



Optimización

Introducción a los algoritmos genéticos

Maestría En Ciencias del Procesamiento de la Información

Universidad Autónoma de Zacatecas

May , 2021

Los métodos para resolver problema de optimización restringida se basan en la información del gradiente y en funciones unimodales. En problemas de variables discretas o con función objetivo multimodal no garantizan que el resultado sea el mínimo global. Existen diversas técnicas para enfrentar este tipo de problemas, algunas de ellas son:

- ▶ Algoritmos genéticos
- ▶ Enjambre de partículas
- ▶ Enfriamiento simulado
- ▶ Colonia de hormigas
- ▶ Búsqueda tabú

Todos estos métodos se basan en **búsquedas aleatorias** para ubicar los óptimos. Estos métodos se basan en búsquedas anteriores por lo que búsquedas aleatorias guiadas.

Principio de Darwin "Supervivencia del más apto" se puede utilizar como punto de partida para introducir la optimización evolutiva. Las especies biológicas han resuelto los problemas de caos, el azar, las interacciones no lineales y la temporalidad. Estos problemas demostraron estar en equivalencia con los métodos clásicos de optimización. El concepto evolutivo se puede aplicar a problemas donde las soluciones heurísticas no están presentes o que conducen a resultados insatisfactorios.

Introducción

La teoría de la selección natural propone que las plantas y animales que existen hoy en día son el resultado de millones de años de adaptación a las demandas del medio ambiente. Los organismos que son más capaces de adquirir recursos y procrear con éxito son aquellos cuyos descendientes tenderán a ser numerosos en el futuro. Los organismos que son menos capaces, por cualquier razón, tenderán a tener pocos o ningún descendiente en el futuro. Se dice que los primeros están más en forma que los segundos, y las características distintivas que causaron que los primeros estén en forma se seleccionan por sobre las características de los últimos.

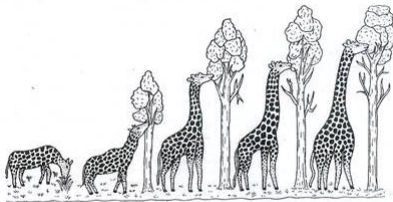
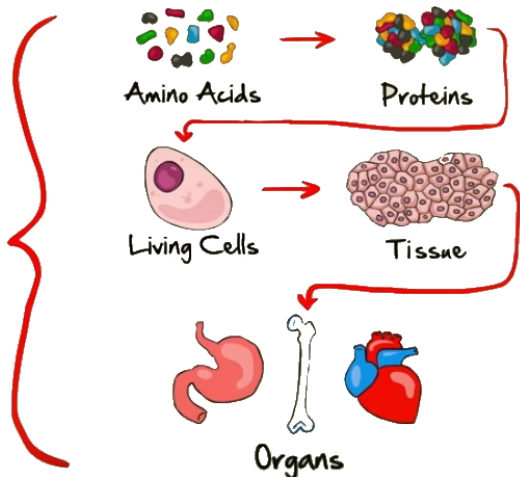


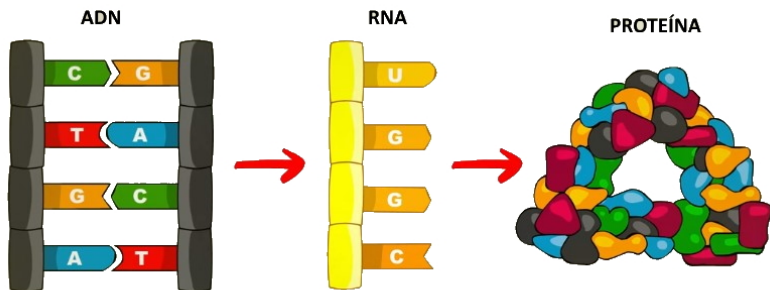
Diagram showing elongation of neck in giraffe according to Lamarck.

Introducción



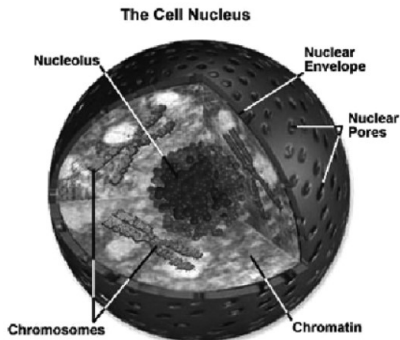
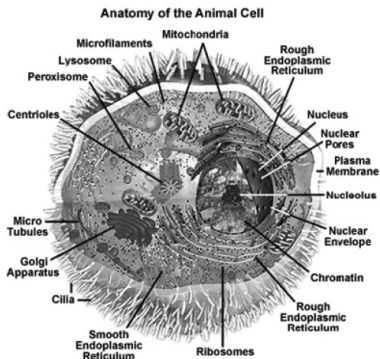
Introducción

ADN (Ácido desoxirribonucleico)



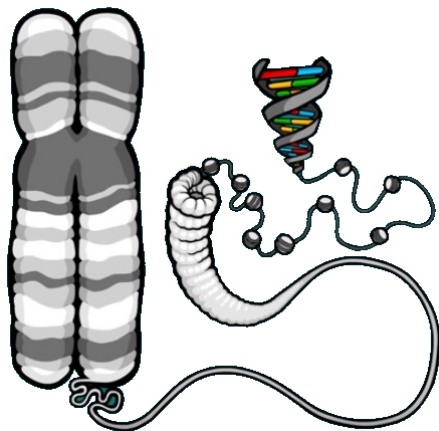
Introducción

Anatomía de una célula animal. La información genética está contenida en el núcleo celular. Toda la información genética se almacena en los cromosomas.



Introducción

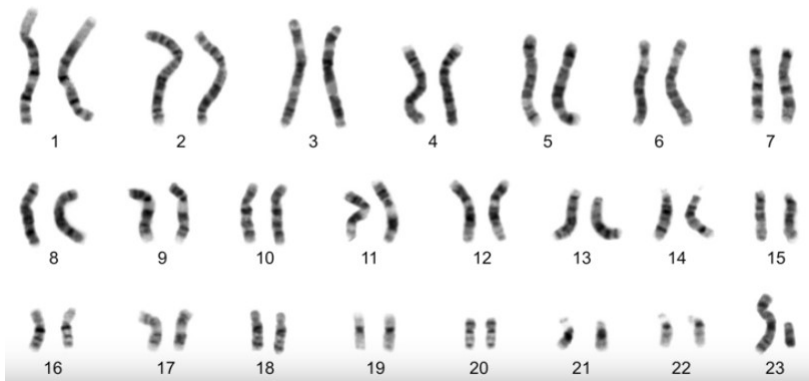
Cada cromosoma está constituido por un tramo largo ácido desoxirribonucleico (ADN) y por proteínas estabilizadoras.



Introducción

El ser humano tiene en cada célula una copia de cada cromosoma (23 pares, 46 cromosomas, la mitad del padre y la mitad de la madre)

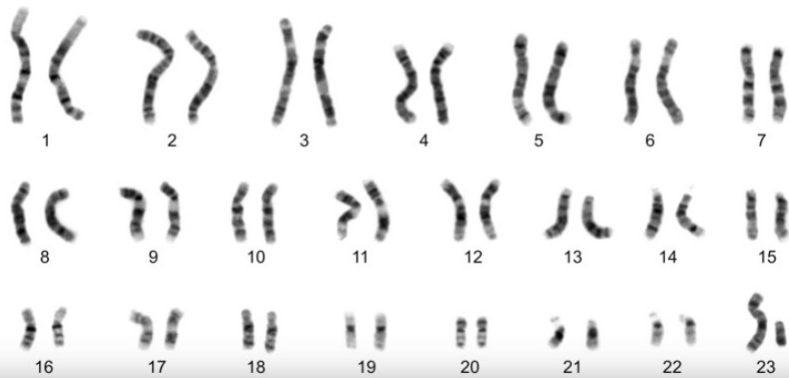
HUMAN CHROMOSOMES



Introducción

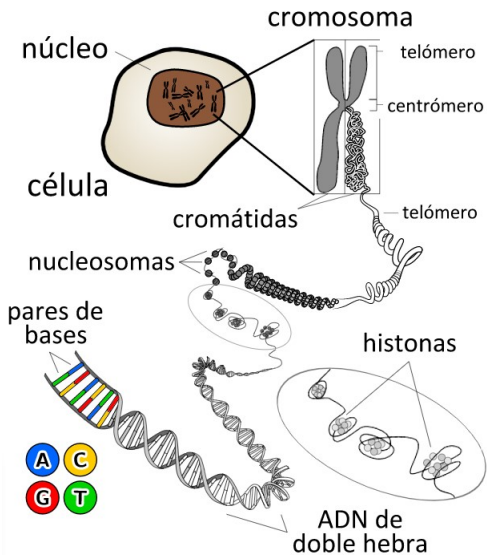
Si analizamos un par observaríamos contienen el mismo gen ubicado en el mismo lugar, sin embargo el código genético tiene pequeñas variaciones que son llamadas mutaciones. La mayoría de ellas ocurrieron en los antecesores pero algunas ocurren durante la concepción y el desarrollo.

HUMAN CHROMOSOMES



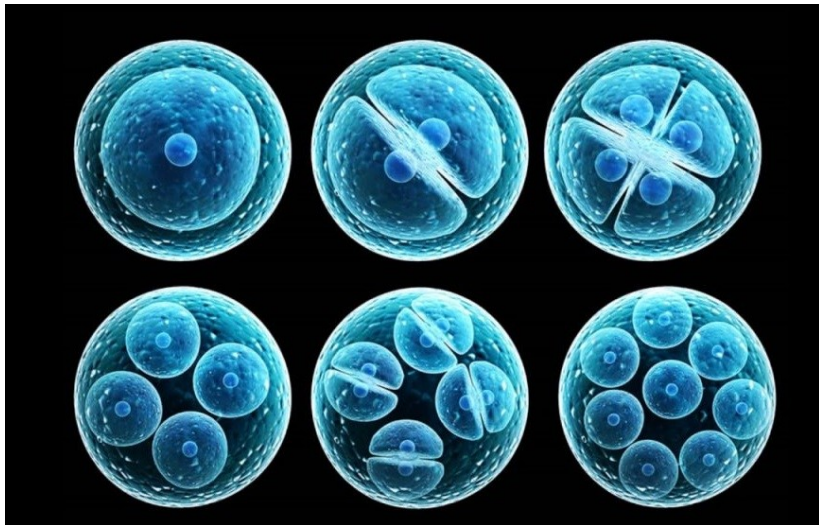
Introducción

Resumen

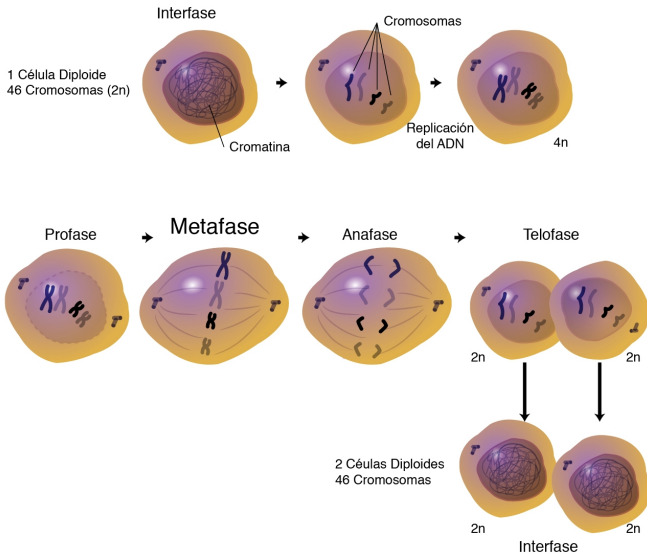


Mitosis

La reproducción de especies a través de información genética se realiza mediante la Mitosis y Meiosis.

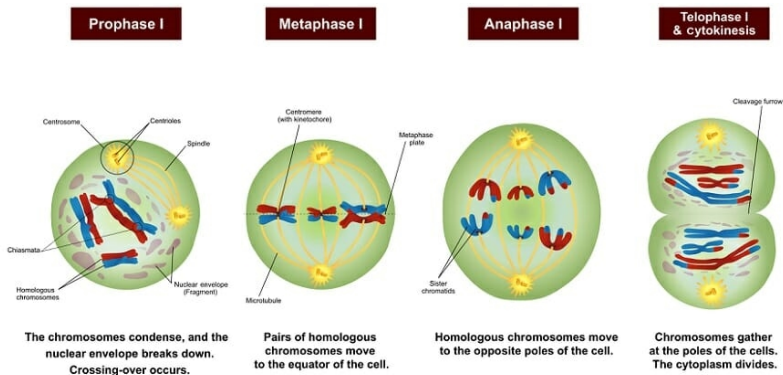


En la mitosis, la misma información genética se copia a la nueva descendencia. No hay intercambio de información. Esta es una forma normal de crecimiento de estructuras multicelulares, como los órganos.



Meiosis

La meiosis forma la base de la reproducción sexual. Los gametos (espermatozoides y Ovocitos) son las únicas células que no son diploides (un solo cromosoma). Tiene dos etapas. En la etapa 1, dentro de la profase, en el proceso de paquiteno se entrecruzan los cromosomas (quiasmas) y se intercambian genes.



Meiosis

La fase 2 de la meiosis es similar a la mitosis con la diferencia que se forman células haploides.

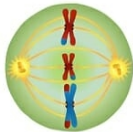
Prophase II



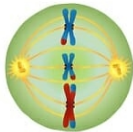
A new spindle forms around the chromosomes.



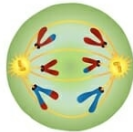
Metaphase II



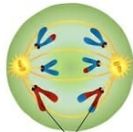
Metaphase II chromosomes line up at the equator.



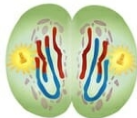
Anaphase II



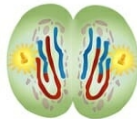
Centromeres divide. Chromatids move to the opposite poles of the cells.



Telophase II & cytokinesis



A nuclear envelope forms around each set of chromosomes. The cytoplasm divides.



La variabilidad genética se puede dar por:

- ▶ Reproducción sexual
- ▶ Entrecruzamiento de cromosomas homólogos
- ▶ Permutación cromosómica
- ▶ Mutaciones

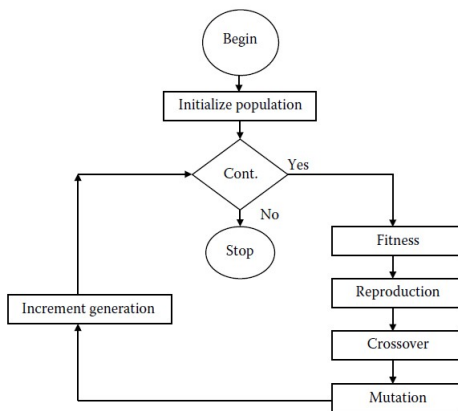
Natural evolution	Genetic algorithm
Chromosome	String
Gene	Feature or character
Allele	Feature value
Locus	String position
Genotype	Structure or coded string
Phenotype	Parameter set, a decoded structure

Alelos son las diferentes combinaciones que puede tener un gen. Locus es el lugar que ocupa el gen en el cromosoma. Genotipo son las posibles combinaciones de los alelos y el fenotipo es la expresión visible del genotipo.

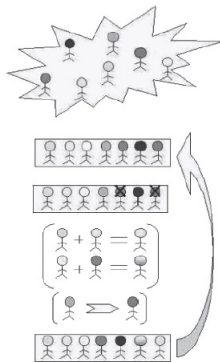
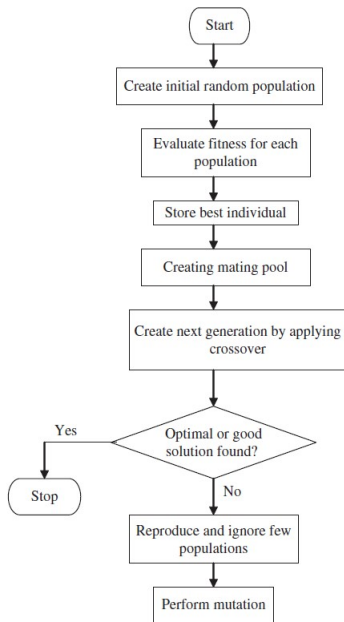
Algoritmo genético

- ▶ En GA, se trabaja con una población de puntos y no un punto.
- ▶ El *fitness* (valor de la función objetivo) de cada individuo de la población es evaluada.
- ▶ Las personas que tienen un alto valor de *fitness* se someten a cruces y mutaciones con la esperanza de que produzcan una mejor descendencia.
- ▶ Para facilitar el trabajo fácil de los operadores genéticos en las variables de diseño x , estos a menudo se codifican en cadenas binarias.
- ▶ Una vez que estas variables han sufrido operaciones genéticas, los nuevos valores de las variables se pueden calcular decodificando las cadenas binarias.
- ▶ Usando el valor descodificado de las variables, se calcula el *fitness* de cada individuo en la nueva población. Esto completa una generación (iteración) de GA.

Algoritmo genético



Algoritmo genético



Primero se debe de determinar la longitud de la cadena con base al rango y precisión de la función. si se utilizan 5 bits para la función objetivo de prueba tenemos que;

$$\frac{90 - 40}{2^5} = 1.5625^\circ$$

Si se quiere una precisión de 0.001 grados se debe tener una longitud de 15

$$\frac{90 - 40}{2^{15}} = 0.0015^\circ$$

Población inicial

Un individuo se generan por 15 variables aleatorias binarias

1 1 0 1 1 0 0 1 1 0 0 0 1 0 1

Se genera una población de 10 individuos

110110011000101

100001010111010

000110101110101

100000110011101

000011100100111

100100101011000

010110100110001

100110101110011

111100100011010

001111100111001

Se decodifica la cadena y se calcula el *fitness*. La cadena binaria (genotipo) debe decodificarse a su valor real (fenotipo) utilizando la ecuación

$$T_i = T_{i\min} + \frac{(T_{i\max} - T_{i\min})DV(s_i)}{(2^l - 1)} = 40 + \frac{(90 - 40)27,845}{(2^{15} - 1)} = 82.4894$$

Para tener el *fitness* de la cadena, simplemente se evalúa en la función objetivo

$$f_i = \frac{204,165.5}{330 - 2T_i} + \frac{10,400}{T_i - 20} = 1403.6$$

Este procesos se realiza para cada individuo

En la reproducción, los cromosomas se identifican como buenos o malos según su valor de *fitness*

Fitness Evaluation for Different Strings

Name	String	Decoded Value	Fitness f_i
S1	110110011000101	82.4894	1403.6
S2	100001010111010	66.0659	1257.6
S3	000110101110101	45.2568	1264.3
S4	100000110011101	65.6310	1255.2
S5	000011100100111	42.7940	1291.6
S6	100100101011000	68.6508	1273.3
S7	010110100110001	57.6534	1227.2
S8	100110101110011	70.2545	1284.4
S9	111100100011010	87.3067	1468.4
S10	001111100111001	52.1967	1228.0

Selección por Ruleta

Los cromosomas buenos son copiados y los malos son eliminados mediante la selección de ruleta

1. identificar si hay valores negativos en el valor de *fitness*. Si la respuesta es sí, identificar el valor mínimo y escale los valores de *fitness* restantes por ese número.
2. Convertir el valor de *fitness* en F_i mediante

$$F_i = \frac{1}{1 + f_i}$$

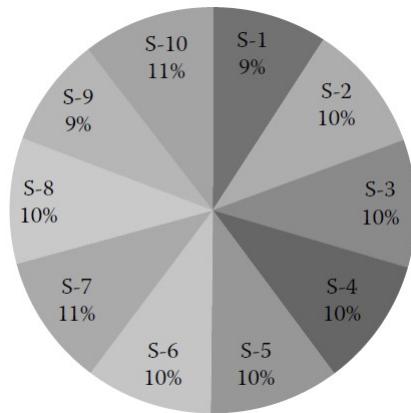
Selección por Ruleta

String	Fitness f_i	$F_i = \frac{1}{1 + f_i}$	$\frac{F_i}{\sum F_i}$
110110011000101	1403.6	0.00071195	0.0924
100001010111010	1257.6	0.00079453	0.1031
000110101110101	1264.3	0.00079033	0.1026
100000110011101	1255.2	0.00079605	0.1033
000011100100111	1291.6	0.00077363	0.1004
100100101011000	1273.3	0.00078474	0.1019
010110100110001	1227.2	0.00081420	0.1057
100110101110011	1284.4	0.00077797	0.1010
111100100011010	1468.4	0.00068055	0.0883
001111100111001	1228.0	0.00081367	0.1056

$$\sum F_i = 0.0077$$

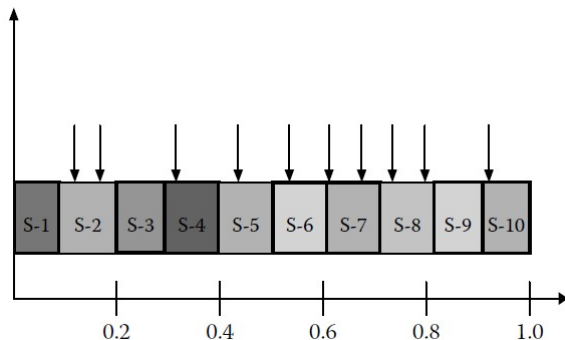
Selección por Ruleta

Probabilidad



Selección por Ruleta

El siguiente paso es hacer ranuras de la rueda de la ruleta utilizando los valores acumulativos de la frecuencia.



Selección por torneo

En la metodología de selección de torneos, comenzamos con el primer individuo de la población. Luego, cualquier otro individuo de la población se selecciona al azar. Luego se comparan los valores de *fitness* de los dos individuos. El individuo con menor valor de condición física es declarado "ganador".

Tournament Selection

String	Competitor	Fitness Comparison	Winner
110110011000101 (S-1)	S-8	1403.6 < 1284.4 (No)	S-8
100001010111010 (S-2)	S-4	1257.6 < 1255.2 (No)	S-4
000110101110101 (S-3)	S-2	1264.3 < 1257.6 (No)	S-2
100000110011101 (S-4)	S-9	1255.2 < 1468.4 (Yes)	S-4
000011100100111 (S-5)	S-10	1291.6 < 1228.0 (No)	S-10
100100101011000 (S-6)	S-7	1273.3 < 1227.2 (No)	S-7
010110100110001 (S-7)	S-8	1227.2 < 1284.4 (Yes)	S-7
100110101110011 (S-8)	S-1	1284.4 < 1403.6 (Yes)	S-8
111100100011010 (S-9)	S-4	1468.4 < 1255.2 (No)	S-4
001111100111001 (S-10)	S-2	1228.0 < 1257.6 (Yes)	S-10

Cruzado y Mutación (Crossover and Mutation)

En el paso de la reproducción se han realizado copias de las cadenas sin alteraciones. En el cruzamiento dos progenitores se eligen aleatoriamente, los bits de las cadenas de los progenitores son intercambiados para formar un descendiente (nueva cadena). El cruzamiento se realiza en los bits mas significativos (izquierda). El punto de cruce es fijado aleatoriamente.

```
Parent S-2 100001010 111010  → 100001010 011101  
Parent S-4 100000110 011101  → 100000110 111010
```

En el caso humano el número de cruzamiento tiene una distribución de Poisson con media 2. Para el algoritmo sólo ocurre 1.

Mutación

La mutación se usa para mantener la diversidad en la población. El operador de mutación cambia el bit 1 a 0 y viceversa con una pequeña probabilidad. Para este ejemplo la probabilidad de mutación será 0.04. Esto se logra mediante una distribución uniforme

New Population

Mating Pool	Crossover Site	Children	Mutation	New Population
100000110011101 (S-4)	9	100000110111010	No	100000110111010
100001010111010 (S-2)		100001010011101	No	100001010011101
010110100110001 (S-7)	6	010110100111001	No	010110100111001
001111100111001 (S-10)		001111100110001	No	001111100110001
100001010111010 (S-2)	11	100001010110001	Yes	101001010110001
010110100110001 (S-7)		010110100111010	No	010110100111010
100000110011101 (S-4)	5	100000101110011	No	100000101110011
100110101110011 (S-8)		100110110011101	Yes	100110110010101
100110101110011 (S-8)	13	100110101110001	No	100110101110001
001111100111001 (S-10)		001111100111011	No	001111100111011

Los algoritmos de búsqueda aleatoria suelen probarse con la función Rastrigin and Schwefel

$$f(x) = 20 + x_1^2 - 10\cos(2\pi x_1) + x_2^2 - 10\cos(2\pi x_2)$$

$$-5.12 \leq x_1, x_2 \leq 5.12$$

