

4. Klasyczny algorytm genetyczny.¹

Idea algorytmu genetycznego została zaczerpnięta z nauk przyrodniczych opisujących zjawiska doboru naturalnego i dziedziczenia. Mechanizmy te polegają na przetrwaniu osobników najlepiej dostosowanych w danym środowisku, podczas gdy osobniki gorzej przystosowane są eliminowane. Z kolei te osobniki, które przetrwają - przekazują informację genetyczną swoim potomkom. Krzyżowanie informacji genetycznej otrzymanej od "rodziców" prowadzi do sytuacji, w której kolejne pokolenia są przeciętnie coraz lepiej dostosowane do warunków środowiska; mamy więc tu do czynienia ze swoistym procesem optymalizacji. W pewnym uproszczeniu możemy przyjąć, że algorytmy genetyczne służą do optymalizacji pewnych funkcji (zwanymi funkcjami przystosowania). Zauważmy jednak, że klasa ich zastosowań jest dużo szersza: **algorytmy genetyczne** możemy stosować przy dowolnych problemach, dla których uda się skonstruować funkcję oceniającą rozwiązania (funkcja celu). W tym ujęciu wiele problemów można przeformułować w ten sposób, aby stały się zadaniami optymalizacyjnymi.

Podstawowe pojęcia algorytmów genetycznych

Algorytmy genetyczne korzystają z określeń zapożyczonych z genetyki. Mówi się np. o **populacji osobników**, a podstawowymi pojęciami są **gen**, **chromosom**, **genotyp**, **fenotyp**, **allel**. Używa się również odpowiadających im określeń pochodzących ze słownictwa technicznego, a więc **łańcuch**, **ciąg binarny**, **struktura**.

Populacją nazywamy zbiór osobników o określonej liczebności.

Osobnikami populacji w algorytmach genetycznych są zakodowane w postaci chromosomów zbiory parametrów zadania, czyli rozwiązania, określone też jako punkty przestrzeni poszukiwań. Osobniki czasami nazywa się organizmami.

Chromosomy – inaczej łańcuchy lub ciągi kodowe – to uporządkowane ciągi genów.

Gen – nazywany też cechą, znakiem, detektorem – stanowi pojedynczy element genotypu, w szczególności chromosomu. **Genotyp**, czyli struktura, to zespół chromosomów danego osobnika. Zatem osobnikami populacji mogą być genotypy albo pojedyncze chromosomy (jeśli genotyp składa się tylko z jednego chromosomu, tak się często przyjmuje).

Fenotyp jest zestawem wartości odpowiadających danemu genotypowi, czyli zdekodowaną strukturą, a więc zbiorem parametrów zadania (rozwiązaniem, punktem przestrzeni poszukiwań).

¹Na podstawie 'Sieci neuronowe, algorytmy genetyczne i systemy romyte', D. Rutkowska i inni.

Allel to wartość danego genu, określona jako wartość cechy lub wariant cechy.

Locus to pozycja - wskazuje miejsce położenia danego genu w łańcuchu, czyli chromosomie.

Bardzo ważnym pojęciem w algorytmach genetycznych jest **funkcja przystosowania** nazywana też funkcją dopasowania lub funkcją oceny. Stanowi ona miarę przystosowania (dopasowania) danego osobnika w populacji. Funkcja ta jest zwykle istotna, gdyż pozwala ocenić stopień przystosowania poszczególnych osobników w populacji i na tej podstawie wybrać osobniki najlepiej przystosowane (czyli o największej wartości funkcji przystosowania), zgodnie z ewolucyjną zasadą przetrwania "najsilniejszych" (najlepiej przystosowanych). Funkcja przystosowania również przyjęła swą nazwę bezpośrednio z genetyki. Ma ona duży wpływ na działanie algorytmów genetycznych i musi być odpowiednio zdefiniowana. W zagadnieniach optymalizacji funkcją przystosowania jest zwykle optymalizowana funkcja (ściślej mówiąc maksymalizowana funkcja), nazywana funkcją celu.

W zagadnieniach minimalizacji przekształca się funkcję celu, sprowadzając problem do maksymalizacji. W teorii sterowania funkcją przystosowania może być funkcja błędu, w teorii gier – funkcja kosztu. W algorytmie genetycznym, w każdej jego iteracji, oceniane jest przystosowanie każdego osobnika danej populacji za pomocą funkcji przystosowania i na tej podstawie tworzona jest nowa populacja osobników, stanowiących zbiór potencjalnych rozwiązań problemu, np. zagadnienia optymalizacji.

Kolejna iteracja w algorytmie genetycznym nazywa się generacją, a o nowo utworzonej populacji osobników mówi się też nowe pokolenie lub pokolenie potomków.

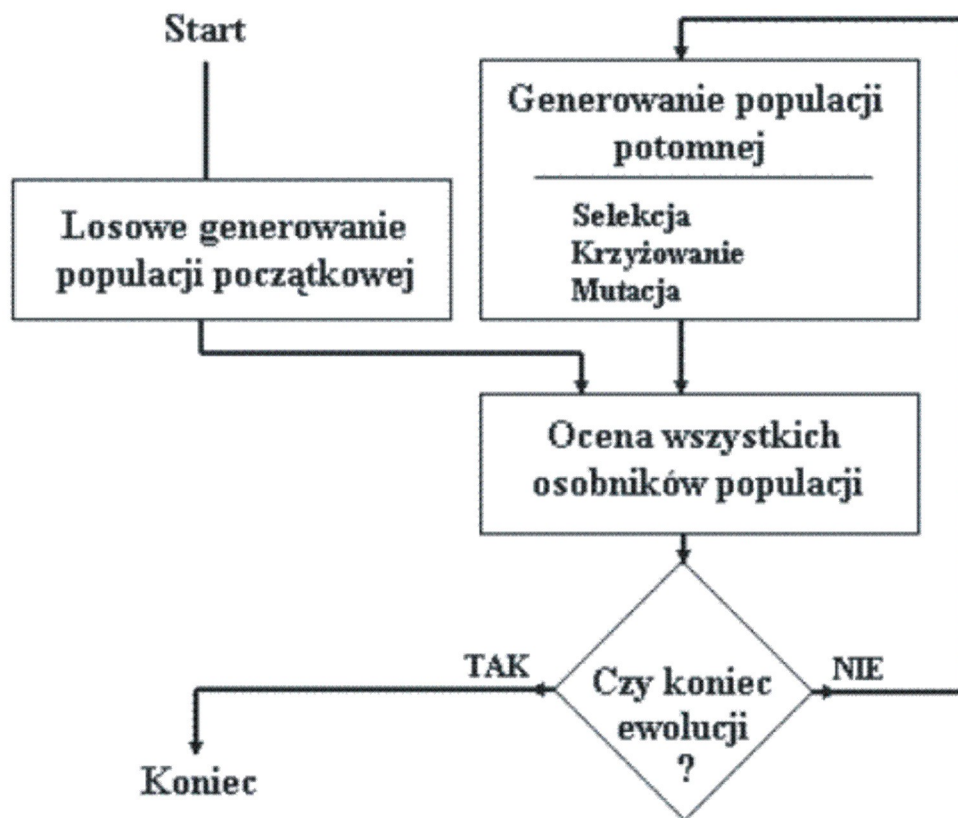
Klasyczny algorytm genetyczny.

Na podstawowy (klasyczny) algorytm genetyczny, nazywany także elementarnym lub prostym algorytmem genetycznym, składają się kroki:

- inicjacja czyli wybór początkowej populacji chromosomów,
- ocena przystosowania chromosomów w populacji,
- sprawdzenie warunku zatrzymania,
- selekcja chromosomów,
- zastosowanie operatorów genetycznych,
- utworzenie nowej populacji,
- wyprowadzenie najlepszego chromosomu.

Inicjacja, czyli utworzenie populacji początkowej, polega na losowym wyborze żądanej liczby chromosomów (osobników) reprezentowanych przez ciągi binarne o określonej długości.

Ocena przystosowania chromosomów w populacji polega na obliczeniu wartości funkcji przystosowania dla każdego chromosomu z tej populacji. Im większa jest wartość funkcji, tym lepsza "jakość" chromosomów. Postać funkcji przystosowania zależy od rodzaju rozwiązywanego problemu. Zakłada się, że funkcja przystosowania



Rysunek 1: Ogólny schemat algorytmu genetycznego.

przyjmuje zawsze wartości nieujemne, a ponadto, że rozwiązywany problem optymalizacji jest problemem poszukiwania maksimum tej funkcji. Jeśli pierwotna postać funkcji przystosowania nie spełnia tych założeń, to dokonuje się odpowiedniej transformacji (np. problem poszukiwania minimum funkcji można łatwo sprowadzić do problemu poszukiwania maksimum).

Sprawdzanie warunku zatrzymania. Określenie warunku zatrzymania algorytmu genetycznego zależy od konkretnego zastosowania tego algorytmu. W zagadnieniach optymalizacji, jeśli znana jest wartość maksymalna (minimalna) funkcji przystosowania, zatrzymanie algorytmu może nastąpić po uzyskaniu żądanej wartości optymalnej, ewentualnie z określoną dokładnością. Zatrzymanie algorytmu może również nastąpić, jeśli dalsze jego działanie nie poprawia już uzyskanej najlepszej wartości. Algorytm może też zostać zatrzymany po upływie określonego czasu działania lub po określonej ilości iteracji. Jeśli warunek zatrzymania jest spełniony, następuje przejście do ostatniego kroku, czyli wyprowadzenie "najlepszego" chromosomu. Jeśli nie, to następnym krokiem jest selekcja.

Selekcja chromosomów polega na wybraniu na podstawie obliczonych wartości funkcji przystosowania (krok 2), tych chromosomów, które będą brały udział w tworzeniu potomków do następnego pokolenia, czyli następnej generacji. Wybór ten odbywa się zgodnie z zasadą naturalnej selekcji, tzn. największe szanse na udział w tworzeniu nowych osobników mają chromosomy o największej wartości funkcji przystosowania. Istnieje wiele metod selekcji. Najbardziej popularną jest tzw. metoda ruletki, która swą nazwę zawdzięcza analogii do losowania za pomocą koła ruletki.

Każdemu chromosomowi można przydzielić wycinek koła ruletki o wielkości proporcjonalnej do wartości funkcji przystosowania danego chromosomu. Zatem im większa jest wartość funkcji przystosowania tym większy wycinek (sektor) na kole ruletki. Całe koło ruletki odpowiada sumie wartości funkcji przystosowania wszystkich chromosomów rozważanej populacji. Każdemu chromosomowi oznaczonemu przez ch_i dla $i = 1, 2, \dots, N$, gdzie N jest liczebnością populacji, odpowiada wycinek koła $v(ch_i)$ stanowiący część całego koła, wyrażony w procentach z godnie ze wzorem:

$$v(ch_i) = p_s ch_i \cdot 100\%,$$

gdzie

$$p_s(ch_i) = \frac{F(ch_i)}{\sum_{i=1}^N F(ch_i)},$$

przy czym $F(ch_i)$ oznacza wartość funkcji przystosowania chromosomu ch_i , $p_s(ch_i)$ jest prawdopodobieństwem selekcji chromosomu ch_i . Selekcja chromosomu może być widziana jako obrót kołem ruletki, w wyniku czego, "wygrywa" (zostaje wybrany) chromosom należący do wylosowanego w ten sposób wycinka koła ruletki. Oczywiście im większy jest ten wycinek koła, tym większe jest prawdopodobieństwo zwycięstwa odpowiedniego chromosomu. Zatem prawdopodobieństwo wybrania danego chromosomu jest tym większe im większa jest wartość jego funkcji przystosowania. Jeżeli cały okrąg koła ruletki traktujemy jako przedział liczbowy $[0, 100]$, to wylosowanie chromosomu można potraktować jak wylosowanie liczby z zakresu $[a, b]$, gdzie a i b oznaczają odpowiednio początek i koniec fragmentu okręgu odpowiadającemu temu wycinkowi koła; oczywiście $0 \leq a < b \leq 100$, wówczas losowanie za pomocą koła ruletki sprowadza się do wylosowania liczby z przedziału $[0, 100]$, która odpowiada konkretnemu punktowi na okręgu koła ruletki.

W wyniku procesu selekcji zostaje utworzona populacja rodzicielska, nazywana także pulą rodzicielską o liczebności równej N , tj. takiej samej jak liczebność bieżąca populacji. Zastosowanie operatorów genetycznych do chromosomów wybranych metodą selekcji prowadzi do utworzenia nowej populacji, stanowiącej populację potomków otrzymanej z wybranej metody selekcji populacji rodziców. W klasycznym algorytmie genetycznym stosuje się dwa podstawowe operatory genetyczne: **operator krzyżowania** oraz **operator mutacji**. Należy jednak zaznaczyć, że operator mutacji odgrywa zdecydowanie drugoplanową rolę do operatora krzyżowania. Oznacza to, że krzyżowanie w klasycznym algorytmie genetycznym występuje prawie zawsze, podczas gdy mutacja dość rzadko. Prawdopodobieństwo wystąpienia krzyżowania przyjmuje się zwykle duże (na ogół $0,5 \leq p_c \leq 1$), natomiast zakłada się bardzo małe prawdopodobieństwo zaistnienia mutacji (często $0 < p_m \leq 0,1$). Wynika to także z analogii do świata organizmów żywych, gdzie mutacje zachodzą niezwykle rzadko.

W algorytmie genetycznym mutacja chromosomu może być dokonywana na populacji rodziców przed operacją krzyżowania lub na populacji potomków utworzonych w wyniku krzyżowania.

Operator krzyżowania. Pierwszym etapem krzyżowania jest wybór par chromosomów z populacji rodzicielskiej. Jest to tymczasowa populacja złożona z chromosomów wybranych metodą selekcji i przeznaczonych do dalszego przetwarzania za pomocą operatorów krzyżowania i mutacji w celu utworzenia nowej populacji potomków. Na tym etapie chromosomy z populacji rodzicielskiej kojarzą w pary. Dokonuje się tego w sposób losowy, zgodnie z prawdopodobieństwem krzyżowania p_c . Następnie dla każdej pary wybranych w ten sposób rodziców losuje się pozycję

genu (locus) w chromosomie określającą tzw. punkt krzyżowania. Jeżeli chromosom każdego rodzica składa się z L genów, to oczywiście punkt krzyżowania l_k jest liczbą naturalną mniejszą od L . Zatem wybór punktu krzyżowania sprowadza się do wylosowania liczby z przedziału $[1, L - 1]$. W wyniku krzyżowania chromosomów rodzicielskich otrzymuje się następującą parę potomków:

- potomek, którego chromosom składa się z genów na pozycjach od 1 do l_k pochodzących od pierwszego rodzica i następnych genów do pozycji l_{k+1} do L , pochodzących od drugiego rodzica,
- potomek, którego chromosom składa się z genów na pozycjach od 1 do l_k pochodzących od drugiego rodzica i następnych genów do pozycji l_{k+1} do L , pochodzących od pierwszego rodzica.

Para rodziców:

Para potomków:

$$\left. \begin{array}{l} (001100111010) \\ (101011011011) \end{array} \right\} \rightarrow \begin{array}{l} (001111011011) \\ (101000111010) \end{array}$$

Rysunek 2: Przebieg krzyżowania chromosomów dla $l_k = 4$.

Operator mutacji, zgodnie z prawdopodobieństwem mutacji p_m , dokonujemy zmiany wartości genu w chromosomie na przeciwną (np. z 0 na 1 lub z 1 na 0). Przykładowo, jeśli w następującym chromosomie $[100110101010]$ mutacji podlega gen na pozycji 7, to jego wartość wynoszącą 1 zmieniamy na 0 i otrzymujemy następujący chromosom $[100110001010]$. Jak już wcześniej wspomniano, prawdopodobieństwo zaistnienia mutacji jest zwykle bardzo małe i oczywiście od niego zależy, czy dany gen w chromosomie podlega mutacji, czy też nie. Dokonanie mutacji zgodnie z prawdopodobieństwem p_m polega np. na losowaniu liczby z przedziału $[0, 1]$ dla każdego genu i wybraniu do mutacji tych genów, dla których wylosowana liczba jest mniejsza lub równa prawdopodobieństwu p_m .

Utworzenie nowej populacji. Chromosomy otrzymane w wyniku działania operatorów genetycznych na chromosomy tymczasowej populacji rodzicielskiej wchodzi w skład nowej populacji. Populacja ta staje się tzw. populacją bieżącą dla danej iteracji algorytmu genetycznego. W każdej kolejnej iteracji oblicza się wartość funkcji przystosowania każdego z chromosomów tej populacji. Następnie sprawdza się warunek zatrzymania algorytmu i albo wyprowadza się wynik w postaci chromosomu o największej wartości funkcji przystosowania, albo przechodzi się do kolejnego kroku algorytmu genetycznego, tzn. selekcji. W klasycznym algorytmie genetycznym cała poprzednia populacja chromosomów zastępowana jest przez tak samo liczną nową populację potomków.

Wyprowadzenie "najlepszego" chromosomu. Jeżeli spełniony jest warunek zatrzymania algorytmu genetycznego, należy wyprowadzić wynik algorytmu genetycznego, czyli podać rozwiązanie problemu. Najlepszym rozwiązaniem jest chromosom o największej wartości funkcji przystosowania.

Przykład 1.

Rozważmy funkcję

$$f(x) = 2x^2 + 1$$

i załóżmy, że x przyjmuje wartości całkowite z przedziału od 0 do 15. Zadanie optymalizacji tej funkcji polega na przeszukaniu przestrzeni złożonej z 16 punktów i znalezieniu takiej spośród wartości $0, 1, \dots, 15$, dla której funkcja przyjmuje wartość maksymalną (minimalną). W tym przypadku parametr zadania jest x . Zbiór $\{0, 1, \dots, 15\}$ stanowi przestrzeń poszukiwań. Jest to jednocześnie zbiór potencjalnych rozwiązań zadania. Każda z 16 liczb należących do tego zbioru nazywa się punktem przestrzeni poszukiwań, rozwiązaniem, wartością parametru, fenotypem. Warto zaznaczyć, że rozwiązanie optymalizujące funkcję nazywa się rozwiązaniem najlepszym lub optymalnym. Kolejne wartości parametru x od 0 do 15 można zakodować następująco:

0000, 0001, 0010, 0011, 0100, 0101, 0110, 0111,

1000, 1001, 1010, 1011, 1100, 1101, 1110, 1111.

Jest to oczywiście znany sposób binarnego kodowania, wynikający z zapisu liczb dziesiętnych w systemie dwójkowym. Przedstawione tu ciągi kodowe nazywa się też łańcuchami lub chromosomami. W tym przykładzie są to również genotypy. Każdy z tych chromosomów składa się z 4 genów (podobnie można powiedzieć, że ciągi binarne składają się z 4 bitów). Wartość genu na określonej pozycji nazywa się aleritem, są to oczywiście wartości równe 0 lub 1. Populacja składa się z osobników wybranych z tych 16 chromosomów. Przykładem populacji o liczebności 6 może być np. zbiór chromosomów: $\{0010, 0101, 0111, 1001, 1100, 1110\}$, stanowiących zakodowaną postać następujących fenotypów: $\{2, 5, 7, 9, 12, 14\}$. Funkcja przystosowania będzie w tym przykładzie dana wzorem $f(x) = 2x^2 + 1$. Przystosowanie poszczególnych chromosomów w populacji określa wartość tej funkcji dla x odpowiadających tym chromosomom, czyli dla fenotypów odpowiadających określonym genotypom.

Przykład 2.

Rozważmy uproszczony, trochę sztuczny przykład, polegający na znalezieniu chromosomu o możliwie największej liczbie jedynek. Załóżmy, że chromosomy składają się z 12 genów, a populacja liczy 8 chromosomów. Wiadomo, że najlepszy będzie chromosom złożony z 12 jedynek. Przebieg rozwiązania tego algorytmu przebiega w sposób następujący:

Inicjacja, czyli wybór początkowej liczby chromosomów. Należy losowo wygenerować 8 ciągów binarnych o długości równej 12. Tak otrzymamy np: populację początkową:

$$ch_1 = [111001100101]$$

$$ch_2 = [001100111010]$$

$$ch_3 = [011101110011]$$

$$ch_4 = [001000101000]$$

$$ch_5 = [010001100100]$$

$$ch_6 = [010011000101]$$

$$ch_7 = [101011011011]$$

$$ch_8 = [000010111100].$$

Ocena przystosowania chromosomów w populacji. W tym uproszczonym przykładzie rozwiązywanym problemem jest zadanie znalezienia takiego chromosomu, który posiada największą liczbę jedynek. Funkcja przystosowania określa więc ilość jedynek w chromosomie. Oznaczmy funkcję przystosowania przez F . Wówczas wartość tej funkcji dla poszczególnych chromosomów z populacji początkowej są następujące:

$$F(ch_1) = 7$$

$$F(ch_2) = 6$$

$$F(ch_3) = 8$$

$$F(ch_4) = 3$$

$$F(ch_5) = 4$$

$$F(ch_6) = 5$$

$$F(ch_7) = 8$$

$$F(ch_8) = 5.$$

Chromosom ch_3 i ch_7 charakteryzują się największą wartością funkcji przystosowania. W tej populacji są one najlepszymi kandydatami na rozwiązanie. Jeżeli zgodnie ze schematem blokowym algorytmu genetycznego, nie został spełniony warunek zatrzymania algorytmu, to następnym krokiem jest selekcja chromosomów z bieżącej populacji. Selekcja chromosomów.

Selekcji chromosomów dokonujemy metodą ruletki. Dla każdego z 8 chromosomów z bieżącej populacji otrzymujemy wycinki koła ruletki w procentach:

$$v(ch_1) = 15,22$$

$$v(ch_2) = 13,04$$

$$v(ch_3) = 17,39$$

$$v(ch_4) = 6,52$$

$$v(ch_5) = 8,70$$

$$v(ch_6) = 10,87$$

$$v(ch_7) = 17,39$$

$$v(ch_8) = 10,87,$$

gdyż suma wartości funkcji F dla 8 chromosomów wynosi 46 i dla ch_1 mamy

$$v(ch_1) = \frac{7}{46} \cdot 100 = 15,22.$$

Losowanie za pomocą koła ruletki sprowadza się do losowego wyboru liczby z przedziału $[0, 100]$, wskazującej konkretny chromosom. Załóżmy, że wylosowano 8 następujących liczb:

$$79, 44, 9, 74, 44, 85, 48, 23.$$

Oznacza to wybór następujących chromosomówch:

$$ch_7, ch_3, ch_1, ch_7, ch_3, ch_7, ch_4, ch_2.$$

Jak widać chromosom ch_7 został wylosowany aż trzykrotnie, a chromosom ch_3 dwukrotnie. Zauważmy, że są to chromosomy o najwyższej wartości funkcji przystosowania. Jednakże wylosowano też chromosom ch_4 o najmniejszej wartości funkcji przystosowania. Wszystkie wybrane w ten sposób chromosomy wchodzą do tzw. puli rodzicielskiej.

Zastosowanie operatorów genetycznych. Załóżmy, że żaden z chromosomów wylosowanych podczas selekcji nie ulega mutacji i wszystkie one stanowią populację chromosomów przeznaczonych do krzyżowania. Oznacza to, że przyjmujemy prawdopodobieństwo krzyżowania $p_c = 1$ oraz prawdopodobieństwo mutacji $p_m = 0$. Załóżmy, że wśród tych chromosomów losowo dobrano pary rodziców:

$$ch_2ich_7, ch_1ich_7, ch_3ich_4.$$

Dla pierwszej pary wylosowano punkt krzyżowania $l_k = 4$, dla drugiej $l_k = 3$, dla trzeciej $l_k = 11$, dla czwartej $l_k = 5$. W wyniku działania krzyżowani otrzymujemy cztery pary potomków. Przebieg krzyżowania przedstawia rysunek:

Pierwsza para rodziców	Pierwsza para potomków
[0011 00111010]	[0011 11011011]
[1010 11011011]	[1010 00111010]
Druga para rodziców	Druga para potomków
[111 001100101]	[111 011011011]
[101 011011011]	[101 001100101]
Trzecia para rodziców	Trzecia para potomków
[01110111001 1]	[01110111001 0]
[00100010100 0]	[00100010100 1]
Czwarta para rodziców	Czwarta para potomków
[01110 1110011]	[01110 1011011]
[10101 1011011]	[10101 1110011]

Gdy podczas losowego wyboru par chromosomów do krzyżowania skojarzono np. ch_3 i ch_3 oraz ch_4 i ch_7 zamiast ch_3 i ch_4 oraz ch_3 i ch_7 , a pozostałe pary zostałyby dobrane tak samo, to krzyżowanie ch_3 i ch_3 dałoby takie same 2 chromosomy bez względu na wylosowany punkt krzyżowania. Oznaczałoby to otrzymanie dwóch potomków identycznych jak ich rodzice. Zauważmy, że taka sytuacja jest najbardziej prawdopodobna dla chromosomów o największej wartości funkcji przystosowania, a więc takie chromosomy mają właśnie największe szanse na wejście do nowej populacji.

Utworzenie nowej populacji. Po zastosowaniu operacji krzyżowania mamy

następującą populację potomków:

$$Ch_1 = [001111011011]$$

$$Ch_2 = [101000111010]$$

$$Ch_3 = [111011011011]$$

$$Ch_4 = [101001100101]$$

$$Ch_5 = [011101110010]$$

$$Ch_6 = [001000101001]$$

$$Ch_7 = [011101011011]$$

$$Ch_8 = [101011110011].$$

Dla odróżnienia chromosomów z poprzedniej populacji nowe chromosomy oznaczamy dużą literą. Zgodnie ze schematem blokowym algorytmu genetycznego następuje teraz powrót do kroku 2, czyli ocenia się przystosowanie chromosomów z nowej populacji, która staje się populacją bieżącą. Wartości funkcji przystosowania chromosomów tej populacji są następujące:

$$F(Ch_1) = 8$$

$$F(Ch_2) = 6$$

$$F(Ch_3) = 9$$

$$F(Ch_4) = 6$$

$$F(Ch_5) = 7$$

$$F(Ch_6) = 4$$

$$F(Ch_7) = 8$$

$$F(Ch_8) = 8.$$

Jak widać populacja początkowa charakteryzuje się o wiele większą średnią wartością funkcji przystosowania niż populacja rodziców. Zauważmy, że w wyniku krzyżowania uzyskano chromosom Ch_3 o największej wartości funkcji przystosowania, jakiej nie posiadał żaden z chromosomów rodzicielskich. Mogłoby się jednak zdarzyć odwrotnie, a mianowicie, po pierwszej iteracji w wyniku operacji krzyżowania, mógłby zostać "utracony" chromosom, który w populacji rodziców charakteryzował się największą wartością funkcji przystosowania. Mimo to średnie przystosowanie nowej populacji byłoby lepsze niż poprzedniej, a chromosomy o większej wartości funkcji przystosowania miałyby szansę pojawić się w następnych generacjach.

Zadanie

Napisać program ilustrujący działanie klasycznego algorytmu genetycznego. Program ma liczyć minimum funkcji wykorzystując klasyczny algorytm genetyczny. Funkcja jest określona dla x z przedziału $[-8, 8]$ i jest funkcją zaproponowaną przez projektanta.

Ponieważ dziedzina funkcji jest ograniczona do przedziału $[-8, 8]$, więc możemy przyjąć chromosom jak ciąg 11 – *elementowy*, w którym pierwszy bit oznacza znak (np. 0 to '–', 1 to '+'), kolejne trzy znaki to część całkowita argumentu w reprezentacji binarnej, zaś końcowe 7 znaków to ułamkowa część argumentu. Jak to rozumieć? Proszę zobaczyć przykład.

Ciąg [11011110000] to argument, którego wartość rzeczywista wyrażona w systemie dziesiętnym wynosi

$$+1 \cdot 4 + 0 \cdot 2 + 1 + \frac{1}{2} + \frac{1}{4} + \frac{1}{8} + \frac{0}{16} + \frac{0}{32} + \frac{0}{64} + \frac{0}{128} = +4 + 1 + 0,5 + 0,25 + 0,125 = +5,875.$$