

Bartosz Durys    229869    229869@edu.p.lodz.pl  
Szymon Klewicki    229911    229911@edu.p.lodz.pl

## Zadanie 3 - Algorytm genetyczny

### 1. Cel

Celem zadania była implementacja algorytmu genetycznego dla problemu plecakowego. Należało również zbadać jego działanie z różnymi operatorami genetycznymi i parametrami początkowymi.

### 2. Działanie programu

Program to implementacja algorytmu genetycznego do rozwiązywania problemu plecakowego. Ma ona do dyspozycji cztery metody selekcji oraz trzy metody krzyżowania

Zanim jednak będziemy mogli wykorzystać te operatory, to musimy się przygotować. Na podstawie listy przedmiotów tworzona jest przestrzeń rozwiązań z zastosowaniem kodowania binarnego.

Tworzymy następnie początkową populację. Dbamy o to, żeby reprezentowały ją potencjalne rozwiązania spełniające warunek zadania. Uważamy też, żeby nie posiadać zbyt wiele powtórzeń chromosomów. Ograniczamy je do trzech możliwych na tym etapie.

Jak już mamy na czym operować, to musimy ocenić osobniki w swojej populacji. Chromosomy, których zgromadzona waga nie jest większa od pojemności plecaka, oceniamy pozytywnie - sumujemy wartość plecaka. Pozostałe otrzymują zero punktów.

Po ocenie wybieramy określoną liczbę rodziców z użyciem prawdopodobieństwa krzyżowania wybranym operatorem selekcji. Każda wybrana wcześniej para chromosomów poddawana jest operatorowi krzyżowania. Następnie mutujemy określoną przez prawdopodobieństwo mutacji liczbę unikalnych genów. Później dobieramy rodziców do dzieci tak, żeby otrzymać taki sam rozmiar populacji jak na początku. Robimy to wybranym operatorem selekcji.

Utworzone pokolenie poddajemy ocenie i ponawiamy cały proces. Algorytm kończymy spełnieniem warunku stopu.

### 3. Opis implementacji

Do własnej konfiguracji korzystamy z dwóch plików z folderu *input*. Plik *object.txt* zawiera listę przedmiotów branych pod uwagę w problemie. A *simulation.json* zawiera strukturę automatyzującą tworzenie symulacji. Tutaj ustawiamy parametry początkowe.

Po uruchomieniu pliku *simulation.py* obserwujemy komunikaty z postępem. Tworzone są w tym momencie pliki ze statystykami symulacji. Każdy z nich reprezentuje jedną przeprowadzoną symulację.

Program wykonuje wszystkie kombinacje wprowadzonych parametrów. Możemy wprowadzić dowolnie wiele krotek prawdopodobieństwa krzyżowania, mutacji oraz wielkość populacji. Każda z nich zostanie wprowadzona do wielokrotności dwunastu symulacji. Wynika to z faktu, że łączymy w unikalne pary cztery metody selekcji z trzema metodami krzyżowania. I oprócz tego produktu kartezjańskiego, możemy wpisać wartość parametru powtórzeń każdej symulacji - wybraliśmy wartość 5. Dla naszych 10 konfiguracji otrzymujemy więc 600 plików ze statystykami.

Stworzyliśmy pakiet *evolution*, w którym zawarte są skrypty zaimplementowane do algorytmu ewolucyjnego. Dostępne są tam też dwie klasy w pliku *models.py*:

- **ChromosomeModel** - reprezentuje osobnika w populacji. Posiada pole *fitness*. Może być haszowany, sortowany, porównywany i kopiowany.
- **ObjectModel** - reprezentuje obiekt, który chemy włożyć do plecaka.

### 4. Założenia

Użyliśmy cztery metody selekcji:

1. Ruletkową.
2. Rankingową.
3. Turniejową (wielkość grupy turniejowej: 6).
4. Elitarną.

Oraz trzy metody krzyżowania:

1. Jednopunktową.
2. Dwupunktową.
3. Równomierną.

Podczas dobierania rodziców do utworzonych dzieci, aby osiągnąć wymagany rozmiar populacji, korzystamy z selekcji rankingowej.

Obsługiwane przez nas warunki stopu to maksymalna liczba pokoleń (ustawione na 40) oraz brak lepszego rozwiązania w zdefiniowanej liczbie iteracji (tutaj 12).

### 5. Metodyka

Swoją analizę wyników bazowaliśmy na liście wartości najlepszego chromosomu w każdej iteracji na przestrzeni 40 generacji. W przypadku wystąpienia stagnacji po ustalonych 12 iteracjach, przyjmujemy, że brana pod

uwagę wartość się nie zmienia dalej. Tworzymy wykresy tej wartości łączone jeden obok drugiego dla tych samych parametrów wstępnych (prawdopodobieństwo krzyżowania, mutacji i wielkość populacji). Powtórzone symulacje umieszczamy na tym samym wykresie.

Dodatkowo, podczas tworzenia wykresów zanotowaliśmy wartości maksymalne, minimalne i średnie. Pozwoliły one połączyć pierwsze dwanaście wykresów w jeden dla każdej konfiguracji.

Wykresy ze względu na wygodę tworzenia są po angielsku.

## 6. Zestawy parametrów

Każdy zestaw parametrów brany do analizy ma takie same wartości parametrów:

- Liczba powtórek symulacji: 5
- Rozmiar grupy turniejowej: 6
- Maksymalna liczba generacji: 40
- Maksymalny okres stagnacji: 12

### **Grupa do badania wpływu prawdopodobieństwa krzyżowania:**

#### **Zestawy parametrów nr 1:**

- Prawdopodobieństwo krzyżowania: 0.9
- Prawdopodobieństwo mutacji: 0.1
- Wielkość populacji: 60

#### **Zestawy parametrów nr 2:**

- Prawdopodobieństwo krzyżowania: 0.6
- Prawdopodobieństwo mutacji: 0.1
- Wielkość populacji: 60

#### **Zestawy parametrów nr 3:**

- Prawdopodobieństwo krzyżowania: 0.35
- Prawdopodobieństwo mutacji: 0.1
- Wielkość populacji: 60

#### **Zestawy parametrów nr 4:**

- Prawdopodobieństwo krzyżowania: 0.1
- Prawdopodobieństwo mutacji: 0.1
- Wielkość populacji: 60

### **Grupa do badania wpływu prawdopodobieństwa mutacji:**

#### **Zestawy parametrów nr 5:**

- Prawdopodobieństwo krzyżowania: 0.6
- Prawdopodobieństwo mutacji: 0
- Wielkość populacji: 60

#### **Zestawy parametrów nr 6:**

- Prawdopodobieństwo krzyżowania: 0.6

- Prawdopodobieństwo mutacji: 0.5
- Wielkość populacji: 60

#### **Zestawy parametrów nr 7:**

- Prawdopodobieństwo krzyżowania: 0.6
- Prawdopodobieństwo mutacji: 0.8
- Wielkość populacji: 60

#### **Grupa do badania wpływu wielkości populacji:**

##### **Zestawy parametrów nr 8:**

- Prawdopodobieństwo krzyżowania: 0.6
- Prawdopodobieństwo mutacji: 0.1
- Wielkość populacji: 10

##### **Zestawy parametrów nr 9:**

- Prawdopodobieństwo krzyżowania: 0.6
- Prawdopodobieństwo mutacji: 0.1
- Wielkość populacji: 100

##### **Zestawy parametrów nr 10:**

- Prawdopodobieństwo krzyżowania: 0.6
- Prawdopodobieństwo mutacji: 0.1
- Wielkość populacji: 400

## **7. Wyniki**

Tutaj zaprezentujemy nasze zmierzone wartości.

Poziome linie kropek na wykresach A-L to przedłużenie ostatniej iteracji symulacji, w której doszło do stagnacji.

Zakodowane wartości przy literkach:

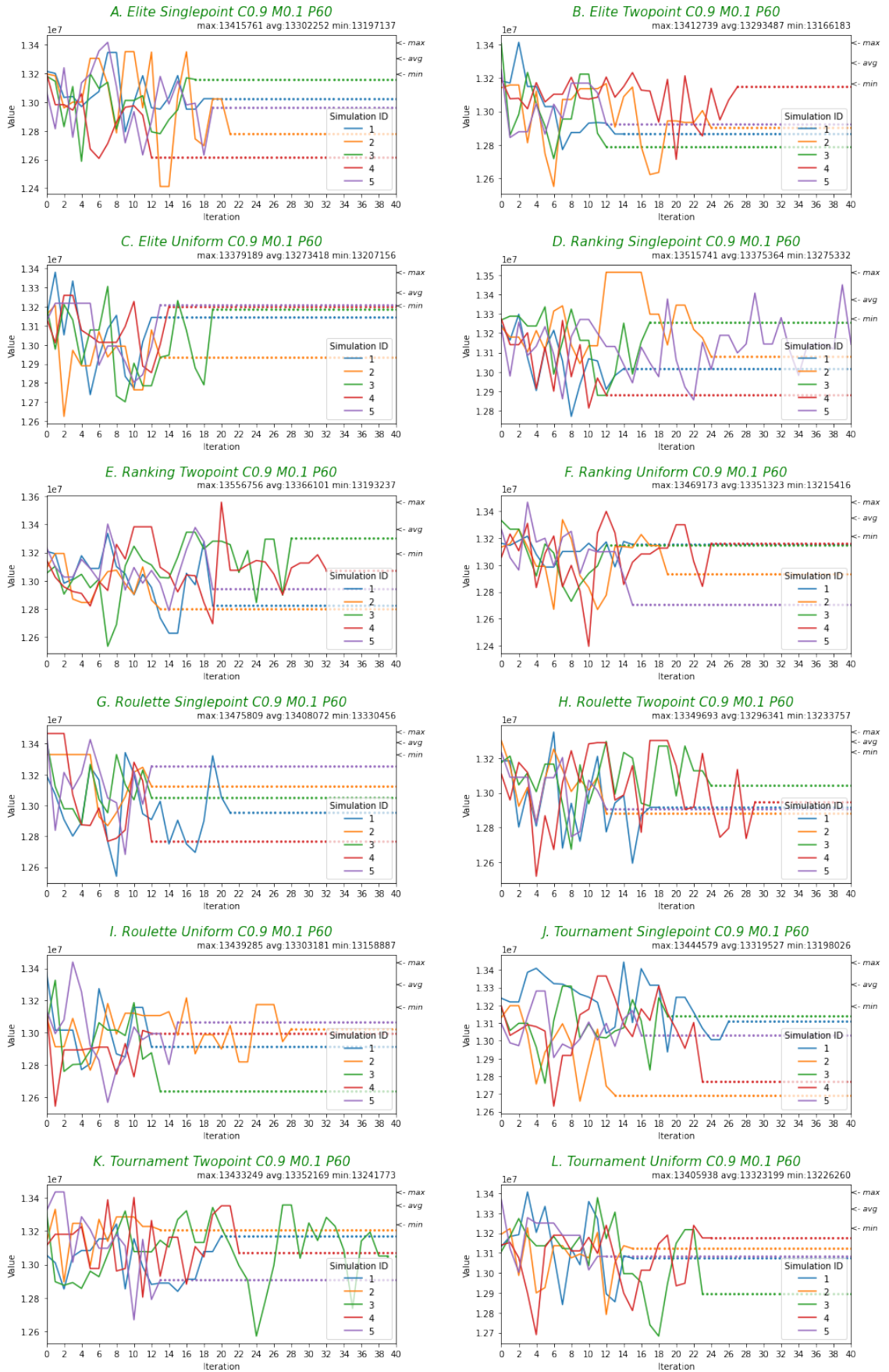
- **C** - prawdopodobieństwo krzyżowania
- **M** - prawdopodobieństwo mutacji
- **P** - wielkość populacji

Na wykresach pojawiły się ponadto poniższe skrótowe określenia:

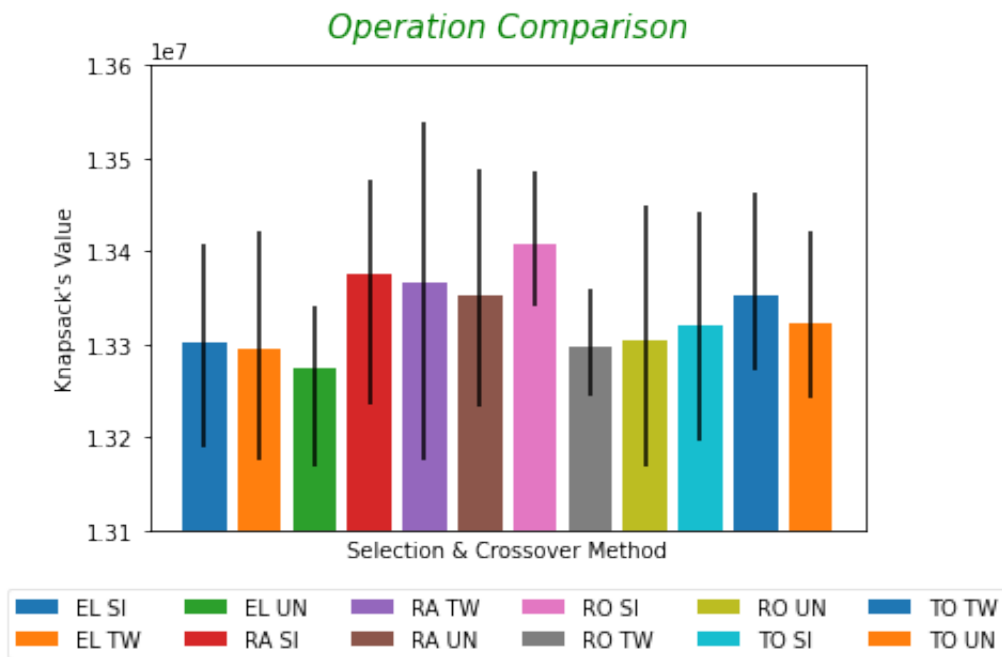
- **Elite (EL)** - selekcja elitarna
- **Ranking (RA)** - selekcja rankingowa
- **Roulette (RO)** - selekcja ruletkowa
- **Tournament (TO)** - selekcja turniejowa
- **Singlepoint (SI)** - krzyżowanie jednopunktowe
- **Twopint (TW)** - krzyżowanie dwupunktowe
- **Elite (UN)** - krzyżowanie równomierne

Część wykresów jest ułożona w odwrotnej kolejności, żeby efektywniej wykorzystać wolne miejsca.

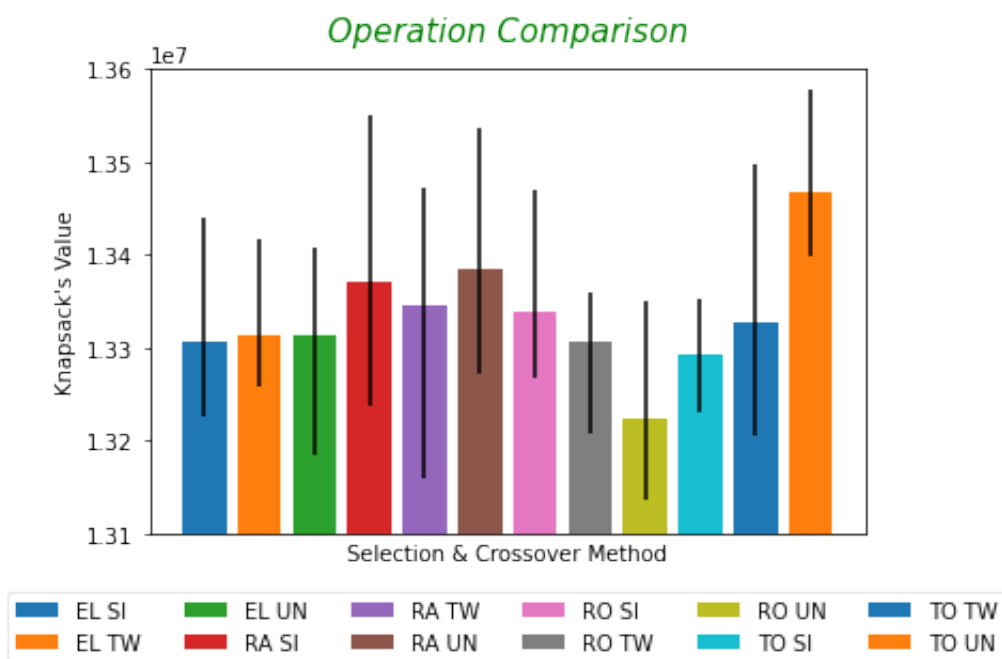
## Wykresy 1.0. A-L. Najlepszy osobnik w generacji dla różnych operatorów.



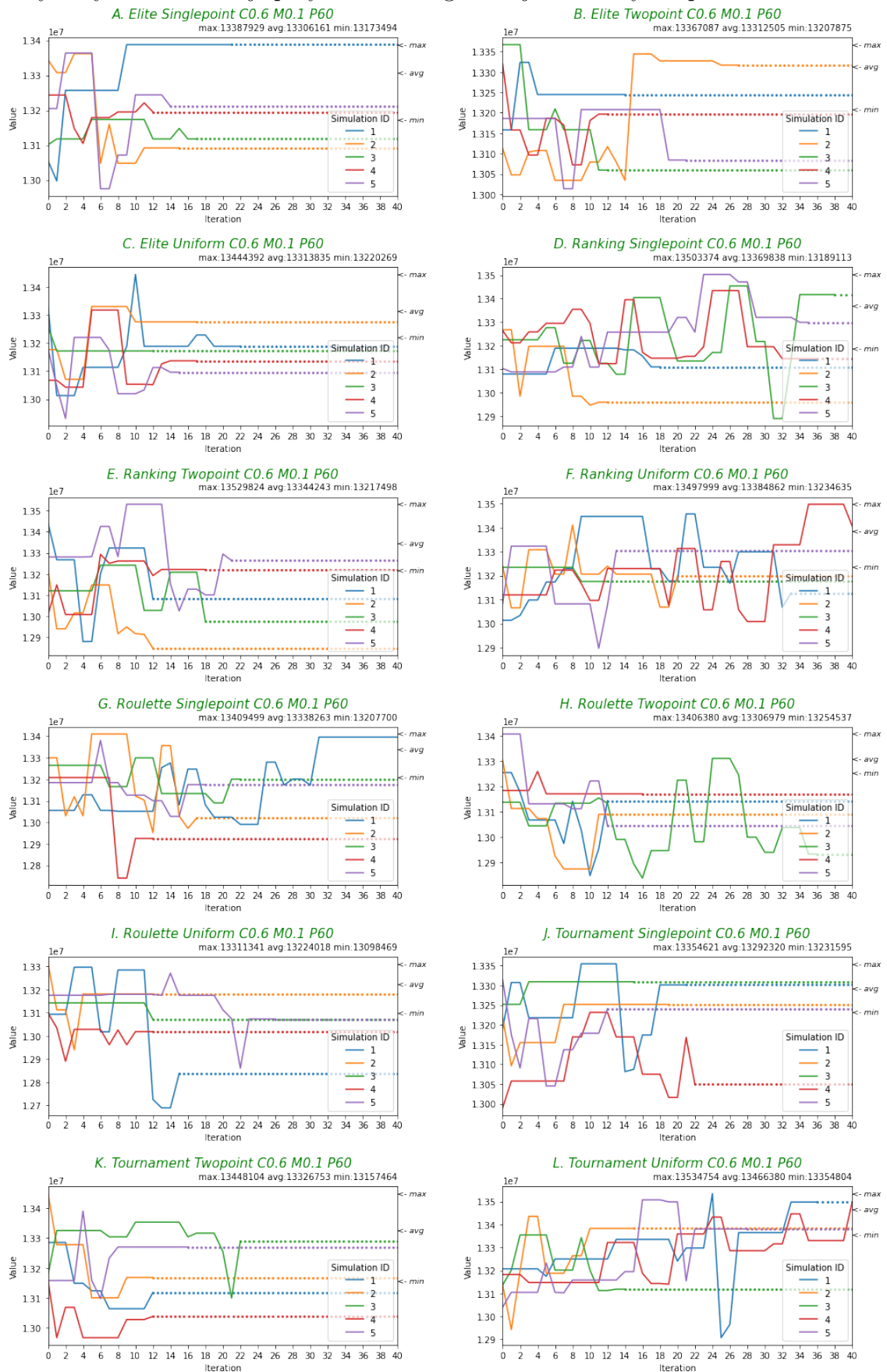
Wykresy 1.1. Porównanie wartości statystycznych dla każdego operatora.



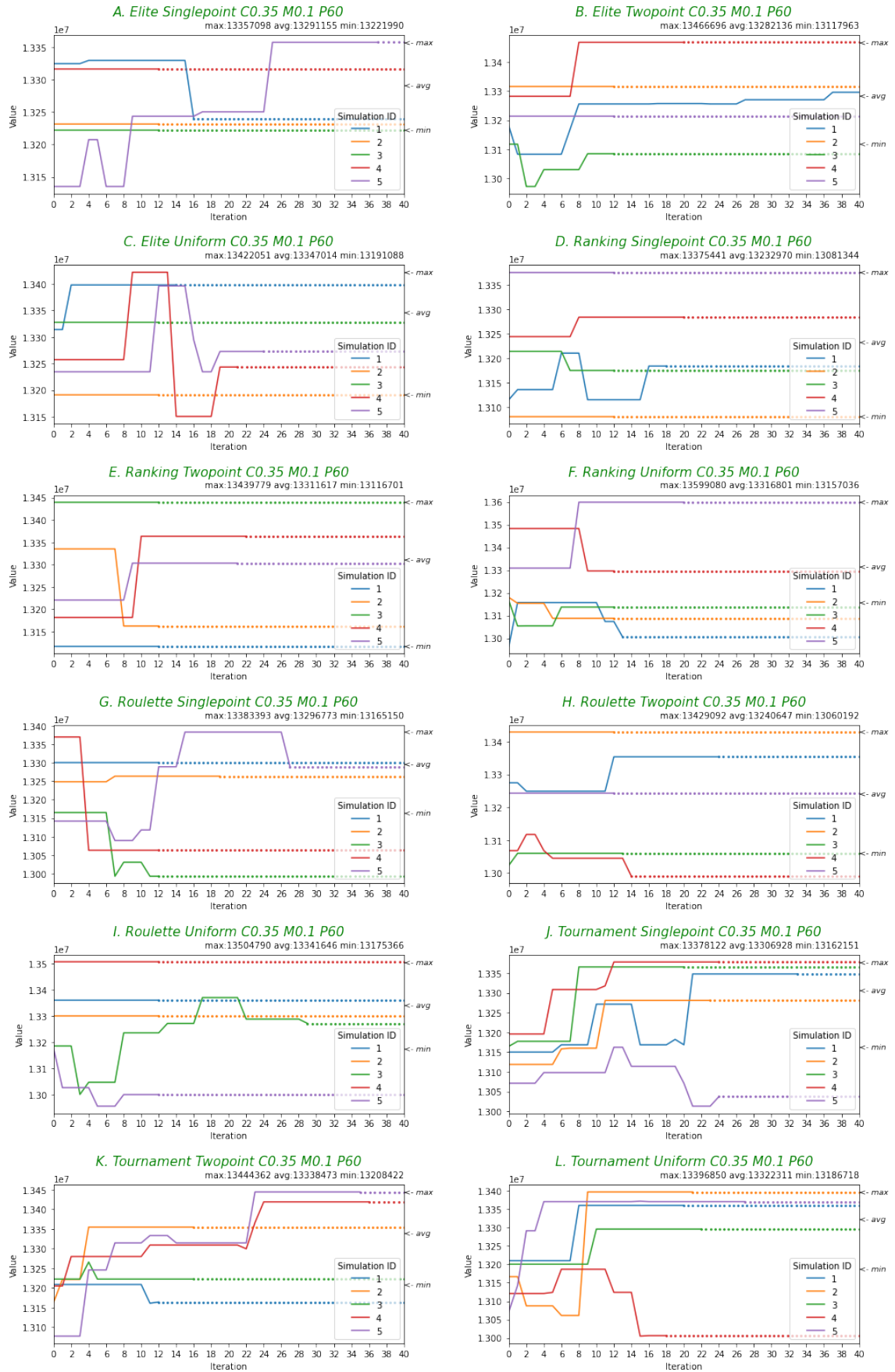
Wykresy 2.1. Porównanie wartości statystycznych dla każdego operatora.



## Wykresy 2.0. A-L. Najlepszy osobnik w generacji dla różnych operatorów.

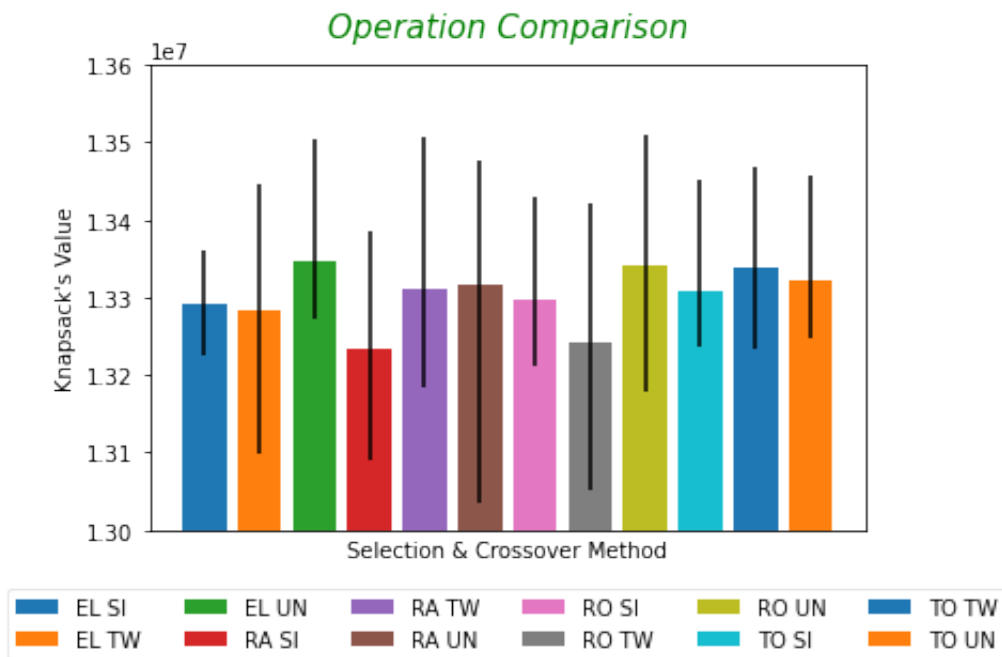


### Wykresy 3.0. A-L. Najlepszy osobnik w generacji dla różnych operatorów.

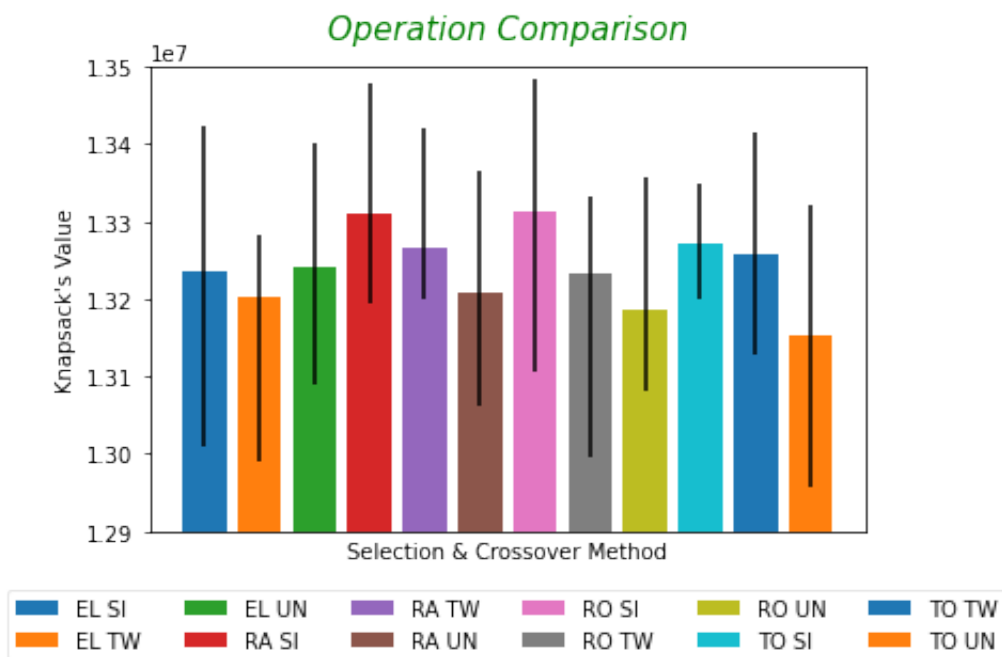




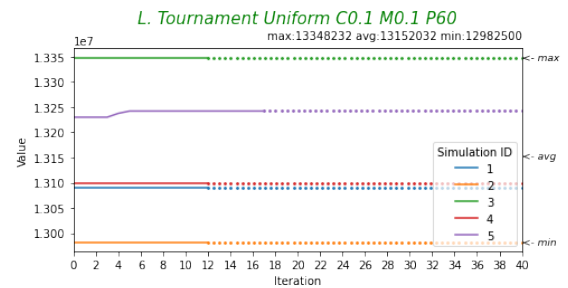
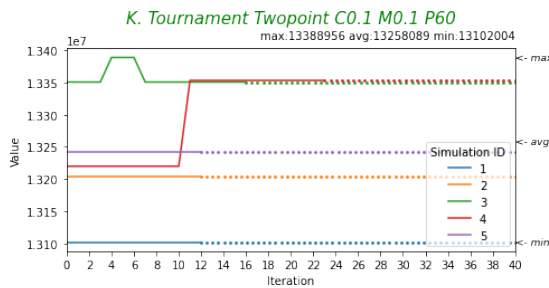
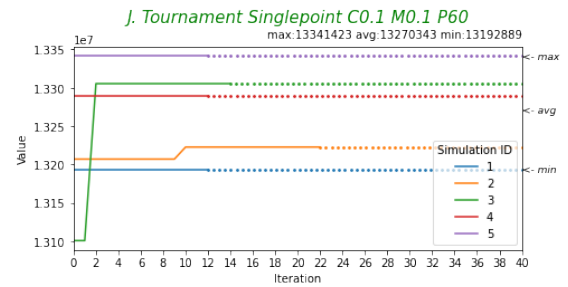
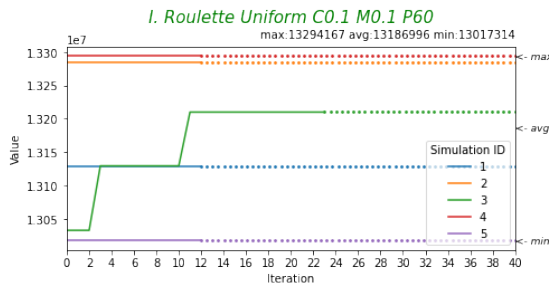
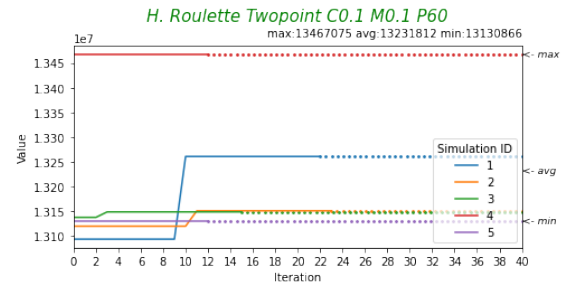
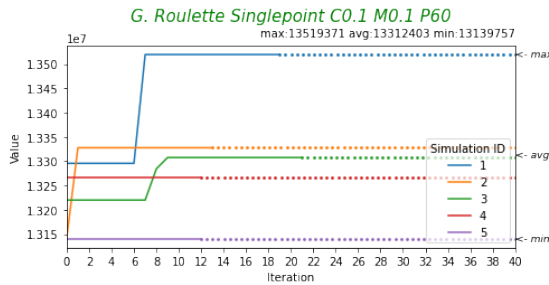
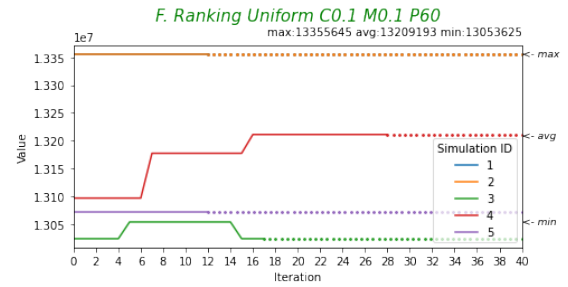
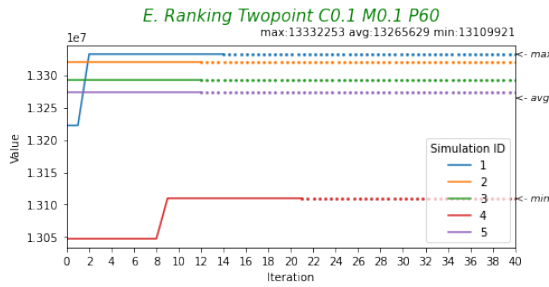
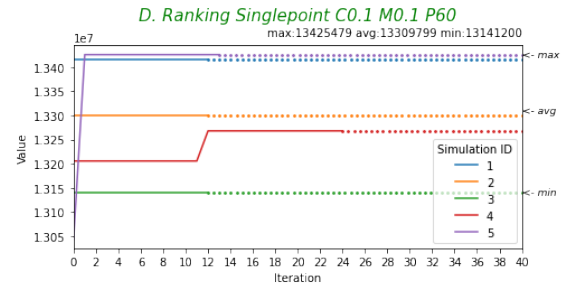
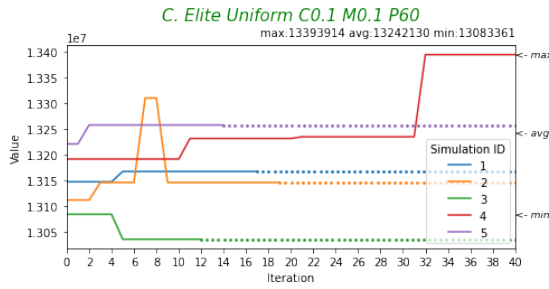
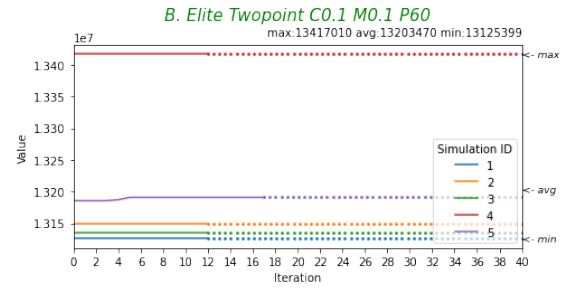
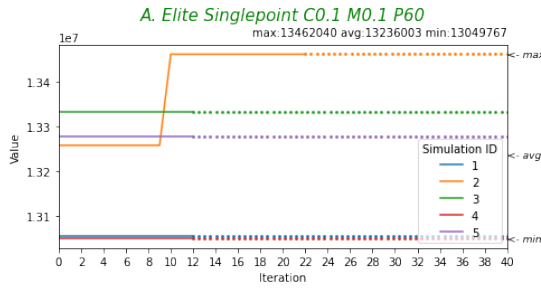
Wykresy 3.1. Porównanie wartości statystycznych dla każdego operatora.



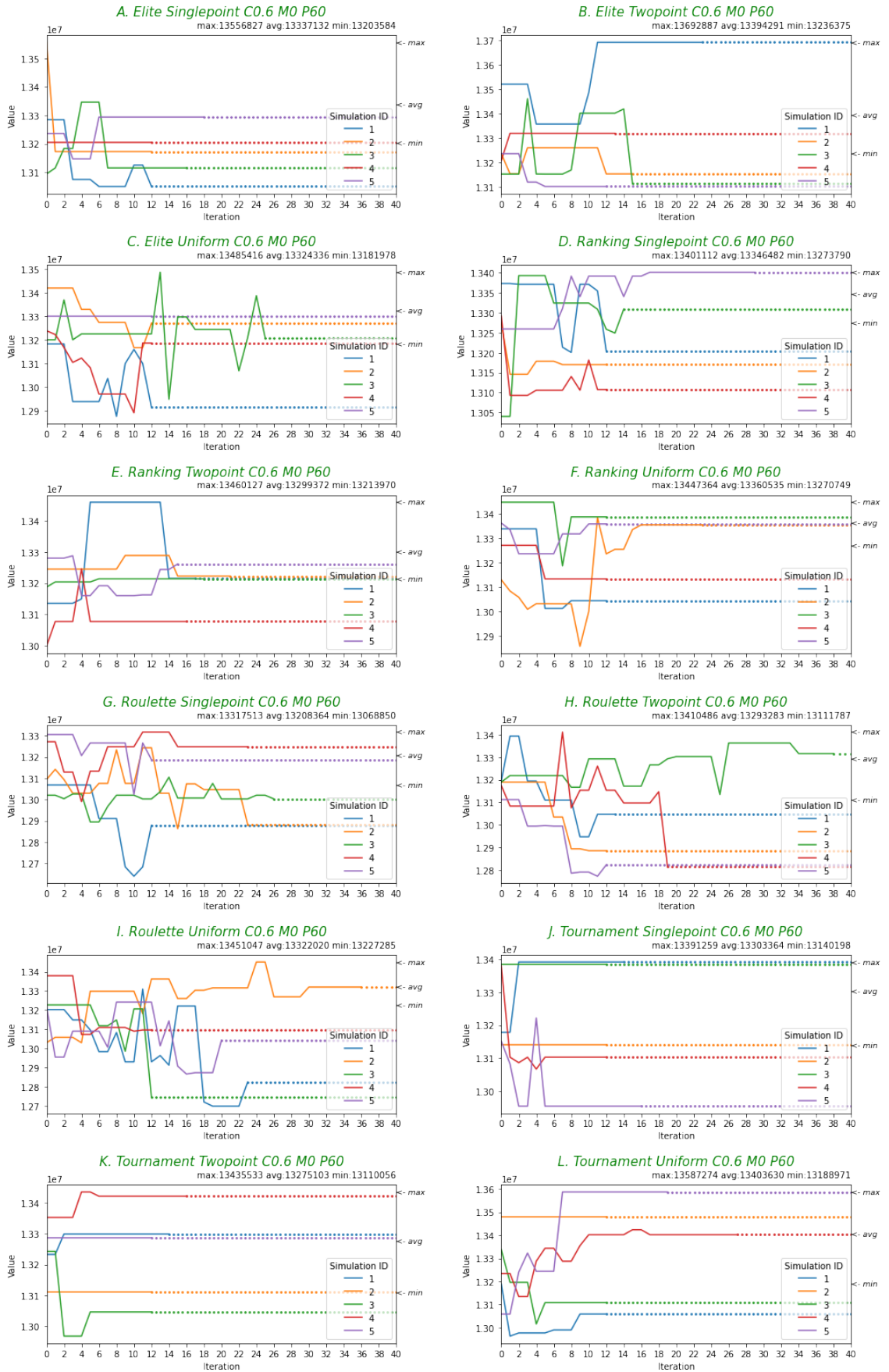
Wykresy 4.1. Porównanie wartości statystycznych dla każdego operatora.



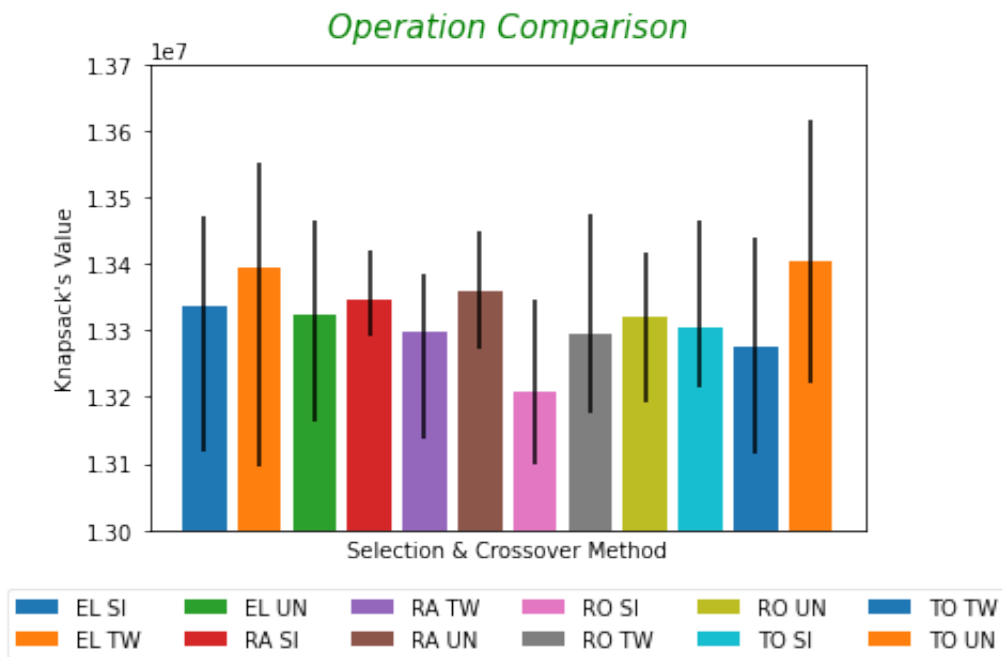
## Wykresy 4.0. A-L. Najlepszy osobnik w generacji dla różnych operatorów.



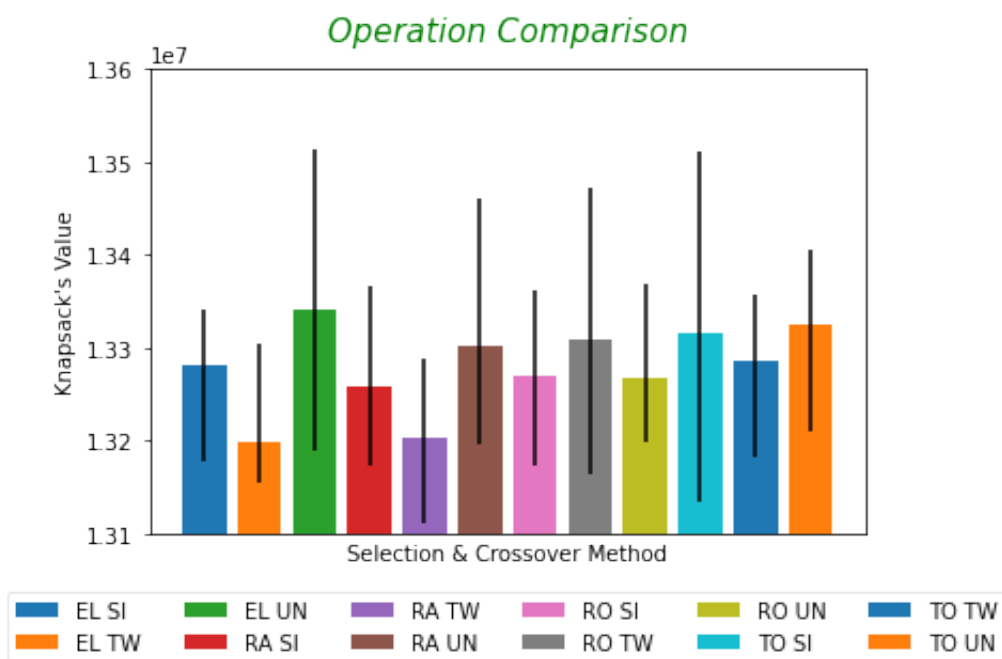
## Wykresy 5.0. A-L. Najlepszy osobnik w generacji dla różnych operatorów.



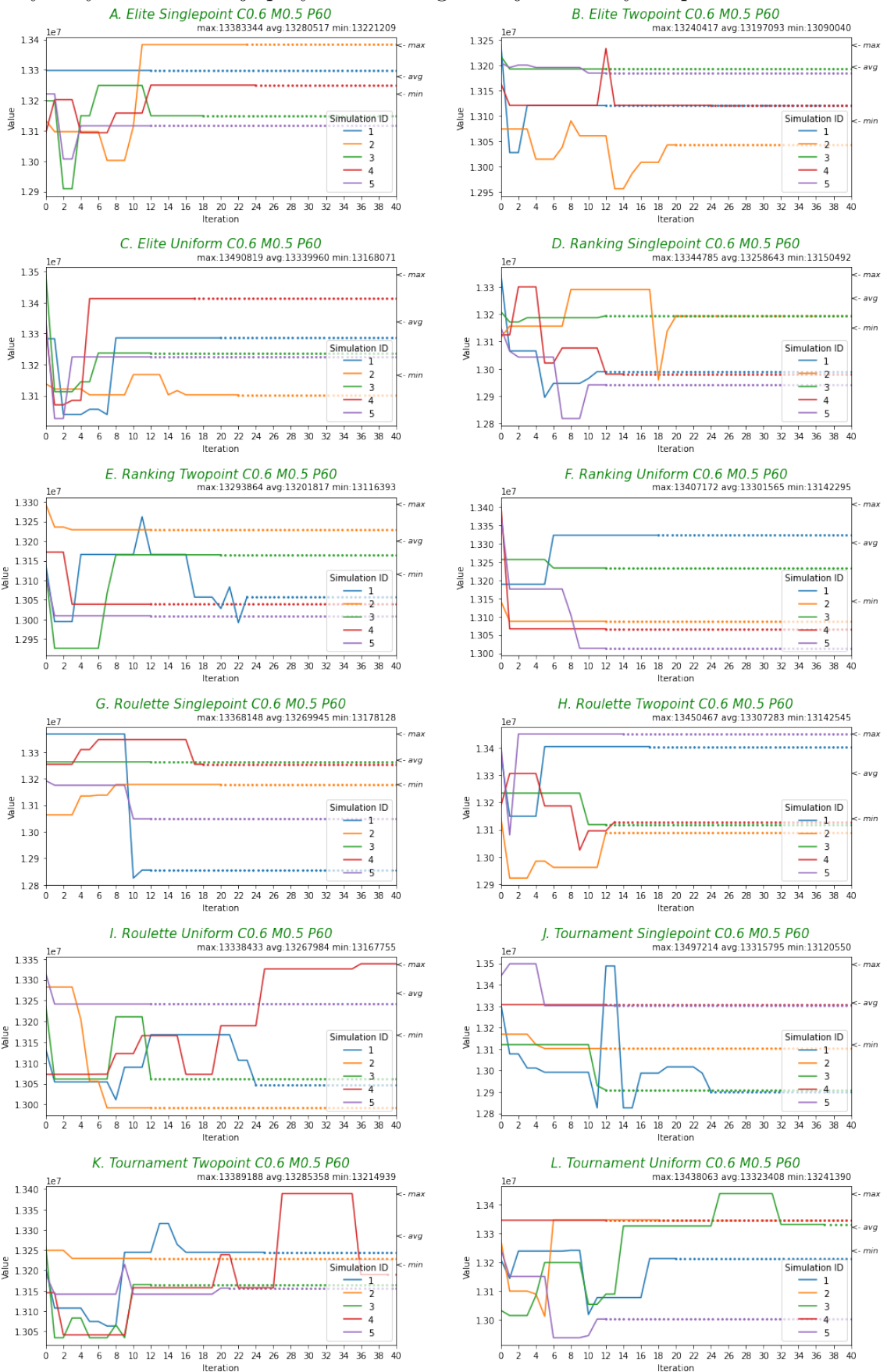
Wykresy 5.1. Porównanie wartości statystycznych dla każdego operatora.



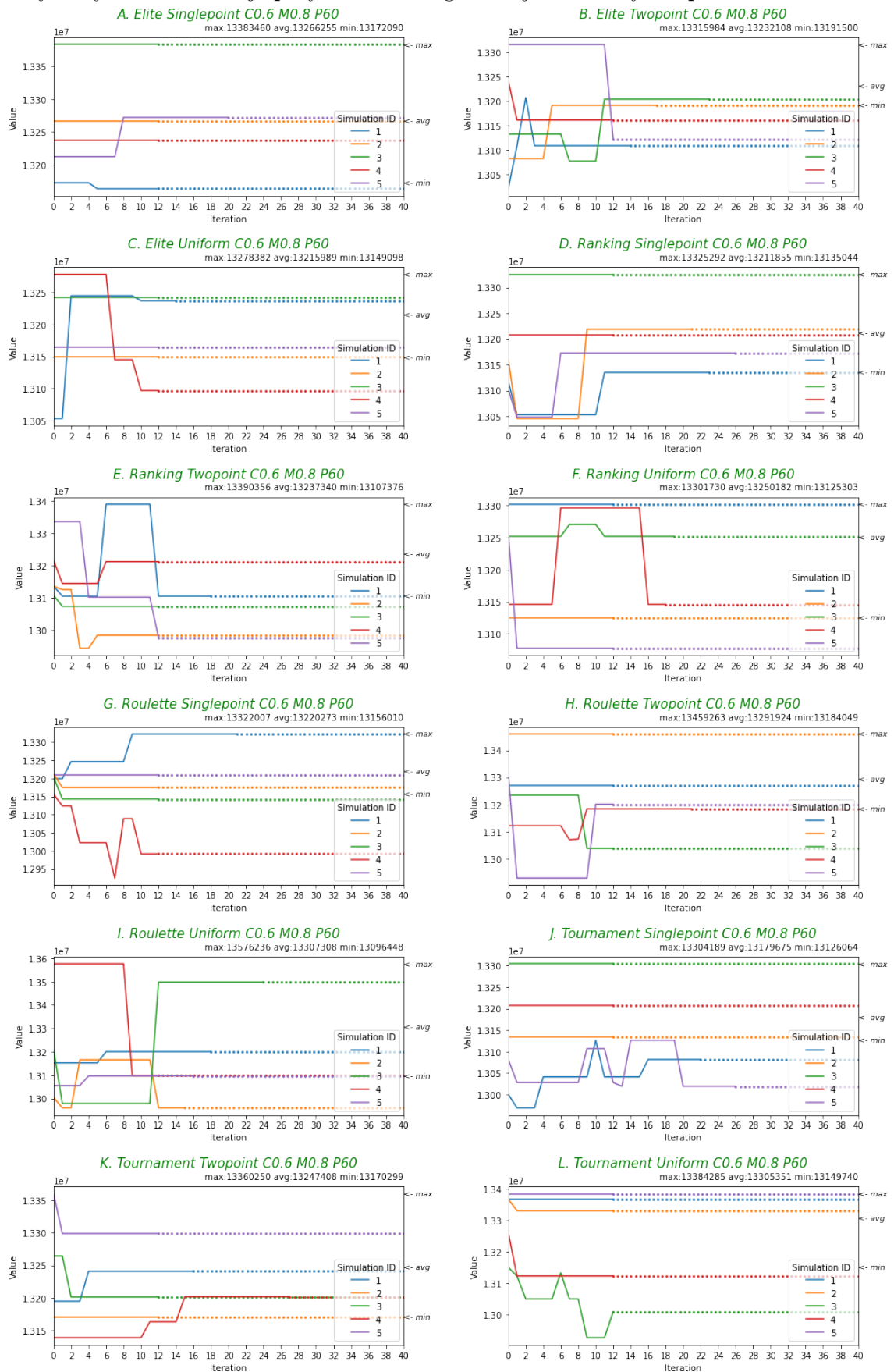
Wykresy 6.1. Porównanie wartości statystycznych dla każdego operatora.



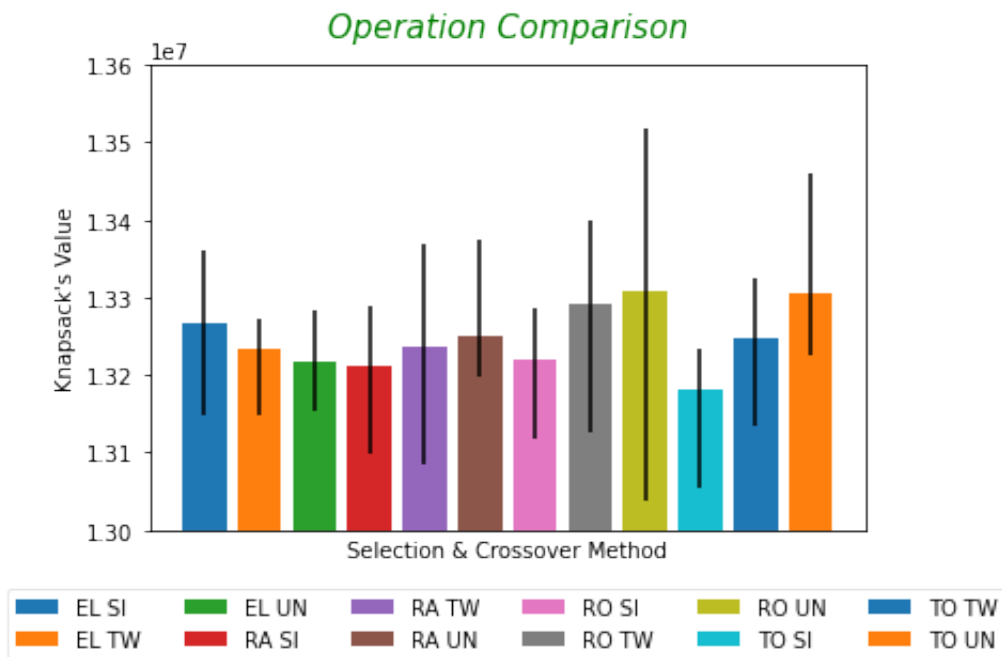
Wykresy 6.0. A-L. Najlepszy osobnik w generacji dla różnych operatorów.



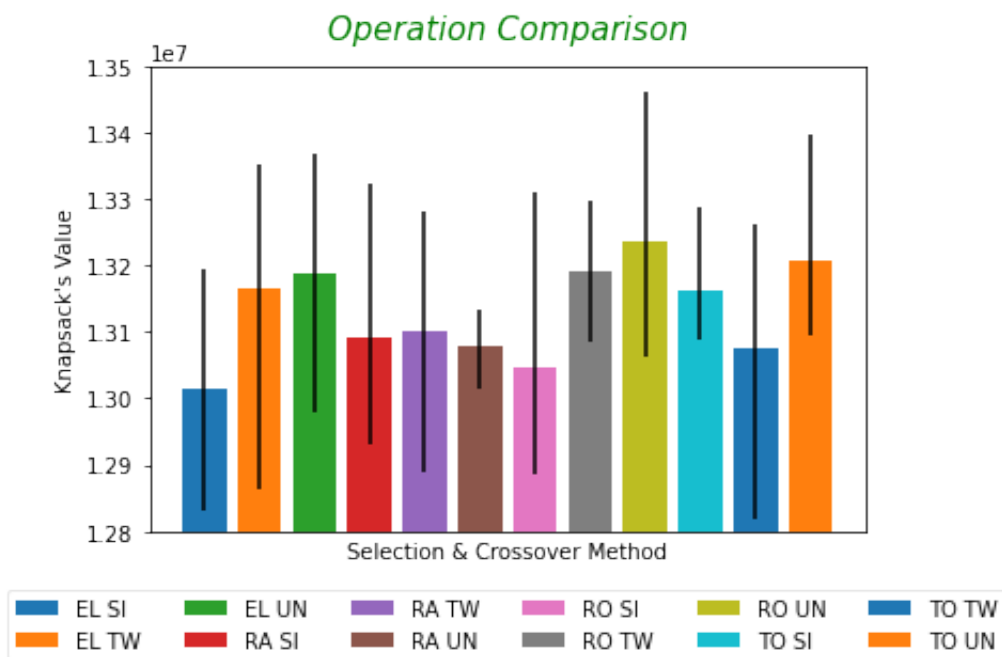
## Wykresy 7.0. A-L. Najlepszy osobnik w generacji dla różnych operatorów.



Wykresy 7.1. Porównanie wartości statystycznych dla każdego operatora.



Wykresy 8.1. Porównanie wartości statystycznych dla każdego operatora.

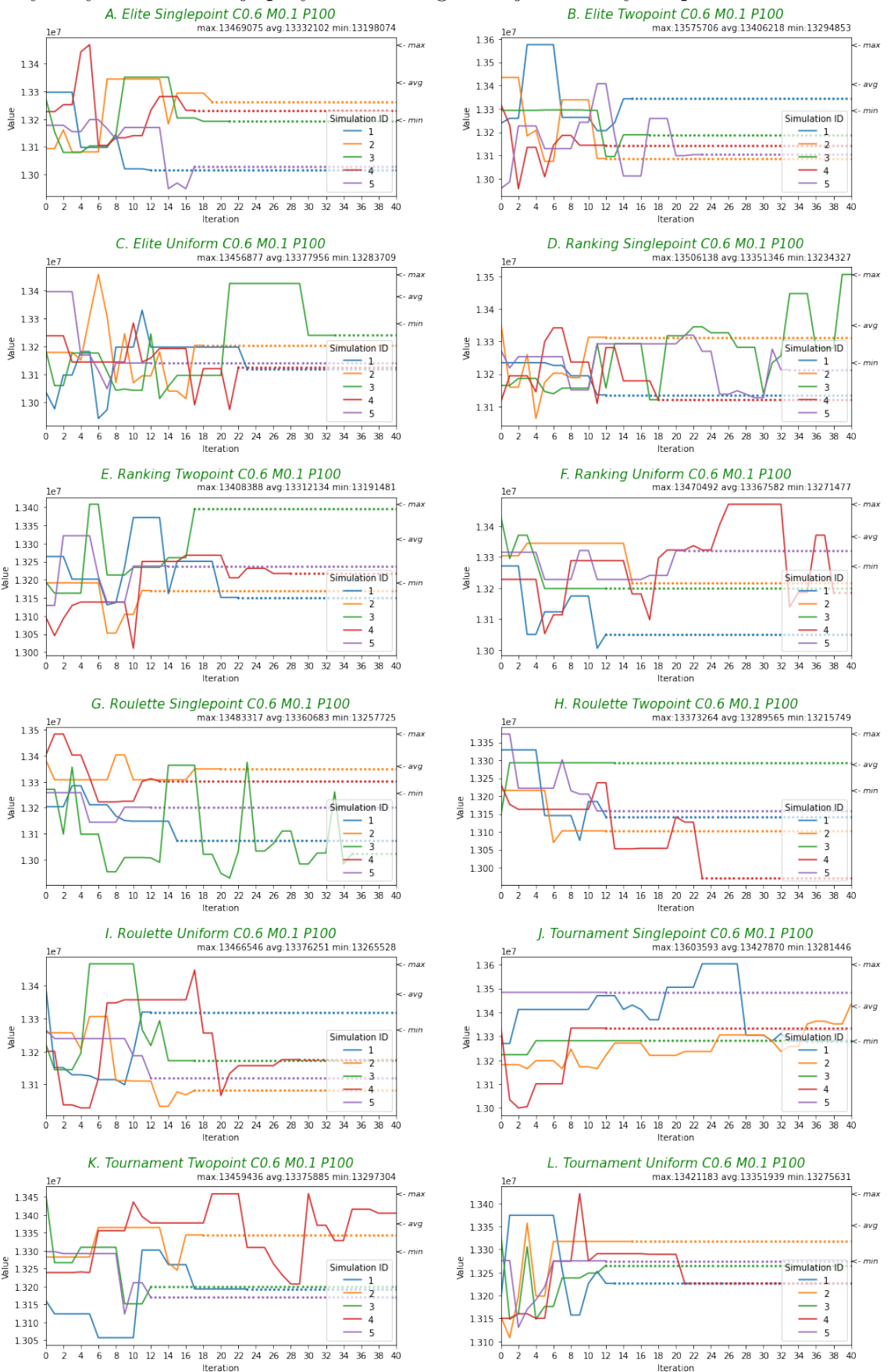


## Wykresy 8.0. A-L. Najlepszy osobnik w generacji dla różnych operatorów.

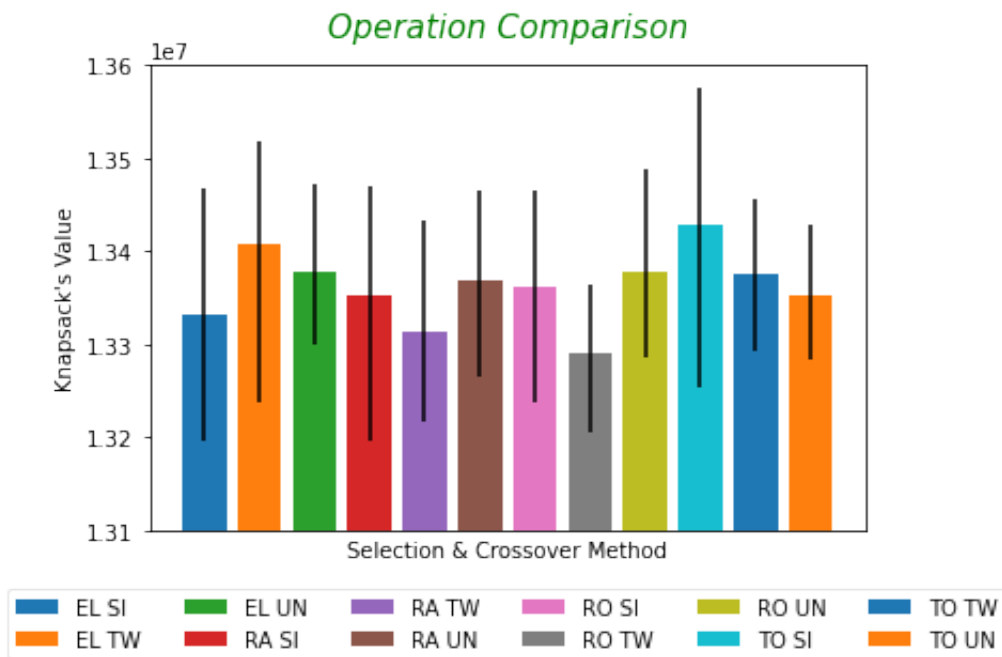




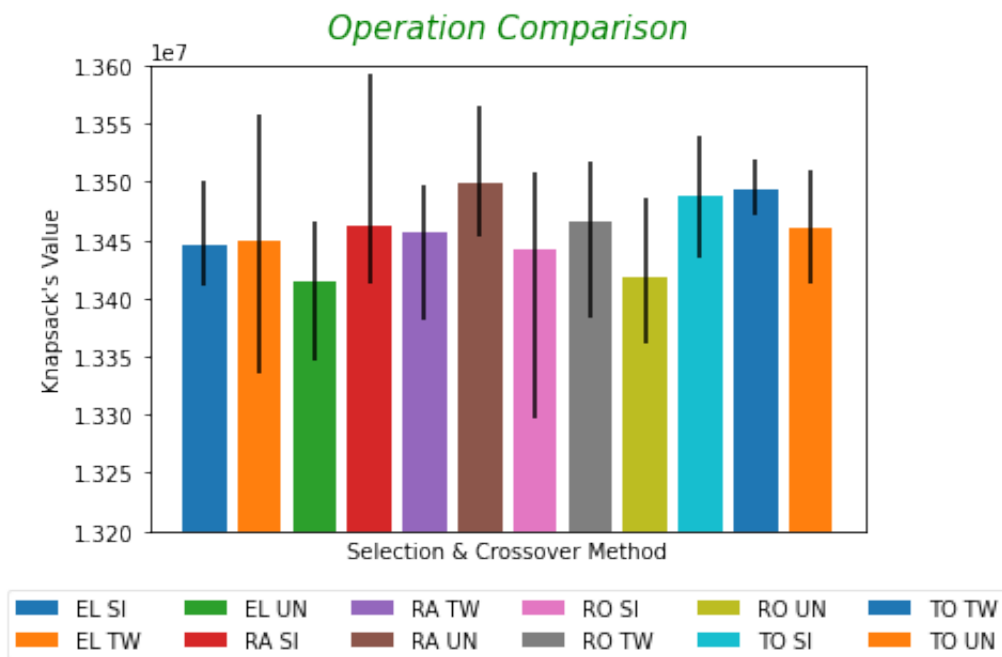
## Wykresy 9.0. A-L. Najlepszy osobnik w generacji dla różnych operatorów.



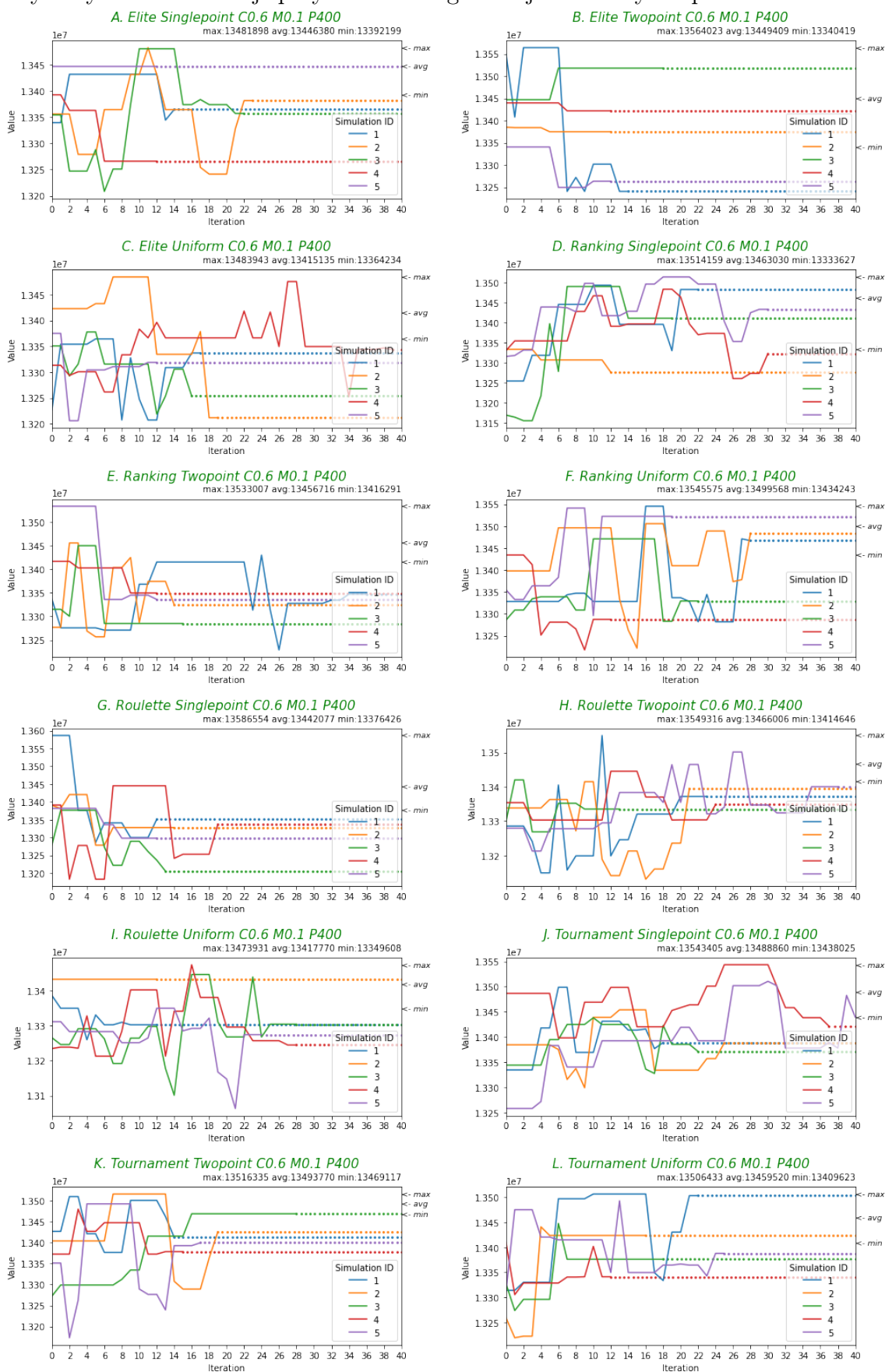
Wykresy 9.1. Porównanie wartości statystycznych dla każdego operatora.



Wykresy 10.1. Porównanie wartości statystycznych dla każdego operatora.



## Wykresy 10.0. A-L. Najlepszy osobnik w generacji dla różnych operatorów.



## 8. Analiza

Rozpocznijmy od przeanalizowania pierwszej grupy, czyli zestawów nr 1-4. Mamy 4 krotki parametrów, które różnią się jedynie wartościami prawdopodobieństwa krzyżowania. Możemy przeanalizować tym sposobem czy i jak jej wartość wpływa na algorytm. Zerknijmy powierzchownie na wykresy [1-4].0. Gdy parametr jest bliższy zeru, to mamy znacznie mniej zmian wykresu. Przez co popadamy w stagnację. Z drugiej strony porównanie wykresów 1.1. i 2.1. wskazuje, że niekoniecznie wartość największa możliwa jest najlepsza. Więcej kombinacji metod przekroczyło wartość  $1.35e7$ . Czyli możemy się spodziewać optymalnej wartości w pobliżu 0.6.

Następna grupa to 5-7 i zmiana w prawdopodobieństwie mutacji. Tutaj wykresy wskazują, że mutacja przeszkadza w zdobywaniu ekstremum. Jednak jeśli dodamy do zbioru wykresy nr 2, to zdobędziemy więcej informacji. Wykres 2.1 wygrywa w kontekście średniej i wartości minimalnych. Na tej podstawie stwierdzamy, że ten parametr działa dobrze w wartościach bliskich zeru.

Ostatni zbiór zestawów to 8-10 i wielkość populacji. Możemy do niego dodać też wykresy nr 2. Tutaj ewidentnie możemy zauważyć ogólnie lepsze wyniki wraz ze wzrostem liczby osobników. Zwiastuje to też automatyczne zwiększenie liczby miejsc po przecinku. Za to wraz ze wzrostem populacji, działanie algorytmu wydłuża się z kilkudziesięciu milisekund do kilkunastu sekund w tym przypadku.

Porównywanie metod selekcji na obecnych danych jest całkiem trudne. Wyniki nie są jednoznaczne. Patrząc średnio na wszystkie wykresy, ruletka zdaje się być najniżej, delikatnie, ale widocznie. Możemy też wybrać wykres 2.1, który wydaje się mieć najbardziej zrównoważone parametry. W nim rzeczywiście ruletka nie do końca sobie radzi na tle pozostałych selekcji.

Sprawdźmy też krzyżowania. Tutaj mamy trochę widoczniej. Sumarycznie, szukając największych wartości, najlepiej się prezentuje metoda równomierna. Potem dwupunktowa i na końcu jednopunktowa.