МИНОБРНАУКИ РОССИИ САНКТ-ПЕТЕРБУРГСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ ЭЛЕКТРОТЕХНИЧЕСКИЙ УНИВЕРСИТЕТ "ЛЭТИ" ИМ. В.И.УЛЬЯНОВА(ЛЕНИНА) Кафедра МО ЭВМ

ОТЧЁТ

по учебной практике

по дисциплине «Генетические алгоритмы»

Тема: Алгоритм Рюкзака.

Студент гр. 1304	 Мусаев А.И.
Студент гр. 1304	 Поршнев Р.А.
Студентка гр. 1381	 Демчук П.Д
Преподаватель	Жангиров Т.Р

Санкт-Петербург

Задание

Пусть имеется набор предметов, каждый из которых имеет два параметра — масса и ценность. Также имеется рюкзак определённой грузоподъёмности. Задача заключается в том, чтобы собрать рюкзак с максимальной (или близкой к максимальной) ценностью предметов внутри, соблюдая при этом ограничение рюкзака на суммарную массу.

Выполнение работы

03.07 - 1 итерация

1. GUI был спроектирован в Qt Designer.

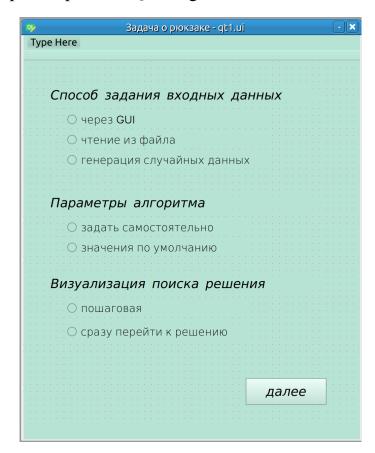


Рисунок 1 – Начальная настройка работы с алгоритмом

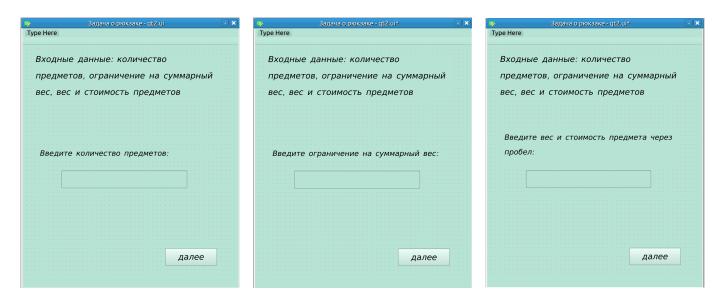


Рисунок 2 – Считывание входных данных

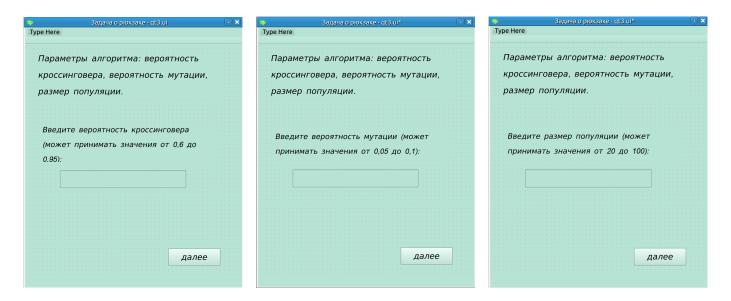


Рисунок 3 – Задание значений для работы алгоритма

2. Модификации генетического алгоритма

Выбор родителей будет происходить турнирным отбором, так метод рулетки с большей вероятностью сведётся к жадному алгоритму, что невыгодно для решения задачи о рюкзаке.

Формирование пар родителей будет производиться сначала по принципу аутбридинга, а в конце работы алгоритма глобальные экстремумы будут уточняться по принципу инбридинга.

Рекомбинация пар будет происходить при помощи однородного кроссинговера, так как данный способ гарантирует, что в строке-потомке будут чередоваться короткие строки особей-родителей.

Мутация для каждой полученной особи будет происходить самоадаптирующимся способом при помощи критерия расстояния, то есть вероятность мутации каждого гена потомка будет равна:

$$P_r(A,B) = M(A,B)M_m = (1-dist(A,B))M_m$$
, где $dist(A,B) = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \frac{a_i - b_i}{max_i - min_i}^d$, $d = 0,2$ и $M_m = 0,9$

Для отбора популяции будет использоваться отбор вытеснением, так как данный способ даёт возможность собрать наиболее разнообразный рюкзак, то есть находить несколько глобальных экстремумов, а также данный способ является наиболее надёжным.

В дальнейшем будет добавлена возможность выбора методов, на основе которых выполняется генетический алгоритм.

3. Метрики генетического алгоритма

Пользователю будет предоставлена возможность задавать метрики самостоятельно либо по умолчанию. В случае задания вероятности кроссинговера самостоятельно её значения должно варьироваться в пределе от 0.6 до 0.95, для мутации - от 0.005 до 0.01 (в случае выбора самоадаптирующейся мутации данный функционал пользователю недоступен), а размер популяции - от 20 до 100 особей. По умолчанию будут использованы следующие метрики: вероятность мутации равна 0.01 (не применимо для самоадаптирующейся мутации), вероятность кроссинговера равна 0.8, размер популяции равен 30 особям.

4. Описание структур данных для хранения

Чтобы хранить поданные в генетический алгоритм данные будет использоваться массив кортежей, в котором каждому предмету будет соответствовать кортеж (цена, вес).

Для хранения отдельной хромосомы будет использован тип str, который будет хранить двоичное число (1 - предмет взять в данном наборе, 0 - отсутствует). Популяция же будет состоять из списка строк. Также будет использоваться список, каждый элемент которого будет хранить кортеж вида - (суммарная стоимость генотипа, суммарный вес генотипа). Оба вышеоуказанных массива будут храниться в структуре, которая характеризует популяцию.

5. Стек технологий

Для реализации GUI будет использоваться библиотека PyQt, а для отрисовки графиков функции качества – Matplotlib.

6. Распределение ролей в бригаде

Студент Мусаев Артур ответственный за проектировку и хранение данных, студентка Демчук Полина ответственная за разработку GUI, студент Поршнев Роман ответственный за разработку архитектуры.

Заключение

01.07

На данной итерации были частично распределены роли, выбраны модификации и метрики работы алгоритма. Разработана макет GUI. Кроме того, была создана архитектура проекта.