

Uniwersytet Morski w Gdyni
Metody I Narzędzia Sztucznej Inteligencji
Projekt nr 9 – funkcja Rosenbrocka
Jakub Wroński 48521
Gdynia 12.06.2023

1. Opis projektu.

Wykonany został algorytm genetyczny wyszukujący minimum i maksimum dla danej funkcji przy dwóch ograniczeniach dla zmiennych.

Funkcja Rosenbrocka – funkcja niewypukła używana w optymalizacji jako test dla algorytmów optymalizacji. Zwana jest też ze względu na swój kształt „doliną Rosenbrocka” lub „funkcją bananową Rosenbrocka”.

Funkcja ta jest popularnie używana do przedstawiania zachowań algorytmów optymalizacji. Minimum globalne funkcji znajduje się wewnątrz długiego, parabolicznego wgłębienia funkcji – w punkcie $(x, y) = (1, 1)$ dla którego funkcja przyjmuje wartość $f(x, y) = 0$.

W projekcie wykorzystano wielowymiarowe rozwinięcie tej funkcji:

$$f(x) = \sum_{i=1}^{N-1} [(1 - x_i)^2 + 100(x_{i+1} - x_i^2)^2]$$

Algorytm testowano dla dwóch rozmiarów populacji: 20 i 50 oraz dla 2, 5 i 10 zmiennych funkcji. Ograniczenia zmiennych x : $<-2; 2>$.

2. Opis algorytmu.

Chromosom składający się z 0 i 1 przedstawiony jest w postaci wektora zawierającego rozwiązanie funkcji. Na chromosom składają się genotypy, każdy genotyp to po dekodowaniu dany x . Ilość genotypów w chromosomie zależy od ilości zmiennych dla których rozwiązujemy funkcję.

Na początku generujemy populację, czyli wypełniamy tablicę dwuwymiarową losowymi chromosomami. Chromosomy są generowane w sposób losowy. Każdy chromosom musi zostać sprawdzony czy jego genotypy nie wykraczają poza zakres naszych ograniczeń. W przypadku błędów chromosom generowany jest ponownie.

Funkcja eval przyjmuje 4 parametry: Rozmiar populacji, ilość ewaluacji, parametr do tworzenia kolejnych plików oraz ilość genotypów dla chromosomu.

W celu zatrzymania najlepszych chromosomów została użyta ruletka.

Dla każdego chromosomu obliczana jest wartość funkcji przystosowania I na jej podstawie obliczona jest wartość, która jest dodatkowo podniesiona do potęgi, tak aby wyniki lepsze miały jeszcze większe szanse na bycie wylosowanym. Gdy już otrzymamy tablicę z procentami odpowiadającymi danym chromosomom, gdzie suma przystkich procentów wynosi 1, następuje losowanie. Losujemy wartości od 0 do 1, jeśli wylosowana wartość jest większa od danego procentu dodajemy do niego kolejny procent. Na końcu otrzymujemy tabelę indeksów funkcji wartości przystosowania, których odpowiadający chromosom ma zostać zachowany w następnej populacji. Jeśli wartość danego chromosomu odpowiada wartości z tabeli to zatrzymujemy go.

Kolejnym etapem jest krzyżowanie nowo powstałej populacji. Wykorzystane zostało krzyżowanie dwupunktowe. Szansa na krzyżowanie aktualnego chromosomu z innym losowym chromosomem wynosi 60%. Po każdym krzyżowaniu nowo powstały chromosom jest sprawdzany.

Populacja skrzyżowanych chromosomów jest poddana mutacji. Szansa na mutację dla danego bitu wynosi 0.2%. Dodatkowo zmutowane chromosomy są sprawdzane, czy jego genotypy nie wychodzą poza wartość ograniczeń zmiennych.

Dla takiej populacji na nowo obliczane są wartości przystosowania. Wyliczona jest średnia z wszystkich wartości przystosowania dla danej populacji oraz zapisany jest najlepszy wynik.

3. Wyniki.

Dla każdego rodzaju populacji i ilości zmiennych algorytm został uruchomiony 30 razy. W wyniku czego otrzymano 30 plików dla średniej (avg), najlepszej globalnej (global_best) i najlepszej aktualnie (current_best) co łącznie daje 90 plików. W celu otrzymania wykresów obliczono średnią z tych wartości dla każdego rodzaju wyniku. Wynikiem końcowym jest 6 wykresów: 3 wykresy dla populacji 20 dla ilości zmiennych 2, 5 i 10, oraz 3 wykresy dla populacji 50 dla ilości zmiennych 2, 5 i 10.

4. Czas działania algorytmu.

Algorytm uruchomiony 30 razy.

- Populacja 50, 10 zmiennych: ~35 minut
- Populacja 50, 5 zmiennych: ~18 minut
- Populacja 50, 2 zmienne: ~7 minut

- Populacja 20, 10 zmiennych: ~6 minut
- Populacja 20, 5 zmiennych: ~3 minuty
- Populacja 20, 2 zmienne: ~1 minuta

5. Wnioski.

Algorytm niezależnie od ilości populacji dla dwóch zmiennych funkcji odnajdywał rozwiązanie bardzo bliskie szukanego minimum. Wraz ze zwiększeniem ilości zmiennych znacząco wydłużał się czas działania algorytmu, ponadto należy zwiększyć ilość ewaluacji 5-10 krotnie aby uzyskać satysfakcjonujące wyniki. Dla 5 lub 10 zmiennych widać ciągłą poprawę wyników jednak 10 tysięcy ewaluacji jest niewystarczająca.

Długi czas działania algorytmu dla większej ilości zmiennych może być skutkiem niewydajnego naprawiania chromosomów. Podczas operacji na danym chromosomie gdy jeden z jego genotypów jest niewłaściwy operacja ta wykonywana jest ponownie aż do skutku. Gdy zwiększamy ilość zmiennych prawdopodobieństwo tego, że przynajmniej jeden genotyp będzie zły jest dużo większe. W celu poprawy działania algorytmu należałoby naprawiać jedynie pojedyncze genotypy w chromosomie, dzięki temu mamy pewność, że każda operacja będzie wykonywana jedynie raz.

