

Ανοικτό Πανεπιστήμιο Κύπρου

Σχολή Θετικών και Εφαρμοσμένων Επιστημών

**Μεταπτυχιακό Πρόγραμμα Σπουδών
Πληροφοριακά και Επικοινωνιακά Συστήματα**

Μεταπτυχιακή Διατριβή



Πειραματική Μελέτη Αλγορίθμων Εξέλιξης

Ανδρέας Τουμασής

**Επιβλέπων Καθηγητής
Λοΐζος Μιχαήλ**

Ιανουάριος 2018

Ανοικτό Πανεπιστήμιο Κύπρου

Σχολή Θετικών και Εφαρμοσμένων Επιστημών

Μεταπτυχιακό Πρόγραμμα Σπουδών

Πληροφοριακά και Επικοινωνιακά Συστήματα

Μεταπτυχιακή Διατριβή

Πειραματική Μελέτη Αλγορίθμων Εξέλιξης

Ανδρέας Τουμασής

**Επιβλέπων Καθηγητής
Λοΐζος Μιχαήλ**

Η παρούσα μεταπτυχιακή διατριβή υποβλήθηκε προς μερική εκπλήρωση των απαιτήσεων για απόκτηση μεταπτυχιακού τίτλου σπουδών

στα Πληροφοριακά και Επικοινωνιακά Συστήματα

από τη Σχολή Θετικών και Εφαρμοσμένων Επιστημών
του Ανοικτού Πανεπιστημίου Κύπρου.

Ιανουάριος 2018

Περίληψη

Η εξέλιξη των ειδών είναι ένα από τα θεμελιώδη ζητήματα στα οποία συχνά η επιστήμη της Βιολογίας καλείται να δώσει απαντήσεις και η θεωρία της εξέλιξης του Δαρβίνου αποτελεί μέχρι σήμερα το κυριότερο ποιοτικό μοντέλο για τη μελέτη της εξελικτικής πορείας των βιολογικών οργανισμών. Παρ' όλα αυτά όμως η ανάγκη για την ανάπτυξη ενός ποσοτικού μοντέλου της εξέλιξης έχει απασχολήσει αρκετές φορές την επιστημονική κοινότητα. Ένα τέτοιο μοντέλο προτάθηκε το 2009 από τον Leslie Valiant και έκτοτε διάφορες πτυχές του έχουν μελετηθεί θεωρητικά. Η παρούσα μεταπτυχιακή διατριβή επιδιώκει να εξετάσει κατά πόσο το συγκεκριμένο μοντέλο και ορισμένες παραλλαγές του μπορούν να επιβιώσουν μιας πειραματικής αξιολόγησης. Τα πειράματα που διεξήχθησαν επιβεβαιώνουν τα θεωρητικά αποτελέσματα που περιγράφονται στη σχετική βιβλιογραφία αλλά ταυτόχρονα αναδεικνύουν ορισμένα νέα αποτελέσματα αναφορικά με την υπολογιστική συμπεριφορά του μοντέλου.

Summary

The evolution of species is one of the fundamental issues on which Biology is often asked to give answers and Darwin's theory of evolution is to this day the main quantitative model for the study of the evolution process of biological organisms. Nevertheless, the need for the development of a quantitative model of evolution has many times concerned the scientific community. Leslie Valiant proposed such a model in 2009 and since then many aspects of it have been studied theoretically. The present master thesis seeks to examine whether this particular model and certain variations of it can survive an experimental evaluation. The experiments that have been conducted verify the theoretical results described in the relevant bibliography but at the same time highlight some new results concerning the computational performance of the model.

Ευχαριστίες

Θα ήθελα να ευχαριστήσω τους διδάσκοντες καθηγητές στο μεταπτυχιακό πρόγραμμα σπουδών «Πληροφοριακά και Επικοινωνιακά Συστήματα» των οποίων τα μαθήματα είχα την ευκαιρία να παρακολουθήσω κατά τη διάρκεια της φοίτησής μου στο Ανοικτό Πανεπιστήμιο Κύπρου. Θα ήθελα επίσης να ευχαριστήσω όλους τους συμφοιτητές μου με τους οποίους είχα την τύχη να συνεργαστώ μέσα στα πλαίσια ομαδικών εργασιών σε διάφορα μαθήματα του προγράμματος σπουδών. Ιδιαίτερες ευχαριστίες οφείλω στον καθηγητή Λοΐζο Μιχαήλ ο οποίος πρότεινε το θέμα της μεταπτυχιακής διατριβής και αποδέχθηκε να αναλάβει την επίβλεψή της. Τον ευχαριστώ θερμά για τη βοήθειά του αλλά κυρίως για την εμπιστοσύνη που μου έδειξε κατά τη διάρκεια της συγγραφής της διατριβής.

Αφιερώνεται στους γονείς μου

Γεώργιο και Χαριτίνη

Περιεχόμενα

1	Εισαγωγή	1
1.1	Η εξέλιξη των βιολογικών εδών	1
1.2	Αναζήτηση ενός ποσοτικού μοντέλου εξέλιξης	2
2	Το μοντέλο της εξελισιμότητας	4
2.1	Περιγραφή του μοντέλου	4
2.2	Εφαρμογή – υλοποίηση του μοντέλου	6
2.3	Μονοτονία αλγορίθμων εξέλιξης	15
3	Εξειδικεύσεις - παραλλαγές του μοντέλου της εξελισιμότητας	16
3.1	Εξειδικεύσεις του μοντέλου της εξελισιμότητας	16
3.2	Εξελισιμότητα με αποκλίνοντες στόχους	17
3.3	Εξελισιμότητα με διασταύρωση	19
4	Η απόκλιση μεταξύ συζεύξεων	22
4.1	Προσθαφαιρετική μεταβολή	22
4.2	Η απόσταση Levenshtein	24
5	Υπολογιστικά αποτελέσματα υλοποίησης αλγορίθμων	27
5.1	Ο αλγόριθμος EVOL1BASIC	27
5.1.1	Σχεδιασμός πειραμάτων και αποτελέσματα (ομοιόμορφη κατανομή)	29
5.1.2	Σχολιασμός αποτελεσμάτων (ομοιόμορφη κατανομή)	78
5.1.3	Σχεδιασμός πειραμάτων και αποτελέσματα (κατανομή Bernoulli)	78
5.1.4	Σχολιασμός αποτελεσμάτων (κατανομή Bernoulli)	137
5.2	Ο αλγόριθμος EVOL2BESTH	137
5.2.1	Σχεδιασμός πειραμάτων και αποτελέσματα	138
5.2.2	Σχολιασμός αποτελεσμάτων	144
5.3	Ο αλγόριθμος EVOL3RAND	144
5.3.1	Σχεδιασμός πειραμάτων και αποτελέσματα	149

5.3.2	Σχολιασμός αποτελεσμάτων	167
5.4	Ο αλγόριθμος EVOL4REC	167
5.4.1	Σχεδιασμός πειραμάτων και αποτελέσματα	170
5.4.2	Σχολιασμός αποτελεσμάτων	172
5.5	Ο αλγόριθμος EVOL5RANDREC	172
5.5.1	Σχεδιασμός πειραμάτων και αποτελέσματα	174
5.5.2	Σχολιασμός αποτελεσμάτων	175
5.6	Ο αλγόριθμος EVOL6DRIFT	175
5.6.1	Σχεδιασμός πειραμάτων και αποτελέσματα	181
5.6.2	Σχολιασμός αποτελεσμάτων	189
5.7	Ο αλγόριθμος EVOL7RANDRECDRIFT	189
5.7.1	Σχεδιασμός πειραμάτων και αποτελέσματα	190
5.7.2	Σχολιασμός αποτελεσμάτων	198
6	Επίλογος	199

Παραρτήματα

A	Τμήματα εισόδου τιμών αλγορίθμων	201
A.1	Αλγόριθμος EVOL1BASIC	201
A.2	Αλγόριθμος EVOL2BESTH	202
A.3	Αλγόριθμος EVOL3RAND	203
A.4	Αλγόριθμος EVOL4REC	204
A.5	Αλγόριθμος EVOL5RANDREC	205
A.6	Αλγόριθμος EVOL6DRIFT	206
A.7	Αλγόριθμος EVOL7RANDRECDRIFT	207
	Βιβλιογραφία	208

Κεφάλαιο 1

Εισαγωγή

1.1 Η εξέλιξη των βιολογικών ειδών

Η βιολογική μελέτη των ζωντανών οργανισμών αναδεικνύει συχνά τους ποικιλόμορφους και ιδιαίτερα σύνθετους τρόπους με τους οποίους συμπεριφέρονται και αντιδρούν τα έμβια όντα. Οι ζωντανοί οργανισμοί λειτουργούν στη βάση πολύπλοκων μηχανισμών οι οποίοι εξαρτώνται από πολλούς παράγοντες και κυρίως από τις συνθήκες του περιβάλλοντος μέσα στο οποίο ζει ο κάθε οργανισμός. Με βάση τη δαρβίνεια έννοια της καταλληλότητας (fitness) για παράδειγμα, γνωρίζουμε ότι ορισμένα χαρακτηριστικά κάποιου οργανισμού είναι καλύτερα (προτιμότερα) από κάποια άλλα υπό ορισμένες πάντοτε και συγκεκριμένες προϋποθέσεις. Θα μπορούσαμε να σκεφτούμε ένα επιθυμητό χαρακτηριστικό κάποιου οργανισμού ως μια ιδανική συνάρτηση η οποία μπορεί να δεχθεί πολλαπλές τιμές εισόδου (οι τιμές εισόδου μπορεί να είναι οι επιδράσεις που δέχεται ο οργανισμός από το περιβάλλον του). Σε μοριακό επίπεδο, αυτές οι ιδανικές συναρτήσεις θα μπορούσαν για παράδειγμα να είναι κάποια συμπλέγματα πρωτεϊνών τα οποία με τη σειρά τους αποτελούν μέρος του γονιδιώματος του ζωντανού οργανισμού. Το ερώτημα που μπορεί επομένως να τεθεί είναι: Πώς οι βιολογικοί μηχανισμοί του ζωντανού οργανισμού θα καθορίσουν τη διαδικασία που θα ακολουθηθεί έτσι ώστε οι διάφοροι διαδοχικοί συνδυασμοί γονιδίων να καταλήξουν εξελικτικά στο επιθυμητό σύμπλεγμα πρωτεϊνών (ιδανική συνάρτηση); Σύμφωνα με τη θεωρία του Δαρβίνου, η εξέλιξη των ειδών γίνεται μέσω διαδοχικών μεταλλάξεων οι οποίες καθορίζονται με βάση την αρχή της φυσικής επιλογής. Σε αυτό το σημείο θα ισχυριζόταν ενδεχομένως κάποιος ότι η ακολουθία των διαδοχικών μεταλλάξεων στην πορεία της εξέλιξης είναι απλά μέρος μιας διαδικασίας τυχαίας αναζήτησης. Αν όμως ίσχυε αυτό το τελευταίο η εξέλιξη των ειδών, όπως τη γνωρίζουμε, θα κατέληγε να προχωρεί με εκθετικούς ρυθμούς, κάτι που φυσικά δεν συμβαίνει στην πραγματικότητα [01].

1.2 Αναζήτηση ενός ποσοτικού μοντέλου εξέλιξης

Η ποσοτική θεμελίωση της εξελικτικής θεωρίας του Δαρβίνου και η κατανόηση του τρόπου με τον οποίο εξελίσσονται από γενεά σε γενεά οι σύνθετοι βιολογικοί μηχανισμοί, ανάλογα με τις συνθήκες που επικρατούν κάθε φορά και τους πόρους που είναι διαθέσιμοι, παραμένει ένα ενδιαφέρον ανοικτό πρόβλημα. Το άρθρο του Leslie Valiant [13] για την εξελιξιμότητα (evolnability) που δημοσιεύθηκε το 2009 επιχειρεί να εισαγάγει ένα υπολογιστικό μοντέλο το οποίο προσεγγίζει τις δαρβίνειες έννοιες της μετάλλαξης και της φυσικής επιλογής με αλγοριθμικό τρόπο (η εξελιξιμότητα ανάγεται ουσιαστικά σε μια μορφή υπολογιστικής μάθησης [01]). Το μοντέλο της εξελιξιμότητας που προτείνει ο Valiant επιχειρεί να προσεγγίσει ποσοτικά τη θεωρία της εξέλιξης [12] επιδιώκοντας να προσδιορίσει ποιοι μηχανισμοί (με μαθηματικούς όρους: ποιες κατηγορίες συναρτήσεων) είναι εξελίξιμοι (evolnable) σε χρόνο πολυωνυμικής τάξης. Το μοντέλο της εξελιξιμότητας, το οποίο θα παρουσιάσουμε αναλυτικότερα στο επόμενο κεφάλαιο, θέτει καταρχήν τέσσερεις (ποσοτικού χαρακτήρα) προϋποθέσεις [13]:

1. Οι εξελικτικοί μηχανισμοί προσδιορίζονται από συναρτήσεις οι οποίες μπορούν να δεχθούν πολλαπλές τιμές εισόδου.
2. Σε κάθε τέτοια συνάρτηση μπορούμε να αντιστοιχίσουμε ένα μέτρο απόδοσης της συνάρτησης σε σχέση με τη στατιστική κατανομή των τιμών εισόδου της.
3. Ο αριθμός των υπό εξέταση μηχανισμών (συναρτήσεων) κατά τη διαδικασία της εξέλιξης είναι περιορισμένος (αφού και οι ίδιοι οι ζωντανοί οργανισμοί είναι και αυτοί με τη σειρά τους αριθμητικά περιορισμένοι).
4. Οι μηχανισμοί (συναρτήσεις) που έχουν συγκριτικά μεγάλο μέτρο απόδοσης ολοκληρώνουν την εξελικτική τους διαδικασία μετά από ένα περιορισμένο αριθμό γενεών.

Με απλά λόγια, το μοντέλο της εξελιξιμότητας θεωρεί τους ζωντανούς οργανισμούς ως οντότητες οι οποίες υπολογίζουν τις τιμές μιας εσωτερικής συνάρτησης που λαμβάνει τις τιμές εισόδου της από το περιβάλλον. Κάποια ιδανική συνάρτηση (ενδεχομένως υποθετική) καθορίζει τη βέλτιστη συμπεριφορά του οργανισμού σε κάθε πιθανό περιβάλλον μέσω της απόδοσης της εσωτερικής συνάρτησης. Η απόδοση αυτή υπολογίζεται με βάση το πόσο κοντά είναι η τιμή της εσωτερικής συνάρτησης στην τιμή

της ιδανικής συνάρτησης. Στην πορεία της εξέλιξης ενός οργανισμού παράγεται σε κάθε γενεά ένα σύνολο απογόνων (διαφορετικές εσωτερικές συναρτήσεις) μετά από μεταλλάξεις ως προς τον οργανισμό-γονέα. Τα συγκριτικά μέτρα απόδοσης των εσωτερικών συναρτήσεων των απογόνων προσδιορίζουν την καταλληλότητα (fitness) του κάθε απόγονου και αποτελούν τη βάση της φυσικής επιλογής. Το μοντέλο της εξελικτικότητας προσπαθεί εν τέλει να απαντήσει στο εξής ερώτημα: Για ποιες κατηγορίες (C_n) ιδανικών συναρτήσεων (n μεταβλητών) είναι δυνατό να υπάρχει ένας εξελικτικός μηχανισμός (μια ακολουθία εσωτερικών συναρτήσεων του οργανισμού) ο οποίος να μπορεί να προσεγγίσει ικανοποιητικά την ιδανική συνάρτηση χρησιμοποιώντας υπολογιστικούς πόρους σε πρακτικά εφικτό βαθμό;

Στο άρθρο του Valiant [13] αποδεικνύεται ότι η κατηγορία των συναρτήσεων Bool των μονότονων συζεύξεων (συζεύξεις μεταβλητών στις οποίες δεν περιλαμβάνεται η άρνηση καμιάς μεταβλητής) είναι εξελίξιμη ως προς την ομοιόμορφη τυχαία κατανομή. Σε άρθρο του Feldman [04] αποδεικνύεται πάντως ότι η πιο πάνω κατηγορία συναρτήσεων δεν είναι πάντοτε εξελίξιμη για όλες τις τυχαίες κατανομές των μεταβλητών.

Κεφάλαιο 2

Το μοντέλο της εξελικτικότητας

2.1 Περιγραφή του μοντέλου

Παρουσιάζεται ακολούθως σε γενικές γραμμές το μοντέλο της εξελικτικότητας του Valiant [13]. Οι C_n και H_n είναι κατηγορίες συναρτήσεων n μεταβλητών. Η C_n περιλαμβάνει τις ιδανικές συναρτήσεις και η H_n τις εσωτερικές συναρτήσεις του οργανισμού (προσεγγιστικές υποθέσεις σε σχέση με την ιδανική συνάρτηση). Με δεδομένη κάποια συνάρτηση $f \in C_n$ το ζητούμενο είναι να βρούμε (μέσω μιας διαδικασίας αναζήτησης) μια συνάρτηση $h \in H_n$ η οποία να προσεγγίζει όσο το δυνατό καλύτερα την f . Το μέτρο της απόδοσης της h σε σχέση με την f συμβολίζεται με $Perf(f, h)$ και καθορίζει πόσο καλή προσέγγιση της f είναι η h . Με βιολογικούς όρους, η συνάρτηση h αντιστοιχεί στο γονότυπο του ζωντανού οργανισμού ενώ η συνάρτηση f στο φαινότυπο. Η διαδικασία της αναζήτησης ξεκινά με τη δημιουργία μιας περιοχής $N(h)$ που περιλαμβάνει μικρές διαταραχές \bar{h} της συνάρτησης h (τα στοιχεία της $N(h)$ είναι στην ουσία οι δυνατές μεταλλάξεις της h). Για σκοπούς ανάπτυξης του μοντέλου θεωρούμε συναρτήσεις Bool ορισμένες στο σύνολο $X_n = \{-1, 1\}^n$ και Δ_n μια τυχαία κατανομή ορισμένη στο X_n . Η απόδοση της h ορίζεται ως η συσχέτιση $(-1/1)$ των συναρτήσεων f και h :

$$Perf(f, h) = \sum_{x \in X_n} f(x) \cdot h(x) \cdot \Delta_n(x)$$

Για συναρτήσεις Bool προφανώς ισχύει:

$$Perf(f, h) = Prob_{x \sim \Delta_n}(f(x) = h(x)) - Prob_{x \sim \Delta_n}(f(x) \neq h(x))$$

Εύκολα παρατηρούμε ότι $Perf(f, h) = 1$ αν οι συναρτήσεις f και h ταυτίζονται απόλυτα στα σημεία $x \in \Delta_n$ με $Prob(x) > 0$ και $Perf(f, h) = -1$ αν δεν υπάρχει καμία απολύτως συσχέτιση μεταξύ των συναρτήσεων f και h στα πιο πάνω σημεία. Δηλαδή έχουμε ότι $Perf(f, h) \in [-1, 1]$. Είναι επίσης προφανές ότι $Perf(f, f) = 1$.

Επειδή ένας ζωντανός οργανισμός θα δεχθεί κατά τη διάρκεια της ζωής του ένα σχετικά περιορισμένο αριθμό επιδράσεων από το περιβάλλον, η τιμή της $Perf(f, h)$ είναι αδύνατο να υπολογιστεί ακριβώς. Στα πλαίσια εφαρμογής του μοντέλου, η συνάρτηση $Perf(f, h)$ θα προσομοιωθεί με την εμπειρική απόδοση της h . Αν S είναι ένα σύνολο (κατάλληλα μεγάλο) s ανεξάρτητων στοιχείων του X_n που επιλέγονται με βάση την κατανομή Δ_n τότε η εμπειρική απόδοση της συνάρτησης h μπορεί πρακτικά να οριστεί ως:

$$Perf_s(f, h) = \frac{1}{s} \cdot \sum_{x \in S} f(x) \cdot h(x)$$

Ξεκινώντας με μια αρχική προσέγγιση $h_0 \in H_n$, τυχαίο δείγμα μεταβλητών μεγέθους s και δ το περιθώριο διακύμανσης (tolerance) της απόδοσης $Perf_s(f, h)$, η τυχαία μεταβλητή $M(f, h, s, \delta)$ επιλέγει μεταξύ των μεταλλάξεων \bar{h}_0 της h_0 την επόμενη προσέγγιση h_1 σε δύο βήματα:

1. Οι μεταλλάξεις \bar{h}_0 κατηγοριοποιούνται ως εξής,

- Η \bar{h}_0 καλείται ωφέλιμη (beneficial) μετάλλαξη αν:

$$Perf_s(f, \bar{h}_0) \geq Perf_s(f, h_0) + \delta$$

- Η \bar{h}_0 καλείται ουδέτερη (neutral) μετάλλαξη αν:

$$Perf_s(f, h_0) - \delta < Perf_s(f, \bar{h}_0) < Perf_s(f, h_0) + \delta$$

- Η \bar{h}_0 καλείται δηλητηριώδης (deleterious) μετάλλαξη αν:

$$Perf_s(f, \bar{h}_0) \leq Perf_s(f, h_0) - \delta$$

2. Αν το σύνολο των ωφέλιμων μεταλλάξεων είναι μη κενό, τότε επιλέγεται (τυχαία) ως η h_1 ένα στοιχείο αυτού του συνόλου. Διαφορετικά επιλέγεται (τυχαία) ως η h_1 ένα στοιχείο του συνόλου των ουδέτερων μεταλλάξεων. Επειδή η h_0 πάντα περιλαμβάνεται στις ουδέτερες μεταλλάξεις, θα είναι πάντοτε εγγυημένο ότι η εξελικτική διαδικασία θα προχωρήσει κανονικά. Δηλαδή, δημιουργείται η ακολουθία:

$$h_0, h_1, h_2, \dots, h_\gamma \quad \text{με} \quad h_{i+1} = M(f, h_i, s, \delta)$$

όπου γ ο αριθμός των γενεών που θα μεσολαβήσουν στη διαδικασία της εξέλιξης.

Η κατηγορία συναρτήσεων C_n θα είναι εξελίξιμη αν για κάθε συνάρτηση $f \in C_n$ υπάρχουν πολυώνυμα:

$$q\left(n, \frac{1}{\varepsilon}\right), s\left(n, \frac{1}{\varepsilon}\right), \delta\left(n, \frac{1}{\varepsilon}\right), \gamma\left(n, \frac{1}{\varepsilon}\right)$$

έτσι ώστε $\dim N(h_i) \leq q$ και με πιθανότητα τουλάχιστον $1 - \varepsilon$ να ισχύει,

$$\text{Perf}_s(f, h_\gamma) \geq 1 - \varepsilon$$

Η τελευταία σχέση ουσιαστικά σημαίνει ότι με σχεδόν απόλυτη βεβαιότητα, μετά από ένα αριθμό γενεών γ το σφάλμα προσέγγισης της f από την h_γ παραμένει πάντοτε κάτω από μια κατάλληλα μικρή επιθυμητή τιμή.

Άξιο αναφοράς εδώ είναι το αποτέλεσμα του Feldman ότι το μοντέλο της εξελιξιμότητας είναι ανθεκτικό (robust) ως προς ελαφρές τροποποιήσεις των βασικών παραμέτρων του μοντέλου [06]. Σύμφωνα με τον Feldman, οι συναρτήσεις που είναι εξελίξιμες με βάση το αρχικό μοντέλο του Valiant εξακολουθούν να έχουν αυτή την ιδιότητα ακόμη και αν χρησιμοποιήσουμε απλούστερες ή πιο «χαλαρές» διαδικασίες μετάλλαξης και επιλογής. Στην ουσία, η αποτελεσματικότητα του μοντέλου στηρίζεται αποκλειστικά στον τρόπο υπολογισμού του μέτρου απόδοσης.

2.2 Εφαρμογή – υλοποίηση του μοντέλου

Στην παρούσα ενότητα σκιαγραφείται παραδειγματικά ο βασικός αλγόριθμος της εξελιξιμότητας και περιγράφεται υπολογιστικά η πορεία υλοποίησής του. Η υλοποίηση του αλγόριθμου γίνεται στη βάση των αρχών και των ιδεών που χρησιμοποίησε ο Valiant [13] για να αποδείξει την εξελιξιμότητα των μονότονων συζεύξεων ως προς την ομοιόμορφη τυχαία κατανομή.

Όπως έχει ήδη αναφερθεί σε προηγούμενη ενότητα, η κατηγορία των μονότονων συζεύξεων αποτελείται από τις συζεύξεις μεταβλητών στις οποίες δεν περιλαμβάνεται η άρνηση καμιάς από αυτές τις μεταβλητές. Αν $X_n = \{-1, 1\}^n$ τότε $f: X_n \rightarrow \{-1, 1\}$ όπου,

$$f = \bigwedge_{1 \leq j \leq n} x_j$$

Στο παράδειγμα που ακολουθεί, το μέγεθος του χώρου X_n είναι $n = 10$, η ιδανική συνάρτηση είναι η $f = x_3 \wedge x_4 \wedge x_7 \wedge x_8$ και η αρχική προσέγγιση είναι η $h_0 = x_5 \wedge x_6 \wedge x_9$. Το πεδίο ορισμού των συναρτήσεων που εξετάζονται στο συγκεκριμένο παράδειγμα θα είναι προφανώς το σύνολο των 2^{10} ($= 1024$) διανυσμάτων:

$$X_{10} = \begin{bmatrix} 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 \\ \vdots & & & & & \vdots & & & & \vdots \\ 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & -1 & -1 & -1 & 1 \\ \vdots & & & & & \vdots & & & & \vdots \\ 1 & -1 & 1 & -1 & 1 & -1 & 1 & -1 & 1 & -1 \\ \vdots & & & & & \vdots & & & & \vdots \\ 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & -1 & -1 & -1 & -1 & -1 \\ \vdots & & & & & \vdots & & & & \vdots \\ -1 & -1 & -1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & -1 & -1 \\ \vdots & & & & & \vdots & & & & \vdots \\ -1 & -1 & -1 & -1 & -1 & -1 & -1 & -1 & -1 & -1 \end{bmatrix}$$

Επιδίωξη του αλγόριθμου είναι η δημιουργία μιας ακολουθίας προσεγγίσεων h_i οι οποίες μετά από ένα πεπερασμένο αριθμό βημάτων (γενεών) θα προσεγγίζουν ικανοποιητικά τη ιδανική συνάρτηση f :

$$h_0 \rightarrow h_1 \rightarrow h_2 \rightarrow \dots \rightarrow f$$

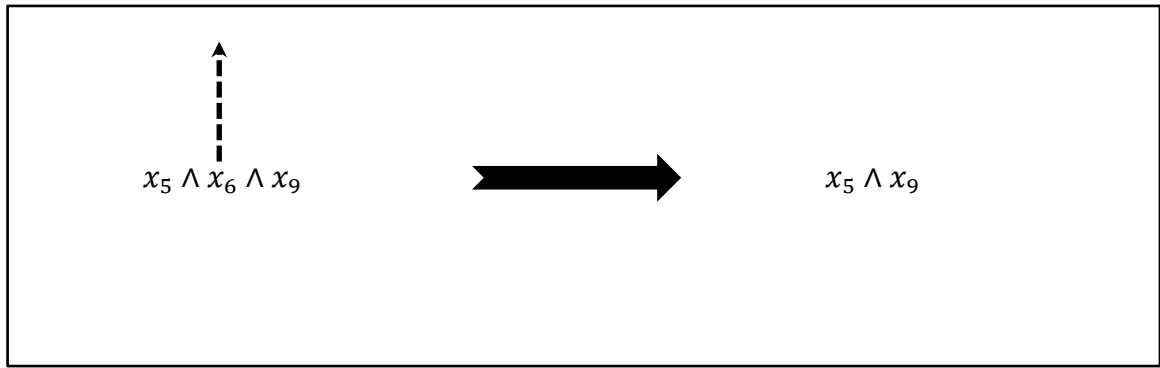
Ο αλγόριθμος, αφού λάβει ως είσοδο την αρχική προσέγγιση h_0 , δημιουργεί την περιοχή των υποψήφιων προσεγγίσεων $N(h_0)$ από τις οποίες θα επιλεγεί η επόμενη προσέγγιση h_1 . (Όπου είναι ξεκάθαρο τι εννοούμε, αντί για $N(h_i)$ θα γράφουμε απλά N). Για τη δημιουργία της περιοχής N ορίζουμε τα πιο κάτω σύνολα:

N^- : Το σύνολο των υποψήφιων προσεγγίσεων που προκύπτουν διαγράφοντας μια μεταβλητή από τη αρχική προσέγγιση h_0 .

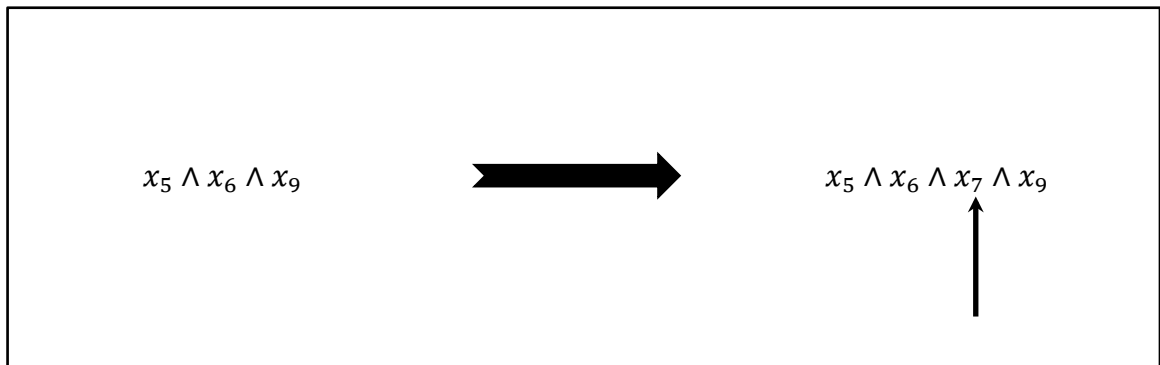
N^+ : Το σύνολο των υποψήφιων προσεγγίσεων που προκύπτουν εισάγοντας μια νέα μεταβλητή στην αρχική προσέγγιση h_0 .

N^\pm : Το σύνολο των υποψήφιων προσεγγίσεων που προκύπτουν από τη αρχική προσέγγιση h_0 διαγράφοντας μια μεταβλητή και προσθέτοντας στη θέση της μια νέα (αντικατάσταση μεταβλητής με μια άλλη).

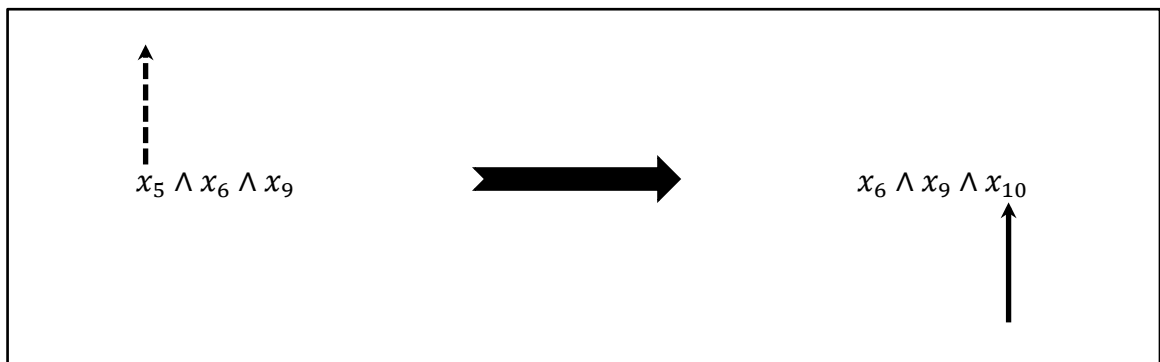
Στα Διαγράμματα 1, 2 και 3 φαίνονται στην πράξη οι προαναφερθείσες ενέργειες.



Διάγραμμα 1. Διαγραφή της μεταβλητής x_6 .



Διάγραμμα 2. Εισαγωγή της μεταβλητής x_7 .



Διάγραμμα 3. Διαγραφή της μεταβλητής x_5 και εισαγωγή της μεταβλητής x_{10} .

Για το παράδειγμά μας δηλαδή θα έχουμε:

$$N^- = \begin{bmatrix} x_6 \wedge x_9 \\ x_5 \wedge x_9 \\ x_5 \wedge x_6 \end{bmatrix} \quad N^+ = \begin{bmatrix} x_1 \wedge x_5 \wedge x_6 \wedge x_9 \\ x_2 \wedge x_5 \wedge x_6 \wedge x_9 \\ x_3 \wedge x_5 \wedge x_6 \wedge x_9 \\ x_4 \wedge x_5 \wedge x_6 \wedge x_9 \\ x_5 \wedge x_6 \wedge x_7 \wedge x_9 \\ x_5 \wedge x_6 \wedge x_8 \wedge x_9 \\ x_5 \wedge x_6 \wedge x_9 \wedge x_{10} \end{bmatrix}$$

$$N^\pm = \begin{bmatrix} x_1 \wedge x_6 \wedge x_9 & x_1 \wedge x_5 \wedge x_9 & x_1 \wedge x_5 \wedge x_6 \\ x_2 \wedge x_6 \wedge x_9 & x_2 \wedge x_5 \wedge x_9 & x_2 \wedge x_5 \wedge x_6 \\ x_3 \wedge x_6 \wedge x_9 & x_3 \wedge x_5 \wedge x_9 & x_3 \wedge x_5 \wedge x_6 \\ x_4 \wedge x_6 \wedge x_9 & x_4 \wedge x_5 \wedge x_9 & x_4 \wedge x_5 \wedge x_6 \\ x_5 \wedge x_7 \wedge x_9 & x_5 \wedge x_7 \wedge x_9 & x_5 \wedge x_6 \wedge x_7 \\ x_5 \wedge x_8 \wedge x_9 & x_5 \wedge x_8 \wedge x_9 & x_5 \wedge x_6 \wedge x_8 \\ x_5 \wedge x_9 \wedge x_{10} & x_5 \wedge x_9 \wedge x_{10} & x_5 \wedge x_6 \wedge x_{10} \end{bmatrix}$$

Η περιοχή των υποψήφιων προσεγγίσεων της h_0 θα είναι το σύνολο,

$$N = N^- \cup N^+ \cup N^\pm \cup \{h_0\}$$

Πρόταση 1 (Μέγεθος Περιοχής N). Αν $h_i \in H_n$ και η h_i αποτελείται από m μεταβλητές ($m \leq n$), τότε η περιοχή υποψήφιων προσεγγίσεων για την h_i είναι το σύνολο,

$$N = N^- \cup N^+ \cup N^\pm \cup \{h_i\}$$

και το μέγεθος της περιοχής N είναι,

$$\dim N = 1 + n \cdot (m + 1) - m^2$$

Απόδειξη: Η συνάρτηση $h_i \in H_n$ και επομένως ο χώρος των δυνατών μεταβλητών της h_i έχει μέγεθος n . Αν η h_i αποτελείται από m μεταβλητές, αυτό σημαίνει ότι υπάρχουν m τρόποι για να αφαιρέσουμε μια μεταβλητή, $(n - m)$ τρόποι για να εισαγάγουμε μια νέα μεταβλητή και $m \cdot (n - m)$ τρόποι για να αντικαταστήσουμε μια μεταβλητή με μια άλλη που δεν υπάρχει ήδη στην h_i . Επειδή,

$$N = N^- \cup N^+ \cup N^\pm \cup \{h_i\}$$

θα έχουμε ότι,

$$\begin{aligned} \dim N &= \dim N^- + \dim N^+ + \dim N^\pm + \dim \{h_i\} \\ &= m + (n - m) + m \cdot (n - m) + 1 \\ &= m + n - m + m \cdot n - m^2 + 1 \\ &= 1 + n \cdot (m + 1) - m^2 \end{aligned}$$

Για το παράδειγμα που εξετάζουμε έχουμε ότι $n = 10$ και $m = 3$ (η h_0 αποτελείται από 3 μεταβλητές). Άρα, $\dim N = 32$ όπως άλλωστε είχε διαφανεί και αναλυτικά πιο πάνω.

Ακολουθώντας, με βάση την απόδοση κάθε μιας από τις υποψήφιες προσεγγίσεις (πόσο κοντά δηλαδή είναι στην ιδανική συνάρτηση f) επιλέγεται τυχαία μία ως η καταλληλότερη για να είναι η επόμενη προσέγγιση h_1 . Για τη διαδικασία επιλογής της h_1 χρησιμοποιείται ένα υποσύνολο (δείγμα) S του X_n το οποίο επιλέγεται με βάση την ομοιόμορφη κατανομή. Στο παράδειγμα που εξετάζουμε, το μέγεθος του δείγματος (s) είναι ίσο με $2^7 (= 128)$. Υπενθυμίζουμε ότι η απόδοση της προσέγγισης h_i σε σχέση με την ιδανική συνάρτηση f είναι ακριβώς ένα μέτρο ταύτισης των δύο συναρτήσεων:

$$Perf(f, h_i) = \frac{1}{2^n} \cdot \sum_{x \in X_n} f(x) \cdot h_i(x)$$

Όπως έχουμε ήδη αναφέρει, για πρακτικούς λόγους θα χρησιμοποιήσουμε ως μέτρο συσχέτισης των συναρτήσεων f και h_i την εμπειρική απόδοση:

$$Perf_S(f, h_i) = \frac{1}{s} \cdot \sum_{x \in S} f(x) \cdot h_i(x)$$

Για την υπολογιστική υλοποίηση του αλγόριθμου έχουμε χρησιμοποιήσει το λογισμικό MATLAB. Πιο κάτω παρουσιάζονται ενδεικτικά αποτελέσματα για τον αριθμητικό υπολογισμό της απόδοσης της αρχικής συνάρτησης h_0 .

$$\left. \begin{array}{l} S_1 = (-1, 1, 1, -1, -1, 1, 1, -1, 1, 1) \\ f(S_1) = 1 \wedge -1 \wedge 1 \wedge -1 = -1 \\ h_0(S_1) = -1 \wedge 1 \wedge 1 = -1 \end{array} \right\} \Rightarrow f(S_1) \cdot h_0(S_1) = (-1) \cdot (-1) = 1$$

$$\left. \begin{array}{l} S_2 = (1, 1, -1, -1, 1, -1, -1, 1, -1, 1) \\ f(S_2) = -1 \wedge -1 \wedge -1 \wedge 1 = -1 \\ h_0(S_2) = 1 \wedge -1 \wedge -1 = -1 \end{array} \right\} \Rightarrow f(S_2) \cdot h_0(S_2) = (-1) \cdot (-1) = 1$$

⋮

$$\left. \begin{array}{l} S_{30} = (1, 1, 1, 1, 1, 1, -1, 1, 1, -1) \\ f(S_{30}) = 1 \wedge 1 \wedge -1 \wedge 1 = -1 \\ h_0(S_{30}) = 1 \wedge 1 \wedge 1 = 1 \end{array} \right\} \Rightarrow f(S_{30}) \cdot h_0(S_{30}) = (-1) \cdot (1) = -1$$

⋮

$$\left. \begin{array}{l} S_{128} = (-1, -1, 1, 1, -1, -1, -1, 1, 1, -1, 1) \\ f(S_{128}) = 1 \wedge -1 \wedge 1 \wedge 1 = -1 \\ h_0(S_{128}) = -1 \wedge -1 \wedge -1 = -1 \end{array} \right\} \Rightarrow f(S_{128}) \cdot h_0(S_{128}) = (-1) \cdot (-1) = 1$$

Για την εμπειρική απόδοση της h_0 θα έχουμε:

$$\begin{aligned} Perf_S(f, h_0) &= \frac{1}{S} \cdot \sum_{x \in S} f(x) \cdot h_0(x) \\ &= \frac{1}{128} \cdot [f(S_1) \cdot h_0(S_1) + \dots + f(S_{128}) \cdot h_0(S_{128})] = 0.6094 \end{aligned}$$

Με παρόμοιο τρόπο υπολογίζεται η απόδοση όλων των υποψήφιων προσεγγίσεων που περιλαμβάνονται στην περιοχή $N(h_0)$.

Επισημαίνουμε σε αυτό το σημείο ότι το σύνολο N^\pm έχει περισσότερα στοιχεία από το σύνολο $N^- \cup N^+ \cup h_0$. Όλες όμως οι συναρτήσεις που είναι υποψήφιες για την προσέγγιση h_1 πρέπει να έχουν τις ίδιες «ευκαιρίες» για να επιλεγούν. Για το σκοπό αυτό χρησιμοποιούνται κατάλληλοι συντελεστές βαρύτητας.

Για το σύνολο $N^- \cup N^+ \cup h_0$:

$$W_1(\bar{h}_0) = \frac{1/2}{|N^- \cup N^+ \cup h_0|} = \frac{1/2}{3 + 7 + 1} = \frac{1}{22} = 0.0455$$

έτσι ώστε,

$$\sum_{\bar{h}_0 \in N^- \cup N^+ \cup \{h_0\}} W_1(\bar{h}_0) = \frac{1}{2}$$

Για το σύνολο N^\pm :

$$W_2(\bar{h}_0) = \frac{1/2}{|N^\pm|} = \frac{1/2}{21} = \frac{1}{42} = 0.0238$$

έτσι ώστε,

$$\sum_{\bar{h}_0 \in N^\pm} W_2(\bar{h}_0) = \frac{1}{2}$$

Ακολουθως, οι προσεγγίσεις χωρίζονται σε ωφέλιμες, ουδέτερες και δηλητηριώδεις με βάση ένα περιθώριο διακύμανσης της απόδοσης (δ). Για το παράδειγμα που εξετάζουμε έχουμε χρησιμοποιήσει την τιμή $\delta = 0.05$.

Ωφέλιμες προσεγγίσεις (Bene):

$$Perf_s(f, \bar{h}_0) \geq Perf_s(f, h_0) + 0.05$$

Ουδέτερες προσεγγίσεις (Neut):

$$Perf_s(f, h_0) - 0.05 < Perf_s(f, \bar{h}_0) < Perf_s(f, h_0) + 0.05$$

Δηλητηριώδεις προσεγγίσεις (Dele):

$$Perf_s(f, \bar{h}_0) \leq Perf_s(f, h_0) - 0.05$$

Τα πιο πάνω αποτελέσματα παρουσιάζονται συνοπτικά στον Πίνακα 1.

Με βάση το συντελεστή βαρύτητας στον οποίο αναφερθήκαμε προηγουμένως, γίνεται η επιλογή της επόμενης προσέγγισης h_1 ως εξής:

1. Αν το σύνολο των ωφέλιμων προσεγγίσεων είναι μη κενό, επιλέγεται τυχαία μια από αυτές για h_1 σύμφωνα με την πιθανότητα,

$$\frac{W_j(\bar{h}_0)}{\sum_{\bar{h}_0 \in Bene} W_j(\bar{h}_0)}$$

2. Αν το σύνολο των ωφέλιμων προσεγγίσεων είναι κενό, τότε επιλέγεται μια από τις ουδέτερες προσεγγίσεις για h_1 (οι ουδέτερες προσεγγίσεις είναι σίγουρα μη κενό σύνολο διότι πάντοτε περιλαμβάνουν την h_0) σύμφωνα με την πιθανότητα,

$$\frac{W_j(\bar{h}_0)}{\sum_{\bar{h}_0 \in Neut} W_j(\bar{h}_0)}$$

Ο Πίνακας 2 δείχνει πώς υλοποιείται υπολογιστικά η τυχαία επιλογή της προσέγγισης h_1 .

Μετά την ολοκλήρωση του πρώτου κύκλου του αλγόριθμου, επιλέγεται ως πρώτη προσέγγιση η $h_1 = x_5 \wedge x_7 \wedge x_9$. Η ίδια διαδικασία επαναλαμβάνεται μέχρι να προσεγγίσουμε ικανοποιητικά την ιδανική συνάρτηση f .

A/A	Συναρτήσεις \bar{h}_0 (υποψήφιες για την προσέγγιση h_1)	Απόδοση [$Perf_S(f, h_0)$]	Συντελεστής βαρύτητας	Είδος προσέγγισης
1	$x_5 \wedge x_6 \wedge x_9$	0.6094	0.0455	Neut
2	$x_6 \wedge x_9$	0.4688	0.0455	Dele
3	$x_5 \wedge x_9$	0.3125	0.0455	Dele
4	$x_5 \wedge x_6$	0.3125	0.0455	Dele
5	$x_1 \wedge x_5 \wedge x_6 \wedge x_9$	0.6875	0.0455	Bene
6	$x_2 \wedge x_5 \wedge x_6 \wedge x_9$	0.7188	0.0455	Bene
7	$x_3 \wedge x_5 \wedge x_6 \wedge x_9$	0.7031	0.0455	Bene
8	$x_4 \wedge x_5 \wedge x_6 \wedge x_9$	0.7500	0.0455	Bene
9	$x_5 \wedge x_6 \wedge x_7 \wedge x_9$	0.7500	0.0455	Bene
10	$x_5 \wedge x_6 \wedge x_8 \wedge x_9$	0.7031	0.0455	Bene
11	$x_5 \wedge x_6 \wedge x_9 \wedge x_{10}$	0.7344	0.0455	Bene
12	$x_1 \wedge x_6 \wedge x_9$	0.6094	0.0238	Neut
13	$x_2 \wedge x_6 \wedge x_9$	0.6562	0.0238	Neut
14	$x_3 \wedge x_6 \wedge x_9$	0.6562	0.0238	Neut
15	$x_4 \wedge x_6 \wedge x_9$	0.6875	0.0238	Bene
16	$x_6 \wedge x_7 \wedge x_9$	0.6875	0.0238	Bene
17	$x_6 \wedge x_8 \wedge x_9$	0.6875	0.0238	Bene
18	$x_6 \wedge x_9 \wedge x_{10}$	0.6875	0.0238	Bene
19	$x_1 \wedge x_5 \wedge x_9$	0.3125	0.0238	Dele
20	$x_2 \wedge x_5 \wedge x_9$	0.5469	0.0238	Dele
21	$x_3 \wedge x_5 \wedge x_9$	0.6562	0.0238	Neut
22	$x_4 \wedge x_5 \wedge x_9$	0.6094	0.0238	Neut
23	$x_5 \wedge x_7 \wedge x_9$	0.6719	0.0238	Bene
24	$x_5 \wedge x_8 \wedge x_9$	0.5625	0.0238	Neut
25	$x_5 \wedge x_9 \wedge x_{10}$	0.5625	0.0238	Neut
26	$x_1 \wedge x_5 \wedge x_6$	0.5312	0.0238	Dele
27	$x_2 \wedge x_5 \wedge x_6$	0.5781	0.0238	Neut
28	$x_3 \wedge x_5 \wedge x_6$	0.5781	0.0238	Neut
29	$x_4 \wedge x_5 \wedge x_6$	0.6250	0.0238	Neut
30	$x_5 \wedge x_6 \wedge x_7$	0.7188	0.0238	Bene
31	$x_5 \wedge x_6 \wedge x_8$	0.5312	0.0238	Dele
32	$x_5 \wedge x_6 \wedge x_{10}$	0.6562	0.0238	Neut

Πίνακας 1. Υπολογισμός απόδοσης υποψήφιων συναρτήσεων της περιοχής $N(h_0)$.

Ωφέλιμες προσεγγίσεις	$\frac{W_j(\bar{h}_0)}{\sum_{\bar{h}_0 \in Bene} W_j(\bar{h}_0)}$	Διάστημα	Ομοιόμορφη τυχαία μεταβλητή στο διάστημα: (0.0000, 0.46100)
$x_1 \wedge x_5 \wedge x_6 \wedge x_9$	$\frac{0.0455 - 0.0000}{0.4610 - 0.0000} \approx 0.1$	0.0000 0.0455	
$x_2 \wedge x_5 \wedge x_6 \wedge x_9$	$\frac{0.0909 - 0.0455}{0.4610 - 0.0000} \approx 0.1$	0.0455 0.0909	
$x_3 \wedge x_5 \wedge x_6 \wedge x_9$	$\frac{0.1364 - 0.0909}{0.4610 - 0.0000} \approx 0.1$	0.0909 0.1364	
$x_4 \wedge x_5 \wedge x_6 \wedge x_9$	$\frac{0.1818 - 0.1364}{0.4610 - 0.0000} \approx 0.1$	0.1364 0.1818	
$x_5 \wedge x_6 \wedge x_7 \wedge x_9$	$\frac{0.2273 - 0.1818}{0.4610 - 0.0000} \approx 0.1$	0.1818 0.2273	
$x_5 \wedge x_6 \wedge x_8 \wedge x_9$	$\frac{0.2727 - 0.2273}{0.4610 - 0.0000} \approx 0.1$	0.2273 0.2727	
$x_5 \wedge x_6 \wedge x_9 \wedge x_{10}$	$\frac{0.3182 - 0.2727}{0.4610 - 0.0000} \approx 0.1$	0.2727 0.3182	
$x_4 \wedge x_6 \wedge x_9$	$\frac{0.3420 - 0.3182}{0.4610 - 0.0000} \approx 0.05$	0.3182 0.3420	
$x_6 \wedge x_7 \wedge x_9$	$\frac{0.3658 - 0.3420}{0.4610 - 0.0000} \approx 0.05$	0.3420 0.3658	
$x_6 \wedge x_8 \wedge x_9$	$\frac{0.3896 - 0.3658}{0.4610 - 0.0000} \approx 0.05$	0.3658 0.3896	
$x_6 \wedge x_9 \wedge x_{10}$	$\frac{0.4134 - 0.3896}{0.4610 - 0.0000} \approx 0.05$	0.3896 0.4134	
$x_5 \wedge x_7 \wedge x_9$	$\frac{0.4372 - 0.4134}{0.4610 - 0.0000} \approx 0.05$	0.4134 0.4372	0.4350
$x_5 \wedge x_6 \wedge x_7$	$\frac{0.4610 - 0.4372}{0.4610 - 0.0000} \approx 0.05$	0.4372 0.4610	

Πίνακας 2. Υπολογιστική υλοποίηση τυχαίας επιλογής της προσέγγισης h_1 .

2.3 Μονοτονία αλγορίθμων εξέλιξης

Ένα χαρακτηριστικό που αξίζει να αναζητήσουμε στους αλγόριθμους εξέλιξης, εν μέρει και ως ένα μέτρο της αποτελεσματικότητάς τους, είναι η μονοτονία σύγκλισης την οποία εξηγούμε πιο κάτω έχοντας ως βάση τον ορισμό που δίνεται στην εργασία [06].

Υποθέτουμε ότι ένας αλγόριθμος εξέλιξης δημιουργεί την ακολουθία διαδοχικών προσεγγίσεων,

$$h_0, h_1, h_2, \dots, h_i, \dots, h_\gamma$$

με σκοπό την ικανοποιητική προσέγγιση της ιδανικής συνάρτησης f . Λέμε ότι ο αλγόριθμος είναι μονότονος αν (σχεδόν βέβαια) η απόδοση της προσέγγισης h_i σε κάθε βήμα του αλγόριθμου δεν είναι ποτέ μικρότερη της απόδοσης της αρχικής προσέγγισης h_0 . Δηλαδή για κάθε $i \leq \gamma$ και με πιθανότητα τουλάχιστον $1 - \varepsilon$ ισχύει:

$$Perf(f, h_i) \geq Perf(f, h_0)$$

Αν επιπλέον,

$$\begin{aligned} err(f, h_i) &= Perf(f, f) - Perf(f, h_i) \\ &= 1 - Perf(f, h_i) \end{aligned}$$

το σφάλμα προσέγγισης σε κάθε βήμα i , τότε ισοδύναμα μπορούμε να πούμε ότι για κάθε $i \leq \gamma$ ισχύει:

$$err(f, h_i) \leq err(f, h_0)$$

Κεφάλαιο 3

Εξειδικεύσεις - παραλλαγές του μοντέλου της εξελικτικότητας

3.1 Εξειδικεύσεις του μοντέλου της εξελικτικότητας

Διάφοροι ερευνητές έχουν εξειδικεύσει το μοντέλο της εξελικτικότητας εξετάζοντας και άλλες κατηγορίες συναρτήσεων (πέραν των μονότονων συζεύξεων) για τις οποίες μάλιστα έχουν δείξει ότι είναι εξελίξιμες ως προς ορισμένες τυχαίες κατανομές και με βάση συγκεκριμένες συναρτήσεις υπολογισμού της απόδοσης. Ο Πίνακας 3 συνοψίζει κάποια από αυτά τα αποτελέσματα.

Είδος κατανομής	Κατηγορία συναρτήσεων	Τρόπος υπολογισμού απόδοσης	Ερευνητές	Αναφορά
ομοιόμορφη	μονότονες συζεύξεις	συσχέτιση $(-1/1)$ συναρτήσεων Bool	Leslie G. Valiant	[13]
ομοιόμορφη	συζεύξεις	συσχέτιση $(-1/1)$ συναρτήσεων Bool	Varun Kanade Leslie G. Valiant Jennifer W. Vaughan	[09]
όλες	μοναδιαία σύνολα	συσχέτιση $(-1/1)$ συναρτήσεων Bool	Vitaly Feldman	[06]
ομοιόμορφη	λίστες αποφάσεων	ελάχιστα τετράγωνα	Loizos Michael	[12]
όλες	συζεύξεις	ελάχιστα τετράγωνα	Vitaly Feldman	[05]
όλες	πραγματικές πολυωνυμικές συναρτήσεις	κυρτές συναρτήσεις σφάλματος	Paul Valiant	[14]

Πίνακας 3. Θετικά αποτελέσματα εξελικτικότητας.

Οι κύριες αρχές της εξελικτικότητας μπορούν να επεκταθούν εξετάζοντας κάποιες παραλλαγές του βασικού μοντέλου οι οποίες από εμπειρική σκοπιά μπορεί να βρίσκονται πλησιέστερα στη βιολογική πραγματικότητα. Θα αναφερθούμε πιο κάτω σε δύο τέτοιες παραλλαγές οι οποίες έχουν εξετασθεί στη σχετική βιβλιογραφία. Η πρώτη αφορά την εξελικτικότητα με αποκλίνοντες στόχους (drifting targets) ενώ η δεύτερη αφορά την εξελικτικότητα με διασταύρωση (recombination).

3.2 Εξελικτικότητα με αποκλίνοντες στόχους

Όπως έχουμε ήδη αναφέρει, στόχος του βασικού μοντέλου της εξελικτικότητας είναι η δημιουργία, με βάση κάποιο συγκεκριμένο και καλά ορισμένο αλγοριθμικό μηχανισμό, μιας ακολουθίας συναρτήσεων,

$$h_0, h_1, h_2, \dots, h_i, \dots$$

η οποία να προσεγγίζει ικανοποιητικά κάποια ιδανική συνάρτηση (στόχο) f . Η συνάρτηση f αντιστοιχεί στον (επιθυμητό) φαινότυπο του ζωντανού οργανισμού, στο σύνολο δηλαδή εκείνων των χαρακτηριστικών τα οποία εξελικτικά επιδιώκει να αποκτήσει ο οργανισμός. Κατά τη διάρκεια της εξελικτικής πορείας ενός ζωντανού οργανισμού, η οποία λαμβάνει χώρα σε μεγάλες χρονικές κλίμακες, είναι αναμενόμενο ότι κάποια από τα επιδιωκόμενα βιολογικά χαρακτηριστικά του οργανισμού δεν μπορούν να παραμείνουν απολύτως σταθερά και αμετάβλητα. Αυτό μπορεί να οφείλεται σε μεταβολές στις συνθήκες του περιβάλλοντος, στην προσαρμοστικότητα του οργανισμού σε διάφορες αστάθμητες καταστάσεις ή ακόμα στον ανταγωνισμό μεταξύ των βιολογικών ειδών. Συνεπώς, η συνάρτηση-στόχος f μπορεί να μην παραμένει σταθερή αλλά να μεταβάλλεται βαθμιαία. Ο εξελικτικός αλγόριθμος δηλαδή επιδιώκει να προσεγγίσει μια συνάρτηση $f_i = f(i)$ η οποία είναι διαφορετική σε κάθε γενεά i .

Όπως αναφέρεται και στην εργασία [09] η θεμελίωση της έννοιας της εξελικτικότητας με αποκλίνοντες στόχους θα μπορούσε να γίνει με διάφορους τρόπους. Σύμφωνα με τις γενικές αρχές που ακολουθούνται στις εργασίες [07], [09] και [10] αντί για μια σταθερή συνάρτηση-στόχο f θα έχουμε μια ακολουθία βαθμιαία μεταβαλλόμενων συναρτήσεων,

$$f_0, f_1, f_2, \dots, f_i, \dots$$

Το βασικό μοντέλο της εξελικτικότητας διαφοροποιείται κατάλληλα, με την εμπειρική απόδοση να ορίζεται ως,

$$Perf_s(f_i, h_i) = \frac{1}{s} \cdot \sum_{x \in S} f_i(x) \cdot h_i(x)$$

και τον εξελικτικό αλγόριθμο να δημιουργεί την ακολουθία,

$$h_0, h_1, h_2, \dots, h_\gamma \quad \text{με} \quad h_{i+1} = M(f_i, h_i, s, \delta)$$

όπου γ ο αριθμός των γενεών που θα μεσολαβήσουν στη διαδικασία της εξέλιξης. Είναι προφανές όμως ότι αν δεν υπάρχει κανένας απολύτως περιορισμός στο βαθμιαίο ρυθμό απόκλισης μεταξύ των διαδοχικών συναρτήσεων f_{i-1} και f_i , θα μπορούσε να δημιουργηθεί μια ακολουθία συναρτήσεων,

$$f_0, f_1, f_2, \dots, f_i, \dots$$

την οποία να μην μπορεί να προσεγγίσει ικανοποιητικά ο εξελικτικός αλγόριθμος. Σε αυτό ακριβώς το σημείο χρειάζεται να ορισθεί ένα μέτρο διαφοράς (ή απόκλισης) μεταξύ των συναρτήσεων f_{i-1} και f_i το οποίο συμβολίζουμε με $d(f_{i-1}, f_i)$. (Στην εργασία [09], για παράδειγμα, υιοθετείται ως ένα τέτοιο μέτρο η συμμετρική απόσταση $d(f_{i-1}, f_i) = Prob_{x \sim \Delta_n}[x: f_{i-1} \neq f_i]$. Το συγκεκριμένο μέτρο διαφοράς χρησιμοποιείται και στις εργασίες [07] και [10]). Η απαίτησή μας λοιπόν, είναι για κάποια πραγματική τιμή ξ και $d(f_{i-1}, f_i) < \xi$, ο εξελικτικός αλγόριθμος να μπορεί να προσεγγίσει ικανοποιητικά τη βαθμιαία μεταβαλλόμενη συνάρτηση f_i .

Μετά από τα πιο πάνω, ο ορισμός της εξελικτικότητας με αποκλίνοντες στόχους διαμορφώνεται τελικά ως εξής: Η κατηγορία συναρτήσεων C_n θα είναι εξελίξιμη αν για κάθε ακολουθία συναρτήσεων,

$$f_0, f_1, f_2, \dots, f_\gamma \quad \text{με} \quad f_i \in C_n$$

και κάποια πραγματική τιμή ξ για την οποία ισχύει $d(f_{i-1}, f_i) < \xi$ υπάρχουν πολυώνυμα:

$$q\left(n, \frac{1}{\varepsilon}\right), s\left(n, \frac{1}{\varepsilon}\right), \delta\left(n, \frac{1}{\varepsilon}\right), \gamma\left(n, \frac{1}{\varepsilon}\right)$$

έτσι ώστε $dimN(h_i) \leq q$ και με πιθανότητα τουλάχιστον $1 - \varepsilon$ να ισχύει,

$$Perf_s(f_\gamma, h_\gamma) \geq 1 - \varepsilon$$

3.3 Εξελιξιμότητα με διασταύρωση

Το βασικό μοντέλο της εξελιξιμότητας, το οποίο περιγράψαμε στην ενότητα 2.1, αφορά την εξελικτική πορεία ενός μεμονωμένου οργανισμού αποκλειστικά μέσω διαδοχικών μεταλλάξεων στα δικά του γενετικά χαρακτηριστικά (γονότυπο). Όπως αναφέρεται και στην εργασία [08] ένα από τα σημαντικότερα χαρακτηριστικά της βιολογικής πραγματικότητας, το οποίο όμως δεν λαμβάνεται υπόψη στο βασικό μοντέλο της εξελιξιμότητας, είναι η ανταλλαγή χαρακτηριστικών του γονότυπου μεταξύ διαφορετικών οργανισμών κατά τη μετάβαση από μια εξελικτική γενεά στην επόμενη. Αυτό γίνεται στην πράξη μέσω της διασταύρωσης του γονιδιώματος των προγόνων στη γενεά $i - 1$ και τη δημιουργία απογόνων στη γενεά i οι οποίοι φέρουν χαρακτηριστικά από περισσότερους του ενός οργανισμούς. Όπως έχει ήδη εξηγηθεί, στόχος ενός εξελικτικού μηχανισμού είναι μέσω μιας διαδικασίας διαδοχικών μεταλλάξεων να αποκτήσει ένας οργανισμός κάποια συγκεκριμένα επιθυμητά χαρακτηριστικά. Παρόλο που αυτό συμβαίνει ήδη με το βασικό μοντέλο της εξελιξιμότητας θα ανέμενε φυσιολογικά κάποιος ότι η εξελικτική διαδικασία θα επιταχυνθεί αν στο ήδη υπάρχον μοντέλο ενσωματωθεί και ένας μηχανισμός διασταύρωσης. Αυτό το τελευταίο θα μπορούσαμε διαισθητικά να το αντιληφθούμε με τον ακόλουθο απλό συλλογισμό. Αν τα μ_1 και μ_2 είναι δύο επιθυμητά χαρακτηριστικά τότε ένας οργανισμός που διαθέτει ταυτόχρονα και τα δύο θεωρείται ιδανικός. Στην περίπτωση του βασικού μοντέλου της εξελιξιμότητας (χωρίς διασταύρωση), κατά το οποίο οι διαδοχικές μεταλλάξεις συμβαίνουν μία μόνο σε κάθε γενεά, ο οργανισμός θα αποκτήσει και τα δύο χαρακτηριστικά αν προηγηθεί μια εξελικτική διαδικασία η οποία θα του προσδώσει το χαρακτηριστικό μ_1 και ακολούθως πραγματοποιηθεί μια δεύτερη εξελικτική διαδικασία η οποία θα του προσδώσει το χαρακτηριστικό μ_2 . Αν επιπλέον λάβουμε υπόψη το γεγονός ότι για να διαδοθεί και να εδραιωθεί ένα επιθυμητό χαρακτηριστικό μέσα σε ένα πληθυσμό οργανισμών χρειάζεται ένας σημαντικός αριθμός γενεών, καταλαβαίνουμε αμέσως ότι για να αποκτηθούν ταυτόχρονα τα χαρακτηριστικά μ_1 και μ_2 απαιτείται μια σχετικά μακρά διαδικασία. Στην περίπτωση τώρα που ενσωματωθεί στο μοντέλο και η δυνατότητα της διασταύρωσης ο κάθε οργανισμός δεν θα εξελίσσεται πλέον κατά μόνας και ανεξάρτητα από τους άλλους οργανισμούς της γενεάς του. Αν εξετάζουμε την εξέλιξη μιας ομάδας οργανισμών που αλληλεπιδρούν μεταξύ τους τότε αυτό σημαίνει ότι σε κάποιο στάδιο τα χαρακτηριστικά μ_1 και μ_2 θα μπορούσαν να εμφανιστούν ξεχωριστά σε δύο διαφορετικούς οργανισμούς μέσω δύο

παράλληλων διαδικασιών. Προφανώς τότε μια απλή διασταύρωση του γονότυπου των δύο οργανισμών θα δημιουργήσει κάποιο απόγονο ο οποίος θα φέρει ταυτόχρονα και τα δύο χαρακτηριστικά μ_1 και μ_2 .

Για την ανάπτυξη ενός μοντέλου εξελικτικότητας με διασταύρωση θα ακολουθήσουμε σε γενικές γραμμές τις ιδέες που υιοθετούνται στην εργασία [08]. Θα θεωρήσουμε καταρχήν ένα πεπερασμένο πληθυσμό P_0 διαφορετικών μεταξύ τους οργανισμών (τα μέλη του πληθυσμού είναι οι προσεγγίσεις h ενώ η ιδανική συνάρτηση συμβολίζεται όπως και προηγουμένως με f). Αν $h, h' \in P_0$ είναι δύο μέλη του αρχικού πληθυσμού, με τη βοήθεια ενός μηχανισμού διασταύρωσης πραγματοποιούνται διασταυρώσεις ανά δύο στα μέλη του πληθυσμού έτσι ώστε να δημιουργηθεί μια ομάδα απογόνων. Αν $Desc$ είναι ο μηχανισμός διασταύρωσης, τότε από τους οργανισμούς h και h' θα προκύψουν οι απόγονοι $Desc(h, h')$. Σε κάθε μέλος του συνόλου $Desc(h, h')$ εφαρμόζεται το βασικό μοντέλο της εξελικτικότητας (δημιουργία μεταλλάξεων και επιλογή μιας από τις μεταλλάξεις με την καλύτερη απόδοση). Η συνάρτηση που προκύπτει κάθε φορά θεωρείται εν δυνάμει υποψήφια για να είναι μέλος του επόμενου πληθυσμού P_1 και τοποθετείται στο σύνολο $Feas(h, h')$. Αυτό γίνεται για κάθε ζεύγος $h, h' \in P_0$ και κάθε $Desc(h, h')$. Από τη συλλογή απογόνων,

$$\bigcup_{h, h' \in P_0} Feas(h, h')$$

επιλέγονται οι καλύτεροι με βάση την απόδοση έτσι ώστε να προκύψει ο πληθυσμός P_1 με μέγεθος $|P_1| = |P_0|$. Σύμφωνα τώρα με το μοντέλο της εξελικτικότητας με διασταύρωση (διατηρείται ο ίδιος συμβολισμός παραμέτρων όπως στο βασικό μοντέλο), η κατηγορία συναρτήσεων C_n θα είναι εξελικτική αν για κάθε συνάρτηση $f \in C_n$ ισχύουν τα πιο κάτω:

1. Υπάρχει ακολουθία πληθυσμών,

$$P_0, P_1, P_2, \dots, P_i, \dots, P_\gamma$$

και πολυώνυμα,

$$\gamma\left(n, \frac{1}{\varepsilon}\right), \rho\left(n, \frac{1}{\varepsilon}\right)$$

έτσι ώστε,

$$|P_0| = |P_1| = |P_2| = \dots = |P_i| = \dots = |P_\gamma| \leq \rho\left(n, \frac{1}{\varepsilon}\right)$$

2. Υπάρχει ακολουθία προσεγγίσεων,

$$h_0, h_1, h_2, \dots, h_\gamma$$

με,

$$h_i \in P_i \quad \text{και} \quad h_{i+1} = M(f, h_i, s, \delta)$$

και πολυώνυμα,

$$q\left(n, \frac{1}{\varepsilon}\right), s\left(n, \frac{1}{\varepsilon}\right), \delta\left(n, \frac{1}{\varepsilon}\right)$$

έτσι ώστε $\dim N(h_i) \leq q$ και με πιθανότητα τουλάχιστον $1 - \varepsilon$ να ισχύει,

$$\text{Perf}_s(f, h_\gamma) \geq 1 - \varepsilon$$

Κεφάλαιο 4

Η απόκλιση μεταξύ συζεύξεων

4.1 Προσθαιρητική μεταβολή

Για σκοπούς ανάπτυξης των αλγορίθμων που θα παρουσιάσουμε στο Κεφάλαιο 5 είναι απαραίτητο να υιοθετήσουμε ένα μέτρο απόκλισης (απόστασης) μεταξύ δύο συζεύξεων. Πρώτα όμως θα αναπτύξουμε ένα συμβολισμό που θα μας βοηθήσει να χαρακτηρίσουμε με ενιαίο τρόπο τις ενέργειες που χρησιμοποιούνται για τη δημιουργία της περιοχής των υποψήφια προσεγγίσεων N και επιπλέον θα διευκολύνει την περιγραφή των αλγορίθμων.

Αν $h \in H_n$ είναι μια μονότονη σύζευξη η οποία αποτελείται από k μεταβλητές x_i και n είναι το πλήθος των δυνατών μεταβλητών, τότε έχουμε τους πιο κάτω ορισμούς:

Ορισμός. Μετακίνηση μεταβλητής ονομάζεται μια από τις ακόλουθες ενέργειες:

- (α) διαγραφή της μεταβλητής x_i , η οποία συμβολίζεται με $\langle x_i \mid \uparrow \rangle$ (μετακίνηση τύπου «α»).
- (β) εισαγωγή της μεταβλητής x_i , η οποία συμβολίζεται με $\langle x_i \mid \downarrow \rangle$ (μετακίνηση τύπου «β»).
- (γ) διαγραφή της μεταβλητής x_i και εισαγωγή της μεταβλητής x_j , η οποία συμβολίζεται με $\langle x_{ij} \mid \Downarrow \rangle$ (μετακίνηση τύπου «γ»).

Ορισμός. Προσθαιρητική μεταβολή ονομάζεται μια σειρά από m μετακινήσεις του ίδιου τύπου και συμβολίζεται με:

- (α) $(m, \uparrow)_n^k$ με $m \leq k$, αν οι μετακινήσεις είναι τύπου «α».
- (β) $(m, \downarrow)_n^k$ με $m \leq n - k$, αν οι μετακινήσεις είναι τύπου «β».
- (γ) $(m, \Downarrow)_n^k$ με $m \leq k(n - k)$, αν οι μετακινήσεις είναι τύπου «γ».

Ορισμός. Αν $h, h' \in H_n$ είναι δύο μονότονες συζεύξεις τότε η προσθαφαιρετική απόσταση μεταξύ των h και h' είναι το ελάχιστο δυνατό άθροισμα των προσθαφαιρετικών μεταβολών που πρέπει να μεσολαβήσουν έτσι ώστε η h να μετασχηματιστεί στην h' .

Η προσθαφαιρετική απόσταση (η οποία προφανώς είναι ένα μέτρο απόκλισης μεταξύ των h και h') θα συμβολίζεται με τα αρχικά *das* (delete/add/substitute) και θα είναι ίση με:

1. $das(h, h') = (m_1, \uparrow)_n^k + (m_2, \downarrow)_n^{k-m_1} = m_1 + m_2$, αν $|h| > |h'|$
2. $das(h, h') = (m_1, \downarrow)_n^k + (m_2, \uparrow)_n^{k+m_1} = m_1 + m_2$, αν $|h| < |h'|$
3. $das(h, h') = (m, \downarrow)_n^k = m$, αν $|h| = |h'|$

Για παράδειγμα, αν $h, h' \in H_8$ με $h = x_1 \wedge x_3 \wedge x_6 \wedge x_7 \wedge x_8$ και $h' = x_2 \wedge x_4 \wedge x_5$ τότε η h μετασχηματίζεται στην h' ως εξής:

Συζεύξεις	Μετακινήσεις μεταβλητών
$x_1 \wedge x_3 \wedge x_6 \wedge x_7 \wedge x_8$	
↓	$\langle x_8 \uparrow \rangle$
→ $x_1 \wedge x_3 \wedge x_6 \wedge x_7$	
↓	$\langle x_7 \uparrow \rangle$
→ $x_1 \wedge x_3 \wedge x_6$	
↓	$\langle x_{65} \downarrow \rangle$
→ $x_1 \wedge x_3 \wedge x_5$	
↓	$\langle x_{34} \downarrow \rangle$
→ $x_1 \wedge x_4 \wedge x_5$	
↓	$\langle x_{12} \downarrow \rangle$
→ $x_2 \wedge x_4 \wedge x_5$	

Πίνακας 4. Μετασχηματισμός της σύζευξης h στην h' .

Οι προσθαφαιρετικές μεταβολές που έχουν πραγματοποιηθεί είναι:

$$\langle x_8 | \uparrow \rangle + \langle x_7 | \uparrow \rangle = (2, \uparrow)_8^5$$

$$\langle x_{65} | \downarrow \rangle + \langle x_{34} | \downarrow \rangle + \langle x_{12} | \downarrow \rangle = (3, \downarrow)_8^3$$

Επομένως, η προσθαφαιρετική απόσταση μεταξύ των h και h' θα είναι:

$$\begin{aligned} das(h, h') &= (2, \uparrow)_8^5 + (3, \downarrow)_8^3 \\ &= 2 + 3 \\ &= 5 \end{aligned}$$

Οι μονότονες συζεύξεις που εξετάζουμε μπορούν ουσιαστικά να θεωρηθούν ως συμβολοσειρές οι χαρακτήρες των οποίων είναι οι μεταβλητές (διατεταγμένες κατά αύξουσα τάξη) που περιλαμβάνονται στις συζεύξεις. Με βάση αυτό το συλλογισμό η προσθαφαιρετική απόσταση που ορίσαμε πιο πάνω είναι ισοδύναμη με μια γνωστή μετρική για συμβολοσειρές, την απόσταση Levenshtein (ή απόσταση επεξεργασίας - edit distance). Σημειώνουμε ως θετικό το γεγονός ότι για την απόσταση Levenshtein (την οποία θα περιγράψουμε στην επόμενη ενότητα) υπάρχει ήδη αλγόριθμος για τον αριθμητικό υπολογισμό της. Αξίζει επίσης να επισημανθεί ότι στην υπολογιστική βιολογία η απόσταση Levenshtein είναι μια αρκετά διαδεδομένη μετρική για τη σύγκριση συμπλεγμάτων πρωτεϊνών [02], [03].

4.2 Η απόσταση Levenshtein

Η απόσταση Levenshtein μεταξύ δύο συμβολοσειρών (strings) τυχαίου μήκους (μπορεί δηλαδή οι συμβολοσειρές να έχουν διαφορετικό μήκος) ορίζεται ως ο ελάχιστος αριθμός πρωταρχικών ενεργειών επεξεργασίας έτσι ώστε η πρώτη συμβολοσειρά να μετασχηματιστεί στη δεύτερη [11]. Οι ενέργειες που μπορούν να πραγματοποιηθούν είναι: αφαίρεση στοιχείου, εισαγωγή στοιχείου ή αντικατάσταση ενός στοιχείου με άλλο. Αν a και b είναι δύο συμβολοσειρές, θα συμβολίζουμε την απόσταση Levenshtein μεταξύ τους με $lev(a, b)$. Για παράδειγμα:

1. $a = \text{«ΑΓΝΟΙΑ»}$ και $b = \text{«ΑΝΟΙΑ»}$, τότε $lev(a, b) = 1$
 $\text{ΑΓΝΟΙΑ} \rightarrow \text{ΑΝΟΙΑ}$ (διαγραφή ενός στοιχείου)
2. $a = \text{«ΣΛΑΒΟΣ»}$ και $b = \text{«ΣΚΛΑΒΟΣ»}$, τότε $lev(a, b) = 1$
 $\text{ΣΛΑΒΟΣ} \rightarrow \text{ΣΚΛΑΒΟΣ}$ (εισαγωγή ενός στοιχείου)
3. $a = \text{«ΕΚΔΟΡΑ»}$ και $b = \text{«ΕΚΦΟΡΑ»}$, τότε $lev(a, b) = 1$
 $\text{ΕΚΔΟΡΑ} \rightarrow \text{ΕΚΦΟΡΑ}$ (αντικατάσταση ενός στοιχείου με άλλο)

4. $a = \text{«ΣΕΛΙΔΑ»}$ και $b = \text{«ΣΑΝΙΔΑ»}$, τότε $lev(a, b) = 2$

$\Sigma\epsilon\lambda\iota\delta\alpha \rightarrow \Sigma\alpha\eta\iota\delta\alpha$ (αντικατάσταση δύο στοιχείων με δύο άλλα)

5. $a = \text{«ΕΚΔΟΧΗ»}$ και $b = \text{«ΕΚΔΡΟΜΗ»}$, τότε $lev(a, b) = 2$

$\epsilon\kappa\delta\omicron\chi\eta \rightarrow \epsilon\kappa\delta\rho\omicron\mu\eta$ (εισαγωγή ενός στοιχείου, αντικατάσταση ενός στοιχείου με άλλο)

Η απόσταση Levenshtein μπορεί να υπολογιστεί μέσω μιας αναδρομικής διαδικασίας η οποία στηρίζεται στην έννοια του κόστους αντικατάστασης (substitution cost) δύο μεμονωμένων στοιχείων των συμβολοσειρών [15]. Πιο συγκεκριμένα, αν a_i το στοιχείο στη θέση i της συμβολοσειράς a και b_j το στοιχείο στη θέση j της συμβολοσειράς b τότε το κόστος αντικατάστασης των a_i και b_j είναι η τιμή $r(a_i, b_j)$ που ορίζεται ως:

$$r(a_i, b_j) = \begin{cases} 0, & a_i = b_j \\ 1, & a_i \neq b_j \end{cases}$$

Ο υπολογισμός της απόστασης Levenshtein μεταξύ δύο συμβολοσειρών a και b , οι οποίες αποτελούνται από m και n χαρακτήρες αντίστοιχα, γίνεται στη συνέχεια με τη βοήθεια του αλγόριθμου που παρουσιάζεται στον Πίνακα 5. Ακολούθως, ως παράδειγμα εφαρμογής του αλγόριθμου LEVDIST υπολογίζουμε την απόσταση Levenshtein μεταξύ των συμβολοσειρών «ΒΑΓΟΝΙ» και «ΚΑΝΟΝΑΣ». Τα βήματα της αναδρομικής διαδικασίας υπολογισμού φαίνονται στον Πίνακα 6.

Αλγόριθμος LEVDIST

Input: string a , string b

Output: Levenshtein distance d_L

1. function lev(char $a[1..m]$, char $b[1..n]$)
// d_L is an $(m + 1) \times (n + 1)$ matrix
// for all i and j , $d_L(i, j)$ will hold the Levenshtein distance
// between the first i characters of a and the first j characters of b
 2. declare int $d_L[0..m, 0..n]$
 3. for i from 0 to m :
 4. $d_L[i, 0] := i$
 5. for j from 0 to n :
 6. $d_L[0, j] := j$
 7. for i from 1 to m :
 8. for j from 1 to n :
 9. if $a[i] = b[j]$:
 10. SubstitutionCost := 0
 11. else
 12. SubstitutionCost := 1
 13. $d_L[i, j] := \text{minimum}(\begin{array}{l} d_L[i - 1, j] + 1, \quad // \text{ delete} \\ d_L[i, j - 1] + 1, \quad // \text{ insert} \\ d_L[i - 1, j - 1] + \text{SubstitutionCost} \quad // \text{ substitute} \end{array})$
 14. return $d_L[m, n]$
-

Πίνακας 5. Ο αλγόριθμος LEVDIST.

		B	A	Γ	O	N	I
	0	1	2	3	4	5	6
K	1	1	2	3	4	5	6
A	2	2	1	2	3	4	5
N	3	3	2	2	3	3	4
O	4	4	2	3	2	3	4
N	5	5	4	4	3	2	3
A	6	6	5	5	4	3	3
Σ	7	7	6	6	5	4	4

Πίνακας 6. Εφαρμογή του αλγόριθμου LEVDIST. Η απόσταση Levenshtein είναι ο αριθμός κάτω δεξιά στον πίνακα, δηλαδή 4.

Κεφάλαιο 5

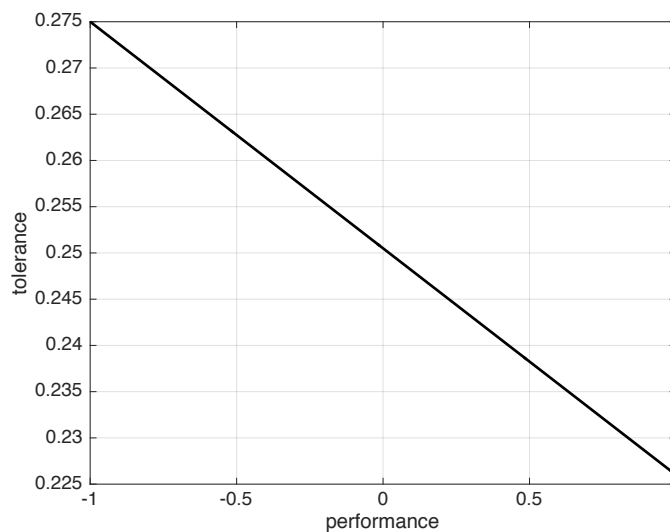
Υπολογιστικά αποτελέσματα υλοποίησης αλγορίθμων

5.1 Ο αλγόριθμος EVOL1BASIC

Ο πρώτος αλγόριθμος που θα εξετάσουμε υπολογιστικά είναι αυτός που προτάθηκε από τον Valiant στην αρχική παρουσίαση του μοντέλου της εξελικτικότητας [13]. Για την υλοποίηση του αλγορίθμου θεωρούμε το περιθώριο διακύμανσης της απόδοσης δ μεταβλητό και γραμμικά εξαρτώμενο από την απόδοση $Perf_s(f, h)$. Αν περιορίσουμε το περιθώριο δ στο διάστημα $[\delta_{min}, \delta_{max}]$ και $\theta(h_i) = Perf_s(f, h)$ τότε για κάθε διαδοχική γενεά θα χρησιμοποιήσουμε τη σχέση,

$$\delta(h_i) = \frac{\delta_{min} - \delta_{max}}{2} \cdot \theta(h_i) + \frac{\delta_{min} + \delta_{max}}{2}$$

Αν επιπλέον για την υλοποίηση του μοντέλου επιλέξουμε $\delta_{min} = 0.001$, $\delta_{max} = 0.05$ και επειδή, όπως έχουμε ήδη αναφέρει σε προηγούμενο κεφάλαιο, $Perf(f, h) \in [-1, 1]$ τότε η προηγούμενη σχέση είναι μια φθίνουσα γραμμική συνάρτηση η οποία παρουσιάζεται στο Διάγραμμα 4.



Διάγραμμα 4. Το περιθώριο δ (tolerance) ως συνάρτηση της απόδοσης θ (performance).

Από το διάγραμμα φαίνεται ότι επιδιώκουμε το περιθώριο διακύμανσης των υποψήφρων προσεγγίσεων \bar{h}_i να είναι μικρότερο όταν η απόδοση της αρχικής προσέγγισης h_i είναι πλησιέστερα προς την τιμή 1 (όταν η h_i δηλαδή είναι ήδη αρκετά «κοντά» στην ιδανική συνάρτηση f). Ως μετρική για την εμπειρική απόδοση $Perf_s(f, h)$ θα χρησιμοποιηθεί τόσο η συσχέτιση $(-1/1)$ των συναρτήσεων Bool,

$$Perf_s(f, h_i) = \frac{1}{s} \cdot \sum_{x \in S} f(x) \cdot h_i(x)$$

όσο και η συνάρτηση σφάλματος των ελαχίστων τετραγώνων,

$$Perf_s(f, h_i) = 1 - \frac{1}{s} \cdot \sum_{x \in S} \frac{[f(x) - h_i(x)]^2}{2}$$

Ο αλγόριθμος θα υλοποιηθεί υπολογιστικά με βάση δύο τυχαίες κατανομές, την ομοιόμορφη κατανομή και την κατανομή Bernoulli. Απλά υπενθυμίζουμε σε αυτό το σημείο ότι για την ομοιόμορφη κατανομή θα έχουμε ότι,

$$\forall x \in X_n : Prob(x_i = 1) = Prob(x_i = 0) = \frac{1}{2}$$

ενώ για την κατανομή Bernoulli θα έχουμε ότι,

$$\forall x \in X_n : Prob(x_i = 1) = p \quad \text{και} \quad Prob(x_i = 0) = 1 - p, \quad 0 < p < 1$$

Ο ψευδοκώδικας για τον αλγόριθμο παρουσιάζεται στον Πίνακα 7.

Αλγόριθμος EVOL1BASIC

Input: hypothesis h_i , ideal function f , dimension (n) of X_n , size (s) of sample S , δ_{min} , δ_{max} , value of j

Output: updated hypothesis h_{i+1}

1. function *EVOL1BASIC*($h_i, f, n, s, \delta_{min}, \delta_{max}, j$)
 2. if $|h| > 0$:
 3. create N^-
 4. else
 5. $N^- \leftarrow \{ \}$
 6. if $|h| < n$:
 7. create N^+ ; create N^\pm
 8. else
 9. $N^+ \leftarrow \{ \}$; $N^\pm \leftarrow \{ \}$
 10. $N \leftarrow N^- \cup N^+ \cup N^\pm \cup \{h_i\}$
 11. for $\bar{h}_i \in N$:
 12. *AssignWeight*(\bar{h}_i, N)
 13. $Bene \leftarrow \{ \}$; $Neut \leftarrow \{h_i\}$
 14. $S \leftarrow RandomDistr_j(X_n)$ // $j = 1$: Uniform, $j = 2$: Bernoulli
 15. $\theta(h_i) \leftarrow Perf_s(f, h_i)$; $\delta(h_i) \leftarrow [(\delta_{min} - \delta_{max}) \cdot \theta(h_i) + (\delta_{min} + \delta_{max})]/2$
 16. for $\bar{h}_i \in N$:
 17. $S \leftarrow RandomDistr_j(X_n)$ // $j = 1$: Uniform, $j = 2$: Bernoulli
 18. $\theta(\bar{h}_i) \leftarrow Perf_s(f, \bar{h}_i)$
 19. if $\theta(\bar{h}_i) \geq \theta(h_i) + \delta(h_i)$:
 20. $Bene \leftarrow Bene \cup \{\bar{h}_i\}$
 21. elseif $\theta(\bar{h}_i) > \theta(h_i) - \delta(h_i)$:
 22. $Neut \leftarrow Neut \cup \{\bar{h}_i\}$
 23. If $Bene \neq \{ \}$:
 24. $h_{i+1} \leftarrow RandomSelect(Bene)$
 25. else
 26. $h_{i+1} \leftarrow RandomSelect(Neut)$
 27. return h_{i+1}
-

Πίνακας 7. Ο αλγόριθμος EVOL1BASIC.

5.1.1 Σχεδιασμός πειραμάτων και αποτελέσματα (ομοιόμορφη κατανομή)

Για την εξαγωγή των αποτελεσμάτων που ακολουθούν διεξάγεται ένας αριθμός επαναλήψεων του κάθε πειράματος και καταγράφεται ο αριθμός των γενεών που απαιτούνται για να προσεγγισθεί κατάλληλα η ιδανική συνάρτηση f . Εξετάζεται επίσης κατά πόσο υπάρχει τόσο μονότονη σύγκλιση όσο και απόλυτη σύγκλιση στο στόχο (ταύτιση δηλαδή προσέγγισης και στόχου σε όλες τις μεταβλητές). Στα διαγράμματα που παρατίθενται παρουσιάζεται το μέσο σφάλμα και η μέση απόσταση Levenshtein (μεταξύ της προσέγγισης σε κάθε βήμα και του τελικού στόχου) συναρτήσει του

αριθμού των γενεών καθώς επίσης και η κατανομή του μέσου σφάλματος. Ο λόγος που αποφασίστηκε να περιληφθεί και η απόσταση Levenshtein στη διερεύνηση του μοντέλου μπορεί να γίνει κατανοητός παρατηρώντας τα αποτελέσματα του πειράματος EX1 (όπου ο αλγόριθμος υλοποιείται με συνθήκη τερματισμού $f = h_i$). Από το Διάγραμμα 5 και το Διάγραμμα 6 προκύπτει ότι $err(f, h_{11}) > err(f, h_{15})$ ενώ $lev(f, h_{11}) < lev(f, h_{15})$. Δηλαδή, μικρότερο σφάλμα δεν σημαίνει πάντοτε καλύτερη ταύτιση προσέγγισης και στόχου. Θα ήταν επομένως χρήσιμο να γνωρίζουμε κατά πόσο ο αλγόριθμος που υλοποιείται κάθε φορά μπορεί (στηριζόμενος αποκλειστικά στα μέτρα απόδοσης των διαδοχικών προσεγγίσεων) να ταυτισθεί με τη συμβολοσειρά f (στόχο) κατά στοιχείο (μεταβλητή x_i).

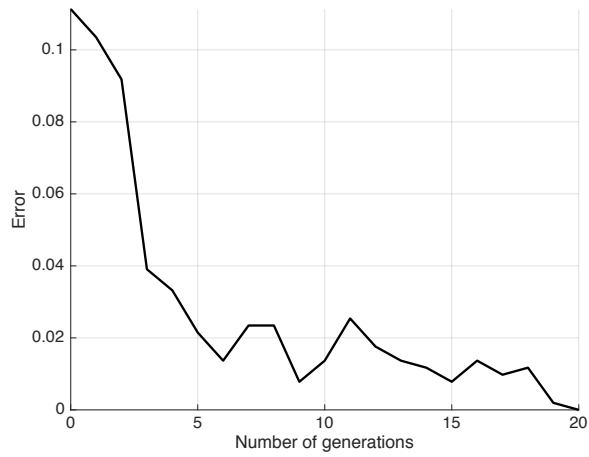
Ο τρόπος σχεδιασμού των πειραμάτων (όπως έχει περιγραφεί πιο πάνω) θα ακολουθηθεί και στο υπόλοιπο της εργασίας. Για τον βασικό αλγόριθμο EVOL1BASIC θα εξετασθεί επιπλέον και η ταχύτητα σύγκλισης ως προς το αντίστροφο του μέσου σφάλματος $\left(\frac{1}{\varepsilon}\right)$. Θα διερευνηθεί συγκεκριμένα κατά πόσο προκύπτει πειραματικά ταχύτητα σύγκλισης $O\left(\log\left(\frac{1}{\varepsilon}\right)\right)$ ή ακόμη καλύτερα $O\left(\log\log\left(\frac{1}{\varepsilon}\right)\right)$. Σημειώνουμε ότι ο Valiant [13] έχει δείξει ότι $g\left(n, \frac{1}{\varepsilon}\right) = O\left(n\log\left(\frac{n}{\varepsilon}\right)\right) = O\left(n\log n + n\log\left(\frac{1}{\varepsilon}\right)\right)$. Δηλαδή, για δεδομένο n η εξάρτηση του αριθμού των γενεών από το αντίστροφο του σφάλματος είναι $O\left(\log\left(\frac{1}{\varepsilon}\right)\right)$.

ΚΩΔΙΚΟΣ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: EVOL1BASIC - EX1	
ΑΡΙΘΜΟΣ ΔΙΑΔΟΧΙΚΩΝ ΕΠΑΝΑΛΗΨΕΩΝ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: 1	
ΣΥΝΘΗΚΗ ΤΕΡΜΑΤΙΣΜΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ: $f = h_i$	
ΤΙΜΕΣ ΕΙΣΟΔΟΥ	
ΜΕΤΑΒΛΗΤΗ	ΤΙΜΗ
Μέγεθος X_n	16
Μέγεθος δείγματος S	2^{10}
Μέγιστο όριο γενεών	10000
δ_{min}	0.001
δ_{max}	0.05
Τυχαία κατανομή	Ομοιόμορφη
Συνάρτηση σφάλματος	Συσχέτιση (-1/1)
Τυχαιοποιημένη περιοχή N^*	Όχι
Ποσοστό N^* (επί της αρχικής N)	\emptyset
Αποκλίνουσα συνάρτηση f^d	Όχι
Είδος απόκλισης	\emptyset
Ιδανική συνάρτηση f	[3 4 7 8 11 14 15]
Αρχική προσέγγιση h	[2 5 6 10]
Συγκριτικό μέγεθος h, f	$ h < f $
Διασταύρωση	Όχι
Αρχικός πληθυσμός	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset

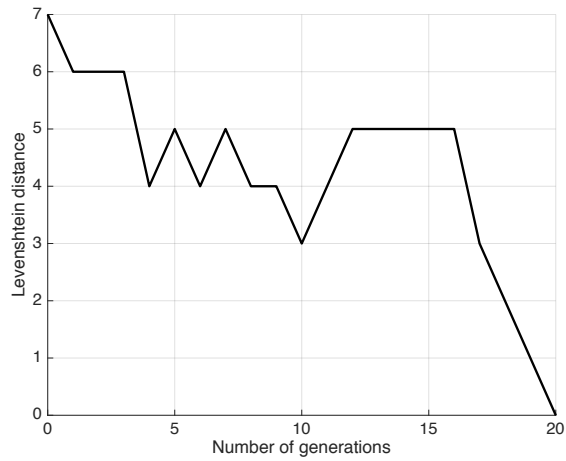
Πίνακας 8. Το πείραμα EVOL1BASIC - EX1.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ	
Συνολικός αριθμός γενεών	20
Μονότονη σύγκλιση	Ναι
Απόλυτη σύγκλιση στο στόχο	Ναι
Ποσοστημότητα μέσου σφάλματος	
25%	< 0.011230
50%	< 0.013672
75%	< 0.027344
90%	< 0.096484

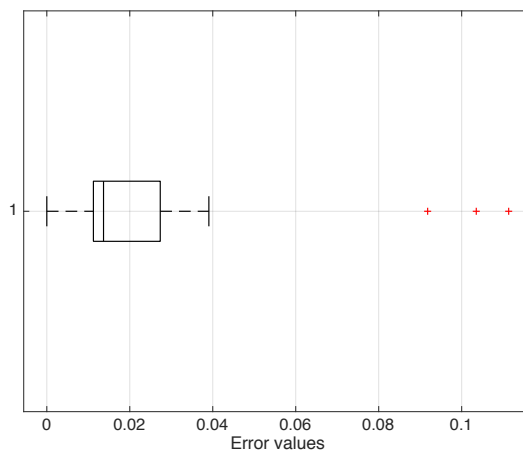
Πίνακας 9. Τα αποτελέσματα του πειράματος EVOL1BASIC - EX1.



Διάγραμμα 5. Το μέσο σφάλμα ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 6. Η μέση απόσταση Levenshtein ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



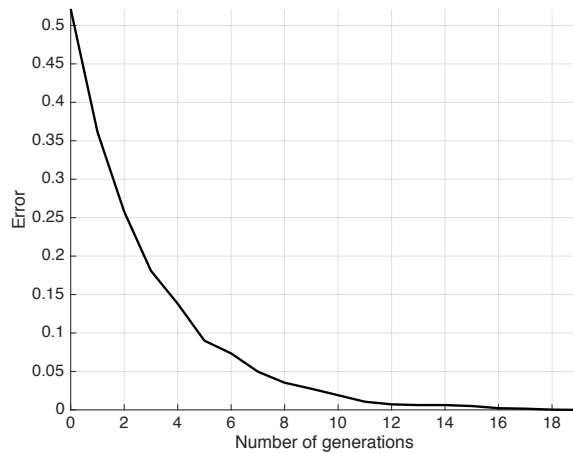
Διάγραμμα 7. Το θηκόγραμμα των τιμών του μέσου σφάλματος.

ΚΩΔΙΚΟΣ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: EVOL1BASIC - EX2	
ΑΡΙΘΜΟΣ ΔΙΑΔΟΧΙΚΩΝ ΕΠΑΝΑΛΗΨΕΩΝ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: 100	
ΣΥΝΘΗΚΗ ΤΕΡΜΑΤΙΣΜΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ: $err(f, h_i) = 0$	
ΤΙΜΕΣ ΕΙΣΟΔΟΥ	
ΜΕΤΑΒΛΗΤΗ	ΤΙΜΗ
Μέγεθος X_n	8
Μέγεθος δείγματος S	2^6
Μέγιστο όριο γενεών	10000
δ_{min}	0.001
δ_{max}	0.05
Τυχαία κατανομή	Ομοιόμορφη
Συνάρτηση σφάλματος	Συσχέτιση (-1/1)
Τυχαίοποιημένη περιοχή N^*	Όχι
Ποσοστό N^* (επί της αρχικής N)	\emptyset
Αποκλίνουσα συνάρτηση f^d	Όχι
Είδος απόκλισης	\emptyset
Ιδανική συνάρτηση f	[3 4 6 7 8]
Αρχική προσέγγιση h	[2 5]
Συγκριτικό μέγεθος h, f	$ h < f $
Διασταύρωση	Όχι
Αρχικός πληθυσμός	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset

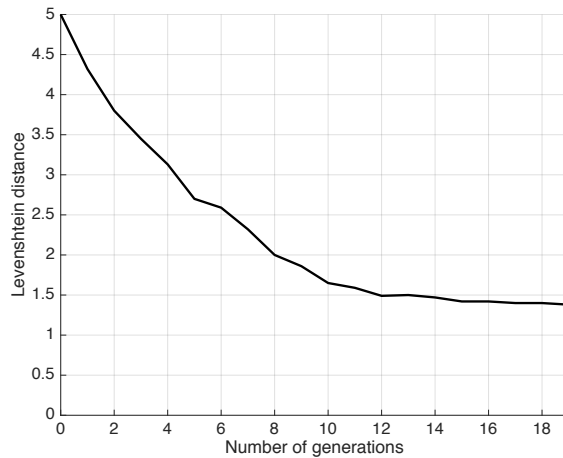
Πίνακας 10. Το πείραμα EVOL1BASIC - EX2.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ	
Μέγιστος αριθμός γενεών	19
Ελάχιστος αριθμός γενεών	3
Μέσος αριθμός γενεών	8.73
Ποσοστό επαναλήψεων με μονότονη σύγκλιση	80%
Ποσοστό επαναλήψεων με απόλυτη σύγκλιση στο στόχο	34%
Ποσοστημόρια μέσου σφάλματος	
25%	< 0.005625
50%	< 0.023281
75%	< 0.114060
90%	< 0.309690

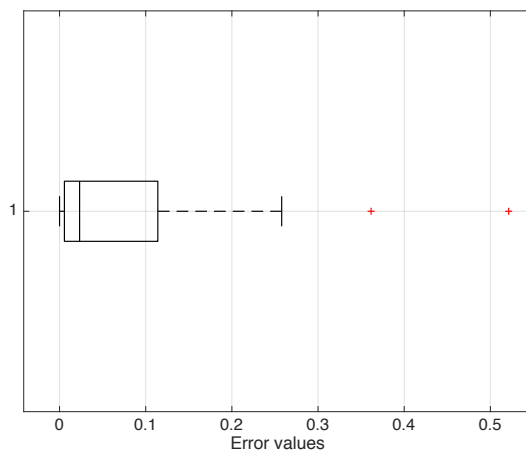
Πίνακας 11. Τα αποτελέσματα του πειράματος EVOL1BASIC - EX2.



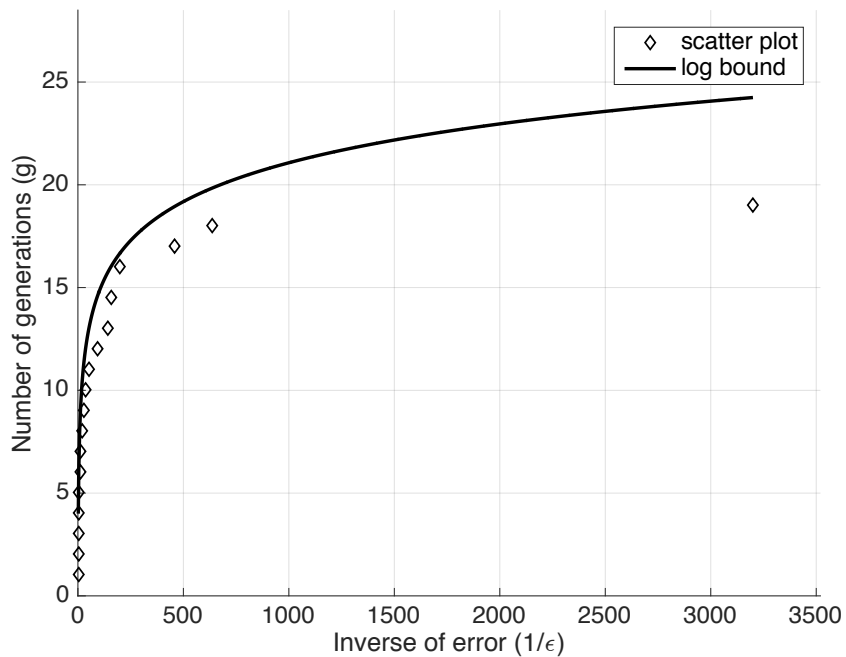
Διάγραμμα 8. Το μέσο σφάλμα ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



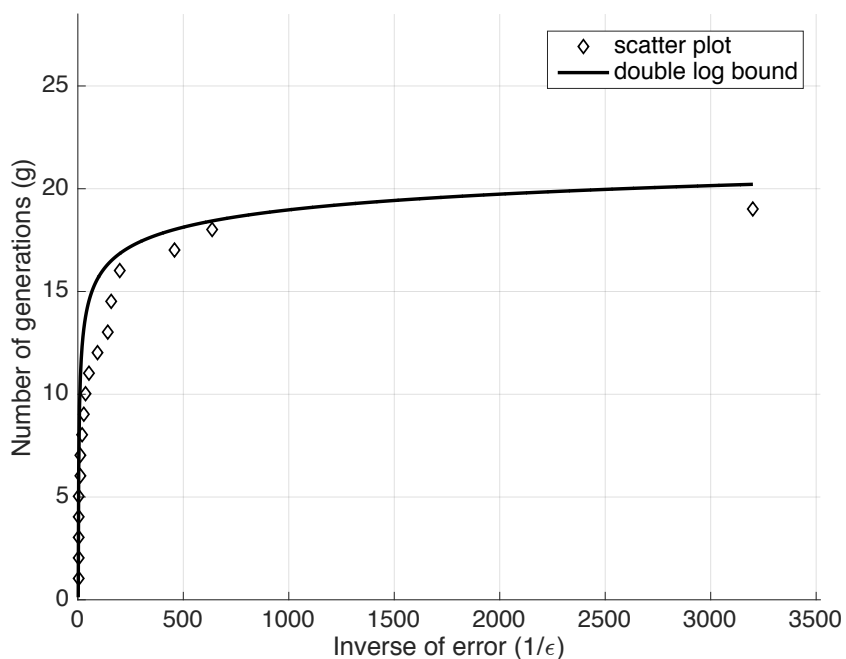
Διάγραμμα 9. Η μέση απόσταση Levenshtein ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 10. Το θηκόγραμμα των τιμών του μέσου σφάλματος.



Διάγραμμα 11. Το γράφημα του μέσου αριθμού γενεών ως προς το αντίστροφο του μέσου σφάλματος και το φράγμα της λογαριθμικής συνάρτησης $y = a \log(cx)$ με $a = 6.2832$ και $c = 2.2582$.



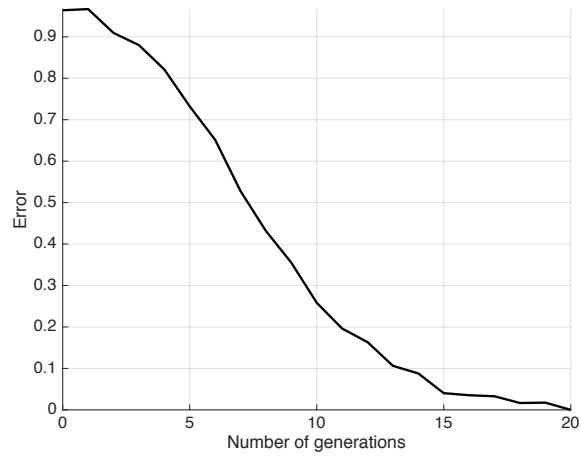
Διάγραμμα 12. Το γράφημα του μέσου αριθμού γενεών ως προς το αντίστροφο του μέσου σφάλματος και το φράγμα της διπλής λογαριθμικής συνάρτησης $y = a \log \log(x^c)$ με $a = 18.382$ και $c = 3.5893$.

ΚΩΔΙΚΟΣ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: EVOL1BASIC - EX3	
ΑΡΙΘΜΟΣ ΔΙΑΔΟΧΙΚΩΝ ΕΠΑΝΑΛΗΨΕΩΝ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: 100	
ΣΥΝΘΗΚΗ ΤΕΡΜΑΤΙΣΜΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ: $err(f, h_i) = 0$	
ΤΙΜΕΣ ΕΙΣΟΔΟΥ	
ΜΕΤΑΒΛΗΤΗ	ΤΙΜΗ
Μέγεθος X_n	8
Μέγεθος δείγματος S	2^6
Μέγιστο όριο γενεών	10000
δ_{min}	0.001
δ_{max}	0.05
Τυχαία κατανομή	Ομοιόμορφη
Συνάρτηση σφάλματος	Συσχέτιση (-1/1)
Τυχαίοποιημένη περιοχή N^*	Όχι
Ποσοστό N^* (επί της αρχικής N)	\emptyset
Αποκλίνουσα συνάρτηση f^d	Όχι
Είδος απόκλισης	\emptyset
Ιδανική συνάρτηση f	[6]
Αρχική προσέγγιση h	[1 3 5 7 8]
Συγκριτικό μέγεθος h, f	$ h > f $
Διασταύρωση	Όχι
Αρχικός πληθυσμός	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset

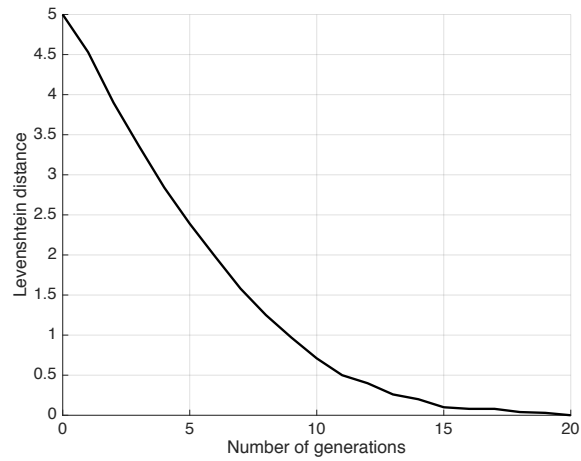
Πίνακας 12. Το πείραμα EVOL1BASIC - EX3.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ	
Μέγιστος αριθμός γενεών	20
Ελάχιστος αριθμός γενεών	6
Μέσος αριθμός γενεών	10.7
Ποσοστό επαναλήψεων με μονότονη σύγκλιση	37%
Ποσοστό επαναλήψεων με απόλυτη σύγκλιση στο στόχο	100%
Ποσοστημόρια μέσου σφάλματος	
25%	< 0.039062
50%	< 0.258440
75%	< 0.754450
90%	< 0.931250

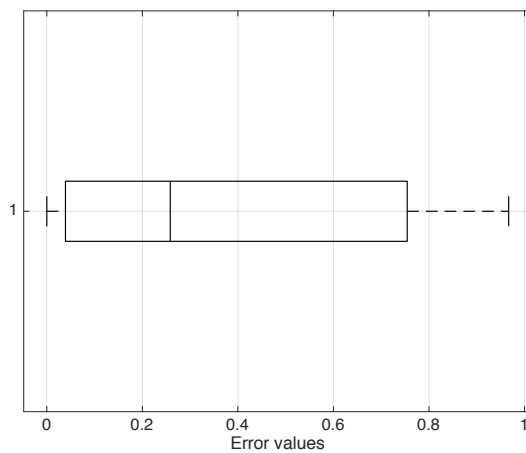
Πίνακας 13. Τα αποτελέσματα του πειράματος EVOL1BASIC - EX3.



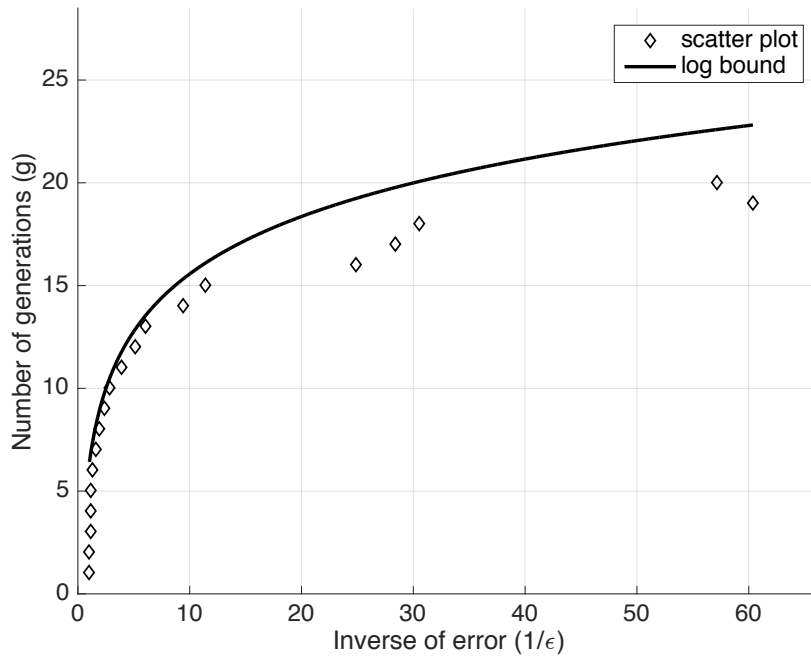
Διάγραμμα 13. Το μέσο σφάλμα ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



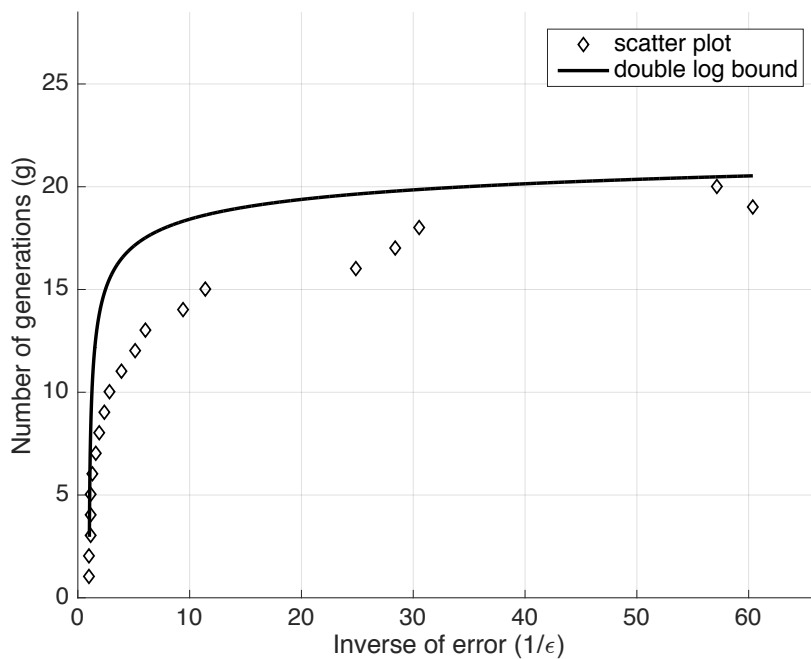
Διάγραμμα 14. Η μέση απόσταση Levenshtein ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 15. Το θηκόγραμμα των τιμών του μέσου σφάλματος.



Διάγραμμα 16. Το γράφημα του μέσου αριθμού γενεών ως προς το αντίστροφο του μέσου σφάλματος και το φράγμα της λογαριθμικής συνάρτησης $y = a \log(cx)$ με $a = 9.2804$ και $c = 4.7574$.



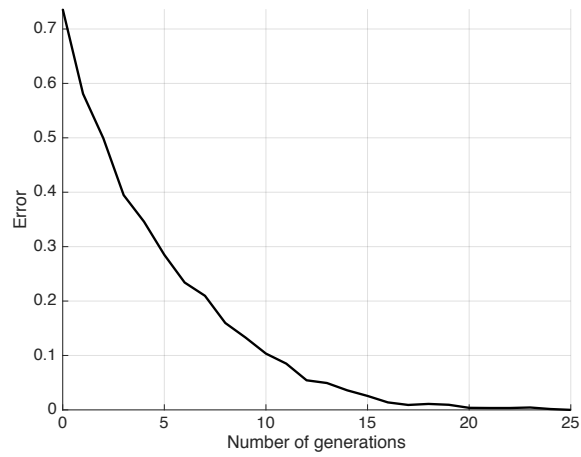
Διάγραμμα 17. Το γράφημα του μέσου αριθμού γενεών ως προς το αντίστροφο του μέσου σφάλματος και το φράγμα της διπλής λογαριθμικής συνάρτησης $y = a \log \log(x^c)$ με $a = 8.4233$ και $c = 153.7335$.

ΚΩΔΙΚΟΣ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: EVOL1BASIC - EX4	
ΑΡΙΘΜΟΣ ΔΙΑΔΟΧΙΚΩΝ ΕΠΑΝΑΛΗΨΕΩΝ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: 100	
ΣΥΝΘΗΚΗ ΤΕΡΜΑΤΙΣΜΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ: $err(f, h_i) = 0$	
ΤΙΜΕΣ ΕΙΣΟΔΟΥ	
ΜΕΤΑΒΛΗΤΗ	ΤΙΜΗ
Μέγεθος X_n	8
Μέγεθος δείγματος S	2^6
Μέγιστο όριο γενεών	10000
δ_{min}	0.001
δ_{max}	0.05
Τυχαία κατανομή	Ομοιόμορφη
Συνάρτηση σφάλματος	Συσχέτιση (-1/1)
Τυχαίοποιημένη περιοχή N^*	Όχι
Ποσοστό N^* (επί της αρχικής N)	\emptyset
Αποκλίνουσα συνάρτηση f^d	Όχι
Είδος απόκλισης	\emptyset
Ιδανική συνάρτηση f	[1 8]
Αρχική προσέγγιση h	[4 6]
Συγκριτικό μέγεθος h, f	$ h = f $
Διασταύρωση	Όχι
Αρχικός πληθυσμός	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset

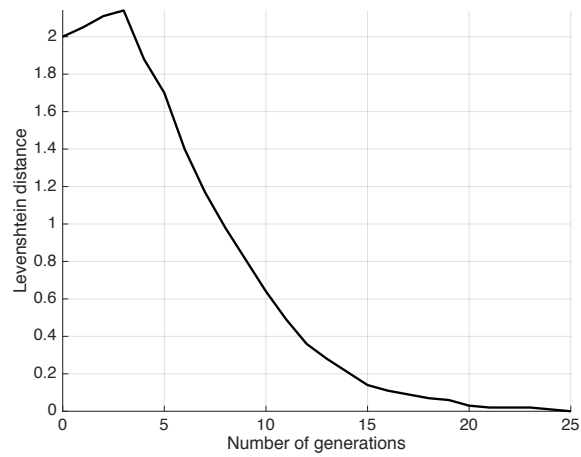
Πίνακας 14. Το πείραμα EVOL1BASIC - EX4.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ	
Μέγιστος αριθμός γενεών	25
Ελάχιστος αριθμός γενεών	2
Μέσος αριθμός γενεών	8.77
Ποσοστό επαναλήψεων με μονότονη σύγκλιση	76%
Ποσοστό επαναλήψεων με απόλυτη σύγκλιση στο στόχο	100%
Ποσοστημόρια μέσου σφάλματος	
25%	< 0.0090625
50%	< 0.0518750
75%	< 0.2340600
90%	< 0.4886300

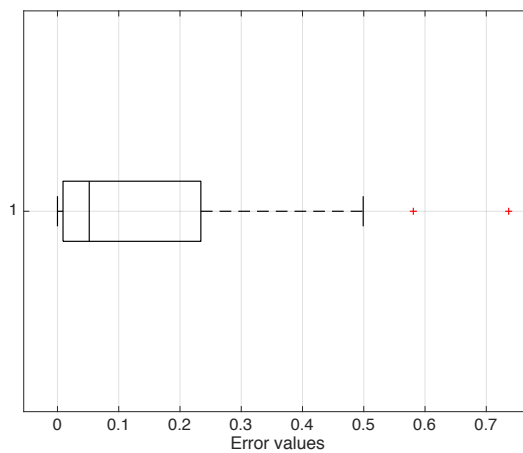
Πίνακας 15. Τα αποτελέσματα του πειράματος EVOL1BASIC - EX4.



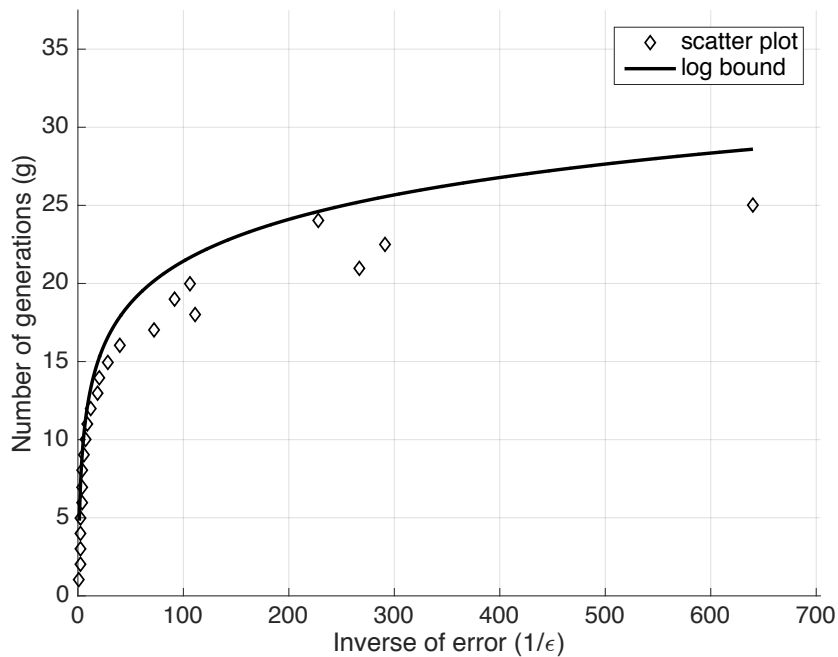
Διάγραμμα 18. Το μέσο σφάλμα ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



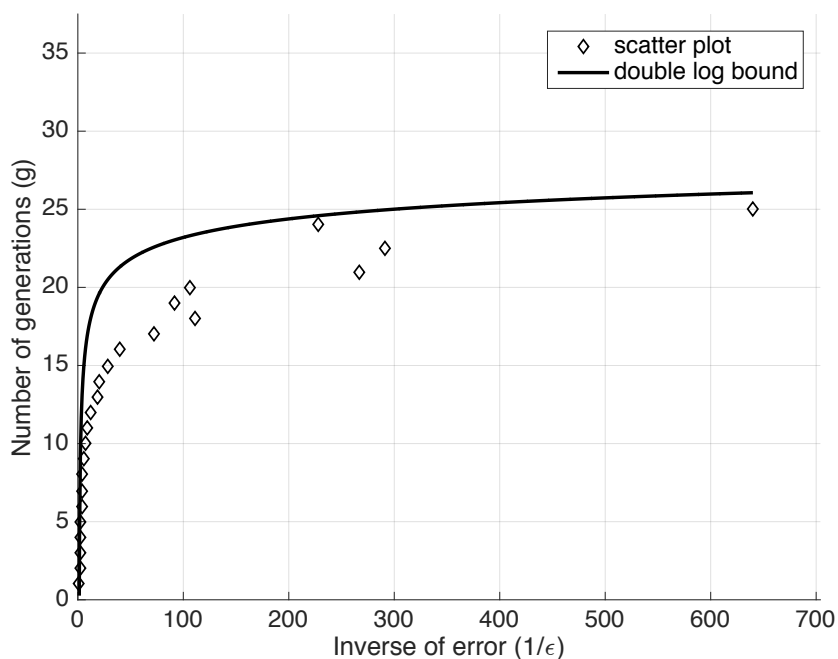
Διάγραμμα 19. Η μέση απόσταση Levenshtein ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 20. Το θηκόγραμμα των τιμών του μέσου σφάλματος.



Διάγραμμα 21. Το γράφημα του μέσου αριθμού γενεών ως προς το αντίστροφο του μέσου σφάλματος και το φράγμα της λογαριθμικής συνάρτησης $y = a \log(cx)$ με $a = 8.8953$ και $c = 2.5625$.



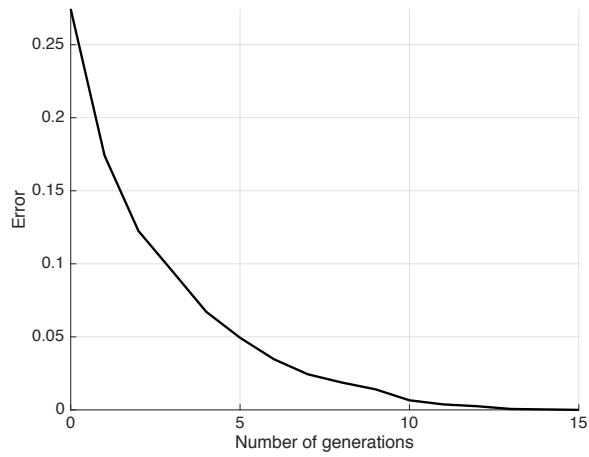
Διάγραμμα 22. Το γράφημα του μέσου αριθμού γενεών ως προς το αντίστροφο του μέσου σφάλματος και το φράγμα της διπλής λογαριθμικής συνάρτησης $y = a \log \log(x^c)$ με $a = 19.4686$ και $c = 7.7709$.

ΚΩΔΙΚΟΣ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: EVOL1BASIC - EX5	
ΑΡΙΘΜΟΣ ΔΙΑΔΟΧΙΚΩΝ ΕΠΑΝΑΛΗΨΕΩΝ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: 100	
ΣΥΝΘΗΚΗ ΤΕΡΜΑΤΙΣΜΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ: $err(f, h_i) = 0$	
ΤΙΜΕΣ ΕΙΣΟΔΟΥ	
ΜΕΤΑΒΛΗΤΗ	ΤΙΜΗ
Μέγεθος X_n	10
Μέγεθος δείγματος S	2^6
Μέγιστο όριο γενεών	10000
δ_{min}	0.001
δ_{max}	0.05
Τυχαία κατανομή	Ομοιόμορφη
Συνάρτηση σφάλματος	Συσχέτιση (-1/1)
Τυχαίοποιημένη περιοχή N^*	Όχι
Ποσοστό N^* (επί της αρχικής N)	\emptyset
Αποκλίνουσα συνάρτηση f^d	Όχι
Είδος απόκλισης	\emptyset
Ιδανική συνάρτηση f	[1 3 6 7 9 10]
Αρχική προσέγγιση h	[2 4 8]
Συγκριτικό μέγεθος h, f	$ h < f $
Διασταύρωση	Όχι
Αρχικός πληθυσμός	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset

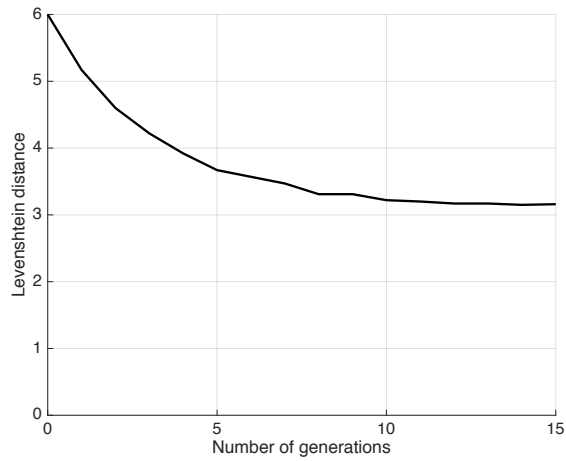
Πίνακας 16. Το πείραμα EVOL1BASIC - EX5.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ	
Μέγιστος αριθμός γενεών	15
Ελάχιστος αριθμός γενεών	1
Μέσος αριθμός γενεών	6.82
Ποσοστό επαναλήψεων με μονότονη σύγκλιση	81%
Ποσοστό επαναλήψεων με απόλυτη σύγκλιση στο στόχο	2%
Ποσοστημόρια μέσου σφάλματος	
25%	< 0.003125
50%	< 0.021562
75%	< 0.081094
90%	< 0.081094

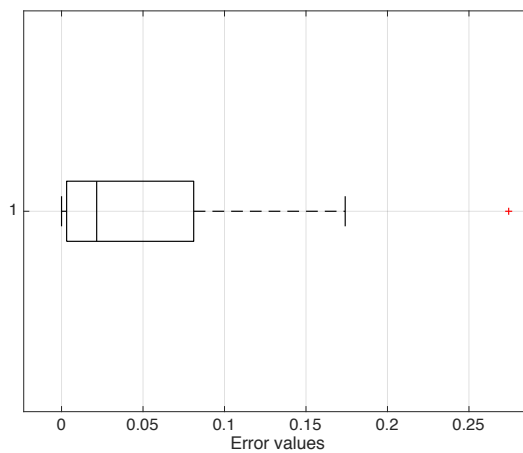
Πίνακας 17. Τα αποτελέσματα του πειράματος EVOL1BASIC - EX5.



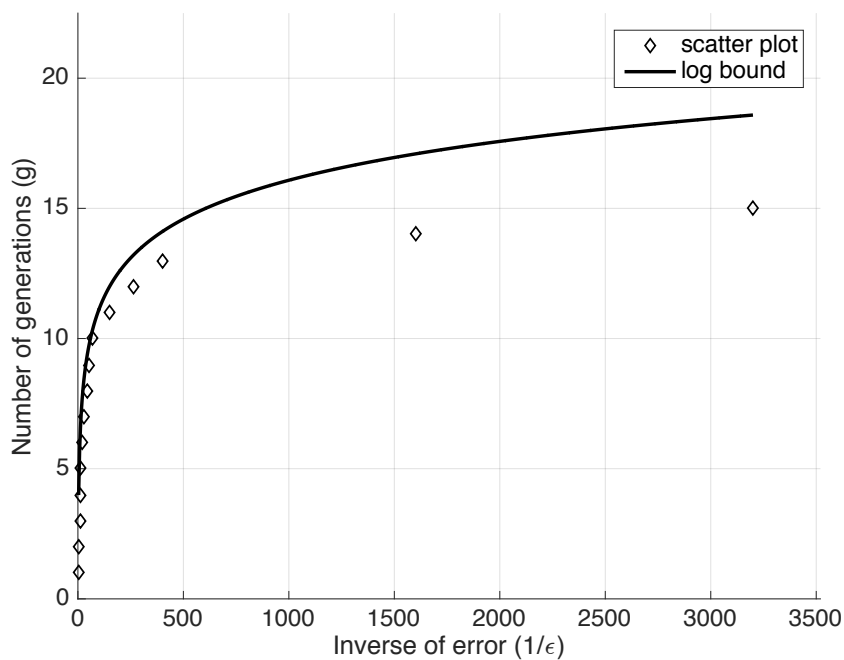
Διάγραμμα 23. Το μέσο σφάλμα ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



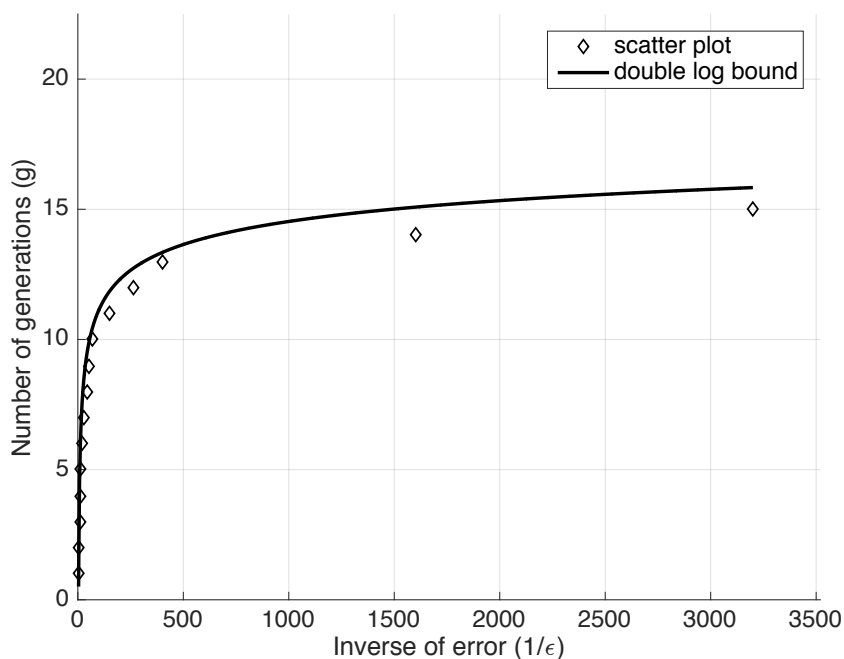
Διάγραμμα 24. Η μέση απόσταση Levenshtein ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 25. Το θηκόγραμμα των τιμών του μέσου σφάλματος.



Διάγραμμα 26. Το γράφημα του μέσου αριθμού γενεών ως προς το αντίστροφο του μέσου σφάλματος και το φράγμα της λογαριθμικής συνάρτησης $y = a \log(cx)$ με $a = 4.9589$ και $c = 1.7485$.



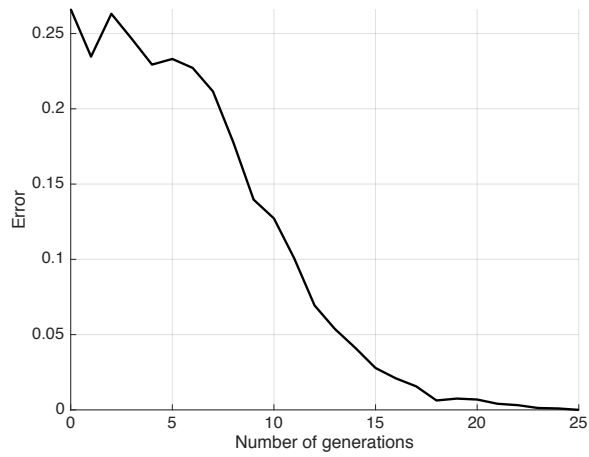
Διάγραμμα 27. Το γράφημα του μέσου αριθμού γενεών ως προς το αντίστροφο του μέσου σφάλματος και το φράγμα της διπλής λογαριθμικής συνάρτησης $y = a \log \log(x^c)$ με $a = 19.2706$ και $c = 1.8921$.

ΚΩΔΙΚΟΣ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: EVOL1BASIC - EX6	
ΑΡΙΘΜΟΣ ΔΙΑΔΟΧΙΚΩΝ ΕΠΑΝΑΛΗΨΕΩΝ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: 100	
ΣΥΝΘΗΚΗ ΤΕΡΜΑΤΙΣΜΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ: $err(f, h_i) = 0$	
ΤΙΜΕΣ ΕΙΣΟΔΟΥ	
ΜΕΤΑΒΛΗΤΗ	ΤΙΜΗ
Μέγεθος X_n	10
Μέγεθος δείγματος S	2^6
Μέγιστο όριο γενεών	10000
δ_{min}	0.001
δ_{max}	0.05
Τυχαία κατανομή	Ομοιόμορφη
Συνάρτηση σφάλματος	Συσχέτιση (-1/1)
Τυχαίοποιημένη περιοχή N^*	Όχι
Ποσοστό N^* (επί της αρχικής N)	\emptyset
Αποκλίνουσα συνάρτηση f^d	Όχι
Είδος απόκλισης	\emptyset
Ιδανική συνάρτηση f	[4 7 9]
Αρχική προσέγγιση h	[1 2 5 6 8 10]
Συγκριτικό μέγεθος h, f	$ h > f $
Διασταύρωση	Όχι
Αρχικός πληθυσμός	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset

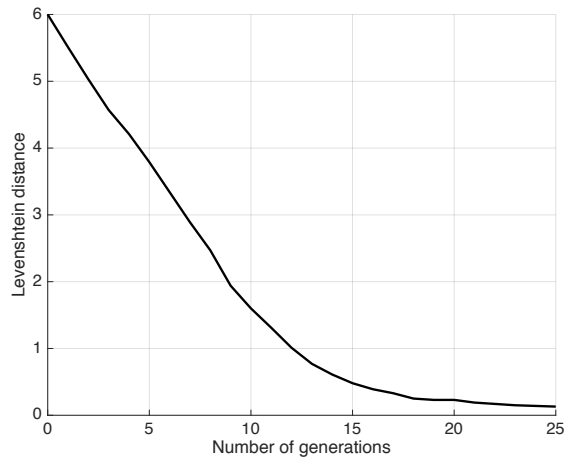
Πίνακας 18. Το πείραμα EVOL1BASIC - EX6.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ	
Μέγιστος αριθμός γενεών	25
Ελάχιστος αριθμός γενεών	6
Μέσος αριθμός γενεών	12.4
Ποσοστό επαναλήψεων με μονότονη σύγκλιση	25%
Ποσοστό επαναλήψεων με απόλυτη σύγκλιση στο στόχο	94%
Ποσοστημόρια μέσου σφάλματος	
25%	< 0.006875
50%	< 0.061563
75%	< 0.227190
90%	< 0.245380

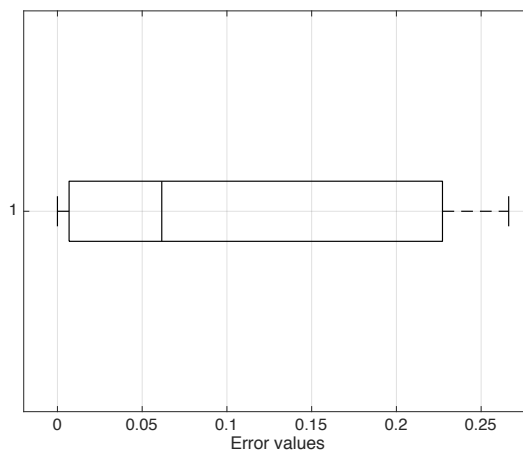
Πίνακας 19. Τα αποτελέσματα του πειράματος EVOL1BASIC - EX6.



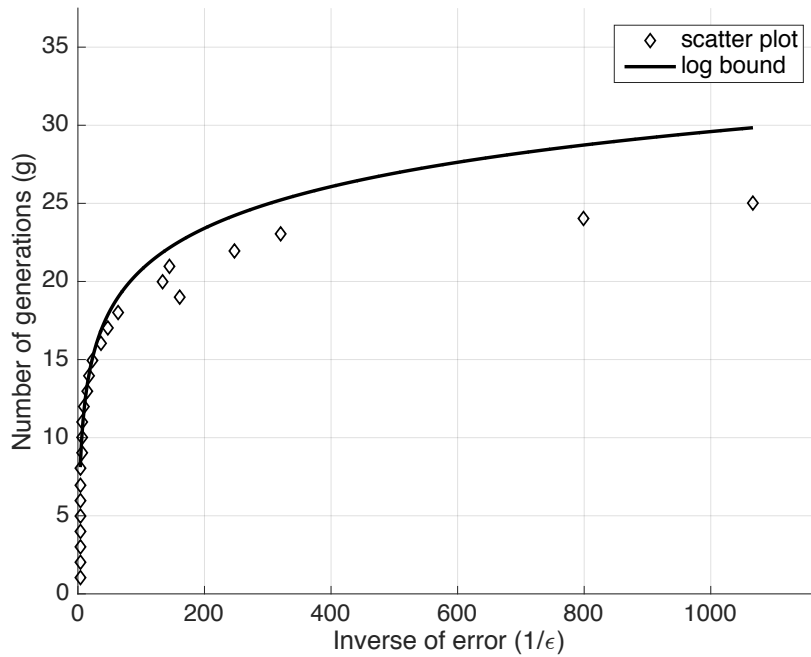
Διάγραμμα 28. Το μέσο σφάλμα ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



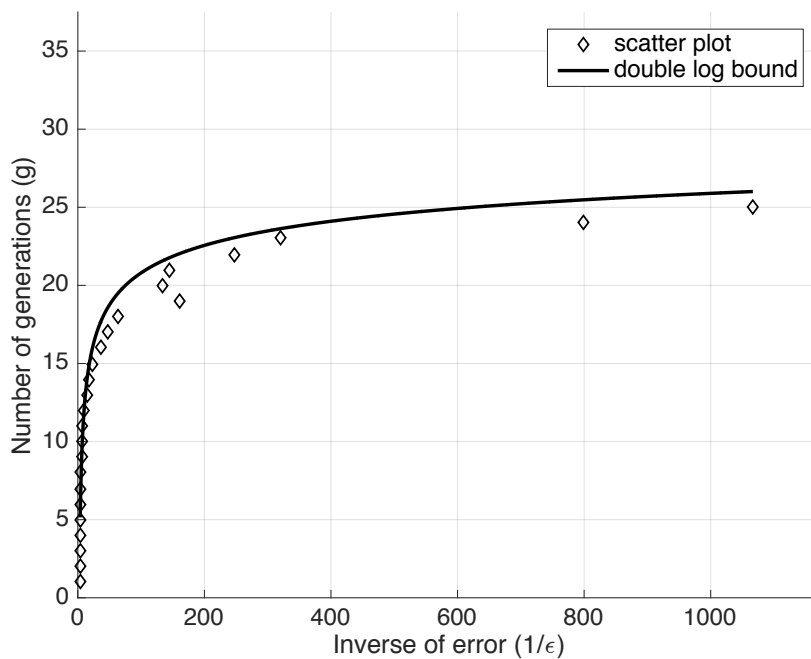
Διάγραμμα 29. Η μέση απόσταση Levenshtein ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 30. Το θηκόγραμμα των τιμών του μέσου σφάλματος.



Διάγραμμα 31. Το γράφημα του μέσου αριθμού γενεών ως προς το αντίστροφο του μέσου σφάλματος και το φράγμα της λογαριθμικής συνάρτησης $y = a \log(cx)$ με $a = 8.8575$ και $c = 2.194$.



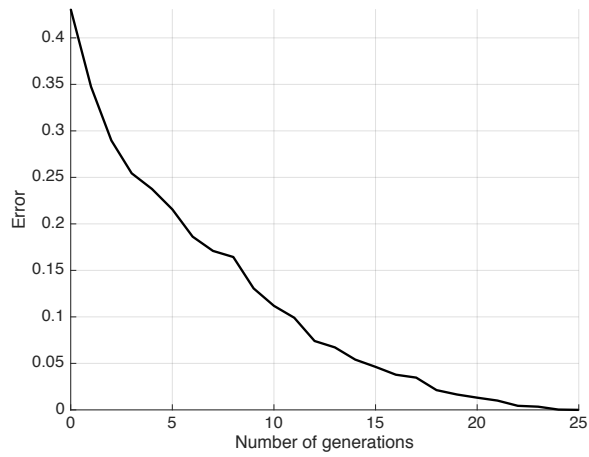
Διάγραμμα 32. Το γράφημα του μέσου αριθμού γενεών ως προς το αντίστροφο του μέσου σφάλματος και το φράγμα της διπλής λογαριθμικής συνάρτησης $y = a \log \log(x^c)$ με $a = 28.9093$ και $c = 2.6211$.

ΚΩΔΙΚΟΣ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: EVOL1BASIC - EX7	
ΑΡΙΘΜΟΣ ΔΙΑΔΟΧΙΚΩΝ ΕΠΑΝΑΛΗΨΕΩΝ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: 100	
ΣΥΝΘΗΚΗ ΤΕΡΜΑΤΙΣΜΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ: $err(f, h_i) = 0$	
ΤΙΜΕΣ ΕΙΣΟΔΟΥ	
ΜΕΤΑΒΛΗΤΗ	ΤΙΜΗ
Μέγεθος X_n	10
Μέγεθος δείγματος S	2^6
Μέγιστο όριο γενεών	10000
δ_{min}	0.001
δ_{max}	0.05
Τυχαία κατανομή	Ομοιόμορφη
Συνάρτηση σφάλματος	Συσχέτιση (-1/1)
Τυχαίοποιημένη περιοχή N^*	Όχι
Ποσοστό N^* (επί της αρχικής N)	\emptyset
Αποκλίνουσα συνάρτηση f^d	Όχι
Είδος απόκλισης	\emptyset
Ιδανική συνάρτηση f	[5 6 9]
Αρχική προσέγγιση h	[1 3 8]
Συγκριτικό μέγεθος h, f	$ h = f $
Διασταύρωση	Όχι
Αρχικός πληθυσμός	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset

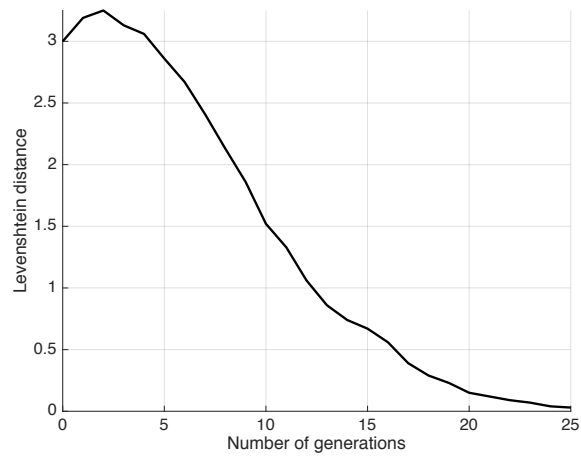
Πίνακας 20. Το πείραμα EVOL1BASIC - EX7.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ	
Μέγιστος αριθμός γενεών	25
Ελάχιστος αριθμός γενεών	3
Μέσος αριθμός γενεών	12.35
Ποσοστό επαναλήψεων με μονότονη σύγκλιση	65%
Ποσοστό επαναλήψεων με απόλυτη σύγκλιση στο στόχο	97%
Ποσοστημόρια μέσου σφάλματος	
25%	< 0.016563
50%	< 0.070625
75%	< 0.186250
90%	< 0.286160

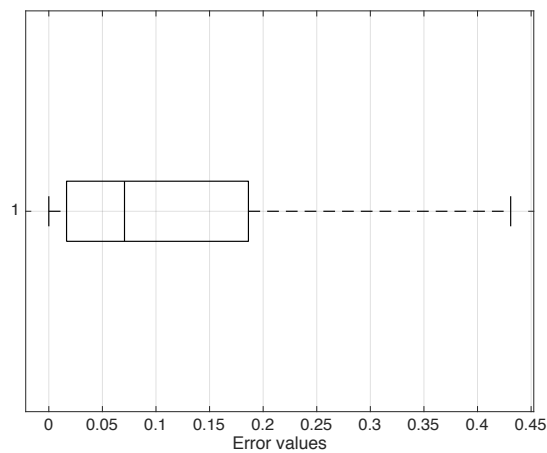
Πίνακας 21. Τα αποτελέσματα του πειράματος EVOL1BASIC - EX7.



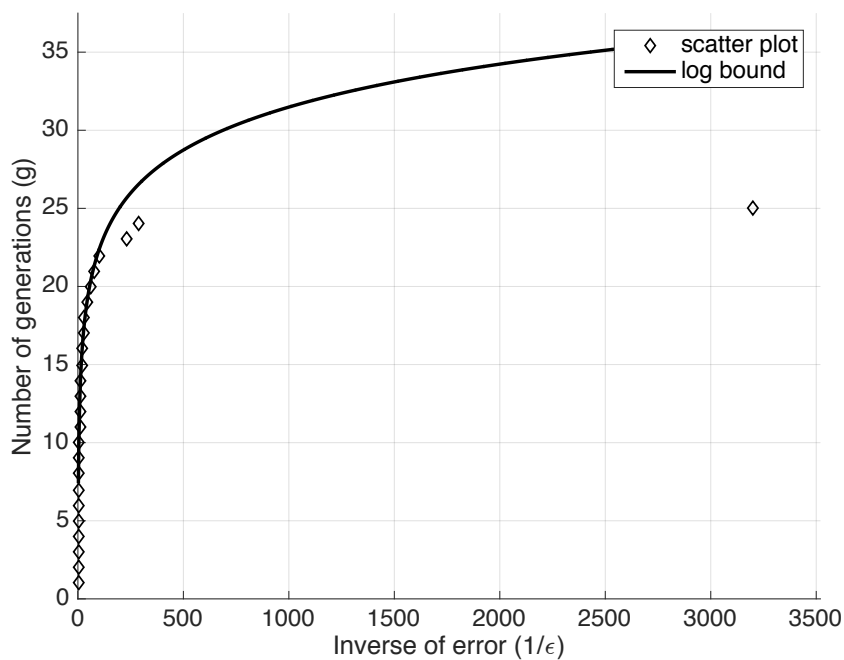
Διάγραμμα 33. Το μέσο σφάλμα ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



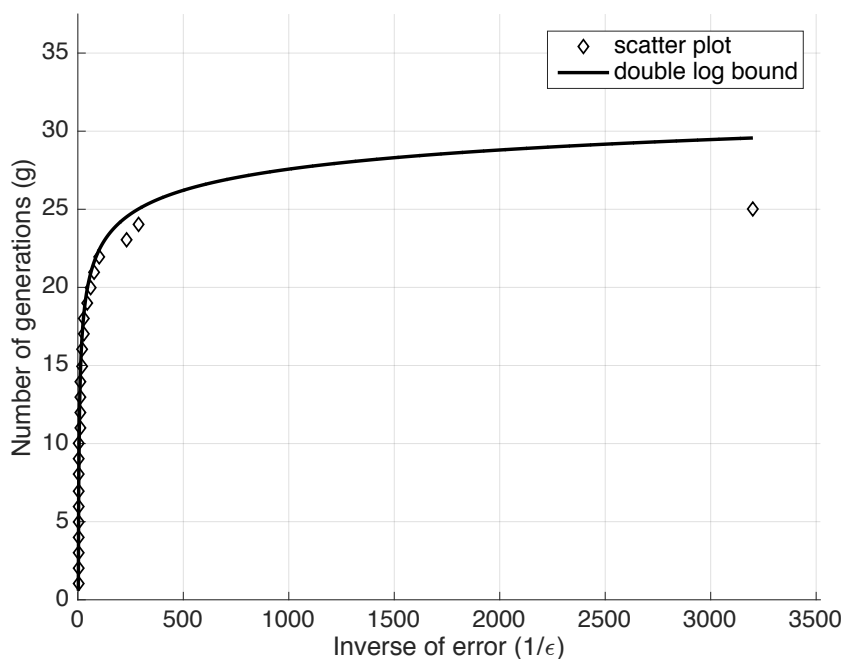
Διάγραμμα 34. Η μέση απόσταση Levenshtein ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 35. Το θηκόγραμμα των τιμών του μέσου σφάλματος.



Διάγραμμα 36. Το γράφημα του μέσου αριθμού γενεών ως προς το αντίστροφο του μέσου σφάλματος και το φράγμα της λογαριθμικής συνάρτησης $y = a \log(cx)$ με $a = 9.1382$ και $c = 2.788$.



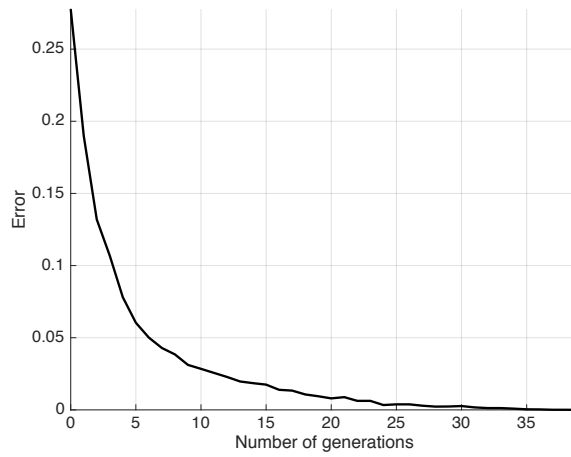
Διάγραμμα 37. Το γράφημα του μέσου αριθμού γενεών ως προς το αντίστροφο του μέσου σφάλματος και το φράγμα της διπλής λογαριθμικής συνάρτησης $y = a \log \log(x^c)$ με $a = 29.5226$ και $c = 2.8625$.

ΚΩΔΙΚΟΣ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: EVOL1BASIC - EX8	
ΑΡΙΘΜΟΣ ΔΙΑΔΟΧΙΚΩΝ ΕΠΑΝΑΛΗΨΕΩΝ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: 100	
ΣΥΝΘΗΚΗ ΤΕΡΜΑΤΙΣΜΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ: $err(f, h_i) = 0$	
ΤΙΜΕΣ ΕΙΣΟΔΟΥ	
ΜΕΤΑΒΛΗΤΗ	ΤΙΜΗ
Μέγεθος X_n	12
Μέγεθος δείγματος S	2^8
Μέγιστο όριο γενεών	10000
δ_{min}	0.001
δ_{max}	0.05
Τυχαία κατανομή	Ομοιόμορφη
Συνάρτηση σφάλματος	Συσχέτιση (-1/1)
Τυχαίοποιημένη περιοχή N^*	Όχι
Ποσοστό N^* (επί της αρχικής N)	\emptyset
Αποκλίνουσα συνάρτηση f^d	Όχι
Είδος απόκλισης	\emptyset
Ιδανική συνάρτηση f	[3 5 6 9 11 12]
Αρχική προσέγγιση h	[1 4 7]
Συγκριτικό μέγεθος h, f	$ h < f $
Διασταύρωση	Όχι
Αρχικός πληθυσμός	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset

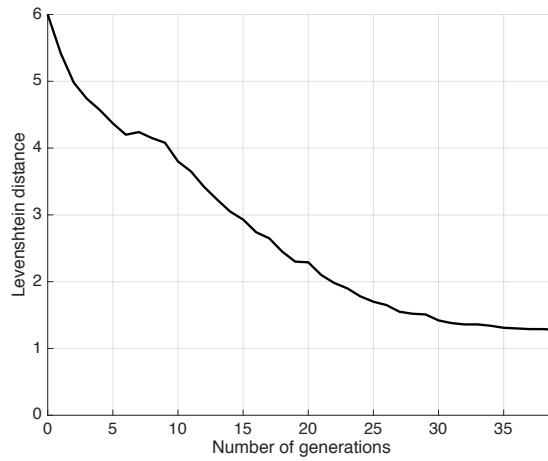
Πίνακας 22. Το πείραμα EVOL1BASIC - EX8.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ	
Μέγιστος αριθμός γενεών	39
Ελάχιστος αριθμός γενεών	5
Μέσος αριθμός γενεών	17.78
Ποσοστό επαναλήψεων με μονότονη σύγκλιση	86%
Ποσοστό επαναλήψεων με απόλυτη σύγκλιση στο στόχο	50%
Ποσοστημόρια μέσου σφάλματος	
25%	< 0.0023047
50%	< 0.0091406
75%	< 0.0298050
90%	< 0.0924220

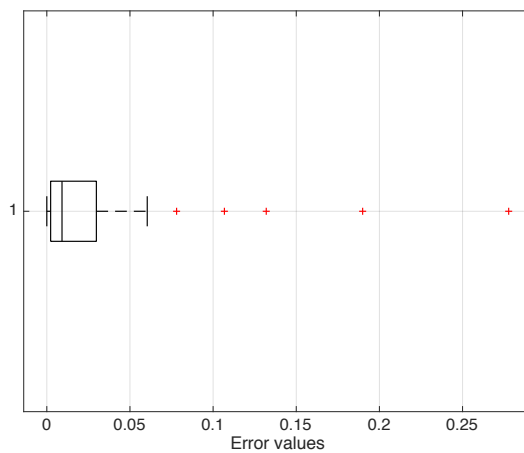
Πίνακας 23. Τα αποτελέσματα του πειράματος EVOL1BASIC - EX8.



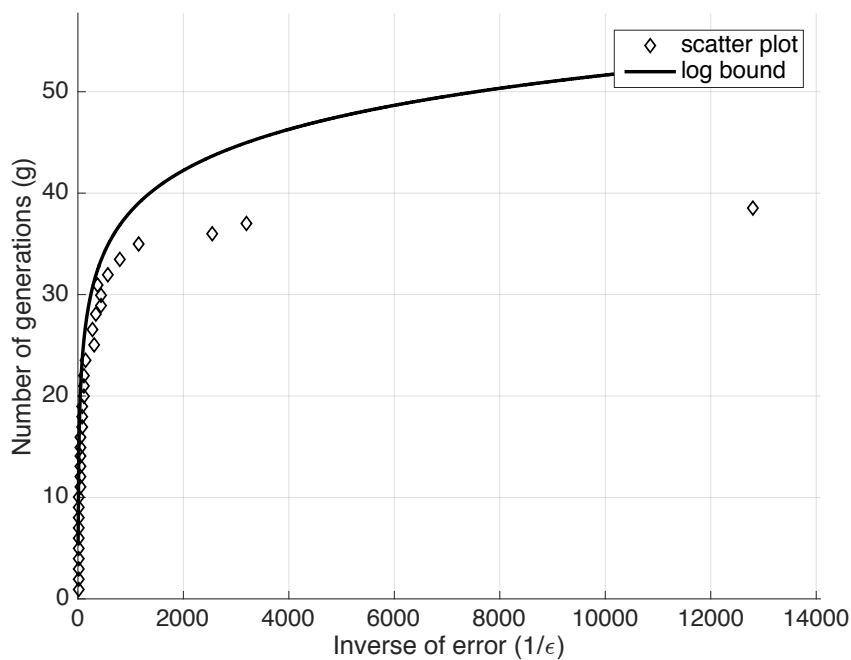
Διάγραμμα 38. Το μέσο σφάλμα ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



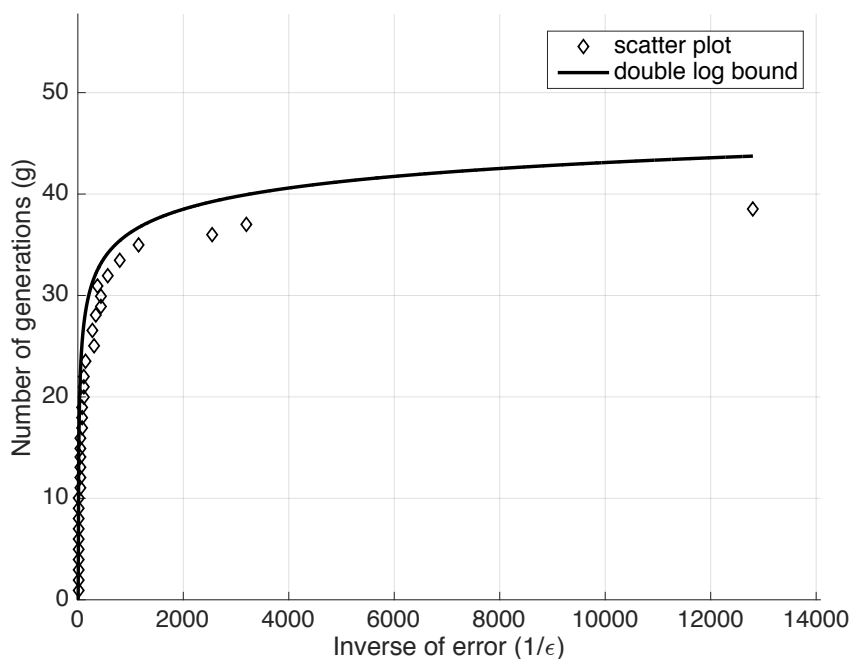
Διάγραμμα 39. Η μέση απόσταση Levenshtein ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 40. Το θηκόγραμμα των τιμών του μέσου σφάλματος.



Διάγραμμα 41. Το γράφημα του μέσου αριθμού γενεών ως προς το αντίστροφο του μέσου σφάλματος και το φράγμα της λογαριθμικής συνάρτησης $y = a \log(cx)$ με $a = 13.4466$ και $c = 0.6925$.



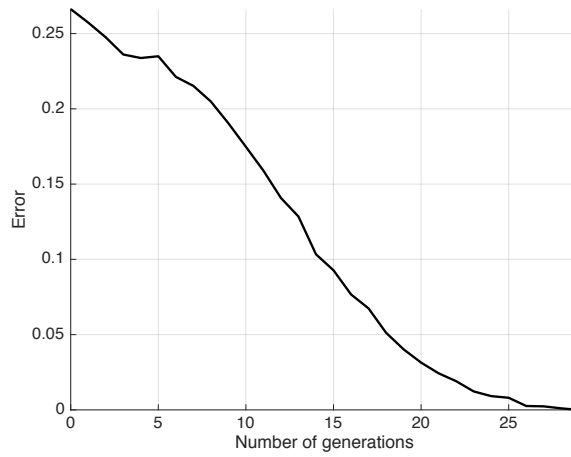
Διάγραμμα 42. Το γράφημα του μέσου αριθμού γενεών ως προς το αντίστροφο του μέσου σφάλματος και το φράγμα της διπλής λογαριθμικής συνάρτησης $y = a \log \log(x^c)$ με $a = 55.166$ και $c = 1.5114$.

ΚΩΔΙΚΟΣ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: EVOL1BASIC - EX9	
ΑΡΙΘΜΟΣ ΔΙΑΔΟΧΙΚΩΝ ΕΠΑΝΑΛΗΨΕΩΝ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: 100	
ΣΥΝΘΗΚΗ ΤΕΡΜΑΤΙΣΜΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ: $err(f, h_i) = 0$	
ΤΙΜΕΣ ΕΙΣΟΔΟΥ	
ΜΕΤΑΒΛΗΤΗ	ΤΙΜΗ
Μέγεθος X_n	12
Μέγεθος δείγματος S	2^8
Μέγιστο όριο γενεών	10000
δ_{min}	0.001
δ_{max}	0.05
Τυχαία κατανομή	Ομοιόμορφη
Συνάρτηση σφάλματος	Συσχέτιση (-1/1)
Τυχαίοποιημένη περιοχή N^*	Όχι
Ποσοστό N^* (επί της αρχικής N)	\emptyset
Αποκλίνουσα συνάρτηση f^d	Όχι
Είδος απόκλισης	\emptyset
Ιδανική συνάρτηση f	[2 7 10]
Αρχική προσέγγιση h	[1 4 5 8 9 11]
Συγκριτικό μέγεθος h, f	$ h > f $
Διασταύρωση	Όχι
Αρχικός πληθυσμός	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset

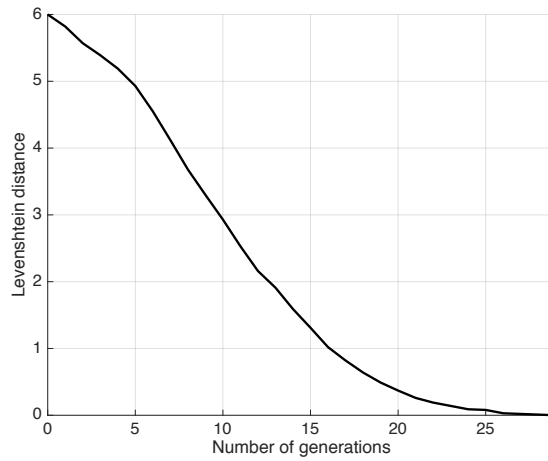
Πίνακας 24. Το πείραμα EVOL1BASIC - EX9.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ	
Μέγιστος αριθμός γενεών	29
Ελάχιστος αριθμός γενεών	6
Μέσος αριθμός γενεών	16.39
Ποσοστό επαναλήψεων με μονότονη σύγκλιση	36%
Ποσοστό επαναλήψεων με απόλυτη σύγκλιση στο στόχο	100%
Ποσοστημόρια μέσου σφάλματος	
25%	< 0.019062
50%	< 0.098047
75%	< 0.215230
90%	< 0.241800

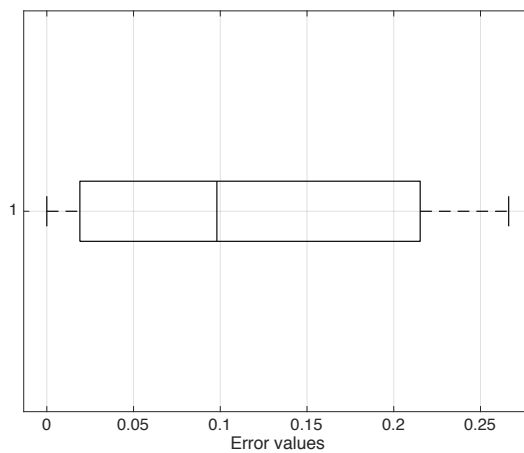
Πίνακας 25. Τα αποτελέσματα του πειράματος EVOL1BASIC - EX9.



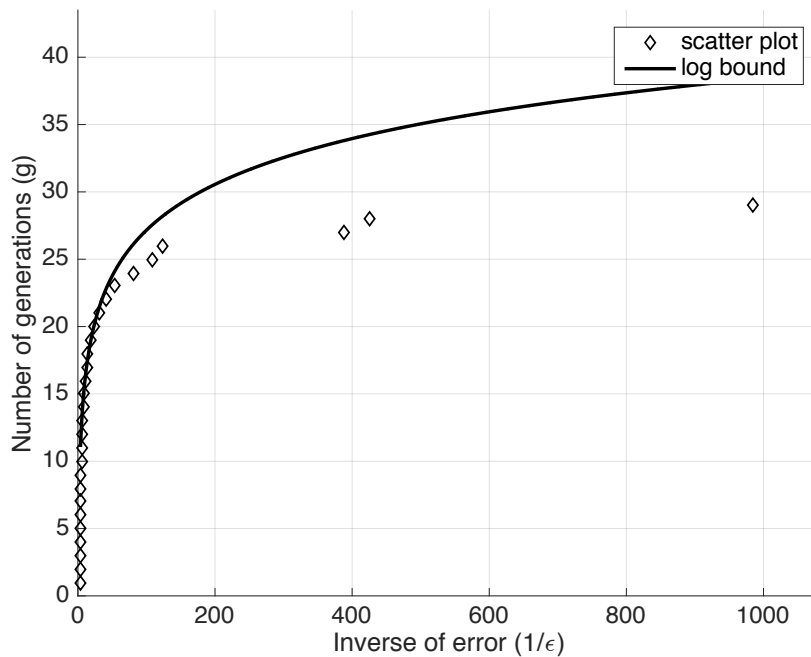
Διάγραμμα 43. Το μέσο σφάλμα ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



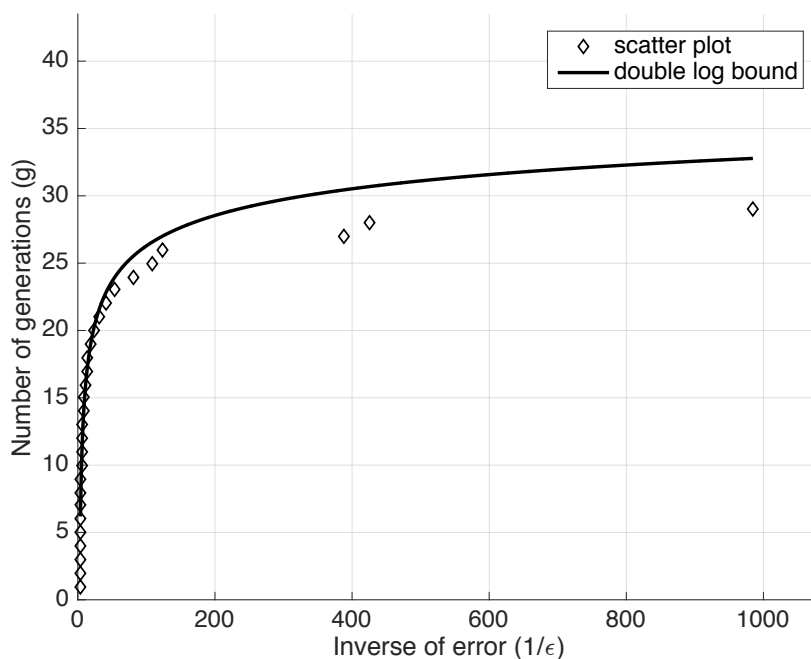
Διάγραμμα 44. Η μέση απόσταση Levenshtein ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 3. Το θηκόγραμμα των τιμών του μέσου σφάλματος.



Διάγραμμα 45. Το γράφημα του μέσου αριθμού γενεών ως προς το αντίστροφο του μέσου σφάλματος και το φράγμα της λογαριθμικής συνάρτησης $y = a \log(cx)$ με $a = 11.2954$ και $c = 2.5368$.



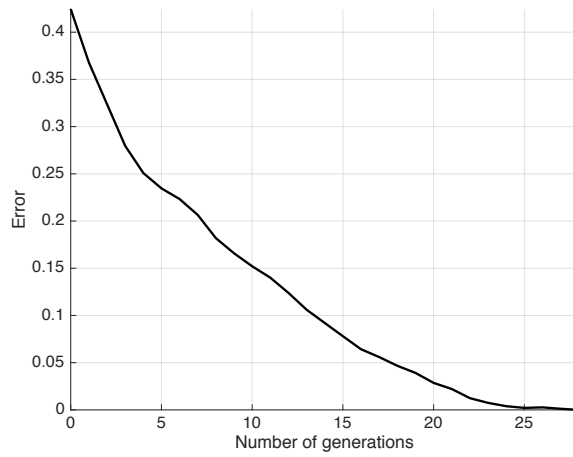
Διάγραμμα 46. Το γράφημα του μέσου αριθμού γενεών ως προς το αντίστροφο του μέσου σφάλματος και το φράγμα της διπλής λογαριθμικής συνάρτησης $y = a \log \log(x^c)$ με $a = 37.0987$ και $c = 2.555$.

ΚΩΔΙΚΟΣ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: EVOL1BASIC - EX10	
ΑΡΙΘΜΟΣ ΔΙΑΔΟΧΙΚΩΝ ΕΠΑΝΑΛΗΨΕΩΝ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: 100	
ΣΥΝΘΗΚΗ ΤΕΡΜΑΤΙΣΜΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ: $err(f, h_i) = 0$	
ΤΙΜΕΣ ΕΙΣΟΔΟΥ	
ΜΕΤΑΒΛΗΤΗ	ΤΙΜΗ
Μέγεθος X_n	12
Μέγεθος δείγματος S	2^8
Μέγιστο όριο γενεών	10000
δ_{min}	0.001
δ_{max}	0.05
Τυχαία κατανομή	Ομοιόμορφη
Συνάρτηση σφάλματος	Συσχέτιση (-1/1)
Τυχαίοποιημένη περιοχή N^*	Όχι
Ποσοστό N^* (επί της αρχικής N)	\emptyset
Αποκλίνουσα συνάρτηση f^d	Όχι
Είδος απόκλισης	\emptyset
Ιδανική συνάρτηση f	[4 10 12]
Αρχική προσέγγιση h	[1 3 5]
Συγκριτικό μέγεθος h, f	$ h = f $
Διασταύρωση	Όχι
Αρχικός πληθυσμός	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset

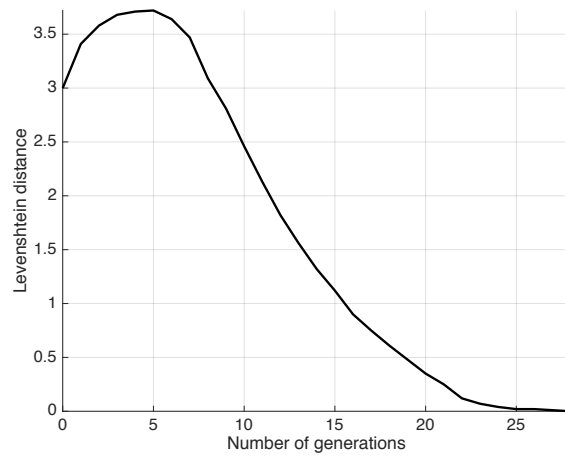
Πίνακας 26. Το πείραμα EVOL1BASIC - EX10.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ	
Μέγιστος αριθμός γενεών	28
Ελάχιστος αριθμός γενεών	5
Μέσος αριθμός γενεών	15.02
Ποσοστό επαναλήψεων με μονότονη σύγκλιση	77%
Ποσοστό επαναλήψεων με απόλυτη σύγκλιση στο στόχο	100%
Ποσοστημόρια μέσου σφάλματος	
25%	< 0.019688
50%	< 0.092031
75%	< 0.210680
90%	< 0.306170

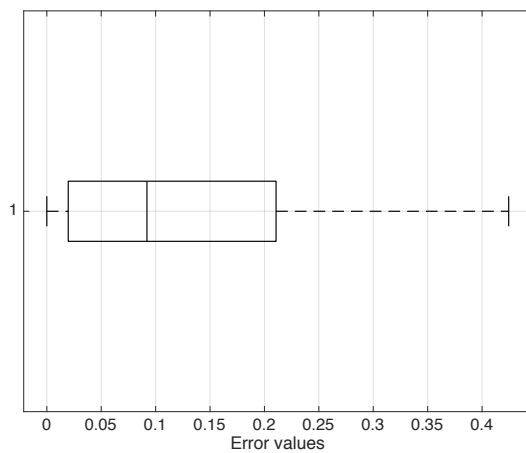
Πίνακας 27. Τα αποτελέσματα του πειράματος EVOL1BASIC - EX10.



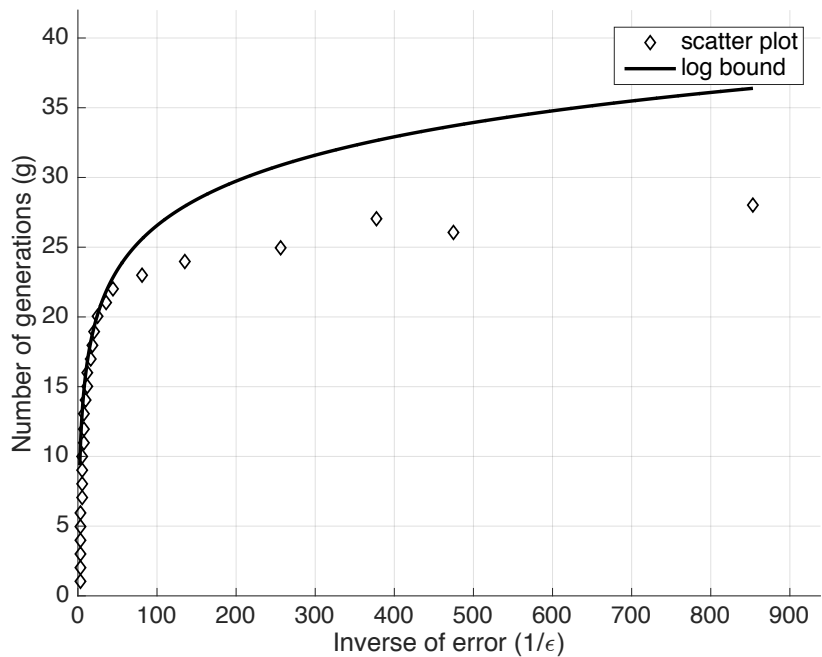
Διάγραμμα 47. Το μέσο σφάλμα ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



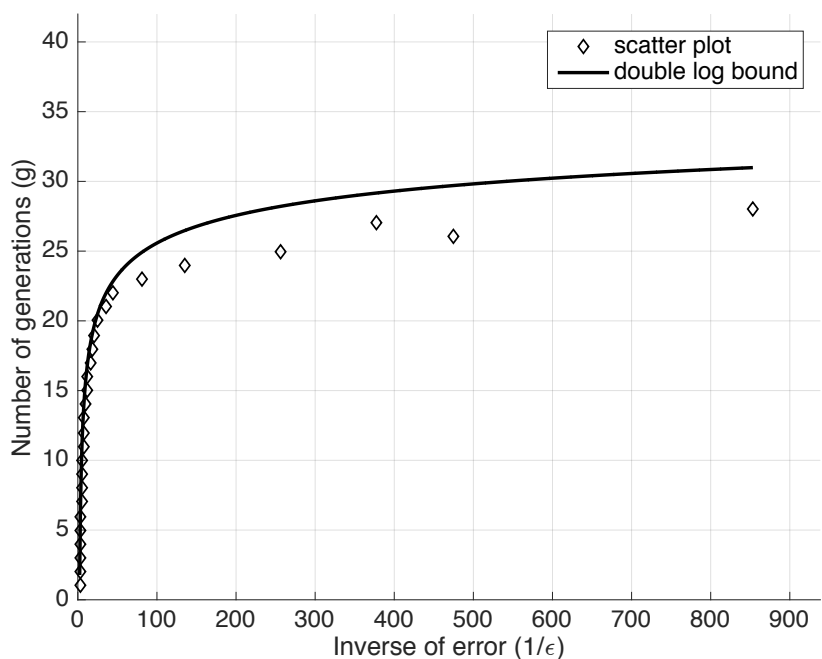
Διάγραμμα 48. Η μέση απόσταση Levenshtein ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 49. Το θηκόγραμμα των τιμών του μέσου σφάλματος.



Διάγραμμα 50. Το γράφημα του μέσου αριθμού γενεών ως προς το αντίστροφο του μέσου σφάλματος και το φράγμα της λογαριθμικής συνάρτησης $y = a \log(cx)$ με $a = 10.5623$ και $c = 3.2685$.



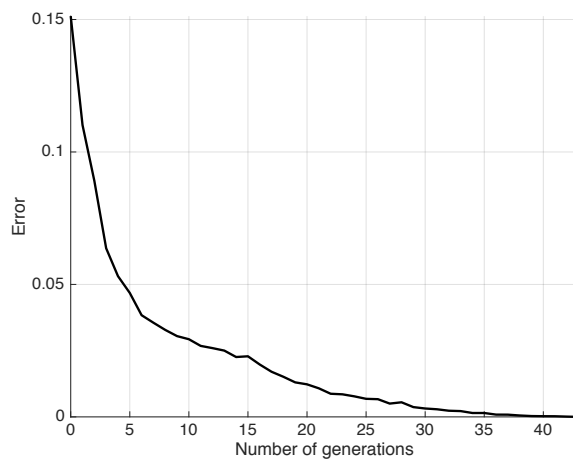
Διάγραμμα 51. Το γράφημα του μέσου αριθμού γενεών ως προς το αντίστροφο του μέσου σφάλματος και το φράγμα της διπλής λογαριθμικής συνάρτησης $y = a \log \log(x^c)$ με $a = 32.5904$ και $c = 3.0465$.

ΚΩΔΙΚΟΣ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: EVOL1BASIC - EX11	
ΑΡΙΘΜΟΣ ΔΙΑΔΟΧΙΚΩΝ ΕΠΑΝΑΛΗΨΕΩΝ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: 100	
ΣΥΝΘΗΚΗ ΤΕΡΜΑΤΙΣΜΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ: $err(f, h_i) = 0$	
ΤΙΜΕΣ ΕΙΣΟΔΟΥ	
ΜΕΤΑΒΛΗΤΗ	ΤΙΜΗ
Μέγεθος X_n	14
Μέγεθος δείγματος S	2^{10}
Μέγιστο όριο γενεών	10000
δ_{min}	0.001
δ_{max}	0.05
Τυχαία κατανομή	Ομοιόμορφη
Συνάρτηση σφάλματος	Συσχέτιση (-1/1)
Τυχαίοποιημένη περιοχή N^*	Όχι
Ποσοστό N^* (επί της αρχικής N)	\emptyset
Αποκλίνουσα συνάρτηση f^d	Όχι
Είδος απόκλισης	\emptyset
Ιδανική συνάρτηση f	[2 4 9 10 13 14]
Αρχική προσέγγιση h	[3 5 11 12]
Συγκριτικό μέγεθος h, f	$ h < f $
Διασταύρωση	Όχι
Αρχικός πληθυσμός	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset

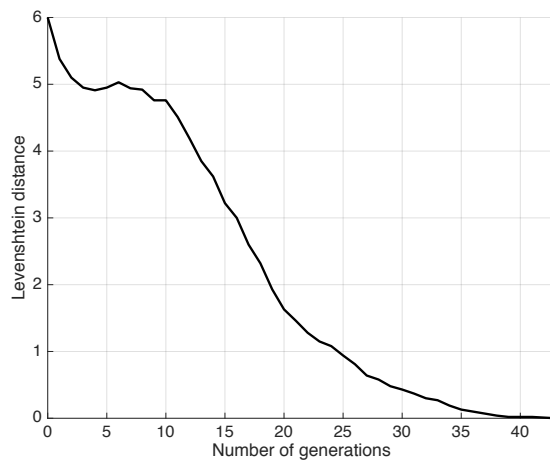
Πίνακας 28. Το πείραμα EVOL1BASIC - EX11.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ	
Μέγιστος αριθμός γενεών	43
Ελάχιστος αριθμός γενεών	7
Μέσος αριθμός γενεών	22.08
Ποσοστό επαναλήψεων με μονότονη σύγκλιση	87%
Ποσοστό επαναλήψεων με απόλυτη σύγκλιση στο στόχο	100%
Ποσοστημόρια μέσου σφάλματος	
25%	< 0.0022559
50%	< 0.0097559
75%	< 0.0280570
90%	< 0.0541780

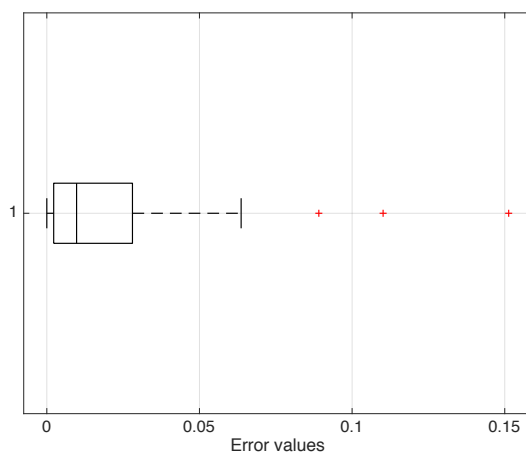
Πίνακας 29. Τα αποτελέσματα του πειράματος EVOL1BASIC - EX11.



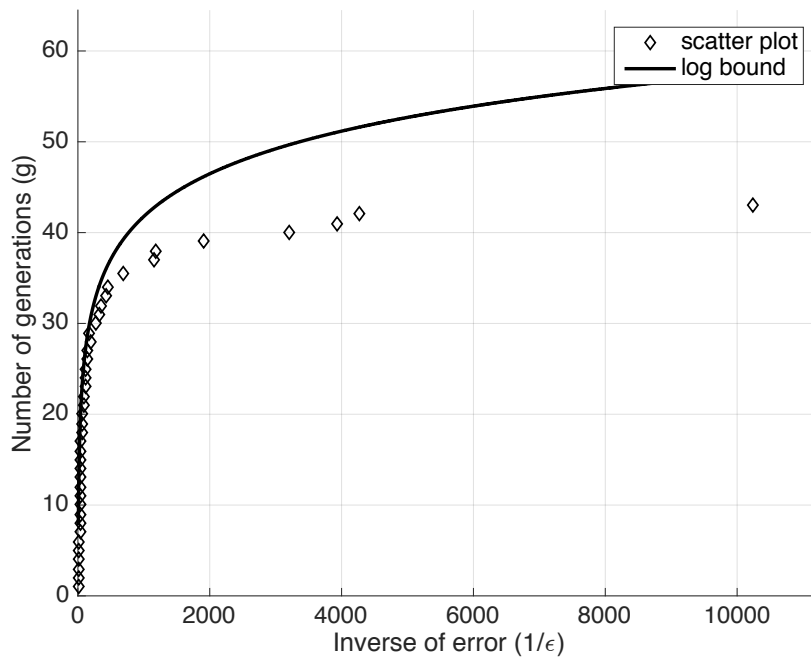
Διάγραμμα 52. Το μέσο σφάλμα ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



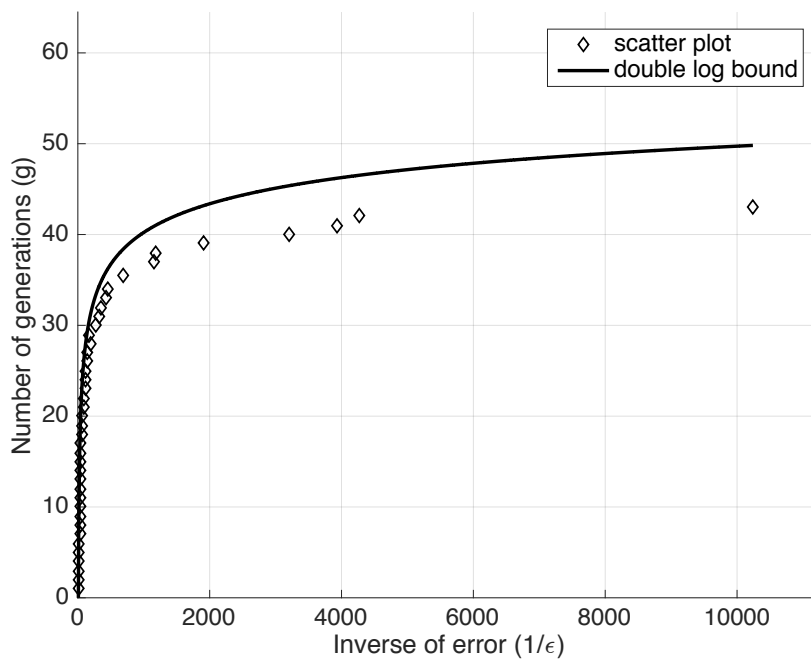
Διάγραμμα 53. Η μέση απόσταση Levenshtein ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 54. Το θηκόγραμμα των τιμών του μέσου σφάλματος.



Διάγραμμα 55. Το γράφημα του μέσου αριθμού γενεών ως προς το αντίστροφο του μέσου σφάλματος και το φράγμα της λογαριθμικής συνάρτησης $y = a \log(cx)$ με $a = 15.5996$ και $c = 0.47681$.



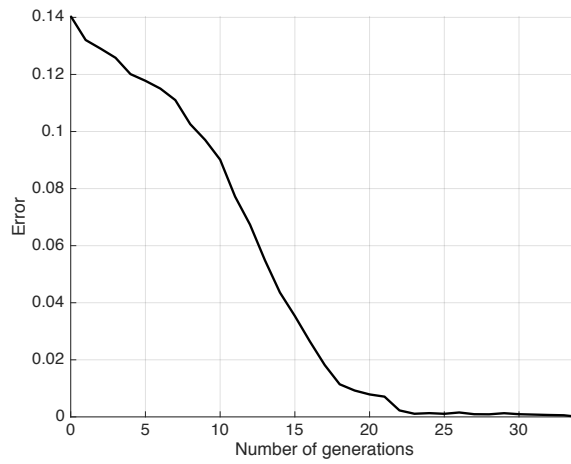
Διάγραμμα 56. Το γράφημα του μέσου αριθμού γενεών ως προς το αντίστροφο του μέσου σφάλματος και το φράγμα της διπλής λογαριθμικής συνάρτησης $y = a \log \log(x^c)$ με $a = 76.04$ και $c = 1.127$.

ΚΩΔΙΚΟΣ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: EVOL1BASIC - EX12	
ΑΡΙΘΜΟΣ ΔΙΑΔΟΧΙΚΩΝ ΕΠΑΝΑΛΗΨΕΩΝ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: 100	
ΣΥΝΘΗΚΗ ΤΕΡΜΑΤΙΣΜΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ: $err(f, h_i) = 0$	
ΤΙΜΕΣ ΕΙΣΟΔΟΥ	
ΜΕΤΑΒΛΗΤΗ	ΤΙΜΗ
Μέγεθος X_n	14
Μέγεθος δείγματος S	2^{10}
Μέγιστο όριο γενεών	10000
δ_{min}	0.001
δ_{max}	0.05
Τυχαία κατανομή	Ομοιόμορφη
Συνάρτηση σφάλματος	Συσχέτιση (-1/1)
Τυχαίοποιημένη περιοχή N^*	Όχι
Ποσοστό N^* (επί της αρχικής N)	\emptyset
Αποκλίνουσα συνάρτηση f^d	Όχι
Είδος απόκλισης	\emptyset
Ιδανική συνάρτηση f	[1 5 6 12]
Αρχική προσέγγιση h	[2 4 7 8 10 13 14]
Συγκριτικό μέγεθος h, f	$ h > f $
Διασταύρωση	Όχι
Αρχικός πληθυσμός	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset

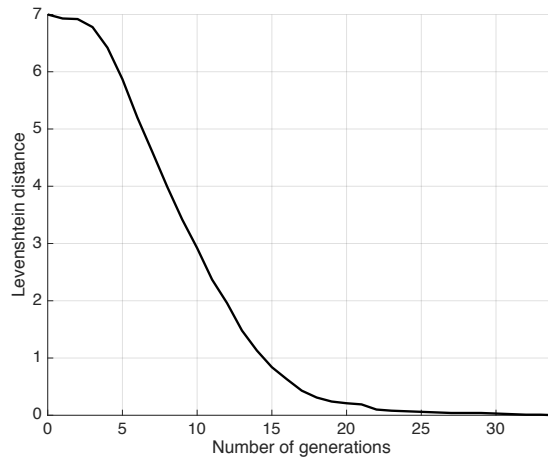
Πίνακας 30. Το πείραμα EVOL1BASIC - EX12.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ	
Μέγιστος αριθμός γενεών	34
Ελάχιστος αριθμός γενεών	8
Μέσος αριθμός γενεών	15.21
Ποσοστό επαναλήψεων με μονότονη σύγκλιση	36%
Ποσοστό επαναλήψεων με απόλυτη σύγκλιση στο στόχο	100%
Ποσοστημόρια μέσου σφάλματος	
25%	< 0.0011426
50%	< 0.0011426
75%	< 0.1011900
90%	< 0.1258400

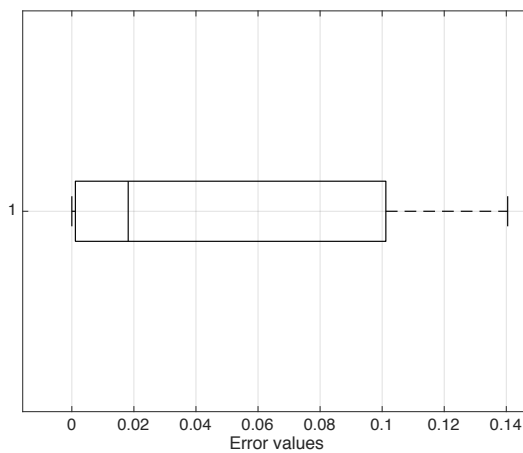
Πίνακας 31. Τα αποτελέσματα του πειράματος EVOL1BASIC - EX12.



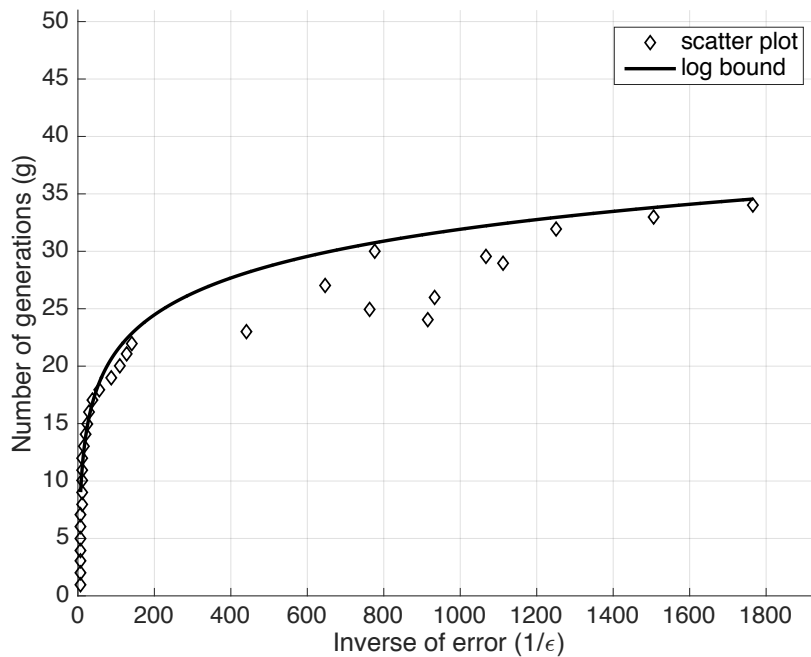
Διάγραμμα 57. Το μέσο σφάλμα ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



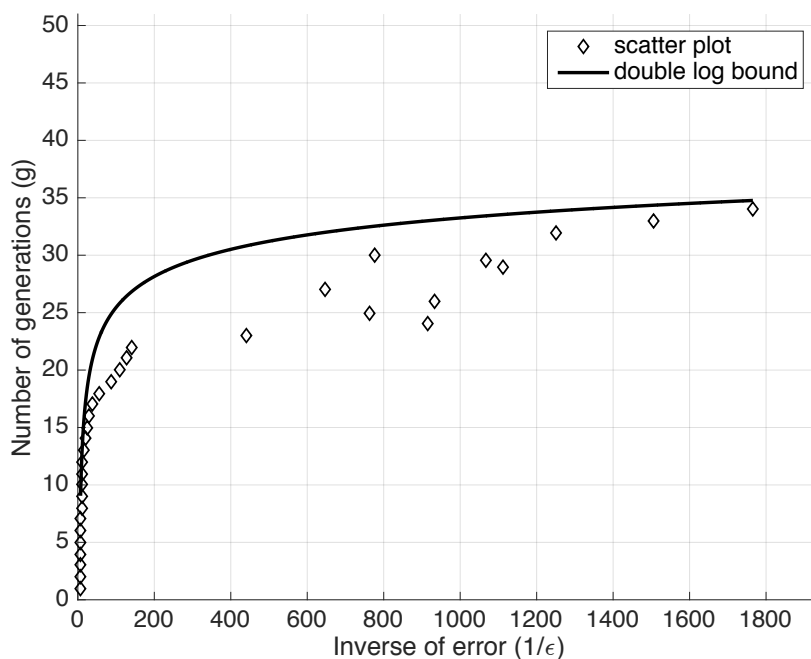
Διάγραμμα 58. Η μέση απόσταση Levenshtein ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 59. Το θηκόγραμμα των τιμών του μέσου σφάλματος.



Διάγραμμα 60. Το γράφημα του μέσου αριθμού γενεών ως προς το αντίστροφο του μέσου σφάλματος και το φράγμα της λογαριθμικής συνάρτησης $y = a \log(cx)$ με $a = 10.657$ και $c = 0.98852$.



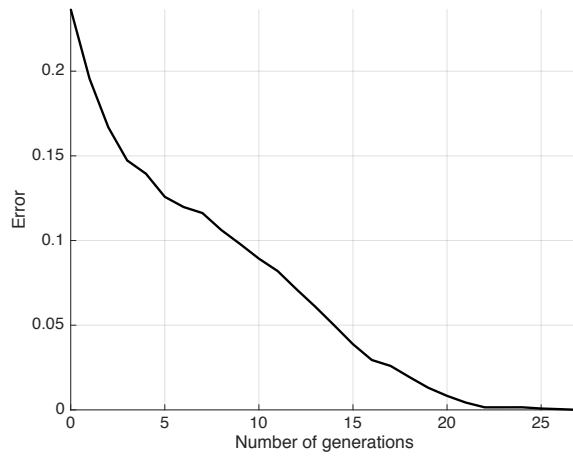
Διάγραμμα 61. Το γράφημα του μέσου αριθμού γενεών ως προς το αντίστροφο του μέσου σφάλματος και το φράγμα της διπλής λογαριθμικής συνάρτησης $y = a \log \log(x^c)$ με $a = 44.2693$ και $c = 1.8789$.

ΚΩΔΙΚΟΣ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: EVOL1BASIC - EX13	
ΑΡΙΘΜΟΣ ΔΙΑΔΟΧΙΚΩΝ ΕΠΑΝΑΛΗΨΕΩΝ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: 100	
ΣΥΝΘΗΚΗ ΤΕΡΜΑΤΙΣΜΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ: $err(f, h_i) = 0$	
ΤΙΜΕΣ ΕΙΣΟΔΟΥ	
ΜΕΤΑΒΛΗΤΗ	ΤΙΜΗ
Μέγεθος X_n	14
Μέγεθος δείγματος S	2^{10}
Μέγιστο όριο γενεών	10000
δ_{min}	0.001
δ_{max}	0.05
Τυχαία κατανομή	Ομοιόμορφη
Συνάρτηση σφάλματος	Συσχέτιση (-1/1)
Τυχαίοποιημένη περιοχή N^*	Όχι
Ποσοστό N^* (επί της αρχικής N)	\emptyset
Αποκλίνουσα συνάρτηση f^d	Όχι
Είδος απόκλισης	\emptyset
Ιδανική συνάρτηση f	[3 7 8 9]
Αρχική προσέγγιση h	[4 10 13 14]
Συγκριτικό μέγεθος h, f	$ h = f $
Διασταύρωση	Όχι
Αρχικός πληθυσμός	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset

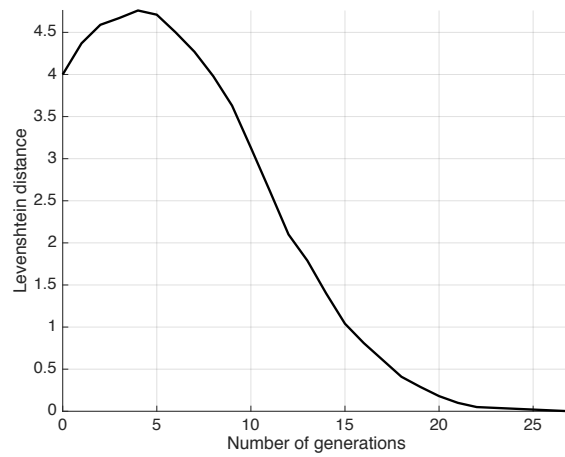
Πίνακας 32. Το πείραμα EVOL1BASIC - EX13.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ	
Μέγιστος αριθμός γενεών	27
Ελάχιστος αριθμός γενεών	7
Μέσος αριθμός γενεών	15.45
Ποσοστό επαναλήψεων με μονότονη σύγκλιση	84%
Ποσοστό επαναλήψεων με απόλυτη σύγκλιση στο στόχο	100%
Ποσοστημόρια μέσου σφάλματος	
25%	< 0.0062891
50%	< 0.0554200
75%	< 0.1180100
90%	< 0.1609800

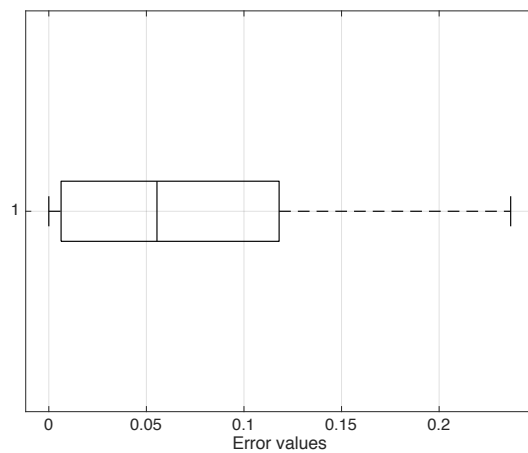
Πίνακας 33. Τα αποτελέσματα του πειράματος EVOL1BASIC - EX13.



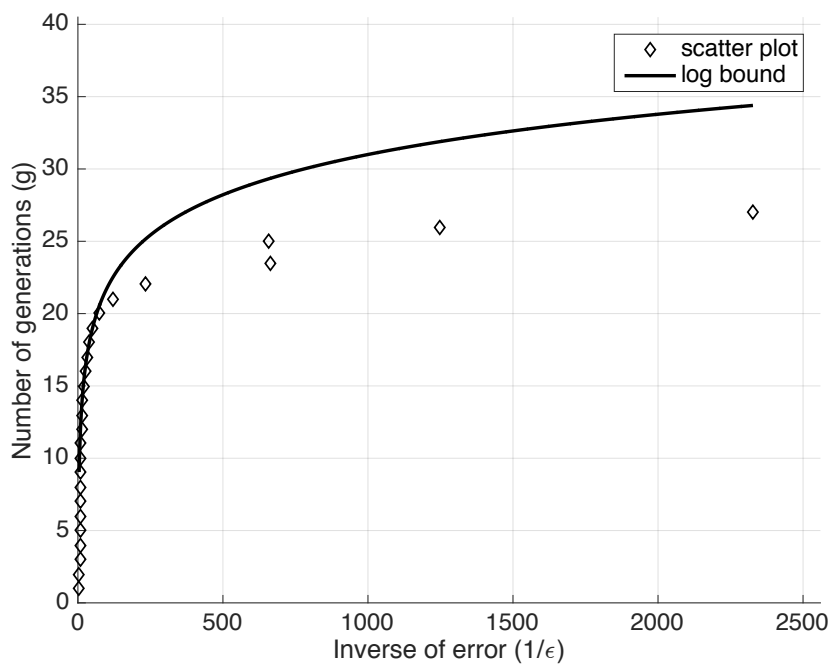
Διάγραμμα 62. Το μέσο σφάλμα ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



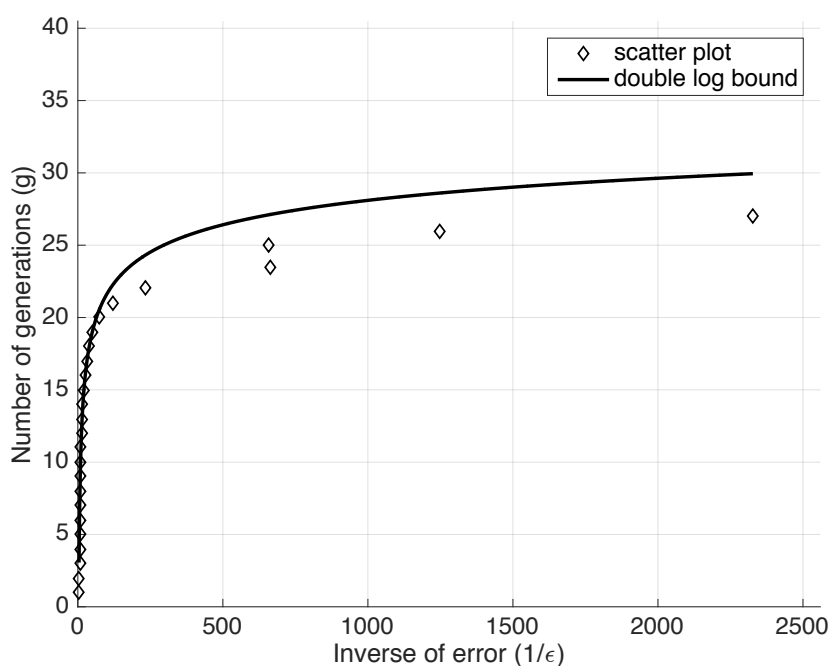
Διάγραμμα 63. Η μέση απόσταση Levenshtein ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 64. Το θηκόγραμμα των τιμών του μέσου σφάλματος.



Διάγραμμα 65. Το γράφημα του μέσου αριθμού γενεών ως προς το αντίστροφο του μέσου σφάλματος και το φράγμα της λογαριθμικής συνάρτησης $y = a \log(cx)$ με $a = 9.2475$ και $c = 2.2506$.



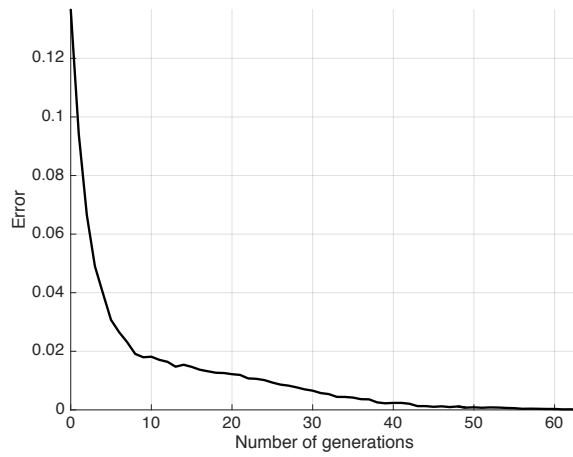
Διάγραμμα 66. Το γράφημα του μέσου αριθμού γενεών ως προς το αντίστροφο του μέσου σφάλματος και το φράγμα της διπλής λογαριθμικής συνάρτησης $y = a \log \log(x^c)$ με $a = 36.7944$ και $c = 1.9347$.

ΚΩΔΙΚΟΣ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: EVOL1BASIC - EX14	
ΑΡΙΘΜΟΣ ΔΙΑΔΟΧΙΚΩΝ ΕΠΑΝΑΛΗΨΕΩΝ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: 100	
ΣΥΝΘΗΚΗ ΤΕΡΜΑΤΙΣΜΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ: $err(f, h_i) = 0$	
ΤΙΜΕΣ ΕΙΣΟΔΟΥ	
ΜΕΤΑΒΛΗΤΗ	ΤΙΜΗ
Μέγεθος X_n	16
Μέγεθος δείγματος S	2^{10}
Μέγιστο όριο γενεών	10000
δ_{min}	0.001
δ_{max}	0.05
Τυχαία κατανομή	Ομοιόμορφη
Συνάρτηση σφάλματος	Συσχέτιση (-1/1)
Τυχαίοποιημένη περιοχή N^*	Όχι
Ποσοστό N^* (επί της αρχικής N)	\emptyset
Αποκλίνουσα συνάρτηση f^d	Όχι
Είδος απόκλισης	\emptyset
Ιδανική συνάρτηση f	[3 4 7 8 11 14 15]
Αρχική προσέγγιση h	[2 5 6 10]
Συγκριτικό μέγεθος h, f	$ h < f $
Διασταύρωση	Όχι
Αρχικός πληθυσμός	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset

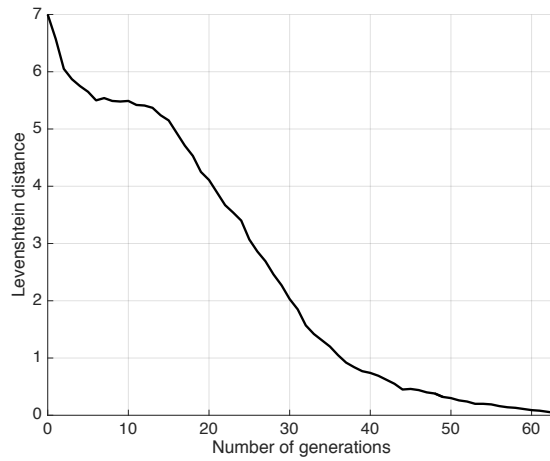
Πίνακας 34. Το πείραμα EVOL1BASIC - EX14.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ	
Μέγιστος αριθμός γενεών	63
Ελάχιστος αριθμός γενεών	11
Μέσος αριθμός γενεών	31.25
Ποσοστό επαναλήψεων με μονότονη σύγκλιση	89%
Ποσοστό επαναλήψεων με απόλυτη σύγκλιση στο στόχο	96%
Ποσοστημόρια μέσου σφάλματος	
25%	< 0.0010059
50%	< 0.0055664
75%	< 0.0141990
90%	< 0.0269590

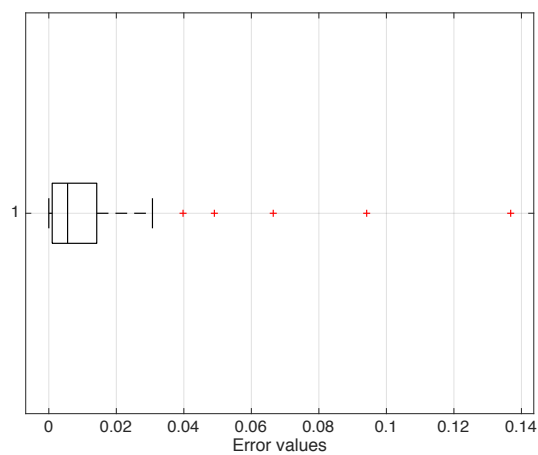
Πίνακας 35. Τα αποτελέσματα του πειράματος EVOL1BASIC - EX14.



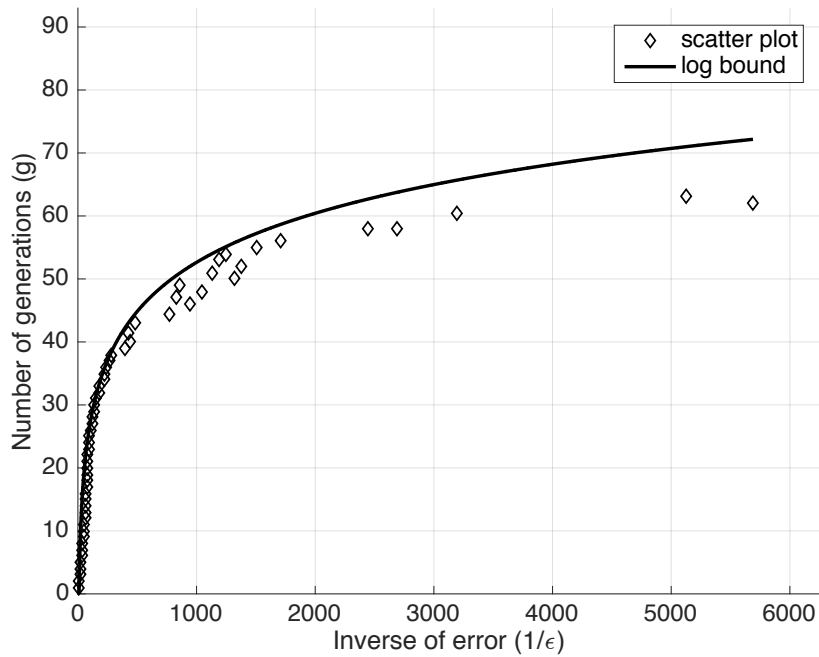
Διάγραμμα 67. Το μέσο σφάλμα ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



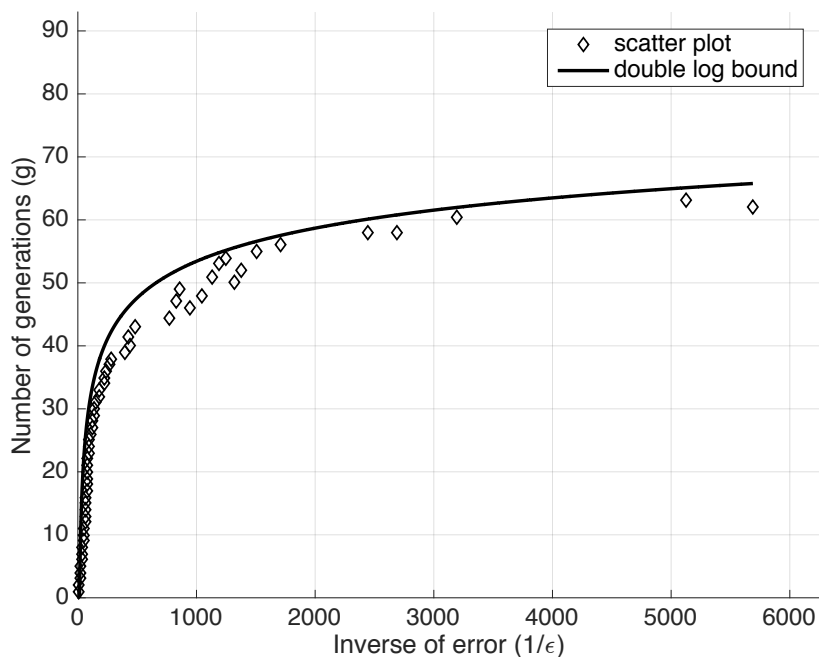
Διάγραμμα 68. Η μέση απόσταση Levenshtein ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 69. Το θηκόγραμμα των τιμών του μέσου σφάλματος.



Διάγραμμα 70. Το γράφημα του μέσου αριθμού γενεών ως προς το αντίστροφο του μέσου σφάλματος και το φράγμα της λογαριθμικής συνάρτησης $y = a \log(cx)$ με $a = 25.876$ και $c = 0.10817$.



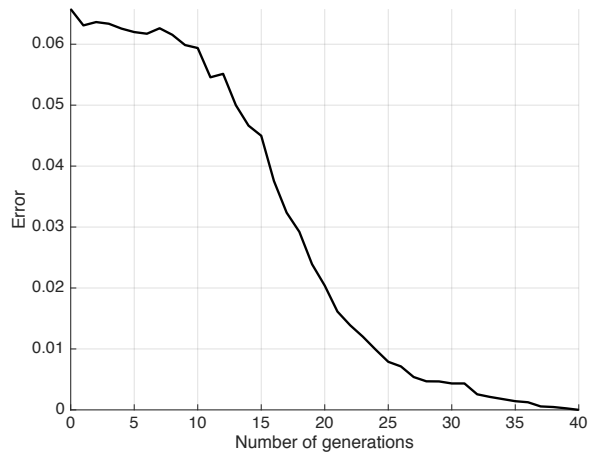
Διάγραμμα 71. Το γράφημα του μέσου αριθμού γενεών ως προς το αντίστροφο του μέσου σφάλματος και το φράγμα της διπλής λογαριθμικής συνάρτησης $y = a \log \log(x^c)$ με $a = 126.6494$ και $c = 0.88049$.

ΚΩΔΙΚΟΣ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: EVOL1BASIC - EX15	
ΑΡΙΘΜΟΣ ΔΙΑΔΟΧΙΚΩΝ ΕΠΑΝΑΛΗΨΕΩΝ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: 100	
ΣΥΝΘΗΚΗ ΤΕΡΜΑΤΙΣΜΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ: $err(f, h_i) = 0$	
ΤΙΜΕΣ ΕΙΣΟΔΟΥ	
ΜΕΤΑΒΛΗΤΗ	ΤΙΜΗ
Μέγεθος X_n	16
Μέγεθος δείγματος S	2^{10}
Μέγιστο όριο γενεών	10000
δ_{min}	0.001
δ_{max}	0.05
Τυχαία κατανομή	Ομοιόμορφη
Συνάρτηση σφάλματος	Συσχέτιση (-1/1)
Τυχαίοποιημένη περιοχή N^*	Όχι
Ποσοστό N^* (επί της αρχικής N)	\emptyset
Αποκλίνουσα συνάρτηση f^d	Όχι
Είδος απόκλισης	\emptyset
Ιδανική συνάρτηση f	[1 3 5 14 16]
Αρχική προσέγγιση h	[2 4 6 8 9 10 12 13 15]
Συγκριτικό μέγεθος h, f	$ h > f $
Διασταύρωση	Όχι
Αρχικός πληθυσμός	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset

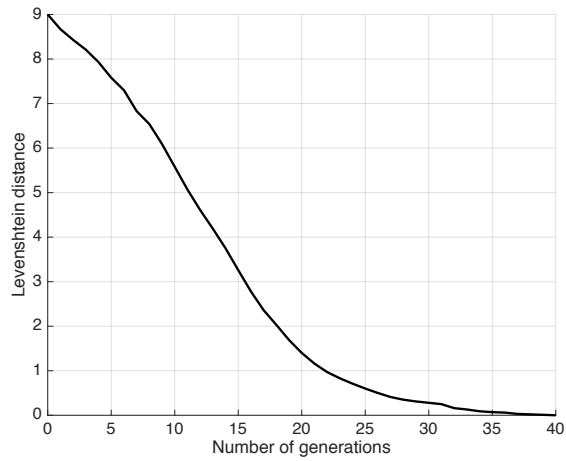
Πίνακας 36. Το πείραμα EVOL1BASIC - EX15.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ	
Μέγιστος αριθμός γενεών	40
Ελάχιστος αριθμός γενεών	10
Μέσος αριθμός γενεών	20.78
Ποσοστό επαναλήψεων με μονότονη σύγκλιση	16%
Ποσοστό επαναλήψεων με απόλυτη σύγκλιση στο στόχο	100%
Ποσοστημόρια μέσου σφάλματος	
25%	< 0.0043359
50%	< 0.0203910
75%	< 0.0594970
90%	< 0.0628050

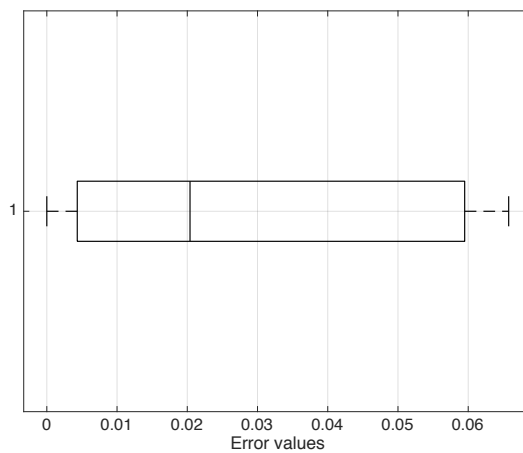
Πίνακας 37. Τα αποτελέσματα του πειράματος EVOL1BASIC - EX15.



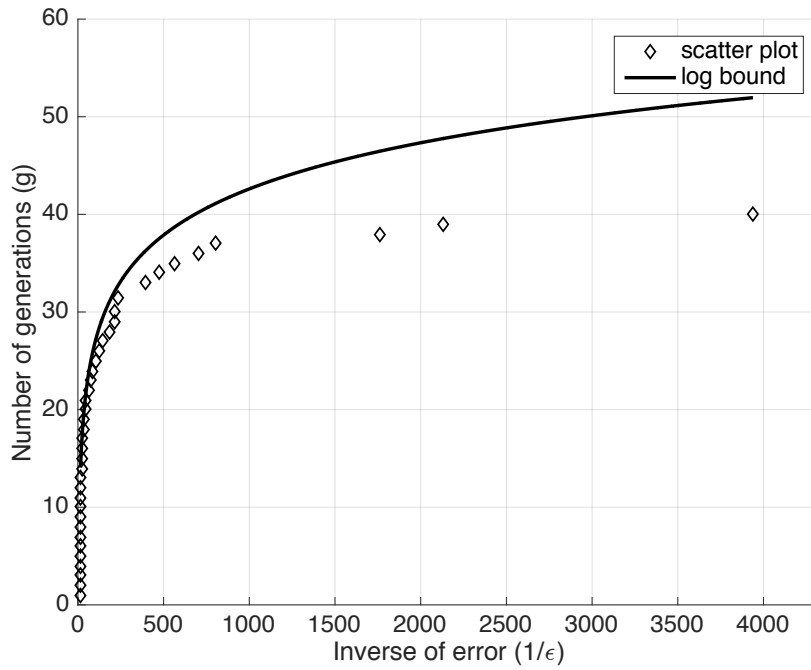
Διάγραμμα 72. Το μέσο σφάλμα ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



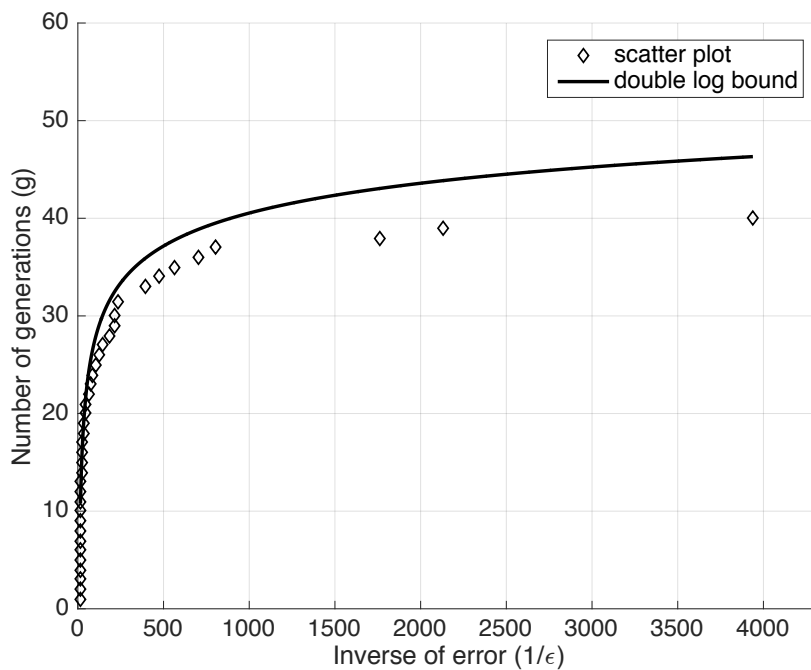
Διάγραμμα 73. Η μέση απόσταση Levenshtein ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 74. Το θηκόγραμμα των τιμών του μέσου σφάλματος.



Διάγραμμα 75. Το γράφημα του μέσου αριθμού γενεών ως προς το αντίστροφο του μέσου σφάλματος και το φράγμα της λογαριθμικής συνάρτησης $y = a \log(cx)$ με $a = 15.7029$ και $c = 0.51672$.



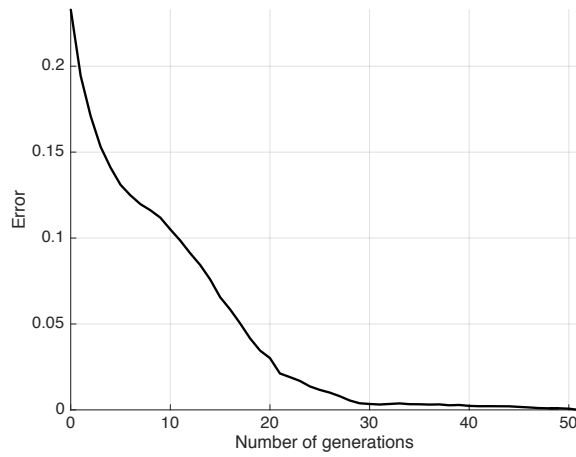
Διάγραμμα 76. Το γράφημα του μέσου αριθμού γενεών ως προς το αντίστροφο του μέσου σφάλματος και το φράγμα της διπλής λογαριθμικής συνάρτησης $y = a \log \log(x^c)$ με $a = 73.5513$ και $c = 1.1857$.

ΚΩΔΙΚΟΣ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: EVOL1BASIC - EX16	
ΑΡΙΘΜΟΣ ΔΙΑΔΟΧΙΚΩΝ ΕΠΑΝΑΛΗΨΕΩΝ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: 100	
ΣΥΝΘΗΚΗ ΤΕΡΜΑΤΙΣΜΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ: $err(f, h_i) = 0$	
ΤΙΜΕΣ ΕΙΣΟΔΟΥ	
ΜΕΤΑΒΛΗΤΗ	ΤΙΜΗ
Μέγεθος X_n	16
Μέγεθος δείγματος S	2^{10}
Μέγιστο όριο γενεών	10000
δ_{min}	0.001
δ_{max}	0.05
Τυχαία κατανομή	Ομοιόμορφη
Συνάρτηση σφάλματος	Συσχέτιση (-1/1)
Τυχαίοποιημένη περιοχή N^*	Όχι
Ποσοστό N^* (επί της αρχικής N)	\emptyset
Αποκλίνουσα συνάρτηση f^d	Όχι
Είδος απόκλισης	\emptyset
Ιδανική συνάρτηση f	[2 3 6 11]
Αρχική προσέγγιση h	[1 5 13 15]
Συγκριτικό μέγεθος h, f	$ h = f $
Διασταύρωση	Όχι
Αρχικός πληθυσμός	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset

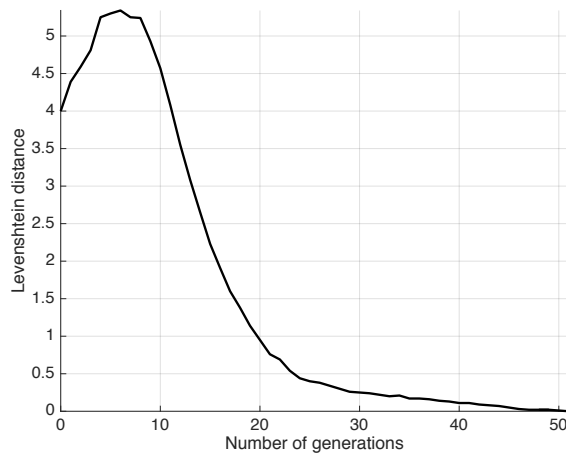
Πίνακας 38. Το πείραμα EVOL1BASIC - EX16.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ	
Μέγιστος αριθμός γενεών	51
Ελάχιστος αριθμός γενεών	8
Μέσος αριθμός γενεών	19.14
Ποσοστό επαναλήψεων με μονότονη σύγκλιση	82%
Ποσοστό επαναλήψεων με απόλυτη σύγκλιση στο στόχο	100%
Ποσοστημόρια μέσου σφάλματος	
25%	< 0.0027637
50%	< 0.0108500
75%	< 0.0877050
90%	< 0.1340000

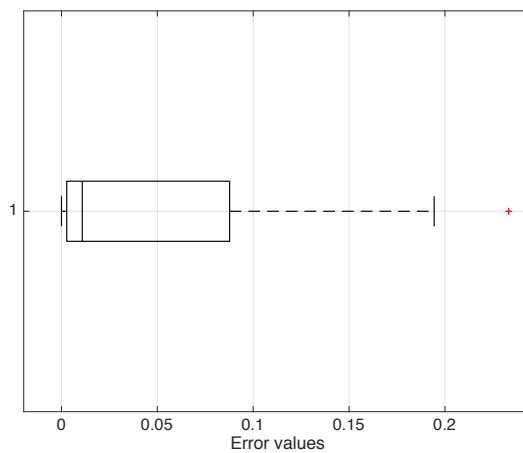
Πίνακας 39. Τα αποτελέσματα του πειράματος EVOL1BASIC - EX16.



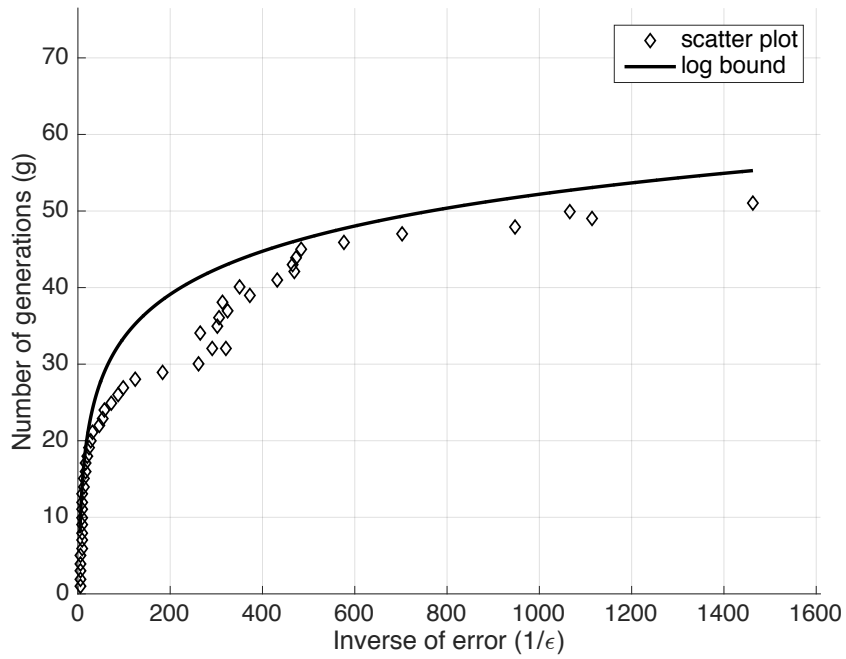
Διάγραμμα 77. Το μέσο σφάλμα ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



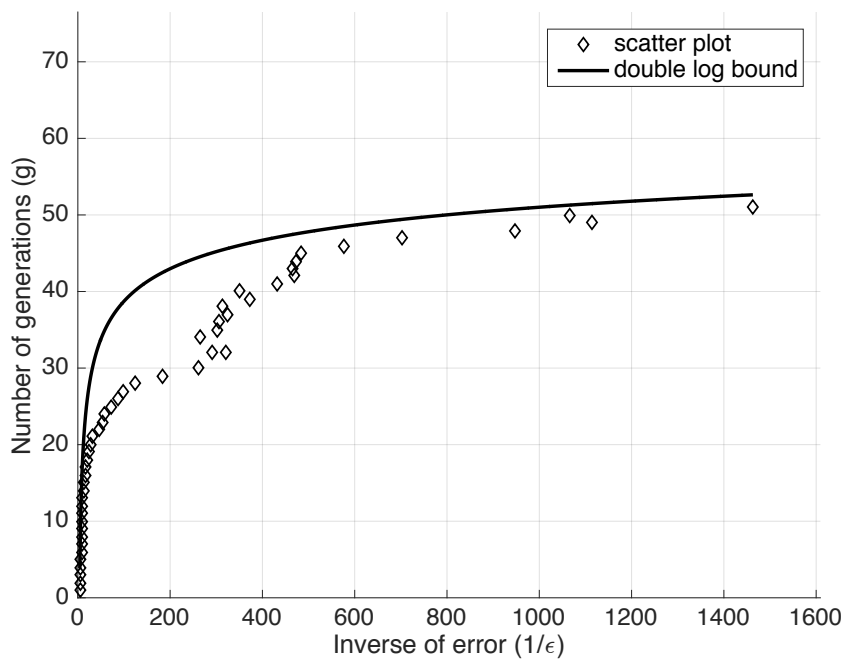
Διάγραμμα 78. Η μέση απόσταση Levenshtein ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 79. Το θηκόγραμμα των τιμών του μέσου σφάλματος.



Διάγραμμα 80. Το γράφημα του μέσου αριθμού γενεών ως προς το αντίστροφο του μέσου σφάλματος και το φράγμα της λογαριθμικής συνάρτησης $y = a \log(cx)$ με $a = 18.707$ και $c = 0.61644$.



Διάγραμμα 81. Το γράφημα του μέσου αριθμού γενεών ως προς το αντίστροφο του μέσου σφάλματος και το φράγμα της διπλής λογαριθμικής συνάρτησης $y = a \log \log(x^c)$ με $a = 69.7194$ και $c = 1.7967$.

5.1.2 Σχολιασμός αποτελεσμάτων (ομοιόμορφη κατανομή)

Τα αποτελέσματα των πειραμάτων EX2 – EX16 επιβεβαιώνουν εμπειρικά την εξελιξιμότητα των μονότονων συζεύξεων με βάση την ομοιόμορφη κατανομή και τη συσχέτιση $(-1/1)$ των συναρτήσεων Bool. Από τους πίνακες των αποτελεσμάτων δεν φαίνεται ο αλγόριθμος να εμφανίζει την ιδιότητα της μονότονης σύγκλισης. Παρατηρώντας τα ποσοστά απόλυτης σύγκλισης πρέπει να σημειωθεί κάτι που είχαμε αναφέρει και προηγουμένως, ότι δηλαδή μικρότερο σφάλμα δεν σημαίνει πάντοτε καλύτερη ταύτιση της προσέγγισης με τη συνάρτηση στόχο. Από τα διαγράμματα του αριθμού των γενεών συναρτήσεως του αντιστρόφου του σφάλματος φαίνεται να υπάρχουν ενδείξεις ότι η ταχύτητα σύγκλισης (για δεδομένο n) μπορεί να είναι καλύτερη από $O\left(\log\left(\frac{1}{\varepsilon}\right)\right)$. Ενδεχομένως να είναι $O\left(\log\log\left(\frac{1}{\varepsilon}\right)\right)$.

5.1.3 Σχεδιασμός πειραμάτων και αποτελέσματα (κατανομή Bernoulli)

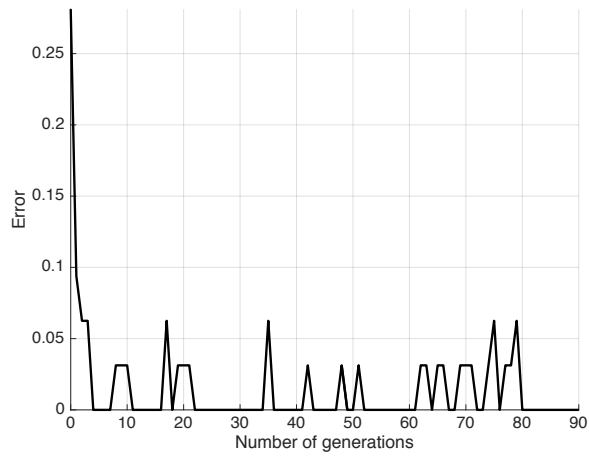
Στα πειράματα EX17 και EX18 ο αλγόριθμος υλοποιείται με συνθήκη τερματισμού $f = h_i$ (στην πρώτη περίπτωση με $p = 0.35$ και στη δεύτερη περίπτωση με $p = 0.65$). Για $p = 0.35$ φαίνεται ότι μικρότερες τιμές του σφάλματος δεν αντιστοιχούν σε απόλυτη σύγκλιση στο στόχο η οποία εν τέλει επιτυγχάνεται στη γενεά 90. Αντίθετα για $p = 0.65$ η απόλυτη σύγκλιση επιτυγχάνεται στη γενεά 7 (την πρώτη μάλιστα φορά που το σφάλμα γίνεται ίσο με μηδέν). Τα πειράματα EX19 – EX45 διερευνούν τη συμπεριφορά του αλγόριθμου για διάφορες τιμές της παραμέτρου p . Για τα πειράματα με βάση την κατανομή Bernoulli χρησιμοποιήθηκε η συνάρτηση σφάλματος των ελαχίστων τετραγώνων (σύμφωνα με τον Feldman [05] οι συζεύξεις είναι εξελίξιμες για όλες τις τυχαίες κατανομές με βάση τη συνάρτηση σφάλματος των ελαχίστων τετραγώνων).

ΚΩΔΙΚΟΣ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: EVOL1BASIC - EX17	
ΑΡΙΘΜΟΣ ΔΙΑΔΟΧΙΚΩΝ ΕΠΑΝΑΛΗΨΕΩΝ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: 1	
ΣΥΝΘΗΚΗ ΤΕΡΜΑΤΙΣΜΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ: $f = h_i$	
ΤΙΜΕΣ ΕΙΣΟΔΟΥ	
ΜΕΤΑΒΛΗΤΗ	ΤΙΜΗ
Μέγεθος X_n	8
Μέγεθος δείγματος S	2^6
Μέγιστο όριο γενεών	10000
δ_{min}	0.001
δ_{max}	0.05
Τυχαία κατανομή	Bernoulli ($p = 0.35$)
Συνάρτηση σφάλματος	Ελάχιστα τετράγωνα
Τυχαιοποιημένη περιοχή N^*	Όχι
Ποσοστό N^* (επί της αρχικής N)	\emptyset
Αποκλίνουσα συνάρτηση f^d	Όχι
Είδος απόκλισης	\emptyset
Ιδανική συνάρτηση f	[3 4 6 7 8]
Αρχική προσέγγιση h	[2 5]
Συγκριτικό μέγεθος h, f	$ h < f $
Διασταύρωση	Όχι
Αρχικός πληθυσμός	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset

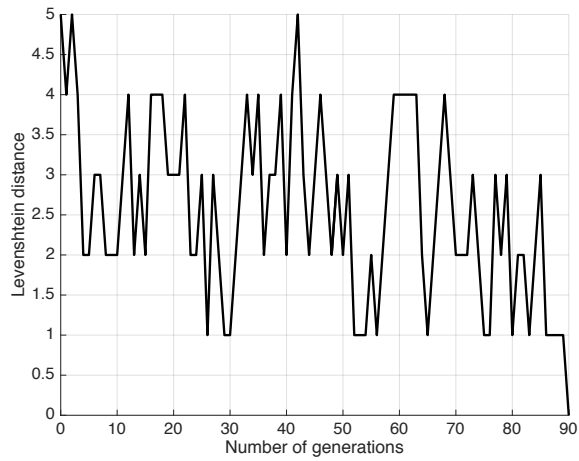
Πίνακας 40. Το πείραμα EVOL1BASIC - EX17.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ	
Συνολικός αριθμός γενεών	90
Μονότονη σύγκλιση	Ναι
Απόλυτη σύγκλιση στο στόχο	Ναι
Ποσοστημόρια μέσου σφάλματος	
25%	= 0
50%	= 0
75%	< 0.03125
90%	< 0.03125

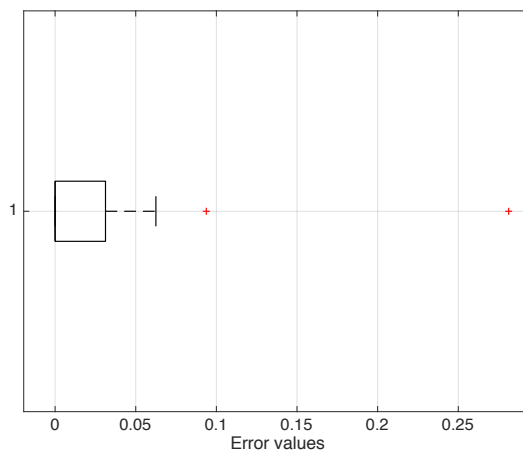
Πίνακας 41. Τα αποτελέσματα του πειράματος EVOL1BASIC - EX17.



Διάγραμμα 82. Το μέσο σφάλμα ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 83. Η μέση απόσταση Levenshtein ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



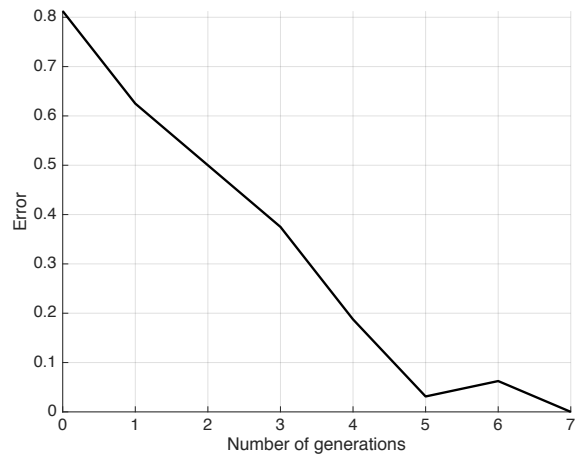
Διάγραμμα 84. Το θηκόγραμμα των τιμών του μέσου σφάλματος.

ΚΩΔΙΚΟΣ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: EVOL1BASIC - EX18	
ΑΡΙΘΜΟΣ ΔΙΑΔΟΧΙΚΩΝ ΕΠΑΝΑΛΗΨΕΩΝ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: 1	
ΣΥΝΘΗΚΗ ΤΕΡΜΑΤΙΣΜΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ: $f = h_i$	
ΤΙΜΕΣ ΕΙΣΟΔΟΥ	
ΜΕΤΑΒΛΗΤΗ	ΤΙΜΗ
Μέγεθος X_n	8
Μέγεθος δείγματος S	2^6
Μέγιστο όριο γενεών	10000
δ_{min}	0.001
δ_{max}	0.05
Τυχαία κατανομή	Bernoulli ($p = 0.65$)
Συνάρτηση σφάλματος	Ελάχιστα τετράγωνα
Τυχαιοποιημένη περιοχή N^*	Όχι
Ποσοστό N^* (επί της αρχικής N)	\emptyset
Αποκλίνουσα συνάρτηση f^d	Όχι
Είδος απόκλισης	\emptyset
Ιδανική συνάρτηση f	[3 4 6 7 8]
Αρχική προσέγγιση h	[2 5]
Συγκριτικό μέγεθος h, f	$ h < f $
Διασταύρωση	Όχι
Αρχικός πληθυσμός	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset

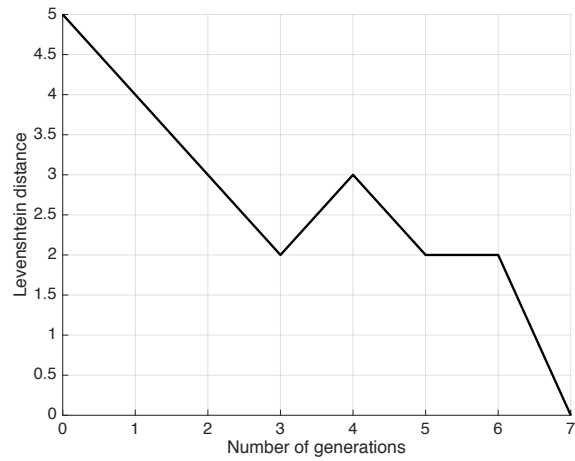
Πίνακας 42. Το πείραμα EVOL1BASIC - EX18.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ	
Συνολικός αριθμός γενεών	7
Μονότονη σύγκλιση	Ναι
Απόλυτη σύγκλιση στο στόχο	Ναι
Ποσοστημόρια μέσου σφάλματος	
25%	< 0.046875
50%	< 0.281250
75%	< 0.562500
90%	< 0.756250

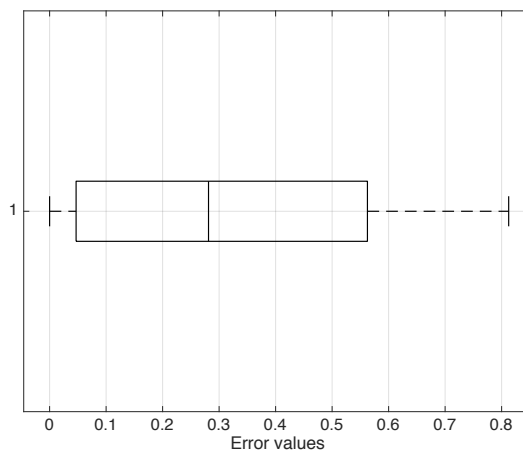
Πίνακας 43. Τα αποτελέσματα του πειράματος EVOL1BASIC - EX18.



Διάγραμμα 85. Το μέσο σφάλμα ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 86. Η μέση απόσταση Levenshtein ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



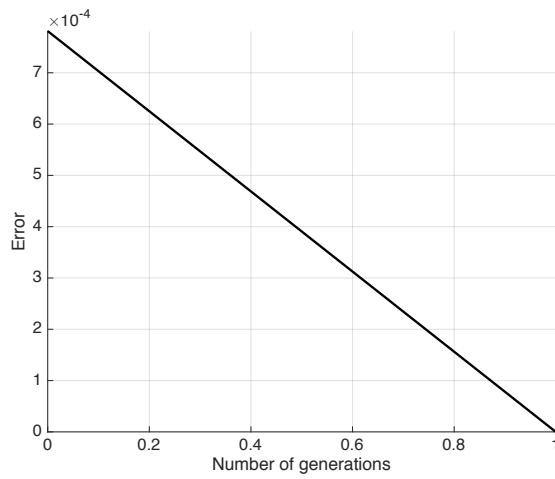
Διάγραμμα 87. Το θηκόγραμμα των τιμών του μέσου σφάλματος.

ΚΩΔΙΚΟΣ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: EVOL1BASIC - EX19	
ΑΡΙΘΜΟΣ ΔΙΑΔΟΧΙΚΩΝ ΕΠΑΝΑΛΗΨΕΩΝ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: 10	
ΣΥΝΘΗΚΗ ΤΕΡΜΑΤΙΣΜΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ: $err(f, h_i) = 0$	
ΤΙΜΕΣ ΕΙΣΟΔΟΥ	
ΜΕΤΑΒΛΗΤΗ	ΤΙΜΗ
Μέγεθος X_n	16
Μέγεθος δείγματος S	2^{10}
Μέγιστο όριο γενεών	10000
δ_{min}	0.001
δ_{max}	0.05
Τυχαία κατανομή	Bernoulli ($p = 0.1$)
Συνάρτηση σφάλματος	Ελάχιστα τετράγωνα
Τυχαιοποιημένη περιοχή N^*	Όχι
Ποσοστό N^* (επί της αρχικής N)	\emptyset
Αποκλίνουσα συνάρτηση f^d	Όχι
Είδος απόκλισης	\emptyset
Ιδανική συνάρτηση f	[3 4 7 8 11 14 15]
Αρχική προσέγγιση h	[2 5 6 10]
Συγκριτικό μέγεθος h, f	$ h < f $
Διασταύρωση	Όχι
Αρχικός πληθυσμός	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset

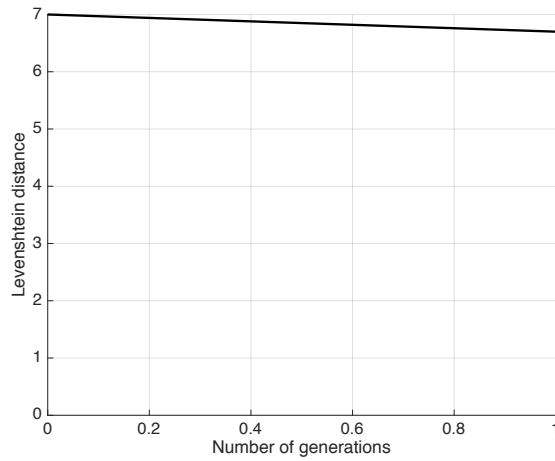
Πίνακας 44. Το πείραμα EVOL1BASIC - EX19.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ	
Μέγιστος αριθμός γενεών	1
Ελάχιστος αριθμός γενεών	1
Μέσος αριθμός γενεών	1
Ποσοστό επαναλήψεων με μονότονη σύγκλιση	100%
Ποσοστό επαναλήψεων με απόλυτη σύγκλιση στο στόχο	0%
Ποσοστημόρια μέσου σφάλματος	
25%	= 0
50%	< 0.00039063
75%	< 0.00078125
90%	< 0.00078125

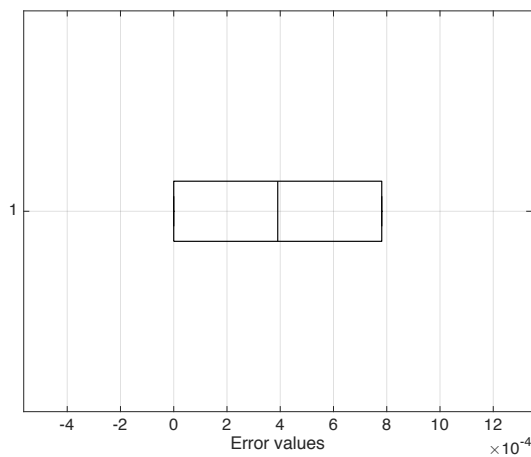
Πίνακας 45. Τα αποτελέσματα του πειράματος EVOL1BASIC - EX19.



Διάγραμμα 88. Το μέσο σφάλμα ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 89. Η μέση απόσταση Levenshtein ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



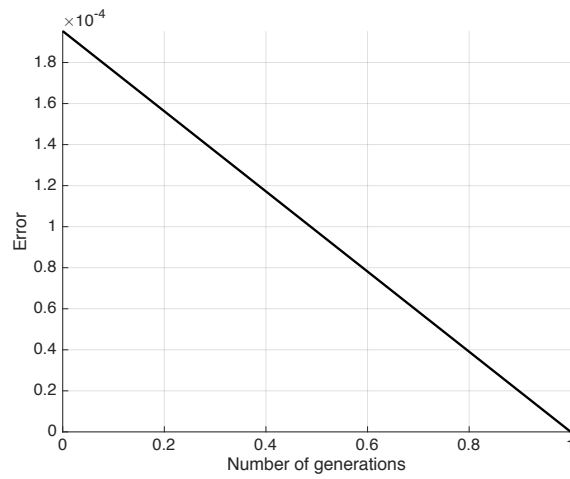
Διάγραμμα 90. Το θηκόγραμμα των τιμών του μέσου σφάλματος.

ΚΩΔΙΚΟΣ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: EVOL1BASIC - EX20	
ΑΡΙΘΜΟΣ ΔΙΑΔΟΧΙΚΩΝ ΕΠΑΝΑΛΗΨΕΩΝ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: 10	
ΣΥΝΘΗΚΗ ΤΕΡΜΑΤΙΣΜΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ: $err(f, h_i) = 0$	
ΤΙΜΕΣ ΕΙΣΟΔΟΥ	
ΜΕΤΑΒΛΗΤΗ	ΤΙΜΗ
Μέγεθος X_n	16
Μέγεθος δείγματος S	2^{10}
Μέγιστο όριο γενεών	10000
δ_{min}	0.001
δ_{max}	0.05
Τυχαία κατανομή	Bernoulli ($p = 0.1$)
Συνάρτηση σφάλματος	Ελάχιστα τετράγωνα
Τυχαιοποιημένη περιοχή N^*	Όχι
Ποσοστό N^* (επί της αρχικής N)	\emptyset
Αποκλίνουσα συνάρτηση f^d	Όχι
Είδος απόκλισης	\emptyset
Ιδανική συνάρτηση f	[1 3 5 14 16]
Αρχική προσέγγιση h	[2 4 6 8 9 10 12 13 15]
Συγκριτικό μέγεθος h, f	$ h > f $
Διασταύρωση	Όχι
Αρχικός πληθυσμός	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset

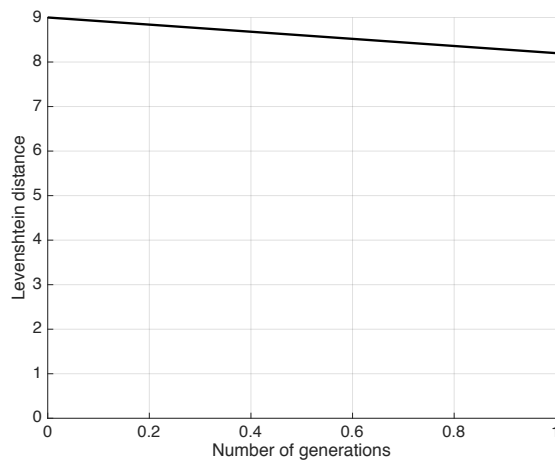
Πίνακας 46. Το πείραμα EVOL1BASIC - EX20.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ	
Μέγιστος αριθμός γενεών	1
Ελάχιστος αριθμός γενεών	1
Μέσος αριθμός γενεών	1
Ποσοστό επαναλήψεων με μονότονη σύγκλιση	100%
Ποσοστό επαναλήψεων με απόλυτη σύγκλιση στο στόχο	0%
Ποσοστημόρια μέσου σφάλματος	
25%	< 0
50%	$< 9.7656e-05$
75%	< 0.00019531
90%	< 0.00019531

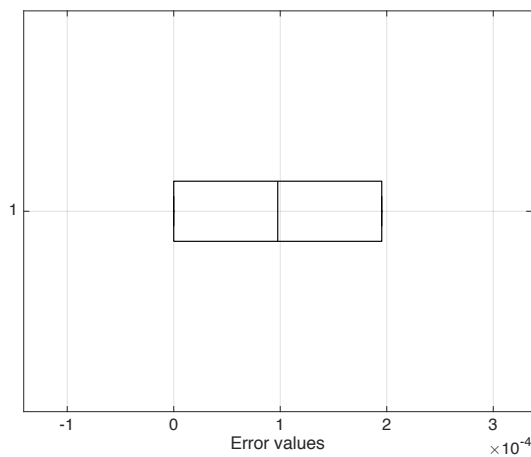
Πίνακας 47. Τα αποτελέσματα του πειράματος EVOL1BASIC - EX20.



Διάγραμμα 91. Το μέσο σφάλμα ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 92. Η μέση απόσταση Levenshtein ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



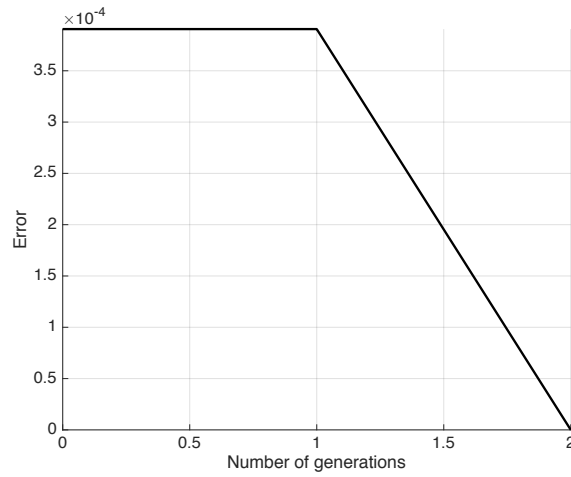
Διάγραμμα 93. Το θηκόγραμμα των τιμών του μέσου σφάλματος.

ΚΩΔΙΚΟΣ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: EVOL1BASIC - EX21	
ΑΡΙΘΜΟΣ ΔΙΑΔΟΧΙΚΩΝ ΕΠΑΝΑΛΗΨΕΩΝ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: 10	
ΣΥΝΘΗΚΗ ΤΕΡΜΑΤΙΣΜΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ: $err(f, h_i) = 0$	
ΤΙΜΕΣ ΕΙΣΟΔΟΥ	
ΜΕΤΑΒΛΗΤΗ	ΤΙΜΗ
Μέγεθος X_n	16
Μέγεθος δείγματος S	2^{10}
Μέγιστο όριο γενεών	10000
δ_{min}	0.001
δ_{max}	0.05
Τυχαία κατανομή	Bernoulli ($p = 0.1$)
Συνάρτηση σφάλματος	Ελάχιστα τετράγωνα
Τυχαιοποιημένη περιοχή N^*	Όχι
Ποσοστό N^* (επί της αρχικής N)	\emptyset
Αποκλίνουσα συνάρτηση f^d	Όχι
Είδος απόκλισης	\emptyset
Ιδανική συνάρτηση f	[2 3 6 11]
Αρχική προσέγγιση h	[1 5 13 15]
Συγκριτικό μέγεθος h, f	$ h = f $
Διασταύρωση	Όχι
Αρχικός πληθυσμός	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset

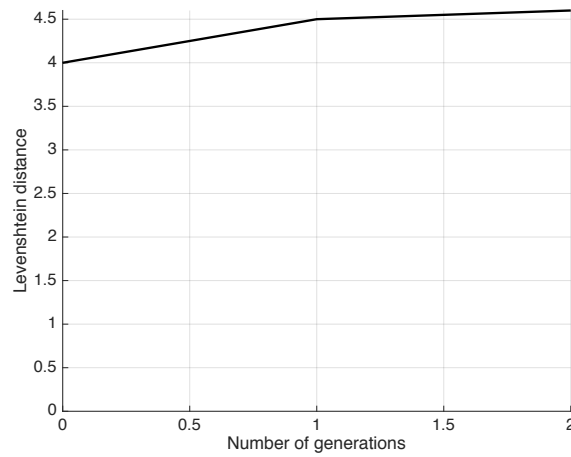
Πίνακας 48. Το πείραμα EVOL1BASIC - EX21.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ	
Μέγιστος αριθμός γενεών	2
Ελάχιστος αριθμός γενεών	1
Μέσος αριθμός γενεών	1.1
Ποσοστό επαναλήψεων με μονότονη σύγκλιση	90%
Ποσοστό επαναλήψεων με απόλυτη σύγκλιση στο στόχο	0%
Ποσοστημόρια μέσου σφάλματος	
25%	< 9.7656e-05
50%	< 0.00039063
75%	< 0.00039063
90%	< 0.00039063

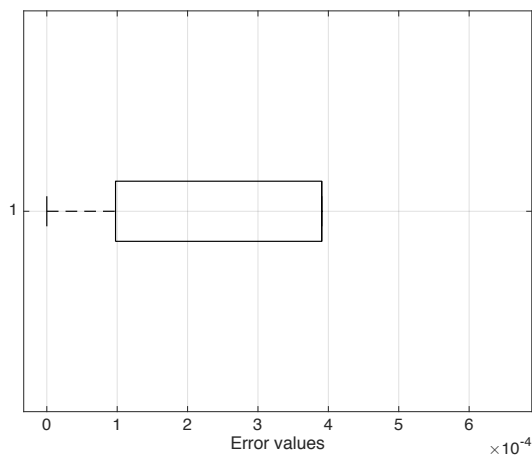
Πίνακας 49. Τα αποτελέσματα του πειράματος EVOL1BASIC - EX21.



Διάγραμμα 94. Το μέσο σφάλμα ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 95. Η μέση απόσταση Levenshtein ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



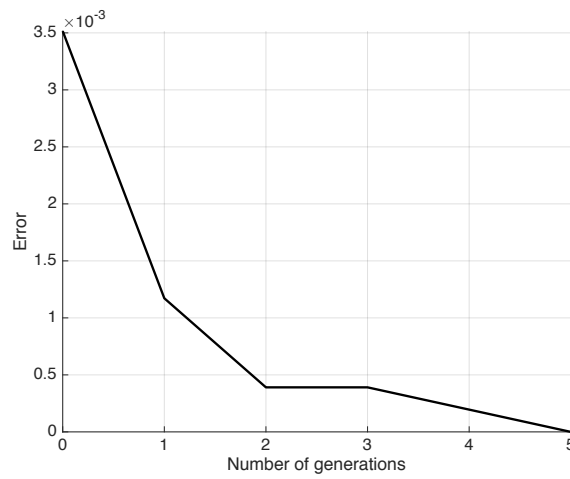
Διάγραμμα 96. Το θηκόγραμμα των τιμών του μέσου σφάλματος.

ΚΩΔΙΚΟΣ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: EVOL1BASIC - EX22	
ΑΡΙΘΜΟΣ ΔΙΑΔΟΧΙΚΩΝ ΕΠΑΝΑΛΗΨΕΩΝ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: 10	
ΣΥΝΘΗΚΗ ΤΕΡΜΑΤΙΣΜΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ: $err(f, h_i) = 0$	
ΤΙΜΕΣ ΕΙΣΟΔΟΥ	
ΜΕΤΑΒΛΗΤΗ	ΤΙΜΗ
Μέγεθος X_n	16
Μέγεθος δείγματος S	2^{10}
Μέγιστο όριο γενεών	10000
δ_{min}	0.001
δ_{max}	0.05
Τυχαία κατανομή	Bernoulli ($p = 0.2$)
Συνάρτηση σφάλματος	Ελάχιστα τετράγωνα
Τυχαιοποιημένη περιοχή N^*	Όχι
Ποσοστό N^* (επί της αρχικής N)	\emptyset
Αποκλίνουσα συνάρτηση f^d	Όχι
Είδος απόκλισης	\emptyset
Ιδανική συνάρτηση f	[3 4 7 8 11 14 15]
Αρχική προσέγγιση h	[2 5 6 10]
Συγκριτικό μέγεθος h, f	$ h < f $
Διασταύρωση	Όχι
Αρχικός πληθυσμός	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset

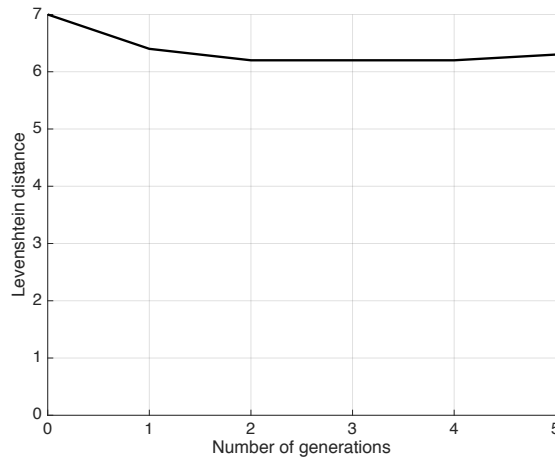
Πίνακας 50. Το πείραμα EVOL1BASIC - EX22.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ	
Μέγιστος αριθμός γενεών	5
Ελάχιστος αριθμός γενεών	1
Μέσος αριθμός γενεών	1.9
Ποσοστό επαναλήψεων με μονότονη σύγκλιση	80%
Ποσοστό επαναλήψεων με απόλυτη σύγκλιση στο στόχο	0%
Ποσοστημόρια μέσου σφάλματος	
25%	< 0.00019531
50%	< 0.00039063
75%	< 0.00117190
90%	< 0.00328130

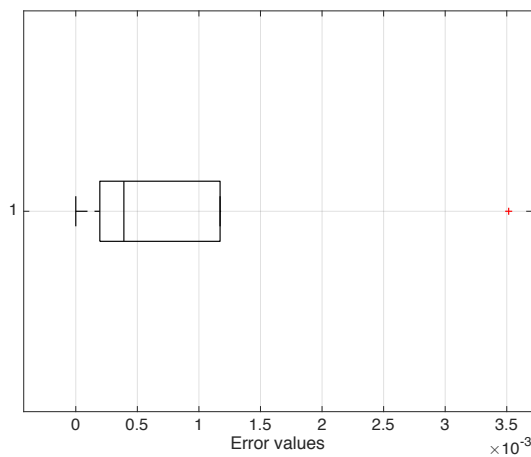
Πίνακας 51. Τα αποτελέσματα του πειράματος EVOL1BASIC - EX22.



Διάγραμμα 97. Το μέσο σφάλμα ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 98. Η μέση απόσταση Levenshtein ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



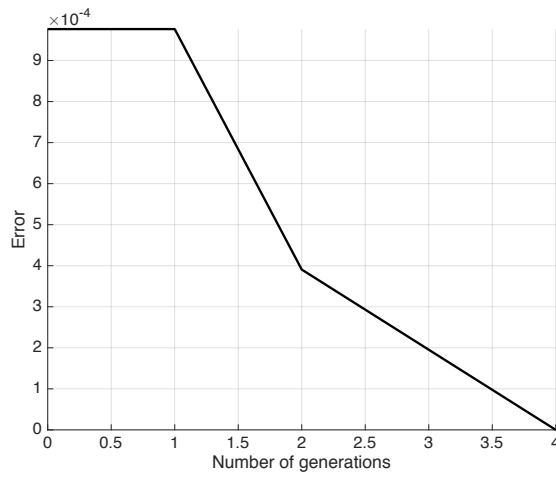
Διάγραμμα 99. Το θηκόγραμμα των τιμών του μέσου σφάλματος.

ΚΩΔΙΚΟΣ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: EVOL1BASIC - EX23	
ΑΡΙΘΜΟΣ ΔΙΑΔΟΧΙΚΩΝ ΕΠΑΝΑΛΗΨΕΩΝ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: 10	
ΣΥΝΘΗΚΗ ΤΕΡΜΑΤΙΣΜΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ: $err(f, h_i) = 0$	
ΤΙΜΕΣ ΕΙΣΟΔΟΥ	
ΜΕΤΑΒΛΗΤΗ	ΤΙΜΗ
Μέγεθος X_n	16
Μέγεθος δείγματος S	2^{10}
Μέγιστο όριο γενεών	10000
δ_{min}	0.001
δ_{max}	0.05
Τυχαία κατανομή	Bernoulli ($p = 0.2$)
Συνάρτηση σφάλματος	Ελάχιστα τετράγωνα
Τυχαίοποιημένη περιοχή N^*	Όχι
Ποσοστό N^* (επί της αρχικής N)	\emptyset
Αποκλίνουσα συνάρτηση f^d	Όχι
Είδος απόκλισης	\emptyset
Ιδανική συνάρτηση f	[1 3 5 14 16]
Αρχική προσέγγιση h	[2 4 6 8 9 10 12 13 15]
Συγκριτικό μέγεθος h, f	$ h > f $
Διασταύρωση	Όχι
Αρχικός πληθυσμός	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset

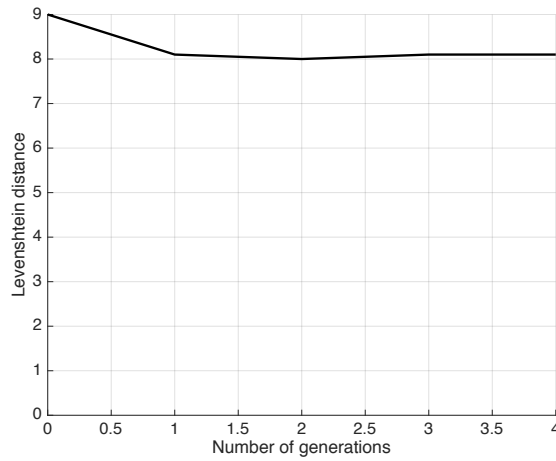
Πίνακας 52. Το πείραμα EVOL1BASIC - EX23.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ	
Μέγιστος αριθμός γενεών	4
Ελάχιστος αριθμός γενεών	1
Μέσος αριθμός γενεών	1.6
Ποσοστό επαναλήψεων με μονότονη σύγκλιση	70%
Ποσοστό επαναλήψεων με απόλυτη σύγκλιση στο στόχο	0%
Ποσοστημόρια μέσου σφάλματος	
25%	< 0.00014648
50%	< 0.00039063
75%	< 0.00097656
90%	< 0.00097656

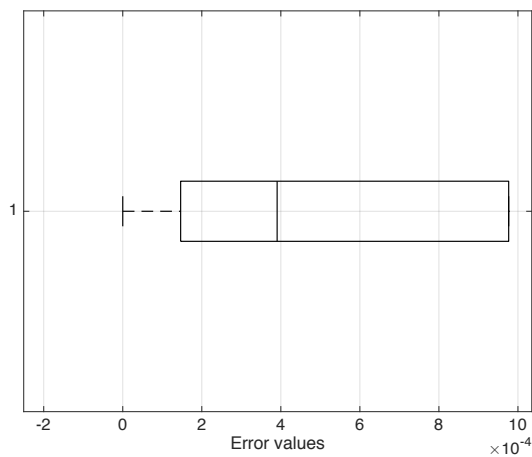
Πίνακας 53. Τα αποτελέσματα του πειράματος EVOL1BASIC - EX23.



Διάγραμμα 100. Το μέσο σφάλμα ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 101. Η μέση απόσταση Levenshtein ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



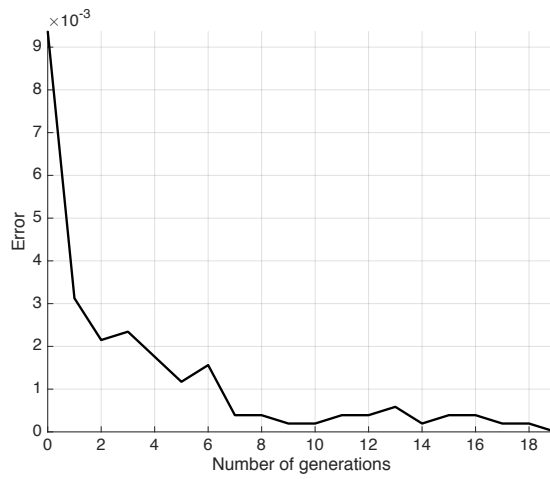
Διάγραμμα 102. Το θηκόγραμμα των τιμών του μέσου σφάλματος.

ΚΩΔΙΚΟΣ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: EVOL1BASIC - EX24	
ΑΡΙΘΜΟΣ ΔΙΑΔΟΧΙΚΩΝ ΕΠΑΝΑΛΗΨΕΩΝ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: 10	
ΣΥΝΘΗΚΗ ΤΕΡΜΑΤΙΣΜΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ: $err(f, h_i) = 0$	
ΤΙΜΕΣ ΕΙΣΟΔΟΥ	
ΜΕΤΑΒΛΗΤΗ	ΤΙΜΗ
Μέγεθος X_n	16
Μέγεθος δείγματος S	2^{10}
Μέγιστο όριο γενεών	10000
δ_{min}	0.001
δ_{max}	0.05
Τυχαία κατανομή	Bernoulli ($p = 0.2$)
Συνάρτηση σφάλματος	Ελάχιστα τετράγωνα
Τυχαιοποιημένη περιοχή N^*	Όχι
Ποσοστό N^* (επί της αρχικής N)	\emptyset
Αποκλίνουσα συνάρτηση f^d	Όχι
Είδος απόκλισης	\emptyset
Ιδανική συνάρτηση f	[2 3 6 11]
Αρχική προσέγγιση h	[1 5 13 15]
Συγκριτικό μέγεθος h, f	$ h = f $
Διασταύρωση	Όχι
Αρχικός πληθυσμός	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset

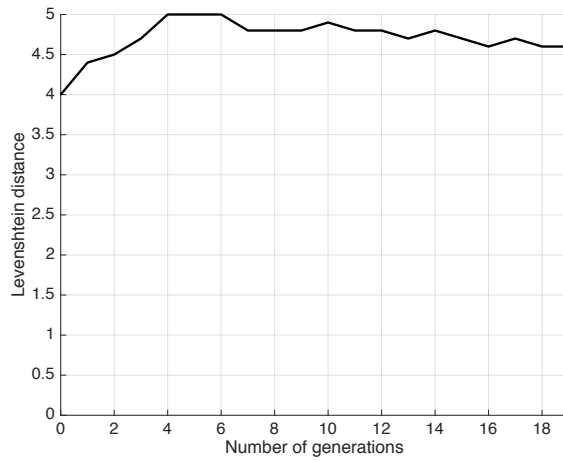
Πίνακας 54. Το πείραμα EVOL1BASIC - EX24.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ	
Μέγιστος αριθμός γενεών	19
Ελάχιστος αριθμός γενεών	1
Μέσος αριθμός γενεών	5
Ποσοστό επαναλήψεων με μονότονη σύγκλιση	80%
Ποσοστό επαναλήψεων με απόλυτη σύγκλιση στο στόχο	0%
Ποσοστημόρια μέσου σφάλματος	
25%	< 0.00019531
50%	< 0.00039063
75%	< 0.00039063
90%	< 0.0027344

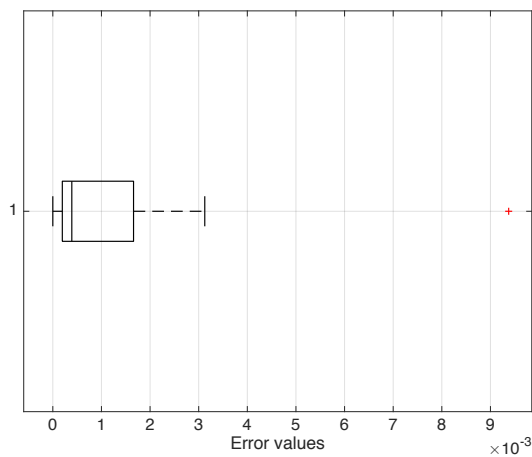
Πίνακας 55. Τα αποτελέσματα του πειράματος EVOL1BASIC - EX24.



Διάγραμμα 103. Το μέσο σφάλμα ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 104. Η μέση απόσταση Levenshtein ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



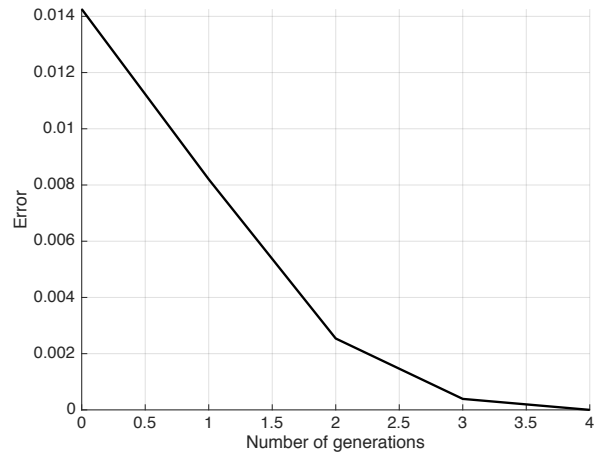
Διάγραμμα 105. Το θηκόγραμμα των τιμών του μέσου σφάλματος.

ΚΩΔΙΚΟΣ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: EVOL1BASIC - EX25	
ΑΡΙΘΜΟΣ ΔΙΑΔΟΧΙΚΩΝ ΕΠΑΝΑΛΗΨΕΩΝ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: 10	
ΣΥΝΘΗΚΗ ΤΕΡΜΑΤΙΣΜΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ: $err(f, h_i) = 0$	
ΤΙΜΕΣ ΕΙΣΟΔΟΥ	
ΜΕΤΑΒΛΗΤΗ	ΤΙΜΗ
Μέγεθος X_n	16
Μέγεθος δείγματος S	2^{10}
Μέγιστο όριο γενεών	10000
δ_{min}	0.001
δ_{max}	0.05
Τυχαία κατανομή	Bernoulli ($p = 0.3$)
Συνάρτηση σφάλματος	Ελάχιστα τετράγωνα
Τυχαιοποιημένη περιοχή N^*	Όχι
Ποσοστό N^* (επί της αρχικής N)	\emptyset
Αποκλίνουσα συνάρτηση f^d	Όχι
Είδος απόκλισης	\emptyset
Ιδανική συνάρτηση f	[3 4 7 8 11 14 15]
Αρχική προσέγγιση h	[2 5 6 10]
Συγκριτικό μέγεθος h, f	$ h < f $
Διασταύρωση	Όχι
Αρχικός πληθυσμός	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset

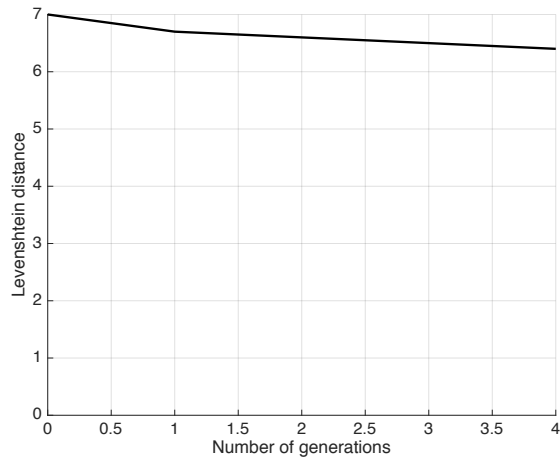
Πίνακας 56. Το πείραμα EVOL1BASIC - EX25.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ	
Μέγιστος αριθμός γενεών	4
Ελάχιστος αριθμός γενεών	2
Μέσος αριθμός γενεών	2.7
Ποσοστό επαναλήψεων με μονότονη σύγκλιση	90%
Ποσοστό επαναλήψεων με απόλυτη σύγκλιση στο στόχο	0%
Ποσοστημόρια μέσου σφάλματος	
25%	< 0.00029297
50%	< 0.00253910
75%	< 0.00971680
90%	< 0.01425800

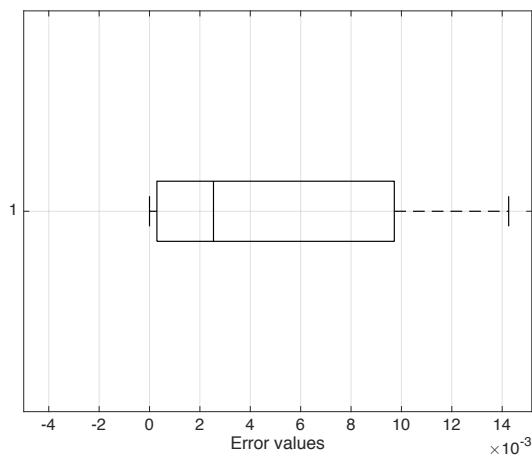
Πίνακας 57. Τα αποτελέσματα του πειράματος EVOL1BASIC - EX25.



Διάγραμμα 106. Το μέσο σφάλμα ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 107. Η μέση απόσταση Levenshtein ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



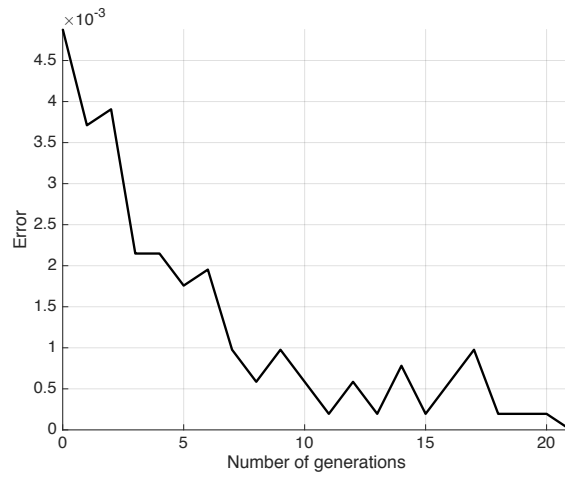
Διάγραμμα 108. Το θηκόγραμμα των τιμών του μέσου σφάλματος.

ΚΩΔΙΚΟΣ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: EVOL1BASIC - EX26	
ΑΡΙΘΜΟΣ ΔΙΑΔΟΧΙΚΩΝ ΕΠΑΝΑΛΗΨΕΩΝ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: 10	
ΣΥΝΘΗΚΗ ΤΕΡΜΑΤΙΣΜΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ: $err(f, h_i) = 0$	
ΤΙΜΕΣ ΕΙΣΟΔΟΥ	
ΜΕΤΑΒΛΗΤΗ	ΤΙΜΗ
Μέγεθος X_n	16
Μέγεθος δείγματος S	2^{10}
Μέγιστο όριο γενεών	10000
δ_{min}	0.001
δ_{max}	0.05
Τυχαία κατανομή	Bernoulli ($p = 0.3$)
Συνάρτηση σφάλματος	Ελάχιστα τετράγωνα
Τυχαιοποιημένη περιοχή N^*	Όχι
Ποσοστό N^* (επί της αρχικής N)	\emptyset
Αποκλίνουσα συνάρτηση f^d	Όχι
Είδος απόκλισης	\emptyset
Ιδανική συνάρτηση f	[1 3 5 14 16]
Αρχική προσέγγιση h	[2 4 6 8 9 10 12 13 15]
Συγκριτικό μέγεθος h, f	$ h > f $
Διασταύρωση	Όχι
Αρχικός πληθυσμός	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset

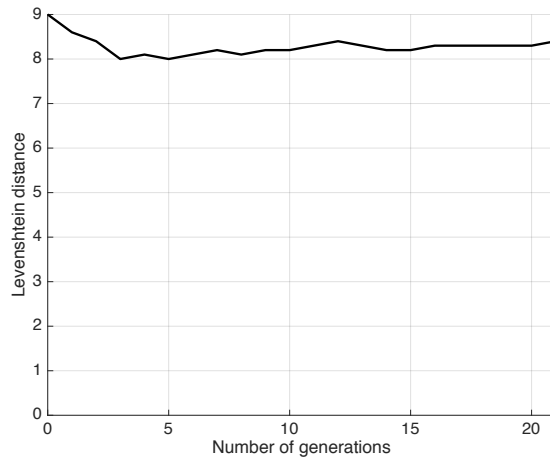
Πίνακας 58. Το πείραμα EVOL1BASIC - EX26.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ	
Μέγιστος αριθμός γενεών	21
Ελάχιστος αριθμός γενεών	1
Μέσος αριθμός γενεών	5.4
Ποσοστό επαναλήψεων με μονότονη σύγκλιση	50%
Ποσοστό επαναλήψεων με απόλυτη σύγκλιση στο στόχο	0%
Ποσοστημόρια μέσου σφάλματος	
25%	< 0.00019531
50%	< 0.00068359
75%	< 0.00195310
90%	< 0.00376950

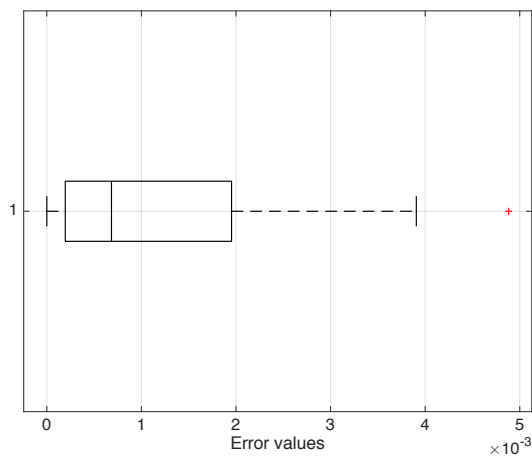
Πίνακας 59. Τα αποτελέσματα του πειράματος EVOL1BASIC - EX26.



Διάγραμμα 109. Το μέσο σφάλμα ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 110. Η μέση απόσταση Levenshtein ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



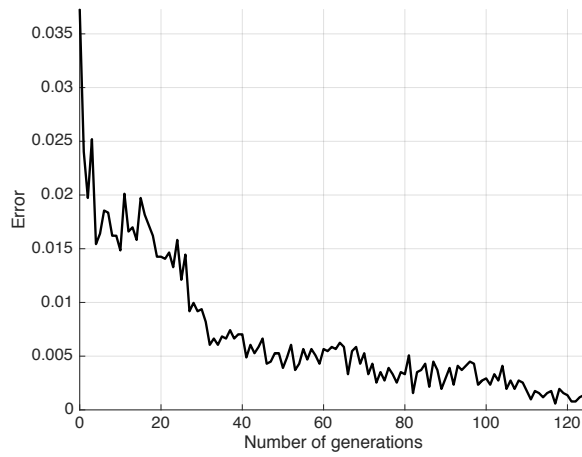
Διάγραμμα 111. Το θηκόγραμμα των τιμών του μέσου σφάλματος.

ΚΩΔΙΚΟΣ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: EVOL1BASIC - EX27	
ΑΡΙΘΜΟΣ ΔΙΑΔΟΧΙΚΩΝ ΕΠΑΝΑΛΗΨΕΩΝ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: 10	
ΣΥΝΘΗΚΗ ΤΕΡΜΑΤΙΣΜΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ: $err(f, h_i) = 0$	
ΤΙΜΕΣ ΕΙΣΟΔΟΥ	
ΜΕΤΑΒΛΗΤΗ	ΤΙΜΗ
Μέγεθος X_n	16
Μέγεθος δείγματος S	2^{10}
Μέγιστο όριο γενεών	10000
δ_{min}	0.001
δ_{max}	0.05
Τυχαία κατανομή	Bernoulli ($p = 0.3$)
Συνάρτηση σφάλματος	Ελάχιστα τετράγωνα
Τυχαιοποιημένη περιοχή N^*	Όχι
Ποσοστό N^* (επί της αρχικής N)	\emptyset
Αποκλίνουσα συνάρτηση f^d	Όχι
Είδος απόκλισης	\emptyset
Ιδανική συνάρτηση f	[2 3 6 11]
Αρχική προσέγγιση h	[1 5 13 15]
Συγκριτικό μέγεθος h, f	$ h = f $
Διασταύρωση	Όχι
Αρχικός πληθυσμός	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset

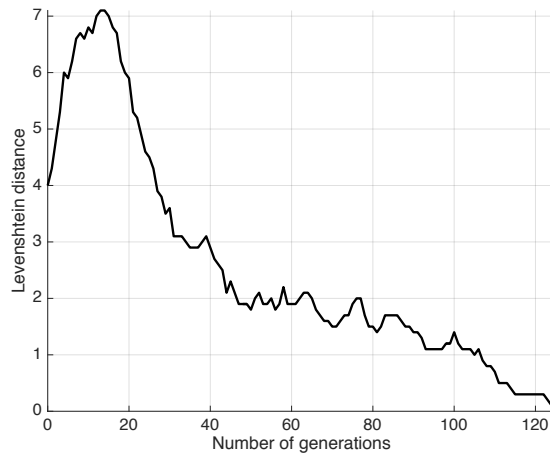
Πίνακας 60. Το πείραμα EVOL1BASIC - EX27.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ	
Μέγιστος αριθμός γενεών	125
Ελάχιστος αριθμός γενεών	25
Μέσος αριθμός γενεών	52.7
Ποσοστό επαναλήψεων με μονότονη σύγκλιση	70%
Ποσοστό επαναλήψεων με απόλυτη σύγκλιση στο στόχο	100%
Ποσοστημόρια μέσου σφάλματος	
25%	< 0.0027344
50%	< 0.0047852
75%	< 0.0082031
90%	< 0.0082031

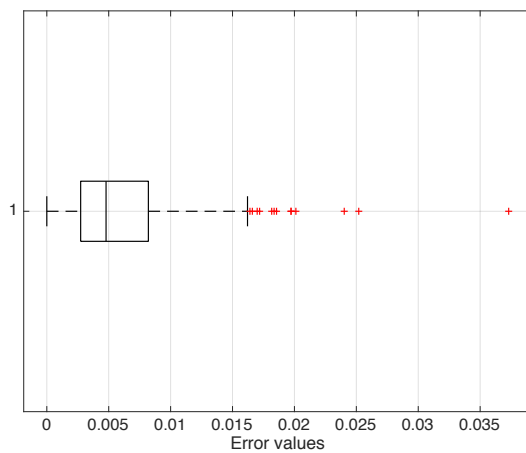
Πίνακας 61. Τα αποτελέσματα του πειράματος EVOL1BASIC - EX27.



Διάγραμμα 112. Το μέσο σφάλμα ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 113. Η μέση απόσταση Levenshtein ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



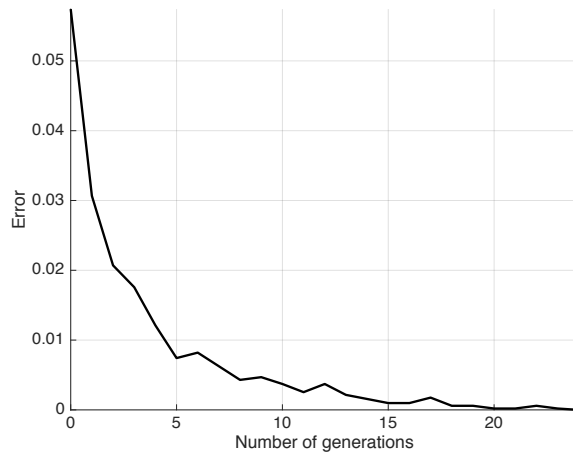
Διάγραμμα 114. Το θηκόγραμμα των τιμών του μέσου σφάλματος.

ΚΩΔΙΚΟΣ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: EVOL1BASIC - EX28	
ΑΡΙΘΜΟΣ ΔΙΑΔΟΧΙΚΩΝ ΕΠΑΝΑΛΗΨΕΩΝ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: 10	
ΣΥΝΘΗΚΗ ΤΕΡΜΑΤΙΣΜΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ: $err(f, h_i) = 0$	
ΤΙΜΕΣ ΕΙΣΟΔΟΥ	
ΜΕΤΑΒΛΗΤΗ	ΤΙΜΗ
Μέγεθος X_n	16
Μέγεθος δείγματος S	2^{10}
Μέγιστο όριο γενεών	10000
δ_{min}	0.001
δ_{max}	0.05
Τυχαία κατανομή	Bernoulli ($p = 0.4$)
Συνάρτηση σφάλματος	Ελάχιστα τετράγωνα
Τυχαιοποιημένη περιοχή N^*	Όχι
Ποσοστό N^* (επί της αρχικής N)	\emptyset
Αποκλίνουσα συνάρτηση f^d	Όχι
Είδος απόκλισης	\emptyset
Ιδανική συνάρτηση f	[3 4 7 8 11 14 15]
Αρχική προσέγγιση h	[2 5 6 10]
Συγκριτικό μέγεθος h, f	$ h < f $
Διασταύρωση	Όχι
Αρχικός πληθυσμός	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset

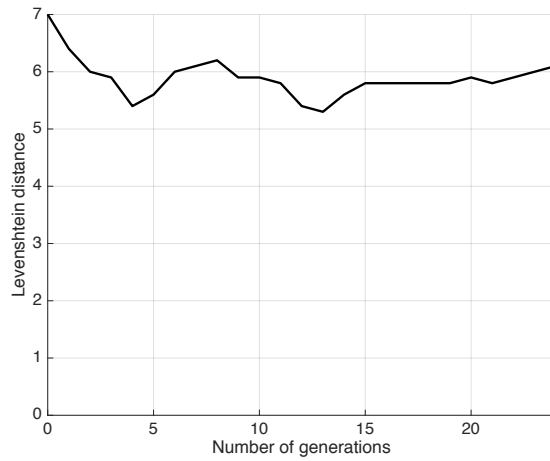
Πίνακας 62. Το πείραμα EVOL1BASIC - EX28.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ	
Μέγιστος αριθμός γενεών	24
Ελάχιστος αριθμός γενεών	7
Μέσος αριθμός γενεών	13.1
Ποσοστό επαναλήψεων με μονότονη σύγκλιση	90%
Ποσοστό επαναλήψεων με απόλυτη σύγκλιση στο στόχο	0%
Ποσοστημόρια μέσου σφάλματος	
25%	< 0.00058594
50%	< 0.00253910
75%	< 0.00761720
90%	< 0.02070300

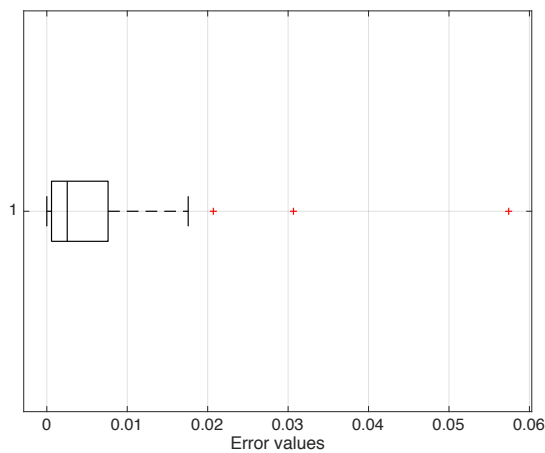
Πίνακας 63. Τα αποτελέσματα του πειράματος EVOL1BASIC - EX28.



Διάγραμμα 115. Το μέσο σφάλμα ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 116. Η μέση απόσταση Levenshtein ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



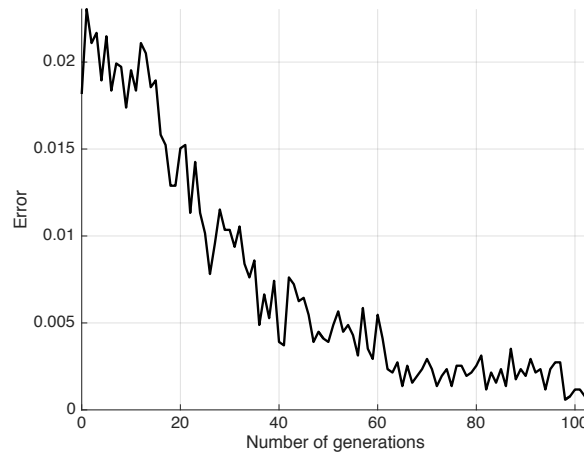
Διάγραμμα 117. Το θηκόγραμμα των τιμών του μέσου σφάλματος.

ΚΩΔΙΚΟΣ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: EVOL1BASIC - EX29	
ΑΡΙΘΜΟΣ ΔΙΑΔΟΧΙΚΩΝ ΕΠΑΝΑΛΗΨΕΩΝ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: 10	
ΣΥΝΘΗΚΗ ΤΕΡΜΑΤΙΣΜΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ: $err(f, h_i) = 0$	
ΤΙΜΕΣ ΕΙΣΟΔΟΥ	
ΜΕΤΑΒΛΗΤΗ	ΤΙΜΗ
Μέγεθος X_n	16
Μέγεθος δείγματος S	2^{10}
Μέγιστο όριο γενεών	10000
δ_{min}	0.001
δ_{max}	0.05
Τυχαία κατανομή	Bernoulli ($p = 0.4$)
Συνάρτηση σφάλματος	Ελάχιστα τετράγωνα
Τυχαίοποιημένη περιοχή N^*	Όχι
Ποσοστό N^* (επί της αρχικής N)	\emptyset
Αποκλίνουσα συνάρτηση f^d	Όχι
Είδος απόκλισης	\emptyset
Ιδανική συνάρτηση f	[1 3 5 14 16]
Αρχική προσέγγιση h	[2 4 6 8 9 10 12 13 15]
Συγκριτικό μέγεθος h, f	$ h > f $
Διασταύρωση	Όχι
Αρχικός πληθυσμός	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset

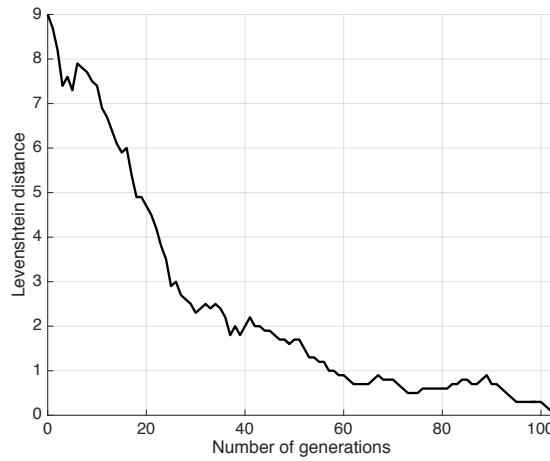
Πίνακας 64. Το πείραμα EVOL1BASIC - EX29.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ	
Μέγιστος αριθμός γενεών	103
Ελάχιστος αριθμός γενεών	17
Μέσος αριθμός γενεών	38.3
Ποσοστό επαναλήψεων με μονότονη σύγκλιση	0%
Ποσοστό επαναλήψεων με απόλυτη σύγκλιση στο στόχο	100%
Ποσοστημότητα μέσου σφάλματος	
25%	< 0.0023438
50%	< 0.0043945
75%	< 0.0109380
90%	< 0.0189450

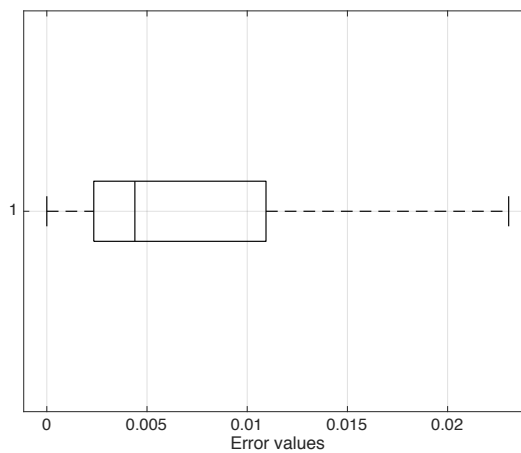
Πίνακας 65. Τα αποτελέσματα του πειράματος EVOL1BASIC - EX29.



Διάγραμμα 118. Το μέσο σφάλμα ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 119. Η μέση απόσταση Levenshtein ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



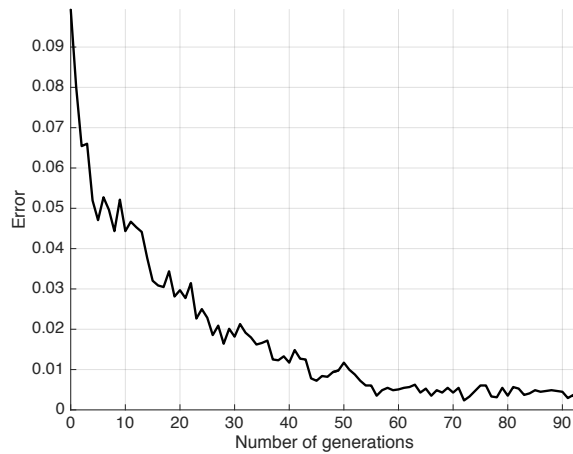
Διάγραμμα 120. Το θηκόγραμμα των τιμών του μέσου σφάλματος.

ΚΩΔΙΚΟΣ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: EVOL1BASIC - EX30	
ΑΡΙΘΜΟΣ ΔΙΑΔΟΧΙΚΩΝ ΕΠΑΝΑΛΗΨΕΩΝ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: 10	
ΣΥΝΘΗΚΗ ΤΕΡΜΑΤΙΣΜΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ: $err(f, h_i) = 0$	
ΤΙΜΕΣ ΕΙΣΟΔΟΥ	
ΜΕΤΑΒΛΗΤΗ	ΤΙΜΗ
Μέγεθος X_n	16
Μέγεθος δείγματος S	2^{10}
Μέγιστο όριο γενεών	10000
δ_{min}	0.001
δ_{max}	0.05
Τυχαία κατανομή	Bernoulli ($p = 0.4$)
Συνάρτηση σφάλματος	Ελάχιστα τετράγωνα
Τυχαιοποιημένη περιοχή N^*	Όχι
Ποσοστό N^* (επί της αρχικής N)	\emptyset
Αποκλίνουσα συνάρτηση f^d	Όχι
Είδος απόκλισης	\emptyset
Ιδανική συνάρτηση f	[2 3 6 11]
Αρχική προσέγγιση h	[1 5 13 15]
Συγκριτικό μέγεθος h, f	$ h = f $
Διασταύρωση	Όχι
Αρχικός πληθυσμός	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset

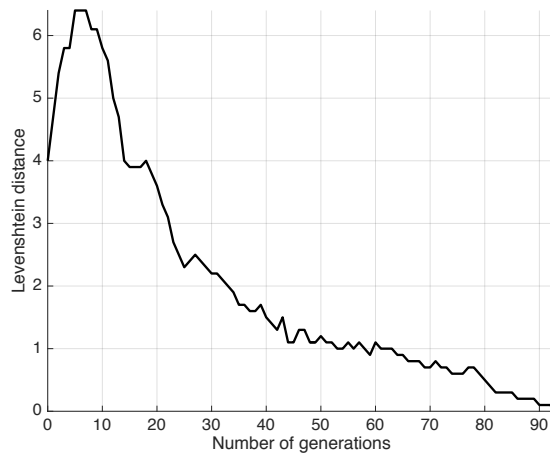
Πίνακας 66. Το πείραμα EVOL1BASIC - EX30.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ	
Μέγιστος αριθμός γενεών	93
Ελάχιστος αριθμός γενεών	14
Μέσος αριθμός γενεών	34.2
Ποσοστό επαναλήψεων με μονότονη σύγκλιση	80%
Ποσοστό επαναλήψεων με απόλυτη σύγκλιση στο στόχο	100%
Ποσοστημόρια μέσου σφάλματος	
25%	< 0.0048828
50%	< 0.0095703
75%	< 0.0250000
90%	< 0.0467190

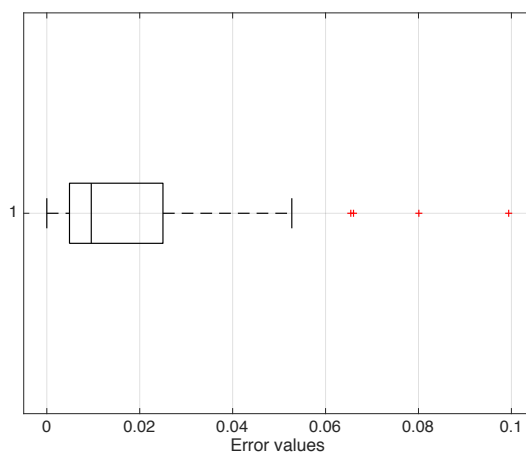
Πίνακας 67. Τα αποτελέσματα του πειράματος EVOL1BASIC - EX30.



Διάγραμμα 121. Το μέσο σφάλμα ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 122. Η μέση απόσταση Levenshtein ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



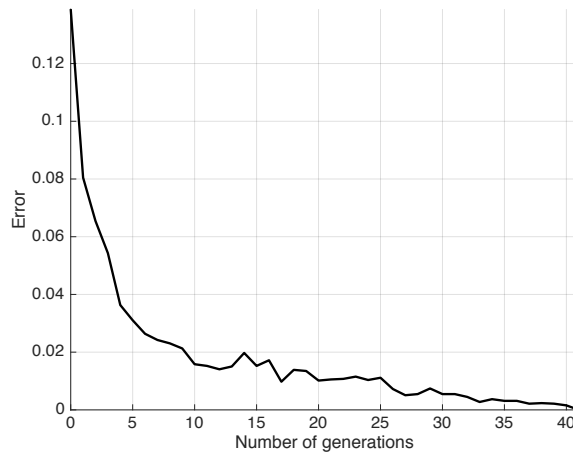
Διάγραμμα 123. Το θηκόγραμμα των τιμών του μέσου σφάλματος.

ΚΩΔΙΚΟΣ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: EVOL1BASIC - EX31	
ΑΡΙΘΜΟΣ ΔΙΑΔΟΧΙΚΩΝ ΕΠΑΝΑΛΗΨΕΩΝ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: 10	
ΣΥΝΘΗΚΗ ΤΕΡΜΑΤΙΣΜΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ: $err(f, h_i) = 0$	
ΤΙΜΕΣ ΕΙΣΟΔΟΥ	
ΜΕΤΑΒΛΗΤΗ	ΤΙΜΗ
Μέγεθος X_n	16
Μέγεθος δείγματος S	2^{10}
Μέγιστο όριο γενεών	10000
δ_{min}	0.001
δ_{max}	0.05
Τυχαία κατανομή	Bernoulli ($p = 0.5$)
Συνάρτηση σφάλματος	Ελάχιστα τετράγωνα
Τυχαιοποιημένη περιοχή N^*	Όχι
Ποσοστό N^* (επί της αρχικής N)	\emptyset
Αποκλίνουσα συνάρτηση f^d	Όχι
Είδος απόκλισης	\emptyset
Ιδανική συνάρτηση f	[3 4 7 8 11 14 15]
Αρχική προσέγγιση h	[2 5 6 10]
Συγκριτικό μέγεθος h, f	$ h < f $
Διασταύρωση	Όχι
Αρχικός πληθυσμός	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset

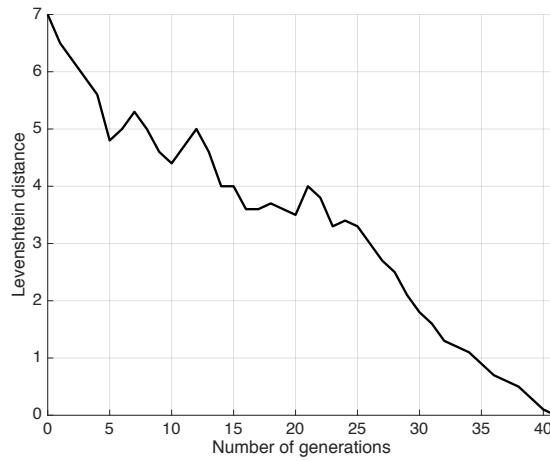
Πίνακας 68. Το πείραμα EVOL1BASIC - EX31.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ	
Μέγιστος αριθμός γενεών	41
Ελάχιστος αριθμός γενεών	17
Μέσος αριθμός γενεών	29.2
Ποσοστό επαναλήψεων με μονότονη σύγκλιση	100%
Ποσοστό επαναλήψεων με απόλυτη σύγκλιση στο στόχο	100%
Ποσοστημότητα μέσου σφάλματος	
25%	< 0.0050781
50%	< 0.0109370
75%	< 0.0197270
90%	< 0.0417190

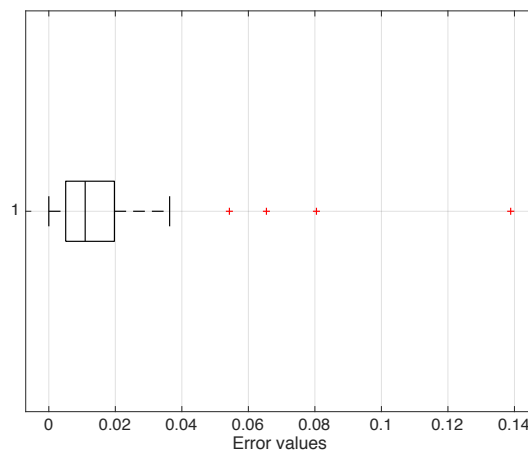
Πίνακας 69. Τα αποτελέσματα του πειράματος EVOL1BASIC - EX31.



Διάγραμμα 124. Το μέσο σφάλμα ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 125. Η μέση απόσταση Levenshtein ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



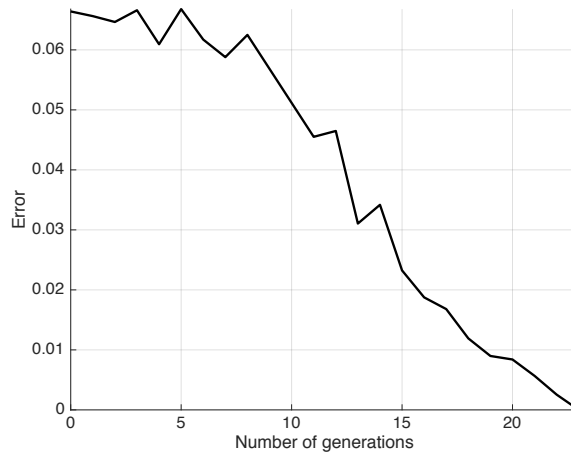
Διάγραμμα 126. Το θηκόγραμμα των τιμών του μέσου σφάλματος.

ΚΩΔΙΚΟΣ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: EVOL1BASIC - EX32	
ΑΡΙΘΜΟΣ ΔΙΑΔΟΧΙΚΩΝ ΕΠΑΝΑΛΗΨΕΩΝ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: 10	
ΣΥΝΘΗΚΗ ΤΕΡΜΑΤΙΣΜΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ: $err(f, h_i) = 0$	
ΤΙΜΕΣ ΕΙΣΟΔΟΥ	
ΜΕΤΑΒΛΗΤΗ	ΤΙΜΗ
Μέγεθος X_n	16
Μέγεθος δείγματος S	2^{10}
Μέγιστο όριο γενεών	10000
δ_{min}	0.001
δ_{max}	0.05
Τυχαία κατανομή	Bernoulli ($p = 0.5$)
Συνάρτηση σφάλματος	Ελάχιστα τετράγωνα
Τυχαίοποιημένη περιοχή N^*	Όχι
Ποσοστό N^* (επί της αρχικής N)	\emptyset
Αποκλίνουσα συνάρτηση f^d	Όχι
Είδος απόκλισης	\emptyset
Ιδανική συνάρτηση f	[1 3 5 14 16]
Αρχική προσέγγιση h	[2 4 6 8 9 10 12 13 15]
Συγκριτικό μέγεθος h, f	$ h > f $
Διασταύρωση	Όχι
Αρχικός πληθυσμός	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset

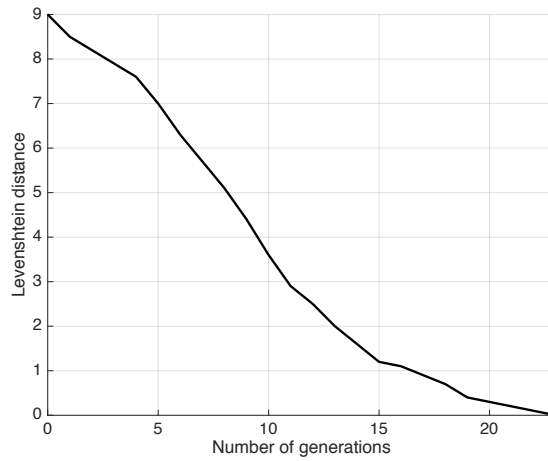
Πίνακας 70. Το πείραμα EVOL1BASIC - EX32.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ	
Μέγιστος αριθμός γενεών	23
Ελάχιστος αριθμός γενεών	13
Μέσος αριθμός γενεών	17.3
Ποσοστό επαναλήψεων με μονότονη σύγκλιση	20%
Ποσοστό επαναλήψεων με απόλυτη σύγκλιση στο στόχο	100%
Ποσοστημόρια μέσου σφάλματος	
25%	< 0.014355
50%	< 0.045996
75%	< 0.062109
90%	< 0.066426

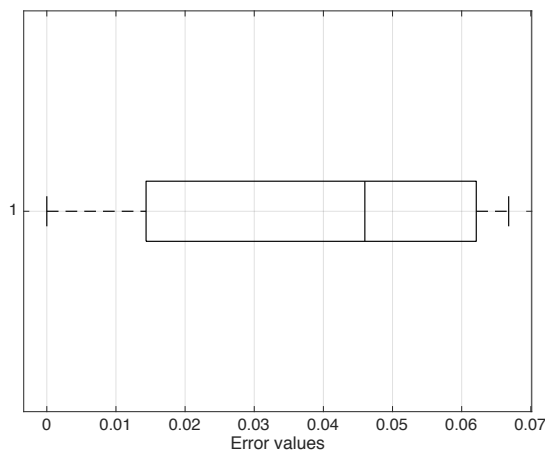
Πίνακας 71. Τα αποτελέσματα του πειράματος EVOL1BASIC - EX32.



Διάγραμμα 127. Το μέσο σφάλμα ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 128. Η μέση απόσταση Levenshtein ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



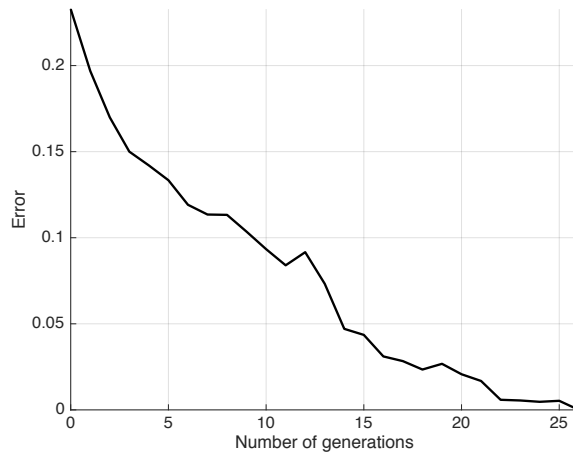
Διάγραμμα 129. Το θηκόγραμμα των τιμών του μέσου σφάλματος.

ΚΩΔΙΚΟΣ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: EVOL1BASIC - EX33	
ΑΡΙΘΜΟΣ ΔΙΑΔΟΧΙΚΩΝ ΕΠΑΝΑΛΗΨΕΩΝ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: 10	
ΣΥΝΘΗΚΗ ΤΕΡΜΑΤΙΣΜΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ: $err(f, h_i) = 0$	
ΤΙΜΕΣ ΕΙΣΟΔΟΥ	
ΜΕΤΑΒΛΗΤΗ	ΤΙΜΗ
Μέγεθος X_n	16
Μέγεθος δείγματος S	2^{10}
Μέγιστο όριο γενεών	10000
δ_{min}	0.001
δ_{max}	0.05
Τυχαία κατανομή	Bernoulli ($p = 0.5$)
Συνάρτηση σφάλματος	Ελάχιστα τετράγωνα
Τυχαιοποιημένη περιοχή N^*	Όχι
Ποσοστό N^* (επί της αρχικής N)	\emptyset
Αποκλίνουσα συνάρτηση f^d	Όχι
Είδος απόκλισης	\emptyset
Ιδανική συνάρτηση f	[2 3 6 11]
Αρχική προσέγγιση h	[1 5 13 15]
Συγκριτικό μέγεθος h, f	$ h = f $
Διασταύρωση	Όχι
Αρχικός πληθυσμός	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset

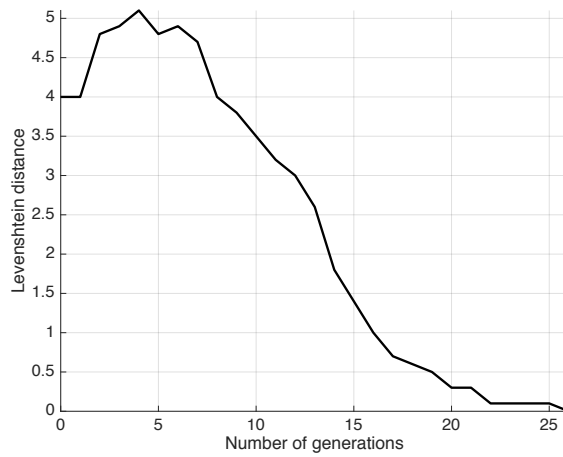
Πίνακας 72. Το πείραμα EVOL1BASIC - EX33.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ	
Μέγιστος αριθμός γενεών	26
Ελάχιστος αριθμός γενεών	13
Μέσος αριθμός γενεών	16.9
Ποσοστό επαναλήψεων με μονότονη σύγκλιση	90%
Ποσοστό επαναλήψεων με απόλυτη σύγκλιση στο στόχο	100%
Ποσοστημόρια μέσου σφάλματος	
25%	< 0.021387
50%	< 0.073242
75%	< 0.117720
90%	< 0.165940

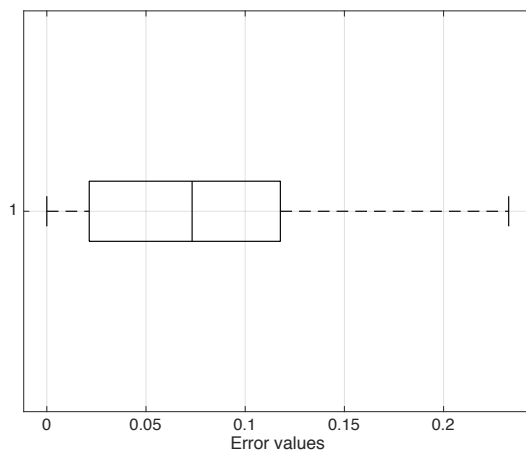
Πίνακας 73. Τα αποτελέσματα του πειράματος EVOL1BASIC - EX33.



Διάγραμμα 130. Το μέσο σφάλμα ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 131. Η μέση απόσταση Levenshtein ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



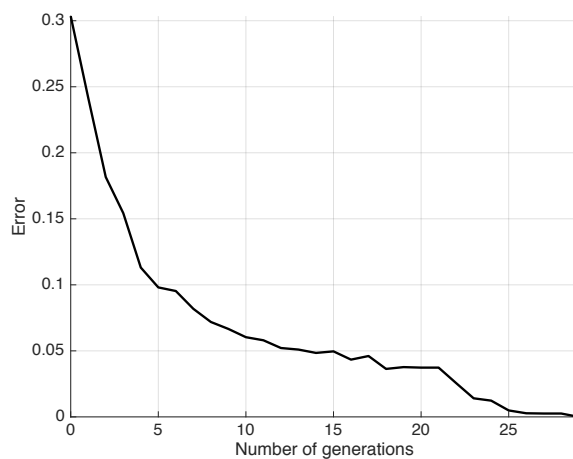
Διάγραμμα 132. Το θηκόγραμμα των τιμών του μέσου σφάλματος.

ΚΩΔΙΚΟΣ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: EVOL1BASIC - EX34	
ΑΡΙΘΜΟΣ ΔΙΑΔΟΧΙΚΩΝ ΕΠΑΝΑΛΗΨΕΩΝ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: 10	
ΣΥΝΘΗΚΗ ΤΕΡΜΑΤΙΣΜΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ: $err(f, h_i) = 0$	
ΤΙΜΕΣ ΕΙΣΟΔΟΥ	
ΜΕΤΑΒΛΗΤΗ	ΤΙΜΗ
Μέγεθος X_n	16
Μέγεθος δείγματος S	2^{10}
Μέγιστο όριο γενεών	10000
δ_{min}	0.001
δ_{max}	0.05
Τυχαία κατανομή	Bernoulli ($p = 0.6$)
Συνάρτηση σφάλματος	Ελάχιστα τετράγωνα
Τυχαιοποιημένη περιοχή N^*	Όχι
Ποσοστό N^* (επί της αρχικής N)	\emptyset
Αποκλίνουσα συνάρτηση f^d	Όχι
Είδος απόκλισης	\emptyset
Ιδανική συνάρτηση f	[3 4 7 8 11 14 15]
Αρχική προσέγγιση h	[2 5 6 10]
Συγκριτικό μέγεθος h, f	$ h < f $
Διασταύρωση	Όχι
Αρχικός πληθυσμός	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset

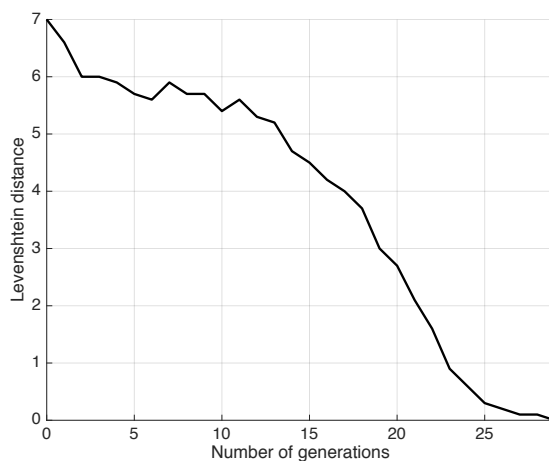
Πίνακας 74. Το πείραμα EVOL1BASIC - EX34.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ	
Μέγιστος αριθμός γενεών	29
Ελάχιστος αριθμός γενεών	17
Μέσος αριθμός γενεών	23.6
Ποσοστό επαναλήψεων με μονότονη σύγκλιση	100%
Ποσοστό επαναλήψεων με απόλυτη σύγκλιση στο στόχο	100%
Ποσοστημόρια μέσου σφάλματος	
25%	< 0.025586
50%	< 0.049023
75%	< 0.081836
90%	< 0.167970

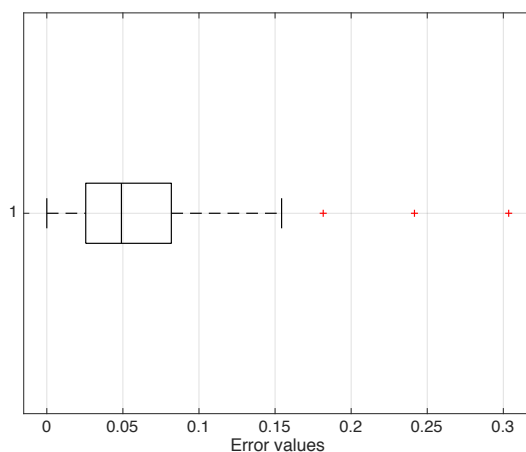
Πίνακας 75. Τα αποτελέσματα του πειράματος EVOL1BASIC - EX34.



Διάγραμμα 133. Το μέσο σφάλμα ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 134. Η μέση απόσταση Levenshtein ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



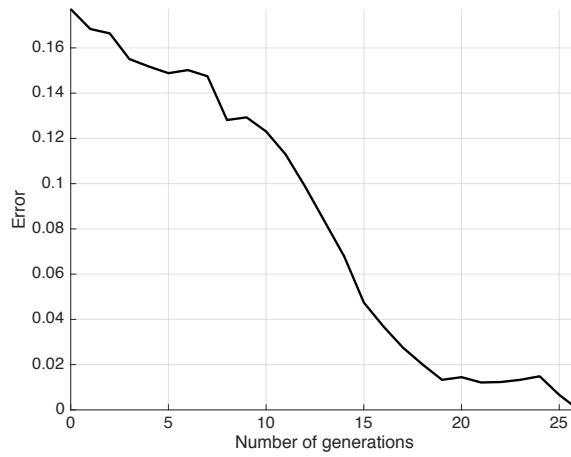
Διάγραμμα 135. Το θηκόγραμμα των τιμών του μέσου σφάλματος.

ΚΩΔΙΚΟΣ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: EVOL1BASIC - EX35	
ΑΡΙΘΜΟΣ ΔΙΑΔΟΧΙΚΩΝ ΕΠΑΝΑΛΗΨΕΩΝ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: 10	
ΣΥΝΘΗΚΗ ΤΕΡΜΑΤΙΣΜΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ: $err(f, h_i) = 0$	
ΤΙΜΕΣ ΕΙΣΟΔΟΥ	
ΜΕΤΑΒΛΗΤΗ	ΤΙΜΗ
Μέγεθος X_n	16
Μέγεθος δείγματος S	2^{10}
Μέγιστο όριο γενεών	10000
δ_{min}	0.001
δ_{max}	0.05
Τυχαία κατανομή	Bernoulli ($p = 0.6$)
Συνάρτηση σφάλματος	Ελάχιστα τετράγωνα
Τυχαιοποιημένη περιοχή N^*	Όχι
Ποσοστό N^* (επί της αρχικής N)	\emptyset
Αποκλίνουσα συνάρτηση f^d	Όχι
Είδος απόκλισης	\emptyset
Ιδανική συνάρτηση f	[1 3 5 14 16]
Αρχική προσέγγιση h	[2 4 6 8 9 10 12 13 15]
Συγκριτικό μέγεθος h, f	$ h > f $
Διασταύρωση	Όχι
Αρχικός πληθυσμός	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset

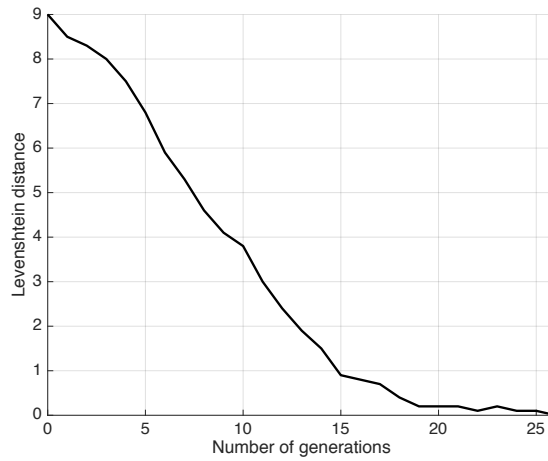
Πίνακας 76. Το πείραμα EVOL1BASIC - EX35.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ	
Μέγιστος αριθμός γενεών	26
Ελάχιστος αριθμός γενεών	11
Μέσος αριθμός γενεών	16.2
Ποσοστό επαναλήψεων με μονότονη σύγκλιση	30%
Ποσοστό επαναλήψεων με απόλυτη σύγκλιση στο στόχο	100%
Ποσοστημόρια μέσου σφάλματος	
25%	< 0.014551
50%	< 0.083203
75%	< 0.148490
90%	< 0.164140

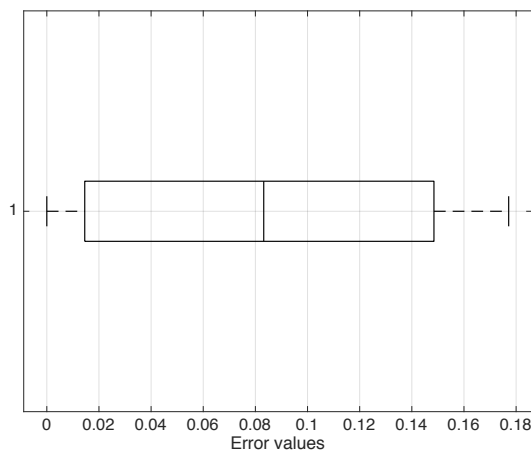
Πίνακας 77. Τα αποτελέσματα του πειράματος EVOL1BASIC - EX35.



Διάγραμμα 136. Το μέσο σφάλμα ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 137. Η μέση απόσταση Levenshtein ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



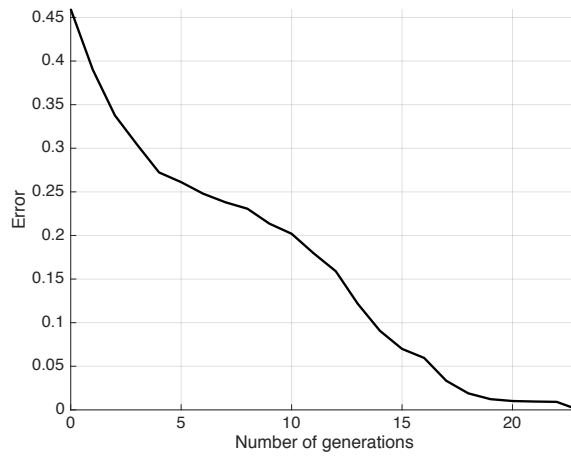
Διάγραμμα 138. Το θηκόγραμμα των τιμών του μέσου σφάλματος.

ΚΩΔΙΚΟΣ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: EVOL1BASIC - EX36	
ΑΡΙΘΜΟΣ ΔΙΑΔΟΧΙΚΩΝ ΕΠΑΝΑΛΗΨΕΩΝ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: 10	
ΣΥΝΘΗΚΗ ΤΕΡΜΑΤΙΣΜΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ: $err(f, h_i) = 0$	
ΤΙΜΕΣ ΕΙΣΟΔΟΥ	
ΜΕΤΑΒΛΗΤΗ	ΤΙΜΗ
Μέγεθος X_n	16
Μέγεθος δείγματος S	2^{10}
Μέγιστο όριο γενεών	10000
δ_{min}	0.001
δ_{max}	0.05
Τυχαία κατανομή	Bernoulli ($p = 0.6$)
Συνάρτηση σφάλματος	Ελάχιστα τετράγωνα
Τυχαιοποιημένη περιοχή N^*	Όχι
Ποσοστό N^* (επί της αρχικής N)	\emptyset
Αποκλίνουσα συνάρτηση f^d	Όχι
Είδος απόκλισης	\emptyset
Ιδανική συνάρτηση f	[2 3 6 11]
Αρχική προσέγγιση h	[1 5 13 15]
Συγκριτικό μέγεθος h, f	$ h = f $
Διασταύρωση	Όχι
Αρχικός πληθυσμός	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset

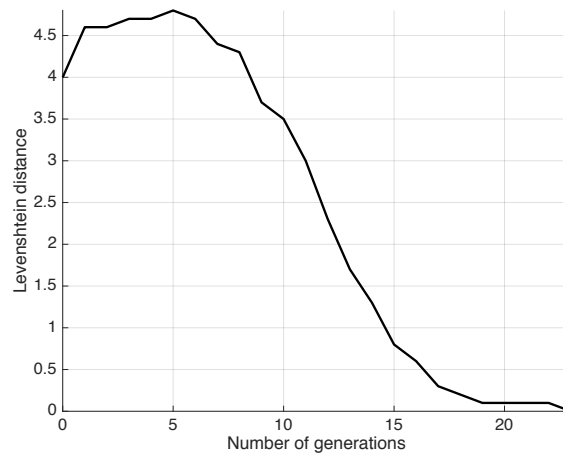
Πίνακας 78. Το πείραμα EVOL1BASIC - EX36.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ	
Μέγιστος αριθμός γενεών	23
Ελάχιστος αριθμός γενεών	10
Μέσος αριθμός γενεών	15.7
Ποσοστό επαναλήψεων με μονότονη σύγκλιση	100%
Ποσοστό επαναλήψεων με απόλυτη σύγκλιση στο στόχο	100%
Ποσοστημόρια μέσου σφάλματος	
25%	< 0.026172
50%	< 0.169240
75%	< 0.254490
90%	< 0.342930

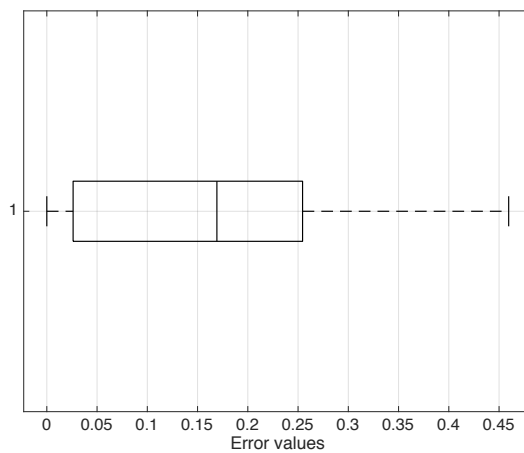
Πίνακας 79. Τα αποτελέσματα του πειράματος EVOL1BASIC - EX36.



Διάγραμμα 139. Το μέσο σφάλμα ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 140. Η μέση απόσταση Levenshtein ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



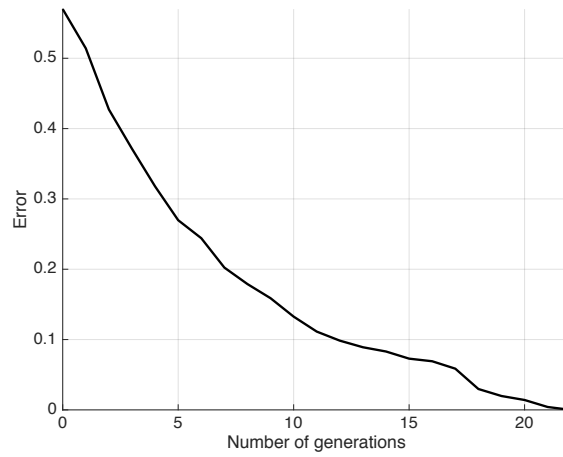
Διάγραμμα 141. Το θηκόγραμμα των τιμών του μέσου σφάλματος.

ΚΩΔΙΚΟΣ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: EVOL1BASIC - EX37	
ΑΡΙΘΜΟΣ ΔΙΑΔΟΧΙΚΩΝ ΕΠΑΝΑΛΗΨΕΩΝ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: 10	
ΣΥΝΘΗΚΗ ΤΕΡΜΑΤΙΣΜΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ: $err(f, h_i) = 0$	
ΤΙΜΕΣ ΕΙΣΟΔΟΥ	
ΜΕΤΑΒΛΗΤΗ	ΤΙΜΗ
Μέγεθος X_n	16
Μέγεθος δείγματος S	2^{10}
Μέγιστο όριο γενεών	10000
δ_{min}	0.001
δ_{max}	0.05
Τυχαία κατανομή	Bernoulli ($p = 0.7$)
Συνάρτηση σφάλματος	Ελάχιστα τετράγωνα
Τυχαίοποιημένη περιοχή N^*	Όχι
Ποσοστό N^* (επί της αρχικής N)	\emptyset
Αποκλίνουσα συνάρτηση f^d	Όχι
Είδος απόκλισης	\emptyset
Ιδανική συνάρτηση f	[3 4 7 8 11 14 15]
Αρχική προσέγγιση h	[2 5 6 10]
Συγκριτικό μέγεθος h, f	$ h < f $
Διασταύρωση	Όχι
Αρχικός πληθυσμός	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset

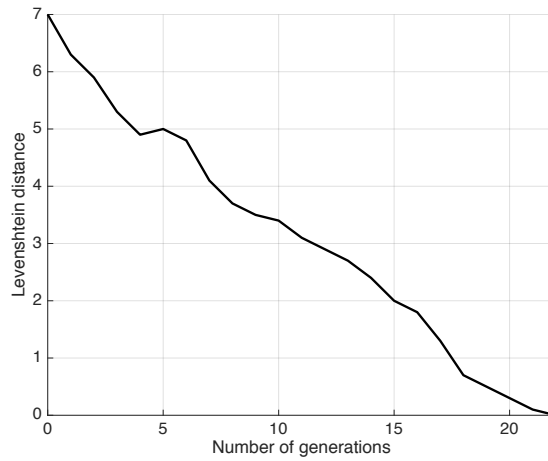
Πίνακας 80. Το πείραμα EVOL1BASIC - EX37.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ	
Μέγιστος αριθμός γενεών	22
Ελάχιστος αριθμός γενεών	11
Μέσος αριθμός γενεών	16.8
Ποσοστό επαναλήψεων με μονότονη σύγκλιση	80%
Ποσοστό επαναλήψεων με απόλυτη σύγκλιση στο στόχο	100%
Ποσοστημόρια μέσου σφάλματος	
25%	< 0.06123
50%	< 0.11133
75%	< 0.26333
90%	< 0.44453

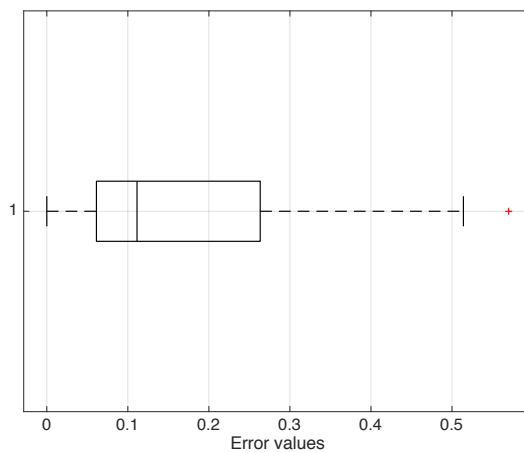
Πίνακας 81. Τα αποτελέσματα του πειράματος EVOL1BASIC - EX37.



Διάγραμμα 142. Το μέσο σφάλμα ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 143. Η μέση απόσταση Levenshtein ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



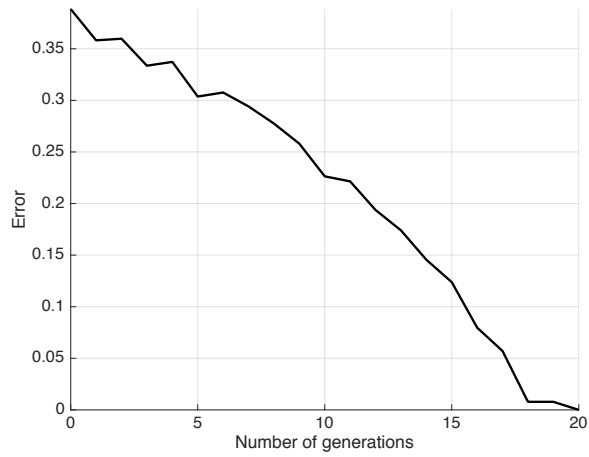
Διάγραμμα 144. Το θηκόγραμμα των τιμών του μέσου σφάλματος.

ΚΩΔΙΚΟΣ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: EVOL1BASIC - EX38	
ΑΡΙΘΜΟΣ ΔΙΑΔΟΧΙΚΩΝ ΕΠΑΝΑΛΗΨΕΩΝ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: 10	
ΣΥΝΘΗΚΗ ΤΕΡΜΑΤΙΣΜΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ: $err(f, h_i) = 0$	
ΤΙΜΕΣ ΕΙΣΟΔΟΥ	
ΜΕΤΑΒΛΗΤΗ	ΤΙΜΗ
Μέγεθος X_n	16
Μέγεθος δείγματος S	2^{10}
Μέγιστο όριο γενεών	10000
δ_{min}	0.001
δ_{max}	0.05
Τυχαία κατανομή	Bernoulli ($p = 0.7$)
Συνάρτηση σφάλματος	Ελάχιστα τετράγωνα
Τυχαίοποιημένη περιοχή N^*	Όχι
Ποσοστό N^* (επί της αρχικής N)	\emptyset
Αποκλίνουσα συνάρτηση f^d	Όχι
Είδος απόκλισης	\emptyset
Ιδανική συνάρτηση f	[1 3 5 14 16]
Αρχική προσέγγιση h	[2 4 6 8 9 10 12 13 15]
Συγκριτικό μέγεθος h, f	$ h > f $
Διασταύρωση	Όχι
Αρχικός πληθυσμός	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset

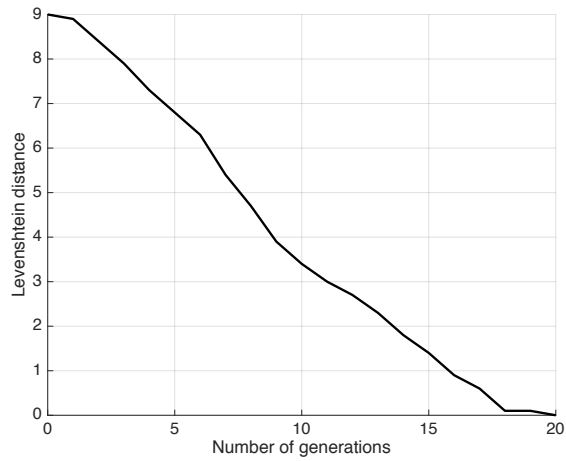
Πίνακας 82. Το πείραμα EVOL1BASIC - EX38.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ	
Μέγιστος αριθμός γενεών	20
Ελάχιστος αριθμός γενεών	13
Μέσος αριθμός γενεών	17
Ποσοστό επαναλήψεων με μονότονη σύγκλιση	60%
Ποσοστό επαναλήψεων με απόλυτη σύγκλιση στο στόχο	100%
Ποσοστημόρια μέσου σφάλματος	
25%	< 0.11279
50%	< 0.22637
75%	< 0.31411
90%	< 0.35883

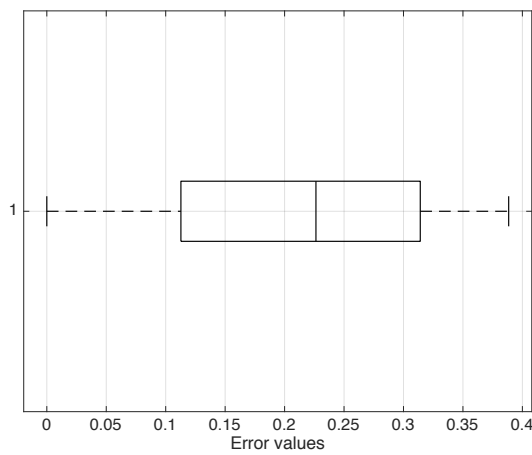
Πίνακας 83. Τα αποτελέσματα του πειράματος EVOL1BASIC - EX38.



Διάγραμμα 145. Το μέσο σφάλμα ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 146. Η μέση απόσταση Levenshtein ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



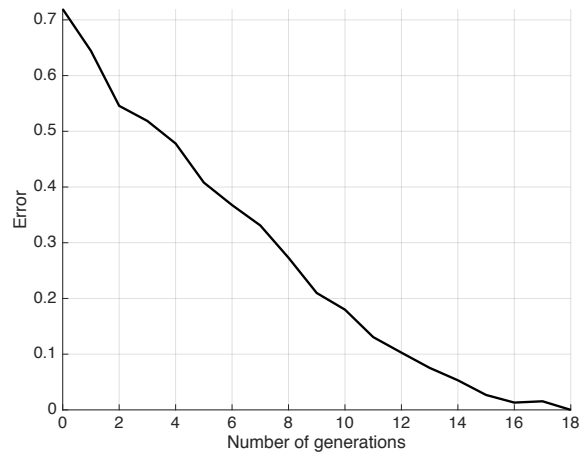
Διάγραμμα 147. Το θηκόγραμμα των τιμών του μέσου σφάλματος.

ΚΩΔΙΚΟΣ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: EVOL1BASIC - EX39	
ΑΡΙΘΜΟΣ ΔΙΑΔΟΧΙΚΩΝ ΕΠΑΝΑΛΗΨΕΩΝ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: 10	
ΣΥΝΘΗΚΗ ΤΕΡΜΑΤΙΣΜΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ: $err(f, h_i) = 0$	
ΤΙΜΕΣ ΕΙΣΟΔΟΥ	
ΜΕΤΑΒΛΗΤΗ	ΤΙΜΗ
Μέγεθος X_n	16
Μέγεθος δείγματος S	2^{10}
Μέγιστο όριο γενεών	10000
δ_{min}	0.001
δ_{max}	0.05
Τυχαία κατανομή	Bernoulli ($p = 0.7$)
Συνάρτηση σφάλματος	Ελάχιστα τετράγωνα
Τυχαίοποιημένη περιοχή N^*	Όχι
Ποσοστό N^* (επί της αρχικής N)	\emptyset
Αποκλίνουσα συνάρτηση f^d	Όχι
Είδος απόκλισης	\emptyset
Ιδανική συνάρτηση f	[2 3 6 11]
Αρχική προσέγγιση h	[1 5 13 15]
Συγκριτικό μέγεθος h, f	$ h = f $
Διασταύρωση	Όχι
Αρχικός πληθυσμός	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset

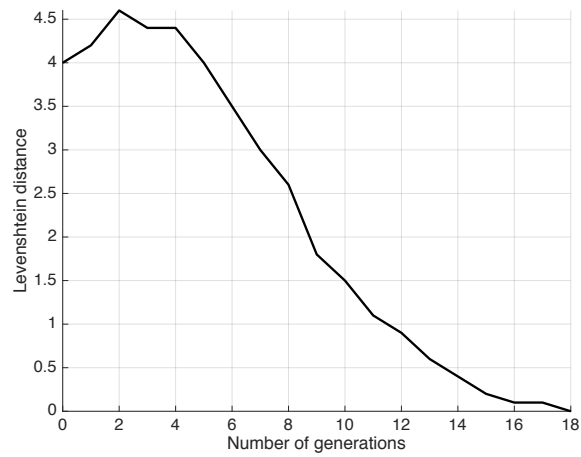
Πίνακας 84. Το πείραμα EVOL1BASIC - EX39.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ	
Μέγιστος αριθμός γενεών	18
Ελάχιστος αριθμός γενεών	6
Μέσος αριθμός γενεών	12.2
Ποσοστό επαναλήψεων με μονότονη σύγκλιση	90%
Ποσοστό επαναλήψεων με απόλυτη σύγκλιση στο στόχο	100%
Ποσοστημόρια μέσου σφάλματος	
25%	< 0.058691
50%	< 0.209770
75%	< 0.460600
90%	< 0.460600

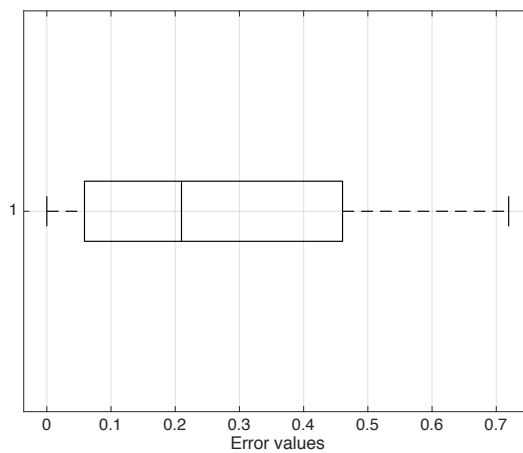
Πίνακας 85. Τα αποτελέσματα του πειράματος EVOL1BASIC - EX39.



Διάγραμμα 148. Το μέσο σφάλμα ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 149. Η μέση απόσταση Levenshtein ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



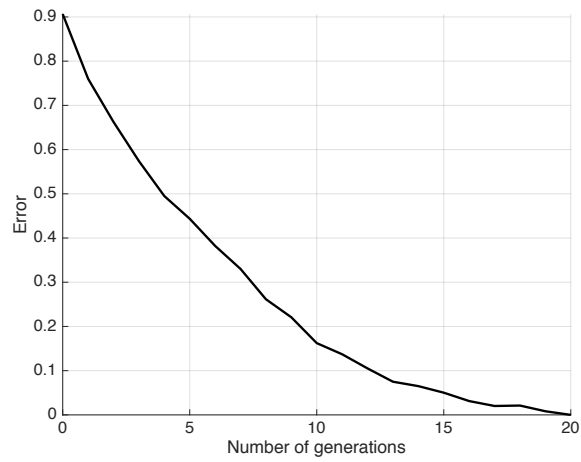
Διάγραμμα 150. Το θηκόγραμμα των τιμών του μέσου σφάλματος.

ΚΩΔΙΚΟΣ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: EVOL1BASIC - EX40	
ΑΡΙΘΜΟΣ ΔΙΑΔΟΧΙΚΩΝ ΕΠΑΝΑΛΗΨΕΩΝ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: 10	
ΣΥΝΘΗΚΗ ΤΕΡΜΑΤΙΣΜΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ: $err(f, h_i) = 0$	
ΤΙΜΕΣ ΕΙΣΟΔΟΥ	
ΜΕΤΑΒΛΗΤΗ	ΤΙΜΗ
Μέγεθος X_n	16
Μέγεθος δείγματος S	2^{10}
Μέγιστο όριο γενεών	10000
δ_{min}	0.001
δ_{max}	0.05
Τυχαία κατανομή	Bernoulli ($p = 0.8$)
Συνάρτηση σφάλματος	Ελάχιστα τετράγωνα
Τυχαιοποιημένη περιοχή N^*	Όχι
Ποσοστό N^* (επί της αρχικής N)	\emptyset
Αποκλίνουσα συνάρτηση f^d	Όχι
Είδος απόκλισης	\emptyset
Ιδανική συνάρτηση f	[3 4 7 8 11 14 15]
Αρχική προσέγγιση h	[2 5 6 10]
Συγκριτικό μέγεθος h, f	$ h < f $
Διασταύρωση	Όχι
Αρχικός πληθυσμός	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset

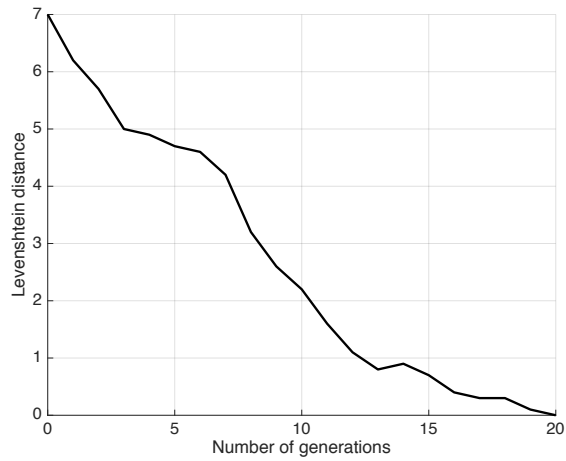
Πίνακας 86. Το πείραμα EVOL1BASIC - EX40.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ	
Μέγιστος αριθμός γενεών	20
Ελάχιστος αριθμός γενεών	8
Μέσος αριθμός γενεών	13.9
Ποσοστό επαναλήψεων με μονότονη σύγκλιση	100%
Ποσοστό επαναλήψεων με απόλυτη σύγκλιση στο στόχο	100%
Ποσοστημόρια μέσου σφάλματος	
25%	< 0.045459
50%	< 0.162300
75%	< 0.456400
90%	< 0.701560

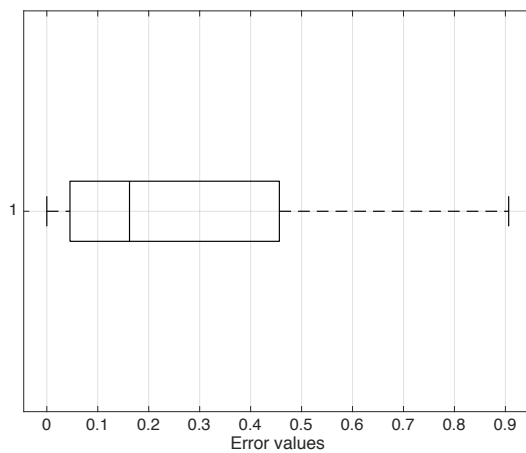
Πίνακας 87. Τα αποτελέσματα του πειράματος EVOL1BASIC - EX40.



Διάγραμμα 151. Το μέσο σφάλμα ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 152. Η μέση απόσταση Levenshtein ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



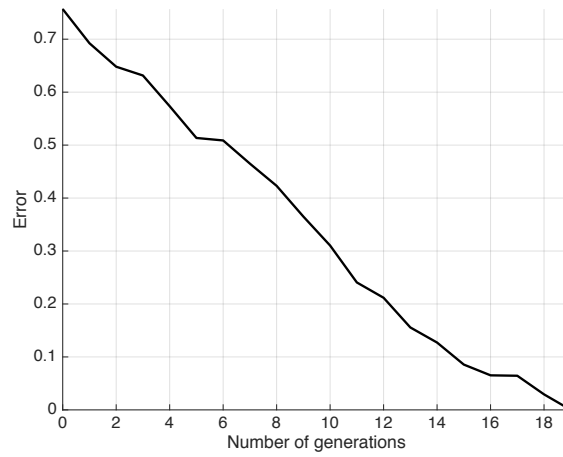
Διάγραμμα 153. Το θηκόγραμμα των τιμών του μέσου σφάλματος.

ΚΩΔΙΚΟΣ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: EVOL1BASIC - EX41	
ΑΡΙΘΜΟΣ ΔΙΑΔΟΧΙΚΩΝ ΕΠΑΝΑΛΗΨΕΩΝ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: 10	
ΣΥΝΘΗΚΗ ΤΕΡΜΑΤΙΣΜΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ: $err(f, h_i) = 0$	
ΤΙΜΕΣ ΕΙΣΟΔΟΥ	
ΜΕΤΑΒΛΗΤΗ	ΤΙΜΗ
Μέγεθος X_n	16
Μέγεθος δείγματος S	2^{10}
Μέγιστο όριο γενεών	10000
δ_{min}	0.001
δ_{max}	0.05
Τυχαία κατανομή	Bernoulli ($p = 0.8$)
Συνάρτηση σφάλματος	Ελάχιστα τετράγωνα
Τυχαιοποιημένη περιοχή N^*	Όχι
Ποσοστό N^* (επί της αρχικής N)	\emptyset
Αποκλίνουσα συνάρτηση f^d	Όχι
Είδος απόκλισης	\emptyset
Ιδανική συνάρτηση f	[1 3 5 14 16]
Αρχική προσέγγιση h	[2 4 6 8 9 10 12 13 15]
Συγκριτικό μέγεθος h, f	$ h > f $
Διασταύρωση	Όχι
Αρχικός πληθυσμός	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset

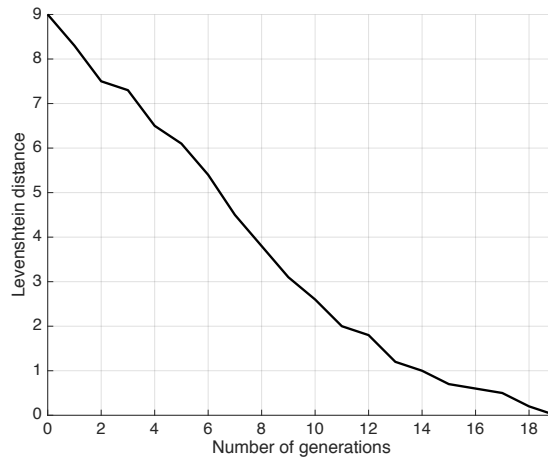
Πίνακας 88. Το πείραμα EVOL1BASIC - EX41.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ	
Μέγιστος αριθμός γενεών	19
Ελάχιστος αριθμός γενεών	11
Μέσος αριθμός γενεών	15.4
Ποσοστό επαναλήψεων με μονότονη σύγκλιση	100%
Ποσοστό επαναλήψεων με απόλυτη σύγκλιση στο στόχο	100%
Ποσοστημόρια μέσου σφάλματος	
25%	< 0.10635
50%	< 0.33770
75%	< 0.54346
90%	< 0.67021

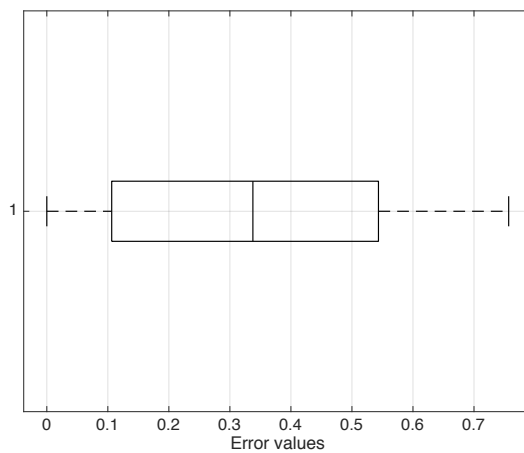
Πίνακας 89. Τα αποτελέσματα του πειράματος EVOL1BASIC - EX41.



Διάγραμμα 154. Το μέσο σφάλμα ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 155. Η μέση απόσταση Levenshtein ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



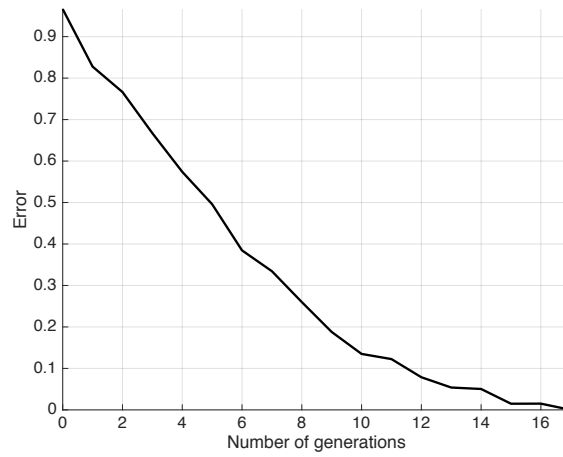
Διάγραμμα 156. Το θηκόγραμμα των τιμών του μέσου σφάλματος.

ΚΩΔΙΚΟΣ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: EVOL1BASIC - EX42	
ΑΡΙΘΜΟΣ ΔΙΑΔΟΧΙΚΩΝ ΕΠΑΝΑΛΗΨΕΩΝ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: 10	
ΣΥΝΘΗΚΗ ΤΕΡΜΑΤΙΣΜΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ: $err(f, h_i) = 0$	
ΤΙΜΕΣ ΕΙΣΟΔΟΥ	
ΜΕΤΑΒΛΗΤΗ	ΤΙΜΗ
Μέγεθος X_n	16
Μέγεθος δείγματος S	2^{10}
Μέγιστο όριο γενεών	10000
δ_{min}	0.001
δ_{max}	0.05
Τυχαία κατανομή	Bernoulli ($p = 0.8$)
Συνάρτηση σφάλματος	Ελάχιστα τετράγωνα
Τυχαιοποιημένη περιοχή N^*	Όχι
Ποσοστό N^* (επί της αρχικής N)	\emptyset
Αποκλίνουσα συνάρτηση f^d	Όχι
Είδος απόκλισης	\emptyset
Ιδανική συνάρτηση f	[2 3 6 11]
Αρχική προσέγγιση h	[1 5 13 15]
Συγκριτικό μέγεθος h, f	$ h = f $
Διασταύρωση	Όχι
Αρχικός πληθυσμός	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset

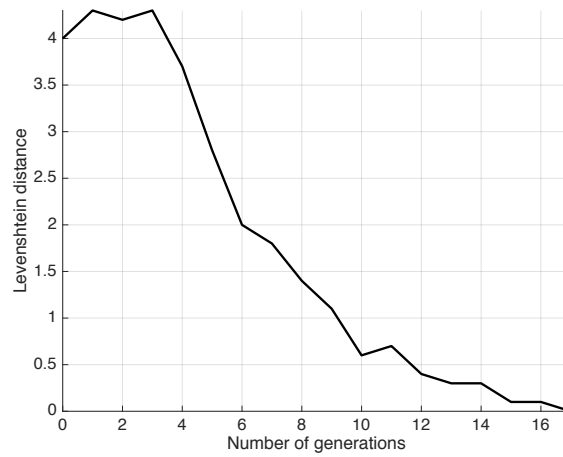
Πίνακας 90. Το πείραμα EVOL1BASIC - EX42.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ	
Μέγιστος αριθμός γενεών	17
Ελάχιστος αριθμός γενεών	5
Μέσος αριθμός γενεών	11
Ποσοστό επαναλήψεων με μονότονη σύγκλιση	90%
Ποσοστό επαναλήψεων με απόλυτη σύγκλιση στο στόχο	100%
Ποσοστημόρια μέσου σφάλματος	
25%	< 0.053906
50%	< 0.223930
75%	< 0.574020
90%	< 0.809340

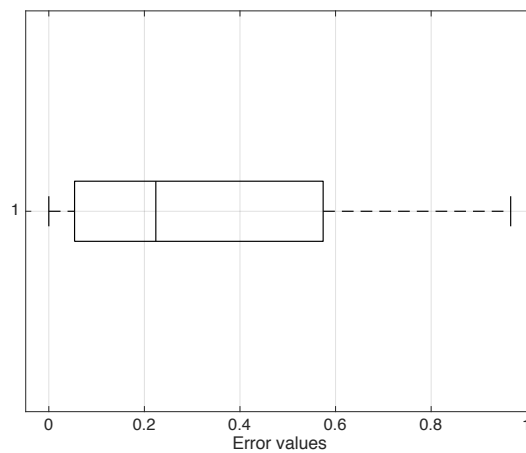
Πίνακας 91. Τα αποτελέσματα του πειράματος EVOL1BASIC - EX42.



Διάγραμμα 157. Το μέσο σφάλμα ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 158. Η μέση απόσταση Levenshtein ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



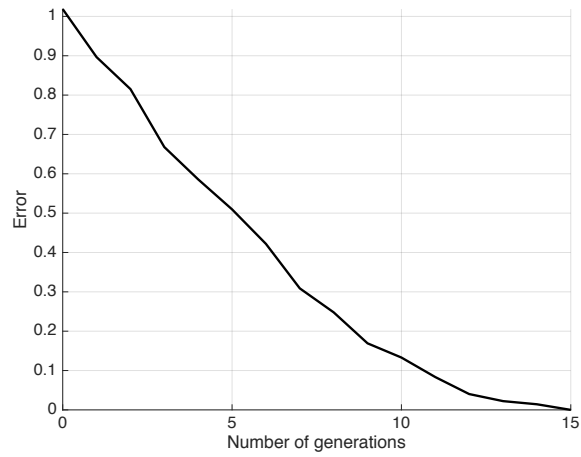
Διάγραμμα 159. Το θηκόγραμμα των τιμών του μέσου σφάλματος.

ΚΩΔΙΚΟΣ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: EVOL1BASIC - EX43	
ΑΡΙΘΜΟΣ ΔΙΑΔΟΧΙΚΩΝ ΕΠΑΝΑΛΗΨΕΩΝ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: 10	
ΣΥΝΘΗΚΗ ΤΕΡΜΑΤΙΣΜΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ: $err(f, h_i) = 0$	
ΤΙΜΕΣ ΕΙΣΟΔΟΥ	
ΜΕΤΑΒΛΗΤΗ	ΤΙΜΗ
Μέγεθος X_n	16
Μέγεθος δείγματος S	2^{10}
Μέγιστο όριο γενεών	10000
δ_{min}	0.001
δ_{max}	0.05
Τυχαία κατανομή	Bernoulli ($p = 0.9$)
Συνάρτηση σφάλματος	Ελάχιστα τετράγωνα
Τυχαίοποιημένη περιοχή N^*	Όχι
Ποσοστό N^* (επί της αρχικής N)	\emptyset
Αποκλίνουσα συνάρτηση f^d	Όχι
Είδος απόκλισης	\emptyset
Ιδανική συνάρτηση f	[3 4 7 8 11 14 15]
Αρχική προσέγγιση h	[2 5 6 10]
Συγκριτικό μέγεθος h, f	$ h < f $
Διασταύρωση	Όχι
Αρχικός πληθυσμός	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset

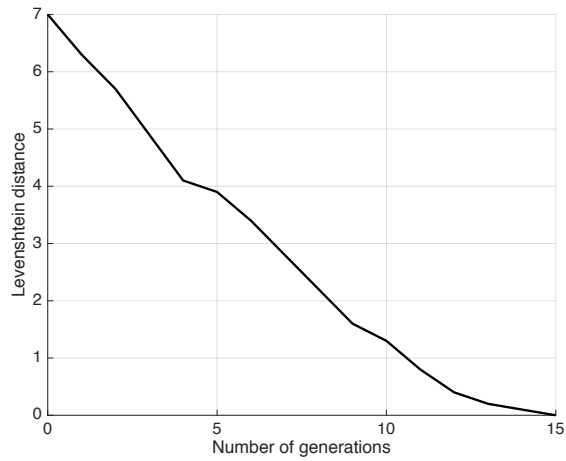
Πίνακας 92. Το πείραμα EVOL1BASIC - EX43.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ	
Μέγιστος αριθμός γενεών	15
Ελάχιστος αριθμός γενεών	9
Μέσος αριθμός γενεών	11.7
Ποσοστό επαναλήψεων με μονότονη σύγκλιση	100%
Ποσοστό επαναλήψεων με απόλυτη σύγκλιση στο στόχο	100%
Ποσοστημόρια μέσου σφάλματος	
25%	< 0.061816
50%	< 0.278320
75%	< 0.626860
90%	< 0.888360

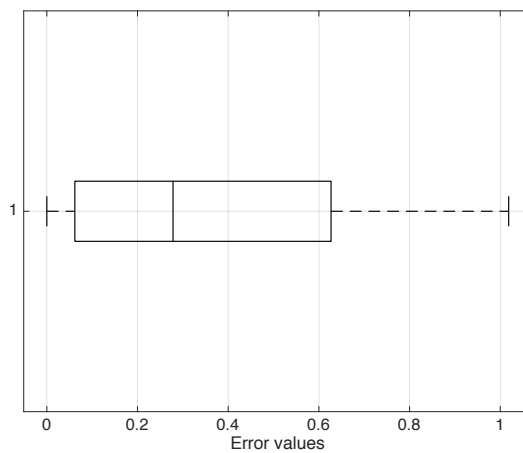
Πίνακας 93. Τα αποτελέσματα του πειράματος EVOL1BASIC - EX43.



Διάγραμμα 160. Το μέσο σφάλμα ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 161. Η μέση απόσταση Levenshtein ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



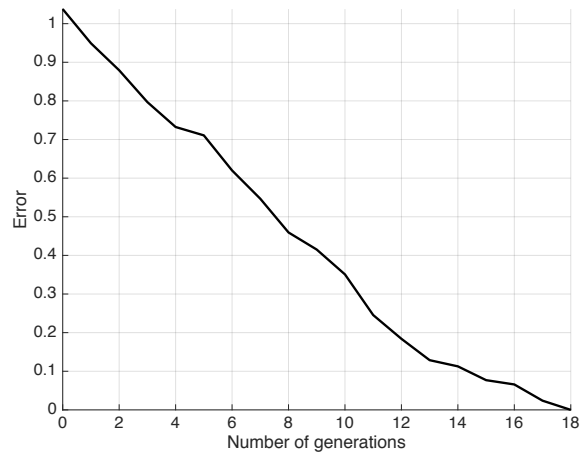
Διάγραμμα 162. Το θηκόγραμμα των τιμών του μέσου σφάλματος.

ΚΩΔΙΚΟΣ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: EVOL1BASIC - EX44	
ΑΡΙΘΜΟΣ ΔΙΑΔΟΧΙΚΩΝ ΕΠΑΝΑΛΗΨΕΩΝ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: 10	
ΣΥΝΘΗΚΗ ΤΕΡΜΑΤΙΣΜΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ: $err(f, h_i) = 0$	
ΤΙΜΕΣ ΕΙΣΟΔΟΥ	
ΜΕΤΑΒΛΗΤΗ	ΤΙΜΗ
Μέγεθος X_n	16
Μέγεθος δείγματος S	2^{10}
Μέγιστο όριο γενεών	10000
δ_{min}	0.001
δ_{max}	0.05
Τυχαία κατανομή	Bernoulli ($p = 0.9$)
Συνάρτηση σφάλματος	Ελάχιστα τετράγωνα
Τυχαίοποιημένη περιοχή N^*	Όχι
Ποσοστό N^* (επί της αρχικής N)	\emptyset
Αποκλίνουσα συνάρτηση f^d	Όχι
Είδος απόκλισης	\emptyset
Ιδανική συνάρτηση f	[1 3 5 14 16]
Αρχική προσέγγιση h	[2 4 6 8 9 10 12 13 15]
Συγκριτικό μέγεθος h, f	$ h > f $
Διασταύρωση	Όχι
Αρχικός πληθυσμός	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset

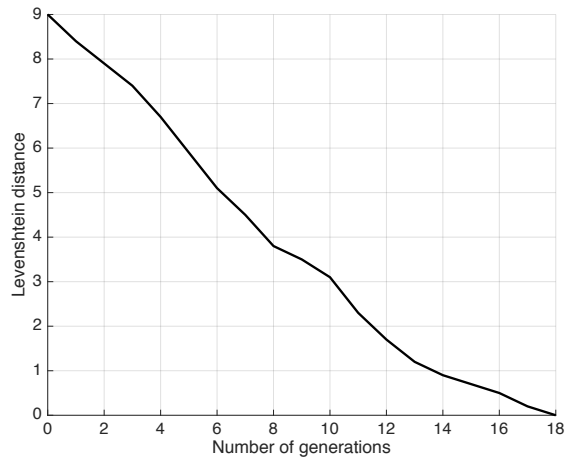
Πίνακας 94. Το πείραμα EVOL1BASIC - EX44.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ	
Μέγιστος αριθμός γενεών	18
Ελάχιστος αριθμός γενεών	11
Μέσος αριθμός γενεών	14.5
Ποσοστό επαναλήψεων με μονότονη σύγκλιση	100%
Ποσοστό επαναλήψεων με απόλυτη σύγκλιση στο στόχο	100%
Ποσοστημόρια μέσου σφάλματος	
25%	< 0.11670
50%	< 0.41504
75%	< 0.72700
90%	< 0.92125

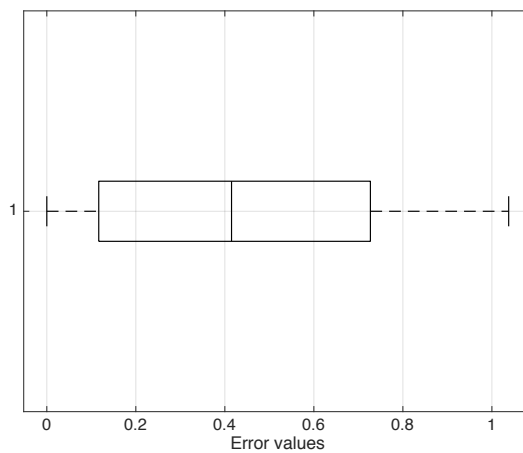
Πίνακας 95. Τα αποτελέσματα του πειράματος EVOL1BASIC - EX44.



Διάγραμμα 163. Το μέσο σφάλμα ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 164. Η μέση απόσταση Levenshtein ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



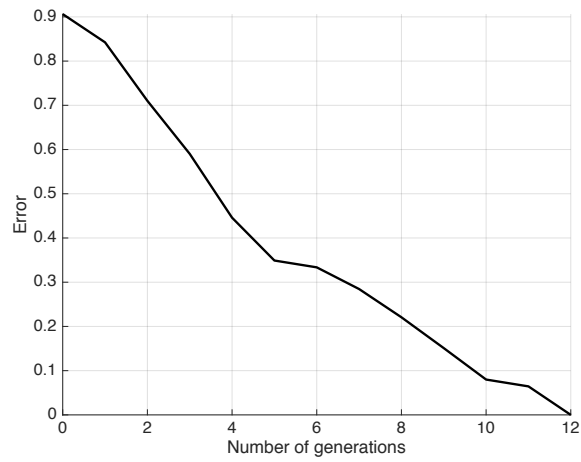
Διάγραμμα 165. Το θηκόγραμμα των τιμών του μέσου σφάλματος.

ΚΩΔΙΚΟΣ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: EVOL1BASIC - EX45	
ΑΡΙΘΜΟΣ ΔΙΑΔΟΧΙΚΩΝ ΕΠΑΝΑΛΗΨΕΩΝ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: 10	
ΣΥΝΘΗΚΗ ΤΕΡΜΑΤΙΣΜΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ: $err(f, h_i) = 0$	
ΤΙΜΕΣ ΕΙΣΟΔΟΥ	
ΜΕΤΑΒΛΗΤΗ	ΤΙΜΗ
Μέγεθος X_n	16
Μέγεθος δείγματος S	2^{10}
Μέγιστο όριο γενεών	10000
δ_{min}	0.001
δ_{max}	0.05
Τυχαία κατανομή	Bernoulli ($p = 0.9$)
Συνάρτηση σφάλματος	Ελάχιστα τετράγωνα
Τυχαιοποιημένη περιοχή N^*	Όχι
Ποσοστό N^* (επί της αρχικής N)	\emptyset
Αποκλίνουσα συνάρτηση f^d	Όχι
Είδος απόκλισης	\emptyset
Ιδανική συνάρτηση f	[2 3 6 11]
Αρχική προσέγγιση h	[1 5 13 15]
Συγκριτικό μέγεθος h, f	$ h = f $
Διασταύρωση	Όχι
Αρχικός πληθυσμός	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset

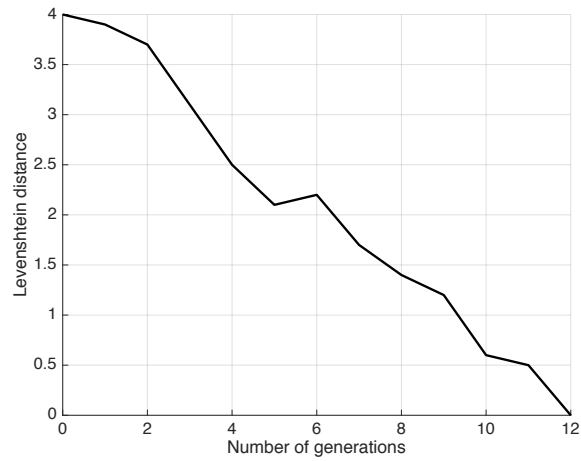
Πίνακας 96. Το πείραμα EVOL1BASIC - EX45.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ	
Μέγιστος αριθμός γενεών	12
Ελάχιστος αριθμός γενεών	5
Μέσος αριθμός γενεών	10.1
Ποσοστό επαναλήψεων με μονότονη σύγκλιση	90%
Ποσοστό επαναλήψεων με απόλυτη σύγκλιση στο στόχο	100%
Ποσοστημόρια μέσου σφάλματος	
25%	< 0.13320
50%	< 0.33359
75%	< 0.62021
90%	< 0.85516

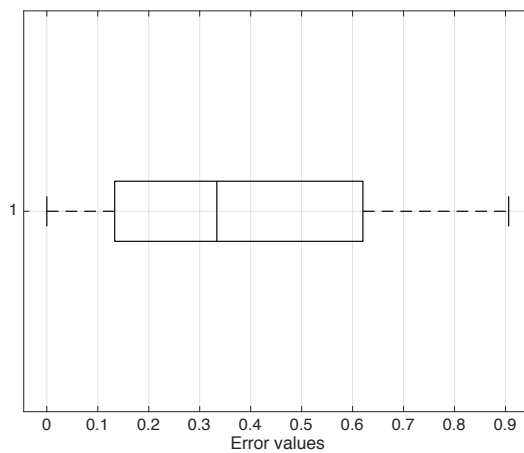
Πίνακας 97. Τα αποτελέσματα του πειράματος EVOL1BASIC - EX45.



Διάγραμμα 166. Το μέσο σφάλμα ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 167. Η μέση απόσταση Levenshtein ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 168. Το θηκόγραμμα των τιμών του μέσου σφάλματος.

5.1.4 Σχολιασμός αποτελεσμάτων (κατανομή Bernoulli)

Τα πιο πάνω αποτελέσματα βρίσκονται σε συμφωνία με την εργασία του Feldman [05] στην οποία αποδεικνύεται ότι οι συζεύξεις είναι εξελίξιμες για όλες τις τυχαίες κατανομές με βάση τη συνάρτηση σφάλματος των ελαχίστων τετραγώνων. Παρατηρούμε επίσης ότι καθώς το $p \rightarrow 1$ η σύγκλιση στο στόχο γίνεται απόλυτα. Αντίθετα, δεν προκύπτει κάποιο στοιχείο για μονότονη σύγκλιση του αλγόριθμου.

5.2 Ο αλγόριθμος EVOL2BESTH

Ο αλγόριθμος EVOL2BESTH είναι μια ελαφρώς παραλλαγμένη μορφή του αλγόριθμου EVOL1BASIC. Η διαφορά είναι ότι κατά την εφαρμογή του μοντέλου, αφού δημιουργηθεί η περιοχή υποψήφιων προσεγγίσεων N και υπολογισθεί η απόδοση κάθε συνάρτησης που περιλαμβάνεται σε αυτή, επιλέγεται ως η επόμενη προσέγγιση αυτή με την καλύτερη απόδοση μεταξύ όλων. Δηλαδή παραλείπεται ο διαχωρισμός των υποψήφιων προσεγγίσεων σε ωφέλιμες, ουδέτερες και δηλητηριώδεις.

Ο ψευδοκώδικας για τον αλγόριθμο παρουσιάζεται στον Πίνακα 98.

Αλγόριθμος EVOL2BESTH

Input: hypothesis h_i , ideal function f , dimension (n) of X_n , size (s) of sample S , distribution choice (j)
Output: updated hypothesis h_{i+1}

1. function **EVOL2BESTH**(h_i, f, n, s)
2. **if** $|h| > 0$:
3. create N^-
4. **else**
5. $N^- \leftarrow \{ \}$
6. **if** $|h| < n$:
7. create N^+ ; create N^\pm
8. **else**
9. $N^+ \leftarrow \{ \}$; $N^\pm \leftarrow \{ \}$
10. $N \leftarrow N^- \cup N^+ \cup N^\pm \cup \{h_i\}$
11. **for** $\bar{h}_i \in N$:
12. $S \leftarrow \text{RandomDistr}_j(X_n)$ // $j = 1$: Uniform, $j = 2$: Bernoulli
13. $\theta(\bar{h}_i) \leftarrow \text{Perf}_s(f, \bar{h}_i)$
14. $h_{i+1} \leftarrow \text{SelectBest}(N, \theta(\bar{h}_i))$
15. **return** h_{i+1}

Πίνακας 98. Ο αλγόριθμος EVOL2BESTH.

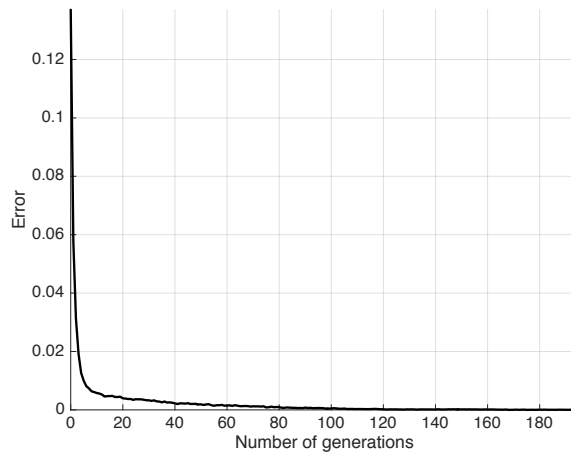
5.2.1 Σχεδιασμός πειραμάτων και αποτελέσματα

ΚΩΔΙΚΟΣ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: EVOL2BESTH - EX46	
ΑΡΙΘΜΟΣ ΔΙΑΔΟΧΙΚΩΝ ΕΠΑΝΑΛΗΨΕΩΝ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: 100	
ΣΥΝΘΗΚΗ ΤΕΡΜΑΤΙΣΜΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ: $err(f, h_i) = 0$	
ΤΙΜΕΣ ΕΙΣΟΔΟΥ	
ΜΕΤΑΒΛΗΤΗ	ΤΙΜΗ
Μέγεθος X_n	16
Μέγεθος δείγματος S	2^{10}
Μέγιστο όριο γενεών	10000
δ_{min}	\emptyset
δ_{max}	\emptyset
Τυχαία κατανομή	Ομοιόμορφη
Συνάρτηση σφάλματος	Συσχέτιση (-1/1)
Τυχαιοποιημένη περιοχή N^*	Όχι
Ποσοστό N^* (επί της αρχικής N)	\emptyset
Αποκλίνουσα συνάρτηση f^d	Όχι
Είδος απόκλισης	\emptyset
Ιδανική συνάρτηση f	[3 4 7 8 11 14 15]
Αρχική προσέγγιση h	[2 5 6 10]
Συγκριτικό μέγεθος h, f	$ h < f $
Διασταύρωση	Όχι
Αρχικός πληθυσμός	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset

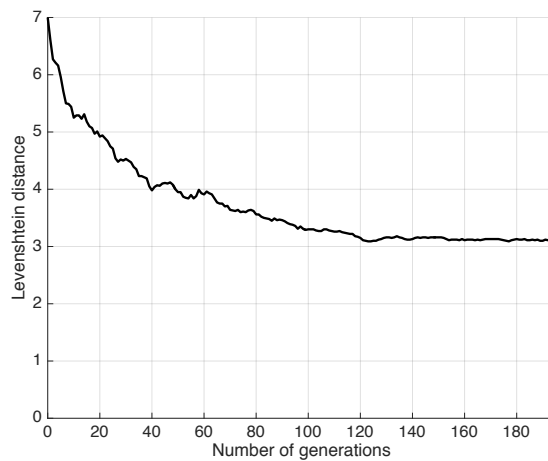
Πίνακας 99. Το πείραμα EVOL2BESTH - EX46.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ	
Μέγιστος αριθμός γενεών	195
Ελάχιστος αριθμός γενεών	7
Μέσος αριθμός γενεών	50.4
Ποσοστό επαναλήψεων με μονότονη σύγκλιση	100%
Ποσοστό επαναλήψεων με απόλυτη σύγκλιση στο στόχο	39%
Ποσοστημότητα μέσου σφάλματος	
25%	< 0.00013672
50%	< 0.00057617
75%	< 0.00197270
90%	< 0.00436910

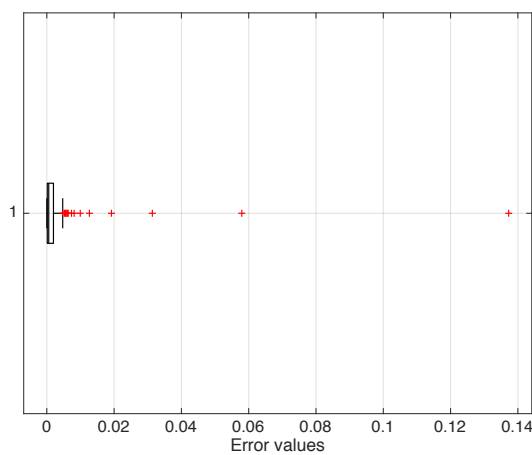
Πίνακας 100. Τα αποτελέσματα του πειράματος EVOL2BESTH - EX46.



Διάγραμμα 169. Το μέσο σφάλμα ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 170. Η μέση απόσταση Levenshtein ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



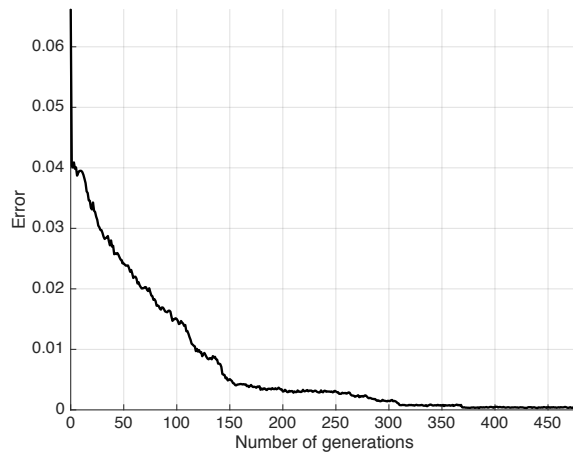
Διάγραμμα 171. Το θηκόγραμμα των τιμών του μέσου σφάλματος.

ΚΩΔΙΚΟΣ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: EVOL2BESTH – EX47	
ΑΡΙΘΜΟΣ ΔΙΑΔΟΧΙΚΩΝ ΕΠΑΝΑΛΗΨΕΩΝ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: 100	
ΣΥΝΘΗΚΗ ΤΕΡΜΑΤΙΣΜΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ: $err(f, h_i) = 0$	
ΤΙΜΕΣ ΕΙΣΟΔΟΥ	
ΜΕΤΑΒΛΗΤΗ	ΤΙΜΗ
Μέγεθος X_n	16
Μέγεθος δείγματος S	2^{10}
Μέγιστο όριο γενεών	10000
δ_{min}	\emptyset
δ_{max}	\emptyset
Τυχαία κατανομή	Ομοιόμορφη
Συνάρτηση σφάλματος	Συσχέτιση (-1/1)
Τυχαίοποιημένη περιοχή N^*	Όχι
Ποσοστό N^* (επί της αρχικής N)	\emptyset
Αποκλίνουσα συνάρτηση f^d	Όχι
Είδος απόκλισης	\emptyset
Ιδανική συνάρτηση f	[1 3 5 14 16]
Αρχική προσέγγιση h	[2 4 6 8 9 10 12 13 15]
Συγκριτικό μέγεθος h, f	$ h > f $
Διασταύρωση	Όχι
Αρχικός πληθυσμός	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset

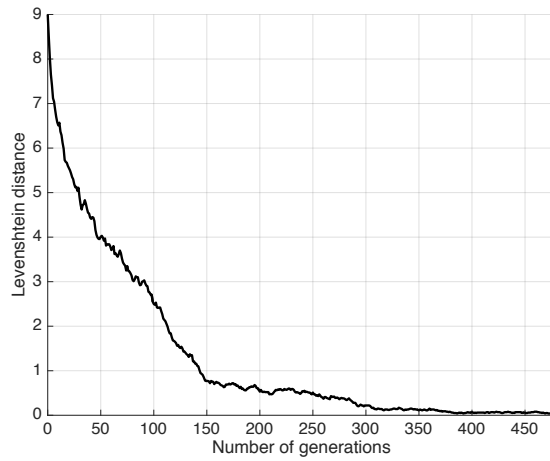
Πίνακας 101. Το πείραμα EVOL2BESTH – EX47.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ	
Μέγιστος αριθμός γενεών	479
Ελάχιστος αριθμός γενεών	13
Μέσος αριθμός γενεών	94.42
Ποσοστό επαναλήψεων με μονότονη σύγκλιση	94%
Ποσοστό επαναλήψεων με απόλυτη σύγκλιση στο στόχο	100%
Ποσοστημόρια μέσου σφάλματος	
25%	< 0.00072266
50%	< 0.00295900
75%	< 0.00979490
90%	< 0.02479500

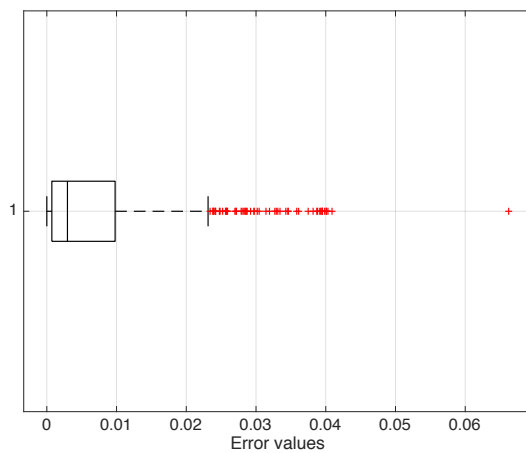
Πίνακας 102. Τα αποτελέσματα του πειράματος EVOL2BESTH – EX47.



Διάγραμμα 172. Το μέσο σφάλμα ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 173. Η μέση απόσταση Levenshtein ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



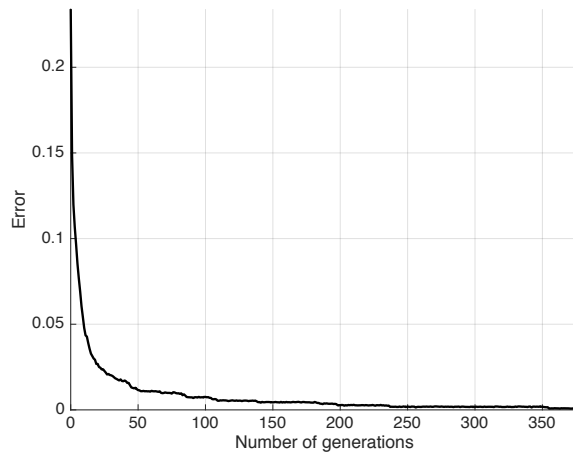
Διάγραμμα 174. Το θηκόγραμμα των τιμών του μέσου σφάλματος.

ΚΩΔΙΚΟΣ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: EVOL2BESTH – EX48	
ΑΡΙΘΜΟΣ ΔΙΑΔΟΧΙΚΩΝ ΕΠΑΝΑΛΗΨΕΩΝ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: 100	
ΣΥΝΘΗΚΗ ΤΕΡΜΑΤΙΣΜΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ: $err(f, h_i) = 0$	
ΤΙΜΕΣ ΕΙΣΟΔΟΥ	
ΜΕΤΑΒΛΗΤΗ	ΤΙΜΗ
Μέγεθος X_n	16
Μέγεθος δείγματος S	2^{10}
Μέγιστο όριο γενεών	10000
δ_{min}	\emptyset
δ_{max}	\emptyset
Τυχαία κατανομή	Ομοιόμορφη
Συνάρτηση σφάλματος	Συσχέτιση (-1/1)
Τυχαίοποιημένη περιοχή N^*	Όχι
Ποσοστό N^* (επί της αρχικής N)	\emptyset
Αποκλίνουσα συνάρτηση f^d	Όχι
Είδος απόκλισης	\emptyset
Ιδανική συνάρτηση f	[2 3 6 11]
Αρχική προσέγγιση h	[1 5 13 15]
Συγκριτικό μέγεθος h, f	$ h = f $
Διασταύρωση	Όχι
Αρχικός πληθυσμός	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset

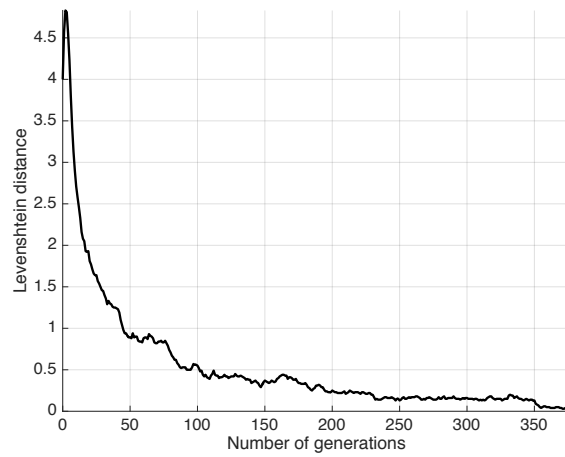
Πίνακας 103. Το πείραμα EVOL2BESTH – EX48.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ	
Μέγιστος αριθμός γενεών	377
Ελάχιστος αριθμός γενεών	5
Μέσος αριθμός γενεών	33.7
Ποσοστό επαναλήψεων με μονότονη σύγκλιση	100%
Ποσοστό επαναλήψεων με απόλυτη σύγκλιση στο στόχο	100%
Ποσοστημόρια μέσου σφάλματος	
25%	< 0.0018359
50%	< 0.0036523
75%	< 0.0073633
90%	< 0.0171820

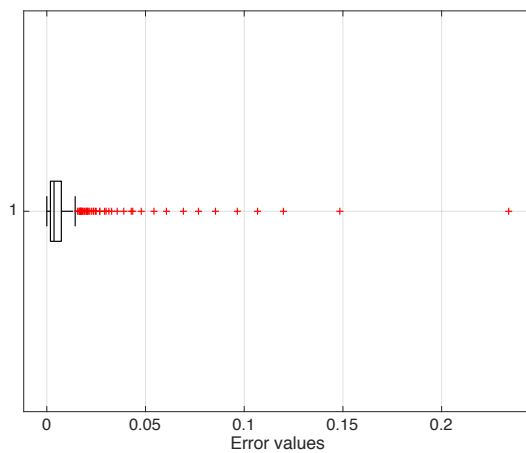
Πίνακας 104. Τα αποτελέσματα του πειράματος EVOL2BESTH – EX48.



Διάγραμμα 175. Το μέσο σφάλμα ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 176. Η μέση απόσταση Levenshtein ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 177. Το θηκόγραμμα των τιμών του μέσου σφάλματος.

5.2.2 Σχολιασμός αποτελεσμάτων

Σύμφωνα με τον Feldman [06] η ιδιότητα της εξελιξιμότητας για μια κατηγορία συναρτήσεων εξακολουθεί να υφίσταται αν σε κάθε γενεά επιλέγεται μεταξύ των υποψήφια προσεγγίσεων μία εκ των προσεγγίσεων με την καλύτερη απόδοση, χωρίς να χρειαστεί να τις διαχωρίσουμε σε ωφέλιμες, ουδέτερες και δηλητηριώδεις. Αυτό ακριβώς το αποτέλεσμα επιβεβαιώνεται από τα πειράματα EX46 – EX48, με μόνη διαφορά τώρα ότι απαιτείται (φυσιολογικά) μεγαλύτερος αριθμός γενεών για σύγκλιση του αλγόριθμου.

5.3 Ο αλγόριθμος EVOL3RAND

Ο αλγόριθμος EVOL3RAND διαφοροποιείται από τον αλγόριθμο EVOL1BASIC ως προς τον τρόπο δημιουργίας της περιοχής υποψήφια προσεγγίσεων. Ο συγκεκριμένος αλγόριθμος εξετάζει μια μικρότερη περιοχή N^* της οποίας το μέγεθος είναι ίσο με ένα ποσοστό (*perc* %) εκείνης που περιλαμβάνεται στο βασικό μοντέλο του Valiant [13]. Όπως είχαμε δείξει στην ενότητα 2.2 εκείνη η περιοχή έχει μέγεθος ίσο με,

$$1 + n \cdot (m + 1) - m^2$$

Η διαδικασία δημιουργίας της περιοχής N^* περιγράφεται στη συνέχεια.

Αρχικά υπολογίζεται το μέγεθος,

$$\dim(N) = \text{nint} \left(\frac{[1 + n \cdot (m + 1) - m^2] \cdot \text{perc}}{100} \right)$$

όπου $\text{nint}(x)$ είναι η συνάρτηση που δίνει τον πλησιέστερο ακέραιο στον αριθμό x . Ακολούθως ορίζονται τα σύνολα N^{ad} , N^s και N^{das} .

Για το σύνολο N^{ad} (με μέγεθος $\dim(N^{ad}) = \dim(N)/3$) εκτελείται τυχαία μια από τις ακόλουθες ενέργειες:

(α) Διαγραφή μιας τυχαία επιλεγμένης μεταβλητής της h_i .

(β) Εισαγωγή μιας τυχαία επιλεγμένης μεταβλητής στην h_i .

Η μετάλλαξη \bar{h}_i που δημιουργείται εισάγεται στο σύνολο N^{ad} . Η διαδικασία επαναλαμβάνεται μέχρι το μέγεθος του συνόλου N^{ad} να γίνει ίσο με $\dim(N)/3$.

Για το σύνολο N^s (με μέγεθος $\dim(N^s) = \dim(N)/2$) αντικαθίσταται μια τυχαία επιλεγμένη μεταβλητή της h_i με μια άλλη επίσης επιλεγμένη τυχαία. Η μετάλλαξη \bar{h}_i που

δημιουργείται εισάγεται στο σύνολο N^s . Η διαδικασία επαναλαμβάνεται μέχρι το μέγεθος του συνόλου N^s να γίνει ίσο με $\dim(N)/2$.

Για το σύνολο N^{das} (με μέγεθος $\dim(N^{das}) = \dim(N) - \dim(N^{ad}) - \dim(N^s)$) εκτελείται τυχαία μια από τις ακόλουθες ενέργειες:

- (α) Διαγραφή δύο τυχαία επιλεγμένων μεταβλητών της h_i .
- (β) Διαγραφή μιας τυχαία επιλεγμένης μεταβλητής της h_i και αντικατάσταση μιας τυχαία επιλεγμένης μεταβλητής της h_i με μια άλλη επίσης επιλεγμένη τυχαία.
- (γ) Εισαγωγή δύο τυχαία επιλεγμένων μεταβλητών στην h_i .
- (δ) Εισαγωγή μιας τυχαία επιλεγμένης μεταβλητής στην h_i και αντικατάσταση μιας τυχαία επιλεγμένης μεταβλητής της h_i με μια άλλη επίσης επιλεγμένη τυχαία.
- (ε) Αντικατάσταση δύο τυχαία επιλεγμένων μεταβλητών της h_i με δύο άλλες επίσης επιλεγμένες τυχαία.

Η μετάλλαξη \bar{h}_i που δημιουργείται εισάγεται στο σύνολο N^{das} . Η διαδικασία επαναλαμβάνεται μέχρι το μέγεθος του συνόλου N^{das} να γίνει ίσο με $\dim(N) - \dim(N^{ad}) - \dim(N^s)$.

Η περιοχή των υποψήφιων προσεγγίσεων της h_i θα είναι τελικά το σύνολο,

$$N^* = N^{ad} \cup N^s \cup N^{das} \cup \{h_i\}$$

Από την πιο πάνω διαδικασία προκύπτει ότι η N^* θα περιλαμβάνει υποψήφιες προσεγγίσεις \bar{h}_i με απόσταση Levenshtein $lev(h_i, \bar{h}_i) = 1$ (τα σύνολα N^{ad} , N^s) και υποψήφιες προσεγγίσεις \bar{h}_i με απόσταση Levenshtein $lev(h_i, \bar{h}_i) = 2$ (το σύνολο N^{das}).

Ο ψευδοκώδικας για τον αλγόριθμο EVOL3RAND παρουσιάζεται στον Πίνακα 105. Στους πίνακες 106, 107 και 108 παρουσιάζονται κωδικοποιημένες οι διαδικασίες δημιουργίας των συνόλων N^{ad} , N^s και N^{das} αντίστοιχα.

Αλγόριθμος EVOL3RAND

Input: hypothesis h_i , ideal function f , dimension (n) of X_n , size (s) of sample S , percentage of neighborhood ($perc$), δ_{min} , δ_{max} , distribution choice (j)

Output: updated hypothesis h_{i+1}

1. function **EVOL3RAND**($h_i, f, n, s, perc, \delta_{min}, \delta_{max}, j$)
 2. $dim(N) \leftarrow 1 + n \cdot (|h_i| + 1) - |h_i|^2$
 3. $dim(N) \leftarrow NearestInteger(perc \cdot dim(N)/100)$
 4. $dim(N^{ad}) \leftarrow dim(N)/3$
 5. $dim(N^s) \leftarrow dim(N)/2$
 6. $dim(N^{das}) \leftarrow dim(N) - dim(N^{ad}) - dim(N^s)$
 7. $N^{ad} \leftarrow \{ \}$ //begin create N^{ad}
 8. **for** ii **from** 1 **to** $dim(N^{ad})$:
 9. $\bar{h}_i \leftarrow RandomAddDel(h_i, n)$
 10. $N^{ad} \leftarrow N^{ad} \cup \{\bar{h}_i\}$
 11. $N^s \leftarrow \{ \}$ //begin create N^s
 12. **if** $|h_i| > 0$ **and** **if** $|h_i| < n$:
 13. **for** ii **from** 1 **to** $dim(N^s)$:
 14. $\bar{h}_i \leftarrow RandomSub(h_i, n)$
 15. $N^s \leftarrow N^s \cup \{\bar{h}_i\}$
 16. $N^{das} \leftarrow \{ \}$ //begin create N^{das}
 17. **for** ii **from** 1 **to** $dim(N^{das})$:
 18. $\bar{h}_i \leftarrow RandomDelAddSub(h_i, n)$
 19. $N^{das} \leftarrow N^{das} \cup \{\bar{h}_i\}$
 20. $N^* \leftarrow N^{ad} \cup N^s \cup N^{das} \cup \{h_i\}$
 21. **for** $\bar{h}_i \in N^*$:
 22. $AssignWeight(\bar{h}_i, N^*)$
 23. $Bene \leftarrow \{ \}$; $Neut \leftarrow \{h_i\}$
 24. $S \leftarrow RandomDistr_j(X_n)$ // $j = 1$: Uniform, $j = 2$: Bernoulli
 25. $\theta(h_i) \leftarrow Perf_s(f, h_i)$; $\delta(h_i) \leftarrow (\delta_{min} - \delta_{max}) \cdot \theta(h_i) + (\delta_{min} + \delta_{max})/2$
 26. **for** $\bar{h}_i \in N^*$:
 27. $S \leftarrow RandomDistr_j(X_n)$ // $j = 1$: Uniform, $j = 2$: Bernoulli
 28. $\theta(\bar{h}_i) \leftarrow Perf_s(f, \bar{h}_i)$
 29. **if** $\theta(\bar{h}_i) \geq \theta(h_i) + \delta(h_i)$:
 30. $Bene \leftarrow Bene \cup \{\bar{h}_i\}$
 31. **elseif** $\theta(\bar{h}_i) > \theta(h_i) - \delta(h_i)$:
 32. $Neut \leftarrow Neut \cup \{\bar{h}_i\}$
 33. **If** $Bene \neq \{ \}$:
 34. $h_{i+1} \leftarrow RandomSelect(Bene)$
 35. **else**
 36. $h_{i+1} \leftarrow RandomSelect(Neut)$
 37. **return** h_{i+1}
-

Πίνακας 105. Ο αλγόριθμος EVOL3RAND.

Συνάρτηση *RandomAddDel*

Input: hypothesis h , dimension (n) of X_n

Output: mutation \bar{h}

1. function *RandomAddDel*(h, n)
 2. *RandomChoice*($\langle \cdot | \uparrow \rangle$ or $\langle \cdot | \downarrow \rangle$)
 3. if $\langle \cdot | \uparrow \rangle$:
 4. $\{i\} \leftarrow \text{RandomChoice}(|h|)$
 5. $\bar{h} \leftarrow h - \{x_i\}$
 6. elseif $\langle \cdot | \downarrow \rangle$:
 7. $\{i\} \leftarrow \text{RandomChoice}(|h|, n)$
 8. $\bar{h} \leftarrow h \cup \{x_i\}$
 9. return \bar{h}
-

Πίνακας 106. Η συνάρτηση *RandomAddDel*.

Συνάρτηση *RandomSub*

Input: hypothesis h , dimension (n) of X_n

Output: mutation \bar{h}

1. function *RandomSub*(h, n)
 2. $\{i, j\} \leftarrow \text{RandomChoice}(|h|, n)$
 3. $h \leftarrow h - \{x_i\}$
 4. $\bar{h} \leftarrow h \cup \{x_j\}$
 5. return \bar{h}
-

Πίνακας 107. Η συνάρτηση *RandomSub*.

Συνάρτηση *RandomDelAddSub*

Input: hypothesis h , dimension (n) of X_n

Output: mutation \bar{h}

1. function *RandomDelAddSub*(h, n)
 2. *RandomChoice*(
 $(\langle \cdot | \uparrow \rangle \text{ and } \langle \cdot | \uparrow \rangle)$ or
 $(\langle \cdot | \uparrow \rangle \text{ and } \langle \cdot | \downarrow \rangle)$ or
 $(\langle \cdot | \downarrow \rangle \text{ and } \langle \cdot | \downarrow \rangle)$ or
 $(\langle \cdot | \downarrow \rangle \text{ and } \langle \cdot | \updownarrow \rangle)$ or
 $(\langle \cdot | \updownarrow \rangle \text{ and } \langle \cdot | \updownarrow \rangle)$
)
 3. if $(\langle \cdot | \uparrow \rangle \text{ and } \langle \cdot | \uparrow \rangle)$:
 4. $\{i, j\} \leftarrow \text{RandomChoice}(|h|)$
 5. $h \leftarrow h - \{x_i\}$
 6. $\bar{h} \leftarrow h - \{x_j\}$
 7. elseif $(\langle \cdot | \uparrow \rangle \text{ and } \langle \cdot | \downarrow \rangle)$:
 8. $\{i, j, k\} \leftarrow \text{RandomChoice}(|f|, n)$
 9. $h \leftarrow h - \{x_i\}$
 10. $h \leftarrow h - \{x_j\}$
 11. $\bar{h} \leftarrow h \cup \{x_k\}$
 12. elseif $(\langle \cdot | \downarrow \rangle \text{ and } \langle \cdot | \downarrow \rangle)$:
 13. $\{i, j\} \leftarrow \text{RandomChoice}(|f|, n)$
 14. $h \leftarrow h \cup \{x_i\}$
 15. $\bar{h} \leftarrow h \cup \{x_j\}$
 16. elseif $(\langle \cdot | \downarrow \rangle \text{ and } \langle \cdot | \updownarrow \rangle)$:
 17. $\{i, j, k\} \leftarrow \text{RandomChoice}(|f|, n)$
 18. $h \leftarrow h \cup \{x_i\}$
 19. $h \leftarrow h - \{x_j\}$
 20. $\bar{h} \leftarrow h \cup \{x_k\}$
 21. elseif $(\langle \cdot | \updownarrow \rangle \text{ and } \langle \cdot | \updownarrow \rangle)$:
 22. $\{i, j, k, l\} \leftarrow \text{RandomChoice}(|f|, n)$
 23. $h \leftarrow h - \{x_i\}$
 24. $h \leftarrow h \cup \{x_j\}$
 25. $h \leftarrow h - \{x_k\}$
 26. $\bar{h} \leftarrow h \cup \{x_l\}$
 27. return \bar{h}
-

Πίνακας 108. Η συνάρτηση *RandomDelAddSub*.

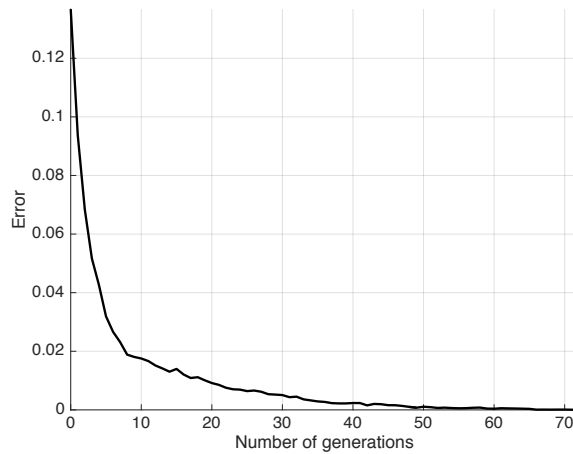
5.3.1 Σχεδιασμός πειραμάτων και αποτελέσματα

ΚΩΔΙΚΟΣ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: EVOL3RAND - EX49	
ΑΡΙΘΜΟΣ ΔΙΑΔΟΧΙΚΩΝ ΕΠΑΝΑΛΗΨΕΩΝ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: 100	
ΣΥΝΘΗΚΗ ΤΕΡΜΑΤΙΣΜΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ: $err(f, h_i) = 0$	
ΤΙΜΕΣ ΕΙΣΟΔΟΥ	
ΜΕΤΑΒΛΗΤΗ	ΤΙΜΗ
Μέγεθος X_n	16
Μέγεθος δείγματος S	2^{10}
Μέγιστο όριο γενεών	10000
δ_{min}	0.001
δ_{max}	0.05
Τυχαία κατανομή	Ομοιόμορφη
Συνάρτηση σφάλματος	Συσχέτιση (-1/1)
Τυχαιοποιημένη περιοχή N^*	Ναι
Ποσοστό N^* (επί της αρχικής N)	90%
Αποκλίνουσα συνάρτηση f^d	Όχι
Είδος απόκλισης	\emptyset
Ιδανική συνάρτηση f	[3 4 7 8 11 14 15]
Αρχική προσέγγιση h	[2 5 6 10]
Συγκριτικό μέγεθος h, f	$ h < f $
Διασταύρωση	Όχι
Αρχικός πληθυσμός	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset

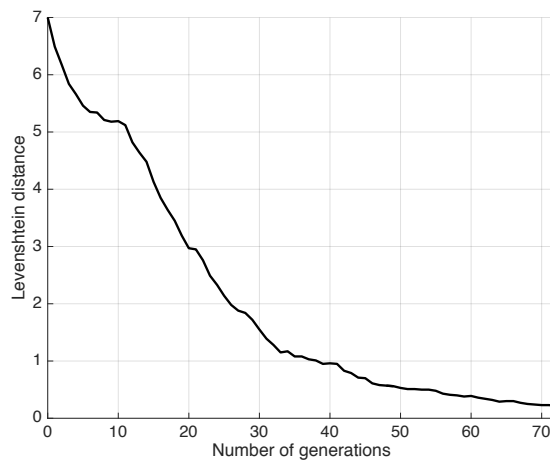
Πίνακας 109. Το πείραμα EVOL3RAND - EX49.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ	
Μέγιστος αριθμός γενεών	72
Ελάχιστος αριθμός γενεών	12
Μέσος αριθμός γενεών	29.36
Ποσοστό επαναλήψεων με μονότονη σύγκλιση	97%
Ποσοστό επαναλήψεων με απόλυτη σύγκλιση στο στόχο	87%
Ποσοστημόρια μέσου σφάλματος	
25%	< 0.00070801
50%	< 0.00271480
75%	< 0.01094700
90%	< 0.02384400

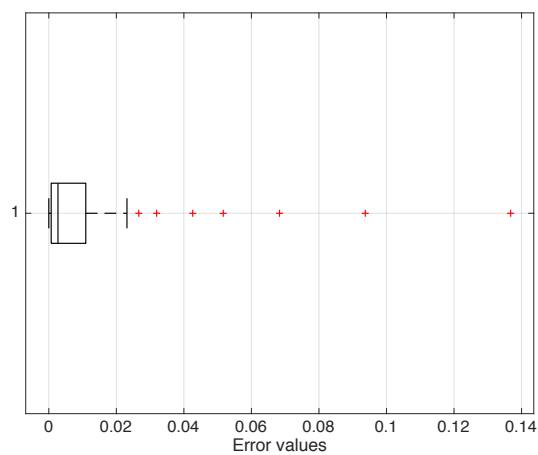
Πίνακας 110. Τα αποτελέσματα του πειράματος EVOL3RAND - EX49.



Διάγραμμα 178. Το μέσο σφάλμα ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 179. Η μέση απόσταση Levenshtein ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



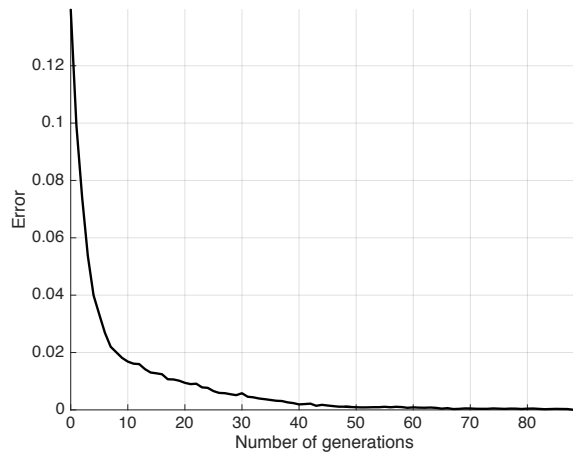
Διάγραμμα 180. Το θηκόγραμμα των τιμών του μέσου σφάλματος.

ΚΩΔΙΚΟΣ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: EVOL3RAND – EX50	
ΑΡΙΘΜΟΣ ΔΙΑΔΟΧΙΚΩΝ ΕΠΑΝΑΛΗΨΕΩΝ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: 100	
ΣΥΝΘΗΚΗ ΤΕΡΜΑΤΙΣΜΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ: $err(f, h_i) = 0$	
ΤΙΜΕΣ ΕΙΣΟΔΟΥ	
ΜΕΤΑΒΛΗΤΗ	ΤΙΜΗ
Μέγεθος X_n	16
Μέγεθος δείγματος S	2^{10}
Μέγιστο όριο γενεών	10000
δ_{min}	0.001
δ_{max}	0.05
Τυχαία κατανομή	Ομοιόμορφη
Συνάρτηση σφάλματος	Συσχέτιση (-1/1)
Τυχαιοποιημένη περιοχή N^*	Ναι
Ποσοστό N^* (επί της αρχικής N)	80%
Αποκλίνουσα συνάρτηση f^d	Όχι
Είδος απόκλισης	\emptyset
Ιδανική συνάρτηση f	[3 4 7 8 11 14 15]
Αρχική προσέγγιση h	[2 5 6 10]
Συγκριτικό μέγεθος h, f	$ h < f $
Διασταύρωση	Όχι
Αρχικός πληθυσμός	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset

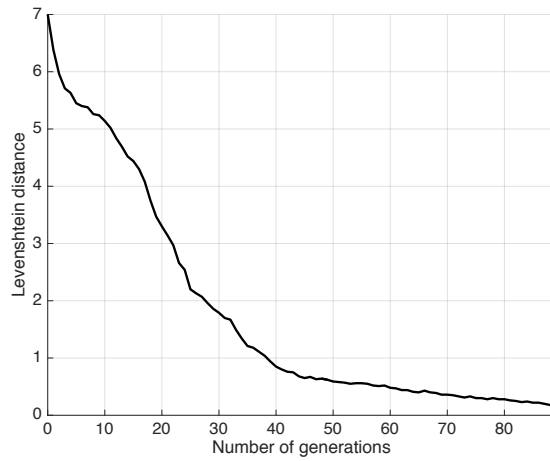
Πίνακας 111. Το πείραμα EVOL3RAND – EX50.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ	
Μέγιστος αριθμός γενεών	89
Ελάχιστος αριθμός γενεών	9
Μέσος αριθμός γενεών	30.31
Ποσοστό επαναλήψεων με μονότονη σύγκλιση	97%
Ποσοστό επαναλήψεων με απόλυτη σύγκλιση στο στόχο	87%
Ποσοστημόρια μέσου σφάλματος	
25%	< 0.00050781
50%	< 0.00147460
75%	< 0.00898440
90%	< 0.01909200

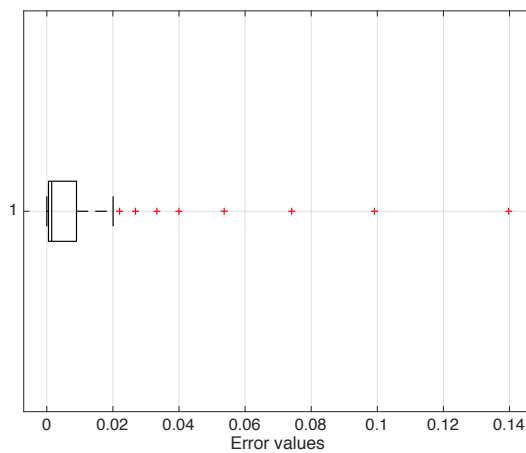
Πίνακας 113. Τα αποτελέσματα του πειράματος EVOL3RAND – EX50.



Διάγραμμα 181. Το μέσο σφάλμα ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 182. Η μέση απόσταση Levenshtein ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



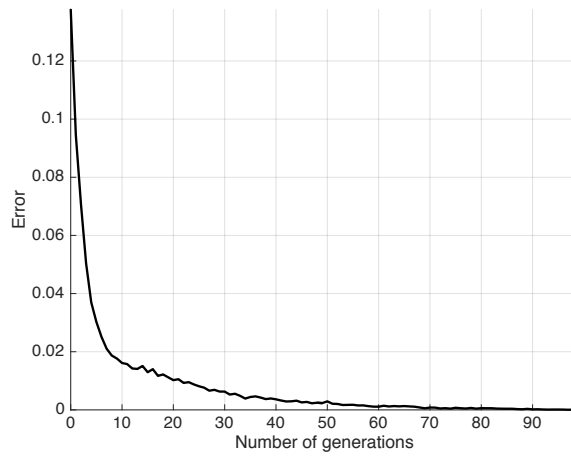
Διάγραμμα 183. Το θηκόγραμμα των τιμών του μέσου σφάλματος.

ΚΩΔΙΚΟΣ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: EVOL3RAND – EX51	
ΑΡΙΘΜΟΣ ΔΙΑΔΟΧΙΚΩΝ ΕΠΑΝΑΛΗΨΕΩΝ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: 100	
ΣΥΝΘΗΚΗ ΤΕΡΜΑΤΙΣΜΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ: $err(f, h_i) = 0$	
ΤΙΜΕΣ ΕΙΣΟΔΟΥ	
ΜΕΤΑΒΛΗΤΗ	ΤΙΜΗ
Μέγεθος X_n	16
Μέγεθος δείγματος S	2^{10}
Μέγιστο όριο γενεών	10000
δ_{min}	0.001
δ_{max}	0.05
Τυχαία κατανομή	Ομοιόμορφη
Συνάρτηση σφάλματος	Συσχέτιση (-1/1)
Τυχαιοποιημένη περιοχή N^*	Ναι
Ποσοστό N^* (επί της αρχικής N)	70%
Αποκλίνουσα συνάρτηση f^d	Όχι
Είδος απόκλισης	\emptyset
Ιδανική συνάρτηση f	[3 4 7 8 11 14 15]
Αρχική προσέγγιση h	[2 5 6 10]
Συγκριτικό μέγεθος h, f	$ h < f $
Διασταύρωση	Όχι
Αρχικός πληθυσμός	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset

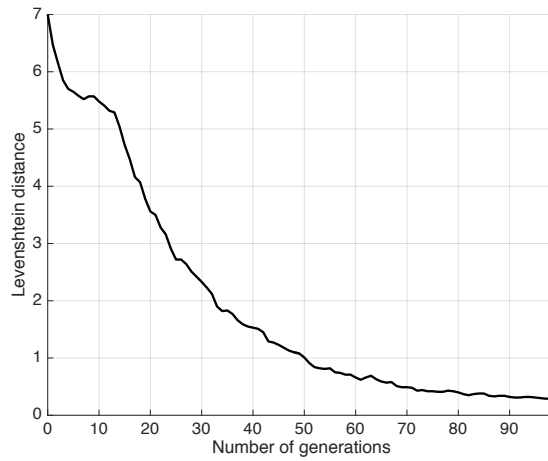
Πίνακας 114. Το πείραμα EVOL3RAND – EX51.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ	
Μέγιστος αριθμός γενεών	99
Ελάχιστος αριθμός γενεών	9
Μέσος αριθμός γενεών	34.84
Ποσοστό επαναλήψεων με μονότονη σύγκλιση	98%
Ποσοστό επαναλήψεων με απόλυτη σύγκλιση στο στόχο	83%
Ποσοστημόρια μέσου σφάλματος	
25%	< 0.00057617
50%	< 0.00229490
75%	< 0.00843750
90%	< 0.01689500

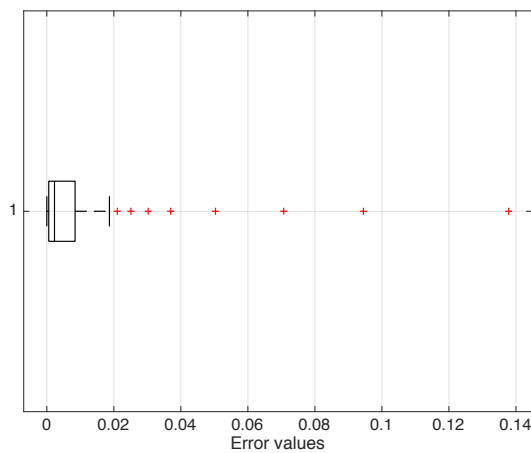
Πίνακας 115. Τα αποτελέσματα του πειράματος EVOL3RAND – EX51.



Διάγραμμα 184. Το μέσο σφάλμα ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 185. Η μέση απόσταση Levenshtein ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



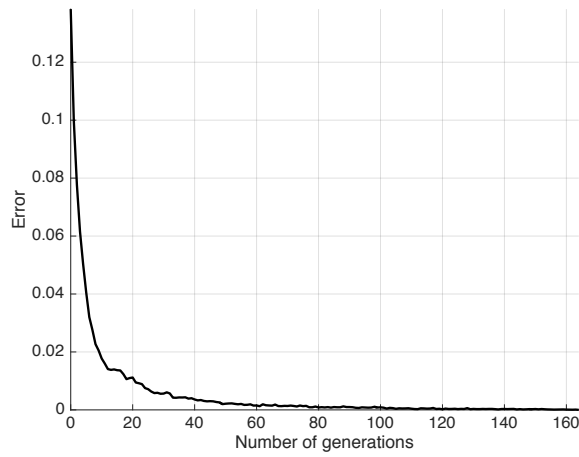
Διάγραμμα 186. Το θηκόγραμμα των τιμών του μέσου σφάλματος.

ΚΩΔΙΚΟΣ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: EVOL3RAND – EX52	
ΑΡΙΘΜΟΣ ΔΙΑΔΟΧΙΚΩΝ ΕΠΑΝΑΛΗΨΕΩΝ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: 100	
ΣΥΝΘΗΚΗ ΤΕΡΜΑΤΙΣΜΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ: $err(f, h_i) = 0$	
ΤΙΜΕΣ ΕΙΣΟΔΟΥ	
ΜΕΤΑΒΛΗΤΗ	ΤΙΜΗ
Μέγεθος X_n	16
Μέγεθος δείγματος S	2^{10}
Μέγιστο όριο γενεών	10000
δ_{min}	0.001
δ_{max}	0.05
Τυχαία κατανομή	Ομοιόμορφη
Συνάρτηση σφάλματος	Συσχέτιση (-1/1)
Τυχαίοποιημένη περιοχή N^*	Ναι
Ποσοστό N^* (επί της αρχικής N)	60%
Αποκλίνουσα συνάρτηση f^d	Όχι
Είδος απόκλισης	\emptyset
Ιδανική συνάρτηση f	[3 4 7 8 11 14 15]
Αρχική προσέγγιση h	[2 5 6 10]
Συγκριτικό μέγεθος h, f	$ h < f $
Διασταύρωση	Όχι
Αρχικός πληθυσμός	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset

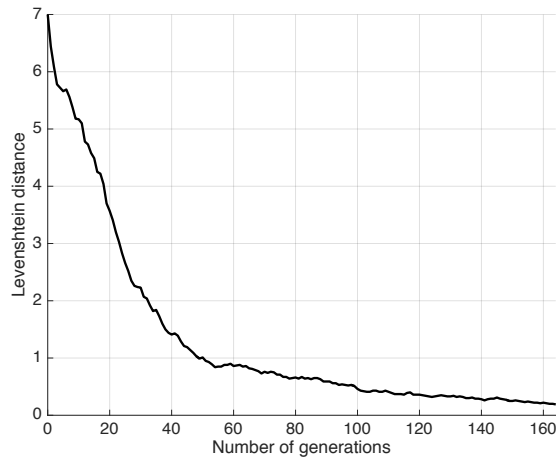
Πίνακας 116. Το πείραμα EVOL3RAND – EX52.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ	
Μέγιστος αριθμός γενεών	164
Ελάχιστος αριθμός γενεών	11
Μέσος αριθμός γενεών	36.8
Ποσοστό επαναλήψεων με μονότονη σύγκλιση	92%
Ποσοστό επαναλήψεων με απόλυτη σύγκλιση στο στόχο	91%
Ποσοστημόρια μέσου σφάλματος	
25%	< 0.00033203
50%	< 0.00097656
75%	< 0.00344730
90%	< 0.01361300

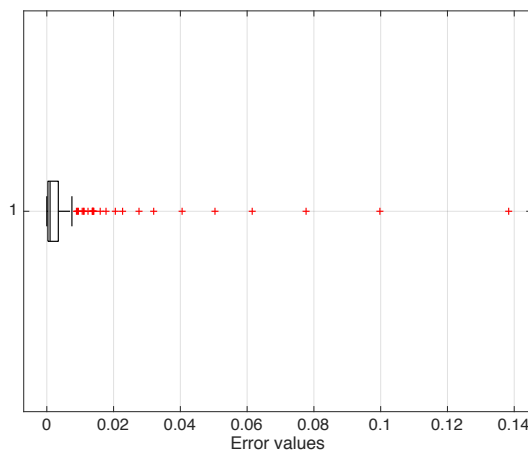
Πίνακας 117. Τα αποτελέσματα του πειράματος EVOL3RAND – EX52.



Διάγραμμα 187. Το μέσο σφάλμα ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 188. Η μέση απόσταση Levenshtein ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



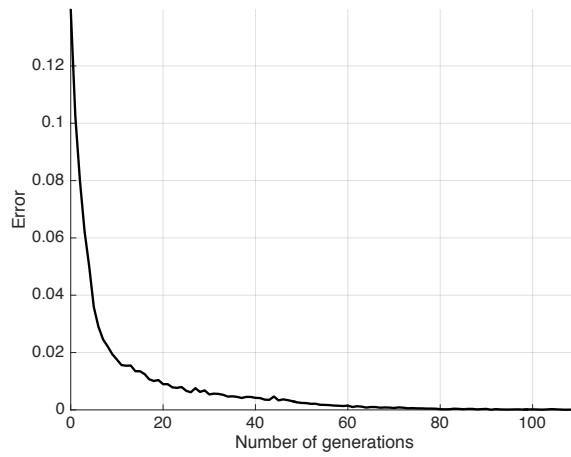
Διάγραμμα 189. Το θηκόγραμμα των τιμών του μέσου σφάλματος.

ΚΩΔΙΚΟΣ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: EVOL3RAND – EX53	
ΑΡΙΘΜΟΣ ΔΙΑΔΟΧΙΚΩΝ ΕΠΑΝΑΛΗΨΕΩΝ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: 100	
ΣΥΝΘΗΚΗ ΤΕΡΜΑΤΙΣΜΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ: $err(f, h_i) = 0$	
ΤΙΜΕΣ ΕΙΣΟΔΟΥ	
ΜΕΤΑΒΛΗΤΗ	ΤΙΜΗ
Μέγεθος X_n	16
Μέγεθος δείγματος S	2^{10}
Μέγιστο όριο γενεών	10000
δ_{min}	0.001
δ_{max}	0.05
Τυχαία κατανομή	Ομοιόμορφη
Συνάρτηση σφάλματος	Συσχέτιση (-1/1)
Τυχαίοποιημένη περιοχή N^*	Ναι
Ποσοστό N^* (επί της αρχικής N)	50%
Αποκλίνουσα συνάρτηση f^d	Όχι
Είδος απόκλισης	\emptyset
Ιδανική συνάρτηση f	[3 4 7 8 11 14 15]
Αρχική προσέγγιση h	[2 5 6 10]
Συγκριτικό μέγεθος h, f	$ h < f $
Διασταύρωση	Όχι
Αρχικός πληθυσμός	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset

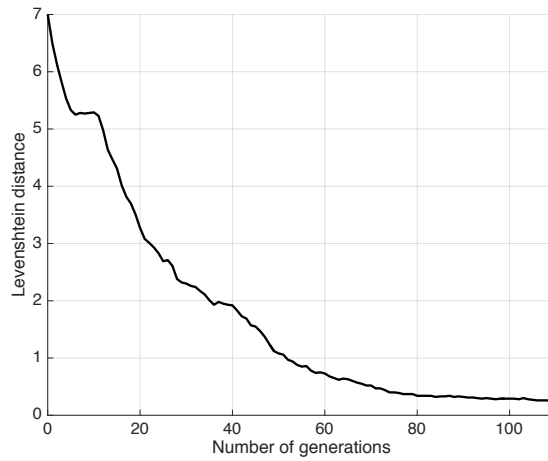
Πίνακας 118. Το πείραμα EVOL3RAND – EX53.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ	
Μέγιστος αριθμός γενεών	110
Ελάχιστος αριθμός γενεών	7
Μέσος αριθμός γενεών	34.51
Ποσοστό επαναλήψεων με μονότονη σύγκλιση	98%
Ποσοστό επαναλήψεων με απόλυτη σύγκλιση στο στόχο	90%
Ποσοστημόρια μέσου σφάλματος	
25%	< 0.00033203
50%	< 0.00173830
75%	< 0.00655760
90%	< 0.01639800

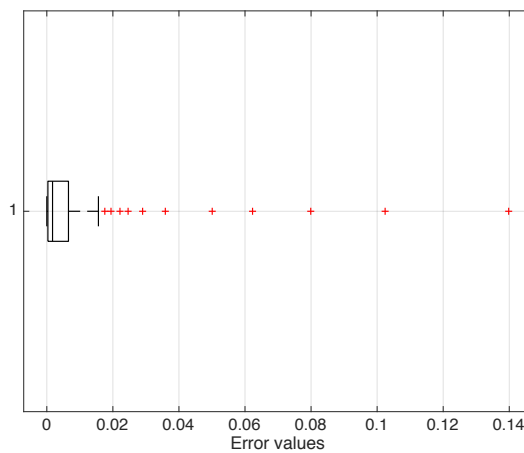
Πίνακας 119. Τα αποτελέσματα του πειράματος EVOL3RAND – EX53.



Διάγραμμα 190. Το μέσο σφάλμα ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 191. Η μέση απόσταση Levenshtein ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



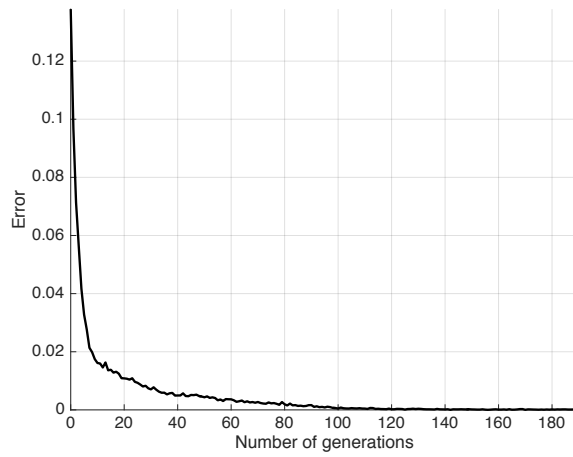
Διάγραμμα 192. Το θηκόγραμμα των τιμών του μέσου σφάλματος.

ΚΩΔΙΚΟΣ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: EVOL3RAND – EX54	
ΑΡΙΘΜΟΣ ΔΙΑΔΟΧΙΚΩΝ ΕΠΑΝΑΛΗΨΕΩΝ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: 100	
ΣΥΝΘΗΚΗ ΤΕΡΜΑΤΙΣΜΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ: $err(f, h_i) = 0$	
ΤΙΜΕΣ ΕΙΣΟΔΟΥ	
ΜΕΤΑΒΛΗΤΗ	ΤΙΜΗ
Μέγεθος X_n	16
Μέγεθος δείγματος S	2^{10}
Μέγιστο όριο γενεών	10000
δ_{min}	0.001
δ_{max}	0.05
Τυχαία κατανομή	Ομοιόμορφη
Συνάρτηση σφάλματος	Συσχέτιση (-1/1)
Τυχαίοποιημένη περιοχή N^*	Ναι
Ποσοστό N^* (επί της αρχικής N)	40%
Αποκλίνουσα συνάρτηση f^d	Όχι
Είδος απόκλισης	\emptyset
Ιδανική συνάρτηση f	[3 4 7 8 11 14 15]
Αρχική προσέγγιση h	[2 5 6 10]
Συγκριτικό μέγεθος h, f	$ h < f $
Διασταύρωση	Όχι
Αρχικός πληθυσμός	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset

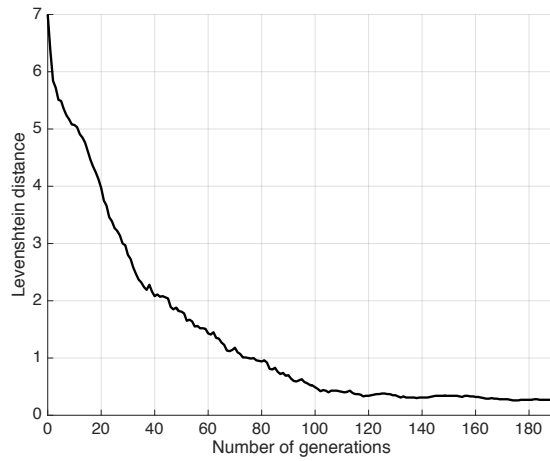
Πίνακας 120. Το πείραμα EVOL3RAND – EX54.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ	
Μέγιστος αριθμός γενεών	190
Ελάχιστος αριθμός γενεών	9
Μέσος αριθμός γενεών	45.03
Ποσοστό επαναλήψεων με μονότονη σύγκλιση	97%
Ποσοστό επαναλήψεων με απόλυτη σύγκλιση στο στόχο	82%
Ποσοστημόρια μέσου σφάλματος	
25%	< 0.00019531
50%	< 0.00095703
75%	< 0.00475100
90%	< 0.01151600

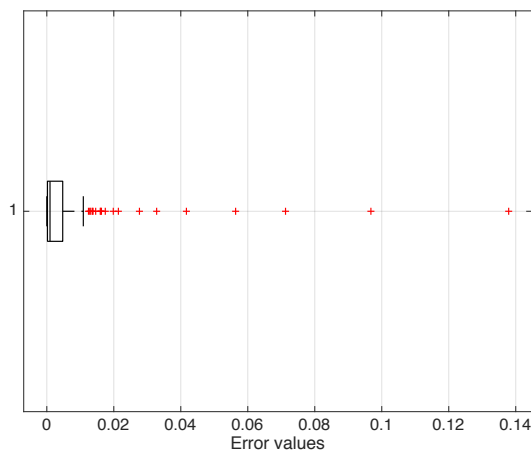
Πίνακας 121. Τα αποτελέσματα του πειράματος EVOL3RAND – EX54.



Διάγραμμα 193. Το μέσο σφάλμα ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 194. Η μέση απόσταση Levenshtein ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



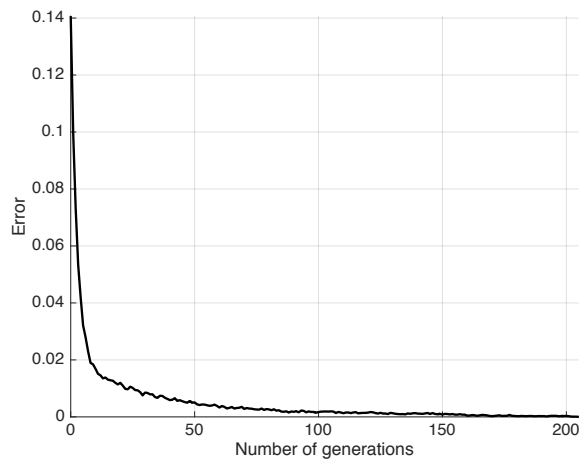
Διάγραμμα 195. Το θηκόγραμμα των τιμών του μέσου σφάλματος.

ΚΩΔΙΚΟΣ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: EVOL3RAND – EX55	
ΑΡΙΘΜΟΣ ΔΙΑΔΟΧΙΚΩΝ ΕΠΑΝΑΛΗΨΕΩΝ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: 100	
ΣΥΝΘΗΚΗ ΤΕΡΜΑΤΙΣΜΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ: $err(f, h_i) = 0$	
ΤΙΜΕΣ ΕΙΣΟΔΟΥ	
ΜΕΤΑΒΛΗΤΗ	ΤΙΜΗ
Μέγεθος X_n	16
Μέγεθος δείγματος S	2^{10}
Μέγιστο όριο γενεών	10000
δ_{min}	0.001
δ_{max}	0.05
Τυχαία κατανομή	Ομοιόμορφη
Συνάρτηση σφάλματος	Συσχέτιση (-1/1)
Τυχαιοποιημένη περιοχή N^*	Ναι
Ποσοστό N^* (επί της αρχικής N)	30%
Αποκλίνουσα συνάρτηση f^d	Όχι
Είδος απόκλισης	\emptyset
Ιδανική συνάρτηση f	[3 4 7 8 11 14 15]
Αρχική προσέγγιση h	[2 5 6 10]
Συγκριτικό μέγεθος h, f	$ h < f $
Διασταύρωση	Όχι
Αρχικός πληθυσμός	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset

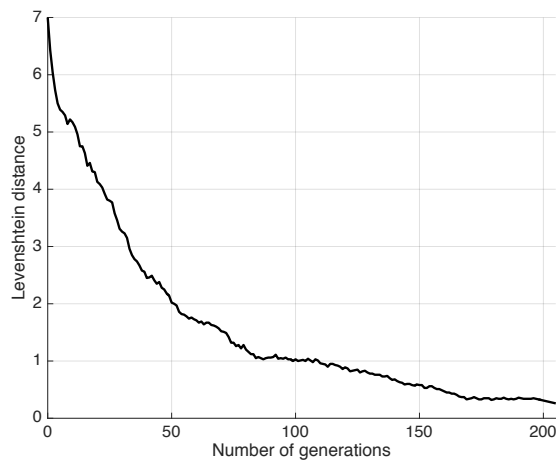
Πίνακας 122. Το πείραμα EVOL3RAND – EX55.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ	
Μέγιστος αριθμός γενεών	205
Ελάχιστος αριθμός γενεών	11
Μέσος αριθμός γενεών	52.76
Ποσοστό επαναλήψεων με μονότονη σύγκλιση	95%
Ποσοστό επαναλήψεων με απόλυτη σύγκλιση στο στόχο	88%
Ποσοστημόρια μέσου σφάλματος	
25%	< 0.00085938
50%	< 0.00170900
75%	< 0.00439450
90%	< 0.01134800

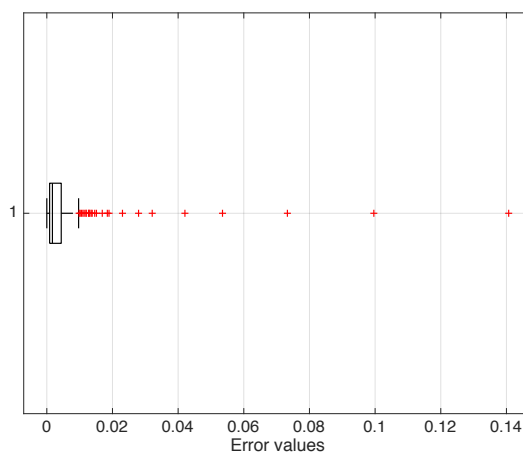
Πίνακας 123. Τα αποτελέσματα του πειράματος EVOL3RAND – EX55.



Διάγραμμα 196. Το μέσο σφάλμα ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 197. Η μέση απόσταση Levenshtein ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



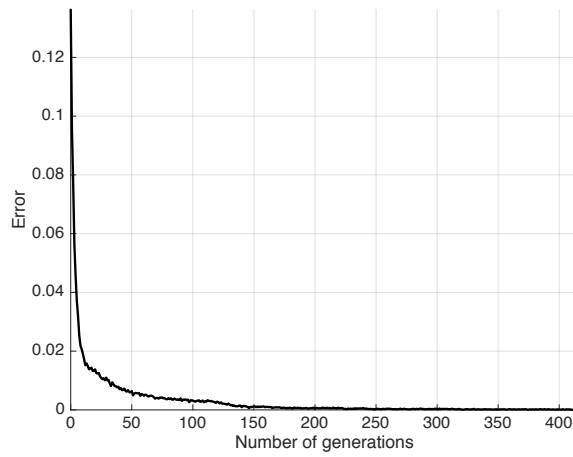
Διάγραμμα 198. Το θηκόγραμμα των τιμών του μέσου σφάλματος.

ΚΩΔΙΚΟΣ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: EVOL3RAND – EX56	
ΑΡΙΘΜΟΣ ΔΙΑΔΟΧΙΚΩΝ ΕΠΑΝΑΛΗΨΕΩΝ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: 100	
ΣΥΝΘΗΚΗ ΤΕΡΜΑΤΙΣΜΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ: $err(f, h_i) = 0$	
ΤΙΜΕΣ ΕΙΣΟΔΟΥ	
ΜΕΤΑΒΛΗΤΗ	ΤΙΜΗ
Μέγεθος X_n	16
Μέγεθος δείγματος S	2^{10}
Μέγιστο όριο γενεών	10000
δ_{min}	0.001
δ_{max}	0.05
Τυχαία κατανομή	Ομοιόμορφη
Συνάρτηση σφάλματος	Συσχέτιση (-1/1)
Τυχαίοποιημένη περιοχή N^*	Ναι
Ποσοστό N^* (επί της αρχικής N)	20%
Αποκλίνουσα συνάρτηση f^d	Όχι
Είδος απόκλισης	\emptyset
Ιδανική συνάρτηση f	[3 4 7 8 11 14 15]
Αρχική προσέγγιση h	[2 5 6 10]
Συγκριτικό μέγεθος h, f	$ h < f $
Διασταύρωση	Όχι
Αρχικός πληθυσμός	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset

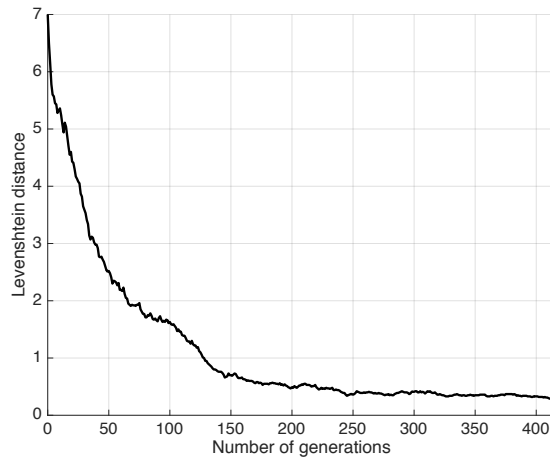
Πίνακας 124. Το πείραμα EVOL3RAND – EX56.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ	
Μέγιστος αριθμός γενεών	416
Ελάχιστος αριθμός γενεών	14
Μέσος αριθμός γενεών	68.29
Ποσοστό επαναλήψεων με μονότονη σύγκλιση	90%
Ποσοστό επαναλήψεων με απόλυτη σύγκλιση στο στόχο	87%
Ποσοστημόρια μέσου σφάλματος	
25%	< 0.00021484
50%	< 0.00054688
75%	< 0.00307620
90%	< 0.00719140

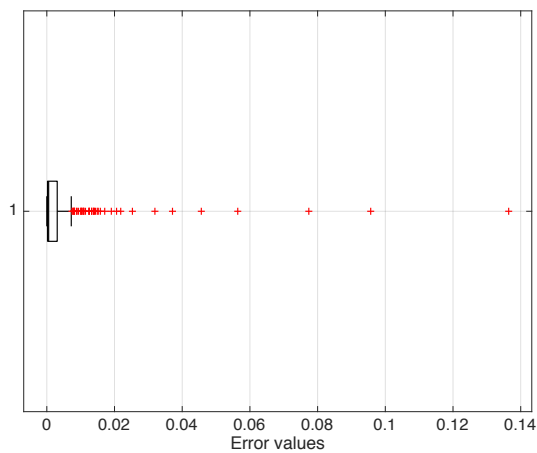
Πίνακας 125. Τα αποτελέσματα του πειράματος EVOL3RAND – EX56.



Διάγραμμα 199. Το μέσο σφάλμα ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 200. Η μέση απόσταση Levenshtein ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



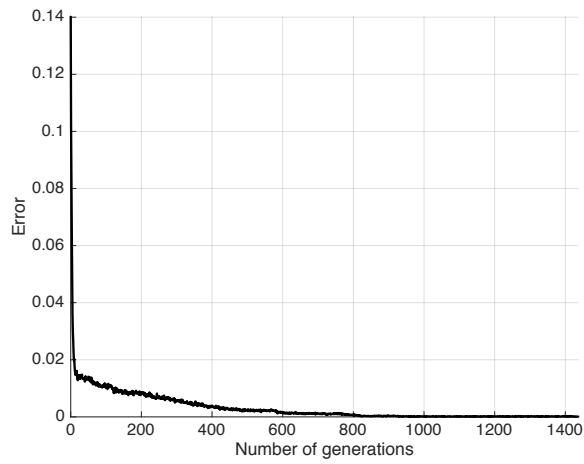
Διάγραμμα 201. Το θηκόγραμμα των τιμών του μέσου σφάλματος.

ΚΩΔΙΚΟΣ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: EVOL3RAND – EX57	
ΑΡΙΘΜΟΣ ΔΙΑΔΟΧΙΚΩΝ ΕΠΑΝΑΛΗΨΕΩΝ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: 100	
ΣΥΝΘΗΚΗ ΤΕΡΜΑΤΙΣΜΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ: $err(f, h_i) = 0$	
ΤΙΜΕΣ ΕΙΣΟΔΟΥ	
ΜΕΤΑΒΛΗΤΗ	ΤΙΜΗ
Μέγεθος X_n	16
Μέγεθος δείγματος S	2^{10}
Μέγιστο όριο γενεών	10000
δ_{min}	0.001
δ_{max}	0.05
Τυχαία κατανομή	Ομοιόμορφη
Συνάρτηση σφάλματος	Συσχέτιση (-1/1)
Τυχαίοποιημένη περιοχή N^*	Ναι
Ποσοστό N^* (επί της αρχικής N)	10%
Αποκλίνουσα συνάρτηση f^d	Όχι
Είδος απόκλισης	\emptyset
Ιδανική συνάρτηση f	[3 4 7 8 11 14 15]
Αρχική προσέγγιση h	[2 5 6 10]
Συγκριτικό μέγεθος h, f	$ h < f $
Διασταύρωση	Όχι
Αρχικός πληθυσμός	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset

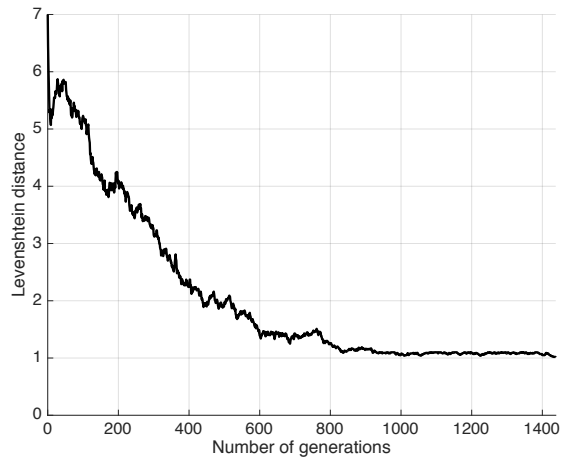
Πίνακας 126. Το πείραμα EVOL3RAND – EX57.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ	
Μέγιστος αριθμός γενεών	1438
Ελάχιστος αριθμός γενεών	17
Μέσος αριθμός γενεών	280.96
Ποσοστό επαναλήψεων με μονότονη σύγκλιση	88%
Ποσοστό επαναλήψεων με απόλυτη σύγκλιση στο στόχο	74%
Ποσοστημόρια μέσου σφάλματος	
25%	< 0.00017578
50%	< 0.00105470
75%	< 0.00432130
90%	< 0.00906640

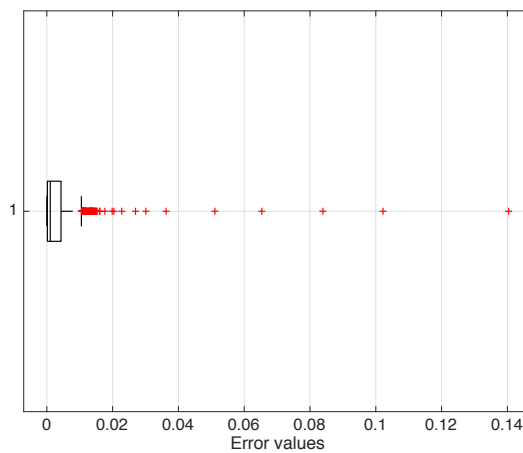
Πίνακας 127. Τα αποτελέσματα του πειράματος EVOL3RAND – EX57.



Διάγραμμα 202. Το μέσο σφάλμα ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 203. Η μέση απόσταση Levenshtein ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 204. Το θηκόγραμμα των τιμών του μέσου σφάλματος.

5.3.2 Σχολιασμός αποτελεσμάτων

Υπενθυμίζουμε ότι η περιοχή $N^*(h_i)$ στον αλγόριθμο EVOL3RAND (παρόλο που είναι μικρότερη από την περιοχή $N(h_i)$ στον αλγόριθμο EVOL1BASIC) μπορεί να περιλαμβάνει υποψήφιες προσεγγίσεις \bar{h}_i με $lev(h_i, \bar{h}_i)$ το πολύ ίση με 2. Σημειώνουμε επίσης ότι στο αντίστοιχο πείραμα EX14 για τον αλγόριθμο EVOL1BASIC ο μέσος αριθμός γενεών, το ποσοστό μονότονης σύγκλισης και το ποσοστό απόλυτης σύγκλισης ήταν αντίστοιχα 31.25, 89% και 96%. Από τον Πίνακα 128 προκύπτει ότι για ποσοστό της N^* (επί της αρχικής N) μέχρι 50% τα αποτελέσματα του αλγόριθμου EVOL3RAND είναι ισάξια με αυτά του αλγόριθμου EVOL1BASIC. Επειδή ο αλγόριθμος EVOL3RAND πραγματοποιεί αναζήτηση σε μικρότερη περιοχή υποψήφιων προσεγγίσεων μπορεί να θεωρηθεί αποδοτικότερος από άποψη χρήσης υπολογιστικών πόρων.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΠΕΙΡΑΜΑΤΩΝ EX49 – EX57			
Ποσοστό N^* (επί της αρχικής N)	Μέσος αριθμός γενεών	Ποσοστό μονότονης σύγκλισης	Ποσοστό απόλυτης σύγκλισης
90%	29.36	97%	87%
80%	30.31	97%	87%
70%	34.84	98%	83%
60%	36.80	92%	91%
50%	34.51	98%	90%
40%	45.03	97%	82%
30%	52.76	95%	88%
20%	68.29	90%	87%
10%	289.96	88%	74%

Πίνακας 128. Συγκεντρωτικά αποτελέσματα για τον αλγόριθμο EVOL3RAND.

5.4 Ο αλγόριθμος EVOL4REC

Για τη διερεύνηση της εξελικτικότητας με διασταύρωση θα χρησιμοποιηθεί ο αλγόριθμος EVOL4REC. Ο συγκεκριμένος αλγόριθμος δέχεται στις τιμές εισόδου του ένα πληθυσμό P_i από προσεγγίσεις $\{h_i^j\}$. Για σκοπούς υλοποίησης του αλγόριθμου ο πληθυσμός P_i θα αποτελείται στην περίπτωσή μας από τέσσερις προσεγγίσεις. Δηλαδή,

$$P_i = \{h_i^1, h_i^2, h_i^3, h_i^4\}$$

Η υλοποίηση του αλγόριθμου ολοκληρώνεται σε δύο βήματα:

(α) Δημιουργούνται όλοι οι συνδυασμοί ανά δύο των μελών του πληθυσμού. Σε κάθε ζεύγος προσεγγίσεων πραγματοποιείται ομοιόμορφη διασταύρωση ενός σημείου από την οποία προκύπτει ένα ζεύγος απογόνων. Για το ζεύγος,

$$h_i^{j[1]} = \bigwedge_{1 \leq k[1] \leq m_1} x_{k[1]} \quad \text{και} \quad h_i^{j[2]} = \bigwedge_{1 \leq k[2] \leq m_2} x_{k[2]}$$

οι απόγονοι είναι,

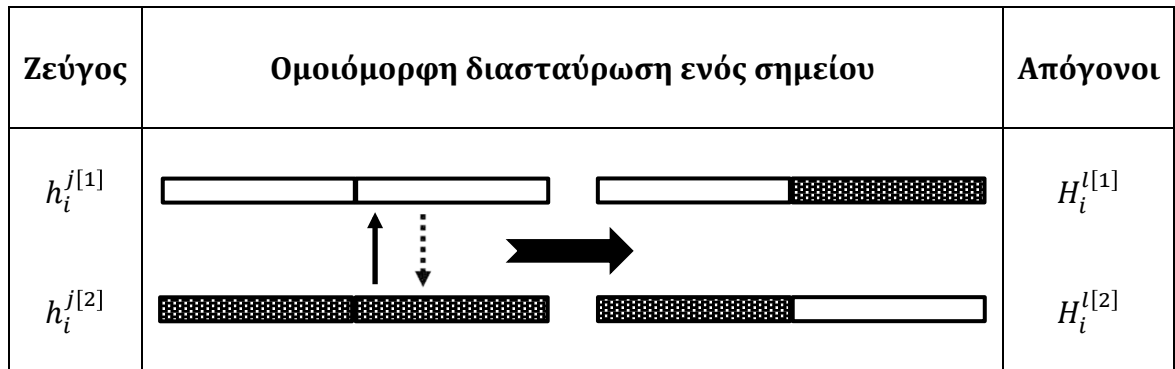
$$H_i^{l[1]} = \left(\bigwedge_{1 \leq k[1] \leq \lfloor m_1 \rfloor / 2} x_{k[1]} \right) \wedge \left(\bigwedge_{1 + \lfloor m_2 \rfloor / 2 \leq k[2] \leq m_2} x_{k[2]} \right)$$

$$H_i^{l[2]} = \left(\bigwedge_{1 \leq k[2] \leq \lfloor m_2 \rfloor / 2} x_{k[2]} \right) \wedge \left(\bigwedge_{1 + \lfloor m_1 \rfloor / 2 \leq k[1] \leq m_1} x_{k[1]} \right)$$

όπου $[x]$ είναι η συνάρτηση που δίνει το ακέραιο μέρος του x . Η διαδικασία αυτή παρουσιάζεται στο Διάγραμμα 205.

(β) Εφαρμόζεται σε κάθε ένα από τους απογόνους ο αλγόριθμος EVOL1BASIC. Από το σύνολο των τιμών εξόδου επιλέγονται αυτές με τη μεγαλύτερη απόδοση έτσι ώστε να δημιουργηθεί ο επόμενος πληθυσμός P_{i+1} , με $|P_{i+1}| = |P_i|$.

Ο ψευδοκώδικας για τον αλγόριθμο EVOL4REC παρουσιάζεται στον πίνακα 129.



Διάγραμμα 205. Η ομοιόμορφη διασταύρωση ενός σημείου σχηματικά.

Αλγόριθμος EVOL4REC

Input: population P_i , ideal function f , dimension (n) of X_n , size (s) of sample S , t_{min} , t_{max} , distribution choice (j)

Output: updated population P_{i+1}

1. function $EVOL4REC(P_i, f, n, s, \delta_{min}, \delta_{max}, j)$
//population $P_i = \{h_i^1, h_i^2, h_i^3, h_i^4\}$
//updated population $P_{i+1} = \{h_{i+1}^1, h_{i+1}^2, h_{i+1}^3, h_{i+1}^4\}$
2. $Feas_{i+1} \leftarrow \{ \}$
3. $P_{i+1} \leftarrow \{ \}$
4. for k from 1 to $\binom{|P_i|}{2}$:
5. for $\{h_i^{k[1]}, h_i^{k[2]}\} \in P_i$:
6. $\{H_i^{k[1]}, H_i^{k[2]}\} \leftarrow \text{Recombination}(\{h_i^{k[1]}, h_i^{k[2]}\})$
7. $\{h_{i+1}^{k[1]}, \theta(h_{i+1}^{k[1]})\} \leftarrow \text{EVOL1BASIC}(H_i^{k[1]}, f, n, s, \delta_{min}, \delta_{max}, j)$
8. $\{h_{i+1}^{k[2]}, \theta(h_{i+1}^{k[2]})\} \leftarrow \text{EVOL1BASIC}(H_i^{k[2]}, f, n, s, \delta_{min}, \delta_{max}, j)$
9. $Feas_{i+1} \leftarrow Feas_{i+1} \cup \{h_{i+1}^{k[1]}, h_{i+1}^{k[2]}\}$
10. for l from 1 to $|P_i|$: //until $|P_{i+1}| = |P_i|$
11. $h_{i+1}^l \leftarrow \text{SelectBest}(Feas_{i+1}, \theta(h_{i+1}^l))$
12. $P_{i+1} \leftarrow P_{i+1} \cup \{h_{i+1}^l\}$
13. return P_{i+1}

Πίνακας 129. Ο αλγόριθμος $EVOL4REC$.

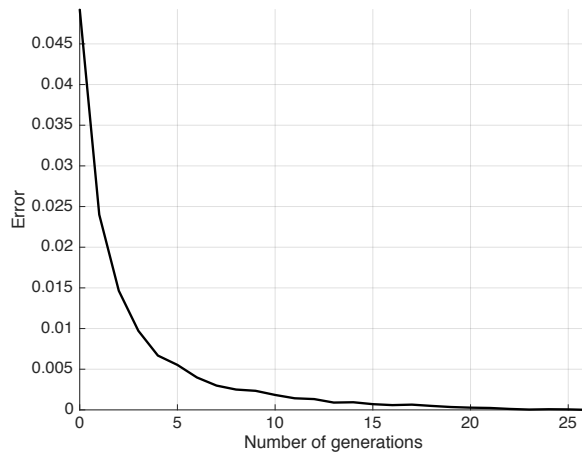
5.4.1 Σχεδιασμός πειραμάτων και αποτελέσματα

ΚΩΔΙΚΟΣ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: EVOL4REC - EX58	
ΑΡΙΘΜΟΣ ΔΙΑΔΟΧΙΚΩΝ ΕΠΑΝΑΛΗΨΕΩΝ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: 100	
ΣΥΝΘΗΚΗ ΤΕΡΜΑΤΙΣΜΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ: $err(f, h_i) = 0$	
ΤΙΜΕΣ ΕΙΣΟΔΟΥ	
ΜΕΤΑΒΛΗΤΗ	ΤΙΜΗ
Μέγεθος X_n	16
Μέγεθος δείγματος S	2^{10}
Μέγιστο όριο γενεών	10000
δ_{min}	0.001
δ_{max}	0.05
Τυχαία κατανομή	Ομοιόμορφη
Συνάρτηση σφάλματος	Συσχέτιση (-1/1)
Τυχαιοποιημένη περιοχή N^*	Όχι
Ποσοστό N^* (επί της αρχικής N)	\emptyset
Αποκλίνουσα συνάρτηση f^d	Όχι
Είδος απόκλισης	\emptyset
Ιδανική συνάρτηση f	[3 4 7 8 11 14 15]
Αρχική προσέγγιση h	[2 5 6 10]
Συγκριτικό μέγεθος h, f	$ h < f $
Διασταύρωση	Ναι
Αρχικός πληθυσμός	[2 5 6 10]
	[1 3 7 14 15]
	[4 8 10 11]
	[3 5 6 9 13 16]

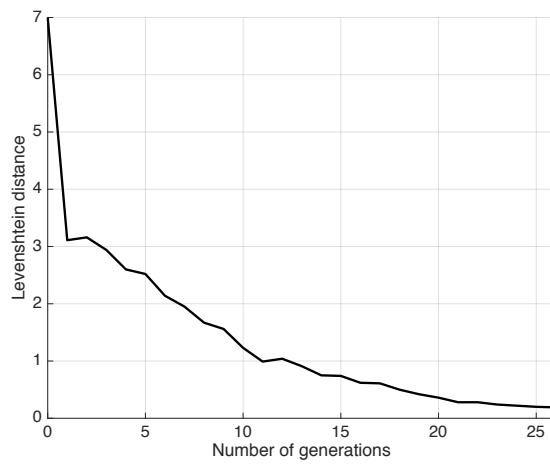
Πίνακας 130. Το πείραμα EVOL4REC - EX58.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ	
Μέγιστος αριθμός γενεών	26
Ελάχιστος αριθμός γενεών	2
Μέσος αριθμός γενεών	8.39
Ποσοστό επαναλήψεων με μονότονη σύγκλιση	100%
Ποσοστό επαναλήψεων με απόλυτη σύγκλιση στο στόχο	89%
Ποσοστημότητα μέσου σφάλματος	
25%	< 0.00029297
50%	< 0.00093750
75%	< 0.00373540
90%	< 0.01366400

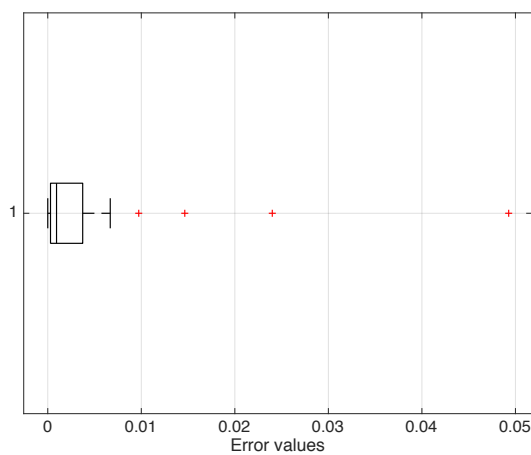
Πίνακας 131. Τα αποτελέσματα του πειράματος EVOL4REC - EX58.



Διάγραμμα 206. Το μέσο σφάλμα ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 207. Η μέση απόσταση Levenshtein ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 208. Το θηκόγραμμα των τιμών του μέσου σφάλματος.

5.4.2 Σχολιασμός αποτελεσμάτων

Συγκρίνοντας τα αποτελέσματα του πειράματος EX58 με αυτά του αντίστοιχου πειράματος EX14 για τον αλγόριθμο EVOL1BASIC προκύπτει ότι η ενσωμάτωση της διασταύρωσης στο μοντέλο επιταχύνει σημαντικά την εξελικτική διαδικασία ως προς τον αριθμό των γενεών που απαιτούνται για σύγκλιση. Ο μέσος αριθμός των γενεών για τον αλγόριθμο EVOL1BASIC ήταν 31.25 ενώ για τον αλγόριθμο EVOL4REC είναι μόλις 8.39. Τα αποτελέσματα αυτά βρίσκονται σε πλήρη συμφωνία με τις θεωρητικές προβλέψεις στην εργασία [08]. Σημειώνουμε επίσης τις βελτιωμένες επιδόσεις στην μονότονη σύγκλιση (100% για τον αλγόριθμο EVOL4REC σε σύγκριση με 89% για τον αλγόριθμο EVOL1BASIC).

5.5 Ο αλγόριθμος EVOL5RANDREC

Στην περίπτωση αυτή ακολουθείται η ίδια ακριβώς διαδικασία όπως στον αλγόριθμο EVOL4REC με μόνη διαφορά ότι στο βήμα (β) εφαρμόζεται στους απογόνους ο αλγόριθμος EVOL3RAND. Εξετάζεται δηλαδή η περίπτωση της εξελιξιμότητας με διασταύρωση και τυχαιοποιημένη διαδικασία δημιουργίας της περιοχής N^* .

Ο ψευδοκώδικας για τον αλγόριθμο EVOL5RANDREC παρουσιάζεται στον πίνακα 132.

Αλγόριθμος EVOL5RANDREC

Input: population P_i , ideal function f , dimension (n) of X_n , size (s) of sample S , percentage of neighborhood ($perc$), δ_{min} , δ_{max} , distribution choice (j)

Output: updated population P_{i+1}

1. function **EVOL5RANDREC**($P_i, f, n, s, perc, \delta_{min}, \delta_{max}, j$)
//population $P_i = \{h_i^1, h_i^2, h_i^3, h_i^4\}$
//updated population $P_{i+1} = \{h_{i+1}^1, h_{i+1}^2, h_{i+1}^3, h_{i+1}^4\}$
 2. $Feas_{i+1} \leftarrow \{ \}$
 3. $P_{i+1} \leftarrow \{ \}$
 4. **for** k **from** 1 **to** $\binom{|P_i|}{2}$:
 5. **for** $\{h_i^{k[1]}, h_i^{k[2]}\} \in P_i$:
 6. $\{H_i^{k[1]}, H_i^{k[2]}\} \leftarrow \text{Recombination}(\{h_i^{k[1]}, h_i^{k[2]}\})$
 7. $\{h_{i+1}^{k[1]}, \theta(h_{i+1}^{k[1]})\} \leftarrow \text{EVOL3RAND}(H_i^{k[1]}, f, n, s, perc, \delta_{min}, \delta_{max}, j)$
 8. $\{h_{i+1}^{k[2]}, \theta(h_{i+1}^{k[2]})\} \leftarrow \text{EVOL3RAND}(H_i^{k[2]}, f, n, s, perc, \delta_{min}, \delta_{max}, j)$
 9. $Feas_{i+1} \leftarrow Feas_{i+1} \cup \{h_{i+1}^{k[1]}, h_{i+1}^{k[2]}\}$
 10. **for** l **from** 1 **to** $|P_i|$:
 11. $h_{i+1}^l \leftarrow \text{SelectBest}(Feas_{i+1}, \theta(h_{i+1}^l))$
 12. $P_{i+1} \leftarrow P_{i+1} \cup \{h_{i+1}^l\}$
 // $|P_{i+1}| = |P_i|$
 13. **return** P_{i+1}
-

Πίνακας 132. Ο αλγόριθμος *EVOL5RANDREC*

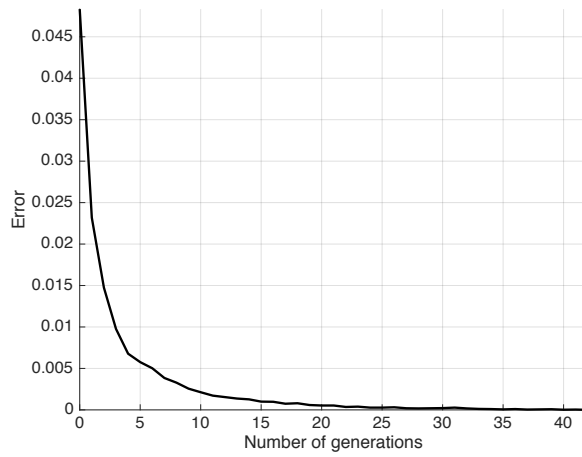
5.5.1 Σχεδιασμός πειραμάτων και αποτελέσματα

ΚΩΔΙΚΟΣ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: EVOL5RANDREC - EX59	
ΑΡΙΘΜΟΣ ΔΙΑΔΟΧΙΚΩΝ ΕΠΑΝΑΛΗΨΕΩΝ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: 100	
ΣΥΝΘΗΚΗ ΤΕΡΜΑΤΙΣΜΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ: $err(f, h_i) = 0$	
ΤΙΜΕΣ ΕΙΣΟΔΟΥ	
ΜΕΤΑΒΛΗΤΗ	ΤΙΜΗ
Μέγεθος X_n	16
Μέγεθος δείγματος S	2^{10}
Μέγιστο όριο γενεών	10000
δ_{min}	0.001
δ_{max}	0.05
Τυχαία κατανομή	Ομοιόμορφη
Συνάρτηση σφάλματος	Συσχέτιση (-1/1)
Τυχαιοποιημένη περιοχή N^*	Ναι
Ποσοστό N^* (επί της αρχικής N)	10%
Αποκλίνουσα συνάρτηση f^d	Όχι
Είδος απόκλισης	\emptyset
Ιδανική συνάρτηση f	[3 4 7 8 11 14 15]
Αρχική προσέγγιση h	[2 5 6 10]
Συγκριτικό μέγεθος h, f	$ h < f $
Διασταύρωση	Ναι
Αρχικός πληθυσμός	[2 5 6 10]
	[1 3 7 14 15]
	[4 8 10 11]
	[3 5 6 9 13 16]

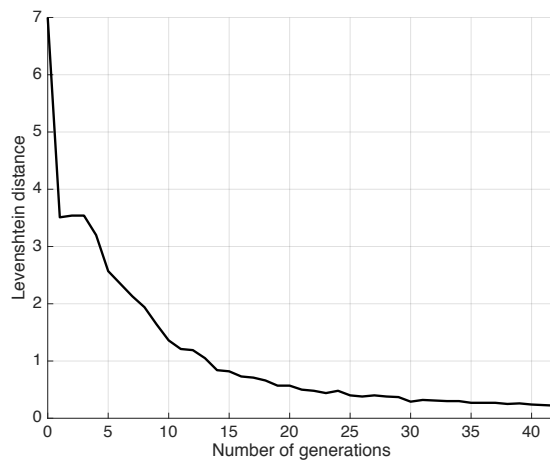
Πίνακας 133. Το πείραμα EVOL5RANDREC - EX59.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ	
Μέγιστος αριθμός γενεών	42
Ελάχιστος αριθμός γενεών	3
Μέσος αριθμός γενεών	10.4
Ποσοστό επαναλήψεων με μονότονη σύγκλιση	98%
Ποσοστό επαναλήψεων με απόλυτη σύγκλιση στο στόχο	85%
Ποσοστημότητα μέσου σφάλματος	
25%	< 0.00017578
50%	< 0.00052734
75%	< 0.00202640
90%	< 0.00737500

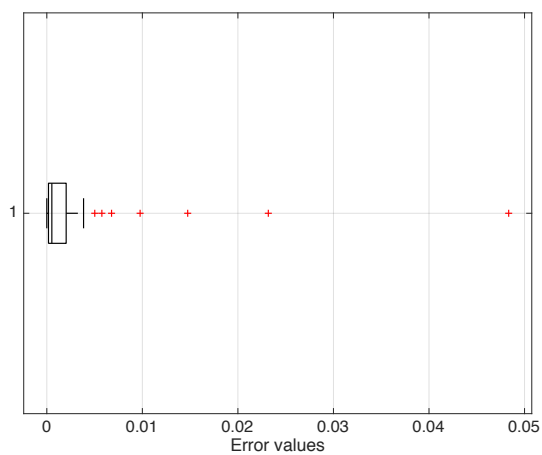
Πίνακας 134. Τα αποτελέσματα του πειράματος EVOL5RANDREC - EX59.



Διάγραμμα 209. Το μέσο σφάλμα ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 210. Η μέση απόσταση Levenshtein ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 211. Το θηκόγραμμα των τιμών του μέσου σφάλματος.

5.5.2 Σχολιασμός αποτελεσμάτων

Για την υλοποίηση του αλγόριθμου EVOL5RANDREC εφαρμόσαμε τη διαδικασία της διασταύρωσης στη «δυσκολότερη» εκδοχή που εξετάσαμε για τον αλγόριθμο EVOL3RAND με το πείραμα EX57 (μέγεθος N^* ίσο με 10% της αρχικής N). Τα αποτελέσματα φαίνονται στον Πίνακα 135.

	Μέγιστος αριθμός γενεών	Ποσοστό μονότονης σύγκλισης	Ποσοστό απόλυτης σύγκλισης
EVOL3RAND (ΠΕΙΡΑΜΑ EX57)	280.96	89%	96%
EVOL5RANDREC (ΠΕΙΡΑΜΑ EX59)	10.4	98%	85%

Πίνακας 135. Σύγκριση των αλγορίθμων EVOL3RAND και EVOL5RANDREC.

Ο αλγόριθμος EVOL5RANDREC εμφανίζεται εντυπωσιακά καλύτερος στην ταχύτητα σύγκλισης από τον αλγόριθμο EVOL3RAND. Στη μονότονη σύγκλιση ο αλγόριθμος EVOL5RANDREC εμφανίζει καλύτερες επιδόσεις ενώ στην απόλυτη σύγκλιση προηγείται ο αλγόριθμος EVOL3RAND.

5.6 Ο αλγόριθμος EVOL6DRIFT

Η αποτελεσματικότητα του μοντέλου της εξελιξιμότητας στην περίπτωση που η ιδανική συνάρτηση f μεταβάλλεται βαθμιαία από γενεά σε γενεά εξετάζεται μέσω του αλγόριθμου EVOL6DRIFT. Ως μέτρο απόκλισης μεταξύ των συναρτήσεων f και της αποκλίνουσας f^d χρησιμοποιείται η απόσταση Levenshtein. Σημειώνουμε εδώ πως εξ' όσων γνωρίζουμε η απόσταση Levenshtein δεν έχει χρησιμοποιηθεί προηγουμένως στην έρευνα της εξελιξιμότητας με αποκλίνοντες στόχους.

Οι βασικές παράμετροι του αλγόριθμου EVOL6DRIFT είναι οι ίδιες με αυτές του αλγόριθμου EVOL1BASIC με μόνη διαφορά ότι εισάγονται τέσσερις διαφορετικές διαδικασίες για τη δημιουργία της συνάρτησης f^d από την f :

1. Με βάση τη διαδικασία $Drift_1$ αντικαθίσταται μια τυχαία επιλεγμένη μεταβλητή της f με μια άλλη επίσης επιλεγμένη τυχαία.
2. Με βάση τη διαδικασία $Drift_2$ εκτελείται τυχαία μια από τις ακόλουθες ενέργειες:

- (α) Διαγραφή μιας τυχαία επιλεγμένης μεταβλητής της f .
 - (β) Εισαγωγή μιας τυχαία επιλεγμένης μεταβλητής στην f .
 - (γ) Αντικατάσταση μιας τυχαία επιλεγμένης μεταβλητής της f με μια άλλη επίσης επιλεγμένη τυχαία.
3. Με βάση τη διαδικασία $Drift_3$ αντικαθίστανται δύο τυχαία επιλεγμένες μεταβλητές της f με δύο άλλες επίσης επιλεγμένες τυχαία.
4. Με βάση τη διαδικασία $Drift_4$ εκτελείται τυχαία μια από τις ακόλουθες ενέργειες:
- (α) Διαγραφή δύο τυχαία επιλεγμένων μεταβλητών της f .
 - (β) Διαγραφή μιας τυχαία επιλεγμένης μεταβλητής της f και αντικατάσταση μιας τυχαία επιλεγμένης μεταβλητής της f με μια άλλη επίσης επιλεγμένη τυχαία.
 - (γ) Εισαγωγή δύο τυχαία επιλεγμένων μεταβλητών στην f .
 - (δ) Εισαγωγή μιας τυχαία επιλεγμένης μεταβλητής στην f και αντικατάσταση μιας τυχαία επιλεγμένης μεταβλητής της f με μια άλλη επίσης επιλεγμένη τυχαία.
 - (ε) Αντικατάσταση δύο τυχαία επιλεγμένων μεταβλητών της f με δύο άλλες επίσης επιλεγμένες τυχαία.

Οι διαδικασίες $Drift_1$ και $Drift_2$ θα δώσουν $lev(f, f^d) = 1$ ενώ οι διαδικασίες $Drift_3$ και $Drift_4$ θα δώσουν $lev(f, f^d) = 2$.

Ο ψευδοκώδικας για τον αλγόριθμο EVOL6DRIFT παρουσιάζεται στον πίνακα 136. Στους πίνακες 137, 138, 139 και 140 παρουσιάζονται κωδικοποιημένες οι διαδικασίες $Drift_1$, $Drift_2$, $Drift_3$ και $Drift_4$.

Αλγόριθμος EVOL6DRIFT

Input: hypothesis h_i , ideal function f , dimension (n) of X_n , size (s) of sample S , t_{min} , t_{max} , distribution choice (j), drift choice (γ)

Output: updated hypothesis h_{i+1}

1. function **EVOL6DRIFT**($h_i, f, n, s, \delta_{min}, \delta_{max}$)
 2. **if** $|h| > 0$:
 3. create N^-
 4. **else**
 5. $N^- \leftarrow \{ \}$
 6. **if** $|h| < n$:
 7. create N^+ ; create N^\pm
 8. **else**
 9. $N^+ \leftarrow \{ \}$; $N^\pm \leftarrow \{ \}$
 10. $N \leftarrow N^- \cup N^+ \cup N^\pm \cup \{h_i\}$
 11. **for** $\bar{h}_i \in N$:
 12. **AssignWeight**(\bar{h}_i, N)
 13. $Bene \leftarrow \{ \}$; $Neut \leftarrow \{h_i\}$
 14. $f^d \leftarrow \text{Drift}_\gamma(f)$ // $\gamma = 1, 2, 3, 4$
 15. $S \leftarrow \text{RandomDistr}_j(X_n)$ // $j = 1$: Uniform, $j = 2$: Bernoulli
 16. $\theta(h_i) \leftarrow \text{Perf}_s(f^d, h_i)$; $\delta(h_i) \leftarrow (\delta_{min} - \delta_{max}) \cdot \theta(h_i) + (\delta_{min} + \delta_{max})/2$
 17. **for** $\bar{h}_i \in N$:
 18. $S \leftarrow \text{RandomDistr}_j(X_n)$ // $j = 1$: Uniform, $j = 2$: Bernoulli
 19. $\theta(\bar{h}_i) \leftarrow \text{Perf}_s(f^d, \bar{h}_i)$
 20. **if** $\theta(\bar{h}_i) \geq \theta(h_i) + \delta(h_i)$:
 21. $Bene \leftarrow Bene \cup \{\bar{h}_i\}$
 22. **elseif** $\theta(\bar{h}_i) > \theta(h_i) - \delta(h_i)$:
 23. $Neut \leftarrow Neut \cup \{\bar{h}_i\}$
 24. **If** $Bene \neq \{ \}$:
 25. $h_{i+1} \leftarrow \text{RandomSelect}(Bene)$
 26. **else**
 27. $h_{i+1} \leftarrow \text{RandomSelect}(Neut)$
 28. $f \leftarrow f^d$
 29. **return** h_{i+1}
-

Πίνακας 136. Ο αλγόριθμος EVOL6DRIFT.

Συνάρτηση $Drift_1$

Input: ideal function f , dimension (n) of X_n

Output: drifted ideal function f^d

1. function $Drift_1(f, n)$
 2. $\{i, j\} \leftarrow RandomChoice(|f|, n)$
 3. $f \leftarrow f - \{x_i\}$
 4. $f^d \leftarrow f \cup \{x_j\}$ // $lev(f, f^d) = (1, \uparrow)_n^{|f|} = 1$
//under $Drift_1$: $|f^d| = |f|$
 5. return f^d
-

Πίνακας 137. Η συνάρτηση $Drift_1$.

Συνάρτηση $Drift_2$

Input: ideal function f , dimension (n) of X_n

Output: drifted ideal function f^d

1. function $Drift_2(f, n)$
 2. $RandomChoice(\langle \cdot | \uparrow \rangle \text{ or } \langle \cdot | \downarrow \rangle \text{ or } \langle \cdot | \updownarrow \rangle)$
 3. if $\langle \cdot | \uparrow \rangle$:
 4. $\{i\} \leftarrow RandomChoice(|f|)$
 5. $f^d \leftarrow f - \{x_i\}$ // $lev(f, f^d) = (1, \uparrow)_n^{|f|} = 1$
 6. elseif $\langle \cdot | \downarrow \rangle$:
 7. $\{i\} \leftarrow RandomChoice(|f|, n)$
 8. $f^d \leftarrow f \cup \{x_i\}$ // $lev(f, f^d) = (1, \downarrow)_n^{|f|} = 1$
 9. elseif $\langle \cdot | \updownarrow \rangle$:
 10. $\{i, j\} \leftarrow RandomChoice(|f|, n)$
 11. $f \leftarrow f - \{x_i\}$
 12. $f^d \leftarrow f \cup \{x_j\}$ // $lev(f, f^d) = (1, \updownarrow)_n^{|f|} = 1$
//under $Drift_2$: $|f^d| < |f|$ or $|f^d| > |f|$ or $|f^d| = |f|$
 14. return f^d
-

Πίνακας 138. Η συνάρτηση $Drift_2$.

Συνάρτηση $Drift_3$

Input: ideal function f , dimension (n) of X_n

Output: drifted ideal function f^d

1. function $Drift_3(f, n)$
 2. $\{i, j, k, l\} \leftarrow RandomChoice(|f|, n)$
 3. $f \leftarrow f - \{x_i\}$
 4. $f \leftarrow f \cup \{x_j\}$
 5. $f \leftarrow f - \{x_k\}$
 6. $f^d \leftarrow f \cup \{x_l\}$ // $lev(f, f^d) = (2, \updownarrow)_n^{|f|} = 2$
//under $Drift_3$: $|f^d| = |f|$
 7. return f^d
-

Πίνακας 139. Η συνάρτηση $Drift_3$.

Συνάρτηση $Drift_4$

Input: ideal function f , dimension (n) of X_n

Output: drifted ideal function f^d

1. function $Drift_4(f, n)$
 2. $RandomChoice$ (
 $(\langle \cdot | \uparrow \rangle \text{ and } \langle \cdot | \uparrow \rangle)$ or
 $(\langle \cdot | \uparrow \rangle \text{ and } \langle \cdot | \downarrow \rangle)$ or
 $(\langle \cdot | \downarrow \rangle \text{ and } \langle \cdot | \downarrow \rangle)$ or
 $(\langle \cdot | \downarrow \rangle \text{ and } \langle \cdot | \uparrow \rangle)$ or
 $(\langle \cdot | \uparrow \rangle \text{ and } \langle \cdot | \uparrow \rangle)$
)
3. if $(\langle \cdot | \uparrow \rangle \text{ and } \langle \cdot | \uparrow \rangle)$:
4. $\{i, j\} \leftarrow RandomChoice(|f|)$
5. $f \leftarrow f - \{x_i\}$
6. $f^d \leftarrow f - \{x_j\}$ // $lev(f, f^d) = (2, \uparrow)_n^{|f|} = 2$
7. elseif $(\langle \cdot | \uparrow \rangle \text{ and } \langle \cdot | \downarrow \rangle)$:
8. $\{i, j, k\} \leftarrow RandomChoice(|f|, n)$
9. $f \leftarrow f - \{x_i\}$
10. $f \leftarrow f - \{x_j\}$
11. $f^d \leftarrow f \cup \{x_k\}$ // $lev(f, f^d) = (1, \uparrow)_n^{|f|} + (1, \downarrow)_n^{|f|-1} = 1 + 1 = 2$
12. elseif $(\langle \cdot | \downarrow \rangle \text{ and } \langle \cdot | \downarrow \rangle)$:
13. $\{i, j\} \leftarrow RandomChoice(|f|, n)$
14. $f \leftarrow f \cup \{x_i\}$
15. $f^d \leftarrow f \cup \{x_j\}$ // $lev(f, f^d) = (2, \downarrow)_n^{|f|} = 2$
16. elseif $(\langle \cdot | \downarrow \rangle \text{ and } \langle \cdot | \uparrow \rangle)$:
17. $\{i, j, k\} \leftarrow RandomChoice(|f|, n)$
18. $f \leftarrow f \cup \{x_i\}$
19. $f \leftarrow f - \{x_j\}$
20. $f^d \leftarrow f \cup \{x_k\}$ // $lev(f, f^d) = (1, \downarrow)_n^{|f|} + (1, \uparrow)_n^{|f|+1} = 1 + 1 = 2$
21. elseif $(\langle \cdot | \uparrow \rangle \text{ and } \langle \cdot | \uparrow \rangle)$:
22. $\{i, j, k, l\} \leftarrow RandomChoice(|f|, n)$
23. $f \leftarrow f - \{x_i\}$
24. $f \leftarrow f \cup \{x_j\}$
25. $f \leftarrow f - \{x_k\}$
26. $f^d \leftarrow f \cup \{x_l\}$ // $lev(f, f^d) = (2, \uparrow)_n^{|f|} = 2$
//under $Drift_4$: $|f^d| < |f|$ or $|f^d| > |f|$ or $|f^d| = |f|$
27. return f^d
-

Πίνακας 140. Η συνάρτηση $Drift_4$.

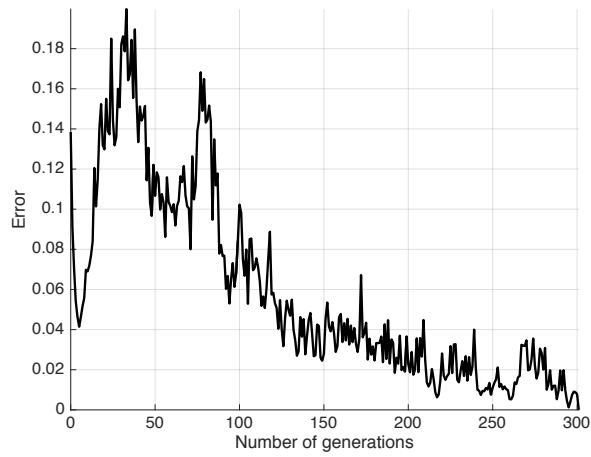
5.6.1 Σχεδιασμός πειραμάτων και αποτελέσματα

ΚΩΔΙΚΟΣ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: EVOL6DRIFT - EX60	
ΑΡΙΘΜΟΣ ΔΙΑΔΟΧΙΚΩΝ ΕΠΑΝΑΛΗΨΕΩΝ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: 100	
ΣΥΝΘΗΚΗ ΤΕΡΜΑΤΙΣΜΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ: $err(f, h_i) = 0$	
ΤΙΜΕΣ ΕΙΣΟΔΟΥ	
ΜΕΤΑΒΛΗΤΗ	ΤΙΜΗ
Μέγεθος X_n	16
Μέγεθος δείγματος S	2^{10}
Μέγιστο όριο γενεών	10000
δ_{min}	0.001
δ_{max}	0.05
Τυχαία κατανομή	Ομοιόμορφη
Συνάρτηση σφάλματος	Συσχέτιση (-1/1)
Τυχαιοποιημένη περιοχή N^*	Όχι
Ποσοστό N^* (επί της αρχικής N)	\emptyset
Αποκλίνουσα συνάρτηση f^d	Ναι
Είδος απόκλισης	$Drift_1 / lev(f, f^d) = 1$
Αρχική ιδανική συνάρτηση f	[3 4 7 8 11 14 15]
Αρχική προσέγγιση h	[2 5 6 10]
Συγκριτικό μέγεθος h, f	$ h < f $
Διασταύρωση	Όχι
Αρχικός πληθυσμός	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset

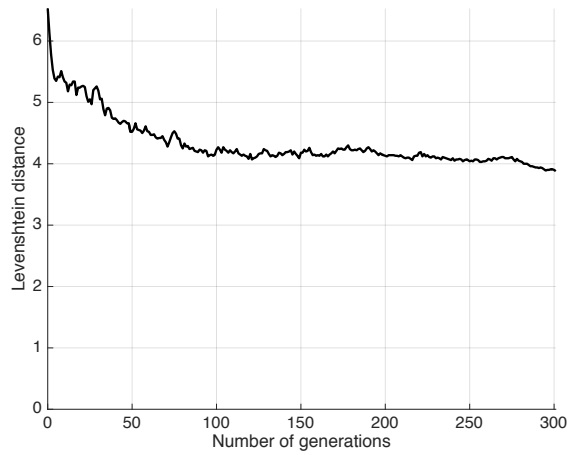
Πίνακας 141. Το πείραμα EVOL6DRIFT - EX60.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ	
Μέγιστος αριθμός γενεών	301
Ελάχιστος αριθμός γενεών	6
Μέσος αριθμός γενεών	62.94
Ποσοστό επαναλήψεων με μονότονη σύγκλιση	50%
Ποσοστό επαναλήψεων με απόλυτη σύγκλιση στο στόχο	22%
Ποσοστημότητα μέσου σφάλματος	
25%	< 0.020176
50%	< 0.040332
75%	< 0.091191
90%	< 0.138810

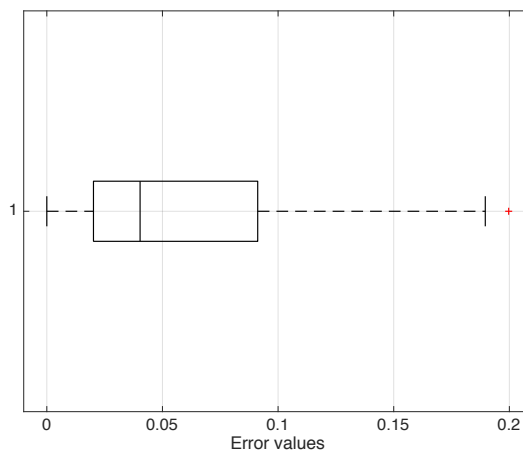
Πίνακας 142. Τα αποτελέσματα του πειράματος EVOL6DRIFT - EX60.



Διάγραμμα 212. Το μέσο σφάλμα ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 213. Η μέση απόσταση Levenshtein ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



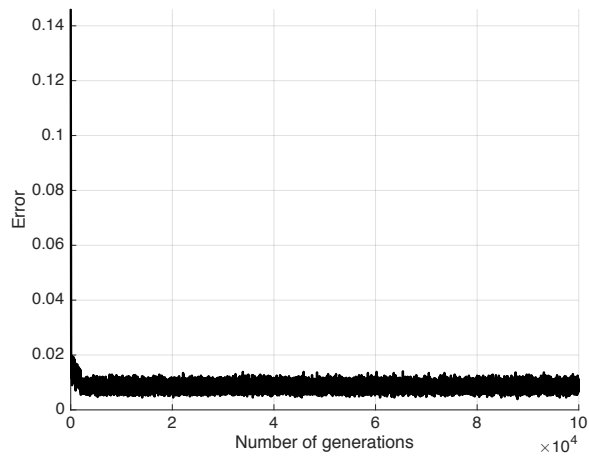
Διάγραμμα 214. Το θηκόγραμμα των τιμών του μέσου σφάλματος.

ΚΩΔΙΚΟΣ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: EVOL6DRIFT - EX61	
ΑΡΙΘΜΟΣ ΔΙΑΔΟΧΙΚΩΝ ΕΠΑΝΑΛΗΨΕΩΝ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: 10	
ΣΥΝΘΗΚΗ ΤΕΡΜΑΤΙΣΜΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ: $err(f, h_i) = 0$	
ΤΙΜΕΣ ΕΙΣΟΔΟΥ	
ΜΕΤΑΒΛΗΤΗ	ΤΙΜΗ
Μέγεθος X_n	16
Μέγεθος δείγματος S	2^{10}
Μέγιστο όριο γενεών	100000
δ_{min}	0.001
δ_{max}	0.05
Τυχαία κατανομή	Ομοιόμορφη
Συνάρτηση σφάλματος	Συσχέτιση (-1/1)
Τυχαίοποιημένη περιοχή N^*	Όχι
Ποσοστό N^* (επί της αρχικής N)	\emptyset
Αποκλίνουσα συνάρτηση f^d	Ναι
Είδος απόκλισης	$Drift_2 / lev(f, f^d) = 1$
Αρχική ιδανική συνάρτηση f	[3 4 7 8 11 14 15]
Αρχική προσέγγιση h	[2 5 6 10]
Συγκριτικό μέγεθος h, f	$ h < f $
Διασταύρωση	Όχι
Αρχικός πληθυσμός	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset

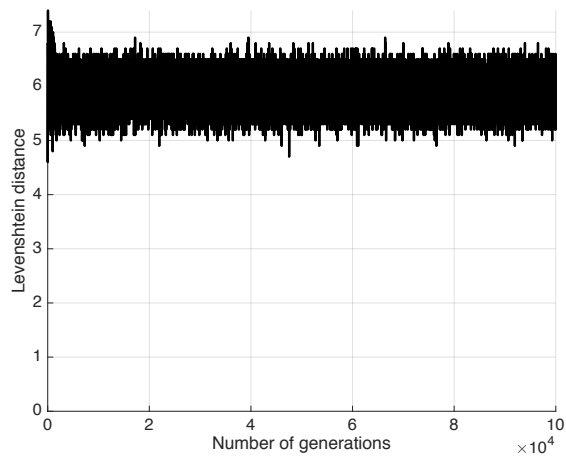
Πίνακας 143. Το πείραμα EVOL6DRIFT - EX61.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ	
Επανάληψη	Αριθμός γενεών
1	1707
2	1957
3	173
4	> 100000
5	882
6	65
7	1336
8	64
9	> 100000
10	> 100000

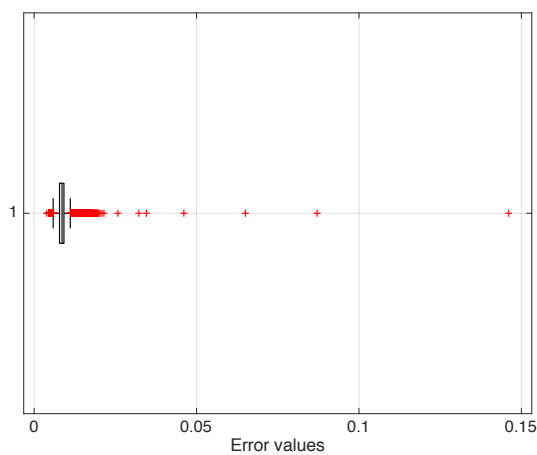
Πίνακας 144. Τα αποτελέσματα του πειράματος EVOL6DRIFT - EX61.



Διάγραμμα 215. Το μέσο σφάλμα ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 216. Η μέση απόσταση Levenshtein ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



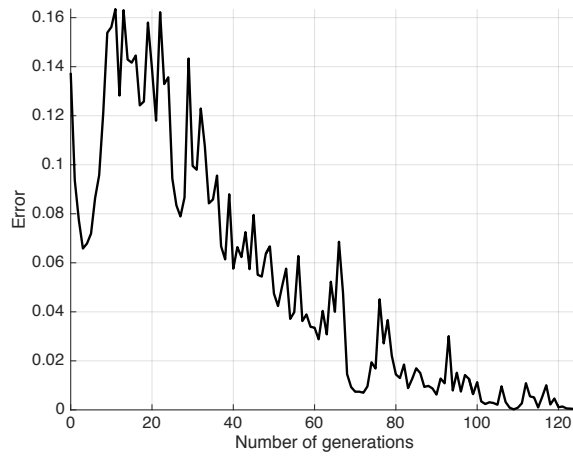
Διάγραμμα 217. Το θηκόγραμμα των τιμών του μέσου σφάλματος.

ΚΩΔΙΚΟΣ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: EVOL6DRIFT - EX62	
ΑΡΙΘΜΟΣ ΔΙΑΔΟΧΙΚΩΝ ΕΠΑΝΑΛΗΨΕΩΝ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: 100	
ΣΥΝΘΗΚΗ ΤΕΡΜΑΤΙΣΜΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ: $err(f, h_i) = 0$	
ΤΙΜΕΣ ΕΙΣΟΔΟΥ	
ΜΕΤΑΒΛΗΤΗ	ΤΙΜΗ
Μέγεθος X_n	16
Μέγεθος δείγματος S	2^{10}
Μέγιστο όριο γενεών	10000
δ_{min}	0.001
δ_{max}	0.05
Τυχαία κατανομή	Ομοιόμορφη
Συνάρτηση σφάλματος	Συσχέτιση (-1/1)
Τυχαίοποιημένη περιοχή N^*	Όχι
Ποσοστό N^* (επί της αρχικής N)	\emptyset
Αποκλίνουσα συνάρτηση f^d	Ναι
Είδος απόκλισης	$Drift_3 / lev(f, f^d) = 2$
Αρχική ιδανική συνάρτηση f	[3 4 7 8 11 14 15]
Αρχική προσέγγιση h	[2 5 6 10]
Συγκριτικό μέγεθος h, f	$ h < f $
Διασταύρωση	Όχι
Αρχικός πληθυσμός	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset

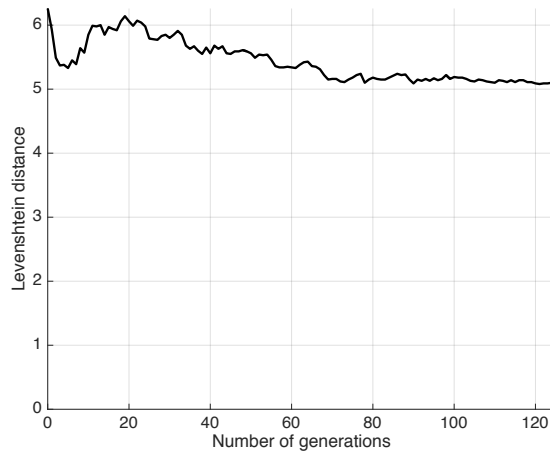
Πίνακας 145. Το πείραμα EVOL6DRIFT - EX62.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ	
Μέγιστος αριθμός γενεών	125
Ελάχιστος αριθμός γενεών	6
Μέσος αριθμός γενεών	32.84
Ποσοστό επαναλήψεων με μονότονη σύγκλιση	37%
Ποσοστό επαναλήψεων με απόλυτη σύγκλιση στο στόχο	0%
Ποσοστημόρια μέσου σφάλματος	
25%	< 0.0092773
50%	< 0.0380270
75%	< 0.0842580
90%	< 0.1354100

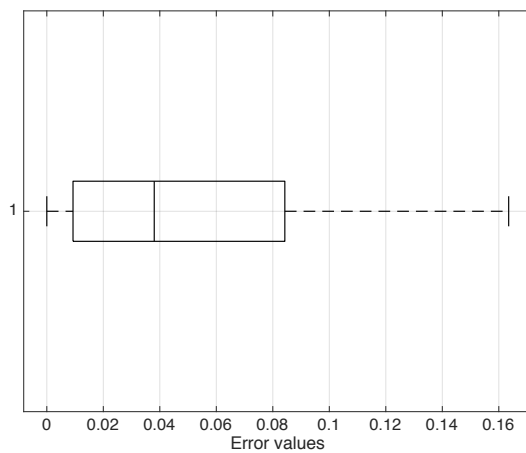
Πίνακας 146. Τα αποτελέσματα του πειράματος EVOL6DRIFT - EX62.



Διάγραμμα 218. Το μέσο σφάλμα ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 219. Η μέση απόσταση Levenshtein ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



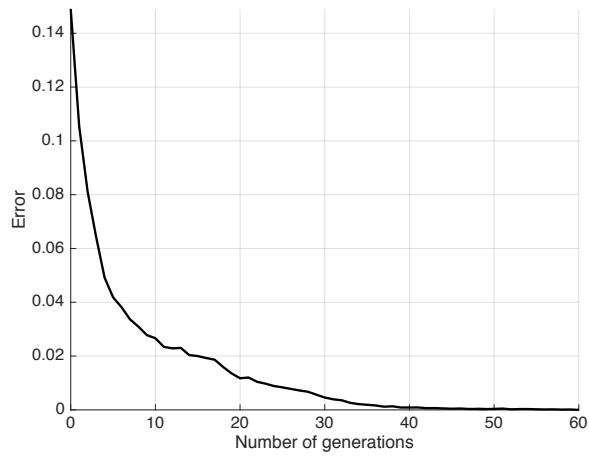
Διάγραμμα 220. Το θηκόγραμμα των τιμών του μέσου σφάλματος.

ΚΩΔΙΚΟΣ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: EVOL6DRIFT - EX63	
ΑΡΙΘΜΟΣ ΔΙΑΔΟΧΙΚΩΝ ΕΠΑΝΑΛΗΨΕΩΝ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: 100	
ΣΥΝΘΗΚΗ ΤΕΡΜΑΤΙΣΜΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ: $err(f, h_i) = 0$	
ΤΙΜΕΣ ΕΙΣΟΔΟΥ	
ΜΕΤΑΒΛΗΤΗ	ΤΙΜΗ
Μέγεθος X_n	16
Μέγεθος δείγματος S	2^{10}
Μέγιστο όριο γενεών	10000
δ_{min}	0.001
δ_{max}	0.05
Τυχαία κατανομή	Ομοιόμορφη
Συνάρτηση σφάλματος	Συσχέτιση (-1/1)
Τυχαίοποιημένη περιοχή N^*	Όχι
Ποσοστό N^* (επί της αρχικής N)	\emptyset
Αποκλίνουσα συνάρτηση f^d	Ναι
Είδος απόκλισης	$Drift_4 / lev(f, f^d) = 2$
Αρχική ιδανική συνάρτηση f	[3 4 7 8 11 14 15]
Αρχική προσέγγιση h	[2 5 6 10]
Συγκριτικό μέγεθος h, f	$ h < f $
Διασταύρωση	Όχι
Αρχικός πληθυσμός	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset
	\emptyset

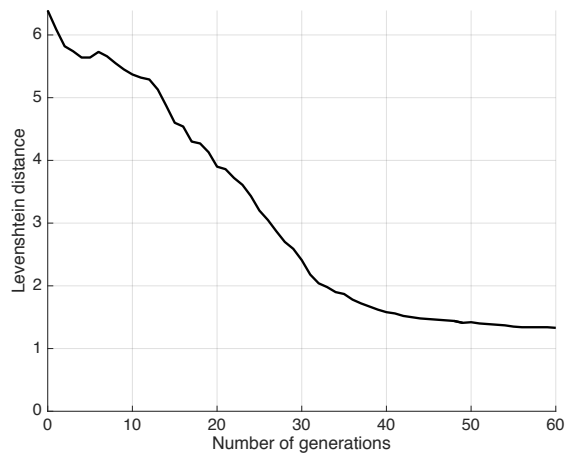
Πίνακας 147. Το πείραμα EVOL6DRIFT - EX63.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ	
Μέγιστος αριθμός γενεών	60
Ελάχιστος αριθμός γενεών	6
Μέσος αριθμός γενεών	25.56
Ποσοστό επαναλήψεων με μονότονη σύγκλιση	87%
Ποσοστό επαναλήψεων με απόλυτη σύγκλιση στο στόχο	68%
Ποσοστημόρια μέσου σφάλματος	
25%	< 0.00049805
50%	< 0.00458980
75%	< 0.02009300
90%	< 0.03964800

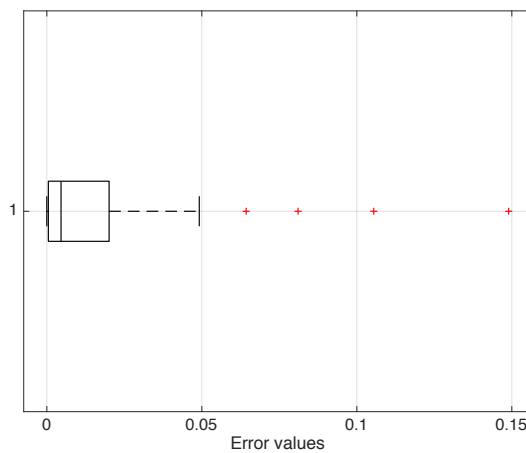
Πίνακας 148. Τα αποτελέσματα του πειράματος EVOL6DRIFT - EX63.



Διάγραμμα 221. Το μέσο σφάλμα ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 222. Η μέση απόσταση Levenshtein ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 223. Το θηκόγραμμα των τιμών του μέσου σφάλματος.

5.6.2 Σχολιασμός αποτελεσμάτων

Τα αποτελέσματα για τον αλγόριθμο EVOL6DRIFT δείχνουν ότι εξελικτικότητα υπάρχει μόνο με τις διαδικασίες $Drift_1$, $Drift_3$ και $Drift_4$ με τη διαδικασία $Drift_4$ να δίνει καλύτερα αποτελέσματα. Για τη διαδικασία $Drift_2$ δεν ικανοποιούνται οι προϋποθέσεις της εξελικτικότητας.

5.7 Ο αλγόριθμος EVOL7RANDRECDRIFT

Ο συγκεκριμένος αλγόριθμος εξετάζει την εξελικτικότητα συναρτήσεων με διασταύρωση, τυχαιοποιημένη διαδικασία δημιουργίας της περιοχής N και επιπλέον με αποκλίνουσα ιδανική συνάρτηση f . Έχουμε ουσιαστικά μια γενικευμένη εκδοχή του αλγόριθμου EVOL5RANDREC αφού σε κάθε επαναληπτική εφαρμογή της διαδικασίας η ιδανική συνάρτηση μεταβάλλεται τώρα βαθμιαία.

Ο ψευδοκώδικας για τον αλγόριθμο EVOL7RANDRECDRIFT παρουσιάζεται στον πίνακα 149.

Αλγόριθμος EVOL7RANDRECDRIFT

Input: population P_i , ideal function f , dimension (n) of X_n , size (s) of sample S , percentage of neighborhood ($perc$), δ_{min} , δ_{max} , distribution choice (j), drift choice (γ)

Output: updated population P_{i+1}

1. function **EVOL7RANDRECDRIFT**($P_i, f, n, s, perc, \delta_{min}, \delta_{max}, j$)
//population $P_i = \{h_i^1, h_i^2, h_i^3, h_i^4\}$
//updated population $P_{i+1} = \{h_{i+1}^1, h_{i+1}^2, h_{i+1}^3, h_{i+1}^4\}$
2. $f^d \leftarrow Drift_\gamma(f)$ // $\gamma = 1, 2, 3, 4$
3. $Feas_{i+1} \leftarrow \{ \}$
4. $P_{i+1} \leftarrow \{ \}$
5. for k from 1 to $\binom{|P_i|}{2}$:
6. for $\{h_i^{k[1]}, h_i^{k[2]}\} \in P_i$:
7. $\{H_i^{k[1]}, H_i^{k[2]}\} \leftarrow Recombination(\{h_i^{k[1]}, h_i^{k[2]}\})$
8. $\{h_{i+1}^{k[1]}, \theta(h_{i+1}^{k[1]})\} \leftarrow EVOL3RAND(H_i^{k[1]}, f^d, n, s, perc, \delta_{min}, \delta_{max}, j)$
9. $\{h_{i+1}^{k[2]}, \theta(h_{i+1}^{k[2]})\} \leftarrow EVOL3RAND(H_i^{k[2]}, f^d, n, s, perc, \delta_{min}, \delta_{max}, j)$
10. $Feas_{i+1} \leftarrow Feas_{i+1} \cup \{h_{i+1}^{k[1]}, h_{i+1}^{k[2]}\}$
11. for l from 1 to $|P_i|$: //until $|P_{i+1}| = |P_i|$
12. $h_{i+1}^l \leftarrow SelectBest(Feas_{i+1}, \theta(h_{i+1}^l))$
13. $P_{i+1} \leftarrow P_{i+1} \cup \{h_{i+1}^l\}$
14. $f \leftarrow f^d$
15. return P_{i+1}

Πίνακας 149. Ο αλγόριθμος EVOL7RANDRECDRIFT.

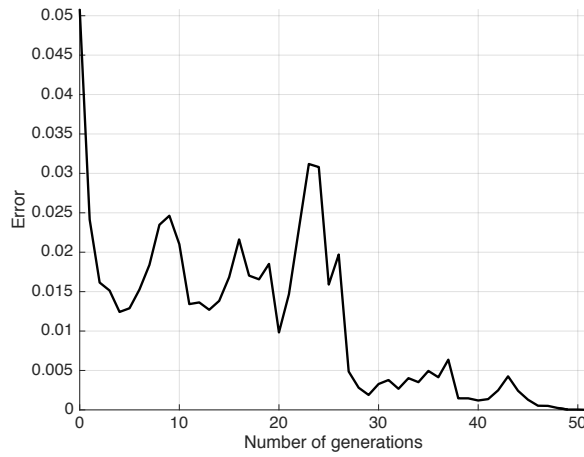
5.7.1 Σχεδιασμός πειραμάτων και αποτελέσματα

ΚΩΔΙΚΟΣ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: EVOL7RANDRECDRIFT - EX64	
ΑΡΙΘΜΟΣ ΔΙΑΔΟΧΙΚΩΝ ΕΠΑΝΑΛΗΨΕΩΝ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: 100	
ΣΥΝΘΗΚΗ ΤΕΡΜΑΤΙΣΜΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ: $err(f, h_i) = 0$	
ΤΙΜΕΣ ΕΙΣΟΔΟΥ	
ΜΕΤΑΒΛΗΤΗ	ΤΙΜΗ
Μέγεθος X_n	16
Μέγεθος δείγματος S	2^{10}
Μέγιστο όριο γενεών	10000
δ_{min}	0.001
δ_{max}	0.05
Τυχαία κατανομή	Ομοιόμορφη
Συνάρτηση σφάλματος	Συσχέτιση (-1/1)
Τυχαιοποιημένη περιοχή N^*	Ναι
Ποσοστό N^* (επί της αρχικής N)	10%
Αποκλίνουσα συνάρτηση f^d	Ναι
Είδος απόκλισης	$Drift_1 / lev(f, f^d) = 1$
Αρχική ιδανική συνάρτηση f	[3 4 7 8 11 14 15]
Αρχική προσέγγιση h	[2 5 6 10]
Συγκριτικό μέγεθος h, f	$ h < f $
Διασταύρωση	Ναι
Αρχικός πληθυσμός	[2 5 6 10]
	[1 3 7 14 15]
	[4 8 10 11]
	[3 5 6 9 13 16]

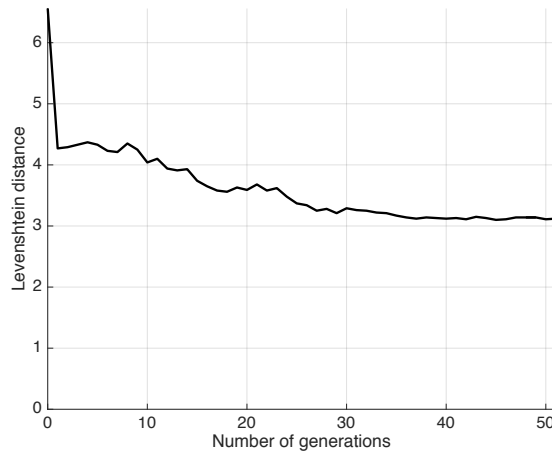
Πίνακας 150. Το πείραμα EVOL7RANDRECDRIFT - EX64.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ	
Μέγιστος αριθμός γενεών	51
Ελάχιστος αριθμός γενεών	2
Μέσος αριθμός γενεών	12.52
Ποσοστό επαναλήψεων με μονότονη σύγκλιση	64%
Ποσοστό επαναλήψεων με απόλυτη σύγκλιση στο στόχο	34%
Ποσοστημότητα μέσου σφάλματος	
25%	< 0.0024512
50%	< 0.0111230
75%	< 0.0169340
90%	< 0.0236760

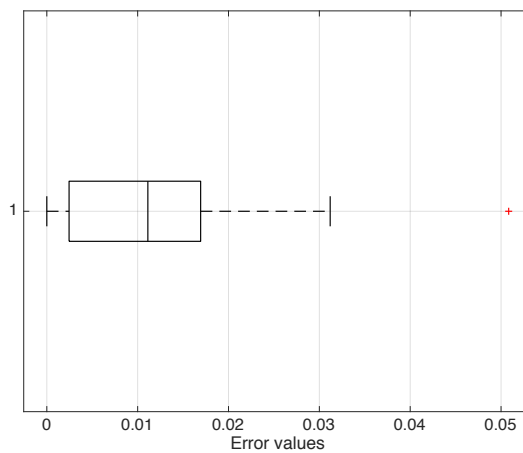
Πίνακας 151. Τα αποτελέσματα του πειράματος EVOL7RANDRECDRIFT - EX64.



Διάγραμμα 224. Το μέσο σφάλμα ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 225. Η μέση απόσταση Levenshtein ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



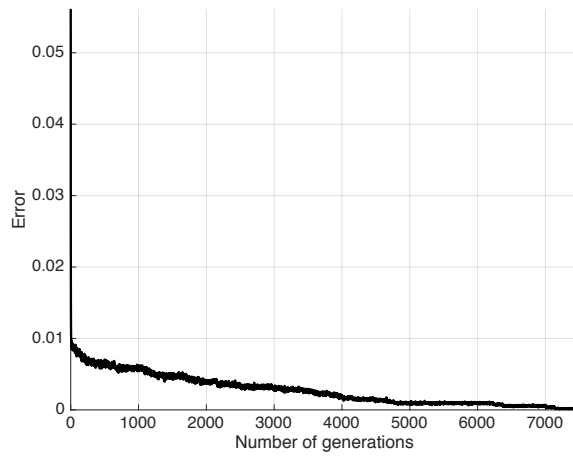
Διάγραμμα 226. Το θηκόγραμμα των τιμών του μέσου σφάλματος.

ΚΩΔΙΚΟΣ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: EVOL7RANDRECDRIFT - EX65	
ΑΡΙΘΜΟΣ ΔΙΑΔΟΧΙΚΩΝ ΕΠΑΝΑΛΗΨΕΩΝ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: 100	
ΣΥΝΘΗΚΗ ΤΕΡΜΑΤΙΣΜΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ: $err(f, h_i) = 0$	
ΤΙΜΕΣ ΕΙΣΟΔΟΥ	
ΜΕΤΑΒΛΗΤΗ	ΤΙΜΗ
Μέγεθος X_n	16
Μέγεθος δείγματος S	2^{10}
Μέγιστο όριο γενεών	10000
δ_{min}	0.001
δ_{max}	0.05
Τυχαία κατανομή	Ομοιόμορφη
Συνάρτηση σφάλματος	Συσχέτιση (-1/1)
Τυχαιοποιημένη περιοχή N^*	Ναι
Ποσοστό N^* (επί της αρχικής N)	10%
Αποκλίνουσα συνάρτηση f^d	Ναι
Είδος απόκλισης	$Drift_2 / lev(f, f^d) = 1$
Αρχική ιδανική συνάρτηση f	[3 4 7 8 11 14 15]
Αρχική προσέγγιση h	[2 5 6 10]
Συγκριτικό μέγεθος h, f	$ h < f $
Διασταύρωση	Ναι
Αρχικός πληθυσμός	[2 5 6 10]
	[1 3 7 14 15]
	[4 8 10 11]
	[3 5 6 9 13 16]

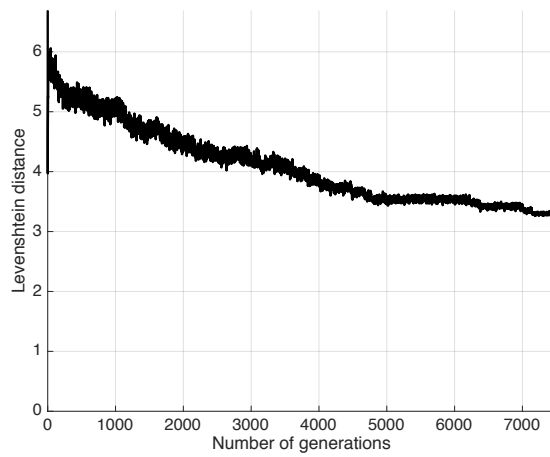
Πίνακας 152. Το πείραμα EVOL7RANDRECDRIFT - EX65.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ	
Μέγιστος αριθμός γενεών	7492
Ελάχιστος αριθμός γενεών	4
Μέσος αριθμός γενεών	1116.07
Ποσοστό επαναλήψεων με μονότονη σύγκλιση	99%
Ποσοστό επαναλήψεων με απόλυτη σύγκλιση στο στόχο	33%
Ποσοστημόρια μέσου σφάλματος	
25%	< 0.00091797
50%	< 0.00224610
75%	< 0.00414060
90%	< 0.00595700

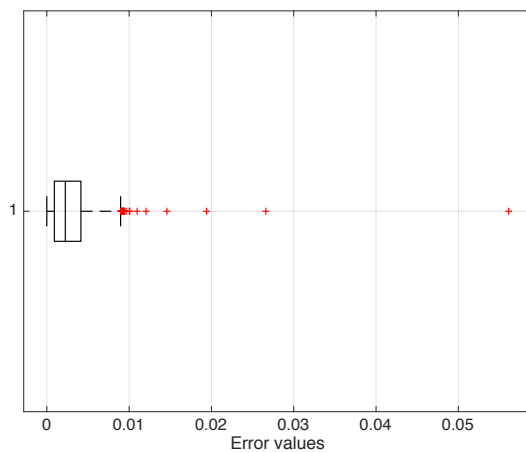
Πίνακας 153. Τα αποτελέσματα του πειράματος EVOL7RANDRECDRIFT - EX65.



Διάγραμμα 227. Το μέσο σφάλμα ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 228. Η μέση απόσταση Levenshtein ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



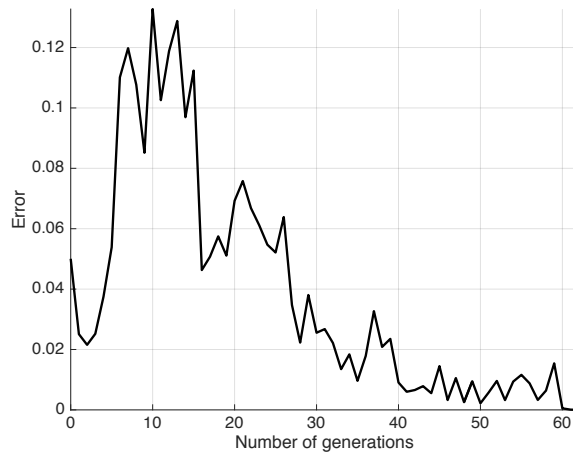
Διάγραμμα 229. Το θηκόγραμμα των τιμών του μέσου σφάλματος.

ΚΩΔΙΚΟΣ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: EVOL7RANDRECDRIFT - EX66	
ΑΡΙΘΜΟΣ ΔΙΑΔΟΧΙΚΩΝ ΕΠΑΝΑΛΗΨΕΩΝ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: 100	
ΣΥΝΘΗΚΗ ΤΕΡΜΑΤΙΣΜΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ: $err(f, h_i) = 0$	
ΤΙΜΕΣ ΕΙΣΟΔΟΥ	
ΜΕΤΑΒΛΗΤΗ	ΤΙΜΗ
Μέγεθος X_n	16
Μέγεθος δείγματος S	2^{10}
Μέγιστο όριο γενεών	10000
δ_{min}	0.001
δ_{max}	0.05
Τυχαία κατανομή	Ομοιόμορφη
Συνάρτηση σφάλματος	Συσχέτιση (-1/1)
Τυχαίοποιημένη περιοχή N^*	Ναι
Ποσοστό N^* (επί της αρχικής N)	10%
Αποκλίνουσα συνάρτηση f^d	Ναι
Είδος απόκλισης	$Drift_3 / lev(f, f^d) = 2$
Αρχική ιδανική συνάρτηση f	[3 4 7 8 11 14 15]
Αρχική προσέγγιση h	[2 5 6 10]
Συγκριτικό μέγεθος h, f	$ h < f $
Διασταύρωση	Ναι
Αρχικός πληθυσμός	[2 5 6 10]
	[1 3 7 14 15]
	[4 8 10 11]
	[3 5 6 9 13 16]

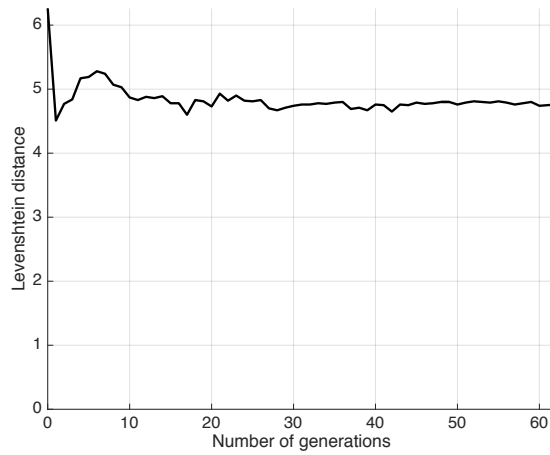
Πίνακας 154. Το πείραμα EVOL7RANDRECDRIFT - EX66.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ	
Μέγιστος αριθμός γενεών	62
Ελάχιστος αριθμός γενεών	2
Μέσος αριθμός γενεών	15.39
Ποσοστό επαναλήψεων με μονότονη σύγκλιση	49%
Ποσοστό επαναλήψεων με απόλυτη σύγκλιση στο στόχο	9%
Ποσοστημόρια μέσου σφάλματος	
25%	< 0.0091406
50%	< 0.0235160
75%	< 0.0567720
90%	< 0.1081700

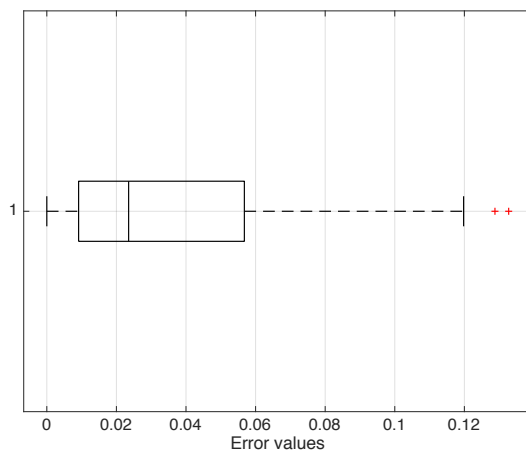
Πίνακας 155. Τα αποτελέσματα του πειράματος EVOL7RANDRECDRIFT - EX66.



Διάγραμμα 230. Το μέσο σφάλμα ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 231. Η μέση απόσταση Levenshtein ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



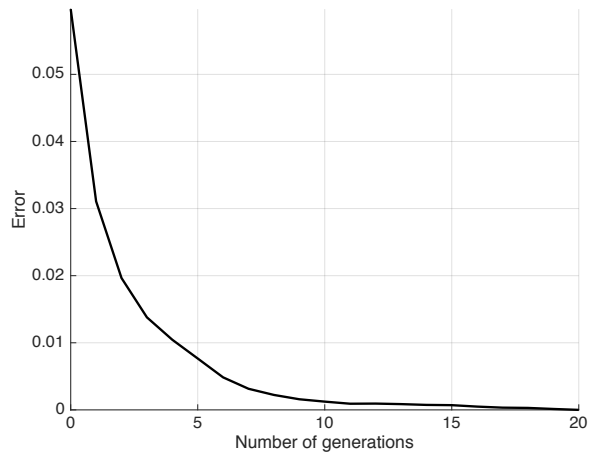
Διάγραμμα 232. Το θηκόγραμμα των τιμών του μέσου σφάλματος.

ΚΩΔΙΚΟΣ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: EVOL7RANDRECDRIFT - EX67	
ΑΡΙΘΜΟΣ ΔΙΑΔΟΧΙΚΩΝ ΕΠΑΝΑΛΗΨΕΩΝ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ: 100	
ΣΥΝΘΗΚΗ ΤΕΡΜΑΤΙΣΜΟΥ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ: $err(f, h_i) = 0$	
ΤΙΜΕΣ ΕΙΣΟΔΟΥ	
ΜΕΤΑΒΛΗΤΗ	ΤΙΜΗ
Μέγεθος X_n	16
Μέγεθος δείγματος S	2^{10}
Μέγιστο όριο γενεών	10000
δ_{min}	0.001
δ_{max}	0.05
Τυχαία κατανομή	Ομοιόμορφη
Συνάρτηση σφάλματος	Συσχέτιση (-1/1)
Τυχαίοποιημένη περιοχή N^*	Ναι
Ποσοστό N^* (επί της αρχικής N)	10%
Αποκλίνουσα συνάρτηση f^d	Ναι
Είδος απόκλισης	$Drift_4 / lev(f, f^d) = 2$
Αρχική ιδανική συνάρτηση f	[3 4 7 8 11 14 15]
Αρχική προσέγγιση h	[2 5 6 10]
Συγκριτικό μέγεθος h, f	$ h < f $
Διασταύρωση	Ναι
Αρχικός πληθυσμός	[2 5 6 10]
	[1 3 7 14 15]
	[4 8 10 11]
	[3 5 6 9 13 16]

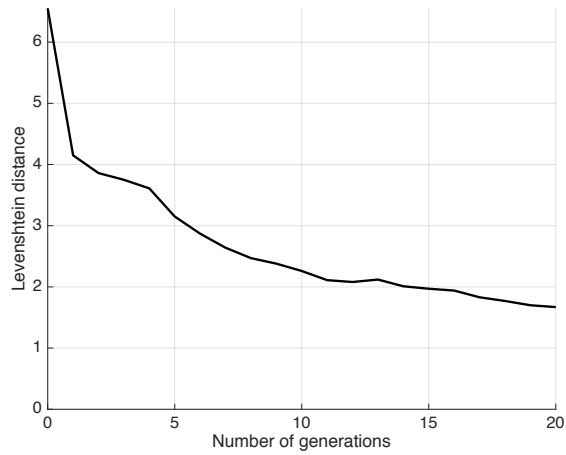
Πίνακας 156. Το πείραμα EVOL7RANDRECDRIFT - EX67.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΠΕΙΡΑΜΑΤΟΣ	
Μέγιστος αριθμός γενεών	20
Ελάχιστος αριθμός γενεών	1
Μέσος αριθμός γενεών	7.32
Ποσοστό επαναλήψεων με μονότονη σύγκλιση	100%
Ποσοστό επαναλήψεων με απόλυτη σύγκλιση στο στόχο	61%
Ποσοστημόρια μέσου σφάλματος	
25%	< 0.00064941
50%	< 0.00123050
75%	< 0.00835450
90%	< 0.02421900

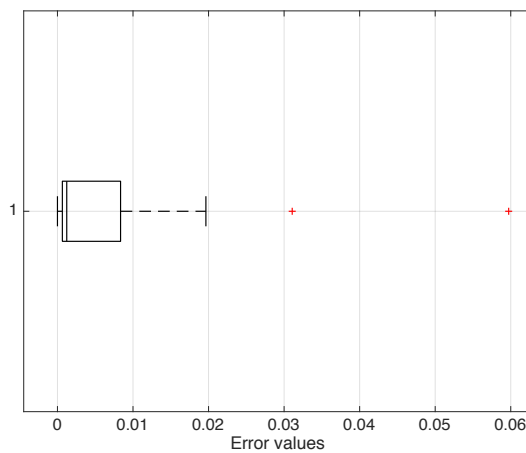
Πίνακας 157. Τα αποτελέσματα του πειράματος EVOL7RANDRECDRIFT - EX67.



Διάγραμμα 233. Το μέσο σφάλμα ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 234. Η μέση απόσταση Levenshtein ως συνάρτηση του αριθμού των γενεών.



Διάγραμμα 235. Το θηκόγραμμα των τιμών του μέσου σφάλματος.

5.7.2 Σχολιασμός αποτελεσμάτων

Τα αποτελέσματα για τον αλγόριθμο EVOL7RANDRECDRIFT εξετάζονται συγκριτικά με τα αποτελέσματα του αλγόριθμου EVOL6DRIFT. Για την υλοποίηση του αλγόριθμου EVOL7RANDRECDRIFT εφαρμόζεται στον αλγόριθμο EVOL6DRIFT η «δύσκολη» περίπτωση του περιορισμού της N^* στο 10% της αρχικής N με ταυτόχρονη ενσωμάτωση της διαδικασίας της διασταύρωσης. Τα συγκεντρωτικά αποτελέσματα για τους δύο αλγόριθμους παρουσιάζονται στους πίνακες 158 και 159.

ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΣ EVOL6DRIFT			
Διαδικασία	Μέγιστος αριθμός γενεών	Ποσοστό μονότονης σύγκλισης	Ποσοστό απόλυτης σύγκλισης
$Drift_1$	62.94	50%	22%
$Drift_2$	-	-	-
$Drift_3$	32.84	37%	0%
$Drift_4$	25.56	87%	68%

Πίνακας 158. Συγκεντρωτικός πίνακας για τον αλγόριθμο EVOL6DRIFT.

ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΣ EVOL7RANDRECDRIFT			
Διαδικασία	Μέγιστος αριθμός γενεών	Ποσοστό μονότονης σύγκλισης	Ποσοστό απόλυτης σύγκλισης
$Drift_1$	12.52	64%	34%
$Drift_2$	1116.07	99%	33%
$Drift_3$	15.39	49%	9%
$Drift_4$	7.32	100%	61%

Πίνακας 159. Συγκεντρωτικός πίνακας για τον αλγόριθμο EVOL7RANDRECDRIFT.

Όπως προκύπτει από τους πιο πάνω πίνακες ο αλγόριθμος EVOL7RANDRECDRIFT δίνει εξελιξιμότητα και με τις τέσσερις διαδικασίες ($Drift_1$, $Drift_2$, $Drift_3$ και $Drift_4$) με καλύτερες συνολικά επιδόσεις από τον αλγόριθμο EVOL6DRIFT. Επιβεβαιώνεται δηλαδή για ακόμη μια φορά η αποτελεσματική επίδραση της διασταύρωσης στη διαδικασία της εξέλιξης.

Κεφάλαιο 6

Επίλογος

Το μοντέλο της εξελιξιμότητας του Valiant [13] έχει μελετηθεί στις διάφορες προεκτάσεις του από πολλούς ερευνητές. Εξ' όσων γνωρίζουμε, η έρευνα μέχρι τώρα έχει περιοριστεί κυρίως σε θεωρητικό επίπεδο. Βασικός στόχος της μεταπτυχιακής διατριβής ήταν να ελέγξει εμπειρικά κατά πόσο ένα θεωρητικό μοντέλο όπως αυτό της εξελιξιμότητας είναι ικανό να επιβιώσει μιας πειραματικής αξιολόγησης. Ταυτόχρονα, μέσω της αξιολόγησης των υπολογιστικών δεδομένων που προέκυψαν από διάφορα πειράματα, επιχειρήθηκε να κατανοηθούν καλύτερα κάποιες παράμετροι του μοντέλου της εξελιξιμότητας.

Τα πειραματικά αποτελέσματα που παρουσιάσαμε επιβεβαιώνουν την εξελιξιμότητα των μονότονων συζεύξεων, τόσο με βάση την ομοιόμορφη κατανομή όσο και με βάση την κατανομή Bernoulli. Επιβεβαιώθηκε εμπειρικά η ανθεκτικότητα (robustness) του μοντέλου σε μικρές αλλαγές των παραμέτρων, όπως επίσης επιβεβαιώθηκε και η σημαντική επίδραση της διασταύρωσης στην επιτάχυνση της εξελικτικής διαδικασίας. Πειραματικά επίσης, φαίνεται να υπάρχουν ενδείξεις ότι η ταχύτητα του βασικού αλγόριθμου του Valiant ενδεχομένως να είναι καλύτερη από $O\left(\log\left(\frac{1}{\varepsilon}\right)\right)$, όπως παρουσιάζεται στην εργασία [13]. Τα υπολογιστικά δεδομένα που εξετάσαμε έδειξαν ότι μικρότερο σφάλμα δεν σημαίνει πάντοτε καλύτερη ταύτιση της προσέγγισης με το στόχο. Για το λόγο αυτό υιοθετήσαμε την έννοια της απόλυτης σύγκλισης (με βάση την απόσταση Levenshtein) ως μέτρο αξιολόγησης της αποτελεσματικότητας ενός εξελικτικού αλγόριθμου. Η απόσταση Levenshtein χρησιμοποιήθηκε επίσης (για πρώτη φορά ίσως στη μελέτη της εξελιξιμότητας) ως μέτρο απόστασης στους αποκλίνοντες στόχους. Τέλος, ο αλγόριθμος EVOL3RAND που προτείναμε αποδεικνύεται στην πράξη αποδοτικότερος (από άποψη χρήσης υπολογιστικών πόρων) από τον αλγόριθμο του Valiant στην εργασία [13]. Τα προγράμματα που αναπτύξαμε για τη διεξαγωγή των πειραμάτων μπορούν να χρησιμοποιηθούν ως υπολογιστικά εργαλεία για περαιτέρω

μελέτη του μοντέλου της εξελιξιμότητας. Τα τμήματα εισόδου τιμών των προγραμμάτων παρουσιάζονται ξεχωριστά για κάθε αλγόριθμο στο Παράρτημα Α.

Πιθανή μελλοντική εργασία μπορεί να περιλαμβάνει τη δημιουργία γραφικού περιβάλλοντος χρήστη στο οποίο θα ενσωματωθούν για ευκολότερη χρήση τα προαναφερθέντα προγράμματα. Η πειραματική έρευνα θα μπορούσε επίσης να μελετήσει εμπειρικά την εξελιξιμότητα των λιστών αποφάσεων (decision lists) και διάφορων κατηγοριών πραγματικών συναρτήσεων. Η επίδραση του μεγέθους του τυχαίου δείγματος S στη συμπεριφορά του αλγόριθμου εξελιξιμότητας καθώς επίσης και ο ρόλος του μεγέθους του πληθυσμού P στα μοντέλα με διασταύρωση είναι ζητήματα που θα μπορούσαν να φωτιστούν καλύτερα μέσω πειραμάτων.

Παράρτημα Α

Τμήματα εισόδου τιμών των αλγορίθμων

A.1 Αλγόριθμος EVOL1BASIC

```
%=====
%EVOLVABILITY ALGORITHM - BASIC
%AUTHOR: ANDREAS TOUMASSIS (OPEN UNIVERSITY OF CYPRUS) - DECEMBER 2017
%=====
%-----
%=====
%INPUT VARIABLES
%=====
%SIZE OF Xn
size=16;

%SAMPLE SIZE = 2^index_sample
index_sample=10;

%MAXIMUM NUMBER OF STEPS
steps=10000;

%TOLERANCE BOUNDS
delta_min=0.001;
delta_tmax=0.05;

%=====
%SELECT DISTRIBUTION
%=====
%UNIFORM => prob_param=0.5 / BERNOULLI (p) => prob_param?0.5
prob_param=0.5;

%=====
%SELECT LOSS FUNCTION
%=====
%BOOLEAN CORRELATION => loss_f=1 / QUADRATIC LOSS => loss_f=2
loss_f=1;

%=====
%SET TARGET AND STARTING HYPOTHESIS
%=====
c_target=[3 4 7 8 11 14 15];
h_approx=[2 5 6 10];
```

A.2 Αλγόριθμος EVOL2BESTH

```
%=====
%EVOLVABILITY ALGORITHM - SELECT BEST HYPOTHESIS
%AUTHOR: ANDREAS TOUMASSIS (OPEN UNIVERSITY OF CYPRUS) - DECEMBER 2017
%=====
%-----
%=====
%INPUT VARIABLES
%=====
%SIZE OF Xn
size=16;

%SAMPLE SIZE = 2^index_sample
index_sample=10;

%MAXIMUM NUMBER OF STEPS
steps=10000;

%=====
%SELECT DISTRIBUTION
%=====
%UNIFORM => prob_param=0.5 / BERNOULLI (p) => prob_param/=0.5
prob_param=0.5;

%=====
%SELECT LOSS FUNCTION
%=====
%BOOLEAN CORRELATION => loss_f=1 / QUADRATIC LOSS =>loss_f=2
loss_f=1;

%=====
%SET TARGET AND STARTING HYPOTHESIS
%=====
c_target=[3 4 7 8 11 14 15];
h_approx=[2 5 6 10];
```

A.3 Αλγόριθμος EVOL3RAND

```
%=====
%EVOLVABILITY ALGORITHM - RANDOMIZED NEIGHBORHOOD
%AUTHOR: ANDREAS TOUMASSIS (OPEN UNIVERSITY OF CYPRUS) - DECEMBER 2017
%=====
%-----
%=====
%INPUT VARIABLES
%=====
%SIZE OF Xn
size=16;

%SAMPLE SIZE = 2^index_sample
index_sample=10;

%MAXIMUM NUMBER OF STEPS
steps=10000;

%TOLERANCE BOUNDS
delta_min=0.001;
delta_max=0.05;

%SET PERCENTAGE OF NEIGHBORHOOD
percent=90;

%=====
%SELECT DISTRIBUTION
%=====
%UNIFORM => prob_param=0.5 / BERNOULLI (p) => prob_param/=0.5
prob_param=0.5;

%=====
%SELECT LOSS FUNCTION
%=====
%BOOLEAN CORRELATION => loss_f=1 / QUADRATIC LOSS = >loss_f=2
loss_f=1;

%=====
%SET TARGET AND STARTING HYPOTHESIS
%=====
c_target=[3 4 7 8 11 14 15];
h_approx=[2 5 6 10];
```

A.4 Αλγόριθμος EVOL4REC

```
%=====
%EVOLVABILITY ALGORITHM - RECOMBINATION
%AUTHOR: ANDREAS TOUMASSIS (OPEN UNIVERSITY OF CYPRUS) - DECEMBER 2017
%=====
%-----
%=====
%INPUT VARIABLES
%=====
%SIZE OF Xn
size=16;

%SAMPLE SIZE = 2^index_sample
index_sample=10;

%MAXIMUM NUMBER OF STEPS
steps=10000;

%TOLERANCE BOUNDS
delta_min=0.001;
delta_max=0.05;

%=====
%SELECT DISTRIBUTION
%=====
%UNIFORM => prob_param=0.5 / BERNOULLI (p) => prob_param/=0.5
prob_param=0.5;

%=====
%SELECT LOSS FUNCTION
%=====
%BOOLEAN CORRELATION => loss_f=1 / QUADRATIC LOSS = >loss_f=2
loss_f=1;

%=====
%SET TARGET AND STARTING HYPOTHESIS
%=====
c_target=[3 4 7 8 11 14 15];
h_approx=[2 5 6 10];

%=====
%SET INITIAL POPULATION
%=====
h1=h_approx;
h2=[1 3 7 14 15];
h3=[4 8 10 11];
h4=[3 5 6 9 13 16];
```

A.5 Αλγόριθμος EVOL5RANDREC

```
%=====
%EVOLVABILITY ALGORITHM - RECOMBINATION AND RANDOMIZED NEIGHBORHOOD
%AUTHOR: ANDREAS TOUMASSIS (OPEN UNIVERSITY OF CYPRUS) - DECEMBER 2017
%=====
%-----
%=====
%INPUT VARIABLES
%=====
%SIZE OF Xn
size=16;

%SAMPLE SIZE = 2^index_sample
index_sample=90;

%MAXIMUM NUMBER OF STEPS
steps=10000;

%TOLERANCE BOUNDS
delta_min=0.001;
delta_max=0.05;

%SET PERCENTAGE OF NEIGHBORHOOD
percent=90;

%=====
%SELECT DISTRIBUTION
%=====
%UNIFORM => prob_param=0.5 / BERNOULLI (p) => prob_param/=0.5
prob_param=0.5;

%=====
%SELECT LOSS FUNCTION
%=====
%BOOLEAN CORRELATION => loss_f=1 / QUADRATIC LOSS = >loss_f=2
loss_f=1;

%=====
%SET TARGET AND STARTING HYPOTHESIS
%=====
c_target=[3 4 7 8 11 14 15];
h_approx=[2 5 6 10];

%=====
%SET INITIAL POPULATION
%=====
h1=h_approx;
h2=[1 3 7 14 15];
h3=[4 8 10 11];
h4=[3 5 6 9 13 16];
```

A.6 Αλγόριθμος EVOL6DRIFT

```
%=====
%EVOLVABILITY ALGORITHM - DRIFTING TARGETS
%AUTHOR: ANDREAS TOUMASSIS (OPEN UNIVERSITY OF CYPRUS) - DECEMBER 2017
%=====
%-----
%-----
%INPUT VARIABLES
%=====
%SIZE OF Xn
size=16;

%SAMPLE SIZE = 2^index_sample
index_sample=10;

%MAXIMUM NUMBER OF STEPS
steps=10000;

%TOLERANCE BOUNDS
delta_min=0.001;
delta_max=0.05;

%SELECT DRIFTING TYPE - drift_choice=1 / 2 / 3 / 4
drift_choice=1;

%=====
%SELECT DISTRIBUTION
%=====
%UNIFORM => prob_param=0.5 / BERNOULLI (p) => prob_param/=0.5
prob_param=0.5;

%=====
%SELECT LOSS FUNCTION
%=====
%BOOLEAN CORRELATION => loss_f=1 / QUADRATIC LOSS => loss_f=2
loss_f=1;

%=====
%SET TARGET AND STARTING HYPOTHESIS
%=====
c_target=[3 4 7 8 11 14 15];
h_approx=[2 5 6 10];
```

A.7 Αλγόριθμος EVOL7RANDRECDRIFT

```
%=====
%EVOLVABILITY ALGORITHM - RECOMBINATION, RANDOMIZED NEIGHBORHOD
%                               AND DRIFTING TARGETS
%AUTHOR: ANDREAS TOUMASSIS (OPEN UNIVERSITY OF CYPRUS) - DECEMBER 2017
%=====
%------
%=====
%INPUT VARIABLES
%=====
%SIZE OF Xn
size=16;

%SAMPLE SIZE = 2^index_sample
index_sample=10;

%MAXIMUM NUMBER OF STEPS
steps=10000;

%TOLERANCE BOUNDS
delta_min=0.001;
delta_max=0.05;

%SELECT DRIFTING TYPE - drift_choice=1 / 2 / 3 / 4
drift_choice=1;

%SET PERCENTAGE OF NEIGHBORHOOD
percent=90;

%=====
%SELECT DISTRIBUTION
%=====
%UNIFORM => prob_param=0.5 / BERNOULLI (p) => prob_param/=0.5
prob_param=0.5;

%=====
%SELECT LOSS FUNCTION
%=====
%BOOLEAN CORRELATION => loss_f=1 / QUADRATIC LOSS =>loss_f=2
loss_f=1;

%=====
%SET TARGET AND STARTING HYPOTHESIS
%=====
c_target=[3 4 7 8 11 14 15];
h_approx=[2 5 6 10];

%=====
%SET INITIAL POPULATION
%=====
h1=h_approx;
h2=[1 3 7 14 15];
h3=[4 8 10 11];
h4=[3 5 6 9 13 16];
```

Βιβλιογραφία

- [01] Bhattacharya, A. Evolution and Computational Learning Theory : A survey on Valiant's paper. *arXiv:1312.4599*, 2013.
- [02] Buschmann, T., & Bystrykh, L. V. Levenshtein error-correcting barcodes for multiplexed DNA sequencing. *BMC Bioinformatics*, 14, 1–10, 2013.
- [03] Cheon, J. H., Kim, M., & Lauter, K. Homomorphic Computation of Edit Distance. *Financial Cryptography and Data Security*, pages 194-212, 2015.
- [04] V. Feldman. Distribution-independent evolvability of linear threshold functions. In *COLT 24*, pages 253–272, 2011.
- [05] V. Feldman. A complete characterization of statistical query learning with applications to evolvability. In *Proceedings of the IEEE Symposium on Foundation of Computer Science*, 2009.
- [06] V. Feldman. Robustness of evolvability. In *COLT 22*, 2009.
- [07] D. P. Helmbold and P. M. Long. Tracking drifting concepts by minimizing disagreements. *Machine Learning*, 14(1), 27–46, 1994.
- [08] Kanade, V. Evolution with recombination. In *Proceedings - Annual IEEE Symposium on Foundations of Computer Science*, 2011.
- [09] V. Kanade, L. G. Valiant, and J. Wortman Vaughan. Evolution with drifting targets. In *COLT 23*, pages 155–167, 2010.
- [10] A. Kuh, T. Petsche, and R. Rivest. Incrementally learning time-varying half-planes. In *NIPS 4*, 1991.
- [11] Levenshtein, Vladimir I. Binary codes capable of correcting deletions, insertions, and reversals. *Soviet Physics Doklady*, 10 (8): 707–710, 1966.
- [12] Michael, L. Evolvability via the Fourier transform. *Theoretical Computer Science* 462, 88–98, 2012
- [13] L. G. Valiant. Evolvability. *Journal of the ACM*, 56(1):1–21, 2009.
- [14] Valiant, P. Evolvability of Real Functions. *ACM Trans. Comput. Theory Article*, 6(19), 2014.
- [15] Wagner, R. A., & Fischer, M. J. The String-to-String Correction Problem. *Journal of the ACM*, 1974.