

Platforma PyAge – sprawozdanie

Miron Markowski

1. Wstęp

Problem komiwojażera (TSP) jest NP-trudny, z tego powodu do jego rozwiązania często używa się algorytmów heurystycznych. Do takich właśnie należą algorytmy genetyczne, których dwa modele: EMAS i ewolucyjny zastosowałem do implementacji rozwiązania tego problemu.

2. Dane wejściowe

Zmienna	Oznaczenie	Wartość
Ilość miast	N	100
Prawdopodobieństwo mutacji	ξ	{0.03, 0.1, 0.2}
Liczba iteracji	k	1000

3. Rozwiązanie

W algorytmie ewolucyjnym ustalane były:

Genotyp – permutacja wszystkich miast

Mutacje – Zaimplementowane były dwa sposoby mutowania: losowe zamienienie miejscami dwóch miast i zamienienie dwóch kolejnych miast na liscie

Krzyżowanie – wybór odpowiedniego sposobu był najtrudniejszy, ponieważ ograniczał nas fakt, że nowym genotypie muszą się znaleźć wszystkie miasta. Wybieramy fragment permutacji pierwszego genotypu losowej długości, i usuwamy te miasta z drugiego genotypu. Następnie sklejamy te dwa genotypy.

4. Wykresy

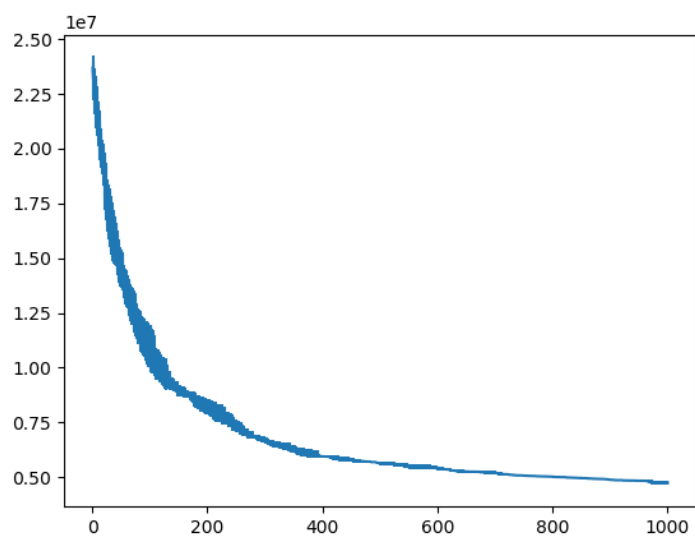
Oznaczenia:

EW: algorytm ewolucyjny

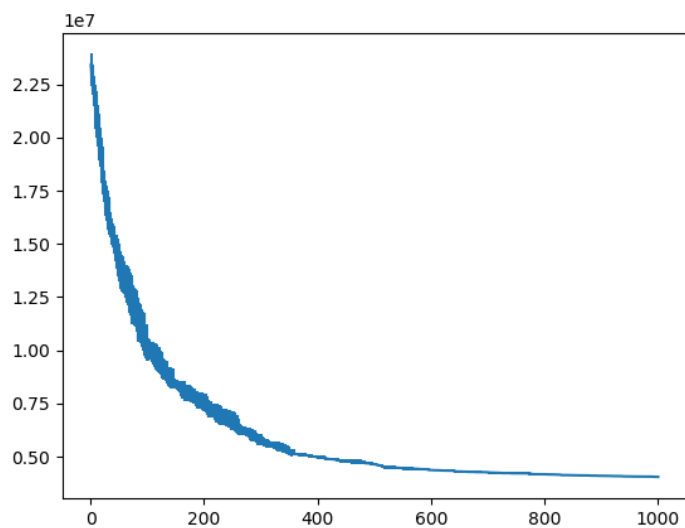
EMAS: algorytm EMAS

ML: mutowanie losowe

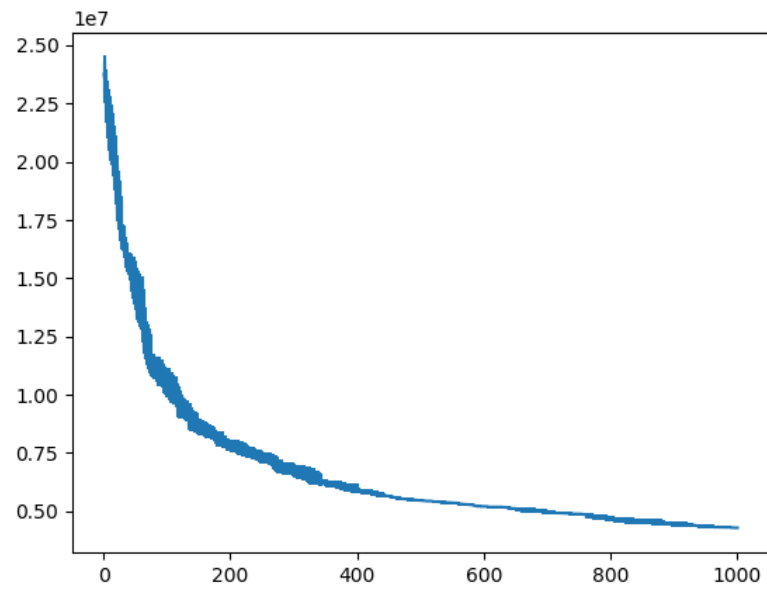
MZ: mutowanie metodą zamieniania



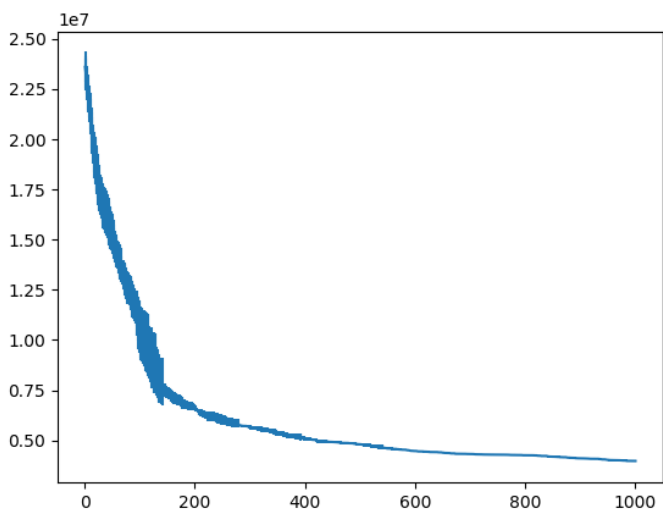
EW, ML, $\xi = 0,03$



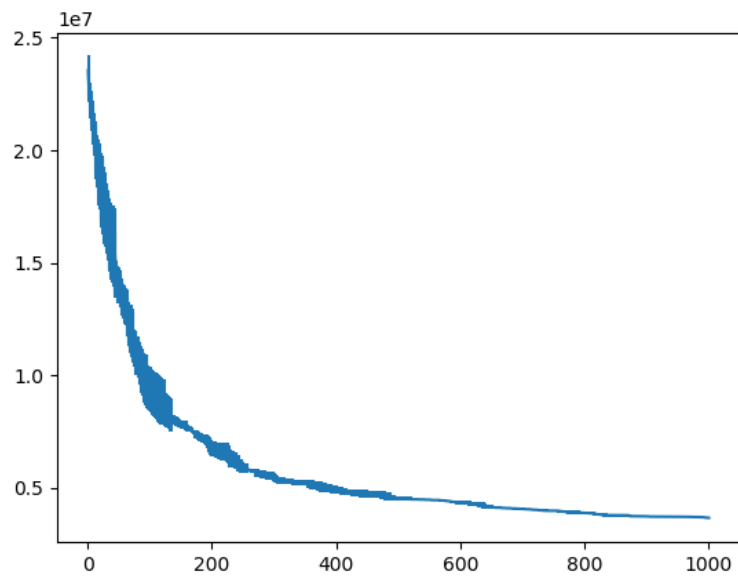
EW, MZ, $\xi = 0,03$



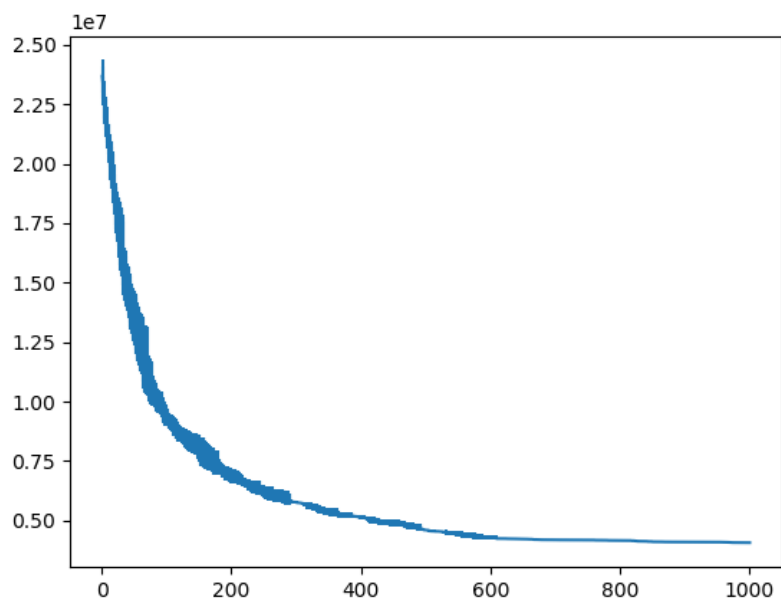
EW, ML, $\xi = 0,1$



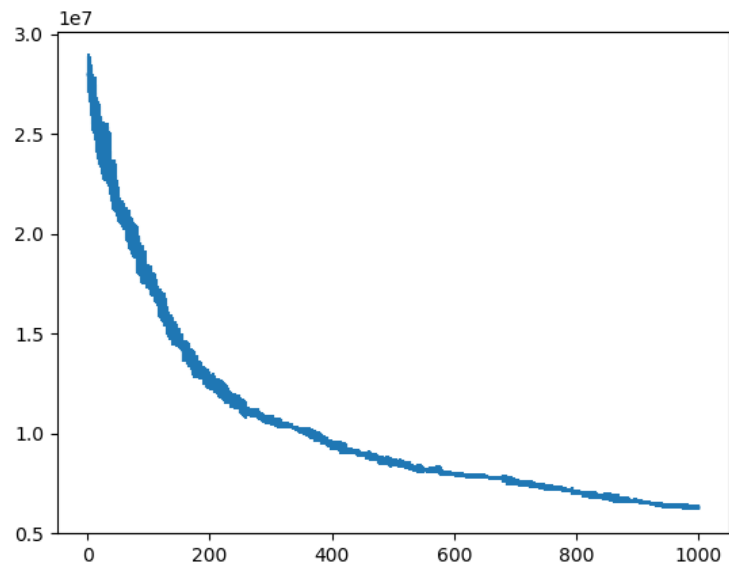
EW, MZ, $\xi = 0,1$



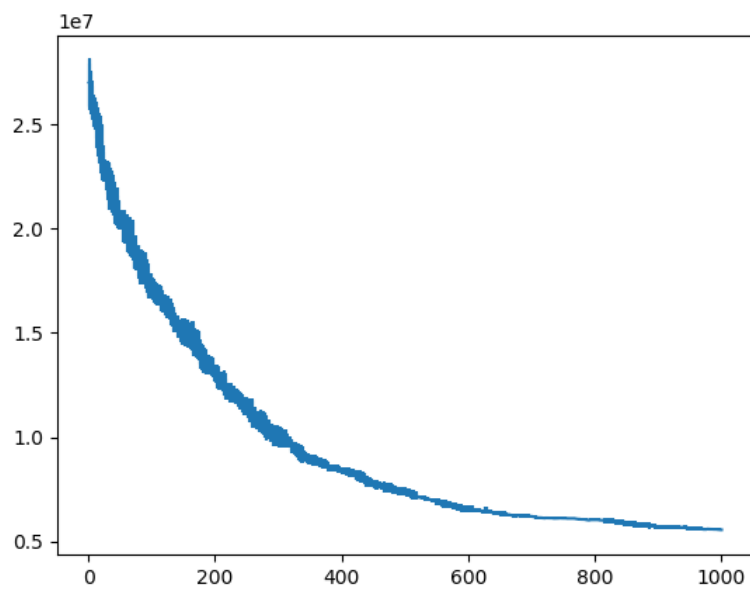
EW, ML, $\xi = 0,2$



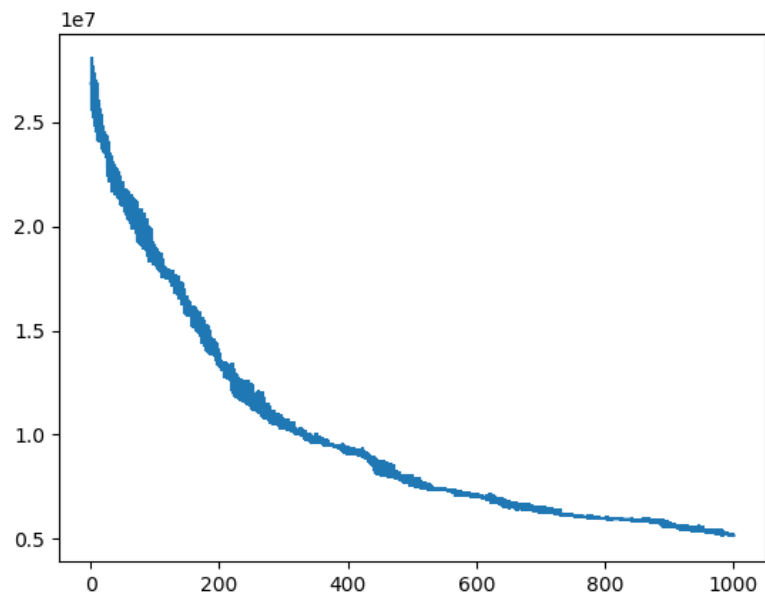
EW, MZ, $\xi = 0,2$



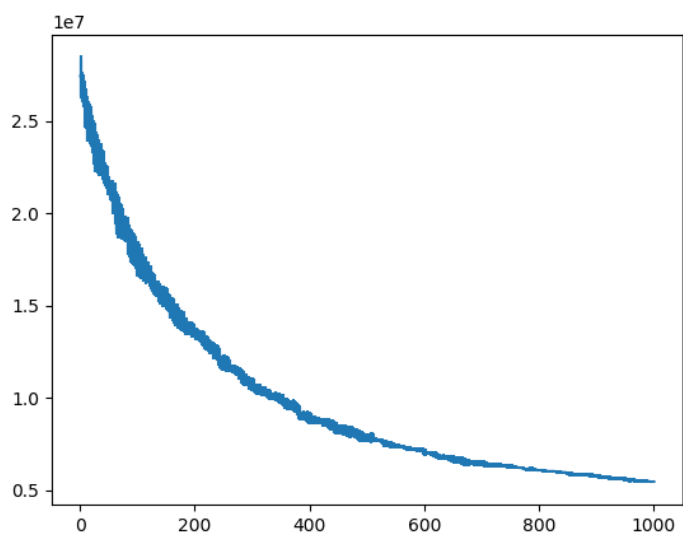
EMAS, ML, $\xi = 0,03$



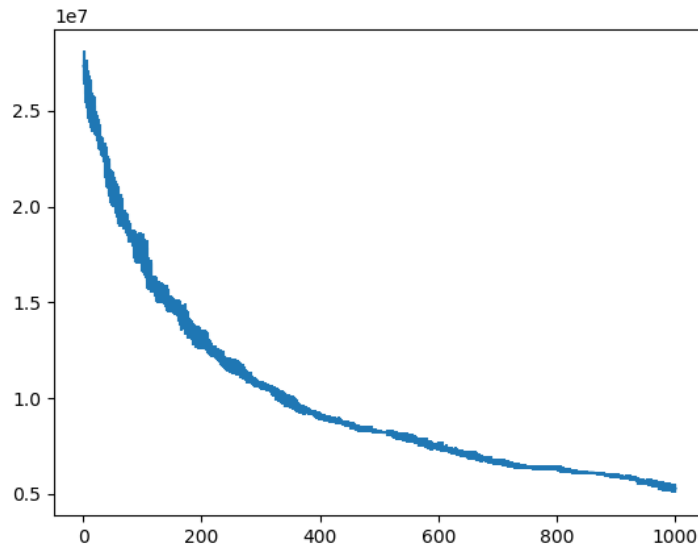
EMAS, MZ, $\xi = 0,03$



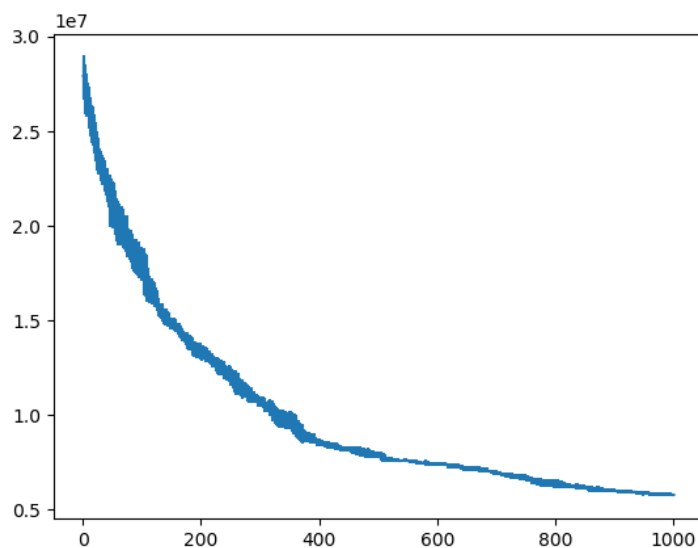
EMAS, ML, $\xi = 0,1$



EMAS, MZ, $\xi = 0,1$



EMAS, ML, $\xi = 0,2$



EMAS, MZ, $\xi = 0,2$

5. Kod

Kod znajduje się w repozytorium

<https://github.com/MajronMan/pyageTSP>

6. Wnioski

Model EMAS zbiegał wolniej niż klasyczny, zaś w obu przypadkach wzrost prawdopodobieństwa poprawiał wynik, choć nieznacznie. Mutacja losowa dawała również lepsze wyniki niż mutacja z zamienianiem.