INF FAKULTÄT FÜR INFORMATIK

Evolutionäre Algorithmen

Variation und genetische Operatoren

Prof. Dr. Rudolf Kruse **Pascal Held**

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

Otto-von-Guericke-Universität Magdeburg

Fakultät für Informatik

Institut für Wissens- und Sprachverarbeitung

Übersicht

Variation durch Mutation [Weicker, 2007]

- Variationen (Mutationen): kleine Veränderungen in der Biologie
- Mutationsoperator: ändert möglichst wenig am Lösungskandidaten bzgl. Fitnessfunktion

- im Folgenden: Untersuchung im Zusammenspiel mit Selektion
- hier: Verhalten eines einfachen Optimierungsalgorithmus auf sehr einfachem Optimierungsproblem (Abgleich mit einem vorgegebenen Bitmuster)

Bedeutung der Mutation

Exploration oder Erforschung

- stichprobenartiges Erkunden
- auch: weiter entfernte Regionen des Suchraums

Exploitation oder Feinabstimmung

- lokale Verbesserung eines Lösungskandidaten
- wichtig: Einbettung der phänotypischen Nachbarschaft

Binäre Mutation

Algorithm 1 Binäre Mutation

Input: Individuum A mit $A.G \in \{0,1\}^l$
Output: Individuum B

```
B ← A
for i ∈ {1, ..., l} {
    u ← wähle zufällig gemäß U([0,1))
    if u ≤ p_m {                    /* Mutationswahrscheinlichkeit p_m */
        B.G_i ← 1 − A.G_i
    }
}
return B
```

Gauß-Mutation

alternative reellwertige Mutation

- direkt auf den reellwertigen Zahlen
- Addition einer normalverteilten Zufallszahl auf jede Komponente

---

Algorithm 2 Gauß-Mutation

Input: Individuum A mit $A.G \in \mathbb{R}^l$
Output: Individuum B

for $i \in \{1, \ldots, l\}$ {
  $u_i \leftarrow$ wähle zufällig gemäß $N(0, \sigma)$ /* Standardabweichung σ */
  $B_i \leftarrow A_i + u_i$
  $B_i \leftarrow \max\{B_i, ug_i\}$ /* untere Wertebereichsgrenze ug_i */
  $B_i \leftarrow \min\{B_i, og_i\}$ /* obere Wertebereichsgrenze og_i */
}
return B

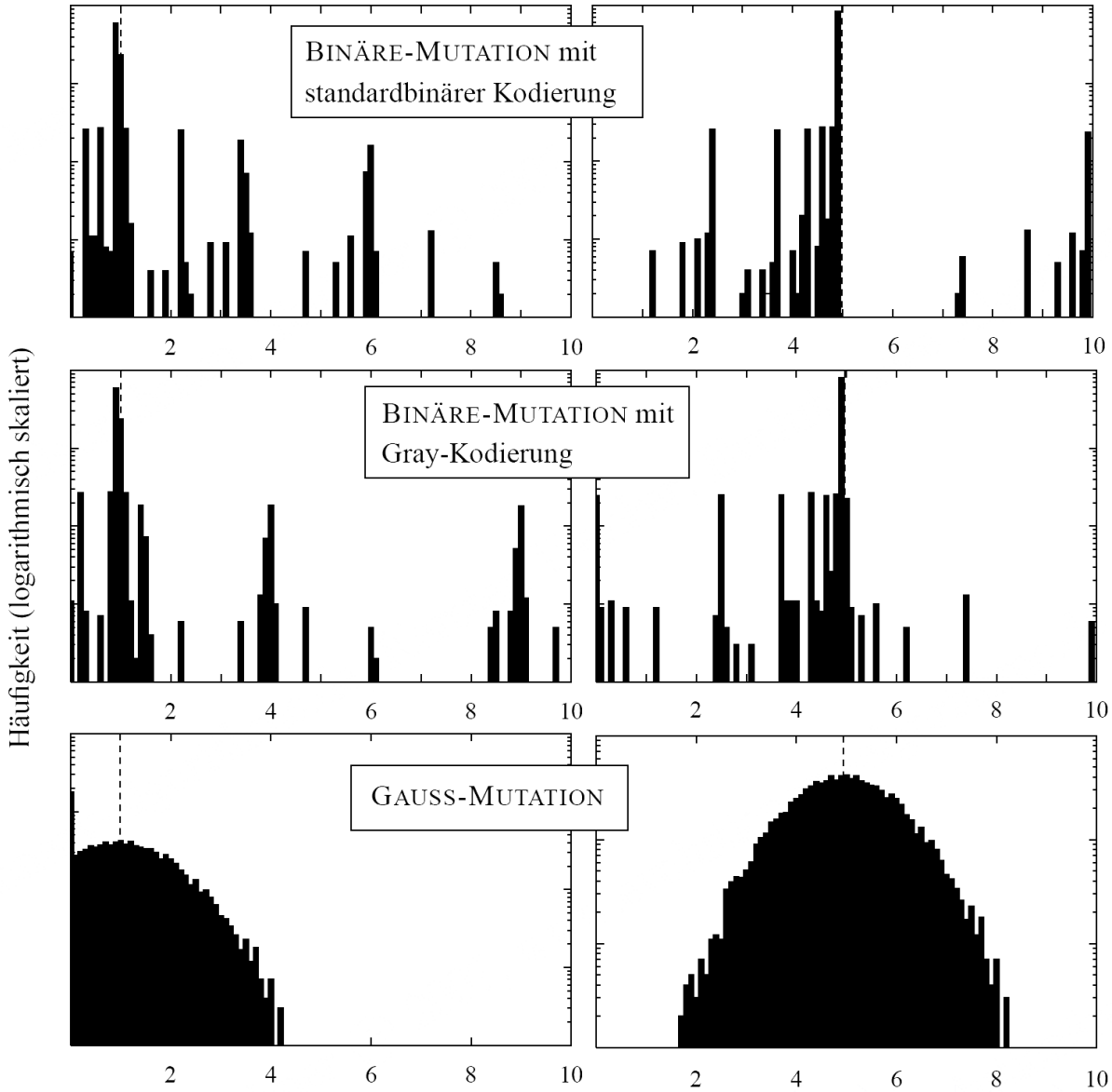
Vergleich der Mutationsverfahren

Ansatz

- Optimierung der einfachen Funktion

$$f_2(x) = \begin{cases} x & \text{falls } x \in [0, 10] \subset \mathbb{R}, \\ \text{undef.} & \text{sonst} \end{cases}$$

- zwei Elternindividuen (1.0 und 4.99)
- nwendung von drei Mutationsoperatoren auf diese beiden Individuen , jeweils 10000 Mal
- Häufigkeitsverteilungen (bei Gauss-Mutation $\sigma = 1$)


BINÄRE-MUTATION mit
standardbinärer Kodierung
BINÄRE-MUTATION mit
Gray-Kodierung
GAUSS-MUTATION
Häufigkeit (logarithmisch skaliert)
2
4
6
8
10

Vergleich der Mutationsverfahren

- Gauss-Mutation mit kleinem σ sehr gut für Exploitation
- mit großem σ sehr breite Erforschung
- binäre Mutation detektiert schneller interessante Regionen in Ω

- binäre Mutation eines GA hat mehrerer verteilte Schwerpunkte
- Hamming-Klippen = Brüche in Häufigkeitsverteilung

- Gray-Kodierung schafft es, phänotypische Nachbarn einzubinden
- tendiert dennoch zu einer Seite des Suchraums

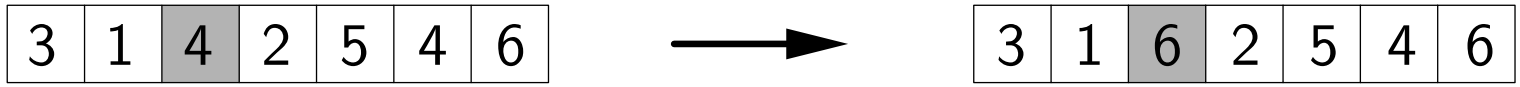
Genetische Operatoren

- werden auf bestimmten Teil ausgewählter Individuen (Zwischenpopulation) angewandt
- Erzeugung von Varianten und Rekombinationen bestehender Lösungskandidaten
- allgemeine Einteilung genetischer Operatoren nach Zahl der Eltern:
  - Ein-Elter-Operatoren („Mutation“)
  - Zwei-Elter-Operatoren („Crossover“)
  - Mehr-Elter-Operatoren
- genetischen Operatoren haben bestimmte Eigenschaften (abhängig von Kodierung)
  - wenn Lösungskandidaten Permutationen sind, dann permutationserhaltende genetische Operatoren verwenden
  - allgemein: falls bestimmte Allelkombinationen unsinnig sind, sollten sie vermieden werden

Übersicht

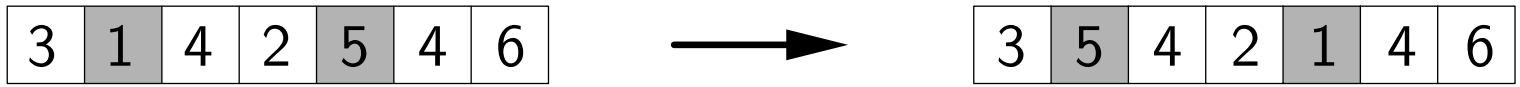
Standardmutation und Zweiertausch

- **Standardmutation:**
  Austausch der Ausprägung eines Gens durch anderes Allel



  - ggf. werden mehrere Gene mutiert (vgl. n-Damen-Problem)
  - *Parameter:* Mutationswahrscheinlichkeit p_m, $0 < p_m \ll 1$
    für Bitstrings der Länge l ist $p_m = 1/l$ annähernd optimal

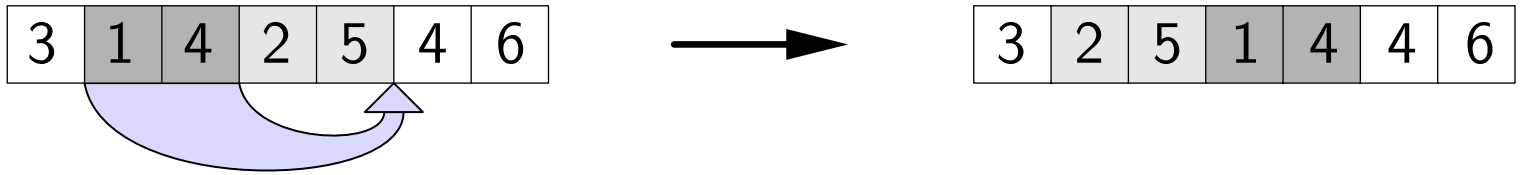
- **Zweiertausch:**
  Austausch der Ausprägungen zweier Gene eines Chromosoms



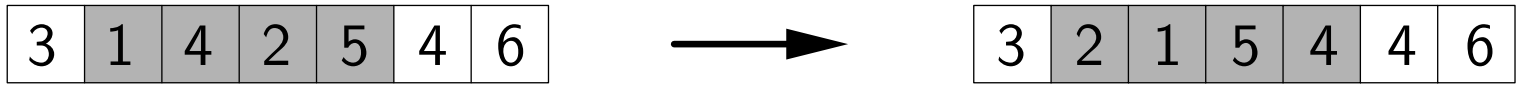
  - *Voraussetzung:* gleiche Allelmengen der ausgetauschten Gene
  - *Verallgemeinerung:* zyklischer Tausch von 3, 4, ..., k Genen

Operationen auf Teilstücke

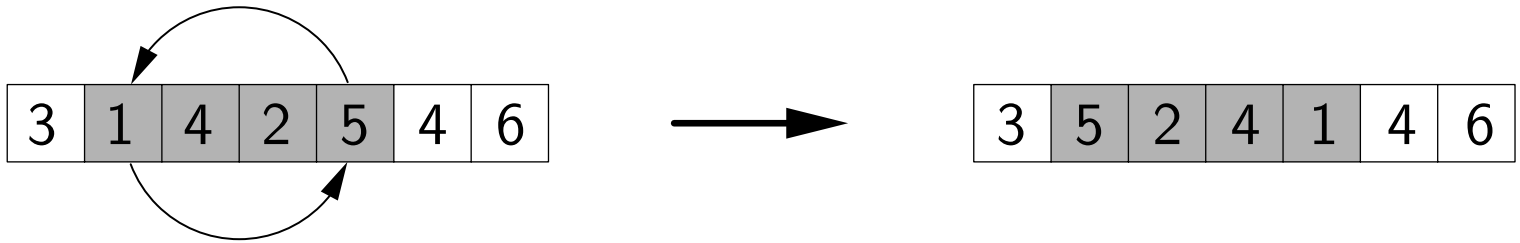
- **Verschieben eines Teilstücks:**



- **Mischen/Permutieren eines Teilstücks:**



- **Umdrehen/Invertieren eines Teilstücks:**



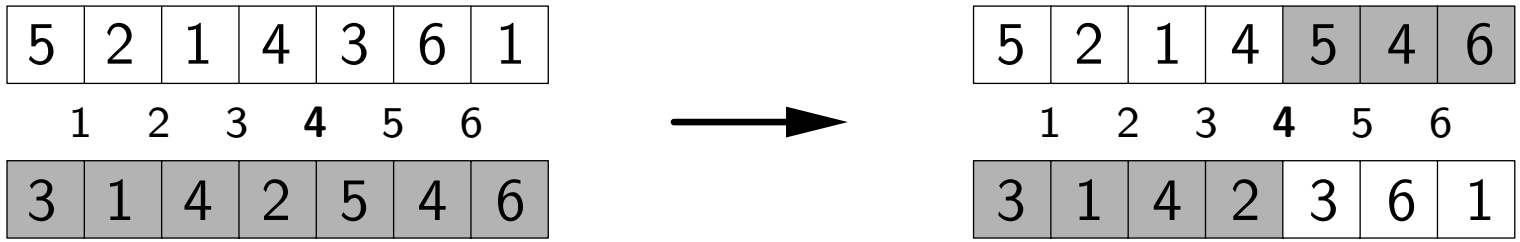
- *Voraussetzung:* gleiche Allelmengen im betroffenen Bereich
- *Parameter:* ggf. W'keitsverteilung über Längen (und Verschiebungsweiten für Verschieben eines Teilstücks)

Übersicht

Ein-Punkt- und Zwei-Punkt-Crossover

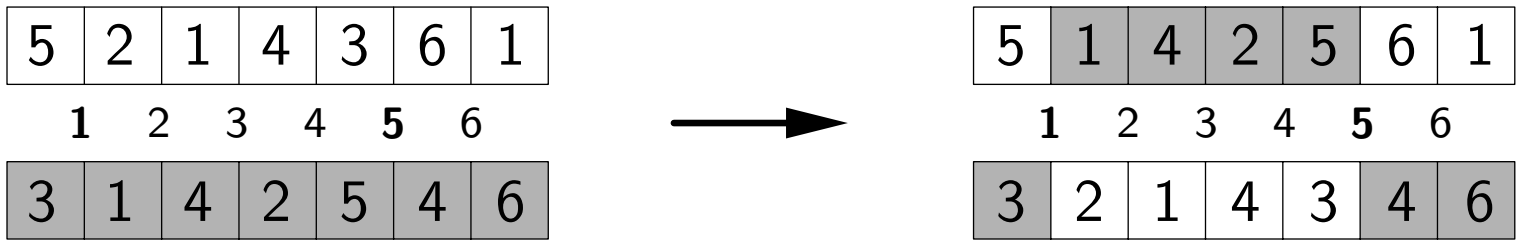
Ein-Punkt-Crossover

- Bestimmen eines zufälligen Schnittpunktes
- Austausch der Gensequenzen auf einer Seite des Schnittpunktes



Zwei-Punkt-Crossover

- Bestimmen zweier zufälliger Schnittpunkte
- Austausch der Gensequenzen zwischen den beiden Schnittpunkten



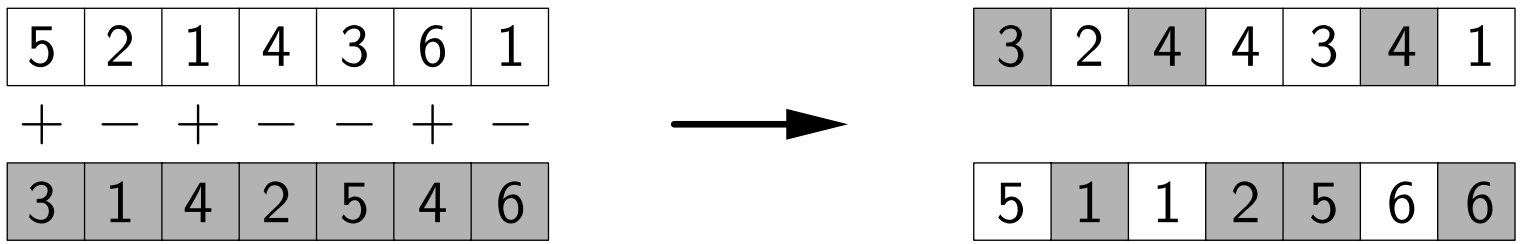
n-Punkt- und uniformes Crossover

n-Punkt-Crossover

- Verallgemeinerung des Ein- und Zwei-Punkt-Crossover
- Bestimmen von n zufälligen Schnittpunkten
- Abwechselndes Austauschen / Nicht-Austauschen der Gensequenzen zwischen zwei aufeinanderfolgenden Schnittpunkten

Uniformes Crossover

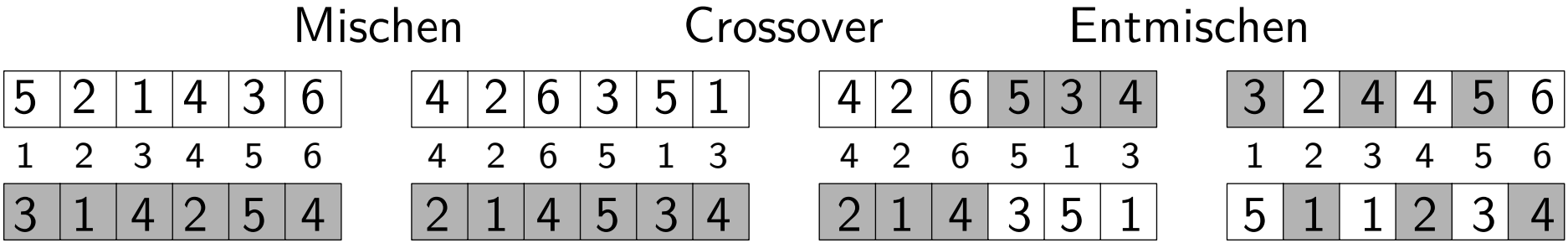
- für jedes Gen: bestimme ob es getauscht wird oder nicht ($+$: ja, $-$: nein, *Parameter:* W'keit p_x für Austausch)



- **Beachte**: uniformes Crossover entspricht **nicht** dem $(l-1)$-Punkt-Crossover! Zahl der Crossoverpunkte ist zufällig

Shuffle Crossover

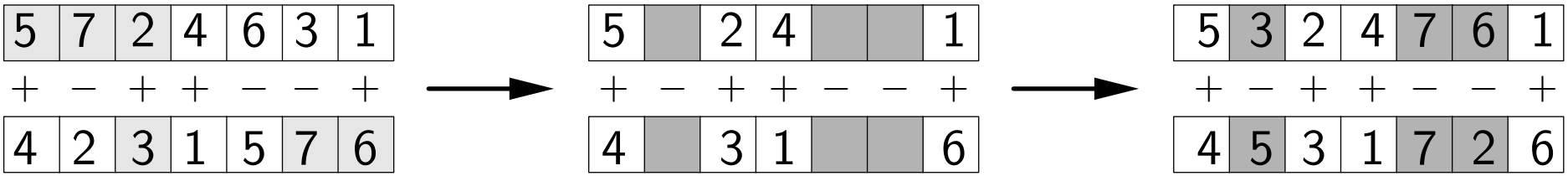
- vor Ein-Punkt-Crossover: zufälliges Mischen der Gene
- danach: Entmischen der Gene



- Shuffle Crossover ist **nicht** äquivalent zum uniformen Crossover!
- jede Anzahl von Vertauschungen von Genen zwischen Chromosomen ist gleichwahrscheinlich
- uniformen Crossover: Anzahl ist binomialverteilt mit Parameter p_x
- Shuffle Crossover: eines der empfehlenswertesten Verfahren

Uniformes ordnungsbasiertes Crossover

- ähnlich wie uniformes Crossover: entscheide für jedes Gen, ob es erhalten bleibt oder nicht
  (+: ja, −: nein, *Parameter:* W'keit p_k für Erhalt)
- fülle Lücken durch fehlende Allele auf (in Reihenfolge der Vorkommen im anderen Chromosom)



- erhält **Reihenfolgeinformation**
- *alternativ:* Erhalten der „+“ bzw. „−“ markierten Gene im einen bzw. anderen Chromosom

Kantenrekombination (speziell für TSP)

- Chromosom wird als Graph (Kette oder Ring) aufgefasst jedes Gen besitzt Kanten zu seinen Nachbarn im Chromosom
- Kanten der Graphen zweier Chromosomen werden gemischt, daher Name
- erhält **Nachbarschaftsinformation**

Vorgehen: *1. Aufbau einer Kantentabelle*

- liste zu jedem Allel seine Nachbarn (in beiden Eltern) (ggf. erstes und letztes Gen des Chromosoms benachbart)
- falls ein Allel in beiden Eltern gleichen Nachbarn (Seite irrelevant), dann liste diesen Nachbar nur 1x auf (aber markiert)

Kantenrekombination

Vorgehen: *2. Aufbau eines Nachkommen*

- wähle erstes Allel zufällig aus einem der beiden Eltern
- lösche ausgewähltes Allel aus Kantentabelle
  (aus Listen der Nachbarn der Allele)
- wähle jeweils nächstes Allel aus den noch nicht gelöschten Nachbarn des vorangehenden mit folgender Priorität:
  1. markierte (d.h. doppelt auftretende) Nachbarn
  2. Nachbarn mit kürzester Nachbarschaftsliste
     (wobei markierte Nachbarn einfach zählen)
  3. zufällige Auswahl eines Nachbarn

Erzeugung des zweiten Nachkommen analog aus erstem Allel des anderen Elter (meist jedoch nicht gemacht)

Kantenrekombination

Beispiel:

A:

6	3	1	5	2	7	4

B:

3	7	2	5	6	1	4

Aufbau der Kantentabelle

Allel	Nachbarn in **A**	Nachbarn in **B**	zusammengefasst
1	3, 5	6, 4	3, 4, 5, 6
2	5, 7	7, 5	5^*, 7^*
3	6, 1	4, 7	1, 4, 6, 7
4	7, 6	1, 3	1, 3, 6, 7
5	1, 2	2, 6	1, 2^*, 6
6	4, 3	5, 1	1, 3, 4, 5
7	2, 4	3, 2	2^*, 3, 4

- beide Chromosomen = Ring (erstes und letztes Gen benachbart): in **A** ist 4 linker Nachbar der 6, 6 ist rechter Nachbar der 4; **B** analog
- in beiden: 5, 2 und 7 stehen nebeneinander – sollte erhalten werden (siehe Markierungen)

Kantenrekombination

Aufbau eines Nachkommen

6	5	2	7	4	3	1

Allel	Nachbarn	Wahl: 6	5	2	7	4	3	1
1	3, 4, 5, 6	3, 4, 5	3, 4	3, 4	3, 4	3		
2	5^*, 7^*	5^*, 7^*	7^*	**7^***	—	—	—	—
3	1, 4, 6, 7	1, 4, 7	1, 4, 7	1, 4, 7	1, 4	1	**1**	—
4	1, 3, 6, 7	1, 3, 7	1, 3, 7	1, 3, 7	1, 3	**1, 3**	—	—
5	1, 2^*, 6	1, 2^*	**1, 2^***	—	—	—	—	—
6	1, 3, 4, 5	**1, 3, 4, 5**	—	—	—	—	—	—
7	2^*, 3, 4	2^*, 3, 4	2^*, 3, 4	3, 4	**3, 4**	—	—	—

- starte mit erstem Allel des Chromosoms **A** (also 6) und streiche 6 aus allen Nachbarschaftslisten (dritte Spalte)
- da unter Nachbarn der 6 (1, 3, 4, 5) die 5 kürzeste Liste hat, wird 5 für zweites Gen gewählt
- dann folgt die 2, die 7 usw.

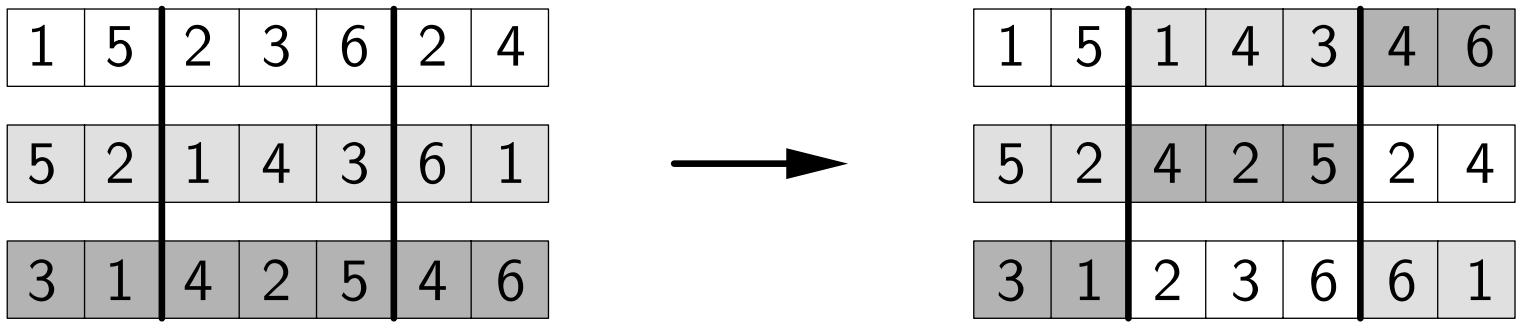
Kantenrekombination

- Nachkomme hat meist neue Kante (vom letzten zum ersten Gen)
- kann auch angewendet werden, wenn erstes und letztes Gen nicht als benachbart gelten: Kanten werden dann nicht in Kantentabelle aufgenommen
- sind erstes und letztes Gen benachbart, dann Startallel beliebig falls nicht, dann ein am Anfang stehendes Allel
- Aufbau eines Nachkommen: es ist möglich, dass Nachbarschaftsliste des gerade ausgewählten Allels leer (Prioritäten sollen W'keit dafür gering halten; sind aber nicht perfekt)
  in diesem Fall: zufällige Auswahl aus den noch übrigen Allelen

Drei- und Mehr-Elter-Operatoren

Diagonal-Crossover

- ähnlich wie 1-, 2- und n-Punkt-Crossover, aber für mehr Eltern
- bei drei Eltern: zwei Crossover-Punkte
- verschiebt Gensequenzen an Schnittstellen über Chromosomen diagonal und zyklische



- Verallgemeinerung auf > 3 Eltern:
  wähle für k Eltern $k - 1$ Crossover-Punkte
- führt zu sehr guter Durchforstung des Suchraums,
  besonders bei großer Elternzahl (10–15 Eltern)

Charakterisierung von Crossover-Operatoren

Ortsabhängige Verzerrung (engl. positional bias):

- falls W'keit, dass 2 Gene zusammen vererbt werden (im gleichen Chromosom bleiben, zusammen ins andere Chromosom wandern) von ihrer relativen Lage im Chromosom abhängt
- unerwünscht, weil Anordnung der Gene im Chromosom entscheidenden Einfluss auf Erfolg/Misserfolg des EA haben (bestimmte Anordnungen lassen sich schwerer erreichen)
- **Beispiel: Ein-Punkt-Crossover**
  - 2 Gene werden voneinander getrennt (gelangen in verschiedene Nachkommen), falls Crossover-Punkt zwischen sie fällt
  - je näher 2 Gene im Chromosom beieinander, desto weniger mögliche Crossover-Punkte gibt es zwischen ihnen

  $\Rightarrow$ nebeneinanderliegende Gene werden mit höherer W'keit als entferntliegende in gleichen Nachkommen gelangen

Charakterisierung von Crossover-Operatoren

Verteilungsverzerrung (engl. distributional bias):

- falls Wahrscheinlichkeit, dass best. Anzahl von Genen ausgetauscht wird, nicht für alle Anzahlen gleich
- unerwünscht, weil Teillösungen unterschiedl. Größe unterschiedl. gute Chancen haben, in nächste Generation zu gelangen
- Verteilungsverzerrung meist weniger kritisch (d.h. eher tolerierbar) als ortabhängige Verzerrung
- **Beispiel: uniformes Crossover**
  - da jedes Gen unabhängig von allen anderen mit W'keit p_x ausgetauscht, Anzahl k der ausgetauschten Gene ist binomialverteilt mit Parameter p_x:

$$P(K = k) = \binom{n}{k} p_x^k \, (1-p_x)^{n-k} \qquad \text{mit } n \mathrel{\hat{=}} \text{ Gesamtzahl der Gene}$$

$\Rightarrow$ sehr kleine und sehr große Anzahlen sind unwahrscheinlicher

Übersicht

Motivation

- bisher: nur *kombinierende Operatoren* für Verknüpfung mehrerer Individuen
  - Ein-Punkt-, Zwei-Punkt- und n-Punkt-Crossover
  - Uniformes (ordnungsbasiertes) Crossover
  - Shuffle Crossover
  - Kantenrekombination
  - Diagonal-Crossover
- alle stark abhängig von Diversität der Population
- erschaffen keine neuen Genbelegungen und können somit nur Teilbereiche von Ω erreichen, die in Individuen der Population enthalten
- hohe Diversität einer Population ist Zeichen für sehr gute Erforschung von Ω durch kombinierende Operatoren

Interpolierende Operatoren

- fügen Eigenschaften der Eltern zusammen, sodass die Eigenschaften des neuen Individuums zwischen denen der Eltern liegt
- dies führt zu geringerer Durchforstung von Ω
- interpolierende Rekombination konzentriert Population auf 1 Schwerpunkt
- fördert damit Feinabstimmung von sehr guten Individuen
- um Ω anfangs genügend zu erforschen: Verwenden einer stark zufallsbasierte, diversitätserhaltende Mutation

Arithmetischer Crossover

- ist Beispiel für interpolierende Rekombination
- arbeitet auf reellwertigen Genotypen
- geometrisch: kann alle Punkte auf Strecke zwischen beiden Eltern erzeugen

Algorithm 3 Arithmetischer Crossover

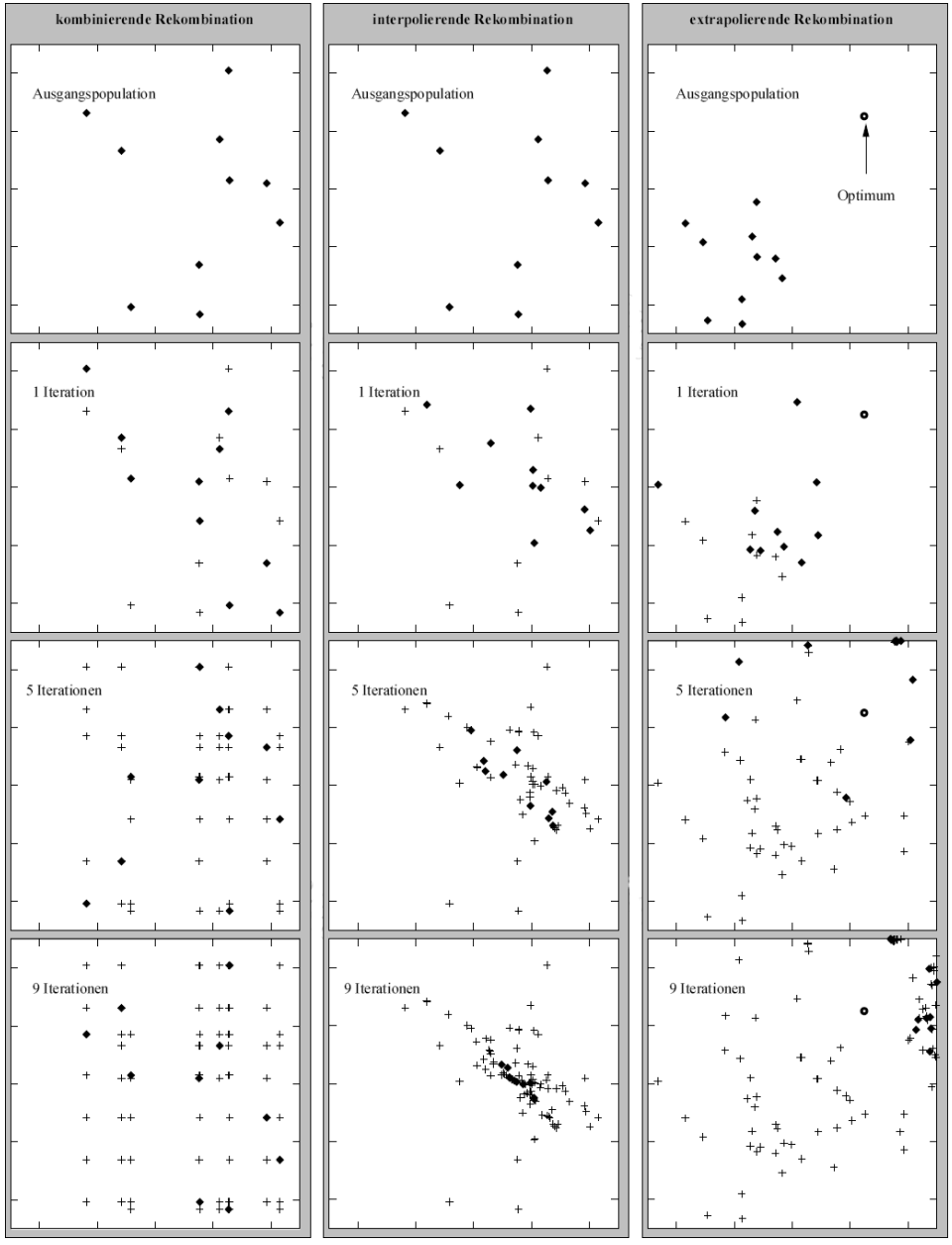
Input: Individuen A, B mit $A.G, B.G \in \mathbb{R}^l$
Output: neues Individuum C

1: $u \leftarrow$ wähle zufällig aus $U([0,1])$
2: **for** $i \in \{1, \ldots, l\}$ {
3: $\quad C.G_i \leftarrow u \cdot A.G_i + (1-u) \cdot B.G_i$
4: }
5: **return** C

Extrapolierende Operatoren

- Versuchen gezielt Information aus mehreren Individuen abzuleiten
- Erstellen eine Prognose, wo Güteverbesserungen zu erwarten sind
- Extrapolierende Rekombination kann bisherigen Ω verlassen
- Ist einzige Art der Rekombination die Gütewerte benutzt
- Einfluss der Diversität ist hier schwer nachzuvollziehen
- Algorithmus: z.B. Arithmetisches Crossover mit $u \in U([1, 2])$

Vergleich



- Vergleich der drei Rekombinationsarten
- Kreuze: Individuen vorheriger Iterationen
- Rauten: aktuelle Individuen

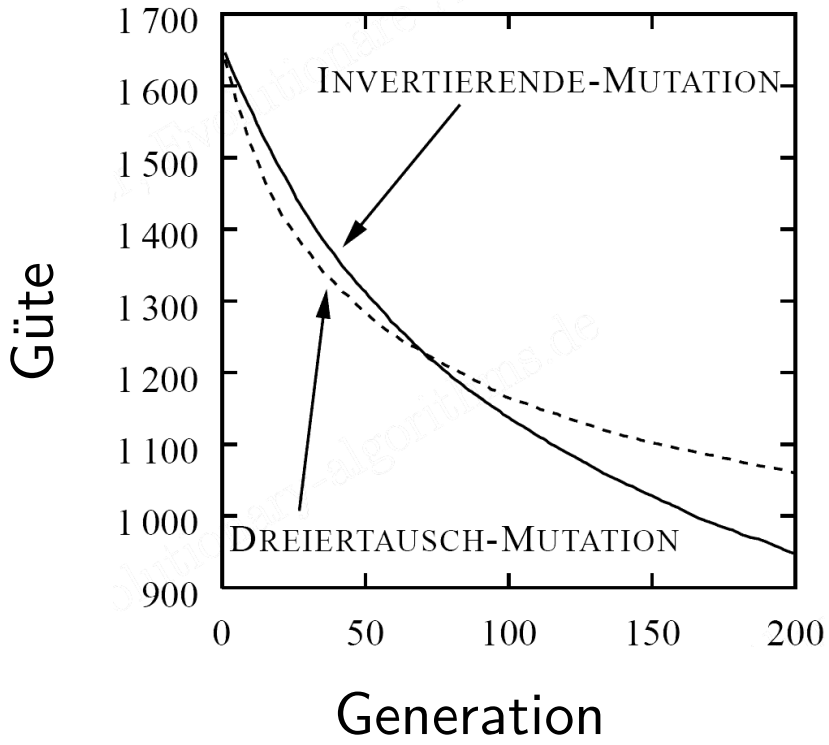
Übersicht

Selbstanpassende Algorithmen

- **Idee:** Rückkopplung vom Verlauf der Optimierung zur Wirkungsweise von Operatoren

- Experiment TSP (hier 51 Städte)
- Hillclimbing: nur Mutation, keine Rekombination
- Lokale Mutationsoperatoren:
  - Invertieren eines Teilstücks,
  - zyklischer Tausch dreier zufälliger Städte

Einfluss des Stands der Suche



- Ein (vermeintlich ungeeigneter) Dreiertausch ist in den ersten 50 Generationen besser
- Deshalb: Analyse der relativen erwarteten Verbesserung als Maß dafür, welche Verbesserung ein Operator bringt

Relative erwartete Verbesserung

Definition

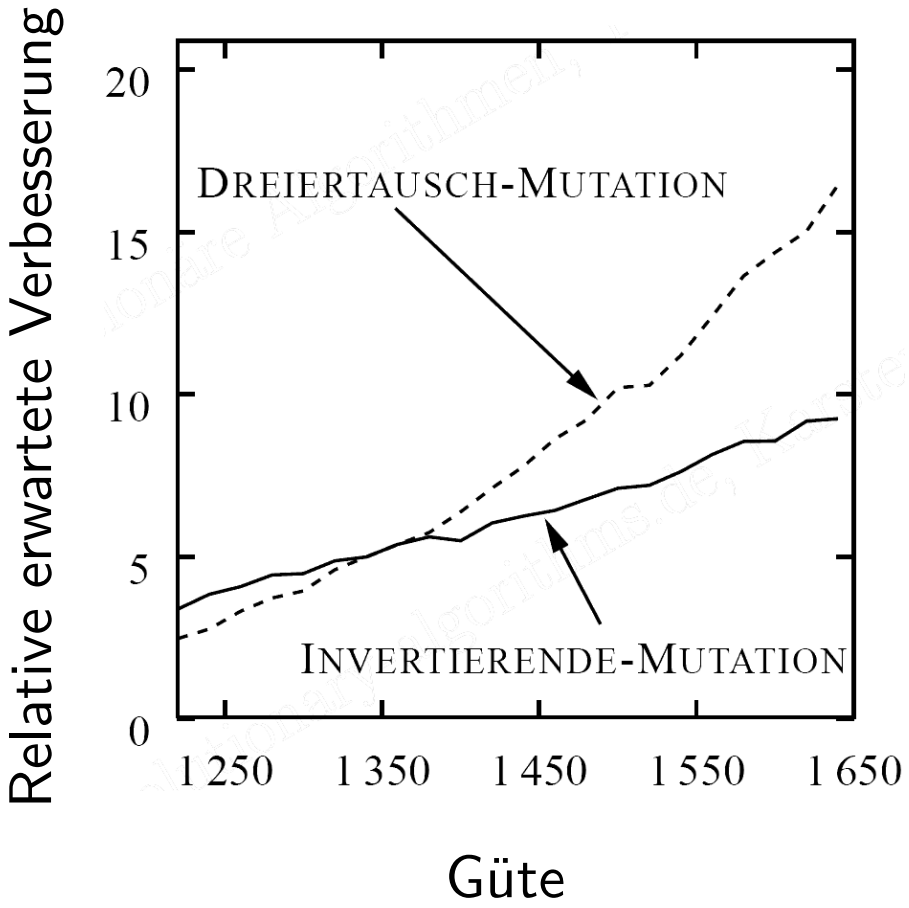
Die *Güteverbesserung* von einem Individuums $A \in \mathcal{G}$ zu einem Individuum $B \in \mathcal{G}$ wird definiert als

$$\text{Verbesserung}(A, B) = \begin{cases} |B.F - A.F| & \text{falls } B.F \succ A.F, \\ 0 & \text{sonst.} \end{cases}$$

Dann lässt sich die *relative erwartete Verbesserung* eines Operators Mut bzgl. Individuum A definieren als

$$\text{relEV}_{\text{Mut},A} = E\left(\text{Verbesserung}(A, \text{Mut}^{\xi}(A))\right).$$

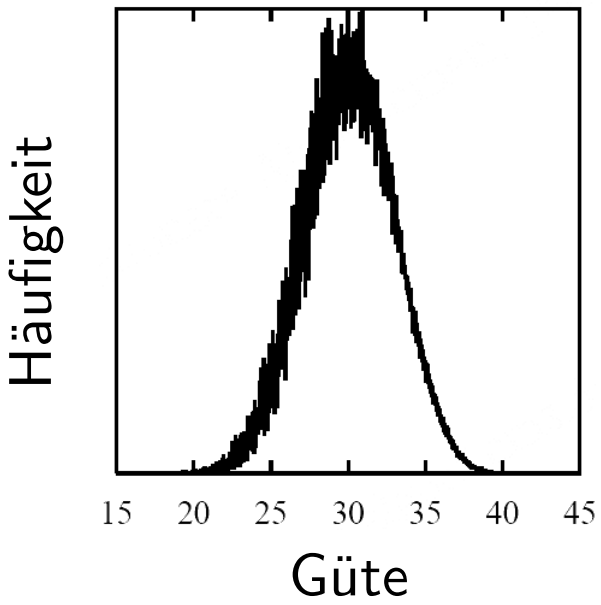
Einfluss des Stands der Suche

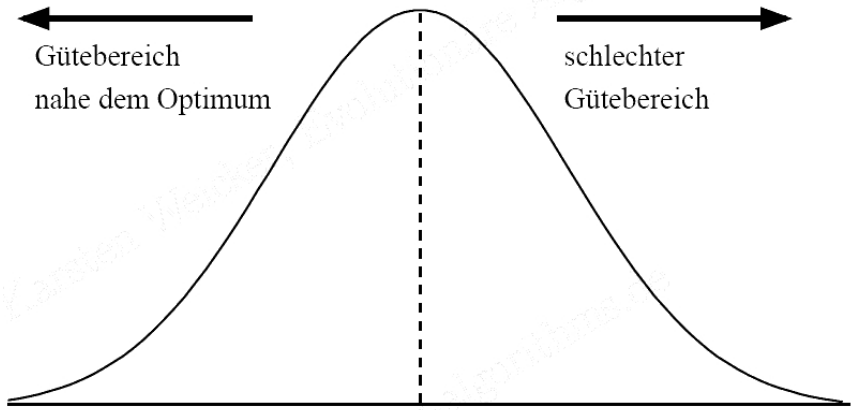


- Ermitteln der relativen erwarteten Verbesserung in unterschiedlichen Gütebereichen durch Stichproben aus Ω
- verantwortlich für dargestellten Effekt

Gesamter Suchraum

- Wie häufig sind einzelne Fitnesswerte in Ω?

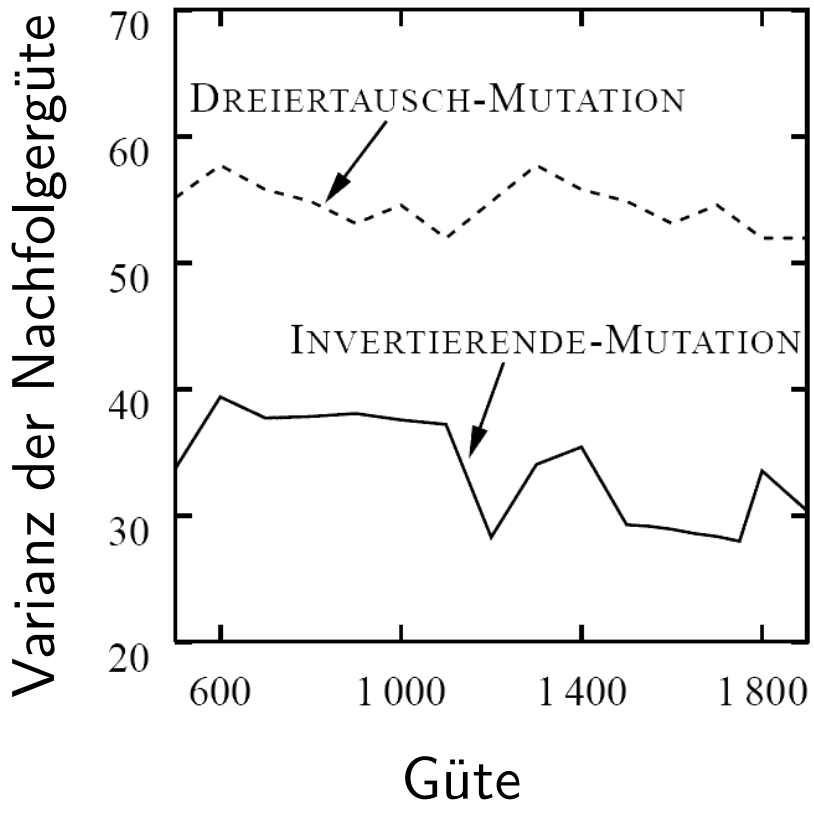




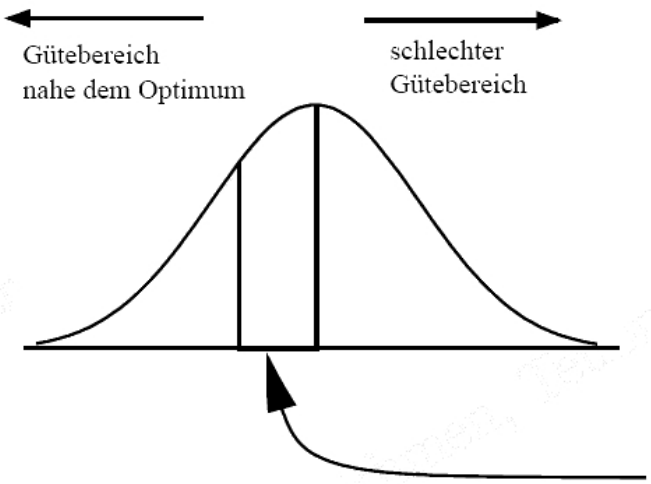
Dichteverteilung der Gütewerte eines einfachen TSP mit 11 Städten

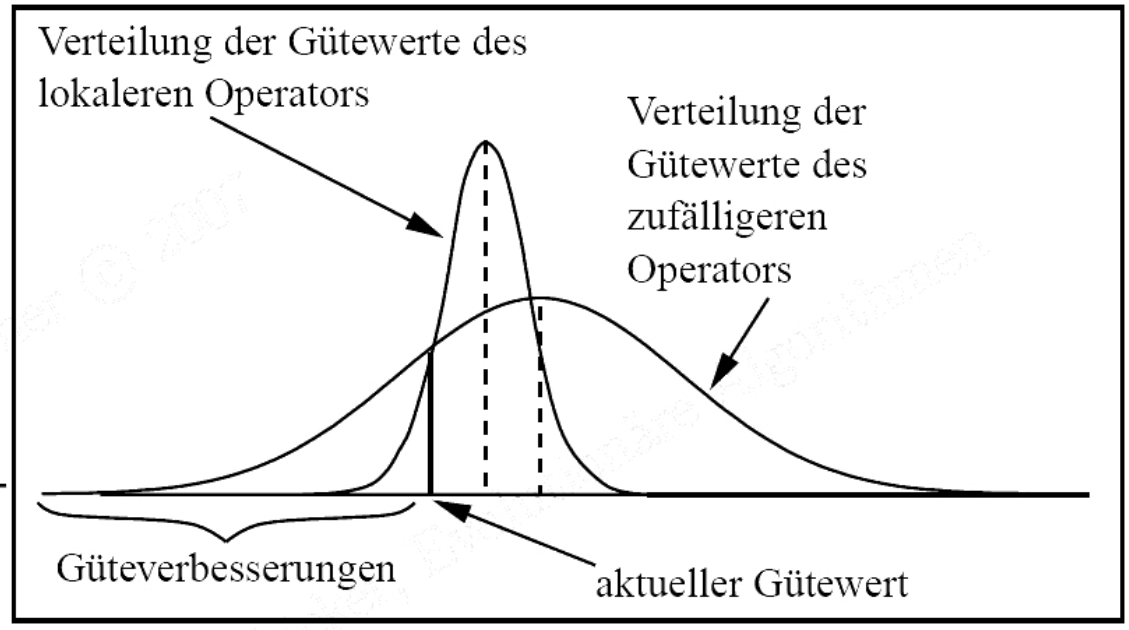
Varianz der erzeugten Güte

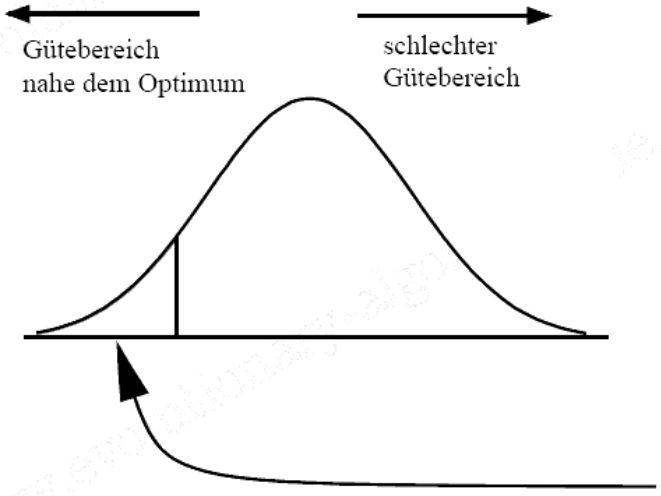
- wichtig ist, wie *lokal* Mutationsoperator arbeitet
- sehr lokal, erzeugt Gütewerte nahe der Güte des Elternindividuums
- wenig lokal, deckt größerer Bereich an Gütewerten ab

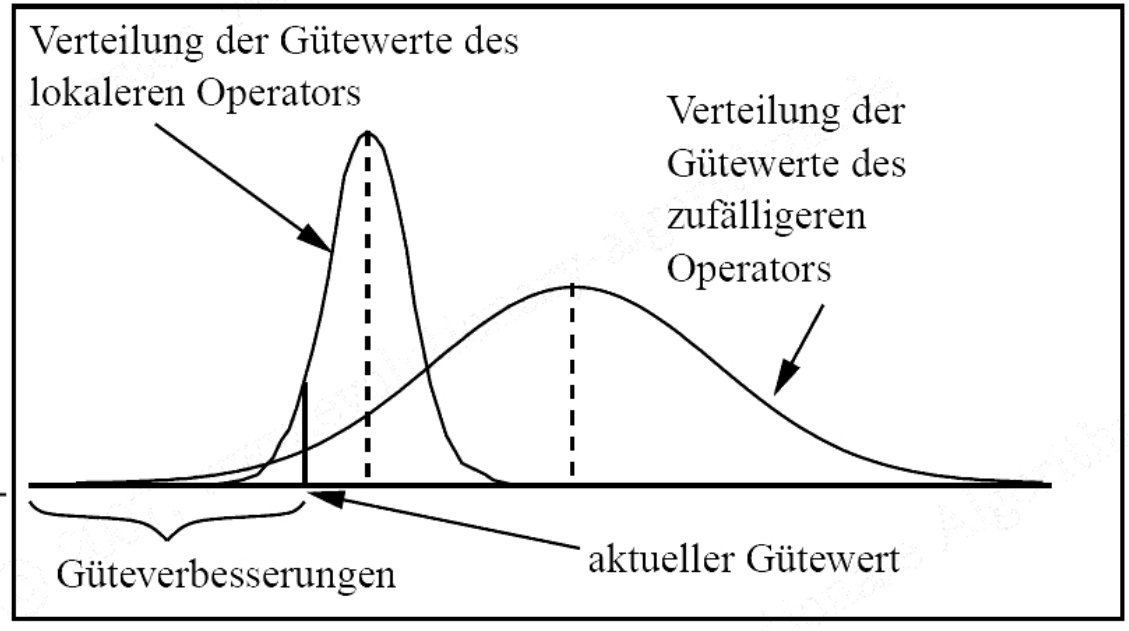


- invertierende Mutation ist über gesamten Gütebereich lokaler als Dreiertausch

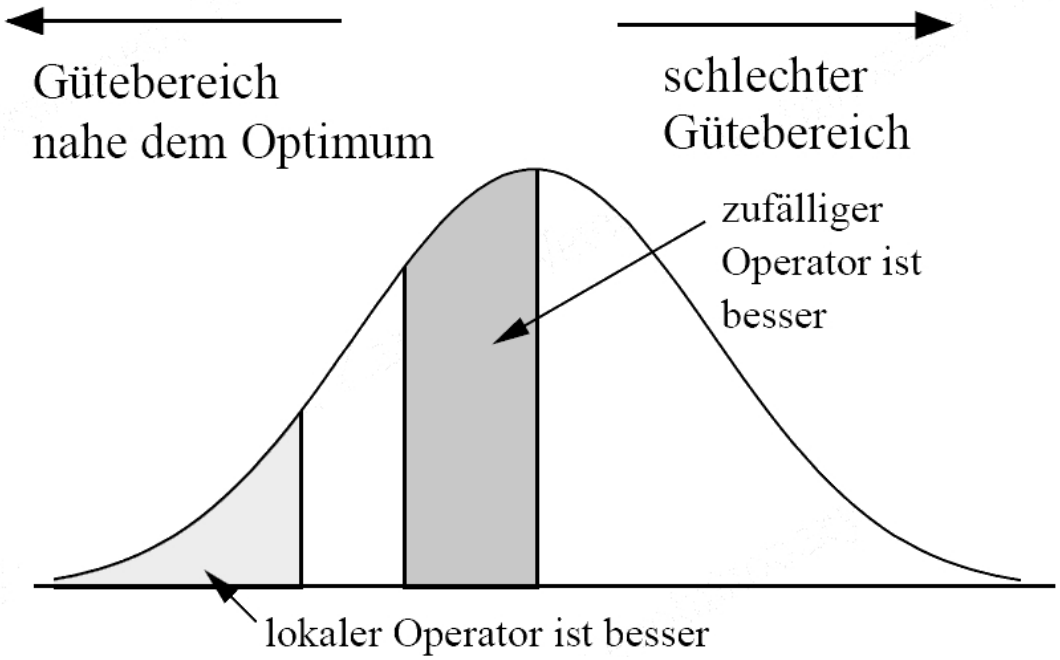

Gütebereich
nahe dem Optimum
schlechter
Gütebereich


Verteilung der Gütewerte des
lokaleren Operators
Verteilung der
Gütewerte des
zufälligeren
Operators
Güteverbesserungen
aktueller Gütewert


Gütebereich
nahe dem Optimum
schlechter
Gütebereich


Verteilung der Gütewerte des
lokaleren Operators
Verteilung der
Gütewerte des
zufälligeren
Operators
Güteverbesserungen
aktueller Gütewert

Ergebnis der Überlegungen



- Qualität eines Mutationsoperators kann nicht unabhängig vom aktuellen Güteniveau beurteilt werden
- Operator ist niemals optimal über gesamten Verlauf der Optimierung
- bei zunehmender Annäherung an Optimum: lokalere Operatoren!

Anpassungsstrategien: 3 Techniken

Vordefinierte Anpassung:

- lege Veränderung vorab fest

Adaptive Anpassung:

- erhebe Maßzahlen für Angepasstheit
- leite Anpassung von Regeln ab

Selbstadaptive Anpassung:

- nutze Zusatzinformation im Individuum
- zufallsbasiert sollen sich Parameter individuell einstellen

Vordefinierte Anpassung

Betrachtete Parameter:

- reellwertige Gauss-Mutation
- σ bestimmt durchschnittliche Schrittweite
- Modifikationsfaktor $0 < \alpha < 1$ lässt σ exponentiell fallen

Umsetzung:

Algorithm 4 Vordefinierte Anpassung

Input: Standardabweichung σ, Modifikationsfaktor α
Output: angepasste Standardabweichung σ

1: $\sigma' \leftarrow \alpha \cdot \sigma$
2: **return** σ'

Adaptive Anpassung

- Maß: Anteil der verbessernden Mutationen der letzten k Generationen
- falls dieser Anteil „hoch“ ist, soll σ vergrößert werden

Algorithm 5 Adaptive Anpassung

Input: Standardabweichung σ, Erfolgsrate p_s, Schwellwert θ, Modifikationsfaktor $\alpha > 1$

Output: angepasste Standardabweichung σ

1: **if** $p_s > \theta$ $\{$
2: **return** $\alpha \cdot \sigma$
3: $\}$
4: **if** $p_s < \theta$ $\{$
5: **return** σ / α
6: $\}$
7: **return** σ

Selbstadaption

Umsetzung:

- Speichern der Standardabweichung σ bei Erzeugung des Individuums als Zusatzinformation im Individuum
- das heißt, dass ein *Strategieparameters* verwendet wird (wird beim Mutieren leicht zufällig variiert)
- „gute“ Werte für σ setzen sich durch bessere Güte der Kinder durch

Experimenteller Vergleich

Versuch mit verschiedenen Adaptionsverfahren [Weicker, 2007]

- 10-dimensionaler Suchraum
- Algorithmus: paralleler Hillclimber
- **aber** pro Generation werden $\lambda = 10$ Kindindividuen erzeugt
- reellwertige Gauß-Mutation mit $\sigma = 1$
- Selektion der Besten von Eltern und Kindern
- $\theta = \frac{1}{5}$ und $\alpha = 1.224$

Selbstadaptive Gauß-Mutation

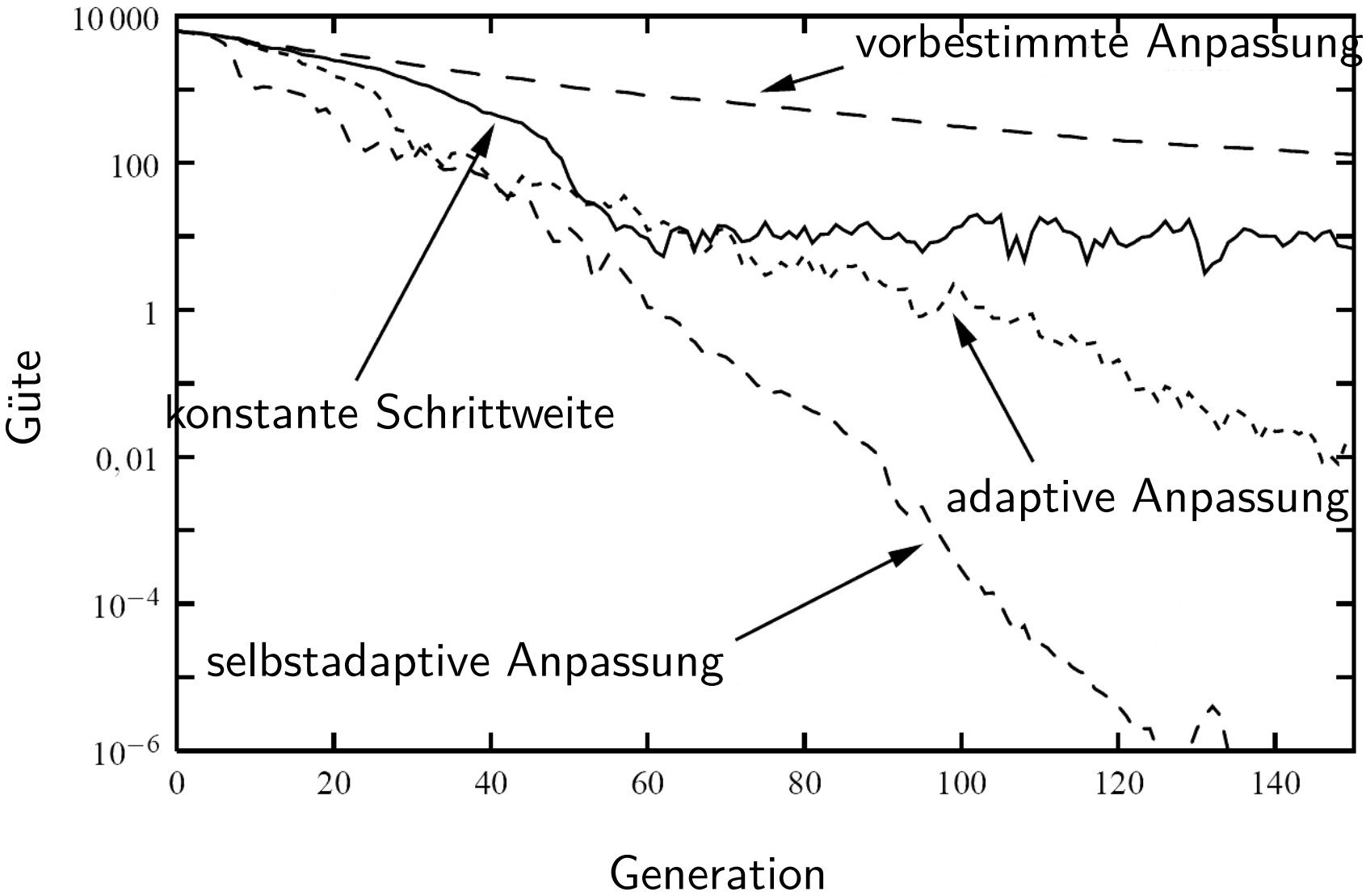
Algorithm 6 Selbstadaptive Gauß-Mutation

Input: Individuum A mit $A.G \in \mathbb{R}^l$

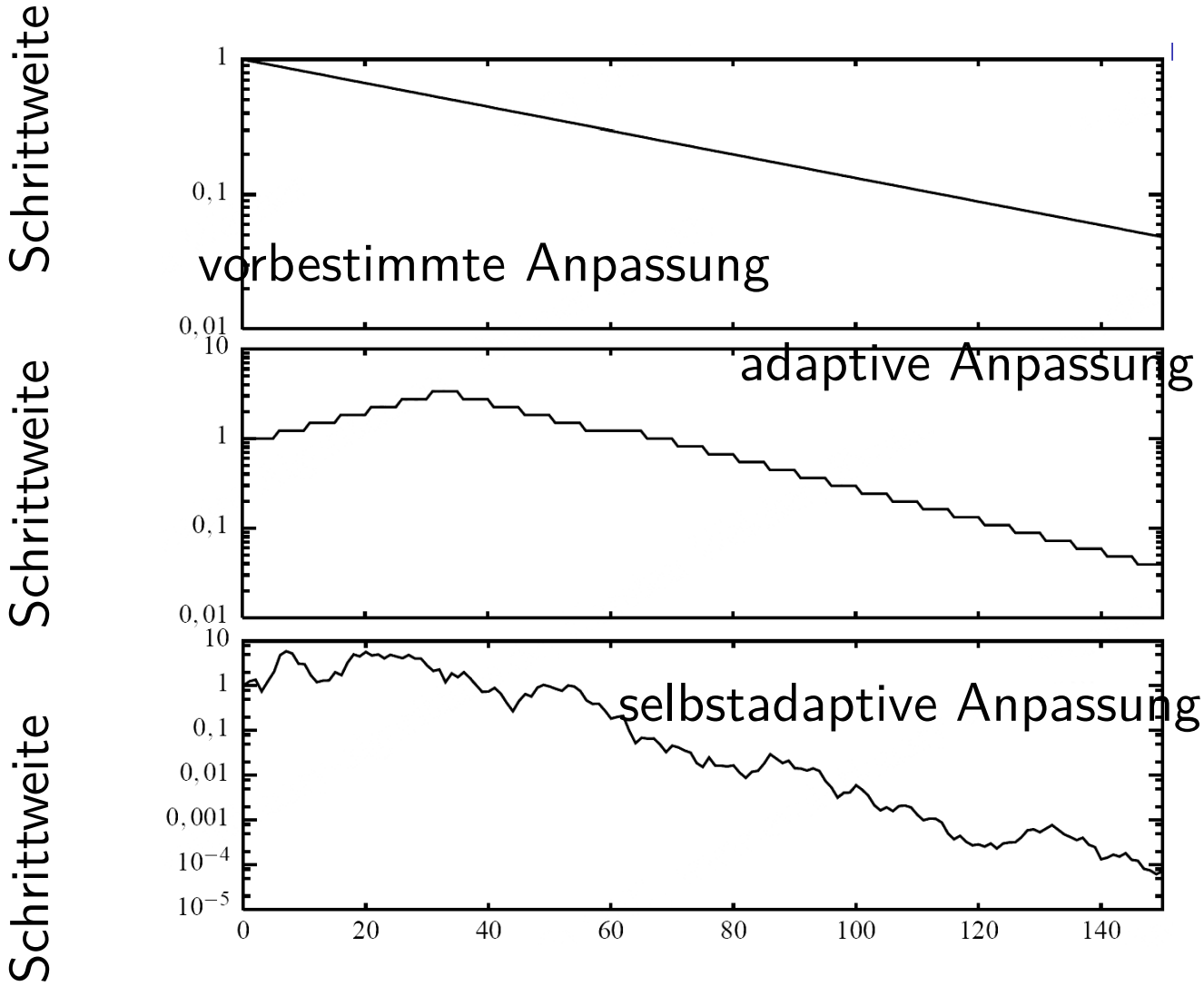
Output: variiertes Individuum B mit $B.G \in \mathbb{R}^l$

1: $u \leftarrow$ wähle zufällig gemäß $\mathcal{N}(0,1)$
2: $B.S_1 \leftarrow A.S_1 \cdot \exp(\frac{1}{\sqrt{l}} u)$
3: **for each** $i \in \{1, \ldots, l\}$ {
4: $\quad u \leftarrow$ wähle zufällig gemäß $\mathcal{N}(0, B.S_1)$
5: $\quad B.G_i \leftarrow A.G_i + u_i$
6: $\quad B.G_i \leftarrow \max\{B.G_i,\ ug_i\}$ /* untere Wertebereichsgrenze ug_i */
7: $\quad B.G_i \leftarrow \min\{B.G_i,\ ug_i\}$ /* obere Wertebereichsgrenze og_i */
8: }
9: **return** B

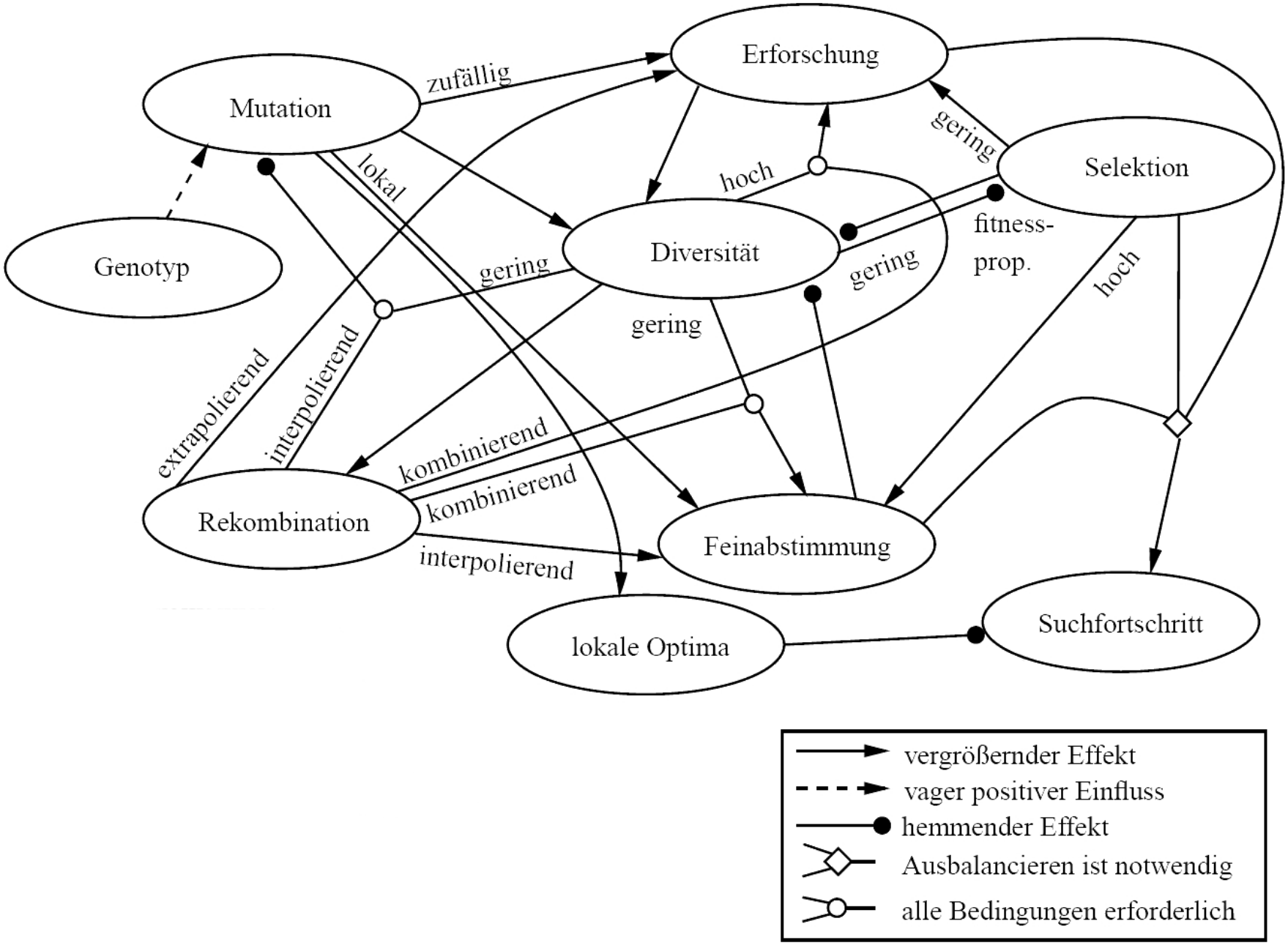
Ergebnis des Vergleichs



Ergebnis des Vergleichs



Übersicht


Erforschung
Mutation
zufällig
lokal
Selektion
gering
hoch
Genotyp
Diversität
fitness-
prop.
gering
gering
gering
hoch
extrapolierend
interpolierend
kombinierend
kombinierend
Rekombination
Feinabstimmung
interpolierend
lokale Optima
Suchfortschritt
vergrößernder Effekt
vager positiver Einfluss
hemmender Effekt
Ausbalancieren ist notwendig
alle Bedingungen erforderlich

Zusammenhänge I

Bedingung	Zielgröße	Erwarteter Effekt
Genotyp	Mutation	Nachbarschaft des Mutationsoperators wird beeinflüsst
Mutation	Erforschung	zufällige Mutationen unterstützen Erforschung
Mutation	Feinabst.	gütelokale Mutationen unterstützen Feinabstimmung
Mutation	Diversität	Mutation vergrößert Diversität
Mutation	lokale Optima	gütelokale Mutationen erhalten lokale Optima des Phänotyps (zufällige Mutationen können noch mehr einführen)
Rekombination	Erforschung	extrapolierende Operatoren stärken Erforschung
Rekombination	Feinabst.	interpolierende Operatoren stären Feinabstimmung

Zusammenhänge II

Bedingung	Zielgröße	Erwarteter Effekt
Div./Rekomb.	Mutation	geringe Diversität und interpolierende Rekombination dämpfen Ausreißer der Mutation
Diversität	Rekombination	hohe Diversität unterstützt Funktionsweise der Rekombination
Selektion	Erforschung	geringer Selektionsdruck stärkt Erforschung
Selektion	Feinabst.	hoher Selektionsdruck stärkt Feinabstimmung
Selektion	Diversität	Selektion verringert meist Diversität
Div./Rekomb.	Erforschung	kombinierende Rekombination stärkt Erforschung bei hoher Diversität
Div./Rekomb.	Feinabst.	kombinierende Rekombination stärkt Feinabstimmung bei hoher Diversität

Zusammenhänge III

Bedingung	Zielgröße	Erwarteter Effekt
Erforschung	Diversität	erforschende Operationen erhöhen Diversität
Feinabst.	Diversität	feinabstimmende Operationen verringern Diversität
Diversität	Selektion	geringe Diversität verringert Selektionsdruck der fitnessproportionalen Selektion
lokale Optima	Suchfortschritt	viele lokale Optima hemmen Suchfortschritt
Erf./Fein./Sel.	Suchfortschritt	Ausbalancieren der drei Faktoren ist notwendig

Literatur zur Lehrveranstaltung

Weicker, K. (2007).
Evolutionäre Algorithmen.
Teubner Verlag, Stuttgart, Germany, 2nd edition.