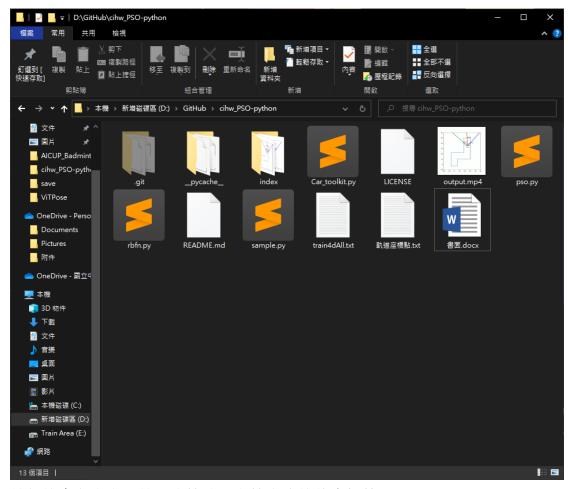
## **PSO**

## 一、介面說明:

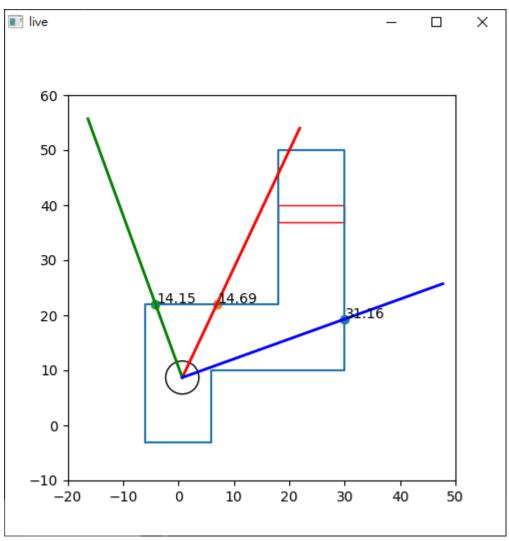
執行檔:sample.exe

截圖存放目錄:index

影片存放目錄:output.mp4



執行後會自動進入基因演算法,運算完成後將車輛軌跡顯示於 UI。



二、實驗結果

詳見圖片目錄./index 與影片目錄./output.mp4

## 三、基因演算法實作細節

RBFN 程式碼:

```
class RBFN:
    def __init__(self, input_dim, hidden_dim, output_dim, sigma=40):
    self.input_dim = input_dim
    self.indden_dim = hidden_dim
    self.output_dim = output_dim
    self.centers = None
    self.centers = None
    self.weights = None

    def __rbf(self, X, centers):
        distances = np.linalg.norm(X[:, None, :] - centers[None, :, :], axis=-1)
        return np.exp(-distances**2 / (2*self.sigma**2))

def train(self, X, y):
    idx = np.random.choice(len(X), self.hidden_dim, replace=false)
    self.centers = X[idx]
    RBF_outputs = self._rbf(X, self.centers)
    self.weights = np.linalg.lstsq(RBF_outputs, y, rcond=None)[0]

def getDNA(self):
    self.DNA = np.concatenate((self.weights, np.reshape(self.centers, (30,))))
    return self.DNA

def setDNA(self, DNA):
    self.weights, self.centers = np.split(DNA, [10])
    self.centers = np.reshape(self.centers, (10, 3))

def predict(self, X):
    RBF_outputs = self._rbf(X, self.centers)
    y_pred = np.dot(RBF_outputs, self.weights)
    return y_pred
```

RBFN 輸入為(3, ),layer 為 10,故共有 weights(10, )與 center(3, 10),兩個參數陣列,由於基引演算法需要使用一維陣列做計算,故此程式在基於 RBFN 的基礎上新增了 getDNA 與 setDNA 兩個 function。

getDNA()用於將上述參數(weight, center)平坦化{ weights 不變,center reshape 為 (30, ) }組合後回傳。{ weights(10, )+flatten center(30, ) -> DNA(40, ) }

setDNA()用於將優化後的基因還原為原始的 weights 與 center,為 getDNA()的反函數。

PSO 程式碼:

```
class PSO:

def inte (self, chiective func, DNA, max_iter, Vmin, Vmax):
    self, objective_func = objective_func
    self, objective_func = objective_func
    self, objective_func = objective_func
    self, objective_func = objective_func
    self, num_almensions = DNA, shape[i]
    self, num_almensions = DNA, shape[i]
    self, vmin = Vmin
    self
```

此實驗的,max\_iter 為 10, Vmin 為 -10, Vmax 為 10。

```
def computeScore (DNA):
    rbfn = RBFN(input_dim=3, hidden_dim=10, output_dim=1)
    rbfn.setDNA(DNA)

square, car_pos, endline = ct.getSquare("軌道座標點.txt")
    frame=0
    s=0
    while (not(ct.inBox(car_pos[0], car_pos[1]))) and frame<100:
    sX = square[:, 0]: sY = square[:, 1]
    try:
        sensors, min_ds, min_ds_point = ct.draw_sensors(car_pos[0], car_pos[1], car_pos[2], square)
    except:
        break
    rd, fd, ld = min_ds
        sensors_np = np.array([[fd, rd, ld]])
        theta = rbfn.predict(sensors_np)[0]
        car_pos = ct.nextPos(car_pos[0], car_pos[1], car_pos[2], theta)
    #d = rd+fd+ld
    #s+=d

    if ct.inBox(car_pos[0], car_pos[1]):
        return(300-frame)
    frame*=1
    return frame
```

Fitness function 基於車輛行駛的總步數設計,由於此實驗將步數上限訂為 99, 完整 function 如下:

令f代表該基因行駛的總步數 Score = 300-f,若成功抵達終點 Score = f,若未成功抵達終點

此函數能很好的在車輛未成功抵達終點時增加存活時間,並在成功抵達終點時縮短行駛步數。

取得最佳基因程式:

```
for i in range(population_size):
    rbfn = RBFN(input_dim=3, hidden_dim=10, output_dim=1)
    rbfn.train(X, y)
    wList.append(rbfn.getDNA().tolist())

w_arr = np.array(wList)
best_w = getbestDNA(w_arr, 10, -10, 10)
rbfn = RBFN(input_dim=3, hidden_dim=10, output_dim=1)
| rbfn.setDNA(best_w)
```

綜上所述,設 population\_size 為 10,定義 population\_size 個 layer 為 10 的 RBFN 網路(為節省時間預先進行了 pretrain),並使用 getDNA()將基因取出,之後使用 PSO 得到 bestDNA,最後使用 setDNA 將該基因重組為 RBFN 網路即完成。