

Algorytmy ewolucyjne

Wiesław Stanek

1. Wstęp

Celem ćwiczenia było zaprojektowanie algorytmu ewolucyjnego rozwiązującego jeden z zadanych problemów obliczeniowych. Wybrany przeze mnie problemem był problem SAT-CNF. Jako dane wejściowe użyłem przykładowy problem SAT-CNF:

http://people.sc.fsu.edu/~jburkardt/data/cnf/zebra_v155_c1135.cnf

Rozwiązanie miało być zaimplementowane zarówno w modelu EMAS, jak i standardowym ewolucyjnym.

2. Szczegóły rozwiązania

2.1. Genotyp

Jako genotyp użyłem listę wartościowań, w której każda wartość odpowiada konkretnej zmiennej.

2.2. Mutacje

Zaimplementowałem trzy różne mutacje:

- Random Genes

Losowo wybierane są zmienne, dla których zmieniana jest wartość na przeciwną

- Reverse

Odwracamy kolejność wartościowania, np. $0 - 0 - 1 \rightarrow 1 - 0 - 0$

- Xor Template

Robimy logiczną operację Xor dla odpowiednich pozycji. Template zależny jest od prawdopodobieństwa ewolucji. Mutacja wygląda jak na poniższym rysunku:

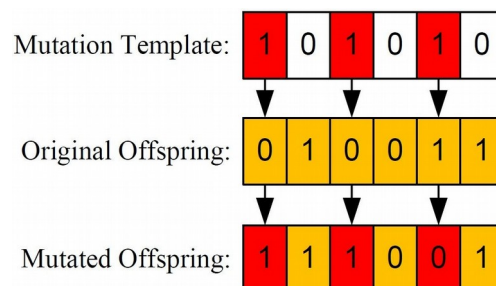


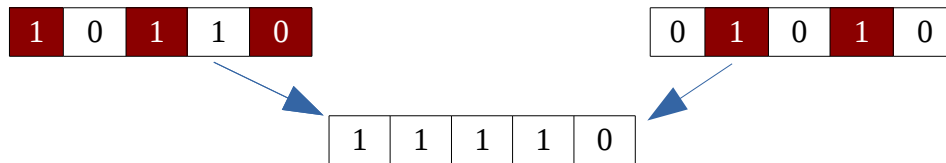
Illustration 1: http://www.laccei.org/LACCEI2011-Medellin/StudentPapers/OT017_Perez_SP.pdf

2.3. Crossowanie

Zaimplementowałem trzy różne sposoby crossowania:

- Uniform

Wybieramy po równo wartości od każdego rodzica (co drugą) i tworzymy z nich potomka.



- One Point

Wybieramy jeden punkt podziału i postępujemy analogicznie jak na poniższym rysunku

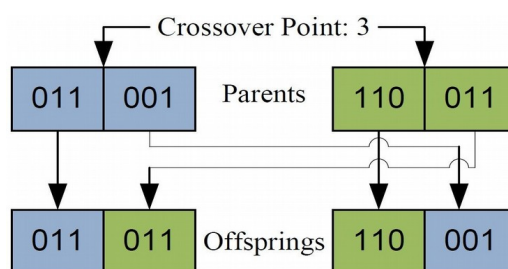


Illustration 2: http://www.laccei.org/LACCEI2011-Medellin/StudentPapers/OT017_Perez_SP.pdf

- Two Point

Wybieramy dwa punkty podziału i postępujemy analogicznie jak na poniższym rysunku

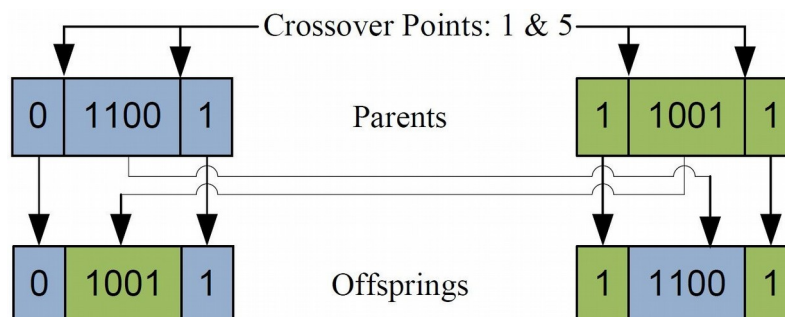


Illustration 3: http://www.laccei.org/LACCEI2011-Medellin/StudentPapers/OT017_Perez_SP.pdf

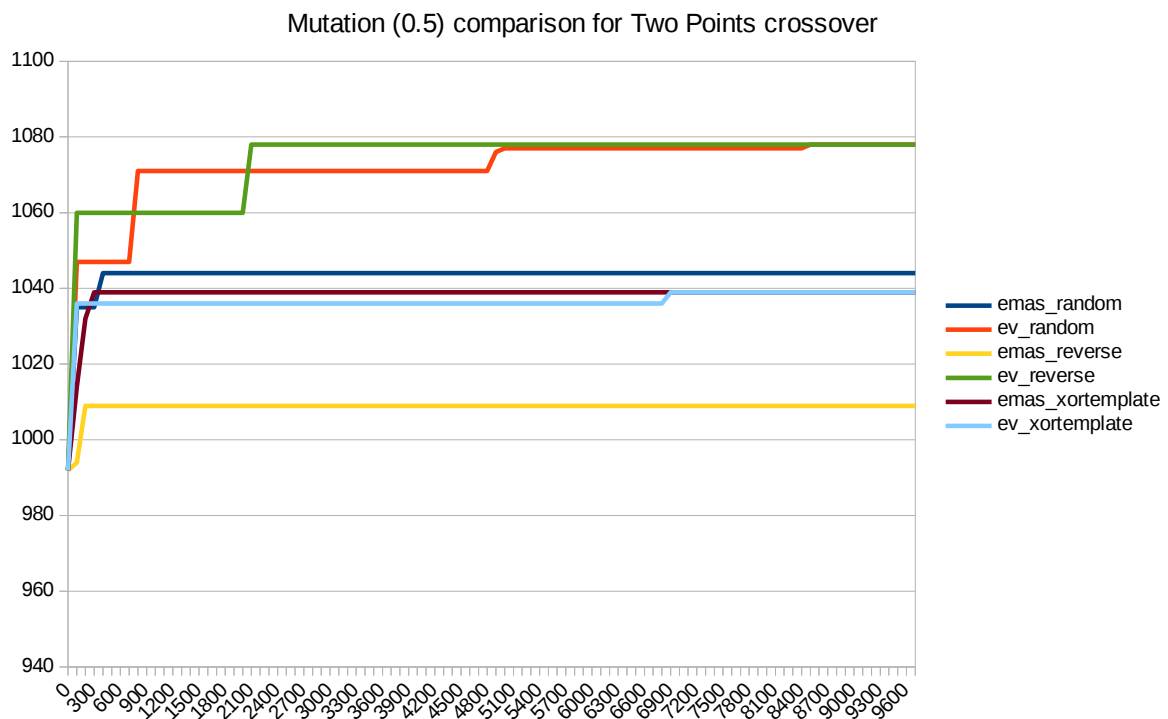
2.4. Testowane parametry

Jako testowane parametry wybrałem:

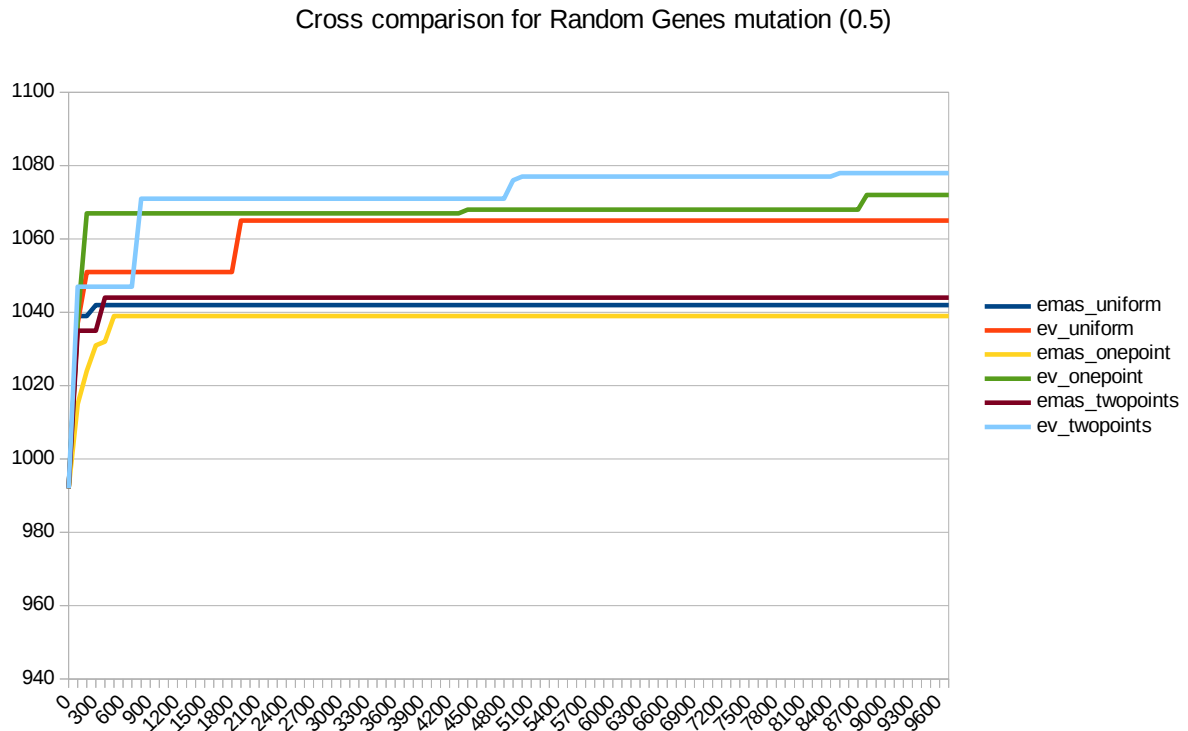
- mutacje dla crossowania Two Point
- crossowania dla mutacji Random Genes
- crossowania dla mutacji Xor Template
- prawdopodobieństwo dla mutacji Random Genes przy crossowaniu Two Point
- prawdopodobieństwo dla mutacji Random Genes przy crossowaniu Uniform

3. Wykresy

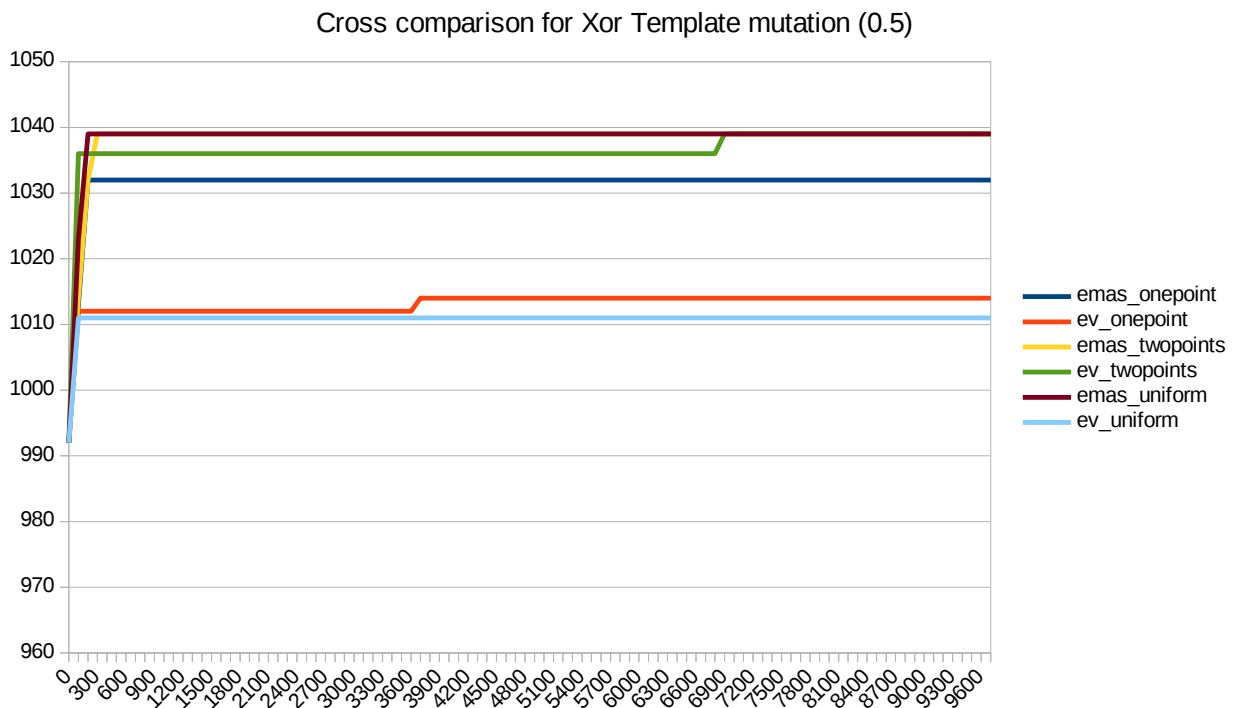
3.1. Mutacje dla crossowania Two Point



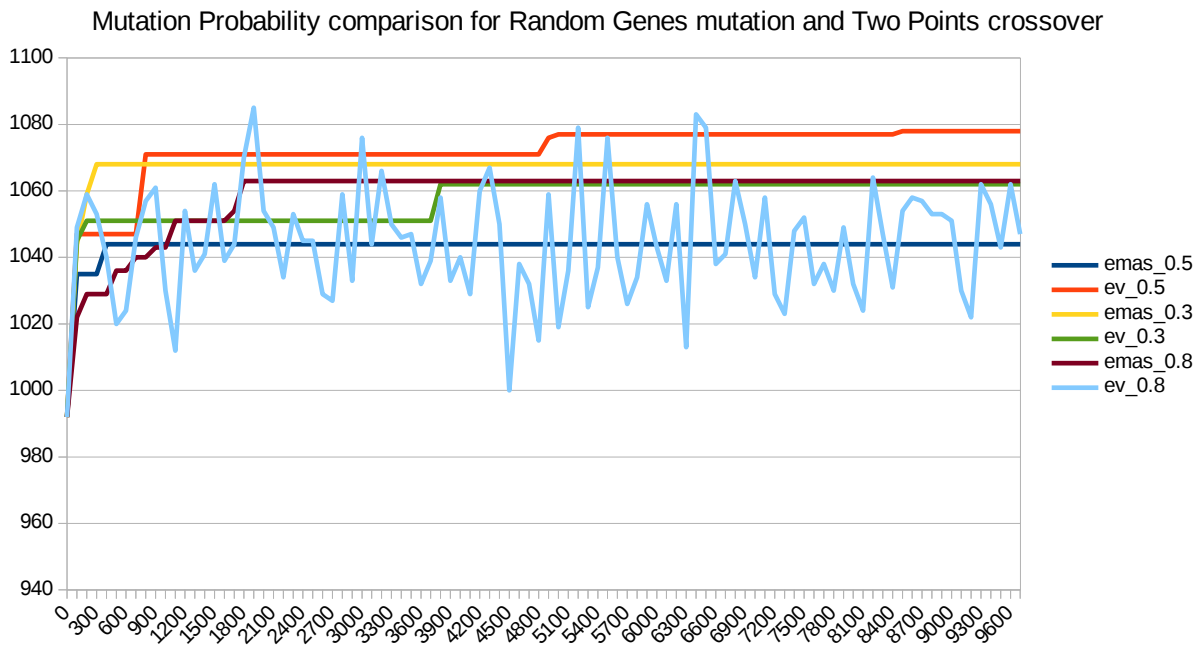
3.2. Crossowania dla mutacji Random Genes



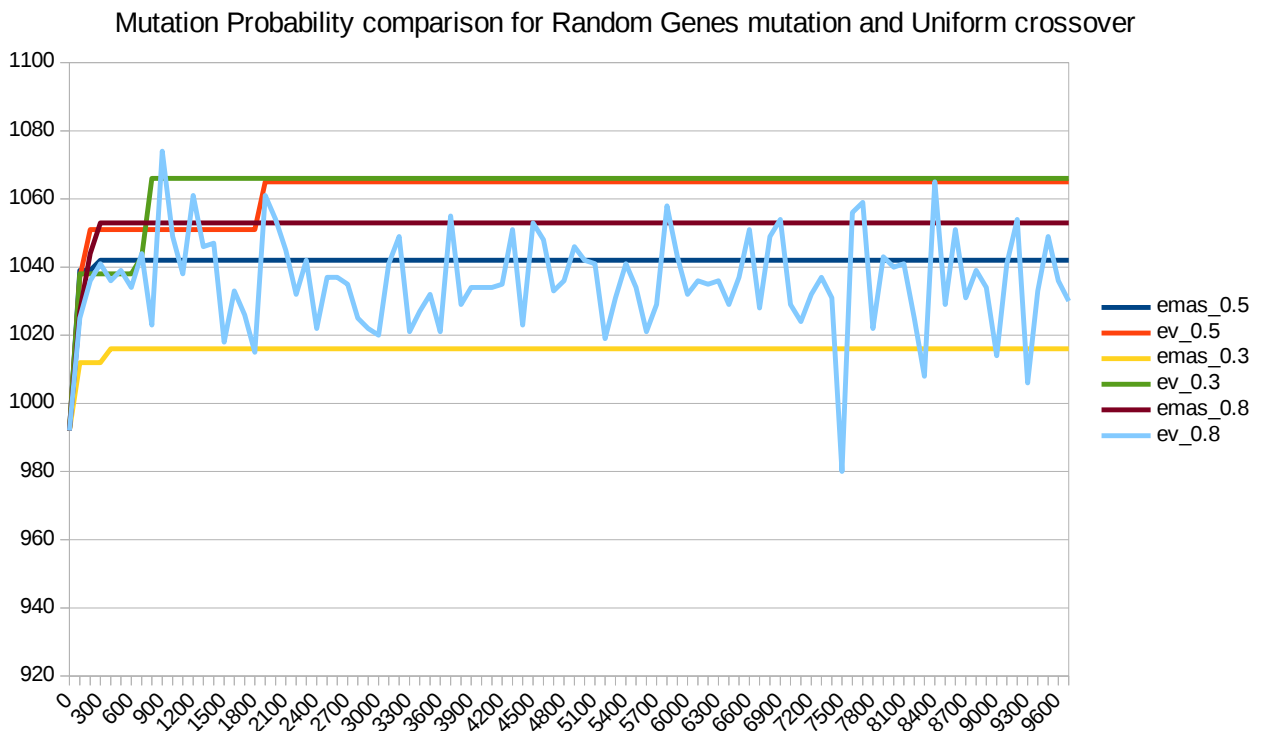
3.3. Crossowania dla mutacji Xor Template



3.4. Prawdopodobieństwa dla mutacji Random Genes przy crossowaniu Two Point



3.5. Prawdopodobieństwa dla mutacji Random Genes przy crossowaniu Uniform



4. Kod

Kod dostępny jest w repozytorium: <https://github.com/Elrohil44/pyage>

5. Obserwacje

- Model EMAS zazwyczaj zbiegał szybciej, ale do mniej optymalnej wartości
- Model tradycyjny dla wysokiego prawdopodobieństwa mutacji zachowywał się niedeterministycznie (nie był zbieżny)
- Generalnie lepsze wyniki zostały uzyskane przy tradycyjnym modelu, jednak wymagało to dłuższego czasu obliczeń
- W zależności od sposobu crossowania zauważamy różne tendencje przy zmianie prawdopodobieństwa mutacji

6. Wnioski

- Zbieżność zależy od metody crossowania, mutacji oraz prawdopodobieństwa
- Optymalność wyniku zależy ściśle od wyboru sposobu mutacji/crossowania
- Problem znalezienia rozwiązania zależy również od funkcji wartościującej genotyp