|  |
| --- |
| Sztuczna Inteligencja i inż. wiedzy |
| Algorytmy genetyczne w rozwiązywaniu problemu harmonogramowania projektu |
| MS-RCPSP |

|  |
| --- |
| Jagoda Marszałek  2017-03-23 |

Spis treści

[1. Wstęp 2](#_Toc478077289)

[2. Zbadanie działania na plikach testowych 2](#_Toc478077290)

[2.1. Małe pliki testowe – 10 zadań 2](#_Toc478077291)

[2.1.1. Wpływ prawdopodobieństwa krzyżowania 3](#_Toc478077292)

[2.1.2. Wpływ prawdopodobieństwa mutacji 4](#_Toc478077293)

[2.1.3. Wpływ rozmiaru populacji 4](#_Toc478077294)

[2.1.4. Wpływ liczby pokoleń 4](#_Toc478077295)

[2.1.5. Wpływ selekcji 5](#_Toc478077296)

[2.1.6. Wyniki 6](#_Toc478077297)

[2.2. Małe pliki testowe – 15 zadań 7](#_Toc478077298)

[2.3. Duże pliki testowe – 100 i 200 zadań 7](#_Toc478077299)

# Wstęp

Celem zadania było zapoznanie się z metaheurystyką algorytmów genetycznych poprzez samodzielną implementację. Problemem optymalizacyjnym do rozwiązania była minimalizacja czasu realizacji harmonogramu w problemie MS-RCPSP.

Zadanie zostało przeze mnie zaimplementowane w języku Java z użyciem załączonej biblioteki.

**Osobnikiem** jest u mnie obiekt klasy Individual, która zawiera w sobie harmonogram (Schedule) oraz fitness, które jest czasem wykonania całego harmonogramu.

**Mutację** przeprowadzam na losowym genie (losuję z określonym prawdopodobieństwem czy osobnik zostanie zmutowany).

Losuję także z określonym prawdopodobieństwem czy osobnik będzie **krzyżowany**. Jeśli tak – losuję ze zbioru osobników z poprzedniego pokolenia kolejnego osobnika i przeprowadzam krzyżowanie.

Do przeprowadzenia selekcji używam **metody turniejowej**.

# Zbadanie działania na plikach testowych

## Małe pliki testowe – 10 zadań

Ciężko było ustalić parametry dzięki którym wynik najlepszego osobnika będzie się znacząco poprawiał.

Główna konfiguracja:

Rozmiar populacji=**300**,  
liczba pokoleń=**30**,  
prawdopodobieństwo mutacji=**0.7**,  
prawdopodobieństwo krzyżowania=**0.5**,  
wielkość turnieju=**3**

Rysunek 1. 10\_3\_5\_3.def. MS-RCPSP. Rozmiar populacji=300, liczba pokoleń=30, prawdopodobieństwo mutacji=0.7, prawdopodobieństwo krzyżowania=0.5, wielkość turnieju=3

Rysunek 2. 10\_5\_8\_5.def. MS-RCPSP. Wartości główne.

Wykres niestety jest bardzo „płaski”.

Rysunek 3. 10\_7\_10\_7.def. MS-RCPSP. Wartości główne.

### Wpływ prawdopodobieństwa krzyżowania

Przy mojej implementacji zadania zmiana prawdopodobieństwa krzyżowania na małym pliku testowym nie sprawiała większych różnic. Przy zmianie prawdopodobieństwa krzyżowania na mniejsze wykres wykazywał mniejszą różnorodność osobników, w przypadku zwiększenia prawdopodobieństwa – nieco większą.

### Wpływ prawdopodobieństwa mutacji

Rysunek 4. 10\_3\_5\_3.def. MS-RCPSP. Zmiana prawdopodobieństwa mutacji na 0.1

Przy mojej implementacji mutacja odgrywa bardzo dużą rolę. Zmniejszenie prawdopodobieństwa mutacji znacząco zmniejszyło różnorodność w populacji. Zdecydowana większość osobników uzyskuje podobny bądź taki sam współczynnik dopasowania.  
Zwiększenie mutacji sprawia, że różnorodność staje się większa – graficznie, linia odpowiadająca za średniego osobnika staje się bardziej oddalona od linii najlepszego.

Przy mojej implementacji mutacja występuje dla losowego genu, przy czym losuję jedynie prawdopodobieństwo czy osobnik w ogóle weźmie udział w mutacji. Takie rozwiązanie sprawdzało się u mnie lepiej niż decyzja dla każdego genu z osobna czy zostanie zmutowany – przy takim rozwiązaniu (przy różnych konfiguracjach) na ogół uzyskiwałam gorsze wyniki najlepszego osobnika.

### Wpływ rozmiaru populacji

Przy ograniczeniu populacji do 30 osobników uzyskałam znacząco gorszy czas najlepszego osobnika. Przy zwiększeniu populacji do 500 osobników nie zauważyłam znaczącej poprawy wyników.

### Wpływ liczby pokoleń

W przypadku tego pliku testowego liczba pokoleń może być ustalona na mniejszą np. 30 – otrzymuję ten sam wynik najlepszego osobnika jak w przypadku większej liczby pokoleń.

### Wpływ selekcji

Rysunek 5. 10\_3\_5\_3.def. MS-RCPSP. Zmiana selekcji na turniej 2 osobników

W przypadku selekcji jako turniej dwóch osobników występują znaczne różnice przy najgorszym osobniku w danym pokoleniu. Można także zaobserwować, że dochodzi do zagubienia najlepszego osobnika.

Rysunek 6. 10\_5\_8\_5.def. MS-RCPSP. Selekcja ustalona jako turniej 1 osobnika - brak selekcji.

### Wyniki

Wyniki dla ostatniego pokolenia w każdym z testów (dla konfiguracji podanej jako główna):

#### 10\_3\_5\_3.def

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| **Test** | **Najlepszy** | **Najgorszy** | **Średni** |
| **1** | 93 | 130 | 101.0567 |
| **2** | 93 | 130 | 102.0167 |
| **3** | 93 | 142 | 103.7033 |
| **4** | 93 | 139 | 101.0633 |
| **5** | 93 | 130 | 101.8067 |
| **6** | 93 | 130 | 100.8467 |
| **7** | 93 | 143 | 100.44 |
| **8** | 93 | 130 | 101.03 |
| **9** | 93 | 130 | 102.42 |
| **10** | 93 | 130 | 101.5833 |
|  | 93 | 133.4 | 101.5967 |

#### 10\_3\_5\_3.def

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| **Test** | **Najlepszy** | **Najgorszy** | **Średni** |
| **1** | 100 | 129 | 101.0867 |
| **2** | 100 | 129 | 102.1633 |
| **3** | 100 | 129 | 101.3367 |
| **4** | 100 | 129 | 101.6 |
| **5** | 100 | 129 | 101.4167 |
| **6** | 100 | 129 | 101.7533 |
| **7** | 100 | 129 | 101.5267 |
| **8** | 100 | 129 | 101.75 |
| **9** | 100 | 129 | 102.5 |
| **10** | 100 | 129 | 102.0633 |
|  | 100 | 129 | 101.7197 |

#### 10\_7\_10\_7.def

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| **Test** | **Najlepszy** | **Najgorszy** | **Średni** |
| **1** | 104 | 128 | 105.0733 |
| **2** | 104 | 129 | 104.9367 |
| **3** | 104 | 152 | 105.6333 |
| **4** | 104 | 128 | 105.2733 |
| **5** | 104 | 143 | 105.81 |
| **6** | 104 | 128 | 105.4833 |
| **7** | 104 | 129 | 105.2133 |
| **8** | 104 | 128 | 104.9167 |
| **9** | 104 | 128 | 104.86 |
| **10** | 104 | 128 | 105.3 |
|  | 104 | 132.1 | 105.25 |

## Małe pliki testowe – 15 zadań

## Duże pliki testowe – 100 i 200 zadań

Główna konfiguracja:

Rozmiar populacji=**1000**,  
liczba pokoleń=**100**,  
prawdopodobieństwo mutacji=**0.7**,  
prawdopodobieństwo krzyżowania=**0.2**,  
wielkość turnieju=**6**