

POLITECHNIKA WROCŁAWSKA

INTELIGENCJA OBLICZENIOWA I JEJ ZASTOSOWANIA

---

**Badanie algorytmu genetycznego,  
memetycznego i rojowego w zadaniu  
optymalizacji wybranej funkcji testowej  
oraz badanie algorytmu genetycznego dla  
problemu TSP**

---

*Autorzy:*

Paweł ANDZIUL 200648

Marcin SŁOWIŃSKI 200638

*Prowadzący:*

dr hab. inż. Olgierd UNOLD,

prof. nadzw. PWr

26 kwietnia 2017

## Spis treści

<b>1</b>	<b>Wprowadzenie</b>	<b>2</b>
<b>2</b>	<b>Implementacja</b>	<b>2</b>
2.1	Opis własnych operatorów . . . . .	12
<b>3</b>	<b>Przebieg badań dla problemu optymalizacji rzeczywistej Hartman6</b>	<b>13</b>
<b>4</b>	<b>Przebieg badań dla problemu komiwojażera</b>	<b>17</b>
<b>5</b>	<b>Badania algorytmów dla różnych wartości ich unikalnych parametrów</b>	<b>19</b>
<b>6</b>	<b>Podsumowanie</b>	<b>22</b>

# 1 Wprowadzenie

[todo] Algorytm genetyczny – algorytm heurystyczny, który swoim działaniem przypomina działanie ewolucji w naturze. Osobniki będące zbyt słabe zostają wyeliminowane z populacji w kolejnych pokoleniach, a na ich miejsce przyjmowane są lepsze, silniejsze, bardziej podatne adaptacji. Algorytmy te zakładają możliwość mutacji i krzyżowania wśród potomków, przez co nie zawsze są oni silniejsi od poprzednio wyeliminowanych członków. Dodatkowo wprowadzają pojęcie elity, która jest bezpośrednio przenoszona do następnego – teoretycznie lepszego pokolenia.

*dla wybranej funkcji własnej funkcje krzyżowania (dla branina) dla tsp (np-trudny) genetyczny – tsplib wykorzystać do badań (2–3 instancje srednie male duze) z własnym operatorem z domyslnym algorytm ga z lokalnym wyszukiwaniem, dla komiwojażera, założyć czy ma lepsze wartości, czy szybciej zbiega, jak operatory się zachowują, psoptim, dla jednej funkcji i komiwojażera*

W ramach laboratorium należało przeprowadzić testy algorytmu genetycznego dla różnych parametrów. Jako benchmark oceny należało użyć pakietu „getGlobalOpts” oraz języka R.

Pomiary wykonywano na 2 różnych jednostkach roboczych. Ich parametry nie są istotne z punktu widzenia analizy i możliwości porównania rezultatów.

## 2 Implementacja

Poniżej zamieszczono kody skryptów w języku R przygotowanych w celu umożliwienia przeprowadzenia pomiarów.

Listing 1: Skrypt w języku R wykorzystany do badań optymalizacji funkcji

```
1 # initialize ----
2 # clean old data
3 rm(list=ls())
4 dev.off(dev.list()["RStudioGD"])
5
6 # load libraries
7 require("GA")
8 require("globalOptTests")
9 require("rgl")
10 require("psoptim")
11
12 # custom functions ----
13 # mutation function
14 myMutationFunction <- function(object, parent) {
15   # get GA population
16   population <- parent <- as.vector(object@population[parent, ])
17
18   # calculate randoms
19   rnd <- sample(1:length(population), 1)
20
21   # get min and max from population vector
22   min_value <- which.min(population)
23
24   # set random element to min value
25   population[rnd] = min_value
26 }
```

```

27 |   return (population);
28 | }
29 |
30 | # Settings ----
31 |
32 | nOfRuns <- 30 # 30 number of runs to calc avg scores
33 |
34 | # colors and titles for plot series
35 | colors <- c("red", "purple")
36 | series <- c("GA", "GA + własna mutacja")
37 |
38 | GAWithHybridSeries <- c("GA", "GA + własna mutacja", "Mem", "Mem + własna
   |   mutacja")
39 | GAWithHybridColors <- c("red", "purple", "blue", "orange")
40 |
41 | # name of function from globalOptTests package
42 | funcName <- "Hartman6"
43 |
44 | # graph settings
45 | graphs <- TRUE #true if you want to print graphs
46 | quality <- 100 #number of probes
47 |
48 | #hybrid algorithm settings
49 | poptim = 0.05 #a value [0,1] specifying the probability of performing a local
   |   search at each iteration of GA (def 0.1)
50 | pressel = 0.5 #a value [0,1] specifying the pressure selection (def 0.5)
51 |
52 | # Processing ----
53 |
54 | {
55 |   # get data from globalOptTests package
56 |   dim <- getProblemDimen(funcName)
57 |   B <- matrix(unlist(getDefaultBounds(funcName)),ncol=dim,byrow=TRUE)
58 |   f <- function(xx) goTest(par=c(xx, rep(0, dim-length(xx))),
   |     fnName=funcName, checkDim = TRUE)
59 |   globalOpt <- getGlobalOpt(funcName)
60 |
61 |
62 |   if (graphs) {
63 |     # prepare overview graph
64 |     xprobes <- abs(B[2,1] - B[1,1]) / quality
65 |     yprobes <- abs(B[2,2] - B[1,2]) / quality
66 |     x <- seq(B[1,1], B[2,1], by = xprobes)
67 |     y <- seq(B[1,2], B[2,2], by = yprobes)
68 |     z <- outer(x, y, Vectorize(function(x,y) f(c(x,y))))
69 |     png(file = paste(funcName, "_overview.png", sep=""), width=600, height=400,
   |       units="px")
70 |     persp3D(x, y, z, theta = -45, phi = 20, color.palette = jet.colors)
71 |     dev.off()
72 |   }
73 | }
74 |
75 | #GA
76 | customGAMeasure <- function(values, mType, xlab, main) {
77 |
78 |   # main measurement loop (for each serie and sequence calculate average
   |     results)

```

```

79 temp <- c()
80 for (serie in 1:length(series)) {
81   averages <- c()
82   for (value in values) {
83     sum <- 0
84     for (i in 1:nOfRuns) {
85
86       message(paste("Seria: ", serie))
87       message(paste("Sekwencja: ", value))
88       message(paste("Przebieg: ", i))
89
90       GAmin <- ga(type = "real-valued",
91         mutation = if (serie == 2) myMutationFunction else
92           gaControl("real-valued")$mutation,
93         fitness = function(xx) -f(xx),
94         min = c(B[1,]), max = c(B[2,]),
95         popSize = if (mType == "pop") value else 50,
96         pmutation = if (mType == "mut") value else 0.1)
97       solution <- matrix(unlist(GAmin@solution),ncol=dim,byrow=TRUE)
98       eval <- f(solution[1,])
99       sum <- sum + eval
100     }
101     averages <- c(averages, (sum / nOfRuns))
102   }
103   temp <- c(temp, averages)
104 }
105 result <- matrix(c(temp), nrow = length(series), ncol = length(values))
106
107 if (graphs) {
108   # save graph with measurement series to file
109   png(file = paste(funcName, mType, ".png", sep=""), width=600, height=400,
110     units="px")
111   plot(0, 0, main=main,
112     ylim=c(min(c(temp,globalOpt)),max(c(temp,globalOpt))),
113     xlim=c(min(values),max(values)),
114     type="n", xlab=xlab, ylab="wartosc")
115   abline(globalOpt,0, col="green")
116   colorNames <- c()
117   seriesNames <- c()
118   for (i in 1:length(series)) {
119     color <- colors[i]
120     colorNames <- c(colorNames, color)
121     seriesNames <- c(seriesNames, series[i])
122     lines(values, result[i,], col = color, type = 'l')
123   }
124   legend("topright", seriesNames, lwd=rep(2,length(series)),
125     lty=rep(1,length(series)), col=colorNames)
126   dev.off()
127 }
128
129 customHybridMeasure <- function(values, mType, xlab, main) {
130
131   averages <- c()

```

```

132 for (value in values) {
133   sum <- 0
134   for (i in 1:nOfRuns) {
135
136     message(paste("Sekuencja: ", value))
137     message(paste("Przebieg: ", i))
138
139     GAmin <- ga(type = "real-valued",
140               fitness = function(xx) -f(xx),
141               min = c(B[1,]), max = c(B[2,]),
142               optim = TRUE,
143               optimArgs = list (
144                 poplim = if (mType == "poplim") value else 0.05,
145                 pressel = if (mType == "pressel") value else 0.5))
146     solution <- matrix(unlist(GAmin@solution),ncol=dim,byrow=TRUE)
147     eval <- f(solution[1,])
148     sum <- sum + eval
149   }
150   averages <- c(averages, (sum / nOfRuns))
151 }
152
153 if (graphs) {
154
155   # save graph with measurement series to file
156   png(file = paste(funcName, mType, ".png", sep=""), width=600, height=400,
157       units="px")
158   plot(0, 0, main=main,
159        ylim=c(min(c(averages,globalOpt)),max(c(averages,globalOpt))),
160        xlim=c(min(values),max(values)),
161        type="n", xlab=xlab, ylab="wartość")
162   abline(globalOpt,0, col="green")
163   lines(values, averages, col = "red", type = 'l')
164   legend("topright", c("memetyczny"), lwd=rep(2,1), lty=rep(1,1), col=c("red"))
165   dev.off()
166 }
167
168 customMeasureGAWithHybrid <- function(values, mType, xlab, main) {
169
170   # main measurement loop (for each serie and sequence calculate average
171   # results)
172   temp <- c()
173   for (serie in 1:length(GAWithHybridSeries)) {
174     averages <- c()
175     for (value in values) {
176       sum <- 0
177       for (i in 1:nOfRuns) {
178
179         message(paste("Seria: ", GAWithHybridSeries[serie]))
180         message(paste("Sekuencja: ", value))
181         message(paste("Przebieg: ", i))
182
183         if(GAWithHybridSeries[serie] == "GA" || GAWithHybridSeries[serie] == "GA
184           + własna funkcja")
185         {
186           GAmin <- ga(type = "real-valued",

```

```

185         mutation = if (serie == 2) myMutationFunction else
186             gaControl("real-valued")$mutation,
187         fitness = function(xx) -f(xx),
188         min = c(B[1,]), max = c(B[2,]),
189         popSize = if (mType == "pop") value else 50,
190         pmutation = if (mType == "mut") value else 0.1)
191     }
192     else
193     {
194         GAmin <- ga(type = "real-valued",
195             mutation = if (serie == 4) myMutationFunction else
196                 gaControl("real-valued")$mutation,
197             fitness = function(xx) -f(xx),
198             min = c(B[1,]), max = c(B[2,]),
199             optim = TRUE,
200             optimArgs = list (
201                 poplim = if (mType == "poplim") value else 0.05,
202                 pressel = if (mType == "pressel") value else 0.5))
203     }
204
205     solution <- matrix(unlist(GAmin@solution),ncol=dim,byrow=TRUE)
206     eval <- f(solution[1,])
207     sum <- sum + eval
208 }
209 averages <- c(averages, (sum / nOfRuns))
210 }
211 result <- matrix(c(temp), nrow = length(GAWithHybridSeries), ncol =
212     length(values))
213
214 if (graphs) {
215     # create standalone graph for each serie
216     for (serie in 1:length(GAWithHybridSeries)) {
217         legendColors <- rep("darkslateblue", length(GAWithHybridSeries))
218         legendColors[serie] = "red"
219         # save graph with measurement series to file
220         png(file = paste(funcName, mType, serie, ".png", sep=""), width=600,
221             height=400, units="px")
222         plot(0, 0, main=main,
223             ylim=c(min(c(temp,globalOpt)),max(c(temp,globalOpt))),
224             xlim=c(min(values),max(values)),
225             type="n", xlab=xlab, ylab="wartosc")
226         abline(globalOpt,0, col="green")
227
228         lastLine <- NA
229         seriesNames <- c()
230         for (i in 1:length(GAWithHybridSeries)) {
231             seriesNames <- c(seriesNames, GAWithHybridSeries[i])
232             if (i != serie)
233             {
234                 lines(values, result[i,], col = "darkslateblue", type = 'l', lwd = 2)
235             }
236         }
237         lines(values, result[serie,], col = "red", type = 'l', lwd = 2)
238     }
239 }

```

```

237     legend("topright", seriesNames, lwd=rep(2,length(GAWithHybridSeries)),
238           lty=rep(1,length(GAWithHybridSeries)), col = legendColors)
239     dev.off()
240   }
241 }
242
243 #PSO
244
245 customPSOMeasure <- function(values, valueType, xLabel, title) {
246   n <- 500 #ilosc czastek
247   m.l <- 50 #ilosc przebiegow
248   w <- 0.95
249
250   xmin = c(B[1,])
251   xmax = c(B[2,])
252
253   vmax <- c(rep(4, length(xmin)))
254
255   g <- function(x) {
256     vec <- c()
257     for (row in 1:length(x[,1])) {
258       val <- -f(x[row,])
259       vec <- c(vec, val)
260     }
261     vec
262   }
263
264   averages <- c()
265   for (value in values)
266   {
267     sum <- 0
268     for (i in 1:nOfRuns)
269     {
270       message(paste("Sekwencja: ", value))
271       message(paste("Przebieg: ", i))
272
273       result <- psoptim(FUN=g,
274                         n=n,
275                         max.loop=m.l,
276                         w=w,
277                         c1=if (valueType == "c1") value else 0.2,
278                         c2=if (valueType == "c2") value else 0.2,
279                         xmin=xmin,
280                         xmax=xmax,
281                         vmax=vmax,
282                         seed=NULL,
283                         anim=FALSE)
284
285       sum <- sum + f(result$sol)
286     }
287     averages <- c(averages, (sum / nOfRuns))
288   }
289 }
290
291 if (graphs) {

```



```

292
293 # save graph with measurement series to file
294 png(file = paste(funcName, valueType, ".png", sep=""), width=600,
      height=400, units="px")
295 plot(0, 0, main=title,
296      ylim=c(min(c(averages,globalOpt)),max(c(averages,globalOpt))),
297      xlim=c(min(values),max(values)),
298      type="n", xlab=xLabel, ylab="wartość")
299 abline(globalOpt,0, col="green")
300 lines(values, averages, col = "red", type = 'l')
301 legend("bottomright", c("PSO"), lwd=rep(2,1), lty=rep(1,1), col=c("red"))
302 dev.off()
303 }
304 }
305
306
307
308 # perform set of measurements ----
309 # GA
310 customGAMeasure(seq(0, 1, 0.1), "mut",
311                "p. mutacji", "Znalezione minimum dla różnych p. mutacji")
312
313 customGAMeasure(seq(10, 100, 10), "pop",
314                "rozmiar populacji", "Znalezione minimum dla różnych rozmiarów
315                populacji")
316
317 # Hybrid
318 customHybridMeasure(seq(0, 1, 0.01), "poptim",
319                    "p. lokalnego searcha", "Znalezione minimum dla różnych
320                    poptimów")
321
322 customHybridMeasure(seq(0, 1, 0.01), "pressel",
323                    "ciśnienie", "Znalezione minimum dla różnych ciśnień")
324
325 # Mixed (GA+Hybrid)
326 customMeasureGAWithHybrid(seq(0, 1, 0.01), "mut",
327                            "p.mutacji", "Znalezione minimum dla różnych p. mutacji")
328
329 # PSO
330 customPSOMeasure(seq(0, 1, 0.1), "c1",
331                  "c1", "Znalezione minimum dla różnych wartości c1")
332
333 customPSOMeasure(seq(0, 1, 0.01), "c2",
334                  "c2", "Znalezione minimum dla różnych wartości c2")

```

Skrypt przygotowano w sposób który umożliwia w pełni automatyczne przeprowadzenie wszystkich pomiarów. Jednocześnie wszystkie wykresy mogą być natychmiast podmienione w sprawozdaniu. Poniżej pokrótce omówiono podstawowe parametry.

- nOfRuns  
Ilość powtórzeń dla każdego pomiaru w celu uśrednienia.
- colors, series  
Wektory kolorów i nazw kolejnych serii pomiarowych.

- params

Macierz parametrów domyślnych algorytmu dla każdej z serii. W każdym wierszu kolejno są zawarte: p. mutacji, p. krzyżowania, rozmiar populacji, ilość iteracji oraz kolor serii na wykresach.

- functions

Wektor nazw funkcji dla których przeprowadzane są kolejno pomiary.

Całość informacji niezbędnych do przeprowadzenia obliczeń odczytywana jest na podstawie nazwy funkcji z pakietu „globalOptTests”. Są to: rozmiar problemu (ilość parametrów), domyślne ograniczenia, wartość w danym punkcie oraz optimum dla domyślnych ograniczeń.

Dodatkowo warto wspomnieć, iż algorytm „psoptim” w trochę inny sposób niż genetyczny przekazuje parametry do ewaluowanej funkcji. W tym przypadku jest to macierz w której kolumny to kolejne parametry natomiast wiersze odpowiadają kolejnym częstkom. Zatem wymagane jest by funkcja umożliwiała wektorową ewaluację parametrów. Z uwagi na wykorzystywanie funkcji z pakietu „globalOptTests” wymagało to utworzenia odpowiedniego wrappera.

Poniżej skrypt wykorzystany dla problemu komiwojażera.

Listing 2: Skrypt w języku R wykorzystany do badań dla problemu komiwojażera

```

1 # clean old data
2 rm(list=ls())
3 dev.off(dev.list()["RStudioGD"])
4
5 # load libraries
6 require("GA")
7 require("globalOptTests")
8 require("rgl")
9 require("TSP")
10 require("psoptim")
11
12 numberOfMeasurements <- 1 #15
13
14 # instances to test and best known solutions
15 instances <- c("eil51", "eil76", "eil101")
16 best_solutions <- c(426, 538, 629)
17 colors <- c("red", "green", "blue")
18
19 tourLength <- function(tour, distMatrix) {
20   tour <- c(tour, tour[1])
21   route <- embed(tour, 2)[,2:1]
22   sum(distMatrix[route])
23 }
24
25 fit <- function(tour, distMatrix) 1/tourLength(tour, distMatrix)
26
27 customMutation <- function(object, parent, ...) {
28
29   # Insertion mutation
30   parent <- as.vector(object@population[parent,])
31   n <- length(parent)
32   m <- sample(1:n, size = 1)

```

```

33 pos <- sample(1:(n-1), size = 1)
34 i <- c(setdiff(1:pos,m), m, setdiff((pos+1):n,m))
35 mutate <- parent[i]
36
37 # Displacement mutation
38 parent <- mutate
39 m <- sort(sample(1:n, size = 2))
40 m <- seq(m[1], m[2], by = 1)
41 l <- max(m)-min(m)+1
42 pos <- sample(1:max(1,(n-1)), size = 1)
43 i <- c(setdiff(1:n,m)[1:pos], m, setdiff(1:n,m)[- (1:pos)])
44 mutate <- parent[na.omit(i)]
45
46 # Scramble mutation
47 parent <- mutate
48 m <- sort(sample(1:n, size = 2))
49 m <- seq(min(m), max(m), by = 1)
50 m <- sample(m, replace = FALSE)
51 i <- c(setdiff(1:min(m),m), m, setdiff(max(m):n,m))
52 mutate <- parent[i]
53 return(mutate)
54
55 }
56
57 performTest <- function(testName, graphMain, graphXLab,
58                         sequenceType, sequence,
59                         popsize=50, pcrossover=0.8,
60                         pmutation=0.1, maxiter=100, mutation = NULL) {
61
62   solution_qualities <- c()
63
64   # each instance as separate serie
65   for (i in 1:length(instances)) {
66
67     fileName = paste("examples/", instances[i], ".tsp", sep="")
68     graphTitle = paste("TSPLIB: ", instances[i], sep="")
69
70     drill <- read_TSPLIB(system.file(fileName, package = "TSP"))
71     D <- as.matrix(dist(drill, method = "euclidean"))
72     N <- max(dim(D))
73
74     solution_quality <- c()
75
76     bestTour <- NA
77     bestTourLength <- .Machine$integer.max
78     averageLength <- 0
79
80     for (s in 1:length(sequence)) {
81
82       for (n in 1:numberOfMeasurements) {
83
84         message(paste("Instancja: ", i))
85         message(paste("Sekwencja: ", s))
86         message(paste("Pomiar: ", n))
87
88         GA <- ga(type = "permutation",

```

```

89         fitness = fit,
90         distMatrix = D,
91         min = 1,
92         max = N,
93         popSize = if (sequenceType == "popsize") sequence[s] else
                    popsize,
94         pcrossover = if (sequenceType == "pcrossover") sequence[s] else
                    pcrossover,
95         pmutation = if (sequenceType == "pmutation") sequence[s] else
                    pmutation,
96         maxiter = if (sequenceType == "maxiter") sequence[s] else
                    maxiter,
97         mutation = if (is.null(mutation))
                    gaControl("permutation")$mutation else mutation)
98
99     tour <- GA@solution[1, ]
100     tl <- tourLength(tour, D)
101
102     if (tl < bestTourLength) {
103         bestTourLength <- tl
104         bestTour <- tour
105     }
106
107     averageLength <- averageLength + (tl - averageLength) / n
108
109 }
110
111 solution_quality <- c(solution_quality,
112                      (best_solutions[i]/averageLength) * 100)
113
114 }
115
116 png(file = paste(testName, "_", instances[i], ".png", sep=""), width=600,
117     height=400, units="px")
118 plot(drill, bestTour, cex=.6, col = "red", pch=3, main = graphTitle)
119 dev.off()
120
121 solution_qualities <- c(solution_qualities, solution_quality)
122
123 }
124
125 qualities = matrix(solution_qualities,
126                   nrow=length(instances), ncol=length(sequence), byrow = TRUE)
127
128 # save graph with measurement series to file
129 png(file = paste(testName, ".png", sep=""), width=600, height=400, units="px")
130 plot(0, 0, main=graphMain,
131      ylim=c(0,100),
132      xlim=c(min(sequence),max(sequence)),
133      type="n", xlab=graphXLab, ylab="jakość rozwiązań [%]")
134 for (i in 1:length(instances)) {
135     lines(sequence, qualities[i,], col = colors[i], type = 'l')
136 }
137 legend("topright", instances, lwd=rep(2,length(instances)),
138       lty=rep(1,length(instances)), col=colors)

```

```

138     dev.off()
139
140 }
141
142 performTest(testName = "tsp_pop",
143             graphMain = "Pomiary dla różnych rozmiarów populacji",
144             graphXLab = "rozmiar populacji",
145             sequenceType = "popsiz", sequence = seq(50, 500, 50))
146
147 performTest(testName = "tsp_mut",
148             graphMain = "Pomiary dla różnych p. mutacji",
149             graphXLab = "p. mutacji",
150             sequenceType = "pmutation", sequence = seq(0, 1, 0.1))
151
152 performTest(testName = "tsp_mut_custom",
153             graphMain = "Pomiary dla różnych p. mutacji (własny op. mutacji)",
154             graphXLab = "p. mutacji",
155             sequenceType = "pmutation", sequence = seq(0, 1, 0.1), mutation =
                customMutation)

```

## 2.1 Opis własnych operatorów

Własna funkcja mutacji została utworzona w taki sposób by nie doprowadzić do sytuacji, w której przekroczona zostanie minimalna lub maksymalna wartość populacji.

Jej działanie opiera się na wybraniu minimalnej jednostki z populacji i podmianie innej, losowej na znalezioną minimalną. Gwarantuje to niepojawienie się z populacji wartości nieoczekiwanej, lecz tylko te otrzymane podczas działania algorytmu.

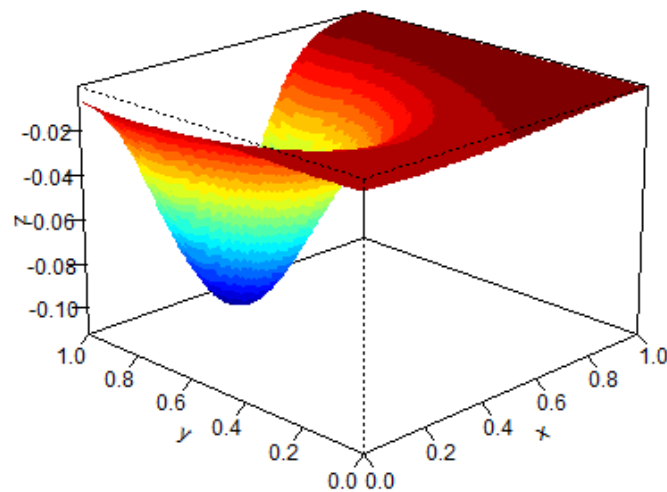
### 3 Przebieg badań dla problemu optymalizacji rzeczywistej Hartman6

Badania przeprowadzono dla algorytmu genetycznego w wersji podstawowej, ze zmienioną funkcją mutacji oraz hybrydowej, a także dla optymalizacji rojem cząstek (PSO).

Hartman6 jest funkcją określoną dla ilości parametrów równej 6. Na ilustracji (rys. ??) przedstawiono jej wykres dla pierwszych dwóch. Poniżej zamieszczono jej wzór (1).

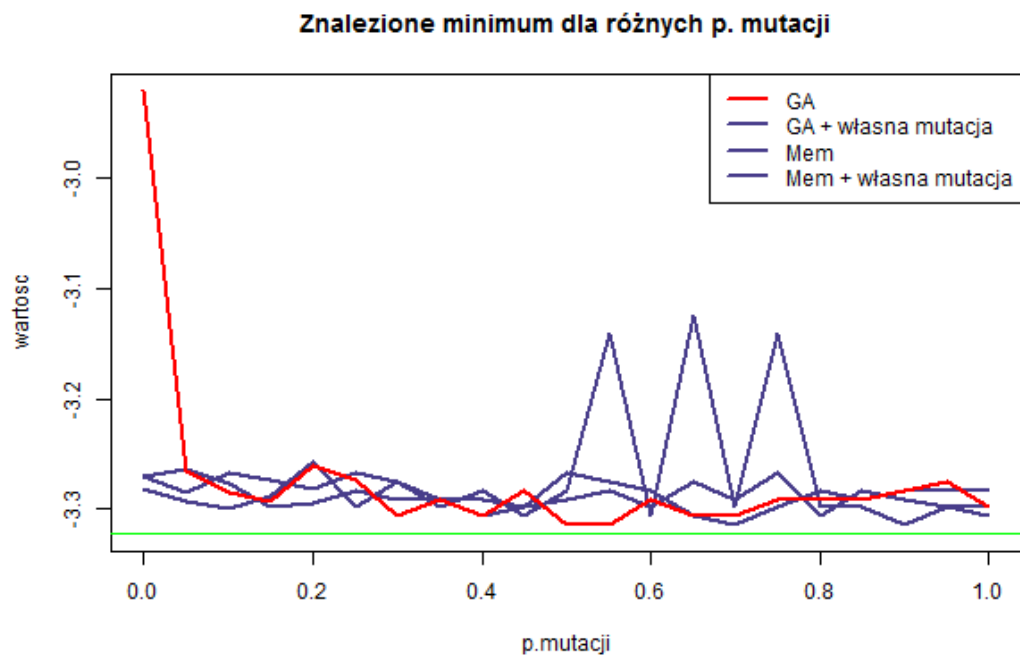
$$f(\mathbf{x}) = -\sum_{i=1}^4 c_i \exp\left[-\sum_{j=1}^6 a_{ij}(x_j - p_{ij})^2\right] \quad (1)$$

, gdzie  $x_i \in [0, 1]$ ,  $i \in \{1, \dots, 6\}$ .

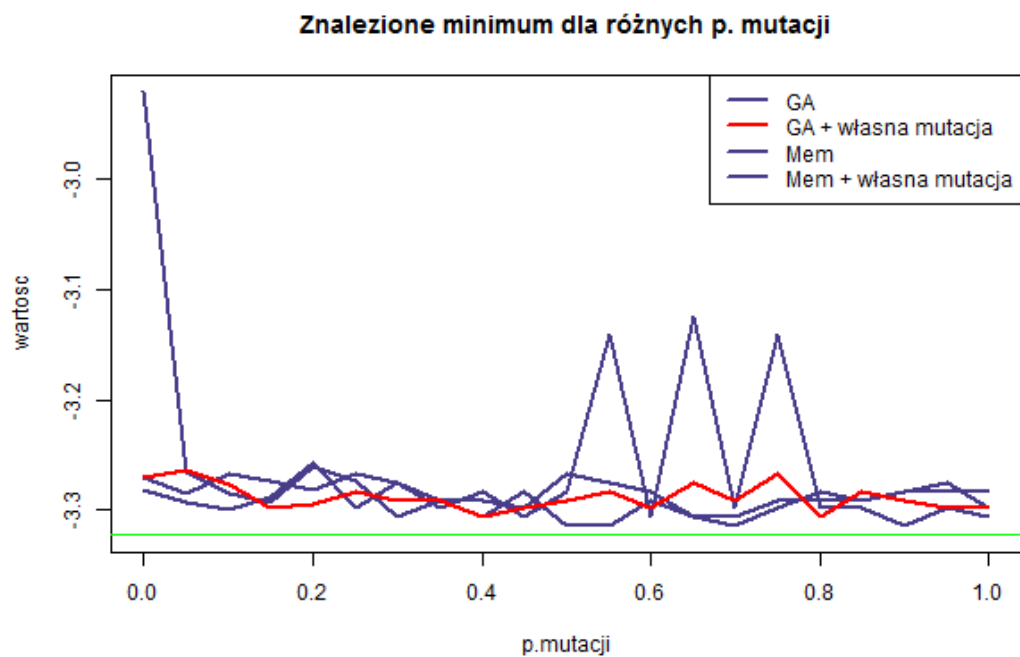


Rysunek 1: Wykres funkcji Hartman6

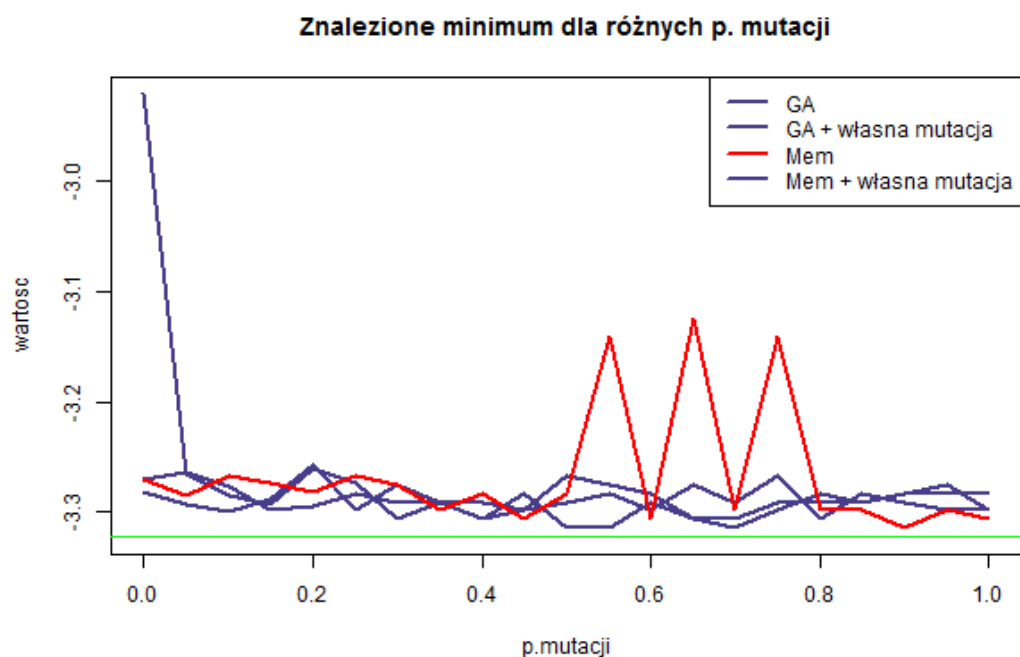
Na kolejnych stronach zamieszczono wyniki badań porównawczych mutacji przeprowadzonych na algorytmie.



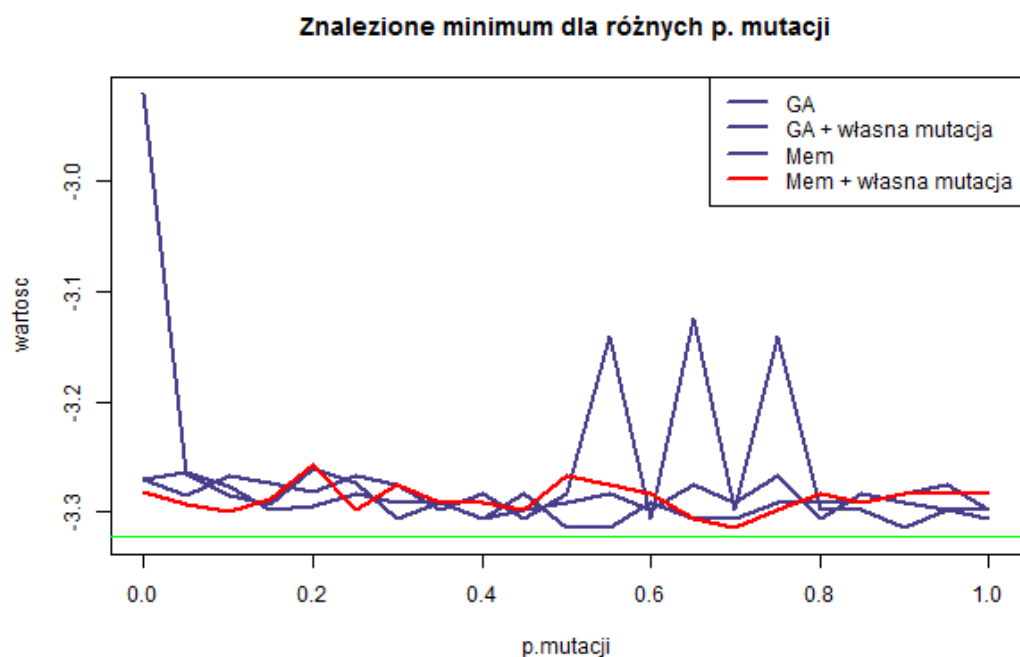
Rysunek 2: Wykres funkcji Hartman6



Rysunek 3: Wykres funkcji Hartman6



Rysunek 4: Wykres funkcji Hartman6



Rysunek 5: Wykres funkcji Hartman6

Z wykresów badań można odczytać zbliżone wyniki dla różnych funkcji mutacji. Żadna z funkcji nie osiągnęła minimum co świadczy o tym, że sama mutacja do tego nie wystarczy.



Zauważalny jest również niski wpływ własnej funkcji mutacji na otrzymywane wyniki. Pod względem jakości rozwiązań nie odstaje ona od istniejących implementacji.

Na wykresach można zauważyć znaczące pogorszenie się wyników dla funkcji memetycznej z domyślną funkcją mutacji. W przedziale 0.5-0.8 wygenerowała ona wyniki oddalone od średniej pozostałych.

## 4 Przebieg badań dla problemu komiwojażera

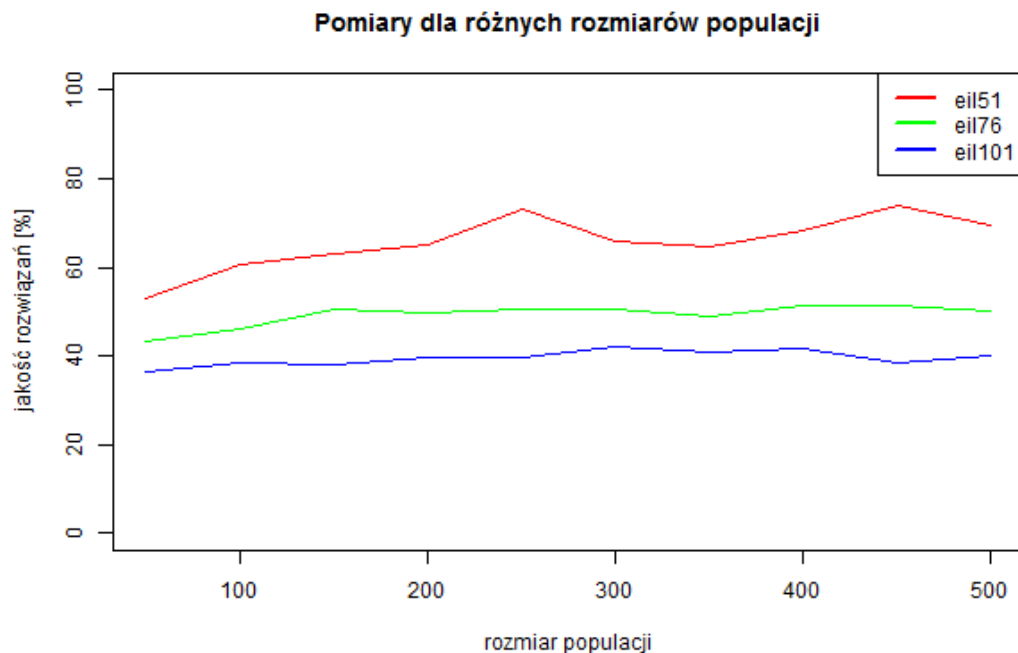
Przeprowadzono badania z zakresu optymalizacji marszruty dla problemu komiwojażera. Wykorzystano trzy instancje problemu z biblioteki TSPLIB:

- eil51
- eil76
- eil101

Jakość rozwiązań wyraża się wzorem:

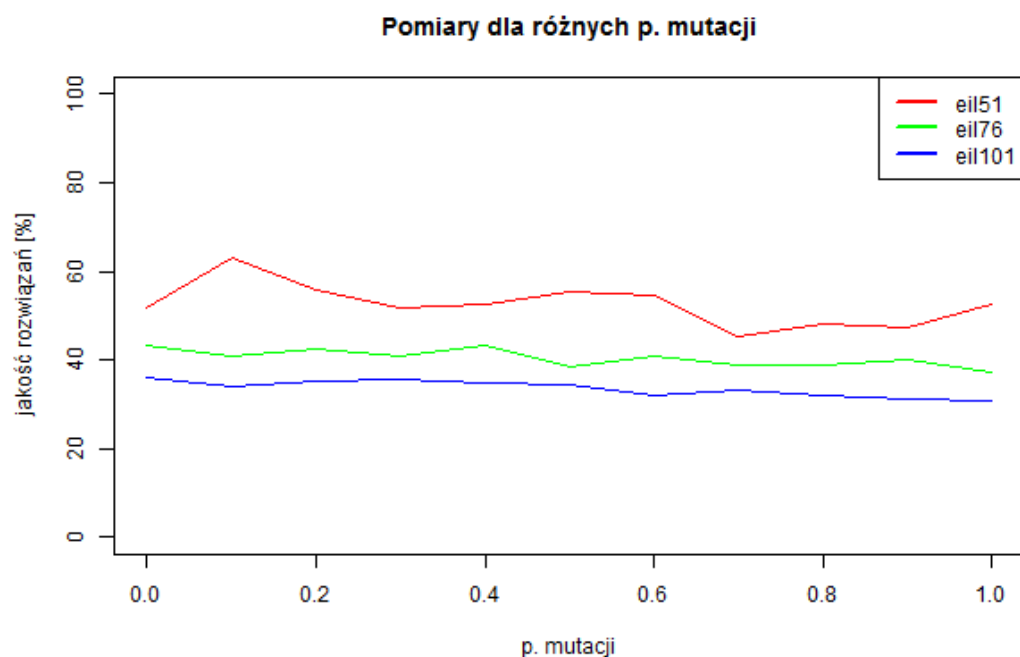
$$quality\ of\ solution = \frac{shortest\ known\ path}{found\ path} * 100\% \quad (2)$$

Na ilustracji (rys. 6) przedstawiono wyniki pomiarów dla różnych rozmiarów populacji.



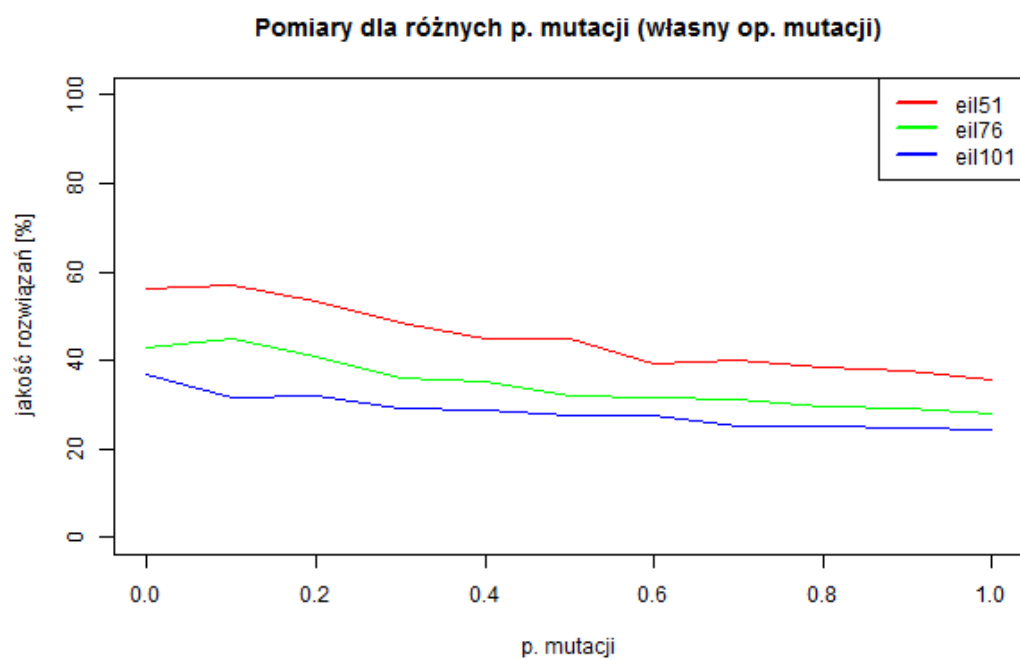
Rysunek 6: Jakość rozwiązań dla różnych rozmiarów populacji

Na ilustracji (rys. 7) przedstawiono wyniki pomiarów dla różnych wartości p. mutacji.



Rysunek 7: Jakość rozwiązań dla różnych wartości p. mutacji

Na ilustracji (rys. 8) przedstawiono wyniki pomiarów dla różnych wartości p. mutacji z niestandardowym operatorem.

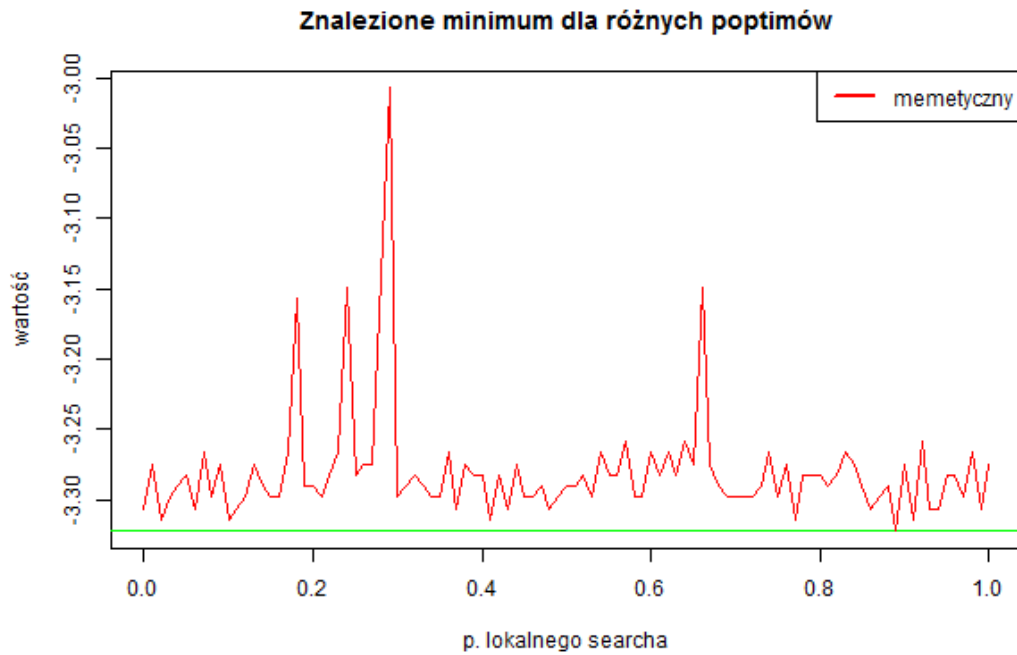


Rysunek 8: Jakość rozwiązań dla różnych wartości p. mutacji (dla własnego operatora)

## 5 Badania algorytmów dla różnych wartości ich unikalnych parametrów

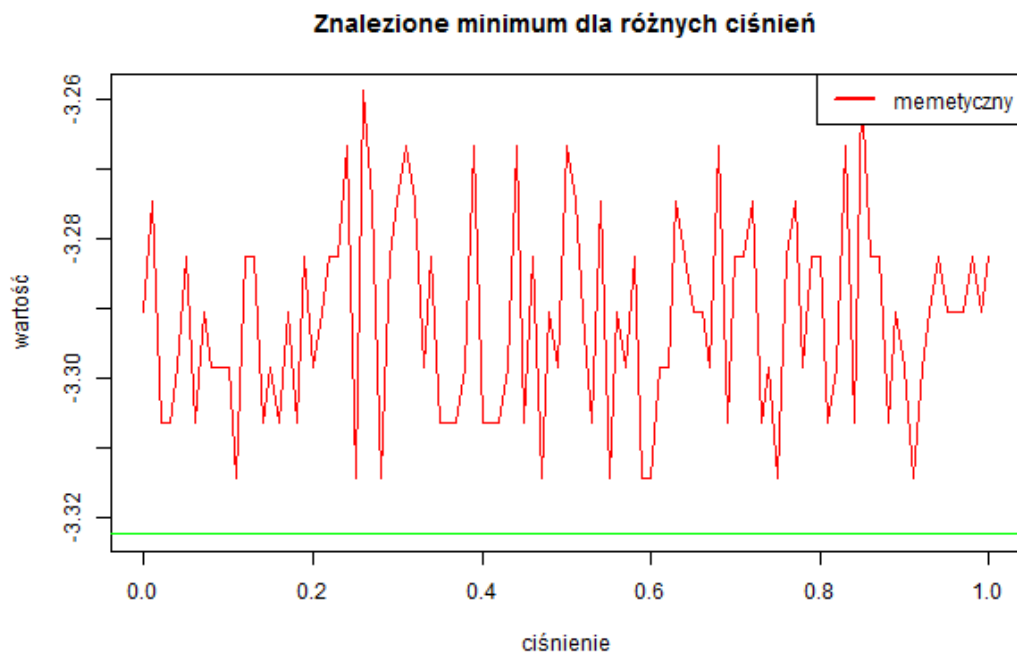
Algorytmy memetyczny i PSO posiadają własne wartości unikalne, których zmiana może wpłynąć na otrzymywane wyniki. Poniżej przedstawiono wykresy przedstawiające otrzymane wartości dla zmieniających się wybranych parametrów.

Badania przeprowadzono w przedziale 0-1 z krokiem co 0,01. Otrzymane wyniki są uśrednionymi z 15 iteracji.



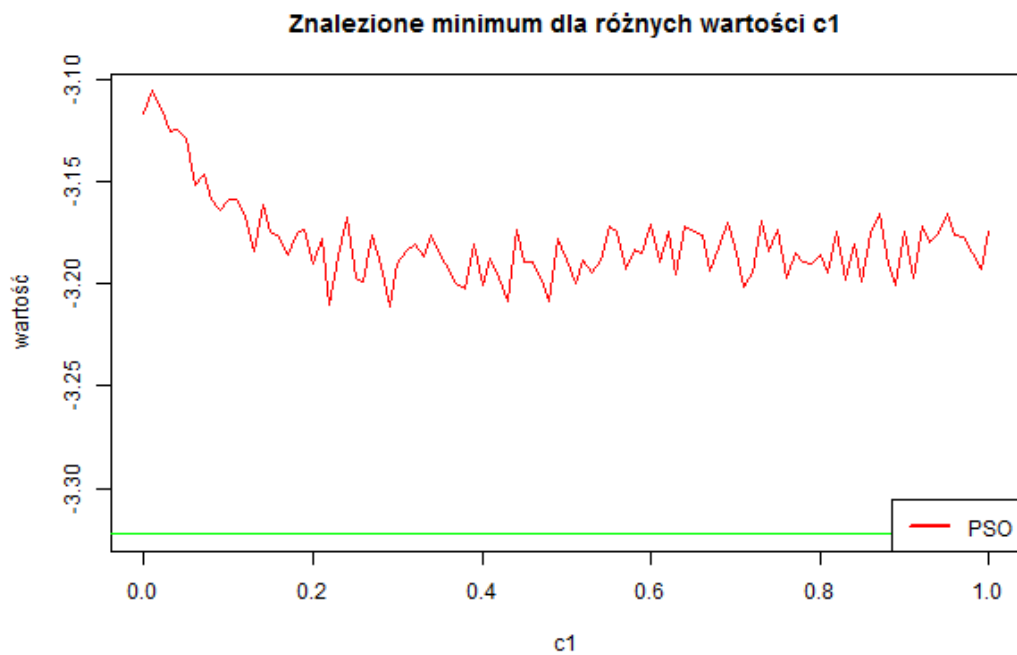
Rysunek 9: Jakość rozwiązań dla różnych wartości poptimum algorytmu hybrydowego

Z wykresu (rys. 9) można odczytać niski wpływ wartości poptimum na otrzymane wyniki. Otrzymywane wartości różnią się nie więcej niż o 0,30. Zauważalne są 4 skoki zawyżające skalę rezultatów spowodowane heurystyką algorytmu.



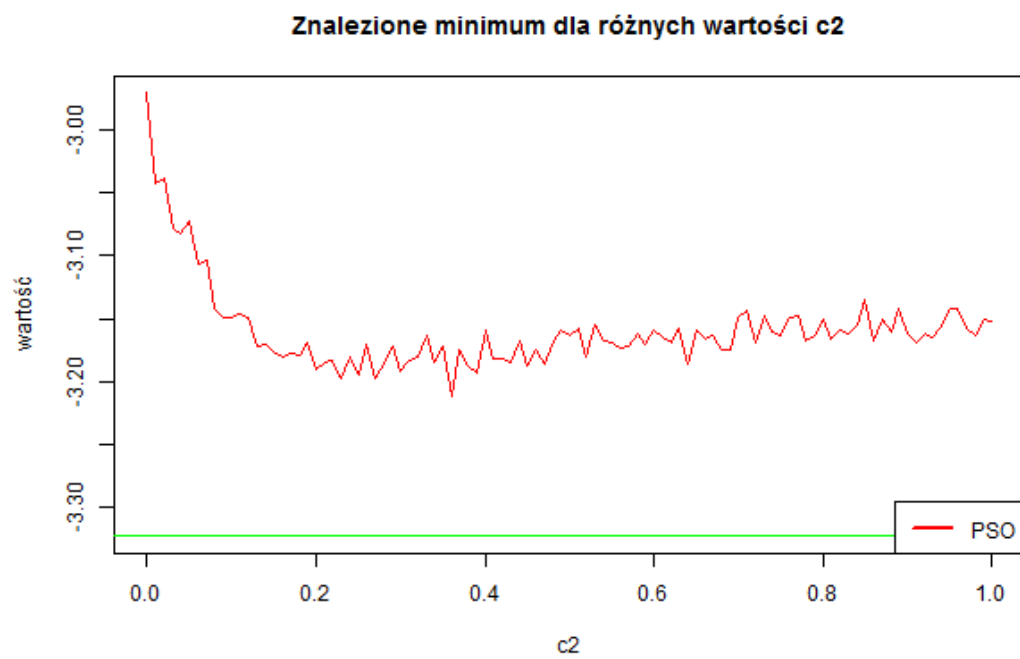
Rysunek 10: Jakość rozwiązań dla różnych wartości ciśnienia algorytmu hybrydowego

Wartości na wykresie (rys. 10) różnią się od siebie o nie więcej niż 0,06. Oznacza to niski wpływ ciśnienia na rezultat algorytmu. Nie zauważalne są trendy wartości wraz ze wzrostem ciśnienia.



Rysunek 11: Jakość rozwiązań dla różnych wartości  $c1$  algorytmu PSO

[todo]



Rysunek 12: Jakość rozwiązań dla różnych wartości  $c2$  algorytmu PSO

[todo]

## 6 Podsumowanie

W trakcie prowadzonych badań przetestowano algorytmy w wariantach genetyczny prosty, genetyczny prosty z własną funkcją mutacji, hybrydowy prosty wraz z własną funkcją, TSP oraz PSO.

Zmiana funkcji mutacji nie spowodowała znaczących zmian w jakości otrzymywanych rozwiązań. Jej działanie jest porównywalne z zaimplementowaną funkcją.

Własna funkcja mutacji dla problemu TSP pogorszyła rezultaty o ok. 10 punktów procentowych.

## Literatura

- [1] Artur Suchwałko „Wprowadzenie do R dla programistów innych języków”  
<https://cran.r-project.org/doc/contrib/R-dla-programistow-innych-jezykow.pdf>
- [2] Luca Scrucca „Package GA” <https://cran.r-project.org/web/packages/GA/GA.pdf>
- [3] Surjanovic, S. & Bingham, D. (2013). „Virtual Library of Simulation Experiments: Test Functions and Datasets.” Retrieved April 3, 2017, from <http://www.sfu.ca/ssurjano>.
- [4] Momin Jamil, Xin-She Yang „A literature survey of benchmark functions for global optimization problems”, Int. Journal of Mathematical Modelling and Numerical Optimisation, Vol. 4, No. 2, pp. 150–194. (2013)
- [5] Ajith Abraham, Aboul-Ella Hassanien, Patrick Siarry, Andries Engelbrecht, „Foundations of Computational Intelligence Volume 3” (2009)
- [6] Onay Urfalioglu, Orhan Arikan „Self-adaptive randomized and rank-based differential evolution for multimodal problems” (2011)