

# SPRAWOZDANIE– Projekt 7

## Wizualizacja działania algorytmu genetycznego (GA)

Maciej Mróz, Roksana Patelczyk

### 1. Formularz testowy

#### Parametry GA

Liczba bitów kodujących 1 gen	nie dotyczy
Liczba bitów kodujących 1 chromosom	nie dotyczy
Metoda selekcji	turniejowa
Liczba punktów krzyżowania	1
Prawdopodobieństwo krzyżowania, pc	implicit(zawsze)
Prawdopodobieństwo mutacji, pm	0.1
Częstotliwość próbkowania, co $\Delta s(\#ev)$ =	co każde pokolenie
Kryterium stopu - max liczba ewaluacji FP ( $\#ev\_max$ ) wykonywanych przez algorytm (taka sama we wszystkich testach), $\#ev\_max$ =	liczbaOsobników × liczbaPokoleń, np. $100 \times 200 = 20000$
Liczba uruchomień algorytmu do uśrednienia wyników, $\#runs$ =	1
Funkcje przetestowane oraz przetestowana liczba zmiennych w tych funkcjach:	
Rastrigin	2
Przetestowane rozmiary populacji xP (przetestowany rozmiar zaznaczyć za pomocą "x"):	
10	X
20	X
50	X
100	X
200	X
300	X
400	X
500	X
600	X
1000	X
1500	X
2000	X

Jakie krzywe są pokazane na wykresach (zaznaczyć za pomocą "x"):

Średnie wartości FP w punktach próbkowania co $\Delta s(\#ev)$ , AVGs	X
Średnie wartości FP dla każdego punktu $\#ev$ , AVG	X

## 2. Cel projektu

Celem projektu było stworzenie aplikacji wizualizującej działanie algorytmu genetycznego (GA) na funkcji testowej w przestrzeni rzeczywistej. Projekt miał umożliwić analizę wpływu parametrów takich jak liczba pokoleń, wielkość populacji oraz przystosowanie osobników.

## 3. Opis zastosowanego algorytmu

W implementacji wykorzystano klasyczny algorytm genetyczny działający na populacji punktów w przestrzeni dwuwymiarowej. Optymalizowana funkcja to **Rastrigin**, która jest funkcją trudną do optymalizacji ze względu na dużą liczbę minimów lokalnych. W implementacji wykorzystano klasyczny algorytm genetyczny działający na populacji punktów w przestrzeni dwuwymiarowej. Program został zaimplementowany w środowisku **Processing**, które umożliwia szybkie tworzenie wizualizacji i interfejsu graficznego.

### Szczegóły:

- **Przestrzeń rozwiązań:** 2D, zakres od -5.12 do 5.12 dla każdej zmiennej.
- **Selekcja:** turniejowa (rozmiar 5) – losujemy 5 osobników, wybieramy najlepszego.
- **Krzyżowanie:** arytmetyczne – potomek to średnia dwóch rodziców.
- **Mutacja:** adaptacyjna – krok mutacji maleje wraz z postępem pokoleń.
- **Prawdopodobieństwo mutacji:** 10% (0.1).
- **Funkcja celu:** Rastrigin
$$f(x, y) = 20 + x^2 - 10 \cdot \cos(2\pi x) + y^2 - 10 \cdot \cos(2\pi y)$$

## 4. Parametry wejściowe programu

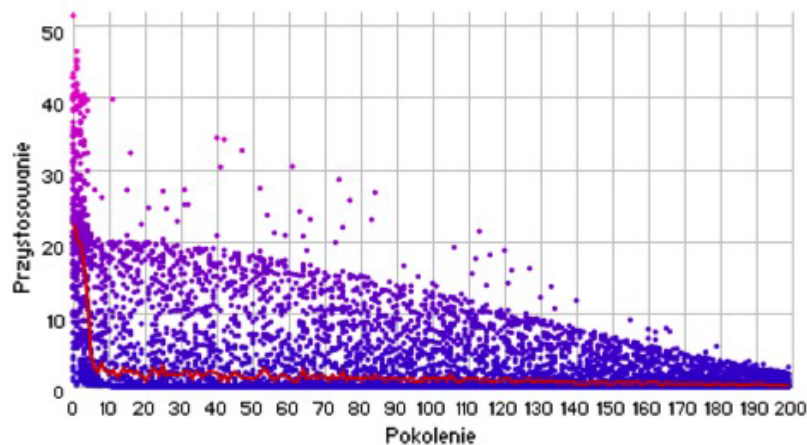
Parametry są ustawiane dynamicznie przez użytkownika przez graficzny interfejs (GUI):

- **Liczba osobników w populacji:** np. 100
- **Liczba pokoleń:** np. 200
- **Pokaż średnią przystosowania** – opcjonalny checkbox
- **Przycisk START** – uruchamia algorytm
- **Przycisk NOWY WYKRES** – resetuje eksperyment i wraca do ekranu startowego

## 5. Opis działania programu

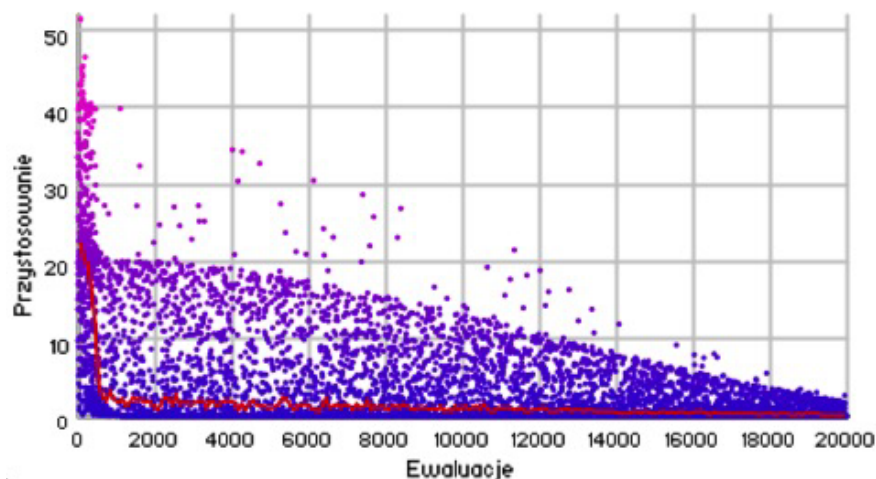
Program symuluje działanie GA i prezentuje wyniki w czasie rzeczywistym za pomocą 3 wykresów:

### a) Wykres: Pokolenie vs Przystosowanie



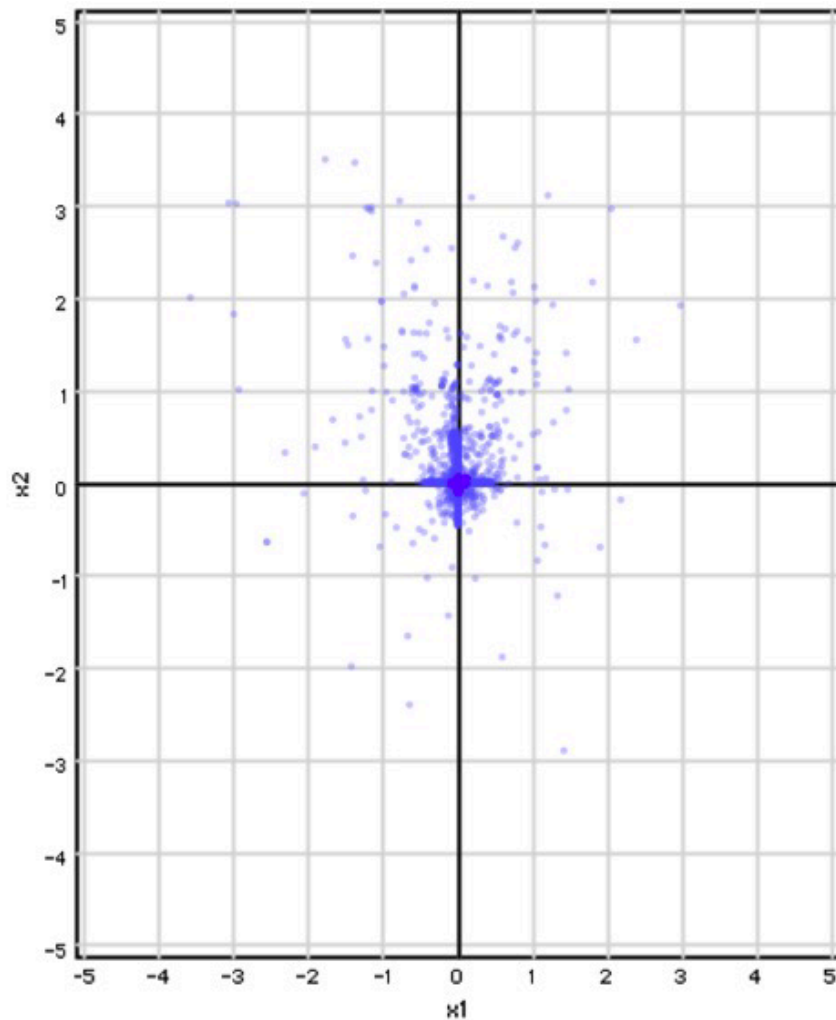
- Oś X: numer pokolenia
- Oś Y: wartość funkcji celu (Rastrigina)
- Kolor punktu: im ciemniejszy, tym lepsze przystosowanie
- Opcjonalnie: czerwona linia średniego przystosowania

### b) Wykres: Liczba ewaluacji vs Przystosowanie



- Oś X: liczba wykonanych ewaluacji (osobnik × pokolenie)
- Oś Y: przystosowanie
- Umożliwia ocenę szybkości zbieżności

**c) Wykres przestrzenny (x1 vs x2)**



- Oś X i Y: wartości zmiennych
- Pokazuje rozmieszczenie osobników w przestrzeni
- Obserwacja: skupianie się osobników wokół minimum funkcji

## 6. Wyniki i obserwacje

- Algorytm zbiega do globalnego minimum funkcji Rastrigina.
- Populacja zaczyna jako losowa, ale z pokolenia na pokolenie staje się bardziej skupiona wokół minimum.
- Średnie przystosowanie stopniowo maleje – co pokazuje skuteczność działania.
- Zmienny krok mutacji zapewnia dobrą równowagę między eksploracją i eksploatacją.

## 7. Wnioski

- Algorytm działa poprawnie i zapewnia skuteczną optymalizację funkcji testowej.
- Wizualizacja pomaga intuicyjnie zrozumieć procesy ewolucyjne zachodzące w populacji.
- Interfejs pozwala na eksperymenty z parametrami i szybką analizę ich wpływu na wynik.

## 8. Podział pracy:

- Maciej Mróz 55%
- Roksana Patelczyk 45%