

附錄 A 遺傳演算法

A.1 遺傳演算法介紹

遺傳演算法(Genetic Algorithms , GAs)是一種應用自然界中淘汰和演化的觀念所發展出的演化搜尋法。遺傳演算法的理論乃根據 1859 年達爾文的「進化論」所發展出的「物競天擇，適者生存」的演化及淘汰的觀念。所有物種，在自然的環境的考驗下，適應性強的物種逐漸生存下來，而適應性差的便逐漸被淘汰。

將這種自然界的選擇方法系統化並發展一可用之模式最早是由密西根大學的 John Holland 教授在 1975 年於 Adaption in Natural and Artificial System 文中所提出，發展出遺傳演算法搜尋技術的基本架構，並且由其學生 David Goldberg 成功地運用在工程問題上。之後，有許多研究亦證實了遺傳演算法在最佳化問題的求解上是十分有效率的，其有以下幾個優點：

- 1.其可優選連續(continuous)及不連續(discrete)的參數。
- 2.在優選的過程中，不要求得目標函數的導數。
- 3.搜尋的方式不同於以往的單點搜尋方式，而是採用多點搜尋，因此不容易掉入局部解(local optimum)。
- 4.可以處理多參數的優選問題。
- 5.具有隱平行運算的能力，若在平行電腦中，可大量解省運算的時間。
- 6.在優選複雜非線性的問題中，其演算機制可跳脫局部最佳解(local optimum)。
- 7.演算優選的結果，可提供一組最佳解，而非只有單一最佳解。
- 8.參數優選需經由解碼的過程，而整個演算的機制是在解碼後的參數集合中進行，不是在參數集合本身，因此演算的機制不受問題函數型能的影響。

以上的優點，使得我們發現當傳統的最佳化方法無法解決一個問

題或得到令人滿意的優選結果時，遺傳演算法便是一個很有趣且擁有很大潛力去替代部份傳統的優選法。

對所有的問題而言，遺傳演算法並非都是一個最佳的方法，例如當在處理一具有凸函數型態，且僅有少量變數之問題時，一般傳統以微積分為基礎的搜尋法，即可比遺傳演算法快速的找到最佳解，別外一些簡單優選的問題，傳統的演算法亦都能很快的解決，然而當我們在處理實際的問題時，經常會遇見的是非凸函數且多變數型態或更複雜的問題，這是一般演算法不易解決的，而遺傳演算法就有解決此類問題的能力，且可得到近似全域最佳解。



A.2 遺傳演算法的架構

遺傳演算法將欲求解的問題變數或參數以一種類似染色體的資料結構(Chromosome-Like Data Structure)來編碼，並應用一些遺傳運算元(Operators)如交換(Crossover)、突變(Mutation)對大量的染色體作運算，運算後產生的子代除了保存親代中具優勢的特質外，也有可能因為基因的交換與突變而比親代的表現更佳。基本的遺傳演算法包含下列幾個步驟：

1.將問題的變數編碼(Encoding):

在應用遺傳演算法解決問題時，首先必需對問題的型態作分析，釐清所要分析的變數，稱之為決策變數(Decision variable)，這些決策變數相當於生物學中的基因。在決定了決策變數之後，就必需將這些決策變數進行編碼的步驟。編碼的方式，是將這些決策變數，以二進位的方式表示之，改編成一個個的二進位碼(Binary code)，例如將二進位字串 1001 解碼，則可對應於十進位的變數值 9，而 1100 對應於 12，1001 與 1100 可看作是兩個基因，然後再將這些二進位碼組合起來，成為一條二進位碼的字串，這條二進位碼的字串相當於生物學中的染色體(Chromosomes)。

2.產生初始群集(Initial Population)

以隨機的方式產生多條染色體作為初始解。

3.計算目標函數值(Evaluation)

將初始群集大量的染色體解碼後對應的變數值一一代入問題模式中，計算函數或目標函數值。

4.計算適合度

適合度愈高表示該染色體具有較優的特質，將來被複製(Reproduction)的機會也較大，以搜尋最大化目標值的問題來說，適合度可以目標函數來表示，若是應用於最小化目標函數之問題時，適合度函數則需由目標函數經適當的轉換而產生。

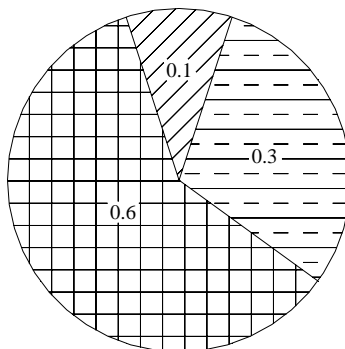
5.複製(Reproduction)或選取(Selection)

為演化出更優良的個體，必須從原來族群中篩選出較佳的個體，組成下一代的族群，這就是複製。因此，擁有較高適應值的染色體，便有較高的機率被選擇出來進行複製。並以下列兩種常用的方式說明：

(1)輪盤法(Roulette wheel)

所謂輪盤法是假設一個可轉動的輪盤，在輪盤上劃分許多扇形區塊，區塊的面積大小正比於個體被複製的機率。因此，個體的適應值越高，適應值佔有族群適應值總和的比例也越高，在輪盤上所佔的面積也越大，而被選上的機率也越高。輪盤法的示意圖參考圖 A.1 所示。詳細步驟則如下所示：

- 計算總適應值。為第一個個體適應值至最後一個個體適應值之總和。
- 求個體適應值佔總適應值之比例。即個體適應值除以總適應值。
- 繪製輪盤。在盤上劃分扇形區塊，區塊大小正比於個體適應值佔總適應值之比例。
- 射靶。隨機亂數產生 0 至 1 的數字，此數落於何區，則該區個體被複製一次。
- 重複 d，直到完成複製程序。



染色體所佔之面積比例即是被複製的機率

圖 A.1 輪盤法示意圖

(2)比較選取法(Tournament selection):

比較選取法，即是模仿自然界的生物彼此競爭情形，當某一個體的適應值愈高，其經由比較選取後，存活下來而被複製的機會愈高，此選取法有一好處，即是染色體被複製下來的機率與染色體間適合度的相對值大小無關而是取決於相對大小，因此較適合於個體間適合度值相對變化很大之問題，一般做法如下：

- a. 依每代染色體之總數，設定一個合理的比較個數。例如每次選取 2 個染色體作比較。
- b. 從母代中隨機選取 2 個染色體，並比較其適合度，適合度較優者複製保存至子代。
- c. 重複 b.，直到複製總數等於族群大小。

6.基因交配(Crossover)或重組(Recombination)

複製完成後，便接著要進行交配的程序。基因交配的程序，首先定義一交配率 P_{cross} ，然後以均勻分佈隨機產生一個機率值，若是此值小於事先所定義的交配率，染色體便要進行交配的程序，否則即不需要進行交配過程。交配過程是由複製過程所產生之子代中，隨機選取兩個染色體，並將其基因排列作重新的組合，以產生新的兩個染色體。基本上，交配的方式有三種，分別是單點交配、雙點交配和均一化交配。分述如下：

(1)單點交配

在進行單點交配時，首先依亂數決定一個切斷點，利用這個切斷點，將原先挑選出欲進行交配兩個的染色體切成兩部分，再將切開的部分重新組成一對新的染色體。

(2)雙點交配

雙點交配的步驟與單點交配類似，唯一的不同處是在進行雙點交配時，依亂數決定兩個切斷點，利用這兩個切斷點，將原先挑選出欲進行交配的染色體切成三部分，再將切開的部分

重新組合成新的染色體。

(3)均一化交配

使用均一化方式進行交配時，首先產生一個和染色體長度相等的二進位陣列，在這個二進位陣列中，每一個位元均依亂數決定此位元為 0 或 1，如此完成一個二進位陣列之面具(mask)。利用這個面具，可以決定染色體交配的位置。若是在面具中的位元值為 1 時，就進行染色體在此位元的互換；反之面具中的位元值為 0 時，則不進行互換。和單點交配、雙點交配不同處是，利用單、雙點交配時，每次交配切斷點的位置不是固定的，而均一化交配則是利用面具的方式，使得同一世代之所有個體在固定的位置交配。此三種交配的方式如圖 A.2 所示。

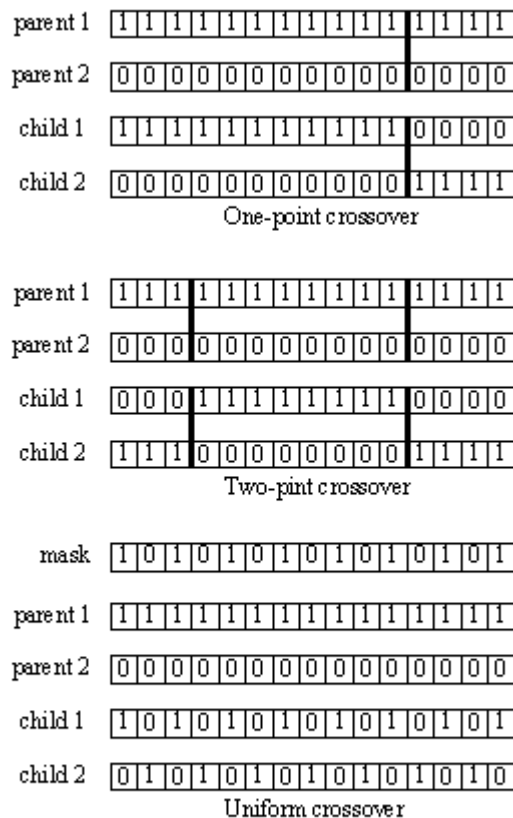


圖 A.2：基因交配示意圖

7. 突變

演化過程最後一個步驟是突變。在遺傳演算法的運作過程中，程式會隨機產生一個突變的機率值，若是此值低於事先所定義的突變率，染色體便會進行突變的程序。所謂突變，是隨機選定染色體的某些位元，將此些位元的值作 0 與 1 的互換，此步驟對染色體上的每個位元皆存在有突變的機率，可對染色體上各分段所代表的參數進行突變，將染色體的體質作一立即的改變，使搜尋的點更為零散，以防止過早收斂於局部最佳值，而無法獲得整體最佳解。突變示意圖則如圖 A.3 所示。

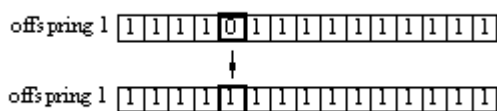


圖 A.3 突變示意圖

