به نام خدا

هوش مصنوعی پروژه دوم

الگوریتم ژنتیک

نرگس غلامی

۸۱۰۱۹۸۴۴۷

هدف پروژه : هدف پروژه آشنایی با الگوریتم ژنتیک از طریق حل مسئله سودوکو بود.

توضیح کلی در مورد پروژه: در این پروژه یک جدول سودوکو با حداقل ۱۷ خانه داده می‌شود تا با استفاده از الگوریتم ژنتیک خانه‌ها به درستی و با قواعد مخصوص سودوکو پر شوند. در الگوریتم ژنتیک بعد از تعیین کردن ژن و کروموزوم باید جمعیت اولیه را تولید کنیم، سپس تابع فیتنس را تعریف نماییم، تابع کراس اور و میوتیشن را مشخص بکنیم و در آخر الگوریتم ژنتیک را روی آن پیاده سازی بکنیم.

قبل از پاسخ دادن به سوالات گزارش در مورد موارد زیر توضیح می‌دهم.

تعریف کروموزوم در این مسئله: کروموزوم در این مسئله در حقیقت همان جدول سودوکو است که یک جدول ۹*۹ می‌باشد و ژن‌ها در این مسئله ردیف‌ها می‌باشند.

تولید جمعیت اولیه: در جدول اولیه داده شده بعضی خانه‌ها از قبل، توسط کاربر پر شده‌اند. به آن خانه‌ها دست نمی‌زنیم و بقیه‌ی خانه‌های هر ردیف را با اعداد رندوم و غیر تکراری پر می‌نماییم.

تعداد افراد جمعیت اولیه ۵۰ نفر می‌باشد که تا پایان عملیات ثابت خواهد ماند.

۱ – روش انتخاب کروموزم های برتر برای تولید جمعیت بعدی و دلیل انتخاب روش به کار برده شده را توضیح دهید.

```
def selection(population):
    population.sort(key = calFF)
    return population
```

با استفاده از تابع بالا ابتدا جمعیت سورت می‌شود و سپس از بین این جمعیت بیست درصد اول برای رصد شدن انتخاب می‌شوند. در این روش کروموزوم‌های با احتمال بالاتر، در صدر آرایه قرار می‌گیرند، بدین ترتیب اگر ما آن‌ها را به عنوان جمعیت برتر انتخاب کنیم، احتمال رسیدن به هدف بیشتر خواهد شد.

۲-. دلیل انتخاب معیار تناسب خود را ذکر کنید .

تابع تناسب من به این صورت است که به تعدادی که عدد تکراری در یک ستون یا در خانه‌های ۳*۳ وجود داشته باشد به مقدار score اضافه می‌کند. هر چه این مقدار کمتر باشد مطلوب‌تر است و score صفر به معنای برنده شدن است. این معیار، معیار مناسبی است زیرا نشان می‌دهد جدول چقدر به حالت ایده آل خود (یعنی در ردیف‌ها و ستون‌ها و خانه‌های سه در سه عدد تکراری وجود نداشته باشد و همه در بازه‌ی ۱ تا ۹ باشند) نزدیک‌تر است.

۳-تاثیر تابع های crossover و mutation و احتمال هر یک از آن ها و دلیل انتخاب مقدار احتمال را ذکر کنید.

ابتدا در مورد منطق هر کدام از توابع بالا توضیح می‌دهم.

تابع cross over : این تابع دو جدول و یک عدد رندوم بین ۰ تا ۸ را می‌گیرد(فرض کنید مقدار n) و به این صورت عمل می‌کند که پایین ردیف nام جدول اول را با بالای ردیف nام جدول دوم merge می‌کند و دو نیمه دیگر باقی‌مانده از این دو بخش را نیز با هم merge می‌کند و این دو جدول جدید را باز می‌گرداند.

تابع mutation : این تابع به این صورت عمل می‌کند که یک ردیف را به صورت شانسی انتخاب می‌کند و خانه‌های جدول به جز آن‌هایی که کاربر از قبل وارد کرده را جابجا می‌کند و بعد چک می‌کند که این جابجا کردن، آیا امتیاز او را کم کرده است یا نه. اگر کم کرده بود می‌گذارد جابجایی باقی بماند و این کار را با تمام دوتایی‌های مجاز در ردیف تکرار می‌کند تا بهترین امتیاز حاصل از این جابجایی‌ها پیدا شوند.

من hyper parameter را برای هر دوی mutation و crossover برابر با ۰.۲ گذاشتم. یعنی این توابع در هشتاد درصد موارد اجرا خواهند شد. این داده یک جور داده شهودی بود که من از طریق آزمون و خطا بدست آوردم و سرعت محاسبه را بالا می‌برد.

۴- با وجود استفاده از این روش ها، ممکن است که کروموزوم ها پس از چند مرحله دیگر تغییر نکنند. دلیل این اتفاق و مشکلاتی که به وجود می آورد را شرح دهید. برای حل آن چه راهکاری پیشنهادی می دهید؟

دلیل این اتفاق این است که پس از مدتی تنوع جمعیت کم خواهد شد و جمعیت در یک لوکال مینیموم گیر خواهد کرد. در نتیجه احتمال این که مسئله با این منطق حل شود کم خواهد شد. من خودم کاری که برای حل این مشکل کردم این بود که اگر در ۱۰۰ بار گردش حلقه، فیتنس ثابت ماند، یک جمعیت جدید تولید بکنم و با آن جمعیت جدید سعی بکنم مسئله را حل بکنم.

نتیجه گیری کلی: ژنتیک یکی از الگوریتم‌هایی است که در مواردی که نیاز به الگوریتم ساده و سریع با حافظه کم داریم از آن استفاده می‌کنیم ولی از طرف دیگر خیلی تصادفی است و بعضی اوقات پیدا کردن کروموزوم و ژن به همین راحتی‌ها نیست.

مواردی برای بهبود پروژه: پروژه جالبی بود. نکته‌ای که وجود داشت این بود که من در ابتدا هیچ ایده‌ای در مورد چگونگی hyper parameter ها نداشتم و چون نمونه کدی هم نتوانستم پیدا بکنم، کمی برایم اذیت کننده بود.

با تشکر از زحمات شما

منبع:

https://stackoverflow.com/questions/29785084/changing-one-list-unexpectedly-changes-another-too

https://www.obitko.com/tutorials/genetic-algorithms/recommendations.php