# МИНОБРНАУКИ РОССИИ САНКТ-ПЕТЕРБУРГСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ ЭЛЕКТРОТЕХНИЧЕСКИЙ УНИВЕРСИТЕТ «ЛЭТИ» ИМ. В.И. УЛЬЯНОВА (ЛЕНИНА) Кафедра МО ЭВМ

# ОТЧЕТ

# по учебной практике

по дисциплине «Генетические алгоритмы»

Тема: Приближение полинома ступенчатой функцией.

Студент гр. 3384	Берлет М.В.
Преподаватель	Жангиров Т.Р

Санкт-Петербург

## Цель работы.

В рамках данного этапа необходимо представить прототип будущей программы с графическим интерфейсом, а также план решения поставленной задачи.

### Выполнение работы.

Для удобства разработки кода изначально была придумана следующая структура проекта: у нас есть часть программы реализующая только сам генетический алгоритм и вспомогательные методы, а также часть, где будут вызываться методы. Алгоритмическая часть собирается в библиотеку и динамически линкуется. Для вариативности алгоритм представляет сразу несколько методов каждой стадии: несколько методов отбора, несколько методов скрещивания и мутации. Использована самая очевидная метрика качества приближения

 $fitness(individ) = \sum_{i=1}^{n} |f(x_i) - p(x_i)|$ , где значение полинома считалось как полусумма значений на краях интервала.

В качестве библиотеки для написания графического интерфейса был выбран wxWidgets, который является кроссплатформенным. На данном этапе имеется заготовка окна приложения.



Рисунок 1 - Демонстрация окна приложения

На рисунке 1 изображено основное окно приложения, белое место будет занимать график функции, будут нанесены координатные оси, а также сетка. Слева снизу статус бар, который показывает при открытии приветственное сообщение.

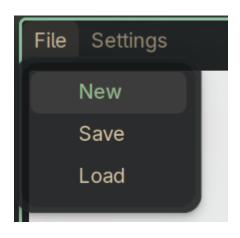


Рисунок 2 - Демонстрация меню File

На рисунке 2 показано, как выглядит меню, в котором можно будет начать новое приближение, сохранить текущее или загрузить имеющееся.

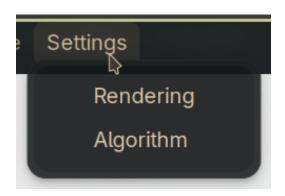


Рисунок 3 - Демонстрация меню Settings

На рисунке 3 представлено меню настроек, в котором можно будет задавать параметры для генетического алгоритма, а также некоторые параметры отрисовки графика функции.

На данной стадии генетический алгоритм уже реализован и находится на этапе тестирования и поиска багов. Однако уже сейчас можно в режиме терминала задавать интервал приближения и запускать его.

```
PROBLEMS OUTPUT DEBUG CONSOLE <u>TERMINAL</u> PORTS

• berlet@throwdownyourtears ~/c/g/b/a/cli_app (evolutionary_algo)> ./cli_genetic 0 1
```

Рисунок 4 - Демонстрация запуска алгоритма из терминала

На рисунке 4 выполняется запуск генетического алгоритма с заданным полиномом  $p(x) = x^2$  на промежутке [0; 1], с некоторыми подобранными руками методами отбора, скрещивания и мутации, где вероятность скрещивания - 0.7, вероятность мутации - 0.2, размер хромосомы (разбиение промежутка) - 300, размер популяции - 500, число эпох - 1000. Среднее значение метрики на последней популяции составило 9.95, что является хорошим знаком, так как в начале метрика выдавала среднее значение метрики в районе 180. Также можно посмотреть на значения полученного приближения.

```
0.883989 [0.953333;0.956667]
0.906914 [0.956667;0.96]
0.785385 [0.96;0.963333]
0.860407 [0.963333;0.966667]
0.885052 [0.966667;0.97]
0.885075 [0.97;0.973333]
0.835232 [0.973333;0.976667]
0.909722 [0.976667;0.98]
0.848476 [0.98;0.983333]
0.90026 [0.983333;0.986667]
0.939481 [0.986667;0.99]
0.897186 [0.99;0.993333]
0.963777 [0.993333;0.996667]
0.916092 [0.996667;1]
```

Рисунок 5 - Полученное приближение

На рисунке 5 демонстрируется часть приближения, где первое значение - значение ступенчатой функции, второе значение - интервал на, котором оно принимается. Видно, что около 1 значение ступенчатой функции тоже около 1, хотя имеются отклонения из-за слишком большого

разбиения маленького интервала, на данном уровне сильно влияют численные ошибки округления компьютера, хотя используется тип двойной точности - double.