

## **Terminologia używana w algorytmach genetycznych (zapożyczone z genetyki)**

- **Populacja** - zbiór osobników o określonej liczności.
- **Osobnik** - zakodowany zbiór zmiennych określający potencjalne rozwiązanie zadania.
- **Chromosom** - ciąg kodowy zawierający jedno z rozwiązań zadania (dobre lub złe).
- **Gen** - elementarny element chromosomu zawierający element rozwiązania.
- **Genotyp** - struktura chromosomów danego osobnika.
- **Fenotyp** - zestaw wartości odpowiadających danemu genotypowi, czyli zbiór wielkości stanowiących rozwiązanie o określonej jakości („dobroci”).
- **Allel** - wartość konkretnego genu.
- **Locus** - miejsce położenia konkretnego genu w chromosomie.

## **SCHEMAT ROZWIĄZANIA ZADANIA OPTYMALIZACJI PRZY POMOCY ALGORYTMU GENETYCZNEGO**

1. Rzeczywistość (istniejąca lub projektowana).
2. Model fizyczny.
3. Model matematyczny (optymalizacyjny):
  - a. Zmienne projektowania
  - b. Funkcja celu
  - c. Ograniczenia
4. Funkcja celu + ograniczenia  $\Rightarrow$  funkcja przystosowania.
5. Sposób kodowania zmiennych decyzyjnych w chromosomie.
6. Parametry algorytmu genetycznego:
  - a. Wielkość populacji
  - b. Max. ilość iteracji
  - c. Prawdopodobieństwa selekcji, krzyżowania, mutacji itp.
  - d. Kryterium zatrzymania algorytmu
7. Realizacja AG  $\Rightarrow$  rozwiązanie optymalne.

## PODSTAWY ALGORYTMÓW GENETYCZNYCH

- Teoria Algorytmów Genetycznych (AG) powstała w oparciu o analogie do procesów obserwowanych w ewolucji naturalnej.
- Proces rozwiązywania problemu przy pomocy AG (ewolucji) następuje na drodze poszukiwania *losowo* ‘lepszego’ chromosomu.
- Chromosomy nie wiedzą o typie rozwiązywanego problemu, który reprezentują – jedyną informacją jest ***ocena jakości*** danego chromosomu, decydująca o tym, które z chromosomów mają większą lub mniejszą szansę na dalszą reprodukcję.
- Proces rozwiązywania nie posiada pamięci – wszystko co ‘wie’ o metodzie kreowania kolejnego lepszego organizmu jest zawarte w genach przetwarzanych chromosomów.

## MODEL KLASYCZNEGO ALGORYTMU GENETYCZNEGO

- Klasyczny AG operuje na łańcuchach złożonych z ‘0’ i ‘1’.

- Pojedynczy element łańcucha: **gen.**

- Łańcuch genów **chromosom.**

- Zbiór chromosomów o określonej liczności:

**populacja.**

W chromosomie jest zapisana pełna informacja o **wartościach zmiennych decyzyjnych** zadania.

## **Kodowanie zmiennych decyzyjnych (przykład):**

### ***Założenia:***

1. Na zmienną decyzyjną przeznaczają się 2 bajty (16 bitów = 1 bit znaku + 15 bitów na wartość).
  2. Zmienną decyzyjną  $xreal_i$  określa się z dokładnością do trzech cyfr po przecinku (dziesiętnie).
- Konwersja zmiennej rzeczywistej  $xreal_i$  do zmiennej całkowitej  $xint_i$  :

$$xint_i = xreal_i \times 10^3$$

Zakres zmienności zmiennej całkowitej:  $\pm (2^{15} - 1) = \pm 32767$

Zakres zmienności zmiennej rzeczywistej:  $\pm 32,767$

- Długość chromosomu dla  $n$  zmiennych:  
 $2n$  bajtów =  $16n$  bitów.

### **Założenia dla realizacji AG:**

1. W ramach określonej populacji wszystkie chromosomy mają taką samą długość (liczbę genów).
2. Długość chromosomu i licznosc populacji zależą od charakteru konkretnego problemu i są określane na etapie projektowania AG.

### **Określa się następujące mechanizmy AG:**

- Mechanizm generacji początkowej populacji.
- Mechanizm oceny ‘jakości’ chromosomu.
- Mechanizm selekcji chromosomów do dalszego przetwarzania – tzw. reprodukcji.
- Mechanizm mutacji.
- Mechanizm krzyżowania.

## **Mechanizm generacji początkowej populacji:**

Losowe utworzenie żądanej liczby (populacji) chromosomów.

Przykład: Należy wygenerować populację składającą się z sześciu chromosomów, każdy o długości dziesięciu genów. Można to zrealizować używając generatora liczb pseudolosowych.

Otrzymano w ten sposób np. następującą populację:

ch1 = (1 1 1 0 1 1 1 1 0 1)

ch2 = (1 0 0 0 1 1 0 1 0 0)

ch3 = (0 0 0 1 1 0 1 1 0 1)

ch4 = (0 0 1 0 0 0 1 0 0 0)

ch5 = (0 1 1 0 1 0 1 1 0 1)

ch6 = (0 0 1 0 1 0 0 0 0 0)

## **Mechanizm oceny ‘jakości’ chromosomu:**

Polega na wyznaczeniu wartości tzw. *funkcji przystosowania* FP, będącej miarą w jaki sposób dany chromosom rozwiązuje poszukiwany problem.

Postać tej funkcji zależy od charakteru problemu i jest określana na etapie projektowania AG rozwiązującego konkretny problem.

**Założenie:** Funkcja przystosowania przyjmuje jedynie wartości nieujemne, zaś rozwiązanie problemu polega na znalezieniu maksimum tej funkcji.



Przykład 1: Poszukujemy chromosomu posiadającego największą z możliwych liczbę ‘jedynek’.

Dla wylosowanej populacji otrzymamy:

ch1 = (1 1 1 0 1 1 1 1 0 1)      FP(ch1) = 8

ch2 = (1 0 0 0 1 1 0 1 0 0)      FP(ch2) = 4

ch3 = (0 0 0 1 1 0 1 1 0 1)      FP(ch3) = 5

ch4 = (0 0 1 0 0 0 1 0 0 0)      FP(ch4) = 2

ch5 = (0 1 1 0 1 0 1 1 0 1)      FP(ch5) = 6

ch6 = (0 0 1 0 1 0 0 0 0 0)      FP(ch6) = 2

Zatem największą FP ma chromosom pierwszy i on najbardziej nadaje się do rozwiązania naszego problemu.

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

$x_1$  : bity 0 – 4

$x_2$  : bity 5 – 9.

Funkcja przystosowania ma postać:

$$f(x_1, x_2) = 2000 - x_1 - x_2 - x_1x_2$$

$$f(x_1, x_2) = 2000 - x_1 - x_2 - x_1x_2$$

Wtedy dla wylosowanej populacji początkowej:

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

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

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

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

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

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

## **Mechanizm selekcji:**

Wybranie (selekcja) zbioru chromosomów przeznaczonych do reprodukcji – tzn. wybranie zbioru chromosomów o tej samej liczności co populacja początkowa, które staną się *rodzicami* nowo tworzonej populacji *potomków*.

**Selekcja** ma charakter losowy, jednakże taki aby chromosomy o największej wartości funkcji dopasowania miały największe szanse na wylosowanie do dalszej reprodukcji

*„przetrwają tylko najsilniejsi”.*

*Najprostsza metoda selekcji*  $\Rightarrow$  **metoda ruletki:**

## Metoda ruletki:

1. Oblicza się sumę wartości funkcji przystosowania wszystkich chromosomów populacji → 100% (całe koło ruletki).
2. Każdemu chromosomowi przydziela się wycinek koła ruletki proporcjonalny do procentowego udziału wartości jego funkcji przystosowania w całkowitej sumie wartości funkcji przystosowania wszystkich chromosomów.

Wycinek taki jest przedziałem  $[a, b]$ , ( $a \geq 0$  i  $b \leq 100$ ),

i przedstawia prawdopodobieństwo wylosowania danego chromosomu.

- 3 Losuje się liczbę  $p$  z przedziału  $[0, 100]$ , która wskazuje na konkretny punkt na kole ruletki należący do wycinka odpowiadającego konkretnemu chromosomowi. Tak wybrany chromosom przeznacza się do dalszej reprodukcji.

Liczba losowań jest równa liczności populacji.

Wylosowane do reprodukcji chromosomy łączy się losowo w pary **rodziców**, które na drodze krzyżowania i mutacji zostaną przekształcone w pary **potomków** tworząc nową kolejną populację.

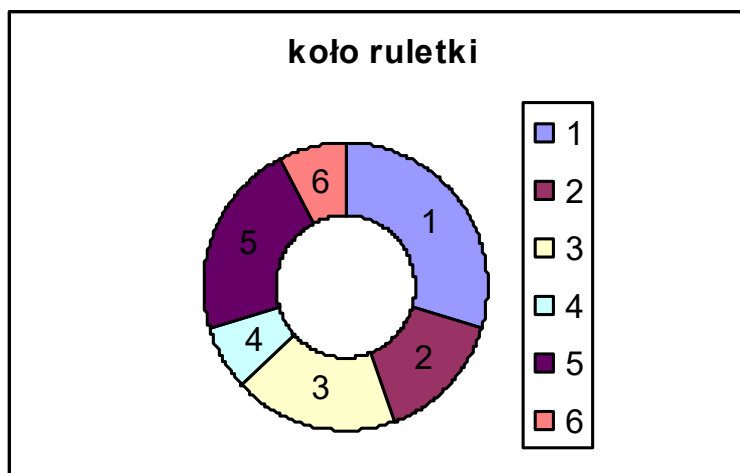
Przykład 1:

	FP	Wycinek ko- ła ruletki w %	Prawdopodo- bieństwo wylo- sowania	Skumulowane wy- cinki koła
Ch1	8	29.63%	0.30	$0 \leq p \leq 29.63$
Ch2	4	14.81%	0.15	$29.63 < p \leq 44.44$
Ch3	5	18.52%	0.19	$44.44 < p \leq 62.96$
Ch4	2	7.41%	0.07	$62.96 < p \leq 70.37$
Ch5	6	22.22%	0.22	$70.37 < p \leq 92.59$
Ch6	2	7.41%	0.07	$92.59 < p \leq 100.0$
$\Sigma$ :	27	100%	1.00	

Przykład 2:

	FP	Wycinek koła ruletki w %	Prawdopodobieństwo wylosowania	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	

### Przykład 1



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

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

Do reprodukcji wybrano:

W przykładzie 1: ch1, ch3, ch1, ch5, ch2, ch6

W przykładzie 2: ch2, ch4, ch3, ch6, ch3, ch6



Zatem populacja do reprodukcji ma teraz postać:

Przykład 1:

<i>nowy</i>	<i>stary</i>
ch1 = (1 1 1 0 1 1 1 1 0 1)	= ch1
ch2 = (0 0 0 1 1 0 1 1 0 1)	= ch3
ch3 = (1 1 1 0 1 1 1 1 0 1)	= ch1
ch4 = (0 1 1 0 1 0 1 1 0 1)	= ch5
ch5 = (1 0 0 0 1 1 0 1 0 0)	= ch2
ch6 = (0 0 1 0 1 0 0 0 0 0)	= ch6

17, 56, 28, 89, 41, 96

	FP	Wycinek koła ruletki w %	Prawdopodobieństwo wylosowania	Skumulowane wyliczki koła
Ch1	8	29.63%	0.30	$0 \leq p \leq 29.63$
Ch2	4	14.81%	0.15	$29.63 < p \leq 44.44$
Ch3	5	18.52%	0.19	$44.44 < p \leq 62.96$
Ch4	2	7.41%	0.07	$62.96 < p \leq 70.37$
Ch5	6	22.22%	0.22	$70.37 < p \leq 92.59$
Ch6	2	7.41%	0.07	$92.59 < p \leq 100.0$
Σ:	27	100%	1.00	

17, 56, 28, 89, 41, 96

Przykład 2:

<i>nowy</i>	<i>stary</i>
ch1 = (1 0 0 0 1 1 0 1 0 0)	= ch2
ch2 = (0 0 1 0 0 0 1 0 0 0)	= ch4
ch3 = (0 0 0 1 1 0 1 1 0 1)	= ch3
ch4 = (0 0 1 0 1 0 0 0 0 0)	= ch6
ch5 = (0 0 0 1 1 0 1 1 0 1)	= ch3
ch6 = (0 0 1 0 1 0 0 0 0 0)	= ch6

	FP	Wycinek koła ruletki w %	Prawdopodobieństwo wylosowania	Skumulowane wyliczki 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	

## **Mechanizm mutacji:**

Jest to oddziaływanie na populację rodziców przed procesem krzyżowania lub na populację potomków utworzoną w wyniku krzyżowania, przebiegające następująco:

1. Na etapie projektowania AG ustala się prawdopodobieństwo  $p_m$  zaistnienia mutacji (przyjmuje się je jako bardzo małe).
2. Dla każdego genu z kolejnego chromosomu losowana jest liczba  $k$  z przedziału  $[0,1]$ . Jeżeli  $k \leq p_m$  to gen podlega mutacji, inaczej – nie.
3. Mutacja genu polega na zmianie jego wartości z 0 na 1 lub z 1 na 0.
4. Przeprowadzenie mutacji przed lub po krzyżowaniu nie wpływa merytorycznie na jej efekt.

Przykład: Ustalono prawdopodobieństwo  $p_m = 0.006$ .

Dla genów chromosomu jednego z rodziców wylosowano liczby  $k$  takie, że  $k_{1-4} > 0.006$ ,  $k_5 = 0.004$ ,  $k_{6-10} > 0.006$ .

Tak więc:

chromosom przed mutacją: (0 0 0 1 **1** 0 1 1 0 1)

chromosom po mutacji: (0 0 0 1 **0** 0 1 1 0 1)

W *przykładzie 1* mutacja pogorszyła jakość chromosomu (liczba jedynek zmalała z 5 na 4), w *przykładzie 2* – polepszyła (FP wzrosła z 1945 na 1959).

Rolą mutacji jest wprowadzanie nowego materiału genetycznego.

*Np.:* Gdyby wszystkie chromosomy na którejś pozycji posiadały ‘0’, to w wyniku tylko operacji krzyżowania nigdy na tej pozycji nie pojawi się ‘1’.

## Mechanizm krzyżowania:

Krzyżowanie par chromosomów, polegające na wymianie części materiału genetycznego pomiędzy chromosomami, może skutkować potomkiem dziedziczącym tylko *lepsze* cechy swoich rodziców.

### *Przebieg krzyżowania:*

1. Na etapie projektowania AG ustala się prawdopodobieństwo krzyżowania  $p_k$ . Powinno być ono stosunkowo duże. Często przyjmuje się  $p_k = 1$ .
2. Dla każdego chromosomu z populacji rodziców losuje się liczbę  $k$  z przedziału  $[0,1]$ . Jeżeli  $k \leq p_k$  to dany chromosom podlega operacji krzyżowania.
3. Z grupy chromosomów przeznaczonych do krzyżowania tworzy się losowo pary rodziców. Gdy liczność tej grupy jest nieparzysta, losuje się dodatkowo jeszcze jeden chromosom.
4. Dla każdej pary rodziców losuje się punkt krzyżowania, tzn. numer genu w miejscu którego nastąpi krzyżowanie.

5. Pierwszy potomek otrzymuje pierwsze  $n$  genów od pierwszego rodzica i pozostałe geny poczynając od genu  $n+1$  od drugiego rodzica. Drugi potomek otrzymuje geny odwrotnie- pierwsze  $n$  od drugiego rodzica, a pozostałe od pierwszego.

Przykład:

Założymy prawdopodobieństwo krzyżowania  $p_k = 1$ . Zatem cała populacja chromosomów wyselekcjonowanych do krzyżowania podlega tej operacji.

W drodze losowania utworzono następujące pary rodziców, np.:

- ch1 i ch2
- ch3 i ch4
- ch5 i ch6

Dla każdej pary wylosowano pozycję  $n$ , na której następuje krzyżowanie, np.:

- dla pierwszej pary  $n = 5$
- dla drugiej pary  $n = 3$
- dla trzeciej pary  $n = 6$

Zakładając brak mutacji, rezultat krzyżowania jest następujący:

RODZICE	<i>krzyżowanie</i>	POTOMKOWIE
I para, $n = 5$ :		
(1 1 1 0 1 1 1 1 0 1)	$\Rightarrow$	(1 1 1 0 1 0 1 1 0 1)
(0 0 0 1 1 0 1 1 0 1)		(0 0 0 1 1 1 1 1 0 1)
II para, $n = 3$ :		
(1 1 1 0 1 1 1 1 0 1)	$\Rightarrow$	(1 1 1 0 1 0 1 1 0 1)
(0 1 1 0 1 0 1 1 0 1)		(0 1 1 0 1 1 1 1 0 1)
III para, $n = 6$ :		
(1 0 0 0 1 1 0 1 0 0)	$\Rightarrow$	(1 0 0 0 1 1 0 0 0 0)
(0 0 1 0 1 0 0 0 0 0)		(0 0 1 0 1 0 0 1 0 0)

Powstała nowa populacja:

Ch1 = (1 1 1 0 1 0 1 1 0 1)

Ch2 = (0 0 0 1 1 1 1 1 0 1)

Ch3 = (1 1 1 0 1 0 1 1 0 1)

Ch4 = (0 1 1 0 1 1 1 1 0 1)

Ch5 = (1 0 0 0 1 1 0 0 0 0)

Ch6 = (0 0 1 0 1 0 0 1 0 0)

Populacja ta ma następujące wartości funkcji przystosowania:

Przykład 1:

$$FP(1\ 1\ 1\ 0\ 1\ 0\ 1\ 1\ 0\ 1) = 7$$

$$FP(0\ 0\ 0\ 1\ 1\ 1\ 1\ 1\ 0\ 1) = 6$$

$$FP(1\ 1\ 1\ 0\ 1\ 0\ 1\ 1\ 0\ 1) = 7$$

$$FP(0\ 1\ 1\ 0\ 1\ 1\ 1\ 1\ 0\ 1) = 7$$

$$FP(1\ 0\ 0\ 0\ 1\ 1\ 0\ 0\ 0\ 0) = 3$$

$$FP(0\ 0\ 1\ 0\ 1\ 0\ 0\ 1\ 0\ 0) = 3$$

$$\underline{\text{Suma FP} = 33}$$

Uzyskano populację o większej średniej wartości FP niż populacja rodziców.

Utracono chromosom o największej wartości (FP=8).



Populacja ta ma następujące wartości funkcji przystosowania:

Przykład 1:

$$FP(1\ 1\ 1\ 0\ 1\ 0\ 1\ 1\ 0\ 1) = 7$$

$$FP(0\ 0\ 0\ 1\ 1\ 1\ 1\ 1\ 0\ 1) = 6$$

$$FP(1\ 1\ 1\ 0\ 1\ 0\ 1\ 1\ 0\ 1) = 7$$

$$FP(0\ 1\ 1\ 0\ 1\ 1\ 1\ 1\ 0\ 1) = 7$$

$$FP(1\ 0\ 0\ 0\ 1\ 1\ 0\ 0\ 0\ 0) = 3$$

$$FP(0\ 0\ 1\ 0\ 1\ 0\ 0\ 1\ 0\ 0) = 3$$

$$\underline{\text{Suma FP} = 33}$$

Uzyskano populację o większej średniej wartości FP niż populacja rodziców.

Utracono chromosom o największej wartości (FP=8).

Przykład 2:

$$FP(1\ 1\ 1\ 0\ 1\ 0\ 1\ 1\ 0\ 1) = FP(13,29) = 1581$$

$$FP(0\ 0\ 0\ 1\ 1\ 1\ 1\ 1\ 0\ 1) = FP(29,3) = 1881$$

$$FP(1\ 1\ 1\ 0\ 1\ 0\ 1\ 1\ 0\ 1) = FP(13,29) = 1581$$

$$FP(0\ 1\ 1\ 0\ 1\ 1\ 1\ 1\ 0\ 1) = FP(29,13) = 1581$$

$$FP(1\ 0\ 0\ 0\ 1\ 1\ 0\ 0\ 0\ 0) = FP(16,17) = 1695$$

$$FP(0\ 0\ 1\ 0\ 1\ 0\ 0\ 1\ 0\ 0) = FP(4,5) = 1971$$

$$\underline{\text{Suma FP} = 10290}$$

	FP
Ch1	1101
Ch2	1623
Ch3	1945
Ch4	1956
Ch5	1805
Ch6	1995
Σ:	10425

Populacja rodziców

### **Klasyczny Algorytm Genetyczny:**

