

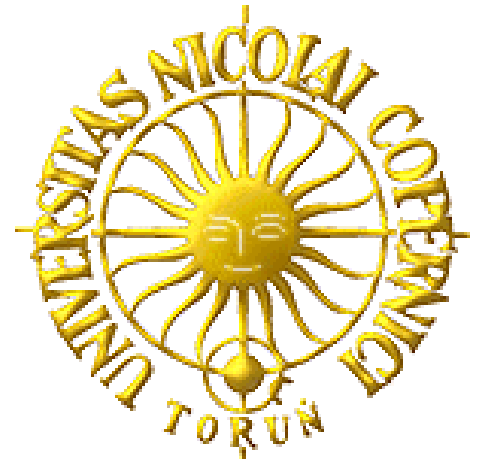
# Fizyka w symulacji komputerowej i modelowaniu komputerowym

Metody Monte Carlo

Algorytmy Genetyczne



Łukasz Peplowski



- Metody Stochastyczne
- Łańcuchy Markowa
- Dynamika Brownowska
- Metoda Monte Carlo
  - Symulowane Wyżarzanie
  - Algorytm Metropolisa
- Algorytmy Genetyczne

# Co to są metody Stochastyczne

Cechą tej klasy metod jest wykorzystanie losowych mechanizmów w celu rozwiązania interesującego nas zagadnienia

Proces stochastyczny to funkcja losowa, której wartości leżą w przestrzeni zdarzeń losowych, tzn. pewnej wielkości przypisane jest zdarzenie losowe - np. rzut monetą lub kostką

Metody stochastyczne oparte są na teorii prawdopodobieństwa



Na podstawie: D. W. Heeramann  
Podstawy symulacji komputerowych w fizyce

# Procesy Markowa, Łańcuchy Markowa

Jednym z kluczowych elementów wielu symulacji stochastycznych jest proces Markowa, lub łańcuch Markowa

Proces Markowa jest procesem, w którym prawdopodobieństwo każdego zdarzenia przyszłego zależy tylko od wyniku poprzedzającego go. Oznacza to brak pamięci. Inaczej mówiąc właściwości w bezpośrednim momencie w przyszłości są jednoznacznie określone przez stan obecny, niezależnie od tego co wydarzyło się w przeszłości

Łańcuch Markowa to proces markowa zdefiniowany na dyskretnej przestrzeni stanów

# Łańcuch Markowa - Definicja

Załóżmy, że dany jest ciąg stanów  $x_0, \dots, x_n, \dots$

Każdy stan  $x_i$  powstaje jako wynik próby losowej, tzn. zmienna losowa  $X_i$  przyjmuje wartość  $x_i$  i dokona tego z bezwzględnym prawdopodobieństwem  $a_i$ . Przypuśćmy, że stany  $x_0, \dots, x_{n-1}$  mają ustalone i określone wartości. Prawdopodobieństwo tego, że pojawi się  $x_n$  mający ustaloną wartość jest nazywane *prawdopodobieństwem warunkowym*  $P(x_n | x_{n-1}, \dots, x_0)$

**DEFINICJA:** Ciąg  $x_0, \dots, x_n, \dots$  nazywany jest łańcuchem Markowa gdy dla każdego  $n$  zachodzi równość:

$$P(x_n | x_{n-1}, \dots, x_0) = P(x_n | x_{n-1})$$

**Wynik każdej próby zależy od próby poprzedzającej i tylko od niej**

# Łańcuch Markowa - Definicja

Prawdopodobieństwo pojawienia się ciągu  $x_0, \dots, x_n$  można przedstawić w postaci iloczynu czynników:

$$P(x_0, \dots, x_n) = P(x_n | x_{n-1}) \dots P(x_1 | x_0) P(x_0) = P(x_n | x_{n-1}) \dots P(x_1 | x_0) a_0$$

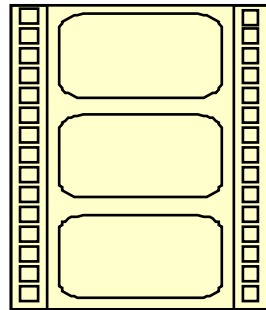
Prawdopodobieństwa warunkowe nazywane są prawdopodobieństwami przejścia w pojedynczym kroku, lub po prostu prawdopodobieństwem przejścia. Upraszczając notacje mamy:

$$P_{ij} = P(x_i | x_j)$$

$$\text{lub } P_{ij} = P(x_i \rightarrow x_j)$$

Najważniejszą własnością łańcucha Markowa dla zastosowań w symulacjach fizycznych jest *istnienie niezmiennego rozkładu stanów*

## Spacer losowy



Spacer losowy po prostej jest łańcuchem Markowa.  
Stanami są wszystkie możliwe liczby całkowite

$$\vec{F}_i = -\frac{\partial V}{\partial r_i} + \vec{F}s_i - \gamma_i m_i \frac{\partial r}{\partial t}. \quad \text{Dynamika Langevina}$$

Jeśli założymy, że:  $\gamma_i \frac{\partial r}{\partial t} = -\frac{\partial E}{\partial r_i} + f_i^{rand}$  Dynamika Brownowska

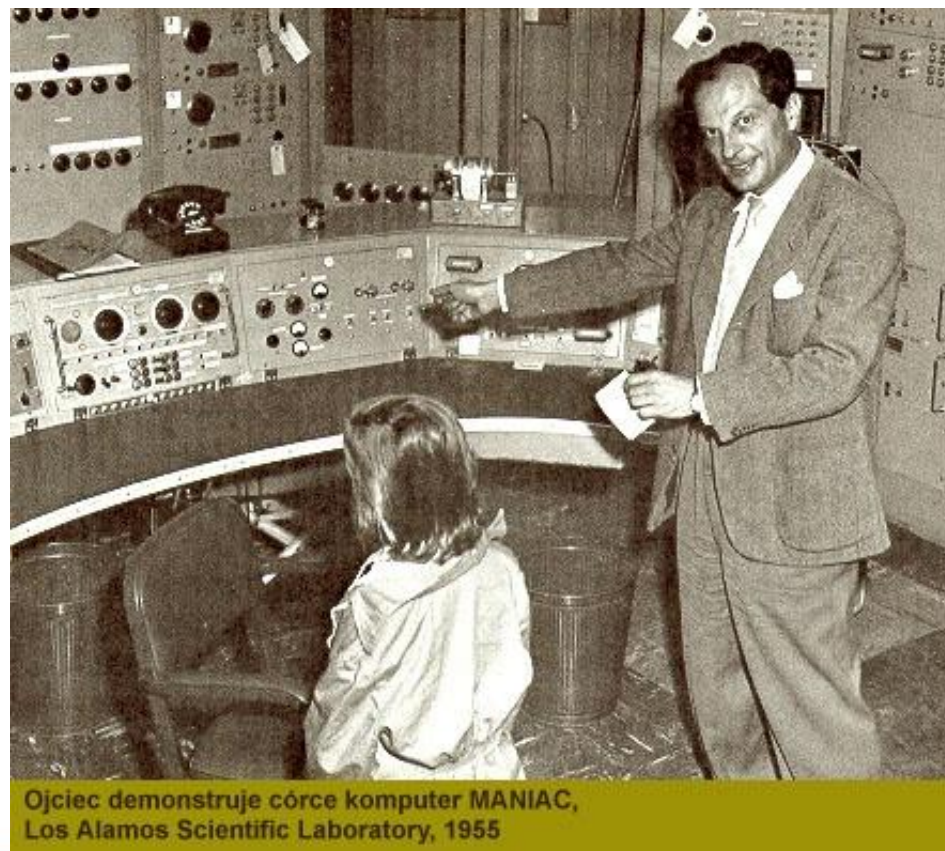
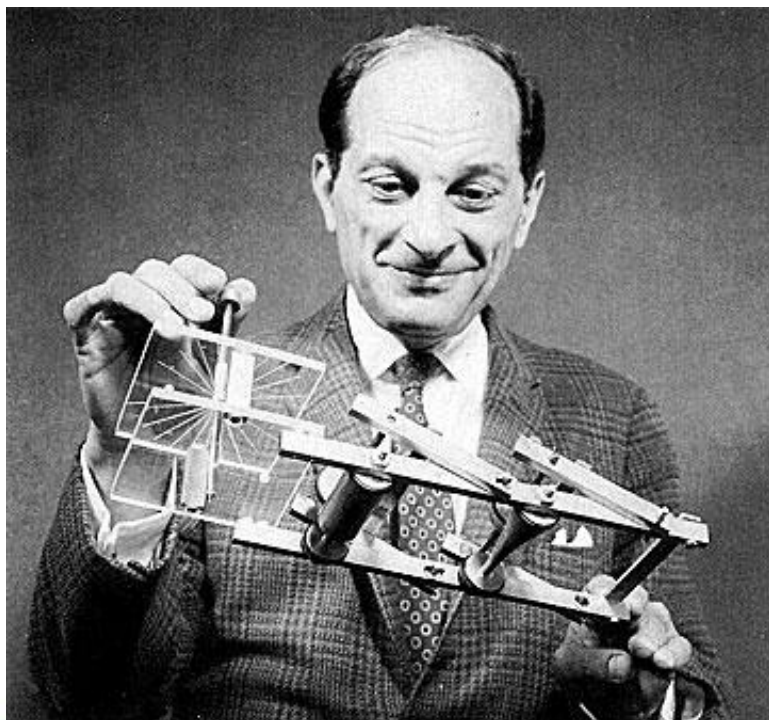
Musimy jeszcze nałożyć takie warunki, aby siła stochastyczna zniknęła w uśrednieniu oraz podlegała rozkładowi Gaussa. Dzięki temu rozkład prędkości w dynamice po uwzględnieniu warunków dynamiki Brownowskiej będzie podlegał rozkładowi Maxwella.



# Metody Monte Carlo

Metoda została opracowana i pierwszy raz zastosowana przez **Stanisława Ulama** (1909-1984), polskiego matematyka (przy współpracy z N. Metropolisem i J. von Neumannem).

Współtwórca bomby termojądrowej, jeden z pierwszych naukowców, który wykonywał symulacje komputerowe modelowania powielania neutronów oraz rozwiązania problemu drgającej struny, zawierającej element nieliniowy.



Ojciec demonstruje córce komputer MANIAC, Los Alamos Scientific Laboratory, 1955

# Metody Monte Carlo

Metodę Monte Carlo stosuje się w różnych działach matematyki numerycznej. Podstawą jej jest modelowanie statystycznego eksperymentu za pomocą środków techniki obliczeniowej i rejestracja charakterystyk liczbowych otrzymanych z tego eksperymentu. Metoda ta stosowana jest do modelowania matematycznego procesów zbyt złożonych (obliczanie całek, łańcuchy procesów statystycznych), aby można było przewidzieć ich wyniki za pomocą podejścia analitycznego. Istotną rolę w metodzie Monte-Carlo odgrywa losowanie (wybór przypadkowy) wielkości charakteryzujących proces, przy czym losowanie dotyczy rozkładów znanych skądinąd (np. z badania procesów prostszych lub niekiedy - z odpowiednio uzasadnionych lub oczywistych założeń). Rozwiązanie zadań rachunkowych za pomocą tej metody jest bliższe doświadczeniu fizycznemu niż klasycznym metodom rachunkowym.

Na podstawie [www.montecarlo.nasadowski.com](http://www.montecarlo.nasadowski.com)

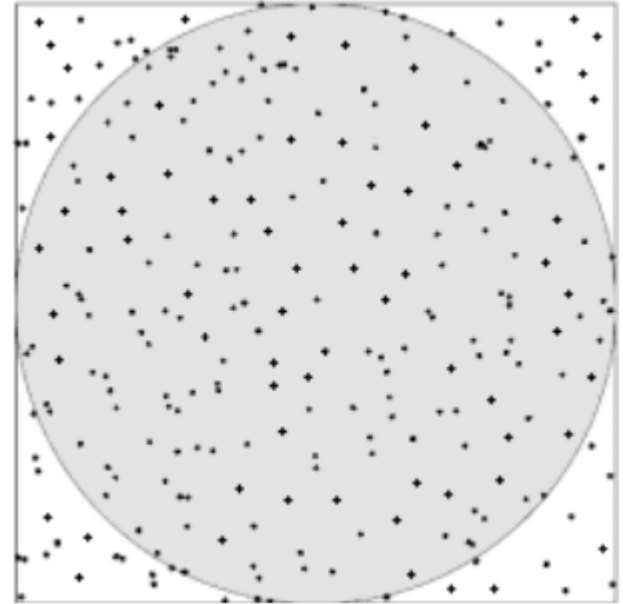
# Metody Monte Carlo

Metody te mogą być stosowane wszędzie tam, gdzie badane zagadnienie można opisać teoretycznie w ujęciu stochastycznym, chociaż samo zagadnienie może mieć przy tym charakter ściśle deterministyczny. Istotną rolę w metodzie Monte Carlo jest losowanie przypadkowe wielkości charakteryzujących proces, dotyczy to zarówno rozkładów procesów prostych lub złożonych. Składa się ona z następujących głównych części: sformułowanie modeli stochastycznych badanych procesów realnych, modelowania zmiennych losowych o danym rozkładzie prawdopodobieństwa, rozwiązywania problemu statystycznego z zakresu teorii estymacji. Metoda ta jest zaliczana do klas metod symulacyjnych.

# Metoda Monte Carlo – szukanie pola okręgu

Wyznaczamy pole koła wpisanego w kwadrat o boku równym 2 (ile ono wynosi?). W tym celu wyznaczamy wewnątrz kwadratu dużo losowych punktów. Następnie zliczamy te punkty, które wpadają do wnętrza koła. Pole koła jest w przybliżeniu równe:

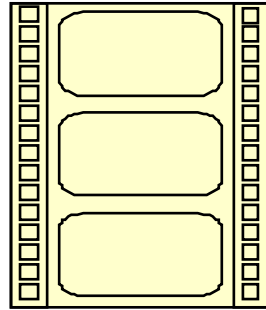
$$P_{koło} = \frac{n_{koło}}{n} P_{kwadrat}$$



Punkty losujemy tak, aby znajdowały się w kwadracie

$$\sqrt{(x-1)^2 + (y-1)^2} \leq 1 \quad \text{Warunek, czy punkt jest w środku koła } (n_{koło})$$

# Metoda Monte Carlo – szukanie pola okręgu



# Metoda Monte Carlo – liczenie całek oznaczonych

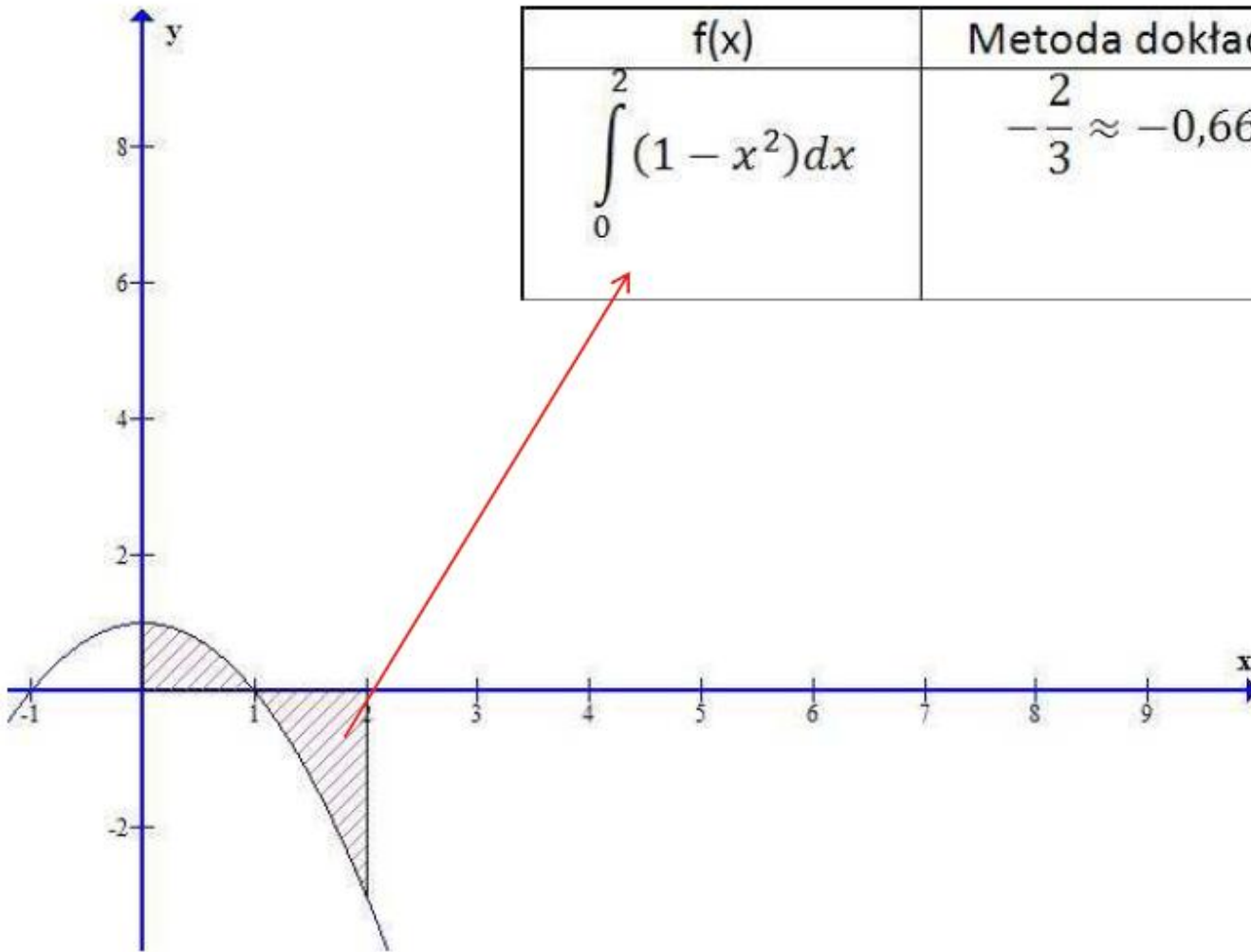
Całka oznaczona z funkcji to nic innego jak pole powierzchni pod tą funkcją. Dzięki temu możemy obliczyć metodą MC całki oznaczone. Idea opiera się na policzeniu pola pod wykresem funkcji dla  $f(x) > 0$  i odjęciu pola nad wykresem dla  $f(x) < 0$

$$\int_a^b f(x) dx = \frac{b-a}{n} \sum_{i=1}^n f(x_i)$$

Gdzie  $x_i$  losowane jest z przedziału  $\langle a;b \rangle$ ,  $n$  określa liczebność próbki

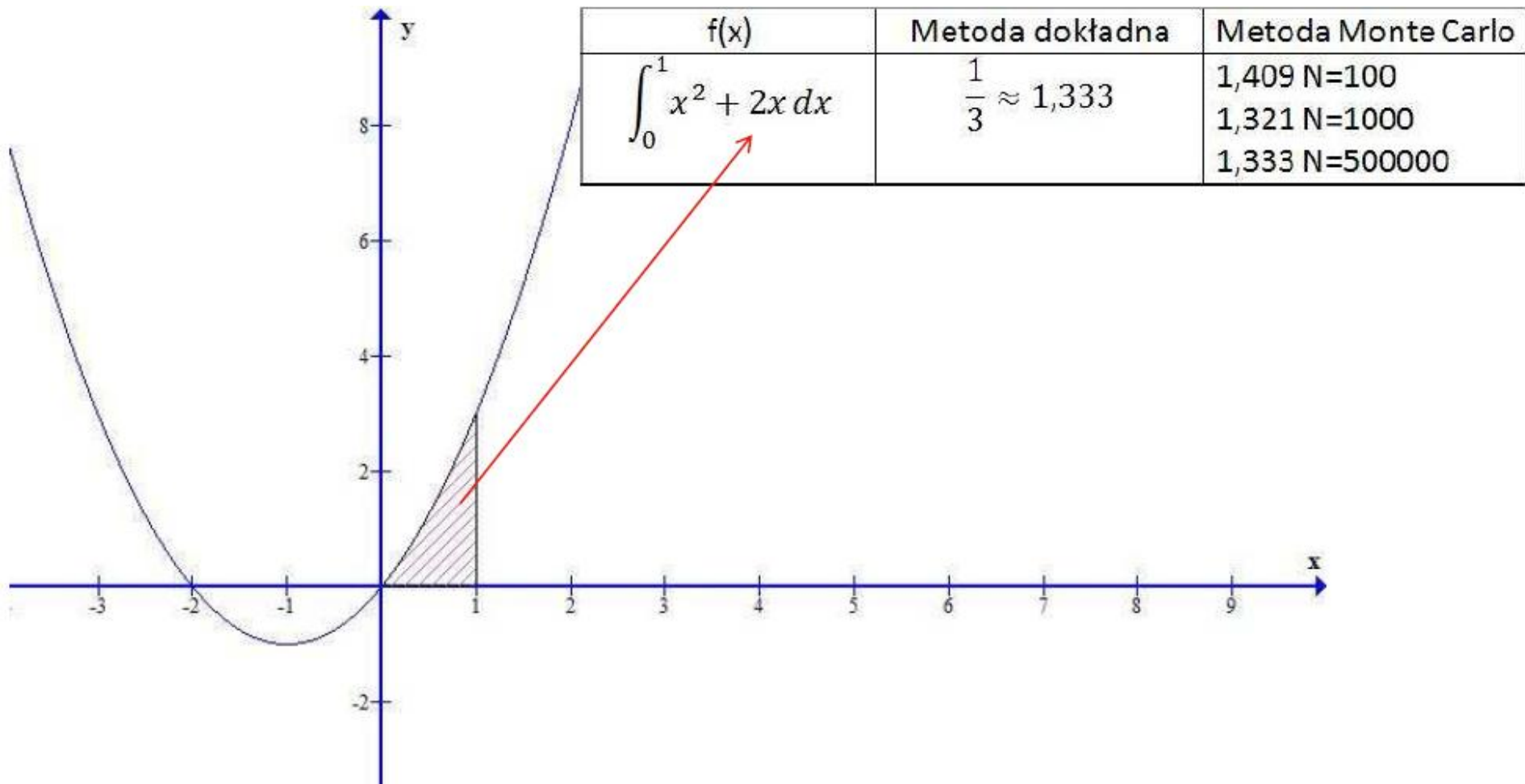


# Metoda Monte Carlo – liczenie całek oznaczonych



$f(x)$	Metoda dokładna	Metoda Monte Carlo
$\int_0^2 (1 - x^2) dx$	$-\frac{2}{3} \approx -0,666$	-0,665 N=1000000 0,507 N=10 -0,734 N=500

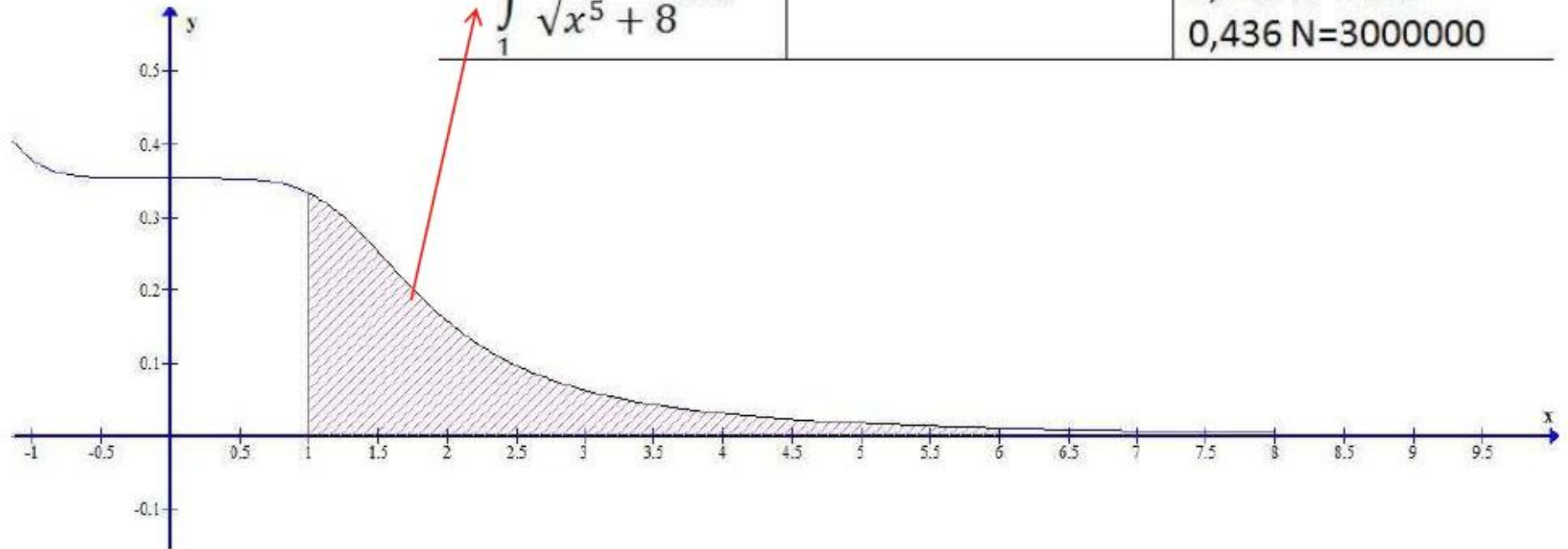
# Metoda Monte Carlo – liczenie całek oznaczonych





# Metoda Monte Carlo – liczenie całek oznaczonych

$f(x)$	Metoda dokładna	Metoda Monte Carlo
$\int_1^6 \frac{1}{\sqrt{x^5 + 8}} dx$	0,435	0,467 N=100 0,446 N=1000 0,436 N=3000000

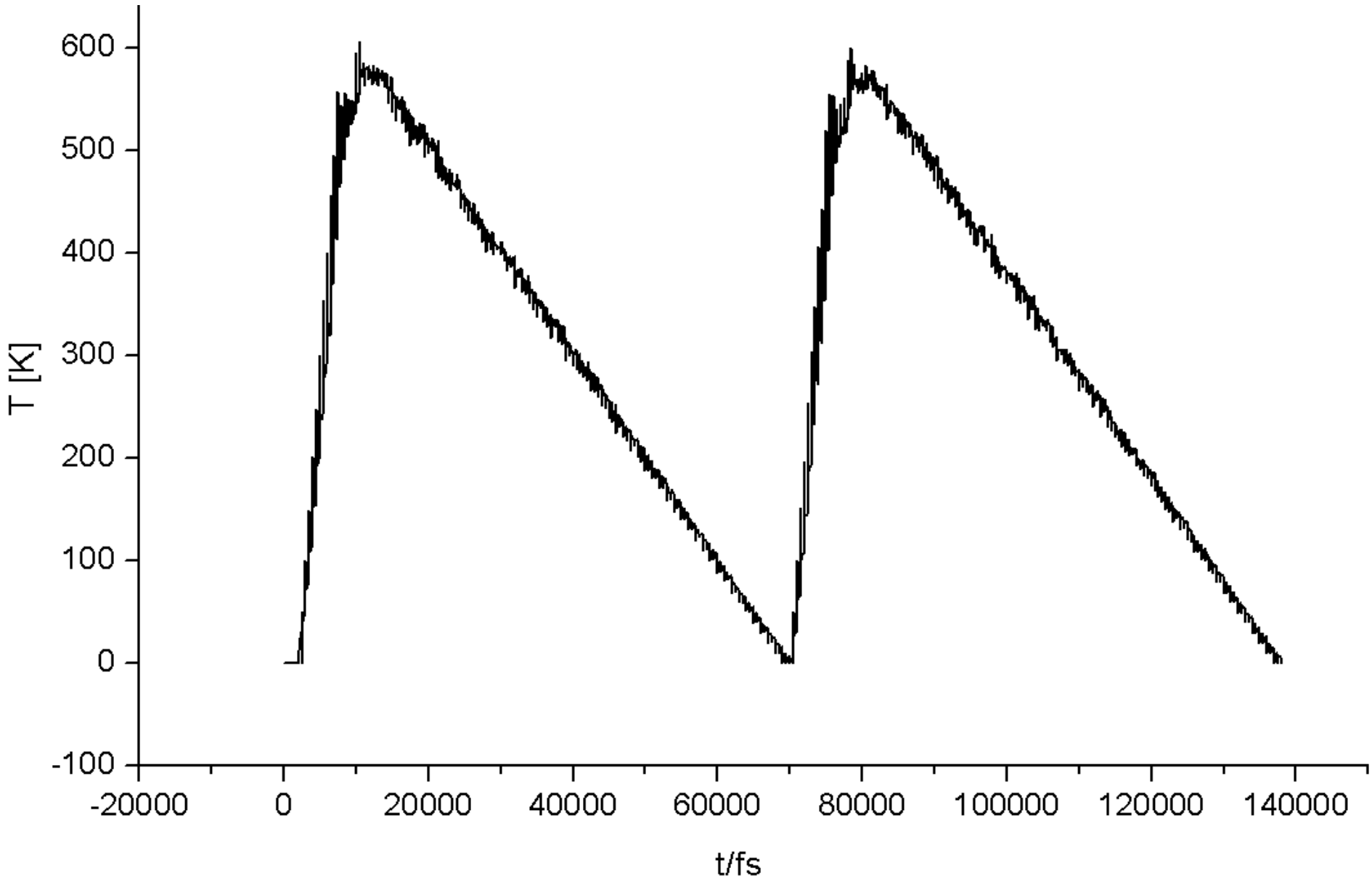


## Simulated Annealing

- wzrost temperatury gorącej kąpieli do takiej wartości, w której ciało stałe topnieje
- powolne zmniejszanie temperatury do chwili, w której cząsteczki ułożą się wzajemnie i osiągną temperaturę zerową
- przeciwieństwo hartowania

Symulowane wyżarzanie inspirowane było procesami technologicznymi stosowanymi w metalurgii i hutnictwie szkła

# Symulowane Wyżarzanie



**VMD**

# Algorytm Metropolisa

Metropolis i in. (1953) - algorytm statystycznego *symulowania* (Monte Carlo) zmian ciała stałego w gorącej kąpieli aż do stanu termicznej równowagi

- Otwarty układ termodynamiczny:  $E_i$  — energia stanu  $i$
- Problem: znaleźć stan o minimalnej energii
- Postępowanie:
  - dla danego stanu  $i$  wykonujemy statystyczny „ruch” cząstki, otrzymując stan  $j$ ;
  - jeżeli  $E_j - E_i < 0$ , przechodzimy do stanu  $j$  bezwarunkowo
  - w przeciwnym wypadku przechodzimy do stanu  $j$  z prawdopodobieństwem:

$$\exp\left(-\frac{E_j - E_i}{k_b T}\right)$$

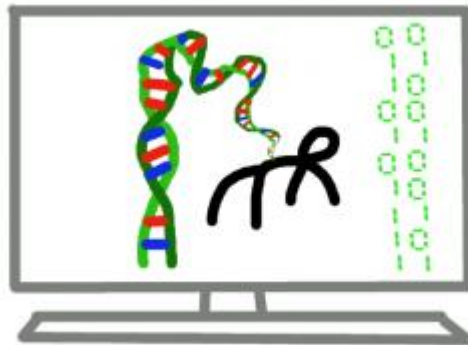
Wykonujemy kolejny statystyczny „ruch”

# Algorytm Metropolisa

$$P_{akceptacji} = \begin{cases} 1 & \text{if } E_j < E_i \\ \exp\left(-\frac{E_j - E_i}{k_b T}\right) & \text{if } E_j > E_i \end{cases}$$

Dla przypadku  $E_j > E_i$  losujemy liczbę z zakresu  $(0;1)$  i jeśli  $P_{akceptacji}$  jest mniejsze od tej liczby akceptujemy krok.

# Algorytmy Genetyczne



Na podstawie: D. E. Goldberg – Algorytmy genetyczne i ich zastosowania  
D. T. Larose – Metody i modele eksploracji danych

Dlaczego algorytmy genetyczne  
omawiane są na wykładzie  
Fizyka w Symulacji Komputerowej i  
Modelowaniu Komputerowym?



## Heurystyka a Algorytm

Metoda znajdowania rozwiązań, dla której nie ma gwarancji znalezienia rozwiązania optymalnego, a często nawet prawidłowego. Rozwiązań tych używa się np. wtedy, gdy pełny algorytm jest z przyczyn technicznych zbyt kosztowny, lub gdy jest nieznany (np. przy przewidywaniu pogody lub przy wykrywaniu niektórych zagrożeń komputerowych, takich jak wirusy (AVG)). Metody używa się też często do znajdowania rozwiązań przybliżonych, na podstawie których później wylicza się ostateczny rezultat pełnym algorytmem.

Skończony, uporządkowany ciąg jasno zdefiniowanych czynności, koniecznych do wykonania pewnego rodzaju zadań.

Algorytm ma przeprowadzić system z pewnego stanu początkowego do pożądanego stanu końcowego.

Algorytm to **jednoznaczny** przepis przetworzenia w skończonym czasie pewnych danych wejściowych do pewnych danych wynikowych.

## Oksymoron Algorytm Heurystyczny

## Algorytm Ewolucyjny

Przeszukuje przestrzeń alternatywnych rozwiązań problemu w celu odnalezienia rozwiązań najlepszych lub potencjalnie najlepszych. Przeszukiwanie odbywa się za pomocą mechanizmów ewolucji oraz doboru naturalnego.

## Algorytm Genetyczny

Stanowi próbę naśladowania obliczeniowego procesów, poprzez które działa selekcja naturalna i zastosowania ich w celu rozwiązywania najrozmaitszych problemów (np. badawczych, ekonomicznych, technicznych biznesowych).

Algorytmy genetyczne zostały zainspirowane mechanizmami biologicznymi (m.in. Selekcją naturalną reprodukcją, mutacje i krzyżowanie informacji genetycznej). W świecie algorytmów genetycznych porównuje się miary przystosowania różnych możliwych rozwiązań i najlepiej przystosowane dopuszczalne rozwiązania ewoluują do stworzenia jeszcze lepiej przystosowanych rozwiązań

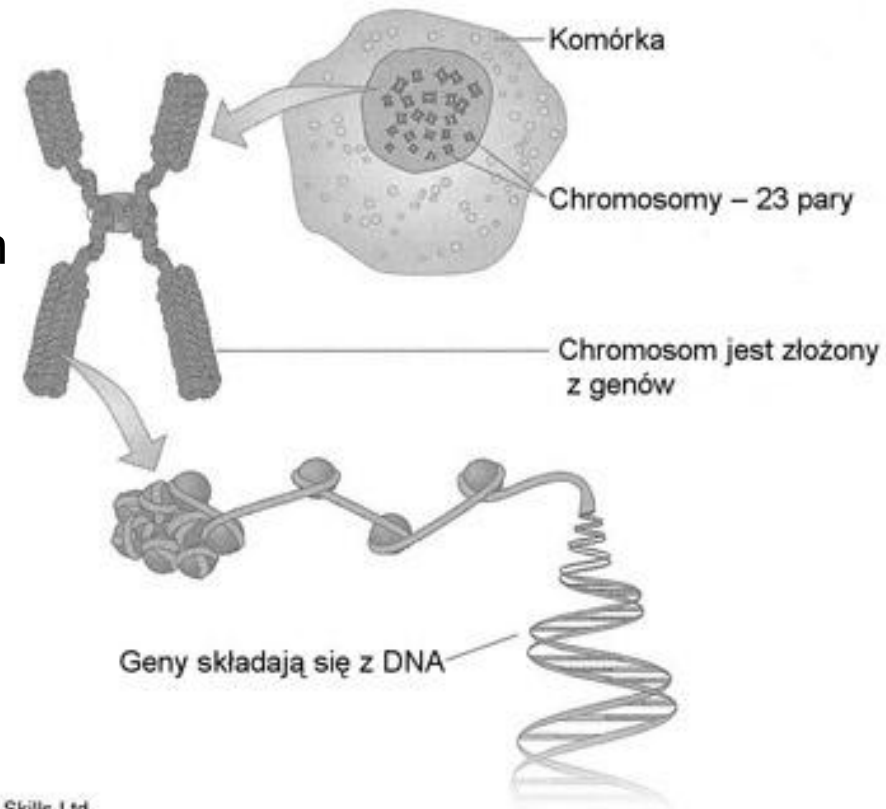
# Algorytmy Genetyczne

Czym różnią się algorytmy genetyczne (GA od Genetic Algorithm) od metod tradycyjnych?

- GA nie przetwarzają bezpośrednio parametrów zadania lecz ich zakodowaną postać.
- GA prowadzą poszukiwania wychodząc nie z pojedynczego punktu lecz z ich pewnej populacji
- GA korzystają tylko z funkcji celu, nie zaś z jej pochodnych lub innych pomocniczych informacji
- GA stosują probabilistyczne reguły wyboru (a nie deterministyczne)

# Algorytmy Genetyczne - terminologia

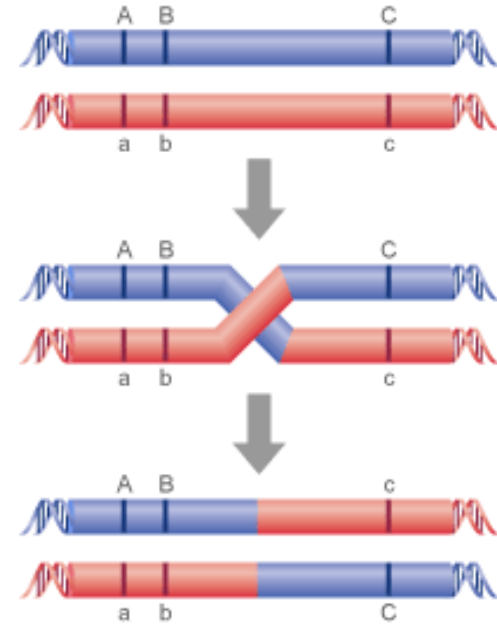
- Każda komórka zawiera zestaw **chromosomów**, czyli łańcuchów DNA. W dziedzinie GA chromosom jest jednym z możliwych rozwiązań problemu.
- Każdy z chromosomów może zostać podzielony na **geny**, które są blokami łańcucha DNA przeznaczonymi do zakodowania pewnej cechy. W GA gen jest pojedynczym bitem lub cyfrą rozwiązania.
- Dana wartość genu to **allel** (np. kolor włosów). W GA allel jest wartością bitu lub cyfry.
- Każdy gen znajduje się na określonej pozycji w chromosomie. Miejsce to nazywamy **locus**.



© Clinical Skills Ltd

# Algorytmy Genetyczne - terminologia

- **Rekombinacja** lub **krzyżowanie** następuje podczas reprodukcji, kiedy tworzony jest nowy chromosom jako kombinacja cech chromosomów obojga rodziców.
- **Mutacja** czyli zamiana pojedynczych genów w chromosomie potomka może następować losowo i ma miejsce stosunkowo rzadko.
- U każdego potomka ocenia się **przystosowanie** (dopasowanie, ocena) według zdolności do życia lub według płodności.



# Algorytmy Genetyczne

Algorytmy genetyczne używają trzech operatorów genetycznych:

- **Selekcja.** Operator selekcji wybiera chromosomy do reprodukcji. Za pomocą funkcji przystosowania ocenia się każdy z chromosomów, a im chromosom jest bardziej przystosowany, tym bardziej prawdopodobne, że zostanie wybrany do tworzenia nowych osobników.
- **Krzyżowanie.** Operator krzyżowania wykonuje rekombinację, tworząc dwa nowe osobniki potomne przez losowy wybór pozycji i wymianę podsekwencji pomiędzy dwoma chromosomami wybranymi w czasie selekcji. Na przykład dwa chromosomy 111111 i 000000 mogły by zostać skrzyżowane na pozycji 2 i otrzymujemy dwa osobniki potomne 110000 i 001111 (Krzyżowanie jednopunktowe).
- **Mutacja.** Operator mutacji losowo zmienia bity lub cyfry na danej pozycji w chromosomie. Następuje to jednak z bardzo małym prawdopodobieństwem. Np. po skrzyżowaniu łańcuch 110000 może zmutować na 110010. Mutacja wprowadza nową informację do populacji i zapobiega zbyt szybkiej zbieżności do lokalnego optimum.

# Algorytmy Genetyczne

Większość GA działa poprzez wielokrotne uaktualnianie zbioru możliwych rozwiązań, nazywanego **populacją**. Każdy członek populacji jest oceniany pod względem przystosowania w każdym cyklu. Nowa populacja zastępuje starą populację za pomocą operatorów selekcji, krzyżowania i mutacji z najbardziej przystosowanymi osobnikami wybranymi do reprodukcji lub sklonowania. **Funkcja przystosowania**  $f(x)$  jest funkcją rzeczywistą działającą na chromosomie (nie na genie). Zatem  $x$  w  $f(x)$  odnosi się do wartości numerycznej reprezentowanej przez chromosom podczas obliczania wartości przystosowania.



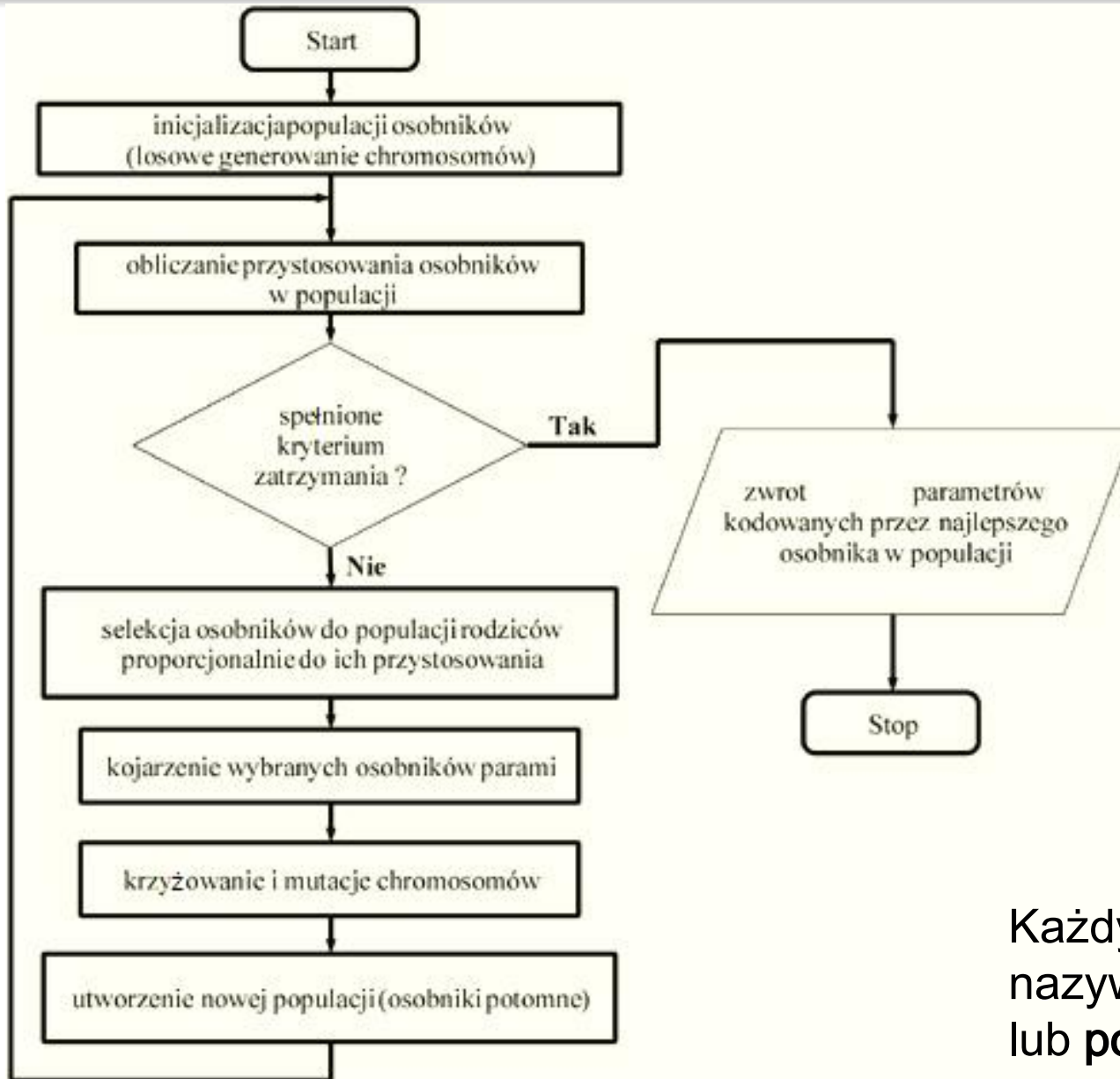
# Algorytmy Genetyczne – podstawowy szkielet

- Krok 0. **Inicjalizacja.** Dane są zakodowane w ciągach bitów (zer i jedynek). Określ **prawdopodobieństwo krzyżowania**  $p_c$  i **prawdopodobieństwo mutacji**  $p_m$ .
- Krok 1. Utwórz początkową populację składającą się ze zbioru  $n$  chromosomów, każdy o długości  $l$ .
- Krok 2 Dla każdego chromosomu z tej populacji oblicz wartość przystosowania  $f(x)$ .
- Krok 3. Powtarzaj następujące kroki do póki nie powstanie  $n$  potomków.
  - Krok 3a. **Selekcja.** Wykorzystując wartości funkcji przystosowania  $f(x)$  każdemu chromosomowi przypisz prawdopodobieństwo selekcji. Najczęściej robi się to następująco. Dla każdego chromosomu  $x_i$  oblicz część przystosowania tego chromosomu względem sumy dla wszystkich chromosomów z populacji czyli  $f(x_i)/\sum_j f(x_j)$  i przypisz tę wartość prawdopodobieństwu wybrania tego chromosomu jako rodzica. Następnie na podstawie tych prawdopodobieństw wybierz parę chromosomów jako rodziców.

# Algorytmy Genetyczne – podstawowy szkielet

- Krok 3b. **Krzyżowanie**. Wybierz losowo pozycję (**punkt krzyżowania**). Następnie z prawdopodobieństwem  $p_c$  wykonaj krzyżowanie pary chromosomów (rodziców) wybranych w kroku 3a, otrzymując parę potomków. Jeśli krzyżowanie nie występuje utwórz dwie dokładne kopie rodziców.
- Krok 3c. **Mutacja**. Z prawdopodobieństwem  $p_m$  wykonaj mutację dla każdego z dwóch potomków na pozycji. Jeżeli  $n$  jest nieparzyste, a utworzono o jednego potomka za dużo losowo usuń jeden z chromosomów.
- Krok 4. Nowa populacja chromosomów staje się populacją bieżącą.
- Krok 5. Sprawdź czy został spełniony warunek zatrzymania. Na przykład czy zmiana średniej wartości przystosowania z pokolenia na pokolenie jest bardzo mała. Jeżeli osiągnięto zbieżność to zakończ działanie i zwróć wyniki. Inaczej idź do kroku 2.

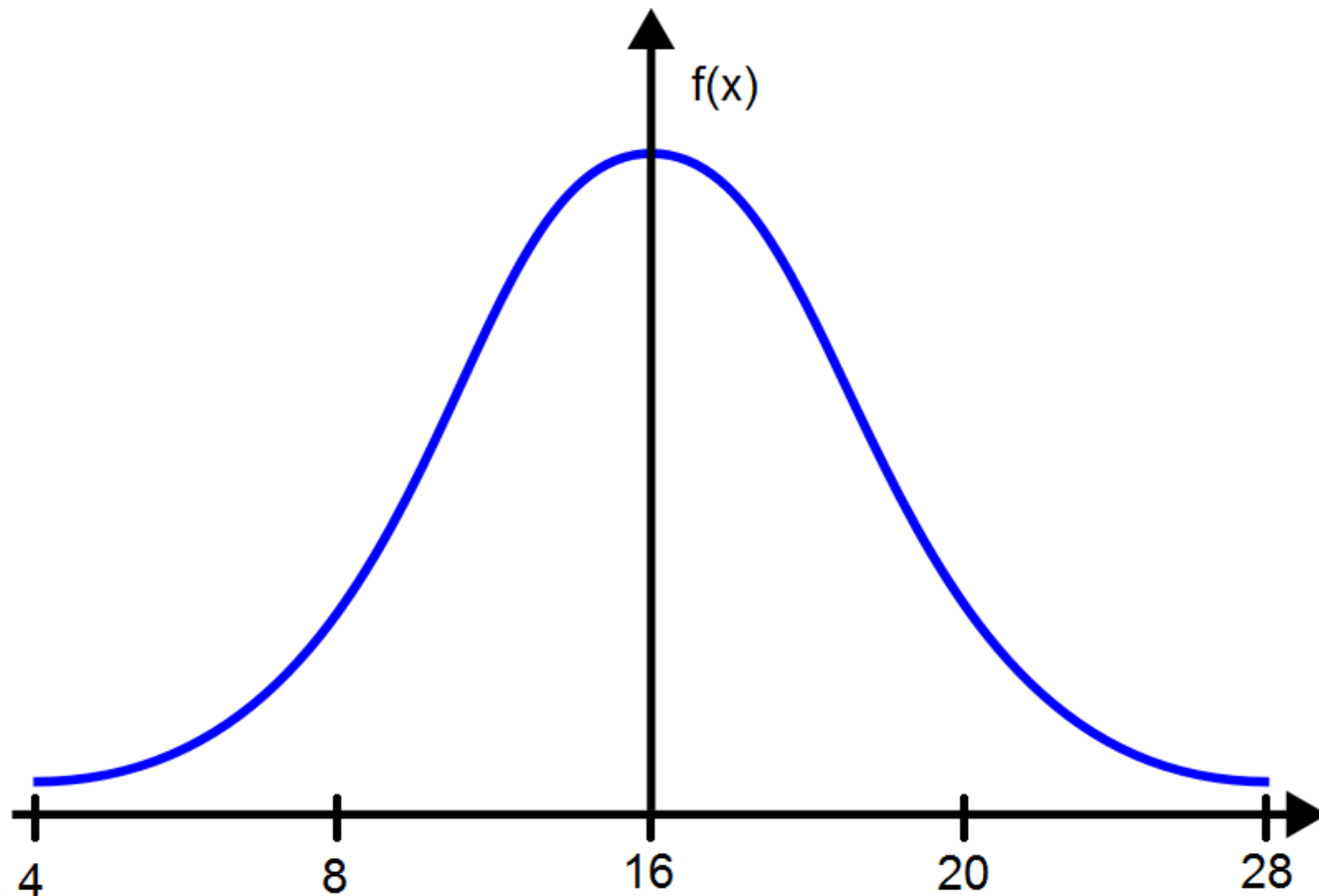
# Algorytmy Genetyczne – podstawowy szkielet



Każdy cykl tego algorytmu nazywany jest **generacją** lub **pokoleniem**.

# Algorytmy Genetyczne – prosty przykład

Szukamy maksimum funkcji:  $f(x) = \frac{1}{\sqrt{2\pi} \cdot 4} \exp\left(\frac{-1}{2 \cdot 4^2} (x-16)^2\right)$   
rozkład normalny o średniej 16  
i odchyleniu standardowym 4



# Algorytmy Genetyczne – prosty przykład

Pozwólmy, aby zmienna  $x$  przyjmowała tylko wartości określone przez pięć pierwszych cyfr binarnych (od 00000 do 11111 czyli od 0 do 31)

- Krok 0. Inicjalizacja. Określamy prawdopodobieństwo krzyżowania  $p_c = 0.75$  i mutacji  $p_m = 0.002$ .
- Krok 1. Zakładamy, że populację będzie tworzyć zespół czterech chromosomów, wylosowanych z przedziału od 00000 do 11111, zatem  $n = 4$ ,  $l = 5$ . Wylosowaliśmy następujące chromosomy: 00100 (4), 01001 (9), 11011 (27), oraz 11111 (31).
- Krok 2. Obliczamy wartość przystosowania dla każdego chromosomu z populacji:

Chromosom	Wartość	Dopasowanie $f(x_i)$	Prawdopodobieństwo selekcji $f(x_i)/\sum_i f(x_i)$
00100	4	0,001108	0,04425
01001	9	0,021569	0,86145
11011	27	0,002273	0,09078
11111	31	0,000088	0,00351

# Algorytmy Genetyczne – prosty przykład

- Krok 3. Powtarzaj następujące kroki dopóki nie powstanie  $n$  potomków:
  - Krok 3a. Selekcja. Suma wartości przystosowania jest równa:  
 $\sum_i f(x_i) = 0,001108 + 0,021569 + 0,002273 + 0,000088 = 0,025038$   
Prawdopodobieństwo wybrania  $i$ -tego chromosomu do krzyżowania to  $f(x_i)/0,025038$ . Rozpoczyna się proces selekcji. Zakładamy, że zostały wybrane chromosomy: 01001 i 11011.
  - Krok 3b. Krzyżowanie. Punkt krzyżowania został wylosowany na pozycji drugiej. W związku z tym, że prawdopodobieństwo krzyżowania jest duże, prowadzi ono do krzyżowania pomiędzy 01001 i 11011. Otrzymujemy zatem dwa chromosomy do nowego pokolenia: 01011 (11) i 11001 (25).
  - Krok 3c. Mutacja. Z powodu małego prawdopodobieństwa zakładamy, że żaden z genów nie ulega mutacji. Mamy dwa chromosomy w populacji, potrzebujemy kolejnych dwóch. Wracamy do kroku 3a.
  - Krok 3a. Selekcja. Zakładamy że wylosowaliśmy teraz chromosomy 01001 (9) i 00100 (4).
  - Krok 3b. Krzyżowanie. Zakładamy, że tym razem krzyżowanie nie występuje. Dodajemy klony rodziców do nowej populacji.

# Algorytmy Genetyczne – prosty przykład

- Krok 4. Nowa populacja chromosomów staje się bieżącą populacją
- Krok 5. Wracamy do kroku 2.

## Druga iteracja:

- Krok 2. Przystosowanie  $f(x_i)$  jest obliczane dla każdego chromosomu z populacji:

Chromosom	Wartość	Dopasowanie $f(x_i)$	Prawdopodobieństwo selekcji $f(x_i)/\sum_i f(x_i)$
00100	4	0,001108	0,014527
01001	9	0,021569	0,282783
01011	11	0,045662	0,598657
11001	25	0,007935	0,104033

- Krok 3a. Selekcja. Suma wartości funkcji przystosowania wynosi  $\sum_i f(x_i) = 0,076274$ , co oznacza że średnia wartość chromosomów w drugim pokoleniu jest trzy razy większa w porównaniu z wartością średnią dla pierwszego kroku. Prawdopodobieństwa selekcji są wyliczane (jak w tabeli) i postępujemy dalej tym schematem do znalezienia zadanego rozwiązania

Wpływ parametrów  $p_c$  i  $p_m$  na zbieżność algorytmu



# Algorytmy Genetyczne

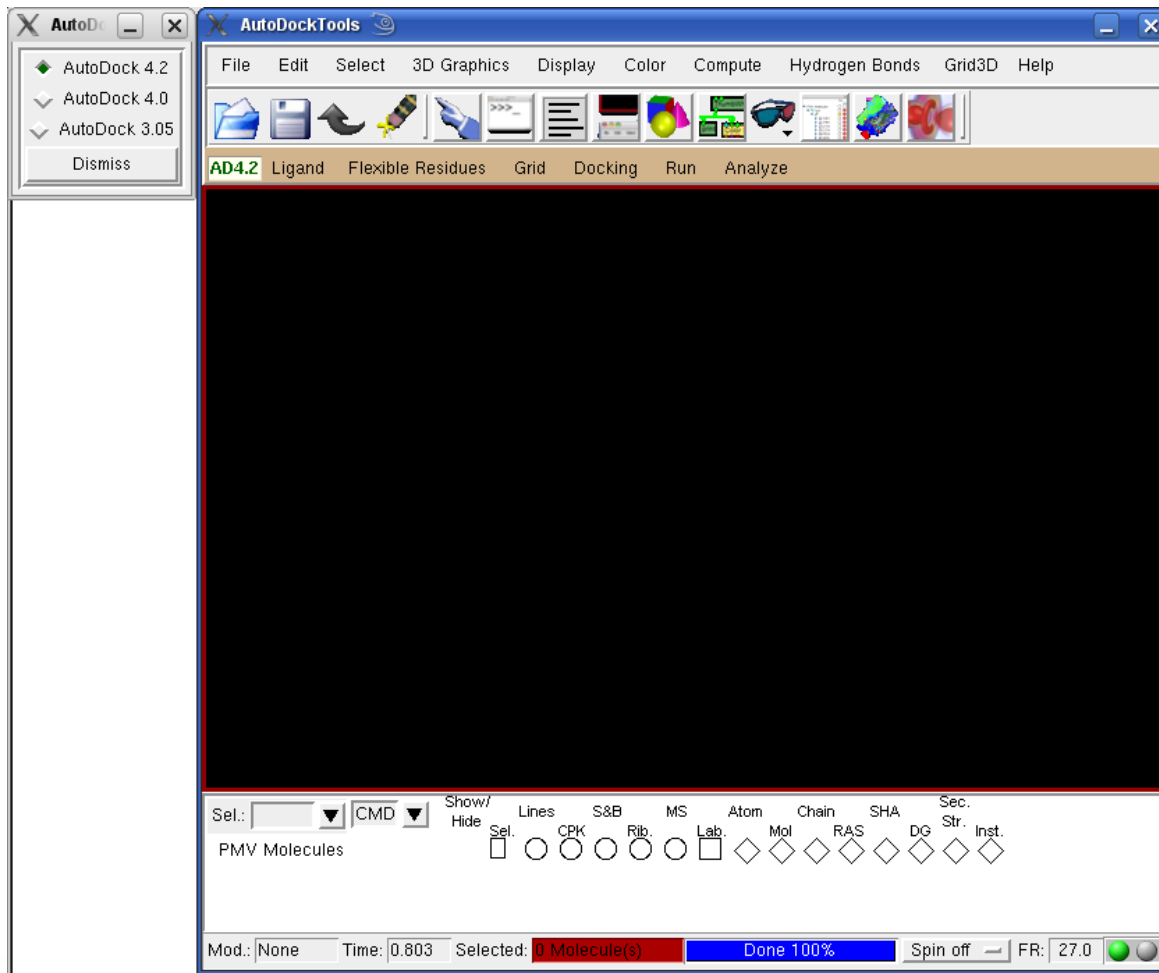
W celu poprawy działania algorytmu można stosować inne:

- Metody selekcji
- Metody krzyżowania np.:
  - Wielopunktowe
  - Równomierne

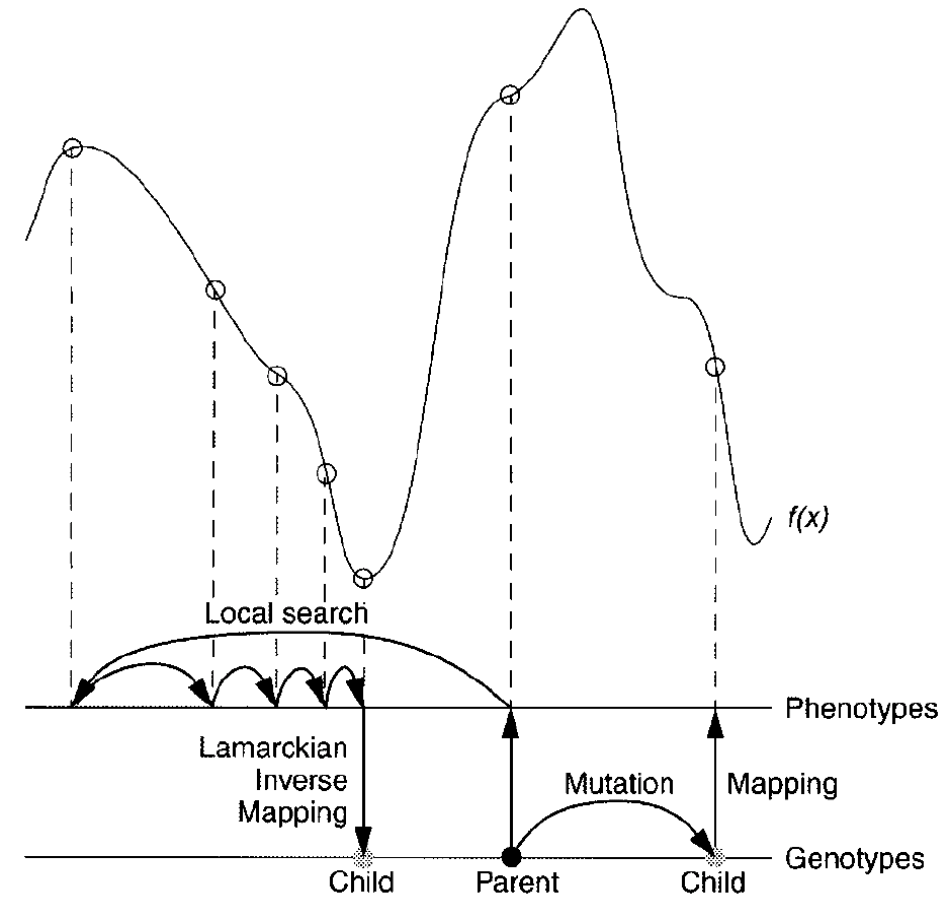
# Algorytmy Genetyczne - Zastosowania

Szukanie minimum energetycznego przy oddziaływaniu dwóch molekuł – dokowanie.

Służy do tego program AutoDock



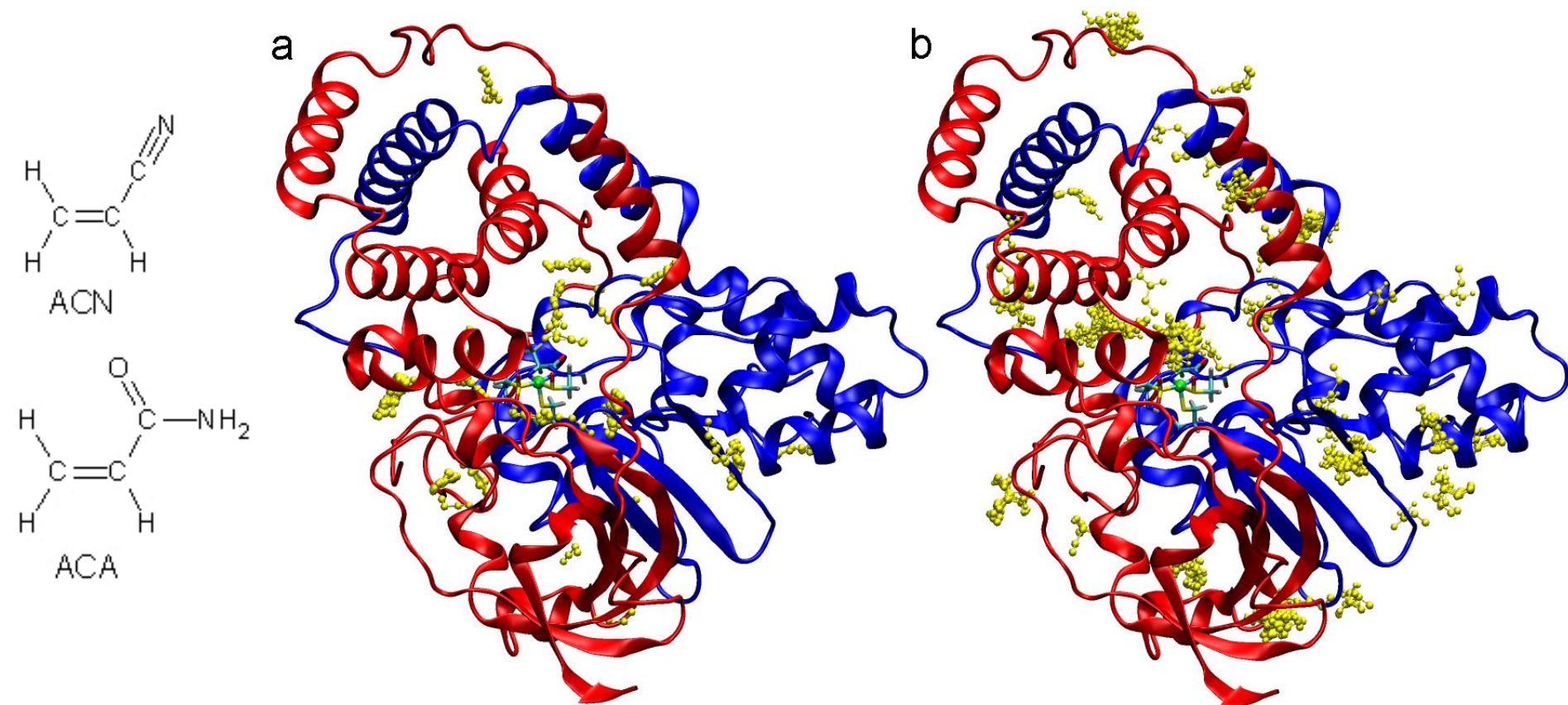
# Alorytmy Genetyczne - Zastosowania



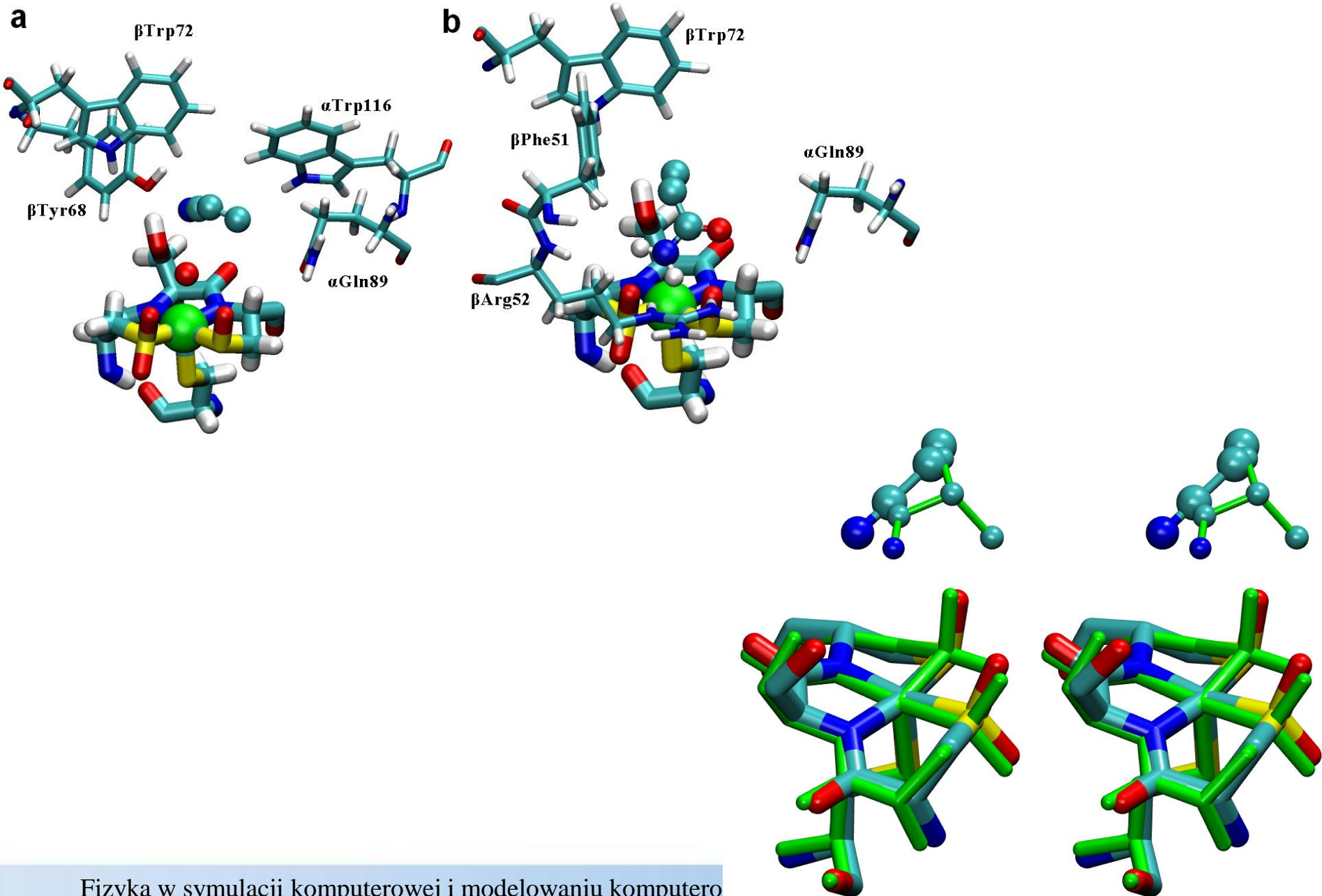
Schemat działania genetycznego algorytmu Lamarcka w programie AutoDock 3.0.5;  $f(x)$  jest funkcją dopasowania. Funkcja  $f(x)=\Delta G$  wyznaczana jest na podstawie pola siłowego, opartego na polu AMBER składającego się z 5 członów:

$$\Delta G = \Delta G_{vdW} \sum \left( \frac{A_{ij}}{r_{ij}^{12}} - \frac{B_{ij}}{r_{ij}^6} \right) + \Delta G_{Hbond} \sum E(t) \left( \frac{C_{ij}}{r_{ij}^{12}} - \frac{D_{ij}}{r_{ij}^{10}} \right) + \Delta G_{elec} \sum \frac{q_i q_j}{\epsilon(r_{ij}) r_{ij}} + \Delta G_{tor} N_{tor} + \Delta G_{sol} \sum S_i V_j e^{(-r_{ij}^2 / 2\sigma^2)},$$

# Algorytmy Genetyczne - Zastosowania



# Algorytmy Genetyczne - Zastosowania



# Algorytmy Genetyczne – Zastosowania - Historia

Symulacja populacji organizmów jednokomórkowych  
Rosenbeg 1967

Rozpoznawanie postaci  
Cavicchio 1970

Adaptacja mechanizmów reagowania na dostępność pokarmu w przestrzeni i czasie.  
Sannier i Goodman 1987

Algorytm grupowania oparty na GA  
Raghavan i Birchard 1979

Adaptacyjna metoda grupowania dokumentów przy użyciu GA  
Raghavan i Agarwal

Identyfikacja modelu amortyzatora  
Goldberg 1981

Projektowanie filtra adaptacyjnego  
Etter, Hicks, Cho 1982

# Algorytmy Genetyczne – Zastosowania

- Optymalizacja rurociągu gazowego
- Optymalizacja strukturalna konstrukcji (wytrzymałość kratownic)
- Obróbka medycznych obrazów rentgenowskich
- Iterowany dylemat więźnia.

Dziękuję za uwagę 😊