

www.kwmimkm.polski.pl

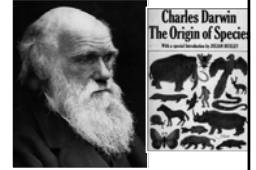
OBLICZENIA EWOLUCYJNE

wykład 2

3

Karol Darwin (1859 „On the origin of species”):

- Na świat przychodzi dużo więcej potomstwa, niż może pomieścić środowisko.
- Przeżywają nieliczni, ale za to najlepsi (selekcja naturalna).
- Ewolucja przez dobór naturalny oznacza, że przeżywają i rozmnażają się osobniki najlepiej przystosowane do warunków środowiska.



- Wynik przystosowania zależy od:
 - organizmu;
 - środowiska.



Gregor Johann **Mendel** (1822-1884) - austriacki zakonnik, augustinianin, prekursor genetyki.

- Sformułował podstawowe prawa dziedziczenia (3 prawa Mendla), przeprowadzając badania nad krzyżowaniem roślin, głównie grochu jadalnego.



Główne czynniki wpływające na ewolucję:

- **Dziedziczność** – organizmy dziedziczą cechy swoich przodków, zgodnie z zasadami genetyki.
- **Zmienność** – dziedziczność nie jest absolutnie dokładna: wprowadza przypadkowe (mutacje). Ponadto źródłami zmienności są: rekombinacja i poziomy transfer genów.
- **Ograniczone zasoby** – konieczność konkurencji organizmów o te same zasoby środowiska.
- **Przystosowanie** – niektóre cechy są korzystniejsze w danym środowisku niż inne (ułatwiają konkurencję o zasoby).
- **Różnicowa przeżywalność** – osobniki o wyższym przystosowaniu mają większe szanse przeżycia i tym samym wydania na świat potomstwa.



Równanie Price'a:

George R. Price (1922-1975) – amer. naukowiec, znany głównie z wkładu w rozwój genetyki populacji i teorii ewolucji

$$W \cdot \Delta Z = \text{cov}(w, z) + E(w \cdot \Delta z)$$

gdzie:

- W – średnie przystosowanie;
- ΔZ – zmiana średniej wartości cech w populacji;
- $\text{cov}()$ – kowariancja (określa zależność liniową między dwoma zm. losowymi)
- w – dostosowanie i-tego fenotypu;
- z – wartość cechy i-tego fenotypu;
- $E()$ – wartość oczekiwana

Człon kowariancyjny opisuje proces doboru, zaś człon wartości oczekiwanej opisuje procesy transmisyjne (np. mutacje).

Uznaje się, że równanie Price'a opisuje ilościowo, dokładnie i zupełnie proces ewolucji biologicznej (i jest największym wkładem w rozwój teorii ewolucji od czasów Darwina)



- W procesie ewolucji istotne jest zachowywanie różnorodności cech.

- Siła ewolucji to nie zaawansowany proces doskonalenia jednostki, lecz utrzymywanie dużej liczby różnorodnych osobników (tzw. populacji), która ewoluuje jako całość.
- W procesie krzyżowania cechy osobników mieszają się, mogąc dawać kombinacje cech dotąd nie występujące.
- Mutacja pozwala na powstanie osobników niemożliwych do uzyskania poprzez krzyżowanie.



AG – CO TO JEST?

- AG odwzorowują naturalne procesy ewolucji zachodzące w czasie.
- Celem tych procesów jest maksymalne dopasowanie osobników do istniejących warunków życia.
- Rolę środowiska spełnia tu funkcja oceniająca (funkcja celu).



7

- Łączą w sobie ewolucyjną zasadę przeżycia najlepiej przystosowanych osobników z systematyczną, choć zrandomizowaną wymianą informacji.
- Pomimo elementu losowości AG nie błędzą przypadkowo, lecz wykorzystują efektywnie przeszłe doświadczenia.



8

John H. Holland, 1975:

„Adaptation in Natural and Artificial Systems“:

- Koncepcja algorytmu przeszukiwania opartego na zasadzie doboru naturalnego.
- Procedurę probabilistycznego przeszukiwania dyskretnej przestrzeni stanów nazwał **algorytmem genetycznym**.



9

AG - TERMINOLOGIA

100011011

- **gen** – najmniejsza składowa chromosomu, decydująca o dziedziczności jednej lub kilku cech;
- **chromosom** – uporządkowany ciąg genów (ciąg kodowy). Zwykle utożsamiany z osobnikiem;
- **locus** – miejsce genu w chromosomie;
- **allel** – wariant (stan) jednego genu warunkujący daną cechę;
- **populacja** – pewna liczba osobników (chromosomów);



10

AG - TERMINOLOGIA

100011011

- **genotyp** – ogół genów danego osobnika;
- **fenotyp** – ogół cech ujawniających się na zewnątrz (np. rozkodowana postać zmiennych projektowych);
- **mutacja** – zmiana jednego lub kilku genów w chromosomie;
- **krzyżowanie** – operacja mająca na celu wymianę materiału genetycznego między osobnikami.



11

ALGORYTMY NAŚLADUJĄCE PROCESY ZACHODZĄCE W NATURZE:

- algorytmy genetyczne;
- programowanie ewolucyjne (ewoluujące automaty);
- programowanie genetyczne;
- strategie ewolucyjne;
- sieci neuronowe;
- algorytmy mrówkowe;
- algorytmy immunologiczne.



12

ZASTOSOWANIA PRAKTYCZNE AG (i AE):

- harmonogramowanie;
- wyznaczanie trasy połączeń kablowych;
- sterowanie adaptacyjne;
- rozgrywanie gier;
- zadanie plecakaowe;
- zadanie komiwojażera;
- sterowanie optymalne;
- optymalizacja obsługi pytań w bazach danych;



13

- nieliniowe systemy dynamiczne – analiza danych;
- przewidywanie;
- projektowanie sieci neuronowych: architektury i wagi;
- poruszanie robotem;
- tworzenie programów;
- planowanie;
- znajdowanie kształtu molekuł białek;
- tworzenie grafik i muzyki;
- ...

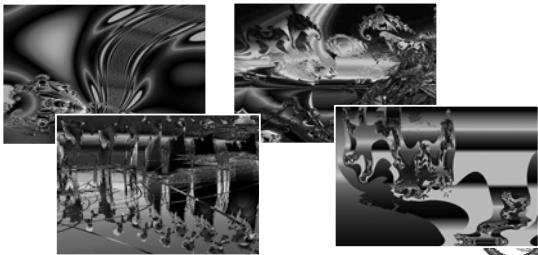


14

SZTUKA?

<http://classes.yale.edu/fractals/CA/GA/GA.html>

Steven Rooke: generowanie fraktali złożonych ze zbioru Mandelbrota. Zaczynał ze 100 obrazków w populacji przypisując każdemu funkcję estetyczną i stosując klasyczny AG.



15

MUZYKA?

Joanna Kołodziejczyk: *Elementy sztucznej inteligencji* -
<http://bijo.wi.ps.pl/>



- W chromosomie pamiętane są poziome wysokości tonów.
- Allele określają półtony mogące być odtwarzane jako akordy.
- Oceny jakości dokonuje operator nadając wagi odpowiednim chromosomom.



16

JAK DZIAŁA AG

- Generowanie (zwykle losowo) populacji początkowej.
- Ocena każdego osobnika na podstawie pewnej miary jego dopasowania
- Każda następną iteracją (pokolenie) t :
 1. Selekcja najlepszych osobników z pokolenia $t-1$
 2. Transformacja z zastosowaniem operatorów genetycznych



17

SCHEMAT DZIAŁANIA AG:

```

procedure algorytm_genetyczny
begin
  t:=0
  wybierz populację początkową P(t)
  oceń P(t)
  while (not warunek_zakończenia) do
  begin
    t:=t+1
    wybierz P(t) z P(t-1) (selekcja)
    zmień P(t) (działanie operatorów genetycznych)
    oceń P(t)
  end
end

```



18

AG MUSI MIEĆ OKREŚLONE (DLA KAŻDEGO ZADANIA):

www.kwmimkn.polisi.pl

1. Podstawową reprezentację zmiennych potencjalnego zadania;
2. Sposób tworzenia początkowej populacji potencjalnych rozwiązań;
3. Funkcję oceniającą rozwiązania;
4. Podstawowe operatory;
5. Wartości różnych parametrów (rozmiar populacji, prawdopodobieństwa użycia operatorów gen. itp.)



19

Przykład

www.kwmimkn.polisi.pl

Znaleźć:

$$\max \{f(x)=x^2\}$$

dla wartości całkowitych x z zakresu 0-31.

Populacja w chwili t :

$$P(t) = \{x^t_1, \dots, x^t_n\};$$

Założenia:

- łańcuchy 5-bitowe ($x=0,1,\dots,31$);
- liczebność populacji $n=4$.



20

Ścisłe rozwiązanie:

www.kwmimkn.polisi.pl

$$x = \boxed{1 \ 1 \ 1 \ 1 \ 1}$$

$$x = 31;$$

$$x^2 = 961.$$

Populacja początkowa (losowanie):

$$x^0_1 = \boxed{1 \ 1 \ 0 \ 0 \ 0}$$

$$x^0_2 = \boxed{0 \ 1 \ 0 \ 1 \ 1}$$

$$x^0_3 = \boxed{0 \ 1 \ 0 \ 0 \ 0}$$

$$x^0_4 = \boxed{1 \ 0 \ 0 \ 1 \ 1}$$



21

Sytuacja początkowa:

www.kwmimkn.polisi.pl

Nr osobnika	Osobnik	Wartość x	Przystosowanie $f(x)=x^2$	Prawd. wylosowania osobnika $p_i = \frac{f_i}{\sum f_i}$	Oczekiwana liczba kopii f_i / \bar{f}
1	11000	24	576	0.51	2.05
2	01011	11	121	0.11	0.43
3	01000	8	64	0.06	0.23
4	10011	19	361	0.32	1.27
Suma			1122	1.00	4.00
Średnia			281	0.25	1.00
Max			576	0.51	2.05

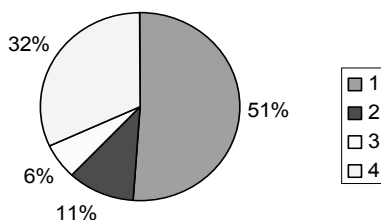


22

Selekcja:

www.kwmimkn.polisi.pl

Każdemu ciągowi kodowemu odpowiada sektor koła ruletki o polu proporcjonalnym do przystosowania:



$\langle 0, 0.51 \rangle \Rightarrow 1, \quad \langle 0.51, 0.62 \rangle \Rightarrow 2, \dots$



23

Po selekcji:

www.kwmimkn.polisi.pl

Nr osobnika	Oczekiwana liczba kopii	Liczba wylosowanych kopii	Osobnik po selekcji	Wartość x	Przystosowanie $f(x)=x^2$	Prawd. wylosowania osobnika
1	2.05	2	11000	24	576	0.35
2	0.43	1	01011	11	121	0.07
3	0.23	0	11000	24	576	0.35
4	1.27	1	10011	19	361	0.23
Suma					1634	1.0
Średnia					409	0.25
Max					576	0.35 (x2)



24

Krzyżowanie: www.kwmimkm.polisi.pl

$p_c = 0.9$

Nr osobnika	Osobnik po selekcji	Partner	Punkt krzyżowania	Osobnik po krzyżowaniu	Wartość x	Przystosowanie $f(x)=x^2$	Prawd. wylosowania osobnika
1	11000	2	4	11001	25	625	0.36
2	01011	1	4	01010	10	100	0.06
3	11000	4	2	11011	27	729	0.43
4	10011	3	2	10000	16	256	0.15
<i>Suma</i>						1710	1.0
<i>Średnia</i>						428	0.25
<i>Max</i>						729	0.43

było: 576

25

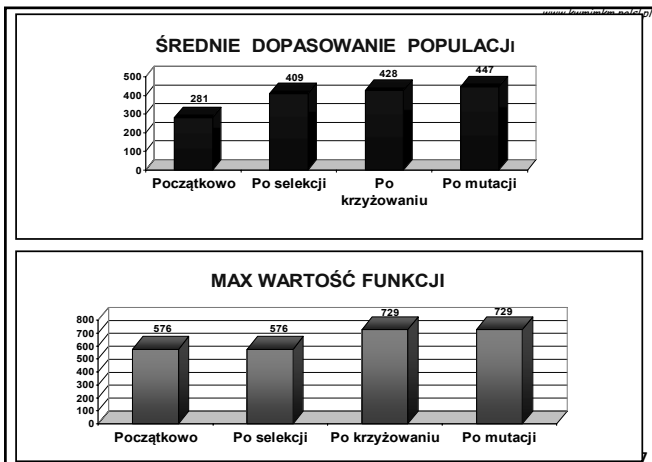
Mutacja: www.kwmimkm.polisi.pl

$p_m = 0.05$

Nr osobnika	Osobnik po krzyżowaniu	Mutacja?	Osobnik po mutacji	Wartość x	Przystosowanie $f(x)=x^2$	Prawd. wylosowania osobnika	
1	11001	NNNNN	11001	25	625	0.35	
2	01010	NNNNN	01010	10	100	0.06	
3	11011	NNNNN	11011	27	729	0.41	
4	10000	NNNTN	10010	18	324	0.18	
<i>Suma</i>						1778	1.0
<i>Średnia</i>						447	0.25
<i>Max</i>						729	0.41

było: 729

26



www.kwmimkm.polisi.pl

Rozpatrywać można zawsze zadanie maksymalizacji:

$$g(x) = -f(x)$$

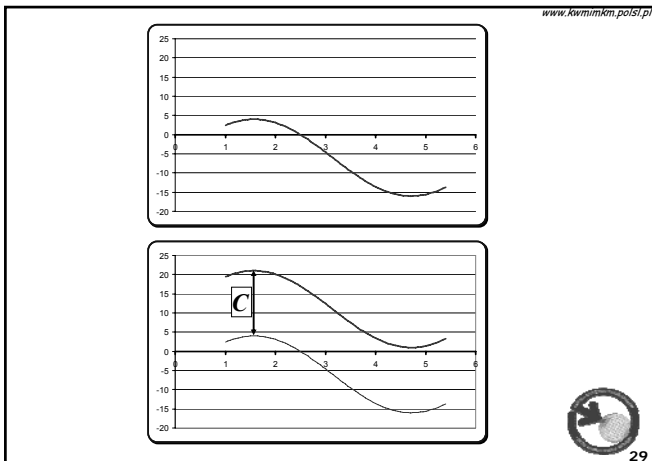
$$\min f(x) = \max g(x) = \max \{-f(x)\}$$

Zakłada się również, iż funkcja jest dodatnia w całej dziedzinie (selekcja!)

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

(jeśli $g(x)$ jest ograniczona z dołu)

28



www.kwmimkm.polisi.pl

KODOWANIE LICZB RZECZYWISTYCH

Założenia:

- $f: R^k \rightarrow R$
- $D_i = [a_i, b_i] \subseteq R$
- $f(x_1, \dots, x_k) > 0$ dla każdego $x_i \in D_i$
- dokładność do c liczb znaczących po przecinku

Wykonanie:

- Podział $D_i = [a_i, b_i]$ na $r = (b_i - a_i) \cdot 10^c$ podprzedziałów.
- Wyznaczenie najmniejszej liczby całkowitej m :

$$(b_i - a_i) \cdot 10^c \leq 2^m - 1$$

30

ODKODOWYWANIE:

www.kwmimkn.polsl.pl

1. Przekształcenie łańcucha binarnego o długości m na liczbę dziesiętną x' ;
2. Obliczenie rzeczywistej wartości liczby:

$$x = a_i + \frac{(b_i - a_i)x'}{2^m - 1}$$



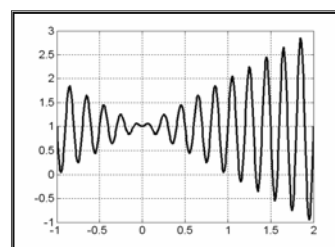
31

Przykład:

www.kwmimkn.polsl.pl

$$f(x) = x \cdot \sin(10\pi x) + 1$$

$$\max\{f(x)\}$$



- Dziedzina funkcji: $x \in [-1, 2]$
- Liczba miejsc po przecinku: $c = 6$

Na ilu bitach trzeba zakodować liczbę (wyznaczenie m)?



32

$$a_i = -1; b_i = 2; c = 6$$

www.kwmimkn.polsl.pl

liczba podprzedziałów:

$$r = (b_i - a_i) \cdot 10^c = 3 \cdot 10^6$$

$$(b_i - a_i) \cdot 10^c \leq 2^m - 1$$

$$[2 - (-1)] \cdot 10^{6+1} = 3\,000\,001 \leq 2^m$$

$$2\,097\,152 = 2^{21} \leq 3\,000\,001 \leq 2^{22} = 4\,194\,304$$

$$m = 22$$



33

Mając ciąg bitów:

www.kwmimkn.polsl.pl

1100101010010101010101

Odkodowywanie:

1. Przekształcenie łańcucha na liczbę dziesiętną x' :
 $x' = 3319125$
2. Obliczenie rzeczywistej wartości liczby:

$$x = a_i + \frac{(b_i - a_i)x'}{2^m - 1}$$

$$= -1 + \frac{3 \cdot 3319125}{4194304 - 1}$$

$$= 1.374025$$

$$a_i = -1; b_i = 2; c = 6$$



34

000000000000000000000000

www.kwmimkn.polsl.pl

111111111111111111111111



$$x' = 0$$



$$x = -1 + \frac{0}{4194304 - 1} = -1$$



$$x' = 4194303$$



$$x = -1 + \frac{3 \cdot 4194303}{4194304 - 1} = 2$$

$$a_i = -1; b_i = 2$$



35

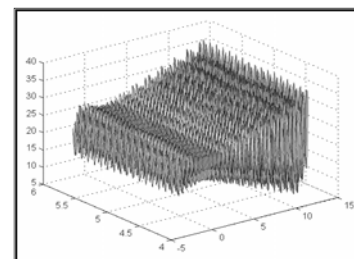
Przykład:

www.kwmimkn.polsl.pl

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

$$\max\{f(x_1, x_2)\}$$

- $x_1 \in [-3.0, 12.1]$
- $x_2 \in [4.1, 5.8]$
- $c_1 = c_2 = 4$



36

www.kwmimkn.polsl.pl

$x_1:$

$$r_1 = (b_1 - a_1) \cdot 10^c = 15.1 \cdot 10^4$$

$$15.1 \cdot 10^4 \leq 2^m - 1$$

$$131\,032 = 2^{17} \leq 151\,001 \leq 2^{18} = 262\,144$$

$$m_1 = 18$$

$x_2:$

$$r_2 = (b_2 - a_2) \cdot 10^c = 1.7 \cdot 10^4$$


$$1.7 \cdot 10^4 \leq 2^m - 1$$

$$16\,384 = 2^{14} \leq 17\,001 \leq 2^{15} = 32\,768$$

$$m_2 = 15$$

$$m = m_1 + m_2 = 33$$

11001010100101011001110101010101



37


www.kwmimkn.polsl.pl

Wielkości zadawane przed uruchomieniem AG:

- liczebność populacji,
- prawdopodobieństwo krzyżowania,
- prawdopodobieństwo mutacji,
- inne (zależą od algorytmu).

Zazwyczaj wartości dobiera się eksperymentalnie (metodą prób i błędów), indywidualnie dla rozwiązywanego problemu...


choć istnieją pewne ogólne zalecenia...



38

www.kwmimkn.polsl.pl

SCHEMATY



39

www.kwmimkn.polsl.pl

OSOBNIK	PRZYSTOSOWANIE
11000	576
01011	121
01000	64
10011	361


?

Alfabet trójkowy: { 0, 1, * }

* - symbol uniwersalny, „nieistotne”

SCHEMAT:

Wzorzec opisujący zbiór łańcuchów podobnych ze względu na ustalone pozycje.



40

www.kwmimkn.polsl.pl

$$S_1 = (*111100100)$$

(1111100100) i (0111100100)


$$S_2 = (*1*1100100)$$

(1111100100), (1101100100)

(0101100100), (0111100100)

Do każdego schematu pasuje 2^r łańcuchów
(r – liczba „*” w schemacie)

Schemat reprezentuje wszystkie łańcuchy, które zgadzają się z nim na wszystkich pozycjach innych niż „*”.



41

www.kwmimkn.polsl.pl

Ale:

Do każdego łańcucha o długości m pasuje 2^m schematów.


Np. dla łańcucha (1001):

1001,

*001, 1*01, 10*1, 100*,

01, *0*1, *00*, 11, 1*0*, 10**,

1***, *0**, **0*, ***1,

$$2^m = 2^4 = 16$$


42

Z kolei:

Dla wszystkich łańcuchów o długości m istnieje 3^m schematów.

$$(3 = \text{„1”} + \text{„0”} + \text{„*”})$$

Np. dla łańcuchów 5-bitowych:

$$2^5 = 32 \text{ różnych łańcuchów;}$$

$$3^5 = 243 \text{ różne schematy.}$$



Rząd schematu $o(S)$:

- liczba pozycji ustalonych w schemacie:

$$S_1 = (***001**10), \quad o(S_1) = 5;$$

$$S_2 = (*0**00**1*), \quad o(S_2) = 4;$$

$$S_3 = (1110011*11), \quad o(S_3) = 9;$$

Rząd schematu określa jego **specyficzność**.

$$(***)001(***) \text{ i } (00*****1)$$

ten sam rząd, ale...



Rozpiętość (długość definiująca) schematu $\delta(S)$:

- odległość pomiędzy pierwszą a ostatnią pozycją ustaloną w schemacie:

$$S_1 = (***)001**10), \quad \delta(S_1) = 10-4=6;$$

$$S_2 = (*0**00**1*), \quad \delta(S_2) = 9-2=7;$$

$$S_3 = (1110011*11), \quad \delta(S_3) = 10-1=9$$

Rozpiętość schematu określa jego **zwartość**.



Schematy:

- stanowią narzędzie do ścisłego badania i klasyfikowania podobieństw ciągów kodowych;
- są podstawowym narzędziem analizy wpływu operacji genetycznych na zachowanie populacji.



WPŁYW OPERACJI GENETYCZNYCH NA SCHEMATY

v1 = 100110000000111111010011011111
 v2 = 111000100100110111001010100011010
 v3 = 000010000011001000001010111011101
 v4 = 1000110001011010011100000110010
 v5 = 0001101100101001101011111000101 = (***)111*****
 v6 = 00010100010010101001010111111011
 v7 = 00100010000011010111101101111011
 v8 = 100001100001110100010110101100111
 v9 = 0100000101100010110000001111100
 v10 = 0000011100011000001101000011011
 v11 = 01100111110110101100001101111000
 v12 = 11010001011110101000101010000000
 v13 = 11101111101000100011000001000110
 v14 = 01001001100000101000111100101001
 v15 = 111011101101110000100011111011110
 v16 = 1100111000001111100001101001011
 v17 = 0111011111100011101000110111101
 v18 = 0111010000000111000111110101101
 v19 = 0001010001111111110000110001100
 v20 = 101110010110011100110001011111110

• L. łańcuchów pasujących do S_0 w chwili t:

$$\xi(S_0, t) = 3$$

• Rząd schematu:

$$o(S_0) = 3$$

• Rozpiętość schematu:

$$\delta(S_0) = 7-5 = 2$$



Dopasowanie schematu w chwili t:

$$eval(S, t) = \frac{\sum_{j=1}^{\xi(S, t)} eval(v_j)}{\xi(S, t)}$$

v_j - łańcuch pasujący do schematu S

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

Średnie dopasowanie populacji:

$$\bar{F}(t) = \frac{\sum_{i=1}^{pop_size} eval(v_i)}{pop_size}$$

pop_size - l. osobników w populacji

$$\bar{F}(t) = 387.776822 / 20 = 19.388841$$

Liczba łańcuchów pasująca do schematu w chwili t+1:

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

$$\xi(S, t+1) = 3 \cdot (27.081378 / 19.388841) = 3 \cdot 1.396751 = 4.19$$

$$\xi(S, t+2) = 4.19 \cdot 1.396751 = 5.85 \text{ (teoretycznie)}$$




www.kwmimkm.polisi.pl

Selekcja

$v^1 = 0110\overline{0111}1110110101100001101111000 = v1$
 $v^2 = 1000\overline{1100}0101101001111000001110010 = v4$
 $v^3 = 0010\overline{0010}0000110101111011011111011 = v7$
 $v^4 = 0110\overline{0111}1110110101100001101111000 = v11$
 $v^5 = 0001\overline{0100}001111111110000110001100 = v19$
 $v^6 = 1000\overline{1100}010110100111100001110010 = v4$
 $v^7 = 1110\overline{1110}1101110000100011111011110 = v15$
 $v^8 = 0001\overline{1100}100101001101011111000101 = v5$
 $v^9 = 0110\overline{0111}1110110101100001101111000 = v11$
 $v^{10} = 0000\overline{1000}0011001000001010111011101 = v3$
 $v^{11} = 1110\overline{1110}1101110000100011111011110 = v15$
 $v^{12} = 0100\overline{0000}010110001011000001111100 = v9$
 $v^{13} = 0001\overline{0100}001001010100101011111011 = v6$
 $v^{14} = 1000\overline{0110}0001110100010110101100111 = v8$
 $v^{15} = 1011\overline{0000}011001110011000101111110 = v20$
 $v^{16} = 1001\overline{0100}000000111111010011011111 = v1$
 $v^{17} = 0000\overline{0111}1000110000011010000111011 = v10$
 $v^{18} = 1110\overline{1111}101000100011000001000110 = v13$
 $v^{19} = 1110\overline{1110}1101110000100011111011110 = v15$
 $v^{20} = 1100\overline{1111}0000011111100001101001011 = v16$

- nie wprowadza nowych schematów;
- powiela najlepsze schematy;
- niweluje najgorsze schematy.



49

www.kwmimkm.polisi.pl


Krzyżowanie

$v'_{18} = 111011111010001000110000001000110$
 v'_{18} pasuje do 2^{33} schematów, np.:
 $S_0 = (****111*****)$
 $S_1 = (111*****10)$
 $v'_{13} = 00010100001001010100101011111011$

punkt krzyżowania: $pk = 20$

Po krzyżowaniu:

$v'_{18} = 11101111101000100011101011111011$
 $v'_{13} = 00010100001001010100000001000110$



50

www.kwmimkm.polisi.pl

$S_0 = (****111*****)$
 $S_1 = (111*****10)$


Rozpiętości schematów:
 $\delta(S_0) = 7-5=2$ $\delta(S_1) = 33-1=32$

Prawdopodobieństwo zniszczenia schematu: $p_d(S) = \frac{\delta(S)}{m-1}$

$p_d(S_0) = 2/32 = 1/16 = 0.0625$ $p_d(S_1) = 32/32 = 1$

Prawdopodobieństwo przetrwania schematu: $p_s(S) = 1 - \frac{\delta(S)}{m-1}$

$p_s(S_0) = 1 - 2/32 = 0.9375$ $p_s(S_1) = 1 - 1 = 0$



51

www.kwmimkm.polisi.pl


Uwzględniając całą populację (p_c) prawdopodobieństwo przetrwania schematu:

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

$p_c = 0.25$

$p_s(S_0) = 1 - 0.25 \cdot 2/32 = 0.9844$ $p_s(S_1) = 1 - 0.25 \cdot 1 = 0.75$

Uwzględniając możliwość pasowania obu partnerów do schematu S :

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


52

www.kwmimkm.polisi.pl


Liczba łańcuchów pasujących do schematu S w chwili $t+1$ uwzględniając selekcję i krzyżowanie:

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

(RÓWNANIE WZROSTU SCHEMATU)

U nas:

$\xi(S, t+1) \geq 3 \cdot 1.396751 \cdot (1 - 0.25 \cdot 2/32) = 4.12$
 uwzględniając tylko selekcję:
 $\xi(S, t+1) = 4.18$



53

www.kwmimkm.polisi.pl

Mutacja

$v'_{19} = 111011101101110000100011111011110$
 $S_0 = (****111*****)$

wylosowano gen nr 8:


$v''_{19} = 11101111101110000100011111011110$

Prawdopodobieństwo przetrwania bitu: $1 - p_m$

Prawdopodobieństwo przetrwania schematu:

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

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



54

RÓWNANIE WZROSTU SCHEMATU

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

U nas:

$$\xi(S, t+1) \geq 3 \cdot 1.396751 \cdot (1 - 0.25 \cdot 2/32 - 3 \cdot 0.01) = \mathbf{4.0}$$

uwzględniając selekcję i krzyżowanie:

$$\xi(S, t+1) = \mathbf{4.12}$$

uwzględniając tylko selekcję:

$$\xi(S, t+1) = \mathbf{4.18}$$

**TWIERDZENIE O SCHEMATACH:**

Krótkie, niskiego rzędu
i oceniane powyżej średniej schematy
uzyskują wykładniczo rosnącą liczbę łańcuchów
w kolejnych pokoleniach.

HIPOTEZA O BLOKACH BUDUJĄCYCH:

Algorytm genetyczny poszukuje działania zbliżonego do
optymalnego przez zestawianie krótkich, niskiego
rzędu schematów o dużej wydajności działania
zwanymi blokami budującymi (cegiełkami).

