Computación Bioinspirada

Dr. Edward Hinojosa Cárdenas ehinojosa@unsa.edu.pe

- Por razones históricas, la PE ha sido asociada durante mucho tiempo a tareas de predicción y al uso de MEF como su representación.
- A partir de los '90, las variantes de PE para optimización de vectores de parámetros reales se han vuelto más frecuentes
 - Estas variantes se han posicionado como variantes estándar de PE

• Para representación de vectores con valores reales, la programación evolutiva es muy similar a las estrategias evolutivas sin cruzamiento.

• Un método de selección típico es seleccionar a todos los individuos en la población para que sean μ ascendentes, para mutar a cada ascendente para generar μ descendientes. Después seleccionar los $\mu/2$ mejores ascendentes y $\mu/2$ descendientes para la siguiente población.

- PE aplica auto-adaptación de los parámetros de mutación.
- En esta variante un individuo sufre esta transformación:

$$\langle x_1, \dots, x_n, \sigma_1, \dots, \sigma_n \rangle \qquad \sigma_i' = \sigma_i (1 + \alpha N(0,1)), \quad \langle x_1', \dots, x_n', \sigma_1', \dots, \sigma_n' \rangle$$

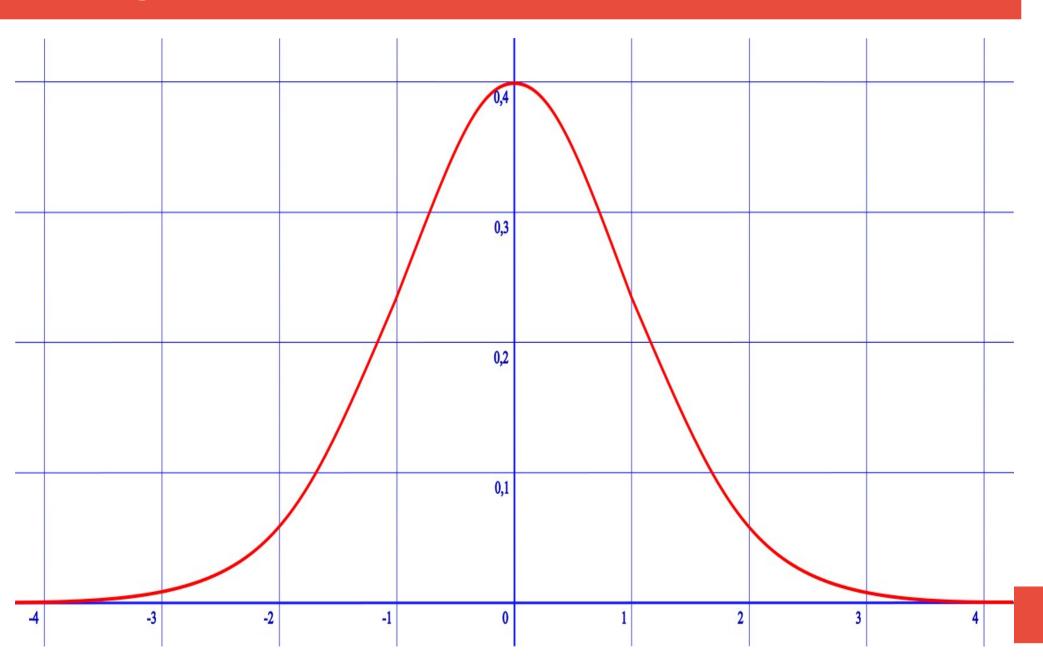
$$\langle x_i' = x_i + \sigma_i' N_i(0,1).$$

 $\alpha \approx 2$

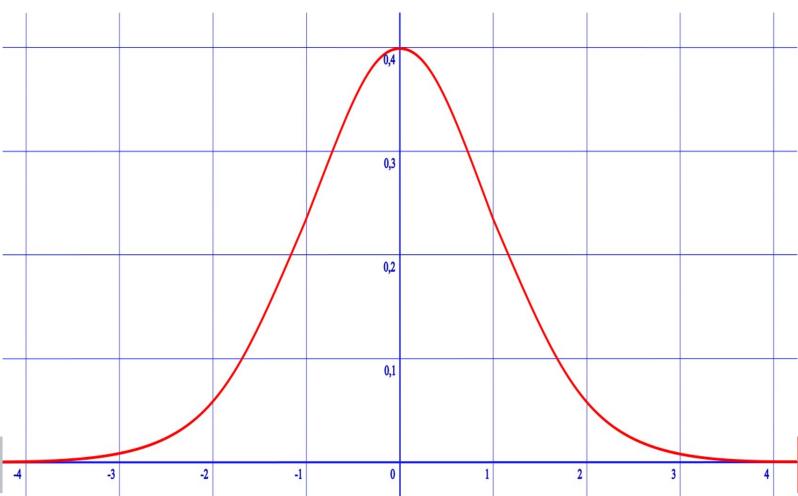
 Donde N(0,1) es un vector de números Gaussianos independientes con una media de 0 y desviaciones estándar 1.

La fórmula de una distribución normal está dada por:

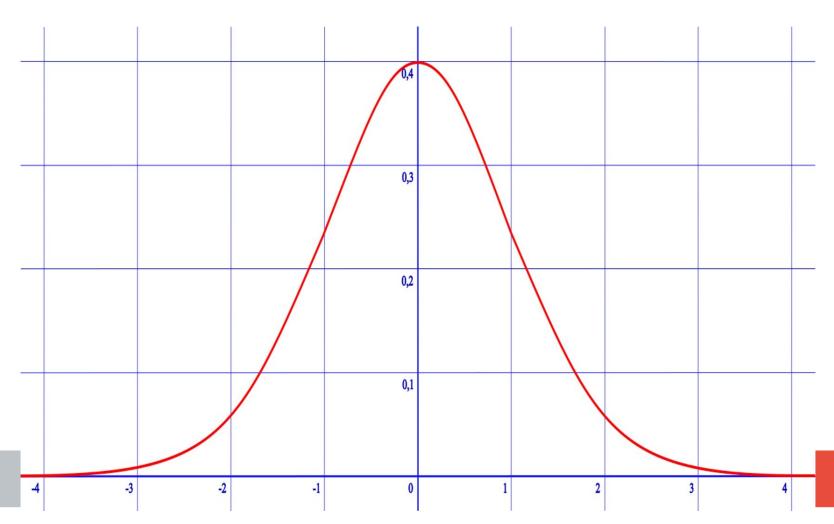
$$N(0,\sigma,x) = \frac{e^{-\frac{1}{2}*\left(\frac{x}{\sigma}\right)^2}}{\sigma\sqrt{2\pi}}$$



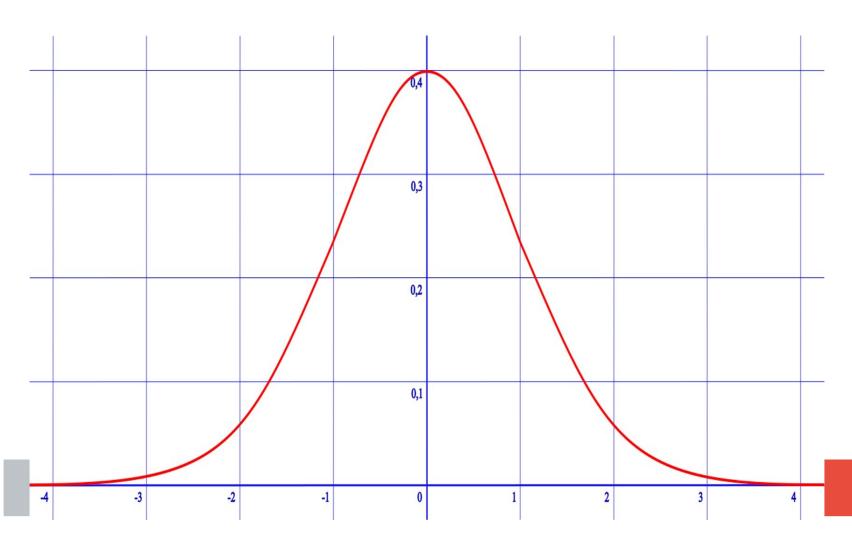








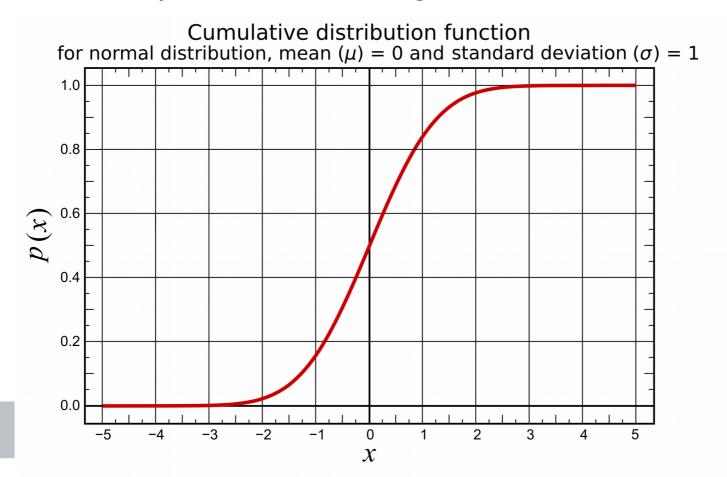
$$\frac{\left(e^{-\left(0.5\times\left(1^{2}\right)\right)}\right)}{\sqrt{2\times\pi}}=0.2419707245191434$$

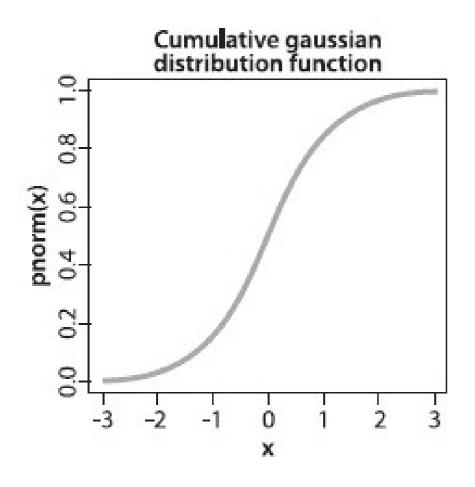


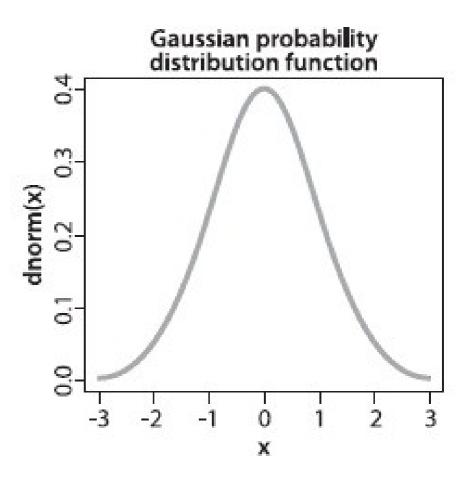
 Una distribución normal de media cero es implementada de la siguiente manera:

```
public static double normal(double x, double desvio) {
   double retorno = -0.5 * ((x / desvio) * (x / desvio));
   retorno = Math.exp(retorno);
   retorno = retorno / (desvio * Math.sqrt(6.283184));
   return retorno;
}
```

• El área bajo la distribución de probabilidades corresponde a la probabilidad de ocurrencia del valor x. Por lo tanto, como se puede ver en la siguiente figura, el área total de una distribución de probabilidad es igual a 1.







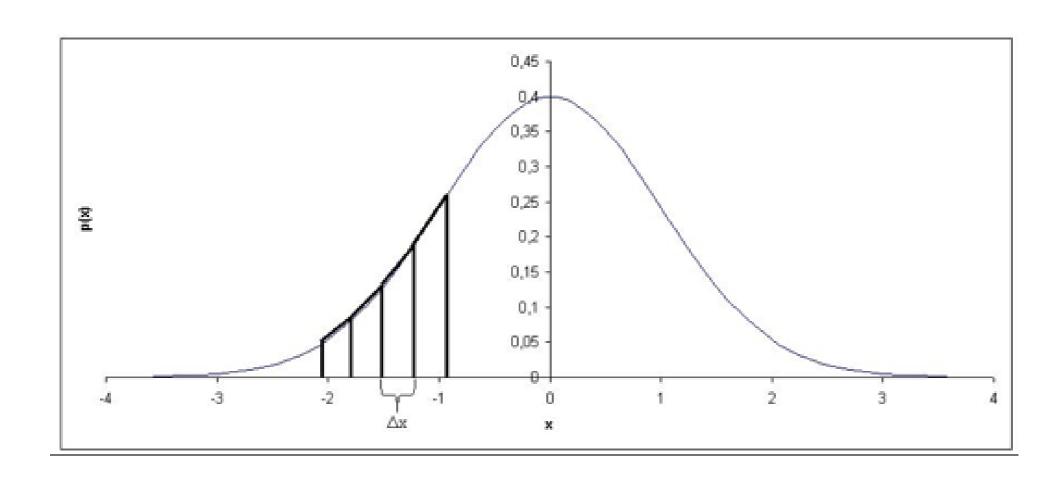
• En base a ese concepto, podemos escoger cual será la variación de coordenadas sorteando un valor \mathcal{E} aleatorio entre el intervalo (0,1) y determinar el valor de x, para el cual el área bajo al curva hasta x es igual al sorteado, es decir, el número x, para el cual la probabilidad de que un valor sorteado, cualquiera sea menor de que el, sea igual a \mathcal{E} .

 Para determinar esta probabilidad y calcular el valor de la mutación a aplicar, tenemos que calcular el valor de la integral dada por:

$$\int_{-\infty}^{x} N(0,\sigma,x) dx$$

 Como sabemos, no existe una forma definitiva para calcular esta integral, para ello usamos técnicas numéricas para implementarla.

- Usaremos el método de los trapecios repetidos:
- Idea:
 - Aproximar la curva a una serie de trapecios.
 - La base igual a Δx
 - ullet Los dos lados son dados por los valores de la función de los puntos que distan Δx uno del otro.
 - Consiste básicamente en hacer una aproximación lineal por partes de la función que deseamos integrar.
 - La aproximación puede ser tan adecuada como desiemos, basta disminuir el valor de Δx



• El código que implementa la integración es el siguiente:

```
public static double integral(double lim_inf, double lim_sup, double desvio,
    double area = 0;
    double aux_suma, aux = normal(lim_inf, desvio);

    for (double i = lim_inf + delta; i < lim_sup; i += delta) {
        aux_suma = normal (i, desvio);
        area += (aux + aux_suma);
        aux = aux_suma;
    }
    area *= (delta/2);
    return area;
}</pre>
```

 Al final multiplicamos la suma obtenida por (delta/2), para obtener el área efectiva.

- Recordemos que el área de una paralelogramo está dada por base*(altura1 + altura2)/2.
- En este caso, los valores de la normal en cada división del intervalo corresponde a las alturas. El valor de la base es igual para todos, por lo que puede ser multiplicado al final.

Podemos calcular el valor de x mediante:

```
public static double valor_x(double lim_inf, double lim_sup, double desvio,
    double area = 0;
    double aux_suma, aux = normal(lim_inf, desvio);

for (double i = lim_inf + delta; i < lim_sup; i += delta) {
        aux_suma = normal (i, desvio);
        area += (aux + aux_suma);
        if((area * (delta/2)) > aleatorio) {
            return i;
        }
        aux = aux_suma;
    }
    return -1*Double.MAX_VALUE;
}
```

Sigue el mismo procedimiento visto anteriormente:

```
Procedure EP{
                                          No existe cruzamiento,
    t = 0;
                                          solo Mutación
    Initialize P(t);
    Evaluate P(t);
    While (Not Done)
      Parents(t) = Select Parents(P(t));
      Offspring(t) = Procreate(Parents(t));
      Evaluate(Offspring(t));
      P(t+1) = Select Survivors(P(t),Offspring(t));
      t = t + 1;
```

 Con la diferencia de que la selección de la siguiente población es sobre la población de ascendientes y descendientes.

• Esta modificación también es llamada de Meta-PE o $PE(\mu+\mu)$.

Práctica 5 (0 a 20)

 Aplicar la PE(μ+μ) vistas en clase para minimizar la siguiente función:

$$f(x_1, x_2) = -\cos(x_1)\cos(x_2)\exp(-(x_1 - \pi)^2 - (x_2 - \pi)^2)$$
$$-10 \le x_1 \le 10, -10 \le x_2 \le 10$$

• Utilice los parámetros por defecto mencionados y desviación estándar inicial 0.3. Utilice por los menos 5 decimales para los valores de x1 y x2. La aptitud debe considerar los decimales necesarios.

GRACIAS

Dr. Edward Hinojosa Cárdenas ehinojosa@unsa.edu.pe