

Algoritmos Genéticos

Sistemas de Inteligencia Artificial
ITBA 2022 - 1C

Integrantes:

- Serpe, Octavio (60076)
- Quesada, Francisco (60524)
- Arca, Gonzalo (60303)

Introducción

Dado un conjunto de mediciones

$$\xi^1 = \begin{bmatrix} 4.4793 \\ -4.0765 \\ -4.0765 \end{bmatrix} \rightarrow \zeta^1 = 0$$

$$\xi^2 = \begin{bmatrix} -4.1793 \\ -4.9218 \\ 1.7664 \end{bmatrix} \rightarrow \zeta^2 = 1$$

$$\xi^3 = \begin{bmatrix} -3.9429 \\ -0.7689 \\ 4.8830 \end{bmatrix} \rightarrow \zeta^3 = 1$$

Se busca aproximar salidas para otras entradas usando F tal que

$$F(W, w, w_0, \xi) = g\left(\sum_{j=1}^2 W_j g\left(\sum_{k=1}^3 w_{jk} \xi_k - w_{0_j}\right) - W_0\right)$$

con

$$\begin{aligned} W &\in \mathbb{R}^3 & \xi &\in \mathbb{R}^3 \\ w &\in \mathbb{R}^{2 \times 3} & g(x) &= \frac{e^x}{1 + e^x} \\ w_0 &\in \mathbb{R}^2 \end{aligned}$$

Se necesita optimizar valores de entrada de F tal que el error E sea mínimo para entradas ξ^1, ξ^2, ξ^3

$$E(W, w, w_0) = \sum_{\mu=1}^3 (\zeta^{\mu} - F(W, w, w_0, \xi^{\mu}))^2$$

Implementación

Estructura de cromosoma

Dados W, w, w_0 tal que

$$W = \begin{bmatrix} W_1 \\ W_2 \\ W_3 \end{bmatrix} \quad w = \begin{bmatrix} w_{11} w_{12} w_{13} \\ w_{21} w_{22} w_{23} \end{bmatrix} \quad w_0 = \begin{bmatrix} w_0 \\ w_1 \end{bmatrix}$$

Definimos al cromosoma X :

$$X = [W_0 \ W_1 \ W_2 \ w_{11} \ w_{12} \ w_{13} \ w_{21} \ w_{22} \ w_{23} \ w_{0_1} \ w_{0_2}]$$

Función de aptitud

Dado un individuo con cromosoma X tal que

$$X = \left[\underbrace{W_0 \ W_1 \ W_2}_W \ \underbrace{w_{11} \ w_{12} \ w_{13} \ w_{21} \ w_{22} \ w_{23}}_w \ \underbrace{w_{01} \ w_{02}}_{w_0} \right]$$

y un conjunto S de m muestras realizadas tal que

$$S = \left\{ \begin{bmatrix} \xi^1 \\ \zeta^1 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} \xi^2 \\ \zeta^2 \end{bmatrix}, \dots, \begin{bmatrix} \xi^m \\ \zeta^m \end{bmatrix} \right\}$$

Definimos la función de aptitud f :

$$f : \mathbb{R}^{11} \rightarrow \mathbb{R} \ / \ f(X) = m - E(W, w, w_0)$$

Métodos de cruce implementados

- Método de Cruza Simple
- Método de Cruza Múltiple
- Método de Cruza Uniforme

Métodos de selección implementados

- Muestreo Directo - Elite
- Ruleta
- Rank
- Torneo probabilístico
- Boltzmann
- Truncada
- Uniforme

Métodos de mutación implementados

- $X'_i = X_i + r$ {
- **Mutación normal:**
 - Se itera por cada alelo y se mutan aleatoriamente con distribución normal
 - **Mutación con distribución uniforme**
 - Se itera por cada alelo y se mutan aleatoriamente con distribución uniforme
 - **Mutación swap**
 - Se itera por cada alelo y se intercambia con otro aleatoriamente con distribución uniforme

Criterios de corte implementados

- Invariancia de valor de aptitud máximo de población
- Aptitud máxima de población acotada
- Número de generaciones acotado
- Tiempo de ejecución acotado

Experimentos

Experimentos

Aclaraciones

1. La elección de los padres se realizó de manera uniforme a lo largo de la población (sin sacar a los mismos).

Experimento #1: Selection Benchmark

- Probar todos los métodos de selección, partiendo de una misma población inicial.
- Graficar el fitness máximo en función del número de generaciones.

Experimento #1: Selection Benchmark

Parámetros fijos

Cruza

- **Método:** Simple

Mutación

- **Método:** Variación normal
- $p = 0.1$
- $\sigma = 0.5$

Condición de corte

- **Método:** Cantidad de generaciones
- $t = 1000$

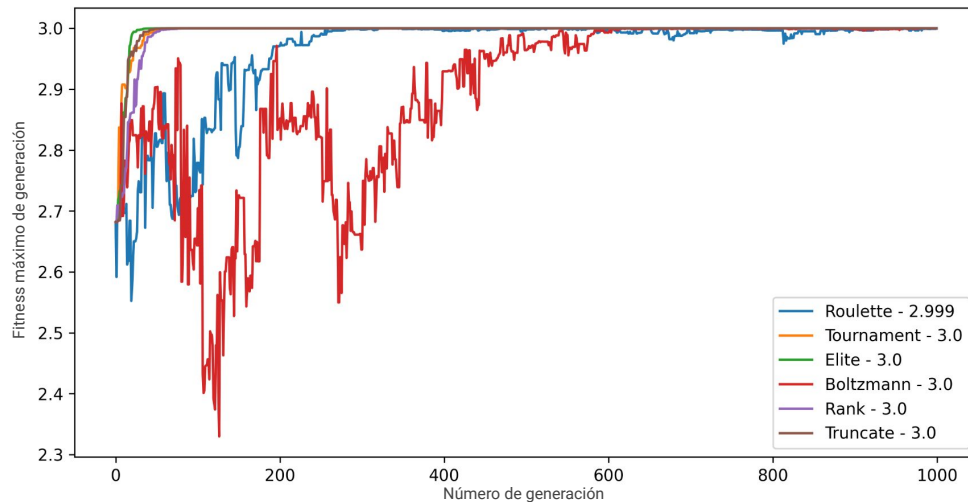
Generales

- $P = 50$
- **Min. valor real** = -1
- **Máx. valor real** = 1

Experimento #1: Selection Benchmark

Parámetros

- $T_o = 100$
- $T_c = 1$
- Tasa de decaimiento $k = 0.01$
- $u = 0.7$
- Tamaño selección truncada = 35
- $p = 0.1$
- $\sigma = 0.5$
- $t = 1000$
- $P = 50$
- **Mín. valor real** = -1
- **Máx. valor real** = 1



Experimento #1: Selection Benchmark

Tabla de resultados

Método	Tiempo de ejecución	Fitness	W_1	W_2	W_3	w_1	w_2	w_3	w_4	w_5	w_6	w_0_1	w_0_2	error	F_1	F_2	F_3
Roulette	66.466	2.9994	3.9670	4.5651	-4.0884	-4.7549	4.2185	5.6743	0.7196	-4.2651	4.1530	1.8057	1.8665	0.0006	0.0186	0.9887	0.9897
Tournament	3.726	3.0000	20.8144	21.9546	4.3517	-1.7360	-0.5462	8.5411	-3.6838	-4.2247	-4.2952	-1.3950	4.4594	0.0000	0.0000	1.0000	1.0000
Elite	1.726	3.0000	-22.4659	-19.7601	-1.5227	8.7532	2.7855	-8.1351	1.5948	0.3160	4.2515	-6.9179	0.4269	0.0000	0.0000	1.0000	1.0000
Boltzmann	69.716	2.9999	5.1536	4.9344	-2.6158	-0.0653	-1.4264	8.8434	-2.8854	2.6991	-0.9488	0.9835	-1.8299	0.0001	0.0057	0.9929	0.9929
Rank	57.031	3.0000	-19.4116	-20.9628	1.6354	7.2167	0.6011	1.2273	-3.4909	-0.7618	-6.9583	1.2112	4.5904	0.0000	0.0000	1.0000	1.0000
Truncation	1.790	3.0000	22.1407	19.5858	-6.4561	-6.0053	1.4538	1.4493	-1.6860	-4.8887	-1.2579	-2.0121	0.6956	0.0000	0.0000	1.0000	1.0000

Experimento #2: Mutation Benchmark

- Probar todos los métodos de mutación, partiendo de una misma población inicial.
- Graficar el fitness máximo en función del número de generaciones.

Experimento #2: Mutation Benchmark

Parámetros fijos

Cruza

- **Método:** Simple

Selección

- **Método:** Ranking

Condición de corte

- **Método:** Cantidad de generaciones
- $t = 700$

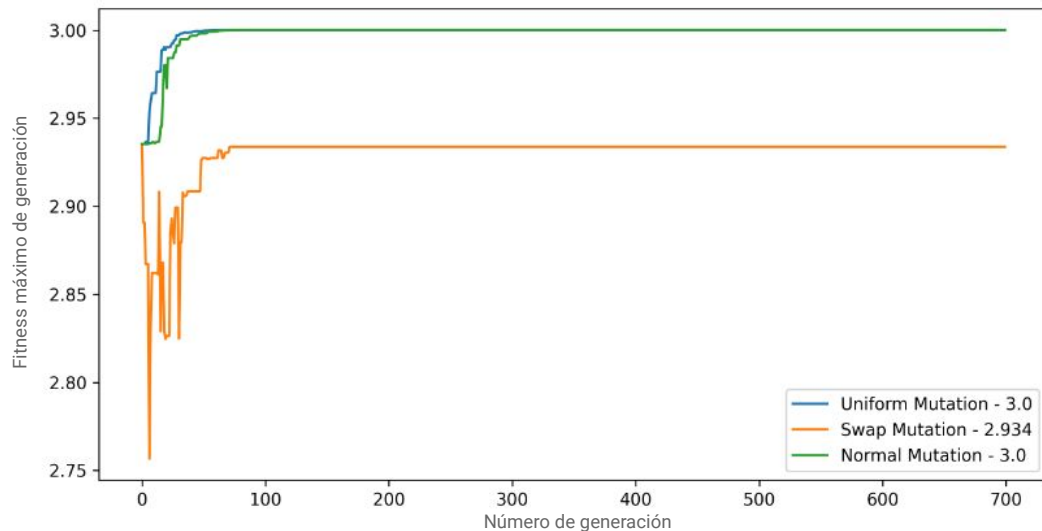
Generales

- $P = 50$
- **Min. valor real** = -2
- **Máx. valor real** = 2

Experimento #2.1: Mutation Benchmark

Parámetros

- $p = 0.05$
- $a = 1$
- $\sigma = 0.5$



Experimento #2.1: Mutation Benchmark

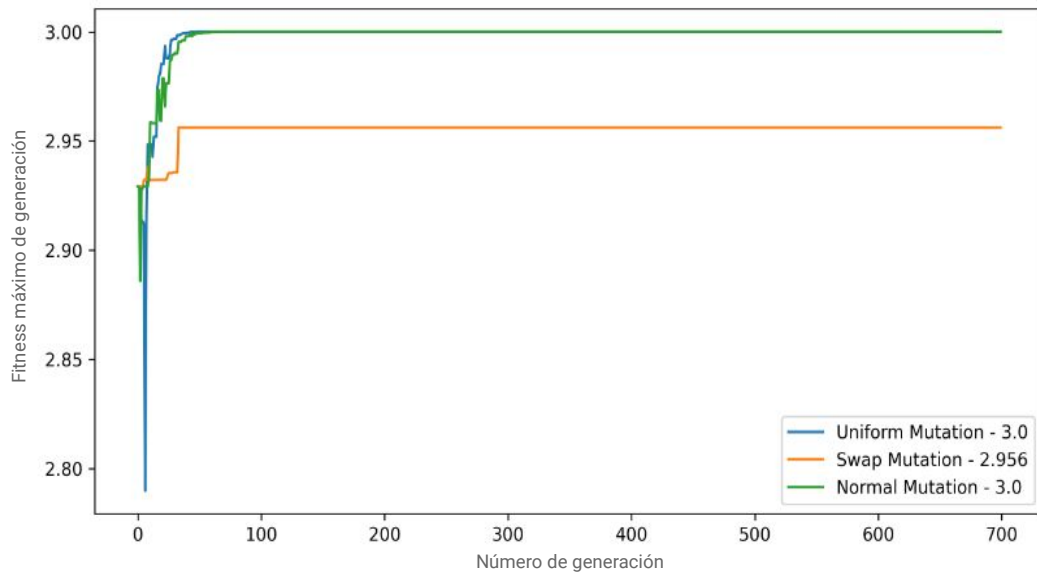
Tabla de resultados

Método	Fitness	W_1	W_2	W_3	w_1	w_2	w_3	w_4
Uniform Mutation	3.0000	-21.4640	-21.8851	-1.8992	3.2071	1.5675	-4.3280	1.5486
Swap Mutation	2.9338	1.7457	1.7457	-1.6444	-1.6444	-0.7866	1.7457	-1.6444
Normal Mutation	3.0000	-21.2699	-20.5982	4.6042	8.2968	1.4085	-1.5239	3.9868
Método	w_5	w_6	w_0_1	w_0_2	error	F_1	F_2	F_3
Uniform Mutation	4.2601	-4.4382	-1.3922	-2.2861	0.0000	0.0000	1.0000	1.0000
Swap Mutation	-1.6444	1.7457	0.3681	1.7457	0.0662	0.1486	0.8514	0.8514
Normal Mutation	-0.0791	-2.6900	2.0417	0.2526	0.0000	0.0000	1.0000	1.0000

Experimento #2.2: Mutation Benchmark

Parámetros

- $p = 0.1$
- $a = 1$
- $\sigma = 0.5$



Experimento #2.2: Mutation Benchmark

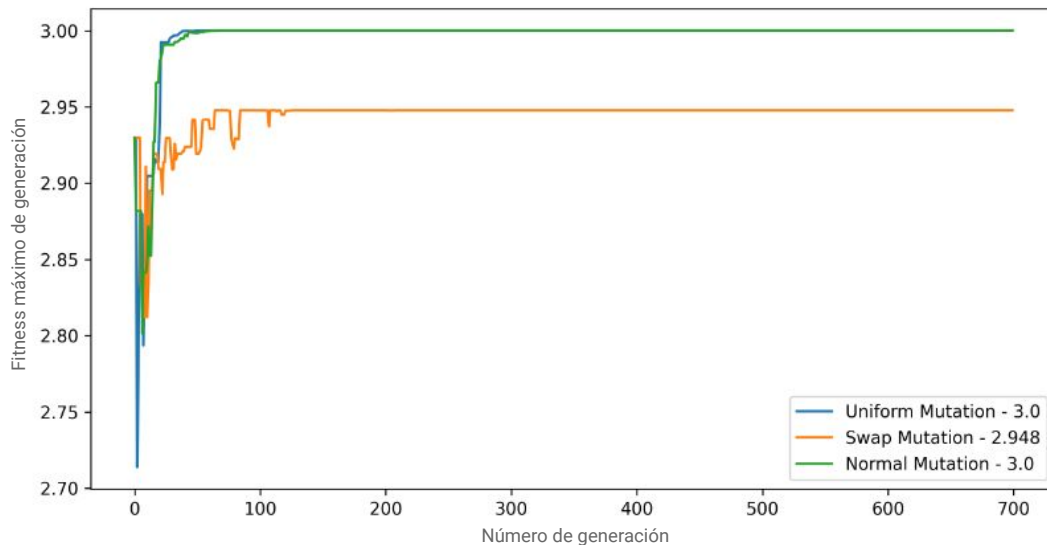
Tabla de resultados

Método	Fitness	W_1	W_2	W_3	w_1	w_2	w_3	w_4
Uniform Mutation	3.0000	-25.4901	-21.5787	0.2613	4.3282	-1.3802	-2.2896	3.7191
Swap Mutation	2.9562	-1.9847	-1.9847	1.9803	1.9803	-0.8872	-1.9847	1.9803
Normal Mutation	3.0000	-22.0014	-24.6875	1.5547	6.8954	0.0114	-3.9284	-2.5892
Método	w_5	w_6	w_0_1	w_0_2	error	F_1	F_2	F_3
Uniform Mutation	-2.8160	-1.6945	0.9539	3.3793	0.0000	0.0000	1.0000	1.0000
Swap Mutation	1.9803	-1.9847	1.9803	-1.9847	0.0438	0.1208	0.8792	0.8792
Normal Mutation	3.3319	-4.3721	4.7904	1.2017	0.0000	0.0000	1.0000	1.0000

Experimento #2.3: Mutation Benchmark

Parámetros

- $p = 0.15$
- $a = 1$
- $\sigma = 0.5$



Experimento #2.2: Mutation Benchmark

Tabla de resultados

Método	Fitness	W_1	W_2	W_3	w_1	w_2	w_3	w_4
Uniform Mutation	3.0000	-25.2793	-19.7202	5.6084	9.7044	-4.5562	-3.1652	-1.7659
Swap Mutation	2.9478	-1.8844	-1.8844	-1.8844	1.7781	1.7781	-1.8844	1.7781
Normal Mutation	3.0000	21.1055	19.2499	0.3343	-5.8275	1.9196	-0.3411	-3.7559
Método	w_5	w_6	w_0_1	w_0_2	error	F_1	F_2	F_3
Uniform Mutation	8.4160	-10.5167	-2.5894	2.3526	0.0000	0.0000	1.0000	1.0000
Swap Mutation	1.7781	-1.8844	-1.8844	-1.8844	0.0522	0.1319	0.8681	0.8681
Normal Mutation	0.4103	-1.8952	-3.5601	4.4247	0.0000	0.0000	1.0000	1.0000

Experimento #3: Crossover Benchmark

- Probar todos los métodos de cruce, partiendo de una misma población inicial.
- Graficar el fitness máximo en función del número de generaciones.

Experimento #3: Crossover Benchmark

Parámetros fijos

Mutación

- **Método:** Variación normal
- $p = 0.05$
- $\sigma = 0.5$

Selección

- **Método:** Ranking

Condición de corte

- **Método:** Cantidad de generaciones
- $t = 500$

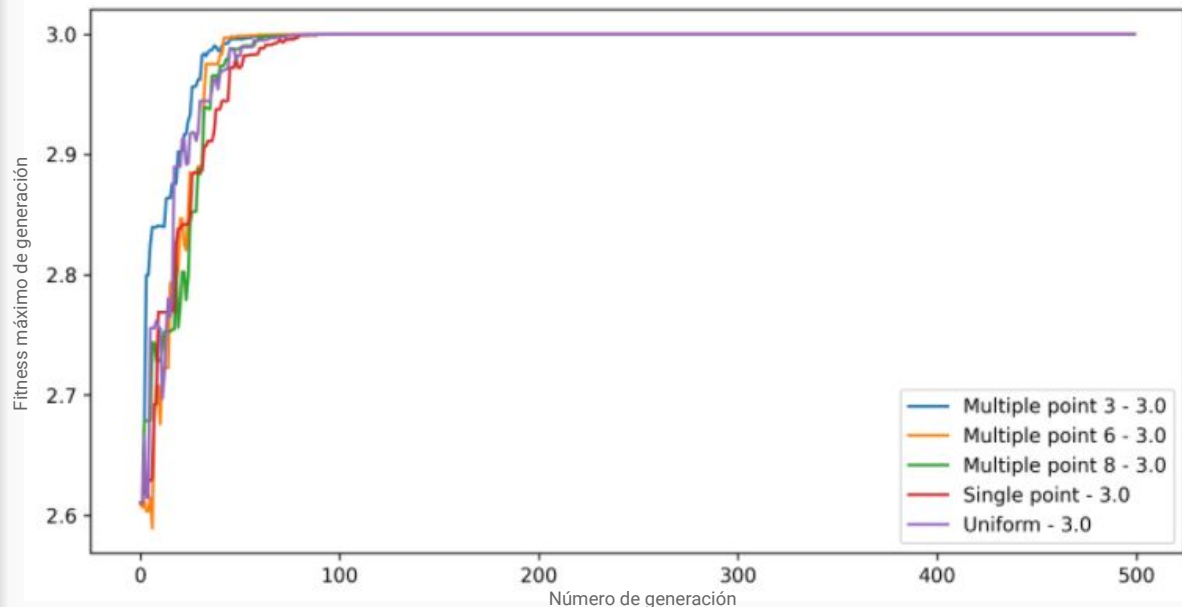
Generales

- $P = 50$
- **Min. valor real** = -1
- **Máx. valor real** = 1

Experimento #3: Crossover Benchmark

Parámetros

- Cantidad de puntos para cruce múltiple: 3, 6 y 8
- $p = 0.05$
- $\sigma = 0.5$
- $t = 500$
- $P = 50$
- **Min. valor real** = -1
- **Máx. valor real** = 1



Experimento #3: Crossover Benchmark

Tabla de resultados

Método de cruce	Fitn ess	W_1	W_2	W_3	w_1	w_2	w_3	w_4	w_5	w_6	w_0_1	w_0_2	error	F_1	F_2	F_3
Multiple point 3	3	-21.3706	-19.4915	1.2087	1.7469	-0.4891	-4.7992	-0.2716	0.8559	-2.4582	2.5173	0.2667	0.0000	0.0000	1.0000	1.0000
Multiple point 6	3	-19.6661	-20.1138	0.3387	5.0219	-2.2219	-5.8481	-2.7387	3.6942	0.4579	0.8214	-1.0575	0.0000	0.0000	1.0000	1.0000
Multiple point 8	3	20.7012	19.3321	0.7105	-2.6755	0.7887	1.7757	-3.1550	0.8569	1.0065	-0.0201	0.2139	0.0000	0.0000	1.0000	1.0000
Single point	3	-20.7941	-18.8356	-0.974 4	6.4263	0.8908	-0.4954	-0.3804	0.5264	-0.9213	2.0000	1.0038	0.0000	0.0000	1.0000	1.0000
Uniform	3	21.1536	18.7520	-3.754 9	-2.5871	-3.3000	4.9482	1.2241	0.4788	1.0939	0.8314	0.3807	0.0000	0.0000	1.0000	1.0000

Experimento #4: Cut Condition Benchmark

- Probar todas las condiciones de corte, partiendo de una misma población inicial.

Experimento #4: Cut Condition Benchmark

Parámetros fijos

Mutación

- **Método:** Variación normal
- $p = 0.1$
- $\sigma = 0.5$

Selección

- **Método:** Ranking

Cruza

- **Método:** Simple

Generales

- $P = 50$
- **Min. valor real** = -1
- **Máx. valor real** = 1

Experimento #4: Cut Condition Benchmark

$t = 1000$ Min. fitness = -1 Diferencia entre fitness: 5×10^{-5}

Generaciones consecutivas que cumplen con la diferencia: 15 Tiempo máximo (s): 10

Condición	Tiempo de ejecución	Fitness	W_1	W_2	W_3	w_1	w_2	w_3	w_4	w_5	w_6	w_0_1	w_0_2	error	F_1	F_2	F_3
Max generations	55.8220	3.0000	-28.0042	-20.2709	-6.3476	1.3243	1.2534	-5.3038	5.0653	1.7152	-5.4736	-1.6826	0.3627	0.0000	0.0000	1.0000	1.0000
Fitness value	6.3580	3.0000	7.0547	6.3996	-0.1036	-2.6958	-0.2662	0.4813	-1.6485	-1.1741	3.2987	0.2217	-0.9737	0.0000	0.0009	0.9983	0.9983
Fitness variation	4.2030	2.9999	5.9570	5.1345	-0.6177	-2.7318	0.3247	0.4402	-0.7585	-0.8406	1.1665	-0.5776	0.3337	0.0001	0.0026	0.9941	0.9941
Max time	10.0340	3.0000	11.6707	13.3080	0.7155	-1.8548	-0.2014	3.3515	0.4908	1.1454	0.8592	-0.7335	-1.5417	0.0000	0.0000	1.0000	1.0000

Experimento #5: Initial Bounds Benchmark

- Probar diferentes cotas para el rango de valores iniciales.
- Graficar el fitness máximo en función del número de generaciones.

Experimento #5: Initial Bounds Benchmark

Parámetros fijos

Cruza

- **Método:** Simple

Mutación

- **Método:** Variación normal
- p : 0.1
- σ : 0.5

Selección

- **Método:** Ranking

Condición de corte

- **Método:** Cantidad de generaciones
- $t = 500$

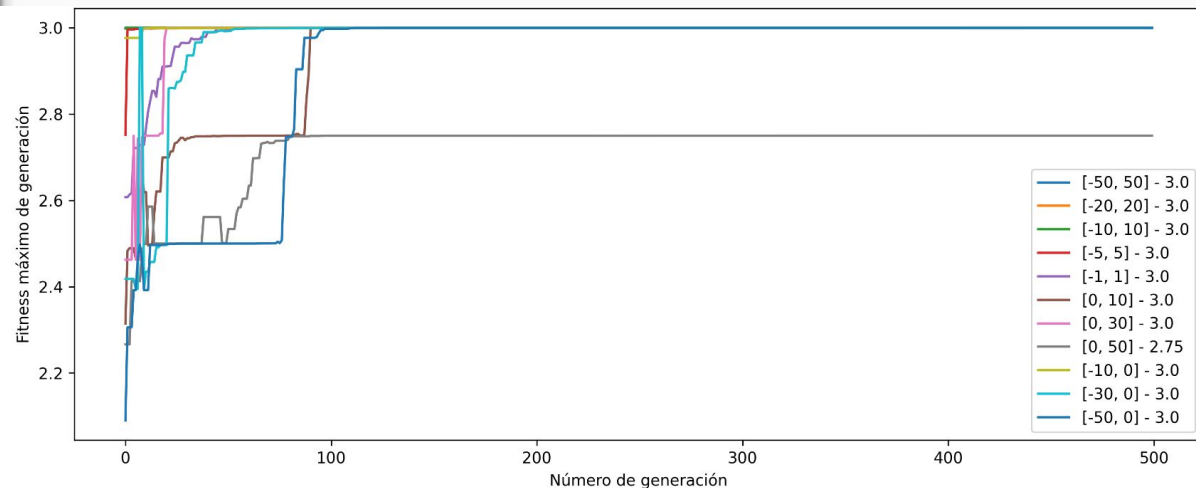
Generales

- $P = 50$

Experimento #5: Initial Bounds Benchmark

Parámetros

- $p = 0.1$
- $\sigma = 0.5$
- $t = 500$
- $P = 50$



Experimento #5: Initial Bounds Benchmark

Rango inicial	Fitness	W_1	W_2	W_3	w_1	w_2	w_3	w_4	w_5	w_6	w_0_1	w_0_2	error	F_1	F_2	F_3
[-50, 50]	3.0000	32.1000	49.3840	43.6522	-20.2551	-21.3426	19.9217	-26.4599	9.6371	37.8628	18.2384	35.2823	0.0000	0.0000	1.0000	1.0000
[-20, 20]	3.0000	20.8140	22.0538	15.2995	-17.4349	6.2051	0.9245	-20.8997	-11.9823	17.6758	-12.2352	15.2183	0.0000	0.0000	1.0000	1.0000
[-10, 10]	3.0000	19.5089	20.2792	-8.3623	-7.8751	-5.3692	6.0255	-4.4771	1.9238	1.9326	-0.3090	-5.7031	0.0000	0.0000	1.0000	1.0000
[-5, 5]	3.0000	19.2188	21.3755	-6.4705	-3.8969	1.2395	3.8896	-0.3262	3.4408	7.4707	-4.6497	-0.6712	0.0000	0.0000	1.0000	1.0000
[-1, 1]	3.0000	-21.6740	-20.8823	0.5313	4.4372	1.0155	-1.9176	6.3460	2.5519	-3.1438	-1.5436	-0.5899	0.0000	0.0000	1.0000	1.0000
[0, 10]	3.0000	18.2274	19.4651	7.3568	0.8517	-3.4637	12.2640	-2.0171	2.1340	10.6510	2.5585	4.1826	0.0000	0.0000	1.0000	1.0000
[0, 30]	3.0000	19.9007	33.5525	20.1127	3.3116	2.2597	28.3764	-5.7912	5.7778	21.9874	2.3600	4.5132	0.0000	0.0000	1.0000	1.0000
[0, 50]	2.7500	23.0947	38.4702	39.7101	-4.2139	3.4573	41.3413	30.1246	32.1430	37.1628	4.3852	6.1143	0.2500	0.0000	0.5000	1.0000
[-10, 0]	3.0000	-19.2978	-21.5967	-5.4458	-0.0464	2.1174	-14.3244	-3.8018	-1.8020	-3.1335	5.3934	1.4236	0.0000	0.0000	1.0000	1.0000
[-30, 0]	3.0000	-37.1279	-18.1854	-11.0617	-1.5256	-0.9509	-20.3369	-11.8426	-13.2812	-22.8086	3.9292	-23.2459	0.0000	0.0000	1.0000	1.0000
[-50, 0]	3.0000	-44.2220	-19.1178	-39.8730	4.8394	-15.0284	-51.4209	-19.5605	0.3327	-34.8370	1.8601	-41.9237	0.0000	0.0000	1.0000	1.0000

Conclusiones

- Se deben tener en cuenta una gran cantidad de variables para obtener una optimización adecuada.
- La población inicial tiene un peso significativo sobre el resultado obtenido.
- Es útil tener una población variada, es decir, que no consista de individuos elitistas en su totalidad.
- Un rango de valores iniciales “simétrico” suele converger al máximo global
- Un rango de valores iniciales de mayor amplitud suele converger más rápido
- Una cruce suele converger más rápido cuando se intercambian alelos de a grupos ni muy reducidos ni muy amplios en cantidad.

Gracias por su atención