

ΠΑΝΕΠΙΣΤΗΜΙΟ ΠΑΤΡΩΝ

**ΠΡΟΓΡΑΜΜΑ ΣΠΟΥΔΩΝ
ΕΚΠΑΙΔΕΥΣΗΣ ΑΠΟ ΑΠΟΣΤΑΣΗ**

ΠΡΟΓΡΑΜΜΑ ΣΠΟΥΔΩΝ

ΠΛΗΡΟΦΟΡΙΚΗ

ΘΕΜΑΤΙΚΗ ΕΝΟΤΗΤΑ P-INF-003

ΝΕΥΡΩΝΙΚΑ ΔΙΚΤΥΑ ΚΑΙ

ΓΕΝΕΤΙΚΟΙ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΙ

ΕΚΠΑΙΔΕΥΤΙΚΟ ΥΛΙΚΟ

ΚΕΦΑΛΑΙΟ 5

**ΕΞΕΛΙΞΗ ΓΕΝΕΤΙΚΩΝ ΑΛΓΟΡΙΘΜΩΝ
ΕΞΕΛΙΚΤΙΚΟΙ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΙ**

ΣΥΓΓΡΑΦΕΙΣ : Σ. ΛΥΚΟΘΑΝΑΣΗΣ

ΕΠ. ΚΑΘΗΓΗΤΗΣ

ΤΜΗΜΑΤΟΣ ΜΗΧ/ΚΩΝ Η/Υ ΚΑΙ ΠΛΗΡΟΦΟΡΙΚΗΣ

ΠΑΝΕΠΙΣΤΗΜΙΟΥ ΠΑΤΡΩΝ

Ε. ΓΕΩΡΓΟΠΟΥΛΟΣ

ΜΗΧΑΝΙΚΟΣ Η/Υ ΚΑΙ ΠΛΗΡΟΦΟΡΙΚΗΣ

- ΠΑΤΡΑ 1999 -

Επισκόπηση Κεφαλαίου

Το κεφάλαιο αυτό αποτελεί ουσιαστικά μια εκτεταμένη εισαγωγή στους Γενετικούς Αλγορίθμους. Επαναλαμβάνοντας κάποιες από τις εισαγωγικές έννοιες του πρώτου κεφαλαίου συνεχίζει με θέματα που έχουν να κάνουν με την περιγραφή του τρόπου λειτουργίας των Γενετικών Αλγορίθμων και τελειώνει με μια θεωρητική τεκμηρίωση της λειτουργίας τους.

Αναλυτικότερα η πρώτη ενότητα αποτελεί μια γενική εισαγωγή στους Γενετικούς Αλγορίθμους. Αρχικά δίνει κάποια στοιχεία για την ιστορία και την χρονική εξέλιξη των Γενετικών Αλγορίθμων και γενικότερα των μεθόδων που βασίζονται στην βιολογική εξελικτική διαδικασία, καθώς και τη βασική ορολογία που χρησιμοποιείται σε αυτού του είδους τους αλγορίθμους. Ακολουθεί η παρουσίαση των πλεονεκτημάτων των Γ.Α., ενώ στη συνέχεια αναφέρονται δύο προβλήματα που δημιουργούν δυσπιστία, σχετικά με την χρησιμότητά τους και τα αντίστοιχα αντεπιχειρήματά τους. Η ενότητα τελειώνει με τα χαρακτηριστικά που κάνουν τους Γενετικούς Αλγορίθμους πολύ αποτελεσματικούς στην επίλυση μιας μεγάλης γκάμας προβλημάτων. Στη δεύτερη ενότητα περιγράφεται ο τρόπος λειτουργίας των Γενετικών Αλγορίθμων και αναλύονται οι βασικοί γενετικοί τελεστές, μέσα από ένα παράδειγμα βελτιστοποίησης συνάρτησης πολλών μεταβλητών. Ακολουθεί η αναλυτική παρουσίαση ενός παραδείγματος μεγιστοποίησης συνάρτησης που κάνει αντιληπτή τη θεωρία. Στην τρίτη ενότητα παρουσιάζονται ορισμένα βασικά θέματα της θεωρητικής θεμελίωσης των Γενετικών Αλγορίθμων. Το κεφάλαιο τελειώνει με τα συμπεράσματα και την παράθεση της βασικής βιβλιογραφίας. Στο τέλος κάθε ενότητας δίνετε ικανός αριθμός ασκήσεων αυτοαξιολόγησης οι οποίες έχουν σχεδιαστεί

έτσι ώστε αφενός μεν να βοηθούν στην καλύτερη κατανόηση και εμπέδωση της ύλης που παρουσιάστηκε στην ενότητα και αφετέρου δε να την συμπληρώνουν.

Στόχοι

Βασικός στόχος του κεφαλαίου είναι να εισάγει των αναγνώστη στον πολύ ελκυστικό χώρο των Γενετικών Αλγορίθμων παρουσιάζοντας του με απλό και κατανοητό τρόπο κάποιες βασικές έννοιες, αρχικά, και στη συνέχεια περιγράφοντας με λεπτομέρεια τον τρόπο λειτουργίας τους μέσα από παραδείγματα, ενώ ολοκληρώνει, αυτή την πρώτη επαφή με τους Γενετικούς Αλγορίθμους, με τη θεωρητική θεμελίωση της λειτουργίας τους.

Λέξεις Κλειδιά

Γενετικοί Αλγόριθμοι, Εξελικτικοί Αλγόριθμοι, Γενετικοί Τελεστές, Εξέλιξη, Αρχικοποίηση, Επιλογή, Αναπαραγωγή, Μετάλλαξη, Χρωμόσωμα, Αντικειμενική Συνάρτηση, Βελτιστοποίηση, Σχήμα, Θεώρημα σχημάτων.

Προσδοκώμενα Αποτελέσματα

Όταν θα έχετε τελειώσει τη μελέτη αυτού του κεφαλαίου, θα μπορείτε να:

- περιγράψετε το τι είναι ένας Γενετικός Αλγόριθμος.
- απαριθμήσετε τα πλεονεκτήματα των Γενετικών Αλγορίθμων.
- περιγράψετε τα κύρια χαρακτηριστικά ενός Γενετικού Αλγορίθμου.
- περιγράψετε τα βασικά δομικά στοιχεία ενός Γενετικού Αλγορίθμου.
- περιγράψετε τους βασικούς γενετικούς τελεστές.
- περιγράψετε τα βήματα κωδικοποίησης ενός προβλήματος βελτιστοποίησης, με σκοπό της επίλυσής του με Γενετικό Αλγόριθμο.
- ορίσετε τα σχήματα ομοιότητας και να διατυπώσετε το θεώρημα των σχημάτων,
- ορίσετε ποσοτικά την επίδραση της επιλογής στην επιβίωση των σχημάτων,
- ορίσετε ποσοτικά την επίδραση των γενετικών τελεστών στην επιβίωση των σχημάτων
- ορίσετε την υπόθεση δομικών στοιχείων,

1. ΕΙΣΑΓΩΓΗ

Τα τελευταία τριάντα χρόνια, παρατηρείται ένα συνεχώς αυξανόμενο ενδιαφέρον για την ανάπτυξη συστημάτων επίλυσης προβλημάτων βασισμένων στις αρχές της *Φυσικής Εξέλιξης*. Τα συστήματα αυτού του είδους λειτουργούν διατηρώντας έναν πληθυσμό κωδικοποιημένων πιθανών λύσεων του προβλήματος που προσπαθούμε να επιλύσουμε, και εφαρμόζοντας πάνω σε αυτόν διάφορες διαδικασίες εμπνευσμένες από τη βιολογική εξέλιξη. Έτσι, περνώντας από γενιά σε γενιά, τα συστήματα αυτά δημιουργούν συνεχώς νέους πληθυσμούς πιθανών λύσεων εξελίσσοντας τους προηγούμενους πληθυσμούς.

Οι *Γενετικοί Αλγόριθμοι (Genetic Algorithms)* είναι ένα παράδειγμα τέτοιου συστήματος που μαζί με τον *Εξελικτικό Προγραμματισμό (Evolutionary Programming)*, τις *Στρατηγικές Εξέλιξης (Evolution Strategies)*, τα *Συστήματα Ταξινόμησης (Classifier Systems)* και το *Γενετικό Προγραμματισμό (Genetic Programming)* αποτελούν μια κατηγορία συστημάτων επίλυσης προβλημάτων που είναι ευρύτερα γνωστή με τον όρο *Εξελικτικοί Αλγόριθμοι (Evolutionary Algorithms)*.

Η πρώτη εμφάνιση των Γενετικών Αλγόριθμων (Γ.Α.) χρονολογείται στις αρχές του 1950, όταν διάφοροι επιστήμονες από το χώρο της βιολογίας αποφάσισαν να χρησιμοποιήσουν υπολογιστές στην προσπάθειά τους να προσομοιώσουν πολύπλοκα βιολογικά συστήματα. Η συστηματική τους ανάπτυξη όμως, που οδήγησε στην μορφή με την οποία είναι γνωστοί σήμερα, πραγματοποιήθηκε στις αρχές του 1970 από τον John Holland [Holland 1975] και τους συνεργάτες του στο Πανεπιστήμιο του Michigan.

Η βασική ιδέα που κρύβεται πίσω από τους Γ.Α. είναι η μίμηση των μηχανισμών της βιολογικής εξέλιξης που απαντώνται στη φύση. Ας πάρουμε, για παράδειγμα, τους λαγούς και τον τρόπο που αναπαράγονται και εξελίσσονται από γενιά σε γενιά [Michalewicz, 1996]. Έστω ότι αρχίζουμε να παρατηρούμε ένα συγκεκριμένο πληθυσμό από λαγούς σε ένα οικοσύστημα. Όπως είναι φυσικό, κάποιοι από αυτούς θα είναι πιο γρήγοροι και πιο εύστροφοι από άλλους. Αυτοί οι λαγοί έχουν περισσότερες πιθανότητες να επιβιώσουν

στο φυσικό τους περιβάλλον (δηλαδή να εξασφαλίζουν τροφή και να ξεφεύγουν από τα διάφορα αρπακτικά που τους καταδιώκουν, όπως για παράδειγμα τις αλεπούδες) από ότι κάποιοι πιο αργοί ή λιγότερο έξυπνοι λαγοί. Φυσικά δεν είναι λίγοι οι αργοί ή λιγότερο έξυπνοι λαγοί που καταφέρνουν να επιβιώνουν εξαιτίας της τύχης ή άλλων παραγόντων. Όλοι αυτοί οι λαγοί, που καταφέρνουν να επιβιώσουν, θα αρχίσουν την παραγωγή της επόμενης γενιάς τους, μιας γενιάς που θα συνδυάζει με διάφορους τρόπους όλα τα χαρακτηριστικά των μελών της προηγούμενης. Έτσι, μερικοί αργοί λαγοί θα αναμειχθούν με κάποιους γρήγορους, κάποιοι γρήγοροι με άλλους γρήγορους, κάποιοι εύστροφοι λαγοί με κάποιους μη εύστροφους και ούτω καθεξής, δημιουργώντας έτσι σταδιακά έναν πληθυσμό που απαρτίζεται από λαγούς που κατά μέσο όρο είναι εξυπνότεροι και ταχύτεροι από τους προγόνους τους. Ευτυχώς όμως, για τη διατήρηση της φυσικής ισορροπίας, και τα αρπακτικά υφίστανται την ίδια διαδικασία εξέλιξης από γενιά σε γενιά, διαφορετικά οι λαγοί θα γίνονταν υπερβολικά γρήγοροι και έξυπνοι για να μπορούν να τους πιάσουν.

Οι Γ.Α. χρησιμοποιούν ορολογία δανεισμένη από το χώρο της Φυσικής Γενετικής. Αναφέρονται σε *άτομα (individuals)* ή *γενότυπους (genotypes)* μέσα σε ένα πληθυσμό. Κάθε άτομο ή γενότυπος αποτελείται από *χρωμοσώματα (chromosomes)*. Στους Γ.Α. αναφερόμαστε συνήθως σε άτομα με ένα μόνο χρωμόσωμα. Τα χρωμοσώματα αποτελούνται από *γονίδια (genes)* που είναι διατεταγμένα σε γραμμική ακολουθία. Κάθε γονίδιο επηρεάζει την κληρονομικότητα ενός ή περισσότερων χαρακτηριστικών. Τα γονίδια που επηρεάζουν συγκεκριμένα χαρακτηριστικά γνωρίσματα του ατόμου βρίσκονται και σε συγκεκριμένες θέσεις του χρωματοσώματος που καλούνται *loci*. Κάθε χαρακτηριστικό γνώρισμα του ατόμου (όπως για παράδειγμα το χρώμα μαλλιών) έχει τη δυνατότητα να εμφανιστεί με διάφορες μορφές, ανάλογα με την κατάσταση στην οποία βρίσκεται το αντίστοιχο γονίδιο που το επηρεάζει. Οι διαφορετικές αυτές καταστάσεις που μπορεί να πάρει το γονίδιο καλούνται *alleles (τιμές χαρακτηριστικού γνωρίσματος)*.

Κάθε γενότυπος αναπαριστά μια πιθανή λύση σε ένα πρόβλημα. Το «αποκωδικοποιημένο» περιεχόμενο ενός συγκεκριμένου χρωμοσώματος καλείται *φαινότυπος (phenotype)* (π.χ. ένας ζωντανός οργανισμός είναι ο φαινότυπος των

χρωμοσωμάτων του). Μια διαδικασία εξέλιξης που εφαρμόζεται πάνω σε ένα πληθυσμό αντιστοιχεί σε ένα εκτενές ψάξιμο στο χώρο των πιθανών λύσεων. Απαραίτητη προϋπόθεση για την επιτυχημένη έκβαση ενός τέτοιου ψαξίματος αποτελεί η εξισορρόπηση δύο διαδικασιών που είναι προφανώς αντικρουόμενες, της εκμετάλλευσης και διατήρησης των καλύτερων λύσεων, και της όσο το δυνατόν καλύτερης εξερεύνησης όλου του διαστήματος.

Οι Γ.Α. διατηρούν έναν πληθυσμό πιθανών λύσεων, του προβλήματος που μας ενδιαφέρει, πάνω στον οποίο δουλεύουν, σε αντίθεση με άλλες μεθόδους αναζήτησης που επεξεργάζονται ένα μόνο σημείο του διαστήματος αναζήτησης. Έτσι ένας Γ.Α. πραγματοποιεί αναζήτηση σε πολλές κατευθύνσεις και υποστηρίζει καταγραφή και ανταλλαγή πληροφοριών μεταξύ αυτών των κατευθύνσεων. Ο πληθυσμός υφίσταται μια προσομοιωμένη γενετική εξέλιξη. Σε κάθε γενιά, οι σχετικά "καλές" λύσεις αναπαράγονται, ενώ οι σχετικά "κακές" απομακρύνονται. Ο διαχωρισμός και η αποτίμηση των διαφόρων λύσεων γίνεται με την βοήθεια μιας *αντικειμενικής συνάρτησης (objective ή fitness function)*, η οποία παίζει το ρόλο του περιβάλλοντος μέσα στο οποίο εξελίσσεται ο πληθυσμός.

Η δομή ενός απλού Γ.Α. έχει σε γενικές γραμμές ως εξής [Michalewicz, 1996]: Κατά την διάρκεια της γενιάς t , ο Γ.Α. διατηρεί έναν πληθυσμό $P(t)$ από n πιθανές λύσεις (individuals): $P(t) = \{x_1^t, \dots, x_n^t\}$. Κάθε individual x_i^t αποτιμάται και δίνει ένα μέτρο της καταλληλότητας και ορθότητάς του. Αφού ολοκληρωθεί η αποτίμηση όλων των μελών του πληθυσμού, δημιουργείται ένας νέος πληθυσμός (γενιά $t+1$) που προκύπτει από την επιλογή των πιο κατάλληλων στοιχείων του πληθυσμού της προηγούμενης γενιάς. Μερικά μέλη από τον καινούργιο αυτό πληθυσμό υφίστανται αλλαγές με την βοήθεια των γενετικών διαδικασιών της *διασταύρωσης και της μετάλλαξης* σχηματίζοντας νέες πιθανές λύσεις. Η διασταύρωση συνδυάζει τα στοιχεία των χρωμοσωμάτων δύο γονέων για να δημιουργήσει δύο νέους απογόνους ανταλλάσσοντας κομμάτια από τους γονείς. Για παράδειγμα, έστω ότι δύο γονείς αναπαριστώνται με χρωματοσώματα πέντε γονιδίων $(a_1, b_1, c_1, d_1, e_1)$ και $(a_2, b_2, c_2, d_2, e_2)$ αντίστοιχα, τότε οι απόγονοι που θα προκύψουν από διασταύρωση με *σημείο διασταύρωσης (crossover point) το σημείο 2* είναι οι

$(a_1, b_1, c_2, d_2, e_2)$ και $(a_2, b_2, c_1, d_1, e_1)$. Διαισθητικά μπορούμε να πούμε ότι η διασταύρωση εξυπηρετεί την ανταλλαγή πληροφοριών μεταξύ διαφορετικών πιθανών λύσεων. Η διαδικασία της μετάλλαξης αλλάζει αυθαίρετα ένα ή περισσότερα γονίδια ενός συγκεκριμένου χρωμοσώματος. Πραγματοποιείται με τυχαία αλλαγή γονιδίων με πιθανότητα ίση με το ρυθμό μετάλλαξης (*mutation rate*). Για παράδειγμα, έστω ότι ένας individual αναπαρίσταται με το διάνυσμα πέντε διαστάσεων $(a_1, b_1, c_1, d_1, e_1)$, τότε ο individual που θα προκύψει με μετάλλαξη στη δεύτερη και στην τέταρτη διάσταση είναι ο $(a_1, b_1^*, c_1, d_1^*, e_1)$. Διαισθητικά μπορούμε να πούμε ότι η μετάλλαξη εξυπηρετεί την εισαγωγή νέων πιθανών λύσεων, διαφορετικών από τις υπάρχουσες, στον ήδη υπάρχοντα πληθυσμό.

Συνοψίζοντας μπορούμε να πούμε ότι ένας Γ.Α. για ένα συγκεκριμένο πρόβλημα πρέπει να αποτελείται από τα παρακάτω πέντε συστατικά:

1. Μια γενετική αναπαράσταση των πιθανών λύσεων του προβλήματος.
2. Έναν τρόπο δημιουργίας ενός αρχικού πληθυσμού από πιθανές λύσεις (αρχικοποίηση).
3. Μια αντικειμενική συνάρτηση αξιολόγησης των μελών του πληθυσμού, που παίζει το ρόλο του περιβάλλοντος.
4. Γενετικούς τελεστές για τη δημιουργία νέων μελών (λύσεων).
5. Τιμές για τις διάφορες παραμέτρους που χρησιμοποιεί ο Γ.Α. (μέγεθος πληθυσμού, πιθανότητες εφαρμογής των γενετικών τελεστών, κ.τ.λ.).

1.1 Πλεονεκτήματα των Γενετικών Αλγορίθμων

Μερικά από τα σημαντικότερα πλεονεκτήματα που έχει η χρήση Γ.Α. για την επίλυση προβλημάτων είναι τα εξής:

- 1) Μπορούν να επιλύουν δύσκολα προβλήματα γρήγορα και αξιόπιστα. Ένας από τους σημαντικούς λόγους χρήσης των Γ.Α. είναι η μεγάλη τους αποδοτικότητα. Τόσο η θεωρία, όσο και η πράξη έχουν δείξει ότι προβλήματα που έχουν πολλές, δύσκολα προσδιορισμένες λύσεις μπορούν να αντιμετωπιστούν καλύτερα από Γ.Α. Είναι δε

αξιοσημείωτο ότι συναρτήσεις που παρουσιάζουν μεγάλες διακυμάνσεις και καθιστούν ανεπαρκείς άλλες μεθόδους στην εύρεση των ακρότατών τους, για τους Γ.Α. δεν αποτελούν σημεία δυσχέρειας.

- 2) Μπορούν εύκολα να συνεργαστούν με τα υπάρχοντα μοντέλα και συστήματα. Οι Γ.Α. προσφέρουν το σημαντικό πλεονέκτημα της χρήσης τους με προσθετικό τρόπο στα μοντέλα που χρησιμοποιούνται σήμερα, μη απαιτώντας την επανασχεδιάσή τους. Μπορούν εύκολα να συνεργαστούν με τον υπάρχοντα κώδικα, χωρίς μεγάλο κόπο. Αυτό συμβαίνει, διότι χρησιμοποιούν μόνο πληροφορίες της διαδικασίας ή συνάρτησης που πρόκειται να βελτιστοποιήσουν, δίχως να ενδιαφέρει άμεσα ο ρόλος της μέσα στο σύστημα ή η όλη δομή του συστήματος.
- 3) Είναι εύκολα επεκτάσιμοι και εξελίξιμοι. Όπως θα γίνει σαφές στα επόμενα κεφάλαια, οι Γ.Α. δεν αντιστέκονται σε αλλαγές, επεκτάσεις και μετεξελίξεις, ανάλογα με την κρίση του σχεδιαστή. Σε πολλές εφαρμογές, έχουν αναφερθεί λειτουργίες των Γ.Α. που δεν είναι δανεισμένες από τη φύση ή που έχουν υποστεί σημαντικές αλλαγές, πάντα προς όφελος της απόδοσης. Παραλλαγές στο βασικό σχήμα δεν είναι απλά αναγκαίες, αλλά σε ορισμένες περιπτώσεις επιβάλλονται.
- 4) Μπορούν να συμμετέχουν σε υβριδικές μορφές με άλλες μεθόδους. Αν και η ισχύς των Γ.Α. είναι μεγάλη, σε μερικές ειδικές περιπτώσεις προβλημάτων, όπου άλλες μέθοδοι συμβαίνει να έχουν πολύ υψηλή αποδοτικότητα, λόγω εξειδίκευσης, υπάρχει η δυνατότητα χρησιμοποίησης ενός υβριδικού σχήματος Γ.Α. με άλλη μέθοδο. Αυτό είναι αποτέλεσμα της μεγάλης ευελιξίας των Γ.Α.
- 5) Εφαρμόζονται σε πολύ περισσότερα πεδία από κάθε άλλη μέθοδο. Το χαρακτηριστικό που τους εξασφαλίζει αυτό το πλεονέκτημα είναι η ελευθερία επιλογής των κριτηρίων που καθορίζουν την επιλογή μέσα στο τεχνικό περιβάλλον. Έτσι, Γ.Α. μπορούν να χρησιμοποιηθούν στην οικονομία, στο σχεδιασμό μηχανών, στην επίλυση μαθηματικών εξισώσεων, στην εκπαίδευση Νευρωνικών Δικτύων και σε πολλούς άλλους τομείς.

- 6) Δεν απαιτούν περιορισμούς στις συναρτήσεις που επεξεργάζονται. Ο κύριος λόγος που καθιστά τις παραδοσιακές μεθόδους δύσκαμπτες και ακατάλληλες για πολλά προβλήματα είναι η απαίτησή τους για ύπαρξη περιορισμών, όπως ύπαρξη παραγώγων, συνέχεια, όχι "θορυβώδεις" συναρτήσεις κ.τ.λ. Τέτοιου είδους ιδιότητες είναι αδιάφορες για τους Γ.Α. πράγμα που τους κάνει κατάλληλους για μεγάλο φάσμα προβλημάτων.
- 7) Δεν ενδιαφέρει η σημασία της υπό εξέταση πληροφορίας. Η μόνη "επικοινωνία" του Γ.Α. με το περιβάλλον του είναι η αντικειμενική συνάρτηση. Αυτό εγγυάται την επιτυχία του ανεξάρτητα από την σημασία του προβλήματος. Βέβαια, δεν σημαίνει ότι δεν υπάρχουν άλυτα προβλήματα για τους Γ.Α. Όπου όμως δεν τα καταφέρνουν, η αιτία είναι η φύση του χώρου που ερευνούν και όχι το πληροφοριακό περιεχόμενο του προβλήματος.
- 8) Έχουν από τη φύση τους το στοιχείο του παραλληλισμού. Οι Γ.Α. σε κάθε τους βήμα επεξεργάζονται μεγάλες ποσότητες πληροφορίας, αφού κάθε άτομο θεωρείται αντιπρόσωπος πολλών άλλων. Έχει υπολογιστεί ότι η αναλογία αυτή είναι της τάξεως $O(n^3)$, δηλαδή 10 άτομα αντιπροσωπεύουν περίπου 1000. Είναι, λοιπόν, προφανές ότι μπορούν να καλύψουν με αποδοτικό ψάξιμο μεγάλους χώρους σε μικρούς χρόνους.
- 9) Είναι μία μέθοδος που κάνει ταυτόχρονα εξερεύνηση του χώρου αναζήτησης και εκμετάλλευση της ήδη επεξεργασμένης πληροφορίας. Ο συνδυασμός αυτός σπάνια συναντάται σε οποιαδήποτε άλλη μέθοδο. Με το τυχαίο ψάξιμο γίνεται καλή εξερεύνηση του χώρου, αλλά δεν γίνεται εκμετάλλευση της πληροφορίας. Αντίθετα, με το hill-climbing γίνεται καλή εκμετάλλευση της πληροφορίας, αλλά όχι καλή εξερεύνηση. Συνήθως τα δύο αυτά χαρακτηριστικά είναι ανταγωνιστικά και το επιθυμητό είναι να συνυπάρχουν και τα δύο προς όφελος της όλης διαδικασίας. Οι Γ.Α. επιτυγχάνουν το βέλτιστο συνδυασμό εξερεύνησης και εκμετάλλευσης, πράγμα που τους κάνει ιδιαίτερα αποδοτικούς και ελκυστικούς.

- 10) Επιδέχονται παράλληλη υλοποίηση. Οι Γ.Α. μπορούν να εκμεταλλευτούν τα πλεονεκτήματα των παράλληλων μηχανών, αφού λόγω της φύσης τους, εύκολα μπορούν να δεχτούν παράλληλη υλοποίηση. Το χαρακτηριστικό αυτό αυξάνει ακόμη περισσότερο την απόδοσή τους, ενώ σπάνια συναντάται σε ανταγωνιστικές μεθόδους.

1.2 Τι Προκαλεί Δυσπιστία

Η τεχνολογία των Γ.Α., αν και δεν αποτελεί πρόσφατη ανακάλυψη, άρχισε ουσιαστικά να εφαρμόζεται τα τελευταία χρόνια. Η δυσπιστία με την οποία αντιμετώπιζαν οι επιστήμονες το όλο θέμα έχει αρχίσει πλέον να υποχωρεί.. Ποιοι είναι όμως οι κυριότεροι λόγοι που ίσως θα μπορούσαν να σταθούν εμπόδιο στην εξάπλωση αυτής της τεχνολογίας;

- 1) Προβλήματα εξοικείωσης με τη Γενετική. Για τους περισσότερους, που ασχολούνται με την Επιστήμη των Υπολογιστών, οι έννοιες της Εξέλιξης και της Φυσικής Επιλογής μπορεί να μην ηχούν παράξενα, αλλά δεν είναι και από τις πιο οικείες. Η Βιολογία δεν έχει άμεση σχέση με τους υπολογιστές, γι' αυτό και οι γνώσεις σχεδόν όλων είναι σε πολύ γενικό επίπεδο. Παρ' όλ' αυτά, δεν απαιτούνται γνώσεις Γενετικής και Βιολογίας. Εκείνο που συμβαίνει με τους Γ.Α. είναι ότι μιμούνται με αφαιρετικό τρόπο κάποιες διαδικασίες που παρατηρούνται στη φύση, χωρίς να ενδιαφέρει σε μεγάλο βαθμό λεπτομέρεια η λειτουργία τους και χωρίς να είναι απαραίτητο το γνωστικό υπόβαθρο που έχουν οι βιολόγοι για να μελετήσουν αυτά τα φαινόμενα. Οι όροι είναι δανεισμένοι από τη βιολογία με σκοπό την καλύτερη εισαγωγή και κατανόηση του θέματος και όχι την παραπομπή του μελετητή στα άγνωστα πεδία μιας ξένης επιστήμης και, τελικά, τη σύγχυσή του. Θα μπορούσε ίσως, να παραληφθεί η αναφορά στη Γενετική και να γίνει μια παρουσίαση των Γ.Α. ως "προσωπικές διαδικασίες για αναζήτηση και βελτιστοποίηση", αυτό όμως μάλλον θα έκανε τα πράγματα δυσκολότερα. Εξάλλου, είναι συνηθισμένο το φαινόμενο θεωρίες που είναι δανεισμένες από άλλες επιστήμες να διατηρούν την αυθεντική τους ορολογία (π.χ. στα Νευρωνικά Δίκτυα: νευρώνες, συνάψεις, κ.τ.λ.). Επιπλέον, το

μέλλον και η εξέλιξη των Γ.Α. δεν εξαρτώνται σε καμία περίπτωση από τις αντίστοιχες θεωρίες της Βιολογίας. Το αρχικό μοντέλο είναι δανεισμένο από εκεί, όμως η εφαρμογή του στα Τεχνητά Συστήματα έγινε με πλήθος διαφοροποιήσεων, προσαρμοσέων και "παρεκτροπών" με στόχο πάντα τη βελτίωση της απόδοσης. Πλέον, μπορούμε να μιλάμε για εξέλιξη και απογόνους των πρώτων Γ.Α. και για μια πορεία τους στο χρόνο που είναι πλήρως ανεξάρτητη και αυτοδύναμη.

- 2) Το πρόβλημα του χρόνου. Στη φύση ως γνωστό, η εξέλιξη λειτουργεί με ρυθμούς πολύ αργούς. Χρειάζονται να περάσουν χιλιάδες γενιές, άρα και αρκετός χρόνος, για να αλλάξουν τα χαρακτηριστικά των ειδών και να διαφοροποιηθούν οι ικανότητες και η συμπεριφορά τους. Θέτουν έτσι ορισμένοι το ερώτημα: πώς είναι δυνατό ένα μοντέλο αναζήτησης λύσεων να έχει καλές επιδόσεις χρόνου, όταν είναι εμπνευσμένο από μια φυσική διαδικασία που εξελίσσεται με ρυθμούς απίστευτα αργούς; Η απάντηση εδώ είναι απλή. Κατ' αρχήν, ακόμη και στη φύση, η εξέλιξη δεν είναι από μόνη της μια αργή διαδικασία. Εξέλιξη των ειδών συμβαίνει όταν αλλάζει τα περιβάλλον τους και πρέπει να προσαρμοστούν στα καινούργια δεδομένα, ώστε να επιβιώσουν. Αλλαγές όμως του περιβάλλοντος γίνονται με πολύ αργούς ρυθμούς και κατά συνέπεια και η εξέλιξη ακολουθεί αυτούς τους ρυθμούς. Αν οι αλλαγές του περιβάλλοντος γίνονται με γρηγορότερο τρόπο, τότε επιταχύνεται και η εξέλιξη. Αυτό άλλωστε παρατηρείται και στα βιολογικά εργαστήρια, όπου μικροοργανισμοί αλλάζουν την συμπεριφορά τους αμέσως, όταν τοποθετούνται σε νέες συνθήκες. Επιπλέον, στο πεδίο των υπολογιστών τα άτομα κωδικοποιούνται συνήθως ως συμβολοσειρές και οι συνθήκες του περιβάλλοντος μοντελοποιούνται με απλές μαθηματικές σχέσεις. Έτσι, το μοντέλο με το οποίο δουλεύει ο υπολογιστής δεν παρουσιάζει ιδιαίτερο υπολογιστικό φόρτο, συγκρινόμενο πάντα με αντίστοιχες μεθόδους. Το πλήθος των ατόμων που κάθε φορά εξετάζεται είναι από λίγες δεκάδες έως μερικές χιλιάδες, δηλαδή αρκετές τάξεις μεγέθους κάτω από το πλήθος των γονιδίων των χρωμοσωμάτων μιας έμβιας οντότητας. Ο ρυθμός που μπορούν να ζευγαρώνουν τα άτομα στους πιο γρήγορους υπολογιστές μπορεί να φτάσει το ένα εκατομμύριο ανά δευτερόλεπτο. Όσο μεγάλος και αν είναι ο χώρος που καλείται ο αλγόριθμος να ψάξει, η επεξεργασία μερικών μόνο ατόμων αρκεί, γιατί, όπως θα

αναπτυχθεί και παρακάτω, τα άτομα αυτά θεωρούνται αντιπρόσωποι ολόκληρων κλάσεων. Έτσι λοιπόν, οι ταχύτητες που μπορούν να επιτύχουν οι Γ.Α. είναι πολύ υψηλές.

1.3 Βασικά Χαρακτηριστικά Γενετικών Αλγορίθμων

Όπως αναφέρθηκε, οι Γ.Α. πλεονεκτούν αισθητά στη λύση προβλημάτων αναζήτησης και βελτιστοποίησης από τις παραδοσιακές μεθόδους. Αυτό συμβαίνει, διότι διαφέρουν θεμελιωδώς από αυτές. Τα κυριότερα νέα χαρακτηριστικά που τους διαφοροποιούν, αλλά και τους δίνουν υπεροχή, σύμφωνα με τον D. Goldberg [Goldberg, 1989], είναι τα εξής:

- 1) Οι Γ.Α. δουλεύουν με μια κωδικοποίηση του συνόλου τιμών που μπορούν να λάβουν οι μεταβλητές και όχι με τις ίδιες τις μεταβλητές του προβλήματος: Για παράδειγμα, αναφέρεται το εξής πρόβλημα βελτιστοποίησης: Έστω ένα μαύρο κουτί με πέντε δυαδικούς διακόπτες (on-off). Για κάθε συνδυασμό s των διακοπών παράγεται μία έξοδος $f(s)$. Ζητείται ο συνδυασμός των διακοπών που μεγιστοποιεί την έξοδο. Με τις παραδοσιακές μεθόδους, το μέγιστο θα εντοπιζόταν με "παίξιμο" των διακοπών πηγαίνοντας από συνδυασμό σε συνδυασμό με ψάξιμο στα τυφλά, καθ' ότι δεν είναι γνωστός ο τύπος της συνάρτησης. Σε ένα Γ.Α. όμως, η πρώτη ενέργεια είναι η κωδικοποίηση των διακοπών ως συμβολοσειρές πεπερασμένου μήκους. Μια απλή κωδικοποίηση θα μπορούσε να γίνει θεωρώντας μια δυαδική συμβολοσειρά μήκους πέντε, όπου η κάθε θέση αναπαριστά ένα διακόπτη. Το 0 αντιστοιχεί στη θέση off και το 1 στη θέση on. Δηλαδή, η συμβολοσειρά 11110 κωδικοποιεί το συνδυασμό κατά τον οποίο οι πρώτοι τέσσερις διακόπτες είναι on και ο τελευταίος off. Η κωδικοποίηση δεν είναι απαραίτητο να είναι πάντα δυαδική. Όπως θα φανεί και αργότερα, μπορεί να γίνει με πολλούς τρόπους, αρκετοί από τους οποίους ίσως και να μην είναι προφανείς. Το στοιχείο της κωδικοποίησης, όπως εξηγείται παρακάτω, είναι εκείνο που επιτρέπει στους Γ.Α. να κάνουν παράλληλη επεξεργασία δεδομένων.

- 2) Οι Γ.Α. κάνουν αναζήτηση σε πολλά σημεία ταυτόχρονα και όχι μόνο σε ένα: Σε πολλές μεθόδους βελτιστοποίησης, η επεξεργασία γίνεται βήμα προς βήμα, πηγαίνοντας προσεκτικά από σημείο σε σημείο του πεδίου ορισμού του προβλήματος. Αυτό το βήμα προς βήμα ενέχει αρκετούς κινδύνους, ο κυριότερος από τους οποίους είναι να περιοριστεί η αναζήτηση σε μια περιοχή τοπικού ακρότατου, που δεν είναι ολικό. Οι Γ.Α. εξαλείφουν αυτόν τον κίνδυνο ενεργώντας ταυτόχρονα πάνω σε ένα ευρύ σύνολο σημείων (σύνολο από συμβολοσειρές). Έτσι μπορούν να "ανεβαίνουν" πολλούς λόφους (hill-climbing) την ίδια στιγμή, ελαχιστοποιώντας την πιθανότητα να βρουν μια λάθος κορυφή. Γυρίζοντας στο παράδειγμα με το μαύρο κουτί, οι κλασσικές μέθοδοι θα ξεκινούσαν το ψάξιμο από ένα συνδυασμό των διακοπών και στη συνέχεια, εφαρμόζοντας κάποιο κανόνα μετάβασης, θα δοκίμαζαν τον επόμενο (ψάξιμο δηλαδή σημείο προς σημείο). Αντιθέτως, ένας Γ.Α. αρχίζει το ψάξιμό του από ένα πληθυσμό συνδυασμών συμβολοσειρών και κατόπιν παράγει διαδοχικά καινούριους. Ένας αρχικός πληθυσμός θα μπορούσε να είναι, π.χ. 01101, 11000, 01000 και 10011. Έπειτα, "τρέχοντας" ο αλγόριθμος δημιουργεί νέους πληθυσμούς που συγκλίνουν προς την επιθυμητή λύση. Διαλέγοντας ένα πληθυσμό που να καλύπτει αντιπροσωπευτικά ένα μεγάλο εύρος τιμών μπορούν να προκύψουν ικανοποιητικά αποτελέσματα.
- 3) Οι Γ.Α. χρησιμοποιούν μόνο την αντικειμενική συνάρτηση και καμία επιπρόσθετη πληροφορία: Πολλές μέθοδοι αναζήτησης απαιτούν αρκετές βοηθητικές πληροφορίες για τη συνάρτηση που επεξεργάζονται. Τέτοιου είδους πληροφορίες δεν προαπαιτούνται από τους Γ.Α. Το ψάξιμό τους είναι κατά κάποιο τρόπο "τυφλό". Αξιοποιούν μόνο όση πληροφορία περιέχεται στην αντικειμενική συνάρτηση πράγμα που τους προσδίδει μεγάλη ευελιξία. Έτσι όμως, προκύπτει το ερώτημα αν συμφέρει να αγνοούνται οι βοηθητικές πληροφορίες. Γι' αυτό ακριβώς το λόγο έχουν αναπτυχθεί μορφές Γ.Α. που αξιοποιούν και τέτοιου είδους πληροφορίες (Knowledge-Based Genetic Algorithms).
- 4) Οι Γ.Α. χρησιμοποιούν πιθανοθεωρητικούς κανόνες μετάβασης και όχι ντετερμινιστικούς: Η χρήση πιθανοτικών κανόνων μετάβασης είναι κυρίαρχο

γνώρισμα των Γ.Α., χωρίς αυτό να σημαίνει ότι η όλη διαδικασία βαδίζει στην τύχη. Δε λαμβάνονται αποφάσεις με το "στρίψιμο ενός νομίσματος". Το στοιχείο της τύχης χρησιμοποιείται ως οδηγός για αναζήτηση σε περιοχές που αναμένεται να δώσουν καλά αποτελέσματα.

Τα τέσσερα προαναφερθέντα χαρακτηριστικά συμβάλουν αποφασιστικά ώστε να έχουν οι Γ.Α. την πολυπόθητη ιδιότητα της ευρωστίας.

Ασκήσεις

Λύνοντας αυτές τις ασκήσεις θα είστε σε θέση να γνωρίζεται αν έχετε κατανοήσει τις έννοιες που παρουσιάστηκαν στην ενότητα 1. Όλες οι ασκήσεις έχουν ως στόχο την ανακεφαλαίωση όσων παρουσιάστηκαν στην ενότητα 1.

Άσκηση Αυτοαξιολόγησης 1.1 (Επίπεδο δυσκολίας 1): Δώστε με τη μορφή διαγράμματος ροής τη μορφή ενός απλού Γενετικού Αλγορίθμου.

Άσκηση Αυτοαξιολόγησης 1.2 (Επίπεδο δυσκολίας 1): Ποια είναι τα πέντε βασικά συστατικά ενός Γενετικού αλγορίθμου.

Άσκηση Αυτοαξιολόγησης 1.3 (Επίπεδο δυσκολίας 1): Αναφέρεται μερικά από τα πλεονεκτήματα των Γενετικών Αλγορίθμων που κάνουν ιδιαίτερα ελκυστική τη χρήση τους σε διάφορα προβλήματα.

Άσκηση Αυτοαξιολόγησης 1.4 (Επίπεδο δυσκολίας 1): Ποια είναι τα βασικά επιχειρήματα των πολέμιων των Γενετικών Αλγορίθμων;

Άσκηση Αυτοαξιολόγησης 1.5 (Επίπεδο δυσκολίας 1): Ποιά είναι τα κυριότερα χαρακτηριστικά που διαφοροποιούν τους Γενετικούς Αλγορίθμους από τις παραδοσιακές μεθόδους βελτιστοποίησης;

Απαντήσεις

Απάντηση (Άσκηση Αυτοαξιολόγησης 1.1):

Από την ενότητα 1 διαβάστε την περιγραφή ενός απλού Γενετικού Αλγορίθμου και αποδώστε τη διαγραμματικά.

Απάντηση (Άσκηση Αυτοαξιολόγησης 1.2):

1. Μια γενετική αναπαράσταση των πιθανών λύσεων του προβλήματος.
2. Έναν τρόπο δημιουργίας ενός αρχικού πληθυσμού από πιθανές λύσεις (αρχικοποίηση).
3. Μια αντικειμενική συνάρτηση αξιολόγησης των μελών του πληθυσμού, που παίζει το ρόλο του περιβάλλοντος.
4. Γενετικούς τελεστές για τη δημιουργία νέων μελών (λύσεων).
5. Τιμές για τις διάφορες παραμέτρους που χρησιμοποιεί ο Γ.Α. (μέγεθος πληθυσμού, πιθανότητες εφαρμογής των γενετικών τελεστών, κ.τ.λ.).

Απάντηση (Άσκηση Αυτοαξιολόγησης 1.3):

1. Μπορούν να επιλύουν δύσκολα προβλήματα γρήγορα και αξιόπιστα.
2. Μπορούν εύκολα να συνεργαστούν με τα υπάρχοντα μοντέλα και συστήματα.
3. Είναι εύκολα επεκτάσιμοι και εξελίξιμοι.
4. Μπορούν να συμμετέχουν σε υβριδικές μορφές με άλλες μεθόδους.
5. Εφαρμόζονται σε πολύ περισσότερα πεδία από κάθε άλλη μέθοδο.
6. Δεν απαιτούν περιορισμούς στις συναρτήσεις που επεξεργάζονται.
7. Δεν ενδιαφέρει η σημασία της υπό εξέταση πληροφορίας.
8. Έχουν από τη φύση τους το στοιχείο του παραλληλισμού.
9. Είναι μία μέθοδος που κάνει ταυτόχρονα εξερεύνηση του χώρου αναζήτησης και εκμετάλλευση της ήδη επεξεργασμένης πληροφορίας.
10. Επιδέχονται παράλληλη υλοποίηση.

Απάντηση (Άσκηση Αυτοαξιολόγησης 1.4):

1. Προβλήματα εξοικείωσης με τη Γενετική.
2. Το πρόβλημα του χρόνου.

Απάντηση (Άσκηση Αυτοαξιολόγησης 1.5):

1. Οι Γ.Α. δουλεύουν με μια κωδικοποίηση του συνόλου τιμών που μπορούν να λάβουν οι μεταβλητές και όχι με τις ίδιες τις μεταβλητές του προβλήματος.
2. Οι Γ.Α. κάνουν αναζήτηση σε πολλά σημεία ταυτόχρονα και όχι μόνο σε ένα.

3. Οι Γ.Α. χρησιμοποιούν μόνο την αντικειμενική συνάρτηση και καμία επιπρόσθετη πληροφορία.
4. Οι Γ.Α. χρησιμοποιούν πιθανοθεωρητικούς κανόνες μετάβασης και όχι ντετερμινιστικούς.

2. ΒΑΣΙΚΑ ΣΤΟΙΧΕΙΑ ΓΕΝΕΤΙΚΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ

Σε αυτή την ενότητα θα παρουσιάσουμε τα βασικά χαρακτηριστικά ενός απλού Γενετικού Αλγορίθμου μέσα από την επίλυση ενός προβλήματος βελτιστοποίησης. Έστω ότι το πρόβλημα βελτιστοποίησης που θέλουμε να επιλύσουμε είναι ένα πρόβλημα μεγιστοποίησης μιας συνάρτησης f - στην περίπτωση τώρα που αντιμετωπίζουμε ένα πρόβλημα ελαχιστοποίησης μιας συνάρτησης f , αυτό μπορούμε να το μετασχηματίσουμε σε πρόβλημα μεγιστοποίησης της συνάρτησης $g = -f$. Επιπλέον, υποθέτουμε ότι η αντικειμενική συνάρτηση f παίρνει μόνο θετικές τιμές - διαφορετικά μπορούμε να εισάγουμε μια θετική σταθερά C , έτσι ώστε

$$\max g(x) = \max \{f(x) + C\}$$

Έστω, λοιπόν, ότι θέλουμε να μεγιστοποιήσουμε μια συνάρτηση k μεταβλητών, $f(x_1, \dots, x_k): \mathbb{R}^k \rightarrow \mathbb{R}$. Κάθε μεταβλητή x_i παίρνει τιμές στο διάστημα $D_i = [a_i, b_i] \subseteq \mathbb{R}$ και $f(x_1, \dots, x_k) > 0$, $\forall x_i \in D_i$, $i=1, \dots, k$. Επιθυμούμε να βελτιστοποιήσουμε την f με κάποια απαιτούμενη ακρίβεια q δεκαδικών ψηφίων για κάθε μεταβλητή.

Ένα από τα βασικά χαρακτηριστικά του γενετικού αλγορίθμου είναι η **γενετική αναπαράσταση** των υποψηφίων λύσεων, η οποία στο συγκεκριμένο πρόβλημα θα είναι η δυαδική. Για να επιτευχθεί η ζητούμενη ακρίβεια, θα πρέπει κάθε διάστημα τιμών $D_i = [a_i, b_i]$ να διαχωριστεί σε $(b_i - a_i) \times 10^q$ ίσα υποδιαστήματα. Έστω m_i ο μικρότερος ακέραιος για τον οποίο ισχύει $(b_i - a_i) \cdot 10^q \leq 2^{m_i} - 1$. Τότε, η αναπαράσταση των μεταβλητών σαν δυαδικές συμβολοσειρές μήκους m_i ικανοποιεί την απαίτηση για ακρίβεια q δεκαδικών ψηφίων. Η ακόλουθη σχέση μετατρέπει κάθε τέτοια δυαδική συμβολοσειρά `bin_str` στον αντίστοιχο πραγματικό αριθμό:

$$x_i = a_i + \text{decimal}(\text{bin_str}) \cdot \frac{b_i - a_i}{2^{m_i} - 1},$$

όπου `decimal(bin_str)` επιστρέφει την αντίστοιχη δεκαδική τιμή για το δυαδικό αριθμό που περιέχει η `bin_str`.

Κατ' αυτόν τον τρόπο, κάθε χρωμόσωμα αναπαρίσταται από μια δυαδική συμβολοσειρά μήκους $m = \sum_{i=1}^k m_i$. Τα πρώτα m_1 δυαδικά ψηφία κωδικοποιούν τη μεταβλητή x_1 , δηλαδή το διάστημα $[a_1, b_1]$, τα επόμενα m_2 κωδικοποιούν τη x_2 στο διάστημα $[a_2, b_2]$, κ.ο.κ.

Τα βασικά βήματα του απλού Γενετικού Αλγορίθμου, που επιλύει το παραπάνω πρόβλημα μεγιστοποίησης, είναι τα εξής:

1. Δημιουργία, με τυχαίο τρόπο, ενός αρχικού πληθυσμού δυνατών λύσεων (*Αρχικοποίηση - Initialization*).
2. Αξιολόγηση κάθε λύσης χρησιμοποιώντας τη συνάρτηση f σαν αντικειμενική συνάρτηση.
3. Επιλογή ενός νέου πληθυσμού με βάση την απόδοση κάθε μέλους (δυνατής λύσης) του προηγούμενου πληθυσμού (*Επιλογή - Selection*).
4. Εφαρμογή στον πληθυσμό που προκύπτει μετά τη διαδικασία της επιλογής των γενετικών τελεστών της διασταύρωσης (*Crossover*) και της μετάλλαξης (*Mutation*).
5. Με την ολοκλήρωση του προηγούμενου βήματος, έχει δημιουργηθεί η επόμενη γενιά, οπότε επιστρέφουμε στο βήμα 2.
6. Μετά από κάποιον αριθμό γενιών, και αφού καμιά βελτίωση δεν παρατηρείται πλέον, ο Γενετικός Αλγόριθμος τερματίζεται.

Το καλύτερο χρωμόσωμα αντιστοιχεί σε μια βέλτιστη λύση (πιθανώς καθολικά βέλτιστη). Στη συνέχεια θα περιγράψουμε πιο αναλυτικά τα βήματα του αλγορίθμου.

Αρχικοποίηση

Στη φάση της αρχικοποίησης δημιουργούμε έναν αρχικό πληθυσμό από δυνατές λύσεις. Αυτό γίνεται παράγοντας τυχαία ($pop_size \times m$) δυαδικά ψηφία., όπου pop_size είναι το μέγεθος του πληθυσμού που θα επεξεργαστεί ο Γ.Α. Το μέγεθος του πληθυσμού παραμένει σταθερό καθ' όλη τη διάρκεια λειτουργίας του Γ.Α.

Επιλογή

Για τη διαδικασία επιλογής ενός νέου πληθυσμού χρησιμοποιείται μια ρουλέτα με σχισμές (*slotted roulette wheel*). Η επιλογή γίνεται με βάση την απόδοση κάθε μέλους (ατόμου - δυνατής λύσης) του πληθυσμού, έτσι όσο καλύτερο είναι κάποιο μέλος τόσο μεγαλύτερη πιθανότητα έχει να επιλεγεί και να περάσει στην επόμενη γενεά. Τα διάφορα μέλη του πληθυσμού τοποθετούνται στη ρουλέτα ανάλογα με την απόδοσή τους (μέλη με μεγάλη απόδοση κατέχουν μεγαλύτερες σχισμές της ρουλέτας).

Η κατασκευή μιας τέτοιας ρουλέτας γίνεται ως εξής:

- Υπολογίζουμε την απόδοση $eval(v_i)$ κάθε μέλους v_i , $i=1, \dots, pop_size$ του πληθυσμού.
- Υπολογίζουμε τη συνολική απόδοση του πληθυσμού $F = \sum_{i=1}^{pop_size} eval(v_i)$.
- Υπολογίζουμε την πιθανότητα επιλογής p_i κάθε μέλους v_i , $i=1, \dots, pop_size$:
 $p_i = eval(v_i) / F$.
- Τέλος, υπολογίζουμε την αθροιστική (cumulative) πιθανότητα q_i κάθε μέλους v_i , $i=1, \dots, pop_size$: $q_i = \sum_{j=1}^i p_j$.

Για την επιλογή των μελών του νέου πληθυσμού εκτελούμε pop_size περιστροφές της ρουλέτας. Αυτό γίνεται ως εξής:

1. Επιλέγουμε τυχαία έναν πραγματικό αριθμό r μεταξύ 0 και 1.
2. Αν $r < q_1$, τότε επιλέγουμε το πρώτο χρωμόσωμα v_1 , διαφορετικά επιλέγουμε το v_i ($2 \leq i \leq pop_size$), έτσι ώστε $(q_{i-1} < r \leq q_i)$.

Προφανώς, με αυτή τη μέθοδο επιλογής είναι δυνατόν κάποια μέλη του πληθυσμού να επιλεγθούν περισσότερες από μία φορές, με αυτά που είχαν την καλύτερη απόδοση στην προηγούμενη γενιά να έχουν τις περισσότερες πιθανότητες γι' αυτό.

Διασταύρωση

Στη συνέχεια, εφαρμόζεται ο τελεστής της διασταύρωσης - ο οποίος στο συγκεκριμένο Γ.Α. είναι διασταύρωση ενός σημείου - στο νέο πληθυσμό. Θεωρούμε ότι η πιθανότητα

κάθε μέλος του πληθυσμού να επιλεγεί για διασταύρωση είναι p_c . Για κάθε μέλος του πληθυσμού κάνουμε τα εξής:

- Επιλέγουμε τυχαία έναν πραγματικό αριθμό r μεταξύ 0 και 1.
- Αν $r < p_c$, επιλέγουμε το τρέχον μέλος του πληθυσμού για διασταύρωση.

Μετά την επιλογή μελών του πληθυσμού για διασταύρωση (ο αναμενόμενος αριθμός αυτών των μελών είναι $p_c \times pop_size$), σχηματίζουμε ζευγάρια από μέλη και για κάθε ζευγάρι επιλέγεται τυχαία ένας ακέραιος αριθμός pos στο διάστημα $[1, m-1]$, όπου m είναι το μήκος σε δυαδικά ψηφία του (μοναδικού στην περίπτωσή μας) χρωμοσώματος κάθε μέλους. Ο αριθμός pos προσδιορίζει το σημείο διασταύρωσης. Τα επιλεγμένα ζευγάρια διασταυρώνονται και την θέση τους στον πληθυσμό την παίρνουν οι απόγονοί τους. Έτσι, η διασταύρωση των δυο παρακάτω ατόμων:

$$(b_1 b_2 \dots b_{pos} b_{pos+1} \dots b_m)$$

$$(c_1 c_2 \dots c_{pos} c_{pos+1} \dots c_m)$$

θα δώσει το ακόλουθο ζευγάρι απογόνων:

$$(b_1 b_2 \dots b_{pos} c_{pos+1} \dots c_m)$$

$$(c_1 c_2 \dots c_{pos} b_{pos+1} \dots b_m).$$

Απόγονοι οι οποίοι θα αντικαταστήσουν τους «γονείς» τους στον πληθυσμό.

Μετάλλαξη

Η μετάλλαξη επιλέγει με τυχαίο τρόπο γονίδια από τα χρωμοσώματα των μελών του πληθυσμού και μεταβάλλει την τιμή τους. Επειδή στο συγκεκριμένο Γ.Α. τα γονίδια παίρνουν μόνο δυαδικές τιμές ο τελεστής της μετάλλαξης απλώς τα αντιστρέφει. Έτσι στο Γ.Α. που παρουσιάζουμε η μετάλλαξη αντιμετωπίζει τον πληθυσμό των ατόμων σαν μια ακολουθία από δυαδικά ψηφία. Κάθε δυαδικό ψηφίο έχει την ίδια πιθανότητα να επιλεγεί προκειμένου να μεταλλαχθεί. Η πιθανότητα αυτή ισούται με την πιθανότητα μετάλλαξης p_m . Ο αναμενόμενος αριθμός των ανεστραμμένων ψηφίων μετά τη διαδικασία της μετάλλαξης θα είναι $(p_m \times m \times pop_size)$. Η διαδικασία έχει ως εξής:

Για κάθε χρωμόσωμα μέλους και κάθε γονίδιο μέσα στο χρωμόσωμα:

- Επιλέγουμε τυχαία έναν πραγματικό αριθμό r μεταξύ 0 και 1.
- Αν $r < p_m$, τότε μεταλλάζουμε το γονίδιο (αντιστρέφουμε το δυαδικό ψηφίο).

2.1 ΕΦΑΡΜΟΓΗ – ΜΕΓΙΣΤΟΠΟΙΗΣΗ ΣΥΝΑΡΤΗΣΗΣ

Στην ενότητα αυτή θα εφαρμόσουμε τον Γ.Α., που περιγράψαμε παραπάνω, για τη μεγιστοποίηση της συνάρτησης:

$$f(x_1, x_2) = 21.5 + x_1 \cdot \sin(4 \cdot \pi \cdot x_1) + x_2 \cdot \sin(20 \cdot \pi \cdot x_2),$$

με $-3.0 \leq x_1 \leq 12.1$ και $4.1 \leq x_2 \leq 5.8$.

Υποθέτουμε ότι το μέγεθος του πληθυσμού που θα επεξεργαστεί ο Γ.Α. είναι $pop_size=20$, και οι πιθανότητες διασταύρωσης και μετάλλαξης είναι $p_c=0.25$ και $p_m=0.01$ αντίστοιχα.

Εστω ότι η επιθυμητή ακρίβεια για κάθε μεταβλητή είναι τέσσερα δεκαδικά ψηφία. Το διάστημα τιμών της μεταβλητής x_1 έχει μήκος $15.1 (=12.1 - (-3.0))$, οπότε το διάστημα $[-3.0, 12.1]$ θα πρέπει να διαχωριστεί σε 15.1×10000 ίσα υποδιαστήματα. Αυτό σημαίνει ότι απαιτούνται 18 δυαδικά ψηφία για τη δυαδική αναπαράσταση της x_1 (και τα οποία θα αποτελούν το πρώτο τμήμα του χρωμοσώματος κάθε ατόμου), αφού:

$$2^{17} < 151000 \leq 2^{18}.$$

Με παρόμοιο τρόπο υπολογίζουμε ότι για τη δυαδική αναπαράσταση της x_2 απαιτούνται 15 δυαδικά ψηφία (Επαληθεύστε το). Επομένως, το συνολικό μήκος του μοναδικού χρωμοσώματος κάθε μέλους του πληθυσμού θα είναι $m = 18 + 15 = 33$ δυαδικά ψηφία.

Έστω λοιπόν το ακόλουθο άτομο:

$$(010001001011010000111110010100010)$$

Τα πρώτα 18 δυαδικά ψηφία (010001001011010000) αναπαριστούν το δεκαδικό αριθμό:

$$x_1 = -3.0 + 70352 \cdot \frac{15.1}{262143} = -3.0 + 4.05242 = 1.05242,$$

και τα επόμενα 15 δυαδικά ψηφία (111110010100010) τον αριθμό $x_2=5.75533$ (Επαληθεύστε το). Δηλαδή, το άτομο αυτό αντιστοιχεί στο ζεύγος $\langle x_1, x_2 \rangle = \langle 1.05242, 5.75533 \rangle$.

Η απόδοση αυτού του ατόμου είναι $f(1.05242, 5.75533) = 20.25264$ (Επαληθεύστε το).

Εδώ θα πρέπει να σημειώσουμε ότι μιας και τα άτομα που επεξεργάζεται ο Γ.Α. αποτελούνται από ένα μόνο χρωμόσωμα στη συνέχεια όταν αναφερόμαστε σε άτομα ή χρωμοσώματα θα εννοούμε το ίδιο πράγμα.

Αρχικοποίηση

Υποθέτουμε ότι μετά την αρχικοποίηση προκύπτει ο ακόλουθος πληθυσμός:

- $v_1 = (100110100000001111111010011011111)$
- $v_2 = (111000100100110111001010100011010)$
- $v_3 = (000010000011001000001010111011101)$
- $v_4 = (100011000101101001111000001110010)$
- $v_5 = (000111011001010011010111111000101)$
- $v_6 = (000101000010010101001010111111011)$
- $v_7 = (001000100000110101111011011111011)$
- $v_8 = (100001100001110100010110101100111)$
- $v_9 = (01000000101100010110000001111100)$
- $v_{10} = (000001111000110000011010000111011)$
- $v_{11} = (011001111110110101100001101111000)$
- $v_{12} = (110100010111101101000101010000000)$
- $v_{13} = (111011111010001000110000001000110)$
- $v_{14} = (010010011000001010100111100101001)$
- $v_{15} = (111011101101110000100011111011110)$
- $v_{16} = (110011110000011111100001101001011)$
- $v_{17} = (011010111111001111010001101111101)$
- $v_{18} = (011101000000001110100111110101101)$
- $v_{19} = (000101010011111111110000110001100)$
- $v_{20} = (101110010110011110011000101111110)$

Επιλογή

Αρχικά αποκωδικοποιούμε κάθε χρωμόσωμα και υπολογίζουμε την απόδοσή του. Έτσι έχουμε:

$\text{eval}(v_1)$	$= f(6.084492, 5.652242)$	$= 26.019600$
$\text{eval}(v_2)$	$= f(10.348434, 4.380264)$	$= 7.580015$
$\text{eval}(v_3)$	$= f(-2.516603, 4.390381)$	$= 19.526329$
$\text{eval}(v_4)$	$= f(5.278638, 5.593460)$	$= 17.406725$
$\text{eval}(v_5)$	$= f(-1.255173, 4.734458)$	$= 25.341160$
$\text{eval}(v_6)$	$= f(-1.811725, 4.391937)$	$= 18.100417$
$\text{eval}(v_7)$	$= f(-0.991471, 5.680258)$	$= 16.020812$
$\text{eval}(v_8)$	$= f(4.910618, 4.703018)$	$= 17.959701$
$\text{eval}(v_9)$	$= f(0.795406, 5.381472)$	$= 16.127799$
$\text{eval}(v_{10})$	$= f(-2.554851, 4.793707)$	$= 21.278435$
$\text{eval}(v_{11})$	$= f(3.130078, 4.996097)$	$= 23.410669$
$\text{eval}(v_{12})$	$= f(9.356179, 4.239457)$	$= 15.011619$
$\text{eval}(v_{13})$	$= f(11.134646, 5.378671)$	$= 27.316702$
$\text{eval}(v_{14})$	$= f(1.335944, 5.151378)$	$= 19.876294$
$\text{eval}(v_{15})$	$= f(11.089025, 5.054515)$	$= 30.060205$
$\text{eval}(v_{16})$	$= f(9.211598, 4.993762)$	$= 23.867227$
$\text{eval}(v_{17})$	$= f(3.367514, 4.571343)$	$= 13.696165$
$\text{eval}(v_{18})$	$= f(3.843020, 5.158226)$	$= 15.414128$
$\text{eval}(v_{19})$	$= f(-1.746635, 5.395584)$	$= 20.095903$
$\text{eval}(v_{20})$	$= f(7.935998, 4.757338)$	$= 13.666916$

Είναι εμφανές ότι το άτομο v_{15} είναι αυτό με την καλύτερη απόδοση και το άτομο v_2 με τη χειρότερη απόδοση στον αρχικό πληθυσμό.

Στην συνέχεια κατασκευάζουμε μια ρουλέτα (roulette wheel). Η συνολική απόδοση (fitness) του πληθυσμού είναι:

$$F = \sum_{i=1}^{20} eval(v_i) = 387.776822$$

Η πιθανότητα επιλογής p_i κάθε μέλους το πληθυσμού v_i , $i=1, \dots, 20$, είναι:

$p_1 = eval(v_1)/F = 0.067099$	$p_{11} = eval(v_{11})/F = 0.060372$
$p_2 = eval(v_2)/F = 0.019547$	$p_{12} = eval(v_{12})/F = 0.038712$
$p_3 = eval(v_3)/F = 0.050355$	$p_{13} = eval(v_{13})/F = 0.070444$
$p_4 = eval(v_4)/F = 0.044889$	$p_{14} = eval(v_{14})/F = 0.051257$
$p_5 = eval(v_5)/F = 0.065350$	$p_{15} = eval(v_{15})/F = 0.077519$
$p_6 = eval(v_6)/F = 0.046677$	$p_{16} = eval(v_{16})/F = 0.061549$
$p_7 = eval(v_7)/F = 0.041315$	$p_{17} = eval(v_{17})/F = 0.035320$
$p_8 = eval(v_8)/F = 0.046315$	$p_{18} = eval(v_{18})/F = 0.039750$
$p_9 = eval(v_9)/F = 0.041590$	$p_{19} = eval(v_{19})/F = 0.051823$
$p_{10} = eval(v_{10})/F = 0.054873$	$p_{20} = eval(v_{20})/F = 0.035244$

Οι αθροιστικές πιθανότητες (cumulative probabilities) q_i για κάθε άτομο v_i , $i=1, \dots, 20$ του πληθυσμού είναι:

$q_1 = 0.067099$	$q_6 = 0.293917$	$q_{11} = 0.538381$	$q_{16} = 0.837863$
$q_2 = 0.086647$	$q_7 = 0.335232$	$q_{12} = 0.577093$	$q_{17} = 0.873182$
$q_3 = 0.137001$	$q_8 = 0.381546$	$q_{13} = 0.647537$	$q_{18} = 0.912932$
$q_4 = 0.181890$	$q_9 = 0.423137$	$q_{14} = 0.698794$	$q_{19} = 0.964756$
$q_5 = 0.247240$	$q_{10} = 0.478009$	$q_{15} = 0.776314$	$q_{20} = 1.000000$

Τώρα είμαστε έτοιμοι να περιστρέψουμε τη ρουλέτα 20 φορές; σε κάθε περιστροφή επιλέγουμε και ένα άτομο για το νέο πληθυσμό. Υποθέτουμε ότι έχουμε παράγει την εξής ακολουθία 20 τυχαίων αριθμών στο διάστημα $[0, 1]$:

0.513870	0.175741	0.308652	0.534534	0.947628
0.171736	0.702231	0.226431	0.494773	0.424720
0.703899	0.389647	0.277226	0.368071	0.983437

0.005398 0.765682 0.646473 0.767139 0.780237

Ο πρώτος αριθμός $r = 0.513870$ είναι μεγαλύτερος του q_{10} και μικρότερος του q_{11} , γεγονός που σημαίνει ότι το άτομο v_{11} επιλέγεται για να «περάσει» στο νέο πληθυσμό. Ο δεύτερος αριθμός $r = 0.175741$ είναι μεγαλύτερος του q_3 και μικρότερος του q_4 , οπότε το άτομο v_4 επιλέγεται για το νέο πληθυσμό. Συνεχίζοντας με τον ίδιο τρόπο κατασκευάζουμε το νέο πληθυσμό:

v_1^*	=	(011001111110110101100001101111000)	(v_{11})
v_2^*	=	(100011000101101001111000001110010)	(v_4)
v_3^*	=	(001000100000110101111011011111011)	(v_7)
v_4^*	=	(011001111110110101100001101111000)	(v_{11})
v_5^*	=	(000101010011111111110000110001100)	(v_{19})
v_6^*	=	(100011000101101001111000001110010)	(v_4)
v_7^*	=	(111011101101110000100011111011110)	(v_{15})
v_8^*	=	(000111011001010011010111111000101)	(v_5)
v_9^*	=	(011001111110110101100001101111000)	(v_{11})
v_{10}^*	=	(000010000011001000001010111011101)	(v_3)
v_{11}^*	=	(111011101101110000100011111011110)	(v_{15})
v_{12}^*	=	(010000000101100010110000001111100)	(v_9)
v_{13}^*	=	(000101000010010101001010111111011)	(v_6)
v_{14}^*	=	(100001100001110100010110101100111)	(v_8)
v_{15}^*	=	(101110010110011110011000101111110)	(v_{20})
v_{16}^*	=	(100110100000001111111010011011111)	(v_1)
v_{17}^*	=	(000001111000110000011010000111011)	(v_{10})
v_{18}^*	=	(111011111010001000110000001000110)	(v_{13})
v_{19}^*	=	(111011101101110000100011111011110)	(v_{15})
v_{20}^*	=	(110011110000011111100001101001011)	(v_{16})

Διασταύρωση

Στο νέο πληθυσμό που έχει προκύψει εφαρμόζουμε τον τελεστή της διασταύρωσης. Έχουμε αρχικά υποθέσει ότι η πιθανότητα διασταύρωσης είναι $p_c=0.25$, οπότε περιμένουμε ότι κατά μέσο όρο το 25% των μελών του πληθυσμού μας θα επιλεγούν για τη διαδικασία της διασταύρωσης. Για το συγκεκριμένο μέγεθος πληθυσμού (20) περιμένουμε να επιλεγούν κατά μέσο όρο 5 άτομα. Έτσι, για κάθε μέλος του πληθυσμού διαλέγουμε έναν τυχαίο πραγματικό αριθμό r στο διάστημα $[0,1]$. Αν $r<0.25$ τότε επιλέγουμε το συγκεκριμένο άτομο. Ας υποθέσουμε, λοιπόν, ότι παράχθηκε η παρακάτω ακολουθία τυχαίων αριθμών:

0.822951	0.151932	0.625477	0.314685	0.346901
0.911720	0.519760	0.401154	0.606758	0.785402
0.031523	0.869921	0.166525	0.674520	0.758400
0.581893	0.389248	0.200232	0.355635	0.826927

Άρα τα άτομα v_2^* , v_{11}^* , v_{13}^* και v_{18}^* επιλέγονται για διασταύρωση. Στο σημείο αυτό σταθήκαμε τυχεροί μιας και ο αριθμός των ατόμων που επιλέχθηκαν είναι άρτιος, οπότε το ζευγάρι τους είναι εύκολο. Αν ο αριθμός τους ήταν περιττός θα έπρεπε, είτε να επιλέξουμε (τυχαία πάντα) ένα άτομο ακόμα από τον πληθυσμό, είτε να απορρίψουμε κάποιο από τα ήδη επιλεγμένα. Στη συνέχεια ζευγαρώνουμε τα επιλεγμένα άτομα τυχαία; έστω λοιπόν ότι ζευγαρώνουν το v_2^* με το v_{11}^* και το v_{13}^* με το v_{18}^* . Για καθένα από τα δύο ζευγάρια παράγουμε τυχαία έναν ακέραιο αριθμό pos στο διάστημα $[1, 32]$ (το συνολικό μήκος, δηλαδή ο συνολικός αριθμός bits, κάθε χρωματοσώματος είναι 33). Ο αριθμός pos καθορίζει το σημείο διασταύρωσης (crossing point) του χρωματοσώματος. Έστω λοιπόν ότι για το πρώτο ζευγάρι (v_2^* , v_{11}^*) επιλέχθηκε σημείο διασταύρωσης $pos = 9$:

$$v_2^* = (100011000 \mid 101101001111000001110010)$$

$$v_{11}^* = (111011101 \mid 101110000100011111011110)$$

Αυτά τα χρωμοσώματα θα «κοπούν» μετά το 9^ο bit και θα αντικατασταθούν από το ακόλουθο ζεύγος απογόνων:

$$v_2^{**} = (100011000 \mid 101110000100011111011110)$$

$$v_{11}^{**} = (111011101 \mid 101101001111000001110010)$$

Έστω τώρα ότι για το δεύτερο ζευγάρι (v_{13}^* , v_{18}^*) επιλέχθηκε σημείο διασταύρωσης, $\rho_{os} = 20$:

$$v_{13}^* = (00010100001001010100 \mid 1010111111011)$$

$$v_{18}^* = (11101111101000100011 \mid 0000001000110)$$

Αυτά τα χρωμοσώματα θα «κοπούν» μετά το 20^ο bit και θα αντικατασταθούν από το ακόλουθο ζεύγος απογόνων:

$$v_{13}^{**} = (00010100001001010100 \mid 0000001000110)$$

$$v_{18}^{**} = (11101111101000100011 \mid 1010111111011)$$

Οπότε, η τρέχουσα μορφή του πληθυσμού θα είναι ως εξής:

$$\begin{aligned} v_1^* &= (011001111110110101100001101111000) \\ v_2^{**} &= (100011000101110000100011111011110) \\ v_3^* &= (00100010000011010111101101111011) \\ v_4^* &= (011001111110110101100001101111000) \\ v_5^* &= (000101010011111111110000110001100) \\ v_6^* &= (100011000101101001111000001110010) \\ v_7^* &= (111011101101110000100011111011110) \\ v_8^* &= (000111011001010011010111111000101) \\ v_9^* &= (011001111110110101100001101111000) \\ v_{10}^* &= (000010000011001000001010111011101) \\ v_{11}^{**} &= (111011101101101001111000001110010) \\ v_{12}^* &= (010000000101100010110000001111100) \\ v_{13}^{**} &= (000101000010010101000000001000110) \\ v_{14}^* &= (100001100001110100010110101100111) \\ v_{15}^* &= (101110010110011110011000101111110) \\ v_{16}^* &= (100110100000001111111010011011111) \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
v_{17}^* &= (0000011111000110000011010000111011) \\
v_{18}^{**} &= (111011111010001000111010111111011) \\
v_{19}^* &= (111011101101110000100011111011110) \\
v_{20}^* &= (110011110000011111100001101001011)
\end{aligned}$$

Μετάλλαξη

Η μετάλλαξη πραγματοποιείται bit-by-bit. Δηλαδή ο τελεστής της μετάλλαξης αντιμετωπίζει ολόκληρο τον πληθυσμό σαν ένα συρμό από δυαδικά ψηφία όπου κάθε ψηφίο έχει την ίδια πιθανότητα να μεταλλαχθεί. Έτσι με δεδομένο ότι η πιθανότητα μετάλλαξης είναι $p_m = 0.01$ αναμένουμε ότι κατά μέσο όρο το 1% όλων των binary bits του πληθυσμού θα αντιστραφούν. Ο πληθυσμός μας αποτελείται από $m \times pop_size = 33 \times 20 = 660$ δυαδικά ψηφία, άρα αναμένουμε κατά μέσο όρο 6.6 μεταλλάξεις σε κάθε γενιά. Για κάθε δυαδικό ψηφίο, παράγουμε έναν τυχαίο πραγματικό αριθμό r στο διάστημα $[0,1]$. Εάν $r < 0.01$, τότε αντιστρέφουμε το δυαδικό ψηφίο.

Έτσι πρέπει να παράγουμε συνολικά 660 τυχαίους αριθμούς στο διάστημα $[0, 1]$. Σε ένα δοκιμαστικό τρέξιμο παράχθηκαν 5 αριθμοί μικρότεροι από 0.01. Οι αριθμοί αυτοί, οι θέσεις στον πληθυσμό των δυαδικών ψηφίων που επιλέχθηκαν, ο αριθμός του ατόμου που αντιστοιχούν, καθώς και η θέση τους στα αντίστοιχα άτομα φαίνονται στον παρακάτω πίνακα:

<i>Τυχαίος Αριθμός</i>	<i>Θέση Ψηφίου στον Πληθυσμό</i>	<i>Αριθμός ατόμου (χρωμοσώματος)</i>	<i>Θέση Ψηφίου στο Χρωμόσωμα</i>
0.000213	112	4	13
0.009945	349	11	19
0.008809	418	13	22
0.005425	429	13	33
0.002836	602	19	8

Αυτό σημαίνει ότι τέσσερα άτομα του πληθυσμού θα υποστούν μετάλλαξη - στο 13^ο άτομο μεταλλάσσονται δύο ψηφία. Οπότε ο πληθυσμός που προκύπτει μετά και τη διαδικασία της μετάλλαξης είναι ο ακόλουθος (τα ψηφία που έχουν μεταλλαχθεί είναι bold):

$v_1 = (011001111110110101100001101111000)$
 $v_2 = (100011000101110000100011111011110)$
 $v_3 = (001000100000110101111011011111011)$
 $v_4 = (011001111110**0**10101100001101111000)$
 $v_5 = (000101010011111111110000110001100)$
 $v_6 = (100011000101101001111000001110010)$
 $v_7 = (111011101101110000100011111011110)$
 $v_8 = (000111011001010011010111111000101)$
 $v_9 = (011001111110110101100001101111000)$
 $v_{10} = (000010000011001000001010111011101)$
 $v_{11} = (111011101101101001**0**11000001110010)$
 $v_{12} = (010000000101100010110000001111100)$
 $v_{13} = (000101000010010101000**1**000010001**11**)$
 $v_{14} = (100001100001110100010110101100111)$
 $v_{15} = (101110010110011110011000101111110)$
 $v_{16} = (100110100000001111111010011011111)$
 $v_{17} = (000001111000110000011010000111011)$
 $v_{18} = (111011111010001000111010111111011)$
 $v_{19} = (11101110**0**101110000100011111011110)$
 $v_{20} = (110011110000011111100001101001011)$

Μόλις τελειώσαμε, λοιπόν, την πρώτη γενεά του Γ.Α. Είναι ενδιαφέρον να δούμε την απόδοση των μελών του πληθυσμού που προέκυψε στο τέλος αυτής της πρώτης γενεάς.

$\text{eval}(v_1)$	$= f(3.130078, 4.996097)$	$= 23.410669$
$\text{eval}(v_2)$	$= f(5.279042, 5.054515)$	$= 18.201083$
$\text{eval}(v_3)$	$= f(-0.991471, 5.680258)$	$= 16.020812$
$\text{eval}(v_4)$	$= f(3.128235, 4.996097)$	$= 23.412613$
$\text{eval}(v_5)$	$= f(-1.746635, 5.395584)$	$= 20.095903$
$\text{eval}(v_6)$	$= f(5.278638, 5.593460)$	$= 17.406725$
$\text{eval}(v_7)$	$= f(11.089025, 5.054515)$	$= 30.060205$
$\text{eval}(v_8)$	$= f(-1.255173, 4.734458)$	$= 25.341160$
$\text{eval}(v_9)$	$= f(3.130078, 4.996097)$	$= 23.410669$
$\text{eval}(v_{10})$	$= f(-2.516603, 4.390381)$	$= 19.526329$
$\text{eval}(v_{11})$	$= f(11.088621, 4.743434)$	$= 33.351874$
$\text{eval}(v_{12})$	$= f(0.795406, 5.381472)$	$= 16.127799$
$\text{eval}(v_{13})$	$= f(-1.811725, 4.209937)$	$= 22.692462$
$\text{eval}(v_{14})$	$= f(4.910618, 4.703018)$	$= 17.959701$
$\text{eval}(v_{15})$	$= f(7.935998, 4.757338)$	$= 13.666916$
$\text{eval}(v_{16})$	$= f(6.084492, 5.652242)$	$= 26.019600$
$\text{eval}(v_{17})$	$= f(-2.554851, 4.793707)$	$= 21.278435$
$\text{eval}(v_{18})$	$= f(11.134646, 5.666976)$	$= 27.591064$
$\text{eval}(v_{19})$	$= f(11.059532, 5.054515)$	$= 27.608441$
$\text{eval}(v_{20})$	$= f(9.211598, 4.993762)$	$= 23.867227$

Παρατηρούμε ότι η συνολική απόδοση F του νέου πληθυσμού είναι 447.049688, πολύ μεγαλύτερη από τη συνολική απόδοση του αρχικού πληθυσμού που ήταν 387.776822. Επίσης, το χρωμόσωμα (v_{11}) με την καλύτερη απόδοση (33.351874) στον τρέχοντα πληθυσμό, έχει υψηλότερη απόδοση από το χρωμόσωμα (v_{15}) με την καλύτερη απόδοση (30.060205) στον αρχικό πληθυσμό.

Ο Γ.Α. συνεχίζει με τη φάση της επιλογής και τα διάφορα βήματα (επιλογή-διασταύρωση-μετάλλαξη) επαναλαμβάνονται κυκλικά έως ότου ικανοποιηθεί το κριτήριο τερματισμού του αλγορίθμου. Συνήθως, το κριτήριο τερματισμού ενός Γ.Α. είναι είτε ένας συγκεκριμένος (μέγιστος) αριθμός γενεών, είτε ένα συγκεκριμένο ποσοστό

βελτίωσης του καλύτερου ατόμου ή του συνολικού πληθυσμού σε σχέση με κάποιον αριθμό προηγούμενων γενεών. Έτσι στο συγκεκριμένο Γ.Α. αν θεωρήσουμε ως συνθήκη τερματισμού τις 1000 γενέες ο τελικός πληθυσμός (ο πληθυσμός στο τέλος της 1000στης γενεάς) θα έχει ως εξής:

$v_1 = (111011110110011011100101010111011)$
 $v_2 = (111001100110000100010101010111000)$
 $v_3 = (111011110111011011100101010111011)$
 $v_4 = (111001100010000110000101010111001)$
 $v_5 = (111011110111011011100101010111011)$
 $v_6 = (111001100110000100000100010100001)$
 $v_7 = (110101100010010010001100010110000)$
 $v_8 = (111101100010001010001101010010001)$
 $v_9 = (111001100010010010001100010110001)$
 $v_{10} = (111011110111011011100101010111011)$
 $v_{11} = (110101100000010010001100010110000)$
 $v_{12} = (110101100010010010001100010110001)$
 $v_{13} = (111011110111011011100101010111011)$
 $v_{14} = (111001100110000100000101010111011)$
 $v_{15} = (11100110101010111001010100110110001)$
 $v_{16} = (111001100110000101000100010100001)$
 $v_{17} = (111001100110000100000101010111011)$
 $v_{18} = (111001100110000100000101010111001)$
 $v_{19} = (111101100010001010001110000010001)$
 $v_{20} = (111001100110000100000101010111001)$

Οι αντίστοιχες αποδόσεις είναι:

$eval(v_1) = f(11.120940, 5.092514) = 30.298543$
 $eval(v_2) = f(10.588756, 4.667358) = 26.869724$

eval(v ₃)	=	$f(11.124627, 5.092514)$	=	30.316575
eval(v ₄)	=	$f(10.574125, 4.242410)$	=	31.933120
eval(v ₅)	=	$f(11.124627, 5.092514)$	=	30.316575
eval(v ₆)	=	$f(10.588756, 4.214603)$	=	34.356125
eval(v ₇)	=	$f(9.631066, 4.427881)$	=	35.458636
eval(v ₈)	=	$f(11.518106, 4.452835)$	=	23.309078
eval(v ₉)	=	$f(10.574816, 4.427933)$	=	34.393820
eval(v ₁₀)	=	$f(11.124627, 5.092514)$	=	30.316575
eval(v ₁₁)	=	$f(9.623693, 4.427881)$	=	35.477938
eval(v ₁₂)	=	$f(9.631066, 4.427933)$	=	35.456066
eval(v ₁₃)	=	$f(11.124627, 5.092514)$	=	30.316575
eval(v ₁₄)	=	$f(10.588756, 4.242514)$	=	32.932098
eval(v ₁₅)	=	$f(10.606555, 4.653714)$	=	30.746768
eval(v ₁₆)	=	$f(10.588814, 4.214603)$	=	34.359545
eval(v ₁₇)	=	$f(10.588756, 4.242514)$	=	32.932098
eval(v ₁₈)	=	$f(10.588756, 4.242410)$	=	32.956664
eval(v ₁₉)	=	$f(11.518106, 4.472757)$	=	19.669670
eval(v ₂₀)	=	$f(10.588756, 4.242410)$	=	32.956664

Η συνολική απόδοση F του τελικού πληθυσμού είναι 625.372857 πολύ υψηλότερη από την απόδοση του πληθυσμού στο τέλος της πρώτης γενεάς (447.049688). Η απόδοση του καλύτερου μέλους του τελικού πληθυσμού είναι 35.477938.

Ασκήσεις

Απαντώντας στις παρακάτω ασκήσεις θα είστε σε θέση να γνωρίζετε αν έχετε εμπεδώσει τις έννοιες που παρουσιάστηκαν στην ενότητα 2. Στόχος αυτών των ασκήσεων είναι η εξοικείωση με την εφαρμογή των Γ.Α. σε προβλήματα βελτιστοποίησης.

Άσκηση αυτοαξιολόγησης 2.1 (Επίπεδο Δυσκολίας 1)

Η τιμή της ακέραιας παραμέτρου ρ , ορίζει το σημείο διασταύρωσης σε ένα χρωμόσωμα. Πως επιλέγεται αυτή η τιμή;

Άσκηση αυτοαξιολόγησης 2.2 (Επίπεδο Δυσκολίας 1)

Για ένα πληθυσμό με μέγεθος 100 και μήκος χρωμοσώματος 50 ποίος είναι αναμενόμενος αριθμός των ψηφίων που θα μεταλλαχθούν αν η πιθανότητα μετάλλαξης παίρνει τις τιμές 0.001, 0.01 και 0.1;

Άσκηση αυτοαξιολόγησης 2.3 (Επίπεδο Δυσκολίας 1)

Αν στο παράδειγμα που αναλύσαμε η επιθυμητή ακρίβεια ήταν 2 δεκαδικά ψηφία, να υπολογίσετε το συνολικό αριθμό δυαδικών ψηφίων, που θα έχει το χρωμόσωμα.

Άσκηση αυτοαξιολόγησης 2.4 (Επίπεδο Δυσκολίας 1)

Αν η πιθανότητα διασταύρωσης είναι 0.2 και το μέγεθος του πληθυσμού είναι 100, ποιος είναι ο αναμενόμενος αριθμός ατόμων που θα επιλεγούν για διασταύρωση; Τι πρέπει να κάνουμε αν αυτός ο αριθμός είναι περιττός.

Άσκηση αυτοαξιολόγησης 2.5 (Επίπεδο Δυσκολίας 1)

Αν κατά το τρέξιμο του αλγορίθμου, σε κάποια γενιά τα καλύτερα άτομα που θα προκύψουν δίνουν χειρότερες τιμές για την αντικειμενική συνάρτηση, σε σχέση με τις προηγούμενες, πρέπει να διακοπεί η εκτέλεση του αλγορίθμου;

Άσκηση αυτοαξιολόγησης 2.6 (Επίπεδο Δυσκολίας 1)

Όταν τελειώσει η εκτέλεση του αλγορίθμου (αφού ικανοποιηθεί η συνθήκη τερματισμού), πως θα εξασφαλίσουμε ότι το καλύτερο χρωμόσωμα της τελευταίας γενιάς είναι το καλύτερο όλου του πληθυσμού;

Απαντήσεις

Απάντηση (Άσκηση αυτοαξιολόγησης 2.1):

Το ποσοστό επιλέγεται τυχαία με ομοιόμορφη κατανομή στο διάστημα $[1, l-1]$ όπου l είναι το μήκος του χρωμοσώματος.

Απάντηση (Άσκηση αυτοαξιολόγησης 2.2):

Ο αναμενόμενος αριθμός ψηφίων που θα υποστούν μετάλλαξη υπολογίζεται από τη σχέση: *Μέγεθος πληθυσμού x μέγεθος χρωμοσώματος x πιθανότητα*. Άρα ο αναμενόμενος αριθμός μεταλλάξεων θα είναι αντίστοιχα:

$$100 \times 50 \times 0.001 = 5.0$$

$$100 \times 50 \times 0.01 = 50.0$$

$$100 \times 50 \times 0.1 = 500$$

Απάντηση (Άσκηση αυτοαξιολόγησης 2.3):

Για την πρώτη μεταβλητή έχουμε: $2^9 < 1510 < 2^{10}$, άρα $m_1 = 10$ και $2^6 < 170 < 2^7$, άρα $m_2 = 7$.

Τελικά το μήκος της συμβολοσειράς θα είναι $m = m_1 + m_2 = 10 + 7 = 17$.

Απάντηση (Άσκηση αυτοαξιολόγησης 2.4):

Ο αναμενόμενος αριθμός ατόμων που θα υποστούν διασταύρωση είναι $100 \times 0.2 = 20$. Αν ο αριθμός είναι περιττός, τότε είτε ένα άτομο δεν θα χρησιμοποιηθεί στη διαδικασία της διασταύρωσης ή θα επιλεγεί τυχαία επιπλέον ένα από τον πληθυσμό.

Απάντηση (Άσκηση αυτοαξιολόγησης 2.5):

Δεν πρέπει να διακόψουμε την εκτέλεση του αλγορίθμου, γιατί στην επόμενη γενιά ή τις επόμενες γενιές, είναι πολύ πιθανό να προκύψουν καλύτερα άτομα.

Απάντηση (Άσκηση αυτοαξιολόγησης 2.6):

Στον απλό Γενετικό Αλγόριθμο που περιγράψαμε αυτό δεν είναι δυνατόν. Μια τροποποίηση που μπορεί να γίνει είναι να αποθηκεύουμε το ‘μέχρι τώρα καλύτερο’ άτομο σε μια ξεχωριστή θέση συνήθως έξω από τον πληθυσμό. Έτσι στο τέλος θα είμαστε σε θέση να γνωρίζουμε την καλύτερη τιμή που βρέθηκε κατά τη διάρκεια όλης της διαδικασίας.

3. ΘΕΩΡΗΤΙΚΗ ΑΝΑΛΥΣΗ ΤΩΝ ΓΕΝΕΤΙΚΩΝ ΑΛΓΟΡΙΘΜΩΝ

Η θεωρητική θεμελίωση των Γ.Α. βασίζεται στην αναπαράσταση των δυνατών λύσεων σαν δυαδικές συμβολοσειρές, καθώς και στην έννοια του *σχήματος (schema)* - μιας φόρμας (template) που επιτρέπει τον προσδιορισμό της ομοιότητας μεταξύ των χρωμοσωμάτων. Ένα σχήμα κατασκευάζεται εισάγοντας το λεγόμενο *αδιάφορο σύμβολο (don't care symbol) ** στο αλφάβητο $\Sigma (= \{0,1\})$ των γονιδίων. Ένα σχήμα αναπαριστά όλες τις συμβολοσειρές (ένα υπερεπίπεδο ή άλλο υποσύνολο του χώρου αναζήτησης), οι οποίες ταιριάζουν σε όλες τις θέσεις εκτός από αυτές με το αδιάφορο σύμβολο ***.

Ας θεωρήσουμε, για παράδειγμα, τις συμβολοσειρές και τα σχήματα μήκους 10. Στο σχήμα (*111100100) ταιριάζουν οι δύο συμβολοσειρές:

$$\{0111100100, 1111100100\}$$

ενώ στο σχήμα (*1*1100100) ταιριάζουν οι τέσσερις συμβολοσειρές:

$$\{0101100100, 0111100100, 1101100100, 1111100100\}$$

Φυσικά το σχήμα (1001110001) αναπαριστά μία μόνο συμβολοσειρά, την (1001110001) ενώ το σχήμα (******) αναπαριστά όλες τις συμβολοσειρές μήκους 10. Είναι προφανές ότι κάθε σχήμα αναπαριστά 2^r συμβολοσειρές, όπου r είναι ο αριθμός των αδιάφορων συμβόλων *** στο σχήμα (Γιατί;). Από την άλλη πλευρά, κάθε συμβολοσειρά μήκους m ταιριάζει σε 2^m διαφορετικά σχήματα (Γιατί;). Για παράδειγμα, ας θεωρήσουμε τη συμβολοσειρά (1001110001). Η συμβολοσειρά αυτή ταιριάζει στα ακόλουθα 2^{10} σχήματα:

(1001110001)
(*001110001)
(1*01110001)
(10*1110001)

• • •
(100111000*)
(**01110001)
(*0*1110001)
(10**110001)
• • •
(10011100**)
(***1110001)
• • •
(*****))

Διαφορετικά σχήματα έχουν και διαφορετικά χαρακτηριστικά. Θα πρέπει να έχει ήδη γίνει σαφές ότι ο αριθμός των αδιάφορων συμβόλων * σε ένα σχήμα καθορίζει τον αριθμό των συμβολοσειρών που ταιριάζουν σε αυτό το σχήμα. Υπάρχουν δύο σημαντικά μεγέθη που χαρακτηρίζουν τα σχήματα: η τάξη (*order*) και το ορίζων μήκος (*defining length*). Το Αποτέλεσμα των Σχημάτων (*Schema Result*) θα διατυπωθεί με βάση τα μεγέθη αυτά.

Η τάξη ενός σχήματος S , η οποία συμβολίζεται $o(S)$, είναι ο αριθμός των σταθερών θέσεων του σχήματος, δηλαδή των θέσεων που δεν περιέχουν το αδιάφορο σύμβολο * -

θέσεις με 0 ή 1. Με άλλα λόγια, είναι το μήκος του σχήματος μείον τον αριθμό των αδιάφορων συμβόλων *. Η τάξη προσδιορίζει την ειδικότητα (specialty) ενός σχήματος, δηλαδή το πόσο ειδικό είναι το συγκεκριμένο σχήμα. Για παράδειγμα, τα ακόλουθα τρία σχήματα, όλα μήκους 10,

$$S_1=(***001*110),$$

$$S_2=(****00**0*),$$

$$S_3=(11101**001),$$

έχουν τις ακόλουθες τάξεις:

$$o(S_1)=6, o(S_2)=3 \text{ και } o(S_3)=8,$$

και το σχήμα S_3 είναι το πιο συγκεκριμένο (ειδικό-special) ή, με άλλα λόγια, το λιγότερο γενικό, αφού αναπαριστά μόνο τέσσερις συμβολοσειρές, σε αντίθεση με τα S_1 και S_2 που αναπαριστούν 16 και 128 συμβολοσειρές αντίστοιχα. Η έννοια της τάξης ενός σχήματος είναι χρήσιμη στον υπολογισμό της πιθανότητας επιβίωσης του σχήματος κατά τη διαδικασία της μετάλλαξης.

Το *ορίζων μήκος* ενός σχήματος S (συμβολίζεται $\delta(S)$) είναι η απόσταση μεταξύ της πρώτης και της τελευταίας σταθερής θέσης. Προσδιορίζει την πυκνότητα (compactness) της πληροφορίας που περιέχεται στο σχήμα. Έτσι για τα προηγούμενα σχήματα έχουμε:

$$\delta(S_1)=10-4=6, \delta(S_2)=9-5=4 \text{ και } \delta(S_3)=10-1=9.$$

Ένα σχήμα με μια μοναδική σταθερή θέση έχει ορίζων μήκος μηδέν. Η έννοια του ορίζοντος μήκους ενός σχήματος είναι χρήσιμη στον υπολογισμό της πιθανότητας επιβίωσης του σχήματος κατά τη διαδικασία της διασταύρωσης.

Ως γνωστόν η διαδικασία εξέλιξης ενός Γ.Α. αποτελείται από τέσσερα επαναλαμβανόμενα βήματα:

- 1) $t \leftarrow t+1$
- 2) επέλεξε νέο (προσωρινό) πληθυσμό $P(t)$ από τον $P(t-1)$
- 3) ανασυνδύασε τον $P(t)$
- 4) εκτίμησε τον $P(t)$

Το πρώτο βήμα ($t \leftarrow t+1$) απλά αυξάνει το "ρολόι" της διαδικασίας κατά ένα (δηλαδή η διαδικασία προχωρά στην επόμενη γενιά). Στο τελευταίο βήμα (εκτίμησε τον $P(t)$) γίνεται η εκτίμηση του τρέχοντος πληθυσμού. Τα σημαντικότερα βήματα της εξελικτικής διαδικασίας είναι τα υπόλοιπα δύο: επιλογή και ανασυνδυασμός. Ακολουθεί μια συζήτηση σχετικά με τις επιδράσεις των δύο αυτών βημάτων στον αριθμό και το είδος των σχημάτων που περιέχονται στον πληθυσμό. Η συζήτηση θα γίνει με βάση ένα παράδειγμα.

Ας υποθέσουμε ότι ο πληθυσμός έχει μέγεθος $\text{pop_size} = 20$ και ότι το μήκος της συμβολοσειράς (επομένως και το μήκος του σχήματος) είναι $m = 33$ (όπως και στο παράδειγμα του προηγούμενου κεφαλαίου). Ακόμη, ας υποθέσουμε ότι τη στιγμή (ή βήμα ή γενιά) t ο πληθυσμός αποτελείται από τις ακόλουθες συμβολοσειρές:

$v_1 = (100110100000001111111010011011111)$
 $v_2 = (111000100100110111001010100011010)$
 $v_3 = (000010000011001000001010111011101)$
 $v_4 = (100011000101101001111000001110010)$
 $v_5 = (000111011001010011010111111000101)$
 $v_6 = (000101000010010101001010111111011)$
 $v_7 = (001000100000110101111011011111011)$
 $v_8 = (100001100001110100010110101100111)$
 $v_9 = (010000000101100010110000001111100)$
 $v_{10} = (000001111000110000011010000111011)$
 $v_{11} = (011001111110110101100001101111000)$
 $v_{12} = (110100010111101101000101010000000)$
 $v_{13} = (111011111010001000110000001000110)$
 $v_{14} = (010010011000001010100111100101001)$
 $v_{15} = (111011101101110000100011111011110)$
 $v_{16} = (110011110000011111100001101001011)$

$$\begin{aligned}
v_{17} &= (011010111111001111010001101111101) \\
v_{18} &= (011101000000001110100111110101101) \\
v_{19} &= (000101010011111111110000110001100) \\
v_{20} &= (101110010110011110011000101111110)
\end{aligned}$$

Έστω $\xi(S,t)$ είναι ο αριθμός των συμβολοσειρών στον πληθυσμό τη στιγμή t που ταιριάζουν στο σχήμα S . Για παράδειγμα, για το σχήμα

$$S_0 = (****111*****),$$

είναι $\xi(S_0,t) = 3$, αφού υπάρχουν τρεις συμβολοσειρές (οι v_{13}, v_{15} και v_{16}), οι οποίες ταιριάζουν με το σχήμα S_0 . Η τάξη του S_0 είναι $o(S_0) = 3$ και το ορίζων μήκος του είναι $\delta(S_0) = 7 - 5 = 2$.

Μια άλλη ιδιότητα ενός σχήματος είναι η απόδοσή (fitness) του τη στιγμή t ή $eval(S,t)$ - ορίζεται ως η μέση απόδοση όλων των συμβολοσειρών του πληθυσμού τη στιγμή t που ταιριάζουν με το σχήμα S . Έστω ότι υπάρχουν p συμβολοσειρές $\{v_{i1}, \dots, v_{ip}\}$ στον πληθυσμό που ταιριάζουν τη στιγμή t με το σχήμα S . Τότε,

$$eval(S, t) = \left(\sum_{j=1}^p eval(v_{ij}) \right) / p.$$

Κατά τη διάρκεια της επιλογής, δημιουργείται ένας προσωρινός πληθυσμός. Κάθε συμβολοσειρά αντιγράφεται μηδέν, μία ή περισσότερες φορές, σύμφωνα με την απόδοσή της. Όπως είδαμε στην προηγούμενη ενότητα, σε μια απλή επιλογή συμβολοσειράς, η συμβολοσειρά v_i επιλέγεται με πιθανότητα $p_i = eval(v_i)/F(t)$, όπου $F(t)$ είναι το άθροισμα των αποδόσεων ολόκληρου του πληθυσμού.

Μετά το βήμα της επιλογής, αναμένεται ότι $\xi(S,t+1)$ συμβολοσειρές θα ταιριάζουν με το σχήμα S . Επειδή,

- 1) για μια συμβολοσειρά που ταιριάζει με το σχήμα S , η πιθανότητα επιλογής της είναι $eval(S,t)/F(t)$,
- 2) ο αριθμός των συμβολοσειρών που ταιριάζουν με το σχήμα S είναι $\xi(S,t)$ και

3) ο αριθμός των επιλογών σε κάθε βήμα είναι pop_size ,

θα πρέπει να είναι σαφές ότι:

$$\xi(S, t + 1) = \xi(S, t) \cdot pop_size \cdot eval(S, t) / F(t)$$

Αν λάβουμε υπ' όψη ότι η μέση απόδοση του πληθυσμού είναι $\overline{F(t)} = F(t) / pop_size$, η παραπάνω σχέση ισοδυναμεί με την ακόλουθη:

$$\xi(S, t + 1) = \xi(S, t) \cdot eval(S, t) / \overline{F(t)}$$

Με άλλα λόγια, ο αριθμός των συμβολοσειρών στον πληθυσμό αυξάνεται ανάλογα με το λόγο της απόδοσης του αντίστοιχου σχήματος προς την μέση απόδοση του πληθυσμού. Αυτό σημαίνει ότι ένα σχήμα που βρίσκεται πάνω από τον μέσο όρο όσον αφορά την απόδοση αποκτά μεγαλύτερο αριθμό συμβολοσειρών που ταιριάζουν με αυτό στην επόμενη γενιά. Αντίθετα, ένα σχήμα που βρίσκεται κάτω από τον μέσο όρο αναπαριστά λιγότερες συμβολοσειρές στην επόμενη γενιά.

Η μακροπρόθεσμη επίδραση της παραπάνω διαπίστωσης είναι η εξής: Αν υποθέσουμε ότι ένα σχήμα S βρίσκεται πάνω από τον μέσο όρο κατά $\varepsilon\%$ (δηλαδή $eval(S, t) = \overline{F(t)} + \varepsilon \cdot \overline{F(t)}$), τότε:

$$\xi(S, t) = \xi(S, 0) \cdot (1 + \varepsilon)^t \text{ και}$$

$$\varepsilon = (eval(S, t) - \overline{F(t)}) / \overline{F(t)}$$

με $\varepsilon > 0$ για σχήματα πάνω από τον μέσο όρο και $\varepsilon < 0$ για σχήματα κάτω από τον μέσο όρο.

Η παραπάνω σχέση είναι μια εξίσωση γεωμετρικής προόδου. Επομένως, ένα σχήμα πάνω από τον μέσο όρο όχι μόνο αναπαριστά περισσότερες συμβολοσειρές στην επόμενη γενιά, αλλά επιπλέον ο αριθμός αυτός αυξάνεται εκθετικά.

Ας επιστρέψουμε στο παράδειγμα και συγκεκριμένα στο σχήμα S_0 . Αφού υπάρχουν τρεις συμβολοσειρές τη στιγμή t που ταιριάζουν με το σχήμα S_0 , η απόδοση του σχήματος αυτού είναι:

$$eval(S_0, t) = (27.316702 + 30.060205 + 23.867227) / 3 = 27.081378.$$

Την ίδια στιγμή, η μέση απόδοση του πληθυσμού είναι:

$$\overline{F(t)} = \left(\sum_{i=1}^{20} eval(v_i) \right) / pop_size = 387.776822 / 20 = 19.388841$$

και ο λόγος της απόδοσης του S_0 προς την μέση απόδοση του πληθυσμού είναι:

$$eval(S_0, t) / \overline{F(t)} = 1.396751.$$

Παρατηρούμε ότι το σχήμα S_0 βρίσκεται πάνω από τον μέσο όρο όσον αφορά την απόδοση και στις επόμενες γενιές αναπαριστά ένα εκθετικά αυξανόμενο αριθμό από συμβολοσειρές. Πιο συγκεκριμένα, αν τη στιγμή t το σχήμα S_0 βρίσκεται πάνω από τον μέσο όρο κατά ένα συντελεστή 1.1396751, τότε τη στιγμή $t+1$ αναμένουμε το σχήμα να αναπαριστά $3 \times 1.396751 = 4.19$ συμβολοσειρές (πιθανότητα 4 ή 5), τη στιγμή $t+2$: $3 \times 1.396751^2 = 5.85$ συμβολοσειρές (πιθανότητα 5 ή 6), κ.ο.κ.

Διαισθητικά, το σχήμα S_0 αποτελεί ένα υποσχόμενο τμήμα του χώρου αναζήτησης και, για το λόγο αυτό, δειγματοληπτείται με εκθετικά αυξανόμενο τρόπο.

Ας επιστρέψουμε και πάλι στο παράδειγμα μας. Τη στιγμή t το σχήμα S_0 αναπαριστά τρεις συμβολοσειρές. Στην προηγούμενη ενότητα, η εξομοίωση της εξελικτικής διαδικασίας με τον ίδιο πληθυσμό οδήγησε στον ακόλουθο πληθυσμό:

v_1^*	=	(011001111110110101100001101111000)	(v_{11})
v_2^*	=	(100011000101101001111000001110010)	(v_4)
v_3^*	=	(00100010000011010111101101111011)	(v_7)
v_4^*	=	(011001111110110101100001101111000)	(v_{11})
v_5^*	=	(000101010011111111110000110001100)	(v_{19})
v_6^*	=	(100011000101101001111000001110010)	(v_4)
v_7^*	=	(111011101101110000100011111011110)	(v_{15})
v_8^*	=	(00011101100101001101011111000101)	(v_5)
v_9^*	=	(011001111110110101100001101111000)	(v_{11})
v_{10}^*	=	(000010000011001000001010111011101)	(v_3)

$$\begin{aligned}
v_{11}^* &= (111011101101110000100011111011110) & (v_{15}) \\
v_{12}^* &= (010000000101100010110000001111100) & (v_9) \\
v_{13}^* &= (00010100001001010100101011111011) & (v_6) \\
v_{14}^* &= (100001100001110100010110101100111) & (v_8) \\
v_{15}^* &= (101110010110011110011000101111110) & (v_{20}) \\
v_{16}^* &= (100110100000001111111010011011111) & (v_1) \\
v_{17}^* &= (000001111000110000011010000111011) & (v_{10}) \\
v_{18}^* &= (111011111010001000110000001000110) & (v_{13}) \\
v_{19}^* &= (111011101101110000100011111011110) & (v_{15}) \\
v_{20}^* &= (110011110000011111100001101001011) & (v_{16})
\end{aligned}$$

Πράγματι, το σχήμα S_0 αναπαριστά πέντε συμβολοσειρές στο νέο πληθυσμό: v_7^* , v_{11}^* , v_{18}^* , v_{19}^* και v_{20}^* .

Παρ' όλ' αυτά, η διαδικασία της επιλογής από μόνη της, δεν εισάγει νέα σημεία του χώρου των λύσεων (νέες πιθανές λύσεις) στον πληθυσμό. Απλά αντιγράφει κάποιες συμβολοσειρές για το σχηματισμό ενός προσωρινού πληθυσμού. Το δεύτερο βήμα του κύκλου εξέλιξης, ο ανασυνδυασμός, είναι υπεύθυνο για την εισαγωγή νέων ατόμων στον πληθυσμό. Αυτό γίνεται με τη χρήση των γενετικών τελεστών, τη διασταύρωση και τη μετάλλαξη. Στη συνέχεια, θα μελετήσουμε χωριστά την επίδραση των δύο αυτών τελεστών στον αναμενόμενο αριθμό των σχημάτων στον πληθυσμό.

Μια οποιαδήποτε συμβολοσειρά του πληθυσμού, π.χ. η v_{18}^* :

$$(111011111010001000110000001000110)$$

ταιριάζει σε 2^{33} διαφορετικά σχήματα. Έστω τα ακόλουθα δύο σχήματα, στα οποία ταιριάζει η συμβολοσειρά αυτή:

$$S_0 = (****111*****)$$

$$S_1 = (111*****10)$$

Ας υποθέσουμε ότι η συμβολοσειρά αυτή επιλέχθηκε για διασταύρωση (όπως συνέβη στην προηγούμενη ενότητα). Ας υποθέσουμε επίσης, ότι το σημείο διασταύρωσης είναι

$\text{pos} = 20$. Είναι σαφές ότι το σχήμα S_0 επιβιώνει από αυτή τη διασταύρωση, δηλαδή ένας από τους απογόνους ταιριάζει στο S_0 . Αυτό το σημείο διασταύρωσης διατηρεί την ακολουθία 111 στην πέμπτη, έκτη και έβδομη θέση σε ένα από παιδιά, π.χ. το ζευγάρι:

$$v_{13}^* = (00010100001001010100 \mid 1010111111011)$$

$$v_{18}^* = (11101111101000100011 \mid 0000001000110)$$

θα έδινε:

$$v_{13}^{**} = (00010100001001010100 \mid 0000001000110)$$

$$v_{18}^{**} = (11101111101000100011 \mid 1010111111011)$$

Αντίθετα, το σχήμα S_1 καταστρέφεται, αφού κανείς από τους απογόνους δεν ταιριάζει με αυτό. Ο λόγος είναι ότι η ακολουθία 111 στην αρχή και η ακολουθία 10 στο τέλος του σχήματος τοποθετούνται σε διαφορετικούς απογόνους.

Από την παραπάνω συζήτηση, θα πρέπει να έχει γίνει σαφές ότι το ορίζων μήκος ενός σχήματος παίζει καθοριστικό ρόλο για την επιβίωση ή την καταστροφή του. Στο παραπάνω παράδειγμα, το ορίζων μήκος του σχήματος S_0 είναι $\delta(S_0) = 2$, ενώ του S_1 είναι $\delta(S_1) = 32$.

Γενικά, το σημείο διασταύρωσης επιλέγεται ομοιόμορφα (uniformly) από $m-1$ πιθανά σημεία. Αυτό σημαίνει ότι η πιθανότητα καταστροφής ενός σχήματος S είναι:

$$p_d(S) = \frac{\delta(S)}{m-1}$$

και συνεπώς η πιθανότητα επιβίωσής του είναι:

$$p_s(S) = 1 - \frac{\delta(S)}{m-1}$$

Στο παράδειγμά μας, οι πιθανότητες αυτές για τα σχήματα S_0 και S_1 είναι:

$$p_d(S_0) = 2/32, p_s(S_0) = 30/32, p_d(S_1) = 0, p_s(S_1) = 32/32,$$

οπότε το αποτέλεσμα της διασταύρωσης ήταν αναμενόμενο.

Είναι σημαντικό να κατανοηθεί ότι μόνο μερικά χρωμοσώματα επιλέγονται για διασταύρωση, αφού η διασταύρωση έχει μια πιθανότητα p_c να εκτελεστεί. Άρα, η πιθανότητα επιβίωσης ενός σχήματος είναι στην πραγματικότητα:

$$p_s(S) = 1 - p_c \cdot \frac{\delta(S)}{m-1}$$

Επιστρέφοντας στο παράδειγμά μας, ισχύει ($p_c = 0.25$):

$$p_s(S_0) = 1 - 0.25 \cdot (2/32) = 63/64 = 0.984375.$$

Θα πρέπει επίσης να σημειωθεί ότι ακόμα και αν το σημείο διασταύρωσης επιλεγθεί ανάμεσα σε σταθερές θέσεις σε ένα σχήμα, υπάρχει ακόμα πιθανότητα για το σχήμα να επιβιώσει. Για παράδειγμα, αν και οι δύο συμβολοσειρές v_{13}^* και v_{18}^* άρχιζαν με 111 και τελείωναν με 10, το σχήμα S_1 θα επιβίωνε. Επομένως, η πιθανότητα επιβίωσης ενός σχήματος είναι:

$$p_s(S) \geq 1 - p_c \cdot \frac{\delta(S)}{m-1}$$

Συνεπώς, η επίδραση της επιλογής και της διασταύρωσης στην αύξηση του αριθμού των συμβολοσειρών που ταιριάζουν σε ένα σχήμα είναι:

$$\xi(S, t+1) \geq \xi(S, t) \cdot \text{eval}(S, t) / \overline{F(t)} \cdot \left[1 - p_c \cdot \frac{\delta(S)}{m-1} \right]$$

Η παραπάνω σχέση προσδιορίζει τον αναμενόμενο αριθμό των συμβολοσειρών που θα ταιριάζουν με ένα σχήμα στην επόμενη γενιά συναρτήσει του τρέχοντα αριθμού των συμβολοσειρών που ταιριάζουν με το σχήμα, τη σχετική απόδοση του σχήματος και το ορισμένο μήκος του. Όπως φαίνεται, τα άνω του μέσου όρου σχήματα με μικρό ορισμένο μήκος θα δειγματοληπτούνται με εκθετικά αυξανόμενους ρυθμούς στις επόμενες γενιές.

Για το σχήμα S_0 ισχύει:

$$\text{eval}(S_0, t) / \overline{F(t)} \cdot \left[1 - p_c \cdot \frac{\delta(S_0)}{m-1} \right] = 1.396751 \cdot 0.984375 = 1.374927.$$

Δηλαδή, το, άνω του μέσου όρου και με μικρό ορισμένο μήκος, σχήμα S_0 θα αποκτήσει εκθετικά αυξανόμενο αριθμό συμβολοσειρών στις επόμενες γενιές. Στη γενιά $t+1$, αναμένουμε $3 \times 1.374927 = 4.12$ συμβολοσειρές και στη γενιά $t+2$, $3 \times 1.374927^2 = 5.67$ συμβολοσειρές.

Ο τελεστής μετάλλαξης αντιστρέφει ένα δυαδικό ψηφίο σε κάποια τυχαία θέση με πιθανότητα p_m . Είναι φανερό ότι για να επιβιώσει κάποιο σχήμα θα πρέπει να παραμείνουν αμετάβλητες οι σταθερές θέσεις του μετά από τη μετάλλαξη. Ας πάρουμε για παράδειγμα, τη συμβολοσειρά v_{19}^* :

(111011101101110000100011111011110)

και το σχήμα S_0 :

$S_0 = (****111*****).$

Ας υποθέσουμε, ακόμα, ότι η συμβολοσειρά v_{19}^* υπόκειται σε μετάλλαξη. Στο παράδειγμα της προηγούμενης ενότητας, η v_{19}^* μεταλλάχθηκε στην ένατη θέση και προέκυψε η:

$v_{19}^{**} = (111011100101110000100011111011110),$

η οποία ταιριάζει με το σχήμα S_0 . Εάν είχε επιλεγθεί κάποια θέση στο διάστημα 1 έως 4 ή 8 έως 33, ο απόγονος που θα προέκυπτε θα ταίριαζε επίσης με το S_0 . Μόνο 3 δυαδικά ψηφία (οι σταθερές θέσεις - πέμπτη, έκτη και έβδομη) είναι «σημαντικά»: μετάλλαξη σε ένα τουλάχιστον από αυτά θα κατέστρεφε το σχήμα. Ο αριθμός αυτών των «σημαντικών» ψηφίων είναι, όπως είπαμε, η τάξη του σχήματος.

Αφού η πιθανότητα αντιστροφής ενός δυαδικού ψηφίου είναι p_m , η πιθανότητα μη αλλαγής του είναι $1-p_m$. Οι μεταλλάξεις είναι ανεξάρτητες μεταξύ τους, οπότε η πιθανότητα επιβίωσης ενός σχήματος κατά την όλη διαδικασία της μετάλλαξης (ακολουθία μεταλλάξεων δυαδικών ψηφίων) είναι:

$$p_s(S) = (1 - p_m)^{o(S)}$$

Επειδή, όμως, $p_m \ll 1$, η πιθανότητα αυτή προσεγγίζεται από την:

$$p_s(S) \approx 1 - o(S) \cdot p_m$$

Αναφερόμενοι και πάλι στο παράδειγμά μας με το σχήμα S_0 , και θεωρώντας $p_m = 0.01$, έχουμε:

$$p_s(S_0) \approx 1 - 3 \cdot 0.01 = 0.97.$$

Επομένως, ο συνδυασμός των αποτελεσμάτων μας για την επιλογή, τη διασταύρωση και τη μετάλλαξη οδηγούν στην ακόλουθη σχέση:

$$\xi(S, t+1) \geq \xi(S, t) \cdot \text{eval}(S, t) / \overline{F(t)} \left[1 - p_c \cdot \frac{\delta(S)}{m-1} - o(S) \cdot p_m \right]$$

Η σχέση αυτή περιγράφει την εκθετική αύξηση στις επόμενες γενιές των συμβολοσειρών που αντιστοιχούν σε κάποιο άνω του μέσου όρου (από πλευράς απόδοσης) σχήμα, με μικρό ορισμένο μήκος και μικρή τάξη.

Για το σχήμα S_0 ισχύει:

$$\text{eval}(S_0, t) / \overline{F(t)} \left[1 - p_c \cdot \frac{\delta(S)}{m-1} - o(S) \cdot p_m \right] = 1.396751 - 0.954375 = 1.333024.$$

Δηλαδή, το σχήμα S_0 (το οποίο όπως έχουμε πει είναι πάνω από τον μέσο όρο απόδοσης, με μικρό ορισμένο μήκος και μικρή τάξη) θα λάβει εκθετικά περισσότερες συμβολοσειρές στις επόμενες γενιές: στη γενιά $t+1$ αναμένουμε $3 \times 1.333024 = 4.00$ συμβολοσειρές να ταιριάζουν με το S_0 , ενώ στη γενιά $t+2$ αναμένουμε $3 \times 1.333024^2 = 5.33$ τέτοιες συμβολοσειρές.

Η παραπάνω ανάλυση και το αποτέλεσμα που περιγράφεται από τη σχέση:

$$\xi(S, t+1) \geq \xi(S, t) \cdot \text{eval}(S, t) / \overline{F(t)} \left[1 - p_c \cdot \frac{\delta(S)}{m-1} - o(S) \cdot p_m \right]$$

μπορεί να διατυπωθεί από το ακόλουθο θεώρημα (γνωστό ως *Θεώρημα Σχημάτων*):

Θεώρημα Σχημάτων (Schema Theorem): Σχήματα με απόδοση άνω του μέσου όρου και με μικρό ορισμένο μήκος και μικρή τάξη λαμβάνουν εκθετικά αυξανόμενες συμβολοσειρές σε διαδοχικές γενιές ενός Γενετικού Αλγορίθμου.

Η παραπάνω θεωρία είναι καθαρά εμπειρική και δεν εμπεριέχει κάποια φορμαλιστική μαθηματική ανάλυση της συμπεριφοράς των Γ.Α. Στην πραγματικότητα, οι Γ.Α. δεν έχουν ακόμη αναλυθεί μαθηματικά και αυτό είναι το μεγαλύτερό τους μειονέκτημα. Παρουσιάζουν υψηλή αποδοτικότητα σε ένα ευρύ φάσμα προβλημάτων, αλλά η έλλειψη πλήρους μαθηματικής επεξήγησης των λειτουργιών τους συνεπάγεται την αδυναμία επεξήγησης πολλών στοιχείων της συμπεριφοράς τους και, πιθανώς, την ανικανότητα βελτιστοποίησής τους.

Ασκήσεις

Απαντώντας στις παρακάτω ασκήσεις θα είστε σε θέση να γνωρίζετε αν έχετε εμπεδώσει τις έννοιες που παρουσιάστηκαν στην ενότητα 3. Στόχος αυτών των ασκήσεων είναι η εξοικείωση με τις έννοιες του σχήματος, της τάξης σχήματος, του ορίζοντος μήκους σχήματος, και της πιθανότητας επιβίωσης ενός σχήματος μετά από την εφαρμογή των γενετικών τελεστών, καθώς και με το θεώρημα σχημάτων.

Άσκηση αυτοαξιολόγησης 3.1 (Επίπεδο Δυσκολίας 2)

Να αποδείξετε ότι οποιαδήποτε δυαδική συμβολοσειρά μήκους m είναι στιγμιότυπο από 2^m διαφορετικά σχήματα.

Άσκηση αυτοαξιολόγησης 3.2 (Επίπεδο Δυσκολίας 2)

Να αποδείξετε ότι για ένα σχήμα με $\varepsilon > 0$, ο αριθμός των συμβολοσειρών που αναπαριστούν στις επόμενες γενιές αυξάνεται εκθετικά. Το αντίθετο συμβαίνει όταν $\varepsilon < 0$.

Άσκηση αυτοαξιολόγησης 3.3 (Επίπεδο Δυσκολίας 2)

Να ορίσετε την αντικειμενική συνάρτηση της δυαδικής συμβολοσειράς x έτσι ώστε να ισούται με τον αριθμό των άσων που περιέχονται στη x . Να δώσετε τη σχέση για τη μέση απόδοση ενός σχήματος S , το οποίο έχει k ορισμένα δυαδικά ψηφία όλα ίσα με 1, σε σχέση με το μήκος της δυαδικής συμβολοσειράς ℓ και το k .

Άσκηση Αυτοαξιολόγησης 3.4 (Επίπεδο Δυσκολίας 1)

Θεωρήστε τις τρεις δυαδικές συμβολοσειρές $A_1=11101111$, $A_2=00010100$ και $A_3=01000011$ και τα έξι σχήματα $H_1=1*****$, $H_2=0*****$, $H_3=*****11$, $H_4=***0*00*$, $H_5=1*****1*$, και $H_6=1110**1*$.

- α) Ποιες συμβολοσειρές ταιριάζουν σε κάθε σχήμα;
- β) Βρείτε την τάξη και το καθορισμένο μήκος κάθε σχήματος.

- γ) Υπολογίστε την πιθανότητα επιβίωσης κάθε σχήματος, όταν υποβάλλεται σε μετάλλαξη και η πιθανότητα μιας απλής μετάλλαξης είναι $p_m=0.001$.
- δ) Υπολογίστε την πιθανότητα επιβίωσης κάθε σχήματος, όταν υποβάλλεται σε διασταύρωση και η πιθανότητα διασταύρωσης είναι $p_c=0.85$.

Άσκηση αυτοαξιολόγησης 3.5 (Επίπεδο Δυσκολίας 1)

Ένας πληθυσμός περιλαμβάνει στη γενιά 0 τα ακόλουθα χρωμοσώματα και τις αντίστοιχες αποδόσεις τους:

A/A	Δυαδική συμβολοσειρά	Απόδοση
1	10001	20
2	11100	10
3	00011	5
4	01110	15

Η πιθανότητα μετάλλαξης είναι $p_m=0.01$ και η πιθανότητα διασταύρωσης είναι $p_c=1.0$.

- α) Υπολογίστε τον αναμενόμενο αριθμό σχημάτων της μορφής $S_1=(1****)$ που θα υπάρχουν στη γενιά 1.
- β) Υπολογίστε τον αναμενόμενο αριθμό σχημάτων της μορφής $S_2=(0**1*)$ που θα υπάρχουν στη γενιά 1.

Απαντήσεις

Απάντηση (Άσκηση αυτοαξιολόγησης 3.1):

Γενικά, αν m είναι το μήκος της συμβολοσειράς και $j = 1, \dots, m$ είναι το πλήθος των αδιάφορων συμβόλων, τότε το σύνολο από όλα τα στιγμιότυπα θα είναι το άθροισμα των συνδυασμών m ανά j , άρα θα είναι:

$$\sum_{j=0}^m \binom{m}{j} = (1)^j (1)^{m-j} \binom{m}{j}$$

Από το θεώρημα του διωνύμου, έχουμε ότι:

$$(x + y)^m = \sum_{j=0}^m \binom{m}{j} (x)^j (y)^{m-j}$$

Άρα, αν θεωρήσουμε $x = y = 1$, προκύπτει εύκολα ότι:

$$\sum_{j=0}^m \binom{m}{j} = 2^m$$

Απάντηση (Άσκηση αυτοαξιολόγησης 3.2):

Αν υποθέσουμε ότι ένα σχήμα S βρίσκεται πάνω από τον μέσο όρο απόδοσης του πληθυσμού κατά $\varepsilon\%$ (δηλαδή $eval(S, t) = \overline{F(t)} + \varepsilon \cdot \overline{F(t)}$), τότε:

$$\xi(S, t) = \xi(S, 0) \cdot (1 + \varepsilon)^t, \text{ και}$$

$$\varepsilon = (eval(S, t) - \overline{F(t)}) / \overline{F(t)}$$

με $\varepsilon > 0$ για σχήματα πάνω από τον μέσο όρο και $\varepsilon < 0$ για σχήματα κάτω από τον μέσο όρο.

Η παραπάνω σχέση είναι μια εξίσωση γεωμετρικής προόδου. Επομένως, ένα σχήμα πάνω από τον μέσο όρο όχι μόνο αναπαριστά περισσότερες συμβολοσειρές στην επόμενη γενιά, αλλά επιπλέον ο αριθμός αυτός αυξάνεται εκθετικά. Όταν $\varepsilon < 0$, τότε αυτός ο αριθμός θα ελαττώνεται.

Απάντηση (Άσκηση αυτοαξιολόγησης 3.3):

Η αντικειμενική συνάρτηση f έχει την παρακάτω μορφή:

$$f = b_0 + b_1 + \dots + b_\ell, \text{ με } b_i = 0 \text{ ή } 1 \text{ και } i = 0, 1, \dots, \ell.$$

Στο σχήμα S ανήκουν $2^{\ell-k}$ δυαδικές συμβολοσειρές των οποίων η απόδοση ξεκινάει από k (δυαδική συμβολοσειρά με k άσους και $\ell - k$ μηδενικά) και φτάνει έως ℓ (δυαδική συμβολοσειρά με ℓ άσους). Επομένως, η μέση απόδοση του σχήματος S ισούται με:

$$\overline{F(S)} = \sum_{j=1}^{2^{\ell-k}} \text{eval}(v_j) / 2^{\ell-k} = (k + (k+1) + \dots + \ell) / 2^{\ell-k}$$

Όμως,

$$\begin{aligned} k + (k+1) + \dots + \ell &= 1 + 2 + \dots + k + \dots + \ell - (1 + 2 + \dots + (k-1)) = \\ &= \frac{\ell(\ell+1)}{2} - \frac{k(k-1)}{2} = \frac{k(k-1)\ell(\ell+1)}{2} \end{aligned}$$

και επομένως έχουμε:

$$\overline{F(S)} = \frac{k(k-1)\ell(\ell+1)}{2^{\ell-k+1}}$$

Απάντηση (Άσκηση Αυτοαξιολόγησης 3.4):

α) Η συμβολοσειρά A_1 ανήκει στα σχήματα H_1, H_3, H_5 και H_6 .

Η συμβολοσειρά A_2 ανήκει στο σχήμα H_2 .

Η συμβολοσειρά A_3 ανήκει στα σχήματα H_2 και H_3 .

β) Η τάξη ενός σχήματος S , η οποία συμβολίζεται $o(S)$, είναι ο αριθμός των θέσεων με 0 και 1. Το καθορισμένο μήκος ενός σχήματος S (συμβολίζεται $\delta(S)$) είναι η απόσταση μεταξύ της πρώτης και της τελευταίας σταθερής θέσης.

$$o(H_1)=1 \quad \delta(H_1)=1-1=0$$

$$o(H_2)=1 \quad \delta(H_2)=1-1=0$$

$$o(H_3)=2 \quad \delta(H_3)=8-7=1$$

$$o(H_4)=3 \quad \delta(H_4)=7-4=3$$

$$o(H_5)=2 \quad \delta(H_5)=7-1=6$$

$$o(H_6)=5 \quad \delta(H_6)=7-1=6$$

γ) Η πιθανότητα επιβίωσης ενός σχήματος S όταν υποβάλλεται σε μετάλλαξη με πιθανότητα μετάλλαξης p_m ισούται με:

$$p_s(S) = (1 - p_m)^{o(S)} \approx 1 - o(S) \cdot p_m$$

Επομένως έχουμε:

$$p_s(H_1)=1-1\cdot 0.001=0.999$$

$$p_s(H_2)=1-1\cdot 0.001=0.999$$

$$p_s(H_3)=1-2\cdot 0.001=0.998$$

$$p_s(H_4)=1-3\cdot 0.001=0.997$$

$$p_s(H_5)=1-2\cdot 0.001=0.998$$

$$p_s(H_6)=1-5\cdot 0.001=0.995$$

Η πιθανότητα επιβίωσης ενός σχήματος S όταν υποβάλλεται σε διασταύρωση με πιθανότητα διασταύρωσης p_c ισούται με:

$$p_s(S) \geq 1 - p_c \cdot \frac{\delta(S)}{m-1}$$

όπου m είναι το μήκος των δυαδικών συμβολοσειρών του σχήματος.

Επομένως έχουμε:

$$p_s(H_1)=1-0.85\cdot 0/7=1$$

$$p_s(H_2)=1-0.85\cdot 0/7=1$$

$$p_s(H_3)=1-0.85\cdot 1/7=0.878571$$

$$p_s(H_4)=1-0.85\cdot 3/7=0.635714$$

$$p_s(H_5)=1-0.85\cdot 6/7=0.271429$$

$$p_s(H_6)=1-0.85\cdot 6/7=0.271429$$

Απάντηση (Άσκηση αυτοαξιολόγησης 3.5):

Η εξίσωση που δίνει τον αναμενόμενο, στην επόμενη γενιά, αριθμό δυαδικών συμβολοσειρών που ανήκουν σε ένα σχήμα (θεωρώντας ότι χρησιμοποιούμε τη μέση απόδοση κάθε σχήματος για την επιλογή του) ισούται με:

$$\xi(S, t+1) \geq \xi(S, t) \cdot eval(S, t) / \overline{F(t)}$$

όπου $\xi(S, t+1)$ είναι ο αναμενόμενος αριθμός, $\xi(S, t)$ είναι ο αριθμός στην τρέχουσα γενιά, $eval(S, t)$ είναι η απόδοση του σχήματος S στην τρέχουσα γενιά και $\overline{F(t)}$ είναι η μέση απόδοση του πληθυσμού στην τρέχουσα γενιά.

Επομένως έχουμε:

$$\delta(S_1) = 1 - 1 = 0 \quad \alpha(S_1) = 1$$

$$\delta(S_2) = 4 - 1 = 3 \quad \alpha(S_2) = 2$$

$$\overline{F(t=0)} = \sum_{i=1}^4 eval(v_i) / 4 = (20 + 10 + 5 + 15) / 4 = 12.5$$

$$eval(S_1, t=0) = (20 + 10) / 2 = 15$$

$$eval(S_2, t=0) = (5 + 15) / 2 = 10$$

Δηλαδή έχουμε:

$$\alpha) \quad \xi(S_1, t=1) = 2 \cdot \frac{15}{12.5} \left(1 - 1 \cdot \frac{0}{4} - 1 \cdot 0.01 \right) = 2.376$$

$$\beta) \quad \xi(S_2, t=1) = 2 \cdot \frac{10}{12.5} \left(1 - 1 \cdot \frac{3}{4} - 2 \cdot 0.01 \right) = 0.368$$

Θα υπάρχουν επομένως τρεις συμβολοσειρές από το σχήμα S₁ και μία συμβολοσειρά από το σχήμα S₂ στον πληθυσμό στην γενιά 1.

Συμπεράσματα

Στο κεφάλαιο αυτό έγινε μια ολοκληρωμένη εισαγωγική παρουσίαση στους Γενετικούς Αλγορίθμους. Ο αναγνώστης έχει πλέον τις βάσεις για να μελετήσει οποιαδήποτε εργασία σχετική με τους Γ.Α. Στις προηγούμενες σελίδες αναπτύχθηκαν εισαγωγικά θέματα που έχουν να κάνουν με την περιγραφή ενός απλού αλλά πολύ αποτελεσματικού Γ.Α., την εφαρμογή του σε ένα πρόβλημα βελτιστοποίησης καθώς επίσης δόθηκαν και κάποιες θεωρητικές θεμελιώσεις των Γ.Α.

Φυσικά όσα ειπώθηκαν έως τώρα είναι βασικές εισαγωγικές έννοιες. Ο χώρος των Γ.Α. και γενικότερα του Εξελικτικού Προγραμματισμού αναπτύσσεται με πολύ γοργούς ρυθμούς και προκειμένου ο ενδιαφερόμενος αναγνώστης να εμβαθύνει σε αυτόν θα πρέπει να καταφύγει στη διεθνή βιβλιογραφία η οποία τα τελευταία χρόνια είναι ιδιαίτερα πλούσια. Μερικά πολύ καλά συγγράμματα για περαιτέρω μελέτη προτείνονται στο τέλος του κεφαλαίου.

ΒΙΒΛΙΟΓΡΑΦΙΑ

- D. Goldberg, “Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning”, Addison Wesley Publishing Company, Inc., 1989.
- Z. Michalewicz, “Genetic Algorithms + Data Structures = Evolution Programs”, Springer-Verlag, 3rd ed., 1996.
- M. Mitchell, “An Introduction to Genetic Algorithms”, MIT press 1996.
- J. Holland, “Adaptation in Natural and Artificial Systems”, MIT press 1992.
- L. Davis, “Handbook of Genetic Algorithms”, Van Nostrand Reinhold, 1991.