Inteligencja Obliczeniowa

Laboratorium 3-5

Autorzy:
Maciej Kiedrowski, nr indeksu: 200105
Wojciech Then, nr indeksu:

Grupa: Środa 18:55

Data oddania: 07.05.2017

Prowadzący: Dr hab. inż. Olgierd Unold

Spis treści

1 Własne funkcje krzyżowania i mutacji **3**
1.1 Krzyżowanie . . . 3
1.1.1 Funkcja testowa . . . 3
1.1.2 Wyniki w zależności od prawdopodobieństwa krzyżowania . . . 4
1.1.3 Wyniki w zależności od wielkości populacji . . . 5
1.1.4 Wnioski . . . 6
1.2 Mutacja . . . 6

2 TSP **7**
2.1 Wyniki . . . 8
2.2 Wnioski . . . 10

3 Kody źródłowe **11**
3.1 TSP . . . 11
3.2 TSP . . . 12

1 Własne funkcje krzyżowania i mutacji

1.1 Krzyżowanie

1.1.1 Funkcja testowa

Testu algorytmu zostały wykonane dla funkcji wielomodalnej nr. 13 z biblioteki *cec2013*.

13) Non-continuous Rotated Rastrigin's Function

$$f_{13}(x) = \sum_{i=1}^{D} (z_i^2 - 10\cos(2\pi z_i) + 10) + f_{13}^* \qquad (13)$$

$$\hat{x} = \mathbf{M}_1 \frac{5.12(x-o)}{100}, y_i = \begin{cases} \hat{x}_i & \text{if } |\hat{x}_i| \le 0.5 \\ round(2\hat{x}_i)/2 & \text{if } |\hat{x}_i| > 0.5 \end{cases} \text{ for } i = 1,2,\ldots,D$$

$$z = \mathbf{M}_1 \Lambda^{10} \mathbf{M}_2 T_{asy}^{0.2}(T_{osz}(y))$$

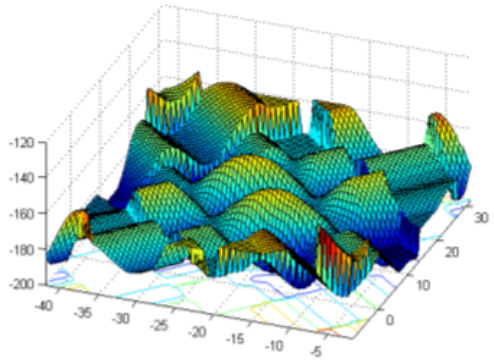


Figure 13(a). 3-*D* map for 2-*D* function

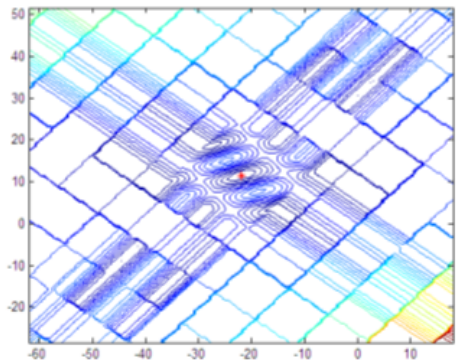


Figure 13(b).Contour map for 2-*D* function

Rysunek 1: Funkcja testowa

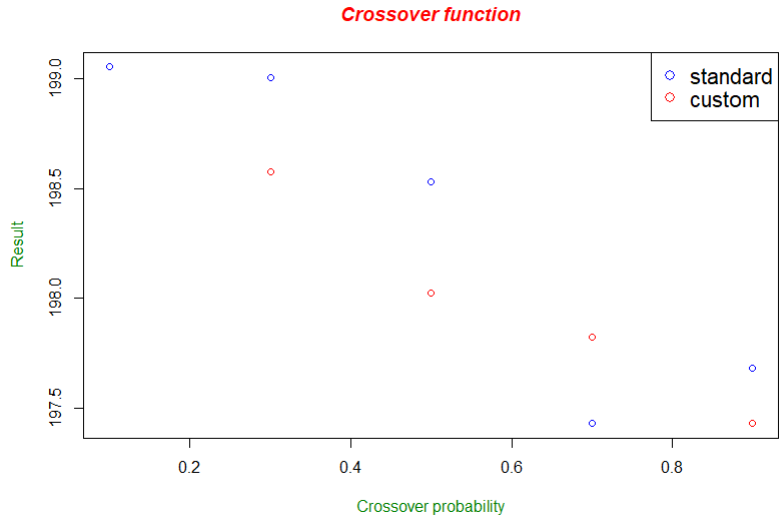
W celu przetestowania możliwości użycia własnej funkcji krzyżowania zmodyfikowana zosta-

ła standardowa funkcja *gareal_waCrossover* z pakietu *GA*. Oryginalny współczynnik służący do określenia proporcji parametrów rodziców w potomstwie, określony przez rozkład jednostajny na zakresie (0-1) zastąpiony został wartością stałą, wynoszącą odpowiednio 0,6 i 0,4 dla rodziców.
Wykonane zostały badania przy różnych wartościach parametru odpowiadającego za szansę mutacji oraz wielkości populacji. Do analizy wyników posłużyły wartość znalezionego minimum oraz liczba iteracji po których algorytm kończył działanie. Pozwala to analizować jednocześnie jakość wyniku i czas potrzebny na jego znalezienie - co w przypadku rzeczywistych zastosowań ma równie duże znaczenie.
Wszystkie przedstawione wyniki są uśrednieniem wyników z 30 uruchomień algorytmu, maksymalna ilość iteracji to 250, obszar poszukiwań minimum:

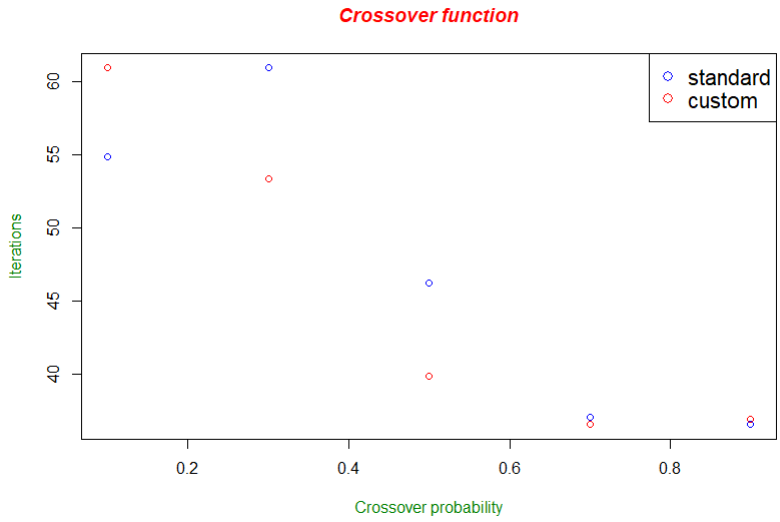
$$x \in [-60, 10]$$
$$y \in [-50, 20]$$

Pozostałe parametry przyjmowały wartości domyślne dla pakietu *GA*.

1.1.2 Wyniki w zależności od prawdopodobieństwa krzyżowania

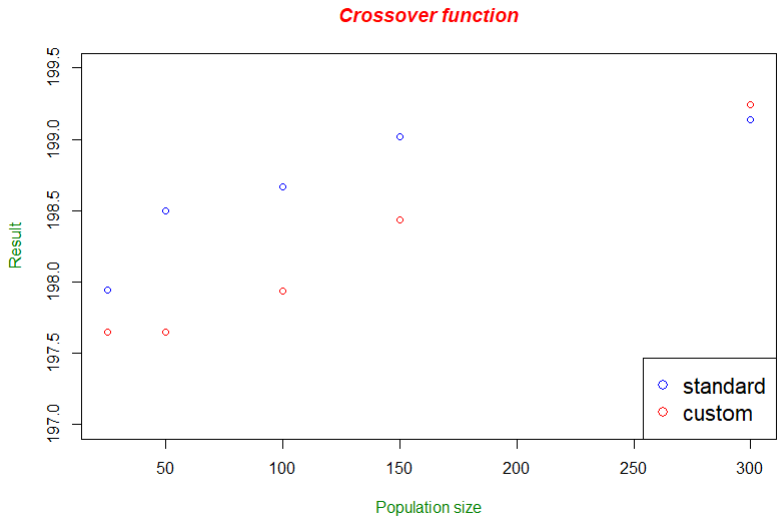


Rysunek 2: Rezultat optymalizacji dla różnych wartościach prawdopodobieństwa krzyżowania

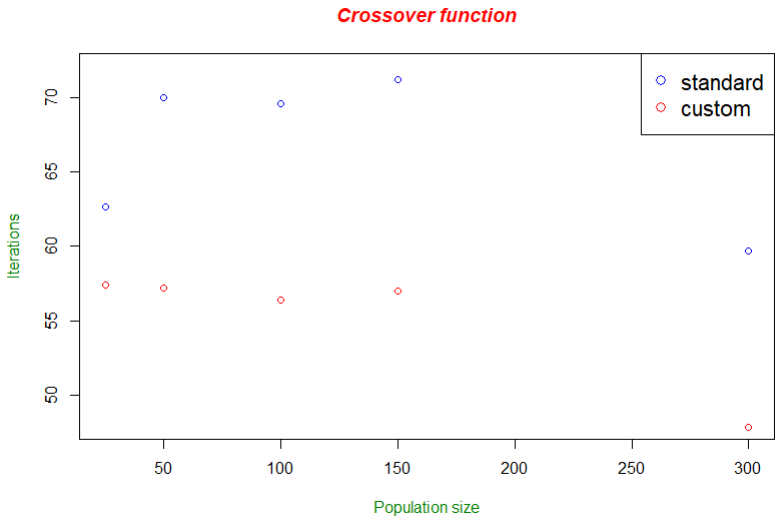


Rysunek 3: Ilość iteracji dla różnych wartościach prawdopodobieństwa krzyżowania

1.1.3 Wyniki w zależności od wielkości populacji



Rysunek 4: Rezultat optymalizacji dla różnych wielkości populacji



Rysunek 5: Ilość iteracji dla różnych wielkości populacji

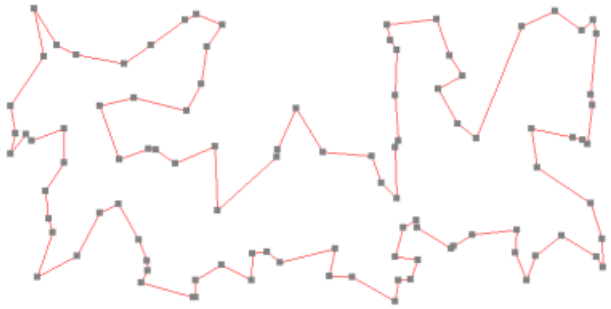
1.1.4 Wnioski

Modyfikacja algorytmu poprzez wyeliminowanie zmiennej losowej z funkcji krzyżowania spowodowała pogorszenie osiąganych przez algorytm genetyczny wyników. Algorytm genetyczny po modyfikacji krzyżowania słabiej odnajduje minimum w ramach pojedynczego minimum lokalnego co przedstawia się w mniejszej ilości iteracji wykonywanych przez algorytm - przy braku progresu funkcja stopu kończy działanie programu.

1.2 Mutacja

2 TSP

Badania dla problmu TSP zostały wykonane z użyciem instancji problemu *kroa100*, o rozwiązaniu 21282.



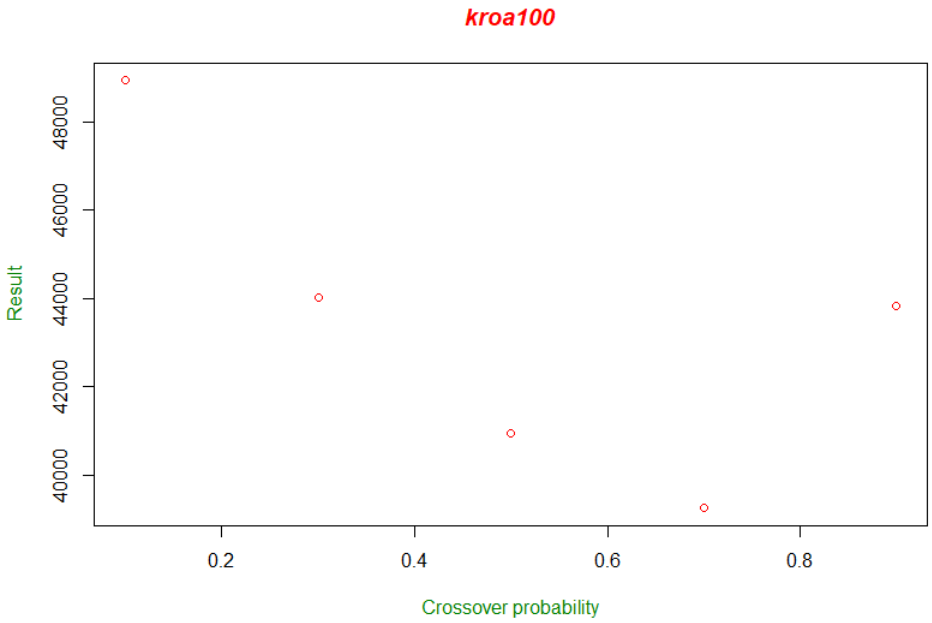
Rysunek 6: Rozwiązanie optymalne problemu kroa100

Parametry Badania wpływu parametrów na uzyskiwane wyniki zostały przeprowadzone dla parametrów określających szansę na krzyżowanie oraz wielkość populacji. Wyniki zostały uśrednione z 15 przebiegów algorytmu. Ustawienia:

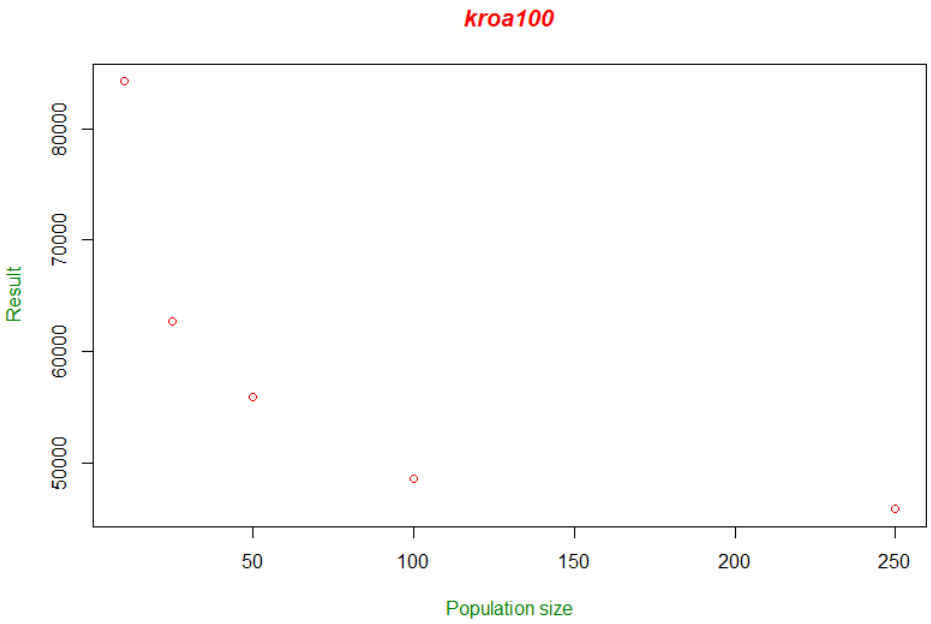
- popSize = 50
- maxIter = 500
- run = 100

Pozostałe parametry posiadały wartość domyślną.

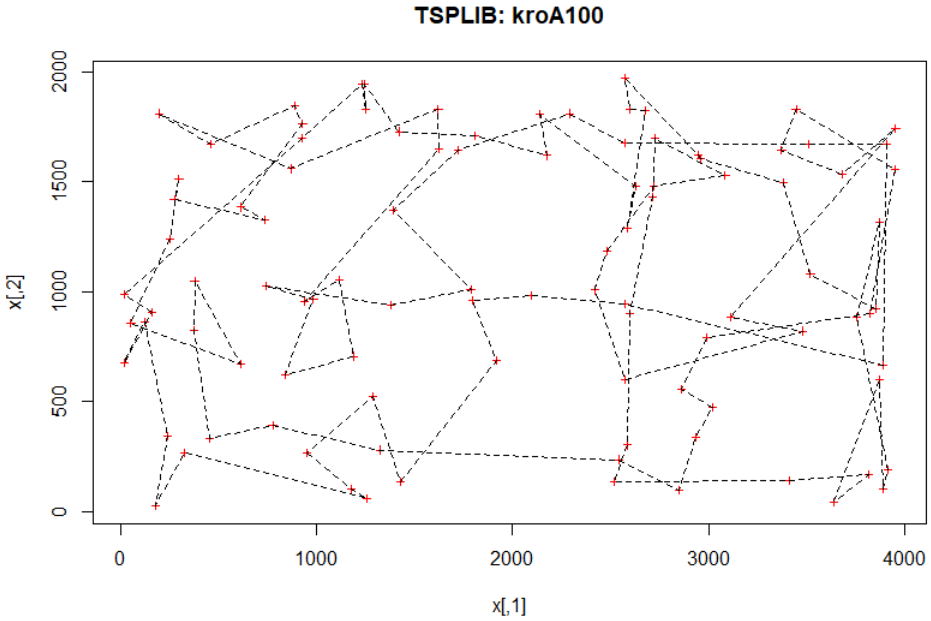
2.1 Wyniki



Rysunek 7: Rezultat optymalizacji dla różnych wartościach prawdopodobieństwa krzyżowania



Rysunek 8: Rezultat optymalizacji dla różnych wielkości populacji



Rysunek 9: Przykładowa trasa o długości 40 000

2.2 Wnioski

Zwiększenie parametru *pcrossover* powyżej wartości domyślnej 0,8 powoduje spadek wyników osiąganych przez algorytm.
Wielkość populacji ma bezpośredni wpływ na osiągane rezultaty - jej zwiększanie poprawia końcowy wynik. Zwiększanie tego parametru powoduje jednak znaczące wydłużenie czasu działania algorytmu, natomiast zysk stopniowo się zmniejsza. W czasie przeprowadzania badań najkorzystniejszą wielkością populacji okazało się 100 - powyżej tej wartości długość obliczeń dla pojedynczej iteracji jest zbyt duża. Kompromisem jest zmniejszanie populacji a zwiększanie dopuszczalnej liczby maksymalnej iteracji.
Aby określić najkorzystniejsze parametry należałoby przeprowadzić badania algorytmu dla tych parametrów, porównując osiągane wyniki po zadanym czasie, np. 1 minuty.

3 Kody źródłowe

3.1 TSP

```
# modyfication of gareal_waCrossover taken from https://github.com/cran/GA/blob/mast

customCrossover <- function(object, parents, ...)
{
  # Whole arithmetic crossover
  parents <- object@population[parents,,drop = FALSE]
  n <- ncol(parents)
  children <- matrix(as.double(NA), nrow = 2, ncol = n)
  a <- 0.6
  b <- 0.4
  children[1,] <- a*parents[1,] + b*parents[2,]
  children[2,] <- b*parents[2,] + a*parents[1,]
  out <- list(children = children, fitness = rep(NA,2))
  return(out)
}
```

```
rm(list = ls())

library(GA)
library(cec2013)

source("customCrossover.R")
source("customMutation.R")
source("cecF.R")

pcross <- c(0.1, 0.3, 0.5, 0.7, 0.9)
popSize <- c(25, 50, 100, 150, 300)
parameterLenhts <- length(popSize)
# number of cycles of GA executions
cycles <- 30

# cec2013 function index
cecNo <- 13

# run GA with swapped crossover function
results <- matrix(0,parameterLenhts,cycles)
iterations <- matrix(0,parameterLenhts,cycles)

for (j in 1:parameterLenhts)
{
    for(i in 1:cycles) {
      GA <- ga(type = "real-valued",
               fitness =  function(x) -cecF(x[1], x[2]),
               min = c(-60, -20),
```

```
                max = c(10, 50),
                popSize = popSize[j]
                maxiter = 250,
                run = 30,
                crossover = customCrossover
                pcrossover = pcross[j] # probability of crossover
        )
        results[j,i] <- GA@fitnessValue
        iterations[j,i] <- GA@iter
    }
}

# run GA with default crossover function
resultsDef <- matrix(0,parameterLenhts,cycles)
iterationsDef <- matrix(0,parameterLenhts,cycles)

for (j in 1:parameterLenhts)
{
    for(i in 1:cycles) {
      GA_default <- ga(type = "real-valued",
                       fitness =  function(x) -cecF(x[1], x[2]),
                       min = c(-60, -20),
                       max = c(10, 50),
                       popSize = popSize[j],
                       maxiter = 250,
                       run = 30
                       pcrossover = pcross[j]
        )
        resultsDef[j,i] <- GA_default@fitnessValue
        iterationsDef[j,i] <- GA_default@iter
    }
}
```

3.2 TSP

```
rm(list = ls())

library(GA)
library(TSP)

# "global" variable used by everything
tsp <- read_TSPLIB(system.file("examples/kroA100.tsp", package = "TSP"))

# best possible
optimalTour <- solve_TSP(tsp, method = "nn", two_opt = TRUE)
plot(tsp, optimalTour, cex=.6, col = "red", pch= 3, main = "TSPLIB: kroA100")
```

```
################ implementation ###############
#pcross <- c(0.1, 0.3, 0.5, 0.7, 0.9)
popSize <- c(10,25,50,100,250)
parameterLenhts <- length(popSize)
# number of cycles of GA executions
cycles <- 15


getFitness <- function(sequention, tspProblem){
  tour <- TOUR(sequention, method = NA, tsp = tspProblem)
  tour_length(tour)
}

results <- matrix(0,parameterLenhts,cycles)
iterations <- matrix(0,parameterLenhts,cycles)

for (j in 1:parameterLenhts)
{
  for(i in 1:cycles) {
    GA <- ga(
              type = "permutation",
              fitness =  function(x) -getFitness(x, tsp),
              pcrossover = pcross[j],
              min = 1,
              max = 100,
              popSize = popSize[j],
              maxiter = 250,
              run = 100
    )

    results[j,i] <- GA@fitnessValue
    iterations[j,i] <- GA@iter
  }
}

################################################

#possibly more than one solution - starting point may diff
result = TOUR(GA@solution[1,], method = NA, tsp = tsp)
plot(tsp, result, cex=.6, col = "red", pch= 3, main = "TSPLIB: kroA100")
```