

8. Übungsblatt

besprochen am 13., 15. und 16.06.2016

Aufgabe 1 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 die 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 2 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 werden?

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

Aufgabe 3 Definierende Länge eines Schemas

Wenn man mithilfe der definierenden Länge eines Schemas bewertet, wie wahrscheinlich es ist, dass ein Chromosom, das vor dem Crossover zum Schema h passt, nach dem Crossover nicht mehr zu diesem Schema passt, so überschätzt man die Wahrscheinlichkeit (für das Verlorengelangen der Passung). Warum?

(Hinweis: Es gibt mindestens zwei Gründe, warum mehr Nachkommen zu einem Schema passen, als die definierende Länge vermuten lässt. Welche?)

Aufgabe 4 Ordnung eines Schemas

Im Schematheorem wird die Ordnung eines Schemas h benutzt, um die Wahrscheinlichkeit zu messen, dass ein Chromosom, das vor der Mutation zum Schema h passt, nach der Mutation nicht mehr zu diesem Schema passt. Welche entsprechenden Größen könnte man für die Ein-Elter-Operationen

- a) Zweiertausch,
- b) Verschieben eines Teilstücks

definieren, um ihre Auswirkungen auf das Passen zu einem Schema zu bewerten?