

# Hodowla rozwiązań zagadnienia Prouheta–Tarry’ego–Escotta

Andrzej DĄBROWSKI,

Jarosław WRÓBLEWSKI, Wrocław

Zagadnienie Prouheta–Tarry’ego–Escotta, w skrócie zagadnienie PTE, polega na znalezieniu nietrywialnych rozwiązań w liczbach całkowitych  $a_1, a_2, \dots, a_n, b_1, b_2, \dots, b_n$  układu równań

$$a_1^k + a_2^k + \dots + a_n^k = b_1^k + b_2^k + \dots + b_n^k$$

dla  $k = 1, 2, \dots, n - 1$ .

Jak dotąd, znane są rozwiązania powyższego zagadnienia dla  $n = 1, 2, 3, \dots, 10$  oraz dla  $n = 12$ . Przykład rozwiązania dla  $n = 12$  podany jest w *Gammalimatisie* 58, Delta 10/2002.

Oczywiście, numer ten dopiero się ukaże pod koniec września.

Przytoczymy bez dowodów kilka faktów, związanych z powyższym zagadnieniem.

Dla dowolnych liczb całkowitych dodatnich  $m, n$  oraz liczb całkowitych nieujemnych  $a_1, a_2, \dots, a_m, b_1, b_2, \dots, b_m$  następujące warunki są równoważne:

(i)

$$a_1^k + a_2^k + \dots + a_m^k = b_1^k + b_2^k + \dots + b_m^k$$

dla  $k = 1, 2, \dots, n - 1$ ,

(ii)

$$P(a_1) + P(a_2) + \dots + P(a_m) = P(b_1) + P(b_2) + \dots + P(b_m)$$

dla dowolnego wielomianu  $P$  stopnia mniejszego niż  $n$ ,

(iii) wielomian

$$x^{a_1} + x^{a_2} + \dots + x^{a_m} - (x^{b_1} + x^{b_2} + \dots + x^{b_m})$$

jest podzielny przez wielomian  $(x - 1)^n$ .

Powyższe, równoważne zagadnienia, nie mają nietrywialnych rozwiązań przy  $m < n$ . Przy  $m = n$  otrzymujemy zagadnienie PTE.

Skoncentrujemy się na warunku (iii). Pozwala on na zakodowanie rozwiązania zagadnienia PTE w postaci wielomianu, np. równość

$$182^k + 104^k + 78^k + 0^k = 156^k + 156^k + 26^k + 26^k$$

dla  $k = 1, 2, 3$  jest równoważna temu, że wielomian

$$x^{182} + x^{104} + x^{78} + x^0 - (2x^{156} + 2x^{26})$$

jest podzielny przez  $(x - 1)^4$ .

Zatem znalezienie nietrywialnego rozwiązania zagadnienia (i) z możliwie najmniejszym  $m$  (chcielibyśmy  $m = n$ , ale jak się nie da...) jest równoważne znalezieniu wśród niezerowych wielokrotności  $(x - 1)^n$  wielomianu o możliwie najmniejszej sumie  $S$  modułów współczynników, która to suma jest równa  $2m$ . Ideałem jest suma współczynników  $2n$ . Odstępstwem od ideału jest liczba  $m - n$  czyli  $\frac{S}{2} - n$ , którą to liczbę nazywać będziemy brzydota rozwiązania (lub odpowiadającego mu wielomianu).

Najładniejsze znane rozwiązanie dla  $n = 11$  otrzymujemy z wielomianu

$$\begin{aligned} & x^{646} - x^{636} - x^{634} + x^{612} + x^{592} - x^{570} - x^{516} + x^{496} \\ & + x^{414} - x^{382} - x^{352} + x^{330} - x^{316} + x^{294} + x^{264} - x^{232} \\ & - x^{150} + x^{130} + x^{76} - x^{54} - x^{34} + x^{12} + x^{10} - 1, \end{aligned}$$

którego brzydota jest równa 1.

Zagadnienie PTE można sformułować jako problem optymalizacji:

**Znaleźć wielomiany o współczynnikach całkowitych, podzielne przez  $(x - 1)^n$ , o minimalnej brzydocie.**

Najprościej byłoby generować wielomiany o współczynnikach całkowitych, mnożyć je przez  $(x - 1)^n$  i obliczać ich brzydotę. Przeglądając dużo takich wielomianów być może natrafilibyśmy na wielomiany o bardzo niskiej brzydocie, a nawet czasami o brzydocie równej 0. Nie jest to jednak najbardziej rozsądna metoda postępowania. Rodzina poszukiwanych wielomianów może być dowolna – jedynym założeniem jest, że mają one całkowite współczynniki. W takich warunkach trudno wymyślić efektywny sposób poszukiwania optymalnego wielomianu. Często w takich sytuacjach przywołuje się na pomoc algorytmy, określane wdzięcznym mianem „algorytmów ostatniej szansy”.

Takiego właśnie sposobu użyliśmy do rozwiązania tego problemu. Algorytmy genetyczne, bo o nich tu mowa, działają na podobieństwo rzeczywistych procesów ewolucyjnych, w których organizmy konkurują ze sobą w celu zmaksymalizowania celu, jakim jest najlepsze dopasowanie do środowiska. Za ich twórcę uważa się Johna Hollanda, który w 1975 roku opublikował książkę na temat algorytmów genetycznych pt. *Adaptation in Natural and Artificial Systems*. Holland twierdził, że odpowiednio wprowadzony do komputera algorytm może dostarczyć techniki rozwiązywania trudnych problemów w sposób, w jaki czyni to natura – przez ewolucję. Zaczął więc pracować nad algorytmami operującymi na ciągach cyfr binarnych, które nazwał chromosomami.

Algorytmy te dokonywały symulowanej ewolucji na populacjach takich chromosomów. Wykorzystywały one, analogiczne do występujących w naturze, mechanizmy selekcji oraz reprodukcji. Podobnie jak w naturze, algorytmy te rozwiązywały problem znalezienia „dobrych” chromosomów nie wiedząc nic o rodzaju problemu, który mają rozwiązać. Jediną posiadaną informacją była ocena każdego chromosomu odzwierciedlająca jego przystosowanie.

Terminologia i motywacje definicji pojęć, występujących w algorytmach genetycznych powstały z inspiracji genetyką i ewolucją. Zbiór możliwych rozwiązań zadania maksymalizacji funkcji, zwany **środowiskiem**, składa się **osobników**, którzy starają się najlepiej przystosować do warunków środowiska. Warunki te opisane są przez **funkcję dopasowania**, która jest maksymalizowaną funkcją. „Wygląd” każdego osobnika nazywany jest **fenotypem**. Argumentami funkcji dopasowania są właśnie fenotypy. Operacje ewolucyjne, podobnie jak w rzeczywistych systemach, dokonywane są na **chromosomach**, określających **genotyp** osobnika. Najczęściej (i tak będzie w naszym przypadku) jeden genotyp określany jest przez jeden chromosom i te dwa pojęcia są wtedy używane wymiennie. Genotyp jest wektorem, którego współrzędne nazywane są **genami**, a możliwe wartości przyjmowane przez geny – **allelami**. Opis modelu genetycznego jest podany w pełni, jeśli określi się sposób **kodowania** fenotypu przez genotyp. Kodowanie jest więc funkcją ze zbioru genotypów w zbiór fenotypów.

W zagadnieniu PTE chcemy minimalizować funkcję brzydoty, określoną na zbiorze wielomianów o współczynnikach całkowitych, podzielnych przez  $(x - 1)^n$ . Takie wielomiany są fenotypami w środowisku wszystkich wielomianów o współczynnikach całkowitych, podzielnych przez  $(x - 1)^n$ . Jako funkcję dopasowania wybierzemy malejącą funkcję brzydoty tak, aby jej maksimum odpowiadało minimum brzydoty. W trakcie rozwiązania zagadnienia PTE korzystaliśmy z funkcji dopasowania  $f(w) = \frac{1}{\sqrt{b(w)+1}}$ , gdzie  $b(w)$  jest funkcją brzydoty fenotypu  $w$ . Wybór takiej funkcji podyktowany był chęcią dopuszczenia do procesu ewolucyjnego fenotypów o umiarkowanie dużej brzydocie. Zdecydowanie silnie malejąca funkcja brzydoty eliminowałaby zbyt wcześnie, naszym zdaniem, brzydkie, ale być może obiecujące, wielomiany.

Proces ewolucyjny, który opisujemy poniżej, działa na genotypy, będące wielomianami  $v(x)$ , spełniającymi warunek  $w(x) = v(x)(x - 1)^n$ . Wielomian  $w(x)$  ma całkowite współczynniki, a więc w naszej terminologii jest fenotypem zagadnienia PTE. Latwo zauważyć, że wielomian  $v(x)$  musi mieć wtedy całkowite współczynniki. Związek między wielomianami  $w(x)$  i  $v(x)$  określa kodowanie między genotypem a jego fenotypem. Standardowo, wielomian

Wektor ma nieskończenie wiele współczynników z zerami dla współczynników przy potęgach większych od stopnia wielomianu.

będziemy utożsamiać z wektorem jego współczynników, zapisywanych w ten sposób, że współczynnik przy wyrazie wolnym jest pierwszą współrzędną wektora. Tak więc genotypy są wektorami o współrzędnych (genach), będących liczbami całkowitymi, a kodowanie między wektorami fenotypów jest mnożeniem przez stałą macierz, zależną jedynie od  $n$ , o nieskończenie wielu elementach i skończenie wielu różnych od 0. Wśród genotypów występuje relacja równoważności, dająca równoważne rozwiązania zagadnienia PTE. Eliminacja równoważnych genotypów polega na usunięciu wszystkich zer na początku genotypu (co odpowiada podzieleniu fenotypu przez jednomian  $x^k$ ) oraz na podzieleniu wszystkich współrzędnych genotypów przez wspólny dzielnik (co odpowiada podzieleniu fenotypu przez stałą).

W teorii algorytmów genetycznych poszukiwanie maksimum funkcji dopasowania polega na uruchomieniu procesu ewolucyjnego. Składa się on z kilku etapów, polegających na wytworzeniu kolejnych pokoleń genotypów.

Pierwsze pokolenie buduje się dowolnie: albo rozpoczynamy od zbioru genotypów, który leży w pobliżu poszukiwanego optimum, albo, jeśli takim zbiorem nie dysponujemy, losujemy genotypy według wybranego rozkładu prawdopodobieństwa.

Przejście z pokolenia  $t$  do pokolenia  $t + 1$  odbywa się poprzez wykonanie kilku operacji genetycznych: inicjacji, reprodukcji, mutacji i sukcesji.

**Inicjacja** polega na wyborze genotypów z pokolenia  $t$ , które będą dopuszczone do reprodukcji. Zazwyczaj odbywa się to drogą losową, z rozkładem prawdopodobieństwa proporcjonalnym do dopasowania osobnika o danym genotypie. **Reprodukcja** polega na wymianie materiału genetycznego między genotypami osobników, dopuszczonych do reprodukcji. Stosuje się różne sposoby reprodukcji. Jednym z nich jest krzyżowanie, polegające na losowym wyborze miejsc w genotypie, zwanych lokusami, w których u każdego z rodziców następuje „pęknięcie” chromosomu. Odcinki chromosomu powstałe na skutek pęknięcia „zlepiają się” tworząc nowy chromosom, tworzący genotyp nowego osobnika. Na skutek reprodukcji powstają nowe pokolenia potomne. **Mutacja** polega na losowym, z małym prawdopodobieństwem, wyborze kilku genotypów i zamianie losowo wybranych genów w ich genotypie na gen o innym allelu. Rola mutacji w ewolucji jest szeroko komentowana i jej istnienie gwarantuje różnorodność materiału genetycznego. Podobnie jest w algorytmach genetycznych, gdzie brak mutacji spowodowałby ugrzęźnięcie procedury w niszy genetycznej, gdy tymczasem duże wartości przystosowania występowałyby u zupełnie innych osobników. **Sukcesja** jest wyborem osobników, którzy wejdą do następnego pokolenia.

Większą szansę na posiadanie potomstwa mają lepiej przystosowani.

W teorii algorytmów genetycznych poszukuje się twierdzeń, które pokazywałyby, przy jakich schematach ewolucyjnych z dużym prawdopodobieństwem kolejne pokolenia zawierają osobniki o dużym przystosowaniu. Bada się też, jaka jest przeżywalność wybranych genotypów i jakie zmiany występują w genotypach kolejnych pokoleń.

Oto opis procesu ewolucyjnego, zastosowanego przez nas w zagadnieniu PTE:

- **Pokolenie zerowe** zawiera  $n_0$  wielomianów liniowych (genotypów o dwóch genach), których współczynniki (geny) są losowane z rozkładu jednostajnego na zbiorze liczb całkowitych  $\{-c, -c + 1, \dots, c - 1, c\}$ . Oprócz nich w naszych pokoleniach zerowych występują genotypy  $\{1\}$  (odpowiadający stałej) i genotyp  $\{1, 1\}$ . W przykładzie działania algorytmu, który prezentujemy, wybraliśmy  $c = 10$  i  $n_0 = 20$ .
- **Inicjacja.** Do reprodukcji wybieramy dwukrotnie z pokolenia  $t$  po  $n_1$  par genotypów, według zasady losowania proporcjonalnego do funkcji dopasowania. Każda z  $n_1$  pierwszych par generuje 2 potomków metodą krzyżowania z pęknięciem w jednym lokusie.  $n_1$  drugich par generuje po  $s$  potomków metodą przesunięcia, specyficzną dla zagadnienia PTE. W prezentowanym przykładzie  $n_1 = 10, s = 2$ .
- **Reprodukcja.** Połowa wybranych w procesie inicjacji par rodzicielskich generuje potomków metodą krzyżowania w jednym lokusie. Na przykład,

Pogrubioną czcionką oznaczone są fragmenty chromosomu pierwszego rodzica, występujące w genotypie potomków.

rodzice  $\{2, 4, 5, 1\}$  i  $\{1, 3, -5, 0, 2\}$  po wylosowaniu miejsca pęknięcia chromosomu w lokusie 3 wygenerują dwa genotypy:  $\{2, 4, 5, 0, 2\}$  i  $\{1, 3, -5, 1\}$ . Innymi słowy mówiąc, dziećmi wielomianów  $x^3 + 5x^2 + 4x + 2$  i  $2x^4 - 5x^2 + 3x + 1$  są wielomiany  $2x^4 + 5x^2 + 4x + 2$  i  $x^3 - 5x^2 + 3x + 1$ . Druga połowa par rodzicielskich generuje potomków metodą przesunięcia. Metoda przesunięcia z parametrem  $p$  ( $p = 1, 2, \dots, s$ ), polega na dopisaniu na początku genotypu prawego rodzica  $p$  zer i dodaniu do niego genotypu lewego rodzica. Na przykład, rodzice  $\{2, 4, 5, 1\}$  i  $\{1, 3, -5, 0, 2\}$  wygenerują potomka  $\{2, 4, 6, 4, -5, 0, 2\}$ , gdy parametr przesunięcia wynosi  $p = 2$ . Genotyp prawego rodzica po dodaniu dwóch zer będzie równy  $\{0, 0, 1, 3, -5, 0, 2\}$ , co po dodaniu do genotypu lewego rodzica  $\{2, 4, 5, 1\}$  da w rezultacie  $\{2, 4, 6, 4, -5, 0, 2\}$ . Przesunięcie genotypu o  $p$  miejsc na prawo jest równoważne pomnożeniu wielomianu mu odpowiadającego (a więc i wielomianu odpowiadającego jego fenotypowi) przez  $x^p$ . Nie zmienia to jego brzydoty, a przez dodanie do drugiego genotypu może spowodować redukcję współczynników i w efekcie zmniejszy brzydotę potomka. W naszym przykładzie,  $s = 2$ .

- **Mutacja.** Losujemy genotyp z prawdopodobieństwem  $q$ . Następnie z prawdopodobieństwem  $\frac{1}{2}$  dokonujemy mutacji gaussowskiej, a z prawdopodobieństwem  $\frac{1}{2}$  - mutacji wycinkowej. Mutacja gaussowska polega na tym, że w losowo wybranym lokusie genotypu dodajemy liczbę losową o rozkładzie Gaussa ze średnią 0 i odchyleniem standardowym  $\sigma$ , zaokrąglając tę sumę do liczby całkowitej. Mutacja wycinkowa polega na wycięciu z genotypu losowego wycinka genów. W przykładzie,  $q = 0,1$ ,  $\sigma = 5$ .
- **Sukcesja.** Do następnego pokolenia  $t + 1$  przechodzi  $n_2$  genotypów najlepiej przystosowanych. Wyboru dokonujemy spośród genotypów pokolenia  $t$  i genotypów potomnych, powstałych na skutek reprodukcji i mutacji. W prezentowanym przykładzie,  $n_2 = 50$ .

### Przykład

Algorytm genetyczny do poszukiwania rozwiązań zagadnienia PTE, bazujący na powyższych założeniach został napisany w programie *Mathematica*. Prezentowane wyniki dotyczą przypadku  $n = 3$ , a więc sytuacji, w której równanie

$$a_1^k + a_2^k + \dots + a_m^k = b_1^k + b_2^k + \dots + b_m^k$$

jest spełnione dla  $k = 1, 2$ .

Pokolenie zerowe, po usunięciu równoważnych genotypów składało się z następujących elementów:

|             |                          |    |
|-------------|--------------------------|----|
| $\{1, 1\}$  | $\{-1, 2, 0, -2, 1\}$    | 0  |
| $\{1\}$     | $\{-1, 3, -3, 1\}$       | 1  |
| $\{2, 1\}$  | $\{-2, 5, -3, -1, 1\}$   | 3  |
| $\{-1, 1\}$ | $\{1, -4, 6, -4, 1\}$    | 5  |
| $\{3, 2\}$  | $\{-3, 7, -3, -3, 2\}$   | 6  |
| $\{3, 1\}$  | $\{-3, 8, -6, 0, 1\}$    | 6  |
| $\{1, 3\}$  | $\{-1, 0, 6, -8, 3\}$    | 6  |
| $\{5, 3\}$  | $\{-5, 12, -6, -4, 3\}$  | 12 |
| $\{4, 7\}$  | $\{-4, 5, 9, -17, 7\}$   | 18 |
| $\{3, 7\}$  | $\{-3, 2, 12, -18, 7\}$  | 18 |
| $\{1, 6\}$  | $\{-1, -3, 15, -17, 6\}$ | 18 |
| $\{8, 3\}$  | $\{-8, 21, -15, -1, 3\}$ | 21 |
| $\{-5, 1\}$ | $\{5, -16, 18, -8, 1\}$  | 21 |
| $\{7, 1\}$  | $\{-7, 20, -18, 4, 1\}$  | 22 |
| $\{9, 4\}$  | $\{-9, 23, -15, -3, 4\}$ | 24 |
| $\{-1, 6\}$ | $\{1, -9, 21, -19, 6\}$  | 25 |
| $\{9, 2\}$  | $\{-9, 25, -21, 3, 2\}$  | 27 |
| $\{10, 3\}$ | $\{-10, 27, -21, 1, 3\}$ | 28 |
| $\{-9, 2\}$ | $\{9, -29, 33, -15, 2\}$ | 41 |

W wierszach powyższej tablicy występują po kolei: genotyp, fenotyp i brzydota danego fenotypu. Na przykład, w piątym wierszu mamy genotyp  $\{3, 2\}$ , odpowiadający wielomianowi  $2x + 3$  i jego fenotyp  $\{-3, 7, -3, -3, 2\}$  odpowiadający wielomianowi  $2x^4 - 3x^3 - 3x^2 + 7x - 3 = (2x + 3)(x - 1)^3$ .

Z własności (iii) wynika, że ten fenotyp odpowiada równaniu

$$\begin{aligned} 4^k + 4^k + 1^k + 1^k + 1^k + 1^k + 1^k + 1^k + 1^k \\ = 3^k + 3^k + 3^k + 2^k + 2^k + 2^k + 0^k + 0^k + 0^k \end{aligned}$$

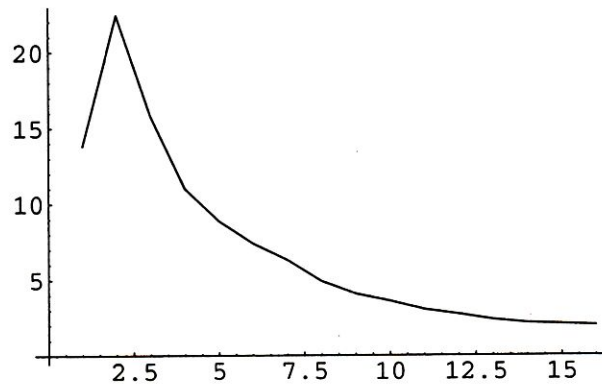
spełnionemu dla  $k = 1, 2$ . Po każdej stronie równania występuje po 9 składników. Minimalna liczba składników jest równa 3 i dlatego brzydota tego rozwiązania wynosi 6. Spośród genotypów, występujących w populacji zerowej znalazł się jeden o brzydocie 0: genotyp  $\{1, 1\}$  o fenotypie  $\{-1, 2, 0, -2, 1\}$ , odpowiadający równaniu

$$0^k + 3^k + 3^k = 1^k + 1^k + 4^k$$

Bazując na tak wytworzonej populacji, uruchomiliśmy proces ewolucyjny, trwający 15 pokoleń. Średnia brzydota z wyjątkiem wzrostu w pokoleniu 1 zdecydowanie malała z pokolenia na pokolenie, co oznacza, że kolejne pokolenia były coraz lepiej dopasowane do środowiska, a odpowiadające im równania PTE były coraz bardziej oszczędne.

|              |       |       |       |       |      |      |      |      |
|--------------|-------|-------|-------|-------|------|------|------|------|
| populacja    | 0     | 1     | 2     | 3     | 4    | 5    | 6    | 7    |
| śr. brzydota | 13,81 | 22,43 | 15,78 | 11,00 | 8,89 | 7,40 | 6,32 | 4,92 |
| populacja    | 8     | 9     | 10    | 11    | 12   | 13   | 14   | 15   |
| śr. brzydota | 4,08  | 3,60  | 3,04  | 2,72  | 2,36 | 2,14 | 2,06 | 1,98 |

A tak wygląda wykres średniej brzydoty względem numeru pokolenia.



Wśród 50 genotypów piętnastego pokolenia otrzymaliśmy trzy genotypy o brzydocie 0 i 12 genotypów o brzydocie 1.

|                        |                                     |   |
|------------------------|-------------------------------------|---|
| $\{1, 2, 3, 3, 2, 1\}$ | $\{-1, 1, 0, 1, 0, -1, 0, -1, 1\}$  | 0 |
| $\{1, 2, 2, 1\}$       | $\{-1, 1, 1, 0, -1, -1, 1\}$        | 0 |
| $\{1, 1\}$             | $\{-1, 2, 0, -2, 1\}$               | 0 |
| $\{1, 2, 3, 4, 3, 1\}$ | $\{-1, 1, 0, 0, 2, -1, -2, 0, 1\}$  | 1 |
| $\{1, 2, 2, 2, 2, 1\}$ | $\{-1, 1, 1, -1, 0, 1, -1, -1, 1\}$ | 1 |
| $\{2, 3, 3, 2, 1\}$    | $\{-2, 3, 0, 0, -1, 0, -1, 1\}$     | 1 |
| $\{1, 3, 3, 2, 1\}$    | $\{-1, 0, 3, -1, -1, 0, -1, 1\}$    | 1 |
| $\{1, 2, 3, 2, 1\}$    | $\{-1, 1, 0, 2, -2, 0, -1, 1\}$     | 1 |
| $\{1, 2, 2, 2, 1\}$    | $\{-1, 1, 1, -1, 1, -1, -1, 1\}$    | 1 |
| $\{1, 1, 1, 1, 1\}$    | $\{-1, 2, -1, 0, 0, 1, -2, 1\}$     | 1 |

|              |                          |   |
|--------------|--------------------------|---|
| {1, 3, 3, 1} | {-1, 0, 3, 0, -3, 0, 1}  | 1 |
| {1, 1, 1, 1} | {-1, 2, -1, 0, 1, -2, 1} | 1 |
| {1, 2, 1}    | {-1, 1, 2, -2, -1, 1}    | 1 |
| {1, 1, 1}    | {-1, 2, -1, 1, -2, 1}    | 1 |
| {1}          | {-1, 3, -3, 1}           | 1 |

Nowe, nie występujące w pokoleniu zerowym genotypy to:

- {1, 2, 3, 3, 2, 1} o fenotypie {-1, 1, 0, 1, 0, -1, 0, -1, 1}, odpowiadający równaniu

$$0^k + 5^k + 7^k = 1^k + 3^k + 8^k$$

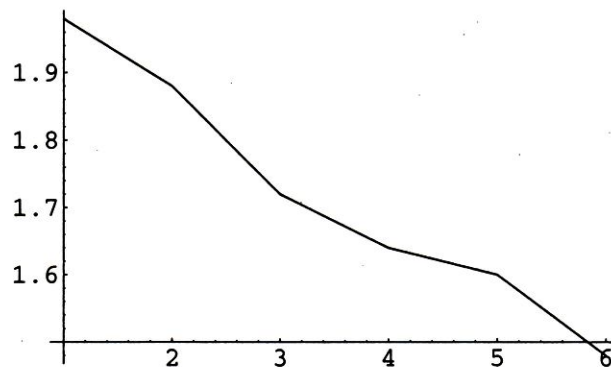
- {1, 2, 2, 1} o fenotypie {-1, 1, 1, 0, -1, -1, 1}, odpowiadający równaniu

$$0^k + 4^k + 5^k = 1^k + 2^k + 6^k$$

Startując od 15 pokolenia i prowadząc proces ewolucyjny jeszcze przez 5 pokoleń otrzymaliśmy genotypy o średniej brzydocie:

| populacja    | 16   | 17   | 18   | 19   | 20   |
|--------------|------|------|------|------|------|
| śr. brzydota | 1,88 | 1,72 | 1,64 | 1,60 | 1,48 |

Spadek średniej brzydoty w tych ostatnich pokoleniach ilustruje wykres



Ostatnie, 20. pokolenie ma 6 genotypów o brzydocie 0. Ich genotypy i fenotypy są postaci:

|                          |                                      |
|--------------------------|--------------------------------------|
| {1, 3, 5, 6, 6, 5, 3, 1} | {1, 0, -1, -1, 0, 0, 0, 1, 1, 0, -1} |
| {1, 2, 3, 4, 4, 3, 1}    | {1, -1, 0, 0, -1, 0, 0, 2, 0, -1}    |
| {1, 3, 4, 4, 3, 1}       | {1, 0, -2, 0, 0, 0, 2, 0, -1}        |
| {1, 2, 3, 3, 2, 1}       | {1, -1, 0, -1, 0, 1, 0, 1, -1}       |
| {1, 2, 2, 1}             | {1, -1, -1, 0, 1, 1, -1}             |
| {1, 1}                   | {1, -2, 0, 2, -1}                    |

Nowymi genotypami o brzydocie 0 są:

- {1, 3, 4, 4, 3, 1} o fenotypie {1, 0, -2, 0, 0, 0, 2, 0, -1}, odpowiadający równaniu

$$0^k + 6^k + 6^k = 2^k + 2^k + 8^k,$$

- {1, 2, 3, 4, 4, 3, 1} o fenotypie {1, -1, 0, 0, -1, 0, 0, 2, 0, -1}, odpowiadający równaniu

$$0^k + 7^k + 7^k = 1^k + 4^k + 9^k,$$

- {1, 3, 5, 6, 6, 5, 3, 1} o fenotypie {1, 0, -1, -1, 0, 0, 0, 1, 1, 0, -1}, odpowiadający równaniu

$$0^k + 7^k + 8^k = 2^k + 3^k + 10^k.$$

Z tych równań należy wyeliminować pierwsze, gdyż po podzieleniu obu stron przez  $2^k$  otrzymamy równanie, występujące już wcześniej, w pokoleniu zerowym.

Kontynuacja procesu ewolucyjnego przez 5 pokoleń wzbogaciła populację o 15 genotypów o brzydocie 1, z których 3 są nowe.

|                             |  |
|-----------------------------|--|
| {1, 3, 5, 6, 6, 6, 5, 3, 1} | {1, 0, -1, -1, 0, 1, -1, 0, 1, 1, 0, -1} |
| {1, 3, 5, 7, 7, 5, 3, 1}    | {1, 0, -1, 0, -2, 0, 2, 0, 1, 0, -1}     |
| {1, 2, 3, 4, 3, 1}          | {1, -1, 0, 0, -2, 1, 2, 0, -1}           |
| {1, 2, 2, 2, 2, 1}          | {1, -1, -1, 1, 0, -1, 1, 1, -1}          |
| {2, 3, 3, 2, 1}             | {2, -3, 0, 0, 1, 0, 1, -1}               |
| {1, 3, 3, 2, 1}             | {1, 0, -3, 1, 1, 0, 1, -1}               |
| {1, 2, 3, 3, 2}             | {1, -1, 0, -1, 0, 0, 3, -2}              |
| {1, 2, 3, 2, 1}             | {1, -1, 0, -2, 2, 0, 1, -1}              |
| {1, 2, 2, 2, 1}             | {1, -1, -1, 1, -1, 1, 1, -1}             |
| {1, 1, 1, 1, 1}             | {1, -2, 1, 0, 0, -1, 2, -1}              |
| {1, 3, 3, 1}                | {1, 0, -3, 0, 3, 0, -1}                  |
| {1, 1, 1, 1}                | {1, -2, 1, 0, -1, 2, -1}                 |
| {1, 2, 1}                   | {1, -1, -2, 2, 1, -1}                    |
| {1, 1, 1}                   | {1, -2, 1, -1, 2, -1}                    |
| {1}                         | {1, -3, 3, -1}                           |

Eksperyment, który przeprowadziliśmy, pokazuje, że nawet w bardzo klasycznych zagadnieniach możliwe jest użycie nowych pomysłów. Co więcej, okazuje się, że teoria liczb może otrzymywać wyniki z hodowli, prowadzonej za pomocą komputera metodami z biologii rodem.

#### Literatura

Arabas, J., 2001, *Wykłady z algorytmów ewolucyjnych*, WNT, Warszawa

Goldberg, D.E., 1995, *Algorytmy genetyczne i ich zastosowania*, WNT, Warszawa  
[http : // go6.163.com/eslp/TarryPrb.htm](http://go6.163.com/eslp/TarryPrb.htm) (o zagadnieniu PTE)