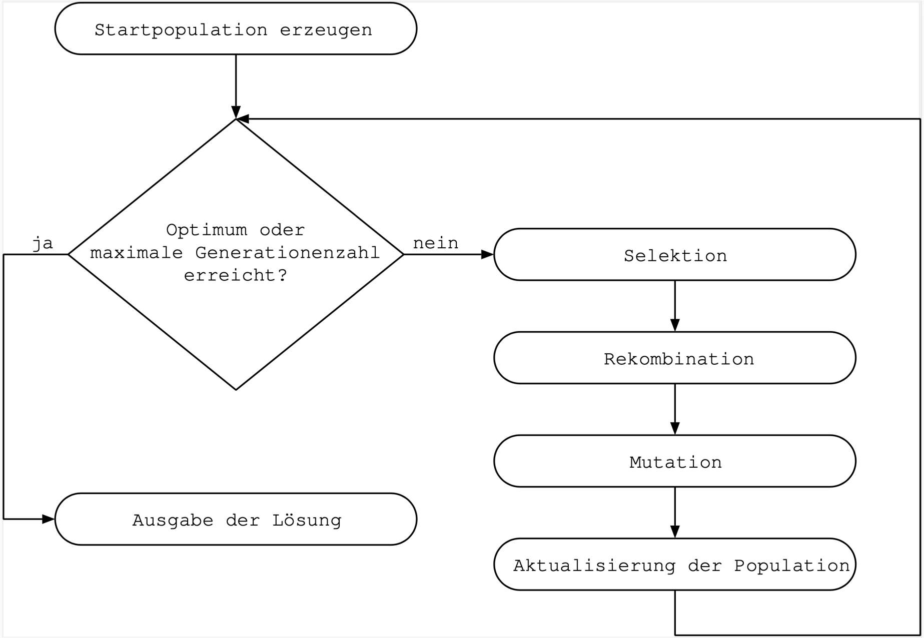
Modellierung mit Genetischen Algorithmen

Carsten Gips (HSBI)

EA – Allgemeiner Ablauf



Kodierung Individuen

- Binäre Lösungsrepräsentation (Bitstring): $\mathbf{g} = (g_1, \ldots, g_m) \in \{0,1\}^m$
  - String gliedert sich in n Elemente (mit $n \leq m$)
    $=>$ jedes Segment entspricht einer Problemvariablen
  - Dekodierungsfunktion $\Gamma : \{0,1\}^m \to \mathbb{R}^n$
- Fitnessfunktion Φ ordnet jedem Individuum $\mathbf{g}_i$ eine reelle Zahl zu:

$$\Phi(\mathbf{g}_i) = F(\Gamma(\mathbf{g}_i)) - w \cdot \sum_j (Z_j(\Gamma(\mathbf{g}_i)))^2$$

  - Zielfunktion F: wie sehr genügt ein Individuum bereits dem Optimierungproblem
  - Strafterme Z_j: Anreicherung der Optimierung mit weiteren Informationen
  - Gewichte w: statisch oder dynamisch (Abkühlen)

Selektion: Erstelle Matingpool mit μ Individuen

- Fitnessproportionale Selektion (*Roulette Wheel Selection*):
  Auswahlwahrscheinlichkeit für Individuum $\mathbf{g}_k$:

$$p_{sel}(\mathbf{g}_k) = \frac{\Phi(\mathbf{g}_k)}{\sum_j \Phi(\mathbf{g}_j)}$$

  $=>$ Voraussetzung: positive Fitnesswerte

- Turnier-Selektion (*Tournament Selection*):
  - Turniergröße ξ
  - Turnier: ziehe ξ Individuen gleichverteilt (mit Zurücklegen!) und kopiere fittestes Individuum in den Matingpool
  - Führe μ Turniere durch

Crossover: Erzeuge zwei Nachkommen aus zwei Eltern

Festlegung der Crossover-Wahrscheinlichkeit p_{cross} (typisch: $p_{cross} \geq 0.6$)

1. Selektiere Eltern $\mathbf{g}_a$ und $\mathbf{g}_b$ **gleichverteilt** aus Matingpool
2. Zufallsexperiment:
   - mit $1 - p_{cross}$: Kinder identisch zu Eltern (kein Crossover)
   - mit p_{cross}: Crossover mit $\mathbf{g}_a$ und $\mathbf{g}_b$
     - Ziehe i gleichverteilt mit $1 < i < m$
     - Kinder aus $\mathbf{g}_a$ und $\mathbf{g}_b$ zusammenbauen:

       $$\mathbf{g}_c = (g_{a,1}, \dots, g_{a,i},\ g_{b,i+1}, \dots, g_{b,m})$$

       und

       $$\mathbf{g}_d = (g_{b,1}, \dots, g_{b,i},\ g_{a,i+1}, \dots, g_{a,m})$$
3. Gehe zu Schritt 1, bis insg. μ Nachkommen

Anmerkung: Die Eltern werden jeweils in die Ausgangsmenge zurückgelegt.

Mutation

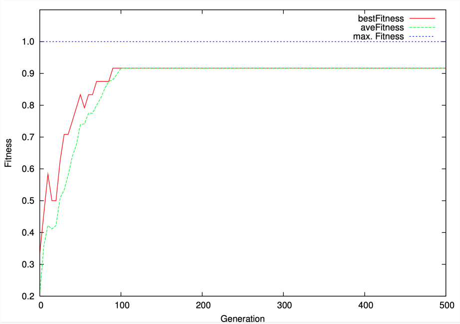
- Mutationswahrscheinlichkeit p_{mut}
  (typische Werte: $p_{mut} = 0.01$ oder $p_{mut} = 0.001$)

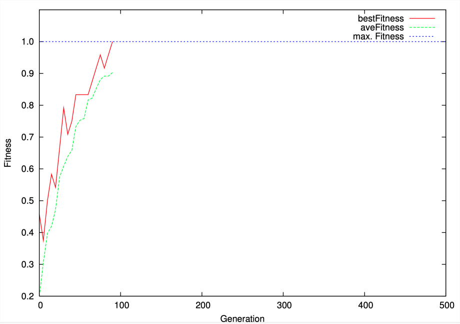
- Für alle Individuen:
  - Mutiere jedes Gen eines Individuums mit p_{mut}:

$$g_i^{(t+1)} = \begin{cases} \neg g_i^{(t)} & \text{falls } \chi_i \leq p_{mut} \\ g_i^{(t)} & \text{sonst} \end{cases}$$

$=>\chi_i$ gleichverteilte Zufallsvariable (Intervall $[0,1]$), für jedes Bit g_i neu bestimmen

Typische Läufe





- Populationsgröße $\mu = 15$
- Anzahl Nachfahren $\lambda = 100$
- Abbruch nach $maxGen = 200$ Generationen

Wrap-Up

Lokale Suchverfahren: Nur das Ergebnis zählt!

- Evolutionäre Algorithmen:
  - Begriffe: Individuum, Population, Kodierung
  - Operationen: Selektion, Rekombination, Mutation
  - Bewertung mit Fitnessfunktion

LICENSE