

Inteligencja obliczeniowa i jej zastosowania

## **Laboratorium cz. II, nr 3-5**

Autorzy:

Agnieszka Wątrucka, nr indeksu: 200016

Joanna Piątek, nr indeksu: 199966

Grupa: Środa, 15:15

4 maja 2017

Prowadzący: prof. dr hab. inż. Olgierd Unold

## 1 Własne funkcje mutacji, krzyżowania i selekcji

Zadanie polegało na zastąpieniu domyślnych funkcji używanych w pakiecie GA na własne implementacje i porównanie ich działania. Podstawowe zestawienie składa się z najlepszych oraz średnich wyników dla danej populacji w przypadku użycia funkcji wbudowanej oraz własnej. Podczas badań zmieniane są parametry dotyczące badanej funkcji, natomiast pozostałe przyjmują wartości domyślne podane poniżej.

Wartości domyślne funkcji użytych w badaniach to kolejno:

Rozmiar populacji - 100

Liczba iteracji – 50

Prawdopodobieństwo krzyżowania – 0.5

Prawdopodobieństwo wystąpienia mutacji - 0.1

Selekcja elitarnych jednostek – 6

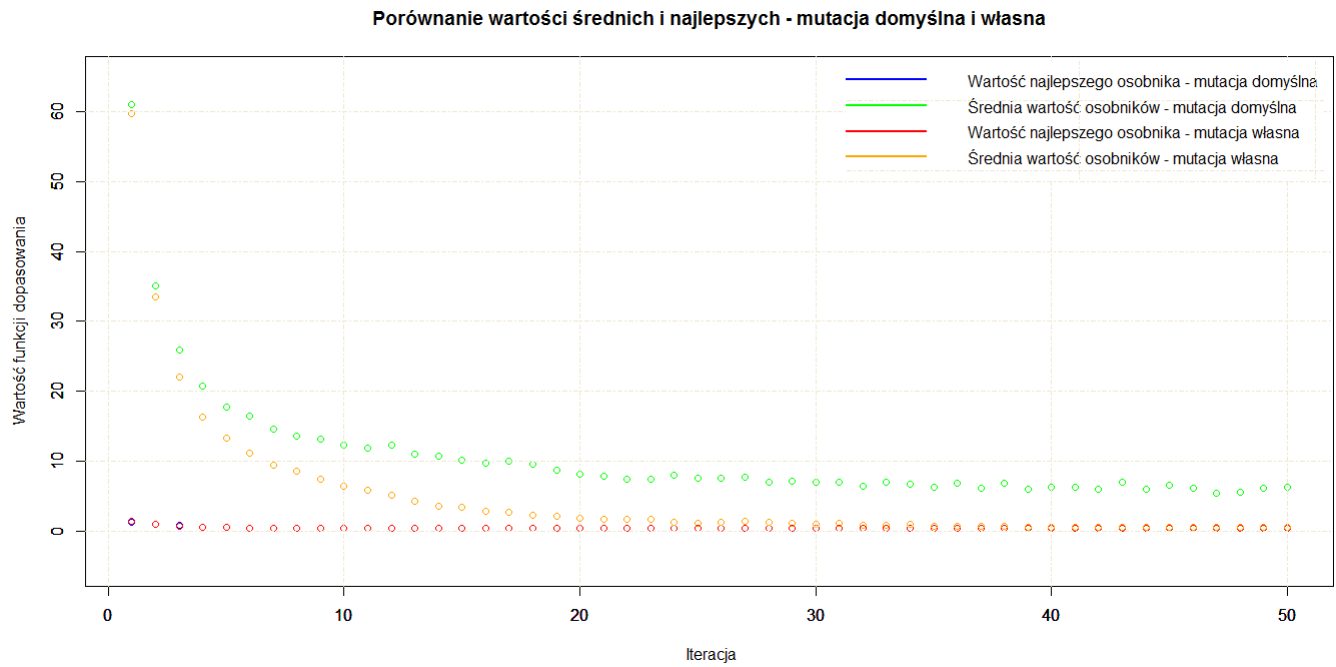
Wyniki wszystkich badań to rezultaty uśrednione po 30 przebiegach.

Do badań została wykorzystana funkcja wielomodalna *branin*.

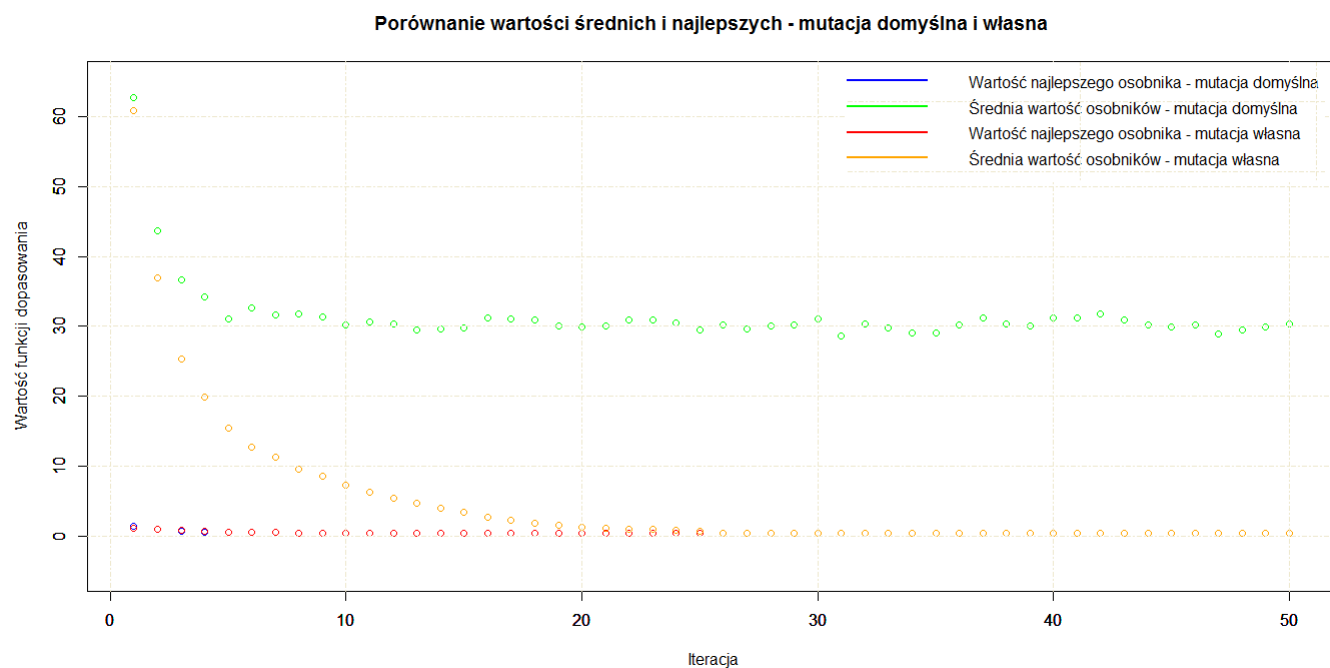
## 1.1 Mutacja

### 1.1.1 Kod źródłowy

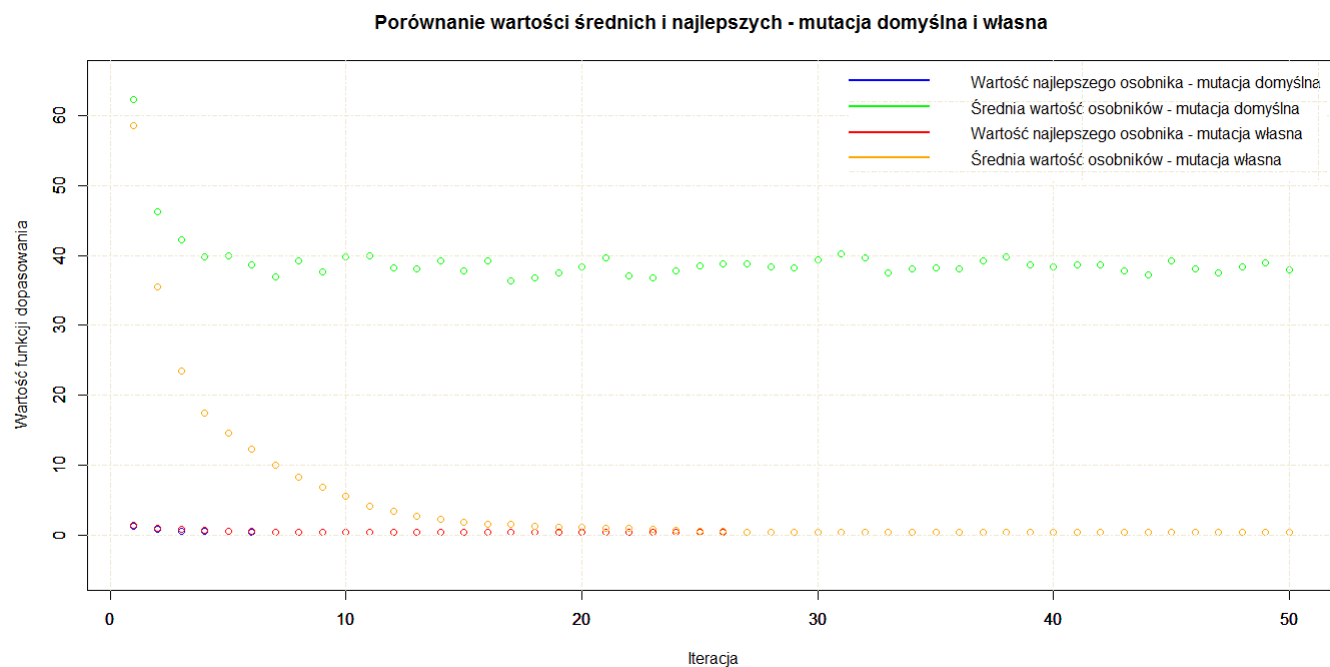
### 1.1.2 Wyniki badań



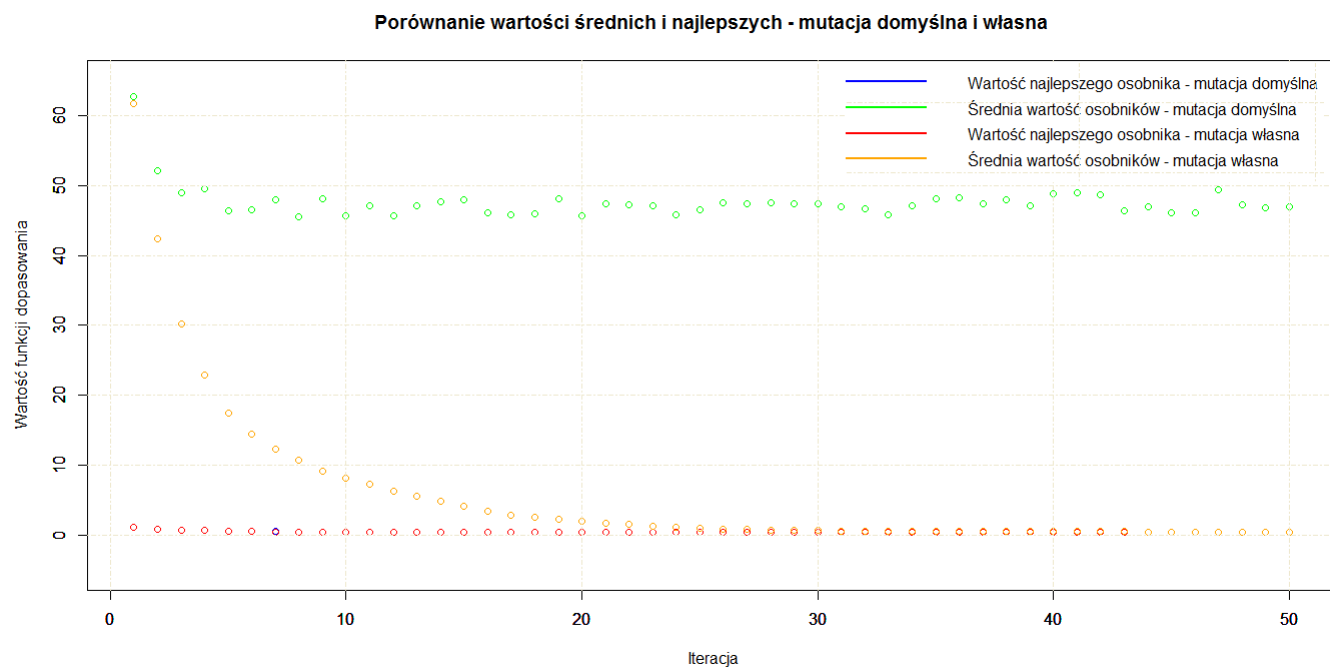
Rysunek 1: Wykres dla prawdopodobieństwa mutacji 0.1



Rysunek 2: Wykres dla prawdopodobieństwa mutacji 0.5



Rysunek 3: Wykres dla prawdopodobieństwa mutacji 0.7

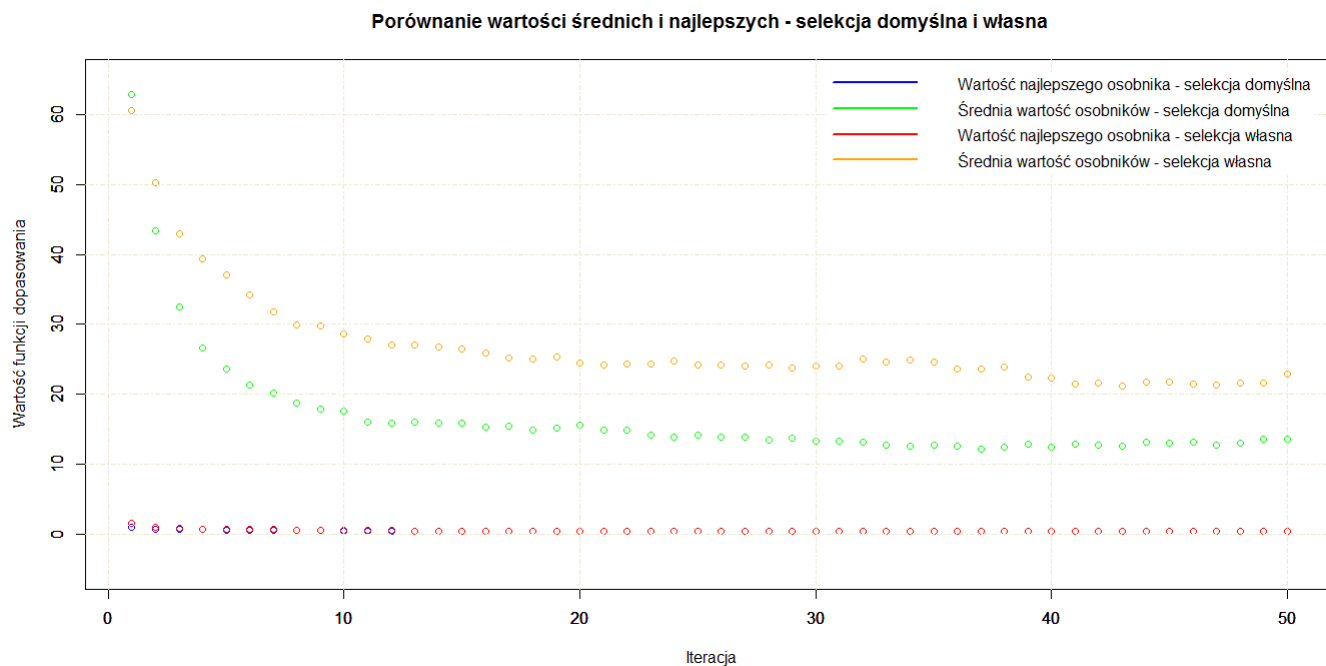


Rysunek 4: Wykres dla prawdopodobieństwa mutacji 1

### 1.1.3 Wnioski

Tabela 1: Wartości średnie i najlepsze osobnika dla domyślnej i własnej funkcji mutacji

Prawdopodobieństwo mutacji	Mutacja domyślna		Mutacja własna	
	Wartość średnia	Najlepszy wynik	Wartość średnia	Najlepszy wynik
0.1	5.753710	0.398006	0.398736	0.398687
0.5	31.029570	0.401904	0.415733	0.398201
0.7	38.184020	0.404532	0.567679	0.398926
1	46.920430	0.408154	0.452637	0.400847

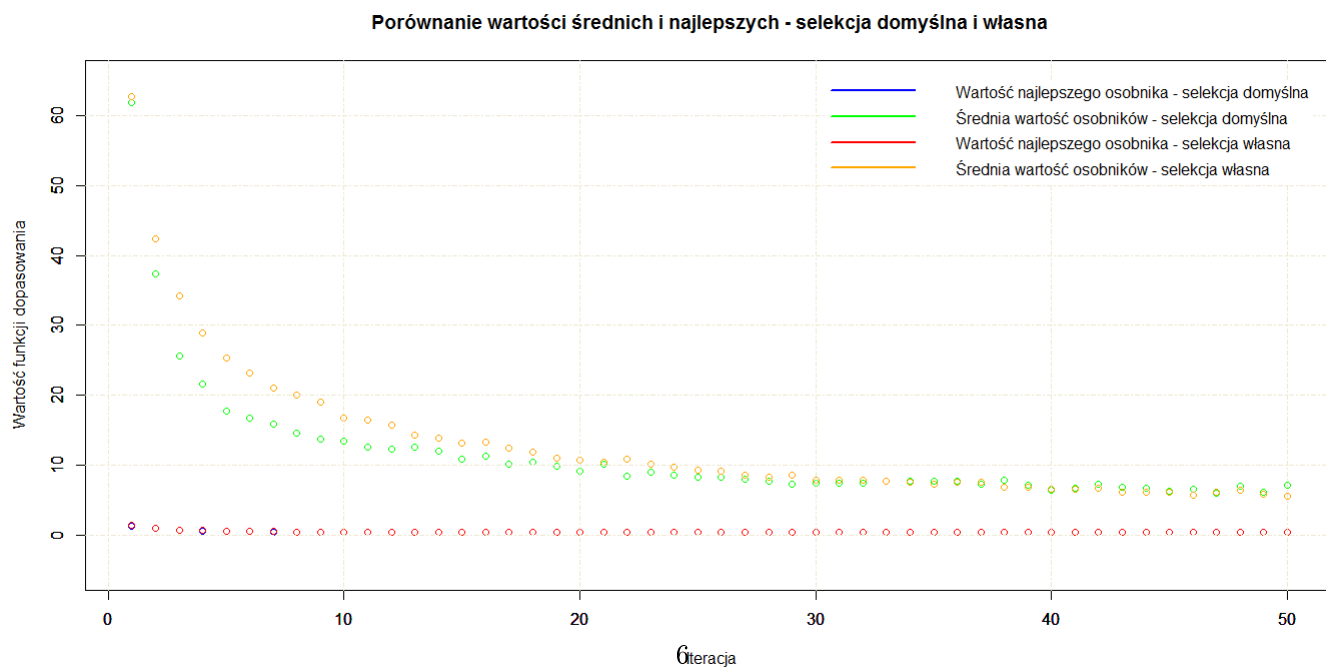


Rysunek 5: Wykres przy 1 osobniku elitarnym

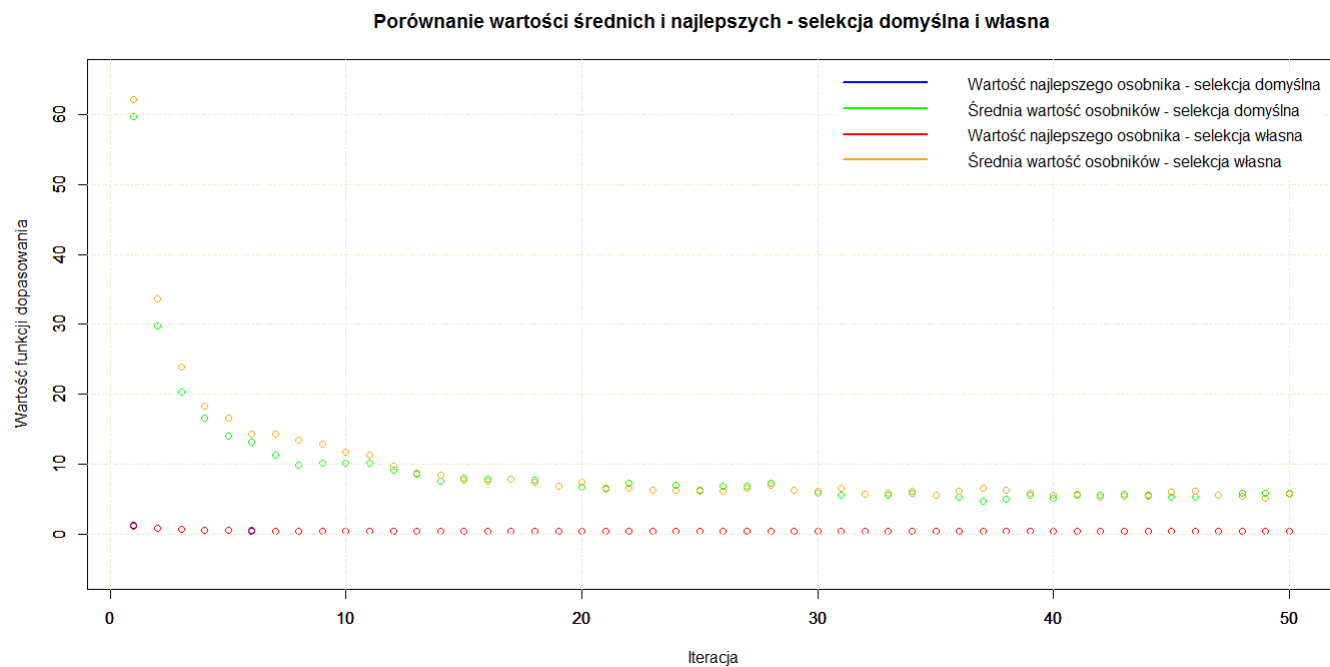
## 1.2 Selekcja

### 1.2.1 Kod źródłowy

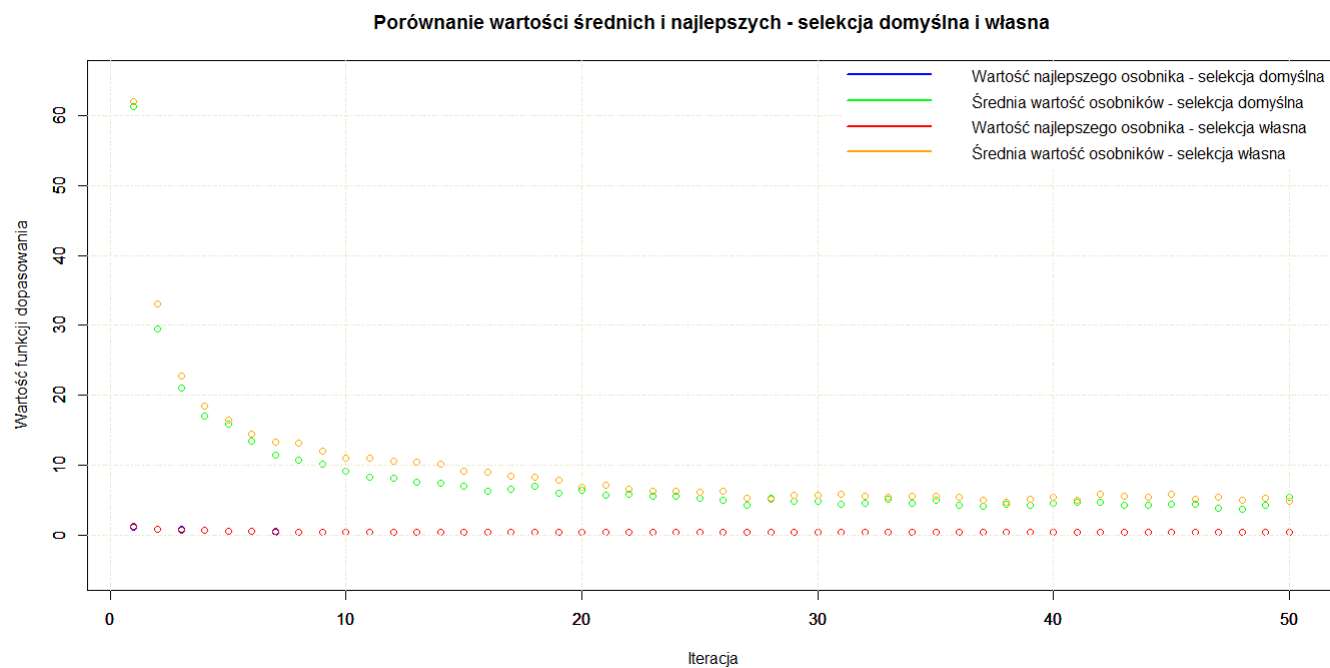
### 1.2.2 Wyniki badań



Rysunek 6: Wykres przy 6 osobnikach elitarnych



Rysunek 7: Wykres przy 20 osobnikach elitarnych



Rysunek 8: Wykres przy 50 osobnikach elitarnych

### 1.2.3 Wnioski

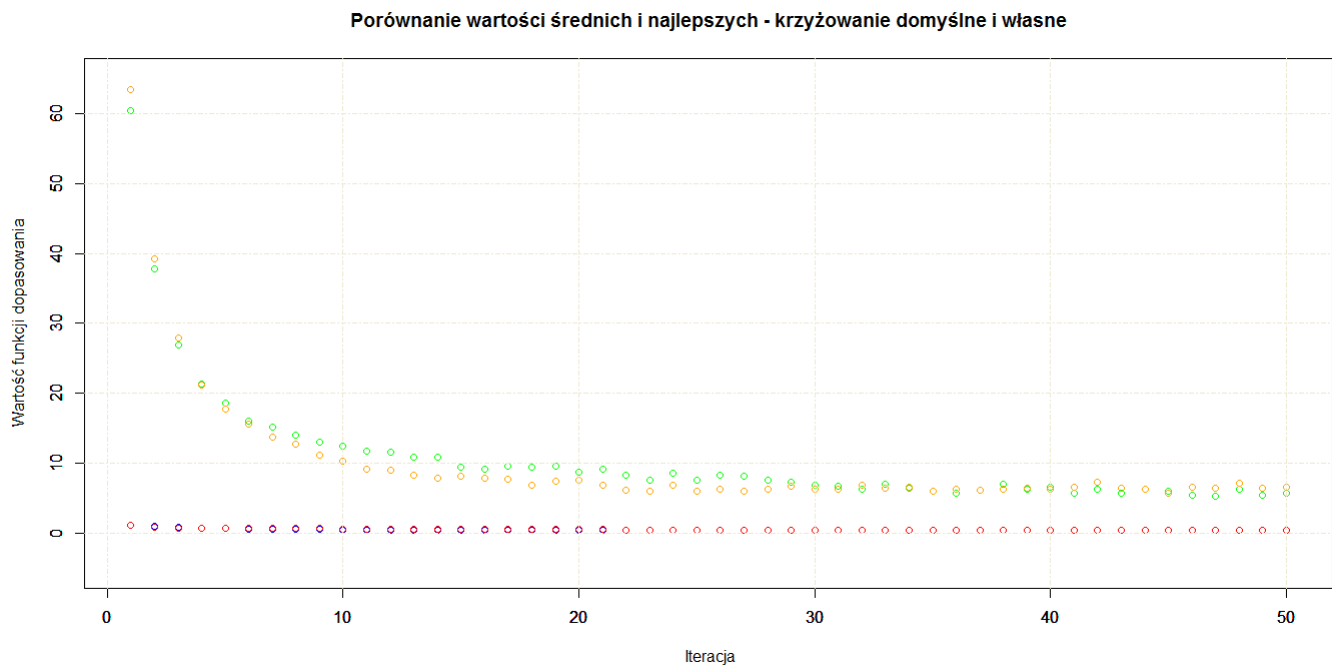
Tabela 2: Wartości średnie i najlepsze osobnika dla domyślnej i własnej funkcji selekcji

Selekcja elitarna	Selekcja domyślna		Selekcja własna	
	Wartość średnia	Najlepszy wynik	Wartość średnia	Najlepszy wynik
1	13.660880	0.405495	22.860800	0.414707
6	7.106856	0.400895	5.544652	0.397909
20	5.847374	0.397888	5.678752	0.397977
50	5.42606	0.397903	4.833812	0.397888

## 1.3 Krzyżowanie

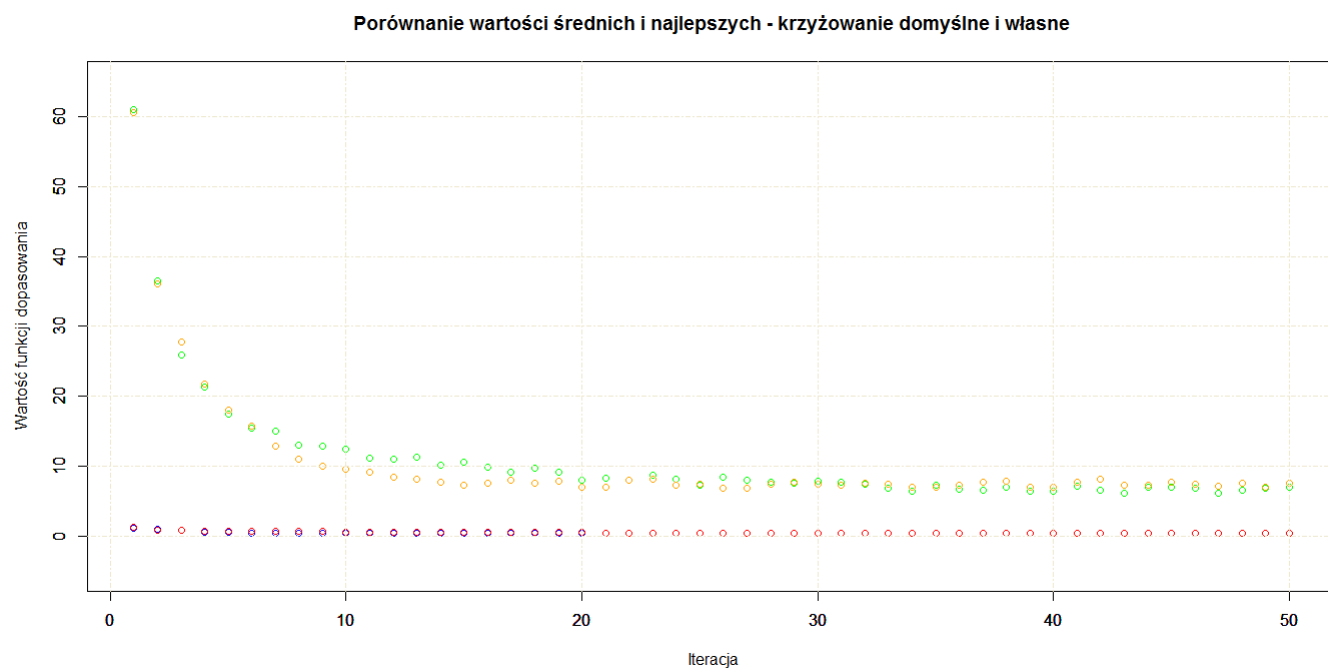
### 1.3.1 Kod źródłowy

### 1.3.2 Wyniki badań

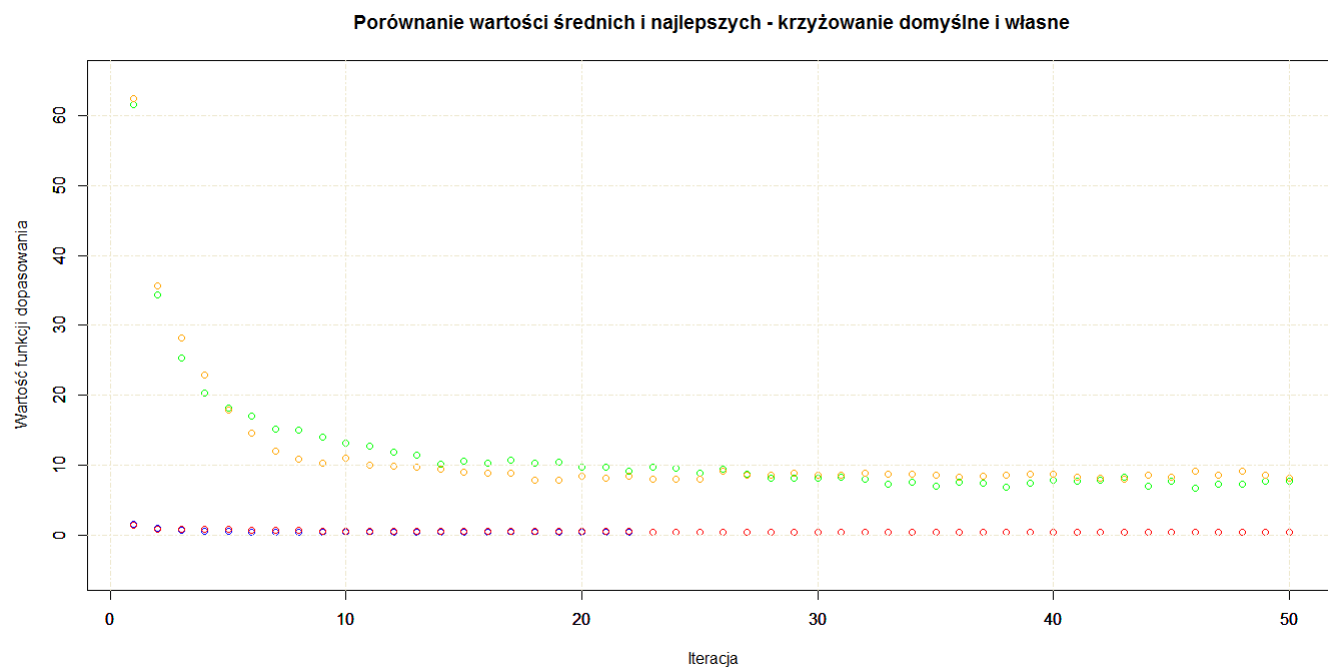


Rysunek 9: Wykres dla prawdopodobieństwa krzyżowania 0.2

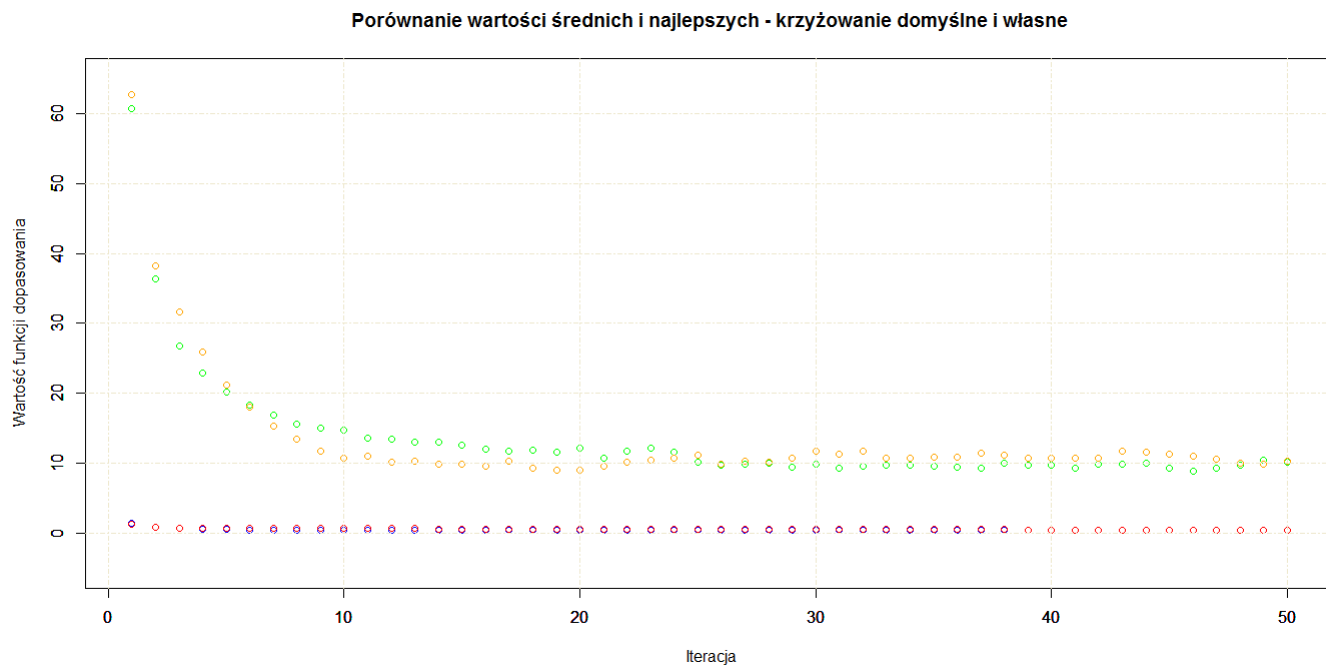




Rysunek 10: Wykres dla prawdopodobieństwa krzyżowania 0.5



Rysunek 11: Wykres dla prawdopodobieństwa krzyżowania 0.7



Rysunek 12: Wykres dla prawdopodobieństwa krzyżowania 1

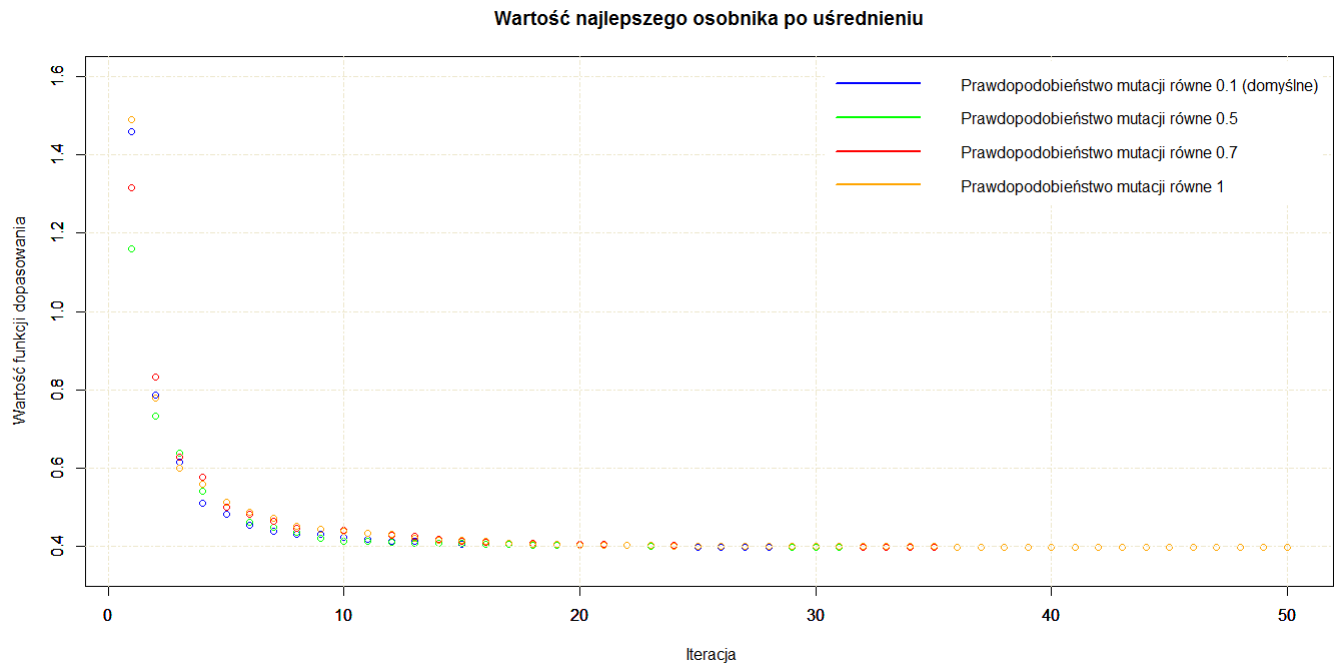
### 1.3.3 Wnioski

Tabela 3: Wartości średnie i najlepsze osobnika dla domyślnej i własnej funkcji krzyżowania

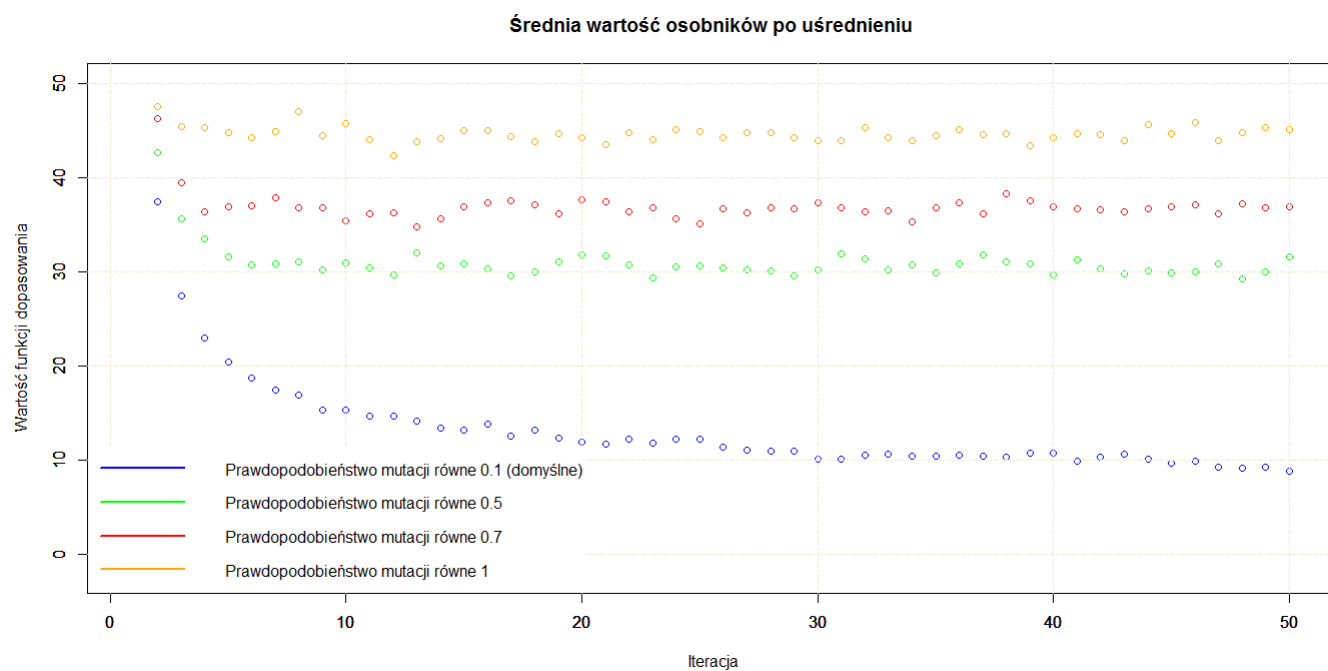
Prawdopodobieństwo krzyżowania	Krzyżowanie domyślne		Krzyżowanie własne	
	Wartość średnia	Najlepszy wynik	Wartość średnia	Najlepszy wynik
0.2	5.697605	0.399347	6.538159	0.440933
0.5	6.973119	0.398064	7.590295	0.457468
0.7	7.753576	0.398096	8.148286	0.464140
1	10.206810	0.398485	10.375570	0.476180

## 2 Algorytm genetyczny hybrydowy

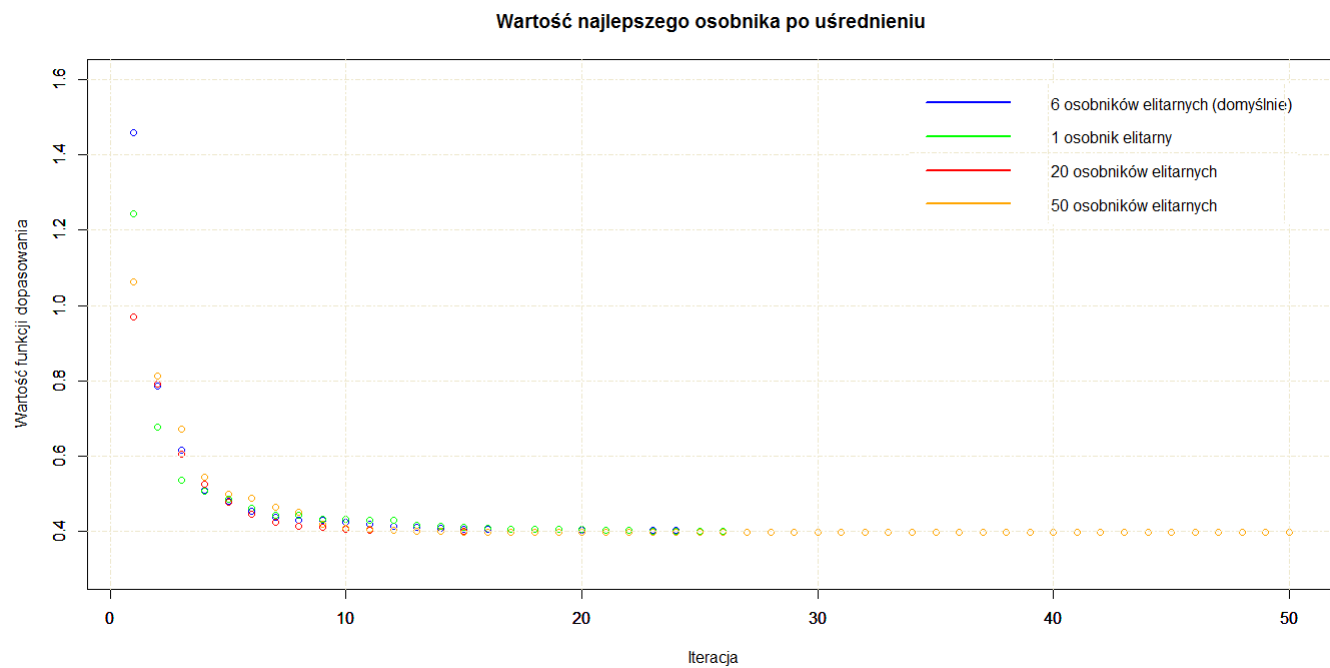
### 2.0.1 Kod źródłowy



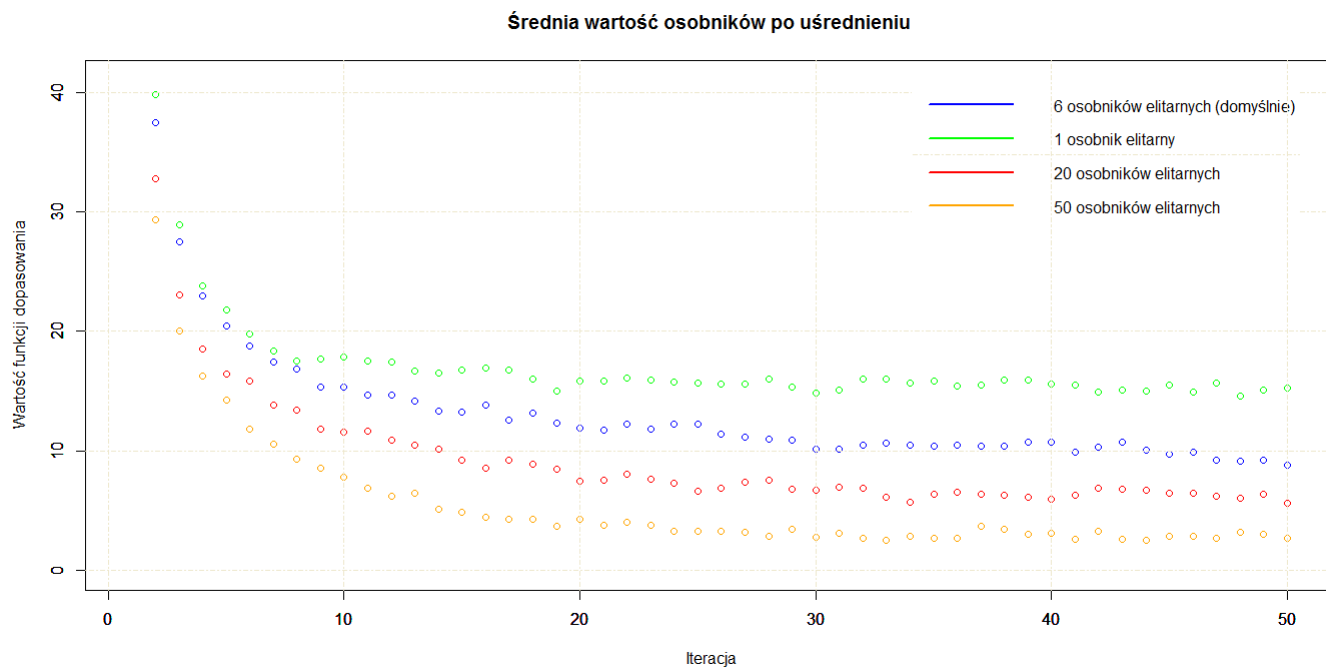
Rysunek 13: !!!



Rysunek 14: !!!



Rysunek 15: !!!



Rysunek 16: !!!

## 2.0.2 Wyniki badań

### 1. Wartości domyślne

```
> round(tail(meanRowsMean, n=1), digit=6) [1] 8.811131 > round(tail(meanRowsMax,
n=1), digit=6) [1] 0.398058
```

### 2. mut = 0.5

```
> round(tail(meanRowsMean, n=1), digit=6) [1] 31.62451 > round(tail(meanRowsMax,
n=1), digit=6) [1] 0.397912
```

### 3. mut = 0.7

```
> round(tail(meanRowsMean, n=1), digit=6) [1] 36.9159 > round(tail(meanRowsMax, n=1),
digit=6) [1] 0.39793
```

### 4. mut = 1

```
> round(tail(meanRowsMean, n=1), digit=6) [1] 45.09641 > round(tail(meanRowsMax,
n=1), digit=6) [1] 0.398302
```

---

### 1.sel=1

```
> round(tail(meanRowsMean, n=1), digit=6) [1] 15.28275 > round(tail(meanRowsMax,
n=1), digit=6) [1] 0.398001
```

### 2.sel=20

```
> round(tail(meanRowsMean, n=1), digit=6) [1] 5.619913 > round(tail(meanRowsMax,
n=1), digit=6) [1] 0.397887
```

### 3.sel=50

```
> round(tail(meanRowsMean, n=1), digit=6) [1] 2.657782 > round(tail(meanRowsMax,
n=1), digit=6) [1] 0.397887
```

### 2.0.3 Wnioski

Tabela 4: Wartości średnie i najlepsze osobnika dla domyślnej i własnej funkcji mutacji

<b>Prawdopodobieństwo mutacji</b>	<b>Mutacja domyślna</b>		<b>Mutacja własna</b>	
	Wartość średnia	Najlepszy wynik	Wartość średnia	Najlepszy wynik
0.1	5.753710	0.398006	0.398736	0.398687
0.5	31.029570	0.401904	0.415733	0.398201
0.7	38.184020	0.404532	0.567679	0.398926
1	46.920430	0.408154	0.452637	0.400847