

# WSI22Z

## Raport z ćwiczenia laboratoryjnego nr 2

Jan Kuc, 303753

### 1. Cel eksperymentów

Zadanie polega na znalezieniu optymalnego rozwiązania symulowanego problemu lądowania rakiety, przy użyciu algorytmu genetycznego o podanej w poleceniu strategii ewolucyjnej. Algorytm ma zaproponować taki dobór momentów pracy i braku pracy silnika, aby rakieta wylądowała, nie rozbijając się przy tym i zużywając jak najmniej paliwa, gdyż na podstawie tych trzech aspektów konstruowana jest nagroda w funkcji celu.

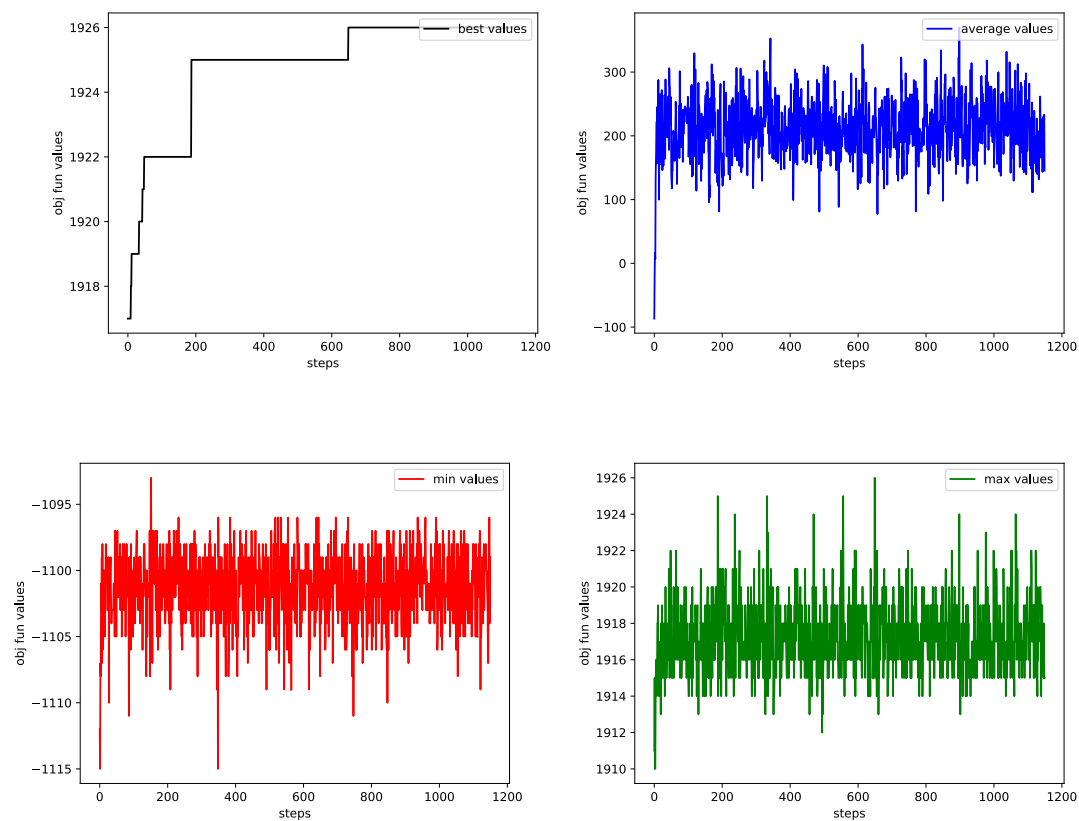
Po znalezieniu zestawu hiperparametrów (prawdopodobieństwo krzyżowania, prawdopodobieństwo mutacji, licznosc populacji początkowej i maksymalna liczba iteracji), dla którego otrzymano zadowalające rozwiązanie, należało przystąpić do eksperymentów w celu zbadania wpływu wybranego hiperparametru na działanie zaimplementowanego algorytmu.

### 2. Opis eksperymentów i decyzje projektowe

W implementacji algorytmu uwzględniono 3 kryteria stopu: przekroczenie maksymalnej liczby iteracji, powtarzanie tego samego rozwiązania przez określoną liczbę iteracji, a także przekroczenie maksymalnej liczby ewaluacji funkcji celu – na wypadek, gdyby badany był wpływ zmiany licznosci populacji początkowej.

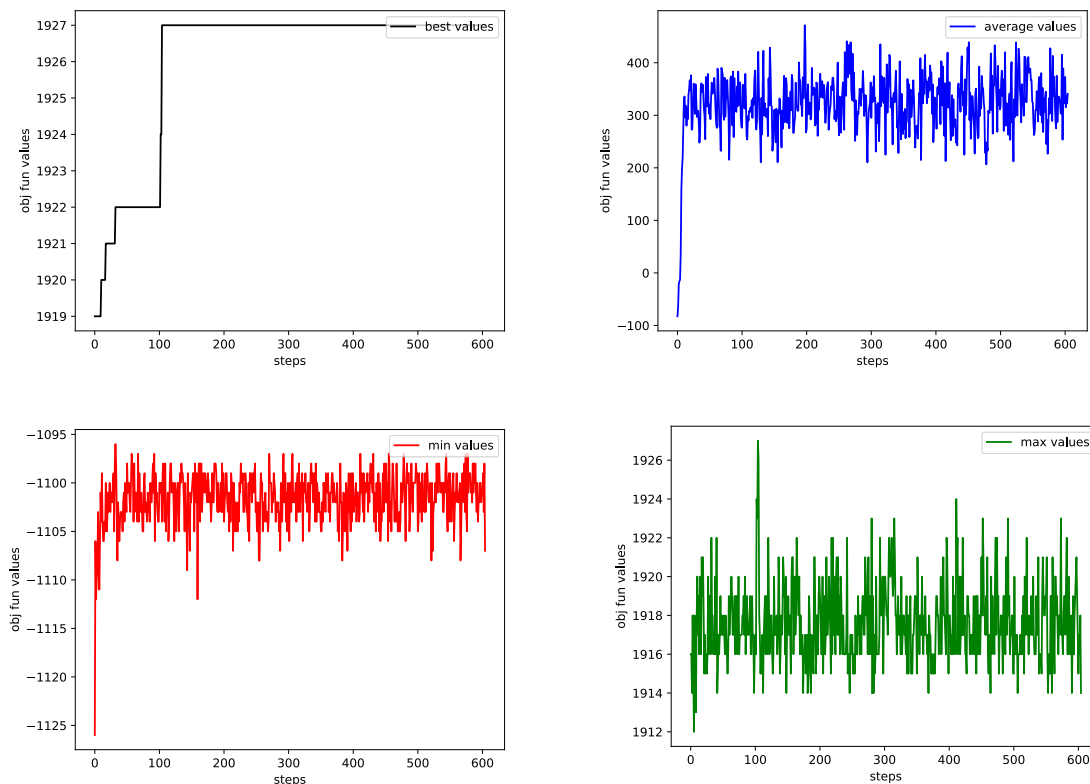
Jednakże, ostatecznie zdecydowano się na badanie zmian hiperparametru odpowiadającego za prawdopodobieństwo krzyżowania.

Przeprowadzono próby, prowadzące do znalezienia zestawu parametrów dających satysfakcjonujące rozwiązanie, aby resztę parametrów, poza jednym badanym, przyjąć na stałe. Jako skrócone nazwy parametrów przyjęto **pc** – prawd. krzyżowania, **pm** – prawd. mutacji, **pop\_size** – rozmiar populacji i **max\_it** – maksymalna liczba iteracji.



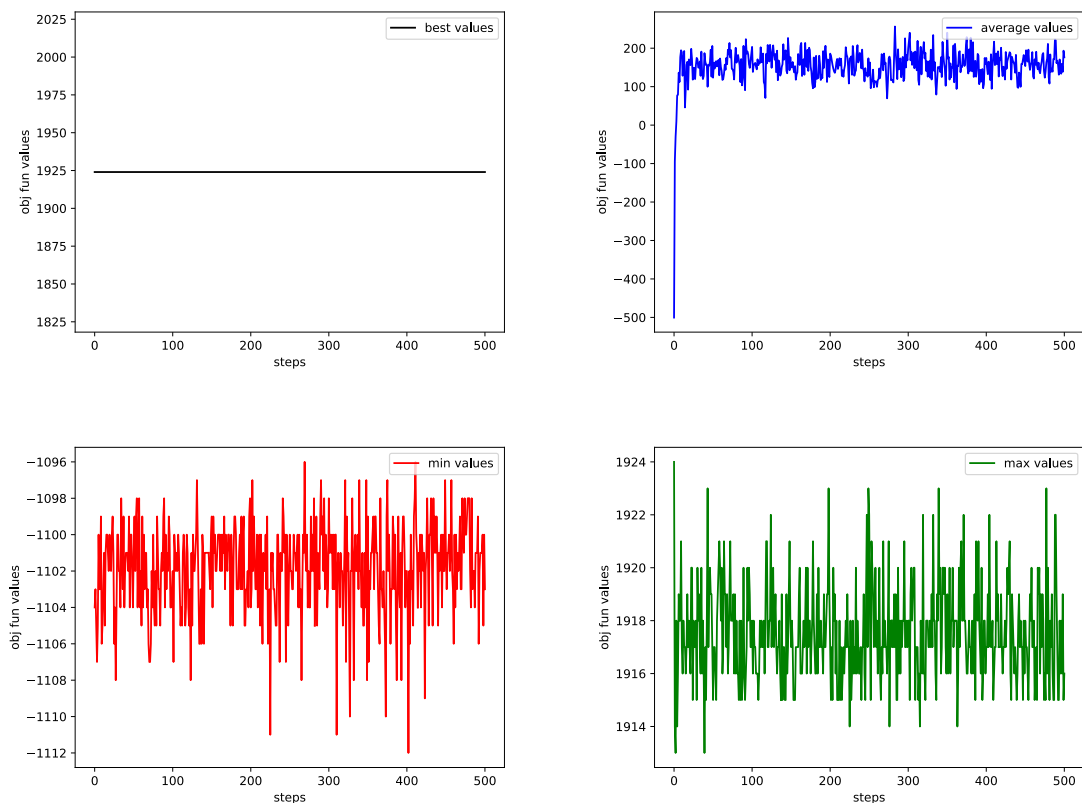
Rysunek 1 Wykresy zmian najlepszej znalezionej wartości funkcji celu w funkcji iteracji oraz maksymalnej, minimalnej oraz średniej w. f. celu w aktualnej iteracji dla  $pc=0.9$ ,  $pm=0.15$ ,  $pop\_size=500$  i  $max\_it=5000$ .

Dla prezentowanego zestawu parametrów, algorytm przeprowadził stosunkowo wiele iteracji, a osiągnięty wynik nadal nie był najlepszy spośród testowanych zestawów.



Rysunek 2 Wykresy zmian najlepszej znalezionej wartości funkcji celu w funkcji iteracji oraz maksymalnej, minimalnej oraz średniej w. f. celu w aktualnej iteracji dla  $pc=0.9$ ,  $pm=0.1$ ,  $pop\_size=500$  i  $max\_it=5000$ .

Dla danego zestawu parametrów (Rysunek 2), na wykresach uśrednionych i minimalnych wartości funkcji celu dla wszystkich chromosomów widać charakterystyczny wzrost po początkowych krokach działania algorytmu, co jest działaniem pożądanym, gdyż świadczy o zapętnianiu się kolejnych generacji co raz lepszymi chromosomami.



Rysunek 3 Wykresy zmian najlepszej znalezionej wartości funkcji celu w funkcji iteracji oraz maksymalnej, minimalnej oraz średniej w. f. celu w aktualnej iteracji dla  $pc=0.9$ ,  $pm=0.2$ ,  $pop\_size=800$  i  $max\_it=5000$ .

Wyniki testów zaprezentowane na rysunkach: Rysunek 1, Rysunek 2, Rysunek 3 pokazują, że dla użytych zestawów hiperparametrów, najkorzystniejsze rezultaty osiągnięto dla:

- $pc = 0.9$
- $pm = 0.1$
- $pop\_size = 500$
- $max\_it = 1000$

Dla podanego zestawu otrzymano największą wartość funkcji celu 1927, po jedynie 606 iteracjach, więc algorytm został zatrzymany według kryterium przekroczenia liczby powtórzeń, ustawionej w każdym z przypadków testowych na 500.

Po wyłonieniu zestawu hiperparametrów, dla których algorytm działa w zadowalający sposób, przystąpiono do badania działania algorytmu w zależności od zmian prawdopodobieństwa krzyżowania.

W metodzie odpowiadającej za krzyżowanie, dla każdej z wylosowanych par, *crossover* następuje pod warunkiem, że wylosowana liczba zmiennoprzecinkowa z przedziału  $[0.0, 1.0]$  jest  $\leq pc$ . Wtedy, losowane jest miejsce „przecięcia” chromosomu, które decyduje o miejscu zamiany części alleli tworzących chromosomy rodziców.

Eksperymenty polegały na uruchamianiu algorytmu z takim samym zestawem hiperparametrów 25 razy, a następnie porównaniu otrzymanych wyników, średnich najlepszych wartości funkcji celu będących rozwiązaniami, dla każdego z testowanych prawdopodobieństw krzyżowania.

Na potrzeby ujednolicenia wymiarów otrzymywanych wyników, zdecydowano się na ustalenie stałej maksymalnej liczby iteracji, a także wyłączenie kryteriów stopu innych od tego, zależnego od **max\_it**. Poza tym stosowano wspomniany wcześniej, wyłoniiony zestaw hiperparametrów.

### 3. Oczekiwane rezultaty

Przy przyjętym małym prawdopodobieństwie mutacji **pm** = 0.1, to krzyżowanie odpowiada w największym stopniu za pojawianie się w kolejnych generacjach nowych, zróżnicowanych osobników. Im większe prawdopodobieństwo krzyżowania, tym większa szansa na przeszukanie większej przestrzeni chromosomów, lecz również rośnie prawdopodobieństwo wprowadzania do następnych pokoleń znacznej liczby osobników dających słabą wartość funkcji celu.

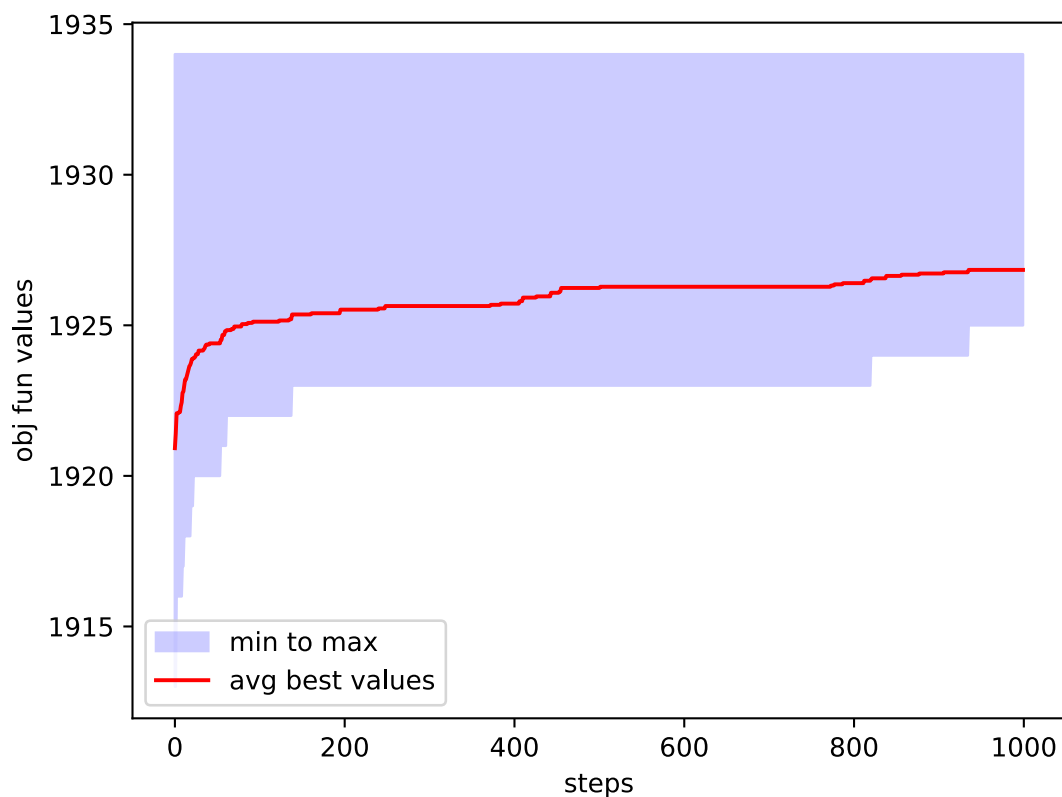
Dobranie odpowiedniej wartości parametru **pc** jest uzależnione od rozwiązywanego problemu, jego wymiaru oraz przyjętej strategii ewolucyjnej. W opracowywanym przypadku, wykorzystywana jest selekcja ruletkowa. Dla populacji 500 osobników, wybrana metoda selekcji nie wypełnia kolejnych generacji najlepszymi osobnikami bardzo szybko, stąd dla zbyt dużych prawdopodobieństw krzyżowania może błędzić i utknąć we wcześniej znalezionym rozwiązaniu.

Typowo, jako **pc** przyjmuje się wartość z przedziału [0.5, 1.0], ponieważ mniejsze wartości zdecydowanie ograniczają przestrzeń poszukiwań.

### 4. Prezentacja i omówienie wyników

Dla każdej z testowanych wartości stworzono wykres przedstawiający przebieg zmian aktualnie znalezionej wartości funkcji celu w funkcji iteracji, biorąc pod uwagę każde z 25 uruchomień algorytmu. Na rysunkach widoczna jest średnia z najlepszych do danego momentu wartości funkcji celu dla każdego z uruchomień, w każdej iteracji oraz maksymalne i minimalne rozwiązanie, które wystąpiło w jednym z przebiegów, w danym kroku.

#### 4.1. $P_c = 0.9$



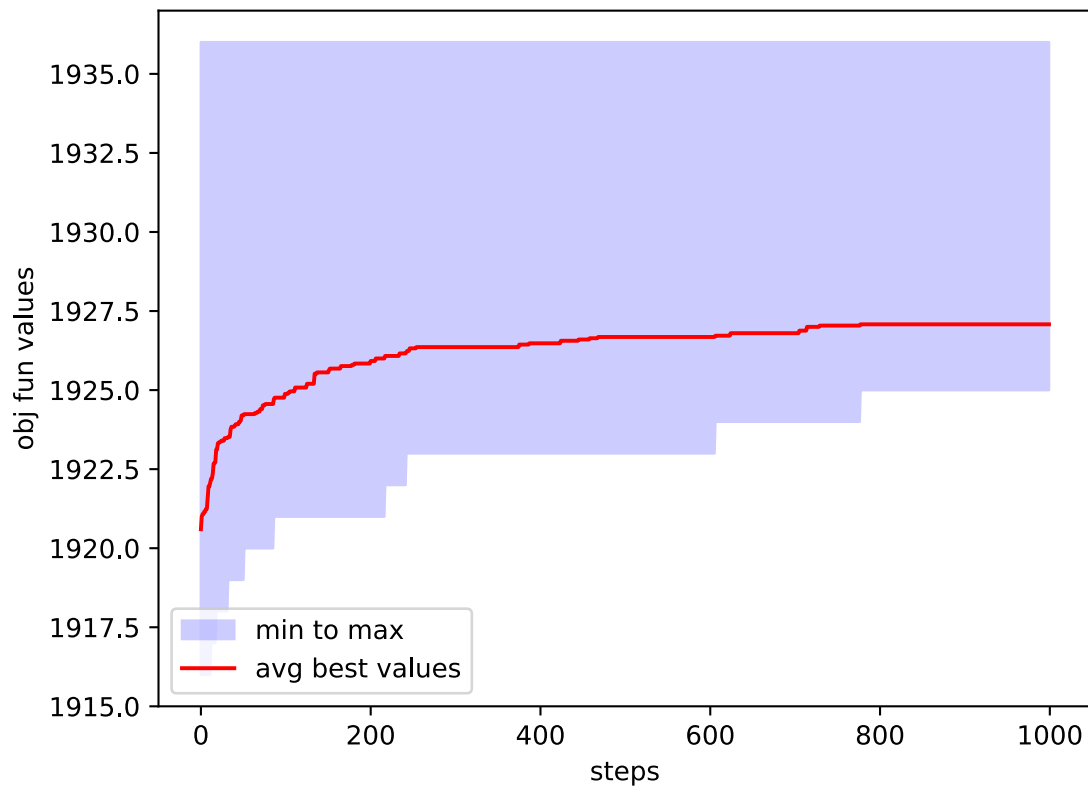
Rysunek 4 Uogólniony przebieg dla  $pc=0.9$

Niebieskie pole na wykresie prezentuje przedział pomiędzy największymi i najmniejszymi rozwiązaniami występującymi pośród 25 uruchomień algorytmu w każdej iteracji. Czerwona linia pokazuje przebieg uśrednionych wyników z wszystkich rozwiązań, w kolejnych krokach. Dla  $pc=0.9$  widoczny jest zdecydowany wzrost średniego rozwiązania wraz z postępem iteracji. Rozrzut w niebieskim polu już w kroku nr 1, pokazuje, że zdarzały się przypadki podczas uruchomień testowych, w których algorytm już w populacji początkowej znajdował rozwiązanie ostatecznie uznawane za najlepsze.

Odchylenie standardowe, mówi, jak kolejne wartości rozwiązania problemu średnio różnią się od wartości średniej arytmetycznej ze wszystkich iteracji. Odchylenie na poziomie 2.22 świadczy raczej o niewielkim rozrzucie wyników dla 25 przypadków.

pc	best_value	średnia	odch. standardowe
0.9	1934	1926.84	2.22

#### 4.2. $P_c = 0.6$

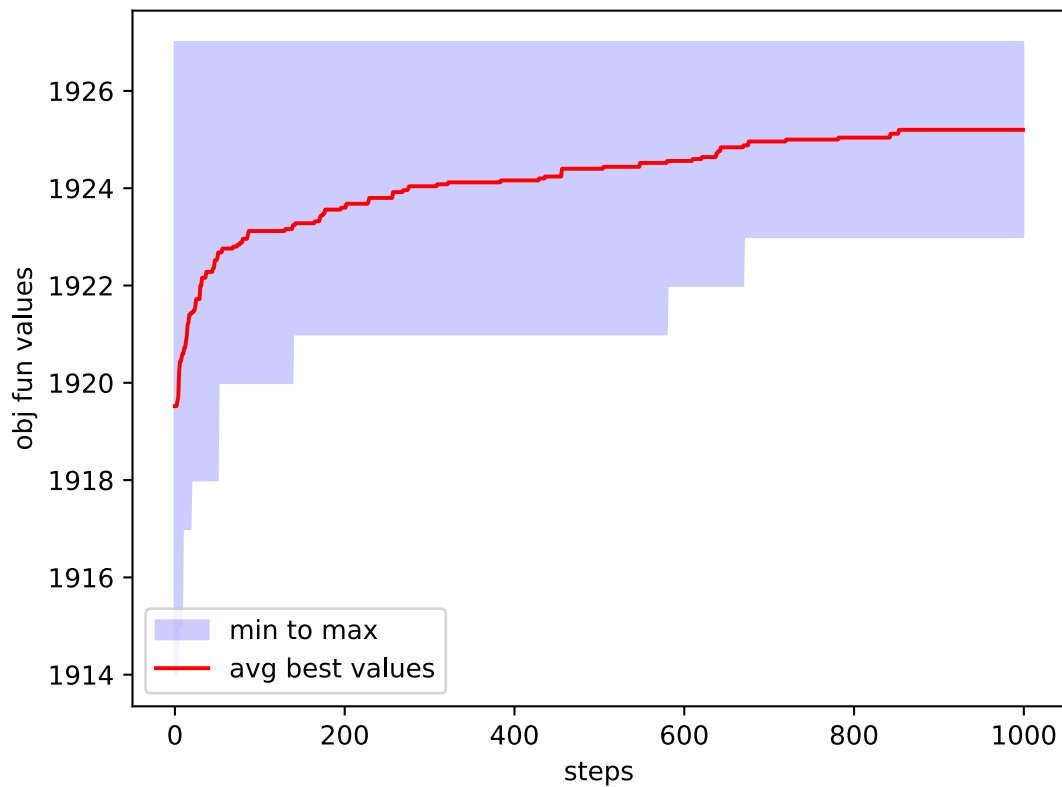


Rysunek 5 Uogólniony rysunek dla  $p_c=0.6$

Dla kolejnej wielkości **pc** otrzymano lepszą jakość rozwiązania, a również średnia jest nieco wyższa od poprzedniego przypadku. W tym wypadku wyniki dla 25 przypadków są też bardziej zróżnicowane od średniego wyniku, a więc zmniejszenie prawdopodobieństwa krzyżowania, skutkowało w zwiększeniu różnorodności znajdowanych rozwiązań.

pc	best_value	średnia	odch. standardowe
0.6	1936	1927.08	2.65

#### 4.3. $P_c = 0.3$



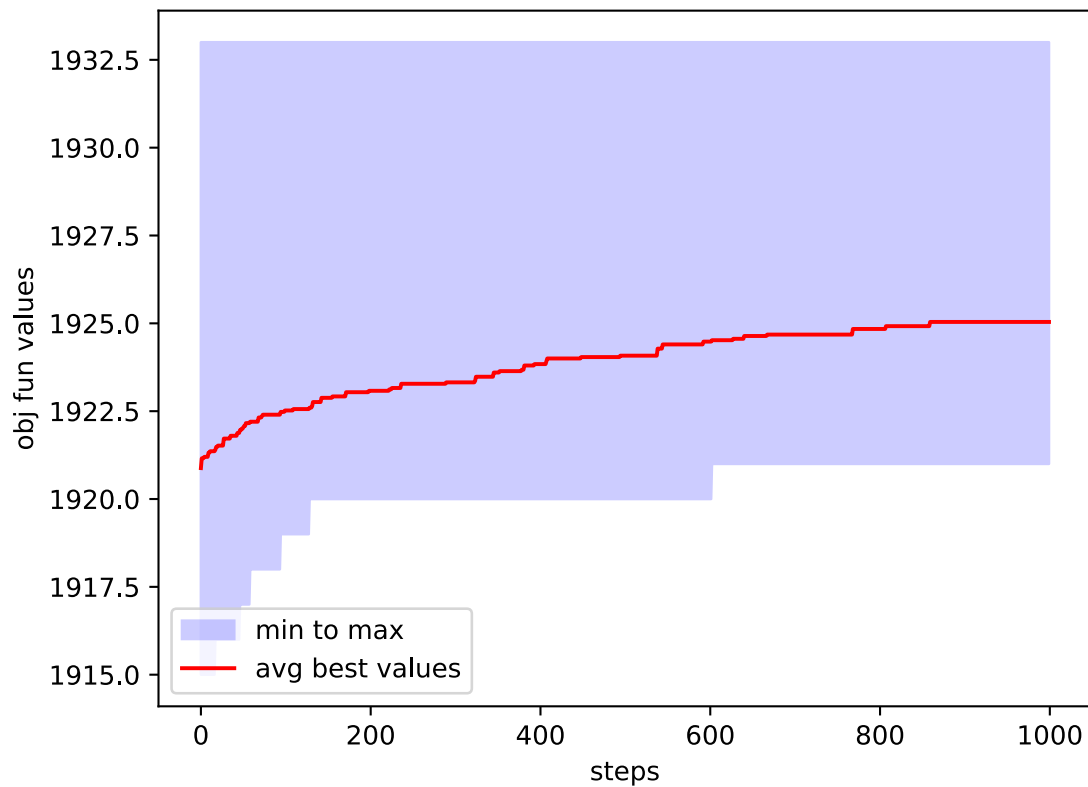
Rysunek 6 Uogólniony rysunek dla  $p_c=0.3$

Dla prawdopodobieństwa krzyżowania  $p_c=0.3$  najlepsze znalezione rozwiązanie nie różni się wiele od średniej. Niska wartość odchylenia standardowego, świadczy o tym, że znajdowane w kolejnych przypadkach rozwiązania są bardzo mało zróżnicowane, a więc stosunkowo małe prawdopodobieństwo *crossover'u* skutkowało w nie znajdowaniu przez algorytm lepszych rozwiązań, przez rzadkie wprowadzanie do populacji nowych osobników.

pc	best_value	średnia	odch. standardowe
<b>0.3</b>	1927	1925.2	1.095



#### 4.4. $P_c = 0.1$

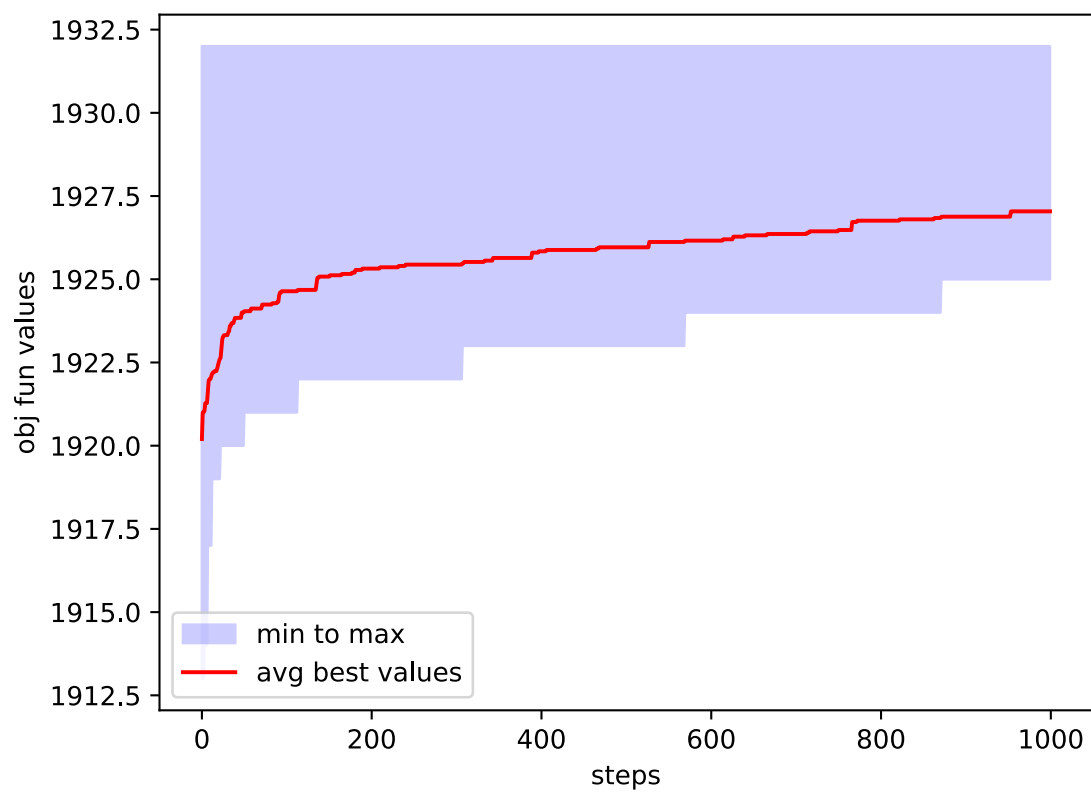


Rysunek 7 Uogólniony rysunek dla  $pc=0.1$

Dla najmniejszego z testowanych  $pc=0.1$ , odchylenie standardowe jest dużo wyższe niż dla przypadku  $pc=0.3$ , co wydawałoby się sprzeczne, ponieważ mniejsza wartość  $pc$  to także mniejsza szansa na wprowadzanie do generacji nowych chromosomów. Jednakże średnia ze znalezionych rozwiązań jest nadal podobna i na wykresie widocznym na Rysunek 7 zauważalna jest niewielka i powolna poprawa średniej, stąd wniosek, że wyszukane najlepsze rozwiązanie 1933 to przypadek odstający, prawdopodobnie znaleziony przez algorytm podczas generowania populacji początkowej.

pc	best_value	średnia	odch. standardowe
<b>0.1</b>	1933	1925.04	2.39

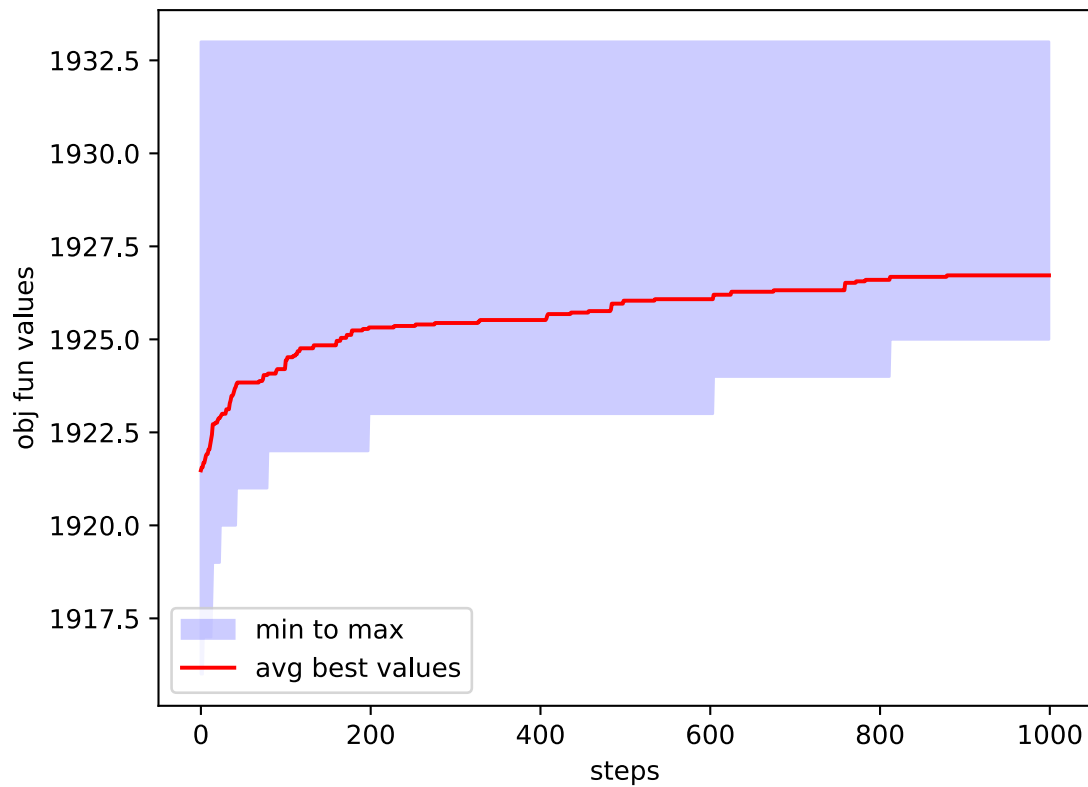
#### 4.5. $P_c = 1$



Rysunek 8 Uogólniony rysunek dla  $p_c=1$

pc	best_value	średnia	odch. standardowe
1	1932	1927.04	2.04

#### 4.6. $P_c = 0.8$



Rysunek 9 Uogólniony rysunek dla  $p_c=0.8$

pc	best_value	średnia	odch. standardowe
<b>0.8</b>	1933	1926.72	1.69

## 5. Podsumowanie wyników i wnioski

Tabela 1 Porównanie wyników dla różnych wartości  $p_c$ .

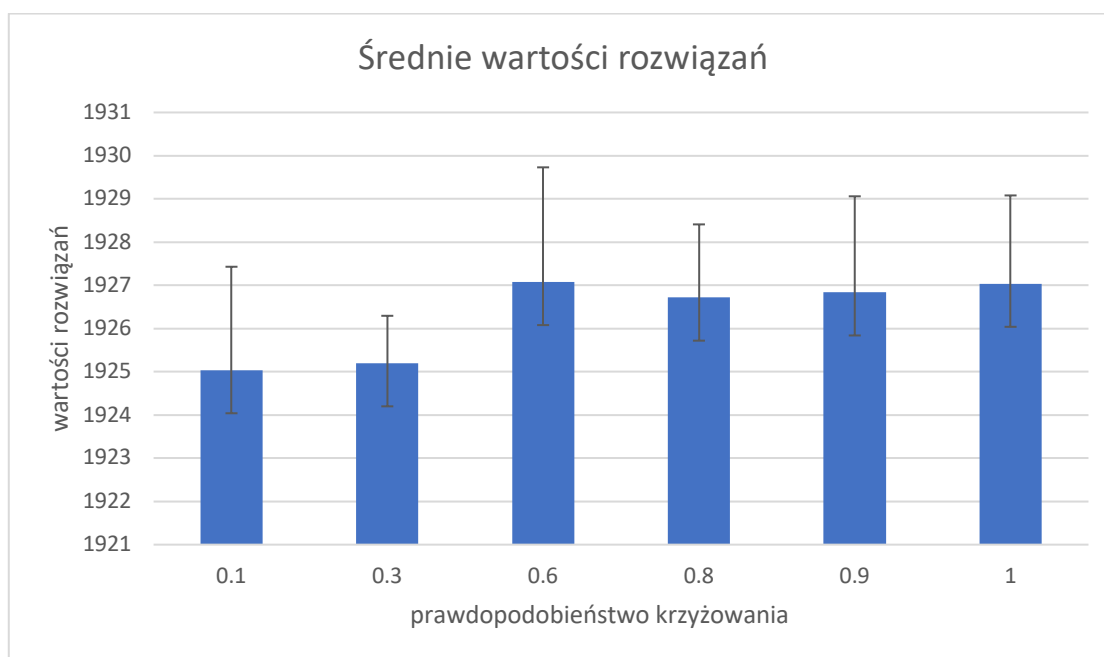
pc	best_value	średnia	odch. standardowe
<b>0.1</b>	1933	1925.04	2.39
<b>0.3</b>	1927	1925.2	1.095
<b>0.6</b>	1936	1927.08	2.65
<b>0.8</b>	1933	1926.72	1.69
<b>0.9</b>	1934	1926.84	2.22
<b>1</b>	1932	1927.04	2.04

Tabela 1 pokazuje, że najlepsze rozwiązanie algorytm znalazł dla prawdopodobieństwa krzyżowania równego **0.6**. Dla tej samej wartości hiperparametru osiągnięto najwyższą średnią rozwiązań, lecz przy największym odchyleniu standardowym.

Świadczy to o tym, iż zdarzały się przypadki (wśród 25 testowych uruchomień algorytmu dla danego zestawu parametrów), odbiegające wynikiem od pozostałych. Dużo mniejsze odchylenie uzyskano dla  $pc=0.8$ , przy zachowaniu satysfakcjonującej wartości średnich rozwiązań.

Przed rozpoczęciem badań, spodziewano się, że odpowiednio działające w algorytmie  $pc$  powinno zawierać się w przedziale  $[0.5, 1]$ , co potwierdzają uzyskane wyniki. Dla niższych prawdopodobieństw otrzymano najgorsze średnie wyniki, odbiegające o niemal 2 jednostki od pozostałych.

Dobranie zbyt dużego hiperparametru  $pc$  skutkuje w eliminowaniu z kolejnych generacji znalezionych do tej pory najlepszych rozwiązań, szczególnie jeśli optymalizowany wektor rozwiązania jest 200 elementowy. W takim wypadku, krzyżowanie może wiązać się z drastyczną zmianą osobnika, który przyniósł dobry wynik. Pożądanym zachowaniem jest mutowanie najlepszych chromosomów, gdyż mutacja wprowadza zmiany tylko na jednym bicie, z reguły małym prawdopodobieństwem. Jednak, aby zwiększyć szansę, na takie działanie algorytmu ewolucyjnego, należałoby przemyśleć strategię, w szczególności zastąpienie selekcji ruletkowej, selekcją elitarną.



Rysunek 10 Średnie wartości rozwiązań z 25 uruchomień dla poszczególnych  $pc$ .