《最优化技术》实验报告

一、实验目的

理解遗传算法的基本思想,并应用于求解实际问题。

二、实验项目内容

请利用遗传算法解决以下的旅行商问题:

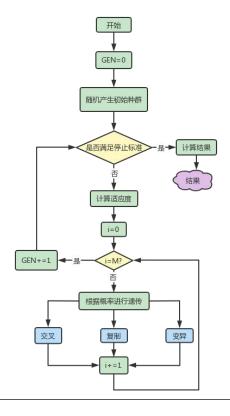
一个旅行者需要到国内的 10 个城市旅行,各城市的坐标见 cities.csv 文档。请设计一个合理的线路使旅行者所行的路程之和最小。注意:每个城市只能访问一次,且最后要回到原来出来的城市。

要求:输出适应度函数的进化曲线和最终选择的线路图。

注意: 所有程序请用 python 语言实现。只提交本电子文档,注意本文件末尾的文件命名要求;源程序一节请用代码备注的方式说明你的算法和思路;实验结果一节需要提供测试结果截图并给出结果分析。

三、实验过程或算法(源程序)

1. 遗传算法流程图:



```
2. 实验代码:
   用基因表示个体特征,即城市编号;染色体表示一组解,即城市路线编号;一定数量
的染色体组成种群,并
通过适应度函数进行评估其存活率。
   算法随机生成初始种群,通过复制、交叉、逆转、变异并进行自然选择,直至符合
优解条件满足
import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt
import matplotlib
import math
from random import random, randint, shuffle
import csv
matplotlib.rcParams['font.family']='SimHei' #设置中文字体
                    #载入数据
def read data():
   name=[]
                    #城市名
   location=[]
                   #城市坐标
   f=open('OptimizationTechnology\实验 3\city.csv')
   reader=csv.reader(f)
   rows=[row for row in reader]
   for i in range(1,len(rows)):
      city=rows[i][0]
      latitude=rows[i][1]
      longitude=rows[i][2]
      name.append(city)
      location.append([float(latitude),float(longitude)])
   location=np.array(location)
  return name, location
class TSP:
                              #定义旅行商类
   def init (self,org):
      self.origin=org
                              #进化次数
      self.epochTime=20
      self.populationCount=1000 #种群数
      self.retainRate=0.3
                              #保持率
      self.mutationRate=0.1
                              #变异率
      self.reverseCount=10
                              #逆转次数
      self.cityNames,self.location=read data()
      self.cityCount=len(self.cityNames)
      self.matrix=self.get distance matrix() #建立邻接矩阵
      self.cityIndex=[i for i in range(self.cityCount)]#城市索引
      self.cityIndex.remove(org)
   def get distance matrix(self): #建立图的邻接矩阵
      num=self.citvCount
```

```
loc=self.location
       matr=np.zeros([num,num])
       for i in range(num):
           for j in range(i, num):
              if i==j:
                  matr[i][j]=0
              else:
                  x2=(loc[i][0]-loc[j][0])**2
                  y2=(loc[i][1]-loc[j][1])**2
                  matr[j][i]=matr[i][j]=math.sqrt(x2+y2)
       return matr
   def get_total_distance(self,path): #求路径 path 长度
       matr=self.matrix
       org=self.origin
       dis=0
                                         #记录路径长度
       dis+=matr[org][path[0]]
       for i in range(len(path)):
           if i==len(path)-1:
              dis+=matr[org][path[i]]
           else:
              dis+=matr[path[i]][path[i+1]]
       return dis
   def Reverse(self,path):
                                         #逆转操作,改善局部搜索能力
       rcnt=self.reverseCount
       dis=self.get total distance(path)
                                         #逆转次数
       for i in range(rcnt):
           u=randint(0,len(path)-1)
           v=randint(0,len(path)-1)
           if u!=v:
              new path=path.copy()
                                         #拷贝 path 对其副本进行操作
              t=new path[u]
                                         #swap(path,u,v)
              new path[u]=new path[v]
              new_path[v]=t
              new distance=self.get total distance(new path)
              if new distance<dis:
                  dis=new distance
                  path=new_path.copy()
           else:
              continue
       return path
   def selection(self,population):
       retain_rate=self.retainRate
                                         #保持率
       #对总距离从小到大进行排序
       graded=[[self.get_total_distance(path),path] for path in
population]#[距离,路径]
       graded=[path[1] for path in sorted(graded)] #路径
```

```
retain_length=int(len(graded)*retain_rate)
       new_pop=graded[:retain_length]
len(graded)*retain rate 条染色体
                                         #弱者存活率
       random_select_rate=0.2
       for chromosome in graded[retain length:]:
           if random() < random select rate:</pre>
              new pop.append(chromosome)
       return new pop
                                         #交叉
   def crossover(self,parents):
       # 生成子代的个数,保证种群数目稳定
       target_count=self.populationCount-len(parents)
       cs=[]
       while len(cs)<target_count:</pre>
           male index=randint(0,len(parents)-1)
           female index=randint(0,len(parents)-1)
           if male index!=female index:
                                        #保证不和自己交配
              male=parents[male index]
              female=parents[female index]
              left=randint(0,len(male)-2) #随机生成两点交叉点位
              right=randint(left+1,len(male)-1)
                                         #待交叉片段
              gene1=male[left:right]
              gene2=female[left:right]
              miss1=[]
              miss2=[]
              for item in gene1:
                  if item not in gene2:
                                           #交换后 male 缺失的
                      miss1.append(item)
部分(female 多余的部分)
              for item in gene2:
                  if item not in gene1:
                      miss2.append(item)
                                                #交换后 female 缺失
的部分(male 多余的部分)
              child1_tmp=male[:left]+male[right:] #不包含交换部分的基
              child2_tmp=female[:left]+female[right:]
              for i in range(len(miss1)):
                  for j in range(len(child1_tmp)):
                      if child1_tmp[j]==miss2[i]:
                          child1 tmp[j]=miss1[i]
              for i in range(len(miss2)):
                  for j in range(len(child2 tmp)):
                      if child2_tmp[j]==miss1[i]:
                          child2_tmp[j]=miss2[i]
              child1=child1 tmp[:left]
              child1 r=child1 tmp[left:]
```

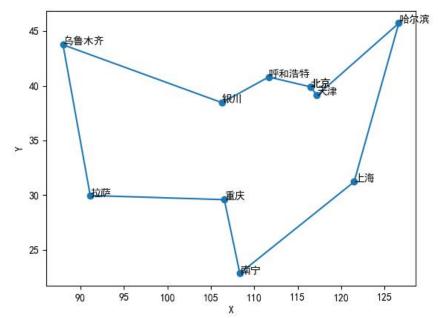
```
child1.extend(gene2)
               child1.extend(child1 r)
               child2=child2 tmp[:left]
               child2_r=child2_tmp[left:]
               child2.extend(gene1)
               child2.extend(child2 r)
               cs.append(child1)
               cs.append(child2)
       return cs
   def mutation(self,cs):
                                          #变异
       mutation rate=self.mutationRate
                                         #生成变异后结果
       new cs=[]
       for i in range(len(cs)):
           child=cs[i]
           if random()<mutation rate:</pre>
               u=randint(1,len(child)-4)
               v=randint(u+1,len(child)-3)
              w=randint(v+1,len(child)-2)
              child=child[0:u]+child[v:w]+child[u:v]+child[w:]
           new cs.append(child)
       return new_cs
   def get best result(self,population): #得到最佳结果
       graded=[[self.get total distance(path), path] for path in
population]
       graded=sorted(graded)
       return graded[0][0],graded[0][1]
                                          #进化
   def evolution(self):
       org=self.origin
       population=[]
       for i in range(self.populationCount):
                                         #随机生成个体
           x=self.cityIndex.copy()
           shuffle(x)
                                         #优化个体
           x=self.Reverse(x)
           population.append(x)
       #遗传优化
       ans=[]
       i=0
       distance,result_path=self.get_best_result(population)
       while i<self.epochTime:
           #选择繁殖个体群
           parents=self.selection(population)
           #交叉繁殖
           cs=self.crossover(parents)
           #变异操作
           cs=self.mutation(cs)
           #更新种群
```

```
population=parents+cs
           distance,result_path=self.get_best_result(population)
           ans.append(distance)
           i+=1
       result path=[org]+result path+[org]
       print(distance)
       print(result path)
       for i in range(len(result path)):
           if i!=0:
               print("-->",end='')
           print(self.cityNames[result path[i]],end='')
       xs=list()
       ys=list()
       nam=self.cityNames
       loc=self.location
       for j in result_path:
           plt.annotate(nam[j],[loc[j, 0],loc[j, 1]])
           xs.append(loc[j,0])
           ys.append(loc[j,1])
       plt.xlabel('X')
       plt.ylabel('Y')
       plt.plot(xs,ys,'-o')
       plt.show()
       plt.xlabel('训练次数')
       plt.ylabel('距离')
       plt.title('Evolution of Fitness function')
       plt.plot(list(range(len(ans))),ans)
       plt.show()
if name == ' main ':
   t1=TSP(8)
   t1.evolution()
```

四、实验结果及分析和(或)源程序调试过程

1. 实验结果:

对于不同初始点(即出发的城市),根据遗传算法所得路径均相同,最短路径长度大小为 109. 988246258313,路径为南宁一>上海一>哈尔滨一>天津一>北京一>呼和浩特一>银川一>乌鲁木齐一>拉萨一>重庆一>南宁(初始点随意,围绕上述路径形成闭环即可)。但适应度函数的进化各不相同,下给出 5 组适应度函数进化过程的示例。路径如下图:



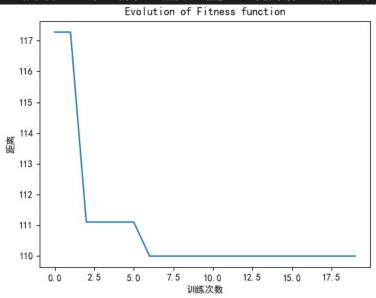
不同初始点的适应度函数的进化过程如下所示:

(1) 从北京开始

109.988246258313

[0, 1, 9, 2, 8, 3, 4, 5, 6, 7, 0]

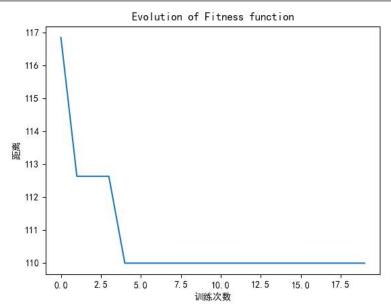
北京--->天津--->哈尔滨--->上海--->南宁--->重庆--->拉萨--->乌鲁木齐--->银川--->呼和浩特--->北京



(2) 从**天津**开始

109.98824625831301

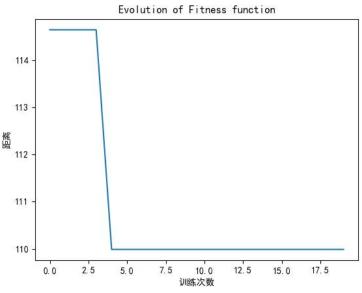
[1, 0, 7, 6, 5, 4, 3, 8, 2, 9, 1] 天津-->北京-->呼和浩特-->银川-->乌鲁木齐-->拉萨-->重庆-->南宁-->上海-->哈尔滨-->天津



(3) 从**上海**开始 109.98824625831301

[2, 8, 3, 4, 5, 6, 7, 0, 1, 9, 2]

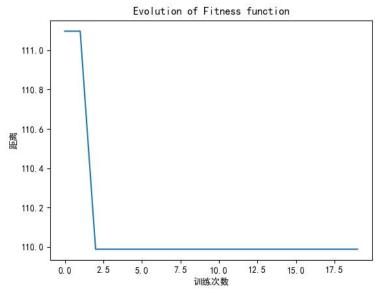
_ 上海-->南宁-->重庆-->拉萨-->乌鲁木齐-->银川-->呼和浩特-->北京-->天津-->哈尔滨-->上海



(4) 从**重庆**开始

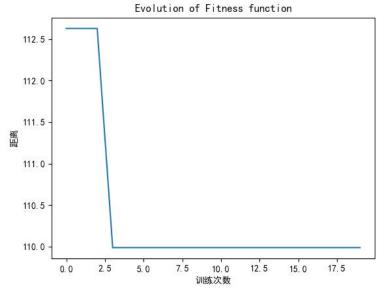
109.988246258313

[3, 4, 5, 6, 7, 0, 1, 9, 2, 8, 3] 重庆-->拉萨-->乌鲁木齐-->银川-->呼和浩特-->北京-->天津-->哈尔滨-->上海-->南宁-->重庆



(5) 从银川开始

109.98824625831301 [6, 5, 4, 3, 8, 2, 9, 1, 0, 7, 6] 银川--->乌鲁木齐--->拉萨--->重庆--->南宁--->上海--->哈尔滨--->天津--->北京--->呼和浩特--->银川



2. 调试过程:

(1) 遗传时分为复制、交叉、变异和逆转,其中复制可以直接将父代压入种群,逆转和变异随机选取一个染色体的点位进行交换即可,但交叉难以实现,因为两组染色体交叉后容易出现重复的 DNA(城市编号)。采取记录交换中重复基因的方式,在交叉完成后将未交叉部分中重复元素取出,换成缺失部分。具体操作如下,主要利用 list 切片实现:

```
gene1=male[left:right]
                            #待交叉片段
gene2=female[left:right]
miss1=[]
miss2=[]
for item in gene1:
    if item not in gene2:
        miss1.append(item)
for item in gene2:
    if item not in gene1:
       miss2.append(item)
child1 tmp=male[:left]+male[right:] #不包含交换部分的基因
child2 tmp=female[:left]+female[right:]
for i in range(len(miss1)):
    for j in range(len(child1 tmp)):
        if child1_tmp[j]==miss2[i]:
            child1 tmp[j]=miss1[i]
for i in range(len(miss2)):
    for j in range(len(child2 tmp)):
        if child2_tmp[j]==miss1[i]:
            child2_tmp[j]=miss2[i]
child1=child1 tmp[:left]
child1 r=child1 tmp[left:]
child1.extend(gene2)
child1.extend(child1 r)
child2=child2 tmp[:left]
child2 r=child2 tmp[left:]
child2.extend(gene1)
child2.extend(child2 r)
```

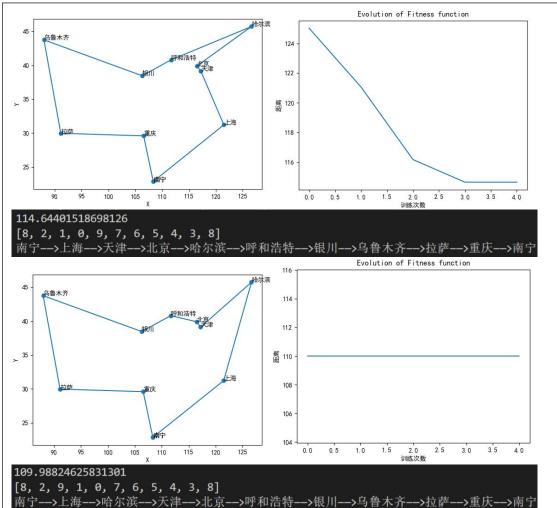
(2) python 程序读取 csv 文件时注意表头标题,为**无效数据**,不应读入数据列表,将遍历改为从 1 开始:

```
for i in range(1,len(rows)):
    city=rows[i][0]
    latitude=rows[i][1]
    longitude=rows[i][2]
    name.append(city)
    location.append([float(latitude),float(longitude)])
location=np.array(location)
```

(3) 为了保证种群数量稳定,需在自然选择时设定种群数量,否则有可能陷入死循环

```
# 生成子代的个数,保证种群数目稳定
target_count=self.populationCount-len(parents)
```

(4)由于初始种群是**随机**生成的,遗传过程也夹杂着大量的随机数,因此在进化次数较少的情况下会出现**不稳定**情形,比如无法生成最优解的情况:



上面两组图为同一程序进化次数为 5 时某两次运行生成的解,前一组显然未达到最优,后一组为最优,但由于巧合,使得初始种群一次遗传便达到最优解。易见算法中**随机数带来的不稳定性**。

(5)遗传算法的**参数根据经验所得**,进化次数、种群数量、逆转次数、保持率、变异率、弱者存活率均为人为预知参数,若参数设定不当,很容易难以得到最优解。本程序中设定的参数为:

参数	参数值
进化次数	20
种群数量	1000
逆转次数	10
保持率	0.3
变异率	0.1
弱者存活率	0.2

接下来固定其他变量分别探究各个参数变量对结果的影响:

5.1) 讲化次数

	_ , .,,.									
进化次数	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10

最优解	119.98730	116.84488	114.64401	113.73576	112.62679	112.62679	111.09721	111.09721	109.98824	109.98824
取加州	112222073	230462189	518698126	754363006	39532163	395321632	984872675	984872675	625831301	625831301

显然**进化次数越多越容易得到最优解**,由实验得**进化次数达到 10 次**以后,在其他参数不变的情况下将得到**稳定的最优解**。

5.2) 种群数量

	种群数量	100	200	300	400	500	600	700	800	900	1000
ſ	最优解	124.06415 081964239	122.33151 069363818	121.75403 962405629	120.01572 036233794	116.24838 720358666	115.49389 867878264	114.64401 518698125	112.62679 39532163	111.09721 984872675	109.98824 625831301

显然**种群数量越大**,可以选择最优解的范围越大,**越可能得到最优解**。当种群数量达到 1000 以后,最优解趋于稳定。

5.3) 逆转次数

逆转次数	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
最优解	115.49389 867878264	113.73576 754363006	113.73576 754363006	111.09721 984872675	109.98824 625831301	109.98824 625831301	109.98824 625831301	109.98824 625831301	109.98824 625831301	109.98824 625831301

由尝试可知**,逆转次数越多**,得到的解越符合适应度函数**,解越优**。当逆转次数达到 5 以后,最优解稳定于 109.988。

5.4) 保持率

	保持率	0.1	0.2	0.3	0.4	0.5	0.6	0.7	0.8	0.9	1
ı	最优解	122.33151	116.24838	109.98824	112.62679	114.64401	116.24838	119.98730	121.75403	125.30671	123.14757
		069363818	720358666	625831301	39532163	518698125	720358666	112222073	962405629	028460529	090065358

保持率为一个**居中最优参数**,若**保持率太低**,会使得最优解**难以延续;保持率过 高**,会使得**初始种群难以进化**。当保持率在 0.3 附近处,最优解接近 109.988。

5.5) 变异率

>->										
变异率	0.1	0.2	0.3	0.4	0.5	0.6	0.7	0.8	0.9	1
最优解	109.98824 625831301	109.98824 625831301	111.09721 984872675	111.09721 984872675	114.64401 518698125	114.64401 518698125	116.24838 720358666	116.24838 720358666	117.28256 288188454	120.01572 036233794

保持率也是一个**居中最优参数**,若**变异率太低**,会使得最优解**难以进化;变异率过高**,会使得**初始种群难以保持**。由常识可知,变异发生概率较低,因此设为 0.1。

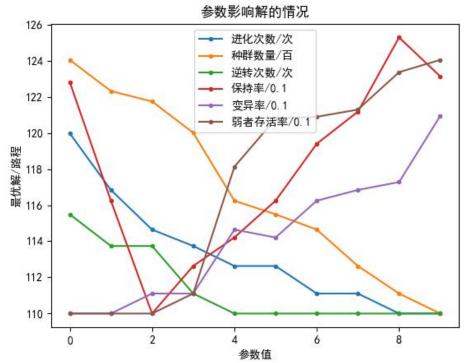
5.6) 弱者存活率

	弱者存活率	0.1	0.2	0.3	0.4	0.5	0.6	0.7	0.8	0.9	1
最优解	109.98824	109.98824	109.98824	111.09721	118.13244	120.01572	120.01572	121.75403	123.38058	124.06415	
	取心肿	625831301	625831301	625831301	984872675	637368595	036233794	036233794	962405629	42675749	081964239

由常识可知,自然会淘汰弱者,但又不会完全淘汰,总会留下少量侥幸的弱者存活, 因此弱者存活率设为 0.2。显然**弱者存活率越低,解越优**。

综合上述6个参数分析,得到表格和图像如下:

epochtiese-[119.9673011222207], 116. 5448623462108, 114. 64401518668126, 113.7357675453086, 112. 6267399532163, 112. 6267399532163, 111. 6972139462765, 111. 69721394627657, 110. 697236467675, 110. 697236467765, 110. 697236476765, 110. 697236467765, 110. 697236467765, 110. 697236476765, 110. 697236



与上述分析一致:进化次数越多越容易得到最优解;种群数量越大,越可能得到最优解;逆转次数越多,越容易得到最优解;最优解随保持率增加先增加后减少;最优解随变异率增加先增加后减少;弱者存活率越低解越优。

3. 总结:

遗传算法首先实现从性状到基因的映射,即编码工作,然后从代表问题可能潜在解集的一个种群开始进行进化**求解**。接着初代种群产生后,按照**优胜劣汰**的原则,根据个体适应度大小挑选;然后进行**复制、交叉、变异、逆转**,产生出代表**新的群体**,再对其进行挑选以及一系列遗传操作,如此往复,逐代演化产生出越来越好的近似解。

遗传算法与经典算法存在明显区别:遗传算法**以决策变量的编码作为运算对象**, 直接**以目标函数值作为搜索信息**,引入和应用遗传操作。传统的**优化算法**往往**直接利 用决策变量的实际值本身进行优化计算**,并且往往不只需要目标函数值,还需要目标 函数的导数等其它信息。这样对许多目标函数无法求导或很难求导的函数,遗传算法就 比较方便。

遗传算法同时进行解空间的多点搜索。传统的优化算法往往从解空间的一个初始点 开始搜索,这样容易陷入局部极值点。遗传算法进行群体搜索,,避免陷入局部最优。 而且在搜索的过程中引入遗传运算,使群体又可以不断进化。这也是遗传算法所特有的 一种**隐含并行性**。

遗传算法使用**概率搜索**技术,属于一种**自适应概率搜索技术**,其选择、交叉、变 异等运算都是以一种概率的方式来进行的,从而增加了其搜索过程的灵活性。

不过遗传算法依赖可靠经验值参数,否则将无法得到最优解,因此对不同模型应用遗传算法需要提前做好预测,从而给定合理的参数值。