

# Techniki inteligencji obliczeniowej – zadanie 1

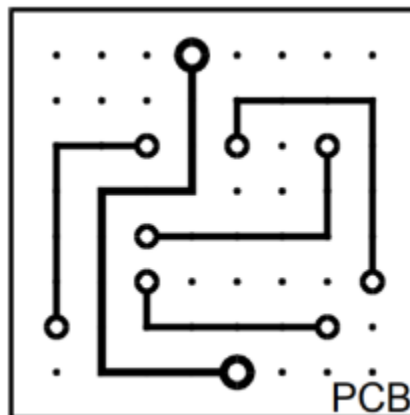
Mateusz Broncel 246999

Algorytmy ewolucyjne znajdują zastosowanie w projektowaniu płytek drukowanych. W zadaniu laboratoryjnym zaimplementowany został algorytm ewolucyjny do rozwiązania problemu połączeń fizycznych na jednowarstwowych płytkach PCB. W następującym problemie dane są:

- ograniczony, spójny obszar płaszczyzny zwany dalej płytką drukowaną
- uporządkowany zbiór punktów lutowniczych
- funkcja przyporządkowująca każdemu punktowi ze zbioru  $P$  jego pozycję na płytce zadaną parą współrzędnych kartezjańskich
- uporządkowany zbiór planowanych połączeń strukturalnych  $S$  między punktami ze zbioru  $P$ , zadanych jako pary punktów, które powinny zostać połączone fizycznie

Problem polega na zaprojektowaniu sieci fizycznych połączeń w taki sposób, aby dowolne dwa punkty lutownicze zostały fizycznie połączone wtedy i tylko wtedy, jeżeli występowało między nimi planowane połączenie strukturalne. Poniżej znajdują się założenia problemu:

- płytka składa się z jednej warstwy, w kształcie prostokąta o ustalonych rozmiarach
- punkty leżą na współrzędnych całkowitych
- fizyczne połączenia mogą być prowadzone tylko wzdłuż nałożonej na powierzchnię płytki siatki, zbudowanej z kwadratów o boku równym 1
- fizyczne połączenia które przechodzą przez siebie powodują połączenie wszystkich par punktów w jedną całość → fizyczne ścieżki między dwiema różnymi parami NIE MOGĄ się przecinać



Rysunek 1 Przykładowy projekt płytki PCB

Funkcja oceny powinna minimalizować długość ścieżek oraz liczbę segmentów, z których się składają. Oprócz tego karze osobników niespełniających ograniczenia. W zadaniu przyjęto następujące elementy brane pod uwagę przy funkcji oceny oraz ich wagi:

- Liczba przecięć: 0.45
- Sumaryczna długość ścieżek: 0.05
- Sumaryczna liczba segmentów tworzących ścieżki: 0.05
- Liczba ścieżek poza płytką: 0.25
- Sumaryczna długość części ścieżek poza obszarem płytki: 0.25

Ostateczna funkcja oceny składa się z sumy wartości wszystkich cech razy ich wagi.

Algorytm testowany został dla danego problemu zakodowanego w następujący sposób:

```
16;16
2;7;9;7
3;8;7;6
4;4;5;13
5;2;10;12
6;6;6;8
7;10;13;10
8;2;8;15
10;10;13;6
```

Kodowanie to oznacza, że płytka jest wielkości 16x16, a w następnych liniijkach znajdują się pary punktów, które mają tworzyć połączenie w formacie X1;Y1;X2;Y2 [liczby całkowite] {X1;Y1 - współrzędne punktu początkowego, X2;Y2 - współrzędne punktu końcowego}

### ***Badanie wpływu prawdopodobieństwa krzyżowania***

#### **Cel:**

Celem badania będzie porównanie wpływu zmiany prawdopodobieństwa krzyżowania się osobników na uzyskiwane wyniki przystosowania.

#### **Stałe:**

- Rozmiar populacji: 100
- Liczba pokoleń: 100
- Operator selekcji: turniej
- Rozmiar turnieju: 10
- Prawdopodobieństwo mutacji: 0.6

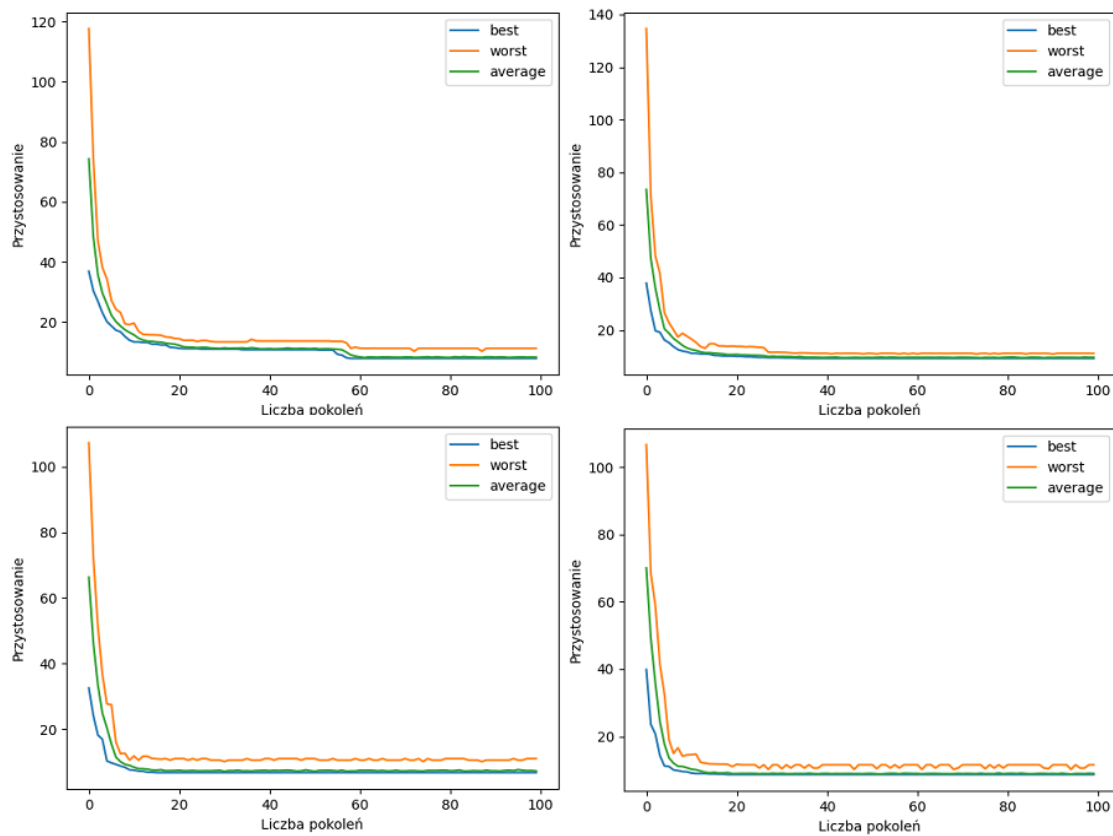
#### **Zmienna:**

- Prawdopodobieństwo krzyżowania

**Tabela porównująca uzyskane wyniki przystosowania:**

Instancja	Zmienna	Algorytm genetyczny		
	Prawdopodobieństwo krzyżowania	best	worst	avg
Zad1	0.2	10.75	156.65	12.81
	0.5	9.25	134.6	11.77
	0.7	6.75	107.3	9.11
	0.9	8.65	106.7	10.65

**Wykresy pokazujące zachodzące zmiany:**



## Wnioski:

Analizując uzyskane wyniki, można zauważyć, że jakość naszych osobników jest niska dla małego prawdopodobieństwa krzyżowania (0.2). Wraz ze wzrostem tego prawdopodobieństwa, rośnie również jakość wyników, aż do osiągnięcia prawdopodobieństwa około 0.7. Po tej wartości, dla wyższych prawdopodobieństw krzyżowania, jakość osobników okazuje się niższa niż dla uzyskanego maksimum.

### ***Badanie wpływu prawdopodobieństwa mutacji***

#### **Cel:**

Celem badania będzie porównanie wpływu zmiany prawdopodobieństwa mutacji występującej u osobników populacji na uzyskiwane wyniki przystosowania.

#### **Stałe:**

- Rozmiar populacji: 100
- Liczba pokoleń: 100
- Operator selekcji: turniej
- Rozmiar turnieju: 10
- Prawdopodobieństwo krzyżowania: 0.6

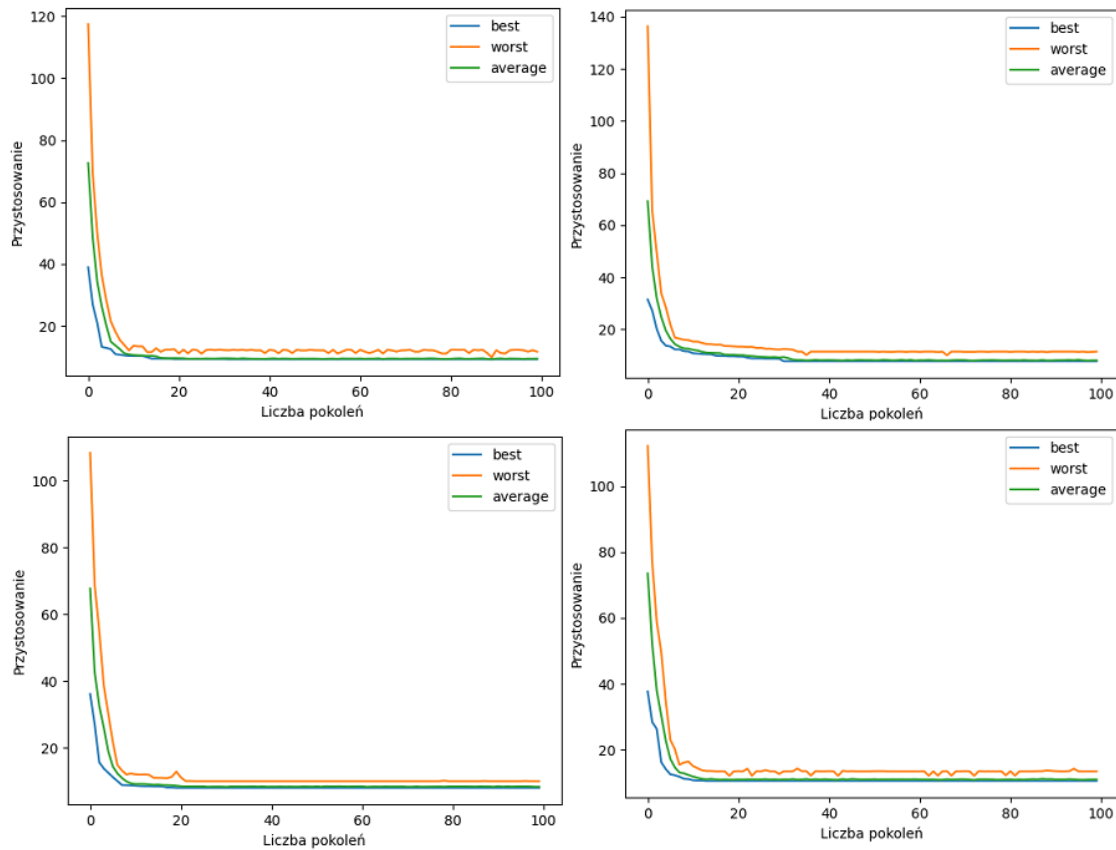
#### **Zmienna:**

- Prawdopodobieństwo mutacji

#### **Tabela porównująca uzyskane wyniki przystosowania:**

Instancja	Zmienna Prawdopodobieństwo mutacji	Algorytm genetyczny		
		best	worst	avg
Zad1	0.2	9.3	117.4	11.25
	0.5	7.87	136.35	13.47
	0.7	8.1	108.25	10.14
	0.9	10.6	112.15	12.82

### Wykresy pokazujące zachodzące zmiany:



### Wnioski:

Analizując uzyskane wyniki, można zauważyć, że jakość naszych osobników jest niska dla małego prawdopodobieństwa mutacji (0.2). Wraz ze wzrostem tego prawdopodobieństwa, rośnie również jakość wyników, aż do osiągnięcia prawdopodobieństwa około 0.5. Po tej wartości, dla wyższych prawdopodobieństw krzyżowania, jakość osobników okazuje się niższa niż dla uzyskanego maksimum.