



**ΑΡΙΣΤΟΤΕΛΕΙΟ ΠΑΝΕΠΙΣΤΗΜΙΟ ΘΕΣΣΑΛΟΝΙΚΗΣ**  
**ΠΟΛΥΤΕΧΝΙΚΗ ΣΧΟΛΗ**  
**ΤΜΗΜΑ ΗΛΕΚΤΡΟΛΟΓΩΝ ΜΗΧΑΝΙΚΩΝ ΚΑΙ ΜΗΧΑΝΙΚΩΝ**  
**ΥΠΟΛΟΓΙΣΤΩΝ**

---

**ΤΕΧΝΙΚΕΣ ΒΕΛΤΙΣΤΟΠΟΙΗΣΗΣ**

**PROJECT**

---

**Πηγή Παπανικολάου**

**Φεβρουάριος 2024**

## Περιεχόμενα

1	Σκοπός της Εργασίας .....	2
	Περιγραφή του Ζητούμενου .....	2
2	Εξελικτικοί Αλγόριθμοι .....	2
	Γενετικοί Αλγόριθμοι .....	4
	Μέθοδοι Εξέλιξης .....	4
	Περιγραφή Αλγορίθμου .....	4
	Ανάλυση του Δοσμένου Προβλήματος .....	5
3	Αποτελέσματα Υλοποίησης .....	5
	Δοκιμές Τιμών για την Επιλογή Παραμέτρων .....	6
	Επιλογή Τελικών Παραμέτρων .....	14

## 1 Σκοπός της Εργασίας

Στην εργασία αυτή σκοπός είναι να προσδιορίσουμε μια χαμηλής πολυπλοκότητας αναλυτική έκφραση μιας συνάρτησης  $f$ , χρησιμοποιώντας γενετικό αλγόριθμο. Απαραίτητα για αυτό είναι μετρήσεις εισόδου-εξόδου καθώς και ο κατάλληλα σχεδιασμένος γραμμικός συνδυασμός γκαουσιανών συναρτήσεων.

### Περιγραφή του Ζητούμενου

Θεωρούμε το στατικό σύστημα δύο εισόδων  $u_1, u_2$  και μιας εξόδου  $y$ , που περιγράφεται από την σχέση εισόδου-εξόδου:

$$y = f(u_1, u_2) \quad (1)$$

, όπου η αναλυτική έκφραση της  $f$  είναι άγνωστη αλλά συνεχής συνάρτηση των  $u_1, u_2$ . Προκειμένου να προσδιοριστεί μια αναλυτική έκφραση για την  $f$ , χρησιμοποιούνται μετρήσεις εισόδου-εξόδου καθώς και κατάλληλα σχεδιασμένος γραμμικός συνδυασμός γκαουσιανών συναρτήσεων της μορφής:

$$G(u_1, u_2) = e^{-\left(\frac{(u_1 - c_1)^2}{2\sigma_1^2} + \frac{(u_2 - c_2)^2}{2\sigma_2^2}\right)} \quad (2)$$

Στη διάθεσή μας έχουμε το πολύ 15 γκαουσιανές συναρτήσεις και χρησιμοποιώντας γενετικό αλγόριθμο, θα προτείνουμε μια χαμηλής πολυπλοκότητας αναλυτική έκφραση της  $f$ .

Για τις διαδικασίες της παραγωγής δεδομένων εισόδου-εξόδου καθώς και την αξιολόγηση των αποτελεσμάτων μας και μόνο, θεωρούμε τη συνάρτηση:

$$\begin{aligned} f(u_1, u_2) &= \sin(u_1 + u_2) \sin(u_2^2) \\ u_1 &\in [-1, 2] \\ u_2 &\in [-2, 1] \end{aligned} \quad (3)$$

## 2 Εξελικτικοί Αλγόριθμοι

Οι εξελικτικοί αλγόριθμοι αποτελούν τεχνικές ολικής βελτιστοποίησης που βασίζονται σε ιδέες δανεισμένες από τη φυσική εξέλιξη, η οποία έχει να επιδείξει την επιτυχημένη επίλυση πολύπλοκων προβλημάτων βελτιστοποίησης όπως η δημιουργία και ανάπτυξη νέων οργανισμών, καθώς και η προσαρμογή τους σε δραστηνά μεταβαλλόμενες συνθήκες.

Όλοι οι εξελικτικοί αλγόριθμοι θεωρούν ένα πληθυσμό από άτομα, τα οποία ονομάζονται χρωμοσώματα, καθένα από τα οποία παριστάνει μια λύση του προβλήματος βελτιστοποίησης. Τα χρωμοσώματα αποτελούνται από τα γονίδια (genes). Όπως και στη φύση, ο πληθυσμός εξελίσσεται σε γενεές (generations) διαμέσω του χρόνου, λόγω της εφαρμογής πάνω στα άτομα του πληθυσμού διαφόρων εξελικτικών τελεστών. Με τον τρόπο αυτό, δημιουργούνται νέα άτομα που παριστάνουν διαφορετικά σημεία στον χώρο αναζήτησης, καλύπτοντας έτσι ολόένα και περισσότερες περιοχές

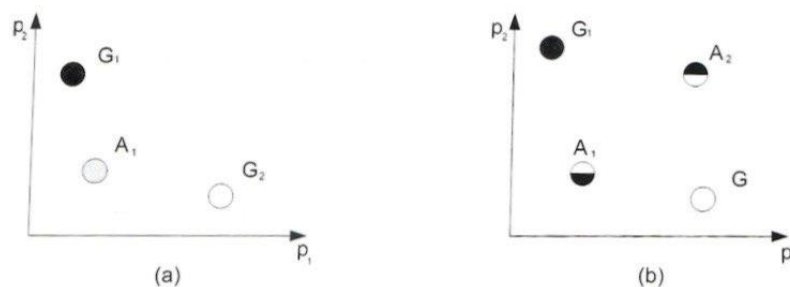
αυτού. Σε κάθε άτομο του πληθυσμού αντιστοιχεί μια τιμή της αντικειμενικής συνάρτησης η οποία στην ορολογία των εξελικτικών αλγορίθμων καλείται συνάρτηση ικανότητας (fitness function). Η διαδικασία επιλογής (selection) εξασφαλίζει ότι τα άτομα με την καλύτερη απόδοση, η οποία αξιολογείται με βάση τη συνάρτηση ικανότητας, θα έχουν μεγαλύτερη πιθανότητα να επιβιώσουν. Κατά συνέπεια, ο πληθυσμός τείνει να εξελιχθεί προς τα άτομα με την καλύτερη απόδοση, λύνοντας το πρόβλημα της βελτιστοποίησης.

Στους εξελικτικούς αλγορίθμους χρησιμοποιείται και ο τελεστής της διασταύρωσης (crossover), ο οποίος στις εξελικτικές στρατηγικές δεν παίζει σημαντικό ρόλο. Απαραίτητη προϋπόθεση για να γίνει η διασταύρωση είναι η ύπαρξη δύο ατόμων του πληθυσμού που ονομάζονται γονείς (parents). Με τη διασταύρωση παράγονται οι απόγονοι (offspring). Δύο είναι οι κύριες διαδικασίες εφαρμογής της διασταύρωσης:

1. Στην πρώτη, χρησιμοποιείται η μέση τιμή των αντίστοιχων στοιχείων των δύο γονέων, δημιουργώντας με τον τρόπο αυτό ένα απόγονο. Αναφέρεται ως μέθοδος της μέσης τιμής και εφαρμόζεται μόνο στην περίπτωση όπου τα χρωμοσώματα αναπαριστώνται με πραγματικές τιμές.
2. Κατά τη δεύτερη, παράγονται δύο απόγονοι, καθένας από τους οποίους έχει κληρονομήσει ένα τμήμα από τον ένα γονέα και τα υπόλοιπα από το άλλο. Αναφέρεται ως μέθοδος της διακριτής διασταύρωσης.

Στην Εικόνα 1 εικονίζονται οι δύο διαδικασίες διασταύρωσης. Λέγοντας ότι στις εξελικτικές στρατηγικές η διασταύρωση δεν παίζει σημαντικό ρόλο, εννοούμε ότι της έχει προσδοθεί μικρή πιθανότητα πραγματοποίησης.

Η διαδικασία της επιλογής (selection), εφαρμόζεται κατά ντετερμινιστικό τρόπο στις εξελικτικές στρατηγικές. Καταρχήν το κάθε άτομο στον πληθυσμό κατατάσσεται ανάλογα με την τιμή της συνάρτησης ικανότητας που του αντιστοιχεί. Στη συνέχεια επιλέγονται τα καλύτερα.



Εικόνα 1. Δύο τεχνικές διασταύρωσης: α) η μέθοδος της μέσης τιμής, β) διακριτή διασταύρωση. Και στις δύο περιπτώσεις, με  $G$  συμβολίζουμε χρωμόσωμα γονέα, ενώ με  $A$  χρωμόσωμα απογόνου.

Υπάρχει και ο τελεστής μετάλλαξης (mutation), ο οποίος στους γενετικούς αλγορίθμους δεν παίζει σημαντικό ρόλο και θα περιγραφεί πιο αναλυτικά αργότερα.

## Γενετικοί Αλγόριθμοι

Σε αντίθεση με τις εξελικτικές στρατηγιές, στους γενετικούς αλγορίθμους όλοι οι παράμετροι του χρωμοσώματος κωδικοποιούνται ως δυαδικοί αριθμοί.

Στους γενετικούς αλγορίθμους ο τελεστής μετάλλαξης δεν παίζει σημαντικό ρόλο. Η μετάλλαξη αντιστρέφει ένα ψηφίο του χρωμοσώματος. Η πιθανότητα να πραγματοποιηθεί μετάλλαξη είναι πολύ μικρή. Στην κλασική έκδοση του αλγορίθμου κάθε ψηφίο μπορεί να μεταλλαχθεί με την ίδια πιθανότητα, αλλά τότε τεράστιες μεταβολές συμβαίνουν με ίδια πιθανότητα με τις μικρές μεταβολές. Άρα μπορούμε να μεταβάλλουμε την πιθανότητα μετάλλαξης σε σχέση με τη σημαντικότητα του ψηφίου. Κύριος σκοπός της μετάλλαξης είναι να εμποδίσει τον γενετικό αλγόριθμο από το να «κολλήσει» σε περιοχές του χώρου αναζήτησης με το να διαταράσσει ελαφρά το χρωμόσωμα.

Στην εργασία αυτή, θα χρησιμοποιήσουμε το **δεκαδικό σύστημα**, καθώς δεν μπορούμε να αναπαραστήσουμε απόλυτα τη μετάλλαξη του δυαδικού συστήματος. Η νέα τιμή του γονιδίου επιλέγεται τυχαία, εντός όμως επιτρεπτών ορίων σύμφωνα με τους περιορισμούς, κάτι το οποίο δεν λαμβάνεται υπόψη στην αντιστροφή ενός δυαδικού ψηφίου.

Η διασταύρωση, αποτελεί κυρίαρχο τελεστή στους γενετικούς αλγορίθμους. Η πιθανότητα τέλεσης της διασταύρωσης είναι σχετικά μεγάλη. Το σημείο τομής που χωρίζει σε δύο τμήματα τα χρωμοσώματα των γονέων προσδιορίζονται τυχαία.

## Μέθοδοι Εξέλιξης

Συνοψίζοντας λοιπόν, έχουμε τρεις βασικές εξελικτικές μεθόδους:

1. Μετά της αξιολόγηση των χρωμοσωμάτων μέσω της συνάρτησης ικανότητας, επιλέγεται ένα ποσοστό από το «επικρατούντα» χρωμοσώματα και κληροδοτείται στις μελλοντικές γενεές. Άρα, επιλέγονται τα **βέλτιστα χρωμοσώματα**.
2. Ένα άλλο ποσοστό του νέου πληθυσμού θα προκύψει από την **διασταύρωση** γονέων. Ανάλογα την μέθοδο διασταύρωσης που θα χρησιμοποιηθεί (από αυτές που περιγράψαμενωρίτερα) θα προκύψουν 1 ή 2 απόγονοι.
3. Το ποσοστό από τα υπόλοιπα χρωμοσώματα (εκτός των βέλτιστων) επιλέγεται **τυχαία** να μεταδοθεί και στην επόμενη γενιά.
4. Τέλος, κατά την **μετάλλαξη** των χρωμοσωμάτων επιλέγεται ένα γονίδιο και πραγματοποιείται αλλαγή την τιμής του.

## Περιγραφή Αλγορίθμου

Η λογική του γενετικού αλγορίθμου που πραγματοποιήθηκε στην εργασία παρουσιάζεται παρακάτω:

- A. **Δημιουργία Αρχικού Τυχαίου Πληθυσμού:** Δημιουργία ενός πρώτου συνόλου χρωμοσωμάτων με τυχαίες τιμές γονιδίων, λαμβάνοντας υπόψη τους περιορισμούς κάθε γονιδίου.
- B. **Υπολογισμός ικανότητας:** Υπολογισμός του βαθμού καταλληλότητας/ ικανότητας (fitness) για κάθε χρωμόσωμα στον τρέχοντα πληθυσμό.
- C. **Εξέλιξη του Πληθυσμού:** Διαδικασία εξέλιξης του πληθυσμού με τις τέσσερις κύριες διαδικασίες που περιεγράφηκαν νωρίτερα.
- D. **Αξιολόγηση Νέου Πληθυσμού:** Αξιολόγηση του πληθυσμού που προκύπτει από την εξέλιξη.
- E. **Επανάληψη της Διαδικασίας:** Επανάληψη των προηγούμενων βημάτων μέχρι να επιτευχθεί μια ικανοποιητική ακρίβεια ή να ολοκληρωθεί ο μέγιστος αριθμός γενεών που έχει οριστεί.

### Ανάλυση του Δοσμένου Προβλήματος

Θα προσδιορίσουμε τις βασικές παραμέτρους των γενετικών αλγορίθμων για το συγκεκριμένο πρόβλημα. Δηλαδή τον πληθυσμό, τα χρωμοσώματα και τα γονίδια.

Αρχικά, πρέπει να πούμε πως ο γραμμικός συνδυασμός των γκαουσιανών της (2) δεν μπορεί να γίνει επιτυχώς για να προσεγγιστεί η (3) χωρίς να πολλαπλασιάσουμε με έναν συντελεστή έστω  $D$  που μπορεί να πάρει και αρνητικές τιμές, ώστε ο γενετικός αλγόριθμος να πλησιάσει σωστά τις αρνητικές τιμές που παίρνει η  $f$ . Άρα, έχουμε:

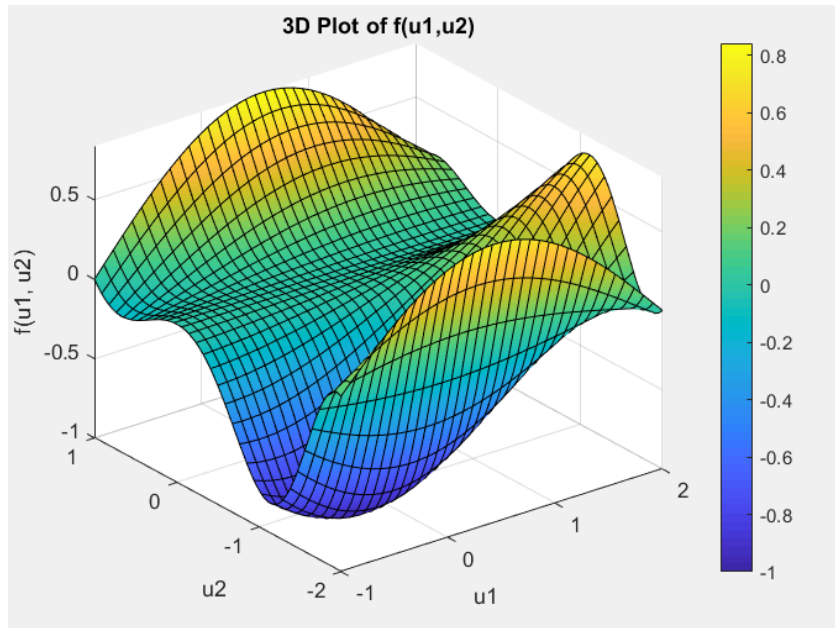
$$G'(u_1, u_2) = D \cdot e^{-\left(\frac{(u_1 - c_1)^2}{2\sigma_1^2} + \frac{(u_2 - c_2)^2}{2\sigma_2^2}\right)} \quad (4)$$

Οι παράμετροι  $c_1, c_2, \sigma_1, \sigma_2, D$  αποτελούν τα γονίδια και καθένα χρωμόσωμα περιλαμβάνει όλα αυτά τα γονίδια για όλες τις γκαουσιανές συναρτήσεις που χρησιμοποιούνται. Όλα τα χρωμοσώματα που έχει κάθε γενιά αποτελούν τον πληθυσμό.

Ως συνάρτηση ικανότητας για την αξιολόγηση των γονιδίων έχουν χρησιμοποιηθεί το απόλυτο σφάλμα  $E = \frac{1}{N} \sum |f - \bar{f}|$  ή το μέσο τετραγωνικό σφάλμα  $MSE = \frac{1}{N} \sum (f - \bar{f})^2$ , όπου  $f$  η (3) και  $\bar{f}$  η προσέγγιση της αναλυτικής συνάρτησης. Το βέλτιστο αποτέλεσμα προέκυψε με χρήση του μέσου τετραγωνικού σφάλματος.

### 3 Αποτελέσματα Υλοποίησης

Για να αξιολογήσουμε τα αποτελέσματα που θα προκύψουν αργότερα πρέπει να λάβουμε υπόψη την γραφική αναπαράσταση της συνάρτησης  $f$  στην Εικόνα 2.



Εικόνα 2. Τρισδιάστατη αναπαράσταση της συνάρτησης που προσεγγίζουμε

Στην συνέχεια, κάνοντας πολλές δοκιμές και μεταβάλλοντας τις τιμές του πλήθους των γκαουσιανών συναρτήσεων, την πιθανότητα μετάλλαξης των γονιδίων, το ποσοστό των βέλτιστων γονιδίων που μεταδίδονται από μία γενιά στην επόμενη, ο αριθμός των γενεών και το μέγεθος του πληθυσμού, θα εξάγουμε συμπέρασμα για την επιρροή τους στο αποτέλεσμα του γενετικού αλγορίθμου και θα οδηγηθούμε κοντά στην βέλτιστη προσέγγιση της αναλυτικής μορφής της  $f$ .

## Δοκιμές Τιμών για την Επιλογή Παραμέτρων

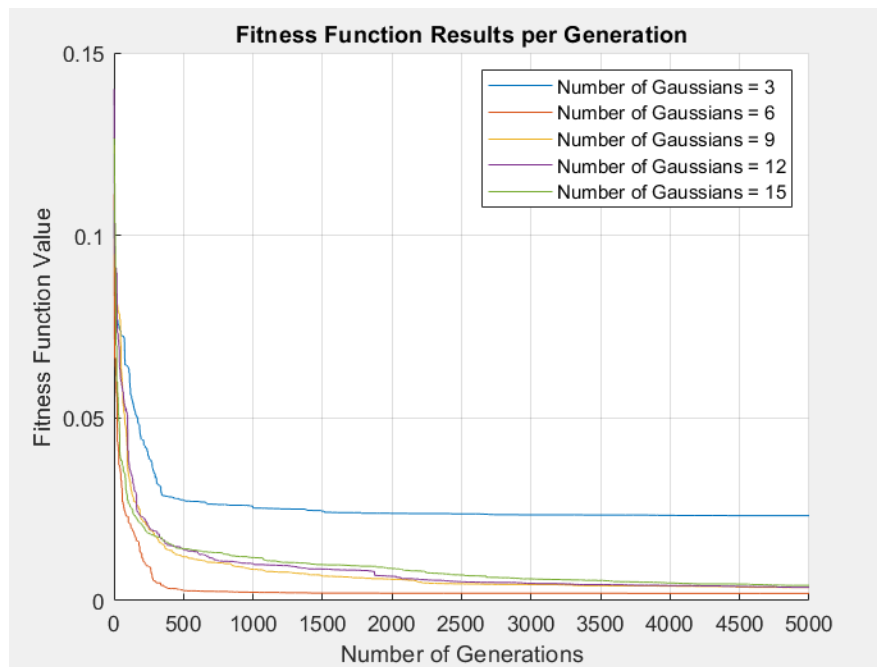
### ■ Πλήθος γκαουσιανών συναρτήσεων

Η αναλυτική έκφραση της (1) μπορεί να προσεγγιστεί ως γραμμικός συνδυασμός γκαουσιανών συναρτήσεων όπως οι (4). Στη διάθεσή μας έχουμε 15 τέτοιες συναρτήσεις και αποσκοπούμε στον προσδιορισμό του πλήθους τους που θα εξασφαλίσει την ικανοποιητικότερη προσέγγιση στην αναλυτική συνάρτηση, δηλαδή το ελάχιστο σφάλμα.

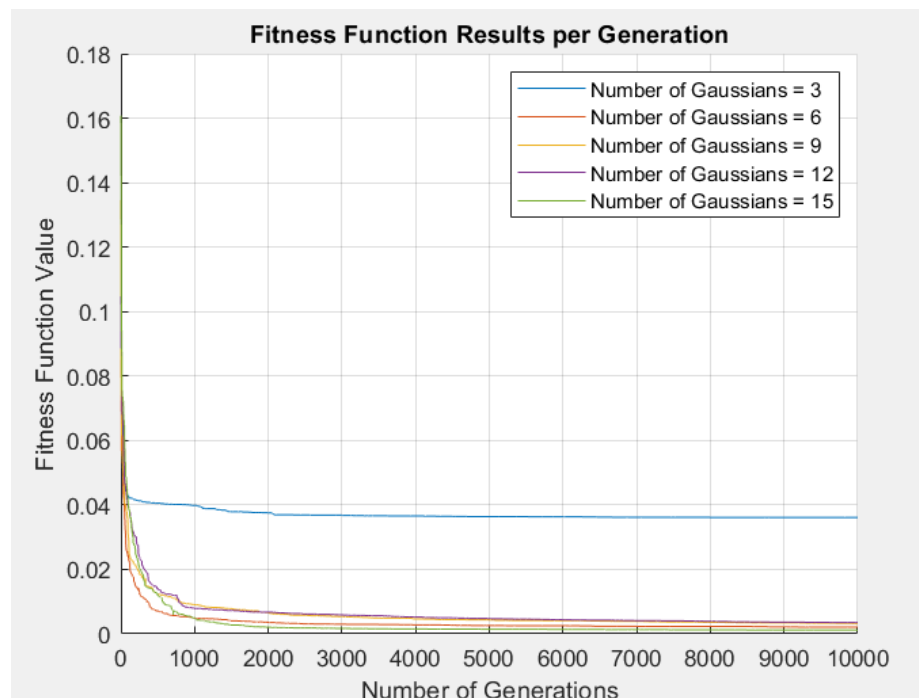
Αρχικά, οι τιμές που θα αποδώσουμε στις άλλες παραμέτρους που θα μένουν σταθερές είναι οι εξής:

- Πληθυσμός: 100
- Αριθμός γενεών: 5000, 10000
- Όρια  $c_i$ : [-2, 2]
- Όρια  $\sigma_i$ : [0.1, 2]
- Όρια  $D$ : [-0.0997, 0.8413], που είναι οι ακραίες τιμές της συνάρτησης  $f$
- Ποσοστό βέλτιστων χρωμοσωμάτων που κληρονομούνται: 40%
- Ποσοστό χρωμοσωμάτων που κληρονομούνται τυχαία: 10%, σχετικά μικρό ποσοστό

- Ποσοστό χρωμοσωμάτων που προκύπτουν από διασταύρωση: προκύπτει από τα δύο παραπάνω ποσοστά ( $p_{crossover} = 100 - p_{best} - p_{random}$ )
- Πιθανότητα μετάλλαξης: 0.1
- Παράγουμε γραφικές παραστάσεις για 3, 6, 9, 12, 15 γκαουσιανές



Εικόνα 3. Τιμές συνάρτησης ικανότητας για διαφορετικές τιμές γκαουσιανών συναρτήσεων για αριθμό γενεών 5000



Εικόνα 4. Τιμές συνάρτησης ικανότητας για διαφορετικές τιμές γκαουσιανών συναρτήσεων για αριθμό γενεών 10000



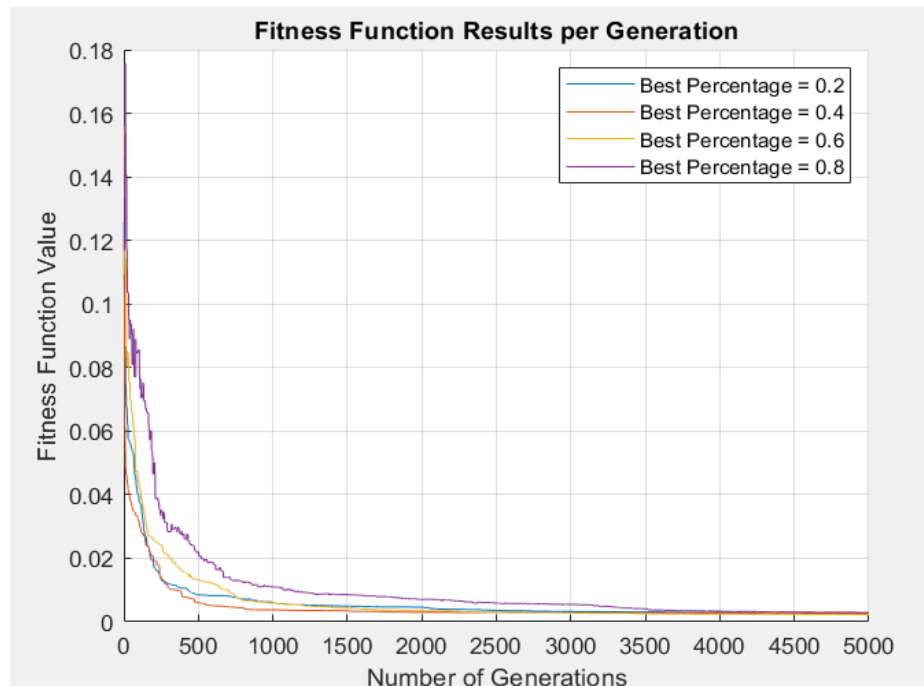
Γενικά, καθίσταται πιο εύκολο να προσεγγιστεί η συνάρτηση με μεγάλη ακρίβεια. Παρατηρούμε στην Εικόνα 3, για 5000 γενεές ότι η χρήση 6 γκαουσιανών οδηγεί σε μικρότερο σφάλμα. Για 10000 γενεές όμως το ελάχιστο σφάλμα επιτυγχάνεται με 15 γκαουσιανές και έχει την χαμηλότερη τιμή.

■ **Ποσοστό βέλτιστων χρωμοσωμάτων που κληρονομούνται**

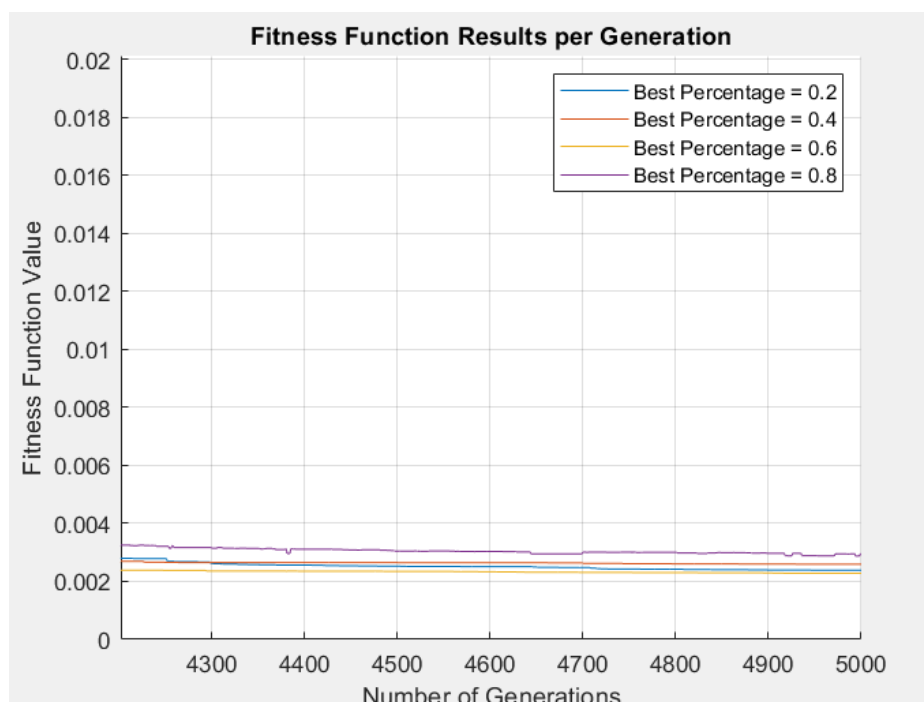
Το ποσοστό αυτό δηλώνει τον αριθμό των χρωμοσωμάτων με τα βέλτιστα χαρακτηριστικά, αυτά που ξεχωρίζουν, τα οποία θα κληρονομηθούν στην επόμενη γενεά.

Αρχικά, οι τιμές που θα αποδώσουμε στις άλλες παραμέτρους που θα μένουν σταθερές είναι οι εξής:

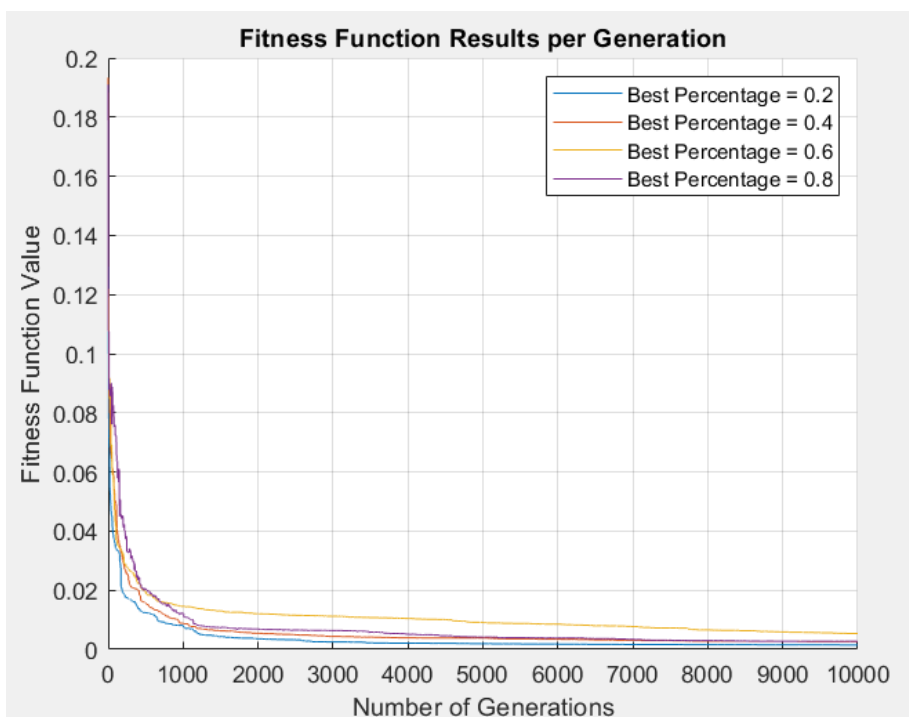
- Πληθυσμός: 100
- Αριθμός γενεών: 5000, 10000
- Όρια  $c_i$ : [-2, 2]
- Όρια  $\sigma_i$ : [0.1, 2]
- Όρια  $D$ : [-0.0997, 0.8413], που είναι οι ακραίες τιμές της συνάρτησης  $f$
- **Ποσοστό βέλτιστων χρωμοσωμάτων που κληρονομούνται: 20%, 40%, 60%, 80%**
- Ποσοστό χρωμοσωμάτων που κληρονομούνται τυχαία: 10%, σχετικά μικρό ποσοστό
- Ποσοστό χρωμοσωμάτων που προκύπτουν από διασταύρωση: προκύπτει από τα δύο παραπάνω ποσοστά ( $p_{crossover} = 100 - p_{best} - p_{random}$ )
- Πιθανότητα μετάλλαξης: 0.1
- Αριθμός γκαουσιανών: 15



Εικόνα 5. Τιμές συνάρτησης ικανότητας για διαφορετικά ποσοστά κληρονόμησης βέλτιστων χρωμοσωμάτων για αριθμό γενεών 5000



Εικόνα 6. Τιμές συνάρτησης ικανότητας για διαφορετικά ποσοστά κληρονομής βέλτιστων χρωμοσωμάτων για αριθμό γενεών 5000 (zoom)



Εικόνα 7. Τιμές συνάρτησης ικανότητας για διαφορετικά ποσοστά κληρονομής βέλτιστων χρωμοσωμάτων για αριθμό γενεών 10000

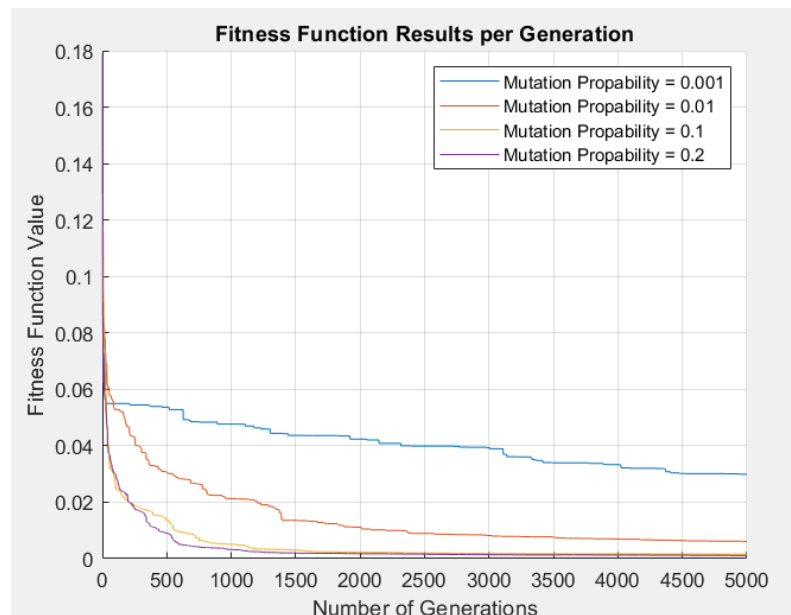
Βλέποντας τις γραφικές αναπαραστάσεις της τιμής την συνάρτησης ικανότητας για αριθμό γενεών ίσο με 5000, συμπεραίνουμε ότι δεν υπάρχουν μεγάλες μεταβολές σε σχέση με το ποσοστό που μελετάμε. Υπερτερεί ελάχιστα το ποσοστό 0.6 και το σφάλμα δεν πέφτει κάτω από 0.002. Για αριθμό γενεών 10000 όμως εξάγουμε το συμπέρασμα ότι το βέλτιστο ποσοστό είναι το 0.2 και πέφτει κάτω από 0.002 προσεγγίζοντας πολύ το 0.001, άρα αποτελεί τη βέλτιστη επιλογή.

#### ■ Πιθανότητα μετάλλαξης

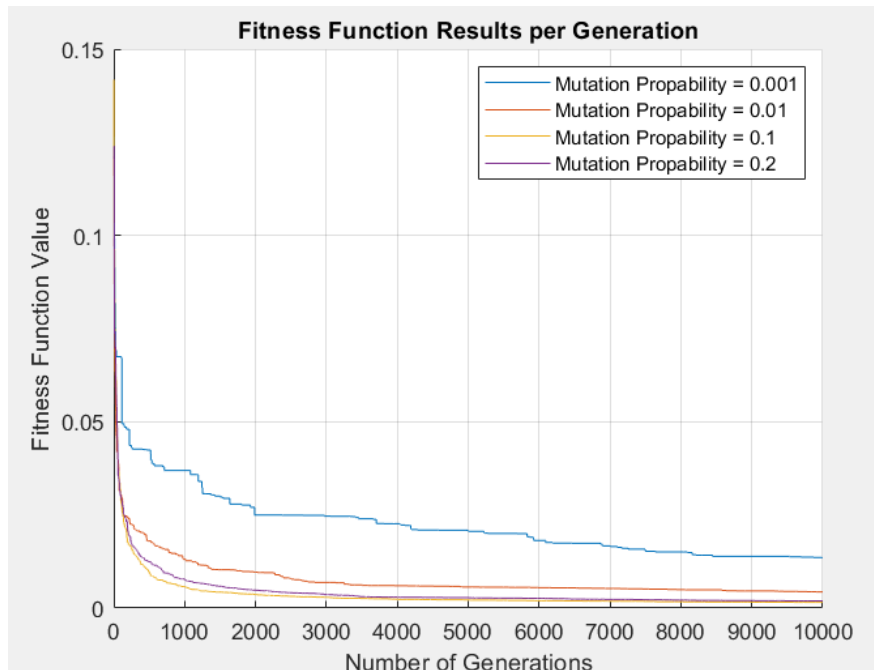
Κύριος σκοπός της μετάλλαξης είναι να εμποδίσει τον γενετικό αλγόριθμο από το να «κολλήσει» σε περιοχές του χώρου αναζήτησης με το να διαταράσσει ελαφρά το χρωμόσωμα.

Αρχικά, οι τιμές που θα αποδώσουμε στις άλλες παραμέτρους που θα μένουν σταθερές είναι οι εξής:

- Πληθυσμός: 100
- Αριθμός γενεών: 5000, 10000
- Όρια  $c_i$ : [-2, 2]
- Όρια  $\sigma_i$ : [0.1, 2]
- Όρια  $D$ : [-0.0997, 0.8413], που είναι οι ακραίες τιμές της συνάρτησης  $f$
- Ποσοστό βέλτιστων χρωμοσωμάτων που κληρονομούνται: 40%
- Ποσοστό χρωμοσωμάτων που κληρονομούνται τυχαία: 10%, σχετικά μικρό ποσοστό
- Ποσοστό χρωμοσωμάτων που προκύπτουν από διασταύρωση: προκύπτει από τα δύο παραπάνω ποσοστά ( $p_{crossover} = 100 - p_{best} - p_{random}$ )
- **Πιθανότητα μετάλλαξης: 0.001, 0.01, 0.1, 0.2**
- Αριθμός γκαουσιανών: 15



Εικόνα 8. Τιμές συνάρτησης ικανότητας για διαφορετικές πιθανότητες μετάλλαξης για αριθμό γενεών 5000



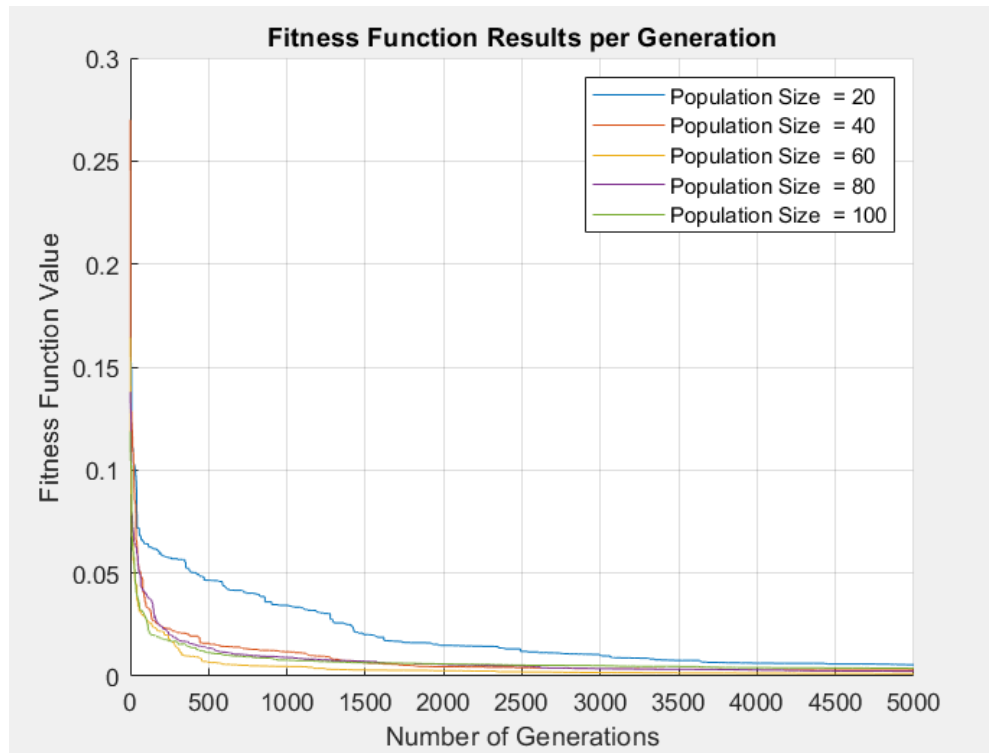
Εικόνα 9. Τιμές συνάρτησης ικανότητας για διαφορετικές πιθανότητες μετάλλαξης για αριθμό γενεών 10000

Παρατηρούμε ότι και για αριθμό γενεών 5000 και 10000 το σφάλμα είναι σχεδόν ίδιο για πιθανότητα 0.1 και 0.2. Όμως, καθώς η τιμή 0.2 είναι πολύ μεγάλη για τις τιμές των πιθανοτήτων που χρησιμοποιούνται συνήθως, επιλέγουμε να κρατήσουμε την τιμή 0.1.

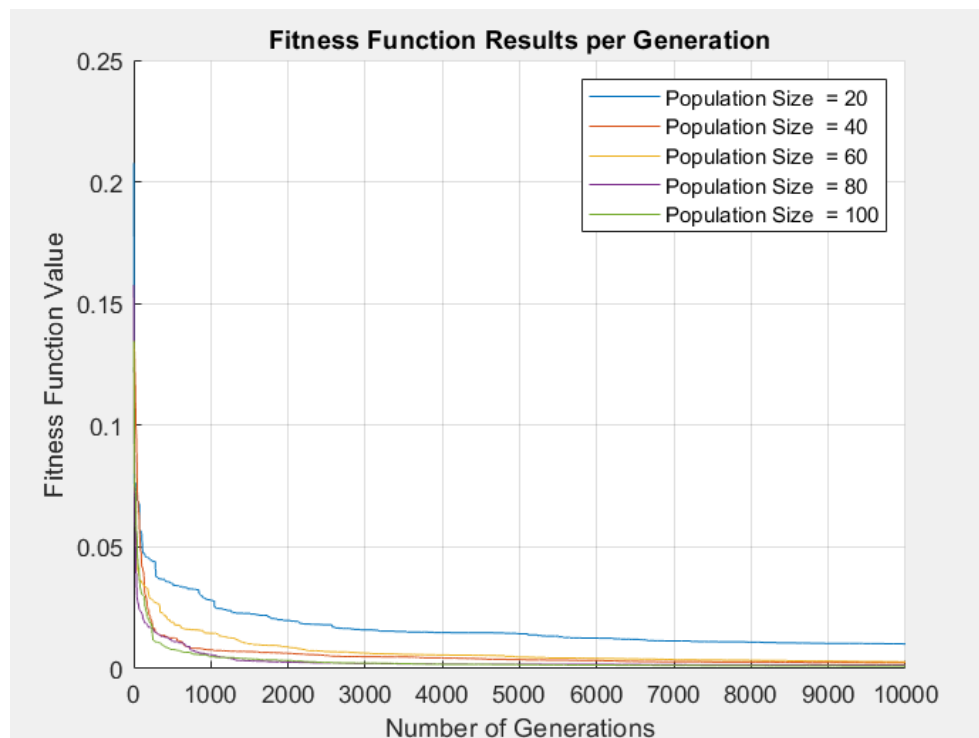
#### ▪ Μέγεθος πληθυσμού χρωμοσωμάτων

Αρχικά, οι τιμές που θα αποδώσουμε στις άλλες παραμέτρους που θα μένουν σταθερές είναι οι εξής:

- Πληθυσμός: 20, 40, 60, 80, 100
- Αριθμός γενεών: 5000, 10000
- Όρια  $c_i$ : [-2, 2]
- Όρια  $\sigma_i$ : [0.1, 2]
- Όρια  $D$ : [-0.0997, 0.8413], που είναι οι ακραίες τιμές της συνάρτησης  $f$
- Ποσοστό βέλτιστων χρωμοσωμάτων που κληρονομούνται: 40%
- Ποσοστό χρωμοσωμάτων που κληρονομούνται τυχαία: 10%, σχετικά μικρό ποσοστό
- Ποσοστό χρωμοσωμάτων που προκύπτουν από διασταύρωση: προκύπτει από τα δύο παραπάνω ποσοστά ( $p_{crossover} = 100 - p_{best} - p_{random}$ )
- Πιθανότητα μετάλλαξης: 0.1
- Αριθμός γκαουσιανών: 15



Εικόνα 10. Τιμές συνάρτησης ικανότητας για διαφορετικά μεγέθη πληθυσμού για αριθμό γενεών 5000

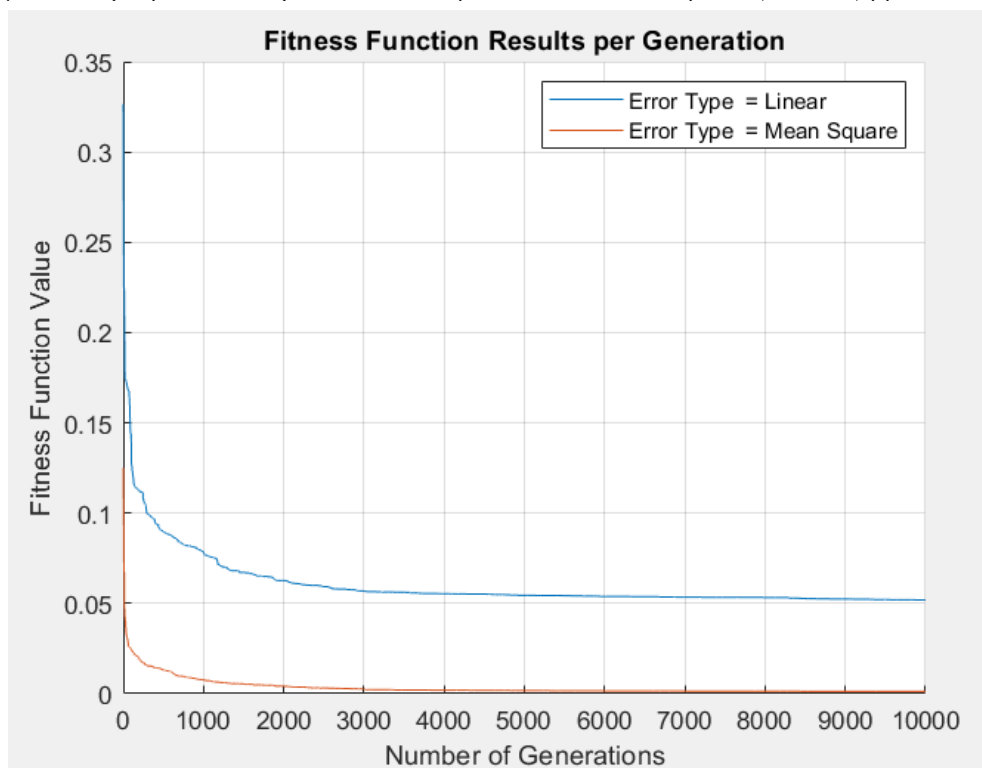


Εικόνα 11. Τιμές συνάρτησης ικανότητας για διαφορετικά μεγέθη πληθυσμού για αριθμό γενεών 10000

Από τις δοκιμές που έγιναν, φαίνεται πως η επιλογή του πληθυσμού δεν είναι καθοριστική για το τελικό σφάλμα που προκύπτει. Στις 5.000 επαναλήψεις παρατηρούμε ότι η διαφορά είναι ελάχιστη μεταξύ των διαφορετικών τιμών για το μέγεθος του πληθυσμού αλλά υπερτερεί ο πληθυσμός με 100 χρωμοσώματα. Στις 10.000 επαναλήψεις, φαίνεται ότι το σφάλμα βρίσκεται πολύ κοντά για πληθυσμό 80 και 100 αλλά υπερτερεί ελαφρώς ο πληθυσμός 100 χρωμοσωμάτων.

- **Απόλυτο Σφάλμα vs Μέσο Τετραγωνικό Σφάλμα**

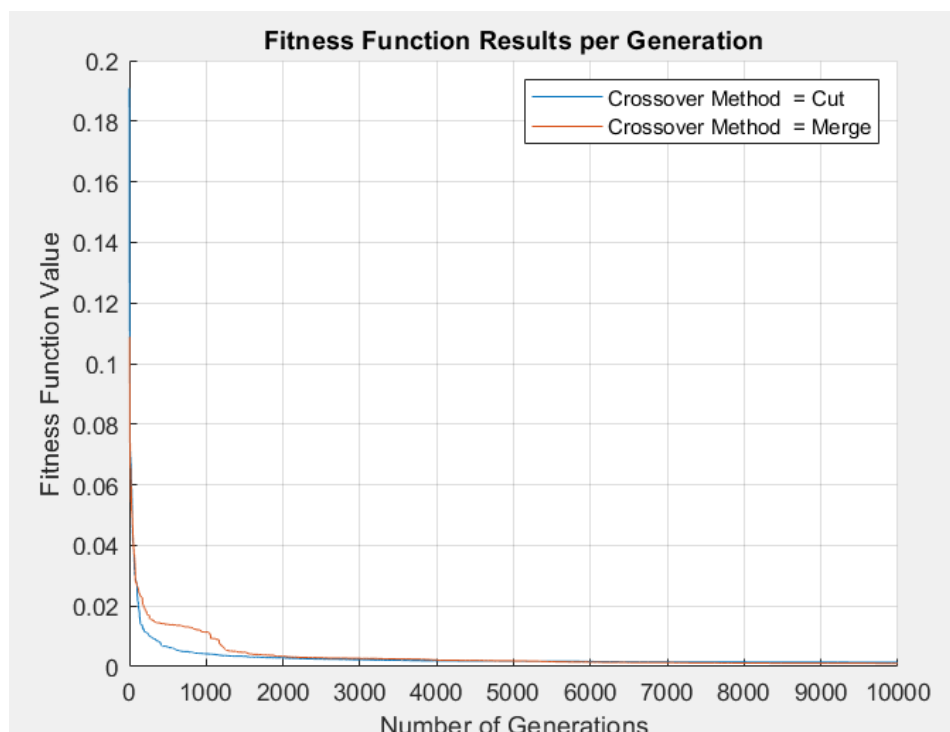
Τα παραπάνω διαγράμματα έχουν προκύψει για συνάρτηση ικανότητας που υπολογίζει το μέσο τετραγωνικό σφάλμα. Όπως φαίνεται από την Εικόνα 12 είναι η επικρατέστερη μέθοδος.



Εικόνα 12. Απόλυτο σφάλμα VS μέσο τετραγωνικό σφάλμα

- **Μέθοδος της Μέσης Τιμής vs Διακριτή Διασταύρωση**

Τα παραπάνω διαγράμματα έχουν προκύψει με τη χρήση διακριτής διασταύρωσης (cut). Όπως φαίνεται από την Εικόνα 13 και οι δύο μέθοδοι έχουν σχεδόν την ίδια απόδοση.



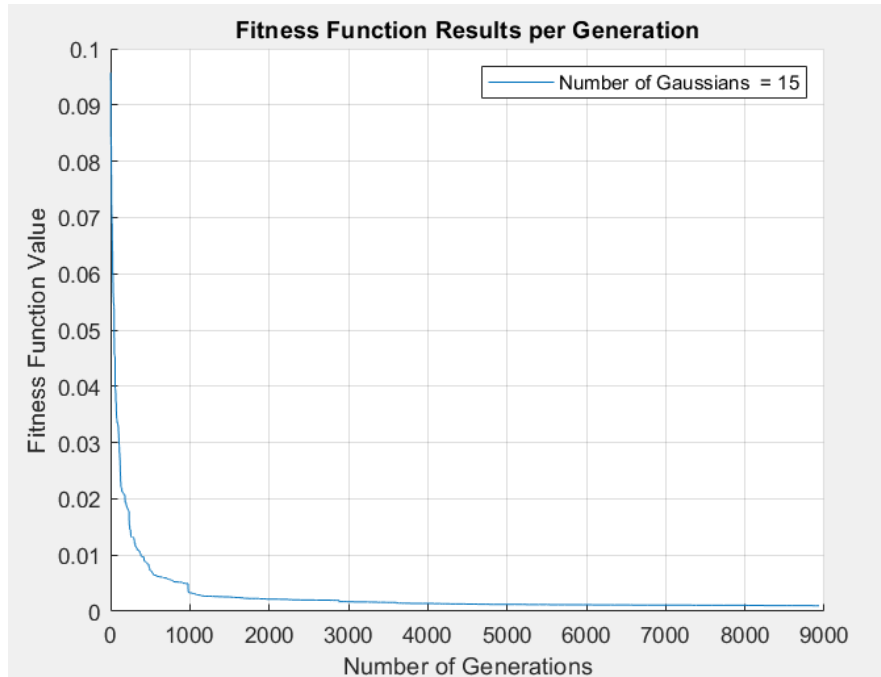
Εικόνα 13. Μέθοδος της μέσης τιμής VS διακριτή διασταύρωση

## Επιλογή Τελικών Παραμέτρων

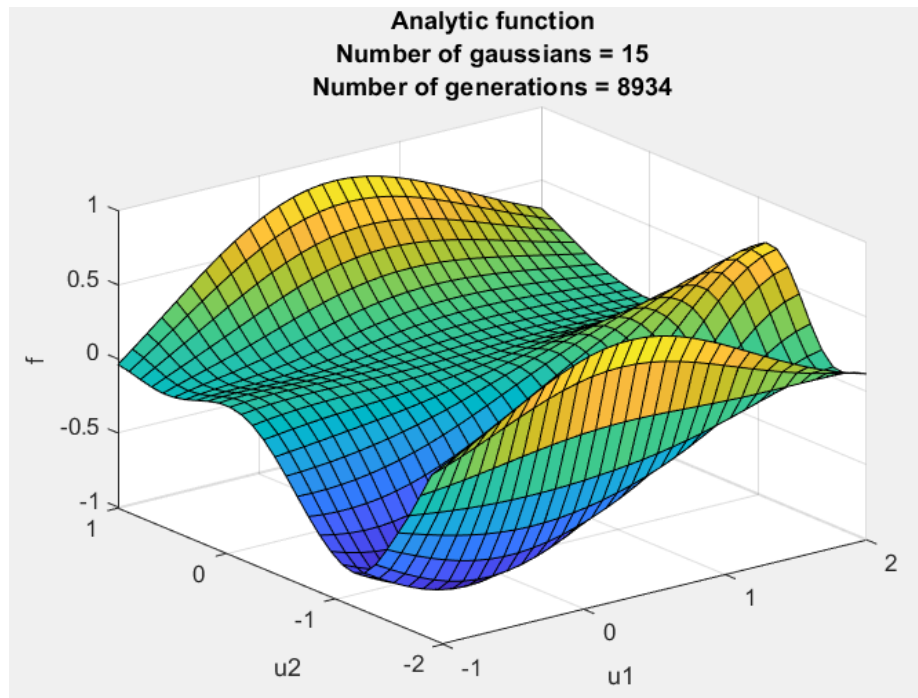
Η επιλογή του μεγέθους του πληθυσμού, καθώς και των αντίστοιχων ποσοστών επιλογής χρωμοσωμάτων, έχει προκύψει μετά από τις παραπάνω δοκιμές που πραγματοποιήθηκαν. Οι τελικές τιμές των παραμέτρων που επιλέχθηκαν είναι:

Αριθμός γκαουσιανών συναρτήσεων:	15
Μέγιστος αριθμός γενεών:	10000
Μέγιστος πληθυσμός:	100
D:	[-0.0997, 0.8413]
$c_i$ :	[-2, 2]
$\sigma_i$ :	[0.1, 2]
Ποσοστό βέλτιστων χρωμοσωμάτων που κληροδοτούνται:	0.2
Ποσοστό τυχαίων χρωμοσωμάτων που κληροδοτούνται:	0.1
Ποσοστό χρωμοσωμάτων που προκύπτουν από διασταύρωση:	0.7
Πιθανότητα μετάλλαξης:	0.1

Η βέλτιστη προσέγγιση της συνάρτησης  $f$  φαίνεται στην Εικόνα 15. Το σφάλμα μπορούμε να παρατηρήσουμε από την Εικόνα 14 πως μειώθηκε εκθετικά ανά τις γενιές, ενώ τελικό σφάλμα προσέγγισης φτάνει το 0.001 πριν ολοκληρωθούν οι 10000 επαναλήψεις, οπότε μπορούμε να πούμε πως οδηγηθήκαμε σε μια καλή προσέγγιση.



Εικόνα 14. Σφάλμα ανά γενιά με την χρήση των τελικών παραμέτρων



Εικόνα 15. Προσέγγιση συνάρτησης  $f$