POLITECHNIKA ŚWIĘTOKRZYSKA

Wydział Elektrotechniki, Automatyki i Informatyki

Laboratorium: System	y dynamiczne	
wzmocnienia statyczneg	odstawowych parametrów k o), T (stała czasowa) członu fikowanego algorytmu genet	inercyjnego I rzędu z
Numer ćwiczenia: 2	Członkowie zespołu: Artur Szymkiewicz	Grupa: 2ID12A
Ocena:		Data wykonania ćwiczenia: 10.05.2024

SPIS TREŚCI

1. CELE ĆWICZENIA	3
2. PRZEBIEG ĆWICZENIA	3
2.1. Zadanie 1	3
2.2. Zadanie 2	5
2.3. Zadanie 3	7
2.4. Zadanie 4	9
2.5. Zadanie 5	11
3. PODSUMOWANIE	13

1. CELE ĆWICZENIA

- 1. Przeanalizować wpływ liczby iteracji AG na zbieżność charakterystyk czasowych zamodelowanego członu dynamicznego (na wartości wyznaczanych parametrów K, T).
- 2. Przeanalizować wpływ przestrzeni poszukiwań AG na zbieżność charakterystyk czasowych zamodelowanego członu dynamicznego (na wartości wyznaczanych parametrów K, T).
- 3. Przeanalizować wpływ rozmiaru populacji AG na zbieżność charakterystyk czasowych zamodelowanego członu dynamicznego (na wartości wyznaczanych parametrów K, T).
- 4. Przeanalizować wpływ prawdopodobieństwa krzyżowania AG na zbieżność charakterystyk czasowych zamodelowanego członu dynamicznego (na wartości wyznaczanych parametrów K, T).
- 5. Przeanalizować wpływ prawdopodobieństwa mutacji AG na zbieżność charakterystyk czasowych zamodelowanego członu dynamicznego (na wartości wyznaczanych parametrów K, T).

2. PRZEBIEG ĆWICZENIA

Zadanie 1

Dla inercyjnego członu pierwszego rzędu uruchomiliśmy procedurę 10 razy, zapisaliśmy wyniki najlepszego osobnika z uwagi na najmniejszą wartość błędu parametru J. Wynik stanowią parametry J, K, T. Obliczyć średnią arytmetyczną z 10-ciu doświadczeń parametrów J, K, T. Oceniliśmy rozwiązanie problemu na podstawie średniego najmniejszego J ze wszystkich pomiarów, dla którego określamy rozwiązanie problemu w postaci K, T.

- Rozmiar populacji domyślne (70)
- Liczba iteracji algorytmu genetycznego 200, 300, 500
- Prawdopodobieństwo krzyżowania domyślne
- Prawdopodobieństwo mutacji domyślne
- Przestrzeń poszukiwań T domyślne
- Przestrzeń poszukiwań K domyślne

a) Liczba iteracji: 200

Nr.	K	T	J
1	0,892	0,912	1,260
2	0,893	0,457	0,814
3	0,875	0,363	0,996
4	0,888	0,434	0,87
5	0,861	0,039	1,137
6	0,857	0,455	1,357
7	0,963	0,413	0,154
8	0,948	0,505	0,299
9	0,927	0,469	0,445
10	0,898	0,53	0,805
\bar{x}	0,900	0,458	0,814

c) Liczba iteracji: 500

Nr.	K	T	J
1	0,896	0,451	0,771
2	0,864	0,282	1,138
3	0,940	0,245	0,218
4	0,863	0,492	1,286
5	0,893	0,545	0,887
6	0,890	0,421	0,821
7	0,944	0,611	0,408
8	0,917	0,510	0,575
9	0,866	0,353	1,140
10	0,885	0,550	1,008
\bar{x}	0,896	0,446	0,825

Najlepszy osobnik

b) Liczba iteracji: 300

Nr.	K	T	J
1	0,984	0,440	0,091
2	0,908	0,522	0,685
3	0,891	0,534	0,909
4	0,885	0,555	1,002
5	0,891	0,179	0,698
6	0,902	0,027	0,563
7	0,942	0,440	0,297
8	0,870	0,352	1,077
9	0,934	0,518	0,413
10	0,941	0,324	0,241
$\bar{\chi}$	0,915	0,389	0,598

Uzyskane pojedyncze wyniki wydają się do siebie zbliżone. Większe różnice można zobaczyć po policzeniu średnich z 10 pomiarów. Najmniejsze *J* zostało uzyskane dla 300 iteracji. Zmiana liczby iteracji algorytmu genetycznego wpłynęła na zbieżność procesu genetycznego. Wyznaczone średnie wartości parametrów *K* i *T* dla 300 iteracji są większe niż dla 200 i są jednocześnie większe niż dla 500 iteracji.

Rozwiązaniem częściowym problemu jest

K = 0.915

T = 0.389

J = 0.598

Są to wartości uzyskane dla 300 iteracji.

Zadanie 2

Dla inercyjnego członu pierwszego rzędu uruchomiliśmy procedurę 10 razy, zapisaliśmy wyniki najlepszego osobnika z uwagi na najmniejszą wartość błędu parametru *J.* Wynik stanowią parametry *J, K, T.* Obliczyć średnią arytmetyczną z 10-ciu doświadczeń parametrów *J, K, T.* Oceniliśmy rozwiązanie problemu na podstawie średniego najmniejszego *J* ze wszystkich pomiarów, dla którego określamy rozwiązanie problemu w postaci *K, T.*

- Rozmiar populacji domyślne (70)
- Liczba iteracji algorytmu genetycznego najlepszy wynik z zadania 1
- Prawdopodobieństwo krzyżowania domyślne
- Prawdopodobieństwo mutacji domyślne
- Przestrzeń poszukiwań T,K <0,1;1> <0,1;3> <0,1;5>.

a) Przestrzeń poszukiwań T,K: 0,1;1

b) Przestrzeń poszukiwań T,K: 0,1;3

Nr.	K	T	J
1	0,984	0,440	0,091
2	0,908	0,522	0,685
3	0,891	0,534	0,909
4	0,885	0,555	1,002
5	0,891	0,179	0,698
6	0,902	0,027	0,563
7	0,942	0,440	0,297
8	0,870	0,352	1,077
9	0,934	0,518	0,413
10	0,941	0,324	0,241
\bar{x}	0,915	0,389	0,598

Nr.	K	T	J
1	1,115	1,433	1,306
2	1,026	1,421	0,831
3	1,091	1,423	1,082
4	1,084	1,498	1,088
5	1,050	1,565	0,988
6	1,077	1,381	0,960
7	1,024	1,580	0,971
8	1,089	1,649	1,234
9	1,107	1,264	1,120
10	1,108	1,524	1,300
\bar{x}	1,077	1,474	1,088

c) Przestrzeń poszukiwań T,K : 0,1;5

Nr.	K	T	J
1	1,106	2,096	1,683
2	1,065	2,665	1,938
3	1,070	2,616	1,906
4	1,094	2,174	1,655
5	1,140	2,609	2,322
6	1,032	1,448	0,858
7	1,070	2,469	1,786
8	1,105	2,125	1,698
9	1,182	0,485	1,922
10	1,036	2,229	1,545
\bar{x}	1,090	2,092	1,731

Najlepszy osobnik

Uzyskane pojedyncze wyniki widocznie różnią się od siebie. Jeszcze większe różnice można zobaczyć po policzeniu średnich z 10 pomiarów. Najmniejsze J zostało uzyskane dla przestrzeni poszukiwań T,K : 0,1;1. Zmiana przestrzeni poszukiwań algorytmu genetycznego wpłynęła na zbieżność procesu genetycznego. Wyznaczone średnie wartości parametrów K i T dla przestrzeni poszukiwań 0,1;1 są większe niż dla przestrzeni poszukiwań 0,1;3. i są jednocześnie większe niż dla przestrzeni poszukiwań T,K : 0,1;5.

Rozwiązaniem częściowym problemu jest

K = 0.915

T = 0.389

J = 0.598

Są to wartości uzyskane dla przestrzeni poszukiwań T,K: 0,1;1.

Zadanie 3

Dla inercyjnego członu pierwszego rzędu uruchomiliśmy procedurę 10 razy, zapisaliśmy wyniki najlepszego osobnika z uwagi na najmniejszą wartość błędu parametru J. Wynik stanowią parametry J, K, T. Obliczyć średnią arytmetyczną z 10-ciu doświadczeń parametrów J, K, T. Oceniliśmy rozwiązanie problemu na podstawie średniego najmniejszego J ze wszystkich pomiarów, dla którego określamy rozwiązanie problemu w postaci K, T.

- Rozmiar populacji 30, 50, 70, 100
- Liczba iteracji algorytmu genetycznego najlepszy wynik z zadania 1
- Prawdopodobieństwo krzyżowania domyślne
- Prawdopodobieństwo mutacji domyślne
- Przestrzeń poszukiwań T,K najlepszy wynik z zadania 2

a) Rozmiar populacji: 30

Nr.	K	T	J
1	0,877	0,613	1,180
2	0,952	0,078	0,136
3	0,972	0,478	0,152
4	0,982	0,361	0,055
5	0,975	0,237	0,040
6	0,961	0,445	0,181
7	0,948	0,533	0,319
8	0,963	0,059	0,081
9	0,855	0,395	1,356
10	0,952	0,390	0,199
\bar{x}	0,944	0,359	0,370

b) Rozmiar populacji: 50

Nr.	K	T	J
1	0,934	0,325	0,291
2	0,894	0,171	0,660
3	0,909	0,305	0,521
4	0,882	0,527	1,022
5	0,956	0,878	0,562
6	0,899	0,472	0,744
7	0,878	0,383	0,965
8	0,930	0,887	0,781
9	0,935	0,654	0,520
10	0,943	0,419	0,277
\bar{x}	0,916	0,502	0,634

c) Rozmiar populacji: 70

Nr.	K	T	J
1	0,984	0,440	0,091
2	0,908	0,522	0,685
3	0,891	0,534	0,909
4	0,885	0,555	1,002
5	0,891	0,179	0,698
6	0,902	0,027	0,563
7	0,942	0,440	0,297
8	0,870	0,352	1,077
9	0,934	0,518	0,413
10	0,941	0,324	0,241
\bar{x}	0,915	0,389	0,598

d) Rozmiar populacji: 100

Nr.	K	T	J
1	0,895	0,480	0,803
2	0,926	0,559	0,524
3	0,980	0,571	0,185
4	0,967	0,552	0,222
5	0,889	0,463	0,873
6	0,964	0,542	0,229
7	0,931	0,487	0,417
8	0,868	0,500	1,223
9	0,942	0,512	0,346
10	0,892	0,433	0,815
\bar{x}	0,925	0,510	0,564

Uzyskane pojedyncze wyniki wydają się do siebie zbliżone. Większe różnice można zobaczyć po policzeniu średnich z 10 pomiarów. Najmniejsze *J* zostało uzyskane dla populacji równej 30. Zmiana liczby iteracji algorytmu genetycznego wpłynęła na zbieżność procesu genetycznego. Wyznaczone średnie wartości parametrów *K* i *T* dla populacji równej 30 są większe niż dla 50, 70 i są jednocześnie większe niż dla populacji równej 100.

Rozwiązaniem częściowym problemu jest

K = 0.944

T = 0.359

J = 0.370

Są to wartości uzyskane dla populacji równej 30.

Zadanie 4

Dla inercyjnego członu pierwszego rzędu uruchomiliśmy procedurę 10 razy, zapisaliśmy wyniki najlepszego osobnika z uwagi na najmniejszą wartość błędu parametru J. Wynik stanowią parametry J, K, T. Obliczyć średnią arytmetyczną z 10-ciu doświadczeń parametrów J, K, T. Oceniliśmy rozwiązanie problemu na podstawie średniego najmniejszego J ze wszystkich pomiarów, dla którego określamy rozwiązanie problemu w postaci K, T.

- Rozmiar populacji najlepszy wynik z zadania 3
- Liczba iteracji algorytmu genetycznego najlepszy wynik z zadania 1
- Prawdopodobieństwo krzyżowania 0; 0,4; 1.
- Prawdopodobieństwo mutacji domyślne
- Przestrzeń poszukiwań T,K najlepszy wynik z zadania 2

a) Prawdopodobieństwo krzyżowania: 0

b) Prawdopodobieństwo krzyżowania: 0,4

Nr.	K	T	J
1	0,987	0,200	0,101
2	0,999	0,200	0,001
3	0,970	0,800	0,411
4	0,975	0,300	0,056
5	0,993	0,200	0,003
6	0,990	0,500	0,114
7	0,950	0,190	0,148
8	0,923	0,700	0,676
9	0,996	0,200	0,001
10	0,990	0,590	0,174
\bar{x}	0,977	0,388	0,169

Nr.	K	T	J
1	0,939	0,446	0,328
2	0,976	0,396	0,090
3	0,974	0,461	0,136
4	0,955	0,538	0,279
5	0,958	0,339	0,141
6	0,960	0,344	0,136
7	0,965	0,333	0,108
8	0,934	0,225	0,265
9	0,934	0,241	0,267
10	0,972	0,452	0,137
$\bar{\chi}$	0,957	0,378	0,189

c) Prawdopodobieństwo krzyżowania: 1

Nr.	K	T	J
1	0,855	0,464	1,421
2	0,871	0,415	1,095
3	0,871	0,451	1,132
4	0,870	0,428	1,128
5	0,846	0,211	1,430
6	0,956	0,416	0,191
7	0,876	0,427	1,044
8	0,875	0,455	1,082
9	0,862	0,080	1,131
10	0,890	0,489	0,900
$\bar{\chi}$	0,877	0,384	1,055

W tym zadaniu można zauważyć ciekawy przypadek. Dla prawdopodobieństwa krzyżowania równego 0 wartości parametru *K* są zbliżone lub równe 0,4. Występują dwa wyniki będące jednocześnie najlepszymi osobnikami. Spoglądając na wartości średnie zauważamy drobne różnice w parametrze K, nieco większe w parametrze T oraz znaczne rozbieżności w parametrze *J*. Różnice są tak niewielkie, że nie jesteśmy w stanie ocenić, czy zmiana rozmiaru prawdopodobieństwa krzyżowania wpływa na zbieżność procesu genetycznego i wartości *K*, *T*.

Rozwiązaniem częściowym problemu jest K=0,977 T=0,388

J = 0.169

Są to wartości uzyskane dla prawdopodobieństwa krzyżowania równego 0.

Zadanie 5

Dla inercyjnego członu pierwszego rzędu uruchomiliśmy procedurę 10 razy, zapisaliśmy wyniki najlepszego osobnika z uwagi na najmniejszą wartość błędu parametru *J.* Wynik stanowią parametry *J, K, T.* Obliczyć średnią arytmetyczną z 10-ciu doświadczeń parametrów *J, K, T.* Oceniliśmy rozwiązanie problemu na podstawie średniego najmniejszego *J* ze wszystkich pomiarów, dla którego określamy rozwiązanie problemu w postaci *K, T.*

- Rozmiar populacji najlepszy wynik z zadania 3
- Liczba iteracji algorytmu genetycznego najlepszy wynik z zadania 1
- Prawdopodobieństwo krzyżowania najlepszy wynik z zadania 4
- Prawdopodobieństwo mutacji 0,01; 0,6; 1
- Przestrzeń poszukiwań T,K najlepszy wynik z zadania 2

a) Prawdopodobieństwo mutacji: 0.01

b) Prawdopodobieństwo mutacji: 0.6

Nr.	K	T	J
1	0,964	0,114	0,077
2	0,974	0,118	0,041
3	0,980	0,235	0,027
4	0,969	0,220	0,059
5	0,980	0,093	0,027
6	0,971	0,180	0,049
7	0,983	0,348	0,050
8	0,967	0,167	0,064
9	0,981	0,053	0,155
10	0,996	0,529	0,123
\bar{x}	0,977	0,206	0,067

Nr.	K	T	J
1	0,910	0,400	0,573
2	0,999	0,200	0,001
3	0,910	0,500	0,645
4	0,900	0,100	0,589
5	0,999	0,200	0,001
6	0,999	0,400	0,049
7	0,986	0,200	0,012
8	0,999	0,200	0,001
9	0,990	0,100	0,010
10	1,000	0,200	0,000
$\bar{\chi}$	0,969	0,250	0,188

c) Prawdopodobieństwo mutacji: 0,5

Nr.	K	T	J
1	0,987	0,200	0,101
2	0,999	0,200	0,001
3	0,970	0,800	0,411
4	0,975	0,300	0,056
5	0,993	0,200	0,003
6	0,990	0,500	0,114
7	0,950	0,190	0,148
8	0,923	0,700	0,676
9	0,996	0,200	0,001
10	0,990	0,590	0,174
\bar{x}	0,977	0,388	0,169

c) Prawdopodobieństwo mutacji: 1

Nr.	K	T	J
1	1,000	0,200	0,000
2	0,999	0,200	0,001
3	0,900	0,300	0,632
4	1,000	0,200	0,000
5	0,990	0,100	0,010
6	0,999	0,200	0,001
7	0,980	0,100	0,026
8	0,940	0,300	0,241
9	0,950	0,200	0,150
10	1,000	0,200	0,000
\bar{x}	0,976	0,200	0,106

Dla <0,5><0,6> i <1> - trzech badanych ustawień wartości średnie parametrów K oraz T niewiele

różnią się od siebie. W przypadku prawdopodobieństwa mutacji równego 0,01, różnica w stosunku do poprzednich nastaw jest zauważalna dla parametru K i znaczna dla parametru

T. Można zatem wysunąć wniosek, ze zmiana prawdopodobieństwa mutacji wpłynęła na zbieżność procesu genetycznego i wyznaczone wartości K i T.

Rozwiązaniem częściowym problemu jest K = 0,977 T = 0,206 J = 0,067

Są to wartości uzyskane dla prawdopodobieństwa mutacji równego 0,01.

3. PODSUMOWANIE

Na podstawie przeprowadzonych badań można stwierdzić, dobór parametrów kontrolnych poprawił jakość otrzymanego rozwiązania. Aby można było stwierdzić, że dobór wszystkich parametrów poprawił jakość rozwiązania potrzebne było by ponowne przeprowadzenie eksperymentu dla innych wartości prawdopodobieństwa krzyżowania. Zmieniając wartości parametrów takich jak liczba iteracji, przestrzeń poszukiwań , wielkość populacji, wartość krzyżowania oraz prawdopodobieństwo mutacji otrzymywaliśmy częściowe rozwiązania problemu, które przybliżały nas do rozwiązania procesu identyfikacji parametrycznej. Z każdym kolejnym zadaniem, które bazowało na rozwiązaniu z poprzedniego obserwowaliśmy spadek wartości średniej parametru *J*.

Rozwiązaniem procesu identyfikacji parametrycznej jest: J = 0.067. Jest to wynik uzyskany dla poniższych ustawień:

- 1. Rozmiar populacji 30
- 2. Przestrzeń poszukiwań 0,1;1
- 3. Liczba iteracji algorytmu genetycznego 300
- **4.** Prawdopodobieństwo krzyżowania 0
- **5.** Prawdopodobieństwo mutacji 0.01

Oraz dla parametrów K i T równych odpowiednio 0,977 oraz 0,206