Υπολογιστική Νοημοσύνη

Εργαστηριακή Άσκηση Μέρος Β'

Όνομα/Επώνυμο: Καραΐσκος Κωνσταντίνος
Α.Μ. : 1072636
'Ετος: 4^o
Email: up1072636@upatras.gr

Link for code:
https://github.com/KostasK11235/Computational-Intelligence/tree/b2934b46dc31fc53d06a29e88d6215e0c67dace6/Python%20Code

Β1. α)
i, ii) Κωδικοποίηση για τα άτομα του πληθυσμού:
Για να κωδικοποιήσουμε τα άτομα του πληθυσμού θα χρησιμοποιήσουμε δυαδική κωδικοποίηση.
Πρώτα, θα πραγματοποιήσουμε Standardization στα δεδομένα, προκειμένου να εξαλείψουμε τα outliers και έπειτα θα πραγματοποιήσουμε Normalization στα δεδομένα, ώστε να τα φέρουμε στο εύρος [0,1]. Με αυτό τον τρόπο, έχουμε αφαιρέσει κατά ένα μεγάλο βαθμό τα outliers που μπορεί να υπήρχαν στα δεδομένα μας, τα οποία θα επηρέαζαν μετρήσεις, όπως ο μέσος όρος ανά κλάση (sitting, walking, etc), τον οποίο θα χρειαστούμε για να αξιολογήσουμε τα άτομα του πληθυσμού, αλλά μειώσαμε και τον αριθμό των bit που θα χρειαστούν για να κωδικοποιήσουμε κάθε τις τιμές των x,y,z των 4 αισθητήρων.
Υποθέτουμε επιθυμητή ακρίβεια λύσεων: 4 δεκαδικά ψηφία. Άρα, σε συνδυασμό με τα παραπάνω, έχουμε:
Διάστημα τιμών των x, y, z είναι το [0,1], με μήκος 1. Το οποίο θα πρέπει να διαχωριστεί σε τουλάχιστον $1*10^4$=10000 ίσα υπο-διαστήματα για να επιτευχθεί η επιθυμητή ακρίβεια των τεσσάρων δεκαδικών ψηφίων. Άρα θα χρειαστούμε 14 δυαδικά ψηφία για καθένα από τα x, y, z των τεσσάρων αισθητήρων.

β) Με 14 bit μπορούμε να αναπαραστήσουμε 2^{14}=16384 διαφορετικούς αριθμούς, ενώ εμείς θέλουμε 10000, αφού τόσα είναι και τα υπο-διαστήματα στα οποία θα χωρίσουμε το διάστημα [0, 1]. Εάν κατά τη διασταύρωση ή τη μετάλλαξη προκύψει για κάποια μεταβλητή (δηλαδή 14αδα bit) ενός χρωμοσώματος τιμή η οποία είναι στο εύρος μεταξύ [10001, 16384], μπορούμε να αντιστοιχίσουμε, τυχαία και με ίση πιθανότητα, την πλεονάζουσα τιμή σε κάποια από τις νόμιμες τιμές. Με αυτό τον τρόπο διατηρούμε την τυχαία φύση του γενετικού αλγορίθμου αλλά μπορεί να "χάσει" πληροφορία με το να επιλέξει τιμή λιγότερο κατάλληλη από αυτή που είχε πριν.

Καθώς έχουμε χωρίσει το διάστημα [0, 1] σε 2^{14} ίσα υπο-διαστήματα θα μπορούσαμε να αντιστοιχίσουμε ένα πάνω και ένα κάτω όριο, που θα δημιουργούνταν από αυτά τα διαστήματα, σε κάθε μία από τις 10000 τιμές που χρειαζόμαστε και να αποφύγουμε έτσι την εμφάνιση πλεοναζουσών τιμών.

γ) Για την δημιουργία αρχικού πληθυσμού διαλέγουμε τυχαία και ισοπίθανα τιμές από το διάστημα [0, 1], τις κωδικοποιούμε με τον τρόπο που αναφέραμε στο α) ερώτημα και ανά 12 τις ενώνουμε ώστε να δημιουργήσουμε ένα χρωμόσωμα. Επαναλαμβάνουμε τη διαδικασία τόσες φορές όσες και ο πληθυσμός που θέλουμε να δημιουργήσουμε.

δ) Καθώς έχουμε κωδικοποιήσει τις τιμές των αισθητήρων με δυαδική κωδικοποίηση, Οι μετρικές Ευκλείδειας απόστασης, απόστασης Manhattan και συσχέτισης Pearson δεν είναι κατάλληλες για την αξιολόγηση της απόστασης μεταξύ ενός χρωμοσώματος και του μέσου όρου των 5 κλάσεων. Καθώς έχουμε πολύ μεγάλα μητρώα, η Ευκλείδεια απόσταση θα αξιολογεί ως όμοια άτομα τα οποία μπορεί να μοιράζονται πολλές 0 τιμές, χωρίς όμως αυτό να τα κάνει απαραίτητα όμοια. Η απόσταση Manhattan, θα επιστρέφει τον αριθμό των διαφορετικών bit μεταξύ δύο μητρώων, κάτι που δεν είναι επιθυμητό, καθώς μπορεί να τύχει μεταξύ δύο διαφορετικών στάσεων του σώματος, ο αριθμός των bit που διαφέρουν να είναι πολύ κοντά μεταξύ τους, και να μην μπορούμε έτσι να ξεχωρίσουμε σε ποια κλάση είναι πιο κοντά. Η συσχέτιση Pearson μετρά την γραμμική συσχέτιση μεταξύ μεταβλητών συνεχόμενων τιμών, υποθέτοντας ότι αυτές ακολουθούν κανονική κατανομή και καθώς τα δυαδικά δεδομένα δεν ακολουθούν κάποιο γραμμικό μοτίβο, τα αποτελέσματα θα ήταν ανακριβή.

Με τη χρήση ομοιότητας συνημιτόνου μπορούμε να βρούμε την ομοιότητα μεταξύ δύο μητρώων στο χώρο, που είναι η μεταξύ γωνία συνημιτόνου των δύο μητρώων. Η τιμή της είναι μεταξύ [-1,1]. Για τιμή 1, τα δύο μητρώα είναι ευθέως ανάλογα, δηλαδή όμοια. Για τιμή 0, τα δύο μητρώα είναι κάθετα, δηλαδή δεν έχουν ομοιότητα και για τιμή -1 είναι ακριβώς αντίθετα. Στη συγκεκριμένη περίπτωση, καθώς τα μητρώα μας είναι δυαδικά, το εσωτερικό γινόμενο μεταξύ δύο μητρώων θα είναι θετικός ακέραιος αριθμός, (και αφού το μέτρο τους είναι πάντα θετικό), η ομοιότητα συνημιτόνου θα κινείται το [0,1], όπου 0 τα μητρώα δεν σχετίζονται και 1 ταυτίζονται. Με αυτό τον τρόπο μπορούμε να δούμε εύκολα, κατά πόσο ένα χρωμόσωμα είναι κοντά ή όχι στην επιθυμητή κλάση (sitting) και να ενεργήσουμε ανάλογα.

ε)

i) Καθώς το $\cos(v, t_s)$ κινείται στο [0,1], η ελάχιστη τιμή της F(v) προκύπτει όταν ένα διάνυσμα ατόμου δεν έχει κάποια ομοιότητα με το διάνυσμα sitting, αλλά είναι απολύτως όμοιο με τα άλλα 4 διανύσματα των υπόλοιπων κλάσεων. Άρα, $\cos(v, t_s) = 0$ και $\sum_{i \neq s} \cos(v, t_i) = 4$, δηλαδή $F(v) = 0 + c\,(1 - 1/4) / (1 + c) \Rightarrow F(v) = 0$.

Η μέγιστη τιμή της F(v), προκύπτει όταν το διάνυσμα ατόμου ταυτίζεται με το διάνυσμα sitting και δεν έχει καμία ομοιότητα με τα άλλα 4 διανύσματα των υπόλοιπων κλάσεων. Άρα, $\cos(v, t_s) = 1$ και $\sum_{i \neq s} \cos(v, t_i) = 0$, δηλαδή $F(v) = 1 + c\,(1 - 0) / (1 + c) \Rightarrow F(v) = (1+c)/(1+c) \Rightarrow F(v) = 1$.

Η συνάρτηση καταλληλότητας δεν μπορεί να πάρει αρνητικές τιμές, αφού και οι όροι της δεν μπορούν να πάρουν αρνητικές τιμές.

ii) Η συγκεκριμένη συνάρτηση καταλληλότητας μια καλή επιλογή, καθώς μπορεί να κρίνει κατά πόσο ένα άτομο είναι κατάλληλο ως λύση του προβλήματός μας (δηλαδή κοντά στην επιθυμητή κλάση sitting). Δίνει μεγαλύτερες τιμές αξιολόγησης σε άτομα πιο κοντά στη λύση του προβλήματός μας και μικρότερες σε αυτά που είναι πιο μακριά από αυτή. Τέλος, για διαφορετικούς πληθυσμούς ατόμων θα δίνει παρόμοιες τιμές σε παρόμοια άτομα του πληθυσμού.

iii) Μια τιμή της σταθεράς c θα μπορούσε να είναι c = 1/4. Με αντικατάσταση στην F(v), για c = 1/4, προκύπτει ότι: $\mathrm{F(v)} = (4\cos(v, ts) + \sum_{i=1}^{4} \cos(\mathrm{v}, \mathrm{ti}))\ /5$. Άρα, η ομοιότητα ενός ατόμου με το διάνυσμα κλάσης sitting έχει βαρύτητα 4/5 και η ομοιότητα με τις υπόλοιπες κλάσεις έχει βαρύτητα 1/5. Με αυτό τον τρόπο δεν αμελείται η ομοιότητα με την επιθυμητή κλάση, αλλά ούτε και η ομοιότητα με τις υπόλοιπες κλάσεις.

στ)
i) Τελεστές επιλογής: ρουλέτα με βάση το κόστος, με βάση την κατάταξη και τουρνουά.

Στην περίπτωσή μας η χρήση ρουλέτας με βάση τη κόστος δεν είναι η κατάλληλη επιλογή καθώς αυτή χρησιμοποιείται όταν η συνάρτηση αξιολόγησης είναι και συνάρτηση κόστους, δηλαδή μικρότερες τιμές υποδεικνύουν και καλύτερη αξιολόγηση. Η συνάρτηση κόστους που θα χρησιμοποιήσουμε έχει ως καλύτερη τιμή το 1 και ως χειρότερη το 0.

Με χρήση ρουλέτας με βάση την κατάταξη, τα χρωμοσώματα θα ταξινομηθούν από το καλύτερο προς το χειρότερο με αύξουσα αρίθμηση (ξεκινώντας από το 1) και έπειτα θα τους ανατεθεί μία τιμή πιθανότητας, ανάλογα με τη θέση τους στην κατάταξη (όσο πιο ψηλά στην κατάταξη, τόσο μεγαλύτερη πιθανότητα). Με αυτό τον τρόπο όμως, χρωμοσώματα που βρίσκονται πολύ χαμηλά στην κατάταξη, αλλά θα μπορούσαν σε περίπτωση διασταύρωσης να δώσουν καλούς απογόνους, έχουν πάρα πολύ μικρές πιθανότητες να επιλεγούν.

Η επιλογή με χρήση τουρνουά φαίνεται η κατάλληλη για το πρόβλημά μας. Επιλέγουμε από τον πληθυσμό μία ομάδα χρωμοσωμάτων, τα αξιολογούμε και επιλέγουμε το καλύτερο από αυτά. Η διαδικασία επαναλαμβάνεται μέχρι να επιλέξουμε τον αριθμό χρωμοσωμάτων που θέλουμε. Μπορούμε ακόμα, να ορίσουμε κατάλληλα το μέγεθος των ομάδων του τουρνουά ώστε να αποφύγουμε την αποκλειστική επιλογή χρωμοσωμάτων με τη μεγαλύτερη βαθμολογία.

ii) Διασταύρωση: μονού, πολλαπλού σημείου και ομοιόμορφη
Με τη διασταύρωση μονού σημείου οι απόγονοι θα κινούνται πάντα σε ευθείες πάνω στους άξονες x, y που διέρχονται από κάποιο γονέα, κάτι το οποίο σημαίνει ότι δεν εξερευνάται αρκετά ο χώρος δημιουργίας απογόνων. Αυτό γιατί κατά τη διασταύρωση τα υπάρχοντα δομικά στοιχεία σε κάθε χρωμόσωμα είτε παραμένουν αυτούσια είτε συνδυάζονται αλλά όχι με τρόπο ώστε να δώσουν κάτι πολύ καλύτερο.

Με τη διασταύρωση πολλαπλού σημείου οι απόγονοι δεν θα κινούνται απαραίτητα σε ευθείες πάνω στους άξονες x, y που διέρχονται από κάποιο γονέα. Η εξερεύνηση του χώρου δημιουργίας απογόνων αυξάνεται αλλά όχι σημαντικά. Ακόμα, ο αριθμός των σημείων κοπής που θα ορίσουμε από την αρχή μπορεί να μην είναι αρκετά καλός ώστε να πετύχουμε μια όσο το δυνατόν πιο γρήγορη και καλή σύγκλιση. Και εδώ, μπορεί να συνδυάζονται περισσότερα δομικά στοιχεία κάθε φορά, αλλά και πάλι όχι με τρόπο ώστε να μπορέσει να παραχθεί, με μεγαλύτερη πιθανότητα, κάτι πιο αποδοτικό.

Με χρήση ομοιόμορφης διασταύρωσης κάθε bit γονιδίου των χρωμοσωμάτων αποτελεί πιθανό σημείο τομής, με αποτέλεσμα να εξερευνάται πολύ μεγάλο μέρος του χώρου δημιουργίας απογόνων, ειδικά στην αρχή όπου τα χρωμοσώματα διαφέρουν κατά πολύ μεταξύ τους. Όσο προχωρά ο αλγόριθμος τα χρωμοσώματα θα γίνονται ομοιόμορφα και οι απόγονοι θα περιορίζονται στο χώρο. Ακόμα, τα δομικά στοιχεία των γονέων διατηρούνται πιο εύκολα αυτούσια στους απογόνους, δίνοντας έτσι πιο αποδοτικά δομικά στοιχεία. Τέλος, μπορούμε να αποφύγουμε πρόωρη σύγκλιση, καθώς μέσω της μεγάλης μίξης μεταξύ των bit των γονιδίων αυξάνεται η ποικιλομορφία μεταξύ των γονιδίων, αυξάνοντας έτσι την πιθανότητα αποφυγής κάποιου τοπικού ελαχίστου.

Άρα, για την εκπαίδευση του γενετικού μας αλγορίθμου θα χρησιμοποιήσουμε ομοιόμορφη διασταύρωση.

iii) Στόχος της μετάλλαξης είναι η δημιουργία ενός καλύτερου χρωμοσώματος με μια τυχαία αλλαγή σε κάποιο από τα γονίδιά του. Αυτό έχει νόημα για χρωμοσώματα τα οποία έχουν μέτρια ή κακή απόδοση. Χρωμόσωμα που έχει την καλύτερη απόδοση μέσα σε ένα πληθυσμό είναι προτιμότερο να το διασταυρώσεις με κάποιο άλλο(-α), ώστε να προκύψουν καλύτεροι ή ισάξιοι απόγονοι, παρά να το μεταλλάξεις και να δώσει πιθανόν κάτι χειρότερο από πριν. Άρα, για τη μετάλλαξη η χρήση ελιτισμού είναι μια καλή απόφαση.

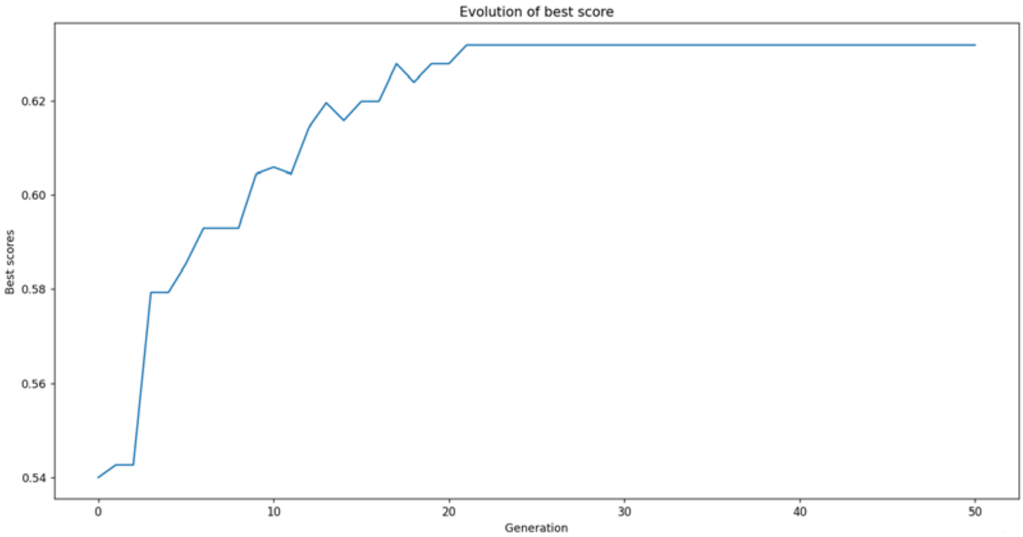
B3

α-β) Οι μετρήσεις και οι καμπύλες εξέλιξης της καλύτερης λύσης δίνονται παρακάτω.

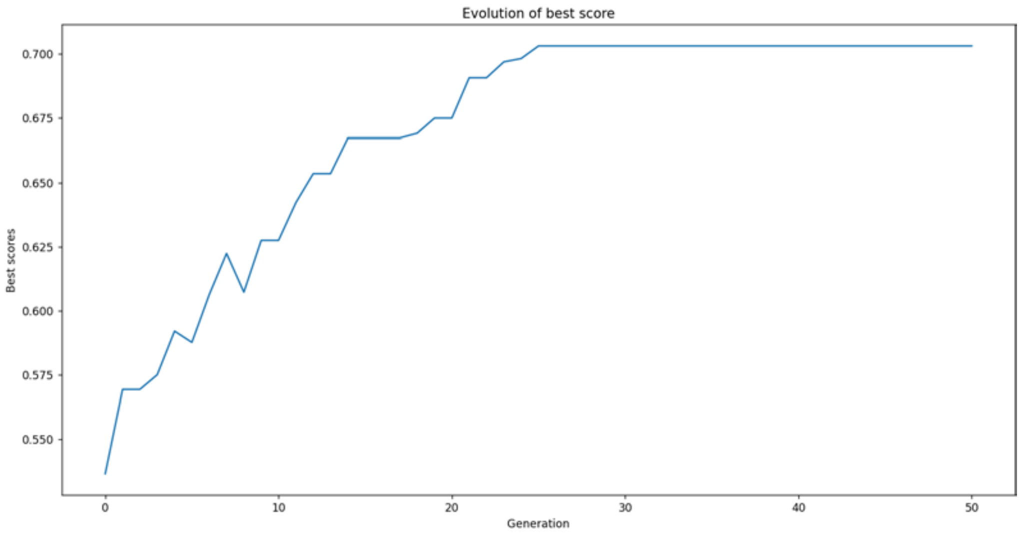
Α/Α	ΜΕΓΕΘΟΣ ΠΛΗΘΥΣΜΟΎ	ΠΙΘΑΝΟΤΗΤΑ ΔΙΑΣΤΑΥΡΩΣΗΣ	ΠΙΘΑΝΟΤΗΤΑ ΜΕΤΑΛΛΑΞΗΣ	ΜΕΣΗ ΤΙΜΗ ΒΕΛΤΙΣΤΟΥ	ΜΕΣΟΣ ΑΡΙΘΜΟΣ ΓΕΝΕΩΝ
1	20	0.6	0.00	0.6646	51
2	20	0.6	0.01	0.7670	51
3	20	0.6	0.10	0.6294	51.2
4	20	0.9	0.01	0.7771	51.1
5	20	0.1	0.01	0.6156	51
6	200	0.6	0.00	0.8915	51
7	200	0.6	0.01	0.8516	51.5
8	200	0.6	0.10	0.6264	51.3
9	200	0.9	0.01	0.8603	51.3
10	200	0.1	0.01	0.7766	51.1

1. Μέγεθος Πληθυσμού: 20, Πιθανότητα Διασταύρωσης: 0.6, Πιθανότητα Μετάλλαξης: 0.00

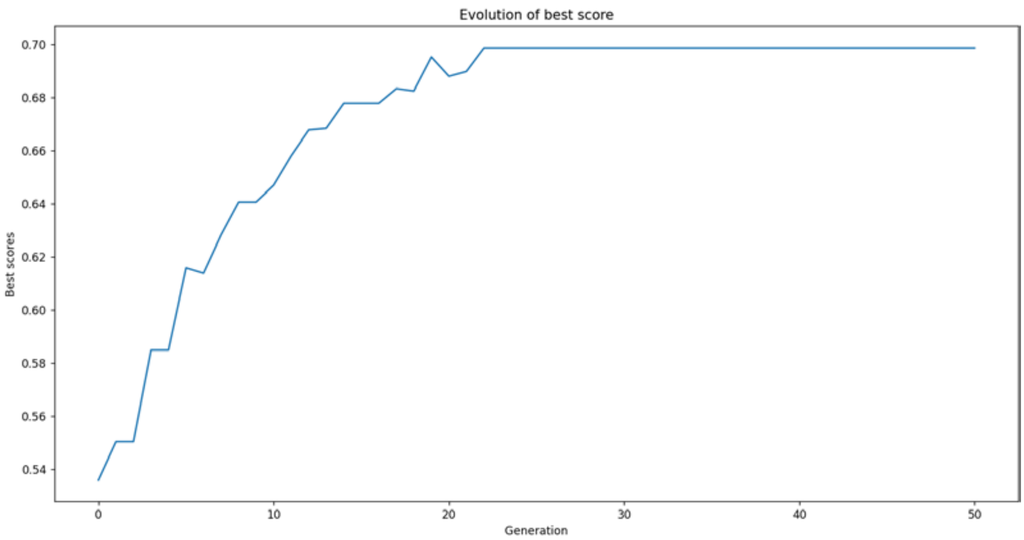
Run #1:



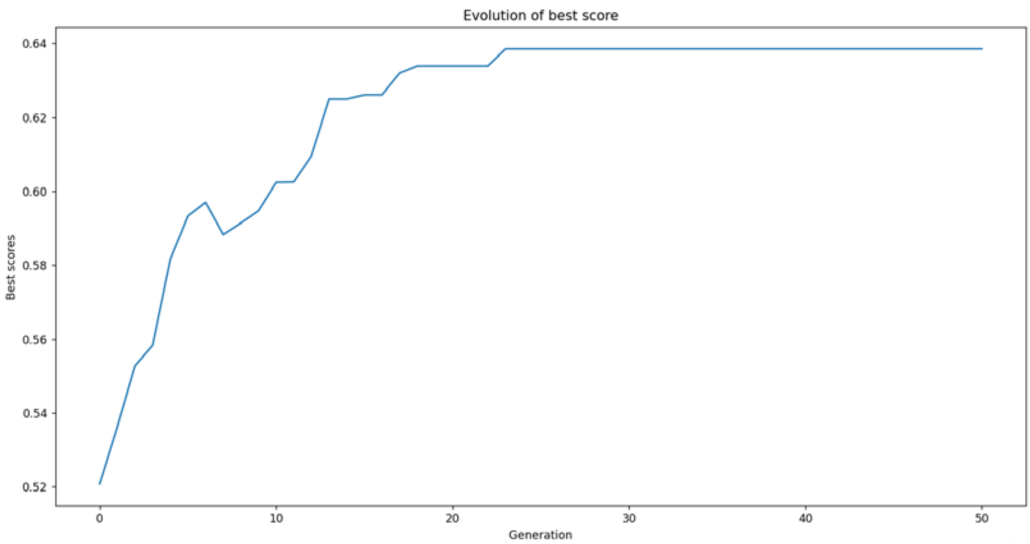
Run #2:



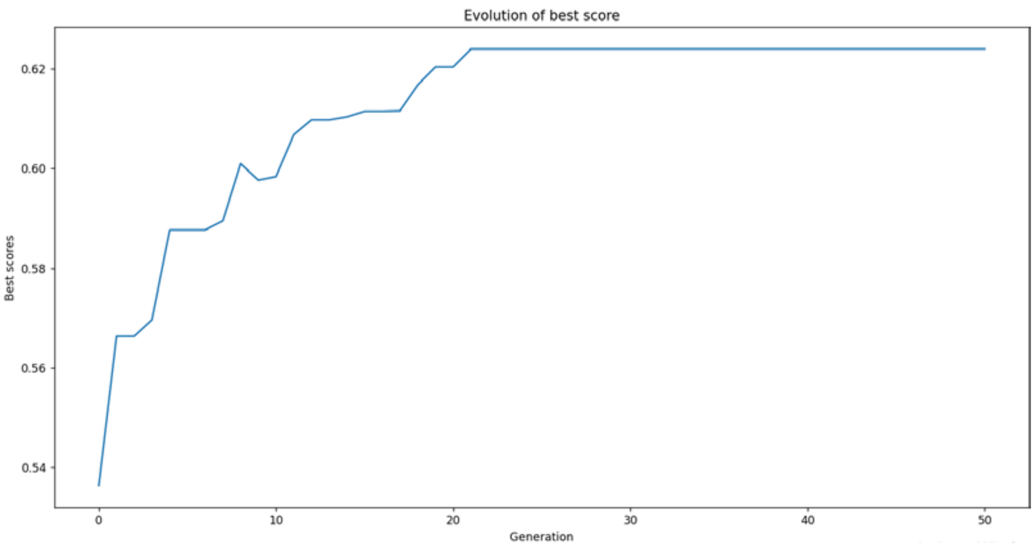
Run #3



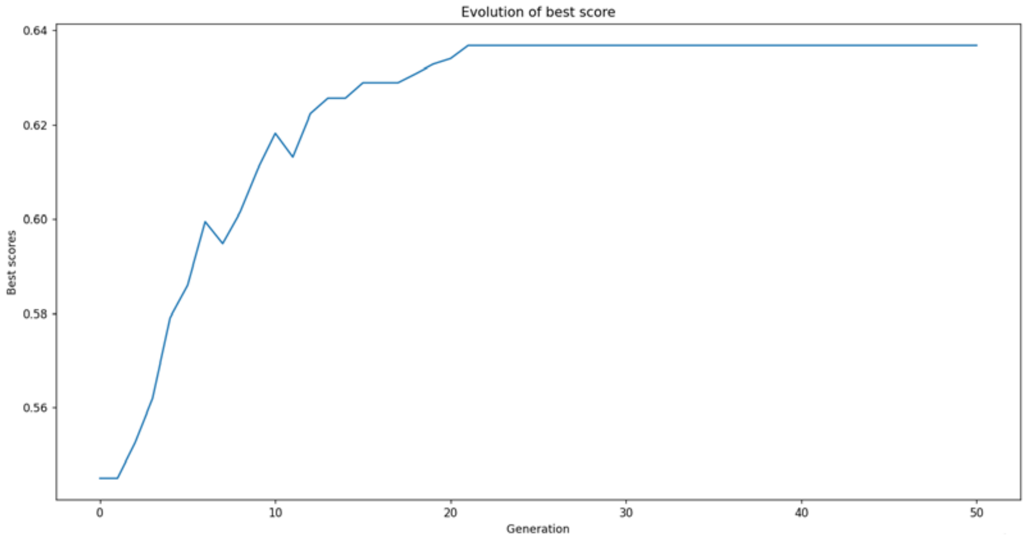
Run #4



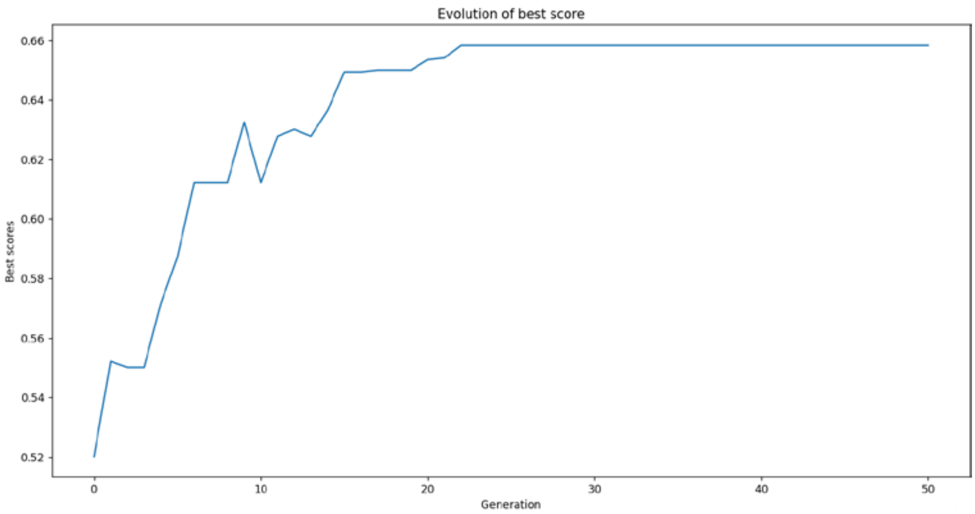
Run #5



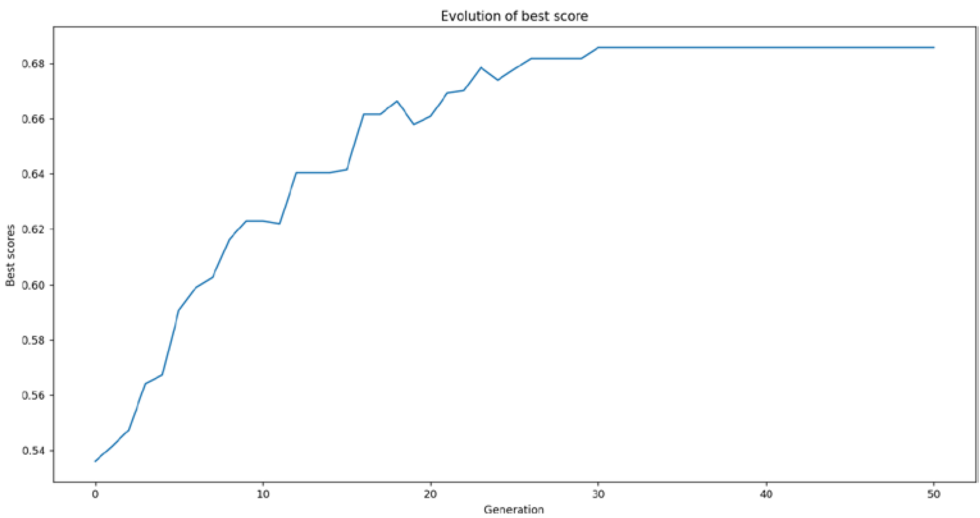
Run #6



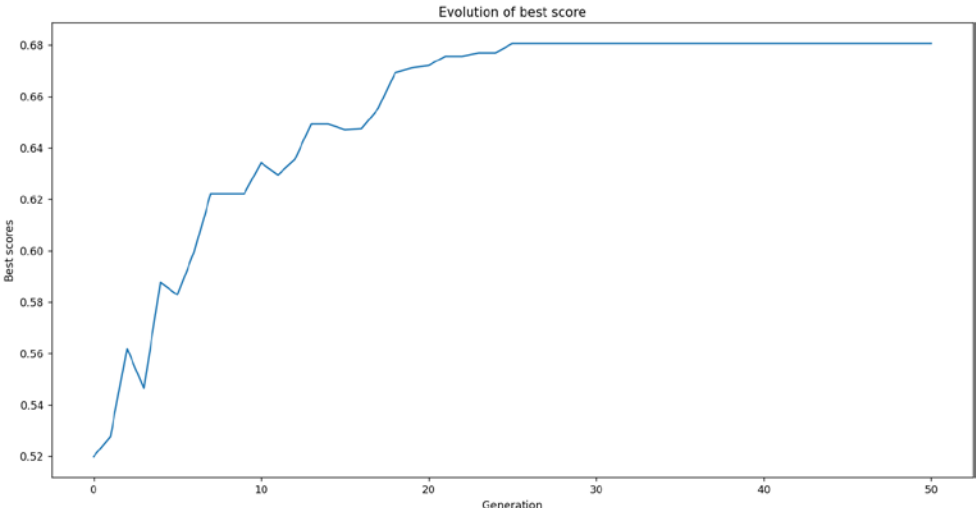
Run #7



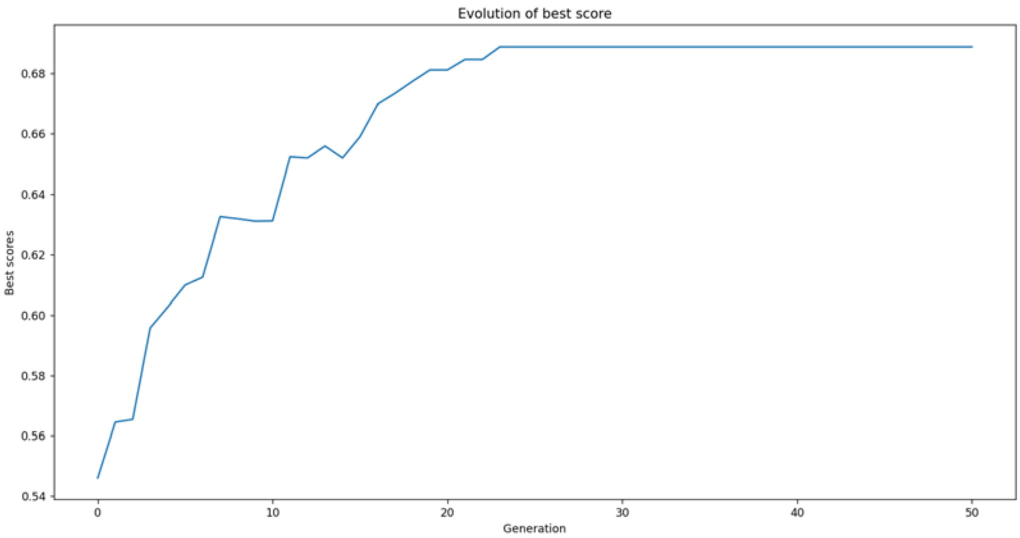
Run #8



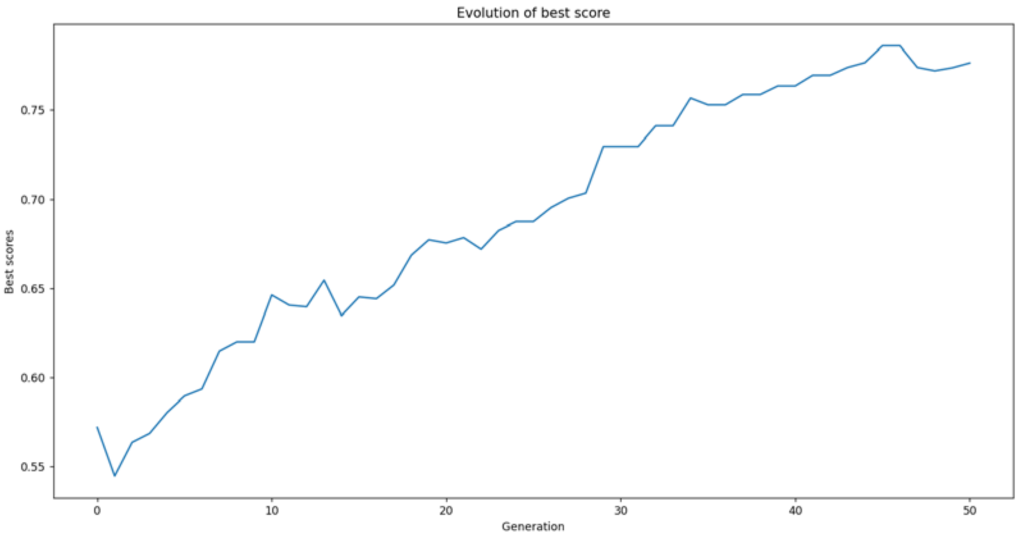
Run #9



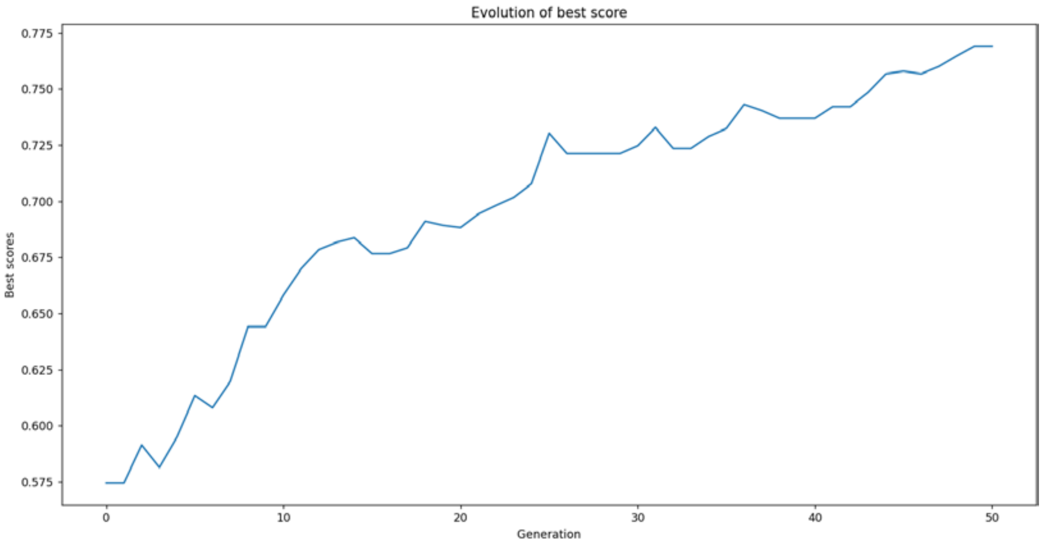
Run #10



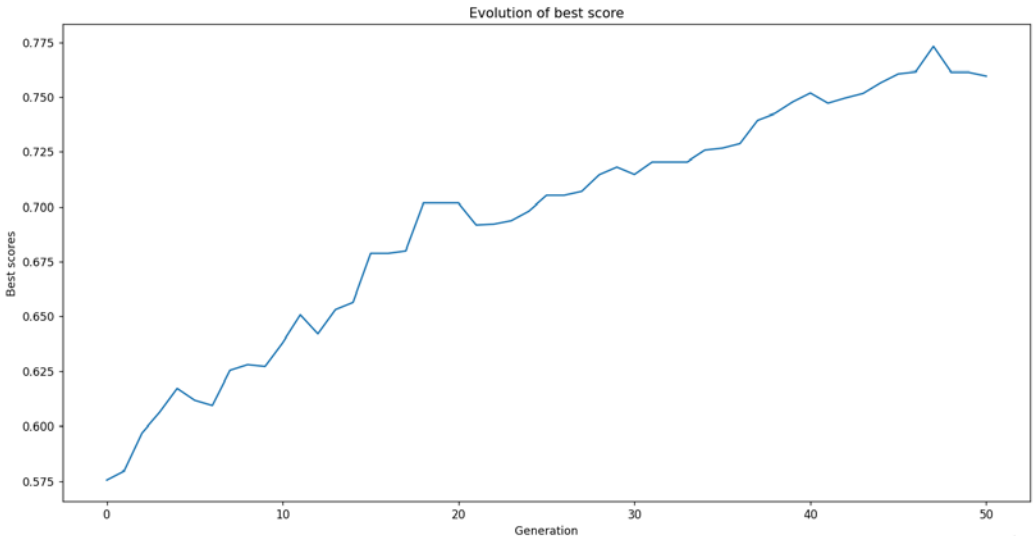
2. Μέγεθος Πληθυσμού: 20, Πιθανότητα Διασταύρωσης: 0.6, Πιθανότητα Μετάλλαξης: 0.01
Run #1:



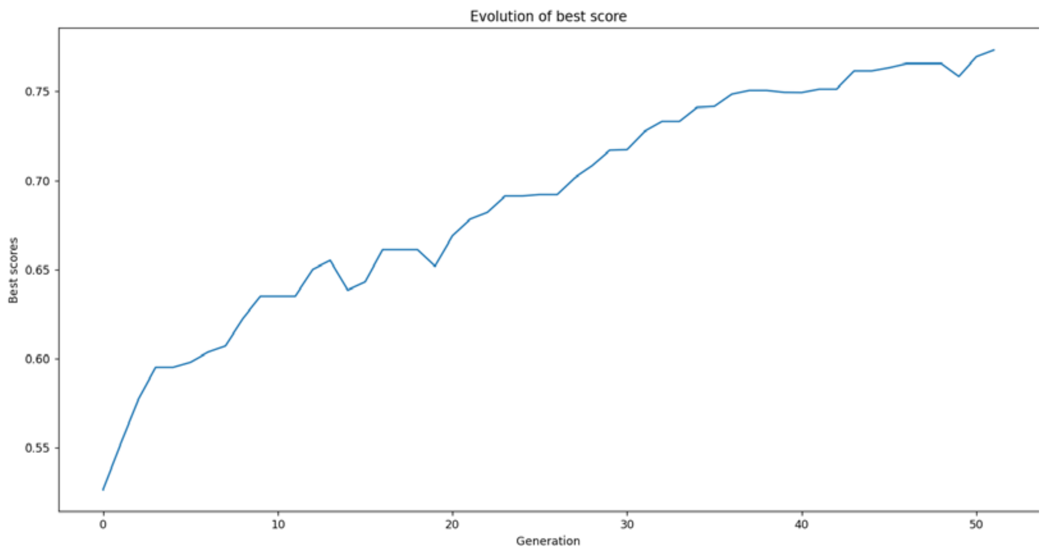
Run #2:



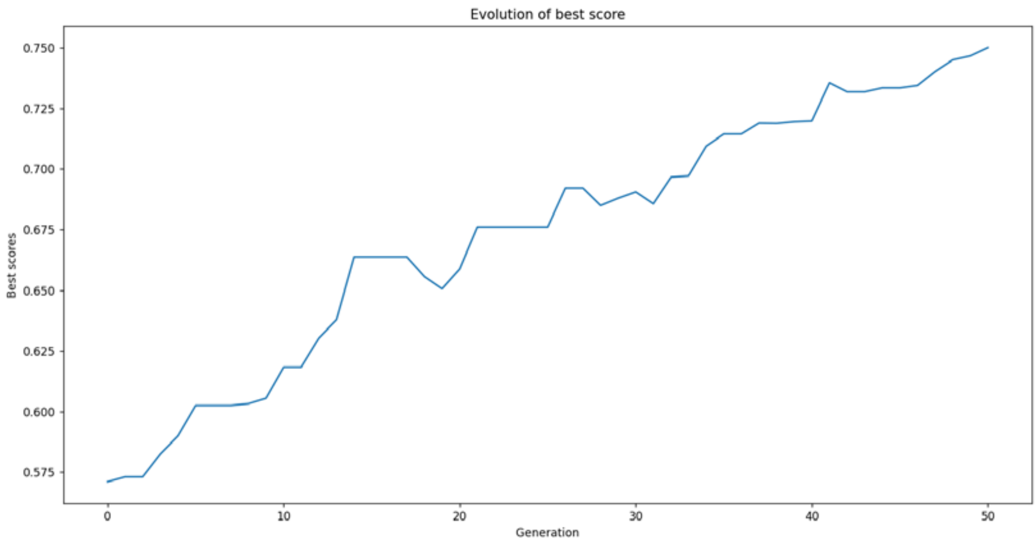
Run #3:



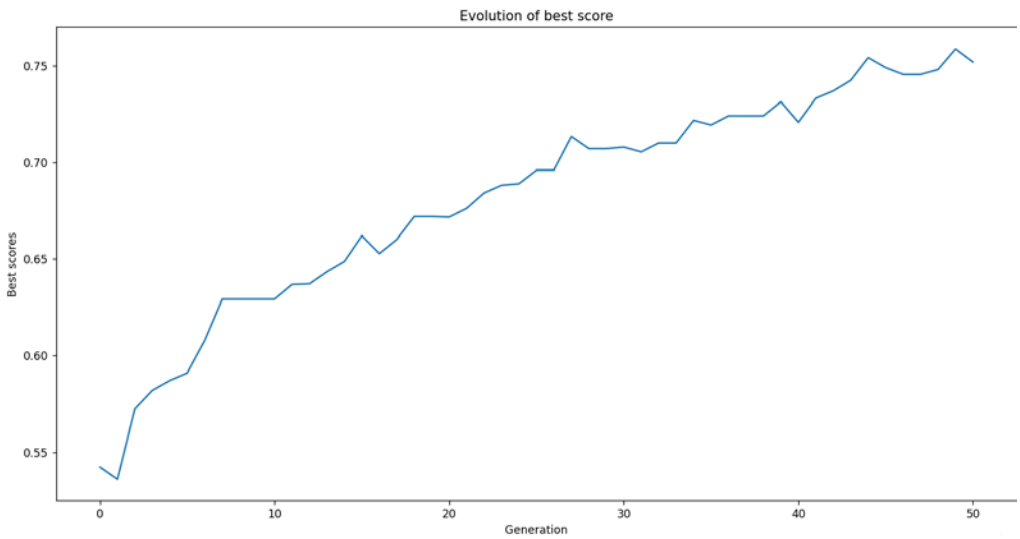
Run #4:


Evolution of best score
Best scores
0.75
0.70
0.65
0.60
0.55
0
10
20
30
40
50
Generation

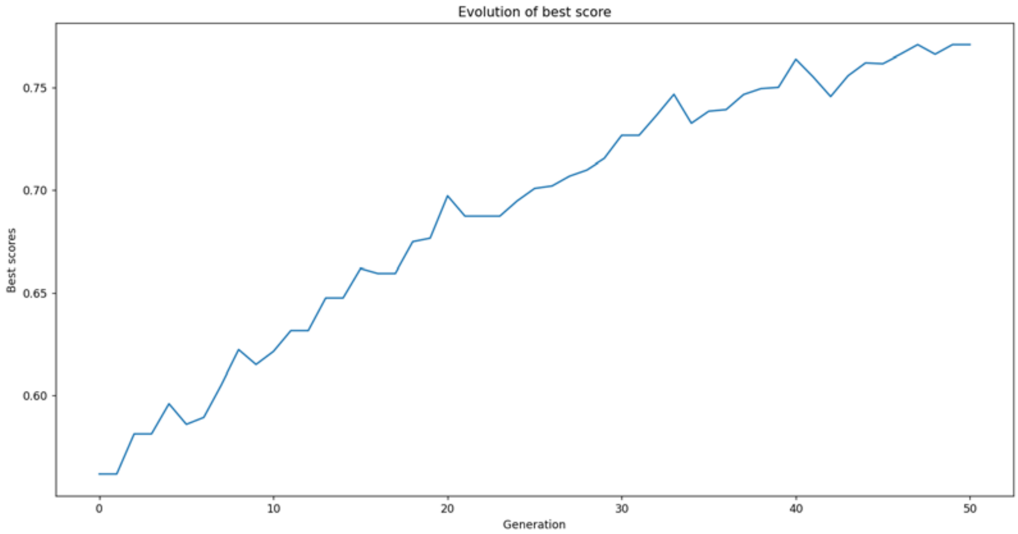
Run #5:


Evolution of best score
Best scores
0.750
0.725
0.700
0.675
0.650
0.625
0.600
0.575
0
10
20
30
40
50
Generation

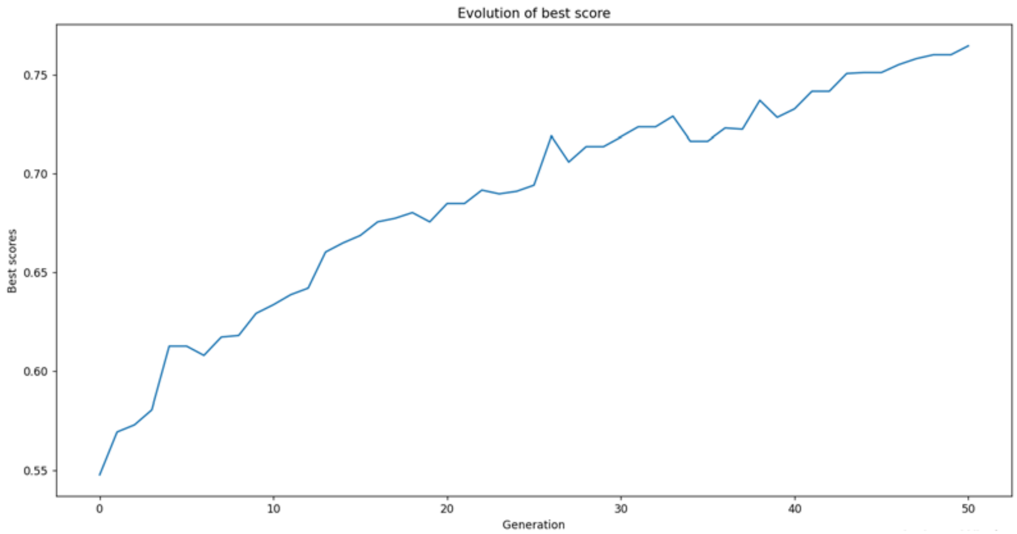
Run #6:


Evolution of best score
Best scores
0.75
0.70
0.65
0.60
0.55
0
10
20
30
40
50
Generation

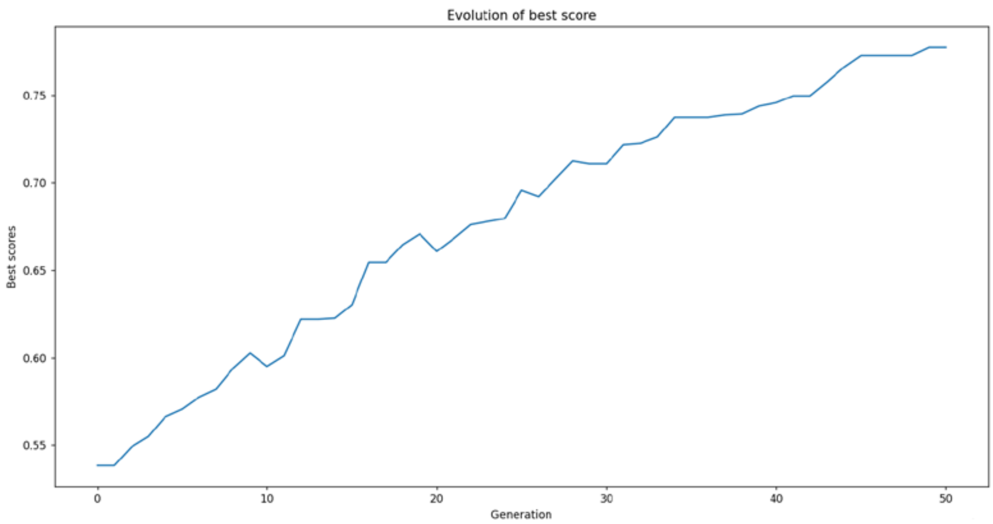
Run #7:



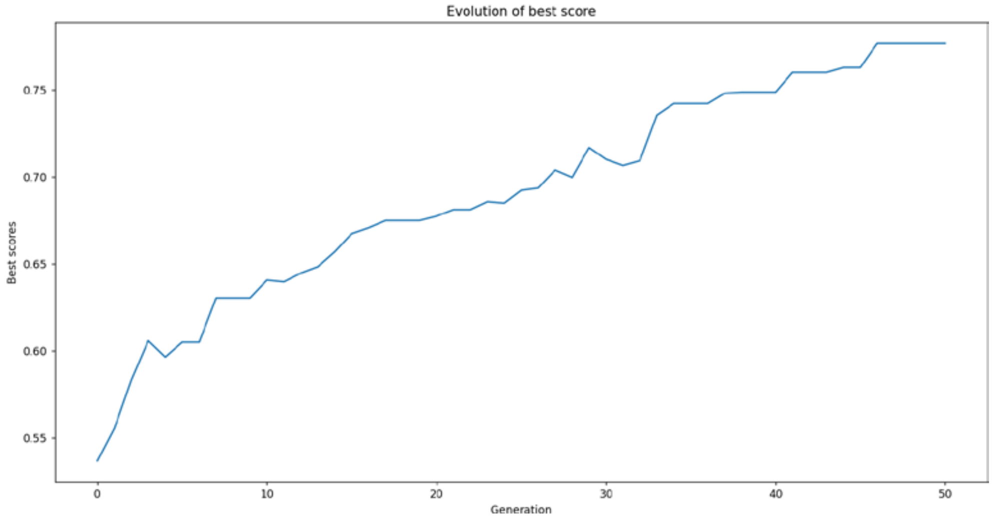
Run #8:



Run #9:

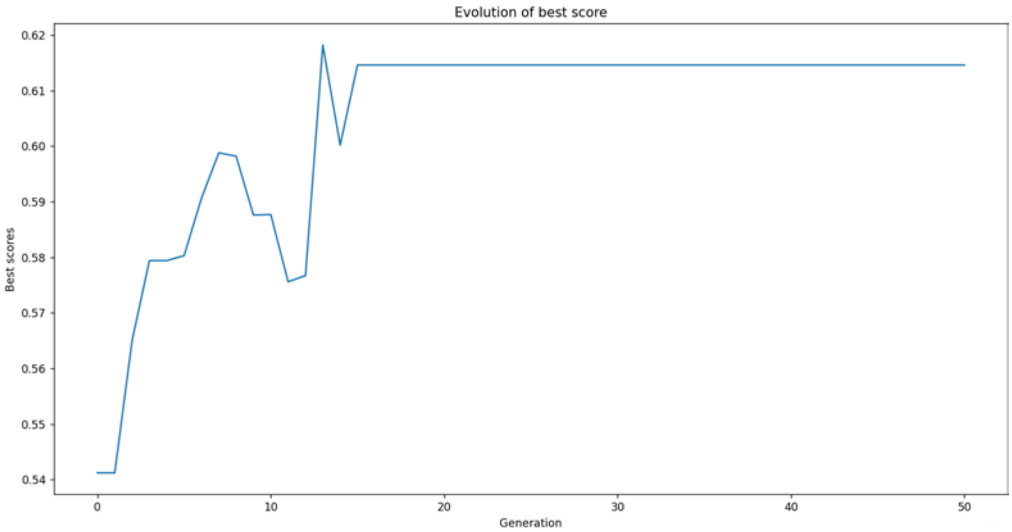


Run #10:

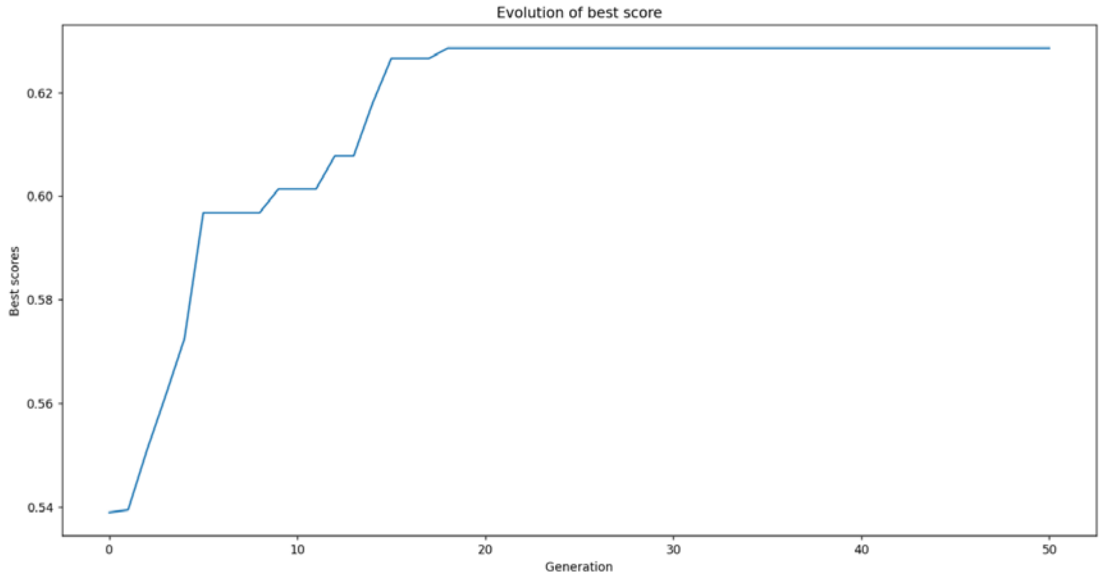


3. Μέγεθος Πληθυσμού: 20, Πιθανότητα Διασταύρωσης: 0.6, Πιθανότητα Μετάλλαξης: 0.10

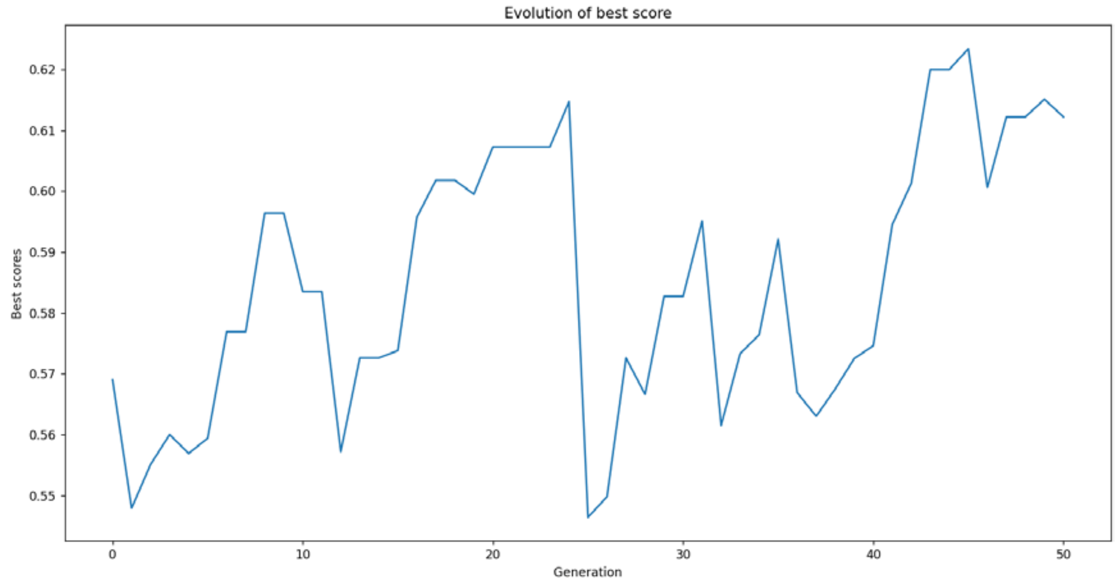
Run #1:



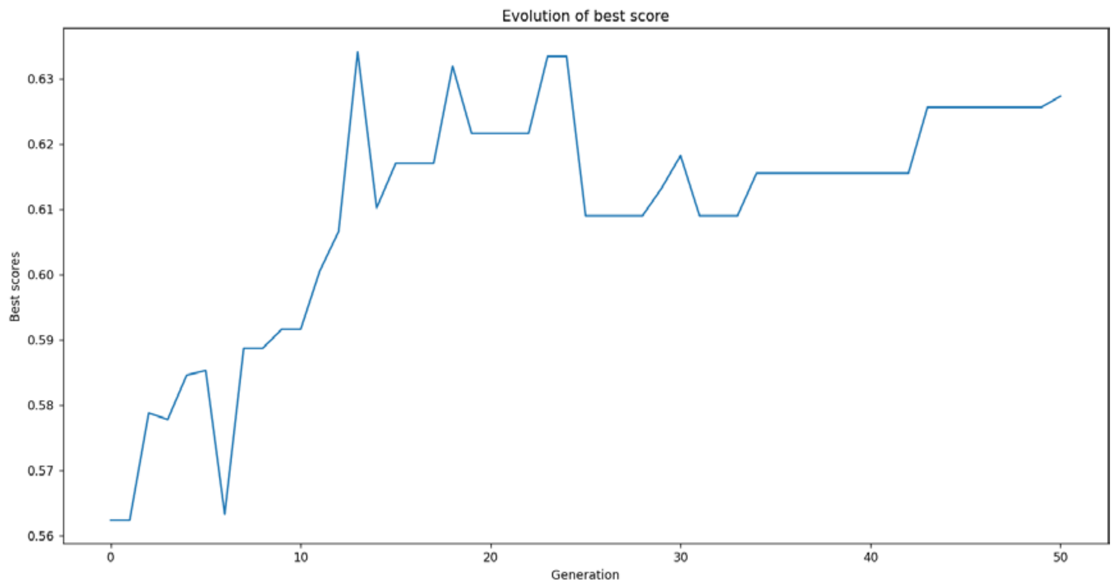
Run #2:



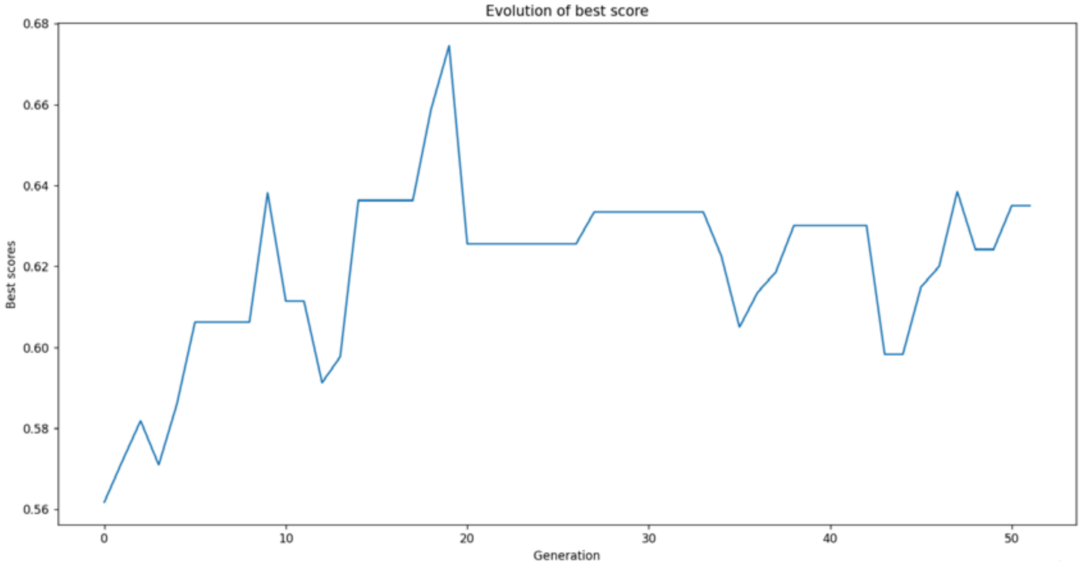
Run #3:



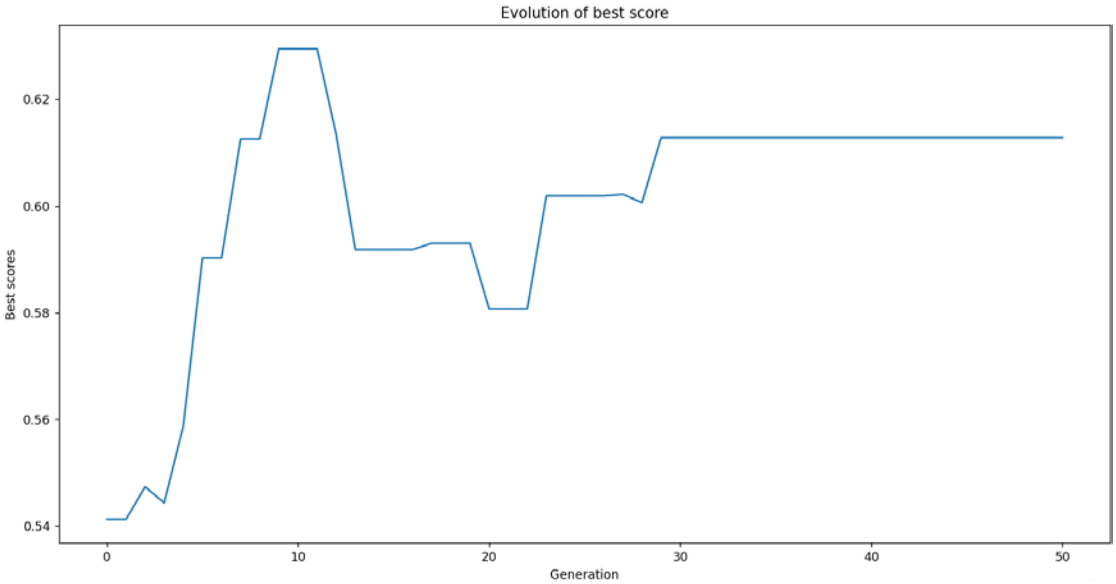
Run #4:



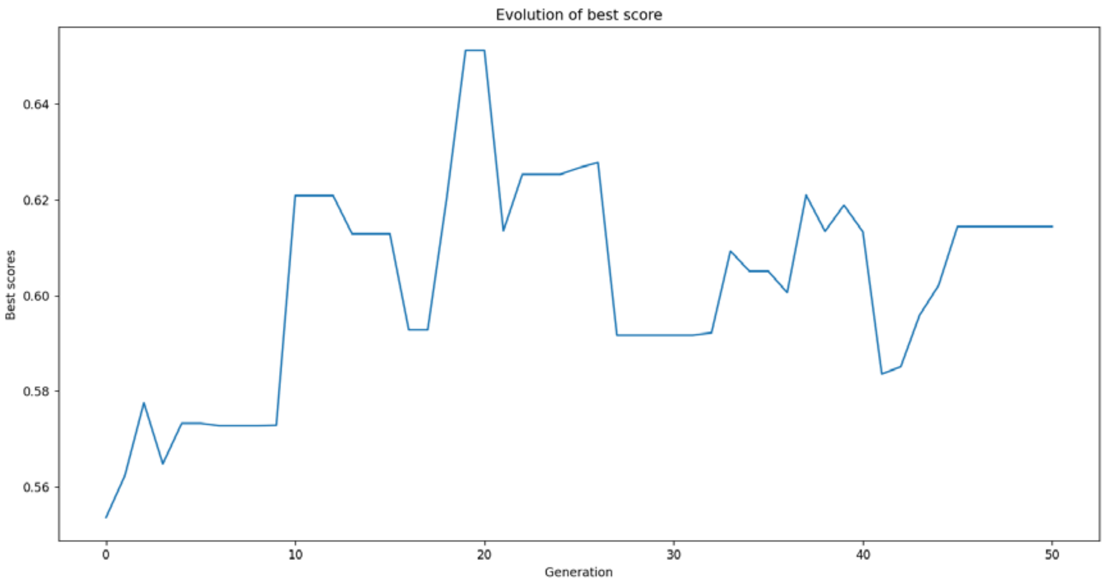
Run #5:



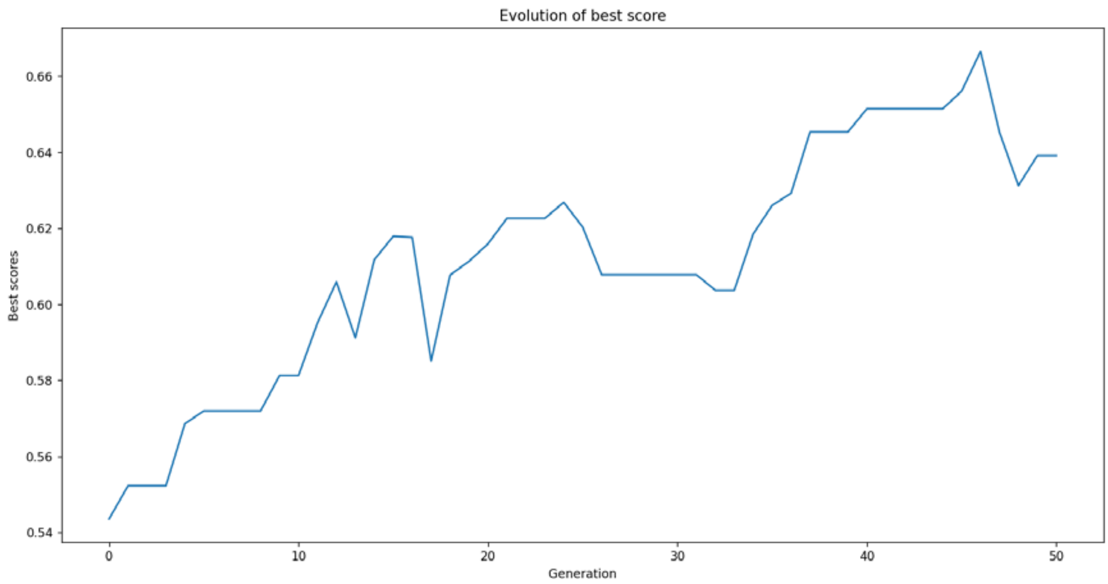
Run #6:



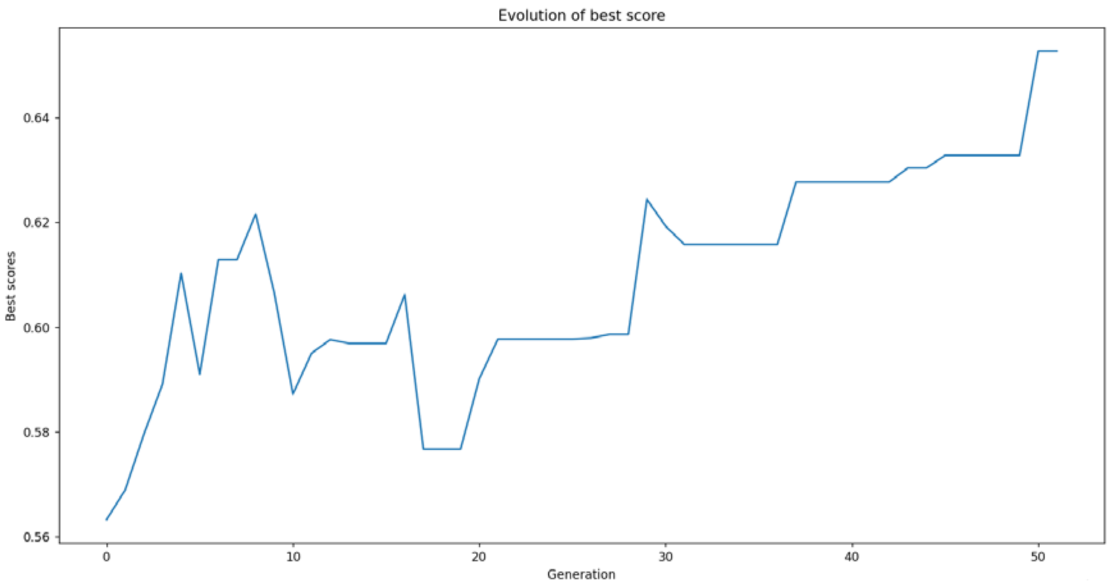
Run #7:



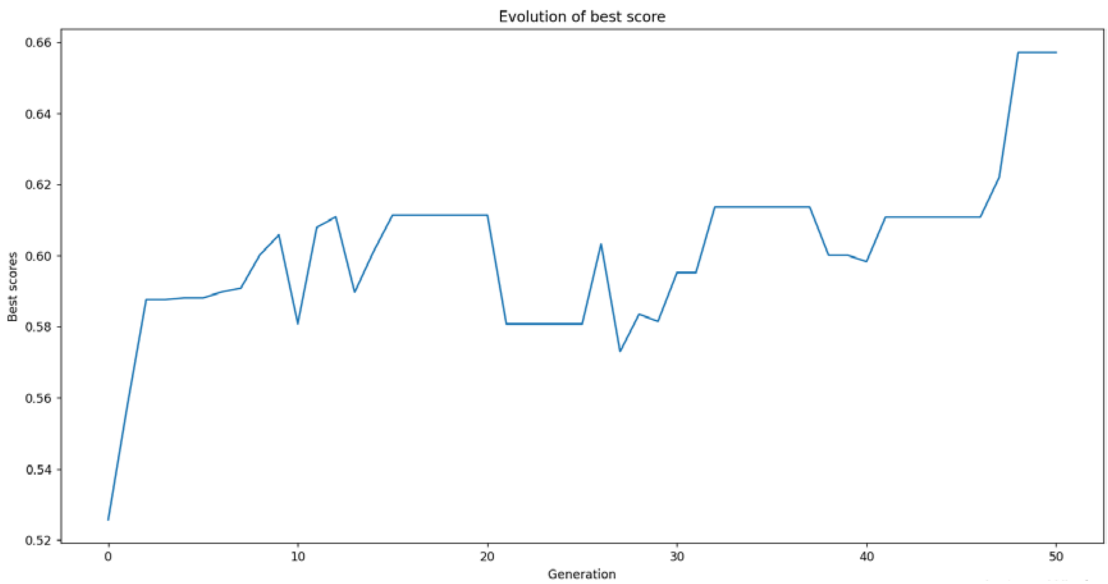
Run #8:



Run #9:

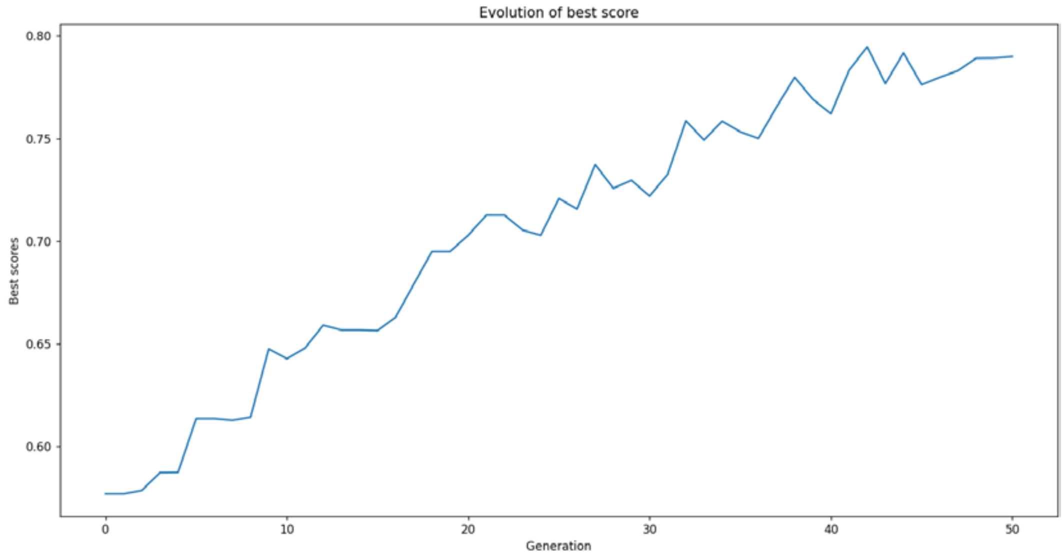


Run #10:

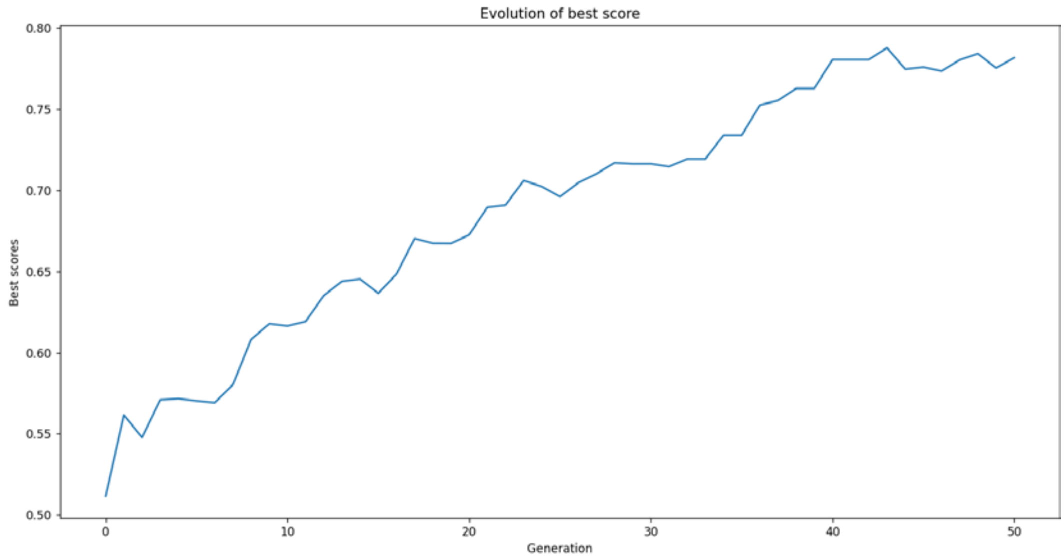


4. Μέγεθος Πληθυσμού: 20, Πιθανότητα Διασταύρωσης: 0.9, Πιθανότητα Μετάλλαξης: 0.01

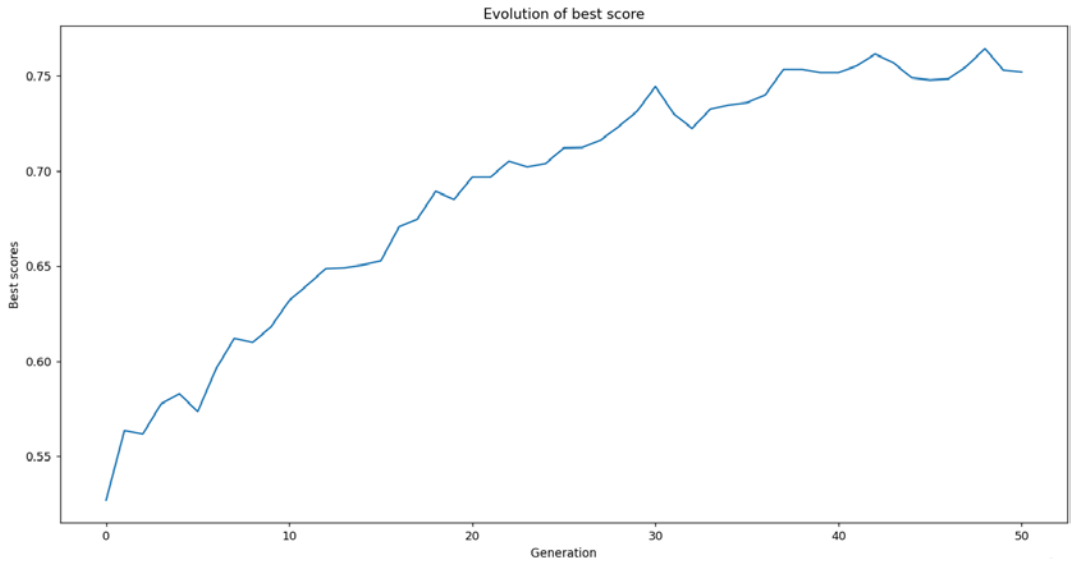
Run #1:



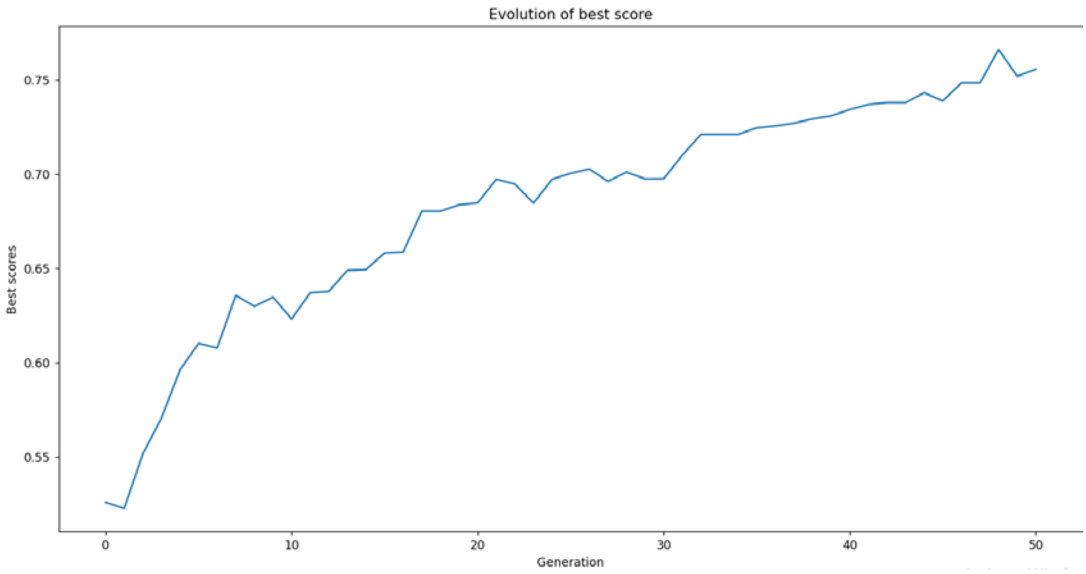
Run #2:



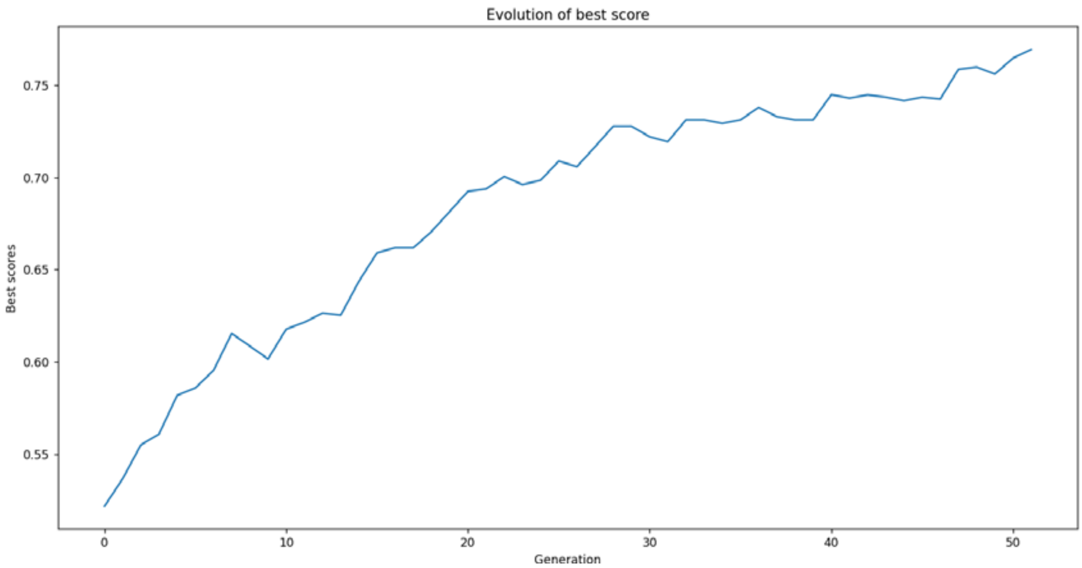
Run #3:



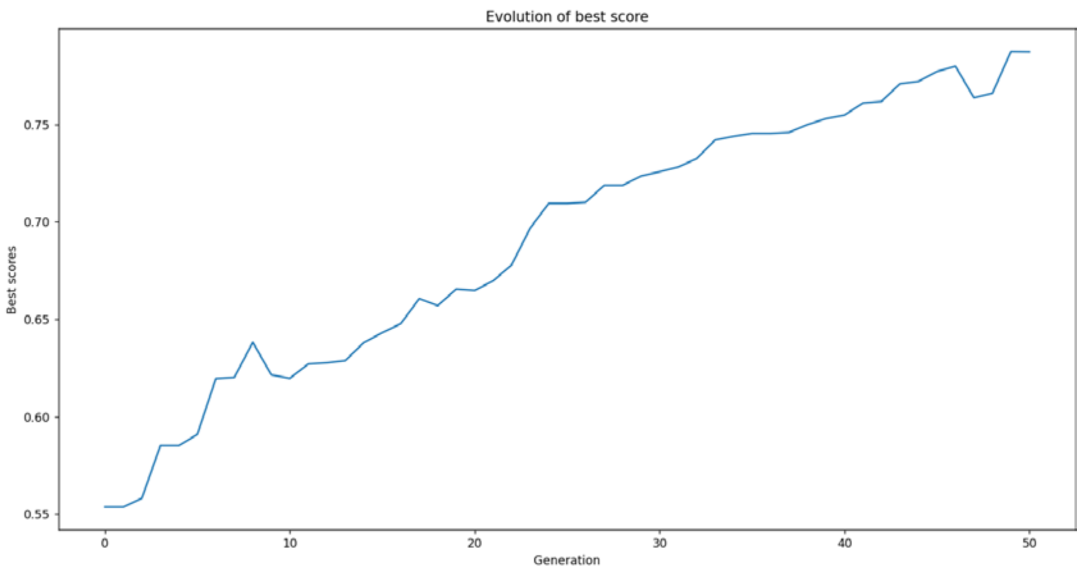
Run #4:



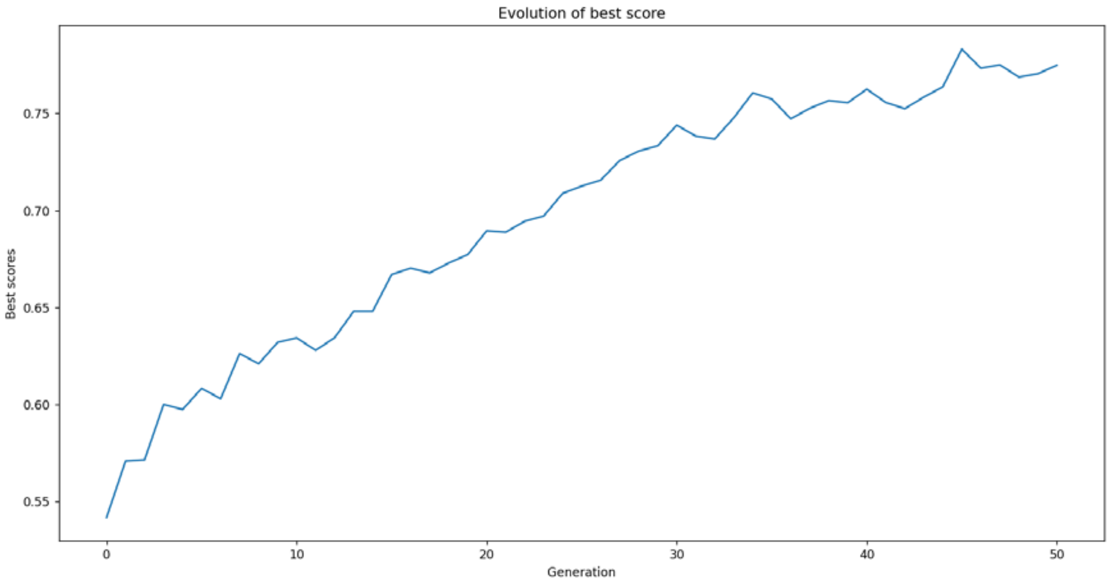
Run #5:



Run #6:

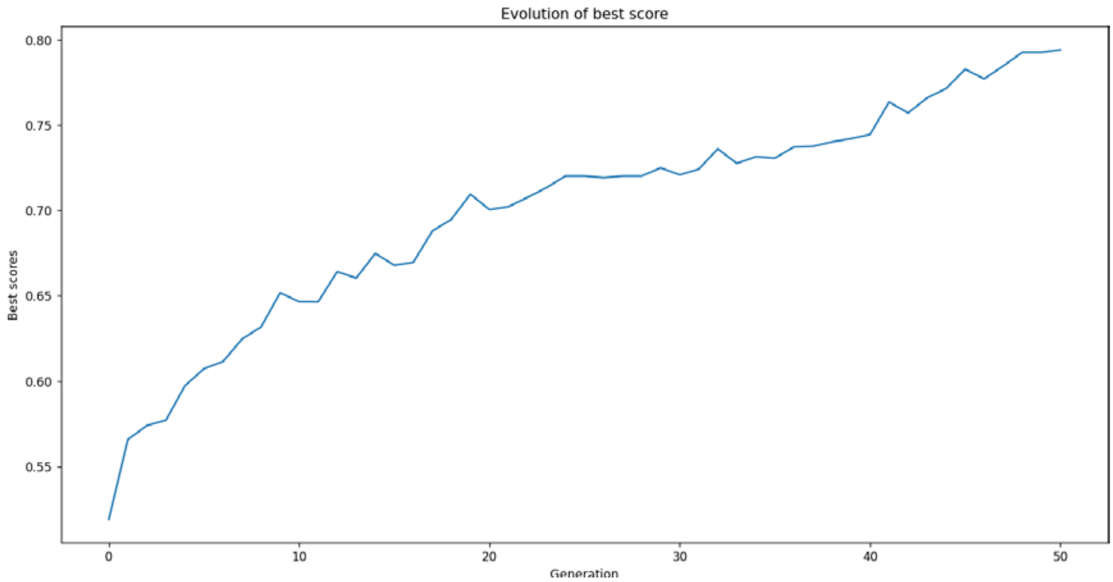


Run #7:



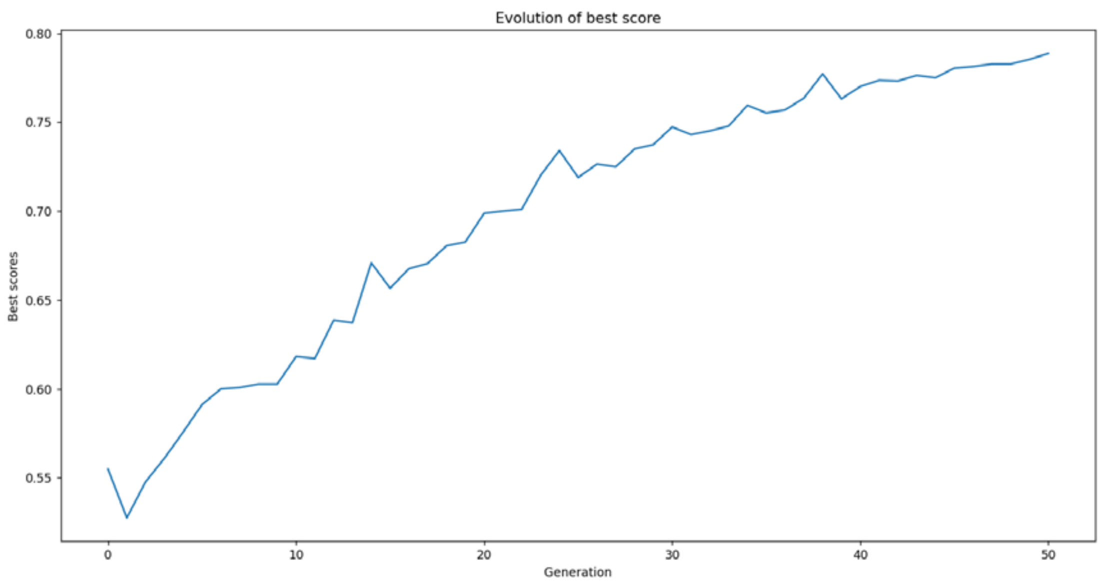
Evolution of best score
0.55
0.60
0.65
0.70
0.75
Best scores
0
10
20
30
40
50
Generation

Run #8:



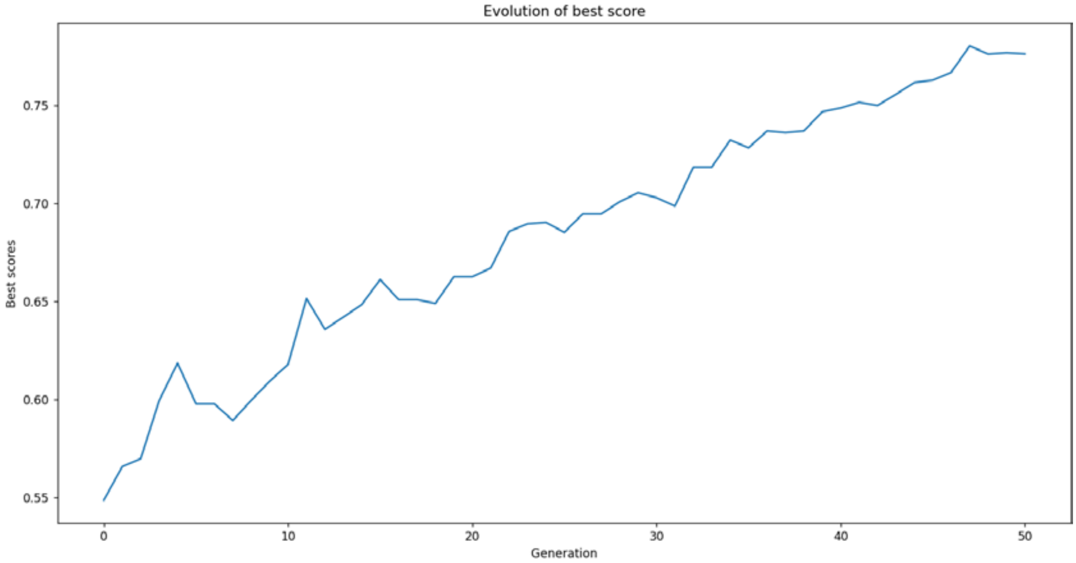
Evolution of best score
0.55
0.60
0.65
0.70
0.75
0.80
Best scores
0
10
20
30
40
50
Generation

Run #9:



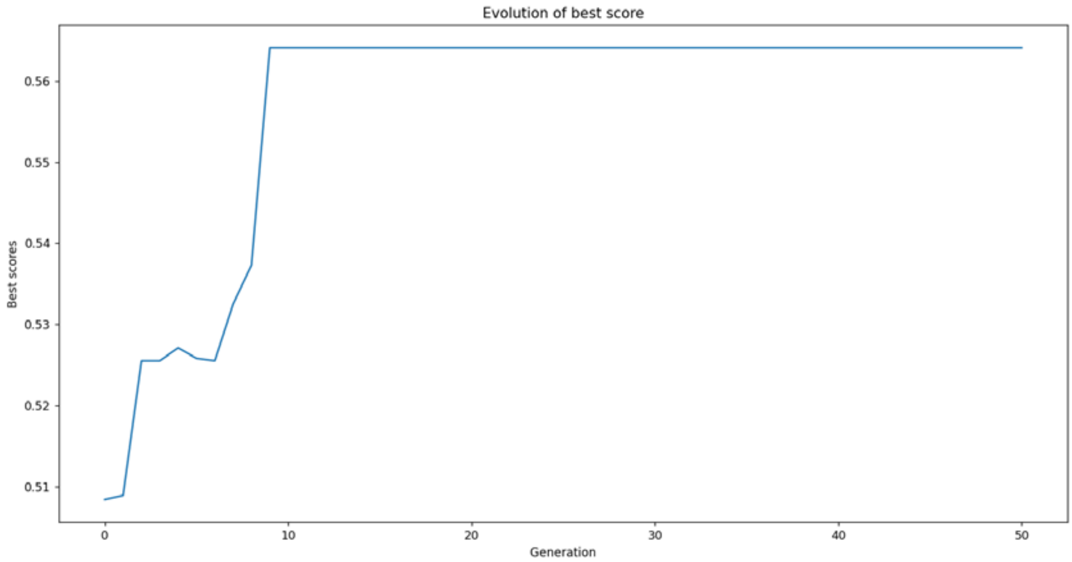
Evolution of best score
0.55
0.60
0.65
0.70
0.75
0.80
Best scores
0
10
20
30
40
50
Generation

Run #10

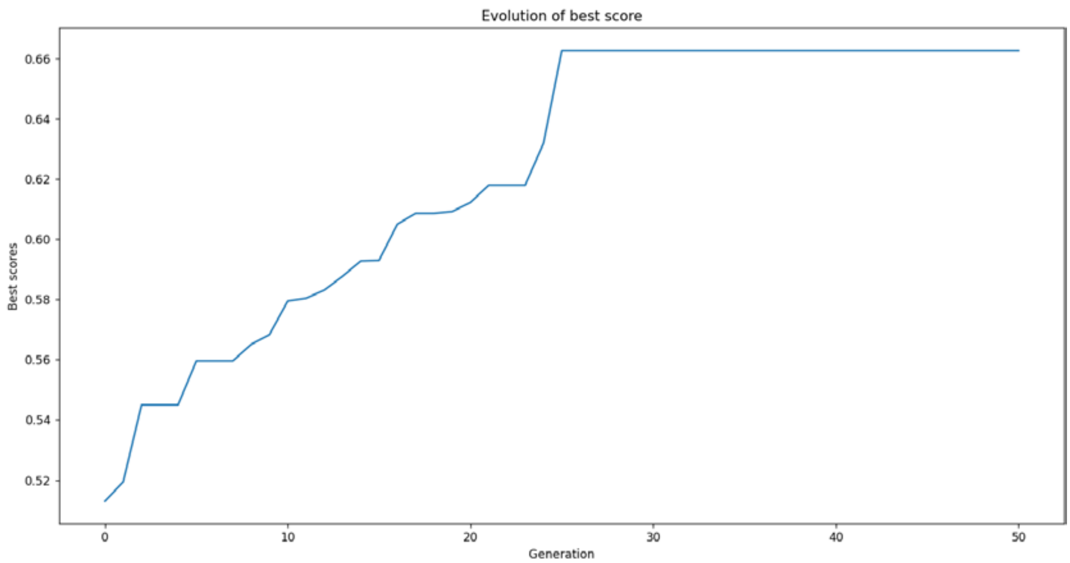


5. Μέγεθος Πληθυσμού: 20, Πιθανότητα Διασταύρωσης: 0.1, Πιθανότητα Μετάλλαξης: 0.01

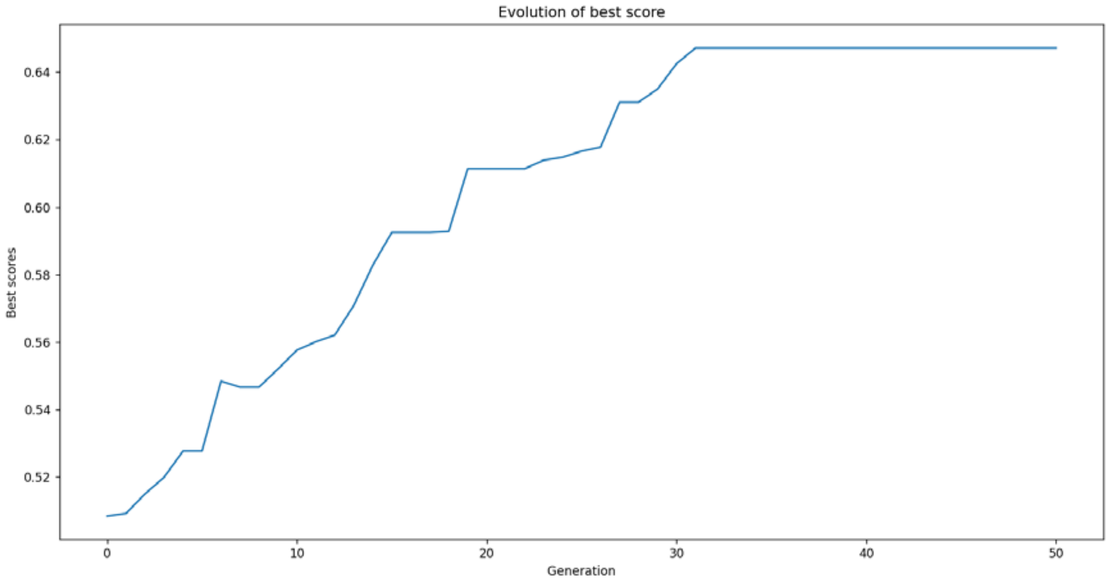
Run #1:



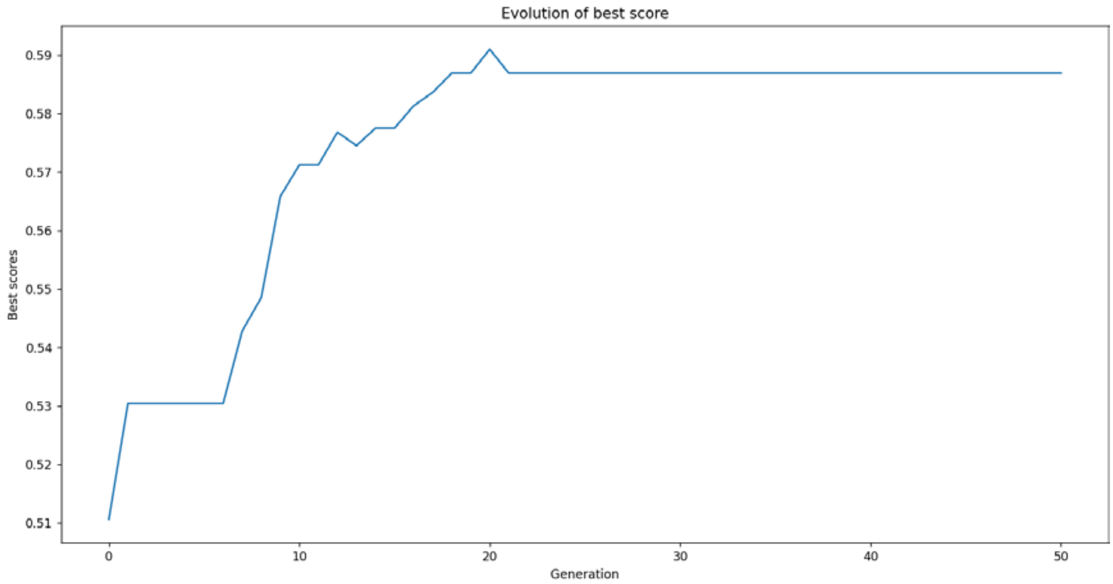
Run #2:



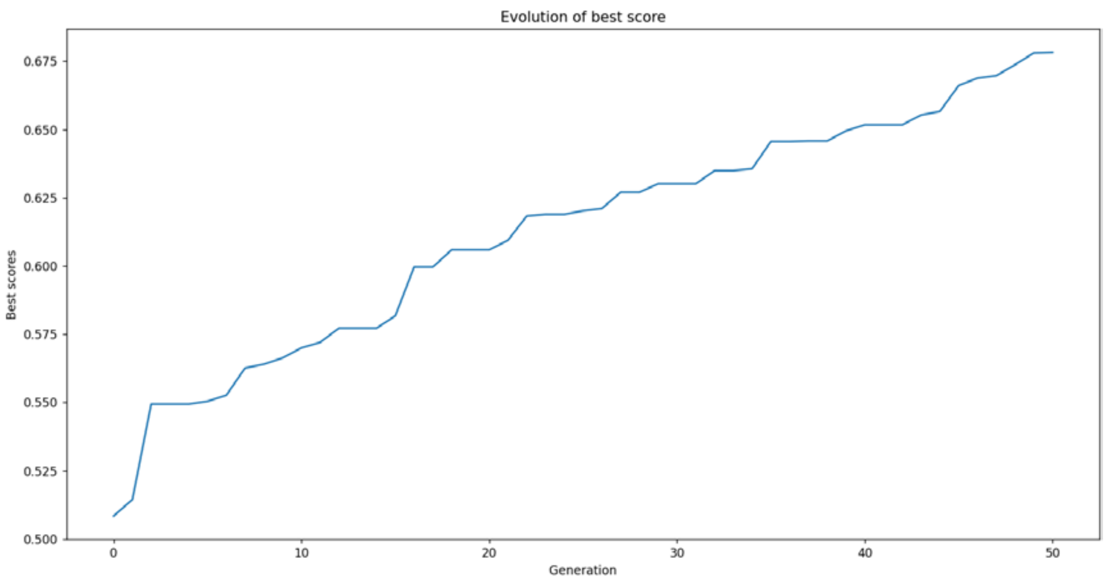
Run #3:



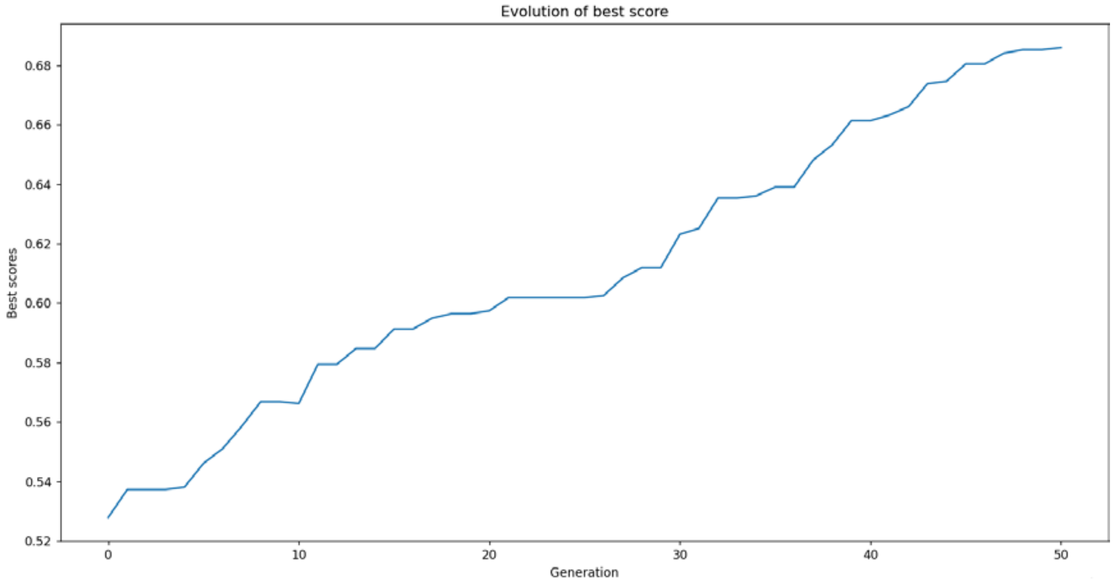
Run #4:



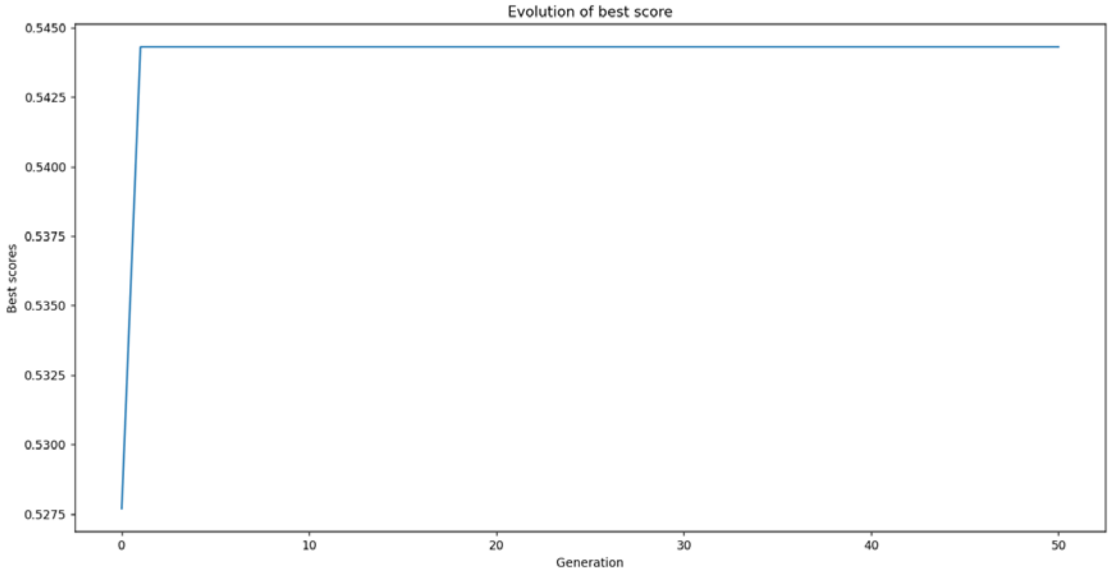
Run #5:



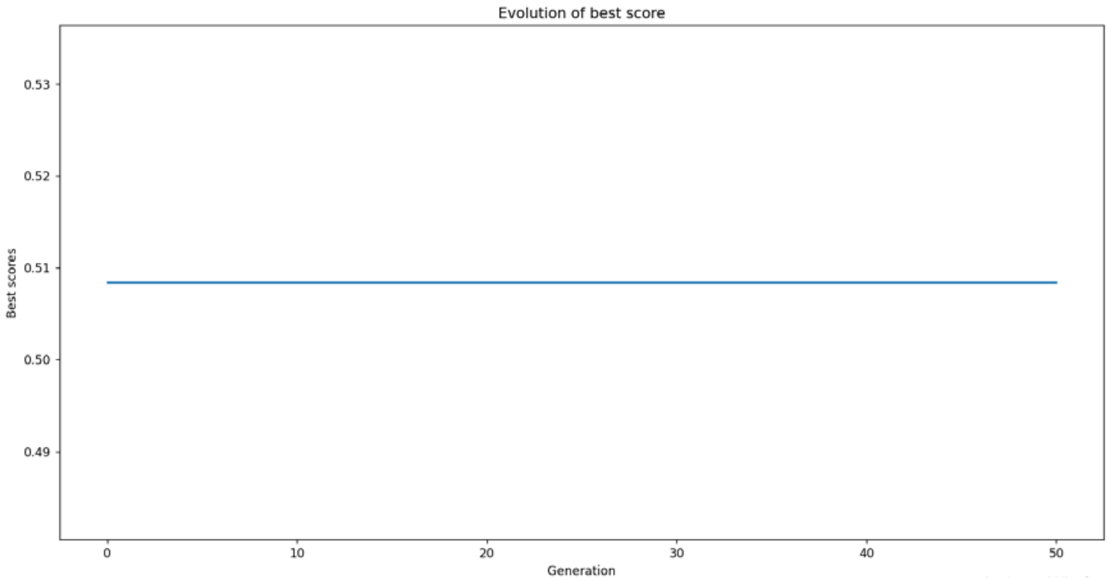
Run #6:



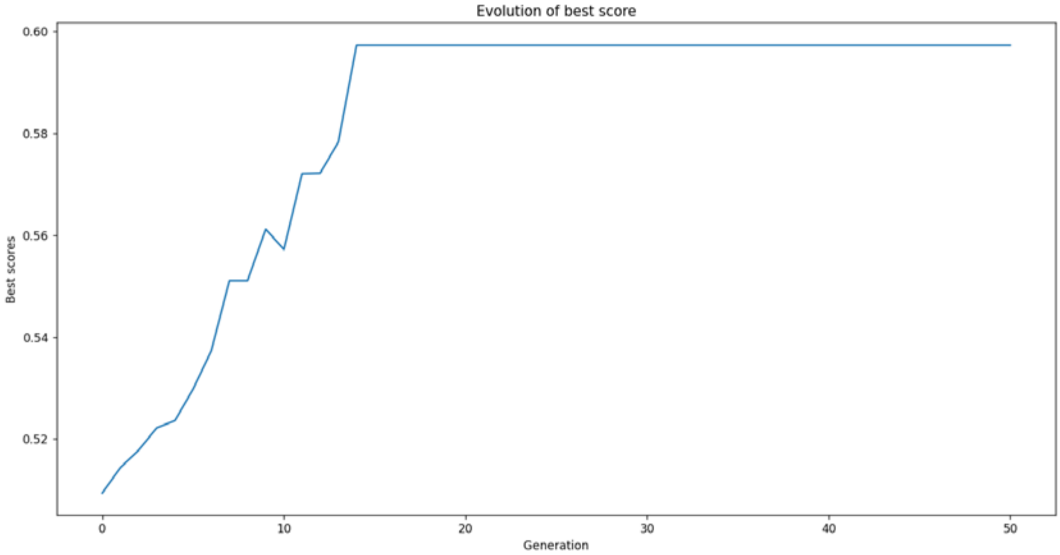
Run #7:



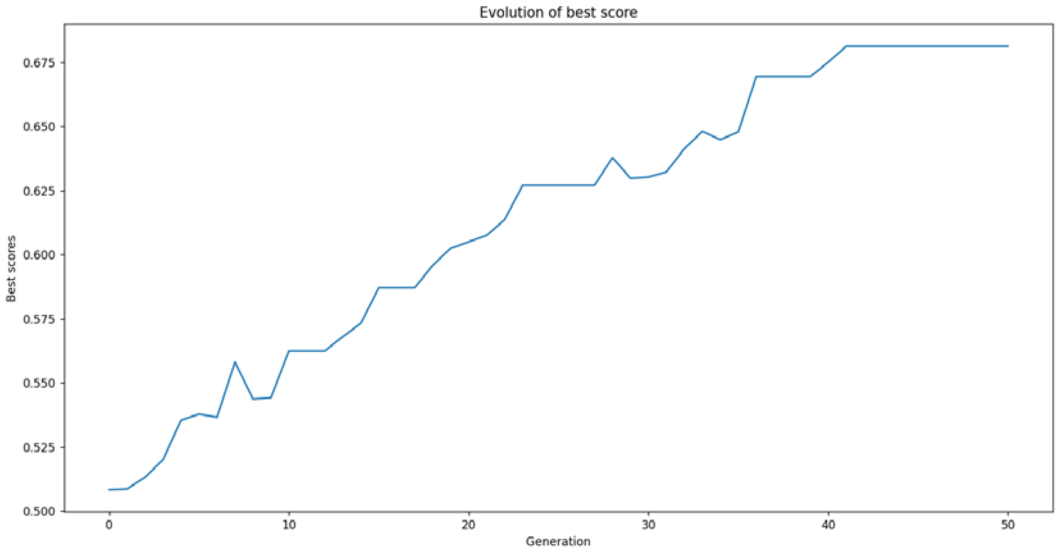
Run #8:



Run #9:

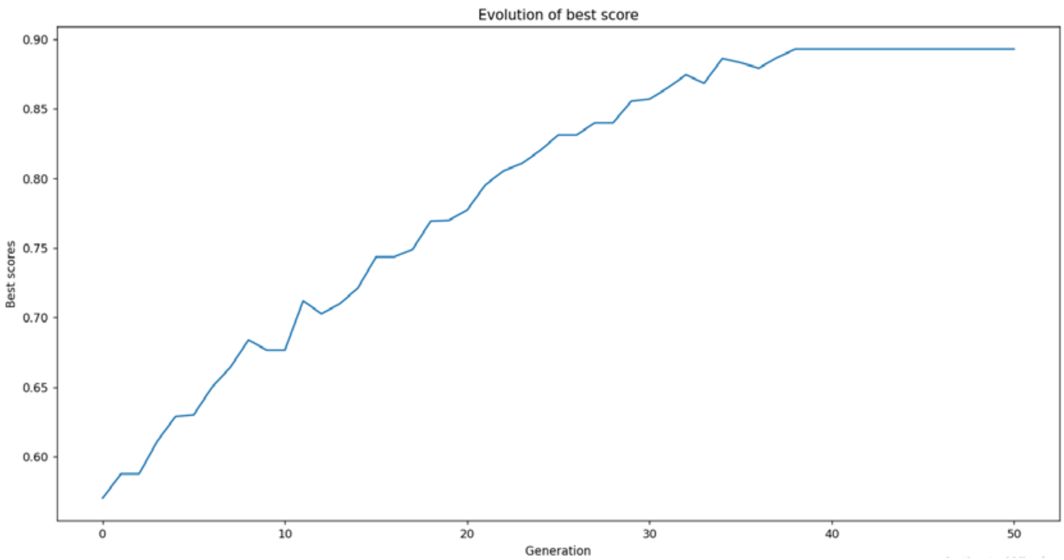


Run #10:

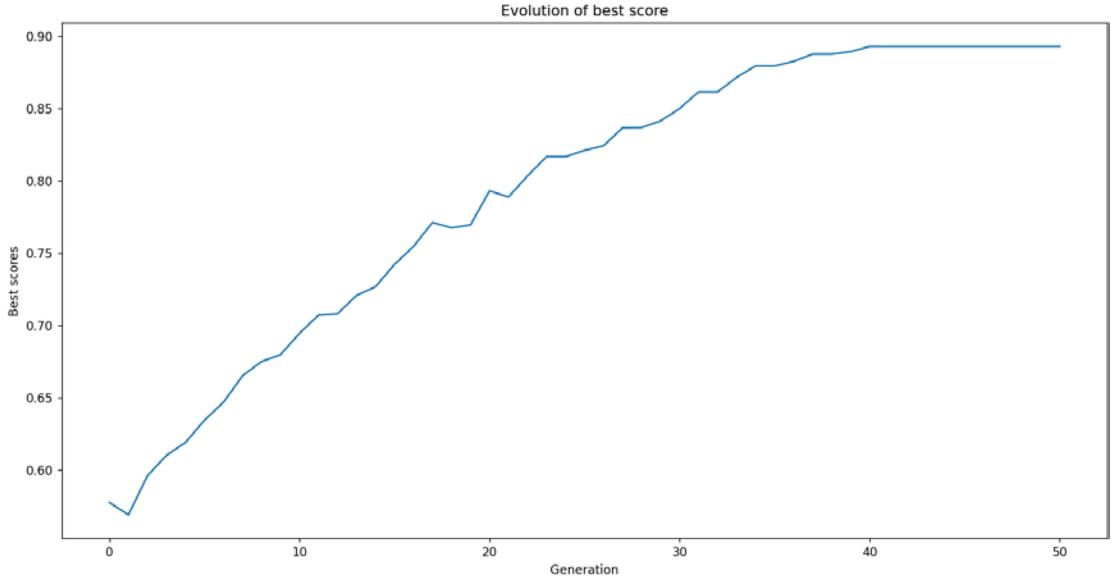


6. Μέγεθος Πληθυσμού: 200,Πιθανότητα Διασταύρωσης: 0.6, Πιθανότητα Μετάλλαξης: 0.00

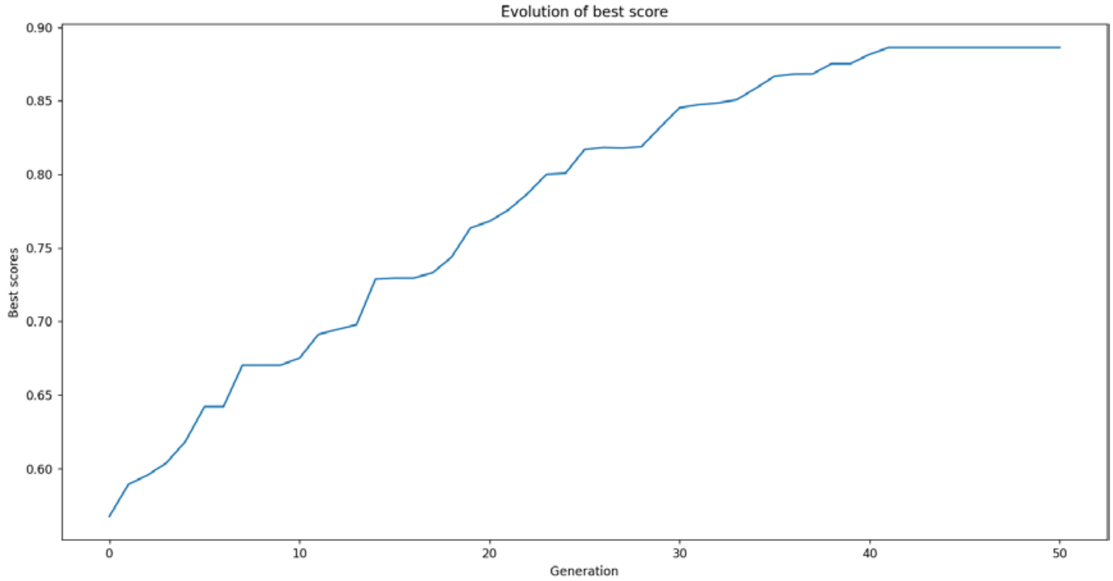
Run #1:



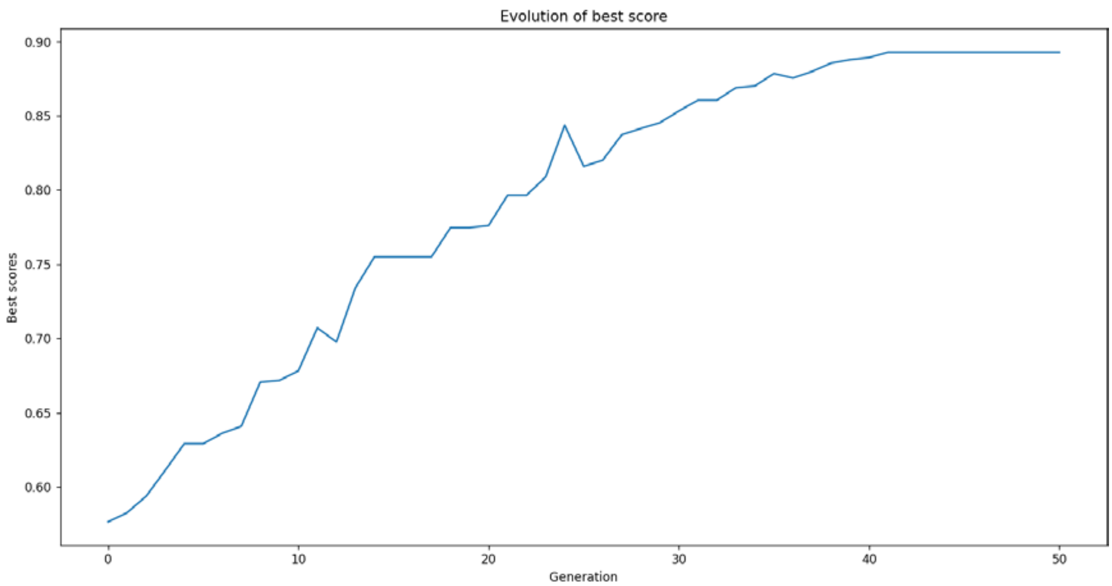
Run #2:



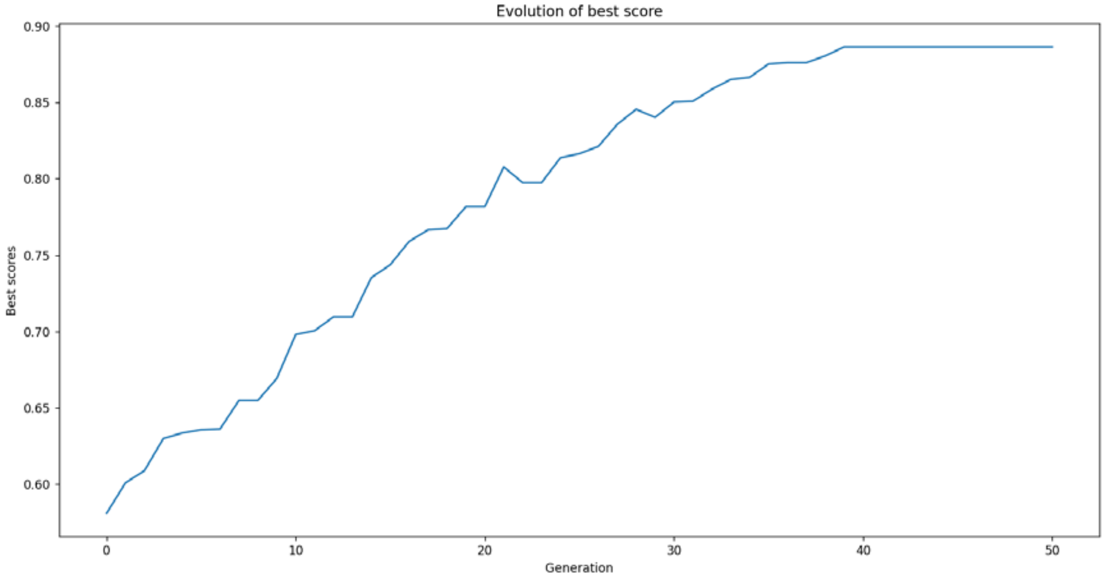
Run #3:



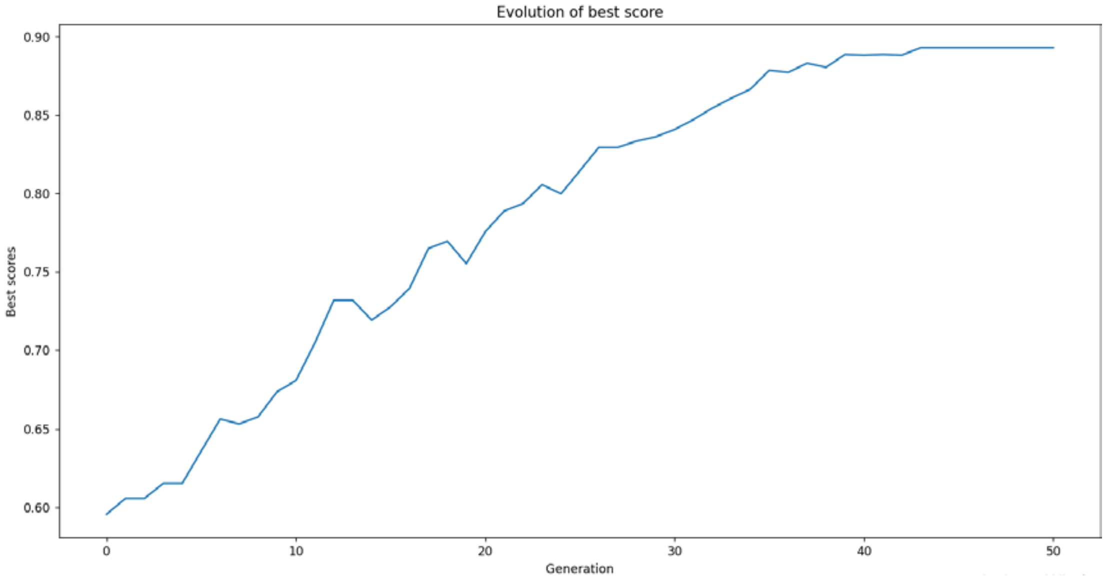
Run #4:



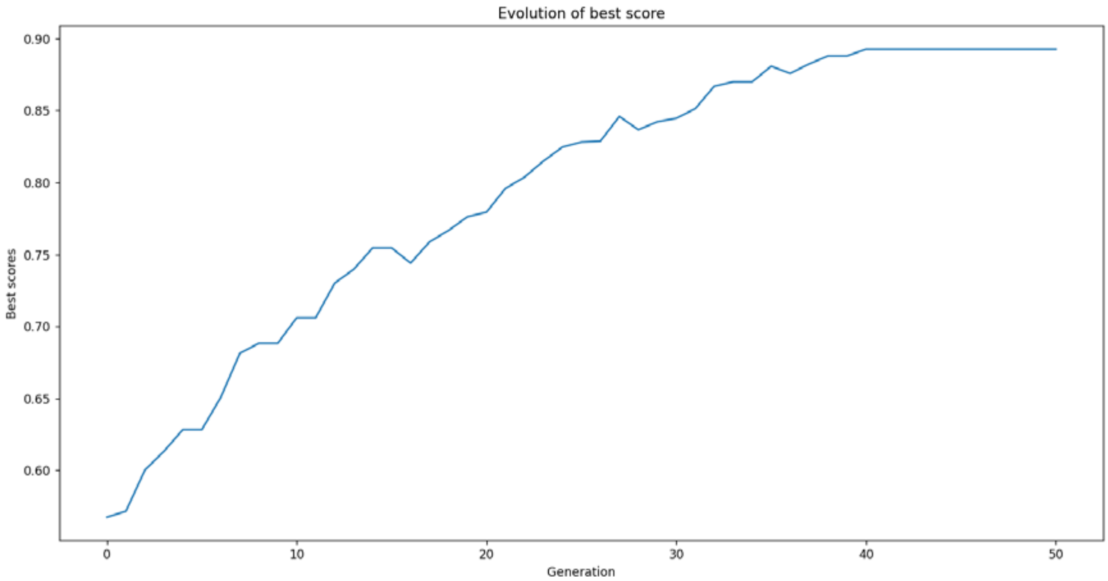
Run #5:



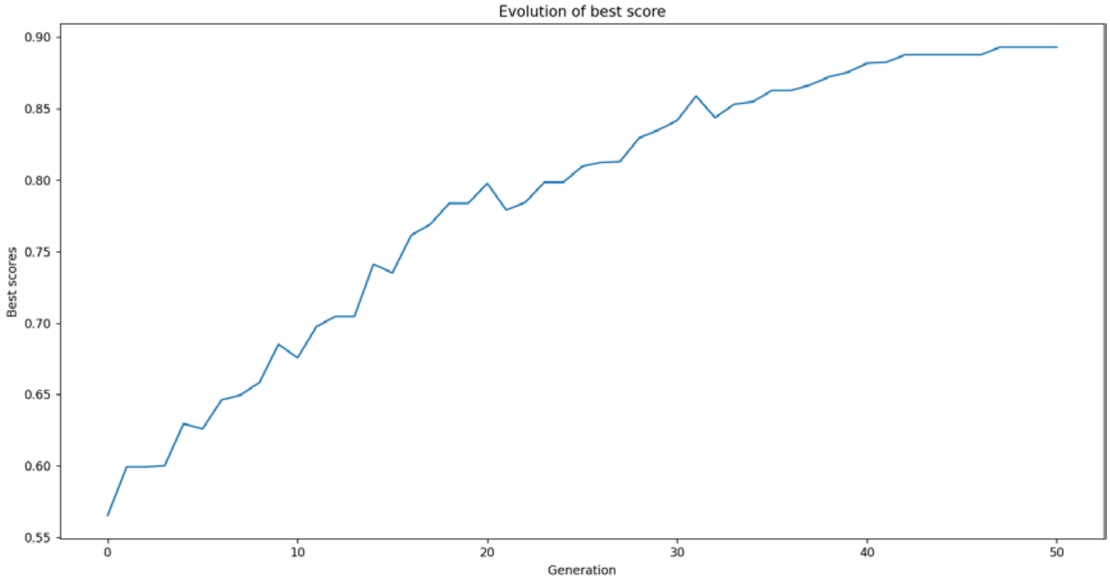
Run #6:



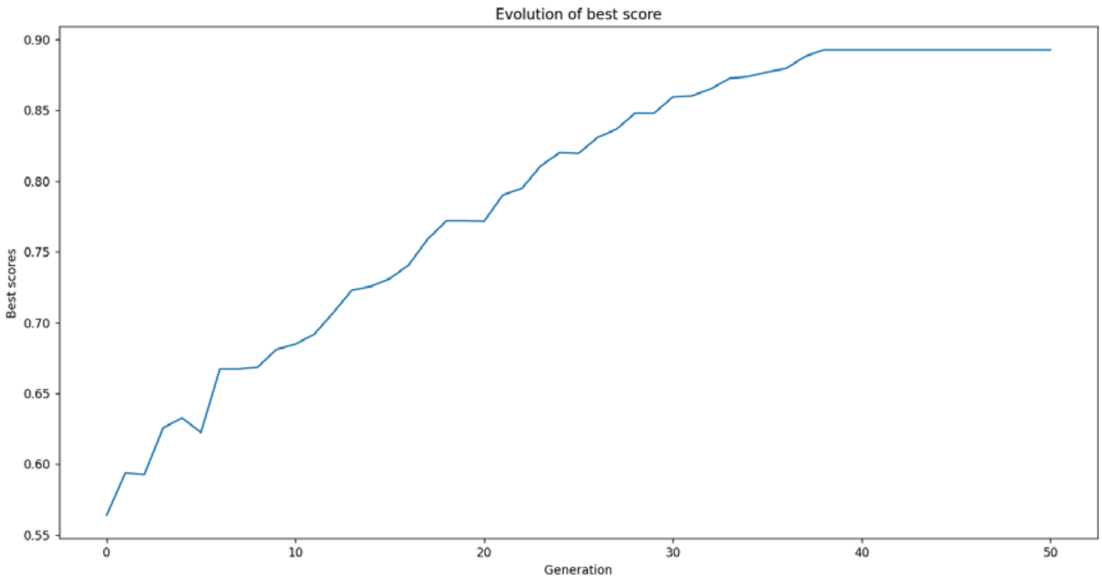
Run #7:



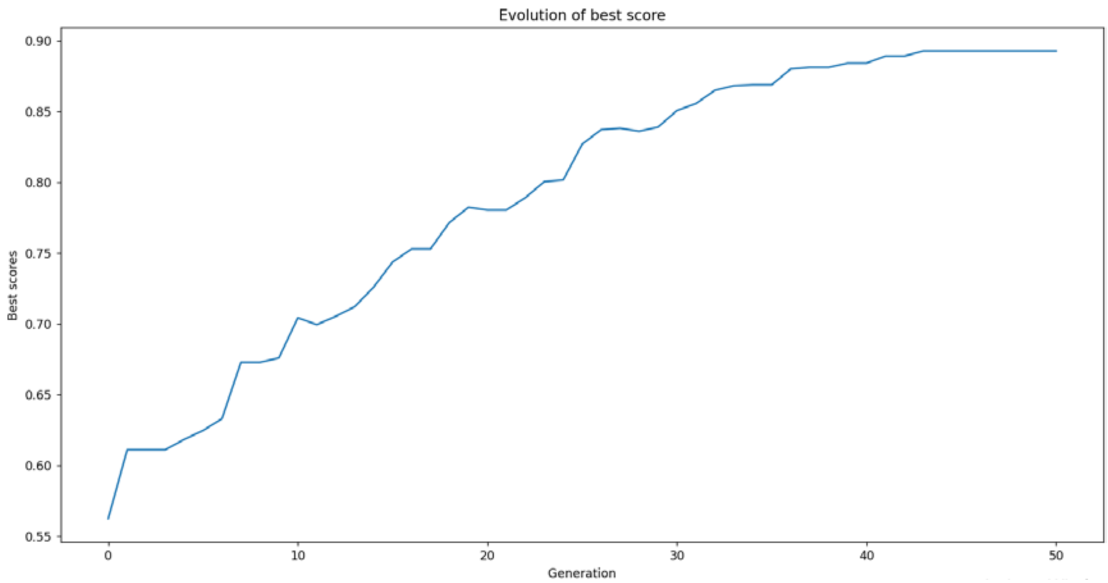
Run #8:



Run #9:

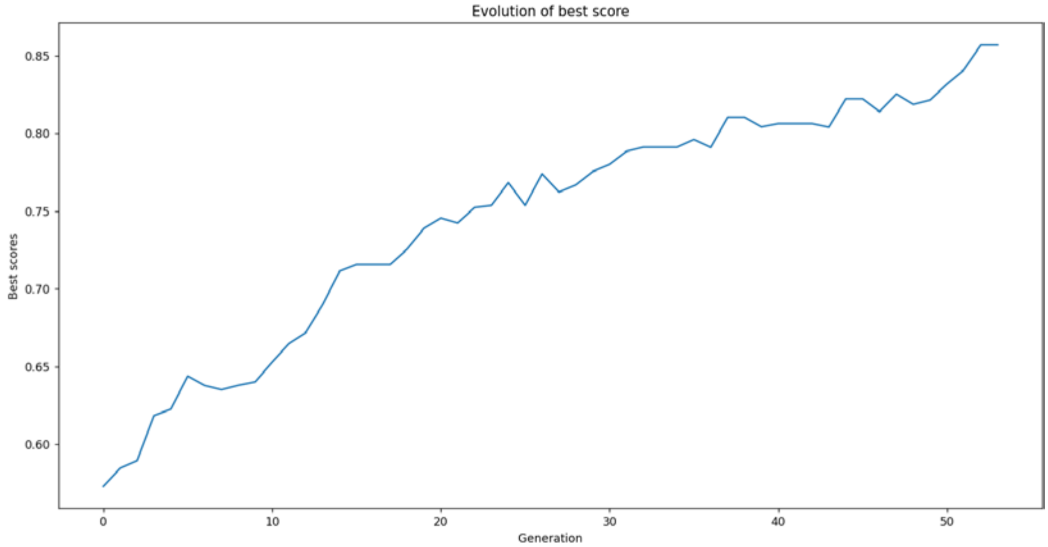


Run #10:

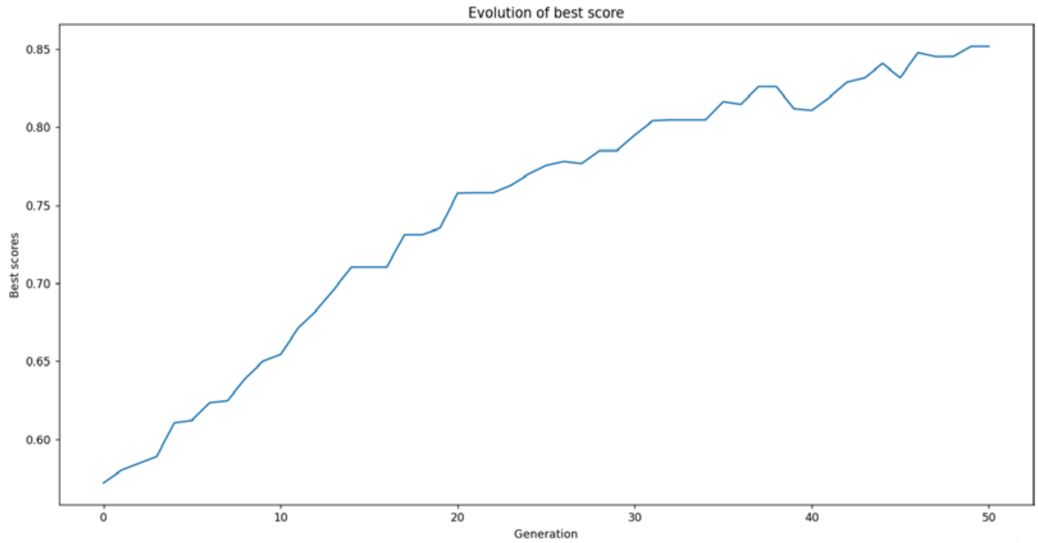


7. Μέγεθος Πληθυσμού: 200, Πιθανότητα Διασταύρωσης: 0.6, Πιθανότητα Μετάλλαξης: 0.01

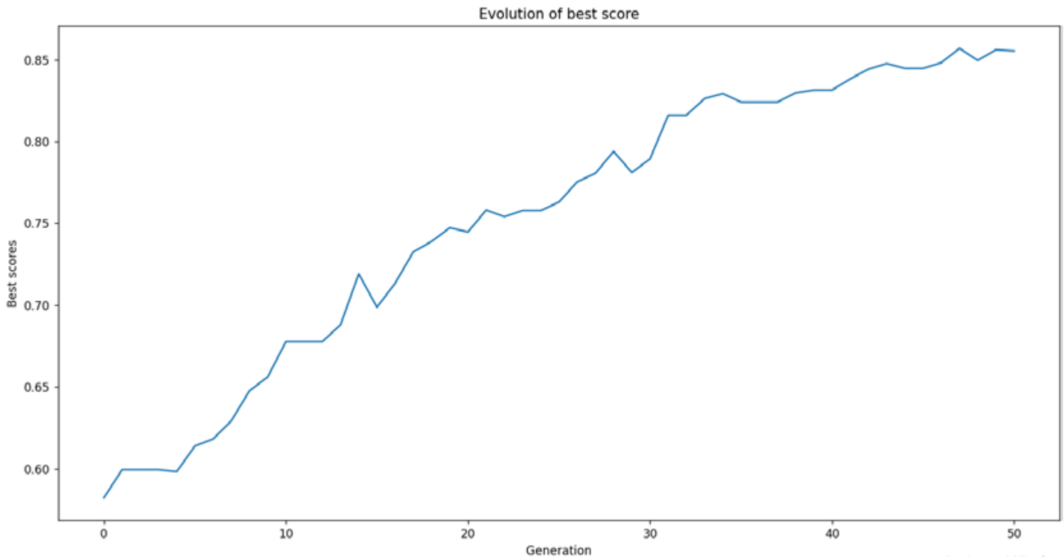
Run #1:



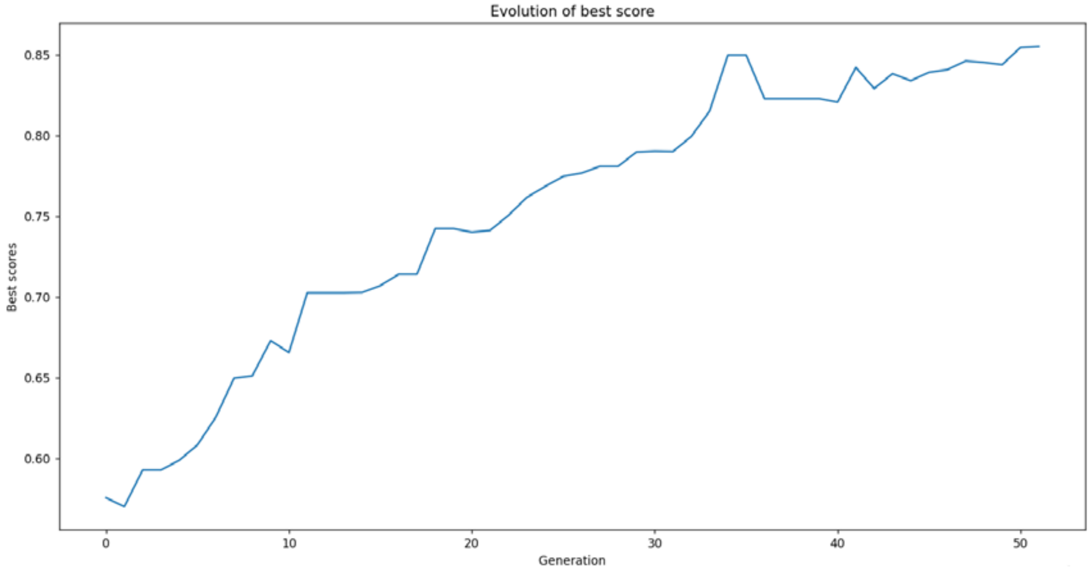
Run #2:



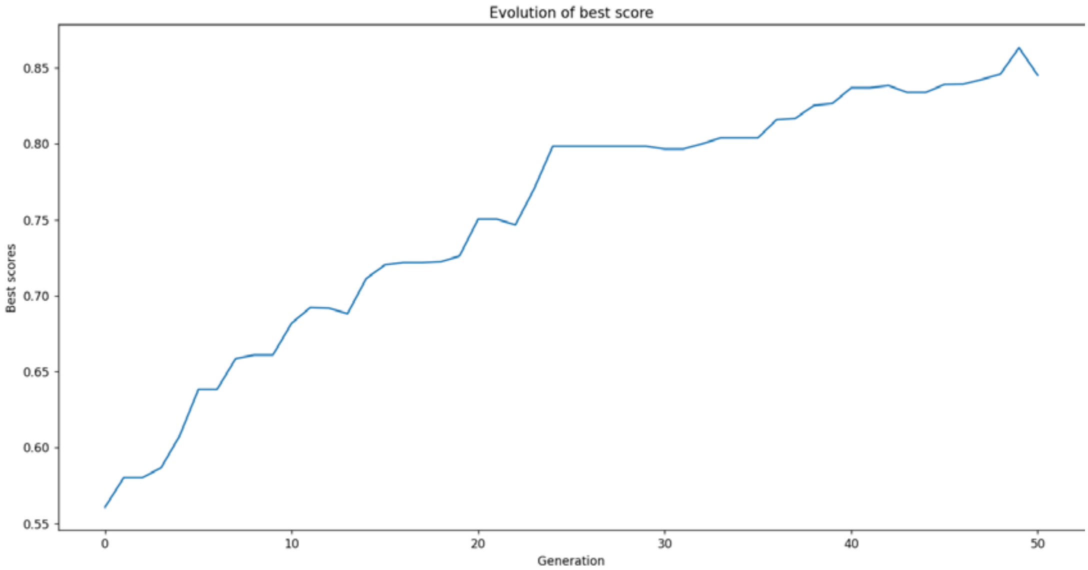
Run #3:



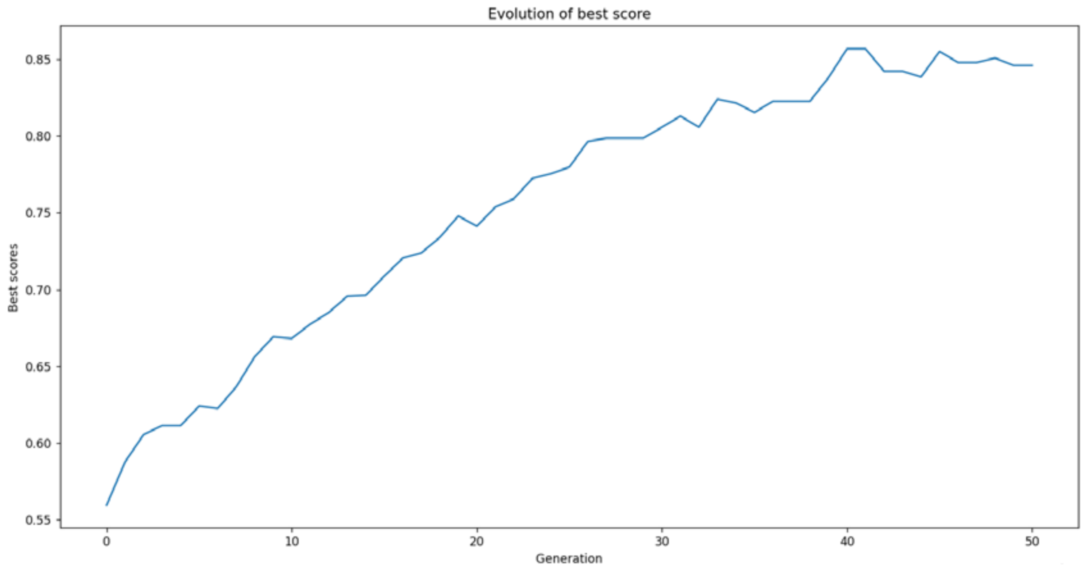
Run #4:



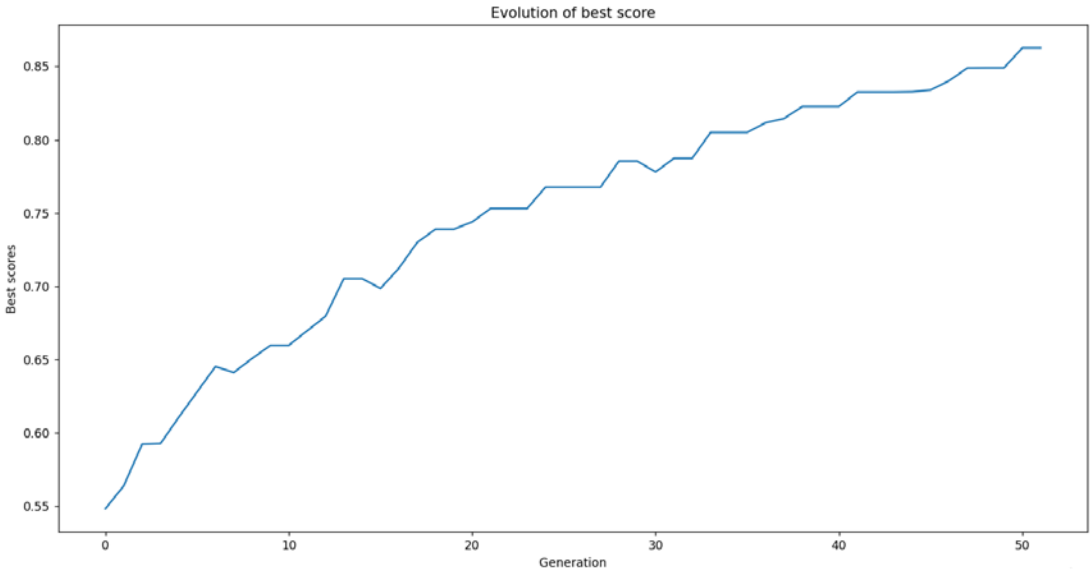
Run #5:



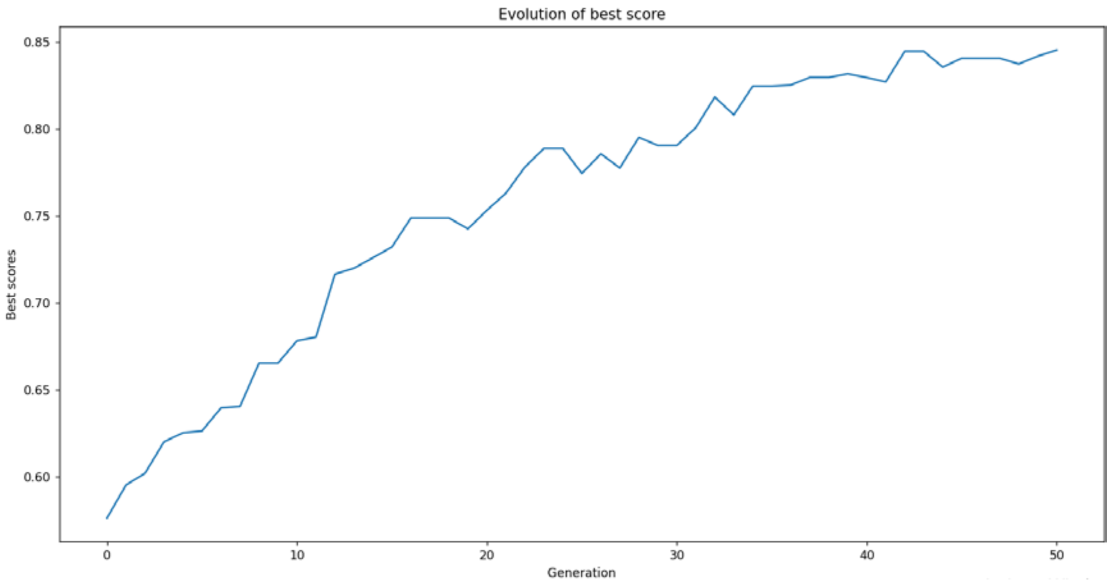
Run #6:



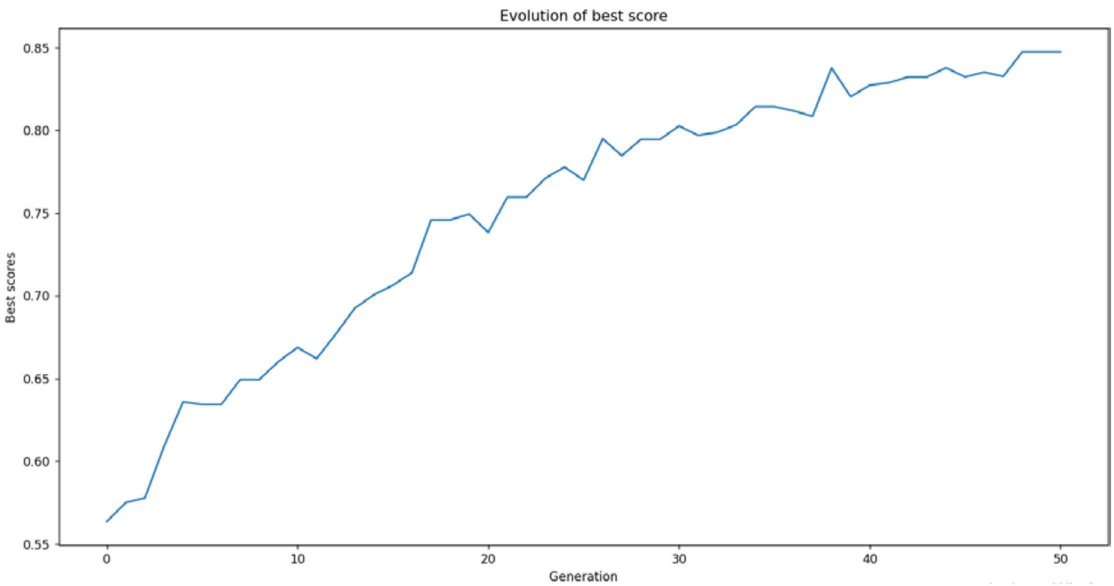
Run #7:



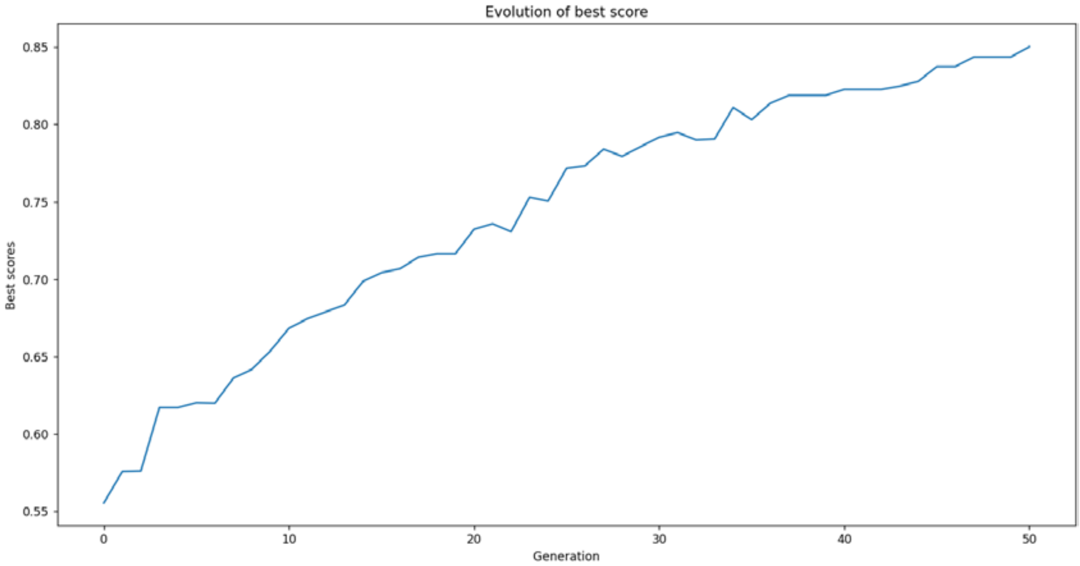
Run #8:



Run #9:

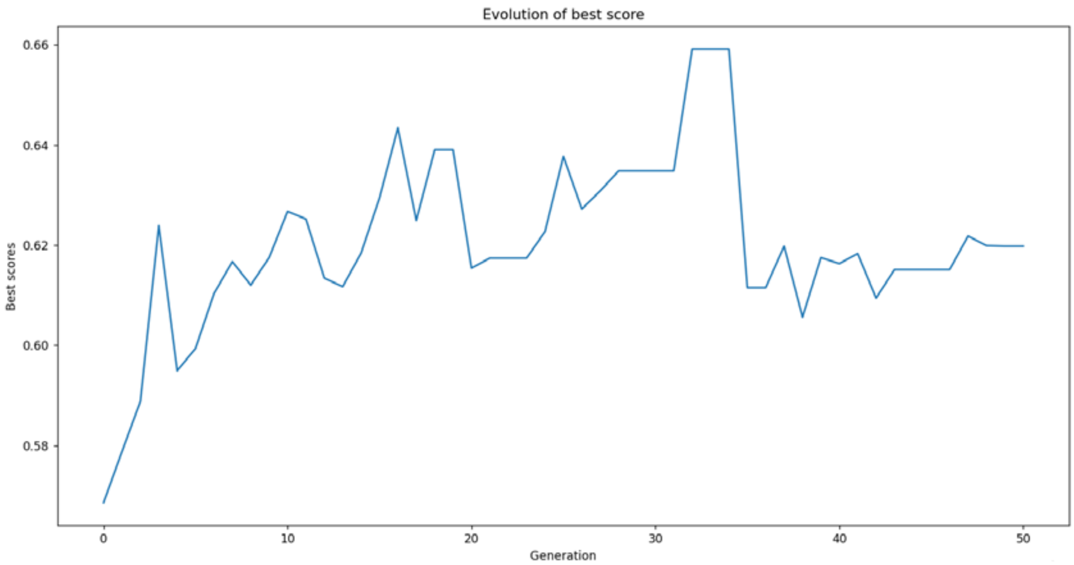


Run #10:

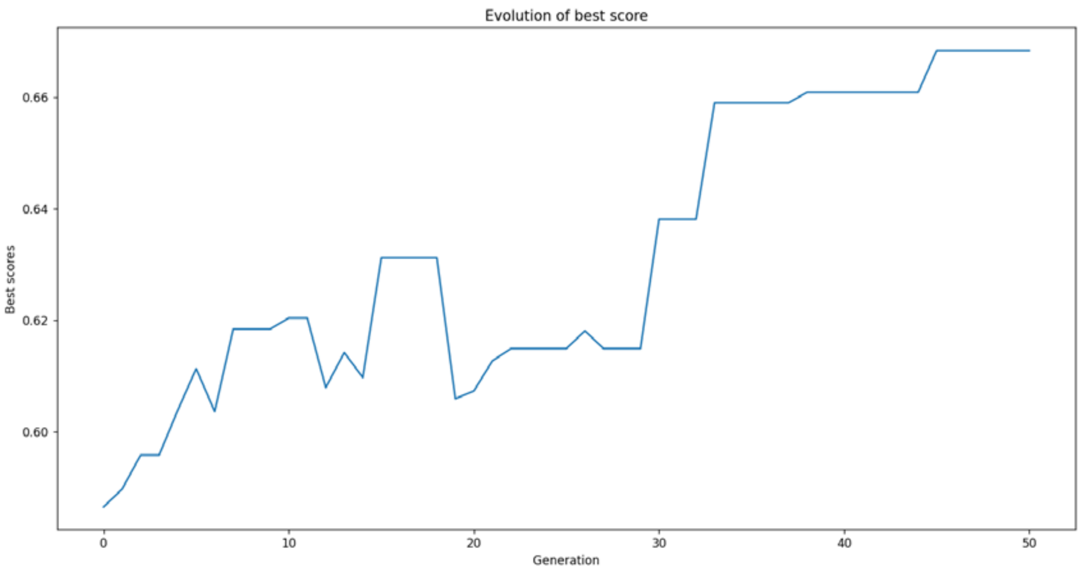


8. Μέγεθος Πληθυσμού: 200, Πιθανότητα Διασταύρωσης: 0.6, Πιθανότητα Μετάλλαξης: 0.1

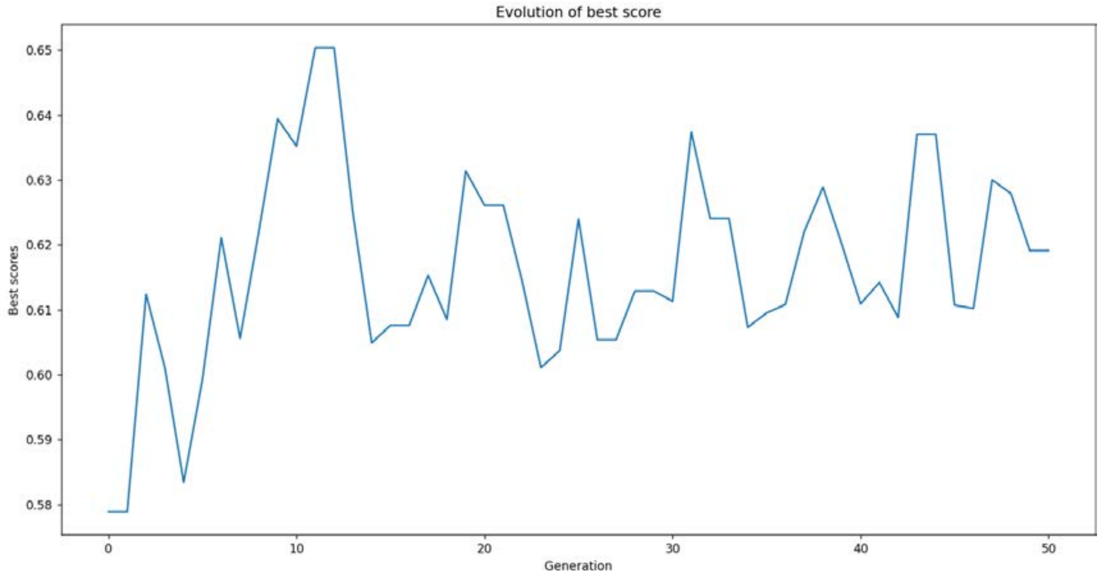
Run #1:



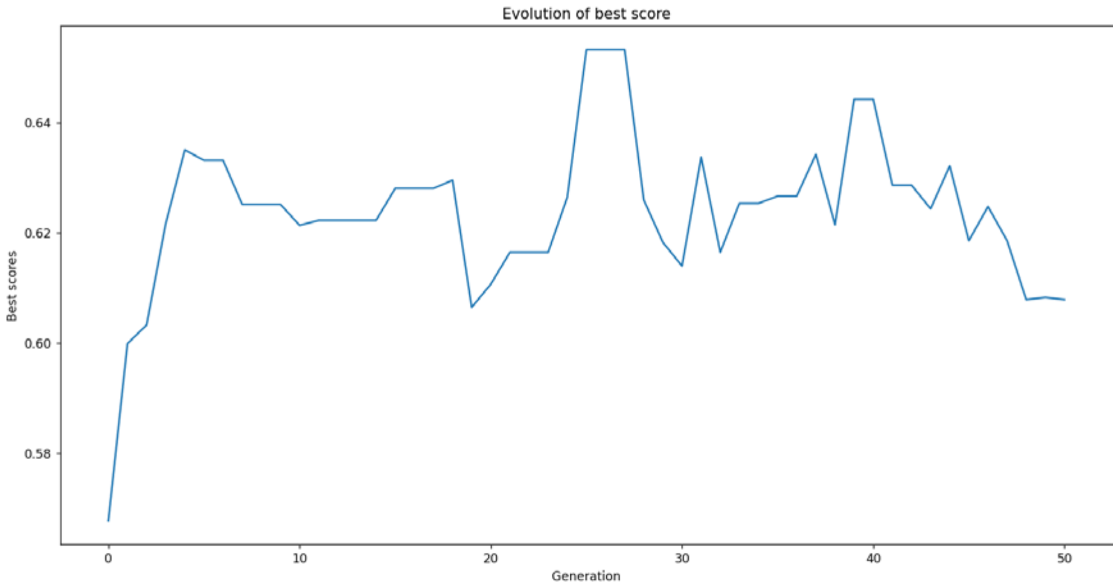
Run #2:



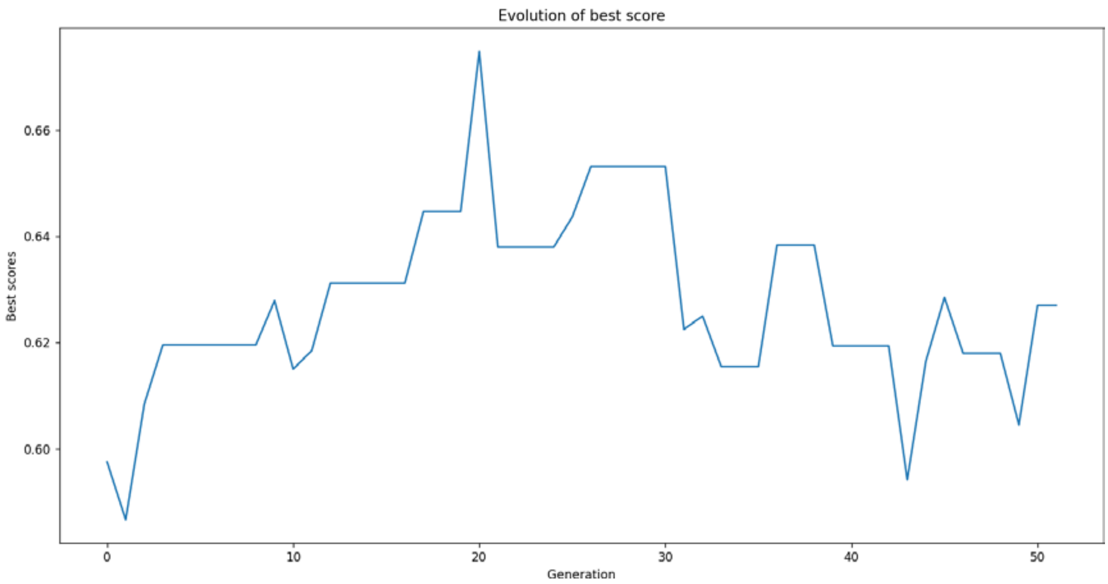
Run #3:



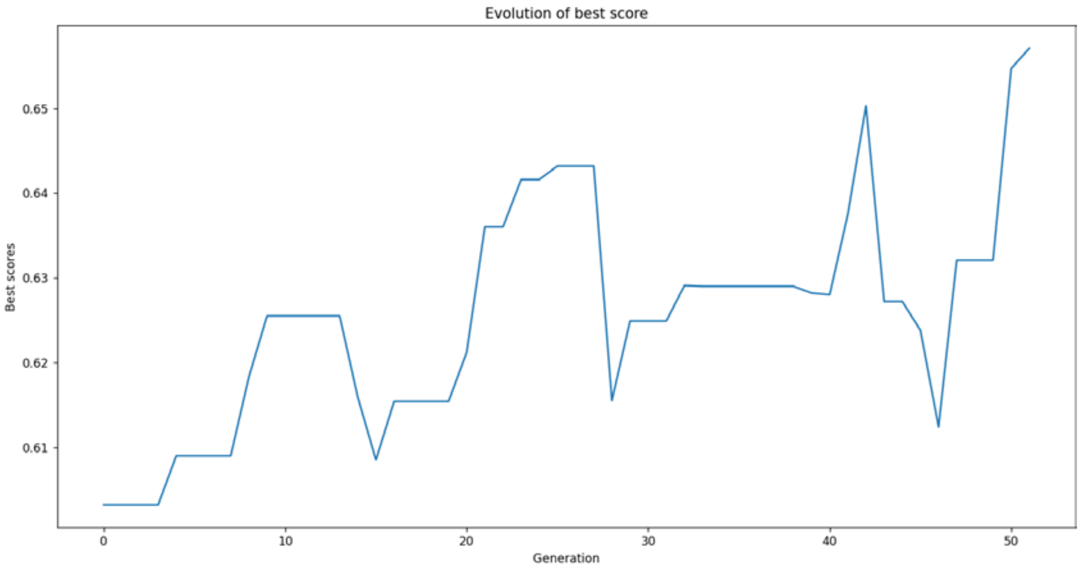
Run #4:



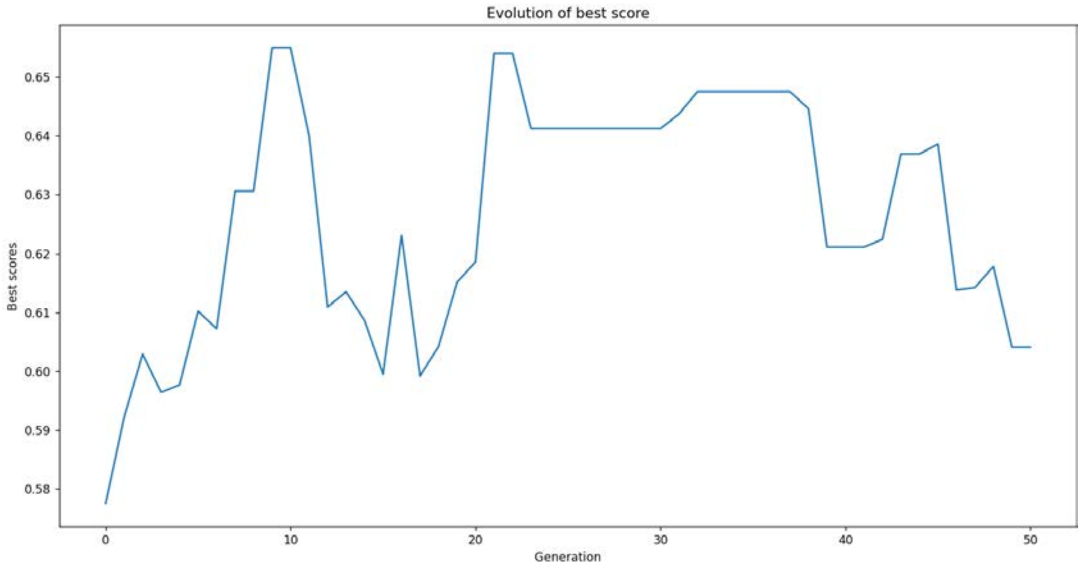
Run #5:



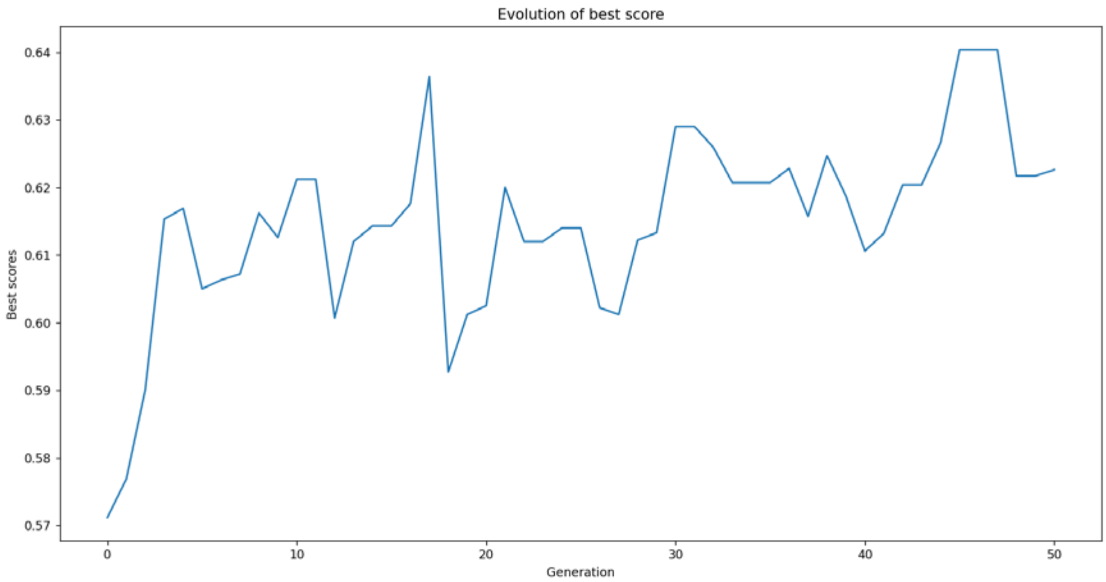
Run #6:



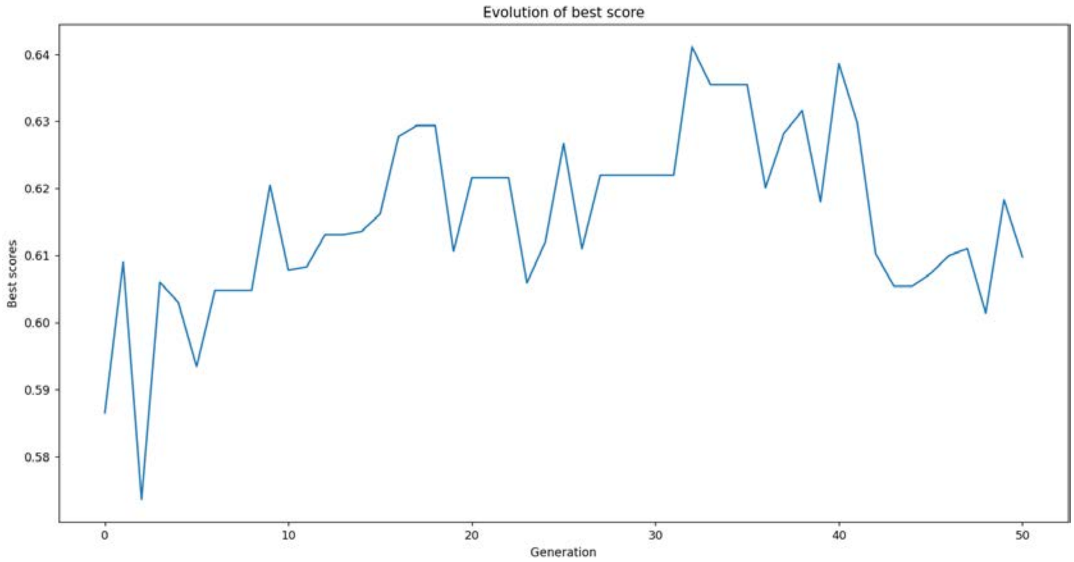
Run #7:



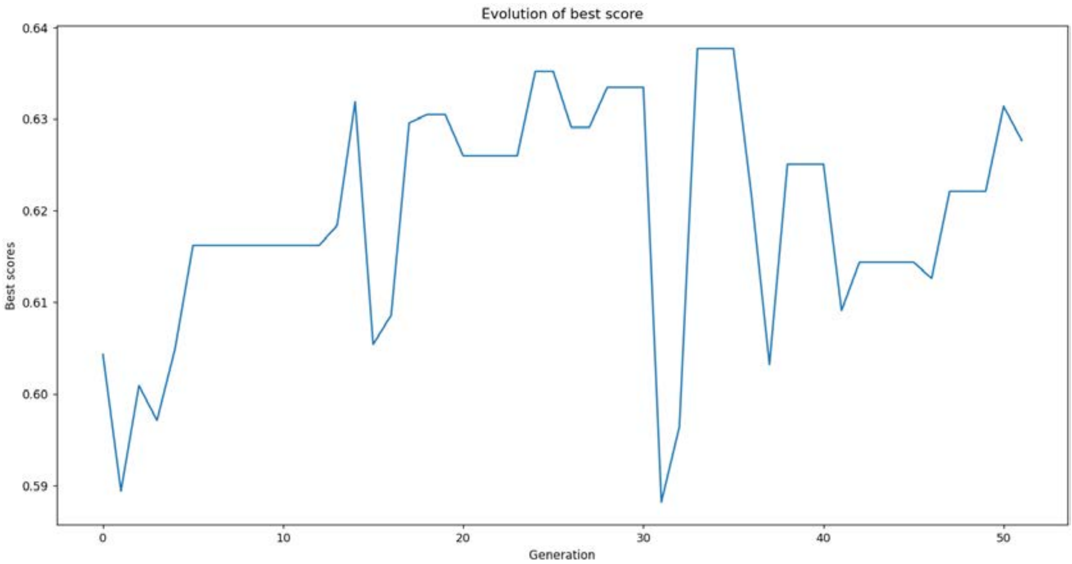
Run #8:



Run #9:

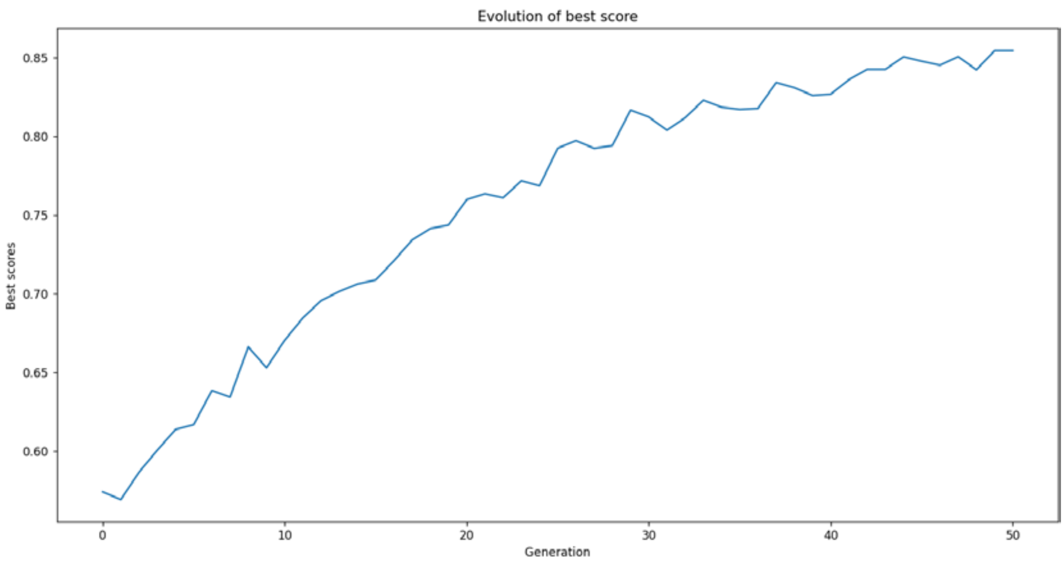


Run #10:

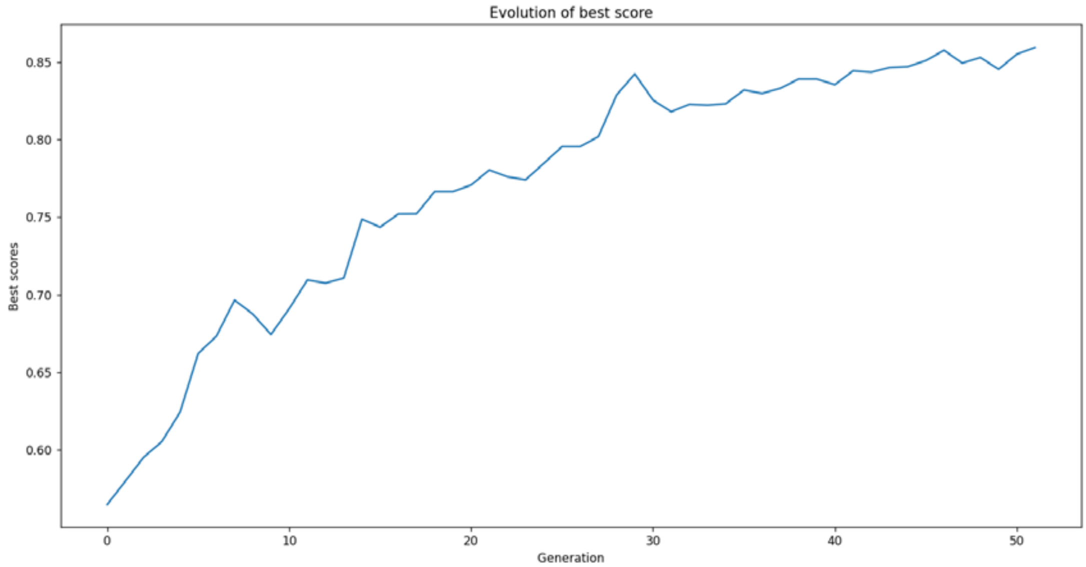


9. Μέγεθος Πληθυσμού: 200,Πιθανότητα Διασταύρωσης: 0.9,Πιθανότητα Μετάλλαξης: 0.01

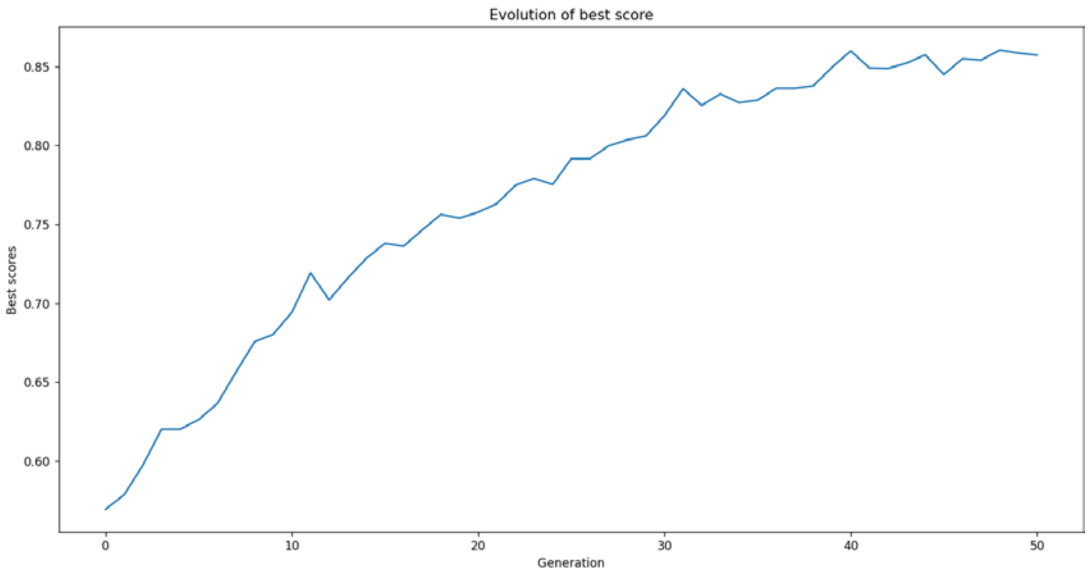
Run #1:



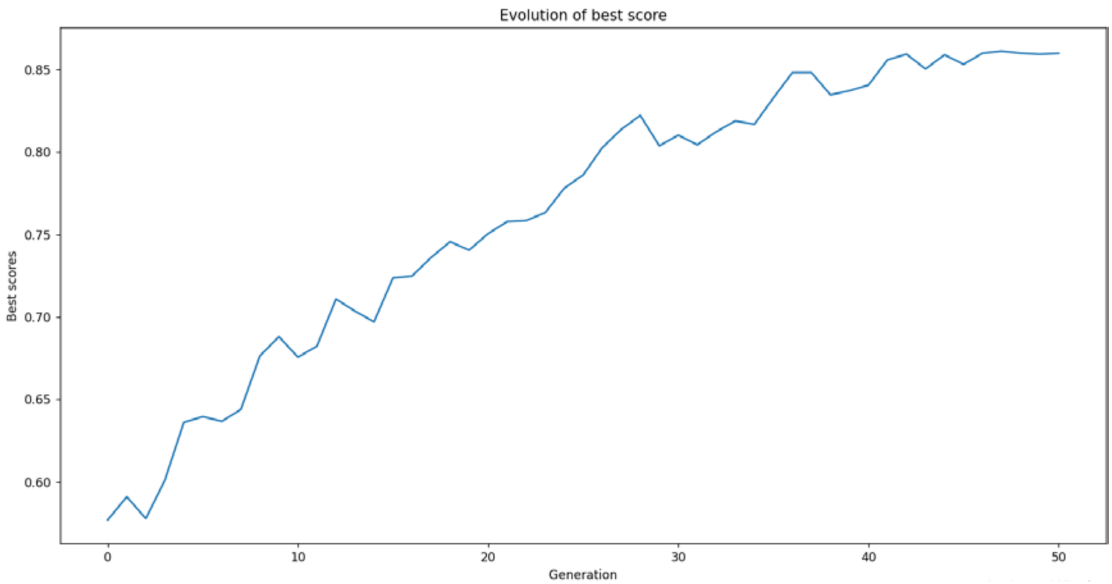
Run #2:



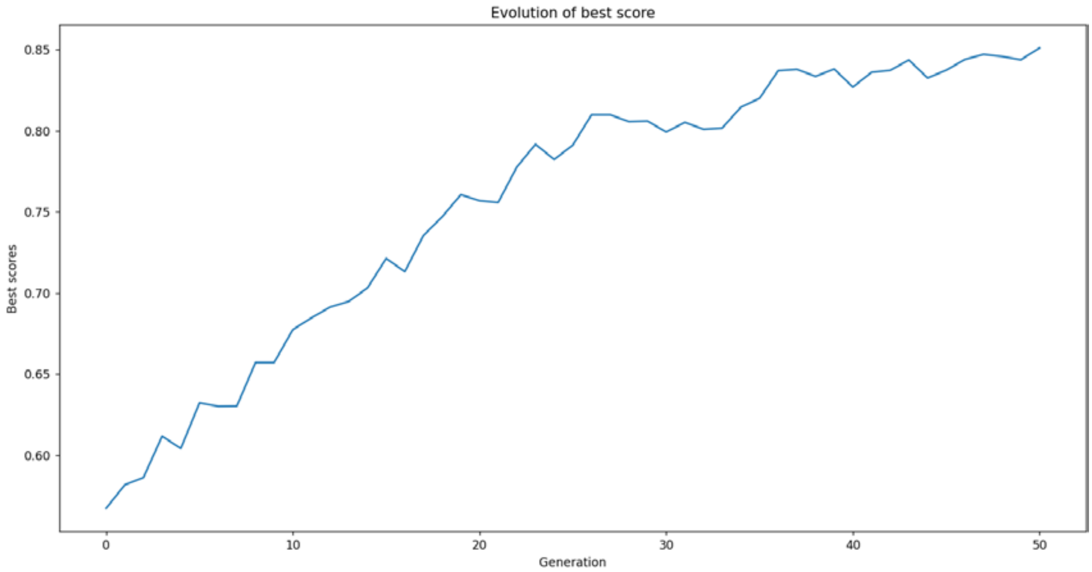
Run #3:



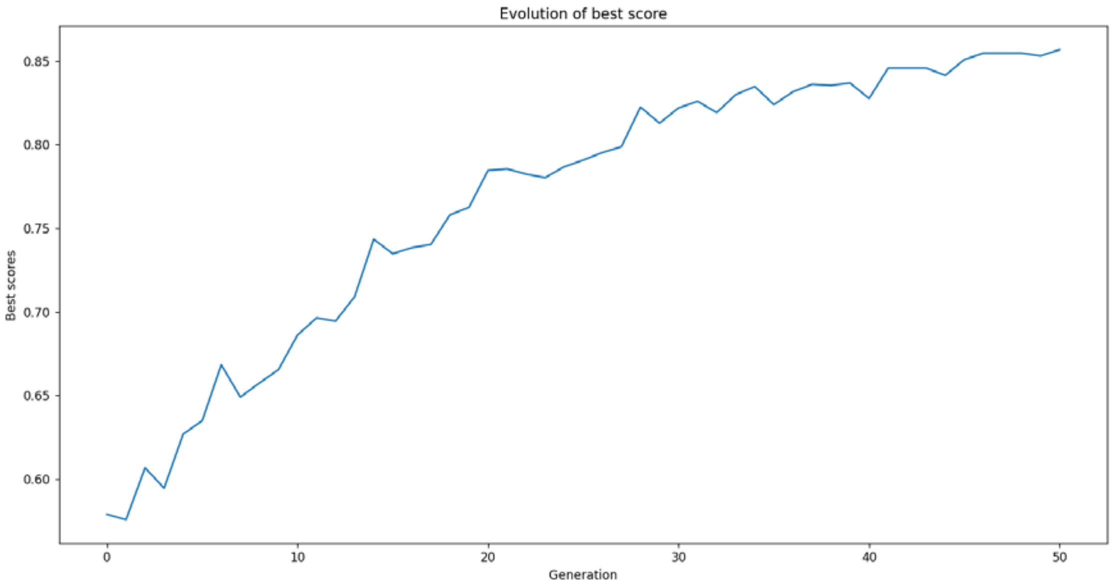
Run #4:



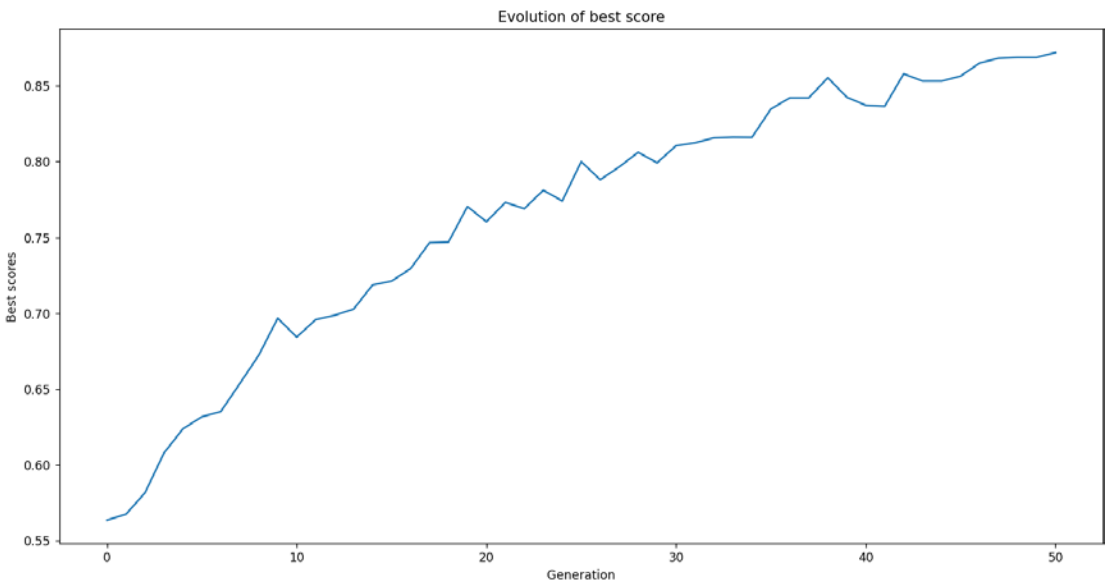
Run #5:



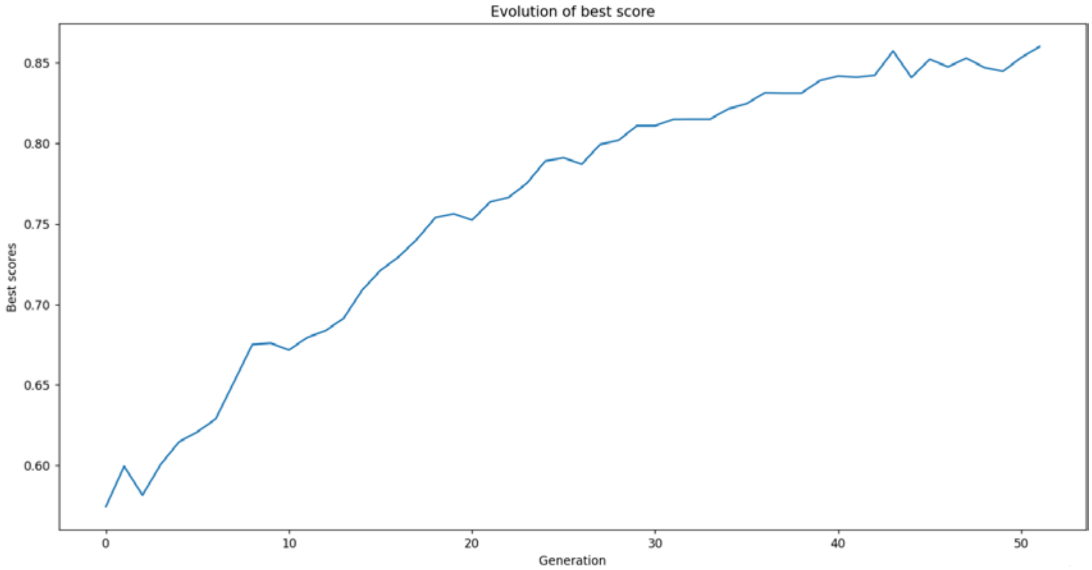
Run #6:



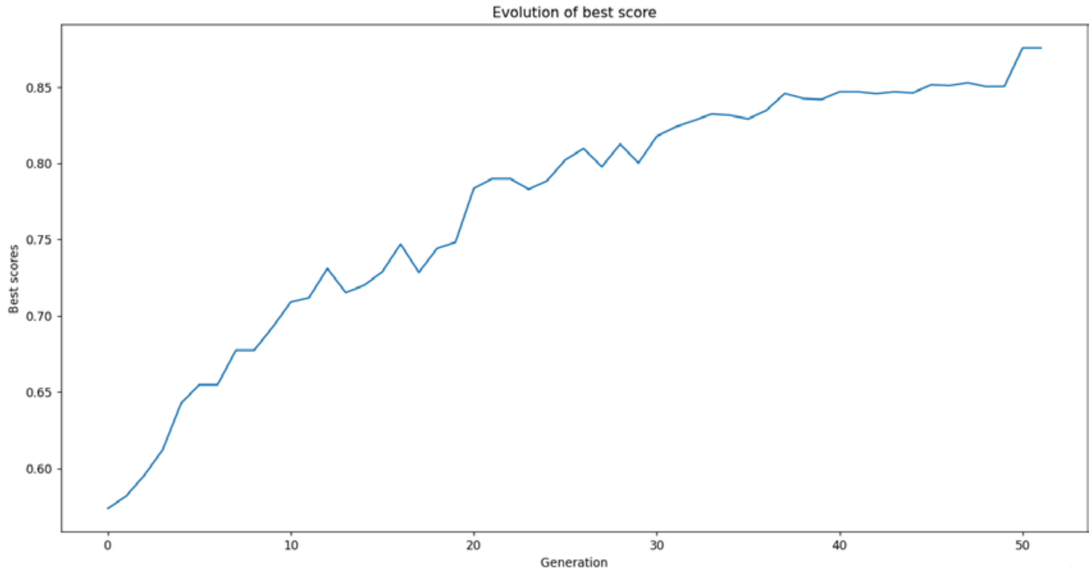
Run #7:



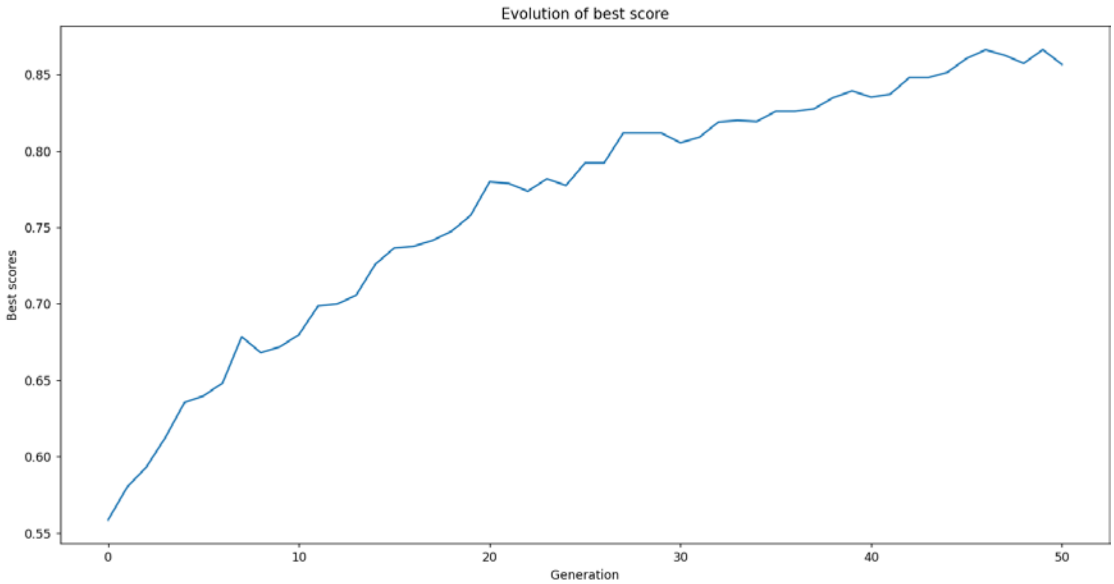
Run #8:



Run #9:

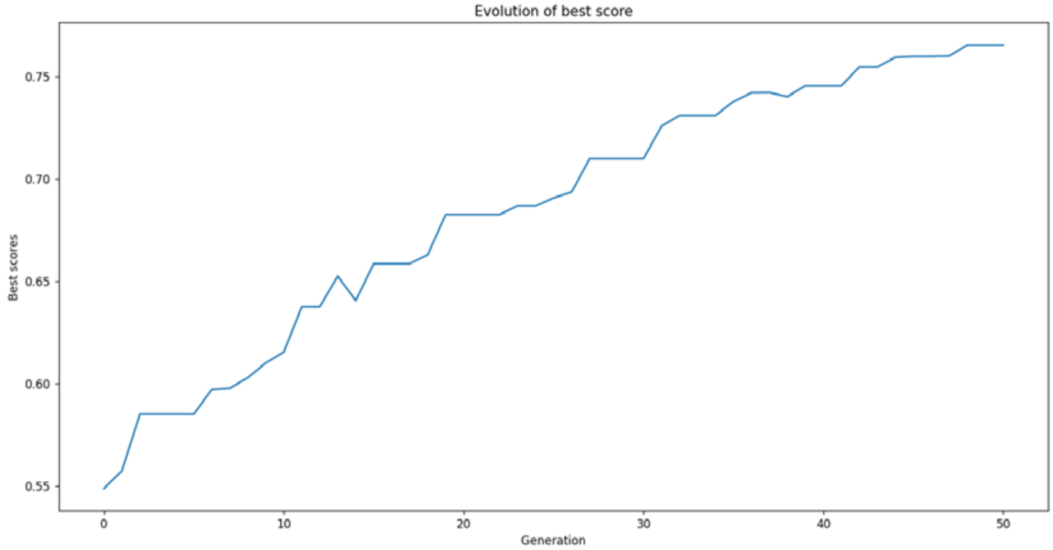


Run #10:

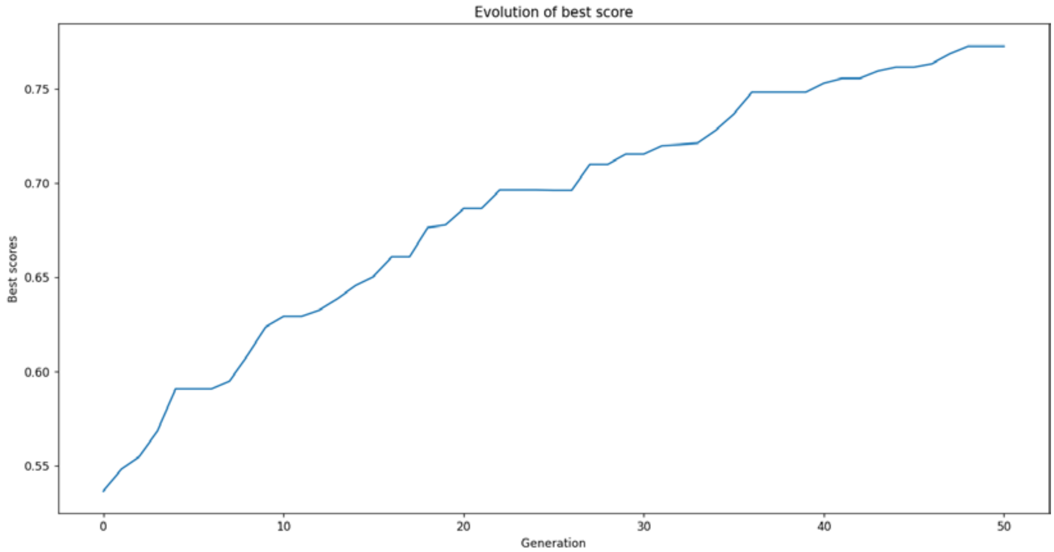


10. Μέγεθος Πληθυσμού: 200, Πιθανότητα Διασταύρωσης: 0.1, Πιθανότητα Μετάλλαξης: 0.01

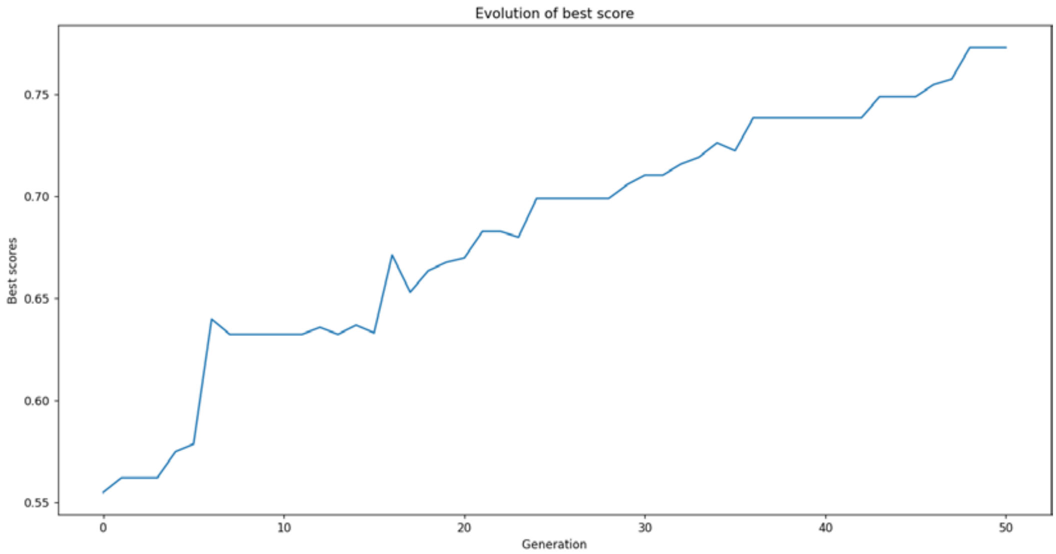
Run #1:



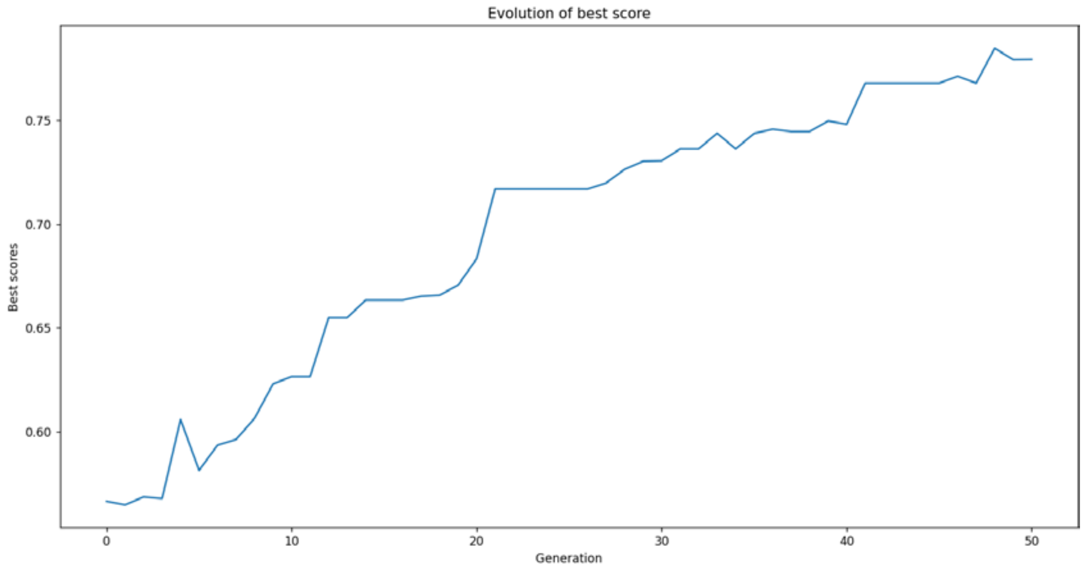
Run #2:



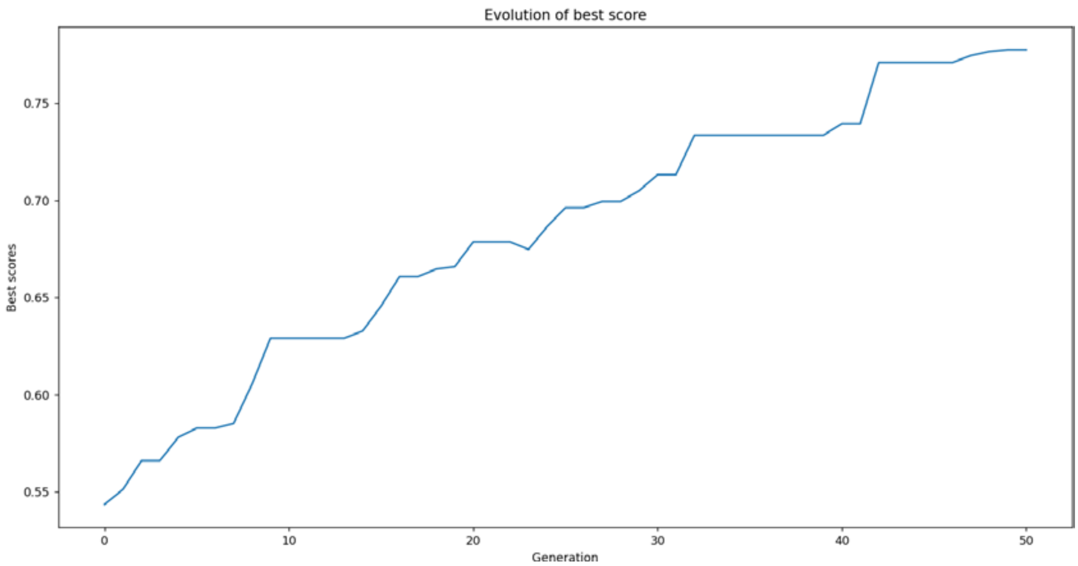
Run #3:



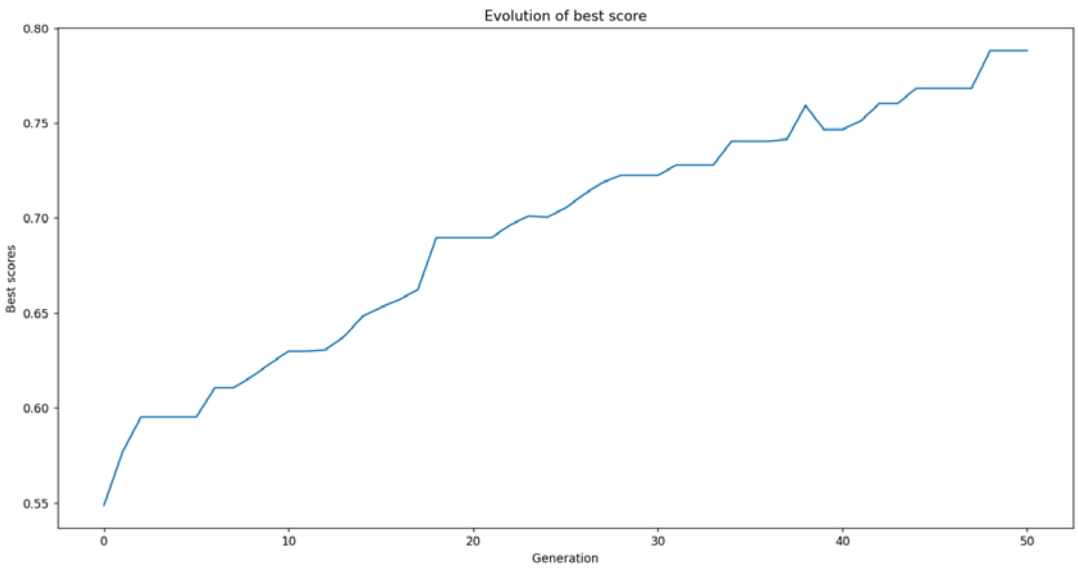
Run #4:



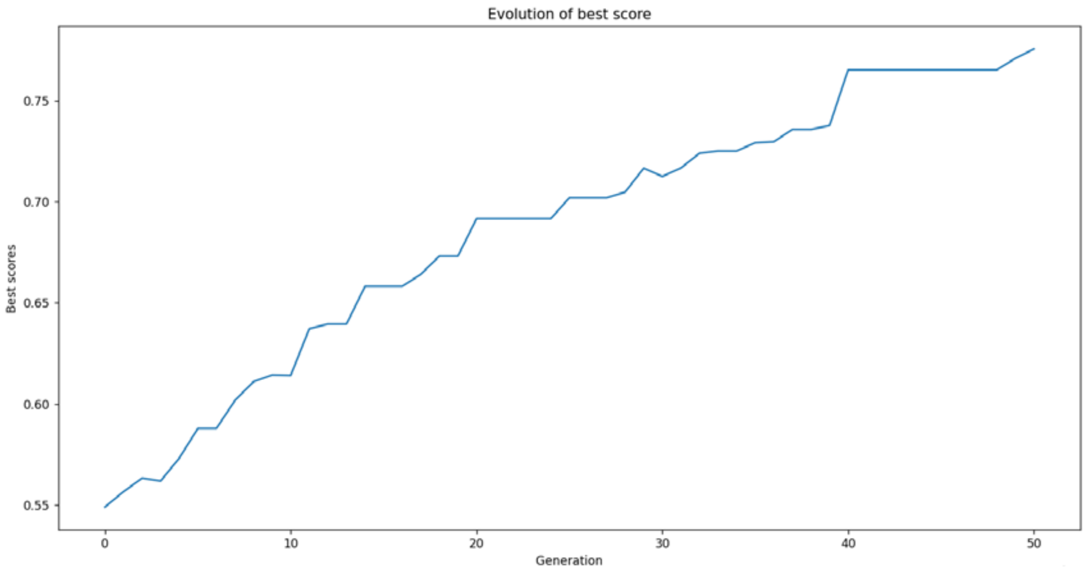
Run #5:



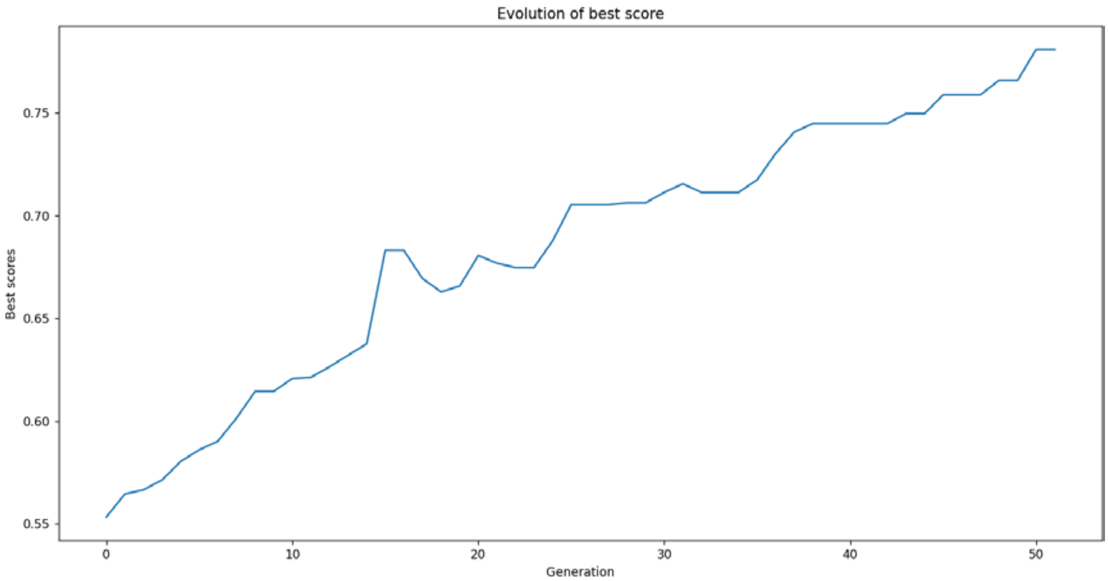
Run #6:



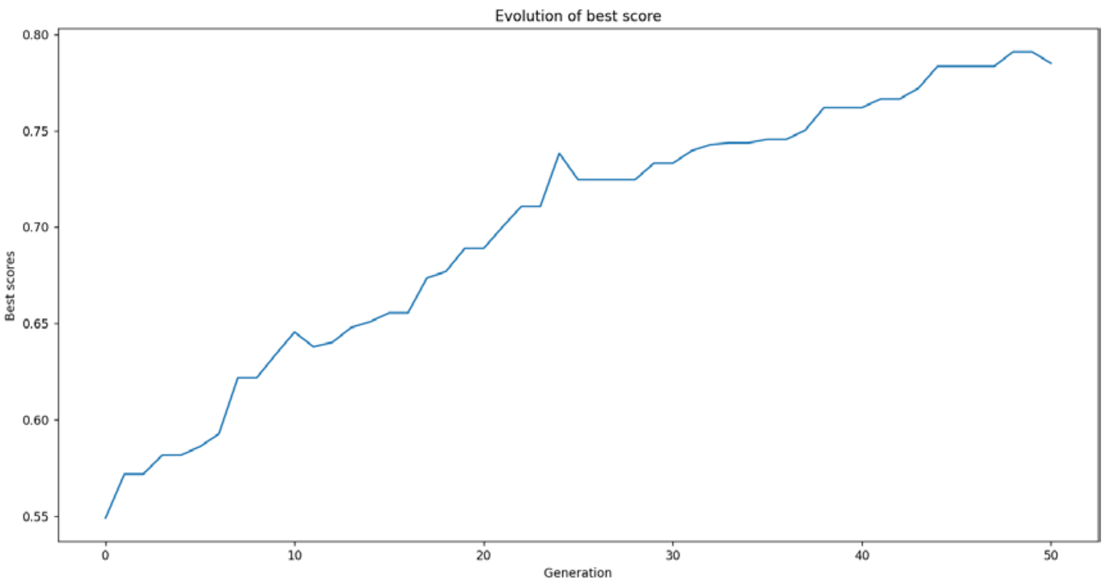
Run #7:



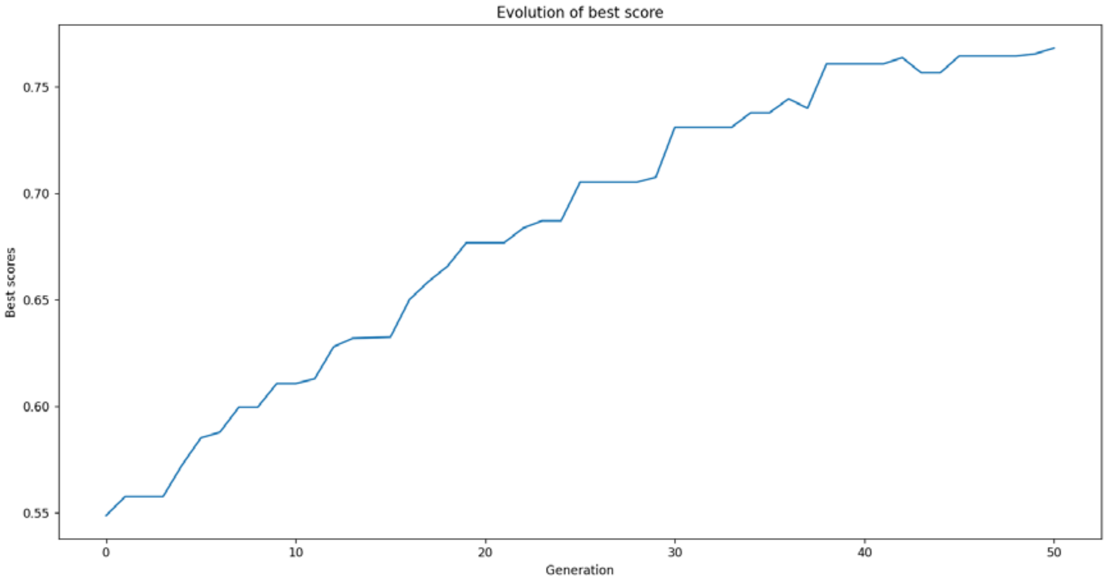
Run #8:



Run #9:



Run #10:



γ) Για αρχικό πληθυσμό 20 ατόμων, $p_c = 0.6$ και $p_m = 0.00$, το καλύτερο άτομο που βρίσκει ο ΓΑ είναι λίγο καλύτερο του μετρίου, όπως φαίνεται από τη βαθμολογία και από τις γραφικές παραστάσεις στις οποίες φαίνεται ότι μετά από κάποια γενιά δεν υπάρχει βελτίωση στο καλύτερο άτομο. Αυτό γιατί η πιθανότητα μετάλλαξης είναι 0, άρα δεν εξερευνάται η επιφάνεια κόστους και ο πληθυσμός καταλήγει να κυριαρχείται από λίγες καλές λύσεις.

Για αρχικό πληθυσμό 20 ατόμων, $p_c = 0.6$ και $p_m = 0.01$, το καλύτερο άτομο που βρίσκει ο ΓΑ, είναι αρκετά καλό και συγκεκριμένα το δεύτερο καλύτερο για πληθυσμό 20. Όπως φαίνεται και από τις γραφικές παραστάσεις η τιμή του καλύτερου ατόμου κάθε γενιάς αυξάνεται σχετικά σταθερά, με μερικά σκαμπανεβάσματα, μέχρι να πάψει να βελτιώνεται σημαντικά, όπως και έχουμε ορίσει στον κώδικα. Παρατηρούμε σημαντική αύξηση στην απόδοση του αλγορίθμου καθώς έχουμε πιθανότητα μετάλλαξης 0.01 η οποία δίνει τη δυνατότητα στον ΓΑ να ψάξει λίγο πιο έξω από τον μέχρι στιγμής χώρο των μεταβλητών, χωρίς όμως να υπάρχει μεγάλη πιθανότητα να αποσπάσει τον αλγόριθμο από τη σύγκλιση σε μια δημοφιλή λύση.

Για αρχικό πληθυσμό 20 ατόμων, $p_c = 0.6$ και $p_m = 0.10$, το καλύτερο άτομο που βρίσκει ο ΓΑ αλγόριθμος είναι το χειρότερο σε απόδοση για πληθυσμό 20 ατόμων και αυτό γιατί αυξήσαμε την πιθανότητα μετάλλαξης αρκετά ώστε ο ΓΑ έχει μεγάλη ελευθερία στην εξερεύνηση του χώρου εκτός των μεταβλητών, με αποτέλεσμα να "χάνει" κάποια πιο δημοφιλή λύση. Αυτό φαίνεται και από τις γραφικές παραστάσεις, οι οποίες έχουν ακανόνιστη μορφή χωρίς κάποιο εμφανές σημείο σύγκλισης.

Για αρχικό πληθυσμό 20 ατόμων, $p_c = 0.9$ και $p_m = 0.01$, το καλύτερο άτομο που βρίσκει ο ΓΑ έχει αρκετά καλή απόδοση και συγκεκριμένα είναι το καλύτερο για αρχικό πληθυσμό 20, κάτι που φαίνεται και από τις γραφικές παραστάσεις, οι οποίες είναι παρόμοιες με αυτές για $p_c = 0.6$ και $p_m = 0.01$. Παρατηρούμε λίγο καλύτερη απόδοση γιατί έχουμε αυξήσει σημαντικά την πιθανότητα διασταύρωσης και έτσι παρόλο που έχουμε αρκετά μικρό αρχικό πληθυσμό, ο χώρος γύρω από την περιοχή των μεταβλητών να εξερευνάται λίγο καλύτερα.

Για αρχικό πληθυσμό 20 ατόμων, $p_c = 0.1$ και $p_m = 0.01$, το καλύτερο άτομο που βρίσκει ο ΓΑ είναι και το χειρότερο σε απόδοση. Από τις γραφικές παραστάσεις βλέπουμε ότι το καλύτερο άτομο του πληθυσμού, κάποιες φορές αυξάνεται σταθερά, άλλες μένει σταθερή η απόδοσή του σχεδόν από τι πρώτες γενιές και σε κάποιες μένει τελείως στάσιμη από την αρχή. Αυτό γιατί έχουμε πολύ μικρή πιθανότητα διασταύρωσης και έτσι τυχαίνει μερικές φορές να μην διασταυρώνεται ίσως και κανένα χρωμόσωμα ή να διασταυρώνονται κάποια που δεν παράγουν όμως κάποιο καλύτερο απόγονο.

Για αρχικό πληθυσμό 200 ατόμων, $p_c = 0.6$ και $p_m = 0.00$, το καλύτερο άτομο που βρίσκει ο ΓΑ είναι και το καλύτερο για αρχικό πληθυσμό 200. Από τις γραφικές παραστάσεις παρατηρούμε ότι η απόδοση του καλύτερου ατόμου αυξάνεται αρκετά σταθερά και σε κάποιες από αυτές μένει σταθερή προς το τέλος. Ο λόγος που παρατηρούμε σταθερή αύξηση της απόδοσης και μια τελική καλή απόδοση, είναι ότι ξεκινάμε με αρκετά μεγάλο αρχικό πληθυσμό, ο οποίος παρέχει ποικιλομορφία στα άτομα και έτσι δεν επηρεάζεται σημαντικά ο ΓΑ από το γεγονός ότι δεν έχει ελευθερία να εξερευνήσει γύρω από το χώρο των μεταβλητών μέσω της μετάλλαξης.

Για αρχικό πληθυσμό 200 ατόμων, $p_c = 0.6$ και $p_m = 0.01$, το καλύτερο άτομο που βρίσκει ο ΓΑ είναι πολύ κοντά με το καλύτερο και αυτό φαίνεται και από τις γραφικές παραστάσεις οι οποίες είναι αρκετά παρόμοιες με την προηγούμενη περίπτωση, αλλά με λίγες περισσότερες ανωμαλίες. Αυτό γιατί η ελευθερία, έστω και μικρή, που δώσαμε στον ΓΑ να εξερευνήσει και γύρο περιοχές τον απομάκρυνε ελάχιστε από κάποια καλύτερη λύση.

Για αρχικό πληθυσμό 200 ατόμων, $p_c = 0.6$ και $p_m = 0.10$, το καλύτερο άτομο που βρίσκει ο ΓΑ είναι το χειρότερο σε απόδοση για αρχικό πληθυσμό 200 κάτι που φαίνεται και από τις γραφικές παραστάσεις οι οποίες έχουν πολύ ακανόνιστη μορφή. Και εδώ ευθύνεται η μεγάλη ελευθερία που δώσαμε στον αλγόριθμο αυξάνοντας την πιθανότητα μετάλλαξης, όπως και στην αντίστοιχη περίπτωση για αρχικό πληθυσμό 20.

Για αρχικό πληθυσμό 200 ατόμων, $p_c = 0.9$ και $p_m = 0.01$, το καλύτερο άτομο που βρίσκει ο ΓΑ είναι πολύ κοντά με το καλύτερο κάτι που φαίνεται και από τις γραφικές παραστάσεις οι οποίες είναι σχεδόν όμοιες με αυτές του καλύτερο. Παρόλο που αυξήσαμε πολύ την πιθανότητα διασταύρωσης η απόδοση δεν μειώνεται σημαντικά και αυτό γιατί καθώς έχουμε μεγάλο αρχικό πληθυσμό, ο αλγόριθμος εξερευνά την περιοχή της επιφάνειας κόστους πιο ελεύθερα με αποτέλεσμα να χάνει κάποια καλύτερα τοπικά ελάχιστα, πιο κοντά σε αυτό της καλύτερης λύσης μας (που έχουμε βρει).

Για αρχικό πληθυσμό 200 ατόμων, $p_c = 0.1$ και $p_m = 0.01$, το καλύτερο άτομο που βρίσκει ο ΓΑ έχει μέτρια απόδοση αλλά δεν είναι πολύ καλύτερη από την περίπτωση αρχικού πληθυσμού 20 ατόμων με ίδιες παραμέτρους. Αυτό γιατί όπως είπαμε και σε μια από τις προηγούμενες περιπτώσεις, ο αρχικός πληθυσμός είναι αρκετά μεγάλος, με αποτέλεσμα να υπάρχει μεγαλύτερη ποικιλομορφία στα άτομα, άρα έχουμε και μεγαλύτερη πιθανότητα αρκετά από αυτά να έχουν εξ αρχής αρκετά καλή απόδοση. Ακόμα, λόγω του μεγαλύτερου αριθμού πληθυσμού θα έχουμε και περισσότερες διασταυρώσεις ανά γενιά. Άρα, ακόμα και με σχετικά λίγες διασταυρώσεις σε κάθε γενιά, έχουμε καλές πιθανότητες, η απόδοση να αυξάνεται λίγο αλλά σταθερά.

Αρχικά παρατηρούμε ότι αυξάνοντας τον πληθυσμό από 20 στους 200 παίρνουμε καλύτερα αποτελέσματα ως προς την βέλτιστη λύση που προκύπτει στο τέλος. Αυτό γιατί ο μικρός αριθμός ατόμων περιορίζει τα διαθέσιμα γονίδια που θα δημιουργούν απογόνους, ενώ με περισσότερα άτομα μπορούν να συνεισφέρουν τα χαρακτηριστικά τους στην επόμενη γενιά και άτομα χαμηλής απόδοσης.
Η πιθανότητα μετάλλαξης, παρατηρούμε ότι συμβάλλει σημαντικά στην απόδοση του αλγορίθμου. Συγκεκριμένα, με μηδενική πιθανότητα μετάλλαξης, τα χρωμοσώματα θα περνάν χωρίς καμία αλλαγή στην επόμενη γενιά και το αποτέλεσμα θα εξαρτάται μόνο από το μέγεθος, το πόσο καλός είναι ο αρχικός πληθυσμός και τη διασταύρωση. Με πιθανότητα μετάλλαξης 0.01, την οποία θεωρούμε ότι είναι και η επιθυμητή (σε σχέση με τις άλλες), παίρνουμε γενικά τα καλύτερα αποτελέσματα, καθώς ο Γενετικός Αλγόριθμος εξερευνά την επιφάνεια κόστους, χωρίς όμως να έχει μεγάλη πιθανότητα να αποσπάσει τον αλγόριθμο από σύγκλιση. Για πιθανότητα μετάλλαξης 0.10, βλέπουμε ότι ο αλγόριθμος παρουσιάζει εξίσου κακά αποτελέσματα για πληθυσμό 20 και 200, καθώς αυξάνεται πολύ η ελευθερία του ΓΑ και αποκλίνει εύκολα από κάποια καλή λύση.
Η πιθανότητα διασταύρωσης επηρεάζει επίσης σημαντικά την απόδοση, καθώς για πολύ μικρή πιθανότητα διασταύρωσης δεν θα εξερευνάται αρκετά η επιφάνεια κόστους. Για μέτρια τιμή, όπως το 0.6 εδώ, η επιφάνεια κόστους εξερευνάται αρκετά χωρίς όμως να έχει ως αποτέλεσμα να αποκλίνει ο ΓΑ. Για μεγάλη τιμή, παίζει και αρκετά σημαντικό ρόλο το μέγεθος του αρχικού πληθυσμού, καθώς για μικρό πληθυσμό η διευρυμένη εξερεύνηση απομακρύνεται πολύ από τις καλές λύσεις οι οποίες μπορεί να καταλαμβάνουν μικρή επιφάνεια. Για μεγάλο αρχικό πληθυσμό, παρατηρούμε ότι παίρνουμε σχετικά καλά αποτελέσματα και αυτό γιατί ο χώρος τις επιφάνειας κόστους είναι αρκετά μεγάλος και έτσι μπορεί να βρεθεί κάποιο τοπικό ελάχιστο και σε πιο μακρινή απόσταση.

δ) Παρακάτω, δίνονται πρώτα τα άτομα που προέκυψαν από το ΓΑ για κάθε μία από τις 10 περιπτώσεις του πίνακα του ερωτήματος Β3 και έπειτα τα αποτελέσματα του νευρωνικού δικτύου. Δίνονται οι πιθανότητες για την κλάση 5 για κάθε ένα από τα 10 άτομα και από κάτω η κλάση στην οποία κατέταξε το νευρωνικό δίκτυο κάθε άτομο.

Μέγεθος Πληθυσμού: 20,Πιθανότητα Διασταύρωσης: 0.6, Πιθανότητα Μετάλλαξης: 0.00
[0.3794, 0.6395, 0.5430, 0.4225, 0.5692, 0.3717, 0.5816, 0.6114, 0.5067, 0.8785, 0.6864, 0.7585], score = 0.6968

Μέγεθος Πληθυσμού: 20,Πιθανότητα Διασταύρωσης: 0.6, Πιθανότητα Μετάλλαξης: 0.01
[0.3927, 0.7263, 0.5457, 0.4567, 0.7992, 0.5121, 0.3275, 0.5778, 0.5084, 0.17, 0.6806, 0.8127], score = 0.7739

Μέγεθος Πληθυσμού: 20,Πιθανότητα Διασταύρωσης: 0.6, Πιθανότητα Μετάλλαξης: 0.10

[0.30, 0.4463, 0.7955, 0.8162, 0.7619, 0.7813, 0.7243, 0.2799, 0.3015, 0.9879, 0.7921, 0.6438], score = 0.604

Μέγεθος Πληθυσμού: 20,Πιθανότητα Διασταύρωσης: 0.9, Πιθανότητα Μετάλλαξης: 0.01
[0.3827, 0.4191, 0.3409, 0.5087, 0.5672, 0.7441, 0.5325, 0.7834, 0.6532, 0.8829, 0.6800, 0.7847], score = 0.7765

Μέγεθος Πληθυσμού: 20,Πιθανότητα Διασταύρωσης: 0.1, Πιθανότητα Μετάλλαξης: 0.01
[0.7187, 0.8957, 0.5578, 0.71, 0.922, 0.2200, 0.1892, 0.3986, 0.7629, 0.4733, 0.2782, 0.6037], score = 0.5739

Μέγεθος Πληθυσμού: 200,Πιθανότητα Διασταύρωσης: 0.6, Πιθανότητα Μετάλλαξης: 0.00
[0.3667, 0.5727, 0.5457, 0.4499, 0.5688, 0.7169, 0.5193, 0.5810, 0.5060, 0.8277, 0.6800, 0.7591], score = 0.8872

Μέγεθος Πληθυσμού: 200,Πιθανότητα Διασταύρωσης: 0.6, Πιθανότητα Μετάλλαξης: 0.01
[0.3667, 0.4183, 0.5457, 0.4243, 0.5688, 0.7177, 0.6217, 0.1714, 0.5060, 0.8277, 0.7824, 0.7591], score = 0.8586

Μέγεθος Πληθυσμού: 200,Πιθανότητα Διασταύρωσης: 0.6, Πιθανότητα Μετάλλαξης: 0.10
[0.7707, 0.6899, 0.8499, 0.5014, 0.1720, 0.3469, 0.8065, 0.6867, 0.7382, 0.9813, 0.2700, 0.3974], score = 0.6325

Μέγεθος Πληθυσμού: 200,Πιθανότητα Διασταύρωσης: 0.9, Πιθανότητα Μετάλλαξης: 0.01
[0.3667, 0.4223, 0.5457, 0.6547, 0.5688, 0.7177, 0.5193, 0.5810, 0.4548, 0.597, 0.6800, 0.7591], score = 0.8619

Μέγεθος Πληθυσμού: 200,Πιθανότητα Διασταύρωσης: 0.1, Πιθανότητα Μετάλλαξης: 0.01
[0.3671, 0.7259, 0.5457, 0.5011, 0.5244, 0.3085, 0.5193, 0.5875, 0.5068, 0.8277, 0.5639, 0.2535], score = 0.7694

Αποτελέσματα Νευρωνικού δικτύου:
fold 1:
Class 5 probabilities: [0.1403994 0.14081618 0.12307017 0.09861498 0.12016309 0.1305049 0.15268783 0.11788396 0.12183858 0.14913592]
[3 3 3 3 3 3 3 3 3 3]

fold 2:
Class 5 probabilities: [0.19383691 0.18499693 0.21244676 0.19563694 0.28849646 0.19726415 0.22152825 0.31602016 0.1919043 0.23791401]
[2 1 2 2 5 2 2 5 2 5]

fold 3:
Class 5 probabilities: [0.08626971 0.11177382 0.09741522 0.06749175 0.13786814
0.07864538 0.08889887 0.19905859 0.105212   0.1417522]
[3 3 4 1 4 1 3 4 1 1]

fold 4:
Class 5 probabilities: [0.21235965 0.21027927 0.19447048 0.19872244 0.22711313
0.21023738 0.16210897 0.2275795 0.21736875 0.22309823]
[2 2 2 2 5 2 2 5 2 5]

fold 5:
Class 5 probabilities: [0.21867068 0.18320854 0.25632805 0.19098344 0.20880112
0.20558108 0.23201856 0.23830672 0.22376254 0.20138775]
[1 1 5 3 1 1 5 5 5 1]

Παρατηρούμε ότι ταξινόμηση στη σωστή κλάση γίνεται πολύ σπάνια και πολλές φορές, ταξινομείται στην κλάση 5 άτομο με μικρότερο σκορ και σε λάθος τάξη άτομο με μεγαλύτερο σκορ. Αυτό γιατί ίσως τα άτομα που πήραμε από τον ΓΑ, παρόλο που έχουνε υψηλό σκορ, μπορεί να είναι υπερβολικά εξειδικευμένα. Ακόμα, η κατανομή των δεδομένων που έχει μάθει το νευρωνικό δίκτυο μπορεί να μην είναι αρκετά κοντά στο ιδανικό άτομο που έχουμε υπολογίσει από τον μέσο όρο τον τιμών της κλάσης sitting, με αποτέλεσμα να μην ταξινομεί σωστά τα άτομα που πλησιάζουν πάρα πολύ στις τιμές του ιδανικού ατόμου.