

Algorytmy Genetyczne

dr inż. Jacek Czerniak



Plan wykładu

- Wzmiankowanie metod optymalizacji
- Wprowadzenie do AG
- Metody selekcji
- Metody krzyżowania
- Przykładowa aplikacja

Metody SI służące do optymalizacji

- Algorytmy genetyczne
- Programowanie ewolucyjne
- Programowanie genetyczne
- Systemy mrówkowe
- Optymalizacja rojem cząstek
- Symulowane wyżarzanie
- Przeszukiwanie tabu
- Strategie ewolucyjne

Algorytmy Genetyczne

Badania nad algorytmami genetycznymi oraz obliczeniami ewolucyjnymi zainspirowane zostały teorią Darwina dotyczącą naturalnej selekcji i zdolności do przetrwania jedynie najsilniejszych osobników populacji. Algorytmy genetyczne to programy, które w sposobie rozwiązywania problemów naśladują naturalny fenomen ewolucji.



AG c.d.

Przez długi okres wielkie populacje dokonywały naturalnej selekcji na drodze reprodukcji oraz mutacji. Idąc w ich ślady programy wykorzystujące algorytmy genetyczne tworzą populację z możliwych rozwiązań danego problemu. Następnie, poprzez kilkakrotne przeprowadzenie procesów przypadkowej selekcji i wariacji, stwarzane są kolejne generacje programu, z których każda charakteryzuje się zwiększeniem jakości rozwiązania. W konsekwencji algorytmy genetyczne sterują ewolucją rozwiązań za pomocą procesów genetycznych. W przeciwieństwie do ewolucji naturalnej, program komputerowy tworzy i ocenia tysiące generacji w kilka sekund.

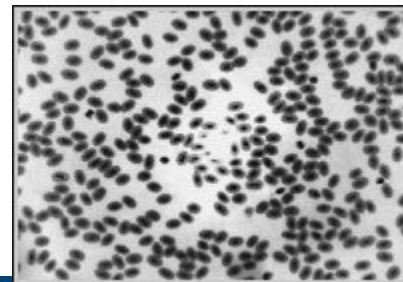
Programowanie Ewolucyjne

Inicjatorem programowania ewolucyjnego był Lawrence Fogel (1966 rok). Pierwotnie było ono wykorzystywane do przewidywania ewentualnych zmian w środowisku mogących wystąpić na skutek rozwoju sztucznej inteligencji. W tym przypadku otoczenie opisywane było sekwencją symboli, zaś dane wyjściowe tworzył nowy symbol wyprodukowany przez rozwinięty algorytm. Wyjściowy symbol maksymalizował funkcję wypłaty oceniającą dokładność dokonanego przewidywania.

PE c.d.

W końcowym stadium eksperymentu maszyny w nim wykorzystane tworzyły chromosomową reprezentację jednostek, która w oparciu o interpretację symboli dostarczała sensowne odzwierciedlenie rzeczywistych zachowań ludzkich. We wczesnych latach dziewięćdziesiątych David Fogel dokonał próby uogólnienia wszystkich technik programowania ewolucyjnego, aby umożliwić rozwiązanie złożonych problemów z zakresu klasyfikacji i optymalizacji numerycznej.

Systemy mrówkowe

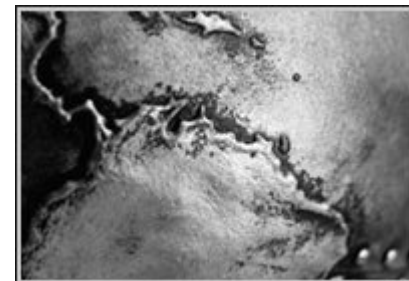


Systemy mrówkowe, znane również jako algorytmy mrówkowe, to systemy wielu przedstawicieli, w których zachowanie poszczególnego przedstawiciela-komputera inspirowane jest rzeczywistym zachowaniem mrówek. Mając dane źródło pożywienia posiadające wiele ścieżek dostępu, kolonia mrówek dotrze do niego przy użyciu najkrótszej i najefektywniejszej trasy. Mechanizm tego procesu jest następujący.

Niektóre gatunki mrówek podczas wędrówki z mrowiska w kierunku źródła pożywienia pozostawiają na podłożu substancję chemiczną zwaną feromonem. Gdy proces ten powtarza się, feromon pozostawiany jest przez mrówki w coraz większych ilościach na coraz krótszych odcinkach. Kiedy inne mrówki dojdą do punktu decyzyjnego, którym jest skrzyżowanie wielu możliwych ścieżek, dokonują wyboru trasy na podstawie ilości pozostawionej przez poprzedniczki substancji. Po kilku chwilach już prawie wszystkie mrówki używają najkrótszej ścieżki ze względu na najwyższą koncentrację znajdującego się na niej feromonu.

Algorytmy mrówkowe wykorzystywane w programach komputerowych symulują pozostawianie feromonu wzdłuż wykorzystywanych ścieżek. Wielokrotne użycie algorytmu pozwala na zidentyfikowanie trasy optymalnej. Algorytmy mrówkowe są najlepszym przykładem systemu bazującego na inteligencji masowej. Wykorzystywane są do rozwiązywania licznych problemów optymalizacji, począwszy od klasycznego problemu komiwojażera, a skończywszy na wyznaczaniu tras w sieciach telekomunikacyjnych.

Symulowane wyżarzanie



Zasada przeprowadzania wyżarzania symulowanego została zaczerpnięta z metalurgii: kawałek metalu jest ogrzewany (atomy są wzbudzone termicznie), a następnie pozostawiany do powolnego ostygnięcia. Powolne i regularne chłodzenie się metalu pozwala atomom na obniżenie poziomu swej energii do momentu znalezienia się w stanie metastabilnym (o minimalnej energii).

Gwałtowne ochłodzenie zamroziłoby je na przypadkowych pozycjach, na których aktualnie by się znajdowały. Otrzymana w rezultacie struktura metalu jest silniejsza i bardziej stabilna. Poprzez symulowanie procesu wyżarzania za pomocą programu komputerowego jesteśmy w stanie znaleźć rozwiązania trudnych i złożonych zadań. Zamiast minimalizowania energii bloku metalu (czy maksymalizowania jego wytrzymałości) program od ręki minimalizuje lub maksymalizuje funkcje celu związane z problemem.

Przeszukiwanie tabu

- Przeszukiwanie tabu jest wielokrotną procedurą stosowaną do rozwiązywania problemów optymalizacyjnych z zakresu kombinatoryki dyskretnej. Wykorzystywane jest do uzyskiwania optymalnych, lub prawie optymalnych, rozwiązań problemów z dziedziny planowania i programowania działań, a także do optymalizacji ich rozkładu.

- Podstawową ideą przeszukiwania tabu jest eksploracja przestrzeni, stworzonej ze wszystkich możliwych do realizacji rozwiązań, za pomocą sekwencji ruchów. Wyjście z lokalnie optymalnego, ale nie optymalnego globalnie, rozwiązania i tym samym uniemożliwienie wykonania pewnych ruchów w danym przejściu klasyfikowane jest jako ruch niedozwolony, czy też jako ruch tabu.

- Ruchy tabu to ruchy oparte na krótko- bądź długoterminowej historii sekwencji ruchów. Dla przykładu prosta implementacja może zakwalifikować ruch jako tabu, jeżeli ruch do niego przeciwny wykonany został ostatnio lub wykonywany był często. Czasami, gdy uważane jest to za korzystne, ruch tabu może być unieważniony. Takie kryterium aspiracyjne obejmuje również przypadek, kiedy przez zapomnienie, iż dany ruch jest tabu, dojdziemy do rozwiązania najlepszego z uzyskanych dotychczas.

Optymalizacja rojem cząstek

- Optymalizacja rojem cząstek to zainspirowana biologicznie metoda szukania i optymalizowania, wynaleziona w 1995 r. przez dr Eberhart' a i dr Kennedy' ego. Opierając się na zachowaniach stad ptaków i ławic ryb, technika ta przedstawia możliwe rozwiązania jako cząsteczki lecące jak rój przez obszar rozwiązań.

- Podobnie jak stado ptaków, rój podąża za przywódcą, bieżącym, najlepszym znanym rozwiązaniem, przyspieszając i zmieniając kierunek, gdy lepsze rozwiązanie zostanie znalezione. Badania nad tymi systemami ukazały, że optymalizacja rojem cząstek może skuteczniej od innych technik znaleźć lepsze rozwiązanie złożonych problemów.

Strategie ewolucyjne

- Strategie ewolucyjne, podobnie jak algorytmy genetyczne i cały obszar obliczeń ewolucyjnych, bazują na biologicznym procesie ewolucji w celu odnalezienia optymalnych rozwiązań złożonych problemów. Strategie ewolucyjne odkryte zostały w 1963 roku, podczas wspólnej pracy dwóch studentów Politechniki Berlińskiej nad realizacją projektu dla Instytutu Inżynierii Przepływu. Prace dotyczyły poszukiwań optymalnego kształtu obiektów przepływających przez tunel aerodynamiczny - stało się to później istotą intuicyjnego eksperymentowania w laboratorium.

- Jeden ze studentów, Ingo Rechenberg (obecnie profesor Bioniki i Inżynierii Ewolucyjnej na Politechnice Berlińskiej), zaproponował pójście w ślady mutacji biologicznej i dokonywanie losowych zmian w parametrach definiujących kształt obiektów. Drugi ze studentów, Hans-Paul Schwefel (obecnie Dyrektor Centrum Informatycznego w Dortmund), rozpoczął proces testowania efektywności nowej metody przy pomocy komputera wyższej generacji ze względu na pojawienie się licznych obiekcji w stosunku do stosowanych "strategii losowych". Te wczesne eksperymenty zapoczątkowały ideę strategii ewolucyjnych.

Prof. dr hab. Zbigniew Michalewicz



Wybitny specjalista z zakresu sztucznej inteligencji, algorytmów ewolucyjnych oraz metod heurystycznych jak również niepełnej informacji. Jest on autorem przeszło 150 prac naukowych, a także 4 monografii, tłumaczonych na wiele języków i kilkakrotnie wznawianych. Jego książki pt.: "Genetic Algorithms + Data Structures = Evolution Programs" oraz "How to Solve It: Modern Heuristics" są podstawą wykładów na uczelniach na całym świecie.

Prof. Michalewicz jest obecnie związany z University of Adelaide, Australia, a poprzednio z University of North Carolina, USA, Instytutem Podstaw Informatyki PAN, PJWSTK jak również z NUTech Solutions.

Słownik pojęć

- **Osobnik** - podstawy "aktor" mutacji genetycznych, stanowi rozwiązanie problemu czasem określany mianem punktu z przestrzeni poszukiwań, w algorytmie genetycznym występuje w postaci genotypu
- **Populacja** - skończony zbiór osobników, które biorą udział w procesie ewolucji.
- **Genotyp** - struktura złożona z chromosomów, zbiór informacji opisujący osobnika,
- **Fenotyp** - zbiór konkretnych wartości odpowiadających danemu genotypowi, posiada go każdy osobnik,
- **Chromosom** - uporządkowany ciąg genów, zwykle tożsamy jest z pewnym ciągiem kodowym opisującym pewną własność osobnika,
- **Gen** - pojedynczy element C_{Ai} chromosomu A, opisującego najmniejszą część osobnika,

Słownik pojęć

- **Allel** - wartość danego genu, jest częścią składową fenotypu,
- **Locus** - określa usytuowanie genu w chromosomie lub w genotypie zależnie od implementacji,
- **Selekcja osobników** - odpowiednik selekcji naturalnej, proces wyboru osobników na rodziców nowej populacji.
- **Operacja krzyżowania** - polega na skrzyżowaniu dwóch osobników wybranych w wyniku operacji selekcji.
- **Operacja mutacji** - podobnie jak w naturze, polega na zmianie losowo wybranego genu.
- **Funkcja przystosowania** - określa jak silnie cechy osobnika odpowiadają założonemu trendowi "hodowli".

Algorytm Genetyczny

Przejdźmy zatem do omówienia poszczególnych kroków algorytmu genetycznego.



Populacja początkowa

1 0 0 0

1 1 1 0

1 0 0 1

1 0 1 0

W nawiązaniu do wspomnianych wcześniej uproszczeń przyjmijmy, że pojedynczy gen będziemy utożsamiać ze stanem logicznym 1 lub 0. Natomiast cały chromosom z ciągiem zer i jedynek. Taką przykładową populację osobników przedstawia Rysunek 2. Osobniki widoczne na rysunku to faktycznie same chromosomy i w tym miejscu artykułu możemy posługiwać się zamiennie pojęciami chromosom i osobnik. W dalszej części rozważań różnica ta będzie miała większe znaczenia.

Funkcja przystosowania

1 0 0 0

$F(x)$
1

1 1 1 0

3

1 0 0 1

2

1 0 1 0

2

O funkcji przystosowania, zwanej też czasem funkcją dopasowania mówimy, gdy chcemy opisać kierunek ewolucji algorytmu. Jest to kluczowy moduł algorytmu genetycznego, gdyż konstruując taki algorytm chcemy nie tylko by ewoluował ale przede wszystkim aby rozwiązał jakiś problem czyli formalnie rzecz ujmując dokonał optymalizacji jakiegoś procesu. Zatem jak nietrudno się domyślić, złe sformułowanie funkcji przystosowania może doprowadzić w skrajnym przypadku do tego, że nasz algorytm wyprowadzi nas na manowce...

Selekcja chromosomów

1 0 0 0

$F(x)$
1

1 1 1 0

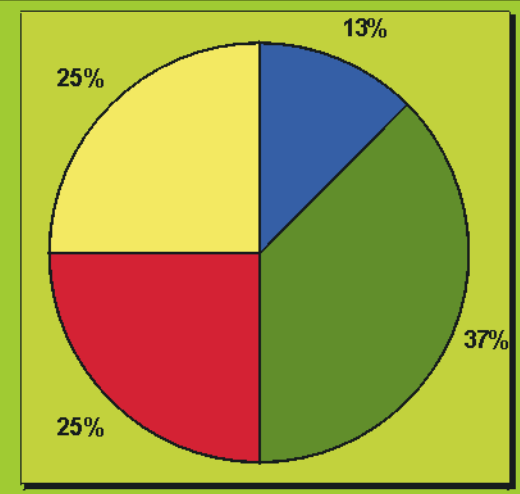
3

1 0 0 1

2

1 0 1 0

2



Budując algorytm bazujący na "dzikiej przyrodzie" chcemy, w miarę możliwości, wiernie odwzorowywać jej mechanizmy. Cóż zatem jest najbardziej oczywistym prawem w selekcji naturalnej jeżeli nie prawda o supremacji najsilniejszych. Dodajmy dla jasności, że gdy abstrahujemy od komputerów mamy na myśli tylko populacje zwierząt i owadów. Reasumując, chcemy zatem aby najsilniejszy osobnik miał większe szanse zostać protoplastą nowego pokolenia niż osobnik słaby. Standardowym pomysłem na wybieranie osobników do prokreacji jest tzw. metoda koła ruletki.

Mutacja chromosomów

Pozostawmy na razie samotnie miłośników gier hazardowych i zajmijmy się zjawiskiem, które leży bliżej zainteresowań mikrobiologów. Tym zjawiskiem jest oczywiście mutacja. W dobie wszechobecnej inżynierii genetycznej to zjawisko kojarzy nam się jak najbardziej prawidłowo. Jakie jednak mogłoby ono mieć zastosowanie w opracowywanym przez nas algorytmie? Takie samo jak i metoda selekcji. Dbamy przecież o wierne odwzorowanie rzeczywistości ale nie tylko. Jest to nasze zabezpieczenie przed osiągnięciem tzw. ekstremum lokalnego.

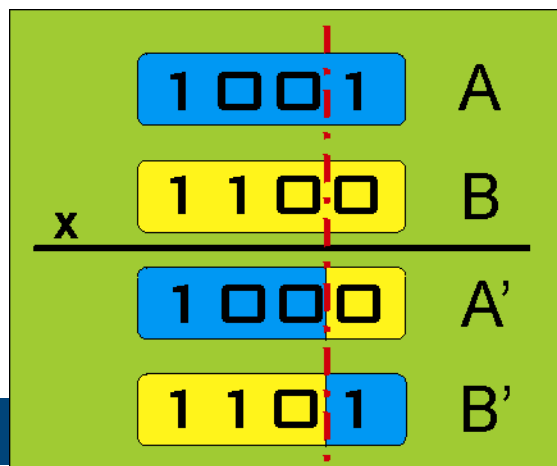
NOT



Mutacja chromosomów c.d.

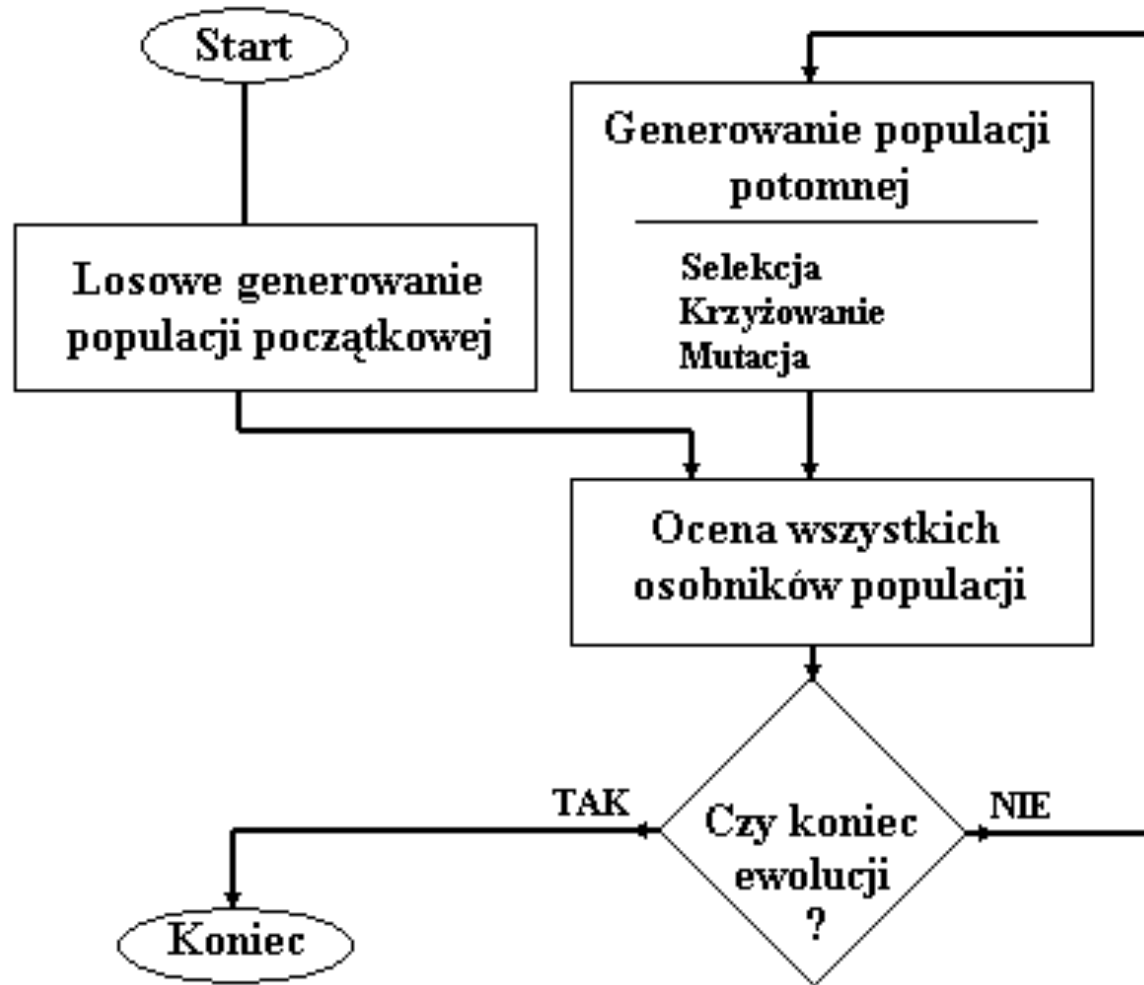
Zainteresowanych zgłębieniem podstaw matematycznych tego zjawiska odsyłam do literatury. Tym, których dociekliwość ukierunkowana jest bardziej praktycznie chciałbym przypomnieć wyniki eksperymentów genetyków, którzy udowodnili zgubne skutki łączenia się w pary osobników blisko spokrewnionych. Zatem operacja mutacji w naszym przypadku stanowi zabezpieczenie przed wpadnięciem algorytmu w swoistą pętlę bez wyjścia. Aby zrealizować operator mutacji dla naszego odwzorowania genów możemy użyć logicznego funktora NOT. Prawdopodobnie nie trzeba dodawać, że zmienia on stan logiczny na przeciwny uzyskując z jedynki zero i na odwrót.

Krzyżowanie chromosomów



Kolejnym etapem algorytmu genetycznego jest operacja krzyżowania. W wyniku tej operacji z dwóch rodziców powstaje dwoje potomków. Na początku losowo wybierany jest tzw. punkt krzyżowania. Przerywana linia na rysunku symbolizuje właśnie miejsce krzyżowania. Oczywiście może to być więcej niż jeden punkt. Następnie chromosomy rodziców są dzielone na części zgodnie z linia podziału, a chromosomy potomków składają się z odpowiednich części odziedziczonych po rodzicach. Na tym etapie następuje zastąpienie populacji rodziców populacją potomków. Mówimy wtedy, że algorytm należy do grupy tzw. algorytmów bez pamięci.

AG trochę dokładniej



Metody selekcji osobników

W literaturze przedmiotu spotkać można wiele metod selekcji osobników. Wśród nich do klasyki gatunku weszły m.in. poniższe:

- metoda koła ruletki (klasyczna),
- metoda rankingowa,
- metoda turniejowa,
- metody De Jong'a,
- metody Brindle'a,
- metoda Mauldin'a,
- metoda Michalewicza.

Metoda koła ruletki (*klasyczna*)

Nazwa pochodzi od skojarzenia jakie może wywołać wizualizacja tej metody. Wyobrażono sobie pewne wirtualne koło, dzisiejsze skojarzenie byłoby bliższe określeniu “koło fortuny”, którego wycinki reprezentują osobników. Przy czym wielkość wycinka jest wprost proporcjonalna do wartości funkcji przystosowania osiągananej przez danego osobnika. Jako, że selekcji dokonuje się poprzez losowy wybór punktów na okręgu, to oczywistością jest częstszy wybór do populacji rodzicielskiej osobników reprezentowanych przez większe wycinki.

Metoda koła ruletki (*klasyczna*)

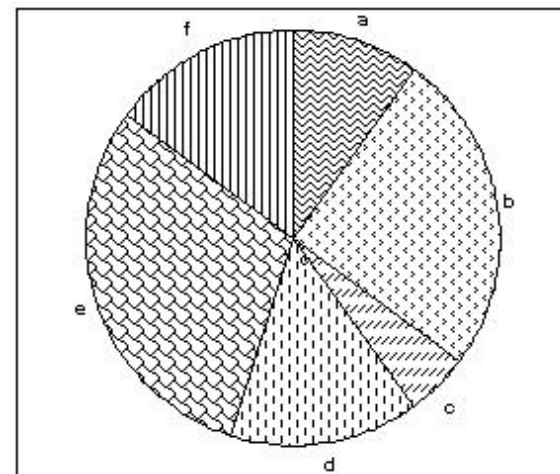
Formalnie rzecz ujmując podstawą omawianego algorytmu jest przypisanie każdemu chromosomowi $ch_i \in P$ pewnego wycinka koła $s(ch_i)$. Wielkość $s(ch_i)$ wyrazić można wzorem:

$$s(ch_i) = \frac{F(ch_i)}{\sum_{n=1}^N F(ch_n)} \cdot 100\%, \quad i = \{1, 2, \dots, N\}$$

Gdzie;

N- liczebność populacji,

F - funkcja przystosowania.



Metoda rankingowa

Dla każdego osobnika oblicza się funkcję przystosowania, a następnie ustawia się je w szeregu od najlepszego do najgorszego. Pierwsi na liście zostaną protoplastami kolejnego pokolenia, a reszta trafi do historii. Wadą metody jest niewrażliwość na różnice pomiędzy kolejnymi osobnikami w kolejce. Może się okazać, że sąsiadujące na liście rozwiązania mają różne wartości funkcji przystosowania ale dostają prawie taką samą ilość potomstwa.

Metoda rankingowa

Spotyka się dwie wersje metody rankingowej;

- liniowa selekcja rankingowa

$$R(rank, S_p, N) = 2 - S_p + \frac{2 \cdot (S_p - 1) \cdot (rank - 1)}{N - 1}$$

- nieliniowa selekcja rankingowa

$$R(rank, S_{ex}, N) = \frac{N \cdot S_{exp}^{(rank-1)}}{\sum_{i=1}^N S_{ex}^{(i-1)}}$$

Gdzie; N – liczba wybieranych osobników,

rank – pozycja osobnika na liście rankingowej (tzw. ranga),

S_p – współczynnik selekcji (*ang. selective pressure*), $1 \leq S_p \leq 2$,

S_{ex} – współczynnik selekcji dobierany eksperymentalnie.

Metoda turniejowa

Pomiędzy osobnikami z populacji rodzicielskiej rozgrywany jest pewien rodzaj rywalizacji. Na początku działania algorytmu ustalona zostaje liczba meczy. W trakcie każdego z nich wybrana grupa chromosomów rywalizuje wyłaniając jednego zwycięzcę. Laureaci meczy pierwszego poziomu przechodzą do kolejnego i etapu i rozgrywają mecz wyłaniający ostatecznego zwycięzcę. Turniej z zachowaniem tych samych reguł i liczności drużyn meczowych jest powtarzany celem wyselekcjonowania drugiego rodzica. Zależnie od założonej liczności populacji i sposobu krzyżowania cały cykl turniejowy powtarzany jest aż do zebrania potrzebnej grupy par rodziców.

Metoda turniejowa

Do głównych parametrów selekcji turniejowej zwykło zaliczać się:

- intensywność selekcji

$$SelInt_{Tour}(Tour) = \sqrt{2 \cdot \left(\log(Tour) - \log\left(\sqrt{4.14 \cdot \log(Tour)}\right) \right)}$$

- utratę rozróżnialności populacji

$$LossDiv_{Tour}(Tour) = Tour^{-1 \left(\frac{1}{Tour-1} \right) - Tour^{-1 \left(\frac{Tour}{Tour-1} \right)}}$$

- wariancję selekcji osobników

$$SelVar_{Tour}(Tour) = 1 - 0.096 \cdot \log(1 + 7.11 \cdot (Tour - 1))$$

Gdzie przez parametr *Tour* rozumie się liczbę turniejów (*ang. tournament size*), a zwyczajowa jego wartość nie przekracza pięciu.

Metody De Jong'a

Metody selekcji osobników stały się polem intensywnych badań i eksperymentów. Początek tego lawinowego procesu należy przypisać pracy K.A.De Jong'a, który zaproponował nowe metody selekcji;

- metoda elitarna,
- metoda wartości oczekiwanej,
- metoda współczynnika przepełnienia.

Metoda elitarna (*ang. elitist model*)

Algorytm sprawdza czy po utworzeniu nowej populacji w jej składzie znajduje się najsilniejszy osobnik z populacji bazowej. Jeżeli tak się nie stało dominujący osobnik zostaje dodany jako dodatkowy. Zależnie od konkretnych modyfikacji skutkuje to zmiennym rozmiarem populacji lub usunięciem któregoś z wcześniej wyselekcjonowanych osobników celem zrobienia miejsca osobnikowi dominującemu. Zwykle ta metoda nie występuje samodzielnie ale raczej w połączeniu z inną wtedy gdy bezwzględne promowanie najsilniejszych osobników jest z jakiś przyczyn konieczne. Metoda elitarna z natury rzeczy przyspiesza zbieżność ale badacze podkreślają tendencje do lepszej skuteczności w poszukiwaniach lokalnych i słabości w globalnych.

Metoda wartości oczekiwanej

(*ang. expected value model*)

Powstała ona aby zredukować zaobserwowane błędy generatorów pseudolosowych. Chodziło o zniwelowanie różnicy pomiędzy oczekiwaną, a wylosowaną liczbą potomków danego chromosomu. W ogólnym zarysie algorytm ten polega na modyfikacji selekcji metodą koła ruletki w taki sposób, że przed losowaniem obliczana jest wartość oczekiwana liczby potomków. Uznaje się, że wzmiankowana wartość oczekiwana to iloraz wartości funkcji przystosowania dla badanego chromosomu do średniej wartości przystosowania badanej populacji. Następnie każdorazowo, gdy osobnik jest wylosowany do reprodukcji obliczona wartość jest pomniejszana. Gdy zmniejszy się do zera, to dany osobnik pomijany jest w dalszych etapach selekcji.

Metoda współczynnika przepełnienia

(*ang. crowding factor model*)

Autor dedykował to rozwiązanie specjalnie do funkcji multimodalnych. W tej metodzie każde utworzenie potomka związane jest z wykasowaniem jednego z rodziców. Aby wyeliminować rodzica proponuje się najpierw a priori określić wartość współczynnika przepełnienia CF (*ang. crowding factor*). Następnie po wykreowaniu potomka z populacji rodziców wybierany jest podzbiór liczący CF chromosomów. W ostatnim kroku z wylosowanego podzbioru kasowany jest "najbliższy krewny" potomka, czyli osobnik o genach jak najbardziej do niego podobnych.

Metody Brindle' a

Kolejnym znanym badaczem, który wniósł znaczący wkład w tej dziedzinie był A.Brindle. Zaproponował on następujące metody selekcji;

- metoda deterministyczna,
- metoda stochastyczna (w różnych wariantach),
- metoda stochastycznej rozgrywki.

Metoda deterministyczna

(ang. deterministic sampling)

Polega ona na obliczeniu dla każdego rodzica, w oparciu o prawdopodobieństwo wylosowania, liczby oczekiwanych potomków. Następnie wartość ta jest zaokrąglana w dół i rodzic staje się protoplastą założonej grupy potomków. W ostatnim etapie populacja potomków zostaje uzupełniona o najsilniejszych rodziców. Jest to typowy przykład złamania zasady "algorytmu bez pamięci" Hollanda'a.

Metoda stochastyczna

(ang. stochastic sampling)

Metoda badana była w kilku wariantach, a mianowicie z resztą i bez reszty oraz z zastąpieniem i bez zastąpienia. Wariant metody stochastycznej z resztą bez zastąpienia (*ang. remainder stochastic sampling without replacement*) polega na obliczeniu wartości oczekiwanej liczby potomków (jak u De Jong'a). Następnie dany rodzic jest protoplastą liczby potomków będącej częścią całkowitą obliczonej wartości oczekiwanej. Część ułamkowa wartości oczekiwanej traktowana jest jako prawdopodobieństwo wylosowania rodzica celem uzupełnienia nim populacji potomków. Konkretnie o dopełnieniu rodzicem populacji potomków decyduje ważony rzut monetą, gdzie wagą jest wspomniany ułamek.

Metoda stochastyczna

(*ang. stochastic sampling*)

W przypadku wariantu metody stochastycznej z resztą i zastąpieniem (*ang. remainder stochastic sampling with replacement*) początkowe kroki, aż do uczynienia z chromosomu rodzica określonej liczby potomków są identycznie do omówionych powyżej. Różnica uwidacznia się na końcu, gdzie dla każdego rodzica koło ruletki jest skalowane wg części ułamkowej wartości oczekiwanej, a populacja potomków dopełniana jest rodzicami wylosowanymi za pomocą tak przygotowanego koła ruletki.

Metoda stochastycznej rozgrywki

(ang. stochastic tournament)

Metoda polega na wyselekcjonowaniu w sposób klasyczny pary kandydatów na rodziców. Z każdej pary ostaje się tylko kandydat o większej wartości funkcji przystosowania. Taka procedura powtarzana jest n razy, gdzie n oznacza licznosc populacji. Badania prowadzone przez A.Brindle'a dowiodły, że modyfikacje metod selekcji skutkują lepszą skutecznością.

Metoda Michalewicza

Wychodzi on z założenia, że "ostra presja selekcji wspomaga przedwczesną zbieżność, a zbyt słaba presja selekcji może uczynić poszukiwanie genetyczne nieefektywnym" .

Proponowana przez niego metoda operuje na trzech grupach chromosomów, które można by opisać następująco:

- grupa klasyczna, zawiera rodziców, którzy po działaniu operatorów genetycznych staną się protoplastami nowej populacji,
- grupa dominatorów, składa się z neutralnych osobników, które bez żadnej ingerencji skopiowane zostają do nowej populacji,
- grupa straceńców, która składa się z chromosomów przeznaczonych do skasowania

Metoda Michalewicza

Przynależność do każdej z grup warunkowana jest jedynie poprzez wartość funkcji przystosowania. Samo losowanie kandydatów do poszczególnych grup odbywa się klasyczną metodą koła ruletki. Jest to oczywiście algorytm łamiący klasyczną zasadę "braku pamięci". Dzieje się tak poprzez stworzenie możliwości użycia w co najmniej dwóch pokoleniach tych samych osobników z grupy dominatorów.

Operatory genetyczne

Badania dotyczące operatorów genetycznych można podzielić zgodnie z modułową koncepcją algorytmów genetycznych na dwie kategorie:

- operatory mutacji,
- operatory krzyżowania.

Mutacja

W sensie naturalnym mutacja definiowana bywa jako *"nagła, skokowa, dziedzicząca się zmiana w materiale genetycznym organizmu. Termin [...] oznaczający zmianę zapisu informacji genetycznej. Mutacja jest zjawiskiem losowym, podlegającym jednak wpływom środowiska."* Taką definicję podaje Wolna Encyklopedia Wikipedia pod hasłem "mutacja". W klasycznym algorytmie genetycznym zwykło przyjmować się, na wzór natury, nikłe prawdopodobieństwo wystąpienia mutacji z przedziału $[0,0.1]$.

Mutacja

W algorytmach genetycznych jako główne zadanie stawia się mutacji poprawa własności potomka, gdy uzyskał słabsze wyniki niż rodzic. Zwykle dzieje się to poprzez zmianę jaka odbywa się na pojedynczym allelu. Zależnie od ilości losowanych alleli mutacje można podzielić na:

- jednopunktową (*ang. one point mutation*),
- wielopunktową (*ang. multi point mutation*).

Mutacja jednopunktowa

Osobnik A posiada właściwy mu łańcuch genetyczny. Jako Z należy rozumieć zbiór dozwolonych wartości genów (*allele*). Dla uproszczenia rozważań przyjęto, że każdy z genów przyjmuje wartość z tego samego zbioru *alleli* Z . Punkt m widoczny na rysunku określa gen którego *allel* zostanie zastąpiony nowym, wybranym losowo, zgodnie z implementacją, ze zbioru Z .

Mutacja jednopunktowa

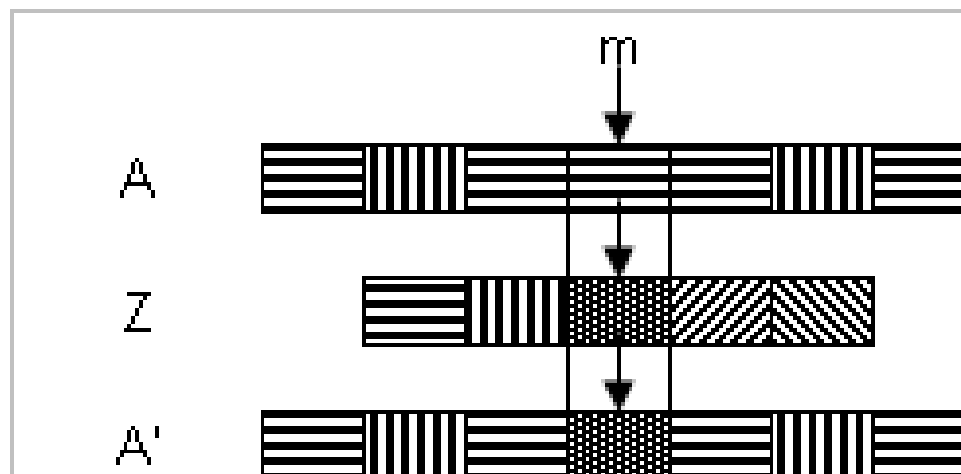
W klasycznym ujęciu binarnego chromosomu mutacja była tożsama z prostą operacją negacji bitowej.

Gdzie;

$$A = \{g_1, g_2, g_3, \dots, g_j\}$$

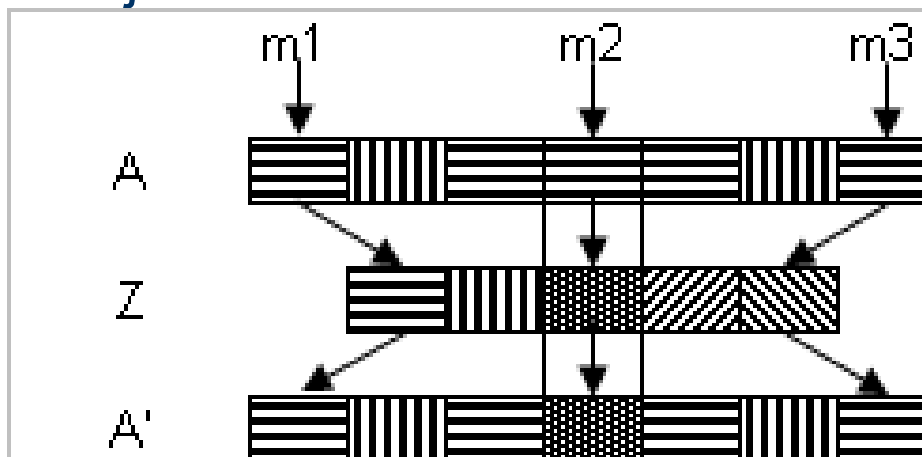
$$Z = \{a_1, a_2, a_3, \dots, a_j\}$$

$$m \in [1, i], k \in [1, j]$$



Mutacja wielopunktowa

Dla osobnika A losuje się z góry założoną ilość genów do zmiany. Na rysunku symbolizują to wartości $\{m1, m2, m3\}$. Dla każdego z nich wybierany jest *allel* ze zbioru Z. Wynikowy chromosom A' posiada wszystkie geny, które miał A przed mutacją oraz nowe, które uzyskał w wyniku zastosowania na nim operatora mutacji



Krzyżowanie

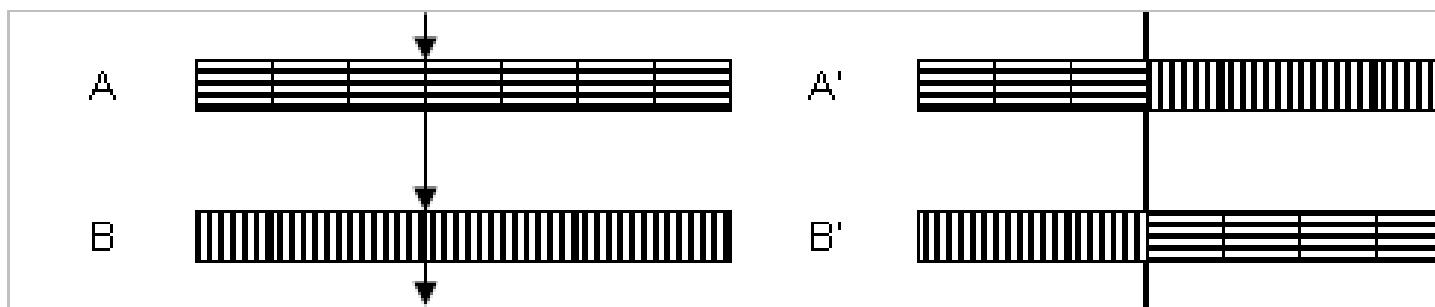
Ze względu na ilość punktów krzyżowania operatory krzyżowania można podzielić na:

- jednopunktowe (*ang. one point crossover*),
- wielopunktowe (*ang. multi point crossover*),
- równomierne (*ang. uniform crossover*),
- ukośne (*ang. diagonal crossover*).

Aby zachowania programów ewolucyjnych korespondowały ze światem naturalnym zwykło przyjmować się prawdopodobieństwo krzyżowania z zakresu $[0.5, 1.0]$.

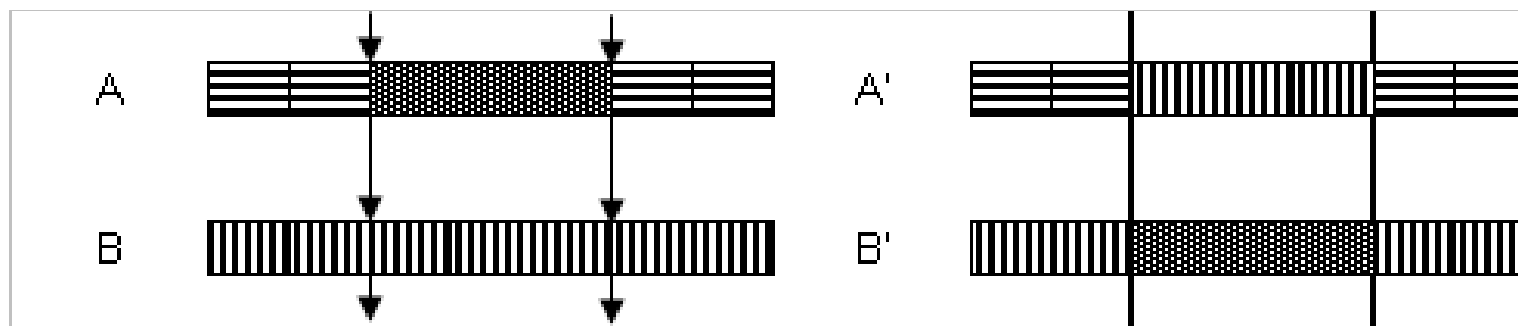
Krzyżowanie jednopunktowe

Przyjęto tu klasyczne podejście w myśl którego dwoje rodziców A,B posiada dwoje potomków A',B'. Każdy z potomnych chromosomów jest konkatencją dwóch części odziedziczonych po rodzicach w proporcji wymuszonej przez punkt krzyżowania. Warto tutaj wspomnieć, że niektóre rozwinięcia klasycznej postaci tego operatora nie uznawały stałości miejsca genu w chromosomie.



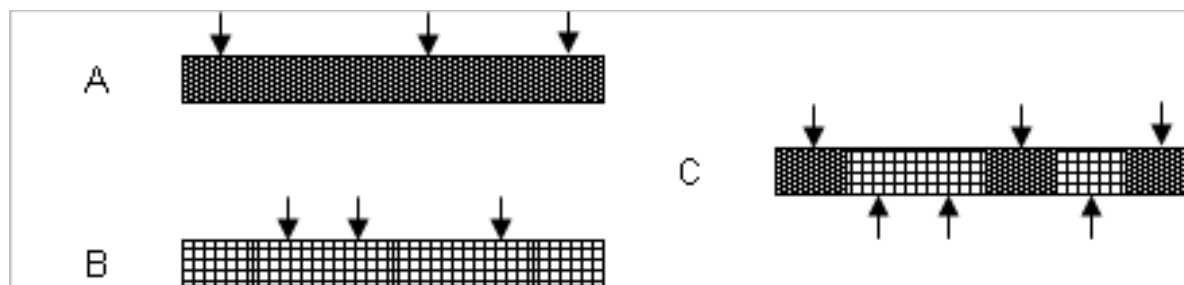
Krzyżowanie wielopunktowe

Zależnie od implementacji liczba punktów krzyżowania jest sztywno określona lub, nie. Proces konkatencji części chromosomów rodziców, którego efektem są dzieci, przeznacza naprzemiennie część łańcucha genów protoplasty A i część protoplasty B. Przełączanie się z jednego rodzica na drugiego odbywa się w punktach krzyżowania.



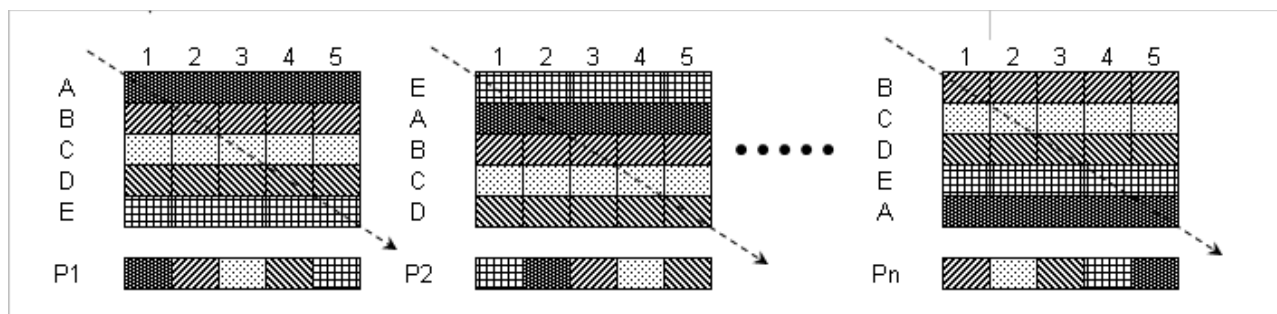
Krzyżowanie równomierne

W pierwszym etapie ustalane jest a priori prawdopodobieństwo z jakim potomek będzie dziedziczył od danego rodzica. Jeżeli prawdopodobieństwo to ustali się na 0.5 to oczywiście dziecko otrzyma po równo genów każdego z rodziców. W kolejnym etapie dla rodzica A wybierane są geny, które zasilą potomka, pozostały materiał do budowy chromosomu zaczerpnięty zostaje z rodzica B.

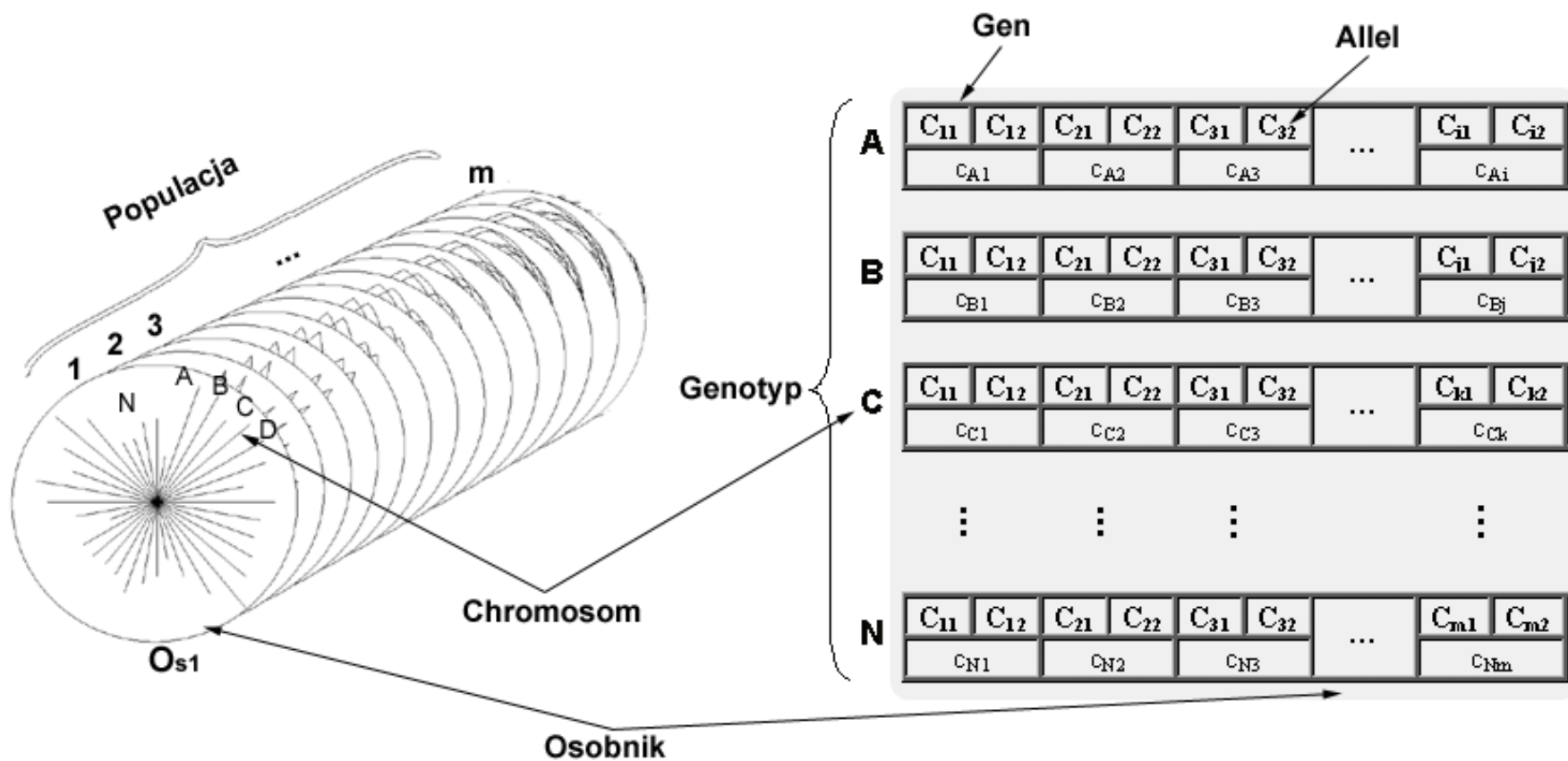


Krzyżowanie ukośne (*diagonalne*)

W przypadku krzyżowania diagonalnego proces reprodukcji angażuje na raz wiele osobników z populacji rodzicielskiej. W krzyżowaniu ukośnym bierze udział n chromosomów protoplastów. Każdy z nich podzielony jest na n równych segmentów. Właśnie z tych segmentów budowany jest potomek. Tworzy się go poprzez konkatencję bloków leżących na głównej przekątnej kwadratu zbudowanego z chromosomów protoplastów. Proces tworzenia potomka należy powtarzać n razy, celem wygenerowania populacji potomnej o założonej liczebności.



Przykład struktur AG



Genotyp i fenotyp

$$Osobnik = \begin{bmatrix} (C_{11}, C_{12}, c_{A1}) & (C_{21}, C_{22}, c_{A2}) & (C_{31}, C_{32}, c_{A3}) & (C_{41}, C_{42}, c_{A4}) \\ (C_{11}, C_{12}, c_{B1}) & (C_{11}, C_{12}, c_{B2}) & & \\ (C_{11}, C_{12}, c_{C1}) & (C_{11}, C_{12}, c_{C2}) & & \\ (C_{11}, C_{12}, c_{D1}) & (C_{11}, C_{12}, c_{D2}) & & \\ (C_{11}, C_{12}, c_{E1}) & (C_{11}, C_{12}, c_{E2}) & & \\ (C_{11}, C_{12}, c_{F1}) & (C_{11}, C_{12}, c_{F2}) & & \end{bmatrix}$$

$$Fenotyp = \begin{bmatrix} (36,37,"n") & (37,38,"p") & (38,40,"g") & (40,\infty,"w") \\ (0.0,0.5,"nie") & (0.5,1.0,"tak") & & \\ (0.0,0.5,"nie") & (0.5,1.0,"tak") & & \\ (0.0,0.5,"nie") & (0.5,1.0,"tak") & & \\ (0.0,0.5,"nie") & (0.5,1.0,"tak") & & \\ (0.0,0.5,"nie") & (0.5,1.0,"tak") & & \end{bmatrix}$$

Podsumowanie

Reasumując to wprowadzenie do algorytmów genetycznych warto przypomnieć do rozwiązywania jakiego rodzaju problemów są one stosowane. Jak już wspomniałem wcześniej algorytmy genetyczne znajdują zastosowanie wszędzie tam, gdzie potrzeba zoptymalizować jakiś proces. Generalnie chodzi o poszukiwanie optymalnego rozwiązania problemu. I tak np. układanie grafiku dyżurów czy planu zajęć byłyby zadaniami, które można pokusić się rozwiązywać za pomocą AG. Jeżeli chodzi np. o znajdowanie drogi to co prawda istnieją rozwiązania oparte na algorytmach genetycznych ale lepiej zastosować w tym przypadku algorytmy mrówkowe. Gdyby jednak istotą zadania stanowiącego problem było prognozowanie trendu to zdecydowanie należy zdecydować się na sieci neuronowe, a samych algorytmów genetycznych użyć do optymalizacji procesu uczenia sieci.

Literatura

- Arabas J., „Wykłady z algorytmów ewolucyjnych”, Wydawnictwa Naukowo-Techniczne, Warszawa 2001
- Goldberg E. D., „Algorytmy genetyczne i ich zastosowania”, Wydawnictwa Naukowo-Techniczne, Warszawa 1998
- Kwaśnicka H., „Obliczenia ewolucyjne w sztucznej inteligencji”, Oficyna Wydawnicza Politechniki Wrocławskiej, Wrocław 1999
- Michalewicz Z.: „Algorytmu genetyczne + struktury danych = programy ewolucyjne”, Wydawnictwa Naukowo-Techniczne, Warszawa 1999
- Cytowski J., „Algorytmy Genetyczne. Podstawy i zastosowania”, Akademicka Oficyna Wydawnicza PLJ, Warszawa 1996
- Gwiazda T.D., „Algorytmy genetyczne. Wstęp do teorii”, TDG s.c., Warszawa 1995

NA CD: Pełna wersja pakietu SPHINX 4.0 z systemem ekspertowym PC-She
 Bootowalna płyta z gotowymi do uruchomienia programami i przykładami z numeru – wypró-
 bujemy natychmiast bez instalacji • Stuttgart Neural Network Simulator 4.2 • Java Neural Network
 Simulator 1.1 • NeuroSolutions 4.3 • pmars 0.9.2 • CoreWars 0.9.13 • Framsticks 2.9 rc3

Software 20
 Extra!

Sztuczna Inteligencja

Numer 10 Cena: 29,80 zł ISSN 1644-6015 Składowa VAT 0% Nakład: 6000 egz.

Chatterboty

Jak komputer rozumie
 człowieka

Algorytmy genetyczne

Dobór naturalny
 najlepszych rozwiązań

Core Wars

Tworzymy
 inteligentnego wojownika

OCR z siecią neuronową

Własny system
 rozpoznawania znaków



Algorytmy
 genetyczne

Jacek Czerniak

Algorytmy genetyczne w praktyce

Algorytmy genetyczne są istotną dziedziną sztucznej inteligencji i znajdują zastosowanie w rozwiązywaniu takich problemów optymalizacji, jak układanie planów zajęć czy opisana w artykule Tomasza Michniewskiego optymalizacja funkcji oceniającej programu szachowego. W tym artykule poznamy algorytmy genetyczne na przykładzie konkretnej implementacji w C++ Builderze. Nasz program nie będzie rozwiązywał żadnego konkretnego zadania – posłuży nam jedynie do zamodelowania procesów ewolucyjnych oraz wygenerowania jak najsilniejszej populacji osobników.

Mechanizmy ewolucyjne

W naszym algorytmie genetycznym pojedynczemu genowi odpowiada jeden bit (o stanie logicznym 1 lub 0), natomiast chromosom jest ciągiem takich bitów (czyli genów). Przykładową populację zapisanych w tej konwencji osobników przedstawia Rysunek 2. Osobniki widoczne na rysunku to faktycznie same chromosomy, więc na razie będziemy posługiwać się zamiennie pojęciami chromosom i osobnik, choć w dalszej części artykułu różnica ta będzie już miała znaczenie.

Funkcja przystosowania

Funkcja przystosowania (dopasowania) opisuje kierunek ewolucji algorytmu. Funkcja ta jest kluczowym elementem algorytmu genetycznego, gdyż najczęściej konstruujemy algorytm nie tylko po to, by ewoluował, ale przede wszystkim by rozwiązał jakiś problem (dokonał optymalizacji badanego procesu). Niewłaściwe sformułowanie funkcji przystosowania może zatem w skrajnym przypadku doprowadzić do tego, że nasz algorytm wyłoni osobnika o niepożądanych dla nas własnościach i w ten sposób oczekując spotkania z doktorem Jekyll'em spotkamy się z panem Hyde'em... Przyjmijmy zatem, że wychodząc od jakiejś bliżej nieznannej populacji początkowej chcemy uzyskać populację, w której osobniki będą miały przewagę jedynie w swoich chromosomach. Oczekujemy zatem populacji, w której będzie przynajmniej jeden Superman, którego chromosom składa się z samych je-

Autor nabierał doświadczenia pracując jako programista w dziale R&D firmy Lucent Technologies. Obecnie jest pracownikiem naukowo-dydaktycznym na Wydziale Informatyki Politechniki Szczecińskiej.
 Kontakt z autorem: jczerniak@wp.pl

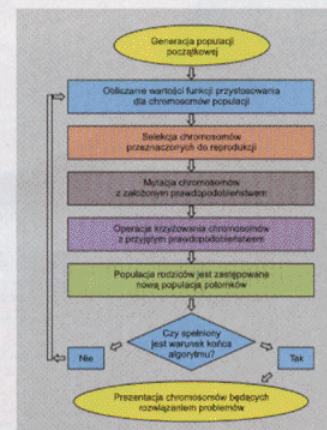
Szybki start

Opisywane w tym artykule algorytmy stanowią część dołączonego na płycie programu Genetyk. Aby go włączyć wystarczy uruchomić komputer z płyty, a po załadowaniu systemu kliknąć ikonę Genetyk w katalogu Scripts. Program można też zainstalować w systemie Windows – wystarczy uruchomić plik instalatora setup.exe i postępować zgodnie z instrukcjami na ekranie.

dynek, a u pozostałych osobników liczba jedynek jest znacznie podwyższona. Rysunek 3 przedstawia naszą populację początkową wraz z wynikiem funkcji przystosowania $f(x)$.

Selekcja

Mechanizm selekcji w naszym algorytmie będzie odzwierciedleniem obowiązującego w naturze prawa przetrwania najsilniejszych (najlepiej przystosowanych). Chcemy zatem, by silniejszy osobnik miał większe szanse zostać protoplastą nowego pokolenia niż osobnik słabszy. Standardowym rozwiązaniem jest tutaj metoda koła ruletki, według której każdemu osobnikowi przydzielany jest wycinek koła o powierzchni odpowiadającej stop-



Rysunek 1. Schemat blokowy działania algorytmu genetycznego

dziękuję za uwagę



dr inż. Jacek Czerniak

jczerniak@ukw.edu.pl

Algorytmy Genetyczne