$Sprawozdanie\ z\ projektu\ przedmiotu\ "Projektowanie\ Efektywnych \\ Algorytmów"$

Rok akad. 2019/2020, kierunek: INF

Etap 3. Algorytmy populacyjne.

Spis treści

1	\mathbf{Wstep}	2
2	Algorytm Genetyczny (Genetic Algorithm)	2
3	Implementacja algorytmu	2
4	Badania	3
	4.1 Porównanie wpływu czasu pomiaru.	4
	4.2 Porównanie wpływu współczynnika krzyżowania	8
	4.3 Porównanie wpływu współczynnika mutacji	10
	4.4 Porównanie AG z TS	11
5	Wnioski	11

1 Wstęp

W etapie 3 projektu zostały kontynuowane prace nad rozwiązaniem asymetrycznego problemu komiwojażera (problem ten został dokładnie opisany w sprawozdaniu do etapu 1). W poprzednich etapach należało zaimplementować algorytmy dokładne i lokalnego przeszukiwania.

2 Algorytm Genetyczny (Genetic Algorithm)

Algorytm genetyczny jest algorytmem populacyjnym. Autor algorytmu czerpał inspirację z biologii podczas tworzenia go. Algorytm korzysta z kilku znaczących praw:

- 1. w każdym środowisku może istnieć ograniczona liczba osobników,
- 2. liczba osobników zmienia się w czasie więc musi być regulowana,
- 3. największe szanse na przeżycie mają najlepiej przystosowane osobniki,
- 4. w procesie rozmnażania osobniki przekazują swoje geny potomstwu,
- 5. u potomstwa mogą występować mutacje.

Operatory genetyczne:

- selekcja polega na wyborze osobników do krzyżowania,
- krzyżowanie wymiana materiału genetycznego pomiędzy dwoma osobnikami,
- mutacja zmiana wartości losowo wybranego genu.

3 Implementacja algorytmu

Kolejne etapy algorytmu genetycznego:

- 1. wybór populacji początkowej chromosomów,
- 2. ocena przystosowania chromosomów,
- 3. sprawdzanie warunku zatrzymania,
 - (a) selekcja chromosomów wybór populacji macierzystej,
 - (b) krzyżowanie chromosomów z populacji rodzicielskiej,
 - (c) mutacja,
 - (d) ocena przystosowania chromosomów,
 - (e) utworzenie nowej populacji,
- 4. wyprowadzenie "najlepszego" rozwiązania.

4 Badania

Obliczenia zastały wykonane na laptopie z procesorem i
5-7200, kartą graficzną NVIDIA Ge
Force 940, 8GB RAM i DYSK SSD.

Algorytm jako dane wejściowe przyjmuje:

- 1. długość czasu wykonywania algorytmu,
- 2. rozmiar populacji,
- 3. procent prawdopodobieństwa mutacji,
- 4. procent prawdopodobieństwa krzyżowania.

4.1 Porównanie wpływu czasu pomiaru.

Tablica 1: GA, SMALL (5, 100, 0.01, 0.6)

-Rozmiar-	—Best-	-Wynik-	-Błąd [%]
10	212	212	0,00
11	202	250	23,76
12	264	290	9,85
13	269	295	9,67
14	125	210	68,00
15	291	382	31,27
16	156	268	71,79
17	2085	2153	3,26
18	187	266	42,25
średni błąd:			28,87

Tablica 2: GA, SMALL (10, 100, 0.01, 0.6)

-Rozmiar-	—Best-	-Wynik-	-Błąd [%]
10	212	260	22,64
11	202	241	19,31
12	264	290	9,85
13	269	305	13,38
14	125	189	51,20
15	291	366	25,77
16	156	209	33,97
17	2085	2266	8,68
18	187	237	26,74
średni błąd:			23,51

Tablica 3: GA, SMALL (20, 100, 0.01, 0.6)

-Rozmiar-	—Best-	-Wynik-	-Błąd [%]
10	212	212	0,00
11	202	221	9,41
12	264	286	8,33
13	269	315	17,10
14	125	199	59,20
15	291	327	12,37
16	156	245	57,05
17	2085	2213	6,14
18	187	292	56,15
średni błąd:			25,08

Tablica 4: GA, ATSP (5, 100, 0.01, 0.6)

-Rozmiar-	—Best-	-Wynik-	-Błąd [%]
17	39	44	12,82
36	1473	2055	39,51
43	5620	5700	1,42
48	14422	24058	66,81
56	1608	2394	48,88
70	38673	47716	23,38
100	36230	72980	101,44
323	1326	3259	145,78
średni błąd:			55,01

Tablica 5: GA, ATSP (10, 100, 0.01, 0.6)

-Rozmiar-	—Best-	-Wynik-	-Błąd [%]
17	39	39	0,00
36	1473	2094	42,16
43	5620	11072	97,01
48	14422	20110	39,44
56	1608	2809	74,69
70	38673	46803	21,02
100	36230	63753	75,97
323	1326	2761	108,22
średni błąd:			57,31

Tablica 6: GA, ATSP (20, 100, 0.01, 0.6)

-Rozmiar-	—Best-	-Wynik-	-Błąd [%]
17	39	39	0,00
36	1473	2243	52,27
43	5620	5707	1,55
48	14422	22190	53,86
56	1608	2644	64,43
70	38673	45605	17,92
100	36230	62256	71,84
323	1326	2589	95,25
średni błąd:			44,64

Tablica 7: GA, TSP (5, 100, 0.01, 0.6)

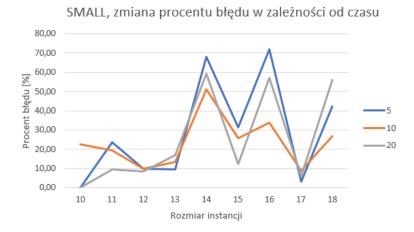
-Rozmiar-	—Best-	-Wynik-	-Błąd [%]
17	2085	2177	4,41
21	2707	3015	11,38
24	1272	1383	8,73
26	937	1162	24,01
29	1610	1770	9,94
42	699	991	41,77
58	25395	45669	79,83
120	6942	16529	138,10
średni błąd:			39,77

Tablica 8: GA, TSP (10, 100, 0.01, 0.6)

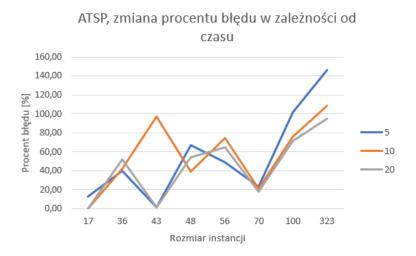
-Rozmiar-	—Best-	-Wynik-	-Błąd [%]
17	2085	2120	1,68
21	2707	3343	23,49
24	1272	1534	20,60
26	937	1084	15,69
29	1610	2060	27,95
42	699	923	32,05
58	25395	35533	39,92
120	6942	15214	119,16
średni błąd:			35,07

Tablica 9: GA, TSP (20, 100, 0.01, 0.6)

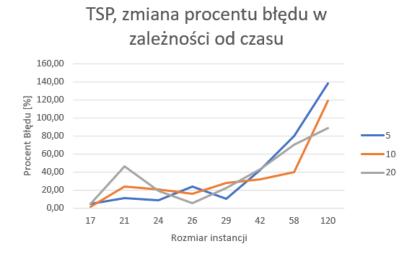
-Rozmiar-	—Best-	-Wynik-	-Błąd [%]
17	2085	2176	4,36
21	2707	3960	46,29
24	1272	1512	18,87
26	937	986	5,23
29	1610	1961	21,80
42	699	997	42,63
58	25395	43119	69,79
120	6942	13062	88,16
średni błąd:			37,14



Rysunek 1: Wykres zależności procentu błędu od rozmiaru instancji dla zbioru SMALL.



Rysunek 2: Wykres zależności procentu błędu od rozmiaru instancji dla zbioru ATSP.



Rysunek 3: Wykres zależności procentu błędu od rozmiaru instancji dla zbioru TSP.

4.2 Porównanie wpływu współczynnika krzyżowania.

Tablica 10: GA, SMALL (20, 100, 0.01, 0.3)

-Rozmiar-	—Best-	-Wynik-	-Błąd [%]
10	212	212	0,00
11	202	275	36,14
12	264	290	9,85
13	269	269	0,00
14	125	204	63,20
15	291	353	21,31
16	156	338	116,67
17	2085	2243	7,58
18	187	295	57,75
średni błąd:			34,72

Tablica 11: GA, SMALL (20, 100, 0.01, 0.6)

-Rozmiar-	—Best-	-Wynik-	-Błąd [%]
10	212	212	0,00
11	202	221	9,41
12	264	286	8,33
13	269	315	17,10
14	125	199	59,20
15	291	327	12,37
16	156	245	57,05
17	2085	2213	6,14
18	187	292	56,15
średni błąd:			25,08

Tablica 12: GA, SMALL (20, 100, 0.01, 0.9)

-Rozmiar-	—Best-	-Wynik-	-Błąd [%]
10	212	212	0,00
11	202	218	7,92
12	264	264	0,00
13	269	303	12,64
14	125	228	82,40
15	291	291	0,00
16	156	236	51,28
17	2085	2181	4,60
18	187	300	60,43
średni błąd:			24,36



Rysunek 4: Wykres zależności procentu błędu od rozmiaru instancji dla zbioru SMALL.



Rysunek 5: Wykres zależności procentu błędu od rozmiaru instancji dla zbioru ATSP.



Rysunek 6: Wykres zależności procentu błędu od rozmiaru instancji dla zbioru TSP.

4.3 Porównanie wpływu współczynnika mutacji.

Tablica 13: GA, SMALL (20, 100, 0.001, 0.6)

-Rozmiar-	—Best-	-Wynik-	-Błąd [%]
10	212	212	0,00
11	202	231	14,36
12	264	290	9,85
13	269	339	26,02
14	125	163	30,40
15	291	321	10,31
16	156	291	86,54
17	2085	2153	3,26
18	187	263	40,64
średni błąd:			24,60

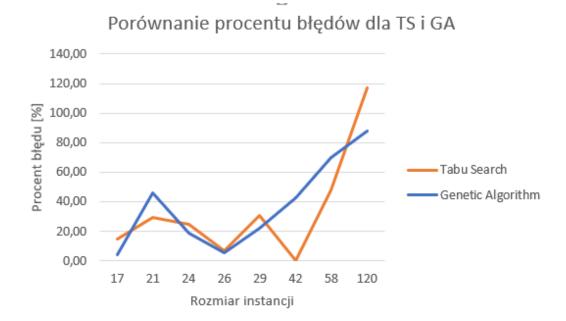
Tablica 14: GA, SMALL (20, 100, 0.01, 0.6)

-Rozmiar-	—Best-	-Wynik-	-Błąd [%]
10	212	212	0,00
11	202	275	36,14
12	264	290	9,85
13	269	269	0,00
14	125	204	63,20
15	291	353	21,31
16	156	338	116,67
17	2085	2243	7,58
18	187	295	57,75
średni błąd:			34,72

Tablica 15: GA, SMALL (20, 100, 0.1, 0.6)

-Rozmiar-	—Best-	-Wynik-	-Błąd [%]
10	212	212	0,00
11	202	286	41,58
12	264	286	8,33
13	269	295	9,67
14	125	198	58,40
15	291	291	0,00
16	156	313	100,64
17	2085	2163	3,74
18	187	260	39,04
średni błąd:			29,04

4.4 Porównanie AG z TS.



Rysunek 7: Porównanie algorytmów TS i GA pod względem procentu błędów.

5 Wnioski

W zależności od rozmiaru problemu wymagana jest zmiana parametrów w zadaniu. Dla mniejszych instancji lepszy jest mniejszy współczynnik mutacji, a dla większych - większy. Czas pomiaru dla większych instancji powinien być większy niż dla mniejszych.

Pomiary okazały się być najbardziej optymalne dla poniższych wartości:

- 1. długość czasu wykonywania algorytmu = 10s,
- 2. rozmiar populacji = 100,
- 3. procent prawdopodobieństwa mutacji = 0,01,
- 4. procent prawdopodobieństwa krzyżowania = 0,6.

Literatura

[1] PEA, W9, Algorytmy Genetyczne. http://www.zio.iiar.pwr.wroc.pl/pea/w9_ga_tsp.pdf