

УДК 32.81

Конференция: «Интеллектуальные системы»

Секция «Эволюционное моделирование и генетические алгоритмы»

УТОЧНЕНИЕ ОЦЕНОК ЭФФЕКТИВНОСТИ ЭВОЛЮЦИОННЫХ АЛГОРИТМОВ*

Редько Владимир Георгиевич, д.ф.-м.н.¹⁾, Цой Юрий
Робертович²⁾

¹⁾ ИОНТ РАН, 119333, Москва, ул. Вавилова, 44, корп. 2, Тел.: (095)
1356331; Факс: (095) 1351351, redko@iont.ru

²⁾ Томский политехнический университет, 634034, Томск, пр. Ленина, 30,
Тел.: (3822) 418912, Факс: (3822) 419149, qai@mail.ru

Проверены путем компьютерного моделирования оценки эффективности простых эволюционных алгоритмов, выполненные в работе [Редько, 2004]. Численные расчеты подтвердили, что для унимодальной функции приспособленности при достаточно разумно выбранных параметрах эволюционного процесса число этапов эволюции и общее число вариантов, необходимых для поиска экстремума функции, растут соответственно линейно и квадратично с увеличением размерности задачи.

1. Схема эволюции

В работе [Редько, 2004] была сделана грубая оценка скорости эволюции в модели квазивидов [Эйген и др., 1982]. Схема эволюции в модели квазивидов может рассматриваться как простейший вариант генетического алгоритма (без скрещивания) [Holland, 1975]. В модели квазивидов рассматривается эволюция популяции информационных последовательностей $\{S_k(t)\}$, $k = 1, 2, \dots, n$.

* Работа выполнена при финансовой поддержке РФФИ (проект № 04-01-00179) и РАН (Программа "Интеллектуальные компьютерные системы", проект 2-45)

Предполагается, что длина последовательностей N и численность популяции n велики: $N, n \gg 1$, а символы S_{ki} последовательностей принимают два значения: $S_{ki} = 1, -1$ ($i = 1, 2, \dots, N; k = 1, 2, \dots, n$). Также считается, что функция приспособленности $f(\mathbf{S})$ унимодальна, т.е. имеется оптимальная последовательность \mathbf{S}_m , имеющая максимальную приспособленность, а приспособленность произвольной особи \mathbf{S} экспоненциально уменьшается с ростом расстояния по Хеммингу $\rho(\mathbf{S}, \mathbf{S}_m)$ между \mathbf{S} и \mathbf{S}_m (числа несовпадающих компонент в этих векторах):

$$f(\mathbf{S}) = \exp[-\beta\rho(\mathbf{S}, \mathbf{S}_m)], \quad (1)$$

где β – параметр, характеризующий интенсивность отбора. Предполагается, что длина последовательностей N и численность популяции n – постоянные параметры эволюционного процесса.

Общая схема эволюции состоит в следующем.

Шаг 0. *Формирование начальной популяции* $\{\mathbf{S}_k(0)\}$. Для каждого $k = 1, \dots, n$, и для каждого $i = 1, \dots, N$, выбираем случайно символ S_{ki} , полагая его равным +1 либо -1.

Шаг 1. *Отбор*

Подшаг 1.1. *Расчет приспособленностей*. Для популяции $\{\mathbf{S}_k(t)\}$ для каждого $k = 1, \dots, n$, вычисляем величину $f(\mathbf{S}_k)$.

Подшаг 1.2. *Формирование новой популяции* $\{\mathbf{S}_k(t+1)\}$. Отбираем n особей в новую популяцию $\{\mathbf{S}_k(t+1)\}$ с вероятностями, пропорциональными $f(\mathbf{S}_k)$.

Шаг 2. *Мутации особей в новой популяции*. Для каждого $k = 1, \dots, n$, для каждого $i = 1, \dots, N$, меняем знак $S_{ki}(t+1)$ на противоположный с вероятностью P . Параметр P характеризует интенсивность мутаций.

Организация последовательности поколений. Повторяем шаги 1, 2 для $t = 0, 1, 2, \dots; t$ - номер поколения.

Подробнее данная модель изложена в [Редько, 2001, Редько, 2004].

2. Аналитические оценки

Для изложенной модели в [Редько, 2004] сделаны аналитические оценки скорости эволюции при достаточно разумном выборе параметров:

$$P \sim N^{-1}, \quad \beta \geq PN, \quad n \sim N, \quad (2)$$

Первое из этих допущений предполагает "оптимальную" частоту мутаций (порядка одной мутации в каждой последовательности в каждом поколении), при которой, с одной стороны, появление новых особей в популяции в результате мутаций происходит достаточно быстро и, с другой стороны, можно пренебречь мутационными потерями в популяции. Второе допущение в (2) соответствует достаточно большой интенсивности отбора. Третье допущение соответствует минимальной численности популяции, при которой еще не сильно сказывается нейтральный отбор (случайная фиксация особей в популяции, независящая от их приспособленностей; о нейтральном отборе см. подробнее [Редько, 2001]).

С учетом сделанных предположений было продемонстрировано, что общее число поколений эволюции T , необходимое для поиска оптимальной последовательности \mathbf{S}_m , растет линейно с ростом N :

$$T \sim N, \quad (3)$$

а общее число особей, участвующих в эволюционном процессе, $n_{\text{общ}} = nT$, растет квадратично с ростом N :

$$n_{\text{общ}} \sim N^2. \quad (4)$$

3. Результаты численных расчетов

Мы провели широкий цикл компьютерных экспериментов и исследовали зависимость характера эволюции от размера «генома» N , численности популяции n , интенсивности отбора β и мутаций P . Для соотношений между параметрами: $n = N$, $P = N^{-1}$, $\beta = 1$, которые соответствуют условиям получения аналитических оценок (3),(4), мы сделали численные оценки характерного времени сходимости эволюционных процессов. Оценки делались тремя способами: 1) оценивалось характерное время релаксации T_R в зависимостях $\langle \rho \rangle(t)$ по начальному наклону этих кривых, 2) оценивалось время выхода T_S на стационарное значение $\langle \rho \rangle$, которое получается при больших t , 3) определялись значения времени T_O первого появления оптимальной последовательности \mathbf{S}_m в популяции ($\langle \rho \rangle$ – среднее по популяции расстояние по Хеммингу $\rho(\mathbf{S}, \mathbf{S}_m)$ между \mathbf{S} и \mathbf{S}_m). Полученные в результате зависимости $T_R(N)$, $T_S(N)$ и $T_O(N)$ представлены на рис. 1. Видно, что при достаточно больших N все три зависимости линейны:

$$T_R(N) = k_R N + T_{R0}, \quad T_S(N) = k_S N + T_{S0}, \quad T_O(N) = k_O N + T_{O0},$$

где $k_R = 0,1772$, $k_S = 0,3903$, $k_O = 0,3685$, $T_{R0} = 8,2709$, $T_{S0} = 38,7356$, $T_{O0} = 2,1288$, что вполне согласуется с оценкой (3).

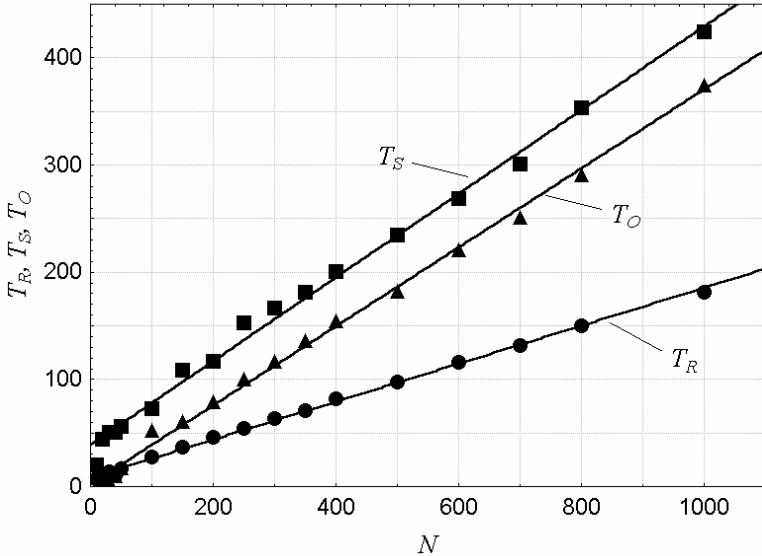


Рис. 1. Зависимости времени релаксации T_R в зависимостях $\langle \rho \rangle(t)$, времени выхода этих зависимостей на стационар T_S и времени нахождения оптимального решения T_O от длины последовательностей N . Кружками, треугольниками и квадратами показаны расчетные значения. Данные усреднены по 50 расчетам.

4. Мажорирующая модель

Для уточнения полученных оценок можно предложить построить следующую модель, "мажорирующую" сверху эволюционный процесс. Пусть имеется $N+1$ типов особей: S_k , $k = 0, 1, \dots, N$. Особь k -го типа может в результате мутации перейти в особь $k-1$ -го типа и в особь $k+1$ -го типа. Вероятность любой из этих мутаций равна P_1 . Приспособленность особей k -го типа равна $f_k = \exp(-\beta k)$. Численность популяции равна n . Организуем эволюционный процесс точно так же, как в модели квазивидов. В результате задача упрощается: нет необходимости учитывать информационную структуру последовательностей и разумно ожидать, что такая модель может быть исследована аналитически диффузионными методами [Кимура, 1985], для которой можно надеяться получить количественные оценки скорости эволюции при произвольном соотношении между параметрами.

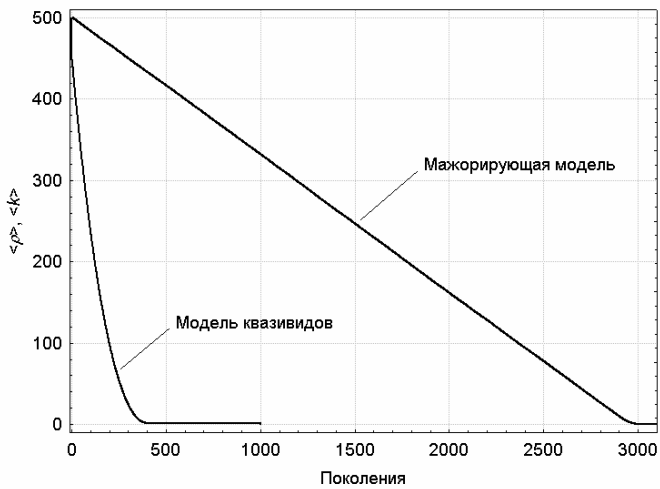


Рис. 2. Зависимости $\langle \rho \rangle(t)$ и $\langle k \rangle(t)$ при $N = n = 1000$, $P = P_1 = 0,001$, $\beta = 1$. Данные усреднены по 50 расчетам.

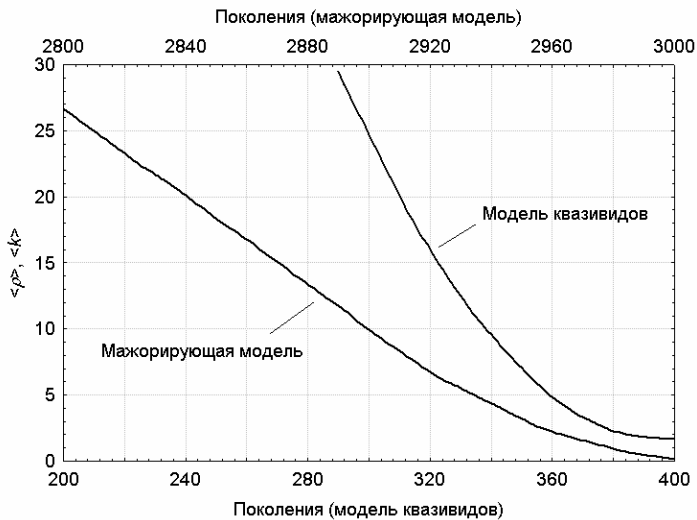


Рис. 3. Сравнение $\langle \rho \rangle(t)$ и $\langle k \rangle(t)$ при $N = n = 1000$, $P = P_1 = 0,001$, $\beta = 1$. Показаны завершающие стадии эволюции исследуемых моделей. Данные усреднены по 50 расчетам.

К настоящему времени мы провели только компьютерные расчеты по мажорирующей модели. На рис. 2 приведены зависимости $\langle \rho \rangle(t)$ и $\langle k \rangle(t)$ для модели квазивидов и мажорирующей модели при $n = N = 1000$, $P = P_1 = N^{-1}$, $\beta = 1$, а на рис. 3 показаны в большем масштабе участки этих зависимостей, соответствующие приближению к оптимальным значениям приспособленностей.

Видно, что при $\langle \rho \rangle = 2-4$, т.е. на самых медленных стадиях эволюции в модели квазивидов, скорость эволюции в модели квазивидов приближенно равна скорости эволюции в мажорирующей модели.

Итак, получены и проверены путем численных расчетов количественные оценки эффективности эволюционных алгоритмов в максимально простой постановке. Идет работа по дальнейшему уточнению полученных оценок.

Список литературы

- [**Кимура 1985**] Кимура М. Молекулярная эволюция: теория нейтральности. – М.: Мир, 1985.
- [**Редько 2001**] Редько В.Г. Эволюционная кибернетика. – М.: Наука, 2001.
- [**Редько 2004**] Редько В.Г. Насколько эффективна эволюция? // Труды международных научно-технических конференций «Интеллектуальные системы (IEEE AIS'04)» и «Интеллектуальные САПР (CAD-2004)». Научное издание в 3-х томах. – М.: Изд-во Физико-математической литературы, Т.1, 2004.
- [**Эйген и др. 1982**] Эйген М., Шустер П. Гиперцикл. Принципы самоорганизации макромолекул. – М.: Мир, 1982.
- [**Holland, 1975**] Holland, J.H. Adaptation in Natural and Artificial Systems – Ann Arbor, MI: The University of Michigan Press, 1975, 2nd edn. – (1992) Boston, MA: MIT Press, 1992.