

## Metody optymalizacji

# Algorytmy genetyczne

- poszukiwanie minimum funkcji dwu-zmiennych

Maciek.Ciupa@gmail.com

## 1. Wstęp - opis

Algorytmy genetyczne opierają się na obserwacji natury, która dzięki ewolucji znajduje niekoniecznie najbardziej optymalne rozwiązanie, ale dla zadanych warunków granicznych dobrze je przybliżające. Dużą rolę w algorytmach genetycznych spełniają zdarzenia losowe, które umożliwiają nawet znalezienie nieprzewidzianych wcześniej rozwiązań.

Algorytm genetyczny operuje na zadanym zbiorze potencjalnych rozwiązań (populacja), które poddaje w ogólności trzem etapom:

- a) selekcja
- b) krzyżowanie
- c) mutacja

1.1 **Selekcja** - proces, w którym najlepsze rozwiązania (względem funkcji przystosowania, w naszym przypadku, jest to dążenie do wartości najmniejszej) są przekazywane do kolejnego etapu, natomiast najgorsze albo usuwane, albo modyfikowane. W niniejszym sprawozdaniu zastosowano dwie metody:

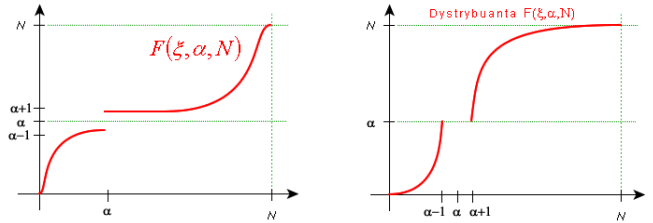
- *ruletki* - polegającej na utworzeniu „okręgu”, którego wycinki pokrywają rozwiązania rozmiarem proporcjonalne do wartości funkcji przystosowania, a następnie na wylosowaniu nowej populacji z owego „okręgu”
- *rankingowa* - polegająca na usunięciu najgorszych rozwiązań, a na ich miejsce wstawienie przypadkowych z obszaru poszukiwań

1.2 **Krzyżowanie** - etap, w którym krzyżujemy genotypy (w naszym przypadku bity odpowiadające za punkt z przestrzeni  $R^2$ ) umożliwiając tworzenie nowych rozwiązań opierając się na już istniejących. W załączonej implementacji zastosowano dwie metody:

- *rozcięcie* dwóch chromosomów (rozwiązań) i zamiana między sobą ich części, pozycja, na której rozcinamy jest losowa
- *uśrednienie* rozwiązań polegające na zamianie reprezentacji bitowej na rzeczywistą, obliczenie średniej i powrót do reprezentacji bitowej

W obu metodach zagwarantowano krzyżowanie się rozwiązań o podobnej wartości funkcji przystosowania (czyli „lepsi z lepszymi, gorsi z gorszymi”). Czyli przed samym krzyżowaniem, rozwiązania zostały posortowane względem funkcji przystosowania. Następnie dla metody pierwszej losowany jest punkt z jego otoczenia, względem rozkładu zadanej funkcją:

$$F(\xi, \alpha, N) = \begin{cases} (\alpha - 1) \cdot \left(\frac{\xi}{\alpha}\right)^{\frac{1}{\alpha}} & \xi < \alpha \\ \alpha - (\alpha - 1) \cdot \left(\frac{-(\xi - \alpha)}{\alpha}\right)^{\frac{1}{\alpha}} & \xi \geq \alpha \end{cases}$$



gdzie  $\alpha$  - pozycja genotypu na posortowanej liście populacji

$N$  - rozmiar populacji

$\xi$  - zmienna losowa rozkładu jednorodnego (funkcja rand())

W drugiej metodzie krzyżowanie następuje sąsiad z sąsiadem, na posortowanej względem wartości funkcji przystosowania liście.

1.3 **Mutacja** - proces odpowiadający za różnorodność populacji, wprowadzający do losowe zmiany, zapobiegający zbyt szybkiej zbieżności do lokalnych rozwiązań. Ale zmiany te powinny być małe, ponieważ mogą spowodować odwrotną sytuację - bardzo wolną zbieżność algorytmu.

Metody zastosowane w implementacji:

- negację losowego bitu
- zamianę dwóch losowo wybranych bitów

Wprowadzony został współczynnik  $\alpha = 0.2$ , który z takim prawdopodobieństwem dopuszcza do zaistnienia mutacji dla danego genotypu, ponieważ zbyt częsta mutacja przy małych populacjach wprowadza dość zauważalny „chaos”.

## 2. Analiza

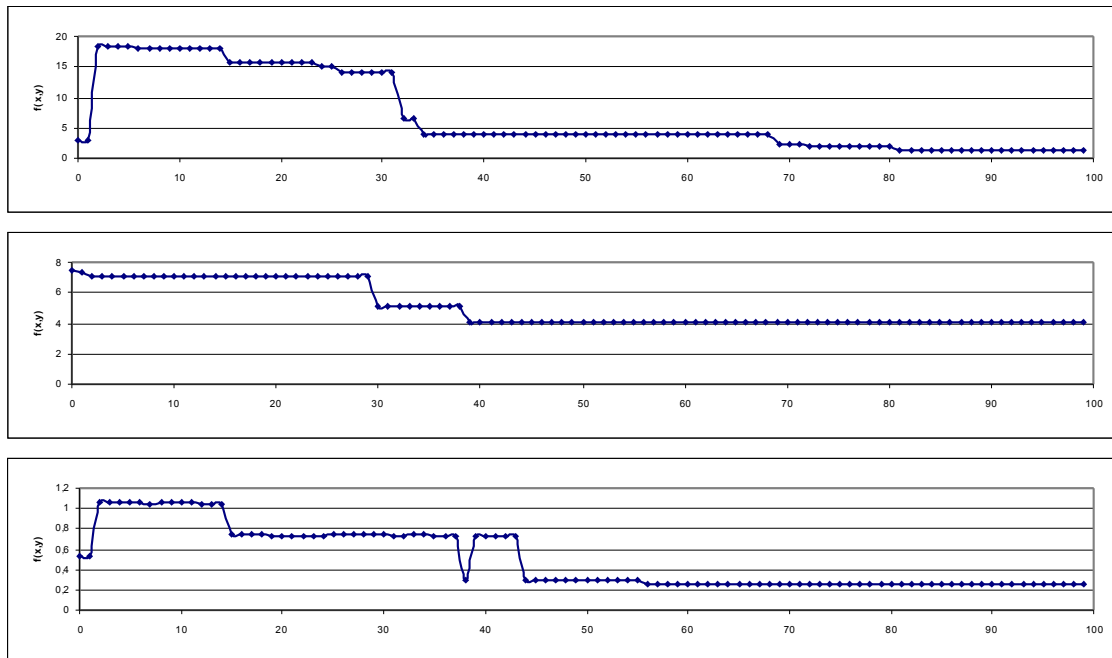
Wszystkie poniższe wykresy przedstawiają wartość rozpatrywanej funkcji (oś Y) w kolejnych iteracjach (oś X). Każdy „eksperyment” został przeprowadzony trzykrotnie po sobie. Rozmiar genotypów – 16 bit.

### 2.1 Funkcja $f(x, y) = (x-1)^2 + (y+2)^2$

Analityczne minimum -  $\min f = (1, 2)$

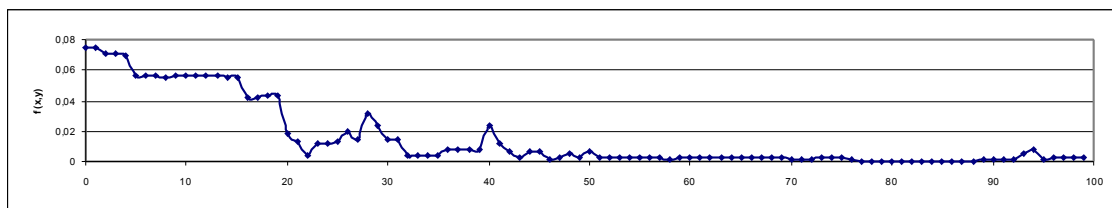
#### 2.1.1 Eksperyment 1 – metodami 1a), 2a), 3a)

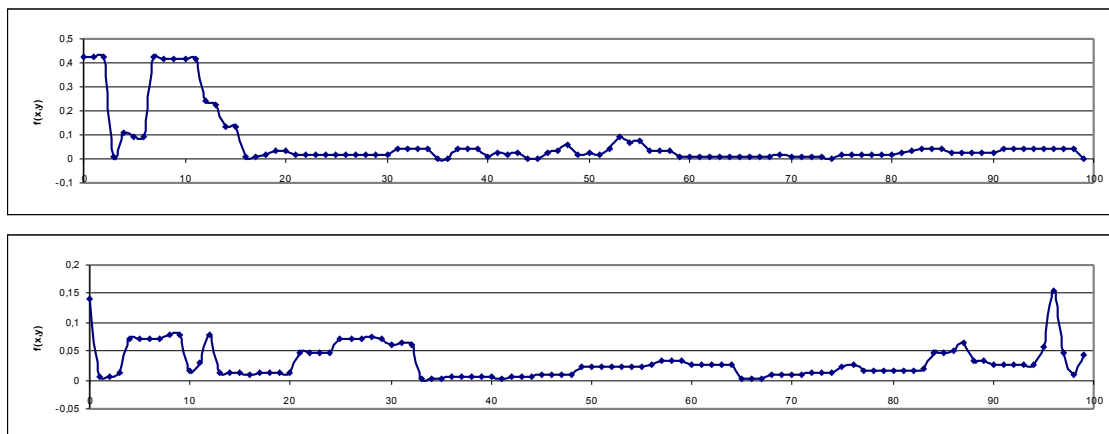
Rozmiar populacji	10
Ilość iteracji	100
Obszar poszukiwań	$\langle(-10, -10); (10, 10)\rangle$



#### 2.1.2 Eksperyment 2 – metodami 1a), 2a), 3a)

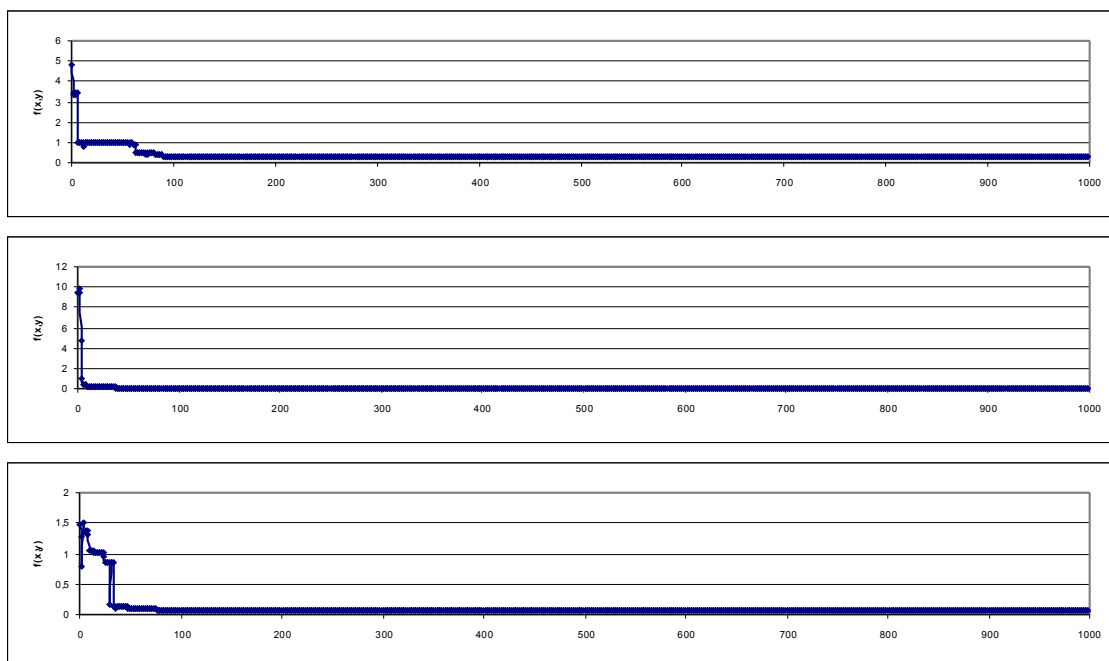
Rozmiar populacji	500
Ilość iteracji	100
Obszar poszukiwań	$\langle(-10, -10); (10, 10)\rangle$





### 2.1.3 Eksperyment 3 - metodami 1a), 2a), 3a)

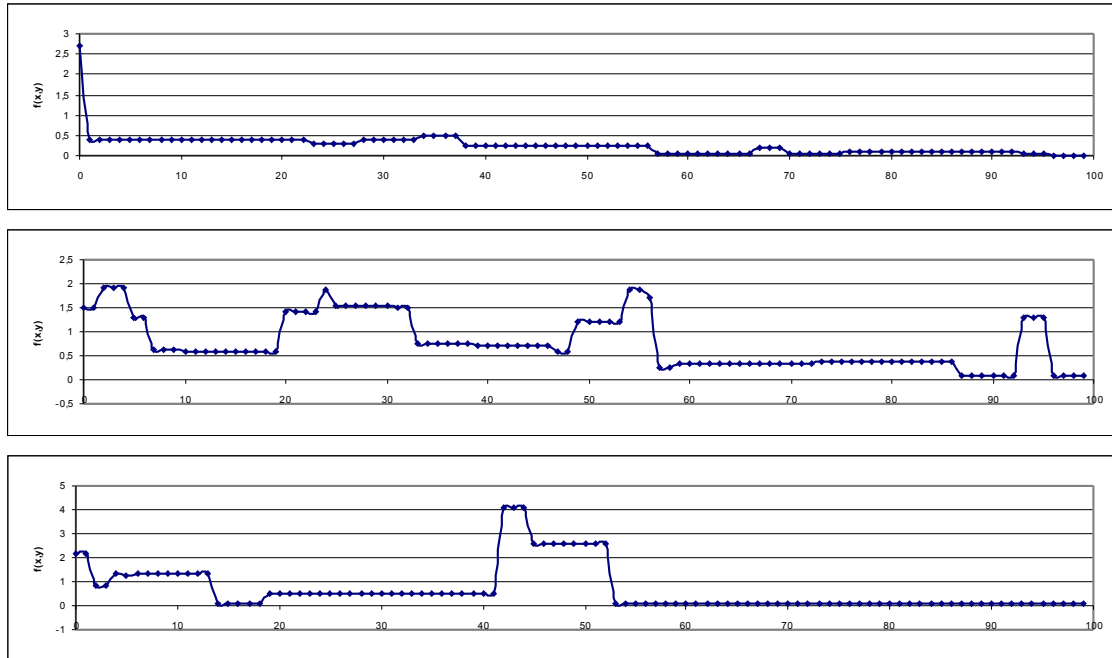
Rozmiar populacji	10
Ilość iteracji	1000
Obszar poszukiwań	$\langle(-10,-10);(10,10)\rangle$



Schemat A: 1a), 2a), 3a) jest algorytmem zbieżnym bez większych przypadkowych wahań, ale przypadek to przypadek i np. w eksperymencie 2, wykres 3, widzimy w ostatnich iteracjach zdecydowany spadek jakości populacji. Może to być wynikiem jakiejś przypadkowej zmiany w najlepszych osobnikach z populacji, których ilość mogła być mała.

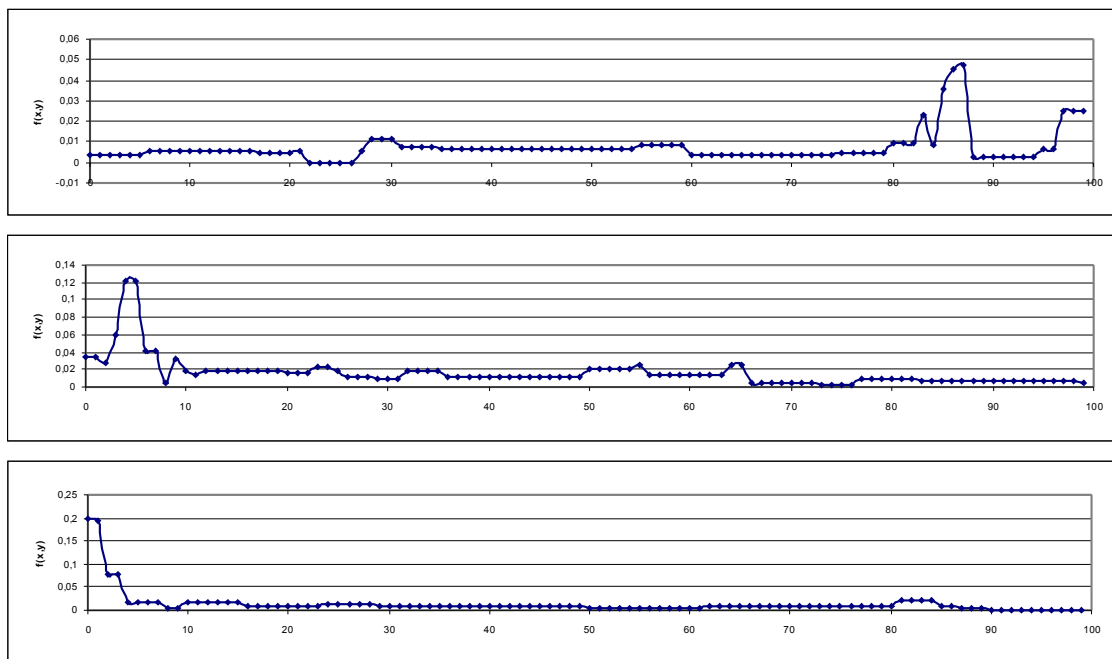
### 2.1.4 Eksperyment 4 - metodami 1b), 2b), 3b)

Rozmiar populacji	10
Ilość iteracji	100
Obszar poszukiwań	$\langle(-10,-10);(10,10)\rangle$



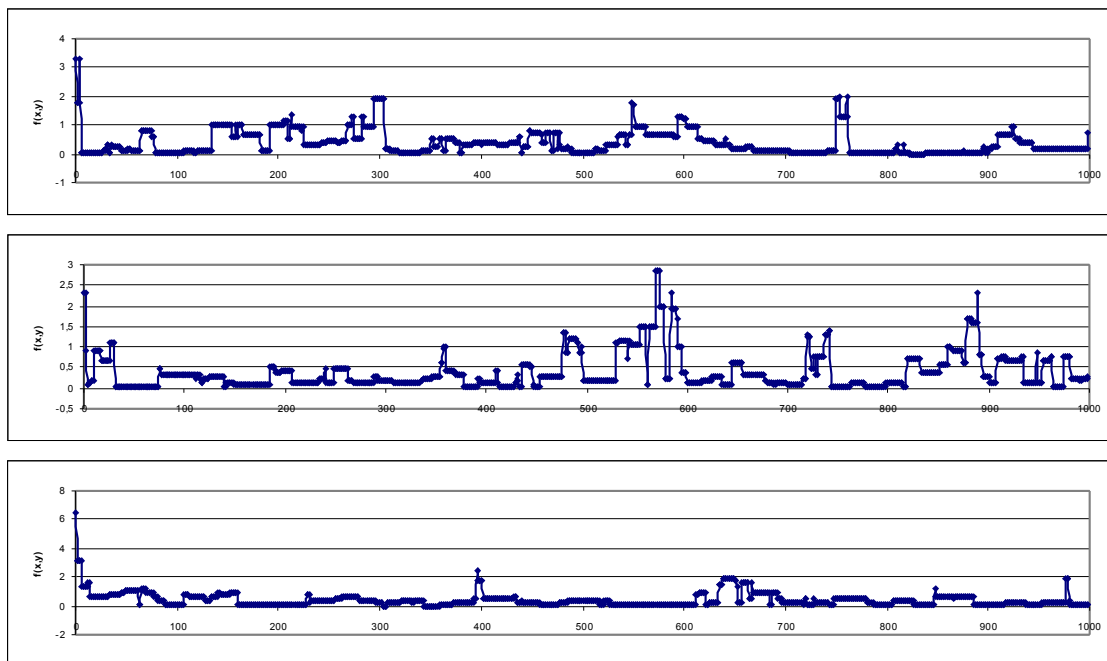
### 2.1.5 Eksperyment 5 - metodami 1b), 2b), 3b)

Rozmiar populacji	500
Ilość iteracji	100
Obszar poszukiwań	$\langle(-10,-10);(10,10)\rangle$



### 2.1.6 Eksperyment 6 - metodami 1b), 2b), 3b)

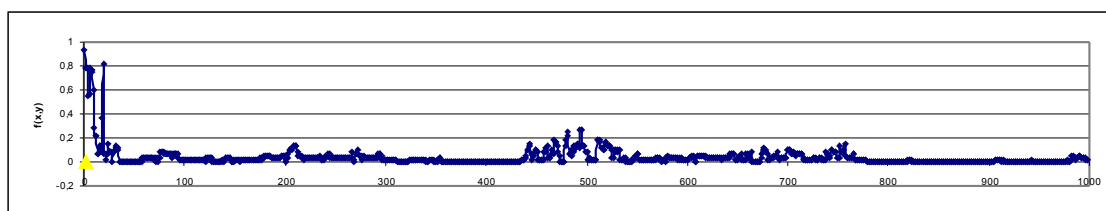
<i>Rozmiar populacji</i>	10
<i>Ilość iteracji</i>	<b>1000</b>
<i>Obszar poszukiwań</i>	$\langle(-10,-10);(10,10)\rangle$



Schemat B: metody 1b), 2b), 3b) są zauważalnie bardziej „chaotyczne”, szczególnie przy małym rozmiarze populacji, jest to dość niepożądane. Przy 500 osobnikach widzimy dużo większą stabilność, ale dalej istnieją losowe bardzo wyraźne odchylenia, które być może spowodowane są zbyt dużym współczynnikiem mutacji, albo działaniem innego etapu wprowadzającego znaczące zmiany do populacji.

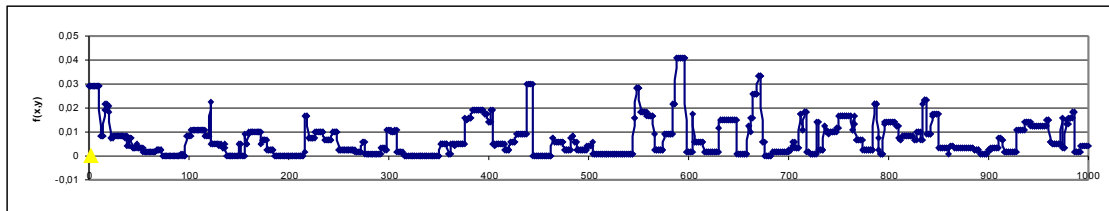
### 2.1.7 Eksperyment 7 – porównanie dwóch schematów A i B

<i>Metoda</i>	A: 1a), 2a), 3a)
<i>Rozmiar populacji</i>	500
<i>Ilość iteracji</i>	1000
<i>Obszar poszukiwań</i>	$\langle(-10,-10);(10,10)\rangle$
<i>Średnia</i>	0,038572561



<i>Metoda</i>	B: 1b), 2b), 3b)
<i>Rozmiar populacji</i>	500

Ilość iteracji	1000
Obszar poszukiwań	$\langle(-10,-10);(10,10)\rangle$
Średnia	<b>0,007111427</b>



Jak na pierwszy rzut oka widać, że schemat **B** jest bardziej przypadkowy, ale mimo wszystko jego średnia  $\mu_B \approx 0,007$  jest bliższa minimum od średniej  $\mu_A \approx 0,039$  przy tych samych warunkach (ilość iteracji, rozmiar populacji). W dalszym ciągu powinno się przeprowadzić analizę poszczególnych etapów, ich znaczenie w ogólnym algorytmie :

- stopień przypadkowości
- stopień zabezpieczenia najlepszych wyników (aby ich nie utracić, schemat B ma zdecydowanie mniejszy niż A, który *spokojniej* ewoluuje)
- i inne pojawiające się przy głębszym zapewne zainteresowaniu

### 3. Literatura

[1] Materiały do laboratoriów z Metod Optymalizacji, mgr Agnieszka Bołtuc  
[http://gold.uwb.edu.pl/~aboltuc/index.php?option=com\\_content&task=category&sectionid=2&id=18&Itemid=33](http://gold.uwb.edu.pl/~aboltuc/index.php?option=com_content&task=category&sectionid=2&id=18&Itemid=33)

[2] Wikipedia [http://pl.wikipedia.org/wiki/Algorytm\\_genetyczny](http://pl.wikipedia.org/wiki/Algorytm_genetyczny)