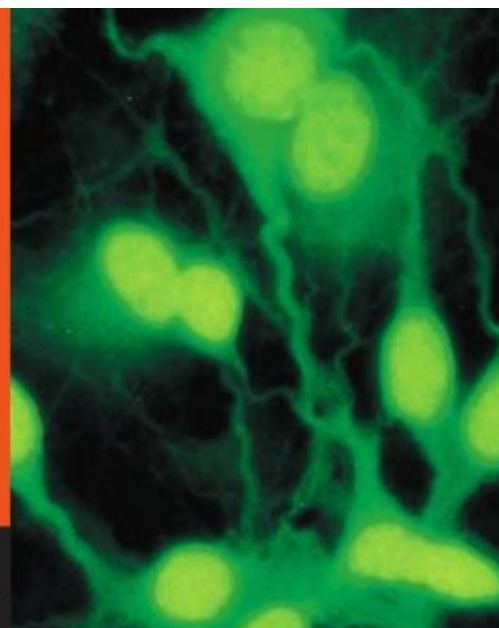


INFORMATYKA ■ ZASTOSOWANIA



Leszek Rutkowski

Metody i techniki sztucznej inteligencji

W Y D A W N I C T W O N A U K O W E P W N

7.3.1. Klasyczny algorytm genetyczny

Na podstawowy (klasyczny) algorytm genetyczny, nazywany także elementarnym lub prostym algorytmem genetycznym, składają się kroki:

- 1) inicjacja, czyli wybór początkowej populacji chromosomów,
- 2) ocena przystosowania chromosomów w populacji,
- 3) sprawdzenie warunku zatrzymania,
- 4) selekcja chromosomów,
- 5) zastosowanie operatorów genetycznych,
- 6) utworzenie nowej populacji,
- 7) wyprowadzenie „najlepszego” chromosomu.

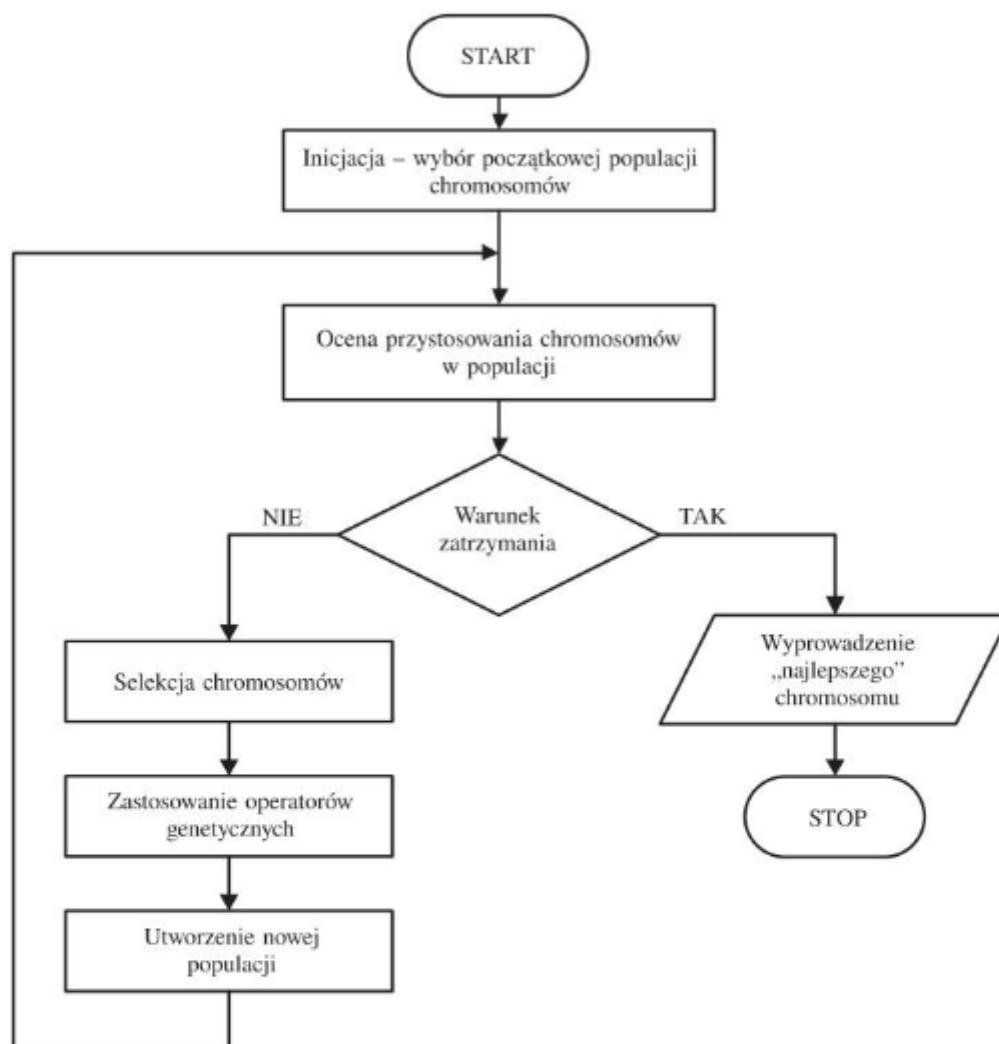
Schemat blokowy podstawowego algorytmu genetycznego przedstawia rysunek 7.1. Spróbujmy teraz dokładniej przedstawić poszczególne elementy składowe tego algorytmu.

Inicjacja, czyli utworzenie populacji początkowej, polega na losowym wyborze żądanej liczby chromosomów (osobników) reprezentowanych przez ciągi binarne o określonej długości.

Ocena przystosowania chromosomów w populacji polega na obliczeniu wartości funkcji przystosowania dla każdego chromosomu z tej populacji. Im większa jest wartość tej funkcji, tym lepsza „jakość” chromosomu. Postać funkcji przystosowania zależy od rodzaju rozwiązywanego problemu. Zakłada się, że funkcja przystosowania przyjmuje zawsze wartości nieujemne, a ponadto, że rozwiązywany problem optymalizacji jest problemem poszukiwania maksimum tej funkcji. Jeśli pierwotna postać funkcji przystosowania nie spełnia tych założeń, to dokonuje się odpowiedniej transformacji (np. problem poszukiwania minimum funkcji można łatwo sprowadzić do problemu poszukiwania maksimum).

Sprawdzenie warunku zatrzymania. Określenie warunku zatrzymania algorytmu genetycznego zależy od konkretnego zastosowania tego algorytmu. W zagadnieniach optymalizacji, jeśli znana jest wartość maksymalna (lub minimalna) funkcji przystosowania, zatrzymanie algorytmu może nastąpić po uzyskaniu żądanej wartości optymalnej, ewentualnie z określoną dokładnością. Zatrzymanie algorytmu może również nastąpić, jeśli dalsze jego działanie nie poprawia już uzyskanej najlepszej wartości. Algorytm może też zostać zatrzymany po upływie określonego czasu działania lub po określonej liczbie generacji. Jeśli warunek zatrzymania jest spełniony, następuje przejście do ostatniego kroku, czyli wyprowadzenia „najlepszego” chromosomu. Jeśli nie, to następnym krokiem jest selekcja.

Selekcja chromosomów polega na wybraniu, na podstawie obliczonych wartości funkcji przystosowania (krok 2), tych chromosomów, które będą brały udział w tworze-



Rys. 7.1. Schemat blokowy algorytmu genetycznego

niu potomków do następnego pokolenia, czyli następnej generacji. Wybór ten odbywa się zgodnie z zasadą naturalnej selekcji, tzn. największe szanse na udział w tworzeniu nowych osobników mają chromosomy o największej wartości funkcji przystosowania. Istnieje wiele metod selekcji. Najbardziej popularna jest tzw. *metoda koła ruletki* (ang. *roulette-wheel selection*), która swą nazwę zawdzięcza analogii do losowania za pomocą koła ruletki. Każdemu chromosomowi można przydzielić wycinek koła ruletki o wielkości proporcjonalnej do wartości funkcji przystosowania danego chromosomu. Zatem im większa jest wartość funkcji przystosowania, tym większy jest wycinek (sektor) na kole ruletki. Całe koło ruletki odpowiada sumie wartości funkcji przystosowania wszystkich chromosomów rozważanej populacji. Każdemu chromosomowi oznaczonemu przez ch_i dla $i = 1, 2, \dots, K$, gdzie K jest liczebnością populacji, odpowiada wycinek koła $v(ch_i)$ stanowiący część całego koła, wyrażony w procentach, zgodnie ze wzorem

$$v(\text{ch}_i) = p_s(\text{ch}_i) \cdot 100\%, \quad (7.1)$$

w którym

$$p_s(\text{ch}_i) = \frac{F(\text{ch}_i)}{\sum_{j=1}^K F(\text{ch}_j)}, \quad (7.2)$$

przy czym $F(\text{ch}_i)$ oznacza wartość funkcji przystosowania chromosomu ch_i , a $p_s(\text{ch}_i)$ jest *prawdopodobieństwem selekcji* chromosomu ch_i . Selekcja chromosomu może być widziana jako obrót kołem ruletki, w wyniku czego „wygrywa” (zostaje wybrany) chromosom należący do wylosowanego w ten sposób wycinka koła ruletki. Oczywiście im większy jest ten wycinek koła, tym większe jest prawdopodobieństwo „zwycięstwa” odpowiedniego chromosomu. Zatem prawdopodobieństwo wybrania danego chromosomu jest tym większe, im większa jest wartość jego funkcji przystosowania. Jeżeli cały okrąg koła ruletki potraktujemy jako przedział liczbowy $[0, 100]$, to wylosowanie chromosomu można potraktować jak wylosowanie liczby z zakresu $[a, b]$, gdzie a i b oznaczają, odpowiednio, początek i koniec fragmentu okręgu odpowiadającego temu wycinkowi koła; oczywiście $0 \leq a < b \leq 100$. Wówczas losowanie za pomocą koła ruletki sprowadza się do wylosowania liczby z przedziału $[0, 100]$, która odpowiada konkretnemu punktowi na okręgu koła ruletki. Inne metody zostaną przedstawione w punkcie 7.4.2.

W wyniku procesu selekcji zostaje utworzona *populacja rodzicielska*, nazywana też *pułką rodzicielską* (ang. *mating pool*), o liczebności równej K , tzn. takiej samej jak liczebność bieżącej populacji.

Zastosowanie operatorów genetycznych do chromosomów wybranych metodą selekcji prowadzi do utworzenia nowej populacji, stanowiącej populację potomków otrzymaną z populacji rodziców.

W klasycznym algorytmie genetycznym stosuje się dwa podstawowe operatory genetyczne: *operator krzyżowania* (ang. *crossover*) oraz *operator mutacji* (ang. *mutation*). Należy jednak zaznaczyć, że operator mutacji odgrywa zdecydowaną drugoplanową rolę w stosunku do operatora krzyżowania. Oznacza to, że krzyżowanie w klasycznym algorytmie genetycznym występuje prawie zawsze, podczas gdy mutacja dość rzadko. Prawdopodobieństwo wystąpienia krzyżowania przyjmuje się zwykle duże (na ogół $0,5 \leq p_k \leq 1$), natomiast zakłada się bardzo małe prawdopodobieństwo zaistnienia mutacji (często $0 \leq p_m \leq 0,1$). Wynika to także z analogii do świata organizmów żywych, gdzie mutacje zachodzą niezwykle rzadko.

W algorytmie genetycznym mutacja chromosomu może być dokonywana na populacji rodziców przed operacją krzyżowania lub na populacji potomków utworzonych w wyniku krzyżowania.

Operator krzyżowania. Pierwszym etapem krzyżowania jest wybór par chromosomów z populacji rodzicielskiej (pułki rodzicielskiej). Jest to tymczasowa populacja złożona z chromosomów wybranych metodą selekcji i przeznaczonych do dalszego przetwarzania za pomocą operatorów krzyżowania i mutacji w celu utworzenia nowej populacji potomków. Na tym etapie chromosomy z populacji rodzicielskiej kojarzone są w pary. Dokonuje się tego w sposób losowy, zgodnie z prawdopodobieństwem krzyżowania p_k . Następnie dla każdej pary wybranych w ten sposób rodziców losuje się pozycję genu (locus) w chromosomie, określającą tzw. *punkt krzyżowania*. Jeżeli chromosom każdego

z rodziców składa się z L genów, to oczywiście punkt krzyżowania l_k jest liczbą naturalną mniejszą od L . Zatem wybór punktu krzyżowania sprowadza się do wylosowania liczby z przedziału $[1, L-1]$. W wyniku krzyżowania pary chromosomów rodzicielskich otrzymuje się następującą parę potomków:

1) potomek, którego chromosom składa się z genów na pozycjach od 1 do l_k , pochodzących od pierwszego rodzica, i następnych genów, od pozycji l_k+1 do L , pochodzących od drugiego rodzica;

2) potomek, którego chromosom składa się z genów na pozycjach od 1 do l_k , pochodzących od drugiego rodzica, i następnych genów, od pozycji l_k+1 do L , pochodzących od pierwszego rodzica.

Przykład 7.1

Rozważmy dwa chromosomy $ch_1 = [1001001110]$ i $ch_2 = [1001111110]$, które poddajemy operacji krzyżowania. W tym przypadku chromosomy składają się z 10 genów ($L = 10$), losujemy więc liczbę całkowitą z przedziału $[1, 9]$. Załóżmy, że wylosowano liczbę 5. Przebieg operacji krzyżowania przedstawia się więc następująco:

$$\begin{array}{ccc}
 \text{Para rodziców:} & & \text{Para potomków:} \\
 ch_1 = [10010 | 01110] & \xrightarrow{\text{krzyżowanie}} & [10010 | \mathbf{11110}] \\
 ch_2 = [10011 | 11110] & & [10011 | \mathbf{01110}]
 \end{array}$$

gdzie symbolem | oznaczono miejsce krzyżowania, a pogrubioną czcionką zaznaczono zamienione geny.

Operator mutacji, zgodnie z prawdopodobieństwem mutacji p_m , dokonuje zmiany wartości genu w chromosomie na przeciwną (tzn. z 0 na 1 lub z 1 na 0). Jak już wcześniej wspomniano, prawdopodobieństwo zaistnienia mutacji jest zwykle bardzo małe i oczywiście od niego zależy, czy dany gen w chromosomie podlega mutacji, czy też nie. Dokonanie mutacji zgodnie z prawdopodobieństwem p_m polega na przykład na losowaniu liczby z przedziału $[0, 1]$ dla każdego genu i wybraniu do mutacji tych genów, dla których wylosowana liczba jest równa prawdopodobieństwu p_m lub mniejsza.

Przykład 7.2

Dokonyjemy operacji mutacji na chromosomie $[1001101010]$. Wartość p_m wynosi 0,02. Losujemy następujące liczby z przedziału $[0, 1]$:

0,23 0,76 0,54 0,10 0,28 0,68 0,01 0,30 0,95 0,12.

Mutacji podlega gen na pozycji 7, ponieważ wylosowana liczba losowa 0,01 jest mniejsza niż wartość prawdopodobieństwa mutacji p_m . Wobec tego, jego wartość zmienia się z 1 na 0 i otrzymujemy chromosom $[1001100010]$.

Utworzenie nowej populacji. Chromosomy otrzymane w wyniku działania operatorów genetycznych wchodzi w skład nowej populacji. Populacja ta staje się tzw. *populacją bieżącą* dla danej generacji algorytmu genetycznego. W każdej kolejnej generacji oblicza się wartości funkcji przystosowania każdego z chromosomów tej populacji. Następnie sprawdza się warunek zatrzymania algorytmu i albo wyprowadza się wynik w postaci chromosomu o największej wartości funkcji przystosowania, albo przechodzi

się do kolejnego kroku algorytmu genetycznego, tzn. selekcji. W klasycznym algorytmie genetycznym cała poprzednia populacja chromosomów zastępowana jest przez tak samo liczną nową populację potomków.

Wyprowadzenie „najlepszego” chromosomu. Jeżeli spełniony jest warunek zatrzymania algorytmu genetycznego, należy wyprowadzić wynik działania algorytmu, czyli podać rozwiązanie problemu. Najlepszym rozwiązaniem jest chromosom o największej wartości funkcji przystosowania.

Przykład 7.3

Pokażemy na prostym przykładzie, jak w praktyce działa algorytm genetyczny. Znajdziemy maksimum funkcji

$$y = 2x + 1,$$

zakładając, że x przyjmuje wartości całkowite w przedziale $[0, 31]$. W tym przypadku parametrem zadania jest x . Zbiór $\{0, 1, \dots, 31\}$ stanowi przestrzeń poszukiwań. Jest to jednocześnie zbiór potencjalnych rozwiązań zadania. Każda z 32 liczb należących do tego zbioru nazywa się punktem poszukiwań, rozwiązaniem, wartością parametru, fenotypem. Rozwiązanie optymalizujące funkcję nazywa się rozwiązaniem najlepszym lub optymalnym. Rozwiązanie zadania kodujemy binarnie (systemem dwójkowym) za pomocą pięciu bitów. Powstałe ciągi kodowe nazywane są też łańcuchami lub chromosomami. W tym przykładzie to również genotypy. Wartość genu na określonej pozycji nazywa się allelem, są to oczywiście wartości 0 lub 1. Zadanie optymalizacji polega więc na przeszukaniu przestrzeni złożonej z 32 punktów i znalezieniu tego spośród nich, dla którego funkcja przyjmuje największą wartość. Domyślamy się, że rozwiązaniem jest liczba 31, czyli chromosom zawierający same jedyńki.

Zgodnie z algorytmem, rozpoczynamy od wylosowania populacji początkowej. Będziemy operować na małej populacji, liczącej osiem osobników. W wyniku losowania otrzymujemy

$$\begin{aligned} \text{ch}_1 &= [00110], & \text{ch}_2 &= [00101], \\ \text{ch}_3 &= [01101], & \text{ch}_4 &= [10101], \\ \text{ch}_5 &= [11010], & \text{ch}_6 &= [10010], \\ \text{ch}_7 &= [01000], & \text{ch}_8 &= [00101]. \end{aligned}$$

Rozpoczynamy główną pętlę algorytmu genetycznego, czyli obliczamy przystosowanie poszczególnych osobników. Dekodujemy informacje z chromosomów i otrzymujemy następujące fenotypy:

$$\begin{aligned} \text{ch}_1^* &= 6, & \text{ch}_2^* &= 5, \\ \text{ch}_3^* &= 13, & \text{ch}_4^* &= 21, \\ \text{ch}_5^* &= 26, & \text{ch}_6^* &= 18, \\ \text{ch}_7^* &= 8, & \text{ch}_8^* &= 5. \end{aligned}$$

Obliczamy przystosowanie za pomocą funkcji, która jest taka sama jak funkcja przez nas optymalizowana. Ponieważ szukamy maksimum, za najlepiej przystosowane osobniki uważa się te, które mają największą wartość funkcji przystosowania. W miejsce parametru x podstawiamy wartość fenotypu. Na przykład dla pierwszych dwóch osobników

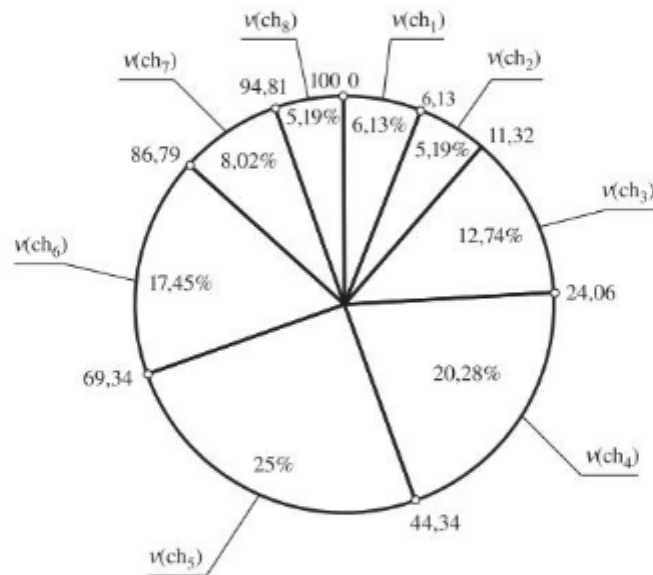
otrzymujemy

$$F(\text{ch}_1) = 2 \cdot \text{ch}_1^* + 1 = 13, \quad F(\text{ch}_2) = 2 \cdot \text{ch}_2^* + 1 = 11.$$

Analogicznie wyznaczamy

$$\begin{aligned} F(\text{ch}_3) &= 27, & F(\text{ch}_4) &= 43, \\ F(\text{ch}_5) &= 53, & F(\text{ch}_6) &= 37, \\ F(\text{ch}_7) &= 17, & F(\text{ch}_8) &= 11. \end{aligned}$$

Możemy teraz w populacji wyróżnić osobniki najlepiej i najgorzej przystosowane. Jak widać, chromosom ch_5 ma największą wartość funkcji przystosowania, w przeciwieństwie do chromosomów ch_2 i ch_8 , które mają identyczne, najmniejsze przystosowanie. Kolejnym krokiem jest selekcja chromosomów. Posłużymy się tu metodą koła ruletki.



Rys. 7.2. Koło ruletki — przykład 7.3

Na podstawie wzorów (7.1) i (7.2) otrzymujemy wycinki koła ruletki wyrażone w procentach (rys. 7.2)

$$\begin{aligned} v(\text{ch}_1) &= 6,13, & v(\text{ch}_2) &= 5,19, \\ v(\text{ch}_3) &= 12,74, & v(\text{ch}_4) &= 20,28, \\ v(\text{ch}_5) &= 25, & v(\text{ch}_6) &= 17,45, \\ v(\text{ch}_7) &= 8,02, & v(\text{ch}_8) &= 5,19. \end{aligned}$$

Losowanie za pomocą koła ruletki sprowadza się do losowego wyboru liczby z przedziału $[0, 100]$ wskazującej odpowiedni wycinek na kole, a więc konkretny chromosom. Załóżmy, że wylosowano 8 następujących liczb:

79 44 9 74 45 86 48 23.

Oznacza to wybór następujących chromosomów:

$$ch_6, \quad ch_4, \quad ch_2, \quad ch_6, \quad ch_5, \quad ch_6, \quad ch_5, \quad ch_3.$$

Jak widać, chromosom ch_5 został wylosowany dwukrotnie. Zauważmy, że jest to chromosom o największej wartości funkcji przystosowania. Ponadto trzykrotnie wylosowano chromosom ch_6 o dość dużej wartości funkcji przystosowania. Jednakże wylosowano też chromosom ch_2 o najmniejszej wartości funkcji przystosowania. Wszystkie wybrane w ten sposób chromosomy zaliczamy do tzw. *puli rodzicielskiej*.

Założmy, że żaden z chromosomów wybranych podczas selekcji nie podlega mutacji, tzn. prawdopodobieństwo $p_m = 0$. Przeprowadzimy tylko krzyżowanie, przyjmując prawdopodobieństwo krzyżowania $p_k = 0,75$. Kojarzmy osobniki w pary tak, jak są poukładane w puli rodzicielskiej. Losujemy dla każdej z nich liczbę z przedziału $[0, 1]$

$$0,12 \quad 0,73 \quad 0,65 \quad 0,33.$$

Wszystkie wylosowane liczby są mniejsze od prawdopodobieństwa krzyżowania p_k , więc krzyżowanie zachodzi dla każdej z par. Następnie znajdujemy dla każdej pary punkty krzyżowania poprzez wylosowanie liczb całkowitych z przedziału $[1, 4]$. W efekcie otrzymujemy

Pierwsza para rodziców:		Pierwsza para potomków:
$ch_6 = [10010]$	krzyżowanie →	$[10001]$
$ch_4 = [10101]$		$[10110]$
$l_k = 3$		
Druga para rodziców:		Druga para potomków:
$ch_2 = [00101]$	krzyżowanie →	$[00100]$
$ch_6 = [10010]$		$[10011]$
$l_k = 4$		
Trzecia para rodziców:		Trzecia para potomków:
$ch_5 = [11010]$	krzyżowanie →	$[11010]$
$ch_6 = [10010]$		$[10010]$
$l_k = 3$		
Czwarta para rodziców:		Czwarta para potomków:
$ch_5 = [11010]$	krzyżowanie →	$[11101]$
$ch_3 = [01101]$		$[01010]$
$l_k = 2$		

W wyniku operacji krzyżowania dostajemy następującą populację potomków:

$$\begin{aligned} \text{Ch}_1 &= [10001], & \text{Ch}_2 &= [10110], \\ \text{Ch}_3 &= [00100], & \text{Ch}_4 &= [10011], \\ \text{Ch}_5 &= [11010], & \text{Ch}_6 &= [10010], \\ \text{Ch}_7 &= [11101], & \text{Ch}_8 &= [01010]. \end{aligned}$$

Chromosomy nowej populacji oznaczamy dużą literą. Przechodzimy teraz ponownie do kroku 2 algorytmu, czyli do oceny funkcji przystosowania chromosomów nowej populacji, która stanie się teraz populacją bieżącą. Dekodując informację z nowej populacji chromosomów, otrzymujemy wartości fenotypów:

$$\begin{aligned} \text{Ch}_1^* &= 17, & \text{Ch}_2^* &= 22, \\ \text{Ch}_3^* &= 4, & \text{Ch}_4^* &= 19, \\ \text{Ch}_5^* &= 26, & \text{Ch}_6^* &= 18, \\ \text{Ch}_7^* &= 29, & \text{Ch}_8^* &= 10, \end{aligned}$$

a następnie wartości samej funkcji przystosowania:

$$\begin{aligned} F(\text{Ch}_1) &= 35, & F(\text{Ch}_2) &= 45, \\ F(\text{Ch}_3) &= 9, & F(\text{Ch}_4) &= 39, \\ F(\text{Ch}_5) &= 53, & F(\text{Ch}_6) &= 37, \\ F(\text{Ch}_7) &= 59, & F(\text{Ch}_8) &= 21. \end{aligned}$$

Jak widać, populacja potomków charakteryzuje się o wiele większą średnią wartością funkcji przystosowania niż populacja rodziców. Zauważmy, że w wyniku krzyżowania uzyskano chromosom Ch_7 o największej wartości funkcji przystosowania, jakiej nie miał żaden z chromosomów rodzicielskich. Mogłoby się jednak zdarzyć odwrotnie, a mianowicie po pierwszej generacji, w wyniku operacji krzyżowania, mógłby zostać „utracony” chromosom, który w populacji rodziców charakteryzował się największą wartością funkcji przystosowania. Mimo to średnie „przystosowanie” nowej populacji byłoby lepsze niż poprzedniej, a chromosomy o większej wartości funkcji przystosowania miałyby szansę pojawić się w następnych generacjach.

Przykład 7.4

Kolejny przykład ilustrujący działanie klasycznego algorytmu genetycznego będzie polegał na znalezieniu chromosomu o jak największej liczbie jedynek. Załóżmy, że chromosomy składają się z 9 genów, a wielkość populacji wynosi 8 chromosomów. Przyjmujemy prawdopodobieństwo krzyżowania $p_k = 0,75$ oraz prawdopodobieństwo mutacji $p_m = 0,02$. Określenie funkcji przystosowania w tym przykładzie jest bardzo proste. Odzwierciedla ona liczbę jedynek w chromosomie. Osobniki lepiej przystosowane będą miały większą liczbę jedynek, czyli wartość funkcji przystosowania będzie odpowiednio większa.

Podobnie jak w poprzednim przykładzie, rozpoczynamy od wylosowania początkowej populacji osobników:

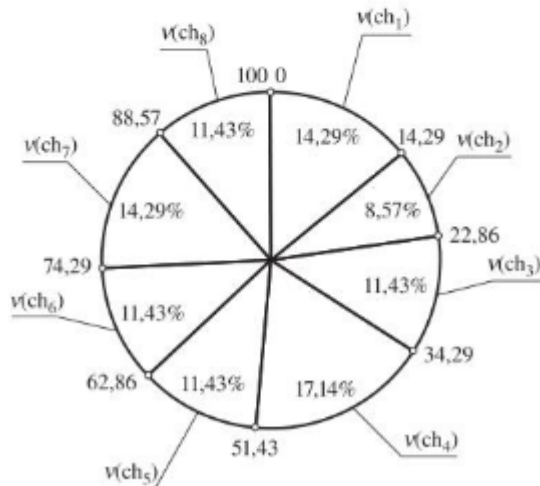
$$\begin{aligned} \text{ch}_1 &= [100111001], & \text{ch}_2 &= [001011000], \\ \text{ch}_3 &= [010100110], & \text{ch}_4 &= [101011110], \\ \text{ch}_5 &= [110100010], & \text{ch}_6 &= [100101001], \\ \text{ch}_7 &= [010011011], & \text{ch}_8 &= [001010011]. \end{aligned}$$

Przeprowadźmy symulację jednej generacji. Rozpoczynamy od wyznaczenia wartości funkcji przystosowania dla poszczególnych chromosomów:

$$\begin{aligned} F(\text{ch}_1) &= 5, & F(\text{ch}_2) &= 3, \\ F(\text{ch}_3) &= 4, & F(\text{ch}_4) &= 6, \\ F(\text{ch}_5) &= 4, & F(\text{ch}_6) &= 4, \\ F(\text{ch}_7) &= 5, & F(\text{ch}_8) &= 4. \end{aligned}$$

Jak widać, liczba jedynek i zer w chromosomach jest raczej wyrównana. Wyróżnia się tylko chromosom ch_4 , w którym jest aż 6 jedynek. Przechodzimy do realizacji następnego kroku, czyli selekcji. Zastosujemy znaną już metodę koła ruletki. Na podstawie wzorów (7.1) i (7.2) otrzymujemy następujące wycinki koła ruletki (wyrażane w procentach prawdopodobieństwa selekcji poszczególnych chromosomów):

$$\begin{aligned} v(\text{ch}_1) &= 14,29, & v(\text{ch}_2) &= 8,57, \\ v(\text{ch}_3) &= 11,43, & v(\text{ch}_4) &= 17,14, \\ v(\text{ch}_5) &= 11,43, & v(\text{ch}_6) &= 11,43, \\ v(\text{ch}_7) &= 14,29, & v(\text{ch}_8) &= 11,43. \end{aligned}$$



Rys. 7.3. Koło ruletki — przykład 7.4

Podział koła ruletki przedstawia rysunek 7.3. Dokonujemy teraz losowania 8 liczb z przedziału $[0, 100]$ w celu wybrania odpowiednich chromosomów. Załóżmy, że wylo-

sowano następujące liczby:

67 7 84 50 68 38 83 11.

Oznacza to wybór następujących chromosomów:

ch₆, ch₁, ch₇, ch₄, ch₆, ch₄, ch₇, ch₁.

Okazało się, że najlepiej przystosowany chromosom ch₄ został wybrany aż dwa razy, natomiast najgorszy z osobników, ch₂, nie został wybrany ani razu. Kolejnym krokiem tej generacji jest modyfikacja chromosomów za pomocą operatorów genetycznych. Rozpoczynamy od operatora krzyżowania. Załóżmy, że chromosomy dobrano w następujące pary:

ch₆ i ch₁, ch₇ i ch₄, ch₆ i ch₄, ch₇ i ch₁.

Losujemy liczby z przedziału [0, 1]

0,42 0,30 0,18 0,19.

a następnie porównujemy je z prawdopodobieństwem krzyżowania $p_k = 0,75$. Wszystkie wylosowane liczby są mniejsze niż prawdopodobieństwo krzyżowania, a zatem każda para podlega operacji krzyżowania. Przeprowadźmy zatem symulację tego procesu, podobnie jak w poprzednim przykładzie.

Pierwsza para rodziców:		Pierwsza para potomków:
ch ₆ = [100101001]	krzyżowanie →	[100111001]
ch ₁ = [100111001]		[100101001]
$l_k = 4$		

Jako miejsce krzyżowania wylosowano 4. pozycję w chromosomie. Jak widać, to krzyżowanie nie wpłynęło zasadniczo na poprawę przystosowania chromosomów ch₆ i ch₁. Liczba jedynek pozostała taka sama, tzn. 4 i 5. Skrzyżujmy kolejną parę

Druga para rodziców:		Druga para potomków:
ch ₇ = [010011011]	krzyżowanie →	[010011010]
ch ₄ = [101011110]		[101011111]
$l_k = 7$		

Tym razem miejsce krzyżowania okazało się korzystne. Jeden z chromosomów potomnych ma już 7 jedynek. Przyjrzyjmy się kolejnym krzyżowaniom.

Trzecia para rodziców:		Trzecia para potomków:
ch ₆ = [100101001]	krzyżowanie →	[100011110]
ch ₄ = [101011110]		[101101001]
$l_k = 3$		

Czwarta para rodziców:		Czwarta para potomków:
ch ₇ = [010011011]	krzyżowanie →	[010011001]
ch ₁ = [100111001]		[100111011]
$l_k = 5$		

Zobaczmy, jak po operacji krzyżowania wygląda nowa populacja. Osobniki nowej populacji oznaczone są dużą literą:

$$\begin{aligned} \text{Ch}_1 &= [100111001], & \text{Ch}_2 &= [100101001], \\ \text{Ch}_3 &= [010011010], & \text{Ch}_4 &= [101011111], \\ \text{Ch}_5 &= [100011110], & \text{Ch}_6 &= [101101001], \\ \text{Ch}_7 &= [010011001], & \text{Ch}_8 &= [100111011]. \end{aligned}$$

Mutację przeprowadzamy już na nowej populacji. Jak pamiętamy, prawdopodobieństwo mutacji wynosi $p_m = 0,02$. Dla każdego z genów losujemy liczbę z zakresu $[0, 1]$ i sprawdzamy, czy jest mniejsza od prawdopodobieństwa p_m . Mutacja polega na zamianie wartości genu na wartość przeciwną. Zobaczmy, jak przebiegł ten proces:

$$\begin{aligned} \text{Ch}_1 &= [100111001], & \text{Ch}_2 &= [100101001], \\ \text{Ch}_3 &= [010011010], & \text{Ch}_4 &= [111011111], \\ \text{Ch}_5 &= [100011110], & \text{Ch}_6 &= [101101101], \\ \text{Ch}_7 &= [010011001], & \text{Ch}_8 &= [100111011]. \end{aligned}$$

Prawdopodobieństwo mutacji jest tak małe, że w całej populacji wystąpiło tylko w dwóch miejscach, tzn. w osobnikach Ch_4 i Ch_6 . Sprawdźmy teraz wartość funkcji przystosowania poszczególnych osobników po jednej generacji:

$$\begin{aligned} F(\text{Ch}_1) &= 5, & F(\text{Ch}_2) &= 4, \\ F(\text{Ch}_3) &= 4, & F(\text{Ch}_4) &= 8, \\ F(\text{Ch}_5) &= 5, & F(\text{Ch}_6) &= 6, \\ F(\text{Ch}_7) &= 4, & F(\text{Ch}_8) &= 6. \end{aligned}$$

Jak widać, po jednej generacji udało nam się znaleźć osobnika o większej wartości funkcji przystosowania. Poza tym poprawiła się też średnia wartość funkcji przystosowania całej populacji. Osobniki lepiej przystosowane będą miały szanse częściej pojawić się w kolejnych generacjach i dać początek nowym, lepiej przystosowanym.

Przykład 7.5

Zastosujmy teraz klasyczny algorytm genetyczny w tzw. „problemie plecakowym”. Wyobraźmy sobie plecak, który ma pewną określoną nośność W . Można do niego włożyć n przedmiotów o wadze w_i oraz ważności p_i , $i = 1, \dots, n$. Zadanie polega na takim załadunku plecaka, aby znalazły się w nim przedmioty, z których mielibyśmy jak największą korzyść (czyli uzyskali maksymalną możliwą sumę ważności p_i umieszczonych przedmiotów). Oczywiście, nie możemy przekroczyć nośności W , tzn.

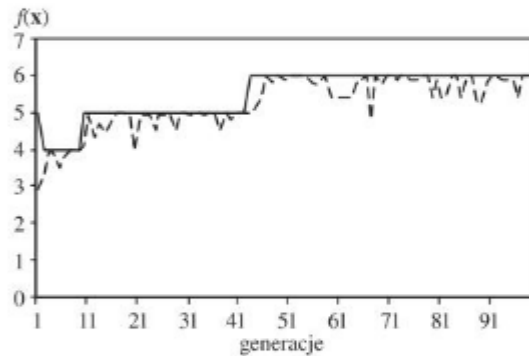
$$\sum_{i=1}^n w_i x_i \leq W. \quad (7.3)$$

Bez uwzględnienia warunku (7.3) najlepsze okazywałyby się chromosomy odpowiadające występowaniu wszystkich przedmiotów w plecaku. Rozwiązaniem tego problemu jest nałożenie kary na takie chromosomy. W tym przykładzie metodą karaniami osobników nie spełniających określonych wymagań będzie przyjęcie zerowej wartości funkcji przystosowania. Takie osobniki nie mają szans na reprodukcję.

Spróbujmy teraz zakodować rozwiązanie, wykorzystując zapis chromosomu binarnego. Wartości 0 i 1 kolejnego genu x_i odpowiadałyby brakowi lub występowaniu i -tej rzeczy w plecaku. Funkcja przystosowania przybiera postać

$$f(\mathbf{x}) = \sum_{i=1}^n p_i x_i. \quad (7.4)$$

W naszym zadaniu bierzemy pod uwagę $n = 10$ przedmiotów, każdy o ważności $p_i = 1$ oraz wadze kolejno od 1 do 10, czyli $w_i = i$, $i = 1, \dots, 10$. Ponieważ ważność wszystkich przedmiotów jest taka sama, rozwiązanie sprowadza się do umieszczenia jak największej ich liczby w plecaku. Zakładamy, że nośność wynosi 27, czyli jest równa prawie połowie sumy wag wszystkich przedmiotów. Do poszukiwania optymalnego wypełnienia plecaka zastosujemy klasyczny algorytm genetyczny z selekcją proporcjonalną (koło ruletki) oraz prawdopodobieństwem krzyżowania $p_k = 0,7$, prawdopodobieństwem mutacji $p_m = 0,01$. Liczba osobników w populacji wynosi 10. Prześledźmy zmiany wartości funkcji przystosowania osobników dla 100 kolejnych generacji algorytmu (rys. 7.4).



Rys. 7.4. Wykres maksymalnej (linia ciągła) oraz średniej (linia przerywana) w populacji wartości funkcji przystosowania w 100 kolejnych generacjach

Wykres odzwierciedla w kolejnych generacjach zmianę średniej wartości przystosowania osobników (linia przerywana). Wartości te nie odbiegały znacznie od wyników najlepszego chromosomu (linia ciągła). Można zatem wywnioskować, że różnorodność populacji nie była zbyt duża. W 43. generacji znalezione zostało najlepsze rozwiązanie i poprawiło się przystosowanie całej populacji. Rozwiązaniem problemu okazało się sześć przedmiotów o wadze 1, 2, 4, 5, 7 i 8 umieszczonych w plecaku.

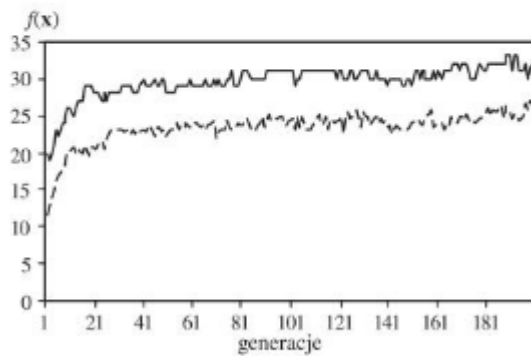
Powyższy algorytm został uruchomiony 100 razy. Otrzymano:

- 2 rozwiązania z 4 przedmiotami,
- 24 rozwiązania z 5 przedmiotami,
- 74 rozwiązania z 6 przedmiotami.

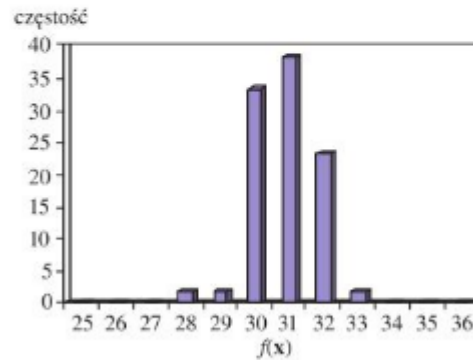
Przykład 7.6

Ponownie rozwiążemy problem plecakowy przedstawiony w przykładzie 7.5. Tym razem założymy, że $n = 50$, natomiast nośność plecaka W wynosi 318, co jest prawie połową sumy wag wszystkich przedmiotów. Przyjmujemy $p_i = 1$ oraz $w_i = i$, identycznie jak w przykładzie 7.5. Wielkość populacji, ze względu na skomplikowanie zadania, ustalmy

na 100 osobników. Stosujemy ten sam algorytm genetyczny, ale liczba generacji wynosi 200. Rysunek 7.5 ilustruje działanie algorytmu, natomiast rysunek 7.6 przedstawia częstość występowania różnych rozwiązań w 100 uruchomieniach algorytmu genetycznego. Z analizy histogramu (rys. 7.6) wynika, że znaleziono 38 rozwiązań gwarantujących upakowanie 31 przedmiotów, a tylko 2 rozwiązania z 33 przedmiotami w plecaku. Widać, że problem ten jest bardziej złożony aniżeli opisany w przykładzie 7.5. Chromosom ma teraz znacznie większą długość i warto zastanowić się nad sposobem poprawy działania algorytmu, co zrobimy w przykładzie 7.16.



Rys. 7.5. Wykres maksymalnej (linia ciągła) oraz średniej (linia przerywana) w populacji wartości funkcji przystosowania w 200 kolejnych generacjach



Rys. 7.6. Histogram rozwiązań uzyskiwanych w 100 przeprowadzonych próbach algorytmu genetycznego