Jakub Kowalczyk Ćwiczenie 2. – Algorytm genetyczny

Celem eksperymentu było znalezienie optymalnej wartości parametru prawdopodobieństwa krzyżowania dla algorytmu genetycznego z funkcją celu, która symuluje lądowanie rakietą. Uzyskane wartości zysku są uśrednione ze 100 uruchomień algorytmu. Aby wiarygodnie przedstawić wpływ zmian tego hiperparametru, badanie rozpocząłem ze stosunkowo małą liczbą iteracji oraz niewielkim rozmiarem populacji, gdyż w przeciwnym wypadku algorytm dawał średnie wyniki bliskie maksimum. Prawdopodobieństwo mutacji pozostawiłem optymalne, równe 1/200(rozmiar osobnika).

Decyzje projektowe

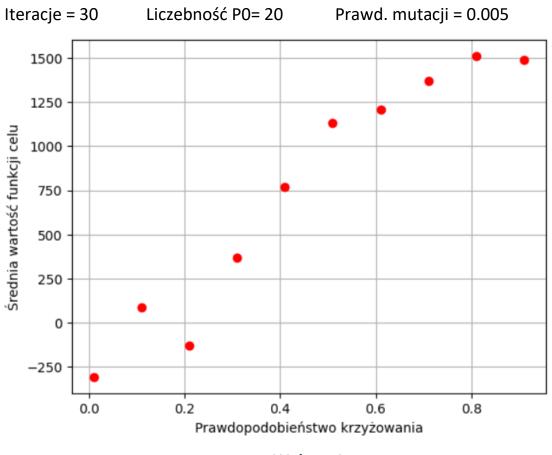
Algorytm został zaimplementowany jako klasa dziedzicząca po abstrakcyjnym interfejsie Solver. Wszystkie hiperparametry podawane są przy inicjalizacji obiektu. Posiadają także optymalne wartości domyślne. W algorytmie wydzieliłem osobne funkcje do inicjalizacji populacji początkowej, mutacji, krzyżowania, selekcji, a także ewaluacji – tj. wyboru najlepszego osobnika z danej populacji. Dane przedstawię za pomocą wykresów generowanych w pyplot.

Oczekiwane wyniki

Spodziewam się, że krzyżowanie jako kluczowy element zmian kolejnych populacji musi zachodzić często, zatem wraz ze wzrostem prawdopodobieństwa krzyżowania powinna wzrastać średnia wartość funkcji celu. Nie wiem natomiast, ile wynosi górny limit tego hiperparametru i kiedy następuje spadek efektywności.

Wyniki i komentarze

Wartości prawdopodobieństwa zaczynają się od 0.01 i rosną o 0.2 aż do 0.91.



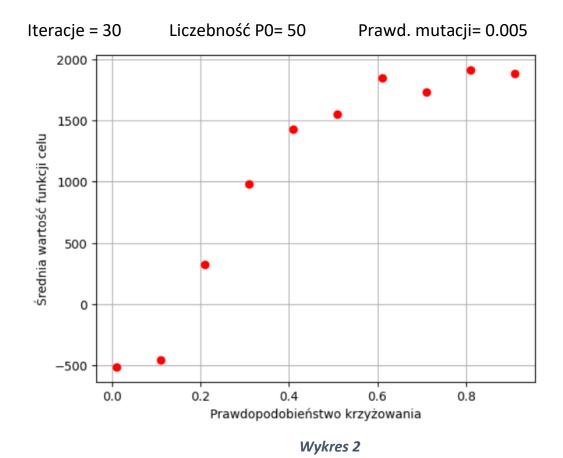
Wykres 1

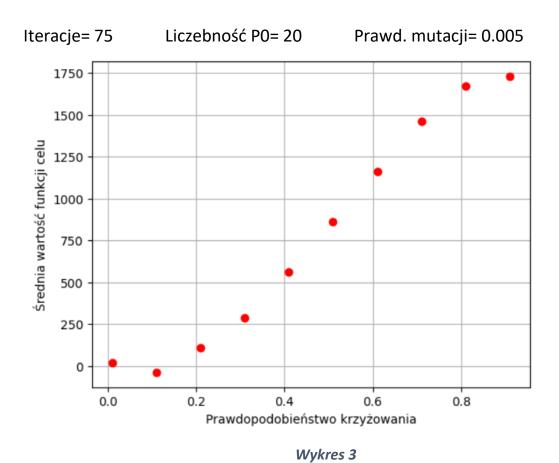
Na wykresie nr 1 widać spodziewany wzrost wartości zysku dla rosnących prawdopodobieństw. Najgwałtowniejszy wzrost widać dla wartości z przedziału <0,21; 0,51>. Dla przedziału <0,51; 0,81> wzrost jest mniej dynamiczny. Prawdopodobieństwo 0,91 okazuje się nieco mniej efektywne niż 0,81.

Najmniejsza średnia wartość q(x) wynosi -280, a największa 1510. Różnica między tymi liczbami jest duża i wynosi 1790.

Warto odnotować duże odchylenie dla p=0.1. Wynika ono ze stosunkowo dużej losowości wyników ze względu na niewielką populację i liczbę iteracji.

Ponadto, możliwe wartości funkcji wynoszą około -1100 (w zależności od genów osobnika) bądź około 1900. Jest to duży rozstrzał, więc dla jedynie 100 prób, pojawienie się zaledwie kilku więcej wartości ujemnych może znacznie zaburzyć średnią. Tyczy się to również dalszych eksperymentów.





Wykres nr 2 przedstawia sytuację ze zwiększoną liczebnością populacji o 150%, zaś dla eksperymentu z wykresu nr 3 zwiększyłem liczbę iteracji algorytmu - również o 150%.

Na wykresie nr 2 widać (podobnie jak w poprzednim przypadku) początkowy gwałtowny wzrost, a następnie znacznie bardziej stonowany. Wzrost dla wykresu nr 3 jest bardzo równomierny i niemalże liniowy.

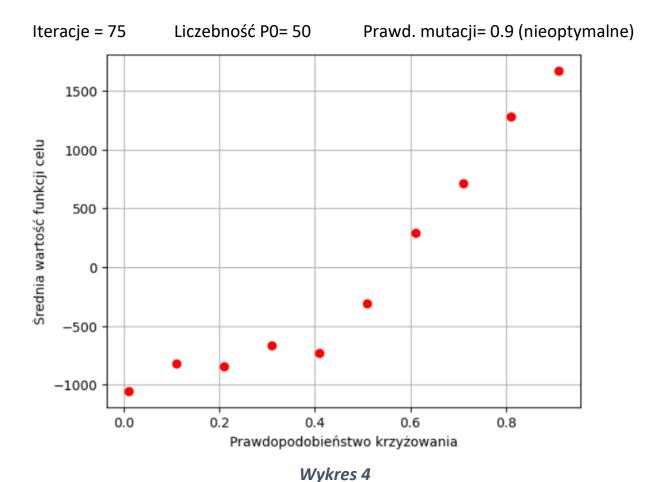
Co ciekawe, w przypadku zwiększonej populacji rozstrzał średniej wartości q(x) minimalnej -515 (dla p = 0.01) i maksymalnej 1915 (dla p = 0.81) jest bardzo duży, różnica wynosi bowiem 2400.

Inaczej jest dla zwiększonej liczby iteracji – tam mamy odpowiednio minimum i maksimum równe -50 i 1750.

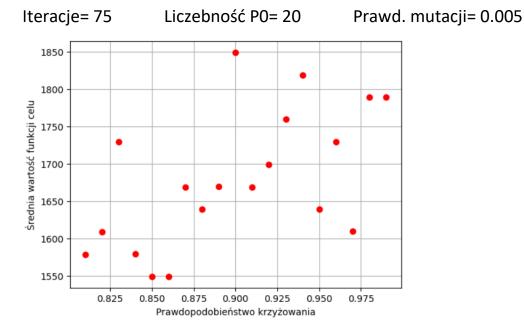
Oznacza to, że mała efektywność parametru prawd. krzyżowania (np. p = 0.01) daje średni wynik mniejszy dla coraz większych populacji. Dzieje się tak, ponieważ w populacji jest więcej osobników o "złych genach", którym niewielkie zmiany nie pozwalają na pożądaną ewolucję. Rozwiązania o dodatnim wyniku są "szczęśliwym trafem" i na 100 uruchomień wystąpią rzadko.

Odwrotnie dzieje się dla dużej efektywności parametru (np. dla p = 0.81). Wówczas kolejne generacje składają się z coraz lepszych genów, a duży wybór jakościowych osobników zapewnia lepsze krzyżowanie, dzięki czemu uśredniona wartość przebiegu 100 algorytmów jest bliska maksimum.

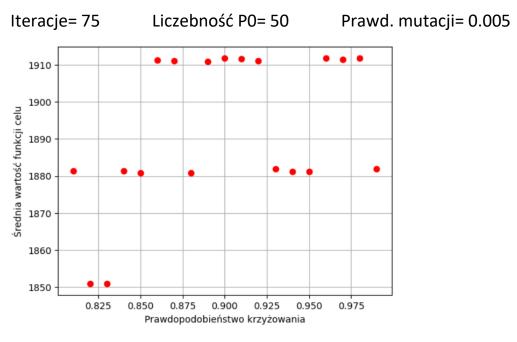
Zwiększona liczba iteracji poprawia sytuację dla małych prawdopodobieństw ze względu na większą liczbę prób, w których krzyżowanie się uda. Dla dużych prawdopodobieństw (lecz małej populacji) nie daje spektakularnych rezultatów, bo zróżnicowanie populacji jest za małe.



W przypadku nieoptymalnej wartości prawdopodobieństwa mutacji, uśrednione wyniki dla małego p = 0.01 krzyżowania spadają do minimum funkcji zysku, które wynosi -1100. Algorytm zupełnie sobie nie radzi z uzyskaniem dodatniego wyniku. Na wykresie nr 4 w przeciwieństwie do poprzednich wykresów prawd. krzyżowania w przedziale <0,01; 0,41> daje zbliżony zły uśredniony wynik, a liniowy wzrost zysku, widać na przedziale <0,41; 0,91>



Wykres 5



Wykres 6

Na wykresach 5 i 6 zbadałem średnie wartości zysku dla Pk z przedziału <0,81; 0,99> i różnicą kroku 0,01. Patrząc na nie można stwierdzić, że najrozsądniejszą wartością wydaje się Pk = 0,9, lecz wykres nr 6 (eksperyment dla średnich wartości bliskich maksimum) dobrze ukazuje losowość pomiarów w przypadku jedynie 100 obiegów. Średnia 1880 świadczy o pojawieniu się jednej ujemnej wartości, 1850 zaś o dwóch ujemnych wartościach.

Warto jednak odnotować, że w przedziale <0.81; 0.85> ujemna wartość pojawiła się średnio 1,4 raza, a w przedziale <0.86; 0.99> jedynie 0.36 raza. Zatem optymalniejsze są Pk >0.85.

Wnioski

- 1. Dla małych prawdopodobieństw krzyżowania algorytm genetyczny ma słabą efektywność, zaś dla dużych osiąga dobre wyniki.
- 2. Największy wzrost średnich zysków występuje na przedziale około <0,2; 0,6>, do wartości 0,8 zyski zwiększają się powoli, a w przedziale (0,8; 1) utrzymują się na podobnych wartościach.
- 3. Na efektywność algorytmu przy małym prawdopodobieństwie krzyżowania korzystniej wpływa zwiększenie liczby iteracji, zaś przy dużym Pk lepiej jest zwiększyć liczebność populacji.
- 4. Jeżeli parametr prawdopodobieństwa mutacji jest nieoptymalny tzn. bardzo wysoki, to algorytm uzyskuje tragiczne wyniki dla prawd. krzyżowania mniejszego od 0,4. W takim przypadku, sprawdza się jak najwyższe Pk.
- 5. Najlepszy znaleziony przeze mnie parametr prawdopodobieństwa krzyżowania dla danego problemu wynosi 0.9, lecz nie jest to wynik pewny (wniosek 6.) i nie różni się mocno efektywnością od Pk z przedziału (0,85; 1).
- 6. W przypadku gdy możliwymi zyskami są wartości tylko ujemne lub tylko dodatnie, różniące się o około 3000, trudno jest zbadać średnią zysku, gdyż w 100 próbach pojawienie się zaledwie jednej ujemnej wartości znacząco obniża średnią.