

**WYŻSZA SZKOŁA
INFORMATYKI STOSOWANEJ
I ZARZĄDZANIA**



**ANALIZA SYSTEMOWA
W FINANSACH I ZARZĄDZANIU**

Wybrane problemy

Pod redakcją
Jerzego HOŁUBCA

**WYŻSZA SZKOŁA
INFORMATYKI STOSOWANEJ
I ZARZĄDZANIA**

**ANALIZA SYSTEMOWA
W FINANSACH I ZARZĄDZANIU
Wybrane problemy**

Pod redakcją
Jerzego HOŁUBCA

Warszawa 1999

Wykaz opiniodawców artykułów zamieszczonych w tomie:

prof. dr hab. Jerzy **HOLUBIEC**

prof. dr hab. Janusz **KACPRZYK**

prof. dr hab. Tadeusz **NOWICKI**

prof. dr hab. Stanisław **PIASECKI**

prof. dr hab. Piotr **SZCZEPANIAK**

prof. dr hab. Tadeusz **TRZASKALIK**

doc. dr hab. Sławomir **WIERZCHOŃ**

doc. dr hab. Leszek **ZAREMBA**

© **Wyższa Szkoła Informatyki Stosowanej i Zarządzania**

Warszawa 1999

ISBN 83-85847-24-3

Przedmowa

Na niniejszą publikację składa się zbiór prac doktorantów Zaocznych Studiów Doktoranckich "Informatyka w zarządzaniu i finansach" działających przy *Instytucie Badań Systemowych Polskiej Akademii Nauk*.

Prace te były referowane na konferencji BOS'98 "Rozwój średnich i małych miast w XXI wieku w Polsce: Rola badań operacyjnych i systemowych", Kutno, 8-10 czerwca 1998 r.¹, a także na seminariach Studiów Doktoranckich "Informatyka w zarządzaniu i finansach". Nad stroną merytoryczną publikacji czuwał Pan Prof. dr hab. Jerzy Hołubiec oraz grono recenzentów i opiekunów naukowych doktorantów.

Prace dotyczą głównie problemów analizy systemowej oraz jej zastosowań w dziedzinie finansów, a zwłaszcza - teorii portfela, obligacji i problemów inwestycyjnych. Niektóre prace przy analizie finansowej posługują się tzw. algorytmami genetycznymi i sieciami neuronowymi, a także modelowaniem rozmytym i strukturami fraktalnymi. Część prac dotyczy zarządzania i sterowania produkcją.

Wypada zauważyć, iż doktoranci Studiów atakują w swych pracach tematy nowoczesne i znajdujące się w obszarze tzw. frontu badawczego analizy systemów. Wypada im życzyć sukcesów i wytrwałości w pracy, która winna zakończyć się obronioną pracą doktorską.

¹ Głównymi organizatorami konferencji było Polskie Towarzystwo Badań Operacyjnych i Systemowych oraz Instytut Badań Systemowych PAN.

Wypada także zaznaczyć, iż wydanie niniejszej publikacji stało się możliwe dzięki wsparciu finansowemu ze strony **Wyższej Szkoły Informatyki Stosowanej i Zarządzania**, działającej w ramach Fundacji Krzewienia Nauk Systemowych. Fundacja ta została założona w 1991 roku z inicjatywy Prof. L. Kuźnickiego, wówczas Sekretarza Naukowego Polskiej Akademii Nauk. Do zadań Fundacji należy, między innymi, wspieranie i promocja prac młodych pracowników nauki, a zwłaszcza prac doktorantów.

Mamy nadzieję, iż publikacja niniejsza zostanie życzliwie przyjęta przez specjalistów działających w obszarze nauk systemowych.

Rektor WSISiZ
Prof. Roman Kulikowski

DOSTOSOWANIE ALGORYTMÓW GENETYCZNYCH DO DZIAŁANIA W WARUNKACH ŚRODOWISKA NIESTACJONARNEGO

Włodzimierz MAGIERA

Zaoczne Studia Doktoranckie IBS PAN

W wielu praktycznych zastosowaniach algorytmów genetycznych występuje problem stopniowej degradacji znalezionych przez algorytm rozwiązań. Degradacja ta spowodowana jest zmianami zachodzącymi w środowisku. W pracy przedstawione zostały różnorodne mechanizmy ewolucyjne umożliwiające efektywne działanie algorytmów genetycznych w warunkach środowiska niestacjonarnego: diploidalność z dominowaniem, wymuszoną hipermutację i losową imigrację. Wszystkie omówione metody, podobnie jak standardowy algorytm genetyczny, wzorowane są na naturalnych procesach zachodzących w przyrodzie.

1. Wprowadzenie

Algorytmy genetyczne są klasą metod rozwiązywania złożonych problemów optymalizacji, poszukiwania i sterowania bazującą na naturalnych mechanizmach ewolucyjnych. Standardowy algorytm genetyczny zdefiniowany przez Hollanda [1975] składa się z kolejno wykonywanych faz:

- wyboru genetycznej reprezentacji problemu,

- utworzenia początkowej populacji $P(t) = \{x_1^t, x_2^t, \dots, x_N^t\}$ dla $t=0$,
- oceny wszystkich osobników populacji $P(t)$ zgodnie z funkcją przystosowania $f(x_i^t)$,
- selekcji puli rodzicielskiej $S(t)$ na podstawie dokonanej oceny osobników,
- zastosowania operatorów genetycznych krzyżowania z prawdopodobieństwem p_k i mutacji z prawdopodobieństwem p_m w celu utworzenia nowej populacji $P(t+1)$,
- powrót do fazy oceny wszystkich osobników nowej populacji z jednoczesnym zwiększeniem licznika czasu: $t = t + 1$ (dla $t < T$).

Algorytmy genetyczne okazały się bardzo atrakcyjną alternatywą dla tradycyjnych metod optymalizacji i poszukiwania zwłaszcza przy rozwiązywaniu bardzo złożonych i źle określonych zagadnień. Efektywność standardowych algorytmów genetycznych była szczególnie widoczna wówczas, gdy działały one w środowisku stacjonarnym tzn. takim, w którym funkcja celu nie ulega transformacjom z upływem czasu.

Często jednak w zastosowaniach praktycznych mamy do czynienia z problemami, w których środowisko algorytmu genetycznego zmienia się w czasie. Przykładem takich zastosowań może być generowanie przynoszących zysk reguł inwestycyjnych czy poszukiwanie optymalnej strategii gracza biorącego udział w grze wieloosobowej. Transformacje środowiska takie jak zmiany zachowań innych inwestorów lub zmiany strategii pozostałych uczestników gry wieloosobowej na skutek strategii przyjętej przez algorytm genetyczny powodują, że wraz z upływem czasu następuje degradacja znalezionych rozwiązań.

Przedstawione poniżej metody dostosowania algorytmów genetycznych do działania w warunkach środowiska niestacjonarnego bazują podobnie jak i standardowe algorytmy genetyczne na naturalnych mechanizmach występujących w przyrodzie.

2. Diploidalność z dominowaniem

W klasycznym algorytmie genetycznym przyjmuje się, że osobniki wyposażone są w pojedyncze chromosomy. Taką strukturę genotypu nazywa się modelem *haploidalnym*. W przyrodzie genotyp haploidalny charakterystyczny jest dla prostych form życia.

Wyższe formy życia roślinnego lub zwierzęcego wymagają zwykle genotypu o bardziej złożonej strukturze - *diploidalnej*. Genotyp w postaci diploidalnej składa się z pary (lub kilku par) chromosomów zwanych *chromosomami homologicznymi*. Informacje służące tym samym funkcjom są więc pozornie zduplikowane.

Niektóre z teorii wyjaśniających tą redundancję stawiają hipotezę, że podwójny zestaw chromosomów służy zapamiętywaniu tych alleli i ich kombinacji, które w przeszłości okazały się pożyteczne. W procesie ewolucji życia na Ziemi środowisko podlegało licznym zmianom, z których wiele miało charakter oscylacyjny: zmiany temperatur od wysokich do niskich, zmiany ciśnienia, natężenia światła itp. Organizmy o strukturze diploidalnej były najlepiej przystosowane do adaptacji do zmieniającego się środowiska. Mogły bowiem korzystać z długoterminowej pamięci jaką stanowiła podwójna struktura chromosomowa.

Z pojęciem diploidalności wiąże się swoisty konflikt związany z przejawianiem cech zapisanych w chromosomach. Rozważmy przykładową diploidalną strukturę chromosomową:

0 1 0 1

1 1 0 0

Każdy wiersz w tym zapisie reprezentuje jeden chromosom homologiczny, a zera i jedynki - alternatywne wartości alleli. Tak więc na przykład, jeżeli pierwsza pozycja w chromosomie odpowiada kolorowi oczu, to cyfra 0 może oznaczać niebieski kolor oczu, a cyfra 1

kolor brązowy. Należy określić, jaki kolor oczu - niebieski czy brązowy - przejawia się u osobnika wyposażonego w taki zestaw chromosomów.

Mechanizm służący do rozstrzygnięcia takich konfliktów nazywa się w genetyce *dominowaniem*. Jeden z alleli zajmujących tę samą pozycję w chromosomie tzw. *allel dominujący* ma zawsze pierwszeństwo przed alternatywnym allelem nazywanym *allelem recesywnym*. Tak więc allelem dominującym jest allel przejawiający się w fenotypie. Operacja dominowania może być rozumiana jako odwzorowanie genotypu w fenotyp.

W zamieszonym powyżej przykładzie, jeżeli przyjąć, że allelom dominującym odpowiadają jedynki, a allelom recesywnym zera, operacja dominowania odwzoruje genotyp:

0 1 0 1

1 1 0 0

w fenotyp:

1 1 0 1

Gen recesywny może przejawiać się w fenotypie jedynie wówczas, gdy występuje w obu chromosomach homologicznych.

2.1. Modyfikacja algorytmu genetycznego

Ważnym elementem konstrukcji diploidalnego algorytmu genetycznego jest określenie wzorca dominacji. W algorytmach korzystających z binarnego alfabetu genetycznego przyjmuje się na ogół stały wzorzec dominacji: zero jest allelem recesywnym, a jedynka - dominującym.

R.Holstien [1971] zaproponował odmienny wzorzec dominacji, zmodyfikowany następnie przez Hollanda [1975] zwany obecnie mo-

delem triallelicznym Holstiena-Hollanda. W modelu triallelicznym alfabet genetyczny składa się z trzech symboli: 0, recesywnego 1_0 i dominującego 1. Wzorzec dominacji w tym modelu wygląda następująco:

	0	1_0	1
0	0	0	1
1_0	0	1	1
1	1	1	1

Zaletą tego modelu jest połączenie na jednej pozycji informacji o allelu i dominowaniu.

Przyjęcie diploidalnego modelu osobników wymaga ponadto odmiennego określenia operacji genetycznych. W algorytmie diploidalnym proces wytwarzania potomstwa składa się z kolejno następujących po sobie faz: selekcji, gametogenezy i zapłodnienia.

Faza selekcji jest analogiczna do standardowego algorytmu genetycznego: metodą ruletki dokonywany jest wybór par osobników rodzicielskich. W fazie gametogenezy homologiczna (pochodząca od jednego osobnika) para chromosomów produkuje parę gamet korzystając z operatorów genetycznych krzyżowania i mutacji. Proces ten przeprowadzany jest dla obu osobników rodzicielskich. Następnie w fazie zapłodnienia z dwóch par gamet tworzy się dwóch diploidalnych potomków (bez krzyżowania), przy czym w parze chromosomów każdego potomka znajduje się po jednym chromosomie pochodzącym od każdego z rodziców. Decyzja o tym, które gamety połączą się podejmowana jest w sposób losowy.

Przykładowo powyższy proces może przebiegać następująco. W wyniku selekcji skojarzone zostały dwa osobniki rodzicielskie X i Y o genotypach przedstawionych poniżej:

$X_1 X_2 X_3 X_4 X_5 X_6$

$Y_1 Y_2 Y_3 Y_4 Y_5 Y_6$

$x_1 x_2 x_3 x_4 x_5 x_6$

$y_1 y_2 y_3 y_4 y_5 y_6$

Ustalony losowo punkt krzyżowania dla pierwszego osobnika wynosi 2, a dla drugiego 4. W wyniku krzyżowania chromosomów homologicznych (mutacja nie wystąpiła) powstały dwie pary gamet:

$X_1 X_2 x_3 x_4 x_5 x_6$

$Y_1 Y_2 Y_3 Y_4 y_5 y_6$

$x_1 x_2 X_3 X_4 X_5 X_6$

$y_1 y_2 y_3 y_4 Y_5 Y_6$

W fazie zapłodnienia z tych gamet powstają dwa nowe osobniki:

$X_1 X_2 x_3 x_4 x_5 x_6$

$x_1 x_2 X_3 X_4 X_5 X_6$

$Y_1 Y_2 Y_3 Y_4 y_5 y_6$

$y_1 y_2 y_3 y_4 Y_5 Y_6$

przy czym losowo zostało ustalone że pierwsza gameta z pierwszej pary łączy się z pierwszą gametą z drugiej pary, a druga z drugą.

Przedstawiony schemat wytwarzania potomstwa, choć nie w pełni zgodny z rzeczywistymi procesami biologicznymi, uwzględnia jednak najważniejsze ich elementy.

2.2. Wyniki eksperymentów

Diploidalne algorytmy genetyczne wykorzystujące trialleliczny model Hollstiena-Hollanda powstały na początku lat siedemdziesiątych. Jednak pierwsze eksperymenty nie wykazały istotnej poprawy efektywności w stosunku do algorytmów standardowych, ponieważ w ich badaniu posługiwano się jedynie stacjonarnymi funkcjami celu. Dopiero D.Goldberg i R.Smith [1987] podjęli kilkanaście lat później próby z wykorzystaniem diploidalności i dominacji jako mechanizmów dostosowujących algorytmy genetyczne do działania w warunkach środowiska niestacjonarnego.

Goldberg i Smith zbadali efektywność diploidalnego triallelicznego algorytmu genetycznego porównując go ze standardowym algorytmem genetycznym oraz z diploidalnym algorytmem genetycznym ze stałym wzorcem dominacji na przykładzie tzw. ślepego zagadnienia plecakowego. W zadaniu tym maksymalizowana jest łączna wartość przedmiotów załadowanych do plecaka. Jednocześnie ciężar załadowanego plecaka nie może przekroczyć założonego poziomu. W zapisie matematycznym problem ten można zdefiniować następująco:

$$\text{znaleźć } \max \sum_j v_j x_j \text{ pod warunkiem, że: } \sum_j w_j x_j \leq W(t)$$

gdzie:

v_1, v_2, \dots, v_N - wartości N przedmiotów,

w_1, w_2, \dots, w_N - ciężary N przedmiotów,

x_1, x_2, \dots, x_N - funkcja charakterystyczna obecności przedmiotów w plecaku, $x_j \in \{0,1\}$,

$W(t)$ - górne ograniczenie ciężaru plecaka.

Górne ograniczenie ciężaru plecaka $W(t)$ jest funkcją czasu przyjmującą oscylacyjnie dwie wartości: W_0 i W_1 . Algorytm poszukuje optymalnych wartości x_j bez znajomości wartości v_j i ciężarów w_j .

W eksperymentach przeprowadzonych przez Goldberga i Smitha standardowy algorytm genetyczny nie był w stanie nadażać za oscylacjami. Natomiast wersja diploidalna ze stałym wzorcem dominacji tylko w niewielkim stopniu potrafiła dostosować się do zmian w środowisku. Najbardziej interesująca część badań Goldberga i Smitha dotyczyła eksperymentów z algorytmem triallelicznym Hollstiena-Hollanda. Badania wykazały wysoką efektywność algorytmu triallelicznego w oscylującym środowisku, znacznie przewyższającą rezultaty osiągnięte przy użyciu stałego wzorca dominacji. Dzięki wbudowanej w algorytm możliwości ewolucji wzorca dominacji był on zdolny do szybszej adaptacji w środowisku niestacjonarnym.

3. Wymuszona hipermutacja

Badania biologiczne dowodzą, że jeżeli komórki poddane zostaną działaniu silnego stresu wywołanego przez gwałtownie zmieniające się warunki środowiskowe, wówczas niektóre z nich mają skłonność do przechodzenia w stan tzw. hipermutacji czyli zintensyfikowanej częstotliwości mutacji. W systemach biologicznych tylko te zmutowane komórki, które przeżyły okres gwałtownych zmian środowiska mają szansę przekazania swoich cech potomstwu. Schemat przedstawionego zjawiska został wykorzystany w pracy H. Cobb [1990] do przystosowania algorytmu genetycznego do działania w warunkach środowiska niestacjonarnego.

3.1. Modyfikacja algorytmu genetycznego

Cobb przedstawia adaptacyjny mechanizm mutacji w algorytmie genetycznym zwany *wymuszoną hipermutacją*. Mechanizm ten okresowo zwiększa poziom prawdopodobieństwa mutacji do wysokiej wartości. Po ustaniu przyczyn, które powodowały potrzebę intensywnej mutacji, prawdopodobieństwo jej wystąpienia wraca do poprzedniego stanu.

Tak więc algorytm genetyczny z wymuszoną hipermutacją wymaga określenia dwóch parametrów związanych z operacją mutacji. Pierwszy z nich to występujące w każdym standardowym algorytmie genetycznym prawdopodobieństwo mutacji p_m , w praktycznych zastosowaniach przyjmowane zwykle na poziomie 0,01; drugi to wielokrotnie większe od poprzedniego prawdopodobieństwo hipermutacji p_h .

Przyczyną, która wymusza przejście do stanu hipermutacji jest spadek efektywności populacji osobników w kolejnych generacjach, przy czym efektywność ta mierzona jest średnią ruchomą wartości funkcji przystosowania najlepszego osobnika w danej generacji poprzez pięć kolejnych generacji:

$$EP(t) = \frac{1}{5} \sum_{k=0}^4 f_{opt}(t-k)$$

gdzie:

t - numer kolejnej generacji ($t \geq 4$),

$EP(t)$ - efektywność populacji w generacji t ,

$f_{opt}(t)$ - optymalna wartość funkcji przystosowania w generacji t (wartość najwyższa przy założeniu maksymalizacji tej funkcji, a wartość najniższa przy jej minimalizacji).

Jeżeli zatem :

$$EP(t-1) \leq EP(t)$$

to w bieżącej generacji mutacja każdego z osobników zachodzi z prawdopodobieństwem p_m . W przeciwnym przypadku, przy obniżeniu efektywności procesu tzn. jeżeli:

$$EP(t-1) > EP(t)$$

wymuszana jest hipermutacja i wszystkie osobniki mutowane są z prawdopodobieństwem p_h .

3.2. Wyniki eksperymentów

Eksperymenty sprawdzające efektywność tak określonego algorytmu genetycznego przeprowadzone zostały dla trzech sposobów zmienności środowiska (we wszystkich rozważanych przypadkach maksymalizowana funkcja przystosowania posiadała wiele maksimumów):

1. wszystkie maksima funkcji przystosowania (maksimum globalne i maksima lokalne) przesuują się ruchem jednostajnym prostoliniowym,
2. maksimum globalne funkcji przystosowania (wraz z najbliższym swym otoczeniem) pojawia się w sposób losowy w różnych miejscach jej dziedziny, przy czym określenie funkcji w innych punktach dziedziny nie ulega zmianie,
3. środowisko oscyluje pomiędzy dwoma znacznie różniącymi się stanami (sytuacja analogiczna do występującej w eksperymentach Goldberga i Smitha).

Każda z tych kategorii zmienności charakteryzuje się dodatkowym parametrem określającym prędkość zachodzenia zmian w środowisku. Dla pierwszej kategorii zmienności, dla której środowisko zmienia się w sposób ciągły wraz z pojawieniem się każdej nowej generacji osobników, parametrem jest prędkość ruchu. W drugiej i trzeciej kategorii, w których zmiany zachodzą nie w sposób ciągły, ale co określoną ilość generacji, parametrem jest częstotliwość zmian, tzn. co ile generacji środowisko ulega zmianie.

W badaniach, których celem było m.in. znalezienie optymalnego poziomu prawdopodobieństwa hipermutacji zastosowano określone przez De Jonga [1975] miary efektywności algorytmów genetycznych: efektywność *off-line* i efektywność *on-line*. Efektywność *off-line* określona jest jako średnia arytmetyczna z najlepszych wartości funkcji przystosowania w każdej generacji osobników. Efektywność *on-line* to średnia arytmetyczna z wszystkich wartości funkcji przystosowania w całym przebiegu algorytmu genetycznego.

Algorytm genetyczny z wymuszoną hipermutacją doskonale radził sobie ze zmiennością typu 1. Niezależnie od prędkości przesuwania się maksimum najlepsze rezultaty osiągnęto przy prawdopodobieństwie hipermutacji równym 0,2. Równie dobre wyniki osiągnięto w środowisku typu 2, choć wymagało to zwiększenia prawdopodobień-

stwa hipermutacji do poziomu 0,4. W środowisku oscylującym wyniki algorytmu były znacznie lepsze przy niższej częstotliwości oscylacji. Optymalnym prawdopodobieństwem hipermutacji przy oscylacji co 20 generacji był poziom 0,15. Dziesięciokrotne zwiększenie oscylacji (oscylacja co dwie generacje) wymagało podniesienia prawdopodobieństwa hipermutacji do 0,3.

Przeprowadzone eksperymenty udowodniły, że w środowisku niestacjonarnym algorytm z wymuszoną hipermutacją osiąga znacznie lepsze rezultaty niż algorytm standardowy. Zmodyfikowany algorytm genetyczny, poprzez sterowanie parametrem częstotliwości mutacji, może dynamicznie redukować lub poszerzać obszar poszukiwań, co zezwala na utrzymanie wysokiej efektywności pomimo ciągłych zmian zachodzących w środowisku.

4. Losowa imigracja osobników

Przedwczesna zbieżność może okazać się szczególnie niekorzystna dla algorytmu genetycznego działającego w warunkach środowiska zmiennego w czasie. Cecha ta zmniejsza bowiem możliwość zidentyfikowania tych obszarów przestrzeni poszukiwań, które - na skutek zmiany środowiska - mogą nagle stać się atrakcyjne. Zatem celowe wydaje się utrzymanie wystarczającego poziomu różnorodności populacji, by umożliwiał on dynamiczne reagowanie na zmiany środowiskowe.

4.1. Modyfikacja algorytmu genetycznego

J.Grafenstette [1992] zaproponował modyfikację algorytmu genetycznego mającą na celu utrzymanie wystarczającego poziomu różnorodności populacji, który stwarza możliwość stałej eksploracji przestrzeni poszukiwań. W standardowym algorytmie genetycznym po fazie mutacji dodał on dodatkową fazę *losowej imigracji osobników* (*Random Immigrants*). Mechanizm losowej imigracji osobników polega na zastąpieniu określonej części populacji przez identyczną ilość

losowo wygenerowanych osobników. Wyrażony procentowo ułamek populacji podlegający zastąpieniu r_r jest dodatkowym parametrem algorytmu genetycznego i nazywany jest *stopą wymiany populacji (replacement rate)*.

4.2. Wyniki eksperymentów

Eksperymenty mające na celu zbadanie efektywności mechanizmu losowej imigracji osobników oraz znalezienie optymalnego poziomu stopy wymiany populacji r_r przeprowadzone zostały przez J.Grafenstette dla trzech typów zmienności środowiska wymienionych w 3.2. Identyczne warunki przeprowadzenia eksperymentów umożliwiają nie tylko analizę efektywności zaproponowanych mechanizmów w odniesieniu do standardowego algorytmu genetycznego, ale również wzajemne porównanie obu mechanizmów [Cobb, Grafenstette 1993].

W eksperymencie ze środowiskiem typu 1, w którym zmiany zachodzą w sposób ciągły algorytm z losową imigracją osobników uzyskiwał najlepsze rezultaty przy stopie wymiany populacji równej 40% zarówno przy ruchu z małą jak i dużą prędkością. Należy jednak podkreślić, że jego efektywność przy tak zmieniającym się środowisku była znacznie niższa od algorytmu z wymuszoną hipermutacją.

Dla środowiska, w którym maksimum globalne przemieszcza się w sposób losowy również najkorzystniejszym poziomem stopy wymiany populacji jest 40%. W tym typie środowiska niestacjonarnego efektywność obu algorytmów genetycznych: z wymuszoną hipermutacją i z losową imigracją osobników jest porównywalna.

Algorytm genetyczny z losową imigracją osobników osiągał najlepsze rezultaty w środowisku oscylującym pomiędzy dwoma istotnie różniącymi się stanami. W tym typie środowiska mechanizm losowej imigracji osobników charakteryzuje się znacznie wyższą efektywnością niż wymuszona hipermutacja. Dla oscylacji zachodzących z dużą częstotliwością (co dwie generacje) optymalnym poziomem sto-

py wymiany populacji jest 10%, a dla powolnej oscylacji (co 20 generacji) - 5%.

Porównując, w warunkach środowiska oscylującego, prawdopodobieństwo hipermutacji (0,3 i 0,15) ze stopą wymiany populacji (odpowiednio 0,1 i 0,05) można stwierdzić, że algorytm z losową imigracją osobników zachowuje się w sposób znacznie bardziej konserwatywny niż algorytm z wymuszoną hipermutacją. Dzięki temu większa część informacji zawartej w populacji osobników jest przenoszona pomiędzy generacjami, co ułatwia szybkie odnalezienie optimum, gdy środowisko wraca do poprzedniego stanu. Jednocześnie imigranci przybywający do populacji wprowadzają dodatkową różnorodność co umożliwia, że algorytm genetyczny może poszukiwać więcej niż jednego optimum.

5. Uwagi końcowe

Wspólnym wnioskiem z wszystkich przedstawionych powyżej eksperymentów jest stwierdzenie, że standardowe algorytmy genetyczne są znacznie bardziej efektywne w środowisku stacjonarnym niż niestacjonarnym. Możliwe jest jednak zdefiniowanie mechanizmów pozwalających znacznie zwiększyć efektywność działania algorytmów genetycznych w środowisku niestacjonarnym przynajmniej dla niektórych typów jego zmienności.

Trialleliczny diploidalny algorytm genetyczny działa sprawnie w środowisku oscylującym pomiędzy dwoma odmiennymi stanami. Brak jest doniesień dotyczących jego efektywności dla innych kategorii niestacjonarności. W warunkach środowiska niestacjonarnego zmieniającego się w sposób ciągły wymuszona hipermutacja jest w zasadzie jedynym zaproponowanym mechanizmem adaptacyjnym, który zapewnia zadowalające działanie algorytmu genetycznego. Efektywność algorytmu z wymuszoną hipermutacją obniża się w przypadku skokowych zmian środowiska. Mechanizm losowej imigracji osobni-

ków sprawdza się w środowisku oscylującym, a także przy losowym przemieszczaniu maksimum globalnego.

Wszystkie prezentowane prace podkreślają konieczność dalszych badań nad przystosowaniem algorytmów genetycznych do działania w warunkach środowiska niestacjonarnego. Grafenstette stawia za cel swoich poszukiwań znalezienie algorytmu genetycznego, który byłby efektywny zarówno w środowisku stacjonarnym jak i w wielu różnorodnych typach środowiska niestacjonarnego.

Jako obiecujący kierunek badań wskazywana jest możliwość budowy mechanizmu hybrydowego wzbogacającego metodę losowej imigracji osobników o elementy adaptacyjne. Inną możliwością jest modyfikacja mechanizmu wymuszonej hipermutacji polegająca na wprowadzeniu odmiennych czynników wymuszających proces hipermutacji.

Mówiąc o potencjalnych kierunkach przyszłych prac nad przystosowaniem algorytmów genetycznych do zmiennego środowiska należy wskazać również na możliwości rozwoju równoległego algorytmu genetycznego opisanego przez H. Muhlenbeina [1990], który działa równocześnie na kilku subpopulacjach. Wprowadzenie do tego algorytmu zróżnicowanego poziomu prawdopodobieństwa mutacji dla różnych subpopulacji może powodować bardziej efektywne znajdowanie nowych rozwiązań w środowisku niestacjonarnym.

Literatura

- [1] Cobb, H. G. (1990) An investigation into use of hypermutation as an adaptive operator in genetic algorithms having continuous, time-dependent nonstationary environments. NRL Memorandum Report 6670, Navy Center for Applied Research in Artificial Intelligence, Washington, D.C.
- [2] Cobb, H.G., Grefenstette, J.J. (1993) Genetic Algorithms for Tracking Changing Environments. w: Proceedings of International Genetic Algorithms Conference.

- [3] De Jong, K.A. (1975) An analysis of the behavior of a class of genetic adaptive systems. Dissertation Abstracts International, 36(10), 5140B, University of Michigan.
- [4] Goldberg, D.E. (1995) Algorytmy genetyczne i ich zastosowania, WNT, Warszawa.
- [5] Goldberg, D.E., Smith, R.E. (1987) Nonstationary function optimization using genetic dominance and diploidy w: Proceedings of the Second International Conference on Genetic Algorithms, str. 59-68, Lawrence Erlbaum Associates, Hillsdale, New Jersey.
- [6] Grefenstette, J.J. (1992) Genetic algorithms for changing environments. w: Manner, R., Manderick, B. (red.) Parallel Problem solving from Nature, 2 str 137-144, North Holland, Amsterdam.
- [7] Holland, J.H. (1975) Adaptation in natural and artificial systems. Ann Arbor, The University of Michigan Press.
- [8] Hollstien, R.B. (1971) Artificial genetic adaptation in computer control system. Dissertation Abstracts International, 32(3), 1510B, University of Michigan.
- [9] Muhlenbein, H. (1990) Evolution in time and space: The parallel genetic algorithm. w: Rawlins, G. (red.) Foundation of Genetic Algorithms, Morgan Kaufman.

WYŻSZA SZKOŁA INFORMATYKI STOSOWANEJ I ZARZĄDZANIA

działa pod auspicjami
Polskiej Akademii Nauk

ZAŁOŻYCIELEM

Wyższej Szkoły Informatyki Stosowanej i Zarządzania
jest

FUNDACJA KRZEWIENIA NAUK SYSTEMOWYCH
powołana z inicjatywy
Prezesa
POLSKIEJ AKADEMII NAUK

FUNDATOREM

Fundacji Krzewienia Nauk Systemowych
jest

POLSKA AKADEMIA NAUK

ORGANEM

sprawującym nadzór
jest

MINISTERSTWO EDUKACJI NARODOWEJ

Wyższa Szkoła Informatyki Stosowanej i Zarządzania
prowadzi studia wyższe na kierunkach:

INFORMATYKA
ZARZĄDZANIE I MARKETING

SIEDZIBA

Instytut Badań Systemowych
Polskiej Akademii Nauk

ISBN 83-85847-24-3