Grupa projektowa:

Marcin Bożek

M.Bozek1@stud.elka.pw.edu.pl

Michał Kielak

M.Kielak@stud.elka.pw.edu.pl

Konrad Miziński

K.Mizinski@stud.elka.pw.edu.pl

Prowadzący:

Adam Hurkała

Podstawy Sztucznej Inteligencji(PSZT) – Projekt, dokumentacja

1. Temat:

Za pomocą algorytmu genetycznego znajdź minimum funkcji:

$$f(x,y) = (1-x)^2 + 100(y-x^2)^2$$

po

$$-2 \le x, y \le 2$$

2. Zestawienie kluczowych decyzji projektowych:

- Genotyp każdego osobnika reprezentowany jest w postaci chromosomów, odpowiadających zmiennym x i y.
- Przedział, do którego należy każda ze zmiennych podzielony został na fragmenty, z dokładnością do których wyliczane jest rozwiązanie.
- Pojedynczy chromosom kodowany jest ciągiem bitów reprezentującym ilość fragmentów od początku przedziału.
- Do zakodowania chromosomów użyto kodu Graya.
- Krzyżowanie się osobników polega(odpowiednio dla zmiennych x i y) na sklejeniu części chromosomu pierwszego rodzica z dopełnieniem tej części w chromosomie drugiego rodzica.
- Mutacja polega na zanegowaniu pojedynczego bitu w chromosomie.
- Mutacja odbywa się niezależnie dla obydwu chromosomów.
- Użytkownik ma możliwość zdefiniowania prawdopodobieństwa mutacji.
- Populacja ma przez cały okres życia stałą liczbę osobników.

- Podczas krzyżowania powstaje nowa populacja(potomna) o takiej samej liczności jak populacja rodzicielska, z populacji rodzicielskiej i potomnej wyłaniana jest nowa populacja rodzicielska o najlepszych wartościach f(x, y).
- Każdy osobnik z populacji rodzicielskiej ma takie samo prawdopodobieństwo wzięcia udziału w krzyżowaniu.
- Użytkownik definiuje liczebność populacji.

3. Obsługa programu:

Program wyposażono w graficzny interfejs użytkownika. Do uruchomienia i zatrzymania programu służą przyciski w głównym oknie aplikacji. Do ustawiania parametrów programu służą opcje w menu.

4. Opis struktury programu:

Program został napisany w języku Java w konwencji Model-Widok-Kontroler. Na aplikację składają się 3 wątki: wątek biblioteki Swing(odpowiadający za GUI), watek główny oraz wątek symulujący zachowanie populacji.

5. Wnioski:

Program pozwala wyznaczyć wartości x, y z dokładnością do 7 miejsca po przecinku oraz wartość f(x, y) z dokładnością do nawet 17 miejsca po przecinku. Dzieje się tak dla małej liczności populacji oraz dążącemu do 1 prawdopodobieństwu mutacji.