

# Ejemplo de Algoritmos Genéticos

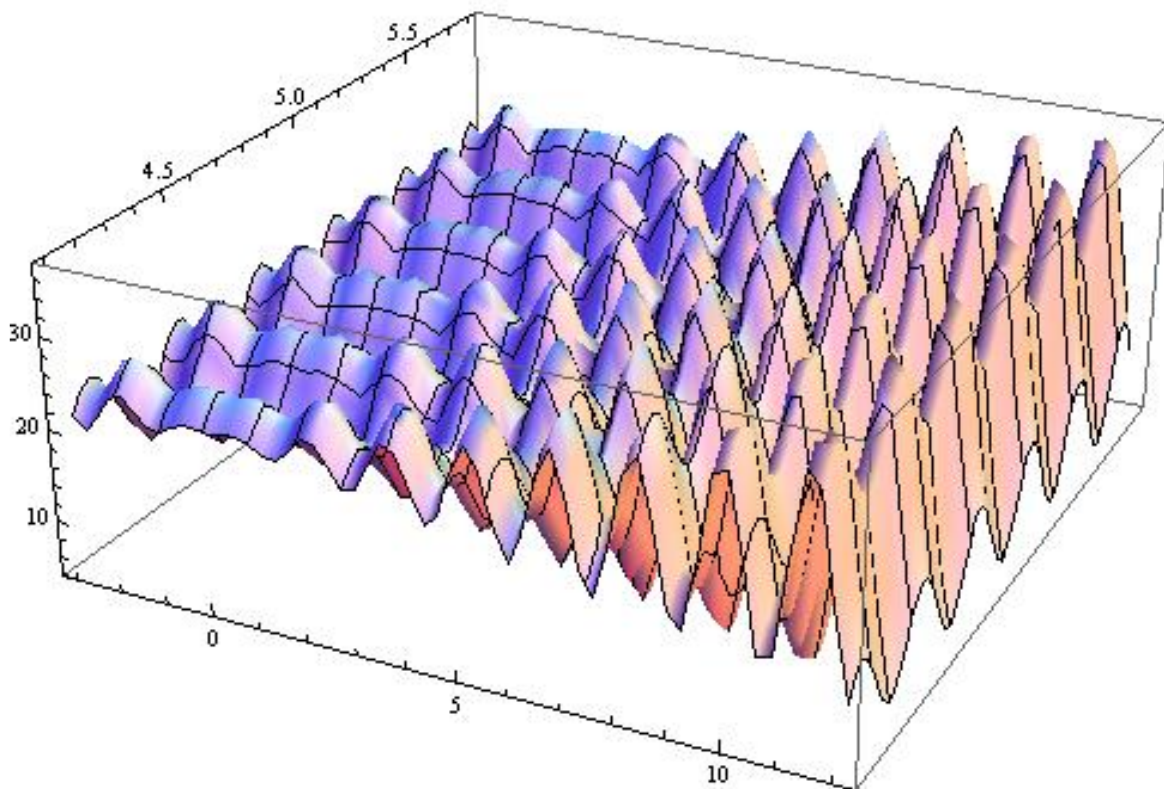
## Problema de Optimización

$$\max f(x_1, x_2) = 21.5 + x_1 \sin(4\pi x_1) + x_2 \sin(20\pi x_2)$$

$$-3.0 \leq x_1 \leq 12.1$$

$$4.1 \leq x_2 \leq 5.8$$

El grafico de la función se muestra en la Figura 1



**Figura 1. Función Objetivo**

Primero, necesitamos codificar las variables independientes en cadenas binarias.

La longitud de las cadenas (m) depende de la precisión requerida (P) y del intervalo al que pertenece la variable [c, d].

Formula:

$$2^{m-1} = (d-c)10^P$$

Para nuestro caso deseamos una precisión de  $P=4$

a)  $-3.0 \leq x_1 \leq 12.1$

$$2^{m_1-1} = (12.1 - (-3.0))10^4$$

$$\ln(2^{m_1-1}) = \ln(15.1 \times 10^4)$$

$$m_1 = 1 + [\ln(15.1 \times 10^4) / \ln(2)]$$

$$m_1 = 18.204189023987166$$

$$m_1 = 18$$

b)  $4.1 \leq x_2 \leq 5.8$

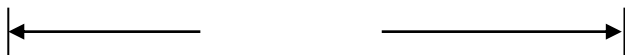
$$2^{m_2-1} = (5.8 - 4.1)10^4$$

$$m_2 = 15$$

La longitud total del cromosoma es

$$m = m_1 + m_2 = 18 + 15 = 33 \text{ bits}$$

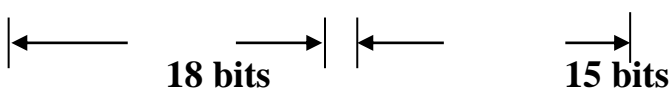
33 bits



33 bits

### Ejemplo

$v_j$  000001010100101001 101111011111110



La conversión de una cadena binaria a un número real para la variable  $x_j$  se realiza así:

Primero se convierte la cadena binaria a decimal

$$x'_j = \sum_{i=0}^{m_j-1} b_i 2^i$$

|       | <u>Numero Binario</u> | <u>Numero Decimal</u> |
|-------|-----------------------|-----------------------|
| $x_1$ | 000001010100101001    | 5417                  |
| $x_2$ | 101111011111110       | 24318                 |

Luego se convierte a real con la formula

$$x_j = c_j + x'_j \left( \frac{d_j - c_j}{2^{m_j} - 1} \right)$$

Los valores correspondientes para las variables  $x_1$  y  $x_2$  son:

$$x_1 = -3.0 + 5417 \times \frac{12.1 - (3.0)}{2^{18} - 1} = -2.687969$$

$$x_2 = 4.1 + 24318 \times \frac{5.8 - 4.1}{2^{15} - 1} = 5.361653$$

**Población Inicial:** La población inicial se genera aleatoriamente

$v_1 = [000001010100101001101111011111110]$   
 $v_2 = [001110101110011000000010101001000]$   
 $v_3 = [111000111000001000010101001000110]$   
 $v_4 = [100110110100101101000000010111001]$   
 $v_5 = [0000101111011000100011110001101000]$   
 $v_6 = [1111101010110111000000010110011001]$   
 $v_7 = [110100010011111000100110011101101]$   
 $v_8 = [001011010100001100010110011001100]$   
 $v_9 = [111110001011101100011101000111101]$   
 $v_{10} = [111101001110101010000010101101010]$

**convertidos a real**

$$v_1=[x_1,x_2]= [-2.687969, 5.361653]$$

$$v_2=[x_1,x_2] = [-2.687969, 5.361653]$$

$$v_3=[x_1,x_2] = [10.419457, 4.661461]$$

$$v_4=[x_1,x_2] = [6.159951, 4.109598]$$

$$v_5=[x_1,x_2] = [-2.301286, 4.47782]$$

$$v_6=[x_1,x_2] = [11.788084, 4.174346]$$

$$v_7=[x_1,x_2] = [9.3642067, 5.121702]$$

$$v_8=[x_1,x_2] = [-0.3300256, 4.694977]$$

$$v_9=[x_1,x_2] = [11.671267, 4.873501]$$

$$v_9=[x_1,x_2] = [11.446273, 4.171908]$$

**Evaluación** : El proceso de evaluación del fitness de un cromosoma consiste de tres pasos:

### **Procedimiento: Evaluación**

**Paso 1**: Convertir el cromosoma genotipo a fenotipo, para esto primero se convierte la cadena binaria a su valor real

$$x^k = (x_1^k, x_2^k), \quad k=1,2, \dots, \text{pop\_size}$$

**Paso 2**: Evaluar la función objetivo  $f(x^k)$

**Paso 3**: Convertir el valor de la función de ajuste en el fitness, Para este problema de

**Maximización, el fitness es igual al valor de la función objetivo**

$$\text{eval}(v_k) = f(x^k), \quad k= 1,2, \dots, \text{pop} - \text{size}$$

El fitness de los cromosomas dados anteriormente es:

$$\begin{aligned}
 eval(v_1) &= f(-2.687969, 5.361653) = 19.805119 \\
 eval(v_2) &= f(0.474101, 4.170144) = 17.3370896 \\
 eval(v_3) &= f(10.419457, 4.661461) = 9.590546 \\
 eval(v_4) &= f(6.159951, 4.109598) = 29.406122 \\
 eval(v_5) &= f(-2.301286, 4.477282) = 15.686091 \\
 eval(v_6) &= f(11.788084, 4.174346) = 11.900541 \\
 eval(v_7) &= f(9.3342067, 5.121702) = 17.958717 \\
 eval(v_8) &= f(-0.33.256, 4.694977) = 19.763190 \\
 eval(v_9) &= f(11.671267, 4.873501) = 26.401669 \\
 eval(v_{10}) &= f(11.446273, 4.171908) = 10.252480
 \end{aligned}$$

Se observa que el cromosoma  $v_4$  es uno de los más fuertes y  $v_3$  uno de los más débiles

**Selección** : En la mayoría de los casos se usa el procedimiento de la ruleta estándar.

Este procedimiento se construye así:

1.- Calcular el valor fitness  $eval(v_k)$  para cada cromosoma  $v_k$ :

$$eval(v_k) = f(x^k), \quad k = 1, 2, \dots, \text{pop} - \text{size}$$

2. Calcular el fitness total para la población:

$$F = \sum_{k=1}^{\text{pop\_size}} eval(v_k)$$

3. Calcular la probabilidad  $p_k$  para cada  $v_k$ :

$$p_k = \frac{eval(v_k)}{F}, \quad k = 1, 2, \dots, \text{pop} - \text{size}$$

4. Calcular la probabilidad acumulada  $q_k$  para cada cromosoma  $v_k$

$$q_k = \sum_{j=1}^k p_j \quad k=1, 2, \dots, \text{pop} - \text{size}$$

El proceso de selección empieza girando la ruleta  $\text{pop\_size}$  veces, en cada vez, un solo cromosoma es seleccionado para una nueva población de la siguiente manera:

### Procedure: Selection

**Paso 1.** Generar un numero aleatorio  $r$  en  $[0,1]$

**Paso 2.** Si  $r \leq q_1$ , entonces se selecciona el primer cromosoma  $v_1$ : en otro caso, seleccionar  $k$ -esimo cromosoma  $v_k$  ( $2 \leq k \leq \text{pop\_size}$ ) tal que  $q_{k-1} \leq r \leq q_k$

El fitness total  $F$  de la población es

$$F = \sum_{k=1}^{\text{pop\_size}} \text{eval}(v_k) = 178.135372$$

La probabilidad de selección  $p_k$  para cada cromosoma  $v_k$  ( $k=1, \dots, 10$ ) es:

$p_1 = 0.1111180$ ,  $p_2 = 0.097515$ ,  $p_3 = 0.053839$   $p_4 = 0.165077$ ,  $p_5 = 0.088057$ ,  
 $p_6 = 0.066806$ ,  $p_7 = 0.100815$ ,  $p_8 = 0.110945$ ,  $p_9 = 0.148211$ ,  $p_{10} = 0.057554$

Las probabilidades acumuladas  $q_k$  para cada cromosoma  $v_k$  ( $k= 1, \dots, 10$ ) son :

$q_1 = 0.111180$ ,  $q_2 = 0.208695$ ,  $q_3 = 0.2625534$ ,  $q_4 = 0.427611$ ,  $q_5 = 0.515668$ ,  
 $q_6 = 0.582475$ ,  $q_7 = 0.683290$ ,  $q_8 = 0.794234$ ,  $q_9 = 0.942446$ ,  $q_{10} = 1.000000$

Ahora estamos listos para girar la ruleta 10 veces, y en cada vez seleccionamos un solo cromosoma para una nueva población. Supondremos que la secuencia de 10 números aleatorios en  $[0,1]$  es:

$r_1=0.301431$ ,  $r_2= 0.322062$ ,  $r_3=0.766503$ ,  $r_4=0.8811893$ ,  $r_5= 0.350871$ ,  $r_6=0.583392$ ,  
 $r_7= 0.177618$ ,  $r_8=0.3432442$ ,  $r_9=0.032685$ ,  $r_{10}= 0.197577$

El primer número  $r_1= 0.301431$  es mayor que  $q_3$  y más pequeño que  $q_4$ , esto significa que el cromosoma  $v_4$  es seleccionado para una nueva población; El segundo número  $r_2= 0.322062$  es mayor que  $q_3$  y menor que  $q_4$ , esto significa que el cromosoma  $v_4$  es nuevamente seleccionado para una nueva población; así sucesivamente.

**Finalmente la nueva población consiste de los siguientes cromosomas:**

$$v'_1 = [100110110100101101000000010111001] (v_4)$$

$$v'_2 = [100110110100101101000000010111001] (v_4)$$

$$v'_3 = [001011010100001100010110011001100] (v_8)$$

$$v'_4 = [111110001011101100011101000111101] (v_9)$$

$$v'_5 = [100110110100101101000000010111001] (v_4)$$

$$v'_6 = [110100010011111000100110011101101] (v_7)$$

$$v'_7 = [0011101011100110000000010101001000] (v_2)$$

$$v'_8 = [100110110100101101000000010111001] (v_4)$$

$$v'_9 = [00000101010010100110111101111110] (v_1)$$

$$v'_{10} = [0011101011100110000000010101001000] (v_2)$$

### **Cruzamiento:**

El cruzamiento usado aquí es el método de una posición de corte, que selecciona aleatoriamente una posición de corte e intercambia la parte derecha de los padres para generar la descendencia. Consideramos dos cromosomas, y la posición de corte supongamos que es seleccionada en forma aleatoria después del 17avo gen:

$$\begin{array}{l} v_1 = [10011011010010110|10000000010111001] \\ v_2 = [00101101010000110|0010110011001100] \end{array}$$

La generación resultante por el intercambio de la parte derecha de sus padres es:

$$\begin{array}{l} v'_1 = [10011011010010110|0010110011001100] \\ v'_2 = [10011011010010110|10000000010111001] \end{array}$$

La probabilidad de cruzamiento  $p_c = 0.25$ , se espera que en promedio se crucen el 25% de cromosomas.

El procedimiento para el cruzamiento es el siguiente

**Procedure: crossover**

**Begin**

**$K \leftarrow 0$**

**While ( $k \leq 10$ ) do**

**$r_k \leftarrow$  numero aleatorio en  $[0,1]$**

**If ( $r_k < 0.25$ ) then**

**Seleccionar  $v_k$  como un padre para el cruzamiento**

**End**

**$k \leftarrow k+1$**

**End**

**End**

Suponiendo que la secuencia de numeros aleatorios es:

$r_1=0.625721$ ,  $r_2=0.266823$ ,  $r_3=0.288644$ ,  $r_4=0.295114$ ,  $r_5=0.163274$

$r_6=0.567461$ ,  $r_7=0.085940$ ,  $r_8=0.392865$ ,  $r_9=0.770714$ ,  $r_{10}=0.548656$

Esto hace que los cromosomas  $v_5$  y  $v_7$  sean seleccionados para cruzamiento.

Después se genera un numero aleatorio entero *pos* en el rango  $[1, 32]$  (porque 33 es la longitud total del cromosoma) como punto de corte para el cruzamiento.

**Mutación**

La mutación altera uno o más genes.

Asumiendo que el 18avo gen del cromosoma  $v_1$  es seleccionado para una mutación, desde que el gen es 1, este debe cambiar a 0, el cromosoma después de la mutación será

$v_1 = [1\ 0\ 0\ 1\ 1\ 0\ 1\ 1\ 0\ 1\ 0\ 0\ 1\ 0\ 1\ 1\ 0\ 1\ 0\ 1\ 0\ 0\ 0\ 0\ 0\ 0\ 1\ 0\ 1\ 1\ 1\ 0\ 0\ 1]$



$v'_1 = [1\ 0\ 0\ 1\ 1\ 0\ 1\ 1\ 0\ 1\ 0\ 0\ 1\ 0\ 1\ 1\ 0\ 0\ 0\ 1\ 0\ 0\ 0\ 0\ 0\ 0\ 1\ 0\ 1\ 1\ 1\ 0\ 0\ 1]$



la probabilidad de mutación es  $p_m = 0.01$ , esperamos que, en promedio, 1% del total de la población podría mutar. Hay  $m \times pop\_size = 33 \times 10 = 330$  bits en toda la población, se espera 3.3 mutaciones por generación.

Cada bit tiene igual probabilidad de ser mutado. Necesitamos generar una sucesión de números aleatorios  $r_k$  ( $k=1, \dots, 330$ ) en  $[0,1]$ . Suponiendo que los siguientes genes serán mutados.

| Bit_pos | Crom_num | Bit_no | Random_num |
|---------|----------|--------|------------|
| 105     | 4        | 6      | 0.009857   |
| 164     | 5        | 32     | 0.003113   |
| 199     | 7        | 1      | 0.000946   |
| 329     | 10       | 32     | 0.001282   |

Después de la mutación la población final es:

$v'_1 = [100110110100101101000000010111001]$   
 $v'_2 = [100110110100101101000000010111001]$   
 $v'_3 = [001011010100001100010110011001100]$   
 $v'_4 = [111111001011101100011101000111101]$   
 $v'_5 = [1011101011100110000000010101001010]$   
 $v'_6 = [11010001001111100010110011101101]$   
 $v'_7 = [100110110100101101000000010111001]$   
 $v'_8 = [100110110100101101000000010111001]$   
 $v'_9 = [00000101010010100110111101111110]$   
 $v'_{10} = [0011101011100110000000010101001010]$

Los correspondientes valores decimales de las variables  $[x_1, x_2]$  y su fitness son:

$$f(6.15995, 4.109598) = 29.406122$$

$$f(6.159951, 4.109598) = 29.406122$$

$$f(-0.330256, 4.694977) = 19.763190$$

$$f(11.907206, 4.873501) = 5.702781$$

$$f(8.024130, 4.170248) = 19.91025$$

$$f(9.342067, 5.121702) = 17.958717$$

$$f(6.159951, 4.109598) = 29.406122$$

$$f(6.159951, 4.109598) = 29.406122$$

$$f(-2.687969, 5.361653) = 19.805119$$

$$f(0.474101, 4.170248) = 17.370896$$

Hemos completado una iteración del algoritmo genético.

La prueba termina después de 1000 generaciones.

Se ha obtenido el mejor cromosoma en la 419 ava generación

$$v^* = (111110000000111000111101001010110)$$

$$\text{eval}(v^*) = f(11.631407, 5.724824) = 38.818208$$

$$x_1^* = 11.631407$$

$$x_2^* = 5.724824$$

$$f(x_1^*, x_2^*) = 38.818208$$