

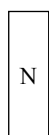
Algorytmy ewolucyjne (2)

`zajecia.jakubw.pl/nai/`

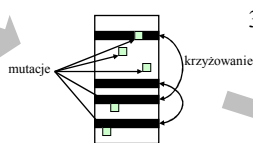
ALGORYTM GENETYCZNY

Cel: znaleźć maksimum funkcji $f(x)$.
Założenie: funkcja ta jest dodatnia .

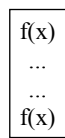
1. Tworzymy N osobników losowych.



2. Stosujemy operacje mutacji i krzyżowania



3. Liczymy wartości funkcji celu.



4. Dokonujemy selekcji.



Osobnik:
ciąg zerojedynkowy

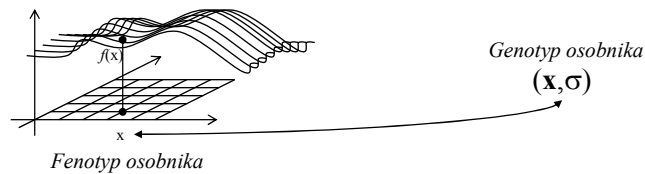
5. Powtarzamy od punktu 2.

STRATEGIE EWOLUCYJNE

Inna - obok algorytmów genetycznych - popularna metoda ewolucyjna. Główny obszar zastosowań: optymalizacja funkcji rzeczywistych wielowymiarowych.

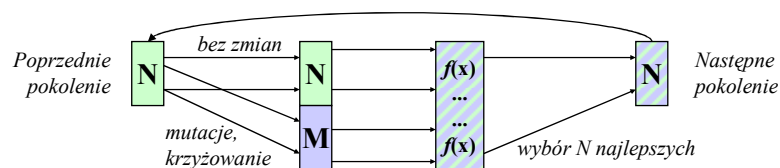
Zadanie: znaleźć maksimum funkcji $f: R^n \rightarrow R$ na danym przedziale $[a_1, b_1] \times \dots \times [a_n, b_n]$.

Rozwiązanie: przez $\mathbf{x}=(x_1, \dots, x_n)$ oznaczmy przykładowe rozwiązanie (punkt z przestrzeni stanów, $x_i \in [a_i, b_i]$). Każdemu wektorowi \mathbf{x} przyporządkujemy pomocniczy wektor wartości rzeczywistych dodatnich: $\sigma=(\sigma_1, \dots, \sigma_n)$. Para (\mathbf{x}, σ) będzie stanowiła kod genetyczny osobnika.



SCHEMAT DZIAŁANIA

1. Tworzymy losową populację złożoną z N osobników postaci (\mathbf{x}, σ) .
2. Dopisujemy do niej M osobników potomnych, tworzonych na podstawie losowo wybranych osobników z poprzedniego pokolenia za pomocą mutacji i krzyżowania.
3. Dla każdego osobnika w populacji pośredniej liczymy wartość optymalizowanej funkcji.
4. Spośród N+M osobników wybieramy N najlepszych względem $f(\mathbf{x})$. Te osobniki przeżyją i utworzą następne pokolenie.
5. Powtarzamy od punktu 2. z aktualną populacją N-osobnikową.



OPERATORY

Mutacji podlegają zwykle wszystkie osobniki dodawane do populacji pośredniej. Mutacja polega na zmianie parametrów (x, σ) zgodnie ze wzorami:

$$\sigma_i = \sigma_i \cdot e^{N(0, \Delta)}$$

$$x_i = x_i + N(0, \sigma_i)$$

gdzie $N(0, \sigma)$ oznacza liczbę losową wygenerowaną zgodnie z rozkładem normalnym o wart. oczekiwanej 0 i odchyleniu standardowym σ .

Krzyżowaniu podlega część (np. 25%) osobników dodawanych do populacji pośredniej. Osobnik potomny składany jest z genów dwóch losowo wybranych osobników rodzicielskich.

$(x_1, x_2, x_3, x_4, x_5, \sigma_1, \sigma_2, \sigma_3, \sigma_4, \sigma_5)$

$(x_1, y_2, y_3, x_4, y_5, \sigma_1, \tau_2, \tau_3, \sigma_4, \tau_5)$

$(y_1, y_2, y_3, y_4, y_5, \tau_1, \tau_2, \tau_3, \tau_4, \tau_5)$

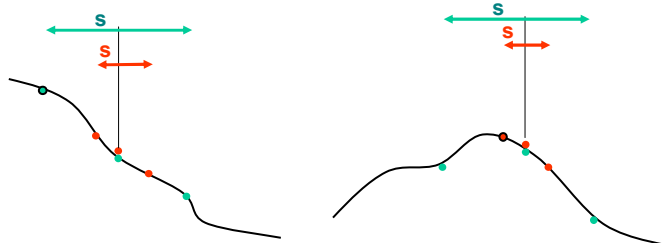
Uwaga: wartości x_i są dziedziczone zawsze razem z odpowiadającymi im wartościami pomocniczymi σ_i .

SAMOADAPTACJA

Samoadaptacja - przyczyna wysokiej sprawności algorytmu

*Daleko od maksimum:
duże zmiany bardziej opłacalne.*

*Okolice maksimum:
duże zmiany mniej opłacalne.*



TEORIA – KLASYCZNE GA

- **Schematy:** ciągi typu $100^{**}1^{*}1^{**}$ (gwiazdka oznacza „cokolwiek”)
- **Twierdzenie o schematach:** jeśli schemat odpowiada osobnikom średnio lepszym niż inne, to jego reprezentanci są coraz liczniejsi (wzrost wykładniczy) w miarę trwania ewolucji
- **Ukryta równoległość:** w jednym kroku badamy niewiele osobników, jednak każdy z nich odpowiada wykładniczo wielu różnym schematom
- **Hipoteza o cegielkach:** jeśli rozwiązanie zadania może być skonstruowane z silnych, krótkich schematów, wówczas algorytm genetyczny ma szansę łatwo je znaleźć

TWIERDZENIE O SCHEMATACH

Schemat - fragment chromosomu (niekoniecznie spójny) o ustalonych wartościach. Np: $***10^{*}01^{**}$ - schemat z czterema ustalonymi pozycjami (gwiazdka oznacza dowolną wartość).

Załóżmy, że pewne schematy mają średnio większe wartości funkcji celu, niż inne (uśredniamy po wszystkich możliwych wartościach na pozycjach nieustalonych). Oznaczmy:

H - schemat, $o(H)$ - liczba miejsc ustalonych,
d(H) - odległość między skrajnymi miejscami ustalonymi,
l - długość chromosomu, p_m - prawd. mutacji bitu,
 p_c - prawd. krzyżowania.

Wtedy:

$$p(H) \approx 1 - p_c \frac{d(H)}{l-1} - o(H)p_m$$
 - stanowi prawdopodobieństwo, że dany schemat pozostanie nienaruszony w wyniku mutacji i krzyżowania.

TWIERDZENIE O SCHEMATACH - C.D.

Jeżeli przez $m(H,t)$ oznaczmy liczbę (procent) osobników w populacji, które w chwili t pasują do schematu H , to średnia liczba takich osobników w następnym kroku może być oszacowana jako:

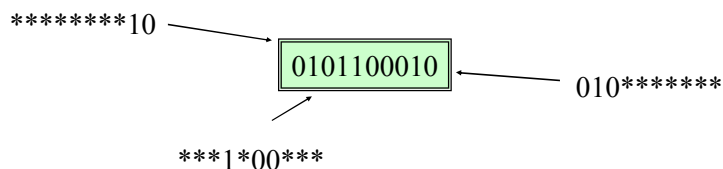
$$E(m(H, t + 1)) \geq m(H, t) \frac{f(H)}{\bar{f}} p(H)$$

gdzie $f(H)$ oznacza średnią wartość funkcji celu osobników pasujących do danego schematu, \bar{f} oznacza średnią wartość funkcji celu w populacji.

Wniosek: jeśli schematy są krótkie i zwarte (czyli mają duże $p(H)$), oraz jeśli mają średnią wartość funkcji celu wyższą, niż przeciętna, to ich reprezentacja w populacji będzie rosła wykładniczo.

HIPOTEZA CEGIEŁEK

Algorytmy genetyczne działają najskuteczniej wtedy, gdy sposób zakodowania problemu i kształt funkcji celu pozwalają na istnienie “cegielek”: niewielkich i zwartych schematów o ponadprzeciętnej wartości funkcji. Jeśli z takich schematów da się zbudować rozwiązanie optymalne, algorytm genetyczny łatwo je znajdzie.



Skuteczność algorytmów genetycznych opiera się na ukrytym równoległym przetwarzaniu wielkiej liczby schematów.

Wniosek praktyczny: jeśli kilka bitów koduje pojedynczą cechę, powinny one leżeć blisko siebie.

SKALOWANIE FUNKCJI CELU

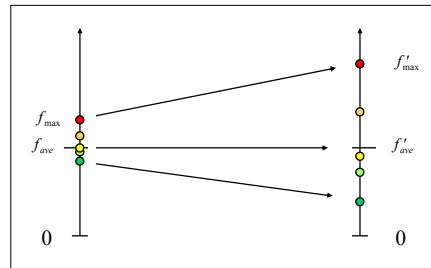
Prawdopodobieństwo wylosowania osobnika w algorytmie koła ruletki jest proporcjonalne do wartości funkcji celu. Jeśli jednak różnice wartości są niewielkie, presja selekcyjna może się okazać zbyt mała. Aby temu zaradzić, można przed użyciem algorytmu koła ruletki przeskalować liniowo wartości funkcji:

$$f'(x) = af(x) + b$$

gdzie:

$$a = \frac{cf_{ave} - f_{ave}}{f_{max} - f_{ave}}$$

$$b = cf_{ave} - af_{max}$$



Tak dobrane przekształcenie gwarantuje, że:

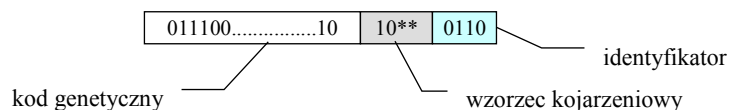
- a) średnia wartość po przeskalowaniu nie zmieni się,
- b) wartość maksymalna będzie c razy większa, niż średnia.

BARIERY REPRODUKCYJNE

W niektórych zastosowaniach skuteczne okazuje się wprowadzenie barier reprodukcyjnych: dodatkowych ograniczeń, jakie muszą spełniać osobniki, by się mogły skrzyżować.

Metoda 1: krzyżujemy osobniki podobne (np. różniące się na najwyżej k bitach).

Metoda 2: do każdego osobnika doklejamy wzorzec kojarzeniowy, czyli ciąg symboli {0,1,*}, oraz identyfikator, czyli dodatkowy ciąg binarny. Krzyżowanie jest dozwolone jeśli wzorzec kojarzeniowy jednego z rodziców pasuje do identyfikatora drugiego. Identyfikator i wzorzec kojarzeniowy podlegają mutacji i krzyżowaniu w zwykły sposób.



Umożliwia to wykształcenie się "gatunków", z których każdy zasiedli inną niszę ekologiczną (maksimum lokalne). Wyniki są więc bardziej zróżnicowane.