

Akademia Ekonomiczna w Krakowie

Ryszard Tadeusiewicz, Grażyna Paliwoda-Pękosz, Paweł Lula

**Metody sztucznej inteligencji
i ich zastosowania w ekonomii i zarządzaniu**

Kraków, 2003

Spis treści

Wprowadzenie.....	4
Rozdział 1. Ogólna charakterystyka sztucznej inteligencji.....	9
1.1. Co to jest sztuczna inteligencja?.....	9
1.2. Zagadnienia rozważane na gruncie sztucznej inteligencji.....	17
1.2.1. Pozyskiwanie wiedzy.....	18
1.2.2. Gromadzenie wiedzy	19
1.2.3. Przetwarzanie wiedzy	20
1.2.4. Przetwarzanie języka naturalnego	24
1.3. Języki sztucznej inteligencji	26
Rozdział 2. Systemy ekspertowe.....	28
2.1. Systemy ekspertowe i ich zastosowania.....	28
2.1.1. Podstawowe informacje na temat systemów ekspertowych	28
2.1.2. Ogólne omówienie systemów ekspertowych.....	32
2.1.3. Podział systemów ekspertowych	39
2.1.4. Rozwój systemów ekspertowych.....	44
2.2. Działanie systemu ekspertowego	48
2.2.1. Architektura systemu ekspertowego	48
2.2.2. Strategie przeszukiwań i heurystyki w systemach ekspertowych	61
2.2.3. Metody wnioskowania w systemach ekspertowych	65
2.2.4. Zasady budowy systemów ekspertowych.....	67
2.2.5. Rozwiązywanie problemów niedokładnie określonych	70
2.3. Wiedza w systemach ekspertowych	71
2.3.1. Pozyskiwanie wiedzy w systemach ekspertowych.....	71
2.4. Uwagi końcowe	77
Rozdział 3. Sieci neuronowe	78
3.1. Sposób funkcjonowania sztucznego neuronu.....	78
3.2. Budowa i zasada funkcjonowania sztucznych sieci neuronowych	82
3.3. Uczenie sieci neuronowych.....	83
3.4. Uczenie perceptronu wielowarstwowego jako klasyczny przykład uczenia sieci w trybie z nauczycielem	88
3.5. Ulepszone metody uczenia perceptronu	91
3.6. Problem optymalizacji struktury perceptronu	93
3.7. Sieć Kohonena – budowa, uczenie i zasada działania.....	95
3.8. Zastosowania sieci neuronowych	101
3.8.1. Sieci neuronowe jako narzędzie opisu zależności	101
3.8.2. Sieci neuronowe jako narzędzie klasyfikacji wzorcowej	107
3.8.3. Sieci neuronowe jako narzędzie klasyfikacji bezwzorcowej.....	109
3.8.4. Sieci neuronowe w analizie szeregów czasowych.....	114
Rozdział 4. Algorytmy genetyczne	119
4.1. Wprowadzenie	119
4.2. Sposób funkcjonowania algorytmu genetycznego	119
4.3. Zastosowanie algorytmów genetycznych do rozwiązywania problemów	

optymalizacyjnych	123
4.4. Problem reprezentacji zadania	125
4.5. Matematyczne podstawy działania algorytmów genetycznych.....	126
4.6. Zastosowania algorytmów genetycznych.....	128
4.6.1. Wspomaganie procesu podejmowania decyzji inwestycyjnych za pomocą algorytmu genetycznego.....	129
4.6.2. Genetyczny algorytm rozwiązywania problemu komiwojażera.....	131
Rozdział 5. Drzewa decyzyjne	135
5.1. Wprowadzenie	135
5.2. Zastosowanie drzew decyzyjnych	138
Rozdział 6. Zbiory przybliżone	142
6.1. Podstawowe pojęcia	142
6.2. Analiza danych metodą zbiorów przybliżonych	145
Rozdział 7. Metody badania asocjacji i sekwencji.....	147
7.1. Analiza zawartości koszyków sklepowych	147
7.2. Badanie sekwencji	149
Rozdział 8. Eksploracyjna analiza danych.....	151
8.1. Definicja i wstępna charakterystyka eksploracyjnych metod analizy danych	151
8.2. Zakres zastosowań metod <i>data mining</i> i klasyfikacja rozwiązywanych zadań.....	154
8.3. Dobór właściwej metody <i>data mining</i> do konkretnego zadania	156
8.4. Metody <i>data mining</i> w zagadnieniach ekonomicznych	158
Literatura	162

Rozdział 4. Algorytmy genetyczne

4.1. Wprowadzenie

Opisywane wyżej sieci neuronowe stanowiły przykład techniki obliczeniowej stworzonej dzięki inspiracjom zaczerpniętym z obserwacji systemów biologicznych (w tym przypadku – systemu nerwowego). W tym rozdziale omówimy algorytmy genetyczne - narzędzie także wzorowane na inspiracjach biologicznych, chociaż rozważanych w innej skali.

Ewolucja jako sposób doskonalenia żywych organizmów od dawna fascynowała badaczy. Jednak dopiero od kilkunastu lat naśladownictwo naturalnych procesów ewolucyjnych zagościło jako stały element technik optymalizacyjnych wykorzystywanych w informatyce, zaś dosłownie ostatnie lata przyniosły interesujące wyniki w zakresie wykorzystania tej techniki w zadaniach eksploracyjnej analizy danych. Jest to jednak zawsze tylko skuteczna technika osiągania optymalnych rozwiązań pewnych problemów obliczeniowych, mająca bardzo luźny związek z rzeczywistymi teoriami ewolucji i z pewnością nie pretendująca do tego, by stać się kolejną teorią opisującą czy objaśniającą ewolucję biologiczną.

4.2. Sposób funkcjonowania algorytmu genetycznego

Inspiracją do prac nad algorytmami genetycznymi (AG) były, jak już wspomniano, rzeczywiste prawa rządzące rozwojem i ewolucją żywych organizmów. Jednak podobnie jak w przypadku sieci neuronowych, będących *skrajnie* uproszczonymi modelami biologicznych systemów nerwowych, również w przypadku algorytmów genetycznych dążymy do wykorzystania jedynie drobnego fragmentu wiedzy biologicznej w celu stworzenia skutecznego mechanizmu obliczeniowego – nie koniecznie cechującego się maksymalną wiernością w stosunku do praw i reguł rzeczywistej genetyki. Przy opisywaniu biologicznej ewolucji trzeba brać pod uwagę wiele czynników: obok samych czynników genetycznych związanych bezpośrednio z ewolucją trzeba także uwzględniać morfologię i fizjologię żywych organizmów, interakcję między poszczególnymi gatunkami oraz pomiędzy rozważanym gatunkiem a jego środowiskiem, czynniki klimatyczne a także (biorąc pod uwagę hipotezę o roli przypływów i odpływów morza w doskonaleniu pierwszych ziemnowodnych form życia albo teorię o wymieraniu dinozaurów w następstwie upadku ogromnego meteorytu) – astrofizyczne.

Przy tworzeniu użytecznych obliczeniowo algorytmów genetycznych odrzucamy wszystkie te zewnętrzne uwarunkowania i sprowadzamy całość procesu ewolucji do modyfikacji i selekcji dokonywanej na populacji chromosomów. W rozwoju sztucznych chromosomów zachowuje się jednak szereg analogii do procesu ewolucji organizmów żywych - preferowane są osobniki lepiej przystosowane, nowe chromosomy powstają poprzez krzyżowanie już istniejących, zasadniczy kierunek rozwoju może zostać zaburzony w wyniku mutacji itp.

Mimo, że idea funkcjonowania oraz terminologia algorytmów genetycznych jest głęboko zakorzeniona w problematyce będącej przedmiotem rozważań nauk biologicznych, dla nas stanowią one będą wyłącznie narzędzie rozwiązywania problemów z zakresu optymalizacji. Techniki ewolucyjne będą po prostu pomocne przy poszukiwaniu najlepszego, w sensie przyjętego kryterium, rozwiązania rozpatrywanego problemu. Tylko tyle. Algorytm

genetyczny jest procedurą iteracyjną - w trakcie swojego działania wyszukuje kolejno coraz lepsze rozwiązania. W wielu przypadkach czas potrzebny na odnalezienie „najlepszego” wyniku jest bardzo długi, a w dodatku użytkownik często nie wie, czy rozwiązanie najlepsze spośród wyznaczonych do chwili obecnej jest rzeczywiście tym *optymalnym*, czy też w toku dalszych poszukiwań zostałby odnaleziony lepszy wariant. Z tego powodu obliczania przeprowadzane za pomocą algorytmów genetycznych przeprowadzane są w praktyce aż do momentu wyznaczenia rozwiązania *zadowalającego*, którego jakość jest już akceptowalna przez użytkownika.

Algorytm genetyczny opisuje zmiany zachodzące w kolejnych pokoleniach populacji chromosomów, dlatego też punktem wyjścia do dalszych będzie przyjęcie *modelu chromosomu*, który definiowany jest jako ciąg genów. *Gen* jest podstawowym składnikiem chromosomu. Możliwa wartość genu należy do ściśle określonego zbioru; najczęściej przyjmuje się tu zbiór o dwóch elementach: **0** oraz **1**. Przykładowo definicja chromosomu wyglądać może następująco:

$$A = [0 \ 0 \ 1 \ 0 \ 1 \ 0 \ 0 \ 1 \ 0 \ 1]$$

Chromosom A składa się z 10 genów (sześć o wartości 0 i cztery o wartości 1).

Algorytmy genetyczne, chociaż opierając się na manipulacji pojedynczymi chromosomami, to jednak zwykle opisują zachowanie *populacji chromosomów*, na którą składa się określona liczba pojedynczych chromosomów. W trakcie rozwoju populacja taka zmienia się, powstają nowe chromosomy, które zajmują miejsce chromosomów wymierających. W trakcie ewolucji populacji zachodzące w niej zmiany nie mają charakteru czysto losowego, ale też nie są tak silnie ukierunkowane na cel, jak techniki optymalizacji gradientowej (opisywane wyżej w kontekście uczenia sieci neuronowych). Zmiany te są zgodne ze strategią *doboru naturalnego*, która zapewnia większe szanse przetrwania i rozwoju chromosomom lepiej przystosowanym. Przystosowanie chromosomu określane jest przez *funkcję przystosowania*, której wartość określa „jakość” chromosomu, a tym samym jego szanse na pozostanie w populacji. Sposób zdefiniowania postaci funkcji przystosowania jest zwykle różny dla każdego zadania. Zawsze jednak postać funkcji przystosowania powinna być skonstruowana, aby na podstawie chromosomu istniała możliwość wyznaczenia tej wartości, której wyższa wartość będzie świadczyć o lepszej jakości chromosomu.

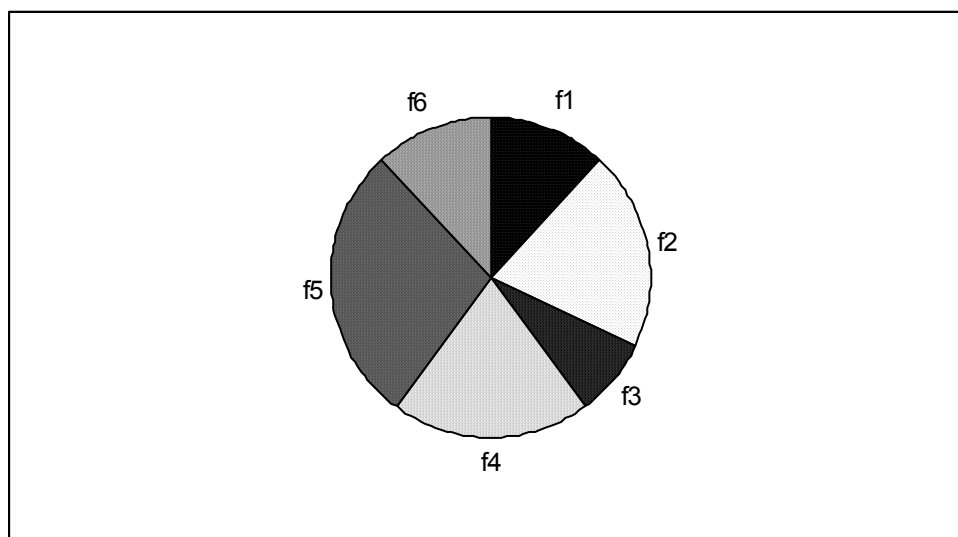
Przykładową populację chromosomów przedstawia poniższy schemat. Rozważana populacja składa się z sześciu osobników. Jakość każdego chromosomu określona jest przez wartość funkcji przystosowania f_i .

L.p.	Chromosom	Wartość funkcji przystosowania
1	0001001001	f_1
2	1010110010	f_2
3	0010010011	f_3
4	1111000001	f_4
5	1101010100	f_5
6	1110101001	f_6

Istotnym procesem zachodzącym w trakcie rozwoju populacji jest wybór chromosomów, które uczestniczyć będą w tworzeniu nowej populacji – proces ten określany jest mianem *selekcji*. Wykorzystywana jest tu strategia preferująca osobniki lepsze (tzn. te, którym odpowiada wyższa wartość funkcji przystosowania), jednakże nie wyklucza się możliwości przejścia do nowej populacji chromosomu słabego. Zwykle do wyboru chromosomów do nowej populacji stosuje się *regulę ruletki*. Polega ona na losowaniu ze zwracaniem osobników przechodzących do nowej populacji. Jednakże prawdopodobieństwa wyboru każdego z osobników nie są równe, lecz są uzależnione od wartości funkcji przystosowania.

L.p.	Wartość funkcji przystosowania	Prawdopodobieństwo wyboru do nowej populacji
1	f_1	$f_1/\Sigma f_i$
2	f_2	$f_2/\Sigma f_i$
3	f_3	$f_3/\Sigma f_i$
4	f_4	$f_4/\Sigma f_i$
5	f_5	$f_5/\Sigma f_i$
6	f_6	$f_6/\Sigma f_i$
SUMA:	Σf_i	

Określenie *reguła ruletki* wskazuje na podobieństwo przyjętej metody wyboru chromosomów do nowej populacji i gry w ruletkę. Cała tarcza służąca do gry reprezentuje sumę wartości funkcji przystosowania obliczonych dla wszystkich chromosomów. Liczba części tarczy jest równa liczbie chromosomów, zaś ich wielkość jest proporcjonalna do wartości funkcji przystosowania dla poszczególnych chromosomów.



Rys. 34. Schemat reguły ruletki

Miejsce zatrzymania się puszczonej w ruch kulki wskazuje na chromosom wybrany do nowej populacji.

Wyselekcjonowane osobniki uczestniczą w procesie tworzenia nowych chromosomów. Zachodzący proces *reprodukcji* (nazywany również procesem *krzyżowania* /ang. *crossing – over*/) służy do utworzenia nowego chromosomu poprzez połączenie

materiału genetycznego pochodzącego z dwóch różnych chromosomów. Jest to ułatwione przez fakt, że w rozważanym modelu (podobnie zresztą, jak w biologii) chromosomy rodzicielskie mają identyczną liczbę genów. Zakłada się, że w wyniku reprodukcji początkowa część genów nowego chromosomu („potomka”) pochodzi z pierwszego elementu rodzicielskiego, a pozostała z drugiego. Przykładowo rozpatrzeć można połączenie dwóch chromosomów:

$$\begin{aligned} A &= [1 \ 0 \ 1 \ 1 \ 0 \ 1 \ 1 \ 0 \ 1 \ 1] \\ B &= [0 \ 0 \ 0 \ 1 \ 0 \ 1 \ 1 \ 0 \ 0 \ 1] \end{aligned}$$

Pierwszym etapem reprodukcji jest wybór miejsca przecięcia chromosomów rodzicielskich. Wybór ten dokonywany jest w sposób losowy. Po określeniu miejsca przecięcia chromosomu dokonywany jest proces połączenia. Jeżeli założymy (dla przykładu), że miejsce przecięcia wylosowane zostało pomiędzy trzecim i czwartym genem, to w wyniku połączenia chromosomu A oraz B powstać może chromosom C:

$$C = [1 \ 0 \ 1 \ 1 \ 0 \ 1 \ 1 \ 0 \ 0 \ 1]$$

lub też chromosom D:

$$D = [0 \ 0 \ 0 \ 1 \ 0 \ 1 \ 1 \ 0 \ 1 \ 1].$$

Chromosom C powstanie wówczas jeśli pierwsza część materiału genetycznego pochodzić będzie z chromosomu A, a druga z chromosomu B. W przeciwnej sytuacji powstanie chromosom D. Zwykle przyjmuje się, że prawdopodobieństwa obu tych sytuacji są równe i wynoszą 0,5.

W wyniku reprodukcji w populacji pojawiają się nowe chromosomy, zawierające „wymieszane” geny najbardziej obiecujących (osiągających najwyższy poziom sukcesu) chromosomów poprzedniej populacji. Ich jakość jest ponownie weryfikowana przez obowiązującą funkcję przystosowania. Jeśli jej wartość wyznaczona dla nowopowstałego osobnika jest stosunkowo niska, to jego szanse na przejście do nowej populacji są niewielkie - zostanie on wyeliminowany przez proces selekcji. Im wyższą jakością (w sensie funkcji przystosowania) charakteryzować się będzie nowy chromosom, tym większe będzie prawdopodobieństwo jego przejścia do kolejnego pokolenia i uczestniczenia w procesie tworzenia nowych osobników. Przedstawiony mechanizm gwarantuje zachowanie i rozwój „dobrego materiału genetycznego” oraz eliminację materiału „złego” - jak w procesie doboru naturalnego.

Zazwyczaj przy stosowaniu metody algorytmów genetycznych zakłada się, że w trakcie ewolucji populacji jej liczebność ma wartość stałą. Oznacza to, że liczba elementów w każdej nowej populacji jest równa liczbie osobników wchodzących w skład poprzedniej populacji. Z tego względu dodaniu nowego osobnika do populacji towarzyszy usunięcie innego - zwykle nisko ocenianego przez funkcję przystosowania.

Chromosomy wchodzące w skład nowej populacji mogą być poddawane procesowi *mutacji*, która polega na przypadkowej zmianie w chromosomie wartości jednego lub większej liczby genów. Proces mutacji umożliwia losowe zróżnicowanie materiału genetycznego w stosunku do łańcucha genów powstałego w wyniku samej tylko reprodukcji. Mutacja wpływa na większą różnorodność populacji. W większości przypadków zmutowane osobniki są „słabej” jakości i są eliminowane w trakcie najbliższej selekcji. Może się jednak

zdarzyć, że przypadkowa zmiana wartości genów doprowadzi do utworzenia super-osobnika, bardzo wysoko ocenianego przez funkcję przystosowania i mającego znaczący (czy wręcz dominujący) wpływ na dalszy kierunek poszukiwań. W ten sposób czynnik losowy (mutacja) oraz czynnik zdeterminowany celem badań (selekcja) współuczestniczą w tworzeniu końcowego rozwiązania, które może być znacząco lepsze, niż rozwiązania znajduwane za pomocą innych technik optymalizacji.

Przedstawiony schemat postępowania (obejmujący ocenę chromosomów, selekcję, reprodukcję i mutację) jest wielokrotnie powtarzany. Liczba powtórzeń jest najczęściej wartością zadaną przez użytkownika bądź też jest uzależniona od przebiegu obliczeń. Na przykład można tak skonstruować algorytm genetyczny, że gdy tylko funkcja przystosowania osiągnie poziom akceptowalny przez użytkownika obliczenia są automatycznie przerywane.

4.3. Zastosowanie algorytmów genetycznych do rozwiązywania problemów optymalizacyjnych

Optymalizacja polega na wyznaczeniu takiego rozwiązania, które gwarantuje osiągnięcie najlepszej wartości pewnej funkcji (określanej jako *funkcja celu*). W zależności od interpretacji funkcji celu poszukiwany może być zestaw parametrów dla których funkcja ta osiąga wartość maksymalną lub minimalną. W wielu przypadkach zadania tego nie można sprowadzać do matematycznego problemu poszukiwania wartości ekstremalnej funkcji celu, gdyż zwykle na parametry rozwiązania nakładane są dodatkowe ograniczenia (w postaci warunków ograniczających lub brzegowych) - wówczas optymalizacja może sprowadzać się do poszukiwania ekstremum warunkowego funkcji, albo może wymagać sprawdzania jakości rozwiązań leżących we wnętrzu dopuszczalnego obszaru z tymi, które mogą być zaproponowane na jego brzegach (czyli w warunkach, kiedy jedna lub kilka zmiennych decyzyjnych przyjmuje wartości leżące na przyjmowanych ograniczeniach).

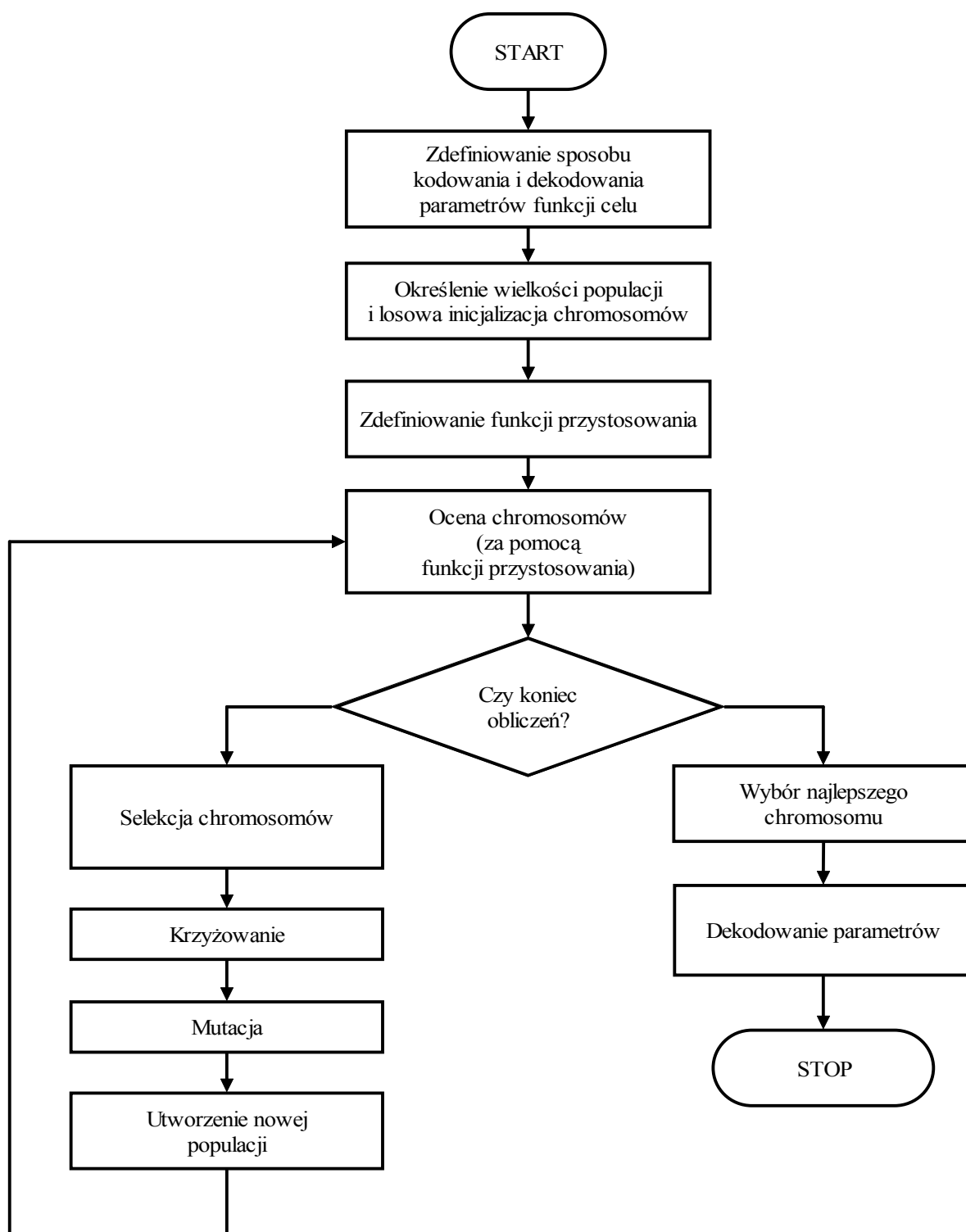
Do wyznaczenia optymalnego rozwiązania (nie zawsze, jak wyżej wspomniano) identycznego z ekstremum funkcji kryterialnej, zastosować można właśnie omawiane tu algorytmy genetyczne. Przyjmijmy, że rozwiązywany problem reprezentowany jest przez funkcję celu f :

$$f(X_1, X_2, \dots, X_n) \quad (1)$$

Niech zadanie polega na znalezieniu takich wartości zmiennych X_1, X_2, \dots, X_n , dla których funkcja f przyjmuje wartość maksymalną. Próba rozwiązania tak sformułowanego zadania za pomocą algorytmu genetycznego składa się z kilku zasadniczych etapów:

- a) określenie sposobu kodowania i dekodowania parametrów funkcji f do i z postaci chromosomu;
- b) zdefiniowanie funkcji przystosowania (która jest zwykle odpowiednio przekształconą funkcją celu $f(X_1, X_2, \dots, X_n)$),
- c) określenie podstawowych parametrów populacji chromosomów i jej losowa inicjalizacja,
- d) realizacja obliczeń polegających na stopniowej ewolucji chromosomów w ramach kolejnych pokoleń
- e) identyfikacja najlepszego chromosomu i jego przekształcenie do postaci parametrów optymalizowanej funkcji celu.

W postaci graficznej schemat działania algorytmu genetycznego przedstawia rys. 35.



Rys. 35. Schemat optymalizacja genetycznej

4.4. Problem reprezentacji zadania

Etapem początkowym opisanego wyżej postępowania jest określenie sposobu kodowania i dekodowania parametrów funkcji celu. Jeden chromosom (wektor wartości binarnych) przechowuje informacje o jednym zestawie parametrów funkcji celu (jest w nim zawarta tylko jedna konkretna wartość dla każdej rozważanej zmiennej). Warto podkreślić, że algorytm genetyczny przechowuje i przetwarza wartości parametrów **zawsze** w postaci zakodowanej - więc w początkowej fazie obliczeń należy także zakodować początkowe (zwykle ustalone w sposób losowy) wartości zmiennych decyzyjnych, zaś ostatnia faza działania polegać będzie na rozkodowaniu wartości zmiennych X_1, X_2, \dots, X_n , zakodowanych w najlepszym chromosomie. Rozkodowanie chromosomu będzie zwykle również niezbędne na etapie jego oceny za pomocą funkcji przystosowania – ale to jest odrębna kwestia.

Wartość każdego parametru rozważanej sytuacji decyzyjnej kodowana jest na określonej liczbie genów (bitów), zaś sposób kodowania (i dekodowania) jest uzależniony przede wszystkim od rodzaju zmiennej (a przede wszystkim od skali pomiarowej, jakiej używamy dla podania wartości tej zmiennej).

x_1, x_2, \dots, x_n (wartości zmiennych decyzyjnych)	Kodowanie →	0010010...0001001 (chromosom)
	← dekodowanie	

Niezbędne jest więc zdefiniowanie sposobu **kodowania i dekodowania** parametrów określających poszukiwaną optymalną decyzję. Ponieważ jakość decyzji oceniana jest z pomocą funkcji celu – kodowaniu w istocie podlegają argumenty tej właśnie funkcji.

Drugim etapem stosowania algorytmu genetycznego jest zdefiniowanie funkcji przystosowania. Jak już wcześniej wskazano, jest ona narzędziem służącym do oceny chromosomów wchodzących w skład populacji. W sytuacji, gdy rozwiązywany problem polega na poszukiwaniu wartości zmiennych decyzyjnych *maksymalizujących* funkcję celu w charakterze funkcji przystosowania może być wykorzystana rozpatrywana funkcja celu. Jednakże w wielu rozwiązywanych w praktyce problemach sposób określenia funkcji przystosowania różni się w istotny sposób od przyjętej funkcji celu¹ i wtedy dobranie odpowiedniej postaci funkcji celu jest niebanalnym i bardzo ważnym problemem.

Istotnym elementem postępowania przygotowawczego przy formułowaniu zadania w sposób pozwalający na użycie algorytmów genetycznych jest określenie podstawowych parametrów populacji - liczby chromosomów i liczby ich pokoleń. Zwiększanie wartości tych parametrów prowadzi z pewnością do zwiększenia liczby rozpatrywanych rozwiązań (więc zwiększa możliwość wyznaczenia lepszego rozwiązania) lecz jednocześnie prowadzi do wydłużenia czasu obliczeń.

Wartość innego parametru wpływający na postać populacji - jakim jest długość chromosomu - jest zdeterminowana przede wszystkim przez przyjęty sposób kodowania i dekodowania parametrów funkcji celu.

¹ Funkcja przystosowania może uwzględniać warunki ograniczające lub też dodatkową wiedzę badacza na temat rozwiązywanego problemu. Odpowiednio sformułowana funkcja przystosowania może „karać” chromosomy nie spełniające dodatkowych warunków lub też „nagradzać” te, które są zgodne z dodatkowymi informacjami.

Początkowe wartości genów składających się na populację dobiera się najczęściej w sposób losowy. W przypadku, gdy znane jest przybliżenie rozwiązania to wskazane jest, aby początkowa postać chromosomów zawierała zakodowane informacje o tym rozwiązaniu.

Następnie wielokrotnie powtarzana jest podstawowa pętla algorytmu genetycznego. Proces rozwoju populacji przerywany jest w chwili, gdy dla pewnego chromosomu funkcja przystosowania osiągnie akceptowalną przez badacza wartość lub też po wykonaniu określonej liczby powtórzeń. Uzyskane rozwiązanie jest przybliżeniem rozwiązania optymalnego.

Zachodzący w trakcie optymalizacji proces mutacji powoduje sprawdzanie wartości funkcji przystosowania nie tylko dla parametrów zbliżonych do tych, które są aktualnie zakodowane w łańcuchu genów, ale również dla zestawów znacznie od nich odległych. Powoduje to zwiększenie czasu niezbędnego do wyznaczenia ekstremum, ale zabezpiecza przed zatrzymaniem się procesu w ekstremum lokalnym.

4.5. Matematyczne podstawy działania algorytmów genetycznych

Prezentując zasadę działania algorytmów genetycznych nawiązuje się zwykle do sposobu realizacji zmian ewolucyjnych zachodzących w świecie organizmów żywych. Wspomina się o selekcji najlepszych osobników, o ich krzyżowaniu czy też o pojawiających się mutacjach. Zachodzące zmiany prowadzić mają do stopniowego udoskonalania nowych pokoleń osobników, do ciągłego dążenia do ideału. Analogia do zasad ewolucji nie jest jednak formalnym opisem sposobu funkcjonowania algorytmu genetycznego i nie uzasadnia decyzji o jego wykorzystaniu. Rozważania dotyczące teoretycznych podstaw funkcjonowania algorytmów genetycznych zapoczątkowane zostały przez J. H. Hollanda (twórcę algorytmów genetycznych) w latach sześćdziesiątych XX wieku i są kontynuowane do chwili obecnej. W bieżącym punkcie skryptu zarysujemy tylko najistotniejsze osiągnięcia, zaś Czytelnikom zainteresowanym pogłębieniem swojej wiedzy w zakresie teorii algorytmów genetycznych polecamy prace [Goldberg, 1995], [Rutkowska, 1997] oraz [Gwiazda, 1998].

W zrozumieniu teoretycznych podstaw działania algorytmów genetycznych pomocne będzie pojęcie *schematu*. Schemat jest wzorcem reprezentującym **grupę** chromosomów. W definicji schematu pojawić się mogą (występujące również w chromosomach) wartości „0” i „1” oraz dodatkowo symbol „*”. Schemat reprezentuje wszystkie chromosomy, które spełniają następujące warunki:

- ich długość jest zgodna z długością schematu,
- posiadają wartości równe „0” na tych pozycjach, którym odpowiadają wartości równe „0” w schemacie oraz posiadają wartości wynoszące „1” na pozycjach zajmowanych przez „1” w schemacie,
- posiadają dowolne wartości (czyli „0” lub „1”) na tych pozycjach, na których w schemacie znajdują się symbole „*”.

Na przykład, schemat o postaci $10*1*$ reprezentuje chromosomy: 11010, 10011, 10110 oraz 10111. Liczba chromosomów reprezentowanych przez dany schemat jest uzależniona od liczby występujących w nim gwiazdek i wynosi 2^m , gdzie m jest liczbą wystąpień symbolu „*” w rozpatrywanym schemacie. Można również wykazać, że chromosom o długości n należy do 2^n różnych schematów.

Teoria algorytmów genetycznych zaleca, aby sposób ich funkcjonowania rozważać jako proces przetwarzania schematów. W związku z tym analizuje się między innymi następujące zagadnienia:

- w jakim stopniu poszczególne schematy reprezentowane są przez chromosomy wchodzące w skład populacji,

- jak określić *jakość* schematu,
- od czego zależy zwiększanie się bądź zmniejszanie się w kolejnych populacjach liczby chromosomów reprezentujących dany schemat,
- w jaki sposób oszacować liczbę różnych schematów analizowanych przez algorytm genetyczny.

Aby określić stopień reprezentacji danego schematu w populacji należy wyznaczyć liczbę chromosomów reprezentujących ten schemat. Wartość ta zwykle zmienia się wraz ze zmianą pokoleń.

Schematy, podobnie jak chromosomy, mogą różnić się jakością. Jakość schematu wyrażana jest jako średnia z wartości funkcji przystosowania wyznaczonych dla wchodzących w skład populacji chromosomów zgodnych z rozpatrywanym schematem. Wyznaczona w ten sposób jakość schematu porównywana jest ze średnią wartością funkcji przystosowania wyznaczoną ze wszystkich chromosomów wchodzących w skład populacji. Konfrontacja tych wartości pozwala wyodrębnić schematy o przystosowaniu powyżej oraz poniżej średniej.

Zmiany zachodzące na kolejnych etapach rozwoju populacja znajdują swoje odzwierciedlenie również w sposobie reprezentacji w populacji poszczególnych schematów. Chcąc określić wpływ *selekcji* na zmiany w schematach można wykazać, że jej realizacja preferuje schematy o przystosowaniu powyżej średniej - w kolejnej populacji zwiększa się liczba reprezentujących je chromosomów, przy czym jednocześnie zmniejsza się liczba chromosomów reprezentujących schematy o przystosowaniu poniżej średniej. Przy rozpatrywaniu wpływu *krzyżowania* na przetwarzanie schematów przydatne będzie pojęcie *rozpiętości schematu*, pod którym będziemy rozumieli odległość dzielącą w schemacie pierwszy i ostatni symbol różny od „*”. Intuicja podpowiada (co znajduje również swoje uzasadnienie w teorii), że schematy o mniejszej rozpiętości znacznie łatwiej przetrwają proces krzyżowania niż schematy o dużej rozpiętości. W chromosomach reprezentujących tę drugą grupę schematów punkt przecięcia znacznie częściej lokowany jest w miejscu powodującym modyfikację chromosomu prowadzącą do jego niezgodności z ustalonym schematem. Należy jeszcze przedyskutować wpływ *mutacji* na schematy. W tym przypadku niezbędne będzie pojęcie *rzędu schematu* określające liczbę wartości „0” lub „1” (czyli tzw. wartości ustalonych) w schemacie. Im niższy jest rząd schematu (czyli im więcej występuje w nim gwiazdek), tym mniejsze jest prawdopodobieństwo, że przeprowadzony proces mutacji zmodyfikuje chromosom w sposób prowadzący do jego niezgodności z schematem. Formalne ujęcie przedstawionych powyżej rozważań nosi nazwę *twierdzenia o schematach* i jest podstawowym twierdzeniem występującym w teorii algorytmów genetycznych.

Twierdzenie o schematach ([Rutkowska, 1997])

Schematy małego rzędu, o małej rozpiętości i o przystosowaniu powyżej średniej otrzymują rosnącą wykładniczo liczbę swoich reprezentantów w kolejnych generacjach algorytmu genetycznego.

Bazując na powyższym twierdzeniu można stwierdzić, że algorytm genetyczny w trakcie swojej pracy preferuje schematy małego rzędu, o małej rozpiętości i o przystosowaniu powyżej średniej. Poszukiwanie rozwiązania problemu rozważać można jako proces zestawiania tego typu schematów. Taki sposób działania algorytmów genetycznych określany jest mianem *hipotezy bloków budujących* (blokami budującymi są schematy o wymienionych powyżej właściwościach, pomiędzy którymi dochodzi do wymiany informacji na drodze

krzyżowania i które są wykorzystywane do konstrukcji ostatecznego rozwiązania). Istnienie odpowiednich bloków budujących jest w dużym stopniu uzależnione od przyjętego sposobu kodowania wartości parametrów zadania.

Jedną z zalet algorytmów genetycznych jest możliwość jednoczesnego prowadzenia poszukiwań najlepszego rozwiązania w różnych obszarach przestrzeni rozwiązań, co znacznie redukuje negatywny wpływ minimów lokalnych. Zdolność do równoległej realizacji wielu wątków poszukiwań na gruncie teoretycznym rozważana jest w kategoriach liczby schematów przetwarzanych przez algorytm. Jej wysoka wartość² jest jedną z podstawowych zalet algorytmów genetycznych.

Mimo, że praktyczna przydatność algorytmów genetycznych została potwierdzona w wielu badaniach empirycznych, prace teoretyczne (których zasadnicze kierunki przedstawiono powyżej) wyjaśniające sposób ich funkcjonowania nie zostały jeszcze zakończone. Ugruntowanie teorii wymaga jeszcze przeprowadzenia dodatkowych badań.

4.6. Zastosowania algorytmów genetycznych

W literaturze można znaleźć wiele doniesień dotyczących zastosowań algorytmów genetycznych do rozwiązywania problemów o charakterze ekonomicznym.

Zagadnieniom związanym z zastosowaniami algorytmów genetycznych w finansach poświęcone są między innymi prace [Bauer, 1994] oraz [Gwiazda, 1998]. Możliwości aplikacyjne algorytmów genetycznych w dziedzinie zarządzania omawiane są w pracy [Biethahn i in., 1995]. Algorytmy genetyczne wykorzystywane są również często do tworzenia tak zwanych hybrydowych systemów służących analizie danych. System hybrydowy to taki, którego jedna część działa w oparciu o inną zasadę, a druga wykorzystuje całkiem inną zasadę. Algorytmy genetyczne wyjątkowo wdzięcznie dają się hybrydyzować z innymi zaawansowanymi technikami eksploracyjnej analizy danych, dlatego stosunkowo często można spotkać doniesienia dotyczące ich wykorzystania łącznie z sieciami neuronowymi, gdzie służą na przykład do rozwiązywania problemu doboru właściwej struktury sieci (por.: [Rymarczyk, 1997]) albo stanowią alternatywną metodę uczenia sieci. Informacje dotyczące innych zastosowań algorytmów genetycznych znaleźć można również w pracy [Zieliński, 2000].

W celu zilustrowania możliwości zastosowań algorytmów genetycznych przedstawione zostaną dwa przykłady. Pierwszy z nich (opracowany na podstawie pracy [Bauer, 1994]) związany jest z zastosowaniami w dziedzinie finansów i dotyczy identyfikacji reguł postępowania pomocnych w trakcie prowadzenia działalności inwestycyjnej. Drugi przykład pokazuje, w jaki sposób można wykorzystać algorytmy genetyczne do optymalizacji kolejności wykonywanych działań - do ilustracji tego zagadnienia wykorzystano znany problem komiwojażera.

² Dla populacji liczącej k chromosomów ilość przetwarzanych w każdym pokoleniu schematów oszacowana została przez Hollanda na poziomie k^3 .

4.6.1. Wspomaganie procesu podejmowania decyzji inwestycyjnych za pomocą algorytmu genetycznego

Celem zastosowania algorytmu genetycznego w rozważanym przykładzie jest określenie najlepszej strategii inwestycyjnej (tzn. takiej, której stosowanie prowadzić będzie do maksymalizacji zysku). Do oceny formułowanych reguł decyzyjnych posłużą dane o charakterze historycznym.

Do podstawowych założeń stosowanej metody należy zaliczyć:

- założenie, że istnieją tylko dwie możliwe strategie postępowania: **inwestowanie w akcje** lub **inwestowanie w obligacje**,
- na wybór strategii postępowania wpływ mają zaobserwowane w danym okresie czasu wartości pewnych zmiennych zm_1, zm_2, \dots, zm_n . W omawianym przykładzie przyjęto $n = 3$,
- założenie, że na decyzję wpływają trzy zmienne reguły postępowania, które mają ogólną postać:

jeżeli
 $zm_1 \{>|<\} x_1 \{AND|OR\} zm_2 \{>|<\} x_2 \{AND|OR\} zm_3 \{>|<\} x_3$
to
 należy inwestować w akcje
w przeciwnym przypadku
 należy inwestować w obligacje

gdzie zapis $\{>|<\}$ oznacza użycie operatora relacyjnego „>” lub „<”, zaś $\{AND|OR\}$ oznacza użycie operatora logicznego AND lub OR. Występujące w zapisie warunku identyfikatory x_1, x_2 oraz x_3 oznaczają pewne wartości stałe.

Oczekuje się, że zastosowanie algorytmu genetycznego pozwoli na konkretyzację przedstawionej powyżej ogólnej reguły poprzez oszacowanie wartości progowych x_1, x_2 oraz x_3 oraz umożliwi finalne sformułowanie potrzebnej reguły decyzyjnej poprzez dobór odpowiednich operatorów relacyjnych („>” lub „<”) i logiczne („AND” lub „OR”).

Przyjmijmy, że wykorzystywany w trakcie obliczeń zbiór danych obejmuje zaobserwowane dla kolejnych okresów czasu wartości zmiennych decyzyjnych zm_1, zm_2 oraz zm_3 , jak również wyznaczone dla każdego rozważanego okresu stopy zwrotu uzyskane w przypadku inwestowania w akcje oraz w przypadku inwestowania w obligacje.

O powodzeniu stosowania algorytmu genetycznego decydują zwykle dwa elementy:

- określenie prawidłowego sposobu kodowania rozpatrywanych rozwiązań w postaci chromosomów,
- właściwe zdefiniowanie funkcji przystosowania.

Na etapie określania sposobu kodowania należy podjąć decyzję określającą, w jaki sposób konkretna reguła decyzyjna może zostać zakodowana w postaci pojedynczego chromosomu, w którym należy zakodować (przypomnijmy):

- wartości progowe x_1, x_2, x_3 ,
- użyte operatory relacyjne,

- użyte operatory logiczne.

Do zakodowania powyższych wartości zastosowany został chromosom składający się z 21 genów o wartościach binarnych. Sposób wykorzystania poszczególnych genów był następujący:

Numer genu	Kodowana wartość
1-5	x_1
6-10	x_2
11-15	x_3
16-18	operatory logiczne
19-21	operatory relacyjne

Przyjęto następujący sposób reprezentacji danych:

- Do zakodowania każdej wartości progowej x_1 , x_2 oraz x_3 przeznaczono po 5 genów. Ponieważ są to geny o wartościach binarnych, co umożliwia reprezentację 32 różnych stanów, tylko taką liczbę dyskretnych wartości progów brano pod uwagę w procesie genetycznej optymalizacji rozważanych reguł. Dla analizowanych trzech zmiennych wyznaczono, na podstawie danych historycznych, ich wartości minimalne i maksymalne oraz rozstęp (czyli różnicę pomiędzy wartością największą i najmniejszą). Rozstęp podzielono przez liczbę możliwych do zakodowania stanów (czyli 32). Uzyskano w ten sposób dokładność reprezentacji wartości progowych. Ciąg genów 00000 reprezentował wartość minimalną odpowiedniej cechy, ciąg 00001 - wartość minimalną powiększoną o jeden obliczony iloraz itd. Wartość 11111 odpowiadała w tej sytuacji maksymalnej historycznie zaobserwowanej wartości rozważanej zmiennej, traktowanej jako wartość progowa w odpowiedniej regule decyzyjnej.
- W zaproponowanej wyżej ogólnej regule decyzyjnej występują dwa operatory logiczne. Pozornie wystarczy więc wybrać, jakie to mają być operatory, i reguła zostanie skonkretyzowana. Należy jednak zwrócić uwagę na zmieniający się sposób interpretacji reguły w zależności od kolejności wykonywania zawartych w niej operacji logicznych. Z tego względu należy w odpowiednim zestawie genów zakodować zarówno wybrane do użycia operatory logiczne jak i kolejność ich obliczeń. Sposób kodowania rodzaju i kolejności wykonywania operatorów logicznych za pomocą trzech genów przedstawia poniższa tabela:

Postać łańcucha genów	Postać warunku
000	war_1 OR (war_2 AND war_3)
001	war_1 AND (war_2 OR war_3)
010	(war_1 OR war_2) AND war_3
011	(war_1 AND war_2) OR war_3
100	(war_1 OR war_3) AND war_2
101	(war_1 AND war_3) OR war_2
110	war_1 OR war_2 OR war_3
111	war_1 AND war_2 AND war_3

- Do zakodowania informacji o rodzaju występujących w regule decyzyjnej trzech operatorach relacyjnych wykorzystano 3 kolejne geny. Sposób kodowania tych operatorów przedstawia tabela:

Postać łańcucha genów	Występujące operatory
000	<, <, <
001	<, <, >
010	<, >, <
011	<, >, >
100	>, <, <
101	>, <, >
110	>, >, <
111	>, >, >

W opisany wyżej sposób można więc zakodować wszystkie elementy potrzebne do tego, by wprowadzona wyżej w sposób ogólny regułą decyzyjna stała się konkretną, efektywnie obliczalną metodą wyboru sposobu inwestowania (w akcje albo w obligacje). Chcąc wyznaczyć dla danego chromosomu wartość funkcji przystosowania należy dokonać dekodowania danych zawartych w chromosomie, a następnie wyznaczyć średnią wartość stopy zwrotu, jaka zostałaby osiągnięta kapitału w okresie przeszłym przy stosowaniu analizowanej reguły decyzyjnej. Uzyskana w ten sposób wartość jest właśnie poszukiwaną wartością funkcji przystosowania, pozwalającą na wartościowanie każdego konkretnego chromosomu. Ewolucja populacji chromosomów powinna podążać w kierunku gwarantującym maksymalizację wartości funkcji przystosowania.

Właściwe wartości poszczególnych genów uzyskuje się poprzez iteracyjną realizację procesu krzyżowania, mutacji i inwersji. Chromosom o maksymalnej wartości funkcji aktywacji reprezentuje regułę decyzyjną przynoszącą najlepsze efekty w oparciu o wartości trzech wybranych zmiennych.

Z uwagi na to, że postać reguły decyzyjnej została określona na podstawie danych historycznych należy pamiętać, że jej skuteczność w przyszłości nie jest pewna lecz tylko mniej lub bardziej prawdopodobna. Fakt ten wynika z możliwości zmiany aktualnego charakteru powiązań pomiędzy rozważanymi zmiennymi a wartością stopy zwrotu kapitału w stosunku do sytuacji przeszłej. Dlatego też zaleca się, aby wybór strategii postępowania nie był dokonywany na bazie jednej reguły, lecz był wypadkową kilku najlepszych spośród wszystkich uzyskach reguł decyzyjnych.

W omówionym powyżej przykładzie nie rozważano problemu wyboru zmiennych będących podstawą do podjęcia decyzji. Prawidłowość dokonanego w tym zakresie wyboru ma jednak oczywiście zasadnicze znaczenie dla całego procesu decyzyjnego. Propozycję rozwiązania problemu doboru zmiennych decyzyjnych za pomocą algorytmu genetycznego można znaleźć w pracy [Morajda, 1997].

4.6.2. Genetyczny algorytm rozwiązywania problemu komiwojażera

Prezentowany obecnie kolejny przykład ma na celu pokazanie możliwości zastosowania algorytmu genetycznego do rozwiązania tak zwanego „problemu komiwojażera”, będącego jednym z najpopularniejszych zadań testowych, służących do określania przydatności różnych metod optymalizacyjnych. Przed przystąpieniem do dalszych rozważań przypomnijmy charakterystykę tego typu problemu.

Celem komiwojażera jest określenie najkrótszej trasy podróży pomiędzy N miastami, gdyż wtedy poniesie on najmniejsze wydatki na niezbędne przejazdy. Trasę należy ponadto wyznaczyć w taki sposób, aby żadne z miast nie było pominięte oraz aby w każdym mieście podróżnik przebywał tylko jeden raz (wyjątkiem od tej reguły jest miasto, w którym rozpoczyna się wędrówka, ponieważ będzie ono również ostatnim etapem podróży). Do rozwiązania tak postawionego zadania konieczna jest znajomość odległości dzielących dwa dowolne miasta. Informacja ta może być podana na dwa sposoby:

- znane są współrzędne określające położenie każdego z miast; odległość pomiędzy miastami wyznaczana jest jako odległość Euklidesa pomiędzy punktami o znanych współrzędnych,
- odległości pomiędzy miastami są dane w postaci macierzy odległości; macierz ta jest najczęściej macierzą symetryczną, ale w pewnych sytuacjach warunek ten nie jest spełniony, gdyż z różnych względów koszt przejazdu w jedną stronę może być inny, niż koszt przejazdu powrotnego.

Rozwiązaniem tak zdefiniowanego problemu będzie prawidłowo określona kolejność odwiedzania wszystkich wchodzących w rachubę miast. Przy stosowaniu algorytmu genetycznego rozwiązanie problemu zakodowane jest w postaci chromosomu. W przypadku problemu komiwojażera kolejne geny chromosomu zawierają numery kolejno odwiedzanych miast (warto zauważyć, że w tym przypadku na kolejnych pozycjach chromosomu nie znajdują się wartości binarne, ale wartości będące liczbami naturalnymi). Na przykład, jeśli rozwiązywany jest problem komiwojażera dla 5 miast (które identyfikowane są kolejnymi liczbami od 0 do 4) to chromosom o postaci 31402 reprezentuje trasę przebiegającą poprzez następujące miasta: 3 - 1 - 4 - 0 - 2.

Podjmując próbę zastosowania algorytmu genetycznego do rozwiązania problemu komiwojażera należy pamiętać, że w celu spełnienia założeń zadania, geny wchodzące w skład poszczególnych chromosomów nie mogą się powtarzać (gdyż oznaczałoby to, że miasto identyfikowane przez wartość występującą na danej pozycji chromosomu odwiedzane byłoby wielokrotnie) oraz że cała pula genów musi być wykorzystana (żadnego miasta nie można pominąć). Spełnienie powyższego postulatu wymaga wprowadzenia pewnych modyfikacji w sposobie działania algorytmu genetycznego (a w szczególności w sposobie realizacji operacji krzyżowania i mutacji), ponieważ stosowanie rozwiązań klasycznych może spowodować pojawienie się w łańcuchu identycznych genów.

W pierwszej kolejności omówimy zmodyfikowany sposób realizacji operacji krzyżowania. Przyjmijmy, że w operacji krzyżowania uczestniczą dwa chromosomy rodzicielskie P1 oraz P2, zaś rezultatem krzyżowania jest wybrany losowo jeden z dwóch chromosomów potomnych.

W trakcie realizacji krzyżowania w sposób losowy wyznacza się dla chromosomów rodzicielskich dwie pozycje ich przecięcia. Geny znajdujące się pomiędzy miejscami przecięcia definiują sposób utworzenia chromosomów potomnych na podstawie chromosomów rodzicielskich. Na przykład dane są dwa chromosomy rodzicielskie:

```
P1: [ 8, 7, 3, 4, 5, 6, 0 2 1 9 ]
P2: [ 7, 6, 0, 1, 2, 9, 8, 4, 3, 5 ]
      ^           ^
```

Losowo wybrane miejsca przecięcia zaznaczono znakami „^”. Geny znajdujące się pomiędzy miejscami przecięcia określają sposób tworzenia chromosomów potomnych. Geny znajdujące się pomiędzy punktami przecięcia w pierwszym chromosomie zajmują takie same pozycje w drugim chromosomie potomnym. Zaś geny znajdujące się pomiędzy punktami

przecięcia w drugim chromosomie rodzicielskim wchodzi w skład pierwszego chromosomu potomnego. Oznaczając przez C1 pierwszy, a przez C2 drugi chromosom potomny uzyskuje się następującą sytuację:

C1: [_,_,_, 1,2,9, _,_,_,_]

C2: [_,_,_, 4,5,6, _,_,_,_]

Operacja ta spowodowała usunięcie z pierwszego chromosomu genów: 4, 5, 6, które zostały zamienione przez łańcuch 1, 2, 9. Te usunięte geny, które po wykonaniu operacji krzyżowania nie wchodzi w skład wprowadzanego podłańcucha, muszą zostać ponownie wprowadzone do chromosomu (w opisywanym przykładzie dotyczy to wszystkich usuniętych genów, ale czasami w obydwu wydzielonych i wymienianych fragmentach geny mogą się powtarzać i wtedy zakres korekty jest mniejszy od zakresu operacji krzyżowania). Nowe pozycje brakujących genów ustalane są w taki sposób, że zastępują one pierwotne położenie genów wprowadzonych do łańcucha na ich miejsce. Czyli w rozważanym przykładzie „4” zajmie pierwotne miejsce „1” w pierwszym chromosomie, gen „5” zajmie pierwotne miejsce genu „2”, zaś gen „6” zajmie pierwotne miejsce genu „9”. Po dokonaniu tych przekształceń pierwszy chromosom potomny będzie mieć postać:

C1: [_,_,_, 1,2,9, _,5,4,6]

W analogiczny sposób zostaną dokonane zmiany w drugim chromosomie potomnym. Ich efektem będzie:

C2: [_,9,_, 4,5,6, _,1,_,2]

Na brakujące pozycje w pierwszym chromosomie potomnym zostaną wprowadzone geny znajdujące się na takich samych pozycjach w pierwszym chromosomie rodzicielskim. Braki w drugim chromosomie potomnym zostaną uzupełnione na podstawie drugiego chromosomu rodzicielskiego. Ostatecznie chromosomy potomne przyjmą postać:

C1: [8,7,3, 1,2,9, 0,5,4,6]

C2: [7,9,0, 4,5,6, 8,1,3,2]

W przypadku podejmowania prób poszukiwania z pomocą algorytmów genetycznych optymalnego uporządkowania elementów ze skończonego zbioru (tutaj – numerów odwiedzanych miast) należy również w odpowiedni sposób zdefiniować operator mutacji. Stosowanie klasycznej mutacji zamieniającej w sposób losowy wartości jednego lub większej liczby genów jest tu bowiem niedopuszczalne, gdyż może prowadzić do wygenerowania chromosomu posiadającego identyczne geny, co jest sprzeczne z regułami. Istnieje kilka propozycji modyfikacji sposobu realizacji tej operacji, do najbardziej znanych należy zaliczyć:

- *mutacja mieszająca (Shuffle Mutation)* - ten rodzaj mutacji polega na losowej zmianie **kolejności** wszystkich genów wchodzących w skład chromosomu;
- *częściowa mutacja mieszająca (Shuffle SubList Mutation)* - losowa zmiana kolejności genów dokonywana jest w wybranym w sposób losowy fragmencie chromosomu;
- *zamiana pozycji dwóch sąsiadujących genów (Single Random Swap Mutation)* - w sposób losowy wybierany jest jeden z genów wchodzących w skład chromosomu. Następnie

wykonywana jest operacja zamiany kolejności wybranego genu i genu następnego. Ten rodzaj mutacji w najmniejszym stopniu wpływa na pierwotną zawartość chromosomu;

- *losowa zamiana kolejności genów (Multiple Random Swap Mutation)* - w trakcie realizacji tej operacji przeglądane są kolejne geny. Dla każdego genu przeprowadzana jest z pewnym prawdopodobieństwem operacja zamiany wartości z wartością genu następnego. Prawdopodobieństwo realizacji zamiany genów jest parametrem opisywanej metody.

W kolejnych chromosomach składających się na modelowaną populację przechowywane są różne warianty tras. Początkowe trasy (dla stworzenia pierwszej populacji) generowane są w sposób losowy, z zachowaniem założeń zadania. Oznacza to, że losowo dobrane zestawy nie mogą zawierać powtórzeń genów ani nie mogą żadnego z nich pomijać.

Obliczana dla każdego chromosomu wartość funkcji przystosowania jest uzależniona od długości trasy reprezentowanej przez dany układ genów. Pamiętając o konieczności zdefiniowania funkcji przystosowania w taki sposób, aby jej **większa** wartość świadczyła o **lepsz**ej jakości chromosomu można zastosować następujące propozycje tej formuły:

$$f(\text{odległość}) = \frac{\text{odległość maksymalna}}{\text{odległość}} - 1 \quad (2)$$

$$f(\text{odległość}) = \text{odległość maksymalna} - \text{odległość} \quad (3)$$

Występująca w powyższych formułach *odległość maksymalna* może zostać wyznaczona poprzez zsumowanie maksymalnych wartości wyznaczonych dla każdego wiersza (kolumny) macierzy odległości. Po przeprowadzeniu prac obliczeniowych chromosom o największej wartości funkcji przystosowania zawiera zakodowaną informację o najlepszej (dotychczas znalezionej) trasie podróży.