Algorytmy i struktury danych, Teleinformatyka, I rok

Raport z laboratorium nr: a06

Imię i nazwisko studenta: Maciej Klimek

nr indeksu: 414836

1. W pole poniżej wklej najważniejszy (według Ciebie) fragment kodu źródłowego z zajęć (maksymalnie 15 linii).

```
def place_item(id_val, width, height, capacity, backpack):
    for x in range(capacity - width + 1):
        if x + width > capacity + 1:
            break
        for y in range(capacity - height + 1):
            if y + height > capacity + 1:
                break
        if np.all(backpack[y: y+height, x: x+width] == 0):
                 backpack[y: y+height, x: x+width,] = id_val
                 return True
    return False
```

Uzasadnij swój wybór.

Powyższy fragment to funkcja wkładająca przedmioty do plecaka. Jest to tak naprawdę fundament całego algorytmu, używany zarówno w algorytmie zachłannym jak i aproksymacyjnym. Fragment ten uważam za najważniejszy, bo jakakolwiek niepoprawność w tej części kodu prowadzi do błędnych wyników w całej reszcie algorytmu. Samo wkładanie przedmiotu postanowiłem umieścić w osobnej funkcji gdyż sprawia to że potencjalne obracanie przedmiotu staje się dużo wygodniejsze, wystarczy zamienić argumenty funkcji.

2. Podsumuj wyniki uzyskane podczas wykonywania ćwiczenia. Co ciekawego zauważyłeś? Czego się nauczyłeś? Jeśli instrukcja zawierała pytania, odpowiedz na nie. Do sprawozdania możesz dodać wykresy jeśli jest taka potrzeba.

Jeśli chodzi o **algorytm zachłanny** to implementacja nie sprawiła mi większego problemu. Działa on na zasadzie sortowania przedmiotów w zależności od ich gęstości (wartość/pole) i następnie prób włożenia ich po kolei do plecaka, z uwzględnieniem ewentualnego obrotu.

Algorytm aproksymacyjny za to był zdecydowanie większym wyzwaniem. Końcowym efektem jest algorytm bardzo zbliżony do **algorytmu genetycznego**, z niewielkimi modyfikacjami względem typowego algorytmu tego rodzaju. Mój algorytm zawiera parametry takie jak:

- Listę przedmiotów i długość krawędzi wypełnianego plecaka,
- Ilość generacji liczba "pokoleń" które algorytm będzie ewoluował,
- Rozmiar populacji liczba rozwiązań problemu zawartych w populacji,
- Rozmiar "elity" liczba "najsilniejszych" osobników danej generacji, która automatycznie przechodzi do następnej generacji,
- Szansa i częstość mutacji prawdopodobieństwo że dany gen w genomie zostanie zamieniony, liczba genów w genomie poddana "próbie mutacji".

Jedną z odskoczni od wzorca jest fakt że każdy z osobników w danej populacji poddawany jest "próbie" mutacji.

Opis działania algorytmu:

- 1. **Stworzenie początkowej populacji** do populacji dodawane jest rozwiązanie (łączna wartość plecaka, genom reprezentujący, które przedmioty zostały umieszczone w plecaku lista zer i jedynek, macierz prezentująca elementy plecaka) powstałe z algorytmu zachłannego, reszta rozwiązań generowana jest losowo.
- 2. **Posortowanie rozwiązań od najlepszego do najgorszego** (na podstawie wartości plecaka).
- 3. **Krzyżowanie** wybierane są (z ustalonym prawdopodobieństwem im wyższa wartość tym wyższe prawdopodobieństwo) pary rozwiązań, które następnie są krzyżowane (części ich genomów są podmieniane nawzajem).
- 4. **Mutacja** każdy osobnik ma ustaloną szansę na zamianę (z 0 na 1 lub na odwrót) danej ilości genów w genomie.

Dane czynności są powtarzane aż do uzyskania zadanej ilości iteracji. Wynikiem jest pierwsze rozwiązanie ostatniej generacji, czyli zestaw przedmiotów (w danej kolejności), który generuje plecak o najwyższej wartości.

Porównanie wyników algorytmu:

Algorytm zachłanny

Algorytm aproksymacyjny

Plecak 10x10, plik: packages20.txt

Time of execution: 0.005998373031616211 s.

Backpack value: 60

Backpack content:

1	1	0	15	15	15	22	22	22	0
24	24	0	15	15	15	22	22	22	0
23	5	5	15	15	15	22	22	22	0
23	5	5	15	15	15	0	19	19	19
23	5	5	15	15	15	9	19	19	19
23	5	5	9	9	9	9	19	19	19
23	0	0	9	9	9	9	19	19	19
11	11	11	11	11	11	11	19	19	19
18	18	18	18	18	9	9	19	19	19
17	17	17	17	17	17	17	17	17	0

Time of execution: 38.17559456825256 s.

Backpack value: 70

RESULTS FOR 50 GENERATIONS, POPULATION SIZE: 100, ELITE SIZE: 2, MUTATION RATE: 2,

MUTATION CHANCE: 0.5

Best genom: [1, 0, 0, 0, 1, 0, 0, 0, 0, 1,
1, 0, 0, 0, 1, 0, 0, 1, 1, 0, 1, 0, 1, 1, 0,
0].

Item list for this genom: [1, 5, 10, 11, 15,
18, 19, 21, 23, 24, 2, 3, 4, 6, 7, 8, 9, 12,
13, 14, 16, 17, 20, 22, 25, 26].

24	24	23	21	21	11	17	19	19	19
5	5	23	21	21	11	17	19	19	19
5	5	23	21	21	11	17	19	19	19
5	5	23	21	21	11	17	19	19	19
5	5	23	21	21	11	17	19	19	19
15	15	15	21	21	11	17	19	19	19
15	15	15	21	21	11	17	22	22	22
15	15	15	21	21	0	17	22	22	22
15	15	15	21	21	0	17	22	22	22
15	15	15	1	1	18	18	18	18	18

Plecak 10x10 plik: packages100.txt

Time of execution: 0.22360444068908691s.

Backpack value: 229

Backpack content:

7	223	435	435	216	46	274	117	117	103	
267	223	235	235	216	46	274	117	117	103	
58	315	315	115	216	46	46 274		0	103	
261	261	475	475	216	46	8	8	8	103	
119	445	445	445	0	46	8	8	8	103	
133	133	419	221	221	221	0	85	327	103	
172	172	419	269	269	292	292	85	327	409	
278	134	419	269	269	292	292 85		0	409	
442	134	373	373	373	0	107	107	107	409	
442	134	358	358	358	358	107	107	107	409	

Time of execution: 176.04931592941284s.

Backpack value: 233

RESULTS FOR 20 GENERATIONS, POPULATION SIZE:

50, ELITE SIZE: 2, MUTATION RATE: 2,

MUTATION CHANCE: 0.5

Best genom, best list: za długie żeby był

sens umieszczać

Backpack content:

221	221	221	442	8	8	8	216	327	17
7	267	278	442	8	8	8	216	327	17
115	409	409	409	409	223	274	216	119	17
373	373	373	133	133	223	274	216	0	17
103	103	103	103	103	103	274	292	292	17
107	107	107	269	269	435	435	292	292	46
107	107	107	269	269	58	445	445	445	46
475	475	134	358	358	358	358	419	85	46
315	315	134	172	172	117	117	419	85	46
261	261	134	235	235	117	117	419	85	46

Plecak 20x20 plik: packages20.txt

Time of execution: 0.03298830986022949s.

Backpack value: 131

Backpack content:

																			_
1	1	16	16	16	16	16	16	16	16	14	14	20	20	20	20	20	20	20	0
24	24	16	16	16	16	16	16	16	16	14	14	20	20	20	20	20	20	20	0
23	19	19	19	19	19	19	0	0	9	14	14	20	20	20	20	20	20	20	0
23	19	19	19	19	19	19		0	9	14	14	20	20	20	20	20	20	20	0
23	19	19	19	19	19	19	9	0	0	14	14	20	20	20	20	20	20	20	0
23	21	21	21	21	21	21	21	21	21	14	14	20	20	20	20	20	20	20	0
23	21	21	21	21	21	21	21	21	21	14	14	20	20	20	20	20	20	20	0
5	5	10	10	10	10	10	10	0	0	14	14	20	20	20	20	20	20	20	0
5	5	10	10	10	10	10	10	0	9	14	14	20	20	20	20	20	20	20	ø
5	5	10	10	10	10	10	10	0	9	14	14	9	0	0	9	9	4	4	4
5	5	18	18	18	18	18	9	0	9	0	9	9	9	9	9	9	4	4	4
11	11	11	11	11	11	11	0	0	0	0	9	9	9	9	9	9	4	4	4
15	15	15	8	8	8	8	8	8	8	0	9	9	9	9	9	9	4	4	4
15	15	15	8	8	8	8	8	8	8	0	9	9	9	9	9	9	4	4	4
15	15	15	8	8	8	8	8	8	8	0	9	9	9	9	9	9	4	4	4
15	15	15	12	12	12	12	12	12	12	12	9	9	9	9	9	9	4	4	4
15	15	15	12	12	12	12	12	12	12	12	0	0	0	0	0	0	4	4	4
22	22	22	12	12	12	12	12	12	12	12	0	9	0	0	9	0	4	4	4
22	22	22	17	17	17	17	17	17	17	17	17	0	0	0	0	0	0	0	0
22	22	22	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

Time of execution: 162.10992550849915s.

Backpack value: 138

RESULTS FOR 50 GENERATIONS, POPULATION SIZE:

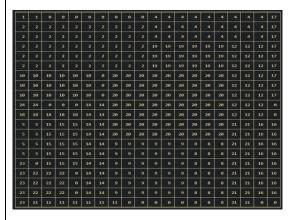
100, ELITE SIZE: 2, MUTATION RATE: 2,

MUTATION CHANCE: 0.5

Best genom: [1, 1, 0, 1, 1, 0, 0, 1, 1, 1,
1, 1, 0, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 0,
0]

0]

Item list for this genom: [1, 2, 4, 5, 8, 9, 10, 11, 12, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 3, 6, 7, 13, 25, 26]



Podsumowując, algorytm aproksymacyjny w każdym z badanych przypadków zwrócił rozwiązanie o wyższej łącznej wartości niż algorytm zachłanny. To jak "dobre" rozwiązanie otrzymamy jest bardzo zależne od parametrów, z jakimi daną symulacje ewolucji przeprowadzimy. Ceną za lepszy wynik jest jednak zdecydowanie dłuższy czas wykonywania (również mocno zależny od danych parametrów).