

Strategie ewolucyjne - operator mutacji mutacji

$$\sigma(t) \rightarrow \sigma(t+1) = \sigma(t) \exp(\eta(t))$$

Strategie ewolucyjne nadają się najbardziej do optymalizacji wektorów w R^k . # Programowanie genetyczne - John Koza Wykorzystanie algorytmu genetycznego do “pisania” programu.

Osobnikiem jest **program**, algorytm optymalizuje jego strukturę. Robili to w LISP (LISt Processing).

Ja się uczyłem FORTRANa. A potem już programowałem obiektowo, czyli studentami.

Tworzymy zbiór symboli - **atomów**, np. * 37 * znak + * “I love Mary”

Niektóre z tych symboli to **terminale** (inputy, outputy). Listy zawierają: * atomy * inne listy

Na przykład * L1 = (+, 3, 7) i to oznacza 3 + 7. * L2 = (-, x, y) = x - y * L3 = (NOT, A) = NOT A * (, L1 L2) = (+3, 7)(-,x,y)

Obrazujemy to za pomocą **drzew** zamiast pętli. * “ ” (**Korzeń drzewa**) ”+” * 3 (liść drzewa, powinien zawierać inputy) * 7 * “-” * x * y * ... instrukcja na y * “-” * input1 * input2 * “sqrt” (przykład operatora unarnego w sensie jeden output) * input3

Operator przesunięcia w czasie (takie ‘time.sleep’ czy kwantowy U). Przykład zastosowania: optymalizacja działania gracza giełdowego: * inputy * kursy walut * transakcje * to samo wczoraj, bo może wpływa na dzisiejszą strategię? * to samo przedwczoraj

Przykład: $r = \sqrt{x^2 + y^2}$ przez PG

Program do stworzenia to funkcja $\sqrt{x^2 + y^2}$.

Atomy: * x * y * sqrt * plus * razy * przypisanie 1. Losujemy populację początkową.

Populacja: * plus (sqrt(x^2) + y) * x * przypisanie * sqrt * razy * x * x * y * razy * x * y * sqrt (osobnik nieżywotny bo ma tylko jedno wejście), usuwamy * x * y

Fitness function - norma typu chi^2 od tego, co chcemy uzyskać, na jakichś ustalonych przykładach.

2. Usuwamy nieżywotne osobniki
3. **Krzyżowanie**: wybieramy po jednym węźle z dwóch drzew i zamieniamy je (przez wskaźniki!)

4. **Mutacja:** Bierzymy losowy element i wymieniamy go na inny obiekt tego samego typu (operator binarny, unarny, zmienna)

Paweł: dopasowanie dowolnego ogólnego wzoru analitycznego do danej krzywej doświadczalnej.

Program napisany w LISPie może przetwarzać inny program napisany w LISPie.

Modelowanie chorób genetycznych

Model Pennny chorób dziedziczonych genetycznie

Starzenie się organizmu

Hipotezy śmierci na skutek wieku

1. Ubytki telomerów
2. Niszczenie DNA przez procesy utleniania
3. Ciągłe mutacje genetyczne przenoszą się z pokolenia na pokolenie i ujawniają się gdy osobnik przekracza pewien wiek

mortality rate, wskaźnik śmiertelności

1. historycznie najpierw:

$q(a)$ = prawdopodobieństwo zgonu w roku $a+1$ dla osobnika który dożył wieku

a. $q(a) \sim \exp(ba)$

$N(a)$ - liczba osobników w wieku a .

$$q(a) = -\frac{N(a+1) - N(a)}{N(a)} \approx -\frac{d \log N(a)}{da} \approx \log N(a) - \log N(a+1)$$

Gdzie należy pamiętać że $\Delta a = 1$. I to ostatnie przyjmujemy jako nową definicję śmiertelności:

$$q(a) = \log N(a) - \log N(a+1)$$

źródło: (Oliveira)², Stauffer: *Evolution, Money, War and Computers*

Prawdopodobieństwo śmierci ma dip koło 15 lat, jeden niewielki koło 25 lat. Maksima koło 0, 20, 100 (globalne) - do 100 idzie wzrost liniowy.

$$q(a) = A \exp(b(a - x)), b \approx 0.1/Y, x \approx 102, A \approx 11 \pm 2$$

Stała x zdaje się być stała, ale stała b zdaje się rosnać liniowo w czasie od 1800 do teraz. q(a) zbiega więc do funkcji schodkowej Heaviside'a.

Model

Genom: 32 bitów, 1 bit to 1 rok życia. Jeśli bit = 1, to w danym roku ujawnia się choroba która będzie dolegała do końca życia. Jeśli liczba jedynek osiąga krytyczną wartość, RIP.

```
import smiertelnosc
```