

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 Ω 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.)

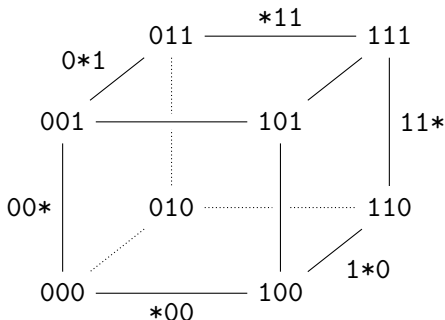
Schemata: Ein Beispiel

$h = \quad **0*11*10*$ 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 μ 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

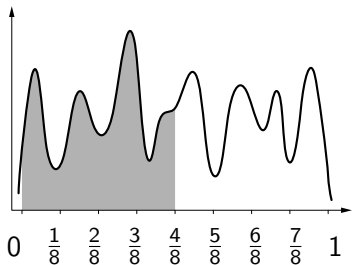
- jedes Schema beschreibt Hyperebene im Hypereinheitswürfel
(aber nur Ebenen, die parallel oder senkrecht zu Achsen stehen)



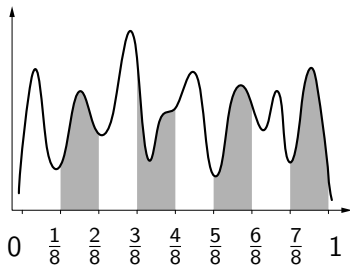
- Beispiele:**
- *00 $\hat{=}$ Kante von 000 nach 100 (vorne unten)
 - 0** $\hat{=}$ linke Würfelfläche
 - *** $\hat{=}$ gesamter Würfel

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 Chromosomen
 $\overline{f_t}$ 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

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

p_x W'keit eines Crossover

p_{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_{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_{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 Ω 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 μ_1, μ_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 Ω

- **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.