

PSZT Projekt 1 Przeszukiwanie	
Tytuł projektu	RB.S8 A może ślub? (bogata rodzina)
Wykonujący projekt	
Mateusz Bajdak	Nr albumu: 277125
Tomasz Indeka	Nr albumu: 293457

## 1. Interpretacja treści zadania

Należy zmodyfikować klasyczny algorytm ewolucyjny losowo łącząc w pary osobniki w populacji. Dodatkowo – wartość funkcji dopasowania ( $q$ ) dla osobników w parze ( $i$  oraz  $j$ ):  $q(i) = q(j) = \min(q(i), q(j))$ .

## 2. Wkład autorów

Mateusz Bajdak:

- Parser opcji wywołania programu
- Architektura aplikacji
- Interpretacja i opis wyników
- Implementacja funkcji testowych

Tomasz Indeka:

- Implementacja algorytmu ewolucyjnego:
  - selekcja
  - replikacja
  - mutacja
  - krzyżowanie
- Prezentacja statystyk

## 3. Wykorzystane narzędzia i biblioteki

Projekt został napisany w programie PyCharm Community Edition, w języku programowania Python (v3.7) z wykorzystaniem biblioteki zewnętrznej **matplotlib** oraz bibliotek standardowych, tj. **math**, **random**, **functools**, **statistics**.

## 4. Instrukcja wykonania programu

- Na komputerze, na którym wykonywany będzie program powinien być zainstalowany Python w wersji 3.7 lub wyższej,
- Będąc w katalogu głównym aplikacji (tam gdzie znajduje się plik *main\_app.py*) należy wykonać następujące polecenie: *python main\_app.py*.

Algorytm można skonfigurować korzystając z dostępnych opcji (pełna nazwa (skrót)):

- iterations (i) – liczba iteracji (w kontekście zadania – budżet) głównej pętli algorytmu
- function (f) – rodzaj funkcji do przetestowania, do wyboru:
  - griewank (<http://benchmarkfcns.xyz/benchmarkfcns/griewankfcn.html>)

- cigar (<https://al-roomi.org/benchmarks/unconstrained/n-dimensions/164-bent-cigar-function>)
- branin-1 ([http://infinity77.net/global\\_optimization/test\\_functions\\_nd\\_B.html](http://infinity77.net/global_optimization/test_functions_nd_B.html))
- bird (<http://benchmarkfcns.xyz/benchmarkfcns/birdfcn.html>)
- alpine-1 (<http://benchmarkfcns.xyz/benchmarkfcns/alpinen1fcn.html>)
- ackley (<http://benchmarkfcns.xyz/benchmarkfcns/ackleyfcn.html>)
- dimensions (d) – liczba wymiarów funkcji celu
- crossover\_p (C) – prawdopodobieństwo krzyżowania
- cardinality (n) – licznosc populacji
- attempts (a) – liczba wykonan „pełnego obiegu” algorytmu
- mut\_sigma (S) – wartosc odchylenia standardowego rozkladu normalnego przy mutowaniu
- x\_min (m) – ograniczenie od dolu wartosci osobnikow populacji poczatkowej
- x\_max (M) – ograniczenie od gory wartosci osobnikow populacji poczatkowej

Dana opcje można zastosować poprzez dodanie po nazwie programu: --<pełna nazwa>=wartość lub -<skrót>=wartość lub -<skrót>wartość. Przykładowa komenda uruchomienia programu:

```
python main_app.py -iterations=1000 -d2 -C0.5 -n=200 -a25 -m-100 -M100 -fcigar
```

## 5. Cele i tezy przeprowadzonych badan

Celem przeprowadzonych badan jest porównanie i wskazanie ewentualnych różnic w wynikach zwróconych przez wymienione w rozdziale 1 algorytmy.

Charakterystyka zmodyfikowanego algorytmu może spowodować, że słabsze osobniki, które w przypadku klasycznym zostałyby „uśmiercone”, przeżyją dzięki silniejszemu partnerowi – mają szansę pokonać słabszy obszar funkcji celu.

Zakładamy, że zmodyfikowany algorytm będzie znajdował optimum wolniej, ale finalnie osiągnie wynik co najmniej tak samo dobry jak standardowy algorytm ewolucyjny.

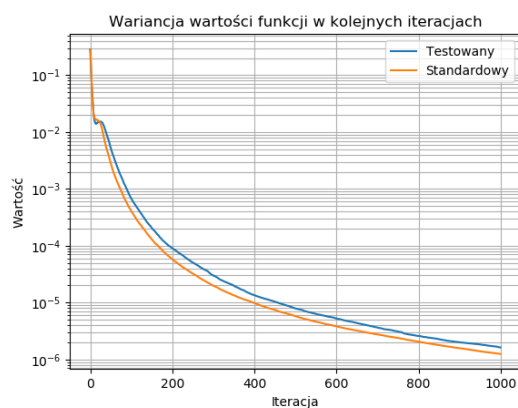
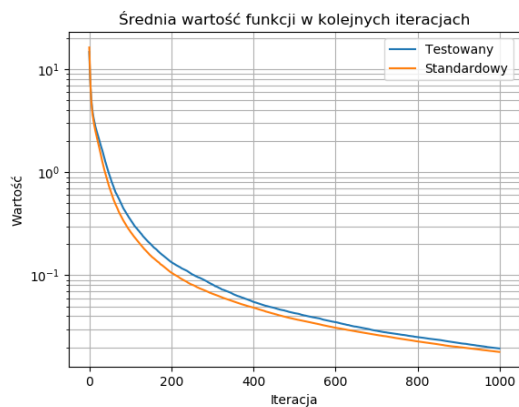
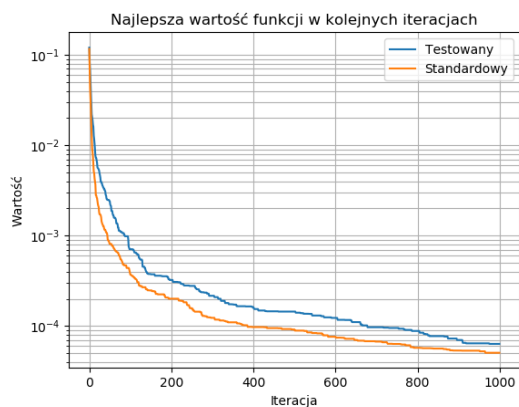
## 6. Wyniki eksperymentów

Przedstawione najlepsze rezultaty z 25 prób dla 6 funkcji testowych (w wariantach dwuwymiarowych), przy budżecie 500/1000, licznosci populacji 200, prawdopodobieństwie krzyżowania 50% oraz odchyleniu standardowemu dla rozkladu normalnego w mutacji 5.

### 6.1. Funkcja Ackleya (minimum: 0) - $x_1, x_2 \in \langle -32|32 \rangle$ .

Minimum dla algorytmu tradycyjnego: **0.00**

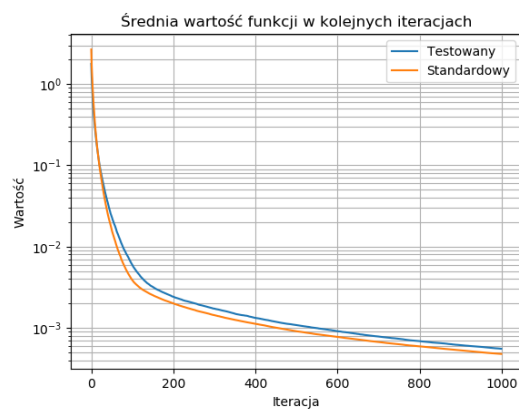
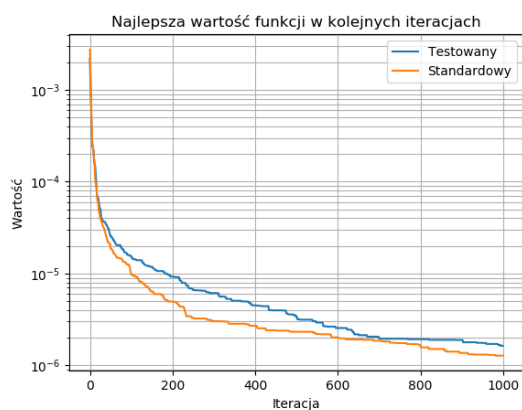
Minimum dla algorytmu zmodyfikowanego: **0.00**

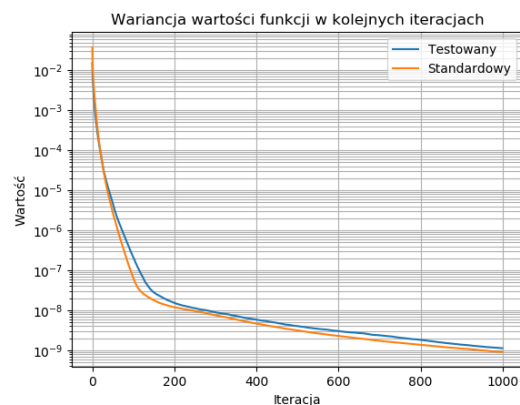


## 6.2. Funkcja Alpine01 (minimum: 0) - $x_1, x_2 \in \langle -10|10 \rangle$ .

Minimum dla algorytmu tradycyjnego: **0.00**

Minimum dla algorytmu zmodyfikowanego: **0.00**

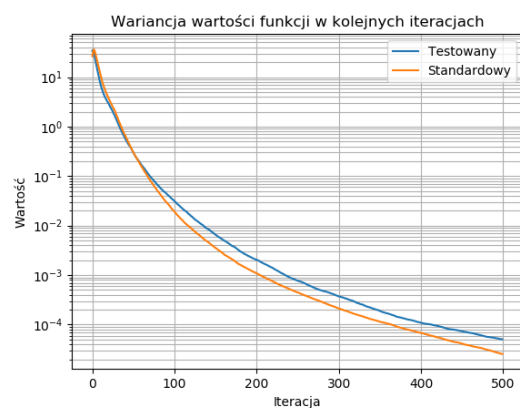
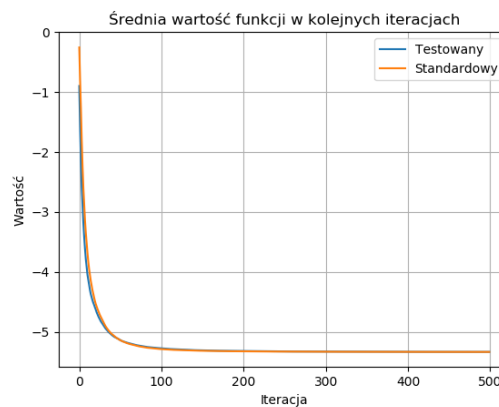
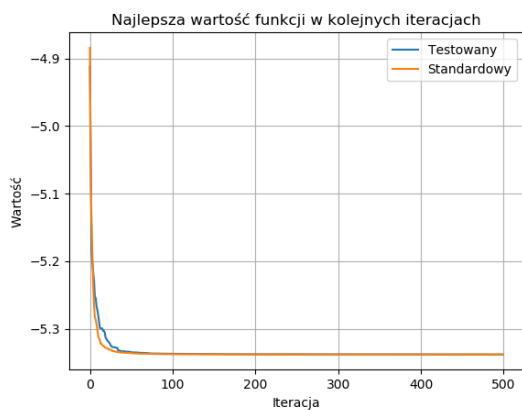




6.3. Funkcja Bird (minimum: -106.76) -  $x_1, x_2 \in \langle -6.28|6.28 \rangle$ .

Minimum dla algorytmu tradycyjnego: **-106.76**

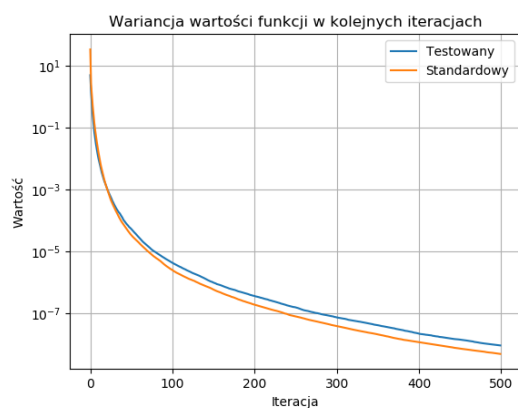
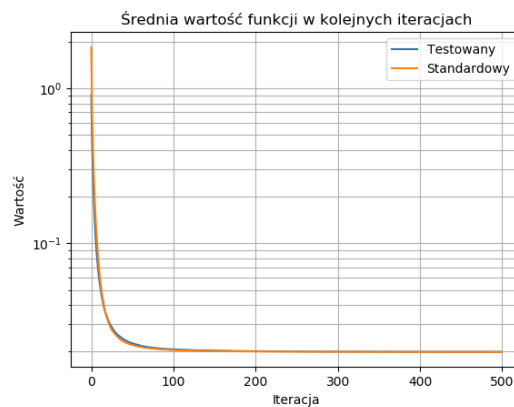
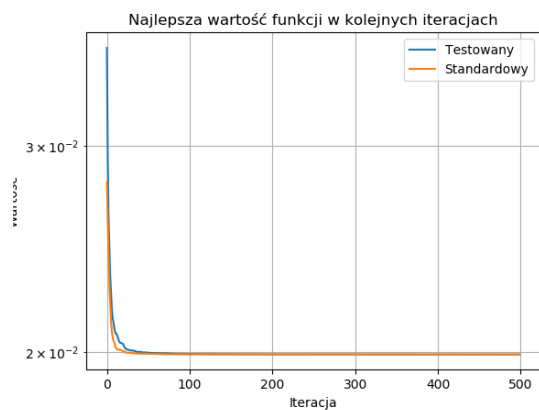
Minimum dla algorytmu zmodyfikowanego: **-106.76**



6.4. Funkcja Branin01 (minimum: 0.39) -  $x_1, x_2 \in \langle -15|15 \rangle$ .

Minimum dla algorytmu tradycyjnego: **0.39**

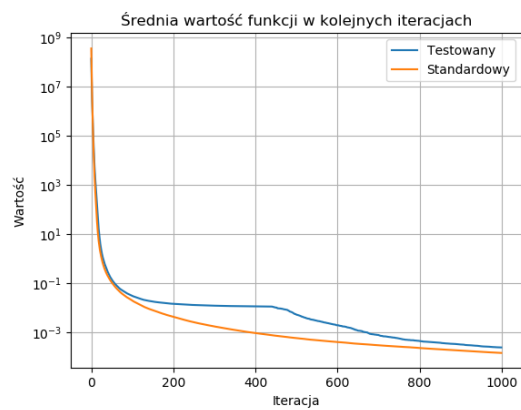
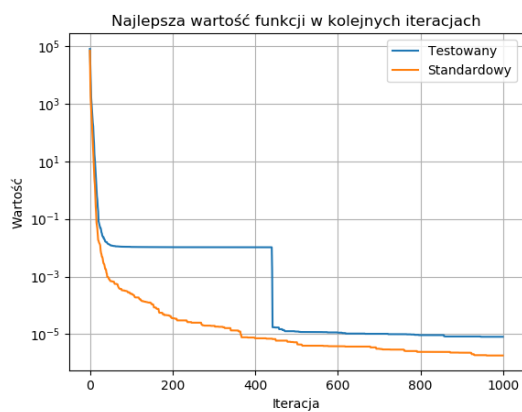
Minimum dla algorytmu zmodyfikowanego: **0.39**

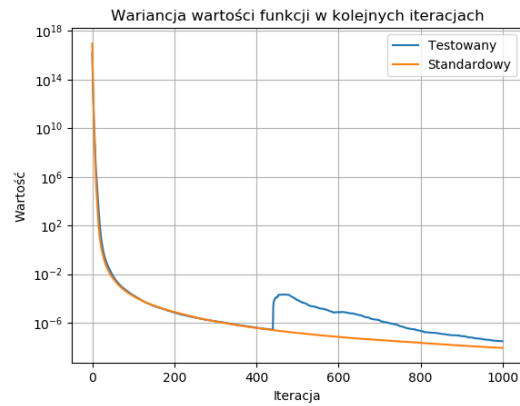


### 6.5. Funkcja Cigar (minimum: 0) - $x_1, x_2 \in \langle -100|100 \rangle$ .

Minimum dla algorytmu tradycyjnego: **0.00**

Minimum dla algorytmu zmodyfikowanego: **0.00**

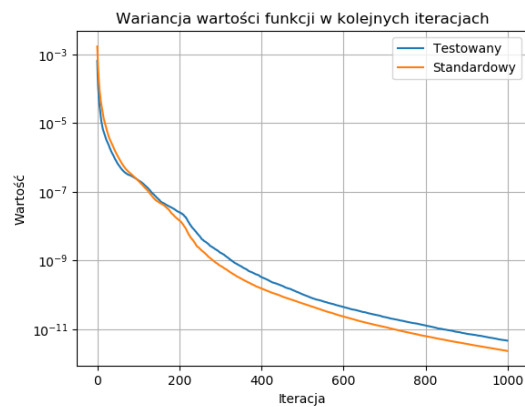
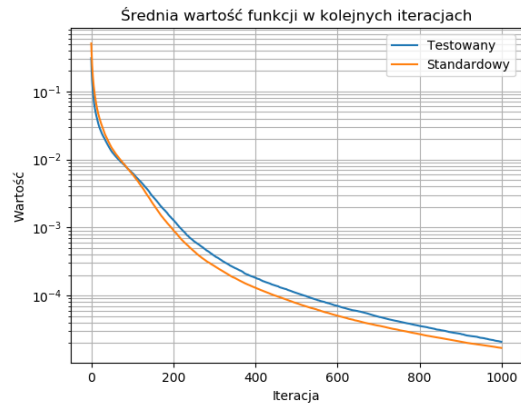
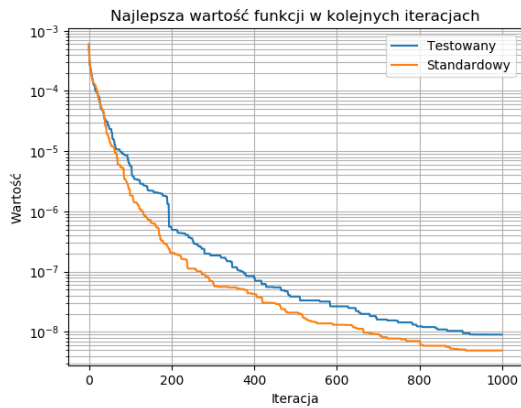




## 6.6. Funkcja Griewank (minimum: 0) - $x_1, x_2 \in \{-10|10\}$ .

Minimum dla algorytmu tradycyjnego: **0.00**

Minimum dla algorytmu zmodyfikowanego: **0.00**



## 7. Omówienie wyników

Wyniki obu algorytmów zbliżone. Widoczna różnica w szybkości dochodzenia do wartości minimalnej – algorytm klasyczny w większości przypadków szybciej osiągał mniejsze wartości funkcji celu. Widoczny również wolniejszy spadek wariancji wartości funkcji celu w kolejnych iteracjach.

## 8. Wnioski

Dla wybranych funkcji celu nie udało się uzyskać sytuacji, w której widoczna byłaby wyższość algorytmu zmodyfikowanego nad klasycznym – algorytmy sprawiły się bardzo podobnie z widoczną lekką przewagą po stronie wersji klasycznej. Oba pomyślnie znajdują minimum zadanej funkcji, choć algorytm standardowy zdaje się to robić szybciej. Jest to spowodowane przez utrzymywanie przez testowany algorytm informacji o niektórych punktach z niekorzystnym położeniem w przestrzeni, ale posiadających partnera o dobrym dopasowaniu. Standardowy algorytm nie przechowuje informacji o źle dopasowanych osobnikach przez co dzięki mutacji w okolicy optimum funkcji jest w stanie szybciej znaleźć rozwiązanie.

Przechowywanie informacji o źle dopasowanych osobnikach może prowadzić do znajdowania minimów znajdujących się za dużymi słabymi obszarami funkcji celu. Z naszych obserwacji wynika jednak, że informacja o źle dopasowanych osobnikach była często tracona w wyniku krzyżowania i znajdowania lepszych rozwiązań, przez co para ze słabym osobnikiem była gorzej dopasowana i odrzucana. Niemniej jednak na wykresach można zauważyć, że w przypadku testowanego algorytmu wariancja otrzymanych funkcji celu jest większa co może świadczyć o przeszukiwaniu większej przestrzeni.