ГУАП

КАФЕДРА № 43

ОТЧЕТ ЗАЩИЩЕН С ОЦЕНКОЙ		
ПРЕПОДАВАТЕЛЬ		
д-р техн. наук, профессор		Скобцов Ю.А.
должность, уч. степень, звание	подпись, дата	инициалы, фамилия
ОТЧЕТ	`О ЛАБОРАТОРНОЙ	ГРАБОТЕ
Оптимизация м	иногомерных функц	ий с помощью ГА
по курсу: Эволюционные мето	оды проектирования прог	раммно-информационных систем
РАБОТУ ВЫПОЛНИЛ		
СТУДЕНТ ГР. №4132_		Н.И. Карпов
	подпись, дат	а инициалы, фамилия

СОДЕРЖАНИЕ

1	Ин,	дивидуальное задание	.3
		аткие теоретические сведения	
		ультаты выполнения работы	
		Исследование решений при n=2	
		Исследование решений при n>2	
		Исследование решений при разных параметрах	
		Листинг программы	
		вод	
7	ры	ьод	IJ

1 Индивидуальное задание

Вариант 6:

Необходимо найти минимум многомерной функции с использованием вещественного представления хромосом в генетических алгоритмах.

6	Rastrigin's	global minimum	$f_6(x) = 10 \cdot n + \sum_{i=1}^{n-1} (x_i^2 - 10 \cdot \cos(2 \cdot \pi \cdot x_i))$	Rastrigin's function 6
	function 6	f(x)=0; x(i)=0, i=1:n.	$I_6(x) = 10 \cdot n + \sum_{i=1}^{n} (x_i^{-1} - 10 \cdot \cos(2 \cdot \pi \cdot x_i))$	30.
			$-5.12 \le x_i \le 5.12$	10
			$f_{6(x)=10\cdot n+sum(x(i)^2-10\cdot cos(2\cdot pi\cdot x(i)))}$	
			i=1:n;	1 1 05

2 Краткие теоретические сведения

При работе с оптимизационными задачами В непрерывных пространствах естественно представлять напрямую вполне гены числами. В случае хромосома вещественными ЭТОМ вещественных чисел. Их точность будет определяться исключительно разрядной сеткой той ЭВМ, на которой реализуется real-coded алгоритм. Длина будет совпадать c длиной хромосомы вектора-решения оптимизационной задачи, иначе говоря, каждый ген будет отвечать за одну переменную. Генотип объекта становится идентичным его фенотипу. Вышесказанное определяет список основных преимуществ real-coded алгоритмов:

- 1. Использование непрерывных генов делает возможным поиск в больших пространствах (даже в неизвестных), что трудно делать в случае двоичных генов, когда увеличение пространства поиска сокращает точность решения при неизменной длине хромосомы.
- 2. Одной из важных черт непрерывных ГА является их способность к локальной настройке решений.
- 3. Использование RGA для представления решений удобно, поскольку близко к постановке большинства прикладных задач. Кроме того, отсутствие операций кодирования/декодирования, которые необходимы в BGA, повышает скорость работы алгоритма. Появление новых особей в популяции канонического ГА обеспечивают несколько биологических операторов: отбор, скрещивание и мутация. В качестве операторов отбора особей в родительскую пару здесь подходят любые известные из BGA: рулетка, турнирный, случайный. Однако операторы

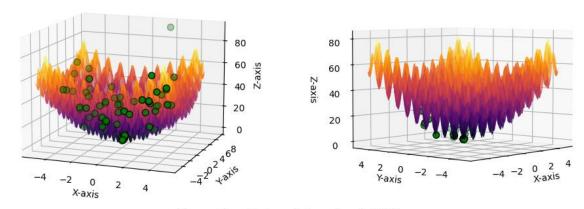
скрещивания и мутации в классических реализациях работают с битовыми строками. Необходимы реализации, учитывающие специфику realcoded алгоритмов. Также рекомендуется использовать стратегию элитизма — лучшая особь сохраняется отдельно и не стирается при смене эпох, принимая при этом участие в отборе и рекомбинации.

3 Результаты выполнения работы

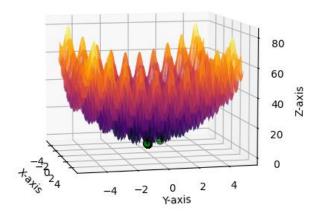
3.1 Исследование решений при n=2

Generation 1. Population size is 100. Pc -> 0.5. Pm -> 0.001. Min fitness = 0.7377

Generation 2. Population size is 100. Pc -> 0.5. Pm -> 0.001. Min fitness = 0.7377



Generation 4. Population size is 100. Pc -> 0.5. Pm -> 0.001. Min fitness = 1.0089



Generation [45/50]	Fitness delta = 0.000	Min fitness = 0.104	Mean: 0.122
Generation [46/50]	Fitness delta = 0.000	Min fitness = 0.096	Mean: 0.122
Generation [47/50]	Fitness delta = 0.008	Min fitness = 0.099	Mean: 0.130
Generation [48/50]	Fitness delta = −0.013	Min fitness = 0.099	Mean: 0.117
Generation [49/50]	Fitness delta = 0.000	Min fitness = 0.106	Mean: 0.117
Required time: 0.14s. Found an	swer: 0.105920. Required genera	tions: 50. Fitness mean delta:	0.000056
F:\Coding\py\modeling\realGene	ticAlgorithm>		

Т.е. на поиск решения ушло 0,14 секунд и 50 поколений.

Похожий результат был достигнут средствами библиотеки GEAN:

```
48 63 0.393092 0.144449

49 59 0.595292 0.144447

50 57 0.43918 0.144446

Best individual is [-8.498808857685091e-05, 0.027015104153140096], with fitness: 0.14444556837065647
```

3.2 Исследование решений при n>2

При n = 3

Generation [45/50]	Fitness delta = 0.639	Min fitness = 1.104	Mean: 5.871
Generation [46/50]	Fitness delta = -0.599	Min fitness = 1.099	Mean: 5.272
Generation [47/50]	Fitness delta = -1.530	Min fitness = 0.365	Mean: 3.741
Generation [48/50]	Fitness delta = -0.912	Min fitness = 0.124	Mean: 2.829
Generation [49/50]	Fitness delta = 0.449	Min fitness = 0.124	Mean: 3.279
Required time: 0.17s. Found n = 3, Pc = 0.7, Pm = 0.1	answer: 0.124081. Required gene	rations: 50. Fitness mean delta	a: 0.449346

Т.е. на поиск решения ушло 0,16 секунд и 50 поколений.

Π ри n=4

r			
Generation [44/50]	Fitness delta = −0.021	Min fitness = 0.101	Mean: 0.305
Generation [45/50]	Fitness delta = −0.089	Min fitness = 0.102	Mean: 0.216
Generation [46/50]	Fitness delta = 0.121	Min fitness = 0.102	Mean: 0.337
Generation [47/50]	Fitness delta = -0.110	Min fitness = 0.100	Mean: 0.227
Generation [48/50]	Fitness delta = 0.006	Min fitness = 0.102	Mean: 0.233
Generation [49/50]	Fitness delta = 0.050	Min fitness = 0.103	Mean: 0.283
Required time: 0.17s. Found n = 4, Pc = 0.7, Pm = 0.1	answer: 0.103291. Required gene	rations: 50. Fitness mean delt	a: 0.049681

Т.е. на поиск решения ушло 0,17 секунд и 50 поколений.

При n = 5

Generation [45/50]	Fitness delta = −0.292	Min fitness = 0.814	Mean: 6.291
Generation [46/50]	Fitness delta = -2.866	Min fitness = 0.814	Mean: 3.425
Generation [47/50]	Fitness delta = 0.836	Min fitness = 0.862	Mean: 4.260
Generation [48/50]	Fitness delta = -0.301	Min fitness = 0.699	Mean: 3.959
Generation [49/50]	Fitness delta = -0.642	Min fitness = 0.873	Mean: 3.317
Required time: 0.16s. Found n = 5, Pc = 0.7, Pm = 0.1	answer: 0.872608. Required gene	rations: 50. Fitness mean delt	ta: 0.641755

Т.е. на поиск решения ушло 0,16 секунд и 50 поколений.

Точность решения понижается с увеличением количества измерений, скорость значений меняется незначительно. Для компенсации уменьшения точности можно увеличить вероятность мутации, количество поколений или размер популяции.

3.3 Исследование решений при разных параметрах

В ходе работы было установлено, что размер популяции положительно влияет на точность, но негативно влияет на скорость вычислений:

Размер популяции 1000:

Generation [46/50]	Fitness delta = -0.003	Min fitness = 0.000	Mean: 0.101
Generation [47/50]	Fitness delta = -0.004	Min fitness = 0.000	Mean: 0.097
Generation [48/50]	Fitness delta = 0.006	Min fitness = 0.000	Mean: 0.103
Generation [49/50]	Fitness delta = -0.013	Min fitness = 0.000	Mean: 0.090
======================================	nswer: 0.000000. Required gener	===================================ations: 50. Fitness mean delt	====== a: 0.013001

Размер популяции 10:

Generation [47/50]	Fitness delta = 0.259	Min fitness = 10.210	Mean: 11.446
Generation [48/50]	Fitness delta = 3.096	Min fitness = 10.277	Mean: 14.542
Generation [49/50]	Fitness delta = 1.192	Min fitness = 10.277	Mean: 15.734
Required time: 0.02s. Found an n = 3, Pc = 0.7, Pm = 0.1	swer: 10.276817. Required gener	rations: 50. Fitness mean delt	a: 1.191685

Большая вероятность кроссинговера или мутации уменьшает шанс попасть в локальный минимум, но ухудшает сходимость:

Generation [47/5				
deneración [47/	50] Fitness	delta = -0.454	Min fitness = 0.032	Mean: 1.35
Generation [48/	50] Fitness	delta = -0.687	Min fitness = 0.032	Mean: 0.66
Generation [49/	50] Fitness	delta = -0.102	Min fitness = 0.031	Mean: 0.56
	0.16s. Found answer: 0.0		tions: 50. Fitness mean delta: (
Generation [46/5	[60] Fitness	delta = -0.016	Min fitness = 7.079	Mean: 7.231
Generation [47/5	[60] Fitness	delta = -0.001	Min fitness = 7.092	Mean: 7.230
Generation [48/5	[60] Fitness	delta = -0.011	Min fitness = 7.030	Mean: 7.219
Generation [49/5	[60] Fitness	delta = -0.004	Min fitness = 7.070	Mean: 7.215
======================================		9543. Required generat:	ions: 50. Fitness mean delta: 0	. 004079
Generation [46/5	[0] Fitness	delta = 0.081	Min fitness = 0.032	Mean: 0.175
Generation [47/5	[0] Fitness	delta = -0.050	Min fitness = 0.032	Mean: 0.125
Generation [48/5	[0] Fitness	delta = 0.021	Min fitness = 0.033	Mean: 0.146
Generation [49/5	[60] Fitness	delta = 0.001	Min fitness = 0.032	Mean: 0.147
==========			======================================	
Required time: 0 n = 3, Pc = 0.3				
	B, Pm = 0.1	delta = 0.036	Min fitness = 0.019	Mean: 0.147
n = 3, Pc = 0.3	3, Pm = 0.1 [60] Fitness	delta = 0.036 delta = -0.041	Min fitness = 0.019 Min fitness = 0.019	Mean: 0.147
n = 3, Pc = 0.3 Generation [46/5	8, Pm = 0.1 50] Fitness 50] Fitness			

3.4 Листинг программы

```
import numpy as np
import genalg

POPULATION_SIZE = 100
CROSSING_OVER_PROBABILITY = 0.9
MUTATION_PROBABILITY = 0.1
MAX_GENERATIONS = 50
EPSILON = 0.
N = 3

LEFT_EDGE, RIGHT_EDGE = -5.12, 5.12

# Function is Rastrigin's function 6
```

```
def fitness function(chromosome):
    return 10 * len(chromosome) + np.sum(np.power(chromosome, 2) - 10 *
np.cos(2 * np.pi * chromosome))
if __name__ == '__main__':
    genetic_optimizer = genalg.RealGeneticAlgorithm(fitness_function, N,
POPULATION SIZE, MAX GENERATIONS,
                                                     CROSS-
ING OVER PROBABILITY, MUTATION PROBABILITY,
                                                     LEFT EDGE, RIGHT EDGE,
EPSILON)
   genetic optimizer.start()
import matplotlib.pyplot as plt
from mpl toolkits.mplot3d import Axes3D
import numpy as np
from time import time
from random import randint, random
def count mutation delta(generation, total generations, limit, b):
   # Random number [0, 1)
   r = random()
    degree = (1 - generation / total generations) ** b
    return limit ** (1 - r ** degree)
class RealGeneticAlgorithm:
    Solves task of finding maximum of target function (fitness function)
using genetic algorithm.
    :param fitness function: target function
    :param n: number of dimensions
    :param population size: size of the population
    :param max generations: number of max available generations. For a sit-
uation when it is impossible to find a satisfying optimum
    :param crossover probability: probability of a crossover
    :param mutation_probability: probability of a mutation
    :param epsilon: stop algorithm when mean fitness function is less than
or equal to this value
    def __init__(self, fitness_function, n: int, population_size: int,
max generations: int,
                 crossover probability: float,
                 mutation probability: float, left edge: float, right edge:
float, epsilon=0.05):
        self.fitness function = fitness function
        self.population size = population size
        self.max generations = max generations
        self.crossover probability = crossover probability
        self.mutation probability = mutation probability
        self.left edge = left edge
        self.right edge = right edge
        self.epsilon = epsilon
        self.n = n
```

```
# Every chromosome is vector with n elements (xi). Initially uni-
formly randomized.
        self.population = np.random.uniform(left edge, right edge,
size=(population size, n))
        self.fitness values = np.zeros(population size, float)
    def start(self):
        generation = 1 # generations counter
        last_fitness_mean = 0. # mean fitness
        mean_fitness_delta = 1. # delta between current and previous mean
fitness function value
        start time = time()
        while generation < self.max generations:
            # 1. Evaluate fitness.
            self.evaluate()
            # 2. Reproduction.
            self.reproduction()
            # 3. Crossing.
            self.crossover()
            # 4. Mutate.
            self.mutate(generation, 1., 1., 0.8)
            mean fitness delta = self.fitness values.mean() -
last fitness mean
            last fitness mean = self.fitness values.mean()
            print(f'Generation [{generation}/{self.max generations}]\t\t' +
                  f'Fitness delta = {mean fitness delta:.3f}\t\tMin fitness
= {min(self.fitness values):.3f}\t\t' +
                  f'Mean: {(sum(self.fitness values) /
self.population size):.3f}\n')
            # if self.n == 2:
                 self.evaluate()
                  self.draw plot(generation)
            generation += 1
        end time = time()
        print('\n', '=' * 100)
        print(f'Required time: {end time - start time:.2f}s. Found answer:
{min(self.fitness values):4f}. ',
              f'Required generations: {generation}. Fitness mean delta:
{abs(mean fitness delta):3f}\n',
              f'n = {self.n}, Pc = {self.crossover probability}, Pm =
{self.mutation probability}')
    def evaluate(self):
        Evaluates the fitness of the population.
        for i in range(self.population size):
            # Count fitness of every chromosome in population
            self.fitness values[i] =
self.fitness function(self.population[i])
```

```
def reproduction(self):
        Roulette based reproduction algorithm.
        fitness copy = self.fitness values.copy()
        fitness copy inverted = 1 / fitness copy
        total_fitness = sum(fitness_copy_inverted)
        probabilities = [fitness / total fitness for fitness in fit-
ness_copy_inverted]
       new population = []
        for i in range(self.population size):
            current wheel probability = 0.
            random probability = random()
            # Emulate roulette pass.
            for j in range(self.population size):
                current wheel probability += probabilities[j]
                if random probability < current wheel probability:</pre>
                    # Random chosen probability in range
[last_chromosome_p, new_chromosome p).
                    new population.append(self.population[j])
                    break
            # If there is case with rounding error (last chromosome wasn't
added) add last chromosome manually.
            if i != len(new population) - 1:
                new population.append(self.population[-1])
        # Update population.
        for i in range(self.population size):
            self.population[i] = new population[i]
    def crossover(self):
        Randomly distributes population on pairs and makes crossing (with
probability).
        random indexes = np.random.permutation(self.population size)
        for i in range(0, len(random indexes) - 1, 2):
            # With probability.
            if random() < self.crossover probability:</pre>
                # Generate uniform random number (0, 1)
                u = 0.
                while u == 0.:
                    u = random()
                degree = 1 / (self.n + 1)
                if u > 0.5:
                    beta = (1 / (2 * (1 - u))) ** degree
                else:
                    beta = (2 * u) ** degree
                p1 = self.population[random indexes[i]]
                p2 = self.population[random indexes[i + 1]]
```

```
c1 = 0.5 * ((1 + beta) * p1 + (1 - beta) * p2)
                c2 = 0.5 * ((1 - beta) * p1 + (1 + beta) * p2)
                self.population[random indexes[i]] = c1
                self.population[random indexes[i + 1]] = c2
    def mutate(self, generation, left limit, right limit, b):
        Non-uniform Mutation for population with probability
        :param generation: number of generation
        :param left_limit: left boundary of mutate value
        :param right_limit: right boundary of mutate value
        :param b: degree of an influence from generations number
        for i in range(self.population size):
            if random() < self.mutation probability:</pre>
                # Dimension (component of chromosome) to mutate.
                rand dimension = randint(0, self.n - 1)
                chromosome component = self.population[i][rand dimension]
                # Random direction to mutate.
                direction = randint(0, 1)
                if direction == 1:
                    delta = count mutation delta(generation,
self.max generations, right limit, b)
                    self.population[i][rand dimension] = chromo-
some component + delta
                    delta = count mutation delta (generation,
self.max generations, left limit, b)
                    self.population[i][rand dimension] = chromo-
some component - delta
    def draw plot(self, generation):
        dots n = 100
        x = np.linspace(self.left edge, self.right edge, dots n)
        Z = np.zeros(shape=(dots n, dots n))
        for i in range(dots n):
            for j in range(dots n):
                Z[i][j] = self.\overline{fitness function(np.array([x[i], x[j]]))}
        # Plot the surface
        fig = plt.figure()
        ax = fig.add subplot(111, projection='3d')
        X, Y = np.meshgrid(x, x)
        ax.plot surface(X, Y, Z, cmap='inferno', alpha=0.7)
        x dots = self.population[:, 0]
        y dots = self.population[:, 1]
        z dots = self.fitness values
        ax.scatter3D(x dots, y dots, z dots, color='green', marker='o',
s=50, edgecolor='black')
        ax.set xlabel("X-axis")
        ax.set_ylabel("Y-axis")
        ax.set zlabel("Z-axis")
        ax.set title(f"Generation {generation}. Population size is
```

```
{self.population size}.\n" +
                     f"Pc -> {self.crossover probability}. Pm ->
{self.mutation_probability}. " +
                     f"Min fitness = {min(self.fitness values):.4f}")
        plt.show()
import numpy as np
import random
from deap import base, creator, tools, algorithms
# Функция фитнеса (Rastrigin's function)
def fitness function(chromosome):
    chromosome = np.array(chromosome) # Преобразуем список в питру массив
    return 10 * len(chromosome) + np.sum(np.power(chromosome, 2) - 10 *
np.cos(2 * np.pi * chromosome)),
# Настройка генетического алгоритма с помощью DEAP
creator.create("FitnessMin", base.Fitness, weights=(-1.0,)) # Для миними-
зашии
creator.create("Individual", list, fitness=creator.FitnessMin)
toolbox = base.Toolbox()
# Параметры индивидуума (длина хромосомы и диапазон значений)
CHROMOSOME LENGTH = 2 # Длина хромосомы (количество параметров)
BOUND LOW, BOUND HIGH = -5.12, 5.12 # Границы поиска
# Определим хромосому как список реальных чисел в пределах от BOUND LOW до
BOUND HIGH
toolbox.register("attr float", random.uniform, BOUND LOW, BOUND HIGH)
toolbox.register("individual", tools.initRepeat, creator.Individual,
toolbox.attr float, CHROMOSOME LENGTH)
toolbox.register("population", tools.initRepeat, list, toolbox.individual)
# Функция оценки (фитнес)
toolbox.register("evaluate", fitness function)
# Операторы генетического алгоритма
toolbox.register("mate", tools.cxBlend, alpha=0.5) # Оператор скрещивания
(Blend Crossover)
toolbox.register("mutate", tools.mutGaussian, mu=0, sigma=1, indpb=0.1) #
Оператор мутации (гауссовское распределение)
toolbox.register("select", tools.selTournament, tournsize=3) # Турнирная
селекция
# Параметры алгоритма
toolbox.register("map", map)
# Основной процесс ГА
def main():
    random.seed(42)
    # Инициализация популяции
    population = toolbox.population(n=100)
    # Статистика для отслеживания прогресса
    stats = tools.Statistics(lambda ind: ind.fitness.values)
```

```
stats.register("avg", np.mean)
stats.register("min", np.min)

# Запуск генетического алгоритма
population, logbook = algorithms.eaSimple(population, toolbox,
cxpb=0.5, mutpb=0.2, ngen=50,

stats=stats, verbose=True)

# Найти и вывести лучший индивидуум
best_individual = tools.selBest(population, 1)[0]
print(f"Best individual is {best_individual}, with fitness:
{best_individual.fitness.values[0]}")

if __name__ == "__main__":
    main()
```

4 Вывод

В ходе работы была создана программа для решения оптимизационной задачи с использованием вещественного кодирования хромосом. С помощью генетического программирования была решена задача оптимизации многомерной функции.