

gdje je  $m$  broj hromozoma u populaciji, a  $l$  dužina binarnog stringa hromozoma. Na sličan način, prema Mühlenbeinu je optimalna vrijednost vjerovatnoće mutacije:

$$p_m = \frac{1}{l} \quad (6.23)$$

Treba napomenuti da su sve navedene vrijednosti parametara određene sa ciljem da se što je moguće više poveća efikasnost primjene GA za određivanje optimuma funkcija iz testnog skupa, i za očekivati je da će GA sa istim vrijednostima parametara pokazati lošije rezultate kada se primjeni na funkcije koje imaju karakteristike različite od onih iz skupa testnih funkcija. Isto tako, za bilo koji skup funkcija je moguće na sličan način odrediti optimalne vrijednosti parametara. Međutim, takav pristup je prilično neefikasan kada se GA želi primjeniti u uslovima koji nisu strogo određeni. Osim toga, bolju performansu GA može postići kada se vrijednosti parametara ne drže konstantnim kroz generacije nego se mijenjaju, pri čemu je nemoguće dati univerzalnu ovisnost ovih vrijednosti kroz generacije.

## 6.7 Varijante GA

Iako su standardne varijante GA predstavljene u ovom poglavlju još uvijek daleko najraširenije u primjeni, postoje brojne varijante GA koje na različite načine pokušavaju da poboljšaju njegovu performansu kao algoritma za rješavanje problema optimizacije.

Postoji više različitih pristupa postizanju bolje performanse GA:

- varijante bazirane na mehanizmu smjene,
- varijante bazirane na modifikaciji organizacije GA,
- varijante bazirane na paralelnoj implementaciji GA.

U nastavku će biti dat kraći pregled nekih od varijanti GA koje koriste pomenute pristupe.

### 6.7.1 Varijante GA bazirane na mehanizmu smjene

Kako je već rečeno, nakon primjene niza mehanizama i operatora na populaciju hromozoma se dobiva niz hromozoma potomaka, te je primjenom odgovarajuće mehanizma potrebno napraviti smjenu cijele ili dijela populacije hromozoma roditelja hromozomima potomcima.

Tradicionalni GA je generacijskog tipa, što znači da je u svakoj generaciji cjelokupna populacija hromozoma roditelja smjenjivana populacijom hromozoma potomaka. Zbog povećanja efikasnosti GA kao algoritma optimizacije, u pravilu se nekoliko (najčešće jedan) najboljih hromozoma roditelja bezuslovno prenosi u narednu generaciju. Ovaj postupak predstavlja najjednostavniju formu elitizma.

Varijanta GA u kojoj se umjesto malog broja hromozoma roditelja u novu populaciju prenesu gotovo svi hromozomi roditelji, a samo nekoliko najlošijih (najčešće jedan ili dva) se zamijeni najboljim hromozomima potomcima, se naziva stabilnim GA (eng. Steady-state GA) [27].

Stabilni GA daje bolje rezultate u nekim slučajevima primjene, obzirom da se informacija sadržana u populaciji u najvećoj mjeri prenosi u narednu generaciju. Međutim, ovaj pristup karakterizira i daleko brže gubljenje raznolikosti populacije, te je kod njega obično potrebno pojačati djelovanje operatora mutacije da bi se izbjeglo konvergiranje cjelokupne populacije ka jednom hromozomu i time gubitak sposobnosti pretraživanja.

### 6.7.2 Varijante GA bazirane na modifikaciji organizacije GA

Osnovna organizacija tradicionalnog GA je predstavljena na slici 6.2. Postoje brojne varijante GA čija organizacija u većoj ili manjoj mjeri odstupa od tradicionalne. Tipične varijante ovih GA su:

- uzgajivački GA (eng. Breeder Genetic Algorithm),
- memetički algoritam (MA – eng. Memetic Algorithm),
- diferencijalna evolucija.

### 6.7.2.1 Uzgajivački GA

Uzgajivački GA se od tradicionalnog razlikuje po načinu na koji se vrši selekcija hromozoma roditelja, te po načinu smjene generacija [30].

Kod uzgajivačkog GA se populacija sortira po opadajućem fitnessu, nakon čega se bira određen procenat najboljeg dijela populacije za ukrštanje. Iz ovog dijela populacije se potpuno slučajno biraju roditelji na koje se primjenjuje operator ukrštanja. Nakon što se na ovaj način formira dovoljan broj hromozoma potomaka, hromozomi roditelji i potomci se sortiraju po opadajućoj populaciji. Od njih se  $m$  hromozoma prenosi u narednu generaciju.

### 6.7.2.2 Memetički algoritam

Pretraživanje problemskog prostora primjenom tradicionalnog GA je posljedica primjene različitih mehanizama i operatora. U usmerenom pretraživanju definitivno najveću ulogu imaju mehanizam selekcije, operator ukrštanja i mehanizam smjene. Međutim, iako je djelovanje pomenutih mehanizama i operatora usmjereno prema dijelu problemskog prostora sa boljom vrijednošću kriterija, ovo često nije dovoljno. Memetički algoritam (Memetic Algorithm - MA) predstavlja hibridni algoritam baziran na GA, kod koga se osim pomenutog načina pretraživanja problemskog prostora uvodi i neki heuristički ili deterministički algoritam lokalnog pretraživanja [31]. Za razliku od biološke evolucije, MA pronalazi inspiraciju u tzv. kulturnoj evoluciji. Karakteristika kulturne evolucije je da se ideje, forme i sl. (meme-termin definiran od strane Richarda Dawkinsa u [32]) poboljšavaju od strane pojedinaca, a da se dodatno oplemenjuju kroz kompetitivno-kooperativno djelovanje.

Kompetitivno djelovanje je analogno selekciji u GA, te ćemo ga na taj način dalje i posmatrati. Slično, kooperacija predstavlja modifikaciju na osnovu različitih iskustava, što je analogno ukrštanju.

MA je algoritam koji još uvijek pretražuje na osnovu populacije, na sljedeći način:

- polazi se od slučajno ili heuristički generirane početne populacije,
- provodi se lokalno traženje od svake jedinke početne populacije,
- vrši se selekcija roditelja, te primjena operatora ukrštanja i mutacije,

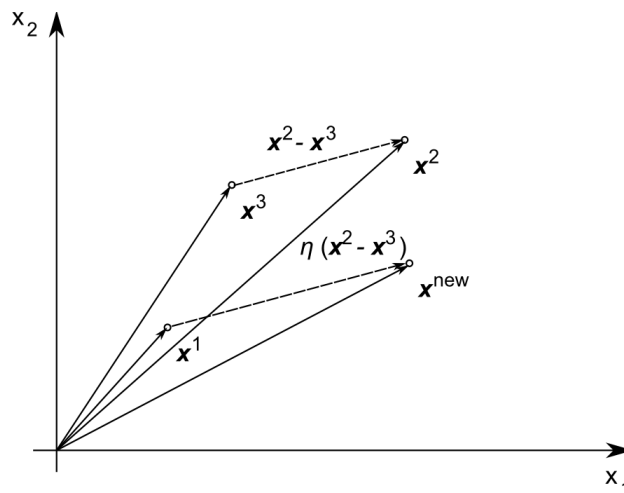
- provodi se lokalno pretraživanje od svakog od potomaka,
- ciklus se ponavlja do zadovoljenja nekog od uslova zaustavljanja algoritma.

MA zahvaljujući lokalnom pretraživanju često daje bolje rezultate nego tradicionalni GA. Jasno je da uvođenje dodatnog lokalnog pretraživanja povećava i zahtjeve u pogledu numeričke kompleksnosti MA u odnosu na GA.

### 6.7.2.3 Diferencijalna evolucija

Sve do sada opisane varijante GA su hromosome populacije GA modificirale primjenom operatora ukrštanja i mutacije. Diferencijalna evolucija [33] predstavlja varijantu GA, ili šire gledano evolucionog algoritma sličnog GA, kod koga se novo potencijalno rješenje određuje modifikacijom postojećeg potencijalnog rješenja za vektor definiran razlikom između dva druga potencijalna rješenja. Neka su  $\mathbf{x}^1$ ,  $\mathbf{x}^2$  i  $\mathbf{x}^3$  tri potencijalna rješenja izabrana slučajno ili primjenom nekog mehanizma selekcije. Kandidat za novo potencijalno rješenje se određuje kao (slika 6.17):

$$\mathbf{x}^{new} = \mathbf{x}^1 + \eta \cdot (\mathbf{x}^2 - \mathbf{x}^3) \quad (6.24)$$



**Slika 6.17** Formiranje novog potencijalnog rješenja kod DE

Ukoliko je potencijalno rješenje  $\mathbf{x}^{new}$  bolje od  $\mathbf{x}^1$ , ulazi u populaciju umjesto potencijalnog rješenja  $\mathbf{x}^1$ . U protivnom se odbacuje.

Ilustriran je samo jedan način organizacije diferencijalne evolucije, a na sličnom principu su zasnovane mnoge varijante ovog algoritma.

### 6.7.3 Varijante GA bazirane na paralelnoj implementaciji

GA je, kao algoritam koji procesira populaciju potencijalnih rješenja, vrlo pogodan za implementaciju na paralelnim računarskim arhitekturama.

Postoje tri osnovna modela organizacije populacije GA (slika 4.20) [28]:

- globalni model,
- regionalni model,
- lokalni model.

Kod globalnog modela djelovanje mehanizama i operatora obuhvata cjelokupnu populaciju. Za razliku od globalnog modela, kod regionalnog modela je djelovanje mehanizama i operatora ograničeno na subpopulaciju, odnosno na okolinu jedinke

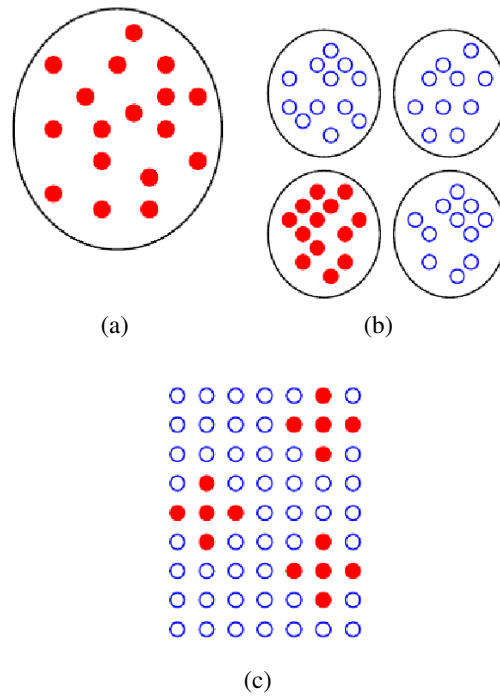
Ovisno o modelu organizacije populacije, postoje i različiti pristupi paralelnoj implementaciji GA.

#### 6.7.3.1 Globalni model populacije

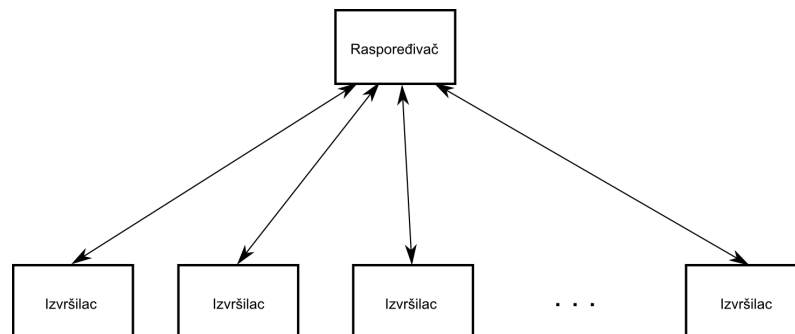
Obzirom da globalni model populacije podrazumijeva jedinstvenu populaciju hromozoma (slika 6.18 (a)), paralelizacija izvršavanja GA za ovaj model se vodi na principu raspoređivač-izvršilac (master-worker).

GA je u osnovi i dalje organiziran na način predstavljen na slici 6.2, s time da se sada pojedini dijelovi algoritma izvode na različitim mjestima (slika 6.19).

Raspoređivač upravlja izvršavanjem algoritma i u njegovoj memoriji su pohranjeni svi hromozomi populacije, dok veći broj izvršilaca realizira neke korake algoritma neovisno jedan o drugome. Kao primjer, osnovni ciklus GA i cijela populacija mogu biti pod nadzorom raspoređivača, koji izvršiocima prosljeđuje hromosome radi evaluacije fitnessa. Ovaj pristup je vrlo efikasan



**Slika 6.18** Osnovni modeli organizacije populacije: a) globalni, b) regionalni i c) lokalni model



**Slika 6.19** Distribuirano izvršavanje GA sa globalnim modelom populacije

u slučajevima kada evaluacija fitnessa predstavlja najkompleksniji korak cijelog algoritma [34].

Ukoliko za to postoji opravdanje u povećanju efikasnosti, izvršiocima se može delegirati i drugi zadaci, kao npr. provođenje ukrštanja, odnosno mutacije.

### 6.7.3.2 Regionalni model populacije

Populaciju kod GA sa regionalnim modelom populacije čini više subpopulacija (slika 6.18 (b)). Djelovanje mehanizama i operatora je ograničeno na subpopulaciju. Obzirom da se kod ovog modela populacije vrlo brzo ispoljava osobina formiranja vrsta, odnosno grupa hromozoma koje su skoncentrirane na jedan dio problemskog prostora, potpuno neovisno razvijanje subpopulacija se obično izbjegava.

Umjesto potpuno neovisnih subpopulacija, koristi se tzv. migracijski model populacije, koji podrazumijeva da nakon određenog broja generacija algoritma provedenih u izolaciji dolazi do razmjene malog broja hromozoma između subpopulacija.

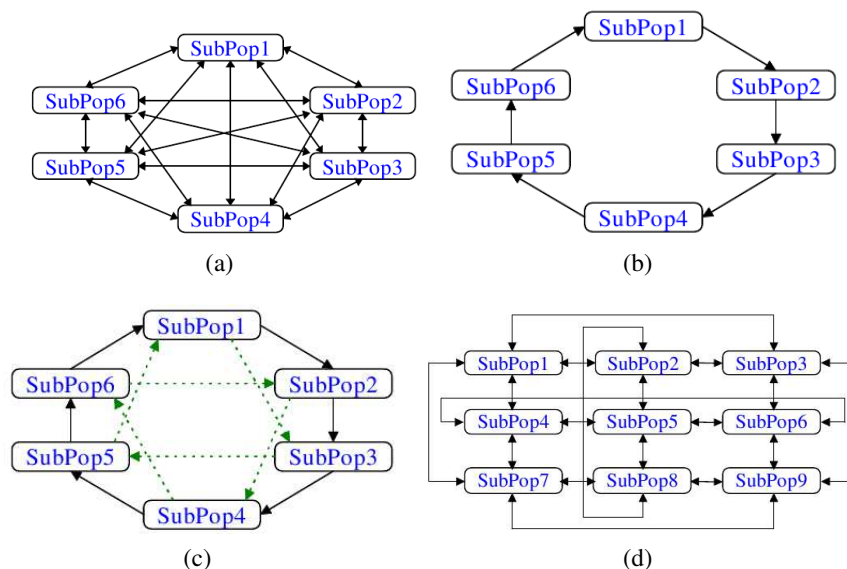
Izbor hromozoma koji migriraju može biti potpuno slučajan, ili baziran na fitnessu tako da se razmjenjuju hromozomi sa većim fitnessom i zamjenjuju hromozome sa manjim fitnessom.

Neki od mogućih načina organizacije migracija su predstavljeni na slici 6.20.

Na slici 6.20 (a) je predstavljena slučajna migracija hromozoma između subpopulacija, kod koje se hromozomi migranti mogu razmijeniti između bilo koje dvije subpopulacije.

Na slici 6.20 (b) i 6.20 (c) su predstavljene cikličke migracije hromozoma. Pri ovakvoj organizaciji migracija, subpopulacije su organizirane u niz, a hromozomi migranti se razmjenjuju ciklično između populacija. U slučaju 6.20 (b) je dozvoljena razmjena migranata samo sa susjednim subpopulacijama ( $d = 1$ ), dok se u slučaju 6.20 (c) dozvoljava razmjena migranata sa subpopulacijama na udaljenosti  $d = 1$  i  $d = 2$ .

Na slici 6.20 (d) je predstavljena organizacija migracija kod koje su sve subpopulacije organizirane u dvodimenzionalnu mrežu. Dozvoljena je razmjena hromozoma migranata samo između susjednih subpopulacija.



**Slika 6.20** Različiti načini organizacije migracija između subpopulacija

Regionalni model populacije GA je vrlo pogodan za paralelnu implementaciju, obzirom da se procesiranje svake od subpopulacija može izvoditi na zasebnom procesoru, pri čemu se i subpopulacije pohranjuju u odvojenim memorijama.

### 6.7.3.3 Lokalni model populacije

Lokalni model populacije (slika 6.18 (c)) podrazumijeva da je djelovanje svih mehanizama i operatora ograničeno na okolinu hromozoma izabranih od strane mehanizma selekcije. Paralelno izvršavanje GA sa lokalnim modelom populacije podrazumijeva da svi procesori imaju prisup jedinstvenoj populaciji, s tim da se procesiranje izvršava neovisno i bez centralne koordinacije.



## 6.8 Specifičnosti GA kao algoritma optimizacije

### 6.8.1 Svojstva konvergencije GA

Konvergencija GA kao tipičnog metaheurističkog algoritma, kako je već rečeno u 3. poglavlju, podrazumijeva da:

$$\begin{aligned} p(|f(\mathbf{x}^{*k}) - f^*| \leq \varepsilon) &\rightarrow 1 \\ \text{za } k &\rightarrow \infty \\ \forall \varepsilon > 0 \end{aligned} \quad (6.25)$$

GA bez elitizma nije globalno konvergentan, što su pokazali De Jong i Rudolph.

Sljedeća bitna osobina GA kao algoritma optimizacije je brzina njegove konvergencije ka globalnom optimumu, odnosno dinamika konvergencije. Rappaport je prvi dao razmatranje reda konvergencije i pokazao, da ukoliko fitness ispunjava određene uslove i za slučaj primjene operatora mutacije sa konstantnom vjerovatnoćom mutacije, za očekivanu vrijednost kriterija u odnosu na optimalnu vrijedi:

$$E(f(a^{*k}) - f^*) = k^{-\Theta \cdot \frac{1}{m}} \quad (6.26)$$

odakle se vidi da GA pod datim uvjetima ispoljava eksponencijalnu konvergenciju ka globalnom optimumu.

### 6.8.2 Mjere performanse GA

Sljedeći bitan element za teorijsko razmatranje GA predstavljaju mjere performanse, koje mogu biti lokalne (za jednu generaciju) ili globalne (za veći broj generacija). Lokalne mjere performanse mogu biti u domenu prostora vrijednosti fitnessa ili u domenu prostora stanja  $E^n$ . Prve se nazivaju dobitkom na kvalitetu:

$$\bar{Q} = E(f(\tilde{a}^{k-1}) - f(\tilde{a}^k) | \mathcal{P}^k) \quad (6.27)$$

i predstavljaju mjeru očekivanog napredovanja fitnessa od jedne do druge generacije.  $\tilde{a}^k$  predstavlja neku agregiranu formu svih jedinki  $a^k$  populacije  $\mathcal{P}^k$ .

Druge se nazivaju brzinom napredovanja i definišu se kao:

$$\phi = E(|\tilde{a}^{k-1} - a^*| - |\tilde{a}^k - a^*| | \mathcal{P}^k) \quad (6.28)$$

i predstavljaju mjeru očekivane vrijednosti distance populacije od globalnog optimuma. Globalne mjere performanse omogućavaju mjerenje dugoročnog ponašanja GA, i najčešće se definišu u formi broja generacija potrebnog za dostizanje globalnog optimuma ili njegove dovoljno male okoline, ili u formi broja evaluacija fitnessa kao često najzahtjevnije operacije u primjeni GA za rješavanje problema.

Osim pomenutih mjera performanse, vrlo često korištene lokalne mjere performanse su najbolji fitness kroz generacije, odnosno srednji fitness kroz generacije, koji se računa prema izrazu:

$$\bar{f}^k = \frac{\sum_{j=1}^m f(a^j)}{m} \quad (6.29)$$

### 6.8.3 Pristupi teorijskoj analizi GA

Pristupi teorijskoj analizi GA bi se mogli razvrstati u fenotipske, genotipske i statističke. Fenotipski pristupi analiziraju ponašanje populacija GA kroz generacije u dekodiranoj formi, odnosno u problemskom prostoru. Genotipski pristupi analiziraju populacije GA na nivou hromozoma u kodiranoj formi. Statistički pristupi pokušavaju dati statističku analizu ponašanja GA, najčešće primjenom Markovljevih procesa ili regresionih modela. Druga podjela pristupa analizi je na mikroskopske i makroskopske. Mikroskopski pristupi analiziraju frekvencije svakog lokusa hromozoma, dok makroskopski pristupi analiziraju populaciju kao cjelinu. Postoje i pristupi koji u potpunosti pokušavaju analizirati populaciju GA kao dinamički sistem. Tako je npr. Michael Vose razvio deterministički diskretni dinamički model SGA, za slučaj populacije od beskonačno mnogo jedinki. U slučaju konačnog broja jedinki, model daje tačne distribucije vjerovatnoće selekcije hromozoma za narednu generaciju. Međutim, za SGA sa

hromozomima u formi binarnih stringova dužine  $l$  je potrebno riješiti sistem od  $2^l$  diferentnih jednačina. Uvođenjem pretpostavke da se populacija nalazi u Robbinovim proporcijama, kada se vjerovatnoća prisustva stringa  $a_j^k$  u populaciji  $\mathcal{P}^k$  može predstaviti kao proizvod jednodimenzionalnih graničnih vjerovatnoća, broj jednačina modela se može svesti na  $l$ . Međutim, da bi se populacija nalazila u Robbinovim proporcijama, neophodno je modificirati SGA, tako da ovaj reducirani model ne vrijedi u općem slučaju.

### 6.8.3.1 Šema teorem

Šema teorem [21], bez obzira na osporavanja, još uvijek predstavlja kamen temeljac teorije GA. Ovaj teorem analizira populaciju GA u prostoru genotipa. Pod šemom  $H$  se podrazumijeva string sastavljen od tri znaka, 0, 1, \*, pri čemu znak \* predstavlja zamjenski znak za preostala dva. Šemi  $H$  pripadaju svi stringovi  $a^j$ ,  $j = 1, 2, \dots, m$  kod kojih se vrijednosti znakova 0 i 1 poklapaju sa vrijednostima tih elemenata u šemi  $H$ , dok se na mjestu znaka \* može nalaziti bilo koji od ta dva znaka. Na osnovu definicije, za binarne stringove dužine  $l$  postoji ukupno  $3^l$  različitih šema, a u općem slučaju stringova sastavljenih od znakova alfabetu  $\mathcal{A}$  kardinalnosti  $k$ , ukupan broj različitih šema je  $(k+1)^l$ . Još dva bitna pojma u vezi sa šemama su red šeme i njena definiciona dužina. Pod redom  $o(H)$  šeme  $H$  se podrazumijeva broj fiksiranih vrijednosti u šemi, a pod njenom definicionom dužinom  $\delta(H)$  udaljenost u mjestima između njenog prvog i posljednjeg fiksiranog znaka.

Šema teorem daje donju granicu očekivanog broja stringova populacije  $\mathcal{P}^k$  koji pripadaju šemi  $H$  u generaciji  $k+1$ , na osnovu poznavanja broja stringova koji pripadaju istoj šemi u generaciji  $k$ , te na osnovu prosječnog fitnessa stringova iz šeme  $H$ , njene definicione dužine  $\delta(H)$  i reda  $o(H)$ , te na osnovu vrijednosti vjerovatnoća ukrštanja  $p_c$  i mutacije  $p_m$  [21]:

$$E[m(H, k+1)] \geq m(H, k) \cdot \frac{f(H)}{\bar{f}} \cdot \left[ 1 - p_c \cdot \frac{\delta(H)}{l-1} - o(H) \cdot p_m \right] \quad (6.30)$$

Uvođenjem pretpostavke da srednja vrijednost fitnessa neke šeme  $H$  cijelo vrijeme ostaje za multiplikativnu konstantu  $c$  iznad prosječne vrijednosti fitnessa,  $f(H, k) = c \cdot \bar{f}$ ,  $\forall k$ , Goldberg izvlači zaključak da se počevši od inicijalne

## 6.8 Specifičnosti GA kao algoritma optimizacije

121

generacije, broj šema sa prosječnim fitnessom većim od prosječnog fitnessa populacije eksponencijalno povećava [21]:

$$m(H, k) = m(H, 0) \cdot (1 + c)^k \quad (6.31)$$

Pretpostavka o konstantno boljoj vrijednosti fitnessa tokom evolucije je uvedena jer se, ako se šema teorem želi primjeniti na više od jedne generacije, ne može odrediti vrijednost vjerovatnoće prisustva stringa  $a_j^k$  u populaciji  $\mathcal{P}^k$ , koja je neophodna za određivanje srednje vrijednosti fitnessa šeme  $H$ :

$$f(H, k) = \sum_{j|a_j \in H} \frac{a_{j,k}}{p(H, k)} \cdot f(a_j) \quad (6.32)$$

Međutim, ta pretpostavka koja vrijedi za jednu generaciju nije održiva tokom evolucije, pošto će kako se populacija približava optimumu srednje vrijednosti fitnessa svih šema zastupljenih u populaciji biti u okviru  $1 \pm \varepsilon$  u odnosu na srednju vrijednost fitnessa populacije. Mühlenbein je pokazao da za SGA sa selekcijom proporcionalno fitnessu hromozoma vrijedi za vjerovatnoću da će se hromozom  $a_j$  naći u populaciji  $k + 1$ -ve generacije:

$$p(a_j, k + 1) = p(a_j, k) \cdot \frac{f(a_j)}{f(k)} \quad (6.33)$$

odnosno, polazeći od inicijalne populacije vrijedi:

$$p(a_j, k) = \frac{p(a_j, 0) \cdot f(a_j)^k}{\sum_{i|a_i \in \mathcal{P}^k} p(a_i, 0) \cdot f(a_i)^k} \quad (6.34)$$

$$\lim_{k \rightarrow \infty} p(a_j, k) = \begin{cases} \frac{1}{n_M}, & a_j \in M \\ 0, & a_j \notin M \end{cases}$$

gdje je  $n_M$  broj elemenata u skupu globalno optimalnih tačaka  $M$ .

Rezimirano, šema teorem tvrdi da će šeme kraće definicione dužine (koje će operator ukrštanja razarati sa manjom vjerovatnoćom) i sa natprosječnom vrijednošću fitnessa imati veću šansu za opstanak u narednim generacijama. Vjerovatnoća je da će se kombiniranjem takvih šema stvoriti šeme koje posjeduju

dobre osobine onih od kojih su nastale. Upravo ovakvo zaključivanje je u osnovi hipoteze gradivnih blokova (Building Block Hypothesis) [21], koja kaže da se tokom izvršavanja GA kratke šeme niskog reda i visoke vrijednosti fitnessa rekombinuju, formirajući tako binarne stringove potencijalno veće vrijednosti fitnessa. Takve kratke šeme niskog reda se, zbog svoje važnosti u procesu formiranja boljih stringova, nazivaju gradivnim blokovima.

### 6.8.3.2 Pristup kvantitativne genetike

U posljednje vrijeme su od naročitog interesa pristupi analizi GA koji se temelje na kvantitativnoj genetici. Kvantitativna genetika predstavlja naučnu oblast koja istražuje evoluciju genotipa i fenotipa živih organizama i u posljednjih dva stoljeća je postigla zavidne rezultate u matematičkom opisivanju procesa evolucije.

Primjena pristupa kvantitativne genetike daje vrlo dobre rezultate kod predviđanja ponašanja GA sa uzgajivačkom selekcijom (BGA). Pristup kvantitativne genetike se zasniva na rješavanju diferentne jednačine reakcije na selekciju.

Reakcija na selekciju je definirana izrazom [35, 36]:

$$R(k) = \bar{f}(k+1) - \bar{f}(k) \quad (6.35)$$

Mjeru selekcije predstavlja diferencijal selekcije [35, 36]:

$$S(k) = \bar{f}_s(k) - \bar{f}(k) \quad (6.36)$$

gdje  $\bar{f}_s(k)$  predstavlja prosječan fitness izabranih roditelja generacije  $k$ . Jednačina reakcije na selekciju glasi [35]:

$$R(k) = b(k) \cdot S(k) = I \cdot b(k) \cdot \sigma(k) \quad (6.37)$$

gdje je  $b(k)$  realizirana nasljednost,  $I$  intenzitet selekcije, a  $\sigma(k)$  standardna devijacija fitnessa populacije za generaciju  $k$ . Da bi se ova jednačina koristila za ocjenu srednje vrijednosti fitnessa populacije naredne generacije, potrebno je izvršiti ocjenu parametara  $I$ ,  $b$  i  $\sigma$  za GA, što je moguće pod određenim uvje-

tima, kada se populacija nalazi u već prije pomenutim Robbinovim proporcijama.

## 6.9 Zaključak

U ovom poglavlju je predstavljen genetički algoritam, kao tipični predstavnik evolucionih algoritama. Data je standardna organizacija jednostavnog GA (SGA) sa binarnim kodiranjem, te pregled najčešće korištenih mehanizama selekcije, te operatora ukrštanja i mutacije. Pojašnjen je i osnovni mehanizam smjene populacija kod generacijskog GA.

Obzirom da se osim binarnog kodiranja u širokoju upotrebi nalaze i drugi načini reprezentacije, predstavljeno je realno kodiranje, te operatori ukrštanja i mutacije koji se koriste sa ovom često susretanom šemom kodiranja. Dat je i kraći pregled nekih od kompleksnijih načina reprezentacije.

Iako je standardna organizacija GA još uvijek najzastupljenija u primjeni, dat je pregled nekih od češće susretanih varijanti GA, uz klasifikaciju prisupa modificiranju GA.

Genetički algoritmi su izrazito pogodni za realizaciju na paralelnim računarskim arhitekturama, radi čega je dat pregled osnovnih modela populacije i načina paralelizacije izvršavanja GA za ove modele.

Isto tako, dat je i pregled specifičnosti GA kao algoritma optimizacije, te uvid u osnove teorijske analize GA.