

ΥΠΟΛΟΓΙΣΤΙΚΗ ΝΟΗΜΟΣΥΝΗ

Διδάσκοντες: Σ. Λυκοθανάσης, Δ. Κουτσομητρόπουλος

Ακαδημαϊκό Έτος 2022-2023

Εργαστηριακή Άσκηση

Μέρος Β'

Σούρλας Ζήσης

Αρ. Μητρώου: 1072477

sourlas.zisis@upnet.gr

Κώδικας άσκησης

Ο κώδικας της άσκησης μπορεί να βρεθεί σε αυτό το [GitHub Repo](#).

B1. Σχεδιασμός ΓΑ

a) Κωδικοποίηση

Για την κωδικοποίηση των ατόμων του πληθυσμού χρησιμοποιήθηκαν λίστες με 12 πραγματικούς αριθμούς στο διάστημα $[-617, 533]$ (το εύρος τιμών των αισθητήρων). Κάθε λίστα αναπαριστά ένα άτομο ενώ κάθε αριθμός εντός της, μια από τις 4 τιμές ενός αισθητήρα. Κατά την εύρεση των Μ.Ο. των καταστάσεων εφαρμόστηκε κεντράρισμα (Centering) στα δεδομένα του dataset ώστε να μειωθεί η επίδραση των ακραίων τιμών(outliers). Δεν εφαρμόστηκε MinMax Scaling καθώς παρατηρήθηκε ότι αυτό οδηγούσε σε μικρές διαφορές μεταξύ των διανυσμάτων με αποτέλεσμα η συνάρτηση αξιολόγησης να επιστρέφει σχεδόν πάντοτε υψηλές τιμές καθιστώντας ουσιαστικά αδύνατη την αξιολόγηση των ατόμων του πληθυσμού.

b) Πλεονάζουσες τιμές

Θεωρητικά κατά στην διαδικασία διασταύρωσης και μετάλλαξης χρησιμοποιώντας την περιγραφείσα κωδικοποίηση θα μπορούσαν να προκύψουν πλεονάζουσες τιμές. Ωστόσο τόσο κατά τη δημιουργία του αρχικού πληθυσμού όσο και στις συναρτήσεις διασταύρωσης και μετάλλαξης έγιναν κατάλληλες παραμετροποιήσεις ώστε να αποφευχθεί αυτό το φαινόμενο (βλ. επόμενα ερωτήματα).

c) Αρχικός πληθυσμός

Για τη δημιουργία αρχικού πληθυσμού αρκεί απλώς για κάθε άτομο να δημιουργήσουμε μια λίστα με 12 τυχαίους ακραίους στο διάστημα $[-617, 533]$. Αυτό μπορεί να γίνει πολύ εύκολα στην python με χρήση της random δίνοντάς της τα κατάλληλα ορίσματα.

d) Υπολογισμός ομοιότητας

Ευκλείδεια απόσταση

Η ευκλείδεια απόσταση είναι το μήκος του ευθύγραμμου τμήματος που ενώνει δύο σημεία στο n -διάστατο χώρο. Αποτελεί μια συνηθισμένη επιλογή για τον υπολογισμό της απόστασης διανυσμάτων ωστόσο δεν είναι κατάλληλη για το συγκεκριμένο πρόβλημα καθώς βασίζεται στην απόλυτη απόσταση δύο σημείων και όχι στον προσανατολισμό τους στο χώρο.

Απόσταση Manhattan

Η απόσταση Manhattan είναι το άθροισμα των απόλυτων διαφορών των διαστάσεων δύο διανυσμάτων. Ενώ υπό περιπτώσεις προτιμάται έναντι της Ευκλείδειας απόστασης είναι επίσης ακατάλληλη για το συγκεκριμένο πρόβλημα για τον ίδιο ακριβώς λόγο.

Ομοιότητα συνημιτόνου

Η ομοιότητα συνημιτόνου υπολογίζει το συνημίτονο της γωνίας που σχηματίζουν δύο διανύσματα. Όταν δύο διανύσματα βρίσκονται στην ίδια ακριβώς κατεύθυνση η γωνία τους είναι μηδέν και το συνημίτονό της 1. Αν τα διανύσματα είναι κάθετα το συνημίτονο είναι 0 ενώ αν έχουν ίδια διεύθυνση αλλά αντίθετη φορά (γωνία 180°) το συνημίτονο

είναι -1. Αυτή η μετρική είναι πολύ χρήσιμη καθώς μετράει την ομοιότητα ως προς τον προσανατολισμό των διανυσμάτων και σε ορισμένες περιπτώσεις οδηγεί σε πολύ διαφορετικά συμπεράσματα σε σχέση με την ευκλείδεια απόσταση. Στο συγκεκριμένο πρόβλημα αυτή η μετρική είναι προτιμητέα διότι τα δεδομένα των αισθητήρων που έχουμε αφορούν το ανθρώπινο σώμα. Ενδεχομένως οι διαφορετικές σωματοδομές να οδηγούν σε διαφορετικές κατά απόλυτο μέγεθος μετρήσεις των οποίων όμως η εσωτερική αναλογία να οδηγεί σε διανύσματα με παρόμοιο προσανατολισμό ανά κατάσταση και αυτό είναι που θέλουμε να αξιολογήσουμε.

Συσχέτιση Pearson

Η συσχέτιση Pearson υπολογίζει την ετεροσυσχέτιση μεταξύ δύο από κοινού καταμετρημένων τυχαίων μεταβλητών. Ωστόσο στον παρών πρόβλημα δεν έχουμε να κάνουμε με τυχαίες μεταβλητές αλλά με μεμονωμένα δείγματα. Κατά συνέπεια δε μπορούμε να χρησιμοποιήσουμε την συσχέτιση Pearson. Αυτό θα απαιτούσε πολλαπλά δείγματα από την ίδια κατανομή με συγκεκριμένα στατιστικά χαρακτηριστικά για να εφαρμοστεί.

ε) Συνάρτηση καταλληλότητας

i. Με βάση την κωδικοποίηση που περιγράφηκε παραπάνω υπάρχουν διανύσματα με αρνητικές τιμές, συνεπώς η \cos κινείται στο διάστημα $[-1, 1]$. Στη χειρότερη περίπτωση συνεπώς θα μπορούσε το πρώτο συνημίτονο της συνάρτησης να πάρει την τιμή -1 και το δεύτερο την τιμή 1. Σε μια τέτοια περίπτωση η συνάρτηση θα έπαιρνε την τιμή:

$$F = \frac{-1 + \frac{3}{4}c}{1 + c}$$

Από τον τύπο της συνάρτησης προκύπτει ότι η σταθερά c καθορίζει το πόσο «επιβραβεύεται» το άτομο του πληθυσμού για την μέση απόστασή του από τις υπόλοιπες καταστάσεις. Συνεπώς το c θα πρέπει να κινείται στο διάστημα $[0, 1]$. Άρα στην χειρότερη περίπτωση όπου $c=0$ έχουμε:

$$F = -\frac{1}{1} = -1$$

Κατά συνέπεια η συνάρτηση αξιολόγησης μπορεί να πάρει αρνητικές τιμές με κάτω όριο το -1. Για να το αποφύγουμε αυτό προσθέτουμε μια μονάδα στον τύπο της συνάρτησης. Συνεπώς η συνάρτηση που προκύπτει είναι:

$$F'(v) = \frac{\cos(v, t_s) + c \left(1 - \frac{1}{4} \sum_{i \neq s} \cos(v, t_i) \right)}{1 + c} + 1$$

Η καινούργια συνάρτηση έχει κάτω όριο το 0 δηλαδή δεν παίρνει αρνητικές τιμές.

ii. Ο τύπος που δίνεται είναι κατάλληλη επιλογή για συνάρτηση αξιολόγησης καθώς αξιοποιεί την ομοιότητα συνημίτονου η οποία όπως εξηγήθηκε παραπάνω είναι πολύ καλή μετρική για το συγκεκριμένο πρόβλημα. Επιπλέον δεν αξιολογεί μόνο την ομοιότητα με το επιθυμητό διάνυσμα αλλά «επιβραβεύει» και την απόσταση από τα υπόλοιπα - μη επιθυμητά- διανύσματα.

iii. Η τιμή που επιλέχθηκε για τη σταθερά c είναι 0,1. Αυτό σημαίνει πως η ελαχιστοποίηση της ομοιότητας με τις υπόλοιπες καταστάσεις συνεισφέρει περίπου 10%

στην αξιολόγηση. Αυτή δεν είναι αμελητέα ποσότητα ωστόσο δεν είναι και σε καμία περίπτωση καθοριστική για την αξιολόγηση του ατόμου.

f) Γενετικοί τελεστές

i. Επιλογή

Ρουλέτα με βάση το κόστος

Πρόκειται για πολύ συνηθισμένη μέθοδο επιλογής. Στην ουσία πρόκειται για τυχαία επιλογή των ατόμων όπως σε μια ρουλέτα με τα άτομα ωστόσο να διατηρούν θέσεις στη ρουλέτα αυτή ανάλογα με την αξιολόγησή τους. Μεγαλύτερη αξιολόγηση μεταφράζεται και σε περισσότερες “θέσεις” στη ρουλέτα. Με αυτόν τον τρόπο άτομα με καλύτερη αξιολόγηση (ή μικρότερο κόστος ανάλογα το πρόβλημα) έχουν μεγαλύτερη πιθανότητα να επιλεγούν σε μια διαδικασία που παραμένει ωστόσο στοχαστική (άρα μπορούν να επιλεγούν και χρωμοσώματα με κακή αξιολόγηση τα οποία όμως μπορεί να έχουν ορισμένα καλά γονίδια).

Ρουλέτα με βάση την κατάταξη

Αυτή η μέθοδος διαφέρει με την παραπάνω μόνο στο αντί να αναθέτει “θέσεις” στη ρουλέτα αναλογικά με την αξιολόγηση, το κάνει βάσει κατάταξης. Αυτό σημαίνει ότι το πρώτο σε αξιολόγηση άτομο θα λάβει πολύ περισσότερες “θέσεις” από το αμέσως επόμενο ανεξαρτήτως της διαφοράς τους. Αυτή η μέθοδος τείνει συνεπώς να “αδικεί” χρωμοσώματα με αξιολόγηση κοντά στο βέλτιστου και γι’αυτό δεν προτιμάται συνήθως.

Τουρνουά

Αυτή η μέθοδος επιλέγει τυχαία έναν αριθμό ατόμων και διαλέγει αυτό με τη μεγαλύτερη αξιολόγηση μεταξύ τους. Έτσι διατηρεί τα χρωμοσώματα με καλές αξιολογήσεις διατηρώντας όμως πιθανώς και κάποια λιγότερο καλά (αφού μπορεί να τύχει να διαγωνιστούν μεταξύ τους σε ένα τουρνουά) κάτι το οποίο είναι επιθυμητό. Είναι απλή υπολογιστικά και μπορεί να παραλληλοποιηθεί. Επιπλέον έχει βρεθεί πειραματικά (Zhong, Hu, Gu, Zhang, 2005) ότι συγκλίνει ταχύτερα προς τη βέλτιστη λύση από τις άλλες δύο μεθόδους. Σε αυτό το συμπέρασμα κατέληξαν και δικές μας δοκιμές και για αυτό το λόγο η επιλογή με τουρνουά επιλέχθηκε για την υλοποίηση αυτής της εργασίας. Το δε μέγεθος του τουρνουά ορίστηκε ως το 20% του μεγέθους του πληθυσμού.

ii. Διασταύρωση

Διασταύρωση μονού σημείου

Πρόκειται για τον απλούστερο τελεστή διασταύρωσης. Διαχωρίζει τους γονείς σε δύο κομμάτια τα οποία ανταλλάσσει μεταξύ τους παράγοντας τους απογόνους. Ωστόσο έχει το βασικό μειονέκτημα ότι δε μπορεί να διατηρήσει σχήματα υψηλής απόδοσης καθώς τα καταστρέφει χωρίζοντας τα.

Διασταύρωση διπλού σημείου

Η διασταύρωση διπλού σημείου είναι απλούστατα η διπλή εφαρμογή διασταύρωσης μονού σημείου. Αποφεύγει το μειονέκτημα της προηγούμενης

μεθόδου καθώς μεταφέρει “κομμάτια” (building blocks) χωρίς να τα καταστρέφει.

Ομοιόμορφη διασταύρωση

Αυτή η μέθοδος επιλέγει ομοιόμορφα γονίδια από τους δύο γονείς με τα οποία συνθέτει τα παιδιά (offspring). Στην ουσία δημιουργεί τυχαία μια φόρμα με βάση την οποία επιλέγεται από ποιον γονέα θα ληφθεί το κάθε γονίδιο του παιδιού. Πρόκειται για την πιο αποδοτική μέθοδο εκ των τριών (Syswerda, 1989).

Simulated Binary Crossover (SBX)

Αφού στην παρούσα εργασία δεν χρησιμοποιήθηκε δυαδική κωδικοποίηση αλλά πραγματικοί αριθμοί για τα άτομα του πληθυσμού, οι προηγούμενες μέθοδοι δεν κρίθηκε δόκιμο να χρησιμοποιηθούν. Θα μπορούσαν να λειτουργήσουν, ωστόσο αυτό θα σήμαινε απλώς την αντιμετάθεση τιμών μεταξύ των διανυσμάτων που αναπαριστούν τα άτομα, με την εισαγωγή καινούργιου γενετικού υλικού να γίνεται μόνο μέσω της μετάλλαξης.

Για να λυθεί αυτό το ζήτημα έπρεπε να χρησιμοποιηθούν μέθοδοι διασταύρωσης που να λειτουργούν σε πραγματικούς αριθμούς. Οι δύο βασικές επιλογές ήταν οι **Blend(BLX)** και **Simulated Binary(SBX)** εκ των οποίων επιλέχθηκε η SBX καθώς έχει βρεθεί ότι είναι καλύτερη στη διατήρηση σχημάτων υψηλής απόδοσης στην επόμενη γενιά (Deb, Kalyanmoy, et al., 1995). Η μέθοδος αυτή λειτουργεί εξομοιώνοντας την κλασσική διασταύρωση μονού σημείου για πραγματικούς αριθμούς. Για να το επιτύχει αυτό “μιμείται” κάποιες πιθανοτικές ιδιότητες της διασταύρωσης μονού σημείου (Deb, Kalyanmoy, et al., 1995).

**Σημείωση: Για την αποφυγή πλεονάζουσων τιμών χρησιμοποιήσαμε μια εκδοχή της SBX που περιορίζει τα αποτελέσματά της σε συγκεκριμένο διάστημα [-617,533].*

iii. Μετάλλαξη

Η μετάλλαξη είναι ο τρίτος βασικός τελεστής ενός γενετικού αλγόριθμου. Βοηθάει τον αλγόριθμο να “εξερευνήσει” μεγαλύτερο μέρος του χώρου των πιθανών λύσεων αποτρέποντας έτσι την σύγκλιση σε τοπικά ελάχιστα. Ωστόσο μια μεγάλη πιθανότητα μετάλλαξης οδηγεί σε αργή σύγκλιση καθώς ο τελεστής “χαλάει” τα καλά χρωμοσώματα αλλάζοντας τα.

Uniform Int Mutation

Για την υλοποίηση του τελεστή μετάλλαξης επιλέχθηκε η μέθοδος Uniform Int η οποία αντικαθιστά έναν αριθμό από το διάνυσμα που αναπαριστά το άτομο με έναν ακέραιο ομοιόμορφα επιλεγμένο από ένα διάστημα. Το διάστημα που ορίσαμε είναι το εύρος τιμών των αισθητήρων του dataset δηλαδή [-617,533].

Ελιτισμός

Η χρήση ελιτισμού επιτρέπει σε έναν αριθμό ατόμων με τη μεγαλύτερη αξιολόγηση να εξαιρεθούν από τη διαδικασία μετάλλαξης ώστε να μην καταστραφούν χρωμοσώματα υψηλής απόδοσης λόγω μετάλλαξης. Έτσι

διατηρούνται στο χώρο αναζήτησης περιοχές που μπορεί να αποφέρουν καλές λύσεις και ο αλγόριθμος μπορεί να συγκλίνει ταχύτερα. Ωστόσο η χρήση ελιτισμού μπορεί να αποβεί επιζήμια για τον γενετικό αλγόριθμο για τους ίδιους λόγους με την απουσία μετάλλαξης.

Για την υλοποίηση της συγκεκριμένης εργασίας παραλήφθηκε η χρήση ελιτισμού καθώς κατόπιν δοκιμών τα αποτελέσματα δεν έδειξαν να βελτιώνονται.

B2. Υλοποίηση ΓΑ

Η υλοποίηση του αλγορίθμου έγινε σε **python** με χρήση του **DEAP Framework** και των βιβλιοθηκών **scikit learn** και **pandas** για την προεπεξεργασία.

B3. Αξιολόγηση και Επίδραση Παραμέτρων

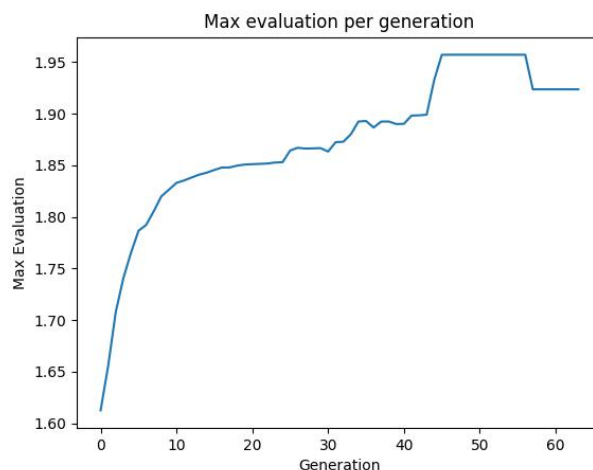
a) Εκτέλεση αλγορίθμου

Ως κριτήρια τερματισμού επιλέχθηκαν ο μέγιστος αριθμός γενεών (1000), η μικρή βελτίωση του αλγορίθμου (<0.01%) για 20 γενεές και η επίτευξη αξιολόγησης άνω του 2 (ουσιαστικά μέγιστη).

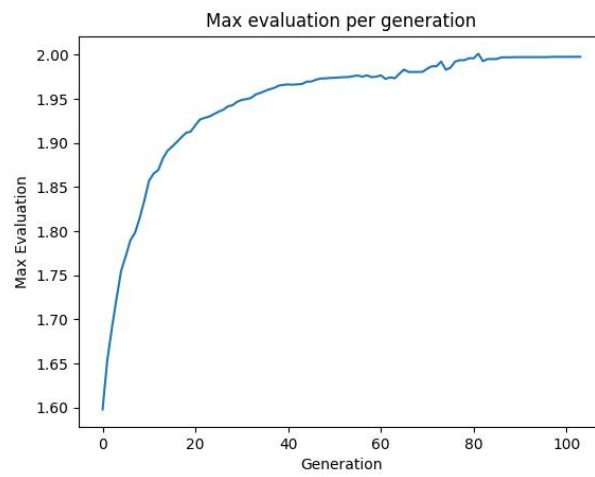
A/A	ΜΕΓΕΘΟΣ ΠΛΗΘΥΣΜΟΥ	ΠΙΘΑΝΟΤΗΤΑ ΔΙΑΣΤΑΥΡΩΣΗΣ	ΠΙΘΑΝΟΤΗΤΑ ΜΕΤΑΛΛΑΞΗΣ	ΜΕΣΗ ΤΙΜΗ ΒΕΛΤΙΣΤΟΥ	ΜΕΣΟΣ ΑΡΙΘΜΟΣ ΓΕΝΕΩΝ
1	20	0.6	0.00	1.957	36.00
2	20	0.6	0.01	2.001	64.25
3	20	0.6	0.10	2.001	100.50
4	20	0.9	0.01	1.995	45.45
5	20	0.1	0.01	1.995	109.00
6	200	0.6	0.00	1.986	10.50
7	200	0.6	0.01	2.002	9.05
8	200	0.6	0.10	2.004	9.15
9	200	0.9	0.01	2.003	7.3
10	200	0.1	0.01	2.004	19.7

b) Καμπύλες εξέλιξης καλύτερης λύσης

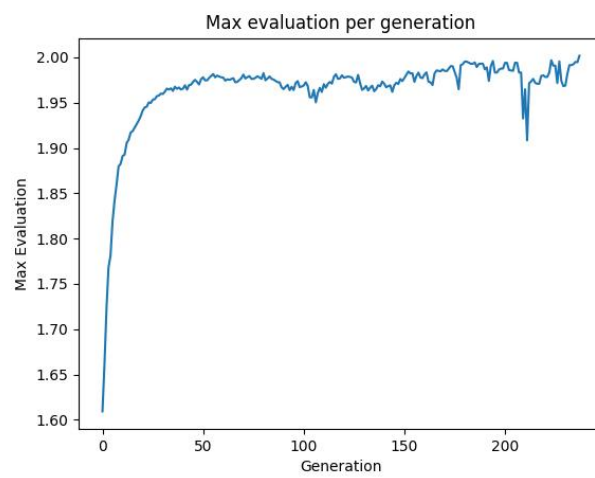
Περίπτωση 1



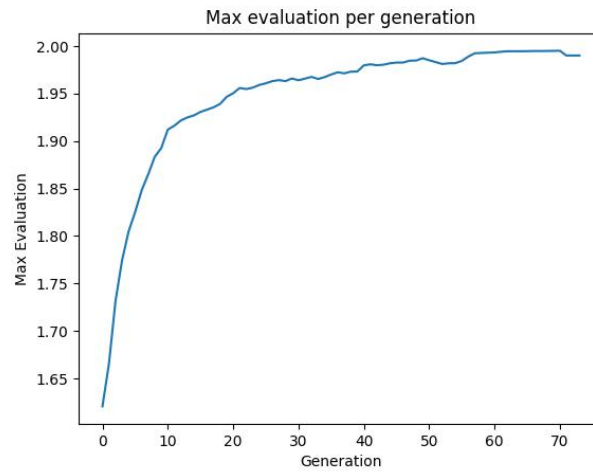
Περίπτωση 2



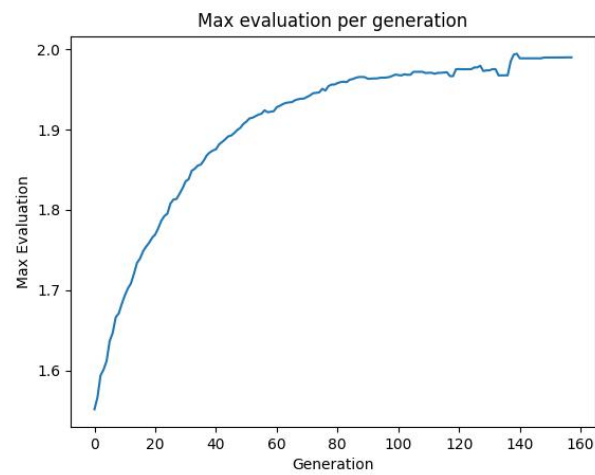
Περίπτωση 3



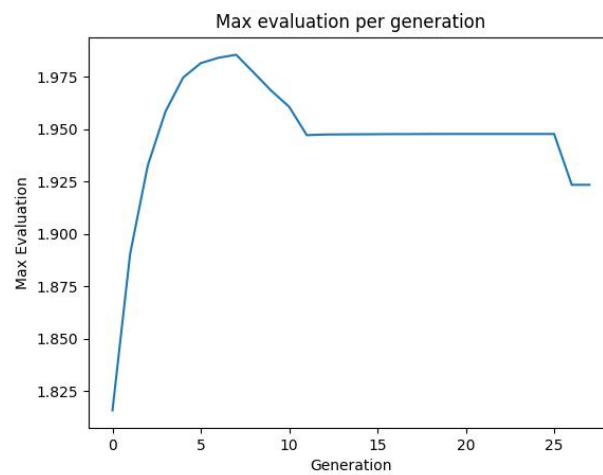
Περίπτωση 4



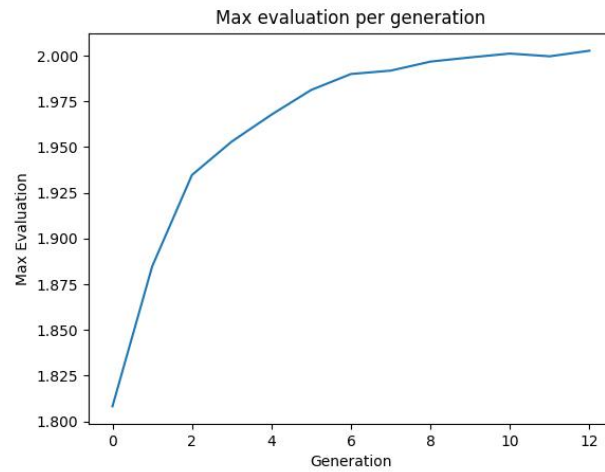
Περίπτωση 5



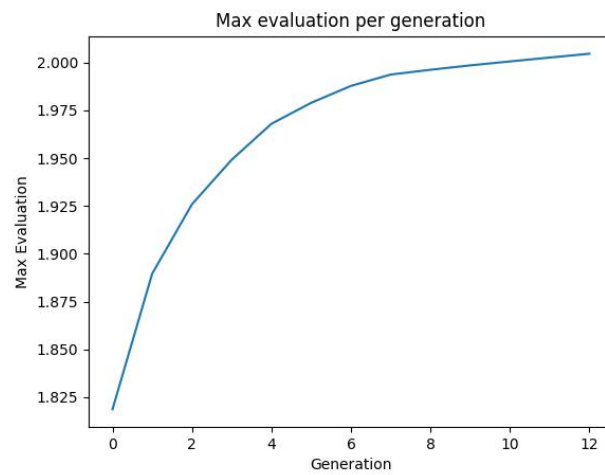
Περίπτωση 6



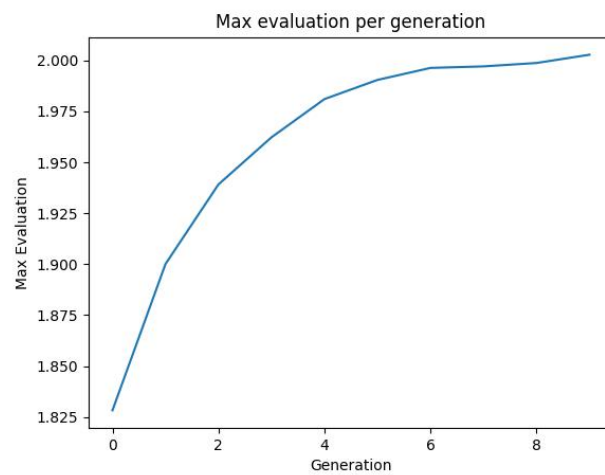
Περίπτωση 7



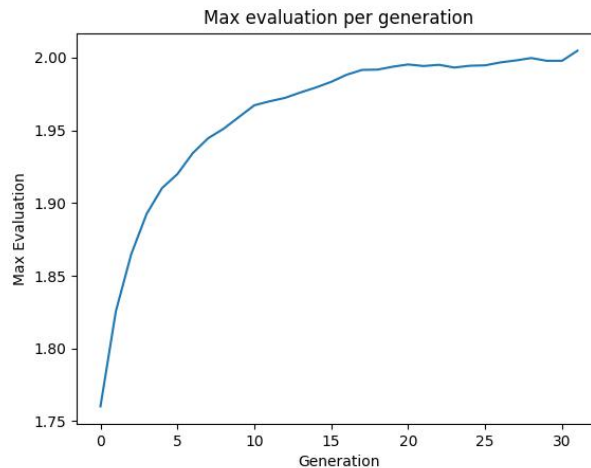
Περίπτωση 8



Περίπτωση 9



Περίπτωση 10



c) Αξιολόγηση αποτελεσμάτων

Αριθμός γενεών

Ο αριθμός γενεών αποδεικνύεται πολύ σημαντική παράμετρος για αυτό το πρόβλημα. Παρατηρούμε ότι στις περιπτώσεις με αριθμό πληθυσμού 200 ο αλγόριθμος συγκλίνει σημαντικά ταχύτερα (> 50% λιγότερες γενεές). Ακόμα και στις περιπτώσεις (3 και 8) όπου η αυξημένη μετάλλαξη δημιουργεί πρόβλημα (αργή σύγκλιση) στον πληθυσμό των 20 ατόμων, για 200 άτομα η σύγκλιση δεν επηρεάστηκε. Από αυτό συμπεραίνουμε ότι τα 20 άτομα δεν είναι επαρκής πληθυσμός για αυτό το πρόβλημα καθώς οδηγεί σε πολύ αργή σύγκλιση (αν και όχι σε χειρότερα αποτελέσματα). Ωστόσο αυτό δε σημαίνει πως το 200 είναι ιδανικός πληθυσμός. Το πιθανότερο είναι πως το νούμερο αυτό είναι υπερβολικό και πως ένας πληθυσμός κάπου στο ενδιάμεσο επαρκεί για ταχεία σύγκλιση. Π.χ. Σε δοκιμή που έγινε με παραμέτρους ίδιες με την περίπτωση 7 αλλά πληθυσμό ίσο με 100 η μέγιστη αξιολόγηση βρέθηκε ίδια και ο μέσος αριθμός γενεών βρέθηκε ίσος με 15.1.

Πιθανότητα διασταύρωσης

Οι επιδράσεις της πιθανότητας διασταύρωσης είναι ίδιες ανεξαρτήτως μεγέθους πληθυσμού. Η αύξηση της πιθανότητας διασταύρωσης (περιπτώσεις 4 και 9) δεν έχει ιδιαίτερη επίδραση στην αξιολόγηση του βέλτιστου ατόμου ωστόσο αυξάνει την ταχύτητα σύγκλισης πράγμα αναμενόμενο καθώς διερευνάται ταχύτερα (αλλά όχι πληρέστερα) ο χώρος των μεταβλητών.

Αντιθέτως η μείωση της πιθανότητας διασταύρωσης (περιπτώσεις 5 και 10) δημιουργεί προβλήματα στον αλγόριθμο. Συγκεκριμένα ο αλγόριθμος συγκλίνει πολύ πιο αργά καθώς διασταυρώνονται πολύ λίγα άτομα με αποτέλεσμα ο πληθυσμός να μην έχει μεγάλες διαφορές από γενιά σε γενιά. Η αξιολόγηση του βέλτιστου ατόμου ωστόσο δεν επηρεάζεται καθώς η μικρότερη πιθανότητα διασταύρωσης δε μειώνει το χώρο αναζήτησης.

Πιθανότητα μετάλλαξης

Παρατηρούμε πως η απουσία μετάλλαξης (περιπτώσεις 1 και 6) έχει επίπτωση στην αξιολόγηση του βέλτιστου ατόμου. Αυτό είναι απολύτως λογικό καθώς χωρίς τη μετάλλαξη ο αλγόριθμος είναι πιο επιρρεπής στη σύγκλιση σε τοπικά ακρότατα, μια κατάσταση την οποία μπορούμε να αποφύγουμε με χρήση μετάλλαξης. Ωστόσο παρατηρούμε πως για τον πληθυσμό των 200 ατόμων η αξιολόγηση είναι ελαφρώς καλύτερη πράγμα που οφείλεται στην de facto μεγαλύτερη ποικιλομορφία του αρχικού πληθυσμού.

Η αύξηση της πιθανότητας μετάλλαξης σε 0.01 οδηγεί σε καλύτερες αξιολογήσεις ατόμων αλλά στην περίπτωση του πληθυσμού των 20 ατόμων οδηγεί ταυτόχρονα και σε αύξηση του χρόνου σύγκλισης. Αυτό εξηγείται καθώς με την μετάλλαξη καταστρέφονται και χρωμοσώματα του πληθυσμού που μπορεί να λαμβάνουν καλή αξιολόγηση. Δεδομένου ότι αυτά δε μπορεί να είναι πολλά λόγω του μικρού πληθυσμού, αυτό μπορεί να οδηγεί σε καθυστέρηση στη σύγκλιση. Το ίδιο φαινόμενο δεν παρατηρείται για τον πληθυσμό των 200 ατόμων.

Η περαιτέρω αύξηση της πιθανότητας μετάλλαξης στο 0.1 έχει διαφορετικές επιπτώσεις ανάλογα με το μέγεθος του πληθυσμού. Στον πληθυσμό των 20 ατόμων εκτός της επιπλέον αύξησης στο χρόνο σύγκλισης που προκαλεί, αποτρέπει επιπλέον και την ουσιαστική σύγκλιση του αλγορίθμου. Αυτό είναι παρατηρήσιμο στο γράφημα το οποίο παρουσιάζει διακυμάνσεις μετά από κάποια γενιά. Αυτό οφείλεται στην καταστροφή πολλών χρωμοσωμάτων λόγω της έντονης μετάλλαξης πράγμα που οδηγεί στην πτώση της αξιολόγησης και στην μετέπειτα επάνοδο της λόγω διασταύρωσης η οποία ακολουθείται από νέα μετάλλαξη κοκ. Αντιθέτως στον πληθυσμό των 200 ατόμων δεν παρατηρείται κάποιο ανάλογο φαινόμενο αλλά ούτε και κάποια βελτίωση.

d) Εισαγωγή βέλτιστων ατόμων στο βέλτιστο ΤΝΔ

ΠΙΘΑΝΟΤΗΤΕΣ ΤΑΞΙΝΟΜΗΣΗΣ ΣΕ ΚΛΑΣΗ					
A/A	Sitting	Sittingdown	Standing	Standingup	Walking
1	1.0	1.871351e-20	3.5448139e-34	2.1307609e-19	9.794843e-31
2	1.0	8.458527e-20	2.0956598e-37	8.510628e-22	1.4853504e-34
3	1.0	5.2528657e-18	7.377831e-34	8.232387e-19	5.302238e-30
4	1.0	2.861742e-21	9.968619e-38	1.8415005e-22	5.396084e-36
5	1.0	5.028478e-20	2.0097826e-34	2.1408544e-20	7.708819e-32
6	1.0	2.2789921e-17	9.6676975e-32	1.07508325e-17	1.2158498e-28
7	1.0	2.5557308e-17	3.9786318e-33	4.5501205e-19	8.996477e-33
8	1.0	7.2580955e-21	0.0	1.912557e-23	9.533429e-34
9	1.0	4.525784e-18	4.599385e-34	6.206503e-19	2.8991233e-28
10	1.0	3.293801e-17	9.023354e-33	3.0275571e-18	4.763568e-30

Παρατηρούμε ότι το ΤΝΔ αποδίδει πιθανότητα 1 στην κλάση sitting για όλες τις βέλτιστες λύσεις που παρήγαγε ο γενετικός αλγόριθμος ενώ για τις υπόλοιπες κλάσεις οι πιθανότητες είναι εξαιρετικά μικρές (ουσιαστικά αμελητέες). Αυτό καταδεικνύει δύο πράγματα. Πρώτον ότι οι επιλογές μας ως προς την κωδικοποίηση (πραγματικοί αριθμοί), τη συνάρτηση καταλληλότητας (τιμή παραμέτρου c, μετατροπή της για να έχει θετικές τιμές), τους τελεστές επιλογής (τουρνουά), διασταύρωσης (SBX) και

μετάλλαξης (UniformInt) ήταν ορθές και οδήγησαν στην δημιουργία καλών λύσεων. Δεύτερον φαίνεται πως το ΤΝΔ που σχεδιάστηκε στο πρώτο μέρος της εργασίας λειτουργεί επίσης ορθά και αναγνωρίζει με βεβαιότητα τις λύσεις του γενετικού αλγορίθμου.

Πηγές

Σ. Λυκοθανάσης & Ε. Γεωργόπουλος, *Υπολογιστική Νοημοσύνη Πανεπιστημιακές Παραδόσεις*, Πάτρα, Ελλάδα, 2014

Syswerda, Gilbert. "Uniform crossover in genetic algorithms." ICGA. Vol. 3. 1989.

Deb, Kalyanmoy, and Ram Bhushan Agrawal. "Simulated binary crossover for continuous search space." *Complex systems* 9.2 (1995): 115-148.

Zhong, Jinghui & Hu, Xiaomin & Zhang, Jun & Gu, Min. (2005). Comparison of Performance between Different Selection Strategies on Simple Genetic Algorithms.. 2. 1115-1121. 10.1109/CIMCA.2005.1631619.

V. S. Nagella, "Cosine Similarity Vs Euclidean Distance," Medium, Dec. 26, 2019. <https://medium.com/@sasi24/cosine-similarity-vs-euclidean-distance-e5d9a9375fc8>

S. Kapadia, "5 Data Similarity Metrics: A Comprehensive Guide on Similarity Metrics | Towards Data Science," Medium, Dec. 27, 2022. <https://towardsdatascience.com/5-data-similarity-metrics-f358a560855f> (accessed Jun. 16, 2023).

"Cosine Similarity VS Pearson Correlation Coefficient," Lei Mao's Log Book, Sep. 22, 2021. <https://leimao.github.io/blog/Cosine-Similarity-VS-Pearson-Correlation-Coefficient/> (accessed Jun. 16, 2023).

G. D. Luca, "Roulette Selection in Genetic Algorithms | Baeldung on Computer Science," *www.baeldung.com*, Sep. 19, 2020. <https://www.baeldung.com/cs/genetic-algorithms-roulette-selection>

"Tournament Selection (GA)," *GeeksforGeeks*, Sep. 03, 2018. <https://www.geeksforgeeks.org/tournament-selection-ga/>

C. McGowan, "Genetic Algorithms: Tournament Selection," Medium, Mar. 09, 2017. <https://medium.com/@c4lv1nmcg0wan/genetic-algorithms-tournament-selection-b150bc76f0d8> (accessed Jun. 16, 2023).

"Tournament selection," Wikipedia, Apr. 30, 2021. https://en.wikipedia.org/wiki/Tournament_selection

V. F. Garcia, "Elitism in Evolutionary Algorithms | Baeldung on Computer Science," *www.baeldung.com*, Jul. 25, 2022. <https://www.baeldung.com/cs/elitism-in-evolutionary-algorithms>