

Framsticks - eksperyment ewolucyjny

Dawid Macek

8 marca 2020

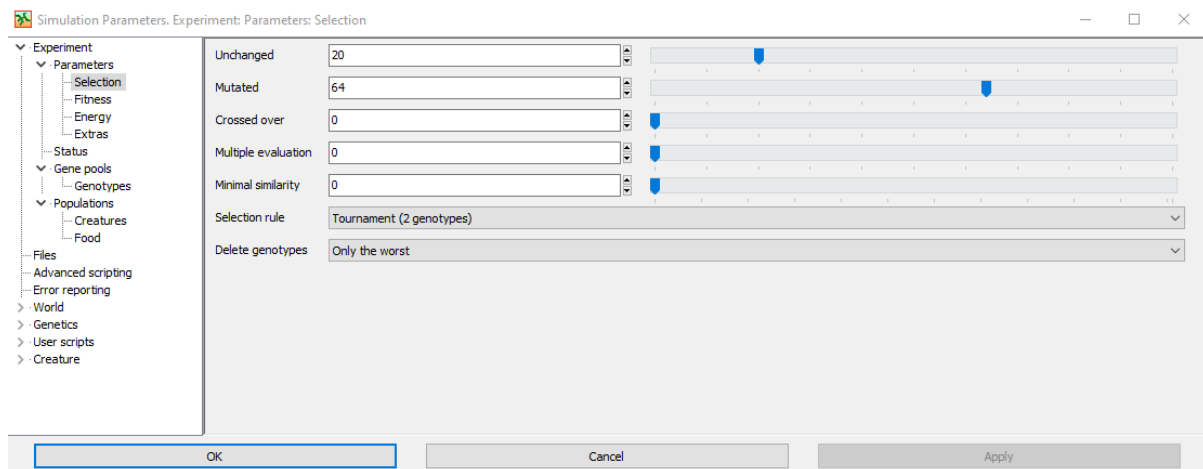
1 Wstęp

Celem ćwiczenia będzie wykonanie eksperymentu polegającego na uruchomieniu procesu ewolucji ukierunkowanej na rozwój wybranej cechy za pomocą symulatora Framsticks.

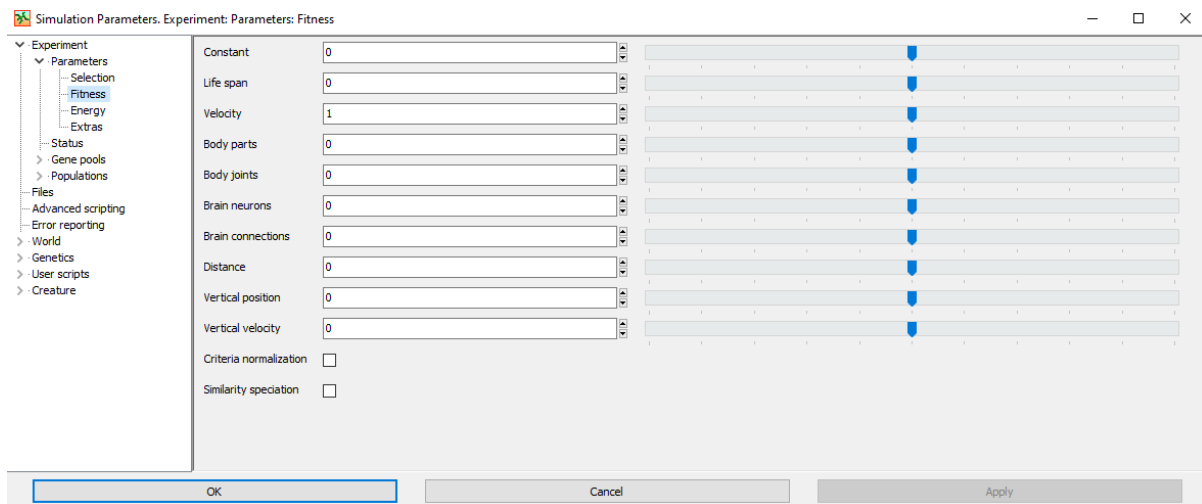
Cechą, która będzie rozwijana w procesie ewolucji będzie **szybkość poruszania się**.

2 Ustawienia symulatora

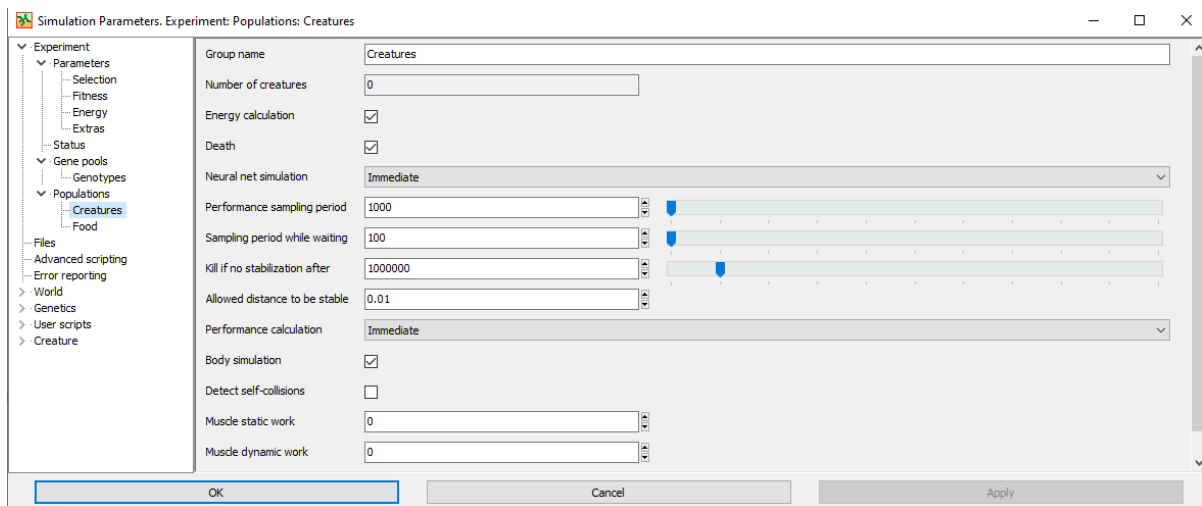
Ustawienia eksperymentu wybrałem takie jak w tutorialu zalinkowanym na moodlu. Istotna jest zakładka fitness, w której mówimy algorytmowi aby maksymalizował szybkość poruszania się.



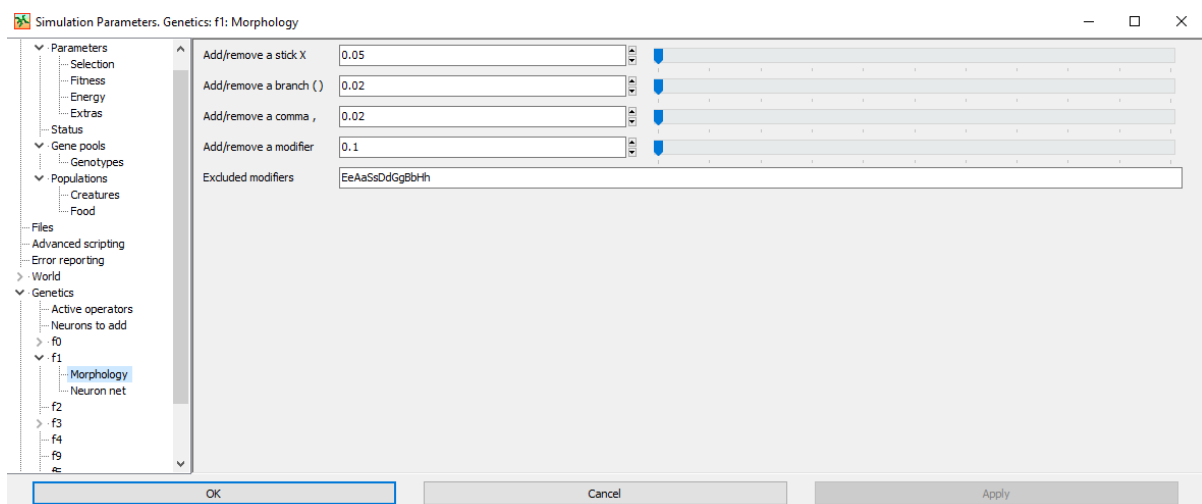
Rysunek 1: Experiment/Parameters/Selection



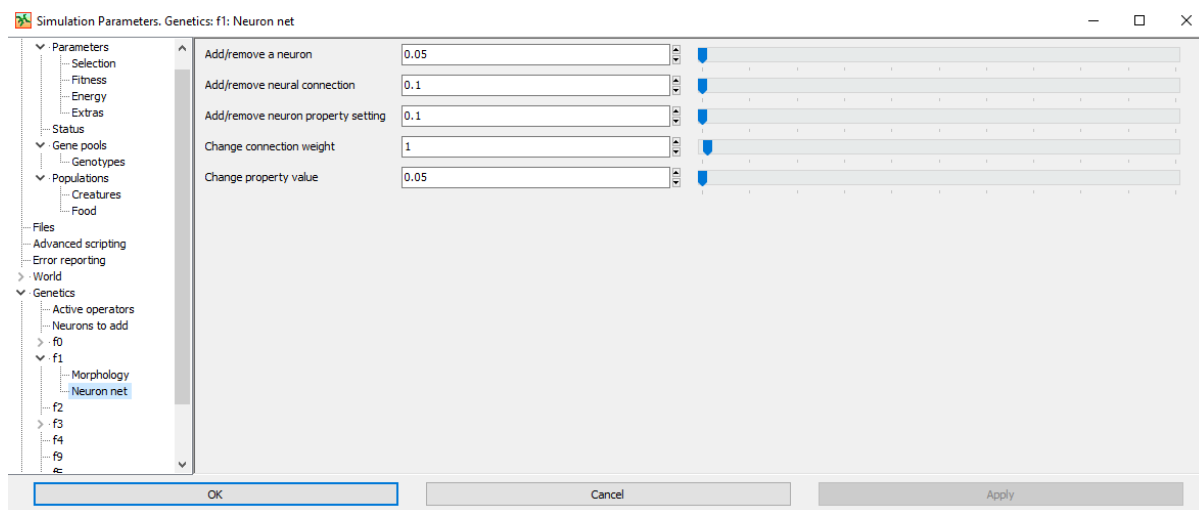
Rysunek 2: Experiment/Parameters/Fitness



Rysunek 3: Experiment/Populations/Creatures



Rysunek 4: Genetics/f1/Morphology



Rysunek 5: Genetics/f1/Neuron net

3 Osobnik początkowy

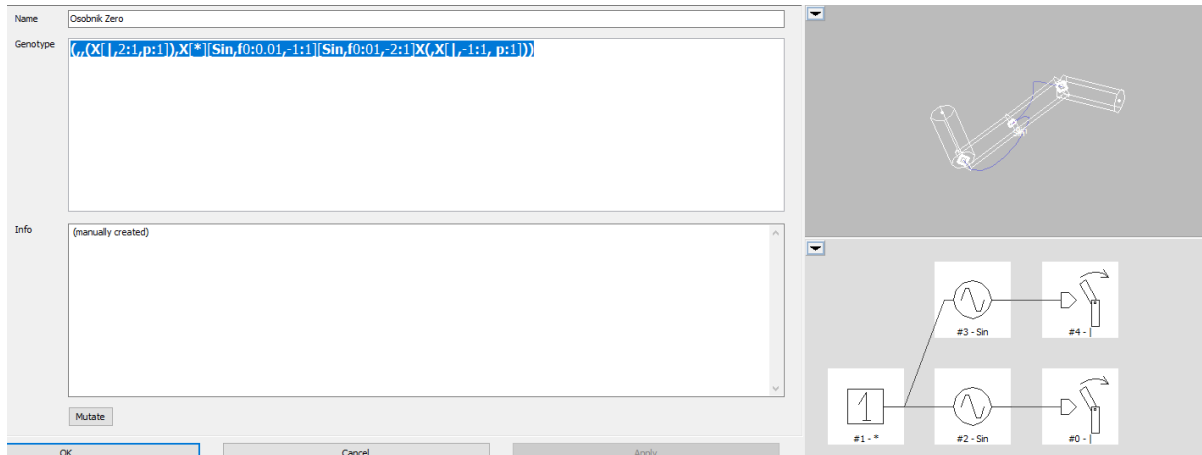
Osobnik docelowo miał obracać patyczkami po bokach, ale zamiast tego wił się dziwnie.

Użyłem dwóch generatorów funkcji sinus do sterowania kończynami bocznymi. Szybkość(fitness) początkowego osobnika to: 0.000863

3.1 Genotyp

$(, , (X[|, 2:1, p:1]), X[*] [\text{Sin}, f0:0.01, -1:1] [\text{Sin}, f0:0.1, -2:1] X(, X[|, -1:1, p:1]))$

3.2 Wizualizacja



Rysunek 6: Osobnik zero

4 Osobnik końcowy

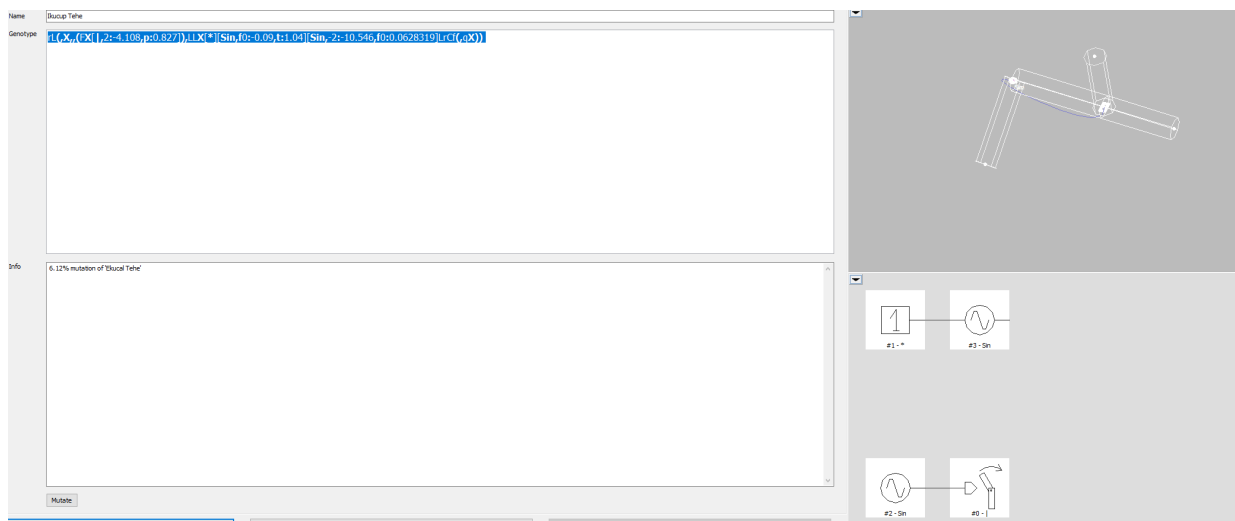
Osobnik końcowy w porównaniu do pierwszego pozbył się jednej kończyny i wychodził jedną środkową. Za pomocą środkowej kończyny wybyja się on w powietrze, pokonując przy tym pewną odległość.

Szybkość(fitness) końcowego osobnika to: 0.040697. Oznacza to, że względem osobnika początkowego szybkość poruszania się wzrosła **47-krotnie**.

4.1 Genotyp

$rL(, X, , (FX[|, 2:-4.108, p:0.827]), LLX[*] [\text{Sin}, f0:-0.09, t:1.04] [\text{Sin}, -2:-10.546, f0:0.0628319] \text{LrCf}(, qX))$

4.2 Wizualizacja



Rysunek 7: Osobnik końcowy

5 Wykresy i wnioski

'Schodkowy' charakter wartości maksymalnej wynika z ustawienia

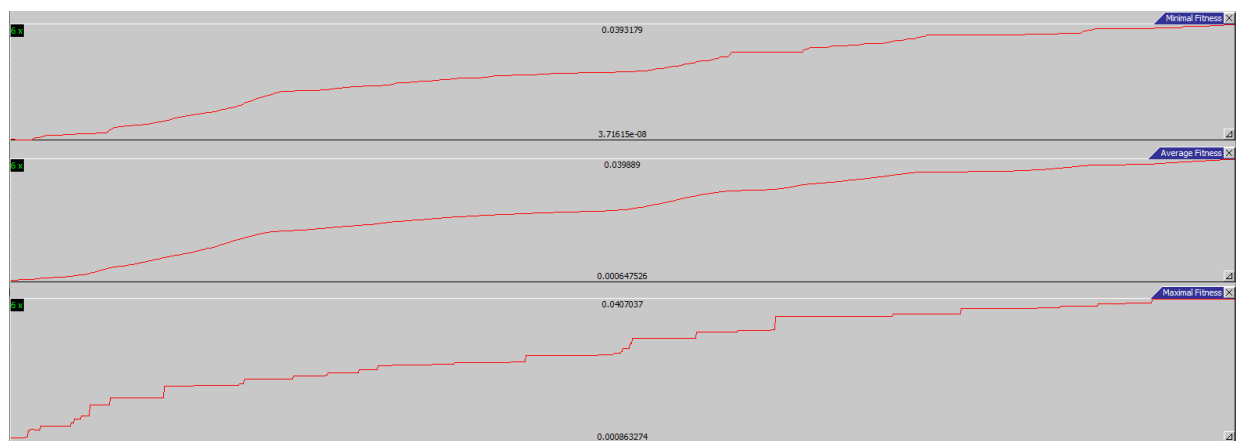
- Experiment/Parameters/Selection/DeleteGenotypes: **Only the worst**

Takie ustawienie skutkuje tym, że z puli genów nie zostaną usunięte najlepsze osobniki. Wadą tego ustawienia jest problem utknięcia w **maksimum lokalnym**, innymi słowy nie przeszukujemy całej możliwej przestrzeni.

W puli genów pozostają bardzo zbliżone do siebie genotypy. Jedynie szczęśliwe mutacje pozwalają na poprawę średniego fitnessu. Rozwiązaniem tego problemu jest wybranie innej metody eliminacji genów lub zwiększanie prawdopodobieństw mutacji.

Przy braku zmian w wartości **maksymalnej**, wartości **średnia** i **minimalna** po jakimś czasie zrównują się z wartością maksymalną.

Przy innej metodzie eliminacji genotypów, wykresy nie wyglądałyby tak gładko, tylko występowałyby wiele oscylacji.



Rysunek 8: Minimalna/Średnia/Maksymalna wartość fitnessu w czasie.