

# SZTUCZNA INTELIGENCJA

## WYKŁAD 16. ALGORYTMY GENETYCZNE - SCHEMATY, METODY SELEKCJI

Dr hab. inż. Grzegorz Dudek  
Wydział Elektryczny  
Politechnika Częstochowska

Częstochowa 2014

**Schemat  $S$**  – zbiór chromosomów o wspólnych cechach podobieństwa, tzn. zawierających 0 lub 1 na wyszczególnionych pozycjach we wzorcu podobieństwa.

Np. wzorzec  $10^*1$  reprezentuje chromosomy 1001 i 1011

$*01^*10$  reprezentuje zbiór chromosomów {001010, 001110, 101010, 101110}

gdzie "\*" oznacza dowolny bit

Jeśli we wzorcu występuje  $m$  symboli  $*$  to schemat zawiera  $2^m$  chromosomów. Każdy chromosom o długości  $L$  należy do  $2^L$  schematów.

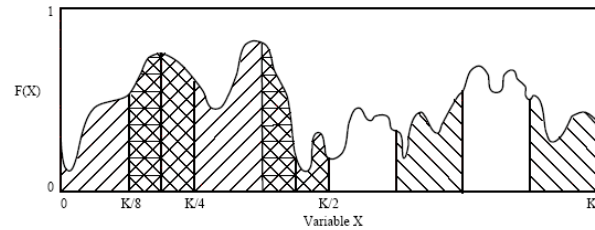
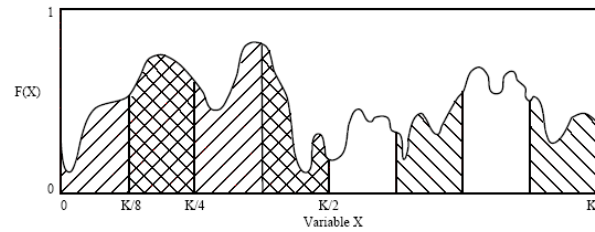
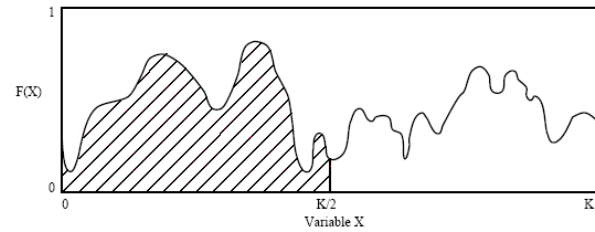
**Rząd schematu  $o(S)$**  – liczba wartości wzorca różnych od  $*$

Np.  $o(10^*1) = 3$ ,  $o(1^{**}10^{**}) = 3$ ,  $o(*****) = 0$

**Rozpiętość schematu  $d(S)$**  – odległość pomiędzy pierwszym i ostatnim symbolem różnym od  $*$  we wzorcu

$d(10^*1) = 4-1 = 3$ ,  $d(1^{**}10^{**}) = 5-1 = 4$ ,  $d(*****) = 0$

# INTERPRETACJA GRAFICZNA SCHEMATÓW



# TWIERDZENIE O SCHEMATACH

## Wpływ selekcji na przetwarzanie schematów

Średnia wartość funkcji przystosowania osobników w populacji  $P(k)$ , należących do schematu  $S$ :

$$F(S, k) = \frac{\sum_{ch_i \in S} F(ch_i)}{|S|_{P(k)}}$$

gdzie  $|S|_{P(k)}$  – moc (liczebność) schematu  $S$  w  $k$ -tej populacji,  $F()$  – przystosowanie chromosomu/schematu.

Prawdopodobieństwo wyboru w procesie selekcji chromosomu należącego do schematu  $S$ :

$$p_s(S) = \frac{\sum_{ch_i \in S} F(ch_i)}{\sum_{j=1}^N F(ch_j)}$$

## TWIERDZENIE O SCHEMATACH

Oczekiwana liczba reprezentantów schematu  $S$  w puli rodzicielskiej:

$$E(|S|_{R(k)}) = N p_s(S) = |S|_{P(k)} \frac{F(S, k)}{\bar{F}(k)}$$

gdzie:  $|S|_{R(k)}$  – moc schematu  $S$  w  $k$ -tej puli rodzicielskiej,  $\bar{F}(k)$  – średnie przystosowanie populacji  $P(k)$ ,  $N$  – liczebność populacji.

### Wpływ krzyżowania na przetwarzanie schematów

Prawdopodobieństwo zniszczenia schematu w krzyżowaniu (prawdopodobieństwo, że chromosom należący do schematu  $S$  zostanie wybrany do krzyżowania i żaden jego potomek nie należy do schematu  $S$ ) ograniczone jest z góry przez (jest nie większe):

$$p_c \frac{d(S)}{L-1}$$

## TWIERDZENIE O SCHEMATACH

Prawdopodobieństwo przetrwania schematu (prawdopodobieństwo, że przynajmniej jeden potomek chromosomu należącego do schematu  $S$  będzie również należał do schematu  $S$ ) ograniczone jest z dołu przez (jest nie mniejsze):

$$1 - p_c \frac{d(S)}{L-1}$$

### Wpływ mutacji na przetwarzanie schematów

Prawdopodobieństwo zmiany pojedynczego bitu wynosi  $p_m$ . Prawdopodobieństwo, że żaden ustalony symbol w schemacie nie ulegnie zmianie podczas mutacji:

$$(1 - p_m)^{o(S)} \cong 1 - p_m o(S)$$

Oczekiwana liczba reprezentantów schematu  $S$  w populacji  $P(k+1)$ :

$$E(|S|_{P(k+1)}) \geq |S|_{P(k)} \frac{F(S,k)}{\bar{F}(k)} \left(1 - p_c \frac{d(S)}{L-1}\right) (1 - p_m)^{o(S)} \cong |S|_{P(k)} \frac{F(S,k)}{\bar{F}(k)} \left(1 - p_c \frac{d(S)}{L-1} - p_m o(S)\right)$$

Jeśli  $d(S)$  i  $o(S)$  są niewielkie to:

## TWIERDZENIE O SCHEMATACH

$$|S|_{P(k+1)} \cong |S|_{P(k)} \frac{F(S,k)}{\bar{F}(k)}$$

Jeśli schemat  $S$  ma przystosowanie o  $\varepsilon\%$  powyżej średniego w populacji:

$$F(S,k) = \bar{F}(k) + \varepsilon \bar{F}(k)$$

to:

$$|S|_{P(1)} = |S|_{P(0)}(1+\varepsilon), \quad |S|_{P(2)} = |S|_{P(0)}(1+\varepsilon)(1+\varepsilon), \quad \dots,$$

$$|S|_{P(k)} = |S|_{P(0)}(1+\varepsilon)^k$$

co oznacza wzrost wykładniczy liczby schematów o przystosowaniu powyżej średniego.

# TWIERDZENIE O SCHEMATACH

## Twierdzenie

Schematy małego rzędu, o małej rozpiętości i o przystosowaniu powyżej średniego w populacji otrzymują rosnącą wykładniczo liczbę swoich reprezentantów w kolejnych generacjach AG.

## Hipoteza cegiełek

AG dąży do osiągnięcia rezultatu bliskiego optimum poprzez zestawianie schematów o przystosowaniu powyżej średniej, małego rzędu i o małej rozpiętości. Schematy te nazywane są cegiełkami lub blokami budującymi.

## Wnioski:

- sposób kodowania powinien zapewniać dobre schematy (małego rzędu, małej rozpiętości), a operatory genetyczne powinny je efektywnie przetwarzać (specjalizowane AE uwzględniające specyfikę zadania)
- wbudowana równoległość – liczba efektywnie przetwarzanych schematów jest proporcjonalna do  $N^3$ .



## Selekcja ruletkowa – wymagania i wady

- oczekiwana liczba kopii osobnika  $ch_i$  o przystosowaniu  $F(ch_i)$  wynosi (selekcja proporcjonalna)

$$E[e(ch_i)] = p_s(ch_i)N = \frac{F(ch_i)}{\bar{F}}$$

- metoda wymaga dodatnich wartości funkcji przystosowania
- metoda nadaje się do zadań maksymalizacji
- przedwczesna zbieżność algorytmu (do rozwiązania suboptymalnego), superosobniki, gwałtowna eliminacja gorszych rozwiązań – gdy funkcja przystosowania wykazuje duże zróżnicowanie
- stagnacja – gdy funkcja przystosowania jest płaska i w końcowej fazie procesu, gdy średnie przystosowanie niewiele odbiega od maksymalnego

---

Aby zapobiec przedwczesnej zbieżności lub stagnacji stosuje się skalowanie funkcji przystosowania. Skalowanie może wyrównywać funkcję przystosowania jak i ją wyostrzać (różnicować osobniki, szczególnie w końcowej fazie przeszukiwań).

### Skalowanie liniowe

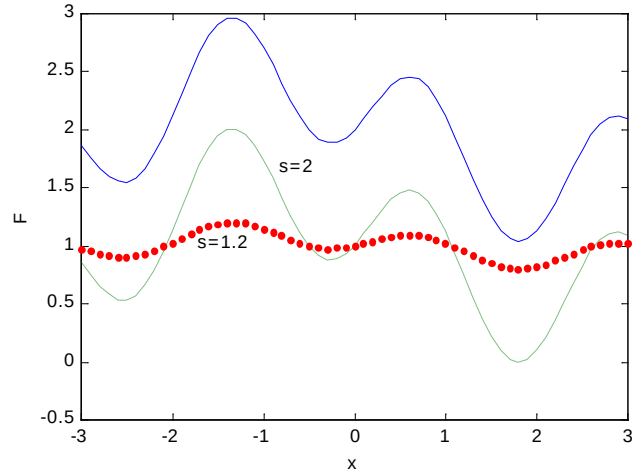
$$F' = aF + b$$

gdzie:  $a$  i  $b$  – stałe dobrane tak, aby średnia wartość funkcji przystosowania przed i po skalowaniu były jednakowe, a maksymalna wartość funkcji przystosowania była wielokrotnością wartości średniej (od 1,2 do 2).

### Skalowanie liniowe 2

$$F' = 1 + \frac{F - \bar{F}}{F_{\max} - \bar{F}} (s - 1)$$

gdzie:  $s$  – oczekiwana liczba kopii najlepszego osobnika w puli rodzicielskiej (np. 2). Liczba kopii osobnika o średnim przystosowaniu = 1.



### Obcinanie typu sigma

gdzie:  $c$  – stała od 1 do 5,  $\sigma$  – odchylenie standardowe w populacji. Jeśli  $F' < 0$  to przyjmuje się  $F' = 0$ .

## Skalowanie potęgą

$$F' = F^k$$

dla  $k < 1$  wygładzanie (niwelowanie pagórków), dla  $k > 1$  wyostrozanie.

## Skalowanie Boltzmann

$$F' = \exp(F/T)$$

im większe  $T$ , mniejszy napór selekcyjny.

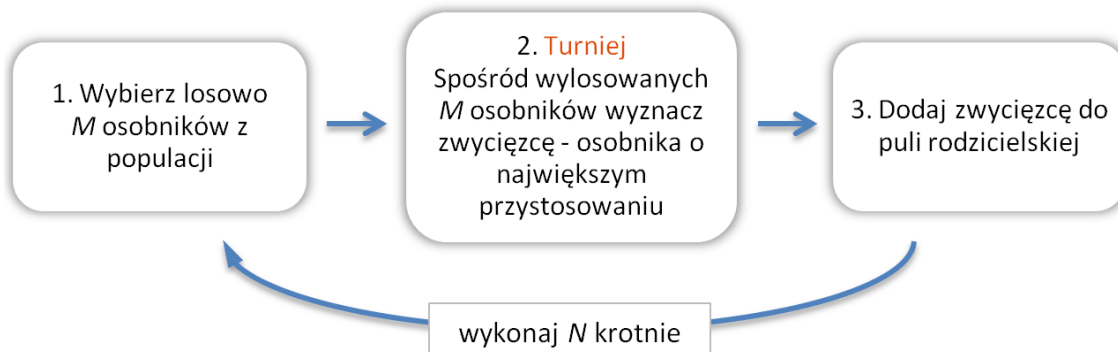
## Uniwersalne stochastyczne próbkowanie

```
begin
  sum = 0;
  ptr = rand();
  for j = 1 to N do
    sum = sum + ej; // ej - oczekiwana liczba kopii chromosomu
                    // k w puli rodzicielskiej, ej = N*psj
  while (sum > ptr ) do
    wybierz chromosom j do puli rodzicielskiej;
    ptr = ptr + 1;
  end
end
end
```

## Selekcja turniejowa

Losuje się (z powtórzeniami) pewną liczbę  $M$  osobników z populacji i wybiera się spośród nich najlepszego, który przechodzi do puli rodzicielskiej. Ten proces powtarza się  $N$ -krotnie, do momentu zapełnienia puli.

Większa wartość  $M$  zwiększa napór selekcyjny tej procedury. Metoda turnieju nadaje się zarówno do poszukiwań maksymalnych jak i minimalnych wartości funkcji.



## Selekcja rankingowa

Prawdopodobieństwo selekcji osobnika wyznacza się na podstawie jego rangi – pozycji osobnika na liście posortowanej według przystosowania.

$$p_s(\mathbf{x}_k) = \left(1 - \frac{r(\mathbf{x}_k)}{r_{\max}}\right) \cdot a + b$$

