

Programación Evolutiva

Tema 2: AGs: Estructura y componentes básicos

Carlos Cervigón, Lourdes Araujo 2009-2010.

Algoritmos genéticos

- Los Algoritmos Genéticos ocupan un lugar central en la Computación Evolutiva
 - Completos: reúnen las ideas fundamentales de la Computación Evolutiva.
 - Flexibles: pueden adoptar con facilidad nuevas técnicas y combinarse con otros métodos.
 - Generales: no requieren conocimiento específico sobre la aplicación y pueden incorporar conocimiento específico con facilidad.
 - Implementación sencilla y muy utilizados.

AG: definición

- Los Algoritmos Genéticos (AGs) son métodos estocásticos de búsqueda ciega de soluciones cuasi-óptimas.
- En ellos se mantiene una población que representa a un conjunto de posibles soluciones la cual es sometida a ciertas transformaciones con las que se trata de obtener nuevos candidatos y a un proceso de selección sesgado en favor de los mejores candidatos.
- La principal innovación de los AGs en el dominio de los métodos de búsqueda es la adición de un mecanismo de **selección** de soluciones.
- La selección tiene dos vertientes: a corto plazo los mejores tienen más posibilidades de sobrevivir y a largo plazo los mejores tienen más posibilidades de tener descendencia.

AG: definición

- Los AGs son métodos de búsqueda:
 - **Ciega**: no disponen de ningún conocimiento específico del problema, de manera que la búsqueda se basa exclusivamente en los valores de la función objetivo.
 - **Codificada**: no trabajan directamente sobre el dominio del problema, sino sobre representaciones de sus elementos.
 - **Múltiple**: procesan simultáneamente un conjunto de candidatos.
 - **Estocástica** referida tanto a las fases de selección como a las de transformación.

AG: definición

- Al ejecutar un AG, una **población** de individuos, que representan a un conjunto de candidatos a soluciones de un problema, es sometida a una serie de **transformaciones** con las que se actualiza la búsqueda y después a un proceso de **selección** que favorece a los mejores individuos.
- Cada ciclo de selección+búsqueda constituye una **generación**.
- Se espera que después de una serie de generaciones, el mejor individuo represente a un candidato lo suficientemente próximo a la solución buscada.

Esquema general

Francisco Serradilla, Ángel Arroyo (UPM)



Seudocódigo

```

t=0;
Generar poblacion inicial(P(t));
Evaluar poblacion(P(t));
mientras (t<Num_max_gen) y no CondTermina() {
    t++;
    Poblacion(t) = Selección(P(t-1));
    Reproducción(P(t));
    Mutacion(P(t));
    Evaluar poblacion(P(t));
}
  
```

Representación en algoritmos genéticos

- Las soluciones candidatas son los individuos. Los individuos se codifican en **cromosomas**: estructura de datos que contiene una cadena de genes.
- Esta estructura de datos puede almacenarse, por ejemplo, como una cadena de bits o un array de enteros.
- Los cromosomas contienen **genes** que, normalmente, se encuentran en posiciones fijas (**locus**) y tienen un determinado valor (**alelo**). En binario 0-1.
- Un gen es una subsección de un cromosoma que (usualmente) codifica el valor de un solo parámetro.

- **genotipo**: codificación (p.ej, binaria) de los parámetros que representan una solución del problema a resolver.

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

- **fenotipo**: es la decodificación del cromosoma: el valor obtenido al pasar de la representación binaria a la usada por la función objetivo

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

→ 4

genotipo

fenotipo

Individuo:

- Se denomina individuo a un solo miembro de la población de soluciones potenciales a un problema.
- Cada individuo es un cromosoma que representa una solución posible al problema a resolver.

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

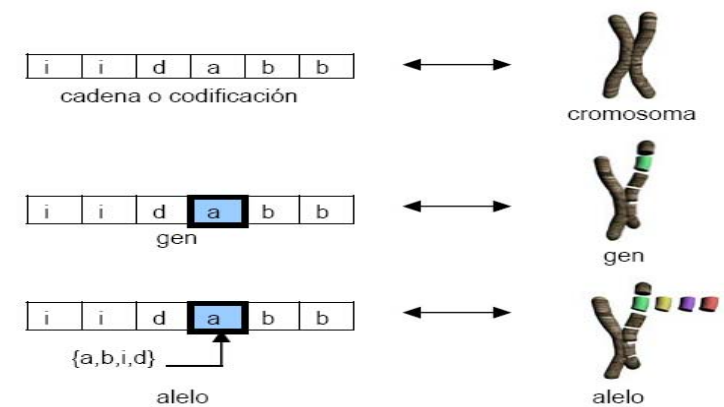
Población:

- Contiene las soluciones candidatas (su representación) o individuos
- Normalmente tiene un tamaño fijo y es un multiconjunto de genotipos (los elementos pueden estar repetidos)
- Los operadores de selección, habitualmente, tienen en cuenta la totalidad de la población (las probabilidades de reproducción son **relativas** a la generación actual)

01101
11000
01000
10011

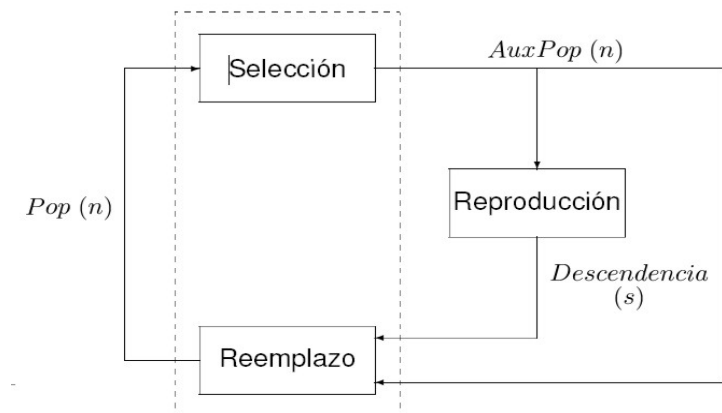
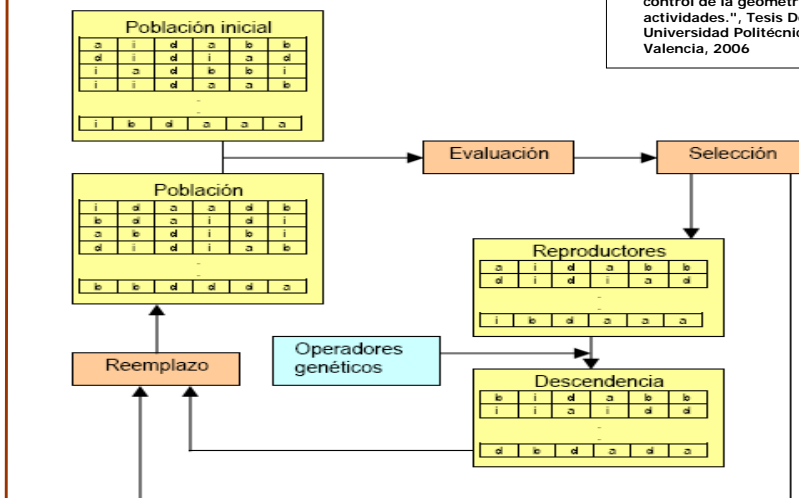
- Asigna un valor real de idoneidad (*fitness*) a cada individuo y es la base para los mecanismos de selección
- Habitualmente, el objetivo será maximizar la idoneidad (*fitness*)
si $f(x) = x^2$ entonces $f(1010_2) = 100$
- Algunos problemas se ajustan a un proceso de minimización pero la conversión entre maximización y minimización es trivial
- Se llama **paisaje de aptitud** (fitness landscape) a la hipersuperficie que se obtiene al aplicar la función de aptitud a cada punto del espacio de búsqueda.

- Una característica de los AGs es su capacidad de intercambio estructurado de información en paralelo (parallelismo implícito):
 - Los AGs procesan externamente cadenas de códigos, sin embargo, lo que se está procesando internamente son similitudes entre cadenas.
 - Al procesar cada una de las cadenas de la población se están procesando a la vez todos los patrones de similitud que contienen (muchos más).
 - Esta propiedad hace a los AGs son mucho más eficaces que otros métodos de búsqueda ciega.



* Diego-Mas, J.A., "Optimización de la distribución en planta de instalaciones industriales mediante algoritmos genéticos. Aportación al control de la geometría de las actividades.", Tesis Doctoral, Universidad Politécnica de Valencia, 2006

* Diego-Mas, J.A., "Optimización de la distribución en planta de instalaciones industriales mediante algoritmos genéticos. Aportación al control de la geometría de las actividades.", Tesis Doctoral, Universidad Politécnica de Valencia, 2006



- Una población **Pop**, que consta de n miembros se somete a un proceso de selección para constituir una población intermedia **AuxPop** de n progenitores.
- De la población intermedia se extrae un grupo reducido de individuos llamados progenitores que son los que se van a reproducir.
- Los progenitores son sometidos a transformaciones de cruce y mutación (operadores genéticos) mediante las que se generan s nuevos individuos que constituyen la **Descendencia**.
- Para formar la nueva población **Pop[t+1]** se deben seleccionar n supervivientes de entre los $n+s$ de la población auxiliar y la descendencia; eso se hace en la fase de reemplazo.

- Los objetos o individuos sobre los que se produce la evolución en un AG son cadenas binarias **v** (genotipo) sobre las que se codifican los elementos **x** (fenotipo) del espacio de búsqueda.
- Cada individuo **x** consta de m posiciones que son ocupadas por atributos o **genes**.

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

Gen 1

Gen 2

Gen 3

- Los genes se codifican en $l = L_1 + \dots + L_m$ bits.
- Si un atributo puede tomar más de dos valores o alelos se deberá representar mediante varios bits.
- Si el j -ésimo gen consta de a_j alelos, entonces se deberá codificar mediante $L_j = \log_2 a_j$ bits

- El procedimiento de búsqueda está guiado por una **función de aptitud o adaptación $u(x)$** que se obtiene a partir de la **función de evaluación $f(x)$** del problema.
- La función de evaluación basta con que proporcione un índice de calidad para todos los candidatos a solución que se puedan presentar.
- Los valores proporcionados por la función de evaluación se denominan evaluaciones o bien aptitudes brutas mientras que a los valores proporcionados por la función de aptitud se les denomina aptitudes o adaptaciones.
- La puntuación de un individuo puede ser una medida basada en la aptitud relativa (probabilidad de selección)

$f(x)$	$Eval(x)$	Función de evaluación
$u(x)$	$Aptitud(x)$	Función de aptitud
$p(x)$	$Punt(x)$	Puntuación
$q(x)$	$PuntAcu(x)$	Puntuación acumulada
n	$TamPob$	Tamaño de la población
ℓ	Lon	Tamaño del individuo
m	NG	Número de genes
L_j	L_j	Tamaño del j -ésimo gen
r	$TamElite$	Tamaño de la élite
s	$TamDesc$	Tamaño de la descendencia

AG: Criterios de implementación

- ❑ **Criterio de codificación:** Procedimiento que hace corresponder a cada punto del dominio del problema una cadena (paso del genotipo al fenotipo).
- ❑ **Criterio de tratamiento de los individuos no factibles:** No siempre existe una correspondencia uno a uno entre el dominio de un problema y el conjunto de las cadenas binarias de tamaño de la codificación (el espacio de búsqueda); no todas las cadenas codifican elementos válidos del dominio del problema. Se necesitan procedimientos para distinguirlas.
- ❑ **Criterio de inicialización:** Construcción de la población inicial con la que se aplica el bucle básico del AG.
- ❑ **Criterio de parada:** condiciones en las que se considera que el AG ha llegado a una solución aceptable.

AG: Criterios de implementación

- ❑ **Funciones de evaluación y aptitud:** Definición de la función de evaluación para el problema, y de la función de aptitud con la que trabajará el AG.
- ❑ **Operadores genéticos:** Realizan la reproducción. Los más usuales son el **cruce** y la **mutación**.
- ❑ **Criterios de selección:** Mecanismos para favorecer la selección de los individuos más aptos.
- ❑ **Criterios de reemplazo:** Mecanismos de selección de los supervivientes (puede ser distinto del de selección).
- ❑ **Parámetros de funcionamiento:** tamaño de la población, las probabilidades de aplicación de los operadores genéticos, la precisión de la codificación, etc.

Métodos de elección aleatoria en un AG

- ❑ Ejecutar una opción con probabilidad p

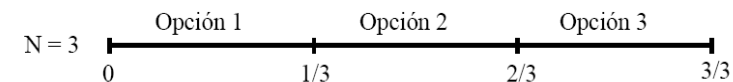


```
if (random() < p) ...
```

- ❑ Se emplea en
 - Determinar si hay o no hay cruce
 - Determinar si hay o no hay mutación
 - ...

Métodos de elección aleatoria en un AG

- ❑ Elegir entre N alternativas **equiprobables**
 - Dividir el segmento $[0, 1]$ en N partes iguales, calculando los puntos



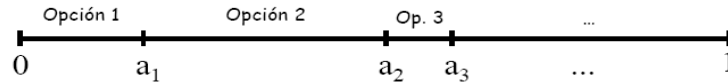
```
r = random();
if (r < 1/N) opcion1
else if (r < 2/N) opcion2
else ...
```

- ❑ Se emplea en determinar el punto de cruce en el operador **cruce**

- Elegir entre N alternativas no **equiprobables**
 - Calcular las probabilidades acumuladas a_i y dividir el segmento

$$a_i = \sum_{k=1}^i p_k$$

- se elige un valor al azar y se ve en qué segmento cae



```
r = random();
if (r < a1) opcion1
else if (r < a2) opcion2 ...
```

- Se emplea normalmente en las selección de progenitores

- Selección de progenitores
 - Selección proporcional (con ruleta)
 - Muestreo universal estocástico
 - Otros: Truncamiento, Torneo, Restos...
- Reproducción o transformación
 - Cruce y mutación
- Reemplazo o selección de supervivientes

- Consiste en muestrear en la población los n elementos de la población de progenitores.
- El criterio específico de muestreo depende del problema.
- Los criterios de muestreo más usados son
 - Selección proporcional (con ruleta)
 - Muestreo universal estocástico
 - Truncamiento
 - Torneo
 - . . .

Para la elección de un subconjunto de individuos de una población podemos clasificar los métodos según el grado de aleatoriedad:

- **Muestreo directo**: Se toma un subconjunto de individuos de la población siguiendo un criterio fijo: "los k mejores", "los k peores", "a dedo", etc...
- **Muestreo aleatorio simple o equiprobable**: Se asignan a todos los elementos de la población base las mismas probabilidades de formar parte de la muestra y se hace una selección aleatoria.

Muestreo de poblaciones: Selección

- ❑ **Muestreos estocásticos:** Se asignan probabilidades de selección o puntuaciones a los elementos de la población base en función (directa o indirecta) de su aptitud.

- Siendo u_1, \dots, u_n las respectivas aptitudes de los individuos, por defecto, la puntuación p_i asociada al individuo x_i , se calcula como la aptitud relativa de cada individuo:

$$p_i \stackrel{\text{def}}{=} \frac{u_i}{u_1 + \dots + u_n} \quad (\forall i = 1, \dots, n)$$

- Así se garantiza que $p_1 + \dots + p_n = 1$, como corresponde a una distribución de probabilidades. La muestra se selecciona de forma estocástica de acuerdo con las puntuaciones.

Selección proporcional (ruleta)

- ❑ Es un muestreo estocástico donde los individuos se mapean en segmentos continuos cuyo tamaño es proporcional a su aptitud.

- ❑ Se calculan las puntuaciones acumuladas:

$$q_0 := 0$$

$$q_i := p_1 + \dots + p_i \quad (\forall i = 1, \dots, n)$$

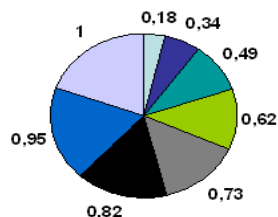
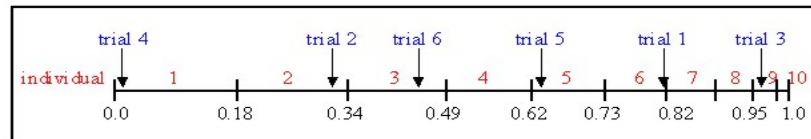
- ❑ Para cada individuo a seleccionar, se genera un número aleatorio r entre $[0..1]$ y ese número decide qué individuo se selecciona. Se elige el individuo i que verifique

$$q_{i-1} < r < q_i$$

- ❑ Algunos cromosomas pueden seleccionarse más de una vez.
- ❑ Los mejores cromosomas obtienen más copias. Los peores mueren.

Selección proporcional (ruleta)

individuo	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
fitness	2.0	1.8	1.6	1.4	1.2	1.0	0.8	0.6	0.4	0.2
Prob. selección	0.18	0.16	0.15	0.13	0.11	0.09	0.07	0.06	0.03	0.02



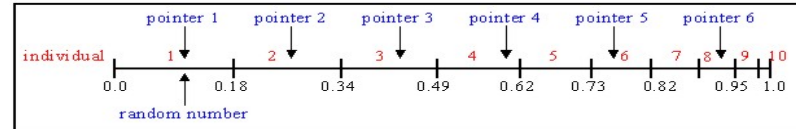
Para seleccionar 6 individuos el proceso se repite 6 veces: 0.81, 0.32, 0.96, 0.01, 0.65, 0.42.

Selección universal estocástica

- ❑ Similar al muestreo proporcional pero ahora se genera un único número aleatorio simple r y a partir de él se calculan los restantes.
- ❑ Los individuos se mapean en segmentos continuos cuyo tamaño es el de su aptitud.
- ❑ Se colocan tantas marcas espaciadas por igual como individuos queremos seleccionar (N)
- ❑ La distancia entre las marcas es $1/N$
- ❑ La posición de la primera marca se obtiene a partir de un número aleatorio entre 0 y $1/N$.
- ❑ Veamos un ejemplo para seleccionar 6 individuos

Selección universal estocástica

individuo	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
fitness	2.0	1.8	1.6	1.4	1.2	1.0	0.8	0.6	0.4	0.2
Prob. selección	0.18	0.16	0.15	0.13	0.11	0.09	0.07	0.06	0.03	0.02



- La distancia entre las marcas es $1/6=0.167$.
- La figura anterior muestra la selección de la primera marca al obtener el valor 0.1 en el intervalo $[0,0.167]$
- El resto de punteros indican los individuos seleccionados (según el número de punteros que caen dentro de cada segmento) : **1, 2, 3, 4, 6, 8.**

Selección por truncamiento

- ❑ El método más elitista
- ❑ Los individuos se ordenan por su fitness.
- ❑ El parámetro utilizado es el umbral de truncamiento *Trunc*.
- ❑ *Trunc* indica la proporción de los vecinos a seleccionar como padres. Varía entre el 50% y el 10%.
- ❑ Los individuos por debajo del umbral no producen descendientes

Selección por torneo

- ❑ Determinística
 - Cada elemento de la muestra se toma eligiendo el mejor de los individuos de un conjunto de z elementos (2 ó 3) tomados al azar de la población base.
 - El proceso se repite k veces hasta completar la muestra.
- ❑ Probabilística
 - Se diferencia en el paso de selección del ganador del torneo. En vez de escoger siempre el mejor se genera un número aleatorio del intervalo $[0..1]$, si es mayor que un parámetro p (fijado para todo el proceso evolutivo) se escoge el individuo más alto y en caso contrario el menos apto. Generalmente p toma valores en el rango $(0.5,1)$

Variantes de los mecanismos de muestreo

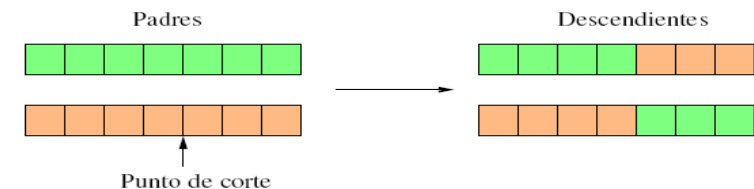
- ❑ Muestreo diferenciado: Cada elemento de la población base se puede tomar para formar la muestra a lo sumo una vez.
- ❑ Muestreo conservador: Todos los elementos de la población base tienen alguna oportunidad (probabilidad no nula) de ser elegidos.
- ❑ Muestreo excluyente: Se excluyen a priori algunos individuos del proceso de muestreo.

Reproducción

- ❑ Mecanismo que permite obtener descendientes, aplicando los operadores de transformación (cruce, mutación, inversión..) sobre ciertos miembros de la población de progenitores.
- ❑ Obtendremos una descendencia de s nuevos miembros.
- ❑ No es habitual especificar el valor de s : su valor viene dado en promedio por las probabilidades de aplicación de los operadores genéticos.
- ❑ El valor esperado de s no suele ser mayor del 60% de n

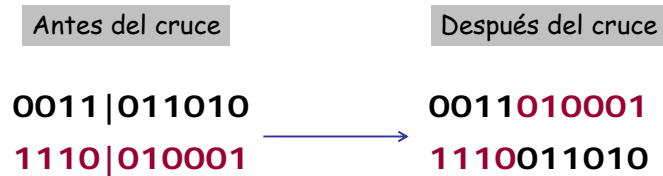
Reproducción: operador de cruce

- ❑ Los operadores de cruce actúan sobre parejas de individuos y suelen producir un par de individuos que combinan características de los progenitores.
- ❑ El operador crea un nuevo par de cromosomas combinando partes de los dos cromosomas padre.
- ❑ Dado que en los AGs los individuos están representados a través de cadenas binarias, el cruce se lleva a cabo por intercambio de segmentos.



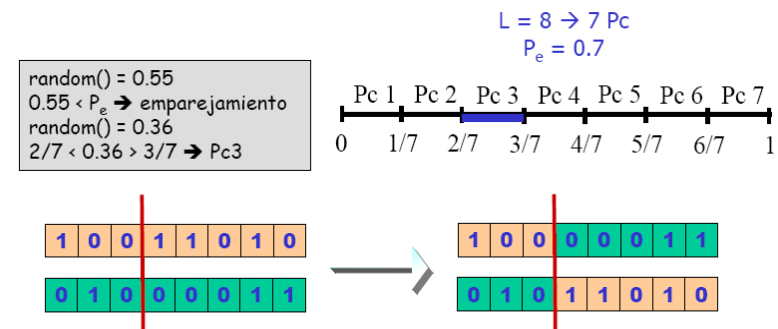
Reproducción: operador de cruce

- ❑ Cruce en un punto :



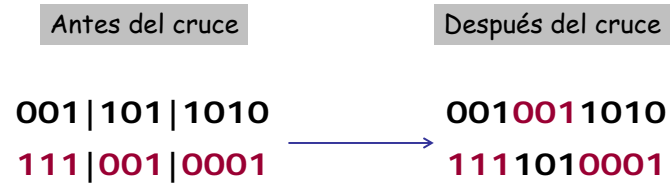
Cruce en un punto

- ❑ Emparejar con probabilidad P_e
- ❑ Seleccionar el punto de corte de forma equiprobable entre 1 y $L-1$
- ❑ Cortar las cadenas y pegar cruzadas



Cruce en varios puntos

- Cruce en varios puntos :



Mutación

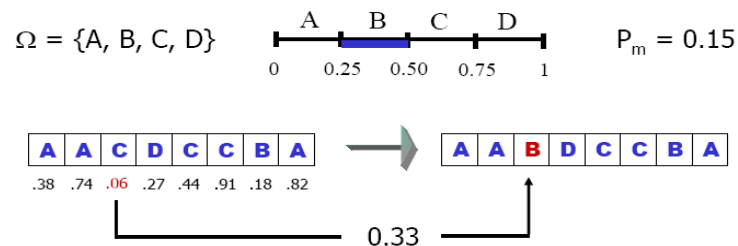
- La mutación es el operador básico de alteración.
- Se aplica a individuos solos, realizando una pequeña modificación en alguno de sus genes o en el conjunto.



- Los operadores de cruce se encargan de explotar y extender las mejores características de que disponga la población actual (búsqueda en profundidad).
- Los operadores de mutación permiten explorar nuevas zonas del espacio de búsqueda (búsqueda en anchura).

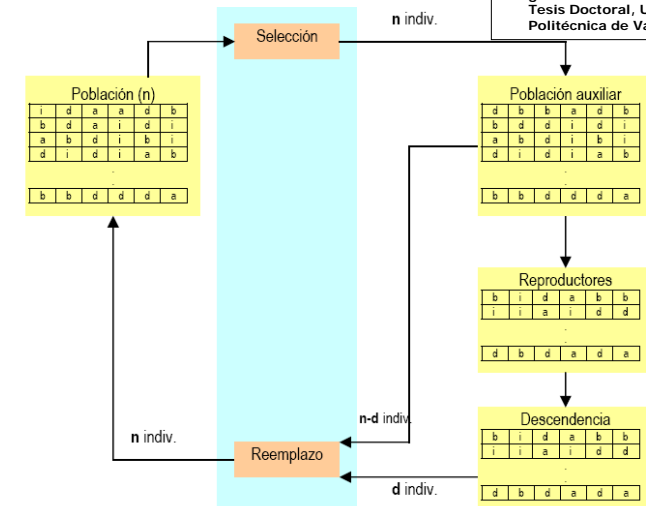
Mutación

- Mutar con probabilidad P_m
- Se recorre toda la cadena, mutando cada gen con probabilidad P_m
- Mutar consiste en elegir un nuevo valor para el gen mediante una elección equiprobable sobre el alfabeto Ω



Proceso de reemplazo (*)

* Diego-Mas, J.A., "Optimización de la distribución en planta de instalaciones industriales mediante algoritmos genéticos. Aportación al control de la geometría de las actividades.", Tesis Doctoral, Universidad Politécnica de Valencia, 2006



Proceso de reemplazo

- La mayoría de los AE utilizan tamaños fijos de población por lo que necesitan obtener dicho número de individuos para la próxima generación a partir de los progenitores + la descendencia
- Proceso habitualmente determinístico
 - Basado en la aptitud : ordenar padres e hijos y tomar los mejores
 - Basados en la edad : eliminar los de mayor edad (más tiempo activos)
- En algunos casos se emplea **elitismo** (mantener siempre a los más aptos)

Proceso de reemplazo

- A partir de los n miembros de la población de progenitores y de los s miembros de la población de descendientes se debe obtener una nueva población de n miembros. Para hacerlo existen varios criterios:
 - Reemplazo inmediato: Los s descendientes sustituyen a sus respectivos progenitores.
 - Reemplazo con factor de llenado: Los s descendientes sustituyen a aquéllos miembros de la población de progenitores que más se les parezcan.
 - Reemplazo por inclusión: Se juntan los s descendientes con los n progenitores en una sola población, y en ella se muestrean n miembros (normalmente, los mejores).

Proceso de reemplazo

- Reemplazo por inserción: Según el tamaño relativo de la descendencia respecto de la población se distinguen dos casos,
 - $(s \leq n)$ Se muestrean para ser eliminados miembros de la población de progenitores (según cierto criterio; normalmente, los peores). Esos miembros serán sustituidos por los descendientes.
 - $(s > n)$ Se muestrean miembros de la población de descendientes y se constituye con ellos la nueva población. Nótese que de este modo cualquier individuo sólo puede vivir a lo sumo una generación.
- Los dos primeros criterios sólo se pueden usar cuando $(s \leq n)$