

Akademia Górniczo-Hutnicza im. Stanisława Staszica w Krakowie  
Wydział Informatyki, Elektroniki i Telekomunikacji  
Katedra Informatyki  
Laboratorium Metod Sztucznej Inteligencji

**AGH** Michał Ciołczyk

# Algorytmy ewolucyjne

## Sprawozdanie

### 1. Wstęp

Celem ćwiczenia było zaprojektowanie algorytmu ewolucyjnego rozwiązującego wybrany problem obliczeniowy. Problemem przeze mnie rozwiązywanym był problem komiwojażera (TSP). Jako dane wejściowe użyłem 30 losowo wygenerowanych miast. Rozwiązanie miało być zaimplementowane w dwóch modelach: standardowym ewolucyjnym oraz EMAS.

### 2. Szczegóły rozwiązania

#### 2.1. Genotyp

Jako genotyp użyłem listy kolejnych miast - wyznacza ona kolejność ich odwiedzania. Np. poniższa lista mówi o tym, że odwiedzamy miasta 1->2->3.

1	2	3
---	---	---

#### 2.2. Mutacje

Zaimplementowałem dwie mutacje:

- **Random swap (1)** - wybieramy dwa losowe elementy z listy w genotypie i zamieniamy je miejscami.

- **Next swap (2)** - wybieramy losowy element z listy w genotypie i zamieniamy go miejscem z następnym miastem (mod n).

### 2.3. Crossowanie

Jedną z bardziej skomplikowanych operacji jest krosowanie dwóch genotypów, gdyż musimy zapewnić kilka założeń:

- Na liście mamy wszystkie miasta.
- Żadne dwa miasta na liście się nie powtarzają.

Mając dwa genotypy (dla przykładu):

1	2	3	4	5
---	---	---	---	---

oraz

4	3	1	5	2
---	---	---	---	---

crossowanie działa następująco:

- wybieramy z pierwszego genotypu losowy fragment  $F_1$  (np. [3,4]).
- usuwamy miasta z wybranego fragmentu z drugiego genotypu - dostajemy drugi fragment  $F_2$  (w naszym przykładzie: [1, 5, 2]).
- sklejamy fragmenty  $F_1$  oraz  $F_2$  (w naszym przykładzie: [3, 4, 1, 5, 2]).

### 2.4. Sprawdzane parametry

Jako testowane parametry wybrałem:

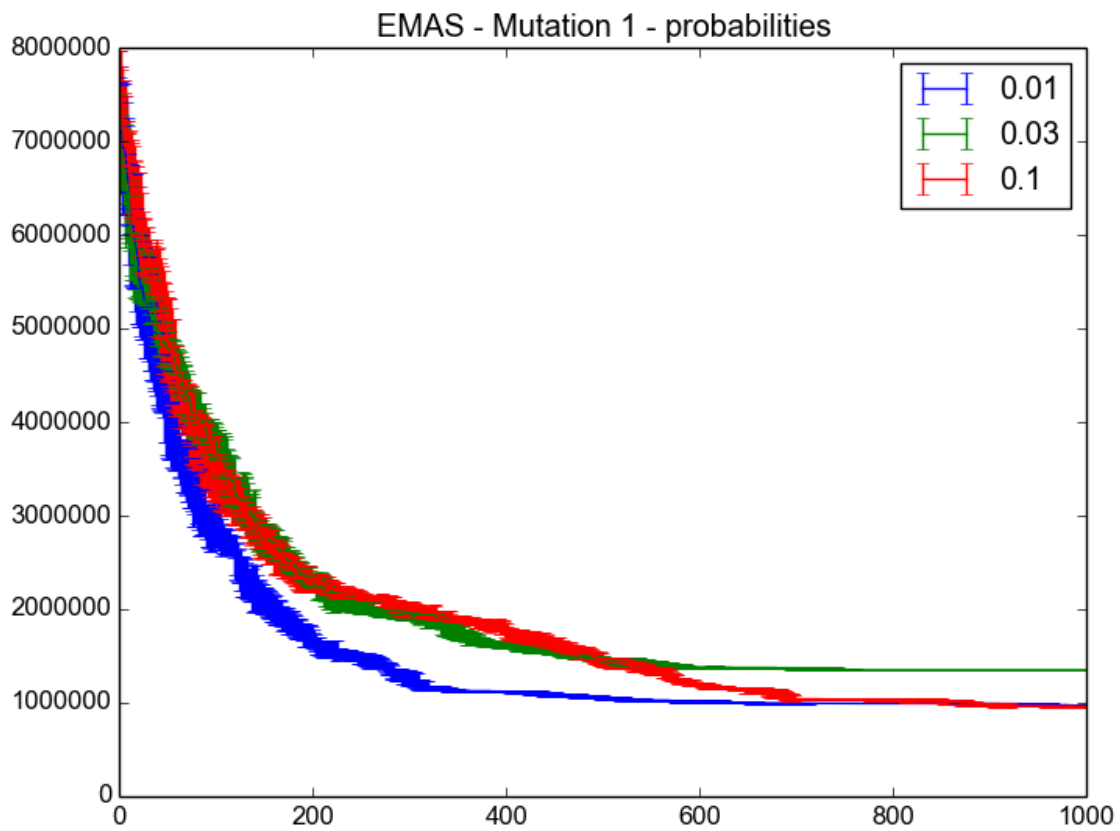
- Prawdopodobieństwo mutacji (ze zbioru: {0.01, 0.03, 0.1}).
- Rodzaj mutacji.

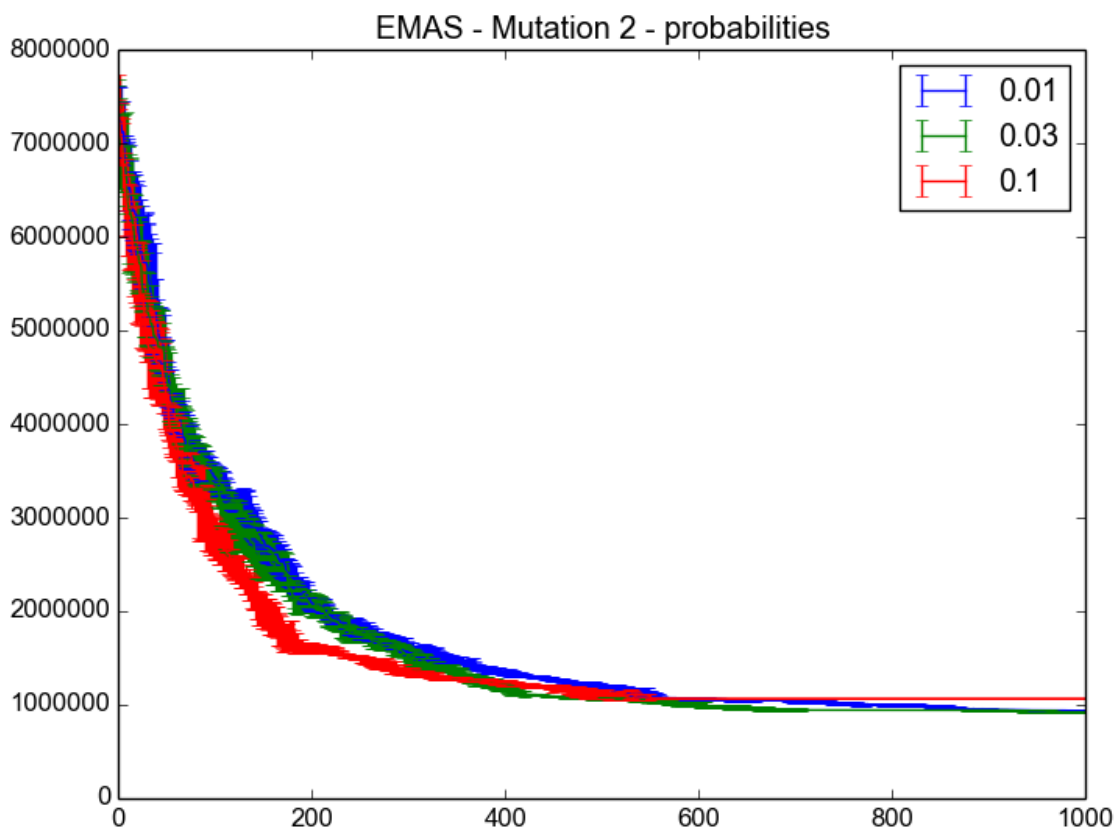
## 3. Wykresy

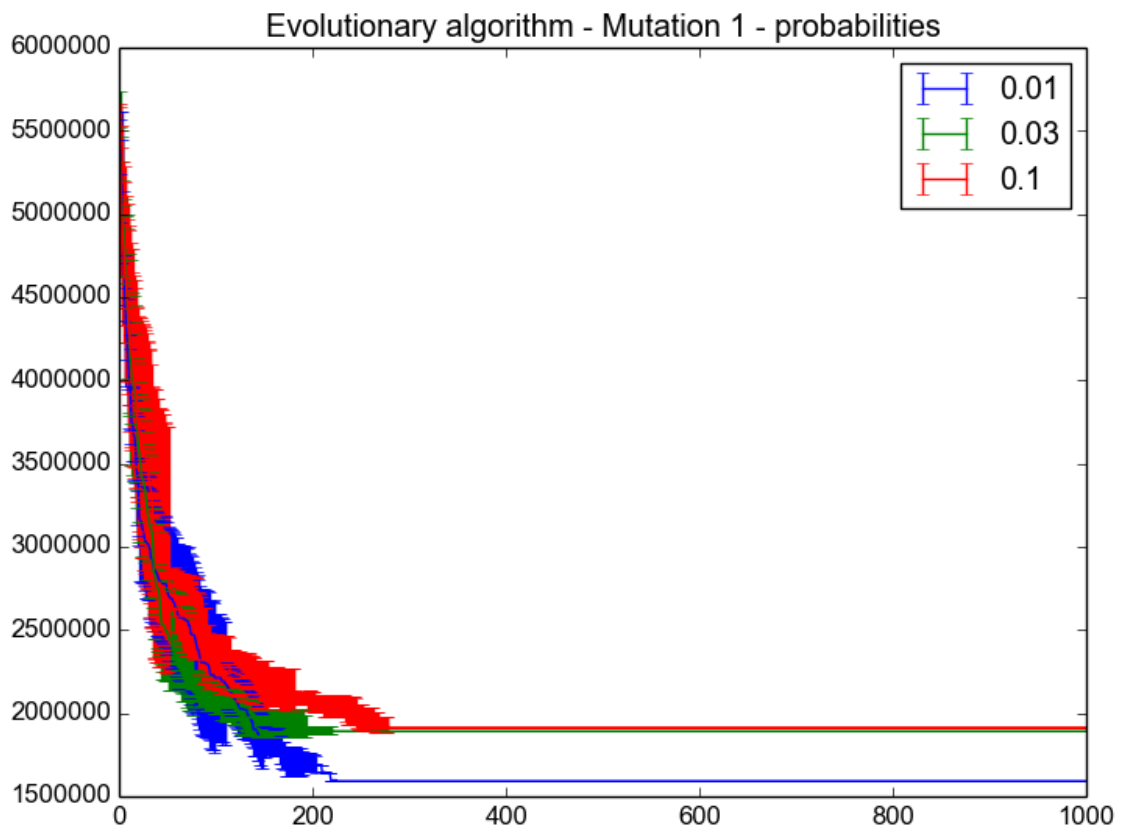
**UWAGA!** Wykresy prezentują sumaryczny kwadrat odległości, nie funkcję fitness(step) (a dokładniej funkcję -fitness(step)).

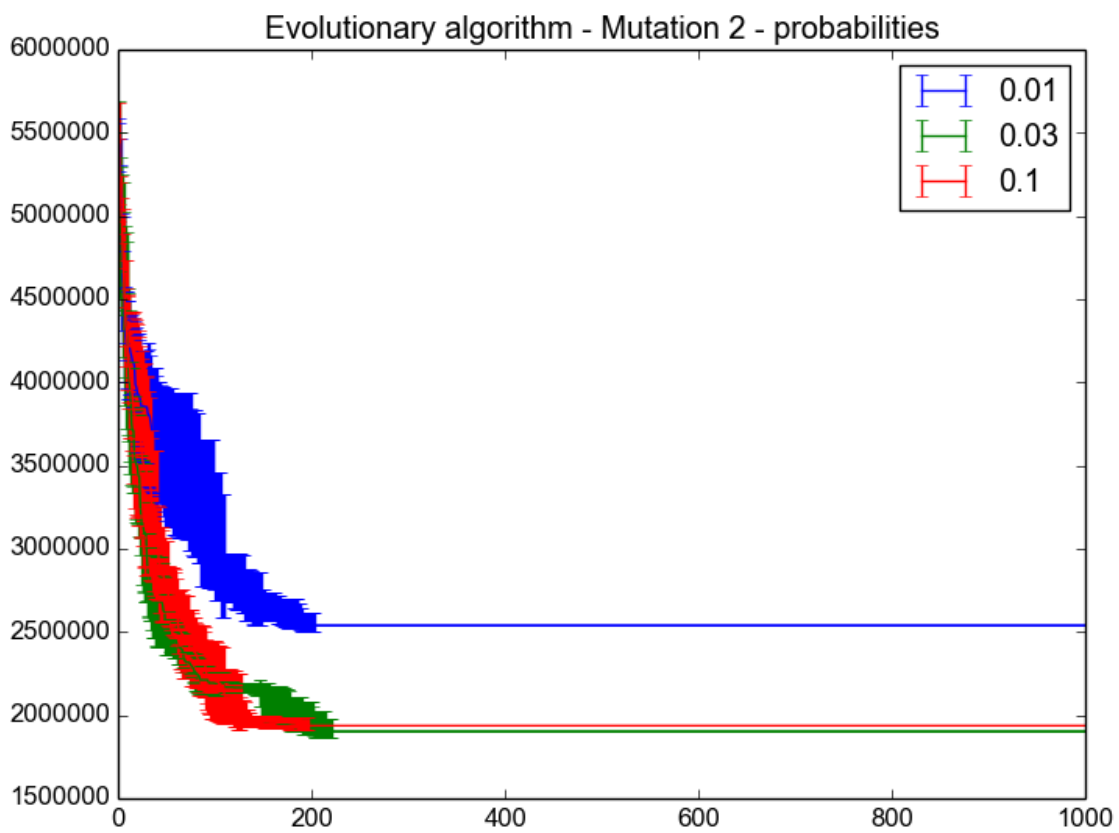
Ponieważ ilość krzywych jest dosyć duża, prezentacja ich na jednym wykresie mijałaby się z celem...

### 3.1. Parametr: prawdopodobieństwo mutacji

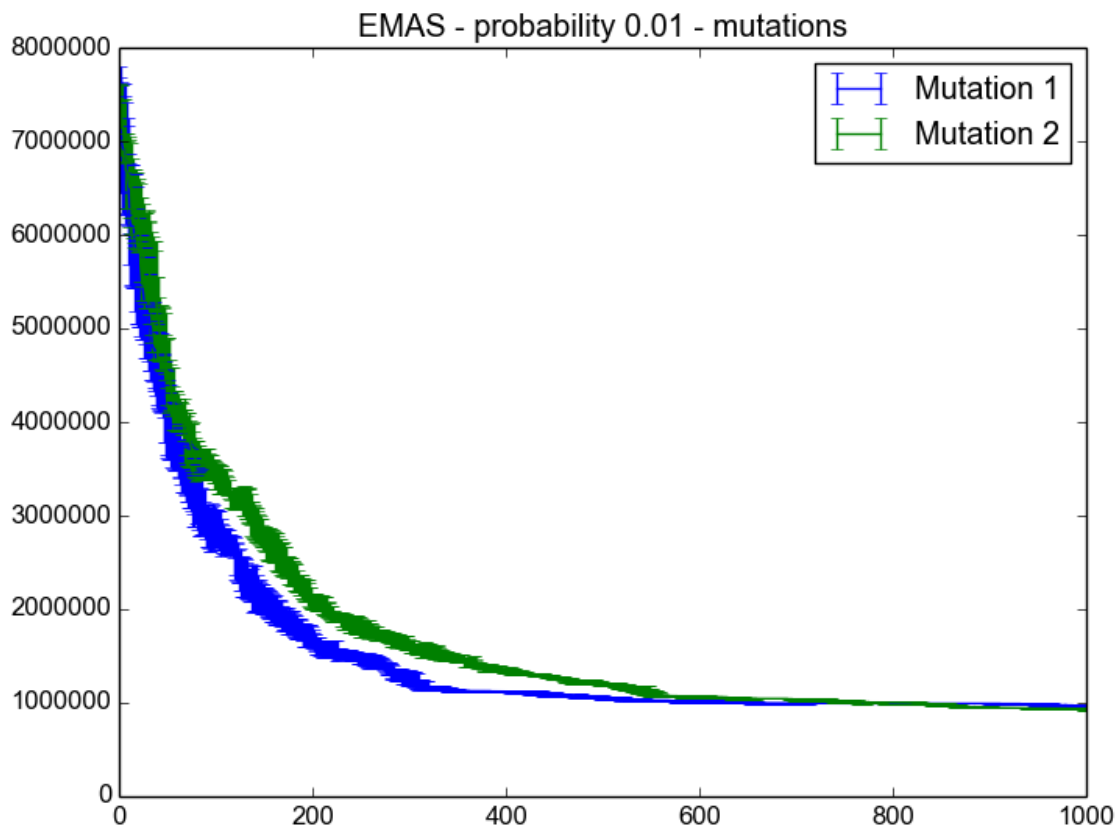


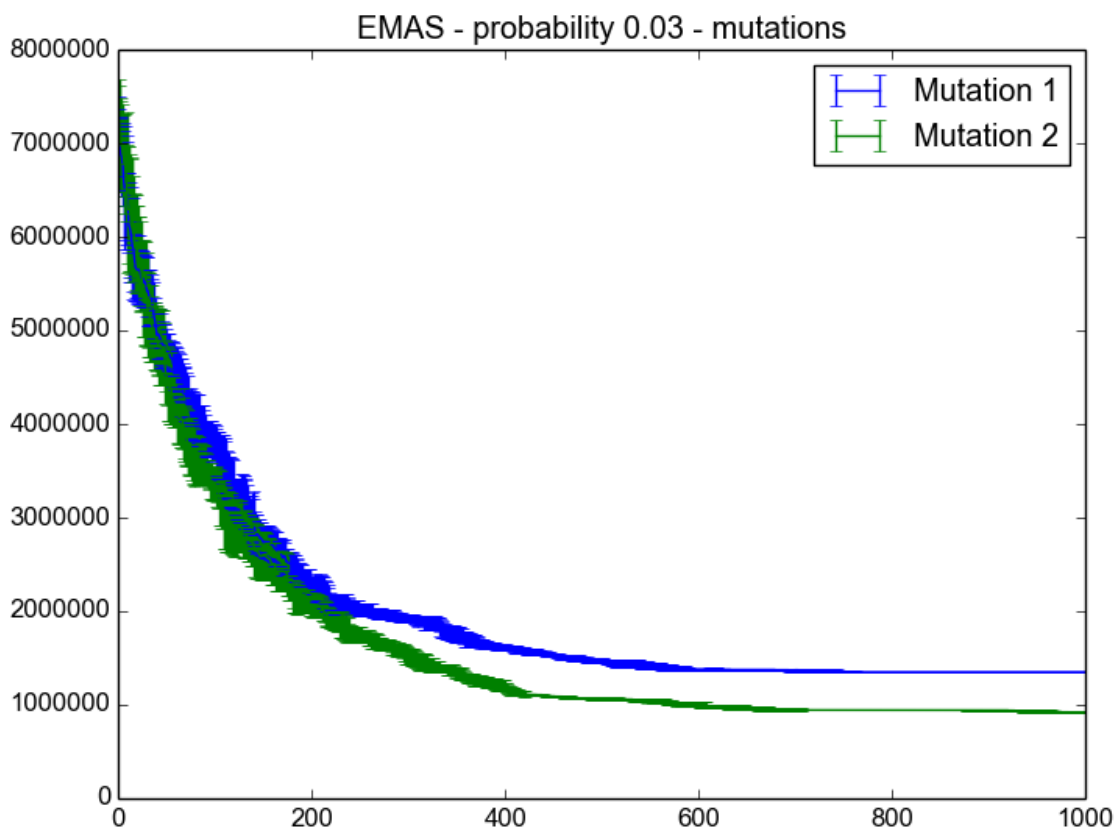




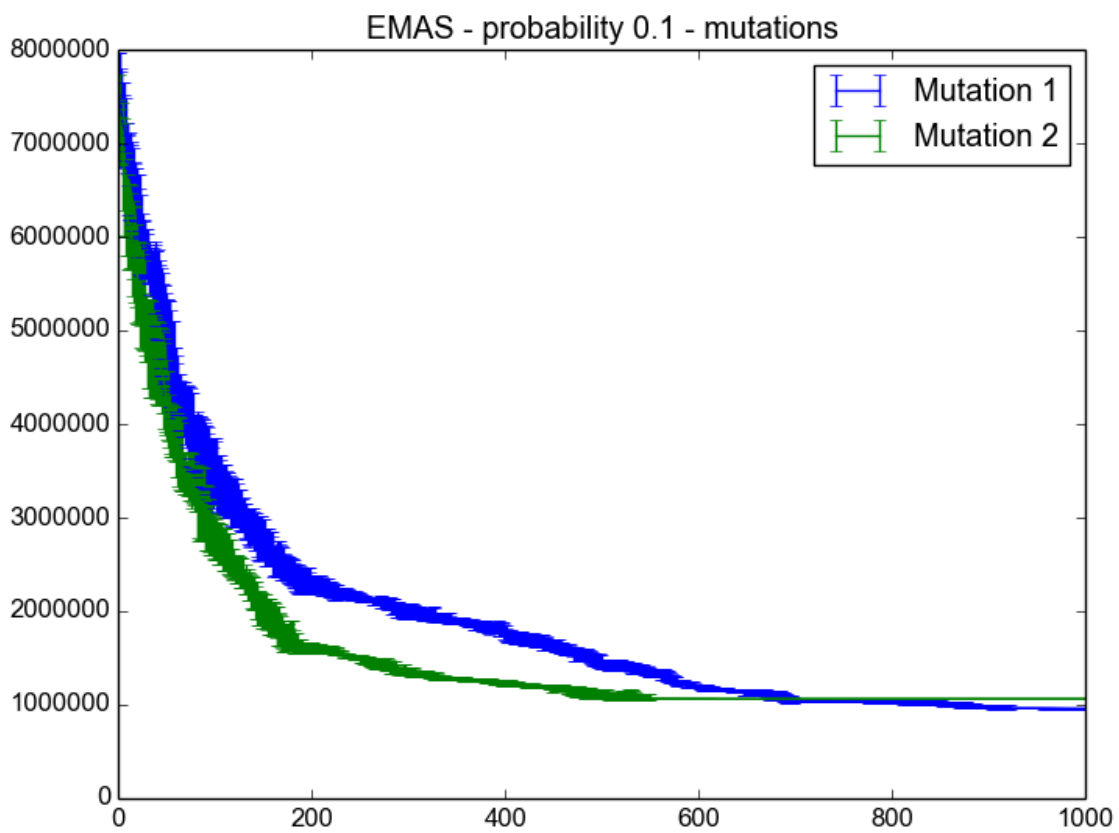


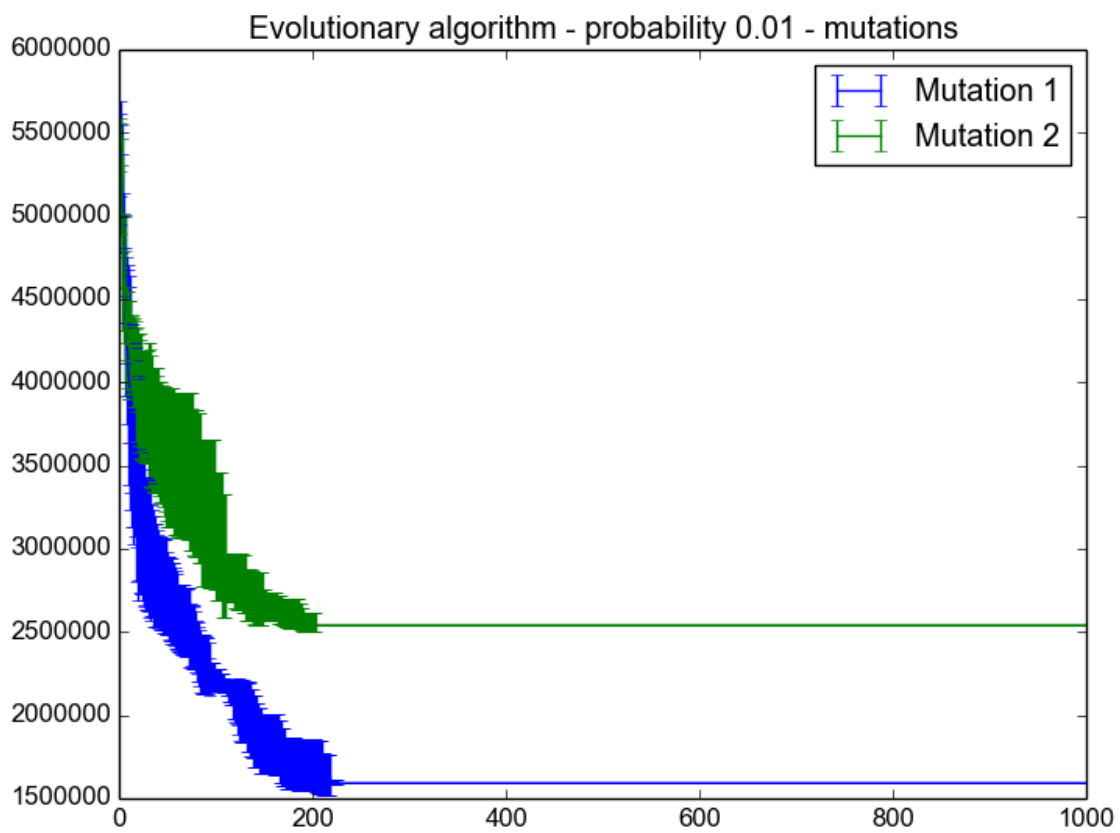
### 3.2. Parametr: rodzaj mutacji

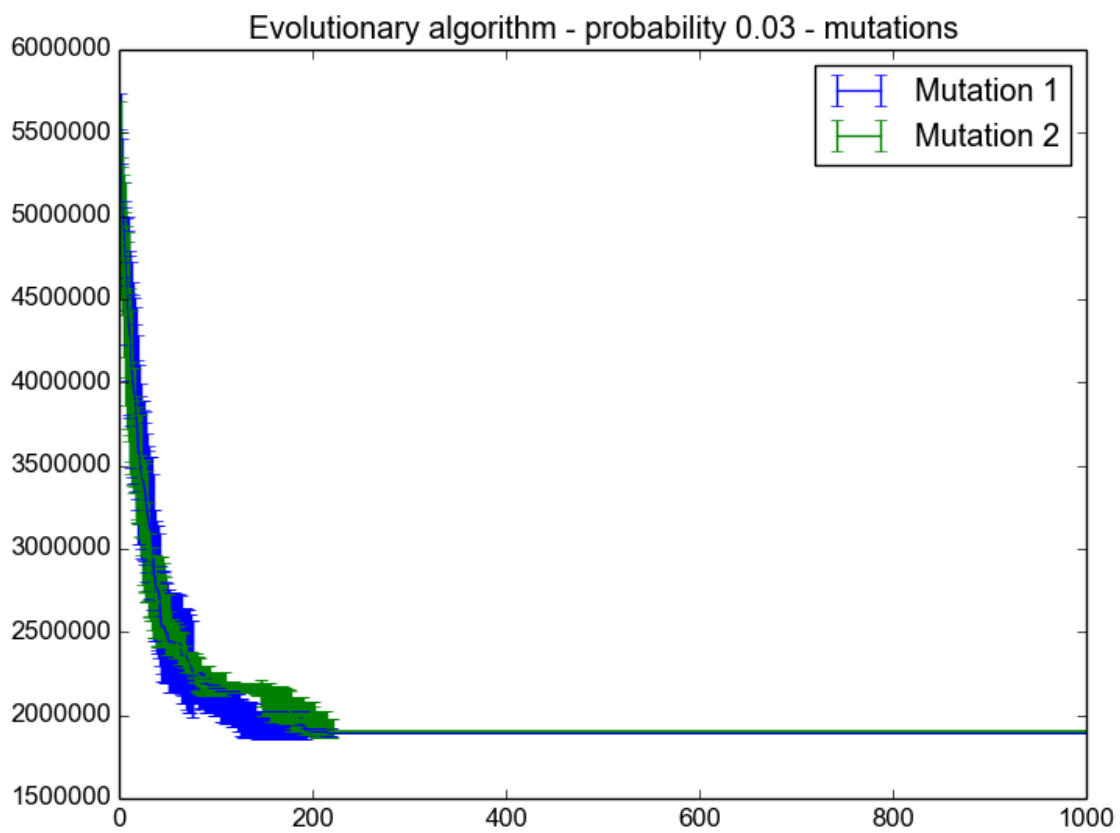


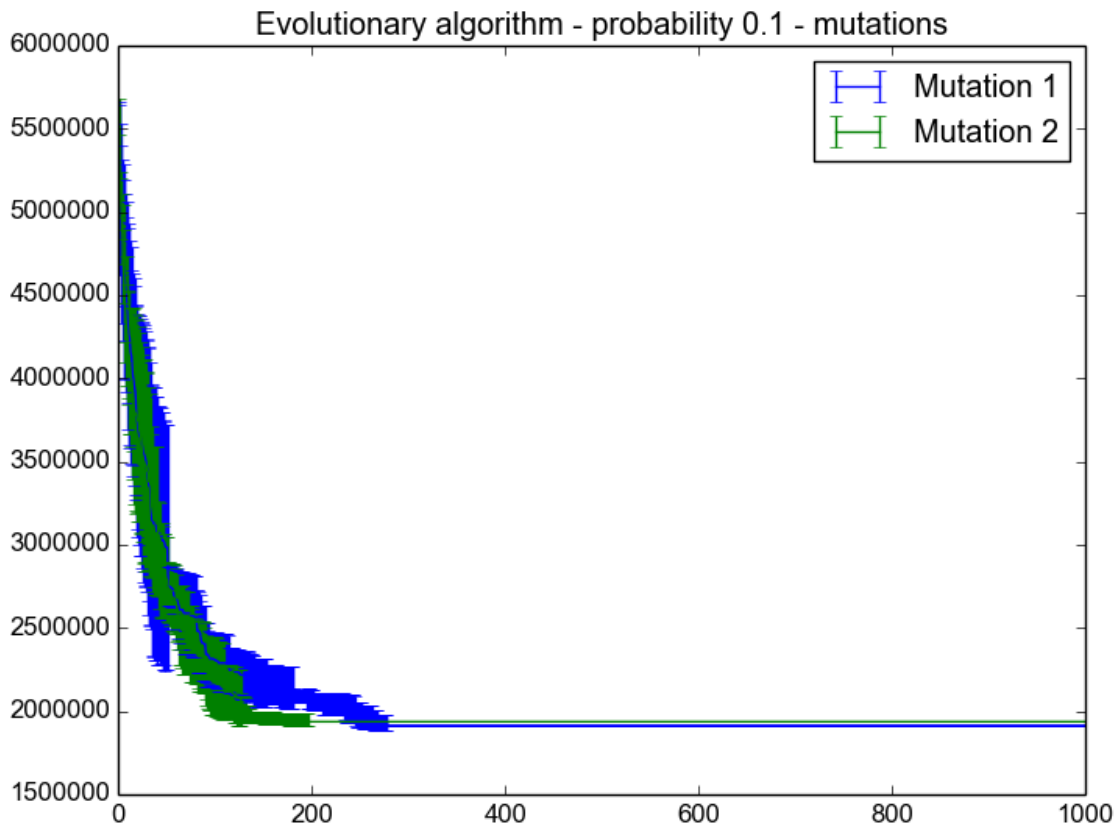












#### 4. Kod (repozytorium)

Kod dostępny jest na repozytorium: <https://github.com/salceson/tsp>.

#### 5. Wnioski

- Mutacja 2 (next swap) generalnie powodowała gorszy wynik niż mutacja 1 (random swap). Oczywiście, czasami bywały wyjątki.
- W modelu EMAS wzrost prawdopodobieństwa mutacji przy mutacji 1 (random swap) praktycznie nie zmieniał lub polepszał nawet wynik, w przypadku klasycznego podejścia ewolucyjnego było dokładnie odwrotnie.
- W obu modelach przy mutacji 2 (next swap) wzrost prawdopodobieństwa mutacji nieznacznie polepszał wynik.
- Model EMAS dał lepszy wynik niż model klasyczny.