

模板理论

- 设遗传算法中群体和种群的维数相等， 为一个偶数维， 且不随代数的变化而变化；

模板理论

- 设遗传算法中群体和种群的维数相等， 为一个偶数维， 且不随代数的变化而变化；
- 适应函数直接选用目标函数；

模板理论

- 设遗传算法中群体和种群的维数相等， 为一个偶数维， 且不随代数的变化而变化；
- 适应函数直接选用目标函数；
- 种群中的个体通过轮盘赌的方式选取，

模板理论

- 设遗传算法中群体和种群的维数相等， 为一个偶数维， 且不随代数的变化而变化；
- 适应函数直接选用目标函数；
- 种群中的个体通过轮盘赌的方式选取， 即第 i 个染色体被选中的概率为

$$p_i = \frac{f_i}{\sum_{j=1}^{pop_size} f_j}$$

$i = 1, 2, \dots, pop_size$, 其中 f_i 为第 i 个染色体的适应函数值；

- 种群中的一对个体采用随机交叉的方式产生下一代；

- 种群中的一对个体采用随机交叉的方式产生下一代；
- 每一个基因有相同的变异概率.

以下采用二进制编码，把染色体称为向量.

以下采用二进制编码，把染色体称为向量.

- 对给定的向量，包括分量所在的位置和值，称为该向量的一个模板，

以下采用二进制编码，把染色体称为向量.

- 对给定的向量，包括分量所在的位置和值，称为该向量的一个模板，如 $H = 1 * 1 * 0 * *$ 为一个模板.

以下采用二进制编码，把染色体称为向量.

- 对给定的向量，包括分量所在的位置和值，称为该向量的一个模板，如 $H = 1 * 1 * 0 * *$ 为一个模板.
- 0 和 1 所占的位置称为模板位置，* 所占的位置称为非模板位置.

以下采用二进制编码，把染色体称为向量.

- 对给定的向量，包括分量所在的位置和值，称为该向量的一个模板，如 $H = 1 * 1 * 0 * *$ 为一个模板.
- 0 和 1 所占的位置称为模板位置，* 所占的位置称为非模板位置.
- 模板的长度是指从第一个模板位置到最后一个模板位置的所有分量个数减 1，

以下采用二进制编码，把染色体称为向量.

- 对给定的向量，包括分量所在的位置和值，称为该向量的一个模板，如 $H = 1 * 1 * 0 * *$ 为一个模板.
- 0 和 1 所占的位置称为模板位置，* 所占的位置称为非模板位置.
- 模板的长度是指从第一个模板位置到最后一个模板位置的所有分量个数减 1，如 $H = 1 * 1 * 0 * *$ 的长度为 4.

以下采用二进制编码，把染色体称为向量.

- 对给定的向量，包括分量所在的位置和值，称为该向量的一个模板，如 $H = 1 * 1 * 0 * *$ 为一个模板.
- 0 和 1 所占的位置称为模板位置，* 所占的位置称为非模板位置.
- 模板的长度是指从第一个模板位置到最后一个模板位置的所有分量个数减 1，如 $H = 1 * 1 * 0 * *$ 的长度为 4. 模板长度记为 $\delta(H)$.

以下采用二进制编码，把染色体称为向量.

- 对给定的向量，包括分量所在的位置和值，称为该向量的一个模板，如 $H = 1 * 1 * 0 * *$ 为一个模板.
- 0 和 1 所占的位置称为模板位置，* 所占的位置称为非模板位置.
- 模板的长度是指从第一个模板位置到最后一个模板位置的所有分量个数减 1，如 $H = 1 * 1 * 0 * *$ 的长度为 4. 模板长度记为 $\delta(H)$.
- 模板的阶数定义为模板位置上对应的分量个数，

以下采用二进制编码，把染色体称为向量.

- 对给定的向量，包括分量所在的位置和值，称为该向量的一个模板，如 $H = 1 * 1 * 0 * *$ 为一个模板.
- 0 和 1 所占的位置称为模板位置，* 所占的位置称为非模板位置.
- 模板的长度是指从第一个模板位置到最后一个模板位置的所有分量个数减 1，如 $H = 1 * 1 * 0 * *$ 的长度为 4. 模板长度记为 $\delta(H)$.
- 模板的阶数定义为模板位置上对应的分量个数，如 $1 * 1 * 0 * *$ 的阶数为 3, 记为 $o(H)$.

- 记 $G(t)$ 是第 t 代群体，即第 t 代染色体集合. 记

$$T(H, G(t)) = \{Y \in G(t) \mid Y \text{ 具有模板 } H\}$$

- 模板 H 所包含的染色体经选择后在 $t + 1$ 时刻的期望值数为

$$E_1(H, t + 1) = f(H, t)N(H, t),$$

其中 $N(H, t)$ 为 t 时刻 $T(H, pop(t))$ 所包含的染色体数,

$$f(H, t) = \frac{\sum_{Y \in T(H, pop(t))} \frac{fitness(Y)}{|T(H, pop(t))|}}{\sum_{X \in pop(t)} \frac{fitness(X)}{|pop(t)|}}$$

证明：个体 $pop_i(t)$ 被选中的概率为

$$p_i = \frac{f_i}{\sum_{j=1}^N f_j}, \quad i = 1, 2, \dots, N.$$

H 模版的一个染色体被选中的平均概率为

$$\frac{1}{|T(H, POP(t))|} \sum_{Y \in T(H, POP(t))} \frac{fitness(Y)}{\sum_{X \in POP(t)} fitness(X)}$$

而种群的个体数保持不变，故含 H 模版的染色体数为

$$\frac{|POP(t)|}{|T(H, POP(t))|} \sum_{Y \in T(H, POP(t))} \frac{fitness(Y)}{\sum_{X \in POP(t)} fitness(X)}.$$

- 模板 H 在 t 时刻的长度为 $\delta(H)$. 采取简单交叉方式, 即随机选一个位置, 交叉该位置之后的全部基因, 交叉概率为 p_c , 则 $t+1$ 时刻模板 H 仍保留下来的概率为

$$p_1(H, t+1) \geq 1 - \frac{p_c \delta(H)}{n-1} (1 - p(H, t)),$$

其中 $p(H, t)$ 为 t 时刻模板 H 出现的概率.

证明：如果交叉双方有相同的模板，则交叉后模板不变。如果交叉双方中一方有 H 模版，而另一方不具有 H 模版，并且交叉位介于第一个模板位至最后一个模板位间，则模板 H 可能改变，其改变的最大概率是

$$p_c \frac{\delta(H)}{n-1} (1 - p(H, t))$$

即

$$1 - p_1(H, t+1) \leq p_c \frac{\delta(H)}{n-1} (1 - p(H, t))$$

- 设模板 H 在 t 时刻存在的概率为 $p(H, t)$, 经过简单变异, 有

$$p_2(H, t + 1) \geq 1 - p_m \cdot o(H),$$

其中 p_m 为每个基因变异的概率, $o(H)$ 为 H 的阶.

证明：变异后模板 H 没有改变的概率为

$$(1 - p_m)^{o(H)} \geq 1 - p_m \cdot o(H)$$

模板定理

- 我们有

$$E(H, t+1) \geq \left[1 - \frac{p_c \delta(H)}{n-1} (1 - p(H, t)) - p_m o(H) \right] f(H, t) N(H, t).$$

- 如果

$$f(H, t) \geq \left[1 - \frac{p_c \delta(H)}{n-1} (1 - p(H, t)) - p_m o(H) \right]^{-1}$$

则从概率意义来说，每代中具有 H 模板的染色体个数将随代数 t 的增加而增加.

证明：有

$$\begin{aligned} E(H, t+1) &= E_1(H, t+1)p_1(H, t+1)p_2(H, t+1) \\ &\geq \left[1 - \frac{p_c\delta(H)}{n-1}(1 - p(H, t))\right] \{1 - p_m o(H)\} f(H, t) N(H, t) \\ &\geq \left[1 - \frac{p_c\delta(H)}{n-1}(1 - p(H, t)) - p_m o(H)\right] f(H, t) N(H, t) . \end{aligned}$$

收敛定理

- 若变异概率 $0 < p_m < 1$, 交叉概率 $0 \leq p_c \leq 1$, 则基本遗传算法不收敛到全局最优解.

收敛定理

- 若变异概率 $0 < p_m < 1$, 交叉概率 $0 \leq p_c \leq 1$, 则基本遗传算法不收敛到全局最优解.
- 如果改进基本遗传算法按交叉、变异、种群选取之后更新当前最优染色体（解）的进化循环过程, 则收敛于全局最优.

收敛定理

- 若变异概率 $0 < p_m < 1$, 交叉概率 $0 \leq p_c \leq 1$, 则基本遗传算法不收敛到全局最优解.
- 如果改进基本遗传算法按交叉、变异、种群选取之后更新当前最优染色体（解）的进化循环过程, 则收敛于全局最优.
- 如果改进基本遗传算法按交叉、变异后就更新当前最优染色体 之后进行种群选取的进化循环过程, 则收敛于全局最优.