

# Evolutionäre Algorithmen

## Das Schematheorem

**Prof. Dr. Rudolf Kruse**      **Christian Moewes**

{kruse,cmoewes}@iws.cs.uni-magdeburg.de

Otto-von-Guericke-Universität Magdeburg

Fakultät für Informatik

Institut für Wissens- und Sprachverarbeitung

# Übersicht

## 1. Motivation

Schemata

Einfluss der Selektion

Einfluss der Mutation

Einfluss des Crossover

## 2. Herleitung des Schematheorems

## 3. Implikationen des Schematheorems

## 4. Kritik am Schematheorem

## 5. Zusammenfassung

# Warum funktionieren EAs?

- **Ansatz** von [Holland, 1975]:
  - betrachte Chromosomenschemata (d.s. nur teilweise festgelegte Chromosomen)
  - untersuche, wie sich Zahl der Chromosomen, die zu Schema passen, über Generationen hinweg entwickelt
- **Ziel:** zumindest grobe stochastische Aussage darüber, wie  $\Omega$  von EAs durchforstet wird
- zur **Vereinfachung** der Darstellung: Beschränkung auf
  - Bitfolgen (Chromosomen aus Nullen und Einsen) mit fester Länge  $L$
  - fitnessproportionale Selektion (Glücksradauswahl)
  - Binär-Mutation (Mutieren jedes Bits mit  $W$ 'keit)
  - 1-Punkt-Crossover (Durchschneiden an einer Stelle und Vertauschen)

---

## Algorithm 1 Genetischer Algorithmus

---

**Input:** Zielfunktion  $F$

```
1:  $t \leftarrow 0$ 
2:  $P(t) \leftarrow$  erzeuge Population mit  $\mu$  Individuen          /*  $\mu$  muss gerade sein */
3: bewerte  $P(t)$  durch  $F$ 
4: while Terminierungsbedingung nicht erfüllt {
5:    $P'(t) \leftarrow$  selektiere  $\mu$  Individuen  $A^{(1)}, \dots, A^{(\mu)}$  aus  $P(t)$  mittels Glücksradauswahl
6:    $P'' \leftarrow \emptyset$ 
7:   for  $i \leftarrow 1, \dots, \frac{\mu}{2}$  {
8:      $u \leftarrow$  wähle Zufallszahl gemäß  $U([0, 1])$ 
9:     if  $u \leq p_x$  {                                          /* Rekombinationsw'keit  $p_x$  */
10:       $B, C \leftarrow$  1-Punkt-Crossover( $A^{(2i-1)}, A^{(2i)}$ )
11:    } else {
12:       $B \leftarrow A^{(2i-1)}$ 
13:       $C \leftarrow A^{(2i)}$ 
14:    }
15:     $B \leftarrow$  Binär-Mutation( $B$ )
16:     $C \leftarrow$  Binär-Mutation( $C$ )
17:     $P'' \leftarrow P'' \cup \{B, C\}$ 
18:  }
19:  bewerte  $P''$  durch  $F$ 
20:   $t \leftarrow t + 1$ 
21:   $P(t) \leftarrow P''$ 
22: }
23: return bestes Individuum aus  $P(t)$ 
```

---

# Schemata

## Definition (Schema)

Ein **Schema**  $h$  ist eine Zeichenkette der Länge  $L$  über dem Alphabet  $\{0, 1, *\}$ , d.h.  $h \in \{0, 1, *\}^L$ .

Das Zeichen  $*$  heißt **Jokerzeichen** oder **Don't-Care-Symbol**.

## Definition (Passung)

Ein Chromosom  $c \in \{0, 1\}^L$  **passt zu einem Schema**  $h \in \{0, 1, *\}^L$ , in Zeichen:  $c \triangleleft h$ , wenn es mit  $h$  an allen Stellen übereinstimmt, an denen  $h$  eine 0 oder eine 1 enthält.

(Stellen, an denen ein  $*$  steht, bleiben unberücksichtigt.)

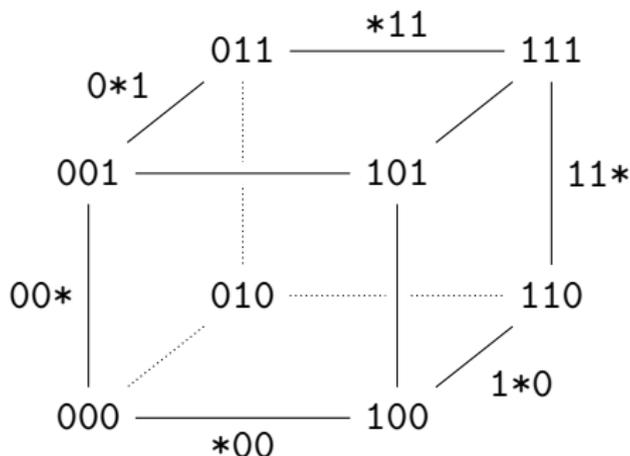
## Schemata: Ein Beispiel

$h = \quad **0*11*10*$       Schema der Länge 10  
 $c_1 = \quad 1100111100$       passt zu  $h$ ,      also  $c_1 \triangleleft h$   
 $c_2 = \quad 1111111111$       passt nicht zu  $h$ , also  $c_2 \not\triangleleft h$

- es gibt  $2^L$  Chromosomen und  $3^L$  Schemata
  - jedes Chromosom passt zu  $\sum_{i=0}^L \binom{L}{i} = 2^L$  Schemata
  - Population der Größe  $\mu$  kann bis zu  $\mu 2^L$  Schemata haben
    - normalerweise aber viel weniger aufgrund ähnlicher Chromosomen
  - Betrachtung eines Chromosoms  $\hat{=}$  Betrachtung vieler Schemata
- $\Rightarrow$  **impliziter Parallelismus**

## Schemata: Hyperebenen

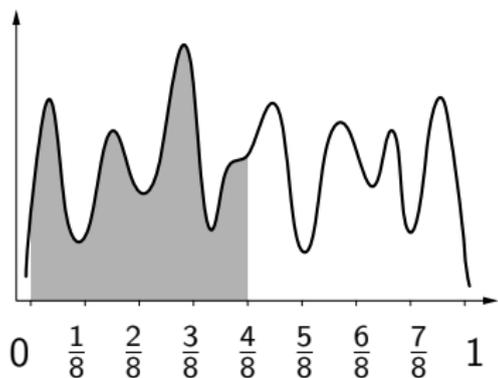
- jedes Schema beschreibt Hyperebene im Hypereinheitswürfel  
(aber nur Ebenen, die parallel oder senkrecht zu Achsen stehen)



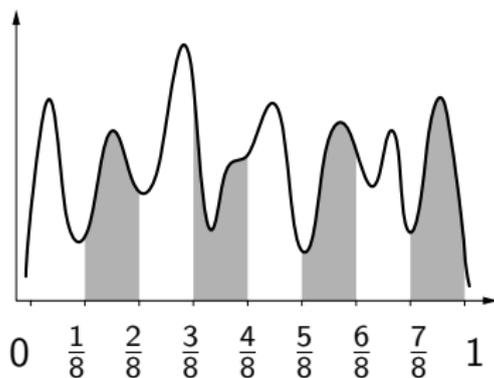
- Beispiele:**
- $*00 \hat{=}$  Kante von 000 nach 100 (vorne unten)
  - $0** \hat{=}$  linke Würfelfläche
  - $*** \hat{=}$  gesamter Würfel

## Schemata: Wertebereiche von Funktionen

- geg.: reelle Funktion  $f : x \in [0, 1] \rightarrow \mathbb{R}$
- Annahme: Binärkodierung von  $x$  (kein Gray-Kode)
- Schema  $\hat{=}$  „Streifenmuster“ (periodischer Fkt.) in  $\text{dom}(f) = [0, 1]$



Schema 0\*\*....\*



Schema \*\*1\*....\*

- Schemata mit Gray-Kodierung: siehe Übungsaufgabe

# Einfluss der Selektion

- Auswirkungen von **Selektion** und **genetischen Operatoren** (Mutation und Crossover) untersuchen
- ⇒ Verfolgung der Vermehrung von Chromosomen, die zu Schema passen
- für Selektion: welche Fitness haben Chromosomen, die zu Schema  $h$  passen? Ansatz: Mittelung über alle Chromosomen

## Definition (Mittlere Fitness)

Die **mittlere relative Fitness** der Chromosomen, die in der Generation  $P(t)$  zum Schema  $h$  passen, ist

$$f_{\text{rel}}(h) = \frac{\sum_{A \in P(t), A.G \triangleleft h} A.F_{\text{rel}}}{|\{A \in P(t) \mid A.G \triangleleft h\}|}$$

# Einfluss der Selektion

- durchschnittliche Anzahl Nachkommen eines zu Schema  $h$  passenden Chromosoms ist

$$f_{\text{rel}}(h) \cdot |P|$$

⇒ zu erwartende Zahl Chromosomen, die nach Auswahl zu Schema  $h$  passen, ist

$$(\text{Zahl vorher passender Chromosomen}) \cdot f_{\text{rel}}(h) \cdot |P|$$

## Einfluss der Selektion

- weitere Betrachtungen zur relativen Fitness eines Schemas:

$$\begin{aligned}
 f_{\text{rel}}(h) \cdot |P| &= \frac{\sum_{A \in P(t), A.G \triangleleft h} A.F_{\text{rel}}(c)}{|\{A \in P(t) \mid A.G \triangleleft h\}|} \cdot |P| \\
 &= \frac{\sum_{A \in P(t), A.G \triangleleft h} \frac{A.F}{\sum_{B \in P(t)} B.F}}{|\{A \in P(t) \mid A.G \triangleleft h\}|} \cdot |P| \\
 &= \frac{\sum_{A \in P(t), A.G \triangleleft h} A.F}{\frac{|\{A \in P(t) \mid A.G \triangleleft h\}|}{\sum_{B \in P(t)} B.F}} = \frac{\overline{f_t(h)}}{\overline{f_t}}
 \end{aligned}$$

$\overline{f_t(h)}$  mittlere Fitness der in  $P(t)$  zu  $h$  passenden Chromsomen  
 $\overline{f_t}$  mittlere Fitness aller Chromosomen der  $t$ -ten Generation

$\Rightarrow$  Ausdrücken der mittleren Anzahl Nachkommen durch Verhältnis der mittleren Güte eines Schemas zur Gesamtdurchschnittsgüte

# Einfluss der Mutation

- für genetischen Operatoren: Maße für ein Schema benötigt zur Angabe der  $W$ 'keit, dass durch Anwendung eines Operators Passung zu diesem Schema verloren geht bzw. erhalten bleibt

## Definition (Ordnung (für die 1-Bit- und Binär-Mutation))

Die **Ordnung** eines Schemas  $h$  ist die Anzahl der Nullen und Einsen in  $h$ , also  $\text{ord}(h) = \#0 + \#1 = L - \#*$  ( $\#$ : Anzahl des Auftretens von).

- **Beispiel:**  $\text{ord}(**0*11*10*) = 5$

# Einfluss der Mutation

Passung zu Schema  $h$  bleibt erhalten...

- durch Binär-Mutation mit  $W'$ keit  $(1 - p_m)^{\text{ord}(h)}$
- durch 1-Bit-Mutation mit  
 $W'$ keit  $1 - \frac{\text{ord}(h)}{L}$ , falls Bit umgekehrt wird,  
 $W'$ keit  $1 - \frac{\text{ord}(h)}{2L}$ , falls neues Bit zufällig bestimmt wird

## Erläuterung:

- Binär-Mutation invertiert jedes Bit wird mit  $W'$ keit  $p_m$  und mit  $W'$ keit  $(1 - p_m)$  nicht
- 1-Bit-Mutation wählt eines der  $L$  Gene eines Chromosoms der Länge  $L$  mit gleicher  $W'$ keit

# Einfluss des Crossover

## Definition (Definierende Länge (für das 1-Punkt-Crossover))

Die **definierende Länge** eines Schemas  $h$  ist die Differenz zwischen der Positionsnummer der letzten 0/1 und der Positionsnummer der ersten 0/1 in  $h$ .

- **Beispiel:**  $dl(**0*11*10*) = 9 - 3 = 6$

# Einfluss des Crossover

- 1-Punkt-Crossover: Schnittpunkt liegt mit  $W$ 'keit  $\frac{dI(h)}{L-1}$  so, dass 2 Nicht-Jokerzeichen voneinander getrennt werden

## Erläuterung:

- 1-Punkt-Crossover: Chromosomen der Länge  $L$  bieten  $L - 1$  mögliche Schnittpunkte (alle gleichwahrscheinlich)
  - $dI(h)$  dieser Schnittpunkte liegen so, dass im Schema festgelegte Gene in verschiedene Nachkommen gelangen
- ⇒ Passung könnte verloren gehen
- Achtung: Passung *kann*, muss jedoch nicht zwangsläufig verloren gehen
- ⇒ für Rechnung: weitere Überlegungen nötig (später)

# Übersicht

## 1. Motivation

## 2. Herleitung des Schematheorems

Selektion

Crossover

Mutation

Das Schematheorem

## 3. Implikationen des Schematheorems

## 4. Kritik am Schematheorem

## 5. Zusammenfassung

# Definitionen

## Definition (Erwartungswert passender Chromosomen)

$N(h, t)$  ist der Erwartungswert der Anzahl Chromosomen, die in der  $t$ -ten Generation zum Schema  $h$  passen.

## Definition (Erwartungswert nach Selektion)

$N(h, t + \Delta t_s)$  ist der Erwartungswert der Anzahl Chromosomen, die in der  $t$ -ten Generation nach Selektion zum Schema  $h$  passen.

# Definitionen

## Definition (Erwartungswert nach Crossover)

$N(h, t + \Delta t_s + \Delta t_x)$  ist der Erwartungswert der Anzahl Chromosomen, die in der  $t$ -ten Generation nach Selektion und Crossover zum Schema  $h$  passen.

## Definition (Erwartungswert nach Mutation)

$N(h, t + \Delta t_s + \Delta t_x + \Delta t_m) = N(h, t + 1)$  ist der Erwartungswert der Anzahl Chromosomen, die in der  $t$ -ten Generation nach Selektion, Crossover und Mutation (und damit in der  $(t + 1)$ -ten Generation) zum Schema  $h$  passen.

- **gesucht:** Zusammenhang zwischen  $N(h, t)$  und  $N(h, t + 1)$

# Selektion

**Vorgehen:** betrachten schrittweise Auswirkungen von Selektion, Crossover und Mutation anhand mittlerer Fitness, Ordnung und definierender Länge eines Schemas

- **Auswirkungen der Selektion:** durch mittlere Fitness beschreibbar

$$N(h, t + \Delta t_s) = N(h, t) \cdot f_{\text{rel}}(h) \cdot |P|$$

$N(h, t) \cdot f_{\text{rel}}(h)$  W'keit, dass zum Schema  $h$  passendes Chromosom ausgewählt

$f_{\text{rel}}(h) \cdot |P|$  durchschnittliche Anzahl Nachkommen eines zu Schema  $h$  passenden Chromosoms

- *beachte:* relative Fitness  $f_{\text{rel}}(h)$  nicht exakt bestimmt, da zu  $h$  passenden Chromosomen nur als Erwartungswert bekannt

# Crossover

Auswirkungen des Crossover: beschrieben durch

$$\begin{aligned}
 N(h, t + \Delta t_s + \Delta t_x) = & \underbrace{(1 - p_x) \cdot N(h, t + \Delta t_s)}_{E_A} \\
 & + \underbrace{p_x \cdot N(h, t + \Delta t_s) \cdot (1 - p_{\text{loss}})}_{E_B} + C
 \end{aligned}$$

$p_x$  W'keit eines Crossover

$p_{\text{loss}}$  W'keit, dass durch 1-Punkt-Crossover Passung eines Chromosoms zu Schema  $h$  verloren geht

$E_A$  Erwartungswert der Anzahl Chromosomen, die zu Schema  $h$  passen und *nicht* am Crossover teilnehmen

$E_B$  Erwartungswert der Anzahl Chromosomen, die am Crossover teilnehmen und deren Passung zu  $h$  dadurch nicht verloren geht

$C$  Gewinne an Chromosomen, die zu Schema  $h$  passen, durch...  
(siehe Übungsaufgabe)

## Betrachtungen zur $W'$ keit $p_{\text{loss}}$

**Beispiele:**

$$\begin{array}{l}
 h = \quad **0*|1*1* \quad \quad \quad **0*1*1* = h \\
 h \triangleright c_1 = \quad 0000|1111 \quad \rightarrow \quad 00000000 = c'_1 \not\triangleleft h \\
 h \not\triangleright c_2 = \quad 1111|0000 \quad \rightarrow \quad 11111111 = c'_2 \not\triangleleft h \\
 \\
 h = \quad **0*|1*1* \quad \quad \quad **0*1*1* = h \\
 h \triangleright c_1 = \quad 0000|1111 \quad \rightarrow \quad 00001010 = c'_1 \triangleleft h \\
 h \triangleright c_2 = \quad 1101|1010 \quad \rightarrow \quad 11011111 = c'_2 \triangleleft h
 \end{array}$$

**folglich:**

$$p_{\text{loss}} \leq \underbrace{\frac{dl(h)}{L-1}}_{Pr_A = p_x^*(h)} \cdot \left( 1 - \underbrace{\frac{N(h, t + \Delta t_s)}{|P|}}_{Pr_B} \right)$$

$Pr_A$   $W'$ keit, dass Schnittpunkt zwischen festgelegte Gene fällt

$Pr_B$   $W'$ keit, dass 2. Chromosom zu Schema  $h$  passt

**Frage:** Warum gilt nur  $\leq$  und nicht  $=$ ? (siehe Übungsaufgabe)

## Crossover

Einsetzen des Ausdrucks für  $p_{\text{loss}}$  liefert:

$$\begin{aligned}
 & N(h, t + \Delta t_s + \Delta t_x) \\
 & \geq (1 - p_x) \cdot N(h, t + \Delta t_s) \\
 & \quad + p_x \cdot N(h, t + \Delta t_s) \cdot \left(1 - \frac{dl(h)}{L-1} \cdot \left(1 - \frac{N(h, t + \Delta t_s)}{|P|}\right)\right) \\
 & = N(h, t + \Delta t_s) \left(1 - p_x + p_x \cdot \left(1 - \frac{dl(h)}{L-1} \cdot \left(1 - \frac{N(h, t + \Delta t_s)}{|P|}\right)\right)\right) \\
 & = N(h, t + \Delta t_s) \cdot \left(1 - p_x \frac{dl(h)}{L-1} \cdot \left(1 - \frac{N(h, t + \Delta t_s)}{|P|}\right)\right) \\
 & \stackrel{(*)}{=} N(h, t) \cdot f_{\text{rel}}(h) \cdot |P| \cdot \left(1 - p_x \frac{dl(h)}{L-1} \cdot (1 - N(h, t) \cdot f_{\text{rel}}(h))\right)
 \end{aligned}$$

Schritt (\*): zweimaliges Nutzen der vorher abgeleiteten Beziehung  
 $N(h, t + \Delta t_s) = N(h, t) \cdot f_{\text{rel}}(h) \cdot |P|$

# Mutation

- **Auswirkungen der Binär-Mutation:** durch Ordnung beschrieben

$$\begin{aligned}N(h, t + 1) &= N(h, t + \Delta t_s + \Delta t_x + \Delta t_m) \\ &= N(h, t + \Delta t_s + \Delta t_x) \cdot (1 - p_m)^{\text{ord}(h)}\end{aligned}$$

- *Erläuterung:* damit Passung nicht verloren geht, darf keines der  $\text{ord}(h)$  Gene verändert werden, die in Schema  $h$  festgelegt
- **alternative Modelle** möglich, z.B.:  
genau eine Bit-Änderung pro Chromosom  $\Rightarrow$  1-Bit-Mutation

$$\begin{aligned}N(h, t + 1) &= N(h, t + \Delta t_s + \Delta t_x + \Delta t_m) \\ &= N(h, t + \Delta t_s + \Delta t_x) \cdot \left(1 - \frac{\text{ord}(h)}{L}\right)\end{aligned}$$

# Das Schematheorem

insgesamt (mit Binär-Mutation) gilt

$$N(h, t + 1) \geq f_{\text{rel}}(h) \cdot |P| \cdot \left(1 - p_x \frac{dl(h)}{L-1} \cdot (1 - N(h, t) \cdot f_{\text{rel}}(h))\right) \cdot (1 - p_m)^{\text{ord}(h)} \cdot N(h, t)$$

Einsetzen des Fitnessverhältnisses liefert **Schematheorem**

$$N(h, t + 1) \geq \frac{\overline{f_t(h)}}{\overline{f_t}} \left(1 - p_x \frac{dl(h)}{L-1} \left(1 - \frac{N(h, t)}{|P|} \cdot \frac{\overline{f_t(h)}}{\overline{f_t}}\right)\right) \cdot (1 - p_m)^{\text{ord}(h)} \cdot N(h, t)$$

**Interpretation:** Schemata mit

- überdurchschnittlicher mittlerer Bewertung,
- kurzer definierender Länge und
- geringer Ordnung

vermehrten sich besonders stark (etwa exponentiell)

# Übersicht

## 1. Motivation

## 2. Herleitung des Schematheorems

## 3. Implikationen des Schematheorems

Baustein-Hypothese

Analogie des zweiarmigen Banditen

Prinzip der kleinsten Alphabete

## 4. Kritik am Schematheorem

## 5. Zusammenfassung

# Implikationen des Schematheorems

Schematheorem wird für folgende weitere Argumentationen benutzt:

- Baustein-Hypothese
- Analogie des zweiarmigen Banditen
- Prinzip der kleinsten Alphabete

# Baustein-Hypothese

- Schematheorem sagt: GA durchsucht  $\Omega$  besonders gut in Hyperebenen (also Schemata mit hoher mittlerer Fitness, kleiner definierender Länge und geringer Ordnung)
  - Chromosomen vermehren sich in solchen Regionen am stärksten
- ⇒ diese Schemata heißen **Bausteine** (engl.: **building blocks**), daher der Name **Baustein-Hypothese**
- **beachte:** diese Form der Hypothese gilt nur für Bitfolgen, fitnessproportionale Selektion, Binär-Mutation und 1-Punkt-Crossover
  - bei anderen genetischer Operatoren: Bausteine sind u.U. durch andere Eigenschaften charakterisiert
  - hohe mittlere Fitness ist jedoch stets Eigenschaft, da jedes Selektionsverfahren Chromosomen mit hoher Fitness bevorzugt

# Analogie des zweiarmigen Banditen

- Schematheorem: fitnessproportionale Selektion maximiert durchschnittliche Bewertung
- Erklärung durch **zweiarmigen Banditen**: Spielautomat mit zwei unabhängigen Armen
- Arme haben verschiedene Auszahlungshöhen  $\mu_1, \mu_2$ , o.B.d.A.:  
 $\mu_1 \geq \mu_2$
- **Frage:** Welcher Arm bringt höheren Verlust (bzw. Gewinn)?
- **Ansatz:**
  1.  $n$  Versuche zum Experimentieren (welcher Arm ist am günstigsten?)
  2. verbleibenden  $N - n$  Versuche für besten Arm verwenden

## Analogie des zweiarmigen Banditen

- erwarteter Verlust:

$$L(N, n) = |\mu_1 - \mu_2| \cdot ((N - n)p_n + n(1 - p_n))$$

- $p_n$ : W'keit, dass bester und schlechtester Arm falsch identifiziert
- Minimierung von  $p_n$  durch Optimierung der Anzahl der Versuche
- [Holland, 1975] zeigte, dass mehr als exponentiell zunehmend viele Versuche am besten Arm  $L(N, n)$  minimieren:

$$N - n \propto \exp(n)$$

- diese Gleichung gilt für  $k$ -armige Banditen mit  $k \geq 2$
- ⇒ anwendbar auf Verarbeitung von Schemata in GAs

# Prinzip der kleinsten Alphabete

- Schematheorem: Nutzen von  $\mathcal{G} = \{0, 1\}$  sei optimal
- Grund: implizitem Parallelismus (versuche Schemata gleichzeitig zu maximieren)
- $(|\mathcal{G}| + 1)^L$  (Anzahl der möglichen Schemata) maximal  $\Leftrightarrow L$  maximal und  $|\mathcal{G}|$  minimal
- kleinster Wert für  $|\mathcal{G}|$  ist zwei
- größte Anzahl möglicher Schemata bei Binärcodierung

# Übersicht

## 1. Motivation

## 2. Herleitung des Schematheorems

## 3. Implikationen des Schematheorems

## 4. Kritik am Schematheorem

Baustein-Hypothese

Impliziter Parallelismus

Analogie des zweiarmigen Banditen

Prinzip der kleinsten Alphabete

## 5. Zusammenfassung

# Baustein-Hypothese

GA arbeitet optimal, wenn **kurze Schemata mit geringer Ordnung** (sog. Bausteine) zu besseren geformt werden.

- **aber:** wenn Bausteine kombiniert werden, erhöhen sich Ordnung und definierende Länge des Bausteins
- ⇒ neuer Baustein viel mehr gefährdet, durch genetische Operatoren zerissen zu werden
- ⇒ Baustein-Hypothese empfiehlt, wie GAs **nicht** arbeiten sollten

# Impliziter Parallelismus

Jedes Chromosom gehört zu  $2^L$  Schemata.

- durch Bewerten eines Chromosoms: gleichzeitiges Bewerten vieler Schemata

⇒ Parallelisieren der Suche in  $\Omega$

- **aber:** nur wenn Population gleichverteilt
- mit zunehmender Konvergenz der Population: Anzahl der repräsentierten Schemata abnehmend

⇒ Parallelisierung nimmt ab

# Analogie des zweiarmigen Banditen

**GA mit exponentiell steigender Anzahl an Versuchen mit überlegenen Schemata nähert sich optimaler Strategie an.**

**Aber:**

- GA spielt mit vielen Banditen
- Reihenfolge, um Banditen zu lösen, ist vermutlich wichtig
- Herausfinden von Schemata, die am Gewinnspiel teilnehmen ist nicht trivial
  - z.B. Vergleich von  $1^{**}$  mit  $0^{**}$  bzw.  $*1*$  mit  $*0*$
  - in beiden Fällen: unklar, ob exponentielle Anzahl Versuche optimal ist

⇒ GA erreicht exponentiell steigende Zahl von Versuchen nicht

# Prinzip der kleinsten Alphabete

Binärkodierung sei optimal für Schematheorem.

- Anzahl der möglichen Schemata über Alphabet  $\mathcal{G}$  ist

$$(|\mathcal{G}| + 1)^L$$

- Formel ist maximal, wenn  $L$  maximal ist
- $L$  ist maximal, wenn  $|\mathcal{G}|$  minimal ist

⇒ maximale Anzahl von Schemata mittels  $\mathcal{G} = \{0, 1\}$

- **aber:** riesige Anzahl Schemata wird ineffektiver verarbeitet als kleine

# Übersicht

1. Motivation
2. Herleitung des Schematheorems
3. Implikationen des Schematheorems
4. Kritik am Schematheorem
- 5. Zusammenfassung**

# Zusammenfassung

Schematheorem gilt nur für **ein Schema** unabhängig von anderen Schemata in Population.

- andere Schemata werden sich auch vermehren
- mit der Zeit: Konvergenz der Population  $\Rightarrow$  sinkender Selektionsdruck
- relative Fitness eines Schemas  $\rightarrow 1/|P|$
- schließlich: erwartete Anzahl Kopien nimmt ab durch Zerstörung durch genetische Operatoren

# Zusammenfassung

- streng genommen: Schematheorem nur gültig bei  $|P| \rightarrow \infty$ 
  - sonst: nicht vernachlässigbare Abweichungen von Erwartungswerten
  - Annahme in Praxis nicht erfüllbar

⇒ Abweichungen vom idealen Verhalten (*stochastische Drift*)
- implizite Annahme: kaum Wechselwirkungen zwischen Genen (geringe *Epistasie*), also Fitness von Chromosomen, die zu Schema passen, sei sehr ähnlich
- implizite Annahme: interagierende Gene liegen im Chromosom eng zusammen für kleine Bausteine
  - Einwand betrifft nur Beschränkung auf 1-Punkt-Crossover und nicht Ansatz an sich
  - andere Maße als definierende Länge möglich, die operationenspezifisch sind

# Literatur zur Lehrveranstaltung I

-  Holland, J. H. (1975).  
*Adaptation in Natural and Artificial Systems: An Introductory Analysis with Applications to Biology, Control, and Artificial Intelligence.*  
University of Michigan Press.