

Introdução

Os Algoritmos Genéticos (AG) vem de uma analogia com a teoria da evolução das espécies, a qual os indivíduos mais aptos tendem a sobreviver enquanto que os menos aptos tendem a se extinguir.

Cada cromossomo, indivíduo da população, está associado a uma solução do problema, geralmente terá representação binária e cada gene, bits $\in \{0, 1\}$, está associado a uma componente da solução.

Um AG inicia sua busca por uma melhor solução com uma população aleatória ($s_1^0, s_2^0, \dots, s_n^0$). O procedimento é feito criando sempre uma população no tempo $t+1$ a partir de uma população no tempo t . Para atingir esse objetivo, os indivíduos da população do tempo t passam pelas fases de seleção, cruzamento e mutação. Ao fim dessas operações é gerada a população no tempo $t+1$, chamada de geração do algoritmo. Esse procedimento se repete até que um critério de parada seja satisfeito.

Modelagem do Algoritmo Genético

Consideremos o conjunto de todas as possíveis populações no AG como sendo o espaço de estados. Além disso, a probabilidade de obtermos uma população no tempo $t+1$ depende apenas da população no tempo t . Essas observações nos permite modelar o algoritmo genético como uma cadeia de Markov.

Seja um problema de otimização, e $f: \Omega \rightarrow R$ a função a ser otimizada, Ω é definido como um subconjunto limitado de R^n por, $[a_1, b_1] \times [a_2, b_2] \times \dots \times [a_n, b_n]$. Dada a precisão desejada, os intervalos $[a_i, b_i]$ são particionados em 2^l partes iguais, onde l representa o número de bits dos cromossomos. Portanto, uma malha de 2^{nl} pontos então é gerada.

Cada cromossomo será formado por vetores nl dimensionais, vetores de representação binária,

$$S = \{(x_1, x_2, \dots, x_{nl}); x_i \in \{0, 1\}\}$$

Para ilustrar, consideremos o problema de maximização de uma função $f: R^2 \rightarrow R$ dada por:

$$f(x, y) = \frac{1}{0.3 + x^2 + y^2}$$

nos intervalos $-2 \leq x \leq 4$, $-2 \leq y \leq 4$, ou seja $f: [-2, 4] \times [-2, 4] \rightarrow R$.

Tomando $l = 4$, os intervalos $([-2, 4])$ serão particionados em $2^4 = 16$ partes iguais, assim temos $r(x) = \frac{x_{max} - x_{min}}{2^l - 1}$ e $r(y) = \frac{y_{max} - y_{min}}{2^l - 1}$, neste caso $r(x) = r(y) = 0.4$, como ilustrado na figura 1.

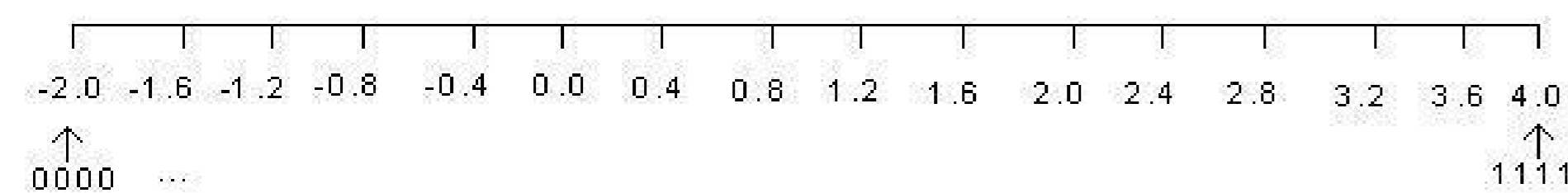


Figura 1: Intervalo Particionado.

Portanto um malha de $2^{nl} = 2^8 = 256$ pontos é gerada, veja figura 2

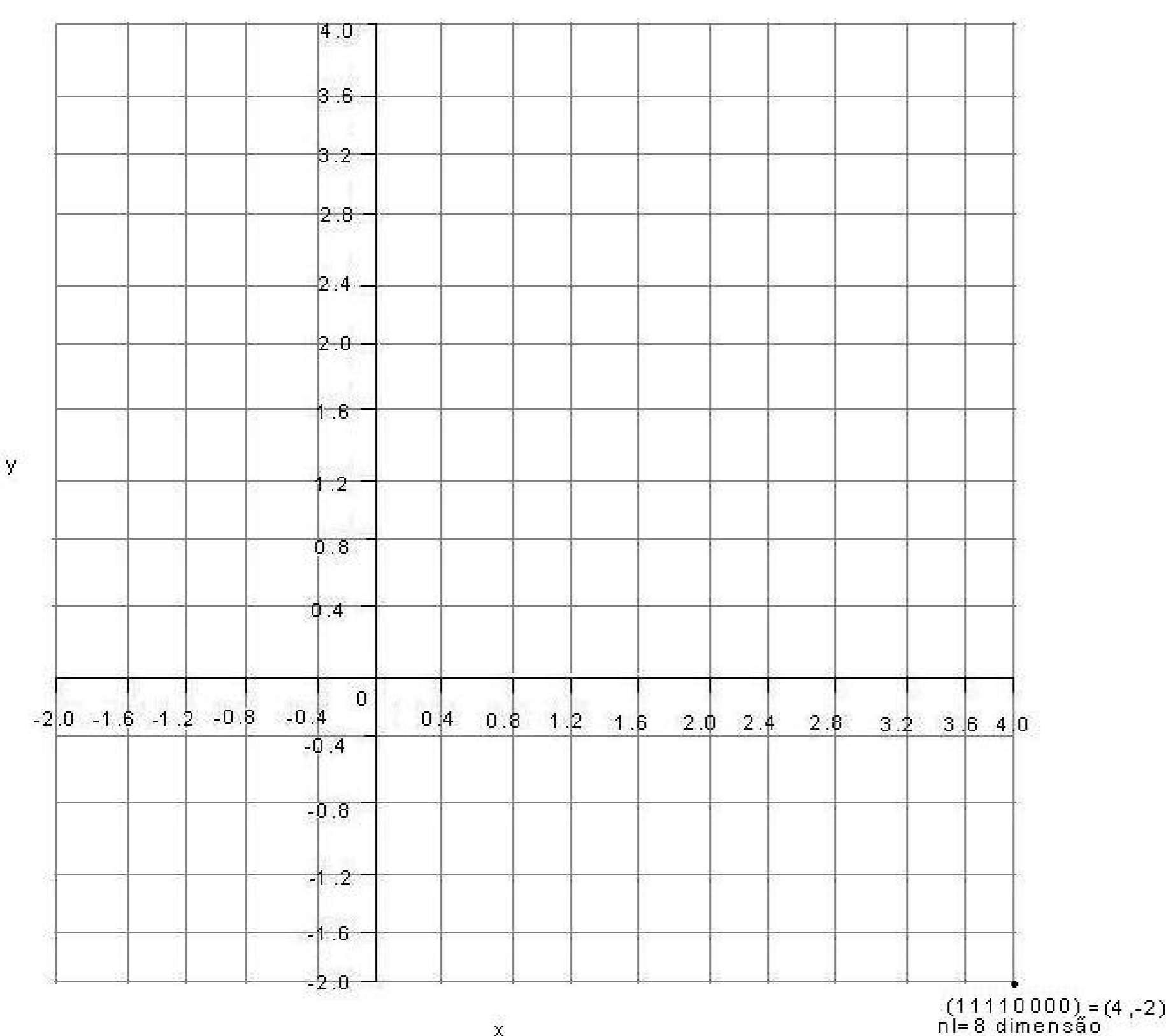


Figura 2: 256 pontos nl dimensionais.

A população inicial assim como todas as outras são compostas por k indivíduos. O espaço de estados da cadeia de Markov é definido como,

$$S_1 = \{(y_1, y_2, \dots, y_k); y_i \in S, i = 1, \dots, k\}$$

Suponha a população inicial com 5 indivíduos:

C_1 10011000
 C_2 01100101
 C_3 00001101
 C_4 01100110
 C_5 01010101

O próximo passo será o calculo da função objetivo (adaptação), para isso deve-se converter a sequência binária (base 2) para base 10, conforme a seguir:

$$c_i = [b_{l-1} \dots b_2 b_1 b_0 a_{l-1} \dots a_2 a_1 a_0] \quad a_i, b_i \in \{0, 1\}$$

$$\bar{x} = \sum_{i=0}^{l-1} b_i 2^i \quad \text{e} \quad \bar{y} = \sum_{i=0}^{l-1} a_i 2^i$$

Feito isso, deve-se calcular o valor de x e y reais dentro da regiões $[x_{min}, x_{max}]$ e $[y_{min}, y_{max}]$, através das seguintes equações,

$$x = x_{min} + \bar{x}.r(x) \quad \text{e} \quad y = y_{min} + \bar{y}.r(y)$$

Fazendo o calculo da função de adaptação de cada cromossomo da população criada anteriormente temos,

Table 1: Função de Adaptação

Indivíduo C_i	(x, y)	$f(x, y)$
C_1	10011000 (1.6, 1.2)	0.232
C_2	01100101 (0.4, 0.0)	2.173
C_3	00001101 (-2.0, 3.2)	0.068
C_4	01100110 (0.4, 0.4)	1.612
C_5	01010101 (0.0, 0.0)	3.333

Operação Seleção

O critério mais usado de seleção dos indivíduos é o "roleta", o qual os indivíduos tem uma probabilidade de ser selecionado proporcional à sua adaptação (como ilustrado na tabela 2).

Table 2: Tabela de Seleção

Indivíduo C_i	(x, y)	$f(x, y)$	$f(C_i) / \sum_{i=1}^5 f(C_i)$
C_1	10011000 (1.6, 1.2)	0.232	0.031
C_2	01100101 (0.4, 0.0)	2.173	0.292
C_3	00001101 (-2.0, 3.2)	0.068	0.009
C_4	01100110 (0.4, 0.4)	1.612	0.218
C_5	01010101 (0.0, 0.0)	3.333	0.450

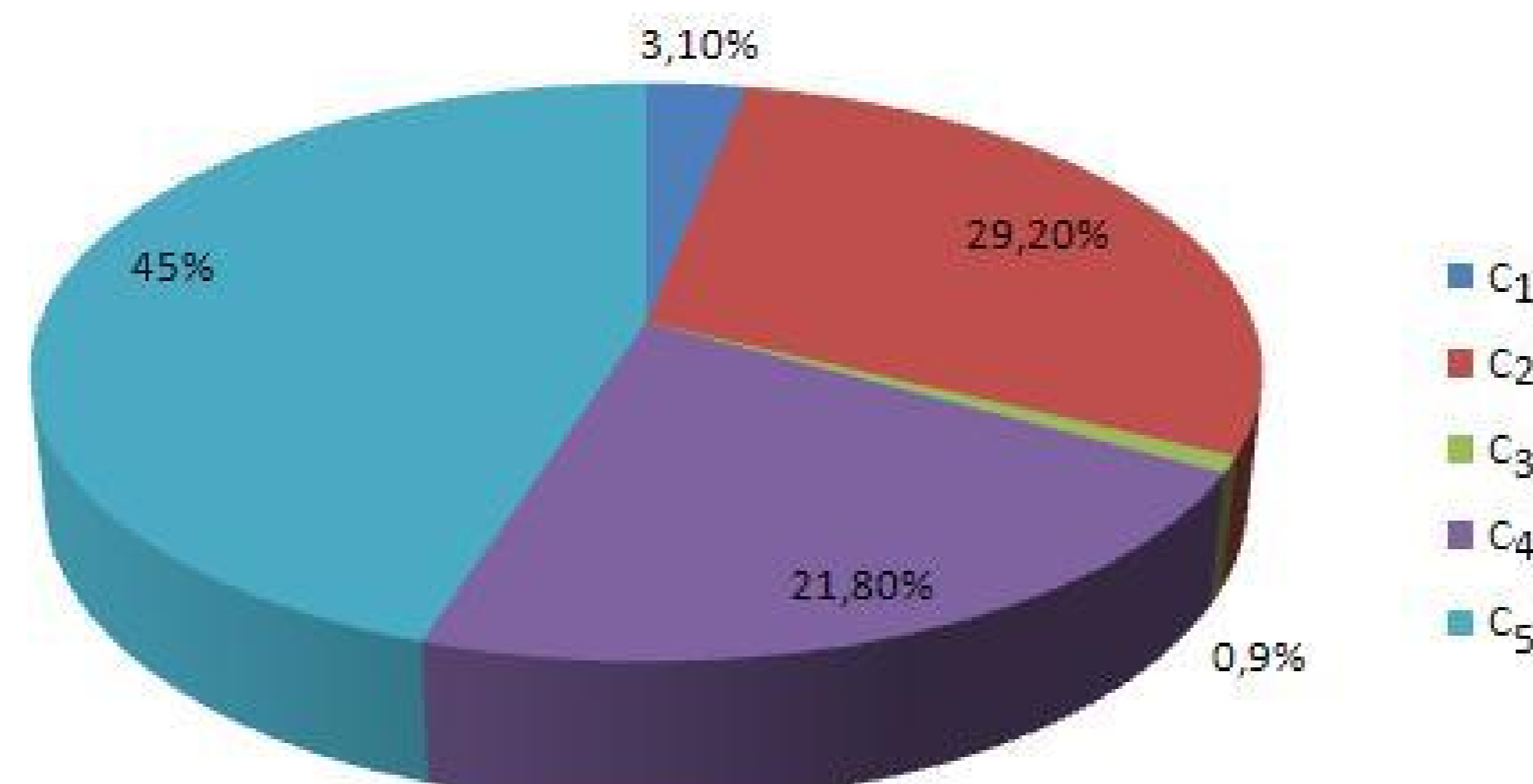


Figura 3: Roleta.

Os indivíduos que possuem maior área tem maior chance de ser selecionado, veja figura 4

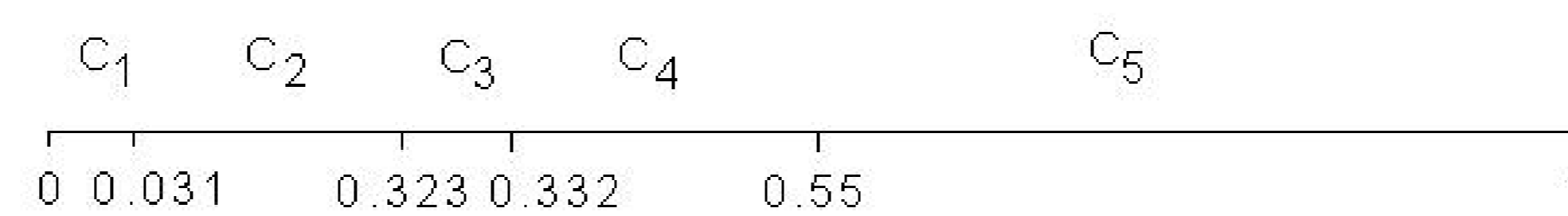


Figura 4: Indivíduos distribuídos proporcionalmente a sua função de adaptação.

Considere que foram gerados os seguintes números aleatórios,

$r_1 = 0.61$, como $0.55 < r_1 < 1$, seleciona C_5
 $r_2 = 0,008$, como $0.031 < r_2 < 0.323$, seleciona C_2
 $r_3 = 0.47$, como $0.0332 < r_3 < 0.55$, seleciona C_3
 $r_4 = 0.80$, como $0.55 < r_4 < 1$, seleciona C_5
 $r_5 = 0.34$, como $0.332 < r_5 < 0.55$, seleciona C_4

Depois de selecionados, os cromossomos dão origem a uma população,

C'_1 01010101
 C'_2 01100101
 C'_3 01100110
 C'_4 01010101
 C'_5 01100110

Operação Cruzamento

O cruzamento permite a troca de material genético entre os indivíduos da população. A quantidade de cromossomos a ser submetida ao processo de cruzamento é definida através da probabilidade de cruzamento $p_c \in [0, 1]$, especificada pelo usuário.

Seja $p_c = 0.30$ a probabilidade de cruzamento. E considere que foram gerados os seguintes números aleatórios,

$r_1 = 0.50 \Rightarrow r_1 > p_c$, não seleciona C'_1
 $r_2 = 0.17 \Rightarrow r_2 < p_c$, seleciona C'_2
 $r_3 = 0.40 \Rightarrow r_3 > p_c$, não seleciona C'_3
 $r_4 = 0.20 \Rightarrow r_4 < p_c$, seleciona C'_4
 $r_5 = 0.23 \Rightarrow r_5 < p_c$, seleciona C'_5

Em cada par de indivíduos escolhidos para o cruzamento, é definido um ponto de corte, ou seja, em um cromossomo de tamanho nl o ponto de corte será escolhido entre 1 e $nl - 1$. A partir desse ponto as informações genéticas dos pais serão trocadas, dando origem aos descendentes (filhos), como ilustrado na figura 5

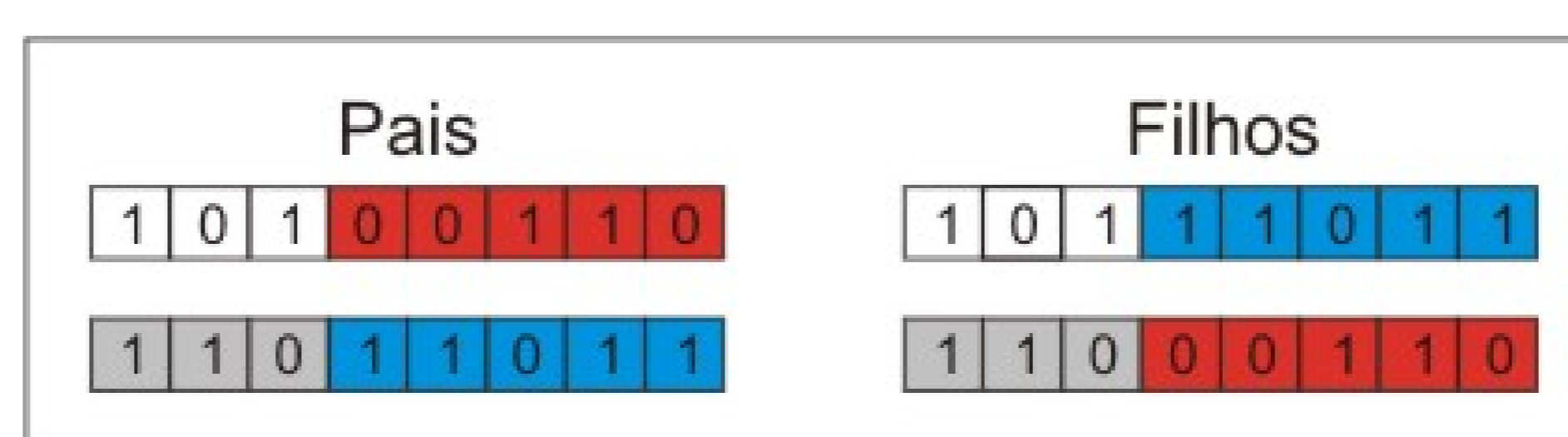


Figura 5: Cruzamento.

Sendo que, foram selecionados para o cruzamento os cromossomos C'_2, C'_4 e C'_5 . Agora é só gerar um número aleatório t , para determinar a posição de cruzamento,

$$t = [1 + rand(nl - 2)]$$

onde, $rand \in [0, 1]$ e $[.]$ é o menor inteiro.

Seja $rand = 0.7$, segue que

$$t = [1 + 0.7(8 - 2)] = [5.2] = 5$$

Dai,

C'_2 01100110
 C'_4 01010101
trocando os genes (bits), tem-se:
 C'_2 01100101
 C'_4 01010110

Assim, após a aplicação do operador cruzamento, a população é dada por:

C'_1 01010101
 C'_2 01100101
 C'_3 01100110
 C'_4 01010110
 C'_5 01100110

Operação Mutação

A mutação opera independentemente em cada bit do indivíduo da população, dada uma probabilidade $p_m \in [0, 1]$ chamada probabilidade de mutação. Para aplicar o operador de mutação, é necessário gerar $k \times nl = 40$ números aleatórios $r \in [0, 1]$. Seja $p_m = 0.01$ a probabilidade de mutação, se r_i for menor que p_m , será feita a mutação no bit correspondente.

Considere que foram gerados 40 números aleatórios $r \in [0, 1]$ e que dois tiveram probabilidades menores que p_m . Foram os seguintes:

$r_{13} = 0.009 < p_m$

$r_{39} = 0.0025 < p_m$

Considerando a população atual

C'_1 01010101
 C'_2 011010101
 C'_3 01100110
 C'_4 01010110
 C'_5 01100110

Submetendo os bits 13 e 39 ao processo de mutação, têm-se a geração do algoritmo

Table 3: Função de Adaptação

Indivíduo C'_i	(x, y)	$f(x, y)$
C'_1	01010101 (0.0, 0.0)	3.333
C'_2	011010101 (0.4, 3.2)	0.093
C'_3	01100110 (0.4, 0.4)	1.612
C'_4	01010110 (0.0, 0.4)	2.173
C'_5	01100100 (0.4, -0.4)	1.612

Desta forma obtemos uma nova geração que passará repetidamente pelos mesmos processos até que um critério de parada seja satisfeito.

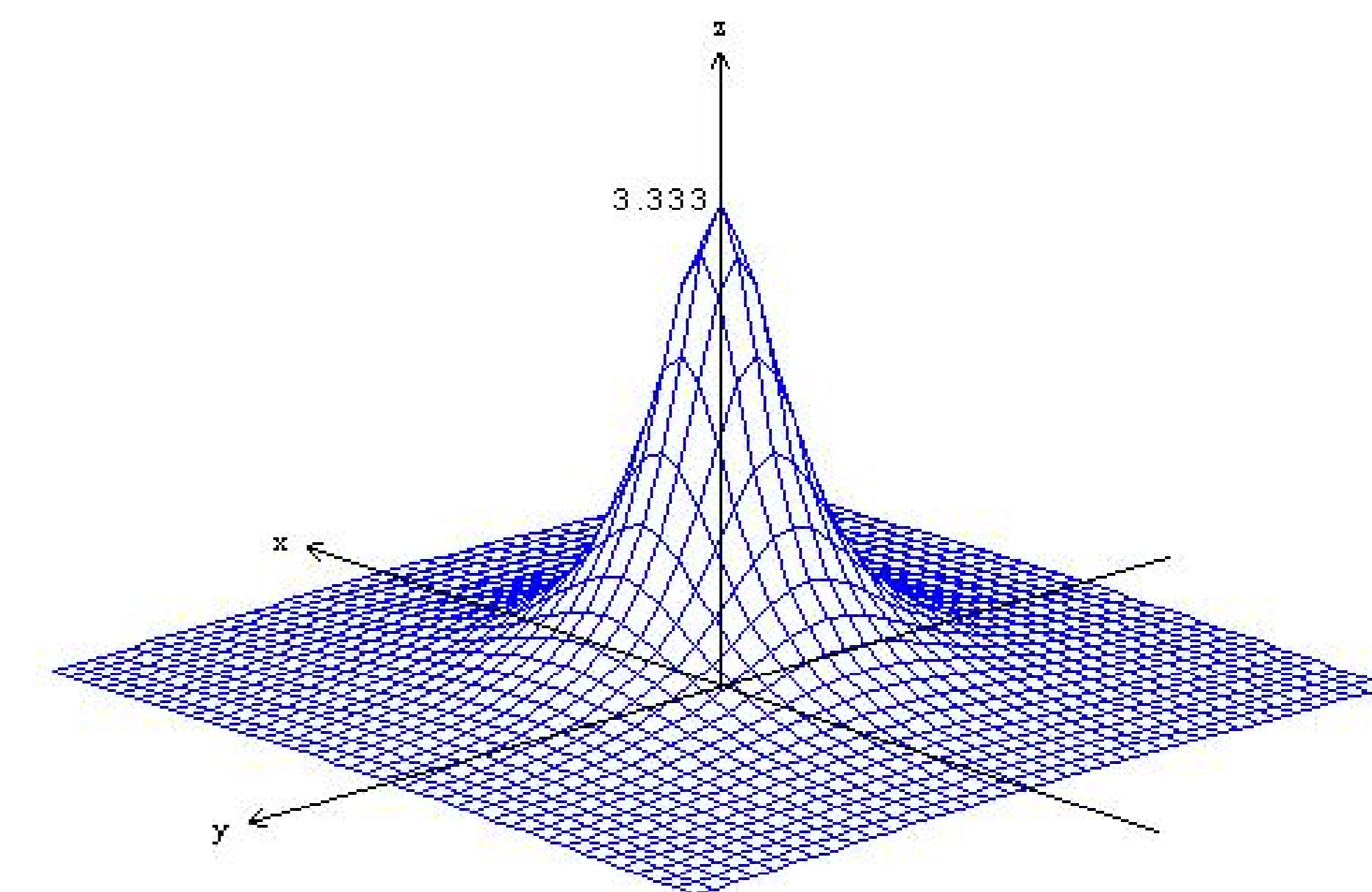


Figura 6: Gráfico da função, $f(x, y) = \frac{1}{0.3+x^2+y^2}$.

References

- [1] CAO, Y.J. AND WU, Q.H., *Theache Genetic Algorithm Using Matlab*, int. J. Elect. Enging. Educ, 36, 139-153.
- [2] SARAMAGO, S.F.P., *Métodos de Otimização Randômica: Algoritmos Genéticos e Simulated Annealing*. São Carlos, SP: SBMAC, 2003.
- [3] SOARES, J.L., *Algoritmos Genéticos: Estudo, Novas Técnicas e Aplicações*, Dissertação de Mestrado, Centro de Pesquisa e Desenvolvimento em Engenharia Elétrica, UFMG, 1997.
- [4] R DEVELOPMENT CORE TEAM (2009), *R: A language and environment for statistical computing*. Vienna, Austria: R Foundation for Statistical Computing. (<http://www.R-project.org>). ISBN 3-900051-07-0.