

Laboratorium 5 - Hybrydowe algorytmy ewolucyjne

Autorzy: Michał Pawlicki, Mateusz Noworolnik

Opis zadania

Celem zadania jest zaimplementowanie hybrydowych algorytmów ewolucyjnych dla problemu komiwojażera. Zaimplementowano dwie wersje algorytmu: z użyciem lokalnego przeszukiwania w każdej iteracji i bez. Algorytmy zostały uruchomione na instancjach problemu kroA200 i kroB200.

Opis algorytmów i funkcji pomocniczych

Hybrydowy algorytm ewolucyjny

```
Wczytaj zbiór danych
Wylosuj populację początkową o rozmiarze k poprzez uruchomienie algorytmu
przeszukiwania lokalnego z losowym rozwiązaniem początkowym
Powtarzaj do osiągnięcia warunku stopu:
  Wylosuj parę rodziców
  Stwórz potomka przez zastosowanie operatora krzyżowania
  Jeśli flaga lokalnego przeszukiwania jest ustawiona:
    Wykonaj przeszukiwanie lokalne strategią stromą
  Jeśli funkcja celu potomka jest różna od funkcji celu wszystkich
  osobników w populacji:
    Dodaj potomka do populacji
  Usuń z populacji osobnika o najgorszej funkcji celu
Zwróć najlepsze rozwiązanie z populacji
```

Operator krzyżowania

```
Skopiuj rozwiązanie rodzica 1 do potomka
Dla każdego wierzchołka w potomku:
  Jeśli krawędź stworzona przez wierzchołek i jego następnika lub
  poprzednika nie istnieje w rozwiązaniu rodzica 2:
    Usuń ten wierzchołek z potomka
Stwórz rozwiązanie poprzez uruchomienie algorytmu rozbudowy cyklu na
pozoostałych wierzchołkach
```

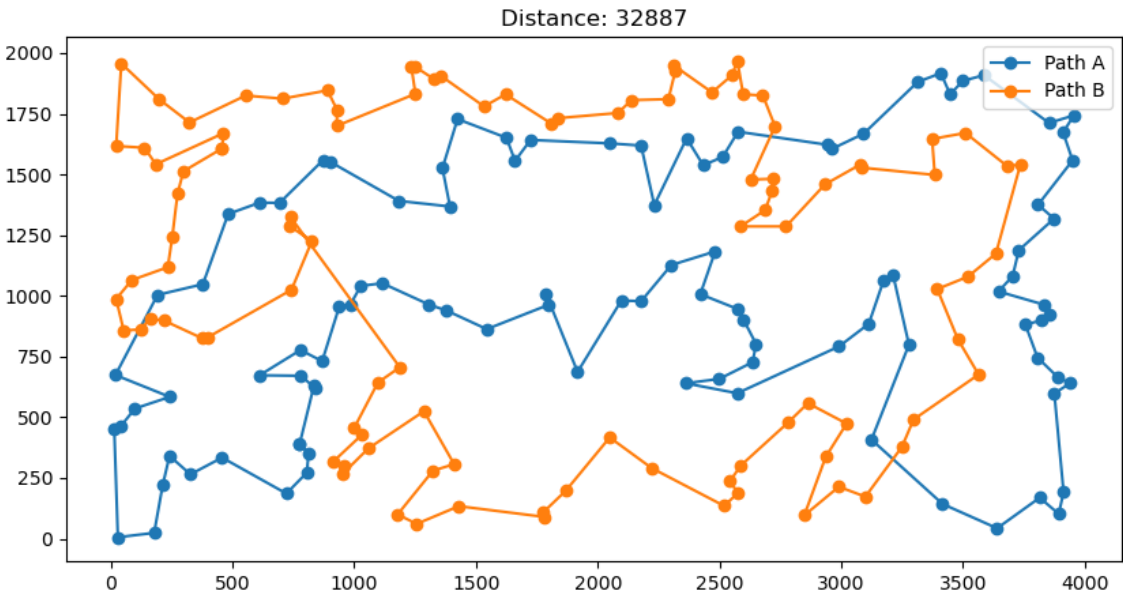
Wyniki eksperymentów

KroA

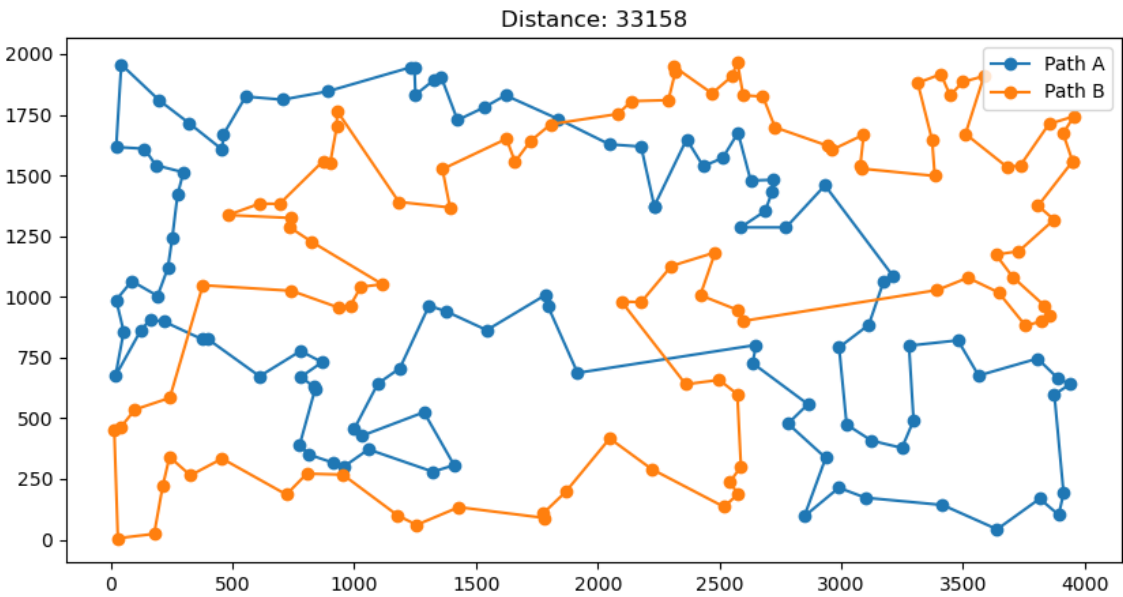
Konfiguracja	Wartość funkcji celu	Czas (ms)	Liczba iteracji
--------------	-------------------------	-----------	-----------------

Konfiguracja	Wartość funkcji celu	Czas (ms)	Liczba iteracji
MSLS	38142.1 (37208 - 38848)	1049876 (992299 - 1495519)	1000
ILS - Mała perturbacja	38362.4 (35666 - 41470)	---	11426.3 (11393 - 11456)
ILS - Repair-Destroy wersja bez lokalnego przeszukiwania w każdej iteracji	31905.4 (30975 - 32592)	---	2650.9 (2640 - 2656)
ILS - Repair-Destroy wersja z lokalnym przeszukiwaniem w każdej iteracji	31101.2 (30660 - 31612)	---	1254.3 (1210 - 1313)
Hybrydowy algorytm ewolucyjny bez lokalnego przeszukiwania	34263.75 (32887 - 35723)	---	590004.8 (389611 - 703333)
Hybrydowy algorytm ewolucyjny z lokalnym przeszukiwaniem	34114 (33158 - 35489)	---	17571.25 (14033 - 20057)
Algorytm rozbudoowy cyklu	39502.51 (35437 - 42312)	1263.47 (1247 - 1391)	----

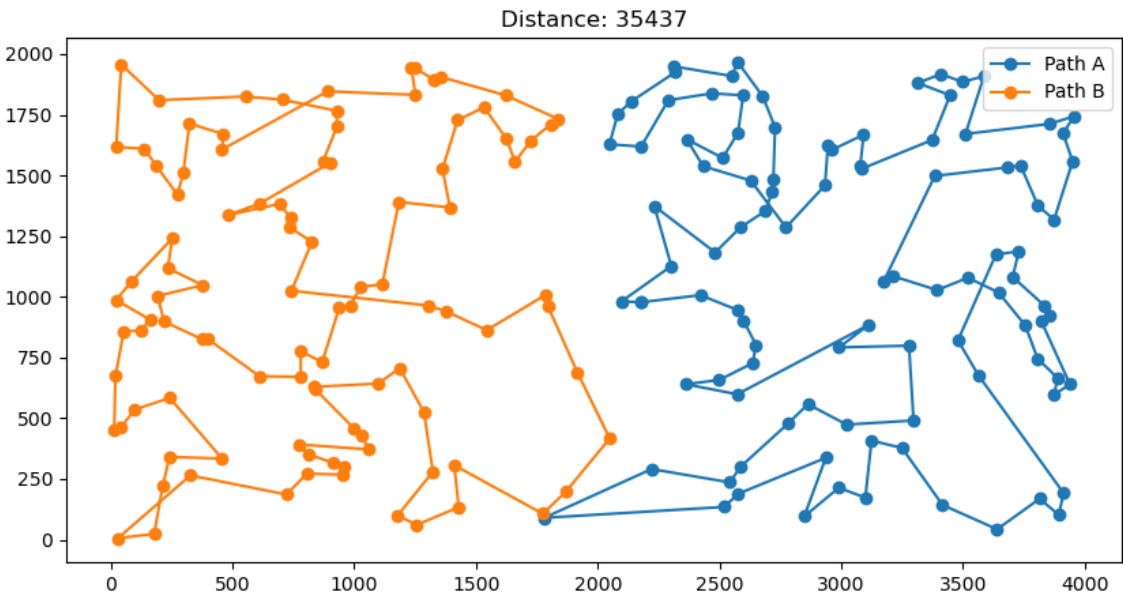
Wersja bez lokalnego przeszukiwania



Wersja z lokalnym przeszukiwaniem



Algorytm rozbudowy cyklu

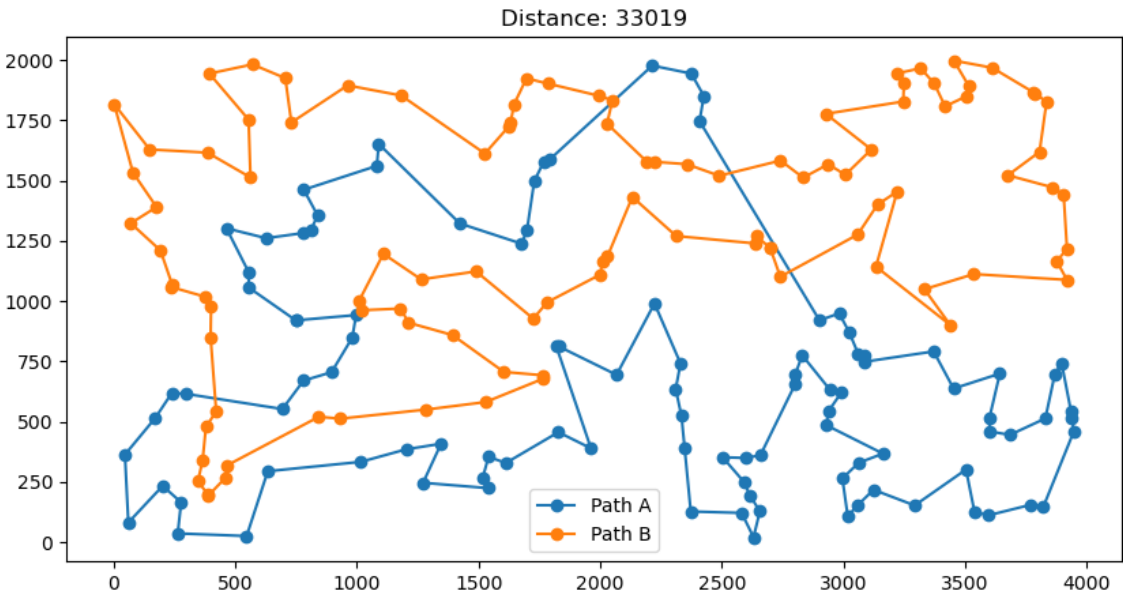


KroB

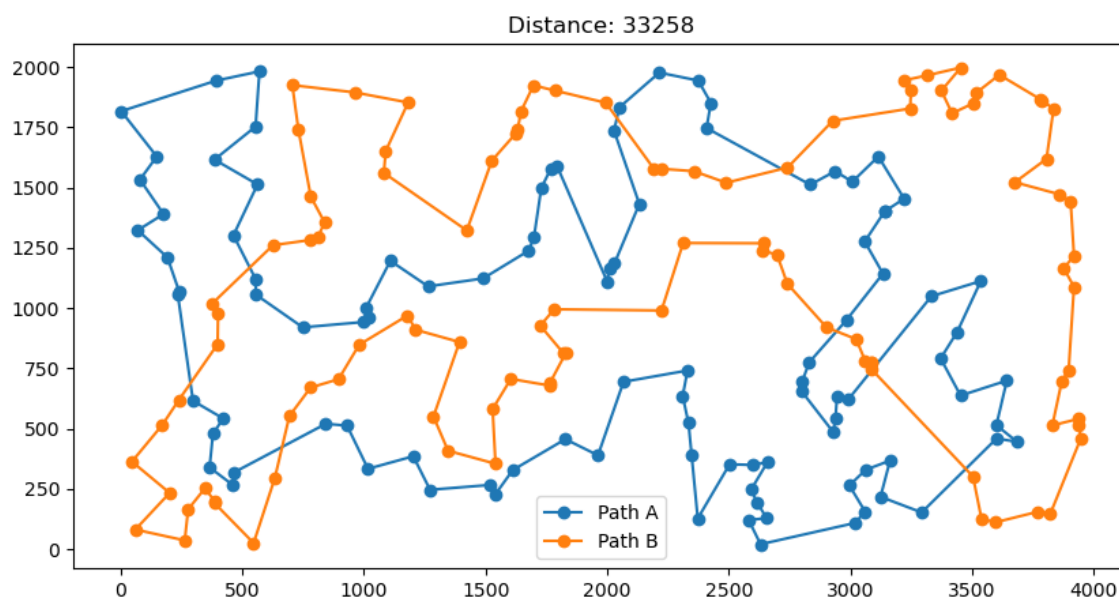
Konfiguracja	Wartość funkcji celu	Czas (ms)	Liczba iteracji
MSLS	38611.7 (37989 - 39124)	995968.8 (985277 - 1000642)	1000
ILS - Mała perturbacja	38053.7 (35657 - 41156)	---	11435.2 (11363 - 11473)

Konfiguracja	Wartość funkcji celu	Czas (ms)	Liczba iteracji
ILS - Repair-Destroy wersja bez lokalnego przeszukiwania w każdej iteracji	31642.8 (30973 - 32789)	---	2650.8 (2641 - 2658)
ILS - Repair-Destroy wersja z lokalnym przeszukiwaniem w każdej iteracji	31166.2 (30645 - 31445)	---	1344.8 (1287 - 1412)
Hybrydowy algorytm ewolucyjny bez lokalnego przeszukiwania	35546.5 (33019 - 36546)	---	314795.5 (165666 - 462877)
Hybrydowy algorytm ewolucyjny z lokalnym przeszukiwaniem	34215 (33258 - 34978)	---	18449 (16613 - 19294)
Algorytm rozbudoowy cyklu	38928.69 (33992 - 43293)	1273.13 (1252 - 1436)	----

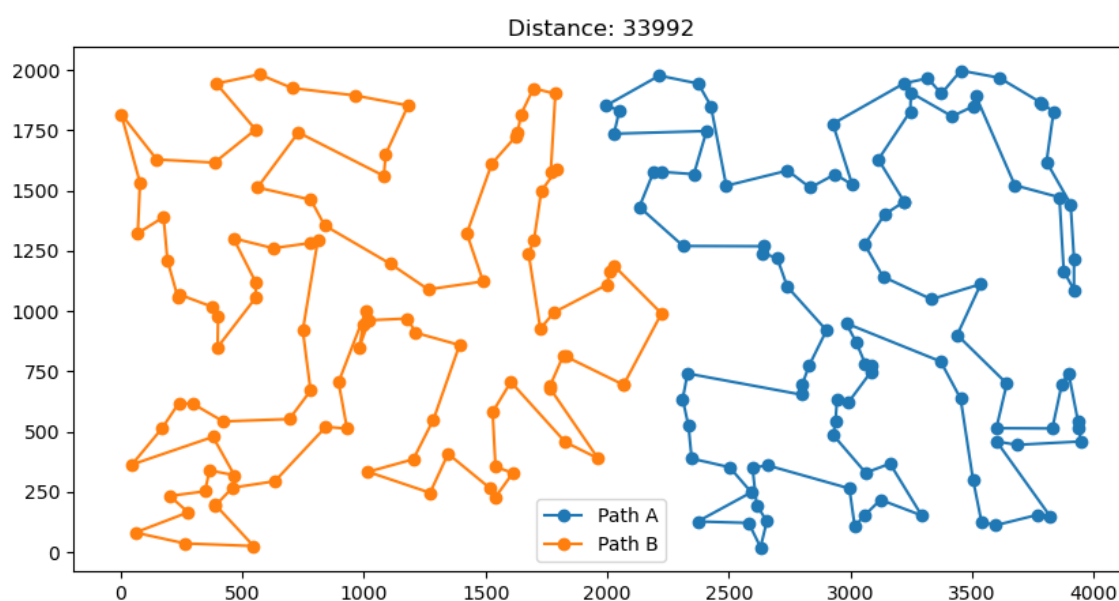
Wersja bez lokalnego przeszukiwania



Wersja z lokalnym przeszukiwaniem



Algorytm rozbudowy cyklu



Wnioski

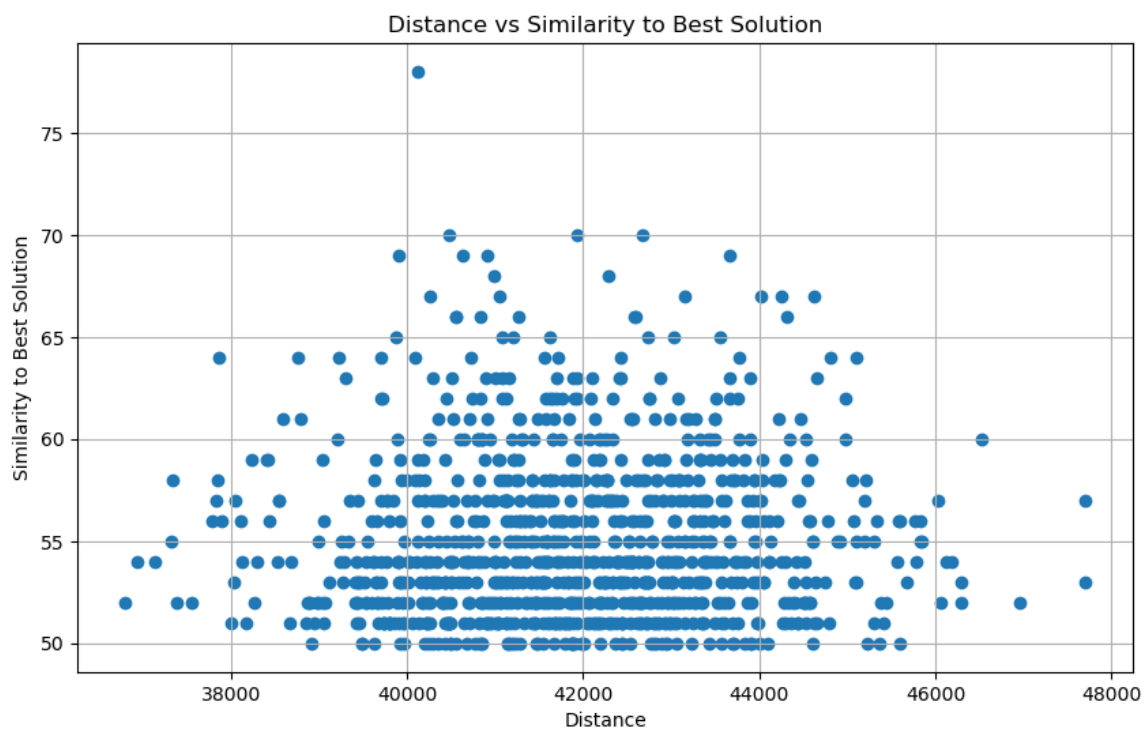
Hybrydowy algorytm ewolucyjny z lokalnym przeszukiwaniem osiągał podobne wyniki do wersji bez lokalnego przeszukiwania jednak wykonywał znacząco mniej iteracji. Wartości funkcji celu jakie otrzymywał były zauważalnie gorsze od wyników uzyskanych przez najlepsze algorytmy z poprzednich laboratoriów, jednak liczba iteracji jakie wykonywał była większa.

Laboratorium 6 - Testy globalnej wypukłości

Podobieństwo do najlepszego rozwiązania (ILS - Repair-Destroy wersja z lokalnym przeszukiwaniem w każdej iteracji)

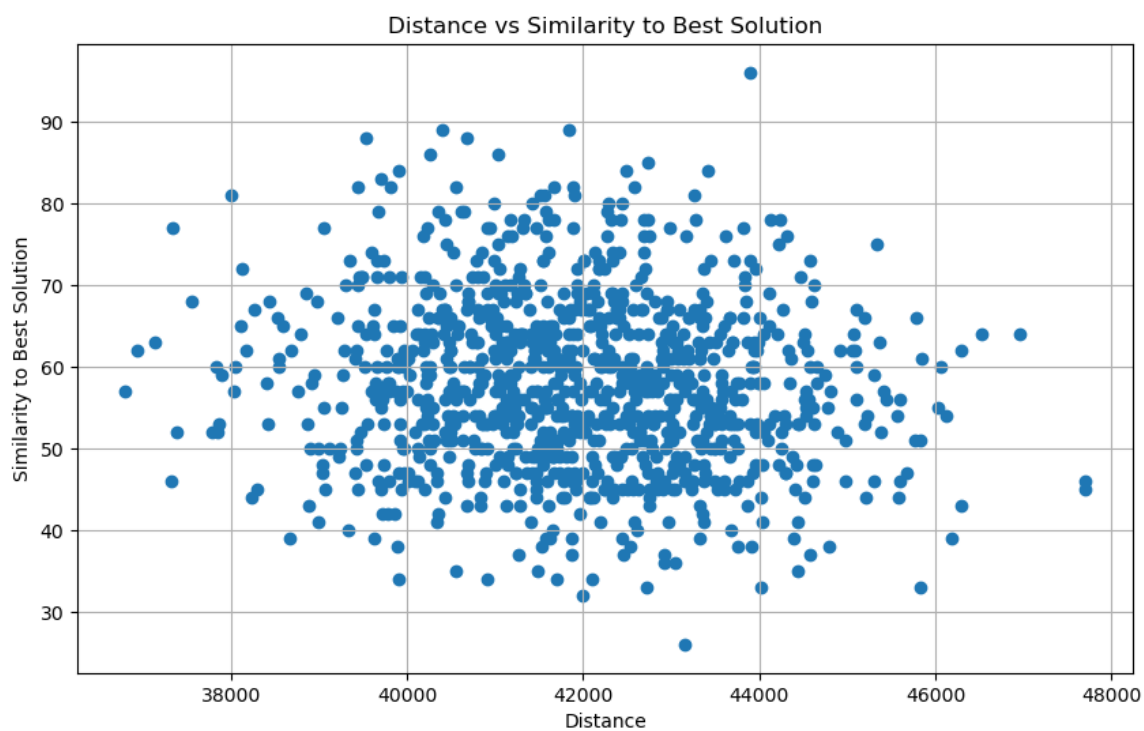
Miara podobieństwa: liczba wspólnych wierzchołków

Współczynnik korelacji: 0.016



Miara podobieństwa: liczba wspólnych krawędzi

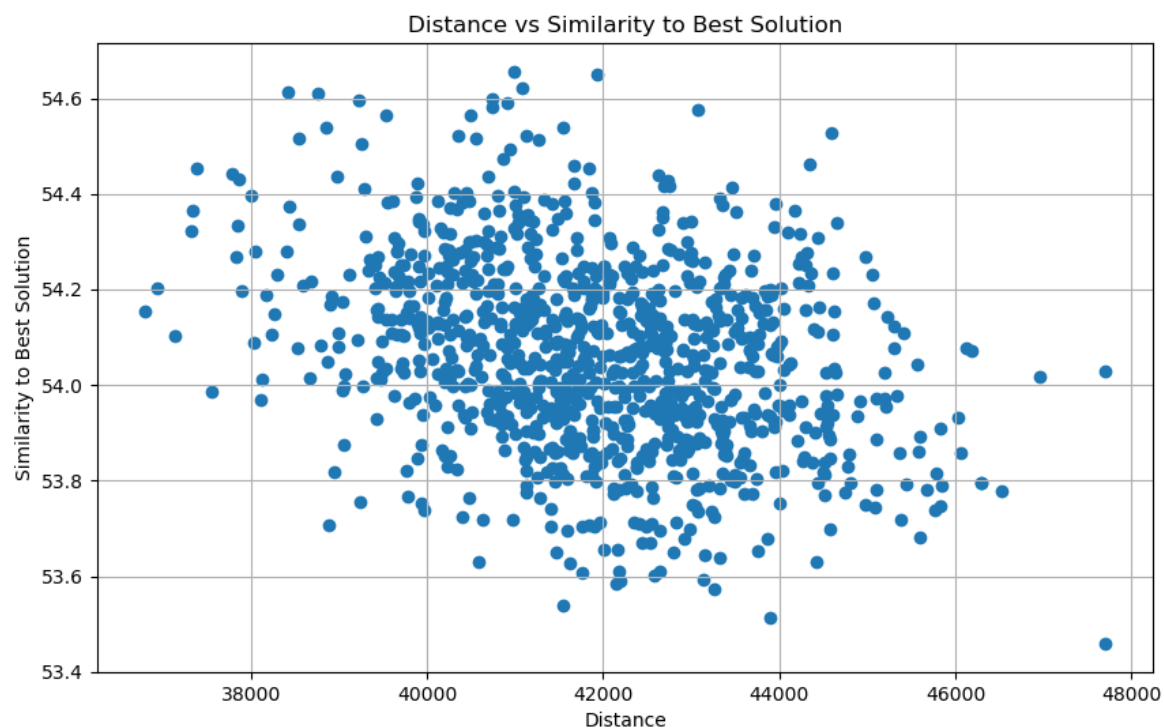
Współczynnik korelacji: -0.11



Średnie podobieństwo do wszystkich rozwiązań

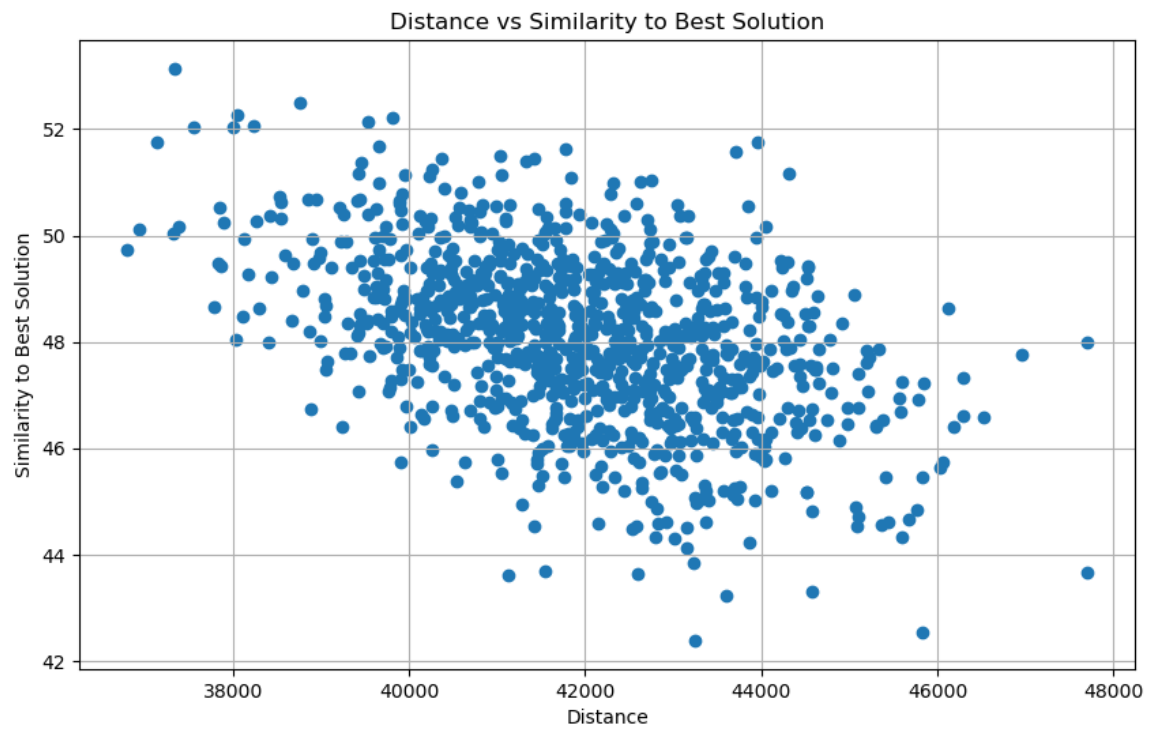
Miara podobieństwa: liczba wspólnych wierzchołków

Współczynnik korelacji: -0.32



Miara podobieństwa: liczba wspólnych krawędzi

Współczynnik korelacji: -0.45



Kod programu

<https://github.com/michal-pawlicki/inteligentne-metody-optimalizacji/tree/main/Lab5>