מעבדה 2 בבינה מלאכותית

נושא:

אלגוריתמים גנטיים, ממטיים ואבולוציה

­­

מגישים:

1. אילן גודיק, 316315332
2. יובל אלפסי, 318401015

מנחה:

מר שי בושנסקי



תאריך הגשה:

8 לאפריל 2016

**תוכן עיניינים**

חלק א: שכלול המנוע הגנטי

שאלה 1 – עמוד ­­\_ – דיווח זמן ריצה

שאלה 2 – עמוד \_ – שיטות בחירה ושיטות שרידות

שאלה 3 – עמוד \_ – פונקציית מרחק בין גנים

שאלה 4 – עמוד \_ – אבחון מינימום מקומי

שאלה 5 – עמוד \_ – היחלצות ממינימום מקומי

שאלה 6 – עמוד \_ – בחינת ההשפעה על האלגוריתם הגנטי

שאלה 7 – עמוד \_ – חזית פרטו אופטימל

חלק ב: אפקט בולדווין

חלק ג': ניתוחים וסטטיסטיקה

**המנוע הגנטי**

**ארכיטקטורה**

תחילה נתאר את מבנה המנוע הגנטי החדש, תהליך האבולוציה והרכיבים הכלולים בכך.

**הפרדה:** המנוע הגנטי מופרד לחלוטין מייצוג הבעיה והתכונות שלה, כך שניתן לבחור ולהחליף את המנוע ואת הבעיה באופן בלתי תלוי בזמן הריצה.

**Generation:**

זהו המרכיב הכולל המרכזי במנוע הגנטי, והוא מתאר כיצד אנחנו עוברים מGeneration אחד לGeneration הבא, וזה כולל:

**public class** Generation {  
 **public final** ParentSelection **selection**;  
 **public final** MutationStrategy **mutationStrategy**;  
 **public final** SurvivorSelection **survivorSelection**;  
 **public final** FitnessMapping[] **fitnessMappings**;  
}

1. אסטרטגית בחירת הורים
2. אסטרטגית מוטציה
3. אופן בחירת השורדים לדור הבא בהתבסס על האוכלוסיה הקודמת וStream אינסופי של ילדים
4. אוסף פונקציות מיפוי לFitness, שמופעלות על כל הגנים באוכלוסיה.

**המנוע הגנטי:**

**case class** GeneticEngine(localOptimaSignal: LocalOptimaSignal,  
 normalGeneration: Generation,  
 localOptimaGeneration: Generation,  
 PopulationSize: Int)

מנוע גנטי מכיל:

1. אלגוריתם זיהוי מינימום לוקאלי
2. Generation כאשר האוכלוסיה היא לא במינימום לוקאלי
3. Generation כאשר האוכלוסיה היא כן במינימום לוקאלי

**ייצוג הבעייה:** **Genetic Problem & Representation**

על מנת לממש תמיכה בבעיה חדשה ופתרונה ע"י המנוע הגנטי, דרוש רק מימוש של הממשק הבא וייצוג פרמטרי שלה (הסבר בהמשך)

**public interface** Genetic<A> {  
 **double** fitness(A gene);  
 A mate(A x, A y);

*// Allowed to be in place (done on fresh gene generated by mate)* A mutate(A a);

Metric<A> metric();  
 A randomElement(Random rand);  
 String show(A gene);  
}

וזה כל מה שצריך לממש על מנת להפעיל את המנוע הגנטי על בעייה חדשה.

באופן אוטומטי, ניתן להריץ על הבעיה את כל הטכניקות של האלגוריתם הגנטי, לבחור אילו שיטות גנטיות להפעיל, כגון Local Optima Detection, כל פונקציות הFitness Mapping, להחליף את שיטת הבחירה, המוטציה וההישרדות, ואף ניתן להפעיל את האלגוריתם הMeta Genetic, על המנוע ועל הפרמטרים הספציפיים לבעיה.

**Genetic Alg:**

GeneticAlg הוא צירוף של הגדרת הבעייה (Genetic) עם מנוע גנטי (GeneticEngine), שניתן להריץ בעזרתו את האלגוריתם הגנטי.

**class** GeneticAlg[A](**val** genetic: Genetic[A],  
 geneticEngine: GeneticEngine,  
 rand: Random)

**שאלה 1:** **מדידת זמנים וחקר ביצועים**

בהרצת האלגוריתם הגנטי, מודפס זמן הריצה לכל Generation ובנוסף הזמן הכולל, במילי-שניות, כנדרש בתרגיל.

Java לא מספק גישה לclock counter של המעבד, לכן חייבים לעטוף את פקודת המכונה שמשיגה מידע זה ע"י הJNI – Java Native Interface, אך גישה מסוג זה לרוב תיקח זמן רב מדי, לעיתים אפילו זמן ארוך יותר מאשר זמן הריצה הכולל של האלגוריתם הגנטי, (למשל במציאת מינימום לפונקציה אנחנו מתכנסים לפתרון בחצי מילי שנייה), ולכן לא כללנו את מידע זה.

בנוסף, רוב זמן האמת שמוצג למשתמש הוא לא זמן מייצג, מכיוון שההדפסות עצמן למסך לוקחות את הרוב המוחלט של הזמן. לכן הצגנו אפשרות לעשות benchmarking לזמן הריצה הכולל של האלגוריתם הגנטי כל פלט חיצוני, בעזרת כמות גדולה של הרצות חוזרות (לדוגמא 20,000 הרצות של האלגוריתם הגנטי בשלמותו), ובביצוע במקביל על כל ליבות המעבד, וכל זאת כדי לקבל זמן ריצה המייצג היטב את זמן ההתכנסות של האלגוריתם הגנטי, וגם מבלי לחכות זמן ארוך מדי לתוצאות הbenchmarking.

מעבר להדפסת הזמן לריצה על פרמטרים ספציפיים, המנוע הגנטי מכיל כלי אנליזה של פרמטרים הפועל באופן הבא:

* לאחר בחירת בעיה ומנוע גנטי, נרצה לנתח כיצד משפיע כל פרמטר של הבעיה על זמן ההתכנסות ויציבות ההתכנסות.
* לשם כך, תחילה נבחר פרמטרים התחלתיים טובים, ידנית או על ידי האלגוריתם הMeta Genetic שימצא שיערוך לקבוצת פרמטרים טובה.
* לשם האנליזה, המשתמש בוחר את הדיוק הרצוי לפרמטרים ממשיים ושלמים (גודל הצעד בין כל זוג דגימות לפרמטר)
* בנוסף, המשתמש בוחר את מידת הביטחון שהוא רוצה בתוצאות, ע"י בחירת מספר הRounds שזה יריץ את האלגוריתם הגנטי תחת אותם הפרמטרים. בחירת בטחון טוב, לדוגמא 30 ריצות לכל קונפיגורציה היא חשובה מאוד על מנת לקבל תוצאות משמעותיות.
* האנליזה עוברת על כל פרמטר בנפרד, ומשנה אותו לכל הערכים במרחק צעד אחד מהשני – מתבצע שינוי של פרמטר יחיד כל פעם מהקונפיגורציה שקורבה לאופטימלית, וכך אנו בודקים את השפעת משתנה זה על ביצועי המנוע הגנטי.
* כל התוצאות נפלטות לקבצי csv לשם המשך ניתוח ידני והפקת גרפים, בעזרת כלי נוסף שבנינו.

**שאלה 2: שיטות בחירה**

RWS: אלגוריתם הRWS דוגם את הגנים בהסתברות – יחס ישיר לfitness.

מימשנו את אלגוריתם הבחירה RWS בעזרת Stochastic Acceptance שרץ בזמן :

# Roulette-wheel selection via stochastic acceptance [[Lipowski](http://arxiv.org/find/cs/1/au:+Lipowski_A/0/1/0/all/0/1), [Lipowska](http://arxiv.org/find/cs/1/au:+Lipowska_D/0/1/0/all/0/1), 2011]

***http://arxiv.org/abs/1109.3627***

קוד:

**public** <A> A chooseSingleParent(Population<A> population, Random rand) {  
 **int** popSize = population.**population**.**length**;  
 **double** maxFitness = *maxFitness*(population);  
 **int** index;  
 **do** {  
 index = rand.nextInt(popSize); *// 1/N probability to choose anyone* } **while** (rand.nextDouble() >=

(1 - population.**population**[index].**fitness**) / maxFitness);  
 **return** population.**population**[index].**gene**;  
}

\* נצפו שיפורים טובים במיוחד בביצועים בעזרת RWS בבעיית מציאת המינימום לפונקציה, בשתי הפונקציות.

השוואה של שיטה תחת פרמטרים אופטימיים (ע"פ האלגוריתם הMeta-Genetic), עם בדיקת יציבות ע"י ממוצע של 20,000 הרצות של האלגוריתם הגנטי: (זמן התכנסות לפתרון האופטימלי)

**Top Selection:** 0.55 ms

**RWS:** 0.35 ms

**SUS:** 0.45 ms

**Tournament:** 0.45 ms

Ranking: בחירה כמו בRWS, אך אנחנו מתחשבים אך ורק בטיב היחסי של הגן במערך ממוין:

כך אנחנו נותנים הזדמנות גבוהה יותר לגנים לווא דווקא טובים להיבחר,

ובנוסף, אם פונקציית הfitness לא מאוזנת וההבדל בין fitness של גנים גדול מאוד, אז במקום שתהיה העדפה מאוד חזקה לקצת הגנים הטובים, כעת לכולם יש הסתברות יותר הוגנת להיבחרות, ובכך אנחנו מגדילים את הDiversity.

קוד:

**public** <A> A chooseSingleParent(Population<A> population, Random rand) {  
 **int** popSize = population.**population**.**length**;  
 **double** maxFitness = popSize - 1;  
 **int** index;  
 **do** {  
 index = rand.nextInt(popSize); *// 1/N probability to choose anyone* } **while** (rand.nextDouble() >= index / maxFitness);  
 **return** population.**population**[index].**gene**;  
}

SUS:

SUS מבצע בחירה של גנים בהתאם לfitness שלהם, ומספר הבחירות פרופורציוני בדיוק לfitness כך שאם יש לנו fitnessים של 0.5,0.25,0.25 אז ייבחרו בדיוק 50% אבות מהגן הראשון, בדיוק 25% מהגן השני ו25% מהגן השלישי.

בעזרת אלגוריתם בחירה זה, אנו מבטיחים הופעה גם של גנים פחות טובים, כל עוד האוכלוסייה שאנו בוחרים גדולה מספיק, ובנוסף ייתכן שגן נדיר אף יותר ייבחר אם אנחנו פגענו בסיבוב ההתחלתי הראשון במיקום, כך שבהזזות של 1/size נגיע אליו.

קוד:

**public** <A> Supplier<A> chooseParents(Population<A> population, **int** size, Random rand) {  
 *// Calculate the sum of all fitness values.* **double** fitnessSum = 0;  
 **for** (Gene<A> candidate : population.**population**) {  
 fitnessSum += (1 - candidate.**fitness**);  
 }  
 **double** startPos = rand.nextDouble() \* fitnessSum;  
 RoulettePosition initialPosition = *consume*(startPos, **new** RoulettePosition(0, 1 - population.**population**[0].**fitness**), population);  
 **double** stepSize = fitnessSum / size;  
 Supplier<A> supplier = **new** Supplier<A>() {  
 RoulettePosition **pos** = initialPosition;  
 @Override  
 **public** A get() {  
 **int** i = **pos**.**index**;  
 **pos** = *consume*(stepSize, **pos**, population);  
 **return** population.**population**[i].**gene**;  
 }  
 };  
 List<A> parents = Stream.*generate*(supplier).limit(size).collect(Collectors.*toList*());  
 Collections.*shuffle*(parents);  
 Iterator<A> iterator = parents.iterator();  
 **return** iterator::next;  
}

**private static** <A> RoulettePosition consume(**double** amount, RoulettePosition pos, Population<A> pop) {  
 **int** i = pos.**index**;  
 **double** remaining = pos.**remaining**;  
 **while** (remaining <= amount) {  
 **int** nextIndex = (i + 1) % pop.**population**.**length**;  
 amount = amount - remaining;  
 i = nextIndex;  
 remaining = 1 - pop.**population**[nextIndex].**fitness**;  
 }  
 **return new** RoulettePosition(i, remaining - amount);  
}

**שיטות Scaling**

מימשנו 5 פונקציות Fitness Mapping, ביניהם כל שיטות הScaling:

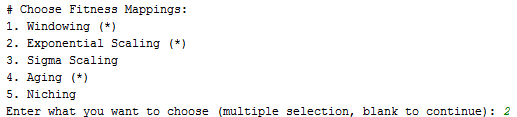
* Windowing
* Exponential Scaling
* Sigma Scaling
* Aging Model
* Niching

כל שיטות אלה מומשו בתור Fitness Mappings:

טרנספורמציות על הfitness של כל הגנים באוכליוסיה, בהתבסס גם על שאר האוכלוסיה.

המנוע הגנטי מחזיק את כל פונקציות המיפוי שאנו רוצים שהמנוע ישתמש בהם, ומפעיל אותם אחד אחד על כל הגנים.

המשתמש יכול לבחור כל תת קבוצה של פונקציות מיפוי לשימוש במנוע הגנטי שלו. (כולל בUI)



שיטות הScaling:

1. Windowing – הפחתת הfitness הגרוע ביותר, אך לא עד ל1 (הכי גרוע) כי אז האפשרות הזו לעולם לא תבחר בRWS, וזאת בכדי ליצור בחירה יותר אחידה והוגנת, ובכך אנו מגדילים את הDiversity.

קוד:

**public** <A> **double** mapFitness(Metric<A> metric, Population<A> population, Gene<A> gene) {  
 *// return 1 - ((1 - gene.fitness) - (1 - population.worstMaxFitness()));* **if** (gene.**fitness** == 0)  
 **return** 0;  
 **else** {  
 **double** fitness = 1 + gene.**fitness** - population.worstMaxFitness() - epsilon;  
 **return** Math.*max*(fitness, ***epsilon***);  
 }  
}

1. Exponential Scaling – שורש הfitness, כדי להפחית את השפעתם הקיצונית של הגנים בעלי fitness טוב מאוד.

קוד:

**public** <A> **double** mapFitness(Metric<A> metric, Population<A> population, Gene<A> gene) {  
 **return** 1 - Math.*sqrt*(1 - gene.**fitness**);  
}

1. Sigma Scaling – התחשבות במרחק מהתוחלת ביחס לסטיית התקן, כדי לדרוש Diversity – שיהיו לנו גנים שונים ככל האפשר

קוד:

**public** <A> **double** mapFitness(Metric<A> metric, Population<A> population, Gene<A> gene) {  
 **if**(gene.**fitness** == 0.0) **return** 0;  
 **if**(population.fitnessStdDev() == 0) **return** 0.99;  
 *// 1/g such that it's a minimization problem.* **return** Math.*min*(0.99, Math.*max*(***epsilon***,

1 / (Math.*abs*(gene.**fitness** - population.fitnessAvg()) / 2 \*

population.fitnessStdDev())));  
}

Aging Model:

לכל גן נשמור את הגיל שלו, כך שהוא נולד בגיל 0, ובכל דור גילו עולה ב1.

Aging משנה את הfitness כך שגנים צעירים מקבלים penalty, ככל שהם מתבגרים עד לגיל הבגרות הfitness שלהם משתפר, ומאז ככל שהם מזדקנים, יחס הfitness קטן חזרה לגיל הצעירים.

הFitness Mapping של Aging מתבסס על שתי פרמטרים:

**public final int matureAt**;  
*// Influence: multiplied by a number in the range [1-agingInfluence, 1]***public final double agingInfluence**;

קוד:

**public** <A> **double** mapFitness(Metric<A> metric, Population<A> population, Gene<A> gene) {  
 **int** age = gene.**age**;  
 **if**(**matureAt** == 0) **return** age;  
 *// Scale x such that matureAt goes to 0.5.* **else  
 return** Math.*max*(0, Math.*min*(1,

*f*(1 - **agingInfluence**, (**double**) age / (2 \* **matureAt**))));  
}  
  
*// A function on [0, 1] that intersects (0,h), (0.5, 1), (1,h)***private static double** f(**double** h, **double** x) {  
 **double** a = 4 \* h - 4;  
 **double** b = -a;  
 **double** c = h;  
 **return** a \* x \* x + b \* x + c;  
}

**def** aging: Parametric[Aging] =  
 **for** {  
 matureAge <- *intParam*(**"Maturity Age"**,default = 5,minValue = 0,maxValue = 20)  
 agingInfluence <- *doubleParam*(**"Aging influence"**, 0.3)  
 } **yield new** Aging(matureAge, agingInfluence)

**שאלה 3: מטריקת מרחק והאלגוריתם הMeta Genetic**

מרחק בין גנים ממומש לכל ייצוג בעייה שיש לנו, ע"י הממשק הבא:

**public interface** Metric<A> {  
 **double** distance(A x, A y);  
}

אינווריאנט – מרחק בין גנים יהיה מנורמל לערכים שבין 0 ל-1 – דבר שיקל על האלגוריתמים שמשתמשים במרחק.

המרחק בין גנים הכרחי לשם שיפור הDiversity באופן יותר חכם מאשר רק עם fitness – וזאת בעזרת גיוון אמיתי בין הגנים עצמם.

בכך שאנו נדרוש מרחקים גדולים בין גנים, אך כולם יכולים להיות בעלי fitness מאוד טוב, אנו מאפשרים גידול Local Minima רבים בו זמנית באותו הGeneration, ובכך הם יכולים גם לתרום לפתרון הבעייה בעזרת שילובים של features מכל מינימום לוקאלי.

בנוסף, כך אנו נקבל יותר פתרונות אופטימליים מאשר אחד, מה שהיה קורה אם לא היינו דורשים גיוון בגנים עצמם, וכל הPopulation היה מתכנס לגן מסוג יחיד.

מאוד רואים תופעה זו של שלמות ופתרונות רבים באלגוריתם הMeta Genetic, בחיפוש על פרמטרים הכוללים גם זיהוי והתמודדות עם Local Minimum, במציאת הפרמטר של Gene Similarity Threshold של הבעייה שעליה עושים אופטימיזציה: מהו סף הדימיון שממנו אנו נכנסים למצב התמודדות עם Local Minima.

ברוב הפעמים, האלגוריתם הMeta גנטי ימצא 2 Thresholds אופטימליים לכל בעייה, ועבורם גם התפלגות שונה לשאר הפרמטרים.

בנוסף, שמנו לב שהאלגוריתם הMeta Genetic תמיד התכנס מאוד חזק לפרמטרים הבאים:

Local Optimum: Hyper Mutation: >99% (or a very large value)

Local Optimum: Elitism Rate: <1% (or a very small value)

והדבר מאוד אינטואיטיבי ונכון, מכיוון שאם אנחנו במינימום לוקאלי, אז כדי לצאת ממנו צריך להכניס הרבה אקראיות, ולהקטין את ההיצמדות למינימום הלוקאלי הנוכחי, וזה באמת עובד, כי עבור פרמטים אלה (ושאר הפרמטרים שנבחרו), אנו מקבלים את זמן ההתכנסות האופטימלי והטוב ביותר.

**המטריקות**

על מנת לרשום פונקציות מרחק טובות, או אף 'נכונות' אנו הלכנו לפי הגישה הבאה:

מרחק בין שתי גנים אמור ליצג את אורך ה'מסלול' במרחב בו יש לנו פעולות שינוי מתאימות לבעייה, כך שאנחנו עוברים מגן אחד לשני.

בעיית חיפוש מחרוזת:

מרחק ההאמינג של המחרוזות מנורמל ביחס לאורך המילה.

קוד:

**public static double** distance(**char**[] elem, **char**[] target) {  
 **int** len = Math.*min*(elem.**length**, target.**length**);  
 **int** fitness = 0;  
 **for** (**int** i = 0; i < len; i++) {  
 fitness += *invIndicator*(elem[i] == target[i]);  
 }  
 **return** (**double**) fitness / target.**length**;  
}

בעיית n המלכות:

הסתכלנו על המרחק שבין לוחות כהפרש שבין סכום כל המרחקים שבין מלכות סמוכות על הלוח. מאחר שהייצוג שלנו למלכות על ידי פרמוטציה הינו **אינווריאנטי לשיקוף ואינווריאנטי ל shift אופקי ואנכי**, רצינו מרחק שייצג את הפרמוטציה בהתאם, כך שנתחשב ללוחות שקולים או דומים תחת אינווריאנטים אלה. רצינו ייצוג של ה'דרך' או ה'מסלול' שצריך כדי לעבור מלוח ללוח.

קוד:

**override def** distance(x: QueenPermutation, y: QueenPermutation): Double = {  
 **var** deltas = 0  
 **val** length: Int = x.permutation.length  
 **for** (i <- 0 until length) {  
 **val** delta1 = *abs*(x.permutation(i) - x.permutation((i+1) % length))  
 **val** delta2 = *abs*(y.permutation(i) - y.permutation((i+1) % length))  
 deltas += *abs* (delta1 - delta2)  
 }  
 **val** res = deltas / ((length - 1) \* length)  
 *assert*(res >= 0 && res <= 1)  
 res  
}

בעיית השק:

המרחק בין שני מופעים של בעיית השק יהיה המרחק האוקלידי שבין מערכי כמות ה-items שנלקחו, באופן המנורמל ביחס לשק כולו (הסתכלנו על מערך כמויות כנקודה במרחב הn מימדי). ייצוג כזה של מרחק מבטא כמה יש 'לעבור' מלקיחת מוצרים אחת לאחרת. כמה יש לשנות את מערכי הכמויות שלנו מתשובה אחת לשניה.

קוד:

**override def** distance(x: KnapsackElement, y: KnapsackElement): Double = {  
 **val** instance = x.instance  
 **val** capacity = instance.capacity  
 **def** percentFull(index: Int, amounts: Array[Int]): Double = {  
 **val** maxItems: Double = capacity / instance.items(index).weight  
 amounts(index) / maxItems  
 }  
 **def** normalizedAmounts(amounts: Array[Int]): Array[Double] = {  
 Array.*tabulate*(amounts.length)(i => percentFull(i, amounts))  
 }  
 **val** dist = *arrayDistanceD*(normalizedAmounts(x.amounts), normalizedAmounts(y.amounts))  
 *assert*(dist >= 0 && dist <= 1)  
 dist  
}

בעיית מציאת מינימום של פונקציה:

המרחק האוקלידי שבין הנקודות החשודות כמינימום.

קוד:

**override def** distance(x: FuncSolution, y: FuncSolution): Double = {  
 Distance.*euclidianDistance*(x.xInRange, x.yInRange, y.xInRange, y.yInRange)  
}

**def** euclidianDistance(x1: Double,y1: Double, x2: Double,y2: Double):Double = {  
 *sqrt*(*square*(x1 - x2) + *square*(y1 - y2))  
}

**שאלה 4:**

קריטריון שונות לאבחון מינימום לוקאלי:

כאשר סטיית התקן של ה-fitness של האוכלוסיה קטנה מסף מסויים – אבחנו שאנו נמצאים במינימום לוקאלי.

קוד:

**case class** StdDevLocalOptimaDetector[A](stdDevThreshold : Double) **extends** LocalOptimaSignal[A]{  
 **override def** isInLocalOptima(population: Population[A]): Boolean = {  
 **val** fitnesses = population.*population*.map(\_.*fitness*)  
 **val** (avg, stdDev) = Util.*stdDev*(fitnesses) (*identity*)  
 stdDev < stdDevThreshold  
 }  
}

קריטריון דימיון פרטים לאבחון מינימום לוקאלי:

כאשר סטיית התקן של המרחקים מהפרט הטוב ביותר לשאר קטנה מסף מסויים – אבחנו שאנו נמצאים במינימום לוקאלי.

קוד:

**class** GeneSimilarityLocalOptimaDetector[A](distanceThresh : Double ,metric: Metric[A]) **extends** LocalOptimaSignal[A]{  
 **override def** isInLocalOptima(population: Population[A]): Boolean = {  
 **val** distances = **for** {  
 g1 <- population.*population* } **yield** metric.distance(population.*population*(0).*gene*, g1.*gene*)  
 **val** distanceStdDev = Util.*stdDev*(distances)(*identity*).\_2  
 distanceStdDev < distanceThresh  
 }  
}

**שאלה 5:**

Hyper mutation:

כאשר אובחן שאנו נמצאים במינימום מקומי, נגדיל את הסיכוי למוטציה.

Niching:

כאשר אובחן שאנו נמצאים במינימום מקומי, עבדנו עם פונקציית fitness חדשה שהענישה גנים הדומים לגנים אחרים.

קוד:

**public double** mapFitness(Population<A> population, Gene<A> gene) {  
 **double** sumOfSharingFunc = 0;  
 **for** (**int** i = 0; i < population.**population**.**length**; i++){  
 **double** distance = **metric**.distance(

gene.**gene**,

population.**population**[i].**gene**);  
 **if** (distance < **sigmaShare**)  
 sumOfSharingFunc += 1 - Math.*pow*(distance / **sigmaShare**, **alpha**);  
 }  
 **return** 1 - ((1 - gene.**fitness**) / sumOfSharingFunc);  
}

Random immigrants:

כאשר אובחן שאנו נמצאים במינימום מקומי, נוסיף לאוכלוסיה שלנו מספר גנים רנדומיים חדשים וטריים שירעננו את מאגר הגנים שלנו.

קוד:

מיד אחרי האליטיזם יבואו המהגרים הרנדומיים (במידת הצורך)

**int** popSize = population.**population**.**length**;  
**int** elites = (**int**) (popSize \* **elitismRate**);  
*elitism*(population, buffer, elites);  
  
**int** immigrants = (**int**) **randomImmigrantsPercent** \* popSize;  
**for** (**int** i = elites; i < (elites + immigrants) && i < popSize; i++) {  
 buffer.**population**[i].**gene** = alg.randomElement(rand);  
}

**שאלה 6:**

**שאלה 7:**

חזית פרטו אופטימל שמצאנו עבור הפונקציות המופיעות להלן הינה

קוד גנטי עבור מציאת הפרטו פרונט:

**חלק ב – אפקט בולדווין**

\*\*\*\*\*\*\*\*\*שאילן יחפור על זה כאן... ליובל אין כוח\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*

לפי הניסויים שעשינו אפקט בולדווין כן קורה בלה בלה בלה

קוד:

**override def** fitness(gene: Array[BaldwinBit]): Double = {  
 **val** remainingItarations = BaldwinBitString.*localSearchToBest*(gene, maxIterations, isFinal, rand)  
 **val** rawFitness = 1 + 19.0 \* remainingItarations.toDouble / maxIterations  
 **val** normalized = (20 - rawFitness) / 20  
 *assert*(normalized >= 0 && normalized <= 1)  
 normalized  
}

גרפי הרצה:

לפי מספר הרצות שעשינו, ראינו שהחל משלב מסויים האחוז של ממוצע הביטים הנכונים בכל דור גדל בצורה ניכרת. ההסבר לכך: אפקט בולדווין.

אחוז ממוצע של ביטים נכונים בכל דור:

אחוז ממוצע של ביטים לא נכונים בכל דור:

בהתחלה מתחילים עם 25%, שמתחיל מעט יציב, ואז הולך ויורד עד לכמעט התאפסות. פה ושם יש גנים עם מעט לא נכונים עקב מוטציות וזיווגים

אחוז ממוצע של למידה של ביטים:

כפי שניתן לראות, יותר ביטים נלמדים מאשר לא נלמדים. סך הכל, כמות סימני השאלה הולכת ופוחתת ההסבר לכך: אפקט בולדווין.