

**Markus Kauppi**

# **Evoluutioprosessin variointi avoimessa evoluutiassa**

Tietotekniikan kandidaatintutkielma

16. kesäkuuta 2021

Jyväskylän yliopisto

Informaatioteknologian tiedekunta

**Tekijä:** Markus Kauppi

**Yhteystiedot:** mawaeska@jyu.fi

**Ohjaaja:** Timo Tiihonen

**Työn nimi:** Evoluutioprosessin variointi avoimessa evoluutiossa

**Title in English:** Variating the evolution process in openended evolution

**Työ:** Kandidaatintutkielma

**Opintosuunta:** Kaikki opintosuunnat

**Sivumäärä:** 23+0

**Tiivistelmä:**

Tutkitaan kartoittavan kirjallisuuskatsauksen muodossa evoluutioprosessin variointi avointa evoluutiota hyödyntävissä evoluutioalgoritmeissa, nimellisesti eri uutuudenhaku metodin variaatioita ja johdannaisia, ja muodostetaan kuva siitä mitä eri prosessin vaiheita voidaan varioida ja millä eri tavoin. Uutuudenhaun käyttö parantaa evoluutioalgoritmin kykyä selviytyä harhaanjohtavista tehtävistä ja tutkia eri ratkaisuvaihtoehtoja monipuolisesti. Varioinnin tarkastelu tehdään keskittyen neljän evoluutioprosessissa toistettavan vaiheen, lisääntyjien valinta, jälkeläisten luonti, yksilöiden arviointi ja selviytyjien valinta, eri toteutuksiin.

**Avainsanat:** evoluutiolaskenta, evoluutioalgoritmi, avoin evoluutio, uutuudenhaku

**Abstract:** Investigating, in the form of a scoping literature review, variating the evolution process in evolutionary algorithms that use openended evolution, namely different variations of the novelty search method and forming a picture of how different phases of the process can be variated. The use of novelty search improves an evolutionary algorithms ability to manage deceptive problems and to search for solutions diversely. Investigating the variating is done by focusing on the implementation of the four repeating phases of the evolution process, parent selection, creating offspring, evaluating individuals and survivor selection.

**Keywords:** evolutionary algorithm, openended evolution, novelty search

# Sisältö

1	JOHDANTO .....	1
2	EVOLUUTIOLASKENTA JA AVOIN EVOLUUTIO .....	2
	2.1 Evoluutiiviset algoritmit ja evoluutioprosessin vaiheet .....	2
	2.2 Avoin evoluutio ja uutuudenhaku.....	3
3	YKSILÖIDEN ARVIOINTI .....	6
	3.1 Kelpoisuusfunktio .....	6
	3.2 Uudenlaisuusmetriikka ja uutuudenhaku .....	6
	3.3 Lineaarikombinaatiot ja uudenlaisuus-pohjainen monitavoitteistaminen.....	8
	3.4 Kelpoisuus minimikriteeri .....	9
	3.5 Vertailu.....	10
4	LISÄÄNTYJIEN VALINTA, JÄLKELÄISTEN LUONTI JA SELVIYTYJIEN VALINTA .....	11
	4.1 Lisääntyjien valinta.....	11
	4.1.1 Uudenlaisuusvalinta ja Novelty Pulsation .....	13
	4.2 Jälkeläisten luonti .....	14
	4.3 Selvityjien valinta .....	15
5	YHTEENVETO.....	17
	LÄHTEET .....	18

# 1 Johdanto

Evoluutiolaskenta tietojenkäsittelytieteen osa-alueena ei välttämättä ota vain inspiraatiota luonnollisesta evoluutiosta ja käytä sitä hakemaan ratkaisuja yksittäisten ihmisen ennalta määrittämien ongelmien ylittämiseksi, vaan myös välillä lopulliset tavoitteet on lainattu luonnolliselta evoluutiolta. Evoluutiolaskennan metodeilla saatuja tuloksia on verrattu suoraan luonnollisen evoluution tuottamaan toiminnalliseen kompleksisuuteen ja monimuotoisuuteen. On haluttu tavoitella prosessia joka tuottaa luonnollisen evoluution toimintaan verrattavia tuloksia.

Avointa evoluutiota hyödyntävä evoluutiolaskentaan on mielenkiintoista, sillä lähestymistapana se ei vain onnistu löytämään optimimman ratkaisun joihinkin tehtäviin tai pysty löytämään hyvän ratkaisun joissain tilanteissa nopeammin, vaan myös tuo uusia kunnianhimoisempia tehtäviä sen piiriin mitä evoluutiolaskennalla voidaan mielekkäästi ratkaista. Tämän takia tutkielman tavoitteena on kartoittaa tämänhetkisestä kirjallisuudesta löytyviä eri mahdollisuuksia varioida evoluutioprosessin vaiheita avointa evoluutiota hyödyntävien evoluutioalgoritmien piirissä.

Tutkielmassa aluksi luvussa 2 avataan tarvittavat käsitteet ja käydään läpi tarvittavat tausta tiedot ja sen jälkeen käsitellään järjestyksessä luvussa 3 yksilöiden arvioinnin variointi mahdollisuuksia ja luvun 4 alaluvuissa 4.1 lisääntyjien valinnan variointi mahdollisuuksia, 4.2 jälkeläisten luonnin variointi mahdollisuuksia ja 4.3 selviytyjien valinnan variointi mahdollisuuksia ja lopussa on vielä lyhyt yhteenveto luku 5 tutkielman sisällöstä.

## 2 Evoluutiolaskenta ja avoin evoluutio

Evoluutiolaskenta on tietojenkäsittelytieteen osa-alue joka koskee laskennallisia metodeja jotka on muodostettu ottaen mallia luonnollisesta evoluutiosta (Eiben ja Smith 2015, ss. 13). Evoluutiolaskentaa voidaan käyttää optimisaatio, mallinnus ja simulointi ongelmien ratkaisemiseen (Eiben ja Smith 2015, ss. 14). Tässä luvussa käydään läpi evoluutioalgoritmien toiminta ja vaiheet ja sen jälkeen esitellään avoin evoluutio, uutuudenhaku ja niihin liittyvää tarpeellista taustatietoa.

### 2.1 Evolutiiviset algoritmit ja evoluutioprosessin vaiheet

Evoluutiolaskennassa käytettyjä algoritmeja kutsutaan evoluutioalgoritmeiksi (EA) (Eiben ja Smith 2015, ss. 14) ja tiivistetysti niiden perinteinen toimintaperiaate on seuraavanlainen:

1. Luodaan alustava populaatio, joka koostuu yleensä satunnaisista tai joskus mahdollisesti jotakin tehtäväkohtaista heuristiikkaa käyttäen luoduista yksilöistä eli ratkaisuehdokkaista käsillä olevaa ongelmaa varten.
2. Käydään läpi, miten kukin ehdokas suoriutuu ongelman ratkaisemisesta ja muodostetaan tämän perusteella kustakin ehdokkaasta arvio.
3. Ehdokkaista tehtyjen arvioiden perusteella muodostetaan populaation yksilöistä pareja vanhemmiksi uusille yksilöille eli jälkeläisille.
4. Muodostetaan uusia yksilöitä rekombinoimalla vanhempien piirteitä.
5. Muokataan uusia yksilöitä satunnaisilla mutaatioilla.
6. Arvioidaan uudet yksilöt.
7. Valitaan tehtyjen arvioiden perusteella, mitkä populaation vanhoista yksilöistä ja jälkeläisistä selviävät muodostamaan populaation seuraavan iteraation.
8. Toistetaan vaiheita 3-7 kunnes suotuisan hyvä ratkaisuehdokas löytyy tai kunnes ylitetään asetettu laskennallinen raja. (Eiben ja Smith 2015, ss. 25–26)

Tässä prosessissa toistettavat vaiheet ovat siis yksinkertaisesti lisääntyjien valinta, jälkeläisten luonti, yksilöiden arviointi, ja selviytyjien valinta.

Perinteisesti evolutiivisissa algoritmeissa (EA) yksilöiden arviointiin käytetään tehtäväkohtaista kelpoisuusfunktiota (fitness function) joka mittaa miten hyvin niiden toiminta sopii asetettuun tavoitteeseen. Toiminta siis perustui siihen, että variaatio operaattorit (rekombinaatio ja mutaatio) tuovat populaatioon monimuotoisuutta ja kelpoisuusfunktion avulla suoritettu valinta kasvattaa populaation keskimääräistä laatua (Eiben ja Smith 2015, ss. 26). Yksilöt voivat olla tehtävästä riippuen vaikka yksittäisiä binääriä koodattuja lukuja joita optimoidaan ratkaisuksi johonkin yhtälöön tai neuraaliverkkoja jotka ohjaa robotteja. Tämä tutkielma keskittyy evoluutio prosessin eri vaihedon toteutuksiin pitkälti riippumatta yksilöiden muodosta joten yksilöiden muotoa ja niiden representaatiota, eli käytännön toteutusta miten yksilöt koodataan, käsitellään vain hieman tarvittaessa.

## **2.2 Avoin evoluutio ja uutuudenhaku**

Avoimella evoluutiolla tai avoimuudella tarkoitetaan tässä kontekstissa jonkin systeemin jatkuvaa kykyä luoda merkityksellisesti uudenlaisia tuloksia (Banzhaf ym. 2016; Lehman ja Stanley 2011). Kelpoisuusfunktioita käyttävän perinteisen evolutiivisen algoritmin tuottama evoluutio on tietenkin jo itse jossain määrin "avointa", jonkin tasoinen avoimuus on aina tarpeellista evoluutioprosessin toiminnalle, mutta tässä luvussa esiteltävä uutuudenhaku metodi edustaa selkeää käännoä kohti uutta painotusta evoluution avoimuudelle evoluutiolaskennassa.

Avointa evoluutiota oli jo ennestään hyödynnetty keinoelämän (artificial life) alan tutkimuksessa pyrkimyksissä simuloida luonnollisen evoluution kaltaisen jatkuvaa innovaatiota tuottavan prosessin luomiseen mutta lähestymistapa oli uutuudenhakuun verrattuna erilainen. Avointa evoluutiota pyrittiin hyödyntämään, niin että mallinnettavan populaation yksilöillä ei ole muita tavoitteita kuin selviytyminen ja lisääntyminen, ja monimutkaisten toimintojen kehittyminen populaatiossa tapahtuu sivutuotteena populaation interaktiossa sukupolvien läpi niille luodun ympäristön kanssa vapaasti ilman tiettyä tavoitetta.

2000-luvulla Lehman ja Stanley (2008) kehittivät avointa evoluutiota hyödyntävän uutuu-

denhaku (novelty search) metodin, joka kelpoisuusfunktion sijasta käyttää uudenlaisuusmetriikkaa, jolla yksilöitä palkitaan sen mukaan mitä uudenlaista (englannin kielen sanasta novel) toimintaa ne tuovat populaatioon. Uutuudenhaku mahdollistaa avoimen evoluution käytön ei vain simulaatiossa, jossa oliot kehittyvät yrittäessä selviytyä niille suunnitellussa monimutkaisessa keinoelämä maailmassa, vaan teoriassa missä tahansa tehtävässä mihin evoluutiivisia algoritmeja voi käyttää, sillä itse uudenlaisuuden määrittely ei ole tehtäväsidonnaista vaan voidaan tehdä aina samoin tavoin (Lehman ja Stanley 2008). Uudenlaisuutta haetaan siis suoraan, jatkuvasti ja tehtäväkohtaisen ongelman ratkaisemisen suhteen eikä epäsuorasti luonnonvalintaa mallintavan prosessin sivutuotteena, jolloin uudenlaisuuden löytyminen olosuhteista riippuvaa ja tavallisesti hiipuvaa tietyn pisteen jälkeen (Lehman ja Stanley 2011) Tämä vaatii kuitenkin aina tehtäväkohtaisen tavan laskennallisesti kuvata yksilöiden toimintaa kuten luvussa 3.2 tarkemmin kerrotaan.

Uutuudenhaku haku metodin tavoitteina oli muun muassa parantaa algoritmien suoriutumista harhaanjohtavien (deceptive) ongelmien ratkaisemisessa jotka ovat yksi kelpoisuusfunktioita käyttävän lähestymistavan heikkouksista ja yleisesti haaste evoluutiolaskennassa (Lehman ja Stanley 2008).

Klassinen yksinkertainen esimerkki harhaanjohtavasta ongelmasta on tutkijoiden Lehman ja Stanley (2008) käyttämä sokkelo, jossa tavoitteen maksimointi, eli yksilön ja sokkelon maalin välisen etäisyyden minimointi, johtaa lähtöpisteestä maalin suunnassa olevaan umpikujaan kulkevien yksilöiden muodostumiseen, niiden suosimiseen ja niihin konvergoitumiseen valinnassa (Lehman ja Stanley 2011). Harhaanjohtavuudessa siis on ongelmana se, että EA:n suosii lokaalia optimiratkaisua ja alkaa konvergoitumaan siihen liian aikaisin, sillä lähemmäs tavoitetta pääsevien ratkaisujen kehittyminen vaatisi EA:alta laajempaa ja monimuotoisempaa mahdollisten toimintojen tutkimista. Toimintojen joiden oppiminen on tarpeellista optimaalin ratkaisun löytämiseen mutta jotka vievät aluksi kauemmaksi tavoitteesta (Lehman ja Stanley 2008). Tyypillisesti harhaanjohtavuus kasvaa mitä monimutkaisempaa ja kunnianhimoisempaa toimintaa evoluutioalgoritmillä halutaan oppia (Lehman ja Stanley 2008).

Uutuudenhaku voi kuulostaa epäintuitiiviselta lähestymistavalta ja sen ero satunnaiseen tai kaikki mahdolliset genotyypit systemaattisesti läpikäyvään hakuun ei välttämättä ole ole heti selkeä. Mutta useat eri genotyypit edustaa yksilöitä joiden toiminta on hyvin samankaltaista

ja uutuudenhaku ei käy niitä kaikkia läpi, vaan muutaman löydettyään suuntaa muunlaisen toiminnan löytämiseen kannustamalla muiden korkeamman uudenlaisuus arvion saaneiden yksilöiden lisääntymistä. Satunnainen tai kaikki genotyypit läpikäyvä haku sen sijaan käy estotta turhaan läpi mahdollisesti lukemattomia toiminnaltaan erottamattomia yksilöitä.

Koska merkittävästi toisistaan eroavia yksinkertaisia toimintoja on rajatusti lopulta uutuudenhaku suuntaa kohti monimutkaisempia toimintoja joita tarvitaan kunnianhimoisten tehtävien suorittamiseen. Oletuksena on, että aloituspopulaation yksilöt on suhteellisen yksinkertaista ja kehittyneemmät populaation yksilöt reagoivat ympäristöönsä monimutkaisemmin vuorovaikutus suhtein.

Valittu yksilöiden geneettinen representaatio, eli se miten perimä käytännössä toteutetaan, voi vaikuttaa tähän haun tendenssiin kulkea yksinkertaisesta monimutkaisempaan. Uutuudenhaku on alunperin kehitetty käytettäväksi yhdessä NEAT (NeuroEvolution of Augmenting Topologies) metodin kanssa (Lehman ja Stanley 2008).

Lyhyesti NEAT on spesifi evoluutiolaskennan metodi, jossa yksilöt ovat neuraaliverkkoja, aloitus populaatio topologiaaltaan tehtävän kannalta pienimpiä mahdollisia neuraaliverkkoja ja niiden geneettinen representaatio yhdessä geenejä lisäävien variaatio operaattorien kanssa mahdollistaa neuraaliverkon topologian kasvamisen ja itse genotyypin koon kasvamisen (Stanley ja Miikkulainen 2002). NEAT myös sisältää lajiutumiseksi (speciation) kutsutun ominaisuuden, joka suojaaa genotyypin uusia rakenteita seikoittumasta vanhaan perimään ja näin kannustaa uusien piirteiden itsenäistä kehittymistä. (Lehman ja Stanley 2008). Näiden piirteiden takia NEAT on nähty tukevan uutuudenhakua.

NEAT metodi ei kuitenkaan ole kriittinen uutuudenhaun toiminnalle tai tendenssin yksinkertaisesta monimutkaisempaan toteutumiseksi, vaan ilman sitä Mouret (2011) on saanut samankaltaisia tuloksia käyttäen toisenlaista yksinkertaisempaa neuraaliverkon enkoodausta, joka ei tue lajiutumista tai rekombinaatiota. Tutkijan Mouret (2011) käyttämä enkoodaus on kuitenkin myös kooltaan kasvava genotyyppi, joten vielä jää kysymykseksi miten riippuvainen kyseinen tendenssi on kasvavasta genotyypistä, joka tukee monimutkaisuuden kasvamista.



## 3 Yksilöiden arviointi

Tässä luvussa käsitellään aluksi perinteinen yksilöiden arviointi kelpoisuusfunktiolla ja sen jälkeen erilaiset tavat arvioida yksilöitä avointa evoluutiota hyödyntävässä EA:ssa. Esitellään kunkin toimintaperiaate ja verrataan niiden suoriutumista puhtaaseen uutuudenhakuun ja kelpoisuusfunktion käyttöön. Viimeisessä osiossa vertaillaan niiden suoriutumista keskenään.

### 3.1 Kelpoisuusfunktio

Perinteisesti evoluutioalgoritmeissa on käytetty kelpoisuusfunktioita. Kelpoisuusfunktio on tehtäväkohtaisesti keksittävä funktio jonka tulee antaa yksilölle arvio sen mukaan miten hyvin se suoriutuu tehtävästä j kelpoisuusfunktion määriteltäessä määritellään mikä tehtävän suorituksessa mielletään edistykseksi (Eiben ja Smith 2015, ss. 30). Kelpoisuusfunktioita voi olla myös useampia samaan aikaan jolloin käytetään monitavoiteoptimointi metodeja niiden yhdenaikaiseen käyttöön (Eiben ja Smith 2015, ss. 195). Monitavoiteoptimointi metodeja ei käsitellä usean kelpoisuusfunktioiden käytön suhteen tässä tutkielmassa tarkemmin mutta kyseessä on samat metodit joita käsitellään luvussa 3.3 uudenlaisuusmetriikan ja kelpoisuusfunktion samanaikaisen käytön yhteydessä.

### 3.2 Uudenlaisuusmetriikka ja uutuudenhaku

Jotta uutuudenhaussa yksilöiden uudenlaisuus voidaan laskea, tulee aluksi valita tehtäväkohtainen käyttäytymisen karakterisointivektori (behavioral characterization vector), joka on laskennallinen kuvaus yksittäisen ratkaisuehdokkaan toiminnalle. Vektoriavaruutta jonka alkio karakterisointivektori on ja johon kuuluu kaikki karakterisointivektorin mahdolliset alkiot kutsutaan toiminta-avaruudeksi (behavioural space). Karakterisointivektori voi koostua joko yhdestä arvosta, jolla yksilön toimintaa mitataan, jolloin toiminta-avaruus on yksiulotteinen tai useammasta arvosta jolloin toiminta-avaruus on moniulotteinen.

Jokaisen yksilön toiminta asettuu johonki pisteeseen toiminta-avaruudessa sen karakterisointivektorin arvojen mukaan ja yksilön uudenlaisuus lasketaan sen etäisyydestä muiden yksi-

löiden pisteisiin toiminta-avaruudesta. Tähän on useita eri tapoja mutta yleisin on laskea yksilön etäisyys  $k$  määrään lähimpiä naapureita. Karakterisointivektori ja valittu tapa vertailla etäisyyksiä toiminta-avaruudessa keskenään muodostavat yhdessä uudenlaisuusmetriikan (novelty metric) (Lehman ja Stanley 2011).

Vaikka hakuavaruus josta ratkaisuja haetaan on loppujen lopuksi kaikista mahdollisista genotyypeistä muodostuva joukko. Jopa ääretön määrä mahdollisia genotyypejä saadaan toiminnan perusteella kartoitettua rajattuun toiminta-avaruuteen, sillä useat genotyypit johtavat samaan tai samankaltaiseen toimintaan. Näin ollen haku rajautuu pienempään avaruuteen josta uutuudenhaku voi realistisesti löytää ratkaisuja. Oletuksena on, että merkittävästi eroavia yksinkertaisia toimintoja on tarpeeksi rajattu määrä, jotta kulku monimutkaisemman toiminnan löytämisen suuntaan on tarpeeksi luotettavaa, että haun voi perustaa sille (Lehman ja Stanley 2011).

Lehman ja Stanley (2008) käyttivät alunperin uudenlaisuusmetriikkaa kanssa arkistoa aikaisemmin populaatiosta jo pois jääneiden, syntyessään erityisen uudenlaisiksi miellettyjen, yksilöiden sijainneista toiminta-avaruudessa. Jotta kuolleiden yksilöiden toiminnan uudelleen löytämistä ei nähdä taas udestaan uudenlaisena, yksilöiden uudellaisuus laskettiin vertaamalla niitä populaatioon sekä arkistoituihin yksilöihin. Gomes, Mariano ja Christensen (2015) esittää, että arkistoitavat yksilöt ovat kuitenkin parempi valita satunnaisesti kuin korkean uudenlaisuuden perusteella ja että uutuudenhaku voi toimia myös ilman arkistoa jolloin yksilöiden uudenlaisuus lasketaan vain vertaamalla populaatiossa kullakin hetkellä olevia yksilöitä keskenään. Yksi korkean uudenlaisuuden perusteella tehdyn arkoistoinnin haitoista on arveltu olevan, että se itseasiassa turhaan vähentää nimenomaan näiden korkean uudenlaisuuden yksilöiden ympäristön tutkimista toiminta-avaruudessa (Gomes, Mariano ja Christensen 2015). Arkiston käyttö tuo mukanaan omat haasteensa, sillä arkisto kasvaa helposti populaatiota isommaksi ja etäisyys  $k$  määrään lähimpiä naapureita laskemisen käy raskaammaksi sen mukaan. Arkiston käytön skaalautuvuutta voidaan kuitenkin parantaa esimerkiksi toteuttamalla arkiston datastrukturi  $k-d$  puuna (Gomes, Mariano ja Christensen 2015).

Puhtaan uutuudenhaun heikkous on suoriutumisen kun toiminta-avaruus ei olekaan rajattu tai on erityisen laaja, sillä silloin haun ei voida olettaa kattavan rajoitetussa ajassa tarpeeksi toimintoja löytääkseen lopulta hyödyllisiä toimintoja (Cuccu ja Gomez 2011; Lehman

2010). Tämän heikkouden takia on ollut tarpeellista keksiä tapoja ohjata uutuudenhakua kelpoisuusfunktiota hyödyntäen.

### **3.3 Lineaarikombinaatiot ja uudenlaisuus-pohjainen monitavoitteistaminen**

Yksinkertaisin monitavoiteoptimointi metodi, jolla yhdistetään kelpoisuusfunktion ja uudenlaisuusmetriikan käyttö on käyttää niiden lineaarikombinaatiota. Uudenlaisuusmetriikan arvo ja kelpoisuusfunktion arvot summataan yhteen niiden painoarvoja muuttavien kertoimien kera. (Cuccu ja Gomez 2011). Kelpoisuuden ja uudenlaisuuden lineaarikombinaatioilla on saatu huomattavasti parempia tuloksia verrattuna puhtaan kelpoisuuden ja puhtaan uudenlaisuuden käyttöön samoissa testiolosuhteissa (Cuccu ja Gomez 2011; Gomes, Urbano ja Christensen 2012).

Uudenlaisuus-pohjainen monitavoitteistaminen (Novelty-Based Multiobjectivization) on metodi, jossa ongelma muutetaan monitavoiteoptimointi ongelmaksi, jossa yksi tavoite on kelpoisuusfunktion maksimointi ja toinen on uudenlaisuusmetriikan maksimointi. Metodissa ei vain yksinkertaisesti yhdistetä lineaarikombinaatiolla kelpoisuusfunktiota ja uudenlaisuusmetriikkaa vaan ne pidetään erillään ja niitä vertaillaan toisiinsa. Tämä mahdollistaa sivistyneemmän monimuotoisiin erilaisiin ehtoihin perustuvan vertailun. Mouret (2011) käyttivät Pareto-dominanssi ideaa johon moni MOEA (Multi-objective evolutionary algorithm), kuten heidän käyttämä NSGA-2, usein perustuu, jossa ratkaisuehdokas A nähdään toista ratkaisuehdokasta B parempana vain jos A on B:tä parempi ainakin yhden tavoitteen maksimoinnissa ja vähintään yhtä hyvä kaikkien muiden tavoitteiden optimoinnissa. Näiden dominanssi suhteiden perusteella yksilöt voidaan asettaa etuoikeusjärjestykseen, jossa esimerkiksi ensimmäiselle sijalle kuuluu yksilöt joita mikään muu yksilö ei dominoi ja toiselle sijalle ne joita vain sijalle 1 kuuluvat dominoi ja niin edelleen. Ja yksilöiden todennäköisyys tulla valituksi lisääntymiseen asetetaan sen mukaan mille sijoitukselle ne kuuluvat, eli etuoikeusjärjestys on johdonmukaista käyttää luvussa 4.1 esitettävän ranking lisääntyjien valinnan etuoikeusjärjestyksenä.

Mouret (2011) kokeissa, joissa testiasetelmana oli heidän oma versio harhaanjohtavasta sokkelo ongelmasta, uudenlaisuutta ja kelpoisuutta käyttävä MOEA löysi sokkelon maaliin hitaammin kuin puhdas uutuudenhaku mutta optimoi loppujen lopuksi tarkemmin löytämällä niin lähelle maalia kuin mahdollista. Hitaus oletettavissa, sillä jotain yksilöitä pidetään populaatiossa, koska niillä on parempi kelpoisuus mutta oikeasti kelpoisuus johtaa niitä harhaan eikä niiden säilyttämisestä ole lopulta hyötyä (Mouret 2011). Gomes, Mariano ja Christensen (2015) suorittamissa testeissä, jossa käytettiin kuutta eri tyylistä harhaanjohtavaa sokkeloa, uudenlaisuutta ja kelpoisuutta käyttävä MOEA löysi maaliin jopa nopeammin kuin puhdas uutuudenhaku.

### **3.4 Kelpoisuus minimikriteeri**

Minimal Criteria Novelty Search (MCNS) on metodi, jossa uudenlaisuusmetriikan lisäksi otetaan käyttöön minimikriteeri kelpoisuudelle, joka yksilöiden tulee ylittää, jotta ne laskeaan ehdokkaiksi lisääntymään. Minimikriteerin täyttävien yksilöiden kesken käytetään uudenlaisuusmetriikalla saatuja järjestystä normaalisti valitun EA:n mukaan vanhempien valintaan.

Tähän tarvitaan kelpoisuusfunktioita mutta tyypillisesti sellainen on määritetty uutuudenhauka varten joka tapauksessa lopulliseen parhaiden yksilöiden tunnistamiseen vaikkei sitä itse EA:ssa käytetä evoluutiossa (Lehman 2010).

Kuten luonnollisessa evoluutiossa kelpoisuus ei muodosta arvojärjestystä, jossa korkeammalla olevat ovat aina todennäköisempiä lisääntymään vaan minimikriteerin; lisääntymisen ehtona on, että yksilö on ollut tarpeeksi kelpoinen selviytymään ympäristössään lisääntymiskykyisenä. Käytännön toteutuksessa, jotta päästään alkuun, populaatio alustetaan minimikriteerin jo täyttävillä yksilöillä tai kriteerin alittavia yksilöitä otetaan mukaan lisääntymään, jos sen ylittäviä yksilöitä ei ole (Lehman 2010).

Progressive Minimal Criteria Novelty Search (PMCNS) on sama metodi mutta lisäksi ei tarvitse itse määrittää, vaan se määrittyy automaattisesti populaation kelpoisuuden mukaan ja kasvaa dynaamisesti haun edetessä. Tämä kohdistaa hakua jatkuvasti vahvemmin, niin että aikaa käytetään vähemmän vähiten kelpoisten käytösten löytämiseen.

Kriteeri on aluksi sama kuin kelpoisuusfunktion teoreettinen minimi ja tämän jälkeen määrittyy aina laskemalla kunkin sukupolven kohdalla mikä on kelpoisuusarvo jota pienemmän kelpoisuusarvon ennalta asetettu prosenttimäärä (muuttuja P) populaation vähiten kelpoisista yksilöistä saa, jos saatu kelpoisuusarvo on isompi kuin edellinen kriteeri uusi kriteeri saadaan lisäämällä edelliseen kriteeriin saadun kelpoisuusarvon ja edellisen kriteerin erotus kerrottuna tasoitus parametrillä, jonka arvo valitaan ennalta nollan ja yhden väliltä ja jolla kriteerin kasvua voidaan hidastaa (Gomes, Urbano ja Christensen 2012).

### 3.5 Vertailu

Tässä aluvuossa katsotaan lyhyesti mitä kirjallisuus sanoo eri kelpoisuutta ja uudenlaisuutta yhdistävien arviointi metodien suoriutumisesta toisiinsa verrattuna.

Metodeja ei ole vertailtu kattavasti yhdessä monipuolisen tehtävä joukon ratkaisemiseen. Tutkijoiden Gomes, Mariano ja Christensen (2015) suorittamassa empiirisessä tutkimuksessa on vertailtu kaikkia yllämainittuja arviointi metodeja, lukuunottamatta MCNS, kuuden eri tyylisen sokkelo ongelman ratkaisemisessä mutta eri menetot suoriutuvat paremmin erilaisista ongelmista ja tämän empiirisen tutkimuksen tulokset ovatkin osittain eroavia tuloksista joita saatu käyttämällä muita ongelmia kuin sokkeloita. Esimerkiksi PMCNS on menestynyt muissa tehtävissä (Gomes, Mariano ja Christensen 2015; Gomes, Urbano ja Christensen 2012).

Lehman (2010) on kokeillut MCNS metodin ja Gomes, Mariano ja Christensen (2015) PMCNS metodin suoriutumista molemmat saman mallisen harhanjohtavan sokkelon ratkaisemisen ongelmassa, jossa sokkelo ei ole suljettu, vaan lähtöpisteestä voi lähteä vaeltamaan sokkelon ulkopuolelle äärettömiin. Ongelmassa toiminta-avaruus on siis ääretön. Näissä kokeissa PMCNS suoriutui kyseisestä sokkelosta huonosti kun taas MCNS löysi maaliin luotettavasti. Ei ole selvää mikä johtaa MCNS metodin suoriutumaan PMCNS metodia paremmin näiden tutkimusten välillä. Gomes, Mariano ja Christensen (2015) esittävät, että heidän koikeissa lupaavalta näyttänyt PMCNS ei suoriutunut merkittävästi paremmin kuin puhdas uutuudenhaku sokkeloiden harhaanjohtavuuden takia, sillä se suoriutui kaikista harhaanjohtavimmissa sokkeloissa huonoiten. Parhaiten heidän vertailussa suoriutuivat lineaarikombinaatiot ja uudenlaisuus-pohjainen monitavoitteistaminen (NSGA-2).

## 4 Lisääntyjien valinta, jälkeläisten luonti ja selviytyjien valinta

Tässä luvussa käydään läpi ensin millä eri tavoin yksilöistä tehtyjä arvioita voidaan käyttää valitsemaan mitkä yksilöt tuottavat jälkeläisiä, sen jälkeen miten uudet yksilöt muodostetaan ja lopuksi miten valitaan mitkä yksilöt kuuluvat seuraavaan sukupolveen.

### 4.1 Lisääntyjien valinta

Ennen kuin jälkeläisiä luodaan täytyy jollakin mekanismilla valita mitkä yksilöt valitaan lisääntymiseen mukaan. Tässä luvussa puhutaan lisääntyjien valinnasta eikä vanhempien valinnasta selkeyden vuoksi, sillä valittujen yksilöiden varannosta voidaan muodostaa jälkeläisiä yksittäisiä yksilöitä kopioimalla ja mutatoimalla tai muodostaen pareja jotka toimivat vanhempina joiden rekombinoidusta ja mutatoidusta perimästä muodostuu uudet yksilöt.

Tämä lisääntyjien valinta voidaan toteuttaa monella eri tavalla. Yleisesti tarkoitus on luoda valintapaine, joka suosii parhaiten arivoituja yksilöitä, vaikka myös yksinkertainen satunnainen valinta kaikista yksilöistä (uniform random) on mahdollista riippumatta niiden suoriutumisesta. Tässä tapauksessa valintapaineen täytyy tulla selviytyjien valinta vaiheessa (Eiben ja Smith 2015, ss. 86).

Käydään seuraavaksi läpi yleisimmät valintamekanismit ja sen jälkeen käsitellään vielä erikseen uudenlaatuisuusvalinta ja Novelty Pulsation jotka käyttävät nimenomaan uudenlaisuutta valinnan tekoon.

Kelpoisuus-suhtainen valinta (fitness proportional selection) on yksi vanhimmista valintamekanismeista. Sen nimi viittaa kelpoisuusfunktion käyttöön, sillä aikanaan kelpoisuuden käyttö oli oletus, mutta samaa valintamekanismia voi käyttää muillakin yksilön arviolla kuten esimerkiksi uudenlaisuusmetriikalla. Kelpoisuus-suhtaisessa valinnassa yksilön todennäköisyys tulla valituksi riippuu yksilön arvion ja kaikkien sen hetkisen populaation arvioiden keskiarvon osamäärästä (Whitley ym. 1989).

Ongelma tämän valinnan kanssa on niin sanottu skaalautumisongelma eli se, että valintapai-

neen kovuus riippuu aina yksilöiden arvioiden keskeisistä absoluuttisista etäisyyksistä kunkin sukupolven kohdalla. Riippuen arviointifunktiosta parhaiden yksilöiden arviot voivat olla hyvinkin kaukana muista yksilöistä, jolloin valintapaine on tarpeettoman kova ja kelpoisuutta käytettäessä tämän takia ajaututaan ennenaikaiseen konvergoitumiseen. Taas tilanteessa, kuten populaation konvergoituessa, jolloin arvioiden etäisyydet toisiinsa pienet valintapaine on liian pieni ja haku seisahtuu valinnan lähestyessä satunnaista.

Ranking valinta on lisääntyjien valinnan muoto, jossa yksilöt asetetaan niiden arvion mukaan parhausjärjestykseen ja valinta todennäköisyydet asetetaan lineaarisesti tai eksponentiaalisesti järjestysnumeron mukaan (Blickle ja Thiele 1996).

Ranking valinnan etuina on se, että valintapaineen kovuutta voi helposti kontrolloida suoraan yksinkertaisesti vaihtamalla käytettävän lineaarisen- tai eksponentiaalisenfunktion jyrkkyyttä ja se, että skaalautumisiongelmalta vältytään, sillä valinta riippuu yksilöiden suhteesta toisiinsa etuoikeusjärjestyksessä joten riittävä erottelu löytyy aina (Whitley ym. 1989). Nyanssi arvion pisteiden etäisyydestä jätetään pois mutta se ei välttämättä ole haitaksi, sillä arvio on vain heurestiikka joten liiallinen parhaiden arvion saaneiden genotyyppien suosiminen ei aina tarkoituksenmukaista (Whitley ym. 1989).

Typistys valinta (truncation selection), jossa tietty prosentti määrä parhaita lasketaan mahdollisiksi lisääntyjiksi ja niillä on keskenään yhtäläinen todennäköisyys tulla valituksi (Blickle ja Thiele 1996).

Turnajaisvalinta on valintamuoto, jossa kaikkien yksilöiden joukosta valitaan satunnaisesti kahden tai useamman yksilön ryhmiä joiden sisältä paras valitaan lisääntymään (Blickle ja Thiele 1996). Etuna on se, että valintapaineen kovuutta voidaan muuttaa turnajaiskoko muuttamalla, eli valitsemalla isompia tai pienempiä ryhmiä joiden sisältä paras valitaan. Isompi turnajaiskoko luo kovemman valintapaineen. Ja turnajaisvalinta on myös moniin muihin valinnan muotoihin verrattuna laskennalliselta työmäärältä edullinen valitun populaatio koon kasvattamisen suhteen koska populaatiota ei tarvitse järjestää. (Xie, Zhang ja Andrae 2007)

#### 4.1.1 Uudenlaisuusvalinta ja Novelty Pulsation

Uudenlaisuusvalinta (Novelty Selection) on lisääntyjien-valintamekanismi jonka ideana on, että kelpoisuusfunktiota parhaiten maksimoivien yksilöiden joukosta valitaan lisääntymään yksilöitä ottaen uudenlaisuusmetriikkaa käyttäen huomioon uudenlaisuus. Uudenlaisuusvalinta on kehitetty monitavoiteoptimointia varten, jossa tavoitteiden yhdistäminen voi vähentää monimuotoisuutta jonka haku kattaa mutta sen käyttö ei ole sidottu vain monitavoiteoptimoinnin piiriin. Valinta tehdään valinnan kolmen eri rajauksen kautta ja toimintaperiaate on seuravanlainen (Shahzad, Fink ja Miikkulainen 2020):

Rajaus 1 eli eliittifraktio: Rajataan tietty prosentti parhaita yksilöitä jonka käytettävä MOEA normaalisti valitsee tuottamaan jälkeläisiä kelpoisuuden perusteella.

Rajaus 2: Edellinen prosentti määrä kerrotaan valinta kertoimella, joka johtaa isompaan valinta joukkoon. Kaikki tähän laajempaan valintaan osuvat yksilöt arvioidaan tehtävään sopivan spesifin uudenlaisuusmetriikan mukaan ja asetetaan järjestykseen. Yksilön uudenlaisuus lasketaan tässä, yleisestä uutuudenhaun tavasta poiketen, ottaen summa sen toiminnan etäisyyksistä kaikkiin muihin rajaukseen kuuluviin yksilöihin sen sijaan että laskettaisiin etäisyys  $k$  määrään lähimpiä naapureita. Tämä laskutapa johtaa siihen, että toiminta-avaruuteen muodostuneessa pienessä klusterissa olevat yksilöt jotka kauempana muista yksilöistä mutta lähellä toisiaan mielletään uudenlaisemmiksi mitä ne mielletäisiin jos käytettäisiin etäisyys  $k$  määrään lähimpiä naapureita.

Rajaus 3: rajataan valinta taas alkuperäisen MOEA antaman ensimmäisen rajauksen kokoiseksi, niin että rajauksesta jää ulkopuolelle edellisessä vaiheessa pienimmän uudenlaisuus arvon saaneet.

Kolmannen rajauksen sisällä korvataan yksilöitä, kolmannen rajauksen tehdessä ulkopuolelle jääneillä uudenlaisuuden mukaan järjestetyillä yksilöillä, yksitellen aina korvaten sen yksilön jolla on pienin etäisyys omaan lähimpään naapuriin toiminta-avaruudessa. Tämä viimeinen vaihe estää valinnan kohdistumista toiminta-avaruudessa muodostuneisiin klustereihin jotka kaukana muista joilla korkea uudenlaisuus mutta joista vain yksi tarpeeksi hyvä pidettäväksi (Shahzad, Fink ja Miikkulainen 2020). Jos valinta kertoimen arvo on 1, niin valinta tehdään vain alkuperäisen MOEA:n mukaan ja jos eliittifraktion inverssi, niin valin-



taan käytetään vain uudenlaisuusmetriikkaa. Arvoksi käy mikä tahansa arvo näiden kahden ääripään välistä mutta Shahrzad, Fink ja Miikkulainen (2020) suosittelee pienten ja keskiverto arvojen käyttöä.

'Novelty Pulsation' on yksinkertainen lisäys uudenlaisuusvalintaan jossa uudenlaisuusvalinta kytketään pois käytöstä ja takaisin päälle säännöllisin väliajoin. Eli välillä valinta prosessi suoritetaan ilman uudenlaisuusmetriikkaa ja välillä sen kanssa. Shahrzad ym. (2019) osoittaa, että heidän kokeissa tämä parantaa haun kykyä tasapainottaa mahdollisuuksien tutkiskelua ja kelpoisuuden hyödyntämistä verrattuna pelkkään uudenlaisuusvalintaan.

## 4.2 Jälkeläisten luonti

Lisääntyjistä muodostetaan jälkeläisiä muokkaamalla lisääntyjien genotyypistä jälkeläiselle tuleva genotyyppi stokastisia variaatio operaattoreita, mutaatiota ja rekombinaatiota käyttäen, joko pelkästään mutatoimalla tai sekä mutatoimalla että rekombinoimalla valittuja pareja. Mutaatio operaattorit muuttavat yksittäistä genotyyppiä muuttamalla siitä sattumanvaraisen kohdan arvon sattumanvaraisesti joksikin muuksi hyväksytyksi arvoksi. Rekombinaatio operaattorit taas yhdistää sattumanvaraisesti osia kahdesta genotyypistä muodostaen yhden tai kaksi uutta genotyyppiä (Eiben ja Smith 2015, ss. 31–32).

Uutudenhaku on perinteisesti toteutettu käyttäen sekä mutaatio että rekombinaatio operaattoreita mutta toteutus jota Mouret (2011) käytti uutudenhakuun osoittaa, että se voi toimia myös ilman rekombinaatiota. Variaatio operaattorit ovat representaatio kohtaisia ovat joten mahdollisuudet variaatio operaattoreiden eri toteutuksiin riippuu valitusta yksilöiden representaatiosta. Tämän representaatio-sidonnaisuuden takia tässä tutkielmassa ei käsitellä tarkemmin muita toteutus mahdollisuuksia kuin vain esimerkkinä uutudenhaun kannalta oleellisen NEAT metodiin kuuluvat toteutukset.

NEAT metodissa genotyyppi muodostuu kahdenlaisista geneistä, neuroneja representoivista ja neuronien välisiä kytkentöjä representoivista, joihin myös kirjattu kytkennän painoarvo. Näiden geenien mutaation käytetään kolmea eri mutaatio operaattoria, joista yksi on kytkentöjen paino muuttava ja kaksi muuta on neuraaliverkon topologiaa muuttavaa mutaatiota, joista toinen lisää kytkentöjä neuronien välille ja antaa niille satunnaisen painoarvon ja toi-

nen lisää uuden neuronin kahden kytketyn neuronin välille (Stanley ja Miikkulainen 2002). Koska NEAT metodissa genotyyppien koko kasvaa haun edetessä ja saman populaation yksilöiden neuraaliverkon topologiat voivat olla erilaisia on jokainen uusi lisätty kytkentä geeni merkitty omalla uniikilla merkinnällä, joka mahdollistaa järkevän rekombinaation, jossa verkot eivät täysin sekaannu, vaan niiden osat liittyvät mielekkäästi yhteen ja samaa alkupe-  
rää olevaa geeniä ei sisälly useampaa kertaa samaan genotyyppiin (Stanley ja Miikkulainen 2002).

Variaatio operaattoreiden spesifien toteutuksen lisäksi voidaan jälkeläisten luontia varioida muuttamalla variaatio operaattorien todennäköisyyttä tehdä muutoksia ja jos genotyyppistä muokattavat arvot ovat kokonais- tai liukulukuja voidaan mutaation intensiivisyyttä kontrolloida, niin että mutaatio lisää muokkaamaansa arvoon positiivisen tai negatiivisen luvun, joka todennäköisesti suhteellisen pieni ja näin ollen mutaation vaikutus suhteellisen heikko (Eiben ja Smith 2015, ss. 50, ss. 55, ss.57). Gomes, Mariano ja Christensen (2015) esittää, että uutuudenhaku hyöttyy alhaisesta mutaatio todennäköisyydestä.

Luotujen jälkeläisten määrää voi vaihdella. Ne voi luoda yksi kerrallaan, jolloin selviytyjien valinta ja lisääntyjien valinta suoritetaan uudestaan jokaisen jälkeläisen luonnin välissä, kuten esimerkiksi vanhempi GENITOR evoluutioalgoritmi tekee (Whitley ym. 1989). Tämänlaisen lisääntymis strategian kanssa ei ole mielekästä käyttää lisääntyjien valinta tapaa, joka valitsee isomman varannon lisääntyjiä kerralla. GENITOR käyttääkin kelpoisuus-suhtaista lisääntyjien valintaa. Vaihtoehtoisesti jälkeläisiä voidaan luoda vaikka jopa populaatiokokoa isompi määrä (Eiben ja Smith 2015, ss. 89).

### **4.3 Selviytyjien valinta**

Yleisesti jälkeläisten luonnin jälkeen jälkeläiset arvioidaan ja selviytyjien-valintamekanismi valitsee mitkä yksilöt pääsevät mukaan seuraavaan populaatioon ja mitkä jäävät pois, niin että populaation koko pidetään vakiona evoluution ajan.

Lisääntyjien valintaa käytettyjä valintamekanismeja soveltaa selviytyjien valintaan. Esimerkiksi tyypistysvalintaa voidaan käyttää järjestämällä populaatio ja jälkeläiset arvion perusteella ja valitsemalla selviytyjiksi niistä populaatiokoon kokoinen joukko parhaita yksilöitä tai

selviytyjät voidaan valita Round-robin turnajais valintamekanismilla, pitämällä kahden yksilön turnajaisia, joihin valitaan satunnaisesti yksilöitä populaation ja jälkeläisten yhteisestä joukosta ja eniten turnajaisia voittaneet selviytyvät (Eiben ja Smith 2015, ss. 87, ss. 89). Tämänlaisten arvioon perustuvia selviytyjien-valintamekanismeja käytettäessä valintapaineen kovuuteen vaikuttaa kuinka paljon jälkeläisiä luodaan.

Huonoimman korvaaminen taas on tapa valita selviytyjät, jossa jälkeläiset lisätään populaatioon yksitellen aina huonoimman arvion saaneen yksilön tilalle ja niin ollen yhteensopiva toteutuksen kanssa, jossa jälkeläisiä luodaan yksi kerrallaan. Kelpoisuutta käyttäessä huonoimman korvaaminen saattaa edesauttaa liian aikaista konvergoitumista (Eiben ja Smith 2015, ss. 88).

Mekanismi voi myös perustaa valinnan yksilön ikään, joka lasketaan sen mukaan monessako peräkkäisessä populaatiossa se on ollut mukana, jolloin esimerkiksi yksilöt korvataan kun ne ovat olleet populaatiossa mukana tietyn maksimi määrän ajan tai jälkeläinen korvaa aina vanhemmistaan vanhemman (Eiben ja Smith 2015, ss. 88; Kubota ym. 1994). Vanhempien yksilöiden korvaamisen suosiminen voi auttaa estämään ennenaikaista konvergoitumista (Eiben ja Smith 2015, ss. 88).

Valintamekanismeja voidaan käyttää yhdessä elitismien kanssa, joka on mekanismi joka valitsee aina etukäteen tietyn osan parhaita yksilöitä suoraan selviytyjiksi, jotta niitä ei voida menettää esimerkiksi samassa yhteydessä käytettävän ikään- tai stokastisesti arvioon perustuvan valinnan toimesta (Eiben ja Smith 2015, ss. 89). Methenitis ym. (2015) hyödynsi elitismia lisäämään muuten puhdasta uutuudenhakua käyttävään algoritmiin kelpoisuus-elitismien, joka varmistaa, että osa kelpoisimpia yksilöitä selviytyy, parantaen heidän kokeessa uutuudenhaun löytämää kelpoisuutta.

Esivalinta (preselection) on toinen mekanismi jota voidaan käyttää yhdessä muiden selviytyjien-valintamekanismien kanssa mutta sitä voidaan käyttää myös ainoana valintamekanismina. Esivalinnassa jälkeläinen ensisijaisesti korvaa omista vanhemmista huonomman. Jos käytössä on myös jokin muu valintamekanismi voi vanhempiaan huonompi yksilö vielä sen perusteella selvitä. Esivalinnan tarkoitus on säilyttää populaation monimuotoisuutta lisäämällä jälkeläinen sen kanssa oletettavasti samankaltaisen yksilön tilalle (Mahfoud 1992).

## 5 Yhteenveto

Avointa evoluutiota hyödyntävää EA:ta voi varioida monipuolisesti eri arviointimethodien, lisääntyjien- ja selviytyjien-valintamekanismien ja jälkeläisten luonnin toteutuksen valinnoilla. Suurinta osaa esitetyistä kunkin vaiheen vaihtoehtoita voi käyttää muiden vaiheiden vaihtoehtojen kanssa mutta kaikki kombinaatiot eivät ole välttämättä mielekkäitä, jos ne sisältävät valintoja joilla ristiriitaisia käyttötarkoituksia tai jos jonkin vaihtoehdon käyttötarkoitus on välttää ongelma joita muiden valintojen takia ole oleellinen olemassa. Ja tietenkin yhdistelmät johon ei oteta mukaan mitään avoimeen evoluutioon pyrkivää eivät hyödynnä avointa evoluutiota haussa.

Jotta näiden valintojen merkitys voitaisiin tietää paremmin tulisi tutkia tarkemmin minkä tyyliin haasteisiin mikäkin arviointimethodi sopii ja erityisesti mitä vaikutusta eri lisääntyjien- ja selviytyjien-valintamekanismeilla on uudenlaisuutta käyttävien arviointimethodien yhteydessä jota ei ole tutkielmassa käsitellyssä kirjallisuudessa tarkasteltu.

## Lähteet

Banzhaf, W., B. Baumgaertner, G. Beslon, R. Doursat, J.A. Foster, B. McMullin, V.V. de Melo ym. 2016. “Defining and simulating open-ended novelty: requirements, guidelines, and challenges”. Cited By 20, *Theory in Biosciences* 135 (3): 131–161. doi:10.1007/s12064-016-0229-7.

Blickle, Tobias, ja Lothar Thiele. 1996. “A Comparison of Selection Schemes Used in Evolutionary Algorithms”. *Evolutionary Computation* 4, numero 4 (joulukuu): 361–394. ISSN: 1063-6560. doi:10.1162/evco.1996.4.4.361. <https://doi.org/10.1162/evco.1996.4.4.361>.

Cuccu, G., ja F. Gomez. 2011. “When novelty is not enough”. *Lecture Notes in Computer Science (including subseries Lecture Notes in Artificial Intelligence and Lecture Notes in Bioinformatics)* 6624 LNCS (PART 1): 234–243. doi:10.1007/978-3-642-20525-5\_24.

Eiben, A. E., ja James E. Smith. 2015. *Introduction to Evolutionary Computing*. 2nd. Springer Publishing Company, Incorporated. ISBN: 3662448734.

Gomes, J., P. Mariano ja A.L. Christensen. 2015. “Devising effective novelty search algorithms: A comprehensive empirical study”. Teoksessa *GECCO 2015 - Proceedings of the 2015 Genetic and Evolutionary Computation Conference*, 943–950. doi:10.1145/2739480.2754736.

Gomes, J., P. Urbano ja A.L. Christensen. 2012. “Progressive minimal criteria novelty search”. *Lecture Notes in Computer Science (including subseries Lecture Notes in Artificial Intelligence and Lecture Notes in Bioinformatics)* 7637 LNAI:281–290. doi:10.1007/978-3-642-34654-5\_29.

- Kubota, Naoyuki, Toshio Fukuda, Fumihito Arai ja Koji Shimojima. 1994. “Genetic algorithm with age structure and its application to self-organizing manufacturing system”. Teoksessa *ETFA'94. 1994 IEEE Symposium on Emerging Technologies and Factory Automation.(SEIKEN) Symposium)-Novel Disciplines for the Next Century-Proceedings*, 472–477. IEEE.
- Lehman, J. 2010. “Revising the evolutionary computation abstraction: Minimal criteria novelty search”. Teoksessa *Proceedings of the 12th Annual Genetic and Evolutionary Computation Conference, GECCO '10*, 1031–1038. doi:10.1145/1830483.1830503.
- Lehman, J., ja K.O. Stanley. 2008. “Exploiting open-endedness to solve problems through the search for novelty”. Teoksessa *Artificial Life XI: Proceedings of the 11th International Conference on the Simulation and Synthesis of Living Systems, ALIFE 2008*, 329–336.
- . 2011. “Abandoning objectives: Evolution through the search for novelty alone”. *Evolutionary Computation* 19 (2): 189–222. doi:10.1162/EVCO\_a\_00025.
- Mahfoud, Samir W. 1992. “Crowding and preselection revisited.” Teoksessa *PPSN*, 2:27–36. Citeseer.
- Methenitis, G., D. Hennes, D. Izzo ja A. Visser. 2015. “Novelty search for soft robotic space exploration”. Teoksessa *GECCO 2015 - Proceedings of the 2015 Genetic and Evolutionary Computation Conference*, 193–200. doi:10.1145/2739480.2754731.
- Mouret, J.-B. 2011. “Novelty-based multiobjectivization”. *Studies in Computational Intelligence* 341:139–154. doi:10.1007/978-3-642-18272-3\_10.
- Shahzad, H., A. Denissov, B. Hodjat, S. Lau, C. Dollé, D. Goodhew, J. Dyer ja R. Miikkulainen. 2019. “Enhanced optimization with composite objectives and novelty pulsation”. Teoksessa *GECCO 2019 Companion - Proceedings of the 2019 Genetic and Evolutionary Computation Conference Companion*, 231–232. doi:10.1145/3319619.3322079.
- Shahzad, H., D. Fink ja R. Miikkulainen. 2020. “Enhanced optimization with composite objectives and novelty selection”. Teoksessa *ALIFE 2018 - 2018 Conference on Artificial Life: Beyond AI*, 616–622.

Stanley, Kenneth O, ja Risto Miikkulainen. 2002. "Evolving neural networks through augmenting topologies". *Evolutionary computation* 10 (2): 99–127.

Whitley, L Darrell, ym. 1989. "The GENITOR algorithm and selection pressure: why rank-based allocation of reproductive trials is best." Teoksessa *Icga*, 89:116–123. Fairfax, VA.

Xie, Huayang, Mengjie Zhang ja Peter Andreae. 2007. "Another investigation on tournament selection: modelling and visualisation". Teoksessa *Proceedings of the 9th annual conference on Genetic and evolutionary computation*, 1468–1475.