Sprawozdanie Algorytmy ewolucyjne

Mateusz Olsztyński

Zakres

W swoich obliczeniach do selekcji wykorzystałem selekcję turniejową o wielkości tour = 5. Do tworzenia nowych osobników użyłem operator krzyżowania OX (Ordered Crossover). Natomiast do mutacji wykorzystałem operator inwersji, który okazał się skuteczniejszy niż mutacja typu swap.

W swoich testach uwzględniłem następujące instancje: berlin11, berlin52, kroA100, kroA150. Ze względów ograniczeń sprzętowych instancje z większą liczbą miast okazały się zbyt dużym wyzwaniem.

Testy algorytmu genetycznego

Osie wykresów:

-oś pionowa: przystosowanie

-oś pozioma: numer generacji

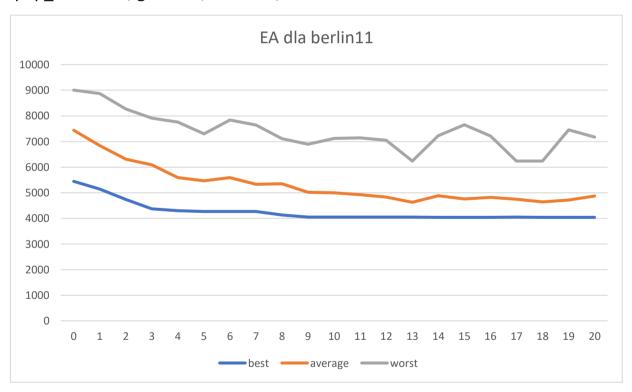
Parametry:

pop_size – wielkość populacji, gen – liczba generacji,

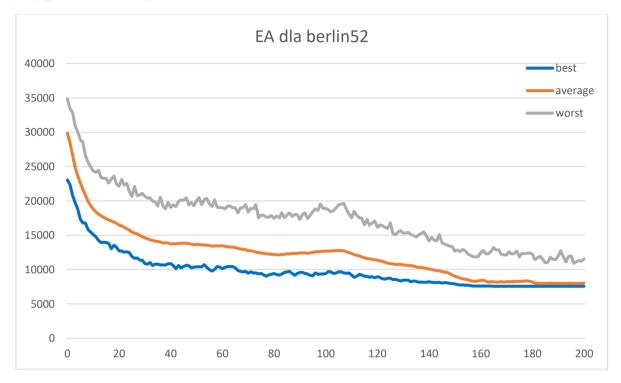
Pm – prawdopodobieństwo mutacji, Px – prawdopodobieństwo krzyżowania

Instancja berlin11

pop_size = 100, gen = 20, Pm = 0.3, Px = 0.8

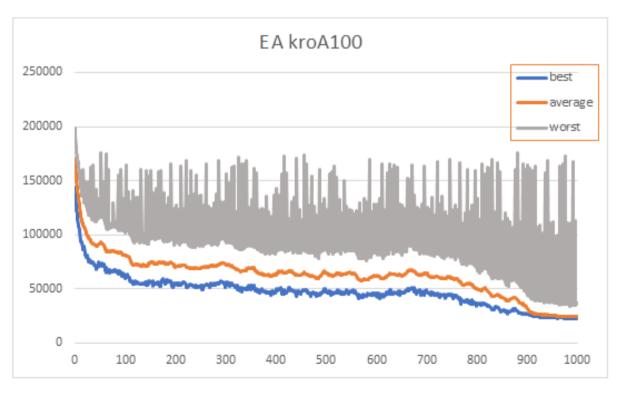


Instancja berlin52



Instancja KroA100

+ wymiana 40% populacji co 10 generację

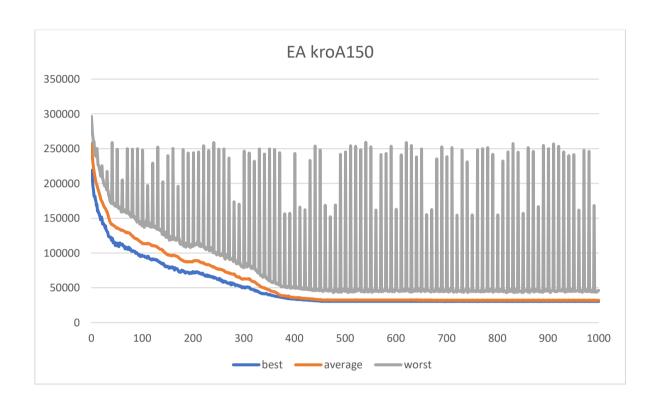


Instancja KroA150

pop_size = 10000, gen = 1000

Pm = 0.5, Px = 0.8

+ wymiana 40% populacji co 10 generację



Porównanie algorytmu ewolucyjnego z innymi nieewolucyjnymi algorytmami

| Instancja | Optimum | Zachłanny | Losowy | | | | Ewolucyjny | | | |
|-----------|---------|-----------|--------|--------|--------|------|------------|-------|-------|------|
| | | | best | avg | worst | std | best | avg | worst | std |
| berlin11 | 4038 | 4543 | 4874 | 7110 | 8448 | 927 | 4038 | 4192 | 4529 | 219 |
| berlin52 | 7542 | 8980 | 26826 | 29574 | 31653 | 1375 | 7567 | 8079 | 9321 | 580 |
| kroA100 | 21282 | 26856 | 160328 | 174520 | 186123 | 7912 | 23143 | 24192 | 26331 | 1018 |
| kroA150 | 26524 | 33609 | 236325 | 251690 | 269849 | 8672 | 30438 | 32002 | 32816 | 575 |

Wnioski

Przy odpowiednim doborze parametrów algorytmu genetycznego, jest on skuteczniejszy od algorytmu zachłannego. Działanie samego algorytmu wymaga jednak większej mocy obliczeniowej oraz dłuższego czasu oczekiwania na wynik (co utrudnia dobór optymalnych parametrów). Odpowiedni dobór wielkości parametrów takich jak rozmiar populacji, liczba generacji, prawdopodobieństwo krzyżowania oraz mutacji, jest uzależniony od typu oraz wielkości rozpatrywanego problemu.