Politechnika Wrocławska

Inteligencja Obliczeniowa i jej zastosowania

Badanie algorytmu genetycznego z zakresu optymalizacji globalnej dla wybranych funkcji testowych

Autorzy:
Paweł Andziul 200648
Marcin Słowiński 200638

Prowadzący:
dr hab. inż. Olgierd Unold,
prof. nadzw. PWr

29 marca 2017

Spis treści

1 Wprowadzenie

Algorytmy genetyczne to

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 (listing 1) zamieszczono kod napisany w języku R przygotowany w celu umożliwienia przeprowadzenia pomiarów.

Listing 1: Skrypt w języku R wykorzystany do badań

```
1
2  rm(list=ls())
3  dev.off(dev.list()["RStudioGD"])
4
5  require("GA")
6  require("globalOptTests")
7  require("rgl")
8
9  # Params ----
10
11 nOfRuns <- 10 # minimum 5
12
13 colors <- c("red", "blue", "orange")
14 series <- c("Seria 1", "Seria 2", "Seria 3")
15
16 baseParams = matrix(
17   c(0, 0, 50, 100, 1,
18     0.1, 0.8, 50, 100, 2,
19     0.1, 0.8, 25, 50, 3),
20   # [mutations,crossovers,populations,iterations,color]*
21   nrow=3, ncol=5, byrow = TRUE)
22
23 graphs <- TRUE
24 quality <- 100 #graph resolutions
25
26 mutationTests <- seq(0, 1, 0.1)
27 crossoverTests <- seq(0, 1, 0.1)
28 populationTests <- seq(10, 100, 5)
29 iterationTests <- seq(10, 200, 10)
30 elitismTests <- seq(0, 1, 0.1)
31
32 # Functions ----
33
34 functions <- c("Branin", "Gulf", "CosMix4", "EMichalewicz", "Hartman6",
       "PriceTransistor", "Schwefel", "Zeldasine20")
35 for (abc in functions)
36 {
37   funcName <- abc
```

```
38
39 # for manual launch
40 #funcName <- "Branin" #2d
41 #funcName <- "Gulf" #3d
42 #funcName <- "CosMix4" #4d
43 #funcName <- "EMichalewicz" #5d
44 #funcName <- "Hartman6" #6d
45 #funcName <- "PriceTransistor" #9d
46 #funcName <- "Schwefel" #10d
47 #funcName <- "Zeldasine20" #20d
48
49 # Processing ----
50
51 customMeasure <- function(fileName, graphName, values, mType, xlab, main) {
52
53   gMin <- .Machine$integer.max
54   gBest <- NA
55
56   temp <- c()
57   for (defRow in 1:nrow(baseParams)) {
58     averages <- c()
59     for (value in values) {
60       sum <- 0
61       for (i in 1:nOfRuns) {
62         GAmin <- ga(type = "real-valued",
63             fitness = function(xx) -f(xx),
64             min = c(B[1,]), max = c(B[2,]),
65             popSize = if (mType == "pop") value else baseParams[defRow,3],
66             maxiter = if (mType == "itr") value else baseParams[defRow,4],
67             pmutation = if (mType == "mut") value else baseParams[defRow,1],
68             pcrossover = if (mType == "crs") value else baseParams[defRow,2],
69             elitism = if (mType == "elt") value else max(1,
                  round(baseParams[defRow,3] * 0.05)))
70         solution <- matrix(unlist(GAmin@solution),ncol=dim,byrow=TRUE)
71         eval <- f(solution[1,])
72         if (eval < gMin) {
73           gMin <- eval
74           gBest <- GAmin
75         }
76         sum <- sum + eval
77       }
78       averages <- c(averages, (sum / nOfRuns))
79     }
80     temp <- c(temp, averages)
81   }
82   result <- matrix(c(temp),nrow = nrow(baseParams),ncol = length(values))
83   write.table(result, file = fileName, row.names=FALSE,
84               na="", col.names=FALSE, sep=";")
85
86   if (graphs) {
87
88     png(file = paste(funcName, graphName, ".png", sep=""), width=600,
         height=400, units="px")
89
90     plot(0, 0, main=main,
91          ylim=c(min(c(temp,globalOpt)),max(c(temp,globalOpt))),
```

```
        xlim=c(min(values),max(values)),
        type="n", xlab=xlab, ylab="wartosc")
    abline(globalOpt,0, col="green")
    colorNames <- c()
    seriesNames <- c()
    for (i in 1:nrow(baseParams)) {
      color <- colors[baseParams[i,5]]
      colorNames <- c(colorNames, color)
      seriesNames <- c(seriesNames, series[baseParams[i,5]])
      lines(values, result[i,], col = color, type = 'l')
    }
    legend("topright", seriesNames, lty=rep(1,nrow(baseParams)), col=colorNames)

    dev.off()

    summary(gBest)

    png(file = paste(funcName, graphName, mType, ".png", sep=""), width=600,
        height=400, units="px")
    filled.contour(x, y, z, color.palette = jet.colors, nlevels = 24,
        plot.axes = { axis(1); axis(2);
          points(solution[1,1], solution[1,2],
                 pch = 3, cex = 5, col = "black", lwd = 2)
        }
    )
    dev.off()

    png(file = paste(funcName, graphName, mType, "fitness", ".png", sep=""),
        width=600, height=400, units="px")
    plot(gBest)
    dev.off()
  }

}

dim <- getProblemDimen(funcName)
B <- matrix(unlist(getDefaultBounds(funcName)),ncol=dim,byrow=TRUE)
f <- function(xx) goTest(par=c(xx, rep(0, dim-length(xx))),
                         fnName=funcName, checkDim = TRUE)
globalOpt <- getGlobalOpt(funcName)

if (graphs) {

  xprobes <- abs(B[2,1] - B[1,1]) / quality
  yprobes <- abs(B[2,2] - B[1,2]) / quality
  x <- seq(B[1,1], B[2,1], by = xprobes)
  y <- seq(B[1,2], B[2,2], by = yprobes)
  z <- outer(x, y, Vectorize(function(x,y) f(c(x,y))))
  nbcol = 100
  color = rev(rainbow(nbcol, start = 0/6, end = 4/6))
  zcol  = cut(z, nbcol)
  persp3d(x, y, z, theta=50, phi=25, expand=0.75, col=color[zcol],
          ticktype="detailed",axes=TRUE)

  png(file = paste(funcName, "1.png", sep=""), width=600, height=400,
      units="px")
```

```
  persp3D(x, y, z, theta = -45, phi = 20, color.palette = jet.colors)
  dev.off()

}

customMeasure("resultsMutations.csv", "2", mutationTests, "mut", "p. mutacji",
              "Znalezione minimum dla roznych prawdopodobienstw mutacji")

customMeasure("resultsCrossover.csv", "3", crossoverTests, "crs", "p.
    krzyzowania",
              "Znalezione minimum dla roznych prawdopodobienstw krzyzowania")

customMeasure("resultsPopulation.csv", "4", populationTests, "pop", "rozmiar
    populacji",
              "Znalezione minimum dla roznych rozmiarow populacji")

customMeasure("resultsIterations.csv", "5", iterationTests, "itr","ilosc
    iteracji",
              "Znalezione minimum dla roznych ilosci iteracji")

customMeasure("resultsElitism.csv", "6", elitismTests, "elt", "elityzm",
              "Znalezione minimum dla roznych wartosci elityzmu")

}
```

2.1 Parametryzacja skryptu

Parametryzacji podlega jedynie algorytm genetyczny. Wybór funkcji do optymalizacji odbywa się przez podanie jej nazwy. Pozostałe dane są odczytywane z pakietu „globalOptTests". [todo] dopisać o pętli przechodzącej po wszystkich funkcjach oraz po wszystkich parametrach domyślnych.

3 Przebieg badań

Do badań zostały wybrane funkcje o różnych wymiarach zaczynając na 2 kończąc na 20. Poniżej wymieniono te funkcje wraz z ilością wymiarów podaną w nawiasie.

- Branin (2)
- Gulf (3)
- CosMix4 (4)
- EMichalewicz (5)
- Hartman6 (6)
- PriceTransistor (9)
- Schwefel (10)
- Zeldasine20 (20)

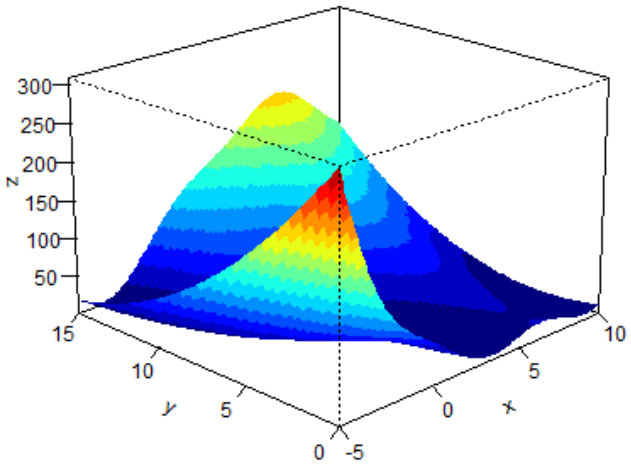
Każdy pomiar przeprowadzano 10-krotnie wyniki uśredniając. Domyślne parametry wynosiły kolejno:
[todo] 3 różne wersje domyślne (może być tabelka)

- rozmiar populacji - 50
- liczba iteracji - 100
- p. mutacji - 0,1
- p. krzyżowania - 0,8

3.1 Branin (2 parametry)

Branin jest funkcją z dwoma parametrami. Na ilustracji (rys. 1) przedstawiono jej wykres. Wzór funkcji zamieszczono poniżej (1). [todo] opisać dziedzinę

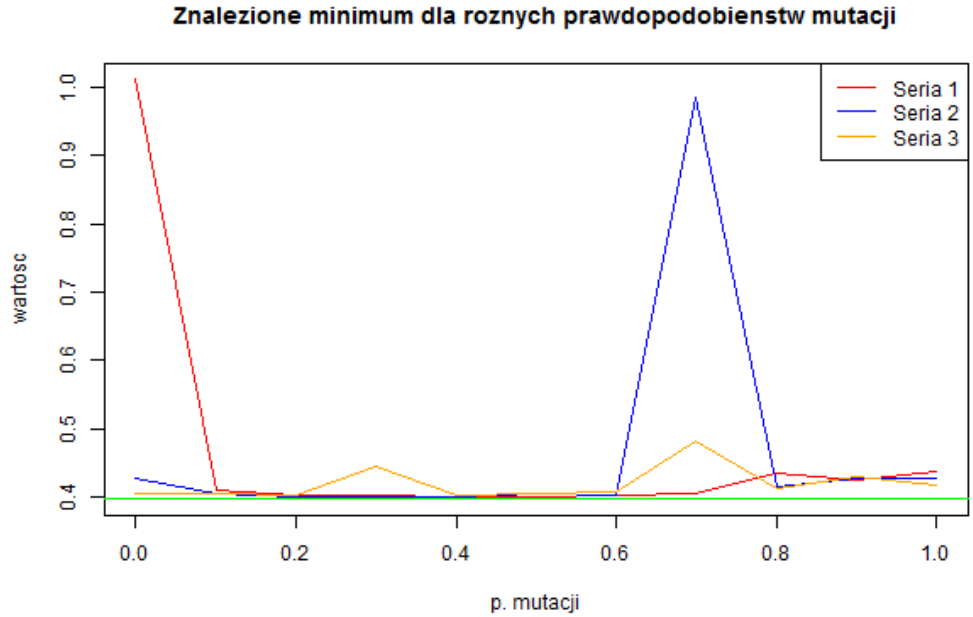
$$f(\boldsymbol{x}) = a(x_2 - bx_1^2 + cx_1 - r)^2 + s(1-t)\cos(x_1) + s \tag{1}$$



Rysunek 1: Wykres funkcji Branin (d=2)

Powyższy wykres pokazuje trójwymiarowy obraz funkcji Branin. [todo] z którego wynika ...

Na kolejnych stronach zamieszczono wyniki pomiarów dla różnych wartości parametrów algorytmu genetycznego.

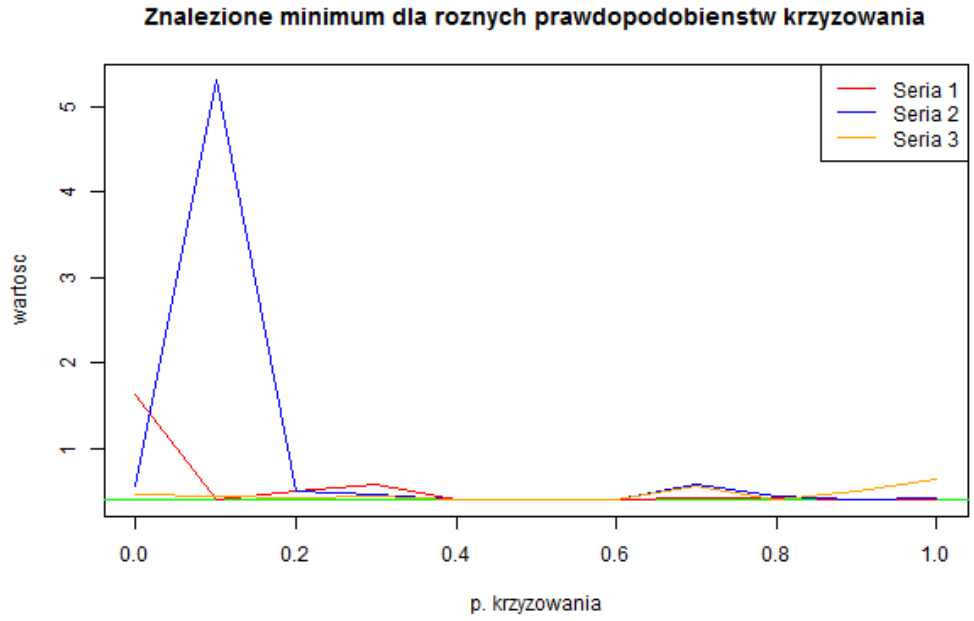


Rysunek 2: Wartość znalezionego optimum w zależności od prawdopodobieństwa mutacji

Na powyższym wykresie można zauważyć niski wpływ mutacji na znalezione rozwiąza-

nia. Przy wszystkich parametrach domyślnych funkcja znajduje się w pobliżu poszukiwanej([todo] ?) wartości.

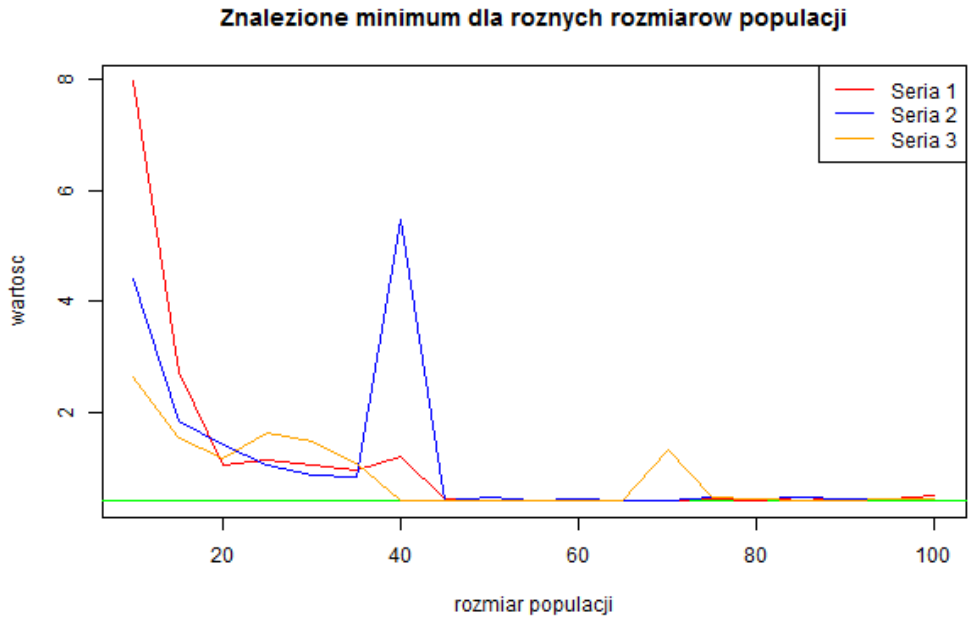
Wyjątkiem stanowi tutaj "seria 2" reprezentująca drugi zestaw wartości domyślnych. Przy mutacji wynoszącej 0.7 wynik funkcji znacząco się pogorszył.



Rysunek 3: Wartość znalezionego optimum w zależności od prawdopodobieństwa krzyżowania

Wykres przyjmuje wartości zbliżone do oczekiwanych, gdy prawdopodobieństwo krzyżowania wynosi 0.2 lub więcej.

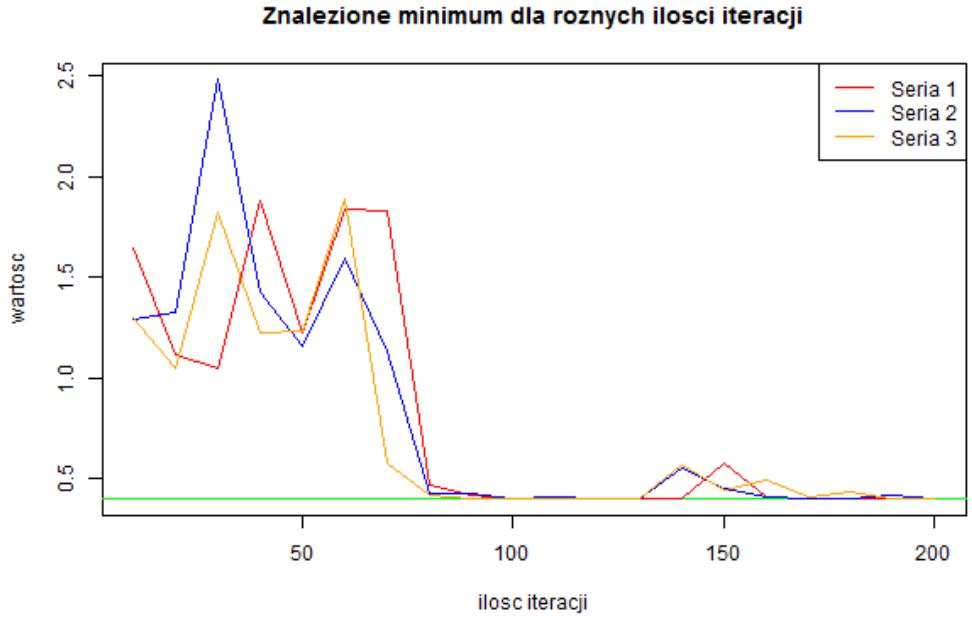
Najlepszy rezultat został otrzymany w przedziale prawdopodobieństwa krzyżowania między 0.4 a 0.6.



Rysunek 4: Wartość znalezionego optimum w zależności od przyjętego elityzmu

Z wykresu można odczytać podatność funkcji w zależności od populacji. Wyniki zbliżone do oczekiwanych zostały uzyskane dla populacji wynoszącej 45 jednostek.

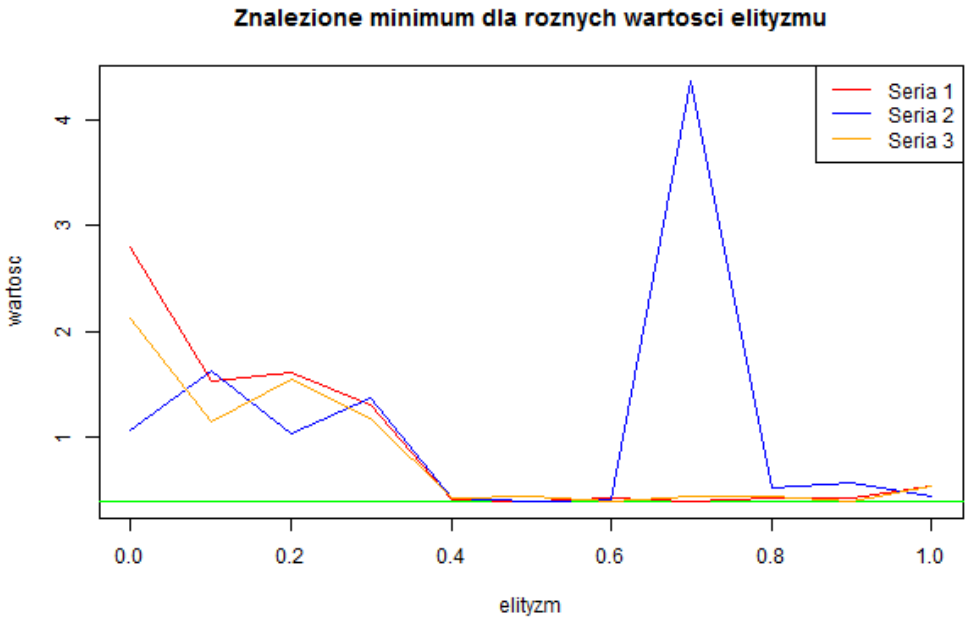
Zauważalny jest wzrost jakości rozwiązania wraz ze wzrostem ilości jednostek populacji.



Rysunek 5: Wartość znalezionego optimum w zależności od rozmiarów populacji

Wykres wskazuje wyranźną zmianę jakości rozwiązań dla 75 i więcej iteracji. Poniżej tej wartośći uzyskiwane wyniki są niestabilne, powyżej osiągają wartość zbliżoną do

oczekiwanej.



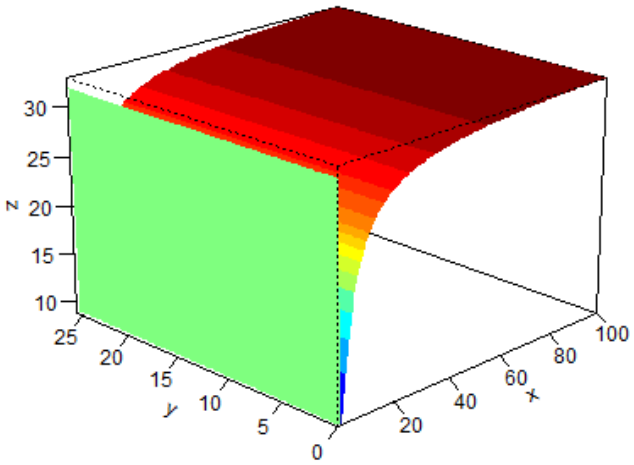
Rysunek 6: Wartość znalezionego optimum w zależności od ilości iteracji

Z wykonanych badań wynika, że do uzyskania optymalnego rozwiązania należy zastosować wartość elityzmu na poziomie przynajmniej 0.4. Jego ustawienie poniżej tej wartości powoduje znaczące obniżenie się jakości rozwiązania.

Warto tutaj zauważyć ponowne (jak w przypadku mutacji) obniżenie się jakości wyniku dla przedziału 0.6-0.8.

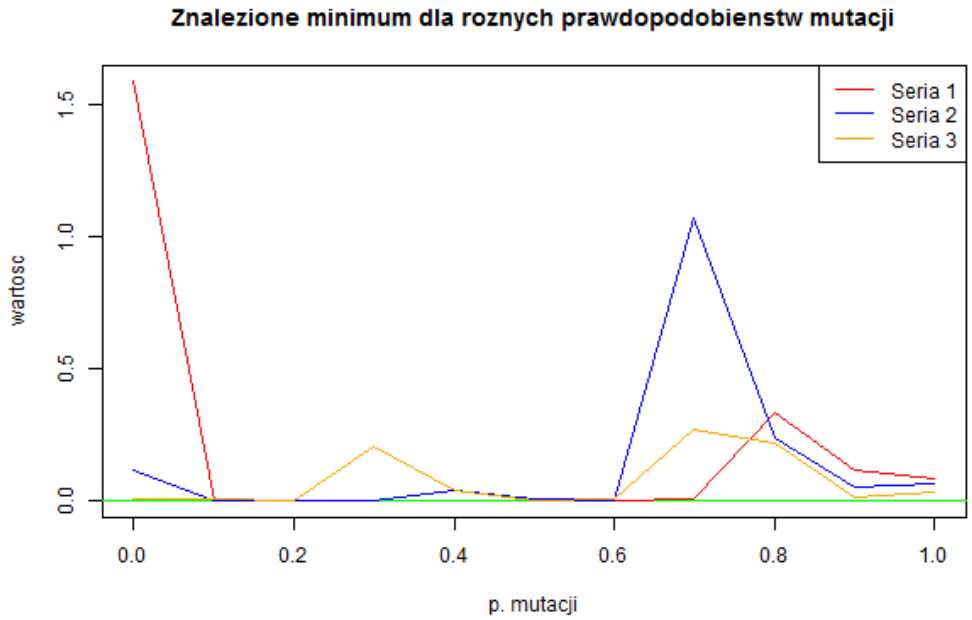
3.2 Gulf (3 parametry)

Gulf jest funkcją przyjmującą trzy parametry. Na ilustracji (rys. 7) przedstawiono jej wykres dla pierwszych dwóch wymiarów.

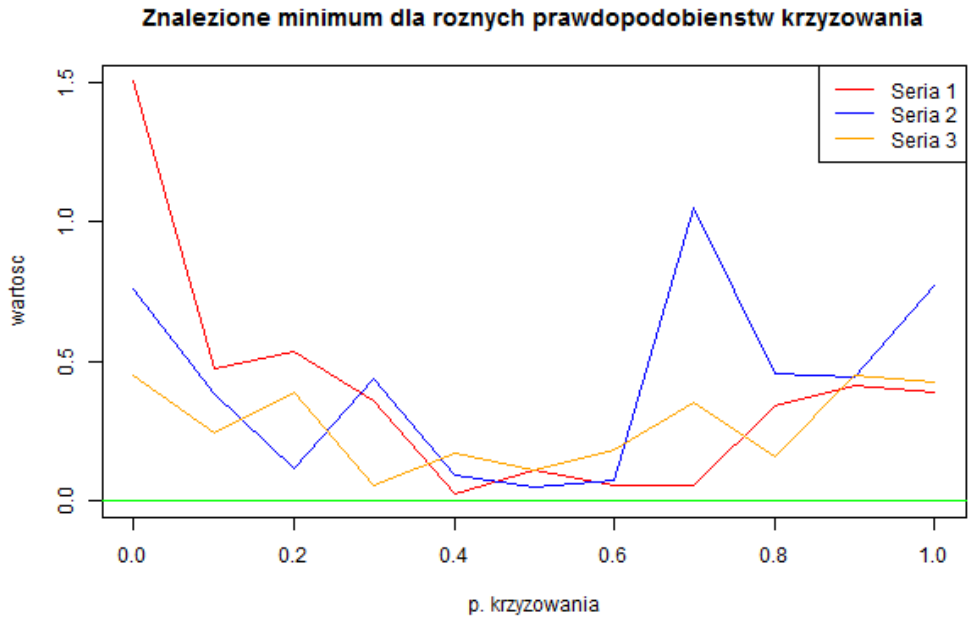


Rysunek 7: Wykres funkcji Gulf (d=3)

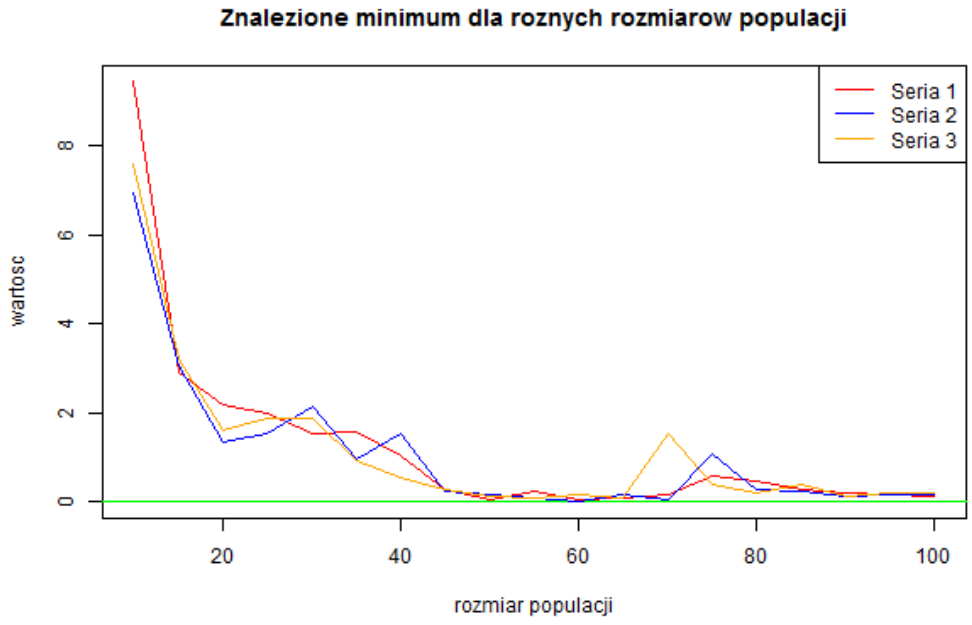
Na kolejnych stronach zamieszczono wyniki pomiarów dla różnych wartości parametrów algorytmu genetycznego.



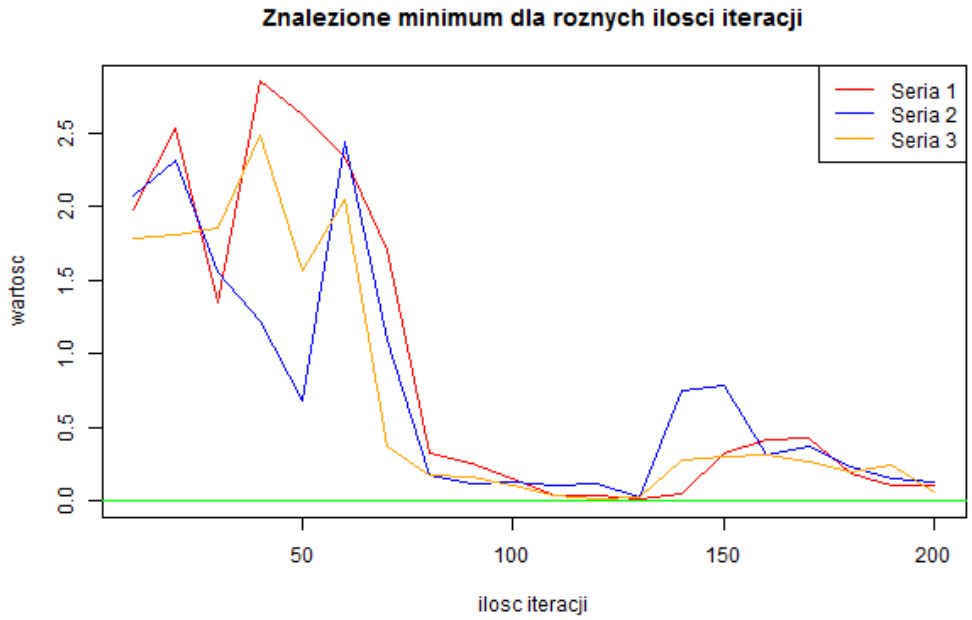
Rysunek 8: Wartość znalezionego optimum w zależności od prawdopodobieństwa mutacji



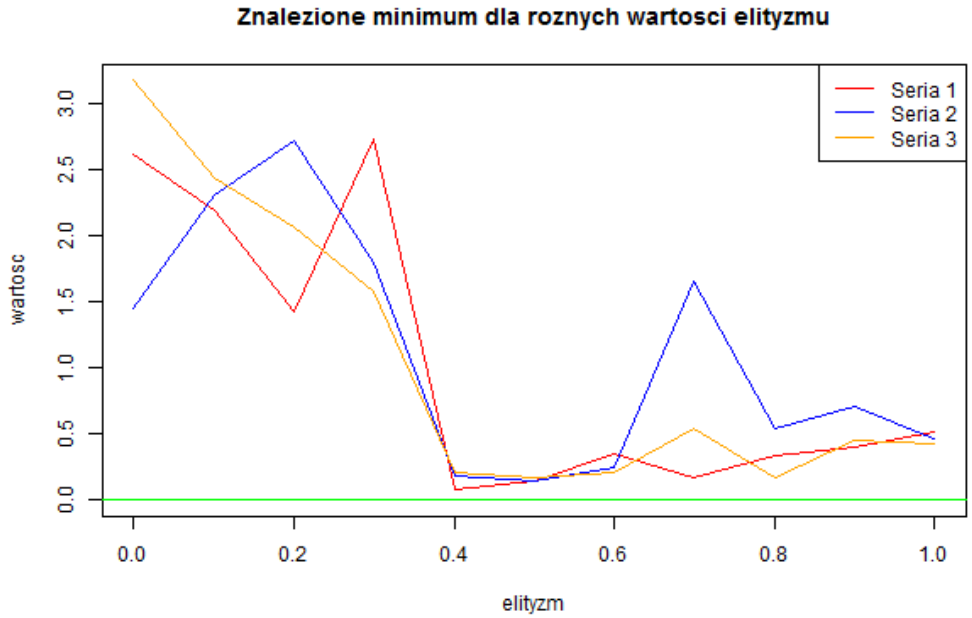
Rysunek 9: Wartość znalezionego optimum w zależności od prawdopodobieństwa krzyżowania



Rysunek 10: Wartość znalezionego optimum w zależności od przyjętego elityzmu



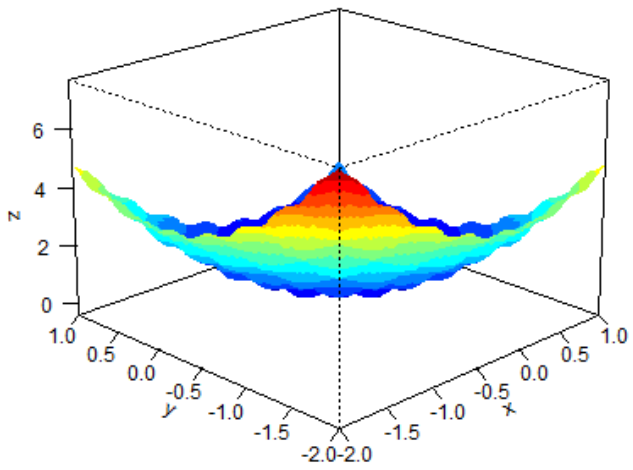
Rysunek 11: Wartość znalezionego optimum w zależności od rozmiarów populacji



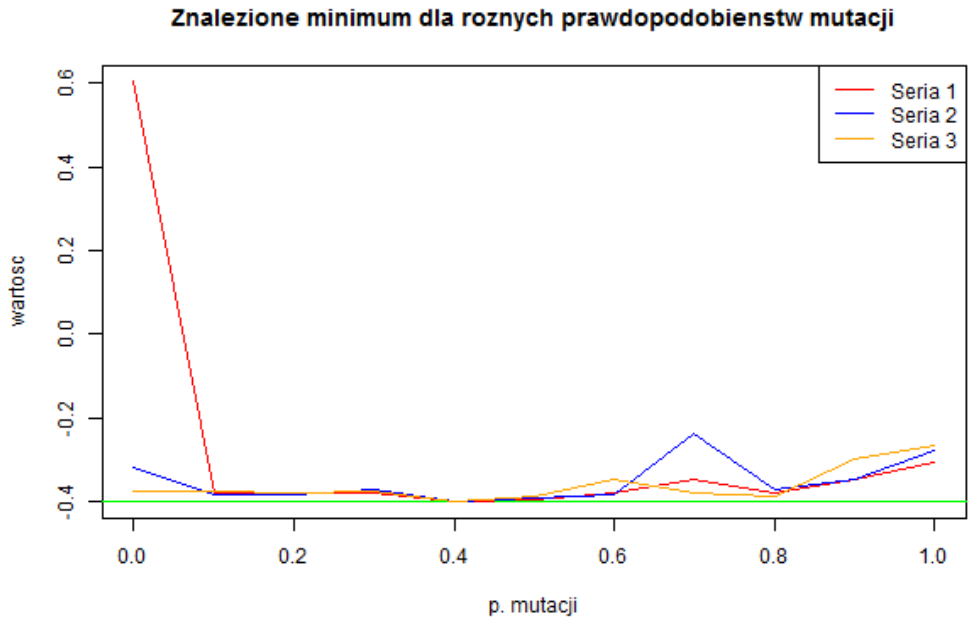
Rysunek 12: Wartość znalezionego optimum w zależności od ilości iteracji

Jak możemy zauważyć na ilustracji poniżej (rys. **??**) przedstawiona lokalizacja optimum nie jest poprawna, gdyż optymalizacji poddano wersję z 3 parametrami. Ogólnie rzecz biorąc gdyby 3 wymiar przedstawić w postaci gradientu kolorystycznego wtedy byłaby to poprawna lokalizacja niemniej trudna dla intuicyjnego sprawdzenia.

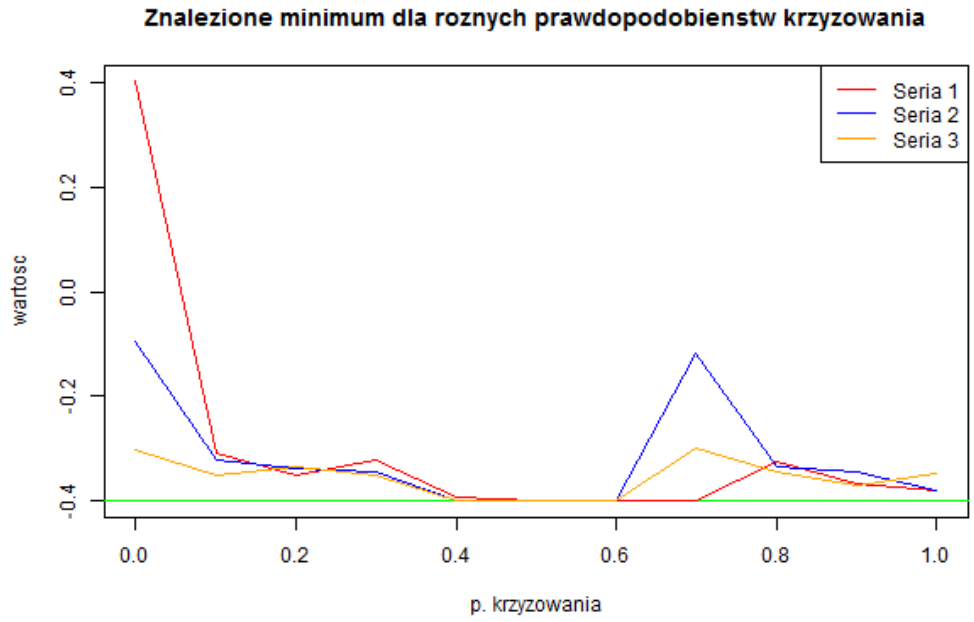
3.3 CosMix4 (4 parametry)



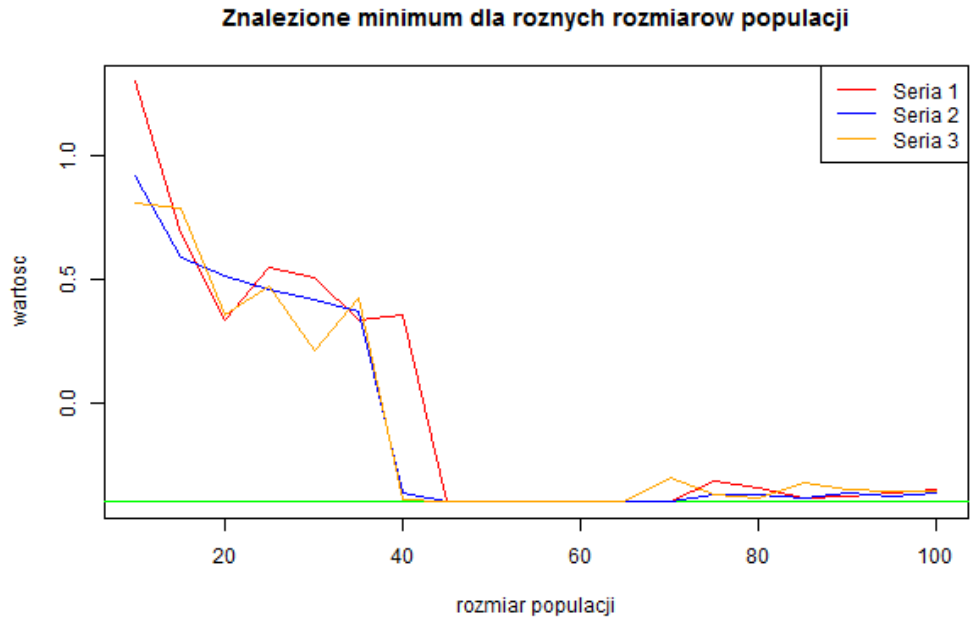
Rysunek 13: Wykres funkcji CosMix4 (d=4)



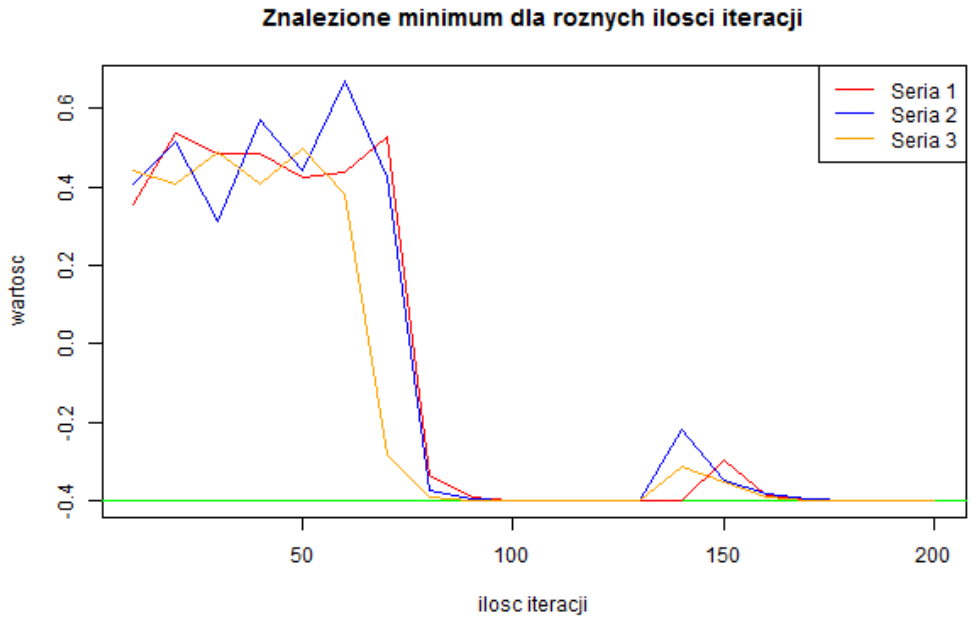
Rysunek 14: Wartość znalezionego optimum w zależności od prawdopodobieństwa mutacji



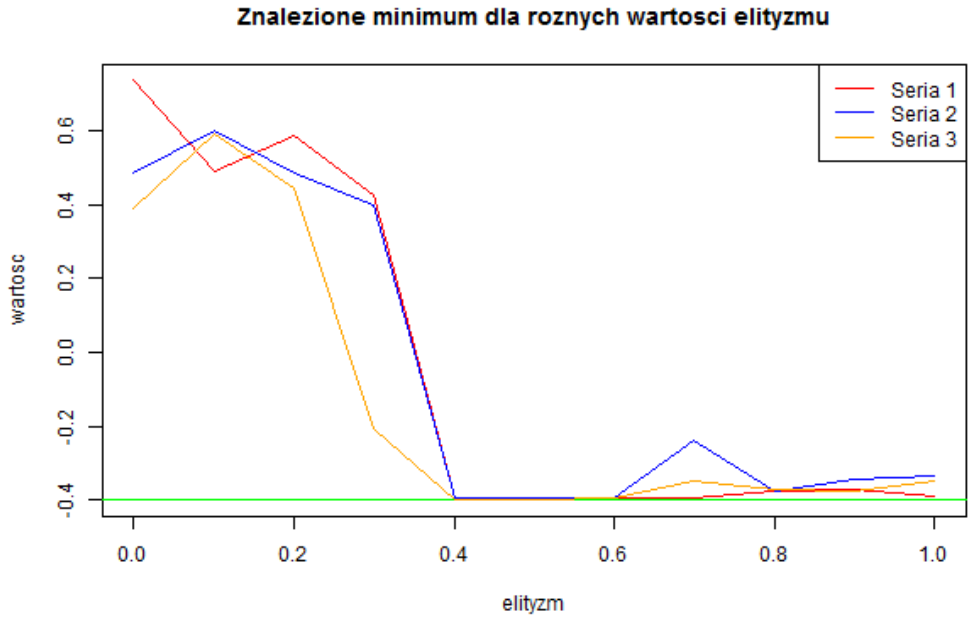
Rysunek 15: Wartość znalezionego optimum w zależności od prawdopodobieństwa krzyżowania



Rysunek 16: Wartość znalezionego optimum w zależności od przyjętego elityzmu

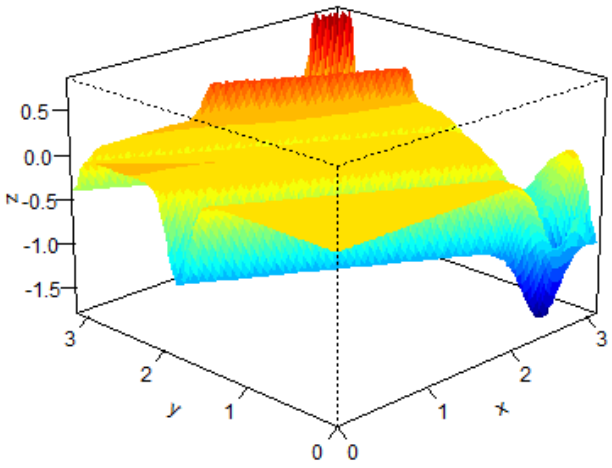


Rysunek 17: Wartość znalezionego optimum w zależności od rozmiarów populacji

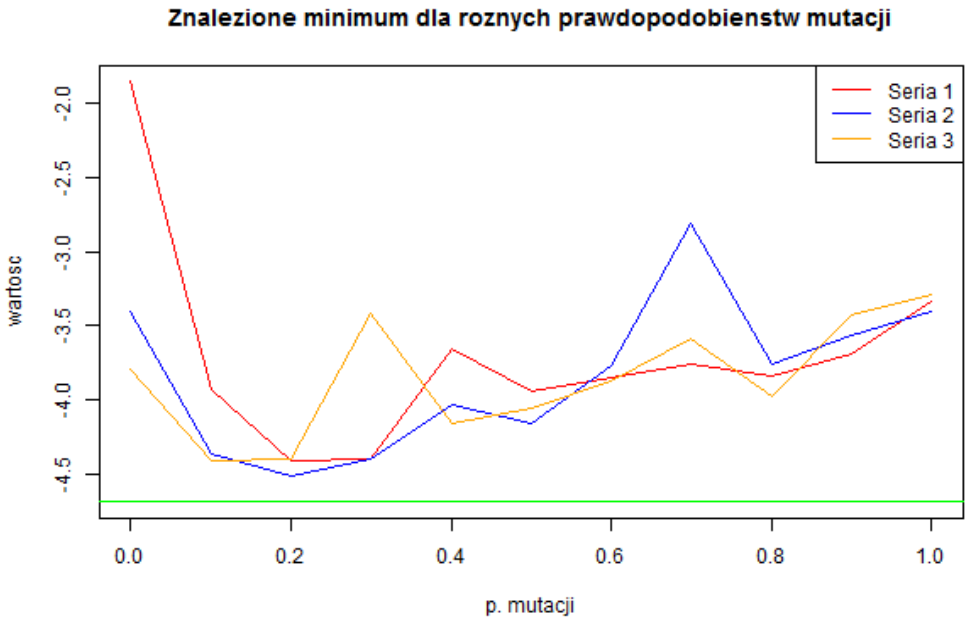


Rysunek 18: Wartość znalezionego optimum w zależności od ilości iteracji

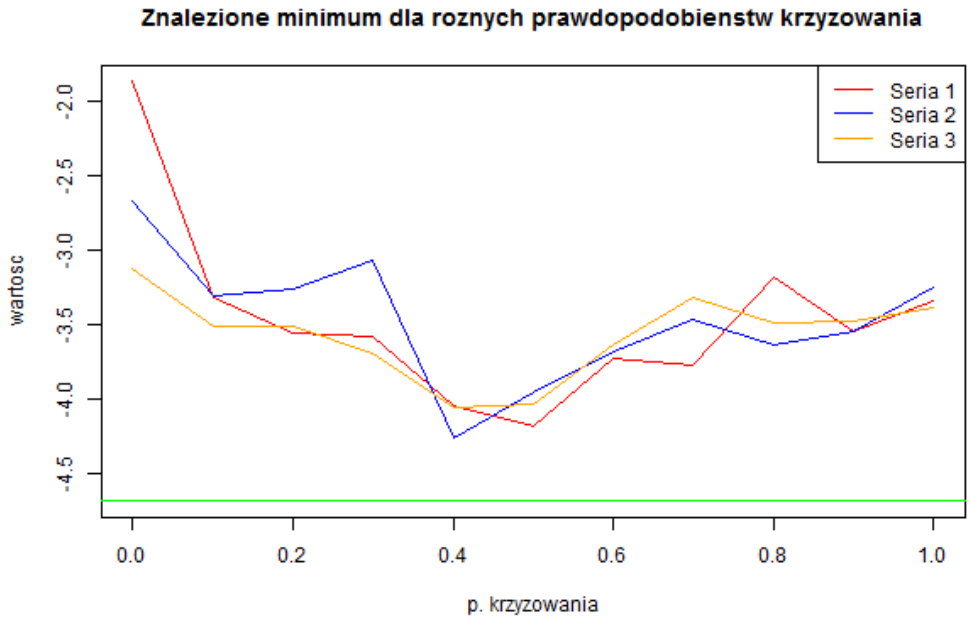
3.4 EMichalewicz (5 parametrów)



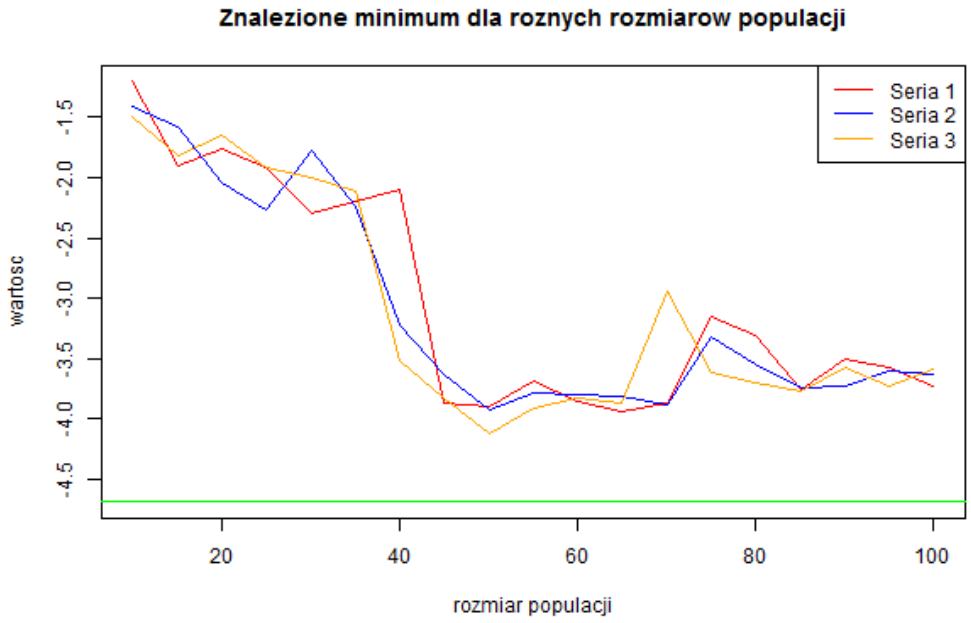
Rysunek 19: Wykres funkcji EMIchalewicz (d=5)



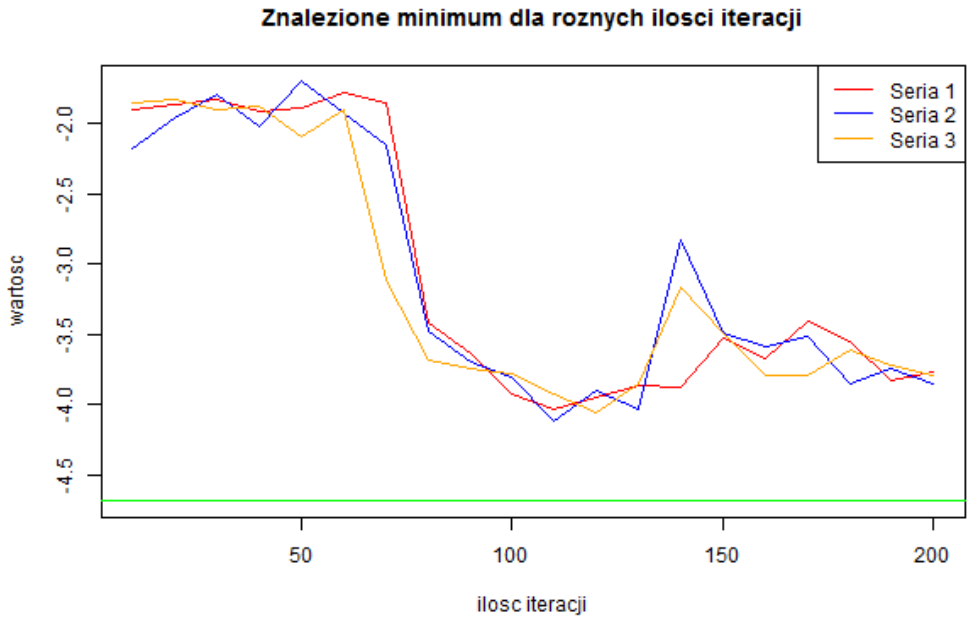
Rysunek 20: Wartość znalezionego optimum w zależności od prawdopodobieństwa mutacji



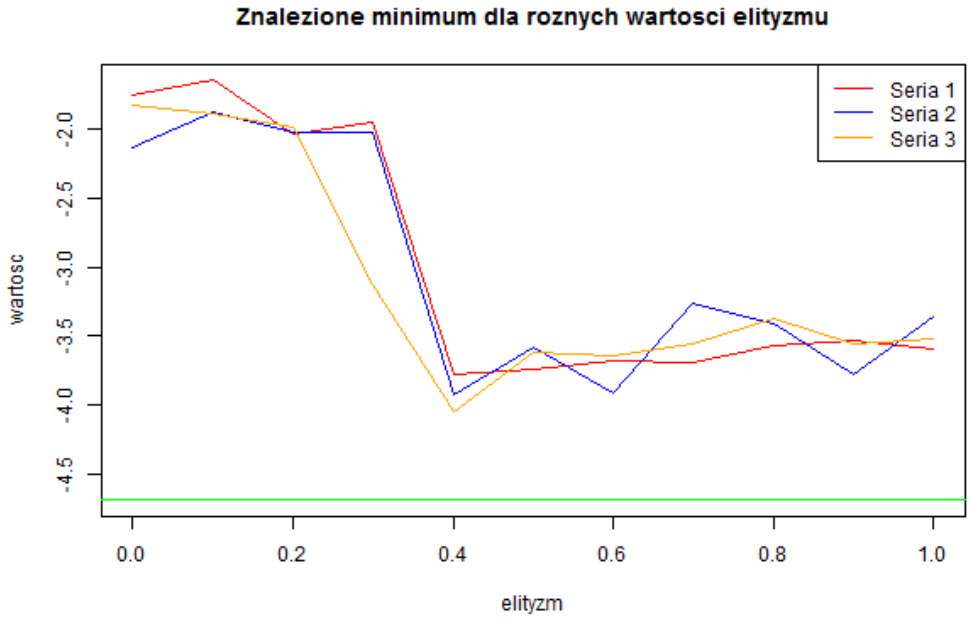
Rysunek 21: Wartość znalezionego optimum w zależności od prawdopodobieństwa krzyżowania



Rysunek 22: Wartość znalezionego optimum w zależności od przyjętego elityzmu

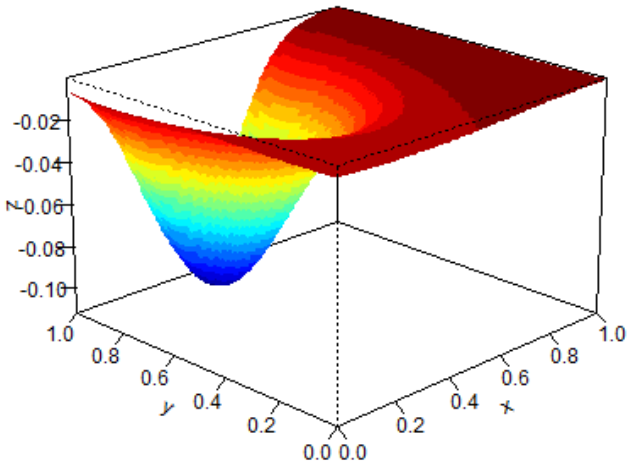


Rysunek 23: Wartość znalezionego optimum w zależności od rozmiarów populacji

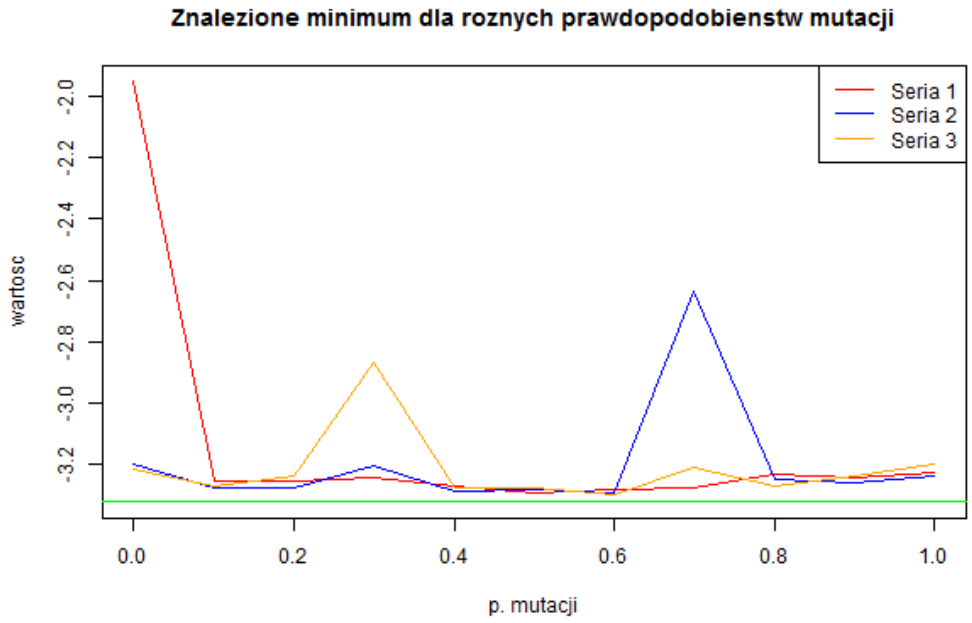


Rysunek 24: Wartość znalezionego optimum w zależności od ilości iteracji

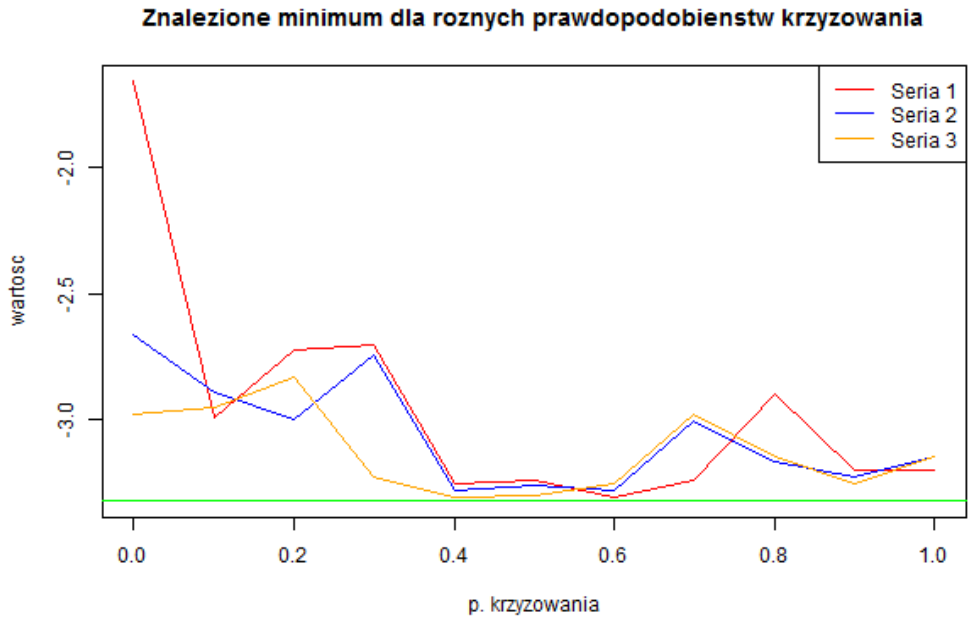
3.5 Hartman6 (6 parametrów)



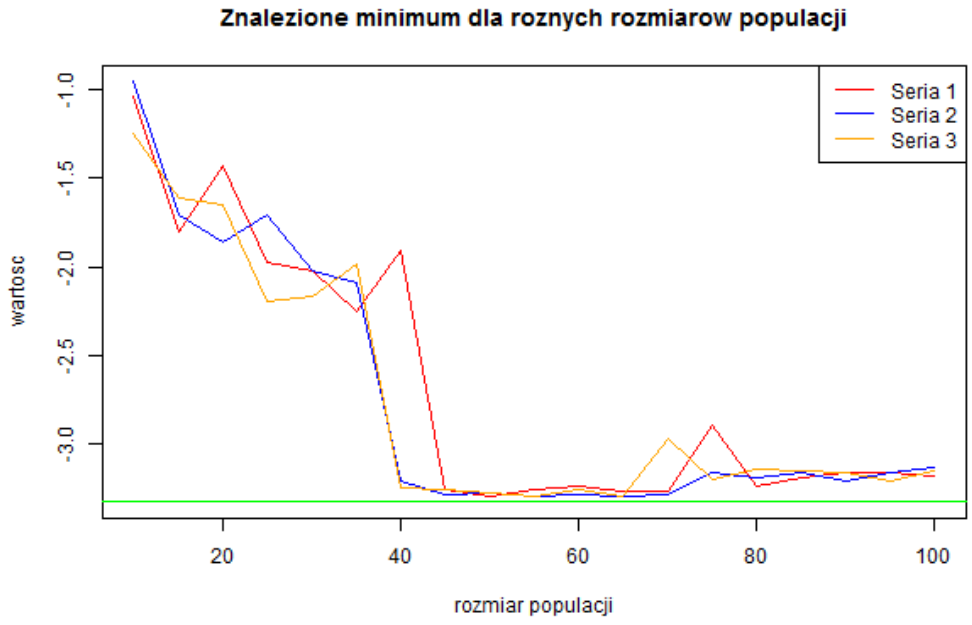
Rysunek 25: Wykres funkcji Hartman6 (d=6)



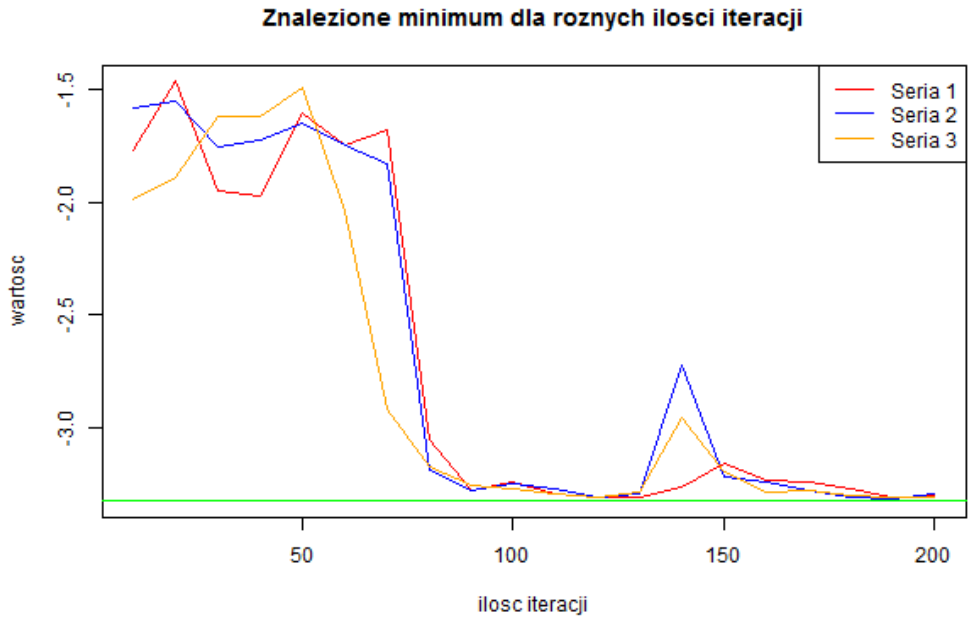
Rysunek 26: Wartość znalezionego optimum w zależności od prawdopodobieństwa mutacji



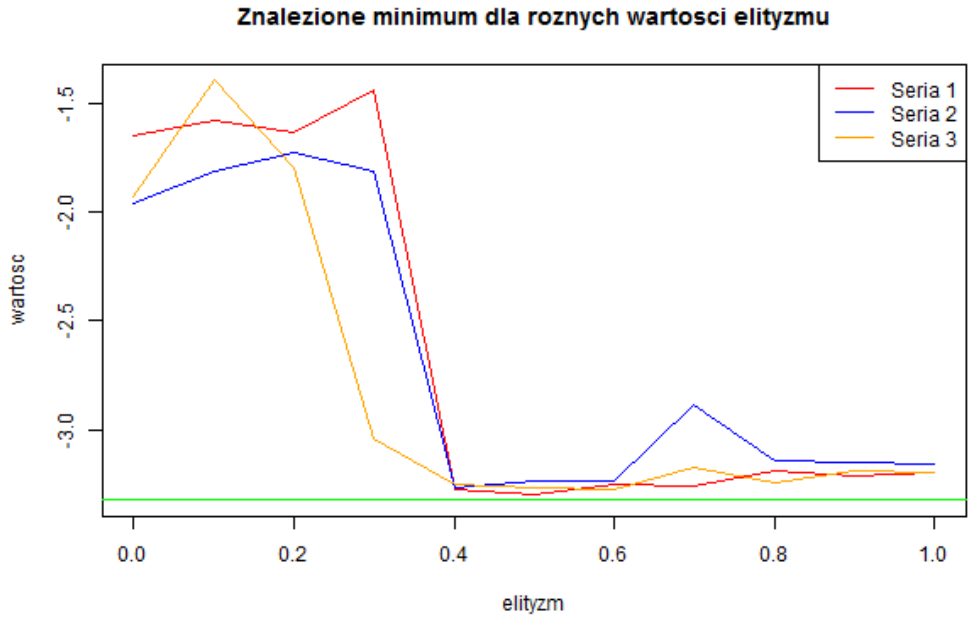
Rysunek 27: Wartość znalezionego optimum w zależności od prawdopodobieństwa krzyżowania



Rysunek 28: Wartość znalezionego optimum w zależności od przyjętego elityzmu

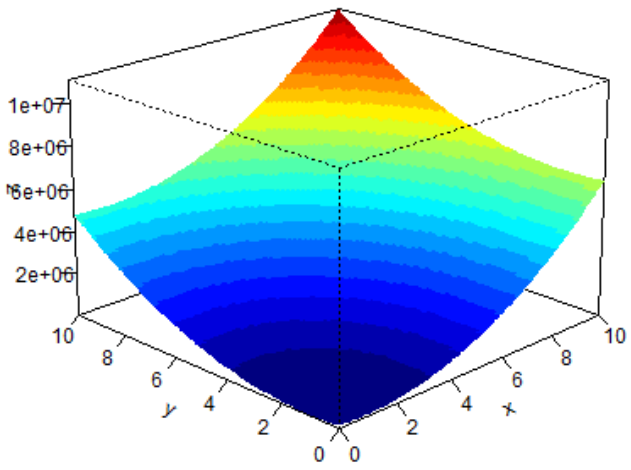


Rysunek 29: Wartość znalezionego optimum w zależności od rozmiarów populacji

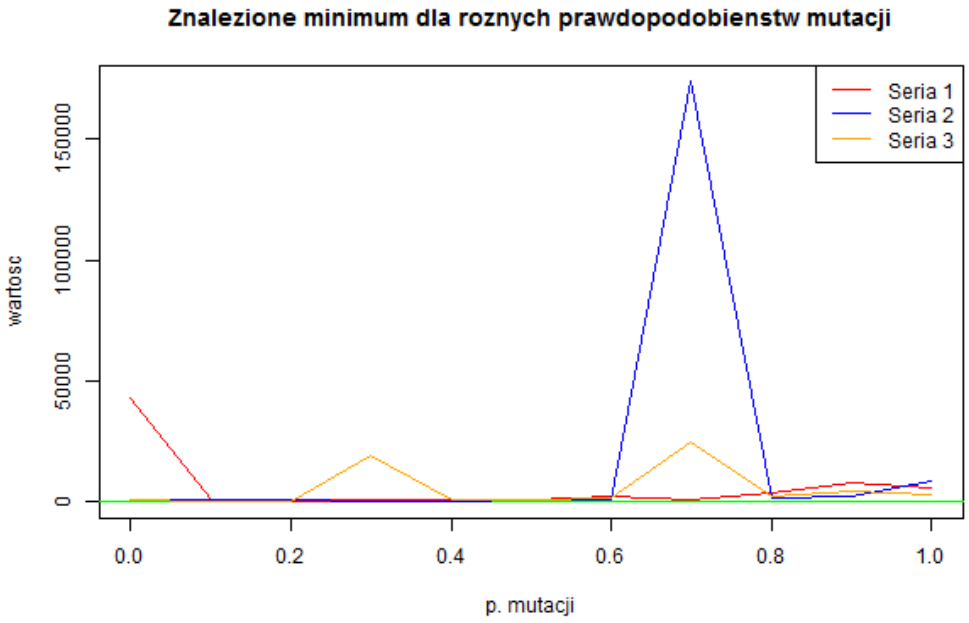


Rysunek 30: Wartość znalezionego optimum w zależności od ilości iteracji

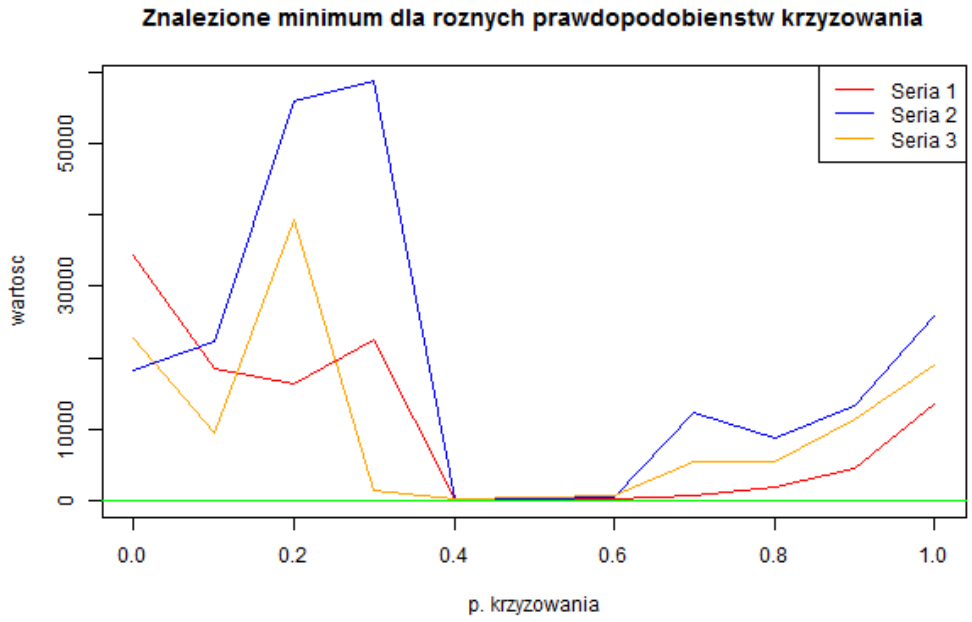
3.6 PriceTransistor (9 parametrów)



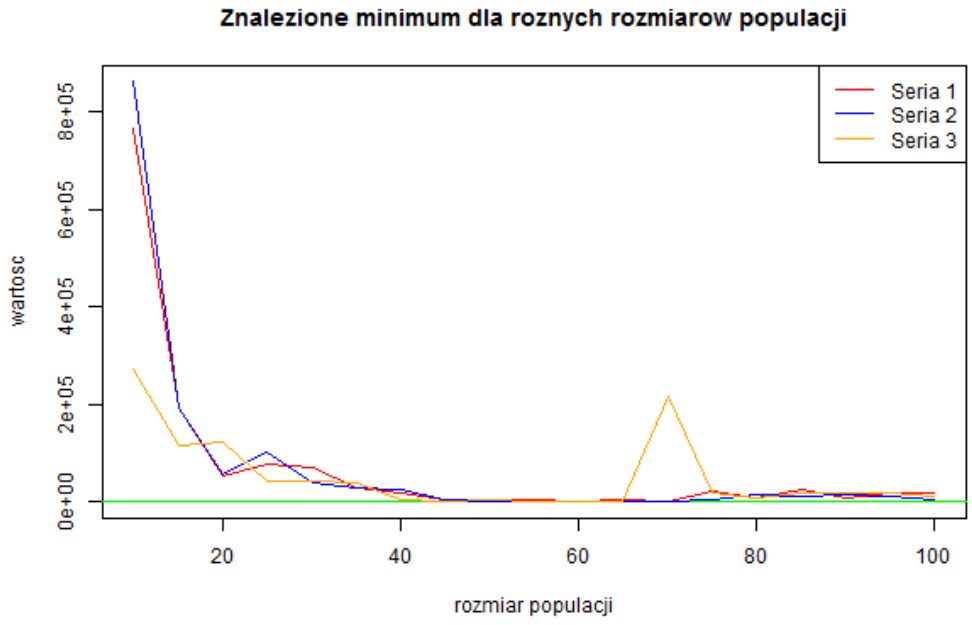
Rysunek 31: Wykres funkcji PriceTransistor (d=9)



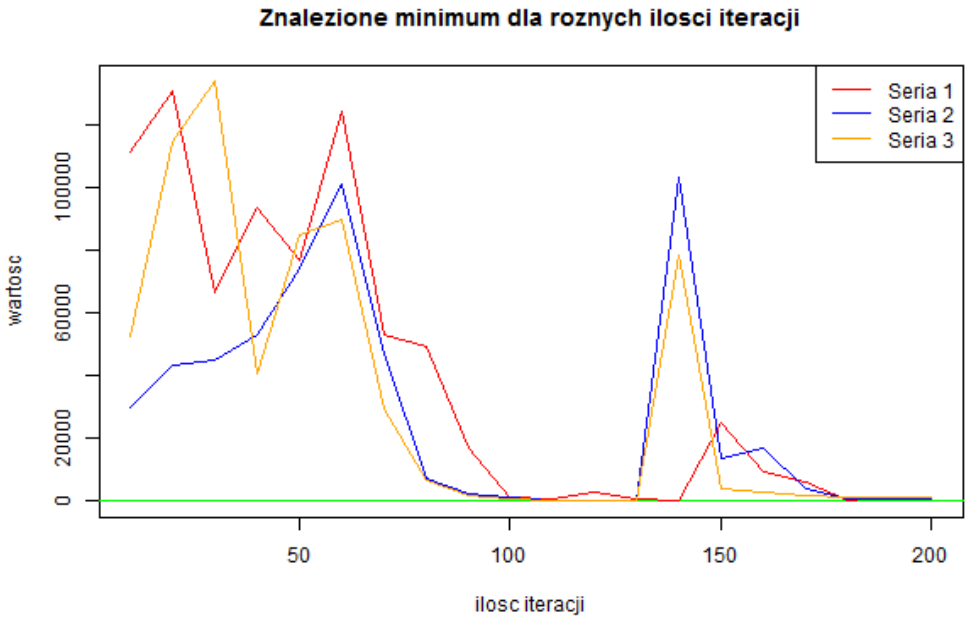
Rysunek 32: Wartość znalezionego optimum w zależności od prawdopodobieństwa mutacji



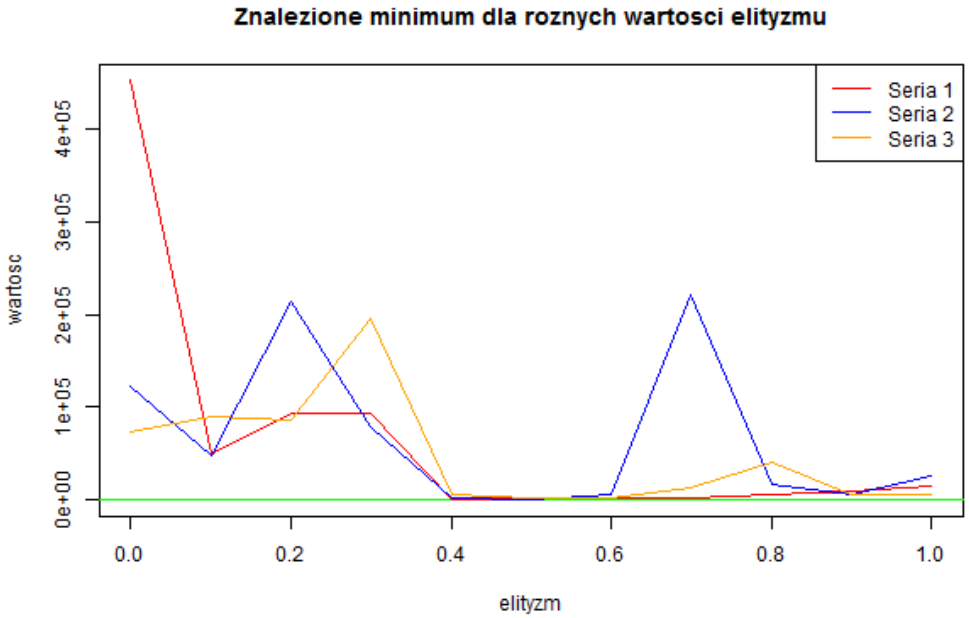
Rysunek 33: Wartość znalezionego optimum w zależności od prawdopodobieństwa krzyżowania



Rysunek 34: Wartość znalezionego optimum w zależności od przyjętego elityzmu

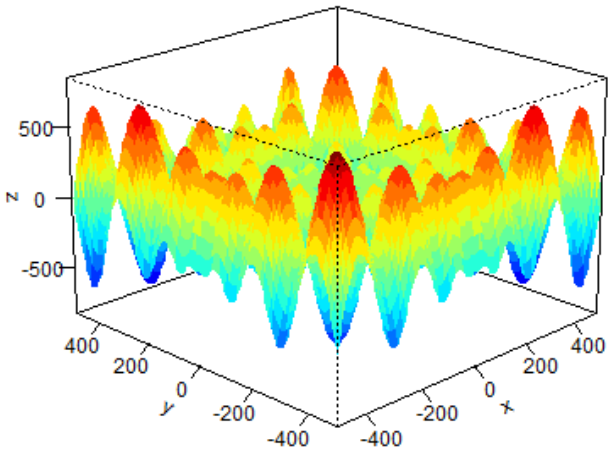


Rysunek 35: Wartość znalezionego optimum w zależności od rozmiarów populacji

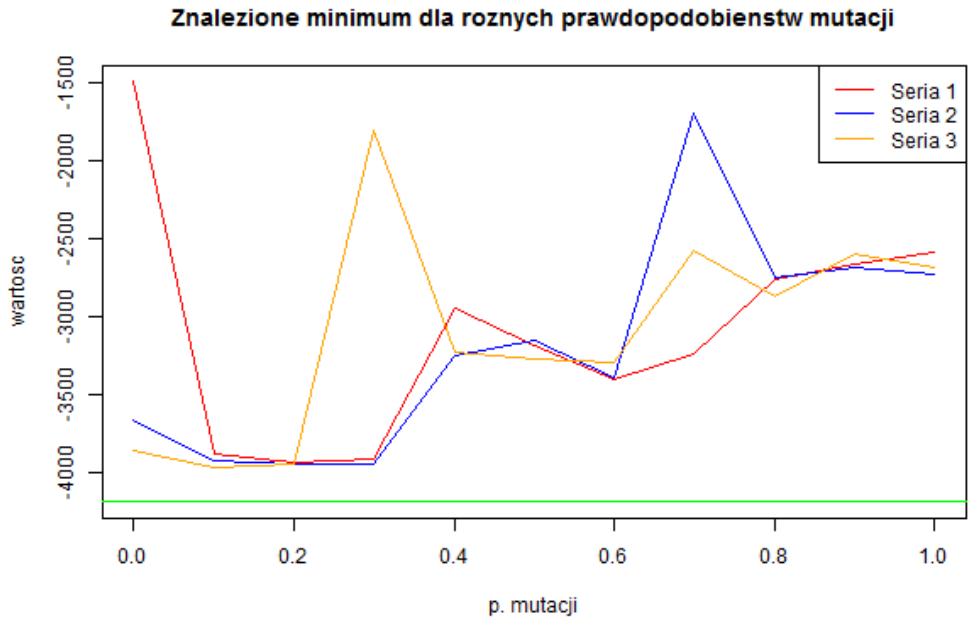


Rysunek 36: Wartość znalezionego optimum w zależności od ilości iteracji

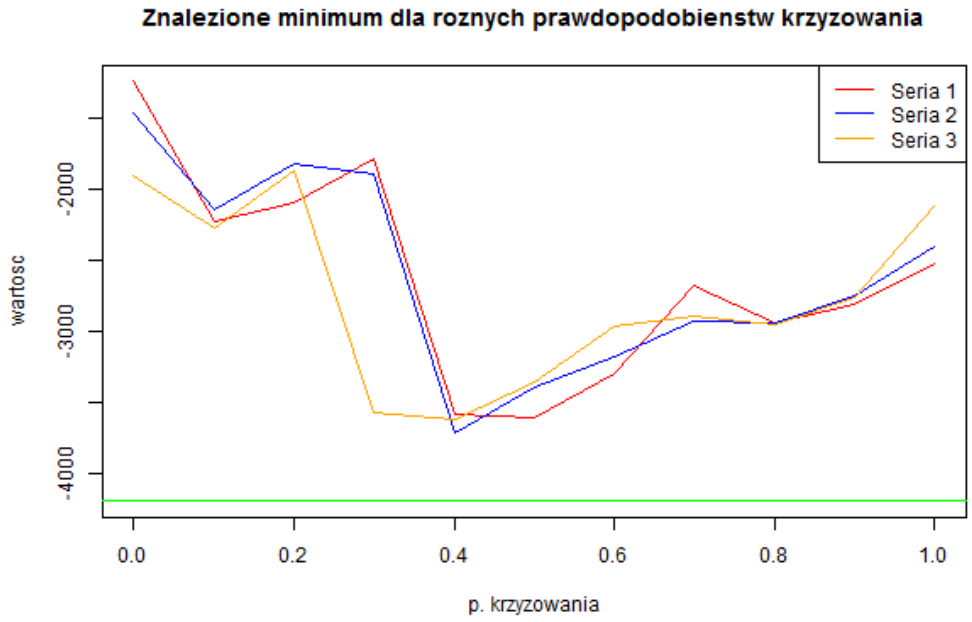
3.7 Schwefel (10 parametrów)



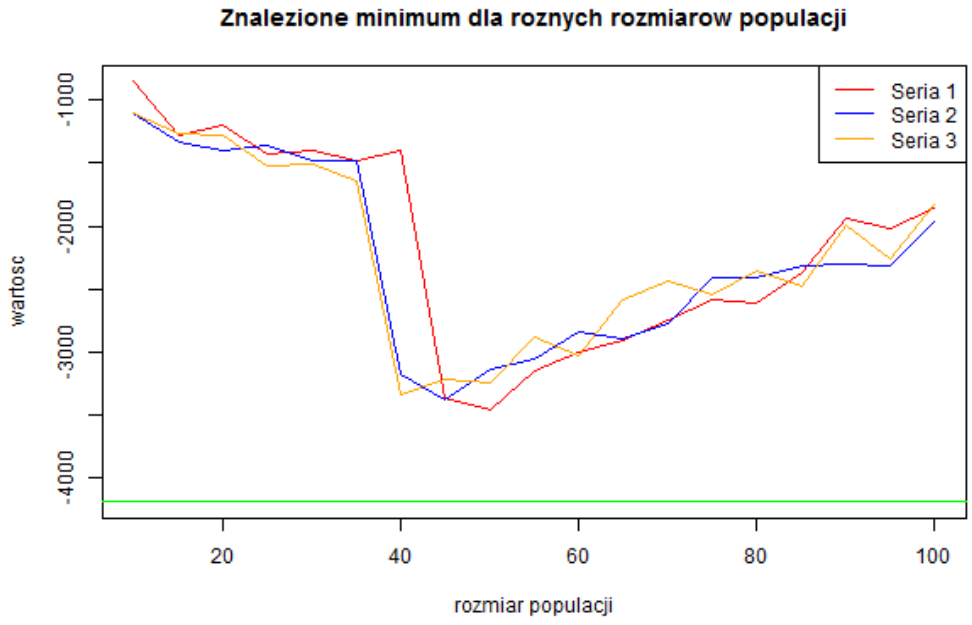
Rysunek 37: Wykres funkcji Schwefel (d=10)



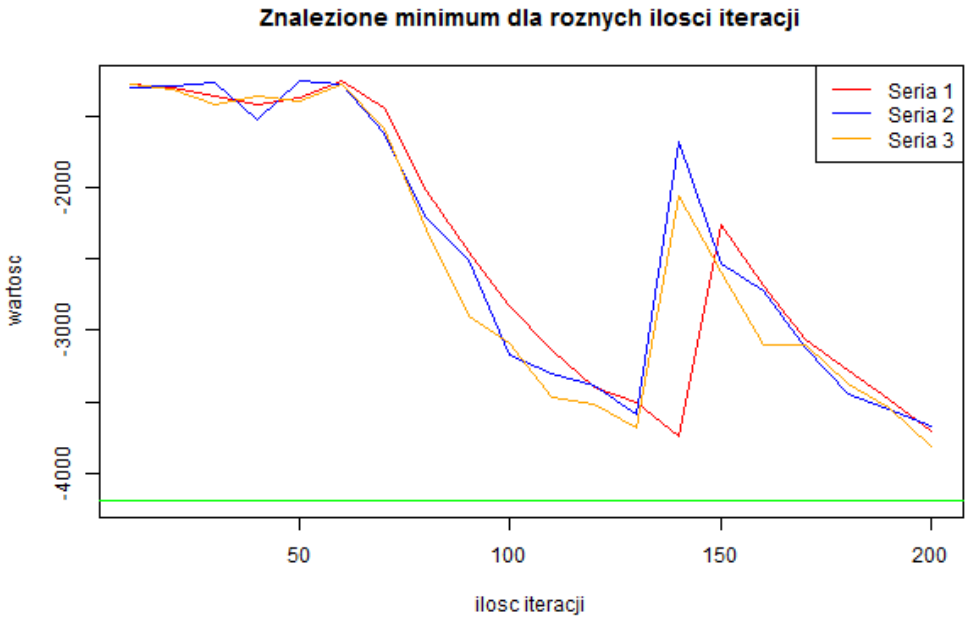
Rysunek 38: Wartość znalezionego optimum w zależności od prawdopodobieństwa mutacji



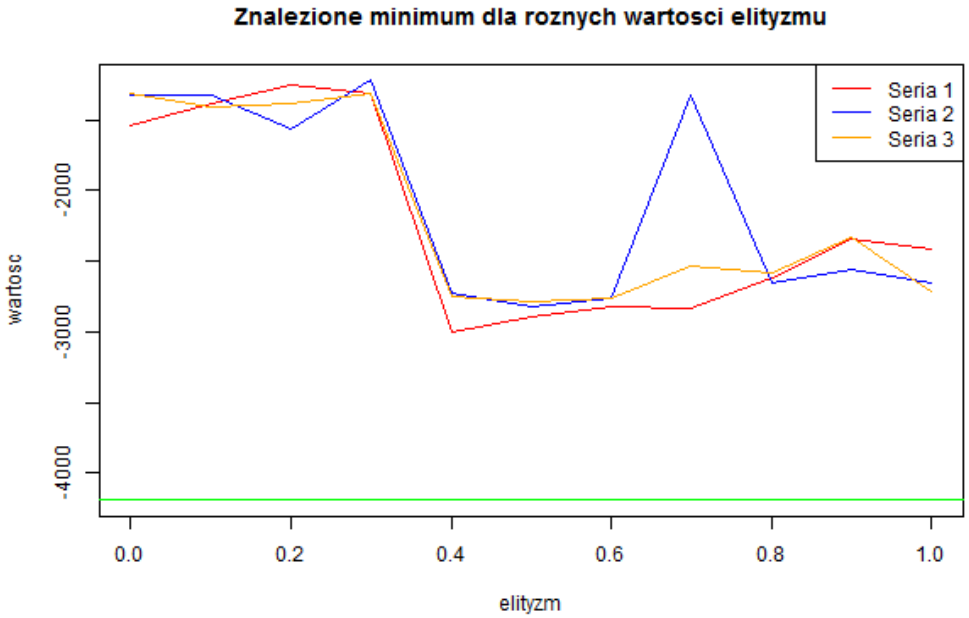
Rysunek 39: Wartość znalezionego optimum w zależności od prawdopodobieństwa krzyżowania



Rysunek 40: Wartość znalezionego optimum w zależności od przyjętego elityzmu

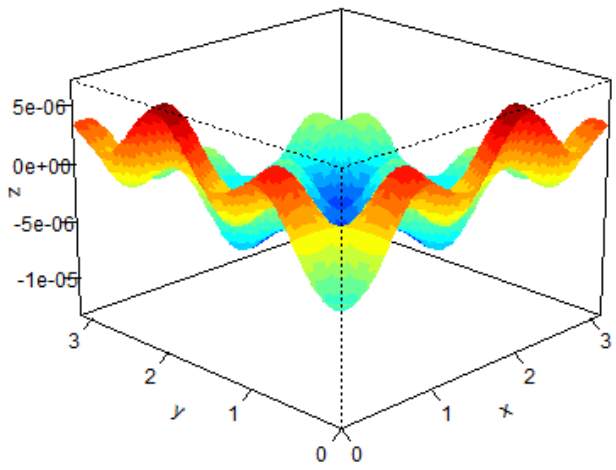


Rysunek 41: Wartość znalezionego optimum w zależności od rozmiarów populacji

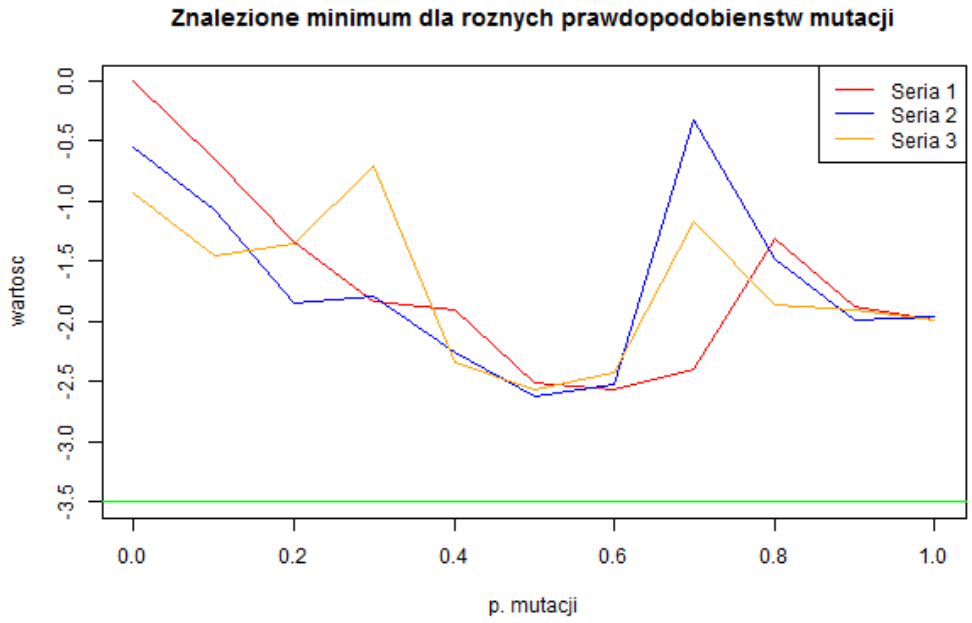


Rysunek 42: Wartość znalezionego optimum w zależności od ilości iteracji

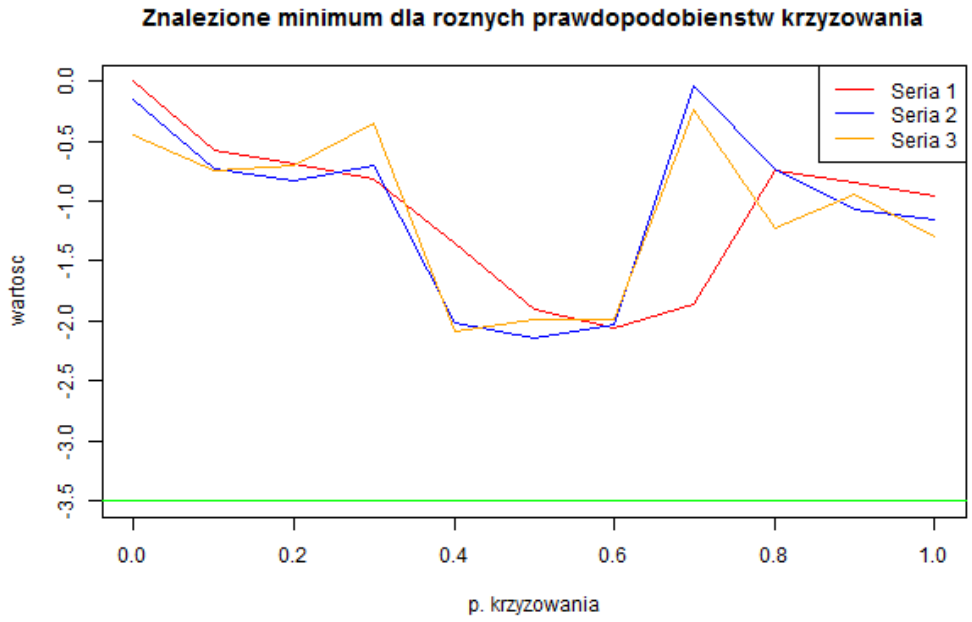
3.8 Zeldasine20 (20 parametrów)



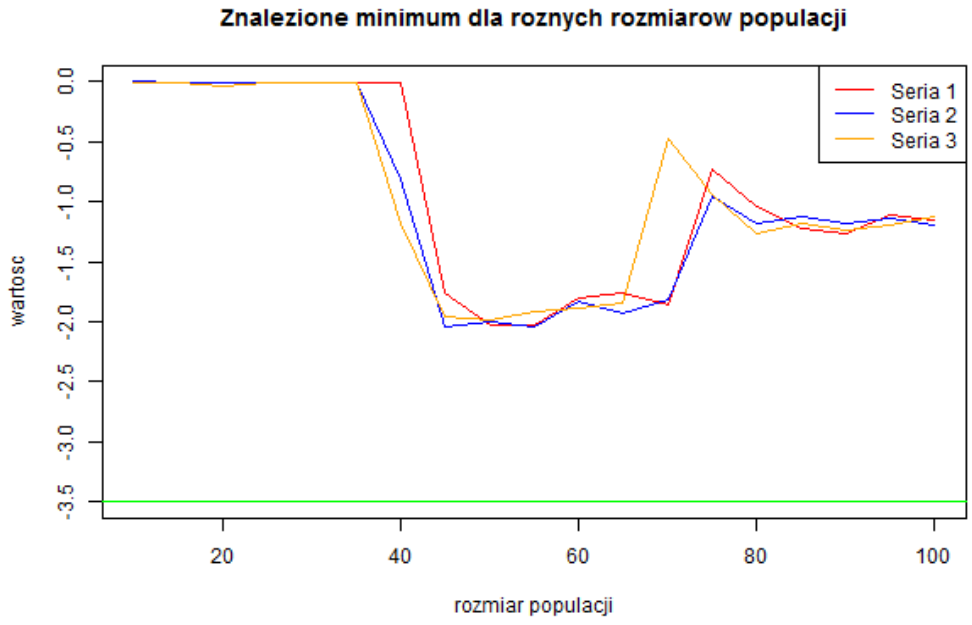
Rysunek 43: Wykres funkcji Zeldasine (d=20)



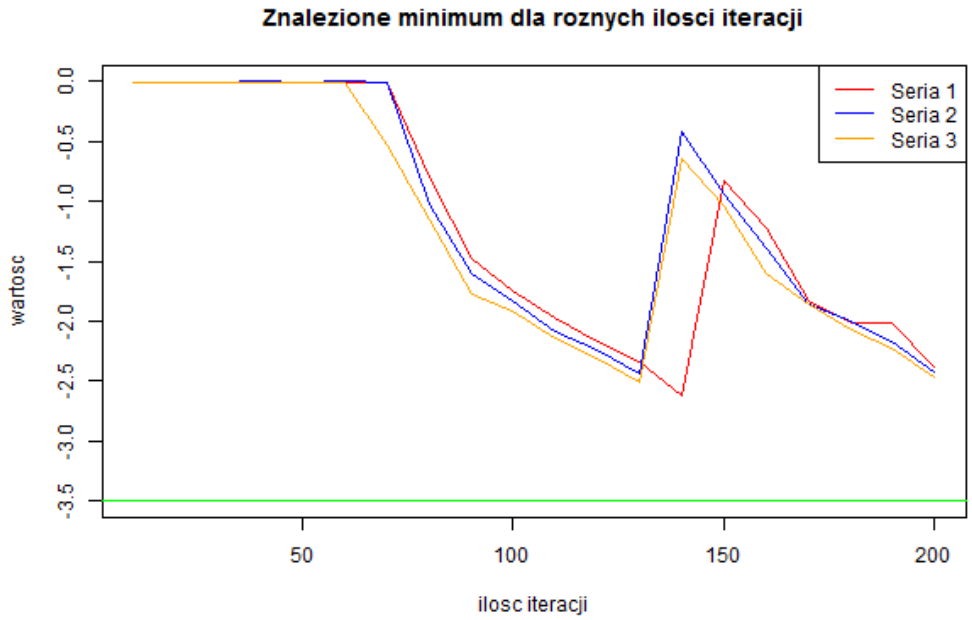
Rysunek 44: Wartość znalezionego optimum w zależności od prawdopodobieństwa mutacji



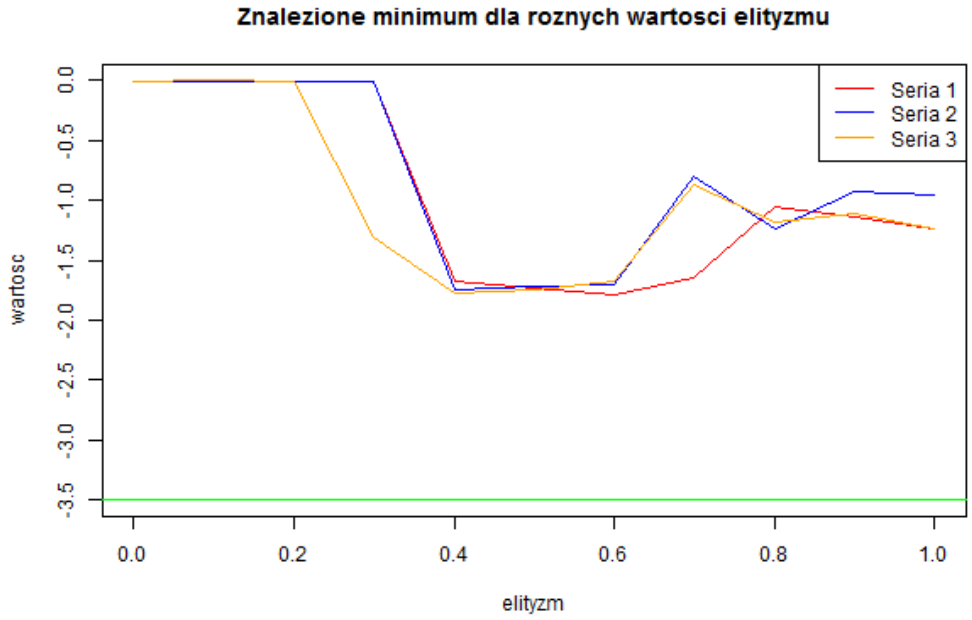
Rysunek 45: Wartość znalezionego optimum w zależności od prawdopodobieństwa krzyżowania



Rysunek 46: Wartość znalezionego optimum w zależności od przyjętego elityzmu



Rysunek 47: Wartość znalezionego optimum w zależności od rozmiarów populacji



Rysunek 48: Wartość znalezionego optimum w zależności od ilości iteracji

4 Podsumowanie

Test

Akapit

Literatura

[1] Artur Suchwałko "Wprowadzenie do R dla programistów innych języków" https://cran.r-project.org/doc/contrib/R-dla-programistow-innych-jezykow.pdf