





Kierunek: Informatyka, sem. 4

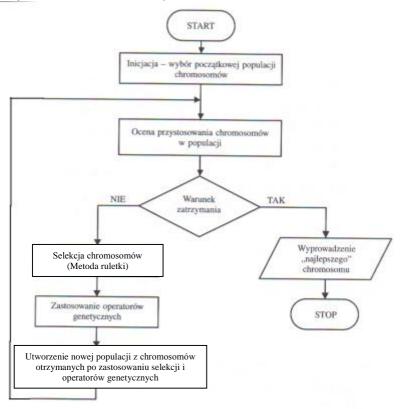
Przedmiot: Metody i narzędzia sztucznej inteligencji

Laboratorium nr 7

Temat: Implementacja oraz badanie zbieżności GA

Opracował: A. Skakovski/I. Czarnowski

Celem zajęć laboratoryjnych jest implementacja algorytmu genetycznego (GA) oraz badanie wpływu wielkości populacji GA na jego zbieżność. GA należy zaimplementować zgodnie z przedstawionym poniżej schematem blokowym.



Schemat algorytmu genetycznego

Polecenia:

Dane sa 2 funkcje:

funkcja kwadratowa: $f(x_1, x_2) \rightarrow max$,

gdzie
$$f(x_1, x_2) = -x_1^2 - x_2^2 + 2, -2 \le x_1 \le 2$$
 oraz $-2 \le x_2 \le 2$, (1)

dla której zakładamy, że zmienne mogą przyjmować wartości z dokładnością do 5 miejsca po przecinku. **Funkcja ma jedno maksimum**. Oraz

funkcja Rastrigina
$$f(x) \rightarrow min$$
,

gdzie
$$f(x) = An + \sum_{i=1}^{n} [x_i^2 - A\cos(2\pi x_i)]$$
 (2)

dla której przyjmijmy, że A=10 oraz n=10, $-5,21 \le x_i \le 5,21$, i=1,...,n oraz przyjmując dokładność do 3 miejsca po przecinku. **Funkcja ma jedno minimum**.







Wybierz jedną z powyższych funkcji, a następnie oprogramuj algorytm genetyczny rozwiązujący zadanie maksymalizacji lub minimalizacji odpowiednio do wybranej funkcji. GA należy zaimplementować zgodnie z przedstawionym powyżej schematem blokowym przyjmując następujące założenia:

- 1. Niech wielkość populacji będzie parametrem wejściowym algorytmu. Wielkość ta powinna być stała od momentu startu GA do jego zatrzymania.
- 2. Niech warunkiem zatrzymania algorytmu będzie wykonanie przez niego zadanej liczby obliczeń wartości (ewaluacji) funkcji przystosowania #ev, gdzie #ev = 1 000 dla przypadku funkcji f(x1, x2) i #ev = 10 000 dla przypadku funkcji Rastrigina. Niech liczba obliczeń wartości funkcji przystosowania #ev będzie parametrem wejściowym algorytmu. Obliczenie wartości funkcji przystosowania będziemy nazywać ewaluacją funkcji przystosowania osobnika (nie mylić terminu "ewaluacja" z "ewolucją"!).
- 3. Przyjmij, że **krzyżowanie** w GA odbywa się w sposób następujący: dla każdego osobnika w populacji losuj liczbę rzeczywistą r z przedziału [0; 1[. Jeżeli wylosowana liczba $r \le p_c = 0.6$, to skrzyżuj bieżącego osobnika z innym losowo wybranym z populacji osobnikiem. Jeżeli wylosowana liczba $r > p_c = 0.6$, to dla bieżącego osobnika nie wykonuje się operacji krzyżowania. Dla funkcji $f(x_1, x_2)$ wykonaj krzyżowanie dwu-punktowe, dla funkcji Rastrigina 8-punktowe (patrz *laboratorium 3*).
- 4. Przyjmij, że **mutacja** odbywa się w sposób następujący: dla każdego osobnika w populacji losuj liczbę rzeczywistą r z przedziału [0; 1[. Jeżeli wylosowana liczba $r \le p_m = 0,02$, to wykonaj operację mutacji tak jak to opisane w przewodniku do *laboratorium 4*. Jeżeli wylosowana liczba $r > p_M = 0,02$, to dla bieżącego osobnika nie wykonuje się operacji mutacji.
- 5. Wykonaj wykres pokazujący zmianę wartości funkcji przystosowania (FP) podczas działania GA na populacji o zadanym rozmiarze (inaczej wykres *zbieżności* algorytmu). Na wykresie, na osi Y powinny być wartości FP, a na osi X liczba wykonanych ewaluacji (obliczeń wartości) funkcji przystosowania (#ev). Na jednym wykresie umieść trzy krzywe: 1-sza krzywa FP wszystkich osobników utworzonych przez GA (*current*), 2-ga krzywa wartości FP najlepszego bieżącego osobnika (*best current*) oraz 3-cia krzywa wartości FP najlepszego osobnika wśród wszystkich dotychczas utworzonych osobników (*best global*). W Excelu, jako typ wykresu wybierz "Wykres punktowy".

Wykres zbieżności wykonaj dla każdej z podanych wielkości populacji: 20, 40, 60, 80, 100, 120, 140, 160, 180, 200 (razem 10 wykresów).

Ważne! Z uwagi na fakt, że algorytm genetyczny jest algorytmem opartym na mechanizmach losowych wykres musi odzwierciedlać wielkość statystyczną. Oznacza to, że na każdym wykresie powinieneś przedstawić średnie wartości funkcji przystosowania uzyskane po kilkukrotnym uruchomieniu algorytmu. Wówczas będziesz mógł coś powiedzieć o efektywności i zbieżności tego algorytmu w ujęciu statystycznym. Przyjmij, że **liczba powtórzeń algorytmu** dla danej wielkości populacji wyniesie **50**.

Jak rozliczyć laboratorium?







Jako rozwiązanie prześlij pliki programu oraz wykresy dla każdej z podanych wielkości populacji: 20, 40, 60, 80, 100, 120, 140, 160, 180, 200 (razem 10 wykresów).

WAŻNE: opisz dokładnie w komentarzach jakie funkcje, procedury bądź klasy za co odpowiadają. Prześlij również plik z Twoim komentarzem na temat wpływu wielkości populacji GA na jego zbieżność.