



Εθνικό Μετσόβιο Πολυτεχνείο (Ε.Μ.Π)
Σχολή Μηχανολόγων Μηχανικών

ΕΥΦΥΗ ΣΥΣΤΗΜΑΤΑ ΚΑΤΕΡΓΑΣΙΩΝ, ΜΑΘΗΜΑ 9^{ΟΤ} ΕΞΑΜΗΝΟΥ

ΕΘΝΙΚΟ ΜΕΤΣΟΒΙΟ ΠΟΛΥΤΕΧΝΕΙΟ

ΣΧΟΛΗ ΜΗΧΑΝΟΛΟΓΩΝ ΜΗΧΑΝΙΚΩΝ

Γενετικοί Αλγόριθμοι

Σπουδαστές:

Λάζαρος Χριστοφορίδης (mc18012)

Μιχάλης Παπαδάκης (mc18026)

Καθηγητής:

Πανώριος Μπερνάρδος

20 Ιουλίου 2025

Περιεχόμενα

| | |
|------------------------------------------------------------------------------|----|
| Περιεχόμενα | 1 |
| Κατάλογος Σχημάτων | 2 |
| Κατάλογος Πινάκων | 2 |
| 1 Εισαγωγή | 3 |
| 2 Προκαταρκτικά βήμα | 4 |
| 2.1 Αντικειμενική συνάρτηση | 4 |
| 2.2 Παράμετροι Γενετικού Αλγορίθμου | 4 |
| 2.3 Μέσες συγκλίσεις και αξιολόγηση ρυθμίσεως Γενετικού Αλγορίθμου | 5 |
| 2.4 Αξιολόγηση λύσεων | 6 |
| 3 Διερεύνηση παραμέτρων Γενετικού Αλγορίθμου | 8 |
| 3.1 Διερεύνηση επίδρασης μεγέθους πληθυσμού | 8 |
| 3.2 Διερεύνηση επίδρασης αριθμού γενεών | 9 |
| 3.3 Διερεύνηση επίδρασης αριθμού ελιτ | 9 |
| 3.4 Διερεύνηση επίδρασης μετάλλαξης | 11 |
| 3.5 Διερεύνηση επίδρασης μεθόδου και ποσοστού διασταύρωσης | 12 |
| 3.6 Εύρεση βέλτιστης ρύθμισης γενετικού αλγορίθμου | 13 |
| 4 Εύρεση βέλτιστης λύσης | 14 |
| 5 Αλλαγή βαρών αντικειμενικής | 16 |
| 5.1 Θέτοντας $w1 = 10$ | 16 |
| 5.2 Θέτοντας $w2 = 10$ | 16 |
| 5.3 Θέτοντας $w3 = 10$ | 16 |
| 6 Αναφορές | 18 |
| 7 Κώδικες | 19 |

Κατάλογος Σχημάτων

| | | |
|----|------------------------------------------------------------------------------------------------------|----|
| 1 | Εξαγωγή μέσης σύγκλισης από 10 τρεξίματα του γενετικού αλγορίθμου με σταθερό το σετ παραμέτρων του . | 5 |
| 2 | Boxplots για τις παραμέτρους κατεργασίας για το σύνολο των λύσεων | 6 |
| 3 | Σύγκλιση γενετικού αλγορίθμου δίχως ελιτισμό | 6 |
| 4 | Διερεύνηση επίδρασης μεγέθους πληθυσμού | 8 |
| 5 | Διερεύνηση επίδρασης αριθμού γενεών | 9 |
| 6 | Διερεύνηση επίδρασης αριθμού ελιτ | 9 |
| 7 | Διερεύνηση επίδρασης αριθμού ελιτ - Μεγαλύτερος αριθμός γενεών | 10 |
| 8 | Διερεύνηση επίδρασης μετάλλαξης | 11 |
| 9 | Μέση σύγκλιση για adaptive mutation [3,1] | 11 |
| 10 | Διερεύνηση επίδρασης αριθμού τύπου και του ποσοστού του crossover | 12 |
| 11 | Πρώτο τεστ συγκεντρωτικών δοκιμών | 13 |
| 12 | Δεύτερο σετ συγκεντρωτικών δοκιμών | 13 |
| 13 | Διάγραμμα σύγκλισης καλύτερης λύσης | 14 |
| 14 | boxplot καλύτερων λύσεων | 15 |

Κατάλογος Πινάκων

| | | |
|----|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|----|
| 1 | Αρχικές τιμές παραμέτρων του γενετικού αλγορίθμου | 5 |
| 2 | Μέση τιμή και τυπική απόκλιση λύσεων για διάφορα ποσοστά ελιτισμού, που αντιστοιχούν στις συγκρίσεις του σχήματος 7. | 10 |
| 3 | Τελικές ρυθμίσεις γενετικού αλγορίθμου | 14 |
| 4 | Πίνακας με τις έντεκα καλύτερες λύσεις | 14 |
| 5 | Ποιότητα κατεργασίας Θέτοντας $w_3 = 10$, δίνοντας έμφαση στην μεγιστοποίηση της επιμήκυνσης | 15 |
| 6 | Βέλτιστη λύση Θέτοντας $w_1 = 10$, δίνοντας έμφαση στην ελαχιστοποίηση της τραχύτητα | 16 |
| 7 | Ποιότητα κατεργασίας Θέτοντας $w_1 = 10$, δίνοντας έμφαση στην ελαχιστοποίηση της τραχύτητα | 16 |
| 8 | Βέλτιστη λύση Θέτοντας $w_2 = 10$, δίνοντας έμφαση στην μεγιστοποίηση της αντοχής | 16 |
| 9 | Ποιότητα κατεργασίας Θέτοντας $w_2 = 10$, δίνοντας έμφαση στην μεγιστοποίηση της αντοχής | 16 |
| 10 | Βέλτιστη λύση Θέτοντας $w_3 = 10$, δίνοντας έμφαση στην μεγιστοποίηση της επιμήκυνσης | 16 |
| 11 | Ποιότητα κατεργασίας Θέτοντας $w_3 = 10$, δίνοντας έμφαση στην μεγιστοποίηση της επιμήκυνσης | 17 |

1. Εισαγωγή

Σκοπός της εργασίας είναι να βελτιστοποιηθεί η κατεργασία της τρισδιάστατης εκτύπωσης για την περίπτωση εφαρμογής που περιγράφηκε στην 1 η εργασία (Τεχνητών Νευρωνικών Δικτύων - ΤΝΔ). Ζητούμενο αποτελεί η εύρεση παραμέτρων που ελαχιστοποιούν την τραχύτητα και μεγιστοποιούν τις μηχανικές ιδιότητες. Η βελτιστοποίηση πρέπει να γίνει με χρήση γενετικών αλγορίθμων και για τον σκοπό αυτό χρησιμοποιήθηκε το πακέτο *PyGAD*¹ της python. Πρώτο βήμα αποτέλεσε η διερεύνηση της επίδρασης μερικών παραμέτρων του γενετικού αλγορίθμου, και συγκεκριμένα το μέγεθος πληθυσμού, ο αριθμός γενεών, το ποσοστό ελιτισμού, η μέθοδος μετάλλαξης, η μέθοδος διασταύρωσης. Έπειτα, με βάση τα αποτελέσματα της παραπάνω διερεύνησης, ορίστηκαν οι παράμετροι του τελικού αλγορίθμου και βελτιστοποιήθηκε το ζητούμενο πρόβλημα. Σε αυτό το στάδιο, συγκρίθηκαν και οι καλύτερες λύσεις, με σκοπό την εξαγωγή συμπερασμάτων για τις επίδραση των παραμέτρων ως προς την ποιότητα της κατεργασίας. Ως τελευταίο βήμα της εργασίας διερευνήθηκε η επίδραση των συντελεστών βαρύτητας της αντικειμενικής, που σταθμίζουν τις αλληλοσυγκρουόμενες απαιτήσεις της βελτιστοποίησης

¹<https://pygad.readthedocs.io/en/latest/>

2. Προκαταρκτικά βήμα

Ως πρώτο βήμα της βελτιστοποίησης ορίστηκαν οι παράμετροι του γενετικού αλγορίθμου.

2.1 Αντικειμενική συνάρτηση

Αρχικά έγινε το extraction των παραμέτρων των νευρωνικών δικτύων της πρώτης εργασίας με σκοπό την δημιουργία μιας συνάρτησης για πρόβλεψη της τραχύτητας και των μηχανικών ιδιοτήτων(συνάρτηση RME)². Η συνάρτηση αυτή λαμβάνει τιμές των παραμέτρων εκτύπωσης και τα κανονικοποιεί σύμφωνα με τους scalers που χρησιμοποιούσε το νευρωνικό δίκτυο στην εκπαίδευσή του³. Έπειτα, χρησιμοποιεί τα trained νευρωνικά δίκτυα για εκτίμηση των μεγεθών τραχύτητας, αντοχής και επιμήκυνσης και τα επιστρέφει. Στη συνέχεια, δημιουργείται μια συνάρτηση (συνάρτηση $Fitness$) που υπολογίζει την αντικειμενική, η οποία τέθηκε ως εξής (τα βάρη κανονικοποιούνται):

$$F = \left(-w_1 \frac{R_{est}}{R_{max}} + w_2 \frac{UTS_{est}}{UTS_{max}} + w_3 \frac{\varepsilon_{est}}{\varepsilon_{max}} \right) \cdot \frac{1}{\sqrt{\sum w_i^2}} \quad (1)$$

Στη σχέση 1 οι παράμετροι w_1, w_2, w_3 είναι βάρη τα οποία σταθμίζουν τις απαιτήσεις για ελάχιστη τραχύτητα και μέγιστες μηχανικές ιδιότητες. Επιπλέον, τα ζητούμενα μεγέθη κλιμακώνονται, αφού διαιρούνται με τις μέγιστες τιμές που είχαν από το dataset, **ώστε να αποφευχθεί κάποιο μέγεθος να κυριαρχήσει την αντικειμενική συνάρτηση**. Τα βάρη στο βήμα της διερεύνησης των παραμέτρων του γενετικού αλγορίθμου λαμβάνουν τιμή ($w_i = 1$) ώστε να μπορεί να γίνει σύγκριση των τιμών της αντικειμενικής μεταξύ τρεξιμάτων.

2.2 Παράμετροι Γενετικού Αλγορίθμου

Αρχικά, πέρα της αντικειμενικής, πρέπει να ορισθούν διάφοροι λειτουργικοί παράμετροι όπως ο αριθμός των γονιδίων, το μέγεθος του πληθυσμού και ο αριθμός των γενεών. Κάθε είσοδος στον γενετικό αλγόριθμο αποτελεί και ένα γονίδιο, οπότε ο συνολικός αριθμός των γονιδίων είναι 7. Οι παράμετροι στο αρχικό datasheet είναι 9, ωστόσο **τα νευρωνικά δίκτυα όπως εκπαιδεύτηκαν δεν εξαρτώνται από την θερμοκρασία του κρεβατιού και το μοτίβο γεμίσματος**. Έτσι, αυτές οι παράμετροι κατεργασίας αγνοήθηκαν. Αν συμπεριλαμβάνονταν και αυτές οι παράμετροι, θα άλλαζαν οι ίδιες στα στάδια της διασταύρωσης και μετάλλαξης, χωρίς να έχουν αντίκρισμα στην αντικειμενική και θα καθυστερούσαν την σύγκλιση. Το μέγεθος του πληθυσμού τέθηκε αρχικά ίσο με 20 ενώ ο αριθμός των γενεών ίσος με 100. Αυτές οι τιμές τέθηκαν ύστερα από μερικές προκαταρκτικές δοκιμές.

Μια ακόμα σημαντική παράμετρος αποτελεί το πεδίο τιμών των μεταβλητών. Αυτό ορίζεται μέσω της παραμέτρου `gene_space` η οποία δέχεται τα όρια κάθε μεταβλητής για της πραγματικές μεταβλητές, ενώ για τις διακριτές μεταβλητές δέχεται το σύνολο τιμών τους⁴. Ο κώδικας για καθορισμό των πεδίων τιμών φαίνεται παρακάτω:

```
1 dicT = {} #dictionary for values
2 gene_space = []
3
4 for i in range(7):
5     if i != 5:
6         dicT = {"low": Parameters[:,i].min(axis=0), "high": Parameters[:,i].max(
7             axis=0)}
8         gene_space.append(dicT)
9     else:
10        gene_space.append([0 , 1]) #only these values are possible
```

Άλλοι παράμετροι του γενετικού αλγορίθμου είναι ο αριθμός των elit , ο τύπος και το ποσοστό της μετάλλαξης και της διασταύρωσης. Το ποσοστό της μετάλλαξης λαμβάνεται ως αριθμός γονιδίων τα οποία επιδέχονται μετάλλαξη. Σε αυτά τέθηκαν τυπικές τιμές που φαίνονται στον πίνακα 1.

Οπότε ορίζοντας ένα αντικείμενο `ga.instance` της κλάσης `pygad.GA`, και περνώντας αυτές τις παραπάνω παραμέτρους, μπορεί να τρέξει ο γενετικός αλγόριθμος.

²Πρέπει να τονισθεί πως τα νευρωνικά δίκτυα **δεν** επανεκπαιδεύονται σε όλα τα δεδομένα, ώστε να μπορεί να γίνει αξιολόγηση τόσο στην ικανότητά τους να προβλέπουν αλλά και να θυμούνται.

³Οι scalers είναι συναρτήσεις που κανονικοποιούν δεδομένα στη βιβλιοθήκη που χρησιμοποιήθηκε για τα νευρωνικά δίκτυα <https://scikit-learn.org/stable/modules/generated/sklearn.preprocessing.StandardScaler.html>. Αφαιρούν τη μέση τιμή και τα μετατρέπουν ώστε να έχουν μοναδιαία απόκλιση. Οι scalers δέχονται συγκεκριμένο αριθμό παραμέτρων, οπότε εισάγεται ξεχωριστός scaler για κάθε παράμετρο.

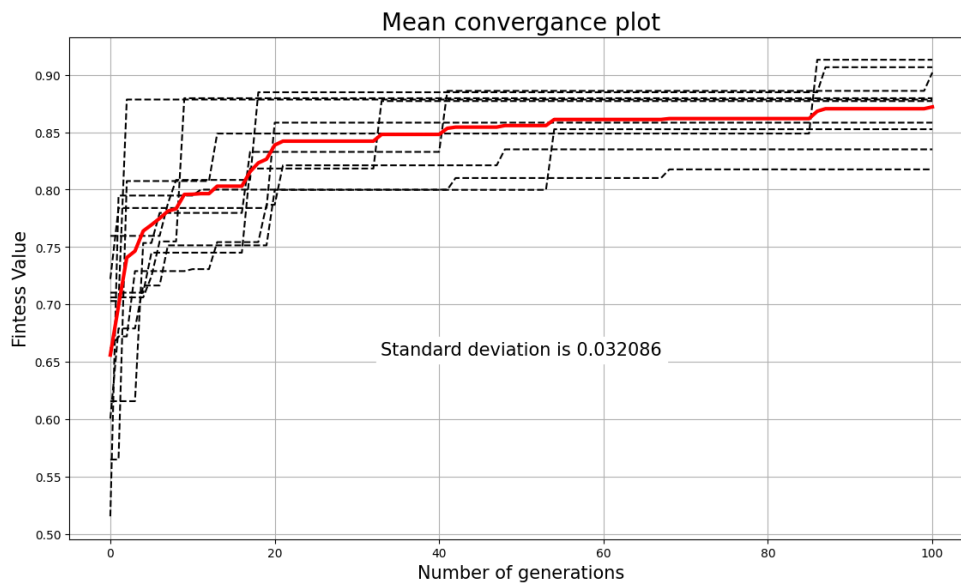
⁴Υπάρχουν διάφοροι τρόποι να περιγραφεί το σύνολο τιμών. Ισοδύναμα μπορούν να τεθούν παντού τα όρια τιμών και ο τύπος (int, float) κάθε μεταβλητής.

| | Value |
|-------------------------|-----------|
| number of elites | 2 |
| mutation type | random |
| number of mutated genes | 3 |
| crossover type | two_point |
| crossover propability | 0.25 |

Table 1: Αρχικές τιμές παραμέτρων του γενετικού αλγορίθμου

2.3 Μέσες συγκλίσεις και αξιολόγηση ρυθμίσεως Γενετικού Αλγορίθμου

Οι γενετικοί αλγόριθμοι είναι στοχαστικοί μέθοδοι βελτιστοποίησης. Η τυχαιότητα εισέρχεται στο στάδιο της αρχικοποίησης, της μετάλλαξης, της διασταύρωσης, της επιλογής γονέων κλπ. Συνεπώς, για να μελετηθεί η επίδραση των παραμέτρων του γενετικού αλγορίθμου και να βγουν αξιόπιστα συμπεράσματα⁵, πρέπει να γίνουν αρκετά τρεξίματα με τις ίδιες παραμέτρους και ύστερα να βρεθεί η μέση σύγκλιση. Συγκρίνοντας τις μέσες συγκλίσεις αλλάζοντας μερικές παραμέτρους κάθε φορά, μπορούν να εξαχθούν ασφαλέστερα συμπεράσματα ως προς το πως πρέπει να επιλεχθούν οι ρυθμίσεις του γενετικού αλγορίθμου. Στο σχήμα 1 φαίνεται η εξαγωγή της μέσης σύγκλισης.



Σχήμα 1: Εξαγωγή μέσης σύγκλισης από 10 τρεξίματα του γενετικού αλγορίθμου με σταθερό το σέτ παραμέτρων του

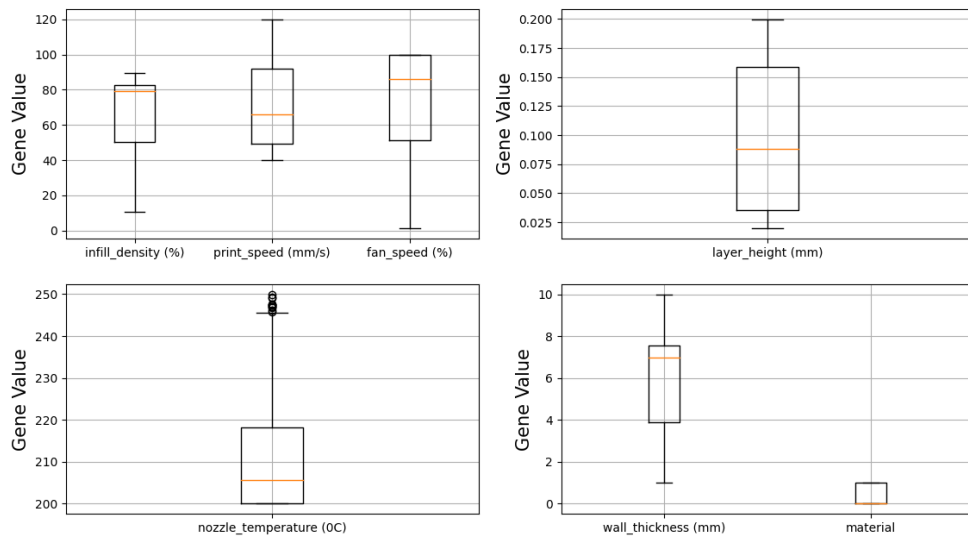
Πρέπει να τονισθούν τα εξής για την συγκεκριμένη διαδικασία:

- Δεν τίθεται κριτήριο τερματισμού, αλλά σταθερός αριθμός γενεών. (Εκτός από όταν διερευνάται η επίδραση του αριθμού γενεών).
- Τα βάρη σε όλη την διαδικασία είναι σταθερά ώστε να μπορεί να γίνει σύγκριση των τιμών τις αντικειμενικής μεταξύ τους. **Επιλέχθηκε $w_i = 1$.**
- **Διευκρίνιση:** Η μέση σύγκλιση δεν αντιστοιχεί σε κάποια λύση! Η διαδικασία αυτή χρησιμοποιείται για την εύρεση των κατάλληλων παραμέτρων του γενετικού αλγορίθμου και την εξαγωγή συμπερασμάτων ανεξάρτητα της τυχαιότητας. **Στη συνέχεια, θα επιλεχθεί ένα σέτ παραμέτρων του γενετικού αλγορίθμου και με βάση αυτό θα βελτιστοποιηθεί η κατεργασία.**

Πέρα από την αποτύπωση της μέσης σύγκλισης, η οποία αποτελεί μέτρο σύγκρισης διαφορετικών ρυθμίσεων του γενετικού αλγορίθμου ως προς την ταχύτητα και ποιότητα της τελικής λύσης, δηλαδή μέτρο του exploitation του αλγορίθμου, παρουσιάζεται και το boxplot με τις τιμές που έλαβαν τα γονίδια για μικρό αριθμό γενεών. Επιθυμητό είναι οι τιμές να είναι διάσπαρτες σε όλο το πεδίο ορισμού, ένδειξη πως έχει γίνει ψάξιμο σε όλο των χώρο λύσεων. Έτσι, ελέγχεται και ως προς

⁵Μερικά από τα συμπεράσματα αυτά ισχύουν μόνο για το συγκεκριμένο πρόβλημα. Παράμετροι που οδηγούν σε ταχύτερη σύγκλιση και σε καλύτερη λύση σε αυτό το πρόβλημα μπορεί να μην είναι οι κατάλληλοι για άλλα προβλήματα.

Box Plot of all the solutions for 20 generations

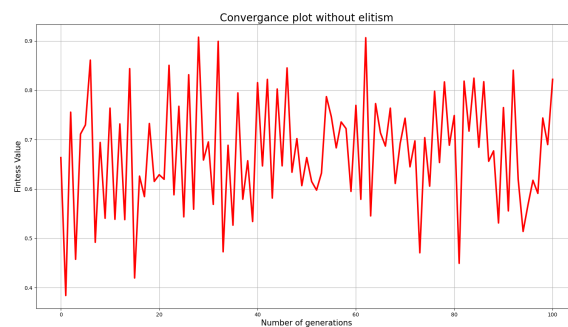


Σχήμα 2: Boxplots για τις παραμέτρους κατεργασίας για το σύνολο των λύσεων

τα exploratory χαρακτηριστικά ο αλγόριθμος. Ένα τέτοιο διάγραμμα φαίνεται στο Σχήμα 2. Παρατηρείται στις πρώτες γενιές οι παράμετροι κατεργασίας καταλαμβάνουν σχεδόν όλο το πεδίο ορισμού. Κάποιες μεταβλητές, όπως η θερμοκρασία του ακροφυσίου, ήδη τείνουν να συγχλίνουν σε κάποια τιμή.

2.4 Αξιολόγηση λύσεων

Ο γενετικός αλγόριθμος χρησιμοποιεί τις καλές λύσεις που έχει βρει μέχρι μια γενιά, ώστε με μικρές παραλλαγές να βρει ακόμα καλύτερες. Ωστόσο, οι μικρές αλλαγές αυτές μπορεί να χειροτερέψουν τη λύση. Για να αντιμετωπιστεί αυτό, οι καλύτερες λύσεις σε κάθε γενιά αποθηκεύονται ως **ελιτ** και κληρονομούνται απαράλλακτες στην επόμενη. Μπορούν να συμμετάσχουν και ως γονείς για την δημιουργία ακόμα καλύτερων λύσεων. Έτσι, είναι εγγυημένο πως όσο τρέχει ο γενετικός αλγόριθμος η αντικειμενική συνεχώς θα βελτιώνεται, όπως φαίνεται στο σχήμα 1. Δίχως ελιτισμό, η πορεία της λύσης είναι αυτή του σχήματος 3.



Σχήμα 3: Σύγκλιση γενετικού αλγορίθμου δίχως ελιτισμό

Το pyGad αποθηκεύει την καλύτερη λύση κάθε γενιάς, σε ένα attribute της κλάσης, το *best_solutions*. Σύμφωνα με τα παραπάνω όμως, αυτή η λύση αντιστοιχεί στο καλύτερο ελίτ. Οπότε, το *best_solutions* μπορεί να αποτυπώσει την πορεία σύγκλισης, αλλά δεν περιέχει όλες⁶ τις καλύτερες λύσεις που υπολογίστηκαν⁷ κατά την διάρκεια της

⁶ Από τη στιγμή που έχει συγχλίνει, μπορεί να βρίσκει άλλες πολύ καλές λύσεις κοντά στη βέλτιστη, οι οποίες ακριβώς επειδή υπάρχει η βέλτιστη, που είναι το ελίτ, δεν αποθηκεύονται.

⁷ Εδώ πρέπει να τονισθεί πως ο χρήστης έχει πληρώσει το υπολογιστικό κόστος για τον υπολογισμό όλων αυτών το λύσεων.

βελτιστοποίησης. Συνεπώς, για την εύρεση του 2-5% των καλύτερων λύσεων, ελέγχεται όλο το σύνολο των λύσεων. Επιλέγονται σε αριθμό $\lceil 0.05(\#generations + 1) \rceil$.

Έχοντας το σετ λύσεων, επιλέχθηκε να χρησιμοποιηθεί ένα boxplot ώστε να παρουσιασθεί η εντοπιότητα (locality) και η εξάπλωση (spread) των βέλτιστων παραμέτρων κατεργασίας. Λόγω του σφάλματος εκτίμησης τόσο των εκπαιδευμένων νευρωνικών, όσο και της πιθανότητας ο γενετικός αλγόριθμος να έχει συγκλίνει σε κάποιο τοπικό ελάχιστο (ή και να μην έχει συγκλίνει τελείως), αυτός ο τρόπος παρουσίασης των αποτελεσμάτων κρίνεται ο καλύτερος αφού δίνει **ποιοτικά συμπεράσματα**.

3. Διερεύνηση παραμέτρων Γενετικού Αλγορίθμου

Το πρώτο ζητούμενο αφορά την διερεύνηση των παραμέτρων του γενετικού αλγορίθμου στην ταχύτητα σύγκλισης και την ποιότητα της τελικής λύσης. Έχοντας ως αρχικό σετ ρυθμίσεων αυτές που αναφέρθηκαν στην ενότητα 2.2 (και στον πίνακα 1), και βάρη αντικειμενικής $w_i = 1/\sqrt{3}$, θα αλλάζει κάθε φορά μια παράμετρος από τις εξής:

1. Μέγεθος Πληθυσμού
2. Αριθμός γενεών
3. Ποσοστό ελιτισμού (ως αριθμός elite)
4. Τρόπος και ποσοστό μετάλλαξης
5. Τρόπος και ποσοστό διασταύρωσης

3.1 Διερεύνηση επίδρασης μεγέθους πληθυσμού

Στο σχήμα 4 παρουσιάζεται η μέση σύγκλιση του γενετικού αλγορίθμου για διάφορα μεγέθη πληθυσμού. Πριν γίνει ο σχολιασμός του σχήματος, πρέπει να τονισθεί το εξής. Το κόστος που πληρώνει ο χρήστης σε έναν γενετικό αλγόριθμο είναι ο αριθμός των κλήσεων της συνάρτησης αξιολόγησης (*Fitness function calls*). Αυξάνοντας το μέγεθος του πληθυσμού, αυξάνεται και ο αριθμός των κλήσεων της συνάρτησης αυτής. Ο αριθμός κλήσεων (συμπεριλαμβανομένης και της γενιάς 0, που είναι η αρχικοποιημένη γενιά) είναι:

$$\#number\ of\ function\ calls = (\#number\ of\ generations + 1) \cdot (population\ size)$$

Οπότε, αυξάνοντας το μέγεθος του πληθυσμού, αυξάνονται αρκετά οι κλήσεις στην *fitness function*. Για να μπορέσουν να συγκριθούν μεταξύ τους οι αλγόριθμοι με διαφορετικό population size, πρέπει να παρουσιαστεί η εξέλιξή τους ως προς τον αριθμό των κλήσεων. Ειδικότερα, η βελτίωση που φαίνεται δεν ευθύνεται στην καλύτερη ρύθμιση του αλγορίθμου, αλλά στον μεγαλύτερο αριθμό δοκιμών-κλήσεων που έγιναν.

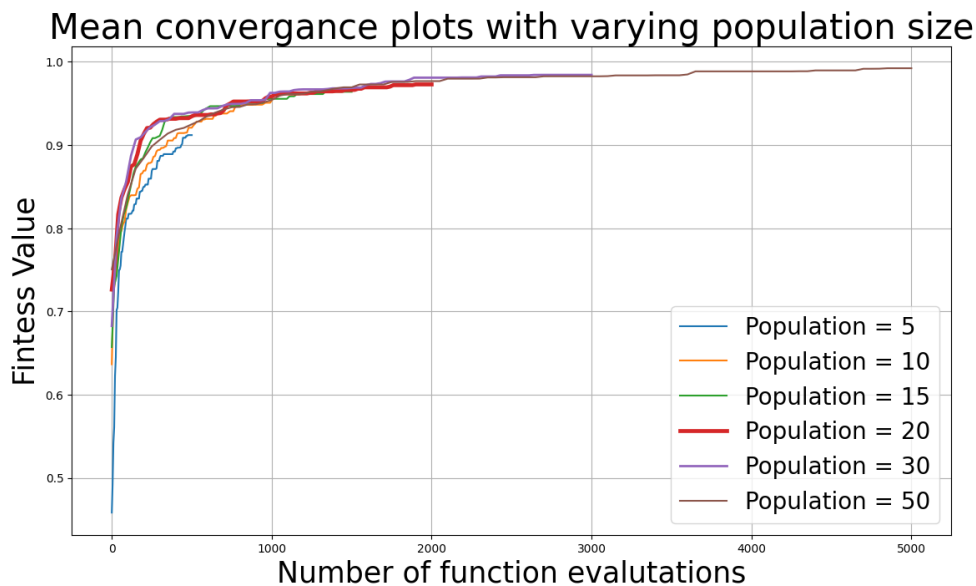


Figure 4: Διερεύνηση επίδρασης μεγέθους πληθυσμού

Παρατηρείται πως το βέλτιστο μέγεθος πληθυσμού είναι 20 ÷ 30, διότι για μικρό αριθμό function calls (περίπου 500) έχουν μεγαλύτερη τιμή της αντικειμενικής (≈ 0.93) σε σχέση με τα άλλα μεγέθη. Επιπλέον, η τελική τιμή της αντικειμενικής είναι στα ίδια επίπεδα με την σύγκλιση του γενετικού αλγορίθμου με μέγεθος πληθυσμού 50 στον ίδιο αριθμό function calls..

3.2 Διερεύνηση επίδρασης αριθμού γενεών

Η επίδραση του μεγέθους του πληθυσμού φαίνεται στο σχήμα 5. Όπως είναι αναμενόμενο, αύξηση της τιμής αυτή οδηγεί σε καλύτερη τιμή της αντικειμενικής. Παρατηρείται όμως, πως πάνω από τις 200 γενιές, το όφελος είναι πολύ μικρό.

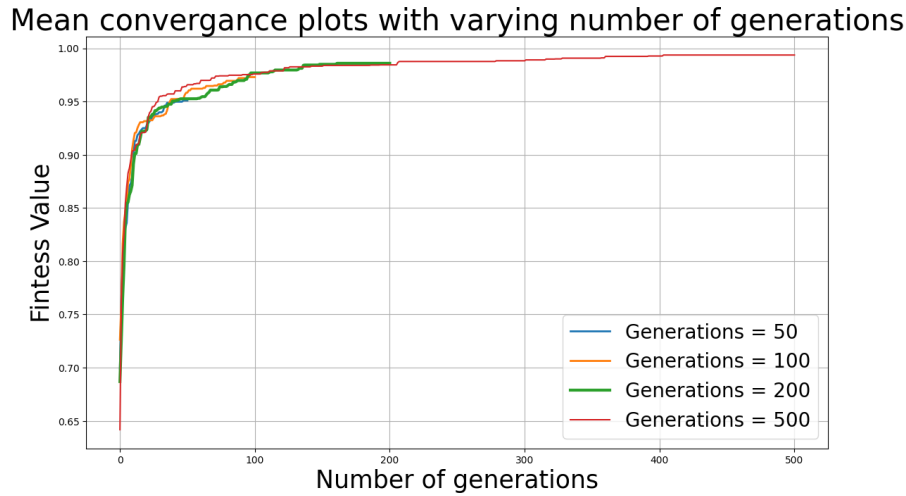


Figure 5: Διερεύνηση επίδρασης αριθμού γενεών

3.3 Διερεύνηση επίδρασης αριθμού ελίτ

Η επίδραση του μεγέθους του πληθυσμού φαίνεται στο σχήμα 6. Εδώ πρέπει να τονισθεί το εξής: Οι λύσεις που έχουν γίνει ελίτ μεταβιβάζονται απαρύλακτες στην επόμενη γενιά, χωρίς να ξαναγίνει υπολογισμός της αντικειμενικής συνάρτησης. Οπότε, όταν αυξάνεται ο αριθμός/ποσοστό των ελίτ, για ίδιο αριθμό γενεών, γίνεται μικρότερος αριθμός κλήσεων στην συνάρτηση αξιολόγησης. Για να γίνει δίκαια η σύγκριση, πρέπει η εξέλιξη να παρουσιασθεί ως προς τον αριθμό κλήσεων της Fitness function⁸.

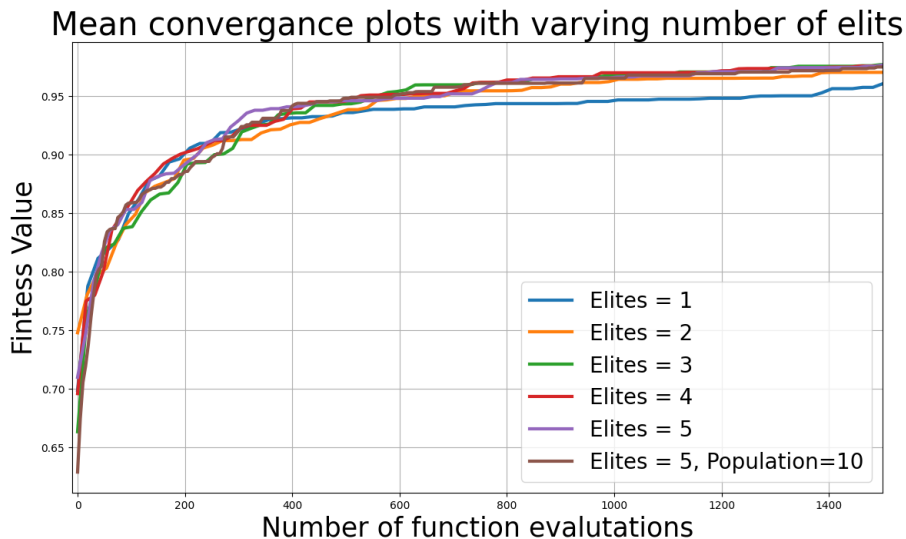


Figure 6: Διερεύνηση επίδρασης αριθμού ελίτ

⁸ Στην πράξη αυξάνοντας τον αριθμό γενεών ο κώδικας καθυστερεί περισσότερο από μικρότερο αριθμό γενεών και μικρότερο αριθμό ελίτ. Αυτό οφείλεται στο γεγονός πως η συνάρτηση αξιολόγησης έχει μικρότερο ή συγκριτικό υπολογιστικό κόστος από το κόστος του ίδιου του αλγορίθμου. Συνήθως η συνάρτηση αξιολόγησης έχει πολύ μεγαλύτερο κόστος και η καθυστέρηση οφείλεται σε αυτή. Στο παρόν πρόβλημα, είναι εφικτό να τρέξει για τεράστιο αριθμό γενεών, χωρίς απαραίτητα καλές ρυθμίσεις και να βρεθεί πολύ καλή λύση. Αλλά αυτό είναι αντίθετο με το πνεύμα της διερεύνησης των παραμέτρων.

Παρατηρείται πως όταν ο αριθμός των ελίτ είναι > 1 , τότε το αποτέλεσμα του γενετικού αλγορίθμου βελτιώνεται. Ακόμα και αν γίνει μεγάλο ποσοστό επί του πληθυσμού. Οπότε, έγινε και δεύτερο σετ δοκιμών με μεγαλύτερο αριθμό κλήσεων. Τα αποτελέσματα φαίνονται στο σχήμα 7. Για άλλη μια φορά παρατηρούνται παρόμοια αποτελέσματα. Μάλιστα, εκτός από την μπλε γραμμή, που αντιστοιχεί σε 2 ελίτ, οι 3 επόμενες καλύτερες αντιστοιχούν σε πολύ μεγάλα ποσοστά ελιτισμού (40–50%). Αυτό αποτελεί μια ένδειξη πως το πρόβλημα δεν έχει πολλά τοπικά ελάχιστα και πως ενισχύοντας το exploitation του αλγορίθμου, αυτός θα συγκλίνει στην βέλτιστη τιμή.

Mean convergence plots with varying number of elits - More evaluations

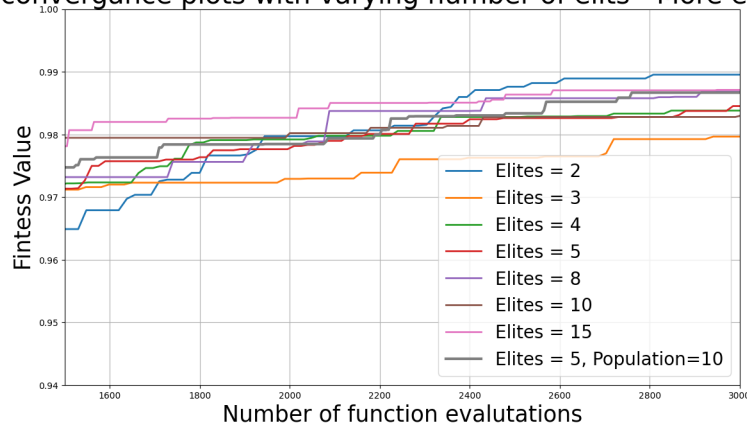


Figure 7: Διερεύνηση επίδρασης αριθμού ελίτ - Μεγαλύτερος αριθμός γενεών

Μάλιστα παρουσιάζονται και η μέση τιμή και η τυπική απόκλιση των λύσεων για διάφορα ποσοστά ελιτισμού, στον πίνακα 2. Από τα αποτελέσματα αυτά, δεν μπορεί να εξαχθεί κάποιο συμπέρασμα σχετικά με τον βέλτιστο αριθμό ελίτ. Αυτό συμβαίνει μάλλον επειδή το πρόβλημα από τη φύση του είναι εύκολο να λυθεί.

| E\P | 2 | 3 | 4 | 5 | 8 | 10 | 15 | 5/10 |
|---------------------------|--------|----------|--------|--------|--------|--------|-------|--------|
| Fitness Value | 0.989 | 0.979983 | 0.986 | 0.985 | 0.993 | 0.993 | 0.987 | 0.982 |
| Standard Deviation | 0.0064 | 0.0116 | 0.0062 | 0.0064 | 0.0065 | 0.0052 | 0.010 | 0.0083 |

Table 2: Μέση τιμή και τυπική απόκλιση λύσεων για διάφορα ποσοστά ελιτισμού, που αντιστοιχούν στις συγκρίσεις του σχήματος 7.

3.4 Διερεύνηση επίδρασης μετάλλαξης

Η επίδραση του τύπου και του ποσοστού (ως αριθμός γονιδίων) μετάλλαξης φαίνεται στο σχήμα 8. Παρατηρείται πως όσο μειώνεται η μετάλλαξη, τα αποτελέσματα βελτιώνονται σημαντικά. Μάλιστα, οι συγκλίσεις για μετάλλαξη 1 gene ή για το adaptive mutation⁹ με [2,1] ή [3,1] παρατηρήθηκε πως έχουν μεγάλη ομοιότητα μεταξύ τους, με την τυπική απόκλιση της αντικειμενικής για 10 τεστ να κυμαίνεται περίπου στο 0.02. Αυτό φαίνεται στο σχήμα 9.

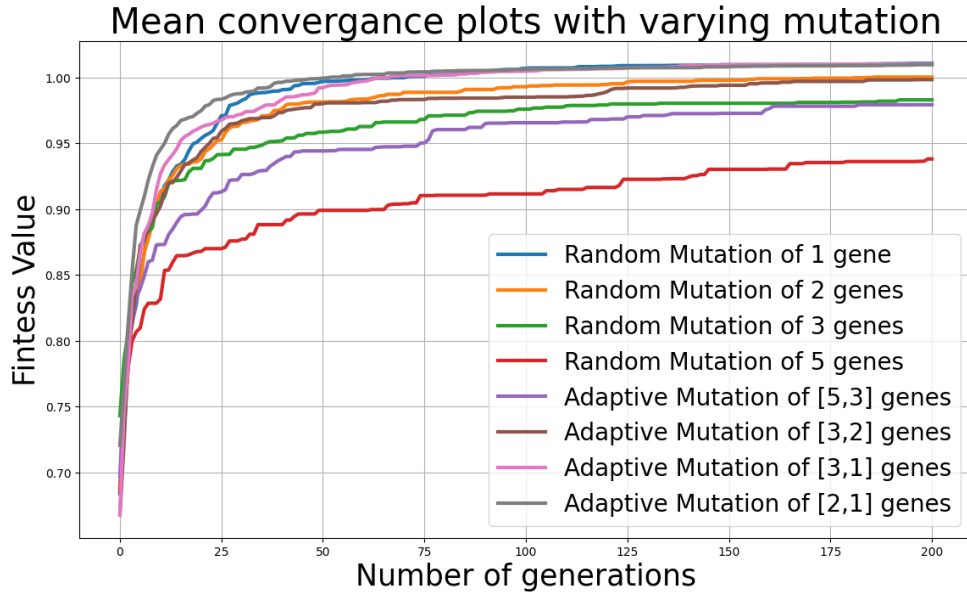


Figure 8: Διερεύνηση επίδρασης μετάλλαξης

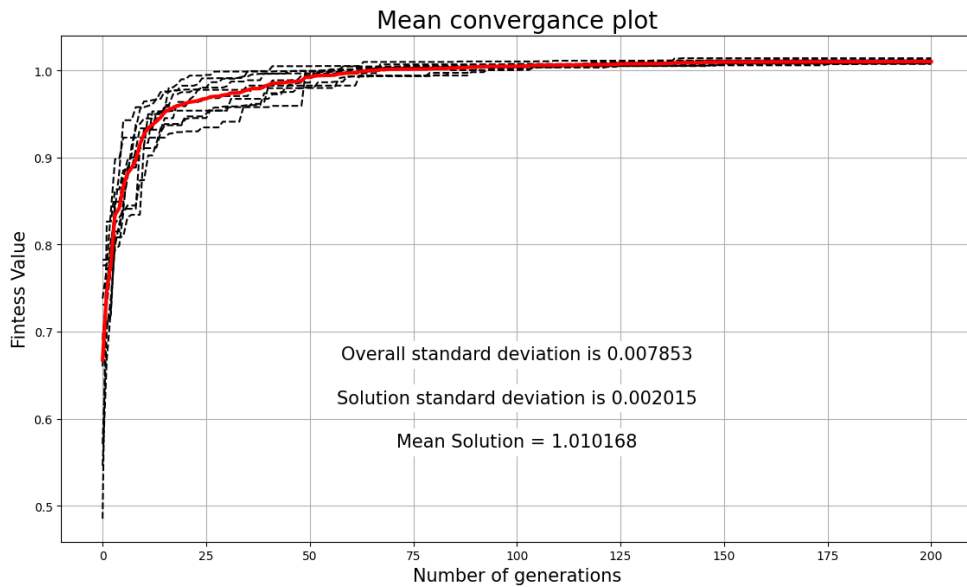


Figure 9: Μέση σύγκλιση για adaptive mutation [3,1]

⁹To adaptive mutation περιγράφεται εδώ: https://pygad.readthedocs.io/en/latest/README_pygad_ReadTheDocs.html#id4

3.5 Διερεύνηση επίδρασης μεθόδου και ποσοστού διασταύρωσης

Η επίδραση του τύπου και του ποσοστού του crossover φαίνεται στο σχήμα 10. Επιλέγεται εξ' αρχής να φανεί ένα διάγραμμα με 200 γενιές, αφού τα αποτελέσματα φαίνεται να είναι κοντά. Γενικά, φαίνεται να ευνοείται ο αλγόριθμος που έχει οριστεί με μικρό ποσοστό διασταύρωσης, αφού οι καλύτερες συγκλίσεις είναι αυτές του one-point crossover με ποσοστό 15% και two-points crossover πάλι με ποσοστό 15%.

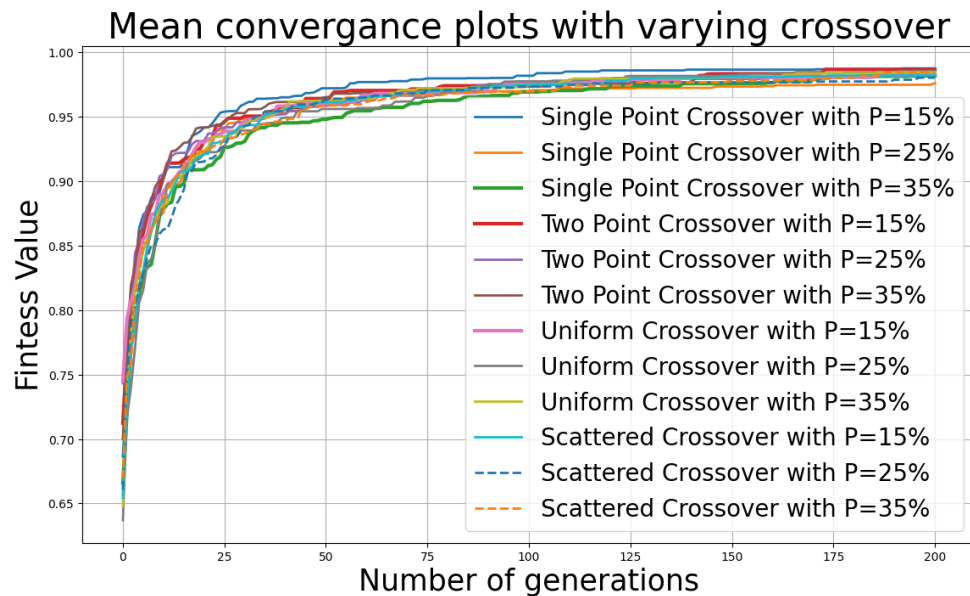


Figure 10: Διερεύνηση επίδρασης αριθμού τύπου και του ποσοστού του crossover

3.6 Εύρεση βέλτιστης ρύθμισης γενετικού αλγορίθμου

Αρχικά έγιναν κάποια συγκεντρωτικά τεστ, αλλάζοντας διάφορες παραμέτρους. Τα αποτελέσματα φαίνονται στα διαγράμματα 11 και 12. Όπως προηγουμένως, στην περίπτωση που αλλάζουν οι γονείς, οπότε και ο αριθμός των κλήσεων στην συνάρτηση κόστους ανά γενιά, για να γίνει η σύγκριση της σύγκλισης, ο x άξονας αντιπροσωπεύει τον αριθμό των κλήσεων στην fitness function. Δεν παρατηρείται πως κάποιος συνδυασμός υπερέρχει αισθητά σε σχέση με τους υπολοίπους.

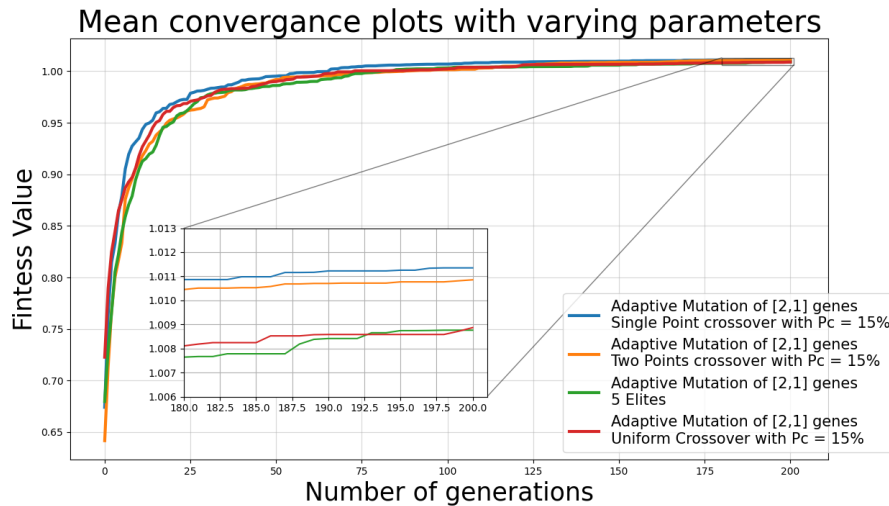


Figure 11: Πρώτο τεστ συγκεντρωτικών δοκιμών

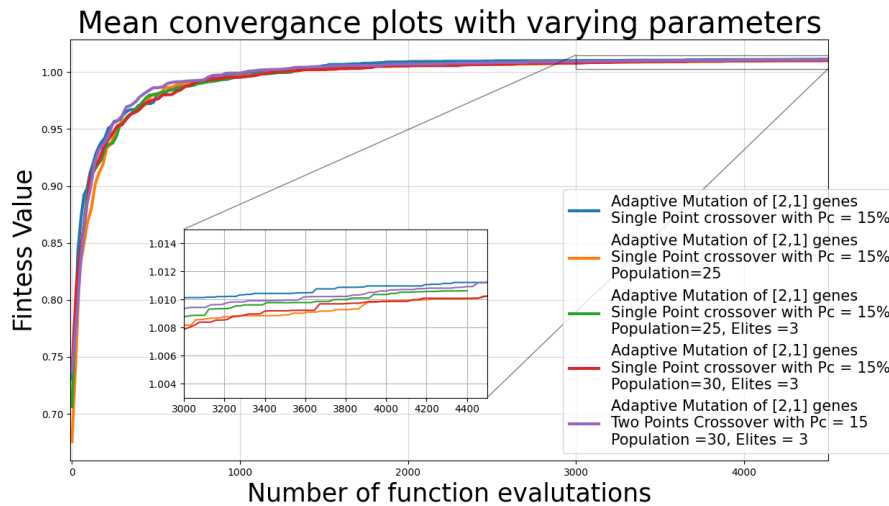


Figure 12: Δεύτερο σετ συγκεντρωτικών δοκιμών

Επιλέχθηκε έτσι ο συνδυασμός (adaptive mutation [2,1], Single point crossover with $P_c = 15\%$ - μπλε γραμμή στα σχήματα) Κάνοντας και ένα boxplot (σχήμα 14) από τις καλύτερες λύσεις παρατηρείται πως ο αλγόριθμος έχει όντως συγκλίνει. Περαιτέρω βελτίωση της αντικειμενικής είναι πλασματική, λόγω του σφάλματος εκτίμησης του νευρωνικού και την διακριτότητα ρύθμισης ενός τυπικού 3D εκτυπωτή.

4. Εύρεση βέλτιστης λύσης

Για λόγους σύνοψης, παρουσιάζονται αναλυτικά οι ρυθμίσεις του γενετικού αλγορίθμου στον πίνακα 3

| genes | numbers of parents | population | elitism | crossover | mutation | w1 | w2 | w3 |
|-------|--------------------|------------|---------|--------------------------|----------------------|----|----|----|
| 7 | 4 | 20 | 2 | single point, Pc = 15 | adaptive, 3 genes | 1 | 1 | 1 |

Table 3: Τελικές ρυθμίσεις γενετικού αλγορίθμου

Οι καλύτερες λύσεις¹⁰ φαίνονται στον πίνακα 4. Όπως αναφέρθηκε στην ενότητα 2.2, το infill pattern και το bed temperature δεν επηρεάζουν την αντικειμενική και συνεπώς μπορούν να λάβουν οποιαδήποτε τιμή.

| Layer height | Wall Thickness | infill density | infill pattern | nozzle temperature | bed temperature | print speed | material | fan speed | Fitness Value |
|--------------|----------------|----------------|----------------|--------------------|-----------------|----------------|------------|--------------|---------------|
| mm | mm | (%) | | (°C) | (°C) | (mm/s) | - | (%) | - |
| 0.199 | 9.993 | 89.840 | | 205.288 | | 117.464 | abs | 0.321 | 1.0107 |
| 0.199 | 9.993 | 89.840 | | 205.677 | | 118.404 | abs | 0.321 | 1.0109 |
| 0.199 | 9.993 | 89.840 | | 205.542 | | 114.562 | abs | 0.321 | 1.0109 |
| 0.199 | 9.993 | 89.840 | | 205.542 | | 118.723 | abs | 0.321 | 1.0110 |
| 0.199 | 9.967 | 89.840 | | 205.677 | | 117.464 | abs | 0.321 | 1.0111 |
| 0.199 | 9.993 | 89.840 | | 205.542 | | 118.495 | abs | 0.321 | 1.0111 |
| 0.199 | 9.993 | 89.840 | | 205.542 | | 114.990 | abs | 0.321 | 1.0111 |
| 0.199 | 9.993 | 89.840 | | 205.677 | | 115.454 | abs | 0.321 | 1.0113 |
| 0.199 | 9.993 | 89.840 | | 205.542 | | 115.454 | abs | 0.321 | 1.0114 |
| 0.199 | 9.993 | 89.840 | | 205.677 | | 117.464 | abs | 0.321 | 1.0116 |
| 0.199 | 9.993 | 89.840 | | 205.677 | | 116.946 | abs | 0.321 | 1.0117 |

Table 4: Πίνακας με τις έντεκα καλύτερες λύσεις

Η σύγκλιση του γενετικού αλγορίθμου φαίνεται στο σχήμα 13:

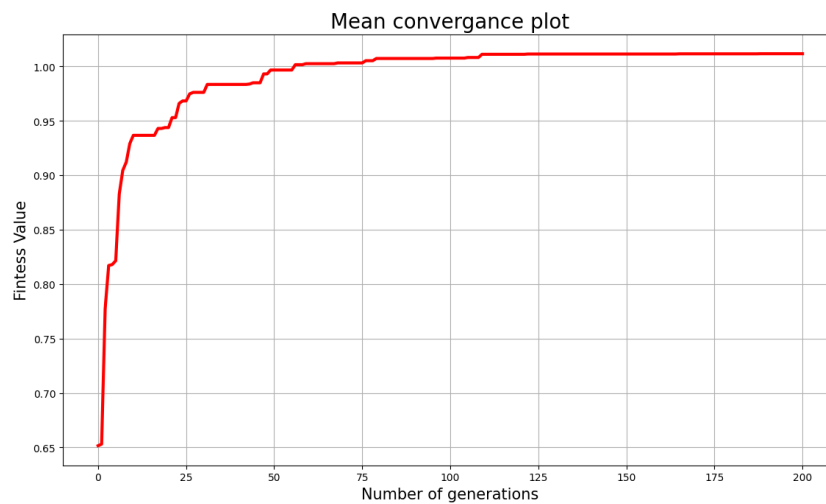


Figure 13: Διάγραμμα σύγκλισης καλύτερης λύσης

Το boxplot παρουσιάζεται στο σχήμα 14, όπου παρατηρείται ότι πράγματι ο αλγόριθμος έχει συγκλίνει καθώς κουτιά εκτείνονται σε περιορισμένη περιοχή του πεδίου ορισμού των μεταβλητών.

¹⁰Ο τρόπος επιλογής των καλύτερων λύσεων αναλύεται στην παράγραφο 2.4

Box Plot of the 11 best solutions

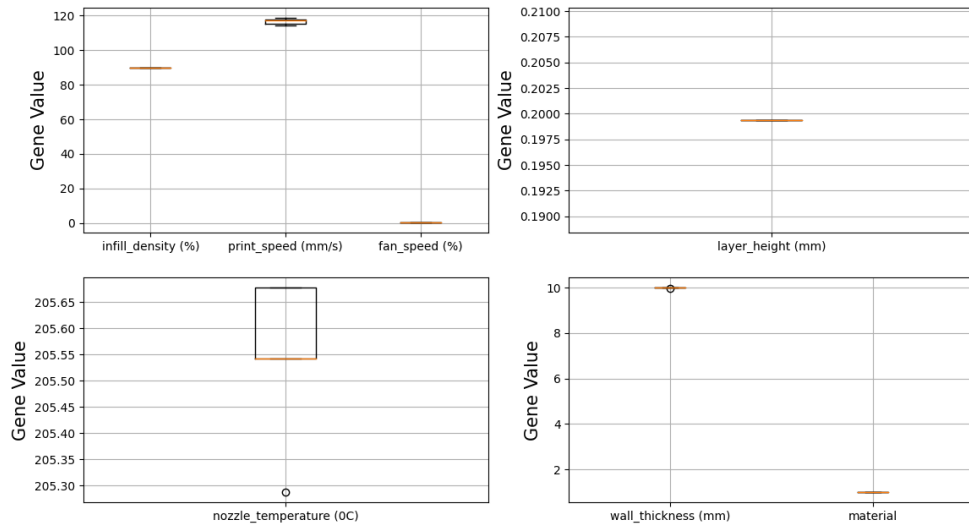


Figure 14: boxplot καλύτερων λύσεων

Τέλος, παρουσιάζονται και οι τιμές της τραχύτητας και των μηχανικών ιδιοτήτων στον πίνακα 5. Καθώς όλες οι λύσεις έχουν συγκλίνει τυπικά στις ίδιες παραμέτρους, επιλέχθηκε να παρουσιασθούν οι τιμές μόνο από μία λύση.

| Roughness (μm) | UTS (MPa) | Elongation (%) |
|--------------------------------|--------------|-------------------|
| 224.99 | 46.79 | 3.62 |

Table 5: Ποιότητα κατεργασίας Θέτοντας $w_3 = 10$, δίνοντας έμφαση στην μεγιστοποίηση της επιμήκυνσης

5. Αλλαγή βαρών αντικειμενικής

5.1 Θέτοντας $w_1 = 10$

Δίνοντας έμφαση στην ελαχιστοποίηση της τραχύτητας, λαμβάνεται η λύση του πίνακα 6, η οποία αντιστοιχεί σε ποιότητα κατεργασίας που φαίνεται στον πίνακα 7. Παρατηρείται πως στην λύση η τραχύτητα είναι αισθητά μικρότερη. Επιπλέον, παρατηρείται πως σε σχέση με τις λύσεις του πίνακα 4, μόνο οι παράμετροι από τους οποίους εξαρτάται η τραχύτητα άλλαξαν.

| Layer height | Wall Thickness | infill density | infill pattern | nozzle temperature | bed temperature | print speed | material | fan speed | Fitness Value |
|--------------|----------------|----------------|----------------|--------------------|-----------------|---------------|------------|---------------|---------------|
| mm | mm | (%) | | (°C) | (°C) | (mm/s) | - | (%) | - |
| 0.021 | 9.944 | 89.064 | | 212.783 | | 40.453 | pla | 98.643 | 0.0774 |

Table 6: Βέλτιστη λύση Θέτοντας $w_1 = 10$, δίνοντας έμφαση στην ελαχιστοποίηση της τραχύτητα

| Roughness (μm) | UTS (MPa) | Elongation (%) |
|-----------------------------|-----------|----------------|
| 26.40 | 37.32 | 1.62 |

Table 7: Ποιότητα κατεργασίας Θέτοντας $w_1 = 10$, δίνοντας έμφαση στην ελαχιστοποίηση της τραχύτητα

5.2 Θέτοντας $w_2 = 10$

Δίνοντας έμφαση στην μεγιστοποίηση της αντοχής, λαμβάνεται η λύση του πίνακα 8, η οποία αντιστοιχεί σε ποιότητα κατεργασίας που φαίνεται στον πίνακα 9. Παρατηρείται πως στην λύση, μειώθηκε κάπως η ταχύτητα εκτύπωσης, χρησιμοποιείται pla και αυξήθηκε δραστικά η ταχύτητα περιστροφής.

| Layer height | Wall Thickness | infill density | infill pattern | nozzle temperature | bed temperature | print speed | material | fan speed | Fitness Value |
|--------------|----------------|----------------|----------------|--------------------|-----------------|---------------|------------|---------------|---------------|
| mm | mm | (%) | | (°C) | (°C) | (mm/s) | - | (%) | - |
| 0.200 | 9.973 | 89.966 | | 200.019 | | 91.576 | pla | 99.908 | 1.481 |

Table 8: Βέλτιστη λύση Θέτοντας $w_2 = 10$, δίνοντας έμφαση στην μεγιστοποίηση της αντοχής

| Roughness (μm) | UTS (MPa) | Elongation (%) |
|-----------------------------|-----------|----------------|
| 241.21 | 54.63 | 2.78 |

Table 9: Ποιότητα κατεργασίας Θέτοντας $w_2 = 10$, δίνοντας έμφαση στην μεγιστοποίηση της αντοχής

5.3 Θέτοντας $w_3 = 10$

Δίνοντας έμφαση στην μεγιστοποίηση της επιμήκυνσης, λαμβάνεται η λύση του πίνακα 10, η οποία αντιστοιχεί σε ποιότητα κατεργασίας που φαίνεται στον πίνακα 11. Αλλάζει το πάχος τοιχώματος και ελαφρώς η ταχύτητα εκτύπωσης.

| Layer height | Wall Thickness | infill density | infill pattern | nozzle temperature | bed temperature | print speed | material | fan speed | Fitness Value |
|--------------|----------------|----------------|----------------|--------------------|-----------------|---------------|----------|-----------|---------------|
| mm | mm | (%) | | (°C) | (°C) | (mm/s) | - | (%) | - |
| 0.200 | 2.941 | 89.544 | | 200.016 | | 93.424 | abs | 0.196 | 1.217 |

Table 10: Βέλτιστη λύση Θέτοντας $w_3 = 10$, δίνοντας έμφαση στην μεγιστοποίηση της επιμήκυνσης

| Roughness (μm) | UTS (MPa) | Elongation (%) |
|---------------------------------------|---------------------|--------------------------|
| 241.19 | 38.48 | 3.93 |

Table 11: Ποιότητα κατεργασίας Θέτοντας $w_3 = 10$, δίνοντας έμφαση στην μεγιστοποίηση της επιμήκυνσης

6. Αναφορές

7. Κώδικες

```
1 import numpy as np
2 import pandas as pd
3 from sklearn.model_selection import train_test_split
4 from sklearn.neural_network import MLPRegressor
5 from sklearn.preprocessing import StandardScaler
6 import matplotlib.pyplot as plt
7 from scipy import stats as st
8
9
10 scalerX = StandardScaler()
11 df = pd.read_csv("Data.csv")
12
13 #Targets = ['roughness ( \mu m)', 'tension_strength (MPa)', 'elongation (%)']
14 Targets = df.columns[-3:]
15 ystring = Targets[0]
16
17 #Number of trials -> statistical analysis
18 ki=8
19 r2_table = np.zeros(ki) #save the r2 value for statistical test
20
21 #Check alternative models
22 nkTable = [1]; specific = 1
23
24
25 #nkTable = [2,7]; specific = 0 #Roughness
26 #nkTable = [3,6]; specific = 0 #uts
27 #nkTable = [2]; specific = 0 #elongation , 3
28
29 Final = np.zeros([5*nkTable.__len__(),4])
30 FinalST = np.zeros([ nkTable.__len__(),4])
31 ali = -1 #alternatives_index
32
33 for nk in nkTable:# specific
34     ali +=1
35
36     if ystring == Targets[0]:
37         if specific==1:
38             #---- roughness
39             arr = [0,4,6]
40         else:
41             arr = [0,nk,6]
42     if ystring == Targets[1]:
43         if specific==1:
44             #---- MPA
45             arr = [0,1,2,4,7,8] #-> new = better
46         else:
47             arr = [0,1,2,nk,4,7,8] #3 -> bibliography, 6 -> bibliography + ftest
48     if ystring == Targets[2]:
49         if specific==1:
50             #---- elognation
51             arr = [0,1,4,7,8]
52         else:
53             arr = [0,1,nk,4,7,8] # 2-> fi test -> 2->0.78
54
55     #Best, independant of nn architecture
```

```

56 #region
57 cn=0
58 MATRIX=[]
59 OBJ=[]
60 #maximum 2 layers
61 for i in range(1,51,2):
62     MATRIX.append([i, 0])
63     cn=cn+1
64 for i in range(1,31,3):
65     for j in range(1,31,3):
66         MATRIX.append([i, j])
67         cn=cn+1
68
69 OBJ = np.zeros(cn) #score
70 SD = np.zeros(cn) #variance of score
71
72 #endregion
73
74 u = cn
75 for j in range(0,u):
76
77     print(j)
78     R2=0
79     for k in range(ki):
80         train, test = train_test_split(df, test_size=0.2) #different data
81         X_train = train.iloc[:,arr]
82         Y_train = train[ystring]
83         X_test = test.iloc[:,arr]
84         Y_test = test[ystring]
85
86         #Data Preprocess
87         scaler = StandardScaler()
88         scaler.fit(X_train)
89
90         X_train = scaler.transform(X_train)
91         X_test = scaler.transform(X_test)
92
93         #Regression
94         if MATRIX[j][1] == 0:
95             MLP=MLPRegressor(hidden_layer_sizes=(MATRIX[j][0]), max_iter=5000,
96                               random_state=1)
97         else:
98             MLP=MLPRegressor(hidden_layer_sizes=(MATRIX[j][0],MATRIX[j][1]), max_iter
99                               =5000, random_state=1)
100
101         MLP.fit(X_train, Y_train.values.ravel())
102
103         #R2 plot, scaled to 0-1
104         y_pred = MLP.predict(X_test)
105         y_true = Y_test.values
106
107         y_tmax = y_true.max()
108         y_pmax = y_pred.max()
109
110         r2 = MLP.score(X_test,Y_test)
111         R2=R2+r2/ki
112     print(r2)

```

```

111     #Statistical Tets
112     r2_table[k] = r2
113
114
115     OBJ[j] = R2
116     SD[j] = r2_table.var()
117
118     print('R2: {:.4f}'.format(R2))
119     print('SD: {:.4f}'.format(SD[j]))
120
121     #save all data
122     TXT= np.zeros([cn,4])
123     for j in range(0,u):
124         TXT[j,:] = [MATRIX[j][0],MATRIX[j][1],OBJ[j],SD[j]]
125     #print(TXT)
126
127     #Show best 5
128     id = np.argsort(OBJ)
129     # print(id[-5:]+1)
130     print( TXT[id[-5:],:] )
131     Final[5*ali:(5*ali+5),:] = TXT[id[-5:],:]
132     # print(Final)
133
134     #statistic test
135     #st_id = [0,0,0,0,0]
136
137     best = 0
138     for j in range(1,u):
139         mu1 = TXT[best,2]
140         mu2 = TXT[j,2]
141         s1_2 = TXT[best,3]
142         s2_2 = TXT[j,3]
143
144         if ( st.ttest_ind_from_stats(mu2, s2_2 ,ki, mu1, s1_2, ki , equal_var=False,
145             alternative='greater').pvalue < 0.15 ):
146             #pvalue < 0.05 ->
147             #the propability that mu2 > mu1 covers and area 1-pvalue
148             #So if i want to be 95% sure that mu2>mu1, that means that:
149             #area > 0.95 -> 1-pvalue >0.95 -> pvalue <0.05
150
151             best = j
152             print("Best is : {:.d}".format(best))
153
154     FinalST[ali,:] = TXT[best,:]
155
156     print(FinalST)
157
158     print("Final best 5 table:")
159     print(Final)

```