

Evolutionäre Algorithmen

Das Schematheorem, No Free Lunch Theorem

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

1. Motivation

Schemata

Einfluss der Selektion

Einfluss der Mutation

Einfluss des Crossover

2. Herleitung des Schematheorems

3. Baustein-Hypothese

4. 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.)

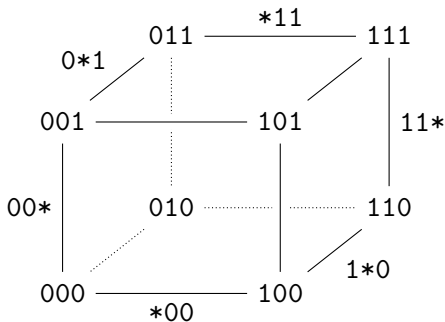
Schemata: Ein Beispiel

$h = \quad **0*11*10*$ 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
- **dadurch: impliziter Parallelismus**

Schemata: Hyperebenen

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



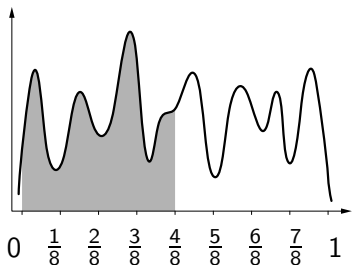
- Beispiele:**
- $*00 \hat{=}$ Kante von 000 nach 100 (vorne unten)
 - $0** \hat{=}$ linke Würfelfläche
 - $*** \hat{=}$ gesamter Würfel

Schemata: Wertebereiche von Funktionen

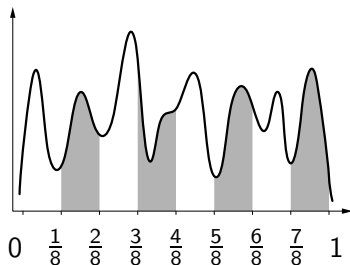
geg.: reelle Funktion $f : x \in [0, 1] \rightarrow \mathbb{R}$

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

Die durchschnittliche Anzahl Nachkommen eines zu Schema h passenden Chromosoms ist

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

Die 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:

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

 $\overline{f_t(h)}$

mittlere Fitness der in $P(t)$ zu h passenden Chromsomen

 $\overline{f_t}$

mittlere Fitness aller Chromosomen der t -ten Generation

Die mittleren Anzahl Nachkommen wird durch das Verhältnis der mittleren Güte eines Schemas zur Gesamtdurchschnittsgüte berechnet

Einfluss der Mutation

Um zu bestimmen, unter welcher Wahrscheinlichkeit die Passung eines Schemas verloren geht bzw. erhalten bleibt, werden spezielle Maße benötigt.

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, muss aber nicht zwangsläufig, verloren gehen

Übersicht

1. Motivation

2. Herleitung des Schematheorems

Selektion

Crossover

Mutation

Das Schematheorem

3. Baustein-Hypothese

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

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_{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

Mit Binär-Mutation gilt

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

Das Einsetzen des Fitnessverhältnisses liefert

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

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. Baustein-Hypothese

Kritik an der Baustein-Hypothese

4. Zusammenfassung

Baustein-Hypothese

- Ein 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 werden Bausteine u.U. durch andere Eigenschaften charakterisiert
- Eine hohe mittlere Fitness ist jedoch stets charakterisierende Eigenschaft, da jedes Selektionsverfahren Chromosomen mit hoher Fitness bevorzugt

Baustein-Hypothese

GA arbeitet optimal, wenn aus **kurzen Schemata mit geringer Ordnung** (sog. Bausteine) Schemata mit höherer Fitness entstehen.

- **aber:** Kombination von Bausteine führt zu höherer Ordnung und definierender Länge des Bausteins
- dadurch sind neue Bausteine viel mehr gefährdet, durch genetische Operatoren zerissen zu werden
- Arbeitsweise eines GA ist immer noch nicht ausreichend erforscht

Übersicht

1. Motivation
2. Herleitung des Schematheorems
3. Baustein-Hypothese
- 4. 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, wodurch der Selektionsdruck sinkt
- relative Fitness eines Schemas konvergiert gegen $1/|P|$ (Gleiche Fitnesswerte für alle Individuen)
- schließlich: erwartete Anzahl Kopien nimmt ab durch Zerstörung durch genetische Operatoren

Zusammenfassung

- 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

Übersicht

1. Motivation
2. Herleitung des Schematheorems
3. Baustein-Hypothese
4. Zusammenfassung

No Free Lunch Theorem

Voraussetzungen

Suchraum Ω

\mathcal{F} Raum aller Optimierungsprobleme (Zielfunktionen)

Ω und \mathcal{F} seien endlich

Unwissenheit über Optimierungsproblem

- Gleichverteilung aller dieser Probleme
- jedes Problem $F \in \mathcal{F}$ tritt mit Wahrscheinlichkeit $\frac{1}{|\mathcal{F}|}$ auf
- weitere Vereinfachung
 - $\forall F \in \mathcal{F}$ gilt $F : \Omega \mapsto \mathbb{R}$
 - $\forall F \in \mathcal{F}$ sind auf selbem Suchraum Ω definiert
- \mathcal{A} sei Menge aller Optimierungsalgorithmen, die auf Ω arbeiten

No Free Lunch Theorem

Charakterisierung eines Algorithmus

- welche Ind. werden in welcher Reihenfolge auf $F \in \mathcal{F}$ betrachtet
 - lediglich n Auswertungen zur Optimierung möglich:
 - Optimierung $_{F,n} : \mathcal{A} \mapsto \Omega^n$
 - bei jeder Optimierung bewertet Algorithmus ein Individuum 1x
- ⇒ Optimierung $_{F,n}(\text{Alg})$ enthält insgesamt n untersch. Individuen
- jeder Algorithmus Alg sei deterministisch
- ⇒ Optimierung $_{F,n}(\text{Alg})$ auch eindeutig

Für Problem $F \in \mathcal{F}$, Optimierungsproblem $\text{Alg} \in \mathcal{A}$ und $n \in \mathbb{N}$ ist

$$\text{Optimierung}_{F,n}(\text{Alg}) = (y_1, \dots, y_n) \in \Omega^n$$

mit $y_i \neq y_j$ für $i \neq j$ wobei y_k Individuum, das Alg mit F als k -tes Element untersucht.

Vergleich von $\text{Alg}_1, \text{Alg}_2 \in \mathcal{A}$

- mittels Leistungsmaß QuAlg (Qualität eines Algorithmus)
 - definiert mit Optimierung $f_{F,n}(\text{Alg}) = (y_1, \dots, y_n)$ durch $q_n : \mathbb{R}^n \mapsto \mathbb{R}$ als

$$\text{QuAlg}_{F,n}(\text{Alg}) = q_n(F(y_1), \dots, F(y_n))$$

- z.B. durchschnittliche bzw. beste Güte oder
- Anzahl der benötigten Auswertungen bis Optimum erreicht
- zu erwartende Leistung E der n ersten Auswertungen von Alg auf beliebigem Problem

$$E \left[\text{QuAlg}_{F,n}(\text{Alg}) \mid F \in \mathcal{F} \right] = \frac{1}{\#\mathcal{F}} \sum_{F \in \mathcal{F}} \text{QuAlg}_{F,n}(\text{Alg})$$

⇒ Mittel über alle möglichen Probleme

No Free Lunch

Satz (No free lunch)

Für je zwei Algorithmen $Alg_1, Alg_2 \in \mathcal{A}$ und die Klasse aller Probleme \mathcal{F} gilt bezüglich eines Leistungsmaßes $QuAlg$:

$$E \left[QuAlg_{F,n}(Alg_1) \mid F \in \mathcal{F} \right] = E \left[QuAlg_{F,n}(Alg_2) \mid F \in \mathcal{F} \right]$$

Konsequenzen

Kein Alg. ist im Mittel über alle möglichen Probleme einem Anderen überlegen

Gäbe es Algorithmus, der auf $\mathcal{F}' \subset \mathcal{F}$ überlegen, also

$$E \left[\text{QuAlg}_{\mathcal{F},n}(\text{Alg}_1) \mid F \in \mathcal{F}' \right] < E \left[\text{QuAlg}_{\mathcal{F},n}(\text{Alg}_2) \mid F \in \mathcal{F}' \right]$$

- dann folgt sofort

$$E \left[\text{QuAlg}_{\mathcal{F},n}(\text{Alg}_1) \mid F \in \mathcal{F} \setminus \mathcal{F}' \right] > E \left[\text{QuAlg}_{\mathcal{F},n}(\text{Alg}_2) \mid F \in \mathcal{F} \setminus \mathcal{F}' \right]$$

- für jeden Algorithmus: \exists Nische im Raum aller Probleme, für die Algorithmus besonders gut geeignet
- Anwendung: welchen Algorithmus nutzen bei gegebenem Problem?
- Wissenschaft: welche Klasse von Problemen optimal für bestimmten Algorithmus?

Zusammenfassung

falls keinerlei Problemwissen vorhanden

⇒ Erwartung von EA gegenüber beliebigem Verfahren nicht höher


falls Problemwissen vorhanden

- z.B. Annahmen über gewisses Wohlverhalten der Gütelandschaft

⇒ generelle Anwendbarkeit von bestimmten Algorithmen wird nahegelegt

Wissen über Struktur des Problems sollte fließt in Auswahl oder in Entwurf des Optimierunsalgorithmus einfließen

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.