

Genetic Algorithm Viewer : Démonstration d'un algorithme génétique

Jean-Philippe Rennard, Avril 2000.

Introduction aux Algorithmes Génétiques

Evolution et optimisation

Evolution et Algorithmes génétiques

Fonctionnement d'un algorithme génétique

Adaptation et sélection : le problème du rééchelonnement

Genetic Algorithm Viewer 1.0

Introduction aux Algorithmes génétiques.

La physique, la biologie, mais aussi l'économie ou la sociologie sont couramment confrontées au problème classique de l'optimisation. "L'économie d'intention scientifique" comme l'appelait François Perroux, le dernier grand économiste français, s'est même fait une spécialité de la résolution de ce type de problème¹. D'une manière générale, une partie importante des développements mathématiques au cours notamment du XVIII^{ème} Siècle a été consacrée à ce sujet (souvenez vous de vos cours d'analyse de Terminale et de ces incessantes questions sur l'annulation de la dérivée d'une fonction !).

Les méthodes purement analytiques ont largement fait leurs preuves. Elles souffrent toutefois d'une faiblesse : le monde n'est que très exceptionnellement régi par ces magnifiques fonctions continues et dérivables auxquelles nous ont habitué nos professeurs².

D'autres méthodes combinant analyse mathématique et recherche aléatoire ont permis de dépasser cette limitation. Imaginez une région montagneuse dans laquelle on disperse un certain nombre de petits robots. Ces robots ont la capacité de suivre systématiquement le chemin le plus raide. Arrivé à un sommet, chaque robot s'immobilise en déclarant avoir découvert la cime. Ce type de méthode est très efficace, mais rien ne garantit que l'optimum a été atteint. On se heurte à l'obstacle majeur du volume de données engendré par les phénomènes étudiés. Cette procédure ne peut s'appliquer qu'à des espaces de recherche réduits.

Vous vous demandez peut-être ce que viennent faire ces considérations dans un texte censé traiter de la Vie Artificielle. Le lien existe pourtant, et est même relativement évident.

A- Evolution et optimisation.

Nous voici 45 millions d'années en arrière auprès d'un Basilosaurus :



Basilosaurus

Le Basilosaurus était une sorte de prototype de baleine d'environ 15 mètres pour 5 tonnes. Encore doté d'une tête et de pattes postérieures, il se déplaçait grâce à des mouvements ondulatoires et chassait de petites proies³. Ses membres antérieurs étaient réduits à de courtes nageoires avec une articulation au niveau du coude.

Les déplacements dans un milieu aussi visqueux que l'eau nécessitent de gros efforts. Les individus concernés doivent absorber suffisamment d'énergie pour vaincre la résistance du milieu et contrôler leur trajectoire. La patte courte et articulée n'est pas vraiment adaptée à la nage⁴, elle ne joue que très imparfaitement son rôle de stabilisateur. Pour ce faire, un double phénomène doit se produire : le raccourcissement du "bras", associé à la fixation de l'articulation du coude, et l'allongement des doigts (hyperphalangie) qui vont former la base de la nageoire.



Nageoire d'un Tursiops

L'image précédente montre que deux des doigts du dauphin commun sont hypertrophiés au détriment du reste du membre.

Le basilosaurus était un chasseur, il devait être rapide et précis. Au cours des temps, croisements et mutations génétiques se sont multipliés. Des individus disposant de pattes plus courtes et de doigts allongés sont apparus. Ils se déplaçaient plus rapidement et plus précisément, et en conséquence, étaient susceptibles de vivre plus longtemps et d'avoir une descendance beaucoup plus nombreuse que leurs congénères. Les générations se succédant, cette amélioration s'est poursuivie pour aboutir à la formation de nageoires modernes.

Dans le même temps, des mutations générales concernant le profil hydrodynamique de ce qui était le Basilosaurus, se sont poursuivies : la tête s'est intégrée dans le corps, le profil s'est affiné, la nageoire caudale s'est renforcée ... Au

final, un individu parfaitement adapté aux contraintes du milieu aqueux a émergé.

Cette adaptation au milieu, cette optimisation morphologique est si parfaite qu'à l'heure actuelle, la ressemblance entre le requin, le dauphin ou le sous-marin est frappante. Pourtant le premier est un poisson cartilagineux (Chondrichthyen) dont l'origine remonte au dévonien (- 400 millions d'années) soit bien avant l'apparition du premier mammifère dont descendent les cétacés⁵.

Les mécanismes darwiniens sont donc à l'origine d'un processus d'optimisation⁶, optimisation hydrodynamique pour les poissons et autres animaux marins, aérodynamiques pour les ptérodactyles, les oiseaux ou les chauves souris ...

Cette constatation est à la base des algorithmes génétiques.

B- Evolution et Algorithmes génétiques.

C'est au début des années 1960 que John Holland de l'Université du Michigan a commencé à s'intéresser à ce qui allait devenir les algorithmes génétiques. Ses travaux ont trouvé un premier aboutissement en 1975 avec la publication de *Adaptation in Natural and Artificial System*⁷.

Holland poursuivait un double objectif : améliorer la compréhension des processus naturels d'adaptation, et concevoir des systèmes artificiels possédant des propriétés similaires aux systèmes naturels⁸.


L'idée fondamentale est la suivante : le pool génétique d'une population donnée contient potentiellement la solution, ou plutôt une meilleure solution, à un problème adaptatif donné. Cette solution n'est pas exprimée car la combinaison génétique sur laquelle elle repose est dispersée chez plusieurs individus. Ce n'est que par l'association de ces combinaisons génétiques au cours de la reproduction que la solution pourra s'exprimer. Trivialement, on pourrait par exemple considérer que le raccourcissement de la patte et l'allongement des doigts chez le basilosaurus supposent l'expression de deux "gènes" différents. Ces "gènes" n'existent simultanément chez aucun individu. Lors de la reproduction et de la recombinaison génétique associée, un individu hérite, par hasard, d'un ce ces gènes de chacun de ses parents : sa patte est désormais proche de la nageoire.

L'originalité des travaux de Holland repose en particulier sur le fait qu'il n'a pas considéré les seules mutations comme source d'évolution mais aussi et surtout les phénomènes de croisement⁹ (crossover) : c'est en croisant les solutions potentielles existant au sein du pool génétique que l'on peut se rapprocher de l'optimum.





C- Fonctionnement d'un Algorithme Génétique.

Afin d'illustrer notre raisonnement, nous allons nous placer dans un monde où la génétique est très simplifiée. Les "chromosomes" codent un ensemble de caractéristiques liées. La codification se fait à travers des "gènes" programmant l'activation (l'expression) ou la désactivation d'un caractère.

Examinons le pool génétique d'une population de quatre basilosaurus appartenant à ce monde. On considérera le "chromosome" qui code la longueur des membres antérieurs. Chez ces animaux imaginaires, les caractéristiques de longueur de la patte d'une part et des doigts d'autre part, sont codées sur quatre "gènes". Les deux premiers correspondent à la patte, les deux autres aux doigts.

Dans notre représentation du génome, le cercle sur fond bleu représente l'expression d'un caractère, la croix sur fond vert son absence d'expression. Le génome idéal correspond à des pattes courtes (deux premiers "gènes" verts) et des doigts longs (gènes bleus), soit : .

Le pool génétique de notre population est le suivant :

Individu	Génome
A	
B	
C	
D	

On peut constater que les individus A et B sont les plus proches de leurs ancêtres, ils ont des pattes relativement longues et des doigts courts. En revanche, l'individu D est proche de l'optimum, il suffirait que ses doigts s'allongent un peu.

Le monde où évoluent ces animaux est si particulier que la capacité à se déplacer est le critère essentiel de survie et de reproduction. Aucune femelle n'accepterait aisément de s'unir à un individu dont les pattes ressemblent à celles de A ! En revanche, toutes rêvent de rencontrer D un jour.


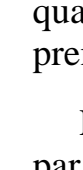
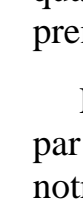

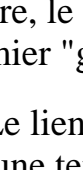
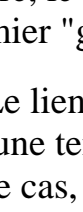

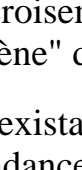
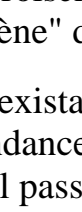

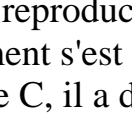
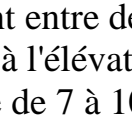
Le degré d'adaptation (fitness) qui détermine la propension à la reproduction, peut se calculer aisément. Pour chacun des gènes correspondant à l'idéal, il suffira de compter un point. L'individu parfait aura donc quatre points. La probabilité de reproduction d'un individu donné dépendra directement de cette valeur (principe dit de "la roue de loterie"). Dans notre cas, on aura les résultats suivants :

Individu	Fitness	Probabilité de reproduction
A	1	$1/7 = 0.143$
B	1	$1/7 = 0.143$
C	2	$2/7 = 0.286$
D	3	$3/7 = 0.428$
Total	7	$7/7=1$

On considérera un cycle de reproduction avec quatre descendants, donc quatre accouplements concernant huit individus. Dans la moitié des cas, D sera sélectionné, il aura donc quatre descendants. C sera sélectionné un fois sur quatre et aura donc

deux descendants. Enfin A et B, avec une sélection sur huit n'auront qu'un descendant chacun.

Le schéma de la reproduction est le suivant :

Individu	Gènes reçus	Génome	Fitness	Probabilité de reproduction
A'	A :  D : 		2	2/10=0.2
B'	B :  D : 		2	2/10=0.2
C'	D :  C : 		3	3/10=0.3
D'	C :  D : 		3	3/10=0.3
Total			10	10/10=1

Au cours de la reproduction, les chromosomes se croisent. Dans trois cas sur quatre, le croisement s'est opéré au centre du génome. Pour D', il s'est opéré après le premier "gène" de C, il a donc hérité de trois "gènes" de D.

Le lien existant entre degré d'adaptation et probabilité de reproduction se traduit par une tendance à l'élévation du degré d'adaptation moyen de la population ; dans notre cas, il passe de 7 à 10.

Au cours du cycle de reproduction suivant, C' et D' vont avoir un descendant commun :

$$D' : \text{[green square][green square][blue circle]} + C' : \text{[blue circle]} = \text{[green square][green square][blue circle][blue circle]}$$

Le nouvel individu a hérité du génome recherché : ses pattes sont devenues des nageoires.

On voit par là que le principe de fonctionnement d'un algorithme génétique est simple :

1. Codage du problème sous forme d'une chaîne binaire ;
2. Génération aléatoire d'une population. Celle-ci contient un pool génétique qui représente un ensemble de solutions possibles ;
3. Calcul d'une valeur d'adaptation pour chaque individu. Elle sera fonction directe de la proximité des différents individus avec l'objectif ;
4. Sélection des individus devant se reproduire en fonction de leurs parts

- respectives dans l'adaptation globale ;
- 5. Croisement des génomes des parents ;
- 6. Sur la base de ce nouveau pool génétique, on repart à partir du point 3.

On peut également exprimer le fonctionnement d'un algorithme génétique en se référant aux notions de génotypes (GTYPE) et phénotypes (PTYPE)¹⁰ :

1. On sélectionne des paires de GTYPE en fonction de l'adaptation de leurs PTYPE respectifs ;
2. On applique les opérateurs génétiques (reproduction, croisement et mutation) pour créer de nouveaux GTYPE ;
3. On développe les GTYPE pour obtenir les PTYPE de la nouvelle génération et on repart en 1.

Les croisements (crossover) sont à la base des algorithmes génétiques. Il existe toutefois un autre opérateur important : la mutation. En effet, au sein d'un pool génétique donné, même important, il est possible que la solution recherchée ne soit pas présente. L'opérateur de mutation permet l'émergence de nouvelles configurations génétiques. En élargissant le pool, ces mutations améliorent les possibilités de trouver une solution optimale. D'autres opérateurs sont également possibles comme l'inversion mais nous n'en traiterons pas ici.

D- Adaptation et Sélection : le problème du rééchelonnement.

Nous avons vu plus haut que dans un AG, la méthode "classique" veut que la probabilité de reproduction soit fonction directe de la part de l'individu dans le niveau d'adaptation global de la population. On simule ainsi la pression adaptative de l'environnement.

L'utilisation de cette méthode pose toutefois deux grands types de problèmes:

1. Un "super-individu" étant trop souvent sélectionné, la population tend à converger vers son génome. La diversité du pool génétique est alors trop réduite pour que l'AG puisse progresser.
2. Au fur et à mesure que l'AG avance, les différences de niveau d'adaptation entre les individus tendent à s'estomper. Les meilleurs ont alors sensiblement la même probabilité de sélection que les autres et l'AG ne progresse plus.

Pour palier ces problèmes, il est possible d'effectuer différents types de transformation sur les valeurs d'adaptation. On relèvera quatre méthodes principales:

1- Fenêtrage : Pour chaque individu, on réduit sa valeur d'adaptation de la valeur d'adaptation du pire individu. Ceci permet de renforcer les individus les plus forts au détriment des plus faibles.

2- Exponentiel : Proposée par S.R. Ladd¹¹, cette méthode consiste à prendre la racine carrée des valeurs d'adaptation augmentée de 1. Ceci permet de réduire

l'influence des individus les plus forts.

3- Transformation Linéaire : On applique une transformation linéaire à chaque valeur, soit $f' = a.f + b$. Là encore, on réduit ainsi la valeur des individus les plus forts.

4- Linéarisation : Les valeurs d'adaptation sont linéarisées. Par exemple, sur une population de 10 biomorphs, le premier individu aura 100, le second 90, 80 ... Le dernier individu aura 10. On s'affranchit ainsi des contraintes du calcul direct. Même si les différences entre individus sont très faibles, ou très fortes, l'écart entre les probabilités de reproduction ne dépend plus que du classement de l'individu.

Pour illustrer le fonctionnement de ces méthodes, prenons une population de quatre individus et examinons l'effet des rééchelonnements. Pour chaque individu, nous donnons la valeur d'adaptation et la probabilité de sélection correspondante.

Individus	1	2	3	4
Fitness brute	50/50%	25/25%	15/15%	10/10%
Fenêtrage	40/66.7%	15/25%	5/8.3%	0/0%
Exponentiel	7.14/36.5%	5.1/26.1%	4.0/20.5%	3.32/16.9%
Transfo. Linéaire	53.3/44.4%	33.3/27.8%	20/16.7	13.3/11.1%
Linéarisation	40/40%	30/30%	20/20%	10/10%

Le fenêtrage élimine les individus les plus faibles - la probabilité passe à 0 - et stimule les plus forts, on passe ici pour le meilleur de 50 à 67 %.

L'exponentielle aplatit la distribution. Elle est très utile quand un super individu (soit un individu dont la probabilité de sélection est très importante) induit une convergence trop rapide.

La transformation linéaire joue, à un degré moindre, le même rôle que l'exponentielle.

Enfin la linéarisation est neutre vis à vis de la distribution des valeurs d'adaptation, elle ne dépend que du classement. Elle s'affranchit aussi bien des super-individus que d'une distribution trop homogène.

Conclusion

Les AG sont des systèmes originaux, s'inspirant du fonctionnement présumé du vivant¹². La méthode utilisée est très différente des algorithmes classiques d'optimisation. On retient quatre points principaux¹³ :

1. Utilisation d'un codage des paramètres, et non des paramètres eux-mêmes ;
2. Travail sur une population de points, au lieu d'un point unique ;

3. Utilisation des seules valeurs de la fonction à optimiser, et non de leur dérivée ou d'une autre connaissance auxiliaire ;
4. Utilisation de fonctions de transition probabilistes, non déterministes.

Il est important de comprendre que le fonctionnement d'un tel algorithme ne garantit nullement la réussite. Nous sommes en présence d'un système stochastique et la probabilité existe qu'un pool génétique soit trop éloigné de la solution, ou, par exemple, qu'une convergence trop rapide bloque le processus d'évolution. Ces algorithmes n'en sont pas moins extrêmement performants, leur utilisation se développe dans des domaines aussi divers que la prévision boursière, l'ordonnancement des systèmes de production ou la programmation des robots d'assemblage dans l'industrie automobile.

Genetic Algorithm Viewer

GAV est une applet de démonstration du fonctionnement d'un Algorithme Génétique (AG). Elle a pour objectif de montrer la puissance des AG et les principaux mécanismes utilisés, tout en permettant une certaine forme de visualisation du fonctionnement général.

Le problème posé consiste à retrouver le génome d'un Biomorph donné (pour plus d'informations sur les Biomorphs, voir [Biomorph Viewer](#)).

Un Biomorph est une configuration graphique générée à partir de neuf gènes. Les huit premiers gènes codent chacun une longueur et une direction ; le neuvième code le nombre d'embranchements, leur profondeur. Dans GAV, chacun des gènes est codé sur 5 bits. Les 4 premiers représentent la valeur, le cinquième son signe. Chaque gène peut donc avoir une valeur allant de -15 à +15. En ce qui concerne le gène 9, sa valeur est limitée à l'espace 2-9.

Il existe donc : 8 (nombre de profondeurs possibles) x 2^{40} (les 40 bits de codage des gènes de base) = 8.8×10^{12} biomorphs possibles, soit quelque 8 800 milliards de combinaisons. Si nous étions capables de tester 1 000 génomes par seconde, il nous faudrait près de 280 ans pour parcourir l'espace de recherche dans sa totalité.

A- Démarrage rapide

L'utilisation de GAV est très simple. Au lancement un échantillon de 25 biomorphs est présenté. Il suffit de cliquer sur l'un d'entre eux pour qu'il devienne l'individu recherché. Il est naturellement possible, grâce au bouton de tirage aléatoire de générer un nouvel échantillon.

1- Les boutons :

De gauche à droite :

1. Tirage d'un nouvel échantillon pour sélection de l'individu à rechercher. Si l'on

utilise ce bouton alors qu'une recherche est en cours, celle ci sera relancée sur le même biomorph. Cette option permet de lancer une nouvelle recherche en cas de convergence trop rapide, ou si la population initiale était par trop éloignée de l'objectif.

2. Avance pas à pas de la recherche.
3. Marche/Arrêt : Recherche continue, elle ne s'arrêtera qu'une fois l'objectif atteint.
4. Augmente le nombre d'individus visibles.
5. Ajuste le nombre d'individus visibles à la population.
6. Réduit le nombre d'individus visibles. Ceci est particulièrement utile dans le cas de populations importantes et/ou de recherche d'un biomorph ayant un grand nombre d'embranchements, la vitesse de l'algorithme en sera grandement accrue.
7. Réinitialise les paramètres.
8. About comme son nom l'indique !

2- Les paramètres de base :

1. Population : les AG doivent travailler sur des populations importantes. Dans notre cas, il est possible de lancer une recherche à partir de 8 ou 24 biomorphs, mais alors, le fonctionnement est très particulier. Il est à noter qu'à chaque taille de population est associée un taux de mutation par défaut.
2. Taux de mutation : il sera de 1 divisé par la valeur saisie. Notez à quel point les valeurs par défaut sont élevées quand les populations sont faibles.
3. Vitesse : soit le temps de pause entre deux générations en millisecondes.

3- Les paramètres de fonctionnement :

De haut en bas :

1. Les 5 boutons radios permettent de fixer la méthode de rééchelonnement des valeurs d'adaptation :
 1. Fenêtrage : Réduit l'ensemble des valeurs pour partir de 0.
 2. Exponentiel : Applique une fonction racine carrée aux valeurs d'adaptation.
 3. Transfo. Linéaire : Réalise une transformation linéaire sur les valeurs.
 4. Linéarisation : Linéarise la distribution des valeurs d'adaptation.
 5. Aucune.
2. Elitiste permet de conserver le meilleur individu de chaque génération. Ce paramètre est essentiel en particulier pour les petites populations.
3. Les 2 boutons radio suivants fixent le type de calcul utilisé. La proximité génétique doit-elle se calculer par rapport au phénotype (en l'occurrence à l'apparence) des biomorphs, ou par rapport à leurs génotypes ? Il est évident que ce dernier cas est théoriquement interdit puisque c'est justement le

génotype que nous cherchons. Nous avons toutefois maintenu cette fonction à titre de démonstration.

4. Enfin les 2 derniers boutons permettent de choisir entre une fonction de mutation "améliorée" car travaillant au niveau de l'ensemble du gène et non de chacun des bits. Là encore, ceci est indispensable pour les petites populations.

4- Les éléments d'information :

1. Gen : compteur de génération.
2. Sous les boutons de choix du type de mutation, on trouve 3 fois 9 bandes de couleurs. Celle du haut représente le génome (les 9 gènes) du biomorph recherché, la seconde celle du meilleur individu actuel et la troisième celle du pire.
3. En bas à gauche, se trouvent 2 fois 45 bandes de couleurs. Elles représentent le génome (au niveau des bits) du biomorph recherché et du meilleur individu courant. Le bleu correspond à un bit à 1, le noir à 0. Toutes les 5 bandes, on trouve le bit de signe, jaune pour plus et gris pour moins. Ceci permet de visualiser plus facilement la valeur des gènes.
4. En bas au centre, se trouvent les valeurs d'adaptation du meilleur individu et de la moyenne de la population, exprimées en pourcentage.
5. En vis à vis, se trouvent des jauges exprimant ces mêmes valeurs.

Lorsque la recherche est stoppée, il est possible de sélectionner un individu quelconque qui s'affichera en bleu. Son génome s'affichera alors sur les secondes lignes des représentations des gènes et des bits.

Il est également possible par un Ctrl-Click de zoomer sur n'importe quel individu (à l'arrêt seulement), son génome et sa valeur d'adaptation s'afficheront alors.

B- Fonctionnement de GAV

Le principe est le suivant :

Au départ, l'algorithme de génération d'un individu étant connu, on dispose de l'image d'un Biomorph. Les seules informations directement mesurables sont les positions des points d'embranchement et leur nombre. L'algorithme de base simule le recueil de ces informations.

Au lancement de la recherche, GAV calcule la distance entre chacun des biomorphs générés et la cible. Cette distance correspond au degré d'adaptabilité (Fitness). Un tirage de type roue de loterie sélectionne ensuite les candidats à la reproduction en fonction de leur fitness, puis les processus de reproduction, croisement et mutation sont lancés. Par mécanisme de roue de loterie, nous entendons le fait que si un individu représente x % de la fitness totale, il a x % de chance d'être sélectionné à chaque reproduction. Un même individu pouvant être sélectionné deux fois au cours du même cycle, il sera à la fois le père et la mère et, hors mutation, le descendant sera naturellement inchangé.

Le paramétrage permet de tester l'AG dans des conditions très variées :

- 1- La population : Les populations possibles vont de 8 à 1599. De fait, les populations inférieures à 500 ne permettent pas un fonctionnement "correct" de l'algorithme. En effet, si vous exécutez la recherche pas-à-pas, vous constaterez que l'algorithme converge très rapidement.
- 2- Le taux de mutation : A chaque reproduction, le nouveau-né est soumis à un processus de mutation. En cas de succès, un gène est modifié. Le type de modification dépend du mode de mutation sélectionné. Pour les populations faibles, vous constaterez que le taux de mutation est très élevé. L'objectif est de contourner le processus de convergence.
- 3- Le mode Elitiste : A chaque cycle de reproduction, la population originelle est entièrement remplacée par la génération suivante. Afin d'améliorer l'efficacité de l'AG, il est possible de conserver le meilleur individu à chaque génération. Ceci permet de maintenir dans le pool génétique la meilleure configuration génétique jamais générée.
- 4- Le type de mutation : Dans GAV, le génome est constitué d'un ensemble de 45 bits stockés dans un entier long. Le mode de mutation classique consiste à transformer un bit unique. Si la condition de probabilité est remplie, un bit est sélectionné au hasard et change de valeur. Cette méthode remplit pleinement son rôle d'élargissement du pool génétique. Il est toutefois possible de l'améliorer. En effet, l'algorithme de base étant considéré comme connu, il est possible d'écrire une fonction de mutation agissant au niveau de l'ensemble d'un gène et non plus au niveau du bit. Dans ce cas, la valeur du gène mutant varie de plus ou moins un. En association avec le mode Elitiste, ceci permet à l'algorithme de suivre "automatiquement" un ensemble d'étapes conduisant à l'objectif.
- 5- Le mode de calcul de l'adaptation :
 - 5.1- L'image (le phénotype) d'un biomorph contient des informations directement mesurables. Il suffit de mesurer la distance en x et en y entre les points d'embranchement. Pour chaque individu, une table contenant la valeur de ces points est créée. Le nombre d'embranchements est également directement visible et stocké dans cette table. Pour chacun de ces points, l'algorithme cumule les distances pour obtenir le degré d'adaptabilité. Dans ce cas, une différence peut exister entre la solution trouvée et le génome de l'individu recherché : pour les valeurs de gènes égales à 0, le bit de signe est indifférent.
 - 5.2- A titre de démonstration, nous avons maintenu un autre

type de calcul de l'adaptation. Celui-ci travaille au niveau du génome, il compare directement les génomes des différents individus avec l'objectif. Dans ce cas, la recherche correspond au génome exact.

L'utilisation des différentes méthodes de rééchelonnement ([cf. partie 1](#)), permet de constater l'efficacité de ces différentes procédures. Il est à noter que vous pouvez en changer en cours de recherche.

GAV vous permettra de visualiser le fonctionnement d'un AG et de tester l'incidence de nombreux paramètres. Prenez le temps de faire des essais, voyez à quelle vitesse l'algorithme peut trouver la solution, ou, inversement, son incapacité à sortir d'un optimum local. Ce type d'algorithme est d'application trop générale pour se cantonner à la vie artificielle, nous verrons toutefois avec d'autres applications ou applets, comment les AG peuvent nous permettre de faire évoluer des populations virtuelles très diverses. D'une certaine manière, et pour reprendre le cas de [Data](#), nous ne saurions construire cet androïde ex-nihilo ; en revanche il pourrait être envisageable de le considérer comme le résultat de la longue évolution des androïdes ancestraux.

-
- 1- Le paradigme dominant de l'Economie Politique, dit "néo-classique", celui qui inspire le libéralisme, n'est en fait en grande partie qu'une ode magnifique aux mathématiques de l'optimisation.
 - 2- C'est là tout l'objet de la "révolution de la non linéarité" qui bouleverse la science contemporaine.
 - 3- S.J. Gould et al., *Le livre de la vie*, Seuil, Science ouverte, 1993, pp.186 ss.
 - 4- On pense que le basilosaurus se reproduisait à terre, ses pattes conservaient donc une certaine utilité. Harrison R, Bryden M.M. dir., *Baleines, dauphins et marsouins*. Bordas, 1989.
 - 5- Ce phénomène, connu sous le nom de convergence évolutive, est très courant. Dans le cas présent, on pourrait également citer l'Ichthyosaure, reptile marin du secondaire dont la morphologie était proche du requin et du dauphin.
 - 6- Il est important de comprendre que si l'évolution induit une optimisation, elle n'est en aucune manière à la recherche d'un optimum absolu. Rien ne prouve dans le darwinisme que les individus en général et l'homme en particulier sont des optima. Le rôle de la contingence au cours de l'évolution est par trop important pour que l'on puisse parler d'un quelconque optimum.
 - 7- Holland J.H., *Adaptation in natural and artificial system*, Ann Arbor, The University of Michigan Press, 1975.
 - 8- Goldberg D., *Algorithmes génétiques*, Addison-Wesley, 1994.
 - 9- Emmeche C., *Garden in the Machine. The Emerging Science of Artificial Life*,

Princeton University Press, 1994, pp. 114 ss.

10- Heudin J.C., *La Vie Artificielle*, Hermès, 1994, pp. 91 ss.

11- S.R. Ladd, *Genetic Algorithm in C++*, 1999-2000. Downloadable book.
<http://www.coyotegulch.com>.

12- La "programmation biologique" ne se limite pas aux AG, un autre cas bien connu est celui des réseaux de neurones.

13- Goldberg D, *idem*, pp. 8 ss.

Jean-Philippe Rennard Avril 2000

<http://www.rennard.org/alife>

alife@rennard.org

Copyright : Ce texte est mis à la disposition du public à seule fin pédagogique. Il est libre pour tout usage personnel. En cas d'usage public non commercial, je vous demande d'en citer l'origine et l'auteur. Tout usage commercial est formellement interdit hors accord écrit de ma part.