

Algorytmy Ewolucyjne

Sprawozdanie końcowe z pierwszego zadania

Maja Nagarnowicz 304472

25 listopada 2023

1 Treść zadania

Napisać program umożliwiający znalezienie maksimum funkcji dopasowania jednej zmiennej określonej dla liczb całkowitych w zadanym zakresie przy pomocy elementarnego algorytmu genetycznego (reprodukcja z użyciem nieproporcjonalnej ruletki, krzyżowanie proste, mutacja równomierna). Program powinien umożliwiać użycie różnych funkcji dopasowania, populacji o różnej liczebności oraz różnych parametrów operacji genetycznych (krzyżowania i mutacji). Program powinien zapewnić wizualizację wyników w postaci wykresów średniego, maksymalnego i minimalnego przystosowania dla kolejnych populacji oraz wykresu funkcji w zadanym przedziale.

Program przetestować dla funkcji

$$f(x) = -0.25x^2 + 5x + 6 \text{ i wartości } x = -1, 0, 1, \dots, 21$$

2 Instrukcja obsługi programu

Aby uruchomić program, należy dwukrotnie kliknąć na solucję (plik **AE_1_Maja_Nagarnowicz.sln**).

W przypadku, gdy projekt nie zostanie automatycznie ustawiony jako projekt startowy, należy kliknąć prawym przyciskiem myszy na plik AE_1.Maja_Nagarnowicz.py i wybrać opcję Ustaw jako projekt startowy.

Następnie, aby zainicjować wykonanie programu, wystarczy nacisnąć zielony **przycisk w kształcie trójkąta** umieszczony na pasku narzędziowym lub użyć skrótu klawiszowego **Ctrl+F5**.

Po uruchomieniu, program wyświetla funkcję przystosowania. Po zamknięciu okna wyświetlają się wyniki dla pierwszej liczby pokoleń. Następnie dla drugiej oraz trzeciej. Wyniki za każdym razem mogą się różnić, ze względu na wykorzystanie elementów losowych w logice programu.

3 Opis Wykonanej Symulacji

3.1 Wstęp

W ramach projektu zastosowano algorytm genetyczny do znalezienia maksymalnej wartości funkcji przystosowania $f(x) = -0.25x^2 + 5x + 6$, gdzie x jest zmienną całkowitą w zakresie od -1 do 21. Algorytm genetyczny, znany z efektywności w rozwiązywaniu problemów optymalizacyjnych, został wykorzystany do eksploracji przestrzeni rozwiązań i identyfikacji wartości x , dla której funkcja osiąga swoje maksimum.

3.2 Struktura Symulacji

Symulacja została przeprowadzona przy użyciu następujących parametrów algorytmu genetycznego:

- Rozmiar Populacji: 4 osobniki
- Liczba pokoleń: 50, 100, 250
- Prawdopodobieństwo Krzyżowania: 0.01, 0.6, 0.95

- Prawdopodobieństwo Mutacji: 0.01, 0.1, 0.6

Każdy osobnik w populacji reprezentował potencjalne rozwiązanie, czyli wartość x , którą następnie oceniano za pomocą funkcji przystosowania.

3.3 Proces Symulacji

Proces symulacji obejmował następujące etapy:

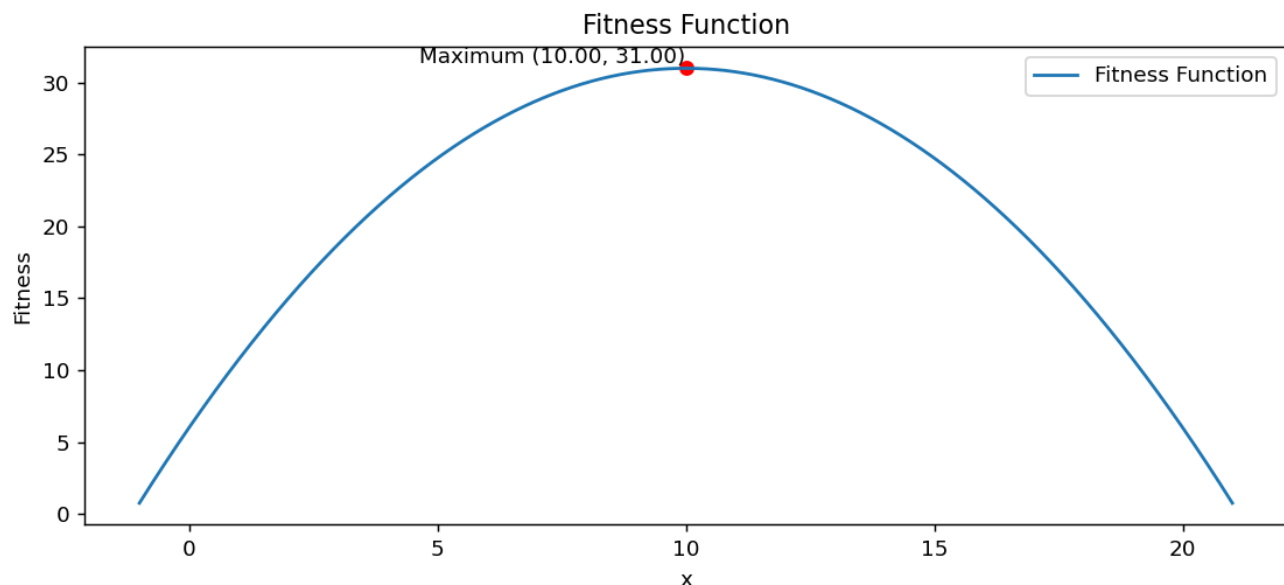
1. **Inicjalizacja:** Tworzenie początkowej populacji losowych osobników w zakresie zdefiniowanego x .
2. **Ocena Przystosowania:** Ocena każdego osobnika w populacji za pomocą funkcji przystosowania.
3. **Selekcja:** Wybór osobników do reprodukcji z wykorzystaniem metody selekcji nieproporcjonalnej ruletki, bazującej na ich przystosowaniu.
4. **Krzyżowanie i Mutacja:** Proces krzyżowania wybranych osobników (według ustalonego prawdopodobieństwa) i mutacji, wprowadzający nowe kombinacje genetyczne do populacji.
5. **Nowa Generacja:** Tworzenie nowej generacji osobników i poddawanie ich kolejnym rundom oceny, selekcji, krzyżowania i mutacji.

3.4 Wyniki

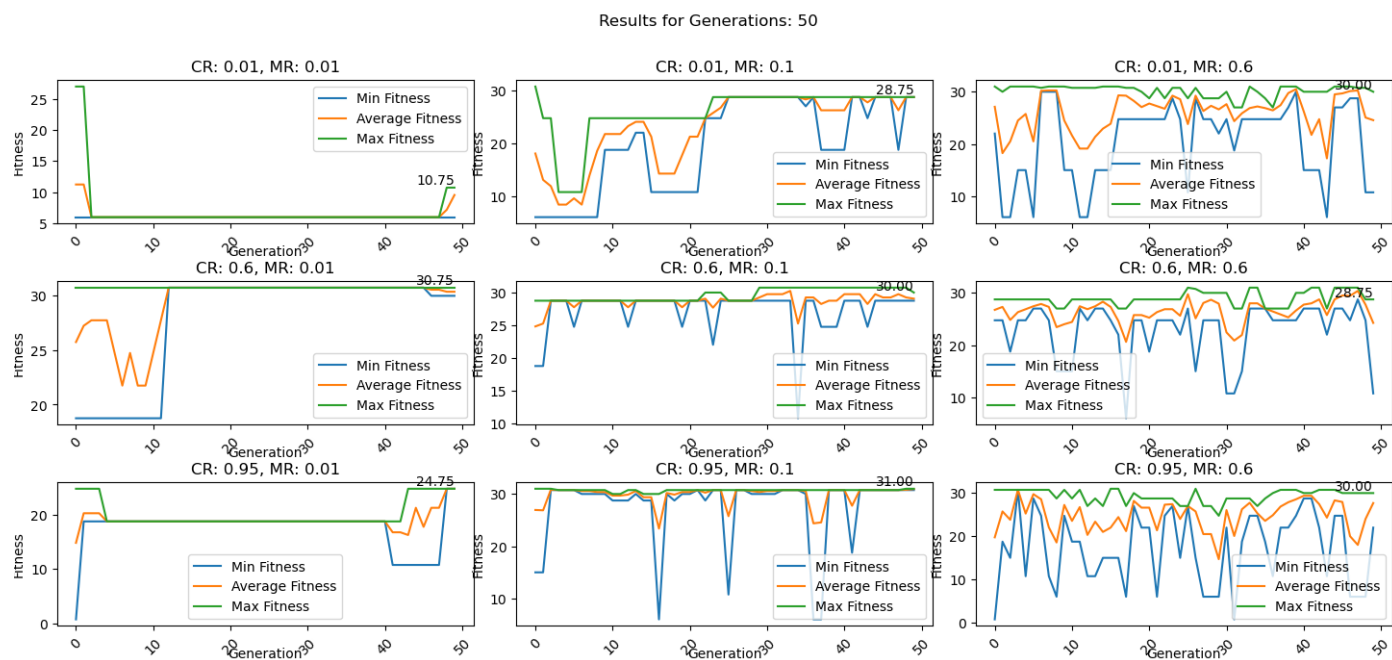
Wyniki symulacji były prezentowane w formie wykresów, przedstawiających średnie, maksymalne i minimalne przystosowanie populacji w kolejnych generacjach. Pozwalało to na wizualną ocenę postępów algorytmu i efektywności różnych parametrów w znajdowaniu optymalnego rozwiązania.

3.5 Wnioski

- Maksymalna liczba pokoleń – większa liczba pokoleń pozwala na dłuższą ewolucję populacji, co zwiększa szansę na znalezienie globalnego maksimum funkcji przystosowania. Daje to możliwość ewoluowania rozwiązań przez większą liczbę generacji, co może być korzystne, gdy populacja zbliża się do optymalnego rozwiązania bardzo powoli. Moje wyniki ukazują to zjawisko, dla największej liczby pokoleń (250) najwięcej kombinacji parametrów daje wynik zbliżony do optymalnego. Z drugiej strony, zbyt duża liczba pokoleń może prowadzić do niepotrzebnego wydłużenia czasu obliczeń bez znaczącej poprawy wyników.
- Prawdopodobieństwo krzyżowania – dla wyższych wartości występuje szybsza eksploracja przestrzeni rozwiązań, co może prowadzić do lepszego rozwiązania. Może jednak również zwiększać ryzyko utraty dobrych rozwiązań już obecnych w populacji. Dla mniejszej wartości powoduje mniejsze zmiany w kolejnych generacjach. Populacja może ewoluować wolniej, z mniejszym ryzykiem utraty dobrych genów, ale również ze zwiększonym ryzykiem utknięcia w minimach lokalnych. Obrazują to moje wyniki dla najniższego prawdopodobieństwa krzyżowania (0.01).
- Prawdopodobieństwo mutacji – wprowadza dużą zmienność do populacji, co może pomóc w wydostaniu się z lokalnych minimów. Moje wyniki obrazują to szczególnie, kiedy prawdopodobieństwo krzyżowania jest niskie (0.01). Zbyt wysoka wartość może prowadzić do chaotycznych zmian i pogorszenia wyników. Niższe prawdopodobieństwo mutacji zapewnia stabilniejszą ewolucję, utrzymując dobrze przystosowane osobniki. Zbyt małe prawdopodobieństwo niesie ryzyko szybkiego zbiegu do lokalnego minimum i brak możliwości znalezienia lepszego rozwiązania.

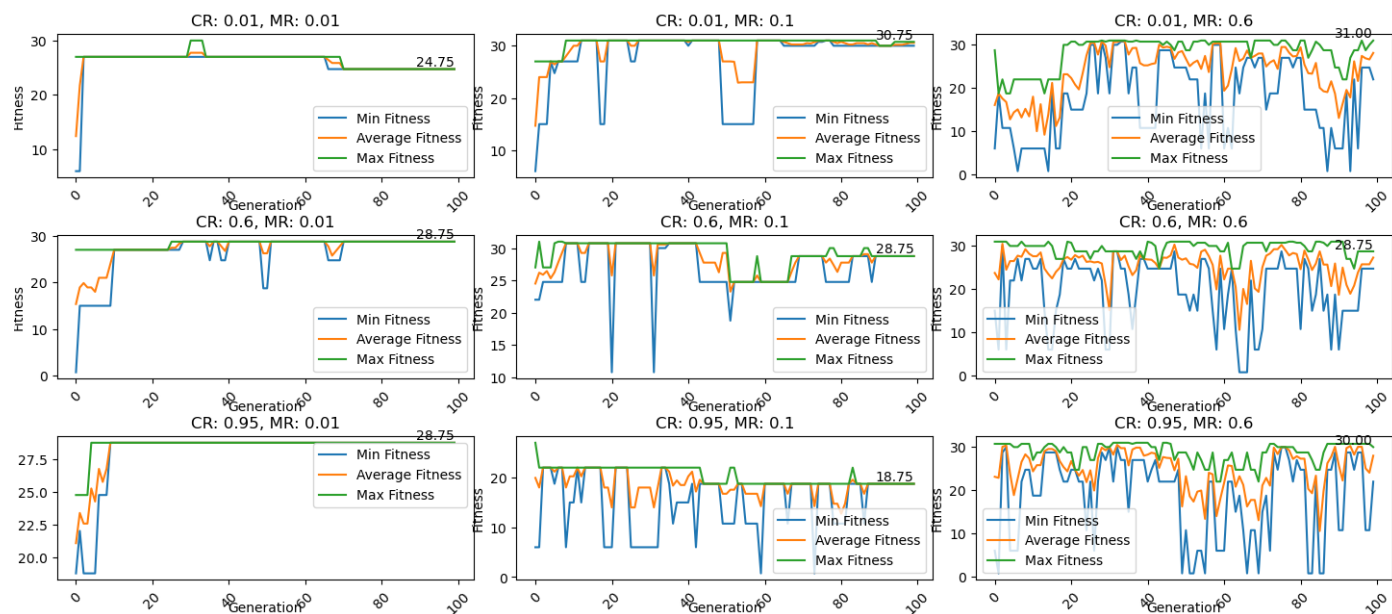


Rysunek 1: Zadana funkcja dopasowania



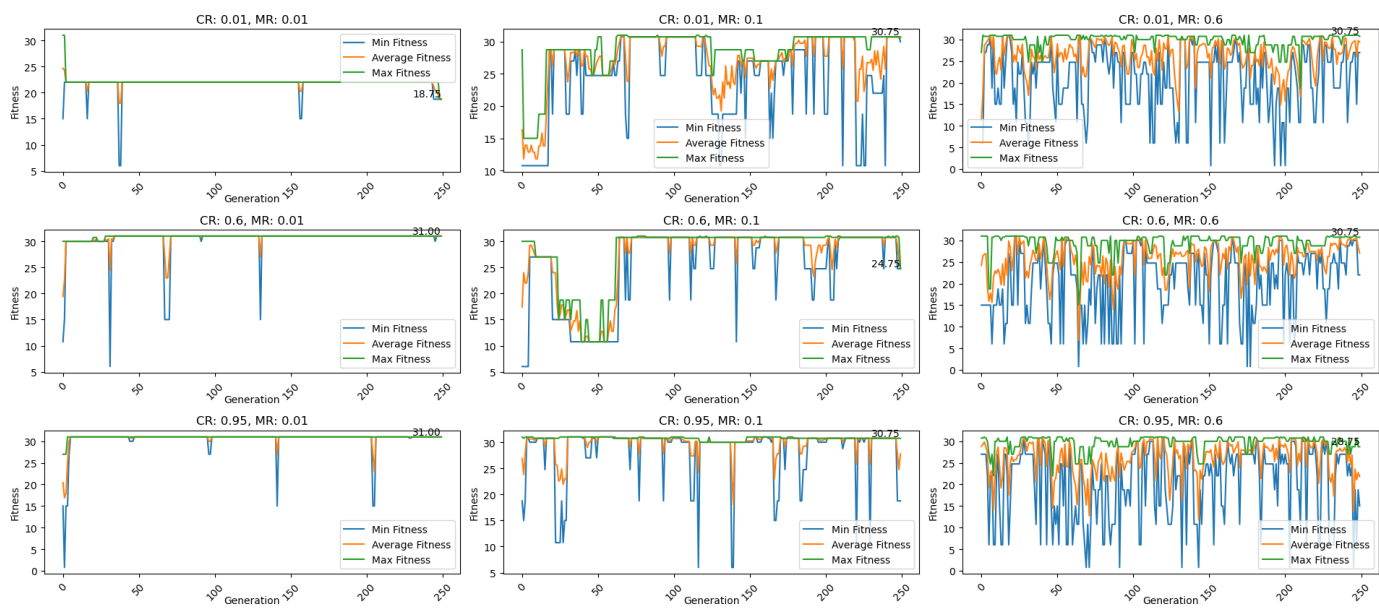
Rysunek 2: Wyniki dla 50 pokoleń

Results for Generations: 100



Rysunek 3: Wyniki dla 100 pokoleń

Results for Generations: 250



Rysunek 4: Wyniki dla 250 pokoleń