

Berufsakademie Sachsen
Staatliche Studienakademie Leipzig

Binäre und reelle Kodierung im Vergleich

Evolutionäre Algorithmen

Eingereicht von: Georg Andrassy
Martin Braun

Leipzig, 25. 11. 2016

1. Einführung

Zur näherungsweisen Berechnung des globalen Minimums der Griewank-Funktion wird ein evolutionärer Algorithmus eingesetzt. Dieser Algorithmus wird vor allem im Hinblick auf den Einfluss a) unterschiedlicher Kodierungsarten b) stabiler und wachsender Populationsgrößen auf den Fitnesswert der Individuen untersucht. Zusätzlich wird die Differenz zwischen dem besten und dem schlechtesten Individuum in der Population als Maß der Streuung betrachtet. Die Minimierung der Griewank-Funktion wird für drei verschiedene n ($n=5, 20, 50$) getestet:

$$f(x) = 1 + \sum_{i=1}^n \frac{x_i^2}{400n} - \prod_{i=1}^n \cos\left(\frac{x_i}{\sqrt{i}}\right)$$

2. Umsetzung

Für die Umsetzung wird folgenden Algorithmus verwendet:

1. Erzeugung der Startpopulation
 - fixe Ausgangspopulation mit X Anfangsindividuen
2. Elternselektion
 - Anzahl Elternpaar = e mit zufälliger Selektion
 - e wachsend bzw. stabil
3. Rekombination
 - Reelle Kodierung: intermediäre Rekombination
 - Binärkodierung: Ein-Punkt- und Zwei-Punkt-Rekombination (Zwei-Punkt: Mittelteil austauschen)
4. Mutation
 - Mutationswahrscheinlichkeit M $[0,1]$
 - von jedem Individuum soll zufällig ein Gen ausgewählt werden
 - für Mutation eines Gens Zufallszahl z $[0,1]$ ermitteln
 - Reelle Kodierung: wenn $z < M$, dann mutiere: addiere zum gewählten Allel einen festen Wert W
 - Binärkodierung: zufällig von dem gewählten Binär-Allel ein Bit auswählen, wenn $z < M$, dann switche Bit von 0 zu 1 bzw. 1 zu 0
5. Umweltselektion
 - aus Eltern + Kindern soll neue Population gewählt werden

- zuerst die besten A Individuen nehmen (deterministische Selektion) Gesamtpopulation soll wachsen (A wächst linear von Generation zu Generation um +1 an)
- dann aus Rest zufällig B Individuen auswählen

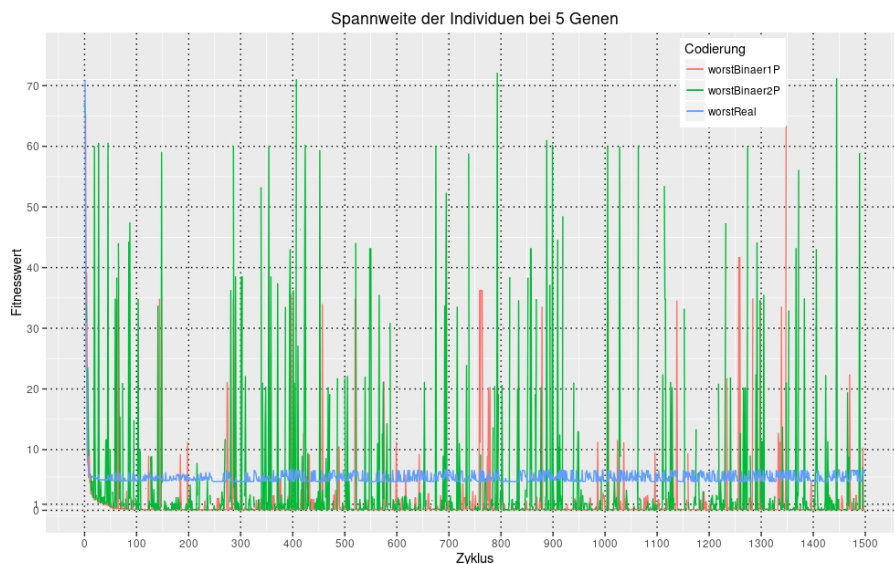
6. gehe zu Punkt 2 bis Abbruchkriterium K erreicht

Verwendete Parameter

<i>Parameter</i>	<i>Wert</i>
Größe der Startpopulation X Individuen	10
Anzahl der Elternpaare e	10 (+1 pro Zyklus)
Rekombinationswahrscheinlichkeit	0.9
Mutationswahrscheinlichkeit M	0.1
reeller Mutationswert W	+5.0
Auswahl bester Individuen a	10 (+1 pro Zyklus)
Auswahl zufällige Umweltselektion B	3
Abbruchkriterium K Zyklen	1500

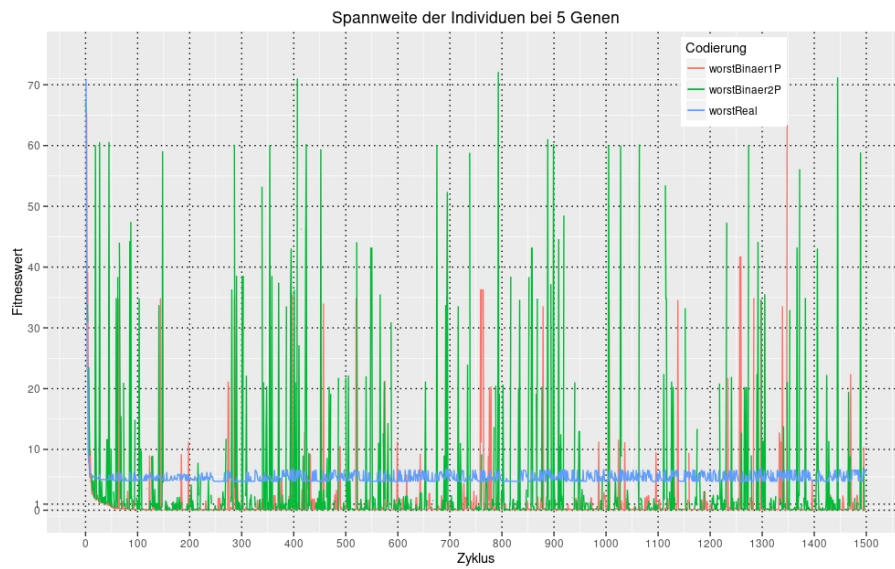
3. Ergebnisse und Interpretation

Vergleich Kodierungsarten



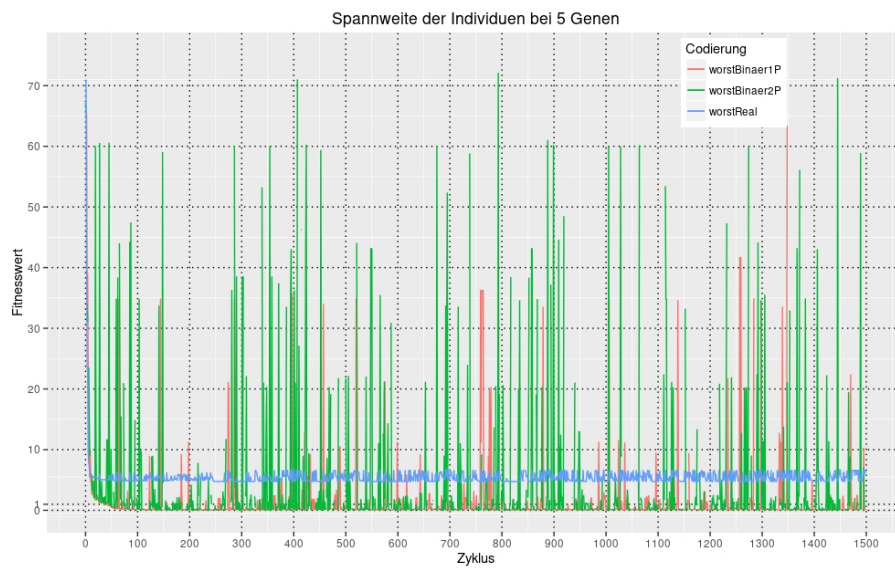
Spannweite bei 5 Genen

Population stabil vs. wachsend



Spannweite bei 5 Genen

Streuung:



Spannweite bei 5 Genen