

ALGORYTMY EWOLUCYJNE – TECHNIKI ZAAWANSOWANE

- Reprezentacja zmiennych decyzyjnych.
- Reprodukacja - mechanizmy selekcji.
- Operatory ewolucyjne: krzyżowanie, mutacja.

REPREZENTACJA ZMIENNYCH DECYZYJNYCH

1. Kodowanie binarne

1. Konieczność stosowania długich łańcuchów binarnych dla zadań wielowymiarowych w problemach silnie nieliniowych przy żądaniu wysokiej dokładności.
2. Nie gwarantuje dobrej korelacji pomiędzy przestrzenią zadania i przestrzenią reprezentacji (odległości pomiędzy dwoma punktami w obu przestrzeniach mogą się istotnie różnić).

Ad. 1.1 Komentarz:

Zmienna x z przedziału $\langle x_{\min}, x_{\max} \rangle$ określana z dokładnością k cyfr znaczących musi być zapisana na m bitach (genach), gdzie:

$$(x_{\max} - x_{\min}) \cdot 10^k \leq 2^m - 1$$

zaś jej wartość dziesiętkowa wynosi:

$$x = x_{\min} + (01001 \cdots 001_2)_{10} \cdot \frac{x_{\max} - x_{\min}}{2^m - 1}$$

Długość chromosomu: $\boxed{n \cdot m}$ gdzie n jest liczbą zmiennych.

Przykład:

10 zmiennych ($n = 10$) , każda zmienna, zapisana z dokładnością do 4 cyfr znaczących, zawiera się w przedziale $<10,100>$:

Zatem: $(100-10) \cdot 10^4 \leq 2^m - 1 \Rightarrow m = 20$
 $900\,000 \leq 2^{20} - 1 (= 1\,048\,575)$

i długość jednego chromosomu wynosi $10 \cdot 20 = 200$ bitów.

Ad. 1.2 Rozważmy dwie wartości zmiennej: $x = 7_{10}$ i $x = 8_{10}$.

W systemie dziesiętkowym odległość między tymi wartościami wynosi 1, zaś w systemie dwójkowym $x = 0111_2$ i $x = 1000_2$

Traktując każdą cyfrą w zapisie dwójkowym liczby jako niezależną współrzędną, „odległość” między tymi wartościami wynosi $\sqrt{(0-1)^2 + (1-0)^2 + (1-0)^2 + (1-0)^2} = \sqrt{4} = 2$, zaś np. dla liczb $x=8_{10}=1000_2$ i $x=9_{10}=1001_2$ ta „odległość” jest równa 1.

2. Kodowanie przy wykorzystaniu kodu Gray'a

1. Poprawia korelację pomiędzy przestrzenią zadania i przestrzeni reprezentacji.
2. Dowolne dwa punkty leżące obok siebie w przestrzeni zadania różnią się zawsze jednym bitem w przestrzeni reprezentacji.

Lub inaczej:

Kod Graya: reprezentacja binarna dwóch kolejnych liczb dziesiętkowych różni się tylko jednym bitem.

Przykładowo, dla pierwszych 16 liczb całkowitych:

Liczba dziesiętkowa	Kod binarny	Kod Gray'a
0	0000	0000
1	0001	0001

Liczba dziesiętkowa	Kod binarny	Kod Gray'a
2	0010	0011
3	0011	0010
4	0100	0110
5	0101	0111
6	0110	0101
7	0111	0100
8	1000	1100
9	1001	1101
10	1010	1111
11	1011	1110
12	1100	1010
13	1101	1011
14	1110	1001
15	1111	1000

Prosta konwersja z naturalnego kodu binarnego na kod Graya

Zamiast konstruowania tablicy kodu Graya dla liczby zapisanej w kodzie dwójkowym można znaleźć odpowiednik w kodzie Graya w następujący sposób:

1. Przesunąć liczbę w postaci binarnej o jeden bit w prawo (podzielić przez 2).

liczba $DIV\ 2 \rightarrow$ liczba podzielona przez 2

2. Wykonać operację XOR (*różnica symetryczna* -jest prawdziwa wtedy i tylko wtedy, gdy dokładnie jedno ze zdań p, q jest prawdziwe) na odpowiednich bitach liczby i wyniku dzielenia liczby przez 2.

XOR: $0 \text{ xor } 1 \rightarrow 1$ $1 \text{ xor } 1 \rightarrow 0$ $0 \text{ xor } 0 \rightarrow 0$

Np. w języku C tę operację można zapisać następującym wyrażeniem:

gray = liczba XOR (liczba $DIV\ 2$).

Konwersja z kodu Graya na naturalny kod binarny

Kolejne cyfry naturalnego kodu binarnego wyznacza się iteracyjnie, od najbardziej znaczącej, w oparciu o odpowiednią cyfrę kodu Graya i poprzednio wyznaczoną cyfrę kodu naturalnego:

1. Przyjmij pierwszą (najbardziej znaczącą) cyfrę kodu naturalnego równą pierwszej cyfrze kodu Graya
2. Każdą kolejną cyfrę oblicz jako różnicę symetryczną (XOR) odpowiedniej cyfry kodu Graya i poprzednio wyznaczonej cyfry kodu naturalnego.

Przykład przeliczenia:

Krok	Kod Graya	XOR	Kod naturalny
1.	1010	$1 \rightarrow 1$	1—
2.	1010	$0 \text{ xor } 1 \rightarrow 1$	11—

3.	1010	$1 \text{ xor } 1 \rightarrow 0$	110–
4.	1010	$0 \text{ xor } 0 \rightarrow 0$	1100

Wynik: słowu 1010 w kodzie Graya odpowiada ciąg 1100 w kodzie naturalnym, czyli liczba 12.

Rzeczywiście, jak pokazuje przedstawiona wyżej konstrukcja, 1010 jest trzynastym słowem kodowym 4-bitowego kodu, a więc (przy numeracji rozpoczynającej się od zera) odpowiada mu liczba 12.

3. Kodowanie zmiennoprzecinkowe

Chromosom jest kodowany jako wektor liczb rzeczywistych o tej samej długości co wektor zmiennych decyzyjnych.

Gen: - liczba zmiennoprzecinkowa zapisana z największą dokładnością wynikającą ze specyfiki komputera i stosowanego systemu operacyjnego.

Chromosom: - tablica jednowymiarowa o n elementach, gdzie n jest liczbą zmiennych.

Populacja: - Tablica dwuwymiarowa, gdzie drugim wymiarem jest liczność populacji.

REPRODUKCJA - MECHANIZMY SELEKCJI.

Selekcja to wybór chromosomów do reprodukcji, tzn. wybór kandydatów na *rodziców* następnego pokolenia.

Najczęstsze metody selekcji

- Selekcja proporcjonalna
- Selekcja turniejowa
- Selekcja rankingowa

Selekcja proporcjonalna

Omówiona poprzednio metoda ruletki z wagą proporcjonalną do względnej wartości funkcji przystosowania chromosomu w populacji.

Najistotniejsza wada: może być stosowana jedynie w problemach maksymalizacji funkcji celu, która jest dodatnia w całym obszarze.

Wymaga więc wprowadzenia skalowania funkcji celu dla problemów minimalizacji oraz funkcji celu o możliwych ujemnych wartościach.

Selekcja turniejowa

Zalety: znak funkcji celu nie ma znaczenia, może być stosowana zarówno do problemów minimalizacyjnych jak i maksymalizacyjnych.

Idea: Aktualna populacje dzieli się na podgrupy i najlepszy chromosom z każdej podgrupy staje się kandydatem na *rodzica* następnej populacji.

Schemat 1:

Dla kolejnych $j = 1, .,, J$:

1. Losuje się dwie liczby całkowite a i b z przedziału $<1, J>$.
2. Porównuje się chromosomy x_a i x_b z aktualnej populacji. Lepszy z tych dwóch chromosomów (na podstawie funkcji przystosowania) staje się kandydatem na *rodzica* następnej populacji.

Schemat 2:

Dla kolejnych $j = 1, \dots, J$:

1. Losuje się liczbę całkowitą a z przedziału $\langle 1, J \rangle$.
2. Porównuje się chromosomy x_a i x_j z aktualnej populacji. Lepszy z tych dwóch chromosomów (na podstawie funkcji przystosowania) staje się kandydatem na rodzica następnej populacji.
(najlepszy z chromosomów będzie co najmniej raz skopiowany)

Selekcja rankingowa

Idea: Populację sortuje się od najlepszego do najgorszego chromosomu (z uwagi na wartość funkcji przystosowania) i każdemu chromosomowi populacji przypisuje się wagę. Prawdopodobieństwo selekcji zależy od wagi chromosomu a nie wartości jego funkcji przystosowania.

Ranking liniowy

Prawdopodobieństwo selekcji j -tego chromosomu ma postać:

$$p_j = q - (q - q_0) \frac{j-1}{J-1}$$

gdzie:

- q - prawdopodobieństwo selekcji najlepszego chromosomu,
- q_0 - prawdopodobieństwo selekcji najgorszego chromosomu.

Selekcja następuje metoda ruletki.

Ranking wykładniczy

Prawdopodobieństwo selekcji j -tego chromosomu ma postać:

$$p_j = q(1 - q)^{j-1} \quad \text{lub} \quad p_j = q^{j-1}$$

gdzie:

q - prawdopodobieństwo selekcji najlepszego chromosomu,

Selekcja następuje metoda ruletki.

PRZYKŁAD

- Chromosom 10 bitowy (10 genowy) reprezentuje 2 nieujemne zmienne całkowite:

$$x_1 : \text{bity } 0 - 4 \quad \text{oraz} \quad x_2 : \text{bity } 5 - 9.$$

- Funkcja przystosowania ma postać: $f(x_1, x_2) = 2000 - x_1 - x_2 - x_1 x_2$
- Populacja składa się z 6 chromosomów.

Aktualna populacja:

$$\text{ch1} = (1\ 1\ 1\ 0\ 1\ 1\ 1\ 1\ 0\ 1)$$

$$\text{ch2} = (1\ 0\ 0\ 0\ 1\ 1\ 0\ 1\ 0\ 0)$$

$$\text{ch3} = (0\ 0\ 0\ 1\ 1\ 0\ 1\ 1\ 0\ 1)$$

$$\text{ch4} = (0\ 0\ 1\ 0\ 0\ 0\ 1\ 0\ 0\ 0)$$

$$\text{ch5} = (0\ 1\ 1\ 0\ 1\ 0\ 1\ 1\ 0\ 1)$$

$$\text{ch6} = (0\ 0\ 1\ 0\ 1\ 0\ 0\ 0\ 0\ 0)$$

$$\underline{f(x_1, x_2) = 2000 - x_1 - x_2 - x_1x_2}$$

$$\underline{\sum f = 10425}$$

$$\text{ch 1} \Rightarrow \begin{cases} x_1 = (11101)_2 = 29_{10} \\ x_2 = (11101)_2 = 29_{10} \end{cases} \Rightarrow \underline{f(x_1, x_2) = 1101}$$

$$\text{ch 2} \Rightarrow \begin{cases} x_1 = (10100)_2 = 20_{10} \\ x_2 = (10001)_2 = 17_{10} \end{cases} \Rightarrow \underline{f(x_1, x_2) = 1623}$$

$$\text{ch 3} \Rightarrow \begin{cases} x_1 = (01101)_2 = 13_{10} \\ x_2 = (00011)_2 = 3_{10} \end{cases} \Rightarrow \underline{f(x_1, x_2) = 1945}$$

$$\text{ch 4} \Rightarrow \begin{cases} x_1 = (01000)_2 = 8_{10} \\ x_2 = (00100)_2 = 4_{10} \end{cases} \Rightarrow \underline{f(x_1, x_2) = 1956}$$

$$\text{ch 5} \Rightarrow \begin{cases} x_1 = (01101)_2 = 13_{10} \\ x_2 = (01101)_2 = 13_{10} \end{cases} \Rightarrow \underline{f(x_1, x_2) = 1805}$$

$$\text{ch 6} \Rightarrow \begin{cases} x_1 = (00000)_2 = 0_{10} \\ x_2 = (00101)_2 = 5_{10} \end{cases} \Rightarrow \underline{f(x_1, x_2) = 1995}$$

$$\underline{\sum f = 10425}$$

Przyjmijmy, że

selekcja + krzyżowanie = nowe pokolenie

selekcja: proporcjonalna, turniejowa, rankingowa.

krzyżowanie:	ch1 z ch2	na pozycji	5
	ch3 z ch4	na pozycji	3
	ch5 z ch6	na pozycji	6

Selekcja proporcjonalna + krzyżowanie

	FP	Wycinek koła ruletki w %	Prawdopodo- bieństwo wy- losowania	Skumulowane wycinki koła
Ch1	1101	10.5%	0.105	$0 \leq p \leq 10.5$
Ch2	1623	15.6%	0.156	$10.5 < p \leq 26.1$
Ch3	1945	18.7%	0.187	$26.1 < p \leq 44.8$
Ch4	1956	18.8%	0.188	$44.8 < p \leq 63.6$
Ch5	1805	17.3%	0.173	$63.6 < p \leq 80.9$
Ch6	1995	19.1%	0.191	$80.9 < p \leq 100.0$
Σ :	10425	100%	1.000	

Losuje się sześć liczb z przedziału [0,100]:

np.: 17, 56, 28, 89, 41, 96.

Do reprodukcji wybrano: ch2, ch4, ch3, ch6, ch3, ch6

Populacja po reprodukcji i krzyżowaniu:

	Rodzice	Potomkowie	$x2$	$x1$	$f(x1,x2)$
ch1	(1 0 0 0 1 1 0 1 0 0)	(1 0 0 0 1 0 1 0 0 0)	17	8	1839
ch2	(0 0 1 0 0 0 1 0 0 0)	(0 0 1 0 0 1 0 1 0 0)	4	20	1896
ch3	(0 0 0 1 1 0 1 1 0 1)	(0 0 0 0 1 0 0 0 0 0)	1	0	1999
ch4	(0 0 1 0 1 0 0 0 0 0)	(0 0 1 1 1 0 1 1 0 1)	7	13	1889
ch5	(0 0 0 1 1 0 1 1 0 1)	(0 0 0 1 1 0 0 0 0 0)	3	0	1997
ch6	(0 0 1 0 1 0 0 0 0 0)	(0 0 1 0 1 0 1 1 0 1)	5	13	1967
Suma funkcji przystosowania =					11537

Selekcja turniejowa + krzyżowanie

Schemat 1

j	a	b	f(a)	f(b)	chromosom
1	1	3	1101	1945	3
2	3	3	1945	1945	3
3	5	6	1805	1995	6
4	2	5	1623	1805	5
5	5	4	1805	1956	4
6	3	5	1945	1805	3

Do reprodukcji wybrano:

ch3, ch3, ch6, ch5, ch4, ch3

Populacja po reprodukcji i krzyżowaniu:

	Rodzice	Potomkowie	x2	x1	f(x1,x2)
ch1	(0 0 0 1 1 0 1 1 0 1)	(0 0 0 1 1 0 1 1 0 1)	3	13	1945
ch2	(0 0 0 1 1 0 1 1 0 1)	(0 0 0 1 1 0 1 1 0 1)	3	13	1945
ch3	(0 0 1 0 1 0 0 0 0 0)	(0 0 1 0 1 0 1 1 0 1)	5	13	1917
ch4	(0 1 1 0 1 0 1 1 0 1)	(0 1 1 0 1 0 0 0 0 0)	13	0	1987

ch5	(0 0 1 0 0 0 1 0 0 0)	(0 0 1 0 0 0 1 1 0 1)	4	13	1931
ch6	(0 0 0 1 1 0 1 1 0 1)	(0 0 0 1 1 0 1 0 0 0)	3	8	1965
Suma funkcji przystosowania =					11690

Selekcja turniejowa + krzyżowanie (c.d.)

Schemat 2 – wersja 1

j	a	f(j)	f(a)	chromosom
1	1	1101	1101	1
2	3	1623	1945	3
3	5	1945	1805	3
4	2	1956	1623	4
5	5	1805	1805	5
6	3	1995	1945	6

Do reprodukcji wybrano:

ch1, ch3, ch3, ch4, ch5, ch6

Populacja po reprodukcji i krzyżowaniu:

	Rodzice	Potomkowie	x_2	x_1	$f(x_1, x_2)$
ch1	(1 1 1 0 1 1 1 1 0 1)	(1 1 1 0 1 0 1 1 0 1)	29	13	1581
ch2	(0 0 0 1 1 0 1 1 0 1)	(0 0 0 1 1 1 1 1 0 1)	3	29	1881
ch3	(0 0 0 1 1 0 1 1 0 1)	(0 0 0 0 0 0 1 0 0 0)	0	8	1992
ch4	(0 0 1 0 0 0 1 0 0 0)	(0 0 1 1 1 0 1 1 0 1)	7	13	1889
ch5	(0 1 1 0 1 0 1 1 0 1)	(0 1 1 0 1 0 0 0 0 0)	13	0	1987
ch6	(0 0 1 0 1 0 0 0 0 0)	(0 0 1 0 1 0 1 1 0 1)	5	13	1917
Suma funkcji przystosowania =					11247

Selekcja turniejowa + krzyżowanie (c.d.)

Schemat 2 – wersja 2

j	b	f(j)	f(b)	chromosom
1	3	1101	1945	3
2	3	1623	1945	3
3	6	1945	1995	6
4	5	1956	1805	4
5	4	1805	1956	4
6	5	1995	1805	6

Do reprodukcji wybrano:

ch3, ch3, ch6, ch4, ch4, ch6

Populacja po reprodukcji:

	Rodzice	Potomkowie	$x2$	$x1$	$f(x1,x2)$
ch1	(0 0 0 1 1 0 1 1 0 1)	(0 0 0 1 1 0 1 1 0 1)	3	13	1945
ch2	(0 0 0 1 1 0 1 1 0 1)	(0 0 0 1 1 0 1 1 0 1)	3	13	1945

ch3	(0 0 1 0 1 0 0 0 0 0)	(0 0 1 0 0 0 1 0 0 0)	4	8	1956
ch4	(0 0 1 0 0 0 1 0 0 0)	(0 0 1 0 1 0 0 0 0 0)	5	0	1995
ch5	(0 0 1 0 0 0 1 0 0 0)	(0 0 1 0 0 0 0 0 0 0)	4	0	1996
ch6	(0 0 1 0 1 0 0 0 0 0)	(0 0 1 0 1 0 1 0 0 0)	5	8	1947
Suma funkcji przystosowania =					11784

Selekcja rankingowa + krzyżowanie

Kolejność aktualnych chromosomów od najlepszego do najgorszego: **6 – 4 – 3 – 5 – 2 – 1**

- Chromosom najlepszy (6) : $q = 0.90$
- Chromosom najgorszy (1) : $q = 0.10$
- Wagi przypisane kolejnym chromosomom:

Ranking liniowy: $p_j = 0.9 - 0.16(j - 1)$

Ranking wykładniczy: $p_j = 0.9^{j-1}$

Ranking liniowy

	j	p_j	% koła	Skum. % koła
Ch6	1	0.90	30.00	70.00 – 100.00
Ch4	2	0.74	24.67	45.33 – 70.00
Ch3	3	0.58	19.33	26.00 – 45.33
Ch5	4	0.42	14.00	12.00 – 26.00
Ch2	5	0.26	8.67	3.33 – 12.00

Ch1	6	0.10	3.33	0 – 3.33
Σ:		3.0	100	

Losuje się sześć liczb [0,100]: np.: 17, 56, 28, 89, 41, 96.

Do reprodukcji wybrano: ch5, ch4, ch3, ch6, ch3, ch6

Populacja po reprodukcji i krzyżowaniu:

	Rodzice	Potomkowie	x_2	x_1	$f(x_1, x_2)$
ch1	(0 1 1 0 1 0 1 1 0 1)	(0 1 1 0 1 0 1 0 0 0)	13	8	1875
ch2	(0 0 1 0 0 0 1 0 0 0)	(0 0 1 0 0 0 1 1 0 1)	4	13	1931
ch3	(0 0 0 1 1 0 1 1 0 1)	(0 0 0 0 1 0 0 0 0 0)	1	0	1999
ch4	(0 0 1 0 1 0 0 0 0 0)	(0 0 1 1 1 0 1 1 0 1)	7	13	1889
ch5	(0 0 0 1 1 0 1 1 0 1)	(0 0 0 1 1 0 0 0 0 0)	3	0	1997
ch6	(0 0 1 0 1 0 0 0 0 0)	(0 0 1 0 1 0 1 1 0 1)	5	13	1917
Suma funkcji przystosowania =					11608

Ranking wykładniczy

	j	p_j	% koła	Skum. % koła
Ch6	1	1.00	21.35	78.65 – 100.00
Ch4	2	0.90	19.20	59.45 – 78.65
Ch3	3	0.81	17.29	42.16 – 59.45
Ch5	4	0.73	15.56	26.60 – 42.16
Ch2	5	0.66	14.00	12.60 – 26.60
Ch1	6	0.59	12.60	0 – 12.60
Σ :		4.69	100	

Losuje się sześć liczb [0,100]: $np.$: 17, 56, 28, 89, 41, 96.

Do reprodukcji wybrano: ch2, ch3, ch5, ch6, ch5, ch6

Populacja po reprodukcji i krzyżowaniu:

	Rodzice	Potomkowie	x_2	x_1	$f(x_1, x_2)$
ch1	(1 0 0 0 1 1 0 1 0 0)	(1 0 0 0 1 0 1 1 0 1)	17	13	1749
ch2	(0 0 0 1 1 0 1 1 0 1)	(0 0 0 1 1 1 0 1 0 0)	3	20	1917
ch3	(0 1 1 0 1 0 1 1 0 1)	(0 1 1 0 1 0 0 0 0 0)	13	0	1987
ch4	(0 0 1 0 1 0 0 0 0 0)	(0 0 1 0 1 0 1 1 0 1)	5	13	1917
ch5	(0 1 1 0 1 0 1 1 0 1)	(0 1 1 0 1 0 0 0 0 0)	13	0	1987
ch6	(0 0 1 0 1 0 0 0 0 0)	(0 0 1 0 1 0 1 1 0 1)	5	13	1917
Suma funkcji przystosowania =					11474

Podsumowanie:

Selekcja	Suma FP	Najlepsze x_1, x_2	Najgorsze x_1, x_2
-	10425	-	-
Proporcjonalna	11537	0,3	8,17
Turniejowa 1	11690	0,13	13,5
Turniejowa 2.1	11247	8,0	13,29
Turniejowa 2.2	11784	0,4	13,3
Rankingowa liniowa	11608	0,3	8,13
Rankingowa wykładnicza	11474	0,13	13,17