

ALGORITMOS GENÉTICOS: MÉTODOS ESTOCÁSTICOS DE OPTIMIZACIÓN GLOBAL INSPIRADOS EN LA EVOLUCIÓN NATURAL. INCIDENCIA EN EL PROGRESO TECNOLÓGICO

Gabriel Winter

Inspirado en la teoría de la evolución de Darwin y en propiedades de los sistemas biológicos, John Holland pone en escena los algoritmos genéticos en el siglo XX. Los recursos y el rigor de las matemáticas les han dotado progresivamente de más adecuados fundamentos teóricos. La aplicación de estos algoritmos de exploración y búsqueda no determinista está hoy en día muy orientada al campo de la optimización.

Los algoritmos genéticos (AGs) simulan a grosso modo los fenómenos evolutivo y selectivo, que tienen lugar en una dinámica de poblaciones, y ciertas propiedades de los sistemas biológicos: la capacidad de autorreplicación de los ácidos nucleicos transmitiendo información genética entre generaciones, la mutación aumentando la diversidad, la competición de seres vivos por recursos limitados del entorno. Si bien esto sucede en nuestro planeta desde hace 3.500 millones de años, fue en 1944 cuando Oswald Avery y colaboradores conjeturaron que el soporte físico de la información genética transmitida entre generaciones es una molécula de ADN. Es en 1975 cuando John Holland pone en escena los algoritmos genéticos.

78

Entre las capacidades de los algoritmos genéticos (AGs) en optimización, podemos destacar las siguientes:

- son métodos iterativos que convergen a partir de un conjunto inicial y arbitrario de puntos del espacio de búsqueda.
- la convergencia no está condicionada por requisitos de continuidad o diferenciabilidad del funcional a maximizar o minimizar.
- en su convergencia al óptimo global escapan de la atracción de múltiples óptimos locales.
- son aplicables y eficientes en la optimización multicriterio.

Estas capacidades de los AGs impactaron en industrias aeronáuticas, del automóvil, electrónicas y otras de desarrollo de productos tecnológicos, las cuales en la última década, con la aplicación de estos métodos, han obtenido nuevas soluciones en nuevos problemas complejos de optimización, caso de problemas de diseño multidisciplinarios de re-ingeniería entre otros, reduciendo con estos métodos ciclos de diseño y costes de nuevos productos, y permitiendo resolver eficientemente diversos problemas multicriterio, donde objetivos simultáneos tanto económicos como técnicos están en conflicto.

A pesar de las capacidades robustas, estos métodos no reemplazan totalmente a otros, estando muy extendidas estrategias cooperativas con métodos de optimización local (técnicas híbridas) para disminuir el tiempo total de computación en ordenador en las aplicaciones.

Expongamos el algoritmo genético denominado Algoritmo Genético Simple (AGS) de Holland. Sea \tilde{f} una función con un máximo global en el conjunto D (espacio fenotipo), y sea c la función que a cada número real $x \in D$ le hace corresponder su representación s de l dígitos en el usual código binario:

$c: D \rightarrow S^l, S = \{0, 1\}$. Su función inversa $d: S^l \rightarrow D$ es la función de decodificación. Indistintamente s es denominado una cadena binaria, un individuo, un cromosoma o un elemento del espacio genotipo S^l .

Por ejemplo, si $l = 5, x = 8$ tiene por cromosoma $s = c(8) = (01000)$, siendo $d((01000)) = 8$. El valor de un bit en la posición i -ésima es análogo en genética al *alelo* del gen en el *locus* i del cromosoma. La composición de \tilde{f} con d se llama función de aptitud, $f(s) = \tilde{f}(d(s)) = \tilde{f}(x)$, que da la medida de adaptación del individuo s a su entorno; cada individuo es así evaluado de acuerdo a su aptitud. Se tiene pues la equivalencia,

$$\text{Max}_{x \in D} \tilde{f}(x) = \text{Max}_{s \in S^l} f(s)$$

es decir, explorar y buscar el óptimo global en S^l (o *espacio genotipo*).

A partir de una población inicial $P(0)$ de n cromosomas generados aleatoriamente, se forma en cada iteración t del algoritmo una población de igual tamaño $P(t+1)$ aplicando las denominadas operaciones de selección, cruce y mutación a la población $P(t)$. La selección genera una población intermedia $P'(t)$ de individuos aptos a dar descendencia, con la asignación a cada individuo s_i^t de $P(t)$ de la probabilidad de selección:

$$P_s(s_i^t) = \frac{f(s_i^t)}{\sum_{j=1}^n f(s_j^t)}$$

Al imponerse que $\text{cardinal}(P'(t)) = \text{cardinal}(P(t)) = n$, no forman parte en $P'(t)$ los individuos de menor aptitud, existiendo por otro lado copias o duplicados de los mejores cromosomas. El número esperado de duplicados en $P'(t)$ de un cromosoma es $\eta_i^t = np_s(s_i^t)$

A los elementos de $P'(t)$ les aplicamos el operador cruce de 1 punto: los individuos a cruzarse son elegidos aleatoriamente con probabilidad χ mediante distribución uniforme, intercambiándose en cada pareja los bits a partir de una posición de corte aleatoria, dando nuevos individuos que sustituyen a sus progenitores. Así, sea $l = 6$, y salen a ser cruzados un duplicado de $s_1 = (100110)$ y otro de $s_2 = (011001)$. Si sorteamos la posición de corte y se obtiene la tercera, entonces son sustituidos por (100001) y (011110) , respectivamente.

A la población resultante le aplicamos mutación: con probabilidad μ , aleatoriamente y distribución uniforme, cada bit a_1, a_2, \dots, a_j es sujeto a cambiar su valor por otro del alfabeto S , es decir de 1 a 0 o viceversa. Sea $s = (101011)$ a mutar, supongamos sale a mutarse el segundo y el sexto bit, entonces éste se sustituye por el nuevo individuo $s = (111010)$. La población resultante es $P(t+1)$, y se procede a realizar una nueva iteración.

Nix y Vose (1992) desarrollaron un modelo que da una representación exacta de los estados poblacionales del AGs esperados en el tiempo. Este modelo es una cadena de Markov, con estados definidos por el número de duplicados de cada individuo en la población.

El número de posibles estados es $N = \binom{n+r-1}{r-1}$ siendo $r = 2^l$ el número de posibles distintos individuos. La matriz de estados, de orden $r \times N$, tiene de i -ésima columna el vector

$$\phi_i = \langle z_{0,i}, z_{1,i}, \dots, z_{y,i}, \dots, z_{r-1,i} \rangle^T,$$

siendo $z_{y,i}$ el número de ocurrencias del individuo y en el estado poblacional i -ésimo (y es número entero identificado con su representación binaria). A modo de ejemplo, si $l = 2$ y $n = 3$, individuos posibles son $00, 01, 10, 11$, o bien $y = 0, 1, 2, 3$. Una población $\{00, 10, 10\}$ es el estado de tener un duplicado del individuo $y = 2$, tener el individuo $y = 0$, y no disponer de los individuos $y = 1, y = 3$, así será el estado $\phi_i = \langle 1, 0, 2, 0 \rangle^T$.

La matriz Q de probabilidades de transición de la cadena, tiene por término general:

$$Q_{i,j} = n! \prod_{y=0}^{r-1} \frac{\left(M \left(\frac{F\phi_i}{|F\phi_i|} \right)_y \right)^{z_{y,j}}}{(z_{y,j})!}$$

78

(probabilidad de que estando el AGs en el paso k en el estado i , cambie al estado j en el paso siguiente $k+1$), siendo M el operador,

$$M(x) = \langle (\sigma_0 x)^T [M] \sigma_0 x, \dots, (\sigma_{r-1} x)^T [M] \sigma_{r-1} x \rangle,$$

σ_j las permutaciones sobre \mathbb{R}^r tales que

$$\sigma_j \langle x_0, \dots, x_0 \rangle^T = \langle x_{j \oplus 0}, \dots, x_{j \oplus r-1} \rangle^T,$$

con \oplus el operador binario *or-exclusivo*, $[M]$ la matriz cuyos términos son las probabilidades $m_{ij}(0)$ de obtenerse el individuo $y = 0$ a partir de dos progenitores i, j y F el operador lineal de matriz diagonal cuyos valores son $f(i)$ (valores positivos, sin pérdida de generalidad).

Con probabilidad de mutación distinta de cero todos los estados tienen probabilidad distinta de cero de ser alcanzados, la cadena es así ergódica, con distribución límite la distribución de estado estacionario dada por Q^K aumentando k , y la probabilidad de estar en cualquier estado es pues independiente del estado inicial. La población final (generación última en la evolución) corresponde a un único individuo duplicado n -veces. Recientes resultados han establecido condiciones para que el duplicado n -veces de la

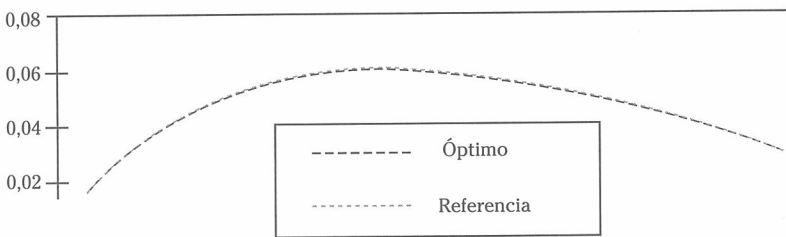
población final sea la del óptimo global, caso por ejemplo de uso de elitismo (el mejor individuo de una generación pasa a la siguiente generación), con análisis en cadenas de Markov absorbentes.

Veamos finalmente un enlace de aplicación a un problema inverso: dada una distribución de presiones p_f sobre un perfil de ala de avión, encontrar la forma geométrica óptima del perfil, es decir, $\text{Min}_\lambda J(\lambda)$, donde

$$J(\lambda) = \frac{1}{2} \int_\lambda (p_\lambda - p_f)^2 d\lambda,$$

Los individuos son las formas geométricas (λ) del ala, la función aptitud es una versión discreta de J . Considerando una parametrización de λ , por ejemplo, usando curvas Bezier Spline de puntos de control (x_i, y_i) , codificamos en el AG las y_i . El problema es encontrar las y_i que minimicen J . En cada evaluación de J se resuelve el correspondiente problema de contorno de la dinámica de fluidos para hallar p_λ .

Sea el test: con flujo en régimen transónico de Mach 0.8, ángulo de ataque nulo, dada la distribución de presiones calculado sobre el perfil *NACA0012*, obtener la forma óptima (será el *NACA0012*). Con elementos finitos y 8 puntos de control resolvemos el problema de contorno. Un AG da en 60 evaluaciones de J el óptimo con exactitud de $\text{Min } J = 0,00156$. Se muestran a continuación el ala óptima obtenida y la exacta (escalando ejes en $[0, 1]$ y por simetría mostrando sólo la parte superior):



Bibliografía

- Holland, H. J.: *Adaptation in Natural and Artificial Systems*. University of Michigan Press, Ann Arbor, MI, 1975.
- Nix, A. E.; Vose, M. D.: "Modelling genetic algorithms with Markov chains". *Annals of Mathematics and Artificial Intelligence*, V. 5, pp. 79-88, 1992.
- Cuesta, P. D.; Abderramán, Jiménez, J. A. ; Winter, G.: "Practical modeling of the Simple Genetic Algorithm with absorbing Markov chains". GECCO-2000, Las Vegas, USA, 2000.
- Winter, G.; Periaux, J.; Galán, M.; Mantel, B. ; Sánchez, I.: "An introduction on global optimization by genetic algorithms". En: *Algorithms for sparse large scale algebraic systems. Applications in Science and Engineering*. Kluwer, 1998, pp 343-367, 1996.