

# **Sztuczna Inteligencja**

## Implementacja i badanie Algorytmów Ewolucyjnych

Weronika Babicz 234797

# Spis treści

<b>1</b>	<b>Implementacja</b>	<b>3</b>
1.1	Algorytmy nieewolucyjne . . . . .	3
1.1.1	Algorytm losowy . . . . .	3
1.1.2	Algorytm zachłanny . . . . .	3
1.2	Algorytm genetyczny . . . . .	3
1.2.1	Działanie algorytmu genetycznego . . . . .	3
<b>2</b>	<b>Badania wpływu poszczególnych parametrów na działanie algorytmu genetycznego</b>	<b>6</b>
2.1	Badanie wpływu operatorów selekcji . . . . .	6
2.2	Badanie wpływu operatorów mutacji . . . . .	11
2.3	Badanie wpływu liczby krzyżujących się osobników . . . . .	16
2.4	Badanie wpływu prawdopodobieństwa mutacji . . . . .	20
2.5	Badanie wpływu prawdopodobieństwa krzyżowania . . . . .	23
2.6	Badanie wpływu sposobu inicjalizacji . . . . .	26
2.7	Porównanie algorytmu genetycznego z metodami nieewolucyjnymi . . . . .	31
<b>3</b>	<b>Podsumowanie</b>	<b>33</b>

# 1 Implementacja

Zaimplementowane zostały trzy algorytmy rozwiązujące problem komiwojażera (ang. TSP - *Traveling Salesman Problem*). W każdym z nich korzysta się z pojęć:

1. Genotyp - uporządkowana kolekcja genów reprezentująca odwiedzone miasta w odpowiedniej kolejności.
2. Osobnik - obiekt, którego genotyp jest rozwiązaniem rozpatrywanego problemu.
3. Populacja - zbiór aktualnie żyjących osobników.
4. Przystosowanie - miara określająca przystosowanie osobnika w stosunku do innych osobników. W kontekście rozważanego problemu TSP przyjmuje się, że im osobnik ma mniejszą wartość przystosowania, tym jest lepszy wśród pozostałych osobników.

## 1.1 Algorytmy nieewolucyjne

Zaimplementowano dwa algorytmy nieewolucyjne w celu porównania ich rozwiązań z wynikami otrzymanymi po zastosowaniu algorytmu genetycznego.

### 1.1.1 Algorytm losowy

Algorytm losowy polega na inicjalizacji populacji o osobniki mające losowy genotyp. W kontekście rozpatrywanego problemu oznacza to, że odwiedzane są miasta w losowej kolejności. Wynikiem działania tego algorytmu jest otrzymanie najlepszego osobnika z takiej populacji.

### 1.1.2 Algorytm zachłanny

Algorytm zachłanny polega na inicjalizacji populacji o osobniki, których losowo wybierany jest pierwszy gen (reprezentujący miasto początkowe), a każdy kolejny odpowiada temu miastu, które znajduje się najbliżej aktualnego. Na koniec wybierany zostaje najlepszy osobnik z populacji.

## 1.2 Algorytm genetyczny

### 1.2.1 Działanie algorytmu genetycznego

Przedstawiony algorytm genetyczny działa zgodnie z poniższymi krokami:

#### 1 Inicjalizacja populacji

Inicjalizacja populacji może odbyć się na dwa sposoby, zgodnie z preferencjami użytkownika.

##### (a) Inicjalizacja losowa

Taka inicjalizacja działa w ten sam sposób, jak w przypadku algorytmu losowego - wypełniana jest populacja o losowe osobniki posiadające losowe genotypy.

##### (b) Inicjalizacja zachłanna

Inicjalizacja zachłanna wypełnia populację o zdefiniowane przez użytkownika  $n$  osobników w taki sam sposób, jak w przypadku algorytmu zachłannego. Dodatkowo zadbano, aby ta liczba  $n$  nie przekraczała całkowitej liczby miast, które należy odwiedzić, ponieważ zakłada się, że w tym momencie do populacji nie trafiają osobniki o takim samym genotypie. To znaczy, że na tym etapie populacja jest w pełni zróżnicowana.

## 2 Selekcja

Kolejnym krokiem działania algorytmu jest selekcja; wybór  $n$  osobników, które będą się krzyżować. Zaimplementowano trzy rozwiązania wyboru odpowiednich osobników:

(a) Turniej

Turniej opiera się na  $n$ -krotnym wyborze  $n$  losowych osobników z populacji i wyborze najlepszego z nich w każdej iteracji. W konsekwencji otrzymuje się  $n$  potencjalnie najlepszych (spośród tych sprawdzonych) osobników.

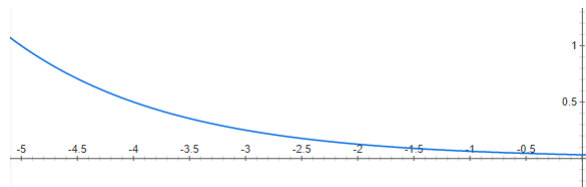
(b) Ruletka

Ruletka polega na przyporządkowaniu prawdopodobieństwa wyboru każdego osobnika bazując na jego wartości przystosowania. W implementacji wykorzystano do tego funkcję:

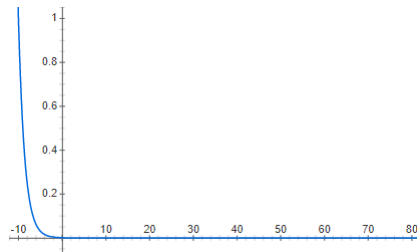
$$p(x) = 2^{-x+x_0},$$

gdzie  $x_0$  to punkt początkowy.

Miejsce osobnika na osi  $OX$  wybiera się korzystając z wartości jego przystosowania. Punkt  $x_0$  odwzorowuje najlepsze możliwe przystosowanie w danej populacji, a punkt  $x_0 + i$  (gdzie  $i$  to długość przedziału)- najgorsze przystosowanie. Na takiej osi umieszcza się osobnika w odpowiednim miejscu, bazując na jego wartości przystosowania. Kolejno, wartość prawdopodobieństwa wyboru tego osobnika odczytuje się z wykresu i odpowiada ono wartości funkcji w punkcie, w jakim umiejscowiono osobnika.



Powyższy wykres prezentuje wyżej opisaną funkcję prawdopodobieństwa. Tutaj  $x_0 = -5$ ,  $i = 5$ . Dla osobników o najlepszych przystosowaniach prawdopodobieństwo ich wyboru jest bliskie 1. Dla kolejnych, gorszych osobników prawdopodobieństwo szybko (i nieliniowo) spada, powodując, że krzyżować będą się lepsze osobniki, a te najslabsze będą w większości pomijane. Takie rozwiązanie prezentuje totalitaryzm, dlatego należy odpowiednio dobrać parametry  $x_0$  oraz  $i$ , z racji, iż wykres jest na nie bardzo wrażliwy.



Powyższy wykres przedstawia funkcję prawdopodobieństwa dla parametrów  $x_0 = -10$  oraz  $i = 90$ . Można łatwo zauważyć, że taka funkcja gwarantuje wybór tylko paru najlepszych osobników po kilka razy (implementacja dopuszcza sytuacje wyboru danego osobnika kilkukrotnie), co może prowadzić do zbyt małego zróżnicowania populacji, a w konsekwencji problemów ze znalezieniem lepszego rozwiązania.

### (c) Selekcja najlepszych

Selekcja najlepszych to rozwiązanie gwarantujące stuprocentowy elitaryzm, ponieważ zwracane jest dokładnie  $k$  (wcześniej określone przez użytkownika) najlepszych osobników z aktualnej populacji. Taka selekcja jest wykorzystana w późniejszym etapie działania algorytmu.

## 3 Krzyżowanie

Następnym krokiem działania algorytmu jest krzyżowanie  $n$  wcześniej wybranych osobników z odpowiednim prawdopodobieństwem. Zastosowano do tego operator *OX* - *Ordered Crossover*. Takie rozwiązanie łączy dwa osobniki tworząc potomny - polega na wyznaczeniu dwóch miejsc w genotypie jednego rodzica. Powstały podciąg genów jest przepisywany do genotypu potomka bez zmian, natomiast pozostałe geny w genotypie są uzupełniane kolejnymi genami drugiego rodzica.

## 4 Dopełnienie populacji

Po krzyżowaniu populacja jest uzupełniana do ich podanej przez użytkownika konkretnej liczby. W konsekwencji na przestrzeni wszystkich pokoleń populacja ma taki sam rozmiar, a algorytm dopełnia ją głównie o losowe kopie osobników z poprzedniej populacji. Dla ulepszenia działania algorytmu zdecydowano także na przeprowadzenie jeszcze jednej selekcji. Na tym etapie wybierane jest kilka (jest to zwykle 0.1% całej populacji) bezwzględnie najlepszych osobników z poprzedniego pokolenia, a następnie uzupełnienia się aktualną populację o ich kopie. Dzięki takiemu rozwiązaniu algorytm nie pozwala wymrzeć najlepszym osobnikom, ale jednocześnie przy odpowiednim doborze liczby tych najlepszych osobników sprawia, że nie doświadcza się zbyt dużego elitaryzmu.

## 5 Mutacja

W kolejnym etapie aktualna populacja jest mutowana z odpowiednim prawdopodobieństwem. W implementacji wykorzystano dwa rodzaje mutacji:

### (a) Mutacja przez zmianę dwóch genów miejscami

Taka mutacja polega na losowym wyborze dwóch genów w genotypie osobnika i zamianie ich miejscami.

### (b) Mutacja przez inwersję

Mutacja przez inwersję polega na losowym wyborze dwóch genów w genotypie i odwróceniu kolejności powstałego podciągu genów.

## 6 Aktualizacja najlepszego osobnika

Ostatnim etapem działania algorytmu jest aktualizacja najlepszego rozwiązania; porównywane jest przystosowanie przechowywanego dotychczasowego najlepszego osobnika z przystosowaniem najlepszego osobnika w nowo powstałej populacji. Jeśli przystosowanie tego drugiego jest lepsze - wówczas on jest uznawany za najlepszego.

## 2 Badania wpływu poszczególnych parametrów na działanie algorytmu genetycznego

Wszystkie badania zostaną przeprowadzone na trzech plikach:

1. kroA100
2. kroA150
3. kroA200

### 2.1 Badanie wpływu operatorów selekcji

#### 1 Cel badania

Badanie ma na celu porównanie zaimplementowanych algorytmów selekcji, co umożliwi wybór najlepszego. Z racji, iż selekcja najlepszych osobników przeznaczona jest jedynie do przekazania małego procentu najlepszych osobników do kolejnej populacji, badania będą przeprowadzane tylko dla Turnieju i Ruletki - jako tych będących istotą działania selekcji w punkcie *Działanie algorytmu genetycznego*.

#### 2 Stałe w badaniu

Tabela 1: Stałe w badaniu wpływu operatorów selekcji

Parametr	Wartość
Prawdopodobieństwo krzyżowania	0.9
Prawdopodobieństwo mutacji	0.2
Liczba pokoleń	1000
Rozmiar populacji	1500
Liczba krzyżujących się osobników	400
Ułamek najlepszych osobników przekazywanych do następnego pokolenia	0.001
Punkt startowy w funkcji prawdopodobieństwa dla Ruletki	-5
Długość przedziału w funkcji prawdopodobieństwa dla Ruletki	100
Inicjalizacja	Random
Krzyżowanie	Ordered
Mutacja	Iversion

#### 3 Zmienne w badaniu

Tabela 2: Zmienne w badaniu wpływu operatorów selekcji

Parametr	Wartość
Selekcja	Turniej Ruletka

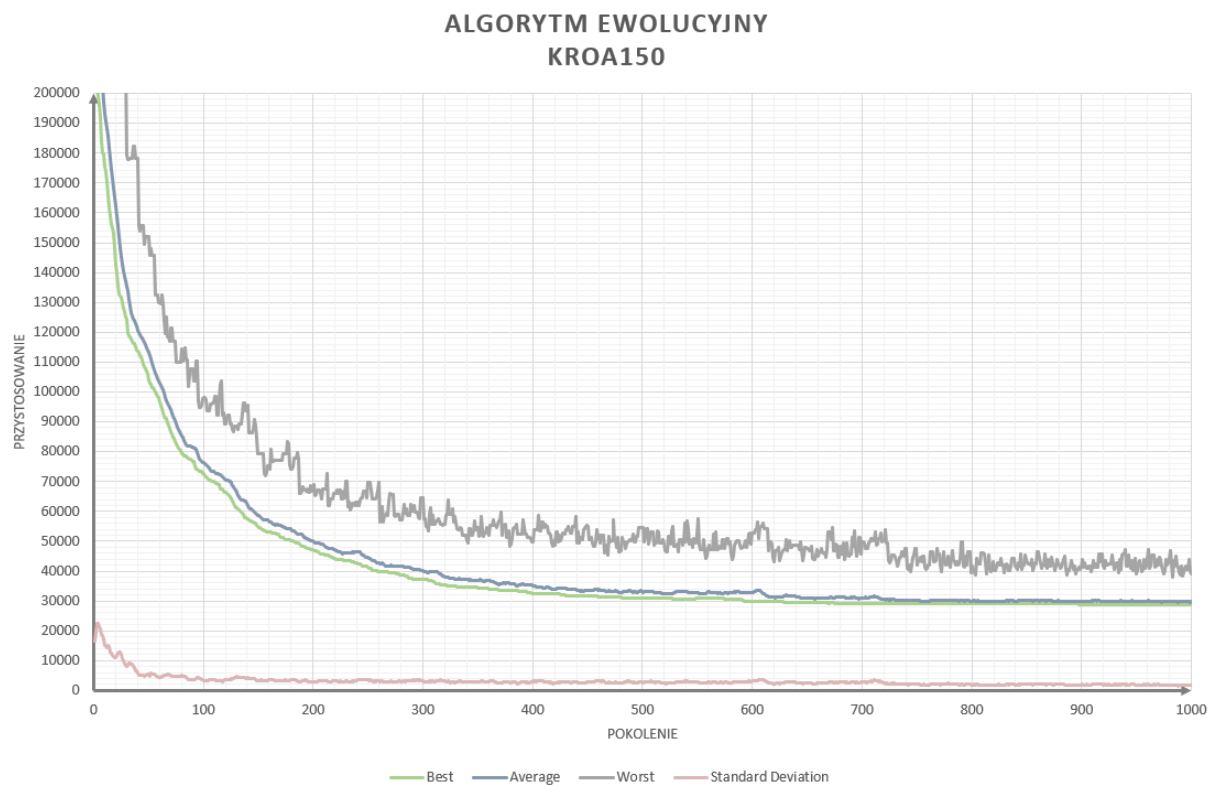
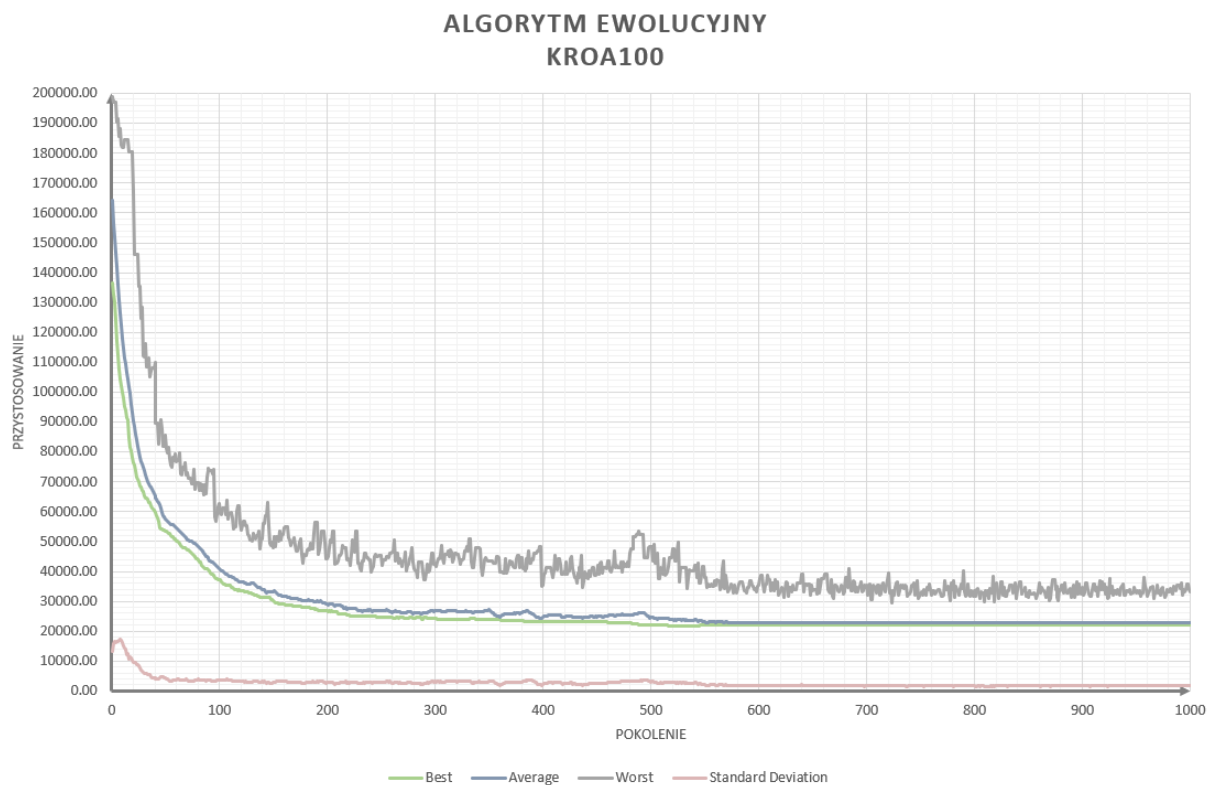
## 4 Przebieg badania

Badanie przeprowadzono dla zadanych parametrów, a następnie zgromadzono wyniki w pliku, na podstawie którego możliwe było wykreślenie wykresów obrazujących zmiany w populacji na przestrzeni wszystkich generacji.

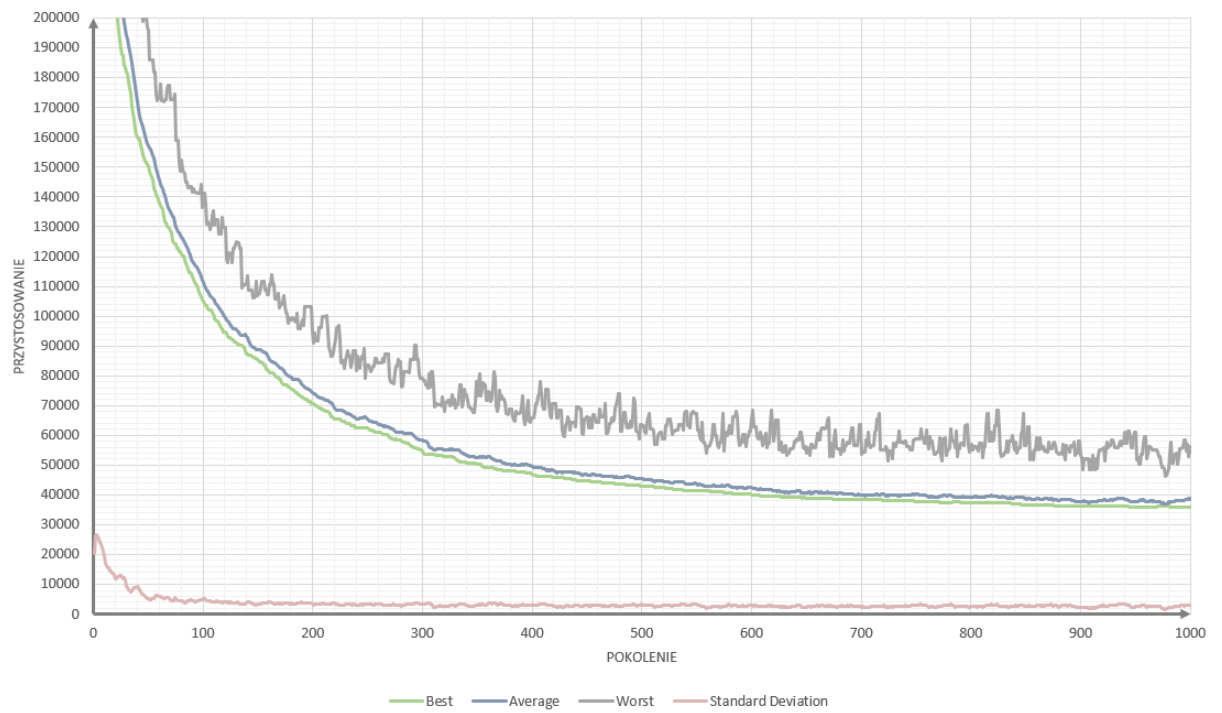
## 5 Wyniki

Wyniki prezentują się następująco:

(a) Ruletka

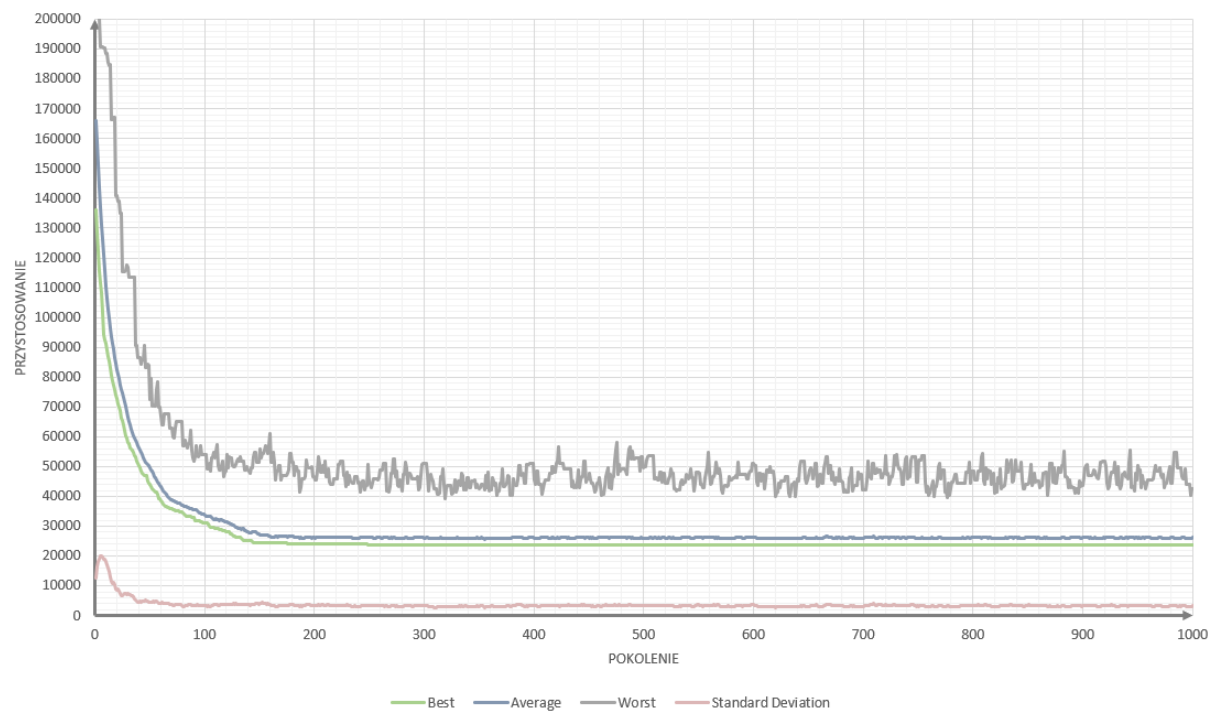


## ALGORYTM EWOLUCYJNY KROA200



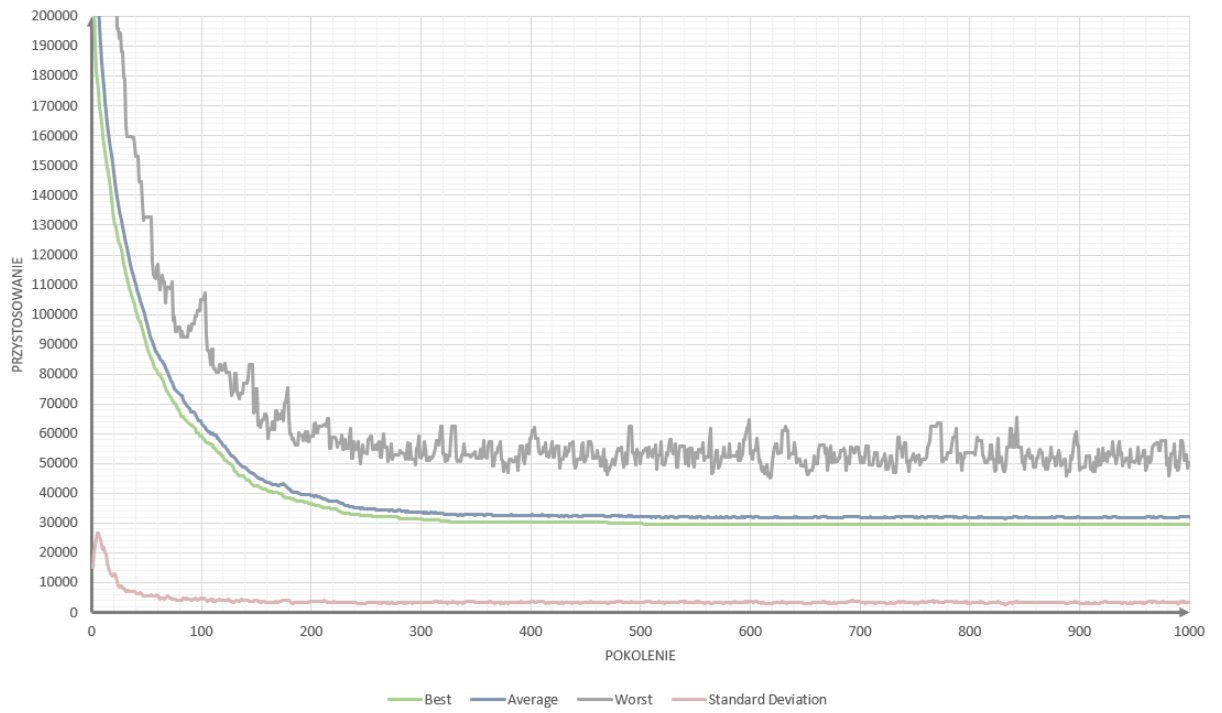
(b) Turniej

## ALGORYTM EWOLUCYJNY KROA100

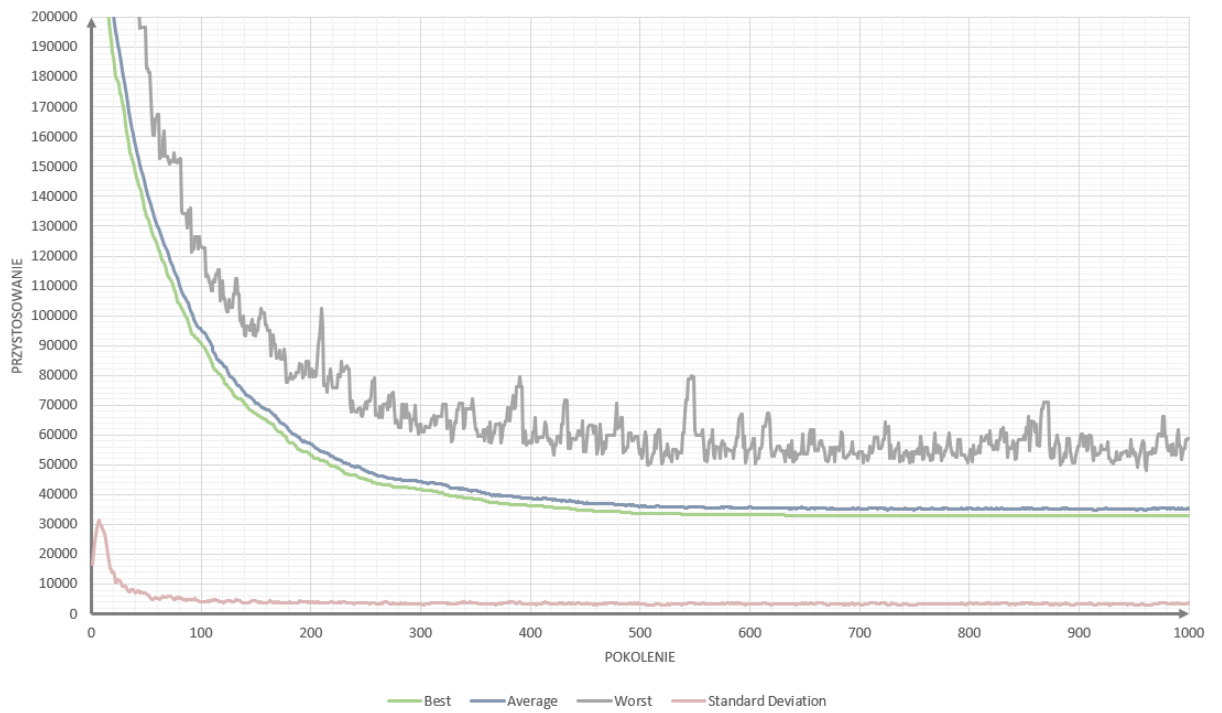




## ALGORYTM EWOLUCYJNY KROA150



## ALGORYTM EWOLUCYJNY KROA200



*Tabela 3:* Wartości przystosowania w ostatnim pokoleniu

Plik	Operator	Przystosowanie			
		Najlepsze	Średnie	Najgorsze	Odchylenie stand.
kroA100	Ruletka	21856	22612	32538	1680
	Turniej	23906	26134	42585	3242
kroA150	Ruletka	28914	29696	39058	1651
	Turniej	29725	31938	49639	3405
kroA200	Ruletka	31716	37608	71012	5059
	Turniej	32968	35305	58694	3629

## 6 Wnioski

Badanie wykazało przewagę ruletki nad turniejem oceniając końcowe rezultaty. Należy zauważyć jednak, że działanie algorytmu z użyciem turnieju jako operatora selekcji gwarantuje bardziej płynne ewoluowanie osobników. Dodatkowo w początkowej fazie (100-200 pokolenie) odrobinę szybciej znajdowane jest lepsze rozwiązanie.

Jest to spowodowane tym, że turniej szybko przesiewa najgorsze osobniki - wybierane są najlepsze z aktualnego zbioru. Taki przykład świetnie obrazuje zalety oraz wady elitaryzmu. Szybciej otrzymuje się lepsze rozwiązanie, jednak z racji zbyt małego zróżnicowania populacji algorytm nie jest w stanie znaleźć najlepszego rozwiązania.

Z uwagi na powyższe, w dalszych badaniach jako operator selekcji będzie wykorzystana ruletka.

## 2.2 Badanie wpływu operatorów mutacji

### 1 Cel badania

Badanie ma na celu porównanie zaimplementowanych algorytmów mutacji, co umożliwi wybór lepszego z nich.

### 2 Stałe w badaniu

Tabela 4: Stałe w badaniu wpływu operatorów mutacji

Parametr	Wartość
Prawdopodobieństwo krzyżowania	0.9
Prawdopodobieństwo mutacji	0.2
Liczba pokoleń	1000
Rozmiar populacji	1500
Liczba krzyżujących się osobników	400
Ułamek najlepszych osobników przekazywanych do następnego pokolenia	0.001
Punkt startowy w funkcji prawdopodobieństwa dla Ruletki	-5
Długość przedziału w funkcji prawdopodobieństwa dla Ruletki	100
Inicjalizacja	Random
Selekcja	Roulette
Krzyżowanie	Ordered

### 3 Zmienne w badaniu

Tabela 5: Zmienne w badaniu wpływu operatorów mutacji

Parametr	Wartość
Mutacja	Zamiana Inwersja

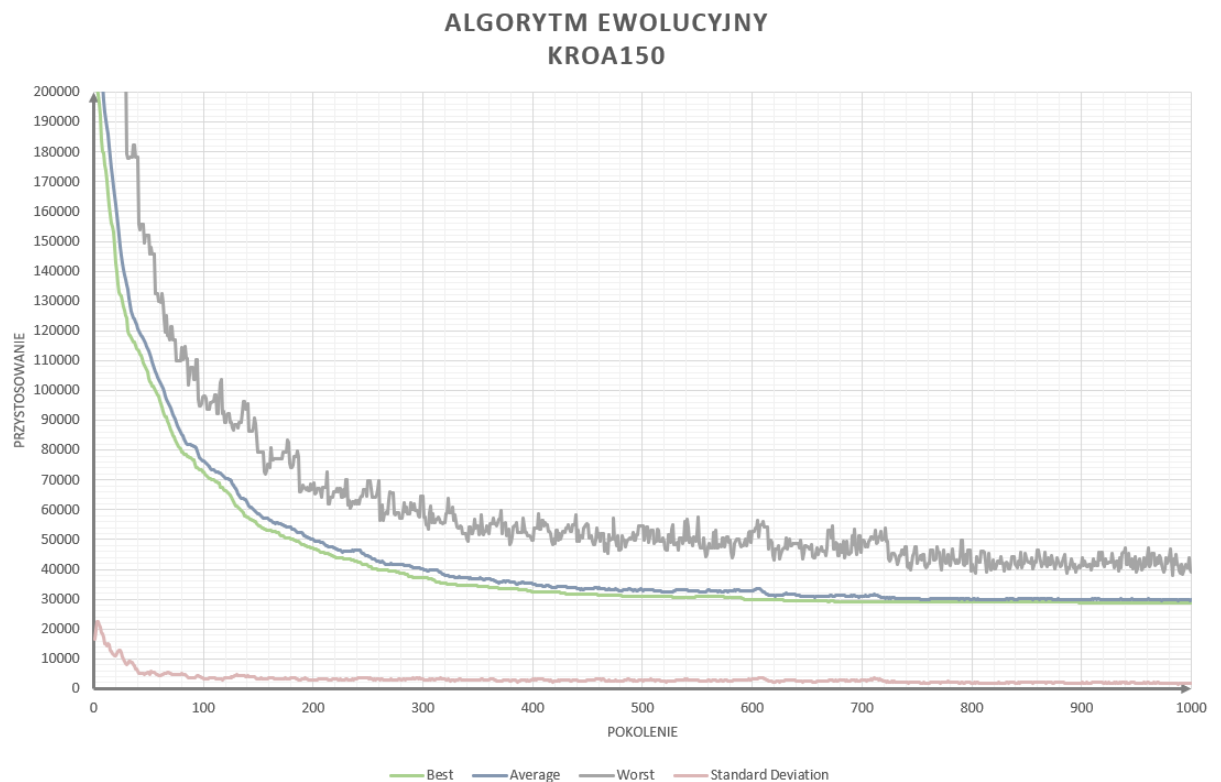
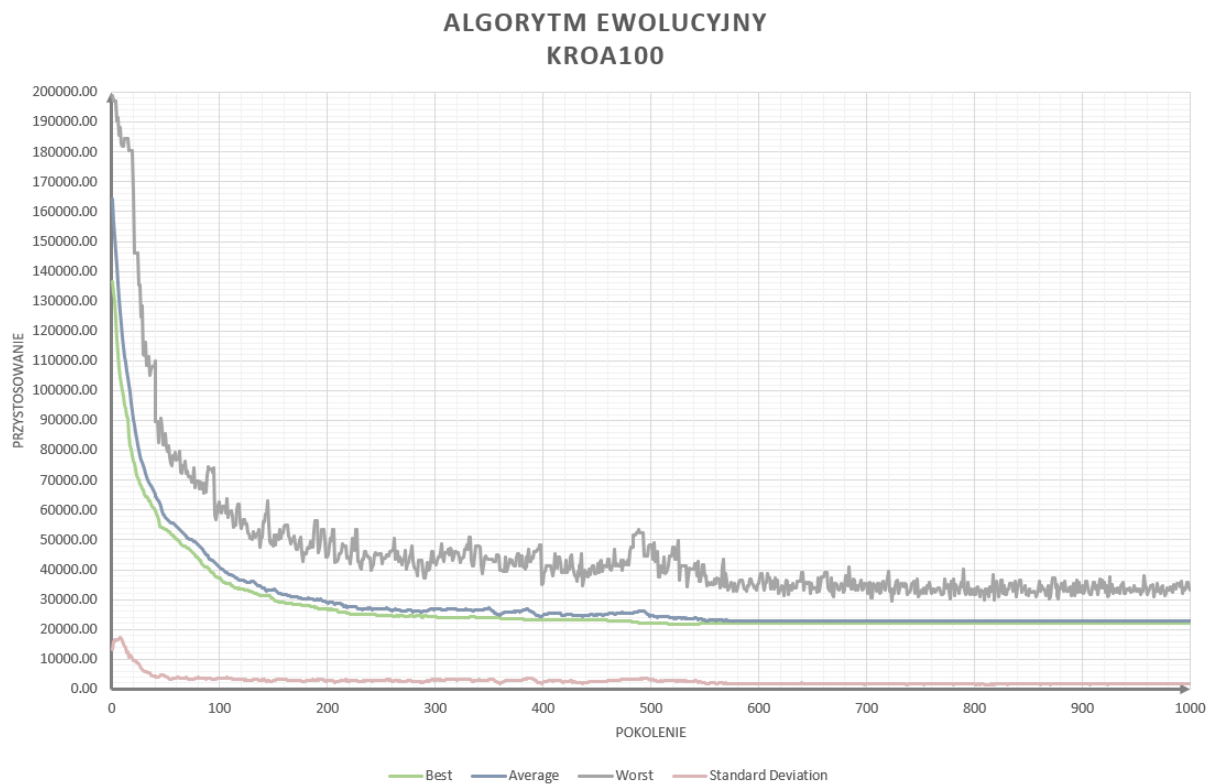
### 4 Przebieg badania

Badanie przeprowadzono dla zadanych parametrów, a następnie zgromadzono wyniki w pliku, na podstawie którego możliwe było wykreślenie wykresów obrazujących zmiany w populacji na przestrzeni wszystkich generacji.

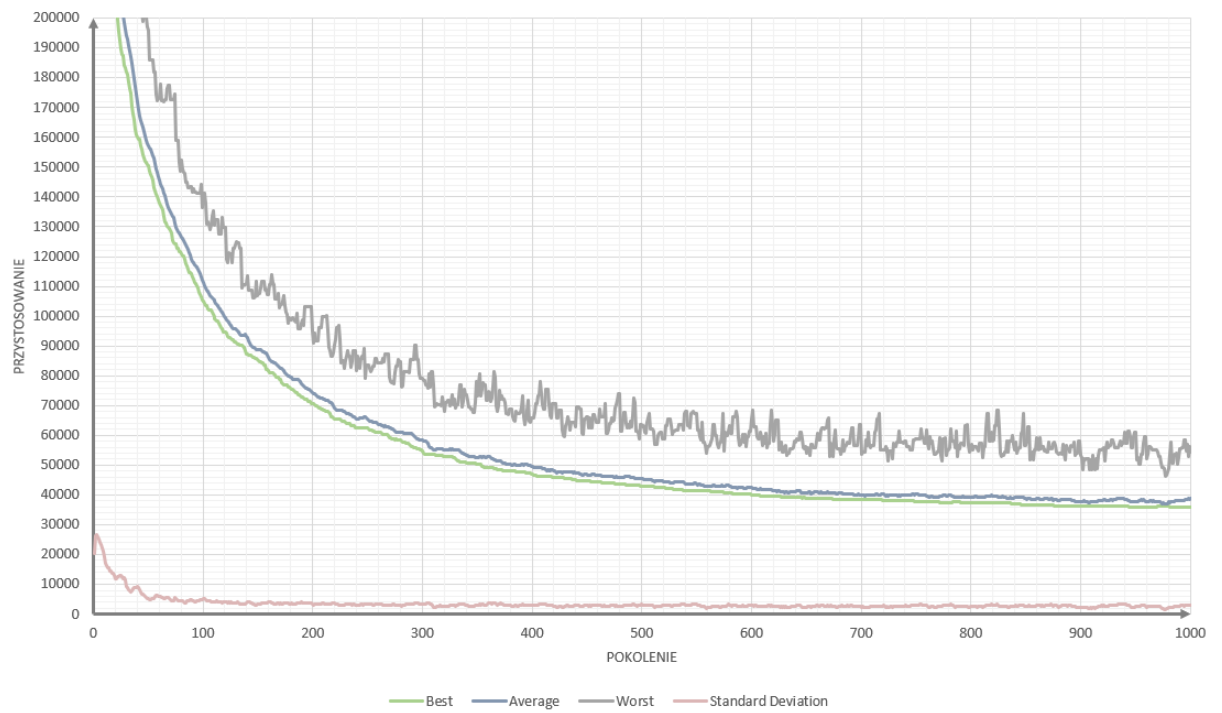
## 5 Wyniki

Wyniki prezentują się następująco:

(a) Inwersja

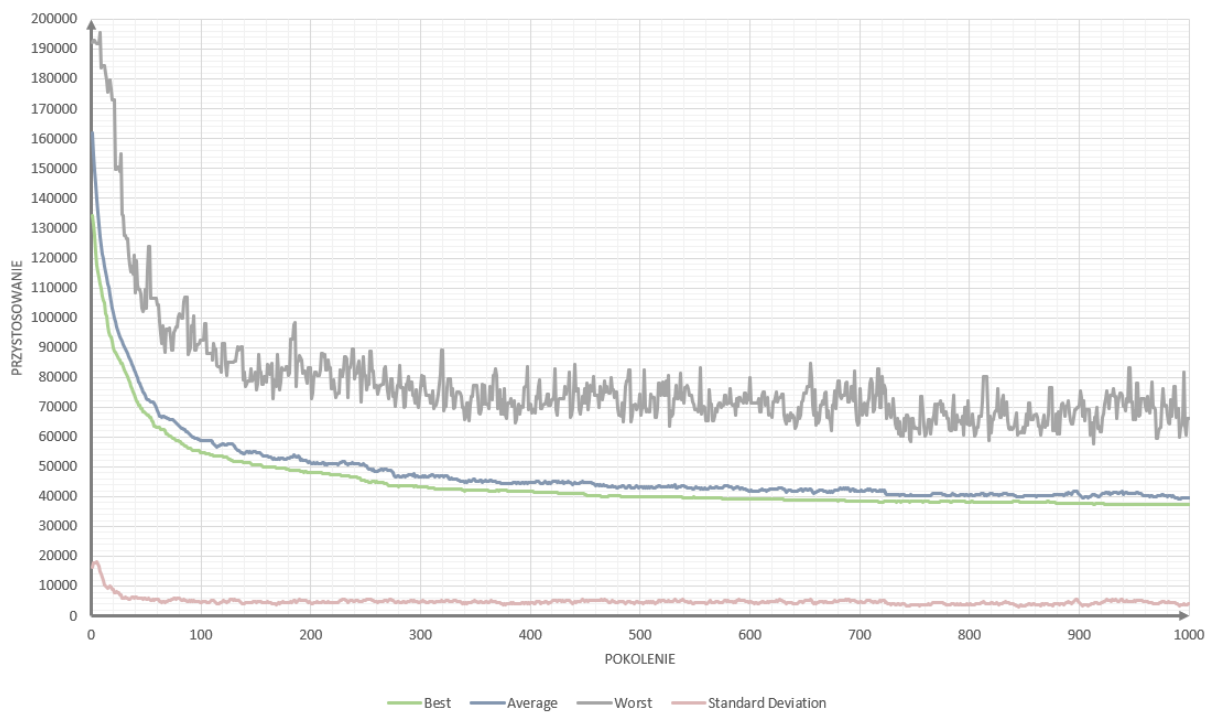


## ALGORYTM EWOLUCYJNY KROA200

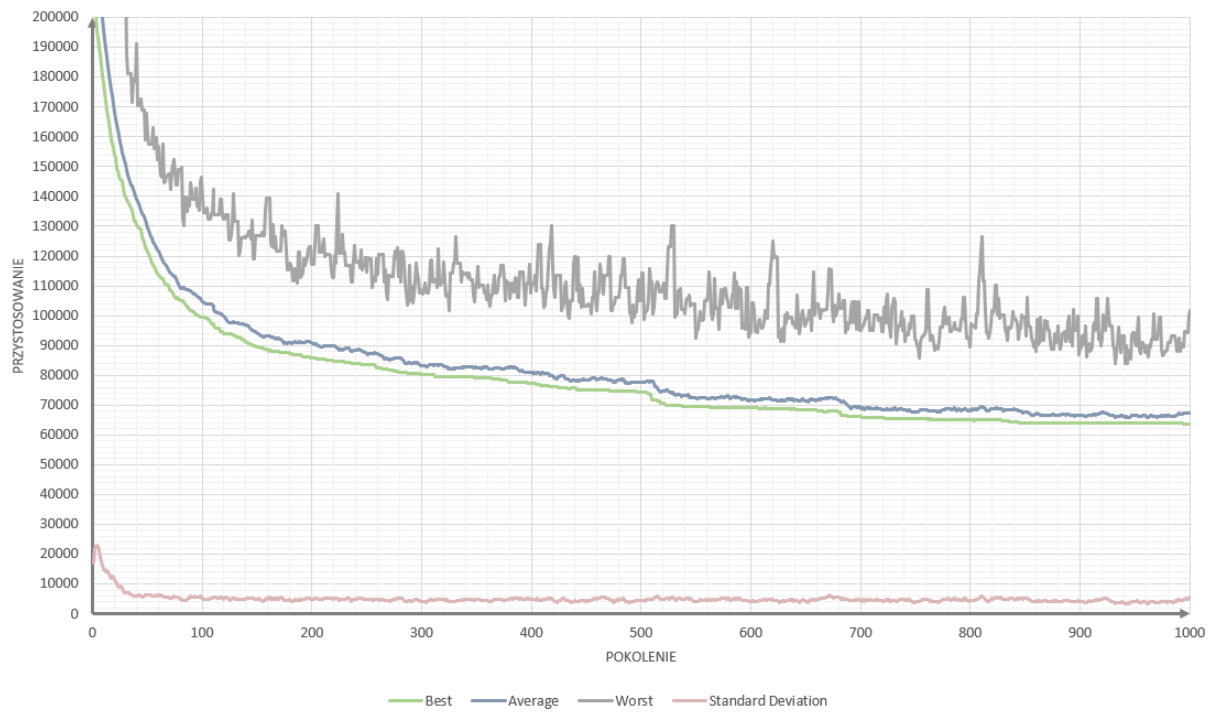


(b) Zamiana

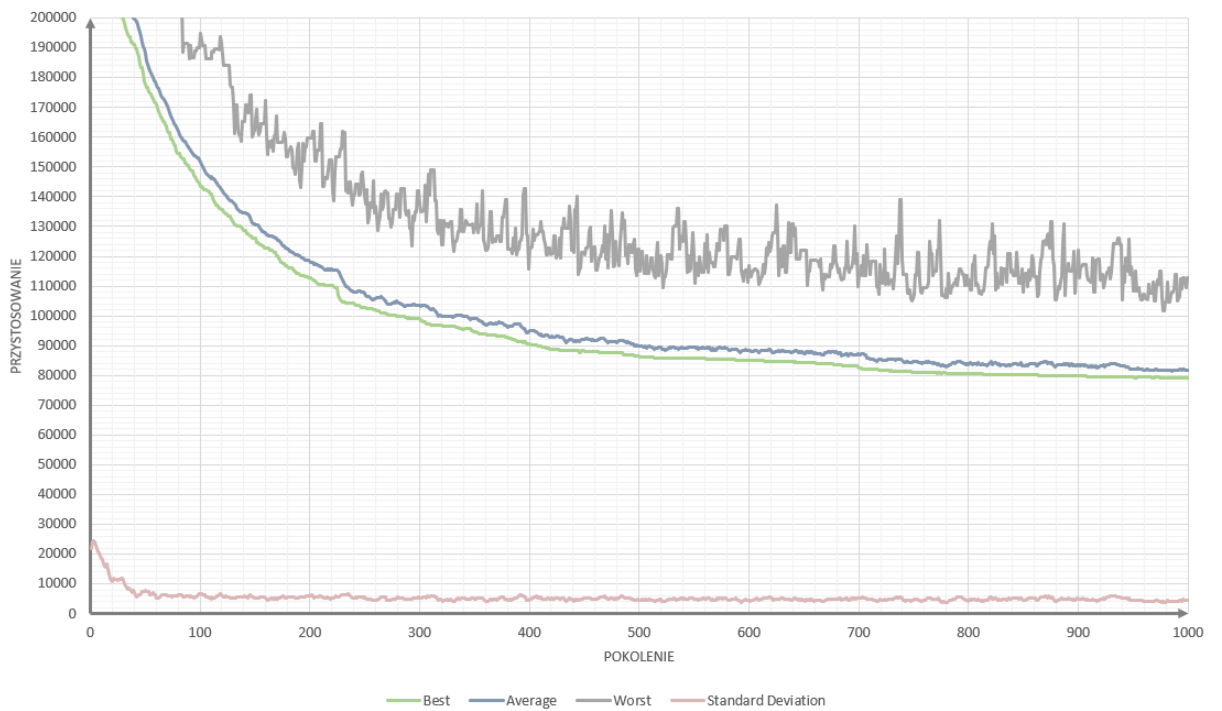
## ALGORYTM EWOLUCYJNY KROA100



## ALGORYTM EWOLUCYJNY KROA150



## ALGORYTM EWOLUCYJNY KROA200



*Tabela 6:* Wartości przystosowania w ostatnim pokoleniu

Plik	Operator	Przystosowanie			
		Najlepsze	Średnie	Najgorsze	Odchylenie stand.
kroA100	Inwersja	21856	22612	32538	1680
	Zamiana	37481	39759	66106	4064
kroA150	Inwersja	28914	29696	39058	1651
	Zamiana	63824	67433	101825	5520
kroA200	Inwersja	31716	37608	71012	5059
	Zamiana	79222	81821	112618	4579

## 6 Wnioski

Badanie wykazało znaczną przewagę inwersji nad zamianą.

Jest to spowodowane tym, że mutacja poprzez inwersję jest bardziej skomplikowana w kontekście zróżnicowania genów. Zamiana nie zapewnia wystarczającej różnorodności w genotypie, co przekłada się na niedostatecznie odmienne osobniki, a to z kolei na niemożność znalezienia lepszego rozwiązania.

Z uwagi na powyższe, w dalszych badaniach jako operator mutacji będzie wykorzystana inwersja.

## 2.3 Badanie wpływu liczby krzyżujących się osobników

### 1 Cel badania

Badanie ma na celu porównanie działania wyników generowanych przez algorytm genetyczny w oparciu o różną liczbę krzyżujących się osobników.

### 2 Stałe w badaniu

Tabela 7: Stałe w badaniu wpływu liczby krzyżujących się osobników

Parametr	Wartość
Prawdopodobieństwo krzyżowania	0.9
Prawdopodobieństwo mutacji	0.2
Liczba pokoleń	1000
Rozmiar populacji	1500
Ułamek najlepszych osobników przekazywanych do następnego pokolenia	0.001
Punkt startowy w funkcji prawdopodobieństwa dla Ruletki	-5
Długość przedziału w funkcji prawdopodobieństwa dla Ruletki	100
Inicjalizacja	Random
Selekcja	Roulette
Krzyżowanie	Ordered
Mutacja	Inversion

### 3 Zmienne w badaniu

Tabela 8: Zmienne w badaniu liczby krzyżujących się osobników

Parametr	Wartość
Liczba krzyżujących się osobników	100
	200
	400
	600
	800

### 4 Przebieg badania

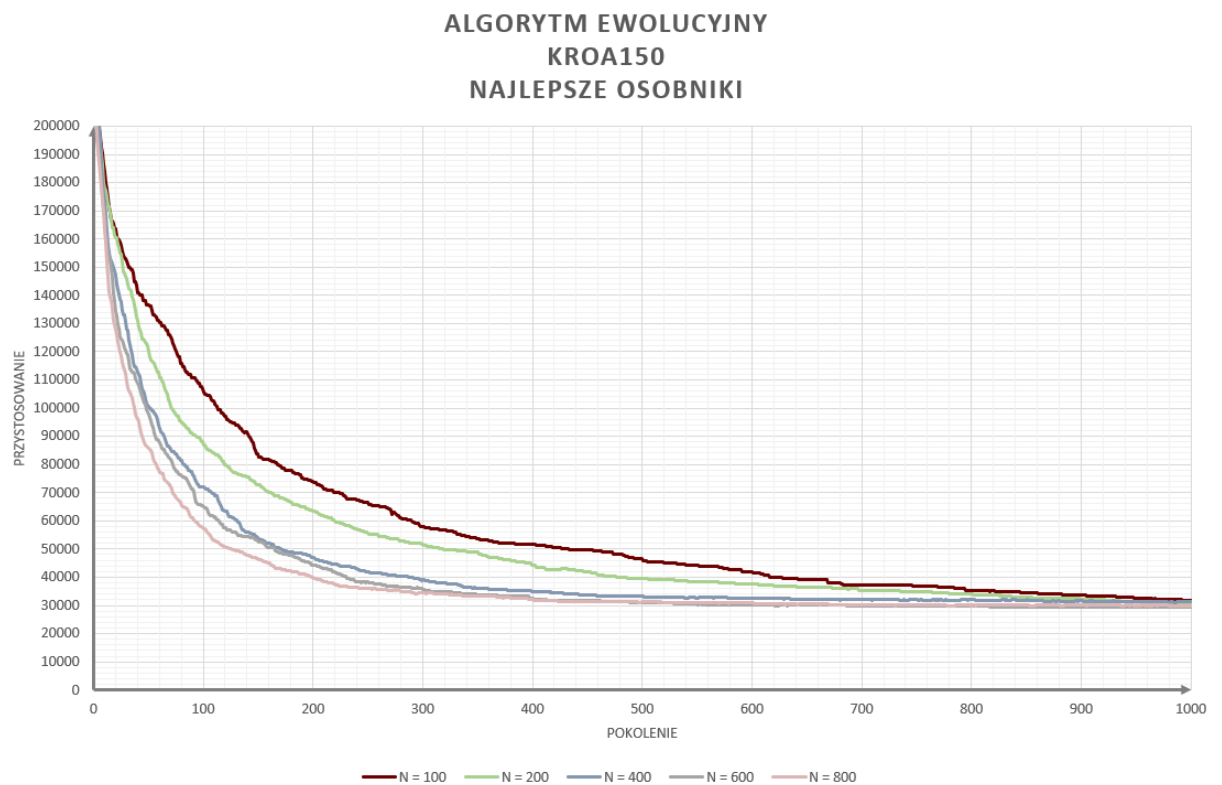
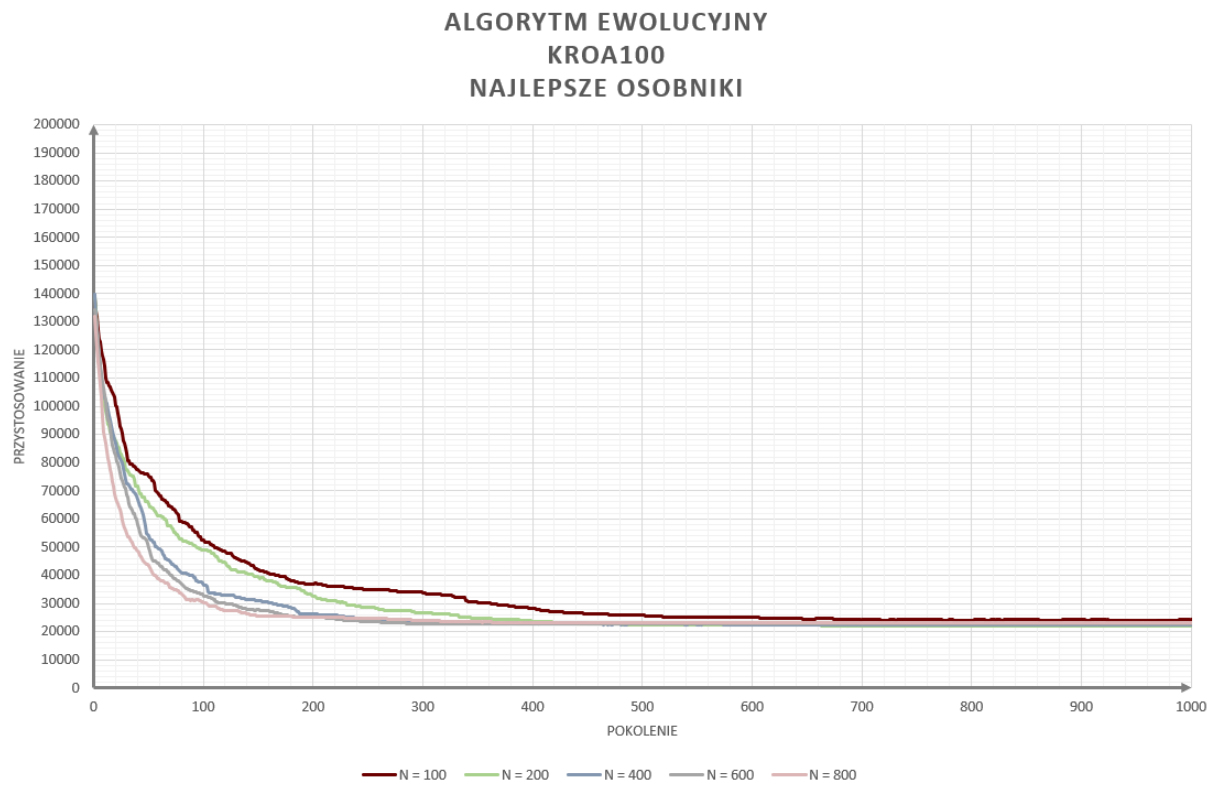
Badanie przeprowadzono dla zadanych parametrów, a następnie zgromadzono wyniki w pliku, na podstawie którego możliwe było wykreślenie wykresów obrazujących zmiany w populacji na przestrzeni wszystkich generacji.



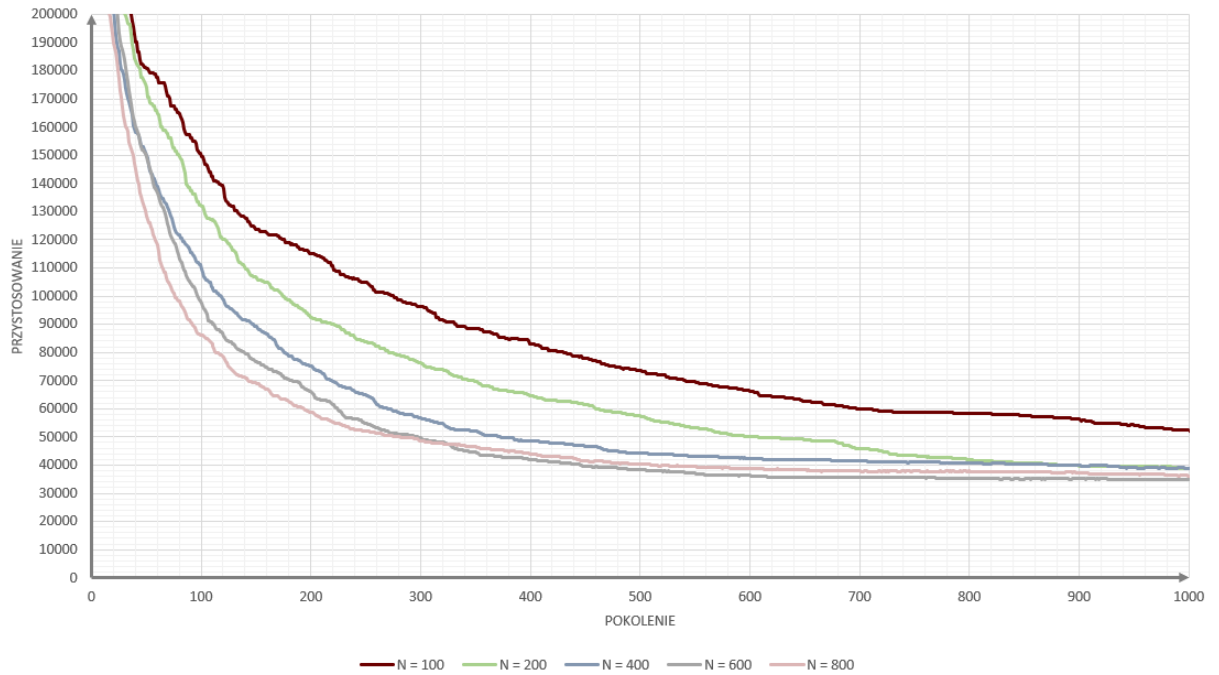
## 5 Wyniki

Wyniki prezentują się następująco:

(a) Wybrane N



**ALGORYTM EWOLUCYJNY  
KROA200  
NAJLEPSZE OSOBNIKI**



(b) Zestawienie

*Tabela 9: Wartości przystosowania w ostatnim pokoleniu*

Plik	Liczba N	Przystosowanie			
		Najlepsze	Średnie	Najgorsze	Odchylenie stand.
kroA100	100	24150	25449	37527	2271
	200	21965	22766	32182	1695
	400	21856	22612	32538	1680
	600	22706	23506	33049	1649
	800	23300	24144	36075	1771
kroA150	100	31760	36485	57043	4378
	200	30628	34546	55126	4460
	400	28914	29696	39058	1651
	600	29446	30632	41748	2072
	800	29939	30655	41102	1495
kroA200	100	52259	54945	79360	3642
	200	38891	42385	63631	4152
	400	31716	37608	71012	5059
	600	34930	35989	48466	1941
	800	36258	37178	47537	1704

## 6 Wnioski

Badanie pokazuje wrażliwość algorytmu na liczbę krzyżujących się osobników. Jeżeli ta liczba jest zbyt mała - populacja zbyt wolno ewoluuje, przez niewystarczające zróżnicowanie osobników rozwiązanie zbiega do optymalnego w zbyt wolnym tempie. W tym przypadku dla  $N = 100$  algorytm nie zdążył znaleźć najlepszego rozwiązania na przestrzeni aż 1000 pokoleń.

Wraz ze wzrostem obserwuje się lepsze rezultaty. Dzieje się tak, ponieważ zwiększając liczbę reprodukujących się osobników zwiększa się prawdopodobieństwo znalezienia lepszego osobnika w każdej kolejnej populacji.

## 2.4 Badanie wpływu prawdopodobieństwa mutacji

### 1 Cel badania

Badanie ma na celu porównanie wyników na przestrzeni zmian prawdopodobieństwa mutacji.

### 2 Stałe w badaniu

Tabela 10: Stałe w badaniu wpływu prawdopodobieństwa mutacji

Parametr	Wartość
Prawdopodobieństwo krzyżowania	0.9
Liczba pokoleń	1000
Rozmiar populacji	1500
Liczba krzyżujących się osobników	400
Ułamek najlepszych osobników przekazywanych do następnego pokolenia	0.001
Punkt startowy w funkcji prawdopodobieństwa dla Ruletki	-5
Długość przedziału w funkcji prawdopodobieństwa dla Ruletki	100
Inicjalizacja	Random
Selekcja	Roulette
Krzyżowanie	Ordered
Mutacja	Inversion

### 3 Zmienne w badaniu

Tabela 11: Zmienne w badaniu prawdopodobieństwa mutacji

Parametr	Wartość
Prawdopodobieństwo mutacji	0.1
	0.2
	0.4

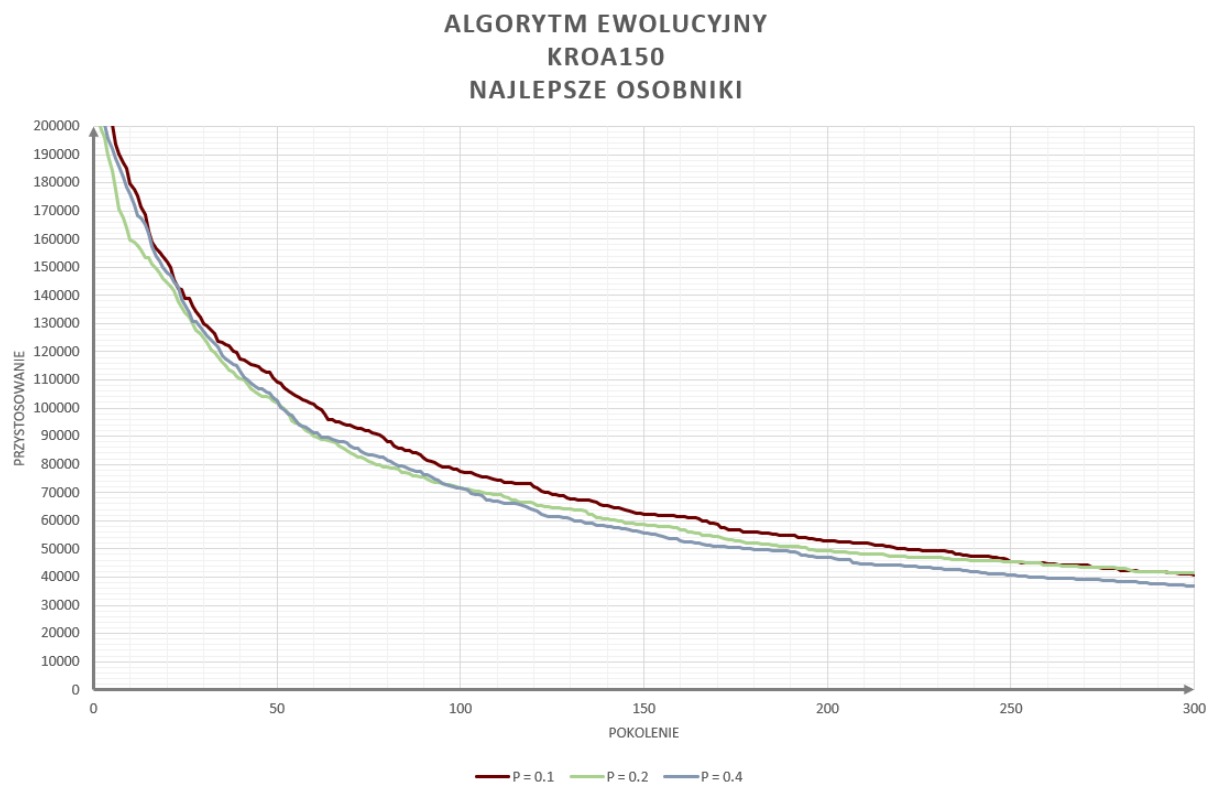
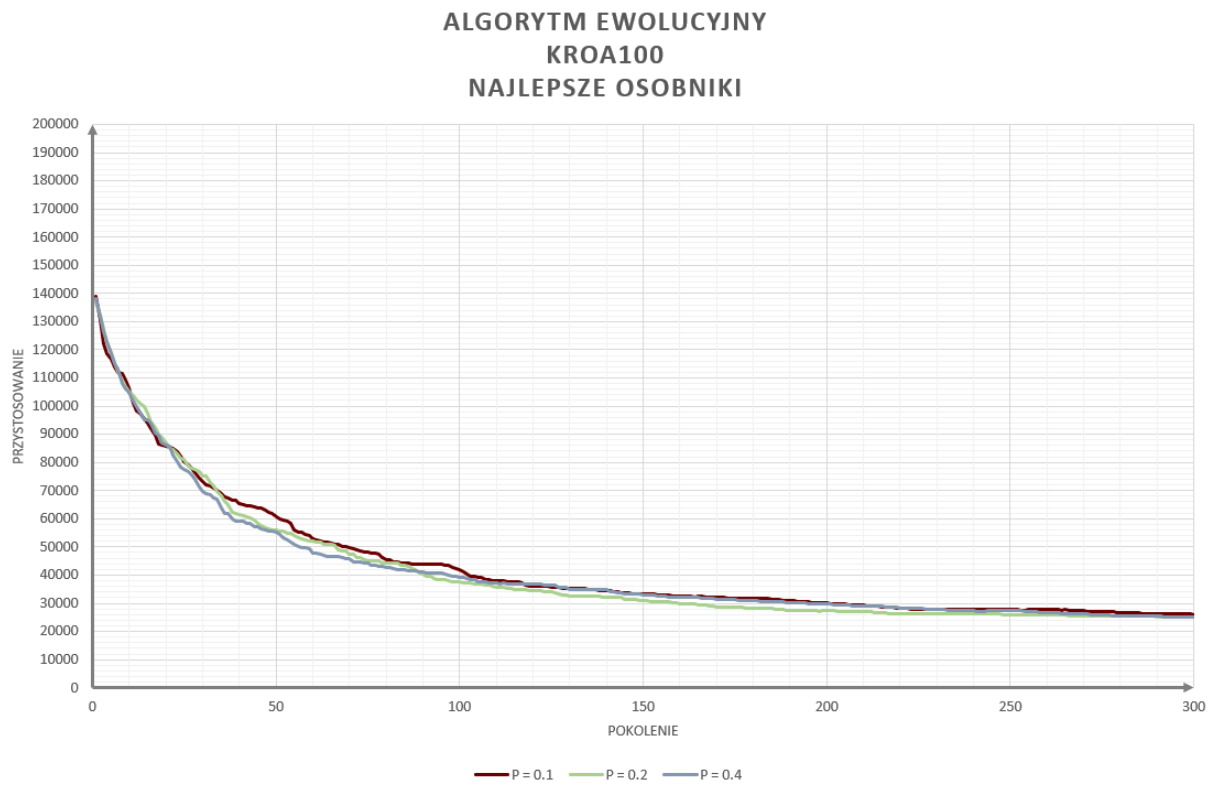
### 4 Przebieg badania

Badanie przeprowadzono dla zadanych parametrów, a następnie zgromadzono wyniki w pliku, na podstawie którego możliwe było wykreślenie wykresów obrazujących zmiany w populacji na przestrzeni wszystkich generacji.

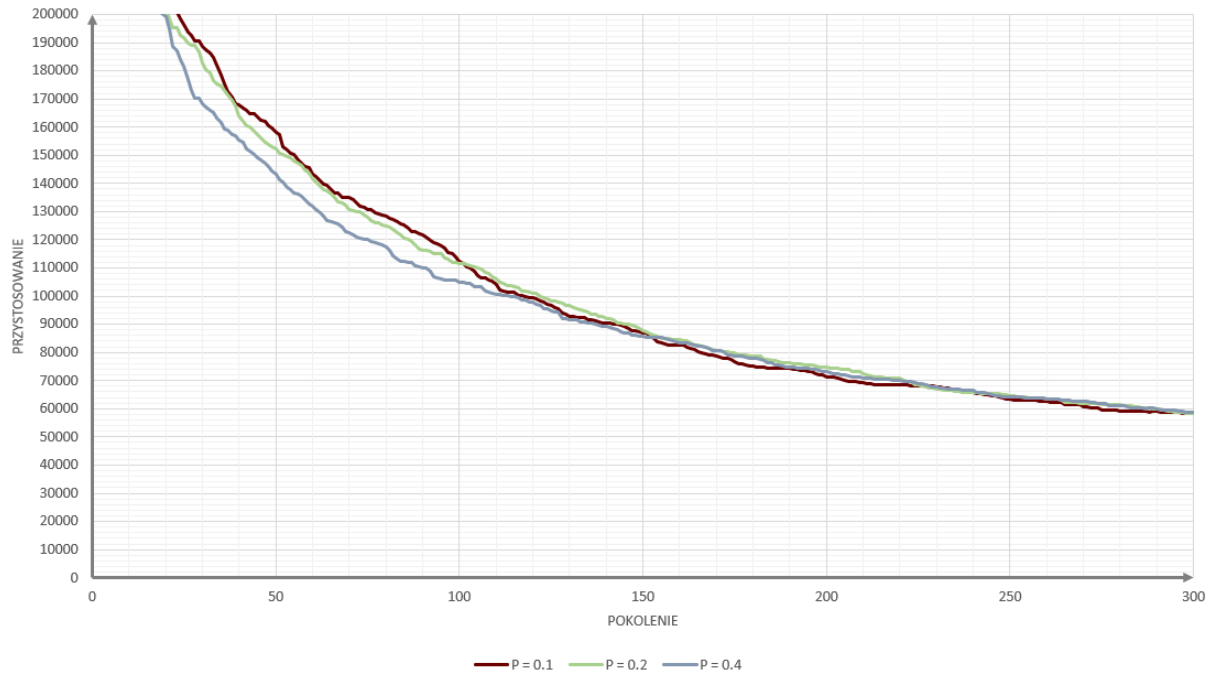
## 5 Wyniki

Wyniki prezentują się następująco:

(a) Wybrane prawdopodobieństwa



**ALGORYTM EWOLUCYJNY  
KROA200  
NAJLEPSZE OSOBNIKI**



(b) Zestawienie

*Tabela 12:* Wartości przystosowania w ostatnim pokoleniu

Plik	Prawd.	Przystosowanie			
		Najlepsze	Średnie	Najgorsze	Odchylenie stand.
kroA100	0.1	23599	23950	33788	1128
	0.2	21856	22612	32538	1680
	0.4	22153	25852	47189	4223
kroA150	0.1	30177	31059	41969	1714
	0.2	28914	29696	39058	1651
	0.4	29306	32665	61291	3970
kroA200	0.1	37540	38599	51340	2030
	0.2	31716	37608	71012	5059
	0.4	33727	36485	58365	3333

## 6 Wnioski

Badanie wskazuje na wrażliwość działania algorytmu w oparciu o prawdopodobieństwo mutacji. W początkowych pokoleniach zauważa się lepszą efektywność przy większym prawdopodobieństwie mutacji. Jest to spowodowane tym, że w pierwszych pokoleniach stosunkowo łatwo jest znaleźć lepszego osobnika, a częstsze ich mutowanie doskonale temu sprzyja. W kolejnych pokoleniach zależność ta zanika, a wyniki niemalże się pokrywają.

Najlepszą skuteczność otrzymuje się dla większych prawdopodobieństw, gdyż w prezentowanym rozwiązaniu opartym na elitaryzmie niezwykle kluczowe są operacje zapewniające zróżnicowanie populacji.

## 2.5 Badanie wpływu prawdopodobieństwa krzyżowania

### 1 Cel badania

Badanie ma na celu porównanie wyników na przestrzeni zmian prawdopodobieństwa krzyżowania.

### 2 Stałe w badaniu

Tabela 13: Stałe w badaniu wpływu prawdopodobieństwa krzyżowania

Parametr	Wartość
Prawdopodobieństwo mutacji	0.4
Liczba pokoleń	1000
Rozmiar populacji	1500
Liczba krzyżujących się osobników	800
Ułamek najlepszych osobników przekazywanych do następnego pokolenia	0.001
Punkt startowy w funkcji prawdopodobieństwa dla Ruletki	-5
Długość przedziału w funkcji prawdopodobieństwa dla Ruletki	100
Inicjalizacja	Random
Selekcja	Roulette
Krzyżowanie	Ordered
Mutacja	Inversion

### 3 Zmienne w badaniu

Tabela 14: Zmienne w badaniu prawdopodobieństwa krzyżowania

Parametr	Wartość
Prawdopodobieństwo krzyżowania	0.8
	0.9
	0.95

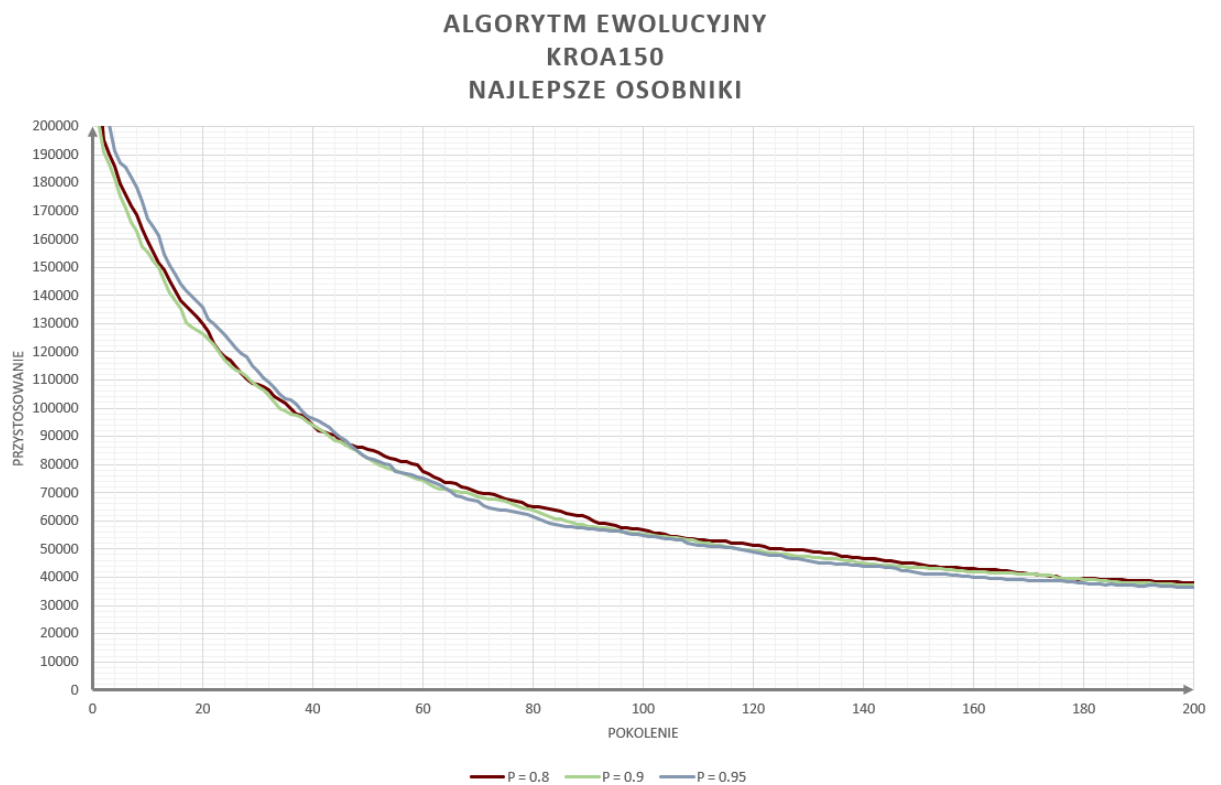
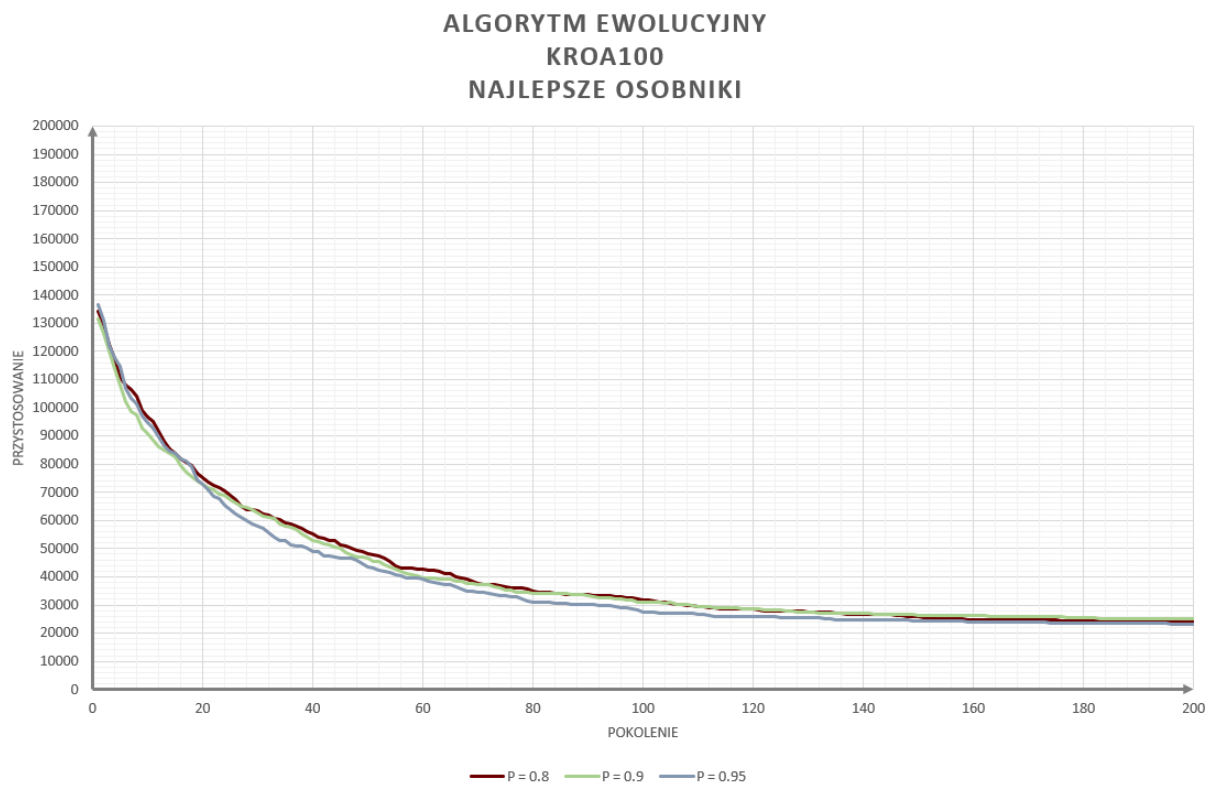
### 4 Przebieg badania

Badanie przeprowadzono dla zadanych parametrów, a następnie zgromadzono wyniki w pliku, na podstawie którego możliwe było wykreślenie wykresów obrazujących zmiany w populacji na przestrzeni wszystkich generacji.

## 5 Wyniki

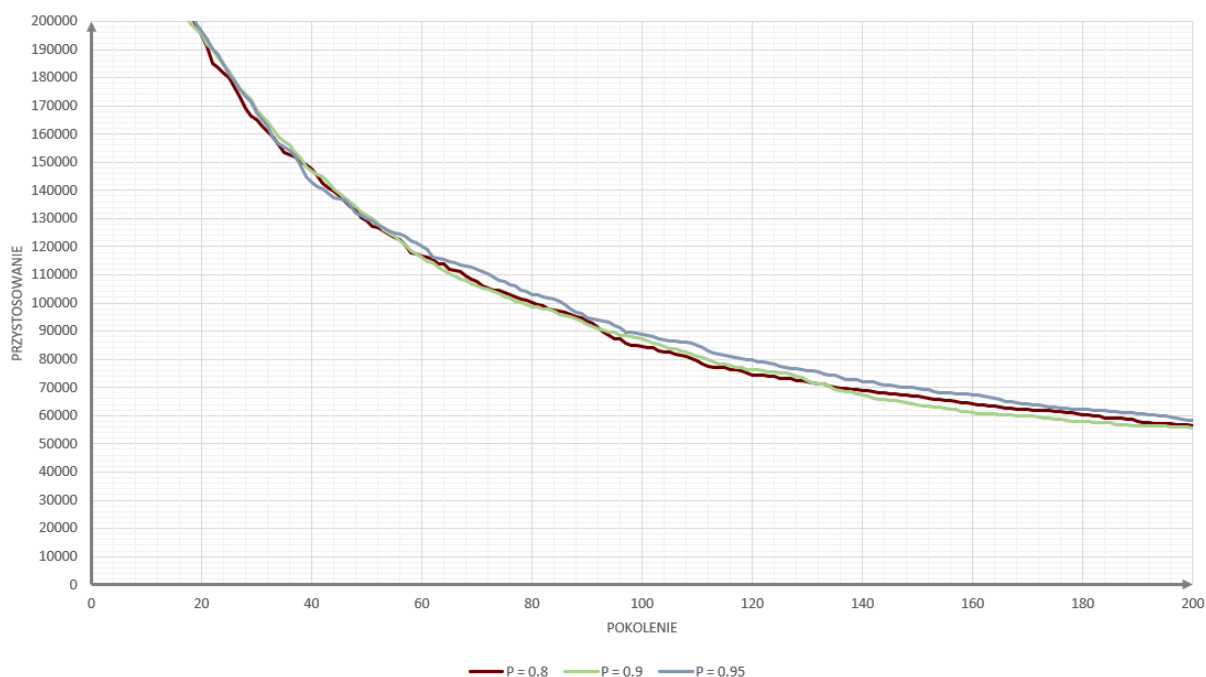
Wyniki prezentują się następująco:

(a) Wybrane prawdopodobieństwo





**ALGORYTM EWOLUCYJNY  
KROA200  
NAJLEPSZE OSOBNIKI**



(b) Zestawienie

*Tabela 15: Wartości przystosowania w ostatnim pokoleniu*

Plik	Prawd.	Przystosowanie			
		Najlepsze	Średnie	Najgorsze	Odchylenie stand.
kroA100	0.8	21739	23330	32603	2188
	0.9	23568	25322	39033	2298
	0.95	21832	23454	34113	2227
kroA150	0.8	28919	30614	40810	2300
	0.9	28245	29846	41454	2253
	0.95	30675	32512	45566	2340
kroA200	0.8	32547	34102	43888	2154
	0.9	33939	35746	50369	2431
	0.95	32822	34149	48855	2039

## 6 Wnioski

Badanie wskazuje na wrażliwość działania algorytmu w oparciu o prawdopodobieństwo krzyżowania. W początkowych pokoleniach zauważa się lepszą efektywność przy większym prawdopodobieństwie krzyżowania. Jest to spowodowane tym, że w pierwszych pokoleniach stosunkowo łatwo jest znaleźć lepszego osobnika, a częstsze ich krzyżowanie doskonale temu sprzyja. W kolejnych pokoleniach okazuje się, że zbyt duże prawdopodobieństwo krzyżowania wpływa niekorzystnie na wyniki.

Jest to spowodowane tym, że zbyt duże różnicowanie osobników skutkuje ewoluowaniem osobników dobrych na gorsze. Zbyt duża wartość tego prawdopodobieństwa gwarantuje też, że osobniki potencjalnie słabe będą się niepotrzebnie krzyżowały (w kontekście znajdowania najlepszego rozwiązania). Najlepszą skuteczność otrzymuje się dla prawdopodobieństwa ok. 80%-90%.

## 2.6 Badanie wpływu sposobu inicjalizacji

### 1 Cel badania

Badanie ma na celu porównanie działania zaimplementowanych algorytmów początkowej inicjalizacji populacji.

### 2 Stałe w badaniu

Tabela 16: Stałe w badaniu wpływu początkowej inicjalizacji populacji

Parametr	Wartość
Prawdopodobieństwo krzyżowania	0.9
Prawdopodobieństwo mutacji	0.2
Liczba pokoleń	1000
Rozmiar populacji	1500
Liczba krzyżujących się osobników	400
Ułamek najlepszych osobników przekazywanych do następnego pokolenia	0.001
Punkt startowy w funkcji prawdopodobieństwa dla Ruletki	-5
Długość przedziału w funkcji prawdopodobieństwa dla Ruletki	100
Selekcja	Roulette
Krzyżowanie	Ordered
Mutacja	Inversion

### 3 Zmienne w badaniu

Tabela 17: Zmienne w badaniu wpływu początkowej inicjalizacji populacji

Parametr	Wartość
Inicjalizacja	Losowa Zachłanna

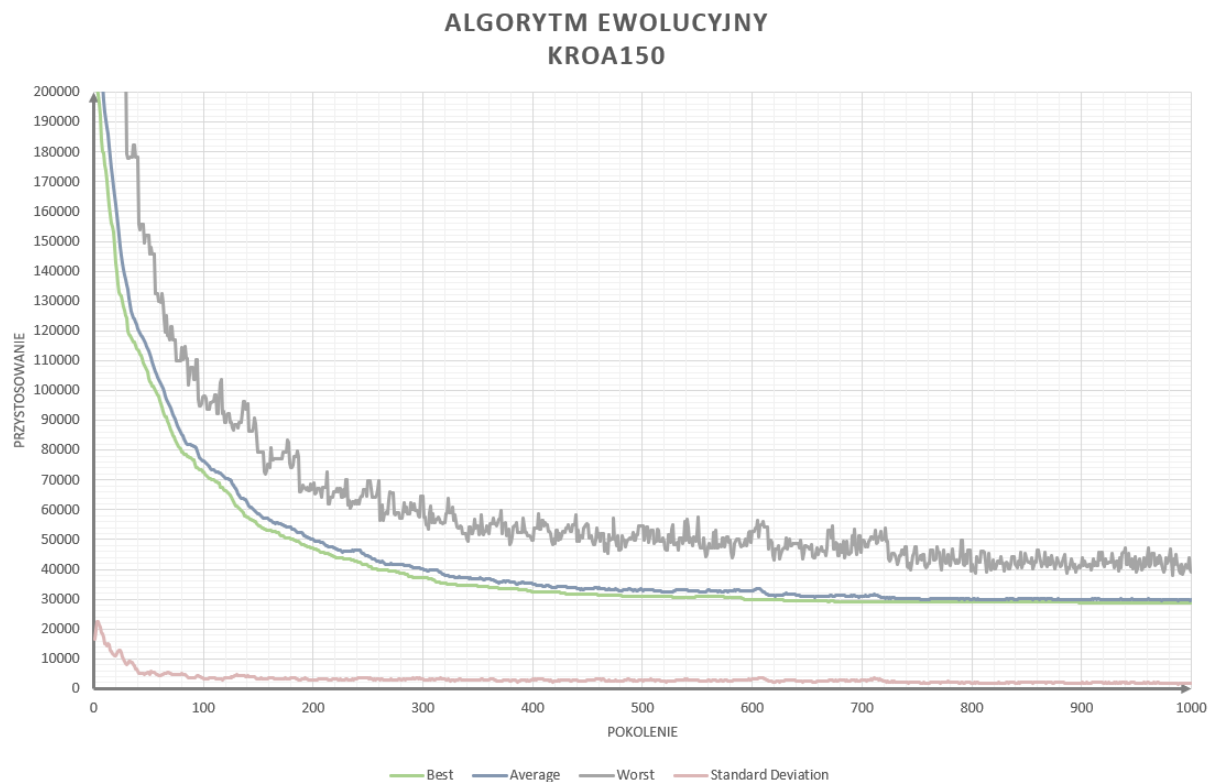
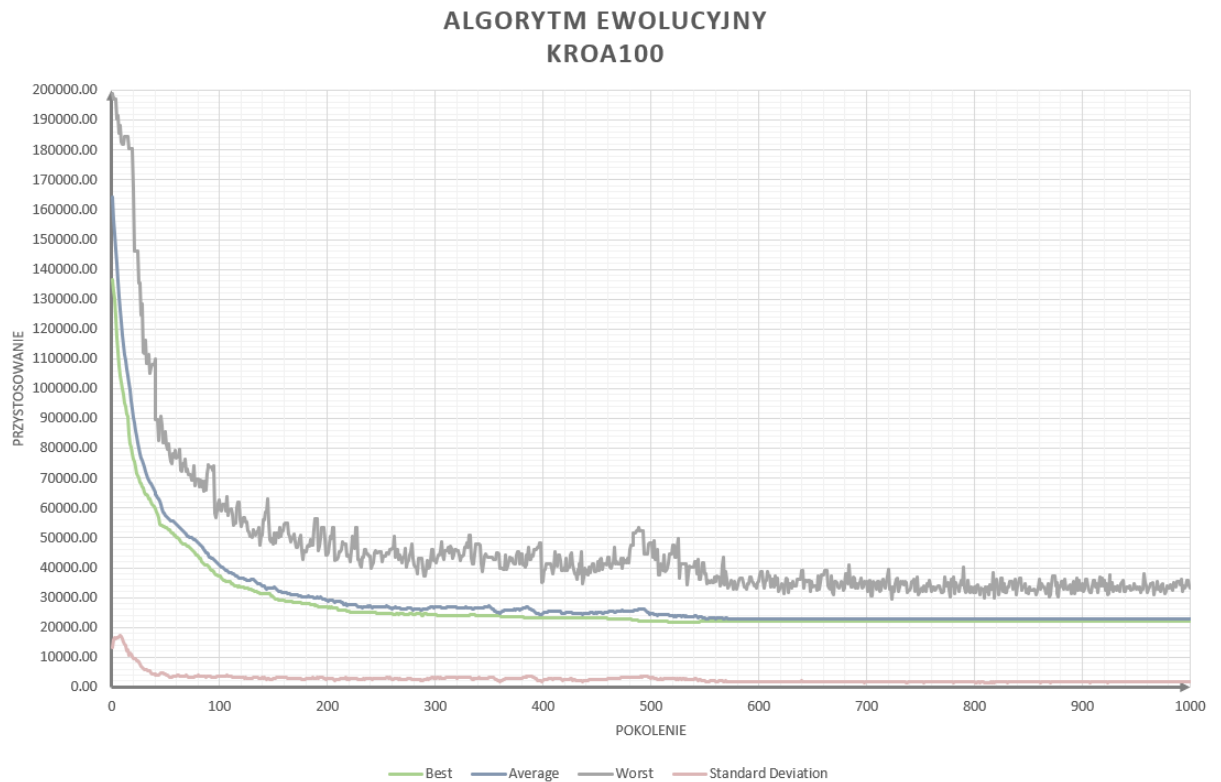
### 4 Przebieg badania

Badanie przeprowadzono dla zadanych parametrów, a następnie zgromadzono wyniki w pliku, na podstawie którego możliwe było wykreślenie wykresów obrazujących zmiany w populacji na przestrzeni wszystkich generacji.

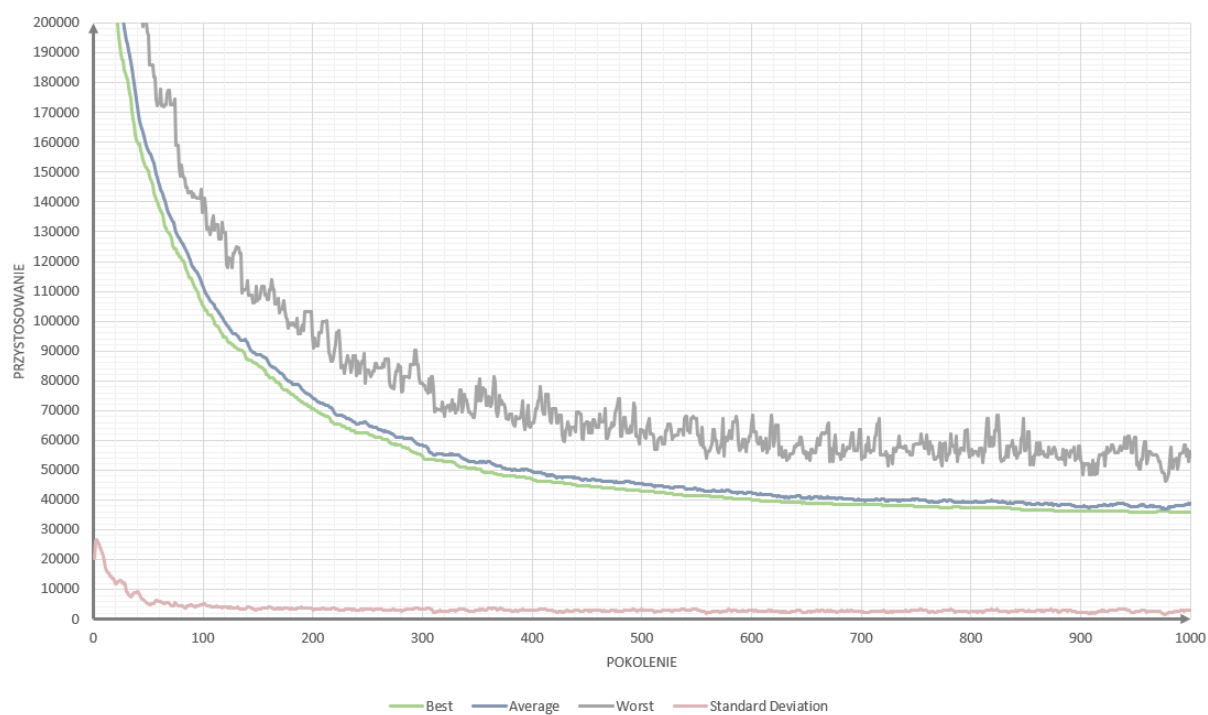
## 5 Wyniki

Wyniki prezentują się następująco:

(a) Inicjalizacja losowa

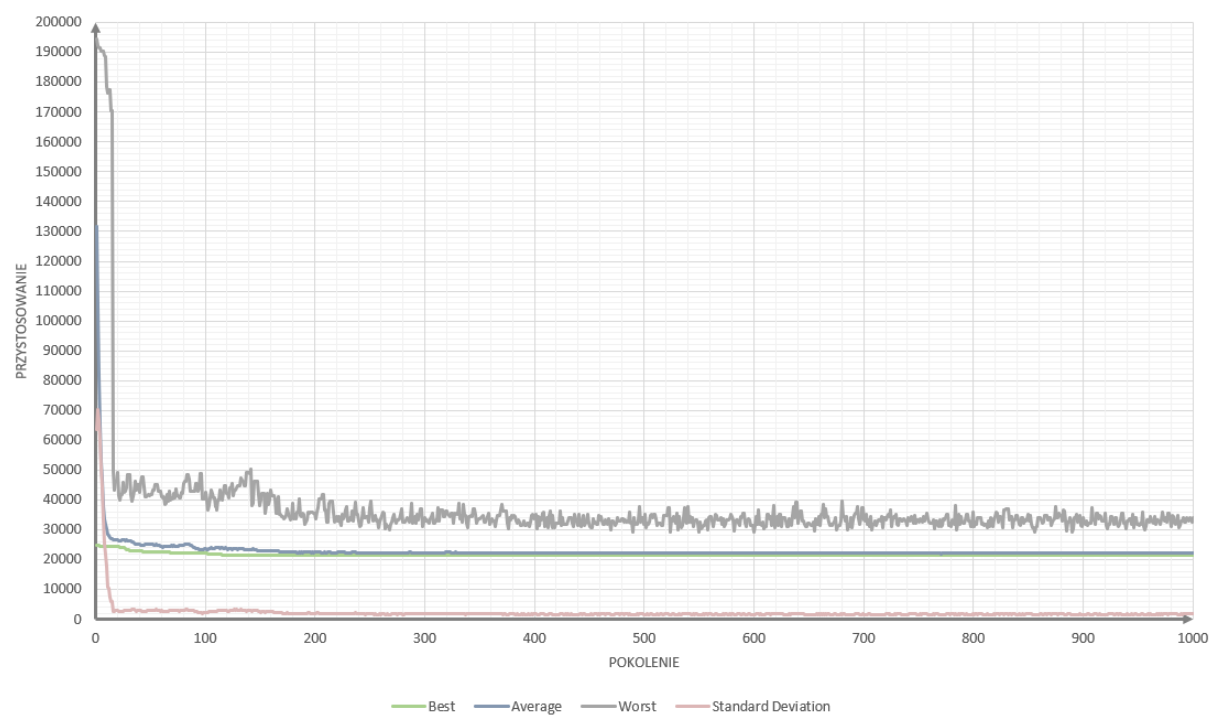


## ALGORYTM EWOLUCYJNY KROA200

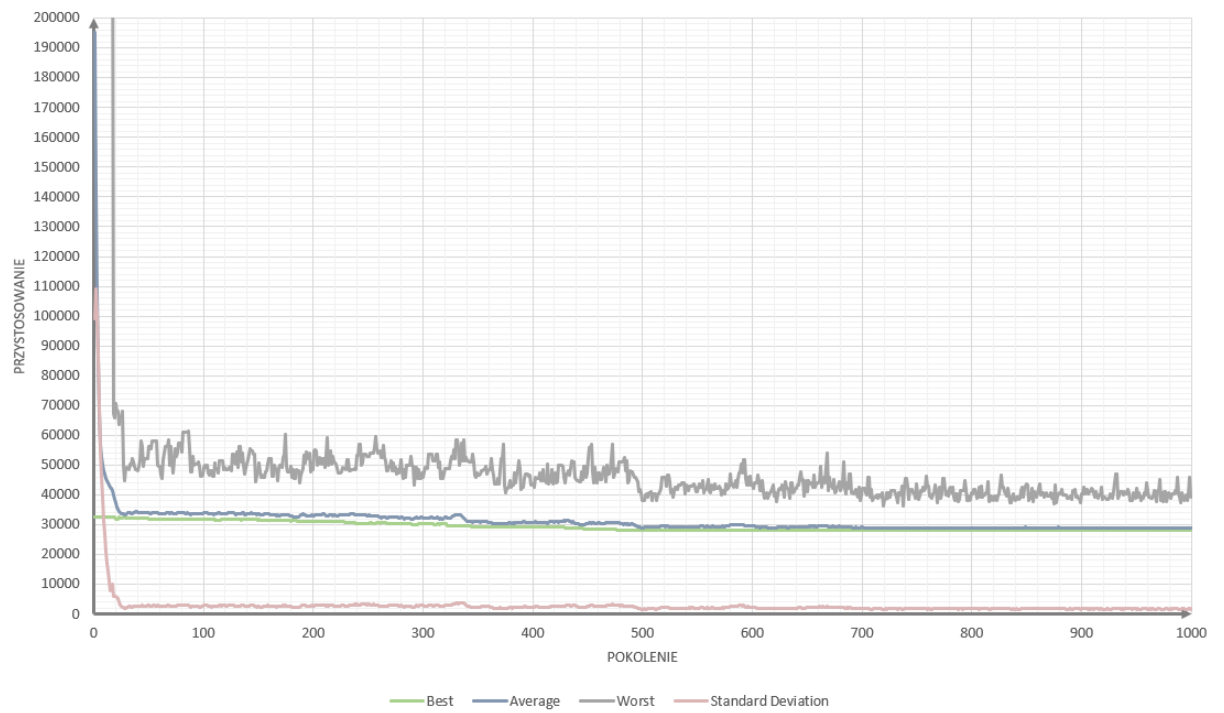


(b) Inicjalizacja zachłanna

## ALGORYTM EWOLUCYJNY KROA100



## ALGORYTM EWOLUCYJNY KROA150



## ALGORYTM EWOLUCYJNY KROA200

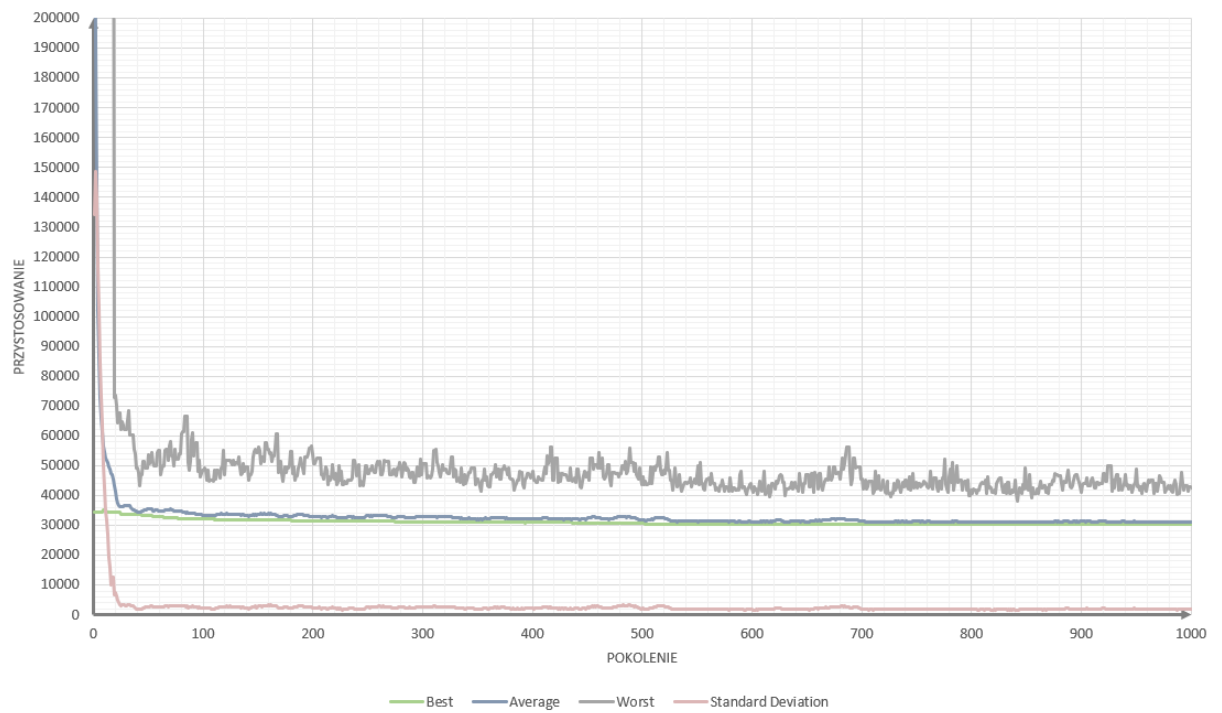


Tabela 18: Wartości przystosowania w ostatnim pokoleniu

Plik	Inicjalizacja	Przystosowanie			
		Najlepsze	Średnie	Najgorsze	Odchylenie stand.
kroA100	Losowa	21856	22612	32538	1680
	Zachłanna	21390	22258	34168	1821
kroA150	Losowa	28914	29696	39058	1651
	Zachłanna	28076	28896	39706	1778
kroA200	Losowa	31716	37608	71012	5059
	Zachłanna	30230	31020	42613	1775

## 6 Wnioski

Inicjalizacja zachłanna jest nieco innym podejściem do stosowania w algorytmie genetycznym - nie odzwierciedla naturalnej ewolucji. Takie rozwiązanie jednak dobrze nadaje się do ocenienia poprawności implementowanego algorytmu genetycznego - pozwala zdeterminować, czy dzięki algorytmowi można uzyskać najlepszy i optymalny wynik bazując głównie na operatorach zmieniających osobników, ponieważ bardzo szybko populacja staje się jednolita, zawierająca podobne przystosowaniem osobniki. Dlatego też jedynym sposobem na poszukiwanie lepszego osobnika jest mutacja i krzyżowanie.

W powyższym rozwiązaniu początkowa inicjalizacja polegała na wypełnieniu populacji do stałej liczby (tutaj 20) w sposób zachłanny, a pozostałą część rozmiaru populacji dopełniono losowymi osobnikami. Stąd już w początkowych pokoleniach widoczny jest skok - najgorsze osobniki niemal natychmiast zostały odrzucone.

Takie rozwiązanie jak się okazuje generuje lepsze wyniki końcowe niż w standardowym działaniu algorytmu genetycznego, co więcej można zauważyć, że wraz ze wzrostem rozmiaru problemu - ostateczna populacja jest bardziej jednolita, gdyż zawiera osobniki o podobnym przystosowaniu.

## 2.7 Porównanie algorytmu genetycznego z metodami nieewolucyjnymi

### 1 Cel badania

Badanie ma na celu porównanie działania zaimplementowanych algorytmów nieewolucyjnych z algorytmem genetycznym.

### 2 Stałe w badaniu

Tabela 19: Stałe w badaniu porównania algorytmów

Parametr	Wartość
Prawdopodobieństwo krzyżowania	0.9
Prawdopodobieństwo mutacji	0.2
Liczba pokoleń	1000
Rozmiar populacji	1500
Liczba krzyżujących się osobników	400
Ułamek najlepszych osobników przekazywanych do następnego pokolenia	0.001
Punkt startowy w funkcji prawdopodobieństwa dla Ruletki	-5
Długość przedziału w funkcji prawdopodobieństwa dla Ruletki	100
Selekcja	Roulette
Krzyżowanie	Ordered
Mutacja	Inversion
Inicjalizacja	Losowa

### 3 Zmienne w badaniu

Tabela 20: Zmienne w badaniu porównania algorytmów

Parametr	Wartość
Algorytm	Losowy Zachłanny Genetyczny

### 4 Przebieg badania

Badanie przeprowadzono dla zadanych parametrów, a następnie zgromadzono wyniki w pliku, na podstawie którego możliwe było wykreślenie wykresów obrazujących zmiany w populacji na przestrzeni wszystkich generacji dla wszystkich algorytmów.

Algorytmy nieewolucyjne zostały uruchomione dla ich populacji równej populacji algorytmu genetycznego, a następnie pobrano najlepsze wyniki z takich populacji. Oznacza to, że szczególnie w przypadku algorytmu zachłannego otrzymuje się najlepszy możliwy deterministyczny wynik.

## 5 Wyniki

Wyniki prezentują się następująco:

(a) Zestawienie

Tabela 21: Wartości przystosowania w ostatnim pokoleniu

Plik	Optimum	Algorytm	Przystosowanie			
			Najlepsze	Średnie	Najgorsze	Od. stand.
berlin52	7542	Losowy	26332	29839	33049	1632
		Zachłanny	8182	9373	10299	472
		Genetyczny	7542	8008	10668	500
kroA100	21282	Losowy	148245	171854	192016	8637
		Zachłanny	24698	27045	28695	812
		Genetyczny	21553	22420	32919	1783
kroA150	26524	Losowy	236146	257843	284884	9843
		Zachłanny	31482	33640	35935	862
		Genetyczny	28237	47812	36137	22903
kroA200	29368	Losowy	311813	341114	369314	10242
		Zachłanny	34548	37469	42045	1405
		Genetyczny	31822	32807	43808	1772
fl417	11861	Losowy	455163	495777	538540	13147
		Zachłanny	13802	15724	16723	493
		Genetyczny	12819	17307	17419	4567

## 6 Wnioski

Porównanie wykazała wyższość algorytmu genetycznego nad algorytmami nieewolucyjnymi. Dzięki odpowiednim doborze parametrów wpływających na działanie algorytmu genetycznego metoda ta zwraca najlepsze wyniki dla wszystkich plików.

Wraz ze wzrostem skomplikowania problemu spada skuteczność algorytmu genetycznego, jednak cały czas jego skuteczność jest lepsza, niż skuteczność metod nieewolucyjnych.

Przy jeszcze bardziej skomplikowanych problemach warto byłoby sprawdzić działanie dla większej liczby pokoleń, gdyż już dla pliku *fl417* zauważono niemal jednostajny spadek przystosowania na przestrzeni pokoleń końcowych. To sugeruje, że bardziej prawdopodobne byłoby wyszukanie jeszcze lepszego osobnika, niż jak w przypadku mniejszych problemów, gdzie wartość przystosowania w końcowych generacjach pozostaje już niezmienna.



### 3 Podsumowanie

Przeprowadzone badania umożliwiły odpowiednie wyznaczenie optymalnych parametrów algorytmu genetycznego. Niektóre wyniki okazały się nieintuicyjne i zaskakujące - wysoka wartość prawdopodobieństwa mutacji, a także krzyżowania.

W zaimplementowanym algorytmie, jak się okazuje, kluczowe jest zadbanie o takie parametry, które zagwarantują dostateczną różnorodność w populacji, ponieważ działanie algorytmu opiera się na elitaryzmie. Jest to konieczne, aby algorytm nie poprzestał na dobrym rozwiązaniu i nie utknął w ekstremum lokalnym funkcji przystosowania, a był w stanie odnaleźć najlepszego, docelowo tego optymalnego osobnika.

Taki wybór prawdopodobieństw jest jednak nieintuicyjny - w teorii nie powinno się podawać zbyt dużych wartości tych parametrów, gdyż wprowadza to nadmierne zróżnicowanie. Taka sytuacja miała miejsce podczas badania prawdopodobieństwa krzyżowania. Okazało się, że wartość  $Px = 0.95$  jest za duża, co wprowadza zbyt duży chaos w populacji, w konsekwencji czego trudniej osiągnąć lepszy wynik. Z drugiej strony jednak, dla  $Px \in (0.8, 0.9)$  algorytm zachowuje się najlepiej, co jest widocznie szczególnie dla trudniejszych problemów, w których większe zróżnicowanie jest tym bardziej potrzebne.

Skuteczność mutacji i krzyżowania jest również widoczna podczas inicjalizacji populacji algorytmem zachłannym. W tym przypadku niemal natychmiast otrzymuje się jednolitą populację - najgorsze osobniki w większości są szybko odrzucane w trakcie wszystkich selekcji. Algorytm mimo to nie zatrzymuje się w aktualnym ekstremum lokalnym, a jest w stanie odnaleźć lepsze rozwiązania.

Dla uzyskania jeszcze lepszych wyników należałoby dokładnie zbadać wszystkie parametry, z jakimi uruchamiany zostaje algorytm genetyczny. Co więcej, przeprowadzenie bardziej rozbudowanych badań, niż te zaprezentowane pomogłoby uzyskać lepsze i dokładniejsze wartości parametrów optymalnych. Z lepszymi danymi możliwe byłoby otrzymanie jeszcze lepszych wyników dla wszystkich problemów.