



AKADEMIA GÓRNICZO-HUTNICZA IM. STANISŁAWA STASZICA W KRAKOWIE
WYDZIAŁ ELEKTROTECHNIKI, AUTOMATYKI,
INFORMATYKI I INŻYNIERII BIOMEDYCZNEJ

KATEDRA INFORMATYKI STOSOWANEJ

Projekt zaliczeniowy z przedmiotu Badania Operacyjne i Teoria
Złożoności Obliczeniowej:

Problem istnienia k -kliki

Autorzy:
Kierunek studiów:
Opiekun projektu:

Wojciech Kasperek, Krzysztof Spytkowski, Izabela Śmietana
Informatyka
dr Adam Sędziwy

Kraków, 2014

Spis treści

1. Zarys problemu	3
1.1. Algorytm genetyczny	3
1.2. Podejście do rozwiązania	3
2. Kodowanie	4
2.1. Binarne	4
2.2. Grupowe	4
3. Krzyżowanie	5
3.1. Jednopunktowe z dwoma potomkami	5
3.2. Jednopunktowe z jednym potomkiem	5
3.3. Jednolite?! z jednym potomkiem	5
4. bezsensowny nowy chapter zeby błędy nie wyskakiwały	6
4.1. Ważone z jednym potomkiem	6
4.2. Dwupunktowe z dwoma potomkami	6
4.3. Dwupunktowe z jednym potomkiem	6
5. Selekcja	7
5.1. Turniejowa	7
5.2. Ruletkowa	7
5.3. Rankingowa	7
6. Mutowanie	8
6.1. Przy kodowaniu binarnym	8
6.2. Przy kodowaniu grupowym	8
7. Program	9
7.1. Przebieg pojedynczej iteracji	9
7.2. Parametry	9
7.3. Wykres	9
7.4. Wizualizacja	9
8. O autorach	10

1. Zarys problemu

Nasz projekt polegał na stworzeniu programu umożliwiającego stwierdzenie czy istnieje klika o zadanym rozmiarze w podanym grafie. Postawiony problem jest w teorii złożoności obliczeniowej jednym z problemów NP-zupełnych. Dlatego też nasz program do rozwiązania tego problemu korzysta z algorytmu genetycznego.

1.1. Algorytm genetyczny

o algorytmach ogólnie słów parę

1.2. Podejście do rozwiązania

bla bla bla, że mieliśmy dwa pomysły z kodowaniami że teraz wyjaśniamy co i jak, a później w jakimś tam rozdziale będzie jak przebiega całość

2. Kodowanie

Każdy osobniki (podgraf zadanego grafu) reprezentowany jest przez chromosom (zbiór wierzchołków).

2.1. Binarne

W tym kodowaniu zasada jest następująca: „1” w chromosomie oznacza przynależność danego wierzchołka do podgrafu, „0” oznacza, że tego wierzchołka nie ma w podgrafie.

2.2. Grupowe

takie pro

3. Krzyżowanie

Zadaniem krzyżowania jest wymiana "materiału genetycznego" pomiędzy dwoma osobnikami w populacji. W wyniku krzyżowania na podstawie dwóch osobników (rodzice) tworzony jest nowy osobnik (dziecko) bądź nowe osobniki (dzieci). Po wykonaniu krzyżowania dzieci zastępują w populacji rodziców.

3.1. Jednopunktowe z dwoma potomkami

Polega na podziale dwóch chromosomów (pochodzących od rodziców) na dwie części (niekoniecznie równe) i z nich tworzone są dzieci: pierwsze dziecko składa się z początkowej części pierwszego rodzica i końcówki drugiego natomiast drugie dziecko odwrotnie - początek drugiego rodzica i koniec pierwszego.

3.2. Jednopunktowe z jednym potomkiem

Krzyżowanie analogiczne do powyższego, ale w wyniku powstaje jedno dziecko, końcówka materiału genetycznego pierwszego rodzica i początek materiału genetycznego drugiego rodzica są zaniedbywane.

3.3. Jednolite?! z jednym potomkiem

W tym krzyżowaniu każdy gen dziecka jest losowany od rodziców z prawdopodobieństwem 50%.

4. bezsensowny nowy chapter zeby błędy nie wyskakiwały

4.1. Wążone z jednym potomkiem

W wyniku tego krzyżowania powstaje jeden nowy osobnik, który dziedziczy każdy gen zgodnie z prawdopodobieństwem:

przystosowanie konkretnego rodzica / suma przystosowań obu rodziców

4.2. Dwupunktowe z dwoma potomkami

Tym razem dzielimy chromosomy rodziców na 3 części. Pierwsze dziecko składa się z początkowej części pierwszego rodzica, środkowej drugiego rodzica i końcówki ponownie pierwszego rodzica. Natomiast drugie dziecko odwrotnie - początek drugiego rodzica, środek pierwszego i koniec znów drugiego.

4.3. Dwupunktowe z jednym potomkiem

Krzyżowanie analogiczne do powyższego, ale w wyniku powstaje jedno dziecko, środek materiału genetycznego pierwszego rodzica, początek i koniec materiału genetycznego drugiego rodzica są zaniebawane.

5. Selekcja

W zależności od wartości funkcji przystosowania danego osobnika w populacji ma on większe (gdy jest 'dobry') lub mniejsze (gdy jest 'słaby') szanse na znalezienie się w kolejnym pokoleniu. To właśnie selekcja dokonuje wyboru osobników będących rodzicami dla nowego pokolenia.

5.1. Turniejowa

Polega na podziale populacji na grupy n-osobników (w naszej implementacji są to grupy 3-osobnikowe). Następnie z każdej z tych grup wybierany jest osobnik najlepiej przystosowany i on przepisywany jest do nowo tworzonej populacji.

5.2. Ruletkowa

Polega na n-krotnym losowaniu (n - liczba osobników w populacji) ze starej populacji osobników, które zostaną przepisane do nowej populacji. Oczywiście wszystkie osobniki mają różne prawdopodobieństwa wylosowania, które są liczone zgodnie ze wzorem:

$$\text{wartość przystosowania danego osobnika} / \text{suma wartości przystosowania wszystkich osobników}$$

5.3. Rankingowa

Selekcja tą metodą jest bardzo podobna do selekcji metodą koła ruletki. Modyfikacja polega jedynie na zmianie funkcji określającej prawdopodobieństwo wyboru danego osobnika. Przed przystąpieniem do tej selekcji należy nadać każdemu z osobników pewną wartość (pozycję w rankingu) zależną od jego położenia na liście posortowanej względem wartości funkcji przystosowania. Wzór pozwalający obliczyć prawdopodobieństwo wyboru:

$$\text{pozycja w rankingu} / \text{suma wartości przystosowania wszystkich osobników}$$

6. Mutowanie

6.1. Przy kodowaniu binarnym

Mutacja polega na zamianie genu „1” na gen „0” (i odwrotnie).

6.2. Przy kodowaniu grupowym

7. Program

Stworzony przez nas program został napisany w języku JAVA. Do rysowania i wizualizacji grafów użyliśmy biblioteki JUNG. Przy rysowaniu i tworzeniu wykresów przystosowania osobników w populacji pomocna okazała się biblioteka JFreeChart. Natomiast zapis wykresów do pliku umożliwiła biblioteka Batik (no chyba nie zaimplementowalismy....)!

7.1. Przebieg pojedynczej iteracji

singleLifeCycle

7.2. Parametry

dddjjdjf co można ustalać i co to da

7.3. Wykres

ffd co jest na wykresach i dlaczego

7.4. Wizualizacja

jak wygląda rozwiązanie (o niebieskich krawędziach i żółtych wierzchołkach)

8. O autorach

podział pracy