

ALGORITMOS GENÉTICOS COM OPERADOR DE RECOMBINAÇÃO VARIÁVEL

Cristiano Lehrer, M.Sc.¹

lehrer@inf.ufsc.br

Paulo Sergio da Silva Borges, Dr.²

pssb@inf.ufsc.br

Universidade Federal de Santa Catarina

Programa de Pós-Graduação em Ciência da Computação

1 SHCGN 709, Bloco L, Casa 21, 70750-712 Fone +55(61) 347-1485

2 Caixa Postal 476, 88040-970 Fone +55(48) 231-9738

RESUMO

Alguns conceitos da teoria da seleção sexual são empregados para testar como eles podem aprimorar a atuação dos operadores genéticos utilizados em algoritmos genéticos (ag). O emprego de critérios racionais pode fornecer uma eficiência adicional aos ag na busca de soluções satisfatórias para problemas difíceis. Neste caso, os operadores tradicionais dos ag, especialmente o operador de recombinação, não contariam somente com critérios aleatórios para realizar a exploração da superfície adaptativa. Esta idéia é implementada através da geração de uma taxa de recombinação, para cada par de cromossomos que se apresenta ao operador de recombinação, utilizando informações provenientes dos cromossomos. Para testar o método, o problema do caixeiro viajante é utilizado como plataforma de testes. Uma série de simulações são realizadas e os resultados alcançados apresentados e comparados com o método usual para o operador de recombinação. Algumas evidências indicam vantagens no uso da metodologia pesquisada.

Palavras-chave: Computação Evolucionária, Algoritmos Genéticos, Teoria da Seleção Sexual.

ABSTRACT

Some concepts of the theory of the sexual selection are employed to test how they can improve the performance of the operators used in genetic algorithms (ga). The use of rational strategies can provide additional efficiency to the ga regarding the search of satisfactory solutions to difficult problems. In this case, the traditional ga operators, especially crossover operator, will no more rely solely on random criteria to carry out the exploration of the fitness landscape. This idea is implemented through the generation of crossover rate, for each pair of chromosomes that comes to the crossover operator, using coming information of the chromosomes. To test the method, the traveling salesman problem has been used. A series of simulations has been run and the achieved results are presented especially some comparisons between the usual methods regarding the ga operators. Some evidence has been found that indicates the advantage of the investigated methodology.

Key-words: Evolutionary Computation, Genetic Algorithms, Theory of Sexual Selection

1 INTRODUÇÃO

A Biologia Evolucionária é uma forte fonte de inspiração para resolver problemas complexos, os quais requerem uma busca em um vasto campo de soluções possíveis (MITCHELL et al., 1999).

A própria natureza teve que realizar uma busca em um enorme conjunto de soluções possíveis, as seqüências genéticas, para desenvolver organismos aptos a viver e a se reproduzir em seus ambientes (MITCHELL, 1996).

Os Algoritmos Genéticos (AG) são métodos baseados nos princípios da seleção natural e da sobrevivência do mais apto, simulando o processo de evolução natural para desenvolver soluções para problemas práticos BEASLEY et al (1993). A estes princípios são acrescentados os conceitos iniciados por Mendel, referentes à hereditariedade e à estrutura genética dos seres vivos (SMITH, 2000).

Na maioria das implementações de AG, os parâmetros utilizados pelos operadores genéticos, em especial a taxa de recombinação – *crossover*, são definidos a priori e mantêm-se fixos durante toda a execução do algoritmo, sem considerar as particularidades dos indivíduos que serão submetidos aos operadores.

Na natureza, a probabilidade de que dois indivíduos gerem descendentes é calculada com base na análise das características dos indivíduos. Cada indivíduo possui algum critério de avaliação para comparar seus pretendentes, de modo a obter o melhor pretendente disponível (MILLER, 2000).

Alguns indivíduos podem estar procurando parceiros com (a) preferências semelhantes às suas, com (b) preferências totalmente opostas, ou ainda com (c) preferências nem muito iguais e nem muito diferentes.

O presente trabalho apresenta alternativas ao operador de recombinação, propondo que os seus parâmetros sejam regulados pela distância entre os índices de adaptabilidade dos indivíduos escolhidos para a operação de recombinação.

2 ALGORITMOS GENÉTICOS

Inspirados nos conceitos da genética e da Teoria da Seleção Natural de Charles Darwin, os Algoritmos Genéticos (AG) são um poderoso mecanismo de busca de soluções e uma das técnicas que compõem a Computação Evolucionária (GOLDBERG, 1989).

Propostos por John Holland entre os anos 1960 e 1970 na Universidade de Michigan, os AG são uma abstração da evolução biológica. A base teórica dos AG é apresentada no seu livro *Adaptation in Natural Artificial and Systems* (HOLLAND, 1975).

O objetivo principal de Holland não era o desenvolvimento de algoritmos para resolver problemas específicos, mas um estudo formal do fenômeno da adaptação que acontece na natureza, e desenvolver um modo em que os mecanismos da adaptação natural pudessem ser incorporados pelos computadores (MITCHELL, 1996).

Freqüentemente visto como métodos de otimização, os AG podem ser aplicados num grupo de problemas que cresce a cada dia WHITLEY (1994), incluindo sistemas sociais, ecologia, economia, evolução do aprendizado e várias outras áreas do conhecimento (MITCHELL, 1996).

Conforme a definição de KOZA (1990), um AG é um algoritmo matemático altamente paralelo que transforma populações de objetos matemáticos individuais em novas populações utilizando operações genéticas, como a reprodução sexual (recombinação), e a reprodução proporcional a adaptabilidade, que é o princípio Darwiniano da sobrevivência do mais apto.

O conjunto de dados representado por um particular cromossomo é definido como genótipo, e contem as informações necessárias para a construção de um organismo, definido como fenótipo. A adaptabilidade ou aptidão (do inglês *fitness*) do indivíduo como solução do problema, depende da ação do fenótipo que pode ser deduzido através do genótipo, isto é, ele pode ser calculado com base no cromossomo utilizando uma função de adaptabilidade ou função de *fitness* (BEASLEY et al, 1993).

A implementação de um AG inicia com a criação de uma população inicial de cromossomos, cada indivíduo desta população é avaliado segundo sua adaptabilidade, que permitirá

definir a probabilidade que cada indivíduo tem de gerar descendentes. Os operadores de seleção, recombinação e mutação são aplicados sobre a população de modo a gerar uma nova, que será a população inicial na próxima iteração. O processo é repetido até que soluções satisfatórias ou um número máximo de gerações sejam alcançados (KOZA, 1992).

A operação de seleção consiste na escolha de dois cromossomos da população, chamados de pais, que serão submetidos a operação de recombinação, gerando os descendentes. O método normalmente utilizado é o da Roleta, que consiste na atribuição, a cada cromossomo, de um setor da Roleta proporcional a sua adaptabilidade, de forma que os mais aptos tenham mais chances de serem selecionados como pais (COELLO, 1995).

A operação de recombinação, também conhecida como *crossover*, consiste na troca de partes do genótipo de dois pais para gerar dois novos descendentes. O método usual é a utilização de um único ponto de corte escolhido aleatoriamente, que divide o cromossomo em duas partes. Caso a operação não ocorra, os descendentes serão cópias exatas dos pais (MITCHELL, 1996).

A operação de mutação altera aleatoriamente os valores de alguns genes do cromossomo. A probabilidade de acontecer a operação normalmente é muito pequena, por volta de 1% para cada gene (WHITLEY, 1994).

3 MÉTODOS DE RECOMBINAÇÃO COM TAXA VARIÁVEL

Neste artigo são apresentados três métodos para a operação de recombinação, sugeridos por VIEIRA (2000), que utilizando informações provenientes dos cromossomos, buscam obter a melhor taxa de recombinação sobre os dois indivíduos em análise.

Os métodos atuam diretamente sobre a probabilidade da operação de recombinação, utilizando os valores de aptidão (*fitness*) de um par de cromossomos (x e y), previamente selecionados pelo operador de seleção, para auferir o valor da probabilidade de ocorrência da operação de recombinação.

O primeiro método é chamado de *Proximity*, utilizando a seguinte função para auferir as probabilidades de ocorrência do operador:

$$\text{Proximity}(x, y) = e^{-|x-y|} \quad (\text{Equação 1})$$

O método *Proximity* utiliza uma função simétrica para calcular as probabilidades de ocorrência, ou seja, conforme o valor da adaptabilidade do indivíduo x se aproxima do valor da adaptabilidade do indivíduo y a equação tenderá a 1, seu valor máximo.

Num contexto biológico se pode afirmar que o método *Proximity* beneficia pares de indivíduos com preferências ou personalidades semelhantes, dando-lhes uma probabilidade de gerarem descendentes maior do que a de casais com preferências opostas.

A Figura 1 ilustra o comportamento da função utilizada pelo método *Proximity*. Os valores utilizados são normalizados entre quatro negativo e quatro positivo, e uma das variáveis é fixada em zero, para efeito de visualização.

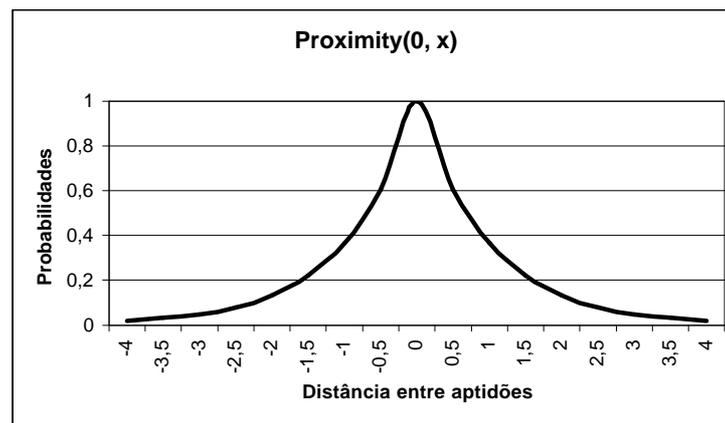


Figura 1: Comportamento da função utilizada pelo método *Proximity*

O segundo método proposto é *Distance*, utilizando a seguinte equação para calcular as probabilidades de ocorrência do operador:

$$\text{Distance}(x, y) = 1 - \text{Proximity}(x, y) \quad (\text{Equação 2})$$

O método *Distance*, da mesma forma que o método *Proximity*, utiliza uma equação simétrica, com valores inversamente proporcionais aos fornecidos pelo método *Proximity*, ou seja, conforme o valor da adaptabilidade do indivíduo x se afasta do valor da adaptabilidade do indivíduo y , a função tenderá a 1.

Num contexto biológico se pode afirmar que o método *Distance* beneficia pares de indivíduos com preferências ou personalidades opostas, dando-lhes uma probabilidade de gerarem descendentes maior do que a de casais com preferências semelhantes. O método *Distance* é uma abstração do velho ditado popular: “Os opostos se atraem!”.

A Figura 2 ilustra o comportamento da função utilizada pelo método *Distance*. Os valores utilizados são normalizados entre quatro negativo e quatro positivo, e uma das variáveis é fixada em zero, para efeito de visualização.

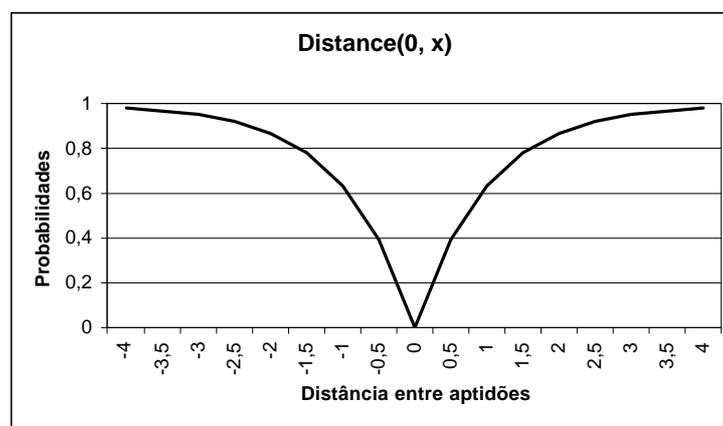


Figura 2: Comportamento da função utilizada pelo método *Distance*

O último método proposto é o *Central*, que se utiliza da seguinte função para calcular a probabilidade de ocorrência do operador recombinação sobre um par de indivíduos:

$$\text{Central}(x, y) = e^{-|0.5 - \text{Proximity}(x, y)|} \quad (\text{Equação 3})$$

O método *Central* beneficia pares de indivíduos cujos valores de adaptabilidade não sejam nem muito semelhantes e nem muito diferentes, ou seja, os valores de adaptabilidade devem estar num meio termo entre os extremos.

Em um contexto biológico se pode afirmar que o método *Central* beneficia pares de indivíduos que possuam algumas preferências iguais e ao mesmo tempo possuam algumas preferências opostas, dando-lhes uma maior probabilidade de gerarem descendentes. Essa função procura representar que indivíduos com aptidões nem muito semelhantes e nem muito opostas, ou em outras situações, com certas características semelhantes mas ao mesmo tempo com outras características opostas, tenham uma maior probabilidade de gerarem descendente.

O método *Central* nunca fornece uma probabilidade de ocorrência da operação de recombinação para um par de indivíduos menor do que 0.6, em oposição aos demais métodos propostos que podem fornecer valores abaixo de 0.6, inclusive zero.

A Figura 3 ilustra o comportamento da função utilizada pelo método *Central*. Os valores utilizados são normalizados entre quatro negativo e quatro positivo, e uma das variáveis é fixada em zero, para efeito de visualização.

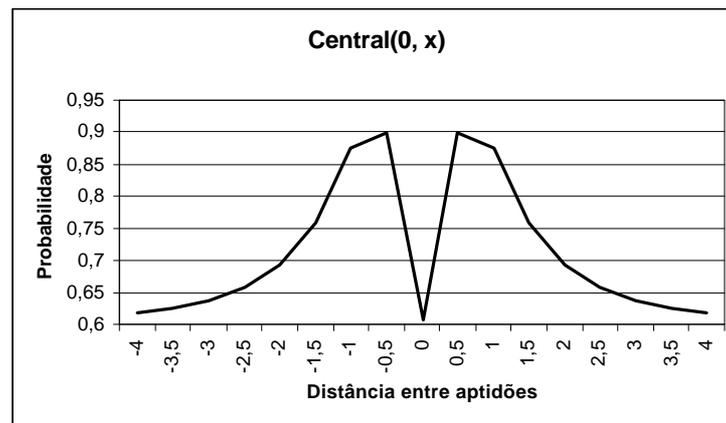


Figura 3: Comportamento da função utilizada pelo método *Central*

Conforme exibido nas figuras acima, os valores fornecidos como resposta pelos métodos propostos variam entre zero (0%) e um (100%). Como os métodos propostos se baseiam na diferença entre duas aptidões, e os valores auferidos para a adaptabilidade de cada cromossomo podem variar entre zero e mais infinito, é necessário normalizar a diferença entre as aptidões, que nos métodos propostos são normalizados entre zero e quatro.

Aos métodos propostos é acrescentado ainda um modificador, chamado de operação *forçada*. A utilização desse modificador inibe que os pais sejam copiados na nova população caso a operação de recombinação não ocorra, não permitindo que os filhos sejam cópias idênticas dos seus respectivos pais, possibilitando uma maior variedade genética.

4 RESULTADOS ALCANÇADOS

Os métodos propostos são comparados com o método tradicional, que utiliza taxas fixas para a operação de recombinação. A plataforma de teste utilizado é o problema do caixeiro viajante

BURIOL (2000), WEST (1994), com uma instância de 58 cidades com distâncias simétricas (TSPLIB, 2001).

A base de dados é criada armazenando, para cada execução de um AG empregando algum dos métodos de recombinação propostos, a menor distância encontrada e a geração onde essa distância apareceu na população pela primeira vez, objetivando observar a qualidade das respostas encontradas e o desempenho dos métodos.

A análise dos métodos será realizada em duas etapas. A primeira etapa objetiva encontrar a melhor configuração de parâmetros para o método em análise, através da análise da superfície de resposta fornecido pelo método utilizando várias configurações de parâmetros.

Utilizando a configuração de parâmetros fornecida pela primeira etapa, são geradas 1000 novas amostras, que formarão a base de dados a ser utilizada na análise descritiva, utilizada para comparar os resultados dos métodos.

As execuções se iniciam sempre com uma população inicial criada aleatoriamente e uma cidade de origem definida também de modo aleatório. Dentre os vários parâmetros que podem ser manipulados num AG, os seguintes são mantidos fixos em todas as execuções:

- Tamanho da população: especifica o número máximo de indivíduos em cada geração, fixado em 100;
- Número de gerações: especifica o número máximo de evoluções que o algoritmo poderá atingir, fixado em 5000;

Com o objetivo de encontrar o conjunto de parâmetros que produza o melhor resultado, são geradas 100 amostras para cada combinação dos parâmetros abaixo relacionados:

- Taxa de recombinação: especifica a probabilidade de ocorrer a operação de recombinação sobre dois indivíduos. São utilizados os valores 0.5, 0.6, 0.7 e 0.8;
- Taxa de mutação: especifica a probabilidade de ocorrer a operação de mutação. São utilizados os valores 0.01, 0.005 e 0.001;

Para o método tradicional são geradas 1200 amostras para a primeira etapa da análise, uma vez que existem 12 combinações possíveis entre os parâmetros utilizados. Para os métodos propostos são geradas apenas 300 amostras para a primeira etapa da análise, uma vez que apenas o parâmetro taxa de mutação é necessário.

Métodos	Média	Desvio Padrão	Valor Mínimo	Valor Máximo
Tradicional	44.206,87	3.789,93	32.906	54.033
Tradicional – forçada	43.469,98	3.852,15	32.913	56.642
Proximity	42.930,11	3.844,71	31.882	55.032
Proximity – forçada	53.657,42	9.684,90	35.574	75.570
Distance	46.010,94	4.227,09	36.699	57.362
Distance – forçada	42.218,78	3.324,46	33.204	53.869
Central	44.030,25	3.721,39	34.875	52.416
Central – forçada	43.274,81	3.906,60	33.089	53.866

Tabela 1: Análise descritiva da variável distância para as amostras da primeira etapa

A Tabela 1 apresenta uma análise descritiva da variável distância para as amostras geradas para a primeira etapa. Uma análise superficial dos resultados apresentados indica que dentre os métodos propostos, o método *Distance* com operação forçada obteve uma melhor qualidade nas respostas, com um desempenho superior de aproximadamente 4.50% sobre o método *Tradicional* e 2.88% sobre o método *Tradicional* utilizando a operação forçada.

A Tabela 2 apresenta os parâmetros utilizados pelos métodos para formar a base de dados utilizada na segunda etapa da análise, base de dados obtida através da execução de 1000 amostras para cada método utilizando sua respectiva configuração de parâmetros.

Métodos	População	Gerações	Taxa de Recombinação	Taxa de Mutação
Tradicional	100	5000	0.8	0.005
Tradicional – forçada	100	5000	0.5	0.005
Proximity	100	5000	-	0.005
Proximity – forçada	100	5000	-	0.005
Distance	100	5000	-	0.005
Distance – forçada	100	5000	-	0.005
Central	100	5000	-	0.005
Central – forçada	100	5000	-	0.005

Tabela 2: Parâmetros utilizados pelos métodos para gerar a segunda base de dados

A Tabela 3 apresenta a análise descritiva da variável geração para os dados obtidos na segunda etapa. Essa análise objetiva avaliar o desempenho dos métodos quanto ao número de gerações necessários, em média, para encontrar a menor distância.

Métodos	Média	Desvio Padrão	Valor Mínimo	Valor Máximo
Tradicional	3.918,56	957,07	922	5.000
Tradicional – forçada	3.969,67	936,40	1.000	5.000
Proximity	4.100,84	838,30	1.257	5.000
Proximity – forçada	4.092,65	827,18	998	5.000
Distance	3.836,00	972,81	560	5.000
Distance – forçada	3.953,21	939,02	453	5.000
Central	3.957,26	909,68	575	5.000
Central - forçada	3.926,05	905,15	864	5.000

Tabela 3: Análise descritiva da variável geração para as amostras da segunda etapa

Conforme apresentado na Tabela 3, o método *Distance* necessita, em média, de um número de gerações menor do que os dos demais métodos para encontrar a resposta, com um desempenho superior de aproximadamente 2.10% sobre o método *Tradicional*, seguido pelo próprio.

Entretanto, o método *Distance* apresenta também o maior desvio-padrão dos resultados dentre os métodos analisados, apresentando um valor aproximadamente 1.57% maior do que o apresentado pelo método *Tradicional*, e ainda 14.97% maior do que o menor valor apresentado, obtido pelo método *Proximity* com operação forçada.

A Tabela 4 apresenta a análise descritiva da variável distância para os dados obtidos na segunda etapa. Essa análise objetiva avaliar o desempenho dos métodos quanto a qualidade das respostas encontradas, buscando o método que encontre as menores distâncias, uma vez que a plataforma de teste é um problema de minimização.

Métodos	Média	Desvio Padrão	Valor Mínimo	Valor Máximo
Tradicional	40.878,47	3.163,35	31.634	50.108
Tradicional – forçada	40.644,92	3.081,16	32.680	52.693
Proximity	40.596,29	3.091,21	32.201	54.419
Proximity – forçada	42.844,01	3.371,79	33.707	53.628
Distance	43.479,15	3.028,94	35.534	53.285
Distance – forçada	40.270,53	3.000,78	31.952	52.472
Central	41.052,70	3.165,18	33.333	52.826
Central - forçada	40.248,44	3.082,11	33.466	50.770

Tabela 4: Análise descritiva da variável distância para as amostras da segunda etapa

Conforme os resultados apresentados na Tabela 4, o método com o melhor desempenho sobre o método *Tradicional* é o método *Central* com operação forçada, com uma melhoria de 1.54%. Em seguida, o método *Distance* com operação forçada e o método *Proximity* (vantagens de

1,48% e 0.69% respectivamente). Os demais métodos apresentaram resultados inferiores aos do método *Tradicional*.

Em comparação com o método *Tradicional* com operação forçada, que obteve uma melhora de 0.57% sobre o método *Tradicional* puro, os desempenhos alcançados pelos métodos propostos sofrem uma redução. O método *Central* com operação forçada alcança uma melhora de 0.97%, o método *Distance* com operação forçada 0.92% e o *Proximity* 0.11%. Os métodos que apresentaram os melhores resultados também apresentaram os menores desvios padrões, confirmando o melhor desempenho sobre o método *Tradicional*.

5 CONCLUSÃO

A utilização de critérios racionais para especificar a taxa de ocorrência da operação de recombinação, considerando características dos indivíduos envolvidos na operação, procura tornar a busca por soluções satisfatórias na superfície adaptativa uma atividade mais eficiente do que as utilizadas pelos métodos convencionais.

Os métodos propostos eliminam a necessidade de se especificar uma taxa, a priori, para a operação de recombinação, que na maioria dos casos é estimada com base na experiência pessoal do pesquisador, auxiliando que resultados mais significativos ou idênticos aos encontrados pelo método tradicional, sejam apresentados sem a necessidade de se experimentar ou estimar várias taxas, até que a mais adequada ao problema em questão seja especificada.

Os métodos propostos para a operação de recombinação foram avaliados em um domínio de problema, havendo a necessidade de serem avaliados sobre outros domínios, para se averiguar o real desempenho dos métodos.

6 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BEASLEY, D.; BULL, D. R.; MARTIN, R. R. (1993). “**An Overview of Genetic Algorithms: Part 1, Fundamentals.**” In *University Computing* 15(2), 58-69.

BURIOL, L. S. (2000). **Algoritmo Memético para o Problema do Caixeiro Viajante Assimétrico como Parte de um Framework para Algoritmos Evolutivos.** Dissertação de

Mestrado, Universidade Estadual de Campinas, Departamento de Engenharia de Sistemas, Faculdade de Engenharia Elétrica e de Computação, UNICAMP, Campinas, São Paulo.

COELLO, C. A. (1995). **Introducción a los Algoritmos Genéticos. In Soluciones Avanzadas. Tecnologías de Información y Estrategias de Negocios 3** (17), 5-11.

GOLDBERG, D. E. (1989). **Genetic Algorithms in Search, Optimization, and Machine Learning**. Addison-Wesley Publishing Company, Inc.

HOLLAND, J. H. (1975). **Adaptation in Natural and Artificial Systems**. University of Michigan Press. Koza, John R. (1990). “Genetically breeding populations of computer programs to solve problems in artificial intelligence.” In **Proceedings of ICANNGA’95 Int’l Conference on Artificial NNs and GAs**, France: Ecole des Mines d’Ales.

KOZA, J. R. (1992). **Genetic Programming – On the programming of Computers by Means of Natural Selection**. A Broad Book.

MILLER, G. F. (2000). **A mente seletiva: como a escolha sexual influencia a evolução da natureza humana**. Dayse Batista (Trad.) Rio de Janeiro: Campus.

MITCHELL, M. (1996) **An Introduction to Genetic Algorithms**. Cambridge: MIT Press.

MITCHELL, M.; TAYLOR, C. E. (1999). “Evolutionary Computation: An Overview.” In **Annual Review of Ecology and Systematics**, 20, 593-616.

SMITH, J. M. (2000). **The theory of evolution**. Cambridge, University Press.

VIEIRA, R. G. S. (2000). **Algoritmos Genéticos com probabilidade de crossover variável**. Artigo Técnico Interno. Florianópolis: Pós-Graduação em Ciência da Computação.

TSPLIB (2001). **Traveling Salesman Problem Library**. Base de dados brazil58.tsp.gz. (<http://www.iwr.uni-heidelberg.de/groups/comopt/software/TSPLIB95/tsp/brazil58.tsp.gz>) Última atualização em 06/12/2001. Última visita em 11/06/2002.

WEST, D. B. (1996). **Introduction to Graph Theory**. Upper Saddle River: Prentice Hall, Inc.

WHITLEY, D. (1994). “**A Genetic Algorithm Tutorial**.” In *Statistics and Computing*, 4, 65-85.