

ΠΑΝΕΠΙΣΤΗΜΙΟ ΑΙΓΑΙΟΥ
ΤΜΗΜΑ ΜΗΧΑΝΙΚΩΝ ΣΧΕΔΙΑΣΗΣ ΠΡΟΪΟΝΤΩΝ ΚΑΙ ΣΥΣΤΗΜΑΤΩΝ



&

ΑΛΕΞΑΝΔΡΕΙΟ ΤΕΧΝΟΛΟΓΙΚΟ ΕΚΠΑΙΔΕΥΤΙΚΟ ΙΔΡΥΜΑ ΘΕΣΣΑΛΟΝΙΚΗΣ
ΤΜΗΜΑ ΑΥΤΟΜΑΤΙΣΜΟΥ



Πρόγραμμα μεταπτυχιακών σπουδών:
«Σχεδίαση διαδραστικών και βιομηχανικών προϊόντων
και συστημάτων»

Κύρκου Σοφία

«Βέλτιστη διευθέτηση μηχανών σε γραμμή
παραγωγής»

Επιβλέπων καθηγητής: Παναγιώτης Τζιώνας

Θεσσαλονίκη

2005

Περίληψη

Σκοπός της παρούσας διπλωματικής εργασίας είναι η εξοικείωση με τη δομή και λειτουργία των γενετικών αλγόριθμων, οι οποίοι θα χρησιμοποιηθούν για την βέλτιστη διευθέτηση μηχανών σε μία γραμμή παραγωγής. Θα παρουσιαστεί παράδειγμα εφαρμογής των γενετικών αλγόριθμων σε πρόβλημα αυτού του είδους με ταυτόχρονη επίλυση των επιπλοκών που προκύπτουν κατά την εξαγωγή των αποτελεσμάτων και διεξοδική αξιολόγηση τους.

Ευχαριστίες

Θα ήθελα να ευχαριστήσω τον καθηγητή, κύριο Παναγιώτη Τζιώνα, που μου εμπιστεύτηκε την εκπόνηση της παρούσας διπλωματικής εργασίας και του οποίου η βοήθεια υπήρξε πολύτιμη. Επίσης θα ήθελα να ευχαριστήσω τους γονείς μου για την υποστήριξη τους κατά τη διάρκεια όλης της προσπάθειας μου και τους φίλους μου για την συμπαράσταση τους.

Περιεχόμενα

Εισαγωγή.....	6
Κεφαλαίο 1 ^ο : Οι βασικές αρχές των γενετικών αλγόριθμων.....	8
1.1 Εισαγωγικά στοιχεία των γενετικών αλγόριθμων.....	8
1.1.1 Γενική δομή των γενετικών αλγόριθμων.	8
1.1.2 Εξερεύνηση και εκμετάλλευση.	12
1.1.3 Έρευνα με βάση τον πληθυσμό.....	13
1.1.4 Μετά-ευρεστικές.....	14
1.1.5 Κύρια πλεονεκτήματα.	15
1.1.6 Το λεξιλόγιο των γενετικών αλγόριθμων.	15
1.2 Παραδείγματα με απλούς γενετικούς αλγόριθμους.....	16
1.2.1 Πρόβλημα βελτιστοποίησης.....	16
1.2.2 Πρόβλημα ταιριάσματος λέξεων.	26
1.3 Πρόβλημα κωδικοποίησης.	29
1.4 Επιλογή.....	33
1.4.1 Ο χώρος δειγματοληψίας.....	33
1.4.2 Ο μηχανισμός δειγματοληψίας.....	36
1.4.3 Πιθανότητα επιλογής.	40
1.4.4 Διαδικασία επιλογής.....	46
Κεφαλαίο 2 ^ο : Προβλήματα σχεδιασμού για τη βέλτιστη διάταξη των μηχανών σε μία γραμμή παραγωγής.	49
2.1 Εισαγωγή.	49
2.2 Πρόβλημα διάταξης μηχανών.....	50
2.3 Πρόβλημα διάταξης μηχανών μίας γραμμής.	54
2.3.1 Μαθηματικό μοντέλο.....	54
2.3.2 Οι γενετικοί αλγόριθμοι και το πρόβλημα διάταξης μίας γραμμής.....	55
Κεφαλαίο 3 ^ο : Παράδειγμα εφαρμογής γενετικών αλγόριθμων σε πρόβλημα διευθέτησης τεσσάρων μηχανών.	58
3.1 Δεδομένα προβλήματος διευθέτησης τεσσάρων μηχανών σε μία γραμμή παραγωγής.	58
3.2 Επίλυση προβλήματος με την εφαρμογή γενετικού αλγόριθμου.....	59
3.2.1 Πρώτη γενιά.....	61
3.2.2 Δεύτερη γενιά.....	72

3.2.3 Τρίτη γενιά	82
3.2.4 Τέταρτη γενιά.....	92
3.2.5 Πέμπτη γενιά.....	102
Συμπεράσματα.....	113
Διάγραμμα 1	114
Διάγραμμα 2	114
Παράρτημα προγραμμάτων	115
Βιβλιογραφία.....	134
Εικόνα 1.1 Η γενική δομή του γενετικού αλγόριθμου.	9
Εικόνα 1.2 Σύγκριση των συμβατικών και των γενετικών μεθόδων προσέγγισης.	14
Εικόνα 1.3 Χώρος κωδικοποίησης και χώρος λύσεων.....	30
Εικόνα 1.4 Επιτευξιμότητα και νομιμότητα.....	31
Εικόνα 1.5 Η απεικόνιση από το χρωμόσωμα στη λύση.....	32
Εικόνα 1.6 Επιλογή με βάση τον κανονικό χώρο δειγματοληψίας.	35
Εικόνα 1.7 Επιλογή με βάση τον διευρυμένο χώρο δειγματοληψίας.....	36
Εικόνα 2.1 Βασικοί τύποι διάταξης μηχανών:	51
Εικόνα 2.2 Τύποι διάταξης μηχανών:.....	53
Εικόνα 2.3 Επεξήγηση των παραμέτρων και των μεταβλητών.	55

Εισαγωγή

Πολλά προβλήματα βελτιστοποίησης από τον τομέα της βιομηχανικής μηχανολογίας, πιο συγκεκριμένα στην κατασκευή συστημάτων, είναι πολύπλοκα από τη φύση τους και αρκετά δύσκολο να επιλυθούν με τις υπάρχουσες παραδοσιακές τεχνικές βελτιστοποίησης.

Από το 1960 υπάρχει ένα αυξανόμενο ενδιαφέρον στη μίμηση των έμβιων όντων για την επίλυση των δύσκολων προβλημάτων της βελτιστοποίησης. Η προσομοίωση της φυσικής διαδικασίας εξέλιξης των ανθρώπινων όντων είχε σαν αποτέλεσμα στοχαστικές τεχνικές βελτιστοποίησης που ονομάστηκαν εξελικτικοί αλγόριθμοι, οι οποίοι μπορούν συχνά να υπερτερούν των συμβατικών μεθόδων βελτιστοποίησης όταν εφαρμόζονται σε δύσκολα προβλήματα του πραγματικού κόσμου. Προς το παρόν υπάρχουν τρεις τομείς έρευνας σε αυτό τον τομέα: οι γενετικοί αλγόριθμοι, ο εξελικτικός προγραμματισμός και οι εξελικτικές στρατηγικές, μεταξύ των οποίων οι γενετικοί αλγόριθμοι είναι ο πιο ευρέως γνωστός τύπος.

Πρόσφατα, οι γενετικοί αλγόριθμοι έτυχαν αξιοσημείωτης προσοχής όσον αφορά τις δυνατότητες τους ως τεχνική βελτιστοποίησης για σύνθετα προβλήματα και έχουν επιτυχώς εφαρμοστεί στον τομέα της βιομηχανικής μηχανολογίας. Οι πλέον γνωστές εφαρμογές τους περιλαμβάνουν τον χρονοπρογραμματισμό και την ακολουθία, τον αξιόπιστο σχεδιασμό, την δρομολόγηση και τον προγραμματισμό οχημάτων, την τεχνολογία ομάδας, την χωροταξική κατανομή πόρων και την τοποθέτηση, την μεταφορά κ.α.

Οι γενετικοί αλγόριθμοι τελικώς καταλήγουν με πολύ μεγάλη ακρίβεια στη βέλτιστη λύση του προβλήματος μέσω διαδοχικών επαναλήψεών τους, όπου σε κάθε επανάληψη ο πληθυσμός υφίσταται διασταυρώσεις, μεταλλάξεις, τίθεται υπό αξιολόγηση και κατόπιν γίνεται η επιλογή των βέλτιστων λύσεων που θα χρησιμοποιηθούν για την επόμενη επανάληψη. Αυτός ο πληθυσμός αποτελείται από πιθανές λύσεις του προβλήματος, οι οποίες με την εξέλιξη των επαναλήψεων τείνουν να γίνουν βέλτιστες.

Το πρόβλημα που τίθεται προς επίλυση αφορά τη βέλτιστη διευθέτηση μηχανών σε μία γραμμή παραγωγής και κάνει χρήση των προαναφερθέντων γενετικών αλγόριθμων για την εύρεση της βέλτιστης διάταξής τους, από άποψη κόστους μεταφοράς και απαιτούμενου χώρου λόγω ιδίου όγκου της κάθε

Βέλτιστη διευθέτηση μηχανών σε γραμμή παραγωγής

μηχανής. Αυτό θα γίνει καλύτερα κατανοητό με την παράθεση ενός λυμένου παραδείγματος και την μελέτη της εξέλιξης του αλγόριθμου για την προσέγγιση της βέλτιστης λύσης.

Κεφαλαίο 1^ο : Οι βασικές αρχές των γενετικών αλγόριθμων.

1.1 Εισαγωγικά στοιχεία των γενετικών αλγόριθμων.

1.1.1 Γενική δομή των γενετικών αλγόριθμων.

Οι γενετικοί αλγόριθμοι είναι στοχαστικές μέθοδοι έρευνας βασισμένες στο μηχανισμό της φυσικής επιλογής και της φυσικής γενετικής. Οι γενετικοί αλγόριθμοι, που διαφέρουν από τις συμβατικές τεχνικές έρευνας, ξεκινούν με ένα αρχικό σύνολο τυχαίων λύσεων που καλείται πληθυσμός. Κάθε άτομο του πληθυσμού καλείται χρωμόσωμα και αναπαριστά μία πιθανή λύση στο πρόβλημα. Το χρωμόσωμα είναι μία στοιχειοσειρά συμβόλων και είναι συνήθως, αλλά όχι απαραίτητα, μία δυαδική συμβολοσειρά ψηφίων. Τα χρωμοσώματα εξελίσσονται μέσω διαδοχικών επαναλήψεων που καλούνται γενιές. Κατά τη διάρκεια κάθε γενιάς, τα χρωμοσώματα αξιολογούνται, με τη χρήση μέτρων καταλληλότητας. Η δημιουργία της νέας γενιάς, δηλαδή νέων χρωμοσωμάτων που καλούνται απόγονοι, γίνεται:

- Με την συγχώνευση δύο χρωμοσωμάτων από την υπάρχουσα γενιά με τη χρήση ενός τελεστή διασταύρωσης,
- Με την τροποποίηση ενός χρωμοσώματος με τη χρήση ενός τελεστή μετάλλαξης.

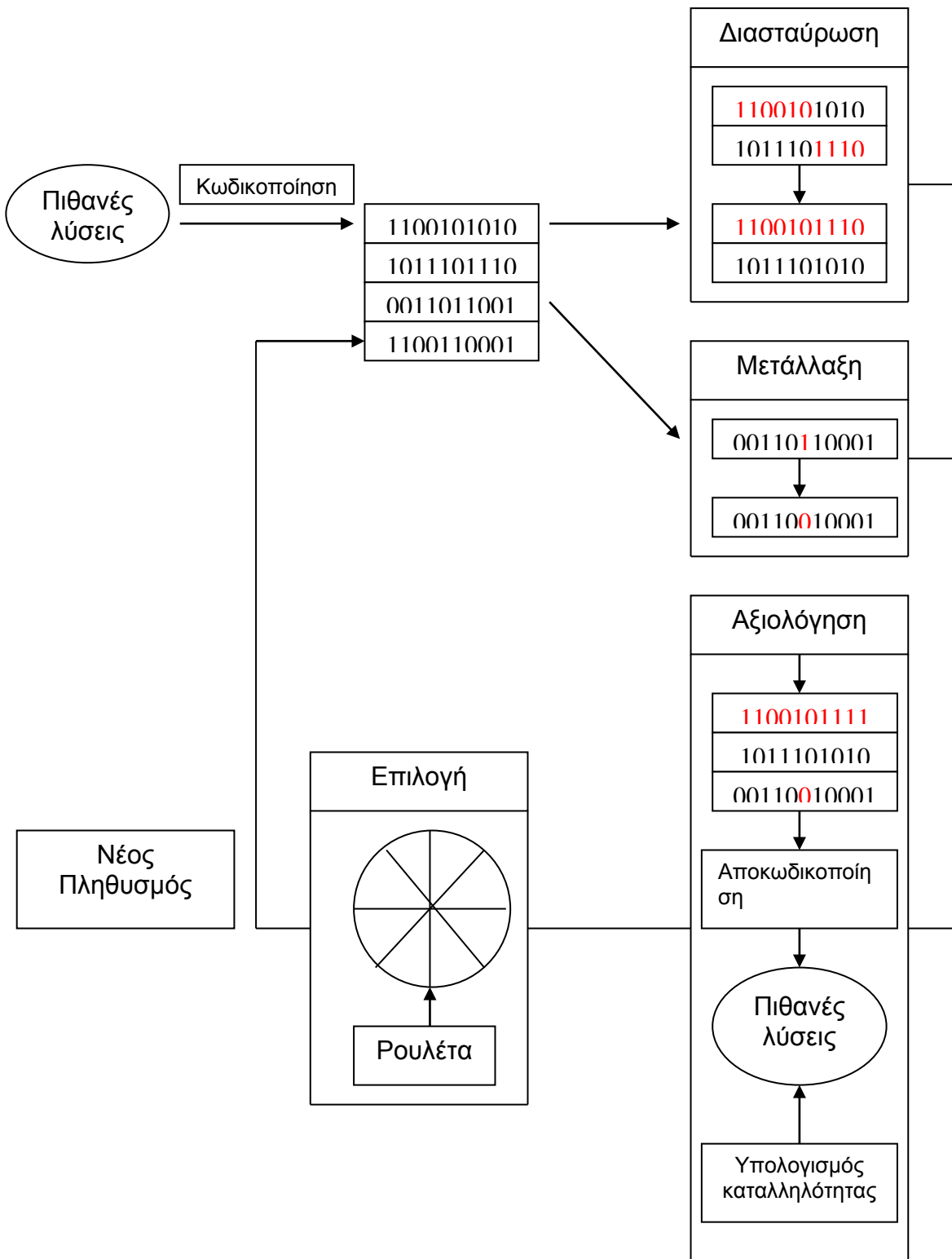
Η νέα γενιά δημιουργείται μέσα από:

- Την επιλογή, σύμφωνα με την αξιολόγηση της καταλληλότητας του χρωμοσώματος, είτε από γονείς είτε από απόγονους, και
- Την απόρριψη ορισμένων ώστε το μέγεθος του πληθυσμού να είναι σταθερό.

Τα πιο κατάλληλα χρωμοσώματα έχουν περισσότερες πιθανότητες να επιλεγθούν. Μετά από πολλές γενιές ο αλγόριθμος συγκλίνει στο καλύτερο χρωμόσωμα, το οποίο **αισιόδοξα** θα αναπαριστά τη βέλτιστη ή την σχεδόν βέλτιστη λύση του προβλήματος.

Έστω $P(t)$ και $C(t)$ είναι οι γονείς και απόγονοι αντίστοιχα στην γενιά t , η γενική δομή του γενετικού αλγόριθμου (Εικόνα 1.1) είναι:

Εικόνα 1.1 Η γενική δομή του γενετικού αλγόριθμου.



Διαδικασία: Γενετικός αλγόριθμος

```
begin
  t←0
  initialize P(t);
  evaluate P(t);
  while (not termination condition) do
    recombine P(t) to yield C(t);
    evaluate C(t);
    select P(t+1) from P(t) and C(t);
  end
end
```

Συνήθως, η αρχικοποίηση θεωρείται τυχαία. Ο ανασυνδιασμός τυπικά περιλαμβάνει τη διασταύρωση και τη μετάλλαξη για τη δημιουργία ενός απόγονου. Στην πραγματικότητα, υπάρχουν δύο διαδικασίες που λαμβάνουν τόπο στους γενετικούς αλγόριθμους:

- Γενετικές διαδικασίες: διασταύρωση και μετάλλαξη,
- Εξελικτική διαδικασία: επιλογή.

Οι γενετικές διαδικασίες μιμούνται τη διαδικασία της κληρονομικότητας στα γονίδια για τη δημιουργία νέων απόγονων σε κάθε γενιά. Οι εξελικτικές διαδικασίες μιμούνται τη διαδικασία της δαρβίνειας εξέλιξης για τη δημιουργία πληθυσμών από γενιά σε γενιά.

Η διασταύρωση είναι η κύρια γενετική διαδικασία. Ενεργεί πάνω σε δύο χρωμοσώματα κάθε φορά και δημιουργεί απόγονους μέσω του συνδυασμού των χαρακτηριστικών και των δύο αρχικών χρωμοσωμάτων. Ένας απλός τρόπος για την επίτευξη της διασταύρωσης είναι η επιλογή ενός τυχαίου σημείου τομής και η δημιουργία των απόγονων με το συνδυασμό του τμήματος του ενός γονέα, αριστερά του σημείου τομής και του τμήματος του αλλού γονέα, δεξιά του σημείου τομής. Αυτή η μέθοδος έχει καλά αποτελέσματα με τη αναπαράσταση του τύπου της δυαδικής συμβολοσειράς ψηφίων. Η απόδοση

του γενετικού αλγόριθμου εξαρτάται, κατά ένα μεγάλο βαθμό, από την απόδοση του τελεστή διασταύρωσης που χρησιμοποιείται.

Ο βαθμός διασταύρωσης (συμβολίζεται με p_c) καθορίζει την αναλογία των απόγονων που θα παραχθούν σε κάθε γενιά αναλογικά με το μέγεθος του πληθυσμού (συμβολίζεται με pop_size). Αυτή η αναλογία ελέγχει τον αναμενόμενο αριθμό $p_c \times pop_size$ χρωμοσωμάτων που θα υποστούν διασταύρωση. Μία μεγάλη αναλογία διασταύρωσης επιτρέπει την εξερεύνηση μεγαλύτερου τμήματος του χώρου των πιθανών λύσεων και μειώνει την πιθανότητα της εξεύρεσης μίας «λανθασμένης» -φαινομενικά βέλτιστης λύσης. Αν όμως η αναλογία είναι πολύ μεγάλη, θα προκύψει απώλεια στην απόδοση λόγω υπερβολικών υπολογισμών κατά την εξερεύνηση πολύ μεγάλου τμήματος του χώρου των πιθανών λύσεων.

Η μετάλλαξη είναι μία διαδικασία που παράγει αυτένεργες τυχαίες αλλαγές σε διάφορα χρωμοσώματα. Ένας απλός τρόπος για να γίνει μετάλλαξη είναι να αλλάξει ένα ή περισσότερα χρωμοσώματα. Στους γενετικούς αλγόριθμους, η μετάλλαξη κατέχει σημαντικό ρόλο στην:

- Αναπλήρωση των γονιδίων που χάθηκαν από τον πληθυσμό κατά τη διαδικασία της επιλογής ώστε να μπορούν να επαναδοκιμαστούν σε ένα νέο και
- Παροχή γονιδίων που δεν υπήρχαν στον αρχικό πληθυσμό.

Ο βαθμός μετάλλαξης (συμβολίζεται με p_m) καθορίζει το ποσοστό του συνολικού αριθμού γονιδίων στον πληθυσμό που θα υποστούν μετάλλαξη. Η αναλογία μετάλλαξης ελέγχει τον αριθμό των γονιδίων που θα τεθούν υπό δοκιμή. Αν η αναλογία είναι πολύ χαμηλή, πολλά γονίδια που πιθανόν να ήταν χρήσιμα, δεν θα δοκιμαστούν ποτέ. Αν είναι πολύ υψηλή, τότε θα υπάρχει πολύ μεγάλη διατάραξη των απόγονων, σε βαθμό που να χάνουν την ομοιότητα που έχουν με τους γονείς τους και ο αλγόριθμος θα χάσει την ικανότητα του να «μαθαίνει» από την προηγούμενη έρευνα.

Οι γενετικοί αλγόριθμοι διαφέρουν από τις συμβατικές μεθόδους έρευνας και βελτιστοποίησης στα εξής σημεία:

- Οι γενετικοί αλγόριθμοι «δουλεύουν» με ένα κωδικοποιημένο σύνολο λύσεων και όχι με τις καθεαυτό λύσεις.
- Οι γενετικοί αλγόριθμοι ψάχνουν για ένα σύνολο λύσεων και όχι μόνο για μία συγκεκριμένη λύση.
- Οι γενετικοί αλγόριθμοι χρησιμοποιούν καθεαυτό πληροφορίες (συνάρτηση καταλληλότητας) και όχι παράγωγα ή άλλα βοηθητικά στοιχεία.
- Οι γενετικοί αλγόριθμοι χρησιμοποιούν πιθανοκρατικούς μεταβατικούς κανόνες, όχι ντετερμινιστικούς.

1.1.2 Εξερεύνηση και εκμετάλλευση.

Η έρευνα είναι μία από τις παγκόσμια γνωστές μεθόδους επίλυσης προβλημάτων. Ιδιαίτερα για προβλήματα που η ακολουθία των βημάτων επίλυσης δεν είναι προκαθορισμένη. Η έρευνα μπορεί να πραγματοποιηθεί είτε με τυφλή έρευνα στρατηγικής είτε με ευρεστικές μεθόδους. Οι τυφλές μέθοδοι στρατηγικής έρευνας δεν κάνουν χρήση, των σχετικών με το πεδίο του προβλήματος πληροφοριών. Οι ευρεστικές μέθοδοι στρατηγικής έρευνας χρησιμοποιούν επιπλέον πληροφορίες για να οδηγήσουν την έρευνα στο πεδίο με τις καλύτερες προοπτικές. Υπάρχουν δύο σοβαρά ζητήματα στις στρατηγικές έρευνας:

- Εκμετάλλευση της βέλτιστης λύσης και
- Εξερεύνηση του χώρου έρευνας.

Θα παρατεθούν τρεις διαφορετικοί τύποι έρευνας. Η πρώτη μέθοδος είναι η «hill-climbing». Σε αυτή τη μέθοδο γίνεται εκμετάλλευση της καλύτερης λύσης για πιθανή βελτίωση ενώ αγνοείται η χώρος έρευνας. Η δεύτερη είναι η «τυχαίας αναζήτησης». Σε αυτή τη μέθοδο γίνεται εξερεύνηση του χώρου έρευνας ενώ αγνοείται η εκμετάλλευση πεδίων πολλά υποσχόμενων μέσα στο χώρο. Η τρίτη είναι η γενετική έρευνα. Σε αυτή την μέθοδο υπάρχει ταξινόμηση

της έρευνας του γενικού σκοπού με συνδυασμό στοιχείων άμεσης και στοχαστικής έρευνας που μπορούν να πετύχουν την ισορροπία μεταξύ εξερεύνησης και εκμετάλλευσης του χώρου έρευνας. Στην αρχή της γενετικής έρευνας, υπάρχει μεγάλο εύρος τυχαίου και διάφορου πληθυσμού και η διαδικασία της διασταύρωσης τείνει να εκτελέσει πολύ ευρεία έρευνα για την εξερεύνηση όλου του χώρου των λύσεων. Καθώς αναπτύσσεται η λύση με τη μεγαλύτερη καταλληλότητα, η διαδικασία της διασταύρωσης συμβάλει στην καλύτερη εξερεύνηση της περιοχής γύρω από τις πιθανές λύσεις. Με άλλα λόγια, αυτού του τύπου οι έρευνες καθορίζουν τη διασταύρωση από το περιβάλλον του γενετικού συστήματος και από την καθεαυτό διαδικασία. Επιπρόσθετα, οι απλές γενετικές εφαρμογές σχεδιάστηκαν ως γενικού σκοπού μέθοδοι έρευνας, και εκτελούν τυφλή έρευνα και δεν εγγυώνται την απόδοση ενός βελτιωμένου απόγονου.

1.1.3 Έρευνα με βάση τον πληθυσμό.

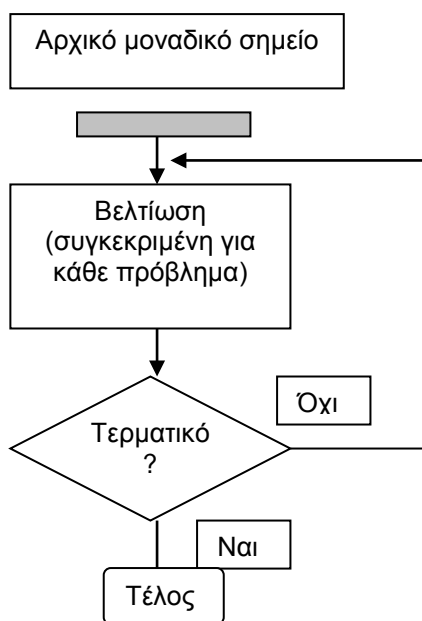
Γενικά, οι αλγόριθμοι για την επίλυση προβλημάτων βελτιστοποίησης είναι μία ακολουθία υπολογιστικών βημάτων που ασυμπτωτικά συγκλίνουν σε μία ευνοϊκή λύση. Οι περισσότερες μέθοδοι βελτιστοποίησης δημιουργούν ντετερμινιστικές ακολουθίες με υπολογιστική βάση για τη βαθμιδωτή ή αυξανόμενη δημιουργία παραγωγών των αντικειμενικών συναρτήσεων. Οι μέθοδοι εφαρμόζονται για ένα σημείο του χώρου έρευνας (Εικόνα 1.2). Τα σημεία κατόπιν βελτιώνονται μέσω ανοδικών/ καθοδικών κατευθύνσεων σταδιακά μέσω επαναλήψεων. Αυτή η προσέγγιση σημείο προς σημείο περιέχει το ρίσκο να βρεθεί μία τοπική βέλτιστη λύση και η διαδικασία να σταματήσει εκεί. Οι γενετικοί αλγόριθμοι εκτελούν μία έρευνα προς πολλές κατευθύνσεις και διατηρούν ένα πληθυσμό πιθανών λύσεων. Η προσέγγιση πληθυσμό προς πληθυσμό επιχειρεί να δράσει ανασταλτικά στην εύρεση τοπικού βέλτιστου και τερματισμού σε εκείνο το σημείο της έρευνας. Ο πληθυσμός υφίσταται μία πλαστή εξέλιξη, σε κάθε γενιά οι σχετικά καλές λύσεις αναπαράγονται, ενώ οι σχετικά «κακές» λύσεις χάνονται. Οι γενετικοί αλγόριθμοι χρησιμοποιούν προπαμπιλιστικούς μεταβατικούς κανόνες. Για την επιλογή ενός ατόμου για αναπαραγωγή και για εξάλειψη καθώς και για την καθοδήγηση της έρευνας προς την περιοχή του χώρου έρευνας που μοιάζει πιο ευνοϊκός.

1.1.4 Μετά-ευρεστικές.

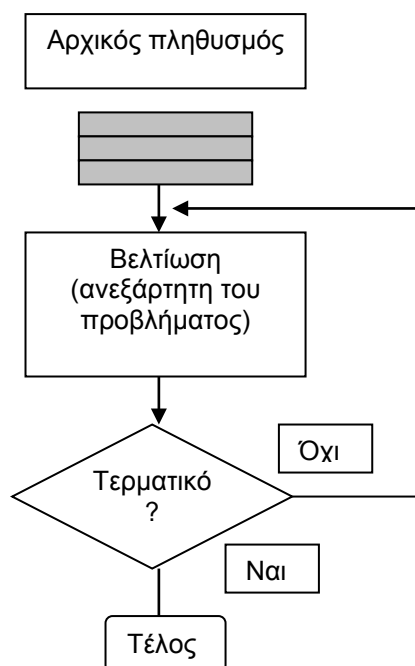
Στην αρχή, οι γενετικοί αλγόριθμοι δημιουργήθηκαν ως ένα γενετικό εργαλείο χρήσιμο για την επίλυση δύσκολων προβλημάτων. Στα αρχικά στάδια της δημιουργίας τους χρησιμοποιήθηκε γενική εσωτερική αναπαράσταση που περιλάμβανε προκαθορισμένου μήκους δυαδικές συμβολοσειρές με δυαδικούς γενετικούς διαχειριστές για τη διαχείριση με ένα τρόπο ανεξάρτητο από την περιοχή σε επίπεδο χωρίς καμία γνώση των φαινοτυπικών ερμηνειών των συμβολοσειρών. Παρόλα αυτά, απλοί γενετικοί αλγόριθμοι είναι δύσκολο να εφαρμοστούν απευθείας και επιτυχώς σε πολλά δισεπίλυτα προβλήματα βελτιστοποίησης. Πολλοί, μη προκαθορισμένοι τρόποι υλοποίησης έχουν δημιουργηθεί για συγκεκριμένα προβλήματα στα οποία οι γενετικοί αλγόριθμοι χρησιμοποιούνται ως μετά-ευρεστικοί. Δεν περιοριζόμαστε σε προκαθορισμένου μήκους δυαδικές συμβολοσειρές και δυαδικούς γενετικούς διαχειριστές, αντιθέτως επιλέγουμε φυσική αναπαράσταση (κάθε κατάλληλη δομή στοιχείων ανάλογη του προβλήματος) μαζί με ένα σύνολο εννοιολογικών γενετικών διαχειριστών εφαρμόσιμων στη δομή των στοιχείων.

Εικόνα 1.2 Σύγκριση των συμβατικών και των γενετικών μεθόδων προσέγγισης.

Συμβατική μέθοδος



Γενετικός αλγόριθμος



1.1.5 Κύρια πλεονεκτήματα.

Οι γενετικοί αλγόριθμοι έχουν λάβει μεγάλη προσοχή όσον αφορά τις προοπτικές τους ως μία νέα τεχνική βελτιστοποίησης. Υπάρχουν τρία κύρια πλεονεκτήματα κατά την εφαρμογή τους σε τέτοιου τύπου προβλήματα.

1. Οι γενετικοί αλγόριθμοι δεν έχουν μεγάλες μαθηματικές απαιτήσεις όσον αφορά τα προβλήματα βελτιστοποίησης. Λόγω της εξελικτικής τους φύσης, οι γενετικοί αλγόριθμοι αποζητούν λύσεις χωρίς να λαμβάνουν υπόψιν συγκεκριμένες εσωτερικές λειτουργίες του προβλήματος. Οι γενετικοί αλγόριθμοι μπορούν να χειριστούν οποιοδήποτε πρόβλημα αντικειμενικής συνάρτησης και κάθε τύπου περιορισμούς (π.χ. γραμμικό ή μη γραμμικό), που καθορίζεται σε ξεχωριστό, συνεχή ή μικτό χώρο έρευνας.
2. Η εργοδοτικότητα των εξελικτικών διαχειριστών κάνει τους γενετικούς αλγόριθμους πολύ αποτελεσματικούς κατά τη γενική έρευνα (σε πιθανότητες). Οι συμβατικές τεχνικές εκτελούν τοπική έρευνα μέσω της διαδικασίας της βηματικής σύγκλισης, η οποία συγκρίνει τις τιμές των γειτονικών σημείων και κινείται προς τα σχετικά βέλτιστα σημεία. Το γενικό βέλτιστο μπορεί να βρεθεί μόνο εάν το πρόβλημα κατέχει συγκεκριμένες ιδιότητες κυρτότητας που ουσιαστικά εγγυώνται ότι το τοπικό βέλτιστο είναι το γενικό βέλτιστο.
3. Οι γενετικοί αλγόριθμοι παρέχουν μεγάλη ελαστικότητα στη διασταύρωση με ευρεστικές που έχουν άμεση σχέση με τη περιοχή για την υλοποίηση τους σε ένα συγκεκριμένο πρόβλημα.

1.1.6 Το λεξιλόγιο των γενετικών αλγόριθμων.

Επειδή οι γενετικοί αλγόριθμοι προέρχονται τόσο από τη γενετική όσο και από την επιστήμη των υπολογιστών, η ορολογία που χρησιμοποιείται είναι ένα ενιαίο μίγμα από τις δύο επιστήμες.

Σε ένα βιολογικό οργανισμό, η δομή που κωδικοποιεί την παραγωγή διαταγών και εντολών όσον αφορά τη λειτουργία του οργανισμού και τη δομή του καλείται χρωμόσωμα. Ένα ή περισσότερα χρωμοσώματα απαιτούνται για

να καθορίσουν ένα ολοκληρωμένο οργανισμό. Ένα ολοκληρωμένο σύνολο χρωμοσωμάτων καλείται γονότυπος και ο οργανισμός που προκύπτει καλείται φαινότυπος. Κάθε χρωμόσωμα αποτελείται από ένα αριθμό ξεχωριστών δομών που καλούνται γονίδια. Κάθε γονίδιο κωδικοποιεί ένα συγκεκριμένο χαρακτηριστικό του οργανισμού καθώς και τη θέση που έχει το γονίδιο μέσα στη δομή του χρωμοσώματος καθορίζοντας ποιά ιδιαίτερα χαρακτηριστικά αναπαριστά. Σε μία συγκεκριμένη θέση, ένα γονίδιο μπορεί να κωδικοποιεί μία σειρά συγκεκριμένων αξιών του συγκεκριμένου χαρακτηριστικού που αναπαριστά. Κάθε ξεχωριστή αξία του γονιδίου καλείται alleles.

Η αντιστοιχία της ορολογίας των γενετικών αλγόριθμων και των όρων βελτιστοποίησης δίδεται στον πίνακα 1.1.

Πίνακας 1.1 Εξήγηση των όρων των γενετικών αλγόριθμων.

Γενετικοί αλγόριθμοι	Επεξήγηση
Χρωμόσωμα	Λύση
Γονίδιο	Τμήμα της λύσης
Τοποθεσία γονιδίου	Θέση του γονιδίου
Alleles	Αξία γονιδίου
Φαινότυπος	Αποκωδικοποιημένη λύση
Γονότυπος	Κωδικοποιημένη λύση

1.2 Παραδείγματα με απλούς γενετικούς αλγόριθμους.

Θα παρατεθούν δύο απλά παραδείγματα για να γίνει πιο κατανοητό πως λειτουργούν οι γενετικοί αλγόριθμοι.

1.2.1 Πρόβλημα βελτιστοποίησης.

Το αριθμητικό παράδειγμα ενός προβλήματος βελτιστοποίησης χωρίς περιορισμούς, δίδεται με τον ακόλουθο τρόπο:

Βέλτιστη διευθέτηση μηχανών σε γραμμή παραγωγής

$$\begin{aligned} \max f(x_1, x_2) &= 21.5 + x_1 \sin(4\pi x_1) + x_2 \sin(20\pi x_2) \\ -3.0 &\leq x_1 \leq 12.1 \\ 4.1 &\leq x_2 \leq 5.8 \end{aligned}$$

Αναπαράσταση: Κατ' αρχάς, είναι αναγκαία η μετατροπή των μεταβλητών σε δυαδικές συμβολοσειρές. Το μέγεθος της συμβολοσειράς εξαρτάται από την απαιτούμενη ακρίβεια. Για παράδειγμα, το πεδίο ορισμού της μεταβλητής x_j είναι $[a_j, b_j]$ και απαιτεί ακρίβεια πέντε δεκαδικών ψηφίων. Η απαίτηση για ακρίβεια δείχνει το εύρος του πεδίου ορισμού που κάθε μεταβλητή θα πρέπει να καταλαμβάνει, τουλάχιστον σε $(b_j - a_j) \times 10$ μεγέθους του πεδίου ορισμού. Τα απαιτούμενα bits (συμβολίζεται με m_j) για μεταβλητές καθορίζονται ως εξής:

$$2^{m_j - 1} < a_j + \text{δεκαδικός(υπό-συμβολοσειρά)} \times \frac{b_j - a_j}{2^{m_j} - 1}$$

όπου η δεκαδική υπό-συμβολοσειρά αναπαριστά μία δεκαδική αξία μίας υπό-συμβολοσειράς j για τη μεταβλητή x_j .

Υποθέτουμε ότι η τιμή του συνόλου είναι ένα σύνολο πέντε θέσεων μετά την υποδιαστολή. Τα απαιτούμενα bits για τις μεταβλητές x_1 και x_2 υπολογίζονται όπως φαίνεται:

$$12.1 - (-3.0) \times 10,000 = 151,000$$

$$2^{17} < 151,000 \leq 2^{18}$$

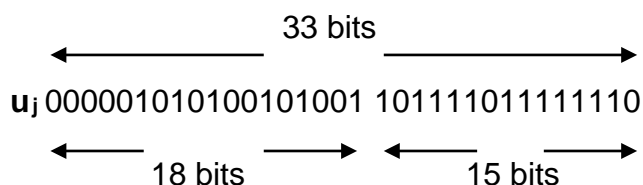
$$m_1 = 18$$

$$(5.8 - 4.1) \times 10,000 = 17,000$$

$$m_2 = 15$$

$$m = m_1 + m_2 = 18 + 15 = 33$$

Το συνολικό μήκος του χρωμοσώματος θα είναι 33 bits τα οποία αναπαρίστανται όπως φαίνεται:



Η αντίστοιχη αξία των μεταβλητών x_1 και x_2 δίνεται παρακάτω:

	Δυαδικός αριθμός	Δεκαδικός αριθμός
X ₁	000001010100101001	5417
X ₂	101111011111110	24318

$$x_1 = -3.0 + 5417x \frac{12.1 - (-3.0)}{2^{18} - 1} = -2.687969$$

$$x_2 = 4.1 + 24318x \frac{5.8 - 4.1}{2^{15} - 1} = 5.361653$$

Αρχικός πληθυσμός: Ο αρχικός πληθυσμός δημιουργείται τυχαία όπως φαίνεται παρακάτω:

u₁= [0000010101001010011011110111110]
 u₂= [001110101110011000000010101001000]
 u₃= [111000111000001000010101001000110]
 u₄= [100110110100101101000000010111001]
 u₅= [000010111101100010001110001101000]
 u₆= [111110101011011000000010110011001]
 u₇= [110100010011111000100110011101101]
 u₈= [001011010100001100010110011001100]
 u₉= [111110001011101100011101000111101]
 u₁₀= [111101001110101010000010101101010]

Οι αντίστοιχες δεκαδικές αξίες είναι:

u₁= [x₁,x₂]= [-2.687969, 5.361653]
 u₂= [x₁,x₂]= [0.474101, 4.170144]
 u₃= [x₁,x₂]= [10.419457, 4.661461]
 u₄= [x₁,x₂]= [6.159951, 4.109598]
 u₅= [x₁,x₂]= [-2.301286, 4.477282]
 u₆= [x₁,x₂]= [11.788084, 4.174346]
 u₇= [x₁,x₂]= [9.342067, 5.121702]
 u₈= [x₁,x₂]= [-0.330256, 4.694977]
 u₉= [x₁,x₂]= [11.671267, 4.873501]
 u₁₀= [x₁,x₂]= [11.446273, 4.171908]

Αξιολόγηση: Η διαδικασία για να αξιολογηθεί η καταλληλότητα κάθε χρωμοσώματος αποτελείται από τα ακόλουθα τρία βήματα:

1. Μετατροπή του γονότυπου του χρωμοσώματος στο φαινότυπο του. Αυτό σημαίνει τη μετατροπή της δυαδικής συμβολοσειράς σε σχετικές πραγματικές αξίες $x^k = (x_1^k, x_2^k), k = 1, 2, \dots, pop_size$.
2. Αξιολόγηση της αντικειμενικής συνάρτησης $f(x^k)$.
3. Μετατροπή της τιμής της αντικειμενικής συνάρτησης σε καταλληλότητα. Για τη μεγιστοποίηση του προβλήματος, η καταλληλότητα είναι απλά ίση με την αξιολόγηση της συνάρτησης:

$$eval(u_k) = f(x^k), k = 1, 2, \dots, pop_size.$$

Μία συνάρτηση αξιολόγησης παίζει το ρόλο του περιβάλλοντος και αποτιμά τα χρωμοσώματα με βάση την καταλληλότητα τους.

Η συνάρτηση καταλληλότητας για τα χρωμοσώματα του παραδείγματος είναι:

$$u_1 = f(-2.687969, 5.361653) = 19.805119$$

$$u_2 = f(0.474104, 4.170144) = 17.370896$$

$$u_3 = f(10.419457, 4.661461) = 9.590546$$

$$u_4 = f(6.159951, 4.109598) = 29.406122$$

$$u_5 = f(-2.301286, 4.477282) = 15.686091$$

$$u_6 = f(11.788084, 4.174346) = 11.900541$$

$$u_7 = f(9.342067, 5.121702) = 17.958717$$

$$u_8 = f(-0.330256, 4.694977) = 19.763190$$

$$u_9 = f(11.671267, 4.873501) = 26.401669$$

$$u_{10} = f(11.446273, 4.171908) = 10.252480$$

Είναι προφανές ότι το χρωμόσωμα u_4 είναι το πιο δυνατό και ότι το χρωμόσωμα u_3 είναι το πιο αδύνατο.

Επιλογή: Στις περισσότερες πρακτικές, μία ρουλέτα χρησιμοποιείται για τη διαδικασία επιλογής. Αυτή η μέθοδος ανήκει στην επιλογή με βάση την καταλληλότητα και μπορεί να επιλέξει ένα νέο πληθυσμό με βάση την κατανομή όσον αφορά την αξία καταλληλότητας. Η ρουλέτα κατασκευάζεται ως εξής:

1. Υπολογίζεται η αξία καταλληλότητας $eval(u_k) = f(x)$ για κάθε χρωμόσωμα u_k :

$$eval(u_k) = f(x), k= 1,2,\dots, pop_size$$

2. Υπολογίζεται η συνολική καταλληλότητα για τον πληθυσμό:

$$F = \sum_{k=1}^{pop_size} eval(u_k)$$

3. Υπολογίζεται η πιθανότητα επιλογής p_k για κάθε χρωμόσωμα u_k :

$$p_k = \frac{eval(u_k)}{F}, k= 1,2,\dots, pop_size$$

4. Υπολογίζεται η συνολική πιθανότητα q_k για κάθε χρωμόσωμα u_k :

$$q_k = \sum_{j=1}^k p_j, k= 1,2,\dots, pop_size$$

Η διαδικασία επιλογής ξεκινάει με το γύρισμα της μπίλιας στη ρουλέτα pop_size φορές. Κάθε φορά ένα μόνο χρωμόσωμα επιλέγεται για το νέο πληθυσμό με τον ακόλουθο τρόπο:

Διαδικασία: Επιλογή

Βήμα 1: Δημιουργία ενός τυχαίου αριθμού r με εύρος $[0,1]$.

Βήμα 2: Αν $r \leq q_1$ τότε επέλεξε το πρώτο χρωμόσωμα u_1 , αλλιώς επέλεξε το k -ιστό χρωμόσωμα $u_k (2 \leq k \leq pop_size)$ έτσι ώστε $q_{k-1} < r < q_k$.

Η συνολική καταλληλότητα F του πληθυσμού είναι:

$$F = \sum_{k=1}^{10} eval(u_k) = 178.135372$$

Η πιθανότητα επιλογής p_k για κάθε χρωμόσωμα u_k ($k=1,2,\dots,10$) είναι όπως φαίνεται παρακάτω:

$p_1 = 0.111180$
 $p_2 = 0.097515$
 $p_3 = 0.052839$
 $p_4 = 0.165077$
 $p_5 = 0.088057$
 $p_6 = 0.066806$
 $p_7 = 0.100815$
 $p_8 = 0.110945$
 $p_9 = 0.148211$
 $p_{10} = 0.057554$

Οι συνολικές πιθανότητες q_k για κάθε χρωμόσωμα u_k ($k=1,2,\dots,10$) είναι όπως φαίνεται παρακάτω:

$q_1 = 0.111180$
 $q_2 = 0.208695$
 $q_3 = 0.262534$
 $q_4 = 0.427611$
 $q_5 = 0.515668$
 $q_6 = 0.582475$
 $q_7 = 0.683290$
 $q_8 = 0.794234$
 $q_9 = 0.942446$
 $q_{10} = 1.000000$

Τώρα θα γυρίσει η ρουλέτα 10 φορές και κάθε φορά θα επιλέγεται ένα μόνο χρωμόσωμα για το νέο πληθυσμό. Έστω μία τυχαία σειρά δέκα αριθμών με εύρος $[0,1]$.

0.301431

0.322062

0.766503

0.881893

0.350871

0.583392

0.177618

0.343242

0.032685

0.197577

Ο πρώτος αριθμός $r_1 = 0.301431$ είναι μεγαλύτερος από το q_3 και μικρότερος από το q_4 , άρα το χρωμόσωμα u_4 θα επιλεγεί για το νέο πληθυσμό. Ο δεύτερος αριθμός $r_2 = 0.322062$ είναι μεγαλύτερος από το q_3 και μικρότερος από το q_4 , άρα το χρωμόσωμα u_4 θα επιλεγεί ξανά για το νέο πληθυσμό, κ.ο.κ. Τελικά, ο νέος πληθυσμός αποτελείται από τα εξής χρωμοσώματα:

$u'_1 = [10011011010010110100000010111001]$ (u_4)

$u'_2 = [10011011010010110100000010111001]$ (u_4)

$u'_3 = [001011010100001100010110011001100]$ (u_8)

$u'_4 = [111110001011101100011101000111101]$ (u_9)

$u'_5 = [10011011010010110100000010111001]$ (u_4)

$u'_6 = [110100010011111000100110011101101]$ (u_7)

$u'_7 = [001110101110011000000010101001000]$ (u_2)

$u'_8 = [10011011010010110100000010111001]$ (u_4)

$u'_9 = [0000010101001010011011110111110]$ (u_1)

$u'_{10} = [001110101110011000000010101001000]$ (u_2)

Διασταύρωση: Η διασταύρωση που χρησιμοποιείται εδώ είναι με τη μέθοδο του σημείου τομής. Σε αυτή τη μέθοδο ένα σημείο επιλέγεται τυχαία και

Βέλτιστη διευθέτηση μηχανών σε γραμμή παραγωγής

ανταλλάσσονται τα δύο μέρη των χρωμοσωμάτων από αριστερά και δεξιά για τη δημιουργία νέων απόγονων. Έστω δύο χρωμοσώματα και το τυχαίο σημείο τομής είναι το γονίδιο 17. Έχω:



$u_1 = [100110110100101101000000010111001]$

$u_2 = [001011010100001100010110011001100]$

Το αποτέλεσμα είναι δύο απόγονοι που έχουν το δεξιό μέρος του άλλου γονέα. Οι απόγονοι είναι:

$u'_1 = [10011011010010110010110011001100]$

$u'_2 = [0010110101000011001000000010111001]$

Η πιθανότητα για διασταύρωση είναι $p_c = 25$, άρα το 25% των χρωμοσωμάτων θα υποστούν διασταύρωση.

Η διασταύρωση γίνεται με τον ακόλουθο τρόπο:

Διαδικασία: Διασταύρωση

```
begin
  k ← 0;
  while (k ≤ 10) do
     $r_k$  ← random number from [0,1];
    if ( $r_k < 0.25$ ) then
      select  $u_k$  as one parent for crossover
    end
    k ← k + 1;
  end
end
```

Υποθέτουμε ότι η ακολουθία τυχαίων αριθμών είναι:

0.625721

0.266823

0.288644

0.295114

0.163274

0.567461

0.085940

0.392865

0.770714

0.548656

Αυτό σημαίνει ότι τα χρωμοσώματα u'_5 και u'_7 θα επιλεγούν για διασταύρωση. Δημιουργούμε ένα τυχαίο αριθμό pos με εύρος $[1,32]$ (γιατί το συνολικό μήκος του χρωμοσώματος είναι 33) ως σημείο τομής ή πιο απλά το σημείο διασταύρωσης. Υποθέτουμε ότι το σημείο τομής είναι το 1, σε αυτή την περίπτωση τα χρωμοσώματα κόβονται μετά το πρώτο bit και οι απόγονοι προκύπτουν από την ανταλλαγή των δεξιών μερών όπως φαίνεται παρακάτω:



$u_1 = [100110110100101101000000010111001]$

$u_2 = [001011010100001100010110011001100]$

Οι απόγονοι είναι:

$u'_1 = [101011010100001100010110011001100]$

$u'_2 = [000110110100101101000000010111001]$

Μετάλλαξη: Η μετάλλαξη αλλάζει ένα ή περισσότερα γονίδια με πιθανότητα ίση με τη πιθανότητα για μετάλλαξη. Υποθέτουμε ότι το 18^ο γονίδιο του χρωμοσώματος u_1 επιλέγεται για μετάλλαξη. Επειδή το γονίδιο έχει την τιμή 1 θα πάρει την τιμή 0. Έτσι το χρωμοσώμα μετά τη μετάλλαξη θα είναι:



$u_1 = [100110110100101101000000010111001]$

$$u'_1 = [10011011010010110000000010111001]$$

Η πιθανότητα για μετάλλαξη είναι $p_m=0.01$ οπότε περίπου το 1% του συνολικού πληθυσμού των bits θα υποστεί μετάλλαξη. Υπάρχουν $m \times pop_size = 33 \times 10 = 300$ bits σε όλο τον πληθυσμό, άρα αναμένονται 3,3 μεταλλάξεις. Δημιουργούμε μία ακολουθία τυχαίων αριθμών r_k ($k= 1, \dots, 330$) με εύρος $[0,1]$. Υποθέτουμε ότι τα ακόλουθα γονίδια θα υποστούν μετάλλαξη:

Θέση bit	Αριθμός χρωμοσώματος	Αριθμός bit	Τυχαίος αριθμός
105	4	6	0,009857
164	5	32	0,003113
199	7	1	0,000946
329	10	32	0,001282

Μετά τη μετάλλαξη ο τελικός πληθυσμός είναι ο εξής:

$$u'_1 = [10011011010010110100000010111001]$$

$$u'_2 = [10011011010010110100000010111001]$$

$$u'_3 = [001011010100001100010110011001100]$$

$$u'_4 = [111111001011101100011101000111101]$$

$$u'_5 = [101110101110011000000010101001010]$$

$$u'_6 = [110100010011111000100110011101101]$$

$$u'_7 = [10011011010010110100000010111001]$$

$$u'_8 = [10011011010010110100000010111001]$$

$$u'_9 = [00000101010010100110111101111110]$$

$$u'_{10} = [001110101110011000000010101001010]$$

Οι αντίστοιχες δεκαδικές τιμές των μεταβλητών $[x_1, x_2]$ και η καταλληλότητα τους είναι η ακόλουθη:

$$f(6.159951, 4.109598) = 29.406122$$

$$f(6.159951, 4.109598) = 29.406122$$

$$f(-0.330256, 4.694977) = 19.763190$$

$$f(11.907206, 4.873501) = 5.702781$$

$$f(8.024130, 4.170248) = 19.91025$$

$$f(9.342067, 5.121702) = 17.958717$$

$$f(6.159951, 4.109598) = 29.406122$$

$$f(6.159951, 4.109598) = 29.406122$$

$$f(-2.687969, 5.361653) = 19.805119$$

$$f(0.474101, 4.170248) = 17.370896$$

Με αυτό τον τρόπο ολοκληρώνεται μία επανάληψη του γενετικού αλγόριθμου. Το τεστ θα ολοκληρωθεί μετά από 1000 γενιές. Το καλύτερο χρωμόσωμα εμφανίστηκε στην 419^η γενιά και είναι το εξής:

$$u^* = (111110000000111000111101001010110)$$

$$\text{eval}(u^*) = f(11.631407, 5.724824) = 38.818208$$

$$x^*_1 = 11.631407$$

$$x^*_2 = 5.724824$$

$$f(x^*_1, x^*_2) = 38.818208$$

1.2.2 Πρόβλημα ταιριάσματος λέξεων.

Είναι το καλύτερο παράδειγμα για να γίνει κατανοητή η δύναμη των γενετικών αλγόριθμων. Το πρόβλημα ταιριάσματος λέξεων προσπαθεί να δημιουργήσει την έκφραση “to be or not to be” από μία τυχαία δημιουργούμενη λίστα γραμμάτων με τη χρήση του γενετικού αλγόριθμου. Υπάρχουν 26 πιθανά γράμματα (γίνεται χρήση του αγγλικού αλφάβητου) για κάθε μία από τις 13 θέσεις στη λίστα. Η πιθανότητα να δημιουργηθεί από την τυχαία επιλογή γραμμάτων η επιθυμητή έκφραση είναι $(1/26)^{13} = 4,03038 \times 10^{-19}$, δηλαδή περίπου δύο στο δισεκατομμύριο.

Χρησιμοποιείται μία λίστα ASCII ακέραιων για να κωδικοποιηθούν οι συμβολοσειρές των γραμμάτων. Τα γράμματα έχουν εύρος [97, 122] στο δεκαδικό σύστημα. Για παράδειγμα η έκφραση “tobeornottobe” μετατρέπεται στο ακόλουθο χρωμόσωμα που στο σύστημα ASCII θα είναι:

[116, 111, 98, 101, 111, 114, 110, 111, 116, 116, 111, 98, 101]

Δημιουργούμε ένα αρχικό πληθυσμό με 10 τυχαίες φράσεις όπως φαίνεται παρακάτω:

[114, 122, 102, 113, 100, 104, 117, 106, 97, 114, 100, 98, 101]
[110, 105, 101, 100, 119, 118, 121, 118, 106, 97, 104, 102, 106]
[115, 99, 121, 117, 101, 105, 115, 111, 115, 113, 118, 99, 98]
[102, 98, 102, 118, 114, 97, 109, 116, 101, 107, 117, 118, 115]
[107, 98, 117, 113, 114, 116, 106, 116, 106, 101, 110, 115, 98]
[102, 119, 121, 113, 121, 107, 107, 116, 122, 121, 111, 106, 104]
[116, 98, 120, 98, 108, 115, 111, 105, 122, 103, 103, 119, 109]
[101, 111, 111, 117, 114, 104, 100, 120, 98, 118, 116, 120, 97]
[100, 116, 114, 105, 117, 111, 115, 114, 103, 107, 109, 98, 103]
[106, 118, 112, 98, 103, 101, 109, 116, 112, 106, 97, 108, 113]

Αν μετατρέψουμε τον αρχικό πληθυσμό σε συμβολοσειρές θα είναι της μορφής:

rzfqdhujardbe
niedwvyvjahfj
scyueisosqncb
fbfvramtekuvs
kbuqrtjtjensb
fwyqykktzyojh
tbxblsoizggwm
dtriuosrgkmbg
jvpbgemtpjalq

Η αξιολόγηση υπολογίζεται με τον αριθμό των γραμμάτων που ταιριάζουν στη φράση που θέλουμε να δημιουργήσουμε. Για παράδειγμα, η καταλληλότητα της συμβολοσειράς rzfqdhujardbe είναι 2. Μόνο η μετάλλαξη χρησιμοποιείται, τα αποτελέσματα της οποίας επιφέρουν αλλαγή σε ένα συγκεκριμένο γράμμα με συγκεκριμένη πιθανότητα. Θα εκτελεστεί ο γενετικός αλγόριθμος 30 φορές για να παρατηρήσουμε τα αποτελέσματα. Τα καλύτερα κάθε γενιάς παρουσιάζονται στον πίνακα.

Μετά από μόλις 23 γενιές, ο αλγόριθμος κατασκεύασε την επιθυμητή φράση. Ο συνολικός αριθμός των χρωμοσωμάτων που εξετάστηκαν είναι 230.

Πίνακας 1.2 Οι καλύτερες συμβολοσειρές κάθε γενιάς.

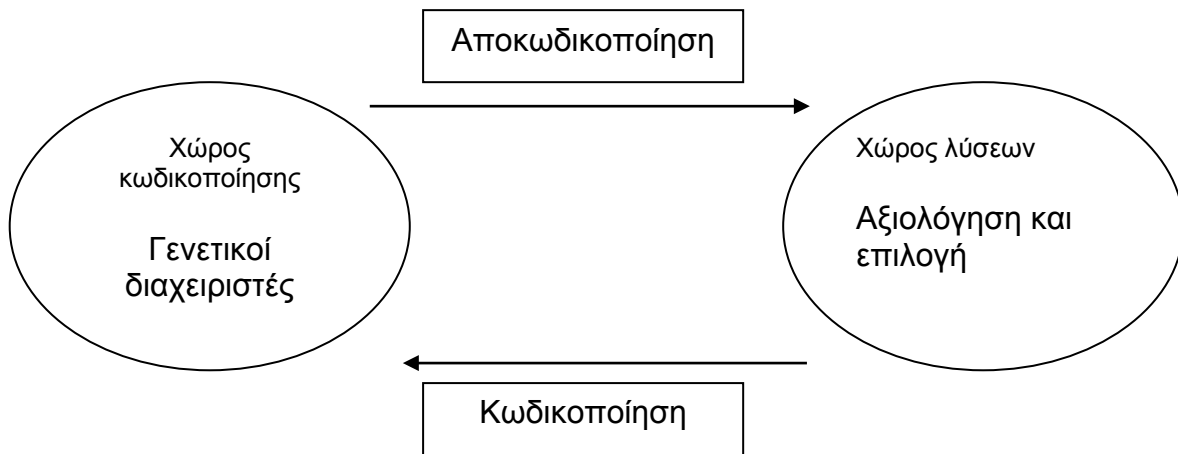
Γενιά	Συμβολοσειρά	Καταλληλότητα
1	rzfqdhujardbe	2
2	rzfqdhuoardbe	3
3	rzfqghuoatdbe	4
4	rzfqghuoztobe	5
5	rzfqghhottobe	6
6	rzfqohhottobe	7
7	rzfqohnttoobe	8
8	rzfqohnottobe	8
9	rzfqohnottobe	8
10	rzfqohnottobe	8
11	rzfqornottobe	9
12	rzfqornottobe	9
13	rzfqornottobe	9
14	rzfqornottobe	9
15	rzfqornottobe	9
16	rzbwornottobe	10
17	rzbwornottobe	10
18	rzbwornottobe	10
19	rzbwornottobe	10
20	robwornottobe	11
21	tobwornottobe	12
22	tobwornottobe	12
23	tobeornottobe	13
24	tobeornottobe	13
25	tobeornottobe	13
26	tobeornottobe	13
27	tobeornottobe	13
28	tobeornottobe	13
29	tobeornottobe	13
30	tobeornottobe	13

1.3 Πρόβλημα κωδικοποίησης.

Ο τρόπος που θα κωδικοποιηθεί μία λύση σε χρωμόσωμα είναι ένα θέμα κλειδί για τους γενετικούς αλγόριθμους. Μία προσέγγιση είναι η χρήση δυαδικών συμβολοσειρών. Για πολλές εφαρμογές των γενετικών αλγόριθμων, ειδικά για προβλήματα από τον τομέα της βιομηχανικής μηχανολογίας, οι απλοί γενετικοί αλγόριθμοι ήταν δύσκολοι στην απευθείας εφαρμογή τους επειδή οι δυαδικές συμβολοσειρές δεν είναι ένας φυσικός τρόπος κωδικοποίησης. Κατά τη διάρκεια των τελευταίων δέκα ετών πολλές τεχνικές κωδικοποίησης, χωρίς τη χρήση συμβολοσειρών, έχουν αναπτυχθεί για συγκεκριμένα προβλήματα. Για παράδειγμα, κωδικοποίηση με τη χρήση πραγματικών αριθμών για προβλήματα βελτιστοποίησης με περιορισμούς και ακέραια κωδικοποίηση για συνδυαστικά προβλήματα βελτιστοποίησης. Η επιλογή της κατάλληλης αναπαράστασης των υποψήφιων λύσεων του προβλήματος είναι η βάση για την εφαρμογή των γενετικών αλγόριθμων στην επίλυση των προβλημάτων του πραγματικού κόσμου, τα οποία έχουν ως προϋπόθεση όλα τα βήματα που είναι αναγκαία για την εφαρμογή των γενετικών αλγόριθμων. Σε κάθε περίπτωση εφαρμογής, είναι αναγκαία η διεξαγωγή ανάλυσης για την εξασφάλιση της κατάλληλης αναπαράστασης των λύσεων μαζί με γενετικούς διαχειριστές κατάλληλους για το συγκεκριμένο πρόβλημα.

Ένα από τα βασικά χαρακτηριστικά των γενετικών αλγόριθμων είναι ότι εργάζονται σε μη κωδικοποιημένο χώρο και χώρο λύσεων. Εναλλακτικά, οι γενετικοί διαχειριστές εργάζονται σε κωδικοποιημένο χώρο (χρωμοσώματα) με αξιολόγηση και επιλογή σε χώρο λύσεων όπως φαίνεται στην εικόνα 1.3.

Εικόνα 1.3 Χώρος κωδικοποίησης και χώρος λύσεων.

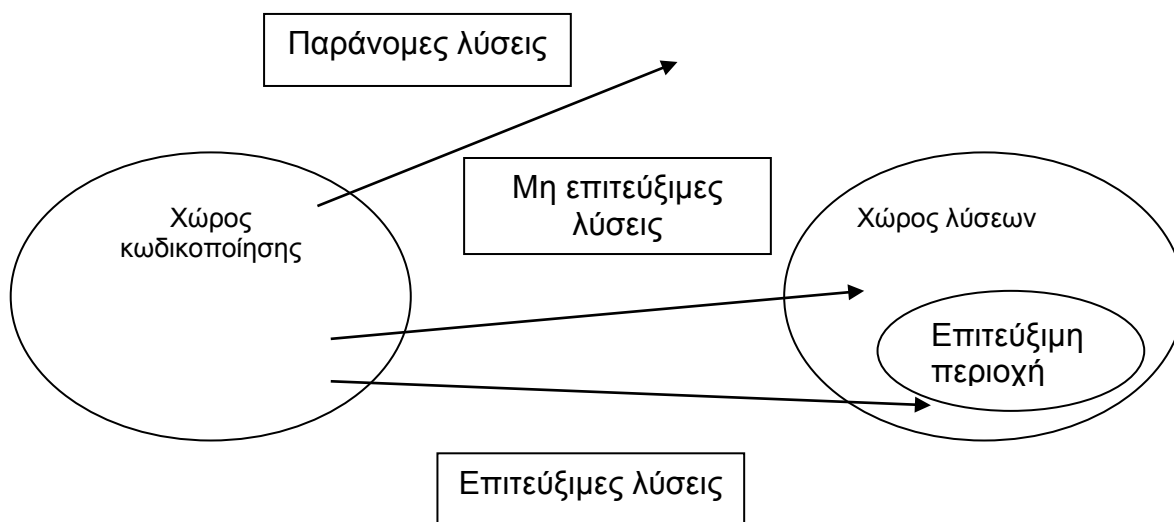


Η φυσική επιλογή είναι ο σύνδεσμος μεταξύ των χρωμοσωμάτων και της απόδοσης των αποκωδικοποιημένων λύσεων. Στην περίπτωση της κωδικοποίησης χωρίς τη χρήση συμβολοσειρών, τρία σημαντικά θέματα προκύπτουν όσον αφορά την κωδικοποίηση και την αποκωδικοποίηση μεταξύ χρωμοσωμάτων και λύσεων:

1. Η **επιτευξιμότητα** του χρωμοσώματος.
2. Η νομιμότητα του χρωμοσώματος.
3. Η μοναδικότητα της απεικόνισης.

Η **επιτευξιμότητα** αναφέρεται στο φαινόμενο μία αποκωδικοποιημένη λύση ενός χρωμοσώματος να είναι δυνατό να εφαρμοστεί στο συγκεκριμένο πρόβλημα. Η νομιμότητα αναφέρεται στο φαινόμενο αν ένα χρωμόσωμα αναπαριστά μία λύση στο συγκεκριμένο πρόβλημα όπως φαίνεται στην εικόνα 1.4.

Εικόνα 1.4 Επιτευξιμότητα και νομιμότητα.



Η μη επιτευξιμότητα ενός χρωμοσώματος προέρχεται από τη φύση των περιορισμών του προβλήματος βελτιστοποίησης. Όλες οι μέθοδοι, συμβατικές και γενετικών αλγόριθμων, πρέπει να περιλαμβάνουν κατά την επίλυση όλους τους περιορισμούς. Για πολλά προβλήματα βελτιστοποίησης, το πεδίο των επιτεύξιμων λύσεων μπορεί να αναπαρασταθεί σαν ένα σύστημα ισοτήτων και ανισοτήτων (γραμμικών και μη). Για τέτοιες περιπτώσεις, πολλές μέθοδοι έχουν προταθεί για την αντιμετώπιση των μη επιτεύξιμων χρωμοσωμάτων. Σε προβλήματα βελτιστοποίησης με περιορισμούς, το βέλτιστο συνήθως προκύπτει στο όριο μεταξύ επιτεύξιμου και μη. Η προσέγγιση «ποινής» αναγκάζει τη γενετική έρευνα να προσεγγίσει το βέλτιστο και από τις δύο περιοχές, των επιτεύξιμων αλλά και των μη.

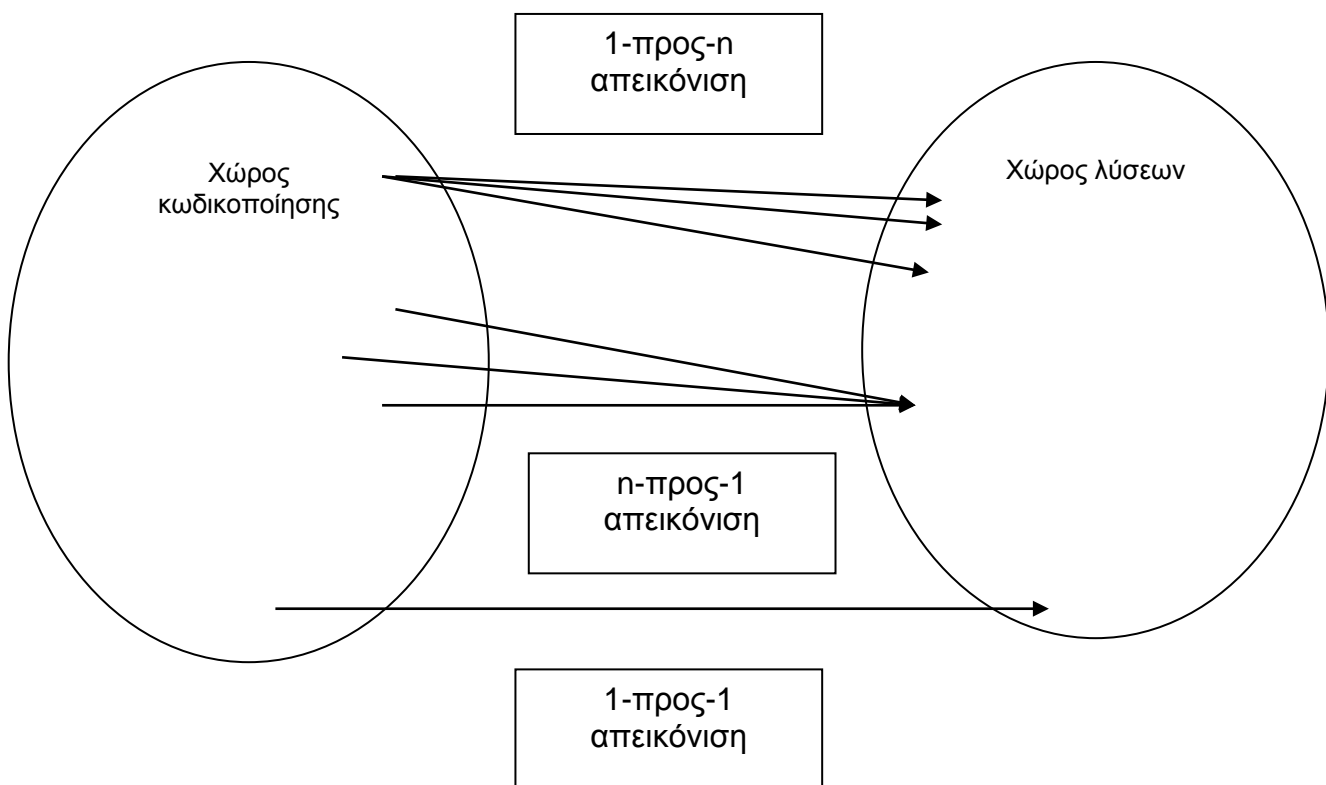
Η μη νομιμότητα ενός χρωμοσώματος προέρχεται από τη φύση της τεχνικής κωδικοποίησης. Για πολλά συνδυαστικά προβλήματα βελτιστοποίησης, χρησιμοποιείται κωδικοποίηση ανάλογα με το πρόβλημα και συνήθως αυτές οι τεχνικές αποφέρουν παράνομους (μη νόμιμους) απόγονους μέσω μίας απλής διασταύρωσης με το μέθοδο του σημείου τομής. Επειδή ένα μη νόμιμο χρωμόσωμα δεν μπορεί να αποκωδικοποιηθεί σε λύση, αυτό έχει σαν συνέπεια το συγκεκριμένο χρωμόσωμα να μην μπορεί να αξιολογηθεί. Συνήθως η προσέγγιση «ποινής» δεν είναι εφαρμόσιμη σε αυτού του τύπου προβλήματα. Τεχνικές επιδιόρθωσης συνήθως υιοθετούνται για να μετατρέψουν ένα μη

νόμιμο χρωμόσωμα σε νόμιμο. Ο γενετικός διαχειριστής PMX είναι μία τυπική μέθοδος διασταύρωσης με δύο σημεία τομής για συνδυασμό και αναπαράσταση ταυτόχρονα μαζί με μία μέθοδο επιδιόρθωσης για την επίλυση την μη νόμιμων. Έχει αποδειχθεί ότι για πολλά συνδυαστικά προβλήματα βελτιστοποίησης, είναι σχετικά απλό να επιδιορθωθούν τα μη επιτεύξιμα και τα μη νόμιμα χρωμοσώματα, οι στρατηγικές επιδιόρθωσης ξεπερνούν άλλες στρατηγικές όπως αυτή της απόρριψης (όποιο χρωμόσωμα δεν είναι κατάλληλο απλά απορρίπτεται).

Η απεικόνιση από το χρωμόσωμα στη λύση μπορεί να ανήκει σε μία από τις παρακάτω τρεις περιπτώσεις όπως φαίνεται και στην εικόνα 1.5:

1. 1 προς 1 απεικόνιση.
2. n προς 1 απεικόνιση.
3. 1 προς n απεικόνιση.

Εικόνα 1.5 Η απεικόνιση από το χρωμόσωμα στη λύση.



Η απεικόνιση 1-προς-1 είναι η καλύτερη μεταξύ των τριών περιπτώσεων και η απεικόνιση 1-προς-η είναι η πιο ανεπιθύμητη. Πρέπει να εξεταστούν τρία προβλήματα προσεκτικά όταν σχεδιάζουμε μία νέα μη δυαδική συμβολοσειρά κωδικοποίησης για να φτιάξουμε ένα σωστό γενετικό αλγόριθμο.

1.4 Επιλογή.

Η κύρια αρχή των γενετικών αλγόριθμων και η δαρβίνεια φυσική επιλογή. Η επιλογή παρέχει την κινητήρια δύναμη σε ένα γενετικό αλγόριθμο, και η πίεση για επιλογή είναι καθοριστικής σημασίας. Στη μία άκρη, η έρευνα θα τερματιστεί μόνιμα, ενώ άλλες ακραίες διεργασίες θα είναι πιο αργές από ότι είναι απαραίτητο. Τυπικά, αργή διαδικασία επιλογής είναι ενδεδειγμένη στην αρχή της έρευνας του γενετικού αλγόριθμου ώστε να γίνει μεγάλου εύρους διερεύνηση του χώρου έρευνας, ενώ η γρήγορη διαδικασία επιλογής προτείνεται στο τέλος ώστε να γίνει εκμετάλλευση των πιο ελπιδοφόρων περιοχών των χώρου έρευνας. Η επιλογή κατευθύνει την έρευνα του γενετικού αλγόριθμου προς μία ελπιδοφόρα περιοχή του χώρου έρευνας. Κατά τη διάρκεια περασμένων ετών, πολλές μέθοδοι επιλογής έχουν προταθεί, εξεταστεί και συγκριθεί.

Υπάρχουν τρία κύρια ζητήματα που περιλαμβάνονται στη φάση της επιλογής:

1. Ο χώρος δειγματοληψίας.
2. Ο μηχανισμός δειγματοληψίας.
3. Η πιθανότητα επιλογής.

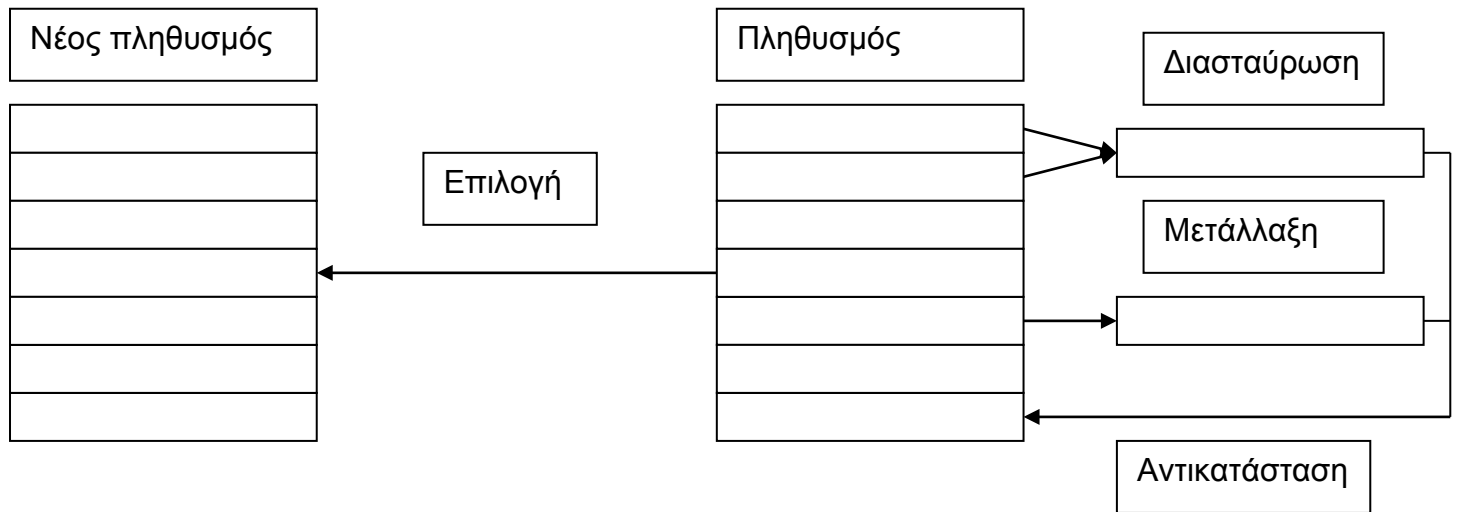
1.4.1 Ο χώρος δειγματοληψίας.

Η διαδικασία επιλογής μπορεί να δημιουργήσει ένα νέο πληθυσμό για τη νέα γενιά βασισμένο είτε σε όλους τους γονείς και τους απόγονους είτε σε μέρος αυτών. Αυτό οδηγεί στο πρόβλημα του χώρου δειγματοληψίας. Ο χώρος των δειγμάτων χαρακτηρίζεται από δύο παράγοντες: το μέγεθος και τα συστατικά (γονείς ή απόγονοι). Έστω pop_size συμβολίζει το μέγεθος του πληθυσμού και off_size να συμβολίζει το μέγεθος των απόγονων που παράγονται σε κάθε

γενιά. Ο κανονικός χώρος δειγματοληψίας έχει το μέγεθος του pop_size και περιέχει όλους τους απόγονους και μέρος των γονέων. Ο διευρυμένος χώρος δειγματοληψίας έχει μέγεθος pop_size + off_size και περιέχει όλους τους γονείς και όλους τους απόγονους.

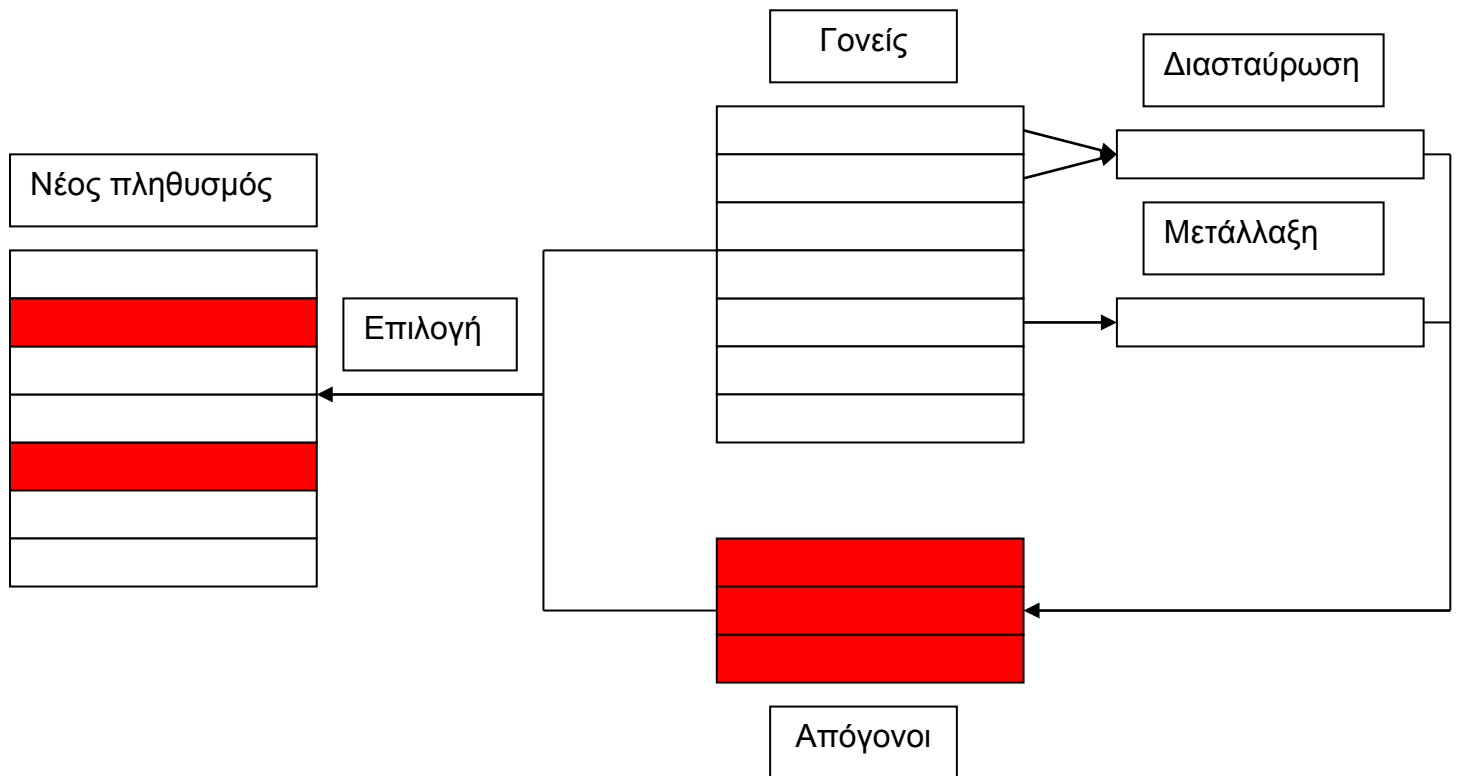
Κανονικός χώρος δειγματοληψίας: Στους πρώτους γενετικούς αλγόριθμους, οι γονείς αντικαθίστανται από τους απόγονους τους αμέσως μετά την δημιουργία τους. Αυτό καλείται αντικατάσταση γενιάς. Επειδή οι γενετικοί διαχειριστές είναι τυφλοί από η φύση τους, οι απόγονοι μπορεί να είναι χειρότεροι από τους γονείς. Με τη στρατηγική της αντικατάστασης κάθε γονέα με τον απόγονο του αμέσως, μερικά χρωμοσώματα με μεγαλύτερη καταλληλότητα χάνονταν από τη διαδικασία εξέλιξης. Για να ξεπεραστεί αυτό το πρόβλημα, πολλές στρατηγικές αντικατάστασης εξετάστηκαν. Μία που προτάθηκε ήταν όταν ένας απόγονος δημιουργείται, να αντικαθιστά ένα τυχαία επιλεγμένο χρωμόσωμα του τρέχοντος πληθυσμού. Μία άλλη πρόταση ήταν η στρατηγική, όπου όταν ένας απόγονος δημιουργούταν, ένας από τους γονείς επιλεγόταν να χαθεί. Αυτός που χανόταν επιλεγόταν με βάση την ομοιότητα του με τον απόγονο, ο οποίος έμοιαζε περισσότερο στον απόγονο χανόταν. Ο τρόπος για να ελεγχθεί η ομοιότητα ήταν ο έλεγχος bit προς bit. Η εικόνα 1.6 δείχνει την επιλογή με βάση τον κανονικό χώρο δειγματοληψίας.

Εικόνα 1.6 Επιλογή με βάση τον κανονικό χώρο δειγματοληψίας.



Διευρυμένος χώρος δειγματοληψίας: Όταν η επιλογή γίνεται σε διευρυμένο χώρο δειγματοληψίας, και οι γονείς και οι απόγονοι έχουν την ίδια πιθανότητα επιβίωσης. Μία τυπική περίπτωση είναι η επιλογή $(\mu + \lambda)$. Αυτή η στρατηγική αρχικά χρησιμοποιήθηκε στις εξελικτικές τεχνικές. Με αυτή τη στρατηγική, μ γονείς και λ απόγονοι συναγωνίζονται για επιβίωση και οι μ καλύτεροι από γονείς και απόγονους θα επιλεχθούν για την επόμενη γενιά. Μία άλλη περίπτωση από τις εξελικτικές τεχνικές είναι η (μ, λ) επιλογή, που επιλέγει τους μ καλύτερους γονείς και απόγονους για την επόμενη γενιά αλλά $\mu < \lambda$. Και οι δύο μέθοδοι είναι απόλυτα ντετερμινιστικές και μπορούν να μεταφερθούν σε μία προπαμπιλιστική μέθοδο. Αν και οι περισσότερες μέθοδοι επιλογής βασίζονται στον κανονικό χώρο δειγματοληψίας, είναι εύκολη η εφαρμογή τους και στον διευρυμένο χώρο δειγματοληψίας. Η εικόνα 1.7 παρουσιάζει την επιλογή με βάση τον διευρυμένο χώρο δειγματοληψίας.

Εικόνα 1.7 Επιλογή με βάση τον διευρυμένο χώρο δειγματοληψίας



Ένα πλεονέκτημα αυτής της προσέγγισης είναι ότι μπορούμε να βελτιώσουμε την απόδοση του γενετικού αλγόριθμου με την αύξηση των βαθμών διασταύρωσης και μετάλλαξης. Δεν υπάρχει λόγος ανησυχίας ότι οι μεγάλοι βαθμοί θα επιτρέψουν πολύ μεγάλη διατάραξη αν η επιλογή εκτελείται σε διευρυμένο χώρο δειγματοληψίας.

1.4.2 Ο μηχανισμός δειγματοληψίας.

Ο μηχανισμός δειγματοληψίας αφορά το πρόβλημα του τρόπου επιλογής των χρωμοσωμάτων από το χώρο δειγματοληψίας. Υπάρχουν τρεις βασικές μέθοδοι προσέγγισης που χρησιμοποιούνται:

1. Στοχαστική δειγματοληψία.
2. Ντετερμινιστική δειγματοληψία.
3. Μικτή δειγματοληψία.

Στοχαστική δειγματοληψία: Σε αυτό τον τύπο, η φάση της επιλογής καθορίζει τον πραγματικό αριθμό των αντιγράφων που κάθε χρωμόσωμα θα λάβει με βάση την πιθανότητα επιβίωσης του. Γι αυτό η φάση επιλογής είναι χωρισμένη σε δύο κομμάτια:

1. Καθορισμός της αναμενόμενης τιμής του χρωμοσώματος.
2. Μετατροπή της αναμενόμενης τιμής σε αριθμό απόγονων.

Η αναμενόμενη τιμή ενός χρωμοσώματος είναι ένα πραγματικός αριθμός που δείχνει το μέσο όρο του αριθμού των απόγονων που το συγκεκριμένο χρωμόσωμα θα έχει. Η διαδικασία δειγματοληψίας χρησιμοποιείται για να μετατρέψει την πραγματική αναμενόμενη τιμή σε αριθμό απογόνων.

Η αναλογική μέθοδος επιλογής ή επιλογή με τη ρουλέτα είναι πλέον γνωστή μέθοδος. Η βασική ιδέα είναι να καθοριστεί η πιθανότητα επιλογής (ή και πιθανότητα επιβίωσης) για κάθε χρωμόσωμα αναλογικά με την τιμή καταλληλότητας του. Για χρωμόσωμα k με καταλληλότητα f_k , η πιθανότητα επιλογής του p_k υπολογίζεται όπως φαίνεται:

$$p_k = \frac{f_k}{\sum_{j=1}^{pop_size} f_j}$$

Κατόπιν μπορεί να κατασκευαστεί μία ρουλέτα με βάση αυτές τις πιθανότητες. Η διαδικασία επιλογής βασίζεται στο γύρισμα της ρουλέτας pop_size φορές. Κάθε φορά επιλέγεται ένα μόνο χρωμόσωμα για το νέο πληθυσμό.

Υπάρχει και η παγκόσμια στοχαστική δειγματοληψία η οποία χρησιμοποιεί μόνο μία ρουλέτα. Η ρουλέτα φτιάχνεται και έχει ίσα διαστήματα με το μέγεθος του πληθυσμού. Η αναμενόμενη τιμή e_k για το k χρωμόσωμα υπολογίζεται ως $e_k = pop_size \times p_c$. Η διαδικασία που ακολουθείται στην παγκόσμια στοχαστική δειγματοληψία περιγράφεται ως εξής:

Διαδικασία: Παγκόσμια στοχαστική δειγματοληψία

```
begin
  sum ← 0;
  ptr ← rand();
  for k ← 1 to pop_size do
    sum ← sum + ek;
    while (sum > prt) do
      select chromosome k;
      ptr ← ptr + 1'
    end
  end
end
```

όπου `rand()` δίνει ένα τυχαίο πραγματικό αριθμό από κανονική κατανομή με εύρος $[0, 1]$.

Η βασική θεώρηση αυτής της μεθόδου είναι να διατηρεί τον αναμενόμενο αριθμό αντιγράφων για κάθε χρωμόσωμα στην επόμενη γενιά. Μία ενδιαφέρουσα άποψη είναι ο αποκλεισμός ενός διπλότυπου ενός χρωμοσώματος. Υπάρχουν δύο λόγοι που χρησιμοποιείται αυτή η στρατηγική:

1. Για την αποφυγή υπέρ-χρωμοσωμάτων που θα κυριαρχήσουν στον πληθυσμό με την διατήρηση πολλών αντιγράφων στην πληθυσμό. Αυτό οδηγεί σε ταχεία σύγκλιση σε τοπικό βέλτιστο (πρόωρο).
2. Διατηρείται η ποικιλία στον πληθυσμό ώστε να διατηρούνται όσο το δυνατό περισσότερες γενετικές πληροφορίες.

Ένα σχετικό πρόβλημα είναι ότι όταν τα διπλά χρωμοσώματα απορρίπτονται από τον πληθυσμό τότε ο πληθυσμός σχηματίζεται από τα εναπομείναντα χρωμοσώματα τα οποία όμως μπορεί να είναι λιγότερα από το προκαθορισμένο μέγεθος του πληθυσμού `pop_size`. Σε αυτή την περίπτωση η αρχική διαδικασία χρησιμοποιείται για να γεμίσουν οι κενές θέσεις στον πληθυσμό.

Ντετερμινιστική δειγματοληψία: Αυτή η προσέγγιση συνήθως επιλέγει τα καλύτερα χρωμοσώματα από τον πληθυσμό χρωμοσωμάτων του χώρου δειγματοληψίας. Και οι δύο (μ + λ) επιλογή και (μ, λ) επιλογή ανήκουν σε αυτή τη μέθοδο. Και οι δύο προσεγγίσεις απαγορεύουν στα διπλά χρωμοσώματα να ενταχθούν στον πληθυσμό κατά την επιλογή. Γι αυτό το λόγο είναι περισσότερο επιθυμητή από τους ερευνητές για συνδυαστικά προβλήματα βελτιστοποίησης.

Η επιλογή «**κουτσούρεμα**» και επιλογή μπλοκαρίσματος επίσης ανήκουν σε αυτή τη μέθοδο, η οποία κατατάσσει όλα τα χρωμοσώματα με βάση την καταλληλότητα τους και επιλέγει τα καλύτερα για γονείς. Στην επιλογή «**κουτσούρεμα**», καθορίζεται ένα όριο T έτσι ώστε τα T% χρωμοσώματα να επιλεγθούν και καθένα θα λάβει περίπου T/100 αντίγραφα. Η επιλογή μπλοκαρίσματος είναι αντίστοιχη αφού για ένα συγκεκριμένο πληθυσμό μεγέθους pop_size, δίνει s αντίγραφα στα pop_size/s καλύτερα χρωμοσώματα.

Και οι δύο κατά την υλοποίησή τους είναι ίδιες όταν $s = \frac{pop_size}{T}$.

Η επιλογή της ελίτ εξασφαλίζει ότι αν κάποια καλά χρωμοσώματα δεν περάσουν μέσω των άλλων μεθόδων στην επόμενη γενιά, θα περάσουν με αυτή.

Η ντετερμινιστική δειγματοληψία βασίζεται στην ιδέα του αναμενόμενου αριθμού. Η πιθανότητα επιλογής για κάθε χρωμόσωμα υπολογίζεται ως:

$$p_k = \frac{fk}{\sum fj} . \text{ Η αναμενόμενη τιμή για κάθε χρωμόσωμα υπολογίζεται ως } e_k = p_k$$

x pop_size. Κάθε χρωμόσωμα είναι προσδιορισμένο για δειγματοληψία με βάση το ακέραιο μέρος της αναμενόμενης τιμής του και κατόπιν ο πληθυσμός ταξινομείται με βάση τα τμήματικά μέρη της αναμενόμενης τιμής. Τα εναπομείναντα χρωμοσώματα που είναι αναγκαία επιλέγονται από το πάνω μέρος της ταξινομημένης λίστας.

Η γενική αντικατάσταση (η αντικατάσταση όλων των γονέων από τους απόγονους τους) μπορεί να θεωρηθεί σαν μία άλλη άποψη της ντετερμινιστικής θεωρίας. Μία παραλλαγή της μεθόδου είναι η αντικατάσταση των n χειρότερων χρωμοσωμάτων με απόγονους. Τα χρωμοσώματα που θα αντικατασταθούν από απόγονους επιλέγονται με βάση την πιθανότητα επιβίωσης τους. Χρωμοσώματα που η απόδοση τους είναι χειρότερη από το μέσο όρο έχουν περισσότερες πιθανότητες να επιλεγούν για αντικατάσταση.

Μικτή δειγματοληψία: Αυτή η προσέγγιση περιέχει τόσο χαρακτηριστικά ντετερμινιστικά όσο και τυχαιότητας. Ένα τυπικό παράδειγμα είναι η επιλογή τουρνουά στην οποία τυχαιά επιλέγονται ένα σύνολο χρωμοσωμάτων και από αυτό το σύνολο επιλέγονται τα καλύτερα για αναπαραγωγή. Ο αριθμός των χρωμοσωμάτων που αποτελεί το τυχαιό σύνολο ονομάζεται tournament size και συνήθως είναι 2. Σε αυτή την περίπτωση ονομάζεται δυαδικό τουρνουά.

Η στοχαστική επιλογή τουρνουά είναι η προσέγγιση που οι πιθανότητες επιλογής υπολογίζονται κανονικά και τα επιτυχόντα ζεύγη χρωμοσωμάτων επιλέγονται τυχαιά με τη μέθοδο της ρουλέτας. Μετά την επιλογή ενός ζεύγους, το χρωμόσωμα με τη μεγαλύτερη καταλληλότητα εισάγεται στο νέο πληθυσμό. Αυτή η διαδικασία συνεχίζεται μέχρι να δημιουργηθεί ολόκληρος ο πληθυσμός.

Η στοχαστική δειγματοληψία υπολοίπου είναι μία τροποποιημένη εκδοχή της ντετερμινιστικής δειγματοληψίας. Σε αυτή την προσέγγιση κάθε χρωμόσωμα προσδιορίζεται ανάλογα με το ακέραιο μέρος της αναμενόμενης τιμής και κατόπιν τα χρωμοσώματα διαγωνίζονται ανάλογα με το κλασματικό τμήμα της αναμενόμενης τιμής για τις εναπομείναντες θέσεις στον πληθυσμό.

1.4.3 Πιθανότητα επιλογής.

Αυτό το θέμα αφορά στον προσδιορισμό της πιθανότητας επιλογής για κάθε χρωμόσωμα. Στην αναλογική διαδικασία επιλογής, η πιθανότητα επιλογής ενός χρωμοσώματος είναι ανάλογη με την καταλληλότητα του. Αυτό όμως έχει σαν συνέπεια κάποιες ανεπιθύμητες ιδιότητες. Για παράδειγμα, στις πρώτες γενιές, υπάρχει η τάση ορισμένων υπέρ-χρωμοσωμάτων να κυριαρχήσουν εις βάρος του υπόλοιπου πληθυσμού κατά τη διαδικασία επιλογής. Σε επόμενες γενιές, όταν ο πληθυσμός έχει συγκληθεί αρκετά, ο ανταγωνισμός ανάμεσα στο χρωμοσώματα είναι λιγότερο ισχυρός και προκύπτει συμπεριφορά τυχαιάς έρευνας.

Οι μηχανισμοί κατάταξης και κλιμάκωσης προτείνονται για να μετριαστούν αυτά τα προβλήματα. Η μέθοδος κλιμάκωσης απεικονίζει ακατέργαστες αντικειμενικές συναρτήσεις τιμών για ορισμένες θετικές πραγματικές τιμές και η πιθανότητα επιβίωσης για κάθε χρωμόσωμα καθορίζεται από αυτές τις τιμές. Η μέθοδος κατάταξης αγνοεί τις πραγματικές αντικειμενικές συναρτήσεις τιμών και

χρησιμοποιεί κατάταξη των χρωμοσωμάτων αντί να καθορίζει την πιθανότητα επιβίωσης τους. Η κλιμάκωση της καταλληλότητας έχει διπλό στόχο:

1. Να διατηρήσει μία λογική διαφοροποίηση μεταξύ των σχετικών εκτιμήσεων καταλληλότητας των χρωμοσωμάτων.
2. Να αποτρέψει την γρήγορη ανάληψη από ορισμένα υπέρ- χρωμοσώματα με σκοπό να ικανοποιήσουν τις απαιτήσεις για ένα οριακό ανταγωνισμό πολύ νωρίς, αλλά να την ενεργοποιήσει αργότερα.

Για τις περισσότερες μεθόδους κλιμάκωσης, οι παράμετροι κλιμάκωσης εξαρτώνται από τη φύση του προβλήματος. Η κατάταξη με βάση την καταλληλότητα έχει παρόμοια αποτελέσματα αλλά δεν απαιτεί επιπλέον παραμέτρους κλιμάκωσης.

Η κλιμάκωση των τιμών των αντικειμενικών συναρτήσεων έχει γίνει γενικά αποδεκτή πρακτική και πολλοί μηχανισμοί κλιμάκωσης έχουν προταθεί. Γενικά, η κλιμακωτή καταλληλότητα f^k από την ακατέργαστη καταλληλότητα (π.χ. τιμή αντικειμενικής συνάρτησης) f_k για το χρωμόσωμα k μπορεί να εκφραστεί ως εξής:

$$f^k = g(f_k)$$

όπου η συνάρτηση $g(\cdot)$ μετατρέπει την ακατέργαστη καταλληλότητα σε κλιμακωτή καταλληλότητα. Η συνάρτηση $g(\cdot)$ μπορεί να πάρει διάφορες μορφές και να καταλήγει σε διαφορετική κλιμακωτή μέθοδο, όπως είναι η γραμμική κλιμάκωση, η σίγμα «**κουτσουρέματος**», η δυναμική αργή κλιμάκωση, η λογαριθμική κλιμάκωση, κ.ο.κ.

Αυτές οι μέθοδοι μπορούν πρόχειρα να ταξινομηθούν σε δύο κατηγορίες:

1. Στατική κλιμάκωση
2. Δυναμική κλιμάκωση.

Η σχέση των απεικονίσεων μεταξύ της κλιμακωτής καταλληλότητας και της ακατέργαστης καταλληλότητας είναι διαρκής και μπορεί να αποφέρει στατιστικές κλιμακωτές μεθόδους ή μπορεί να διαφέρει ανάλογα με ορισμένους

παράγοντες ώστε να αποφέρει μεθόδους δυναμικής κλιμάκωσης. Οι μέθοδοι δυναμικής κλιμάκωσης χωρίζονται σε δύο υπό-περιπτώσεις:

1. Παράμετροι κλιμάκωσης που προσαρμόζονται ανάλογα με την διαχωριστική μέθοδο ή την τιμή καταλληλότητας για κάθε γενιά με σκοπό τη διαρκή διατήρηση της πίεσης για την επιλογή.
2. Παραμέτρους κλιμάκωσης που αλλάζουν δυναμικά μαζί με την αύξηση του αριθμού των γενεών με σκοπό την ανάλογη αύξηση της πίεσης για την επιλογή.

Γραμμική κλιμάκωση: Η γραμμική κλιμάκωση προσαρμόζει την τιμή καταλληλότητας για όλα τα χρωμοσώματα έτσι ώστε τα καλύτερα χρωμοσώματα να παίρνουν ένα συγκεκριμένο αριθμό αναμενόμενων απόγονων και έτσι τα αποτρέπει από την υπέρμετρη αναπαραγωγή.

Όταν η συνάρτηση $g(\cdot)$ παίρνει τη μορφή του γραμμικού μετασχηματισμού έχουμε την ακόλουθη μέθοδο γραμμικής κλιμάκωσης:

$$f^k = axfk + b$$

Οι παράμετροι a και b είναι με τέτοιο τρόπο καθορισμένοι ώστε ο μέσος όρος των χρωμοσωμάτων να λάβει κατά μέσο όρο ένα αντίγραφο και τα χρωμοσώματα άνω του μέσου όρου να λάβουν ένα καθορισμένο αριθμό αντιγράφων (συνήθως 2). Αυτή η μέθοδος έχει τη μειονέκτημα ότι μπορεί να δώσει αρνητικές τιμές καταλληλότητας.

Δυναμική γραμμική κλιμάκωση: Όταν η παράμετρος b διαφέρει ανάλογα με τη γενιά, τότε έχουμε την ακόλουθη μέθοδο δυναμικής γραμμικής κλιμάκωσης:

$$f^k = axfk + b_t$$

Ένας πιθανός προσδιορισμός για το b_t είναι να παίρνει την τιμή της ελάχιστης τιμής ακατέργαστης καταλληλότητας για τον τρέχοντα πληθυσμό, δηλαδή $b_t = -f_{\min}$.

Σίγμα «κουτσούρεμα»: Αυτή η μέθοδος προτάθηκε και για να βελτιώσει τη γραμμική κλιμάκωση αλλά και για να αντιμετωπιστούν οι αρνητικές τιμές και να ενσωματωθούν οι πληροφορίες που είναι σχετικές με το πρόβλημα στην απεικόνιση. Η μορφή είναι:

$$f_k = \bar{f}_k - (f - c\sigma)$$

όπου c είναι ένας μικρός ακέραιος, σ είναι η σταθερή απόκλιση του πληθυσμού και \bar{f} είναι ο μέσος όρος της ακατέργαστης καταλληλότητας. Αν η συνάρτηση δώσει αρνητική τιμή τότε θα ισούται με το μηδέν.

Η πίεση για επιλογή είναι σχετική με το διαχωρισμό της τιμής της καταλληλότητας στον πληθυσμό. Αυτή η μέθοδος εκμεταλλεύεται την παρατηρητικότητα και θέτει τους παράγοντες κλιμάκωσης σαν διαφορετικότητα μεταξύ της μέσης και της σταθερής κατανομής. Τα χρωμοσώματα κάτω από το όριο παίρνουν την τιμή καταλληλότητας μηδέν. Αυτή η μέθοδος συμβάλει στην υπερπήδηση ενός πιθανού προβλήματος όπου τα ιδιαίτερα αδύναμα χρωμοσώματα, τα οποία θα μπορούσαν να κάνουν το εύρος της κατανομής πολύ μεγάλο, θα μειώσουν την πίεση για επιλογή.

Δυναμική law κλιμάκωση: Σε αυτή τη μέθοδο η συνάρτηση $g(\cdot)$ ανυψώνεται σε δύναμη και έχει τη μορφή:

$$f_k = f_k^a$$

Γενικά η μεταβλητή a εξαρτάται από το πρόβλημα. Μία προτεινόμενη τιμή για το a είναι 1.005.

Το κενό μεταξύ της κλιμάκωσης των καλύτερων και των χειρότερων χρωμοσωμάτων αυξάνεται με την τιμή του a . Όταν το a τείνει στο μηδέν τότε το κενό προσεγγίζει το μηδέν και το δείγμα γίνεται τυχαίας έρευνας. Όσο το $a > 0$, το κενό μεγαλώνει και το δείγμα προσδιορίζεται προς τα καταλληλότερα χρωμοσώματα. Σε μία σειρά, η τιμή του a μπορεί να απαιτεί δυναμική προσαρμογή ώστε να διογκωθεί ή να συρρικνωθεί το εύρος όπως είναι αναγκαίο.

Μία άλλη εκδοχή της μεθόδου είναι:

$$f^k = (axfk + b)^a$$

Λογαριθμική κλιμάκωση: Αυτή η μέθοδος εξετάστηκε για την απεικόνιση των αντικειμενικών συναρτήσεων των προβλημάτων ελαχιστοποίησης, όπου η συνάρτηση $g(\cdot)$ παίρνει την ακόλουθη λογαριθμική μορφή:

$$f^k = b - \log(fk)$$

όπου το b επιλέγεται να είναι μεγαλύτερο από κάθε τιμή του λογάριθμου.

Μέθοδος παραθύρου: Έστω η ακόλουθη κατάσταση. Δύο δεδομένα χρωμοσώματα έχουν καταλληλότητα 2 και 1 αντίστοιχα, το πρώτο θα έχει τους διπλούς απογόνους από το δεύτερο. Αν η θεμελιώδης συνάρτηση αλλάξει με την πρόσθεση της μονάδας με όλες τις παραμέτρους της, τότε τα δύο χρωμοσώματα θα αλλάξουν σε 3 και 2, μία αναλογία μόλις 1,5 αντί για 2! Αυτό δείχνει ότι μία απλή τροποποίηση του κατώτατου ορίου της συνάρτησης καταλληλότητας θα έχει συνέπειες στη διαδικασία αποτίμησης.

Η μέθοδος **παραθύρου** εισάγει μία τεχνική κινουμένου κατώτατου ορίου στην αναλογική επιλογή καταλληλότητας για τη διατήρηση περισσότερης πίεσης επιλογής. Αυτή η μέθοδος μπορεί να αντιμετωπιστεί σαν τη μέθοδο της δυναμικής γραμμικής κλιμάκωσης όπως φαίνεται:

$$f^k = fk - fw$$

όπου w είναι το μέγεθος του παραθύρου και τυπικά έχει εύρος $[2,10]$, και fw είναι η χειρότερη τιμή που εμφανίστηκε στις w πιο πρόσφατες γενιές.

Κανονικοποίηση: Η κανονικοποίηση είναι επίσης ένας τύπος της δυναμικής γραμμικής κλιμάκωσης. Για τη μεγιστοποίηση του προβλήματος παίρνει την ακόλουθη μορφή:

$$f^k = \frac{fk - f_{\min} + \gamma}{f_{\max} - f_{\min} - \gamma}$$

όπου f_{\max} και f_{\min} είναι η καλύτερη και η χειρότερη ακατέργαστη καταλληλότητα στον τρέχοντα πληθυσμό αντίστοιχα. Μπορεί ακόμη να εξεταστεί σαν μία κανονικοποιημένη ειδική μέθοδος παραθύρου όπου το μέγεθος w ισούται με 1. γ είναι ένας μικρός θετικός αριθμός που συνήθως έχει εύρος $[0, 1]$. Ο λόγος που χρησιμοποιείται μία τέτοια τροποποίηση είναι διπλός:

1. Για να αποφευχθεί η εξίσωση με την μηδενική διαίρεση.
2. Για να γίνει εφικτό να προσαρμοστεί η συμπεριφορά της επιλογής από αναλογική ακατέργαστη κλιμάκωση σε καθαρά τυχαία επιλογή.

Για την ελαχιστοποίηση του προβλήματος έχουμε:

$$f_k = \frac{f_{\max} - f_k + \gamma}{f_{\max} - f_{\min} + \gamma}$$

Επιλογή Boltzmann: Είναι ακόμη μία μέθοδος κλιμάκωσης για αναλογική επιλογή με τη χρήση της ακόλουθης συνάρτησης:

$$f_k = e^{-\frac{f_k}{T}}$$

Η πίεση επιλογής είναι χαμηλή όταν η παράμετρος έλεγχου T είναι υψηλή.

Ταξινόμηση: Αυτή η επιλογή προτάθηκε για να ξεπεραστούν τα προβλήματα της κλιμάκωσης στην προσέγγιση όπου η επιλογή γίνεται βασισμένη στην καταλληλότητα. Η ιδέα είναι: γίνεται ταξινόμηση του πληθυσμού από το καλύτερο προς το χειρότερο και ανατίθεται η πιθανότητα επιλογής όχι με βάση την ακατέργαστη καταλληλότητα αλλά ανάλογα με τη θέση που έχει στην ταξινόμηση. Δύο μέθοδοι είναι κοινά χρησιμοποιούμενες: η γραμμική ταξινόμηση και η εκθετική ταξινόμηση.

Έστω p_k η πιθανότητα επιλογής για το k χρωμόσωμα στην ταξινόμηση του πληθυσμού. Η γραμμική ταξινόμηση παίρνει την ακόλουθη μορφή:

$$p_k = q - (k-1) \cdot x$$

όπου η παράμετρος q είναι η πιθανότητα για το καλύτερο χρωμόσωμα. Έστω q_0 είναι η πιθανότητα για το χειρότερο χρωμόσωμα, η παράμετρος r μπορεί να προσδιοριστεί όπως φαίνεται:

$$r = \frac{q - q_0}{pop_size - 1}$$

Η τιμή καταλληλότητας των ενδιάμεσων χρωμοσωμάτων μειώνεται από q σε q_0 , αναλογικά με την ταξινόμηση τους. Όταν το q_0 είναι 0 τότε έχουμε τη μέγιστη πίεση επιλογής.

Έχει προταθεί και η ακόλουθη μέθοδος εκθετικής ταξινόμησης:

$$p_k = q(1 - q)^{k-1}$$

Μία μεγάλη τιμή του q έχει σαν αποτέλεσμα μεγαλύτερη πίεση για επιλογή. Επίσης, έχει προταθεί και η ακόλουθη μέθοδος εκθετικής ταξινόμησης:

$$p_k = q^{k-1}$$

όπου το q είναι συνήθως 0,99. το καλύτερο χρωμόσωμα έχει καταλληλότητα 1 και το τελευταίο q^{pop_size-1} .

1.4.4 Διαδικασία επιλογής.

Σύμφωνα με την νέο-δαρβινιστική άποψη, η διαδικασία εξέλιξης μπορεί να διαιρεθεί σε τρεις κατηγορίες:

1. Σταθερή επιλογή.
2. Κατευθυνόμενη επιλογή.
3. Διασπαστική επιλογή.

Η σταθερή επιλογή καλείται και κανονικοποιημένη επιλογή γιατί τείνει να εξαλείψει τα χρωμοσώματα που έχουν ακραίες τιμές. Η κατευθυνόμενη επιλογή έχει το αποτέλεσμα της αύξησης ή μείωσης της μέσης τιμής του πληθυσμού. Η διασπαστική επιλογή τείνει να εξαλείψει τα χρωμοσώματα με μέτριες τιμές. Οι περισσότερες μέθοδοι επιλογής βασίζονται στην κατευθυνόμενη επιλογή.

Μία μέθοδος που προτάθηκε βασισμένη στην διασπαστική επιλογή είναι η υιοθέτηση μη-μονοτονικής καταλληλότητας και είναι αρκετά διαφορετική από τις παραδοσιακές μονοτονικές συναρτήσεις καταλληλότητας. Είναι η ιδέα της κανονικοποιημένης-με βάση το μέσο όρο-συνάρτησης καταλληλότητας. Η μορφή της είναι:

$$f^k = \left| \frac{fk - \bar{f}}{\bar{f}} \right|$$

Είναι προφανές ότι ο τύπος αυτής της συνάρτησης δεν είναι μονοτονικός. Η διαδικασία επιλογής που χρησιμοποιεί την κανονικοποιημένη-με βάση το μέσο όρο-συνάρτηση καταλληλότητας καλείται διασπαστική κατανομή. Αυτή η μέθοδος δίνει μεγαλύτερη πιθανότητα και στα καλύτερα αλλά και στα χειρότερα χρωμοσώματα. Πειράματα έδειξαν ότι γενετικοί αλγόριθμοι που χρησιμοποίησαν αυτή τη μέθοδο μπορούν εύκολα να βρουν το βέλτιστο μίας συνάρτησης του τύπου «**βελόνα στα άχυρα**».

Ένα παράδειγμα της μεθόδου σταθεροποίησης είναι το εξής: τα χρωμοσώματα ταξινομούνται από το καλύτερο προς το χειρότερο σύμφωνα με την τιμή της καταλληλότητας τους. Κατόπιν τρεις προτιμώμενοι παράμετροι p_1 , p_0 και p_2 (με $0 < p_0 < p_1 < p_2 < 1$) και χρησιμοποιούνται για τον καθορισμό τριών κρίσιμων χρωμοσωμάτων με σειρά ταξινόμησης u_1 , u_0 και u_2 αντίστοιχα όπου

$$u_1 = [p_1 \times \text{prop_size}]$$

$$u_0 = [p_0 \times \text{prop_size}]$$

$$u_2 = [p_2 \times \text{prop_size}]$$

Στα χρωμοσώματα δίδονται τιμές καταλληλότητας:

$$u_1 = e^{-1} = 0.37$$

$$u_0 = 1$$

$$u_2 = 2 \cdot e^{-1} = 1.63$$

Για ένα χρωμόσωμα k με σειρά ταξινόμησης u , η σχέση μεταξύ του u και της εκθετικής συνάρτησης καταλληλότητας f^k είναι:

$$fk = \begin{cases} \exp\left[-\frac{u-u_0}{u_1-u_0}\right], u < u_0 \\ 2 - \exp\left[-\frac{u-u_0}{u_2-u_0}\right], u \geq u_0 \end{cases}$$

Είναι προφανές ότι οι παράμετροι p_1 και p_2 χρησιμοποιήθηκαν για να εξαλείψουν τις ακραίες τιμές.

Έχουν ακόμη προταθεί η εξαλειπτική και η διατηρητική επιλογή. Η διατηρητική επιλογή απαιτεί μη μηδενική πιθανότητα επιλογής για κάθε χρωμόσωμα, ενώ η εξαλειπτική επιλογή όχι. Οι εξαλειπτικές επιλογές χωρίζονται σε αριστερές και δεξιές επιλογές. Στην αριστερή εξαλειπτική επιλογή, στα καλύτερα χρωμοσώματα δεν επιτρέπεται η αναπαραγωγή ώστε να μην δημιουργηθούν υπέρ-χρωμοσώματα και κυριαρχήσουν του πληθυσμού. Στην δεξιά εξαλειπτική επιλογή, στα χειρότερα χρωμοσώματα δεν επιτρέπεται η αναπαραγωγή ώστε να μην είναι η διασπορά πολύ μεγάλη. Η κλιμακωτή διατηρητική μέθοδος μπορεί να θεωρηθεί σαν συνδυασμός των δύο μεθόδων της διατηρητικής επιλογής, όπου τα καλύτερα και τα χειρότερα χρωμοσώματα δεν αναπαράγονται.

Κεφαλαίο 2^ο : Προβλήματα σχεδιασμού για τη βέλτιστη διάταξη των μηχανών σε μία γραμμή παραγωγής.

2.1 Εισαγωγή.

Ο σχεδιασμός για τη χωροταξική κατανομή των πόρων είναι ένα θέμα που περιλαμβάνει διάφορες περιοχές ενδιαφέροντος εδώ και είκοσι χρόνια. Η διαδικασία ανάπτυξης της χωροταξικής κατανομής των πόρων περιλαμβάνει εξίσου την τέχνη και την επιστήμη. Πρόσφατα αυτό το θέμα έλαβε αξιολογη προσοχή σε διαδικασίες έρευνας. Συνήθως αντιμετωπίζεται σαν πρόβλημα βελτιστοποίησης και η καλύτερη χωροταξική κατανομή προκύπτει από την βελτιστοποίηση ορισμένων μέτρων απόδοσης που υπόκεινται σε ορισμένους περιορισμούς.

Μέχρι σήμερα έχει γίνει αξιολογη πρόοδος στην κατασκευαστική τεχνολογία και ένας μεγάλος αριθμός ευέλικτων συστημάτων κατασκευής (FMS) έχουν υλοποιηθεί σε όλο τον κόσμο. Ο βέλτιστος σχεδιασμός της φυσικής διάταξης ενός κατασκευαστικού συστήματος είναι ένα από τα πιο σημαντικά θέματα που πρέπει να επιλυθούν στα πρώιμα στάδια της διαδικασίας σχεδιασμού. Οι συνέπειες για το κόστος είναι εμφανείς όσον αφορά τις αποφάσεις για τη διάταξη και μπορούν να παρατηρηθούν τόσο κατά την υλοποίηση όσο και κατά την λειτουργία του συστήματος. Οι καλές λύσεις σε αυτά τα προβλήματα παρέχουν τις απαραίτητες βάσεις για αποτελεσματική εκμετάλλευση του συστήματος. Η ανεύρεση όμως της λύσης είναι δύσκολη και περίπλοκη διαδικασία. Ο σχεδιαστής της τελικής διάταξης έχει να αντιμετωπίσει το δύσκολο έργο της ανάπτυξης του συστήματος ώστε να είναι ικανό να παράγει διάφορα προϊόντα με διαφορετικές απαιτήσεις σε ένα λογικό κόστος.

Στο περιβάλλον της κατασκευής, ο τελικός σχεδιασμός της διάταξης έχει άμεση σχέση με τη βέλτιστη φυσική τοποθέτηση των μηχανών σε μία συγκεκριμένη περιοχή. Το πλέον συνηθισμένο κριτήριο είναι η ελαχιστοποίηση του κόστους μεταφοράς των υλικών. Λόγω της σύνθετης φύσης του προβλήματος, υπάρχουν ευρεστικές τεχνικές για την προσέγγιση της λύσης του προβλήματος. Πρόσφατα, έχει εκδηλωθεί το ενδιαφέρον για εφαρμογή των γενετικών αλγόριθμων σε τέτοιας φύσης προβλήματα.

2.2 Πρόβλημα διάταξης μηχανών.

Ένα ευέλικτο σύστημα κατασκευής είναι ένας από τους τύπους εφαρμογής της υποβοηθούμενης μέσω υπολογιστή κατασκευής (CAM). Ο σχεδιασμός ενός ευέλικτου συστήματος μηχανών περιλαμβάνει τη διάταξη των μηχανών και των σταθμών εργασίας. Ο τρόπος που θα γίνει η διάταξη εξαρτάται από τον τύπο των συσκευών χειρισμού υλικών που χρησιμοποιούνται. Οι περισσότερο χρησιμοποιούμενες συσκευές χειρισμού υλικών είναι:

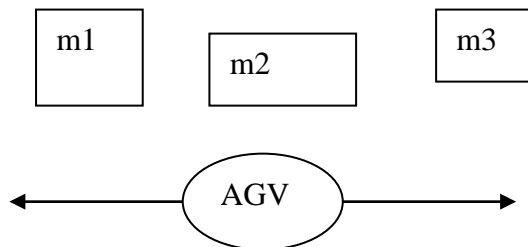
1. Ρομπότ χειρισμού υλικών.
2. Όχημα αυτόματης καθοδήγησης (AGV).
3. Ρομπότ τύπου γερανού.

Στην εικόνα 2.1 φαίνονται οι τέσσερις βασικοί τύποι διάταξης μηχανών που έχουν ευρεία εφαρμογή. Οι μηχανές που εξυπηρετούνται από AGV τείνουν να έχουν διάταξη ευθείας γραμμής, ενώ οι μηχανές που πρέπει να είναι μέσα στο φάκελο εργασίας ενός ρομπότ έχουν συνήθως κυκλική διάταξη. Οι τέσσερις βασικοί τύποι διάταξης ονομάζονται:

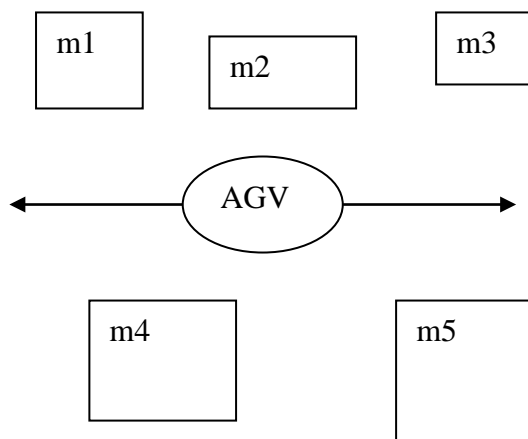
- Γραμμική μίας γραμμής
- Γραμμική δύο γραμμών
- Κυκλική μίας γραμμής
- Πολλαπλών γραμμών

Εικόνα 2.1 Βασικοί τύποι διάταξης μηχανών:

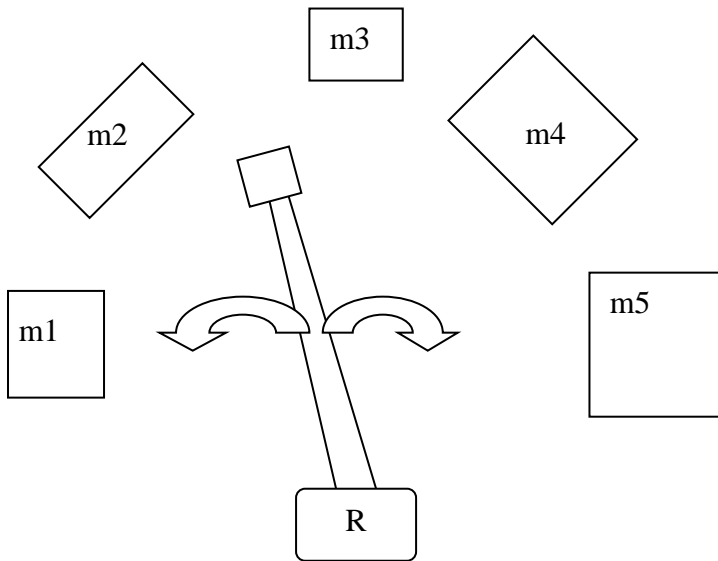
(α) Γραμμική μίας γραμμής



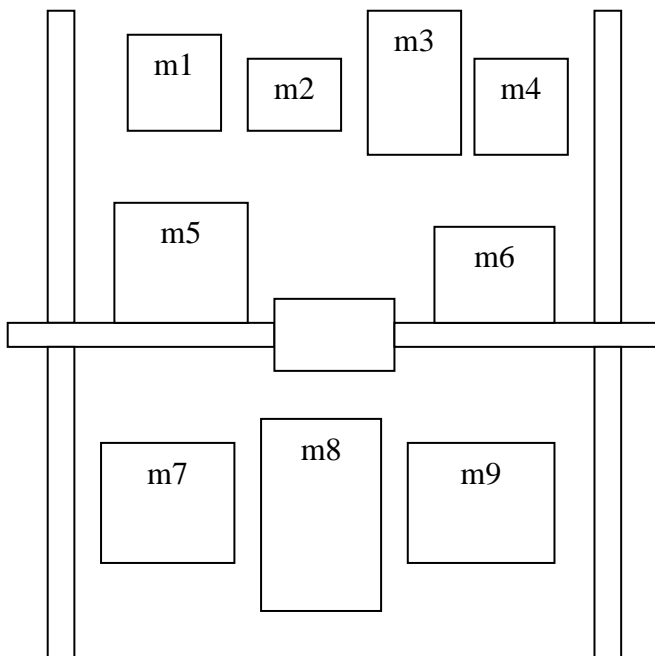
(β) Γραμμική δύο γραμμών



(γ) Κυκλική μίας γραμμής



(δ) Πολλαπλών γραμμών

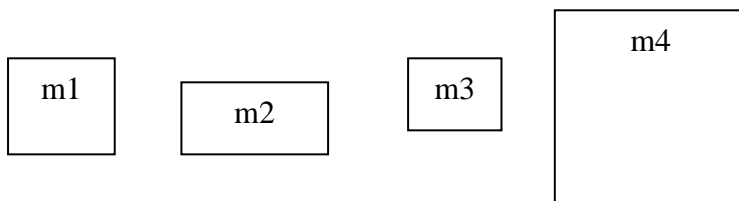


Για το σχεδιασμό του προβλήματος διάταξης, πρέπει να ληφθούν υπόψιν μόνο οι τύποι της μίας γραμμής και των πολλαπλών γραμμών γιατί, όπως φαίνεται και στο σχήμα οι τύποι της κυκλικής μίας γραμμής και της γραμμικής

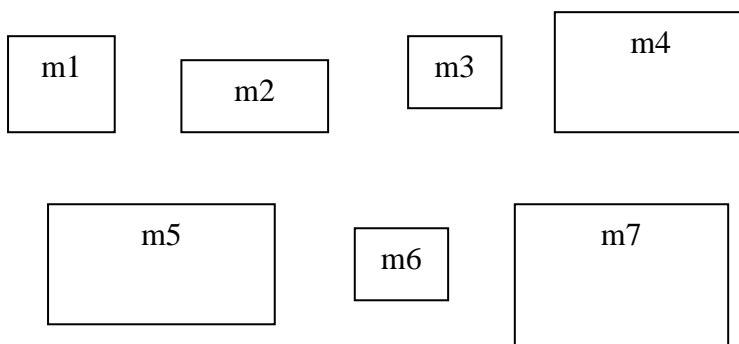
μίας γραμμής μπορούν να θεωρηθούν σαν μίας γραμμής. Η γραμμική δύο γραμμών είναι τύπος του τύπου των πολλαπλών γραμμών. Στον τύπο μίας γραμμής οι μηχανές διατάσσονται στη σειρά σε μία γραμμή ενώ στον τύπο πολλαπλών γραμμών οι μηχανές διατάσσονται σε δύο ή περισσότερες γραμμές. Παραδείγματα φαίνονται στην εικόνα 2.2

Εικόνα 2.2 Τύποι διάταξης μηχανών:

(α) Διάταξη μίας γραμμής.



(β) Διάταξη πολλαπλών γραμμών



Η πλειοψηφία των συμβατικών προσεγγίσεων διατυπώνει το σχεδιασμό της διάταξης σαν το τετραγωνικό πρόβλημα ανάθεσης (QAP) στο οποίο η τοποθεσία κάθε θέσης είναι προκαθορισμένη εξ αρχής και το πρόβλημα περιλαμβάνει τον προσδιορισμό των παροχών σε κάθε θέση ώστε το συνολικό κόστος μεταφοράς των υλικών να ελαχιστοποιείται. Το πρόβλημα των μηχανών σε ένα ευέλικτο σύστημα κατασκευής διαφέρει από το συμβατικό πρόβλημα διάταξης. Το μέγεθος των μηχανών δεν είναι ίσο και αν η απόσταση μεταξύ των

μηχανών καθορίζεται από τις αντίστοιχες διαστάσεις τους και ο κενός χώρος που απαιτείται μεταξύ τους τότε οι αποστάσεις μεταξύ τους δεν μπορούν να προκαθοριστούν εξ αρχής.

2.3 Πρόβλημα διάταξης μηχανών μίας γραμμής.

2.3.1 Μαθηματικό μοντέλο.

Για να μοντελοποιηθεί το πρόβλημα μίας γραμμής έχουν γίνει οι εξής παραδοχές:

1. Οι μηχανές έχουν ορθογώνιο σχήμα.
2. Ο προσανατολισμός των μηχανών είναι γνωστός, π.χ. όλες οι μηχανές είναι προσανατολισμένες κατά μήκος.

Το πρόβλημα μίας γραμμής μπορεί να διατυπωθεί με τον εξής τρόπο:

$$\min \sum_{i=1}^{n-1} \sum_{j=i+1}^n c_{ij} f_{ij} |x_i - x_j| \quad (2.1)$$

όπου έχω $|x_i - x_j| \geq \frac{1}{2}(l_i + l_j) + d_{ij}$ με $i=1, \dots, n-1$ και $j=i+1, \dots, n$ (2.2)

$$x_i \geq 0 \text{ με } i=1, \dots, n \quad (2.3)$$

όπου

n ο αριθμός των μηχανών

f_{ij} η συχνότητα μετακίνησης μεταξύ των μηχανών i και j

c_{ij} είναι το κόστος εκτέλεσης εργασίας ανά μονάδα που μετακινείται μεταξύ των μηχανών i και j

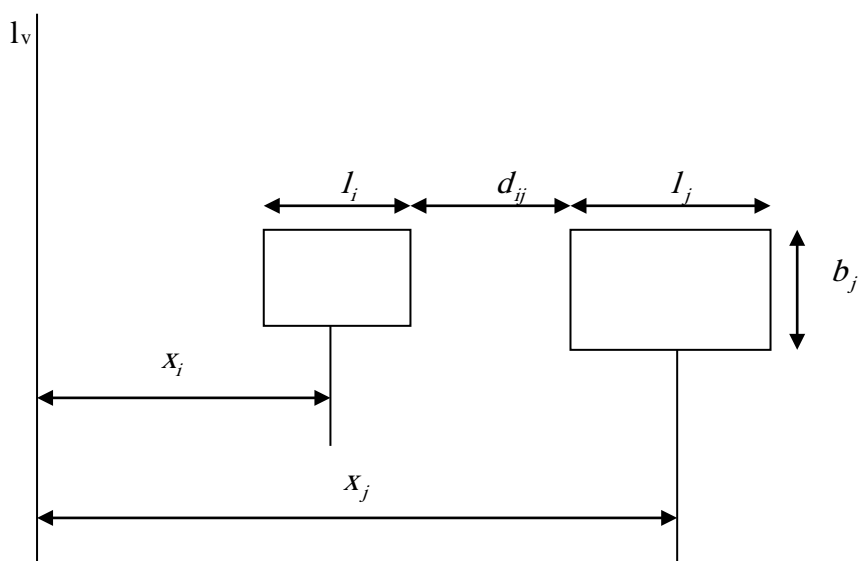
l_i είναι το μήκος της μηχανής i

d_{ij} είναι η ελάχιστη απόσταση μεταξύ των μηχανών i και j

x_i είναι η απόσταση μεταξύ του κέντρου της μηχανής i και του κάθετου άξονα αναφοράς γραμμής l_v

Οι παράμετροι l_i και d_{ij} , η μεταβλητή x_i καθώς και ο κάθετος άξονας αναφοράς γραμμής I_v φαίνονται στην εικόνα 2.3. Ο περιορισμός 2.2 εξασφαλίζει ότι δύο μηχανές δεν θα επικαλύπτονται. Ο περιορισμός 2.3 εξασφαλίζει ότι δεν θα υπάρχουν αρνητικές τιμές. Ο στόχος είναι να ελαχιστοποιηθεί το συνολικό κόστος που έχει σχέση με τον αριθμό των απαιτούμενων μετακινήσεων μεταξύ των μηχανών.

Εικόνα 2.3 Επεξήγηση των παραμέτρων και των μεταβλητών.



2.3.2 Οι γενετικοί αλγόριθμοι και το πρόβλημα διάταξης μίας γραμμής.

Το πρόβλημα διάταξης μηχανών είναι η πλέον απλή περίπτωση. Τα βασικά αυτού του προβλήματος μπορούν να αντιμετωπιστούν σαν το πρόβλημα διαδοχής των μηχανών και μπορεί να επιλυθεί σε δύο διαφορετικά βήματα:

1. Διαδοχή των μηχανών.
2. Δημιουργία της πραγματικής διάταξης.

Στο πρώτο βήμα, η διαδοχή των μηχανών δημιουργείται και στο δεύτερο η πραγματική διάταξη δημιουργείται σύμφωνα με την διάταξη και τους γεωμετρικούς περιορισμούς που προκύπτουν από τις διαστάσεις των μηχανών. Οι γενετικοί αλγόριθμοι είναι πολύ αποτελεσματικοί για τέτοιου είδους συνδυαστικά προβλήματα. Η βασική ιδέα του αλγόριθμου που θα δημιουργηθεί

είναι η εύρεση της καλύτερης σειράς τοποθέτησης των μηχανών και κατόπιν η δημιουργία μίας πραγματικής διάταξης σύμφωνα σε την σειρά των μηχανών και τους γεωμετρικούς περιορισμούς.

Αναπαράσταση: Ένας άμεσος τρόπος για να κωδικοποιηθεί η διάταξη των μηχανών σε χρωμοσώματα για την περίπτωση της μίας γραμμής είναι η χρήση των συνδυασμών των μηχανών. Για παράδειγμα, οι μηχανές διατάσσονται με τον ακόλουθο τρόπο:

$$[m_2 \quad m_1 \quad m_4 \quad m_6 \quad m_3 \quad m_5]$$

όπου το m_i αναπαριστά την i μηχανή. Το χρωμόσωμα u_k θα είναι:

$$u_k = [2 \quad 1 \quad 4 \quad 6 \quad 3 \quad 5]$$

Αξιολόγηση: Γενικά για ένα πρόβλημα με n μηχανές, το χρωμόσωμα θα είχε τη μορφή:

$$u_k = [m_1^k, m_2^k, \dots, m_n^k]$$

όπου το m_i^k αναπαριστά μία μηχανή η οποία είναι στην i θέση στο k χρωμόσωμα. Σύμφωνα με την ακολουθία και τους γεωμετρικούς περιορισμούς των μηχανών, μπορούμε να υπολογίσουμε τις συντεταγμένες του άξονα x για όλες τις μηχανές με τον ακόλουθο τρόπο:

$$[x_1^k, x_2^k, \dots, x_n^k]$$

Κατόπιν μπορούμε να υπολογίσουμε το συνολικό κόστος για το k χρωμόσωμα με τον τύπο:

$$fk = \sum_{i=1}^{n-1} \sum_{j=i+1}^n c_{ij} f_{ij} |x_i - x_j| \quad (2.4)$$

Επειδή το σχέδιο διάταξης είναι πρόβλημα ελαχιστοποίησης, πρέπει να μετατρέψουμε την τιμή της αντικειμενικής συνάρτησης για κάθε χρωμόσωμα σε

τιμή καταλληλότητας έτσι ώστε το πιο κατάλληλο χρωμόσωμα να έχει μεγαλύτερη τιμή καταλληλότητας. Η μετατροπή γίνεται με την ακόλουθη συνάρτηση αξιολόγησης:

$$eval(u_k) = \frac{1}{fk} \quad (2.5)$$

όπου $eval(u_k)$ είναι η τιμή καταλληλότητας για το k χρωμόσωμα.

Η μέθοδος της ρουλέτας χρησιμοποιήθηκε ως η βασική μέθοδος επιλογής για την αναπαραγωγή της νέας γενιάς. Η στρατηγική του ελιτισμού χρησιμοποιήθηκε για την διατήρηση των καλύτερων χρωμοσωμάτων στην επόμενη γενιά και να παρακάμψει τα λάθη που προέρχονται από τη στοχαστική δειγματοληψία.

Κεφαλαίο 3^ο : Παράδειγμα εφαρμογής γενετικών αλγόριθμων σε πρόβλημα διεύθυνσης τεσσάρων μηχανών.

3.1 Δεδομένα προβλήματος διεύθυνσης τεσσάρων μηχανών σε μία γραμμή παραγωγής.

Έστω ότι υπάρχουν 4 μηχανές που πρέπει να διαταχθούν σε μία σειρά. Τα δεδομένα του προβλήματος είναι:

- Μέγεθος των μηχανών (διαστάσεις)

Αριθμός μηχανής	Διαστάσεις
1	1x1
2	2x2
3	3x3
4	4x4

- Αποστάσεις μεταξύ των μηχανών

$$d_{ij} = \begin{bmatrix} 0111 \\ 1011 \\ 1101 \\ 1110 \end{bmatrix}$$

δηλαδή όλες οι μηχανές ισαπέχουν η μία από την άλλη κατά 1 μέτρο.

- Ο ρυθμός μεταφορών μεταξύ των μηχανών είναι

$$f_{ij} = \begin{bmatrix} 0123 \\ 1045 \\ 2406 \\ 3560 \end{bmatrix}$$

- Το κόστος μεταφοράς μεταξύ των μηχανών είναι

$$c_{ij} = \begin{bmatrix} 0654 \\ 6032 \\ 5301 \\ 4210 \end{bmatrix}$$

3.2 Επίλυση προβλήματος με την εφαρμογή γενετικού αλγόριθμου

Κατά την επίλυση του προβλήματος γίνεται χρήση προγραμμάτων που έχουν συνταχθεί στο πρόγραμμα MAT LAB έκδοση 5.3.

Τα προγράμματα που χρησιμοποιούνται είναι τα εξής:

- Διασταύρωση
- Μετάλλαξη
- Διόρθωση σφαλμάτων
- Γεννήτρια τυχαίων αριθμών και
- Συνάρτηση αξιολόγησης.

Το πρόγραμμα της διασταύρωσης αρχικά μετατρέπει τις ακέραιες τιμές των γονιδίων, που περιέχουν τις πιθανές λύσεις του προβλήματος, σε δυαδικές. Με τη γεννήτρια τυχαίων αριθμών έχουμε δέκα τυχαίους αριθμούς που καθορίζουν ποιά γονίδια θα επιλεγούν για τη διασταύρωση (επιλέγουμε τα γονίδια που αντιστοιχούν στις χαμηλότερες τιμές των τυχαίων αριθμών). Κατόπιν έχουμε τη δημιουργία ενός τυχαίου αριθμού που θα καθορίσει το σημείο που θα γίνει η διασταύρωση (μεταξύ 2 και 11 γιατί 12 γονίδια έχει συνολικά κάθε χρωμόσωμα). Γίνεται η διασταύρωση με ανταλλαγή των μερών των χρωμοσωμάτων χιαστί. Τέλος, γίνεται μετατροπή των δυαδικών τιμών των χρωμοσωμάτων σε ακέραιες αριθμητικές τιμές.

Το πρόγραμμα της μετάλλαξης αρχικά μετατρέπει τις ακέραιες τιμές των γονιδίων, που περιέχουν τις πιθανές λύσεις του προβλήματος, σε δυαδικές. Με τη γεννήτρια τυχαίων αριθμών έχουμε τόσους τυχαίους αριθμούς όσο είναι και το πλήθος των γονιδίων που καθορίζουν ποιά γονίδια θα επιλεγούν για τη μετάλλαξη (επιλέγουμε τα γονίδια που αντιστοιχούν στις χαμηλότερες τιμές των

τυχαίων αριθμών). Γίνεται η μετάλλαξη με αλλαγή τις τιμής του γονιδίου (αν το γονίδιο έχει την τιμή 0 τότε θα πάρει την τιμή 1 ενώ αν έχει την τιμή 1 θα πάρει την τιμή 0). Τέλος, γίνεται μετατροπή των δυαδικών τιμών των χρωμοσωμάτων σε ακέραιες αριθμητικές τιμές.

Το πρόγραμμα διόρθωσης σφαλμάτων αρχικά έχει ένα πληθυσμό από πιθανές λύσεις οι οποίες περιέχουν τιμές που δεν είναι εφικτές π.χ. το μηδέν, το πέντε, το έξι κ.ο.κ. Αρχικά διορθώνονται οι τιμές αυτές ώστε να γίνουν όλες οι τιμές εδικές δηλαδή να έχουν εύρος από το 0 μέχρι το 4. Επειδή αυτή η αντικατάσταση των μη εφικτών τιμών με εφικτές γίνεται τυχαία, κάποιες τιμές που θα αντικατασταθούν μπορεί να υπάρχουν ήδη δηλαδή να εμφανίζεται δύο φορές ο αριθμός 3 και καμία ο αριθμός 1. Δημιουργείται πίνακας S ο οποίος περιέχει τιμές από το 1 μέχρι το 4. Στον πίνακα A (που περιέχει τις πιθανές λύσεις) ελέγχουμε αν κάποιά τιμή υπάρχει περισσότερες από μία φορές και σε περίπτωση που συμβαίνει αυτό, μηδενίζουμε την τιμή που εμφανίζεται δεύτερη φορά στο σημείο εκείνο. Κατόπιν στον πίνακα S μηδενίζονται οι μη μηδενικές τιμές του πίνακα A . Τέλος, αντικαθίστανται οι μη μηδενικές τιμές του πίνακα S στον πίνακα A (στα σημεία που υπάρχουν μηδενικές τιμές).

Το πρόγραμμα της γεννήτριας τυχαίων αριθμών δημιουργεί τυχαίους αριθμούς με εύρος $[0,1]$ και χρησιμοποιούνται για την επιλογή των χρωμοσωμάτων που θα διασταυρωθούν, θα μεταλλαχθούν και τέλος για την τελική επιλογή των χρωμοσωμάτων που θα δημιουργήσουν τον πληθυσμό της επόμενης γενιάς.

Το πρόγραμμα της συνάρτησης αξιολόγησης υπολογίζει την τιμή καταλληλότητας κάθε χρωμοσώματος ανάλογα τη θέση των μηχανών, το κόστος μεταφοράς από τη μία μηχανή στην άλλη, τη συχνότητα των μεταφορών ανάμεσα στις μηχανές και το μήκος κάθε μηχανής.

3.2.1 Πρώτη γενιά

Το μέγεθος του αρχικού πληθυσμού είναι 10, δηλαδή έχω 10 πιθανές λύσεις για το πρόβλημα.

Έστω ότι οι πιθανές λύσεις είναι οι εξής:

$$u_1 = (1 \ 2 \ 3 \ 4)$$

$$u_2 = (1 \ 3 \ 2 \ 4)$$

$$u_3 = (1 \ 4 \ 2 \ 3)$$

$$u_4 = (2 \ 3 \ 1 \ 4)$$

$$u_5 = (2 \ 1 \ 4 \ 3)$$

$$u_6 = (2 \ 3 \ 4 \ 1)$$

$$u_7 = (3 \ 4 \ 1 \ 2)$$

$$u_8 = (3 \ 4 \ 2 \ 1)$$

$$u_9 = (4 \ 3 \ 2 \ 1)$$

$$u_{10} = (4 \ 1 \ 2 \ 3)$$

Διασταύρωση: Η διασταύρωση θα γίνει με την τυχαία επιλογή δύο χρωμοσωμάτων, ενός τυχαίου σημείου τομής και κατόπιν ανταλλαγή των μερών των χρωμοσωμάτων μεταξύ τους.

Η πιθανότητα για διασταύρωση είναι $p_c=0.25$ δηλαδή το 25% των χρωμοσωμάτων θα υποστούν διασταύρωση. Στο συγκεκριμένο παράδειγμα και για πληθυσμό 10 χρωμοσωμάτων, διασταύρωση θα υποστούν 2 χρωμοσώματα.

Για να γίνει διασταύρωση μεταξύ δύο χρωμοσωμάτων πρέπει αρχικά να επιλεγούν τα χρωμοσώματα. Αυτό γίνεται με τη μέθοδο της ρουλέτας. Έστω 10 τυχαία νούμερα με εύρος $[0,1]$

0.6257

0.1632

0.0856

0.2668

0.5454

0.5486

0.2886

0.7707

0.2951

0.3928

Τα χρωμοσώματα που επιλέγονται είναι το 3^ο και το 2^ο γιατί σε αυτά αντιστοιχούν οι χαμηλότερες τιμές.

Τα χρωμοσώματα που θα διασταυρωθούν μετατρέπονται στο δυαδικό σύστημα. Άρα έχω:

$$U_3 = (1\ 4\ 2\ 3) \rightarrow (001\ 100\ 101\ 011)$$

$$U_2 = (1\ 3\ 2\ 4) \rightarrow (001\ 011\ 010\ 100)$$

Επιλέγουμε ένα τυχαίο σημείο τομής μεταξύ 2 και 11 (γιατί 12 είναι το μήκος του χρωμοσώματος). Έστω το 7.

Έχω:



$$U_3\ (001\ 100\ 101\ 011)$$

$$U_2\ (001\ 011\ 010\ 100)$$

Το αποτέλεσμα είναι δύο καινούργια χρωμοσώματα.

$$u'_3\ (001\ 100\ 010\ 100)$$

$$u'_2\ (001\ 011\ 010\ 100)$$

Κάνουμε τη μετατροπή και έχουμε:

$$u'_3\ (001\ 100\ 010\ 100) \rightarrow (1\ 4\ 2\ 4)$$

$$u'_2\ (001\ 011\ 010\ 011) \rightarrow (1\ 3\ 2\ 3)$$

Τα χρωμοσώματα που προκύπτουν αντιστοιχούν σε μη εφικτές λύσεις. Δεν θα απορριφθούν γιατί στην εφαρμογή του συγκεκριμένου γενετικού αλγόριθμου έχει προκαθοριστεί να γίνεται διόρθωση των μη εφικτών τιμών .

Μετάλλαξη: Η μετάλλαξη γίνεται όταν ένα ή περισσότερα γονίδια αλλάζουν. Η πιθανότητα για μετάλλαξη είναι $p_m=0.01$ δηλαδή στο συγκεκριμένο παράδειγμα και για πληθυσμό $10 \times 12 = 120$ χρωμοσωμάτων θα γίνουν 2 μεταλλάξεις. Κάθε γόνος έχει ίσες πιθανότητες να υποστεί μετάλλαξη. Για να γίνει η μετάλλαξη χρειαζόμαστε μία ακολουθία τυχαίων αριθμών με εύρος (1,120) και τυχαίους αριθμούς με εύρος (0,1). Σε κάθε γόνο αντιστοιχεί ένας τυχαίος αριθμός. Θα επιλεγούν τα γονίδια που τους αντιστοιχεί ο μικρότερος τυχαίος αριθμός. Έχω:

Θέση γόνου	Αριθμός χρωμοσώματος	Αριθμός γόνου στο χρωμόσωμα	Τυχαίος αριθμός
42	4	6	0.00273
87	8	3	0.00943

Τα χρωμοσώματα που επιλέγονται είναι το 4^ο και το 8^ο και τα γονίδια που θα υποστούν μετάλλαξη είναι στο 4^ο χρωμόσωμα ο 6^{ος} γόνος και στο 8^ο χρωμόσωμα ο 3^{ος} γόνος.

Τα χρωμοσώματα που θα υποστούν μετάλλαξη μετατρέπονται στο δυαδικό σύστημα. Άρα έχω:

Πρώτο χρωμόσωμα:

$$u_4 = (2 \ 3 \ 1 \ 4) \rightarrow (010 \ 01\mathbf{1} \ 001 \ 100)$$

$$\downarrow$$

$$(010 \ 01\mathbf{0} \ 001 \ 100)$$

Άρα το χρωμόσωμα μετά τη μετατροπή είναι:

$$u'_4 = (2 \ 2 \ 1 \ 4)$$

Δεύτερο χρωμόσωμα:

$$u_8 = (3 \ 4 \ 2 \ 1) \rightarrow (0\mathbf{1}\mathbf{1} \ 100 \ 010 \ 001)$$

$$\downarrow$$

$$(0\mathbf{1}\mathbf{0} \ 100 \ 010 \ 001)$$

Βέλτιστη διευθέτηση μηχανών σε γραμμή παραγωγής

Αρα το χρωμόσωμα μετά τη μετατροπή είναι:

$$u'_8=(2\ 4\ 2\ 1)$$

Τα χρωμοσώματα που προκύπτουν αντιστοιχούν σε μη εφικτές λύσεις. Δεν θα απορριφθούν γιατί στην εφαρμογή του συγκεκριμένου γενετικού αλγόριθμου έχει προκαθοριστεί να γίνεται διόρθωση των μη εφικτών τιμών .

Διόρθωση χρωμοσωμάτων που δεν είναι εφικτά: Μετά τις διαδικασίες της διασταύρωσης και της μετάλλαξης θα γίνει διόρθωση των χρωμοσωμάτων που οι τιμές τους δεν είναι εφικτές λύσεις.

$$u'_3=(1\ 4\ 2\ 4)$$

$$u'_2=(1\ 3\ 2\ 3)$$

$$u'_4=(2\ 2\ 1\ 4)$$

$$u'_8=(2\ 4\ 2\ 1)$$

Μετά τη διόρθωση οι τιμές που έχουν τα διορθωμένα χρωμοσώματα είναι:

$$u'_3=(1\ 4\ 2\ 3)$$

$$u'_2=(1\ 3\ 2\ 4)$$

$$u'_4=(2\ 3\ 1\ 4)$$

$$u'_8=(3\ 4\ 2\ 1)$$

Αξιολόγηση: Η συνάρτηση αξιολόγησης είναι:

$$fk = c_{ij} f_{ij} |x_i - x_j|$$

$$x_i = 1 + \frac{1}{2} I_1$$

$$x_j = 1 + I_1 + d_{ij} + \frac{1}{2} I_2$$

Τώρα θα γίνει αξιολόγηση κάθε χρωμοσώματος με βάση τη συνάρτηση αξιολόγησης

$$u_1 = (1\ 2\ 3\ 4)$$

$$\begin{aligned} eval(u_1) = & c_{12} f_{12} |x_1 - x_2| + c_{23} f_{23} |x_2 - x_3| + c_{34} f_{34} |x_3 - x_4| + c_{43} f_{43} |x_4 - x_3| + c_{32} f_{32} |x_3 - x_2| + \\ & c_{21} f_{21} |x_2 - x_1| = 63 \end{aligned}$$

$$u_2 = (1\ 3\ 2\ 4)$$

$$\begin{aligned} eval(u_2) = & c_{13} f_{13} |x_1 - x_3| + c_{32} f_{32} |x_3 - x_2| + c_{24} f_{24} |x_2 - x_4| + c_{42} f_{42} |x_4 - x_2| + c_{23} f_{23} |x_2 - x_3| + \\ & c_{31} f_{31} |x_3 - x_1| = 63 \end{aligned}$$

$$u_3 = (1\ 4\ 2\ 3)$$

$$\begin{aligned} eval(u_3) = & c_{14} f_{14} |x_1 - x_4| + c_{42} f_{42} |x_4 - x_2| + c_{23} f_{23} |x_2 - x_3| + c_{32} f_{32} |x_3 - x_2| + c_{24} f_{24} |x_2 - x_4| + \\ & c_{41} f_{41} |x_4 - x_1| = 65 \end{aligned}$$

$$u_4 = (2\ 3\ 1\ 4)$$

$$\begin{aligned} eval(u_4) = & c_{23} f_{23} |x_2 - x_3| + c_{31} f_{31} |x_3 - x_1| + c_{14} f_{14} |x_1 - x_4| + c_{41} f_{41} |x_4 - x_1| + c_{13} f_{13} |x_1 - x_3| + \\ & c_{32} f_{32} |x_3 - x_2| = 65 \end{aligned}$$

$$u_5 = (2\ 1\ 4\ 3)$$

$$\begin{aligned} eval(u_5) = & c_{21} f_{21} |x_2 - x_1| + c_{14} f_{14} |x_1 - x_4| + c_{43} f_{43} |x_4 - x_3| + c_{34} f_{34} |x_3 - x_4| + c_{41} f_{41} |x_4 - x_1| + \\ & c_{12} f_{12} |x_1 - x_2| = 63 \end{aligned}$$

$$u_6 = (2\ 3\ 4\ 1)$$

$$\begin{aligned} eval(u_6) = & c_{23} f_{23} |x_2 - x_3| + c_{34} f_{34} |x_3 - x_4| + c_{41} f_{41} |x_4 - x_1| + c_{14} f_{14} |x_1 - x_4| + c_{43} f_{43} |x_4 - x_3| + \\ & c_{32} f_{32} |x_3 - x_2| = 65 \end{aligned}$$

$$u_7 = (3\ 4\ 1\ 2)$$

$$\begin{aligned} eval(u_7) = & c_{34} f_{34} |x_3 - x_4| + c_{41} f_{41} |x_4 - x_1| + c_{12} f_{12} |x_1 - x_2| + c_{21} f_{21} |x_2 - x_1| + c_{14} f_{14} |x_1 - x_4| + \\ & c_{43} f_{43} |x_4 - x_3| = 63 \end{aligned}$$

$$u_8 = (3 \ 4 \ 2 \ 1)$$

$$\begin{aligned} eval(u_8) = & c_{34} f_{34} |x_3 - x_4| + c_{42} f_{42} |x_4 - x_2| + c_{21} f_{21} |x_2 - x_1| + c_{12} f_{12} |x_1 - x_2| + c_{24} f_{24} |x_2 - x_4| + \\ & c_{43} f_{43} |x_4 - x_3| = 64 \end{aligned}$$

$$u_9 = (4 \ 3 \ 2 \ 1)$$

$$\begin{aligned} eval(u_9) = & c_{43} f_{43} |x_4 - x_3| + c_{32} f_{32} |x_3 - x_2| + c_{21} f_{21} |x_2 - x_1| + c_{12} f_{12} |x_1 - x_2| + c_{23} f_{23} |x_2 - x_3| + \\ & c_{34} f_{34} |x_3 - x_4| = 63 \end{aligned}$$

$$u_{10} = (4 \ 1 \ 2 \ 3)$$

$$\begin{aligned} eval(u_{10}) = & c_{41} f_{41} |x_4 - x_1| + c_{12} f_{12} |x_1 - x_2| + c_{23} f_{23} |x_2 - x_3| + c_{32} f_{32} |x_3 - x_2| + c_{21} f_{21} |x_2 - x_1| + \\ & c_{14} f_{14} |x_1 - x_4| = 61 \end{aligned}$$

$$u'_3 = (1 \ 4 \ 2 \ 3)$$

$$\begin{aligned} eval(u'_3) = & c_{14} f_{14} |x_1 - x_4| + c_{42} f_{42} |x_4 - x_2| + c_{23} f_{23} |x_2 - x_3| + c_{32} f_{32} |x_3 - x_2| + c_{24} f_{24} |x_2 - x_4| + \\ & c_{41} f_{41} |x_4 - x_1| = 65 \end{aligned}$$

$$u'_2 = (1 \ 3 \ 2 \ 4)$$

$$\begin{aligned} eval(u'_2) = & c_{13} f_{13} |x_1 - x_3| + c_{32} f_{32} |x_3 - x_2| + c_{24} f_{24} |x_2 - x_4| + c_{42} f_{42} |x_4 - x_2| + c_{23} f_{23} |x_2 - x_3| + \\ & c_{31} f_{31} |x_3 - x_1| = 63 \end{aligned}$$

$$u'_4 = (2 \ 3 \ 1 \ 4)$$

$$\begin{aligned} eval(u'_4) = & c_{23} f_{23} |x_2 - x_3| + c_{31} f_{31} |x_3 - x_1| + c_{14} f_{14} |x_1 - x_4| + c_{41} f_{41} |x_4 - x_1| + c_{13} f_{13} |x_1 - x_3| + \\ & c_{32} f_{32} |x_3 - x_2| = 65 \end{aligned}$$

$$u'_8 = (3 \ 4 \ 2 \ 1)$$

$$\begin{aligned} eval(u'_8) = & c_{34} f_{34} |x_3 - x_4| + c_{42} f_{42} |x_4 - x_2| + c_{21} f_{21} |x_2 - x_1| + c_{12} f_{12} |x_1 - x_2| + c_{24} f_{24} |x_2 - x_4| + \\ & c_{43} f_{43} |x_4 - x_3| = 64 \end{aligned}$$

Επειδή το σχέδιο διάταξης είναι πρόβλημα ελαχιστοποίησης, πρέπει να μετατρέψουμε την τιμή της αντικειμενικής συνάρτησης για κάθε χρωμόσωμα σε τιμή καταλληλότητας έτσι ώστε το πιο κατάλληλο χρωμόσωμα να έχει μεγαλύτερη τιμή καταλληλότητας. Η μετατροπή γίνεται με την ακόλουθη συνάρτηση αξιολόγησης:

$$eval(u) = \frac{1}{fk}$$

Άρα έχω:

$$eval(u_1) = \frac{1}{63} = 0.0159$$

$$eval(u_2) = \frac{1}{63} = 0.0159$$

$$eval(u_3) = \frac{1}{65} = 0.0154$$

$$eval(u_4) = \frac{1}{65} = 0.0154$$

$$eval(u_5) = \frac{1}{63} = 0.0159$$

$$eval(u_6) = \frac{1}{65} = 0.0154$$

$$eval(u_7) = \frac{1}{63} = 0.0159$$

$$eval(u_8) = \frac{1}{64} = 0.0156$$

$$eval(u_9) = \frac{1}{63} = 0.0159$$

$$eval(u_{10}) = \frac{1}{61} = 0.0164$$

$$eval(u'_3) = \frac{1}{65} = 0.0164$$

$$eval(u'_2) = \frac{1}{63} = 0.0159$$

$$eval(u'_4) = \frac{1}{65} = 0.0154$$

$$eval(u'_8) = \frac{1}{53} = 0.01887$$

Μετά την αξιολόγηση των γονέων καθώς και των απόγονων οι απόγονοι αντικαθιστούν τα μέλη του πληθυσμού που έχουν καταλληλότητα μικρότερη από τη δική τους.

Ο νέος πληθυσμός μετά τις αντικαταστάσεις είναι:

$$u_1 = (1\ 2\ 3\ 4)$$

$$u_2 = (1\ 3\ 4\ 2)$$

$$u_3 = (1\ 4\ 2\ 3)$$

$$u_4 = (2\ 1\ 4\ 3)$$

$$u_5 = (3\ 4\ 1\ 2)$$

$$u_6 = (3\ 4\ 2\ 1)$$

$$u_7 = (4\ 3\ 2\ 1)$$

$$u_8 = (4\ 1\ 2\ 3)$$

$$u_9 = (1\ 3\ 2\ 4)$$

$$u_{10} = (3\ 4\ 2\ 1)$$

Επιλογή: Για να γίνει επιλογή των χρωμοσωμάτων που θα προχωρήσουν στην επόμενη γενιά θα χρησιμοποιήσουμε τη μέθοδο της ρουλέτας. Η ρουλέτα θα κατασκευαστεί με τα εξής βήματα;

1. Υπολογίζουμε την τιμή καταλληλότητας κάθε χρωμοσώματος.

$$eval(u_1) = \frac{1}{63} = 0.0159$$

$$eval(u_2) = \frac{1}{63} = 0.0159$$

$$eval(u_3) = \frac{1}{65} = 0.0154$$

$$eval(u_4) = \frac{1}{63} = 0.0159$$

Βέλτιστη διευθέτηση μηχανών σε γραμμή παραγωγής

$$eval(u_5) = \frac{1}{63} = 0.0159$$

$$eval(u_6) = \frac{1}{64} = 0.0156$$

$$eval(u_7) = \frac{1}{63} = 0.0159$$

$$eval(u_8) = \frac{1}{61} = 0.0164$$

$$eval(u_9) = \frac{1}{63} = 0.0159$$

$$eval(u_{10}) = \frac{1}{64} = 0.0156$$

2. Υπολογίζουμε τη συνολική καταλληλότητα του πληθυσμού.

$$F = \sum_{k=1}^{10} eval(u_k)$$

Άρα έχω

$$F = eval(u_1) + eval(u_2) + eval(u_3) + eval(u_4) + eval(u_5) + eval(u_6) + eval(u_7) + eval(u_8) + eval(u_9) + eval(u_{10}) = 0.1584$$

3. Υπολογίζουμε την πιθανότητα επιλογής p_k για κάθε χρωμόσωμα

$$p_k = \frac{eval(u_k)}{F}$$

Άρα έχω:

$$p_1 = \frac{eval(u_1)}{F} = 0.1003$$

$$p_2 = \frac{eval(u_2)}{F} = 0.1003$$

Βέλτιστη διευθέτηση μηχανών σε γραμμή παραγωγής

$$p_3 = \frac{eval(u_3)}{F} = 0.0972$$

$$p_4 = \frac{eval(u_4)}{F} = 0.1003$$

$$p_5 = \frac{eval(u_5)}{F} = 0.1003$$

$$p_6 = \frac{eval(u_6)}{F} = 0.0984$$

$$p_7 = \frac{eval(u_7)}{F} = 0.1003$$

$$p_8 = \frac{eval(u_8)}{F} = 0.1035$$

$$p_9 = \frac{eval(u_9)}{F} = 0.1003$$

$$p_{10} = \frac{eval(u_{10})}{F} = 0.0984$$

4. Υπολογίζουμε τη συνολική πιθανότητα q_k για κάθε χρωμόσωμα

$$q_k = \sum_{j=1}^k p_j$$

Άρα έχω:

$$q_1 = 0.1003$$

$$q_2 = 0.2006$$

$$q_3 = 0.2978$$

$$q_4 = 0.3981$$

$$q_5 = 0.4984$$

$$q_6 = 0.5968$$

$$q_7 = 0.6971$$

$$q_8 = 0.8006$$

$$q_9 = 0.9009$$

$$q_{10} = 1$$

Τώρα θα γυρίσουμε τη ρουλέτα 10 φορές και κάθε φορά θα επιλέγουμε ένα και μόνο χρωμόσωμα κάθε φορά για το νέο πληθυσμό.

Έστω οι 10 τυχαίοι αριθμοί με εύρος $[0,1]$:

0.0301

0.3508

0.0326

0.3220

0.5833

0.1975

0.7665

0.1776

0.8818

0.3432

Ο πρώτος αριθμός είναι μικρότερος από την πιθανότητα επιλογής του πρώτου χρωμοσώματος άρα το πρώτο χρωμόσωμα επιλέγεται. Ο δεύτερος αριθμός είναι μεταξύ των χρωμοσωμάτων u_3 και u_4 άρα το τρίτο χρωμόσωμα θα επιλεγεί. Με τον ίδιο τρόπο γίνεται η επιλογή όλων των χρωμοσωμάτων που θα αποτελέσουν το νέο πληθυσμό.

Ο νέος πληθυσμός αποτελείται από τα εξής χρωμοσώματα:

$u'_1 = (1\ 2\ 3\ 4)$

$u'_2 = (1\ 4\ 2\ 3)$

$u'_3 = (1\ 2\ 3\ 4)$

$u'_4 = (1\ 4\ 2\ 3)$

$u'_5 = (3\ 4\ 1\ 2)$

$u'_6 = (1\ 2\ 3\ 4)$

$u'_7 = (4\ 3\ 2\ 1)$

$u'_8 = (1\ 2\ 3\ 4)$

$u'_9 = (4\ 1\ 2\ 3)$

$u'_{10} = (1\ 4\ 2\ 3)$

Συμπέρασμα: Τα χρωμοσώματα με την μεγαλύτερη καταλληλότητα είναι το ένατο με τιμή καταλληλότητας 0.0164

3.2.2 Δεύτερη γενιά

Μετά την πρώτη γενιά ο πληθυσμός με τις πιθανές λύσεις είναι ο εξής:

$$u_1 = (1\ 2\ 3\ 4)$$

$$u_2 = (1\ 4\ 2\ 3)$$

$$u_3 = (1\ 2\ 3\ 4)$$

$$u_4 = (1\ 4\ 2\ 3)$$

$$u_5 = (3\ 4\ 1\ 2)$$

$$u_6 = (1\ 2\ 3\ 4)$$

$$u_7 = (4\ 3\ 2\ 1)$$

$$u_8 = (1\ 2\ 3\ 4)$$

$$u_9 = (4\ 1\ 2\ 3)$$

$$u_{10} = (1\ 4\ 2\ 3)$$

Διασταύρωση: Η πιθανότητα για διασταύρωση είναι $p_c=0.25$ δηλαδή το 25% των χρωμοσωμάτων θα υποστούν διασταύρωση. Στο συγκεκριμένο παράδειγμα και για πληθυσμό 10 χρωμοσωμάτων, διασταύρωση θα υποστούν 2 χρωμοσώματα.

Για να γίνει διασταύρωση μεταξύ δύο χρωμοσωμάτων πρέπει αρχικά να επιλεγούν τα χρωμοσώματα. Αυτό γίνεται με τη μέθοδο της ρουλέτας. Έστω 10 τυχαία νούμερα με εύρος $[0,1]$

0.9501

0.6068

0.4860

0.2311

0.8913

0.0185

0.7621

0.4565

0.8214

0.4447

Τα χρωμοσώματα που επιλέγονται είναι το 4^ο και το 6^ο γιατί σε αυτά αντιστοιχούν οι χαμηλότερες τιμές.

Τα χρωμοσώματα που θα διασταυρωθούν μετατρέπονται στο δυαδικό σύστημα. Άρα έχω:

$$u_4 = (1\ 4\ 2\ 3) \rightarrow (001\ 100\ 010\ 011)$$

$$u_6 = (1\ 2\ 3\ 4) \rightarrow (001\ 010\ 011\ 100)$$

Επιλέγουμε ένα τυχαίο σημείο τομής μεταξύ 2 και 11(γιατί 12 είναι το μήκος του χρωμοσώματος). Έστω το 4.

Έχω:

$$\begin{array}{c} \downarrow \\ u_4(001\ 100\ 010\ 011) \\ u_6(001\ 010\ 011\ 100) \end{array}$$

Το αποτέλεσμα είναι δύο καινούργια χρωμοσώματα.

$$u_4(010\ 010\ 011\ 100)$$

$$u_6(001\ 000\ 010\ 011)$$

Κάνουμε τη μετατροπή και έχουμε:

$$u'_4(010\ 010\ 011\ 100) \rightarrow (2\ 2\ 3\ 4)$$

$$u'_6(001\ 000\ 010\ 011) \rightarrow (1\ 0\ 2\ 3)$$

Τα χρωμοσώματα που προκύπτουν αντιστοιχούν σε μη εφικτές λύσεις. Δεν θα απορριφθούν γιατί στην εφαρμογή του συγκεκριμένου γενετικού αλγόριθμου έχει προκαθοριστεί να γίνεται διόρθωση των μη εφικτών τιμών .

Μετάλλαξη: Η πιθανότητα για μετάλλαξη είναι $p_m=0.01$ δηλαδή στο συγκεκριμένο παράδειγμα και για πληθυσμό $10 \times 12 = 120$ χρωμοσωμάτων θα γίνουν 2 μεταλλάξεις.

Θέση γόνου	Αριθμός χρωμοσώματος	Αριθμός γόνου στο χρωμόσωμα	Τυχαίος αριθμός
50	5	2	0.00156
111	10	3	0.00589

Τα χρωμοσώματα που θα υποστούν μετάλλαξη μετατρέπονται στο δυαδικό σύστημα. Άρα έχω:

Πρώτο χρωμόσωμα:

$$u_5 = (3 \ 4 \ 1 \ 2) \rightarrow (011 \ 100 \ 001 \ 010)$$

$$\downarrow$$

$$(001 \ 100 \ 001 \ 010)$$

Άρα το χρωμόσωμα μετά τη μετατροπή είναι:

$$u'_5 = (1 \ 4 \ 1 \ 2)$$

Δεύτερο χρωμόσωμα:

$$u_{10} = (1 \ 4 \ 2 \ 3) \rightarrow (001 \ 100 \ 010 \ 011)$$

$$\downarrow$$

$$(000 \ 100 \ 010 \ 011)$$

Άρα το χρωμόσωμα μετά τη μετατροπή είναι:

$$u'_{10} = (0 \ 4 \ 2 \ 3)$$

Τα χρωμοσώματα που προκύπτουν αντιστοιχούν σε μη εφικτές λύσεις. Δεν θα απορριφθούν γιατί στην εφαρμογή του συγκεκριμένου γενετικού αλγόριθμου έχει προκαθοριστεί να γίνεται διόρθωση των μη εφικτών τιμών .

Διόρθωση χρωμοσωμάτων που δεν είναι εφικτά: Μετά τις διαδικασίες της διασταύρωσης και της μετάλλαξης θα γίνει διόρθωση των χρωμοσωμάτων που οι τιμές τους δεν είναι εφικτές λύσεις.

$$u'_4 = (2 \ 2 \ 3 \ 4)$$

$$u'_6 = (1 \ 0 \ 2 \ 3)$$

$$u'_5 = (1 \ 4 \ 1 \ 2)$$

$$u'_{10} = (0 \ 4 \ 2 \ 3)$$

Μετά τη διόρθωση οι τιμές που έχουν τα διορθωμένα χρωμοσώματα είναι:

$$u'_4 = (2 \ 1 \ 3 \ 4)$$

$$u'_6 = (1 \ 4 \ 2 \ 3)$$

$$u'_5 = (1 \ 4 \ 3 \ 2)$$

$$u'_{10} = (1 \ 4 \ 2 \ 3)$$

Αξιολόγηση: Η συνάρτηση αξιολόγησης είναι:

$$fk = c_{ij} f_{ij} |x_i - x_j|$$

$$x_i = 1 + \frac{1}{2} I_1$$

$$x_j = 1 + I_1 + d_{ij} + \frac{1}{2} I_2$$

Τώρα θα γίνει αξιολόγηση κάθε χρωμοσώματος με βάση τη συνάρτηση αξιολόγησης

$$u_1 = (1 \ 2 \ 3 \ 4)$$

$$\text{eval}(u_1) = 63$$

$$u_2 = (1 \ 4 \ 2 \ 3)$$

$$\text{eval}(u_2) = 65$$

$$u_3 = (1 \ 2 \ 3 \ 4)$$

$$\text{eval}(u_3)=63$$

$$u_4= (1\ 4\ 2\ 3)$$

$$\text{eval}(u_4)=65$$

$$u_5= (3\ 4\ 1\ 2)$$

$$\text{eval}(u_5)=63$$

$$u_6= (1\ 2\ 3\ 4)$$

$$\text{eval}(u_6)=63$$

$$u_7= (4\ 3\ 2\ 1)$$

$$\text{eval}(u_7)=63$$

$$u_8= (1\ 2\ 3\ 4)$$

$$\text{eval}(u_8)=63$$

$$u_9= (4\ 1\ 2\ 3)$$

$$\text{eval}(u_9)=61$$

$$u_{10}= (1\ 4\ 2\ 3)$$

$$\text{eval}(u_{10})=65$$

$$u'_4=(2\ 1\ 3\ 4)$$

$$\text{eval}(u'_4)=62$$

$$u'_6=(1\ 4\ 2\ 3)$$

$$\text{eval}(u'_6)=65$$

$$u'_5=(1\ 4\ 3\ 2)$$

$$\text{eval}(u'_5)=65$$

$$u'_{10}=(1\ 4\ 2\ 3)$$

$$\text{eval}(u'_{10})=65$$

Επειδή το σχέδιο διάταξης είναι πρόβλημα ελαχιστοποίησης, πρέπει να μετατρέψουμε την τιμή της αντικειμενικής συνάρτησης για κάθε χρωμόσωμα σε τιμή καταλληλότητας έτσι ώστε το πιο κατάλληλο χρωμόσωμα να έχει μεγαλύτερη τιμή καταλληλότητας. Η μετατροπή γίνεται με την ακόλουθη συνάρτηση αξιολόγησης:

$$eval(u) = \frac{1}{fk}$$

Άρα έχω:

$$eval(u_1) = \frac{1}{63} = 0.0159$$

$$eval(u_2) = \frac{1}{65} = 0.0154$$

$$eval(u_3) = \frac{1}{63} = 0.0159$$

$$eval(u_4) = \frac{1}{65} = 0.0154$$

$$eval(u_5) = \frac{1}{63} = 0.0159$$

$$eval(u_6) = \frac{1}{63} = 0.0159$$

$$eval(u_7) = \frac{1}{63} = 0.0159$$

$$eval(u_8) = \frac{1}{63} = 0.0159$$

$$eval(u_9) = \frac{1}{61} = 0.0164$$

$$eval(u_{10}) = \frac{1}{65} = 0.0154$$

$$eval(u'_4) = \frac{1}{62} = 0.0161$$

$$eval(u'_6) = \frac{1}{65} = 0.0154$$

Βέλτιστη διευθέτηση μηχανών σε γραμμή παραγωγής

$$eval(u'_5) = \frac{1}{65} = 0.0154$$

$$eval(u'_{10}) = \frac{1}{65} = 0.0154$$

Μετά την αξιολόγηση των γονέων καθώς και των απόγονων οι απόγονοι αντικαθιστούν τα μέλη του πληθυσμού που έχουν καταλληλότητα μικρότερη από τη δική τους.

Ο νέος πληθυσμός μετά τις αντικαταστάσεις είναι:

$$u_1 = (1 \ 2 \ 3 \ 4)$$

$$u_2 = (1 \ 4 \ 2 \ 3)$$

$$u_3 = (1 \ 2 \ 3 \ 4)$$

$$u_4 = (1 \ 4 \ 2 \ 3)$$

$$u_5 = (3 \ 4 \ 1 \ 2)$$

$$u_6 = (1 \ 2 \ 3 \ 4)$$

$$u_7 = (4 \ 3 \ 2 \ 1)$$

$$u_8 = (1 \ 2 \ 3 \ 4)$$

$$u_9 = (4 \ 1 \ 2 \ 3)$$

$$u_{10} = (2 \ 1 \ 3 \ 4)$$

Επιλογή: Για να γίνει επιλογή των χρωμοσωμάτων που θα προχωρήσουν στην επόμενη γενιά θα χρησιμοποιήσουμε τη μέθοδο της ρουλέτας. Η ρουλέτα θα κατασκευαστεί με τα εξής βήματα;

1. Υπολογίζουμε την τιμή καταλληλότητας κάθε χρωμοσώματος.

$$eval(u_1) = \frac{1}{63} = 0.0159$$

$$eval(u_2) = \frac{1}{65} = 0.0154$$

$$eval(u_3) = \frac{1}{63} = 0.0159$$

$$eval(u_4) = \frac{1}{65} = 0.0154$$

Βέλτιστη διευθέτηση μηχανών σε γραμμή παραγωγής

$$eval(u_5) = \frac{1}{63} = 0.0159$$

$$eval(u_6) = \frac{1}{63} = 0.0159$$

$$eval(u_7) = \frac{1}{63} = 0.0159$$

$$eval(u_8) = \frac{1}{63} = 0.0159$$

$$eval(u_9) = \frac{1}{61} = 0.0164$$

$$eval(u_{10}) = \frac{1}{62} = 0.0161$$

2. Υπολογίζουμε τη συνολική καταλληλότητα του πληθυσμού.

$$F = \sum_{k=1}^{10} eval(u_k)$$

Άρα έχω

$$F = eval(u_1) + eval(u_2) + eval(u_3) + eval(u_4) + eval(u_5) + eval(u_6) + eval(u_7) + eval(u_8) + eval(u_9) + eval(u_{10}) = 0.1611$$

3. Υπολογίζουμε την πιθανότητα επιλογής p_k για κάθε χρωμόσωμα

$$p_k = \frac{eval(u_k)}{F}$$

Άρα έχω

$$p_1 = \frac{eval(u_1)}{F} = 0.0986$$

$$p_2 = \frac{eval(u_2)}{F} = 0.0955$$

Βέλτιστη διευθέτηση μηχανών σε γραμμή παραγωγής

$$p_3 = \frac{eval(u_3)}{F} = 0.0986$$

$$p_4 = \frac{eval(u_4)}{F} = 0.0955$$

$$p_5 = \frac{eval(u_5)}{F} = 0.0986$$

$$p_6 = \frac{eval(u_6)}{F} = 0.0986$$

$$p_7 = \frac{eval(u_7)}{F} = 0.0986$$

$$p_8 = \frac{eval(u_8)}{F} = 0.0986$$

$$p_9 = \frac{eval(u_9)}{F} = 0.1018$$

$$p_{10} = \frac{eval(u_{10})}{F} = 0.0999$$

4. Υπολογίζουμε τη συνολική πιθανότητα q_k για κάθε χρωμόσωμα

$$q_k = \sum_{j=1}^k p_j$$

Άρα έχω:

$$q_1 = 0.0986$$

$$q_2 = 0.1941$$

$$q_3 = 0.2927$$

$$q_4 = 0.3882$$

$$q_5 = 0.4868$$

$$q_6 = 0.5854$$

$$q_7 = 0.6840$$

$$q_8 = 0.7826$$

$$q_9 = 0.8844$$

$$q_{10} = 1$$

Τώρα θα γυρίσουμε τη ρουλέτα 10 φορές και κάθε φορά θα επιλέγουμε ένα και μόνο χρωμόσωμα κάθε φορά για το νέο πληθυσμό.

Έστω οι 10 τυχαίοι αριθμοί με εύρος $[0,1]$:

0.6154

0.7919

0.9218

0.7382

0.1763

0.4057

0.9355

0.9169

0.4103

0.8936

Ο νέος πληθυσμός αποτελείται από τα εξής χρωμοσώματα:

$u_1 = (1\ 2\ 3\ 4)$

$u_2 = (4\ 3\ 2\ 1)$

$u_3 = (4\ 1\ 2\ 3)$

$u_4 = (4\ 3\ 2\ 1)$

$u_5 = (1\ 2\ 3\ 4)$

$u_6 = (1\ 2\ 3\ 4)$

$u_7 = (4\ 1\ 2\ 3)$

$u_8 = (4\ 1\ 2\ 3)$

$u_9 = (1\ 4\ 2\ 3)$

$u_{10} = (4\ 1\ 2\ 3)$

Συμπέρασμα: Τα χρωμοσώματα με την μεγαλύτερη καταλληλότητα είναι το τρίτο, το έβδομο, το όγδοο και το ένατο με τιμή καταλληλότητας 0.0164 δηλαδή η βέλτιστη τιμή καταλληλότητας δεν μεταβλήθηκε από την πρώτη γενιά.

3.2.3 Τρίτη γενιά

Μετά και τη δεύτερη γενιά ο πληθυσμός με τις πιθανές λύσεις είναι ο εξής:

$$u_1 = (1 \ 2 \ 3 \ 4)$$

$$u_2 = (4 \ 3 \ 2 \ 1)$$

$$u_3 = (4 \ 1 \ 2 \ 3)$$

$$u_4 = (4 \ 3 \ 2 \ 1)$$

$$u_5 = (1 \ 2 \ 3 \ 4)$$

$$u_6 = (1 \ 2 \ 3 \ 4)$$

$$u_7 = (4 \ 1 \ 2 \ 3)$$

$$u_8 = (4 \ 1 \ 2 \ 3)$$

$$u_9 = (1 \ 4 \ 2 \ 3)$$

$$u_{10} = (4 \ 1 \ 2 \ 3)$$

Διασταύρωση: Η πιθανότητα για διασταύρωση είναι $p_c=0.25$ δηλαδή το 25% των χρωμοσωμάτων θα υποστούν διασταύρωση. Στο συγκεκριμένο παράδειγμα και για πληθυσμό 10 χρωμοσωμάτων, διασταύρωση θα υποστούν 2 χρωμοσώματα.

Για να γίνει διασταύρωση μεταξύ δύο χρωμοσωμάτων πρέπει αρχικά να επιλεγούν τα χρωμοσώματα. Αυτό γίνεται με τη μέθοδο της ρουλέτας.

Έστω 10 τυχαία νούμερα με εύρος $[0,1]$

0.0579

0.3529

0.8132

0.0099

0.1389

0.2028

0.1987

0.6038

0.2722

0.1988

Τα χρωμοσώματα που επιλέγονται είναι το 1^ο και το 4^ο γιατί σε αυτά αντιστοιχούν οι χαμηλότερες τιμές.

Τα χρωμοσώματα που θα διασταυρωθούν μετατρέπονται στο δυαδικό σύστημα. Άρα έχω:

$$u_1 = (1\ 2\ 3\ 4) \rightarrow (001\ 011\ 010\ 100)$$

$$u_4 = (4\ 3\ 2\ 1) \rightarrow (100\ 011\ 010\ 001)$$

Επιλέγουμε ένα τυχαίο σημείο τομής μεταξύ 2 και 11(γιατί 12 είναι το μήκος του χρωμοσώματος). Έστω το 9.

Έχω:



$$u_1(001\ 011\ 010\ 100)$$

$$u_4(100\ 011\ 010\ 001)$$

Το αποτέλεσμα είναι δύο καινούργια χρωμοσώματα.

$$u_1(001\ 011\ 010\ 001)$$

$$u_4(100\ 011\ 010\ 100)$$

Κάνουμε τη μετατροπή και έχουμε:

$$u'_1(001\ 011\ 010\ 001) \rightarrow (1\ 3\ 2\ 1)$$

$$u'_4(100\ 011\ 010\ 100) \rightarrow (4\ 3\ 2\ 4)$$

Τα χρωμοσώματα που προκύπτουν αντιστοιχούν σε μη εφικτές λύσεις. Δεν θα απορριφθούν γιατί στην εφαρμογή του συγκεκριμένου γενετικού αλγόριθμου έχει προκαθοριστεί να γίνεται διόρθωση των μη εφικτών τιμών .

Μετάλλαξη: Η πιθανότητα για μετάλλαξη είναι $p_m=0.01$ δηλαδή στο συγκεκριμένο παράδειγμα και για πληθυσμό $10 \times 12=120$ χρωμοσωμάτων θα γίνουν 2 μεταλλάξεις.

Θέση γόνου	Αριθμός χρωμοσώματος	Αριθμός γόνου στο χρωμόσωμα	Τυχαίος αριθμός
74	7	2	0.00025
99	9	3	0.00129

Τα χρωμοσώματα που θα υποστούν μετάλλαξη μετατρέπονται στο δυαδικό σύστημα. Άρα έχω:

Πρώτο χρωμόσωμα:

$$u_7 = (4 \ 1 \ 2 \ 3) \rightarrow (100 \ 001 \ 010 \ 011)$$

$$\downarrow$$

$$(110 \ 001 \ 010 \ 011)$$

Άρα το χρωμόσωμα μετά τη μετατροπή είναι:

$$u'_2 = (6 \ 1 \ 2 \ 3)$$

Δεύτερο χρωμόσωμα:

$$u_9 = (1 \ 4 \ 2 \ 3) \rightarrow (001 \ 100 \ 010 \ 011)$$

$$\downarrow$$

$$(000 \ 100 \ 010 \ 011)$$

Άρα το χρωμόσωμα μετά τη μετατροπή είναι:

$$u'_9 = (0 \ 3 \ 2 \ 4)$$

Τα χρωμοσώματα που προκύπτουν αντιστοιχούν σε μη εφικτές λύσεις. Δεν θα απορριφθούν γιατί στην εφαρμογή του συγκεκριμένου γενετικού αλγόριθμου έχει προκαθοριστεί να γίνεται διόρθωση των μη εφικτών τιμών .

Διόρθωση χρωμοσωμάτων που δεν είναι εφικτά: Μετά τις διαδικασίες της διασταύρωσης και της μετάλλαξης θα γίνει διόρθωση των χρωμοσωμάτων που οι τιμές τους δεν είναι εφικτές λύσεις.

$$u'_1=(1\ 3\ 2\ 1)$$

$$u'_4=(4\ 3\ 2\ 4)$$

$$u'_2=(6\ 1\ 2\ 3)$$

$$u'_9=(0\ 4\ 2\ 3)$$

Μετά τη διόρθωση οι τιμές που έχουν τα διορθωμένα χρωμοσώματα είναι:

$$u'_1=(4\ 3\ 2\ 1)$$

$$u'_4=(4\ 3\ 2\ 1)$$

$$u'_2=(4\ 1\ 2\ 3)$$

$$u'_9=(1\ 4\ 2\ 3)$$

Αξιολόγηση: Η συνάρτηση αξιολόγησης είναι:

$$fk = c_{ij} f_{ij} |x_i - x_j|$$

$$x_i = 1 + \frac{1}{2} I_1$$

$$x_j = 1 + I_1 + d_{ij} + \frac{1}{2} I_2$$

Τώρα θα γίνει αξιολόγηση κάθε χρωμοσώματος με βάση τη συνάρτηση αξιολόγησης

$$u_1 = (1\ 2\ 3\ 4)$$

$$\text{eval}(u_1)=63$$

$$u_2 = (4\ 3\ 2\ 1)$$

$$\text{eval}(u_2)= 63$$

$$u_3 = (4\ 1\ 2\ 3)$$

$$\text{eval}(u_3)=61$$

$$u_4= (4\ 3\ 2\ 1)$$

$$\text{eval}(u_4)= 63$$

$$u_5= (1\ 2\ 3\ 4)$$

$$\text{eval}(u_5)= 63$$

$$u_6= (1\ 2\ 3\ 4)$$

$$\text{eval}(u_6)= 63$$

$$u_7= (4\ 1\ 2\ 3)$$

$$\text{eval}(u_7)= 61$$

$$u_8= (4\ 1\ 2\ 3)$$

$$\text{eval}(u_8)= 61$$

$$u_9=(1\ 4\ 2\ 3)$$

$$\text{eval}(u_9)=65$$

$$u_{10}=(4\ 1\ 2\ 3)$$

$$\text{eval}(u_{10})= 61$$

$$u'_1=(4\ 3\ 2\ 1)$$

$$\text{eval}(u'_1)= 63$$

$$u'_4=(4\ 3\ 2\ 1)$$

$$\text{eval}(u'_4)= 63$$

$$u'_2=(4\ 1\ 2\ 3)$$

$$\text{eval}(u'_2)=61$$

$$u'_9=(1\ 4\ 2\ 3)$$

$$\text{eval}(u'_9)=65$$

Επειδή το σχέδιο διάταξης είναι πρόβλημα ελαχιστοποίησης, πρέπει να μετατρέψουμε την τιμή της αντικειμενικής συνάρτησης για κάθε χρωμόσωμα σε τιμή καταλληλότητας έτσι ώστε το πιο κατάλληλο χρωμόσωμα να έχει μεγαλύτερη τιμή καταλληλότητας. Η μετατροπή γίνεται με την ακόλουθη συνάρτηση αξιολόγησης:

$$eval(u) = \frac{1}{fk}$$

Άρα έχω:

$$eval(u_1) = \frac{1}{63} = 0.0159$$

$$eval(u_2) = \frac{1}{63} = 0.0159$$

$$eval(u_3) = \frac{1}{61} = 0.0164$$

$$eval(u_4) = \frac{1}{63} = 0.0159$$

$$eval(u_5) = \frac{1}{63} = 0.0159$$

$$eval(u_6) = \frac{1}{63} = 0.0159$$

$$eval(u_7) = \frac{1}{61} = 0.0164$$

$$eval(u_8) = \frac{1}{61} = 0.0164$$

$$eval(u_9) = \frac{1}{65} = 0.0154$$

$$eval(u_{10}) = \frac{1}{61} = 0.0164$$

$$eval(u'_4) = \frac{1}{63} = 0.0159$$

$$eval(u'_6) = \frac{1}{63} = 0.0159$$

$$eval(u'_5) = \frac{1}{61} = 0.0164$$

$$eval(u'_{10}) = \frac{1}{65} = 0.0154$$

Μετά την αξιολόγηση των γονέων καθώς και των απόγονων οι απόγονοι αντικαθιστούν τα μέλη του πληθυσμού που έχουν καταλληλότητα μικρότερη από τη δική τους.

Ο νέος πληθυσμός μετά τις αντικαταστάσεις είναι:

$$u_1 = (1 \ 2 \ 3 \ 4)$$

$$u_2 = (4 \ 3 \ 2 \ 1)$$

$$u_3 = (4 \ 1 \ 2 \ 3)$$

$$u_4 = (4 \ 3 \ 2 \ 1)$$

$$u_5 = (1 \ 2 \ 3 \ 4)$$

$$u_6 = (1 \ 2 \ 3 \ 4)$$

$$u_7 = (4 \ 1 \ 2 \ 3)$$

$$u_8 = (4 \ 1 \ 2 \ 3)$$

$$u_9 = (4 \ 1 \ 2 \ 3)$$

$$u_{10} = (4 \ 1 \ 2 \ 3)$$

Επιλογή: Για να γίνει επιλογή των χρωμοσωμάτων που θα προχωρήσουν στην επόμενη γενιά θα χρησιμοποιήσουμε τη μέθοδο της ρουλέτας. Η ρουλέτα θα κατασκευαστεί με τα εξής βήματα;

1. Υπολογίζουμε την τιμή καταλληλότητας κάθε χρωμοσώματος.

$$eval(u_1) = \frac{1}{63} = 0.0159$$

$$eval(u_2) = \frac{1}{63} = 0.0159$$

$$eval(u_3) = \frac{1}{61} = 0.0164$$

$$eval(u_4) = \frac{1}{63} = 0.0159$$

Βέλτιστη διευθέτηση μηχανών σε γραμμή παραγωγής

$$eval(u_5) = \frac{1}{63} = 0.0159$$

$$eval(u_6) = \frac{1}{63} = 0.0159$$

$$eval(u_7) = \frac{1}{61} = 0.0164$$

$$eval(u_8) = \frac{1}{61} = 0.0164$$

$$eval(u_9) = \frac{1}{61} = 0.0164$$

$$eval(u_{10}) = \frac{1}{61} = 0.0164$$

2. Υπολογίζουμε τη συνολική καταλληλότητα του πληθυσμού.

$$F = \sum_{k=1}^{10} eval(u_k)$$

Άρα έχω

$$F = eval(u_1) + eval(u_2) + eval(u_3) + eval(u_4) + eval(u_5) + eval(u_6) + eval(u_7) + eval(u_8) + eval(u_9) + eval(u_{10}) = 0.1615$$

3. Υπολογίζουμε την πιθανότητα επιλογής p_k για κάθε χρωμόσωμα

$$p_k = \frac{eval(u_k)}{F}$$

Άρα έχω

$$p_1 = \frac{eval(u_1)}{F} = 0.0984$$

$$p_2 = \frac{eval(u_2)}{F} = 0.0984$$

$$p_3 = \frac{eval(u_3)}{F} = 0.1015$$

Βέλτιστη διευθέτηση μηχανών σε γραμμή παραγωγής

$$p_4 = \frac{eval(u_4)}{F} = 0.0984$$

$$p_5 = \frac{eval(u_5)}{F} = 0.0984$$

$$p_6 = \frac{eval(u_6)}{F} = 0.0984$$

$$p_7 = \frac{eval(u_7)}{F} = 0.1015$$

$$p_8 = \frac{eval(u_8)}{F} = 0.1015$$

$$p_9 = \frac{eval(u_9)}{F} = 0.1015.$$

$$p_{10} = \frac{eval(u_{10})}{F} = 0.1015$$

4. Υπολογίζουμε τη συνολική πιθανότητα q_k για κάθε χρωμόσωμα

$$q_k = \sum_{j=1}^k p_j$$

Άρα έχω:

$$q_1 = 0.0985$$

$$q_2 = 0.1970$$

$$q_3 = 0.2985$$

$$q_4 = 0.3970$$

$$q_5 = 0.4955$$

$$q_6 = 0.5940$$

$$q_7 = 0.6955$$

$$q_8 = 0.7970$$

$$q_9 = 0.8985$$

$$q_{10} = 1$$

Τώρα θα γυρίσουμε τη ρουλέτα 10 φορές και κάθε φορά θα επιλέγουμε ένα και μόνο χρωμόσωμα κάθε φορά για το νέο πληθυσμό.

Έστω οι 10 τυχαίοι αριθμοί με εύρος [0,1]:

0.0153

0.7468

0.4451

0.9318

0.4660

0.4186

0.8462

0.5252

0.2026

0.6721

Ο νέος πληθυσμός αποτελείται από τα εξής χρωμοσώματα:

$u_1 = (1\ 2\ 3\ 4)$

$u_2 = (4\ 1\ 2\ 3)$

$u_3 = (4\ 3\ 2\ 1)$

$u_4 = (4\ 1\ 2\ 3)$

$u_5 = (4\ 3\ 2\ 1)$

$u_6 = (4\ 3\ 2\ 1)$

$u_7 = (4\ 1\ 2\ 3)$

$u_8 = (1\ 2\ 3\ 4)$

$u_9 = (4\ 3\ 2\ 1)$

$u_{10} = (1\ 2\ 3\ 4)$

Συμπέρασμα: Τα χρωμοσώματα με την μεγαλύτερη καταλληλότητα είναι το τέταρτο και το έβδομο με τιμή καταλληλότητας 0.0164, δηλαδή η βέλτιστη τιμή καταλληλότητας δεν μεταβλήθηκε από την πρώτη και τη δεύτερη γενιά.

3.2.4 Τέταρτη γενιά

Μετά και την τρίτη γενιά ο πληθυσμός με τις πιθανές λύσεις είναι ο εξής:

$$u_1 = (1\ 2\ 3\ 4)$$

$$u_2 = (4\ 1\ 2\ 3)$$

$$u_3 = (4\ 3\ 2\ 1)$$

$$u_4 = (4\ 1\ 2\ 3)$$

$$u_5 = (4\ 3\ 2\ 1)$$

$$u_6 = (4\ 3\ 2\ 1)$$

$$u_7 = (4\ 1\ 2\ 3)$$

$$u_8 = (1\ 2\ 3\ 4)$$

$$u_9 = (4\ 3\ 2\ 1)$$

$$u_{10} = (1\ 2\ 3\ 4)$$

Διασταύρωση: Η πιθανότητα για διασταύρωση είναι $p_c=0.25$ δηλαδή το 25% των χρωμοσωμάτων θα υποστούν διασταύρωση. Στο συγκεκριμένο παράδειγμα και για πληθυσμό 10 χρωμοσωμάτων, διασταύρωση θα υποστούν 2 χρωμοσώματα.

Για να γίνει διασταύρωση μεταξύ δύο χρωμοσωμάτων πρέπει αρχικά να επιλεγούν τα χρωμοσώματα. Αυτό γίνεται με τη μέθοδο της ρουλέτας. Έστω 10 τυχαία νούμερα με εύρος $[0,1]$

0.8381

0.6813

0.0196

0.3795

0.8318

0.5028

0.7095

0.4289

0.3046

0.1897

Τα χρωμοσώματα που επιλέγονται είναι το 3^ο και το 10^ο γιατί σε αυτά αντιστοιχούν οι χαμηλότερες τιμές.

Τα χρωμοσώματα που θα διασταυρωθούν μετατρέπονται στο δυαδικό σύστημα. Άρα έχω:

$$u_3 = (4 \ 3 \ 2 \ 1) \rightarrow (100 \ 011 \ 010 \ 001)$$

$$u_{10} = (1 \ 2 \ 3 \ 4) \rightarrow (001 \ 010 \ 011 \ 100)$$

Επιλέγουμε ένα τυχαίο σημείο τομής μεταξύ 2 και 11(γιατί 12 είναι το μήκος του χρωμοσώματος). Έστω το 3.

Έχω:



$$u_3 (100 \ 011 \ 010 \ 001)$$

$$u_{10}(001 \ 010 \ 011 \ 100)$$

Το αποτέλεσμα είναι δύο καινούργια χρωμοσώματα.

$$u_3 (001 \ 011 \ 010 \ 001)$$

$$u_{10}(100 \ 010 \ 011 \ 100)$$

Κάνουμε τη μετατροπή και έχουμε:

$$u'_3 (001 \ 011 \ 010 \ 001) \rightarrow (1 \ 3 \ 2 \ 1)$$

$$u'_{10}(100 \ 010 \ 011 \ 100) \rightarrow (4 \ 2 \ 3 \ 4)$$

Τα χρωμοσώματα που προκύπτουν αντιστοιχούν σε μη εφικτές λύσεις. Δεν θα απορριφθούν γιατί στην εφαρμογή του συγκεκριμένου γενετικού αλγόριθμου έχει προκαθοριστεί να γίνεται διόρθωση των μη εφικτών τιμών .

Μετάλλαξη: Η πιθανότητα για μετάλλαξη είναι $p_m=0.01$ δηλαδή στο συγκεκριμένο παράδειγμα και για πληθυσμό $10 \times 12=120$ χρωμοσωμάτων θα γίνουν 2 μεταλλάξεις.

Θέση γόνου	Αριθμός χρωμοσώματος	Αριθμός γόνου στο χρωμόσωμα	Τυχαίος αριθμός
92	3	8	0.00235
105	4	9	0.00059

Τα χρωμοσώματα που θα υποστούν μετάλλαξη μετατρέπονται στο δυαδικό σύστημα. Άρα έχω:

Πρώτο χρωμόσωμα:

$$u_3 = (4 \ 3 \ 2 \ 1) \rightarrow (100 \ 011 \ 010 \ 001)$$

$$\downarrow$$

$$(100 \ 011 \ 000 \ 001)$$

Άρα το χρωμόσωμα μετά τη μετατροπή είναι:

$$u'_3 = (4 \ 3 \ 0 \ 1)$$

Δεύτερο χρωμόσωμα:

$$u_9 = (4 \ 1 \ 2 \ 3) \rightarrow (100 \ 001 \ 010 \ 011)$$

$$\downarrow$$

$$(100 \ 001 \ 011 \ 011)$$

Άρα το χρωμόσωμα μετά τη μετατροπή είναι:

$$u'_4 = (4 \ 1 \ 3 \ 3)$$

Τα χρωμοσώματα που προκύπτουν αντιστοιχούν σε μη εφικτές λύσεις. Δεν θα απορριφθούν γιατί στην εφαρμογή του συγκεκριμένου γενετικού αλγόριθμου έχει προκαθοριστεί να γίνεται διόρθωση των μη εφικτών τιμών .

Διόρθωση χρωμοσωμάτων που δεν είναι εφικτά: Μετά τις διαδικασίες της διασταύρωσης και της μετάλλαξης θα γίνει διόρθωση των χρωμοσωμάτων που οι τιμές τους δεν είναι εφικτές λύσεις.

$$u'_3=(1\ 3\ 2\ 1)$$

$$u'_{10}=(4\ 2\ 3\ 4)$$

$$u'_3=(4\ 3\ 0\ 1)$$

$$u'_4=(4\ 1\ 3\ 3)$$

Μετά τη διόρθωση οι τιμές που έχουν τα διορθωμένα χρωμοσώματα είναι:

$$u'_3=(1\ 3\ 2\ 4)$$

$$u'_{10}=(1\ 2\ 3\ 4)$$

$$u'_3=(4\ 3\ 2\ 1)$$

$$u'_4=(4\ 1\ 3\ 2)$$

Αξιολόγηση: Η συνάρτηση αξιολόγησης είναι:

$$fk = c_{ij} f_{ij} |x_i - x_j|$$

$$x_i = 1 + \frac{1}{2} I_1$$

$$x_j = 1 + I_1 + d_{ij} + \frac{1}{2} I_2$$

Τώρα θα γίνει αξιολόγηση κάθε χρωμοσώματος με βάση τη συνάρτηση αξιολόγησης

$$u_1 = (1\ 2\ 3\ 4)$$

$$\text{eval}(u_1)=63$$

$$u_2 = (4\ 1\ 2\ 3)$$

$$\text{eval}(u_2)=61$$

$$u_3 = (4\ 3\ 2\ 1)$$

$$\text{eval}(u_3) = 63$$

$$u_4 = (4 \ 1 \ 2 \ 3)$$

$$\text{eval}(u_4) = 61$$

$$u_5 = (4 \ 3 \ 2 \ 1)$$

$$\text{eval}(u_5) = 63$$

$$u_6 = (4 \ 3 \ 2 \ 1)$$

$$\text{eval}(u_6) = 63$$

$$u_7 = (4 \ 1 \ 2 \ 3)$$

$$\text{eval}(u_7) = 61$$

$$u_8 = (1 \ 2 \ 3 \ 4)$$

$$\text{eval}(u_8) = 63$$

$$u_9 = (4 \ 3 \ 2 \ 1)$$

$$\text{eval}(u_9) = 63$$

$$u_{10} = (1 \ 2 \ 3 \ 4)$$

$$\text{eval}(u_{10}) = 63$$

$$u'_3 = (1 \ 3 \ 2 \ 4)$$

$$\text{eval}(u'_3) = 63$$

$$u'_{10} = (1 \ 2 \ 3 \ 4)$$

$$\text{eval}(u'_{10}) = 63$$

$$u'_3 = (4 \ 3 \ 2 \ 1)$$

$$\text{eval}(u'_3) = 63$$

$$u'_4 = (4 \ 1 \ 3 \ 2)$$

$$\text{eval}(u'_4) = 62$$

Επειδή το σχέδιο διάταξης είναι πρόβλημα ελαχιστοποίησης, πρέπει να μετατρέψουμε την τιμή της αντικειμενικής συνάρτησης για κάθε χρωμόσωμα σε τιμή καταλληλότητας έτσι ώστε το πιο κατάλληλο χρωμόσωμα να έχει μεγαλύτερη τιμή καταλληλότητας. Η μετατροπή γίνεται με την ακόλουθη συνάρτηση αξιολόγησης:

$$eval(u) = \frac{1}{fk}$$

Άρα έχω:

$$eval(u_1) = \frac{1}{63} = 0.0159$$

$$eval(u_2) = \frac{1}{61} = 0.0164$$

$$eval(u_3) = \frac{1}{63} = 0.0159$$

$$eval(u_4) = \frac{1}{61} = 0.0164$$

$$eval(u_5) = \frac{1}{63} = 0.0159$$

$$eval(u_6) = \frac{1}{63} = 0.0159$$

$$eval(u_7) = \frac{1}{61} = 0.0164$$

$$eval(u_8) = \frac{1}{63} = 0.0159$$

$$eval(u_9) = \frac{1}{63} = 0.0159$$

$$eval(u_{10}) = \frac{1}{63} = 0.0159$$

$$eval(u'_4) = \frac{1}{63} = 0.0159$$

$$eval(u'_6) = \frac{1}{63} = 0.0159$$

$$eval(u'_5) = \frac{1}{63} = 0.0159$$

$$eval(u'_{10}) = \frac{1}{62} = 0.0161$$

Μετά την αξιολόγηση των γονέων καθώς και των απόγονων οι απόγονοι αντικαθιστούν τα μέλη του πληθυσμού που έχουν καταλληλότητα μικρότερη από τη δική τους.

Ο νέος πληθυσμός μετά τις αντικαταστάσεις είναι:

$$u_1 = (1 \ 2 \ 3 \ 4)$$

$$u_2 = (4 \ 1 \ 2 \ 3)$$

$$u_3 = (4 \ 3 \ 2 \ 1)$$

$$u_4 = (4 \ 1 \ 2 \ 3)$$

$$u_5 = (4 \ 3 \ 2 \ 1)$$

$$u_6 = (4 \ 3 \ 2 \ 1)$$

$$u_7 = (4 \ 1 \ 2 \ 3)$$

$$u_8 = (1 \ 2 \ 3 \ 4)$$

$$u_9 = (4 \ 3 \ 2 \ 1)$$

$$u_{10} = (4 \ 1 \ 3 \ 2)$$

Επιλογή: Για να γίνει επιλογή των χρωμοσωμάτων που θα προχωρήσουν στην επόμενη γενιά θα χρησιμοποιήσουμε τη μέθοδο της ρουλέτας. Η ρουλέτα θα κατασκευαστεί με τα εξής βήματα;

1. Υπολογίζουμε την τιμή καταλληλότητας κάθε χρωμοσώματος.

$$eval(u_1) = \frac{1}{63} = 0.0159$$

$$eval(u_2) = \frac{1}{61} = 0.0164$$

$$eval(u_3) = \frac{1}{63} = 0.0159$$

Βέλτιστη διευθέτηση μηχανών σε γραμμή παραγωγής

$$eval(u_4) = \frac{1}{61} = 0.0164$$

$$eval(u_5) = \frac{1}{63} = 0.0159$$

$$eval(u_6) = \frac{1}{63} = 0.0159$$

$$eval(u_7) = \frac{1}{61} = 0.0164$$

$$eval(u_8) = \frac{1}{63} = 0.0159$$

$$eval(u_9) = \frac{1}{63} = 0.0159$$

$$eval(u_{10}) = \frac{1}{62} = 0.0161$$

2. Υπολογίζουμε τη συνολική καταλληλότητα του πληθυσμού.

$$F = \sum_{k=1}^{10} eval(u_k)$$

Άρα έχω

$$F = eval(u_1) + eval(u_2) + eval(u_3) + eval(u_4) + eval(u_5) + eval(u_6) + eval(u_7) + eval(u_8) + eval(u_9) + eval(u_{10}) = 0.1607$$

3. Υπολογίζουμε την πιθανότητα επιλογής p_k για κάθε χρωμόσωμα

$$p_k = \frac{eval(u_k)}{F}$$

Άρα έχω

$$p_1 = \frac{eval(u_1)}{F} = 0.0989$$

$$p_2 = \frac{eval(u_2)}{F} = 0.1020$$

Βέλτιστη διευθέτηση μηχανών σε γραμμή παραγωγής

$$p_3 = \frac{eval(u_3)}{F} = 0.0989$$

$$p_4 = \frac{eval(u_4)}{F} = 0.1020$$

$$p_5 = \frac{eval(u_5)}{F} = 0.0989$$

$$p_6 = \frac{eval(u_6)}{F} = 0.0989$$

$$p_7 = \frac{eval(u_7)}{F} = 0.1020$$

$$p_8 = \frac{eval(u_8)}{F} = 0.0989$$

$$p_9 = \frac{eval(u_9)}{F} = 0.0989$$

$$p_{10} = \frac{eval(u_{10})}{F} = 0.1002$$

4. Υπολογίζουμε τη συνολική πιθανότητα q_k για κάθε χρωμόσωμα

$$q_k = \sum_{j=1}^k p_j$$

Άρα έχω:

$$q_1 = 0.0989$$

$$q_2 = 0.2009$$

$$q_3 = 0.2998$$

$$q_4 = 0.4018$$

$$q_5 = 0.5007$$

$$q_6 = 0.5996$$

$$q_7 = 0.7016$$

$$q_8 = 0.8005$$

$$q_9 = 0.8994$$

$$q_{10} = 1$$

Τώρα θα γυρίσουμε τη ρουλέτα 10 φορές και κάθε φορά θα επιλέγουμε ένα και μόνο χρωμόσωμα κάθε φορά για το νέο πληθυσμό.

Έστω οι 10 τυχαίοι αριθμοί με εύρος $[0,1]$:

0.1934

0.2100

0.4599

0.1999

0.7766

0.3100

0.4689

0.3122

0.7321

0.9966

Ο νέος πληθυσμός αποτελείται από τα εξής χρωμοσώματα:

$u_1 = (1\ 2\ 3\ 4)$

$u_2 = (4\ 1\ 2\ 3)$

$u_3 = (4\ 1\ 2\ 3)$

$u_4 = (1\ 2\ 3\ 4)$

$u_5 = (4\ 1\ 2\ 3)$

$u_6 = (4\ 1\ 2\ 3)$

$u_7 = (4\ 1\ 2\ 3)$

$u_8 = (4\ 3\ 2\ 1)$

$u_9 = (4\ 1\ 2\ 3)$

$u_{10} = (4\ 3\ 2\ 1)$

Συμπέρασμα: Τα χρωμοσώματα με την μεγαλύτερη καταλληλότητα είναι το δεύτερο, το τρίτο, το πέμπτο, το έβδομο και το ένατο με τιμή καταλληλότητας 0.0164, δηλαδή η βέλτιστη τιμή καταλληλότητας δεν μεταβλήθηκε από την πρώτη και τη δεύτερη γενιά αλλά έχει αυξηθεί σημαντικά ο αριθμός των

Βέλτιστη διευθέτηση μηχανών σε γραμμή παραγωγής

χρωμοσωμάτων που έχει την βέλτιστη τιμή, πέντε από τα δέκα συνολικού πληθυσμού.

3.2.5 Πέμπτη γενιά

Μετά και την τέταρτη γενιά ο πληθυσμός με τις πιθανές λύσεις είναι ο εξής:

$$u_1 = (1 \ 2 \ 3 \ 4)$$

$$u_2 = (4 \ 1 \ 2 \ 3)$$

$$u_3 = (4 \ 1 \ 2 \ 3)$$

$$u_4 = (1 \ 2 \ 3 \ 4)$$

$$u_5 = (4 \ 1 \ 2 \ 3)$$

$$u_6 = (4 \ 1 \ 2 \ 3)$$

$$u_7 = (4 \ 1 \ 2 \ 3)$$

$$u_8 = (4 \ 3 \ 2 \ 1)$$

$$u_9 = (4 \ 1 \ 2 \ 3)$$

$$u_{10} = (4 \ 3 \ 2 \ 1)$$

Διασταύρωση: Η πιθανότητα για διασταύρωση είναι $p_c=0.25$ δηλαδή το 25% των χρωμοσωμάτων θα υποστούν διασταύρωση. Στο συγκεκριμένο παράδειγμα και για πληθυσμό 10 χρωμοσωμάτων, διασταύρωση θα υποστούν 2 χρωμοσώματα.

Για να γίνει διασταύρωση μεταξύ δύο χρωμοσωμάτων πρέπει αρχικά να επιλεγούν τα χρωμοσώματα. Αυτό γίνεται με τη μέθοδο της ρουλέτας. Έστω 10 τυχαία νούμερα με εύρος $[0, 1]$

0.4966

0.8998

0.8216

0.6449

0.8180

0.6602

0.3412

0.2897

0.3420

0.5341

Τα χρωμοσώματα που επιλέγονται είναι το 7^ο και το 8^ο γιατί σε αυτά αντιστοιχούν οι χαμηλότερες τιμές.

Τα χρωμοσώματα που θα διασταυρωθούν μετατρέπονται στο δυαδικό σύστημα. Άρα έχω:

$$u_7=(4\ 1\ 2\ 3)\rightarrow(100\ 001\ 010\ 011)$$

$$u_8=(4\ 3\ 2\ 1)\rightarrow(100\ 011\ 010\ 001)$$

Επιλέγουμε ένα τυχαίο σημείο τομής μεταξύ 2 και 11(γιατί 12 είναι το μήκος του χρωμοσώματος). Έστω το 10.

Έχω:



$$U_7(100\ 001\ 010\ 011)$$

$$u_8(100\ 011\ 010\ 001)$$

Το αποτέλεσμα είναι δύο καινούργια χρωμοσώματα.

$$u_7(100\ 001\ 010\ 001)$$

$$u_8(100\ 011\ 010\ 011)$$

Κάνουμε τη μετατροπή και έχουμε:

$$u'_7(100\ 001\ 010\ 001)\rightarrow(4\ 1\ 2\ 1)$$

$$u'_8(100\ 011\ 010\ 011)\rightarrow(4\ 3\ 2\ 3)$$

Τα χρωμοσώματα που προκύπτουν αντιστοιχούν σε μη εφικτές λύσεις. Δεν θα απορριφθούν γιατί στην εφαρμογή του συγκεκριμένου γενετικού αλγόριθμου έχει προκαθοριστεί να γίνεται διόρθωση των μη εφικτών τιμών .

Μετάλλαξη:. Η πιθανότητα για μετάλλαξη είναι $p_m=0.01$ δηλαδή στο συγκεκριμένο παράδειγμα και για πληθυσμό $10 \times 12 = 120$ χρωμοσωμάτων θα γίνουν 2 μεταλλάξεις.

Θέση γόνου	Αριθμός χρωμοσώματος	Αριθμός γόνου στο χρωμόσωμα	Τυχαίος αριθμός
68	6	8	0.00009
74	7	2	0.00165

Τα χρωμοσώματα που θα υποστούν μετάλλαξη μετατρέπονται στο δυαδικό σύστημα. Άρα έχω:

Πρώτο χρωμόσωμα:

$$u_6 = (4 \ 1 \ 2 \ 3) \rightarrow (100 \ 001 \ 010 \ 011)$$

↓

$$(100 \ 001 \ 000 \ 011)$$

Άρα το χρωμόσωμα μετά τη μετατροπή είναι:

$$u'_6 = (4 \ 1 \ 0 \ 3)$$

Δεύτερο χρωμόσωμα:

$$u_7 = (4 \ 1 \ 2 \ 3) \rightarrow (100 \ 001 \ 010 \ 011)$$

↓

$$(110 \ 001 \ 010 \ 011)$$

Άρα το χρωμόσωμα μετά τη μετατροπή είναι:

$$u'_7 = (6 \ 1 \ 2 \ 3)$$

Τα χρωμοσώματα που προκύπτουν αντιστοιχούν σε μη εφικτές λύσεις. Δεν θα απορριφθούν γιατί στην εφαρμογή του συγκεκριμένου γενετικού αλγόριθμου έχει προκαθοριστεί να γίνεται διόρθωση των μη εφικτών τιμών .

Διόρθωση χρωμοσωμάτων που δεν είναι εφικτά: Μετά τις διαδικασίες της διασταύρωσης και της μετάλλαξης θα γίνει διόρθωση των χρωμοσωμάτων που οι τιμές τους δεν είναι εφικτές λύσεις.

$$u'_7=(4 \ 1 \ 2 \ 1)$$

$$u'_8=(4 \ 3 \ 2 \ 3)$$

$$u'_6=(4 \ 1 \ 0 \ 3)$$

$$u'_7=(6 \ 1 \ 2 \ 3)$$

Μετά τη διόρθωση οι τιμές που έχουν τα διορθωμένα χρωμοσώματα είναι:

$$u'_7=(4 \ 1 \ 2 \ 3)$$

$$u'_8=(4 \ 1 \ 2 \ 3)$$

$$u'_6=(4 \ 1 \ 2 \ 3)$$

$$u'_7=(4 \ 1 \ 2 \ 3)$$

Αξιολόγηση: Η συνάρτηση αξιολόγησης είναι:

$$fk = c_{ij} f_{ij} |x_i - x_j|$$

$$x_i = 1 + \frac{1}{2} I_1$$

$$x_j = 1 + I_1 + d_{ij} + \frac{1}{2} I_2$$

Τώρα θα γίνει αξιολόγηση κάθε χρωμοσώματος με βάση τη συνάρτηση αξιολόγησης

$$u_1 = (1 \ 2 \ 3 \ 4)$$

$$\text{eval}(u_1) = 52$$

$$u_2 = (4 \ 1 \ 2 \ 3)$$

$$\text{eval}(u_2) = 52$$

$$u_3 = (4 \ 1 \ 2 \ 3)$$

$$\text{eval}(u_3) = 52$$

$$u_4 = (1 \ 2 \ 3 \ 4)$$

$$\text{eval}(u_4) = 52$$

$$u_5 = (4 \ 1 \ 2 \ 3)$$

$$\text{eval}(u_5) = 52$$

$$u_6 = (4 \ 1 \ 2 \ 3)$$

$$\text{eval}(u_6) = 52$$

$$u_7 = (4 \ 1 \ 2 \ 3)$$

$$\text{eval}(u_7) = 52$$

$$u_8 = (4 \ 3 \ 2 \ 1)$$

$$\text{eval}(u_8) = 52$$

$$u_9 = (4 \ 1 \ 2 \ 3)$$

$$\text{eval}(u_9) = 52$$

$$u_{10} = (4 \ 3 \ 2 \ 1)$$

$$\text{eval}(u_{10}) = 52$$

$$u'_7 = (4 \ 1 \ 2 \ 3)$$

$$\text{eval}(u'_7) = 52$$

$$u'_8 = (4 \ 1 \ 2 \ 3)$$

$$\text{eval}(u'_8) = 52$$

$$u'_6 = (4 \ 1 \ 2 \ 3)$$

$$\text{eval}(u'_6)=52$$

$$u'_7=(4 \ 1 \ 2 \ 3)$$

$$\text{eval}(u'_7)=52$$

Επειδή το σχέδιο διάταξης είναι πρόβλημα ελαχιστοποίησης, πρέπει να μετατρέψουμε την τιμή της αντικειμενικής συνάρτησης για κάθε χρωμόσωμα σε τιμή καταλληλότητας έτσι ώστε το πιο κατάλληλο χρωμόσωμα να έχει μεγαλύτερη τιμή καταλληλότητας. Η μετατροπή γίνεται με την ακόλουθη συνάρτηση αξιολόγησης:

$$\text{eval}(u) = \frac{1}{fk}$$

Άρα έχω:

$$\text{eval}(u_1) = \frac{1}{63} = 0.0159$$

$$\text{eval}(u_2) = \frac{1}{61} = 0.0164$$

$$\text{eval}(u_3) = \frac{1}{61} = 0.0164$$

$$\text{eval}(u_4) = \frac{1}{63} = 0.0159$$

$$\text{eval}(u_5) = \frac{1}{61} = 0.0164$$

$$\text{eval}(u_6) = \frac{1}{61} = 0.0164$$

$$\text{eval}(u_7) = \frac{1}{61} = 0.0164$$

$$\text{eval}(u_8) = \frac{1}{63} = 0.0159$$

$$\text{eval}(u_9) = \frac{1}{61} = 0.0164$$

$$eval(u_{10}) = \frac{1}{63} = 0.0159$$

$$eval(u'_7) = \frac{1}{61} = 0.0164$$

$$eval(u'_8) = \frac{1}{61} = 0.0164$$

$$eval(u'_6) = \frac{1}{61} = 0.0164$$

$$eval(u'_7) = \frac{1}{61} = 0.0164$$

Μετά την αξιολόγηση των γονέων καθώς και των απόγονων οι απόγονοι αντικαθιστούν τα μέλη του πληθυσμού που έχουν καταλληλότητα μικρότερη από τη δική τους.

Ο νέος πληθυσμός μετά τις αντικαταστάσεις είναι:

$$u_1 = (4 \ 1 \ 2 \ 3)$$

$$u_2 = (4 \ 1 \ 2 \ 3)$$

$$u_3 = (4 \ 1 \ 2 \ 3)$$

$$u_4 = (4 \ 1 \ 2 \ 3)$$

$$u_5 = (4 \ 1 \ 2 \ 3)$$

$$u_6 = (4 \ 1 \ 2 \ 3)$$

$$u_7 = (4 \ 1 \ 2 \ 3)$$

$$u_8 = (4 \ 1 \ 2 \ 3)$$

$$u_9 = (4 \ 1 \ 2 \ 3)$$

$$u_{10} = (4 \ 1 \ 2 \ 3)$$

Επιλογή: Για να γίνει επιλογή των χρωμοσωμάτων που θα προχωρήσουν στην επόμενη γενιά θα χρησιμοποιήσουμε τη μέθοδο της ρουλέτας. Η ρουλέτα θα κατασκευαστεί με τα εξής βήματα;

1. Υπολογίζουμε την τιμή καταλληλότητας κάθε χρωμοσώματος.

$$eval(u_i) = \frac{1}{61} = 0.0164$$

Βέλτιστη διευθέτηση μηχανών σε γραμμή παραγωγής

$$eval(u_2) = \frac{1}{61} = 0.0164$$

$$eval(u_3) = \frac{1}{61} = 0.0164$$

$$eval(u_4) = \frac{1}{61} = 0.0164$$

$$eval(u_5) = \frac{1}{61} = 0.0164$$

$$eval(u_6) = \frac{1}{61} = 0.0164$$

$$eval(u_7) = \frac{1}{61} = 0.0164$$

$$eval(u_8) = \frac{1}{61} = 0.0164$$

$$eval(u_9) = \frac{1}{61} = 0.0164$$

$$eval(u_{10}) = \frac{1}{61} = 0.0164$$

2. Υπολογίζουμε τη συνολική καταλληλότητα του πληθυσμού.

$$F = \sum_{k=1}^{10} eval(u_k)$$

Άρα έχω

$$F = eval(u_1) + eval(u_2) + eval(u_3) + eval(u_4) + eval(u_5) + eval(u_6) + eval(u_7) + eval(u_8) + eval(u_9) + eval(u_{10}) = 0.164$$

3. Υπολογίζουμε την πιθανότητα επιλογής p_k για κάθε χρωμόσωμα

$$p_k = \frac{eval(u_k)}{F}$$

Άρα έχω

$$p_1 = \frac{eval(u_1)}{F} = 0.1$$

$$p_2 = \frac{eval(u_2)}{F} = 0.1$$

$$p_3 = \frac{eval(u_3)}{F} = 0.1$$

$$p_4 = \frac{eval(u_4)}{F} = 0.1$$

$$p_5 = \frac{eval(u_5)}{F} = 0.1$$

$$p_6 = \frac{eval(u_6)}{F} = 0.1$$

$$p_7 = \frac{eval(u_7)}{F} = 0.1$$

$$p_8 = \frac{eval(u_8)}{F} = 0.1$$

$$p_9 = \frac{eval(u_9)}{F} = 0.1$$

$$p_{10} = \frac{eval(u_{10})}{F} = 0.1$$

4. Υπολογίζουμε τη συνολική πιθανότητα q_k για κάθε χρωμόσωμα

$$q_k = \sum_{j=1}^k p_j$$

Άρα έχω:

$$q_1 = 0.1$$

$$q_2 = 0.2$$

$$q_3 = 0.3$$

$$q_4 = 0.4$$

$$q_5 = 0.5$$

$$q_6 = 0.6$$

Βέλτιστη διευθέτηση μηχανών σε γραμμή παραγωγής

$$q_7 = 0.7$$

$$q_8 = 0.8$$

$$q_9 = 0.9$$

$$q_{10} = 1$$

Τώρα θα γυρίσουμε τη ρουλέτα 10 φορές και κάθε φορά θα επιλέγουμε ένα και μόνο χρωμόσωμα κάθε φορά για το νέο πληθυσμό.

Έστω οι 10 τυχαίοι αριθμοί με εύρος $[0, 1]$:

0.7271

0.3093

0.8385

0.5681

0.3704

0.7027

0.5466

0.4449

0.6946

0.7948

Ο νέος πληθυσμός αποτελείται από τα εξής χρωμοσώματα:

$$u_1 = (4 \ 1 \ 2 \ 3)$$

$$u_2 = (4 \ 1 \ 2 \ 3)$$

$$u_3 = (4 \ 1 \ 2 \ 3)$$

$$u_4 = (4 \ 1 \ 2 \ 3)$$

$$u_5 = (4 \ 1 \ 2 \ 3)$$

$$u_6 = (4 \ 1 \ 2 \ 3)$$

$$u_7 = (4 \ 1 \ 2 \ 3)$$

$$u_8 = (4 \ 1 \ 2 \ 3)$$

$$u_9 = (4 \ 1 \ 2 \ 3)$$

$$u_{10} = (4 \ 1 \ 2 \ 3)$$

Συμπέρασμα: Όλα τα χρωμοσώματα του πληθυσμού έχουν την ίδια τιμή καταλληλότητας 0.0164 , δηλαδή η βέλτιστη λύση είναι η ίδια με αυτή που είχε παρατηρηθεί από την πρώτη γενιά αλλά πλέον έχει επικρατήσει στο σύνολο του πληθυσμού.

Συμπεράσματα

Σκοπός της παρούσας διπλωματικής εργασίας ήταν να εξεταστεί το πρόβλημα της βέλτιστης διευθέτησης μηχανών σε μία γραμμή παραγωγής. Αρχικά έγινε μία εκτενής αναφορά στους γενετικούς αλγόριθμους και παρουσιάστηκε η δομή και λειτουργία τους. Κατόπιν έγινε παρουσίαση των δεδομένων του προβλήματος και έγινε εφαρμογή των γενετικών αλγόριθμων για την επίλυση του.

Κατά την εφαρμογή του γενετικού αλγόριθμου στόχος ήταν η επίτευξη της βέλτιστης λύσης, που στην προκειμένη περίπτωση ήταν η ελαχιστοποίηση της συνάρτησης καταλληλότητας με παραμέτρους το κόστος και τη συχνότητα μεταφοράς μεταξύ των μηχανών, οι αποστάσεις μεταξύ των μηχανών και οι διαστάσεις τους.

Από την πρώτη επανάληψη του γενετικού αλγόριθμου εμφανίστηκε η βέλτιστη λύση, σε ένα μόνο μέλος του πληθυσμού (διαγραμμα1). Στις επόμενες επαναλήψεις, η βέλτιστη λύση παρέμεινε αναλλοίωτη αλλά με την πάροδο των επαναλήψεων (γενιών) το ποσοστό του πληθυσμού που αντιπροσώπευε τη βέλτιστη λύση παρουσίασε σημαντική αύξηση με τελικό αποτέλεσμα στην πέμπτη γενιά να επικρατήσει στο σύνολο του πληθυσμού (διάγραμμα 2).

Είναι λοιπόν εμφανές ότι οι γενετικοί αλγόριθμοι μπορούν να πετύχουν από τις πρώτες κιόλας επαναλήψεις βέλτιστες ή σχεδόν βέλτιστες λύσεις. Μετά από ορισμένες επαναλήψεις είναι εμφανές ότι ακόμη και αν δεν έχει εμφανιστεί η βέλτιστη λύση, μπορεί να καθοριστεί με μεγάλη ακρίβεια το πεδίο τιμών που τείνει προς αυτήν.

Από τα αποτελέσματα εφαρμογής στη συγκεκριμένο πρόβλημα μπορούμε να συμπεράνουμε ότι οι γενετικοί αλγόριθμοι μπορούν να εφαρμοστούν με μεγάλη επιτυχία σε προβλήματα διευθέτησης μηχανών σε γραμμές παραγωγής. Τέλος, μπορούν να μελετηθούν σαν εργαλείο επίλυσης προβλημάτων σε παρόμοιες εφαρμογές για τη γρήγορη και αποτελεσματική προσέγγιση της βέλτιστης λύσης.

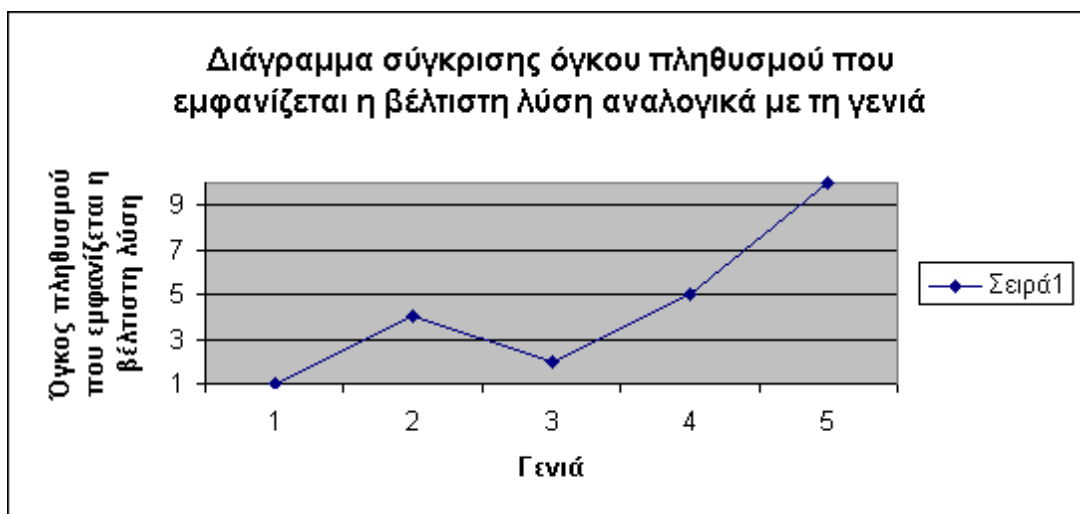
Διάγραμμα 1

Γενιά	Βέλτιστη λύση
1	0,0164
2	0,0164
3	0,0164
4	0,0164
5	0,0164



Διάγραμμα 2

Γενιά	Όγκος πληθυσμού που εμφανίζεται η βέλτιστη λύση
1	1
2	4
3	2
4	5
5	10



Παράρτημα προγραμμάτων

```
%dimiourgia tyxaiou pinaka a me apodektes times
```

```
for i=1:10
```

```
    for j=1:4
```

```
        a(i,j)=round(rand*3)+1
```

```
    end
```

```
end
```

```
%diorthwsi sfalmatwn diplotypias tou a
```

```
%dimiourgia boithiktikoy pinaka s
```

```
for i=1:10
```

```
    for j=1:4
```

```
        s(i,j)=j;
```

```
    end
```

```
end
```

```
%eyresi kai mhdenismos diplwn timwn
```

```
for i=1:10
```

```
    for k=1:3
```

```
        for j=1:4
```

```
            if j>k
```

```
                if a(i,k)==a(i,j)
```

```
                    a(i,j)=0;
```

```
                end
```

```
            end
```

```
        end
```

```
    end
```

```
end
```

```
%midenismos toy s
```

```
for i=1:10
    for j=1:4
        for m=1:4
            if a(i,j)==s(i,m)
                s(i,m)=0;
            end
        end
    end
end
```

```
%antikatastasi timvn apo ton s ston a
```

```
for i=1:10
    for j=1:4
        if a(i,j)==0
            for n=1:4
                if s(i,n)>0
                    a(i,j)=s(i,n);
                    s(i,n)=0,break,end
                end
            end
        end
    end
end
```

```
%dimiourgia 10 tyxaiwn arithmwn
```

```
for k=1:10
    r(k,1)=rand
end
```

Βέλτιστη διεύθυνση μηχανών σε γραμμή παραγωγής

%epilogi twn dyo mikroteron kai antistoixisi me tis theseis twn xrwmoswmatwn

mikroteros(1,1)=min(r)

for k=1:10

if r(k,1)==mikroteros(1,1)

r(k,1)=1

thesi(1,1)=k

end

end

mikroteros(2,1)=min(r)

for k=1:10

if r(k,1)==mikroteros(2,1)

thesi(2,1)=k

end

end

```
%enarki diadikasias diastyrwsis dyo tyxaiwn xrwmoswmatwn
```

```
%metatropi twn xrwmoswmatwn se 2adiko sistima
```

```
for i=1:2
    for m=0:3
        if a(thesi(i,1),m+1)==1
            for n=1:3
                if n==1
                    b(i,(n+(m*3)))=0;
                elseif n==2
                    b(i,(n+(m*3)))=0;
                elseif n==3
                    b(i,(n+(m*3)))=1;
                end
            end
        elseif a(thesi(i,1),m+1)==2
            for n=1:3
                if n==1
                    b(i,(n+(m*3)))=0;
                elseif n==2
                    b(i,(n+(m*3)))=1;
                elseif n==3
                    b(i,(n+(m*3)))=0;
                end
            end
        elseif a(thesi(i,1),m+1)==3
            for n=1:3
                if n==1
                    b(i,(n+(m*3)))=0;
                elseif n==2
                    b(i,(n+(m*3)))=1;
                elseif n==3
                    b(i,(n+(m*3)))=1;
                end
            end
        end
    end
end
```

```
end
elseif a(thesi(i,1),m+1)==4
for n=1:3
if n==1
b(i,(n+(m*3)))=1;
elseif n==2
b(i,(n+(m*3)))=0;
elseif n==3
b(i,(n+(m*3)))=0;
end
end
end
end
end
```

%epilogi tou tyxaiou simeiou tomis

```
n=round(rand*8)+2
```

%diastayrws i sto parapanw simeio

```
for k=1:n
c(1,k)=b(2,k);
c(2,k)=b(1,k);
```

```
end
```

```
for k=n:12
c(1,k)=b(1,k);
c(2,k)=b(2,k);
```

```
end
```

%epanafora sto 10diko sistima

```
for i=1:2
for k=0:3
if c(i,(k*3)+1)==0
if c(i,(k*3)+2)==0
if c(i,(k*3)+3)==0
```

```
        d(i,(k+1))=0;
    end
end
end
if c(i,(k*3)+1)==0
    if c(i,(k*3)+2)==0
        if c(i,(k*3)+3)==1
            d(i,(k+1))=1;
        end
    end
end
if c(i,(k*3)+1)==0
    if c(i,(k*3)+2)==1
        if c(i,(k*3)+3)==0
            d(i,(k+1))=2;
        end
    end
end
if c(i,(k*3)+1)==0
    if c(i,(k*3)+2)==1
        if c(i,(k*3)+3)==1
            d(i,(k+1))=3;
        end
    end
end
if c(i,(k*3)+1)==1
    if c(i,(k*3)+2)==0
        if c(i,(k*3)+3)==0
            d(i,(k+1))=4;
        end
    end
end
if c(i,(k*3)+1)==1
    if c(i,(k*3)+2)==0
```



```
        if c(i,(k*3)+3)==1
            d(i,(k+1))=5;
        end
    end
end
if c(i,(k*3)+1)==1
    if c(i,(k*3)+2)==1
        if c(i,(k*3)+3)==0
            d(i,(k+1))=6;
        end
    end
end
if c(i,(k*3)+1)==1
    if c(i,(k*3)+2)==1
        if c(i,(k*3)+3)==1
            d(i,(k+1))=7;
        end
    end
end
end
end
```

%diorthwsi arithmwon megalyterwn tou 4 i mikroterwn tou 1

```
for i=1:2
    for j=1:4
        if d(i,j)>4
            d(i,j)=round(rand*3)+1;
        elseif d(i,j)==0
            d(i,j)=round(rand*3)+1;
        end
    end
end
end
```

```
%dimiourgia voithitikou pinaka s
```

```
for i=1:2  
    for j=1:4  
        s(i,j)=j;  
    end  
end
```

```
%eyresi kai mhdenismos diplwn timwn ston d
```

```
for i=1:2  
    for k=1:3  
        for j=1:4  
            if j>k  
                if d(i,k)==d(i,j)  
                    d(i,j)=0;  
                end  
            end  
        end  
    end  
end  
end
```

```
%midenismos toy s
```

```
for i=1:2  
    for j=1:4  
        for m=1:4  
            if d(i,j)==s(i,m)  
                s(i,m)=0;  
            end  
        end  
    end  
end
```

```
%antikatastasi timwn apo ton s ston d
```

```
for i=1:2
    for j=1:4
        if d(i,j)==0
            for n=1:4
                if s(i,n)>0
                    d(i,j)=s(i,n);
                    s(i,n)=0;break,end
            end
        end
    end
end
```

```
%dimiourgia 10 tyxaiwn arithmwn
```

```
for k=1:10
    r(k,1)=rand
end
```

```
%epilogi twn dyo mikroterwn kai antistoixisi me tis theseis twn xrwmoswmatwn
```

```
mikroteros(1,1)=min(r)
```

```
for k=1:10
    if r(k,1)==mikroteros(1,1)
        r(k,1)=1
        thesi(1,1)=k
    end
end
```

```
mikroteros(2,1)=min(r)
```

```
for k=1:10
    if r(k,1)==mikroteros(2,1)
        thesi(2,1)=k
    end
end
```

```
%enarki diadikasias metallaksis dyo tyxaiwn xrwmoswmatwn
```

```
%metatropi twn xrwmoswmatwn se 2adiko sistima
```

```
for i=1:2
    for m=0:3
        if a(thesi(i,1),m+1)==1
            for n=1:3
                if n==1
                    b(i,(n+(m*3)))=0;
                elseif n==2
                    b(i,(n+(m*3)))=0;
                elseif n==3
                    b(i,(n+(m*3)))=1;
                end
            end
        elseif a(thesi(i,1),m+1)==2
            for n=1:3
                if n==1
                    b(i,(n+(m*3)))=0;
                elseif n==2
                    b(i,(n+(m*3)))=1;
                elseif n==3
                    b(i,(n+(m*3)))=0;
                end
            end
        elseif a(thesi(i,1),m+1)==3
            for n=1:3
                if n==1
                    b(i,(n+(m*3)))=0;
                elseif n==2
                    b(i,(n+(m*3)))=1;
                elseif n==3
                    b(i,(n+(m*3)))=1;
                end
            end
        end
    end
end
```

```
end
elseif a(thesi(i,1),m+1)==4
for n=1:3
if n==1
b(i,(n+(m*3)))=1;
elseif n==2
b(i,(n+(m*3)))=0;
elseif n==3
b(i,(n+(m*3)))=0;
end
end
end
end
end
```

%epilogi tyxaiou simeiou metallaksis sto prwto gonidio

```
n=round(rand*11)+1
```

%metallaksi prwtou gonidiou

```
if b(1,n)==0
b(1,n)=1
elseif b(1,n)==1
b(1,n)=0
end
```

%epilogi tyxaiou simeiou metallaksis sto deuytero gonidio

```
n=round(rand*11)+1
```

%metallaksi deuyterou gonidiou

```
if b(2,n)==0
b(2,n)=1
elseif b(2,n)==1
b(2,n)=0
end
```

```
%epanafora sto 10diko sistima
```

```
for i=1:2
```

```
    for k=0:3
```

```
        if b(i,(k*3)+1)==0
```

```
            if b(i,(k*3)+2)==0
```

```
                if b(i,(k*3)+3)==0
```

```
                    e(i,(k+1))=0;
```

```
                end
```

```
            end
```

```
        end
```

```
        if b(i,(k*3)+1)==0
```

```
            if b(i,(k*3)+2)==0
```

```
                if b(i,(k*3)+3)==1
```

```
                    e(i,(k+1))=1;
```

```
                end
```

```
            end
```

```
        end
```

```
        if b(i,(k*3)+1)==0
```

```
            if b(i,(k*3)+2)==1
```

```
                if b(i,(k*3)+3)==0
```

```
                    e(i,(k+1))=2;
```

```
                end
```

```
            end
```

```
        end
```

```
        if b(i,(k*3)+1)==0
```

```
            if b(i,(k*3)+2)==1
```

```
                if b(i,(k*3)+3)==1
```

```
                    e(i,(k+1))=3;
```

```
                end
```

```
            end
```

```
        end
```

```
        if b(i,(k*3)+1)==1
```

```
            if b(i,(k*3)+2)==0
```

```
                if b(i,(k*3)+3)==0
```

```
        e(i,(k+1))=4;
    end
end
end
if b(i,(k*3)+1)==1
    if b(i,(k*3)+2)==0
        if b(i,(k*3)+3)==1
            e(i,(k+1))=5;
        end
    end
end
end
if b(i,(k*3)+1)==1
    if b(i,(k*3)+2)==1
        if b(i,(k*3)+3)==0
            e(i,(k+1))=6;
        end
    end
end
end
if b(i,(k*3)+1)==1
    if b(i,(k*3)+2)==1
        if b(i,(k*3)+3)==1
            e(i,(k+1))=7;
        end
    end
end
end
end
end
```

%diorthwsi arithmwn megalyterwn tou 4 i mikroterwn tou 1

```
for i=1:2
    for j=1:4
        if e(i,j)>4
            e(i,j)=round(rand*3)+1;
        elseif e(i,j)==0
```

```
e(i,j)=round(rand*3)+1;
end
end
end

%dimiourgia voithitikou pinaka s
for i=1:2
    for j=1:4
        s(i,j)=j;
    end
end

%diorthwsi sfalmatwn diplotypias kai dimiourgia apogonwn diastayrwsis ston
pinaka e
for i=1:2
    for k=1:3
        for j=1:4
            if j>k
                if e(i,k)==e(i,j)
                    e(i,j)=0;
                end
            end
        end
    end
end
end
for i=1:2
    for j=1:4
        for m=1:4
            if e(i,j)==s(i,m)
                s(i,m)=0;
            end
        end
    end
end
end
```



```
for i=1:2
    for j=1:4
        if e(i,j)==0
            for n=1:4
                if s(i,n)>0
                    e(i,j)=s(i,n);
                    s(i,n)=0,break,end
                end
            end
        end
    end
end
```

%Prosthiki tw n apogonwn ston pinaka tw n gonewn a

```
for k=1:2
    for x=1:4
        a(10+k,x)=d(k,x)
        a(12+k,x)=e(k,x)
    end
end
```

%dimiourgia pinakwn dedomenwn

l=[1 2 3 4]

d=[0 1 1 1

1 0 1 1

1 1 0 1

1 1 1 0]

f=[0 1 2 3

1 0 4 5

2 4 0 6

3 5 6 0]

c=[0 6 5 4

6 0 3 2

5 3 0 1

4 2 1 0]

```
%sinartisi aksiologisis gia to synolo tou plithismou
```

```
for x=1:14
```

```
    f1=0
```

```
    for k=1:3
```

```
        x1=1+((1/2)*l(1,a(x,k)));
```

```
        x2=1+l(1,a(x,k))+ d(a(x,k),a(x,k+1)) + ((1/2)*l(a(x,k+1)));
```

```
        f1=f1+c(a(x,k),a(x,k+1))+f(a(x,k),a(x,k+1))+abs(x1-x2);
```

```
        x1=1+((1/2)*l(1,a(x,5-k)));
```

```
        x2=1+l(1,a(x,5-k))+ d(a(x,5-k),a(x,4-k)) + ((1/2)*l(a(x,4-k)));
```

```
        f1=f1+c(a(x,5-k),a(x,4-k))+f(a(x,5-k),a(x,4-k))+abs(x1-x2);
```

```
    end
```

```
    ev(x,1)=1/(f1)
```

```
end
```

```
%epilogi 10 kalyterwn lysewn metaksy apogonwn kai gonewn
```

```
for i=1:4
```

```
    for k=1:14
```

```
        if ev(k,1)== min(ev)
```

```
            ev(k,1)=100,break,end
```

```
    end
```

```
end
```

```
%dimiourgia neou pinaka y me ta veltista xrwmoswmata
```

```
p=0
```

```
for i=1:14
```

```
    if ev(i,1)<100
```

```
        p=p+1
```

```
        for j=1:4
```

```
            y(p,j)=a(i,j)
```

```
        end
```

```
end  
end
```

```
%sinartisi aksiologisis gia to neo synolo tou plithismou
```

```
for x=1:10
```

```
    f1=0
```

```
    for k=1:3
```

```
        x1=1+((1/2)*l(1,y(x,k)));
```

```
        x2=1+l(1,y(x,k))+ d(y(x,k),y(x,k+1)) + ((1/2)*l(y(x,k+1)));
```

```
        f1=f1+c(y(x,k),y(x,k+1))+f(y(x,k),y(x,k+1))+abs(x1-x2);
```

```
        x1=1+((1/2)*l(1,y(x,5-k)));
```

```
        x2=1+l(1,y(x,5-k))+ d(y(x,5-k),y(x,4-k)) + ((1/2)*l(y(x,4-k)));
```

```
        f1=f1+c(y(x,5-k),y(x,4-k))+f(y(x,5-k),y(x,4-k))+abs(x1-x2);
```

```
    end
```

```
    ev2(x,1)=1/(f1)
```

```
end
```

```
%athroisi olwn twm timwn aksiologisis
```

```
evtotal=sum(ev2)
```

```
%dimiourgia neou pinaka p
```

```
for i=1:10
```

```
    p(i,1)=ev2(i,1)/evtotal
```

```
end
```

```
%dimiourgia pinaka q
```

```
r=0
```

```
for i=1:10
```

```
    r=r+p(i,1)
```

```
    q(i,1)=r
```

end

%dimiourgia 10 tyxaiwn arithmwn

for i=1:10

 m(i,1)=rand

end

%epilogi telikou plithismou me tin methodo tis rouletas

p=0

for k=1:10

 p=p+1

 for i=1:9

 if m(k,1)<q(1,1)

 for j=1:4

 w(p,j)=y(1,j)

 end

 elseif m(k,1)>q(i,1)

 if m(k,1)<q(i+1,1)

 for j=1:4

 w(p,j)=y(i,j)

 end

 end

 end

 end

end

Βιβλιογραφία

1. “Genetic algorithms and engineering design”
Mitsuo Gen & Runwei Cheng
New York, Wiley, 1997
2. «Ευφυής έλεγχος»
Παναγιώτης Τζιώνας
Σημειώσεις μαθήματος, 2004
3. «Υπολογιστική νοημοσύνη στον έλεγχο συστημάτων»
Ροβέρτος Κινγκ
Αθήνα, Τρούλος, 1998
4. “MATLAB 5 για μηχανικούς”
Adrian Biran & Moshe Breiner
Workingham, England. Reading Mass, Addison-Welsey Pub. Co., 1995
5. “Getting started with MATLAB
Program Help
Έκδοση προγράμματος 5.3