

Τεχνικές Βελτιστοποίησης  
Ηλεκτρονική Αναφορά - Project 2023-2024



Σωκράτης Γαλανομάτης (10406)  
Φεβρουάριος 2024

Τμήμα Ηλεκτρολόγων Μηχανικών και Μηχανικών Υπολογιστών ΑΠΘ

Αντικείμενο της εργασίας είναι ο προσδιορισμός μιας συνάρτησης έχοντας ως στοιχεία μόνο το γεγονός ότι είναι συνεχής και έναν αριθμό στοιχείων εισόδου-εξόδου  $(u_1, u_2) \rightarrow y = f(u_1, u_2)$ . Η συνάρτηση που προσπαθούμε να προσδιορίσουμε είναι η:

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

Η συνάρτηση μας δίνεται για να συλλέξουμε και για να συγκρίνουμε τα αποτελέσματά μας.

Για την προσέγγιση γίνεται σχεδιασμός ενός γενετικού αλγορίθμου που βασίζεται σε γραμμικό συνδυασμό 15 Γκαουσιανών συναρτήσεων της μορφής:

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

Η παραγόμενη συνάρτηση, ας την ονομάσουμε  $\hat{f}$  γράφεται ως:

$$\hat{f} = \alpha_1 G_1 + \alpha_2 G_2 + \alpha_3 G_3 + \dots + \alpha_{15} G_{15} + \beta,$$

όπου

$$G_i(u_1, u_2) = A_i \cdot e^{-\left[\frac{(u_1 - c_{1i})^2}{2\sigma_{1i}^2} + \frac{(u_2 - c_{2i})^2}{2\sigma_{2i}^2}\right]}.$$

Συνεπώς η  $\hat{f}$  εξαρτάται από τις παραμέτρους:

$$\alpha_i, c_{1i}, c_{2i}, \sigma_{1i}, \sigma_{2i} \text{ και } \beta, \text{ με } i = 1, 2, \dots, 15,$$

τις οποίες πρέπει να προσδιορίσουμε για να καταλήξουμε σε προσέγγιση της αρχικής συνάρτησης.

## Γενετικός Αλγόριθμος

Για τον προσδιορισμό της αρχικής συνάρτησης, σχεδιάζουμε έναν γενετικό αλγόριθμο με τα εξής χαρακτηριστικά:

- Πληθυσμός (population)  $\rightarrow$  Ένα, αρχικά τυχαίο, σύνολο λύσεων.

- Χρωμοσώματα (chromosome) → Τα “άτομα” που αποτελούν τον πληθυσμό
- Γενιές (generations) → Διαδοχικές επαναλήψεις για την εξέλιξη των χρωμοσωμάτων. Σε κάθε νέα γενιά, τα χρωμοσώματα-απόγονοι που σχηματίζονται, προκύπτουν μέσω ενός εκ των δύο διαδικασιών :
  - ◆ Συγχώνευση δύο χρωμοσωμάτων (crossover),
  - ◆ Μετάλλαξη ενός χρωμοσώματος (mutation).
- Συνάρτηση ικανότητας (fitness function) → Συνάρτηση για την αξιολόγηση των χρωμοσωμάτων.
- Επιλογή (selection) → Σχηματισμός της νέας γενιάς με χρήση την συνάρτησης ικανότητας.

### Εκτέλεση του Γενετικού Αλγορίθμου:

Υλοποιούμε έναν αλγόριθμο με τα παραπάνω χαρακτηριστικά και ορίζουμε τις παραμέτρους του, όπως το μέγεθος του πληθυσμού (psize), ο αριθμός των ζευγαριών χρωμοσωμάτων που θα συγχωνευτούν (cross\_chrom), ο αριθμός των χρωμοσωμάτων που θα υποστούν μετάλλαξη (mutated\_chrom), και ο αριθμός των γενεών (generations).

Οι συναρτήσεις του αλγορίθμου είναι οι εξής:

Gaussian: Υπολογίζει τη γκαουσιανή συνάρτηση.

crossover: Πραγματοποιεί τη διασταύρωση μεταξύ δύο χρωμοσωμάτων.

evaluation: Υπολογίζει την τιμή της συνάρτησης κόστους (MSE) για κάθε χρωμόσωμα.

f\_hat: Υπολογίζει την πρόβλεψη του μοντέλου με βάση τις παραμέτρους.

mutation: Πραγματοποιεί τη μετάλλαξη σε ένα χρωμόσωμα.

population: Δημιουργεί έναν αρχικό πληθυσμό.

selection: Εφαρμόζει την επιλογή για την επόμενη γενιά του πληθυσμού.

Δειγματοληπτούμε έναν αριθμό σημείων εισόδου-εξόδου, το οποίο να καλύπτει ένα ευρύ φάσμα της αρχικής συνάρτησης.

Ο γενετικός αλγόριθμος εκτελείται για 1000 γενιές. Κάθε γενιά περνάει από τα στάδια της **συγχώνευσης**, της **μετάλλαξης**, της **αξιολόγησης**, της **επιλογής**, και της δημιουργίας **νέου πληθυσμού**.

Για την αποθήκευση του καλύτερου χρωμοσώματος κάθε γενιάς ακολουθούμε την εξής διαδικασία:  
Οι βέλτιστες παράμετροι εξάγονται από τον πρώτο χρωμόσωμα του πληθυσμού ( $P(1,:)$ ) και αποκωδικοποιούνται μέσω των συναρτήσεων `bi2de`. Οι παράμετροι αυτές περιλαμβάνουν  
Τα πρώτα 5 bits (1-5) καθορίζουν το πλάτος ( $a$ ).  
Τα bits 76 έως 80 καθορίζουν το κέντρο 1 ( $c1$ ).  
Τα bits 151 έως 155 καθορίζουν το κέντρο 2 ( $c2$ ).  
Τα bits 226 έως 227 πυρήνα καθορίζουν την τυπική απόκλιση 1 ( $\sigma1$ ).  
Τα bits 271 έως 272 καθορίζουν την τυπική απόκλιση 2 ( $\sigma2$ ).  
Τα bits 317 έως 320 καθορίζουν την παράμετρο  $bias$  ( $b$ ).  
Οι σταθερές  $a$ ,  $b$ ,  $c1$ ,  $c2$ ,  $\sigma1$ , και  $\sigma2$  προσαρμόζονται και επιστρέφονται στο τέλος του κώδικα.

## ***Σχόλια - Παρατηρήσεις***

Παρατηρούμε ότι η προσέγγιση που πετυχαίνουμε είναι σχετικά καλή, παρ'όλα αυτά αντιμετωπίστηκαν προβλήματα στην μεγάλη απόκλιση μεταξύ δοκιμών, ακόμα και με τις συνθήκες να έχουν διατηρηθεί σταθερές. Συνεπώς, η λύση δεν μπορεί να θεωρηθεί άριστη, όμως είναι μια απλή και ικανοποιητική λύση.

Παρακάτω παραθέτω παραδείγματα της πορείας σκέψης και των πειραμάτων που ακολουθήθηκαν για την υλοποίηση του τελικού αποτελέσματος:

## Παράδειγμα 1

Στα παρακάτω διαγράμματα έγινε η εξής επιλογή

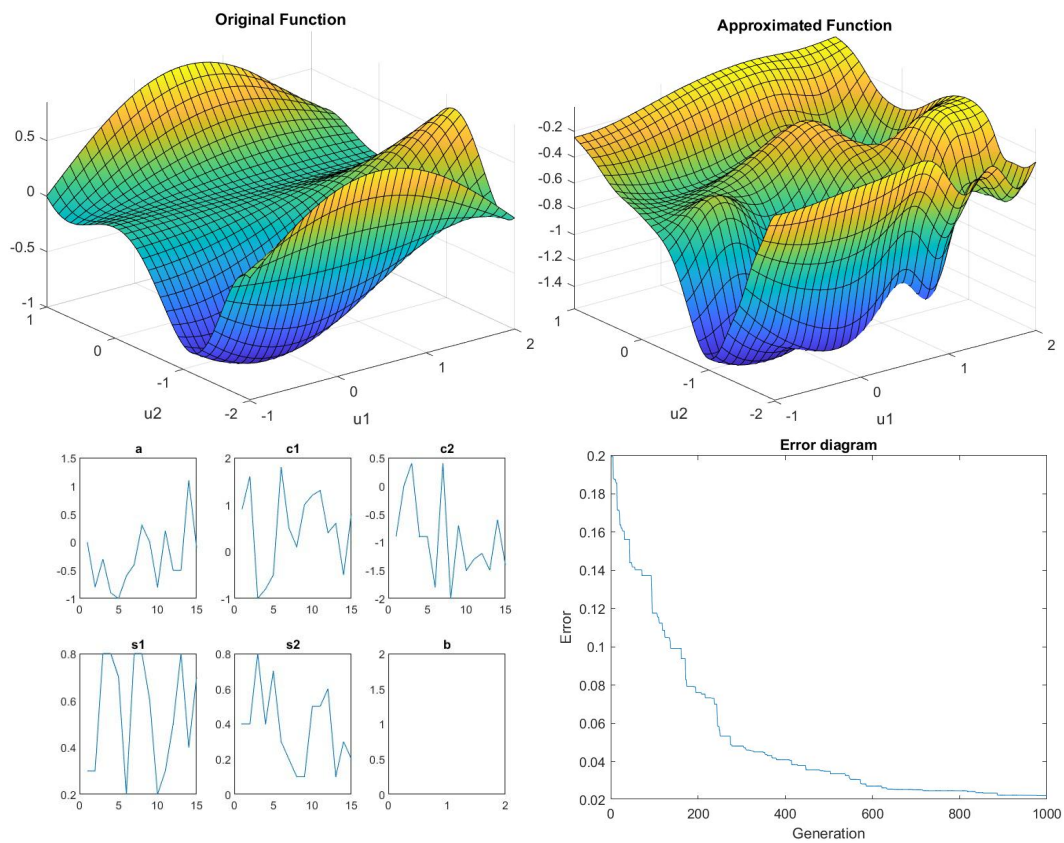
psize = 100

cross\_chrom = 30

mutated\_chrom= 30

generations = 1000

b=1



Οπότε πήραμε τα παρακάτω αποτελέσματα:

Optimal Parameters	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
a	0	-0.8	-0.3	-0.9	-1	-0.6	-0.4	0.3	0	-0.8	0.2	-0.5	-0.5	1.1	-0.1
b	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
c1	0.9	1.6	-1	-0.8	-0.5	1.8	0.5	0.1	1	1.2	1.3	0.4	0.6	-0.5	0.8
c2	-0.9	0	0.4	-0.9	-0.9	-1.8	0.4	-2	-0.7	-1.5	-1.3	-1.2	-1.5	-0.6	-1.4
s1	0.3	0.3	0.8	0.8	0.7	0.2	0.8	0.8	0.6	0.2	0.3	0.5	0.8	0.4	0.7
s2	0.4	0.4	0.8	0.4	0.7	0.3	0.2	0.1	0.1	0.5	0.5	0.6	0.1	0.3	0.2

MSE: 0.20192

MAE: 0.4246

Τα αποτελέσματα είναι καλά, αλλά όχι ιδανικά.

## Παράδειγμα 2

Στα παρακάτω διαγράμματα έγινε η εξής επιλογή

psize = 100

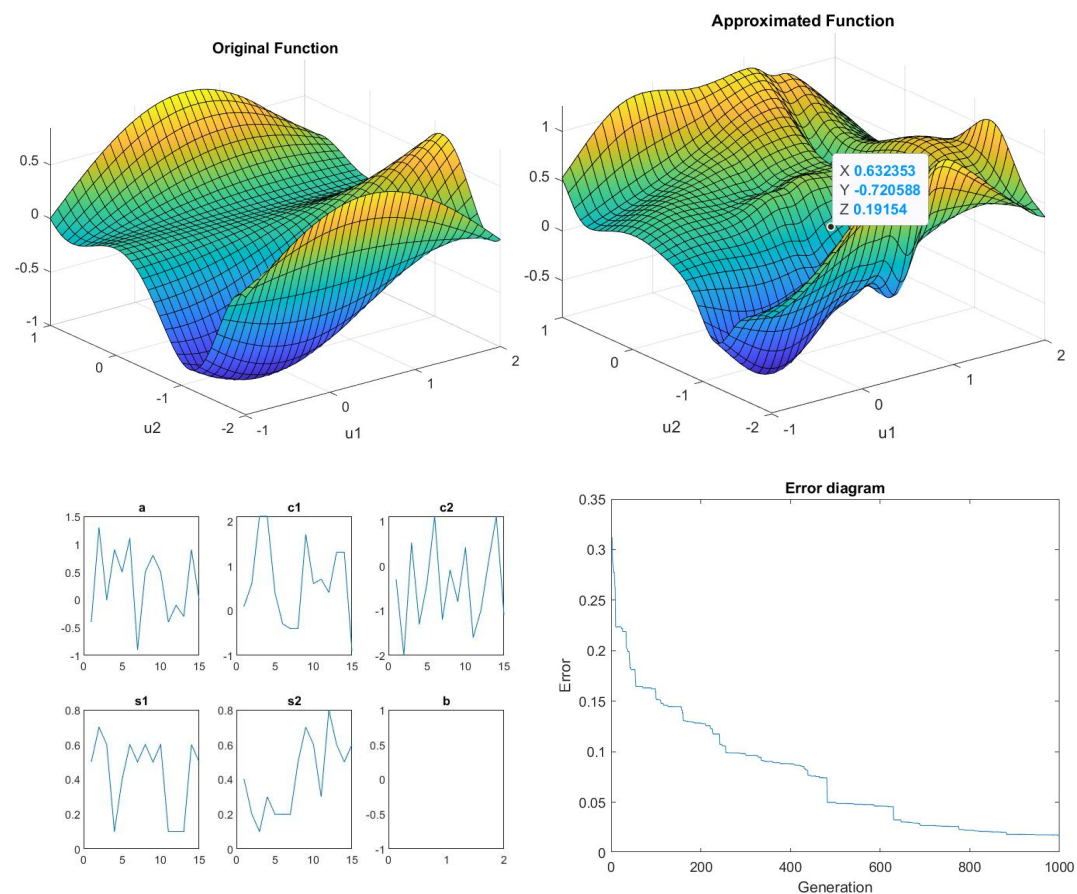
cross\_chrom = 30

mutated\_chrom= 33

generations = 1000

b=0

Συνεπώς αλλάζουμε τον αριθμό των χρωμοσωμάτων που μεταλλάσσονται από 30 σε 33.



Οπότε πήραμε τα παρακάτω αποτελέσματα:

Optimal Parameters	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
a	0.4	1.3	0	0.9	0.5	1.1	-0.9	0.5	0.8	0,5	0,4	-0,1	-0,3	0,9	0
b	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
c1	0,1	0,6	2,1	2,1	0,4	-0,3	-0,4	-0,4	1,7	0,6	0,7	0,4	1,3	1,3	-0,9

c2	-0,3	-2	0,5	-1,3	-0,4	1,1	-1,2	-0,1	-0,8	0,4	-1,6	-1	0,1	1,1	-1,1
s1	0,5	0,7	0,6	0,1	0,4	0,6	0,5	0,6	0,5	0,6	0,1	0,1	0,1	0,6	0,5
s2	0,4	0,2	0,1	0,3	0,2	0,2	0,2	0,5	0,7	0,6	0,3	0,8	0,6	0,5	0,6

MSE: 0.17446

MAE: 0.3979

Τα αποτελέσματα δεν είναι ικανοποιητικά.

### Παράδειγμα 3

Στα παρακάτω διαγράμματα έγινε η εξής επιλογή

psize = 100

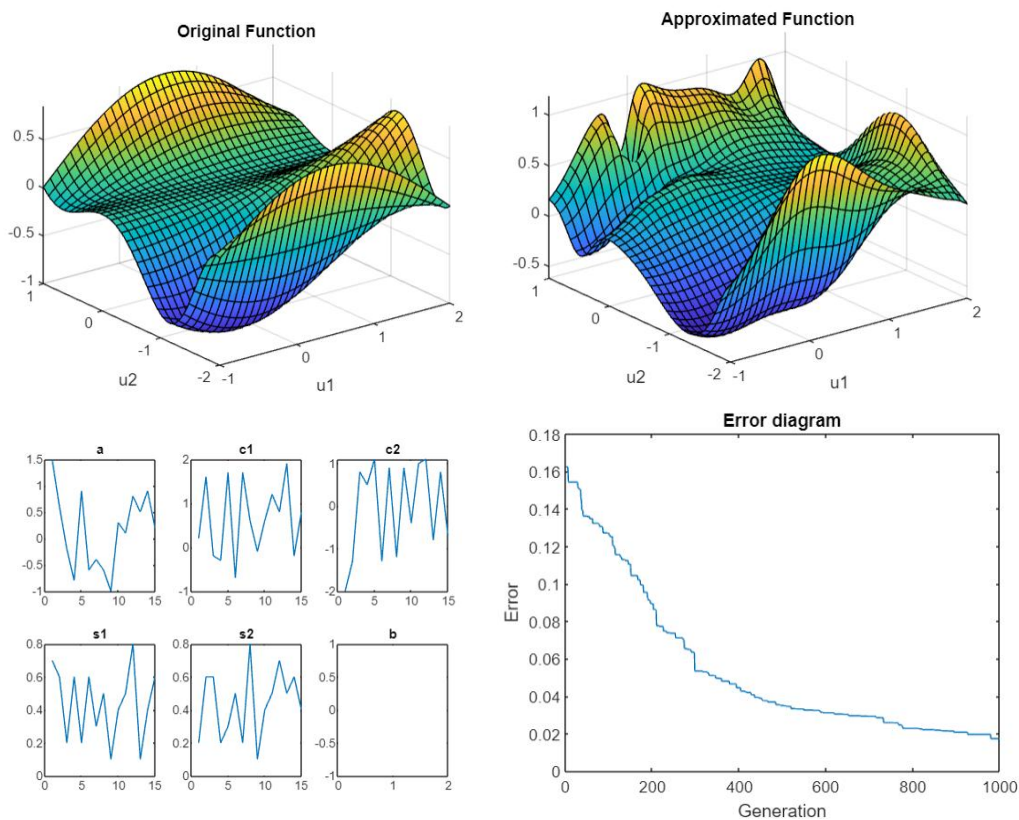
cross\_chrom = 60

mutated\_chrom= 30

generations = 1000

b=0

Συνεπώς αλλάζουμε τον αριθμό των χρωμοσωμάτων που συγχωνεύονται από 30 σε 60.



Οπότε πήραμε τα παρακάτω αποτελέσματα:



Optimal Parameters	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
a	1.5	0.6	-0.2	-0.8	0.9	-0.6	-0.4	-0.6	-1	0.3	0.1	0.8	0.5	0.9	0.2
b	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
c1	0.2	1.6	-0.2	-0.3	1.7	-0.7	1.7	0.6	-0.1	0.6	1.2	0.8	1.9	-0.2	0.8
c2	-2	-1.3	0.8	0.5	1.1	-1.3	0.9	-1.2	0.9	-0.4	1	1.1	-0.8	0.8	-0.7
s1	0.7	0.6	0.2	0.6	0.2	0.6	0.3	0.5	0.1	0.4	0.5	0.8	0.1	0.4	0.6
s2	0.2	0.6	0.6	0.2	0.3	0.5	0.2	0.8	0.1	0.4	0.5	0.7	0.5	0.6	0.4

MSE: 0.058539

MAE: 0.21035

Τα αποτελέσματα είναι αρκετά καλά, όμως η τελική λύση είναι η παρακάτω:

### Τελική λύση

Για την τελική λύση έγινε η εξής επιλογή:

psize = 100

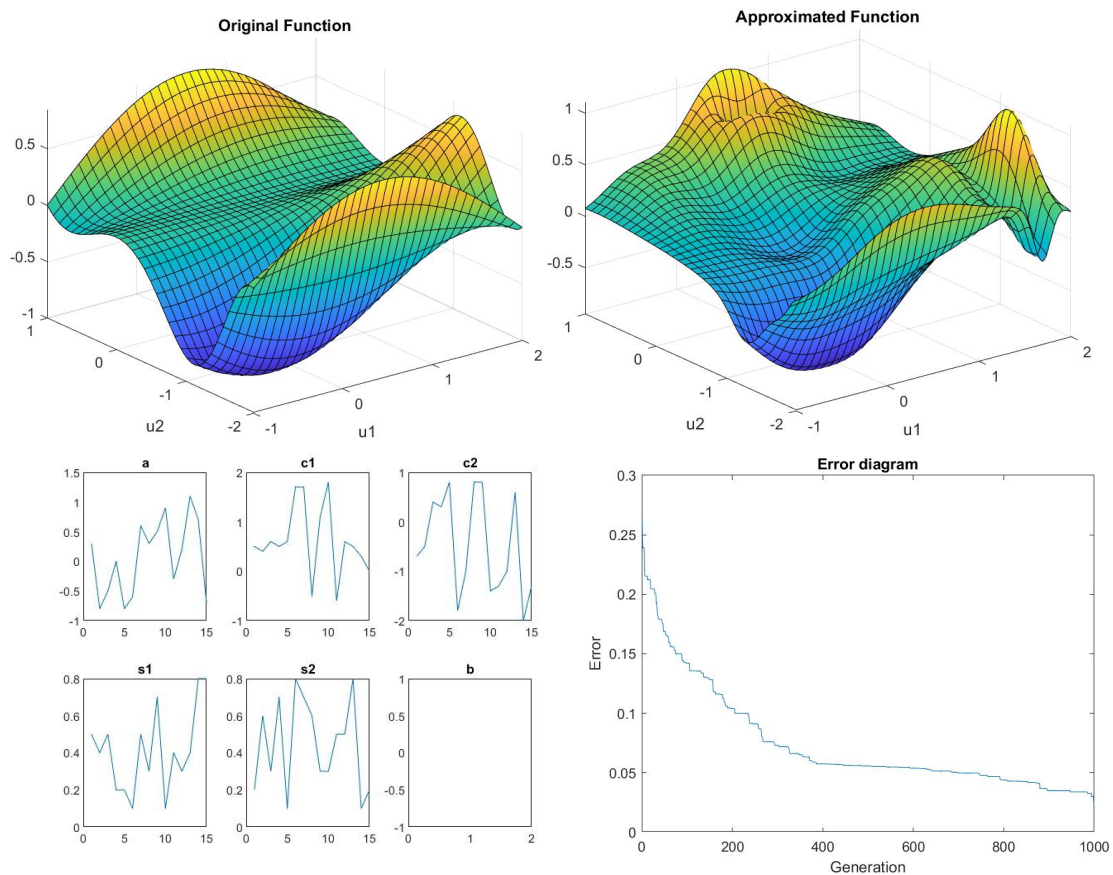
cross\_chrom = 30

mutated\_chrom= 30

generations = 1000

b=0

και τα αποτελέσματα φαίνονται παρακάτω





Παρακάτω φαίνονται οι παράμετροι και τα σχετικά σφάλματα της τελικής λύσης:

Optimal Parameters	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
a	0.3	-0.8	-0.5	0	-0.8	-0.6	0.6	0.3	0.5	0.9	-0.3	0.2	1.1	0.7	-0.7
b	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
c1	0.5	0.4	0.6	0.5	0.6	1.7	1.7	-0.5	1.1	1.8	-0.6	0.6	0.5	0.3	0
c2	-0.7	-0.5	0.4	0.3	0.8	-1.8	-1	0.8	0.8	-1.4	-1.3	-1	0.6	-2	-1.3
s1	0.5	0.4	0.5	0.2	0.2	0.1	0.5	0.3	0.7	0.1	0.4	0.3	0.4	0.8	0.8
s2	0.2	0.6	0.3	0.7	0.1	0.8	0.7	0.6	0.3	0.3	0.5	0.5	0.8	0.1	0.2

MSE: 0.036202

MAE: 0.15282