

# Fluid Genetic Algorithm

Una alternativa al Algoritmo Genético Simple

---

Semenov Flores Dimitri

Perea Edgar Samuel

24 de noviembre de 2017

Universidad Nacional Autonoma de México

# Table of contents

1. Introducción
2. El Algoritmo Genético Simple
3. Fluid Genetic Algorithm (FGA)
4. Experimentos y Desempeño
5. Problema de la asignación cuadrática (QAP)
6. Conclusiones

# Introducción

---

# ¿Qué es una metaheurística?

Son procesos heurísticos de una mayor abstracción que buscan resolver problemas para los cuales no existen algoritmos o heurísticas específicas que den **soluciones satisfactorias**.

Se busca que los métodos usados puedan **escapar** de soluciones óptimas locales y que **exploren** de forma robusta el dominio del problema.

# Algunos conceptos de biología

- Un **cromosoma** es una larga molécula de ADN (Ácido Desoxirribonucleico), formada por cuatro distintos compuestos más simples llamados bases o nucleótidos
- Cada subcadena de tres nucleótidos codifica un aminoácido diferente que al unirse con los generados por otros tercetos, formará una proteína.
- Al conjunto de nucleótidos que codifican una proteína completa se les llama **genes**.
- El conjunto de todos los cromosomas, es decir, toda la información genética de un individuo se llama genoma y el conjunto de genes contenidos en el genoma **genotipo**.

- Adaptabilidad para la resolución de problemas en múltiples disciplinas

- Adaptabilidad para la resolución de problemas en múltiples disciplinas
- Hibridación con otros métodos o técnicas

- Adaptabilidad para la resolución de problemas en múltiples disciplinas
- Hibridación con otros métodos o técnicas
- Perfeccionamiento de los parámetro de entrada.



# El Algoritmo Genético Simple

---

# Algoritmo Genético Simple

El algoritmo genético simple (AGS) es una **metaheurística** propuesta por John Holland en 1960 basada en los principios de selección y evolución propuesto por Darwin.

En ella se toma una población de individuos que representan soluciones a un problema de optimización, estas **evolucionan** de forma discreta en el tiempo hasta llegar a un criterio de paro.

Los individuos se encuentran codificados, usualmente de forma binaria

# Componentes del Algoritmo Genético Simple

- Función de Evaluación (Fitness)

# Componentes del Algoritmo Genético Simple

- Función de Evaluación (Fitness)
- Operador de Selección (Ruleta)

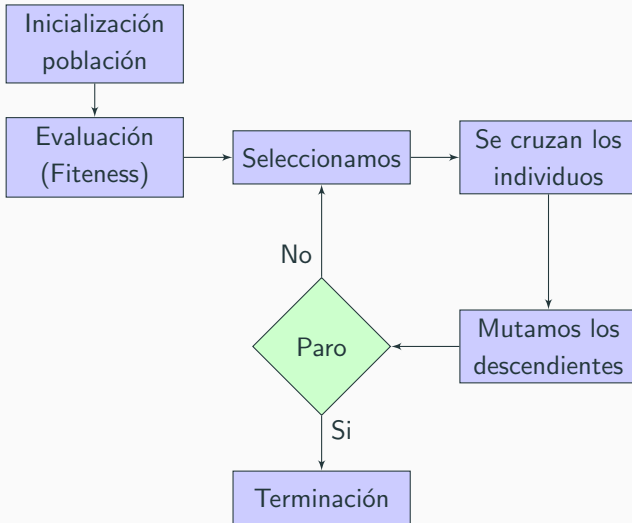
# Componentes del Algoritmo Genético Simple

- Función de Evaluación (Fitness)
- Operador de Selección (Ruleta)
- Operador de Cruzamiento (Corte de un Punto)

# Componentes del Algoritmo Genético Simple

- Función de Evaluación (Fitness)
- Operador de Selección (Ruleta)
- Operador de Cruzamiento (Corte de un Punto)
- Operador de Mutación

# Flujo del AGS



## Características a Resaltar

- Se maneja de forma indistinta los conceptos de cromosoma e individuo, en otras palabras, tenemos que existe una relación uno a uno entre los cromosomas e individuos

**Cuadro 1:** Cromosoma asociado al Individuo 349

1	0	1	0	1	1	1	0	1
---	---	---	---	---	---	---	---	---



# Fluid Genetic Algorithm (FGA)

---

# Principal Diferencia

Al igual que el algoritmo genético simple es una **metaheurística** basada en los mismos principios de la naturaleza pero con algunos conceptos nuevos importantes.

1. No existe una relación uno a uno entre los cromosomas y los individuos, de hecho un cromosoma puede tener asignados múltiples individuos los cuales se obtendrán a través de una nueva función llamada **Born an Individual**
2. No se utiliza un operador de mutación

# Cromosomas

A diferencia del algoritmo genético simple los cromosomas no se manejan como otra representación de los individuos si no que cada cromosoma se maneja como la **predisposición** a generar un cierto individuo.

Cada una de las celdas del cromosoma representa la probabilidad de que el individuo obtenga el valor de 1 en la celda respectiva.

**Cuadro 2:** Cromosoma para una codificación binaria

0.23	0.56	0.65	0.13	0.34	0.35	0.77	0.80	0.10
------	------	------	------	------	------	------	------	------

# Función Born an Individual

Relaciona los cromosomas con los individuos, dado un cromosoma genera un individuo de la poblacion basado en las predisposiciones del cromosoma

**Cuadro 3:** Cromosoma al aplicar Born an Individual

0.23	0.56	0.65	0.13	0.34	0.35	0.77	0.80	0.10
0	0	1	1	0	1	1	0	1

- **Generation Blue Print.** Es un cromosoma con el valor promedio de todos los cromosomas en una generación.

# Cálculo de Born an Individual

- **Generation Blue Print.** Es un cromosoma con el valor promedio de todos los cromosomas en una generación.
- **Global Learning Rate.** Parámetro de entrada que denominaremos GLR para controlar la convergencia.

# Cálculo de Born an Individual

- **Generation Blue Print.** Es un cromosoma con el valor promedio de todos los cromosomas en una generación.
- **Global Learning Rate.** Parámetro de entrada que denominaremos GLR para controlar la convergencia.
- **Local Learning Rate.** Parametro de entrada que denominaremos LLR para controlar la convergencia.

# Cálculo de Born an Individual

- **Generation Blue Print.** Es un cromosoma con el valor promedio de todos los cromosomas en una generación.
- **Global Learning Rate.** Parámetro de entrada que denominaremos **GLR** para controlar la convergencia.
- **Local Learning Rate.** Parametro de entrada que denominaremos **LLR** para controlar la convergencia.
- **Diversity Rate.** Parametro de entrada que denominaremos **DR** para controlar la diversidad de la población



- **Blue Print Value I.** Valor de la celda I del Generation Blue Print al cual llamaremos BPVCI

# Cálculo de Born an Individual

- **Blue Print Value I.** Valor de la celda I del Generation Blue Print al cual llamaremos **BPV<sub>Ci</sub>**
- **Cromosome Value I.** Valor de la celda I del cromosoma actual al cual llamaremos **CVC<sub>i</sub>**

# Cálculo de Born an Individual

- **Blue Print Value I.** Valor de la celda I del Generation Blue Print al cual llamaremos **BPV<sub>Ci</sub>**
- **Cromosome Value I.** Valor de la celda I del cromosoma actual al cual llamaremos **CVC<sub>i</sub>**
- **Effective Value I.** Valor de la probabilidad con la cual se decidira si la celda I del individuo tomara el valor 1 o 0 al cual llamaremos **EFV<sub>i</sub>**

## Cálculo de Born an Individual

$$(GLR \times BPVCi + (1 - GLR) \times CVCi < DR) \leftrightarrow EFVi = DR$$

$$(GLR \times BPVCi + (1 - GLR) \times CVCi > (1 - DR)) \leftrightarrow EFVi = (1 - DR)$$

$$Otrocaso \leftrightarrow EFVi = (GLR \times BPVCi + (1 - GLR) \times CVCi$$

# Operador de Cruzamiento

EL proceso de cruzamiento se realiza de forma similar al algoritmo genético simple, con la diferencia de que se toma un parámetro extra (Local Learning Rate)

$$LLR = 0.05$$

**Cuadro 4:** Cromosoma A

0.41	0.26	0.99	0.21	0.63	0.39	0.85
1	0	1	0	0	0	1

**Cuadro 5:** Cromosoma B

0.26	0.64	0.49	0.79	0.63	0.13	0.97
0	1	1	1	1	0	0

# Operador de Cruzamiento

**Cuadro 6:** Descendiente

0.41	0.26	0.99	0.79	0.63	0.13	0.97
1	0	1	1	1	0	0

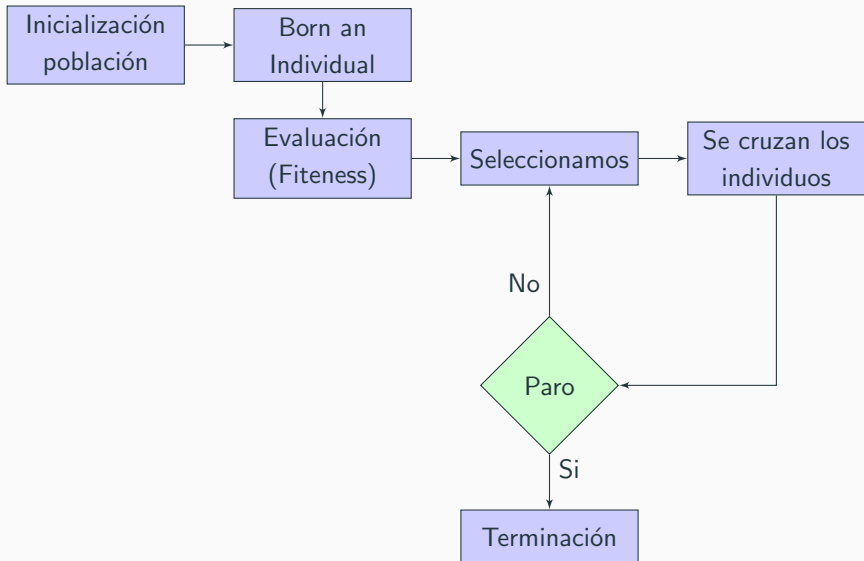
**Cuadro 7:** Descendiente con LLR

0.46	0.21	1	0.84	0.68	0.08	0.92
1	0	1	1	1	0	0

**Cuadro 8:** Cromosoma nuevo

0.46	0.21	1	0.84	0.68	0.08	0.92
------	------	---	------	------	------	------

# Flujo FGA



# Diferencias

**Table 1**

Highlighted differences between GA and FGA.

	GA	FGA
Chromosome	✓	Changed
Individual (answer)	✓	Changed
Fitness value	✓	✓
Decoding function	✓	✓
Fitness value	✓	✓
Crossover	✓	Changed
Mutation	✓	×
Selection function	✓	✓
Stoppage criteria	✓	✓
Individual Learning rate	×	✓
Global Learning rate	×	✓
Diversity rate	×	✓
Born an individual	×	✓
Generation blueprint	×	✓



# Experimentos y Desempeño

---

# Medida de Desempeño

Nos interesan dos puntos en el algoritmo genético:

1. El **tiempo** que tarda en encontrar las soluciones óptimas al problema (Número de iteraciones).
2. Que el algoritmo sea de confianza, esto es que genere respuestas buenas **consistentemente** aunque tal vez no sean las mejores.

- **NESR.** Número de evaluaciones de ejecuciones exitosas.

- **NESR.** Número de evaluaciones de ejecuciones exitosas.
- **NR.** Número de ejecuciones.

# Medida de Desempeño

- **NESR.** Número de evaluaciones de ejecuciones exitosas.
- **NR.** Número de ejecuciones.
- **NSR** Número de ejecuciones exitosas.

# Medida de Desempeño

- **NESR.** Número de evaluaciones de ejecuciones exitosas.
- **NR.** Número de ejecuciones.
- **NSR** Número de ejecuciones exitosas.
- **N.** Dimensión del problema.

$$SP1 = \frac{NESR \times NR}{NSR^2}$$

$$SP2 = N \times 10^4 \times \left( \frac{NR - NSR}{NR} \right) + \frac{NESR}{NSR}$$

**Table 2**  
Benchmark functions.

Function name and formula	Range	Binary variable	D	Exhaustive search
High Conditioned Elliptic Function: $F_1(x) = \sum_{i=1}^D (10^6)^{\frac{D-1}{2}} x_i^2$	$[-64, 64]$	70	10	$2^{70}$
Bent Cigar Function: $F_2(x) = x_1^2 + 10^6 \sum_{i=1}^D x_i^2$	$[-128, 128]$	80	10	$2^{80}$
Discus Function: $F_3(x) = 10^6 x_1^2 + \sum_{i=1}^D x_i^2$	$[-512, 512]$	100	10	$2^{100}$
Rosenbrock's function: $F_4(x) = \sum_{i=1}^{D-1} (100(x_i^2 - x_{i+1})^2 + (x_i - 1)^2)$	$[-512, 512]$	100	10	$2^{100}$
Rosenbrock's function: $F_5(x) = -20 \exp \left( -0.02 \sqrt{\frac{1}{D} \sum_{i=1}^D x_i^2} \right) - \exp \left( \frac{1}{D} \sum_{i=1}^D \cos(2\pi x_i) \right) + 20 + e$	$[-128, 128]$	80	10	$2^{80}$
Griewank's function: $F_6(x) = \sum_{i=1}^D \frac{x_i^2}{4000} - \prod_{i=1}^D \cos \left( \frac{x_i}{\sqrt{i}} \right) + 1$	$[-512, 512]$	100	10	$2^{100}$
Rastrigin's function: $F_7(x) = \sum_{i=1}^D (x_i^2 - 10 \cos(2\pi x_i) + 10)$	$[-512, 512]$	100	10	$2^{100}$



# FGA vs AGS

**Table 3**

GA and FGA comparison.

Function	FGA				GA			
	Success rate (%)	SP1	SP2	Average time (S)	Success rate (%)	SP1	SP2	Average time (S)
F1	<u>98</u>	<u>45.30</u>	<u>2044.5</u>	<u>0.717</u>	96	116.71	4112	1.5667
F2	<u>100</u>	<u>38.36</u>	<u>38.36</u>	<u>0.581</u>	86	137.73	14,118	1.5998
F3	<u>84</u>	<u>399.66</u>	<u>16.336</u>	4.4498	56	511.79	42,878	<u>2.8497</u>
F4	<u>95</u>	<u>90.22</u>	<u>2088.4</u>	<u>1.434</u>	6	40,370	96,422	3.0115
F5	<u>100</u>	<u>75.36</u>	<u>75.36</u>	<u>1.345</u>	98	119.33	2117	1.9710
F6	<u>70</u>	<u>329.95</u>	<u>3023</u>	3.3023	2	415,000	106,300	<u>3.2998</u>
F7	<u>86</u>	<u>123.95</u>	<u>14.107</u>	<u>2.1926</u>	54	552.8629	46,299	2.95

**Table 4**

GA and FGA tuning parameters.

	FGA Tuning parameters				GA tuning parameters		
	Crossover	ILR	GLR	DR	Crossover	Mutation	Mutation rate
F1	0.5	0.15	0.15	0	0.5	0.3	0.05
F2	0.5	0.15	0.15	0	0.5	0.3	0.2
F3	0.7	0.05	0.15	0	0.7	0.3	0.05
F4	1	0.1	0.1	0	0.7	0.3	0.05
F5	0.5	0.15	0.1	0	0.7	0.3	0.2
F6	0.7	0.05	0.05	0	0.7	0.2	0.1
F7	1	0.1	0.1	0	0.8	0.3	0.05

# FGA vs AGS

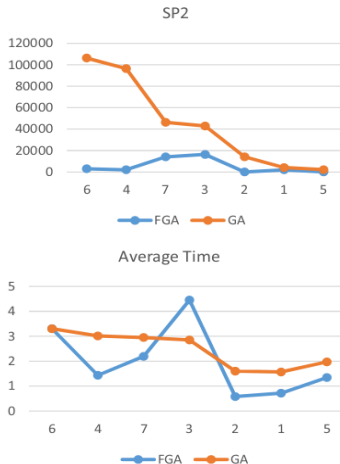


Fig. 6. FGA and GA comparisons based on SP1, SP2, success rate and average time.

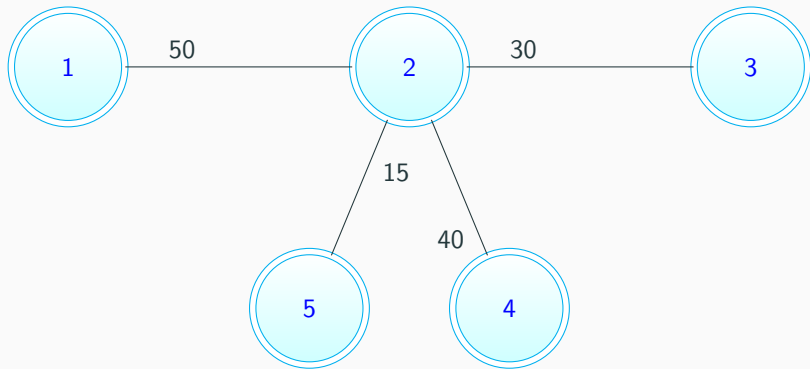
## Problema de la asignación cuadrática (QAP)

---

# Formulación

Hay un conjunto de  $n$  instalaciones y un conjunto de  $n$  localidades. Para cada par de localidades se tiene asignado una distancia y para cada par de instalaciones se tiene asignado un flujo. El problema consiste en asignar cada una de las diferentes instalaciones a diferentes localidades con la meta de minimizar la suma de las distancias multiplicada por los flujos correspondientes.

## Ejemplo



# Modelo Matemático

- $D_{ij}$  Distancia entre dos localidades.
- $T_{kl}$  Valor de trafico entre dos instalaciones.
- $F_{ik}$  Costo de poner la instalación  $k$  en la localidad  $i$ .
- $X_{ik}$  Función binaria que asigna 1 si y solo si la instalación  $k$  en la localidad  $i$ .

$$\sum_{i=1}^{n_s} \sum_{j=i}^{n_s} \sum_{k=1}^{n_0} \sum_{l=k}^{n_0} T_{ij} D_{kl} X_{ik} X_{jl} + \sum_{i=1}^{n_s} \sum_{k=1}^{n_0} F_{ik} X_{ik} = 1$$

# Cromosoma de FGA

Cada cromosoma tiene dos renglones de valores

- El segundo marca las instalaciones en cada celda
- El primero marca la probabilidad de que el individuo que se genera tenga la instalación indicada en el segundo renglón

**Cuadro 9:** Cromosoma para QAP (AGS)

4	1	3	5	2
---	---	---	---	---

**Cuadro 10:** Cromosoma para QAP (FGA)

0.1	0.4	0.6	0.8	0.3
5	2	3	2	4



# Born an Individual

*Input arrays: Chro\_1, Chro\_2*

*Output arrays: Indiv*

--

*Repeat until all the cells in Indiv are filled with an assignment*

|| *Choose a cell based on the active probability in Chro\_1*

*If the number assignment in respective cell in Chro\_2 is not already used for the other cells*

|| *Assign the number to the respective cell in Indiv*

*Else*

|| *Randomly choose a number assignment hat has not been assigned yet and assign it to the respective cell in Indiv*

**Fig. 5.** Pseudo-code of FGA's born a child.

# Cruzamiento

El cruzamiento se realiza de la misma forma pero con una diferencia clave, para asignar el incremento o decremento del valor LLR se realiza lo siguiente

- Si el valor de la instalación es el mismo que el de el segundo renglón de la respectiva celda del cromosoma, se incrementa el valor de la respectiva celda en el primer renglón por el valor de LLR.
- En caso opuesto se decrementa el valor de la respectiva celda en el primer renglón por el valor de LLR.

# Cruzamiento ejemplo

**Cuadro 11:** Cromosoma A

0.1	0.4	0.6	0.8	0.3
5	2	3	2	4
5	4	3	2	1

**Cuadro 12:** Cromosoma B

0.7	0.4	0.3	0.5	0.8
4	3	3	5	1
4	2	5	3	1

**Cuadro 13:** Descendiente

0.1	0.4	0.3	0.5	0.8
5	2	3	5	1
5	4	5	3	1

**Cuadro 14:** Descendiente con LLR

0.15	0.35	0.25	0.45	0.85
5	2	3	5	1
5	4	5	3	1

**Cuadro 15:** Nuevo Cromosoma

0.15	0.35	0.25	0.45	0.85
5	2	3	5	1

# Pruebas

- Para comparar el desempeño AGS y FGA se utilizaron 5 instancias del problema de la librería *QAPLIB - A Quadratic Assignment Problem Library*.
- Se utilizó una población de 100 cromosomas para AGS y 200 para FGA.
- Finalmente cada problema se realizó 10 veces por algoritmo.

**Table 5**

FGA and GA's performance for Quadratic Assignment Problem.

Name	N. Ass	Optimal solution	FGA		GA	
			Best found	Gap (%)	Best found	Gap (%)
Chr12a	12	9552	11,054	15.7	11,248	17.7
Chr15b	15	7990	9352	17.0	12,328	54.3
Esc16a	16	68	68	0.0	70	2.9
Had20	20	6922	7002	1.2	7002	1.2
Esc32a	32	130	188	44.6	188	44.6

# Conclusiones

---

# Conclusiones

- Alto nivel de diversidad en la población.



# Conclusiones

- Alto nivel de diversidad en la población.
- Cromosomas e individuos son diferentes.

# Conclusiones

- Alto nivel de diversidad en la población.
- Cromosomas e individuos son diferentes.
- Amplio control de convergencia.

# Conclusiones

- Alto nivel de diversidad en la población.
- Cromosomas e individuos son diferentes.
- Amplio control de convergencia.
- Mayor dificultad para definir cromosomas y conservar la fluidez entre individuo y cromosoma.

# Bibliografía



Galaviz Jose, Kuri Ángel *Algoritmos Genéticos*.



Ruholla Jafari-Marandi, Brian K. Smith *Fluid Genetic Algorithm*.



Auger A., Hansen N *Performance Evaluation of an Advanced Local Search Evolutionary Algorithm*.