Majka Podlasek 5967

# Podstawowy algorytm genetyczny (wyszukiwanie maksimum funkcji)

y=ax^2+bx+c -> y=5x^2+9x+6 Przedział : <0; 63>

Globalne prawdopodobieństwo krzyżowania wynosi 0.75, globalne prawdopodobieństwo mutacji wynosi 0.2.

Będziemy przeszukiwać zbiór {0, 1, ..., 63}, by znaleźć w nim wartość, dla której funkcja przyjmuje wartość maksymalną. Zbiór ten jest zbiorem potencjalnych rozwiązań. Każda z 64 liczb tego zbioru nazywa się punktem przestrzeni poszukiwań, rozwiązaniem, wartością parametru, fenotypem. Rozwiązanie optymalizujące funkcję nazywa się rozwiązaniem najlepszym lub optymalnym.

Nasza populacja składa się z 10 osobników, losujemy populację początkową:

4: 000100

12: 001100

15: 001111

22: 010110

34: 100010

35: 100011

43: 101011

46: 101110

59: 111011

63: 111111

Wartości funkcji dla wylosowanych chromosomów :

y=5x^2+9x+6

F(4) = 122

F(12) = 834

F(15) = 1 266

F(22) = 2 624

F(34) = 6 092

F(35) = 6 446

F(43) = 9 638

F(46) = 11 000

F(59) = 17 942

F(63) = 20 418

Metoda ruletki by wybrać rodziców:

V(ch1) = 0,15%

V(ch2) = 1,09%

V(ch3) = 1,65%

V(ch4) = 3,43%

V(ch5) = 7,97%

V(ch6) = 8,44%

V(ch7) = 12,61%

V(ch8) = 14,40%

V(ch9) = 23,48%

V(ch10) = 26,73%

Losowanie chromosomów:

45 🡪 ch(8)

62 🡪 ch(9)

86 🡪 ch(10)

53 🡪 ch(9)

87🡪 ch(10)

54🡪 ch(9)

11🡪 ch(5)

33🡪 ch(7)

41🡪 ch(8)

29🡪 ch(7)

Prawdopodobieństwo krzyżowania wynosi 0.75.

Losujemy 5 liczb (tyle ile jest par) [0,1] i porównujemy je z prawdopodobieństwem krzyżowania. Ponieważ trzy wylosowane liczby są mniejsze niż pk, zatem tylko trzy pary ulegną krzyżowaniu.

0,12 0,62 0,73 0,49 0,76

Losujemy punkt krzyżowania z przedziału [1,5]:

3 2 4 1

Para rodziców (3): Para potomków:

Ch(8) = [101110] [101011]

ch(9) = [111011] [111110]

Para rodziców(2): Para potomków:

Ch(10) = [111111] [111011]

Ch(9) = [111011] [111111]

Para rodziców(4): Para potomków:

Ch(7) = [101011] [101010]

Ch(5) = [100010] [100011]

Para rodziców(1): Para potomków:

Ch(10) = [111111] [101110]

Ch(8) = [101110] [111111]

Para rodziców(bez krzyżowania): Para potomków:

Ch(9) = [111011] [111011]

Ch(7) = [101011] [101011]

Chromosomy potomków:

Chp(1) = [101011] = 43 F(Chp1) = 9 638

Chp(2) = [111110] = 62 F(Chp2) = 19 784

Chp(3) = [111011] = 59 F(Chp3) = 17 942

Chp(4) = [111111] 63 F(Chp4) = 20 418

Chp(5) = [101010] = 42 F(Chp5) = 9 204

Chp(6) = [100011] = 35 F(Chp6) = 6 446

Ch(7) = [101110] = 46 F(Chp7) = 11 000

Ch(8) = [111111] = 63 F(Chp8) = 20 418

Ch(9) = [111011] = 59 F(Chp9) = 9 638

Ch(10) = [101011] = 43 F(Chp10) = 17 942

Prawdopodobieństwo mutacji wynosi 0.2.

Dla każdego z potomków losujemy liczbę z przedziału od 0 do 1. Mutacji podlegają te osobniki, dla których wylosowana liczba jest mniejsza niż prawdopodobieństwo mutacji. Dla osobników podlegających mutacji losujemy miejsce mutacji, liczbę całkowitą z zakresu [1,5]

0,25 0,07 + miejsce mutacji: 1 0,6 0,75 0,1 + mm: 3 0,81 0,99 0,54 0,87 0,31

Po mutacji otrzymujemy następujących potomków:

Chp(1) = [101011] = 43 F(Chp1) = 9 638

Chp(2) = [**1**11110] 🡪 [**0**11110] = 30 F(Chp2) = 4 776

Chp(3) = [111011] = 59 F(Chp3) = 17 942

Chp(4) = [111111] 63 F(Chp4) = 20 418

Chp(5) = [10**1**010] 🡪 [10**0**010] = 34 F(Chp5) = 6 092

Chp(6) = [100011] = 35 F(Chp6) = 6 446

Ch(7) = [101110] = 46 F(Chp7) = 11 000

Ch(8) = [111111] = 63 F(Chp8) = 20 418

Ch(9) = [111011] = 59 F(Chp9) = 9 638

Ch(10) = [101011] = 43 F(Chp10) = 17 942

Rozwiązaniem jest chromosom o największej wartości funkcji przystosowania, czyli Chp4.