnych.

D. E. Moriarty oraz R. Miikkulainen wykorzystywali technikę koewolucji kooperacyjnej do ewolucji wag połączeń oraz architektury sieci neuronowej [133]. W opracowanej przez nich technice, wykorzystywane były dwie populacje: neuronów warstwy ukrytej oraz wzorców warstwy ukrytej. Osobniki z populacji neuronów miały zakodowane w genotypie połączenia z neuronami warstw wejściowej i wyjściowej oraz ich wagi. Osobniki populacji wzorców miały zakodowane w genotypie informacje, z których osobników z populacji neuronów należy zbudować warstwę ukrytą. Dla każdego osobnika z populacji wzorców konstruowana była sieć neuronowa, która podlegała następnie ocenie w trakcie rozwiązywania pewnego problemu. Wartość przystosowania osobnika z populacji neuronów była określona jako suma przystosowania najlepszych sieci neuronowych, w których był wykorzystywany. W populacji neuronów, reprodukcji podlegało najlepsze 25% osobników. W wyniku operacji krzyżowania jednopunktowego powstawał jeden potomek, natomiast drugi był kopią jednego z rodziców. Następnie stosowany był operator mutacji i potomstwo zastępowało najgorsze neurony w populacji bazowej. W populacji wzorców stosowane były operatory krzyżowania oraz specjalnej mutacji polegającej na zmianie neuronu wchodzącego w skład warstwy ukrytej na innego, losowo wybranego, osobnika z populacji neuronów lub też zamianie wspomnianego neuronu na jednego z jego potomków. Autorzy wykorzystywali opisaną technikę do optymalizacji sieci neuronowych wykorzystywanych jako układ sterowania mobilnego robota [133]. C. H. Yong oraz R. Miikkulainen wprowadzili pewne modyfikacje do techniki koewolucyjnej optymalizacji sieci neuronowej [206]. Główna zmiana polegała na zastosowaniu odrębnych populacji osobników dla każdego neuronu warstwy ukrytej, dzięki czemu poszczególne gatunki mogły specjalizować się w rolach pełnionych w warstwie ukrytej sieci neuronowej. Opracowany mechanizm autorzy zastosowali do optymalizacji sieci neuronowych wykorzystywanych jako sterowniki agentów (drapieźników) działających w grupie. Celem działania takiej grupy było złapanie innego agenta (ofiary). Agenci poruszali się w środowisku o topografii powierzchni torusa. Autorzy porównali działanie dwóch wariantów swojej techniki: w pierwszym każdy agent z grupy wykorzystywał tę samą sieć neuronową, natomiast w drugim wykorzystywali oni sieci neuronowe ewoluowane oddzielnie [206].

H. A. Mayer zaproponował technikę kooperacyjnej koewolucji sieci neuronowych oraz zbiorów danych uczących [124]. Osobniki z populacji sieci miały zakodowaną w genotypie architekturę sieci neuronowej, natomiast osobniki z populacji zbiorów danych uczących miały zakodowane indeksy wzorców przechowywanych w pewnej strukturze danych. W strukturze tej przechowywane były wszystkie dostępne wzorce wykorzystywane do uczenia sieci. Wartość przystosowania osobnika z populacji sieci neuronowych zależała od tego, jak dobrze sieć skonstruowana w oparciu o jego genotyp rozwiązywała dane zadanie oraz od złożoności tej sieci. Wartość przystosowania osobnika ze zbioru danych uczących była identyczna jak sieci neuronowej, do uczenia której był on wykorzystywany. Autor przeprowadził badania nad dwoma wersjami

algorytmu. W pierwszej, wybierana była sieć neuronowa o maksymalnej złożoności, a następnie poddawano procesowi ewolucji populację zbiorów danych uczących, które były oceniane na podstawie współpracy z wybraną siecią. Proces ten trwał 50 pokoleń, a następnie wybierano najlepszego osobnika z populacji zbiorów danych uczących i wykorzystywano go w trakcie ewolucji populacji sieci neuronowych (również trwającej 50 pokoleń). W drugiej wersji algorytmu obydwie populacje (sieci neuronowych oraz zbiorów danych uczących) ewoluowały równocześnie. Osobniki z populacji zbiorów danych uczących były łączone w pary z osobnikami z populacji sieci neuronowych. Wartość przystosowania zbioru danych uczących była w tym przypadku identyczna, jak sieci neuronowej, do uczenia której był on wykorzystywany. W poszczególnych populacjach wykorzystywany był algorytm genetyczny z reprodukcją turniejową oraz krzyżowaniem dwupunktowym i mutacją, liczebność populacji wynosiła 50 osobników, maksymalna liczba pokoleń również 50. Technika została zastosowana do optymalizacji sieci neuronowych przeznaczonych do rozpoznawania wzorców [124].

Zastosowanie koewolucji kooperacyjnej do rozwiązywania problemu transportowego zostało przedstawione w pracy [115]. W algorytmie wykorzystywane były dwa gatunki (s_1 i s_2). Osobniki gatunku s_1 miały zakodowane w genotypie liczby węzłów, które miały zostać odwiedzone przez poszczególne pojazdy. Osobniki gatunku s_2 miały natomiast zakodowane, w odpowiedniej kolejności, numery węzłów przeznaczonych do odwiedzenia przez poszczególne pojazdy. Kompletne rozwiązanie stanowiła para osobników (po jednym z każdego gatunku). Rozwiązanie było konstruowane w następujący sposób. Dla każdego pojazdu pobierana była z fenotypu osobnika gatunku s_1 liczba węzłów (n), którą pojazd ten miał odwiedzić. Następnie, z fenotypu osobnika gatunku s_2 pobierane było, w kolejności, n numerów węzłów przeznaczonych do odwiedzenia przez dany pojazd, przy czym były to numery węzłów nie wykorzystane jeszcze do tej pory przy wyznaczaniu tras dla innych pojazdów. W trakcie oceny każdego osobnika z danego gatunku, wybierano pewną liczbę osobników z gatunku przeciwnego, z których jeden był najlepszym osobnikiem poprzedniego pokolenia, a pozostałe były wybierane losowo. Wartość przystosowania danego osobnika była wyznaczana jako koszt najlepszego rozwiązania (pary składającej się z ocenianego aktualnie osobnika oraz pewnego osobnika z wybranej grupy). Populacja każdego gatunku była przetwarzana algorytmem genetycznym z wykorzystaniem mechanizmu reprodukcji turniejowej, operatorów krzyżowania i mutacji oraz mechanizmu sukcesji elitarniej. Autorzy porównali wyniki osiągnięte przez algorytm koewolucyjny z wynikami algorytmu genetycznego [115].

Do kooperacyjnych technik koewolucyjnych można zaliczyć również technikę *niszowania z koewolucyjnym podziałem przystosowania* [74], która szerzej omówiona została w rozdz. 2.4.3. *Koewolucyjny algorytm genetyczny* J. Paredis'a oraz *liniowy model symbiozy* J. Morrison'a i F. Oppacher'a umożliwiają realizację zarówno koewolucji antagonistycznej jak i kooperacyjnej. Techniki te zostały szerzej omówione w rozdziale poświęconym technikom antagonistycznym.

Wyniki analiz dynamiki kooperacyjnych algorytmów koewolucyjnych z wykorzystaniem ewolucyjnej teorii gier można znaleźć w pracy [199].

1.4.3. Przegląd badań prowadzonych nad mechanizmem doboru płciowego

R. Allenson opracował algorytm genetyczny z mechanizmem doboru płciowego przeznaczony do optymalizacji wielokryterialnej [2]. W algorytmie tym liczba płci była identyczna jak liczba kryteriów, przy czym osobniki danej płci były oceniane wyłącznie na podstawie kryterium związanego z tą płcią. W algorytmie stosowany był mechanizm reprodukcji turniejowej. Najpierw wybierane były losowo dwa osobniki z populacji, a następnie jeden z nich zostawał rodzicem (z większym prawdopodobieństwem był wybierany osobnik o lepszym przystosowaniu). Podobnie wybierano drugiego rodzica. Potomek był tworzony z wykorzystaniem operatorów krzyżowania i mutacji. Jego płeć była określana losowo, a następnie zastępował on w populacji najgorszego osobnika ze swojej płci. R. Allenson zaproponował również mechanizm doboru płciowego [2]. W tej wersji algorytmu zastosowane zostały mechanizmy reprodukcji i sukcesji ze strategii ewolucyjnej ($\mu + \lambda$). Każdy osobnik podlegał reprodukcji, natomiast jego partner był dobierany na podstawie indywidualnych preferencji zakodowanych w genotypie danego osobnika. Preferencje te określały, z jakiej grupy osobników ma być wybrany partner (brana tu była pod uwagę ranga osobników w populacji, np. preferencje mogły dotyczyć 10% najlepszych osobników). Preferencje potomka były generowane z preferencji rodziców, z wykorzystaniem specjalnego operatora rekombinacji.

J. Lis oraz A. E. Eiben opracowali *algorytm genetyczny z wieloma płciami* (ang. *multi-sexual genetic algorithm — MSGA*) przeznaczony do optymalizacji wielokryterialnej [113]. Liczba płci odpowiadała w tym algorytmie liczbie kryteriów. Każdy osobnik miał zakodowany w genotypie wektor wartości zmiennych niezależnych oraz znacznik płci (stosowana była reprezentacja binarna). Wartość przystosowania danego osobnika była określona jako wartość kryterium przypisanego do jego płci obliczona dla fenotypu osobnika. Osobniki rodzicielskie były wybierane z zastosowaniem mechanizmu reprodukcji rangowej. W tym celu osobniki każdej płci były sortowane według wartości przystosowania, a następnie były im przypisywane rangi (w ramach każdej płci oddzielnie). W trakcie reprodukcji podejmowana była najpierw decyzja o zastosowaniu operatora rekombinacji. Jeżeli był on stosowany, wtedy z każdej płci wybierano jednego rodzica z wykorzystaniem mechanizmu reprodukcji rangowej, a następnie tworzony był potomek w wyniku zastosowania operatora krzyżowania wieloosobniczego [113]. Płeć potomka była taka sama, jak rodzica, który dostarczył najwięcej genów. W przypadku, gdy operator rekombinacji nie był stosowany, wtedy najpierw wybierana była losowo płeć, a następnie jeden rodzic z tej płci z wykorzystaniem mechanizmu reprodukcji rangowej. Operator mutacji (stosowany z pewnym prawdopodobieństwem) nie mógł zmienić znacznika płci potomka. Po wygenerowaniu nowej populacji bazowej, wybierana była z niej grupa osobników Pareto-optymalnych ([189]), a następnie grupa ta była scalana ze zbiorem osobników Pareto-optymalnych z poprzednich pokoleń. W trakcie scalania osobniki zdominowane (w sensie relacji Pareto-dominacji [189]) były usuwane ze zbioru. S. Bonissone oraz R. Subbu zaproponowali dodatkowe mechanizmy określania płci potomka (fenotypowy oraz losowy), a także przeprowadzili eksperymenty z innymi wariantami operatora rekombinacji oraz kodowaniem Gray'a [13]. W przypadku mechanizmu fenotypowego, potomek był oceniany według każdego z kryteriów i przypisywana mu

była płeć powiązana z tym kryterium, względem którego dostał najwyższą ocenę (rozważany był również wariant przypisywania potomkowi tej płci, która była powiązana z kryterium względem którego dostał najgorszą ocenę). Mechanizm losowy polegał na losowym przydzielaniu płci potomkowi. Autorzy zastosowali z powodzeniem swój algorytm do optymalizacji kilku funkcji testowych oraz w zadaniu planowania produkcji [13].

P. M. Todd oraz G. F. Miller przedstawili model symulacyjny mechanizmu doboru płciowego oraz przeprowadzili szereg eksperymentów [130, 131, 184]. Pokazali oni, że dobór naturalny oraz dobór płciowy uzupełniają się wzajemnie. Procesy te wspólnie przyczyniają się do powstawania i utrzymywania się różnorodności populacji w sposób o wiele bardziej efektywny niż każdy z nich z osobna. Autorzy wskazywali na to, że dobór płciowy umożliwia gatunkom tworzenie własnych optimum funkcji przystosowania („modyfikowanie” funkcji przystosowania), co zwiększa zdolność populacji do eksploracji różnych regionów przestrzeni fenotypów oraz „wychodzenia” z optimum lokalnych. Autorzy zaprezentowali również symulacyjny model specjacji sympatrycznej zachodzącej w wyniku działania doboru płciowego (model specjacji sympatrycznej został szerzej omówiony w rozdz. 2.1.2).

M. Ratford, A. Tuson oraz H. Thompson zastosowali mechanizm doboru płciowego do konstrukcji techniki optymalizacji funkcji wielomodalnych [168]. Technika ta szerzej została omówiona w rozdziale 2.4.3.

W pracach [69, 70, 68] przedstawiony został model specjacji sympatrycznej zachodzącej w wyniku działania doboru płciowego oraz wyniki eksperymentów symulacyjnych. W modelu tym występowanie doboru płciowego wynikało z koewolucji samic i samców, gdzie samice ewoluowały tak, aby utrzymać częstotliwość reprodukcji i wynikające z niej koszty na optymalnym poziomie, natomiast samce ewoluowały tak, aby zachęcać samice do jak najczęstszej reprodukcji. Wyniki badań symulacyjnych wskazywały na trzy możliwe kierunki ewolucji w ramach takiego modelu. Pierwszą możliwością była koewolucja otwarta, w której samice dążyły stale do zmniejszenia częstotliwości reprodukcji, natomiast samce do jej zwiększenia (dochodziło do swoistego „wyścigu zbrojeń”). W drugim przypadku dochodziło do rozdzielenia puli genotypów samic na dwie grupy znajdujące się w optymalnej odległości od puli genotypów samców, natomiast samce pozostawały w swoistej „pułapce”, przy stosunkowo niskim sukcesie reprodukcyjnym. W trzecim przypadku, pula genotypów samców rozdzielała się również na dwie grupy, w odpowiedzi na dywersyfikację samic. W tym przypadku dochodziło do powstania dwóch izolowanych rozrodczo gatunków.

J. Sánchez-Velazco oraz J. A. Bullinaria zaproponowali *strategie doboru płciowego* (ang. *gendered selection strategies*) dla algorytmów genetycznych [175, 176]. W technice tej wykorzystywane były dwie płcie: samce i samice. W trakcie reprodukcji (autorzy wykorzystywali mechanizm reprodukcji proporcjonalnej) pierwszy rodzic (samiec) wybierany był na podstawie wartości funkcji przystosowania, natomiast samica na podstawie tzw. *pośredniej wartości przystosowania* (ang. *indirect fitness*). Pośrednia wartość przystosowania była średnią ważoną wartości funkcji przystosowania, wieku osobnika oraz wartości określającej zdolność samicy do produkowania samców lepszych od ojca (wartość ta była różnicą wartości funkcji przystosowania ostatniego potomka płci męskiej danej samicy oraz jego ojca). W trakcie reprodukcji generowanych było dwóch potomków (po jednym z każdej płci) z zasto-

sowaniem operatora krzyżowania jednopunktowego oraz mutacji (wykorzystywano wyższe prawdopodobieństwo mutacji dla samców). W algorytmie wykorzystywana była sukcesja elitarna oraz populacja o stałej liczebności. Autorzy zaproponowali również specjalny operator krzyżowania. Genotypy ojca i matki rozcinane były na dwie części (każdy w innym, wyznaczonym losowo, punkcie). Następnie tworzone były genotypy potomstwa (w różny sposób dla samca i samicy). W trakcie tworzenia genotypu samca wykorzystywany był punkt rozcięcia genotypu ojca. Pierwsza część genotypu samca była pierwszą częścią genotypu jego ojca, natomiast druga część była drugą częścią genotypu matki, przeciętego w takim samym punkcie, jak genotyp ojca. Genotyp samicy powstawał wyłącznie z genotypu matki. Pierwsza część genotypu samicy była odwróconą, pierwszą częścią genotypu jej matki, natomiast druga część była identyczna jak druga część genotypu matki, przy czym wykorzystywany był tu oczywiście punkt rozcięcia genotypu matki. Technika została przetestowana na *problemie komiwojażera* oraz w problemach optymalizacji globalnej. W przypadku każdego z problemów udało się uzyskać lepsze rezultaty niż przy zastosowaniu algorytmu ewolucyjnego, zarówno pod względem szybkości działania, jak i dokładności otrzymanego rozwiązania.

D. Vrajitoru przedstawiła model, w którym występowały cztery płcie (samice, samce, osobniki samozapładniające oraz hemafrrodyty), przy czym każda z nich podlegała innym ograniczeniom w trakcie reprodukcji [192, 193]. Osobniki samozapładniające mogły podlegać krzyżowaniu z osobnikami dowolnej płci, włączając w to samych siebie. Hemafrrodyty mogły krzyżować się z osobnikami dowolnej innej płci. Samce mogły krzyżować się z samicami lub hemafrrodytami, natomiast samice z samcami lub hemafrrodytami. Samice oraz samce mogły zmieniać płeć na przeciwną w przypadku, gdy w pewnej liczbie prób nie udało im się znaleźć partnera. W algorytmie stosowana była reprodukcja proporcjonalna oraz sukcesja elitarna. Potomstwo powstawało w wyniku zastosowania operatorów krzyżowania (z prawdopodobieństwem 1.0) oraz mutacji (z prawdopodobieństwem 0.01). W wyniku zastosowania operatora krzyżowania powstawało dwóch potomków, którzy dziedziczyli po rodzicach w sposób losowy płeć. Autorka przeprowadziła eksperymenty z wykorzystaniem funkcji testowych, problemów zwodniczych (specjalnie skonstruowanych tak, aby utrudnić działanie algorytmu ewolucyjnego) oraz NP-zupełnego problemu polegającego na odpowiedzi na pytanie, czy w danym grafie istnieje cykl Hamiltona. Przeprowadzone zostały również eksperymenty z różnymi schematami reprodukcji (gdy w systemie występowały wyłącznie osobniki samozapładniające, osobniki wszystkich płci, wyłącznie samice i samce oraz wyłącznie hemafrrodyty). Zbadano również wpływ liczebności populacji na osiągnięte wyniki w przypadku każdego ze schematów reprodukcji.

1.5. Podsumowanie

W rozdziale niniejszym przedstawione zostały główne pojęcia i koncepcje wykorzystywane w algorytmach ewolucyjnych, a także ich podstawowe rodzaje. Szerzej omówiono mechanizmy zaawansowane, takie jak koewolucja oraz dobór płciowy, które są przedmiotem intensywnych prac badawczych w ostatnich latach. Techniki te wykorzystywane są w celu utrzymywania różnorodności populacji, poprawiania zdolności adaptacyjnych algorytmów ewolucyjnych, realizacji ewolucji otwartej oraz

w przypadkach, gdy określenie funkcji przystosowania jest trudne lub niemożliwe. Omówiono również model ewolucyjnego systemu wieloagentowego, stanowiący interesującą próbę połączenia paradygmatów algorytmów ewolucyjnych oraz systemów wieloagentowych. Ewolucyjne systemy wieloagentowe są aktualnie tematem intensywnych prac badawczych, jednakże nie zaproponowano jak dotąd żadnych specyficznych dla tych systemów (tj. nie naruszających zdecentralizowanego charakteru procesów ewolucyjnych) mechanizmów koewolucji i doboru płciowego. Próby zastosowania ewolucyjnych systemów wieloagentowych w trudnych problemach optymalizacji wielomodalnej, wielokryterialnej oraz optymalizacji funkcji niestacjonarnych będzie niewątpliwie wymagało opracowania tego rodzaju mechanizmów — analogicznie, jak to miało miejsce w przypadku klasycznych algorytmów ewolucyjnych.

Rozdział 2

Techniki niszczenia i specjacji

Zarówno analizy teoretyczne, jak i wyniki eksperymentów wskazują na to, że w przypadku problemów optymalizacji wielomodalnej algorytm ewolucyjny znajdzie najczęściej tylko jedno rozwiązanie [120]. Jest to związane z szerszym zjawiskiem utraty różnorodności populacji przez algorytm ewolucyjny (p. rozdz. 1.2.4). Znalezienie wszystkich (lub większości) rozwiązań możliwe jest wyłącznie w przypadku zastosowania specjalnych technik optymalizacji wielomodalnej, zwanych *technikami niszczenia i specjacji* (ang. *niching and speciation techniques*).

W ostatnich latach zostały opracowane liczne techniki niszczenia i specjacji, które generalnie można podzielić na trzy rodzaje: techniki działające w oparciu o modyfikację mechanizmu reprodukcji, techniki działające w oparciu o modyfikację mechanizmu sukcesji oraz techniki ograniczające zasięg działania selekcji i/lub operatora rekombinacji.

W rozdziale niniejszym przedstawione zostaną podstawy biologiczne przydatne z punktu widzenia dalszych rozważań nad technikami niszczenia i specjacji: pojęcie niszy ekologicznej oraz biologiczne modele specjacji czyli powstawania gatunków. W dalszej części rozdziału omówione zostaną cele stosowania technik niszczenia i specjacji, ich klasyfikacja oraz najważniejsze techniki i modele ewolucyjnej optymalizacji wielomodalnej. Rozdział kończy się próbą oceny zaprezentowanych rozwiązań i propozycjami dalszych kierunków badań.

2.1. Podstawy biologiczne procesów powstawania gatunków

2.1.1. Nisza ekologiczna

Pod pojęciem *niszy ekologicznej* rozumie się w biologii n -wymiarową przestrzeń określającą całkowity zakres warunków, w których dany gatunek może żyć i rozmnażać się [12, 33, 105]. Uwzględniając zakres zmienności jednego czynnika środowiska (np. temperatury), w którym osobniki danego gatunku mogą przeżyć i wydawać potomstwo, otrzymujemy jednowymiarową niszę tego gatunku. Uwzględnianie zakresu zmienności kolejnych czynników (np. wilgotności, wielkości cząstek pokarmu) prowadzi do niszy o większej liczbie wymiarów. W przypadku uwzględnienia zakresu zmienności wszystkich czynników środowiska, w których dany gatunek może żyć i pomyślnie się rozwijać otrzymujemy niszę n -wymiarową. Przy określaniu różnic

między niszami poszczególnych gatunków, postuluje się w literaturze ograniczenie liczby rozpatrywanych czynników do kilku najważniejszych [105, 33].

W sytuacji braku innych konkurujących gatunków, nisza ekologiczna danego gatunku to tzw. jego *nisza podstawowa* (*fundamentalna*) lub *potencjalna* (czyli taka, którą gatunek ten mógłby potencjalnie zajmować w warunkach optymalnych) (ang. *fundamental niche*) [12]. W przypadku obecności konkurujących gatunków nisza ekologiczna danego gatunku jest ograniczana do tzw. *niszy realizowanej* (ang. *realized niche*).

W przypadku funkcji wielomodalnych (p. rozdz. 1.1), obszar przyciągania danego minimum lokalnego (dla pewnej metody *lok*) może być traktowany jako nisza ekologiczna pewnego gatunku (czyli podpopulacji osobników, którzy są zlokalizowani w tym obszarze przyciągania).

2.1.2. Biologiczne modele specjacji

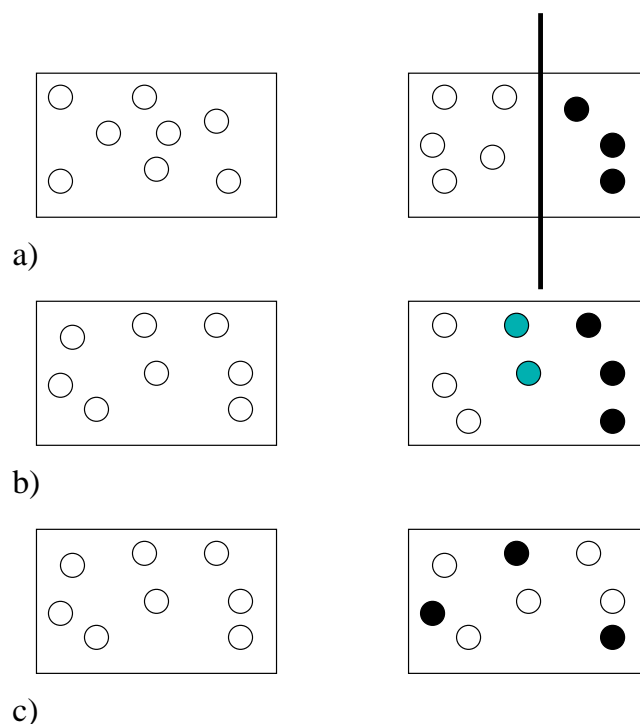
Zrozumienie zasad i mechanizmów procesu powstawania nowych gatunków (specjacji) nadal pozostaje jednym z największych wyzwań stojących przed biologią ewolucyjną. W wyniku prowadzonych badań opracowane zostały trzy modele specjacji [68, 107, 105, 49].

W pierwszym z nich, zwanym *specjacją allopatriczną* (ang. *allopatric speciation model* — *ASM*), do powstawania nowych gatunków dochodzi w wyniku izolacji geograficznej podpopulacji gatunku wyjściowego (p. rys. 2.1a). Gdy dochodzi do takiej izolacji (barierą może tu być np. rzeka, łańcuch górski itp.), ewolucja każdej z podpopulacji przebiega innym torem i w niektórych przypadkach stają się one odrębnymi, izolowanymi reprodukcyjnie gatunkami [68, 49, 107]. Przebieg specjacji allopatricznej można przedstawić w następujący sposób [105]:

- 1) Dwie podpopulacje tego samego gatunku stają się w pewnym momencie izolowane na skutek pojawienia się między nimi barier geograficznych.
- 2) W obu podpopulacjach mają miejsce niezależne procesy ewolucyjne, dostosowujące je do lokalnych warunków środowiska. W wyniku tego dochodzi do izolacji rozrodczej wspomnianych podpopulacji — wytwarzają się mechanizmy, które uniemożliwiają krzyżowanie się osobników z różnych podpopulacji.
- 3) W przypadku, gdy zniknie bariera geograficzna izolująca podpopulacje, mechanizmy izolacji rozrodczej, powstałe w wyniku izolacji geograficznej, uniemożliwią krzyżowanie się osobników — oznacza to zakończenie procesu specjacji. Od tej pory podpopulacje stają się odrębnymi gatunkami.

Specjacja allopatriczna występuje prawdopodobnie najczęściej w przyrodzie i jest stosunkowo najlepiej zbadana.

W modelu specjacji parapatrycznej (ang. *parapatric speciation model* — *PSM*) nie występują żadne bariery geograficzne uniemożliwiające przepływ genów między podpopulacjami [68, 105] (p. rys. 2.1b). Pomimo braku takich barier, osobniki populacji nie krzyżują się losowo, lecz występuje tendencja do krzyżowania się osobników żyjących w bliskim sąsiedztwie geograficznym (np. w obrębie tego samego siedliska). Do powstania różnych gatunków może dojść w takim przypadku w wyniku zróżnicowania warunków panujących w poszczególnych siedliskach lub ich fragmentach.



Rysunek 2.1. Rodzaje specjacji: allopatryczna (a), parapatryczna (b) oraz sympatryczna (c)

Trzeci model powstawania gatunków nosi nazwę *specjacji sympatrycznej* (ang. *sympatric speciation model* — *SSM*) [68, 49, 107] (p. rys. 2.1c). W modelu tym zakłada się istnienie takich warunków ekologicznych, które powodują wystąpienie doboru różnicującego (rozbijającego). Układ rozrodowy osobników z grup faworyzowanych przez dobór może ewoluować wtedy w taki sposób, że dojdzie do ich izolacji rozrodowej. Proces specjacji zachodzi w takim przypadku w obrębie jednej populacji i izolacja geograficzna nie jest potrzebna. Do specjacji sympatrycznej dochodzi na ogół w wyniku różnorodnych interakcji ekologicznych takich jak konkurencja o ograniczone zasoby, koewolucja oraz dobór płciowy [49] (p. rozdz. 1.4.1).

W przypadku problemów optymalizacji wielomodalnej, techniki niszowania i specjacji powinny formować i stabilnie utrzymywać w trakcie ewolucji podpopulacje (gatunki) zlokalizowane w obszarach przyciągania poszczególnych minimów lokalnych (nisz). Z tego względu techniki te są konstruowane w oparciu o mechanizmy wzorowane na biologicznych modelach specjacji.

2.2. Cele stosowania technik niszowania i specjacji

Jak to zostało już powiedziane wcześniej, w przypadku problemów optymalizacji wielomodalnej prosty algorytm ewolucyjny znajdzie najczęściej tylko jedno rozwiązanie. Wydaje się, iż najprostszym sposobem poradzenia sobie z tym zjawiskiem może być wielokrotne uruchamianie algorytmu ewolucyjnego i zapamiętywanie najlepszych osobników (rozwiązań) z każdego uruchomienia. Niestety technika taka nie daje dobrych wyników ponieważ algorytm ewolucyjny najczęściej wielokrotnie znaj-

duje to samo rozwiązanie i zapamiętywanie najlepszych osobników z poszczególnych uruchomień algorytmu nie prowadzi do znalezienia wszystkich (ani nawet większości) rozwiązań problemu optymalizacji wielomodalnej [120].

Większość z technik utrzymywania różnorodności populacji (p. rozdz. 1.2.4) również nie może być stosowana jako mechanizmy specjacji. W przypadku technik niszowania i specjacji nie wystarcza bowiem tylko spowolnienie procesu zaniku różnorodności populacji — konieczne jest opracowanie mechanizmu, który będzie tworzył podpopulacje (gatunki) oraz zapobiegał zdominowaniu całej populacji przez jeden gatunek. Techniki niszowania i specjacji modyfikują działanie algorytmu ewolucyjnego w ten sposób, że selekcja działa w obrębie gatunków, natomiast konkurencja pomiędzy różnymi gatunkami jest ograniczana.

Główne zadania technik niszowania i specjacji dla algorytmów ewolucyjnych to:

- 1) Znajdowanie wielu różnych rozwiązań danego problemu optymalizacji wielomodalnej dzięki formowaniu podpopulacji (gatunków) zlokalizowanych w obszarach przyciągania minimów lokalnych funkcji celu, niezależnie od tego, jak bardzo różnią się pomiędzy sobą wartości funkcji celu w tych minimach.
- 2) Stabilne utrzymywanie w czasie ewolucji już uformowanych gatunków: czas ich istnienia powinien rosnać wykładniczo wraz ze wzrostem liczebności populacji, najlepiej gdyby czas ten był nieograniczony.
- 3) Proporcjonalne do „jakości” poszczególnych minimów lokalnych zasiedlanie osobnikami ich obszarów przyciągania (tzn. im wartość funkcji celu dla danego minimum lokalnego jest mniejsza, tym gatunek zlokalizowany w jego obszarze przyciągania powinien być liczniejszy).

Techniki niszowania i specjacji stosowane są w algorytmach ewolucyjnych głównie w celu formowania podpopulacji (gatunków) zlokalizowanych w obszarach przyciągania minimów lokalnych funkcji celu i stabilnego ich utrzymywania w czasie przebiegu ewolucji. Techniki te mogą być stosowane również w celu utrzymywania różnorodności populacji w trakcie poszukiwania rozwiązania dla problemów optymalizacji globalnej. Dłuższe utrzymywanie różnorodności populacji zapobiega wtedy znajdowaniu rozwiązań będących minimami lokalnymi. Jednakże klasyczny cel stosowania technik niszowania i specjacji to znajdowanie wielu rozwiązań dla problemów optymalizacji wielomodalnej ([120]) i takie też zastosowania będziemy rozważać w pozostałej części pracy.

Techniki niszowania i specjacji powinny zapewniać tworzenie podpopulacji niezależnie od tego, czy wartości funkcji celu w poszczególnych minimach lokalnych są takie same, czy też różnią się znacznie między sobą. W przypadku istnienia wielu rozwiązań i ograniczonych możliwości znalezienia ich wszystkich (spowodowanych np. zbyt małą liczebnością populacji), technika specjacji powinna preferować „najlepsze” rozwiązania. Dobrze działające techniki niszowania i specjacji są w stanie znaleźć „najlepsze” rozwiązania w przypadku występowania bardzo dużej liczby znacznie „gorszych” rozwiązań, jak również w przypadku funkcji zwodniczych (czyli funkcji specjalnie skonstruowanych w taki sposób, aby utrudnić działanie algorytmu ewolucyjnego).

Czas istnienia gatunków powinien rosnać wykładniczo wraz ze wzrostem liczebności populacji, najlepiej gdyby czas ten był nieograniczony [120]. Stabilne istnienie

gatunków w trakcie ewolucji jest bardzo istotne z kilku powodów. Po pierwsze, jeżeli nie mamy żadnych informacji o optymalizowanej funkcji — liczbie minimów lokalnych lub ich przybliżonej lokalizacji — trudno jest znaleźć sensowne kryterium zakończenia działania algorytmu. Nigdy nie wiemy, czy w następnych krokach nie zostanie znalezione kolejne rozwiązanie. Po drugie, istnienie pewnych gatunków może spełniać kluczową rolę w procesie powstawania kolejnych gatunków, czyli w trakcie znajdowania nowych rozwiązań. Z tego względu, zapamiętywanie rozwiązań kolejno znajdowanych przez powstające i zanikające podpopulacje nie daje najlepszych rezultatów [120]. Poza tym, nigdy nie można mieć pewności, czy nowy osobnik w populacji znajduje się w już zlokalizowanym obszarze przyciągania pewnego minimum lokalnego, czy też w obszarze, który nie był do tej pory zlokalizowany. Jeżeli przechowywalibyśmy informacje o najlepszych osobnikach to mogłoby się okazać, że tak naprawdę są one zlokalizowane w obszarze przyciągania tego samego minimum lokalnego.

Ponieważ liczba osobników zlokalizowanych w obszarze przyciągania danego minimum lokalnego wpływa pośrednio na czas obliczeń, który będzie poświęcony na ten obszar, liczebność poszczególnych gatunków powinna być proporcjonalna do „jakości” odpowiednich minimów lokalnych funkcji celu (tzw. *proporcjonalne „zasiedlenie” nisz* [129, 125]). Im „lepsze” jest dane minimum lokalne (czyli im wartość funkcji celu dla tego minimum jest mniejsza), tym liczebność gatunku zlokalizowanego w jego obszarze przyciągania powinna być większa. Cała trudność w implementacji mechanizmów niszowania i specjacji w oparciu o metaforę nisz ekologicznych i gatunków polega na tym, że na ogół nie znamy z góry, nawet przybliżonej, lokalizacji obszarów przyciągania poszczególnych minimów lokalnych funkcji celu. Stwarza to problemy z wyróżnianiem poszczególnych gatunków z populacji oraz ustalaniem ich prawidłowej liczebności (zgodnie z regułą proporcjonalnego „zasiedlenia” nisz). W idealnym przypadku technika niszowania i specjacji powinna zarówno zlokalizować obszary przyciągania poszczególnych minimów lokalnych funkcji celu, jak i „zasiedlić” je proporcjonalnie osobnikami [129, 125].

2.3. Zastosowania technik niszowania i specjacji

Techniki niszowania i specjacji mogą być stosowane bez specjalnych modyfikacji (lub po niewielkich zmianach) w wielu różnych dziedzinach. Aktualnie, najczęściej spotykane obszary ich zastosowania to ([120, 85, 122, 35]):

- optymalizacja funkcji wielomodalnych,
- optymalizacja wielokryterialna,
- optymalizacja funkcji niestacjonarnych,
- uczenie maszynowe i klasyfikacja,
- symulacja złożonych systemów.

Przykładowo, techniki te znalazły zastosowanie w tak różnych zadaniach, jak: projektowanie rozmytych systemów regulowych dla elektrotechniki [34], projektowanie sieci rur wodociągowych [85] czy projektowanie optymalnych trajektorii ruchu

dla statków kosmicznych [76]. Techniki niszowania i specjacji mogą być stosowane również w celu spowalniania procesu zaniku różnorodności populacji, gdy jesteśmy zainteresowani znalezieniem wyłącznie jednego rozwiązania.

W dalszej części pracy będziemy zajmować się najbardziej ogólną dziedziną zastosowań: optymalizacją funkcji wielomodalnych.

2.4. Przegląd badań prowadzonych nad technikami niszowania i specjacji

Rozdział niniejszy zawiera przegląd aktualnego stanu badań nad technikami niszowania i specjacji oraz próbę ich klasyfikacji w oparciu o wybrane kryteria.

2.4.1. Klasyfikacja technik niszowania i specjacji

W przypadku technik niszowania i specjacji można zastosować kilka kryteriów klasyfikacji. Pierwszym z nich jest wykorzystywany model specjacji. Jak to już zostało powiedziane wcześniej, ewolucyjna optymalizacja funkcji wielomodalnych związana jest ściśle z procesami powstawania gatunków (specjacją) i z tego względu w technikach niszowania i specjacji znajdują odzwierciedlenie biologiczne modele specjacji.

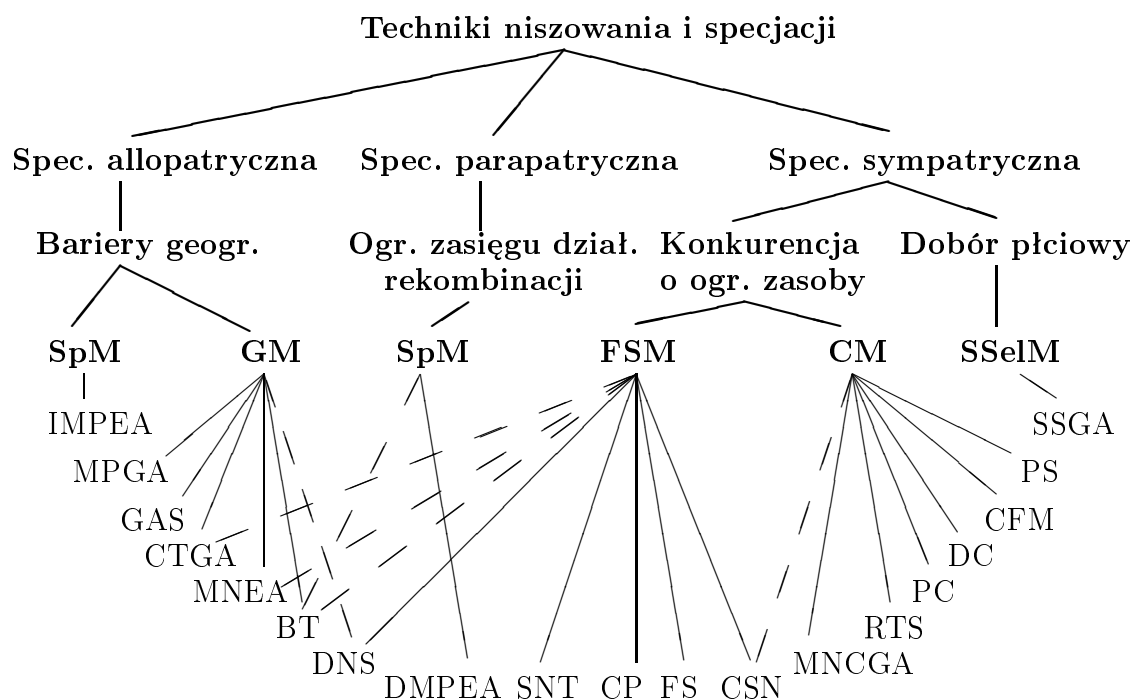
Techniki wzorowane na modelu *specjacji allopatrycznej* będą działać w oparciu o występowanie barier geograficznych pomiędzy podpopulacjami. Bariery te będą izolować podpopulacje całkowicie lub umożliwiać tylko bardzo ograniczony przepływ osobników pomiędzy nimi.

W technikach wzorowanych na modelu *specjacji parapatrycznej* nie będą występowały bariery geograficzne, natomiast krzyżowanie będzie możliwe tylko w przypadku osobników znajdujących się w swoim bezpośrednim sąsiedztwie.

Techniki wzorowane z kolei na modelu *specjacji sympatrycznej* będą umożliwiały tworzenie gatunków w ramach jednej populacji z wykorzystaniem takich mechanizmów, jak konkurencja o ograniczone zasoby, koewolucja płci i wynikający z niej dobór płciowy oraz koewolucja gatunków.

Drugie kryterium podziału technik niszowania i specjacji stanowią mechanizmy, jakie są stosowane w celu ograniczenia *globalnego zasięgu selekcji*, który jest główną przeszkodą w utrzymywaniu różnorodności populacji [5]. Mechanizmy te stanowią pewien model wymienionych powyżej mechanizmów biologicznych. Możemy tu wyróżnić techniki, w których stosuje się:

- 1) Zmodyfikowany mechanizm sukcesji (model ścisku — CM).
- 2) Mechanizm reprodukcji działający w oparciu o:
 - a) Zmodyfikowaną funkcję przystosowania (model podziału przystosowania — FSM).
 - b) Technikę doboru płciowego (model doboru płciowego — SSelM).
- 3) Ograniczenie zasięgu działania selekcji i/lub operatora rekombinacji w oparciu o:



Rysunek 2.2. Taksonomia technik niszowania i specjacji (linia ciągła oznacza, że dany mechanizm jest głównym mechanizmem wykorzystywanym w danej technice, natomiast przerywana, że jego znaczenie jest drugorzędne; stosowane oznaczenia zostały wyjaśnione przy okazji omawiania poszczególnych technik, w dalszej części rozdziału)

- a) Mechanizm grupowania osobników — tworzenia podpopulacji (model grupowania — GM).
- b) Środowisko o pewnej topografii (model przestrzenny — SpM).

W technikach opartych o model ścisłego mechanizmu sukcesji jest modyfikowany tak, aby ograniczyć rywalizację o miejsce w populacji do osobników najbardziej podobnych do siebie. Modelowany jest tutaj biologiczny mechanizm konkurencji o ograniczone zasoby.

W technikach konstruowanych w oparciu o *mechanizm podziału przystosowania* również modelowany jest mechanizm konkurencji o ograniczone zasoby. Zasobem o jaki konkurują osobniki jest tu wartość funkcji przystosowania. Wartość funkcji przystosowania danego osobnika jest obniżana tym bardziej, im więcej występuje w populacji osobników do niego podobnych (w technikach tych stosuje się odpowiednie skalowanie funkcji przystosowania, podobnie jak ma to miejsce w przypadku reprodukcji proporcjonalnej — p. rozdz. 1.2.2).

W technikach opartych o *dobór płciowy* do powstawania gatunków dochodzi w wyniku dobierania partnerów do reprodukcji na podstawie pewnych ich cech.

W przypadku technik bazujących na grupowaniu osobników, zasięg selekcji i/lub działania operatora rekombinacji jest ograniczany do osobników z danej podpopulacji (gatunku).

W technikach, w których występuje środowisko o pewnej topografii, zasięg dzia-

<i>Technika niszowania i specjacji</i>	<i>Model specjacji</i>	<i>Mechanizm</i>	<i>Liczba środ.</i>	<i>Technika równ.</i>
Preselekcja	SSM	CM	1	Tak
Model ścisku	SSM	CM	1	Tak
Techn. ścisku deterministycznego	SSM	CM	1	Tak
Techn. ścisku probabilistycznego	SSM	CM	1	Tak
Wieloniszowy GA z mod. ścisku	SSM	CM	1	Tak
Ograniczona selekcja turniejowa	SSM	CM	1	Tak
Techn. podziału przystosowania	SSM	FSM	1	Tak
Techn. niszowania sekwencyjnego	SSM	FSM	1	Nie
Techn. niszowania dynamicznego	SSM/ASM	FSM lub GM+FSM	1	Tak
Niszowanie z koewol. podz. przyst.	SSM	FSM+CM lub FSM	1	Tak
Procedura oczyszczania	SSM	FSM	1	Tak
GA z mech. doboru płciowego	SSM	SSelM	1	Tak
Techn. etykiet	ASM	GM+FSM+SpM	1	Tak
GA z gatunkami	ASM	GM	1	Tak
Wielonarodowy EA	ASM/SSM	GM/FSM	1	Tak
Techn. klastrowania w GA	ASM	GM+FSM	1	Tak
Wielopopulacyjny GA	ASM	GM	> 1	Tak
Model wyspowy PEA	ASM	SpM	> 1	Tak
Model dyfuzyjny PEA	PSM	SpM	1	Tak

Tabela 2.1. Zestawienie ważniejszych cech wybranych technik niszowania i specjacji

łania selekcji i/lub operatora rekombinacji jest ograniczany do osobników znajdujących się na tej samej wyspie (w przypadku równoległych algorytmów ewolucyjnych z modelem wyspowym) lub w najbliższym sąsiedztwie (w przypadku równoległych algorytmów ewolucyjnych z modelem dyfuzyjnym).

Trzecim kryterium podziału technik niszczenia i specjacji jest sposób formowania gatunków w czasie [119]. Wyróżnić tu można techniki:

- 1) równoległe oraz
- 2) sekwencyjne.

Przy czym od razu należy zastrzec, że pod pojęciem *równoległości* rozumie się tutaj zdolność do formowania wielu podpopulacji (gatunków) istniejących równocześnie i znajdowania rozwiązań problemów optymalizacji wielomodalnej w trakcie jednego uruchomienia algorytmu (bez względu na liczbę procesorów wykorzystanych w obliczeniach). Sekwencyjne techniki niszczenia i specjacji znajdują natomiast rozwiązania problemów optymalizacji wielomodalnej, dzięki wielokrotnemu uruchamianiu algorytmu ewolucyjnego i zapamiętywaniu rozwiązań znalezionych w kolejnych uruchomieniach algorytmu. W celu zapobiegania zjawisku wielokrotnego znajdowania tych samych rozwiązań, modyfikuje się w tych technikach funkcję przystosowania wykorzystując w tym celu już znalezione rozwiązania.

Na rysunku 2.2 przedstawiono taksonomię omówionych w dalszej części rozdziału technik niszczenia i specjacji, opartą o wykorzystywany model specjacji oraz mechanizmy ograniczające globalny zasięg selekcji. W tabeli 2.1 zestawiono najważniejsze cechy poszczególnych technik.

2.4.2. Techniki z modyfikacją mechanizmu sukcesji

Preselekcja

Jedną z pierwszych prób takiego zmodyfikowania algorytmu ewolucyjnego, aby możliwe było formowanie gatunków była technika *preselekcji* (ang. *preselection* — *PS*) opracowana przez D. J. Cavicchia [120]. W technice tej mechanizm sukcesji został zmodyfikowany w taki sposób, że o miejsce w populacji konkurowały wyłącznie osobniki podobne do siebie (rodzice i potomstwo). W trakcie sukcesji potomek zastępował gorszego z rodziców wyłącznie wtedy, gdy wykazywał lepsze niż on przystosowanie.

D. J. Cavicchio pokazał, że dzięki zastosowaniu mechanizmu preselekcji udawało się utrzymywać bardziej różnorodne populacje przy stosunkowo niedużych ich rozmiarach ($\mu = 20$) [72]. W przypadku funkcji wielomodalnych technika ta nie umożliwia jednak na ogół zlokalizowania obszarów przyciągania wielu minimów lokalnych [120].

Model ze współczynnikiem ścisku

K. A. De Jong [43] opracował algorytm będący uogólnieniem techniki PS, który nosi nazwę *modelu ze współczynnikiem ścisku* (ang. *crowding factor model* — *CFM*). W technice tej mechanizm sukcesji został zmodyfikowany w taki sposób, że każdy nowo wygenerowany osobnik zastępuje najbardziej podobnego do siebie osobnika z populacji (zgodnie z pewną metryką podobieństwa).

Model ze współczynnikiem ścisku został zainspirowany przez zjawisko konkurencji o ograniczone zasoby. Podobne do siebie organizmy, często osobniki tego samego gatunku, zasiedlają te same nisze ekologiczne i konkurują pomiędzy sobą o ograniczone zasoby. Osobniki różnych gatunków zasiedlają na ogół różne nisze ekologiczne i nie konkurują ze sobą bezpośrednio. W każdej niszy ekologicznej występuje ograniczona ilość zasobów niezbędnych do przeżycia osobników danego gatunku, w związku z czym największe szanse na ich zdobycie mają osobniki najlepiej przystosowane i one zastępują w populacji osobniki gorzej przystosowane. Całkowita liczba osobników danego gatunku jest mniej więcej stała dotąd, dopóki nie zajdą jakieś zmiany w środowisku.

Technika CFM jest odmianą wielopokoleniowego algorytmu genetycznego: w każdym pokoleniu tylko pewna część populacji podlega działaniu operatorów reprodukcji i sukcesji. Do reprodukcji w każdym pokoleniu wybieranych jest gg (ang. *generation gap*) osobników. W algorytmie wykorzystywany jest mechanizm reprodukcji proporcjonalnej. Populacja potomna tworzona jest z wykorzystaniem operatorów krzyżowania i mutacji. Następnie dla każdego potomka wybieranych jest losowo cf osobników z populacji, gdzie cf to tzw. *współczynnik ścisku* (ang. *crowding factor*). Potomek zastępuje tego osobnika, który jest najbardziej do niego podobny (zgodnie z pewną metryką podobieństwa). K. A. De Jong wykorzystywał w tym celu metrykę Hamming'a w przestrzeni genotypów (czyli liczbę różnic na poszczególnych pozycjach binarnego ciągu kodowego) [72, 120].

Poprzez wybór do zamiany najbardziej podobnego osobnika, mechanizm ścisku minimalizuje zmiany w rozkładzie populacji zachodzące z pokolenia na pokolenie. Spowalnia to zbieganie się populacji do jednego rozwiązania. Celem zastosowania modelu ze współczynnikiem ścisku było utrzymywanie różnorodności na poziomie genotypu. Częściowo cel ten został osiągnięty. Jednak błędy stochastyczne wprowadzane przez mały współczynnik cf oraz inne czynniki powodują stopniowy dryft populacji w kierunku ustalonych pozycji bitowych. Ponadto, utrzymywanie różnorodności definiowanej, jako liczba różnic na poszczególnych pozycjach genotypu samo w sobie jest celem wątpliwym [120].

Mechanizm ścisku nie powoduje wprowadzenia i utrzymywania w populacji różnorodności użytecznej (gatunków), a jedynie przyczynia się do utrzymywania różnorodności pierwotnej. Użyteczna różnorodność populacji polega na obecności w populacji reprezentantów różnych gatunków. Poszczególne gatunki natomiast różnią się między sobą tym, że są zlokalizowane w obszarach przyciągania różnych minimów lokalnych. Badania empiryczne wykazały, że mechanizm ścisku nie jest zbyt efektywny w przypadku problemów optymalizacji wielomodalnej [45, 116]. W oparciu o technikę CFM opracowanych zostało natomiast wiele technik niszowania i specjacji, między innymi, przedstawione poniżej techniki ścisku deterministycznego i ścisku probabilistycznego, wieloniszowy algorytm genetyczny z modelem ścisku oraz ograniczona selekcja turniejowa.

Technika ścisku deterministycznego

Technika *ścisku deterministycznego* (ang. *deterministic crowding* — *DC*) [116, 120] została opracowana w celu ulepszenia modelu ze współczynnikiem ścisku. Nie używa się tutaj parametrów cf i gg . Działanie algorytmu opiera się na zaobserwowanym fakcie, iż w zdecydowanej większości przypadków (ok. 83%), jako najbardziej

podobne osobniki, przy $cf = \mu$ (czyli, gdy współczynnik ścisku jest równy rozmiarowi populacji), w algorytmie CFM z podobieństwem fenotypowym byli wybierani rodzice.

W algorytmie DC wykorzystywana jest reprezentacja binarna. W każdym pokoleniu wszystkie osobniki populacji są dobierane losowo w pary. W wyniku reprodukcji i zastosowania operatorów krzyżowania i mutacji, dla każdej pary rodziców wygenerowanych zostaje dwoje potomków. Następnie są oni porównywani bezpośrednio z rodzicami. Potomek zastępuje w populacji jednego z rodziców tylko wtedy, gdy wykazuje lepsze on niego przystosowanie. Taki mechanizm powoduje wprowadzenie do algorytmu naporu selekcyjnego. W celu porównania, potomstwo i rodzice są dobierani w pary tak, aby zmaksymalizować sumaryczne podobieństwo fenotypów obu par.

Algorytm DC działa efektywnie w przypadku problemów optymalizacji wielomodalnej, jest prosty, szybki i daje się łatwo zrównoleglić [116, 119, 120]. Dodatkową jego zaletą jest to, że nie występują w nim żadne dodatkowe parametry w stosunku do prostego algorytmu genetycznego.

Do słabych stron można zaliczyć brak analizy procesu zbieżności. Jeżeli chodzi o samo działanie algorytmu to głównym problemem jest brak tzw. naporu wzmacniającego (ang. *restorative pressure*) — gatunki zlokalizowane w obszarach przyciągania „lepszyc” minimów lokalnych (im wartość funkcji celu dla danego minimum lokalnego jest mniejsza, tym jest ono „lepsze” z punktu widzenia rozwiązywanego problemu optymalizacji wielomodalnej) mają tendencję do wygrywania z gatunkami zlokalizowanymi w obszarach przyciągania „gorszych” minimów lokalnych [125, 194].

Technika ścisku probabilistycznego

Technika *ścisku probabilistycznego* (ang. *probabilistic crowding* — *PC*) ([125]) oparta jest na algorytmie DC. Podstawową różnicą jest tu zastosowanie probabilistycznych reguł konkurencji pomiędzy osobnikami o miejsce w populacji (w algorytmie DC reguły turnieju są deterministyczne — lepszy osobnik zawsze wygrywa).

W algorytmie ścisku probabilistycznego a_i oraz a_j (osobniki wybrane do współzawodnictwa o umieszczenie w następnym pokoleniu) biorą udział w turnieju probabilistycznym. Prawdopodobieństwo wygrania turnieju przez osobnika a_i jest określone następująco [125]:

$$p(a_i) = \frac{\varphi(a_i)}{\varphi(a_i) + \varphi(a_j)} \quad (2.1)$$

gdzie $\varphi(a_i)$ jest wartością funkcji przystosowania dla osobnika a_i , natomiast funkcja przystosowania jest odpowiednio przeskalowana (zgodnie z formułą (1.23), por. rozdz. 1.2.2).

W pracy [125] przedstawione zostały zarówno rezultaty analiz teoretycznych, jak i wyniki eksperymentów z dwoma funkcjami wielomodalnymi jednej zmiennej, w których porównano działanie trzech wariantów tego algorytmu. Warianty te różniły się między sobą wyłącznie operatorami stosowanymi w trakcie generowania nowych osobników w populacji (wyłącznie mutacja, mutacja i rekombinacja oraz wyłącznie rekombinacja).

Algorytm PC zapewniał poprawne formowanie gatunków, których liczebność była proporcjonalna do „jakości” odpowiednich minimów lokalnych funkcji celu,

zgodnie z tzw. *regułą proporcjonalnego „zasiedlenia” nisz* [125]:

$$|A^i| = \frac{\varphi^i}{\sum_{j=1}^{|D^{min}|} \varphi^j} \quad (2.2)$$

gdzie $|D^{min}|$ jest liczbą minimów lokalnych funkcji celu, $|A^i|$ jest liczbą osobników znajdujących się w obszarze przyciągania i -tego minimum lokalnego, natomiast φ^i jest odpowiednio przeskalowaną miarą przystosowania gatunku zlokalizowanego w tym obszarze przyciągania tak, że wartość ta jest zawsze dodatnia oraz, że jest ona największa w obszarze przyciągania minimum globalnego (przykładowo, miarą przystosowania może być przystosowanie najlepszego osobnika z danego gatunku, średnie przystosowanie gatunku lub suma przystosowań wszystkich osobników danego gatunku). Algorytm ścisku probabilistycznego jest prosty i szybki. Jego zaletą jest również to, że nie posiada żadnych dodatkowych parametrów w stosunku do prostego GA.

Wieloniszowy algorytm genetyczny z modelem ścisku

Wieloniszowy algorytm genetyczny z modelem ścisku (ang. *multi-niche crowding genetic algorithm — MNCGA*) został opisany w pracy [23]. W algorytmie tym *mechanizm ścisku* stosowany jest zarówno na etapie reprodukcji, jak i sukcesji.

W tzw. *reprodukcji ze ściskiem* wszystkie osobniki mają takie samo prawdopodobieństwo wybrania do reprodukcji w każdym pokoleniu. Najpierw wybierany jest losowo (lub sekwencyjnie) rodzic a_i . Następnie wybierany jest drugi rodzic a_j spośród niewielkiej grupy osobników o rozmiarze crg (tzw. *grupy reprodukcji ze ściskiem*). Osobniki z populacji są wybierane do tych grup losowo. Drugim rodzicem zostaje osobnik najbardziej podobny do a_i . Stosowana jest tu pewna (zależna od problemu) metryka w przestrzeni fenotypów. Mechanizm reprodukcji ze ściskiem promuje rekombinację osobników zlokalizowanych w obszarze przyciągania tego samego minimum lokalnego, równocześnie umożliwiając rekombinację osobników zlokalizowanych w obszarach przyciągania różnych minimów lokalnych.

W etapie sukcesji wykorzystywany jest tzw. *mechanizm wyboru najgorszego spośród najbardziej podobnych* (ang. *worst among most similar — WAMS*). W etapie tym wybierany jest osobnik, który zostanie zastąpiony przez wygenerowanego potomka. Najpierw tworzonych jest cg grup *ścisku* (ang. *crowding groups*), do których osobniki są przydzielane losowo. Każda grupa składa się z ncg osobników. Następnie z każdej grupy wybierany jest jeden osobnik, najbardziej podobny do potomka. Z tak powstałej grupy cg osobników, wybierany jest osobnik z najgorszym przystosowaniem i jest on zastępowany w populacji przez potomka. Od tej pory potomek jest członkiem populacji i musi konkurować z innymi osobnikami o miejsce w populacji. W przypadku mechanizmu WAMS potomek najprawdopodobniej zastąpi najgorszego osobnika z własnego gatunku, ale możliwe jest również zastąpienie dobrze przystosowanego osobnika z własnego gatunku lub też osobnika z innego gatunku. Dzięki temu utrzymywana jest duża różnorodność populacji.

W pracy [23] przedstawiono zarówno analizy teoretyczne algorytmu MNCGA z wykorzystaniem łańcuchów Markowa, jak i wyniki eksperymentów z funkcjami wielomodalnymi. Algorytm był stosowany również do optymalizacji wielomodalnej w środowisku niestacjonarnym [24] oraz sekwencjonowania genomu ludzkiego [26].

W pracy [25] przedstawione zostały wyniki analiz teoretycznych własności zaproponowanych operatorów.

Ograniczona selekcja turniejowa

Algorytm *ograniczonej selekcji turniejowej* (ang. *restricted tournament selection* — *RTS*) został opracowany przez G. R. Harik'a [77]. Ograniczona selekcja turniejowa wykorzystuje mechanizm turnieju na etapie sukcesji, przy czym o miejsce w populacji współzawodniczą ze sobą osobniki najbardziej podobne do siebie (względem pewnej metryki podobieństwa).

Działanie mechanizmu RTS jest następujące. W trakcie reprodukcji wybierane są losowo dwa osobniki (np. a_i oraz a_j), a następnie wykonywane są operacje krzyżowania i mutacji, w wyniku czego otrzymujemy osobniki potomne a_k i a_l . Dla osobnika a_k wybieranych jest następnie losowo ws osobników z populacji bazowej, spośród których najbardziej podobny do a_k (np. a_m) współzawodniczy z nim o miejsce w nowej populacji. Podobny proces ma miejsce w przypadku osobnika a_j .

Parametr ws nazywany jest *rozmiarem okna* (ang. *window size*). W przeprowadzonych eksperymentach rozmiar okna ws był wielokrotnością $|D^{min}|$, czyli liczby minimów lokalnych funkcji wielomodalnej: $ws = c * |D^{min}|$, gdzie $c = 4$ (wartość przyjęta przez autorów) [77].

W pracy [77] przedstawione zostały zarówno wyniki analiz teoretycznych, jak i wyniki eksperymentów z funkcjami wielomodalnymi. Analizy teoretyczne obejmowały czas zdominowania populacji przez najlepszego osobnika oraz ograniczenie współzawodnictwa, które zostaje narzucone na algorytm genetyczny przez tę technikę. Autorzy zaproponowali również pewną heurystyczną metodę wyznaczania wartości parametru ws (jedynego parametru techniki RTS).

2.4.3. Techniki z modyfikacją mechanizmu reprodukcji

Podział przystosowania

Mechanizm *podziału przystosowania* (ang. *fitness sharing* — *FS*) został zaproponowany przez J. H. Holland'a [83] i rozbudowany przez D. E. Goldberg'a i J. Richardson'a [73, 72]. Technika FS skonstruowana została w oparciu o biologiczny mechanizm konkurencji o ograniczone zasoby pomiędzy osobnikami zasiedlającymi tę samą niszę ekologiczną.

Główną ideą leżącą u podstaw tej techniki jest obniżanie przystosowania każdego z osobników proporcjonalnie do liczby podobnych do niego osobników występujących w populacji (osobników z tej samej niszy). W algorytmie zakłada się, że funkcja przystosowania jest odpowiednio przeskalowana (zgodnie z formułą (1.23), p. rozdz. 1.2.2).

Wartość zmniejszonego przystosowania osobnika a_i ($\varphi^{FS}(a_i)$) jest równa jego przystosowaniu oryginalnemu ($\varphi(a_i)$) podzielonemu przez liczbę m_i , będącą miarą liczby osobników występujących w tej samej co on niszy [129]:

$$\varphi^{FS}(a_i) = \frac{\varphi(a_i)}{m_i} \quad (2.3)$$

gdzie m_i jest sumą wartości funkcji podziału dla odległości pomiędzy dwoma osobnikami ($dist(a_i, a_j)$) w pewnej metryce [129]:

$$m_i = \sum_{j=1}^{\mu} sh(dist(a_i, a_j)) \quad (2.4)$$

Najczęściej wykorzystywana funkcja podziału dana jest wzorem [85]:

$$sh(dist(a_i, a_j)) = \begin{cases} 1 - \left(\frac{dist(a_i, a_j)}{\sigma_{sh}}\right)^{\alpha} & \text{jeżeli } dist(a_i, a_j) < \sigma_{sh}, \\ 0 & \text{w przeciwnym przypadku.} \end{cases} \quad (2.5)$$

gdzie σ_{sh} jest promieniem niszy. Wartość parametru α ma wpływ na kształt funkcji podziału, przy czym zazwyczaj przyjmuje się $\alpha = 1$ (tzw. „trójkątna funkcja podziału”). W technice FS, do wyznaczania odległości między osobnikami najczęściej stosowana jest pewna metryka w przestrzeni fenotypów (zależna od dziedziny zastosowania) lub metryka Hamming’a w przestrzeni genotypów (w algorytmie stosowana jest reprezentacja binarna).

Mechanizm reprodukcji turniejowej, aczkolwiek często stosowany w algorytmach genetycznych, nie współdziała dobrze z techniką FS [141]. Jest to wynikiem tego, że wartości dzielonej funkcji przystosowania są obliczane na podstawie osobników należących do ostatniego pokolenia, a nie na podstawie populacji aktualnie tworzonej. Prowadzi to do chaotycznych zmian liczby osobników w poszczególnych niszach. Ze wspomnianym problemem można sobie poradzić obliczając wartość dzielonej funkcji przystosowania dla każdego z osobników biorących udział w turnieju na podstawie aktualnie tworzonej populacji.

W pracy [46] K. Deb opracował dwa mechanizmy izolacji rozrodczej (ang. *mating restriction schemes*). Ich działanie jest następujące. Przy wyborze partnera do rekombinacji dla pewnego osobnika, obliczana jest ich wzajemna odległość. W przypadku fenotypowego mechanizmu izolacji jest to odległość w metryce Euklidesa, natomiast w przypadku genotypowego mechanizmu izolacji jest to odległość w metryce Hamming’a. Jeżeli odległość ta jest mniejsza niż wartość parametru σ_{mate} wtedy wykonywana jest operacja krzyżowania. W przeciwnym przypadku wybierany jest losowo inny osobnik i cała procedura jest powtarzana. Połączenie algorytmu FS z mechanizmami izolacji rozrodczej dawało lepsze rezultaty (pod względem rozkładu populacji) w przypadku funkcji wielomodalnych niż zastosowanie samego mechanizmu FS. Procedury oszacowania parametru σ_{mate} zostały podane w pracy [45]

Wadą techniki FS jest konieczność określania wartości parametru σ_{sh} . K. Deb i D. E. Goldberg [45] opracowali pewne procedury służące do oszacowania wartości parametru σ_{sh} , w zależności od liczby minimów lokalnych ($|D^{min}|$) funkcji celu, zakładające jednak stosunkowo równomierne rozmieszczenie minimów lokalnych w obszarze dopuszczalnym. Dokładne oszacowanie liczby minimów lokalnych może być jednak trudne. Dodatkowo, nieregularność obszarów przyciągania poszczególnych minimów lokalnych (tzn. różnice wartości funkcji celu w tych minimach oraz różnice w szerokości i kształcie obszarów przyciągania) utrudniają określenie wartości parametru σ_{sh} [129]. Wartości $|D^{min}|$ i σ_{sh} są często szacowane konserwatywnie, jako, odpowiednio, maksymalna liczba minimów lokalnych, która może wystąpić w dziedzinie funkcji celu i minimalny promień obszaru przyciągania dowolnego minimum lokalnego w dziedzinie funkcji celu.

Ze stosowaniem techniki FS związane są również inne problemy [129]. Obliczenie podziału przystosowania osobników daje narzut o złożoności $O(\mu^2)$ wywołań funkcji metryki podobieństwa, gdzie μ jest liczebnością populacji. Dla bardzo dużych populacji lub dla dziedzin, w których złożoność obliczeniowa algorytmu wyznaczania metryki podobieństwa jest duża, narzut ten może być dość znaczny. W wielu dziedzinach jednakże, narzut związany z obliczeniem funkcji przystosowania dominuje zdecydowanie nad pozostałymi elementami i metoda podziału przystosowania może zostać zaimplementowana przy niewielkich dodatkowych kosztach.

R. K. Ursem pokazał [187], że technika FS jest niezwykle czuła na zakres wartości funkcji przystosowania. Działanie tej techniki bardzo zależy od tego, czy wartość funkcji przystosowania niepożądanych osobników jest bliska zera, co jest warunkiem trudnym do spełnienia w przypadku dużego zróżnicowania wartości niepożądanych rozwiązań.

Analizy teoretyczne czasu zbieżności populacji do stanu równowagi można znaleźć w pracach [86, 85]. Wyniki analiz działania techniki FS z wykorzystaniem łańcuchów Markowa można znaleźć w pracy [84]. S. W. Mahfoud oszacował minimalny rozmiar populacji niezbędny do utworzenia i utrzymania pożądanej liczby gatunków oraz oczekiwany czas zniknięcia gatunku w zależności od rozmiaru populacji [118, 121]. Modele analityczne dla techniki FS i modelu ze współczynnikiem ścisku zostały przedstawione w [117, 120].

Technika niszowania sekwencyjnego

Technika niszowania sekwencyjnego (ang. *sequential niche technique* — *SNT*) opracowana przez D. Beasley'a, D. R. Bull'a i R. R. Martin'a [11] jest przykładem techniki sekwencyjnej. Podobnie jak w przypadku techniki podziału przystosowania zakłada się tutaj, że funkcja przystosowania jest odpowiednio przeskalowana (zgodnie z formułą (1.23), p. rozdz. 1.2.2).

Działanie techniki SNT polega na wielokrotnym uruchamianiu prostego algorytmu genetycznego. Najlepszy osobnik z każdego przebiegu jest zapamiętywany. W celu zapobiegania zjawisku wielokrotnego znajdowania tych samych rozwiązań, stosowany jest mechanizm modyfikacji funkcji przystosowania. Gdy tylko kończy się kolejne uruchomienie algorytmu, w pewnym otoczeniu (o promieniu σ_{sn}) najlepszego osobnika dokonywana jest niwelacja maksimum lokalnego funkcji przystosowania. Równocześnie sprawdza się, czy przystosowanie najlepszego osobnika przekracza pewną wartość minimalną. Jeżeli tak, jest on dodawany do zbioru znalezionych rozwiązań. Następnie, jeżeli nie wszystkie rozwiązania zostały znalezione, algorytm uruchamiany jest po raz kolejny. *Promień niszy* (σ_{sn}) wykorzystywany w algorytmie SNT odgrywa rolę podobną do parametru σ_{sh} techniki FS. Autorzy sugerowali nawet, że ich technika jest „sekwencjalizacją” algorytmu FS.

Zmodyfikowana funkcja przystosowania $\varphi^{SN}(a)$ jest określana na podstawie oryginalnej funkcji przystosowania $\varphi(a)$ mnożonej przez tzw. *funkcje niwelacji pojedynczego maksimum lokalnego*. W trakcie pierwszego uruchomienia algorytmu zmodyfikowana funkcja przystosowania jest identyczna, jak oryginalna funkcja przystosowania ($\varphi_1^{SN}(a) \equiv \varphi(a)$). Po każdym kolejnym uruchomieniu algorytmu określana jest funkcja niwelacji pojedynczego maksimum lokalnego $g_k(a, a_{bi}^k)$ na podstawie lokalizacji najlepszego osobnika z k -tego uruchomienia algorytmu (a_{bi}^k). Zmodyfikowana

funkcja przystosowania wykorzystywana w trakcie uruchomienia algorytmu o numerze $k + 1$ jest określona następująco ([11]):

$$\varphi_{k+1}^{SN}(a) \equiv \varphi_k^{SN}(a) * g_k(a, a_{bi}^k) \quad (2.6)$$

gdzie $\varphi_k^{SN}(a)$ jest funkcją przystosowania wykorzystywaną w k -tym uruchomieniu algorytmu.

W badaniach wykorzystywano dwie funkcje niwelacji pojedynczego maksimum lokalnego. Pierwsza z nich dana jest wzorem [11]:

$$g^p(a, a_{bi}) = \begin{cases} \left(\frac{\text{dist}^D(\text{fen}(a), \text{fen}(a_{bi}))}{\sigma_{sn}} \right)^\alpha & \text{jeżeli } \text{dist}^D(\text{fen}(a), \text{fen}(a_{bi})) < \sigma_{sn}, \\ 1 & \text{w przeciwnym przypadku.} \end{cases} \quad (2.7)$$

gdzie σ_{sn} jest promieniem niszy, $\text{dist}^D(\text{fen}(a), \text{fen}(a_{bi}))$ jest odległością pomiędzy osobnikami a i a_{bi} w pewnej przyjętej metryce w przestrzeni fenotypów, $\text{fen} : I \rightarrow D$ jest funkcją, której wartością jest fenotyp osobnika a . Parametr α jest odpowiedzialny za kształt funkcji niwelującej.

Druga z wykorzystywanych funkcji dana jest wzorem [11]:

$$g^e(a, a_{bi}) = \begin{cases} \exp \left(\log(m) \frac{\sigma_{sn} - \text{dist}^D(\text{fen}(a), \text{fen}(a_{bi}))}{\sigma_{sn}} \right) & \text{jeżeli } \text{dist}^D(\text{fen}(a), \text{fen}(a_{bi})) < \\ & \sigma_{sn}, \\ 1 & \text{w przeciwnym przypadku} \end{cases} \quad (2.8)$$

gdzie m jest minimalną wartością niwelacji ($m > 0$), natomiast $\text{fen} : I \rightarrow D$ jest funkcją, której wartością jest fenotyp osobnika a . Wartość parametru m ma również wpływ na kształt funkcji niwelującej.

Jako kryterium stopu pojedynczego uruchomienia algorytmu genetycznego stosowany był mechanizm zapamiętywania średniego przystosowania z l ostatnich pokoleń. Algorytm był zatrzymywany jeżeli w danym pokoleniu średnie przystosowanie populacji nie było lepsze niż średnie przystosowanie l pokoleń wcześniej. Jako kryterium stopu była również stosowana maksymalna liczba pokoleń lub znalezienie osobnika ze znaną, maksymalną wartością funkcji przystosowania.

W pracy [11] zaprezentowano wyniki eksperymentów z wielomodalnymi funkcjami testowymi. Autorzy twierdzili, że główne zalety techniki niszowania sekwencyjnego w stosunku do innych technik niszowania i specjacji to jej prostota (wykorzystywany jest algorytm genetyczny bez żadnych specjalnych modyfikacji), mniejsza liczebność populacji (ponieważ w pojedynczym uruchomieniu algorytmu znajdowane jest tylko jedno rozwiązanie) oraz szybkość (częściowo wynikająca z przetwarzania mniejszych populacji).

S. W. Mahfoud [119] przeprowadził eksperymenty porównujące działanie techniki niszowania sekwencyjnego oraz równoległych technik niszowania i specjacji (tzn. technik, które umożliwiają znalezienie rozwiązań problemów optymalizacji wielomodalnej w trakcie jednego uruchomienia algorytmu). Wyniki eksperymentów wskazywały na pewne niekorzystne cechy techniki niszowania sekwencyjnego, wśród których wymienić można: brak możliwości implementacji na maszynach równoległych, dłuższy czas znajdowania rozwiązań na maszynach sekwencyjnych, brak możliwości zastosowania jako mechanizmu utrzymywania różnorodności populacji,

znajdowanie tych samych rozwiązań w trakcie kolejnych uruchomień algorytmu ewolucyjnego (pomimo zastosowanego mechanizmu niwelacji maksimów lokalnych funkcji przystosowania), tworzenie „falszywych” maksimów lokalnych (spowodowane modyfikowaniem funkcji przystosowania), niwelowanie jeszcze nie znalezionych maksimów lokalnych zlokalizowanych w bezpośrednim otoczeniu rozwiązania znalezione w danym uruchomieniu algorytmu.

Niszowanie dynamiczne z podziałem przystosowania

Metoda *niszowania dynamicznego z podziałem przystosowania* (ang. *dynamic niche sharing — DNS*) została zaprezentowana w pracy [129]. Zakłada się w niej, podobnie jak ma to miejsce w standardowej metodzie z podziałem przystosowania, że możliwe jest oszacowanie liczby minimów lokalnych funkcji celu $q = |D^{min}|$ oraz że odległości pomiędzy minimami lokalnymi wynoszą co najmniej $2\sigma_{sh}$ (parametr σ_{sh} pełni tu podobną rolę, jak w technice FS).

Metoda ta opiera się na obserwacji faktu, że w miarę upływu czasu w metodzie z podziałem przystosowania, poszczególne nisze są coraz bardziej wypełnione osobnikami. W metodzie niszowania dynamicznego próbuje się zidentyfikować q centrów dynamicznych nisz, które są następnie wykorzystywane do sklasyfikowania każdego z osobników jako przynależącego do jednej z dynamicznych nisz (gdy odległość danego osobnika od centrum pewnej dynamicznej niszy jest mniejsza niż σ_{sh}), lub też jako nie przynależącego do żadnej z dynamicznych nisz.

W metodzie tej, przystosowanie osobnika a_i znajdującego się w j -tej dynamicznej niszy jest równe jego przystosowaniu oryginalnemu podzielonemu przez liczbę osobników przynależących do tej niszy ($m_{DNS,i} = |A^j|$). Jeżeli osobnik nie znajduje się w obrębie żadnej z dynamicznie wyznaczonych nisz, wtedy wartość $m_{DNS,i} = m_i$, gdzie wartość m_i jest wyznaczana zgodnie z formułą (2.4). Tak więc, wartość zmodyfikowanego przystosowania dla osobnika a_i jest zdefiniowana następująco:

$$\varphi^{DNS}(a_i) = \frac{\varphi(a_i)}{m_{DNS,i}} \quad (2.9)$$

gdzie φ jest odpowiednio przeskalowaną funkcją przystosowania (zgodnie z formułą (1.23), p. rozdz. 1.2.2), natomiast wartość $m_{DNS,i}$ jest określona następująco:

$$m_{DNS,i} = \begin{cases} |A^j| & \text{jeżeli osobnik jest wewnątrz } j\text{-tej dyn. niszy,} \\ m_i & \text{w przeciwnym przypadku.} \end{cases} \quad (2.10)$$

Osobnik a_i znajduje się wewnątrz j -tej dynamicznej niszy wtedy, gdy odległość jego fenotypu od fenotypu osobnika $a^{o,j}$ (będącego centrum j -tej dynamicznej niszy) w pewnej metryce $dist^D(fen(a_i), fen(a^{o,j}))$ jest mniejsza niż σ_{sh} .

W celu wyznaczenia centrów dynamicznych nisz używa się algorytmu zachłanego. W każdym pokoleniu wszystkie osobniki z populacji są sortowane malejąco według wartości funkcji przystosowania. Następnie spośród tak posortowanych osobników wybiera się q centrów dynamicznych nisz, rozpoczynając od osobnika o najlepszym przystosowaniu. Dany osobnik jest dodawany do zbioru centrów dynamicznych nisz, jeżeli jego odległość od każdego z już wyznaczonych centrów jest większa niż σ_{sh} .

Niszowanie dynamiczne jest efektywniejsze niż technika podziału przystosowania. Jeżeli wszystkie osobniki należą do dynamicznych nisz, wtedy złożoność metody jest rzędu $O(\mu q)$ (μq wywołań funkcji obliczającej odległość dwóch osobników w pewnej przyjętej metryce w celu ustalenia przynależności do dynamicznych nisz; czas sortowania populacji jest tu pomijany jako znikomo mały), gdzie μ jest liczebnością populacji bazowej. W fazie początkowej algorytmu większość osobników nie należy do żadnej z dynamicznych nisz i wtedy jego złożoność jest rzędu $O(\mu^2)$ (czyli jest taka sama, jak techniki FS).

W technice DNS stosowane były również mechanizmy izolacji rozrodczej. Przeprowadzono eksperymenty z *dynamicznym kojarzeniem według linii* (ang. *dynamic line-breeding*) oraz z *dynamicznym kojarzeniem wewnątrz nisz* (ang. *dynamic inbreeding*). Mechanizm kojarzenia według linii polegał na wybraniu pierwszego rodzica w trakcie turnieju przeprowadzonego w oparciu o zmodyfikowane wartości przystosowania. Partner był natomiast najbliższym (najbardziej podobnym, zgodnie z pewną metryką podobieństwa) centrum dynamicznej niszy. Mechanizm dynamicznego kojarzenia wewnątrz nisz również polegał na wybraniu pierwszego rodzica w trakcie turnieju przeprowadzonego w oparciu o zmodyfikowane wartości przystosowania. Jako partner wybierany był tutaj natomiast osobnik o najlepszym przystosowaniu z losowo wybranej grupy osobników, równocześnie przynależący do tej samej niszy, co pierwszy rodzic.

W pracy [129] przedstawiono wyniki eksperymentów z funkcją wielomodalną jednej zmiennej o różnych wartościach w poszczególnych maksimach lokalnych i identycznych odległościach pomiędzy nimi. Wyniki przeprowadzonych badań wskazywały, że metoda DNS jest szybsza i dokładniejsza niż technika FS. Algorytm DNS utrzymuje różnorodność populacji i powoduje, że poszczególne gatunki mają liczebność proporcjonalną do „jakości” odpowiednich maksimów lokalnych funkcji celu. Jednak eksperymenty były przeprowadzone z wykorzystaniem stosunkowo prostej funkcji testowej. Autorzy zaznaczali, że w przypadku funkcji z maksimami lokalnymi rozmieszczonymi nieregularnie i bardzo oddalonymi od siebie wyznaczenie dynamicznych nisz może być trudne.

Niszowanie z koewolucyjnym podziałem przystosowania

Metoda *niszowania z koewolucyjnym podziałem przystosowania* (ang. *co-evolutionary shared niching — CSN*) przedstawiona została w pracy [74]. Technika ta jest jedną z nielicznych technik niszowania i specjacji, w których wykorzystano mechanizm koewolucji.

Technika CSN oparta jest na modelu konkurencji monopolistycznej. Przykładem może tu być rozmieszczenie sklepów wzdłuż drogi ze znaną funkcją gęstości zaludnienia. Klienci wybierają te sklepy, w przypadku których koszty całkowite (koszty zakupu towarów plus koszty transportu) są minimalne. Biznesmeni natomiast umieszczają sklepy tak, aby zmaksymalizować zysk. W przypadku, gdy konsumenci są rozmieszczeni równomiernie, stan równowagi zostanie osiągnięty wtedy, gdy sklepy będą również rozmieszczone równomiernie. W przypadku nierównomiernego rozmieszczenia konsumentów, sklepy będą zagęszczone w miejscach większych skupisk klientów.

Działanie metody CSN polega na koewolucji dwóch populacji (gatunków): klientów (s_1) i biznesmenów (s_2). Lokalizacja biznesmenów odpowiada tu lokalizacji cen-

trów wyznaczanych nisz, natomiast klienci reprezentują rozwiązania danego problemu. W obydwu gatunkach stosowano reprezentację binarną. Odległość pomiędzy klientem a^{s_1} a biznesmenem a^{s_2} jest odległością w metryce Hamming'a ciągów binarnych będących ich genotypami ($dist^G(gen(a^{s_1}), gen(a^{s_2}))$), gdzie $gen : I \rightarrow G$ jest funkcją, której wartością jest genotyp osobnika.

Dany klient $a_i^{s_1}$ przynależy do pewnego biznesmena $a_j^{s_2}$ jeżeli jest on najbliższym biznesmenem, czyli:

$$dist^G(gen(a_i^{s_1}), gen(a_j^{s_2})) = \min \left\{ dist^G(gen(a_i^{s_1}), gen(a_k^{s_2})) : \right. \\ \left. dla k = 1, \dots, |A^{s_2}| \right\} \quad (2.11)$$

gdzie $|A^{s_2}|$ jest liczebnością populacji biznesmenów.

Zmodyfikowana funkcja przystosowania dla populacji klientów (φ^{s_1}) jest określona następująco:

$$\varphi^{s_1}(a_i^{s_1}) = \frac{\varphi(a_i^{s_1})}{|A^{a_j, s_2}|}, \quad a_i^{s_1} \in A^{a_j, s_2} \quad (2.12)$$

gdzie φ jest odpowiednio przeskalowaną funkcją przystosowania (zgodnie z formułą (1.23), p. rozdz. 1.2.2), natomiast A^{a_j, s_2} jest zbiorem klientów, którzy przynależą do biznesmena $a_j^{s_2}$.

Zmodyfikowana funkcja przystosowania dla populacji biznesmenów jest określona następująco:

$$\varphi^{s_2}(a_j^{s_2}) = \sum_{i=1}^{|A^{a_j, s_2}|} \varphi(a_i^{s_1}) \quad (2.13)$$

gdzie $|A^{a_j, s_2}|$ jest liczebnością podpopulacji klientów przynależącej do biznesmena $a_j^{s_2}$.

W technice CSN stosowane są mechanizmy reprodukcji i sukcesji oraz operator rekombinacji w populacji klientów (A^{s_1}). W populacji biznesmenów (A^{s_2}) stosowane są mechanizmy reprodukcji i sukcesji oraz operator mutacji. Działanie algorytmu jest następujące. Każdy z klientów porównywany jest ze wszystkimi biznesmenami, a następnie przypisywany jest do najbliższego sobie biznesmena. Następnie, dla każdego klienta oblicza się wartość zmodyfikowanej funkcji przystosowania i stosowana jest reprodukcja proporcjonalna i krzyżowanie jednopunktowe.

Każdy z biznesmenów poddawany jest działaniu operatora mutacji. Wykonywana jest mutacja jednego (wybranego losowo) z l bitów genotypu. Następnie sprawdza się, czy potomek znajduje się w odległości przynajmniej $dist_{min}$ od pozostałych biznesmenów oraz, czy ma lepsze przystosowanie niż rodzic. Jeżeli któryś z warunków nie jest spełniony, wybierana jest losowo inna pozycja genotypu do wykonania mutacji. Proces ten powtarzany jest maksymalnie $n_{limit} \leq l$ razy. Jeżeli proces generowania potomka zakończy się sukcesem, wtedy zastępuje on w populacji rodzica. W przeciwnym przypadku rodzic pozostaje w populacji. Zastosowany tu mechanizm konkurowania rodziców z własnym potomstwem o pozostanie w populacji jest pewną odmianą modelu ścisku.

W pracy [74] przedstawiono wyniki eksperymentów z wielomodalnymi funkcjami testowymi. W przypadku funkcji masywnie wielomodalnych (czyli funkcji z bardzo dużą liczbą minimów lokalnych) konieczne okazało się zastosowanie mechanizmu *imprintu*. Mechanizm ten polega na przenoszeniu najlepszych klientów do populacji

biznesmenów. Wybrany klient $a_i^{s_1}$ zastępuje biznesmena $a_j^{s_2}$, jeżeli wykazuje lepsze od niego przystosowanie oraz, gdy jego odległość od pozostałych biznesmenów jest mniejsza niż $dist_{min}$. Dla każdego biznesmena $a_j^{s_2}$ proces ten powtarzany jest maksymalnie n_{limit} razy (wartość n_{limit} jest ustalana jako wielokrotność $|A^{s_2}|$).

Procedura oczyszczania

Procedura oczyszczania (ang. *clearing procedure* — *CP*) została zaproponowana przez A. Pétrowskiego [154, 156].

Procedura oczyszczania jest uruchamiana po obliczeniu wartości funkcji przystosowania dla osobników z populacji, a przed zastosowaniem operatora reprodukcji. W algorytmie zakłada się, że funkcja przystosowania jest odpowiednio przeskalowana (zgodnie z formułą (1.23), p. rozdz. 1.2.2). Podobnie, jak ma to miejsce w technice z podziałem przystosowania, również w algorytmie CP wykorzystywane są pewne miary podobieństwa osobników w celu ustalenia, czy należą oni do tej samej podpopulacji. Odległość (podobieństwo) dwóch osobników może być ustalana z wykorzystaniem metryki Hamming'a w przypadku reprezentacji binarnej lub metryki Euklidesa w przypadku reprezentacji zmiennopozycyjnej. Metryka Euklidesa może być też wykorzystana do wyznaczenia odległości w przestrzeni fenotypów.

Każda z podpopulacji posiada tzw. *osobnika dominującego* (czyli osobnika z najlepszym przystosowaniem). Osobnik a_i przynależy do danej podpopulacji jeżeli jego odległość od osobnika dominującego jest mniejsza od σ_{cp} , czyli tzw. *promienia oczyszczania* (ang. *clearing radius*). Procedura oczyszczania, w swojej wersji podstawowej, zachowuje wartość przystosowania osobnika dominującego, natomiast wartości przystosowania dla pozostałych osobników podpopulacji są ustawiane na zero. Wynika z tego, że algorytm CP przyznaje całe zasoby niszy jednemu (dominującemu) osobnikowi zamiast dzielić je pomiędzy wszystkie osobniki danej podpopulacji, jak to ma miejsce w algorytmie FS. Możliwe jest również uogólnienie algorytmu CP, poprzez wyznaczanie więcej niż jednego osobnika dominującego w danej niszy. Pojemność niszy jest wtedy zdefiniowana jako maksymalna liczba osobników dominujących, jaką może ona pomieścić. Jeżeli pojemność niszy zostaje ustalona na liczbę równą rozmiarowi populacji (μ) wtedy efekt oczyszczania znika i algorytm CP staje się zwykłym GA. Najlepsze rezultaty w trakcie eksperymentów osiągnięto przy jednym osobniku dominującym w każdej podpopulacji [156].

Działanie algorytmu CP jest następujące. Najpierw osobniki są sortowane malejąco według wartości funkcji przystosowania. Następnie wybierany jest osobnik o największej wartości funkcji przystosowania, który nie należy do żadnej podpopulacji. Osobnik ten staje się osobnikiem dominującym aktualnie generowanej podpopulacji. Dla każdego osobnika, który nie należy do żadnej podpopulacji, wyznaczana jest jego odległość (w pewnej przyjętej metryce) od osobnika dominującego wyznaczonej aktualnie podpopulacji. Jeżeli odległość danego osobnika od osobnika dominującego jest mniejsza niż σ_{cp} , wtedy osobnik ten jest przypisywany do aktualnie generowanej podpopulacji i jego wartość przystosowania jest ustawiana na zero. W podobny sposób wyznaczane są pozostałe podpopulacje. Algorytm CP ma złożoność obliczeniową $O(|S|\mu)$, gdzie $|S|$ jest liczbą dynamicznie wyznaczanych podpopulacji, natomiast S to zbiór wszystkich podpopulacji (gatunków).

Prowadzono również badania nad rozbudową podstawowej wersji algorytmu CP o mechanizm sukcesji elitarniej. Działanie tego mechanizmu polegało na zapamięty-

waniu najlepszych osobników z populacji i umieszczaniu ich w następnym pokoleniu. W wersji algorytmu CP wykorzystywanej w eksperymentach, wprowadzono mechanizm umieszczania w następnym pokoleniu tych osobników dominujących, których wartość przystosowania była większa od średniego przystosowania populacji przed zastosowaniem procedury oczyszczania.

Algorytm CP wymaga określenia wartości parametru σ_{cp} , którego rola jest analogiczna, jak parametru σ_{sh} w technice FS. Ponieważ oszacowanie jego wartości może być trudne, zaproponowano w tym celu pewną metodę heurystyczną [155]. Redukcja złożoności obliczeniowej (do $O(\mu \log \mu)$) algorytmu CP jest możliwa po zastosowaniu hierarchicznego algorytmu klastrowania [155] lub mechanizmu specjacji opartego o drzewa decyzyjne [157].

Algorytm genetyczny z mechanizmem doboru płciowego

Możliwość wykorzystania doboru płciowego, jako mechanizmu specjacji została przedstawiona przez M. Ratford'a, A. L. Tuson'a i H. Thompson'a w pracy [168]. W zaproponowanym *algorytmie genetycznym z mechanizmem doboru płciowego* (ang. *sexual selection genetic algorithm — SSGA*) implementacja mechanizmu doboru płciowego polega na wprowadzeniu tzw. *funkcji atrakcyjności* (ang. *seduction function*). Funkcja ta jest wykorzystywana w procesie reprodukcji. Pierwszy rodzic jest wybierany losowo, natomiast drugi rodzic jest dobierany w oparciu o wartość funkcji atrakcyjności, której argumentem jest jego odległość od pierwszego rodzica. W celu wyznaczenia odległości dwóch osobników wykorzystywana była metryka Hamming'a w przestrzeni genotypów.

Wykorzystywana funkcja atrakcyjności przyjmuje duże wartości w przypadku osobników, których odległość jest stosunkowo niewielka, natomiast najgorzej oceniane są osobniki położone bardzo blisko siebie lub bardzo daleko od siebie. Funkcja dana jest wzorem:

$$seduction(a_i, a_j) = \begin{cases} 1 - \eta + \frac{dist(a_i, a_j) * \eta}{\varrho} & \text{gdy } dist(a_i, a_j) \leq \varrho \\ 1 - \eta * \frac{dist(a_i, a_j) - \varrho}{1 - \varrho} & \text{gdy } dist(a_i, a_j) > \varrho \end{cases} \quad (2.14)$$

gdzie η i ϱ to parametry, które mają wpływ na kształt funkcji atrakcyjności, natomiast $dist(a_i, a_j)$ jest odległością osobników a_i oraz a_j w pewnej metryce w przestrzeni genotypów lub fenotypów.

Autorzy zastosowali swój mechanizm zarówno samodzielnie, jak i równocześnie z mechanizmem CFM oraz modelem dyfuzyjnym (p. rozdz. 1.2.3). W eksperymentach wykorzystywane były operatory krzyżowania i mutacji oraz kodowanie binarne. Technika okazała się skuteczna w poszukiwaniu rozwiązań problemów optymalizacji wielomodalnych funkcji testowych, jednakże po kilkuset pokoleniach zaznaczała się silna tendencja do zaniku wszystkich podpopulacji za wyjątkiem jednej. Wynik działania algorytmu również mocno zależał od kształtu wykorzystywanej funkcji atrakcyjności [168].

2.4.4. Techniki z ograniczeniem zasięgu działania selekcji i/lub operatora rekombinacji

Specjacja z wykorzystaniem etykiet

Technika etykiet (ang. *bit tags* — *BT*) ([182]) może być stosowana do identyfikacji gatunków w algorytmie genetycznym. Etykieta taka (w postaci kilku bitów) jest dołączana do genotypu osobnika. Wartość etykiety jest inna dla każdego gatunku. Każdy osobnik może przynależeć wyłącznie do jednego gatunku. Krzyżowanie może odbywać się wyłącznie w przypadku osobników przynależących do tego samego gatunku, natomiast operator mutacji może zmienić wartości bitów etykiety określającej gatunek osobnika.

W. M. Spears wykorzystał technikę etykiet do konstrukcji mechanizmu izolacji rozrodczej i podziału przystosowania [46, 182]. W każdym pokoleniu obliczana była ilość osobników przynależących do każdego gatunku. Zmodyfikowana wartość funkcji przystosowania dla osobnika a_i określona była następująco [46]:

$$\varphi^{BT}(a_i) = \frac{\varphi(a_i)}{|A^{s_j}|}, \quad a_i \in s_j \quad (2.15)$$

gdzie φ jest odpowiednio przeskalowaną funkcją przystosowania (zgodnie z formułą (1.23), p. rozdz. 1.2.2), $|A^{s_j}|$ jest liczbą osobników przynależących do gatunku s_j , do którego należy również osobnik a_i . Na etapie reprodukcji wykorzystywane były wartości zmodyfikowanej funkcji przystosowania (φ^{BT}).

W innym wariantcie tej techniki dodane zostało środowisko o strukturze grafu, gdzie każdy wierzchołek był połączony z dwoma sąsiadami (topografia pierścienia). W każdym wierzchołku grafu znajdował się jeden osobnik. Osobniki mogły się krzyżować w obrębie gatunków, ale wyłącznie z dwoma sąsiadami. Wyniki eksperymentów z wielomodalnymi funkcjami testowymi jednej oraz wielu zmiennych zaprezentowano w pracy [182]. Technika etykiet bez zastosowania wspomnianego środowiska umożliwiała znalezienie wyłącznie rozwiązań odpowiadających „najlepszym” minimum lokalnym funkcji celu (czyli minimum lokalnym, dla których wartość funkcji celu była najmniejsza), natomiast zastosowanie środowiska o strukturze grafu umożliwiło uzyskanie lepszych rezultatów (znalezienie większej liczby rozwiązań).

Algorytm genetyczny z gatunkami

Algorytm genetyczny z gatunkami (ang. *genetic algorithm with species* — *GAS*) to technika, w której wykorzystywany jest mechanizm ograniczania zasięgu działania selekcji i operatora rekombinacji w oparciu o grupowanie [92, 91].

Populacja dzielona jest na podpopulacje (gatunki). Każdy gatunek składa się z trzech elementów $s = \langle a^{o:s}, lv^s, A^s \rangle$, gdzie $a^{o:s}$ jest centrum gatunku s (czyli osobnikiem o najlepszym przystosowaniu z tego gatunku), lv^s jest poziomem danego gatunku w drzewie taksonomicznym (jego „temperaturą”), który wykorzystywany jest przy wyznaczaniu promienia gatunku $R(lv^s)$ oraz podpopulacji osobników należących do gatunku s (A^s). Wartość promienia zależy od poziomu lv^s („temperatury”) danego gatunku i jest tym mniejsza, im później dany gatunek został utworzony (mechanizm podobny do symulowanego wyżarzania). Promień gatunku jest wykorzystywany w procesie określania przynależności osobników do gatunków (osobnik

przynależy do danego gatunku jeżeli odległość jego fenotypu od fenotypu centrum gatunku jest mniejsza niż promień gatunku, czyli jest on zlokalizowany w obszarze występowania danego gatunku). Wszystkie gatunki są zorganizowane w formie drzewa taksonomicznego, w którego korzeniu znajduje się gatunek pierwotny, którego obszar występowania obejmuje całą dziedzinę problemu (od takiego gatunku rozpoczyna się działanie algorytmu).

Tworzenie nowych gatunków odbywa się w trakcie procesu reprodukcji. W wyniku reprodukcji oraz zastosowania operatorów krzyżowania i mutacji powstaje λ potomków. Najpierw wybierany jest losowo pewien gatunek s_k (z prawdopodobieństwem proporcjonalnym do jego liczebności $|A^{s_k}|$), a następnie dwoje rodziców z tego gatunku a_i oraz a_j . Wykorzystywany jest w tym celu mechanizm reprodukcji proporcjonalnej, przy czym funkcja przystosowania φ jest odpowiednio przeskalowana (zgodnie z formułą (1.23), p. rozdz. 1.2.2) tak, żeby możliwe było zastosowanie tego mechanizmu. Dwoje potomków tworzonych jest z wykorzystaniem operatorów krzyżowania jednopunktowego i mutacji. Następnie podejmowane są dwie decyzje: czy rodzice mają zostać umieszczeni w tym samym gatunku oraz w jakim gatunku należy umieścić potomstwo.

Decyzja o umieszczeniu rodziców w obrębie gatunków podejmowana jest w oparciu o wartość funkcji przystosowania w losowo wybranym punkcie znajdującym się na prostej łączącej osobniki a_i oraz a_j . Jeżeli wartość funkcji przystosowania w tym punkcie jest mniejsza od wartości funkcji przystosowania dla każdego z rodziców, oznacza to że znajdują się oni w obszarach przyciągania dwu różnych maksimum lokalnych funkcji przystosowania i powinni, w związku z tym, należeć do odrębnych gatunków. W takim przypadku sprawdza się wszystkie węzły potomne tego węzła drzewa taksonomicznego, w którym znajduje się gatunek s_k i próbuje umieścić w nich zarówno rodziców, jak i potomstwo. Osobnik a może zostać umieszczony w pewnym gatunku s jeżeli odległość jego fenotypu od fenotypu centrum gatunku jest mniejsza niż promień gatunku ($dist^D(fen(a), fen(a^{o,s})) \leq R(lv^s)$), z tym że rodzice nie mogą trafić do tego samego gatunku. Jeżeli nie uda się rozmieścić wszystkich rodziców w już istniejących gatunkach, wtedy dla każdego nie umieszczonego rodzica a_l tworzony jest nowy gatunek:

$$s_{new} = \langle a^{o,s_{new}} = a_l, \max \{lv^{s_k} + 1, strict\}, A^{s_{new}} = \{a_l\} \rangle \quad (2.16)$$

Gatunek s_{new} jest umieszczany w węźle potomnym tego węzła drzewa taksonomicznego, w którym znajdował się gatunek s_k (z którego pochodzili rodzice). Parametr *strict* jest odpowiedzialny za precyzję procesu poszukiwania rozwiązań (reguluje on „temperaturę” systemu).

Jeżeli rodzice znajdują się w obszarze przyciągania tego samego maksimum lokalnego, są oni pozostawiani w gatunku s_k (czyli w tym, w którym byli umieszczeni do tej pory). Następnie rozmieszczani są w gatunkach potomkowie, którzy nie zostali do tej pory przypisani do żadnego gatunku. Tym razem sprawdza się kolejne węzły będące ojcami węzła, w którym znajduje się gatunek rodziców s_k . Podobnie jak to ma miejsce w przypadku rodziców, potomek może być umieszczony w danym gatunku jeżeli odległość jego fenotypu od fenotypu centrum tego gatunku jest mniejsza niż promień gatunku. Proces wędrówki w kierunku korzenia drzewa jest kontynuowany dotąd, dopóki nie zostanie znaleziony gatunek, w którym można umieścić danego potomka (na pewno może on zostać umieszczony w gatunku znajdującym

się w korzeniu, ponieważ obszar występowania tego gatunku obejmuje całą dziedzinę problemu).

W trakcie procesu *wymierania* (ang. *dying off*), usuwanych jest λ najgorszych osobników z populacji o rozmiarze $\mu + \lambda$ (rodziców i potomków). Usuwanie osobników z populacji wykonywane jest w oparciu o wartości zmodyfikowanej funkcji przystosowania:

$$\varphi^{gas}(a) = \frac{\varphi(a) - \varphi_{min}}{|A^s|} \quad (2.17)$$

gdzie φ_{min} jest kresem dolnym zbioru wartości funkcji przystosowania dla aktualnej populacji, A^s jest zbiorem osobników przynależących do tego samego gatunku co osobnik a ($a \in A^s$). Dzięki takiemu mechanizmowi, mniej liczne gatunki mają większą szansę przeżycia. Proces usuwania osobników nie ma wpływu na strukturę gatunków oraz nigdy nie powoduje usunięcia najlepszego osobnika z danego gatunku.

Proces łączenia gatunków polega na wchłanianiu gatunków położonych dalej od korzenia drzewa przez gatunki znajdujące się bliżej korzenia (jeżeli dwa gatunki znajdują się na tym samym poziomie wtedy dowolny z nich jest gatunkiem wchłaniającym). Połączenie dwóch gatunków polega na złączeniu ich populacji i wyznaczeniu nowego centrum gatunku, którym staje się to z centrów łączonych gatunków, dla którego wartość funkcji przystosowania jest większa. Do procesu połączenia dwóch gatunków s_i i s_j dochodzi wtedy, gdy są one położone wystarczająco blisko siebie:

$$dist^D(fen(a^{o,s_i}), fen(a^{o,s_j})) < R(strict) \quad (2.18)$$

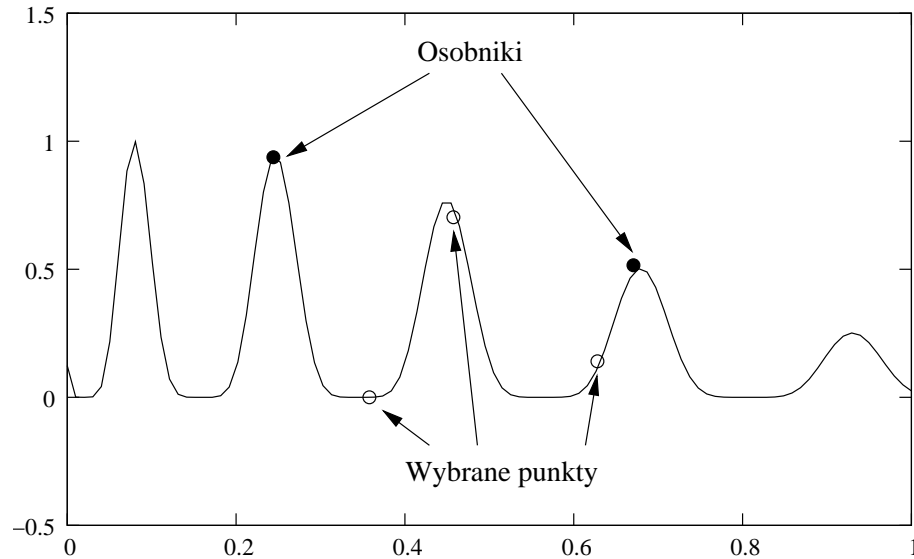
gdzie $dist^D(fen(a^{o,s_i}), fen(a^{o,s_j}))$ jest odległością pomiędzy centrami gatunków s_i i s_j w pewnej metryce w przestrzeni fenotypów, a^{o,s_i} i a^{o,s_j} są centrami, odpowiednio, gatunków s_i i s_j , R jest funkcją obliczającą promień gatunku, natomiast parametr *strict* jest odpowiedzialny za precyzję procesu poszukiwania rozwiązań.

Działanie całego algorytmu GAS jest następujące. Dla kilku, coraz to większych, wartości parametru *strict* powtarzane są kolejno etapy: powstawania gatunków (osłabiana jest tu konkurencja pomiędzy osobnikami), ewolucji (w którym to etapie wykonywana jest reprodukcja, łączenie już istniejących i tworzenie nowych gatunków oraz imigracja polegająca na dodawaniu losowych osobników do gatunków) oraz stabilizacji (zaostrzana jest konkurencja pomiędzy osobnikami).

Technika GAS została zastosowana do optymalizacji wielomodalnej funkcji testowej z maksimami lokalnymi rozmieszczonymi nierównomiernie w obszarze dopuszczalnym oraz do poszukiwania rozwiązań NP zupełnego problemu kombinatorycznego [92]. Wyniki przeprowadzonych eksperymentów były obiecujące i wskazywały na poprawne działanie techniki GAS, jednakże autorzy wskazywali na konieczność prowadzenia dalszych badań nad wpływem poszczególnych parametrów na działanie algorytmu oraz uzyskiwane wyniki.

Wielonarodowy algorytm ewolucyjny

Wielonarodowy algorytm ewolucyjny (ang. *multi-national evolutionary algorithm* — *MNEA*) został opracowany przez R. K. Ursem'a [185, 188]. Technika MNEA działa w oparciu o podział populacji osobników na podpopulacje (nazywane *narodami*), co umożliwia ograniczenie zasięgu działania mechanizmu selekcji.



Rysunek 2.3. Przykładowy wybór punktów dla funkcji *hill-valley*

Koncepcje wykorzystywane w algorytmie MNEA są oparte o analogie do świata polityki. Cała populacja osobników podzielona jest na narody, przy czym dany osobnik w pokoleniu t może należeć tylko do jednego narodu. Zbiór wszystkich narodów nazywany jest światem. Naród $s(t)$ składa się z populacji osobników do niego przynależących $A^s(t)$, rządu $GV^s(t)$, aktualnej polityki \vec{pl}^s oraz aktualnych reguł procesu ewolucji $RL^s(t)$:

$$s(t) = \langle A^s(t), GV^s(t), \vec{pl}^s(t), RL^s(t) \rangle \quad (2.19)$$

W skład rządu wchodzi gm najlepszych osobników z danego narodu $GV^s(t) = \{a_1, \dots, a_{gm}\}$ [185]. Polityka $\vec{pl}^s(t)$ gatunku s jest wyznaczana w następujący sposób ([185]):

$$\vec{pl}^s(t) = \frac{1}{|GV^s(t)|} \sum_{j=1}^{|GV^s(t)|} \vec{x}^{a_j}, \quad a_j \in GV^s(t) \quad (2.20)$$

gdzie \vec{x}^{a_j} jest fenotypem agenta a_j . W przypadku, gdy liczebność populacji danego narodu s jest mniejsza niż gm , w skład rządu wchodzi wszystkie osobniki danego narodu (w przeprowadzonych eksperymentach przyjęto $gm = 8$). W algorytmie zakłada się, że funkcja przystosowania jest odpowiednio przeskalowana (zgodnie z formułą (1.23), p. rozdz. 1.2.2).

W pokoleniu $t = 0$ wszystkie osobniki należą do jednego narodu. Działanie algorytmu polega na kolejnym wykonywaniu operacji wyboru rządu i ustalania polityki, migracji, łączenia narodów oraz reprodukcji. Migracja polega na przeniesieniu osobnika, który jest zlokalizowany w obszarze przyciągania innego maksimum lokalnego funkcji przystosowania niż wyznaczona polityka narodu. Osobnik przenoszony jest do innego narodu lub jest dla niego tworzony nowy naród (jeżeli nie można wśród istniejących narodów znaleźć takiego, którego aktualna polityka jest zlokalizowana w obszarze przyciągania tego samego maksimum lokalnego co dany osobnik). Łączenie narodów wykonywane jest w sytuacji, gdy ich aktualne polityki są zlokalizowane w obszarze przyciągania tego samego maksimum lokalnego funkcji przystosowania.

W procesach migracji i łączenia narodów wykorzystywana jest tzw. *funkcja wierzchołek-dolina* (ang. *hill-valley function*), która wzorowana jest na algorytmie stosowanym, w tym samym celu, w technice GAS (p. 2.4.4). Funkcja *hill-valley* zwraca zero, jeżeli wartość funkcji przystosowania w każdym wybranym punkcie, znajdującym się na prostej łączącej sprawdzone punkty \vec{x}_k oraz \vec{x}_l , jest większa niż $\min\{f(\vec{x}_k), f(\vec{x}_l)\}$. Funkcję *hill-valley* można wykorzystywać do sprawdzania, czy dwa osobniki znajdują się w obszarze przyciągania tego samego maksimum lokalnego funkcji przystosowania. Na rys. 2.3 pokazano przykładowo wybrane punkty dla funkcji *hill-valley*. W przeprowadzonych eksperymentach wykorzystywano trzy punkty pośrednie w przypadku migracji oraz pięć punktów pośrednich w przypadku łączenia narodów. Punkty pośrednie były rozmieszczone równomiernie na prostej łączącej sprawdzone punkty \vec{x}_k oraz \vec{x}_l .

W pracy [185] zaprezentowano wyniki eksperymentów z dwoma rodzajami mechanizmu selekcji: selekcją ważoną oraz selekcją w obrębie narodów. W selekcji ważonej wykorzystywano wartości zmodyfikowanego przystosowania osobników (wartość oryginalnej funkcji przystosowania dla danego osobnika była dzielona przez liczbę osobników znajdujących się w tym samym co on narodzie — mechanizm podobny do stosowanego w technice FS). W drugim przypadku działanie selekcji oraz operatora krzyżowania było ograniczone do poszczególnych narodów. W wyniku reprodukcji nie zmieniała się liczba osobników danego narodu (jedynym dopuszczalnym mechanizmem zmiany liczebności narodu była migracja osobników).

Przeprowadzono eksperymenty z czterema funkcjami wielomodalnymi. W każdym przypadku, algorytm MNEA osiągnął lepsze rezultaty niż algorytm ewolucyjny, technika FS oraz technika BT. Wyniki eksperymentów wskazywały na to, że rodzaj zastosowanego mechanizmu selekcji nie miał wpływu na jakość działania techniki MNEA.

Technika MNEA była również stosowana do optymalizacji wielomodalnych funkcji niestacjonarnych [186]. W przeprowadzonych eksperymentach z techniką MNEA uzyskano lepsze rezultaty niż w przypadku zastosowania algorytmu FS. Równocześnie przeprowadzono eksperymenty z mechanizmem autoadaptacji wartości najważniejszych parametrów techniki MNEA, jednakże uzyskane wyniki nie wskazywały na znaczącą poprawę działania algorytmu po zastosowaniu takiego mechanizmu.

Technika klastrowania w algorytmie genetycznym

Pierwsza próba opracowania techniki niszowania i specjacji dla *algorytmu genetycznego z modelem probabilistycznym* (ang. *probabilistic model-building genetic algorithm* — *PMBGA*) nazywanego również *algorytmem z estymacją rozkładu* (ang. *estimation of distribution algorithm*) została przedstawiona w pracy [153].

W przypadku *PMBGA* zastosowanie tradycyjnych technik niszowania i specjacji często nie daje pożądaných rezultatów. W związku z tym, konieczne okazało się opracowanie specjalnej techniki niszowania i specjacji, która poprawia działanie algorytmów *PMBGA* w przypadku trudnych problemów kombinatorycznych oraz umożliwia ich zastosowanie w problemach optymalizacji wielomodalnej i optymalizacji wielokryterialnej [153].

Działanie techniki *klastrowania w algorytmie genetycznym* (ang. *clustering technique for genetic algorithms* — *CTGA*) jest następujące. W każdej iteracji algorytmu, z aktualnej populacji wybierane są najlepsze osobniki do reprodukcji. Przed

zastosowaniem operatora rekombinacji, zbiór wybranych osobników jest dzielony na podpopulacje pewną wybraną techniką klastrowania. Liczba klastrów jest zadawana z góry lub ustalana z wykorzystaniem metody hierarchicznego klastrowania [153].

Następnie przeprowadzany jest proces rekombinacji, oddzielnie w każdej z podpopulacji, w wyniku czego powstaje pewna liczba osobników potomnych. Zastosowany tu może być dowolny mechanizm rekombinacji (np. krzyżowanie jednopunktowe z prostego algorytmu genetycznego lub model probabilistyczny). Liczba osobników potomnych utworzonych w każdej podpopulacji może być proporcjonalna do jej rozmiaru lub średniego przystosowania osobników do niej należących (przy założeniu, że funkcja przystosowania jest odpowiednio przeskalowana, zgodnie z formułą (1.23) — p. rozdz. 1.2.2). Mechanizm taki umożliwia specjację i powoduje, że zasoby są przydzielane każdej podpopulacji proporcjonalnie do jej jakości. Następnie osobniki potomne konkurują o miejsce w nowej populacji bazowej z osobnikami starej populacji bazowej (możliwe tu jest całkowite zastąpienie starej populacji bazowej).

Jako mechanizm podziału osobników na podpopulacje wykorzystywany był algorytm *k-means clustering* ([153]). W algorytmie tym początkowo wyznaczanych jest k centrów klastrów identycznych z wybranymi losowo k osobnikami. Następnie każdy osobnik z populacji jest przypisywany do najbliższego sobie centrum klastra. Odległość może być tu wyznaczana w pewnej przyjętej metryce zarówno w przestrzeni genotypów, jak i fenotypów. Następnie każde centrum klastra jest przesuwane do punktu będącego środkiem geometrycznym fenotypów osobników przynależących do danego klastra. Takie postępowanie jest powtarzane dotąd, aż nie wystąpią żadne zmiany przyporządkowania osobników do klastrów.

Działanie techniki CTGA zostało zbadane zarówno w przypadku optymalizacji funkcji wielomodalnych, jak i poszukiwania rozwiązań trudnych problemów kombinatorycznych. We wszystkich przypadkach zastosowanie techniki CTGA powodowało poprawę uzyskiwanych rezultatów w stosunku do algorytmu ewolucyjnego bez techniki niszowania i specjacji [153].

Wielopopulacyjny algorytm genetyczny

P. Siarry, A. Pétrowski i M. Bessaou przedstawili w pracy [180] *wielopopulacyjny algorytm genetyczny* (ang. *multipopulation genetic algorithm* — *MPGA*). Autorzy zainspirowani zostali modelem wyspowym (p. rozdz. 1.2.3) i ich celem było opracowanie takiej techniki niszowania i specjacji, w której obiecujące obszary przestrzeni fenotypów byłyby przeszukiwane przez poszczególne podpopulacje bez występowania naporu selekcyjnego ze strony pozostałych podpopulacji.

Działanie algorytmu MPGA polega na kolejno powtarzanych procesach specjacji (podziału populacji na podpopulacje) oraz eksploatacji. W pierwszej fazie algorytmu wszystkie osobniki są umieszczane w jednej populacji, a następnie moduł specjacji działający w oparciu o drzewa specjacji ([157]) tworzy pewną liczbę podpopulacji (gatunków). Każdy z gatunków s zlokalizowany jest w obszarze przyciągania jednego z minimów lokalnych funkcji celu. Liczba gatunków $|S|$ (gdzie S jest zbiorem wszystkich gatunków) wygenerowanych przez moduł specjacji zależy od różnorodności populacji oraz od funkcji celu. Algorytm wymaga podania maksymalnej liczby gatunków k_{max} , która powinna być większa lub równa od liczby rozwiązań danego problemu optymalizacji wielomodalnej.

Kolejna faza algorytmu to tzw. *eksploatacja obszarów przyciągania poszczególnych minimów lokalnych*. W tym celu populacja każdego gatunku jest przetwarzana algorytmem genetycznym przez ustaloną, niewielką liczbę pokoleń (taką samą dla wszystkich gatunków). Liczebność populacji każdego gatunku jest taka sama i wynosi μ^{sp} . Identyczna liczebność jest osiągana dzięki temu, że w każdej podpopulacji do reprodukcji wybieranych jest μ^{sp} osobników (przykładowo jeżeli po procesie specjacji w jakiejś podpopulacji jest tylko jeden osobnik to jest on wybierany μ^{sp} razy). Pomiedzy podpopulacjami może dochodzić do wymiany osobników (migracja). Osobniki migrujące i przeznaczone do zastąpienia są wybierane losowo (z wyłączeniem najlepszego osobnika z każdej podpopulacji).

Autorzy przeprowadzili szereg eksperymentów z funkcjami wielomodalnymi, mających na celu zbadanie wpływu wybranych parametrów (liczby osobników w poszczególnych podpopulacjach, maksymalnej liczby podpopulacji oraz częstości migracji osobników pomiędzy podpopulacjami) na działanie algorytmu MPGA. Praca [180] zawiera również porównanie rezultatów osiągniętych przez technikę MPGA oraz standardowy algorytm genetyczny w przypadku problemu optymalizacji globalnej funkcji Schaffer'a.

Równoległe algorytmy ewolucyjne

Równoległe algorytmy ewolucyjne, a zwłaszcza modele *wyspowy (IMPEA)* i *dyfuzyjny (DMPEA)* (p. rozdz. 1.2.3), również można traktować jako techniki niszowania i specjacji, gdyż potencjalnie poszczególne podpopulacje mogą być zlokalizowane w obszarach przyciągania różnych minimów lokalnych. W modelu wyspowym mamy do czynienia z bezpośrednią analogią do procesu *specjacji allopatrycznej*, czyli powstawania gatunków w wyniku istnienia barier geograficznych oddzielających poszczególne podpopulacje, a także modelu *punktualizmu* (ang. *punctuated equilibria*), w którym procesy specjacji przebiegają szybko (oczywiście w sensie czasu geologicznego) w małych i izolowanych podpopulacjach [123, 107, 75, 42]. W przypadku modelu dyfuzyjnego występuje z kolei analogia do procesu *specjacji parapatrycznej*, czyli powstawania gatunków w wyniku krzyżowania się osobników żyjących w bliskim sąsiedztwie geograficznym (p. rozdz. 2.1.2).

Główne problemy, jakie występują w przypadku próby zastosowania równoległych algorytmów ewolucyjnych do optymalizacji funkcji wielomodalnych są następujące [120]:

- Na ogół nie znamy z góry liczby minimów lokalnych funkcji celu, w związku z czym trudno jest określić, ile powinno istnieć wysp w przypadku IMPEA.
- Nigdy nie możemy mieć gwarancji, że poszczególne podpopulacje z różnych wysp (w przypadku IMPEA) lub z różnych podprzestrzeni środowiska (w przypadku DMPEA) będą zlokalizowane w obszarach przyciągania różnych minimów lokalnych (może zdarzyć się tak, że wiele podpopulacji będzie zlokalizowanych w obszarze przyciągania tego samego minimum lokalnego, natomiast w obszarach przyciągania pewnych minimów lokalnych w ogóle nie będzie żadnych osobników).

W rezultacie równoległe algorytmy ewolucyjne są raczej uważane za techniki utrzymywania różnorodności populacji w problemach optymalizacji globalnej, gdzie naj-

częściej umożliwiają znalezienie lepszych rozwiązań niż standardowe algorytmy ewolucyjne, a nie za techniki niszowania i specjacji [120].

2.5. Ocena zaprezentowanych modeli i technik oraz kierunki dalszych prac

Przedstawiony przegląd modeli oraz technik niszowania i specjacji posłuży nam teraz do sformułowania oceny dotychczasowego stanu badań. Ocena ta będzie punktem wyjściowym do sformułowania celów niniejszej pracy.

Na podstawie zaprezentowanych modeli i technik niszowania i specjacji można sformułować następujące zastrzeżenia oraz uwagi:

- 1) Wszystkie z zaprezentowanych technik działają dobrze wyłącznie w przypadku pewnych klas problemów, z czego wynika możliwość opracowania nowych technik niszowania i specjacji, które będą lepsze od już istniejących technik w pewnych zadaniach.
- 2) Niektóre z zaprezentowanych technik (np. wszystkie techniki oparte o mechanizm podziału przystosowania) wymagają określenia wartości parametrów zależnych od problemu, co zwykle stanowi duże ograniczenie. W celu prawidłowego „dostrojenia” algorytmu wymagana jest tu wiedza użytkownika o rozwiązywanym problemie, a takie założenie nie zawsze może być spełnione.
- 3) Niektóre techniki nie utrzymują stabilnie już utworzonych, często wartościowych gatunków (odpowiadających wartościowym rozwiązaniom), a jest to jedno z podstawowych zadań technik niszowania i specjacji. Dodatkowo, działanie kilku z omówionych technik zostało zbadane wyłącznie z wykorzystaniem stosunkowo prostych funkcji testowych jednej zmiennej i eksperymenty trwały krótko (nie-wielka liczba pokoleń). W związku z tym nie ma pewności, czy techniki te potrafią poradzić sobie z formowaniem gatunków w przypadku trudniejszych problemów oraz czy potrafią stabilnie utrzymywać raz utworzone gatunki.
- 4) Żadna z zaprezentowanych technik nie dostarcza mechanizmów autoadaptacji liczebności populacji do stopnia trudności rozwiązywanego problemu.
- 5) Stosunkowo niewielka liczba prac prezentuje zastosowanie mechanizmów koewolucji i doboru płciowego do konstruowania technik niszowania i specjacji (można tu wymienić jedynie techniki CSN i SSGA), co w obliczu tego, że w przyrodzie mechanizmy te są głównymi przyczynami utrzymywania różnorodności populacji oraz specjacji sympatrycznej wydaje się nieco zaskakujące.
- 6) Wszystkie zaprezentowane techniki niszowania i specjacji działają w oparciu o scentralizowany algorytm. Jest to związane ze scentralizowanym charakterem klasycznych algorytmów ewolucyjnych, dla których zostały opracowane i w połączeniu z którymi są stosowane. Jedyną techniką zdecentralizowaną jest model wyspowy (IMPEA), oparty na modelu specjacji allopatrycznej. Decentralizacja jest tutaj zapewniona jedynie na poziomie wysp, natomiast na samych wyspach są uruchamiane scentralizowane algorytmy ewolucyjne. Poza tym zastosowanie

IMPEA do optymalizacji funkcji wielomodalnych związane jest z kilkoma poważnymi problemami (p. 2.4.4).

Podsumowując powyższe uwagi można stwierdzić, iż wszystkie z dotychczas opracowanych technik niszowania i specjacji mają pewne (często dość znaczne) ograniczenia i konieczne są dalsze badania w tej dziedzinie. W szczególności obiecującym i mało eksploatowanym kierunkiem jest zastosowanie koewolucji i doboru płciowego w zagadnieniach związanych z utrzymywaniem różnorodności populacji oraz przy konstruowaniu mechanizmów niszowania i specjacji.

Z drugiej strony, konieczne jest opracowanie specjalnych technik koewolucyjnych oraz technik niszowania i specjacji dla systemów opartych na modelu *EMAS*, ponieważ żadna z przedstawionych w poprzednim i niniejszym rozdziale nie nadaje się do bezpośredniego (a być może nawet pośredniego) zastosowania w tego rodzaju systemach ze względu na zdecentralizowany charakter procesów ewolucyjnych w nich zachodzących, a co za tym idzie inne mechanizmy selekcji i sterowania procesami ewolucji (p. rozdz. 1.3.2). Opracowanie takich technik umożliwi (analogicznie, jak miało to miejsce w przypadku klasycznych algorytmów ewolucyjnych) zastosowanie systemów konstruowanych w oparciu o model *EMAS* do trudnych problemów optymalizacji wielomodalnej, wielokryterialnej oraz optymalizacji w środowisku niestacjonarnym.

W związku z tak postawionymi celami, tezę pracy można sformułować następująco:

W oparciu o koncepcję koewolucji można skonstruować techniki niszowania i specjacji przeznaczone dla ewolucyjnych systemów wieloagentowych, które nie naruszają zdecentralizowanego modelu ewolucji tych systemów oraz wykazują, w przypadku pewnych problemów, lepsze działanie, pod względem jakości procesów formowania podpopulacji (gatunków) i zdolności do stabilnego ich utrzymywania w czasie przebiegu ewolucji, od klasycznych technik niszowania i specjacji.

Zamierzeniem podjętym w niniejszej pracy jest opracowanie technik niszowania i specjacji przeznaczonych dla ewolucyjnych systemów wieloagentowych w oparciu o zdecentralizowane mechanizmy koewolucyjne. W tym celu zaproponowana została koncepcja oraz model *koewolucyjnego systemu wieloagentowego* (ang. *coevolutionary multi-agent system — CoEMAS*), które przedstawione zostaną w następnym rozdziale. Wydaje się, iż techniki niszowania i specjacji oparte o koewolucję w systemie wieloagentowym powinny posiadać pewien potencjał nowych możliwości, wśród których wymienić można:

- 1) Wprowadzenie w sposób naturalny mechanizmu *podziału zasobów* (ang. *resource sharing*) zamiast mechanizmu podziału przystosowania, który tylko w sposób pośredni modeluje konkurencję o ograniczone zasoby.
- 2) Modelowanie specjacji sympatrycznej w oparciu o koewolucję gatunków i płci w *EMAS*.
- 3) Modelowanie specjacji allopatrycznej w oparciu o strukturę przestrzenną systemu *EMAS*.
- 4) Mechanizm adaptacji liczebności populacji do stopnia trudności problemu.

- 5) Decentralizację algorytmu, a tym samym wykorzystanie wszystkich własności algorytmów zdecentralizowanych.

2.6. Podsumowanie

W rozdziale zaprezentowano wybrane zagadnienia związane z modelami oraz technikami niszowania i specjacji dla algorytmów ewolucyjnych oraz dokonano przeglądu aktualnego stanu badań w tej dziedzinie. W początkowej części rozdziału starano się przedstawić motywacje stojące za podejmowaniem badań w zakresie technik niszowania i specjacji. Zaprezentowano główne cele stosowania tego rodzaju technik i możliwości ich wykorzystania w praktyce.

Dalszą część rozdziału (p. 2.4) stanowi przegląd aktualnego stanu badań w dziedzinie technik niszowania i specjacji. Zaprezentowano tu, występującą w tej dziedzinie, wielość podejść do problemu formowania gatunków w algorytmach ewolucyjnych, co zaowocowało dużą liczbą zaproponowanych technik i mechanizmów. Podjęto również próbę klasyfikacji przedstawionych technik w oparciu o wybrane kryteria.

Rozważania przedstawione w niniejszym rozdziale stanowią podstawę dla dokonania oceny dotychczasowego stanu badań w zakresie technik niszowania i specjacji oraz sformułowania zasadniczego celu pracy, jakim jest opracowanie (w oparciu o mechanizmy koewolucyjne) technik niszowania i specjacji przeznaczonych dla ewolucyjnych systemów wieloagentowych, które będą wykazywać lepsze działanie (w wybranych aspektach i dla pewnych problemów) od klasycznych technik niszowania i specjacji.

Rozdział 3

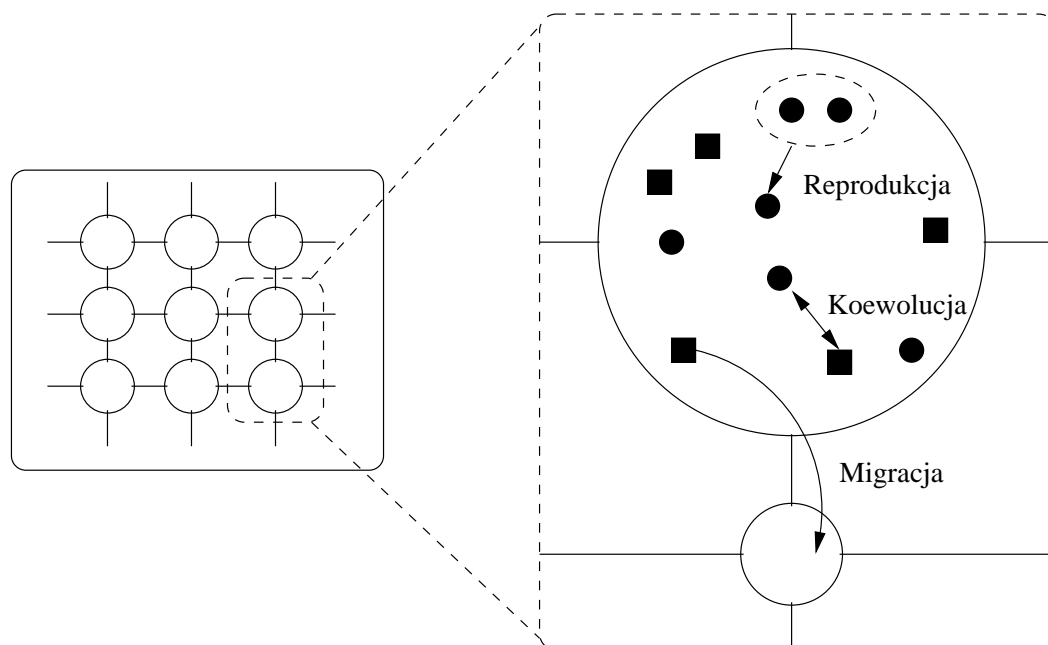
Koewolucyjne systemy wieloagentowe

W rozdziale niniejszym przedstawiona zostanie koncepcja oraz model formalny *koewolucyjnego systemu wieloagentowego*. Rozszerzenie modelu *EMAS* o koncepcje gatunku, płci oraz oddziaływań pomiędzy agentami różnych gatunków i płci pozwala na modelowanie koewolucji gatunków oraz zjawiska doboru płciowego. Jak pokazano w następnym rozdziale, w oparciu o zaproponowane mechanizmy można konstruować techniki niszowania i specjacji przeznaczone dla ewolucyjnych systemów wieloagentowych.

3.1. Koncepcja koewolucji w systemie wieloagentowym

Ewolucyjne systemy wieloagentowe (p. rozdz. 1.3.2) nie posiadają żadnych specyficznych (dostosowanych do swojej architektury) technik koewolucyjnych oraz technik niszowania i specjacji. Brak takich technik utrudnia zastosowanie tego rodzaju systemów do rozwiązywania trudnych problemów optymalizacji wielomodalnej, optymalizacji wielokryterialnej oraz optymalizacji funkcji niestacjonarnych, z jakimi mamy często do czynienia w przypadku rzeczywistych zastosowań. Z podobnym zjawiskiem mamy również do czynienia w przypadku klasycznych algorytmów ewolucyjnych, co przyczynia się do rozwoju badań nad koewolucją oraz technikami niszowania i specjacji. Żadna z przedstawionych w poprzednich rozdziałach technik koewolucyjnych oraz technik niszowania i specjacji opracowanych dla klasycznych algorytmów ewolucyjnych nie nadaje się jednak do bezpośredniego (a być może nawet pośredniego) zastosowania w systemach *EMAS* ze względu na zdecentralizowany charakter zachodzących w nich procesów ewolucyjnych. Systemy te posiadają jednak pewne mechanizmy (środowisko o pewnej topografii, zasoby oraz ich wymiana pomiędzy agentami a środowiskiem, komunikacja agent-agent), które można wykorzystać przy opracowywaniu, odpowiednich dla tego rodzaju systemów, technik koewolucyjnych oraz technik niszowania i specjacji.

Główną ideą modelu *koewolucyjnego systemu wieloagentowego (CoEMAS)*, odróżniającą go od modelu *EMAS*, jest rozważenie koewolucji wielu gatunków oraz płci. W systemach *CoEMAS* agenci różnych gatunków i płci mogą na siebie wzajemnie oddziaływać i wpływać przez to na wartość swojego przystosowania (p. rys. 3.1). Systemy koewolucyjne charakteryzują się złożoną dynamiką populacji oraz lepszymi



Rysunek 3.1. Koewolucyjny system wieloagentowy

zdolnościami adaptacyjnymi niż klasyczne algorytmy ewolucyjne. Analogicznych zjawisk można oczekiwać po wprowadzeniu mechanizmów koewolucji w ewolucyjnych systemach wieloagentowych. Koewolucja gatunków oraz dobór płciowy (będący rezultatem koewolucji samców i samic) są głównymi mechanizmami odpowiedzialnymi za specjację sympatryczną oraz utrzymanie różnorodności populacji i wydaje się, iż stanowią dobrą podstawę do konstrukcji technik niszowania i specjacji dla ewolucyjnych systemów wieloagentowych. Przy konstruowaniu technik niszowania i specjacji będzie można również wykorzystać już istniejące w modelu *EMAS* koncepcje środowiska oraz zasobów, dzięki czemu możliwe będzie modelowanie specjacji alopatrycznej oraz konkurencji o ograniczone zasoby. Co najważniejsze, techniki opierające się na koncepcji koewolucji, czyli wykorzystujące wzajemne oddziaływania agentów różnych gatunków i płci, nie są sprzeczne ze zdecentralizowanym charakterem ewolucyjnego systemu wieloagentowego, ponieważ nie jest w tym przypadku wymagany scentralizowany algorytm sterujący procesem koewolucji.

Wydaje się, iż dzięki możliwościom adaptacji do zmieniających się warunków oraz utrzymywaniu różnorodności populacji, koewolucyjne systemy wieloagentowe znajdują zastosowanie w trudnych problemach optymalizacji wielomodalnej, optymalizacji wielokryterialnej oraz optymalizacji w środowisku niestacjonarnym.

3.2. Model koewolucyjnego systemu wieloagentowego

W rozdziale niniejszym przedstawiony zostanie model koewolucyjnego systemu wieloagentowego [50] z uwzględnieniem wszystkich jego elementów, takich jak: środowisko, zasób, gatunek, płeć, oddziaływania pomiędzy gatunkami i płciami, agent

oraz profil.

Przedstawiony model koewolucyjnego systemu wieloagentowego wykorzystuje pewne pojęcia i koncepcje wprowadzone w modelu systemu wieloagentowego opartego na architekturze M-Agenta [27, 30, 28] oraz w modelu ewolucyjnego systemu wieloagentowego [99, 100]. W stosunku do wspomnianych modeli zostało tu wprowadzonych kilka rozszerzeń, wśród których do najważniejszych zaliczyć można:

- 1) pojęcie gatunku,
- 2) pojęcie płci,
- 3) oddziaływania pomiędzy agentami różnych gatunków oraz płci za pośrednictwem wykonywanych przez nie akcji.

W rezultacie umożliwiło to modelowanie w koewolucyjnym systemie wieloagentowym różnorodnych oddziaływań koewolucyjnych pomiędzy gatunkami oraz płciami (jak np. drapieżnictwo, pasożytnictwo, mutualizm, komensalizm, dobór płciowy itd.).

Koewolucyjny system wieloagentowy *CoEMAS* składa się ze środowiska, zbioru gatunków, zbioru rodzajów zasobów oraz zbioru rodzajów informacji występujących w systemie:

$$CoEMAS = \langle E, S, \Gamma, \Omega \rangle, \quad (3.1)$$

gdzie:

E jest środowiskiem systemu *CoEMAS*;

S jest zbiorem gatunków występujących w systemie *CoEMAS*;

Γ jest zbiorem rodzajów zasobów występujących w systemie, $\Gamma = \{\gamma_1, \gamma_2, \dots, \gamma_k\}$ (przykładowo, przez $r^\gamma(t)$ będziemy oznaczać ilość zasobu rodzaju γ występującą w systemie w chwili t);

Ω jest zbiorem rodzajów informacji występujących w systemie, $\Omega = \{\omega_1, \omega_2, \dots, \omega_l\}$ (przykładowo, przez $i^\omega(t)$ będziemy oznaczać informację rodzaju ω występującą w systemie w chwili t).

3.2.1. Środowisko systemu

Agenci przynależący do koewoluujących gatunków przebywają i działają w środowisku o pewnej topografii. W środowisku tym rozmieszczone są zasoby niezbędne do wykonywania wszelkich czynności życiowych agentów, jak również informacje, które mogą być im potrzebne na przykład do przemieszczania się w środowisku.

Środowisko E systemu *CoEMAS* jest zdefiniowane następująco:

$$E = \langle T^E, \Gamma^E, \Omega^E \rangle \quad (3.2)$$

gdzie:

T^E jest topografią środowiska E ;

Γ^E jest zbiorem rodzajów zasobów występujących w środowisku E ($\Gamma^E \subseteq \Gamma$);

Ω^E jest zbiorem rodzajów informacji występujących w środowisku E ($\Omega^E \subseteq \Omega$).

Topografia T^E środowiska E jest zdefiniowana następująco:

$$T^E = \langle H, l \rangle \quad (3.3)$$

gdzie H jest grafem, natomiast l to funkcja lokalizacji.

H jest zazwyczaj grafem skierowanym:

$$H = \langle V, B \rangle \quad (3.4)$$

gdzie:

V to zbiór wierzchołków;

B to zbiór łuków, $B = \{\langle u, v \rangle : u, v \in V\}$.

Odległość pomiędzy dwoma wierzchołkami grafu H jest zdefiniowana następująco:

$$\text{dist}^H(v_i, v_j) = \min \{|B(W)| : W \text{ jest ścieżką łączącą } v_i \text{ oraz } v_j\} \quad (3.5)$$

Przez $B(W)$ oznaczamy podzbiór zbioru B ($B(W) \subseteq B$) zawierający łuki należące do ścieżki W .

W systemach *CoEMAS* graf H jest zazwyczaj grafem ze zdefiniowaną funkcją kosztu $c(\cdot)$ ($H = \langle V, B, c \rangle$), która określa koszt przejścia agenta z wierzchołka v do wierzchołka u łukiem $\langle v, u \rangle$. Koszt ten może być inny dla każdego rodzaju zasobu występującego w środowisku i wtedy funkcja c jest określona następująco:

$$c : \Gamma^E \times B \rightarrow \mathbb{R} \quad (3.6)$$

Funkcja lokalizacji $l : A \rightarrow V$ umożliwia zlokalizowanie agenta w przestrzeni środowiska:

$$l(a) = v, \quad a \in A, v \in V \quad (3.7)$$

gdzie:

a jest agentem istniejącym w systemie *CoEMAS*;

A jest zbiorem wszystkich agentów istniejących w systemie *CoEMAS*.

Wierzchołek v jest zdefiniowany następująco:

$$v = \langle A^v, \Gamma^v, \Omega^v, \varphi \rangle \quad (3.8)$$

gdzie:

A^v jest zbiorem agentów znajdujących się w wierzchołku v ($A^v \subseteq A$):

$$A^v = \{a : a \in A \wedge l(a) = v\}; \quad (3.9)$$

Γ^v jest zbiorem rodzajów zasobów występujących w wierzchołku v ($\Gamma^v \subseteq \Gamma^E$);

Ω^v jest zbiorem rodzajów informacji występujących w wierzchołku v ($\Omega^v \subseteq \Omega^E$);

φ jest funkcją przystosowania.

3.2.2. Przystosowanie agentów

W modelu *CoEMAS* z każdym agentem a w chwili t związane są dwie wartości przystosowania:

- *przystosowanie faktyczne* będące wartością funkcji przystosowania $\varphi(a(t))$ obliczoną dla agenta $a(t)$ w chwili t (funkcja ta jest zdefiniowana w środowisku systemu) oraz
- *przystosowanie przejawiane* będące wartością funkcji $\varphi^{exp}(a(t))$ obliczoną dla agenta $a(t)$ w chwili t . Przy czym $\varphi^{exp}(a(t)) = p(r^{\gamma_1}(t), \dots, r^{\gamma_n}(t))$, gdzie p jest pewną funkcją, $\gamma_i \in \Gamma^a$, $r^{\gamma_i}(t)$ jest ilością zasobu rodzaju γ_i będącą w posiadaniu agenta a w chwili t , Γ^a jest zbiorem rodzajów zasobów wykorzystywanych przez agenta a .

W dalszej części pracy, w celu rozróżnienia tych dwu różnych wartości przystosowania, terminu *przystosowanie* będziemy używać dla określenia wartości funkcji $\varphi(a(t))$ (czyli *przystosowania faktycznego* agenta $a(t)$), natomiast *przystosowanie przejawiane* dla określenia wartości funkcji $\varphi^{exp}(a(t))$ dla agenta $a(t)$.

3.2.3. Pojęcie gatunku

Gatunek $s \in S$ występujący w systemie *CoEMAS* jest zdefiniowany następująco:

$$s = \langle A^s, SX^s, Z^s, C^s \rangle \quad (3.10)$$

gdzie:

A^s jest zbiorem agentów przynależących do gatunku s (przykładowo, przez a^s będziemy oznaczać agenta, który należy do gatunku s , $a^s \in A^s$);

SX^s jest zbiorem płci występujących w ramach gatunku s ;

Z^s jest zbiorem akcji, jakie mogą być wykonane przez agentów gatunku s ($Z^s = \bigcup_{a \in A^s} Z^a$, gdzie Z^a jest zbiorem akcji, które może wykonać agent a);

C^s jest zbiorem relacji z gatunkami występującymi w systemie.

Zbiór A (wszystkich agentów występujących w systemie) jest sumą zbiorów agentów poszczególnych gatunków występujących w systemie:

$$A = \bigcup_{s \in S} A^s \quad (3.11)$$

Zbiór wszystkich relacji gatunku s_i z gatunkami występującymi w systemie *CoEMAS* (C^{s_i}) jest sumą następujących zbiorów relacji:

$$C^{s_i} = \left\{ \xrightarrow{s_i, z^-}: z \in Z^{s_i} \right\} \cup \left\{ \xrightarrow{s_i, z^+}: z \in Z^{s_i} \right\} \quad (3.12)$$

gdzie $\xrightarrow{s_i, z^-}$ oraz $\xrightarrow{s_i, z^+}$ są relacjami zachodzącymi pomiędzy gatunkami, w których wykorzystywane są pewne akcje $z \in Z^{s_i}$, jakie mogą wykonywać agenci gatunku s_i :

$$\begin{aligned} \xrightarrow{s_i, z^-} = \{ \langle s_i, s_j \rangle \in S \times S : \text{agenci gatunku } s_i \text{ mogą powodować obniżenie} \\ \text{przystosowania przejawianego agentów gatunku } s_j \text{ poprzez} \\ \text{wykonanie akcji } z \in Z^{s_i} \} \end{aligned} \quad (3.13)$$

$$\begin{aligned} \xrightarrow{s_i, z^+} = \{ \langle s_i, s_j \rangle \in S \times S : \text{agenci gatunku } s_i \text{ mogą powodować zwiększenie} \\ \text{przystosowania przejawianego agentów gatunku } s_j \text{ poprzez} \\ \text{wykonanie akcji } z \in Z^{s_i} \} \end{aligned} \quad (3.14)$$

Jeżeli $s_i \xrightarrow{s_i, z^-} s_i$ mamy do czynienia z konkurencją wewnątrzgatunkową, np. o ograniczone zasoby, natomiast jeżeli $s_i \xrightarrow{s_i, z^+} s_i$ to w ramach gatunku s_i mamy do czynienia z jakąś formą współpracy.

3.2.4. Pojęcie płci

Płeć $sx \in SX^s$ występująca w ramach gatunku s (dla uproszczenia zapisu przyjęto $sx \equiv sx^s$) jest zdefiniowana następująco:

$$sx = \langle A^{sx}, Z^{sx}, C^{sx} \rangle \quad (3.15)$$

gdzie:

A^{sx} jest zbiorem agentów przynależących do płci sx gatunku s ($A^{sx} \subseteq A^s$):

$$A^{sx} = \{ a : a \in A^s \wedge a \text{ jest osobnikiem płci } sx \} \quad (3.16)$$

Przez a^{sx} będziemy oznaczać agenta płci sx ($a^{sx} \in A^{sx}$);

Z^{sx} jest zbiorem akcji, jakie mogą być wykonane przez agentów płci sx , $Z^{sx} = \bigcup_{a \in A^{sx}} Z^a$, gdzie Z^a jest zbiorem akcji, które może wykonać agent a ;

C^{sx} jest zbiorem relacji płci sx z innymi płciami gatunku s .

Analogicznie, jak to ma miejsce w przypadku gatunków, możemy zdefiniować relacje występujące pomiędzy różnymi płciami tego samego gatunku. Zbiór wszystkich relacji płci $sx_i \in SX^s$ z innymi płciami gatunku s (C^{sx_i}) jest sumą następujących zbiorów relacji:

$$C^{sx_i} = \left\{ \xrightarrow{sx_i, z^-} : z \in Z^{sx_i} \right\} \cup \left\{ \xrightarrow{sx_i, z^+} : z \in Z^{sx_i} \right\} \quad (3.17)$$

gdzie $\xrightarrow{sx_i, z^-}$ oraz $\xrightarrow{sx_i, z^+}$ są relacjami zachodzącymi pomiędzy płciami, w których wykorzystywane są pewne akcje $z \in Z^{sx_i}$, jakie mogą wykonywać agenci płci sx_i :

$$\begin{aligned} \xrightarrow{sx_i, z^-} = \{ \langle sx_i, sx_j \rangle \in SX^s \times SX^s : \text{agenci płci } sx_i \text{ mogą powodować} \\ \text{obniżenie przystosowania przejawianego agentów płci } sx_j \\ \text{poprzez wykonanie akcji } z \in Z^{sx_i} \} \end{aligned} \quad (3.18)$$

$$\begin{aligned} \xrightarrow{s x_i, z^+} = & \left\{ \langle s x_i, s x_j \rangle \in S X^s \times S X^s : \text{agenci płci } s x_i \text{ mogą powodować} \\ & \text{zwiększenie przystosowania przejawianego agentów płci } s x_j \\ & \text{poprzez wykonanie akcji } z \in Z^{s x_i} \} \end{aligned} \quad (3.19)$$

Jeżeli wykonanie przez agenta $a^{s x_i}$ płci $s x_i \in S X^s$ akcji $z_k \in Z^{s x_i}$ (która np. chwilowo lub na stałe zwiększa przystosowanie przejawiane agenta $a^{s x_j}$ płci $s x_j \in S X^s$) pociąga za sobą wykonanie akcji $z_l \in Z^{s x_i}$ przez agenta $a^{s x_i}$ oraz akcji $z_m \in Z^{s x_j}$ przez agenta $a^{s x_j}$, wpływających w pewien sposób na przystosowanie przejawiane, odpowiednio, agentów $a^{s x_i}$ oraz $a^{s x_j}$ (np. obniżających ich przystosowanie przejawiane) to relację taką będziemy oznaczać $\xrightarrow{z_l^-, z_m^-}$ i definiujemy ją w następujący sposób:

$$\begin{aligned} \xrightarrow{z_l^-, z_m^-} = & \left\{ \langle s x_i, s x_j \rangle \in S X^s \times S X^s : \text{agenci płci } s x_i \text{ mogą powodować} \\ & \text{tymczasowe lub trwałe zwiększenie przystosowania przejawianego} \\ & \text{agentów płci } s x_j, \text{ poprzez wykonanie akcji } z_k \in Z^{s x_i}, \text{ która} \\ & \text{pociąga za sobą wykonanie akcji } z_l \in Z^{s x_i} \text{ oraz } z_m \in Z^{s x_j} \\ & \text{obniżających przystosowanie przejawiane agentów płci,} \\ & \text{odpowiednio, } s x_i \text{ oraz } s x_j \} \end{aligned} \quad (3.20)$$

3.2.5. Oddziaływania ekologiczne

Wykorzystując zdefiniowane uprzednio relacje, możemy w prosty sposób zdefiniować różnorodne oddziaływania ekologiczne (pomiędzy gatunkami i płciami), które można modelować w systemie *CoEMAS*.

Definicja 1 *Z konkurencją wewnątrzgatunkową w ramach gatunku s_i , mamy do czynienia wtedy i tylko wtedy, gdy $\exists z_k \in Z^{s_i}$, taka że $s_i \xrightarrow{s_i, z_k^-} s_i$.*

Definicja 2 *Neutralizm (brak oddziaływań) zachodzi pomiędzy dwoma gatunkami, s_i oraz s_j ($i \neq j$), wtedy i tylko wtedy, gdy $\nexists z_k \in Z^{s_i}$, taka że $s_i \xrightarrow{s_i, z_k^-} s_j \vee s_i \xrightarrow{s_i, z_k^+} s_j$ oraz $\nexists z_l \in Z^{s_j}$, taka że $s_j \xrightarrow{s_j, z_l^-} s_i \vee s_j \xrightarrow{s_j, z_l^+} s_i$.*

Definicja 3 *Z konkurencją międzygatunkową pomiędzy dwoma gatunkami, s_i oraz s_j ($i \neq j$), mamy do czynienia wtedy i tylko wtedy, gdy $\exists z_k \in Z^{s_i} \exists z_l \in Z^{s_j}$, takie że $s_i \xrightarrow{s_i, z_k^-} s_j$ i $s_j \xrightarrow{s_j, z_l^-} s_i$.*

Definicja 4 *Drapieżnictwo pomiędzy dwoma gatunkami, s_i (drapieżnikami) oraz s_j (ofiarami) ($i \neq j$), występuje wtedy i tylko wtedy, gdy $\exists z_k \in Z^{s_i} \exists z_l \in Z^{s_j}$, takie że $s_i \xrightarrow{s_i, z_k^-} s_j$ i $s_j \xrightarrow{s_j, z_l^+} s_i$, przy czym z_k jest akcją zabicia ofiary (kill), natomiast z_l akcją śmierci (die).*

Definicja 5 *Pasożytnictwo pomiędzy dwoma gatunkami, s_i (pasożytami) oraz s_j (żywicielami) ($i \neq j$), występuje wtedy i tylko wtedy, gdy $\exists z_k \in Z^{s_i} \exists z_l \in Z^{s_j}$, takie że $s_i \xrightarrow{s_i, z_k^-} s_j$ i $s_j \xrightarrow{s_j, z_l^+} s_i$, przy czym pasożyt może żyć wyłącznie w ścisłym związku z żywicielem.*

Definicja 6 Komensalizm zachodzi pomiędzy dwoma gatunkami, s_i (gospodarzem) oraz s_j (komensalem) ($i \neq j$), wtedy i tylko wtedy, gdy $\exists z_k \in Z^{s_i}$, taka że $s_i \xrightarrow{s_i, z_k^+} s_j$ i $\forall z_l \in Z^{s_j} \neg(s_j \xrightarrow{s_j, z_l^+} s_i \vee s_j \xrightarrow{s_j, z_l^-} s_i)$.

Definicja 7 Amensalizm zachodzi pomiędzy dwoma gatunkami, s_i oraz s_j ($i \neq j$), wtedy i tylko wtedy, gdy $\exists z_k \in Z^{s_i}$, taka że $s_i \xrightarrow{s_i, z_k^-} s_j$ i $\forall z_l \in Z^{s_j} \neg(s_j \xrightarrow{s_j, z_l^+} s_i \vee s_j \xrightarrow{s_j, z_l^-} s_i)$.

Definicja 8 Mutualizm zachodzi pomiędzy dwoma gatunkami, s_i oraz s_j ($i \neq j$), wtedy i tylko wtedy, gdy $\exists z_k \in Z^{s_i} \exists z_l \in Z^{s_j}$, takie że $s_i \xrightarrow{s_i, z_k^+} s_j$ i $s_j \xrightarrow{s_j, z_l^+} s_i$ oraz gatunki te żyją w ścisłym związku.

Wykorzystując relację (3.20) możemy również zdefiniować koewolucję różnych płci wynikającą z konfliktu płci. Płeć $sx_i \in SX^s$ ewoluuje tak, aby zmniejszyć częstotliwość reprodukcji ponieważ koszt z niej wynikający jest znaczny i powoduje silne obniżenie przystosowania przejawianego. Natomiast płeć $sx_j \in SX^s$ ewoluuje tak, aby zwiększyć częstotliwość reprodukcji ponieważ ponosi znacznie mniejsze koszty z nią związane. Z tak zdefiniowanej koewolucji wynika istnienie doboru płciowego: płeć sx_i wybiera kandydatów do reprodukcji spośród agentów płci sx_j preferując pewne ich cechy.

Definicja 9 O konflikcie i koewolucji płci gatunku s , $sx_i \in SX^s$ (wybierającej) i $sx_j \in SX^s$ (wybieranej) ($i \neq j$), możemy mówić wtedy i tylko wtedy, gdy $\exists z_k, z_l \in Z^{sx_i} \exists z_m \in Z^{sx_j}$, takie że $sx_i \xrightarrow[s_l^-, z_m^-]{sx_i, z_k^+} sx_j$. Wykonanie akcji z_k (wybór partnera do reprodukcji) przez agenta a^{sx_i} powoduje chwilowe zwiększenie przystosowania przejawianego agenta a^{sx_j} . Akcja ta pociąga za sobą wykonanie przez agenta a^{sx_i} akcji z_l (utruty zasobów związanej z reprodukcją, wydaniem na świat potomstwa i opieką nad nim) oraz wykonanie akcji z_m (utruty zasobów związanej z reprodukcją) przez agenta a^{sx_j} . Akcje z_l oraz z_m powodują obniżenie przystosowania przejawianego, odpowiednio, agentów a^{sx_i} i a^{sx_j} , przy czym obniżenie to jest znacznie silniejsze w przypadku agenta a^{sx_i} , ponieważ koszt (w sensie zużytych zasobów) wykonania akcji z_l jest dużo wyższy niż koszt wykonania akcji z_m .

3.2.6. Agent

Agent a płci sx należący do gatunku s (dla uproszczenia zapisu przyjęto $a \equiv a^{sx, s}$) jest zdefiniowany następująco:

$$a = \langle gn^a, Z^a, \Gamma^a, \Omega^a, PR^a \rangle \quad (3.21)$$

gdzie:

gn^a jest genotypem agenta a , który może składać się z dowolnej liczby chromosomów (przykładowo może on składać się wyłącznie z jednego chromosomu: $gn^a = \langle (x_1, x_2, \dots, x_k) \rangle$, gdzie $x_i \in \mathbb{R}$, $gn^a \in \mathbb{R}^k$);

Z^a jest zbiorem akcji, które agent a może wykonać;

Γ^a jest zbiorem rodzajów zasobów, które wykorzystuje agent a ($\Gamma^a \subseteq \Gamma$);

Ω^a jest zbiorem rodzajów informacji, które agent a może posiadać i wykorzystywać ($\Omega^a \subseteq \Omega$);

PR^a jest uporządkowanym zbiorem profili agenta a ($PR^a \equiv \langle PR^a, \trianglelefteq \rangle$) ze zdefiniowaną relacją porządkującą \trianglelefteq .

Relacja \trianglelefteq jest zdefiniowana następująco:

$$\trianglelefteq = \left\{ \langle pr_i, pr_j \rangle \in PR^a \times PR^a : \text{realizacja celów aktywnych profilu } pr_i \text{ ma} \right. \\ \left. \text{wyższy lub taki sam priorytet, jak realizacja celów aktywnych} \quad (3.22) \\ \left. \text{profilu } pr_j \right\}$$

Celem aktywnym (który oznaczamy przez gl^*) nazywać będziemy cel gl , który powinien zostać zrealizowany w danej chwili. Relacja \trianglelefteq została zdefiniowana tak, że jest ona relacją zwrotną, przechodnią oraz antysymetryczną i porządkuje zbiór PR^a :

$$pr \trianglelefteq pr \quad \text{dla każdego } pr \in PR^a \quad (3.23a)$$

$$(pr_i \trianglelefteq pr_j \wedge pr_j \trianglelefteq pr_k) \Rightarrow pr_i \trianglelefteq pr_k \quad \text{dla każdego } pr_i, pr_j, pr_k \in PR^a \quad (3.23b)$$

$$(pr_i \trianglelefteq pr_j \wedge pr_j \trianglelefteq pr_i) \Rightarrow pr_i = pr_k \quad \text{dla każdego } pr_i, pr_j \in PR^a \quad (3.23c)$$

Zbiór profili PR^a jest zdefiniowany następująco:

$$PR^a = \{pr_1, pr_2, \dots, pr_n\} \quad (3.24a)$$

$$pr_1 \trianglelefteq pr_2 \trianglelefteq \dots \trianglelefteq pr_n \quad (3.24b)$$

Profil pr_1 jest tu profilem podstawowym, co oznacza że realizacja jego celów aktywnych ma pierwszeństwo przed realizacją celów aktywnych innych profili.

Profil pr agenta a ($pr \in PR^a$) może być profilem, w którym wykorzystywane są wyłącznie zasoby:

$$pr = \langle \Gamma^{pr}, ST^{pr}, RST^{pr}, GL^{pr} \rangle \quad (3.25)$$

wyłącznie informacje:

$$pr = \langle \Omega^{pr}, M^{pr}, ST^{pr}, RST^{pr}, GL^{pr} \rangle \quad (3.26)$$

lub też zarówno zasoby, jak i informacje:

$$pr = \langle \Gamma^{pr}, \Omega^{pr}, M^{pr}, ST^{pr}, RST^{pr}, GL^{pr} \rangle \quad (3.27)$$

gdzie:

Γ^{pr} jest zbiorem rodzajów zasobów, które są wykorzystywane w profilu pr ($\Gamma^{pr} \subseteq \Gamma^a$);

Ω^{pr} jest zbiorem rodzajów informacji, które są wykorzystywane w profilu pr ($\Omega^{pr} \subseteq \Omega^a$);

M^{pr} jest zbiorem informacji, które reprezentują wiedzę agenta o środowisku i pozostałych agentach (modelem środowiska agenta a);

ST^{pr} jest uporządkowanym zbiorem strategii ($ST^{pr} \equiv \langle ST^{pr}, \preceq \rangle$), które agent może zastosować w profilu pr , aby zrealizować pewien cel aktywny tego profilu;

RST^{pr} jest zbiorem strategii, które są realizowane w ramach profilu pr ;

GL^{pr} jest uporządkowanym zbiorem celów ($GL^{pr} \equiv \langle GL^{pr}, \preceq \rangle$), które agent realizuje w ramach profilu pr .

Relacja \preceq jest zdefiniowana następująco:

$$\preceq = \left\{ \langle st_i, st_j \rangle \in ST^{pr} \times ST^{pr} : \text{strategia } st_i \text{ ma wyższy lub taki sam} \right. \\ \left. \text{priorytet, jak strategia } st_j \right\} \quad (3.28)$$

Relacja ta została zdefiniowana tak, że jest ona relacją zwrotną, przechodnią oraz antysymetryczną i porządkuje zbiór ST^{pr} . Pojedyncza strategia $st \in ST^{pr}$ składa się z akcji, których wykonanie w kolejności prowadzi do realizacji pewnego celu aktywnego profilu pr :

$$st = \langle z_1, z_2, \dots, z_k \rangle, \quad st \in ST^{pr}, \quad z_i \in Z^a \quad (3.29)$$

Relacja \preceq jest zdefiniowana następująco:

$$\preceq = \left\{ \langle gl_i, gl_j \rangle \in GL^{pr} \times GL^{pr} : \text{cel } gl_i \text{ ma wyższy lub taki sam} \right. \\ \left. \text{priorytet, jak cel } gl_j \right\} \quad (3.30)$$

Relacja ta została zdefiniowana tak, że jest ona relacją zwrotną, przechodnią oraz antysymetryczną i porządkuje zbiór GL^{pr} .

W systemach *CoEMAS* zbiór profili najczęściej składa się z profilu zasobowego (pr_1), profilu reprodukcyjnego (pr_2), profilu interakcji (pr_3) oraz profilu migracji (pr_4):

$$PR^a = \{pr_1, pr_2, pr_3, pr_4\} \quad (3.31a)$$

$$pr_1 \trianglelefteq pr_2 \trianglelefteq pr_3 \trianglelefteq pr_4 \quad (3.31b)$$

Profil zasobowy jest profilem podstawowym, natomiast kolejne priorytety mają profile reprodukcyjny, interakcji oraz migracji. Wspomniane profile zostały przedstawione w dalszej części rozdziału.

W niektórych systemach opisanych w rozdziale 4 nie występują wszystkie wymienione powyżej profile lub też występują w nich pewne dodatkowe profile. Wybór profili oraz ustalenie ich priorytetów są zawsze ściśle związane z architekturą oraz mechanizmami konkretnego systemu opartego na modelu *CoEMAS*.

3.2.7. Realizacja celów i wybór strategii

Przedstawione powyżej uporządkowane zbiory profili PR^a , celów GL^{pr} oraz strategii ST^{pr} służą agentowi do podejmowania decyzji dotyczących wyboru celu oraz odpowiedniej strategii jego realizacji. Proces podejmowania decyzji przebiega w następujący sposób:

- 1) Agent a uaktywnia profil o najwyższym priorytecie $pr_i \in PR^a$, który posiada cel aktywny $gl_j^* \in GL^{pr_i}$.
- 2) Jeżeli w zbiorze GL^{pr_i} jest więcej celów aktywnych, do realizacji wybierany jest cel o najwyższym priorytecie (założmy, że jest to gl_j^*).
- 3) Następnie ze zbioru ST^{pr_i} wybierana jest aktualnie możliwa do realizacji strategia o najwyższym priorytecie spośród strategii, które umożliwiają realizację celu gl_j^* i równocześnie nie naruszają celów profilów o wyższym priorytecie niż priorytet profilu pr_i (założmy, że jest to strategia $st_k \in ST^{pr_i}$).
- 4) Jeżeli wybrana strategia $st_k \in ST^{pr_i}$ nie jest realizowana w ramach aktywnego profilu pr_i ($st_k \notin RST^{pr_i}$) profilem aktywnym staje się profil o najwyższym priorytecie, który zapewnia realizację strategii st_k .
- 5) Jeżeli realizacja wybranej strategii zakończy się sukcesem wtedy cel gl_j staje się celem nieaktywnym.
- 6) Ponownie realizowane są czynności opisane w punkcie 1.

3.2.8. Izolacja rozrodcza

W systemach *CoEMAS* występuje wiele gatunków agentów i mogą zachodzić sytuacje, gdy dwóch agentów jest izolowanych rozrodczo (nie może dojść do rekombinacji ich materiału genetycznego).

Definicja 10 *Agenci $a_i \in A^{s_k}$, $a_j \in A^{s_l}$ ($s_k, s_l \in S$) występujący w systemie CoEMAS są izolowani rozrodczo wtedy i tylko wtedy, gdy $k \neq l$ lub $h(a_i, a_j) \geq r_i$, gdzie h jest pewnym kryterium, na podstawie którego można sprawdzić, czy dwóch agentów jest izolowanych rozrodczo, natomiast r_i jest parametrem izolacji rozrodczej.*

Jeżeli gn^{a_i} , $gn^{a_j} \in G = \mathbb{R}^n$ są genotypami agentów a_i oraz a_j , jako kryterium izolacji rozrodczej można, przykładowo, przyjąć odległość tych agentów w przestrzeni genotypów w metryce Euklidesa. W takim przypadku agenci a_i oraz a_j są izolowani rozrodczo, gdy $dist^G(gen(a_i), gen(a_j)) \geq r_i$, gdzie $r_i \in \mathbb{R}$.

3.2.9. Profil zasobowy

Profil zasobowy pr_1 jest podstawowym profilem, którego cele mają pierwszeństwo przed celami wszystkich pozostałych profilów. Zadaniem tego profilu jest utrzymywanie ilości zasobów będących w posiadaniu agenta powyżej poziomów minimalnych.

Profil pr_1 agenta a płci sx gatunku s (dla uproszczenia zapisu przyjęto $a \equiv a^{sx,s}$) jest zdefiniowany następująco:

$$pr_1 = \langle \Gamma^{pr_1}, ST^{pr_1}, RST^{pr_1}, GL^{pr_1} \rangle \quad (3.32)$$

gdzie $\Gamma^{pr_1} \subseteq \Gamma^a$ jest zbiorem rodzajów zasobów, które agent a wykorzystuje w profilu zasobowym.

Poniżej zdefiniowano przykładowe zbiory strategii (ST^{pr_1}), strategii realizowanych (RST^{pr_1}) oraz celów (GL^{pr_1}) profilu pr_1 :

$$ST^{pr_1} = \{\langle die \rangle, \langle get \rangle, \langle kill \rangle\} \quad (3.33a)$$

$$\langle die \rangle \preceq \langle get \rangle \preceq \langle kill \rangle \quad (3.33b)$$

$$RST^{pr_1} = \{\langle die \rangle, \langle get \rangle\} \quad (3.34)$$

$$GL^{pr_1} = \{gl_1 = \{r^{die} > r_{min}^{die}\}, gl_2 = \{r^\gamma > r_{crit}^{\gamma,s} : \gamma \in \Gamma^{pr_1}\}\} \quad (3.35a)$$

$$gl_1 \preceq gl_2 \quad (3.35b)$$

gdzie $r^{die} = g(r^{\gamma_1}, \dots, r^{\gamma_n})$, $\gamma_i \in \Gamma^{pr_1}$, $g(\cdot)$ jest pewną funkcją, r^γ jest ilością zasobu rodzaju γ będącą w posiadaniu agenta a , $r_{crit}^{\gamma,s}$ jest wartością, poniżej której ilość zasobu nie powinna spadać dla agentów gatunku s .

W ramach profilu zasobowego wykorzystywane są następujące strategie:

- Śmierci $\langle die \rangle$ — akcja die jest realizowana w chwili t w przypadku, gdy gl_1 jest celem aktywnym. Akcja ta powoduje przekazanie wszystkich zasobów będących jeszcze w posiadaniu agenta $a \in A^s$ do wierzchołka v , w którym się on aktualnie znajduje i usunięcie agenta a z systemu:

$$\begin{aligned} die : \quad & \forall \gamma \in \Gamma^{pr_1} \quad r^{\gamma,v} \mapsto r^{\gamma,v} + r^\gamma, \quad v = l(a) \\ & \forall \gamma \in \Gamma^{pr_1} \quad r^\gamma \mapsto r_{min}^{\gamma,s} \\ & A^s \mapsto A^s - \{a\} \end{aligned} \quad (3.36)$$

gdzie $r^{\gamma,v}$ jest ilością zasobu rodzaju γ będącą w posiadaniu wierzchołka v , r^γ jest ilością zasobu rodzaju γ będącą w posiadaniu agenta a , natomiast $r_{min}^{\gamma,s}$ jest minimalną ilością zasobu rodzaju γ , jaka może być w posiadaniu agentów gatunku s .

- Pobrania zasobów ze środowiska $\langle get \rangle$ — strategia ta może być realizowana gdy gl_2 jest celem aktywnym. Wykonując akcję get , agent a próbuje pozyskać z wierzchołka $v = l(a)$ pewną ilość zasobów wykorzystywanych w profilu zasobowym:

$$\begin{aligned} get : \quad & \forall \gamma \in (\Gamma^{pr_1} \cap \Gamma^v) \quad r^\gamma \mapsto r^\gamma + r_{env}^\gamma \\ & \forall \gamma \in (\Gamma^{pr_1} \cap \Gamma^v) \quad r^{\gamma,v} \mapsto r^{\gamma,v} - r_{env}^\gamma \end{aligned} \quad (3.37)$$

gdzie r_{env}^γ jest pewną ilością zasobu rodzaju γ przyznaną przez środowisko (wierzchołek v) agentowi a .

- Zabicia innego agenta i zabrania jego zasobów $\langle kill \rangle$ — realizowana w ramach profilu interakcji, gdy gl_2 jest celem aktywnym.

3.2.10. Profil reprodukcyjny

W ramach profilu reprodukcyjnego pr_2 realizowane są wszystkie strategie związane z procesem reprodukcji. Profil pr_2 agenta a_i płci sx gatunku s (dla uproszczenia zapisu przyjęto $a_i \equiv a_i^{sx,s}$) jest zdefiniowany następująco:

$$pr_2 = \langle \Gamma^{pr_2}, \Omega^{pr_2}, M^{pr_2}, ST^{pr_2}, RST^{pr_2}, GL^{pr_2} \rangle \quad (3.38)$$

gdzie:

$\Gamma^{pr_2} \subseteq \Gamma^{a_i}$ jest zbiorem rodzajów zasobów, które agent a_i wykorzystuje w profilu reprodukcyjnym;

$\Omega^{pr_2} \subseteq \Omega^{a_i}$ jest zbiorem zawierającym rodzaje informacji, które mogą być wykorzystywane przez agenta a_i przy tworzeniu modelu M^{pr_2} ;

M^{pr_2} jest modelem środowiska agenta a_i , wykorzystywanym w profilu reprodukcyjnym. Przykładowo, może on zawierać informację o innych agentach gatunku s znajdujących w tym samym wierzchołku, co agent a_i :

$$M^{pr_2} = \{i^{\omega_1} = \{a_j \in A^v : a_j \in A^s, \quad v = l(a_i)\}\} \quad (3.39)$$

Poniżej zdefiniowano przykładowe zbiory strategii (ST^{pr_2}), strategii realizowanych (RST^{pr_2}) oraz celów (GL^{pr_2}):

$$ST^{pr_2} = \{\langle accept \rangle, \langle seek, clone, rec, mut \rangle, \langle migr \rangle\} \quad (3.40a)$$

$$\langle accept \rangle \preceq \langle seek, clone, rec, mut \rangle \preceq \langle migr \rangle \quad (3.40b)$$

$$RST^{pr_2} = \{\langle seek, clone, rec, mut \rangle\} \quad (3.41)$$

$$GL^{pr_2} = \{gl = \{r^{rep} \leq r_{max}^{rep,s}\}\} \quad (3.42)$$

gdzie $r^{rep} = h(r^{\gamma_1}, \dots, r^{\gamma_n})$, $\gamma_i \in \Gamma^{pr_2}$, natomiast $h(\cdot)$ jest pewną funkcją. Do reprodukcji dochodzi, gdy wartość wskaźnika r^{rep} agenta a gatunku s przekroczy wartość $r_{max}^{rep,s}$.

W ramach profilu reprodukcyjnego wykorzystywane są następujące strategie:

- Reprodukcji $\langle seek, clone, rec, mut \rangle$ — realizowana, gdy gl jest celem aktywnym.

Akcja $seek$ powoduje rozesłanie komunikatów do agentów ze zbioru i^{ω_1} w celu znalezienia partnera do reprodukcji (agent, który jest gotowy do reprodukcji odpowiada realizacją strategii $\langle accept \rangle$). Następnie tworzony jest potomek agenta a_i , który realizuje strategię reprodukcji (akcja $clone$), a później wykonywane są akcje rekombinacji (rec) i mutacji (mut).

Akcja $clone$ powoduje utworzenie potomka a_{child} agenta a_i o identycznym genotypie oraz przekazanie mu pewnej ilości zasobów:

$$\begin{aligned} clone : \quad A^s &\mapsto (A^s \cup \{a_{child}\}) \\ \forall \gamma \in \Gamma^{pr_2} \quad r^\gamma &\mapsto r^\gamma - r_{clone}^{\gamma,s} \\ \forall \gamma \in \Gamma^{pr_2} \quad r^{\gamma,child} &\mapsto r^{\gamma,child} + r_{clone}^{\gamma,s} \end{aligned} \quad (3.43)$$

gdzie r^γ jest ilością zasobu rodzaju γ będącą w posiadaniu agenta a_i , $r^{\gamma,child}$ jest ilością zasobu rodzaju γ będącą w posiadaniu agenta a_{child} , natomiast $r_{clone}^{\gamma,s}$ jest ilością zasobu rodzaju γ przekazywaną w akcji klonowania agentów gatunku s .

Akcja rec realizuje rekombinację chromosomów agentów a_i oraz a_j (rodziców). Przykładowo, gdy $gn \in \mathbb{R}^k$ akcja rec jest zdefiniowana następująco:

$$\begin{aligned} rec : \quad \mathbb{R}^k \times \mathbb{R}^k &\rightarrow \mathbb{R}^k \\ rec(gn^{a_i}, gn^{a_j}) &= gn^{a_{child}} \end{aligned} \quad (3.44)$$

gdzie gn^{a_i} oraz gn^{a_j} są genotypami agentów, którzy nie są izolowani rozrodczo (zgodnie z definicją 10, natomiast $gn^{a_{child}}$ jest genotypem potomka. Gdy dochodzi do rekombinacji również drugi rodzic (a_j) przekazuje część swoich zasobów potomkowi:

$$\begin{aligned} \forall \gamma \in \Gamma^{pr2} \quad r^{\gamma,a_j} &\mapsto r^{\gamma,a_j} - r_{rec}^{\gamma,s} \\ \forall \gamma \in \Gamma^{pr2} \quad r^{\gamma,a_{child}} &\mapsto r^{\gamma,a_{child}} + r_{rec}^{\gamma,s} \end{aligned} \quad (3.45)$$

gdzie r^{γ,a_j} jest ilością zasobu rodzaju γ będącą w posiadaniu agenta a_j , natomiast $r_{rec}^{\gamma,s}$ jest ilością zasobu rodzaju γ przekazywaną przez agenta a_j gatunku s (drugiego rodzica).

Akcja mut realizuje mutację chromosomu potomka:

$$mut : \quad gn^{a_{child}} \mapsto gn^{a_{child}'} \quad (3.46)$$

- Akceptacji partnera do reprodukcji $\langle accept \rangle$ — realizowana w ramach profilu interakcji, gdy gl jest celem aktywnym.
- Migracji $\langle migr \rangle$ — realizowana w ramach profilu migracji, gdy gl jest celem aktywnym.

3.2.11. Profil interakcji

Profil interakcji jest odpowiedzialny za oddziaływania agenta a_i płci sx gatunku s_k (dla uproszczenia zapisu przyjęto $a_i \equiv a_i^{sx,s_k}$) z innymi agentami:

$$pr_3 = \langle \Gamma^{pr3}, \Omega^{pr3}, M^{pr3}, ST^{pr3}, RST^{pr3}, GL^{pr3} \rangle \quad (3.47)$$

gdzie:

$\Gamma^{pr3} \subseteq \Gamma^{a_i}$ jest zbiorem rodzajów zasobów, które agent a_i wykorzystuje w profilu interakcji;

$\Omega^{pr3} \subseteq \Omega^{a_i}$ jest zbiorem zawierającym rodzaje informacji, które mogą być wykorzystywane przez agenta a_i przy tworzeniu modelu M^{pr3} ;

M^{pr3} jest modelem środowiska agenta a_i , wykorzystywanym w profilu interakcji. Przykładowo, może on być zdefiniowany następująco:

$$M^{pr3} = \{i^{\omega_2} = A^{s_k,kill-}\} \quad (3.48)$$

gdzie $A^{s_k, kill^-}$ jest zbiorem agentów, na których agent $a_i \in A^{s_k}$ może oddziaływać w wyniku wykonania akcji $kill$. Zbiór ten może być ograniczony wyłącznie do agentów znajdujących się w tym samym wierzchołku:

$$A^{s_k, kill^-} = \left\{ a^{s_l} \in A^v : s_k \xrightarrow{s_k, kill^-} s_l, \quad v = l(a_i), \quad s_k, s_l \in S \right\} \quad (3.49)$$

Zbiór rodzajów zasobów (Γ^{pr3}) może być przykładowo, zdefiniowany w następujący sposób:

$$\Gamma^{pr3} = \Gamma^{pr1} \cup \Gamma^{pr2} \quad (3.50)$$

Poniżej zdefiniowano przykładowe zbiory strategii (ST^{pr3}), strategii realizowanych (RST^{pr3}) oraz celów (GL^{pr3}):

$$ST^{pr3} = \{ \langle kill \rangle, \langle accept \rangle, \langle migr \rangle \} \quad (3.51a)$$

$$\langle kill \rangle \preceq \langle accept \rangle \preceq \langle migr \rangle \quad (3.51b)$$

$$RST^{pr3} = \{ \langle accept \rangle, \langle kill \rangle \} \quad (3.52)$$

$$GL^{pr3} = \{ gl_1 = \{ r^\gamma > r_{crit}^\gamma : \gamma \in \Gamma^{pr1} \}, gl_2 = \{ r^{rep} < r_{max}^{rep} \} \} \quad (3.53a)$$

$$gl_1 \preceq gl_2 \quad (3.53b)$$

Zbiór celów zawiera cele profili zasobowego oraz reprodukcyjnego (por. formuły (3.35) oraz (3.42)).

W ramach profilu interakcji wykorzystywane są następujące strategie:

- Zabicia innego agenta i zabrania jego zasobów $\langle kill \rangle$ — realizowana, gdy gl_1 jest celem aktywnym. Akcja $kill$ jest akcją oddziaływania agenta $a_i \in A^{s_k}$ na agenta a_j gatunku s_l . Akcja ta może powodować zabicie agenta a_j w chwili t oraz zabranie mu wszystkich zasobów przez agenta a_i :

$$\begin{aligned} kill(a_j) : \quad & \forall \gamma \in \left(\Gamma^{int, a_i} \cap \Gamma^{a_j} \right) \quad r^{\gamma, a_i} \mapsto r^{\gamma, a_i} + r^{\gamma, a_j} \\ & r^{\gamma, a_j} \mapsto r_{min}^{\gamma, a_j} \\ & A^{s_l} \mapsto A^{s_l} - \{ a_j \} \end{aligned} \quad (3.54)$$

gdzie Γ^{int, a_i} jest zbiorem rodzajów zasobów wykorzystywanych przez agenta a_i w profilu interakcji, r^{γ, a_i} jest ilością zasobu rodzaju γ będącą w posiadaniu agenta a_i , natomiast agent $a_j \in A^{s_k, kill^-}$. Strategia migracji $\langle migr \rangle$ może być wykorzystana w przypadku, gdy agent a_i musi przemieścić się w kierunku agenta a_j , na którego może oddziaływać akcją $kill$, a który nie jest bezpośrednio dostępny ponieważ znajduje się w innym wierzchołku. Strategia ta może być również wykorzystana, gdy agent a_i próbuje uciec przed agentami innych gatunków, które mogą oddziaływać na niego poprzez wykonanie akcji $kill$.

- Akceptacji partnera do reprodukcji $\langle accept \rangle$ — realizowana, gdy gl_2 jest celem aktywnym. Strategia ta może być wykorzystywana w przypadku występowania w populacji doboru płciowego. Załóżmy, że agent a^{sx_1} jest osobnikiem płci sx_1 ($a^{sx_1} \in A^{sx_1}$), natomiast agent a^{sx_2} jest osobnikiem płci sx_2 ($a^{sx_2} \in A^{sx_2}$) tego samego gatunku s ($A^s = A^{sx_1} \cup A^{sx_2}$ oraz $A^{sx_1} \cap A^{sx_2} = \emptyset$). Jeżeli koszty reprodukcji płci sx_1 są wyższe od kosztów reprodukcji płci sx_2 , wtedy agenci płci sx_1 wybierają spośród agentów płci sx_2 partnerów do reprodukcji.

Działanie mechanizmu doboru płciowego może być następujące. Agenci płci sx_2 realizują strategię $\langle seek \rangle$, która jest sygnałem dla agenta płci sx_1 (znajdującego się np. w tym samym wierzchołku w chwili t), że pewien inny agent chce z nim reprodukować. Agent płci sx_1 może taki sygnał zaakceptować (wykonując akcję $accept$) lub zignorować. Decyzja może być podejmowana na podstawie pewnych cech agenta płci sx_2 (np. odległości w przestrzeni genotypów lub fenotypów w pewnej metryce, ilości zasobów posiadanych przez agenta płci sx_2 itp.).

- Migracji $\langle migr \rangle$ — realizowana w ramach profilu migracji, gdy gl_2 jest celem aktywnym.

3.2.12. Profil migracji

Profil migracji jest odpowiedzialny za realizację migracji agenta a płci sx gatunku s (dla uproszczenia zapisu przyjęto $a \equiv a^{sx,s}$) w środowisku systemu:

$$pr_4 = \langle \Gamma^{pr_4}, \Omega^{pr_4}, M^{pr_4}, ST^{pr_4}, RST^{pr_4}, GL^{pr_4} \rangle \quad (3.55)$$

gdzie:

$\Gamma^{pr_4} \subseteq \Gamma^a$ jest zbiorem rodzajów zasobów, które agent a wykorzystuje w profilu migracji;

$\Omega^{pr_4} \subseteq \Omega^a$ jest zbiorem rodzajów informacji, które mogą być wykorzystywane przez agenta a przy tworzeniu modelu środowiska;

M^{pr_4} jest modelem środowiska agenta a wykorzystywanym w profilu migracji. Przykładowo, może on zawierać informacje o wierzchołkach, do których agent a jest w stanie się aktualnie przemieścić:

$$M^{pr_4} = \{i^{\omega_3} = \{v \in V : dist^H(l(a), v) \leq dist_{max}^{H,s}\}\} \quad (3.56)$$

gdzie $dist_{max}^{H,s}$ jest maksymalną odległością, na jaką agent gatunku s może się przemieścić w grafie H , natomiast odległość $dist^H(l(a), v)$ jest zdefiniowana zgodnie z formułą (3.5).

Poniżej zdefiniowano przykładowe zbiory strategii (ST^{pr_4}), strategii realizowanych (RST^{pr_4}) oraz celów (GL^{pr_4}):

$$ST^{pr_4} = \{\langle migr \rangle\} \quad (3.57)$$

$$RST^{pr_4} = \{\langle migr \rangle\} \quad (3.58)$$

$$GL^{pr_4} = \{gl_1 = \{r^\gamma > r_{crit}^\gamma : \gamma \in \Gamma^{pr_1}\}, gl_2 = \{r^{rep} < r_{max}^{rep}\}\} \quad (3.59a)$$

$$gl_1 \preceq gl_2 \quad (3.59b)$$

Zbiór celów zawiera tutaj cele profilu zasobowego i reprodukcyjnego (por. formuły (3.35) oraz (3.42)).

Strategia migracji $\langle migr \rangle$ jest realizowana, gdy gl_1 lub gl_2 jest celem aktywnym. Akcja $migr$ powoduje zmianę lokalizacji agenta a oraz zmianę modelu środowiska. Jeżeli z każdym łukiem grafu H związany jest koszt przejścia agenta z wierzchołka do wierzchołka, wtedy akcja $migr$ powoduje również spadek ilości poszczególnych rodzajów zasobów należących do zbioru Γ^{pr_4} agenta a , którymi to zasobami agent „płaci” za migrację:

$$\begin{aligned} migr : \quad v_i = l(a) &\mapsto v_j \in i^{\omega_3} \\ M^{pr_4} &\mapsto M^{pr_4'} \\ \forall \gamma \in (\Gamma^a \cap \Gamma^E) \quad r^\gamma &\mapsto r^\gamma - \sum_{\langle u,v \rangle \in B(W)} c(\gamma, \langle u,v \rangle) \end{aligned} \quad (3.60)$$

gdzie $B(W)$ oznacza podzbiór zbioru B ($B(W) \subseteq B$) zawierający łuki należące do ścieżki W łączącej wierzchołek v_i oraz v_j , natomiast Γ^E to zbiór rodzajów zasobów występujących w środowisku E .

3.2.13. Selekcja

Ze względu na zdecentralizowany charakter koewolucyjnych systemów wieloagentowych nie jest tu możliwe, podobnie jak ma to miejsce w systemach $EMAS$, przeniesienie mechanizmów selekcji znanych z klasycznych algorytmów ewolucyjnych. Selekcja w systemie $CoEMAS$ jest realizowana w oparciu o zasoby zdefiniowane w środowisku. Zasoby te mogą być w posiadaniu zarówno agentów, jak i środowiska. Zasoby są niezbędne agentom do wykonywania czynności życiowych, takich jak migracja czy reprodukcja. Pozyskiwane mogą być one ze środowiska lub w procesie interakcji z innymi agentami. W najprostszym przypadku środowisko może przyznawać agentom zasoby w ten sposób, że agenci o lepszym przystosowaniu dostają ich odpowiednio więcej. Drugim mechanizmem pozyskiwania zasobów, nieobecny w systemach $EMAS$, są oddziaływania agentów z agentami innych gatunków oraz płci. Możliwa jest tu realizacja różnych modeli oddziaływań ekologicznych (p. rozdz. 3.2.5).

3.2.14. Reprodukacja

Proces reprodukcji w systemie $CoEMAS$ jest realizowany przez poszczególnych agentów w ramach profilu reprodukcyjnego. W profilu tym zdefiniowane są strategie odpowiedzialne za reprodukcję, zarówno te odpowiedzialne za tworzenie potomków oraz rekombinację i mutację ich genotypów, jak i te odpowiedzialne za wybór partnera do reprodukcji w przypadku występowania doboru płciowego (p. rozdz. 3.2.10).

Reprodukcja w systemach $CoEMAS$ przebiega na ogół w następujący sposób:

- Jeżeli poziom zasobów wykorzystywanych w profilu reprodukcyjnym przekracza wartości maksymalnie dopuszczalne, wtedy dany agent przystępuje do poszukiwania partnera do reprodukcji (na ogół wśród agentów znajdujących się w najbliższym sąsiedztwie, np. w tym samym wierzchołku).
- W przypadku występowania doboru płciowego, czyli gdy koszty reprodukcji jednej z płci (np. sx_i) są dużo wyższe niż drugiej (np. sx_j), cały proces jest inicjowany przez agenta płci sx_j , który wysyła sygnał do agenta płci sx_i .
- Agent płci sx_i decyduje, którego z konkurujących agentów płci sx_j zaakceptuje jako partnera do reprodukcji (decyzja ta jest podejmowana na podstawie pewnych określonych cech agentów płci sx_j).
- Jeżeli dojdzie do akceptacji, generowany jest potomek z zastosowaniem znanych z klasycznych algorytmów ewolucyjnych operatorów rekombinacji i mutacji.
- Potomstwo dostaje od rodziców pewną ilość zasobów, z każdego rodzaju wykorzystywanego przez agentów danego gatunku.
- Osobniki potomne są umieszczane w wierzchołku, w którym znajdują się rodzice i rozpoczynają własne „życie” w systemie.

3.2.15. Powstawanie i zanikanie gatunków

Zbiór gatunków w systemach *CoEMAS* zmienia się dynamicznie w miarę upływu czasu. W systemie mogą powstawać nowe gatunki, natomiast te już istniejące mogą zanikać.

O powstaniu gatunku w chwili t mówimy wtedy, gdy w zbiorze agentów istnieje osobnik $a^{s_i} \in A^{s_i}$ izolowany rozrodczo z pozostałymi agentami gatunku s_i oraz z agentami wszystkich pozostałych istniejących gatunków. Powstaje wtedy nowy gatunek s_j , który jest dodawany do zbioru gatunków: $S' = S \cup \{s_j\}$.

Gatunek $s_k \in S$ zanika w chwili t , gdy żaden agent nie przynależy do tego gatunku ($A^{s_k} = \emptyset$). W takim przypadku gatunek ten jest usuwany ze zbioru gatunków: $S' = S - \{s_k\}$.

3.3. Podsumowanie

W rozdziale niniejszym przedstawiona została koncepcja oraz model formalny koewolucyjnego systemu wieloagentowego. W porównaniu do podstawowej wersji modelu *EMAS*, w modelu *CoEMAS* wprowadzone zostały pewne rozszerzenia umożliwiające realizację koewolucji oraz mogące stanowić podstawę do konstruowania technik niszowania i specjacji dla tego rodzaju systemów, zarówno w oparciu o model specjacji sympatrycznej, jak i allopatrycznej. Do najważniejszych spośród wprowadzonych rozszerzeń zaliczyć można:

- 1) pojęcie gatunku,
- 2) pojęcie płci,

- 3) oddziaływania pomiędzy agentami różnych gatunków oraz płci za pośrednictwem wykonywanych przez nie akcji.

W kolejnym rozdziale zaprezentowane zostaną trzy przykładowe koewolucyjne systemy wieloagentowe przeznaczone do optymalizacji funkcji wielomodalnych, w których wykorzystane zostały oddziaływania koewolucyjne gatunków, płci oraz mechanizm izolacji geograficznej podpopulacji.

Rozdział 4

Systemy *CoEMAS* przeznaczone do optymalizacji funkcji wielomodalnych

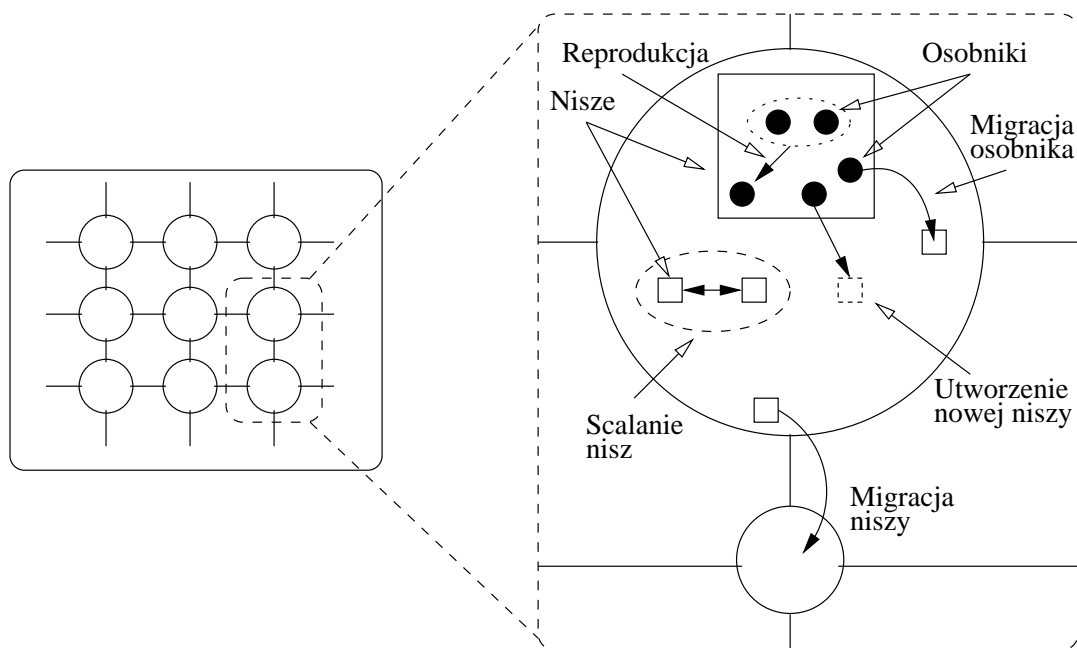
W rozdziale niniejszym przedstawione zostaną systemy przeznaczone do optymalizacji funkcji wielomodalnych, opracowane z wykorzystaniem przedstawionego w poprzednim rozdziale modelu koewolucyjnego systemu wieloagentowego. Pierwszy z przedstawionych systemów (*NCoEMAS*) wykorzystuje mechanizm koewolucji gatunków, drugi (*SCoEMAS*) mechanizm konfliktu i koewolucji płci, trzeci (*ACoEMAS*) jest natomiast systemem, w którym wykorzystano mechanizm specjacji działający w oparciu o izolację geograficzną podpopulacji (model specjacji allopatrycznej).

W rozdziale niniejszym przedstawiono również (wykorzystując w tym celu uproszczony model *CoEMAS*) trzy systemy ewolucyjne znane z literatury. Systemy te wykorzystane zostały w trakcie eksperymentów mających na celu porównanie działania opracowanych technik niszowania i specjacji wykorzystujących mechanizmy koewolucyjnego systemu wieloagentowego z technikami klasycznymi. Wyniki wspomnianych eksperymentów przedstawiono w kolejnym rozdziale.

4.1. Koewolucyjny system wieloagentowy z mechanizmem koewolucji gatunków

W koewolucyjnym systemie wieloagentowym z mechanizmem koewolucji gatunków (*NCoEMAS*) występuje gatunek nisz oraz pewna liczba gatunków osobników (p. rys. 4.1) [51]. Zadaniem gatunku nisz jest takie oddziaływanie z populacją osobników, aby nastąpił podział tej populacji na izolowane rozrodczo podpopulacje (gatunki) zlokalizowane w obszarach przyciągania różnych minimów lokalnych optymalizowanej funkcji. Główne mechanizmy stosowane w tym celu w systemie *NCoEMAS* to:

- Przyporządkowanie agentów z gatunków osobników do agentów z gatunku nisz (agenci z gatunku osobników „żyją wewnątrz” agentów z gatunku nisz — por. rys. 4.1).
- Możliwość migracji w środowisku wyłącznie agentów z gatunku nisz (agenci z gatunku osobników migrują w środowisku razem z tym agentem z gatunku



Rysunek 4.1. System *NCoEMAS*

nisz, do którego są aktualnie przyporządkowani).

- Możliwość migracji agentów z gatunków osobników pomiędzy agentami z gatunku nisz (por. rys. 4.1).
- Konkurencja pomiędzy agentami z gatunku nisz o ograniczone zasoby (podział zasobów pomiędzy tych agentów przez środowisko).
- Konkurencja pomiędzy agentami z danego gatunku osobników o ograniczone zasoby (podział zasobów pomiędzy tych agentów przez agenta z gatunku nisz, do którego są oni aktualnie przyporządkowani).
- Scalanie gatunków osobników (czyli agentów z gatunku nisz — każdy z gatunków osobników jest przyporządkowany do jednego agenta z gatunku nisz) zlokalizowanych w obszarze przyciągania tego samego minimum lokalnego (por. rys. 4.1).
- Podział gatunku osobników (czyli agenta z gatunku nisz), którego agenci znajdują się w obszarach przyciągania różnych minimów lokalnych (por. rys. 4.1).
- Izolacja rozrodcza agentów różnych gatunków.
- Specjalny operator mutacji dla agentów z gatunku nisz, działający w oparciu o wyznaczanie środka ciężkości danego gatunku osobników.

System *NCoEMAS* jest, zgodnie z formułą (3.1), zdefiniowany następująco:

$$NCoEMAS = \langle E, S, \Gamma = \{\gamma\}, \Omega = \{\omega_1, \omega_2, \omega_3, \omega_4\} \rangle \quad (4.1)$$

W systemie występuje jeden rodzaj zasobu γ . Sumaryczna ilość zasobu w całym systemie (będąca w posiadaniu agentów oraz środowiska) jest stała. Informacje rodzaju ω_1 określają wierzchołki, do których agent z gatunku nisz może migrować znajdując się w pewnym wierzchołku grafu. Informacje rodzaju ω_2 określają, którzy agenci z gatunku nisz znajdują się w chwili t w danym wierzchołku. Informacje rodzaju ω_3 określają, którzy agenci przynależą do danego gatunku osobników w chwili t . Informacje rodzaju ω_4 określają czas narodzin agenta.

4.1.1. Środowisko systemu

Środowisko systemu *NCoEMAS* (E) jest zdefiniowane, zgodnie z formułą (3.2), w następujący sposób:

$$E = \langle T^E, \Gamma^E = \Gamma, \Omega^E = \{\omega_1, \omega_2\} \rangle \quad (4.2)$$

Topografia środowiska (T^E) jest zdefiniowana zgodnie z formułą (3.3). Graf H jest grafem skierowanym z określoną funkcją kosztu $H = \langle V, B, c \rangle$. Ponieważ w systemie zdefiniowany jest tylko jeden rodzaj zasobu (γ), funkcja kosztu $c : B \rightarrow \mathbb{R}$ jest określona następująco:

$$\forall \langle u, v \rangle \in B \quad c(\langle u, v \rangle) = 0.01 * r_{max}^{\gamma, nch} \quad (4.3)$$

gdzie $r_{max}^{\gamma, nch}$ jest maksymalną ilością zasobu rodzaju γ , jaka może być w posiadaniu agenta gatunku *nch* (wartość 0.01 została wyznaczona eksperymentalnie). Funkcja c określa koszt przejścia agentów z gatunku nisz danym łukiem, mierzony ilością zasobu rodzaju γ .

Każdy wierzchołek grafu H jest połączony łukiem z czterema sąsiednimi wierzchołkami w ten sposób, że środowisko ma strukturę dwuwymiarowej siatki (powierzchni torusa). Funkcja lokalizacji ($l(\cdot)$) jest zdefiniowana zgodnie z formułą (3.7).

Wierzchołek v jest, zgodnie z formułą (3.8), zdefiniowany następująco:

$$v = \langle A^v, \Gamma^v = \Gamma^E, \Omega^v = \Omega^E, \varphi \rangle \quad (4.4)$$

W chwili t w wierzchołku v znajduje się $r^{\gamma, v}(t)$ zasobu. Dla agentów dostępne są informacje o wierzchołkach, które są połączone z wierzchołkiem v łukami:

$$i^{\omega_1, v} = \{u : u \in V \wedge \langle v, u \rangle \in B\} \quad (4.5)$$

oraz o znajdujących się aktualnie w wierzchołku v agentach z gatunku nisz (*nch*):

$$i^{\omega_2, v} = \{a^{nch} : a^{nch} \in A^v\} \quad (4.6)$$

4.1.2. Gatunki

W systemie *NCoEMAS*, w danej chwili t , występuje gatunek nisz (*nch*) oraz pewna liczba gatunków osobników (ind_i) (p. rys. 4.1). Każdy z gatunków osobników jest przyporządkowany do jednego agenta z gatunku nisz (agenci, którzy „żyją wewnątrz” danego agenta z gatunku nisz należą do tego samego gatunku osobników). Zmiany liczby gatunków w systemie związane są z dzieleniem, łączeniem

oraz zanikaniem gatunków osobników (co jest równoznaczne z dzieleniem, łączeniem oraz „śmiercią” agentów z gatunku *nich*). Zbiór wszystkich gatunków występujących w systemie *NCoEMAS* w chwili t jest określony następująco:

$$S(t) = \{nich(t), ind_1(t), \dots, ind_{nn}(t)\} \quad (4.7)$$

gdzie $nn(t) = |A^{nich}(t)|$, natomiast $A^{nich}(t)$ jest zbiorem agentów gatunku *nich* w chwili t .

Gatunek *nich*

Gatunek *nich* (*nich*) jest, zgodnie z formułą (3.10), zdefiniowany następująco:

$$nich = \langle A^{nich}, SX^{nich} = \{sx\}, Z^{nich}, C^{nich} \rangle \quad (4.8)$$

W gatunku *nich* występuje jedna płeć *sx* ($sx \equiv sx^{nich}$), którą, zgodnie z formułą (3.15), możemy zdefiniować następująco:

$$sx = \langle A^{sx} = A^{nich}, Z^{sx} = Z^{nich}, C^{sx} = \emptyset \rangle \quad (4.9)$$

Zbiór akcji, jakie mogą wykonywać agenci gatunku *nich* (Z^{nich}) jest określony następująco:

$$Z^{nich} = \{die, give, get, adapt, seek, merge, migr\} \quad (4.10)$$

Zbiór relacji gatunku *nich* z innymi gatunkami występującymi w systemie *NCoEMAS* jest określony następująco:

$$C^{nich} = \left\{ \xrightarrow{nich, get-}, \xrightarrow{nich, merge-}, \xrightarrow{nich, give+} \right\} \quad (4.11)$$

Poszczególne relacje są, zgodnie z formułami (3.13) oraz (3.14), zdefiniowane następująco:

$$\xrightarrow{nich, get-} = \{\langle nich, nich \rangle\} \quad (4.12)$$

$$\xrightarrow{nich, merge-} = \{\langle nich, nich \rangle\} \quad (4.13)$$

$$\xrightarrow{nich, give+} = \{\langle nich, ind_i \rangle : nich, ind_i \in S \text{ dla } i = 1, \dots, |A^{nich}|\} \quad (4.14)$$

Pierwsze dwie relacje modelują konkurencję wewnątrzgatunkową o ograniczone zasoby. Akcja *give* umożliwia agentowi a_i gatunku *nich* przekazanie pewnej ilości zasobu przynależącemu do niego agentowi gatunku ind_i .

Gatunek osobników

Każdy z gatunków osobników $ind_i(t)$, dla $i = 1, \dots, |A^{nich}(t)|$ jest w chwili t przyporządkowany do jednego z agentów gatunku $nich(t)$. Gatunek *ind* (dla uproszczenia zapisu przyjęto $ind \equiv ind_i(t)$) jest zdefiniowany, zgodnie z formułą (3.10), w następujący sposób:

$$ind = \langle A^{ind}, SX^{ind} = \{sx\}, Z^{ind}, C^{ind} \rangle \quad (4.15)$$

W gatunku *ind* występuje jedna płęć sx ($sx \equiv sx^{ind}$), która, zgodnie z formułą (3.15), jest zdefiniowana następująco:

$$sx = \langle A^{sx} = A^{ind}, Z^{sx} = Z^{ind}, C^{sx} = \emptyset \rangle \quad (4.16)$$

Zbiór akcji Z^{ind} , które mogą wykonywać agenci gatunku *ind*, jest określony następująco:

$$Z^{ind} = \{die, get, accept, seekind, clone, rec, mut, seeknch, create, migr\} \quad (4.17)$$

Zbiór relacji jest określony następująco:

$$C^{ind} = \left\{ \xrightarrow{ind, get-}, \xrightarrow{ind, migr+} \right\} \quad (4.18)$$

Pierwsza relacja, określona zgodnie z formułą (3.13), modeluje konkurencję wewnątrzgatunkową o ograniczone zasoby:

$$\xrightarrow{ind, get-} = \{\langle ind, ind \rangle\} \quad (4.19)$$

Druga relacja, określona zgodnie z formułą (3.14), jest zdefiniowana następująco:

$$\xrightarrow{ind, migr+} = \{\langle ind, nch \rangle\} \quad (4.20)$$

4.1.3. Oddziaływania ekologiczne

W systemie *NCoEMAS* mamy do czynienia z oddziaływaniami międzygatunkowymi o charakterze mutualistycznym, zgodnie z definicją mutualizmu znajdującą się w rozdz. 3.2.5. Agenci gatunku *nch* zwiększają przystosowanie przejawiane agentów gatunków ind_i przekazując im zasób (por. formułę (4.14)), natomiast agenci gatunków ind_i zwiększają przystosowanie przejawiane agentom gatunku *nch* poprzez migrację pomiędzy agentami tego gatunku (por. formułę (4.20)).

Dzieje się tak, ponieważ agent a_i z gatunku *nch* nie może istnieć bez przynależących do niego agentów z gatunku ind_i oraz jego genotyp zależy od genotypów tychże agentów (genotyp agenta z gatunku *nch* poddawany jest specjalnej mutacji, polegającej na przypisaniu mu współrzędnych środka ciężkości populacji przynależącego do niego gatunku ind_i). W związku z tym, im lepsze jest średnie przystosowanie gatunku osobników ind_i i im agenci tego gatunku znajdują się bliżej pewnego minimum lokalnego funkcji celu, tym lepsze jest również przystosowanie agenta a_i i tym więcej zasobu dostaje on ze środowiska. Powoduje to z kolei zwiększenie jego przystosowania przejawianego i zwiększenie ilości zasobu przekazywanego agentom gatunku ind_i .

W systemie modelowana jest również wewnątrzgatunkowa konkurencja o ograniczone zasoby (por. formuły (4.12), (4.13) oraz (4.19)).

4.1.4. Agent gatunku *nch*

Agent a z gatunku *nch* (dla uproszczenia zapisu przyjęto $a \equiv a^{nch}$), jest, zgodnie z formułą (3.21), zdefiniowany następująco:

$$a = \langle gn^a, Z^a, \Gamma^a = \Gamma, \Omega^a = \{\omega_1, \omega_2, \omega_3\}, PR^a \rangle \quad (4.21)$$

Genotyp agenta a składa się z jednego chromosomu, czyli wektora \vec{x} wartości zmiennych niezależnych (stosowana jest reprezentacja zmiennopozycyjna):

$$gn^a = \langle \vec{x} = (x_1, \dots, x_{ng}) \rangle \quad (4.22)$$

gdzie $x_i \in \mathbb{R}$. $Z^a = Z^{nch}$ (por. formułę (4.10) to zbiór akcji, które agent a może wykonać. Informacja rodzaju ω_3 to zbiór agentów gatunku *ind*, który przynależy aktualnie do agenta a :

$$i^{\omega_3} = A^{ind} \quad (4.23)$$

Zbiór profilów składa się z profilu zasobowego (pr_1), profilu adaptacyjnego (pr_2), profilu interakcji (pr_3) oraz profilu migracji (pr_4):

$$PR^a = \{pr_1, pr_2, pr_3, pr_4\} \quad (4.24a)$$

$$pr_1 \trianglelefteq pr_2 \trianglelefteq pr_3 \trianglelefteq pr_4 \quad (4.24b)$$

Profil zasobowy

Profil zasobowy pr_1 jest odpowiedzialny za utrzymywanie ilości zasobu będącej w posiadaniu agenta a z gatunku *nch* (dla uproszczenia zapisu przyjęto $a \equiv a^{nch}$) powyżej pewnego poziomu minimalnego:

$$pr_1 = \langle \Gamma^{pr_1} = \Gamma, \Omega^{pr_1} = \{\omega_3\}, M^{pr_1} = \{i^{\omega_3}\}, ST^{pr_1}, RST^{pr_1}, GL^{pr_1} \rangle \quad (4.25)$$

gdzie informacja i^{ω_3} jest określona zgodnie z formułą (4.23).

Zbiór strategii (ST^{pr_1}), strategii realizowanych (RST^{pr_1}) oraz celów (GL^{pr_1}) profilu zasobowego są określone następująco:

$$ST^{pr_1} = \{\langle die \rangle, \langle give \rangle, \langle get \rangle, \langle adapt \rangle, \langle seek, merge \rangle\} \quad (4.26a)$$

$$\langle die \rangle \preceq \langle give \rangle \preceq \langle get \rangle \preceq \langle adapt \rangle \preceq \langle seek, merge \rangle \quad (4.26b)$$

$$RST^{pr_1} = \{\langle die \rangle, \langle get \rangle\} \quad (4.27)$$

$$GL^{pr_1} = \left\{ gl_1 = \{A^{ind} \neq \emptyset\}, gl_2 = \{r^{\gamma, a_i, ind} > r_{crit}^{\gamma, ind} : a_i^{ind} \in A^{ind}, \right. \\ \left. \text{dla } i = 1, \dots, |A^{ind}|\}, gl_3 = \{r^\gamma > r_{crit}^{\gamma, nch}\} \right\} \quad (4.28a)$$

$$gl_1 \preceq gl_2 \preceq gl_3 \quad (4.28b)$$

gdzie A^{ind} jest zbiorem agentów gatunku *ind* (przynależącego do agenta a gatunku *nch*), $r^{\gamma, a_i, ind}$ jest ilością zasobu rodzaju γ będącą w posiadaniu agenta a_i^{ind} , $r_{crit}^{\gamma, ind}$ jest wartością, poniżej której poziom zasobu nie powinien spadać dla agentów gatunku *ind*, r^γ jest ilością zasobu rodzaju γ będącą w posiadaniu agenta a , natomiast $r_{crit}^{\gamma, nch}$ jest pewną wartością, poniżej której poziom zasobu rodzaju γ nie powinien spadać dla agentów gatunku *nch*.

W ramach profilu zasobowego wykorzystywane są następujące strategie:

- Śmierci (*die*) — strategia ta jest realizowana w przypadku, gdy wymarł gatunek osobników przynależących do agenta a gatunku nch (gl_1 jest celem aktywnym). Akcja śmierci (*die*) powoduje przekazanie do wierzchołka, w którym agent a aktualnie się znajduje, całego nie wykorzystanego w inny sposób zasobu będącego w jego posiadaniu (r^γ) i usunięcie tego agenta z systemu:

$$\begin{aligned} die : \quad r^{\gamma,v} &\mapsto r^{\gamma,v} + r^\gamma, \quad v = l(a) \\ r^\gamma &\mapsto r_{min}^{\gamma,nch} \\ A^{nch} &\mapsto A^{nch} - \{a\} \end{aligned} \quad (4.29)$$

gdzie $r^{\gamma,v}$ to ilość zasobu rodzaju γ znajdująca się w wierzchołku v , natomiast $r_{min}^{\gamma,nch}$ to minimalna ilość zasobu, jaka może być w posiadaniu agentów gatunku nch .

- Pobrania zasobu ze środowiska (*get*) — akcja pobrania zasobu ze środowiska *get* powoduje pozyskanie pewnej ilości zasobu rodzaju γ z wierzchołka, w którym aktualnie przebywa agent gatunku nch (w sytuacji, gdy celem aktywnym jest gl_2):

$$\begin{aligned} get : \quad r^\gamma &\mapsto r^\gamma + r_{eq}^{\gamma,v} + r_{prop}^{\gamma,v}, \quad v = l(a) \\ r^{\gamma,v} &\mapsto r^{\gamma,v} - r_{eq}^{\gamma,v} - r_{prop}^{\gamma,v} \end{aligned} \quad (4.30)$$

Zasób jest rozdzielany przez wierzchołki proporcjonalnie do wartości przystosowania agentów gatunku nch ($r_{prop}^{\gamma,v}$), z tym że każdy z nich dostaje zawsze pewną minimalną ilość zasobu ($r_{eq}^{\gamma,v}$).

- Przekazania zasobu (*give*) oraz szukania i scalania (*seek, merge*) — realizowane w ramach profilu interakcji, gdy celem aktywnym jest, odpowiednio, cel gl_2 lub gl_3 .
- Adaptacji (*adapt*) — realizowana w ramach profilu adaptacyjnego, gdy celem aktywnym jest gl_3 .

Profil adaptacyjny

Profil adaptacyjny (pr_2) jest odpowiedzialny za wykonywanie mutacji genotypu agenta a z gatunku nch (dla uproszczenia zapisu przyjęto $a \equiv a^{nch}$). Zadaniem profilu pr_2 jest zwiększenie ilości zasobu otrzymywanego ze środowiska. Profil ten jest zdefiniowany następująco:

$$pr_2 = \langle \Gamma^{pr_2} = \Gamma, \Omega^{pr_2} = \{\omega_3\}, M^{pr_2} = \{i^{\omega_3}\}, ST^{pr_2}, RST^{pr_2}, GL^{pr_2} \rangle \quad (4.31)$$

Zbiory strategii (ST^{pr_2}) oraz strategii realizowanych (RST^{pr_2}) są określone następująco:

$$ST^{pr_2} = \{\langle adapt \rangle\} \quad (4.32)$$

$$RST^{pr_2} = \{\langle adapt \rangle\} \quad (4.33)$$

Zbiór celów jest określony następująco:

$$GL^{pr_2} = \left\{ gl = \left\{ r^\gamma > r_{crit}^{\gamma,nch} \right\} \right\} \quad (4.34)$$

gdzie r^γ jest ilością zasobu rodzaju γ będącą w posiadaniu agenta a , $r_{crit}^{\gamma,nch}$ jest pewną wartością, poniżej której nie powinien spadać poziom zasobu dla agentów gatunku nch .

W ramach profilu adaptacyjnego realizowana jest strategia adaptacji $\langle adapt \rangle$, w przypadku gdy celem aktywnym jest gl . Akcja $adapt$ realizuje mutację genotypu agenta a polegającą na tym, że genotypowi temu zostają przypisane współrzędne środka ciężkości gatunku ind (przynależącego aktualnie do agenta a). W akcji tej wykorzystywany jest model M^{pr2} . Nowy chromosom \vec{x} otrzymany w wyniku mutacji określony jest wzorem:

$$\vec{x} = \frac{\sum_{j=1}^{|A^{ind}|} \varphi(a_j^{ind}) \vec{x}^{a_j, ind}}{\sum_{j=1}^{|A^{ind}|} \varphi(a_j^{ind})} \quad (4.35)$$

gdzie A^{ind} jest zbiorem agentów gatunku ind przynależącego do agenta a , $\vec{x}^{a_j, ind}$ jest chromosomem agenta a_j^{ind} , natomiast φ jest funkcją przystosowania.

Profil interakcji

Profil interakcji agenta a_i z gatunku nch (dla uproszczenia zapisu przyjęto $a_i \equiv a_i^{nch}$) jest odpowiedzialny za oddziaływania z agentami gatunku ind_i (przynależącego do agenta a_i) oraz innymi agentami gatunku nch :

$$pr_3 = \langle \Gamma^{pr3} = \Gamma, \Omega^{pr3} = \{\omega_2\}, M^{pr3}, ST^{pr3}, RST^{pr3}, GL^{pr3} \rangle \quad (4.36)$$

Zbiór M^{pr3} zawiera informację o innych agentach gatunku nch znajdujących się w tym samym wierzchołku, co agent a_i :

$$M^{pr3} = \{i^{\omega_2} = i^{\omega_2, v}\} \quad (4.37)$$

gdzie $i^{\omega_2, v}$ jest informacją rodzaju ω_2 dostępną w wierzchołku v , w którym aktualnie znajduje się agent a_i ($v = l(a_i)$). Informacja ta określona jest formułą (4.6).

Zbiory ST^{pr3} oraz RST^{pr3} są określone następująco:

$$ST^{pr3} = \{\langle give \rangle, \langle seek, merge \rangle, \langle migr \rangle\} \quad (4.38a)$$

$$\langle give \rangle \preceq \langle seek, merge \rangle \preceq \langle migr \rangle \quad (4.38b)$$

$$RST^{pr3} = \{\langle give \rangle, \langle seek, merge \rangle\} \quad (4.39)$$

Zbiór celów jest określony następująco:

$$GL^{pr3} = \left\{ gl_1 = \left\{ r^{\gamma, a_k, ind_i} > r_{crit}^{\gamma, ind_i} : a_k^{ind_i} \in A^{ind_i}, \text{ dla } k = 1, \dots, |A^{ind_i}| \right\}, \right. \\ \left. gl_2 = \left\{ r^\gamma > r_{crit}^{\gamma, nch} \right\} \right\} \quad (4.40a)$$

$$gl_1 \preceq gl_2 \quad (4.40b)$$

gdzie A^{ind_i} jest zbiorem agentów gatunku ind_i (przynależącego do agenta a_i gatunku nch), r^{γ, a_k, ind_i} jest ilością zasobu rodzaju γ będącą w posiadaniu agenta $a_k^{ind_i}$, r_{crit}^{γ, ind_i} jest wartością, poniżej której poziom zasobu nie powinien spadać dla agentów gatunku ind_i , r^γ jest ilością zasobu rodzaju γ będącą w posiadaniu agenta a_i , $r_{crit}^{\gamma, nch}$ jest pewną wartością, poniżej której nie powinien spadać poziom zasobu dla agentów gatunku nch .

W ramach profilu interakcji wykorzystywane są następujące strategie:

```

function probVH( $a_i, a_j, np$ )
begin
   $f_{max} := \max\{f(fen(a_i)), f(fen(a_j))\}$ ;
  for  $j := 1$  to  $np$ 
    begin
      Wyznacz losowy punkt  $\vec{x}$  znajdujący się na prostej
      łączącej fenotypy  $fen(a_i)$  i  $fen(a_j)$  agentów  $a_i$  oraz  $a_j$ ;
      if  $f(\vec{x}) > f_{max}$  then
        return  $f(\vec{x}) - f_{max}$ ;
    end;
  return 0;
end;

```

Algorytm 4.1. Algorytm funkcji *probVH*

- Przekazania zasobu $\langle give \rangle$ — akcja *give* powoduje przekazanie pewnej ilości zasobu rodzaju γ agentowi $a_k^{ind_i}$ w sytuacji, gdy gl_1 jest celem aktywnym. Zasoby są rozdzielane proporcjonalnie do wartości przystosowania agentów gatunku ind_i .
- Szukania i scalania $\langle seek, merge \rangle$ — realizowana, gdy gl_2 jest celem aktywnym. Akcja *seek* umożliwia wyszukanie wśród innych agentów gatunku *nch*, o których agent a_i posiada informację (wykorzystywany jest tu model M^{pr3}), takich, którzy są zlokalizowani w obszarze przyciągania tego samego minimum lokalnego, co agent a_i . W tym celu wykorzystywana jest funkcja *probVH* (p. alg. 4.1) będąca zmodyfikowaną wersją funkcji *hill-valley* (p. rozdz. 2.4.4). Modyfikacja polega na losowym generowaniu pewnej liczby punktów leżących na prostej łączącej fenotypy agentów, zamiast korzystania ze z góry określonej ich lokalizacji, jak to miało miejsce w oryginalnej wersji tej funkcji.

Akcja *merge* powoduje scalenie agentów z gatunku *nch*. Scalenie polega na przejściu przez agenta a_i (inicjującego proces) całego gatunku osobników ind_j agenta a_j ($a_j \equiv a_j^{nch}$) i połączenie go ze swoim gatunkiem osobników ind_i oraz przejściu wszystkich zasobów będących w posiadaniu agenta a_j :

$$\begin{aligned}
 merge : \quad A^{ind_i} &\mapsto A^{ind_i} \cup A^{ind_j} \\
 A^{ind_j} &\mapsto \emptyset \\
 r^{\gamma, a_i} &\mapsto r^{\gamma, a_i} + r^{\gamma, a_j} \\
 r^{\gamma, a_j} &\mapsto r_{min}^{\gamma, nch}
 \end{aligned} \tag{4.41}$$

- Migracji $\langle migr \rangle$ — realizowana w ramach profilu migracji, gdy celem aktywnym jest gl_2 .

Profil migracji

Profil migracji jest odpowiedzialny za realizację migracji agenta a z gatunku nch (dla uproszczenia zapisu przyjęto $a \equiv a^{nch}$) w środowisku systemu:

$$\begin{aligned} pr_4 = \langle \Gamma^{pr_4} = \Gamma, \Omega^{pr_4} = \{\omega_1\}, M^{pr_4}, ST^{pr_4} = \{\langle migr \rangle\}, \\ RST^{pr_4} = \{\langle migr \rangle\}, GL^{pr_4} \rangle \end{aligned} \quad (4.42)$$

Zbiór M^{pr_4} stanowi model środowiska agenta a :

$$M^{pr_4} = \{i^{\omega_1} = i^{\omega_1, v}\} \quad (4.43)$$

gdzie $i^{\omega_1, v}$ jest informacją rodzaju ω_1 dostępną w wierzchołku v , w którym aktualnie znajduje się agent a ($v = l(a)$), określoną formułą (4.5).

Zbiór celów jest zdefiniowany następująco:

$$GL^{pr_4} = \{gl = \{r^\gamma > r_{crit}^{\gamma, nch}\}\} \quad (4.44)$$

gdzie r^γ jest ilością zasobu rodzaju γ będącą w posiadaniu agenta a , $r_{crit}^{\gamma, nch}$ jest pewną wartością, poniżej której nie powinien spadać poziom zasobu rodzaju γ dla agentów gatunku nch .

W ramach profilu migracji realizowana jest strategia migracji $\langle migr \rangle$, gdy celem aktywnym jest gl . Akcja $migr$ powoduje zmianę lokalizacji agenta a , zmianę modelu środowiska oraz spadek ilości zasobu r^γ :

$$\begin{aligned} migr : \quad v = l(a) \mapsto u \in i^{\omega_1} \\ M^{pr_4} \mapsto \{i^{\omega_1, u}\} \\ r^\gamma \mapsto r^\gamma - c(\langle v, u \rangle) \end{aligned} \quad (4.45)$$

Akcja $migr$ może być zrealizowana w przypadku, gdy $r^\gamma - c(\langle v, u \rangle) > r_{min}^{\gamma, nch}$, czyli gdy agent a posiada wystarczającą ilość zasobu, żeby „zapłacić” za migrację.

4.1.5. Agent gatunku *ind*

Agent a należący do gatunków *ind* (dla uproszczenia zapisu przyjęto $a \equiv a^{ind}$), występującego w systemie *NCoEMAS*, jest, zgodnie z formułą (3.21), zdefiniowany następująco:

$$a = \langle gn^a, Z^a, \Gamma^a = \Gamma, \Omega^a = \{\omega_2, \omega_4\}, PR^a \rangle \quad (4.46)$$

Genotyp agenta a składa się z dwóch chromosomów: wektora \vec{x} wartości zmiennych niezależnych oraz wektora $\vec{\sigma}$ wartości odchyłeń standardowych, wykorzystywanych podczas mutacji:

$$gn^a = \langle \vec{x} = (x_1, \dots, x_{ng}), \vec{\sigma} = (\sigma_1, \dots, \sigma_{ng}) \rangle \quad (4.47)$$

gdzie $x_i, \sigma_i \in \mathbb{R}$.

$Z^a = Z^{ind}$ (por. formułą (4.17)) to zbiór akcji, które agent a może wykonać.

Informacja rodzaju ω_2 jest określona formułą (4.6). Informacja rodzaju ω_4 zawiera czas utworzenia agenta a :

$$i^{\omega_4} = \{t_{create}\} \quad (4.48)$$

Zbiór profili składa się z profilu zasobowego (pr_1), profilu reprodukcyjnego (pr_2) oraz profilu interakcji (pr_3):

$$PR^a = \{pr_1, pr_2, pr_3\} \quad (4.49a)$$

$$pr_1 \trianglelefteq pr_2 \trianglelefteq pr_3 \quad (4.49b)$$

Profil zasobowy

Profil zasobowy agenta a z gatunku ind_i (dla uproszczenia zapisu przyjęto $a \equiv a^{ind_i}$) jest odpowiedzialny za utrzymywanie ilości zasobu powyżej pewnego poziomu i jest on zdefiniowany następująco:

$$pr_1 = \langle \Gamma^{pr_1} = \Gamma, \Omega^{pr_1} = \{\omega_4\}, M^{pr_1}, ST^{pr_1}, RST^{pr_1}, GL^{pr_1} \rangle \quad (4.50)$$

Zbiór M^{pr_1} jest modelem wykorzystywanym w profilu zasobowym:

$$M^{pr_1} = \{i^{\omega_4}\} \quad (4.51)$$

gdzie i^{ω_4} jest informacją rodzaju ω_4 , określoną formułą (4.48).

Zbiory strategii (ST^{pr_1}), strategii realizowanych (RST^{pr_1}) oraz celów (GL^{pr_1}) profilu zasobowego są określone następująco:

$$ST^{pr_1} = \{\langle die \rangle, \langle get \rangle, \langle seeknch, create, migr \rangle\} \quad (4.52a)$$

$$\langle die \rangle \preceq \langle get \rangle \preceq \langle seeknch, create, migr \rangle \quad (4.52b)$$

$$RST^{pr_1} = \{\langle die \rangle, \langle get \rangle\} \quad (4.53)$$

$$GL^{pr_1}(t) = \left\{ gl_1(t) = \left\{ r^\gamma(t) \neq r_{min}^{\gamma, ind_i} \wedge t - t_{create} \leq t_{maxage} \right\}, \right. \quad (4.54a)$$

$$\left. gl_2(t) = \left\{ r^\gamma(t) > r_{crit}^{\gamma, ind_i} \right\} \right\}$$

$$gl_1 \preceq gl_2 \quad (4.54b)$$

gdzie $r^\gamma(t)$ jest ilością zasobu rodzaju γ będącą w posiadaniu agenta a w chwili t , r_{min}^{γ, ind_i} jest minimalną ilością zasobu, jaka może być w posiadaniu agenta gatunku ind_i , r_{crit}^{γ, ind_i} jest wartością, poniżej której poziom zasobu rodzaju γ nie powinien spadać dla agentów gatunku ind_i , t_{create} jest czasem utworzenia agenta a , natomiast t_{maxage} maksymalnym czasem istnienia agenta gatunku ind_i .

W ramach profilu zasobowego wykorzystywane są następujące strategie:

- Śmierci $\langle die \rangle$ — realizowana w przypadku, gdy gl_1 jest celem aktywnym, czyli gdy ilość zasobu będąca w posiadaniu agenta a osiąga poziom minimalny ($r^\gamma = r_{min}^{\gamma, ind_i}$) lub agent a istnieje w systemie dłużej niż t_{maxage} . Agent a jest wtedy usuwany z systemu, natomiast zasób będący w jego posiadaniu jest przekazywany do wierzchołka, w którym aktualnie znajduje się agent a_i^{nch} :

$$\begin{aligned} die : \quad r^{\gamma, v} &\mapsto r^{\gamma, v} + r^\gamma, \quad v = l(a_i^{nch}) \\ r^\gamma &\mapsto r_{min}^{\gamma, ind_i} \\ A^{ind_i} &\mapsto A^{ind_i} - \{a\} \end{aligned} \quad (4.55)$$

gdzie a_i^{nch} jest agentem gatunku nch , do którego przynależy gatunek ind_i agenta a .

- Pobrania zasobu $\langle get \rangle$ — realizowana, gdy gl_2 jest celem aktywnym. Akcja pobrania zasobu get powoduje pozyskanie przez agenta a gatunku ind_i pewnej ilości zasobu od tego agenta z gatunku nch , do którego przynależy aktualnie gatunek ind_i . Zasób jest rozdzielany przez agenta z gatunku nch proporcjonalnie do wartości przystosowania agentów z gatunku ind_i :

$$\begin{aligned} get : \quad r^\gamma &\mapsto r^\gamma + r_{prop}^{\gamma, a_i, nch} \\ r^{\gamma, a_i, nch} &\mapsto r^{\gamma, a_i, nch} - r_{prop}^{\gamma, a_i, nch} \end{aligned} \quad (4.56)$$

gdzie $r_{prop}^{\gamma, a_i, nch}$ jest ilością zasobu rodzaju γ przyznawaną agentowi a przez agenta a_i^{nch} (do którego przynależy gatunek ind_i), $r^{\gamma, a_i, nch}$ jest ilością zasobu będącą w posiadaniu agenta a_i^{nch} .

- Wyszukania i migracji do niszy $\langle seeknch, create, migr \rangle$ — realizowana w ramach profilu interakcji.

Profil reprodukcyjny

Profil reprodukcyjny pr_2 agenta a_i gatunku ind (dla uproszczenia zapisu przyjęto $a_i \equiv a_i^{ind}$) jest odpowiedzialny za realizację strategii związanych z reprodukcją i został zdefiniowany następująco:

$$\begin{aligned} pr_2 = \langle \Gamma^{pr_2} = \Gamma, \Omega^{pr_2} = \{\omega_3\}, M^{pr_2} = \{i^{\omega_3} = i^{\omega_3, a, nch}\}, \\ ST^{pr_2}, RST^{pr_2}, GL^{pr_2} = \{gl = \{r^{\gamma, a_i} \leq r_{rep}^\gamma\}\} \rangle \end{aligned} \quad (4.57)$$

gdzie $i^{\omega_3, a, nch}$ jest informacją rodzaju ω_3 będącą w posiadaniu agenta a^{nch} (do którego przynależy gatunek ind) i określoną formułą (4.23), natomiast r_{rep}^γ ilością zasobu, powyżej której następuje reprodukcja.

Zbiory strategii (ST^{pr_2}) oraz strategii realizowanych (RST^{pr_2}) są określone następująco:

$$ST^{pr_2} = \{\langle accept \rangle, \langle seekind, clone, rec, mut \rangle\} \quad (4.58a)$$

$$\langle accept \rangle \preceq \langle seekind, clone, rec, mut \rangle \quad (4.58b)$$

$$RST^{pr_2} = \{\langle accept \rangle, \langle seekind, clone, rec, mut \rangle\} \quad (4.59)$$

W ramach profilu reprodukcyjnego wykorzystywane są następujące strategie:

- Akceptacji partnera $\langle accept \rangle$ — agent, który jest gotowy do reprodukcji (gl jest celem aktywnym) sygnalizuje swoją gotowość akcją $accept$. Jest ona odpowiedzią na komunikat, będący rezultatem wykonania akcji $seekind$ przez innego agenta gatunku ind .
- Reprodukacji $\langle seekind, clone, rec, mut \rangle$ — jest realizowana, gdy gl jest celem aktywnym.

Akcja $seekind$, wykorzystując model M^{pr_2} , rozsyła komunikaty do pozostałych agentów gatunku ind , w celu znalezienia partnera do reprodukcji.

Akcja *clone* powoduje utworzenie potomka a_{child} agenta a_i (o identycznym genotypie) oraz powoduje przekazanie pewnej ilości zasobu (r_{clone}^γ) potomkowi:

$$\begin{aligned} clone : \quad & A^{ind} \mapsto A^{ind} \cup \{a_{child}\} \\ & r^{\gamma, a_i} \mapsto r^{\gamma, a_i} - r_{clone}^\gamma \\ & r^{\gamma, a_{child}} \mapsto r_{clone}^\gamma \end{aligned} \quad (4.60)$$

gdzie r^{γ, a_i} jest ilością zasobu rodzaju γ będącą w posiadaniu agenta a_i , natomiast $r^{\gamma, a_{child}}$ jest ilością zasobu rodzaju γ będącą w posiadaniu agenta a_{child} .

Akcja *rec* realizuje (z prawdopodobieństwem p_{rec}) rekombinację chromosomów agenta a_i oraz a_j (który wykonał akcję *accept*). Wykorzystywana jest tu wersja krzyżowania uśredniającego, w której wektory $\vec{x}^{a_{child}}$ oraz $\vec{\sigma}^{a_{child}}$ potomka są określone zgodnie z formułami (1.14) oraz (1.15). Akcja *rec* powoduje również przekazanie potomkowi pewnej ilości zasobu (r_{rec}^γ) przez agenta a_j :

$$\begin{aligned} r^{\gamma, a_j} &\mapsto r^{\gamma, a_j} - r_{rec}^\gamma \\ r^{\gamma, a_{child}} &\mapsto r^{\gamma, a_{child}} + r_{rec}^\gamma \end{aligned} \quad (4.61)$$

gdzie $r_{rec}^\gamma = r_{clone}^\gamma$.

Akcja *mut* realizuje mutację genotypu potomka, do której dochodzi z prawdopodobieństwem p_{mut} . Stosowana jest tu mutacja z autoadaptacją. Najpierw wykonywana jest mutacja wektora wartości odchyżeń standardowych $\vec{\sigma}^{a_{child}}$, a następnie wektora $\vec{x}^{a_{child}}$ (zgodnie z formułami (1.16) oraz (1.19)).

Profil interakcji

Profil interakcji jest odpowiedzialny za oddziaływania agenta a gatunku ind_i (dla uproszczenia zapisu przyjęto $a \equiv a^{ind_i}$) z agentami gatunku nch :

$$\begin{aligned} pr_3 = \langle & \Gamma^{pr_3} = \Gamma, \Omega^{pr_3} = \{\omega_2\}, M^{pr_3} = \{i^{\omega_2} = i^{\omega_2, v}\}, ST^{pr_3}, RST^{pr_3}, \\ & GL^{pr_3} = \{gl = \{r^\gamma > r_{crit}^{\gamma, ind_i}\}\} \rangle \end{aligned} \quad (4.62)$$

gdzie $i^{\omega_2, v}$ jest informacją rodzaju ω_2 dostępną w wierzchołku v i określoną wzorem (4.6), v jest wierzchołkiem, w którym aktualnie znajduje się agent a_i^{nch} (do którego przynależy gatunek ind_i), r_{crit}^{γ, ind_i} jest wartością zasobu, poniżej której jego poziom nie powinien spadać dla agentów gatunku ind_i .

Zbiory ST^{pr_3} oraz RST^{pr_3} są określone następująco:

$$ST^{pr_3} = \{\langle seeknch, create, migr \rangle\} \quad (4.63)$$

$$RST^{pr_3} = \{\langle seeknch, create, migr \rangle\}, \quad (4.64)$$

Strategia wyszukania i migracji do niszy $\langle seeknch, create, migr \rangle$ jest realizowana, gdy gl jest celem aktywnym. Akcja *seeknch* umożliwia znalezienie takiego agenta gatunku nch , który jest zlokalizowany w obszarze przyciągania tego samego minimum lokalnego, co agent a (wykorzystywany jest tu model M^{pr_3} oraz funkcja *probVH* — p. alg. 4.1). Jeżeli agent a_i^{nch} (do którego przynależy gatunek ind_i) jest zlokalizowany w obszarze przyciągania tego samego minimum lokalnego, co agent a ,

wtedy nie są wykonywane żadne inne akcje. W przeciwnym przypadku agent a wykonuje akcję *migr* i migruje do tego agenta gatunku nch (załóżmy, że jest to agent a_j^{nch}), który jest zlokalizowany w obszarze przyciągania tego samego minimum lokalnego, co agent a . Akcja *migr* powoduje usunięcie agenta a z gatunku ind_i (do którego przynależał do tej pory) i przypisanie go do gatunku ind_j (przynależącego do znalezionej agenta z gatunku nch):

$$\begin{aligned} migr : A^{ind_i} &\mapsto A^{ind_i} - \{a\} \\ A^{ind_j} &\mapsto A^{ind_j} + \{a\} \end{aligned} \quad (4.65)$$

Jeżeli natomiast nie uda się znaleźć takiego agenta z gatunku nch , agent a wykonuje akcję utworzenia nowego agenta z gatunku nch (*create*). Akcja ta powoduje utworzenie nowego agenta a_k^{nch} o genotypie zawierającym wektor \vec{x}^a wartości zmiennych niezależnych agenta a . Akcja *create* jest zdefiniowana następująco:

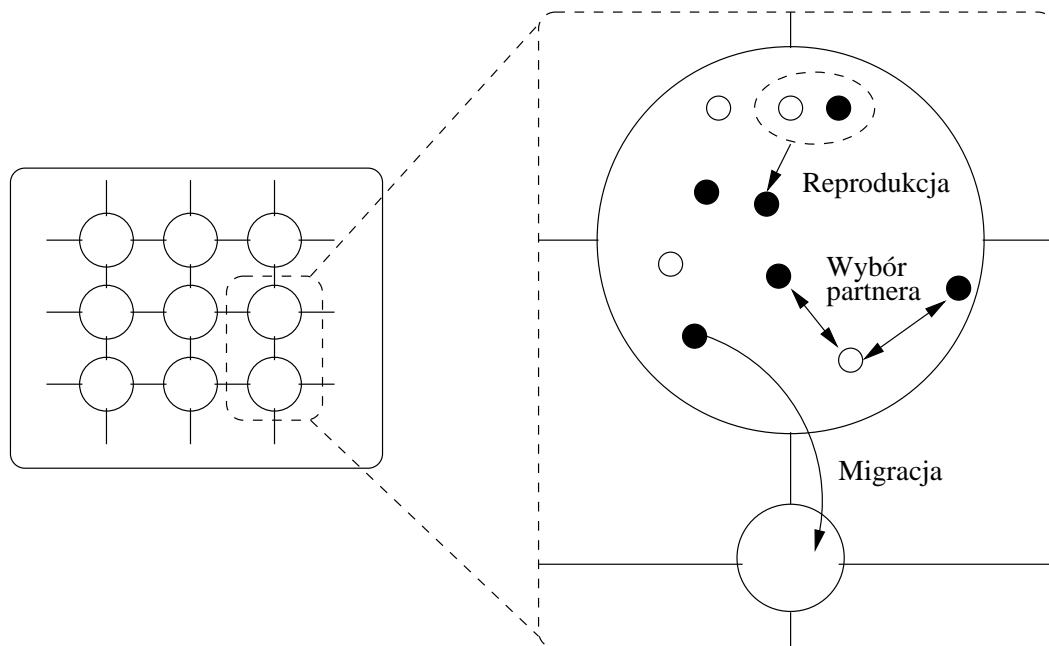
$$\begin{aligned} create : A^{nch} &\mapsto A^{nch} \cup \{a_k^{nch}\} \\ r^\gamma &\mapsto r^\gamma - r_{create}^\gamma \\ r^{\gamma,v} &\mapsto r^{\gamma,v} + r_{create}^\gamma \end{aligned} \quad (4.66)$$

gdzie r_{create}^γ jest ilością zasobu, jaką agent a traci w wyniku wykonania akcji *create*, v jest wierzchołkiem, w którym jest zlokalizowany utworzony agent a_k^{nch} . Następnie agent a migruje do agenta a_k^{nch} wykonując akcję *migr*.

4.2. Koewolucyjny system wieloagentowy z mechanizmem koewolucji płci

Koewolucyjny system wieloagentowy z mechanizmem koewolucji płci i wynikającego stąd doboru płciowego (*S_{Co}EMAS*) jest systemem, w którym występuje pewna liczba gatunków osobników [52]. W ramach każdego gatunku występują dwie płcie: samice i samce (p. rys. 4.2). Proces powstawania gatunków jest tu oparty o zjawisko konfliktu płci (p. rozdz. 1.4.1) oraz wynikającą z niego koewolucję samic i samców. Samice preferują pewne cechy samców (dobór płciowy) w wyniku czego dochodzi do specjacji i powstania wielu gatunków osobników zlokalizowanych w obszarach przyciągania różnych minimum lokalnych. Główne mechanizmy stosowane w systemie to:

- Konkurencja o ograniczone zasoby pomiędzy agentami tego samego i różnych gatunków (podział zasobu pomiędzy agentów przez środowisko).
- Zjawisko konfliktu i koewolucji płci (wyższe koszty reprodukcji w przypadku samic).
- Wynikający z powyższych zjawisk dobór międzypłciowy (wybieranie samców przez samice, preferowanie partnerów zlokalizowanych w obszarze przyciągania tego samego minimum lokalnego).
- Łączenie samców i samic w pary.

Rysunek 4.2. System *SCoEMAS*

System *SCoEMAS* jest, zgodnie z formułą (3.1), zdefiniowany następująco:

$$SCoEMAS = \langle E, S, \Gamma = \{\gamma\}, \Omega = \{\omega_1, \omega_2, \omega_3, \omega_4, \omega_5\} \rangle \quad (4.67)$$

W systemie występuje jeden rodzaj zasobu γ . Sumaryczna ilość zasobu w całym systemie (będąca w posiadaniu agentów oraz środowiska) jest stała. Informacje rodzaju ω_1 określają wierzchołki, do których agent może migrować znajdując się w pewnym wierzchołku grafu. Informacje rodzaju ω_2 określają, którzy z agentów płci *fem* znajdują się w chwili t w danym wierzchołku. Informacje rodzaju ω_3 określają, którzy agenci różnych płci są aktualnie połączeni w parę, a informacje rodzaju ω_4 czas połączenia agentów w parę. Informacje rodzaju ω_5 określają czas narodzin agenta.

4.2.1. Środowisko systemu

Środowisko systemu *SCoEMAS* jest zdefiniowane analogicznie, jak w przypadku systemu *NCoEMAS* (p. formuły (4.2), (3.3), (4.4) oraz (4.5)). Różnica dotyczy jedynie funkcji kosztu oraz informacji rodzaju ω_2 , która jest dostępna w wierzchołku v .

Funkcja kosztu $c : B \rightarrow \mathbb{R}$ jest określona następująco:

$$\forall \langle u, v \rangle \in B \quad c(\langle u, v \rangle) = 0.05 * r_{max}^{\gamma, ind} \quad (4.68)$$

gdzie $r_{max}^{\gamma, ind}$ jest maksymalną ilością zasobu rodzaju γ , jaka może być w posiadaniu agenta gatunku *ind* występującego w systemie *SCoEMAS* (wartość 0.05 została wyznaczona eksperymentalnie). Funkcja c określa koszt przejścia agentów danym łukiem, mierzony ilością zasobu rodzaju γ .

Informacja $i^{\omega_2, v}$ określa, którzy agenci płci *fem* (dowolnego gatunku występującego w systemie *SCoEMAS*) znajdują się w wierzchołku $v \in V$:

$$i^{\omega_2, v} = \{a^{fem, ind_i} : a^{fem, ind_i} \in A^v, ind_i \in S\} \quad (4.69)$$

4.2.2. Gatunki

W systemie *S**CoEMAS*, w danej chwili t , występuje pewna liczba gatunków osobników. Zmiany liczby gatunków (ich powstawanie i zanikanie) związane są z ich lokalizacją w obszarach przyciągania minimów lokalnych. Zbiór wszystkich gatunków jest określony następująco:

$$S = \{ind_1, \dots, ind_{ns}\} \quad (4.70)$$

gdzie ns jest aktualną liczbą gatunków osobników.

Gatunek osobników

Każdy z gatunków osobników (ind_i , dla $i = 1, \dots, ns$) jest zdefiniowany zgodnie z formułą (3.10). W ramach gatunku ind_i występują dwie płcie, samice (fem) oraz samce (mal):

$$SX^{ind_i} = \{fem, mal\} \quad (4.71)$$

Zbiór akcji gatunku ind_i jest określony następująco:

$$Z^{ind_i} = \left\{ die, get, unlink, seek\ fem, accept, clone, \right. \\ \left. rec, mut, give\ f, give\ m, migr \right\} \quad (4.72)$$

Zbiór relacji gatunku ind_i jest określony następująco:

$$C^{ind_i} = \left\{ \frac{ind_i, get-}{\rightarrow} \right\} \quad (4.73)$$

Relacja $\frac{ind_i, get-}{\rightarrow}$ modeluje konkurencję wewnątrzgatunkową oraz międzygatunkową o ograniczone zasoby:

$$\frac{ind_i, get-}{\rightarrow} = \{ \langle ind_i, ind_j \rangle : ind_i, ind_j \in S, j = 1, \dots, ns \} \quad (4.74)$$

Płeć fem

Płeć samic fem gatunku ind_i (dla uproszczenia zapisu przyjęto $fem \equiv fem^{ind_i}$) jest zdefiniowana zgodnie z formułą (3.15). Zbiór akcji dla płci fem jest określony następująco:

$$Z^{fem} = \{ die, get, unlink, accept, clone, rec, mut, give\ f, migr \} \quad (4.75)$$

Zbiór wszystkich relacji płci fem z płcią samców mal gatunku ind_i jest określony następująco:

$$C^{fem} = \left\{ \frac{fem, accept+}{give\ f-, give\ m-} \right\} \quad (4.76)$$

$$\frac{fem, accept+}{give\ f-, give\ m-} = \{ \langle fem, mal \rangle \} \quad (4.77)$$

Płeć *mal*

Płeć samców *mal* gatunku ind_i (dla uproszczenia zapisu przyjęto $mal \equiv mal^{ind_i}$) jest zdefiniowana zgodnie z formułą (3.15). Zbiór akcji dla płci *mal* jest określony następująco:

$$Z^{mal} = \{die, get, unlink, seek fem, givem, migr\} \quad (4.78)$$

Nie występują żadne relacje płci *mal* z płcią *fem* gatunku ind_i ($C^{mal} = \emptyset$).

4.2.3. Oddziaływania ekologiczne

W systemie *SCoEMAS* mamy do czynienia z międzygatunkową oraz wewnątrzgatunkową konkurencją o ograniczone zasoby (por. formułą (4.74)). Oprócz tego, występuje konflikt płci i wynikający z niego dobór płciowy, zgodnie z definicją z rozdz. 3.2.5 (por. formułą (4.77)).

4.2.4. Agent płci *fem*

Agent a płci *fem*, należący do gatunku ind (dla uproszczenia zapisu przyjęto $a \equiv a^{fem,ind}$) jest, zgodnie z formułą 3.21, zdefiniowany następująco:

$$a = \langle gn^a, Z^a, \Gamma^a = \Gamma, \Omega^a = \{\omega_1, \omega_3, \omega_4, \omega_5\}, PR^a \rangle \quad (4.79)$$

Genotyp agenta a jest zdefiniowany identycznie, jak genotyp agenta gatunku ind w systemie *NCoEMAS* (por. formułą (4.47)). $Z^a = Z^{fem}$ (por. formułą (4.75) to zbiór akcji, które agent a może wykonać.

Informacja rodzaju ω_3 określa, z którym agentem płci *mal* gatunku ind agent a jest aktualnie połączony w parę:

$$i^{\omega_3} = \{a_i^{mal,ind} : \text{agent } a \text{ jest połączony w parę z agentem } a_i^{mal,ind}\} \quad (4.80)$$

Informacja rodzaju ω_4 zawiera czas utworzenia pary t_{pair} z agentem płci *mal*:

$$i^{\omega_4} = \{t_{pair}\}, \quad (4.81)$$

Informacja rodzaju ω_5 zawiera czas utworzenia agenta a :

$$i^{\omega_5} = \{t_{create}\}, \quad (4.82)$$

Zbiór profili agenta a składa się z profilu zasobowego (pr_1), profilu reprodukcyjnego (pr_2) oraz profilu migracji (pr_3):

$$PR^a = \{pr_1, pr_2, pr_3\} \quad (4.83a)$$

$$pr_1 \trianglelefteq pr_2 \trianglelefteq pr_3 \quad (4.83b)$$

Profil zasobowy

Profil zasobowy agenta a płci *fem* gatunku ind (dla uproszczenia zapisu przyjęto $a \equiv a^{fem,ind}$) jest zdefiniowany następująco:

$$pr_1 = \langle \Gamma^{pr_1} = \Gamma, \Omega^{pr_1} = \{\omega_3, \omega_5\}, M^{pr_1}, ST^{pr_1}, RST^{pr_1}, GL^{pr_1} \rangle \quad (4.84)$$

Zbiór M^{pr_1} jest modelem wykorzystywanym w profilu zasobowym:

$$M^{pr_1} = \{i^{\omega_3}, i^{\omega_5}\} \quad (4.85)$$

gdzie i^{ω_3} jest informacją rodzaju ω_3 , określoną formułą 4.80, natomiast i^{ω_5} jest informacją rodzaju ω_5 , określoną formułą (4.82).

Zbiór strategii (ST^{pr_1}) oraz strategii realizowanych (RST^{pr_1}) profilu zasobowego są określone następująco:

$$ST^{pr_1} = \{\langle die \rangle, \langle get \rangle\} \quad (4.86a)$$

$$\langle die \rangle \preceq \langle get \rangle \quad (4.86b)$$

$$RST^{pr_1} = \{\langle die \rangle, \langle get \rangle\} \quad (4.87)$$

Zbiór celów GL^{pr_1} jest określony identycznie, jak w przypadku agenta gatunku *ind* w systemie *NCoEMAS*, zgodnie z formułą (4.54).

W ramach profilu zasobowego wykorzystywane są następujące strategie:

- Śmierci $\langle die \rangle$ — realizowana w przypadku, gdy gl_1 jest celem aktywnym. Agent a jest wtedy usuwany z systemu, natomiast zasób będący w jego posiadaniu jest przekazywany do wierzchołka v , w którym agent a aktualnie przebywa:

$$\begin{aligned} die : \quad r^{\gamma,v} &\mapsto r^{\gamma,v} + r^\gamma, \quad v = l(a) \\ r^\gamma &\mapsto r_{min}^{\gamma,ind} \\ A^{ind} &\mapsto A^{ind} - \{a\} \end{aligned} \quad (4.88)$$

gdzie A^{ind} jest zbiorem agentów gatunku *ind*, $r^{\gamma,v}$ to ilość zasobu rodzaju γ znajdująca się w wierzchołku v , r^γ to ilość zasobu rodzaju γ będąca w posiadaniu agenta a , natomiast $r_{min}^{\gamma,ind}$ to minimalna ilość zasobu, którą mogą posiadać agenci gatunku *ind*.

- Pobrania zasobu ze środowiska $\langle get \rangle$ — realizowana, gdy gl_2 jest celem aktywnym. Akcja pobrania zasobu ze środowiska *get* powoduje pozyskanie pewnej ilości zasobu rodzaju γ z wierzchołka v , w którym aktualnie przebywa agent a :

$$\begin{aligned} get : \quad r^\gamma &\mapsto \begin{cases} r^\gamma + r_{prop}^{\gamma,v} & \text{gdzie } i^{\omega_3} = \emptyset \\ r^\gamma + r_{eq}^{\gamma,v} + r_{prop}^{\gamma,v} & \text{w przeciwnym przypadku} \end{cases} \\ r^{\gamma,v} &\mapsto \begin{cases} r^{\gamma,v} - r_{prop}^{\gamma,v} & \text{gdzie } i^{\omega_3} = \emptyset \\ r^{\gamma,v} - r_{eq}^{\gamma,v} - r_{prop}^{\gamma,v} & \text{w przeciwnym przypadku} \end{cases} \end{aligned} \quad (4.89)$$

gdzie $v = l(a)$, $r_{eq}^{\gamma,v}$ jest minimalną ilością zasobu przydzielaną przez wierzchołek v wszystkim agentom, którzy są połączeni w parę, natomiast $r_{prop}^{\gamma,v}$ jest ilością zasobu proporcjonalną do wartości przystosowania agenta a .

Profil reprodukcyjny

Profil reprodukcyjny pr_2 agenta a_i płci *fem* gatunku *ind* (dla uproszczenia zapisu przyjęto $a_i \equiv a_i^{fem,ind}$) jest zdefiniowany następująco:

$$pr_2 = \langle \Gamma^{pr_2} = \Gamma, \Omega^{pr_2} = \{\omega_3, \omega_4\}, M^{pr_2}, ST^{pr_2}, RST^{pr_2}, GL^{pr_2} \rangle \quad (4.90)$$

Zbiór M^{pr2} stanowi model środowiska agenta a , wykorzystywany w profilu re-produkcyjnym:

$$M^{pr2} = \{i^{\omega_3}, i^{\omega_4}\} \quad (4.91)$$

i^{ω_3} jest informacją rodzaju ω_3 , określoną wzorem (4.80), natomiast i^{ω_4} jest informacją rodzaju ω_4 , określoną wzorem (4.81).

Zbiory ST^{pr2} oraz RST^{pr2} są określone następująco:

$$ST^{pr2} = \{\langle unlink \rangle, \langle accept, clone, rec, mut, give f \rangle, \langle migr \rangle\} \quad (4.92a)$$

$$\langle unlink \rangle \preceq \langle accept, clone, rec, mut, give f \rangle \preceq \langle migr \rangle \quad (4.92b)$$

$$RST^{pr2} = \{\langle unlink \rangle, \langle accept, clone, rec, mut, give f \rangle\} \quad (4.93)$$

Zbiór celów GL^{pr2} jest określony następująco:

$$GL^{pr2} = \{gl_1 = \{i^{\omega_3} = \emptyset\}, gl_2 = \{r^\gamma \leq r_{rep}^\gamma\}\} \quad (4.94a)$$

$$gl_1 \preceq gl_2 \quad (4.94b)$$

gdzie r_{rep}^γ jest ilością zasobu, powyżej której następuje reprodukcja.

W ramach profilu reprodukcyjnego wykorzystywane są następujące strategie:

- Rozłączenia pary $\langle unlink \rangle$ — realizowana, gdy gl_1 jest celem aktywnym. Jeżeli czas istnienia pary jest większy niż pewien maksymalny czas (t_{max}) następuje rozłączenie pary:

$$unlink : \begin{cases} i^{\omega_3} \mapsto \begin{cases} \emptyset & \text{jeżeli } t - t_{pair} \geq t_{max} \\ i^{\omega_3} & \text{w przeciwnym przypadku} \end{cases} \\ i^{\omega_4} \mapsto \begin{cases} \emptyset & \text{jeżeli } t - t_{pair} \geq t_{max} \\ i^{\omega_4} & \text{w przeciwnym przypadku} \end{cases} \end{cases} \quad (4.95)$$

- Reprodukcyj $\langle accept, clone, rec, mut, give f \rangle$ — realizowana, gdy gl_2 jest celem aktywnym.

Akcja *accept* powoduje wybranie jednego spośród agentów płci *mal*, którzy zgłosili gotowość do reprodukcji wysyłając komunikat z wykorzystaniem akcji *seek fem* (opisanej w rozdz. 4.2.5). Jeżeli $i^{\omega_3} \neq \emptyset$ wybrany może zostać wyłącznie agent $a_j^{mal} \in i^{\omega_3}$. W przeciwnym przypadku agent a_i wybiera najpierw tych agentów płci *mal*, którzy nie są z nim izolowani rozrodczo (należą do tego samego gatunku co agent a_i), zgodnie z definicją izolacji rozrodczej (p. rozdz. 3.2.8). Agent a_i płci *fem* jest izolowany rozrodczo z agentem a_j płci *mal* wtedy, gdy są oni zlokalizowani w obszarach przyciągania różnych minimów lokalnych (wykorzystywana jest tu funkcja *probVH* opisana w rozdz. 4.1.4). Spośród agentów płci *mal*, którzy nie są izolowani rozrodczo, wybierany jest następnie jeden, z tym że im mniejsza jest odległość w metryce Euklidesa agenta a_j płci *mal* od agenta a_i płci *fem* w przestrzeni genotypów, tym większe jest prawdopodobieństwo jego wybrania. Odległość agentów a_i oraz a_j w przestrzeni fenotypów D jest zdefiniowana następująco:

$$dist^D(fen(a_i), fen(a_j)) = \sqrt{\sum_{k=1}^{ng} (x_k^{a_i} - x_k^{a_j})^2} \quad (4.96)$$

gdzie $x_k^{a_i}$ ($x_k^{a_j}$) jest k -tą wartością wektora wartości zmiennych niezależnych (fenotypu) \vec{x}^{a_i} (\vec{x}^{a_j}) agenta a_i (a_j), zdefiniowanym zgodnie z formułą (4.47). Jeżeli agent a_i płci *fem* wybierze agenta a_j płci *mal* w chwili t , w sytuacji gdy $i^{\omega_3} = \emptyset$, aktualizowany jest model M^{pr_2} agenta a_i :

$$\begin{aligned} \text{accept} : \quad i^{\omega_3} &\mapsto \{a_j\} \\ i^{\omega_4} &\mapsto \{t\} \end{aligned} \quad (4.97)$$

Analogicznie, aktualizowany jest również model M^{pr_2} agenta a_j .

Po wybraniu partnera wykonywana jest akcja *clone*, która powoduje utworzenie potomka a_{child} agenta a_i o identycznym genotypie:

$$\text{clone} : \quad A^{ind} \mapsto A^{ind} \cup \{a_{child}\} \quad (4.98)$$

Akcja *rec* realizuje rekombinację chromosomów agentów a_i oraz a_j z prawdopodobieństwem p_{rec} . Podobnie, jak w przypadku systemu *NCoEMAS* wykorzystywana jest tu wersja krzyżowania uśredniającego, w której wektory $\vec{x}^{a_{child}}$ oraz $\vec{\sigma}^{a_{child}}$ potomka są określone zgodnie z formułami (1.14) oraz (1.15).

Akcja *mut* realizuje mutację genotypu potomka z prawdopodobieństwem p_{mut} . Najpierw wykonywana jest mutacja wektora wartości odchyłeń standardowych $\vec{\sigma}^{a_{child}}$ (zgodnie z formułą (1.16)), a następnie wektora $\vec{x}^{a_{child}}$ (zgodnie z formułą (1.19)). Akcja *givef* powoduje przekazanie potomkowi pewnej ilości zasobu (r_{givef}^γ) przez agenta a_i :

$$\begin{aligned} \text{givef} : \quad r^{\gamma, a_i} &\mapsto r^{\gamma, a_i} - r_{givef}^\gamma \\ r^{\gamma, a_{child}} &\mapsto r_{givef}^\gamma \end{aligned} \quad (4.99)$$

gdzie r^{γ, a_i} jest ilością zasobu rodzaju γ będącą w posiadaniu agenta a_i , natomiast $r^{\gamma, a_{child}}$ jest ilością zasobu rodzaju γ będącą w posiadaniu agenta a_{child} . Równocześnie agent a_j także przekazuje pewną ilość zasobu potomkowi wykonując akcję *givem*:

$$\begin{aligned} \text{givem} : \quad r^{\gamma, a_j} &\mapsto r^{\gamma, a_j} - r_{givem}^\gamma \\ r^{\gamma, a_{child}} &\mapsto r^{\gamma, a_{child}} + r_{givem}^\gamma \end{aligned} \quad (4.100)$$

Ilość zasobu przekazana potomkowi przez agenta płci *fem* (r_{givef}^γ) jest większa niż przekazana przez agenta płci *mal* (r_{givem}^γ).

Profil migracji

Profil migracji agenta a płci *fem* gatunku *ind* jest zdefiniowany identycznie, jak w przypadku agenta gatunku *nch* w systemie *NCoEMAS*, zgodnie z formułą (4.42). Jedyna różnica dotyczy zbioru celów, który jest określony następująco:

$$GL^{pr_3} = \{gl = \{r^\gamma \leq r_{rep}^\gamma\}\} \quad (4.101)$$

gdzie r_{rep}^γ jest wartością zasobu, powyżej której następuje reprodukcja.

Model środowiska jest zdefiniowany zgodnie z formułą (4.43), natomiast akcja migracji zgodnie z formułą (4.45).

4.2.5. Agent płci *mal*

Agent a płci *mal* należący do gatunku *ind* (dla uproszczenia zapisu przyjęto $a \equiv a^{mal,ind}$) jest, zgodnie z formułą 3.21, zdefiniowany następująco:

$$a = \langle gn^a, Z^a, \Gamma^a = \Gamma, \Omega^a = \{\omega_1, \omega_2, \omega_3, \omega_4, \omega_5\}, PR^a \rangle \quad (4.102)$$

Genotyp agenta a jest zdefiniowany identycznie, jak genotyp agenta gatunku *ind* w systemie *NCoEMAS* (por. formułę (4.47)). $Z^a = Z^{mal}$ (por. formułę (4.78)) to zbiór akcji, które agent a może wykonać.

Informacja rodzaju ω_3 określa, z którym agentem płci *fem* gatunku *ind* agent a jest aktualnie połączony w parę:

$$i^{\omega_3} = \{a_j^{fem,ind} : \text{agent } a \text{ jest połączony w parę z agentem } a_j^{fem,ind}\} \quad (4.103)$$

Informacja rodzaju ω_4 zawiera czas utworzenia pary (t_{pair}) z agentem $a_j^{fem,ind}$ i jest zdefiniowana zgodnie z formułą (4.81). Informacja rodzaju ω_5 zawiera czas utworzenia agenta a i jest zdefiniowana zgodnie z formułą (4.82). Zbiór profili jest zdefiniowany zgodnie z formułą (4.83).

Profil zasobowy

Profil zasobowy agenta a płci *mal* gatunku *ind* jest zdefiniowany identycznie, jak w przypadku agenta płci *fem* gatunku *ind*, zgodnie z formułą (4.84).

Profil reprodukcyjny

Profil reprodukcyjny pr_2 agenta a_i płci *mal* gatunku *ind* (dla uproszczenia zapisu przyjęto $a_i \equiv a_i^{mal,ind}$) jest zdefiniowany następująco:

$$pr_2 = \langle \Gamma^{pr_2} = \Gamma, \Omega^{pr_2} = \{\omega_2, \omega_3, \omega_4\}, M^{pr_2}, ST^{pr_2}, RST^{pr_2}, GL^{pr_2} \rangle \quad (4.104)$$

Zbiór M^{pr_2} stanowi model środowiska agenta a_i , wykorzystywany w profilu reprodukcyjnym:

$$M^{pr_2} = \{i^{\omega_2} = i^{\omega_2,v}, i^{\omega_3}, i^{\omega_4}\} \quad (4.105)$$

gdzie $i^{\omega_2,v}$ jest informacją rodzaju ω_2 dostępną w wierzchołku v , w którym aktualnie znajduje się agent a_i ($v = l(a_i)$), określoną formułą (4.69), i^{ω_3} jest informacją rodzaju ω_3 , określoną formułą (4.103), natomiast i^{ω_4} jest informacją rodzaju ω_4 , określoną formułą (4.81).

Zbiory ST^{pr_2} oraz RST^{pr_2} są określone następująco:

$$ST^{pr_2} = \{\langle unlink \rangle, \langle seek fem, givem \rangle, \langle migr \rangle\} \quad (4.106a)$$

$$\langle unlink \rangle \preceq \langle seek fem, givem \rangle \preceq \langle migr \rangle \quad (4.106b)$$

$$RST^{pr_2} = \{\langle unlink \rangle, \langle seek fem, givem \rangle\} \quad (4.107)$$

Zbiór celów (GL^{pr_2}) jest określony zgodnie z formułą (4.94).

W ramach profilu reprodukcyjnego wykorzystywane są następujące strategie:

- Rozłączenia pary $\langle unlink \rangle$ — zdefiniowana analogicznie, jak w przypadku agenta płci *fem*, zgodnie z formułą (4.95).

- Reprodukcyj $\langle seek\ fem, give\ f \rangle$ — jest realizowana, gdy gl_2 jest celem aktywnym.

Akcja *seek fem* umożliwia wyszukanie partnera do reprodukcji spośród agentów płci *fem*. Jeżeli $i^{\omega_3} \neq \emptyset$ komunikat o gotowości do reprodukcji może zostać wysłany wyłącznie do agenta $a_j^{fem,ind} \in i^{\omega_3}$. W przeciwnym przypadku agent a_i wysyła komunikaty do wszystkich agentów $a_k^{fem} \in i^{\omega_2}$. Jeżeli pewien agent (np. $a_i^{fem,ind}$) wybierze agenta a_i wykonując akcję *accept* w chwili t w sytuacji, gdy $i^{\omega_3} = \emptyset$, aktualizowany jest model M^{pr_2} :

$$\begin{aligned} accept : \quad i^{\omega_3} &\mapsto \{a_i^{fem,ind}\} \\ &i^{\omega_4} \mapsto \{t\} \end{aligned} \quad (4.108)$$

Agent $a_i^{fem,ind}$ realizuje w takiej sytuacji swoją strategię reprodukcji, natomiast agent a_i przekazuje pewną ilość zasobu potomkowi wykonując akcję *givem* określoną wzorem (4.100).

Profil migracji

Profil migracji agenta a płci *mal* gatunku *ind* jest zdefiniowany identycznie, jak w przypadku agenta płci *fem* gatunku *ind* (p. rozdz. 4.2.4).

4.3. Koewolucyjny system wieloagentowy z mechanizmem specjacji allopatrycznej

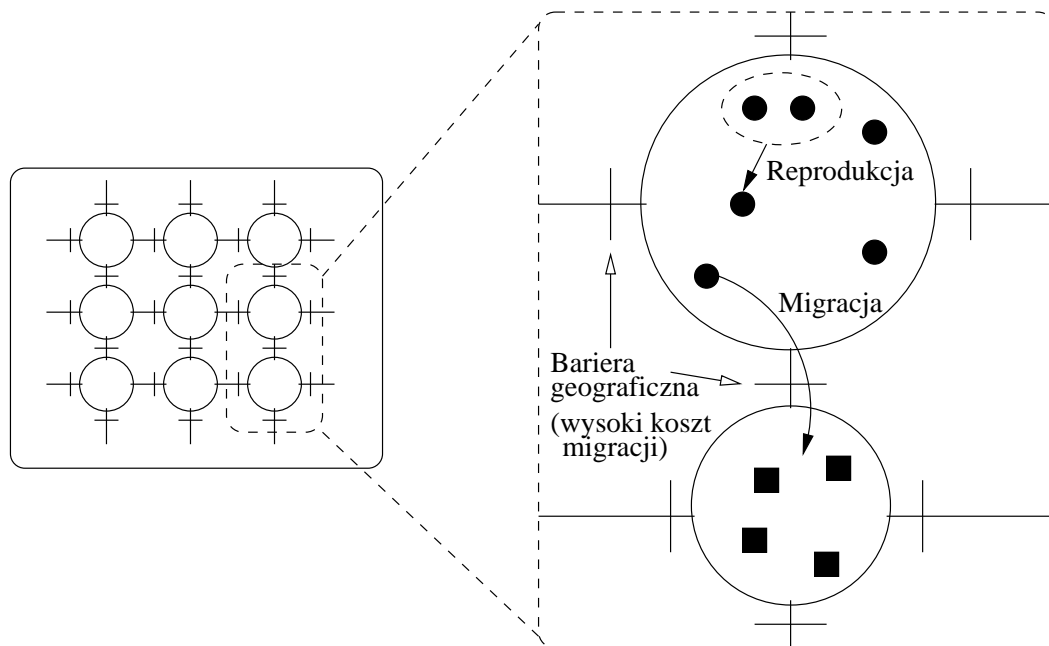
W koewolucyjnym systemie wieloagentowym z mechanizmem specjacji allopatrycznej (*ACoEMAS*) występuje pewna liczba gatunków osobników, z których każdy zlokalizowany jest w innym wierzchołku grafu H (p. rys. 4.3). Proces powstawania gatunków jest tu oparty o geograficzną izolację podpopulacji (model specjacji allopatrycznej — p. rozdz. 2.1.2). Główne mechanizmy stosowane w systemie to:

- Konkurencja o ograniczone zasoby pomiędzy agentami tego samego gatunku (podział zasobu pomiędzy agentów przez środowisko).
- Izolacja geograficzna podpopulacji i wynikający stąd proces powstawania gatunków.

System *ACoEMAS* jest, zgodnie z formułą (3.1), zdefiniowany w następujący sposób:

$$ACoEMAS = \langle E, S, \Gamma = \{\gamma\}, \Omega = \{\omega_1, \omega_2, \omega_3\} \rangle \quad (4.109)$$

W systemie występuje jeden rodzaj zasobu (γ). Sumaryczna ilość zasobu w całym systemie (będąca w posiadaniu agentów oraz środowiska) jest stała. Informacje rodzaju ω_1 określają wierzchołki, do których agenci mogą migrować znajdując się w pewnym wierzchołku grafu. Informacje rodzaju ω_2 określają, którzy agenci znajdują się aktualnie w danym wierzchołku. Informacje rodzaju ω_3 określają czas narodzin agenta.

Rysunek 4.3. System *ACoEMAS*

4.3.1. Środowisko systemu

Środowisko systemu *ACoEMAS* (E) jest zdefiniowane analogicznie, jak w przypadku systemu *NCoEMAS*, zgodnie z formułą (4.2). Topografia środowiska (T^E) jest zdefiniowana zgodnie z formułą (3.3). Graf H jest grafem skierowanym z określoną funkcją kosztu ($H = \langle V, B, c \rangle$).

Funkcja kosztu $c : B \rightarrow \mathbb{R}$ jest zdefiniowana analogicznie, jak w przypadku systemu *NCoEMAS*. Jedyna różnica dotyczy kosztu przejścia agenta a łukiem $\langle u, v \rangle$. Koszt ten jest w przypadku systemu *ACoEMAS* znacznie wyższy niż w poprzednio omawianych systemach (*NCoEMAS* oraz *SCoEMAS*). Ma to na celu wprowadzenie mechanizmu izolacji geograficznej podpopulacji zlokalizowanych w poszczególnych wierzchołkach grafu H :

$$\forall \langle u, v \rangle \in B \quad c(\langle u, v \rangle) = 0.95 * r_{max}^{\gamma, ind} \quad (4.110)$$

gdzie $r_{max}^{\gamma, ind}$ jest maksymalną ilością zasobu rodzaju γ , jaka może być w posiadaniu agenta gatunku ind występującego w systemie *ACoEMAS* (wartość 0.95 została wyznaczona eksperymentalnie).

Wierzchołek v grafu H jest zdefiniowany analogicznie, jak w systemie *NCoEMAS*, zgodnie z formułą (4.4). Informacja rodzaju ω_1 , dostępna dla agentów w wierzchołku v , jest zdefiniowana zgodnie z formułą (4.5). Informacja rodzaju ω_2 określa, którzy agenci znajdują się aktualnie w wierzchołku v :

$$i^{\omega_2} = \{a : a \in A^v\} \quad (4.111)$$

4.3.2. Gatunki

W systemie *ACoEMAS* występuje pewna liczba gatunków osobników:

$$S = \{ind_1, \dots, ind_{ns}\} \quad (4.112)$$

gdzie $ns = |V|$, natomiast V jest zbiorem wierzchołków grafu H .

Gatunek osobników

Gatunek *ind* występujący w systemie *ACoEMAS* jest zdefiniowany, zgodnie z formułą (3.10), w następujący sposób:

$$ind = \langle A^{ind}, SX^{ind} = \{sx\}, Z^{ind}, C^{ind} \rangle \quad (4.113)$$

W ramach gatunku *ind* występuje jedna płęć sx ($sx \equiv sx^{ind}$), która, zgodnie z formułą (3.15), jest zdefiniowana następująco:

$$sx = \langle A^{sx} = A^{ind}, Z^{sx} = Z^{ind}, C^{sx} = \emptyset \rangle \quad (4.114)$$

Zbiór akcji Z^{ind} jest zdefiniowany następująco:

$$Z^{ind} = \{die, get, accept, seekind, clone, rec, mut, migr\} \quad (4.115)$$

Zbiór relacji C^{ind} jest określony następująco:

$$C^{ind} = \left\{ \xrightarrow{ind, get-} \right\} \quad (4.116)$$

Relacja $\xrightarrow{ind, get-}$ modeluje konkurencję wewnątrzgatunkową o ograniczone zasoby i jest określona zgodnie z formułą (4.19).

4.3.3. Oddziaływania ekologiczne

W systemie *ACoEMAS* mamy do czynienia z wewnątrzgatunkową konkurencją o ograniczone zasoby (por. formuły (4.116) oraz (4.19)).

4.3.4. Agent gatunku *ind*

Agent a gatunku *ind* (dla uproszczenia zapisu przyjęto $a \equiv a^{ind}$) jest, zgodnie z formułą 3.21, zdefiniowany następująco:

$$a = \langle gn^a, Z^a, \Gamma^a = \Gamma, \Omega^a = \{\omega_1, \omega_2, \omega_3\}, PR^a \rangle \quad (4.117)$$

Genotyp agenta a (gn^a) jest zdefiniowany identycznie, jak genotyp agenta gatunku *ind* w systemie *NCoEMAS*, zgodnie z formułą (4.47). $Z^a = Z^{ind}$ (por. formułę (4.115) to zbiór akcji, które agent może wykonać.

Informacja rodzaju ω_3 zawiera czas utworzenia agenta a :

$$i^{\omega_3} = \{t_{create}\}, \quad (4.118)$$

Zbiór profilów PR^a jest zdefiniowany analogicznie, jak w przypadku agenta płci *fem* w systemie *SCoEMAS*, zgodnie z formułą (4.83).

Profil zasobowy

Profil zasobowy agenta a gatunku ind ($a \equiv a^{ind}$) jest zdefiniowany następująco:

$$pr_1 = \langle \Gamma^{pr_1} = \Gamma, \Omega^{pr_1} = \{\omega_3\}, M^{pr_1}, ST^{pr_1}, RST^{pr_1}, GL^{pr_1} \rangle \quad (4.119)$$

Zbiór M^{pr_1} jest modelem wykorzystywanym w profilu zasobowym:

$$M^{pr_1} = \{i^{\omega_3}\} \quad (4.120)$$

gdzie i^{ω_3} jest informacją rodzaju ω_3 , określoną formułą (4.118).

Zbiory strategii (ST^{pr_1}) oraz strategii realizowanych (RST^{pr_1}) są określone identycznie, jak w przypadku agenta płci fem w systemie *SCoEMAS*, zgodnie z formułami (4.86) oraz (4.87). Zbiór celów (GL^{pr_1}) jest określony identycznie, jak w przypadku agenta gatunku ind w systemie *NCoEMAS*, zgodnie z formułą (4.54). Strategia śmierci $\langle die \rangle$ jest określona identycznie, jak w przypadku agenta płci fem w systemie *SCoEMAS*, zgodnie z formułą (4.88) (p. rozdz. 4.2.4).

Strategia pobrania zasobu ze środowiska $\langle get \rangle$ jest realizowana, gdy gl_2 jest celem aktywnym. Akcja pobrania zasobu ze środowiska get powoduje pozyskanie pewnej ilości zasobu rodzaju γ z wierzchołka v , w którym aktualnie przebywa agent a :

$$\begin{aligned} get : \quad r^\gamma &\mapsto r^\gamma + r_{prop}^{\gamma,v} \\ r^{\gamma,v} &\mapsto r^{\gamma,v} - r_{prop}^{\gamma,v} \end{aligned} \quad (4.121)$$

gdzie r^γ jest ilością zasobu rodzaju γ będącą w posiadaniu agenta a , $r^{\gamma,v}$ jest ilością zasobu znajdującą się w wierzchołku v ($v = l(a)$), $r_{prop}^{\gamma,v}$ jest ilością zasobu przyznawaną przez wierzchołek v agentowi a (ilość ta jest proporcjonalna do jego wartości przystosowania).

Profil reprodukcyjny

Profil reprodukcyjny (pr_2) agenta a gatunku ind ($a \equiv a^{ind}$) jest zdefiniowany następująco:

$$\begin{aligned} pr_2 = \langle \Gamma^{pr_2} = \Gamma, \Omega^{pr_2} = \{\omega_2\}, M^{pr_2} = \{i^{\omega_2} = i^{\omega_2,v}\}, \\ ST^{pr_2}, RST^{pr_2}, GL^{pr_2} = \{gl = \{r^\gamma \leq r_{rep}^\gamma\}\} \rangle \end{aligned} \quad (4.122)$$

gdzie $i^{\omega_2,v}$ jest informacją rodzaju ω_2 dostępną w wierzchołku v ($v = l(a)$) i określoną formułą (4.111). Do reprodukcji dochodzi, gdy ilość zasobu rodzaju γ będącego w posiadaniu agenta a przekracza r_{rep}^γ .

Zbiór strategii (ST^{pr_2}) jest zdefiniowany następująco:

$$ST^{pr_2} = \{\langle accept \rangle, \langle seekind, clone, rec, mut \rangle, \langle migr \rangle\} \quad (4.123a)$$

$$\langle accept \rangle \preceq \langle seekind, clone, rec, mut \rangle \preceq \langle migr \rangle \quad (4.123b)$$

Zbiór strategii realizowanych (RST^{pr_2}) jest zdefiniowany zgodnie z formułą (4.59), natomiast poszczególne strategie ze zbioru ST^{pr_2} są zdefiniowane identycznie, jak ma to miejsce w przypadku agenta gatunku ind w systemie *NCoEMAS* (p. rozdz. 4.1.5). Strategia $\langle migr \rangle$ jest realizowana w ramach profilu migracji.

Profil migracji

Profil migracji agenta a gatunku ind jest zdefiniowany identycznie, jak w przypadku agenta płci fem w systemie *SCoEMAS* (p. rozdz. 4.2.4).

4.4. Ewolucyjny system wieloagentowy

W rozdziale niniejszym opisany został, znany z literatury ([100]), ewolucyjny system wieloagentowy (*EMAS*). W systemie tym występuje jeden gatunek osobników (p. rys. 1.2). Podobnie, jak ma to miejsce w systemie *ACoEMAS* został tu zastosowany mechanizm konkurencji o ograniczone zasoby pomiędzy agentami tego samego gatunku (podział zasobu pomiędzy agentów przez środowisko). System *EMAS* nie posiada natomiast mechanizmu izolacji geograficznej podpopulacji, który był przyczyną specjacji allopatrycznej zachodzącej w systemie *ACoEMAS*.

System *EMAS* jest zdefiniowany analogicznie, jak system *ACoEMAS* (zgodnie z formułą (4.109)). Jedyne różnice, wynikające z braku mechanizmu specjacji allopatrycznej, dotyczą funkcji kosztu oraz zbioru gatunków.

Funkcja kosztu $c(\cdot)$ jest zdefiniowana następująco:

$$\forall \langle u, v \rangle \in B \quad c(\langle u, v \rangle) = 0.05 * r_{max}^{\gamma, ind} \quad (4.124)$$

gdzie $r_{max}^{\gamma, ind}$ jest maksymalną ilością zasobu rodzaju γ , jaka może być w posiadaniu agenta gatunku ind (wartość 0.05 została wyznaczona eksperymentalnie).

Zbiór gatunków S systemu *EMAS* jest zdefiniowany następująco:

$$S = \{ind\} \quad (4.125)$$

Gatunek ind oraz agent a tego gatunku są zdefiniowane identycznie, jak w przypadku systemu *ACoEMAS* (por. formuły (4.113) oraz (4.117)).

4.5. System z mechanizmem ścisku deterministycznego

Przedstawiony w niniejszym rozdziale model systemu z mechanizmem ścisku deterministycznego (*DC*) powstał w wyniku uproszczenia modelu *CoEMAS* do, znanego z literatury, algorytmu ewolucyjnego z mechanizmem ścisku deterministycznego (p. rozdz. 2.4.2).

System *DC* jest, zgodnie z formułą (3.1), zdefiniowany w następujący sposób:

$$DC = \langle E, S, \Gamma = \{\gamma\}, \Omega = \{\omega_1, \omega_2\} \rangle \quad (4.126)$$

W systemie występuje jeden rodzaj zasobu γ . Informacje rodzaju ω_1 określają, którzy agenci występują aktualnie w systemie, natomiast informacje rodzaju ω_2 określają czas ostatniej reprodukcji agenta a .

4.5.1. Środowisko systemu

Środowisko systemu *DC* jest zdefiniowane, zgodnie z formułą (3.2), w następujący sposób:

$$E = \langle T^E, \Gamma^E = \emptyset, \Omega^E = \{\omega_1\} \rangle \quad (4.127)$$

Topografia środowiska jest zdefiniowana zgodnie z formułą (3.3). Zbiór wierzchołków (V) grafu $H = \langle V, B \rangle$ zawiera jeden element ($V = \{v\}$), natomiast zbiór łuków $B = \emptyset$. Funkcja lokalizacji $l(\cdot)$ jest zdefiniowana zgodnie z formułą (3.7).

Wierzchołek v jest, zgodnie z formułą (3.8), zdefiniowany następująco:

$$v = \langle A^v = A, \Gamma^v = \emptyset, \Omega^v = \Omega^E, \varphi \rangle \quad (4.128)$$

gdzie A jest zbiorem wszystkich agentów występujących w systemie. Dla agentów dostępna jest informacja o innych agentach występujących aktualnie w systemie:

$$i^{\omega_1} = A^v \quad (4.129)$$

4.5.2. Gatunki

W systemie *DC* występuje jeden gatunek osobników:

$$S = \{ind\} \quad (4.130)$$

Gatunek *ind* jest, zgodnie z formułą (3.10), zdefiniowany następująco:

$$ind = \langle A^{ind}, SX^{ind} = \{sx\}, Z^{ind}, C^{ind} \rangle \quad (4.131)$$

W ramach gatunku *ind* występuje jedna płęć *sx*, która, zgodnie z formułą (3.15), jest zdefiniowana następująco:

$$sx = \langle A^{sx} = A^{ind}, Z^{sx} = Z^{ind}, C^{sx} = \emptyset \rangle \quad (4.132)$$

Zbiór akcji Z^{ind} jest określony następująco:

$$Z^{ind} = \{die, accept, seekind, clone, rec, mut, compete\} \quad (4.133)$$

Zbiór relacji jest określony następująco:

$$C^{ind} = \left\{ \frac{ind, compete-}{\rightarrow} \right\} \quad (4.134)$$

$$\frac{ind, compete-}{\rightarrow} = \{\langle ind, ind \rangle\} \quad (4.135)$$

Relacja $\frac{ind, compete-}{\rightarrow}$ modeluje konkurencję wewnątrzgatunkową o ograniczone zasoby. Akcja *compete* wykonywana przez potomka powoduje zabranie całego zasobu rodzaju γ rodzicowi, z którym potomek konkurował, w sytuacji gdy potomek miał lepsze przystosowanie niż rodzic.

4.5.3. Agent

Agent a należący do gatunku *ind* (dla uproszczenia zapisu przyjęto $a \equiv a^{ind}$) jest, zgodnie z formułą 3.21, zdefiniowany następująco:

$$a = \langle gn^a, Z^a, \Gamma^a = \Gamma, \Omega^a = \Omega, PR^a \rangle \quad (4.136)$$

Genotyp agenta a (gn^a) jest zdefiniowany identycznie, jak w przypadku agenta gatunku *ind* w systemie *NCoEMAS*, zgodnie z formułą (4.47).

$Z^a = Z^{ind}$ (por. formułę (4.133)) to zbiór akcji, które agent a może wykonać. Zbiór profilów PR^a składa się z profilu zasobowego (pr_1) oraz profilu reprodukcyjnego (pr_2):

$$PR^a = \{pr_1, pr_2\} \quad (4.137a)$$

$$pr_1 \preceq pr_2 \quad (4.137b)$$

Profil zasobowy

Profil zasobowy agenta a gatunku *ind* ($a \equiv a^{ind}$) jest zdefiniowany następująco:

$$\begin{aligned} pr_1 = \langle \Gamma^{pr_1} = \Gamma, ST^{pr_1} = \{\langle die \rangle\}, RST^{pr_1} = \{\langle die \rangle\}, \\ GL^{pr_1} = \{gl = \{r^\gamma \neq r_{min}^{\gamma, ind}\}\} \rangle \end{aligned} \quad (4.138)$$

gdzie r^γ to ilość zasobu rodzaju γ będąca w posiadaniu agenta a , natomiast $r_{min}^{\gamma, ind}$ jest minimalną ilością zasobu rodzaju γ , jak może być w posiadaniu agentów gatunku *ind*. W systemie *DC* agent a może posiadać $r^\gamma = r_{min}^{\gamma, ind}$ lub $r^\gamma = r_{max}^{\gamma, ind}$ zasobu rodzaju γ , gdzie $r_{max}^{\gamma, ind}$ to maksymalna ilość zasobu, jaka może być w posiadaniu agentów gatunku *ind*.

W ramach profilu zasobowego wykorzystywana jest strategia śmierci $\langle die \rangle$. Akcja *die* jest realizowana w przypadku, gdy gl jest celem aktywnym czyli ilość zasobu osiąga poziom minimalny ($r^\gamma = r_{min}^\gamma$). Agent a jest wtedy usuwany z systemu:

$$die : A^{ind} \mapsto A^{ind} - \{a\} \quad (4.139)$$

Profil reprodukcyjny

Profil reprodukcyjny pr_2 agenta a_i gatunku *ind* (dla uproszczenia zapisu przyjęto $a_i \equiv a_i^{ind}$) w chwili t jest zdefiniowany następująco:

$$\begin{aligned} pr_2(t) = \langle \Gamma^{pr_2}(t) = \Gamma(t), \Omega^{pr_2}(t) = \Omega(t), \\ M^{pr_2}(t) = \{i^{\omega_1}(t) = i^{\omega_1, v}(t), i^{\omega_2}(t) = \{t_{rep}\}\}, \\ ST^{pr_2}(t), RST^{pr_2}(t), GL^{pr_2}(t) = \{gl(t) = \{t_{rep} = t\}\} \rangle \end{aligned} \quad (4.140)$$

gdzie $i^{\omega_1, v}(t)$ jest informacją rodzaju ω_1 dostępną w chwili t w wierzchołku v i określona formułą (4.129), natomiast t_{rep} jest czasem ostatniej reprodukcji agenta a_i . Celem profilu pr_2 jest reprodukcja agenta a_i w każdej chwili t .

Zbiór ST^{pr_2} jest określony następująco:

$$ST^{pr_2} = \{\langle accept, compete \rangle, \langle seekind, clone, rec, mut, compete \rangle\} \quad (4.141a)$$

$$\langle accept, compete \rangle \preceq \langle seekind, clone, rec, mut, compete \rangle \quad (4.141b)$$

Zbiór strategii realizowanych $RST^{pr2} = ST^{pr2}$.

W ramach profilu reprodukcyjnego wykorzystywane są następujące strategie:

- Akceptacji partnera $\langle accept, compete \rangle$ — agent a_i , który jest gotowy do reprodukcji (gl jest celem aktywnym) sygnalizuje swoją gotowość akcją $accept$. Jest ona odpowiedzią na komunikat wysłany przez pewnego agenta a_j , który wykonał akcję $seekind$.

Po utworzeniu dwóch potomków (a_{child1} oraz a_{child2}) przez agenta a_j , agent a_i konkuruje z jednym z potomków (np. a_{child1}) o zasób rodzaju γ będący w jego posiadaniu, wykonując akcję $compete$. Rodzice i potomkowie są dobierani w pary tak, aby sumaryczna odległość pomiędzy konkurującymi ze sobą agentami w metryce Euklidesa w przestrzeni genotypów była minimalna (zgodnie z algorytmem ścisku deterministycznego, p. rozdz. 2.4.2). Akcja $compete$ powoduje przekazanie potomkowi całego zasobu w przypadku, gdy ma on lepsze przystosowanie niż agent a_i (p. rozdz. 2.4.2):

$$\begin{aligned} compete : \quad r^{\gamma, a_i} &\mapsto \begin{cases} r_{min}^{\gamma, ind} & \text{jeżeli } \varphi(a_{child1}) < \varphi(a_i) \\ r^{\gamma, a_i} & \text{w przeciwnym przypadku} \end{cases} \\ r^{\gamma, a_{child1}} &\mapsto \begin{cases} r^{\gamma, a_i} & \text{jeżeli } \varphi(a_{child1}) < \varphi(a_i) \\ r^{\gamma, a_{child1}} & \text{w przeciwnym przypadku} \end{cases} \end{aligned} \quad (4.142)$$

gdzie r^{γ, a_i} oraz $r^{\gamma, a_{child1}}$ są ilościami zasobu rodzaju γ będącymi w posiadaniu, odpowiednio, agenta a_i oraz a_{child1} , natomiast $r_{min}^{\gamma, ind}$ jest minimalną ilością zasobu, jaka może być w posiadaniu agenta gatunku ind .

- Reprodukacji $\langle seekind, clone, rec, mut, compete \rangle$ — realizowana przez agenta a_i , gdy gl jest celem aktywnym.

Akcja $seekind$ powoduje rozesłanie komunikatów do pozostałych agentów z gatunku ind w celu znalezienia partnera do reprodukcji (wykorzystywana jest tu informacja i^{ω_1} modelu M^{pr2}).

Akcja $clone$ powoduje utworzenie potomków a_{child1} i a_{child2} agentów, odpowiednio, a_i oraz a_j (a_j jest agentem, który wykonał akcję $accept$ w odpowiedzi na komunikat wysłany przez agenta a_i).

Akcja rec realizuje (z prawdopodobieństwem p_{rec}) rekombinację chromosomów potomków. Wykorzystywana jest tu wersja krzyżowania uśredniającego, w której wektory $\vec{x}^{a_{child1}}$ oraz $\vec{x}^{a_{child2}}$ potomków a_{child1} i a_{child2} są określone zgodnie z formułą (1.14), natomiast ich wektory $\vec{\sigma}^{a_{child1}}$ oraz $\vec{\sigma}^{a_{child2}}$ są określone zgodnie z formułą (1.15).

Akcja mut realizuje mutację genotypów potomków, do której dochodzi z prawdopodobieństwem p_{mut} . Stosowana jest tu mutacja z autoadaptacją. W pierwszej kolejności wykonywana jest mutacja wektorów wartości odchyień standardowych ($\vec{\sigma}^{a_{child1}}$ oraz $\vec{\sigma}^{a_{child2}}$), zgodnie z formułą (1.16), a następnie wektorów wartości zmiennych niezależnych ($\vec{x}^{a_{child1}}$ oraz $\vec{x}^{a_{child2}}$), zgodnie z formułą (1.19). Następnie agent a_i konkuruje z jednym z potomków o zasób rodzaju γ będący w jego posiadaniu, wykonując opisaną powyżej akcję $compete$.

4.6. System z mechanizmem podziału przystosowania

Przedstawiony w niniejszym rozdziale model systemu z mechanizmem podziału przystosowania (*FS*) powstał w wyniku uproszczenia modelu *CoEMAS* do, znanego z literatury, algorytmu ewolucyjnego ze zmienną liczebnością populacji i mechanizmem podziału przystosowania (p. rozdz. 2.4.3).

System *FS* jest, zgodnie z formułą (3.1), zdefiniowany następująco:

$$FS = \langle E, S, \Gamma = \{\gamma\}, \Omega = \{\omega_1, \omega_2\} \rangle \quad (4.143)$$

W systemie występuje jeden rodzaj zasobu γ . Informacje rodzaju ω_1 określają, którzy agenci występują aktualnie w systemie. Informacje rodzaju ω_2 określają czas narodzin agenta.

4.6.1. Środowisko systemu

Środowisko systemu *FS* jest zdefiniowane identycznie, jak w przypadku systemu *DC* (p. rozdz. 4.5.1).

4.6.2. Gatunki

Zbiór gatunków *S* oraz gatunek *ind* są zdefiniowane identycznie, jak w systemie *DC*, zgodnie z formułami (4.130) oraz (4.131). Zbiór akcji Z^{ind} jest określony następująco:

$$Z^{ind} = \{die, getgen, get, accept, seekind, clone, rec, mut\} \quad (4.144)$$

Zbiór relacji (C^{ind}) jest określony następująco:

$$C^{ind} = \left\{ \frac{ind, get-}{\rightarrow} \right\} \quad (4.145)$$

$$\frac{ind, get-}{\rightarrow} = \{ \langle ind, ind \rangle \} \quad (4.146)$$

Relacja $\frac{ind, get-}{\rightarrow}$ modeluje konkurencję wewnątrzgatunkową o ograniczone zasoby. Akcja *get* umożliwia agentowi pozyskanie pewnej ilości zasobu rodzaju γ ze środowiska.

Analogicznie, jak ma to miejsce w systemie *DC*, występuje tu jedna płęć, zdefiniowana zgodnie z formułą (4.132).

4.6.3. Agent

Agent *a*, należący do gatunku *ind* (dla uproszczenia zapisu przyjęto $a \equiv a^{ind}$) jest zdefiniowany identycznie, jak w systemie *DC*, zgodnie z formułą (4.136). Genotyp agenta *a* jest zdefiniowany identycznie, jak w przypadku agenta gatunku *ind* w systemie *NCoEMAS*, zgodnie z formułą (4.47). $Z^a = Z^{ind}$ (por. formułę (4.144)) to zbiór akcji, które agent *a* może wykonać. Informacja rodzaju ω_2 zawiera czas utworzenia agenta *a*:

$$i^{\omega_2} = \{t_{create}\} \quad (4.147)$$

Zbiór profilów jest zdefiniowany zgodnie z formułą (4.137).

Profil zasobowy

Profil zasobowy pr_1 agenta a gatunku ind ($a \equiv a^{ind}$) jest zdefiniowany następująco:

$$pr_1 = \langle \Gamma^{pr_1} = \Gamma, \Omega^{pr_1} = \Omega, M^{pr_1}, ST^{pr_1}, RST^{pr_1}, GL^{pr_1} \rangle \quad (4.148)$$

Model M^{pr_1} jest określony następująco:

$$M^{pr_1} = \{i^{\omega_1} = i^{\omega_1, v}, i^{\omega_2}\} \quad (4.149)$$

gdzie $i^{\omega_1, v}$ jest informacją rodzaju ω_1 dostępną w wierzchołku v i określoną zgodnie z formułą (4.129). Zbiór strategii (ST^{pr_1}) oraz strategii realizowanych (RST^{pr_1}) profilu zasobowego są określone następująco:

$$ST^{pr_1} = \{\langle die \rangle, \langle getgen, get \rangle\} \quad (4.150a)$$

$$\langle die \rangle \preceq \langle getgen, get \rangle \quad (4.150b)$$

$$RST^{pr_1} = \{\langle die \rangle, \langle getgen, get \rangle\} \quad (4.151)$$

Zbiór celów GL^{pr_1} jest określony identycznie, jak w przypadku agenta gatunku ind w systemie *NCoEMAS*, zgodnie z formułą (4.54).

W ramach profilu zasobowego wykorzystywane są następujące strategie:

- Śmierci $\langle die \rangle$ — realizowana w przypadku, gdy gl_1 jest celem aktywnym. Akcja die jest zdefiniowana identycznie, jak w przypadku agenta płci fem w systemie *SCoEMAS*, zgodnie z formułą (4.88).
- Pobrania zasobu ze środowiska $\langle getgen, get \rangle$ — realizowana, gdy gl_2 jest celem aktywnym.

Akcja $getgen$ powoduje rozesłanie komunikatów do pozostałych agentów w celu pobrania od nich genotypów (wykorzystywana jest tu informacja i^{ω_1} modelu M^{pr_1}). Genotypy te są następnie wykorzystywane do wyznaczenia wartości zmodyfikowanego przystosowania agenta a ($\varphi'(a)$), zgodnie z formułami (2.3), (2.4) oraz (2.5) (p. rozdz. 2.4.3).

Akcja pobrania zasobu ze środowiska (get) powoduje pozyskanie pewnej ilości zasobu rodzaju γ z wierzchołka v i jest określona zgodnie z formułą (4.121). Zasób jest rozdzielany przez wierzchołek v proporcjonalnie do wartości zmodyfikowanego przystosowania agentów, przy czym ilość zasobu rodzaju γ będąca w posiadaniu agenta a gatunku ind nie może przekroczyć wartości $r_{max}^{\gamma, ind}$.

Profil reprodukcyjny

Profil reprodukcyjny pr_2 agenta a gatunku ind ($a \equiv a^{ind}$) jest zdefiniowany następująco:

$$pr_2 = \langle \Gamma^{pr_2} = \Gamma, \Omega^{pr_2} = \{\omega_1\}, M^{pr_2} = \{i^{\omega_1} = i^{\omega_1, v}\}, ST^{pr_2}, RST^{pr_2}, GL^{pr_2} = \{gl = \{r^\gamma \leq r_{rep}^\gamma\}\} \rangle \quad (4.152)$$

gdzie $i^{\omega_1, v}$ jest informacją rodzaju ω_1 dostępną w wierzchołku v i określoną formułą (4.129). Do reprodukcji dochodzi, gdy ilość zasobu rodzaju γ będącego w posiadaniu agenta a (r^γ) przekroczy r_{rep}^γ .

Zbiory strategii (ST^{pr_2}) oraz strategii realizowanych (RST^{pr_2}) są zdefiniowane zgodnie z formułami (4.58) oraz (4.59), natomiast poszczególne strategie są określone analogicznie, jak ma to miejsce w przypadku agenta gatunku *ind* w systemie *NCoEMAS* (por. rozdz. 4.1.5).

4.7. Uwagi na temat implementacji

W celu przeprowadzenia eksperymentów porównujących działanie koewolucyjnych systemów wieloagentowych, ewolucyjnego systemu wieloagentowego oraz systemów z klasycznymi technikami niszczenia i specjacji, została opracowana i zaimplementowana w Javie platforma *jCoEMAS*. Platforma wykorzystuje mechanizm symulacji zdarzeniowej. Umożliwia ona realizację systemów obliczeniowych i symulacyjnych zgodnych z modelem *CoEMAS* oraz ich uruchamianie w różnych systemach operacyjnych — ograniczeniem jest tu wyłącznie dostępność maszyny wirtualnej Javy.

Z wykorzystaniem platformy *jCoEMAS* zostały zaimplementowane wszystkie opisane w niniejszym rozdziale systemy przeznaczone do optymalizacji funkcji wielomodalnych. W ramach dalszych prac nad platformą *jCoEMAS* planowane jest jej równoleglenie z wykorzystaniem bibliotek MPI oraz mpiJava.

4.8. Podsumowanie i wnioski

W rozdziale niniejszym przedstawione zostały koncepcje oraz modele formalne trzech, opracowanych w ramach niniejszej pracy, koewolucyjnych systemów wieloagentowych przeznaczonych do optymalizacji funkcji wielomodalnych. W pierwszym z nich wykorzystywany jest mechanizm koewolucji gatunków, w drugim mechanizm konfliktu i koewolucji płci, trzeci natomiast jest systemem, w którym modelowany jest proces specjacji allopatrycznej.

W rozdziale niniejszym przedstawiono również modele formalne trzech, znanych z literatury, systemów ewolucyjnych wykorzystywanych w eksperymentach: ewolucyjnego systemu wieloagentowego, systemu z techniką ścisłego deterministycznego oraz systemu z techniką podziału przystosowania.

Wszystkie wspomniane powyżej systemy zostały opisane z wykorzystaniem pojęć, zaproponowanego w poprzednim rozdziale, modelu koewolucyjnego systemu wieloagentowego. Przedstawiona w niniejszym rozdziale próba opisanego w kategoriach modelu *CoEMAS* kilku tak różnych (zarówno pod względem architektury, jak i stosowanego modelu obliczeń ewolucyjnych) systemów ewolucyjnych potwierdza jego uniwersalność oraz możliwość zastosowania w praktyce. Okazało się, że można w jego kategoriach opisać zarówno systemy koewolucyjne (*NCoEMAS*, *SCoEMAS*, *ACoEMAS*), jak i (po odpowiednich uproszczeniach) ewolucyjny system wieloagentowy (*EMAS*) oraz algorytmy ewolucyjne z klasycznymi technikami niszczenia i specjacji (systemy *DC* i *FS*). Model *CoEMAS* może być wykorzystany w procesie modelowania i projektowania szerokiej klasy systemów ewolucyjnych, równocześnie zapewniając łatwość przejścia do etapu implementacji, co zostało potwierdzone w trakcie projektowania i implementacji platformy *jCoEMAS*, a następnie przedstawionych w niniejszym rozdziale systemów.

Rozdział 5

Eksperymentalne badania procesów powstawania i utrzymywania gatunków

W niniejszym rozdziale przedstawiona została metodologia badań w zakresie technik niszowania i specjacji oraz wyniki eksperymentów mających na celu porównanie jakości procesów formowania gatunków oraz ich stabilnego utrzymywania w czasie ewolucji przez opisane w poprzednim rozdziale systemy przeznaczone do optymalizacji funkcji wielomodalnych. Eksperymenty przeprowadzono z wykorzystaniem wielomodalnych funkcji testowych, stosowanych w badaniach nad technikami niszowania i specjacji. Zaprezentowano również wyniki obrazujące wpływ wartości wybranych parametrów systemów z mechanizmami koewolucji gatunków (*NCoEMAS*) oraz koewolucji płci (*SCoEMAS*) na przebieg procesów ewolucji i specjacji zachodzących w tych systemach.

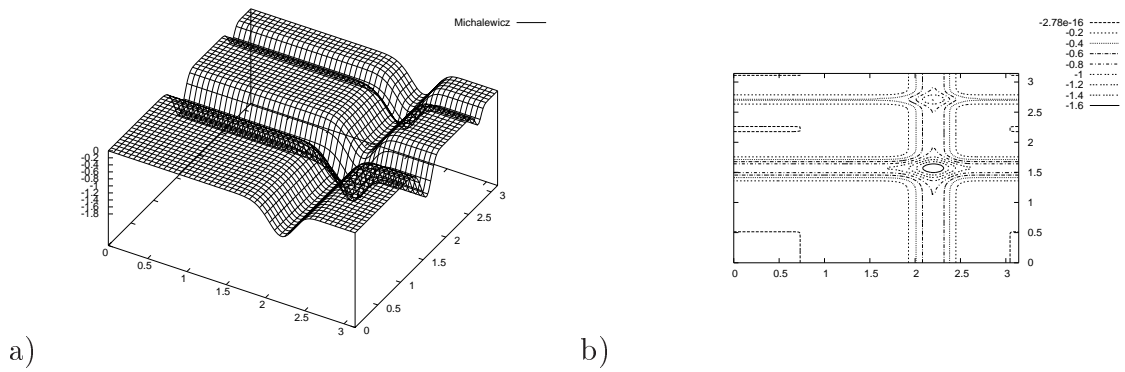
5.1. Metodologia badań

W niniejszym rozdziale omówiona zostanie metodologia przeprowadzonych eksperymentów. W szczególności zaprezentowane zostaną wykorzystywane funkcje testowe oraz opracowane specjalnie na potrzeby niniejszej pracy wskaźniki, służące do oceny jakości procesów formowania i utrzymywania gatunków w czasie ewolucji przez techniki niszowania i specjacji.

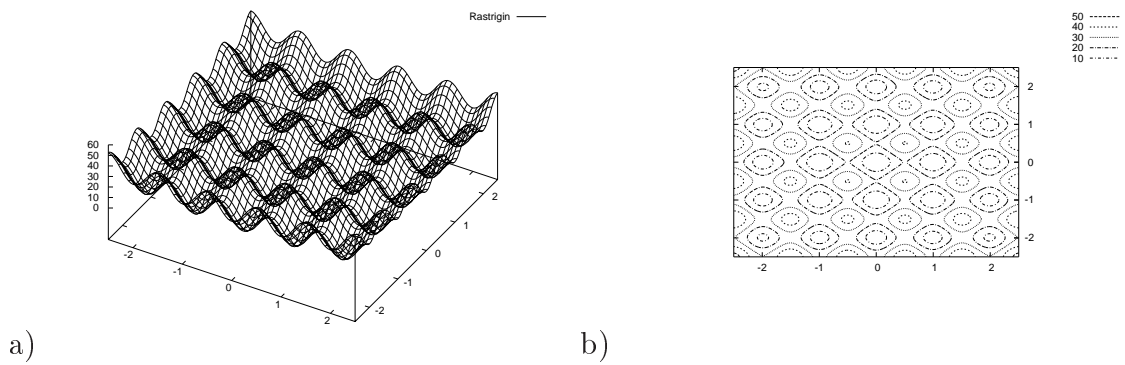
5.1.1. Funkcje testowe

W literaturze poświęconej technikom koewolucyjnym oraz technikom niszowania i specjacji znaleźć można wiele propozycji wielomodalnych funkcji testowych, które służą do porównywania jakości działania poszczególnych mechanizmów ([120, 156, 180, 194]). Brakuje jednakże ogólnie przyjętego i wykorzystywanego przez wszystkich badaczy zestawu funkcji testowych.

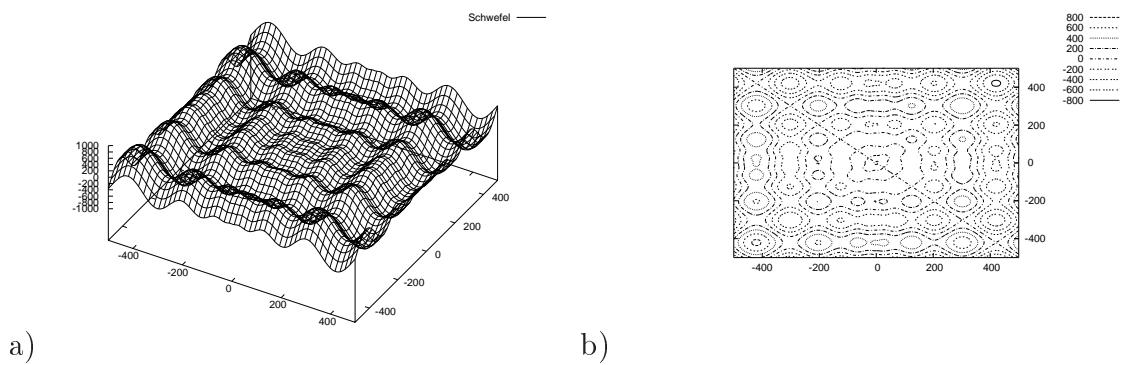
W eksperymentach, których wyniki zostały zaprezentowane w niniejszej pracy, wykorzystane zostały cztery wielomodalne funkcje testowe: Michalewicza, Rastrigin'a, Schwefel'a oraz Waves (p. rys. 5.1–5.4). Zestaw ten został wybrany ze względu na to, że zdaniem autora pokrywa on w miarę reprezentatywnie propozycje różnych



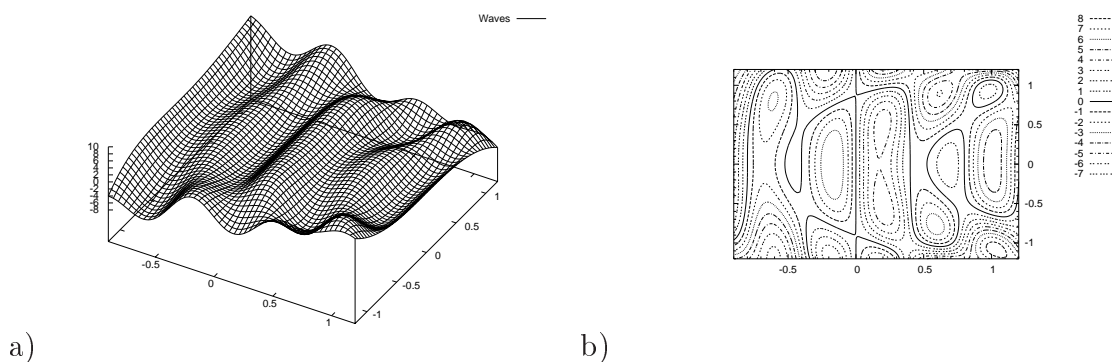
Rysunek 5.1. Funkcja Michalewicza (a) oraz jej wykres poziomicowy (b)



Rysunek 5.2. Funkcja Rastrigin'a (a) oraz jej wykres poziomicowy (b)



Rysunek 5.3. Funkcja Schwefel'a (a) oraz jej wykres poziomicowy (b)



Rysunek 5.4. Funkcja Waves (a) oraz jej wykres poziomicowy (b)

badaczy zajmujących się algorytmami ewolucyjnymi, technikami koewolucyjnymi oraz technikami niszowania i specjacji ([162, 185, 177, 112]).

Wybrane funkcje testowe posiadają szereg cech utrudniających algorytmom ewolucyjnym zlokalizowanie obszarów przyciągania minimum globalnego oraz minimów lokalnych. Trudności na jakie napotyka zastosowanie algorytmów ewolucyjnych mają swoje źródło w dużej liczbie minimów lokalnych o różnych wartościach funkcji celu, rozległych obszarach o stałej wartości funkcji celu (tzw. plateau), nierównomiernie rozmieszczonych minimach lokalnych, rozmieszczeniu minimów lokalnych zarówno wewnątrz obszaru dopuszczalnego, jak i na jego granicy.

Funkcje te nie wyczerpują oczywiście wszystkich możliwych przypadków, jakie mogą być napotkane w praktyce, ale są reprezentatywne dla pewnych klas rzeczywistych problemów. Ponadto, dzięki temu, że znane są ich minima lokalne oraz że posiadają one różnorodne cechy utrudniające zastosowanie algorytmów ewolucyjnych do ich optymalizacji, mogą doskonale służyć jako zestaw testowy do porównywania różnych technik między sobą, co jest jednym z celów niniejszej pracy.

Funkcja Michalewicza jest określona następująco ([127]):

$$f_1(\vec{x}) = - \sum_{i=1}^n \left(\sin(x_i) * \left(\sin(i * x_i^2 / \pi) \right)^{2*m} \right) \quad (5.1)$$

$$x_i \in [0; \pi] \text{ dla } i = 1, \dots, n$$

Funkcja ta jest wielomodalną funkcją testową z $n!$ minimami lokalnymi (n jest liczbą wymiarów). Parametr m określa, jak strome będą ściany „dolin”. Większe wartości parametru m powodują, iż optymalizacja staje się trudniejsza. Dla dużych wartości tego parametru, punkty leżące poza bardzo wąskimi basenami przyciągania minimów lokalnych, nie dają żadnej informacji co do ich lokalizacji. W przeprowadzonych badaniach przyjęto $m = 10$ oraz $n = 2$ (p. rys. 5.1). W rozpatrywanym zbiorze dopuszczalnym funkcja posiada 2 minima lokalne.

Funkcja Rastrigin’a jest określona następująco ([162]):

$$f_2(\vec{x}) = 10 * n + \sum_{i=1}^n \left(x_i^2 - 10 * \cos(2 * \pi * x_i) \right) \quad (5.2)$$

$$x_i \in [-2.5; 2.5] \text{ dla } i = 1, \dots, n$$

Funkcja Rastrigin’a bazuje na funkcji De Jong’a [127], z tym że wprowadzona została tutaj dodatkowo funkcja $\cos(\cdot)$, w celu uzyskania wielu minimów lokalnych.

Funkcja posiada dużo regularnie rozmieszczonych minimów lokalnych o różnej wartości funkcji celu. W przeprowadzonych badaniach przyjęto $n = 2$ (p. rys. 5.2). W rozpatrywanym zbiorze dopuszczalnym funkcja posiada 25 minimów lokalnych.

Funkcja Schwefel'a jest określona następująco ([162]):

$$f_3(\vec{x}) = \sum_{i=1}^n \left(-x_i * \sin \left(\sqrt{|x_i|} \right) \right) \quad (5.3)$$

$$x_i \in [-500.0; 500.0] \text{ dla } i = 1, \dots, n$$

Funkcja ta jest funkcją zwodniczą ponieważ minimum globalne położone jest daleko od „najlepszego” z pozostałych minimów lokalnych. Powoduje to, iż algorytm ewolucyjny jest (potencjalnie) kierowany w obszary odległe od minimum globalnego. W przeprowadzonych badaniach przyjęto $n = 2$ (p. rys. 5.3). W rozpatrywanym zbiorze dopuszczalnym funkcja Schwefel'a posiada 62 minima lokalne.

Funkcja Waves jest określona następująco ([185]):

$$f_4(\vec{x}) = - \left((0.3 * x_1)^3 - (x_2^2 - 4.5 * x_2^2) * x_1 * x_2 - \right. \\ \left. 4.7 * \cos \left(3 * x_1 - x_2^2 * (2 + x_1) \right) * \sin \left(2.5 * \pi * x_1 \right) \right) \quad (5.4)$$

$$x_1 \in [-0.9; 1.2], \quad x_2 \in [-1.2; 1.2]$$

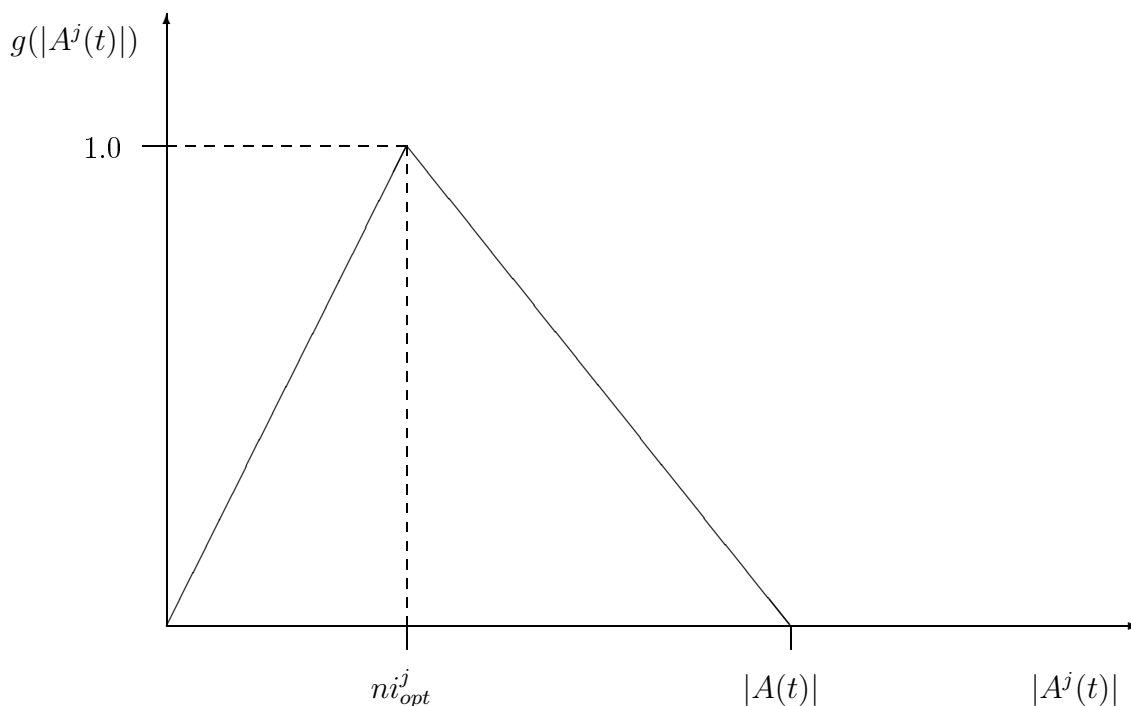
Funkcja ta ma niesymetrycznie rozmieszczone minima lokalne. Minima te znajdują się zarówno na granicy obszaru dopuszczalnego, jak i wewnątrz niego. Niektóre z minimów lokalnych są zlokalizowane w płaskich „dolinach”, co dodatkowo utrudnia ich znalezienie. W rozpatrywanym zbiorze dopuszczalnym funkcja Waves posiada 10 minimów lokalnych (p. rys. 5.4).

5.1.2. Wskaźniki jakości procesów powstawania i utrzymywania gatunków

Jednym z podstawowych problemów, z jakim mamy do czynienia w przypadku badań nad technikami niszowania i specjacji jest sposób porównywania jakości ich działania. Jest to związane zarówno z różnymi zadaniami stawianymi przed tego rodzaju technikami, jak i z możliwością definiowania w różny sposób samego problemu optymalizacji wielomodalnej (p. rozdz. 1.1).

Na potrzeby eksperymentów przeprowadzonych w ramach niniejszej pracy, przyjęto następującą definicję problemu optymalizacji wielomodalnej: dla jak największej liczby minimów lokalnych $\vec{x}^+ \in D^{min}$ funkcji celu f (gdzie D^{min} jest zbiorem wszystkich minimów lokalnych optymalizowanej funkcji w rozważanym zbiorze dopuszczalnym D) znaleźć co najmniej ni_{min} punktów \vec{x} (reprezentowanych przez osobniki populacji) należących do otoczenia punktu \vec{x}^+ o promieniu $\varepsilon = dist_{max}$ ($\vec{x} \in O^{dist_{max}}(\vec{x}^+) \subset D$), przy czym znalezione rozwiązania (czyli podpopulacje złożone z co najmniej ni_{min} osobników zlokalizowanych w otoczeniach poszczególnych minimów lokalnych o promieniu $dist_{max}$) nie powinny zanikać w trakcie procesu ewolucji.

Powyższa definicja problemu optymalizacji wielomodalnej ujmuje dwa pierwsze z trzech głównych kryteriów oceny jakości działania technik niszowania i specjacji, którymi są (p. rozdz. 2.2):



Rysunek 5.5. Funkcja wykorzystywana przy ocenie proporcjonalnej i identycznej liczebności gatunków

- 1) zdolność do znajdowania wielu różnych rozwiązań danego problemu optymalizacji wielomodalnej, dzięki formowaniu podpopulacji (gatunków) zlokalizowanych w obszarach przyciągania minimów lokalnych funkcji celu,
- 2) zdolność do stabilnego utrzymywania gatunków, które powstały w czasie ewolucji,
- 3) proporcjonalne do „jakości” poszczególnych minimów lokalnych zasiedlanie ich obszarów przyciągania (tzn. im wartość funkcji celu dla danego minimum lokalnego jest mniejsza tym gatunek zlokalizowany w jego obszarze przyciągania powinien być liczniejszy).

W dostępnej literaturze przedmiotu nie napotkano ogólnie przyjętego zestawu wskaźników jakości działania technik niszowania i specjacji, który służyłby do porównywania między sobą różnych technik. Większość z autorów wprowadza swój własny parametr (lub ich zestaw) w celu oceny porównywanych technik ([194, 129, 119, 185, 154]), jednakże żaden z tych zestawów parametrów nie obejmuje swoją oceną wszystkich, kluczowych dla działania technik niszowania i specjacji, aspektów. W związku z powyższymi uwagami, na potrzeby opisywanych w niniejszej pracy badań opracowany został zestaw trzech podstawowych wskaźników oceny jakości działania technik niszowania i specjacji. Wskaźniki te umożliwiają ocenę danej techniki z uwzględnieniem trzech wspomnianych wcześniej kryteriów, w przypadku rozwiązywania zdefiniowanego powyżej problemu optymalizacji wielomodalnej.

- Pierwszym z wykorzystywanych wskaźników jakości procesów formowania gatunków jest liczba zlokalizowanych otoczeń minimów lokalnych funkcji celu

w chwili t . Wskaźnik ten jest oznaczany przez $nnm(t)$. Zgodnie z powyższą definicją problemu optymalizacji wielomodalnej, otoczenie $O^{dist_{max}}(\vec{x}_j^+)$ minimum lokalnego $\vec{x}_j^+ \in D^{min}$ funkcji celu f jest uważane za zlokalizowane w chwili t , gdy istnieje co najmniej ni_{min} agentów, takich że:

$$dist^D(\vec{x}^{a_i}, \vec{x}_j^+) \leq dist_{max} \quad \text{dla } i = 1, \dots, ni \quad ni \geq ni_{min} \quad (5.5)$$

gdzie $dist^D(\vec{x}^{a_i}, \vec{x}_j^+)$ jest odległością fenotypu agenta a_i (\vec{x}^{a_i}) od minimum lokalnego \vec{x}_j^+ w metryce Euklidesa.

- Drugi ze stosowanych wskaźników ($npd(t)$) służy do oceny zdolności danego systemu do takiego rozmieszczenia agentów w otoczeniach minimów lokalnych, żeby liczebność poszczególnych podpopulacji (gatunków) znajdujących się w tych otoczeniach była proporcjonalna do „jakości” tych minimów. Wskaźnik $npd(t)$ jest określony wzorem:

$$npd(t) = \sum_{i=1}^{|D^{min}|} g(|A^i(t)|) \quad (5.6)$$

$$g(|A^j(t)|) = \begin{cases} 1 - \frac{||A^j(t)| - ni_{opt}^j|}{ni_{opt}^j} & \text{gd } |A^j(t)| \leq ni_{opt}^j \\ 1 - \frac{||A^j(t)| - ni_{opt}^j|}{|A(t)|} & \text{gd } |A^j(t)| > ni_{opt}^j \end{cases} \quad (5.7)$$

$$ni_{opt}^j = \frac{f'(\vec{x}_j^+)}{\sum_{k=1}^{|D^{min}|} f'(\vec{x}_k^+)} |A(t)| \quad (5.8)$$

gdzie:

$D^{min} \subseteq D$ jest zbiorem minimów lokalnych funkcji celu f ,

$A(t)$ to zbiór agentów istniejących w systemie w chwili t ,

\vec{x}_j^+ to j -te minimum lokalne,

$A^j(t)$ jest zbiorem agentów, którzy w chwili t znajdują się w odległości mniejszej niż $dist_{max}$ od j -tego minimum lokalnego,

$f' = \delta \circ f$ jest zmodyfikowaną funkcją celu,

$\delta : \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{R}$ jest funkcją skalującą, która zapewnia, że funkcja f' przyjmuje wyłącznie wartości większe od zera oraz, że maksima lokalne tej funkcji odpowiadają minimom lokalnym funkcji f .

W przypadku optymalnej liczebności podpopulacji zlokalizowanych w otoczeniach poszczególnych minimów lokalnych funkcji celu, wskaźnik $npd(t)$ ma wartość równą liczbie minimów lokalnych. W przypadku, gdy liczebność pewnej podpopulacji odbiega od optymalnej, wartość wskaźnika spada (proporcjonalnie do tego, jak bardzo liczebność ta odbiega od liczebności optymalnej). Wykres funkcji $g(|A^j(t)|)$ przedstawiony został na rysunku 5.5.

	<i>nnm</i>		<i>npd</i>	<i>ned</i>
	<i>ni_{min}</i>	<i>dist_{max}</i>	<i>dist_{max}</i>	<i>dist_{max}</i>
f_1	1; 3; 5; 8	0.03	0.03	0.03
f_2	1; 3; 5; 8	0.05	0.05	0.05
f_3	1; 3; 5; 8	10.0	10.0	10.0
f_4	1; 3; 5; 8	0.025	0.025	0.025

Tabela 5.1. Wartości parametrów dla poszczególnych wskaźników oraz funkcji testowych przyjęte w eksperymentach

- Trzeci ze stosowanych wskaźników ($ned(t)$) jest zdefiniowany zgodnie z formułami (5.6) oraz (5.7), natomiast inaczej jest tutaj określona optymalna liczebność podpopulacji:

$$ni_{opt}^j = \frac{|A(t)|}{|D^{min}|} \quad (5.9)$$

Wszystkie oznaczenia są takie same, jak w przypadku wzoru (5.8). W przypadku wskaźnika $ned(t)$ najlepiej oceniane są te techniki, które formują podpopulacje równoliczne.

W tabeli 5.1 przedstawiono wykorzystane w eksperymentach wartości parametrów wskaźników $nnm(t)$, $npd(t)$ oraz $ned(t)$.

5.2. Plan badań

Plan badań zakłada przeprowadzenie serii eksperymentów, które podzielić można na dwie grupy:

- 1) Eksperymenty mające na celu porównanie jakości procesów formowania gatunków i ich stabilnego utrzymywania w czasie ewolucji, zachodzących w systemach opartych o model *CoEMAS* oraz systemach znanych z literatury.
- 2) Eksperymenty mające na celu zbadanie wpływu wartości wybranych parametrów na przebieg procesów ewolucyjnych oraz procesów powstawania gatunków w dwóch z trzech, opracowanych w ramach niniejszej pracy, koewolucyjnych systemach wieloagentowych (*NCoEMAS* oraz *SCoEMAS*). Systemy te zostały wybrane do badań ze względu na to, że zastosowane w nich techniki niszowania i specjacji oparte są o mechanizmy oddziaływań koewolucyjnych o charakterze mutualistycznym (*NCoEMAS*) oraz oddziaływań koewolucyjnych pomiędzy płciami i wynikającym stąd doborze płciowym (*SCoEMAS*). Do badań wybrano parametry mające kluczowe znaczenie dla działania technik niszowania i specjacji zastosowanych we wspomnianych systemach.

W eksperymentach z obu grup wykorzystano omówione wcześniej, wielomodalne funkcje testowe oraz zestaw opracowanych wskaźników jakości działania technik niszowania i specjacji.

Ze względu na stochastyczny charakter procesów ewolucyjnych zachodzących w badanych systemach, wnioski dotyczące jakości mających w nich miejsce procesów formowania gatunków oraz pewnych prawidłowości ich działania, mogą zostać

sformułowane jedynie na podstawie serii eksperymentów przeprowadzanych dla tych samych wartości parametrów, ale przy różnych stanach początkowych generatora liczb pseudolosowych. Z tego względu, w dalszej części rozdziału wyniki prezentowane są najczęściej w postaci wartości średnich odpowiednich wskaźników lub parametrów, a czasem również odchyłeń standardowych. W wyjątkowych przypadkach, gdy było to podyktowane charakterem prezentowanych wyników, posłużono się wynikami typowych eksperymentów.

Eksperymenty, których wyniki przedstawiono w niniejszym rozdziale, zostały przeprowadzone na komputerze klasy PC z procesorem AMD Athlon XP 1800+ i systemem operacyjnym Slackware Linux.

5.3. Porównanie wybranych wskaźników przebiegu procesów powstawania i utrzymywania gatunków w badanych systemach przeznaczonych do optymalizacji funkcji wielomodalnych

W rozdziale niniejszym przedstawione zostaną wyniki eksperymentów, mających na celu porównanie przebiegu procesów powstawania gatunków oraz ich stabilnego utrzymywania w trakcie ewolucji w porównywanych systemach przeznaczonych do optymalizacji funkcji wielomodalnych. Do oceny poszczególnych systemów posłużyły, omówione w rozdz. 5.1.2, wskaźniki jakości procesów specjacji, jak również takie parametry, jak liczebność populacji, przystosowanie populacji oraz norma wektora odchyłeń standardowych wykorzystywanych w operatorze mutacji.

5.3.1. Wartości parametrów przyjęte w eksperymentach

W tabeli 5.2 zostały przedstawione wartości parametrów poszczególnych systemów przyjęte w eksperymentach, których wyniki przedstawiono w niniejszym rozdziale. Wszystkie parametry zostały szczegółowo opisane w rozdz. 4, natomiast porównywane systemy oznaczono następująco: *NCoEMAS* — system z mechanizmem koewolucji gatunków, *SCoEMAS* — system z mechanizmem koewolucji płci, *ACoEMAS* — system z mechanizmem specjacji allopatrycznej, *EMAS* — ewolucyjny system wieloagentowy, *DC* — system z mechanizmem ścisku deterministycznego, *FS* — system z mechanizmem podziału przystosowania.

Wartości wszystkich wspomnianych parametrów zostały dobrane eksperymentalnie tak, aby zapewnić poprawne działanie poszczególnych systemów (czyli żeby znajdowały one rozwiązania wspomnianego powyżej problemu optymalizacji wielomodalnej, a równocześnie nie dochodziło w nich do wyginięcia populacji lub niekontrolowanego wzrostu jej liczebności). Liczebności populacji w chwili $t = 0$ ($|A(0)|$) dla poszczególnych systemów zostały również dobrane eksperymentalnie tak, aby zapewnić poprawne działanie tych systemów, przy jak najmniejszych rozmiarach populacji początkowej (dalsze zwiększanie liczebności populacji początkowej nie wpływało znacząco na polepszenie wyników eksperymentów).

Wartość parametru $|V|$ (ilość wierzchołków grafu H) w systemie *ACoEMAS* uzależniona jest od liczby minimów lokalnych poszczególnych funkcji testowych ponie-

Parametry	<i>NCoEMAS</i>	<i>SCoEMAS</i>	<i>ACoEMAS</i>	<i>EMAS</i>	<i>DC</i>	<i>FS</i>
$r_{min}^{\gamma, nch}$	0.0	-	-	-	-	-
$r_{max}^{\gamma, nch}$	25000.0	-	-	-	-	-
$r_{crit}^{\gamma, nch}$	$0.1r_{max}^{\gamma, nch}$	-	-	-	-	-
$r_{min}^{\gamma, ind}$	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
$r_{max}^{\gamma, ind}$	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0
$r_{crit}^{\gamma, ind}$	$0.1r_{max}^{\gamma, ind}$	$0.1r_{max}^{\gamma, ind}$	$0.1r_{max}^{\gamma, ind}$	$0.1r_{max}^{\gamma, ind}$	-	$0.1r_{max}^{\gamma, ind}$
r_{rep}^{γ}	$0.6r_{max}^{\gamma, ind}$	$0.6r_{max}^{\gamma, ind}$	$0.6r_{max}^{\gamma, ind}$	$0.6r_{max}^{\gamma, ind}$	-	$0.6r_{max}^{\gamma, ind}$
r_{clone}^{γ}	$0.25r_{max}^{\gamma, ind}$	-	$0.25r_{max}^{\gamma, ind}$	$0.25r_{max}^{\gamma, ind}$	-	$0.25r_{max}^{\gamma, ind}$
r_{rec}^{γ}	$0.25r_{max}^{\gamma, ind}$	-	$0.25r_{max}^{\gamma, ind}$	$0.25r_{max}^{\gamma, ind}$	-	$0.25r_{max}^{\gamma, ind}$
r_{create}^{γ}	$0.3r_{max}^{\gamma, ind}$	-	-	-	-	-
r_{givef}^{γ}	-	$0.4r_{max}^{\gamma, ind}$	-	-	-	-
r_{givem}^{γ}	-	$0.1r_{max}^{\gamma, ind}$	-	-	-	-
t_{maxage}	100	5000	100	100	-	100
t_{max}	-	t_{maxage}	-	-	-	-
$r_{eq}^{\gamma, v}$	$5r_{max}^{\gamma, ind}$	$0.07r_{max}^{\gamma, ind}$	-	-	-	-
$c(\langle u, v \rangle)$	$0.01r_{max}^{\gamma, nch}$	$0.05r_{max}^{\gamma, ind}$	$0.95r_{max}^{\gamma, ind}$	$0.05r_{max}^{\gamma, ind}$	-	-
p_{rec}	0.8	0.8	0.8	0.8	0.8	0.8
p_{mut}	0.1	0.1	0.1	0.1	0.1	0.1
α	-	-	-	-	-	0.5
σ_{sh} dla f.:						
f_1	-	-	-	-	-	1.5
f_2	-	-	-	-	-	1.0
f_3	-	-	-	-	-	200
f_4	-	-	-	-	-	1.0
$ A(0) $ dla f.:						
f_1	10	100	150	10	1000	10
f_2	10	150	150	10	1500	25
f_3	20	120	200	50	2000	30
f_4	10	120	100	50	1300	25
$ V $ dla f.:						
f_1	4	4	9	4	1	1
f_2	4	4	30	4	1	1
f_3	4	4	63	4	1	1
f_4	4	4	16	4	1	1

Tabela 5.2. Wartości parametrów poszczególnych systemów przyjęte w eksperymentach (brak wartości parametru oznacza, że nie ma on zastosowania w danym systemie)

waż system ten jest oparty na modelu specjacji allopatrycznej (geograficznej izolacji podpopulacji) i każdy gatunek znajduje się w innym wierzchołku grafu H . Wartości $|V|$ dla poszczególnych funkcji testowych były ustalane eksperymentalnie.

5.3.2. Proces powstawania gatunków

Wyniki przedstawione w niniejszym rozdziale ilustrują przebieg procesów specjacji w poszczególnych systemach przeznaczonych do optymalizacji wielomodalnej w trakcie typowych eksperymentów z funkcją Rastrigin'a.

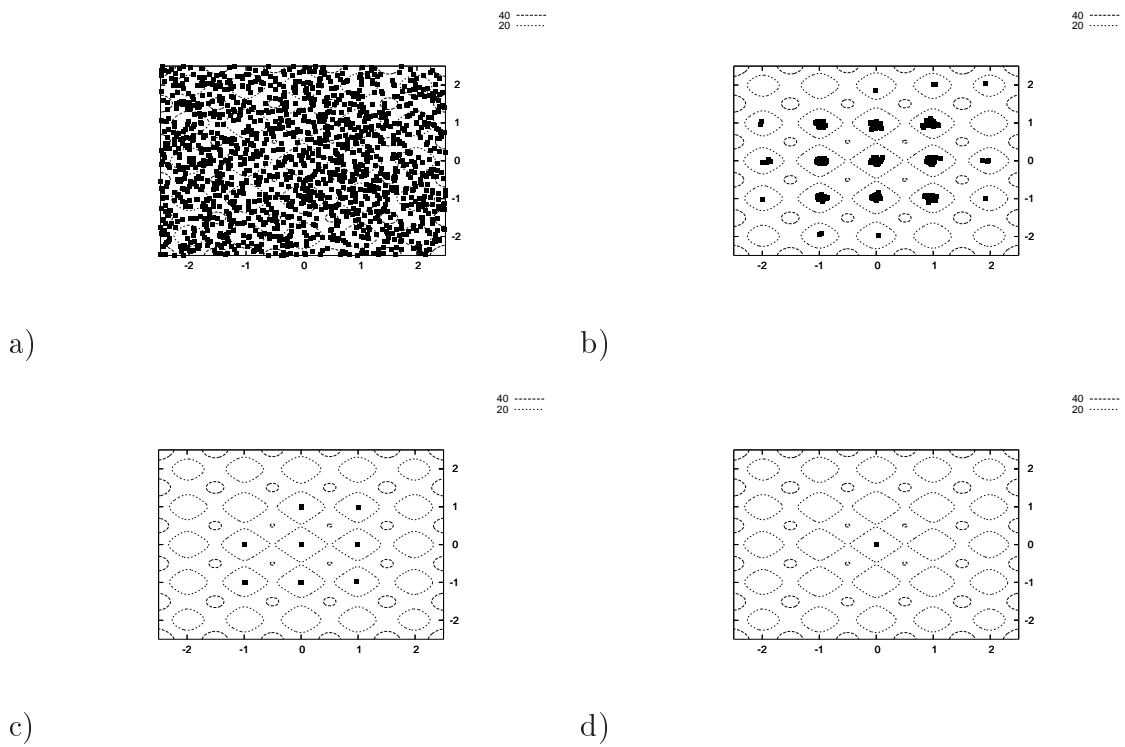
W systemie DC dochodzi stosunkowo szybko do powstania gatunków zlokalizowanych w obszarach przyciągania poszczególnych minimów lokalnych funkcji Rastrigin'a (rys. 5.6b). Jednakże w miarę upływu czasu gatunki te stopniowo zanikają (rys. 5.6c) i w końcu cała populacja jest zlokalizowana w obszarze przyciągania jednego (globalnego) minimum (rys. 5.6d).

W przypadku systemu FS zaobserwować można wyodrębnianie się gatunków zlokalizowanych w obszarach przyciągania poszczególnych minimów lokalnych, jednak nie ma wyraźnych „granic” pomiędzy poszczególnymi gatunkami (rys. 5.7). Agenci zlokalizowani są nie tylko w najbliższym otoczeniu minimów lokalnych, ale również w obszarach stosunkowo od nich odległych, a nawet w bezpośrednim otoczeniu maksimów lokalnych funkcji Rastrigin'a (rys. 5.7d). Widać tu wyraźnie, że technika podziału przystosowania utrzymuje dużą różnorodność populacji, natomiast agenci poszczególnych gatunków są rozproszeni i często zlokalizowani w dość dużej odległości od minimów lokalnych.

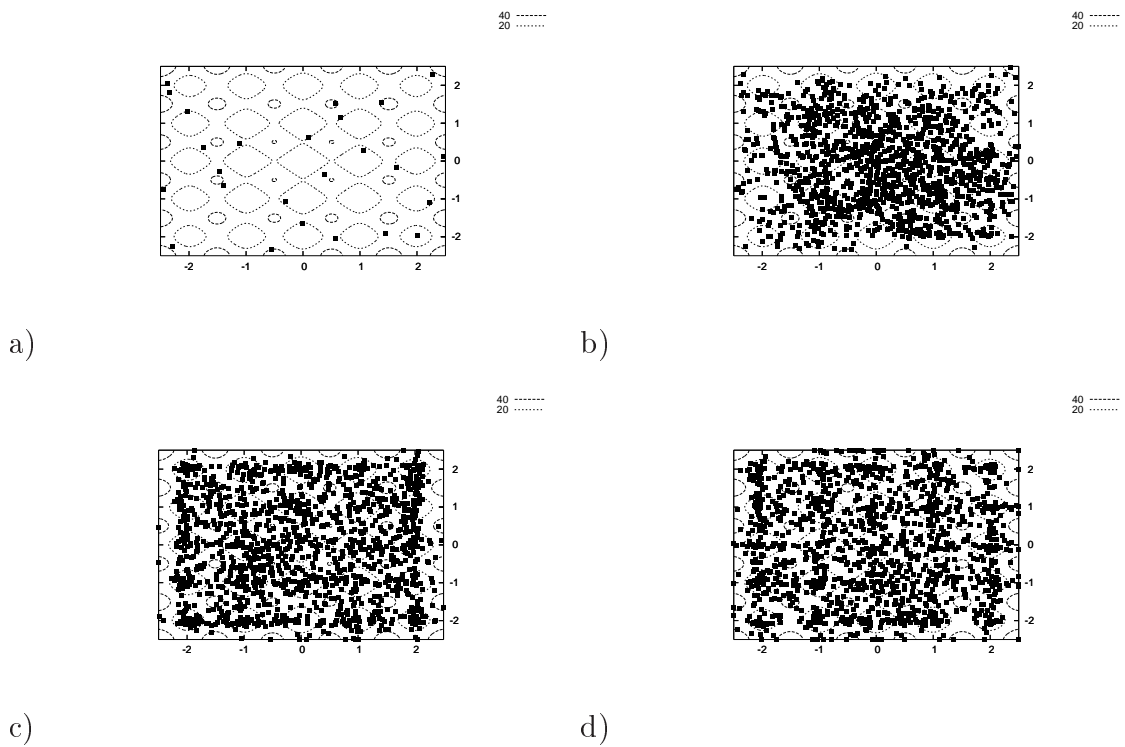
W przypadku systemu $EMAS$ zaobserwować można proces stopniowego zaniku różnorodności populacji (rys. 5.8). Początkowo różnorodność populacji jest dość duża, natomiast w chwili $t = 500$ prawie cała populacja (za wyjątkiem pojedynczych agentów) jest zlokalizowana w obszarze przyciągania minimum globalnego (rys. 5.8c). Populacja agentów nie jest tutaj jednak zlokalizowana w bezpośrednim otoczeniu minimum globalnego, jak to ma miejsce w przypadku systemu DC (rys. 5.6d). Utrzymywanie się różnorodności populacji w obszarze przyciągania minimum globalnego (a także częściowo poza nim) jest związane z występowaniem w systemie $EMAS$ środowiska o strukturze grafu, dzięki czemu konkurencja pomiędzy agentami o ograniczone zasoby jest do pewnego stopnia lokalna (ograniczona do poszczególnych wierzchołków grafu H).

W przypadku systemu $ACoEMAS$, po początkowo utrzymującej się dużej różnorodności populacji (rys. 5.9b), stopniowo dochodzi do powstania stabilnych gatunków zlokalizowanych w obszarach przyciągania poszczególnych minimów lokalnych funkcji Rastrigin'a (rys. 5.9c oraz 5.9d). Równocześnie zachowana zostaje pewna różnorodność populacji w ramach poszczególnych gatunków.

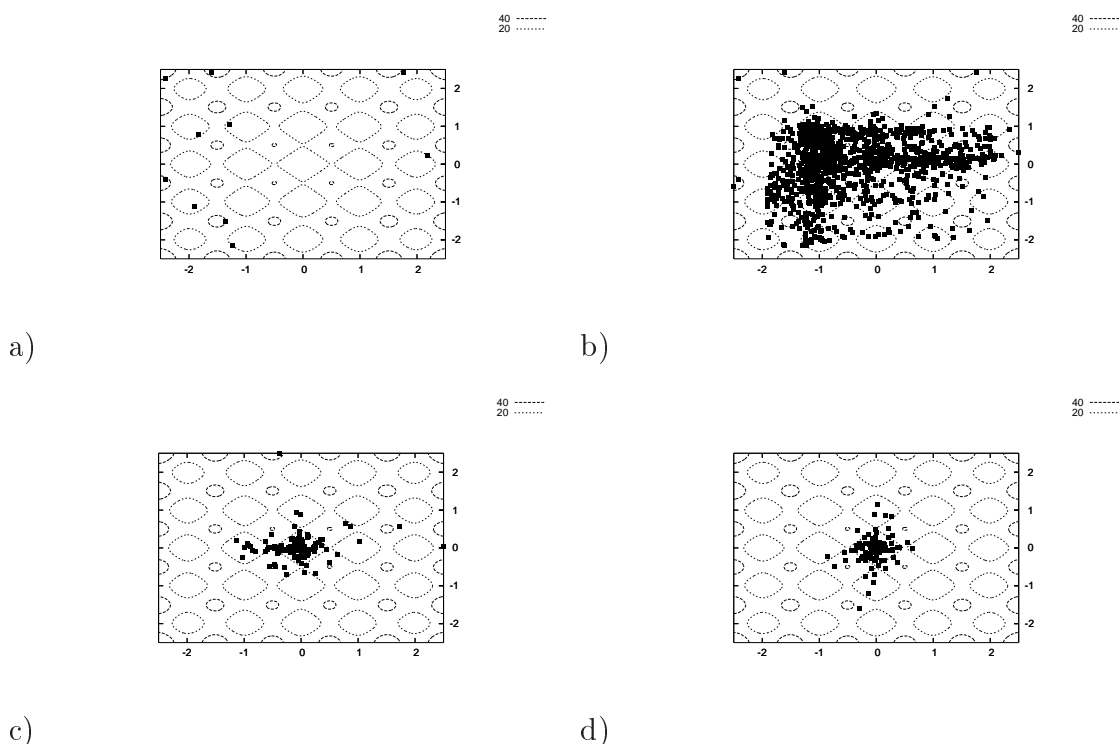
W systemie $NCoEMAS$ rozmiar populacji w chwili $t = 0$ wynosi $|A(0)| = 10$, przy czym lokalizacja agentów z gatunku nch jest identyczna, jak przynależących do nich agentów z gatunków ind_i (rys. 5.10a). W miarę upływu czasu powstają nowe gatunki zlokalizowane w obszarach przyciągania kolejnych minimów lokalnych (rys. 5.10b). W końcowej fazie eksperymentu gatunki występują w obszarach przyciągania wszystkich minimów lokalnych (rys. 5.10c oraz 5.10d). Równocześnie zachowana jest pewna różnorodność populacji w obrębie gatunków, co dodatkowo zwiększa zdolności adaptacyjne systemu.



Rysunek 5.6. Lokalizacja agentów systemu DC w trakcie typowego eksperymentu z funkcją Rastrigin'a: $t = 0$ (a), $t = 50$ (b), $t = 500$ (c) oraz $t = 5000$ (d)



Rysunek 5.7. Lokalizacja agentów systemu FS w trakcie typowego eksperymentu z funkcją Rastrigin'a: $t = 0$ (a), $t = 50$ (b), $t = 500$ (c) oraz $t = 5000$ (d)



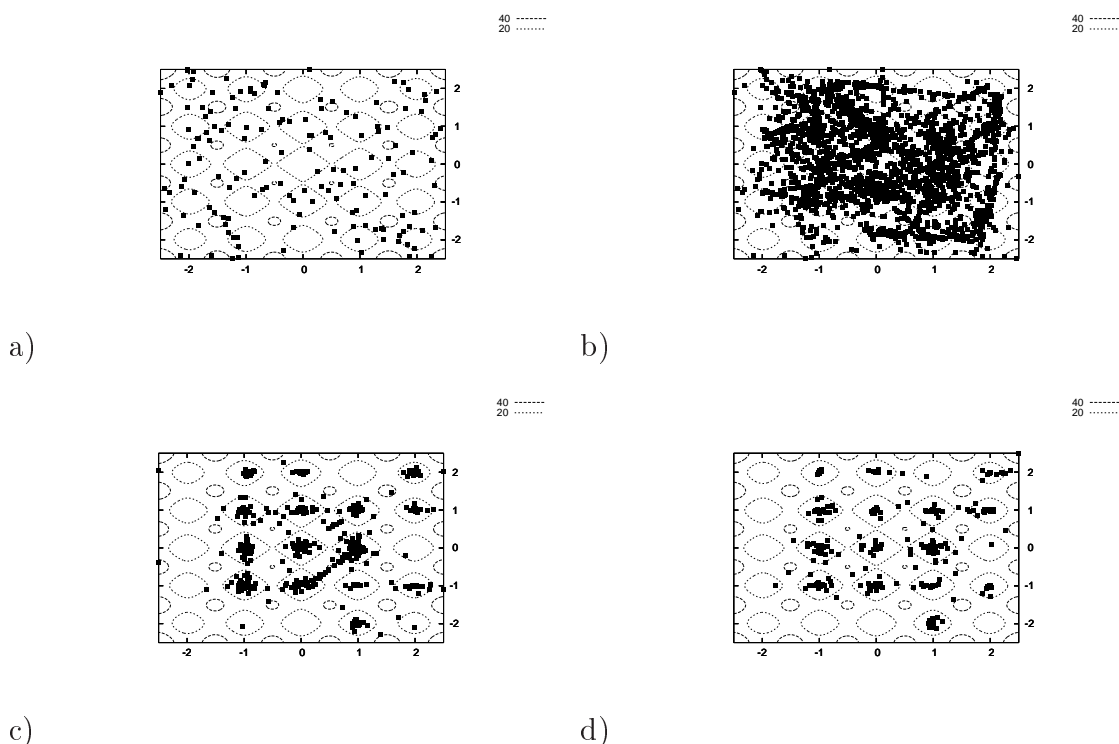
Rysunek 5.8. Lokalizacja agentów systemu *EMAS* w trakcie typowego eksperymentu z funkcją Rastrigin'a: $t = 0$ (a), $t = 50$ (b), $t = 500$ (c) oraz $t = 5000$ (d)

W systemie *SCoEMAS* również dochodzi do powstania stabilnych gatunków w obszarach przyciągania minimów lokalnych funkcji Rastrigin'a, przy czym zachowana zostaje stosunkowo duża różnorodność poszczególnych podpopulacji i agenci nie skupiają się w bezpośrednim otoczeniu minimów lokalnych (rys. 5.11c oraz 5.11d).

Podsumowując można stwierdzić, że zaprezentowane wykresy ilustrują jedynie przebieg procesów specjacji i nie można na ich podstawie jednoznacznie określić, która technika jest lepsza. Można tu już jednak zauważyć pewne zjawiska (jak np. zanikanie poszczególnych gatunków, czy też skupianie się agentów w bezpośrednim otoczeniu minimów lokalnych), które zostaną bardziej szczegółowo przeanalizowane w kolejnych rozdziałach.

5.3.3. Liczba zlokalizowanych otoczeń minimów lokalnych

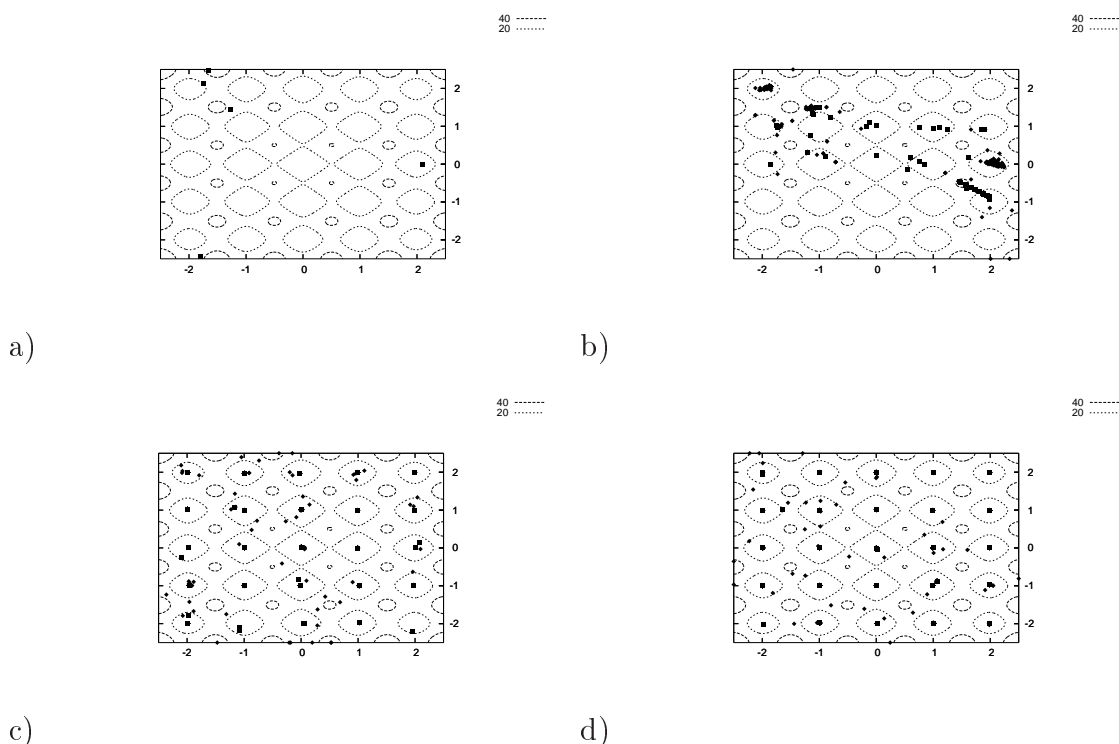
W rozdziale niniejszym porównano przebieg procesów formowania i stabilnego utrzymywania gatunków zlokalizowanych w obszarach przyciągania minimów lokalnych funkcji testowych, zachodzących w poszczególnych systemach przeznaczonych do optymalizacji funkcji wielomodalnych. Wykorzystany w tym celu został wskaźnik $n_{nm}(t)$, którego wartość w chwili t odpowiada liczbie zlokalizowanych otoczeń minimów lokalnych funkcji celu (p. rozdz. 5.1.2). Zgodnie z definicją rozpatrywanego problemu optymalizacji wielomodalnej (p. rozdz. 5.1.2), zadaniem poszczególnych systemów w trakcie eksperymentów jest zlokalizowanie jak największej liczby



Rysunek 5.9. Lokalizacja agentów systemu *ACoEMAS* w trakcie typowego eksperymentu z funkcją Rastrigin'a: $t = 0$ (a), $t = 50$ (b), $t = 500$ (c) oraz $t = 5000$ (d)

otoczeń minimów lokalnych funkcji celu oraz stabilne utrzymywanie w trakcie ewolucji już utworzonych podpopulacji odpowiadających rozwiązaniom tego problemu. W rozdziale przedstawiono wyniki dla wszystkich funkcji testowych oraz czterech wartości parametru ni_{min} (p. tab. 5.1).

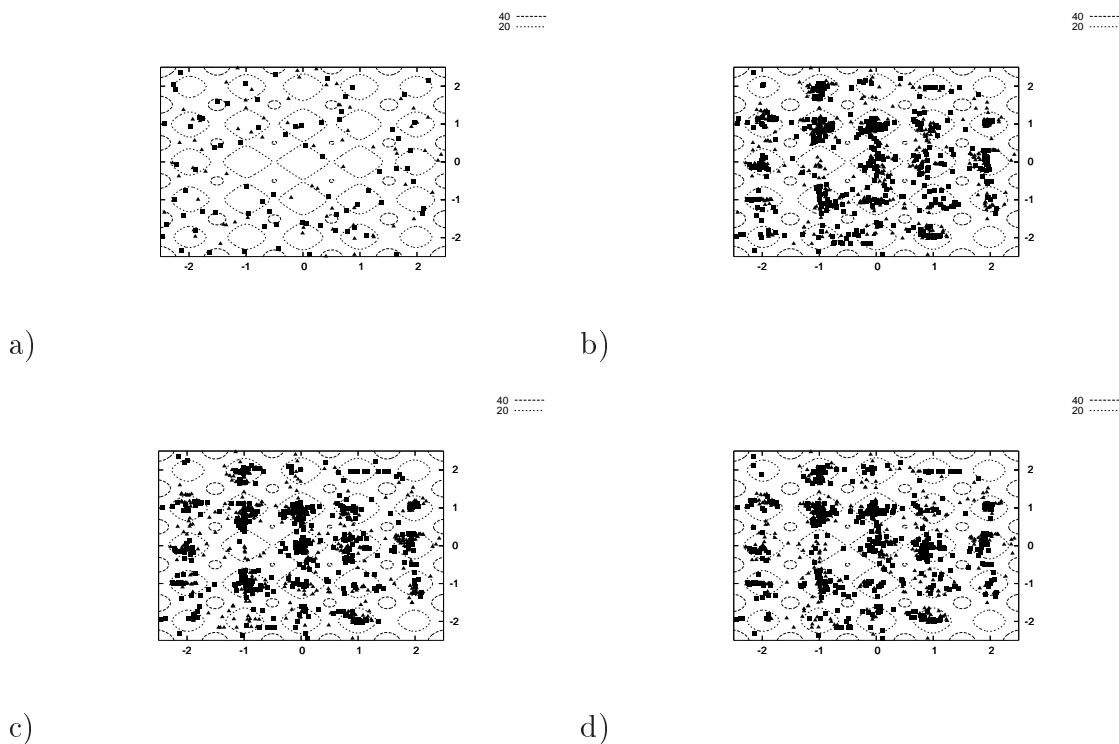
Na rysunkach 5.12 oraz 5.13 przedstawione zostały wyniki eksperymentów z funkcją Michalewicza (w każdym przypadku jest to średnia z 20 eksperymentów). Funkcja Michalewicza posiada 2 minima lokalne w rozpatrywanym zbiorze dopuszczalnym. Dla każdej wartości parametru ni_{min} najlepsze wyniki uzyskano w przypadku systemu *FS*, który prawie zawsze lokalizuje otoczenia dwóch minimów lokalnych. Nieco gorsze wyniki od systemu *FS* osiągnął system *NCoEMAS*. Dla każdej wartości parametru ni_{min} wyniki osiągnięte przez ten system były zbliżone do siebie. W przypadku systemu *ACoEMAS* rezultaty dla różnych wartości parametru ni_{min} były również zbliżone do siebie, natomiast wyniki osiągnięte przez ten system w przypadku eksperymentów z funkcją Michalewicza były generalnie gorsze niż systemów *FS* i *NCoEMAS*. W przypadku systemu *SCoEMAS* występowała dość silna zależność pomiędzy wartością wskaźnika $nnm(t)$ a wartością parametru ni_{min} (p. rys. 5.12 oraz 5.13). Wraz ze wzrostem wartości tego parametru (czyli wzrostem liczby agentów, którzy muszą znajdować się w otoczeniu danego minimum lokalnego, aby uznać go za zlokalizowane) maleje liczba otoczeń minimów lokalnych zlokalizowanych przez ten system. Wyniki te potwierdzają obserwacje z rozdz. 5.3.2, wskazujące na to, że gatunki w systemie *SCoEMAS* nie skupiają się w bezpośrednim otoczeniu minimów lokalnych, tylko są rozproszone po obszarach przyciągania tych minimów, zachowu-



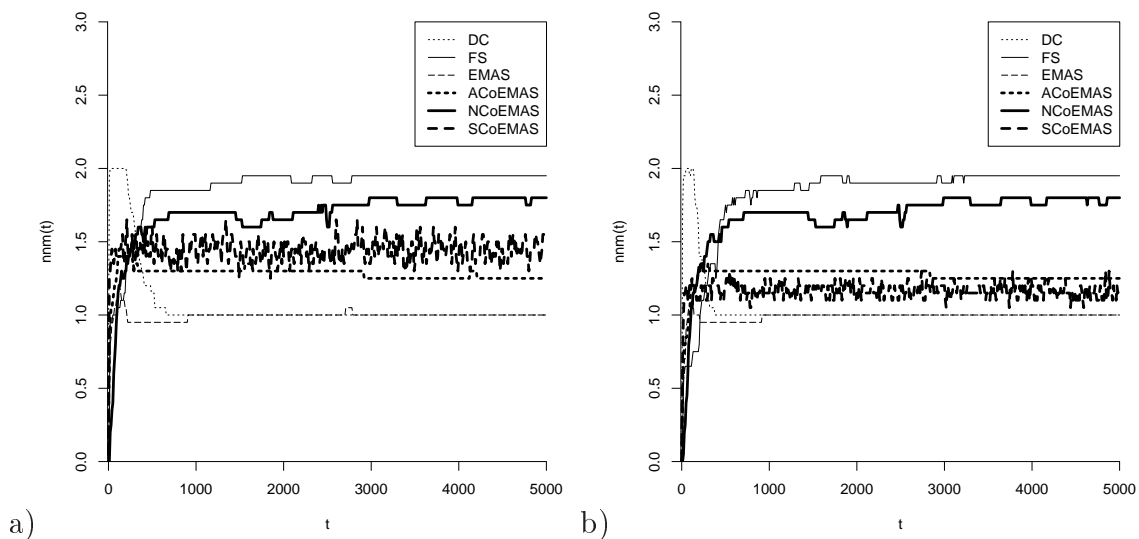
Rysunek 5.10. Lokalizacja agentów systemu *NCoEMAS* w trakcie typowego eksperymentu z funkcją Rastrigin'a: $t = 0$ (a), $t = 50$ (b), $t = 500$ (c) oraz $t = 5000$ (d)

jąc stosunkowo dużą różnorodność. Rezultaty osiągnięte przez systemy *DC* i *EMAS*, również potwierdzają to, co można było zaobserwować na wykresach zaprezentowanych w rozdz. 5.3.2. System *DC* szybko lokalizował otoczenia obydwu minimów lokalnych, ale w miarę upływu czasu jeden z gatunków zanikał. System *EMAS* lokalizował w początkowej fazie eksperymentu otoczenia (średnio) więcej niż jednego minimum lokalnego wyłącznie dla $ni_{min} = 1$ (p. rys. 5.12a), jednak później występowały podobne zjawiska, jak w przypadku systemu *DC* (zanikanie gatunków). Dla pozostałych wartości tego parametru system *EMAS* lokalizował wyłącznie otoczenie jednego minimum lokalnego (p. rys. 5.12b oraz 5.13).

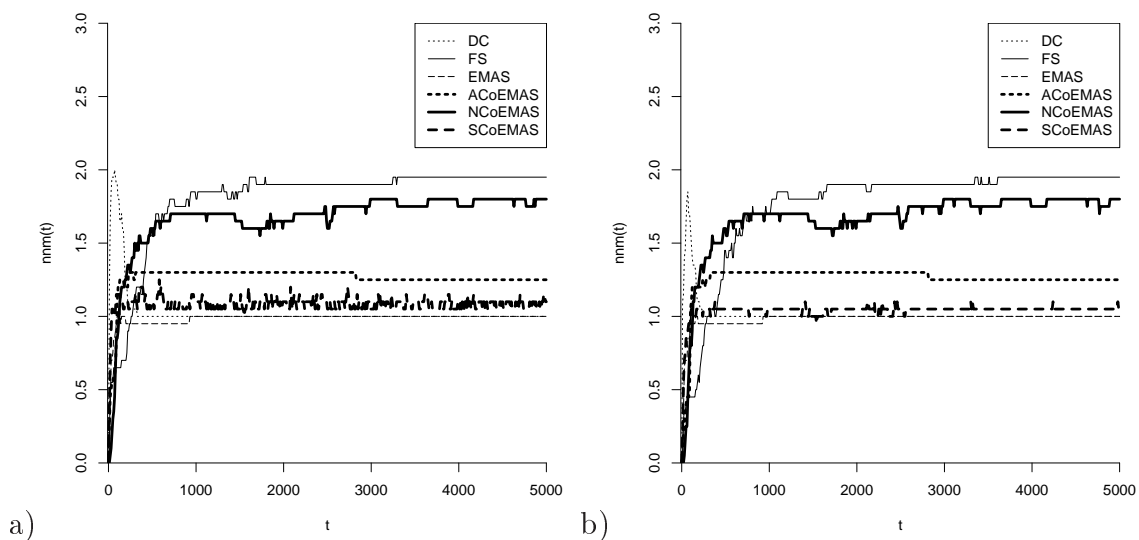
Funkcja Rastrigin'a posiada 25 minimów lokalnych w rozpatrywanym zbiorze dopuszczalnym. Najlepsze rezultaty osiągnięto tutaj w przypadku systemu *NCoEMAS*, który lokalizował średnio otoczenia około 22 minimów lokalnych (p. rys. 5.14 oraz 5.15). System *ACoEMAS* osiągał podobne rezultaty dla wszystkich wartości parametru ni_{min} , lokalizując otoczenia powyżej 10 minimów lokalnych funkcji Rastrigin'a. Wyniki dla systemów *FS* i *SCoEMAS* były natomiast dość silnie uzależnione od wartości parametru ni_{min} . Dla $ni_{min} = 1$ (p. rys. 5.14a) system *FS* osiągnął rezultaty nieco tylko gorsze od systemu *NCoEMAS*, natomiast wraz ze wzrostem wartości tego parametru liczba zlokalizowanych otoczeń minimów lokalnych zdecydowanie malała (p. rys. 5.14b oraz 5.15). Podobne zjawisko występowało w przypadku systemu *SCoEMAS*. Zależność liczby zlokalizowanych otoczeń minimów lokalnych od wartości parametru ni_{min} w przypadku systemów *FS* i *SCoEMAS* związana jest z zaobserwowanym w poprzednim rozdziale zjawiskiem polegającym na tym, że w systemach



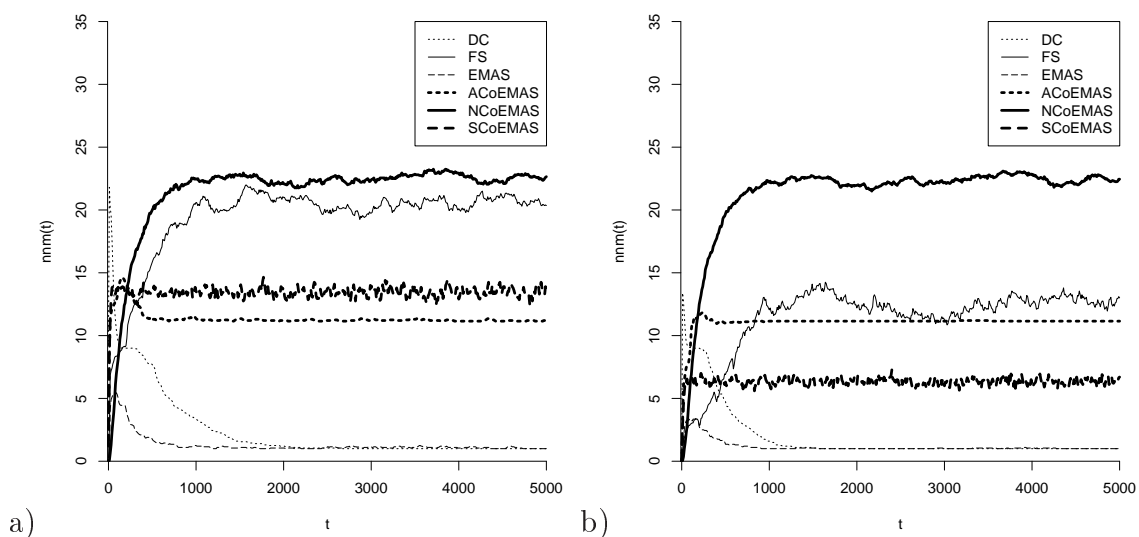
Rysunek 5.11. Lokalizacja agentów systemu *SCoEMAS* w trakcie typowego eksperymentu z funkcją Rastrigin'a: $t = 0$ (a), $t = 50$ (b), $t = 500$ (c) oraz $t = 5000$ (d)



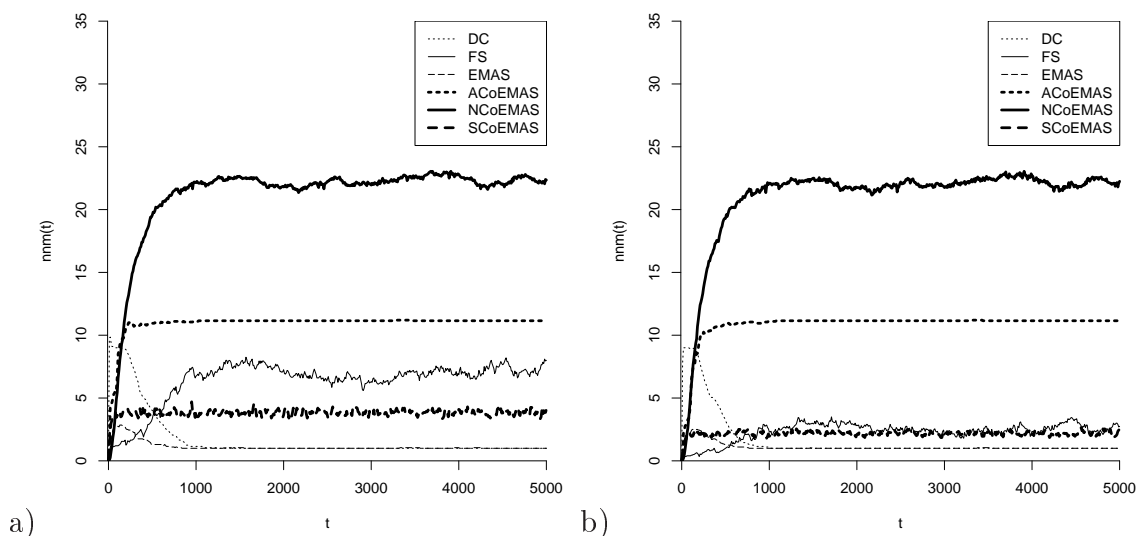
Rysunek 5.12. Liczba zlokalizowanych otoczeń minimów lokalnych funkcji Michalewicza (średnia z 20 eksperymentów): $ni_{min} = 1$ (a) $ni_{min} = 3$ (b). Porównanie dla różnych systemów



Rysunek 5.13. Liczba zlokalizowanych otoczeń minimów lokalnych funkcji Michalewicza (średnia z 20 eksperymentów): $ni_{min} = 5$ (a) $ni_{min} = 8$ (b). Porównanie dla różnych systemów



Rysunek 5.14. Liczba zlokalizowanych otoczeń minimów lokalnych funkcji Rastrigin'a (średnia z 20 eksperymentów): $ni_{min} = 1$ (a) $ni_{min} = 3$ (b). Porównanie dla różnych systemów

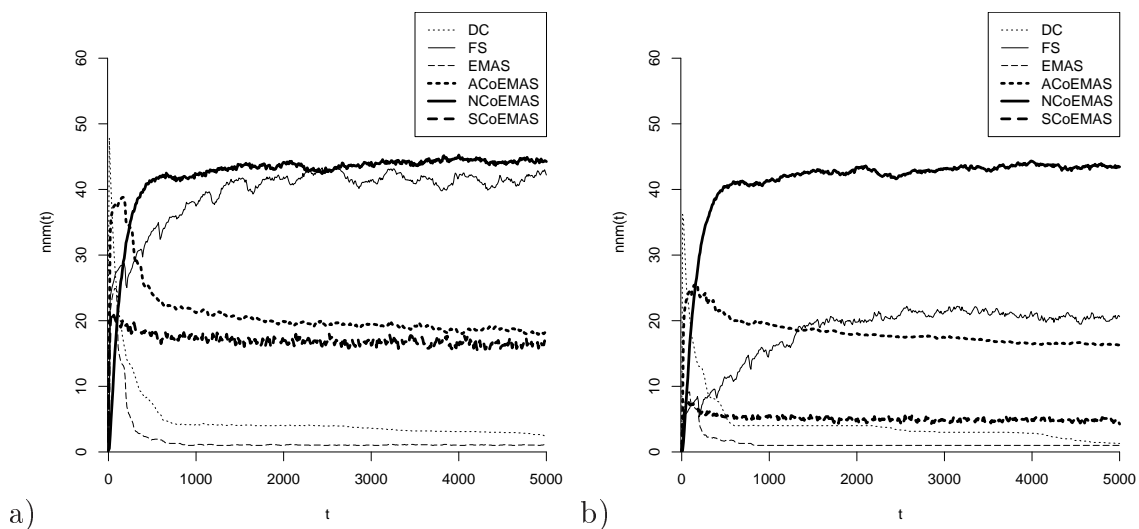


Rysunek 5.15. Liczba zlokalizowanych otoczeń minimów lokalnych funkcji Rastrigin'a (średnia z 20 eksperymentów): $n_{i_{min}} = 5$ (a) $n_{i_{min}} = 8$ (b). Porównanie dla różnych systemów

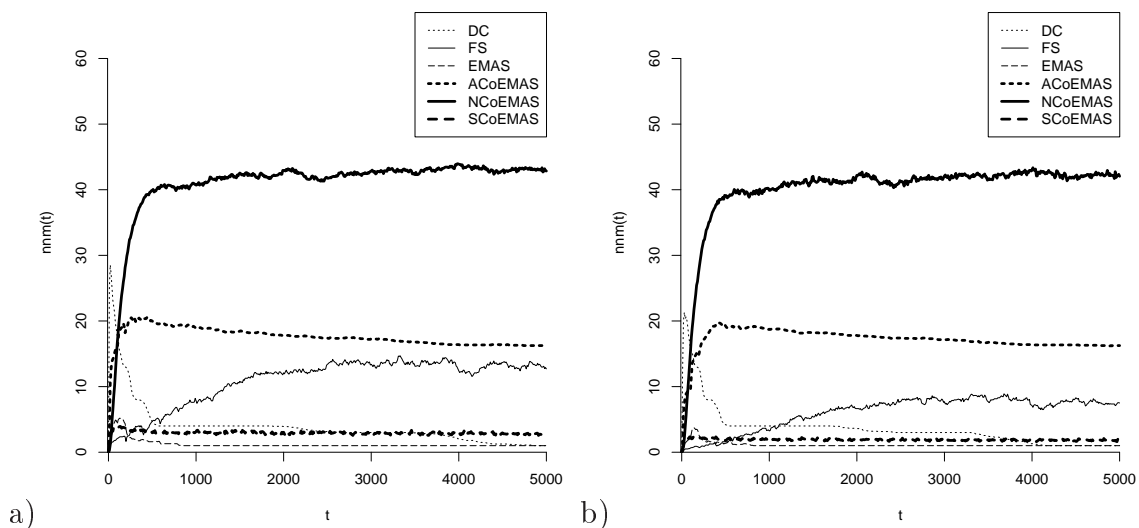
tych utrzymywała się stosunkowo duża różnorodność populacji w ramach poszczególnych gatunków (w przypadku systemu *FS* trudno jest w ogóle „wyodrębnić” poszczególne gatunki). Rezultaty osiągnięte przez systemy *EMAS* i *DC* były podobne do ich wyników dla funkcji Michalewicza. *EMAS* nie był w stanie zlokalizować więcej niż jedno otoczenie minimum lokalnego, natomiast *DC* początkowo lokalizował dość dużą liczbę otoczeń minimów lokalnych, ale nie utrzymywał stabilnie gatunków i wszystkie z nich, za wyjątkiem jednego, stopniowo zanikały (p. rys. 5.14 oraz 5.15).

Funkcja Schwefel'a posiada 62 minima lokalne w rozpatrywanym zbiorze dopuszczalnym. System *NCoEMAS* lokalizował otoczenia około 40 minimów lokalnych, niezależnie od wartości parametru $n_{i_{min}}$ (p. rys. 5.16 oraz 5.17). System *FS* dla $n_{i_{min}} = 1$ (p. rys. 5.16a) osiągnął wyniki nieco gorsze od systemu *NCoEMAS*, ale wraz ze wzrostem wartości tego parametru liczba zlokalizowanych otoczeń minimów lokalnych zdecydowanie malała (p. rys. 5.16b oraz 5.17). Podobne zjawisko występowało w przypadku systemu *SCoEMAS*, z tym że wyniki osiągnięte przez ten system były gorsze od wyników systemu *FS*. W przypadku systemu *ACoEMAS*, który lokalizował średnio około 20 otoczeń minimów lokalnych dla każdej wartości parametru $n_{i_{min}}$, występowała tendencja do zanikania gatunków, szczególnie w początkowej fazie eksperymentów z $n_{i_{min}} = 1$ (rys. 5.16a) oraz $n_{i_{min}} = 3$ (rys. 5.16b). W przypadku systemów *EMAS* i *DC* eksperymenty z funkcją Schwefel'a miały przebieg dość podobny, jak eksperymenty z funkcjami Michalewicza i Rastrigin'a. System *EMAS* nie był w stanie zlokalizować więcej niż jedno otoczenie minimum lokalnego. System *DC* początkowo lokalizował dużą liczbę otoczeń minimów lokalnych, jednak w późniejszej fazie eksperymentu zdecydowana większość gatunków zanikała.

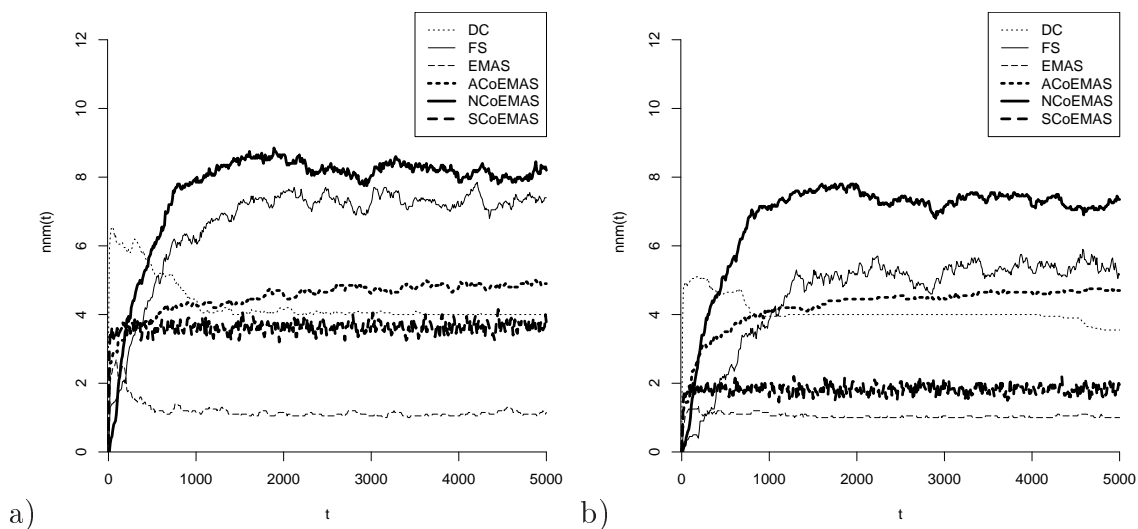
W przypadku funkcji Waves, która w rozpatrywanym zbiorze dopuszczalnym posiada 10 minimów lokalnych, przebieg eksperymentów był dość podobny do omówionych powyżej eksperymentów z funkcją Schwefel'a. Tutaj również najlepszy okazał się system *NCoEMAS* (około 7–8 zlokalizowanych otoczeń minimów lokalnych) (p. rys. 5.18 oraz 5.19). W systemie *ACoEMAS* nie występowało zjawisko zanikania



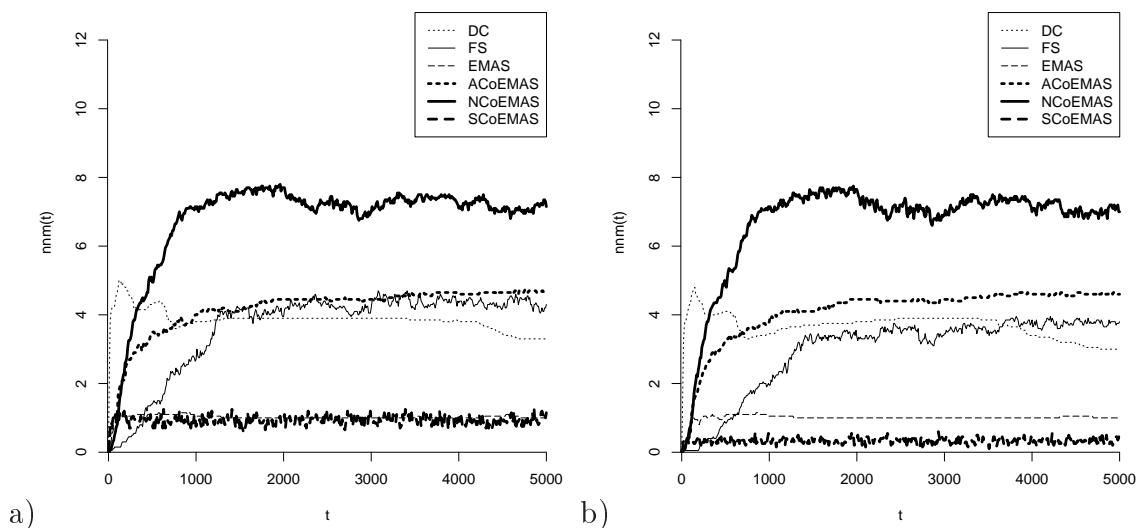
Rysunek 5.16. Liczba zlokalizowanych otoczeń minimów lokalnych funkcji Schwefel'a (średnia z 20 eksperymentów): $ni_{min} = 1$ (a) $ni_{min} = 3$ (b). Porównanie dla różnych systemów



Rysunek 5.17. Liczba zlokalizowanych otoczeń minimów lokalnych funkcji Schwefel'a (średnia z 20 eksperymentów): $ni_{min} = 5$ (a) $ni_{min} = 8$ (b). Porównanie dla różnych systemów



Rysunek 5.18. Liczba zlokalizowanych otoczeń minimów lokalnych funkcji Waves (średnia z 20 eksperymentów): $ni_{min} = 1$ (a) $ni_{min} = 3$ (b). Porównanie dla różnych systemów



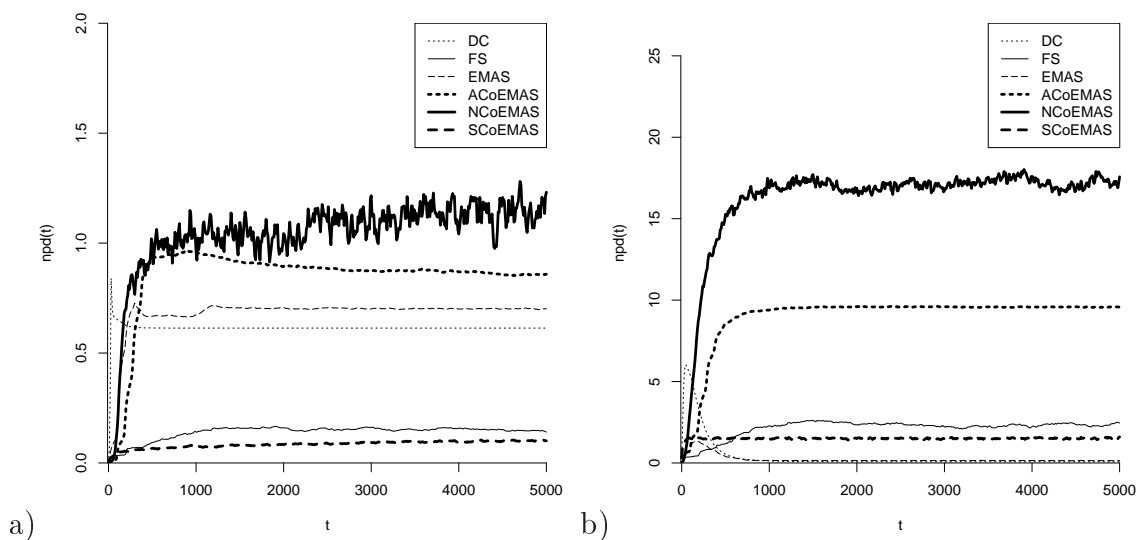
Rysunek 5.19. Liczba zlokalizowanych otoczeń minimów lokalnych funkcji Waves (średnia z 20 eksperymentów): $ni_{min} = 5$ (a) $ni_{min} = 8$ (b). Porównanie dla różnych systemów

gatunków w początkowej fazie symulacji (jak to miało miejsce w przypadku eksperymentów z funkcją Schwefel'a) i rezultaty uzyskane przez ten system (nieco powyżej 4 zlokalizowanych otoczeń minimów lokalnych) były niezależne od wartości parametru ni_{min} . Wyniki systemu *FS* zależały silnie od wartości parametru ni_{min} . Przy mniejszych wartościach tego parametru ($ni_{min} = 1$ oraz $ni_{min} = 3$ — p. rys. 5.18) system ten lokalizował więcej otoczeń minimów lokalnych niż system *ACoEMAS*, natomiast dla $ni_{min} = 5$ oraz $ni_{min} = 8$ (p. rys. 5.19) jego wyniki były gorsze niż systemu *ACoEMAS*. Wyniki osiągnięte przez system *DC* były lepsze niż w przypadku pozostałych funkcji testowych. Nie występowało tutaj tak silnie zjawisko zanikania gatunków w późniejszej fazie eksperymentów i system ten utrzymywał stabilnie gatunki zlokalizowane w obszarach przyciągania około 3–4 minimów lokalnych (p. rys. 5.18 oraz 5.19). Wyniki systemu *SCoEMAS* zależały od wartości parametru ni_{min} . Dla $ni_{min} = 5$ oraz $ni_{min} = 8$ (p. rys. 5.19) system ten miał większe problemy ze zlokalizowaniem otoczeń minimów lokalnych niż to miało miejsce w przypadku pozostałych funkcji testowych (silniej uwidoczniło się tutaj zjawisko dużej różnorodności populacji poszczególnych gatunków, w wyniku czego mała liczba agentów była zlokalizowana w bezpośrednim otoczeniu minimów lokalnych). System *EMAS*, podobnie jak w przypadku pozostałych funkcji, nie był w stanie zlokalizować więcej niż jedno otoczenie minimum lokalnego.

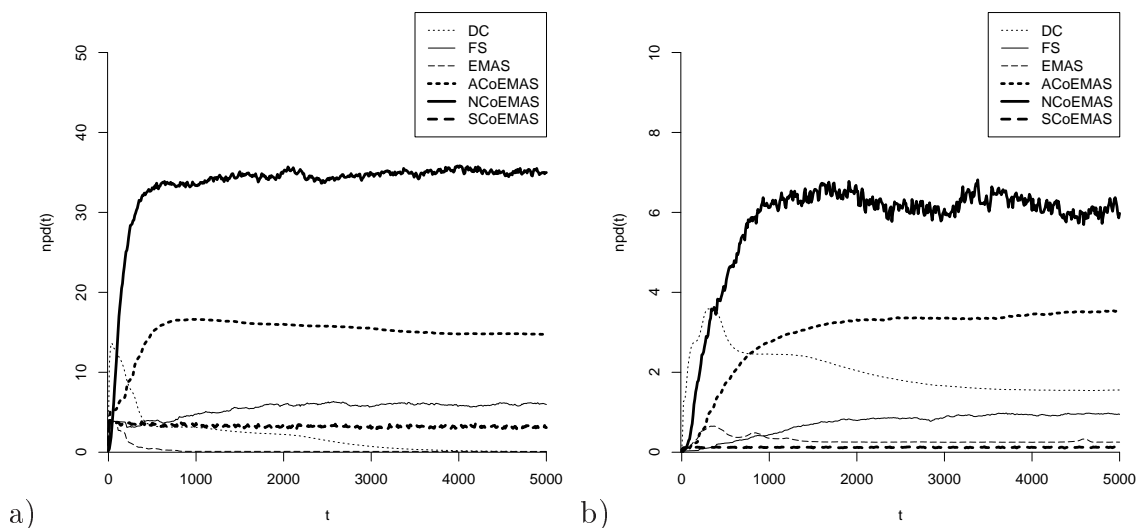
5.3.4. Liczebność gatunków

W rozdziale niniejszym porównano zdolność poszczególnych systemów do formowania gatunków o liczebności proporcjonalnej do wartości funkcji celu w poszczególnych minimach lokalnych oraz zdolności do formowania gatunków o identycznej liczebności. Wykorzystane tu zostały dwa wskaźniki ($npd(t)$ oraz $ned(t)$), omówione szczegółowo w rozdziale 5.1.2. Wskaźniki te przyjmują wartość maksymalną (równą liczbie minimów lokalnych optymalizowanej funkcji) w przypadku idealnej liczebności podpopulacji zlokalizowanych w otoczeniach poszczególnych minimów lokalnych o promieniu $dist_{max}$ (p. tab. 5.1). W przypadku wskaźnika $npd(t)$, idealna liczebność podpopulacji (gatunków) jest proporcjonalna do „jakości” poszczególnych minimów lokalnych funkcji celu (im wartość funkcji celu w danym minimum lokalnym jest mniejsza, tym liczebność podpopulacji zlokalizowanej w jego obszarze przyciągania powinna być większa), natomiast w przypadku wskaźnika $ned(t)$ idealna liczebność podpopulacji jest identyczna dla każdego minimum lokalnego (p. rozdz. 5.1.2).

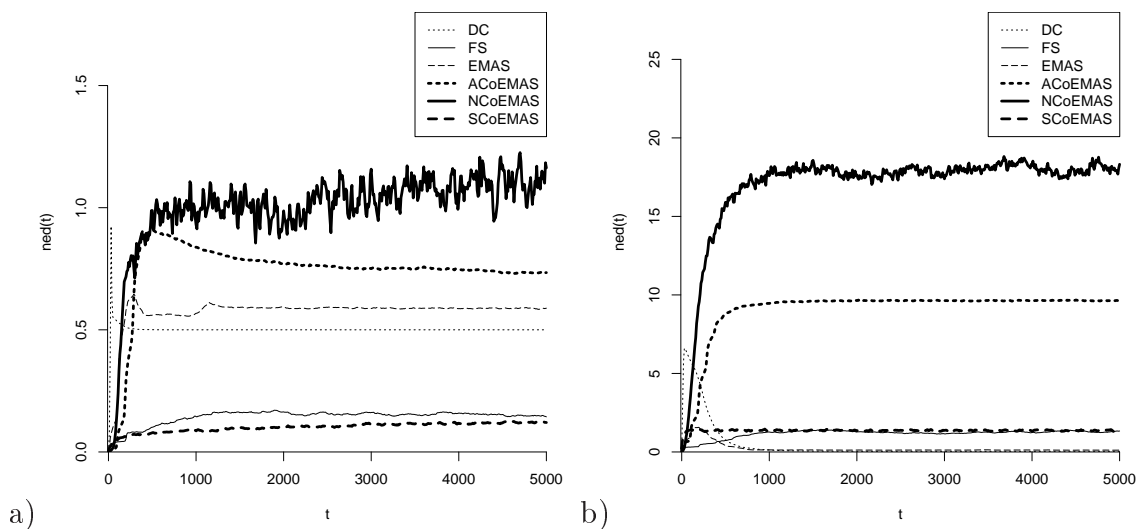
W przypadku wskaźnika $npd(t)$, najlepsze rezultaty dla wszystkich funkcji testowych osiągnęły systemy *NCoEMAS* i *ACoEMAS* (p. rys. 5.20 oraz 5.21). Systemy *FS* i *SCoEMAS* nie formowały gatunków o liczebności proporcjonalnej do „jakości” poszczególnych minimów lokalnych i ich rezultaty były dość zbliżone, szczególnie w eksperymentach z funkcjami Michalewicza i Rastrigin'a (p. rys. 5.20). W każdym jednak przypadku system *FS* osiągał nieco lepsze wyniki. System *SCoEMAS* osiągnął najgorsze rezultaty dla funkcji Waves (p. rys. 5.21b). Potwierdza to obserwacje z poprzednich rozdziałów o występującej w tych systemach tendencji do rozpraszania populacji poszczególnych gatunków na stosunkowo dużym obszarze. Również potwierdzają się tutaj obserwacje dotyczące zanikania gatunków w systemie *DC*, co szczególnie jest widoczne w przypadku funkcji Rastrigin'a (rys. 5.20b) oraz Schwefel'a (rys. 5.21a). Wyniki systemu *EMAS* również były najgorsze w przypadku



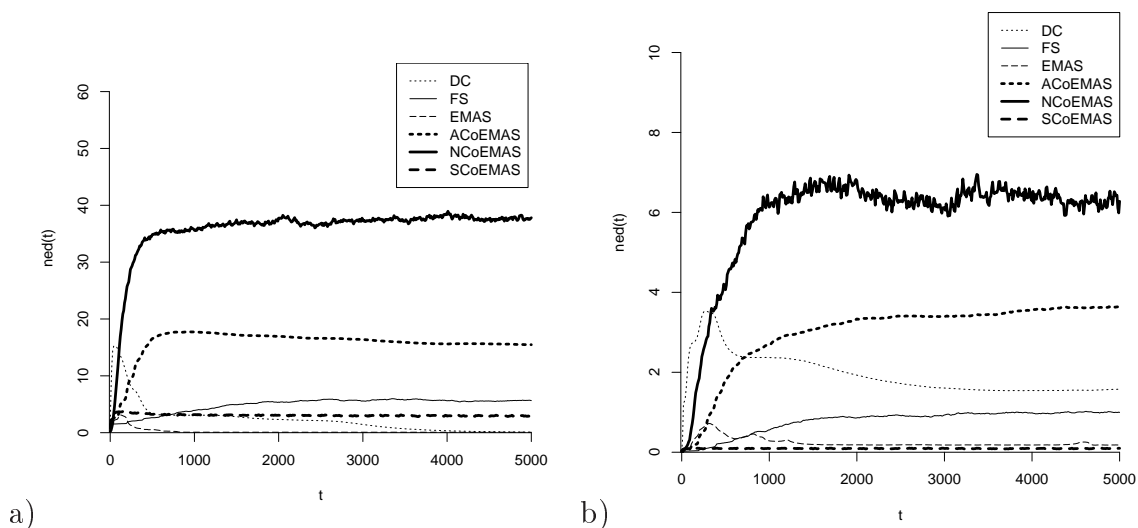
Rysunek 5.20. Wartość wskaźnika proporcjonalnej liczebności gatunków (średnia z 20 eksperymentów) dla funkcji Michalewicza (a) oraz Rastrigin'a (b). Porównanie dla różnych systemów



Rysunek 5.21. Wartość wskaźnika proporcjonalnej liczebności gatunków (średnia z 20 eksperymentów) dla funkcji Schwefel'a (a) oraz Waves (b). Porównanie dla różnych systemów



Rysunek 5.22. Wartość wskaźnika identycznej liczebności gatunków (średnia z 20 eksperymentów) dla funkcji Michalewicza (a) oraz Rastrigin'a (b). Porównanie dla różnych systemów



Rysunek 5.23. Wartość wskaźnika identycznej liczebności gatunków (średnia z 20 eksperymentów) dla funkcji Schwefel'a (a) oraz Waves (b). Porównanie dla różnych systemów

funkcji Rastrigin'a oraz Schwefel'a, natomiast stosunkowo dobry wynik system ten uzyskał dla funkcji Michalewicza (rys. 5.20a).

Rezultaty dla wskaźnika identycznej liczebności gatunków różnią się tylko nieznacznie od wyników dla wskaźnika proporcjonalnej (do „jakości” poszczególnych minimów lokalnych) liczebności gatunków (p. rys. 5.22 oraz 5.23). Systemy, które wypadły słabo w przypadku wskaźnika $n_{pd}(t)$ (jak np. *SCoEMAS* lub *FS*) również tutaj nie osiągnęły dobrych rezultatów ponieważ charakter procesów specjacji w nich zachodzących jest taki, że mało agentów poszczególnych gatunków jest zlokalizowanych w najbliższym otoczeniu poszczególnych minimów lokalnych.

5.3.5. Liczebność populacji

Rozdział niniejszy zawiera omówienie zmian liczebności populacji w poszczególnych systemach w trakcie eksperymentów z funkcjami testowymi. Liczebność populacji jest bardzo ważnym wskaźnikiem jakości działania technik niszowania i specjacji z kilku powodów.

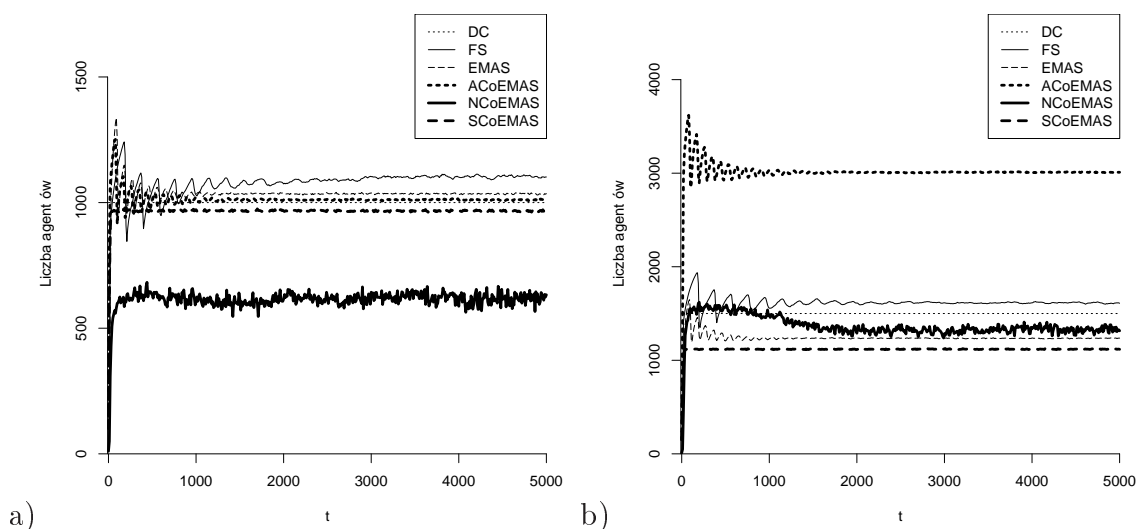
Przede wszystkim, zmiany liczebności populacji wskazują na to, czy system wykorzystujący daną technikę w ogóle działa poprawnie. Liczebność populacji w systemach ewolucyjnych nigdy nie powinna z jednej strony spadać do bardzo małych wartości ponieważ grozi to zanikiem populacji i przerwaniem procesów ewolucyjnych, z drugiej natomiast wykazywać niczym nie ograniczonego wzrostu ponieważ przyczynia się to z kolei do nadmiernego wydłużenia czasu obliczeń.

W przypadku problemów optymalizacji wielomodalnej, liczebność populacji powinna zależeć od liczby minimów lokalnych funkcji celu. Im większa jest liczba minimów lokalnych, tym większe powinny być rozmiary wykorzystywanej populacji ponieważ w obszarze przyciągania każdego minimum lokalnego powinien się znaleźć gatunek złożony z pewnej (wystarczającej do podtrzymywania procesów ewolucyjnych) liczby agentów. Ponieważ nie znamy z góry liczby minimów lokalnych funkcji celu, mechanizmy niszowania i specjacji powinny umożliwiać autoadaptację liczebności populacji do stopnia trudności rozwiązywanego problemów (liczby minimów lokalnych wielomodalnej funkcji celu).

Na rysunkach 5.24 oraz 5.25 pokazano wykresy liczebności populacji w porównywanych systemach, dla eksperymentów z poszczególnymi funkcjami testowymi. We wszystkich systemach, za wyjątkiem *DC*, stosowany był mechanizm zmiennej liczebności populacji. Stała liczebność populacji w systemie *DC* wynikała z założeń przyjętych w technice ścisłu deterministycznego (p. rozdz. 2.4.2). Zabezpieczeniem przed nieograniczonym wzrostem liczebności populacji, w systemach ze zmienną liczebnością populacji, był mechanizm zamkniętego obiegu zasobu (całkowita ilość zasobu będąca w posiadaniu agentów i znajdująca się w środowisku systemu była stała).

Liczebność populacji w chwili $t = 0$ ($|A(0)|$) dla poszczególnych systemów została przedstawiona w tabeli 5.2. Sposób wyznaczenia początkowych liczebności populacji dla poszczególnych systemów został omówiony w rozdz. 5.3.1. Zmiany liczebności populacji oraz ustalenie się jej na pewnym poziomie silnie zależały od zastosowanych mechanizmów niszowania i specjacji, jak również mechanizmów podziału zasobu pomiędzy agentów przez środowisko systemu.

W przypadku funkcji Michalewicza (rys. 5.24a) najmniejszą populację wykorzy-



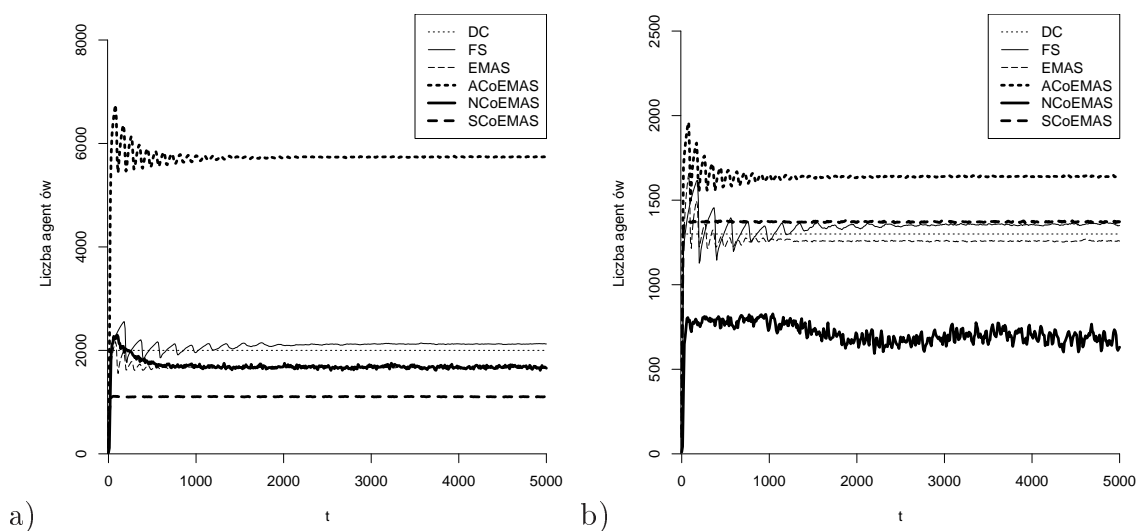
Rysunek 5.24. Liczebność populacji (średnia z 20 eksperymentów): funkcja Michalewicza (a) oraz Rastrigin'a (b). Porównanie dla różnych systemów

stygwał system *NCoEMAS*, w którym rozmiary populacji zostały najlepiej dostosowane do liczby minimów lokalnych. Liczebność populacji w każdym z pozostałych systemów ustalała się na mniej więcej tym samym poziomie (około 1000 agentów), przy czym największa populacja występowała w przypadku systemu *FS*.

W eksperymentach z funkcją Rastrigin'a najmniejsza populacja występowała w systemie *SCoEMAS* (rys. 5.24b). Nieco większa liczebność populacji występowała, kolejno, w systemach *EMAS*, *NCoEMAS*, *DC* oraz *FS*. Największą populację wykorzystywał system *ACoEMAS*. Podobne rezultaty osiągnięto w eksperymentach z funkcją Schwefel'a (5.25a), z tym że w tym przypadku rozmiary populacji w systemach *NCoEMAS* oraz *EMAS* były podobne.

W eksperymentach z funkcją Waves najmniejsza populacja występowała w systemie *NCoEMAS* (rys. 5.25b). Zbliżona liczebność populacji występowała w systemach *EMAS*, *DC*, *FS* oraz *SCoEMAS*. Podobnie jak to miało miejsce w przypadku funkcji Rastrigin'a i Schwefel'a, również w eksperymentach z funkcją Waves największa populacja występowała w systemie *ACoEMAS*. Zjawisko to związane jest z zastosowanym w tym systemie mechanizmem specjacji allopatrycznej. W przypadku takiego mechanizmu liczba wierzchołków grafu H środowiska systemu musi być, w przybliżeniu, równa liczbie minimów lokalnych funkcji celu. Ponieważ wspomniane trzy funkcje posiadają dużą liczbę minimów lokalnych, liczba wierzchołków grafu jest również duża, co z kolei powoduje, że w systemie występuje odpowiednio większa ilość zasobu (w każdym z wierzchołków grafu H musi znajdować się pewna ilość zasobu, niezbędna do podtrzymywania procesów ewolucyjnych). Większa ilość zasobu natomiast umożliwia powstanie większej liczby agentów, czego rezultatem jest ustalenie się liczebności populacji na wyższym poziomie niż ma to miejsce w pozostałych systemach.

W przypadku systemu *NCoEMAS* można zaobserwować ciekawe zjawisko stopniowego dostosowywania się rozmiaru populacji do stopnia trudności problemu. Jest ono szczególnie widoczne w przypadku funkcji Rastrigin'a, Schwefel'a i Waves ponieważ występuje tam duża liczba minimów lokalnych (rys. 5.24b oraz 5.25). W po-



Rysunek 5.25. Liczebność populacji (średnia z 20 eksperymentów): funkcja Schwefel'a (a) oraz Waves (b). Porównanie dla różnych systemów

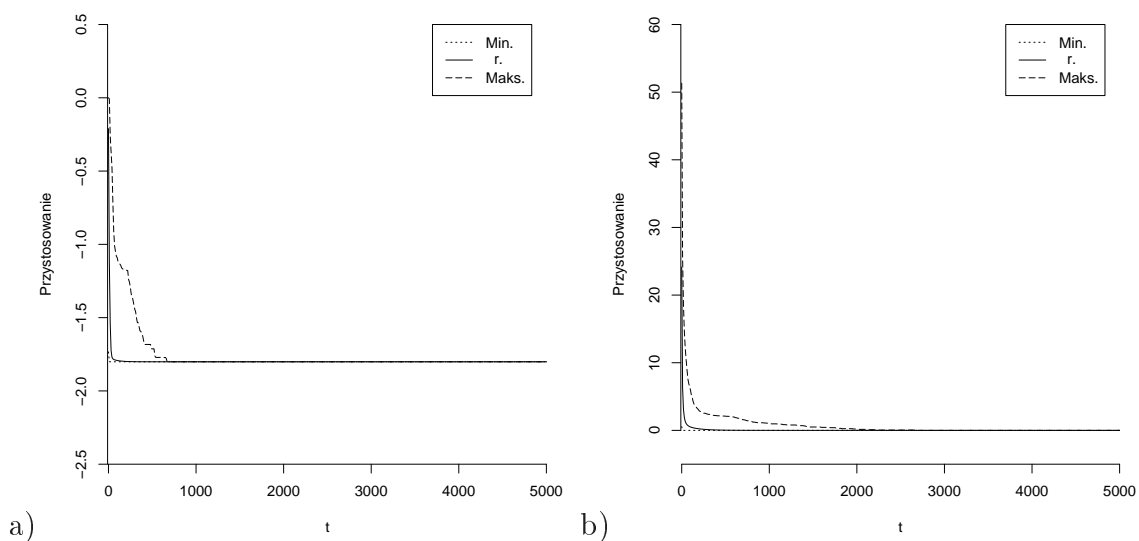
czątkowej fazie eksperymentu, gdy szczególnie intensywny jest proces powstawania nowych gatunków, liczebność populacji gwałtownie rośnie. Następnie uwidacznia się efekt działania operatora scalania gatunków zlokalizowanych w obszarach przyciągania tych samych minimów lokalnych. Liczebność populacji maleje i stabilizuje się na pewnym, zależnym od liczby minimów lokalnych, poziomie.

W przypadku każdej z funkcji testowych, koewolucyjny system wieloagentowy (*NCoEMAS* lub *SCoEMAS*) najlepiej dostosowywał rozmiar populacji do liczby minimów lokalnych i wykorzystywał najmniejsze populacje (p. rys. 5.24 oraz 5.25). Nieco gorsze wyniki (większe rozmiary populacji niż w przypadku pozostałych systemów) zaobserwowano jedynie w eksperymentach z funkcją Rastrigin'a, gdzie w systemie *EMAS* rozmiary populacji były mniejsze niż w *NCoEMAS*, oraz w eksperymentach z funkcją Waves, gdzie rozmiary populacji w systemie *SCoEMAS* były z kolei nieco większe niż w pozostałych systemach (za wyjątkiem systemu *ACoEMAS*).

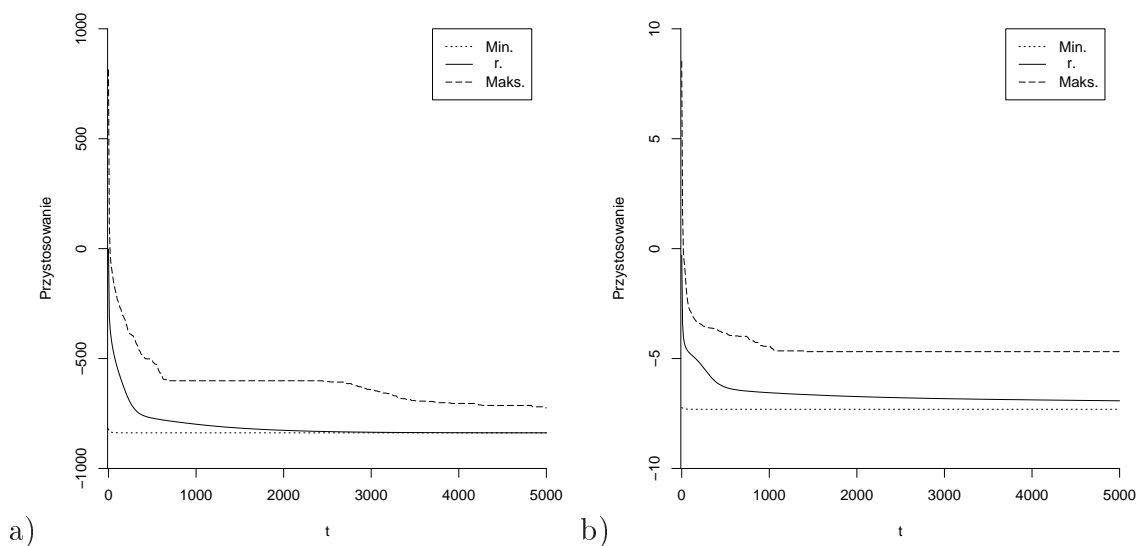
5.3.6. Przystosowanie populacji

W niniejszym rozdziale omówione zostały zmiany wartości przystosowania populacji agentów dla poszczególnych systemów w trakcie eksperymentów z funkcjami testowymi (rys. 5.26–5.37). Jednym z celów stosowania technik niszowania i specjacji jest utrzymywanie użytecznej różnorodności populacji, w związku z czym w trakcie eksperymentów z funkcjami wielomodalnymi nie powinno dochodzić do zrównania średniego oraz najlepszego przystosowania w populacji (dla problemów minimalizacji najlepszym przystosowaniem będzie minimalne przystosowanie w populacji). Z drugiej strony wartość średnia przystosowania dla populacji powinna się zmniejszać, gdyż będzie to świadczyło o skupianiu się agentów poszczególnych gatunków w bezpośrednim otoczeniu minimów lokalnych.

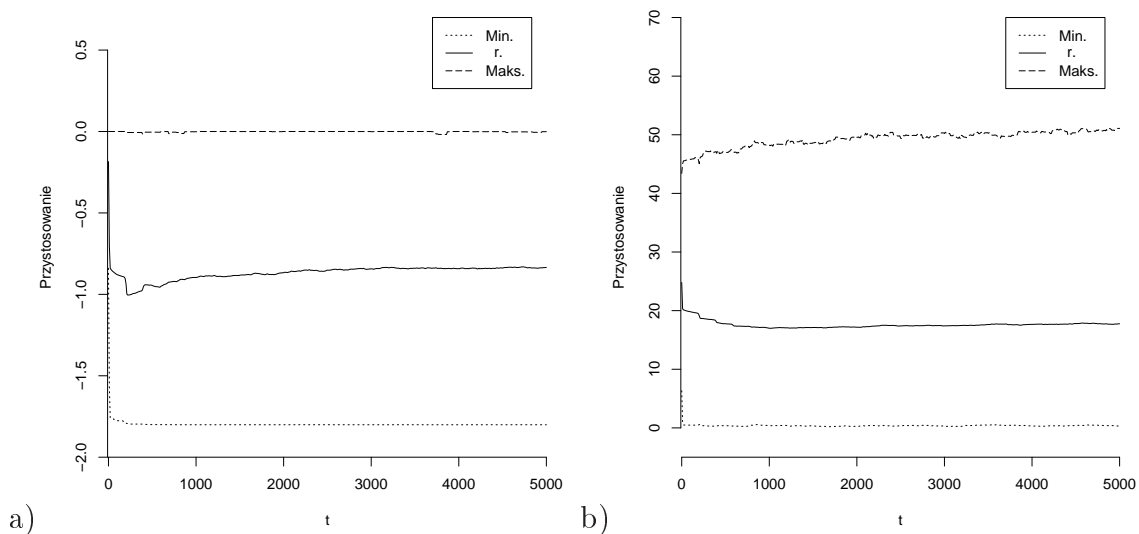
W przypadku systemu *DC* można zaobserwować całkowite zrównanie średniej oraz minimalnej wartości przystosowania w populacji w przypadku funkcji Michalewicza, Rastrigin'a oraz Schwefel'a (p. rys. 5.26 oraz 5.27a). To niekorzystne zjawisko



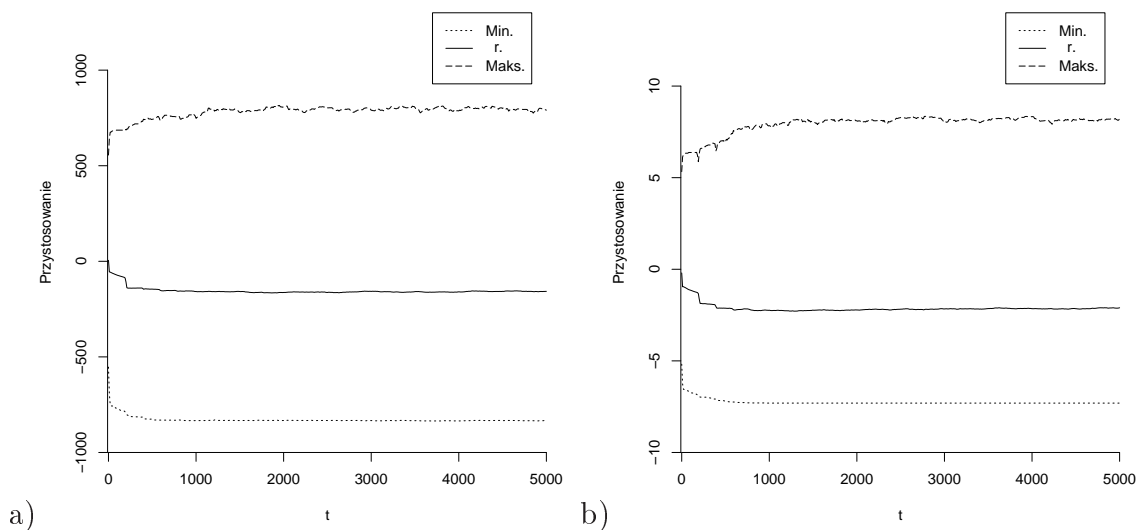
Rysunek 5.26. Przystosowanie populacji w systemie *DC* (średnia z 20 eksperymentów): funkcja Michalewicza (a) oraz Rastrigin'a (b)



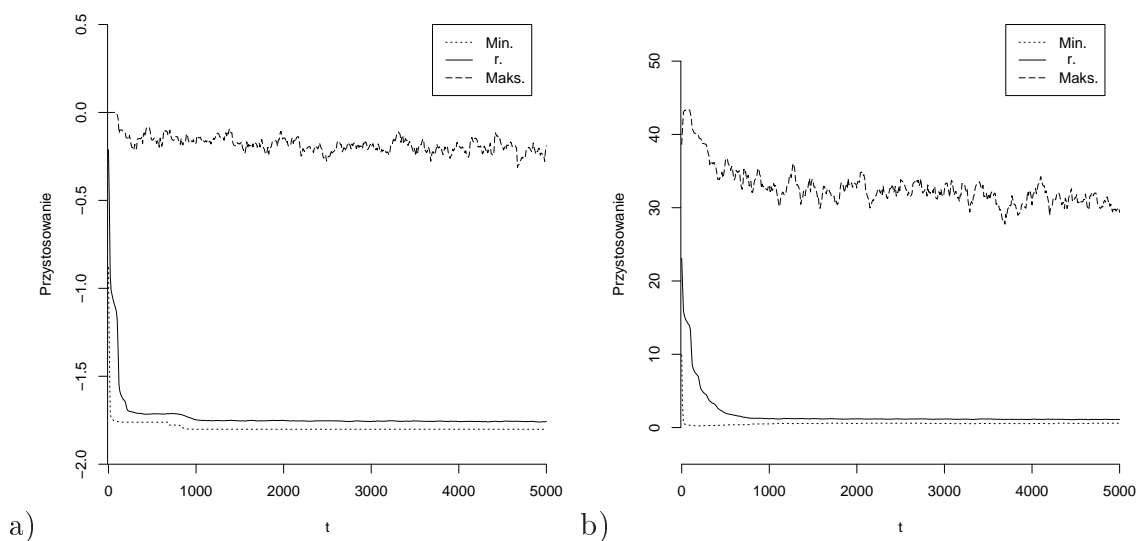
Rysunek 5.27. Przystosowanie populacji w systemie *DC* (średnia z 20 eksperymentów): funkcja Schwefel'a (a) oraz Waves (b)



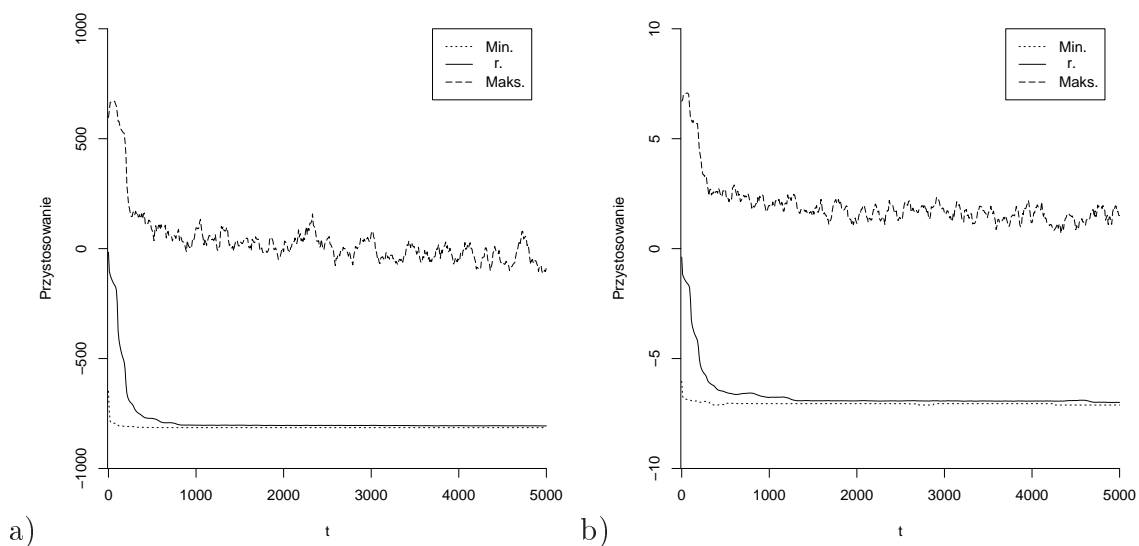
Rysunek 5.28. Przystosowanie populacji w systemie FS (średnia z 20 eksperymentów): funkcja Michalewicza (a) oraz Rastrigin'a (b)



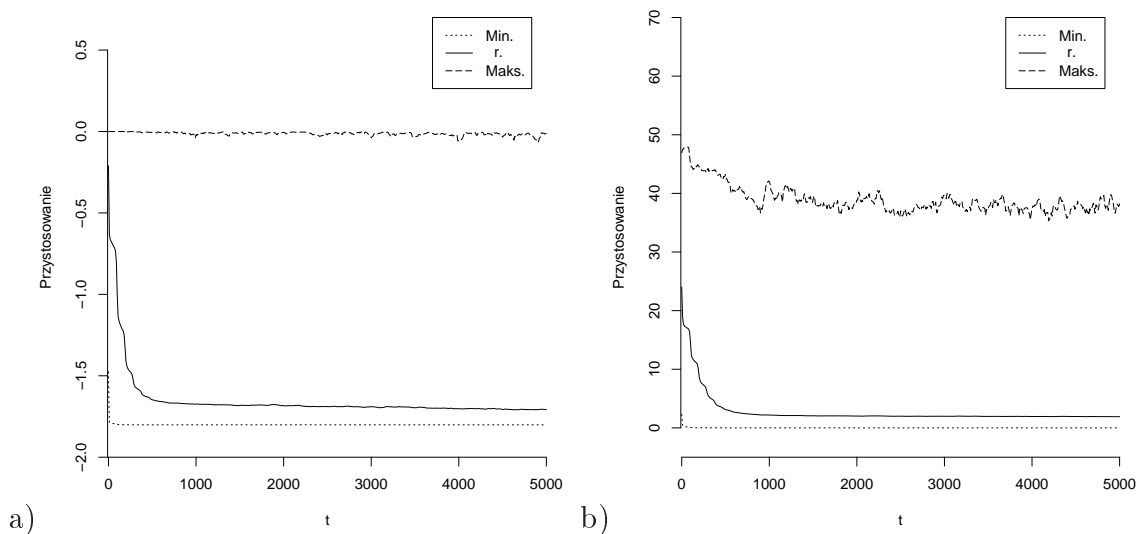
Rysunek 5.29. Przystosowanie populacji w systemie FS (średnia z 20 eksperymentów): funkcja Schwefel'a (a) oraz Waves (b)



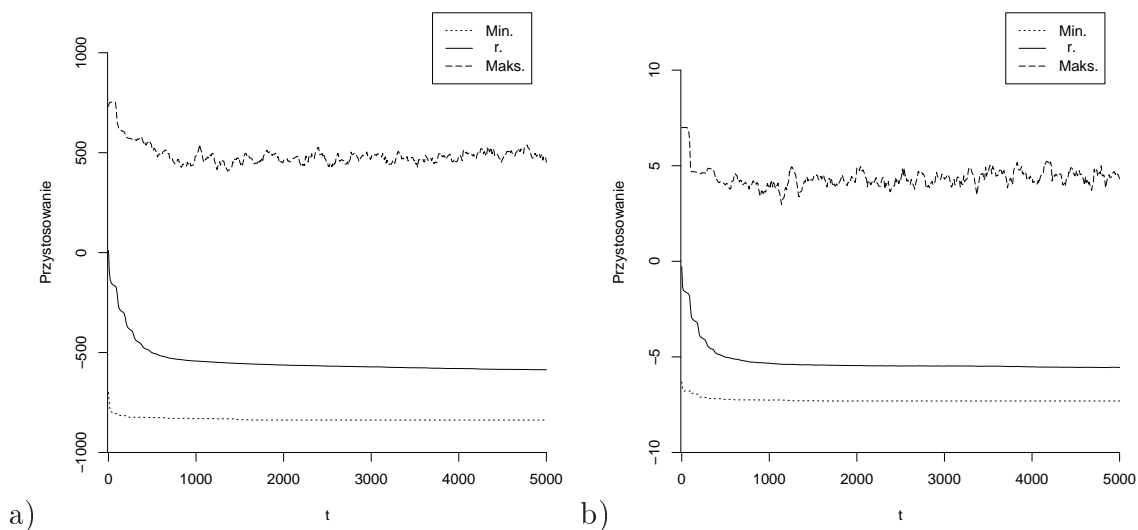
Rysunek 5.30. Przystosowanie populacji w systemie *EMAS* (średnia z 20 eksperymentów): funkcja Michalewicza (a) oraz Rastrigin'a (b)



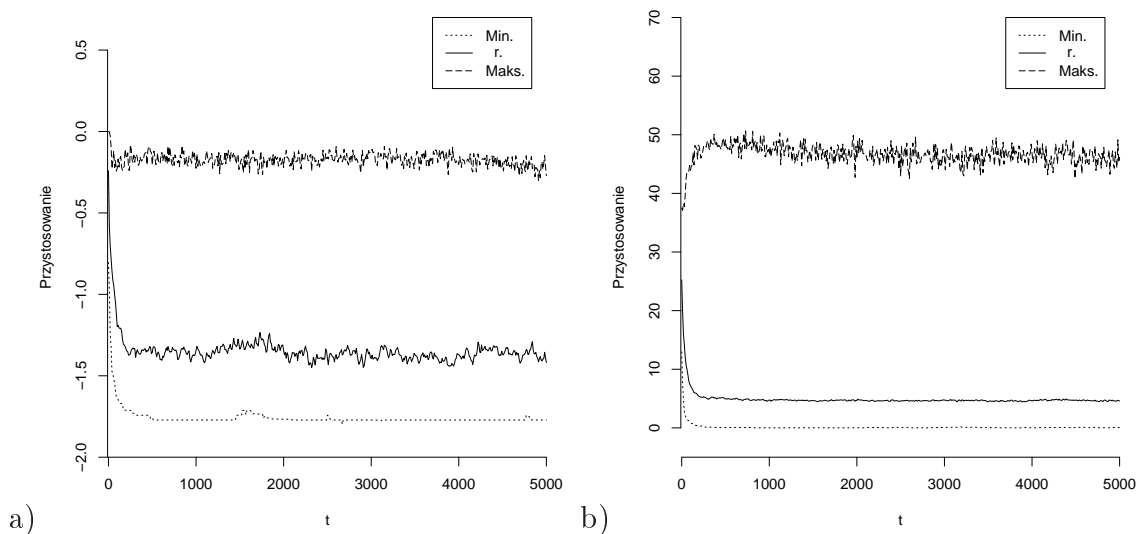
Rysunek 5.31. Przystosowanie populacji w systemie *EMAS* (średnia z 20 eksperymentów): funkcja Schwefel'a (a) oraz Waves (b)



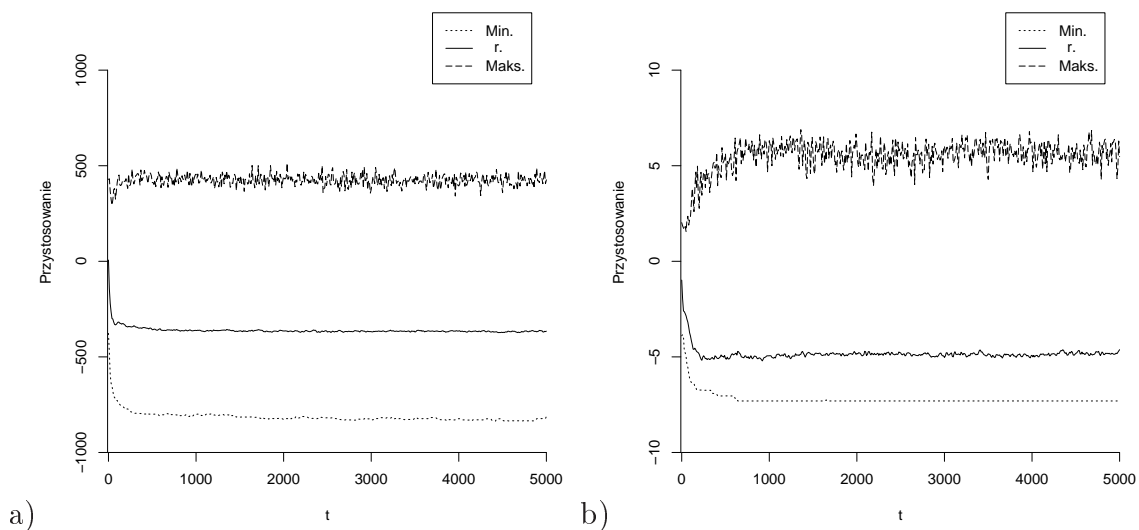
Rysunek 5.32. Przystosowanie populacji w systemie *ACoEMAS* (średnia z 20 eksperymentów): funkcja Michalewicza (a) oraz Rastrigin'a (b)



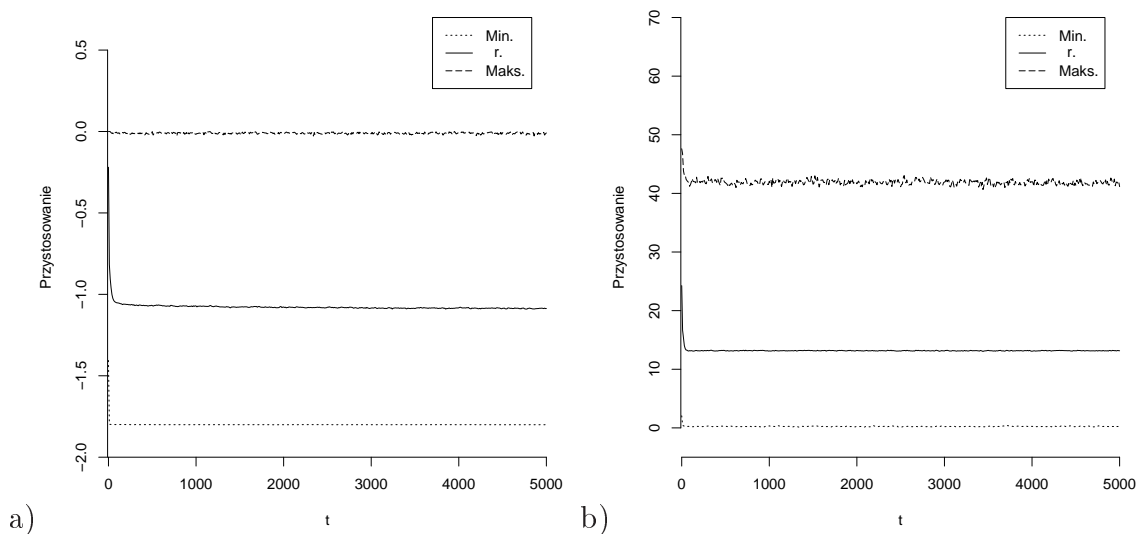
Rysunek 5.33. Przystosowanie populacji w systemie *ACoEMAS* (średnia z 20 eksperymentów): funkcja Schwefel'a (a) oraz Waves (b)



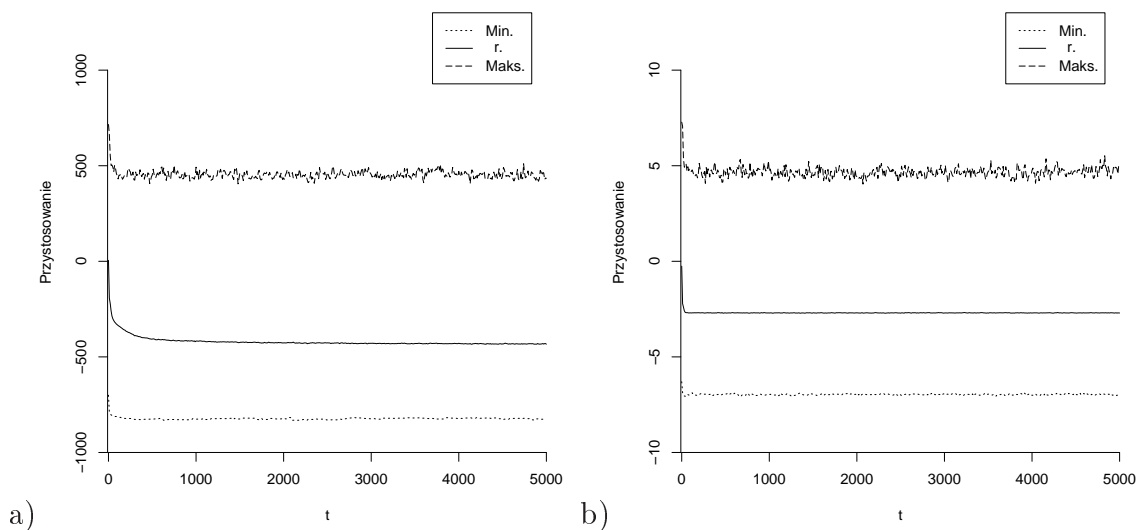
Rysunek 5.34. Przystosowanie populacji w systemie *NCoEMAS* (średnia z 20 eksperymentów): funkcja Michalewicza (a) oraz Rastrigin'a (b)



Rysunek 5.35. Przystosowanie populacji w systemie *NCoEMAS* (średnia z 20 eksperymentów): funkcja Schwefel'a (a) oraz Waves (b)



Rysunek 5.36. Przystosowanie populacji w systemie *SCoEMAS* (średnia z 20 eksperymentów): funkcja Michalewicza (a) oraz Rastrigin'a (b)



Rysunek 5.37. Przystosowanie populacji w systemie *SCoEMAS* (średnia z 20 eksperymentów): funkcja Schwefel'a (a) oraz Waves (b)

jest wynikiem stopniowego zanikania gatunków i utraty różnorodności populacji. Jedynie w przypadku funkcji Waves (rys. 5.27b) średnia wartość przystosowania pozostaje większa niż wartość przystosowania minimalnego, ponieważ w tym przypadku system *DC* lokalizował średnio więcej niż jedno otoczenie minimum lokalnego (p. rys. 5.18 oraz 5.19).

W systemie *FS* średnie przystosowanie populacji spada nieznacznie w przypadku funkcji Rastrigin'a, Schwefel'a oraz Waves (rys. 5.28b oraz 5.29). W przypadku funkcji Michalewicza, po początkowym spadku, można zaobserwować nawet wzrost średniego przystosowania (rys. 5.28a). Potwierdza to zaobserwowany wcześniej fakt, że w systemie tym utrzymuje się bardzo duża różnorodność populacji, ale równocześnie gatunki nie skupiają się w najbliższym otoczeniu minimów lokalnych.

W przypadku systemu *EMAS* można, podobnie jak w przypadku systemu *DC*, zaobserwować proces stopniowej utraty różnorodności populacji (rys. 5.30 oraz 5.31). Prawie nigdy jednak nie dochodzi do całkowitego zrównania wartości średniego i minimalnego przystosowania populacji, co świadczy o utrzymywaniu się w tym systemie pewnej, niewielkiej różnorodności populacji, dzięki istnieniu środowiska o strukturze grafu i związanego z tym lokalnego charakteru procesu selekcji oraz reprodukcji. Zjawisko to jeszcze wyraźniej występuje w systemie *ACoEMAS* (rys. 5.32 oraz 5.33), gdzie mamy do czynienia z izolacją geograficzną gatunków zlokalizowanych w poszczególnych wierzchołkach grafu *H*.

W systemie *NCoEMAS* widoczne jest wyraźnie zjawisko utrzymywania się dużej różnorodności populacji (rys. 5.34 oraz 5.35). Z podobnym zjawiskiem mamy do czynienia w systemie *SCoEMAS* (rys. 5.36 oraz 5.37), przy czym w przypadku tego systemu, tendencja do obniżania się średniego przystosowania populacji jest słabsza.

5.3.7. Odchylenie standardowe operatora mutacji

Na rysunkach 5.38–5.40 pokazano przebieg zmian średniej dla populacji wartości normy odchylenia standardowego mutacji dla systemów *DC*, *FS*, *EMAS*, *ACoEMAS*, *NCoEMAS* oraz *SCoEMAS* w trakcie eksperymentów z funkcją Rastrigin'a.

Norma wektora odchylenia standardowego mutacji $\vec{\sigma}^{a_k}$ agenta a_k jest określona następująco:

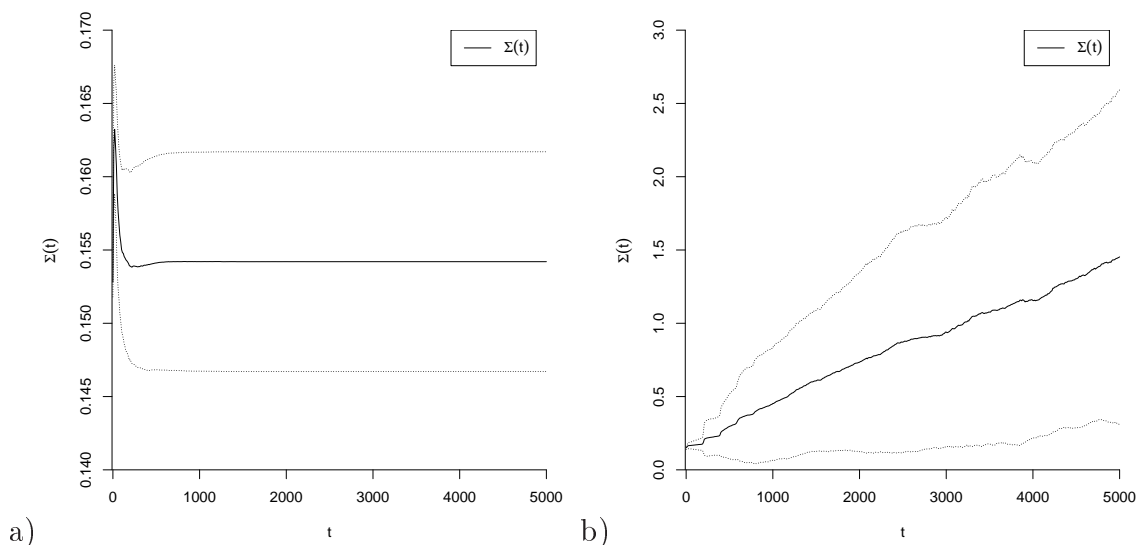
$$\|\vec{\sigma}^{a_k}\| = \sqrt{\sum_{i=1}^n (\sigma_i^{a_k})^2} \quad (5.10)$$

gdzie $\sigma_i^{a_k}$ jest i -tą składową wektora $\vec{\sigma}^{a_k}$. Średnia dla populacji wartość normy wektora odchylenia standardowego mutacji w chwili t ($\Sigma(t)$) jest określona następująco:

$$\Sigma(t) = \frac{1}{|A(t)|} \sum_{j=1}^{|A(t)|} \|\vec{\sigma}^{a_j}\| \quad (5.11)$$

gdzie $\vec{\sigma}^{a_j}$ jest normą wektora odchylenia standardowego mutacji agenta a_j , natomiast $A(t)$ jest zbiorem agentów występujących w systemie w chwili t . Na wykresach przedstawiono średnią wartość $\Sigma(t)$ z 20 eksperymentów oraz zaznaczono odchylenie standardowe.

W systemie *DC* wartość $\Sigma(t)$ początkowo gwałtownie rosła (p. rys. 5.38a), co wynikało z intensywnego procesu eksploracji przestrzeni rozwiązań. Następnie dochodziło do równie gwałtownego spadku, a w późniejszej fazie eksperymentu do



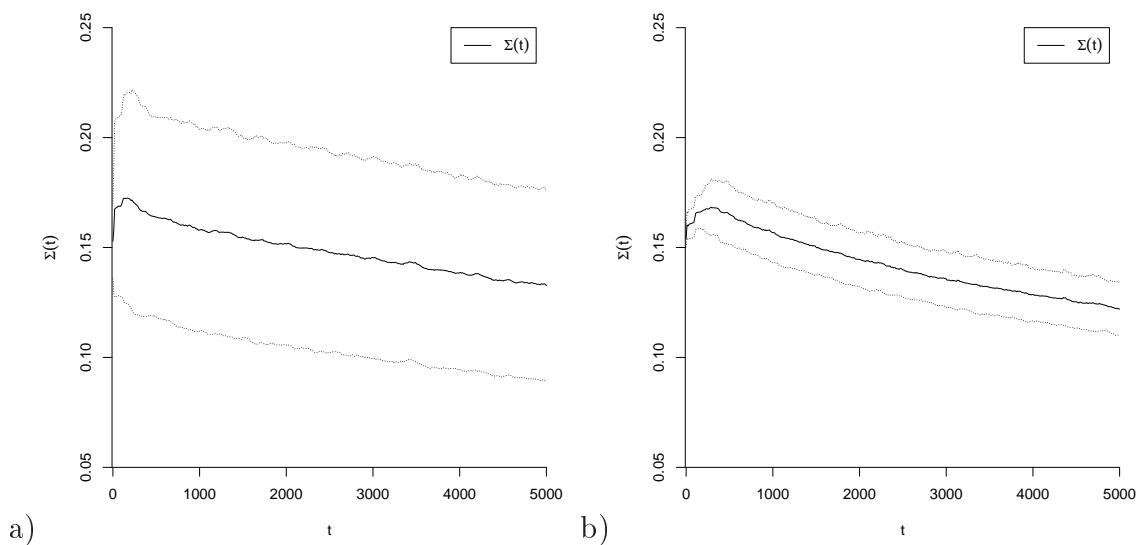
Rysunek 5.38. Średnia dla populacji wartość normy wektora odchylenia standardowego mutacji (średnia z 20 eksperymentów z funkcją Rastrigin’a oraz odchylenie standardowe): system *DC* (a) oraz *FS* (b)

stabilizacji wartości $\Sigma(t)$. Zjawisko spadku wartości $\Sigma(t)$ jest związane z zanikaniem gatunków zlokalizowanych w obszarach przyciągania „gorszych” minimów lokalnych (im wartość funkcji celu dla danego minimum lokalnego jest większa tym jest ono „gorsze” z punktu widzenia rozwiązywanego problemu optymalizacji wielomodalnej). W sytuacji, gdy istniał już wyłącznie jeden gatunek, dochodziło do stabilizacji wartości $\Sigma(t)$ wynikającej z zastosowanego w systemie *DC* deterministycznego mechanizmu sukcesji. Mechanizm ten powoduje, że osobniki o lepszym przystosowaniu zawsze wygrywają z osobnikami o gorszym przystosowaniu w turnieju o miejsce w populacji (p. rozdz. 2.4.2), czyli populacja w kolejnych pokoleniach może składać się stale z tych samych osobników.

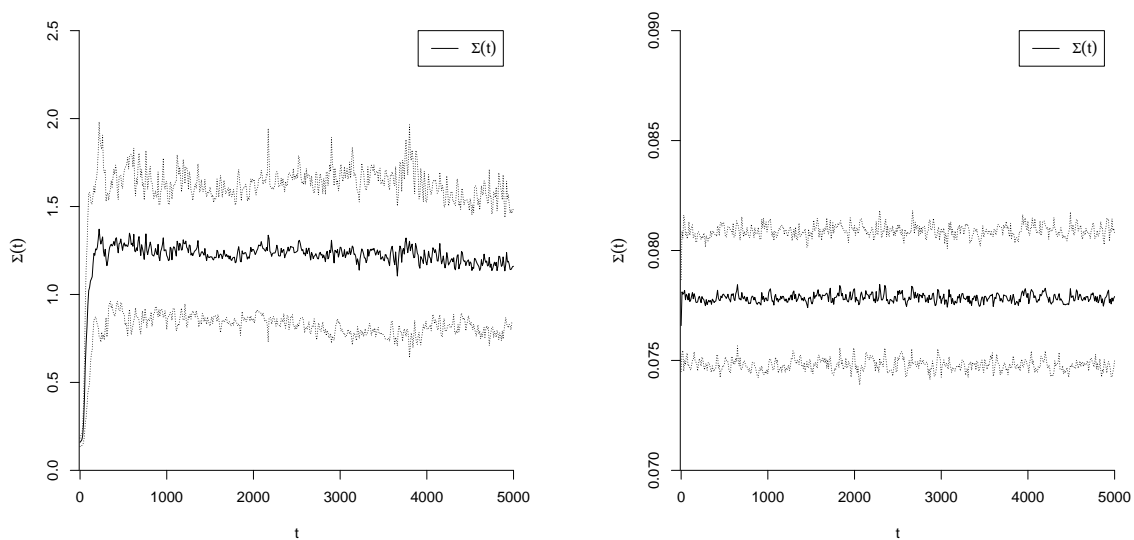
W przypadku systemu *FS* wartość $\Sigma(t)$ rosła przez cały czas trwania eksperymentu (p. rys. 5.38b). Z jednej strony świadczy to o dużych zdolnościach do eksploracji przestrzeni rozwiązań i adaptacji do zmieniających się warunków. Z drugiej strony natomiast, zjawisko takie potwierdza zaobserwowany już wcześniej fakt, że w systemie *FS* utrzymuje się bardzo duża różnorodność populacji, natomiast poszczególne gatunki nie skupiają się w bezpośrednim otoczeniu minimów lokalnych, tylko są rozproszone po całych obszarach przyciągania tych minimów.

W przypadku systemów *EMAS* i *ACoEMAS*, po początkowym gwałtownym wzroście normy wektora odchylenia standardowego, występuje zjawisko stopniowego jej spadku (p. rys. 5.39). Świadczy to o intensywnym procesie eksploracji w początkowej fazie eksperymentu. W późniejszej jego fazie dochodzi natomiast do eksploatacji zlokalizowanych obszarów przyciągania minimów lokalnych.

W systemach *NCoEMAS* i *SCoEMAS*, po początkowym wzroście wartości wskaźnika $\Sigma(t)$, następuje jej stabilizacja (p. rys. 5.40). W systemach tych, przez cały czas trwania eksperymentu, zachowana zostaje duża zdolność populacji do eksploracji przestrzeni rozwiązań.



Rysunek 5.39. Średnia dla populacji wartość normy wektora odchylenia standardowego mutacji (średnia z 20 eksperymentów z funkcją Rastrigin'a oraz odchylenie standardowe): system *EMAS* (a) oraz *ACoEMAS* (b)



Rysunek 5.40. Średnia dla populacji wartość normy wektora odchylenia standardowego mutacji (średnia z 20 eksperymentów z funkcją Rastrigin'a oraz odchylenie standardowe): system *NCoEMAS* (a) oraz *SCoEMAS* (b)

5.4. Wyniki badań nad wpływem wartości wybranych parametrów na przebieg procesów ewolucyjnych w systemach z mechanizmami koewolucji gatunków i koewolucji płci

W rozdziale niniejszym omówiony zostanie wpływ wartości wybranych parametrów na przebieg procesów ewolucyjnych oraz procesów powstawania gatunków, zachodzących w systemach z mechanizmami koewolucji gatunków (*NCoEMAS*) i koewolucji płci (*SCoEMAS*). Parametry wybrane do badań mają kluczowe znaczenie dla działania, zastosowanych we wspomnianych systemach, mechanizmów formowania i stabilnego utrzymywania gatunków.

5.4.1. System *NCoEMAS*

W przypadku systemu *NCoEMAS* zbadany został wpływ wartości parametru określającego minimalną ilość zasobu przyznawanego przez środowisko agentom gatunku *nch* ($r_{eq}^{\gamma,v}$ — p. rozdz. 4.1.4). Wartości tego parametru dla poszczególnych rodzajów eksperymentów z funkcją Rastrigin'a zostały przedstawione w tabeli 5.3 ($r_{max}^{\gamma,ind}$ jest maksymalną ilością zasobu rodzaju γ , jaką może posiadać agent gatunku *ind* w systemie *NCoEMAS* — por. rozdz. 4.1.5). W eksperymentach rodzaju *E1* wartość parametru $r_{eq}^{\gamma,v} = 5r_{max}^{\gamma,ind}$ była identyczna, jak w przypadku eksperymentów, których wyniki zostały przedstawione w rozdz. 5.3.

Liczba zlokalizowanych otoczeń minimów lokalnych

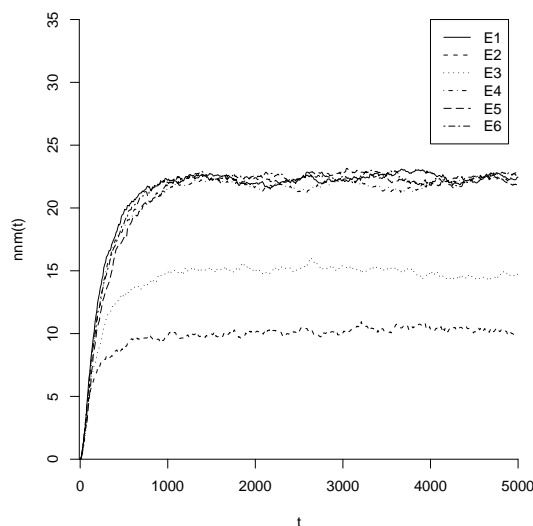
Na rysunku 5.41 przedstawiono liczbę zlokalizowanych otoczeń minimów lokalnych funkcji Rastrigin'a (przy $ni_{min} = 3$ — por. rozdz. 5.1.2) dla różnych wartości parametru $r_{eq}^{\gamma,v}$. W przypadku eksperymentów *E2* oraz *E3* otrzymano zdecydowanie gorsze wyniki, natomiast dla pozostałych rodzajów eksperymentów liczba zlokalizowanych otoczeń minimów lokalnych była porównywalna. Wyniki te świadczą o konieczności przyznawania pewnej minimalnej ilości zasobu agentom z gatunku *nch*. W przypadku nie przyznawania lub też przyznawania zbyt małej minimalnej ilości zasobu, lokalizowana jest mniejsza liczba otoczeń minimów lokalnych, ponieważ gatunki zlokalizowane w obszarach przyciągania „lepszych” minimów lokalnych wygrywają konkurencję o zasoby z gatunkami zlokalizowanymi w obszarach przyciągania „gorszych” minimów lokalnych (im wartość funkcji celu dla danego minimum lokalnego jest mniejsza, tym jest ono „lepsze” z punktu widzenia rozwiązywanego problemu optymalizacji wielomodalnej). Powoduje to, że gatunki zlokalizowane w obszarach przyciągania „gorszych” minimów lokalnych nie mają szans stabilnego istnienia w systemie i powoli zanikają.

Liczebność gatunków

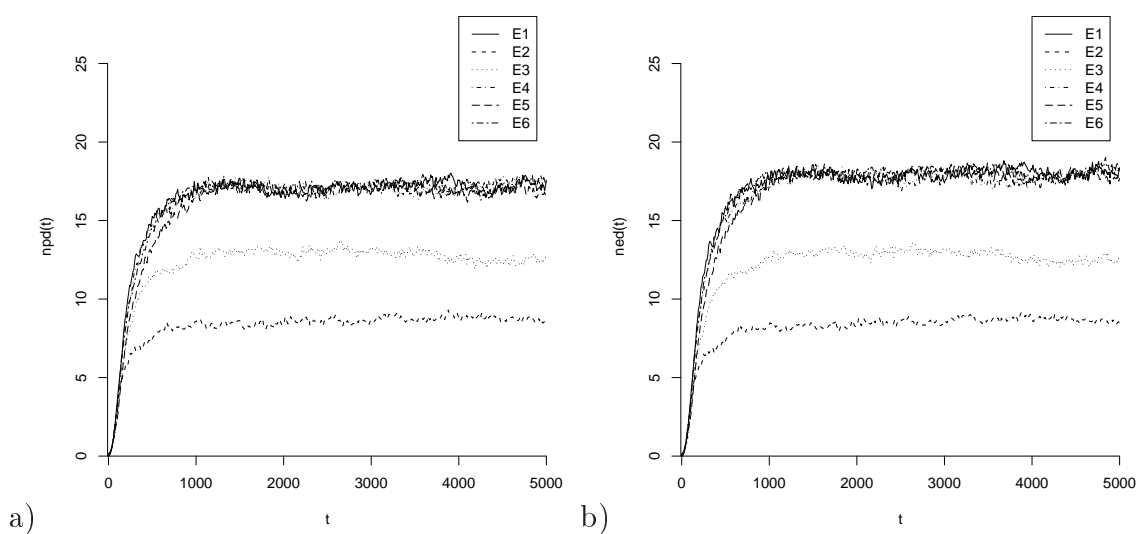
Na rysunku 5.42 pokazano zmiany wartości wskaźników proporcjonalnej ($n_{pd}(t)$) oraz identycznej ($n_{ed}(t)$) liczebności gatunków w eksperymentach z różnymi wartościami parametru $r_{eq}^{\gamma,v}$. Podobnie, jak w przypadku liczby zlokalizowanych otoczeń minimów lokalnych, również tutaj najlepsze rezultaty osiągnięto w eksperymentach

Parametr	$E1$	$E2$	$E3$	$E4$	$E5$	$E6$
$r_{eq}^{\gamma,v}$	$5r_{max}^{\gamma,ind}$	0	$2.5r_{max}^{\gamma,ind}$	$3.75r_{max}^{\gamma,ind}$	$15r_{max}^{\gamma,ind}$	$27.5r_{max}^{\gamma,ind}$
t_{max}	t_{maxage}	0	1000	2000	3000	4000

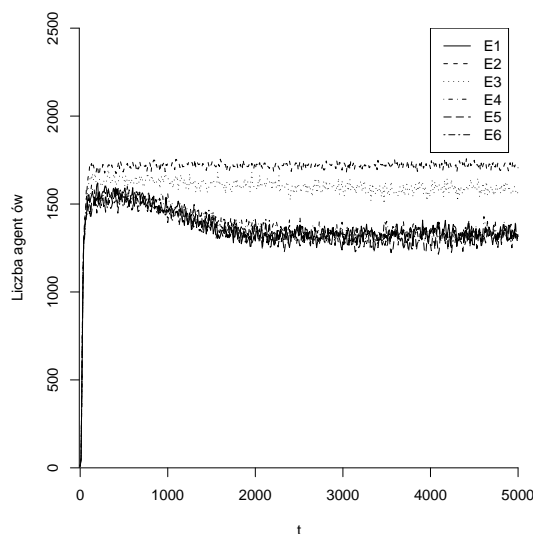
Tabela 5.3. Wartości parametru $r_{eq}^{\gamma,v}$ w systemie $NCoEMAS$ oraz parametru t_{max} w systemie $SCoEMAS$ dla poszczególnych rodzajów eksperymentów



Rysunek 5.41. Liczba otoczeń minimów lokalnych funkcji Rastrigin'a zlokalizowanych przez system $NCoEMAS$ przy różnych wartościach parametru $r_{eq}^{\gamma,v}$ (średnia z 20 eksperymentów, $ni_{min} = 3$)



Rysunek 5.42. Wartości wskaźników proporcjonalnej (a) oraz identycznej (b) liczebności gatunków dla systemu $NCoEMAS$ przy różnych wartościach parametru $r_{eq}^{\gamma,v}$ (średnia z 20 eksperymentów z funkcją Rastrigin'a)



Rysunek 5.43. Liczebność populacji w systemie *NCoEMAS* przy różnych wartościach parametru $r_{eq}^{\gamma,v}$ (średnia z 20 eksperymentów z funkcją Rastrigin'a). Porównanie dla wszystkich rodzajów eksperymentów

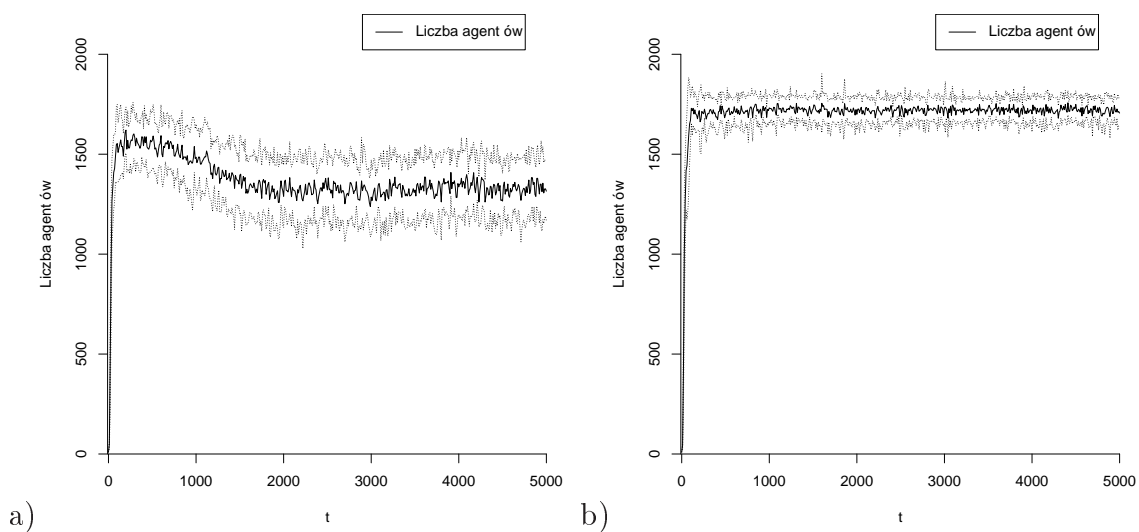
rodzaju *E1*, *E4*, *E5* oraz *E6*. W eksperymentach, w których minimalna ilość zasobu przyznawana przez środowisko agentom gatunku *nch* była zbyt mała, gatunki zlokalizowane w obszarach przyciągania „gorszych” minimów lokalnych nie miały szans w konkurencji z gatunkami zlokalizowanym w obszarach przyciągania „lepszych” minimów lokalnych. Powodowało to, że w systemie istniała mniejsza liczba gatunków i otoczenia nie wszystkich minimów lokalnych zostały zlokalizowane.

Liczebność populacji

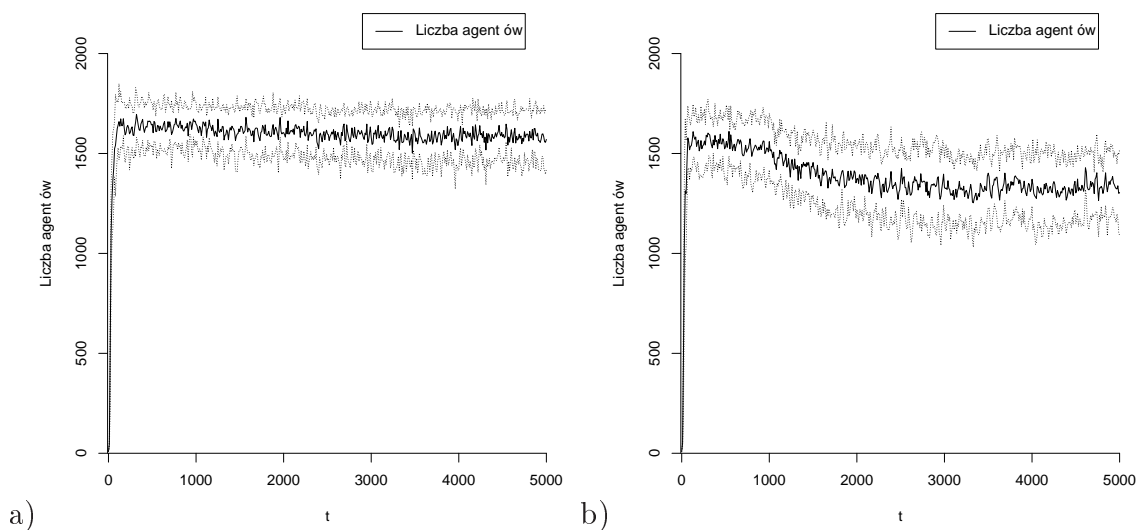
Na rysunku 5.43 pokazano zmiany liczebności populacji w systemie *NCoEMAS*, w trakcie eksperymentów z różnymi wartościami parametru $r_{eq}^{\gamma,v}$.

Przy niskich wartościach tego parametru (eksperymenty rodzaju *E2* oraz *E3*) zaobserwować można wyższą liczebność populacji niż w przypadku pozostałych eksperymentów. Liczebność populacji po początkowym wzroście stabilizuje się na pewnym poziomie i (pomimo nieznacznych zmian) pozostaje prawie taka sama, przez cały czas trwania eksperymentów. Zjawisko to związane jest ze wspomnianym wcześniej faktem lokalizowania mniejszej liczby otoczeń minimów lokalnych w przypadku niskiej wartości parametru $r_{eq}^{\gamma,v}$. Jeżeli gatunki zlokalizowane w obszarach przyciągania „gorszych” minimów lokalnych nie są w stanie się rozwijać (szybko zanikają) mniejsza jest ogólna liczba gatunków osobników (ind_i) oraz, co za tym idzie, również liczba agentów gatunku *nch*. Ponieważ ogólna ilość zasobu w systemie pozostaje taka sama, więc istniejące gatunki osobników (ind_i) są liczniejsze, gdyż cały zasób jest dzielony pomiędzy mniejszą liczbę agentów gatunku *nch* (i przyporządkowanych do nich gatunków ind_i). Poza tym, w takim przypadku ilość zasobu będąca w posiadaniu agentów gatunku *nch* jest mniejsza (a więc więcej zasobu przypada na agentów gatunków ind_i) oraz reprodukcja w ramach gatunków ind_i jest częstsza, ponieważ partnerzy są łatwiej dostępni.

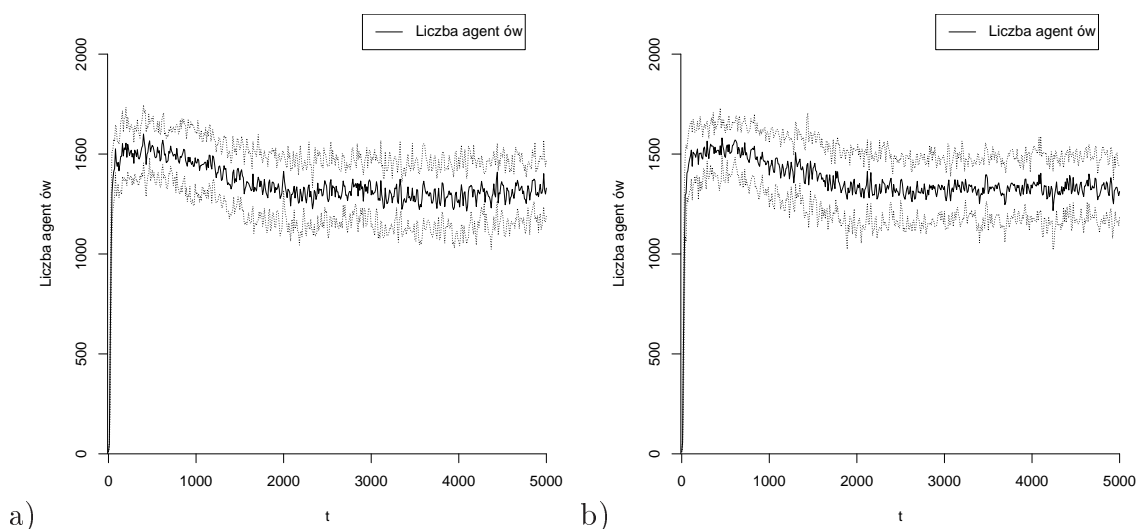
W przypadku pozostałych rodzajów eksperymentów (*E1*, *E4*, *E5* oraz *E6*) li-



Rysunek 5.44. Liczebność populacji w systemie *NCoEMAS* przy różnych wartościach parametru $r_{eq}^{\gamma,v}$ (średnia z 20 eksperymentów z funkcją Rastrigin'a oraz odchylenie standardowe): eksperymenty rodzaju E1 (a) oraz E2 (b)



Rysunek 5.45. Liczebność populacji w systemie *NCoEMAS* przy różnych wartościach parametru $r_{eq}^{\gamma,v}$ (średnia z 20 eksperymentów z funkcją Rastrigin'a oraz odchylenie standardowe): eksperymenty rodzaju E3 (a) oraz E4 (b)

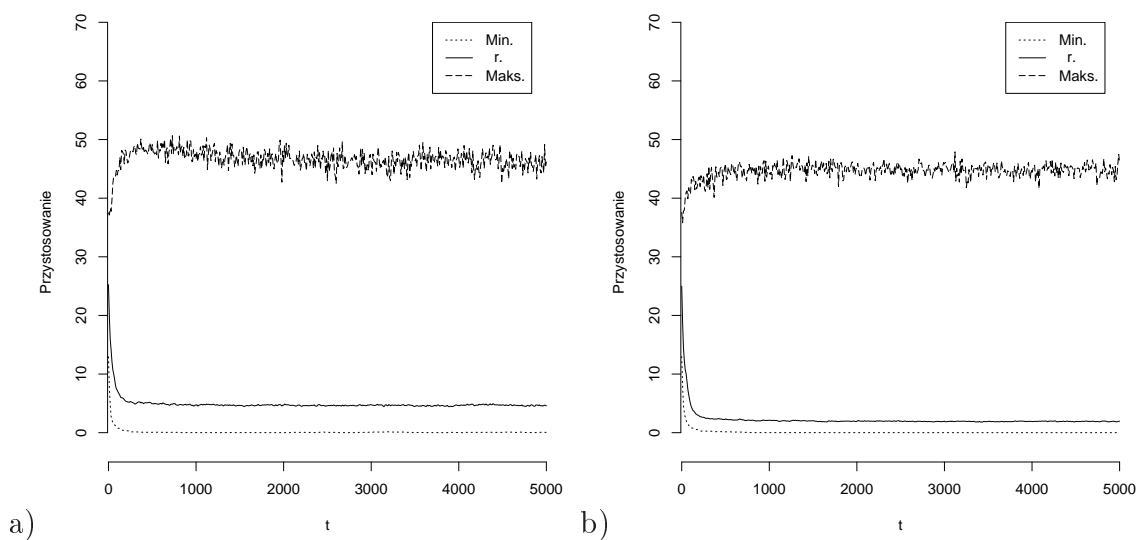


Rysunek 5.46. Liczebność populacji w systemie *NCoEMAS* przy różnych wartościach parametru $r_{eq}^{\gamma,v}$ (średnia z 20 eksperymentów z funkcją Rastrigin'a oraz odchylenie standardowe): eksperymenty rodzaju E5 (a) oraz E6 (b)

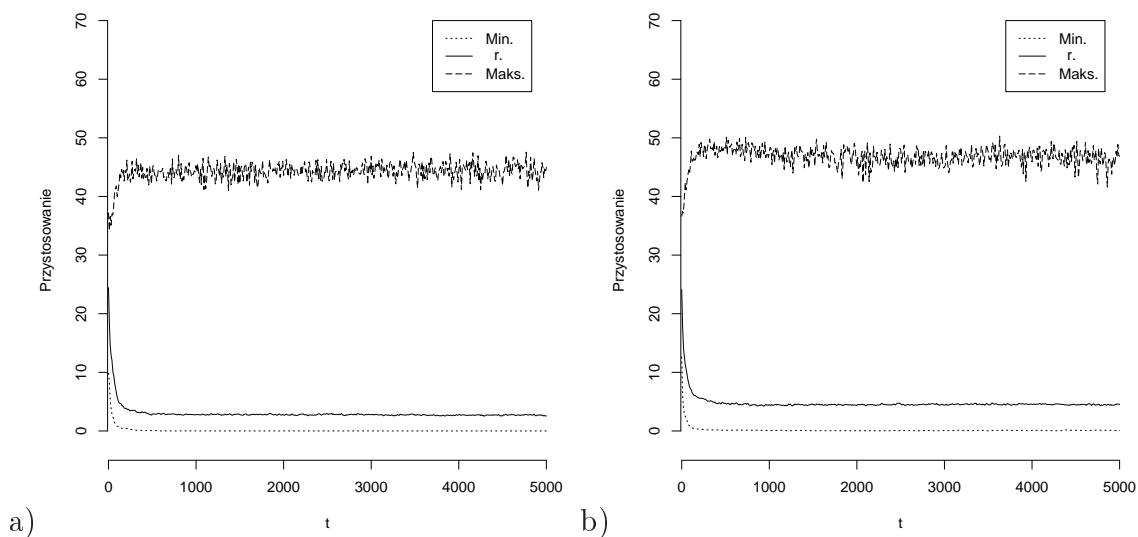
czebność populacji jest mniejsza (rys. 5.43), jak również zaobserwować można występowanie zjawiska autoadaptacji liczebności populacji do liczby minimów lokalnych funkcji celu (rys. 5.44a, 5.45b oraz 5.46). Po początkowym gwałtownym wzroście liczebności populacji (faza lokalizowania obszarów przyciągania kolejnych minimów lokalnych) następuje spadek liczby agentów spowodowany scalaniem gatunków zlokalizowanych w obszarach przyciągania tych samych minimów lokalnych. W przypadku eksperymentów rodzaju *E2* oraz *E3* (rys. 5.44b i 5.45a) zjawisko takie nie występuje ponieważ od początku eksperymentu ogólna liczba gatunków jest mniejsza (p. rys. 5.41 oraz 5.42). Gatunki zlokalizowane w obszarach przyciągania „gorszych” minimów lokalnych szybko zanikają, gdyż nie są w stanie wygrać konkurencji o zasoby z gatunkami zlokalizowanymi w obszarach przyciągania „lepszych” minimów lokalnych i w związku z tym, nie zaznacza się tutaj tak silnie efekt scalania gatunków.

Przystosowanie populacji

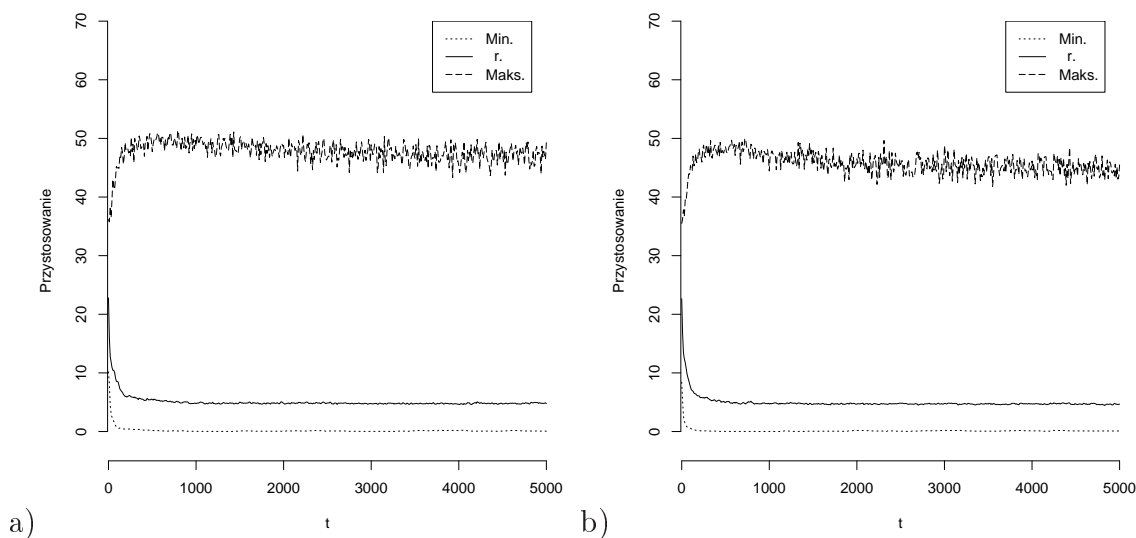
Na rysunkach 5.47–5.49 przedstawiono zmiany wartości minimalnego, maksymalnego oraz średniego przystosowania populacji w trakcie eksperymentów z różnymi wartościami parametru $r_{eq}^{\gamma,v}$. Przy niskiej wartości tego parametru (rys. 5.47b oraz 5.48a) zaobserwować można nieco silniejszy spadek średniego przystosowania populacji oraz niższą wartość maksymalnego przystosowania w populacji. Związane jest to z zaobserwowanym już wcześniej faktem zanikania gatunków zlokalizowanych w obszarach przyciągania „gorszych” minimów lokalnych w sytuacji, gdy minimalna ilość zasobu przyznawanego przez środowisko agentom gatunku *nch* jest niewielka lub równa zeru.



Rysunek 5.47. Przystosowanie populacji w systemie *NCoEMAS* przy różnych wartościach parametru $r_{eq}^{\gamma,v}$ (średnia z 20 eksperymentów z funkcją Rastrigin'a): eksperymenty rodzaju E1 (a) oraz E2 (b)



Rysunek 5.48. Przystosowanie populacji w systemie *NCoEMAS* przy różnych wartościach parametru $r_{eq}^{\gamma,v}$ (średnia z 20 eksperymentów z funkcją Rastrigin'a): eksperymenty rodzaju E3 (a) oraz E4 (b)



Rysunek 5.49. Przystosowanie populacji w systemie *NCoEMAS* przy różnych wartościach parametru $r_{eq}^{\gamma;v}$ (średnia z 20 eksperymentów z funkcją Rastrigin'a): eksperymenty rodzaju E5 (a) oraz E6 (b)

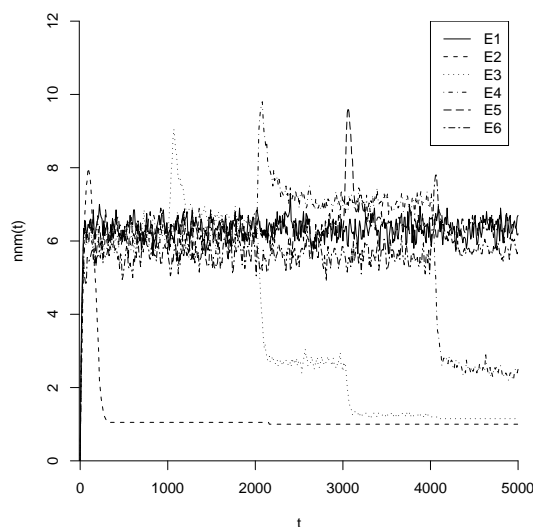
5.4.2. System *SCoEMAS*

W przypadku systemu *SCoEMAS* zbadany został wpływ wartości parametru określającego maksymalny czas połączenia agentów płci *fem* i *mal* w reprodukującą parę (t_{max} — p. rozdz. 4.2.4). Wartości tego parametru dla poszczególnych rodzajów eksperymentów z funkcją Rastrigin'a zostały przedstawione w tabeli 5.3. W eksperymentach rodzaju *E1* wartość wspomnianego parametru była identyczna, jak w przypadku eksperymentów, których wyniki zostały przedstawione w rozdz. 5.3 ($t_{max} = t_{maxage}$).

Liczba zlokalizowanych otoczeń minimów lokalnych

Na rysunku 5.50 została przedstawiona liczba otoczeń minimów lokalnych funkcji Rastrigin'a zlokalizowanych przez system *SCoEMAS*, w trakcie eksperymentów z różnymi maksymalnymi czasami połączenia agentów w parę. W eksperymentach rodzaju *E1* (gdy maksymalny czas połączenia agentów w parę był równy maksymalnemu czasowi istnienia agenta w systemie, $t_{max} = t_{maxage}$) liczba zlokalizowanych otoczeń minimów lokalnych, po początkowym wzroście, utrzymywała się na jednakowym poziomie (czyli utworzone gatunki nie zanikały w trakcie eksperymentów).

W eksperymentach rodzaju *E2* (gdy $t_{max} = 0$, czyli gdy nie istniała możliwość formowania par), po początkowym wzroście liczby zlokalizowanych otoczeń minimów lokalnych, następowało stopniowe zanikanie gatunków zlokalizowanych w obszarach przyciągania „gorszych” minimów lokalnych. Zjawisko to było spowodowane tym, że agenci gatunków zlokalizowanych w obszarach przyciągania „lepszych” minimów lokalnych dostawali więcej zasobu ze środowiska, dzięki czemu mogli częściej reprodukować. Gatunki te stawały się stopniowo coraz liczniejsze, natomiast agenci pozostałych gatunków mieli coraz większe trudności ze znalezieniem partnera do reprodukcji, ponieważ liczebność tych gatunków spadała. Procesy takie miały miejsce aż do momentu, gdy w systemie występował tylko jeden gatunek.



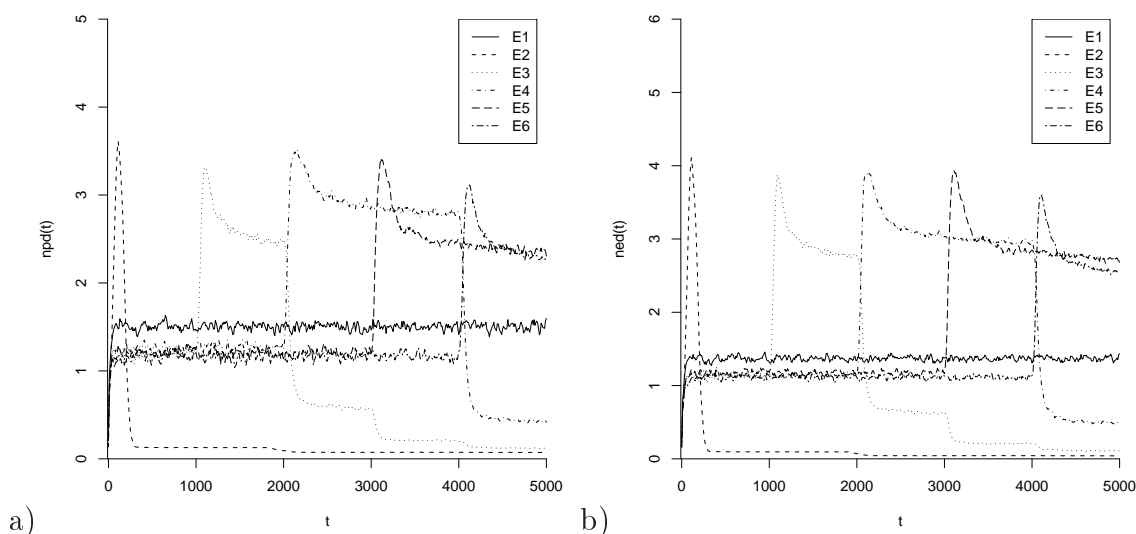
Rysunek 5.50. Liczba otoczeń minimów lokalnych funkcji Rastrigin'a zlokalizowanych przez system *S*Co*EMAS* przy różnych czasach połączenia agentów w parę (średnia z 20 eksperymentów, $n_{i_{min}} = 3$)

W przypadku pozostałych eksperymentów rezultaty są dość podobne do siebie. Po początkowym wzroście liczby zlokalizowanych otoczeń minimów lokalnych następowała stabilizacja, aż do momentu, gdy mijał czas połączenia agentów w reprodukujące pary. Dochodziło wtedy do rozłączenia istniejących par i formowania się nowych. Wynikiem tego była chwilowo zwiększona intensywność procesu reprodukcji ponieważ niektórzy agenci byli od razu gotowi do reprodukcji (posiadali oni odpowiednią ilość zasobu, natomiast nie mogli reprodukować ponieważ ich dawni partnerzy nie byli gotowi do reprodukcji). Stopniowo jednak dochodziło do zaniku gatunków zlokalizowanych w obszarach przyciągania „gorszych” minimów lokalnych, co było związane z omówionym powyżej zjawiskiem zmniejszania się liczebności populacji tych gatunków i narastającymi trudnościami ze znalezieniem partnera. Kolejne rozłączenia par powodowały dalszy zanik gatunków, ponieważ agentom do nich należącym trudno było ponownie znaleźć nowego partnera po rozłączeniu z dotychczasowym.

Liczebność gatunków

Na rysunku 5.51 pokazano zmiany wartości wskaźników proporcjonalnej ($n_{pd}(t)$) oraz identycznej ($n_{ed}(t)$) liczebności gatunków dla systemu *S*Co*EMAS*, przy różnych czasach połączenia agentów w parę. Występują tu podobne zjawiska, jak w przypadku liczby zlokalizowanych otoczeń minimów lokalnych. W eksperymentach rodzaju *E1* wartości obu wskaźników, po początkowym wzroście, stabilizowały się na pewnym poziomie. W eksperymentach rodzaju *E2* mamy do czynienia ze wzrostem i gwałtownym spadkiem wartości obu wskaźników.

W pozostałych eksperymentach dochodziło do gwałtownego wzrostu wartości wspomnianych wskaźników w momencie pierwszego rozłączenia par, natomiast później ich wartości stopniowo spadały. Przy drugim rozłączeniu par spadek był gwałtowny, ponieważ dochodziło tu do zanikania gatunków zlokalizowanych w obszarach



Rysunek 5.51. Wartości wskaźników proporcjonalnej (a) oraz identycznej (b) liczebności gatunków dla systemu *SCoEMAS* przy różnych czasach połączenia agentów w parę (średnia z 20 eksperymentów z funkcją Rastrigin'a)

przyciągania „gorszych” minimów lokalnych. Wszystkie te zjawiska zostały już wyjaśnione powyżej, przy okazji omawiania liczby zlokalizowanych otoczeń minimów lokalnych w poszczególnych rodzajach eksperymentów.

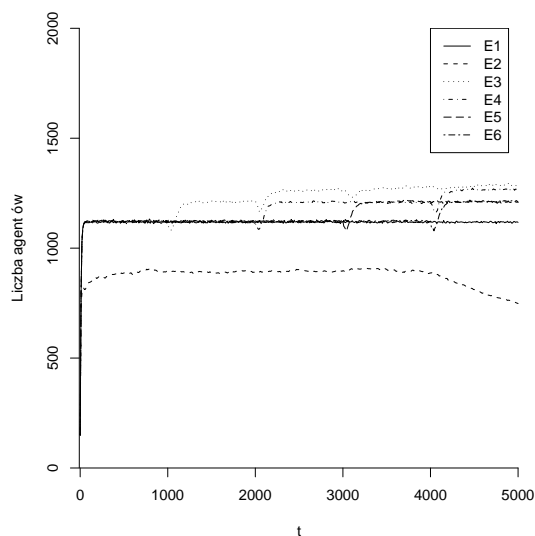
Liczebność populacji

Zmiany liczebności populacji w systemie *SCoEMAS* przy różnych czasach połączenia agentów w parę zostały przedstawione na rysunkach 5.52–5.55. W przypadku eksperymentów rodzaju *E1* ($t_{max} = t_{maxage}$) liczebność populacji, po początkowym wzroście, stabilizowała się i utrzymywała na jednakowym poziomie (rys. 5.52). Liczebności populacji samic i samców były jednakowe i utrzymywały się na mniej więcej tym samym poziomie przez cały czas trwania eksperymentu (p. rys. 5.53a).

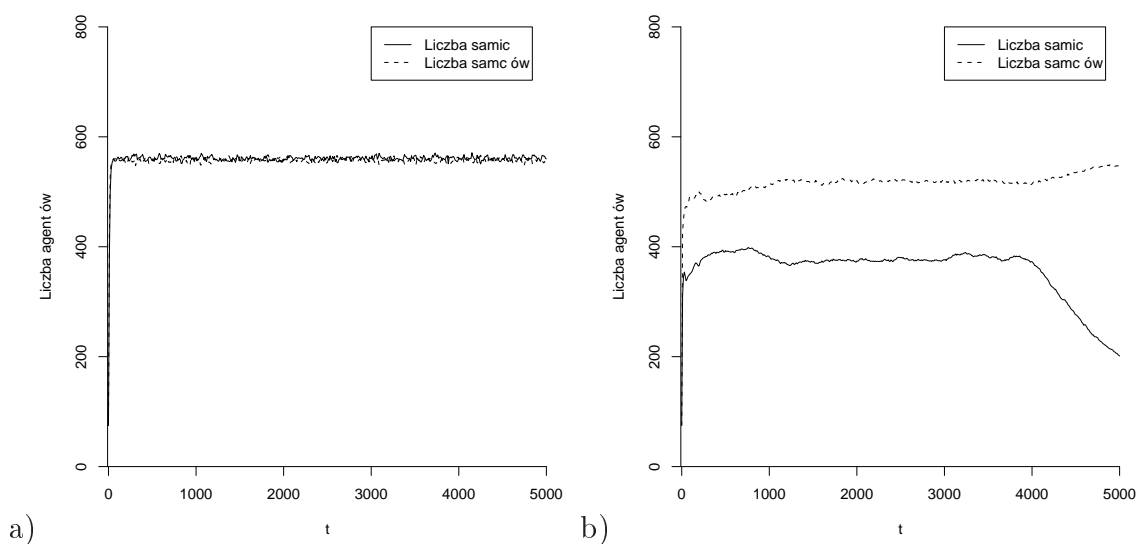
W eksperymentach rodzaju *E2* (brak mechanizmu łączenia agentów w reprodukujące pary), po początkowym wzroście liczebności populacji, następował okres jej stabilizacji na pewnym poziomie. W końcowej fazie eksperymentu dochodziło jednak do stopniowego zmniejszania się liczebności populacji (rys. 5.52). Zjawisko to było spowodowane trudnościami ze znalezieniem partnera przez agentów gatunków zlokalizowanych w obszarach przyciągania „gorszych” minimów lokalnych i stopniowym zanikaniem tych gatunków, co zostało już omówione poprzednio.

Liczebność populacji samic była, w trakcie całego eksperymentu rodzaju *E2*, mniejsza od liczebności populacji samców (rys. 5.53b). Pod koniec eksperymentu, liczebność samic zaczynała gwałtownie spadać. Oba te zjawiska były spowodowane znacznie wyższymi kosztami reprodukcji w przypadku samic, jak również tym, że w przypadku braku mechanizmu łączenia agentów w reprodukujące pary, środowisko nie przyznawało agentom pewnej minimalnej, niezależnej od wartości ich przystosowania, ilości zasobu.

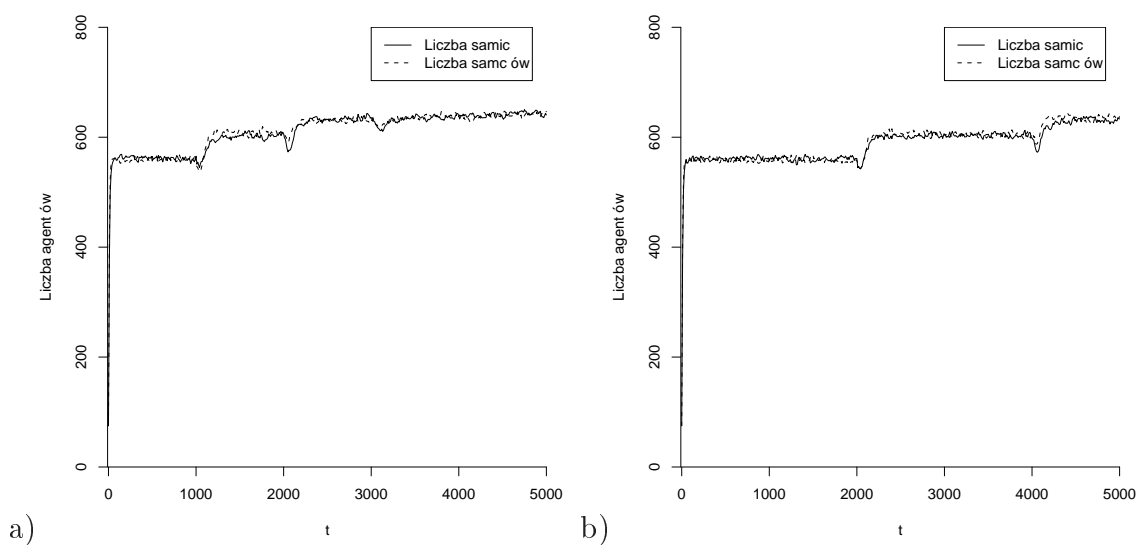
W przypadku pozostałych rodzajów eksperymentów (*E3*, *E4*, *E5* oraz *E6*) przebieg zmian liczebności populacji był dość podobny do siebie (rys. 5.52). Po początko-



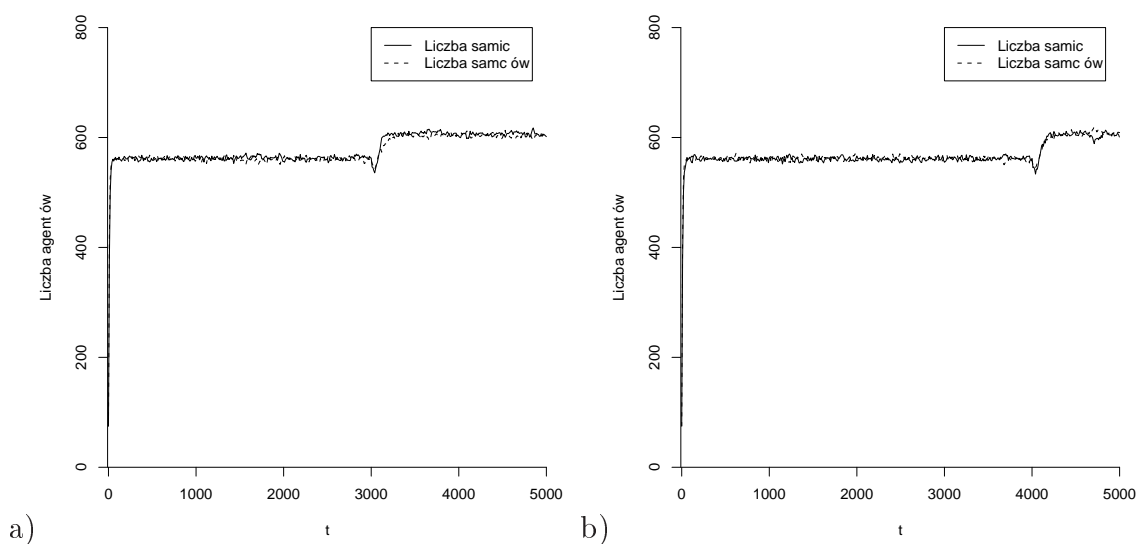
Rysunek 5.52. Liczebność populacji w systemie *S*Co*EMAS* przy różnych czasach połączenia agentów w parę (średnia z 20 eksperymentów z funkcją Rastrigin'a). Porównanie dla wszystkich rodzajów eksperymentów



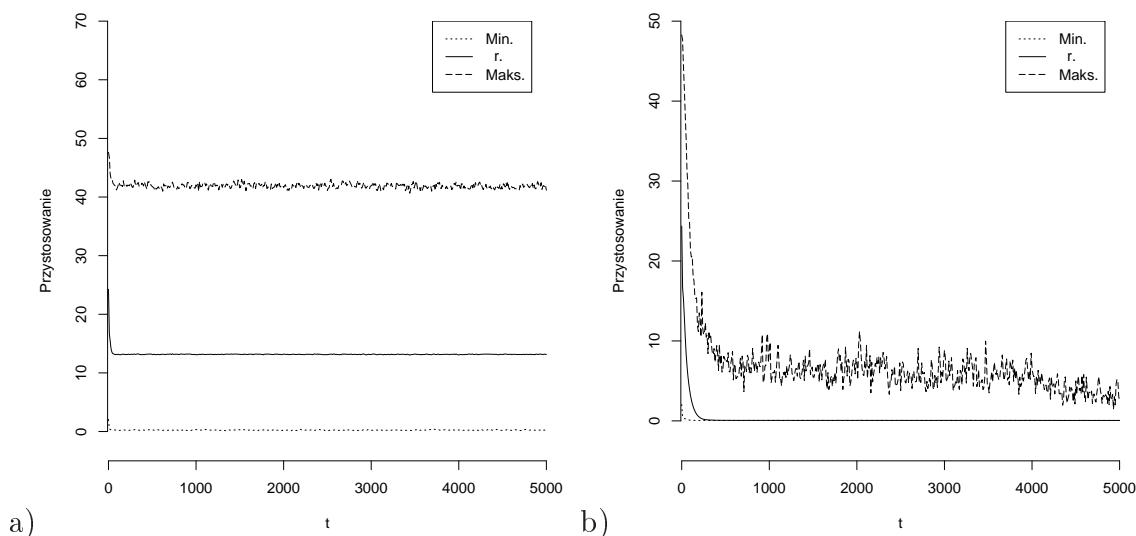
Rysunek 5.53. Liczebność populacji samic i samców w systemie *S*Co*EMAS* przy różnych czasach połączenia agentów w parę (średnia z 20 eksperymentów z funkcją Rastrigin'a): eksperymenty rodzaju E1 (a) oraz E2 (b)



Rysunek 5.54. Liczebność populacji samic i samców w systemie *SCoEMAS* przy różnych czasach połączenia agentów w parę (średnia z 20 eksperymentów z funkcją Rastrigin'a): eksperymenty rodzaju E3 (a) oraz E4 (b)



Rysunek 5.55. Liczebność populacji samic i samców w systemie *SCoEMAS* przy różnych czasach połączenia agentów w parę (średnia z 20 eksperymentów z funkcją Rastrigin'a): eksperymenty rodzaju E5 (a) oraz E6 (b)



Rysunek 5.56. Przystosowanie populacji w systemie *SCoEMAS* przy różnych czasach połączenia agentów w parę (średnia z 20 eksperymentów z funkcją Rastrigin’a): eksperymenty rodzaju E1 (a) oraz E2 (b)

wym wzroście liczebności populacji występowała jej stabilizacja, aż do momentu, gdy dochodziło do rozłączenia par agentów. Występował wtedy chwilowy spadek liczby agentów spowodowany tym, że poszukiwali oni nowych partnerów do reprodukcji. Gdy zaczynały powstawać nowe pary, dochodziło do wzrostu liczebności populacji spowodowanego intensywną reprodukcją. We wszystkich eksperymentach liczba samic i samców utrzymywała się mniej więcej na tym samym poziomie (rys. 5.54 oraz 5.55).

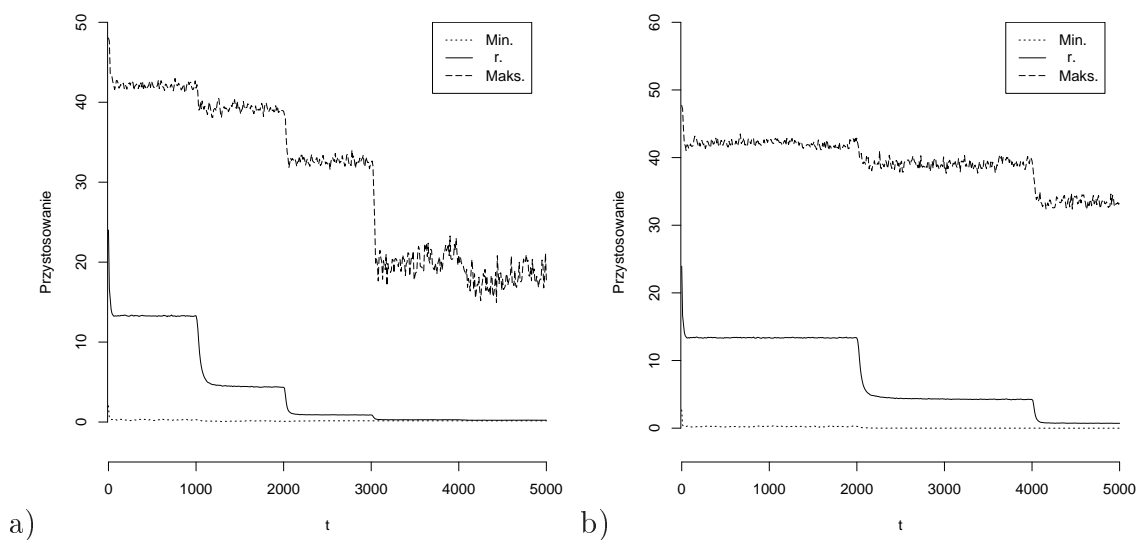
Przystosowanie populacji

Na rysunkach 5.56–5.58 przedstawiono zmiany przystosowania populacji w systemie *SCoEMAS*, przy różnych czasach połączenia agentów w parę.

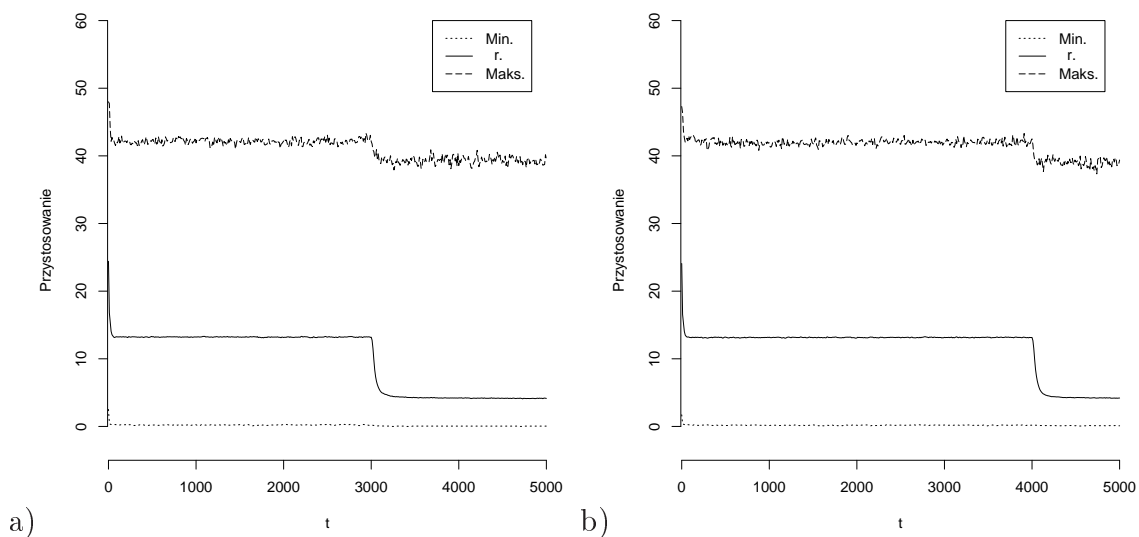
W eksperymentach rodzaju E1 ($t_{max} = t_{maxage}$), po początkowym spadku wartości minimalnego, średniego i maksymalnego przystosowania w populacji, następowała ich stabilizacja na pewnym poziomie, przy czym nigdy nie dochodziło do ich zrównania (rys. 5.56a). Zjawiska te świadczą o utrzymywaniu się różnorodności populacji i stabilnym istnieniu gatunków zlokalizowanych w obszarach przyciągania różnych minimów lokalnych.

Charakter zmian wartości minimalnego, średniego i maksymalnego przystosowania w populacji w trakcie eksperymentów rodzaju E2 ($t_{max} = 0$, czyli gdy nie był wykorzystywany mechanizm łączenia agentów w pary), świadczy o występowaniu niekorzystnego zjawiska zaniku różnorodności populacji i wymierania gatunków zlokalizowanych w obszarach przyciągania „gorszych” minimów lokalnych (p. rys. 5.56b). Wartości minimalnego, średniego i maksymalnego przystosowania w populacji malały gwałtownie, aż dochodziło do całkowitego zrównania wartości średniego i minimalnego przystosowania w populacji.

Zmiany wartości przystosowania populacji w trakcie eksperymentów rodzaju E3, E4, E5 oraz E6 miały dość podobny charakter (rys. 5.57 oraz 5.58). Po począt-



Rysunek 5.57. Przystosowanie populacji w systemie *S_{CoEMAS}* przy różnych czasach połączenia agentów w parę (średnia z 20 eksperymentów z funkcją Rastrigin'a): eksperymenty rodzaju E3 (a) oraz E4 (b)



Rysunek 5.58. Przystosowanie populacji w systemie *S_{CoEMAS}* przy różnych czasach połączenia agentów w parę (średnia z 20 eksperymentów z funkcją Rastrigin'a): eksperymenty rodzaju E5 (a) oraz E6 (b)

kowym spadku wartości minimalnego, średniego i maksymalnego przystosowania w populacji, następowała ich stabilizacja na pewnym poziomie. Kolejne spadki wartości przystosowania populacji następowały w chwilach rozłączania się par agentów. W systemie występowało wtedy intensywne zjawisko zanikania gatunków zlokalizowanych w obszarach przyciągania „gorszych” minimów lokalnych, spowodowane trudnościami ze znalezieniem nowego partnera przez agentów tych gatunków. Prowadziło to do stopniowej utraty różnorodności populacji i zbliżania się wartości maksymalnego i średniego przystosowania populacji do wartości przystosowania minimalnego.

5.5. Podsumowanie i wnioski

W rozdziale niniejszym przedstawione zostały wyniki eksperymentów mających na celu zarówno porównanie przebiegu procesów powstawania gatunków zachodzących w opracowanych koewolucyjnych systemach wieloagentowych oraz w systemach z klasycznymi technikami niszowania i specjacji, jak również zbadanie wpływu wybranych parametrów na przebieg procesów ewolucyjnych i procesów powstawania gatunków w systemach z mechanizmami koewolucji gatunków oraz koewolucji płci.

W tabelach 5.4–5.10 zestawiono wartości najważniejszych wskaźników w chwili $t = 5000$ dla poszczególnych systemów oraz funkcji testowych (f_1 — funkcja Michalewicza, f_2 — funkcja Rastrigin’a, f_3 — funkcja Schwefel’a oraz f_4 — funkcja Waves). Czcionką pogrubioną przedstawione zostały najlepsze rezultaty dla poszczególnych funkcji testowych.

Zaprezentowane wyniki wskazują, że procesy specjacji przebiegały najlepiej w systemie *NCoEMAS*. System ten formował i stabilnie utrzymywał gatunki w obszarach przyciągania minimów lokalnych funkcji testowych, przy czym liczebność tych gatunków była proporcjonalna do wartości funkcji celu w odpowiednich minimach lokalnych. Biorąc pod uwagę wartości wskaźników jakości procesów specjacji ($nnm(t)$, $npd(t)$ oraz $ned(t)$), system *NCoEMAS* osiągnął najlepsze wyniki w zdecydowanej większości przypadków (jedynie w eksperymentach z funkcją Michalewicza był nieznacznie gorszy od systemu *FS* pod względem liczby zlokalizowanych otoczeń minimów lokalnych) (por. tab. 5.4–5.9).

System *NCoEMAS* posiadał najmniejszą liczebność populacji początkowej (por. tab. 5.2), jak również jedną z najmniejszych liczebności populacji w trakcie eksperymentów (por. tab. 5.10). W systemie tym występowało ciekawe i niewątpliwie wymagające dalszych badań zjawisko stopniowej autoadaptacji liczebności populacji do liczby minimów lokalnych optymalizowanej funkcji. Zjawisko to wynikało z wprowadzonych w tym systemie specjalnych mechanizmów podziału i scalania gatunków.

Na poprawne działanie systemu miał również niewątpliwie wpływ zaproponowany mechanizm podziału zasobu pomiędzy agentów z gatunku *nch*, na co wskazują wyniki zamieszczone w rozdziale 5.4.1. Zaletą systemu *NCoEMAS* jest również brak parametrów zależnych od optymalizowanej funkcji, w związku z czym nie jest wymagana żadna uprzednia wiedza o problemie.

Drugi z systemów koewolucyjnych (*SCoEMAS*) również formował i stabilnie utrzymywał gatunki, natomiast wyniki w tym przypadku były znacznie gorsze (zarówno pod względem liczby zlokalizowanych otoczeń minimów lokalnych, jak i zdolności do formowania gatunków o liczebności proporcjonalnej do „jakości” poszczegól-

	<i>NCoEMAS</i>	<i>SCoEMAS</i>	<i>ACoEMAS</i>	<i>EMAS</i>	<i>DC</i>	<i>FS</i>
f_1	1.8	1.55	1.25	1.0	1.0	1.95
f_2	22.65	13.55	11.2	1.0	1.0	20.35
f_3	44.25	16.35	18.15	1.1	2.45	42.2
f_4	8.2	3.75	4.9	1.15	4.0	7.4

Tabela 5.4. Zestawienie średnich wartości wskaźnika $nnm(t)$ z 20 eksperymentów ($t = 5000$, $ni_{min} = 1$) dla poszczególnych systemów oraz funkcji testowych

	<i>NCoEMAS</i>	<i>SCoEMAS</i>	<i>ACoEMAS</i>	<i>EMAS</i>	<i>DC</i>	<i>FS</i>
f_1	1.8	1.2	1.25	1.0	1.0	1.95
f_2	22.45	6.7	11.15	1.0	1.0	13.0
f_3	43.45	4.25	16.3	1.0	1.3	20.6
f_4	7.35	1.95	4.7	1.0	3.55	5.15

Tabela 5.5. Zestawienie średnich wartości wskaźnika $nnm(t)$ z 20 eksperymentów ($t = 5000$, $ni_{min} = 3$) dla poszczególnych systemów oraz funkcji testowych

	<i>NCoEMAS</i>	<i>SCoEMAS</i>	<i>ACoEMAS</i>	<i>EMAS</i>	<i>DC</i>	<i>FS</i>
f_1	1.8	1.1	1.25	1.0	1.0	1.95
f_2	22.35	4.1	11.15	1.0	1.0	8.0
f_3	42.85	2.95	16.25	1.0	1.0	12.7
f_4	7.15	1.15	4.65	1.0	3.3	4.3

Tabela 5.6. Zestawienie średnich wartości wskaźnika $nnm(t)$ z 20 eksperymentów ($t = 5000$, $ni_{min} = 5$) dla poszczególnych systemów oraz funkcji testowych

	<i>NCoEMAS</i>	<i>SCoEMAS</i>	<i>ACoEMAS</i>	<i>EMAS</i>	<i>DC</i>	<i>FS</i>
f_1	1.8	1.05	1.25	1.0	1.0	1.95
f_2	22.25	2.5	11.15	1.0	1.0	2.75
f_3	42.05	1.75	16.25	1.0	1.0	7.5
f_4	7.0	0.25	4.6	1.0	3.0	3.8

Tabela 5.7. Zestawienie średnich wartości wskaźnika $nnm(t)$ z 20 eksperymentów ($t = 5000$, $ni_{min} = 8$) dla poszczególnych systemów oraz funkcji testowych

	<i>NCoEMAS</i>	<i>SCoEMAS</i>	<i>ACoEMAS</i>	<i>EMAS</i>	<i>DC</i>	<i>FS</i>
f_1	1.23	0.1	0.86	0.7	0.61	0.14
f_2	17.57	1.6	9.58	0.14	0.07	2.46
f_3	34.99	3.08	14.74	0.1	0.08	5.97
f_4	5.98	0.13	3.53	0.25	1.56	0.95

Tabela 5.8. Zestawienie średnich wartości wskaźnika $npd(t)$ z 20 eksperymentów ($t = 5000$) dla poszczególnych systemów oraz funkcji testowych

	<i>NCoEMAS</i>	<i>SCoEMAS</i>	<i>ACoEMAS</i>	<i>EMAS</i>	<i>DC</i>	<i>FS</i>
f_1	1.16	0.12	0.73	0.59	0.5	0.14
f_2	18.32	1.43	9.64	0.11	0.04	1.33
f_3	37.81	2.93	15.48	0.08	0.09	5.64
f_4	6.28	0.1	3.63	0.18	1.58	1.0

Tabela 5.9. Zestawienie średnich wartości wskaźnika $ned(t)$ z 20 eksperymentów ($t = 5000$) dla poszczególnych systemów oraz funkcji testowych

	<i>NCoEMAS</i>	<i>SCoEMAS</i>	<i>ACoEMAS</i>	<i>EMAS</i>	<i>DC</i>	<i>FS</i>
f_1	633.15	967.6	1009.2	1035.65	1000.0	1101.9
f_2	1315.1	1117.15	3009.85	1237.15	1500.0	1609.55
f_3	1655.3	1099.55	5742.45	1666.25	2000.0	2124.3
f_4	630.65	1372.95	1643.95	1285.2	1300.0	1349.7

Tabela 5.10. Zestawienie liczebności populacji w chwili $t = 5000$ (wartości średnie z 20 eksperymentów) dla poszczególnych systemów oraz funkcji testowych

nych minimów lokalnych funkcji celu oraz zdolności do formowania gatunków o identycznej liczebności — por. tab. 5.4–5.9). Było to związane z przebiegiem procesów powstawania gatunków w tym systemie. Gatunki formowały się co prawda w obszarach przyciągania minimów lokalnych, jednak agenci poszczególnych gatunków nie byli zlokalizowani w najbliższym otoczeniu minimów lokalnych tylko rozproszeni po całych tych obszarach. Zjawisko takie może okazać się niezwykle korzystne, na przykład w przypadku zastosowania systemu do rozwiązywania problemów niestacjonarnych ponieważ większa różnorodność populacji powoduje zwiększenie zdolności adaptacji systemu do zmieniających się warunków środowiska. Stosowane wskaźniki jakości procesów specjacji bazowały jednakże na rozmieszczeniu populacji poszczególnych gatunków i najwyżej oceniane były te systemy, w których gatunki skupiały się w najbliższym otoczeniu minimów lokalnych.

W przypadku funkcji Michalewicza, Rastrigin’a oraz Schwefel’a system *SCoEMAS* osiągnął jednak lepsze wyniki pod względem liczby zlokalizowanych otoczeń minimów lokalnych i stabilnego utrzymywania gatunków, niż system z mechanizmem ścisłu deterministycznego (*DC*) oraz ewolucyjny system wieloagentowy (*EMAS*) (por. tab. 5.4–5.7).

Wart podkreślenia jest również fakt, iż w przypadku funkcji Rastrigin’a oraz funkcji Schwefel’a liczebność populacji w tym systemie była najmniejsza, natomiast w przypadku funkcji Michalewicza znalazł się on na drugim miejscu pod względem liczebności populacji, zaraz po systemie *NCoEMAS* (por. tab. 5.10). System nie wymagał określenia wartości żadnych parametrów zależnych od optymalizowanej funkcji. Niewątpliwie konieczne są dalsze badania nad mechanizmami specjacji opartymi o koewolucję płci i dobór płciowy. Jednym z obiecujących kierunków może być tutaj mechanizm łączenia agentów w reprodukujące pary, co zostało pokazane w rozdziale 5.4.2.

Ciekawe wyniki uzyskano stosując mechanizm specjacji allopatrycznej w koewolucyjnym systemie wieloagentowym (system *ACoEMAS*). System ten w większości

przypadków osiągnął dużo lepsze wyniki niż systemy *SCoEMAS*, *EMAS*, *DC* oraz *FS* (por. tab. 5.4–5.9). Wadą mechanizmu specjacji allopatrycznej jest konieczność posiadania pewnej wiedzy o optymalizowanej funkcji, niezbędnej w celu ustalenia liczby wierzchołków grafu H oraz konieczność stosowania znacznie liczniejszej populacji, niż w przypadku pozostałych systemów (por. tab. 5.10).

System z mechanizmem podziału przystosowania (*FS*) formował i stabilnie utrzymywał gatunki, natomiast wyraźnie widoczna była tutaj niekorzystna tendencja do rozpraszania agentów poszczególnych gatunków po całych obszarach przyciągania minimów lokalnych, czego wynikiem były słabsze rezultaty w przypadku wskaźników $n_{pd}(t)$ oraz $n_{ed}(t)$ (por. tab. 5.8–5.9). Wadą tej techniki jest również niewątpliwie konieczność wyznaczenia wartości parametru σ_{sh} , która zależy od optymalizowanej funkcji.

System z mechanizmem ścisiku deterministycznego (*DC*) osiągnął stosunkowo słabe rezultaty pod względem stabilnego utrzymywania gatunków (por. tab. 5.4–5.9). Wystąpiła tu silna tendencja do zanikania wcześniej uformowanych gatunków. Zaletą tej techniki jest brak parametrów zależnych od optymalizowanej funkcji.

System *EMAS*, w którym nie został zastosowany żaden mechanizm niszczenia i specjacji, na ogół nie był w stanie zlokalizować więcej niż jedno otoczenie minimum lokalnego (por. tab. 5.4–5.9).

Biorąc pod uwagę zaprezentowane wyniki badań eksperymentalnych można stwierdzić, że w oparciu o przedstawioną w pracy koncepcję i model koewolucji możliwe jest skonstruowanie technik niszczenia i specjacji przeznaczonych dla ewolucyjnych systemów wieloagentowych, które wykazują, w przypadku pewnych problemów, lepsze działanie, pod względem jakości procesów formowania podpopulacji (gatunków) i zdolności do stabilnego ich utrzymywania w czasie przebiegu ewolucji, od klasycznych technik niszczenia i specjacji. Powyższe stwierdzenie dotyczy głównie systemu *NCoEMAS*, ale również (w mniejszym stopniu i dla wybranych aspektów) systemów *ACoEMAS* i *SCoEMAS*.

Podsumowanie

Techniki koewolucyjne oraz techniki niszowania i specjacji są w ostatnich latach przedmiotem intensywnych badań. Zainteresowanie to wynika z trudności, na jakie napotykają próby zastosowania algorytmów ewolucyjnych do rozwiązywania pewnych klas problemów, jak np. optymalizacji wielomodalnej, optymalizacji wielokryterialnej, czy też optymalizacji funkcji niestacjonarnych. Koewolucja oraz techniki niszowania i specjacji zapewniają utrzymywanie różnorodności populacji oraz poprawiają zdolności adaptacyjne algorytmów ewolucyjnych. Techniki koewolucyjne, dodatkowo, umożliwiają zastosowanie algorytmów ewolucyjnych w przypadku zadań, dla których trudne lub niemożliwe jest określenie funkcji przystosowania oraz realizację ewolucji otwartej, w trakcie której rozwiązania danego problemu są stale udoskonalane dzięki zastosowaniu antagonistycznych lub kooperacyjnych oddziaływań pomiędzy gatunkami. Intensywne badania prowadzone są również nad modelem ewolucyjnego systemu wieloagentowego, który stanowi próbę zbliżenia obliczeń ewolucyjnych do zjawisk ewolucji biologicznej. Model ten zapewnia decentralizację procesu ewolucji dzięki połączeniu paradygmatów algorytmów ewolucyjnych oraz systemów wieloagentowych.

Jednym z celów niniejszej pracy było opracowanie takich technik niszowania i specjacji, które mogłyby być stosowane w ewolucyjnych systemach wieloagentowych bez naruszania zdecentralizowanego charakteru procesów ewolucyjnych zachodzących w tego rodzaju systemach. Mechanizmem dobrze nadającym się do tego celu jest koewolucja. W wyniku przeprowadzonych badań zaproponowano koncepcję oraz model formalny koewolucyjnego systemu wieloagentowego. W porównaniu ze standardowym modelem ewolucyjnego systemu wieloagentowego, konieczne okazało się wprowadzenie pojęć gatunku, płci oraz relacji zachodzących pomiędzy gatunkami oraz płciami występującymi w systemie. W rezultacie, opracowany został uniwersalny model koewolucji uwzględniający różnorodne oddziaływania ekologiczne pomiędzy gatunkami oraz płciami. W oparciu o model ten opracowane zostały zdecentralizowane techniki niszowania i specjacji dla ewolucyjnych systemów wieloagentowych. Zaproponowany model jest na tyle ogólny, że w jego kategoriach można opisywać zarówno koewolucyjne systemy wieloagentowe, jak i (po odpowiednich uproszczeniach) ewolucyjne systemy wieloagentowe oraz systemy z klasycznymi technikami niszowania i specjacji.

Opracowane i zrealizowane w ramach niniejszej pracy systemy zostały wykorzystane w eksperymentach mających na celu porównanie jakości zachodzących w nich procesów powstawania gatunków i stabilnego ich utrzymywania w czasie przebiegu ewolucji. Rezultaty przeprowadzonych eksperymentów wskazują na to, że w oparciu o mechanizm koewolucji w ewolucyjnym systemie wieloagentowym można opracować techniki niszowania i specjacji, które wykazują lepsze właściwości od technik

klasycznych pod względem liczby lokalizowanych otoczeń minimów lokalnych, stabilnego utrzymywania w czasie przebiegu ewolucji utworzonych gatunków, a także autoadaptacji rozmiarów populacji do stopnia trudności problemu.

Podsumowując, do najważniejszych rezultatów badań przedstawionych w niniejszej pracy można zaliczyć:

- 1) Dokonanie przeglądu aktualnego stanu badań w zakresie technik koewolucyjnych oraz technik niszowania i specjacji, a także podjęcie próby klasyfikacji tychże technik w oparciu o wybrane kryteria. Zgodnie z wiedzą autora, dostępne aktualnie w języku polskim publikacje poświęcone algorytmom ewolucyjnym nie zawierają szerszego omówienia wyżej wymienionych technik i mechanizmów, pomimo że są one aktualnie przedmiotem intensywnych badań.
- 2) Opracowanie koncepcji oraz zaproponowanie modelu formalnego koewolucyjnego systemu wieloagentowego (*CoEMAS*) uwzględniającego oddziaływania koewolucyjne gatunków oraz płci.
- 3) Opracowanie koncepcji oraz implementacja platformy *jCoEMAS*, umożliwiającej realizację koewolucyjnych systemów wieloagentowych zaprojektowanych w oparciu o model *CoEMAS*.
- 4) Opracowanie koncepcji, modelu formalnego oraz realizacja (z wykorzystaniem platformy *jCoEMAS*) trzech koewolucyjnych systemów wieloagentowych przeznaczonych do optymalizacji funkcji wielomodalnych. W systemach tych do powstawania nowych gatunków dochodziło w wyniku zastosowania następujących mechanizmów:
 - a) koewolucji gatunków (system *NCoEMAS*),
 - b) koewolucji płci i wynikającego stąd doboru płciowego (system *SCoEMAS*),
 - c) izolacji geograficznej podpopulacji (system *ACoEMAS*).
- 5) Wykorzystanie uproszczonego modelu *CoEMAS* do opisu trzech systemów ewolucyjnych znanych z literatury (ewolucyjnego systemu wieloagentowego i dwóch systemów z klasycznymi technikami niszowania i specjacji), jak również ich realizacja z wykorzystaniem platformy *jCoEMAS*.
- 6) Opracowanie zestawu wskaźników jakości procesów powstawania gatunków i ich stabilnego utrzymywania w czasie ewolucji, zachodzących w systemach przeznaczonych do optymalizacji funkcji wielomodalnych. Wskaźniki te zostały wykorzystane w trakcie opracowywania wyników przeprowadzonych eksperymentów.
- 7) Przeprowadzenie eksperymentów mających na celu porównanie przebiegu oraz jakości procesów powstawania gatunków i ich stabilnego utrzymywania w czasie ewolucji, zachodzących w opracowanych koewolucyjnych systemach wieloagentowych oraz w systemach z klasycznymi (znanymi z literatury) technikami niszowania i specjacji.

Zdaniem autora, **powyższe rezultaty uzasadniają, sformułowaną na wstępie, tezę niniejszej pracy.**

Osiągnięte rezultaty prac badawczych nie wyczerpują oczywiście całkowicie tematyki koewolucyjnych systemów wieloagentowych oraz możliwości ich zastosowania w różnych dziedzinach, włączając w to optymalizację wielomodalną. Jako możliwe obszary dalszych prac badawczych wymienić należy:

- Opracowanie i realizacja koewolucyjnych systemów wieloagentowych działających w oparciu o dotąd nie wykorzystywane mechanizmy oddziaływań pomiędzy gatunkami (np. drapieżnictwo, pasożytnictwo itd.).
- Opracowanie nowych mechanizmów mających na celu poprawę działania koewolucyjnych systemów wieloagentowych (przykładem może być tutaj przedstawiony w niniejszej pracy mechanizm łączenia agentów w pary).
- Dalsze prace nad udoskonaleniem przedstawionego w niniejszej pracy mechanizmu koewolucji płci. Kierunek ten wydaje się być szczególnie interesujący oraz należy do stosunkowo słabo zbadanych obszarów.
- Zastosowanie koewolucyjnych systemów wieloagentowych w:
 - problemach optymalizacji wielokryterialnej,
 - problemach optymalizacji funkcji niestacjonarnych,
 - problemach optymalizacji transportu,
 - problemach poszukiwania optymalnych strategii dla robotów grających w piłkę nożną,
 - sztucznym życiu (symulacyjne badanie procesów koewolucji oraz specjacji).
- Realizacja równoległych koewolucyjnych systemów wieloagentowych.

Niektóre z wyżej wymienionych zagadnień są tematem aktualnie prowadzonych przez autora prac badawczych, między innymi w ramach grantu KBN realizowanego w Katedrze Informatyki AGH.

Dodatek A

Wykaz ważniejszych symboli i konwencja tworzenia oznaczeń

A.1. Konwencja tworzenia oznaczeń

W pracy stosowana jest następująca konwencja tworzenia oznaczeń:

- Symbole pisane z małej litery wykorzystywane są do oznaczania pojedynczych obiektów (np. $a(t)$ — agent, $s(t)$ — gatunek), wartości (np. $r(t)$ — ilość zasobu) oraz funkcji (np. $g(\cdot)$).
- Symbole pisane z dużej litery wykorzystywane są do oznaczania zbiorów (np. $A(t)$ — zbiór agentów, $S(t)$ — zbiór gatunków).
- Indeks dolny wykorzystywany jest do oznaczenia konkretnego elementu w zbiorze (np. $a_i(t)$ — i -ty agent) lub pewnej wartości ($r_{min}(t)$ — minimalna wartość zasobu).
- Indeks górny oznacza przynależność do pewnej grupy (np. $a^s(t)$ — agent gatunku $s(t)$) lub rodzaju (np. $r^\gamma(t)$ — ilość zasobu rodzaju γ).
- W przypadku, gdy konieczne jest określenie przynależności pewnego elementu do innego elementu będzie to również oznaczane indeksem górnym (np. $r^{\gamma,a(t)}(t)$ — ilość zasobu rodzaju γ będąca w posiadaniu agenta $a(t)$).
- Większość oznaczeń dotyczy stanu w pewnej chwili czasu t .
- Jeżeli nie występuje konieczność rozróżniania stanów w różnych chwilach czasu, wtedy, dla uproszczenia zapisu, w poszczególnych oznaczeniach pomijany jest czas i przyjmuje się, że oznaczenie dotyczy stanu w chwili t (np. $a \equiv a(t)$).
- W przypadku, gdy istotne jest rozróżnienie stanów w różnych chwilach czasu (np. t_1 i t_2) wtedy stosowane są oznaczenia w pełnej postaci (np. $a(t_1)$, $a(t_2)$).

A.2. Ważniejsze symbole i oznaczenia

$\|\cdot\|$ — norma

$\xrightarrow{s_i(t),z(t)-}$ — relacja zachodząca pomiędzy gatunkiem $s_i(t)$ i innymi gatunkami występującymi w systemie $CoEMAS(t)$ w chwili t , w której wykorzystywana jest akcja $z(t) \in Z^{s_i}(t)$. Wykonanie tej akcji przez agenta gatunku $s_i(t)$ powoduje obniżenie przystosowania przejawianego pewnego agenta innego gatunku pozostającego w relacji z gatunkiem $s_i(t)$

$\xrightarrow{s_i(t),z(t)+}$ — relacja zachodząca pomiędzy gatunkiem $s_i(t)$ i innymi gatunkami występującymi w systemie $CoEMAS(t)$ w chwili t , w której wykorzystywana jest akcja $z(t) \in Z^{s_i}(t)$. Wykonanie tej akcji przez agenta gatunku $s_i(t)$ powoduje zwiększenie przystosowania przejawianego pewnego agenta innego gatunku pozostającego w relacji z gatunkiem $s_i(t)$

$\xrightarrow{sx_i(t),z(t)-}$ — relacja zachodząca pomiędzy płcią $sx_i(t)$ i innymi płciami występującymi w ramach tego samego gatunku w chwili t , w której wykorzystywana jest akcja $z(t) \in Z^{sx_i}(t)$. Wykonanie tej akcji przez agenta płci $sx_i(t)$ powoduje obniżenie przystosowania przejawianego pewnego agenta innej płci pozostającej w relacji z płcią $sx_i(t)$

$\xrightarrow{sx_i(t),z(t)+}$ — relacja zachodząca pomiędzy płcią $sx_i(t)$ i innymi płciami występującymi w ramach tego samego gatunku w chwili t , w której wykorzystywana jest akcja $z(t) \in Z^{sx_i}(t)$. Wykonanie tej akcji przez agenta płci $sx_i(t)$ powoduje zwiększenie przystosowania przejawianego pewnego agenta innej płci pozostającej w relacji z płcią $sx_i(t)$

$\xrightarrow{sx_i(t),z_k(t)+}$
 $z_l(t)-,z_m(t)-$ — relacja zachodząca pomiędzy płcią $sx_i(t)$ i innymi płciami występującymi w ramach tego samego gatunku (w chwili t), w której wykorzystywana jest akcja $z_k(t) \in Z^{sx_i}(t)$. Wykonanie akcji $z_k(t)$ (wybór partnera do reprodukcji) przez agenta $a^{sx_i}(t)$ powoduje chwilowe (lub trwałe) zwiększenie przystosowania przejawianego pewnego agenta $a^{sx_j}(t)$ ($sx_j(t) \xrightarrow{sx_i(t),z_k(t)+} sx_i(t)$,
 $z_l(t)-,z_m(t)-$). Akcja ta pociąga za sobą wykonanie przez agenta $a^{sx_i}(t)$ akcji $z_l(t)$ (powodującej utratę zasobów w wyniku wydania na świat potomstwa i opieki nad nim) oraz wykonanie akcji $z_m(t)$ (powodującej utratę zasobów w wyniku reprodukcji) przez agenta $a^{sx_j}(t)$. Akcje $z_l(t)$ oraz $z_m(t)$ powodują obniżenie przystosowania przejawianego, odpowiednio, agentów $a^{sx_i}(t)$ oraz $a^{sx_j}(t)$

$a(t)$ — agent (osobnik)

$a_i(t)$ — i -ty agent (osobnik)

$a^s(t)$ — agent (osobnik) gatunku $s(t)$

$a_i^s(t)$ — i -ty agent (osobnik) gatunku $s(t)$

$a^{sx}(t)$ — agent (osobnik) płci $sx(t)$

$a_i^{sx}(t)$ — i -ty agent (osobnik) płci $sx(t)$

$a^{sx,s}(t)$ — agent (osobnik) płci $sx(t)$ gatunku $s(t)$

$a_i^{sx,s}(t)$ — i -ty agent (osobnik) płci $sx(t)$ gatunku $s(t)$

$c(\cdot)$ — funkcja kosztu

$dist^H(v_i(t), v_j(t))$ — odległość pomiędzy dwoma wierzchołkami grafu $H(t)$ w pewnej metryce.

$dist^D(fen(a_i), fen(a_j))$ — odległość agentów (osobników) a_i oraz a_j w pewnej metryce w przestrzeni fenotypów D .

$dist^G(gen(a_i), gen(a_j))$ — odległość agentów (osobników) a_i oraz a_j w pewnej metryce w przestrzeni genotypów G .

$dist(a_i, a_j)$ — odległość agentów (osobników) a_i oraz a_j w pewnej metryce w przestrzeni genotypów lub fenotypów.

$f(\vec{x})$ — funkcja celu

$fen(a)$ — funkcja $I \rightarrow D$, której wartością jest fenotyp agenta (osobnika) a

$gen(a)$ — funkcja $I \rightarrow G$, której wartością jest genotyp agenta (osobnika) a

$gl(t)$ — cel realizowany przez agenta w ramach pewnego profilu

$gl^*(t)$ — cel aktywny (przeznaczony do realizacji w chwili t)

gn^a — genotyp agenta (osobnika) a ,

$i^\omega(t)$ — informacja rodzaju ω w chwili t

$i^{\omega,v}(t)$ — informacja rodzaju ω znajdująca się w wierzchołku $v(t)$ w chwili t

$l(a)$ — funkcja lokalizacji

lok — metoda optymalizacji lokalnej

$r^\gamma(t)$ — ilość zasobu rodzaju γ w chwili t

$r^{\gamma,a}(t)$ — ilość zasobu rodzaju γ będąca w posiadaniu agenta $a(t)$ w chwili t

$r^{\gamma,v}(t)$ — ilość zasobu rodzaju γ znajdująca się w chwili t w wierzchołku $v(t)$

$s(t)$ — gatunek

$s_i(t)$ — i -ty gatunek

$st(t)$ — strategia, $st(t) = \langle z_1(t), z_2(t), \dots, z_k(t) \rangle$, $st(t) \in ST^{pr,a}(t)$, $z_i(t) \in Z^a(t)$

$sx(t)$ — płeć

$sx_i(t)$ — i -ta płeć

$sx_i^s(t)$ — i -ta płeć gatunku $s(t)$

\vec{x} — wektor wartości zmiennych niezależnych

- \vec{x}^{a_j} — wektor wartości zmiennych niezależnych (fenotyp) agenta (osobnika) a_j
- $x_i^{a_j}$ — i -ta wartość wektora \vec{x}^{a_j}
- \vec{x}^* — minimum globalne
- \vec{x}^+ — minimum lokalne
- $z(t)$ — akcja, którą może wykonać agent
- $A(t)$ — zbiór agentów (osobników) występujących w systemie w chwili t (populacja bazowa pokolenia t)
- $|A(t)|$ — moc zbioru $A(t)$
- $A^v(t)$ — zbiór agentów (osobników) znajdujących się w wierzchołku $v(t)$
- $A^s(t)$ — zbiór agentów (osobników) gatunku $s(t)$
- $A^{sx}(t)$ — zbiór agentów (osobników) płci $sx(t)$
- $A^{sx,s}(t)$ — zbiór agentów (osobników) płci $sx(t)$ gatunku $s(t)$
- $B(t)$ — zbiór łuków grafu $H(t)$
- $B(W(t))$ — podzbiór zbioru łuków $B(t)$ zawierający łuki należące do ścieżki $W(t)$
- $BA(\vec{x}^+)$ — basen przyciągania właściwego minimum lokalnego \vec{x}^+
- $C^s(t)$ — zbiór relacji gatunku $s(t)$ z innymi gatunkami występującymi w systemie $CoEMAS(t)$ w chwili t
- $C^{sx}(t)$ — zbiór relacji płci $sx(t)$ z innymi płciami tego samego gatunku
- $CoEMAS(t)$ — koewolucyjny system wieloagentowy
- D — zbiór dopuszczalny (przestrzeń fenotypów): unormowana przestrzeń wektorowa nad ciałem $K = \mathbb{R}$, $D \equiv \langle D, \|\cdot\| \rangle$ ($D \subseteq X$)
- D^{min} — zbiór minimów lokalnych ($D^{min} \subseteq D$)
- D^{min+} — zbiór minimów lokalnych będących rozwiązaniami problemu optymalizacji wielomodalnej ($D^{min+} \subseteq D^{min}$)
- $E(t)$ — środowisko systemu $CoEMAS(t)$
- G — przestrzeń genotypów
- $GL^{pr,a}(t)$ — uporządkowany zbiór celów ($GL^{pr,a}(t) \equiv \langle GL^{pr,a}(t), \preceq \rangle$), które agent $a(t)$ realizuje w ramach profilu $pr(t)$
- $H(t)$ — graf
- I — przestrzeń agentów (osobników)

$M^{pr,a}(t)$ — zbiór informacji wykorzystywanych w profilu $pr(t)$, które reprezentują wiedzę agenta $a(t)$ o środowisku i pozostałych agentach w chwili t

$O^\varepsilon(\vec{x})$ — otoczenie punktu \vec{x} o promieniu ε

$PR^a(t)$ — uporządkowany zbiór profilów agenta $a(t)$ ze zdefiniowaną relacją porządkującą \preceq ($PR^a(t) \equiv \langle PR^a(t), \preceq \rangle$)

$RST^{pr,a}(t)$ — zbiór strategii, które są realizowane w ramach profilu $pr(t)$ agenta $a(t)$

$S(t)$ — zbiór gatunków

$SA^{lok}(\vec{x}^+)$ — obszar przyciągania właściwego minimum lokalnego \vec{x}^+ dla ściśle malejącej metody optymalizacji lokalnej *lok*

$ST^{pr,a}(t)$ — uporządkowany zbiór strategii ($ST^{pr,a}(t) \equiv \langle ST^{pr,a}(t), \preceq \rangle$), które agent $a(t)$ może zastosować w profilu $pr(t)$, aby zrealizować pewien cel aktywny tego profilu w chwili t

$SX(t)$ — zbiór płci

$SX^s(t)$ — zbiór płci występujących w ramach gatunku $s(t)$

$T^E(t)$ — topografia środowiska $E(t)$

$V(t)$ — zbiór wierzchołków grafu $H(t)$

$W(t)$ — ścieżka w grafie $H(t)$

X — przestrzeń poszukiwań: unormowana przestrzeń wektorowa nad ciałem $K = \mathbb{R}$, $X \equiv \langle X, \|\cdot\| \rangle$

$Z^s(t)$ — zbiór akcji, które mogą być wykonane przez agentów gatunku $s(t)$

$Z^{sx}(t)$ — zbiór akcji, które mogą być wykonane przez agentów płci $sx(t)$

$Z^{sx,s}(t)$ — zbiór akcji, które mogą być wykonane przez agentów płci $sx(t)$ gatunku $s(t)$

$Z^a(t)$ — zbiór akcji, które mogą być wykonane przez agenta $a(t)$

λ — liczebność populacji potomnej

μ — liczebność populacji bazowej, $\mu = |A(t)|$

$\xi_{N(0,1)}$ — realizacja zmiennej losowej o standaryzowanym rozkładzie normalnym

$\xi_{U(0,1)}$ — realizacja zmiennej losowej o rozkładzie jednostajnym na odcinku $(0; 1)$

$\xi_{U[0,1]}$ — realizacja zmiennej losowej o rozkładzie jednostajnym na odcinku $[0; 1]$

$\vec{\sigma}$ — wektor wartości odchyłeń standardowych

$\vec{\sigma}^{a_j}$ — wektor wartości odchyłeń standardowych agenta (osobnika) a_j

$\sigma_i^{a_j}$ — i -ta wartość wektora $\vec{\sigma}^{a_j}$

$\varphi(a)$ — funkcja przystosowania

$\varphi^{exp}(a)$ — funkcja przystosowania przejawianego

$\Gamma(t)$ — zbiór rodzajów zasobów występujących w systemie $CoEMAS(t)$

$\Gamma^E(t)$ — zbiór rodzajów zasobów występujących w środowisku $E(t)$

$\Gamma^v(t)$ — zbiór rodzajów zasobów występujących w wierzchołku $v(t)$

$\Gamma^a(t)$ — zbiór rodzajów zasobów, które wykorzystuje agent $a(t)$

$\Gamma^{pr,a}(t)$ — zbiór rodzajów zasobów, które są wykorzystywane w profilu $pr(t)$ agenta $a(t)$

$\Omega(t)$ — zbiór rodzajów informacji występujących w systemie $CoEMAS$

$\Omega^E(t)$ — zbiór rodzajów informacji występujących w środowisku $E(t)$

$\Omega^v(t)$ — zbiór rodzajów informacji występujących w wierzchołku $v(t)$

$\Omega^a(t)$ — zbiór rodzajów informacji, które posiada i wykorzystuje agent $a(t)$

$\Omega^{pr,a}(t)$ — zbiór rodzajów informacji, które są wykorzystywane w profilu $pr(t)$ agenta $a(t)$

Dodatek B

GNU Free Documentation License

Version 1.2, November 2002
Copyright ©2000,2001,2002 Free Software Foundation, Inc.

51 Franklin St, Fifth Floor, Boston, MA 02110-1301 USA

Everyone is permitted to copy and distribute verbatim copies of this license document, but changing it is not allowed.

Preamble

The purpose of this License is to make a manual, textbook, or other functional and useful document “free” in the sense of freedom: to assure everyone the effective freedom to copy and redistribute it, with or without modifying it, either commercially or noncommercially. Secondly, this License preserves for the author and publisher a way to get credit for their work, while not being considered responsible for modifications made by others.

This License is a kind of “copyleft”, which means that derivative works of the document must themselves be free in the same sense. It complements the GNU General Public License, which is a copyleft license designed for free software.

We have designed this License in order to use it for manuals for free software, because free software needs free documentation: a free program should come with manuals providing the same freedoms that the software does. But this License is not limited to software manuals; it can be used for any textual work, regardless of subject matter or whether it is published as a printed book. We recommend this License principally for works whose purpose is instruction or reference.

1. APPLICABILITY AND DEFINITIONS

This License applies to any manual or other work, in any medium, that contains a notice placed by the copyright holder saying it can be distributed under the terms of this License. Such a notice grants a world-wide, royalty-free license, unlimited in duration, to use that work under the conditions stated herein. The “**Document**”, below, refers to any such manual or work. Any member of the public is a licensee, and is addressed as “**you**”. You accept the license if you copy, modify or distribute the work in a way requiring permission under copyright law.

A **“Modified Version”** of the Document means any work containing the Document or a portion of it, either copied verbatim, or with modifications and/or translated into another language.

A **“Secondary Section”** is a named appendix or a front-matter section of the Document that deals exclusively with the relationship of the publishers or authors of the Document to the Document’s overall subject (or to related matters) and contains nothing that could fall directly within that overall subject. (Thus, if the Document is in part a textbook of mathematics, a Secondary Section may not explain any mathematics.) The relationship could be a matter of historical connection with the subject or with related matters, or of legal, commercial, philosophical, ethical or political position regarding them.

The **“Invariant Sections”** are certain Secondary Sections whose titles are designated, as being those of Invariant Sections, in the notice that says that the Document is released under this License. If a section does not fit the above definition of Secondary then it is not allowed to be designated as Invariant. The Document may contain zero Invariant Sections. If the Document does not identify any Invariant Sections then there are none.

The **“Cover Texts”** are certain short passages of text that are listed, as Front-Cover Texts or Back-Cover Texts, in the notice that says that the Document is released under this License. A Front-Cover Text may be at most 5 words, and a Back-Cover Text may be at most 25 words.

A **“Transparent”** copy of the Document means a machine-readable copy, represented in a format whose specification is available to the general public, that is suitable for revising the document straightforwardly with generic text editors or (for images composed of pixels) generic paint programs or (for drawings) some widely available drawing editor, and that is suitable for input to text formatters or for automatic translation to a variety of formats suitable for input to text formatters. A copy made in an otherwise Transparent file format whose markup, or absence of markup, has been arranged to thwart or discourage subsequent modification by readers is not Transparent. An image format is not Transparent if used for any substantial amount of text. A copy that is not “Transparent” is called **“Opaque”**.

Examples of suitable formats for Transparent copies include plain ASCII without markup, Texinfo input format, LaTeX input format, SGML or XML using a publicly available DTD, and standard-conforming simple HTML, PostScript or PDF designed for human modification. Examples of transparent image formats include PNG, XCF and JPG. Opaque formats include proprietary formats that can be read and edited only by proprietary word processors, SGML or XML for which the DTD and/or processing tools are not generally available, and the machine-generated HTML, PostScript or PDF produced by some word processors for output purposes only.

The **“Title Page”** means, for a printed book, the title page itself, plus such following pages as are needed to hold, legibly, the material this License requires to appear in the title page. For works in formats which do not have any title page as such, “Title Page” means the text near the most prominent appearance of the work’s title, preceding the beginning of the body of the text.

A section **“Entitled XYZ”** means a named subunit of the Document whose title either is precisely XYZ or contains XYZ in parentheses following text that translates

XYZ in another language. (Here XYZ stands for a specific section name mentioned below, such as “**Acknowledgements**”, “**Dedications**”, “**Endorsements**”, or “**History**”). To “**Preserve the Title**” of such a section when you modify the Document means that it remains a section “Entitled XYZ” according to this definition.

The Document may include Warranty Disclaimers next to the notice which states that this License applies to the Document. These Warranty Disclaimers are considered to be included by reference in this License, but only as regards disclaiming warranties: any other implication that these Warranty Disclaimers may have is void and has no effect on the meaning of this License.

2. VERBATIM COPYING

You may copy and distribute the Document in any medium, either commercially or noncommercially, provided that this License, the copyright notices, and the license notice saying this License applies to the Document are reproduced in all copies, and that you add no other conditions whatsoever to those of this License. You may not use technical measures to obstruct or control the reading or further copying of the copies you make or distribute. However, you may accept compensation in exchange for copies. If you distribute a large enough number of copies you must also follow the conditions in section 3.

You may also lend copies, under the same conditions stated above, and you may publicly display copies.

3. COPYING IN QUANTITY

If you publish printed copies (or copies in media that commonly have printed covers) of the Document, numbering more than 100, and the Document’s license notice requires Cover Texts, you must enclose the copies in covers that carry, clearly and legibly, all these Cover Texts: Front-Cover Texts on the front cover, and Back-Cover Texts on the back cover. Both covers must also clearly and legibly identify you as the publisher of these copies. The front cover must present the full title with all words of the title equally prominent and visible. You may add other material on the covers in addition. Copying with changes limited to the covers, as long as they preserve the title of the Document and satisfy these conditions, can be treated as verbatim copying in other respects.

If the required texts for either cover are too voluminous to fit legibly, you should put the first ones listed (as many as fit reasonably) on the actual cover, and continue the rest onto adjacent pages.

If you publish or distribute Opaque copies of the Document numbering more than 100, you must either include a machine-readable Transparent copy along with each Opaque copy, or state in or with each Opaque copy a computer-network location from which the general network-using public has access to download using public-standard network protocols a complete Transparent copy of the Document, free of added material. If you use the latter option, you must take reasonably prudent steps, when you begin distribution of Opaque copies in quantity, to ensure that this Transparent copy will remain thus accessible at the stated location until at least one year after the last time you distribute an Opaque copy (directly or through your agents or retailers) of that edition to the public.

It is requested, but not required, that you contact the authors of the Document well before redistributing any large number of copies, to give them a chance to provide you with an updated version of the Document.

4. MODIFICATIONS

You may copy and distribute a Modified Version of the Document under the conditions of sections 2 and 3 above, provided that you release the Modified Version under precisely this License, with the Modified Version filling the role of the Document, thus licensing distribution and modification of the Modified Version to whoever possesses a copy of it. In addition, you must do these things in the Modified Version:

- A. Use in the Title Page (and on the covers, if any) a title distinct from that of the Document, and from those of previous versions (which should, if there were any, be listed in the History section of the Document). You may use the same title as a previous version if the original publisher of that version gives permission.
- B. List on the Title Page, as authors, one or more persons or entities responsible for authorship of the modifications in the Modified Version, together with at least five of the principal authors of the Document (all of its principal authors, if it has fewer than five), unless they release you from this requirement.
- C. State on the Title page the name of the publisher of the Modified Version, as the publisher.
- D. Preserve all the copyright notices of the Document.
- E. Add an appropriate copyright notice for your modifications adjacent to the other copyright notices.
- F. Include, immediately after the copyright notices, a license notice giving the public permission to use the Modified Version under the terms of this License, in the form shown in the Addendum below.
- G. Preserve in that license notice the full lists of Invariant Sections and required Cover Texts given in the Document's license notice.
- H. Include an unaltered copy of this License.
- I. Preserve the section Entitled "History", Preserve its Title, and add to it an item stating at least the title, year, new authors, and publisher of the Modified Version as given on the Title Page. If there is no section Entitled "History" in the Document, create one stating the title, year, authors, and publisher of the Document as given on its Title Page, then add an item describing the Modified Version as stated in the previous sentence.
- J. Preserve the network location, if any, given in the Document for public access to a Transparent copy of the Document, and likewise the network locations given in the Document for previous versions it was based on. These may be

placed in the “History” section. You may omit a network location for a work that was published at least four years before the Document itself, or if the original publisher of the version it refers to gives permission.

- K. For any section Entitled “Acknowledgements” or “Dedications”, Preserve the Title of the section, and preserve in the section all the substance and tone of each of the contributor acknowledgements and/or dedications given therein.
- L. Preserve all the Invariant Sections of the Document, unaltered in their text and in their titles. Section numbers or the equivalent are not considered part of the section titles.
- M. Delete any section Entitled “Endorsements”. Such a section may not be included in the Modified Version.
- N. Do not retitle any existing section to be Entitled “Endorsements” or to conflict in title with any Invariant Section.
- O. Preserve any Warranty Disclaimers.

If the Modified Version includes new front-matter sections or appendices that qualify as Secondary Sections and contain no material copied from the Document, you may at your option designate some or all of these sections as invariant. To do this, add their titles to the list of Invariant Sections in the Modified Version’s license notice. These titles must be distinct from any other section titles.

You may add a section Entitled “Endorsements”, provided it contains nothing but endorsements of your Modified Version by various parties—for example, statements of peer review or that the text has been approved by an organization as the authoritative definition of a standard.

You may add a passage of up to five words as a Front-Cover Text, and a passage of up to 25 words as a Back-Cover Text, to the end of the list of Cover Texts in the Modified Version. Only one passage of Front-Cover Text and one of Back-Cover Text may be added by (or through arrangements made by) any one entity. If the Document already includes a cover text for the same cover, previously added by you or by arrangement made by the same entity you are acting on behalf of, you may not add another; but you may replace the old one, on explicit permission from the previous publisher that added the old one.

The author(s) and publisher(s) of the Document do not by this License give permission to use their names for publicity for or to assert or imply endorsement of any Modified Version.

5. COMBINING DOCUMENTS

You may combine the Document with other documents released under this License, under the terms defined in section 4 above for modified versions, provided that you include in the combination all of the Invariant Sections of all of the original documents, unmodified, and list them all as Invariant Sections of your combined work in its license notice, and that you preserve all their Warranty Disclaimers.

The combined work need only contain one copy of this License, and multiple identical Invariant Sections may be replaced with a single copy. If there are multiple

Invariant Sections with the same name but different contents, make the title of each such section unique by adding at the end of it, in parentheses, the name of the original author or publisher of that section if known, or else a unique number. Make the same adjustment to the section titles in the list of Invariant Sections in the license notice of the combined work.

In the combination, you must combine any sections Entitled “History” in the various original documents, forming one section Entitled “History”; likewise combine any sections Entitled “Acknowledgements”, and any sections Entitled “Dedications”. You must delete all sections Entitled “Endorsements”.

6. COLLECTIONS OF DOCUMENTS

You may make a collection consisting of the Document and other documents released under this License, and replace the individual copies of this License in the various documents with a single copy that is included in the collection, provided that you follow the rules of this License for verbatim copying of each of the documents in all other respects.

You may extract a single document from such a collection, and distribute it individually under this License, provided you insert a copy of this License into the extracted document, and follow this License in all other respects regarding verbatim copying of that document.

7. AGGREGATION WITH INDEPENDENT WORKS

A compilation of the Document or its derivatives with other separate and independent documents or works, in or on a volume of a storage or distribution medium, is called an “aggregate” if the copyright resulting from the compilation is not used to limit the legal rights of the compilation’s users beyond what the individual works permit. When the Document is included in an aggregate, this License does not apply to the other works in the aggregate which are not themselves derivative works of the Document.

If the Cover Text requirement of section 3 is applicable to these copies of the Document, then if the Document is less than one half of the entire aggregate, the Document’s Cover Texts may be placed on covers that bracket the Document within the aggregate, or the electronic equivalent of covers if the Document is in electronic form. Otherwise they must appear on printed covers that bracket the whole aggregate.

8. TRANSLATION

Translation is considered a kind of modification, so you may distribute translations of the Document under the terms of section 4. Replacing Invariant Sections with translations requires special permission from their copyright holders, but you may include translations of some or all Invariant Sections in addition to the original versions of these Invariant Sections. You may include a translation of this License, and all the license notices in the Document, and any Warranty Disclaimers, provided that you also include the original English version of this License and the original

versions of those notices and disclaimers. In case of a disagreement between the translation and the original version of this License or a notice or disclaimer, the original version will prevail.

If a section in the Document is Entitled “Acknowledgements”, “Dedications”, or “History”, the requirement (section 4) to Preserve its Title (section 1) will typically require changing the actual title.

9. TERMINATION

You may not copy, modify, sublicense, or distribute the Document except as expressly provided for under this License. Any other attempt to copy, modify, sublicense or distribute the Document is void, and will automatically terminate your rights under this License. However, parties who have received copies, or rights, from you under this License will not have their licenses terminated so long as such parties remain in full compliance.

10. FUTURE REVISIONS OF THIS LICENSE

The Free Software Foundation may publish new, revised versions of the GNU Free Documentation License from time to time. Such new versions will be similar in spirit to the present version, but may differ in detail to address new problems or concerns. See <http://www.gnu.org/copyleft/>.

Each version of the License is given a distinguishing version number. If the Document specifies that a particular numbered version of this License “or any later version” applies to it, you have the option of following the terms and conditions either of that specified version or of any later version that has been published (not as a draft) by the Free Software Foundation. If the Document does not specify a version number of this License, you may choose any version ever published (not as a draft) by the Free Software Foundation.

ADDENDUM: How to use this License for your documents

To use this License in a document you have written, include a copy of the License in the document and put the following copyright and license notices just after the title page:

Copyright ©YEAR YOUR NAME. Permission is granted to copy, distribute and/or modify this document under the terms of the GNU Free Documentation License, Version 1.2 or any later version published by the Free Software Foundation; with no Invariant Sections, no Front-Cover Texts, and no Back-Cover Texts. A copy of the license is included in the section entitled “GNU Free Documentation License”.

If you have Invariant Sections, Front-Cover Texts and Back-Cover Texts, replace the “with...Texts.” line with this:

with the Invariant Sections being LIST THEIR TITLES, with the Front-Cover Texts being LIST, and with the Back-Cover Texts being LIST.

If you have Invariant Sections without Cover Texts, or some other combination of the three, merge those two alternatives to suit the situation.

If your document contains nontrivial examples of program code, we recommend releasing these examples in parallel under your choice of free software license, such as the GNU General Public License, to permit their use in free software.

Literatura

- [1] Adamidis P.: Parallel evolutionary algorithms: A review, [w:] *Proceedings of the 4th Hellenic-European Conference on Computer Mathematics and its Applications (HERCMA 1998)*, Athens, Greece, 1998.
- [2] Allenson R.: Genetic algorithms with gender for multi-function optimisation, Raport EPCC-SS92-01, Edinburgh Parallel Computing Centre, Edinburgh, Scotland, 1992.
- [3] Angeline P. J., Michalewicz Z., Schoenauer M., Yao X., Zalzal A. (red.): *Proceedings of the 1999 Congress on Evolutionary Computation (CEC-1999)*, IEEE Press, Piscataway, NJ, USA, 1999.
- [4] Angeline P. J., Pollack J. B.: Competitive environments evolve better solutions for complex tasks, [w:] Forrest [65], str. 264–270.
- [5] Arabas J.: *Wykłady z algorytmów ewolucyjnych*, WNT, Warszawa, 2001.
- [6] Axelrod R. M.: The evolution of strategies in the iterated prisoner's dilemma, [w:] Davis L. (red.), *Genetic Algorithms and Simulated Annealing*, rozdz. 3, str. 32–41, Morgan Kaufmann, Los Altos, CA, USA, 1987.
- [7] Bäck T. (red.): *Proceedings of the 7th International Conference on Genetic Algorithms*, Morgan Kaufmann, 1997.
- [8] Bäck T., Fogel D., Michalewicz Z. (red.): *Handbook of Evolutionary Computation*, IOP Publishing and Oxford University Press, 1997.
- [9] Bäck T., Fogel D. B., Whitley D., Angeline P. J.: Mutation, [w:] Bäck i in. [8].
- [10] Bäck T., Schwefel H.-P.: Evolutionary computation: An overview, [w:] Fukuda i Furuhashi [67].
- [11] Beasley D., Bull D. R., Martin R. R.: A sequential niche technique for multimodal function optimization, *Evolutionary Computation*, 1(2):101–125, 1993.
- [12] Begon M., Mortimer M., Thompson D. J.: *Ekologia populacji. Studium porównawcze roślin i zwierząt*, PWN, Warszawa, 1999.
- [13] Bonissone S., Subbu R.: Exploring the pareto frontier using multi-sexual evolutionary algorithms: An application to a flexible manufacturing problem, Raport 2003GRC083, GE Global Research, 2003.

-
- [14] Booker L. B., Fogel D. B., Whitley D., Angeline P. J.: Recombination, [w:] Bäck i in. [8].
- [15] Bradshaw J. M. (red.): *Software Agents*, AAAI Press, 1997.
- [16] Brooks R., Maes P. (red.): *Artificial Life IV: Proceedings of the Fourth International Workshop on the Synthesis and Simulation of Living Systems*, Bradford Books, 1994.
- [17] Bubak M., van Albada G. D., Sloot P. M. A., Dongarra J. J. (red.): *Proceedings of the 4th International Conference Computational Science (ICCS 2004)*, tom 3038 serii LNCS, Springer-Verlag, Berlin, Heidelberg, 2004.
- [18] Byrski A., Kisiel-Dorohinicki M., Nawarecki E.: Agent-based evolution of neural network architecture, [w:] Hamza M. (red.), *Proceedings of the IASTED International Symposium: Applied Informatics*, IASTED/ACTA Press, 2002.
- [19] Bäck T., Schwefel H.-P.: An overview of evolutionary algorithms for parameter optimisation, *Evolutionary Computation*, 1(1):1–23, 1993.
- [20] Bäck T., Schwefel H.-P.: Evolution strategies I: Variants and their computational implementation, [w:] Winter i in. [201], str. 111–126.
- [21] Cantú-Paz E.: A survey of parallel genetic algorithms, *Calculateurs Paralleles, Reseaux et Systems Repartis*, 10(2):141–171, 1998.
- [22] Cantú-Paz E.: *Designing Efficient and Accurate Parallel Genetic Algorithms*, Rozprawa doktorska, University of Illinois at Urbana-Champaign, Urbana, IL, USA, 1999.
- [23] Cedeño W.: *The Multi-Niche Crowding Genetic Algorithm: Analysis and Applications*, Rozprawa doktorska, University of California, Davis CA, USA, 1995.
- [24] Cedeño W., Vemuri V. R.: On the use of niching for dynamic landscapes, [w:] *Proceedings of the Fourth IEEE Conference on Evolutionary Computation*, IEEE Press, Piscataway NJ, 1997.
- [25] Cedeño W., Vemuri V. R.: Analysis of speciation and niching in the multi-niche crowding ga, *Theoretical Computer Science*, 229, 1999.
- [26] Cedeño W., Vemuri V. R., Slezak T.: Multi-niche crowding in genetic algorithms and its application to the assembly of DNA restriction-fragments, *Evolutionary Computation*, 2(4):321–345, 1994.
- [27] Cetnarowicz E., Nawarecki E., Cetnarowicz K.: Agent oriented technology of decentralized systems based on the M-Agent architecture, [w:] *Proceedings of the Conference on Management and Control of Production and Logistics (MCPL'97)*, IFAC/PERGAMON, 1997.
- [28] Cetnarowicz K.: *Problemy projektowania i realizacji systemów wieloagentowych*, Uczelniane Wydawnictwa Naukowo-Dydaktyczne AGH, Kraków, 1999.

- [29] Cetnarowicz K., Kisiel-Dorohinicki M., Nawarecki E.: The application of evolution process in multi-agent world to the prediction system, [w:] Tokoro M. (red.), *Proceedings of the 2nd International Conference on Multi-Agent Systems (ICMAS 1996)*, AAAI Press, Menlo Park, CA, 1996.
- [30] Cetnarowicz K., Nawarecki E., Zabinska M.: M-Agent architecture and its application to the agent oriented technology, [w:] *Proceedings of the International Workshop — Distributed Artificial Intelligence and Multi-Agent Systems (W-DAIMAS'97)*, St. Petersburg, Russia, 1997.
- [31] Cliff D., Miller G. F.: Tracking the red queen: Measurements of adaptive progress in co-evolutionary simulations, [w:] Morán F., Moreno A., Merelo Guervós J. J., Chacón P. (red.), *Advances in Artificial Life: Proceedings of the Third European Conference on Artificial Life*, tom 929 serii LNCS, str. 200–218, Springer-Verlag, 1995.
- [32] Cliff D., Miller G. F.: Co-evolution of pursuit and evasion II: Simulation methods and results, [w:] Maes P., Mataric M. J., Meyer J.-A., Pollack J. B., Wilson S. W. (red.), *Proceedings of the Fourth International Conference on Simulation of Adaptive Behavior: From animals to animats 4*, str. 506–515, The MIT Press, Cambridge, MA, 1996.
- [33] Combes C.: *Ekologia i ewolucja pasożytnictwa. Długotrwałe wzajemne oddziaływanie*, PWN, Warszawa, 1999.
- [34] Cordón O., Herrera F.: Hybridizing genetic algorithms with sharing scheme and evolution strategies for designing approximate fuzzy rule-based systems, *Fuzzy sets and systems*, 118, 2001.
- [35] Darwen P., Yao Y.: Every niching method has its niche: Fitness sharing and implicit sharing compared, [w:] Voigt i in. [190], str. 398–407.
- [36] Darwen P. J.: *Co-evolutionary Learning by Automatic Modularisation with Speciation*, Rozprawa doktorska, University College, University of New South Wales, Australian Defence Force Academy, 1996.
- [37] Darwen P. J.: Computationally intensive and noisy tasks: Co-evolutionary learning and temporal difference learning on backgammon, [w:] *Congress on Evolutionary Computation 2000 (CEC-2000)* [89], str. 872–879.
- [38] Darwen P. J., Yao X.: On evolving robust strategies for iterated prisoner's dilemma, [w:] Yao X. (red.), *Process in Evolutionary Computation, AI'93 and AI'94 Workshops on Evolutionary Computation, Selected Papers*, tom 956 serii LNCS, Springer-Verlag, 1995.
- [39] Darwen P. J., Yao X.: Speciation as automatic categorical modularization, *IEEE Trans. on Evolutionary Computation*, 1(2):100–108, 1997.
- [40] Darwin K.: *O powstawaniu gatunków drogą doboru naturalnego*, PWRiL, Warszawa, 1959.

-
- [41] Davidor Y., Schwefel H.-P., Männer R. (red.): *Parallel Problem Solving from Nature — PPSN III*, tom 866 serii *LNCS*, Springer-Verlag, Berlin, 1994.
- [42] Dawkins R.: *Ślepy zegarmistrz*, PIW, Warszawa, 1997.
- [43] De Jong K. A.: *An analysis of the behavior of a class of genetic adaptive systems*, Rozprawa doktorska, University of Michigan, Ann Arbor, Michigan, USA, 1975.
- [44] Deb K.: *Multi-Objective Optimization using Evolutionary Algorithms*, John Wiley & Sons, 2001.
- [45] Deb K., Goldberg D. E.: An investigation of niche and species formation in genetic function optimization, [w:] Schaffer J. D. (red.), *Proceedings of the 3rd International Conference on Genetic Algorithms*, str. 42–50, Morgan Kaufmann, 1989.
- [46] Deb K., Spears W. M.: Speciation methods, [w:] Bäck i in. [8].
- [47] Dobrowolski G.: *Technologie agentowe w zdecentralizowanych systemach informacyjno-decyzyjnych*, Uczelniane Wydawnictwa Naukowo-Dydaktyczne AGH, Kraków, 2002.
- [48] Dobrowolski G., Kisiel-Dorohinicki M., Nawarecki E.: Evolutionary multi-agent system in multiobjective optimisation, [w:] Hamza M. (red.), *Proceedings of the IASTED International Symposium: Applied Informatics*, IASTED/ACTA Press, 2001.
- [49] Doebeli M., Dieckmann U.: Evolutionary branching and sympatric speciation caused by different types of ecological interactions, Raport IR-00-040, International Institute for Applied Systems Analysis, July 2000.
- [50] Dreżewski R.: A model of co-evolution in multi-agent system, [w:] Mařík V., Müller J., Pěchouček M. (red.), *Multi-Agent Systems and Applications III*, tom 2691 serii *LNCS*, str. 314–323, Springer-Verlag, Berlin, Heidelberg, 2003.
- [51] Dreżewski R.: A co-evolutionary multi-agent system for multi-modal function optimization, [w:] Bubak i in. [17], str. 654–661.
- [52] Dreżewski R., Cetnarowicz K.: Niching techniques based on sexual conflict in co-evolutionary multi-agent system, [w:] Lefranc G. (red.), *Proceedings of the Conference on Management and Control of Production and Logistics (MCPL 2004)*, str. 307–312, IFAC/IEEE/ACCA, Universidad de Las Américas, 2004.
- [53] Eiben A. E., Bäck T., Schoenauer M., Schwefel H.-P. (red.): *Parallel Problem Solving from Nature — PPSN V*, tom 1498 serii *LNCS*, Springer-Verlag, 1998.
- [54] Eshelman L. J. (red.): *Proceedings of the 6th International Conference on Genetic Algorithms*, Morgan Kaufmann, 1995.
- [55] Eshelman L. J.: Genetic algorithms, [w:] Bäck i in. [8].

- [56] Ferber J.: *Multi-Agent Systems: An Introduction to Distributed Artificial Intelligence*, Addison-Wesley, 1999.
- [57] Ficici S. G., Pollack J. B.: Challenges in coevolutionary learning: Arms-race dynamics, open-endedness, and mediocre stable states, [w:] Adami C., Belew R. K., Kitano H., Taylor C. E. (red.), *Artificial Life VI: Proceedings of the Sixth International Conference on Artificial Life (Complex Adaptive Systems)*, Bradford Books, 1998.
- [58] Ficici S. G., Pollack J. B.: Coevolving communicative behavior in a linear pursuer-evader game, [w:] Pfeifer i in. [159], str. 263–269.
- [59] Ficici S. G., Pollack J. B.: A game-theoretic approach to the simple coevolutionary algorithm, [w:] Schoenauer M., Deb K., Rudolph G., Yao X., Lutton E., Merelo Guervós J. J., Schwefel H.-P. (red.), *Parallel Problem Solving from Nature — PPSN VI*, tom 1917 serii LNCS, str. 467–476, Springer-Verlag, 2000.
- [60] Ficici S. G., Pollack J. B.: Game theory and the simple coevolutionary algorithm: Some preliminary results on fitness sharing, [w:] Spector i in. [183].
- [61] Ficici S. G., Pollack J. B.: Pareto optimality in coevolutionary learning, [w:] Kelemen J., Sosik P. (red.), *Advances in Artificial Life: 6th European Conference (ECAL 2001)*, tom 2159 serii LNCS, str. 316–325, Springer-Verlag, 2001.
- [62] Floreano D., Nolfi S.: Adaptive behavior in competing co-evolving species, [w:] Husbands i Harvey [88], str. 378–387.
- [63] Floreano D., Nolfi S.: God save the red queen! Competition in co-evolutionary robotics, [w:] Koza J. R., Deb K., Dorigo M., Fogel D. B., Garzon M., Iba H., Riolo R. L. (red.), *Genetic Programming 1997: Proceedings of the Second Annual Conference*, Morgan Kaufmann, San Francisco, CA, 1997.
- [64] Floreano D., Nolfi S., Mondada F.: Competitive co-evolutionary robotics: From theory to practice, [w:] Pfeifer i in. [159].
- [65] Forrest S. (red.): *Proceedings of the 5th International Conference on Genetic Algorithms*, Morgan Kaufmann, 1993.
- [66] Franklin S., Graesser A.: Is it an agent, or just a program?: A taxonomy for autonomous agents, [w:] Müller i in. [136].
- [67] Fukuda T., Furuhashi T. (red.): *Proceedings of the Third IEEE Conference on Evolutionary Computation*, IEEE Press, Piscataway NJ, 1996.
- [68] Gavrillets S.: Models of speciation: what have we learned in 40 years?, *Evolution*, 57(10):2197–2215, 2003.
- [69] Gavrillets S., Arnqvist G., Friberg U.: The evolution of female mate choice by sexual conflict, *Proceedings of the Royal Society London B*, 268:531–539, 2001.

-
- [70] Gavrillets S., Waxman D.: Sympatric speciation by sexual conflict, *Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA*, 99:10533–10538, 2002.
- [71] Georgeff M., Pell B., Pollack M., Tambe M., Wooldridge M.: The Belief-Desire-Intention model of agency, [w:] Müller J. P., Singh M. P., Rao A. S. (red.), *Intelligent Agents V: Agent Theories, Architectures and Languages*, tom 1555 serii LNCS, Springer-Verlag, 1999.
- [72] Goldberg D. E.: *Genetic Algorithms in Search, Optimization, and Machine Learning*, Addison-Wesley, Reading, Massachusetts, USA, 1989.
- [73] Goldberg D. E., Richardson J.: Genetic algorithms with sharing for multimodal function optimization, [w:] Grefenstette J. J. (red.), *Proceedings of the 2nd International Conference on Genetic Algorithms*, str. 41–49, Lawrence Erlbaum Associates, 1987.
- [74] Goldberg D. E., Wang L.: Adaptive niching via coevolutionary sharing, Raport IlliGAL 97007, Illinois Genetic Algorithms Laboratory, University of Illinois at Urbana-Champaign, Urbana, IL, USA, 1997.
- [75] Gould S. J.: *Niewczesny pogrzeb Darwina*, PIW, Warszawa, 1991.
- [76] Gurfil P., Kasdin N. J.: Characterization and design of out-of-elliptic trajectories using deterministic crowding genetic algorithm, *Computer methods in applied mechanics and engineering*, 191, 2002.
- [77] Harik G. R.: Finding multimodal solutions using restricted tournament selection, [w:] Eshelman [54], str. 24–31.
- [78] Haynes T. D., Sen S.: Evolving behavioral strategies in predators and prey, [w:] Sen S. (red.), *Working Notes of the IJCAI-95 Workshop on Adaptation and Learning in Multiagent Systems*, str. 32–37, Morgan Kaufmann, 1995.
- [79] Haynes T. D., Sen S.: Co-adaptation in a team, *Int. Journal of Computational Intelligence and Organizations*, 1997.
- [80] Haynes T. D., Sen S.: The evolution of multiagent coordination strategies, *Adaptive Behavior*, 1997.
- [81] Haynes T. D., Sen S., Schoenefeld D., Wainwright R.: Evolving multiagent coordination strategies with genetic programming, Raport UTULSA-MCS-95-04, The University of Tulsa, 1995.
- [82] Hillis W. D.: Co-evolving parasites improve simulated evolution as an optimization procedure, [w:] Langton C. G., Taylor C., Farmer J. D., Rasmussen S. (red.), *Artificial Life II: Proceedings of the Workshop on Artificial Life*, str. 313–324, Westview Press, 1991.
- [83] Holland J. H.: *Adaptation in natural and artificial systems*, The University of Michigan Press, Ann Arbor, Michigan, USA, 1975.

- [84] Horn J.: Finite markov chain analysis of genetic algorithms with niching, [w:] Forrest [65], str. 110–117.
- [85] Horn J.: *The Nature of Niching: Genetic Algorithms and the Evolution of Optimal, Cooperative Populations*, Rozprawa doktorska, University of Illinois at Urbana-Champaign, Urbana, IL, USA, 1997.
- [86] Horn J., Goldberg D. E.: A timing analysis of convergence to fitness sharing equilibrium, [w:] Eiben i in. [53], str. 23–33.
- [87] Husbands P.: Distributed coevolutionary genetic algorithms for multi-criteria and multi-constraint optimisation, [w:] Fogarty T. (red.), *Evolutionary Computing*, tom 865 serii *LNCS*, str. 150–165, Springer-Verlag, 1994.
- [88] Husbands P., Harvey I. (red.): *Proceedings of the 4th European Conference on Artificial Life*, The MIT Press, Cambridge, MA, 1997.
- [89] IEEE Neural Networks Council: *Congress on Evolutionary Computation 2000 (CEC-2000)*, IEEE Press, 2000.
- [90] Iorio A., Li X.: A cooperative coevolutionary multiobjective algorithm using non-dominated sorting, [w:] Deb K., Poli R., Banzhaf W., Beyer H.-G., Burke E. K., Darwen P. J., Dasgupta D., Floreano D., Foster J. A., Harman M., Holland O., Lanzi P. L., Spector L., Tettamanzi A., Thierens D., Tyrrell A. M. (red.), *Genetic and Evolutionary Computation - GECCO 2004*, tom 3102-3103 serii *LNCS*, str. 537–548, Springer-Verlag, 2004.
- [91] Jelasity M.: UEGO, an abstract niching technique for global optimization, [w:] Eiben i in. [53], str. 378–387.
- [92] Jelasity M., Dombi J.: GAS, a concept of modeling species in genetic algorithms, *Artificial Intelligence*, 99:1–19, 1998.
- [93] Jennings N. R.: On agent-based software engineering, *Artificial Intelligence*, 117(2):277–296, 2000.
- [94] Jennings N. R., Sycara K. P., Wooldridge M.: A roadmap of agent research and development, *Journal of Autonomous Agents and Multi-Agent Systems*, 1(1):7–36, 1998.
- [95] Juillé H., Pollack J. B.: Semantic niching and coevolution in optimization problems, [w:] Husbands i Harvey [88].
- [96] Juillé H., Pollack J. B.: Coevolutionary learning: a case study, [w:] Shavlik J. (red.), *Proceedings of the 15th International Conference on Machine Learning*, str. 251–259, Morgan Kaufmann, 1998.
- [97] Keerativuttitumrong N., Chaiyaratana N., Varavithya V.: Multi-objective cooperative co-evolutionary genetic algorithm, [w:] Merelo i in. [126], str. 288–297.

- [98] Kinny D., Georgeff M., Rao A.: A methodology and modelling technique for systems of BDI agents, [w:] Van de Velde W., Perram J. W. (red.), *Agents Breaking Away: Proceedings of the 7th European Workshop on Modelling Autonomous Agents in a Multi-Agent World (MAAMAW 1996)*, tom 1038 serii LNCS, Springer-Verlag, 1996.
- [99] Kisiel-Dorohinicki M.: *Zastosowanie procesów ewolucyjnych w systemach wieloagentowych*, Rozprawa doktorska, Akademia Górniczo Hutnicza im. Stanisława Staszica, Kraków, 2000.
- [100] Kisiel-Dorohinicki M.: Agent-oriented model of simulated evolution, [w:] Groszky W. I., Plasil F. (red.), *SofSem 2002: Theory and Practice of Informatics*, tom 2296 serii LNCS, str. 253–261, Springer-Verlag, 2002.
- [101] Kisiel-Dorohinicki M.: Agent-based models and platforms for parallel evolutionary algorithms, [w:] Bubak i in. [17].
- [102] Koza J. R.: Genetically breeding populations of computer programs to solve problems in artificial intelligence, [w:] *Proceedings of the Second International Conference on Tools for AI*, str. 819–827, IEEE Computer Society Press, Los Alamitos, CA, USA, 1990.
- [103] Koza J. R.: Evolution and co-evolution of computer programs to control independent-acting agents, [w:] Meyer J.-A., Wilson S. W. (red.), *From Animals to Animats : Proceedings of the First International Conference on Simulation of Adaptive Behavior (Complex Adaptive Systems)*, str. 366–375, The MIT Press, Cambridge, MA, 1991.
- [104] Koza J. R.: Genetic evolution and co-evolution of game strategies, [w:] *Proceedings of the International Conference on Game Theory and Its Applications*, 1992.
- [105] Krebs C. J.: *Ekologia*, PWN, Warszawa, 2001.
- [106] Krebs J. R., Davies N. B.: *Wprowadzenie do ekologii behawioralnej*, PWN, Warszawa, 2001.
- [107] Krzanowska H., Łomnicki A., Rafiński J., Szarski H., Szymura J.: *Zarys mechanizmów ewolucji*, PWN, Warszawa, 1997.
- [108] Langdon W. B., Cantú-Paz E., Mathias K., Roy R., Davis D., Poli R., Balakrishnan K., Honavar V., Rudolph G., Wegener J., Bull L., Potter M. A., Schultz A. C., Miller J. F., Burke E., Jonoska N. (red.): *Proceedings of the 2002 Genetic and Evolutionary Computation Conference*, Morgan Kaufmann, San Francisco, CA, 2002.
- [109] Langton C. G., Shimohara T. (red.): *Artificial Life V: Proceedings of the Fifth International Workshop on the Synthesis and Simulation of Living Systems (Complex Adaptive Systems)*, Bradford Books, 1997.
- [110] Laumanns M., Rudolph G., Schwefel H.-P.: A spatial predator-prey approach to multi-objective optimization: A preliminary study, [w:] Eiben i in. [53].

- [111] Li X.: A real-coded predator-prey genetic algorithm for multiobjective optimization, [w:] Fonseca C. M., Fleming P. J., Zitzler E., Deb K., Thiele L. (red.), *Evolutionary Multi-Criterion Optimization, Second International Conference (EMO 2003), Proceedings*, tom 2632 serii LNCS, str. 207–221, Springer-Verlag, 2003.
- [112] Li X., Sutherland S.: A cellular genetic algorithm simulating predator-prey interactions, [w:] Wang L., Tan K. C., Furuhashi T., Kim J.-H., Yao X. (red.), *Proceeding of the 4th Asia-Pacific Conference on Simulated Evolution And Learning (SEAL 2002)*, str. 76–80, Singapore, 2002.
- [113] Lis J., Eiben A. E.: A multi-sexual genetic algorithm for multiobjective optimization, [w:] Fukuda i Furuhashi [67], str. 59–64.
- [114] Luke S., Wiegand R. P.: When coevolutionary algorithms exhibit evolutionary dynamics, [w:] Cantú-Paz E., Foster J. A., Deb K., David L. D., Roy R., O'Reilly U.-M., Beyer H.-G., Standish R., Kendall G., Wilson S., Harman M., Wegener J., Dasgupta D., Potter M. A., Schultz A. C., Dowsland K. A., Jonoska N., Miller J. F. (red.), *Genetic and Evolutionary Computation - GECCO 2003*, tom 2723-2724 serii LNCS, Springer-Verlag, 2003.
- [115] Machado P., Tavares J., Pereira F. B., Costa E.: Vehicle routing problem: Doing it the evolutionary way, [w:] Langdon i in. [108].
- [116] Mahfoud S. W.: Crowding and preselection revisited, [w:] Männer R., Mandrick B. (red.), *Parallel Problem Solving from Nature — PPSN-II*, str. 27–36, Elsevier, Amsterdam, 1992, IlliGAL report No. 92004.
- [117] Mahfoud S. W.: Simple analytical models of genetic algorithms for multimodal function optimization, Raport IlliGAL 93001, Illinois Genetic Algorithms Laboratory, University of Illinois at Urbana-Champaign, Urbana, IL, USA, 1993.
- [118] Mahfoud S. W.: Genetic drift in sharing methods, [w:] *Proceedings of the First IEEE Conference on Evolutionary Computation*, str. 67–72, IEEE Press, 1994.
- [119] Mahfoud S. W.: A comparison of parallel and sequential niching methods, [w:] Eshelman [54], str. 136–143.
- [120] Mahfoud S. W.: *Niching methods for genetic algorithms*, Rozprawa doktorska, University of Illinois at Urbana-Champaign, Urbana, IL, USA, 1995.
- [121] Mahfoud S. W.: Population size and genetic drift in fitness sharing, [w:] Whitley D., Vose M. D. (red.), *Foundations of Genetic Algorithms 3*, str. 185–223, Morgan Kaufmann, 1995.
- [122] Mahfoud S. W.: Niching methods, [w:] Bäck i in. [8].
- [123] Martin W. N., Lienig J., Cohoon J. P.: Island (migration) models: evolutionary algorithms based on punctuated equilibria, [w:] Bäck i in. [8].

- [124] Mayer H. A.: Symbiotic coevolution of artificial neural networks and training data sets, [w:] Eiben i in. [53], str. 511–520.
- [125] Mengshoel O. J., Goldberg D. E.: Probabilistic crowding: Deterministic crowding with probabilistic replacement, Raport IlliGAL 99004, Illinois Genetic Algorithms Laboratory, University of Illinois at Urbana-Champaign, Urbana, IL, USA, 1999.
- [126] Merelo J. J., Adamidis P., Beyer H.-G. (red.): *Parallel Problem Solving from Nature - PPSN VII*, tom 2439 serii LNCS, Springer-Verlag, 2002.
- [127] Michalewicz Z.: *Genetic Algorithms + Data Structures = Evolution Programs*, Springer -Verlag, 1996.
- [128] Michalewicz Z., Schoenauer M.: Evolutionary algorithms for constrained parameter optimization problems, *Evolutionary Computation*, 4(1):1–32, 1996.
- [129] Miller B. L., Shaw M. J.: Genetic algorithms with dynamic niche sharing for multimodal function optimization, Raport IlliGAL 95010, Illinois Genetic Algorithms Laboratory, University of Illinois at Urbana-Champaign, Urbana, IL, USA, 1995.
- [130] Miller G. F., Todd P. M.: Evolutionary wanderlust: Sexual selection with directional mate preferences, [w:] Meyer J.-A., Roitblat H. L., Wilson S. W. (red.), *Proceedings of the Second International Conference on Simulation of Adaptive Behavior: From Animals to Animats 2*, str. 21–30, The MIT Press, Cambridge, MA, 1993.
- [131] Miller G. F., Todd P. M.: The role of mate choice in biocomputation: Sexual selection as a process of search, optimization, and diversification, [w:] Banzhaf W., Eeckman F. H. (red.), *Evolution and Biocomputation: Computational Models of Evolution*, str. 169–204, Springer-Verlag, 1995.
- [132] Mitchell M., Taylor C. E.: Evolutionary computation: An overview, *Annual Review of Ecology and Systematics*, 30(1):593–616, 1999.
- [133] Moriarty D. E., Miikkulainen R.: Forming neural networks through efficient and adaptive coevolution, *Evolutionary Computation*, 5(4):373–399, 1998.
- [134] Morrison J., Oppacher F.: Maintaining genetic diversity in genetic algorithms through co-evolution, [w:] Mercer R. E., Neufeld E. (red.), *Proceedings of the 12th Biennial Canadian Conference on Artificial Intelligence*, tom 1418 serii LNCS, str. 128–138, Springer-Verlag, 1998.
- [135] Morrison J., Oppacher F.: A general model of co-evolution for genetic algorithms, [w:] Dobnikar A., Steele N. C., Pearson D. W., Albrecht R. F. (red.), *Artificial Neural Nets and Genetic Algorithms: Proceedings of the Fourth International Conference (ICANNGA99)*, Springer-Verlag, 1999.
- [136] Müller J.-P., Wooldridge M. J., Jennings N. R. (red.): *Intelligent Agents III: Agent Theories, Architectures and Languages*, tom 1193 serii LNCS, Springer-Verlag, 1997.

- [137] Niemiec A., Pająk R., Kisiel-Dorohinicki M.: Agent-based fuzzy classifier system, [w:] Kłopotek M. A., Wierzchon S. T., Michalewicz M. (red.), *Proceedings of the Symposium on Intelligent Information Systems 2002 (IIS 2002)*, Advances in Soft Computing, Physica-Verlag, 2002.
- [138] Noble J., Watson R. A.: Pareto coevolution: Using performance against co-evolved opponents in a game as dimensions for pareto selection, [w:] Spector i in. [183], str. 493–500.
- [139] Nolfi S., Floreano D.: Coevolving predator and prey robots: Do “arms races” arise in artificial evolution?, *Artificial Life*, 4(4):311–335, 1998.
- [140] Nwana H. S., Ndumu D. T.: A perspective on software agents research, *The Knowledge Engineering Review*, 14(2):1–18, 1999.
- [141] Oei C. K., Goldberg D. E., Chang S.: Tournament selection, niching, and the preservation of diversity, Raport IlliGAL 91011, Illinois Genetic Algorithms Laboratory, University of Illinois at Urbana-Champaign, Urbana, IL, USA, 1991.
- [142] Olsson B.: Optimization using a host-parasite model with variable-size distributed populations, [w:] Fukuda i Furuhashi [67].
- [143] Østergaard E. H., Lund H. H.: Co-evolving complex robot behavior, [w:] Tyrrell A. M., Haddow P. C., Torresen J. (red.), *Evolvable Systems: From Biology to Hardware, 5th International Conference (ICES 2003), Proceedings*, tom 2606 serii LNCS, str. 308–319, Springer-Verlag, 2003.
- [144] Pagie L., Hogeweg P.: Information integration and red queen dynamics in coevolutionary optimization, [w:] *Congress on Evolutionary Computation 2000 (CEC-2000)* [89], str. 1260–1267.
- [145] Pagie L., Mitchell M.: A comparison of evolutionary and coevolutionary search, *Int. Journal of Computational Intelligence and Applications*, 2(1):53–69, 2002.
- [146] Panait L., Luke S.: A comparison of two competitive fitness functions, [w:] Langdon i in. [108].
- [147] Paredis J.: Co-evolutionary constraint satisfaction, [w:] Davidor i in. [41].
- [148] Paredis J.: Coevolutionary computation, *Artificial Life*, 2(4):355–375, 1995.
- [149] Paredis J.: Coevolutionary life-time learning, [w:] Voigt i in. [190].
- [150] Paredis J.: Coevolutionary process control, [w:] Smith G. D., Steele N. C., Albrecht R. F. (red.), *Artificial Neural Nets and Genetic Algorithms: Proceedings of the Third International Conference (ICANN97)*, Springer-Verlag, 1997.
- [151] Paredis J.: Coevolving cellular automata: Be aware of the red queen!, [w:] Bäck [7].

-
- [152] Paredis J.: Coevolutionary algorithms, [w:] Bäck T., Fogel D., Michalewicz Z. (red.), *Handbook of Evolutionary Computation, 1st supplement*, IOP Publishing and Oxford University Press, 1998.
- [153] Pelikan M., Goldberg D. E.: Genetic algorithms, clustering, and the breaking of symmetry, Raport IlliGAL 2000013, Illinois Genetic Algorithms Laboratory, University of Illinois at Urbana-Champaign, Urbana, IL, USA, 2000.
- [154] Pétrowski A.: A clearing procedure as a niching method for genetic algorithms, [w:] Fukuda i Furuhashi [67], str. 798–803.
- [155] Pétrowski A.: An efficient hierarchical clustering technique for speciation, [w:] *Proceedings of the 3rd Conference Evolution Artificielle'97*, 1997.
- [156] Pétrowski A.: A new selection operator dedicated to speciation, [w:] Bäck [7], str. 144–151.
- [157] Pétrowski A., Girod Genet M.: A classification tree for speciation, [w:] Angeline i in. [3], str. 204–211.
- [158] Pettey C. C.: Diffusion (cellular) models, [w:] Bäck i in. [8].
- [159] Pfeifer R., Blumberg B., Meyer J.-A., Wilson S. W. (red.): *Proceedings of the Fifth International Conference on Simulation of Adaptive Behavior: From Animals to Animats 5*, The MIT Press, Cambridge, MA, 1998.
- [160] Pollack J. B., Blair A., Land M.: Coevolution of a backgammon player, [w:] Langton i Shimohara [109].
- [161] Porto V. W.: Evolutionary programming, [w:] Bäck i in. [8].
- [162] Potter M. A.: *The Design and Analysis of a Computational Model of Cooperative Coevolution*, Rozprawa doktorska, George Mason University, Fairfax, Virginia, 1997.
- [163] Potter M. A., De Jong K. A.: A cooperative coevolutionary approach to function optimization, [w:] Davidor i in. [41], str. 249–257.
- [164] Potter M. A., De Jong K. A.: Evolving neural networks with collaborative species, [w:] Ören T. I., Birta L. G. (red.), *Proceedings of the 1995 Summer Computer Simulation Conference*, str. 340–345, The Society for Computer Simulation, San Diego, CA, USA, 1995.
- [165] Potter M. A., De Jong K. A.: The coevolution of antibodies for concept learning, [w:] Eiben i in. [53].
- [166] Potter M. A., De Jong K. A.: Cooperative coevolution: An architecture for evolving coadapted subcomponents, *Evolutionary Computation*, 8(1):1–29, 2000.
- [167] Potter M. A., Meeden L., Schultz A. C.: Heterogeneity in the coevolved behaviors of mobile robots: The emergence of specialists, [w:] Nebel B. (red.), *Proceedings of the Seventeenth International Joint Conference on Artificial Intelligence (IJCAI 2001)*, str. 1337–1343, Morgan Kaufmann, 2001.

- [168] Ratford M., Tuson A. L., Thompson H.: An investigation of sexual selection as a mechanism for obtaining multiple distinct solutions, Raport 879, Department of Artificial Intelligence, University of Edinburgh, 1997.
- [169] Reynolds C. W.: Competition, coevolution and the game of tag, [w:] Brooks i Maes [16].
- [170] Rosin C. D.: *Coevolutionary search among adversaries*, Rozprawa doktorska, University of California, San Diego, 1997.
- [171] Rosin C. D., Belew R. K.: Methods for competitive co-evolution: Finding opponents worth beating, [w:] Eshelman [54], str. 373–380.
- [172] Rosin C. D., Belew R. K.: New methods for competitive coevolution, *Evolutionary Computation*, 5(1):1–29, 1996.
- [173] Rudolph G.: Evolution strategies, [w:] Bäck i in. [8].
- [174] Russell S., Norvig P.: *Artificial Intelligence: A Modern Approach (2nd Edition)*, Prentice-Hall, 2002.
- [175] Sánchez-Velazco J., Bullinaria J. A.: Gendered selection strategies in genetic algorithms for optimization, [w:] Rossiter J. M., Martin T. P. (red.), *Proceedings of the UK Workshop on Computational Intelligence (UKCI 2003)*, str. 217–223, University of Bristol, Bristol, UK, 2003.
- [176] Sánchez-Velazco J., Bullinaria J. A.: Sexual selection with competitive/co-operative operators for genetic algorithms, [w:] *Proceedings of the IASTED International Conference on Neural Networks and Computational Intelligence (NCI 2003)*, IASTED/ACTA Press, 2003.
- [177] Schaefer R.: *Podstawy genetycznej optymalizacji globalnej*, Wydawnictwo Uniwersytetu Jagiellońskiego, Kraków, 2002.
- [178] Schoenauer M., Michalewicz Z.: Evolutionary computation, *Control and Cybernetics*, 26(3):307–338, 1997.
- [179] Schwefel H.-P., Bäck T.: Evolution strategies II: Theoretical aspects, [w:] Winter i in. [201], str. 127–140.
- [180] Siarry P., Pétrowski A., Bessaou M.: A multipopulation genetic algorithm aimed at multimodal optimization, *Advances in engineering software*, 33:207–213, 2002.
- [181] Sims K.: Evolving 3D morphology and behaviour by competition, [w:] Brooks i Maes [16], str. 28–39.
- [182] Spears W. M.: Simple subpopulation schemes, [w:] Sebald A. V., Fogel L. J. (red.), *Proceedings of the Third Annual Conference on Evolutionary Programming*, World Scientific Publishers, River Edge, NJ, 1994.

- [183] Spector L., Goodman E. D., Wu A., Langdon W. B., Voigt H.-M., Gen M., Sen S., Dorigo M., Pezeshk S., Garzon M., Burke E. (red.): *GECCO-2001: Proceedings of the Genetic and Evolutionary Computation Conference*, Morgan Kaufmann, San Francisco, CA, 2001.
- [184] Todd P. M., Miller G. F.: Biodiversity through sexual selection, [w:] Langton i Shimohara [109], str. 289–299.
- [185] Ursem R. K.: Multinational evolutionary algorithms, [w:] Angeline i in. [3], str. 1633–1640.
- [186] Ursem R. K.: Multinational GAs: Multimodal optimization techniques in dynamic environments, [w:] Whitley D., Goldberg D. E., Cantú-Paz E., Spector L., Parmee I., Beyer H.-G. (red.), *GECCO-2000: Proceedings of the Genetic and Evolutionary Computation Conference*, str. 19–26, Morgan Kaufmann, San Francisco, CA, 2000.
- [187] Ursem R. K.: When sharing fails, [w:] *Proceedings of the 2001 Congress on Evolutionary Computation (CEC-2001)*, str. 873–879, IEEE Neural Networks Council, IEEE Press, 2001.
- [188] Ursem R. K.: *Models for evolutionary algorithms and their applications in system identification and control optimization*, Rozprawa doktorska, University of Aarhus, Denmark, 2003.
- [189] Van Veldhuizen D. A.: *Multiobjective Evolutionary Algorithms: Classifications, Analyses, and New Innovations*, Rozprawa doktorska, Air University, 1999.
- [190] Voigt H.-M., Ebeling W., Rechenberg I., Schwefel H.-P. (red.): *Parallel Problem Solving from Nature — PPSN IV*, tom 1141 serii *LNCS*, Springer-Verlag, Berlin, 1996.
- [191] Vrajitoru D.: Parallel genetic algorithms based on coevolution, [w:] Spector i in. [183], str. 450–457.
- [192] Vrajitoru D.: Simulating gender separation with genetic algorithms, [w:] Langdon i in. [108], str. 634–641.
- [193] Vrajitoru D.: Gender separation and mating constraints, *Evolutionary Computation*, 2004, W druku.
- [194] Watson J.-P.: A performance assessment of modern niching methods for parameter optimization problems, [w:] Banzhaf W., Daida J., Eiben A. E., Garzon M. H., Honavar V., Jakiela M., Smith R. E. (red.), *GECCO-99: Proceedings of the Genetic and Evolutionary Computation Conference*, tom 1, str. 702–709, Morgan Kaufmann, San Francisco, CA, 1999.
- [195] Weiss G. (red.): *Multiagent Systems: A Modern Approach to Distributed Artificial Intelligence*, The MIT Press, 1999.
- [196] Whitley D.: An overview of evolutionary algorithms: practical issues and common pitfalls, *Information and Software Technology*, 43(14):817–831, 2001.

-
- [197] Wiegand P. R., Liles W. C., De Jong K. A.: The effects of representational bias on collaboration methods in cooperative coevolution, [w:] Merelo i in. [126], str. 257–268.
- [198] Wiegand R. P.: Applying diffusion to a cooperative coevolutionary model, [w:] Eiben i in. [53], str. 560–569.
- [199] Wiegand R. P.: *An Analysis of Cooperative Coevolutionary Algorithms*, Rozprawa doktorska, George Mason University, Fairfax, Virginia, 2003.
- [200] Wiegand, R. P. nad Liles W. C., De Jong K. A.: An empirical analysis of collaboration methods in cooperative coevolutionary algorithms, [w:] Spector i in. [183].
- [201] Winter G., Périaux J., Galan M., Cuesta P. (red.): *Genetic Algorithms in Engineering and Computer Science*, John Wiley & Sons, 1996.
- [202] Wooldridge M.: Agent-based software engineering, *IEE Proceedings on Software Engineering*, 144(1):26–37, 1997.
- [203] Wooldridge M.: Intelligent agents, [w:] Weiss [195].
- [204] Wooldridge M.: *An Introduction to Multiagent Systems*, John Wiley & Sons, 2002.
- [205] Wooldridge M., Ciancarini P.: Agent-oriented software engineering: The state of the art, [w:] Ciancarini P., Wooldridge M. (red.), *Agent-Oriented Software Engineering*, tom 1957 serii LNCS, Springer-Verlag, 2001.
- [206] Yong C. H., Miikkulainen R.: Cooperative coevolution of multi-agent systems, Raport AI01-287, Department of Computer Sciences, University of Texas at Austin, 2001.
- [207] Zambonelli F., Jennings N. R., Wooldridge M.: Developing multiagent systems: The gaia methodology, *ACM Transactions on Software Engineering Methodology*, 12(3):317–370, 2003.
- [208] Zhao Q. F.: A general framework for cooperative co-evolutionary algorithms: a society model, [w:] *Proceedings of the 1998 IEEE Conference on Evolutionary Computation*, str. 57–62, IEEE Press, 1998.
- [209] Zhao Q. F.: Cooperative co-evolution of pattern recognition agents, [w:] *Proceedings of the 4th Annual Meeting of Japan Association for Evolutionary Economics (JAFEE'2000)*, 2000.
- [210] Zhao Q. F., Hammami O., Kuroda K., Saito K.: Cooperative co-evolutionary algorithm - how to evaluate a module?, [w:] *Proceedings of the 1st IEEE Symposium on Combinations of Evolutionary Computation and Neural Networks*, str. 150–157, 2000.