

UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO

FACULTAD DE CIENCIAS



Tarea 05:

Algoritmo genético simple y bloques constructores

Pablo A. Trinidad Paz - 419004279

Trabajo presentado como parte del curso de **Cómputo Evolutivo** impartido por el profesor **Mario Iván Jaen Márquez**.

Fecha de entrega: **Jueves 28 de Marzo de 2019**.

1. Tenemos dos cromosomas padres distintos en un SGA con codificación binaria, cada uno con L bits. Seleccionamos aleatoriamente un punto de cruce $c \in 1, \dots, L-1$ y realizamos la cruce de un punto. ¿Cuál es la probabilidad de que ambas soluciones hijas sean clones (idénticas) de sus padres?

Solución: La cruce de dos cromosomas padres a y b de longitud L , tal que $a \neq b$, en un punto $c \in \{1, \dots, L-1\}$ genera dos hijos p y q

$$\begin{aligned} p &= a_1 + b_2 \\ q &= b_1 + a_2 \end{aligned}$$

donde a_1 y b_1 son las cadenas de los cromosomas padres a y b respectivamente antes del punto de cruce c y a_2 y b_2 son las cadenas después del punto de cruce. Dicho lo anterior, se considera que las soluciones hijas p y q son clones de sus padres si $(p = a \wedge q = b) \vee (p = b \wedge q = a)$ recordando que si ambos se cumplen, entonces $a = b$ y eso no es posible en el planteamiento dado. También se puede ver que si las subcadenas de los padres cumplen que $a_1 = b_1 = k$ o $a_2 = b_2 = k$, donde k es una cadena cualquiera que existe en la misma región dentro de los padres, entonces los hijos serán clones de los padres. Lo anterior es cierto ya que:

$$\begin{aligned} &\text{si } a_1 = b_1 = k, \text{ entonces:} \\ &a = k + a_2, b = k + b_2 \\ &p = k + b_2, q = k + a_2 \\ &\implies p = b \text{ y } q = a \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} &\text{o si } a_2 = b_2 = k, \text{ entonces:} \\ &a = a_1 + k, b = b_1 + k \\ &p = a_1 + k, q = b_1 + k \\ &\implies p = a \text{ y } q = b \end{aligned}$$

Por lo tanto, la probabilidad que nos interesa hallar es el evento donde $a_1 = b_1$ o (exclusivo) $a_2 = b_2$. Redefinimos la notación de los cromosomas de los padres a y b como

$$\begin{aligned} a &= a_1 a_2 a_3 \dots a_c a_{c+1} a_{c+2} \dots a_L \\ b &= b_1 b_2 b_3 \dots b_c b_{c+1} b_{c+2} \dots b_L \end{aligned}$$

De tal forma que nos interesa que $a_1 a_2 \dots a_c = b_1 b_2 \dots b_c$ o (exclusivo) $a_{c+1} a_{c+2} \dots a_L = b_{c+1} b_{c+2} \dots b_L$. Usando una codificación diferente, definamos una nueva serie de cadenas r tal que

$$\begin{aligned} r &= a + b = a_1 a_2 a_3 \dots a_c a_{c+1} a_{c+2} \dots a_L + b_1 b_2 b_3 \dots b_c b_{c+1} b_{c+2} \dots b_L \\ r_1 &= a_1 a_2 a_3 \dots a_c b_1 b_2 b_3 \dots b_c \\ r_2 &= a_{c+1} a_{c+2} \dots a_L b_{c+1} b_{c+2} \dots b_L \end{aligned}$$

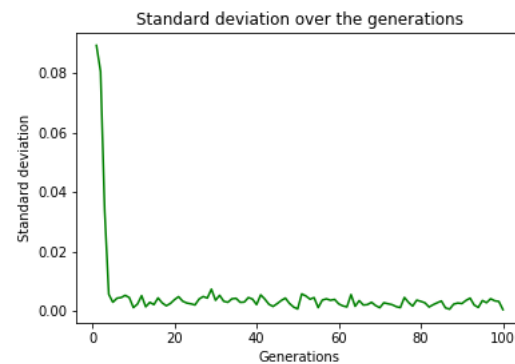
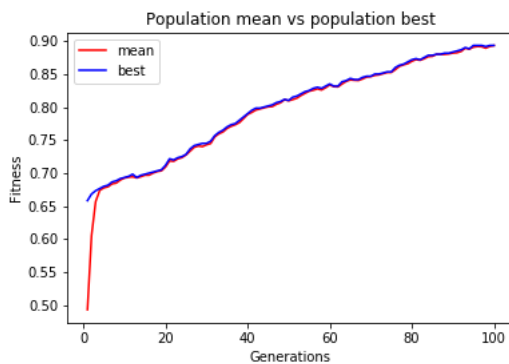
Donde el número de cadenas posibles de r es igual a 2^{2L} , las cadenas posibles de r_1 es 2^{2c} y las cadenas posibles de r_2 es 2^{2L-2c} . Y ya que nos interesa que suceda únicamente un solo caso de r_1 o un sólo caso de r_2 (descrito arriba), la probabilidad p de que la cruce genere clones es:

$$p = \frac{1}{2^{2L}} - \frac{1}{2^{2c}} - \frac{1}{2^{2L-2c}}$$

2. El problema **one-max** consiste en buscar una cadena binaria de L bits con el mayor número de unos posible, es decir, el fitness de una cadena es el número de unos que contiene, por lo que se quiere maximizar $f(x) = \sum_{i=1}^L x_i$ con $x_i \in \{0, 1\}$. Por supuesto que podemos resolver este problema de forma sencilla escribiendo 1s consecutivamente en la solución, pero estamos interesados en ver si el SGA puede resolverlo. Implementa en Python el SGA usando

- Selección proporcional (FPS)
- Cruza de un punto con $P_c = 0.7$
- Mutación bit a bit con $P_m = 0.01$
- Tamaño del cromosoma $L = 30$
- Límite de generaciones: 100
- Tamaño de población: 20

- a) Lanza 20 simulaciones del algoritmo y grafica el fitness del mejor individuo y el fitness de la población como función del número de generación.



3. Usando el paquete SCHEMATAX de Python: <https://github.com/iSTB/python-schemata> vamos a validar de forma experimental el teorema de los esquemas de J. Holland, calculando los esquemas procesados en cada iteración de SGA para observar los bloques constructores.

Usando el problema anterior

- a)* Grafica el orden promedio y tamaño de definición promedio de los esquemas procesados.
- b)* Considerando que un esquema tiene bajo orden si está por debajo del orden promedio y de igual forma tiene bajo tamaño de definición si está por debajo del tamaño de definición promedio. Grafica el orden promedio y tamaño de definición promedio de los bloques constructores.
- c)* Grafica el histograma de frecuencias sobre los bloques constructores
- d)* Selecciona los 10 bloques constructores más frecuentes.