

Fachhochschule Köln,
Abteilung Gummersbach

Evolutionstrategien und Genetische Algorithmen

Neuronale Netze II WS 03/04
Prof. Dr. Hartmut Westenberger
25. März 2004

von
Steffen Hartmann, Matr.Nr.: 11029647
Hans - Peter Krüger, Matr.Nr.: 11027679

Inhaltsverzeichnis

1	Einleitung	3
2	Grundbegriffe	4
2.1	Das Chromosom	4
2.2	Die Zellteilung	4
2.3	Die Desoxyribonukleinsäure (DNS)	5
2.4	Das Gen	5
3	Evolutionsstrategien	5
3.1	Die (1 + 1)-ES	6
3.2	Die ($\mu + \lambda$)-ES	7
3.3	Die (μ, λ)-ES	7
3.4	Selektionsdruck und Populationswellen	8
3.5	Die ($\mu/p\#\lambda$)-ES	8
4	Genetische Algorithmen	9
4.1	Binärkode	10
4.2	Die Fitness- und Bewertungsfunktionen	10
4.3	Mutationen	11
4.4	Das Heirats-Schema	11
4.5	Rekombination (Crossover)	12
4.6	Das Ersetzungsschema	12
5	Evolutionsstrategien im Vergleich mit Genetischen Algorithmen / Fazit	13

1 Einleitung

Die Evolution ist die treibende Kraft für die Entwicklung jeglicher Lebensformen auf unserem Planeten. Sie hat es geschafft, die komplexesten Lebensformen hervorzubringen und ist letztlich dafür verantwortlich, dass wir so sind wie wir sind. Die Evolution ist ein faszinierendes Thema. Wir Menschen können von der Evolution der Lebensformen und der Untersuchung der Mechanismen, die das Leben vorantreiben, noch sehr viel lernen.

Einige der Prinzipien der Evolution sind heute relativ gut verstanden. Dies ist nicht zuletzt Charles Darwin (1809-1882) zu verdanken, dem Begründer der modernen Evolutionstheorie. Darwin fand heraus, dass gewisse Individuen einer Art aufgrund ihrer - wenn auch nur geringfügigen - genetischen Variationen besser an ihre Lebensbedingungen angepasst sind als andere Individuen der gleichen Art. Diese Individuen, welche mit den jeweiligen Lebensbedingungen wie z.B. Umwelt, Klima, Nahrung oder Feinde am besten zurechtkommen, erhalten dadurch eine größere Überlebenschance als die weniger gut angepassten Individuen der gleichen Art. Sie halten dem sogenannten Selektionsdruck stand, während die weniger gut angepassten meist frühzeitig sterben. Die natürliche Begrenzung der Nahrung führt in Kombination mit dem überproportionalen Wachstum der Arten dazu, dass ein großer Teil der jeweils zusammenlebenden Individuen einer Art Kampf ums Dasein führen muss. Dieser Kampf führt zu einer Zuchtwahl, also zu einer natürlichen Auslese (Selektion). Für die tauglichsten Individuen bestehen die höchsten Überlebenschancen. In diesem Zusammenhang spricht man von dem Prinzip des *survival of the fittest*.

Dieses Prinzip hat zur Folge, dass an die späteren Generationen bevorzugt die Eigenschaften und Besonderheiten der jeweils aktuellen, gut angepassten und damit überlebensfähigeren Individuen weitergegeben werden. Die ursprünglich zufälligen Variationen des Erbgutes haben sich als nützlich erwiesen und werden auf Dauer bei vielen Nachkommen zu finden sein. Langfristig bewirkt dies, dass sich die Arten schrittweise verändern und auseinander entwickeln. Einige dieser heute bekannten evolutionären Grundprinzipien werden in der KI bei den sog. Evolutionsstrategien und den Genetischen Algorithmen verwendet, welche in dieser Ausarbeitung näher betrachtet werden sollen. Dabei geht es nicht darum, die biologische Evolution exakt nachzubilden, sondern Grundprinzipien wie Selektion, Rekombination (Crossover) und Mutation soweit zu verstehen und zu modellieren, dass sie auf Computern simuliert und damit zur Lösung schwieriger theoretischer und praktischer Probleme genutzt werden können, bei denen konventionelle Verfahren versagen bzw. nur schwer anwendbar sind.

Die Anwendungsgebiete der Evolutionsstrategien und Genetischen Algorithmen sind:

- kombinatorische oder logistische Aufgabenstellungen (z.B. Scheduling, Stundenplanerstellung, Verschnittoptimierung, Netzwerkoptimierung)
- Parameteroptimierung nichtlinearer, numerischer Funktionen mit vielen lokalen Optima
- Optimierung nichtlinearer Strukturen (z.B. neuronale Netze, Regeln in Klassifizierungssystemen, elektronische Schaltkreise)
- Optimierung sich zeitlich ändernder oder verrauschter Zielfunktionen
- gleichzeitige Optimierung nach mehreren Kriterien

Um die Evolutionsstrategien und Genetischen Algorithmen besser zu verstehen, möchten wir zunächst eine kurze Einführung für die in der Evolution wichtigen biologischen Grundbegriffe geben.

2 Grundbegriffe

2.1 Das Chromosom

Die sog. Chromosomen sind fester Bestandteil einer jeden Zelle. Sie liegen im Plasma des Zellkerns und haben die Form eines langen, kontinuierlichen Stranges aus Desoxyribonukleinsäure (DNS), welche als Träger der Erbsubstanzen (Gene) dient. Jedes Chromosom besteht aus zwei identischen Chromatiden, die am Centromer miteinander verbunden sind. Dabei vermehren sich die Chromosomen ausschließlich durch Teilung (siehe Kapitel 2.2). Jedes Chromosom hat eine bestimmte Architektur und eine dauerhafte innere Struktur, die nur durch bestimmte seltene Ereignisse - z.B. Mutation oder Rekombination (Crossover) - verändert wird.

Die Anzahl der Chromosomen des Zellkerns bestimmt den Chromosomensatz eines Lebewesens, wobei die Anzahl der Chromosomen bei verschiedenen Arten stark schwanken kann. Die diploiden menschlichen Körperzellen haben z.B. 46 Chromosomen, was aber dennoch wenig über die Entwicklungsstufe des Lebewesens aussagt. So gibt es einfache Pflanzentypen, die wesentlich mehr Chromosomen haben als der Mensch. Wird die übliche Chromosomenzahl eines Lebewesens verändert, so wirkt sich dies in der Ausbildung der individuellen Merkmale aus.

Chromosomen können durch verschiedene äußere Einflüsse, z.B. durch radioaktive Strahlung oder durch Chemikalien, strukturell verändert und zerstört werden. Man spricht in diesen Fällen von Chromosomenaberrationen (Chromosomenanomalie). Sie entstehen zufällig durch einen oder mehrere Brüche der Chromosomen. Wegen der in der Regel schwerwiegenden Auswirkungen auf die Individuen ist der Einfluss der Aberration auf den Verlauf der Evolution in der Regel meist nicht eindeutig bestimmbar und in der Fachwelt umstritten. Man geht deshalb davon aus, dass die Aberrationen die Evolution eher stören als positiv beeinflussen. Jedoch sind die verschiedenen Entwicklungsstufen und der damit verbundene DNS-Gehalt der Zellen von Organismen mit großer Wahrscheinlichkeit auf Chromosomenverlängerungen zurückzuführen, die ebenfalls eine Art der Chromosomenaberrationen darstellt. Durch die Chromosomenverlängerungen bleiben bestehende Gene unverändert, gleichzeitig können aber neue Varianten ausprobiert werden.

2.2 Die Zellteilung

Die Zellteilung ist der biologische Prozess, der das Wachstum und die Fortpflanzung aller Lebewesen garantiert. Man unterscheidet zwischen zwei Typen von Zellteilungsprozessen: die Mitose und die Meiose. Die Mitose ist eine erbgleiche Zellteilung, bei der eine Tochterzelle mit identischem Erbgut erzeugt wird.

Für das Verständnis der Evolution allerdings ist die Meiose, als geschlechtlicher Zellteilungsprozess, von größerer Bedeutung. Bei der Meiose werden die Chromosomen durch das sogenannte *crossover* miteinander rekombiniert und Stücke zwischen den homologen Chromosomen des Vaters und der Mutter ausgetauscht. Die Chromatiden der jeweiligen Chromosomen koppeln sich anschließend voneinander ab und werden, soweit aus heutiger Sicht bekannt, zufällig auf die einzelnen Keimzellen (Gameten) verteilt. Die Meiose ist damit verantwortlich für die Mischung des Erbgutes.

2.3 Die Desoxyribonukleinsäure (DNS)

Der wichtigste chemische Bestandteil der Chromosomen ist die Desoxyribonukleinsäure (DNS), die aus einer Aneinanderreihung der vier verschiedenen Basenpaaren Adenin (A), Guanin (G), Cytosin (C) und Thymin (T) bestehen. Die jeweilige Reihenfolge der Basen in der DNS ist sehr wichtig, da sie die genetische Information, die für die Synthese von Proteinen (Eiweiß) notwendig ist, kodiert. Proteine sind die wichtigsten Zellbausteine, denn sie beeinflussen und steuern als Enzyme oder Hormone den gesamten Stoffwechsel. Bei der Proteinsynthese werden die Basensequenzen der DNS in bestimmte Aminosäuresequenzen übersetzt, die die Bausteine der Proteine darstellen. Für die Proteinsynthese werden 20 Aminosäuren benötigt. Die Aminosäuresequenz entspricht einer bestimmten Reihenfolge der Aminosäuren im Eiweißmolekül.

Die Basensequenzen der DNS und die Anzahl der Basen sind entscheidend für den Informationsgehalt der Gene. Die Basen stellen eine Art Alphabet des Lebens dar. Der genetische Code muss es gestatten, Sequenzen der Basen in Strukturbeschreibungen von Proteinen zu übersetzen. Da aber die Nukleinsäuren jeweils nur aus vier Basenbausteinen bestehen und die Proteine andererseits aber aus 20 Aminosäuren aufgebaut sein können, ist eine eindeutige Zuordnung nicht möglich.

Daher müssen jeweils mehrere Basen, also eine Basensequenz, eine Aminosäure codieren. Die Natur hat für diesen Zweck eine Dreiercodierung entwickelt. Ein Wort in der Basensequenzsprache besteht aus Dreierketten der vier Buchstaben (Basen). Folglich gibt es maximal $4^3 = 64$ Worte zur Beschreibung von Aminosäuren. Von den 64 möglichen Worten bezeichnen lediglich 3 keine Aminosäuren. Sie werden quasi als Steuerzeichen, als Stoppsymbole zur Steuerung des Abbruchs der Eiweißsynthese verwendet. Jedoch werden die Aminosäuren in der Regel durch mehrere Triplets codiert, da nur 20 verschiedene Aminosäuren in den Proteinen enthalten sind (Redundanz). Die Umsetzung der Nukleotidsequenz des genetischen Codes erfolgt in zwei Schritten: einer Umschreibung des Codes in eine andere, portable Form (Transkription) und einer nachfolgenden Übersetzung des Codes in entsprechende Aminosäuresequenzen.

2.4 Das Gen

Unter einem Gen ist die Beschreibung einer Aminosäuresequenz eines, oder seit neueren Erkenntnissen, mehrerer Proteine zu verstehen. Sie ist folglich ein Abschnitt der DNS, die die Informationen für die Bildung eines oder mehrerer Proteinmoleküle beschreibt. Das Wort Gen kommt von dem griechischen Wort *gennan* (dt.: *erzeugen*).

3 Evolutionsstrategien

Es gibt im Großen zwei Modelle der Evolution, welche sich für Computersimulationen und Anwendungen in der Informatik besonders eignen: die Evolutionsstrategien und die Genetischen Algorithmen. Die Evolutionsstrategien (ES) wurde von Ingo Rechenberg an der TU Berlin in den sechziger Jahren entwickelt und mittlerweile durch andere Forscher und Rechenberg selbst verbessert und erweitert. Aufgrund der vielen Erweiterungen der ursprünglichen Evolutionsstrategie kam es im Laufe der Zeit zur Entwicklung mehrerer in sich abgeschlossener und aufeinander aufbauender Evolutionsstrategien zunehmender Komplexität. Die ersten Modelle der Evolutionsstrategien

haben viele Details der biologischen Evolution vernachlässigt und waren ziemlich abstrakt. Allmählich wurde das Evolutionsmodell dann weiter an die eigentlichen biologischen Gegebenheiten angelehnt. Die unterschiedlichen Evolutionsstrategien stellen deshalb auch verschiedene Stufen der Imitation der biologischen Evolution dar. Daher unterscheiden sich die einzelnen Varianten der Evolutionsstrategie hauptsächlich in der Modellierung der Details der biologischen Evolution und der Repräsentation der Art und Weise, wie die Individuen einer Population mutiert und jeweils untereinander rekombiniert, zusammengefasst und selektiert werden. Die Frage nach der optimalen Repräsentierung bzw. Modellierung der wichtigen Details hat die Evolutionstheoretiker in zwei Lager gespalten. Auf der einen Seite steht die deutsche Schule der Evolutionsstrategen um Rechenberg, welche die biologische Evolution nur als Richtschnur für die Entwicklung eines leistungsstarken Such- und Optimierungsverfahrens versteht. Auf der anderen Seite steht die amerikanische Schule der Verfechter der Genetischen Algorithmen um Holland und Goldberg, welche sich stärker für die Frage interessiert, wie es der Evolution gelingt, Informationen zu kodieren, zu verarbeiten und diese Informationen über die Generationen hinweg weiterzureichen.

3.1 Die $(1 + 1)$ -ES

Die einfachste Form der ES ist die sogenannte *zweigliedrige* $(1 + 1)$ -ES. Das Grundschema der $(1 + 1)$ -ES ist denkbar einfach: Ausgehend von einem Ur-Individuum (einem Vektor reeller Zahlen), einem Elter (Elternteil), wird ein zweites Individuum (ein zweiter Vektor), also ein Nachkomme oder *Kind* erzeugt, indem der Ausgangsvektor zunächst dupliziert wird. Dieser Vorgang simuliert nach Rechenberg den Prozess der DNS-Selbstverdopplung. In einem zweiten Schritt wird das Duplikat (Kind) zufällig (aber nicht willkürlich) modifiziert. Das Duplikat wird mutiert, indem auf jeden einzelnen Parameter des Vektors ein zufälliger (in der Regel kleiner) positiver oder negativer Wert addiert wird. Dieser zufällige Wert basiert auf der Gaußschen Standardnormalverteilung mit dem Mittelwert bei 0. Kleinere Werteänderungen sind somit wahrscheinlicher also größere.

Durch die sogenannte *Adaptive Schrittweitenregelung* wird jedoch oftmals die Mutationsgröße zur Laufzeit des Verfahrens erhöht, um eine schnellere Konvergenz zu gewährleisten. Die Kriterien der Veränderung der Schrittweite bei der *Adaptiven Schrittweitenregelung* sind normalerweise heuristischer Art und sollen nachfolgend hier nicht weiter erläutert werden. Im nächsten Schritt werden der Ausgangsvektor (Elter) und das mutierte Duplikat (Kind) bewertet. Hier kommt es zu einem *survival of the fittest*. Der Vektor, dem eine Qualitätsfunktion den besseren Wert zuordnet, *überlebt* und wird zur Erzeugung neuer Nachkommen nach dem gleichen Schema herangezogen. Der schlechtere von beiden wird *vergessen* und nicht weiter berücksichtigt. Haben Elter und Kind den gleichen Qualitätswert, so wird einer von beiden zufällig als neuer Elter ausgewählt.

Die drei wesentlichen Schritte Selbstreproduktion (Duplikation), Mutation und Selektion werden so oft wiederholt, bis die Qualität eines Nachkommens hinreichend gut ist. Wann dieser Punkt erreicht ist, ist von Problem zu Problem verschieden. Abhängig von der Problemstellungen muss eine optimale Lösung gefunden werden, weil jede suboptimale Lösung nutzlos ist. Bei anderen Problemstellungen, wie etwa bei dem berühmten Travelling-Salesman Problem (die Suche nach der kürzesten Verbindung zwischen mehreren Städten), genügt es in der Regel, annähernd optimale Lösungen zu finden. Bei solchen Problemstellungen ist das Optimum zudem oft unbekannt, so dass man häufig nicht weiß, ob eine Lösung tatsächlich optimal oder nur suboptimal ist.

Außer der Veränderung der Qualität der Nachkommen können noch beliebige andere Abbruchkriterien für die Iteration der ES verwendet werden. Ein häufig benutztes Kriterium ist die Zeit, die für die Berechnungen benötigt wird. Wird eine gewisse Zeit überschritten, wird die Simulation aus

Zeitgründen abgebrochen. Neben der Rechenzeit wird oft auch die Anzahl der erzeugten Generationen von Nachkommen als Kriterium für die Beendigung der Iterationen herangezogen.

Der iterativen Erzeugung von Nachkommen und neuen Eltern wird als ganzzahliges Zeitmaß die Generation G_n zugeordnet. Die Simulation wird dann beispielsweise nach 100. oder 1000. Generationen abgebrochen. Die (1+1)-ES hat ihren Namen daher, dass Elter und Nachkomme zusammen in eine Wahlurne gesteckt werden und nur einer wieder herausgezogen wird und *überlebt*.

Die (1+1)-ES reduziert die Evolutionsmechanismen auf ein Minimalgerüst: die Erbinformation wird in der kompaktesten Form durch Vektoren reeller Zahlen dargestellt, die Varianz des Erbgutes wird ausschließlich durch Mutationen herbeigeführt, und die sexuelle Rekombination des Erbgutes bleibt völlig unberücksichtigt. Die (1+1)-ES ist zudem ein Modell eines rein seriellen Prozesses. Es gibt keine Populationen, sondern lediglich jeweils maximal zwei Individuen zur gleichen Zeit, nämlich ein Elter und ein Nachkomme. Die (1+1)-ES stellt demnach in mehrerer Hinsicht nur die erste Näherung für die tatsächliche Evolution dar.

3.2 Die $(\mu + \lambda)$ -ES

Die $(\mu + \lambda)$ -ES stellt eine Verallgemeinerung der ursprünglichen (1+1)-ES dar. Sie dient dem Zweck, den seriellen Charakter der (1+1)-ES zu überwinden. An die Stelle eines Elters treten nun mehrere μ Eltern und mehrere λ Nachkommen. μ und λ sind immer so zu wählen, dass $\lambda \geq \mu \geq 1$ ist. Die Evolutionsschritte der $(\mu + \lambda)$ -ES bleiben im wesentlichen die gleichen wie bei der (1+1)-ES. Aus den μ Eltern werden λ Eltern für die Erzeugung von λ Nachkommen (Duplikate) zufällig ausgewählt. Die Auswahl trifft mit gleicher Wahrscheinlichkeit jedes Individuum der Elternpopulation. Eine Mehrfachauswahl eines Elters ist zulässig und insbesondere im Fall $\lambda > \mu$ nötig. Die λ Duplikate werden dann wie bei der (1+1)-ES mutiert und zur Bewertung mit den Eltern in eine Urne geworfen. Aus dieser Urne werden die μ besten Individuen als Eltern der nächsten Generation ausgewählt. Die Größe der Elternpopulation bleibt demnach wie bei der (1+1)-ES konstant. Die Tatsache, dass zur Auswahl der besten jeweils die Eltern und die Nachkommen zusammen herangezogen werden, hat einen bedeutenden Effekt. Betrachtet man die Qualität der Besten über mehrere Generationen, so wird die Qualität des Besten von Generation zu Generation nie schlechter.

3.3 Die (μ, λ) -ES

Bei der $(\mu + \lambda)$ -ES werden die Eltern und die Nachkommen $(\mu + \lambda)$ einer Generation gemeinsam bewertet, wobei die jeweils μ besten überleben. Dies hat zur Folge, dass Individuen, die hinsichtlich der Qualitätsfunktion wesentlich besser sind als die meisten anderen Individuen, viele Generationen hindurch überleben können. Diese Eigenschaft der $(\mu + \lambda)$ -ES kann sich jedoch in bestimmten Anwendungen auch negativ auswirken. Die ist zum Beispiel der Fall, wenn das mehrere Generationen überlebende Individuum nur ein lokales Optimum (Minimum) der Qualitätsfunktion darstellt. In diesen Fällen tendiert eine $(\mu + \lambda)$ -ES zu einer vorzeitigen Konvergenz gegen das lokale Optimum. Das globale Optimum wird dann oft nicht gefunden. Im Gegensatz zur $(\mu + \lambda)$ -ES werden bei dem (μ, λ) -ES Ansatz die μ besten nur noch aus den λ Nachkommen selektiert. Die Eltern der Vorgängergeneration werden vergessen.

Die (μ, λ) -ES modelliert die biologische Evolution naturgetreuer als die $(\mu + \lambda)$ -ES. Es gibt keine potentiell unsterblichen Individuen mehr. Die Verhinderung einer vorzeitigen Konvergenz hat u.U.

jedoch gravierende Nachteile. Betrachtet man den Verlauf der Qualitätsfunktion der jeweils besten Individuen über mehrere Generationen, so verläuft die Qualitätsfunktion bei der $(\mu + \lambda)$ -ES monoton (steigend oder fallend, je nachdem, ob die Qualitätsfunktion minimiert oder maximiert werden soll). Bei der (μ, λ) -ES hingegen kann die Qualitätsfunktion von Generation zu Generation sowohl nach oben als auch nach unten stark schwanken. Sie verhält sich in der Regel nicht monoton. Im Extremfall kann es sogar vorkommen, dass selbst die besten Nachkommen von der Qualitätsfunktion schlechter bewertet werden als die schlechtesten Eltern. Die Evolution macht in dieser Situation einen (eventuell kurzfristigen) *Rückschritt*. Die Schwankungen der Qualitätsfunktion können demnach durch die Mutation der Duplikate beeinflusst werden. Wenn die jeweilige Selektionsstrategie keine Rolle spielt, so werden die beiden ES-Varianten unter der Bezeichnung $(\mu \# \lambda)$ -ES zusammengefasst. Das $\#$ steht in diesen Fällen wahlweise für $+$ oder $,$.

3.4 Selektionsdruck und Populationswellen

Die $(\mu \# \lambda)$ -ES erlauben sowohl eine einfache Beschreibung und Simulation des Selektionsdruckes innerhalb einer Population als auch von Populationswellen, also die Berücksichtigung zweier wichtiger Evolutionsfaktoren. Der Selektionsdruck wird durch den Quotienten $s = (\mu/\lambda)$ bestimmt. Je kleiner der Quotient ist, desto stärker ist der Selektionsdruck innerhalb einer Population. Denn ist λ im Verhältnis zu μ groß, so findet eine starke Auslese statt. Ist also λ sehr viel größer als μ , so werden wesentlich mehr Individuen erzeugt als in die nächste Generation übernommen werden können - es herrscht ein großer Selektionsdruck.

Nach dem gleichen Schema lassen sich bei $(\mu \# \lambda)$ -ES auch Populationswellen simulieren, indem man den Wert von μ systematisch oder zufallsgesteuert verändert. Hält man beispielsweise den Parameter λ fest und vergrößert gleichzeitig den Wert von μ , so vergrößert sich die Population bei abnehmendem Selektionsdruck. Dies entspricht in etwa dem Verhalten bei einer Nischenbildung. Die Individuen können sich verstärkt vermehren bei einer geringen Anzahl natürlicher Feinde.

3.5 Die $(\mu/p \# \lambda)$ -ES

Die bisher eingeführten Varianten der ES machen keinerlei Gebrauch von der sexuellen Rekombination. Das Grundschema dieser Varianten ist wieder analog zu den bereits bekannten ES-Varianten zu verstehen. Der einzige Unterschied liegt in der Erzeugung der Duplikate und wird beim $(\mu/p \# \lambda)$ -ES in mehreren Schritten vollzogen. Zunächst werden aus der Elternpopulation nicht mehr einzelne Individuen zur Erzeugung der Nachkommen herangezogen, sondern Gruppen. Diese Gruppen bestehen jeweils aus p Elementen. Im Standardfall ist $p = 2$, das heißt, es werden jeweils λ Zweiergruppen. Die Wahl der Eltern erfolgt wie immer zufällig mit gleicher Wahrscheinlichkeit für jedes Elter. Im nächsten Schritt müssen die Gruppen wieder auf einzelne Duplikate reduziert werden, um wie bei den $(\mu \# \lambda)$ -ES fortfahren zu können. Die Reduzierung erfolgt durch Vermischung der Erbinformationen der p Eltern. Dabei sind die Erbinformationen nicht anderes als Vektoren reeller Zahlen. Es stellt sich folglich das Problem, wie aus zwei (oder im allgemeinen aus n) reellen Vektoren ein neuer Vektor erzeugt werden kann, der jeweils einen Teil der in den beiden Ausgangsvektoren codierten Informationen enthält. Diese Rekombinationsstrategie könnte beispielsweise durchgeführt werden, wenn die jeweils an gleicher Position befindlichen reellen Zahlen der zu rekombinierenden Vektoren gemittelt werden.

$a = \langle 3, 7, 2.8, 9, 5 \rangle$ und $b = \langle 7, 7, 2, 5, 1 \rangle$ so entsteht der Vektor

$c = \langle (3 + 7)/2, (7 + 7)/2, (2.8 + 2)/2, (9 + 5)/2, (5 + 1)/2 \rangle$ also

$c = \langle 5, 7, 2.4, 7, 3 \rangle$

Der jeweils derart erzeugte gemittelte Vektor wird in jeder der λ Gruppen mit p Elementen das Ausgangsduplikat für die nachfolgenden Mutationen

4 Genetische Algorithmen

Die Fundamente der Genetischen Algorithmen wurden von John Holland in den 60'er Jahren in den USA gelegt. Die GAs machen sich ähnlich wie die ES Rechenbergs evolutionäre Prinzipien zu Nutze. Jedoch lag der Fokus, den Holland wählte, eher auf dem informationstheoretischen Aspekt der Evolution. Er beschäftigte sich mit Fragen, wie durch die genetischen Mechanismen Informationen gewonnen, verarbeitet, ausgewertet, zerstört und von Generation zu Generation ohne größere Fehler weitergereicht werden können. Anders als Rechenberg, hatte er keine praktischen ingenieurtechnische Aufgaben zu lösen. Er stelle sich die Frage, wie es die Natur fertig bringt, mit Hilfe des genetischen Kodes und der genetischen Prozesse so etwas erstaunliches wie Intelligenz, Selbstorganisation und die komplexesten Formen der Adaption hervorzubringen und wie man dies auf künstlichem Wege nachbauen und nutzen kann.

Auf den ersten Blick ähneln sich Genetische Algorithmen und Evolutionsstrategien sehr. Es gibt in der Tat auch viele Gemeinsamkeiten, auf die wir im Verlauf unserer Ausarbeitung noch weiter eingehen. Das Grundgerüst eines Genetischen Algorithmus lässt sich durch den folgenden Pseudocode formulieren.

1. Wähle eine geeignete Kodierung der Chromosomen
2. Initialisiere zufällig eine Population von Chromosomen und nenne die Ausgangspopulation Generation 0. Wiederhole bis Bewertung bzw. Fitness zufrieden stellend oder Abbruchbedingung (z.B. Generation ≥ 1000) erreicht ist.
3. Bewerte alle Elemente der aktuellen Generation gemäß Bewertungs- und/oder Fitnessfunktion.
4. Selektiere Paare (oder größere Subpopulation) gemäß Heiratsschema und erzeuge mittels Rekombination (Crossover) Nachkommen der aktuellen Generation
5. Mutiere die Nachkommen
6. Ersetze Elemente der aktuellen Generation durch die Nachkommen gemäß Ersetzungsschema und erzeuge so eine neue Generation (survival of the fittest)
7. Aktualisiere Abbruchbedingung (z.B. Generationszähler)

4.1 Binärkode

Eine der wesentlichsten Unterschiede zwischen den GA und ES liegt in der Kodierung der Chromosomen. Anders als bei den ES werden die Vektoren bei den GAs gewöhnlich binär kodiert. Dies ist relativ ungewöhnlich, weil diese Art der Darstellung einige Probleme mit sich bringt, auf die wir noch zu sprechen kommen. Dagegen ist die Kodierung bei den ES durch reelle Vektoren wesentlich einfacher und kompakter und weniger problembehaftet. Rechenberg macht sich sogar in einer seiner Veröffentlichungen über die, seiner Ansicht nach, umständliche Binärkodierung der GAs lustig. Auf der anderen Seite sehen die GA-Theoretiker aber Vorteile, insbesondere in der Rekombination, durch höhere Breite der Informationsdarstellung. Bei den GAs betrachten wir ausschließlich binäre Vektoren auf der Grundmenge $M := \{0, 1\}$.

Ein binärer Vektor x aus M heißt Chromosomen und ist folglich ein Element aus $M^n = \{0, 1\}^n$. Der binäre Vektor wird in der üblichen Vektornotation $x = \langle x_1, x_2, \dots, x_n \rangle$ dargestellt. Die i -te Position eines Chromosoms $x = \langle \dots, x_i, x_n \rangle$ heißt das i -te Gen des Chromosoms. Der jeweilige Wert eines Gens heißt Allel. Oft ist es nötig, nicht nur einzelne Chromosomenpositionen als Gene zu betrachten, sondern auch Binärsequenzen, also zusammenhängende Chromosomenabschnitte als Gene zu definieren. Welche Definition gemeint ist, ergibt sich aus dem jeweiligen Zusammenhang. $x = \langle 0, 1, 1, 1, 0, 1, 0 \rangle$ ist ein Chromosom, bei dem das erste, fünfte und siebente Gen das Allel 0 und die übrigen das Allel 1 haben. $x = \langle \langle 1, 1, 0 \rangle, 1 \rangle$ ist ein Chromosom mit zwei Genen. Das Allel des ersten Gens ist $\langle 1, 1, 0 \rangle$, das des zweiten ist 1. In vielen praktischen und theoretischen Problemen wird der Gray-Kode anstelle des standard Binärkodes verwendet. Das Hauptproblem des gewöhnlichen Binärkodes besteht darin, dass kleine Änderungen an dem kodierten Wert nicht automatisch zu einer kleinen Änderungen in der Kodierungsform führt.

1023 = 0111111111
1024 = 1000000000

Dies kann erhebliche Folgen für die Konvergenz von GAs haben. Nehmen wir an, ein GA soll ein Optimierungsproblem lösen, bei dem das Optimum bei genau 1024 liegt. Bei der reellen Kodierung, wie sie die Evolutionsstrategen verwenden, ähneln sich zwei Zahlen, die nahe bei 1024 liegen. Durch die Addition von Gauss-verteilten Mutationen mit Mittelwert 0 kann das Optimum von 1024 schnell und beliebig genau approximiert werden. Bei dem obigen Beispiel jedoch, wird praktisch jede standardmäßige Rekombination zu einem wesentlich schlechteren Wert führen.

Der Umgang mit der binären Informationsdarstellung führt zu vielen Problemen. Dies ist wahrscheinlich einer der Gründe, warum man heute für einige Probleme, die mit Hilfe der GAs gelöst werden sollen, die reelle Kodierung des Chromosomenvektors verwendet.

4.2 Die Fitness- und Bewertungsfunktionen

Die Bewertungsfunktion dient wie die Qualitätsfunktion der ES, als Zielfunktion der Optimierung. Mit ihrer Hilfe kann festgestellt werden, wie nahe die Individuen eine optimale Lösung annähern. Bei den GAs unterscheidet man anders als bei den ES, zwischen der Fitness- und Bewertungsfunktion. Der Grund hierfür ist, dass bei der Selektion der Eltern zur Erzeugung der Nachkommen die individuelle Fitness nicht berücksichtigt wird. Die Selektion der Eltern für die Erzeugung der Nachkommen trifft jedes Individuum mit gleicher Wahrscheinlichkeit. Dies wird bei den GAs völlig

anders gehandhabt. Die Bewertung eines Individuums wird zunächst in einen Fitnesswert umgerechnet. Auf der Basis dieses Wertes wird dann entschieden, mit welcher Wahrscheinlichkeit ein Individuum an dem Prozess der Erzeugung von Nachkommen teilhaben darf.

Die Gleichsetzung der Fitness eines Chromosoms mit seiner Bewertung ist daher streng genommen falsch. Die Bewertungsfunktion misst, wie gut ein Chromosom das Optimum approximiert. Die Fitness hingegen gibt an, wie sich aus der Güte, also der Bewertung des Chromosoms, die Chance für das Chromosom errechnet, sich in der nächsten Generation zu reproduzieren. Die Fitnessfunktion ist aber jedoch häufig der Einfachheit halber meist eine einfache Transformation der Bewertung. Es gibt verschiedene Fitnessfunktionen. Eine der gebräuchlichsten ist die Proportionale Fitness: $Prop_{fit}$. Bei der proportionalen Fitness wird die Fitness eines Chromosoms proportional zum Verhältnis der Bewertung des Chromosoms zur Summe der Bewertungen aller Chromosomen einer Generation (Population) errechnet.

$$B := \sum_{i \leq n} b_i$$

$$Prop_{fit}(b_i) := \frac{a \cdot b_i}{B}$$

Bei Einsatz dieser wichtigen Fitnessfunktion erhält jedes Individuum eine seiner Bewertung = Güte direkt proportionale Chance, sich in den folgenden Generationen fortzupflanzen.

4.3 Mutationen

Mutationen sind bei den GAs wesentlich unwichtiger als bei den ES und dienen lediglich dazu, eine frühzeitige Konvergenz der Verfahren zu verhindern. Dies ist deshalb notwendig, weil die Selektion der Individuen zu immer homogeneren Populationen führt. Die Mutationen sollen helfen, dem entgegenzuwirken. Höhere Mutationsraten führen jedoch zu längeren Konvergenzzeiten, sind aber für das Finden einer optimalen Lösung sehr wichtig. Mit ihrer Hilfe können lokale Optima überwunden werden. Dennoch darf die Mutationsrate nicht zu hoch gewählt werden, weil sonst das Verfahren in eine Zufallssuche abgleitet. Die Rekombinations- und Crossover-Schemata sind bei den GAs, weitaus wichtiger als bei den Evolutionsstrategien.

4.4 Das Heirats-Schema

Das Heirats-Schema legt fest, welche Elemente einer Population zur Erzeugung neuer Chromosomen (Crossover) herangezogen werden. Üblicherweise werden jeweils aus zwei Chromosomen zwei neue Chromosomen erzeugt. In einigen Fällen ist es jedoch vorteilhaft, eine entartete Erzeugung von Nachkommen zuzulassen und ähnlich wie bei den ES beispielsweise lediglich aus einem Elter, also einen Ausgangschomosom, ein oder mehrere Kinder zu erzeugen. Das klassische Heirats-Schema wählt die Kandidaten für die Erzeugung von Nachkommen mit einer Wahrscheinlichkeit aus, die proportional zu ihrer Fitness ist. Dadurch soll erreicht werden, dass Nachkommen hoch bewerteter Elemente einer Population in der nächsten Generation mit größerer Wahrscheinlichkeit vertreten sind als durchschnittliche Elemente.

Ziel dieses Prozesses ist es, über die Generationen hinweg ein kontinuierliches Ansteigen der Güte der Population zu erreichen. Das Standard-Heirats-Schema bei GAs wird Roulette-Prinzip genannt.

Der Einfachheit halber stimmt die Bewertungs- mit der Fitnessfunktion überein. Das Schema stellt sicher, dass die Individuen einer Population eine zu ihrer Fitness oder Bewertung proportionale Chance erhalten, sich fortzupflanzen.

4.5 Rekombination (Crossover)

Durch das sogenannte Crossover wird das Erbgut der zuvor durch das Heirats-Schema gewählten Eltern rekombiniert und an die Kinder weitergegeben. Es gibt viele verschiedene Arten des Crossovers, die sich aber alle mehr oder weniger an dem biologischen Vorbild orientieren. Die einfachste Methode ein Crossover durchzuführen ist das sogenannte *One-point Crossover*. Dabei wird zufällig eine Position bestimmt, bei der die Chromosomenvektoren der Eltern gebrochen und miteinander ausgetauscht werden.

$$P_1 = 1010101010$$

$$P_2 = 1110001110$$

Wird die Position der Bruchstelle zufällig bei Bit 7 gewählt, folgt daraus der Vektor $P_3 = 1010101110$. Die gebräuchlichste Methode ist jedoch das *Two-point Crossover*. Anders als beim *One-point Crossover* werden dabei zwei Zufallspositionen auf dem Chromosom gewählt und die dazwischen liegende Chromosomenteilstücke auf den jeweiligen Chromosomen ausgeschnitten und miteinander vertauscht.

4.6 Das Ersetzungsschema

Mit dem Heirats-Schema werden die Kandidaten für die Reproduktion ausgewählt. Nach der Erzeugung der Nachkommen muss entschieden werden, was mit den bisherigen Elementen der Population geschehen soll. Diese Aufgabe übernimmt das Ersetzungsschema. Die einfachste Form der Ersetzung ist das sogenannte *generational replacement* Schema, welches die aktuelle Population vollständig durch ihre Nachkommen ersetzt. Durch den vollständigen Austausch der Generationen kann die Dominanz einiger weniger guter Elemente der Ausgangspopulation durchbrochen werden und eine Verringerung des Risikos einer zu frühzeitigen Einschränkung der Suche im Suchraum etwas reduziert werden. Durch die Ersetzung der gesamten Generation kann es deshalb vorkommen, dass sowohl die Bewertung des besten Individuums der Nachfolgeneraion als auch die durchschnittliche Bewertung der neuen Generation schlechter ist als in der Elterngeneration, wodurch auch die Konvergenzgeschwindigkeit abnimmt.

Ein anderes Ersetzungsschema ist das Elitenschema. Das Elitenschema übernimmt die n besten Elemente in der nächsten Generation. Durch die proportional zur Fitness vorgenommene Vermehrung dominieren die Nachkommen der Besten die nächste Generation. Dieses Schema kann aber zu suboptimalen Lösungen und zu einer frühzeitigen Stagnation des Evolutionsprozesses führen. Um diesen Effekt zu verhindern oder abzuschwächen, kann mit einem schwachen Elitismus gearbeitet werden, der die n besten Elemente erst nach einer geringfügigen Mutation in die nächste Generation übernimmt. Es gibt viele verschiedene Ersetzungsschemata, die für bestimmte Anwendungen gut oder weniger gut geeignet sind.

5 Evolutionsstrategien im Vergleich mit Genetischen Algorithmen / Fazit

Die Frage, ob nun die Evolutionsstrategien oder die Genetischen Algorithmen die leistungsfähigeren Verfahren sind, kann man nicht pauschal beantworten. Es kommt hierbei sehr auf die zu lösende Aufgabe an. Beide Verfahren orientieren sich an evolutionären Prinzipien, setzen diese aber in unterschiedlicher Art und Weise um.

Während Rechenbergs Evolutionsstrategien die Evolution nur als pragmatischen Leitfaden sehen, orientieren sich Hollands Genetische Algorithmen wesentlich stärker an den Prinzipien der Evolution. Beide Verfahren haben gemeinsam, dass sie mit Populationen potentieller Lösungen arbeiten und auf bestimmte Weise geeigneter Individuen aufgrund ihrer Fitness auswählen. Sie verfolgen die Selektionsidee, gemäß dem Prinzip des *survival of the fittest*, um bessere Populationen potentieller Lösungen zu erzeugen.

Bei den Evolutionsstrategien stehen dabei die Mutationsprozesse und die adaptive Schrittweitenregelung im Vordergrund, bei den Genetischen Algorithmen hingegen die genetische Rekombination und die diversen Crossover-Mechanismen.

Ein wesentlicher Unterschied zwischen den Verfahren besteht in der Repräsentation der Individuen einer Population. Bei den ES werden die Chromosomen durch reelle Vektoren kodiert, wobei die GAs binäre Kodierungen benutzen. Ein weiterer Unterschied besteht bei den Selektionsprozessen. Die ES selektieren die besten Individuen einer Generation mit Hilfe der Bewertungsfunktion (Qualitätsfunktion). Anschließend werden aus diesen Individuen mit gleicher Wahrscheinlichkeit die Eltern der Nachfolgegeneration ausgewählt. Dies entspricht einem *survival of the fittest* im strengen Sinne des Wortes. Bei einem GA läuft dieser Selektionsprozess etwas anderes ab. Aus einer Ausgangspopulation mit n Individuen werden $n/2$ Paare ausgewählt, die dann je zwei Nachkommen und damit erneut eine Population mit n Individuen erzeugen. Dem *survival of the fittest* entspricht hier die Auswahl der Paare. Die einzelnen Eltern werden durch einen Zufallsprozess mit einer Wahrscheinlichkeit selektiert, die proportional zu ihrer Fitness ist. Individuen mit hoher Fitness werden bevorzugt selektiert.

Bei den ES wird im Gegensatz dazu jedes Elter mit der gleichen, von seiner Fitness unabhängigen Wahrscheinlichkeit für die Erzeugung eines oder mehrerer Nachkommen herangezogen. Durch die großen Unterschiede der beiden Evolutionsverfahren, die außerdem stark von bestimmten Parametereinstellungen (Codierung, Populationsgröße, Mutationsraten, Selektionsschema etc.) abhängig ist, sind einwandfreie Performance-Vergleiche kaum zulässig. Daher werden meist bestimmte Testfunktionen benutzt, die beide Verfahren im Mittel gleichermaßen bevorzugen und benachteiligen. Dabei spielt insbesondere das Verhalten der Algorithmen bei Testfunktionen eine Rolle, die viele lokale Optima und/oder Plateau-Flächen aufweisen, um festzustellen, wie leicht die Verfahren in solche Fallen tappen und um festzustellen, ob sie aus diesen Fallen durch Mutation oder Rekombination wieder herauskommen.

Literatur

- [1] Eberhard Schöneburg: *Genetische Algorithmen und Evolutionsstrategien*; Addison-Wesley, 1994.
- [2] Bastien Chevreux: *Genetische Algorithmen (Diplomarbeit)*; <http://www.chevreux.org/diplom/> , 2001.
- [3] Andreas Korsten : *Genetische Algorithmen*; http://www-ti.informatik.uni-tuebingen.de/heim/lehre/proseminar_ss99/ausarbeitung/andreas_korsten, 1999.