



Politechnika Wroclawska

Algorytmy genetyczne

Dariusz Banasiak

Katedra Informatyki Technicznej

Wydział Elektroniki

Obliczenia ewolucyjne (**EC** – evolutionary computing) lub algorytmy ewolucyjne (**EA** – evolutionary algorithms) to ogólne określenia używane do opisu klasy metod wykorzystujących w procesie rozwiązywania problemu model obliczeniowy oparty na symulacji procesu ewolucji (wzorowany na ewolucji biologicznej).

Wyróżnia się trzy główne klasy algorytmów ewolucyjnych:

- algorytmy genetyczne (ang. genetics algorithms – GA),
- strategie ewolucyjne (ang. evolutionary strategies – ES),
- programowanie ewolucyjne (ang. evolutionary programming – EP).

Pierwsze algorytmy genetyczne zostały opracowane w latach 60-tych XX wieku przez J. H. Hollanda z University of Michigan. Są one historycznie najstarszym i najlepiej poznanym kierunkiem obliczeń ewolucyjnych.

Własności algorytmów genetycznych (D. Goldberg):

- nie przetwarzają bezpośrednio parametrów zadania, lecz ich zakodowaną postać
- prowadzą poszukiwania wychodząc z wielu punktów (populacji)
- korzystają wyłącznie z funkcji celu (nie wymagają dodatkowych informacji o danym problemie)
- stosują probabilistyczne (losowe) reguły wyboru

Zastosowanie algorytmów genetycznych

Algorytmy genetyczne są stosowane do poszukiwania rozwiązań problemów trudno definiowalnych w sensie matematycznym (algorytm rozwiązania jest nieznany lub bardzo złożony np. problem komiwojażera), ale znany jest sposób oceny jakości rozwiązania.

Przykłady zastosowań algorytmów genetycznych:

- zadania optymalizacji
- zadania przeszukiwania
- uczenie robotów i urządzeń
- modelowanie procesów biologicznych, ekonomicznych, ekologicznych, społecznych

Podstawowe pojęcia

Gen (cecha, znak lub detektor) stanowi pojedynczy element chromosomu $a_{i,j}$.

Chromosom (ciąg kodowy lub łańcuch) jest to uporządkowany ciąg genów.

Genotyp (struktura) jest to zespół chromosomów właściwych dla danego osobnika.

Fenotyp jest to zestaw wartości odpowiadających danemu genotypowi.

Osobnik jest to zbiór parametrów zadania stanowiących rozwiązanie problemu zakodowany w postaci chromosomów.

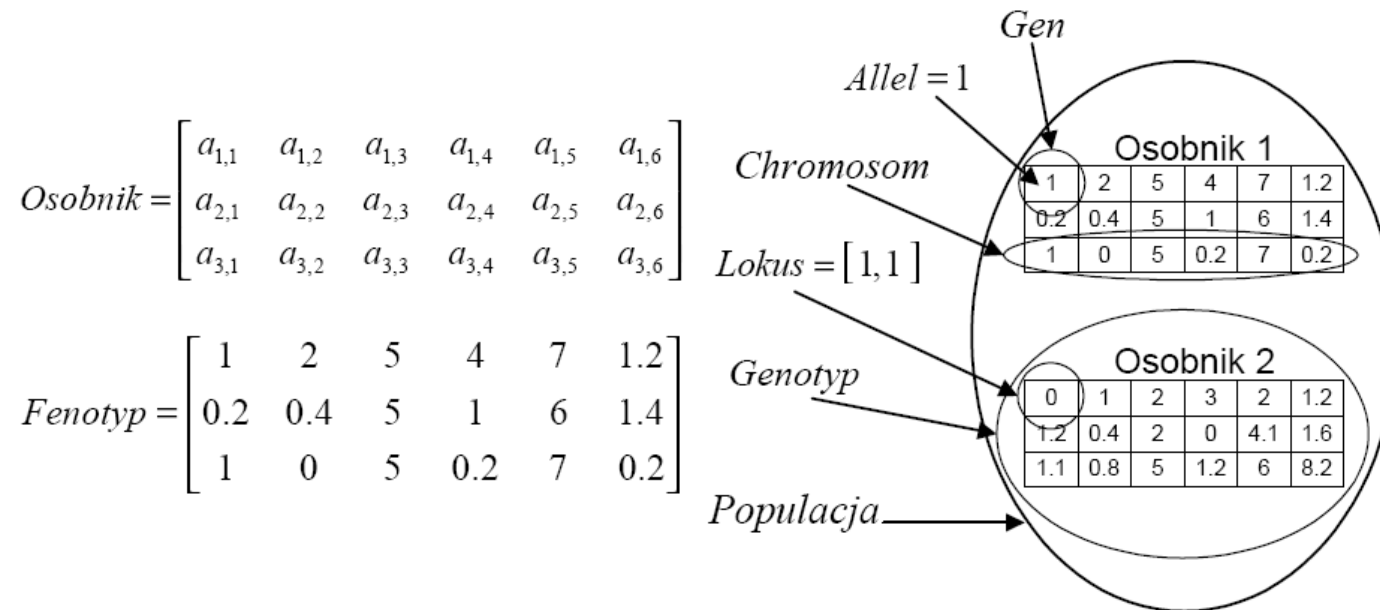
Populacja jest to zbiór osobników o określonej liczebności.

Allel jest to wartość danego genu (lub też wartość cechy).

Locus jest to miejsce położenia danego genu w genotypie (lub chromosomie).

Funkcja przystosowania (dopasowania, oceny) pozwala ocenić stopień przystosowania poszczególnych osobników w populacji.

Algorytmy genetyczne



Do populacji należą dwa osobniki: Os_1 i Os_2 . Genotyp opisujący strukturę osobnika składa się z trzech chromosomów. Każdy chromosom zawiera 6 genów. Wartości poszczególnych genów (allele) odzwierciedlają poszukiwane parametry zadania.

Mechanizm działania klasycznego algorytmu genetycznego:

1. Losowana jest pewna populacja początkowa.
2. Populacja poddawana jest ocenie (selekcja). Najlepiej przystosowane osobniki biorą udział w reprodukcji.
3. Genotypy wybranych osobników poddawane są operatorom ewolucyjnym:
 - a) krzyżowania (odpowiednie połączenie genotypów rodziców),
 - b) mutacji (wprowadzenia do genotypów drobnych losowych zmian).
4. Utworzenie kolejnego pokolenia (nowej populacji). Jeżeli nie znaleziono dostatecznie dobrego rozwiązania, to powrót do punktu 2. W przeciwnym wypadku uzyskujemy wynik.

Kodowanie parametrów zadania

Pierwszym krokiem konstrukcji algorytmu genetycznego jest zakodowanie poszukiwanych parametrów zadania w postaci chromosomów.

Dobór odpowiedniej metody kodowania parametrów do typu rozwiązywanego zadania nie jest zadaniem trywialnym np. sposób kodowania nie może faworyzować żadnego z możliwych do otrzymania rozwiązań.

W klasycznym algorytmie genetycznym stosuje się kodowanie binarne (np. system dwójkowy). Poszczególne geny w chromosomie stanowią wówczas ciąg zer i jedynek.

W przypadku kodowania liczb rzeczywistych korzysta się z odwzorowania przedziału $[w_L, w_R]$ w przedział $[0, 2^L - 1]$ zgodnie z zależnością:

$$w_B = w_L + w_D * (w_R - w_L) / (2^L - 1), \text{ gdzie}$$

w_B – wartość zakodowanej liczby rzeczywistej,

w_L, w_R – wartości lewego i prawego końca przedziału liczbowego,

w_D – dziesiętna wartość ciągu binarnego,

L – długość ciągu kodowego

Należy zakodować liczby rzeczywiste należące do przedziału $[0, 3.1]$ z dokładnością 0.1. Liczby te mogą wówczas przyjmować 32 wartości: 0.0, 0.1, 0.2, .. , 3.0 oraz 3.1. Wartości te można przedstawić w postaci chromosomów o długości 5. Sekwencja [00000] reprezentuje wówczas wartość 0.0, sekwencja [00001] wartość 0.1 itd.

Metody selekcji osobników

W celu zapewnienia efektywnego działania algorytmu genetycznego należy dążyć do tego, aby nowa populacja osobników (potomków) była tworzona na podstawie „najlepszych” osobników danej populacji (rodziców).

W tym celu każdy osobnik danej populacji poddawany jest ocenie za pomocą funkcji przystosowania. Metoda selekcji powinna zapewnić, aby kolejne populacje charakteryzowały się wyższą średnią wartością funkcji przystosowania:

$$P_{t+1} \geq P_t, \text{ gdzie:}$$

P_t – średnia wartość funkcji przystosowania dla populacji t ,

P_{t+1} – średnia wartość funkcji przystosowania dla populacji $t+1$.

Metody selekcji stosowane w algorytmach genetycznych:

- metoda koła ruletki
- selekcja rankingowa
- selekcja turniejowa
- selekcja ($\mu + \lambda$)

W metodzie koła ruletki każdemu chromosomowi zostaje przypisany wycinek koła, którego wielkość jest proporcjonalna do wartości jego funkcji przystosowania.

Większa wartość funkcji przystosowania oznacza większy wycinek koła przydzielony danemu chromosomowi (czyli większe prawdopodobieństwo wyboru danego chromosomu do nowo tworzonej populacji).

Przykład

Populacja rodzicielska składa się z 4 chromosomów:

$$ch_1 = [1001], ch_2 = [1000], ch_3 = [0001], ch_4 = [1011]$$

Dla każdego chromosomu obliczamy wartość funkcji przystosowania $F(ch_i)$ – dla uproszczenia przyjmujemy, że jest to wartość dziesiętna danego ciągu binarnego:

$$F(ch_1) = 9, F(ch_2) = 8, F(ch_3) = 1, F(ch_4) = 11$$

Następnie obliczamy sumę wartości funkcji przystosowania dla całej populacji:

$$\sum_i F(ch_i) = 9 + 8 + 1 + 11 = 29, \quad \text{dla } i = 1, 2, 3, 4$$

W kolejnym kroku obliczamy wyrażone w procentach wielkości wycinków koła ruletki:

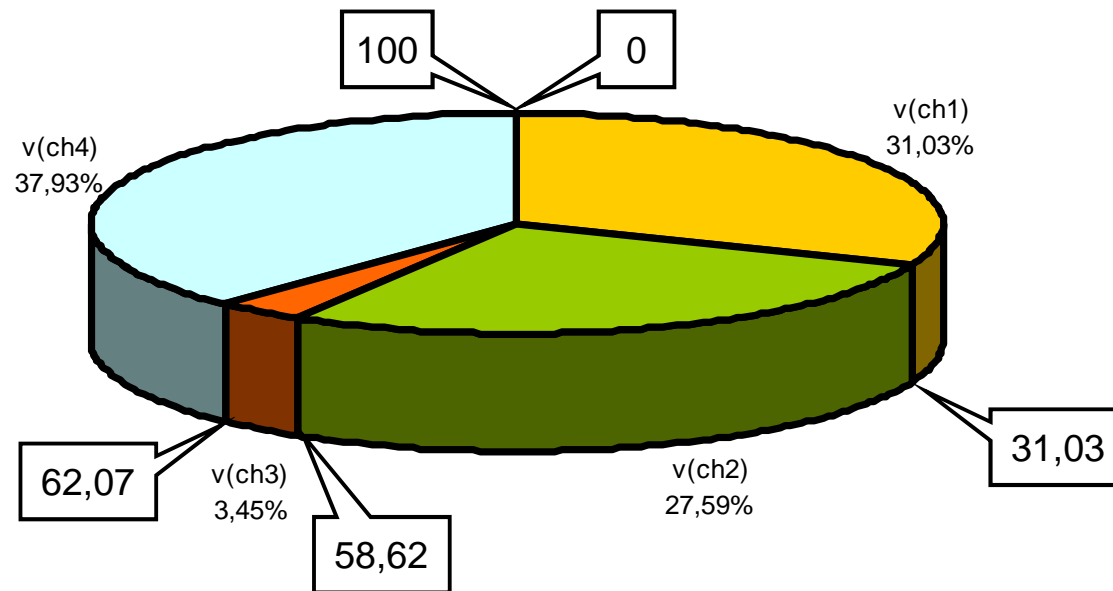
$$v(\text{ch}_1) = 9/29 * 100\% = 31.03\%$$

$$v(\text{ch}_2) = 8/29 * 100\% = 27.59\%$$

$$v(\text{ch}_3) = 1/29 * 100\% = 3.45\%$$

$$v(\text{ch}_4) = 11/29 * 100\% = 37.93\%,.$$

Uzyskane wyniki można przedstawić w postaci graficznej.



Poszczególnym chromosomom odpowiadają na kole następujące przedziały:

$$\begin{aligned} \text{ch}_1 &\rightarrow [0, 31.03], & \text{ch}_2 &\rightarrow [31.03, 58.62], \\ \text{ch}_3 &\rightarrow [58.62, 62.07], & \text{ch}_4 &\rightarrow [62.07, 100]. \end{aligned}$$

W celu utworzenia nowej populacji losujemy cztery liczby z przedziału $[0, 100]$ ($N=4$ ponieważ wielkość populacji nie powinna ulec zmianie). Załóżmy, że wylosowano: 20.4, 65.0, 12,4 oraz 39.0.

Wylosowane liczby należą kolejno do przedziałów związanych z chromosomami: ch_1 , ch_4 , ch_1 oraz ch_2 .

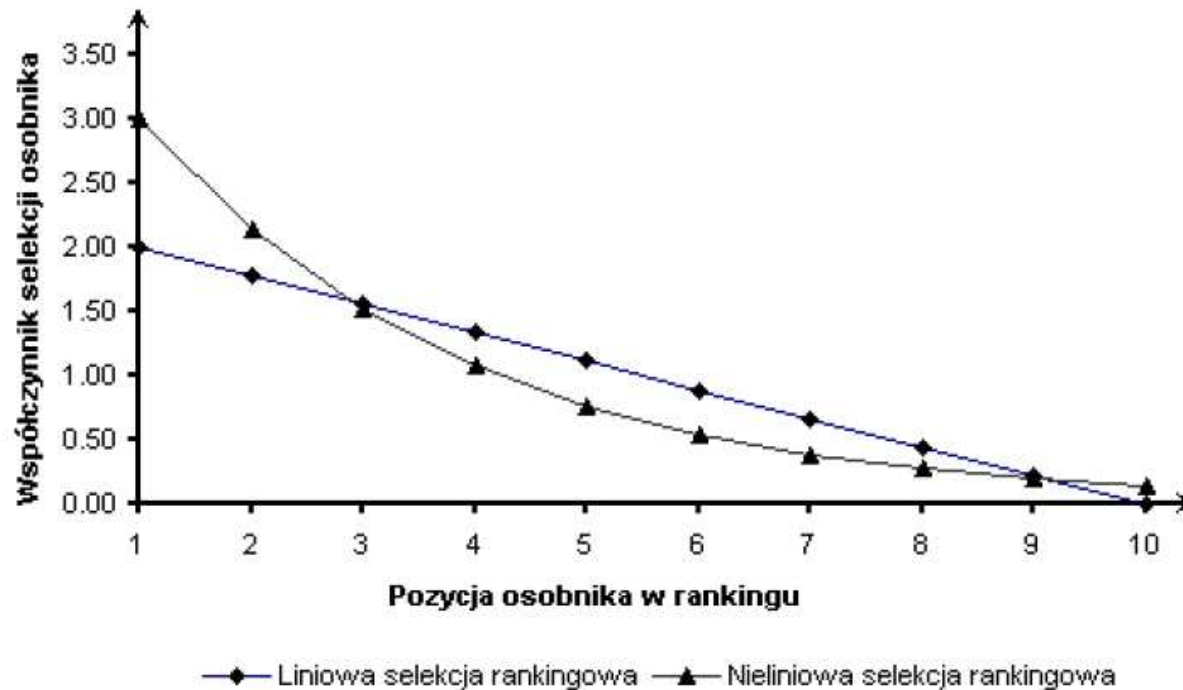
Chromosomy te zostaną wybrane do nowej populacji.


Wadą metody koła ruletki jest fakt, że ewolucja z każdym krokiem zwalnia. Jeżeli osobniki są podobne, to każdy dostaje równy wycinek koła i presja selekcyjna spada. Metoda słabiej rozróżnia osobniki dobre od słabszych.

W metodzie selekcji rankingowej osobniki należące do populacji rodzicielskiej sortuje się ze względu na wartość funkcji przystosowania. Tak posortowane osobniki tworzą listę rankingową (osobnik o największej wartości funkcji przystosowania uzyskuje najwyższą wartość rangi).

Przypisana do osobnika ranga jest argumentem pewnej funkcji R , która wyznacza współczynnik selekcji osobnika będący podstawą do obliczenia prawdopodobieństwa jego wyboru do nowej populacji.

Przykładowe wykresy funkcji R stosowane w selekcji rankingowej:





Im wyższy współczynnik selekcji osobnika, tym większe prawdopodobieństwo jego wylosowania do nowej populacji.

Losowanie osobników może odbywać się podobnie jak w metodzie koła ruletki (o wielkości wycinka dla osobnika decyduje jednak jego miejsce w rankingu oraz przypisany zgodnie z funkcją R współczynnik selekcji).

Wadą metody jest niewrażliwość na różnice pomiędzy kolejnymi osobnikami w kolejce.

Może się okazać, że sąsiadujące na liście rozwiązania mają różne wartości funkcji oceny, ale dostają prawie taką samą ilość potomstwa.

W selekcji turniejowej należące do danej populacji osobniki rozgrywają między sobą turniej.

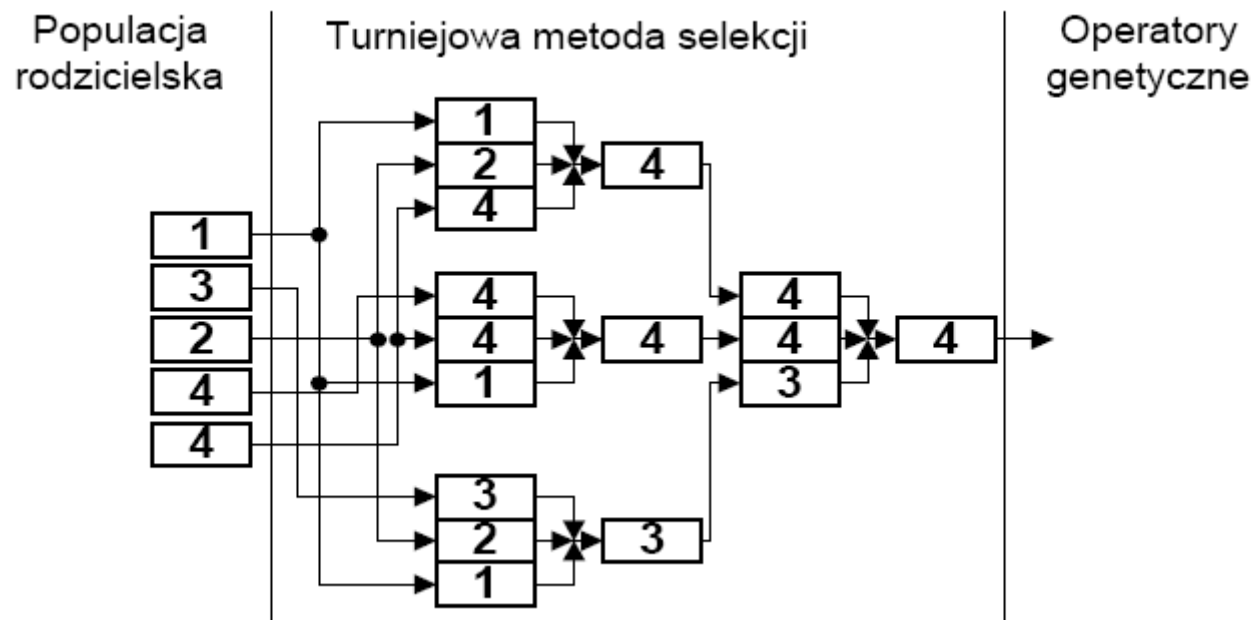
Działanie metody rozpoczyna się od ustalenia rozmiaru turnieju (zazwyczaj $T_{\text{size}} < 5$).

Do każdego pojedynku wyznacza się losowo ustaloną liczbę grup chromosomów.

Zwycięzcy poszczególnych pojedynków rywalizują ze sobą do momentu wyłonienia zwycięzcy całego turnieju.

W danym kroku należy przeprowadzić tyle turniejów, ilu osobników powinno być w nowej populacji.

Schemat ilustrujący działanie selekcji turniejowej ($T_{size} = 3$):



Operatory genetyczne

Otrzymana w wyniku selekcji nowa populacja zostaje poddana działaniu operatorów genetycznych.

Celem tego etapu jest wygenerowanie nowego pokolenia, które powinno być lepiej dopasowane do założonego środowiska (dążymy do uzyskania lepszego rozwiązania niż w poprzednim pokoleniu).

W klasycznym algorytmie genetycznym stosowane są dwa operatory:

- krzyżowania
- mutacji.

Operator krzyżowania ma za zadanie łączyć cechy pochodzące z różnych osobników populacji.

W algorytmach genetycznych krzyżowanie jest operatorem dominującym (jest stosowane zdecydowanie częściej niż mutacja).

Typowy operator krzyżowania z pary rodzicielskiej tworzy parę potomków. W takim przypadku pierwszym etapem krzyżowania jest wylosowanie z populacji rodzicielskiej dwóch osobników. Następnie losowany jest punkt (lub punkty) krzyżowania.

W przypadku krzyżowania jednopunktowego następuje przecięcie chromosomów rodzicielskich w tym samym punkcie. Początkowe fragmenty chromosomów (do miejsca krzyżowania) pozostają bez zmian, natomiast pozostałe fragmenty chromosomów (od miejsca krzyżowania) ulegają wymianie (krzyżowaniu).

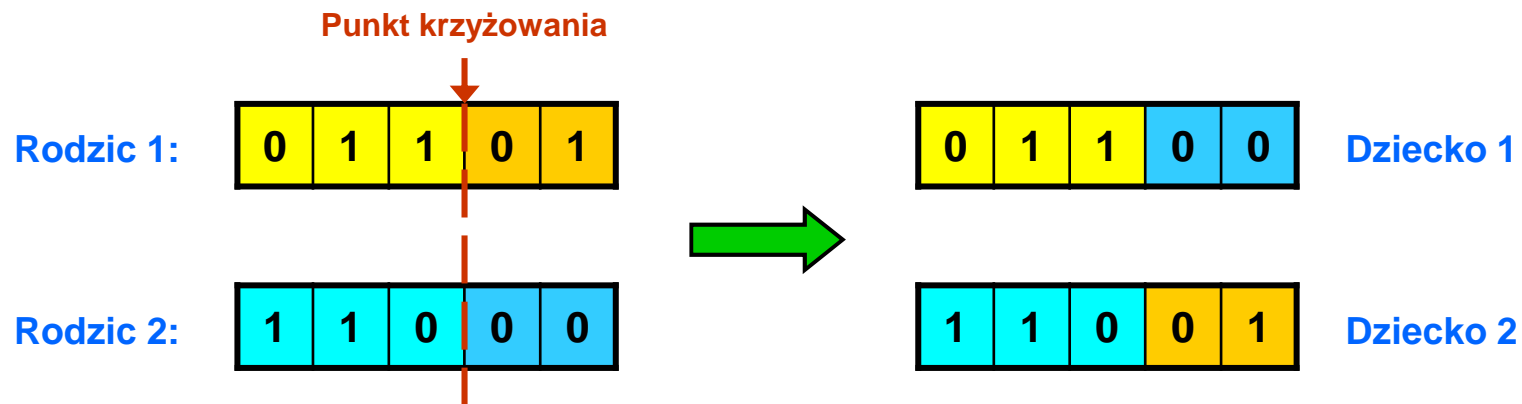
Dane są dwa chromosomy:

$$ch_1 = [01101], \quad ch_2 = [11000].$$

Wylosowano punkt krzyżowania równy 3. W wyniku otrzymujemy dwa nowe chromosomy:

$$ch_1' = [011 \ 00], \quad ch_2' = [110 \ 01].$$

Schemat krzyżowania jednopunktowego:



Modyfikacją krzyżowania jednopunktowego jest krzyżowanie wielopunktowe np. krzyżowanie dwupunktowe polega na wymianie w chromosomach rodziców tych fragmentów, które znajdują się między wyznaczonymi punktami krzyżowania.

Mutacja polega na zmianie wartości wybranego elementu ciągu kodowego. Przy kodowaniu binarnym jest to zanegowanie w chromosomie wybranej pozycji (bitu).

Mutacja może również polegać na zamianie w chromosomie dwóch dowolnych genów (bitów).

Funkcją mutacji jest zapewnienie, aby reprodukcja i krzyżowanie nie wyeliminowały potencjalnie korzystnego materiału genetycznego. Jej zadaniem jest wprowadzanie różnorodności w populacji (zapobieganie przedwczesnej zbieżności algorytmu).

W przypadku algorytmów genetycznych mutacja wykonywana jest bardzo rzadko (częstość mutacji jest rzędu jeden na tysiąc skopiowanych bitów).

Teoria schematów

Teoria schematów stanowi formalną analizę działania algorytmów genetycznych (jej twórcą jest J. H. Holland).

Schemat jest to wzorzec opisujący podzbiór ciągów podobnych ze względu na ustalone pozycje.

Do definiowania schematów używamy alfabetu $\{0,1,*\}$, gdzie symbol $*$ oznacza wartość 0 lub 1.

Chromosom ch_i należy do schematu S_j wtedy i tylko wtedy, gdy występujący na każdej pozycji symbol w ch_i odpowiada symbolowi w schemacie S_j , przy czym symbol $*$ oznacza możliwość wystąpienia 0 lub 1.

Przykładowe schematy:

$$S_1 = 1^{**}1 = \{ 1001, 1011, 1101, 1111 \}$$

$$S_2 = 11^{**} = \{ 1100, 1101, 1110, 1111 \}$$

Rzędem schematu S_j , który oznaczamy przez $o(S_j)$, nazywamy liczbę ustalonych pozycji (0 i 1) w schemacie.

$$o(S_1) = o(1^{**}1) = 2, \quad o(S_2) = o(11^{**}) = 2, \quad o(S_3) = o(^{***}1) = 1$$

Rozpiętością schematu S_j , którą oznaczamy przez $d(S_j)$, nazywamy odległość między dwiema skrajnymi pozycjami ustalonymi:

$$d(S_1) = d(1^{**}1) = 3, \quad d(S_2) = d(11^{**}) = 1, \quad d(S_3) = d(^{***}1) = 0$$

Twierdzenie o schematach

Krótkie, niskiego rzędu i oceniane powyżej średniej schematy uzyskują wykładniczo rosnącą liczbę łańcuchów (reprezentantów) w kolejnych pokoleniach algorytmu genetycznego.

Hipoteza o blokach budujących

Algorytm genetyczny poszukuje działania zbliżonego do optymalnego przez zestawienie krótkich (o małej rozpiętości), niskiego rzędu schematów o dużej wydajności działania, zwanych blokami budującymi.

Zastosowania algorytmów genetycznych

- zagadnienia optymalizacji
- automatyczne programowanie
- uczenie robotów i urządzeń
- projektowanie układów elektronicznych (np. układów logicznych, filtrów)
- wspomaganie projektowania sieci neuronowych
- modelowanie procesów w ekonomii
- modelowanie zjawisk występujących w ekologii
- modelowanie naturalnych systemów odpornościowych
- badanie systemów społecznych