

АНАЛІЗ МЕТОДІВ ВІДБОРУ В ГЕНЕТИЧНИХ АЛГОРИТМАХ

Розглянуто методи відбору, що використовуються в генетичних алгоритмах із генераційним типом репродукції. Наведено основні теоретичні відомості про такі властивості методів відбору: шум, тиск, швидкість росту, швидкість репродукції, обчислювальна складність. Проведено порівняльний аналіз методів відбору за зазначеними властивостями. Охарактеризовано та проілюстровано зміни в розподілі коефіцієнта пристосованості особин популяції після застосування різних методів відбору.

Ключові слова: генетичні алгоритми, методи відбору, пропорційний відбір, відбір за методом рулетки, масштабування функції пристосованості, відбір за рангом, турнірний відбір, відбір відтинанням, шум відбору, тиск відбору, час поглинання, інтенсивність відбору, швидкість росту, втрата різноманітності, швидкість репродукції, обчислювальна складність.

Вступ

Генетичні алгоритми (ГА) є евристичними методами розв'язування оптимізаційних задач. Ці алгоритми моделюють процес еволюції, що відбувається у живій природі згідно з теорією Чарльза Дарвіна. Схема ГА з генераційним типом репродукції є такою.

0. Кодування розв'язків (як правило, бінарне).
1. Ініціалізація: генерація N особин початкової популяції.
2. Моделювання еволюційного процесу.
 - 2.1. Оцінювання: обчислення коефіцієнта пристосованості (здоров'я) особин популяції. Якщо виконується умова зупинки алгоритму (виконано задану кількість ітерацій або ідентифіковано збіжність), то перехід на п. 3.
 - 2.2. Відбір N особин до батьківського пулу.
 - 2.3. Породження нащадків: застосування генетичних операторів до особин з батьківського пулу.
 - 2.4. Нове покоління – покоління нащадків. Перехід на п. 2.1.
3. Завершення роботи.

Відбір особин до батьківського пулу є аналогом природного добору та регулює питання, які особини популяції залишать нащадків та якою буде чисельність цих нащадків. Як правило, методи відбору віддають перевагу більш пристосованим особинам популяції, адже пошук особин із найвищим коефіцієнтом пристосованості є кінцевою метою ГА. Водночас існують методи відбору, метою яких є максимально тривале збереження різноманітності популяції для запобі-

гання передчасній збіжності ГА та подовження еволюційного процесу, здійснюваного ГА. Прикладами таких методів є FUSS, FUDS, а також методи, що використовуються в алгоритмах утворення ніш та видів.

На сьогодні існує кілька десятків методів відбору та їх модифікацій; вони відрізняються характером змін у розподілі коефіцієнта пристосованості особин після відбору та іншими характеристиками (шум, тиск, обчислювальна складність тощо). Втім, відбір за методом рулетки залишається одним з основних, які вибирають розробники ГА, хоча цей метод має не найкращі характеристики. Популярність методу можна пояснити тим, що він є історично першим, легким у розумінні та реалізації, а також тим, що немає достатньої кількості джерел, в яких наведено основні характеристики різних методів відбору.

У цій роботі описано основні методи відбору до батьківського пулу (згідно з [1; 6]), охарактеризовано зміни в розподілі коефіцієнта пристосованості особин популяції, що відбуваються після застосування оператора відбору, наведено відомі властивості методів відбору з демонструванням результатів експериментальних обчислень цих властивостей та порівняльним аналізом різних методів відбору за відповідними властивостями.

Основні методи відбору

Під **пропорційним відбором** (*fitness proportionate selection, fitness proportionate reproduction, FPR*) розуміють групу методів, за яких імо-

вірність особиної потрапити до батьківського пулу є пропорційною коефіцієнту пристосованості цієї особиної. Таке визначення ймовірності накладає певні обмеження: методи пропорційного відбору можна використовувати лише в задачах максимізації, причому функція пристосованості має бути невід'ємною. Серед методів пропорційного відбору найвідомішими є відбір за методом рулетки, стохастичний універсальний відбір, стохастичний залишковий відбір із заміщенням.

Відбір за методом рулетки, або ймовірнісний відбір (*roulette-wheel selection, RWS*) визначає ймовірність особиної X_i бути обраною до батьківського пулу як

$$P_s(X_i) = \frac{f(X_i)}{\sum_{j=1}^N f(X_j)}, \quad (1)$$

де $f(X_i)$ – коефіцієнт пристосованості особиної X_i , N – кількість особин у популяції.

Нескладно побачити, що описаний метод відбору характеризується досить високим рівнем шуму: справді, хоча очікувана кількість копій особиної X_i в батьківському пулі оцінюється як $N \cdot P_s(X_i)$, реальна кількість копій цієї особиної може відрізнитись.

Свою назву відбір за методом рулетки отримав завдяки такому поясненню. Нехай кожній особині популяції відповідає свій сектор колеса рулетки, причому розмір сектора є пропорційним коефіцієнту пристосованості відповідної особиної. Для реалізації методу достатньо розкрутити рулетку N разів та подивитись, де зупиниться стрілка.

Результат дії відбору RWS напряму залежить від значень коефіцієнтів пристосованості особин популяції. Як наслідок, до батьківського пулу може потрапити забагато копій найкращої у поточній популяції особиної, що може призвести до передчасної збіжності алгоритму, а у разі незначної розбіжності у значеннях коефіцієнтів пристосованості особин популяції відбір RWS фактично перетворюється на випадковий. Тому для контролю таких характеристик, як тиск відбору та шум відбору, були запропоновані різні модифікації методу RWS, які ґрунтуються на масштабуванні функції пристосованості. Масштабування функції пристосованості $f(X)$ відображує кожне значення цієї функції на значення з певного обмеженого інтервалу. Найпоширенішими методами масштабування є такі перетворення $f(X)$.

1. *Лінійне масштабування (linear scaling):*

$$f_{scale}(X) = af(X) + b,$$

де a, b – константи. Ці константи рекомендують підбирати так, щоб середнє значення $f_{scale}(X)$ дорівнювало середньому значенню $f(X)$, а максимальне значення $f_{scale}(X)$ було кратним її середньому значенню (найчастіше вибирають число кратності $c \in [1.2, 2]$). Іншим способом визначення констант є встановлення фіксованого значення константи $a > 0$ та зміна значень b на різних ітераціях роботи алгоритму. Наприклад, значення b може визначатись як найгірше значення $f(X)$ за останні k ітерацій або як зважене ковзне середнє найгірших значень $f(X)$: $b(t) = \delta b(t-1) + (1-\delta)f_{worst}^h(t)$, де t – номер ітерації, $f_{worst}^h(t)$ – найгірше значення $f(X)$ на t -й ітерації, δ – константа (часто покладають $\delta = 0.1$).

2. *Віконне масштабування (window scaling):*

$$f_{scale}(X) = f(X) - f_{worst}^h,$$

де f_{worst}^h – найгірше значення $f(X)$ за останні h ітерацій, h – розмір вікна, найчастіше $2 \leq h \leq 10$.

Нескладно побачити, що цей підхід є частковим випадком лінійного масштабування, за якого $a = 1, b = -f_{worst}^h$.

3. *Сигма-відтінання (sigma truncation):*

$$f_{scale}(X) = f(X) + (\bar{f} - c\sigma),$$

де \bar{f} – середнє значення коефіцієнта пристосованості по популяції, c – невелике натуральне число, найчастіше $1 \leq c \leq 5$, σ – стандартне відхилення коефіцієнта пристосованості у популяції.

4. *Степеневе масштабування (power law scaling):*

$$f_{scale}(X) = f^k(X),$$

де k – константа, $k \approx 1$, наприклад, $k = 1.005$.

5. *Логарифмічне масштабування (logarithmic scaling):*

$$f_{scale}(X) = k - \log(f(X)),$$

де k – константа, $k > \log(f(X))$ для всіх особин популяції $X_i, i = 1, \dots, N$.

6. *Масштабування Больцмана:*

$$f_{scale}(X) = e^{\left(\frac{f(X)}{T}\right)},$$

де T – константа, що змінюється з часом відповідно до визначеного в методі відпау алгоритму.

7. *Руйнівний відбір (disruptive selection):*

$$f_{scale}(X) = |f(X) - \bar{f}|,$$

де \bar{f} – середнє значення коефіцієнта пристосованості в популяції. Метою такого перетворення є зосередження пошуку на найкращих та найгірших особинах популяції.

8. За змішаного відбору (*blended selection*) [9] коефіцієнт пристосованості залежить від номера ітерації:

$$f_{scale}(X) = \frac{f(X)}{G+1-i},$$

де G – максимальна кількість ітерацій, i – номер поточної ітерації.

У процесі перетворення функції пристосованості важливо слідкувати за тим, щоб функція не набувала від'ємних значень: якщо обчислене значення $f_{scale}(X) < 0$, то покладають $f_{scale}(X) = 0$.

Стохастичний залишковий відбір із заміщенням (*stochastic remainder selection with replacement, SRSWR*) автоматично переносить $[N * P_s(X_i)]$ копій особини X_i до батьківського пулу, де $P_s(X_i)$ обчислюють за формулою (1), та додаткові копії цієї особини потрапляють до батьківського пулу з імовірністю $P_{RS} = \frac{R(X_i)}{\sum_{j=1}^N R(X_j)}$, де $R(X_i) =$

$\{N * P_s(X_i)\}$, при цьому для добору додаткових копій використовують метод RWS. Наприклад, якщо $N * P_s(X_i) = 1.36$, то одну копію особини X_i гарантовано буде відібрано до батьківського пулу, а додаткові її копії потраплять до батьківського пулу з імовірністю $\frac{0.36}{N-K}$, де $K = \sum_{j=1}^N [N * P_s(X_j)] = N - \sum_{j=1}^N R(X_j)$.

Використовують також детерміновану модифікацію методу *SRSWR*. У цьому разі до батьківського пулу гарантовано відбирають $[N * P_s(X_i)]$ копій кожної особини X_i . Для добору решта особин популяцію впорядковують за спаданням значення $\{N * P_s(X_i)\}$, та необхідну кількість хромосом добирають із верхньої частини сформованого у такий спосіб списку.

Для наведених вище пропорційних методів відбору існують модифікації без заміщення, які зменшують імовірність вибору додаткової копії особини після потрапляння її до батьківського пулу. Зауважимо, що методи без заміщення не набули популярності, зокрема через досить високий шум відбору.

Незалежний стохастичний залишковий відбір (*remainder stochastic independent selection, RSIS*) [4], як і *SRSWR*, автоматично переносить $[N * P_s(X_i)]$ копій особини X_i до батьківського пулу, заповнюючи в такий спосіб батьківський пул лише частково. Для добору решта особин їх переглядають послідовно, вибираючи чергову особину з ймовірністю $R(X_i) = \{N * P_s(X_i)\}$ та покладаючи $R(X_i) = 0$ після вибору відповідної особини.

Стохастичний універсальний відбір (*stochastic universal selection, SUS*), як і метод RWS, моделює колесо рулетки з N секторами,

розмір кожного з яких є пропорційним коефіцієнту пристосованості відповідної особини. Але замість розкручування колеса рулетки N разів, метод *SUS* використовує N рівномірно розташованих стрілок та розкручує колесо лише один раз. У результаті кожну особину X_i гарантовано буде обрано до батьківського пулу від $[N * P_s(X_i)]$ до $\lceil N * P_s(X_i) \rceil$ разів, де $P_s(X_i)$ обчислено за формулою (1).

Відбір за рангом (*ranking selection*) охоплює групу методів, у яких хромосоми популяції сортують згідно з їх коефіцієнтом пристосованості; кожній хромосомі X залежно від її позиції у відсортованому списку приписують ранг $rank(X)$ – ціле невід'ємне число; далі застосовують метод відбору *SUS*, визначивши ймовірність особини бути обраною до батьківського пулу на основі рангу цієї особини.

За лінійного за рангом (*linear ranking*) відбору ймовірність вибору хромосоми до батьківського пулу є пропорційною її рангу [1; 8]:

$$P_{linear_rank}(X_i) = \frac{(2-\beta)}{N} + \frac{2 * rank(X_i) * (\beta-1)}{N * (N-1)}, \quad (2)$$

де $rank(X_i) \in [0, \dots, N-1]$, β – параметр алгоритму, визначається як очікувана кількість нащадків найкращої особини популяції, $1 < \beta \leq 2$. При цьому найкращій хромосомі приписують ранг $N-1$, найгіршій – ранг 0.

Зазначимо, що в літературі трапляються й інші способи визначення лінійного за рангом відбору. Наприклад, у [6] пропонують замість (2) використовувати формулу

$$P_{linear_rank}(X_i) = \frac{1}{N} * \left(a + (b-a) * \frac{rank(X_i)}{(N-1)} \right), \quad (3)$$

де $1 < b \leq 2$, $a = 2 - b$.

Зазначимо, що нескладними математичними перетвореннями (3) зводиться до (2).

У [10] найкращій хромосомі приписують ранг N , найгіршій – ранг 1, а ймовірність вибору хромосоми до батьківського пулу обчислюють за формулою

$$P_{linear_rank}(X_i) = \frac{1}{N} * \left(a + (b-a) * \frac{rank(X_i)-1}{(N-1)} \right),$$

де $rank(X_i) \in [1, \dots, N]$, $0 \leq a < 1$, $b = 2 - a$.

Нескладно побачити, що обчислені в такий спосіб значення збігаються з результатами обчислень за формулою (2).

У [2; 3; 5] імовірність вибору до батьківського пулу обчислюють так:

$$P_{linear_rank}(X_i) = \frac{1}{N} * \left(a - (a-b) * \frac{rank(X_i)-1}{(N-1)} \right),$$

де $rank(X_i) \in [1, \dots, N]$, $1 \leq a \leq 2$, $b = 2 - a$. В цьому разі найкращій хромосомі слід приписати ранг 1, а найгіршій – ранг N .

За нелінійного за рангом (*nonlinear ranking*) відбору ймовірність вибору хромосоми до батьківського пулу залежить від її рангу, але не є пропорційною цьому рангу. Наприклад, ймовірність вибору хромосоми може бути пропорційною квадрату її рангу:

$$P_{\text{square_rank}}(X_i) = \frac{\alpha}{c} + \frac{(\text{rank}(X_i))^2 * (\beta - \alpha)}{c * (N-1)^2}, \quad (4)$$

де c – нормуючий множник, $c = \frac{(\beta - \alpha) * N * (2N - 1)}{6 * (N - 1)} + N * \alpha$; α та β – параметри, $0 < \alpha < \beta$. Зрозуміло, що за такого способу визначення ймовірностей виконується нерівність:

$$\frac{\alpha}{c} \leq P_{\text{square_rank}}(X_i) \leq \frac{\beta}{c}.$$

Інший варіант нелінійного за рангом відбору базується на геометричному розподілі:

$$P_{\text{geometric_rank}}(X_i) = \alpha * (1 - \alpha)^{N-1-\text{rank}(X_i)},$$

де α – параметр алгоритму.

Ще один варіант нелінійного за рангом відбору – експоненційний за рангом відбір:

$$P_{\text{exp_rank}}(X_i) = \frac{1 - e^{-\text{rank}(X_i)}}{c},$$

де c – нормуючий множник, вибирається так, щоб сума ймовірностей всіх особин популяції дорівнювала 1. Існує й інший спосіб визначення цього методу:

$$P_{\text{exp_rank}}(X_i) = \frac{c-1}{c^{N-1}} c^{N-\text{rank}(X_i)}, \quad (5)$$

де c – нормуючий множник, $0 < c < 1$, при цьому найкращій хромосомі приписують ранг N , найгіршій – ранг 1.

Нескладно побачити, що відбір за рангом можна застосовувати як у задачах максимізації, так і в задачах мінімізації.

За **турнірного відбору** (*tournament selection*, *TS*) з популяції вибирають t хромосом, та найкращу з них – «переможця турніру» – додають до батьківського пулу. Для відбору N особин цю процедуру повторюють N разів. Параметри, за якими відрізняються методи турнірного відбору, є такими:

– розмір групи хромосом t ; популярними є бінарні турніри ($t = 2$);

– спосіб вибору групи з t хромосом: детермінований або випадковий з ймовірністю $P_{\text{tourn}} < 1$. Найчастіше використовують детермінований вибір групи;

– повернення або неповернення обраних хромосом до популяції. Турніри з поверненням повертають обрану групу з t хромосом до популяції; тож кожного разу група хромосом вибира-

ється з однієї і тієї самої множини. Турніри без повернення вилучають обрану групу хромосом із популяції. Для реалізації таких турнірів роблять t копій поточної популяції; далі, працюючи з черговою копією популяції, вибирають групу хромосом для проведення турніру, причому всі хромосоми групи з популяції вилучають. Коли всі хромосоми поточної копії популяції вичерпано, процедуру продовжують з іншою копією популяції;

– вибір хромосоми-переможця: найкраща хромосома групи додається до батьківського пулу детерміновано або з заданою ймовірністю P_w . Загалом, ймовірнісний вибір хромосоми-переможця погано узагальнюється на випадок $t > 2$. Одним із варіантів є визначення параметра p , $0 < p < 1$, сортування хромосом за коефіцієнтом пристосованості та приписування ймовірностей хромосомам відсортованого списку, починаючи з найкращої: $P_w(X_1) = p$, $P_w(X_2) = p * (1-p)$, $P_w(X_3) = p * (1-p) * (1-p)$ і т. д. Як бачимо, за такого підходу властивість $\sum_{i=1}^N P_w(X_i) = 1$ не виконується. Часто за $t = 2$ ймовірність вибору до батьківського пулу хромосоми X_i з множини хромосом $\{X_i, X_j\}$ обчислюють як $P_w(X_i) = \frac{f(X_i)}{f(X_i) + f(X_j)}$. Зазвичай використовують детермінований вибір хромосоми-переможця.

Зазначимо, що турнірний відбір можна використовувати як у задачах максимізації, так і в задачах мінімізації.

Елітарний відбір (*elitist selection*) «дарує» життя найкращим: T найкращих особин популяції додають до батьківського пулу (іноді одразу до покоління нащадків). Параметр T може бути заданий як кількість хромосом ($T < N$) або як відсоток від загальної чисельності популяції ($T < 100\%$). Елітарний відбір заповнює батьківський пул лише частково; для добору решта особин використовують будь-який інший стандартний метод відбору.

Відбір відтинанням (*truncation selection*) допускає до відбору лише T найкращих особин популяції. При цьому для відбору особин до батьківського пулу використовують пропорційний відбір (як правило, *SUS*), де ймовірність хромосоми X_i потрапити до батьківського пулу визначають так:

$$P_{\text{trunc}}(X_i) = \begin{cases} \frac{1}{T}, & \text{якщо } X_i \text{ входить до числа } T \text{ найкращих} \\ 0, & \text{інакше} \end{cases}.$$

Іноді цей метод відбору називають *однорідним за рангом* (*uniform ranking*).

Рівномірний за рівнем пристосованості відбір (*fitness uniform selection scheme*, *FUSS*) ґрунтується на ідеї збереження різноманітності

популяції. Випадково за рівномірним розподілом генерують N значень на інтервалі $[f_{min}, f_{max}]$, де f_{min} та f_{max} – відповідно найменше та найбільше значення функції пристосованості на її області визначення. Далі з популяції вибирають особин, чий коефіцієнти пристосованості є найближчими до заданих; копії цих особин заносять до батьківського пулу; якщо кілька особин мають однаковий коефіцієнт пристосованості, то випадково вибирають одну з них. Автори методу наголошують, що кінцевою метою ГА з використанням FUSS є не збіжність популяції, а знаходження однієї найбільш пристосованої особини за задану кількість ітерацій.

Очевидно, що елітарний відбір, відбір відтинанням та FUSS можна використовувати як у задачах максимізації, так і в задачах мінімізації.

Програмний застосунок для дослідження методів відбору

Для дослідження методів відбору було розроблено програмну реалізацію ГА з генераційним типом репродукції з можливістю вибирати зокрема такі параметри запуску: довжина хромосоми l (хромосоми представлені бінарними рядками фіксованої довжини); розмір популяції N ; початковий розподіл особин популяції; цільова функція; метод відбору. Реалізовано та досліджено такі методи відбору: RWS, RWS із масштабуванням (лінійне, сигма-відтинання, степеневе, руйнівний відбір, змішаний відбір), SUS, за рангом (лінійний із формулою (2), експоненційний з формулою (5)), турнірний із поверненням та без повернення (вибір груп хромосом для турніру та вибір найкращої хромосоми з групи є детермінованими), відтинанням, FUSS. ГА розв'язує задачу максимізації цільової функції; функція пристосованості збігається з цільовою функцією.

В експериментальному аналізі методів відбору використано такі тестові функції:

- $Fconst(X)$ визначена на ланцюжках виду «00...0» та «11...1», причому $Fconst(\langle 00...0 \rangle) = Fconst(\langle 11...1 \rangle) = 100$;
- $F2const(X)$ визначена на ланцюжках виду «00...0» та «11...1», причому $F2const(\langle 00...0 \rangle) = 3$, $F2const(\langle 11...1 \rangle) = 2$;
- $FH(X) = l - H(X, X_{opt})$, де $H(X, X_{opt})$ – відстань Геммінга до оптимального ланцюжка $X_{opt} = \langle 0...0 \rangle$ (фактично кількість «0» в ланцюжку);
- $FHD(X) = (l - k) + k * \delta$ – відстань до оптимального ланцюжка $X_{opt} = \langle 0...0 \rangle$ з урахуванням селективної переваги на біт (параметр δ),

де k – кількість «0» в ланцюжку; очевидно, $FHD(\langle 0...0 \rangle) = l * \delta$.

Вплив методів відбору на розподіл коефіцієнта пристосованості особин популяції

Усі наведені методи відбору, крім FUSS, надають перевагу особинам із вищим коефіцієнтом пристосованості, що призводить до зростання середнього здоров'я популяції. Метод FUSS, як уже зазначено, має на меті тривале збереження різноманітності популяції, отже, середнє здоров'я популяції може не покращуватись. Для демонстрації сказаного було проведено запуски ГА з обчисленням характеристик розподілу коефіцієнта пристосованості особин початкової популяції та популяції батьківського пулу після застосування відповідного методу відбору. ГА запускався з такими параметрами: довжина ланцюжків $l = 100$; кількість особин популяції $N = 10000$; розподіл початкової популяції – біноміальний із параметром $p = 0.5$ (при ініціалізації кожен ген набуває значення «0» або «1» з ймовірністю 0.5); функція пристосованості FH . Приклад обчислених характеристик розподілу значень коефіцієнта пристосованості особин батьківського пулу подано в табл. 1; характеристики розподілу значень коефіцієнта пристосованості особин початкової популяції є такими: математичне сподівання $\mu = 50.0140$, стандартне відхилення $\sigma = 4.9225$, розмах $R = 36$.

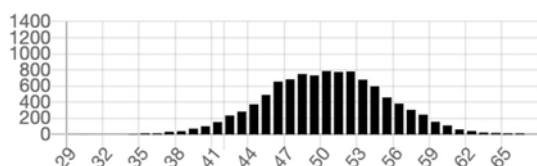
Більшість наведених методів відбору зберігає біноміальний розподіл коефіцієнта пристосованості особин популяції, збільшуючи його середнє значення. Приклади гістограм розподілу до та після відбору подано на рис. 1 для методу RWS, рис. 2 для методу RWS із сигма-відтинанням, рис. 3 для методу SUS, рис. 4 для лінійного за рангом відбору, рис. 5 для турнірного відбору. На рис. 1–5 чітко видно зсув гістограм розподілу вправо. Також на рис. 1 і 3 бачимо, що форма розподілу після застосування SUS є значно ближчою до початкової форми розподілу порівняно з RWS; це пояснюється тим, що, на відміну від RWS, SUS гарантує відбір очікуваної кількості копій особини. Суттєво змінюють розподіл популяції такі методи: руйнівний відбір (збільшує кількість особин із відносно низьким і відносно високим коефіцієнтами пристосованості), за рангом експоненційний (маючи надзвичайно високий тиск відбору, залишає тільки копії найкращих особин), відтинанням (залишає особин із відносно високим коефіцієнтом пристосованості, зберігаючи їх кількісне співвідношення), FUSS (тяжіє до рівномірного розподілу).

Таблиця 1

**Характеристики розподілу коефіцієнта пристосованості особин популяції
після застосування різних методів відбору**

Метод відбору	μ	σ	R
RWS	50.5058	4.9317	31
RWS із лінійним масштабуванням, $a=0.5, b=0.8$	50.2704	4.9298	32
RWS із сигма-відтинанням, $c=2$	52.3648	4.3869	25
RWS зі степеневим масштабуванням, $k=1.005$	50.4774	4.9111	36
SUS	50.4466	4.9179	36
Руйнівний	50.1204	6.9227	36
Змішаний	50.5742	4.8675	31
За рангом лінійний, $\beta=1.4$	51.4954	4.7327	32
За рангом експоненційний, $c=0.4$	65.9688	0.1739	1
Турнірний із поверненням, $t=4$	55.0416	3.4531	22
Турнірний із поверненням, $t=8$	57.0377	2.9988	20
Турнірний без повернення, $t=4$	55.1079	3.4367	22
Відтинанням, $T=0.5$	53.9530	2.9726	16
FUSS	47.5020	10.3624	35

До відбору



Після відбору

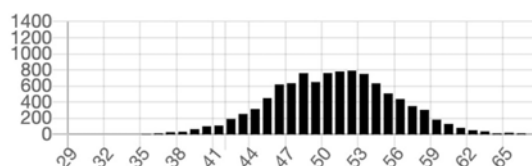
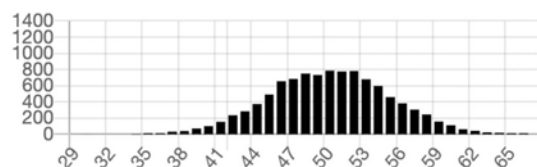
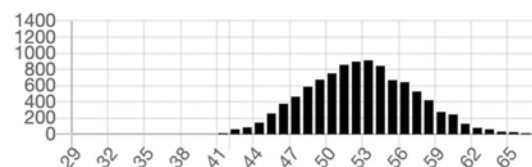


Рис. 1. Гістограми розподілу до та після відбору: RWS

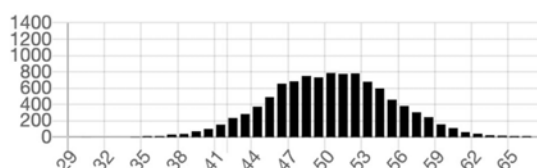
До відбору



Після відбору

Рис. 2. Гістограми розподілу до та після відбору: RWS із сигма-відтинанням, $c = 2$

До відбору



Після відбору

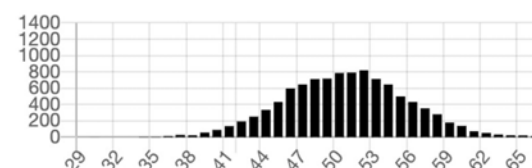
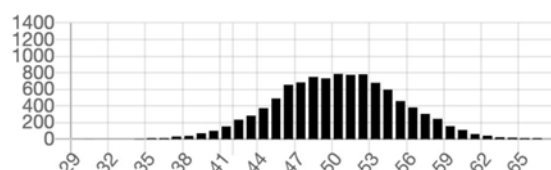
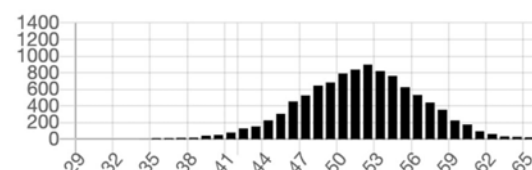


Рис. 3. Гістограми розподілу до та після відбору: SUS

До відбору



Після відбору

Рис. 4. Гістограми розподілу до та після відбору: відбір за рангом лінійний, $\beta = 1.4$

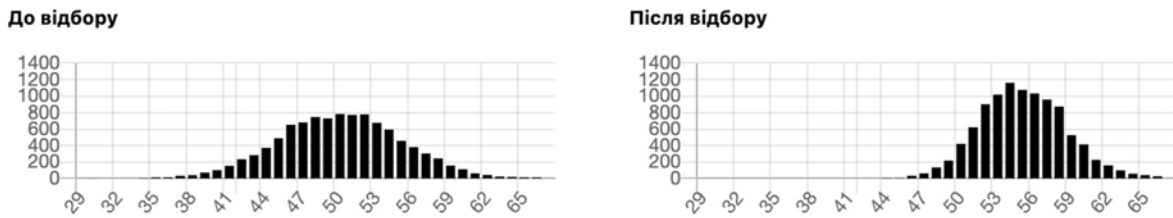


Рис. 5. Гістограми розподілу до та після відбору: турнірний відбір із поверненням, $t = 4$



Рис. 6. Гістограми розподілу до та після відбору: руйнівний відбір



Рис. 7. Гістограми розподілу до та після відбору: відбір за рангом експоненційний, $c = 0.4$



Рис. 8. Гістограми розподілу до та після відбору: відбір відтинанням, $T = 0.5$

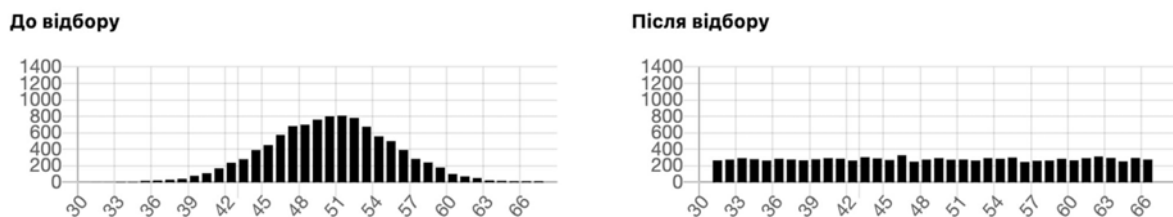


Рис. 9. Гістограми розподілу до та після відбору: FUSS

Приклади гістограм розподілів до та після відбору для згаданих методів наведено на рис. 6–9.

Цікавою властивістю турнірного відбору є *послідовна конкатенація* [6]. Застосуємо до заданої популяції турнірний відбір із параметром t_1 , і після цього застосуємо до відібраних особин турнірний відбір із параметром t_2 . Очікуваний

розподіл коефіцієнта пристосованості особин результуючої популяції є таким самим, якби до вихідної популяції був застосований один раз турнірний відбір із параметром $t_1 * t_2$. Щоб проілюструвати цю властивість, ми провели експерименти з обчисленням характеристик розподілів у результуючих популяціях; результати наве-

Таблиця 2

Порівняння характеристик розподілу коефіцієнта пристосованості особин популяції після застосування послідовності турнірів та одного турніру

Послідовність турнірів	μ	σ	R	Турнір	μ	σ	R
$t = 2, t = 2$	55.1806	3.5040	31	$t=4$	55.1788	3.5264	31
$t = 4, t = 4$	58.8090	2.7298	21	$t=16$	58.8083	2.7299	21
$t = 2, t = 2, t = 2, t = 2$	57.1455	3.0476	24	$t=16$	58.8187	2.6964	22

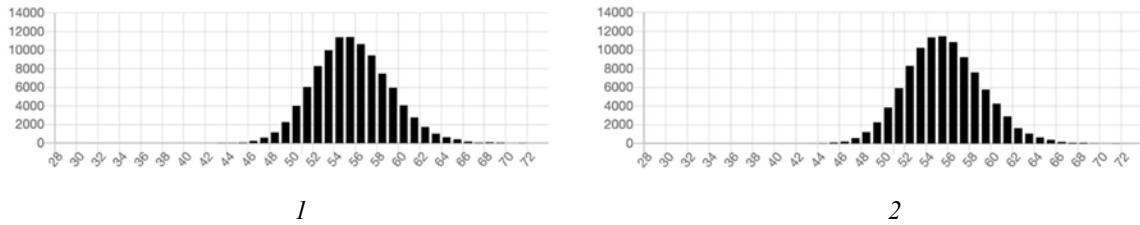


Рис. 10. Гістограми розподілу: 1 – застосовано послідовно два турнірні відбори, $t = 2$; 2 – застосовано один турнірний відбір, $t = 4$

дено в табл. 2 (характеристики початкової популяції: $\mu = 50.0140, \sigma = 4.9225, R = 36$). Як видно з таблиці, характеристики розподілів відрізняються несуттєво. На рис. 10 наведено гістограми розподілу коефіцієнта пристосованості особин популяції, отриманої шляхом застосування послідовності з двох турнірів із параметром $t = 2$, та популяції, отриманої шляхом застосування одного турніру з параметром $t = 4$. В усіх експериментах розглядався детермінований турнірний відбір із поверненням.

Шум відбору

В обмеженій популяції випадковий вибір серед особин з однаковим коефіцієнтом пристосованості створює розбіжність між очікуваною та реальною кількістю копій певної особини в батьківському пулі; таку нестійкість процесу відбору називають *шумом відбору (selection noise)*. Як міру шуму відбору використовують такі характеристики:

- *зсув (bias)* – абсолютна різниця між фактичною кількістю копій особини в батьківському пулі та її очікуваною величиною;

- *розкид (spread)* – діапазон можливих значень кількості нащадків особини;
- *дисперсія* кількості копій особини в батьківському пулі.

У [4; 7] досліджувався шум пропорційних методів відбору. Зведені результати подано в табл. 3; тут $e_i = N * P_s(X_i)$ – очікувана кількість копій особини X_i в батьківському пулі, $P_s(X_i)$ обчислене за формулою (1). Згідно з наведеними даними, найбільшим шумом характеризується метод RWS, а оптимальним за зазначеними критеріями є метод SUS.

У [4] також проводили експериментальний аналіз пропорційних методів відбору; зсув відбору оцінювали шляхом обчислення на кожній ітерації роботи алгоритму *коефіцієнта зсуву (bias factor)* – відношення фактичної кількості копій особини в батьківському пулі до її очікуваного значення – та *коефіцієнта плідності (fertility factor)* – відсотка особин популяції, відібраних до батьківського пулу.

Шум відбору може призвести до збіжності популяції до однієї особини з множини особин, що мають однаковий коефіцієнт пристосованості (до одного з множини альтернативних

Таблиця 3

Характеристики шуму пропорційних методів відбору

Метод відбору	Зсув [4]	Розкид [4]	Дисперсія $\sigma^2(X_i)$ [7]
RWS	0	0, ..., N	$e_i * (1 - \frac{e_i}{N})$
SRSWR	0	Обмежений знизу: $\lfloor e_i \rfloor, \dots, \lceil e_i \rceil + \sum_{j=1}^n \lfloor e_j \rfloor$	$\{e_i\} * (1 - \frac{\{e_i\}}{\sum_{j=1}^n \{e_j\}})$
SRSWR детермінований	високий	Мінімальний: $\lfloor e_i \rfloor, \lceil e_i \rceil$	0
RSIS	низький	Мінімальний: $\lfloor e_i \rfloor, \lceil e_i \rceil$	Не обчислено
SUS	0	Мінімальний: $\lfloor e_i \rfloor, \lceil e_i \rceil$	Не обчислено
SRSWR без заміщення	середній	Мінімальний: $\lfloor e_i \rfloor, \lceil e_i \rceil$	Не обчислено
RWS без заміщення	середній	Обмежений згори: 0, ..., $\lceil e_i \rceil$	Не обчислено

розв'язків). Керуючись цим спостереженням, ми провели експериментальний аналіз методів відбору на наявність та ступінь шуму в такий спосіб. Проведемо прогони ГА з функцією пристосованості $Fconst$, використовуючи тільки досліджуваний метод відбору; при цьому на кроці 2.3 алгоритму популяція нащадків покладається рівною популяції батьків. Умовою зупинки ГА є збіжність популяції в одну точку або проведення 1000 ітерацій. Іншими параметрами ГА є такі: $l=100$; $N=100$; розподіл початкової популяції – 50 % ланцюжків виду «00...0» та 50 % ланцюжків виду «11...1». Очікується, що за наявності шуму відбору алгоритм збігатиметься до кожного з ланцюжків «00...0» або «11...1» у приблизно 50 % прогонів, причому що швидше відбувається збіжність, то більшим є шум відбору. Було проведено по 10 прогонів для кожного методу відбору з фіксацією, у разі зупинки за умовою збіжності, кількості проведених алгоритмом ітерацій та точки пошукового простору, до якої відбулась збіжність. Усереднену інформацію за 10 прогонів подано в табл. 4; тут Num0 – кількість прогонів, у яких зафіксовано збіжність до «00...0»; Num1 – кількість прогонів, у яких зафіксовано збіжність до «11...1»; Min, Max, Avg – відповідно мінімальна, максимальна та середня кількість ітерацій до збіжності.

Проведений експериментальний аналіз показав, що метод SUS характеризується мінімальним шумом: алгоритм жодного разу не збігся, зберігаючи різноманітність популяції за генотипом. Метод FUSS, навпаки, всупереч задуму розробників, досить швидко втрачає різноманітність популяції за генотипом. Серед пропорційних методів відбору найвищий шум підтвердився у RWS. Також можна констатувати, що тур-

нірний відбір без повернення в цілому має менший шум, ніж турнірний відбір із поверненням. Високий шум методів відбору за рангом пояснюється випадковим приписуванням рангу особинам з однаковим коефіцієнтом пристосованості.

Тиск відбору

Тиск відбору (selection pressure) характеризує відмінність у ймовірностях потрапити до батьківського пулу для найкращої та найгіршої особин популяції (іноді говорять про ймовірність для найкращої особини та середню по популяції ймовірність). Інтуїтивно, чим більше копій кращої особини мають шанси бути відібраними, тим вищим є тиск відбору й тим швидше буде досягнуто збіжність алгоритму. Для кількісної оцінки тиску відбору було введено поняття часу поглинання та інтенсивності відбору.

Час поглинання (takeover time) τ – мінімальна кількість поколінь, за якої ГА, застосовуючи тільки оператор відбору, перетворює початкову популяцію на однорідну популяцію копій найкращої особини (початкова популяція має містити одну копію цієї особини).

Інтенсивність відбору (selection intensity) I визначається формулою:

$$I = \frac{\bar{f}_s - \bar{f}}{\sigma}$$

де \bar{f} – середнє значення коефіцієнта пристосованості в популяції,

\bar{f}_s – середнє значення коефіцієнта пристосованості після відбору (тобто середнє здоров'я в батьківському пулі),

σ – стандартне відхилення коефіцієнта пристосованості в популяції.

Таблиця 4

Усереднені результати прогонів для аналізу шуму відбору

Метод відбору	Num0	Num1	Avg	Min	Max
За рангом експоненційний, $c = 0.4$	4	6	2	2	2
FUSS	5	5	2	2	2
Відтинанням, $T = 0.5$	4	6	6	6	6
За рангом лінійний, $\beta = 2$	3	7	18.9	16	22
Турнірний із поверненням, $t = 4$	4	6	96.8	36	223
Руйнівний	6	4	114.2	25	274
Змішаний	3	7	115.2	60	203
RWS	4	6	116.4	33	273
Турнірний із поверненням, $t = 2$	3	7	116.4	34	220
RWS зі степеневим масштабуванням, $k = 1.005$	5	5	144.6	24	345
RWS із сигма-відтинанням, $c = 2$	4	6	147.2	60	280
Турнірний без повернення, $t = 4$	4	6	153.1	52	271
Турнірний без повернення, $t = 2$	6	4	159.3	100	280
RWS із лінійним масштабуванням, $a = 0.5, b = 0.8$	4	6	182.2	59	298
SUS	0	0	–	–	–

Зазначимо, що за збільшення тиску відбору час поглинання зменшується (адже алгоритм збігається швидше), а інтенсивність відбору зростає.

У загальному випадку тиск відбору залежить від функції пристосованості та розподілу коефіцієнтів пристосованості особин популяції; оскільки під дією оператора відбору розподіл коефіцієнтів пристосованості особин популяції змінюється, тиск методів відбору може змінюватись у процесі роботи ГА. Наведемо основні відомості про тиск методів відбору згідно з [6].

Метод RWS характеризується високим тиском на початку роботи алгоритму та його зниженням зі зростанням середньої пристосованості особин популяції, адже в міру збіжності алгоритму очікувана кількість копій у батьківському пулі будь-якої особини X оцінюється так: $N * P_s(X_i) = N * \frac{f(x_i)}{\sum_{j=1}^N f(x_j)} = \frac{f(x)}{\bar{f}} \rightarrow 1$, де \bar{f} – середнє значення коефіцієнта пристосованості в популяції. До того ж, тиск методу RWS суттєво залежить від функції пристосованості. Було отримано такі формули обчислення часу поглинання: $\tau = \frac{N * \ln N - 1}{c}$ для функції $f(x) = x^c$, $\tau = \frac{N * \ln N}{c}$ для функції $f(x) = e^{c * x}$. Також було показано, що час поглинання методу RWS є більшим за час поглинання багатьох інших методів відбору, але меншим за час поглинання RWS із лінійним та віконним масштабуванням.

Для лінійного за рангом відбору виведено такі формули обчислення часу поглинання:

$$\tau = \log N + \log(\ln N) \quad (6)$$

для $\beta = 2$ та

$$\tau \approx \frac{2}{\beta - 1} \ln(N - 1) \quad (7)$$

для $1 < \beta < 2$.

Тиск турнірного відбору зростає зі збільшенням значення параметра t . Для детермінованого турнірного відбору час поглинання оцінюється так:

$$\tau \approx \frac{\ln N + \ln(\ln N)}{\ln t} \quad (8)$$

Для турнірів з імовірнісним вибором переважля тиск відбору є меншим, а у разі $t=2$ час поглинання обчислюється за формулою (7), поклавши $\beta = 2P_w$.

Для турнірного відбору з параметром $t > 5$ наближене значення інтенсивності обчислюється за формулою $I \approx \left(2(\ln t - \ln(4.14 \ln t))^{1/2}\right)^{1/2}$, а для $2 \leq t \leq 5$ відомі точні значення інтенсивності (табл. 5).

Таблиця 5

Інтенсивність турнірного відбору, $2 \leq t \leq 5$ [6]

t	2	3	4	5
I	$\frac{1}{\sqrt{\pi}}$	$\frac{3}{2\sqrt{\pi}}$	$\frac{6}{\pi\sqrt{\pi}} \arctan(\sqrt{2})$	$\frac{10}{\sqrt{\pi}} \left(\frac{3}{2\pi} \arctan(\sqrt{2}) - \frac{1}{4} \right)$

Для експериментального дослідження тиску відбору було проведено прогони ГА, який змінює популяцію тільки за допомогою методу відбору (на кроці 2.3 алгоритму популяція нащадків покладається рівною популяції батьків); при цьому фіксувався номер ітерації, за якої популяція стає однорідною (всі особини є копіями одного ланцюжка), та обчислювались значення інтенсивності відбору на кожному кроці роботи алгоритму. Умовою зупинки ГА є збіжність популяції в одну точку або проведення 1000 ітерацій. Експерименти було виконано на функціях $F2const$, FH , FHD ($\delta = 10$, $\delta = 50$, $\delta = 150$); довжина ланцюжків $l = 100$; кількість особин популяції $N = 1000$. Початкова популяція містить у точності один оптимальний ланцюжок «00...0»; інші $N-1$ особини популяції – ланцюжки «11...1» для функції $F2const$ або генеруються випадково за біноміальним розподілом з параметром $p = 0.5$ для функцій FH , FHD .

Усереднену інформацію за 10 прогонів ГА на функціях $F2const$ та FH для аналізу часу поглинання подано в табл. 6; тут Suc – відсоток успішних прогонів (прогонів, за яких всі особини фінальної популяції є копіями оптимального ланцюжка «00...0»); Min, Max, Avg – відповідно мінімальна, максимальна та середня кількість ітерацій до збіжності (обчислюється тільки на успішних прогонах).

Загалом результати експериментів узгоджуються з наведеними теоретичними відомостями: час поглинання методу RWS є більшим за час поглинання багатьох інших методів відбору, але меншим за час поглинання RWS із лінійним масштабуванням. Також можна побачити, що SUS та RWS забезпечують приблизно однаковий тиск відбору. Тиск турнірного відбору зростає зі збільшенням значення параметра t . До того ж, обчислені за формулою (8) значення часу поглинання турнірного відбору досить добре узгоджуються з експериментальними даними: $\tau \approx 12.7540$ для $t = 2$; $\tau \approx 6.3770$ для $t = 4$; $\tau \approx 3.8393$ для $t = 10$; $\tau \approx 2.9510$ для $t = 20$. Звернемо увагу, що значення часу поглинання турнірного відбору без повернення є ближчими до теоретичних та мають менший розкид у різних прогонах порівняно з турнірним відбором із поверненням; це пояснюється більш передбачуваною природою відбору без повернення (меншим шумом цього методу).

Таблиця 6

Усереднені результати прогонів для аналізу тиску відбору (час поглинання)

Метод відбору	Функція $F2const$				Функція FH			
	Suc	Avg	Min	Max	Suc	Avg	Min	Max
RWS	70 %	30.6	27	37	90 %	22	20	24
RWS із лінійним масштабуванням, $a = 0.5, b = 0.8$	50 %	37	30	51	60 %	22.8	19	26
RWS зі степеневим масштабуванням, $k = 1.005$	60 %	31.8	25	35	90 %	24.7	21	30
RWS із сигма-відтинанням, $c = 2$	100 %	6.9	6	7	100 %	8.1	8	9
Змішаний	60 %	30.7	26	35	90 %	23.4	17	32
SUS	100 %	32.7	30	37	100 %	25.4	23	29
Відтинанням, $T = 0.5$	100 %	9	9	9	100 %	10	10	10
Турнірний із поверненням, $t = 2$	80 %	12	10	15	80 %	13.6	11	16
Турнірний із поверненням, $t = 4$	100 %	6.4	6	7	100 %	7.5	7	9
Турнірний із поверненням, $t = 10$	100 %	4	4	4	100 %	4.2	4	5
Турнірний із поверненням, $t = 20$	100 %	3	3	3	100 %	3.3	3	4
Турнірний без повернення, $t = 2$	100 %	12.1	12	13	100 %	13.3	13	14
Турнірний без повернення, $t = 4$	100 %	6.2	6	7	100 %	7	7	7
Турнірний без повернення, $t = 10$	100 %	4	4	4	100 %	4	4	4
Турнірний без повернення, $t = 20$	100 %	3	3	3	100 %	3.5	3	4
За рангом лінійний, $\beta = 1.5$	100 %	26.1	25	29	100 %	30.4	28	35
За рангом лінійний, $\beta = 2$	100 %	12	12	12	100 %	13.3	13	14
За рангом експоненційний, $c = 0.9$	100 %	3	3	3	100 %	2	2	2

Для лінійного за рангом відбору тиск спадає зі зменшенням значення параметра β ; формули (6) та (7) обчислення часу поглинання також є досить точними: $\tau \approx 12.7540$ для $\beta = 2$; $\tau \approx 27.6270$ для $\beta = 1.5$. Відбори відтинанням та експоненційний за рангом мають очікувано мале значення часу поглинання. Метод FUSS забезпечує близький до рівномірного розподіл значень коефіцієнта пристосованості, отже, ГА з FUSS не збігся жодного разу; також жодного разу не збігся ГА з руйнівним відбором (через це зазначені методи не згадано в табл. 6).

Аналіз значень інтенсивності відбору в цілому підтвердив зазначені для часу поглинання тенденції, що характеризують тиск відбору. Загалом, значення інтенсивності відбору варіюється у всіх методів відбору від максимального (на початку роботи алгоритму) до мінімального (наприкінці роботи алгоритму). Для ілюстрації сказаного в табл. 7 подано усереднені за 10 прогонами ГА характеристики тиску основних методів відбору, обчислені для функції FH , $l = 100$,

$N = 1000$: Avg – середня кількість ітерацій до збіжності; I_min, I_max, I_avg – середні значення мінімальної, максимальної та середньої інтенсивності, відповідно. Зауважимо, що обчислені характеристики інтенсивності відбору турнірних методів добре узгоджуються з теоретичними значеннями з табл. 5: $I \approx 0.5642$ для $t = 2$; $I \approx 1.0294$ для $t = 4$ (формули з табл. 5 характеризують інтенсивність відбору на початку роботи алгоритму, коли популяція містить у точності одну копію оптимальної особини, а інші особини розподілені за біноміальним розподілом із параметром $p = 0.5$).

Існує низка досліджень із визначення наборів параметрів для різних методів відбору, за яких відповідні методи матимуть однакову інтенсивність; деякі відомі результати подано в табл. 8. Проведені нами прогони ГА з відповідними методами відбору підтвердили близькість за тиском зазначених методів. Для ілюстрації сказаного в табл. 9 подано усереднені за 10 прогонами ГА характеристики, обчислені на функції FH ,

Таблиця 7

Усереднені результати прогонів для аналізу тиску відбору, функція FH

Метод відбору	Avg	I_max	I_avg	I_min
SUS	25.4	0.3128	0.1329	0.0018
RWS	22	0.3121	0.1421	-0.0019
Турнірний із поверненням, $t = 2$	13.6	0.5746	0.313	0.0559
Турнірний без повернення, $t = 2$	13.3	0.5497	0.4006	0.102
За рангом лінійний, $\beta = 2$	13.3	0.5457	0.4033	0.1086
Турнірний із поверненням, $t = 4$	7.5	1.0528	0.7834	0.2059
Турнірний без повернення, $t = 4$	7	1.0311	0.7775	0.1465
Відтинанням, $T=0.5$	10	0.976	0.544	0.336

Таблиця 8

Методи відбору з однаковою інтенсивністю [6]

I	Метод відбору		
	турнірний	за рангом лінійний	за рангом експоненційний, N = 100
0.11	ймовірнісний, $t = 2, P_w = 0.6$	$\beta = 1.2$	$c = 0.996$
–	ймовірнісний, $t = 2, P_w = 0.75$	$\beta = 1.5$	–
0.34	ймовірнісний, $t = 2, P_w = 0.8$	$\beta = 1.6$	$c = 0.988$
0.56	детермінований, $t = 2$	$\beta = 2$	$c = 0.979$
1.03	детермінований, $t = 4$	–	$c = 0.955$
1.54	детермінований, $t = 10$	–	$c = 0.9$
1.87	детермінований, $t = 20$	–	$c = 0.809$

Таблиця 9

Усереднені результати прогонів для методів відбору з однаковою інтенсивністю, функція FH, N = 100

№	Метод відбору	I_Avg	Avg
1	Турнірний із поверненням, $t = 2$	0.3596	9.7
	За рангом експоненційний, $c = 0.979$	0.3351	10.3
	За рангом лінійний, $\beta = 2$	0.3633	9.3
2	Турнірний із поверненням, $t = 4$	0.6741	4.9
	За рангом експоненційний, $c = 0.955$	0.6375	5.1
3	Турнірний із поверненням, $t = 10$	1.0255	3.2
	За рангом експоненційний, $c = 0.9$	1.0441	3
4	Турнірний із поверненням, $t = 20$	1.2437	2.7
	За рангом експоненційний, $c = 0.809$	1.1173	3

$l = 100, N = 100$: Avg – середня кількість ітерацій до збіжності, I_avg – середнє значення середньої інтенсивності; розбіжність у значеннях часу поглинання та інтенсивності методів у межах групи сягає 1–10 %.

Швидкість росту

Швидкість росту (*growth rate*) визначають як відношення кількості копій найкращої особи у двох послідовних популяціях. Оскільки для більшості операторів відбору швидкість росту змінюється з часом, відрізняють ранню (обчислюють на початку роботи алгоритму) та пізню (обчислюють, коли кількість копій найкращої особи сягає 50 %) швидкість росту.

Для експериментального дослідження швидкості росту було проведено прогони ГА, який змінює популяцію тільки за допомогою оператора відбору. Прогони виконано на функціях *F2const* та *FH*; довжина ланцюжків $l = 100$; кількість особин популяції $N = 1000$. Початкова популяція містить у точності один оптимальний ланцюжок «00...0»; інші $N-1$ особи популяції – ланцюжки «11...1» для функції *F2const* або генеруються випадково за біноміальним розподілом із параметром $p = 0.5$ для функції *FH*.

Експерименти показали, що пізня швидкість росту є суттєво меншою за ранню швидкість росту майже для всіх методів відбору. Загалом, тенденції, описані для характеристики тиску відбору, зберігаються і для швидкості росту:

SUS та RWS мають приблизно однакову швидкість росту; те саме можна сказати й про турнірний відбір без повернення ($t = 2$) та лінійний за рангом відбір ($\beta = 2$). Зі збільшенням значення параметра турнірного відбору t швидкість росту збільшується. Зазначимо також очікувано вищі значення швидкості росту для турнірного відбору з поверненням порівняно з турнірним відбором без повернення, а також близьке до сталої значення швидкості росту для методу відтинання упродовж усіх ітерацій роботи алгоритму. Усереднену інформацію за 10 прогнами ГА на функції *FH* для основних методів відбору подано в табл. 10; тут AvgMin, AvgMax, AvgAvg – середні мінімальне, максимальне та середнє значення швидкості росту, відповідно.

Втрата різноманітності та швидкість репродукції

Швидкість репродукції, або коефіцієнт плідності (*reproduction rate, fertility rate, fertility factor, diversity*) *RR* – частка особин популяції, яких було обрано до батьківського пулу. Втрата різноманітності (*loss of diversity*) θ – частка особин популяції, яких не було обрано до батьківського пулу. Нескладно побачити, що зазначені характеристики пов'язані формулою $RR = 1 - \theta$. Відомі [6] формули обчислення втрати різноманітності для турнірного відбору:

$$\theta = t^{-1}/(t-1) - t^{-t}/(t-1)$$

Таблиця 10

Усереднені результати прогонів для аналізу швидкості росту, функція FH

Метод відбору	Рання швидкість росту			Пізня швидкість росту		
	AvgMin	AvgMax	AvgAvg	AvgMin	AvgMax	AvgAvg
SUS	1.5064	2	1.8265	1.0001	1.3768	1.0641
RWS	1.3058	3.2467	1.8749	1.0007	1.3474	1.0792
Турнірний із поверненням, $t = 2$	1.3614	4.3500	2.2309	1.0037	1.6045	1.1530
Турнірний без повернення, $t = 2$	1.7404	2	1.9378	1.0126	1.6081	1.2671
За рангом лінійний, $\beta = 2$	1.7730	2	1.9492	1.0131	1.5973	1.2633
Турнірний із поверненням, $t = 4$	2.3847	6.0500	4.0141	1.0680	2.4887	1.6893
Турнірний без повернення, $t = 4$	3.5746	4	3.8430	1.0217	2.8625	1.8198
Відтинання із параметром 0.5	2	2	2	1.9530	2	1.9770

та для лінійного за рангом відбору:

$$\theta = \frac{\beta - 1}{4}. \quad (9)$$

Проведені нами експерименти (прогони ГА тільки з методом відбору) підтвердили, що швидкість репродукції (та втрата різноманітності) є сталою величиною, яка характеризує метод відбору та не залежить від функції пристосованості та розподілу коефіцієнтів пристосованості особин популяції. Для ілюстрації сказаного на рис. 11 подано графіки залежності швидкості репродукції та втрати різноманітності від номера ітерації для лінійного за рангом методу відбору, $\beta = 1.4$. Як видно з графіка, значення узгоджуються з формулою (9): $\theta = 0.9$.

Інші характеристики

Серед інших характеристик, за якими порівнюють методи відбору, зауважимо *різницю відбору* (*selection differential*) – величину $s = \bar{f}_s - \bar{f}$, де \bar{f}_s – середнє значення коефіцієнта пристосованості особин популяції, \bar{f} – середнє значення коефіцієнта пристосованості відібраних до батьківського пулу особин. Звернемо увагу на зв'язок між різницею відбору s та інтенсивністю відбору

$I: s = I * \sigma$, де σ – стандартне відхилення коефіцієнта пристосованості в популяції. Проведені нами експерименти виявили схожість форми графіків різниці відбору для різних методів відбору: всі графіки мають один глобальний пік.

Також при роботі з ГА важливим є питання часової складності використовуваних ГА методів відбору. Зазначимо, що RWS реалізують алгоритмом складності $O(n^2)$ або $O(n * \log n)$ (із використанням бінарного пошуку); складність методів відбору за рангом визначається алгоритмом сортування та, як правило, є $O(n * \log n)$; таку саму складність має метод FUSS; складність елітарного відбору часто також визначають складністю алгоритму сортування, але у разі послідовного вибору k найкращих особин можлива реалізація за $O(n * k)$ кроків; SUS, турнірний відбір, відбір відтинанням мають лінійну складність $O(n)$.

Висновки

У статті розглянуто основні методи відбору, що використовуються у ГА з генераційним типом репродукції, та проведено порівняння цих методів за низкою характеристик. При виборі

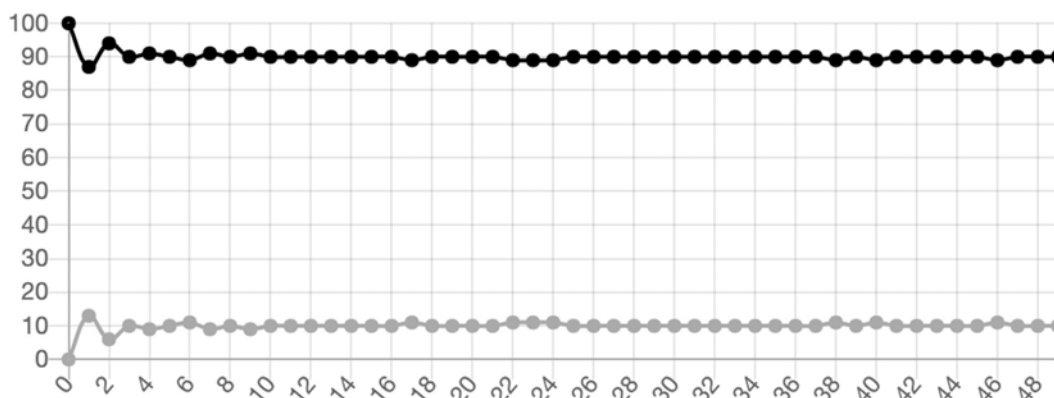


Рис. 11. Графіки залежності швидкості репродукції (згори) та втрати різноманітності (знизу) від номера ітерації для лінійного за рангом методу відбору, $\beta = 1.4$

методу відбору для ГА, що розв'язує конкретну задачу, слід зважати на умову задачі та характеристики методів відбору. Наприклад, пропорційні методи відбору прийнятні тільки для задач максимізації та вимагають невід'ємних значень функції пристосованості; інші методи відбору таких обмежень не накладають. З іншого боку, метод SUS характеризується низьким шумом та помірним тиском і є одним з найкращих за зазначеними показниками. Зазначимо, що за високого шуму відбору можлива втрата перспективних розв'язків та швидка збіжність популяції до одного розв'язку з множини розв'язків з однаковим здоров'ям. Занадто високий тиск відбору також може призвести до передчасної збіжності ГА (адже надає суттєву

перевагу найкращим на перших ітераціях роботи алгоритму розв'язкам, які з високою ймовірністю не є оптимальними), а занадто низький тиск відбору уповільнює роботу ГА та може перетворити процес пошуку на випадковий. Важливими при виборі методів відбору можуть бути їх обчислювальна складність і можливість паралельної реалізації.

Серед перспектив подальших досліджень виділимо такі: аналіз методів відбору на більшій кількості функцій, зокрема на відомих тестових функціях дійсного аргументу; аналіз впливу методів відбору на роботу ГА з використанням мутації та кросинговеру; аналіз методів відбору в ГА зі стійким типом репродукції (ГА з розривом покоління, меншим за розмір популяції).

Список літератури

1. Глибовець М. М. Еволюційні алгоритми: підручник / М. М. Глибовець, Н. М. Гулаєва. – Київ : НаУКМА, 2013. – 828 с.
2. Скобцов Ю. О. Основы эволюционных вычислений: учебное пособие / Ю. О. Скобцов. – Донецк : ДонНТУ, 2008. – 326 с.
3. Субботін С. О. Неітеративні, еволюційні та мультиагентні методи синтезу нечітко логічних і нейромережних моделей: монографія / С. О. Субботін, А. О. Олійник, О. О. Олійник ; за заг. ред. С. О. Субботіна. – Запоріжжя : ЗНТУ, 2009. – 375 с.
4. Baker J. E. Reducing bias and inefficiency in the selection algorithm / J. E. Baker // Genetic algorithms and their applications: proceedings of the Second International Conference on Genetic Algorithms, Massachusetts Institute of Technology, Cambridge, MA, July 28–31, 1987. – Hillsdale, NJ : Lawrence Erlbaum Associates, 1987. – Pp. 14–21.
5. Bäck T. Evolutionary algorithms in theory and practice: Evolution strategies, evolutionary programming, genetic algorithms / Thomas Bäck. – New York : Oxford University Press, 1996. – 328 p.
6. Bäck T. Handbook of Evolutionary Computation, Release 97/1 [Electronic resource] / T. Bäck, D. B. Fogel, Z. Michalewicz (eds.). – New York : Oxford University Press; Bristol: Institute of Physics Publishing, 1997. – 988 p. – Mode of access: http://cdn.preterhuman.net/texts/science_and_technology/artificial_intelligence/The%20Handbook%20of%20Evolutionary%20Computation%20-%20Kenneth%20De%20Jong.pdf.
7. Brindle A. Genetic algorithms for function optimization: thesis ... doctor of philosophy [Electronic resource] / Brindle Anne. – Edmonton, Canada : University of Alberta, 1980. – 193 p. – Mode of access: <https://era.library.ualberta.ca/items/58923fb3-9557-448f-aedb-a82e95d1067e>.
8. Eiben A. E. Introduction to evolutionary computing [Electronic resource] / A. E. Eiben, J. E. Smith; 2nd printing. – Springer, Natural Computing Series, 2007. – 300 p. – Mode of access: <http://www.cs.vu.nl/~gusz/ecbook/ecbook.html>.
9. Kumar R. Blending Roulette Wheel Selection & Rank Selection in Genetic Algorithms [Electronic resource] / R. Kumar, Jyotishree // International Journal of Machine Learning and Computing. – 2012. – Vol. 2, № 4. – P. 365–370. – Mode of access: <http://www.ijmlc.org/show-32-116-1.html>.
10. Mitchell M. An introduction to genetic algorithms / M. Mitchell. – Cambridge, MA : MIT Press, 1998. – 162 p.

References

- Baker, J. E. (1987, July 28–31). *Reducing bias and inefficiency in the selection algorithm*. [Conference paper] Genetic algorithms and their applications: proceedings of the Second International Conference on Genetic Algorithms, Massachusetts Institute of Technology, Cambridge, MA.
- Bäck, T. (1996). *Evolutionary algorithms in theory and practice: Evolution strategies, evolutionary programming, genetic algorithms*. New York: Oxford University Press.
- Bäck, T., Fogel, D. B. & Michalewicz, Z. (Eds.) (1997). *Handbook of Evolutionary Computation, Release 97/1*. New York, US: Oxford University Press; Bristol: Institute of Physics Publishing. Retrieved from http://cdn.preterhuman.net/texts/science_and_technology/artificial_intelligence/The%20Handbook%20of%20Evolutionary%20Computation%20-%20Kenneth%20De%20Jong.pdf.
- Brindle, A. (1980). *Genetic algorithms for function optimization* [Doctoral dissertation, Edmonton, Canada: University of Alberta]. Retrieved from <https://era.library.ualberta.ca/items/58923fb3-9557-448f-aedb-a82e95d1067e>.
- Eiben, A. E. (2007). *Introduction to evolutionary computing*. Springer. Retrieved from <http://www.cs.vu.nl/~gusz/ecbook/ecbook.html>.
- Glybovets, M. M. & Gulayeva, N. M. (2013). *Evolutsiyni pidruchnyk*. Kyiv: NaUKMA [in Ukrainian].
- Kumar, R., & Jyotishree (2012). Blending Roulette Wheel Selection & Rank Selection in Genetic Algorithms. *International Journal of Machine Learning and Computing*, 2 (4), 365–370. Retrieved from <http://www.ijmlc.org/show-32-116-1.html>.
- Skobtsov, Yu. O. (2008). *Osnovy evoliutsionnykh vychislenij: uchebnoe posobie*. Donetsk: DonNTU [in Russian].
- Subbotin, S. O., Oliinyk, A. O. & Oliinyk, O. O. (2009). *Neiteratyvni, evoliutsiyni ta multyahentni metody syntezy nechitko lohichnykh i neiromerezhnykh modelei: monohrafiia*. Zaporizhzhia: ZNTU.
- Mitchell, M. (1998). *An introduction to genetic algorithms*. Cambridge, MA: MIT Press.

N. Gulayeva, A. Ustilov

ANALYSIS OF SELECTION METHODS USED IN GENETIC ALGORITHMS

This paper offers a comprehensive review of selection methods used in the generational genetic algorithms.

Firstly, a brief description of the following selection methods is presented: fitness proportionate selection methods including roulette-wheel selection (RWS) and its modifications, stochastic remainder selection with replacement (SRSWR), remainder stochastic independent selection (RSIS), and stochastic universal selection (SUS); ranking selection methods including linear and nonlinear rankings; tournament selection methods including deterministic and stochastic tournaments as well as tournaments with and without replacement; elitist and truncation selection methods; fitness uniform selection scheme (FUSS).

Second, basic theoretical statements on selection method properties are given. Particularly, the selection noise, selection pressure, growth rate, reproduction rate, and computational complexity are considered. To illustrate selection method properties, numerous runs of genetic algorithms using the only selection method and no other genetic operator are conducted, and numerical characteristics of analyzed properties are computed. Specifically, to estimate the selection pressure, the takeover time and selection intensity are computed; to estimate the growth rate, the ratio of best individual copies in two consecutive populations is computed; to estimate the selection noise, the algorithm convergence speed is analyzed based on experiments carried out on a specific fitness function assigning the same fitness value to all individuals.

Third, the effect of selection methods on the population fitness distribution is investigated. To do this, there are conducted genetic algorithm runs starting with a binomially distributed initial population. It is shown that most selection methods keep the distribution close to the original one providing an increased mean value of the distribution, while others (such as disruptive RWS, exponential ranking, truncation, and FUSS) change the distribution significantly. The obtained results are illustrated with the help of tables and histograms.

Keywords: genetic algorithms, selection methods, fitness proportionate selection, roulette-wheel selection, fitness function scaling, ranking selection, tournament selection, truncation selection, selection noise, selection pressure, takeover time, selection intensity, growth rate, loss of diversity, reproduction rate, computational complexity.

Матеріал надійшов 31.05.2021



Creative Commons Attribution 4.0 International License (CC BY 4.0)