

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 skutek 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

3 Wnioski