

1. Генетические алгоритмы

1.1. Простой пример генетического алгоритма

Рассмотрим принципы работы генетических алгоритмов на максимально простом примере.

Пусть требуется найти глобальный минимум функции

$$y(x) = 5 - 24x + 17x^2 - \frac{11}{3}x^3 + \frac{1}{4}x^4$$

на отрезке $[0;7]$ (рис. 1). На этом отрезке функция принимает минимальное значение в точке $x = 1$. Очевидно, что в точке $x = 6$ функция попадает в локальный минимум. Если для нахождения глобального минимума использовать градиентные методы, то в зависимости от начального приближения можно попасть в данный локальный минимум.

Рассмотрим на примере данной задачи принцип работы генетических алгоритмов. Для простоты положим, что x принимает лишь целые значения, т.е. $x \in \{0,1,2,3,4,5,6,7\}$. Это предположение существенно упростит изложение, сохранив все основные особенности работы генетического алгоритма.

Выберем случайным образом несколько чисел на отрезке $[0;7]$: $\{2,3,5,4\}$. Будем рассматривать эти числа в качестве пробных решений нашей задачи.

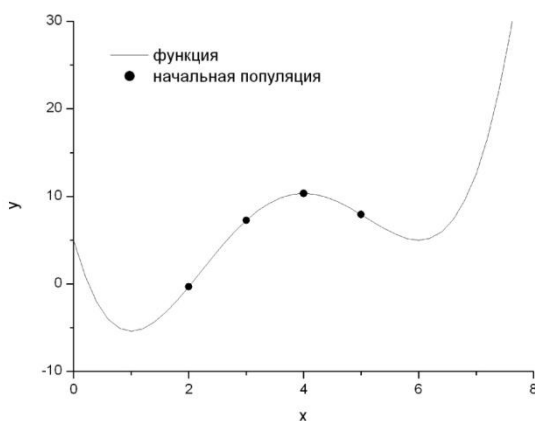


Рис. 1. График целевой функции с выбранными значениями пробных решений

Основной идеей генетических алгоритмов является организация «борьбы за существование» и «естественного отбора» среди этих пробных решений. Запишем пробные решения в двоичной форме: $\{010,011,101,100\}$. Поскольку генетические алгоритмы используют биологические аналогии, то и применяющаяся терминология напоминает биологическую. Так, одно пробное решение, записанное в двоичной форме, мы будем называть *особью* или *хромосомой*, а набор всех пробных решений – *популяцией*. Как известно, принцип естественного отбора заключается в том, что в конкурентной борьбе выживает наиболее приспособленный. В нашем случае приспособленность особи определяется целевой функцией: чем меньше значение целевой функции, тем более приспособленной является особь, т.е. пробное решение, использовавшееся в качестве аргумента целевой функции (см. табл. 1).

Теперь приступим к процессу *размножения*: попробуем на основе исходной популяции создать новую, так чтобы пробные решения в новой популяции были бы ближе к искомому глобальному минимуму целевой функции. Для этого сформируем из исходной популяции *брачные пары* для скрещивания. Поставим в соответствие каждой особи исходной популяции случайное целое число из диапазона от 1 до 4. Будем рассматривать эти числа как номера членов популяции. При таком выборе какие-то из членов популяции не будут участвовать в процессе размножения, так как образуют пару сами с собой. Какие-то члены популяции примут участие в процессе размножения неоднократно с различными особями популяции. Процесс размножения (*рекомбинация*) заключается в обмене участками хромосом между родителями. Например, пусть скрещиваются две хромосомы 111111 и 000000. Определяем случайным образом точку разрыва хромосомы, пусть, это будет 3: 111|111 000|000. Теперь хромосомы обмениваются частями, стоящими после точки разрыва, и образуют двух новых потомков: 111000 и 000111.

Таблица 1 Исходная популяция

№	Особь		
	Целое число	Двоичное число	Приспособленность
1	2	010	-0,33
2	3	011	7,25
3	5	101	7,92
4	4	100	10,33

Для нашей популяции процесс создания первого поколения потомков показан в таблице 2.

Таблица 2 Одноточечный кроссинговер

№	Особь популяции	Выбранный номер	Вторая особь-родитель	Точка кроссинговера	Особь-потомки
1	010	1	010	1	000
2	011	4	100		110
3	101	3	101	2	100
4	100	1	010		011

Следующим шагом в работе генетического алгоритма являются мутации, т.е. случайные изменения полученных в результате скрещивания хромосом. Пусть вероятность мутации равна 0,3. Для каждого потомка возьмем случайное число на отрезке $[0;1]$, и если это число меньше 0,3, то инвертируем случайно выбранный ген (заменяем 0 на 1 или наоборот) (см. табл. 3).

Таблица 3 Мутация потомков

№	Особь	Случайное число	Выбранный разряд	Потомок	Приспособленность	Приспособленность
1	000	0,1	3	001	5	
1	000	0,1	3	001	5	-5,42
2	110	0,6	-	110	5	5
3	100	0,5	-	100	10,33	10,33
4	011	0,2	1	111	7,25	12,58

Как видно на примере, мутации способны улучшить (первый потомок) или ухудшить (четвертый потомок) приспособленность особи-потомка. В результате скрещивания хромосомы обмениваются «хвостами», т.е. младшими разрядами в двоичном представлении числа. В результате мутаций изменению может подвергнуться любой разряд, в том числе, старший. Таким образом, если скрещивание приводит к относительно небольшим изменениям пробных решений, то мутации могут привести к существенным изменениям значений пробных решений (см. рис. 2).

Теперь из четырех особей-родителей и четырех полученных особей потомков необходимо сформировать новую популяцию. В новую популяцию отберем четыре наиболее приспособленных особей из числа «старых» особей и особей-потомков (см. табл. 4).

В результате получим новое поколение, которое представлено на рис. 3.

Получившуюся популяцию можно будет вновь подвергнуть кроссинговеру, мутации и отбору особей в новое поколение. Таким образом, через несколько поколений мы получим популяцию из похожих и

наиболее приспособленных особей. Значение приспособленности наиболее «хорошей» особи (или средняя приспособленность по популяции) и будет являться решением нашей задачи. Следуя этому, в данном случае, взяв наиболее приспособленную особь 001 во втором поколении, можно сказать, что минимумом целевой функции является значение $-5,42$, соответствующее аргументу $x = 1$. Тем самым попадания в локальный минимум удалось избежать! На данном примере разобран вариант простого генетического алгоритма. При дальнейшем использовании ГА к разным задачам возможно моделирование основных операторов алгоритма.

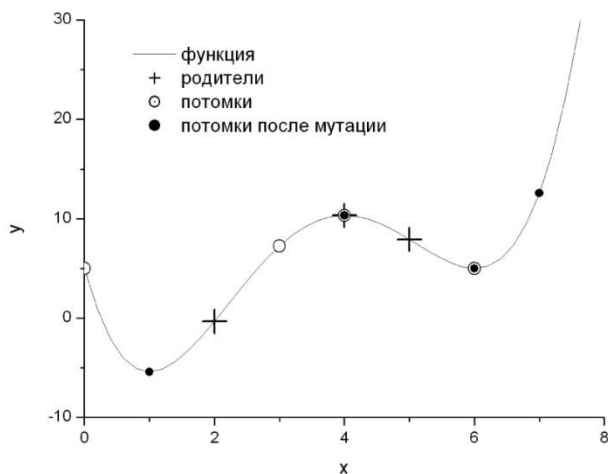


Рис. 2. Изменение популяции в процессе естественного отбора

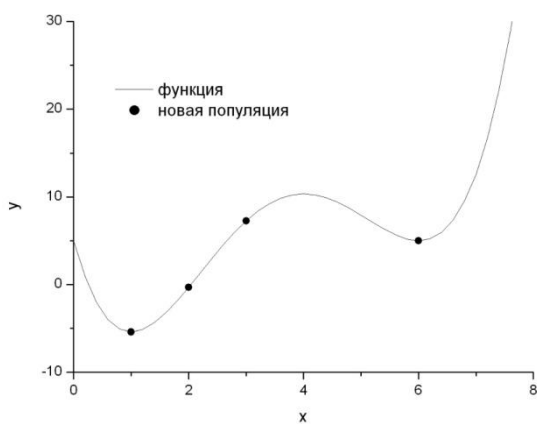


Рис. 3. Минимизируемая функция и особи новой популяции

Таблица 4 Формирование новой

популяции из особей-родителей и особей-потомков

№	Особи	Приспособленность	Новая популяция	Приспособленность особей в новой популяции
1	010	-0,33	001	-5,42
2	011	7,25	010	-0,33

3	101	7,92	110	5
4	100	10,33	011	7,25
5	001	-5,42		
6	110	5		
7	100	10,33		
8	111	12,58		

1.2. Основные понятия

Введем основные понятия, применяемые в генетических алгоритмах.

Вектор — упорядоченный набор чисел, называемых *компонентами* вектора¹. Так как вектор можно представить в виде строки его координат, то в дальнейшем понятия вектора и строки считаются идентичными.

Булев вектор — вектор, компоненты которого принимают значения из двух элементного (булева) множества, например, $\{0,1\}$ или $\{-1,1\}$.

Хеммингово расстояние — используется для булевых векторов и равно числу различающихся в обоих векторах компонент.

Хеммингово пространство — пространство булевых векторов, с введенным на нем расстоянием (метрикой) Хемминга. В случае булевых векторов размерности n рассматриваемое пространство представляет собой множество вершин n -мерного гиперкуба с хемминговой метрикой. Расстояние между двумя вершинами определяется длиной кратчайшего соединяющего их пути, измеренной вдоль ребер.

Хромосома — вектор (или строка) из каких-либо чисел. Если этот вектор представлен бинарной строкой из нулей и единиц, например, 1010011, то он получен либо с использованием *двоичного кодирования*, либо *кода Грея* (см. Приложение А.3). Каждая позиция (бит) хромосомы называется *геном*.

Индивидуум (генетический код, особь) — набор хромосом (вариант решения задачи). Обычно особь состоит из одной хромосомы, поэтому в дальнейшем особь и хромосома — идентичные понятия.

Расстояние — хеммингово расстояние между бинарными хромосомами.

Кроссинговер (кроссовер) — операция, при которой две хромосомы обмениваются своими частями. Например, 1100&1010 → 1110&1000.

Мутация — случайное изменение одной или нескольких позиций в хромосоме. Например, 1010011 → 1010001.

Инверсия — изменение порядка следования битов в хромосоме или в ее фрагменте. Например, 1100 → 0011.

Популяция — совокупность индивидуумов.

Пригодность (приспособленность) — критерий или функция, экстремум которой следует найти.

Локус — позиция гена в хромосоме

Аллель — совокупность подряд идущих генов.

Эпистаз — влияние гена на пригодность индивидуума в зависимости от значения гена, присутствующего в другом месте. Ген считают эпистатическим, когда его присутствие подавляет влияние гена в другом локусе. Эпистатические гены из-за их влияния на другие гены иногда называют ингибирующими. Подавление проявления гена неаллельным ему геном называется гипостазом, а сам подавляемый ген — гипостатическим.

Из приведенных выше определений следует, что терминология ГА представляет собой синтез собственно генетических и искусственных понятий. Так, для понятия, заимствованного из генетики, можно предъяснить его искусственный (символический) аналог. Например, хромосома и строка. В биологических системах полный генетический пакет² называется *генотипом*. В искусственных системах полный генетический пакет строк называется *структурой*. В биологических системах в процессе индивидуального развития организма взаимодействие генотипа с окружающей средой формирует совокупность внешних признаков и свойств, называемую *фенотипом*. В математическом моделировании рассматриваемая структура декодируется с помощью *множества параметров*, которое в литературе иногда называют альтернативным решением или точкой. Всевозможные значения параметров образуют *пространство решений*. В искусственной генетической системе возможно использование как числовых, так и нечисловых параметров.

¹ Заметим, что данное определение вектора отличается от определения, принятого в математике.

² Совокупность всех генов.

В биологической терминологии говорят, что хромосома образована генами. В генетике с любым локусом связана определенная генетическая функция. Поэтому можно говорить о специализированных генах. Например, ген цвета глаз животного находится в 10 локусах, т.е. голубой цвет глаз имеет 10-аллельное значение. В терминологии ГА говорят, что строки образованы значениями функции, или *детекторами*. Значения функции могут быть локализованы в различных позициях строки. Связь между естественной (биологической) и искусственной терминологией приведена в таблице 5.

Основные принципы работы ГА заключены в следующей схеме (см. также рис. 4):

1. Генерируем начальную популяцию из n хромосом.
2. Вычисляем для каждой хромосомы ее пригодность.
3. Выбираем пару хромосом-родителей с помощью одного из способов отбора.
4. Проводим *кроссинговер* двух родителей с вероятностью p_c , производя двух потомков.
5. Проводим мутацию потомков с вероятностью p_m .
6. Повторяем шаги 3–5, пока не будет сгенерировано новое поколение популяции, содержащее n хромосом.
7. Повторяем шаги 2–6, пока не будет достигнут критерий окончания процесса.

Таблица 5 Связь между естественной

(биологической) и искусственной терминологией

Хромосома	Строка
Ген	Значение функции, характеристика, детектор
Аллель	Возможные значения генов
Локус	Позиция в строке
Генотип	Фактическая структура. Кодированная хромосома.
Фенотип	Множество параметров, альтернативное решение, декодированная структура
Эпистаз	Нелинейность. Взаимодействие генов.

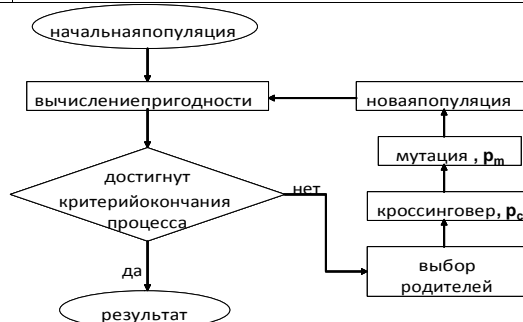


Рис. 4. Схема простого ГА

Критерием окончания процесса может служить заданное количество поколений или *схождение* (*convergence*) популяции.

Схождением называется такое состояние популяции, когда все строки популяции почти одинаковы и находятся в области некоторого экстремума. В такой ситуации кроссинговер практически никак не изменяет популяции, так как создаваемые при нем потомки представляют собой копии родителей с переменными участками хромосом. Вышедшие из этой области за счет мутации особи склонны вымирать, так как чаще имеют меньшую приспособленность, особенно если данный экстремум является глобальным максимумом. Таким образом, схождение популяции обычно означает, что найдено лучшее или близкое к нему решение.

Основными операторами ГА являются кроссинговер, мутация, выбор родителей и селекция (отбор хромосом в новую популяцию). Вид оператора играет важную роль в реализации и эффективности ГА. Существуют основные формы операторов, чистое использование или модернизация которых ведет к получению ГА, пригодного для решения конкретной задачи. Рассмотрим некоторые из них.

1.3. Операторы выбора родителей

Существует несколько подходов к выбору родительской пары. Наиболее распространенными операторами выбора родителей являются следующие.

Панмиксия — самый простой оператор отбора. В соответствии с ним каждому члену популяции сопоставляется случайное целое число на отрезке $[1;n]$, где n — количество особей в популяции. Будем рассматривать эти числа как номера особей, которые примут участие в скрещивании. При таком выборе какие-то из членов популяции не будут участвовать в процессе размножения, так как образуют пару сами с собой. Какие-то члены популяции примут участие в процессе воспроизводства неоднократно с различными особями популяции. Несмотря на простоту, такой подход универсален для решения различных классов задач. Однако он достаточно критичен к численности популяции, поскольку эффективность алгоритма, реализующего такой подход, снижается с ростом численности популяции.

Инбридинг представляет собой такой метод, когда первый родитель выбирается случайным образом, а вторым родителем является член популяции ближайший к первому. Здесь «ближайший» может пониматься, например, в смысле минимального расстояния Хемминга (для бинарных строк) или евклидова расстояния между двумя вещественными векторами. Расстояние Хемминга равно числу различающихся локусов (разрядов) в бинарной строке. Пример определения родства бинарных хромосом при выборе родительской пары для хромосомы 1010001 показан в табл. 6.

При *аутбридинге* также используют понятие схожести особей. Однако теперь брачные пары формируют из максимально далеких особей.

Последние два способа по разному влияют на поведение генетического алгоритма. Так, инбридинг можно охарактеризовать свойством концентрации поиска в локальных узлах, что фактически приводит к разбиению популяции на отдельные локальные группы вокруг подозрительных на экстремум участков ландшафта. Аутбридинг же направлен на предупреждение сходимости алгоритма к уже найденным решениям, заставляя алгоритм просматривать новые, неисследованные области. Инбридинг и аутбридинг бывает генотипным (когда в качестве расстояния берется разность значений целевой функции для соответствующих особей) и фенотипным (в качестве расстояния берется расстояние Хемминга).

Таблица 6 Хеммингово расстояние

между хромосомами популяции и хромосомой 1010001

Хромосомы популяции	Количество отличающихся локусов
1000000	2
1010101	1
1111111	4
1100001	2
0110011	3
0100011	4
0011100	4
0000000	3

Селекция состоит в том, что родителями могут стать только те особи, значение приспособленности которых не меньше пороговой величины, например, среднего значения приспособленности по популяции. Такой подход обеспечивает более быструю сходимость алгоритма. Однако из-за быстрой сходимости селективный выбор родительской пары не подходит тогда, когда ставится задача определения нескольких экстремумов, поскольку для таких задач алгоритм, как правило, быстро сходится к одному из решений. Кроме того, для некоторых многомерных задач со сложным ландшафтом целевой функции быстрая сходимость может превратиться в преждевременную сходимость к квазиоптимальному решению. Этот недостаток может быть отчасти компенсирован использованием подходящего механизма отбора, который бы «тормозил» слишком быструю сходимость алгоритма.

Пороговая величина в селекции может быть вычислена разными способами. Поэтому в литературе по ГА выделяют различные вариации селекции. Наиболее известные из них — это *турнирный* и *рулеточный* (пропорциональный) отборы.

При *турнирном отборе* (*tournament selection*) из популяции, содержащей N особей, выбираются случайным образом t особей, и лучшая из них особь записывается в промежуточный массив (рис. 5). Эта операция повторяется N раз. Особи в полученном промежуточном массиве затем используются для скрещивания (также случайным образом). Размер группы строк, отбираемых для турнира, часто равен 2. В этом случае говорят о двоичном (парном) турнире. Вообще же t называют численностью турнира. Преимуществом данного способа является то, что он не требует дополнительных вычислений.

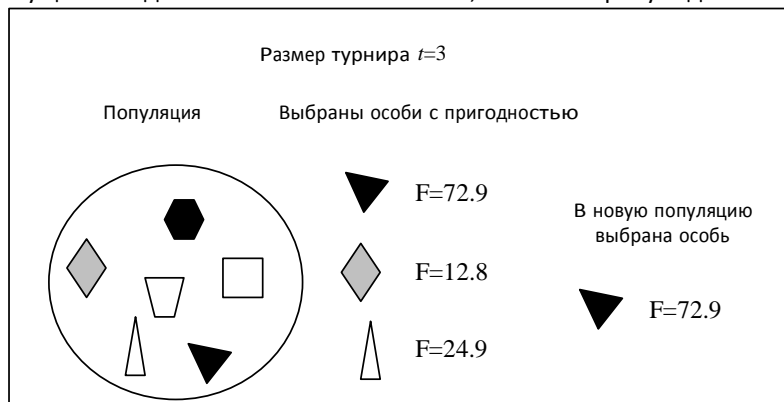


Рис. 5. Турнирный отбор

В *методе рулетки* (*roulette-wheel selection*) особи отбираются с помощью N «запусков» рулетки, где N — размер популяции. Колесо рулетки содержит по одному сектору для каждого члена популяции. Размер i -го сектора пропорционален вероятности попадания в новую популяцию $P(i)$, вычисляемой по формуле:

$$P(i) = \frac{f(i)}{\sum_{i=1}^N f(i)},$$

где $f(i)$ — пригодность i -й особи. Ожидаемое число копий i -ой хромосомы после оператора рулетки определяются по формуле $N_i = P(i)N$.

При таком отборе члены популяции с более высокой приспособленностью с большей вероятностью будут чаще выбираться, чем особи с низкой приспособленностью (табл. 7).

Другие способы отбора можно получить на основе модификации выше приведенных. Так, например, в рулеточном отборе можно изменить формулу для вероятности попадания особи в новую популяцию.

1.4. Рекомбинация (воспроизведение)

Оператор рекомбинации применяют сразу же после оператора отбора родителей для получения новых особей-потомков. Смысл рекомбинации заключается в том, что созданные потомки должны наследовать генную информацию от обоих родителей. Различают *дискретную рекомбинацию* и *кроссинговер*.

1.4.1. Дискретная рекомбинация

Дискретная рекомбинация (*Discrete recombination*) в основном применяется к хромосомам с вещественными генами. Основными способами дискретной рекомбинации являются собственно дискретная рекомбинация, промежуточная, линейная и расширенно линейная рекомбинации.

Дискретная рекомбинация соответствует обмену генами между особями. Для иллюстрации данного оператора сравним две особи с тремя генами:

Особь 1	12	25	7
Особь	116	4	34

2			
---	--	--	--

Для создания двух потомков с равной вероятностью случайно выберем номер особи для каждого гена:

Схема 1	2	2	1
Схема 2	1	2	1

Таблица 7 Метод рулетки. Суммарная

пригодность = 200, суммарная вероятность = 1

Популяция из 5 особей	Пригодность	Вероятность выбора
C_1	52	$52/200 = 0,26$
C_2	85	$85/200 = 0,425$
C_3	37	$37/200 = 0,185$
C_4	3	$3/200 = 0,015$
C_5	23	$23/200 = 0,115$

Согласно схеме создадим потомков:

Потомок 1	116	4	7
Потомок 2	12	4	7

Дискретная рекомбинация применима для любого типа генов (двоичные, вещественные и символьные).

Промежуточная рекомбинация (*Intermediate recombination*) применима только к вещественным переменным, но не к бинарным. В данном методе предварительно определяется числовой интервал значений генов потомков, который должен содержать значения генов родителей. Потомки создаются по следующему правилу:

$$\text{Потомок} = \text{Родитель 1} + \alpha \cdot (\text{Родитель 2} - \text{Родитель 1}),$$

где множитель α — случайное число на отрезке $[-d, 1 + d]$, $d > 0$. Как отмечают сторонники этого метода, наиболее оптимальное воспроизведение получается при $d = 0,25$. Для каждого гена создаваемого потомка выбирается отдельный множитель α . Рассмотрим применение оператора на примере. Пусть два родителя имеют следующие значения генов:

Особь 1	12	25	7
Особь 2	116	4	34

Случайно выберем значения $\alpha \in [-0,25; 1,25]$ для каждого гена обоих потомков:

Схема 1	0,5	1,1	-0,1
Схема 2	0,1	0,8	0,5

Вычислим значения генов потомков по предложенной выше формуле:

Потомок 1	$12 + 0,5(116 - 12) = 64$	$25 + 1,1(4 - 25) = 1,9$	4,3
Потомок 2	$12 + 0,1(116 - 12) = 22,4$	$25 + 0,8(4 - 25) = 8,2$	20,5

При промежуточной рекомбинации возникают значения генов, отличные от значения генов особей-родителей. Это приводит к возникновению новых особей, пригодность которых может быть лучше, чем

пригодность родителей. В литературе такой оператор рекомбинации иногда называется *дифференциальным скрещиванием*.

Линейная рекомбинация (*Line recombination*) отличается от промежуточной тем, что множитель α выбирается для каждого потомка один раз. Рассмотрим гены приведенных выше родителей. Пусть значение α определяется следующим образом:

Схема 1	0,5
Схема 2	0,1

Тогда гены созданных потомков примут следующие значения:

Потомок 1	$12 + 0,5(116 - 12) = 64$	$25 + 0,5(4 - 25) = 14,5$	20,5
Потомок 2	$12 + 0,1(116 - 12) = 22,4$	$25 + 0,1(4 - 25) = 22,9$	9,7

Если рассматривать особи популяции как точки в k -мерном пространстве, где k — количество генов в одной особи, то можно сказать, что при линейной рекомбинации генерируемые точки потомков лежат на прямой, заданной двумя точками — родителями.

1.4.2. Кроссинговер (бинарная рекомбинация)

Рекомбинацию бинарных строк принято называть кроссинговером (кроссовером) или скрещиванием.

Одноточечный кроссинговер (*Single-point crossover*) моделируется следующим образом. Пусть имеются две родительские особи с хромосомами $X = \{x_i, i \in [0; L]\}$ и $Y = \{y_i, i \in [0; L]\}$. Случайным образом определяется точка внутри хромосомы (точка разрыва), в которой обе хромосомы делятся на две части и обмениваются ими. Такой тип кроссинговера называется *одноточечным*, так как при нем родительские хромосомы разделяются только в одной случайной точке.

Родители	Потомки
$X_1X_2X_3 \dots X_{n-1}X_n \dots X_m$	$\rightarrow X_1X_2X_3 \dots X_{n-1}Y_n \dots Y_m$
$Y_1Y_2Y_3 \dots Y_{n-1}Y_n \dots Y_m$	$\rightarrow Y_1Y_2Y_3 \dots Y_{n-1}X_n \dots X_m$

Рис. 6. Одноточечный кроссинговер

Также применяется двух- и N -точечный кроссинговер.

В **двухточечном кроссинговере** (и многоточечном кроссинговере вообще) хромосомы рассматриваются как циклы, которые формируются соединением концов линейной хромосомы вместе. Для замены сегмента одного цикла сегментом другого цикла требуется выбор двух точек разреза. В этом представлении, одноточечный кроссинговер может быть рассмотрен как кроссинговер с двумя точками, но с одной точкой разреза, зафиксированной в начале строки. Следовательно, двухточечный кроссинговер решает ту же самую задачу, что и одноточечный, но более полно. Хромосома, рассматриваемая как цикл, может содержать большее количество стандартных блоков, так как они могут совершить «циклический возврат» в конце строки (рис. 7). В настоящий момент многие исследователи соглашаются, что двухточечный кроссинговер вообще лучше, чем одноточечный.

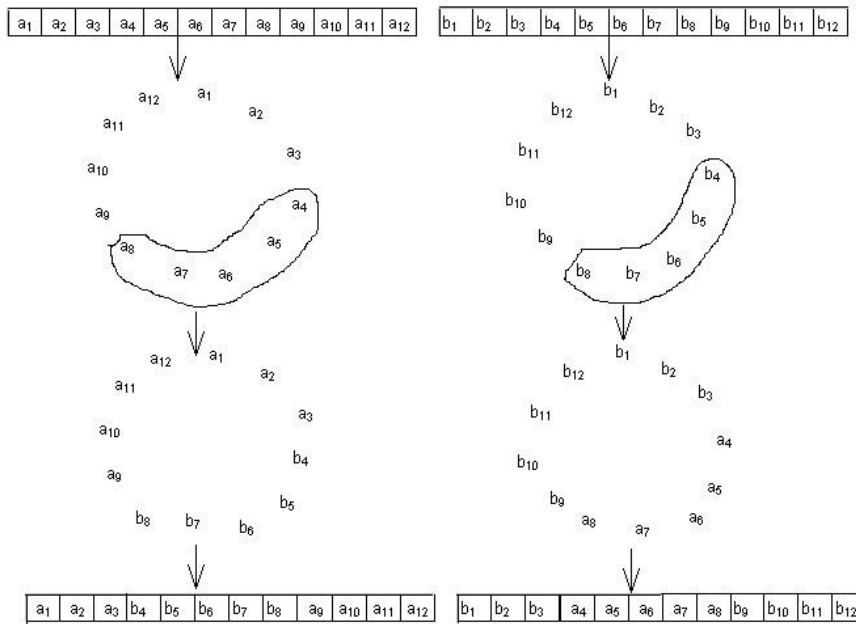


Рис. 7. Двухточечный кроссинговер

Для **многоточечного кроссинговера (Multi-point crossover)**, выбираем m точек разреза $k_i \in \{1, 2, \dots, Nvar\}$, $i = 1 : m$, $Nvar$ — количество переменных (генов) в особи. Точки разреза выбираются случайно без повторов и сортируются в порядке возрастания. При кроссинговере происходит обмен участками хромосом, ограниченными точками разреза и таким образом получают двух потомков. Участок особи с первым геном до первой точки разреза в обмене не участвует. Сравним следующие две особи по 11 двоичным генам.

Особь 1	0	1	1	1	0	0	1	1	0	1	0
Особь 2	1	0	1	0	1	1	0	0	1	0	1

Выберем точки разреза кроссинговера:

Точка разреза ($m = 3$)	2	6	10
---------------------------	---	---	----

Создадим двух новых потомков:

Потомок 1	0	1	1	0	1	1	1	1	0	1	1
Потомок 2	1	0	1	1	0	0	0	0	1	0	0

Применение многоточечного кроссинговера требует введения нескольких переменных (точек разреза), и для воспроизведения выбираются особи с наибольшей приспособленностью.

Одноточечный и многоточечный кроссинговер определяют точки разреза, которые разделяют особи на части. **Однородный кроссинговер (Uniform crossover)** создает маску (схему) особи, в каждом локусе которой находится потенциальная точка кроссинговера. Маска кроссинговера имеет ту же длину, что и скрещиваемые особи. Создать маску можно следующим образом: введем некоторую величину $0 < p_0 < 1$, и если случайное число больше p_0 , то на n -ю позицию маски ставим 0, иначе — 1. Таким образом, гены маски представляют собой случайные двоичные числа (0 или 1). Согласно этим значениям, геном потомка становится первая (если ген маски = 0) или вторая (если ген маски = 1) особь-родитель. Например, рассмотрим особи:

Особь 1	0	1	1	1	0	0	1	1	0	1	0
Особь 2	1	0	1	0	1	1	0	0	1	0	1

Для каждого создаваемого потомка создадим маску из 11 случайно выбранных элементов из множества {0;1}:

Маска 1	0	1	1	0	0	0	1	1	0	1	0
Маска 2	1	0	0	1	1	1	0	0	1	0	1

Создадим потомков по следующему правилу: если на i -ом месте в соответствующей маске стоит 1, то ген 1 родителя переходит потомку, иначе наследуется ген второго родителя. Получим следующие особи:

Потомок 1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1
Потомок 2	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0

Однородный кроссинговер очень похож на многоточечный, но строка случайных битовых значений в нем длиннее. Это гарантирует, что в потомках будут чередоваться короткие строки особей-родителей.

Алгоритм однородного кроссинговера для двоичных строк полностью идентичен дискретному воспроизведению для вещественных хромосом. Такой вид кроссинговера еще называют унифицированным.

Триадный кроссинговер (*Triadic crossover*). Данная разновидность кроссинговера отличается от однородного тем, что после отбора пары родителей из остальных членов популяции случайным образом выбирается особь, которая в дальнейшем используется в качестве маски. Далее 10 % генов маски мутируют. Затем гены первого родителя сравниваются с генами маски: если гены одинаковы, то они передаются первому потомку, в противном случае на соответствующие позиции хромосомы потомка переходят гены второго родителя. Генотип второго потомка отличается от генотипа первого тем, что на тех позициях, где у первого потомка стоят гены первого родителя, у второго потомка стоят гены второго родителя и наоборот.

Перетасовочный кроссинговер (*Shuffler crossover*). В данном алгоритме особи, отобранные для кроссинговера, случайным образом обмениваются генами. Затем выбирают точку для одноточечного кроссинговера и проводят обмен частями хромосом. После скрещивания созданные потомки вновь тасуются. Таким образом, при каждом кроссинговере создаются не только новые потомки, но и модифицируются родители (старые родители удаляются), что позволяет сократить число операций по сравнению с однородным кроссинговером.

Кроссинговер с уменьшением замены (*Crossover with reduced surrogate*). Оператор уменьшения замены ограничивает кроссинговер, чтобы всегда, когда это возможно, создавать новые особи. Это осуществляется за счет ограничения на выбор точки разреза: точки разреза должны появляться только там, где гены различаются.

Как было показано выше, кроссинговер генерирует новое решение (в виде особи-потомка) на основе двух имеющихся, комбинируя их части. Поэтому число различных решений, которые могут быть получены кроссинговером при использовании одной и той же пары готовых решений, ограничено. Соответственно, пространство, которое ГА может покрыть, используя лишь кроссинговер, жестко зависит от генофонда популяции. Чем разнообразнее генотипы решений популяции, тем больше пространство покрытия. При обнаружении локального оптимума соответствующий ему генотип будет стремиться занять все позиции в популяции, и алгоритм может сойтись к ложному оптимуму. Поэтому в генетическом алгоритме важную роль играют мутации. Существует несколько способов мутирования генов. Вопрос о выборе подходящего оператора мутации решается в рамках поставленной задачи.

1.5. Мутация

После процесса воспроизводства происходят мутации (*mutation*). Данный оператор необходим для «выбивания» популяции из локального экстремума и препятствует преждевременной сходимости. Это достигается за счет того, что изменяется случайно выбранный ген в хромосоме (рис. 8).

$$X_1X_2 \dots X_n-1X_nX_{n+1} \dots X_m \rightarrow X_1X_2 \dots X_n-1\bar{X}_nX_{n+1} \dots X_m$$

Рис. 8. Мутация в точке x_n

Так же как и кроссинговер, мутации могут проводиться не только по одной случайной точке. Можно выбирать для изменения несколько точек в хромосоме, причем их число также может быть случайным. Используют и мутации с изменением сразу некоторой группы подряд идущих точек.

Вероятность мутации p_m (как правило, $p_m \ll 1$) может являться или фиксированным случайным числом на отрезке $[0;1]$, или функцией от какой-либо характеристики решаемой задачи. Например, можно положить вероятность мутирования генов, обратно пропорциональную числу всех генов в особи (размерности).

Оптимальное значение вероятности мутации обсуждается в разных статьях. Так, например, мутация с фиксированной вероятностью приводит к хорошим результатам для широкого класса тестовых функций (например, для унимодальных функций³). Для мультимодальных функций применяют самоадаптирующуюся оценку вероятности. Ниже приведены основные варианты мутирования.

Мутация для вещественных особей (Real valued mutation). На рис. 9 показана возможная мутация для особей с вещественными генами в двумерном пространстве.

Для мутации особей с вещественными числами необходимо определить величину шага мутации — число, на которое изменится значение гена при мутировании.

Обычно определение шага мутации представляет некоторую трудность. Оптимальный размер шага должен меняться в течение всего процесса поиска. Наиболее пригодны маленькие шаги, но иногда большие шаги могут привести к ускорению процесса. Гены могут мутировать согласно следующему правилу:

$$\text{новая переменная} = \text{старая переменная} \pm \alpha \cdot \delta,$$

где знаки + или – выбираются с равной вероятностью, $\alpha = 0,5 \times$
 \times поисковое пространство (интервал изменения данной переменной),

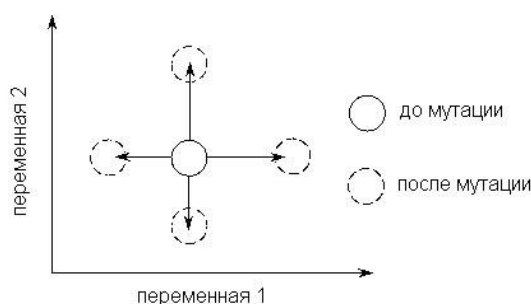
$$\delta = \sum_{i=1}^m a(i)2^{-i},$$

$a(i) = 1$ с вероятностью $\frac{1}{m}$, в противном случае $a(i) = 0$, m — параметр.

Новая особь, получившаяся при такой мутации, в большинстве случаев не намного отличается от старой. Это связано с тем, что вероятность маленького шага мутации выше, чем вероятность большого шага. При $m = 20$, данный алгоритм мутации пригоден для локализации оптимума с точностью $\alpha \cdot 2^{-19}$.

Двоичная мутация (Binary mutation). Для особей, кодированных двоичным кодом или кодом Грея, мутация заключается в случайном инвертировании гена (0 заменяется 1 и наоборот). Эффект мутации зависит от примененного способа кодирования генов. Так, в одних задачах при мутации наилучший эффект достигается в случае, когда особи закодированы кодом Грея, а в других — с помощью двоичного кода.

Плотность мутации (Density mutation). Стратегия мутации с использованием понятия плотности заключается в мутировании каждого гена потомка с заданной вероятностью. Таким образом, кроме вероятности применения мутации к самому потомку используется еще вероятность применения мутации к каждому его гену, величину которой выбирают с таким расчетом, чтобы в среднем мутировало от 1 до 10 % генов.



³ Унимодальная функция — одновершинная функция.

Рис. 9. Мутация для особей с вещественными генами

Другие виды мутаций. Пусть особь t представлена следующей последовательностью генов t_i : $t = t_1, \dots, t_k$. Тогда можно применить следующие операторы мутации:

1. *Присоединение* случайного гена из совокупности всевозможных значений генов к концу последовательности: $t \rightarrow t_1, \dots, t_k, s$.
2. *Вставка* случайного гена из совокупности всевозможных значений генов в случайно выбранную позицию в последовательности: $t \rightarrow t_1, \dots, t_{i-1}, s, t_i, \dots, t_k$.
3. *Удаление* случайно выбранного гена из последовательности: $t \rightarrow t_1, \dots, t_{i-1}, t_{i+1}, \dots, t_k$.
4. *Обмен* местами в последовательности двух соседей одного случайно выбранного гена: $t \rightarrow t_1, \dots, t_{i+1}, s, t_{i-1}, \dots, t_k$.

Следует заметить, что мутация 1 является частным случаем мутации 2. Для особей с фиксированным размером (количество генов в последовательности) возможно применение в чистом виде только 4 мутации, а 1 и 2 мутации должны применяться в сочетании с мутацией 3.

1.6. Операторы отбора особей в новую популяцию

Для создания новой популяции можно использовать различные методы отбора особей.

Отбор усечением (*Truncation selection*). При отборе усечением используют популяцию, состоящую как из особей-родителей, так и особей-потомков, отсортированную по возрастанию значений функции пригодности особей. Число особей для скрещивания выбирается в соответствии с порогом $T \in [0;1]$. Порог определяет, какая доля особей, начиная с самой первой (самой пригодной), будет принимать участие в отборе. В принципе, порог можно задать и числом больше 1, тогда он будет просто равен числу особей из текущей популяции, допущенных к отбору. Среди особей, попавших «под порог», случайным образом выбирается одна и записывается в новую популяцию. Процесс повторяется N раз, пока размер новой популяции не станет равен размеру исходной популяции. Новая популяция состоит только из особей с высокой пригодностью, причем одна и та же особь может встречаться несколько раз, а некоторые особи, имеющие пригодность выше пороговой, могут не попасть в новую популяцию.

Из-за того, что в этой стратегии используется отсортированная популяция, время ее работы может быть большим для популяции большого размера и зависеть также от алгоритма сортировки.

Элитарный отбор (*Elite selection*). Создается промежуточная популяция, которая включает в себя как родителей, так и их потомков. Члены этой популяции оцениваются, а за тем из них выбираются N самых лучших (пригодных), которые и войдут в следующее поколение. Зачастую данный метод комбинируют с другими — выбирают в новую популяцию, например, 10 % «элитных» особей, а остальные 90 % — одним из традиционных методов селекции. Иногда эти 90 % особей создают случайно, как при создании начальной популяции перед запуском работы генетического алгоритма. Использование стратегии элитизма оказывается весьма полезным для эффективности ГА, так как не допускает потерю лучших решений. К примеру, если популяция сошлась в локальном максимуме, а мутация вывела одну из строк в область глобального, то при предыдущей стратегии весьма вероятно, что эта особь в результате скрещивания будет потеряна, и решение задачи не будет получено. Если же используется элитизм, то полученное хорошее решение будет оставаться в популяции до тех пор, пока не будет найдено еще лучшее.

Отбор вытеснением (*Exclusion selection*). В данном отборе выбор особи в новую популяцию зависит не только от величины ее пригодности, но и от того, есть ли уже в формируемой популяции особь с аналогичным хромосомным набором. Отбор проводится из числа родителей и их потомков. Из всех особей с одинаковой приспособленностью предпочтение сначала отдается особям с разными генотипами. Таким образом, достигаются две цели: во-первых, не теряются лучшие найденные решения, обладающие различными хромосомными наборами, во-вторых, в популяции постоянно поддерживается генетическое разнообразие. Вытеснение в данном случае формирует новую популяцию скорее из удаленных особей, вместо особей, группирующихся около текущего найденного решения. Данный метод наиболее пригоден для многоэкстремальных задач, при этом помимо определения глобальных

экстремумов появляется возможность выделить и те локальные максимумы, значения которых близки к глобальным.

Метод Больцмана, или метод отжига (*Bolzman selection*). В данном методе вероятность отбора в новую популяцию зависит от управляющего параметра — температуры T .

Обычно вероятность попадания в новую популяцию вычисляется по следующей формуле:

$$p = \frac{1}{1 + \exp \frac{f(i) - f(j)}{T}},$$

где $f(i)$ и $f(j)$ — значения целевой функции i и j особей, соответственно. Номера особей i и j выбираются случайно. Если значение p окажется больше случайного числа на интервале $(0;1)$, то в новую популяцию попадет особь $f(i)$, иначе $f(j)$.

В некоторых случаях применяется альтернативная формула:

$$p = \frac{\exp(f(i)/T)}{\langle \exp(f(i)/T) \rangle},$$

где h_i — среднее по популяции на итерации с номером t . Если p окажется больше случайного числа на интервале $(0;1)$, то особь $f(i)$ попадет в новую популяцию.

В данном методе первым поколениям соответствуют высокие температуры, и вероятность отбора особей велика (поддерживается многообразие в новой популяции). Постепенно с ростом количества поколений ГА температура снижается, вероятность отбора уменьшается и в новую популяцию попадают те особи, приспособленность которых минимальна. Данный метод отбора используется для узкого класса задач (например, нахождение основного состояния спиновых стекол).