

8. Übungsblatt

Aufgabe 26 Genetische Operatoren: Kantenrekombination

Gegeben seien die beiden Chromosomen

$$[5, 1, 6, 7, 0, 8, 9, 3, 10, 11, 2, 4] \quad \text{und} \quad [7, 11, 8, 0, 10, 1, 5, 4, 9, 3, 6, 2].$$

Konstruieren Sie einen Nachkommen dieser beiden Chromosomen mit Hilfe des Verfahrens der Kantenrekombination!

Aufgabe 27 Genetische Operatoren: Verzerrung

In der Vorlesung wurden die ortsabhängige Verzerrung (positional bias) und die Verteilungsverzerrung (distributional bias) als Möglichkeit zur Charakterisierung von Crossover-Operatoren besprochen. Geben Sie für die folgenden Operatoren an, ob und wie stark sie ortsabhängige Verzerrung oder Verteilungsverzerrung zeigen:

- a) Ein-Punkt-Crossover,
- b) Zwei-Punkt-Crossover,
- c) uniformes Crossover,
- d) Shuffle Crossover.

Begründen Sie Ihre Antworten!

Aufgabe 28 Interpretation eines Schemas

In der Vorlesung wurden Schemata auf zwei Arten veranschaulicht: Einmal als Hyperebenen in einem Hypereinheitswürfel und einmal als „Streifenmuster“ bei einer eindimensionalen Funktion, durch das die Bereiche der erfaßten Argumentwerte gekennzeichnet wurden. Letztere Veranschaulichung ging von einer Binärkodierung der Zahlen aus. In dieser Aufgabe wollen wir stattdessen Gray-Kodes betrachten. Stellen Sie die Schemata

- a) 0 * * * ... *
- b) * * 1 * ... *
- c) * 1 * 0 * ... *

für Gray-Kodes und eine eindimensionale Funktion in Intervall $[0, 1]$ dar! (Benutzen Sie das in der Vorlesung besprochene Verfahren zur Berechnung von Gray-Kodes.)

Aufgabe 29 Definierende Länge eines Schemas

Im Schematheorem wird die *definierende Länge* eines Schemas h benutzt, um die Wahrscheinlichkeit zu messen, daß ein Chromosom, das vor dem Crossover zum Schema h paßt, nach dem Crossover nicht mehr zu diesem Schema paßt. In der Definition der definierenden Länge wurde dazu vorausgesetzt, daß Ein-Punkt-Crossover verwendet wird. Wie muß man die Definition der definierenden Länge ändern, wenn stattdessen

- a) Zwei-Punkt-Crossover
- b) uniformes Crossover

benutzt wird? (Hinweis: Wie kann man Abstände von Genen in den beiden Teilstücken, die beim Zwei-Punkt-Crossover in den gleichen Nachkommen gelangen, messen?)