

POLITECHNIKA WARSZAWSKA

WYDZIAŁ ELEKTRYCZNY

Michał Sut

26 października 2017

1 Treść zadania

Napisać program umożliwiający znalezienie maksimum funkcji dopasowania jednej zmiennej określonej dla liczb całkowitych w zadanym zakresie przy pomocy elementarnego algorytmu genetycznego (reprodukcja z użyciem nieproporcjonalnej ruletki, krzyżowanie proste, mutacja równomierna). Program powinien umożliwiać użycie różnych funkcji dopasowania, populacji o różnej liczebności oraz różnych parametrów operacji genetycznych (krzyżowania i mutacji). Program powinien zapewnić wizualizację wyników w postaci wykresów średniego, maksymalnego i minimalnego przystosowania dla kolejnych populacji oraz wykresu funkcji w zadanym przedziale.

Program przetestować dla funkcji $f(x) = -0.1x^2 + 4x + 7$ dla $x = -1, 0, \dots, 41$

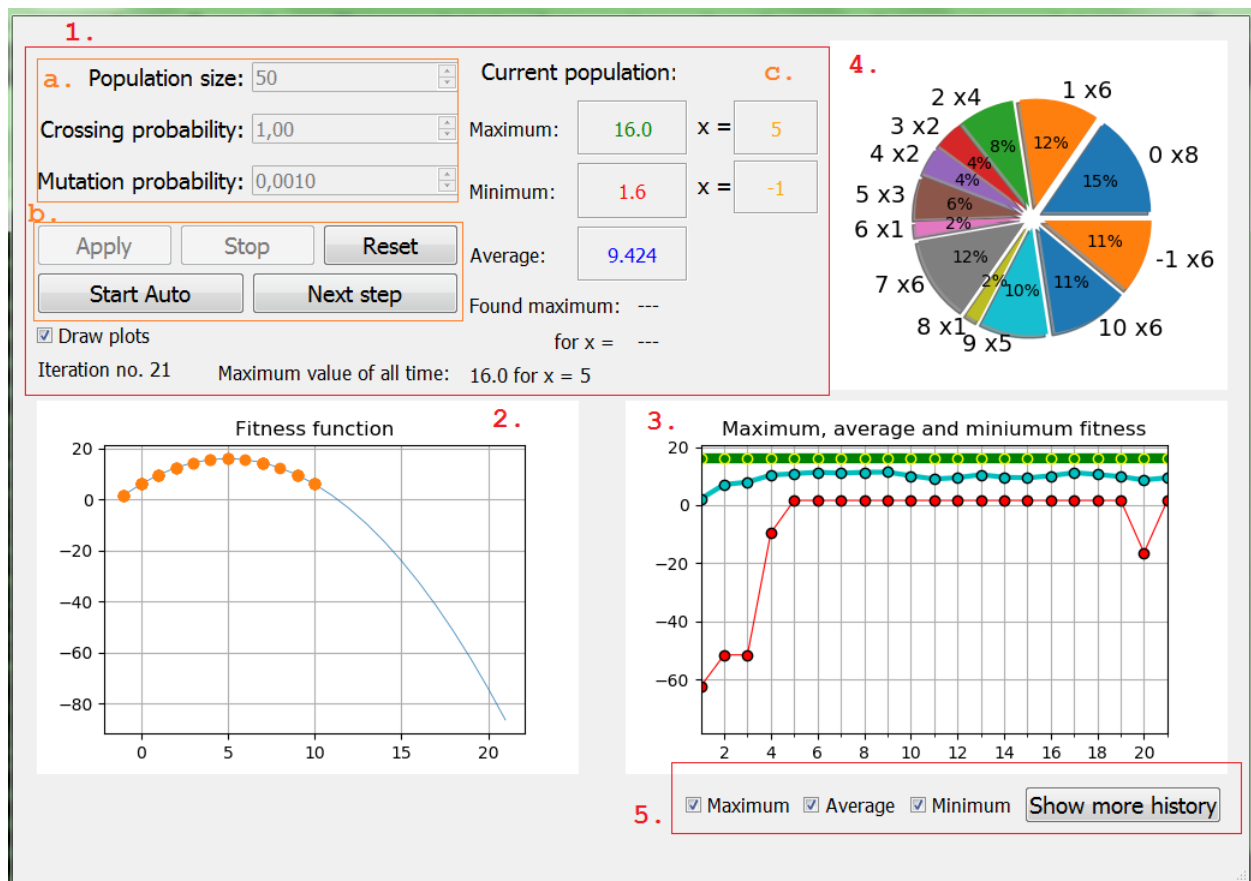
2 Instrukcja działania programu

2.1 Uruchomienie

Program został napisany w języku Python, z wykorzystaniem bibliotek zawartych w dystrybucji Anaconda3. W związku z tym, należy uruchamiać program w tym środowisku, z linii poleceń. Aby uruchomić program należy wpisać w konsoli:

```
$ python ag.py
```

2.2 Okno główne programu



2.3 Opis okna programu

1. Panel sterowania
 - (a) Parametry populacji
 - (b) Przyciski sterowania
 - (c) Wszystkie informacje gromadzone i wyliczone podczas działania programu
2. Wykres funkcji z zaznaczonymi osobnikami populacji
3. Wykres wartości średnich, maksymalnych i minimalnych dla kolejnych generacji. Pokazuje określoną liczbę ostatnich wyników.
4. Wykres kołowy przedstawiający "nieproporcjonalną ruletkę", czyli prawdopodobieństwo wylosowania danego osobnika
5. Panel umożliwiający podejrzenie całego wykresu, aż od początkowej generacji.

2.4 Zmiana ustawień programu

Ustawienia programu znajdują się w pliku `settings.py`. Zmianą podlegają następujące elementy:

1. **FUNCTION** - Funkcja dopasowania
2. **X_START** - Początek zakresu
3. **X_END** - Koniec zakresu
4. **MAX_HIST_SIZE** - Liczba wyników pokazywana na wykresie wartości min/max/avg

2.5 Użycie

2.5.1 Podstawowe operacje

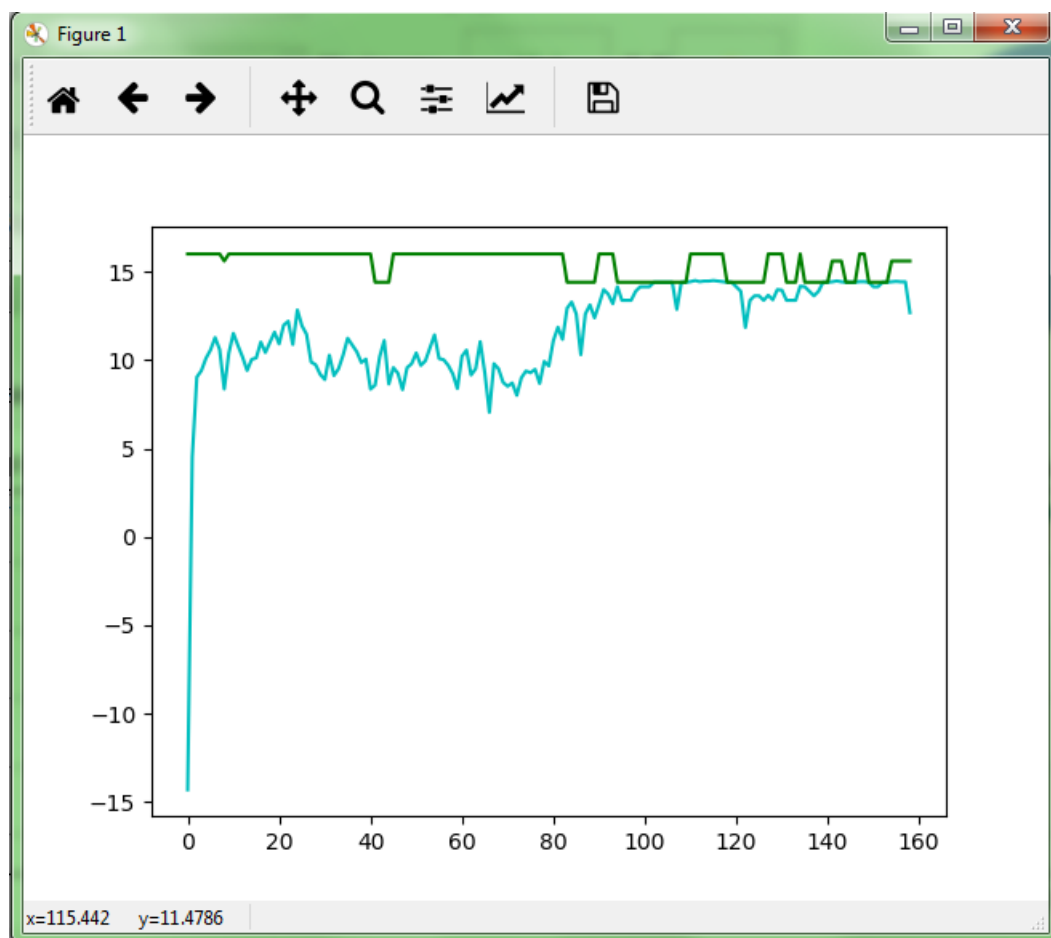
1. Ustawić parametry populacji
2. Zainicjować populację klikając przycisk
3. W tym momencie dostępne są trzy możliwości:
 - (a) - Wykonanie tylko jednej generacji
 - (b) - Wykonywanie kolejnych generacji aż do wystąpienia warunku stopu
 - (c) - Wyczyszczenie populacji i jej parametrów
4. Rozpoczęty proces automatycznych generacji można zastopować przyciskiem

Zaznaczając lub odznaczając pole **Draw plots** decydujemy o tym, czy kolejne generacje będą wyświetlane na wykresach.

Uwaga! Zaznaczenie pola powoduje wydłużenie czasu trwania wykonania jednego pełnego kroku. Ma to szczególne znaczenie podczas generacji automatycznych.

2.5.2 Otworzenie pełnego wykresu wartości średnich, maksymalnych i minimalnych

Przycisk powoduje otworenie nowego okna z pełnym wykresem wartości, które zostały zaznaczone w polach, znajdujących się obok przycisku. Nowo otwarte okno wygląda następująco:



Możemy przybliżać i oddalać dowolne fragmenty wykresu, modyfikować wygląd wykresu, a także zapisać go do pliku *.png

2.6 Warunek stopu

Program powinien zatrzymać się po wykonaniu przynajmniej 1000 iteracji, w sytuacji gdy ostatnie 20 wartości maksymalnych jest takich samych, a w populacji występują tylko osobniki o tym samym kodzie.

3 Opis eksperymentów

Eksperymenty przeprowadzone były dla funkcji $f(x) = -0.1x^2 + 4x + 7$, dla $x = -1, 0, \dots, 41$. Dokładność znalezionej wartości obliczona jest poprzez obliczenie stosunku znalezionej wartości maksymalnej do wartości obliczonej analitycznie. W tym przypadku, maksimum funkcji wynosi 47 i jest osiągnięte dla argumentu $x = 20$

3.1 Różna liczebność populacji

W celu przeprowadzenia tych eksperymentów, kilkakrotnie uruchomione zostanie automatyczne znajdowanie maksimum dla populacji z domyślnymi parametrami prawdopodobieństwa mutacji (0,001) i krzyżowania (1,00).

3.1.1 Populacja: 4 osobników

Wyniki prezentują się następująco:

Lp	X	maksimum	Błąd X	Błąd maks	Liczba iteracji
1	21	46,9	5,00%	0,21%	1001
2	19	46,9	5,00%	0,21%	1002
3	20	47	0,00%	0,00%	1001
4	26	43,4	30,00%	7,66%	1003
5	31	34,9	55,00%	25,74%	1001
6	15	44,5	25,00%	5,32%	1001
8	14	43,4	30,00%	7,66%	1009
9	18	46,6	10,00%	0,85%	1001
10	14	43,4	30,00%	7,66%	1001

3.1.2 Populacja: 10 osobników

Wyniki prezentują się następująco:

Lp	X	maksimum	Błąd X	Błąd maks.	Liczba iteracji
1	21	46,9	5,00%	0,21%	1001
2	23	46,1	15,00%	1,91%	1001
3	22	46,6	10,00%	0,85%	1002
4	19	46,9	5,00%	0,21%	1040
5	18	46,6	10,00%	0,85%	1021
6	20	47,0	0,00%	0,00%	1032
8	26	43,4	30,00%	7,66%	1022
9	23	46,1	15,00%	1,91%	1001
10	17	46,1	15,00%	1,91%	1004

3.1.3 Populacja: 50 osobników

Wyniki prezentują się następująco:

Lp	X	maksimum	Błąd X	Błąd maks.	Liczba iteracji
1	23	46,1	15,00%	1,91%	1008
2	19	46,9	5,00%	0,21%	1017
3	23	46,1	15,00%	1,91%	1021
4	21	46,9	5,00%	0,21%	1100
5	19	46,9	5,00%	0,21%	1033
6	21	46,9	5,00%	0,21%	1152
8	20	47,0	0,00%	0,00%	1001
9	23	46,1	15,00%	1,91%	1009
10	20	47,0	0,00%	0,00%	1156

3.1.4 Populacja: 100 osobników

Wyniki prezentują się następująco:

Lp	X	maksimum	Błąd X	Błąd maks.	Liczba iteracji
1	19	46,9	5,00%	0,21%	1452
2	21	46,9	5,00%	0,21%	1092
3	20	47,0	0,00%	0,00%	1065
4	18	46,6	10,00%	0,85%	1001
5	23	46,1	15,00%	1,91%	1028
6	18	46,6	10,00%	0,85%	1475
8	21	46,9	5,00%	0,21%	1101
9	20	47,0	0,00%	0,00%	1503
10	21	46,9	5,00%	0,21%	1124

3.2 Różne prawdopodobieństwa krzyżowania

Eksperymenty przeprowadzone będą dla populacji 10 osobników, z prawdopodobieństwem mutacji równym 0.001

3.2.1 Krzyżowanie: prawdopodobieństwo = 1,00

Wyniki prezentują się następująco:

Lp	X	maksimum	Błąd X	Błąd maks.	Liczba iteracji
1	21	46,9	5,00%	0,21%	1001
2	23	46,1	15,00%	1,91%	1001
3	22	46,6	10,00%	0,85%	1002
4	19	46,9	5,00%	0,21%	1040
5	18	46,6	10,00%	0,85%	1021
6	20	47,0	0,00%	0,00%	1032
8	26	43,4	30,00%	7,66%	1022
9	23	46,1	15,00%	1,91%	1001
10	17	46,1	15,00%	1,91%	1004

3.2.2 Krzyżowanie: prawdopodobieństwo = 0,90

Wyniki prezentują się następująco:

Lp	X	maksimum	Błąd X	Błąd maks	Liczba iteracji
1	22	46,1	10,00%	1,91%	1016
2	16	45,4	20,00%	3,40%	1146
3	25	44,5	25,00%	5,32%	1043
4	25	44,5	25,00%	5,32%	1001
5	16	45,4	20,00%	3,40%	1057
6	14	43,4	30,00%	7,66%	1001
8	23	46,1	15,00%	1,91%	1001
9	25	44,5	25,00%	5,32%	1001
10	16	45,4	20,00%	3,40%	1001

3.2.3 Krzyżowanie: prawdopodobieństwo = 0,50

Wyniki prezentują się następująco:

Lp	X	maksimum	Błąd X	Błąd maks.	Liczba iteracji
1	11	38,9	45,00%	17,23%	1001
2	20	47,0	0,00%	0,00%	1001
3	19	46,9	5,00%	0,21%	1001
4	25	44,5	25,00%	5,32%	1003
5	21	46,9	5,00%	0,21%	1001
6	14	43,4	30,00%	7,66%	1001
8	23	46,1	15,00%	1,91%	1001
9	15	44,5	25,00%	5,32%	1001
10	21	46,9	5,00%	0,21%	1001

3.2.4 Krzyżowanie: prawdopodobieństwo = 0,00

Wyniki prezentują się następująco:

Lp	X	maksimum	Błąd X	Błąd maks.	Liczba iteracji
1	11	38,9	45,00%	17,23%	1001
2	19	46,9	5,00%	0,21%	1039
3	25	44,5	25,00%	5,32%	1001
4	19	46,9	5,00%	0,21%	1001
5	21	46,9	5,00%	0,21%	1001
6	24	45,4	20,00%	3,40%	1002
8	21	46,9	5,00%	0,21%	1001
9	15	44,5	25,00%	5,32%	1001
10	20	47,0	0,00%	0,00%	1003

3.3 Różne prawdopodobieństwa mutacji

Eksperymenty przeprowadzone będą dla populacji 10 osobników, z prawdopodobieństwem krzyżowania równym 1,00

3.3.1 Mutacja: prawdopodobieństwo = 0,000

Wyniki prezentują się następująco:

Lp	X	maksimum	Błąd X	Błąd maks.	Liczba iteracji
1	10	37,0	50,00%	21,28%	1001
2	27	42,1	35,00%	10,43%	1001
3	15	44,5	25,00%	5,32%	1001
4	12	40,6	40,00%	13,62%	1001
5	10	37,0	50,00%	21,28%	1001
6	25	44,5	25,00%	5,32%	1001
8	25	44,5	25,00%	5,32%	1001
9	15	44,5	25,00%	5,32%	1001
10	30	37,0	50,00%	21,28%	1001

3.3.2 Mutacja: prawdopodobieństwo = 0,001

Wyniki prezentują się następująco:

Lp	X	maksimum	Błąd X	Błąd max	Liczba iteracji
1	21	46,9	5,00%	0,21%	1001
2	23	46,1	15,00%	1,91%	1001
3	22	46,6	10,00%	0,85%	1002
4	19	46,9	5,00%	0,21%	1040
5	18	46,6	10,00%	0,85%	1021
6	20	47,0	0,00%	0,00%	1032
8	26	43,4	30,00%	7,66%	1022
9	23	46,1	15,00%	1,91%	1001
10	17	46,1	15,00%	1,91%	1004

3.3.3 Mutacja: prawdopodobieństwo = 0,004

Wyniki prezentują się następująco:

Lp	X	maksimum	Błąd X	Błąd maks.	Liczba iteracji
1	21	46,9	5,00%	0,21%	1001
2	18	46,6	10,00%	0,85%	1052
3	23	46,1	15,00%	1,91%	1001
4	21	46,9	5,00%	0,21%	1001
5	17	46,1	15,00%	1,91%	1116
6	21	46,9	5,00%	0,21%	1122
8	18	46,6	10,00%	0,85%	1003
9	23	46,1	15,00%	1,91%	1029
10	20	47,0	0,00%	0,00%	1001

3.4 Podsumowanie eksperymentów

Eksperyment	średnie maksimum	odchylenie stand. średniej maks.
Populacja: 4	44,10	3,80
Populacja: 10	46,20	1,10
Populacja: 50	46,66	0,42
Populacja: 100	46,77	0,29
Krzyżowanie: 1,00	46,20	1,10
Krzyżowanie: 0,09	45,03	0,88
Krzyżowanie: 0,05	45,011	2,65
Krzyżowanie: 0,00	45,322	2,63
Mutacja: 0,000	41,3	3,49
Mutacja: 0,001	46,20	1,10
Mutacja: 0,004	46,58	0,38

4 Wnioski

Przeprowadzone eksperymenty pokazują, że zmiana parametrów populacji wpływa na znajdowanie maksimum funkcji dopasowania danej populacji.

4.1 Wniosek 1. Dokładność algorytmu

Algorytm nie zawsze znajduje wartość maksymalną. W większości przypadków znajdowane były wartości bliskie oczekiwanej, czyli osobniki, o kodzie zbliżonym to najlepszego. Wynika to z faktu, iż funkcja dopasowania, dla której przeprowadzone były eksperymenty zwraca zbliżone wartości dla osobników o kodzie bliskim najlepszego. Na fakt znalezienia lub nie znalezienia realnej wartości maksymalnej wpływają parametry populacji.

4.2 Wniosek 2. Wpływ liczby osobników w populacji na wynik działania algorytmu

Przeprowadzone eksperymenty pokazują, że statystycznie lepsze wyniki uzyskiwane są dla większych populacji. Największa z badanych przez mnie populacji dała najwyższy średni wynik z 10 prób, co oznacza najmniejszy błąd względem wartości wyliczonej analitycznie.

Dodatkowo, można stwierdzić, że dla większych populacji wyniki są bardziej jednorodne i skupiają się wokół realnej wartości maksymalnej. Wynika to z faktu, iż najliczebniejsza z badanych populacji zwracała wyniki, których odchylenie standardowe było najmniejsze.

Jednakże, im większa populacja, tym więcej iteracji algorytmu jest potrzebne, aby wystąpił warunek stopu i znaleziona została wartość maksymalna.

4.3 Wniosek 3. Wpływ prawdopodobieństwa krzyżowania na wynik działania algorytmu

Krzyżowanie, jak każdy z parametrów, wpływa na dokładność wyniku, lecz jego wpływ w przeprowadzonym badaniu, nie był tak bardzo widoczny jak wpływ liczebności populacji.

Zmniejszenie prawdopodobieństwa krzyżowania powoduje, że znalezione wartości są bardziej zróżnicowane, czyli odchylenie standardowe wyników wzrasta.

Wykonany eksperyment pokazał, że gdy krzyżowanie jest pewne, średni wynik jest lepszy. Mniejsze wartości powodują wyniki średnio niższe, jednak nie można stwierdzić, że wynik jest proporcjonalny do prawdopodobieństwa krzyżowania.

Wpływ krzyżowania najbardziej widać w sytuacji, gdy w populacji startowej, nie ma osobników o najlepszym dopasowaniu lub zbliżonych do nich. Wyniki wtedy są gorsze, ponieważ tworzy się mniej nowych potencjalnych rozwiązań. Co więcej, mniejsza szansa na krzyżowanie powoduje mniejszą wymaganą liczbę iteracji do zakończenia wykonywania algorytmu

4.4 Wniosek 3. Wpływ prawdopodobieństwa mutacji na wynik działania algorytmu

Eksperyment pokazał, że zwiększenie szansy na mutacje, zwiększa prawdopodobieństwo znalezienia maksimum oraz zwiększa średni wynik z kilku prób. Dodatkowo, zróżnicowanie wyników jest mniejsze dla większej wartości prawdopodobieństwa mutacji. Spowodowane jest to tym, że mutacje znacznie zwiększają liczbę potencjalnych rozwiązań.

Zwiększenie tego parametru ma także negatywny skutek. Liczba iteracji potrzebna do zakończenia algorytmu dla populacji, w której mutacje występują częściej jest większa.