

Najdłuższy cykl prosty w grafie

Kamil Chlebek, Arkadiusz Błasiak, Piotr Jaromin

8 czerwca 2015

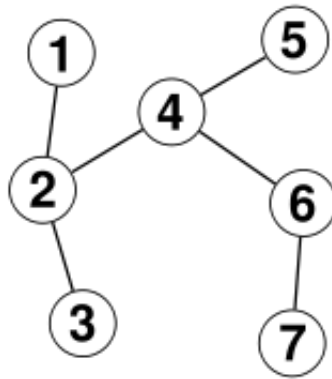
Spis treści

1	Teoria	3
1.1	Graf	3
1.2	Cykl	3
1.3	Algorytm genetyczny	4
1.3.1	Etapy algorytmu	4
1.3.2	Funkcja oceny	4
1.3.3	Selekcja	4
1.3.4	Krzyżowanie	4
1.3.5	Mutacja	4
2	Program	6
2.1	GUI	6
2.1.1	Opis obszarów okna	6
2.2	Obsługa	7
2.2.1	Generowanie grafu	7
2.2.2	Wczytywanie grafu z pliku	7
2.2.3	Znajdowanie najdłuższej ścieżki w grafie	9

1 Teoria

1.1 Graf

Graf to zbiór wierzchołków, które mogą być połączone krawędziami w taki sposób, że każda krawędź kończy się i zaczyna w którymś z wierzchołków

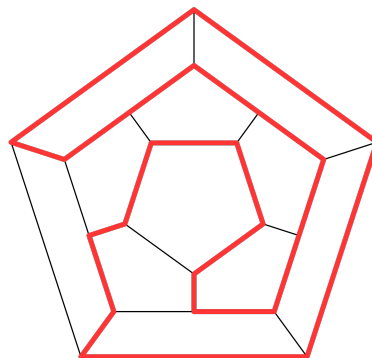


Rysunek 1: Graf nieskierowany

1.2 Cykl

Cykl jest ścieżką, która rozpoczyna się i kończy w tym samym wierzchołku (ścieżka ta może posiadać wielokrotnie ten sam wierzchołek). Cykl o długości 1 nazywa się pętlą.

Cykl prosty - jest ścieżką, która rozpoczyna się i kończy w tym samym wierzchołku (ścieżka ta nie może posiadać wielokrotnie tego samego wierzchołka)



Rysunek 2: Cykl prosty w grafie

1.3 Algorytm genetyczny

Algorytm genetyczny - rodzaj algorytmu przeszukującego przestrzeń alternatywnych rozwiązań problemu w celu wyszukania rozwiązań najlepszych.

1.3.1 Etapy algorytmu

1. Losowanie początkowej populacji
2. Selekcja - populacja jest poddawana ocenie (korzystając z funkcji oceny), wybierane są najlepsze osobniki
3. Krzyżowanie - złączanie uprzednio wybranych osobników
4. Mutacja - wprowadzenie losowych zmian w osobniku
5. Rodzi się kolejne pokolenie. Najlepsze osobniki są powielane, a najgorsze usuwane. Jeżeli nie przekroczono ilości iteracji, algorytm powraca do kroku drugiego. W przeciwnym wypadku wybieramy najlepszego osobnika z populacji.

1.3.2 Funkcja oceny

Funkcja oceny to miara jakości dowolnego osobnika w populacji. Dla każdego osobnika jest ona ilością wierzchołków w ścieżce.

1.3.3 Selekcja

Za pomocą selekcji turniejowej wybieramy 2 osobniki, które poddajemy krzyżowaniu.

1.3.4 Krzyżowanie

Krzyżowanie zachodzi z pewnym prawdopodobieństwem (określonym przez użytkownika). Pierwsza połowa chromosomów z jednego osobnika jest łączona z drugą połową drugiego osobnika oraz druga połowa pierwszego z pierwszą połową drugiego. Wynikiem są dwa nowe osobniki.

1.3.5 Mutacja

Mutacja zachodzi z pewnym prawdopodobieństwem, które użytkownik może ustawić przed uruchomieniem programu (domyślnie wynosi 0.5). W wylosowanym miejscu w ścieżce dodajemy losowy wierzchołek przez który jeszcze nie przechodziliśmy. Proces jest powtarzany, aż do osiągnięcia prawidłowej ścieżki, bądź przekroczenia maksymalnej liczby iteracji

1001010110

1111010011

1001010011

1111010110

Rysunek 3: Krzyżowanie

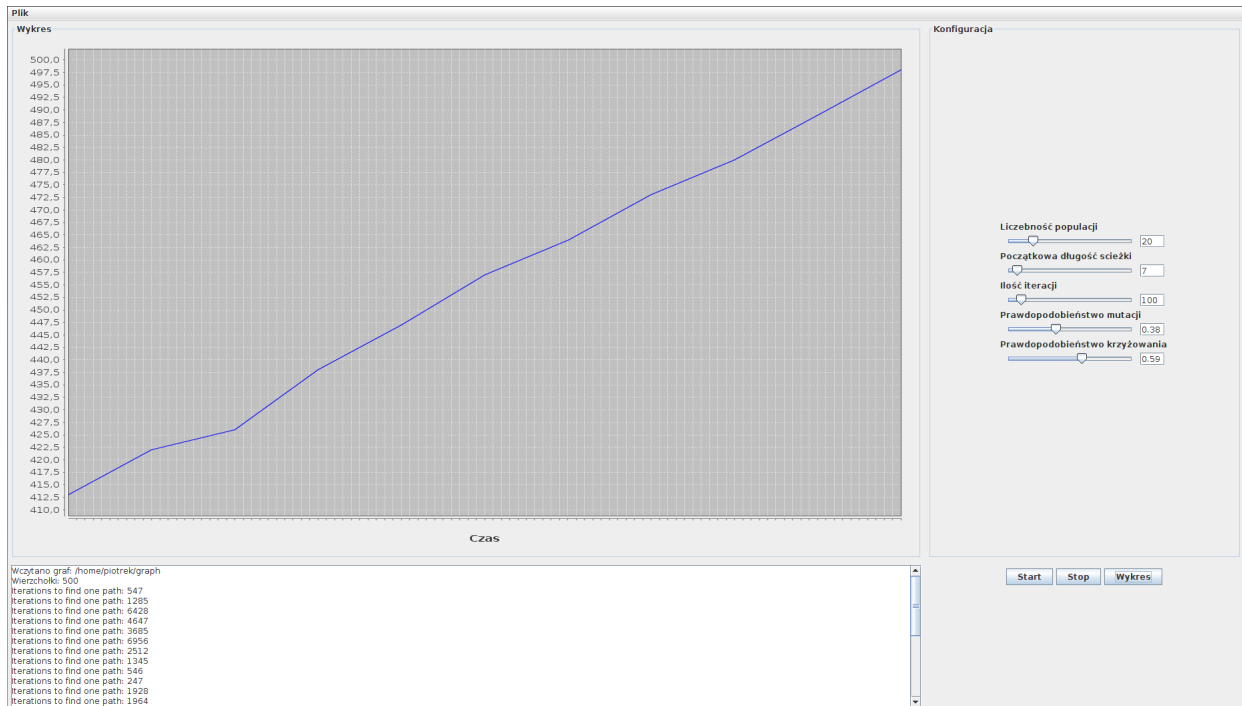
1001010011

1001010011

Rysunek 4: Mutacja

2 Program

2.1 GUI



Rysunek 5: Interfejs programu

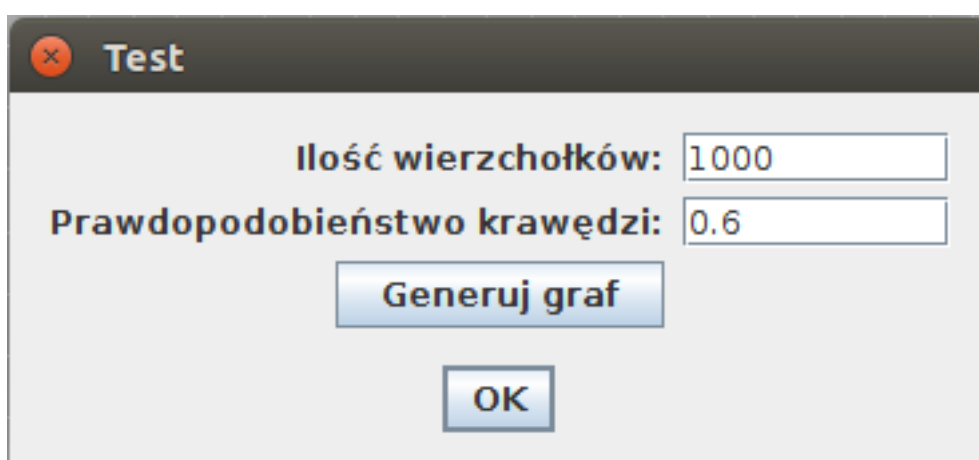
2.1.1 Opis obszarów okna

- **pole Wykres:** obrazuje zmianę populacji w zależności od czasu, jest generowany w czasie rzeczywistym
- **pole Konfiguracja:** służy do ustalenia parametrów początkowych:
 - **Liczebność populacji:** liczba naturalna z przedziału 1 - 100, określa ilość początkowych osobników
 - **Maksymalna początkowa długość ścieżki:** liczba naturalna z przedziału 2 - 100, określa przez maksymalnie ile wierzchołków przechodzi osobnik
 - **Prawdopodobieństwo mutacji:** ułamek z przedziału 0.0 - 1.0, określa prawdopodobieństwo zajścia mutacji
 - **Prawdopodobieństwo krzyżowania:** ułamek z przedziału 0.0 - 1.0, określa prawdopodobieństwo zajścia krzyżowania

- **Obszar Logów:** wyświetla informacje dotyczące algorytmu
- **Przycisk Start:** uruchamia program
- **Przycisk Stop:** zatrzymuje program
- **Przycisk Wykres:** pokazuje cały wykres

2.2 Obsługa

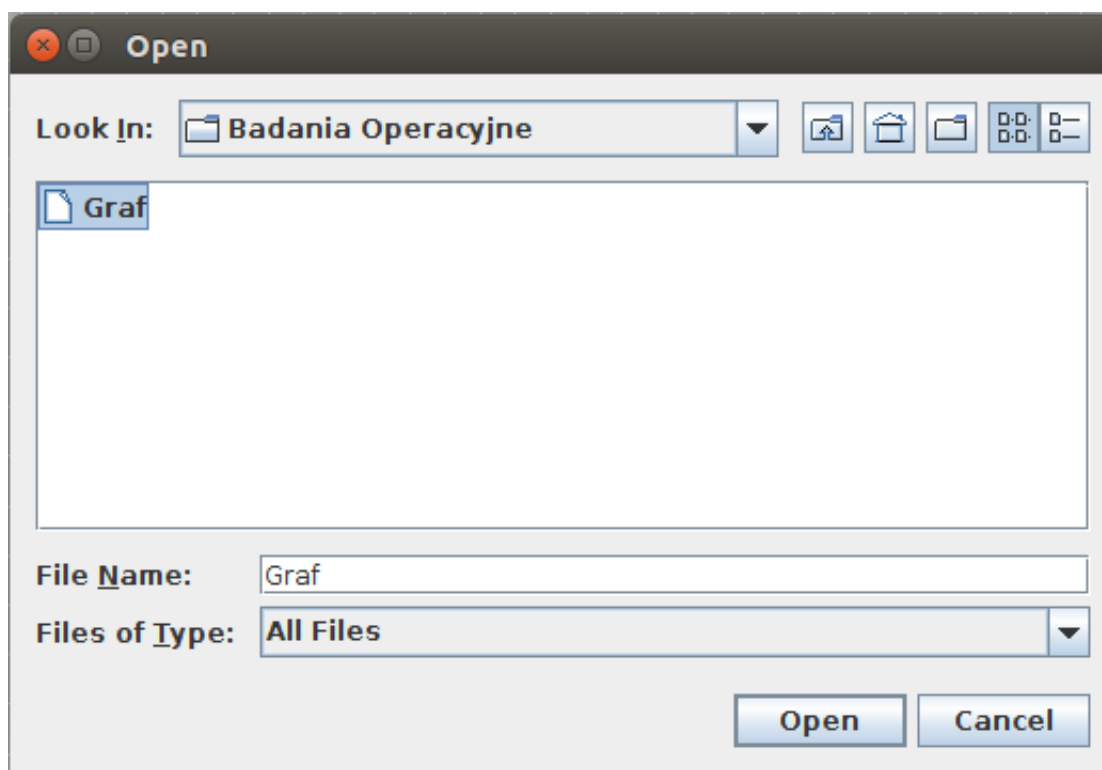
2.2.1 Generowanie grafu



Rysunek 6: Okno generowania grafu

1. Kliknij w przycisk "plik" znajdujący się w lewym górnym rogu programu;
2. Wybierz "Generuj graf";
3. W nowo otwartym oknie określ ilość wierzchołków i prawdopodobieństwo krawędzi;
4. Po kliknięciu "Generuj graf", wybierz ścieżkę do zapisania nowo utworzonego grafu.

2.2.2 Wczytywanie grafu z pliku



Rysunek 7: Okno wczytywania grafu

1. Kliknij w przycisk "plik" znajdujący się w lewym górnym rogu programu;
2. Wybierz "Wczytaj graf";
3. Określ ścieżkę z zapisanym grafem;
4. Po kliknięciu "Open", program załaduje podany graf.

2.2.3 Znajdowanie najdłuższej ścieżki w grafie

Po wczytaniu grafu kliknąć przycisk "start"