# Numerische Optimierung Abgabe 1.

Florian Bernhard, Maxim Dudin

April 29, 2021

### Aufgabe 1

Die Implementierung des Bisektions-Verfahrens befindet sich in der Datei "Bisektion.m". Dabei haben wir eine maximale Iterationsgröße von 50 Iterationen festgelegt. Dies kann natürlich an das Problem angepasst werden, reicht in der Regel aber meist aus.

### **Aufgabe 2**

Die Implementierung des Mutation-Selektions-Verfahrens befindet sich in der Datei "Mutation.m".

### Aufgabe 3

Die Implementierungen für das Mutation-Selektions-Verfahren befinden sich in dem oben genannten M-File. Dabei haben wir uns, wie beim Bisektionsverfahren für eine maximale Anzahl an Iterationen entschieden. Die weiteren Abbruch-Kriterien befinden sich ausgeklammert im Code. Folgende Abbruch-Kriterien wurden implementiert:

- Betragsänderung der Subtraktion beider Funktionswerte.
- Betragsänderung der Subtraktion beider Normen der X-Vektoren.

Diese sind mit einer vorgegebenen Toleranz verglichen worden. Auch noch denkbar wäre ein Abbruch-Kriterium, dass nach einer gewissen Anzahl an durchläufen, ohne Verbesserung, abbrechen würde.

Für die geeignete Wahl von Alpha haben wir uns für eine zufällige Schrittweite entschieden und unsere anderen Vorstellungen zur Wahl von Alpha im Code "Mutation.m" auskommentiert. Folgende wurden implementiert:

- Feste Schrittweite
- Zufällige Schrittweite
- Anpassung der Schrittweite, falls eine Änderung für die Wahl von X vorliegt.
- Die Schrittweise verringerung von alpha.

### Aufgabe 4

Das Abgleichen der Schnelligkeiten der verschiedenen Verfahren lässt sich in dem "projekt01.mlx" Live Script finden, dabei ist zu sagen, dass das fminsearch-Verfahren das schnellste und zuverlässigste unter folgenden Verfahren ist: fminsearch, Bisektionsverfahren, Mutation-Selektion.

### Aufgabe 5

Die Implementierung der Funktion ist in der Datei fminsearch2.m. Ein Beispiel der Funktion, bei der die Nelder-Mead Standartabweichungstoleranz nicht effizient ist, ist im Live Script im Abschnitt 5 vorgestellt.

### Aufgabe 6

Die manuelle Berechnung der Iterationen ist im Live Skript, im Abschnitt 6 zu finden.

## Aufgabe 7

Das Nelder-Mead Verfahren ist im Durchschnitt besser bzw zuverlässiger, als das Mutation-Selektion Verfahren. Da das Mutation-Selektion Verfahren ein stochastisches Verfahren ist, kann man Glück oder Pech mit der Konvergenz und Schnelligkeit haben. Das Nelder-Mead Verfahren versucht es, gezielt in die Richtung zu gehen, in der eine Verbesserung zu erwarten ist. Dazu sollte noch ergänzt werden, dass diese Aussagen natürlich auch in Abhängigkeit eines sinnvollen Startwertes getroffen werden müssen.