

Τεχνικές Βελτιστοποίησης

Project

Βέλτιστη επιλογή κερδών ελεγκτή τύπου PID με χρήση γενετικού αλγορίθμου

Γιώργος Τσουμπλέκας, gktsoump@ece.auth.gr, AEM: 9359

0 Εισαγωγή

Στην συγκεκριμένη εργασία καλούμαστε να υπολογίσουμε τα κέρδη ενός ελεγκτή κατά τον βέλτιστο δυνατό τρόπο ώστε να ικανοποιούνται συγκεκριμένες σχεδιαστικές προδιαγραφές. Για την εύρεση των βέλτιστων αυτών κερδών εφαρμόστηκε ένας γενετικός αλγόριθμος, εκμεταλλευόμενοι κατά αυτόν τον τρόπο και το γεγονός ότι δεν είναι γνωστή η αναλυτική έκφραση του υπό μελέτη συστήματος. Ακολουθεί η ανάλυση του αλγορίθμου που εφαρμόσαμε και στο τέλος παρουσιάζονται και κάποια πειραματικά αποτελέσματα και παρατηρήσεις.

1 Προδιαγραφές συστήματος

Αρχικά, προκειμένου να μπορέσουμε να εφαρμόσουμε τον γενετικό αλγόριθμο είναι απαραίτητο να ορίσουμε κατάλληλους δείκτες για την μέτρηση των χαρακτηριστικών του συστήματος που υπόκεινται στους δοσμένους περιορισμούς. Επιπλέον, οι συγκεκριμένοι δείκτες είναι απαραίτητοι και για τον ορισμό της συνάρτησης ικανότητας (fitness function) που θα χρησιμοποιήσουμε. Βάσει των 6 προδιαγραφών που δίνονται, δημιουργούμε 6 δείκτες J_1, \dots, J_6 , έναν για κάθε προδιαγραφή.

- **Δείκτης J_1 :** Θέλουμε σφάλματα παρακολούθησης εξόδου στην μόνιμη κατάσταση το πολύ $\pi/180$ rad επομένως:

$$J_1 = \max_{t \rightarrow \infty} |e_i(t)| \leq \pi/180, i = 1, 2 \quad (1)$$

Για διακριτό χρόνο (μέσω δειγματοληψίας) ορίζουμε ως άπειρο την τελευταία τιμή που παίρνουμε από την δειγματοληψία και τότε η (1) γίνεται:

$$J_1 = \max_{n=N-1} |e_i[n]| \leq \pi/180, i = 1, 2 \quad (2)$$

- **Δείκτης J_2 :** Το σφάλμα παρακολούθησης εξόδου ορίστηκε ως η μέγιστη τιμή που παίρνει το σφάλμα παρακολούθησης μείον την τιμή του σφάλματος στην μόνιμη κατάσταση

και έτσι έχουμε:

$$J_2 = \max_{t < t_{ss}} |e_{1MAX} - e_{iss}| \leq \pi/180, i = 1, 2 \quad (3)$$

και για διακριτό χρόνο:

$$J_2 = \max_{n < N-1} |e_{1MAX} - e_i[N]| \leq \pi/180, i = 1, 2 \quad (4)$$

- **Δείκτης J3:** Επιθυμούμε ουσιαστικά η απόλυτη τιμή του σφάλματος παρακολούθησης για χρονικές στιγμές μετά του 1s να είναι μικρότερη από $\pi/180$ rad επομένως:

$$J_3 = \max_{t \geq 1} |e_i(t)| \leq \pi/180, i = 1, 2 \quad (5)$$

και για διακριτούς χρόνους:

$$J_3 = \max_{nT \geq 1} |e_i[n]| \leq \pi/180, i = 1, 2 \quad (6)$$

- **Δείκτης J4:** Η στιγμιαία τιμή της εισόδου ελέγχου πρέπει να είναι μικρότερη από 18V επομένως:

$$J_4 = \max_{t \geq 0} |u_i(t)| \leq 18, i = 1, 2 \quad (7)$$

και για διακριτούς χρόνους:

$$J_4 = \max_{n \geq 0} |u_i[n]| \leq 18, i = 1, 2 \quad (8)$$

- **Δείκτης J5:** Η στιγμιαία μεταβολή της εισόδου ελέγχου δεν πρέπει να ξεπερνάει τα 160V/s επομένως:

$$J_5 = \max_{t \geq 0} \left| \frac{du_i(t)}{dt} \right| \leq 160, i = 1, 2 \quad (9)$$

και για διακριτούς χρόνους:

$$J_5 = \max_{t \geq 0} \left| \frac{u_i[n] - u_i[n-1]}{T} \right| \leq 160, i = 1, 2 \quad (10)$$

όπου T ο χρόνος δειγματοληψίας.

- **Δείκτης J6:** Ορίζουμε την μέγιστη μεταβολή της εισόδου ελέγχου ως την απόλυτη τιμή της διαφοράς της μεγαλύτερης και της μικρότερης τιμής που παίρνει και τότε έχουμε:

$$J_6 = \max_{t_1 \geq 0, t_2 > t_1} |u_i(t_1) - u_i(t_2)|, i = 1, 2 \quad (11)$$

και για διακριτούς χρόνους:

$$J_6 = \max_{0 \leq n_1 \leq N-2, n_2 > n_1} |u_i[n_1] - u_i[n_2]|, i = 1, 2 \quad (12)$$

2 Ανάλυση του γενετικού αλγορίθμου

2.1 Συνάρτηση ικανότητας

Η συνάρτηση ικανότητας (fitness function) υλοποιήθηκε με τέτοιο τρόπο ώστε να ικανοποιούνται τα εξής χαρακτηριστικά:

- Να έχει εύρος τιμών στο διάστημα $[0,100)$ με τα ικανότερα χρωμοσώματα να θεωρούνται αυτά που παίρνουν μικρότερες τιμές ικανότητας.
- Αν δεν τηρείται έστω και μια από τις δοσμένες προδιαγραφές αυτόματα η τιμή ικανότητας για το χρωμόσωμα αυτό να είναι ≥ 50 .

Βάσει των παραπάνω χαρακτηριστικών λοιπόν διακρίνουμε τις εξής 2 περιπτώσεις:

1) Ικανοποιούνται όλοι οι περιορισμοί: Στην περίπτωση αυτή έχουμε ότι η συνάρτηση θα παίρνει τιμές στο $[0,50)$. Στο συγκεκριμένο πρόβλημα έχουμε 6 περιορισμούς που κωδικοποιούνται μέσω των δεικτών J επομένως κάθε ένας από αυτούς τους δείκτες μπορεί να συνεισφέρει το πολύ κατά $\frac{50}{6}$. Δηλαδή όσο μικρότερη είναι η τιμή του δείκτη, η συνεισφορά του στην συνάρτηση ικανότητας θα τείνει στο 0 ενώ όσο μεγαλύτερη είναι, η συνεισφορά του θα τείνει στα $\frac{50}{6}$. Για τους δείκτες J_1, \dots, J_5 για τους οποίους έχουμε περιορισμό στις μέγιστες αποδεκτές τιμές τους (έστω J_{MAX} η μέγιστη αποδεκτή τιμή) ορίζουμε την συνεισφορά τους ως $\frac{50}{6} \frac{J_i}{J_{iMAX}}, i = 1, \dots, 5$. Για τον δείκτη J_6 για τον οποίο δεν υπάρχει κάποιος περιορισμός ως προς την μέγιστη τιμή του η συνεισφορά του στην συνάρτηση ικανότητας ορίζεται ως $\frac{50}{6} \frac{J_6}{J_6 + \beta}$. Το β είναι μια θετική σταθερά που βεβαιώνει ότι η συνεισφορά του όρου είναι πάντα $\leq \frac{50}{6}$ και εν προκειμένω $\beta = 100$. Η τελική έκφραση της συνάρτησης ικανότητας αν πληρούνται όλοι οι περιορισμοί για τους δείκτες J είναι:

$$f(J) = \frac{50}{6} \sum_{i=1}^5 \frac{J_i}{J_{iMAX}} + \frac{50}{6} \frac{J_6}{J_6 + 100} \quad (13)$$

2) Δεν ικανοποιούνται όλοι οι περιορισμοί: Στην περίπτωση αυτή γνωρίζουμε ότι η συνάρτηση ικανότητας θα παίρνει τιμές στο διάστημα $[50,100)$. Για τους δείκτες J υπάρχουν 5 περιορισμοί ως προς τις μέγιστες τιμές τους και επιθυμούμε κάθε ένας από αυτούς τους όρους να συνεισφέρει εξίσου στην τιμή της συνάρτησης ικανότητας (η συνεισφορά του J_6 εδώ παραλείπεται αφού δεν υπόκειται σε κάποιο περιορισμό). Προκειμένου να υπάρχει αντίστοιχη συνεισφορά από τον κάθε δείκτη καθέννας από αυτούς συνεισφέρει στο διάστημα $(0,10)$. Όσο περισσότερο παραβιάζεται κάποιος περιορισμός τόσο μεγαλύτερη θα είναι και η συνεισφορά αυτού του δείκτη με την τιμή συνεισφοράς του να τείνει στο 10. Πιο συγκεκριμένα, κάθε δείκτης που παραβιάζει τον περιορισμό του θα συνεισφέρει κατά έναν όρο $\frac{10J_i}{J_i + a_i}, i = 1, \dots, 5$ όπου J_i η τιμή του δείκτη και $a_i > 0$ σταθερά. Βλέπουμε ότι το κλάσμα αυτό παίρνει τιμές στο $(0,10)$ και όσο μεγαλώνει η τιμή του J_i η τιμή του τείνει προς το 10. Οι τιμές των σταθερών a_i εξαρτώνται από το εύρος των αποδεκτών τιμών του εκάστοτε J με το a να παίρνει μεγαλύτερες

τιμές καθώς μεγαλώνει το εύρος αυτό (πχ για το J_5 που το εύρος τιμών του είναι $[0,160]$ το a_5 έχει μεγαλύτερη τιμή από το a_1 όπου το εύρος τιμών του J_1 είναι $[0, \frac{\pi}{180}]$). Από όλα τα παραπάνω τελικά καταλήγουμε στην εξής έκφραση για την συνάρτηση ικανότητας όταν δεν ικανοποιούνται όλοι οι περιορισμοί:

$$f(J) = 50 + \sum_{i=1}^5 \frac{10\overline{J}_i}{\overline{J}_i + \alpha_i} \quad (14)$$

όπου:

$$\overline{J}_i = \begin{cases} 0 & J_i < J_{iMAX} \\ J_i & J_i \geq J_{iMAX} \end{cases} \quad (15)$$

Συνολικά, λοιπόν, για τον υπολογισμό της τιμής ικανότητας ενός συγκεκριμένου χρωμοσώματος βλέπουμε αρχικά αν οι δείκτες J που αντιστοιχούν στο χρωμοσώμα αυτό ικανοποιούν τους περιορισμούς ή όχι και ανάλογα υπολογίζουμε την τιμή ικανότητας χρησιμοποιώντας την σχέση (13) ή (14).

2.2 Κωδικοποίηση χρωμοσωμάτων

Ενώ γενικά ο βασικός τρόπος κωδικοποίησης των τιμών των μεταβλητών στα χρωμοσώματα είναι ως δυαδικοί αριθμοί, στην συγκεκριμένη περίπτωση προτιμήθηκε οι τιμές να μείνουν ως έχουν και έτσι το χρωμόσωμα να περιέχει αριθμούς κινητής υποδιαστολής. Ο βασικότερος λόγος για την επιλογή αυτή είναι για την αποφυγή μετατροπής αριθμών κινητής υποδιαστολής σε δυαδικούς που παρουσιάζει κάποιες δυσκολίες και θα απαιτούσε την χρήση αρκετά μεγάλων strings δυαδικών για την αναπαράσταση τους με επαρκή ακρίβεια. Ακόμα, με τον τρόπο αυτό βελτιώνεται και η ταχύτητα του γενετικού αλγορίθμου αφού δεν χρειάζεται να γίνονται συνέχεια μετατροπές από float σε δυαδικό και αντίστροφα[1]. Βέβαια, είναι προφανές ότι θα πρέπει να γίνουν ορισμένες αλλαγές στον τρόπο λειτουργίας των τελεστών μετάλλαξης και διασταύρωσης. Οι αλλαγές αυτές παρουσιάζονται στις αντίστοιχες παραγράφους. Έτσι, λοιπόν, κάθε χρωμόσωμα είναι στην ουσία ένα διάνυσμα με 6 αριθμούς κινητής υποδιαστολής όπου οι αριθμοί αυτοί αντιστοιχούν στις τιμές των παραμέτρων K_P, K_D, K_I του PID ελεγκτή.

2.3 Επιλογή

Αφού έχουμε υπολογίσει την τιμή ικανότητας βάσει της συνάρτησης ικανότητας για κάθε χρωμόσωμα του τρέχοντα πληθυσμού, καλούμαστε στην συνέχεια να επιλέξουμε κάποια από αυτά τα χρωμοσώματα ώστε με βάση αυτά να δημιουργήσουμε τον πληθυσμό της επόμενης γενιάς. Γενικά, μας ενδιαφέρει τα χρωμοσώματα που θα επιλέξουμε να είναι ικανά να δημιουργήσουν καλύτερους απογόνους. Παρόλα αυτά, όμως δεν θα θέλαμε να επιλεγθούν μόνο τα καλύτερα ως τώρα χρωμοσώματα προκειμένου να αποφύγουμε να εγκλωβιστούμε από νωρίς σε τυχόν τοπικά ελάχιστα. Έτσι, λοιπόν, ως διαδικασία επιλογής εφαρμόζεται ο τροχός της τύχης όπου

η επιλογή γίνεται στοχαστικά αλλά με τρόπο που να ευνοεί τα καλύτερα χρωμοσώματα. Πιο συγκεκριμένα, προβάλλουμε τις τιμές ικανότητας των χρωμοσωμάτων στο διάστημα $[0,1]$ με το 1 να αντιστοιχεί στο χρωμόσωμα με την καλύτερη τιμή ικανότητας και το 0 σε αυτό με την χειρότερη. Αν θεωρήσουμε ότι x είναι η τιμή ικανότητας ενός χρωμοσώματος, x_{MIN} η καλύτερη τιμή ικανότητας στην τρέχουσα γενιά και x_{MAX} η χειρότερη, η προβολή του x στο $[0,1]$ προκύπτει από την σχέση:

$$x_{scaled} = 1 - \frac{x - x_{MIN}}{x_{MAX} - x_{MIN}} \quad (16)$$

Έτσι, η πιθανότητα επιλογής ενός χρωμοσώματος από τα N του πληθυσμού δίνεται τελικά από την σχέση:

$$P_i = \frac{x_{scaled_i}}{\sum_{i=1}^n x_{scaled_i}} \quad (17)$$

Κλιμακώνοντας τις τιμές ικανότητας ώστε να απεικονίζονται στο $[0,1]$ καταφέρνουμε να αποφύγουμε τον εκφυλισμό του γενετικού αλγορίθμου σε διαδικασία τυχαίας αναζήτησης όταν μετά από πολλές γενιές καταλήγουμε να έχουμε χρωμοσώματα με πολύ κοντινές τιμές ικανότητας.

Το πλήθος των επιλεγμένων χρωμοσωμάτων έχει οριστεί να είναι το $1/5$ του τρέχοντα πληθυσμού.

2.4 Δημιουργία του πληθυσμού

Για το συγκεκριμένο πρόβλημα, επιλέξαμε να έχουμε 100 χρωμοσώματα στον πληθυσμό κάθε γενιάς, αριθμός ο οποίος γενικά θεωρείται ικανοποιητικός. Για την δημιουργία του αρχικού πληθυσμού, το ιδανικό θα ήταν να είχαμε κάποια γνώση για το που κοντά θα μπορούσε να βρίσκεται το σημείο ελαχίστου ώστε να επιλέξουμε περισσότερα σημεία στην περιοχή αυτή. Παρόλα αυτά, δεν γνωρίζουμε κάτι τέτοιο εν προκειμένω και έτσι οι τιμές των αρχικών χρωμοσωμάτων επιλέχθηκαν τυχαία από ομοιόμορφη κατανομή στα διαστήματα που μπορούν να πάρουν τιμές $[0,100]$ για τα K_P, K_D , $[0,10]$ για τα K_I). Για την δημιουργία των πληθυσμών των επόμενων γενεών, τα νέα χρωμοσώματα προκύπτουν από τα χρωμοσώματα που έχουμε επιλέξει από την τρέχουσα γενιά. Συγκεκριμένα, 3 μέθοδοι εφαρμόζονται για την δημιουργία του νέου πληθυσμού.

- Άμεση μεταβίβαση χρωμοσωμάτων στην επόμενη γενιά (elite chromosomes)
- Εφαρμογή τελεστή διασταύρωσης (crossover)
- Εφαρμογή τελεστή μετάλλαξης (mutation)

Γενικά στους γενετικούς αλγορίθμους ευνοείται η χρήση της διασταύρωσης παρά της μετάλλαξης. Έτσι, λοιπόν, στην συγκεκριμένη περίπτωση, στο 80% των επιλεγμένων χρωμοσωμάτων

εφαρμόζεται ο τελεστής της διασταύρωσης, 10 χρωμοσώματα μεταβιβάζονται αυτούσια ως προνομιούχα και όσες θέσεις περισσεύουν καλύπτονται από χρωμοσώματα στα οποία εφαρμόζουμε τον τελεστή μετάλλαξης.

2.4.1 Προνομιούχα χρωμοσώματα

Σε κάθε γενιά, βρίσκουμε τα 10 καλύτερα χρωμοσώματα με την μικρότερη τιμή ικανότητας και τα μεταβιβάζουμε αυτούσια στην επόμενη γενιά. Ο λόγος που γίνεται αυτό είναι ότι είναι πιθανό κάποιο από αυτά να είναι όντως το ζητούμενο βέλτιστο. Ακόμα και αν δεν είναι όμως, είναι πολύ πιθανό να βρίσκεται πολύ κοντά στο πραγματικό ολικό ελάχιστο επομένως μας υποδεικνύει μια καλή κατεύθυνση στην οποία μπορούμε να κινηθούμε.

2.4.2 Διασταύρωση

Οι δυο γονείς επιλέγονται με τυχαίο τρόπο από τα επιλεγμένα χρωμοσώματα του πληθυσμού με την πιθανότητα επιλογής να είναι ίση για καθένα από αυτά. Φροντίζουμε επίσης οι δυο γονείς να μην είναι το ίδιο χρωμόσωμα αφού μια τέτοια διασταύρωση θα μας έδινε πάλι τον γονέα ως απόγονο και κάτι τέτοιο δεν θα είχε ιδιαίτερο νόημα. Στην συνέχεια, επιλέγεται με τυχαίο τρόπο το σημείο τομής των χρωμοσωμάτων όπου και πάλι κάθε δυνατό σημείο τομής είναι εξίσου πιθανό να εμφανιστεί. Τέλος, διασταυρώνονται τα δυο μέρη των διαφορετικών χρωμοσωμάτων κατά τα γνωστά και προκύπτουν οι δυο νέοι απόγονοι.

2.4.3 Μετάλλαξη

Παρότι η μετάλλαξη δεν αποτελεί βασικό γνώρισμα των γενετικών αλγορίθμων, είναι χρήσιμη καθότι μας επιτρέπει να συνεχίσουμε την αναζήτηση του ολικού βελτίστου ακόμα και αν ο αλγόριθμος μοιάζει να έχει κολλήσει και να δημιουργεί σε κάθε γενιά τον ίδιο πληθυσμό. Ακόμα και μια θεωρητικά μικρή μετάλλαξη μπορεί να οδηγήσει σε αρκετά διαφορετικούς μελλοντικούς πληθυσμούς. Για το συγκεκριμένο πρόβλημα έχουμε ορίσει την πιθανότητα μετάλλαξης ενός επιλεγμένου χρωμοσώματος να είναι 1%.

Λόγω του ότι η πληροφορία στα χρωμοσώματα που έχουμε είναι κωδικοποιημένη ως αριθμοί κινητής υποδιαστολής και όχι δυαδικοί αριθμοί είναι απαραίτητο να γίνουν κάποιες μικρές τροποποιήσεις στον τρόπο που εφαρμόζουμε τον τελεστή αυτό.

Η απλοϊκή προσέγγιση θα ήταν η μεταλλαγμένη τιμή να προκύπτει τυχαία από το διάστημα των εφικτών τιμών για την συγκεκριμένη μεταβλητή του χρωμοσώματος. Όμως, γνωρίζουμε ότι όσο περνάνε οι γενιές, τα χρωμοσώματα βρίσκονται όλο και πιο κοντά στο βέλτιστο χρωμόσωμα, πράγμα που σημαίνει ότι το να μεταλλάσσαμε μια τιμή του χρωμοσώματος 'πολύ' θα μας απομάκρυνε πιθανώς από το ολικό βέλτιστο. Ενώ στις πρώτες γενιές είναι επιθυμητό να φάχνουμε το βέλτιστο σε μια ευρεία περιοχή καθώς περνάνε οι γενιές θα επιθυμούσαμε να περι-

ορίσουμε αυτή την περιοχή αναζήτησης. Στην συγκεκριμένη περίπτωση, αυτό μεταφράζεται ως το ότι θα θέλαμε το εύρος τιμών που βρίσκεται η νέα τιμή να περιορίζεται σε όλο και μικρότερο διάστημα γύρω από την τρέχουσα τιμή καθώς περνάνε οι γενιές. Έτσι, το διάστημα που μπορεί να πάρει τιμές η νέα μεταβλητή είναι το $[LBM, UBM]$ όπου:

$$LBM = \max\{LB, x_k - (UB - LB)r(t)\} \quad (18)$$

$$UBM = \min\{UB, x_k + (UB - LB)r(t)\} \quad (19)$$

όπου LB,UB το άνω και κάτω άκρο που μπορεί να πάρει τιμές η συγκεκριμένη μεταβλητή, x_k η τρέχουσα τιμή της μεταβλητής και

$$r(t) = 1 - s(1 - \frac{t}{T})^b \quad (20)$$

όπου s ένας τυχαίος αριθμός στο $[0,1]$, b παράμετρος του συστήματος που εδώ ορίζεται ίση με το πλήθος των μεταβλητών στο χρωμόσωμα, t ο τρέχων αριθμός γενιάς και T ο μέγιστος αριθμός γενιών[1]. Η παραπάνω μέθοδος ορίσμού των νέων διαστημάτων που μπορεί να πάρει τιμές η νέα μεταβλητή είναι δανεισμένη από τον τρόπο που ορίζονται οι θερμοκρασίες σε κάθε βήμα της προσομοιωμένης ανόπτησης (simulated annealing).

2.5 Κριτήρια τερματισμού

Για τον τερματισμό του γενετικού αλγορίθμου επιλέχθηκαν δυο διαφορετικά κριτήρια:

- Το πλήθος γενεών να μην ξεπερνάει τις 600 όπου ο αριθμός αυτός προέκυψε ως $100 \cdot (\text{πλήθος μεταβλητών χρωμοσώματος})$.
- Το πλήθος συνεχόμενων στάσιμων γενεών να μην ξεπερνάει τις 20. Ως στάσιμες γενιές ορίζονται αυτές για τις οποίες το καλύτερο τους χρωμόσωμα (αυτό με την μικρότερη τιμή ικανότητας) είναι το ίδιο.

Αρκεί λοιπόν να ικανοποιείται μια από τις δυο συνθήκες για να τερματίσει ο αλγόριθμος.

3 Πειραματικά αποτελέσματα

Εκτελώντας τον γενετικό αλγόριθμο που παρουσιάστηκε παραπάνω, προκύπτει ότι οι βέλτιστες τιμές για τον ελεγκτή είναι $K_{P,1} = 97.15, K_{P,1} = 98.9, K_{I,1} = 2.2, K_{I,2} = 0.03, K_{D,1} = 24.64, K_{D,2} = 34.86$ για τις οποίες η συνάρτηση ικανότητας έχει τιμή 33.5. Ο αλγόριθμος τερματίστηκε καθώς υπήρξαν 20 συνεχόμενες στάσιμες γενεές ενώ ο συνολικός αριθμός γενεών ήταν 238. Βέβαια, τα αποτελέσματα αυτά δεν είναι πάντα ίδια σε κάθε εκτέλεση του αλγορίθμου αφού πρόκειται για έναν αλγόριθμο με αρκετά στοχαστικό χαρακτήρα, όχι τόσο ως προς το

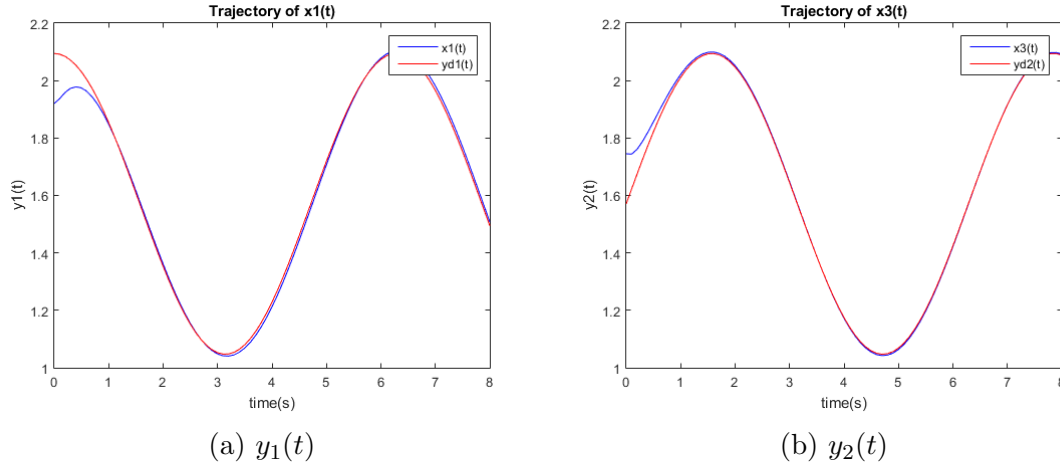


Figure 1: Κυματομορφές της πραγματικής και της επιθυμητής εξόδου

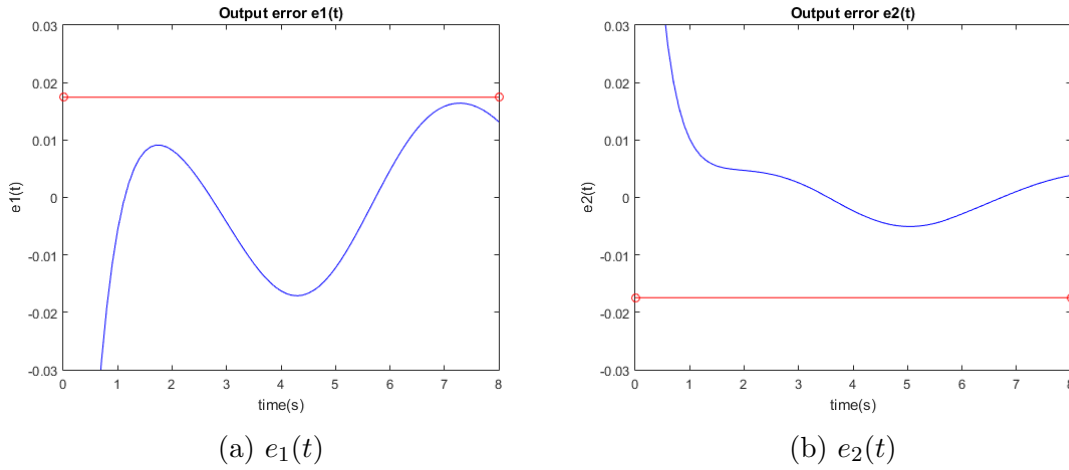


Figure 2: Σφάλμα εξόδου $e(t)$

αποτέλεσμα αλλά το πώς φτάνει σε αυτό. Επομένως, είναι λογικό να υπάρχουν αποκλίσεις όσον αφορά το πλήθος των γενεών ή την ακριβή τιμή των παραμέτρων. Γενικά, κατόπιν εκτέλεσης του αλγορίθμου αρκετές φορές, παρατηρήθηκε ότι είναι πολύ πιο πιθανό για τις εν λόγω συνθήκες τερματισμού ο αλγόριθμος να τερματίσει λόγω των συνεχόμενων στάσιμων γενεών, ενώ το συνολικό πλήθος γενεών είναι συνήθως αρκετά μικρότερο του μέγιστου επιτρεπτού.

Προκειμένου να επιβεβαιώσουμε την ορθότητα του αλγορίθμου δημιουργούμε τα διαγράμματα των $y(t)$, $e(t)$ και $u(t)$ που προκύπτουν όταν ο PID ελεγκτής έχει ως παραμέτρους τις τιμές που επιστρέφει ο γενετικός αλγόριθμος.

Αρχικά, βλέπουμε από τα διαγράμματα των $y(t)$ ότι οι τροχιές που προκύπτουν βρίσκονται πολύ κοντά στις επιθυμητές με την μεγαλύτερη απόκλιση να παρατηρείται για μικρούς χρόνους αλλά και στα σημεία που αλλάζει απότομα η κλίση της τροχιάς που παρακολουθεί το σύστημα. Όμως, όπως επιβεβαιώνεται και από το Σχ.2 με τα διαγράμματα των σφαλμάτων εξόδου $e(t)$, το σφάλμα παραμένει για κάθε χρονική στιγμή εντός των επιτρεπτών περιοχών, όπως αυτές

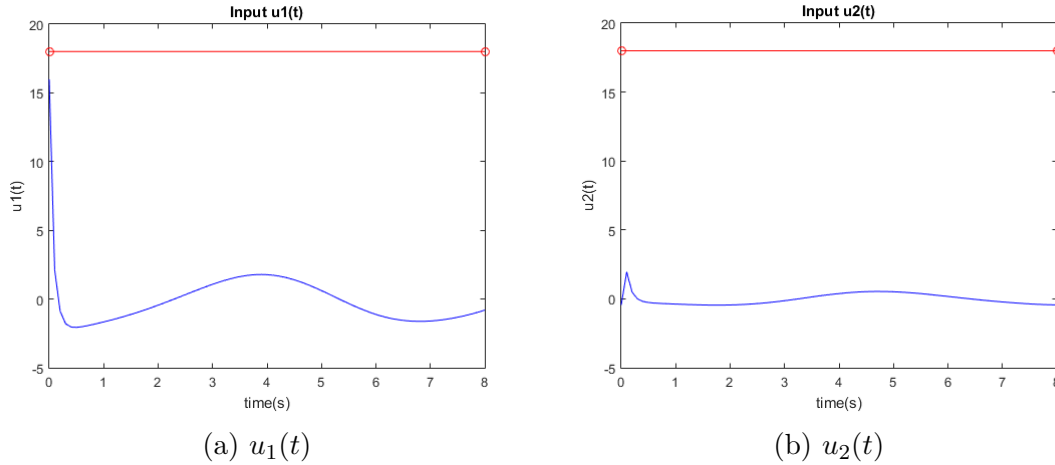


Figure 3: Είσοδος ελέγχου $u(t)$

ορίζονται από τις αντίστοιχες κόκκινες γραμμές. Τέλος, στο Σχ.3 βλέπουμε ότι η είσοδος ελέγχου $u(t)$ παραμένει καθόλη τη διάρκεια εντός των επιτρεπτών ορίων (όπως αυτά ορίζονται από τις αντίστοιχες κόκκινες γραμμές στα διαγράμματα). Έτσι, λοιπόν, επιβεβαιώνουμε και την ορθότητα της υλοποίησης μας.

Είναι γεγονός ότι ο γενετικός αλγόριθμος δεν μπορεί να μας προσφέρει καμία επιβεβαίωση ότι συγκλίνει στην βέλτιστη λύση, παρόλα αυτά όμως οι λύσεις που δίνει είναι αρκετά καλές ώστε να ικανοποιούν όλες τις δοσμένες προδιαγραφές. Γενικά, η διαδικασία επιλογής των διαφόρων παραμέτρων του αλγορίθμου για την βέλτιστη λειτουργία του αποτελεί από μόνο του ένα σύνθετο πρόβλημα βελτιστοποίησης του οποίου όμως η περαιτέρω διερεύνηση θα παρουσίαζε ιδιαίτερο ενδιαφέρον. Δυστυχώς, ελλείψει χρόνου, δεν ήταν δυνατόν να πραγματοποιηθούν τέτοιοι πειραματισμοί για την συγκεκριμένη εργασία. Σε μελλοντική βάση, ενδιαφέρον θα παρουσίαζε η συμπεριφορά του αλγορίθμου αν αλλάζαμε παραμέτρους όπως το μέγεθος του πληθυσμού, την πιθανότητα εφαρμογής των γενετικών τελεστών, η ακόμα και τις λεπτομέρειες των υλοποιήσεων αυτών των τελεστών.

References

- [1] Marin Golub *An implementation of binary and floating point chromosome representation in genetic algorithm*. 2000