

Table 5.2: Transition probabilities for mutations within a GA

| Genotype | | x_i new | | | |
|-----------|-----------|-----------|-------|-------|-------|
| | | 00 | 01 | 10 | 11 |
| x_i old | Phenotype | 0 | 1 | 2 | 3 |
| | 00 | q^2 | pq | pq | p^2 |
| | 01 | pq | q^2 | p^2 | pq |
| | 10 | pq | p^2 | q^2 | pq |
| | 11 | p^2 | pq | pq | q^2 |

keine Änderung

GA - Übergangswahrscheinlichkeiten
für Mutation mit $l=2$ $x \in \{0,1,2,3\}$

z.B.

$$p = \mu_m = 0.001$$

$$q = (1 - \mu_m) = 0.999$$

$$q^2 = 0.998001$$

$$pq = 0.000999$$

$$p^2 = 0.000001$$

Übergänge $1 \leftrightarrow 2$ am unwahrscheinlichsten
obwohl phänotypisch benachbart

Für sukzessive Verbesserungen (\neq großes Los ziehen)
ist entscheidend: Veränderung Δx_i der
phänotyp. Variablen von Generation zu
Generation

(Volumen- versus pfad-orientierte Suche)