



FACULDADE DE CIÊNCIAS E TECNOLOGIA
DA UNIVERSIDADE DE COIMBRA
DEPARTAMENTO DE ENGENHARIA
INFORMÁTICA

2015/2016
2º Semestre

INTRODUÇÃO À INTELIGÊNCIA ARTIFICIAL
TRABALHO PRÁTICO 3
CURVA BRAQUISTÓCRONA

Ana Inês Mesquita Fidalgo – 2013134819 – aimf@student.dei.uc.pt – PL6
Andreia Filipa Palma Gonçalves – 2007018949 - andreia@student.dei.uc.pt – PL4
Pedro Filipe Matos Godinho Gabriel Coelho – 2009116949 - pfcoelho@student.dei.uc.pt
– PL2

29 de maio de 2016

ÍNDICE

Introdução	3
Modelação	4
Variação de genes	6
Seleccção	7
Recombinação e mutação	8
Elitismo	10
Resultados obtidos	11
Conclusão.....	13

INTRODUÇÃO

Um dos tópicos finais do programa da unidade curricular de Introdução à Inteligência Artificial foram os agentes adaptativos. Foi-nos proposto um trabalho prático onde deveríamos utilizar uma abordagem evolucionária para encontrar uma aproximação da curva braquistócrona que une dois pontos. Novamente, o trabalho foi realizado no motor de jogos Unity com recurso à linguagem de programação C#.

Neste relatório descrevemos todo o trabalho desenvolvido. Em primeiro lugar, explicamos toda a modelação e de que forma desenvolvemos o algoritmo genético.

Por último, começámos a fase de experimentação. Combinámos vários parâmetros e testámos para dois conjuntos de pontos. De referir, que executámos a aplicação trinta vezes para obter os resultados que depois analisamos.

MODELAÇÃO

- Representação

Foi-nos fornecida uma representação, na qual a inicialização dos indivíduos é feita com base na variação do y , que é gerado aleatoriamente a partir do mínimo e máximo dos pontos de coordenadas yy . Relativamente aos pontos de coordenadas xx , são geradas a partir de um *step* que será multiplicado pelo ponto inicial de x que, por sua vez, é incrementado num ciclo. Os indivíduos gerados são validos, pois nunca é permitido que o valor final de y seja superior ao inicial.

Tentámos elaborar mais duas representações, mas sem sucesso. Na primeira, pretendíamos calcular uma distância entre os pontos de yy e gerar uma inclinação positiva ou negativa. Os valores de xx seriam calculados como na representação anterior. A última representação faria o cálculo dos pontos de xx e yy aleatoriamente.

- Aptidão

O método que calcula o tempo da curva associada ao individuo foi-nos fornecido com o enunciado.

- Recombinação

Para a recombinação já estava implementado o método *HalfCrossover* que separa o cromossoma pela metade e realiza a troca.

Nós implementamos um método que realiza n cortes, no qual é gerado o início e final do segmento a cortar. De seguida, realiza a troca da mesma forma que o método anterior.

- Mutação

A primeira implementação da mutação calcula aleatoriamente um valor entre 0 e 1 e, caso seja inferior à probabilidade de mutação, irá calcular os *trackpoints* também aleatoriamente com valores entre os valores mínimos e máximos das coordenadas de yy .

Quanto ao nosso operador de mutação, foi desenvolvido com perturbações gaussianas, ou seja, os valores são gerados aleatoriamente com base na distribuição de Gauss.

- Selecção

A selecção fornecida também era aleatória. Elaborámos, então, o mecanismo de selecção por torneio. Escolhe-se aleatoriamente um número de indivíduos fornecido por parâmetro (tamanho do torneio). Gera-se um número aleatório entre 0 e 1 e, se este for menor que k (também é fornecido por parâmetro), é seleccionado o melhor individuo, caso contrário selecciona-se o pior.

A selecção por roleta está implementada, mas não retirámos dados com este mecanismo.

- **Elitismo**

No método fornecido *BreedPopulation*, acrescentámos uma condição que verifica se o elitismo foi seleccionado na parametrização. Caso haja, verifica a percentagem de elitismo parametrizada e calcula o número de indivíduos a adicionar. Dentro do *dicionário* da população vai buscar esse número de indivíduos com o melhor fitness. De seguida, selecciona os restantes indivíduos que faltam para preencher a população.

- **Parametrização**

Todos os parâmetros necessários para a experimentação foram adicionados no *script EvolutionState*, de forma a termos directamente acesso e pudermos alterar os dados na janela do Unity.

- *Curr Test*: indica o número de teste que está a ser executado
- *Test Times*: número de experimentações pretendidas;
- *Elitismo*: se a selecção é feita com elitismo ou não;
- *Quantidade Eli*: percentagem de elitismo;
- *Mutation Gauss*: se a mutação é com perturbação gaussiana ou não;
- *Half Cross*: se a recombinação é *half crossover* ou tem *n* pontos de corte;
- *N Cortes*: número de cortes para a recombinação;
- *Tam Torneio*: indica o número de indivíduos para a selecção por torneio;
- *K*: percentagem utilizada na selecção por torneio.

- **Recolha de dados**

Para recolher os dados mais eficientemente alterámos a função *FixedUpdate()* e criámos duas variáveis *currTest* e *testTimes*, de forma a pudermos especificar o número de vezes que queremos executar o algoritmo. Atendendo à natureza estocástica desta abordagem, executámos várias repetições da mesma experiência, isto é, com os mesmos parâmetros, de modo a obtermos resultados mais fidedignos.

O conjunto de pontos utilizado para testar foi: A(0, 5) B(10, 0). Ainda começámos a testar com um conjunto com coordenadas menores, contudo estávamos a obter piores curvas.

Todos os resultados gerados foram gravados em ficheiro, implementação esta que nos foi fornecida.

VARIAÇÃO DE GENES

Para testarmos os vários mecanismos de selecção definimos os seguintes parâmetros fixos:

- Elitismo: 5%
- Half Crossover: 90%
- Probabilidade de mutação: 10%
- Selecção por torneio: 2 com $k = 0.75$

Os valores obtidos para cada variação de genes são as médias da média da população de cada geração.

Indivíduos	Gerações	Genes	
		10	20
100	100	2,8048	5,1179
	200	2,7274	4,85122
	300	2,6990	4,71594
500	100	2,7591	4,96767
	200	2,6966	4,73369
	300	2,68121	4,67333

Analisando a tabela em cima, facilmente verifica-se que quanto mais indivíduos tiver uma população e quanto maior for o número de gerações, a sua aptidão melhora. Por sua vez, quanto mais genes tiver um indivíduo pior é a sua aptidão. Isto advém do facto de que quanto menos genes tiver, menos informação existe para ser modificada ao longo das gerações. Assim, é natural que a melhor aptidão obtida seja para quinhentos indivíduos com dez genes em trezentas gerações.

Quanto aos indivíduos com o vinte genes, verifica-se que a melhoria na aptidão é mais significativa, pois existe mais código genético a ser re combinado.

SELECÇÃO

Para testarmos os vários mecanismos de selecção definimos os seguintes parâmetros fixos:

- Elitismo: 5%
- *Trackpoints*: 15
- Probabilidade de recombinação: 50%
- Número de cortes: 2
- Probabilidade de mutação: 10%
- $K = 0.75$

Indivíduos	Gerações	Seleção	Melhor	Média	Desvio-padrão	Pior
100	100	Aleatória	3,5680	3,5976	0,0144	3,6356
		2	2,2292	3,8527	1,0421	6,9961
		3	2,1459	3,4776	1,0510	6,9213
		4	2,0900	3,3385	1,1599	7,2529
	300	Aleatória	3,4897	3,4998	0,0047	3,5117
		2	2,0334	3,6460	1,0520	6,8110
		3	1,9924	3,2927	1,0546	6,7527
		4	1,9703	3,1963	1,1737	7,2168
500	100	Aleatória	3,1322	3,1701	0,0155	3,2148
		2	2,0935	3,7923	1,0659	8,0122
		3	2,0250	3,3990	1,0784	8,2513
		4	1,9951	3,2977	1,1870	8,5174
	300	Aleatória	3,1362	3,1489	0,0052	3,1666
		2	1,9660	3,6057	1,0707	7,8293
		3	1,9206	3,2267	1,0645	7,7793
		4	1,8984	3,1325	1,1745	8,3592

Para qualquer que seja o número de indivíduos e gerações verifica-se que a selecção aleatória é a que apresenta o pior individuo com a melhor aptidão. Contudo, relativamente às piores aptidões é esta selecção que apresenta os indivíduos com os valores mais baixos.

Quando se executa a selecção por torneio, quanto maior for o tamanho do torneio, melhores indivíduos se obtém. De notar que, quando o tamanho é dois ou três, a diferença em todos os valores é muito baixa. Assim, podemos afirmar que só a partir de um torneio com quatro ou mais é que a probabilidade de se seleccionar indivíduos com melhor aptidão aumenta consideravelmente.

Quanto à minimização do problema, tivemos em conta na selecção por torneio de utilizar sempre um k bastante elevado, de forma a seleccionar maioritariamente, o individuo com melhor aptidão, ou seja, menor *fitness*.

RECOMBINAÇÃO E MUTAÇÃO

Para testarmos os vários mecanismos de selecção definimos os seguintes parâmetros fixos:

- Indivíduos: 300
- Gerações: 300
- *Trackpoints*: 15
- Selecção por torneio: 2 com $k=0.75$
- Elitismo: 5%

Mutação	Probabilidade Mutação	Probabilidade Recombinação	Pontos de corte	Melhor
Aleatória	5%	50%	Half	1,9520
			1	1,9619
			2	1,9321
			3	1,9578
		80%	Half	1,9415
			1	1,9433
			2	1,9377
			3	1,9448
	10%	50%	Half	1,9610
			1	1,9674
			2	1,9761
			3	1,9351
		80%	Half	1,9728
			1	1,9694
			2	1,9651
			3	1,9671
Gaussiana	5%	50%	Half	1,9654
			1	1,9870
			2	1,9472
			3	1,9655
		80%	Half	1,9501
			1	1,9555
			2	1,9331
			3	1,9294
	10%	50%	Half	1,9879
			1	1,9835
			2	1,9687
			3	1,9752
		80%	Half	1,9711
			1	1,9706
			2	1,9581
			3	1,9693

Aparentemente, parece que as probabilidades de mutação e recombinação não têm praticamente impacto na obtenção do melhor indivíduo (melhor aptidão). É, de notar, que os valores conseguidos ao utilizar a mutação com perturbações gaussianas são semelhantes, contendo ainda o pior caso, relativamente à mutação aleatória. Verificamos ainda ao executar o algoritmo, se o elitismo não for seleccionado, a mutação gaussiana não apresenta curvas perfeitas. Possivelmente, este facto ocorre devido a uma má implementação a nível de código.

Por sua vez, também o número de pontos de corte na recombinação aparenta não influenciar a obtenção do melhor indivíduo. Assim, achamos que a variação deste número apenas serve para introduzir alguma aleatoriedade.

Por último, de referir que a mutação aleatória (já fornecida) permite a transição entre qualquer par de pontos no espaço de procura, pois quando ocorre a recombinação dos genes, esta permite-nos obter qualquer valor no intervalo das coordenadas, ao contrário da mutação gaussiana que tem um valor de intervalo menor.

ELITISMO

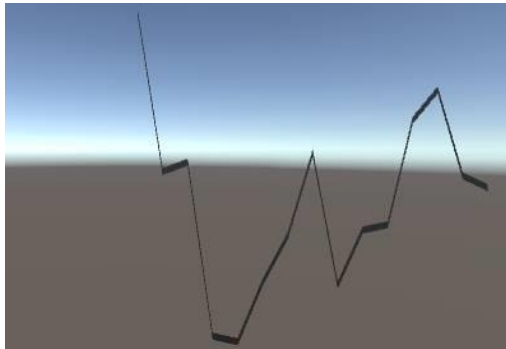
Para testarmos os vários mecanismos de selecção definimos os seguintes parâmetros fixos:

- Probabilidade de mutação: 10%
- Half Crossover: 90%
- Selecção por torneio: 2 com $k = 0.75$

Indivíduos	Gerações	Genes							
		10				20			
		Com		Sem		Com		Sem	
		Melhor	Pior	Melhor	Pior	Melhor	Pior	Melhor	Pior
100	100	1,9367	5,2779	2,1407	5,5991	2,7352	8,8899	3,8614	9,4060
	200	1,8905	5,1320	2,1235	5,5174	2,4441	8,6579	3,8159	9,3919
	300	1,8695	5,0882	2,1186	5,5463	2,3201	8,5122	3,7892	9,3364
500	100	1,8747	6,3012	2,0317	6,7795	2,4468	9,8632	3,4836	10,4152
	200	1,8508	6,1087	2,0144	6,6689	2,2392	9,5816	3,4265	10,4539
	300	1,8459	6,2618	2,0090	6,5844	2,1691	9,6351	3,4079	10,2829

Voltamos a concluir que quanto menor o número de *trackpoints*, melhores são os indivíduos mais aptos. Independentemente do número de gerações e de indivíduos, verifica-se como esperado que sem elitismo as aptidões dos indivíduos são piores. De igual modo, os piores indivíduos com valores muito altos nas aptidões, são aqueles que não foram seleccionados com elitismo.

RESULTADOS OBTIDOS



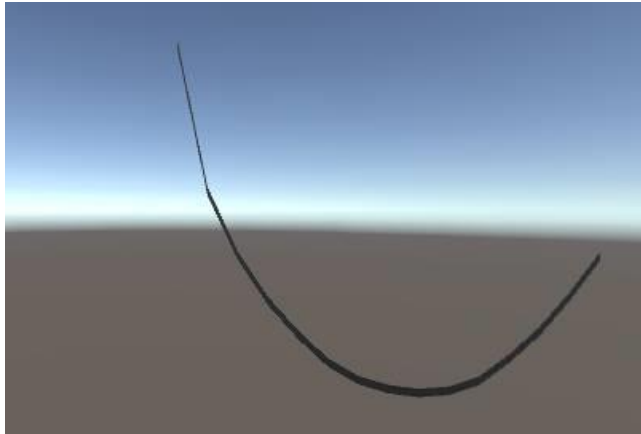
Evolution State (Script)	
Script	EvolutionState
Curr Test	1
Test Times	30
Start Point X	0
Start Point Y	5
End Point X	10
End Point Y	0
G	-9.8
Start Velocity	0
Num Track Points	15
Elitismo	<input type="checkbox"/>
Quantidade Eli	0.05
Num Generations	300
Population Size	300
Mutation Gauss	<input type="checkbox"/>
Mutation Probability	0.1
Half Cross	<input type="checkbox"/>
Crossover Probability	0.8
Random S	<input checked="" type="checkbox"/>
Ncortes	3
Tamtorneio	2
K	0.75
Evaluations Per Step	2147483647
Stats Filename	statsTemp

Para todos os testes que realizámos com uma selecção aleatória, nunca obtivemos uma curva.



Evolution State (Script)	
Script	EvolutionState
Curr Test	1
Test Times	30
Start Point X	0
Start Point Y	5
End Point X	4
End Point Y	2
G	-9.8
Start Velocity	0
Num Track Points	15
Elitismo	<input checked="" type="checkbox"/>
Quantidade Eli	0.05
Num Generations	300
Population Size	300
Mutation Gauss	<input type="checkbox"/>
Mutation Probability	0.1
Half Cross	<input type="checkbox"/>
Crossover Probability	0.8
Random S	<input type="checkbox"/>
Ncortes	3
Tamtorneio	2
K	0.75
Evaluations Per Step	2147483647
Stats Filename	statsTemp

Como já tínhamos referido, este conjunto de pontos não apresentou tão bons resultados como o conjunto utilizado ao longo do relatório. Poderíamos ter feito a análise total, porém devido a limitações de páginas e de tempo, decidimos fazer apenas uma análise.



Esta imagem representa um exemplo das melhores curvas obtidas.

CONCLUSÃO

Com a realização do terceiro trabalho prático, conseguimos consolidar os conhecimentos gerais sobre a abordagem evolucionária e os agentes adaptativos.

Achámos o trabalho um pouco moroso relativamente à experimentação, visto que para além de termos de testar trinta vezes, ainda tínhamos de tentar combinar os parâmetros de forma, a obter os melhores resultados.