

Politechnika Łódzka  
Katedra Informatyki Stosowanej

# Algorytmy genetyczne

## Wykład 2

Przygotował i prowadzi:  
Dr inż. Piotr Urbanek

# Powtórzenie

## *Pytania:*

***Jaki mechanizm jest stosowany w naturze do takiego modyfikowania materiału genetycznego nowych osobników, aby byli oni lepiej przystosowani do warunków życia (środowiska) niż ich rodzice?***

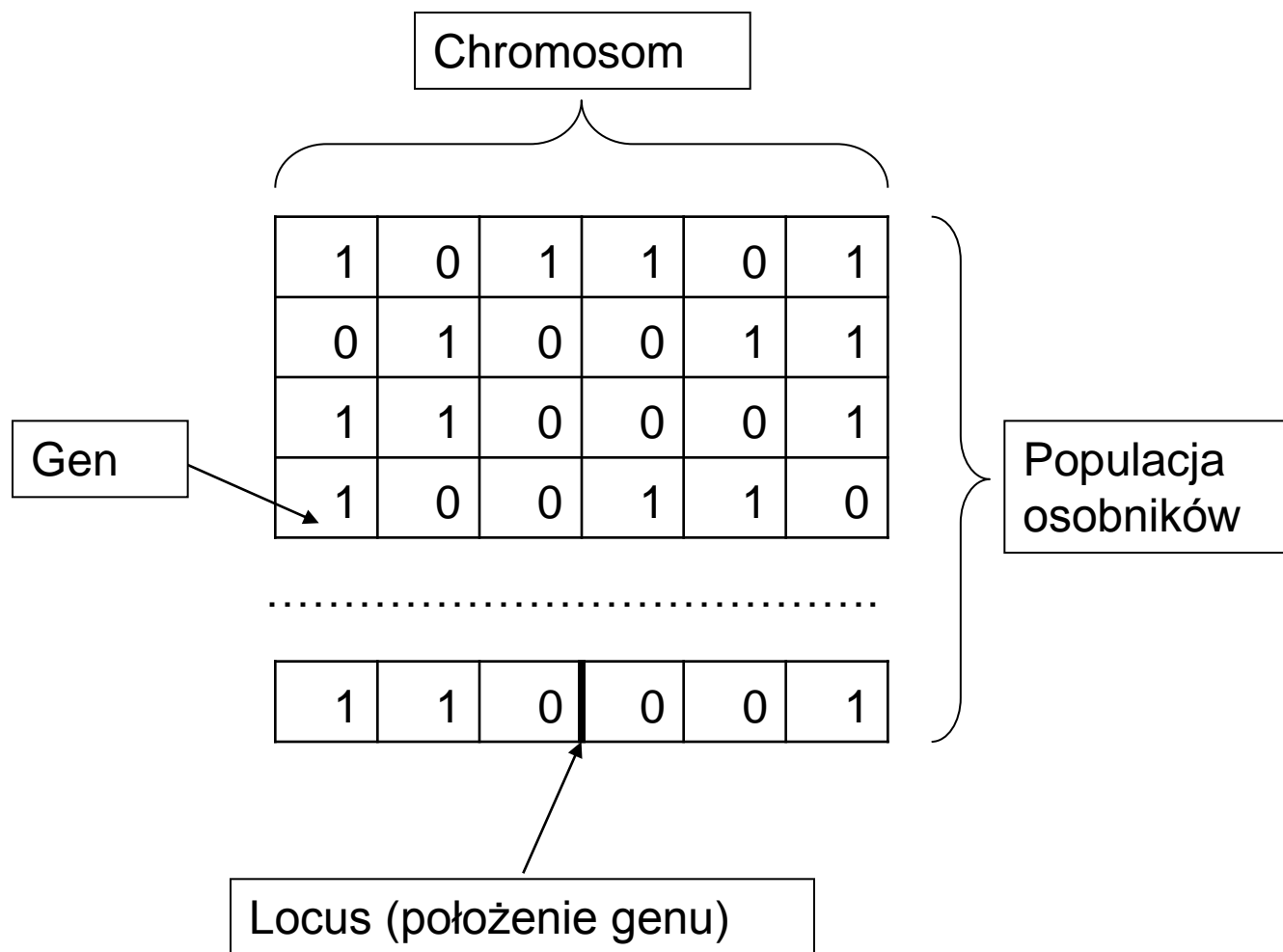
***Czy mechanizm ten można opisać za pomocą znanych nam symboli (opis słowny, algorytm matematyczny)?***

***Czy algorytm taki da się zastosować do optymalizacji zagadnień naukowych, inżynierskich lub innych?***

Powtórzenie: różnice pomiędzy AE a tradycyjnymi metodami optymalizacji.

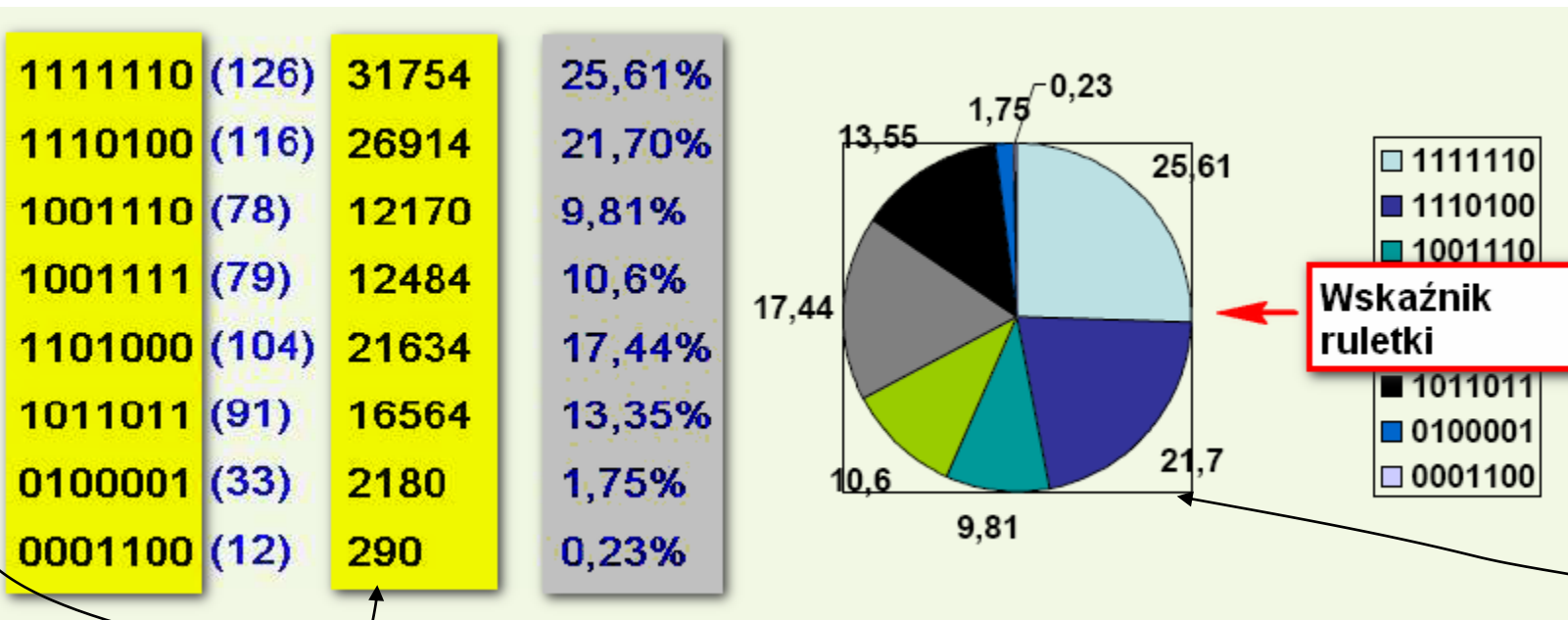
- 1. AE nie przetwarzają bezpośrednio parametrów zadania, lecz ich zakodowaną postać,*
- 2. AE prowadzą poszukiwanie ekstremum funkcji zaczynając nie od pojedynczego punktu, lecz ich pewnej populacji.*
- 3. AE korzystają tylko z funkcji celu, nie zaś z jej pochodnych, lub innych informacji.*
- 4. AE stosują probabilistyczne, a nie deterministyczne reguły wyboru.*

# Powtórzenie: kilka definicji



# Powtórzenie: Operatory algorytmu genetycznego

## 1. Selekcja – np. koło ruletki



Elementy algorytmu:

1. Wybór (losowy) populacji początkowej
2. Ocena przystosowania
3. Selekcja chromosomów
4. Krzyżowanie
5. Mutacja

# Powtórzenie: Operatory algorytmu genetycznego

## Krzyżowanie.

punkt krzyżowania  
(locus)

A1=	0	1	1	0	1
A2=	1	1	0	0	0

Ciągi skrzowane

A1'=	0	1	1	0	0
A2'=	1	1	0	0	1

Elementy algorytmu:

1. Wybór (losowy) populacji początkowej
2. Ocena przystosowania
3. Selekcja chromosomów
4. **Krzyżowanie**
5. Mutacja

Chromosomy w sposób losowy kojarzone są w pary. Każda para przechodzi krzyżowanie, tworząc chromosomy zwane potomkami

Krzyżowanie par:

1. Wybierany jest losowo punkt krzyżowania (locus)
2. Następuje wymiana odpowiednich części łańcucha między rodzicami

# Powtórzenie: Operatory algorytmu genetycznego

## Mutacja.

Wystąpienie mutacji

0	1	1	0	0
---	---	---	---	---

0	1	0	0	0
---	---	---	---	---

Elementy algorytmu:

1. Wybór (losowy) populacji początkowej
2. Ocena przystosowania
3. Selekcja chromosomów
4. Krzyżowanie
5. **Mutacja**

Celem mutacji jest wprowadzenie różnorodności populacji.

Występuje zwykle z bardzo małym prawdopodobieństwem (0,01).

# Przykład obliczeniowy

Znaleźć maksimum funkcji  $y=2x+1$ , dla  $x \in \langle 0;31 \rangle$ . Zbiór  $\langle 0;31 \rangle$  stanowi przestrzeń poszukiwań. Założyć prawdopodobieństwo krzyżowania  $p_k=0,75$ , a prawdopodobieństwo mutacji  $p_m=0,02$ .

Losujemy cztery osobniki:

ch1=[00110]	ch1 <sub>(d)</sub> =6
ch2=[00101]	ch2 <sub>(d)</sub> =5
ch3=[01101]	ch3 <sub>(d)</sub> =13
ch4=[10101]	ch4 <sub>(d)</sub> =21

Obliczamy przystosowanie za pomocą optymalizowanej funkcji.

$$F(\text{ch1})=2*\text{ch1}+1=13$$

$$F(\text{ch2})=11$$

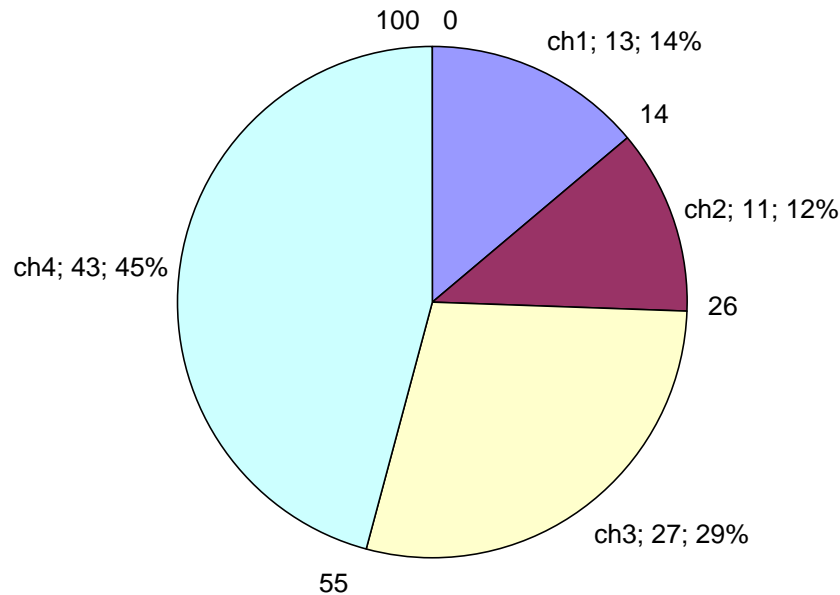
$$F(\text{ch3})=27$$

$$F(\text{ch4})=43$$



# Przykład obliczeniowy

Następnie przeprowadzamy selekcję osobników za pomocą koła ruletki:



Losowanie za pomocą koła ruletki sprowadza się do wylosowania 4 liczb z przedziału  $[0,100]$   
Założmy, że wylosowano liczby  $[79\ 44\ 9\ 74]$ .

Oznacza to wybór następujących chromosomów: **ch4, ch3, ch1, ch4**. Zatem widać, że chromosom ch2 na skutek selekcji zginął a na jego miejsce pojawiły się dwa osobniki ch4 o największej funkcji przystosowania.

# Przykład obliczeniowy

Aby wykonać krzyżowanie należy:

1. Wylosować pary chromosomów do krzyżowania, np. **ch1** z **ch4** oraz **ch3** z **ch4**.
2. Wylosować 2 liczby z przedziału  $[0,1]$ . Np.: 0,42, 0,30 i porównać je z prawdopodobieństwem krzyżowania  $p_k=0,75$ . Ponieważ obie wylosowane liczby są mniejsze niż  $p_k$ , zatem obie pary ulegną krzyżowaniu.
3. Wylosować 2 liczby z przedziału  $[1,4]$  oznaczające miejsce krzyżowania chromosomów (locus),  $L1=3$ ,  $L2=4$ .

1 para potomków:

0	0	1	1	0
1	0	1	0	1

0	0	1	0	1
1	0	1	1	0

2 para potomków:

0	1	1	0	1
1	0	1	0	1

0	1	1	0	1
1	0	1	0	1

# Przykład obliczeniowy

W efekcie otrzymujemy następującą populację osobników:

ch1=[00101]

ch2=[10110]

ch3=[01101]

ch4=[10101]

Określamy, czy i w którym miejscu którego chromosomu będzie przeprowadzona mutacja. W tym celu losujemy dla każdego z genów liczbę z przedziału  $[0,1]$ .

Założmy, że wylosowano liczby:

**0,402973298,**

**0,072851236,**

**0,869931037,**

**0,013005703.**

W takim przypadku tylko chromosom ch4 będzie podlegał operacji mutacji. Po wylosowaniu z przedziału  $[1,5]$ , np. 3 zmieniamy 3 gen chromosomu 4 na przeciwny. Zatem otrzymujemy populację:

ch1=[00101]

ch2=[10110]

ch3=[01101]

ch4=[10001]

# Modyfikacje algorytmu genetycznego: inne metody selekcji

Inne metody selekcji:

- **Strategia elitarna**
- Selekcja turniejowa
- Selekcja rankingowa

1	1	1	0	0
1	0	0	1	1
1	1	0	1	0
1	0	1	0	1
0	1	0	0	1
1	1	1	1	1
0	1	0	0	1

← Przechodzi dalej nie zmieniony

**Zachowuje najlepszego osobnika w populacji bieżącej i wprowadza go bez zmian do następnej populacji.**

**Zalety:**

- Pomaga uniknąć przedwczesnej zbieżności,
- Przyspiesza proces poszukiwania optymalnego rozwiązania,

# Modyfikacje algorytmu genetycznego: inne metody selekcji

## Inne metody selekcji:

- Strategia elitarna
- **Selekcja turniejowa**
- Selekcja rankingowa

• Polega na dzieleniu populacji na grupy (rozgrywanie turnieju) pomiędzy osobnikami z poszczególnych grup. Do populacji rodzicielskiej wybierane są najlepsze osobniki z każdej grupy.

W selekcji turniejowej dzieli się osobniki na podgrupy, i z nich wybiera się osobnika o najlepszym przystosowaniu. Rozróżnia się dwa wybory: **deterministyczny** i **losowy**.

W przypadku deterministycznym wyboru dokonuje się z prawdopodobieństwem równym 1, a w przypadku wyboru losowego z prawdopodobieństwem mniejszym od 1. Podgrupy mogą być dowolnego rozmiaru. Najczęściej dzieli się populację na podgrupy składające się z 2 lub 3 osobników.

## Zalety:

- Może być stosowana zarówno do problemów maksymalizacji, jak też minimalizacji,
- Selekcję turniejową można wykorzystywać w zadaniach optymalizacji wielokryterialnej.

# Modyfikacje algorytmu genetycznego: inne metody selekcji

## Inne metody selekcji:

- Strategia elitarna
- Selekcja turniejowa
- **Selekcja rankingowa**

- Osobnikom nadawana jest ranga (zależna od wartości przystosowania),
- Polega na wyborze osobników zgodnie z przypisanymi im rangami,
- Korzystając z takiej „listy rankingowej” definiuje się funkcję (np. liniową) określającą liczbę wybieranych kopii chromosomów w zależności od ich rangi. Na podstawie tej funkcji realizowany jest algorytm selekcji.

## Zalety:

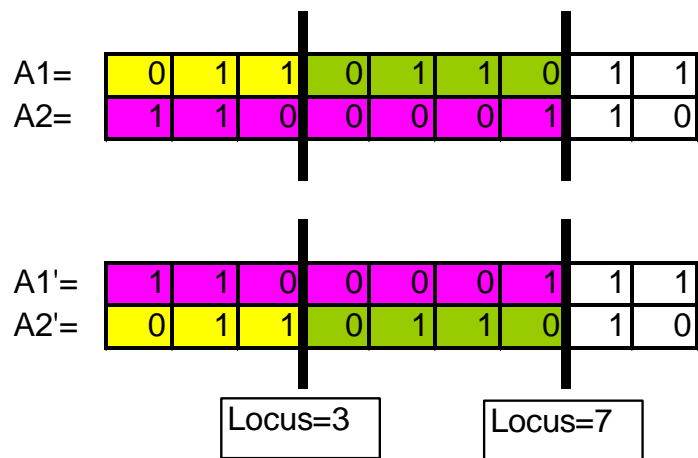
- Podobnie jak selekcja turniejowa, odpowiednia do problemów maksymalizacji i minimalizacji,
- Nie posiada wady metody ruletki dotyczącej konieczności skalowania funkcji przystosowania.

# Modyfikacje algorytmu genetycznego: inne metody krzyżowania

## Inne metody krzyżowania:

- krzyżowanie wielopunktowe,
- krzyżowanie równomierne,
- krzyżowanie arytmetyczne.

- Wybierane są dwa lub więcej punkty krzyżowania chromosomów,



Zalety:

**Usprawnia proces krzyżowania w przypadku korzystania z długich chromosomów.**

# Modyfikacje algorytmu genetycznego: inne metody krzyżowania

## Inne metody krzyżowania:

- krzyżowanie wielopunktowe,

**-krzyżowanie równomierne,**

- krzyżowanie arytmetyczne.

- Wylosowanie wzorca, określającego które geny potomków są dziedziczone od każdego z rodziców,
- Wzorcem jest łańcuch binarny, w którym wartości 1 wskazują pozycje (locus) w chromosomie rodzica pierwszego, a wartości 0 odpowiadają pozycjom w chromosomie rodzica drugiego.

A1=	1	1	1	0	1	1
A2=	1	0	1	1	0	0

A1'=	1	0	1	0	0	1
A2'=	1	1	1	1	1	0

Locus: 1 2 3 4 5 6

Wzorzec: 1 0 0 1 0 1



# Modyfikacje algorytmu genetycznego: inne metody krzyżowania

## Inne metody krzyżowania:

- krzyżowanie wielopunktowe,
- krzyżowanie równomierne,
- **krzyżowanie arytmetyczne.**

Dwuargumentowy operator jest zdefiniowany jako liniowa kombinacja dwóch wektorów. Jeżeli do krzyżowania zostały wybrane wektory (chromosomy)  $x_1$  i  $x_2$ , to potomkowie są wyznaczani następująco:

$$x_1' = a x_1 + (1-a) x_2$$

$$x_2' = a x_2 + (1-a) x_1.$$

$a$  jest wartością z przedziału  $[0, 1]$ , co gwarantuje, że potomkami będą rozwiązania dopuszczalne.

# Schemat

Pojęcie schematu zostało wprowadzone w celu określenia zbioru chromosomów o pewnych wspólnych cechach, podobieństwach.

Schemat jest zbiorem chromosomów zawierających zera i jedynki na wyszczególnionych pozycjach.

Wygodnie jest je rozpatrywać korzystając z rozszerzonego alfabetu  $\{0, 1, *\}$ .

Symbol  $*$  oznacza „wszystko jedno” (don't care).

$$10^*1 = \{1010, 1001\}$$

$$^*01^*10 = \{001010, 001110, 101010, 101110\}$$

Chromosom należy do schematu, jeżeli dla każdej pozycji (locus)  $j=1,2,\dots,L$  symbol występujący na  $j$ -tej pozycji odpowiada symbolowi na  $j$ -tej pozycji schematu.

Zarówno 0, jak i 1 odpowiadają symbolowi  $*$ .

Jeśli w schemacie występuje  $m$  symboli  $*$ , to schemat ten zawiera  $2^m$  chromosomów.

Każdy chromosom o długości  $L$  należy do  $2^L$  schematów.

Łańcuch 01 pasuje do 4 schematów:  $**$ ,  $*1$ ,  $0*$ ,  $01$ .

# Schemat

**Rząd (order)** schematu  $S$   $o(S)$  jest to liczba ustalonych pozycji w schemacie, tzn. zer i jedynek.

$$o(10^*1)=3, o(^*01^*10)=4.$$

$$o(S)=L\text{-liczba } ^*$$

$$o(^*101^{**})=?$$

**Rozpiętość (defining length)** schematu  $S$ , długość schematu,  $d(S)$  to odległość między pierwszym i ostatnim ustalonym symbolem.

$$d(10^*1)=4-1=3,$$

$$d(^**0^*1^*)=5-3=2,$$

$$d(^*01^*10)=?$$

# Wpływ krzyżowania

Dla danego chromosomu w  $M(t) \cap S$  (chromosom z puli rodzicielskiej pasujący do schematu  $S$ ) prawdopodobieństwo, że chromosom ten zostanie wybrany do krzyżowania i żaden z jego potomków nie będzie należał do schematu  $S$ , jest ograniczone z góry przez prawdopodobieństwo zniszczenia schematu  $S$

$$P_{\text{zniszczenia}} = p_k \frac{d(S)}{L-1}$$

Dla danego chromosomu w  $M(t) \cap S$  (chromosom z puli rodzicielskiej pasujący do schematu  $S$ ) prawdopodobieństwo, że chromosom ten albo nie zostanie wybrany do krzyżowania albo co najmniej jeden z jego potomków będzie należał do schematu  $S$ , po krzyżowaniu jest ograniczone z dołu przez prawdopodobieństwo przetrwania schematu  $S$

$$P_{\text{przetrwania}} = 1 - p_k \frac{d(S)}{L-1}$$

Można wykazać, że gdy dany chromosom należy do schematu  $S$ , wtedy obydwa chromosomy będące ich potomkami także należą do schematu  $S$ .

# Wpływ selekcji

Wartość oczekiwana  $b(S,t)$ , czyli oczekiwana liczba chromosomów w puli rodzicielskiej  $M(t)$  pasujących do schematu  $S$ , jest określona wzorem:

$$E[b(S,t)] = c(S,t) \frac{F(S,t)}{\bar{F}(t)}$$

$S$	schemat
$c(S,t)$	liczba chromosomów w populacji $P(t)$ pasujących do schematu $S$ $P(t) \cap S$
$F(S,t)$	przystosowanie schematu $S$ w generacji $t$ ,
$\bar{F}(t)$	średnia wartość przystosowania

# Wpływ mutacji

Dla danego chromosomu w  $M(t) \cap S$ , prawdopodobieństwo, że chromosom ten będzie należał do schematu  $S$  po operacji mutacji wynosi:

$$P_{\text{przetrwania mut}} = 1 - p_m^{o(S)}$$

$p_m$       prawdopodobieństwo mutacji  
 $o$         rząd schematu

Dla małych  $p_m$  można napisać:

$$P_{\text{przetrwania mut}} = 1 - p_m^{o(S)}$$

# Schemat reprodukcji

$$E[b(S, t)] \geq c(S, t) \frac{F(S, t)}{\bar{F}(t)} \left( 1 - p_k \frac{d(S)}{L-1} \right) \left( 1 - p_m^{o(S)} \right)$$

# Kodowanie

*Inne sposoby kodowania*

*Dlaczego?*

- W przypadku zadania z wieloma zmiennymi, stosując kodowanie standardowe, otrzymujemy bardzo długie chromosomy. Ich długość znacznie się powiększa ze wzrostem wymiarowości problemu.

Przykład: funkcja 20 zmiennych, każda zmienna reprezentowana przez 20 genów = 400 genów w chromosomie.

- Przetwarzanie długich chromosomów wydłuża czas działania algorytmu, przez co utrudnia, a czasami nawet uniemożliwia rozwiązanie problemu

*Alternatywa?*

**Kodowanie logarytmiczne, kodowanie rzeczywiste**



# Kodowanie logarytmiczne

- Pozostaje przy notacji binarnej genów
- Skrócenie długości chromosomów dzięki zastosowaniu funkcji wykładniczej (ekwipotencjalnej)
- W tym kodowaniu: 1-szy gen chromosomu reprezentuje znak liczby wyrażonej za pomocą funkcji wykładniczej, 2-gi gen odpowiada za znak wykładnika, a pozostała część stanowi łańcuch kodowy (binarny) wykładnika
- Oznaczmy wymienione części chromosomu przez  $a, b, bin$  to chromosom  $[a \ b \ bin]$  reprezentuje liczbę:

$$(-1)^b e^{(-1)^a [bin]_{10}}$$

gdzie  $[bin]_{10}$  jest wartością dziesiętną wykładnika

- Stosując tą metodę kodowania można za pomocą chromosomów od dł. 5 zapisać liczbę z przedziału  $[-e^7, e^7]$  z rozdzielczością do  $e^{-7}$

# Kodowanie logarytmiczne

- *Przykład 1:*

Chromosom [01101] reprezentuje liczbę:

$$x_1 = (-1)^0 e^{(-1)^1 [101]_{10}} = e^{-5} = 0,0067379$$

- *Przykład 2:*

Chromosom [01011] reprezentuje liczbę

$$x_2 = (-1)^1 e^{(-1)^0 [011]_{10}} = e^{-3} = -20,0855$$

# Kodowanie logarytmiczne

- Geny w chromosomach przyjmują wartości rzeczywiste
- Stosowane często w przypadku wielowymiarowych przestrzeni potencjalnych rozwiązań
- Allele (wartości genów) są wtedy liczbami równymi składowym wektorów odpowiadających punktom tej wielowymiarowej przestrzeni. Zatem geny posiadają postać fenotypów.
- Operator krzyżowania, poprzez wymianę genów między chromosomami, tworzy nowe punkty przestrzeni rozwiązań, czyli generuje nowe osobniki.
- Zaletą jest znaczne skrócenie chromosomów, „wadą” znaczne odejście od idei PAG

# Inne algorytmy ewolucyjne

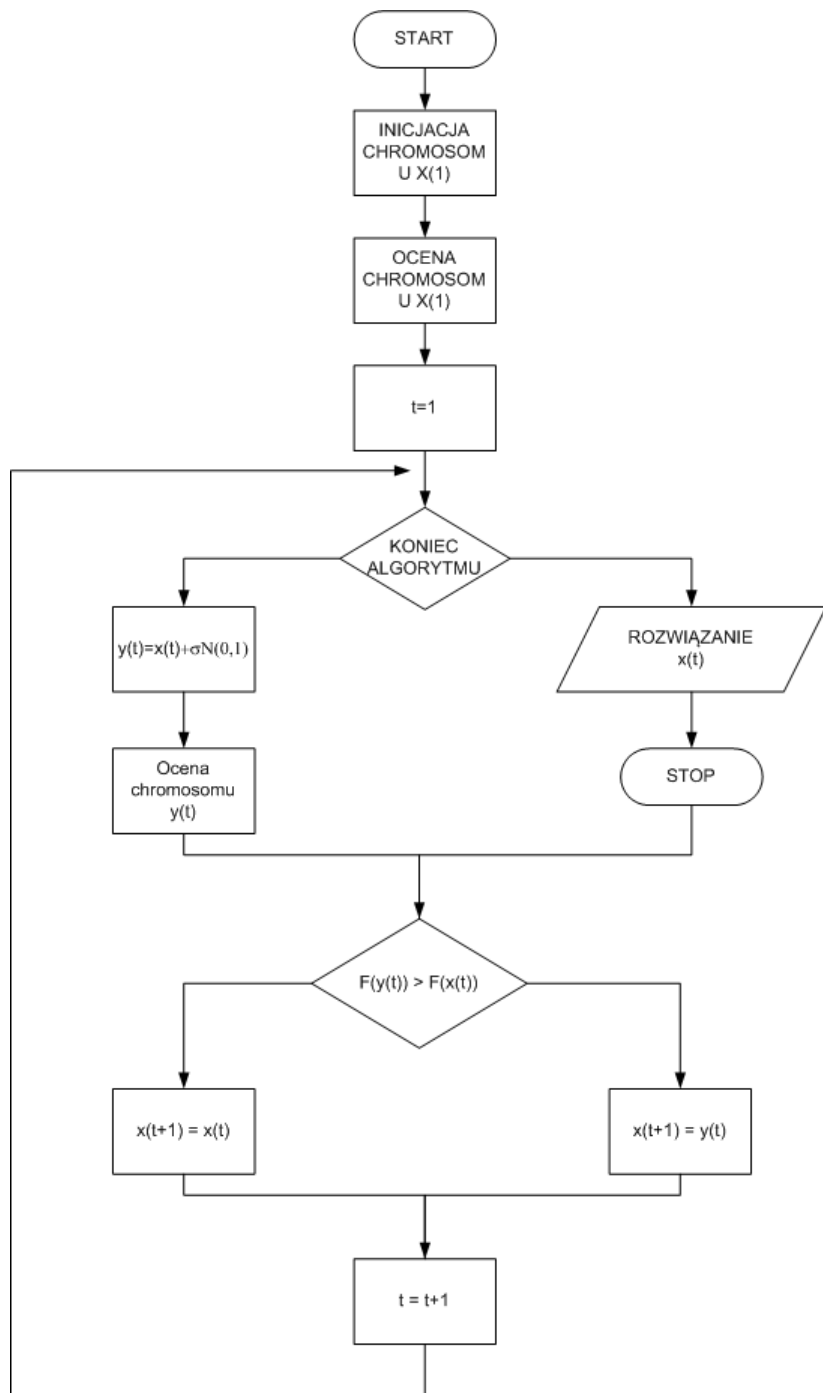
Niezależnie od PAG rozwinęły się inne metody symulowanej ewolucji.

Należą do nich:

- **Strategie ewolucyjne**
- **Programowanie ewolucyjne**
- **Programowanie genetyczne**

# Strategia ewolucyjna (1+1)

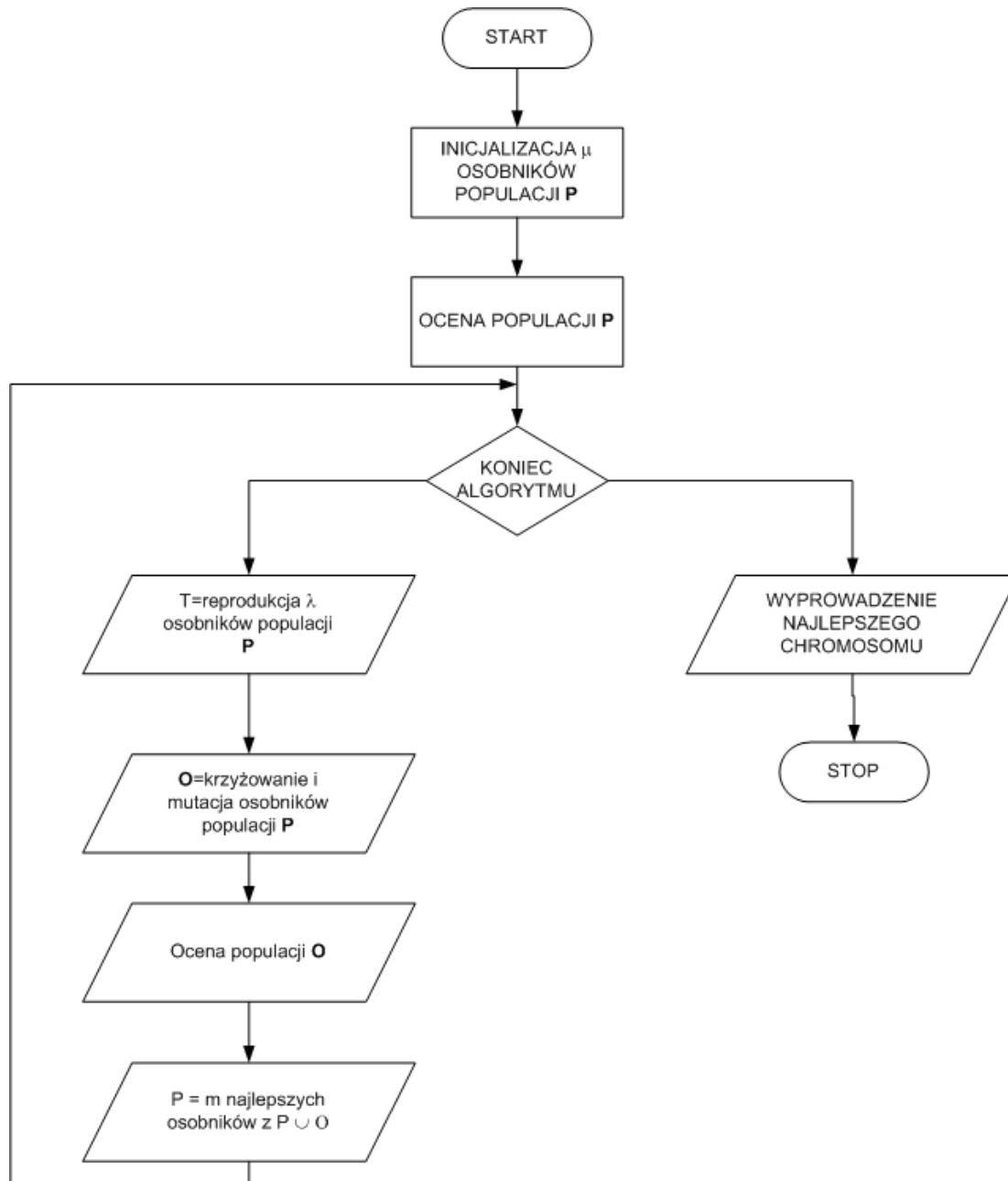
- Przetwarzany jest tylko jeden chromosom
- Kluczową rolę odrywa chromosom
- Polega ona na losowej modyfikacji wartości każdego genu chromosomu poprzez dodanie odpowiedniej liczby zgodnie z rozkładem normalnym
- W wyniku tak określonej mutacji (nazwanej tu **perturbacją**) tworzony jest nowy chromosom
- W każdej iteracji algorytmu porównywane są wartości przystosowania obu chromosomów i do następnej generacji wybierany jest ten o większej wartości przystosowania
- Strategie  $(\mu+\lambda)$   $(\mu,\lambda)$  są uogólnieniem strategii (1+1) – zamiast jednego chromosomu mamy do czynienia z populacją złożoną z  $\mu$  osobników



# *Strategia ewolucyjna*

## *( $\mu+\lambda$ )*

- Z populacji złożonej z  $\mu$  osobników tworzy się populację potomków, zawierającą  $\lambda$  osobników.
- Dokonuje się tego poprzez wielokrotne losowanie (ze zwracaniem) osobnika z populacji o liczebności  $\mu$
- Kopie wylosowanych osobników umieszcza się w populacji pomocniczej – populacji rodzicielskiej
- Populacja rodzicielska poddawana jest następnie operacjom mutacji i krzyżowania
- W wyniku tej operacji powstaje populacja potomków o liczebności  $\lambda$
- Tę populację łączy się z poprzednią otrzymując  $\mu+\lambda$  osobników
- Nowa populacja w w kolejnej generacji algorytmu zawiera  $\mu$  najlepszych osobników z populacji o liczebności  $\mu+\lambda$





# *Strategia ewolucyjna*

## *$(\mu, \lambda)$*

- Strategia  $(\mu, \lambda)$  różni się od strategii  $(\mu + \lambda)$  tylko tym, że nową populację, w kolejnej generacji tworzy się na podstawie populacji potomków liczącej  $\lambda$  osobników, zapominając o  $\mu$  osobnikach rodzicielskich
- W strategii  $(\mu, \lambda)$  każdy osobnik istnieje w populacji tylko podczas jednej generacji, w odróżnieniu od strategii  $(\mu, \lambda)$ , gdzie osobniki mogą pozostawać w populacji przez wiele generacji algorytmu

Osobnik nr 1

$$(x^1, \sigma^1) = \left( [x_1^1 \quad \dots \quad x_n^1]^T, [\sigma_1^1 \quad \dots \quad \sigma_n^1]^T \right)$$

Krzyżowanie

$$(x', \sigma') = \left( [x_1^{q_1} \quad \dots \quad x_n^{q_n}]^T, [\sigma_1^{q_1} \quad \dots \quad \sigma_n^{q_n}]^T \right)$$

Osobnik nr 2

$$(x^2, \sigma^2) = \left( [x_1^2 \quad \dots \quad x_n^2]^T, [\sigma_1^2 \quad \dots \quad \sigma_n^2]^T \right)$$

$$q_i = 1, \quad q_i = 2$$

Krzyżowanie polegające na uśrednianiu:

$$(x', \sigma') = \left( \left[ \frac{(x_1^1 + x_1^2)}{2} \quad \dots \quad \frac{(x_n^1 + x_n^2)}{2} \right]^T, \left[ \frac{(\sigma_1^1 + \sigma_1^2)}{2} \quad \dots \quad \frac{(\sigma_n^1 + \sigma_n^2)}{2} \right]^T \right)$$

# *Strategia ewolucyjna (1+1), ( $\mu+\lambda$ ), ( $\mu,\lambda$ )*

## *Podsumowanie*

- W strategiach ( $\mu,\lambda$ ), ( $\mu+\lambda$ ) oprócz operatora mutacji wprowadzono także operator krzyżowania
- Operatory mutacji i krzyżowania są zdefiniowane inaczej niż w PAG
- Inny jest także sposób reprezentacji osobników w postaci chromosomów
- Strategie ( $\mu,\lambda$ ), ( $\mu+\lambda$ ) charakteryzują się tzw. mechanizmem adaptacji zasięgu mutacji, czego nie posiada strategia (1+1), ani też jej modyfikacja w postaci strategii (1+ $\lambda$ ), w której tworzonych jest więcej niż jeden potomków.
- W tych wcześniejszych strategiach zasięg mutacji – istotny z punktu widzenia zbieżności algorytmu – był ustalany poprzez dobór wartości odpowiedniego współczynnika, zgodnie z ustaloną regułą
- We wszystkich strategiach ewolucyjnych mutacja jest najważniejszym operatorem genetycznym. Razem z selekcją decyduje o działaniu algorytmu i ma największy wpływ na jego zbieżność