

Algorytmy genetyczne (AG)

1. Wprowadzenie do AG
 - a) ewolucja darwinowska
 - b) podstawowe definicje
 - c) operatory genetyczne
 - d) konstruowanie AG
 - e) standardowy AG
 - f) przykład rozwiązania
 - g) naprawdę bardzo, bardzo nieco historii
 - h) literatura (kilka pozycji)
2. Algorytmy ewolucyjne (ledwie wspomnienie)
3. Standardowy Algorytm Genetyczny (SAG)
4. AG a TSP

1. Wprowadzenie do AG

a) ewolucja darwinowska

1. każde *środowisko* ma ograniczone zasoby - określa to maksymalną liczbę osobników (*populacja*) mogących utrzymać się w nim przy życiu,
2. liczba osobników zmienia się w czasie - najczęściej rośnie; osobniki rozmnażają się → populacja się powiększa,
3. z 1. i 2. wynika, że liczba osobników musi być regulowana - środowisko określa *warunki przeżycia*; osobniki chcąc przeżyć muszą się do tych warunków *przystosować*,
4. z 3 wynika, że najlepiej przystosowane osobniki mają największą szansę na przeżycie i *rozmnażanie*,
5. w procesie rozmnażania osobniki najczęściej przekazują swoje „przystosowanie” potomstwu - nie jest to regułą i możliwe jest wydanie potomstwa gorzej niż rodzice przystosowanego do warunków określonych przez środowisko,
6. oprócz cech poprawiających przystosowanie, u potomstwa mogą występować losowe zmiany (*mutacje*), które mogą prowadzić do zmian ich przystosowania (lepsze lub gorsze przystosowanie),
7. powyższe (jeśli środowisko nie zmieni diamatralnie warunków przystosowania) prowadzi (w czasie) do coraz lepszego przystosowania populacji.

1. Wprowadzenie do AG

b) podstawowe definicje

- *populacja*: zbiór *osobników* określonej liczebności.
- *osobnik*: zakodowany w postaci *chromosomów* zbiór parametrów zadania - rozwiązanie, punkty przeszukiwanej przestrzeni.
- *chromosom*(y): ciągi kodowe składające się z *genów*.
- *gen*: cecha, pojedynczy element *genotypu*.
- *genotyp*: zespół chromosomów osobnika (struktra osobnika). Osobniki mogą być genotypami lub chromosomami, jeśli genotyp składa się tylko z jednego chromosomu.
- *fenotyp*: zestaw wartości odpowiadających danemu genotypowi.
- *allele*: wartość danego genu (wartość cechy).
- *locus*: pozycja wskazująca miejsce położenia danego genu w ciągu (*chromosomie*).

1. Wprowadzenie do AG

c) operatory genetyczne

selekcja - polega na wyborze z bieżącej populacji osobników, których materiał genetyczny zostanie poddany operacji *krzyżowania* oraz *mutacji* i przekazany osobnikom potomnym (kolejna populacja). Wybór następuje na podstawie określonej *metody selekcji*. Osobniki oceniane są na podstawie tzw. *funkcji przystosowania/dopasowania* (*ang. fitness function* - *ff*). Selekcja powinna promować osobniki najlepiej przystosowane - o najwyższej wartości *ff*

krzyżowanie (*ang. crossover*) - polega na wymianie materiału genetycznego pomiędzy losowo wybranymi (podczas selekcji) parami osobników. W wyniku krzyżowania powstają nowe osobniki, które mogą wejść w skład nowej populacji (kolejnego pokolenia). Osobniki powstałe po krzyżowaniu powinny być - i są, jeśli metoda selekcji jest właściwa - lepiej przystosowane (wyższa wartość *ff*) od swoich rodziców. Zachodzi z prawdopodobieństwem p_c .

mutacja - polega na zamianie wartości losowo wybranego genu (cechy osobnika). Celem użycia operatora mutacji jest zapewnienie zmienności chromosomów. W przypadku wykorzystania AG do poszukiwania rozwiązania np. problemów kombinatorycznych stwarza możliwość wyjścia z optimów lokalnych ilub zwiększenia *intensyfikacji* przeszukiwania. Zachodzi z prawdopodobieństwem p_m .

Pytanie 1. Jakie są efekty użycia operatorów *krzyżowania* i *mutacji*?

1. Wprowadzenie do AG

d) konstruowanie AG

Do skonstruowania AG dla dowolnego zadania wymagane jest sześć składowych:

1. genetyczna reprezentacja potencjalnych rozwiązań (osobników).
2. funkcja oceniająca jakość rozwiązania (funkcja przystosowania).
3. metoda generowania populacji początkowej.
4. operatory genetyczne (*metoda selekcji*, operatory *krzyżowania* i *mutacji*).
5. parametrów charakteryzujących algorytm: *rozmiar populacji*, p_c , p_m .
6. warunków zakończenia działania, tzw. *warunków stopu/zatrzymania*.

Wprowadzenie do AG

e) standardowy AG

1. wybór populacji początkowej chromosomów (losowy)
2. ocena przystosowania chromosomów
3. sprawdzanie warunku zatrzymania
 - a. selekcja chromosomów - wybór populacji macierzystej (*ang. mating pool*)
 - b. krzyżowanie chromosomów z populacji rodzicielskiej
 - c. mutacja - może być również wykonana przed krzyżowaniem
 - d. ocena przystosowania chromosomów
 - e. utworzenie nowej populacji
4. wyprowadzenie „najlepszego” rozwiązania

Pytanie 2. Jaki przebiega typowy algorytm optymalizujący funkcję jednej zmiennej?

Pytanie 3. Jak wygląda wykres wartości dopasowania w czasie?

Wprowadzenie do AG

f) przykład rozwiązania - dyskretny problem plecakowy (1)

i	p_i	w_i	p_i/w_i
1	40	2	20
2	30	5	6
3	50	10	5
4	10	5	2

$$n = 4, W = 16$$

Wprowadzenie do AG

f) przykład rozwiązania - dyskretny problem plecakowy (2)

- postać rozwiązania: $x = [x_1, x_2, x_3, x_4], x \in 0, 1$
- optymalizowana funkcja: $f(x) = \sum_1^4 x_i \cdot w_i$
- potencjalne rozwiązania: $x^1 = [1, 0, 0, 0]; x^2 = [1, 0, 0, 1]; x^3 = [0, 0, 0, 0]; x^4 = [1, 0, 1, 0]; x^5 = [1, 1, 1, 0]$
- rozwiązania dopuszczalne: $x^1 = [1, 0, 0, 0]; x^2 = [1, 0, 0, 1]; x^3 = [0, 0, 0, 0]; x^4 = [1, 0, 1, 0]$
- wartości ff : $ff(x^1) = 40; ff(x^2) = 50; ff(x^3) = 0; ff(x^4) = 90$
- średnia wartość ff dla populacji w pokoleniu **1**: $ff = 45$
- populacja macierzysta: $x^1 = [1, 0, 0, 0]; x^2 = [1, 0, 0, 1]; x^4 = [1, 0, 1, 0]$
- pary do reprodukcji: $C_1(x^1 = [1, 0, 0, 0] : x^4 = [1, 0, 1, 0]); C_2(x^2 = [1, 0, 0, 1] : x^4 = [1, 0, 1, 0])$
- krzyżowanie *loci*: $C_1 : 2, C_2 : 3 (p_c = 1): \dots$

- ...
- pary do reprodukcji: $C_1(x^1 = [1, 0, 0, 0] : x^4 = [1, 0, 1, 0])$; $C_2(x^2 = [1, 0, 0, 1] : x^4 = [1, 0, 1, 0])$
- krzyżowanie *loci*: $C_1 : 2, C_2 : 3$ ($p_c = 1$): $x^{14} = [1, 0|1, 0]$; $x^{41} = [1, 0|0, 0]$; $x^{24} = [1, 0, 0|0]$; $x^{42} = [1, 0, 1|1]$
- wartości ff : $ff(x^{14}) = 90$; $ff(x^{41}) = 40$; $ff(x^{24}) = 40$; $ff(x^{42}) = 80$
- nowe pokolenie: $x^4 = [1, 0, 1, 0]$; $x^{14} = [1, 0, 1, 0]$; $x^2 = [1, 0, 0, 1]$; $x^{42} = [1, 0, 1, 1]$
- średnia wartość ff dla populacji w pokoleniu **2**: $ff = 62.5 \longrightarrow ff(2) > ff(1)$
- powtarzane, aż do wystąpienia warunku zatrzymania.

Wprowadzenie do AG

g) nieco historii

- opracowane w latach 70-tych w USA.
- twórcą AG jest *John H. Holland* (1929 - 2015) - *Adaptation in Natural and Artificial Systems*, 1975.
- *David E. Goldberg* - *Genetic Algorithms in Search, Optimazation and Machine Learning*, 1989

Wprowadzenie do AG

f) literatura

- *David E. Goldberg - Algorytmy genetyczne i ich zastosowania*, 1998
- *Z. Michalewicz - Algorytmy genetyczne + struktury danych = programy ewolucyjne*, 1996
- *John R. Koza - Genetic Programming I, II, III, IV ...*, 1992, 1994, 1999, 2003
- *J. Arabas - Wykłady z algorytmów ewolucyjnych*, 2001

2. Algorytmy ewolucyjne (AE) (1)

Podział AE wg sposobu kodowania rozwiązań:

- algorytmy genetyczne - osobnik w postaci ciągu bitów o stałej długości.
- strategie ewolucyjne - osobnik jest wektorem liczb rzeczywistych $x = [x_1, \dots, x_n], x \in \mathbb{R}^n$.
- programowanie genetyczne - osobnik jest drzewem reprezentującym program komputerowy.
- programowanie ewolucyjne - osobnik jest wektorem liczb rzeczywistych - brak krzyżowania; tylko mutacja.

2. Algorytmy ewolucyjne (AE) (2)

Charakterystyczne dla AE są:

- użycie populacji (algorytmy populacyjne),
- stochastyczne operatory przeszukiwania,
- reprodukcja odbywa się na podstawie wartości funkcji przystosowania.

3. SAG

Osobnik: chromosom złożony z dwóch genów (równej długości)

genotyp: 0101010010101 — 0101010010101

↓ dekodowanie

fenotyp x : 0.56 — 1.45 - $x_1|x_2$

↓ obliczenie dopasowania

$$ff(x_1, x_2) = 3.745$$

3. SAG

Funkcja dopasowania ($f(x)$)

- pełni rolę środowiska, ocenia potencjalne rozwiązania.
- jest odwzorowaniem ciągów binarnych o długości B w zbiór \mathbb{R}^+ .
- może być użyta bezpośrednio jako *funkcja celu* (problemy optymalizacyjne), jeśli *funkcja celu* przyjmuje wartości dodatnie i problem jest problemem maksymalizacji.
- jeśli problem jest problemem minimalizacji i *funkcja celu* ($g(x)$) może przyjmować wartości ujemne, wtedy

$$f(x) = g(x) + C_1$$

- jeśli problem jest problemem maksymalizacji i *funkcja celu* ($g(x)$) może przyjmować wartości ujemne, wtedy

$$f(x) = C_2 - g(x)$$

3. SAG

Selekcja

- Zgodnie z ewolucją darwinowską, lepiej przystosowani mają (powinni mieć) większe szanse na rozmnażanie.
- W związku z tym stosujemy selekcję proporcjonalną. Losujemy liczbę, z przedziału $[0,100]$ i z prawdopodobieństwem

$$p(x) = \frac{f(x)}{\sum_{i=1}^S f(x_i)}$$

3. SAG

Krzyżowanie

- Dwuargumentowy operator krzyżowania stosowany jest dla par osobników - łączenie w pary jest losowe - z puli rodzicielskiej (wynik selekcji).
- Krzyżowanie realizowane jest w prawdopodobieństwie p_c . Typowo 0.6 do 1.0, ale ...zależy od problemu oraz możliwego wpływu innych parametrów, np.: p_m .
 - wybierz losowo punkt krzyżowania (locus),
 - podziel genotypy rodziców wg. punktu krzyżowania,
 - połącz fragmenty „na krzyż” tworząc nowe osobniki.

3. SAG

Mutacja

- Dla każdego osobnika populacji po krzyżowaniu dla każdego genu, z prawdopodobieństwem p_m , zmień wartość na przeciwną.
- Mutacja realizowana jest z p_m . Typowo 0.01 do 0.1. Mutacja powinna prowadzić do niewielkich - „kosmetycznych” - acz znaczących zmian w genotypie osobnika.

3. SAG

Problemy

- krzyżowanie i mutacja działają tylko dla ciągów binarnych,
- model sukcesji (wszyscy rodzice umierają, potomkowie zastępują rodziców) sprawia, że najlepsze dopasowanie nie musi monotonicznie rosnąć w kolejnych pokoleniach,
- selekcja proporcjonalna może powodować, że we wczesnych fazach algorytmu pojawiają się superosobnicy.
- pojawia się zjawisko przedwczesnej zbieżności (*ang. premature convergence*).
- możliwe pojawienie się identycznego dopasowania (często dość szybko) całej populacji na poziomie średnim lub poziomie superosobnika (silna dominacja).
- pojawia się tzw. „błądzenie przypadkowe wśród przeciętniaków” (D.E. Goldberg).

3. SAG

Jak poprawić? (1)

- kryterium zatrzymania
 - po zadanej liczbie pokoleń **problemem jest tu ...**,
 - po osiągnięciu zadanej wartości funkcji dopasowania **problemem jest tu ...**,
 - gdy najlepsza wartość dopasowania nie ulega poprawie **problemem jest tu ...**,
 - po zakończeniu ustalonego czasu pracy **problemem jest tu ...**,

3. SAG

Jak poprawić? (2)

- selekcja turniejowa,
- selekcja rangowa,
- selekcja rangowa z liniową funkcją prawdopodobieństwa.

3. SAG

Selekcja turniejowa

Turniej:

- wybierz losowo k ($k < L$, gdzie L - liczność populacji P) osobników (bez zwracania) z populacji P .
- zachowaj najlepszego - umieść w populacji S .
- zwróć k osobników do P^i .
- wykonaj L razy, aby $|S| = L$.

4. SAG a TSP

Reprezentacja rozwiązań

1. reprezentacja ścieżkowa (*ang. path representation*) - kodowanie permutacyjne
2. reprezentacja porządkowa (*ang. ordinal representation*)

Reprezentacja ścieżkowa:

- w osobniku zapisane są kolejne miasta na trasie,
- wymaga specjalnych (niestandardowych) operatorów krzyżowania i mutacji.

Reprezentacja porządkowa:

- w osobniku zapisana jest kolejność wyboru miast (wierzchołków) z listy początkowej,
- ... czyli czai się pytanie ☺

4. SAG a TSP

Reprezentacja ścieżkowa - operatory krzyżowania

- PMX - Partially Mapped Crossover (Goldberg, 1985),
- OX - Ordered Crossover (Davis, 1985),
- EX - Edge Crossover (Whitley, 1989),
- SXX - Subtour Exchanged Crossover (Yamamura, 1992),
- PX - Partition Crossover (Whitley, 2000).

PMX - krzyżowanie z częściowym odwzorowaniem; odmiana krzyżowania dwupunktowego

Osobniki rodzicielskie

$$\begin{array}{c}
 \text{sekcja dopasowania} \\
 p = \left(\quad p_1 \dots \quad \overbrace{\left[p_{k_1} \dots p_{k_2} \right]} \quad \dots \quad p_m \quad \right) \\
 q = \left(\quad q_1 \dots \quad \underbrace{\left[q_{k_1} \dots q_{k_2} \right]}_{\text{sekcja dopasowania}} \quad \dots \quad q_m \quad \right)
 \end{array}$$

Osobniki potomne

$$\begin{array}{c}
 \text{sekcja dopasowania} \\
 r = \left(\quad r_1 \dots \quad \overbrace{\left[p_{k_1} \dots p_{k_2} \right]} \quad \dots \quad r_m \quad \right) \\
 s = \left(\quad s_1 \dots \quad \underbrace{\left[q_{k_1} \dots q_{k_2} \right]}_{\text{sekcja dopasowania}} \quad \dots \quad s_m \quad \right)
 \end{array}$$

Indeksy k_1 i k_2 wybrane losowo z $[1 \dots m]$. Wykonujemy transpozycje w obrębie chromosomu.

PMX - przykład

Osobniki rodzicielskie

$$p = \left(\begin{array}{ccc|cccc|ccc} 1 & 2 & & 3 & 4 & 5 & 6 & & 7 & 8 & 9 \end{array} \right)$$

$$q = \left(\begin{array}{ccc|cccc|ccc} 5 & 3 & & 6 & 7 & 8 & 1 & & 2 & 9 & 4 \end{array} \right)$$

Sekcja dopasowania: $k_1 = 3, k_2 = 7$

Tabela odwzorowań: $[3 \leftrightarrow 6], [4 \leftrightarrow 7], [5 \leftrightarrow 8], [6 \leftrightarrow 1]$

Osobniki potomne

$$r = \left(\begin{array}{ccc|cccc|ccc} - & - & & 6 & 7 & 8 & 1 & & - & - & - \end{array} \right)$$

$$s = \left(\begin{array}{ccc|cccc|ccc} - & - & & 3 & 4 & 5 & 6 & & - & - & - \end{array} \right)$$

$$p = (\quad 1 \quad 2 \quad | \quad 3 \quad 4 \quad 5 \quad 6 \quad | \quad 7 \quad 8 \quad 9 \quad)$$

$$q = (\quad 5 \quad 3 \quad | \quad 6 \quad 7 \quad 8 \quad 1 \quad | \quad 2 \quad 9 \quad 4 \quad)$$

Wstawiamy miasta nie powodujące konfliktów (z osobników p i q)

$$r = (\quad - \quad 2 \quad | \quad 6 \quad 7 \quad 8 \quad 1 \quad | \quad - \quad - \quad 9 \quad)$$

$$s = (\quad - \quad - \quad | \quad 3 \quad 4 \quad 5 \quad 6 \quad | \quad 2 \quad 9 \quad - \quad)$$

Kolejne miasta wstawiamy zgodnie z tabelą odwzorowań $[3 \leftrightarrow 6], [4 \leftrightarrow 7], [5 \leftrightarrow 8], [6 \leftrightarrow 1]$. Otrzymujemy:

$$r = (\quad - \quad 2 \quad | \quad 6 \quad 7 \quad 8 \quad 1 \quad | \quad 4 \quad 5 \quad 9 \quad)$$

$$s = (\quad 8 \quad - \quad | \quad 3 \quad 4 \quad 5 \quad 6 \quad | \quad 2 \quad 9 \quad 7 \quad)$$

Uzupełnienie pozostałych pozycji wymaga dwukrotnego zastosowania odwzorowań: $[6 \leftrightarrow 1]$ i $[3 \leftrightarrow 6]$.

Z czego otrzymujemy osobniki potomne:

$$r = (\quad \textcolor{blue}{3} \quad 2 \quad | \quad 6 \quad 7 \quad 8 \quad 1 \quad | \quad \textcolor{red}{4} \quad \textcolor{red}{5} \quad 9 \quad)$$

$$s = (\quad \textcolor{red}{8} \quad \textcolor{blue}{1} \quad | \quad 3 \quad 4 \quad 5 \quad 6 \quad | \quad 2 \quad 9 \quad \textcolor{red}{7} \quad)$$

$$p = (\quad 1 \quad 2 \quad | \quad 3 \quad 4 \quad 5 \quad 6 \quad | \quad 7 \quad 8 \quad 9 \quad)$$

$$q = (\quad 5 \quad 3 \quad | \quad 6 \quad 7 \quad 8 \quad 1 \quad | \quad 2 \quad 9 \quad 4 \quad)$$

OX - krzyżowanie z częściowym odwzorowaniem; odmiana krzyżowania dwupunktowego

Osobniki rodzicielskie

$$\begin{array}{c}
 \text{sekcja dopasowania} \\
 p = \left(\begin{array}{ccc} p_1 \dots & \overbrace{[p_{k_1} \dots p_{k_2}]} & \dots \quad p_m \end{array} \right) \\
 q = \left(\begin{array}{ccc} q_1 \dots & \underbrace{[q_{k_1} \dots q_{k_2}]} & \dots \quad q_m \end{array} \right) \\
 \text{sekcja dopasowania}
 \end{array}$$

Osobniki potomne

$$\begin{array}{c}
 \text{sekcja dopasowania} \\
 r = \left(\begin{array}{ccc} r_1 \dots & \overbrace{[p_{k_1} \dots p_{k_2}]} & \dots \quad r_m \end{array} \right) \\
 s = \left(\begin{array}{ccc} s_1 \dots & \underbrace{[q_{k_1} \dots q_{k_2}]} & \dots \quad s_m \end{array} \right) \\
 \text{sekcja dopasowania}
 \end{array}$$

Indeksy k_1 i k_2 wybrane losowo z $[1 \dots m]$. Kopiujemy do r te elementy z x , które nie występują w sekcji dopasowania skopiowanej z q - począwszy od pozycji $k_2 + 1$.

OX - przykład

Osobniki rodzicielskie

$$p = \left(\begin{array}{ccc|ccc|ccc} 1 & 2 & & 3 & 4 & 5 & 6 & & 7 & 8 & 9 \end{array} \right)$$

$$q = \left(\begin{array}{ccc|ccc|ccc} 5 & 3 & & 6 & 7 & 8 & 1 & & 2 & 9 & 4 \end{array} \right)$$

Osobniki potomne

$$r = \left(\begin{array}{ccc|ccc|ccc} 4 & 5 & & 6 & 7 & 8 & 1 & & 9 & 2 & 3 \end{array} \right)$$

$$s = \left(\begin{array}{ccc|ccc|ccc} 8 & 1 & & 3 & 4 & 5 & 6 & & 2 & 9 & 7 \end{array} \right)$$

EX - algorytm

1. Utwórz listy sąsiedztwa dla wszystkich wierzchołków; (+) - osiągalny z obu rodziców
2. v przypisz losowy wierzchołek z dowolnego rodzica

Dopóki NOWY (osobnik) nie jest utworzony, powtarzaj:

- Dołącz v do NOWY
- Usuń v z list sąsiedztwa
- Jeżeli lista wierzchołka v jest pusta
 - = przypisz u losowo wierzchołek nie będący w NOWY
- W przeciwnym przypadku
 - = wybierz z listy wierzchołek oznaczony (+) lub ten o najkrótszej liście
 - = jeśli wierzchołki z listy v mają równie długie listy
 - \equiv wybierz jeden losowo
 - = u przypisz wybrany wierzchołek

EX - przykład (1)

$$p_1 = (\quad 1 \quad 2 \quad 3 \quad 4 \quad 5 \quad 6 \quad 7 \quad 8 \quad 9 \quad)$$

$$p_2 = (\quad 9 \quad 3 \quad 7 \quad 8 \quad 2 \quad 6 \quad 5 \quad 1 \quad 4 \quad)$$

wierzchołek	krawędzie	wierzchołek	krawędzie
1	2,5,4,9	6	2,5,+,7
2	1,3,6,8	7	3,6,8+
3	2,4,7,9	8	2,7+,9
4	1,3,5,9	9	1,3,4,8
5	1,4,6+		

EX - przykład (2)

wybór	krawędź	powód wyboru	NOWY
all	1	losowy	1
2,5,4,9	5	najkrótsza lista	1 5
4,6	6	wspólna krawędź (+)	1 5 6
2,7	2	losowo (równa długość list)	1 5 6 2
3,8	8	najkrótsza lista	1 5 6 2 8
7,9	7	wspólna krawędź (+)	1 5 6 2 8 7
3	3	jedna krawędź	1 5 6 2 8 7 3
4,9	9	losowo	1 5 6 2 8 7 3 9
4	4	ostatnia krawędź	1 5 6 2 8 7 3 9 4

4. SAG a TSP

Reprezentacja ścieżkowa - operatory mutacji

- *inversion* - wybiera losowo podciąg miast i zamienia ich kolejność.

$$p = (1 \ 2 \ | \ 3 \ 4 \ 5 \ 6 \ | \ 7 \ 8 \ 9) \rightarrow p' = (1 \ 2 \ | \ 6 \ 5 \ 4 \ 3 \ | \ 7 \ 8 \ 9)$$

- *insertion* - przestawia losowo wybrane miasto na inną (losowo wybraną) pozycję, „rozsuwając” pozostałe.

$$q = (1 \ 2 \ 3 \ 4 \ 5 \ 6 \ 7 \ 8 \ 9) \rightarrow q' = (1 \ 2 \ 7 \ 3 \ 4 \ 5 \ 6 \ 8 \ 9)$$

- *displacement* - zamienia w wybranym losowo podciągu miast pierwsze z ostatnim

$$r = (1 \ 2 \ | \ 3 \ 4 \ 5 \ 6 \ | \ 7 \ 8 \ 9) \rightarrow r' = (1 \ 2 \ | \ 6 \ 4 \ 5 \ 3 \ | \ 7 \ 8 \ 9)$$

- *transposition* - zamienia dwa losowo wybrane miasta

$$s = (1 \ 2 \ 3 \ 4 \ 5 \ 6 \ 7 \ 8 \ 9) \rightarrow s' = (7 \ 2 \ 3 \ 4 \ 5 \ 6 \ 1 \ 8 \ 9)$$

4. SAG a TSP

Reprezentacja porządkowa

Osobnik reprezentuje kolejność wyboru z pewnej listy początkowej miast tworzących trasę. Kolejne geny określają, które z **z pozostałych** miast należy wybrać jako następne.

lista miast:

$$[\quad 1 \quad 2 \quad 3 \quad 4 \quad 5 \quad 6 \quad 7 \quad 8 \quad 9 \quad]$$

osobnik:

$$p = (\quad 1 \quad 1 \quad 2 \quad 1 \quad 4 \quad 1 \quad 3 \quad 1 \quad 1 \quad)$$

trasa:

$$< \quad 1 \quad 2 \quad 4 \quad 3 \quad 8 \quad 5 \quad 9 \quad 6 \quad 7 \quad >$$

Pytanie. Jakie operatory genetyczne są wymagane do uzyskiwania osobników dopuszczalnych?