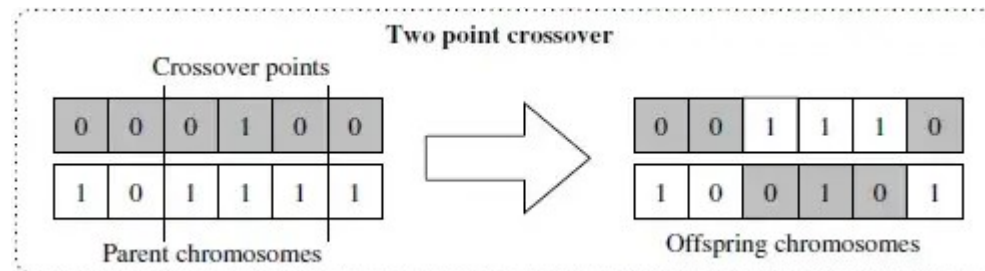
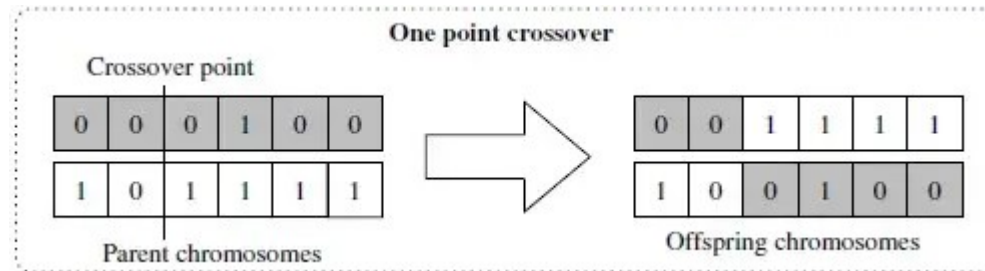


Operatory w GP

Krzyżowanie jedno- i wielo-punktowe

W algorytmach genetycznych (GA)



Size Fair Crossover

- Wybór 2 rodziców (w sposób tradycyjny)
- Wybór punktu krzyżowania w 1-szym rodzicu (tradycyjnie)
- Obliczany jest rozmiar poddrzewa, które ma zostać wymienione (poddrzewo poniżej 1-szego punktu krzyżowania) – rozmiar ten stanowi wskazówkę do wyboru poddrzewa w 2-gim rodzicu
- Następnie obliczany jest rozmiar każdego poddrzewa w drugim rodzicu
- Poddrzewa o rozmiarze większym niż $1 + 2 \cdot [\text{rozmiar wybranego poddrzewa w 1-szym rodzicu}]$ są pomijane

Size Fair Crossover

- Obliczane są liczby:
 - n - liczba poddrzew w 2-gim rodzicu mniejszych niż wybrane poddrzewo w 1-szym rodzicu
 - n_0 liczba poddrzew (w 2-gim rodzicu) o takim samym rozmiarze jak wybrane poddrzewo
 - n^+ liczba poddrzew o większym rozmiarze
 - mean - średni rozmiar mniejszych drzew (w 2-gim poddrzewie) niż wybrane w 1-szym drzewie
 - mean^+ średni rozmiar większych drzew (w 2-gim poddrzewie) niż wybrane w 1-szym drzewie

Size Fair Crossover

- Jeżeli nie ma mniejszych lub większych drzew, to jedyny sposób zachowania balansu między zwiększeniem rozmiaru drzewa i jego zmniejszeniem jest niezmiennianie tego rozmiaru (czyli wybór poddrzewa o takim samym rozmiarze).

Jeżeli w 2-gim drzewie nie ma poddrzew o rozmiarze takim jak poddrzewo wybrane w 1-szym drzewie to punkt krzyżowania jest wybierany ponownie

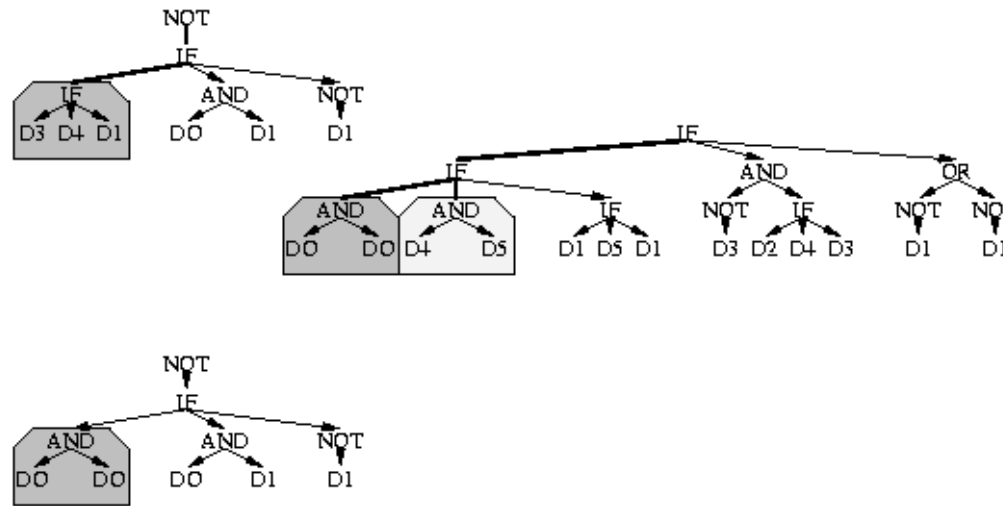
Size Fair Crossover

- Jeżeli są zarówno mniejsze jak i większe poddrzewa wtedy wybieramy pomiędzy nimi losowo, używając selekcji ruletkowej do wyboru długości poddrzewa.
- Jeśli istnieje więcej niż jedno poddrzewo o wylosowanej długości to wybór pomiędzy alternatywami jest losowy (z jednakowym prawdopodobieństwem)

Size Fair Crossover

- Ruletka jest „zmanipulowana” -
prawdopodobieństwa wyboru poddrzew:
 - O takim samym rozmiarze
 $p_0 = 1/[\text{rozmiar poddrzewa z 1-go rodzica}]$
 - Wszystkie poddrzewa o mniejszym rozmiarze mają
takie samo prawdopodobieństwo wyboru podobnie
jak o większym
Prawdopodobieństwo wyboru poddrzewa o
większym rozmiarze
 $p_+ = (1-p_0) / n_+(1+\text{mean}_+/\text{mean}_-)$
**Używamy średniego rozmiaru aby zrównoważyć
prawdopodobieństwo wzrostu rozmiaru jak i
redukcji rozmiaru**

Size Fair Crossover



Źródło: <http://www0.cs.ucl.ac.uk/staff/ucacbb/wsc6/sizefair.html>

- W pierwszym rodzicu zostało wybrane (do usunięcia) poddrzewo o rozmiarze 4
- W drugim poddrzewie zostało wybrane poddrzewo o rozmiarze 3 (selekcja ruletkowa)
- Z 2-ch poddrzew o rozmiarze 3 zostało wybrane pierwsze z lewej (wybór z jednakowym prawdopodobieństwem)

Homologous Crossover

- Standardowo w GP fragmenty kodu (poddzwewa) są przenoszone pomiędzy osobnikami.
- Zakłada się, że fragment (poddzwewa), które „przeżyło” proces selekcji ma pewną wartość i może przyczynić się do powstania lepszych programów
- Ważny jest jednak kontekst, w którym występuje poddzwewa.
- Przeniesienie poddzwewa w losowe miejsce może zniszczyć ten kontekst
- Przykładem krzyżowania, które ma za zadanie lepiej zachowywać kontekst jest krzyżowanie homologiczne - William B. Langdon. Size fair and homologous tree genetic programming crossovers. Genetic Programming And Evolvable Machines, 1(1/2):95-119, April 2000.

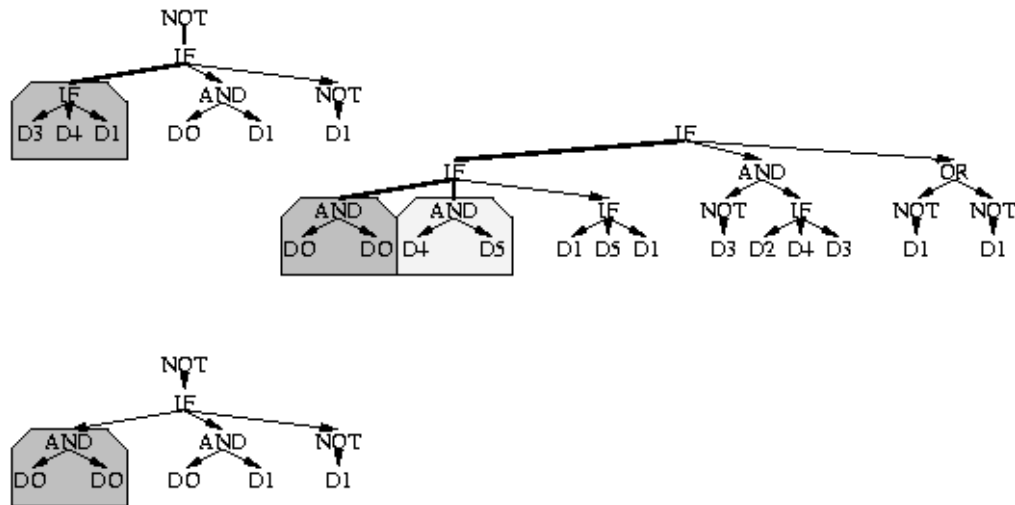
Homologous Crossover

- Schemat działania Homologous Crossover jest taki sam jak Size Fair Crossover poza ostatnim krokiem
- Zamiast losowo (z jednakowym prawdopodobieństwem) wybierać jedno z poddrzew o określonym rozmiarze (w 2-gim rodzicu) wybieramy deterministycznie poddrzewo najbardziej zbliżone do poddrzewa w pierwszym rodzicu

Homologous Crossover

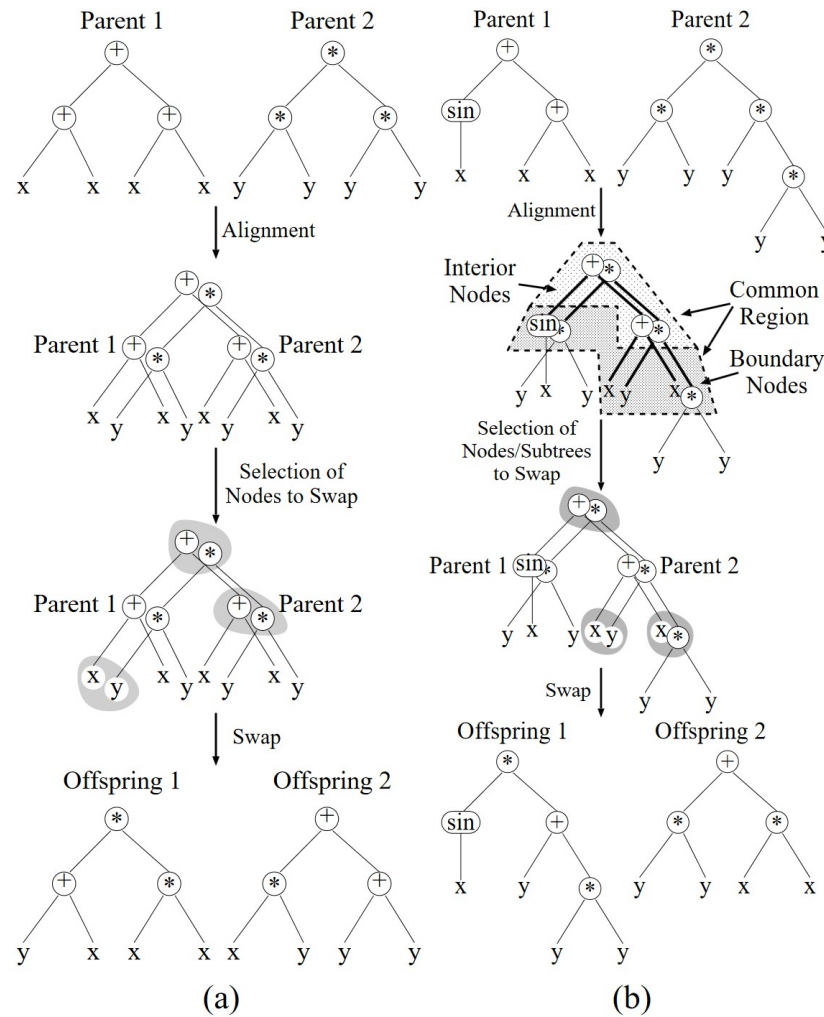
- Definiujemy odległość pomiędzy dwoma punktami krzyżowania przy użyciu jedynie ich pozycji i kształtu 2-ch drzew (ignorowane są funkcje)
- Jest to wykonywane w ten sposób, że śledzimy pozycję poddrzewa w kierunku korzenia.
- Odległość (bliskość) dwóch wierzchołków w drzewie jest określona jako głębokość na której ich drogi w kierunku korzenia się różnią

Homologous Crossover



Źródło: <http://www0.cs.ucl.ac.uk/staff/ucacbb/wsc6/sizefair.html>

Uniform Crossover



a) taki sam kształt drzew b) ogólna postać

Uniform Crossover

- Wierzchołki w obszarach wspólnych mają taką samą liczbę dzieci (arity)
- Wierzchołki w obszarach wspólnych są wybierane z jednakowym prawdopodobieństwem
- Jeżeli wierzchołek należy do brzegu obszaru wspólnego (jest liściem obszaru wspólnego) i jest funkcją to również poddrzewo poniżej niego jest wymieniane w przeciwnym razie wymieniana jest tylko etykieta

Krzyżowanie w Grammatical Evolution

- Normalne krzyżowanie jak w algorytmach genetycznych (GA)

Mutacja

- Zamiana poddrzewa dla wybranego wierzchołka drzewa na nowe poddrzewo
 - Generowanie poddrzewa tak, aby głębokość całego drzewa nie wzrosła więcej niż o 15% (K. E. Kinneear, Jr., “Evolving a sort: Lessons in genetic programming)
 - Generowanie poddrzewa o rozmiarze $l \pm l/2$ (50% - 150% mutation) (W. B. Langdon, “The evolution of size in variable length representations)
 - Generowanie poddrzewa o takim samym rozmiarze jak wybrane poddrzewo (W. B. Langdon)

Mutacja

- Shrink mutation – zamiana wybranego poddrzewa na terminal (P. J. Angeline, “An investigation into the sensitivity of genetic programming to the frequency of leaf selection during subtree crossover”)
- Point mutation (node replacement mutation) – zamiana wybranego węzła na inny o takiej samej ilości dzieci (arity)
- Hoist mutation – wybranie losowego poddrzewa i zamiana drzewa (z którego pochodzi to poddrzewo) na to poddrzewo. Potencjalnie mocno destrukcyjna

Mutacja w Grammatical Evolution

- Normalna mutacja jak w algorytmach genetycznych (GA)