

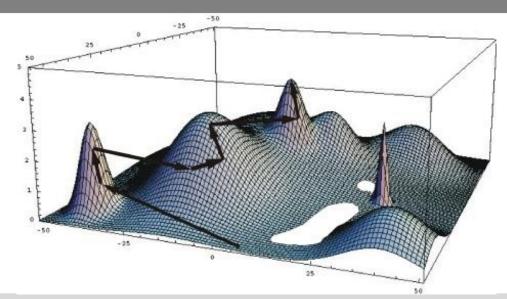
# **Vorlesung Computational Intelligence**

# Teil 4: Evolutionäre und Memetische Algorithmen

### 4.5 Klassische Evolutionäre Algorithmen

Ralf Mikut, Wilfried Jakob, Markus Reischl

Institut für Automation und angewandte Informatik (IAI) / Campus Nord



# 4.5 Klassische Evolutionäre Algorithmen



#### Übersicht:

- Übersicht über die klassischen EAs
- Evolutionsstrategie
- Genetische Algorithmen
- Strategieparameter Populationsgröße

#### Klassische EAs – Übersicht



## Übersicht (1):

Parallele Entwicklung der EAs in den USA und Deutschland

Evolutionsstrategie (ES)

Mitte der 60-iger, Rechenberg und Schwefel [Rec73, Schw95]

- Chromosom aus reellen Zahlen (Entscheidungsvariable + Strategieparameter)
- verwendet adaptive Mutation
- vergleichsweise weit fortgeschrittene Theorie
- Anwendungen: vor allem numerische aber auch kombinatorische Optimierung

### Genetische Algorithmen (GA)

Anfang der 70-iger, Holland [Hol75]

- Chromosom besteht aus Bitstrings (später auch: real-coded GAs)
- verwendete anfangs fitnessproportionale Selektion
- Bit-Codierung bringt Vorteile bei der Theoriebildung. Ergebnisse aber umstritten
- Anwendungen: numerische und kombinatorische Optimierung, maschinelles Lernen (LCS learning classifier systems)



#### Klassische EAs – Übersicht



## Übersicht (2):

Evolutionäre Programmierung (EP)

Mitte der 60-iger, Fogel, Owens und Walsh [Fog66]

- Chromosomenstruktur nicht festgelegt, anfangs Repräsentation endlicher Automaten, später Erweiterung auf reellwertige Variable
- basiert im Wesentlichen auf Mutation einschließlich selbstadaptierender Mutation
- in der reellwertigen Variante Ähnlichkeiten zur ES
- Genetische Programmierung (GP)

Ende der 80-iger, Koza [Koza89]

- Chromosome repräsentieren Computerprogramme als Baum (z.B. LISP) oder Maschinencode, Ziel ist die Erstellung von Computerprogrammen
- Crossover und Mutation:
  - Crossover wegen der Baumstruktur mächtiger als bei GAs oder der ES.
  - Mutation mit Reparaturmechanismen
- Anwendungen: maschinelles Lernen, Elektronikentwicklung, Sortier- und Suchalgorithmen, ...





### **Evolutionsstrategie:**

**Chromosom = reellwertiger Vektor bestehend aus** 

- $\blacksquare$  n zu optimierenden Entscheidungsvariablen  $x_i$ ,  $1 \le i \le n$
- n Mutationsschrittweiten  $\sigma_j$ ,  $1 \le j \le n' \le n$ Meist entweder eine einheitliche Mutationsschrittweite  $\sigma$  oder für jede Entscheidungsvariable ein eigenes  $\sigma_i$ .

#### Beide Parametersätze unterliegen der Evolution

- → Optimierung auf der Problemebene UND der Ebene der Schrittweiten
- → Anpassung der Suche an den Suchraum (Selbstadaption)
  Gefahr, an lokalen Optima hängen zu bleiben oder größere undefinierte Gebiete (implizite Restriktionen) nicht überspringen zu können.

**Vorteil: schnellere Suche** 





#### **Ablaufschema:**

(siehe auch Folie 4, Kapitel 4.4)

1. Initialisierung der Startpopulation Zufällige Wahl der  $\mu$  Individuen, (eher zu große) Vorbelegung der Schrittweiten

#### 2. Partnerwahl

Zufällige Wahl der Eltern für  $\lambda$  Kinder.  $\lambda$  sollte deutlich größer als  $\mu$  sein. Empfehlung von Schwefel und Bäck:  $\lambda = 7 \cdot \mu$  oder mehr bei starker Multimodalität.

Warum?

3. Erzeugung eines Nachkommens

Rekombination mit anschließender Mutation der Schrittweiten und danach der Entscheidungsvariablen:

- 1. Intermediäre Rekombination der Schrittweiten
- 2. Mutation der Schrittweiten, liefert  $\sigma'_{i}$ .
- 3. Diskrete Rekombination der Entscheidungsvariablen
- 4. Mutation der Entscheidungsvariablen mit den geänderten Schrittweiten  $\sigma'_{j}$





f(x)

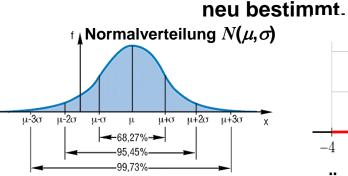
### 3. Erzeugung eines Nachkommens (2):

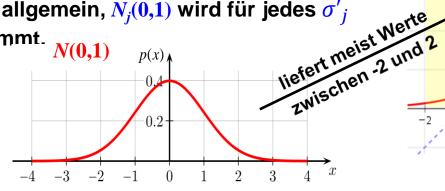
Schritt 2: Mutation der Schrittweiten

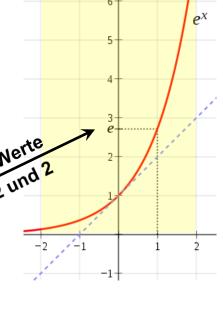
$$\sigma'_j = \sigma_j \cdot e^{\left(N(0,1) + N_j(0,1)\right)}$$

mit: N(0,1) normalverteilte Zufallsgröße mit Erwartungswert 0 und Standardabweichung 1

N(0,1) gilt allgemein,  $N_i(0,1)$  wird für jedes  $\sigma'_i$ 







Wirkung: kleine Änderungen wahrscheinlich, große weniger, sehr große unwahrscheinlich, aber möglich

Schritt 4: Mutation der Entscheidungsvariablen mit den geänderten Schrittweiten  $\sigma'_i$ :

$$x'_j = x_j + N_j(\mathbf{0}, \sigma'_j)$$

Institut für Automation und angewandte Informatik (IAI) / CN



#### 4. Akzeptanzregel

Zwei unterschiedliche Strategien: (siehe auch Folie 18, Kap. 4.4)

- (μ+λ)-Strategie (Plus-Strategie):
  Auswahl der μ besten aus Eltern <u>und</u> Nachkommen zur Bildung der Folgegeneration (elitär).
- $\triangleright$  ( $\mu$ ,  $\lambda$ )–Strategie (Komma-Strategie): Die  $\mu$  besten Nachkommen ersetzen die Elterngeneration vollständig.

#### 5. Abbruchkriterium

Geringe Fitnessunterschiede in der Population gelten als Stagnationsindikator (Schwefel):

$$fitness_{max} - fitness_{min} < \varepsilon, \quad \varepsilon > 0$$

Weitere Abbruchkriterien, wie Erreichen einer Zielfitness, eines Zeit- oder Generationenlimits, ...





#### Besonderheiten der Evolutionsstrategie:

- Adaptive Schrittweitensteuerung
- auslöschende Selektion (schlechte Individuen haben keine Chance zur Reproduktion): vor allem durch die Komma-Strategie
- Die Populationsgröße μ darf wegen des starken Selektionsdrucks nicht zu klein sein. Geeignete Werte für μ sind anwendungsabhängig.

#### Weitere Eigenschaften:

- Plus-Strategie: Neigung zu vorzeitiger Konvergenz an einem Suboptimum
- Explizite Beschränkungen: Letalmutation. Eventuell durch geschickte Codierung vermeidbar.
- Implizite Beschränkungen können je nach Größe und aktuellen Schrittweiten nicht übersprungen werden. Gegenmaßnahmen:
  - > μ deutlich größer als Anzahl der Beschränkungen
  - ➤ Möglichst gleichmäßige Verteilung der Startpopulation im Suchraum
- ES sehr gut zur Optimierung kontinuierlicher Probleme geeignet.



**Linsendemo** I.Rechenberg





#### **Strategieparameter:**

- lacksquare Populationsgröße  $oldsymbol{\mu}$
- Anzahl der Nachkommen pro Generation A
- Komma- oder Plus-Strategie
- Anzahl der adaptierten Schrittweiten
- Parameter der Schrittweitensteuerung
- Parameter von alternativen Selektions- oder Akzeptanzverfahren





### **Evolutionsstrategie und kombinatorische Probleme:**

- Ganzzahlige Entscheidungsvariable statt reellwertige
- angepasste Mutationsoperatoren
- Beibehaltung der adaptiven Schrittweitensteuerung
- Einige erfolgreiche Anwendungen:
  - Traveling Salesman Problem (TSP), alle Arten von Tourenplanung
  - **Magisches Quadrat**



Quelle: I.Rechenberg

- Rubik's Cube
- Hochwasserspeichersystem (Kombination verschiedener Becken)

Albrecht Dürer, Melancholie, 1514





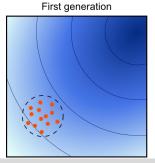


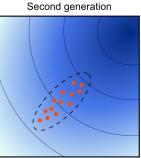
### Weiterentwicklungen der ES:

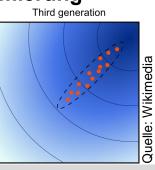
- geschachtelte Evolutionsstrategie
   Spezielles Migrationsmodell basierend auf sich eine Zeit lang getrennt entwickelnden Unterpopulationen (Variante des Inselmodells)
- CMA-ES (Covariance Matrix Adaptation Evolution Strategy)
  - Die Kovarianzmatrix der mehrdimensionalen Normalverteilung der Schrittweiten beschreibt die paarweisen Abhängigkeiten zwischen den Variablen
  - derandomisiertes Verfahren zur Adaption der Kovarianzmatrix
  - Idee: Erhöhung der Wahrscheinlichkeit von vormals erfolgreichen Schritten, Verbesserte Anpassung der Schrittweitensteuerung gegenüber der ES
  - gut geeignet für "schwierige" Aufgaben der kontinuierlichen Optimierung

[Hansen]

Anpassung der Verteilung der Nachkommen im Verlauf der Evolution:









### **Klassische Genetische Algorithmen:**

Chromosom = Bitstring

- Codierung: Abbildung der Entscheidungsvariablen auf Bitabschnitte Anzahl der Bits Entscheidungsvariable je nach Wertebereich oder gewünschter Präzision
- **Decodierung zur Fitnessberechnung notwendig**

Anordnung der Entscheidungsvariable wie bisher: Chromosom =  $(P_1, P_2, ..., P_n)$ 

- Jede Entscheidungsvariable wird binär codiert.
- Wertigkeit der Bits bei ganzen Zahlen: 2<sup>n</sup>, ..., 2<sup>1</sup>, 2<sup>0</sup> (umgekehrte Reihenfolge!)

Ermöglicht neutrale genetische Operatoren, die ohne phänotypischen Zusammenhang wirken (müssen).

Vereinfacht die Implementierung

Nachteil: Anwendungsbezogene genetische Operatoren schwierig

zu implementieren





### **Codierungsbeispiel:**

Chromosom =  $(P_1, P_2, ..., P_n)$ 

Wertigkeit der Bits bei ganzen Zahlen: 2<sup>n</sup>, ..., 2<sup>1</sup>, 2<sup>0</sup>

Beispiel für drei ganzzahlige und eine boolesche Variable  $P_4$ :

$$0 \le P_1 \le 60$$
,  $5 \le P_2 \le 30$ ,  $-12 \le P_3 \le 14$ 

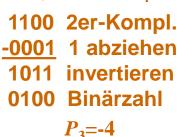
Anzahl der Bits pro Variable:  $P_1$ : 6  $P_2$ : 5

Also insgesamt 17 Bits

Beispiel eines Chromosoms: 0 1 0 1 1 0 1 1 0 0 1

$$P_1 = 2^4 + 2^2 + 2^1 = 22$$

Negative Zahl: 2er-Komplement!





#### **Ablaufschema:**

(siehe auch Folie 4, Kapitel 4.4)

- 1. Initialisierung der Startpopulation Zufällige Wahl der µ Individuen oder Vorbelegung einiger.
- 2. Partnerwahl fitness-proportionale Selektion der Eltern
- 3. Erzeugung eines Nachkommens 1-Punkt-Crossover ( $P_c > 0.6$ ) mit anschließender Mutation beider Offspring. Mutation: Invertierung eines jeden Bits mit  $P_m$  (z.B.  $P_m=0.0001$ ).
- 4. Akzeptanz

Die so erzeugten  $\mu$  Nachkommen ersetzen die Elterngeneration vollständig. (generational replacement)

5. Abbruchkriterium Zeit, Evaluationen, Generationen. Besser: Erreichte Fitness oder Stagnation

Das Crossover ist der Hauptoperator. Die zweitrangige Mutation soll der Fixierung von Allelwerten entgegenwirken.





#### **Viele Variationen:**

- Rangbasierte Selektion wie Lineares Ranking (auch bekannt als roulette wheel selection).
- Wettkampfselektion
  - **Z**ufällige Auswahl von  $n_m$  Individuen, die gegeneinander antreten.
  - Das jeweils Beste kommt in die Elterngruppe.
  - Zufällige Bestimmung der Eltern aus dieser Elterngruppe
- 2-Punkt- oder Uniform-Crossover anstelle des 1-Punkt-Crossover Liefern im Allgemeinen bessere Ergebnisse. Uniform-Crossover: Zufällige Wahl des das Bit liefernde Elter pro Bit.
- Steady State GA

Schrittweise Erzeugung von Nachkommen, die das jeweils schlechteste Mitglied der Population ersetzen, sofern sie sich von allen unterscheiden. Es gibt keine Population von Nachkommen.

- Förderung des Erhalts der genotypischen Varianz





### Kritik der binären Codierung:

- Erschwert die Formulierung problembezogener genetischer Operatoren
- Keine starke Kausalität bei Änderungen zwischen Geno- und Phänotyp Ziel: Kleine Änderung, kleine Wirkung; große Änderung, große Wirkung

#### Stattdessen:

**Anderung eines niederwertigen Bits** gleichwahrscheinliche Anderung mit sehr unterschiedlichen gleich wahrscheinlich wie die eines hochwertigen Auswirkungen!

**Einige benachbarte Integerwerte** unterscheiden sich in ihrer Bitrepräsentation erheblich! Beispiele: alle Paare 2<sup>n</sup>-1 und 2<sup>n</sup>

große Änderung mit sehr geringen Auswirkungen!

**Abhilfe: Graycodes** 

(Codes bei denen sich benachbarte Zahlen nur in einem Bit unterscheiden)





#### **Weitere Varianten:**

- Real-coded GAs
  - Bei kontinuierlichen Problemen weitaus bessere Ergebnisse als klassische GAs
  - Beibehaltung von Selektions- und Akzeptanzmechanismen
  - Eigentlich ein eigenständiger EA
- Der Grouping Genetic Algorithm arbeitet mit Gengruppen und Chromosomen variabler Länge. Für kombinatorische Probleme wie Bin Packing oder Clusteranalyse.

- - -

### **Anwendungsgebiete:**

- kombinatorische Probleme wie Scheduling, TSP, Rucksackproblem, ...
- ganzzahlige Optimierungsprobleme
- kontinuierliche Optimierung (insbesondere real-coded GAs)





## Strategieparameter:

- Populationsgröße häufig  $30 \le \mu \le 200$
- **Mutationsrate**
- Crossoverrate
- Anzahl der Nachkommen pro Paarung oder Generation
- Parameter von alternativen Selektions- oder Akzeptanzverfahren
- Wahl zwischen alternativen Operatoren

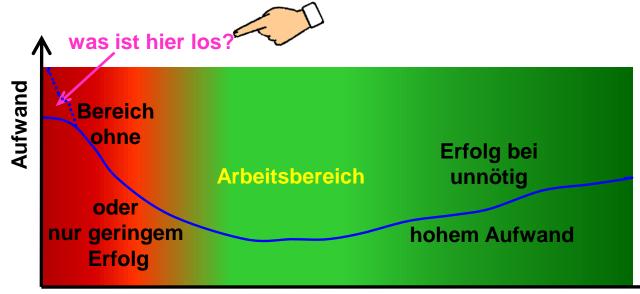


# Strategieparameter Populationsgröße



### Allgemeines Thema einer Suche basierend auf Metaheuristiken:

- Balance zwischen exploration und exploitation
  - Durch Wahl eines geeigneten Selektionsdrucks (u.a. Partnerwahl, Akzeptanz)
  - Auch die Populationsgröße μ beeinflusst den Selektionsdruck.
    - → Wahl einer geeigneten Populationsgröße
      - zu klein: Gefahr vorzeitiger Konvergenz
      - zu groß: Verschwendung von Rechenzeit



Populationsgröße  $\mu$ 

