

SZTUCZNA INTELIGENCJA

ALGORYTMY GENETYCZNE

Dr hab. inż. Grzegorz Dudek
Wydział Elektryczny
Politechnika Częstochowska

Projekt finansowany w ramach programu Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego pod nazwą „Regionalna Inicjatywa Doskonałości” w latach 2019 - 2022 nr projektu 020/RID/2018/19 kwota finansowania 12 000 000 PLN

allele – wartości, warianty genów,

chromosom - (inaczej osobnik, genotyp, struktura, łańcuch lub ciąg kodowy) zakodowane zmienne/parametry zadania,

fenotyp - zdekodowane zmienne/parametry zadania, rozwiązanie,

gen - (inaczej cecha, znak, dekodery) zakodowana wartość pojedynczej zmiennej/parametru,

generacja - populacja w wymiarze czasowym (w kolejnych iteracjach),

krzyżowanie - (inaczej rekombinacja, krosowanie) operator genetyczny dwu lub wieloargumentowy, łączący cechy osobników rodzicielskich w osobnikach potomnych,

locus - pozycja genu w chromosomie,

mutacja - operator genetyczny jednoargumentowy, wprowadzający perturbację chromosomu,

napór selekcyjny - wymagania środowiska względem osobników populacji,

populacja - zbiór chromosomów przetwarzany w procesie ewolucyjnym,

przystosowanie - ocena chromosomu,

pula rodzicielska - tymczasowa populacja chromosomów utworzona w wyniku selekcji,

selekcja - (inaczej reprodukcja) proces powielania chromosomów w stosunku zależnym od ich przystosowania.

ALGORYTM GENETYCZNY JAKO METODA OPTIMALIZACJI

Zasadnicze różnice między tradycyjnymi metodami optymalizacji a algorytmami genetycznymi*:

- AG nie przetwarzają bezpośrednio parametrów zadania, lecz ich zakodowaną postać,
- AG prowadzi poszukiwania, wychodząc nie z pojedynczego punktu, lecz z całej ich populacji,
- AG korzystają tylko z funkcji celu (zwanej funkcją przystosowania), nie zaś z jej pochodnych lub innych pomocniczych informacji,
- AG stosują probabilistyczne, a nie deterministyczne reguły wyboru.

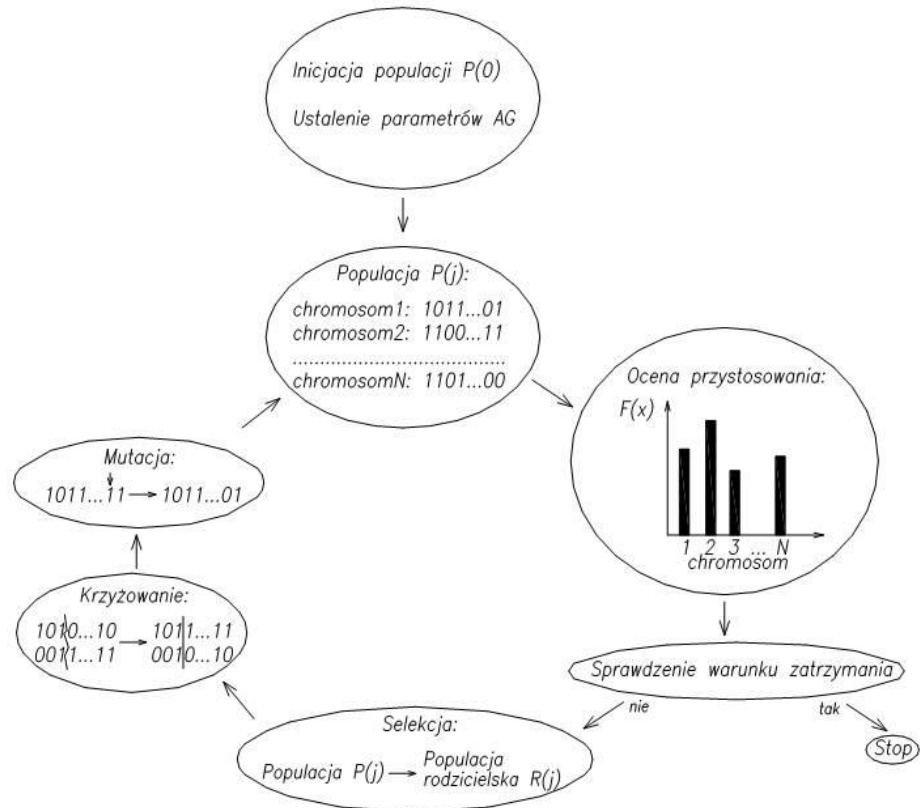
Probabilistyczny – oparty na teorii prawdopodobieństwa

Deterministyczny – nieprzypadkowy, uznający zasadę prawidłowości, przyczynowego uwarunkowania zjawisk, określony, jednoznaczny

Stochastyczny – częściowo losowy lub niepewny, probabilistyczny

* Goldberg D.E.: *Algorytmy genetyczne i ich zastosowania*. WNT, Warszawa 1995

SCHEMAT AG



1. Zdefiniuj zmienne i ustal ich reprezentację.
2. Ustal parametry AG/AE.
3. Wygeneruj początkową populację osobników $P(0)$.
4. Oceń populację początkową $P(0)$.
5. Dla $t = 1, 2, \dots$ powtarzaj do momentu spełnienia warunku zatrzymania:
 - 5.1. Reprodukacja: wybierz osobniki z populacji $P(t)$ do $P(t-1)$ korzystając z metody selekcji.
 - 5.2. Zmodyfikuj $P(t)$ używając operatorów genetycznych.
 - 5.3. Oceń populację $P(t)$.

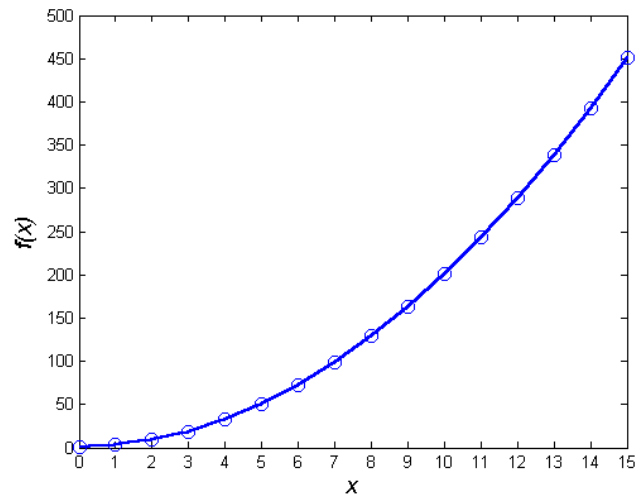
Zadanie

Znaleźć maksimum funkcji

$$f(x) = 2x^2 + 1$$

dla $x \in \mathbb{N}$ i $x \in [0, 15]$.

Przestrzeń poszukiwań – $\{0, 1, \dots, 15\}$



1. Zdefiniuj zmienne i ustal ich reprezentację

Zmienna - x

Dziedzina x obejmuje 16 wartości – 0, 1, ..., 15

Do zakodowania 16-tu wartości potrzeba 4 bitów

Sposób kodowania – reprezentacja binarna:

x	0	1	2	3	...	15
chromosom	0000	0001	0010	0011	...	1111

Osobniki (chromosomy) składają się z jednego genu, allele przyjmują wartości 16 wariantów.

2. Ustal parametry AE

Liczebność populacji (liczba osobników) – $N = 4$

Liczba generacji (iteracji AG) – $L_{gen} = 10$

Metoda krzyżowania – krzyżowanie jednopunktowe

Prawdopodobieństwo krzyżowania – $p_c = 0,9$

Metoda mutacji – binarna równomierna

Prawdopodobieństwo mutacji – $p_m = 0,1$

3. Wygeneruj populację początkową $P(0)$

Generacja jest często losowa, np:

0110

1100

1011

1011

4. Oceń populację $P(0)$

Aby ocenić chromosomy trzeba je zdekodować, czyli wyznaczyć ich fenotypy x_i , a następnie podstawić x_i do funkcji celu i obliczyć przystosowanie $f(x_i)$.

Genotypy	Fenotypy	Przystosowanie
0110	6	73
1100	12	289
1011	11	243
1011	11	243

5. Dla $t = 1, 2, \dots$ powtarzaj do momentu spełnienia warunku zatrzymania

Warunek zatrzymania – osiągnięcie optimum, przekroczenie zadanej liczby iteracji, brak postępów

5.1. Reprodukacja: wybierz osobniki z populacji $P(t)$ do $P(t-1)$ korzystając z metody selekcji.

Selekcja metodą koła ruletki

Prawdopodobieństwo selekcji chromosomu ch_i :

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

$v(ch_j)$ - wycinek koła odpowiadający chromosomowi ch_j :

$$v(ch_i) = p_s(ch_i) \cdot 100\%$$

W naszym przykładzie:

$$\sum_{j=1}^4 f(ch_j) = 848$$

KLASYCZNY AG W AKCJI

$$p_s(ch_1) = 73/848 = 0,09$$

$$v(ch_1) = 9\%$$

$$p_s(ch_2) = 289/848 = 0,33$$

$$v(ch_1) = 33\%$$

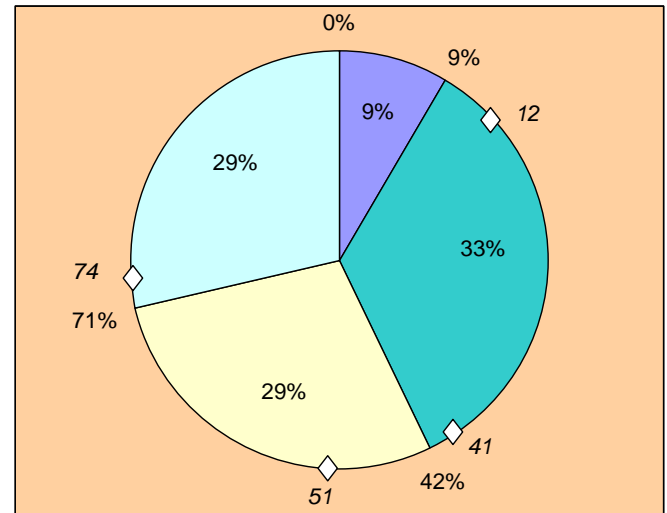
$$p_s(ch_3) = 243/848 = 0,29$$

$$v(ch_3) = 29\%$$

$$p_s(ch_4) = 243/848 = 0,29$$

$$v(ch_4) = 29\%$$

Po 4-krotnym zakręceniu kołem (czyli wylosowaniu liczb z zakresu [0, 100]), do puli rodzicielskiej wytypowano osobniki nr 2, 2, 3 i 4.



5.2. Zmodyfikuj $P(t)$ używając operatorów genetycznych

Krzyżowanie jednopunktowe

1. Losowo kojarzymy chromosomy z puli rodzicielskiej w pary tworząc $N/2$ par. Para podlega krzyżowaniu z prawdopodobieństwem p_c lub przechodzi do następnej populacji bez krzyżowania (z prawdopodobieństwem $1 - p_c$).
2. Dla każdej pary wybieramy losowo punkt cięcia $k \in \{1, 2, \dots, n-1\}$, gdzie n – liczba bitów w chromosomie.
3. Zamieniamy miejscami wszystkie bity od pozycji $k+1$ do n w obu chromosomach rodzicielskich, tworząc w ten sposób dwa osobniki potomne.

Po krzyżowaniu populacja potomków zastępuje populację rodziców.



W naszym przykładzie:

Losowanie par rodziców: 1 i 3, 1 i 2

Losowanie punktów cięcia: 3 i 2

110|0 → 1101

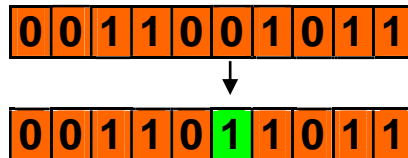
101|1 → 1010

11|00 → 1100

11|00 → 1100

Mutacja

Zmiana wybranych losowo genów chromosomów (bitów).



W naszym przykładzie:

Dla każdego bitu kolejnych chromosomów losujemy z rozkładem jednostajnym liczbę $r \in [0, 1]$. Jeśli $r < p_m$ zmieniamy wartość bitu. Prawdopodobieństwo mutacji bitu p_m jest znacznie mniejsze od p_c .

Tylko dla bitu 4 osobnika 2 otrzymano $r < p_m$

1010 → 1011

5.3. Oceń populację P(t)

Genotypy	Fenotypy	Przystosowanie
1101	13	339
1011	11	243
1100	12	289
1100	12	289

W następnej generacji:

Selekcja: $\sum_{j=1}^4 f(ch_j) = 1160$

$$p_s(ch_1) = 339/1160 = 0,29$$

$$v(ch_1) = 29\%$$

$$p_s(ch_2) = 243/1160 = 0,21$$

$$v(ch_2) = 21\%$$

$$p_s(ch_3) = 289/1160 = 0,25$$

$$v(ch_3) = 25\%$$

$$p_s(ch_4) = 289/1160 = 0,25$$

$$v(ch_4) = 25\%$$

Metodą koła ruletki wybrano chromosomy do puli rodzicielskiej: 1101, 1011, 1011, 1100.

Krzyżowanie

Losowanie par rodziców: 4 i 3, 2 i 3

Losowanie punktów cięcia: 2 i 2

11|00 → 1111 10|11 → 1011

10|11 → 1000 10|11 → 1011

Mutacja: nie zachodzi.

Nowa populacja

Genotypy	Fenotypy	Przystosowanie
1111	15	451 – najlepsze rozwiązanie
1000	8	129
1011	11	243
1011	11	243

KODOWANIE BINARNE ZMIENNYCH RZECZYWISTYCH

Znaleźć maksimum funkcji $f(x_1, x_2, \dots, x_n)$ dla $x_i \in R$ i $x_i \in [a_i, b_i]$.

Szukamy rozwiązania z dokładnością do q_i miejsc po przecinku dla zmiennej x_i .

Wymagana długość m_i łańcucha bitów do zakodowania zmiennej x_i :

$$(b_i - a_i) \cdot 10^{q_i} + 1 \leq 2^{m_i}$$

$$m_i = \text{ceil}(\log_2((b_i - a_i) \cdot 10^{q_i} + 1))$$

gdzie *ceil* – operator zaokrąglania w górę do najbliższej liczby całkowitej

Dekodowanie:

$$x_i = a_i + \frac{y_i (b_i - a_i)}{2^{m_i} - 1}$$

gdzie y_i – wartość dziesiętna łańcucha bitów kodującego x_i

KODOWANIE BINARNE ZMIENNYCH RZECZYWISTYCH

Przykład

$$f(x_1, x_2) = x_1^2 + x_2^2, x_1 \in [-1, 1], x_2 \in [2, 5], q_1 = 2, q_2 = 4.$$

$$m_1 = \text{ceil}(\log_2((b_1 - a_1) \cdot 10^{q_1} + 1)) = \text{ceil}(\log_2(1 + 1) \cdot 10^2 + 1)) = \text{ceil}(7.65) = 8$$

$$m_2 = \text{ceil}(\log_2((b_2 - a_2) \cdot 10^{q_2} + 1)) = \text{ceil}(\log_2(5 - 2) \cdot 10^4 + 1)) = \text{ceil}(14.87) = 15$$

$$\text{Dla } ch_1 = \mathbf{01101001110100011000101} \Rightarrow y_1 = 105, y_2 = 26821$$

$$x_1 = a_1 + \frac{y_1(b_1 - a_1)}{2^{m_1} - 1} = -1 + \frac{105 \cdot (1 + 1)}{2^8 - 1} = -0.18$$

$$x_2 = a_2 + \frac{y_2(b_2 - a_2)}{2^{m_2} - 1} = 2 + \frac{26821 \cdot (5 - 2)}{2^{15} - 1} = 4.4556$$