

# Sprawozdanie 2

## Testowanie opracowanej metody heurystycznej

Mateusz Babiaczyk, Bartosz Nawrotek

2018-06-01

### 1 Zmiany w algorytmie

Po zaimplementowaniu algorytmu i zauważeniu jego słabych osiągnięć, doszliśmy do wniosku by wprowadzić zmiany w naszym algorytmie.

#### 1.1 Mutacje

#### 1.2 Krzyżowanie

Krzyżowanie zaczyna się w dokładnie taki sam sposób jak było w naszym pierwotnym algorytmie, a mianowicie od pewnego wylosowanego przedziału przepisuje oligonukleotydy do nowo tworzonego osobnika (kopiuje wycinek i wkleja go do nowego osobnika) z wybranego osobnika z populacji rodzicielskiej. Następnie uzupełniany jest koniec osobnika wartościami z innego osobnika z populacji rodzicielskiej, uważając oczywiście by dany oligonukleotyd nie został powtórzony. W ten sam sposób zostaje uzupełniony początek osobnika z nowej populacji.

Wszystkie oligonukleotydy które nie zostały dodane (na wskutek dodawania ich z innego osobnika który za punktem cięcia mógł mieć oligonukleotyd taki sam jak drugi osobnik użyty do krzyżowania pomiędzy punktami cięcia) zostają dodane, każdy osobno, w miejsce w którym funkcja celu będzie najniższa. Dzięki takiemu nakierowaniu, nadal mieliśmy pewną dużą losowość przez krzyżowanie między losowymi punktami cięcia (która jest ważna w algorytmie genetycznym), a jednocześnie algorytm szybciej zbiegał do wartości optymalnych, tym samym dając lepsze rezultaty w krótszym czasie.

### 1.3 Kodowanie

## 2 Testy

### 2.1 Wyniki algorytmu dla błędów negatywnych, losowych

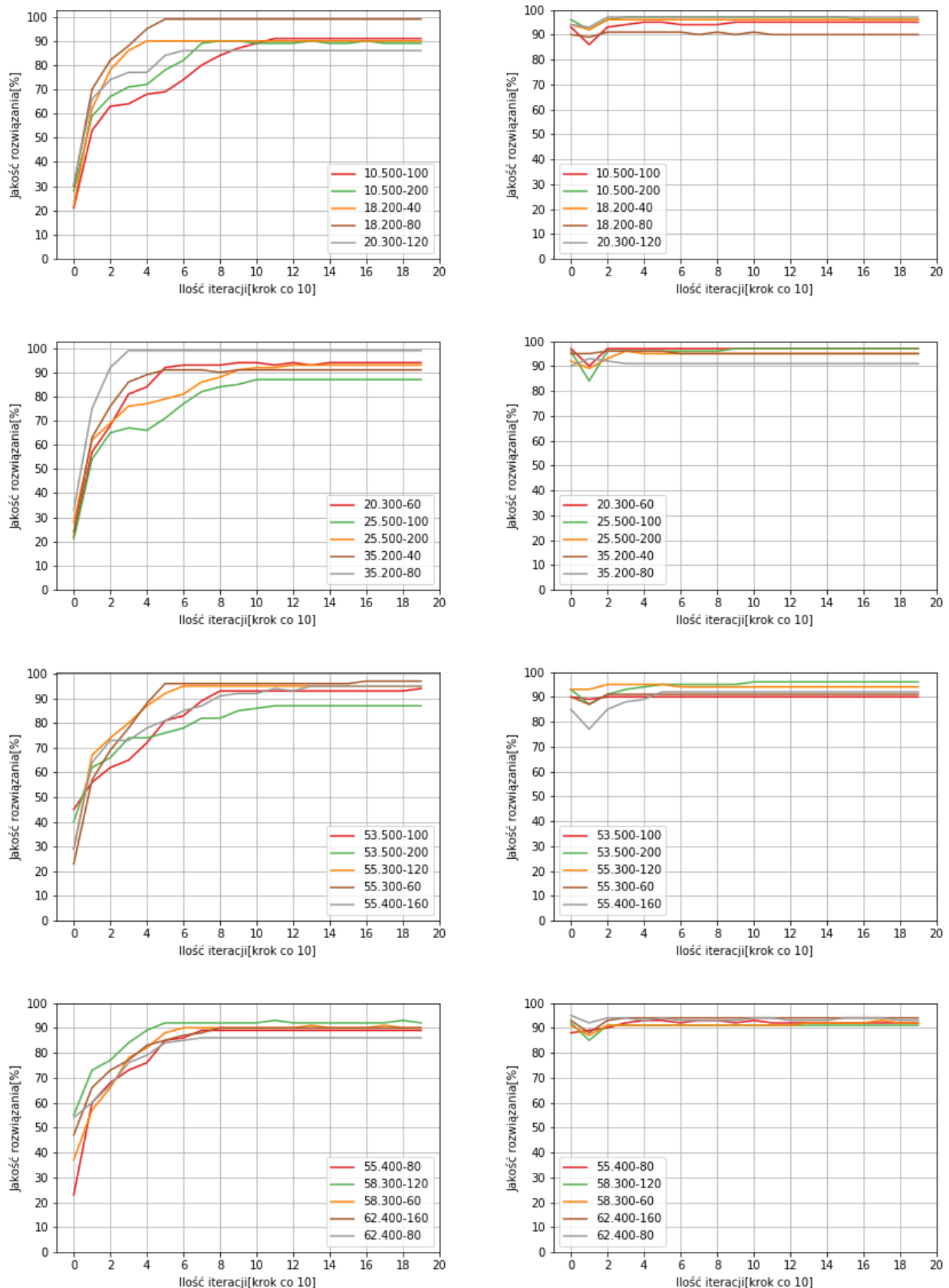


Figure 1: Porównanie algorytmu dla błędów negatywnych, losowych bez oraz z wykorzystaniem osobnika wygenerowanego przez algorytm zachłanny w zależności od ilości iteracji

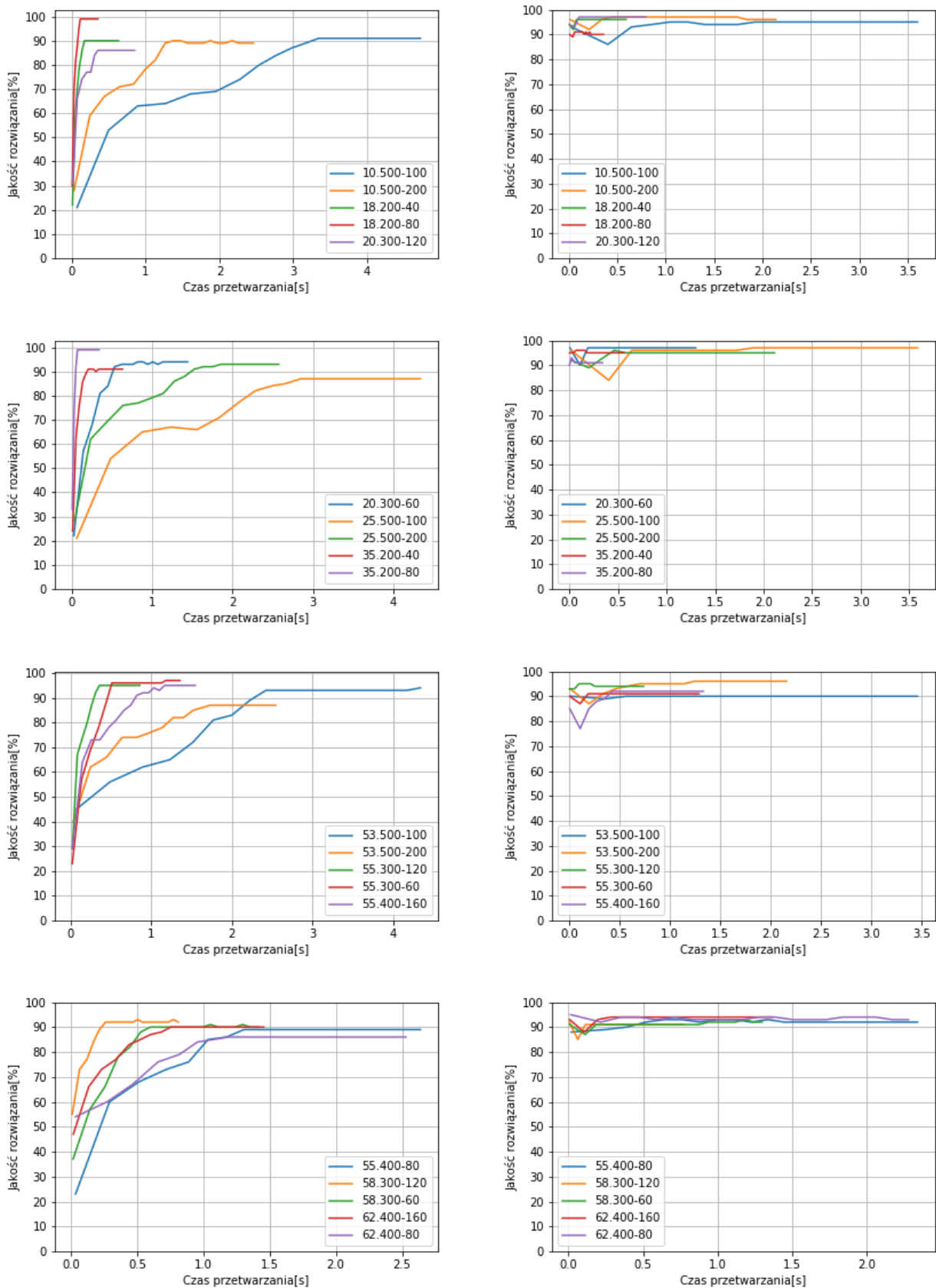


Figure 2: Porównanie algorytmu dla błędów negatywnych, losowych bez oraz z wykorzystanym osobnikiem wygenerowanym przez algorytm zachłanny w zależności od czasu przetwarzania

Jak widać, dla błędów negatywnych losowych algorytm otrzymuje rozwiązanie o średniej dokładności 90%. W algorytmie z początkowym algorytmem zachłannym (wykresy po prawej) widać że otrzymuje on średnio lepsze wyniki z prostej przyczyny początkowego uszeregowania które ma bardzo dobrą jakość rozwiązania. Powodem

tego są rodzaje testów, które bardzo dobrze są rozwiązywane przez algorytm zachłanny. Nie zmienia to jednak faktu, że algorytm bez początkowego rozpoczęcia zachłannego uzyskuje podobne wyniki, a funkcja poprawnie zbiega do celu.

Czas przetwarzania waha się tu między 2 a 4 sekundami co jest dobrym wynikiem.

## 2.2 Wyniki algorytmu dla błędów negatywnych na końcach sekwencji

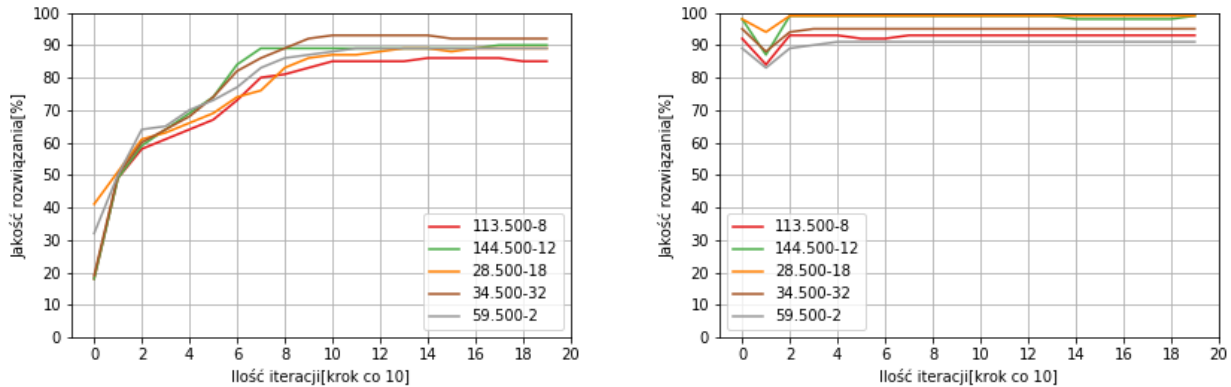


Figure 3: Porównanie algorytmu dla błędów negatywnych na końcach sekwencji bez oraz z wykorzystanym osobnikiem wygenerowanym przez algorytm zachłanny w zależności od ilości iteracji

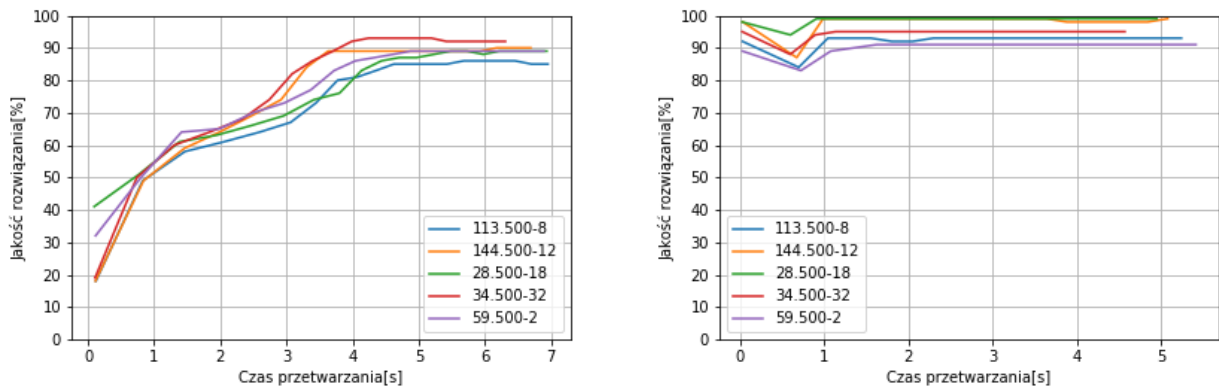


Figure 4: Porównanie algorytmu dla błędów negatywnych na końcach sekwencji bez oraz z wykorzystanym osobnikiem wygenerowanym przez algorytm zachłanny w zależności od czasu przetwarzania

W przypadku błędów negatywnych na końcach sekwencji wyniki są zbliżone do błędów negatywnych losowych i zachowują taką samą własność.

Dla tego przypadku średni czas przetwarzania jest już trochę dłuższy - 6 sek.

## 2.3 Wyniki algorytmu dla błędów pozytywnych, losowych

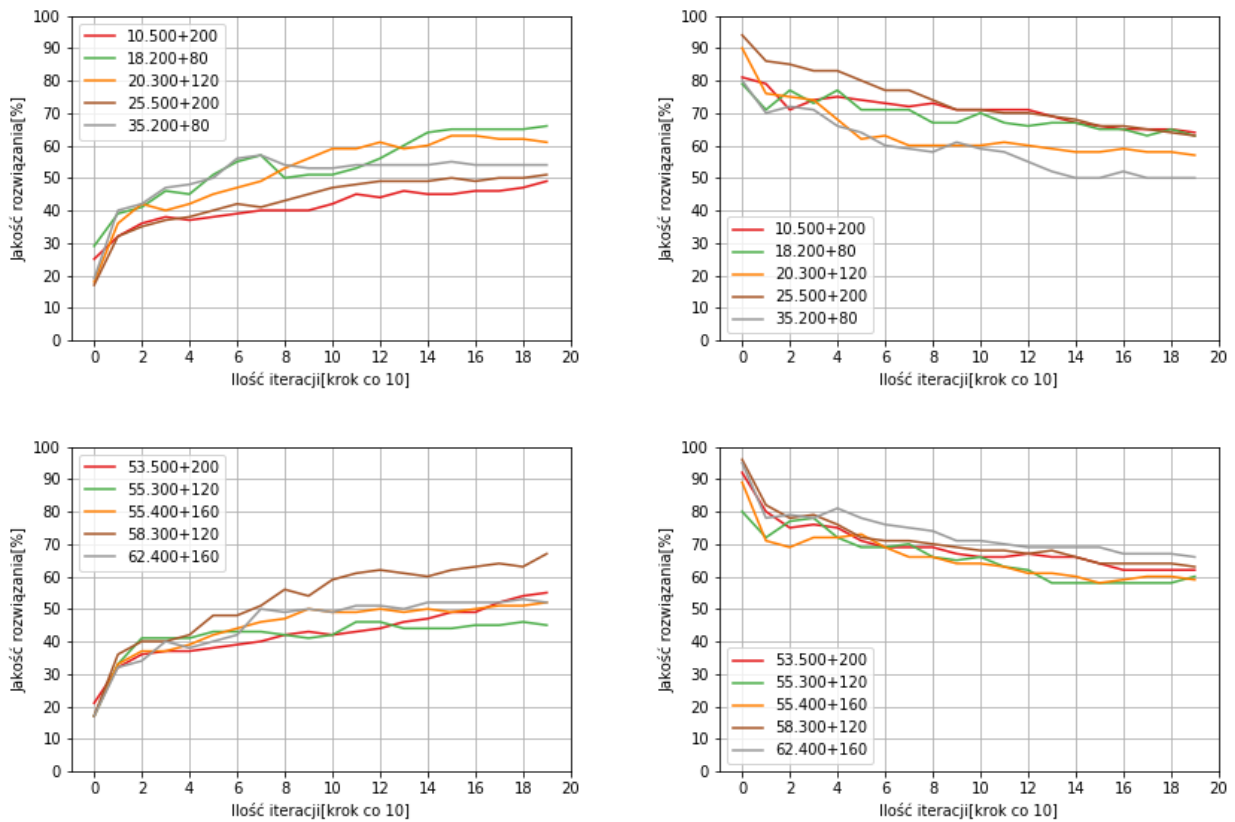


Figure 5: Porównanie algorytmu dla błędów pozytywnych, losowych bez oraz z wykorzystanym osobnikiem wygenerowanym przez algorytm zachłanny w zależności od ilości iteracji

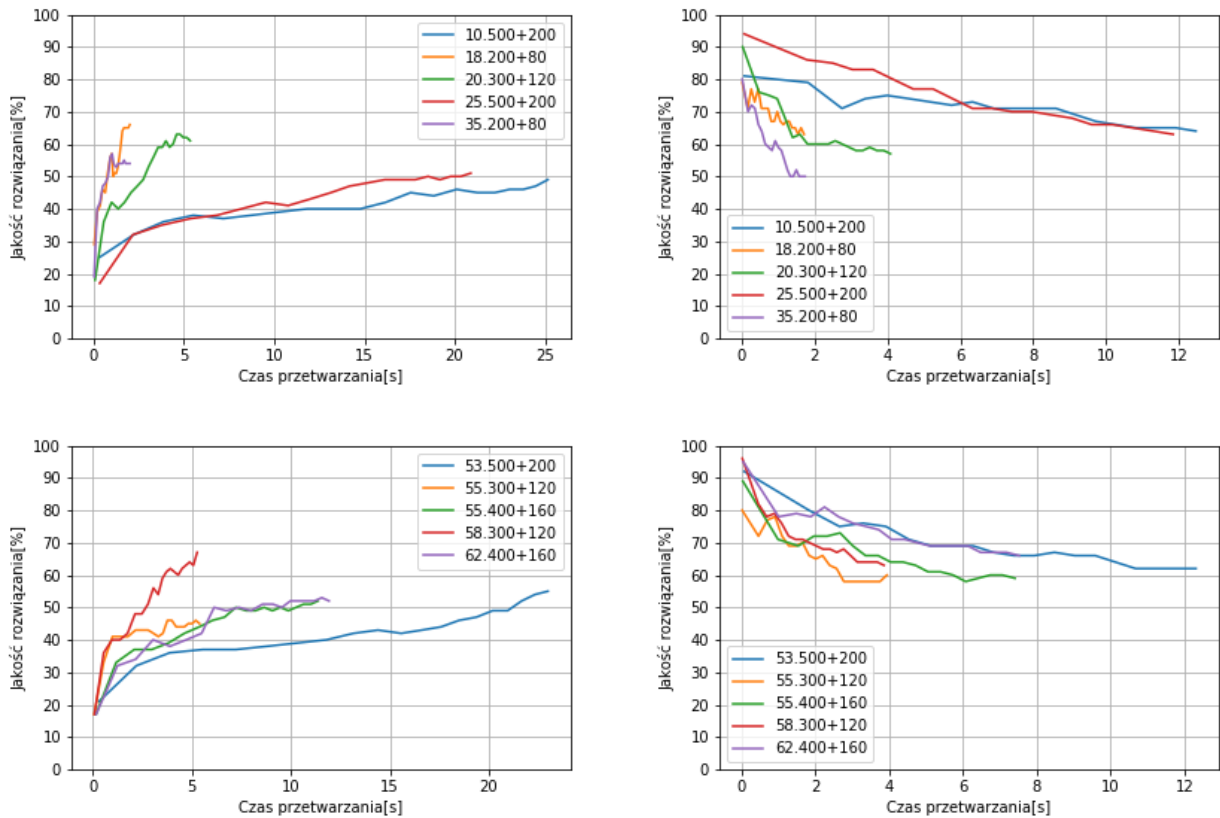


Figure 6: Porównanie algorytmu dla błędów pozytywnych, losowych bez oraz z wykorzystanym osobnikiem wygenerowanym przez algorytm zachłanny w zależności od czasu przetwarzania

Dla błędów pozytywnych losowych nasz algorytm nie działa już tak dobrze. Jak widać algorytm bez początku zachłannego uzyskuje średnie wyniki w okolicach 60%. Jest to dość słaby wynik. Dodatkowo algorytm z początkiem zachłannym tylko pogarsza swoje wyniki po lepszym wyniku zachłannym, żeby ostatecznie dojść do prawie takiego samego wyniku jak algorytm bez początku zachłannego.

Dodatkowo poza słabym wynikiem rozwiązania wzrasta nam potrzebny czas na jego wykonanie aż do maksymalnie 25 sekund. Średnio jednak testy te zajmowały 11.3 sekundy.

## 2.4 Wyniki algorytmu dla błędów pozytywnych, na końcach sekwencji

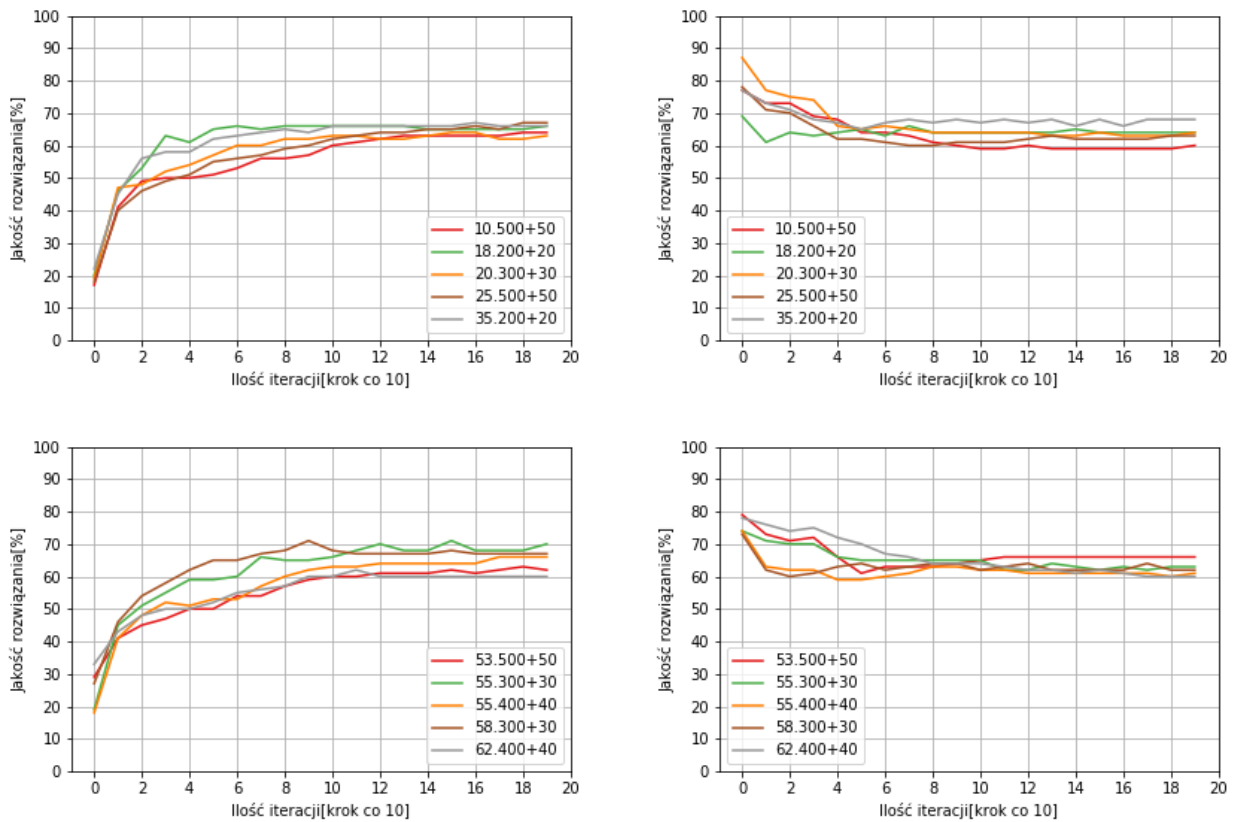


Figure 7: Porównanie algorytmu dla błędów pozytywnych na końcach sekwencji bez oraz z wykorzystanym osobnikiem wygenerowanym przez algorytm zachłanny w zależności od ilości iteracji

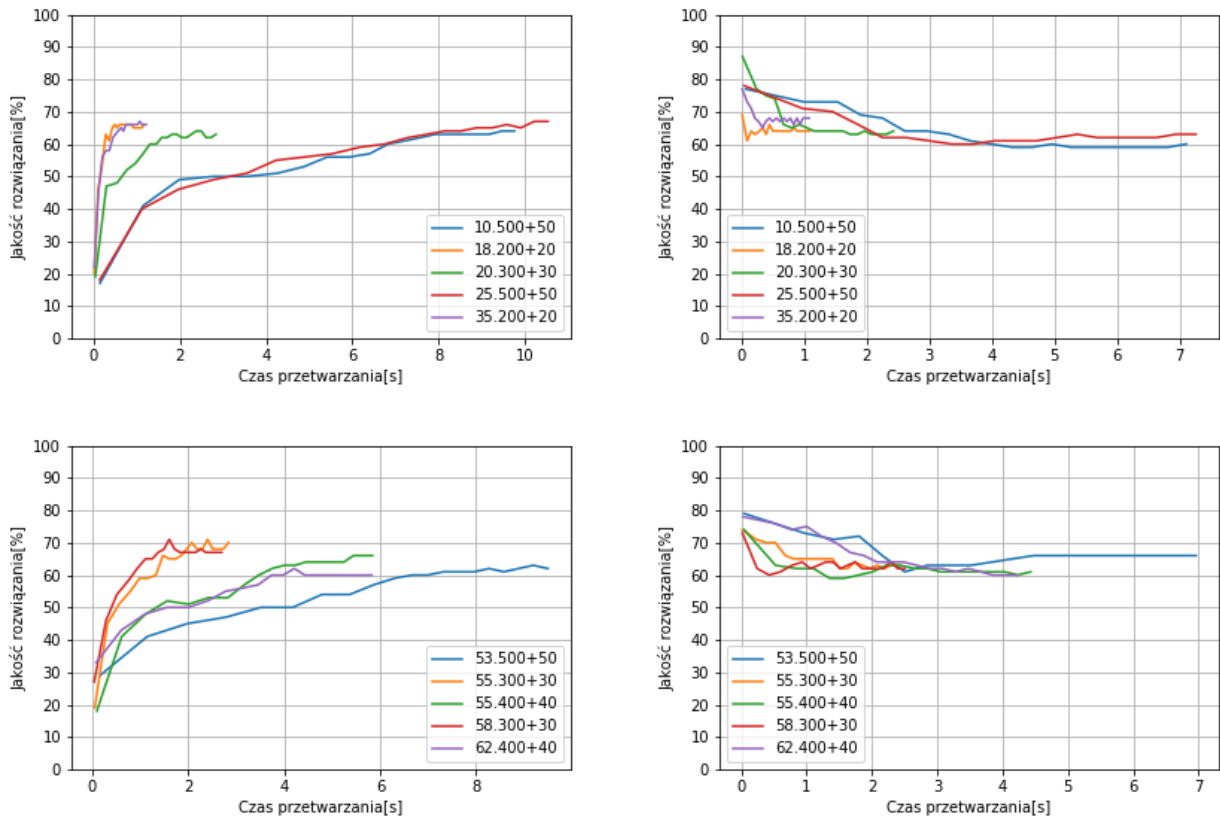


Figure 8: Porównanie algorytmu dla błędów pozytywnych na końcach sekwencji bez oraz z wykorzystanym osobnikiem wygenerowanym przez algorytm zachłanny w zależności od czasu przetwarzania

Ostatnią kategorią są błędy pozytywne z przekłamaniami na końcach oligonukleotydów. Jak widać radzi on sobie odrobinę lepiej niż dla błędów pozytywnych losowych, dodatkowo algorytm z rozpoczęciem zachłannym nie maleje aż tak bardzo (algorytm zachłanny ma większe problemy z optymalnym ustawieniem i jego wykonanie nie powoduje od razu ustawienia pierwszej iteracji na wysokości 90-95%, a nieco niżej na 70-80%). Czasy przetwarzania tych testów były znacząco krótsze od swoich poprzedników i wynosiły średnio 5 sekund.

### 3 Wnioski