

# Desempenho de Algoritmos Genéticos

## Temas relacionados:

- **Convergência**
  - Decepção
  - Epistasia
  - Multimodalidade
  - Ruído
- **Medidas de Convergência**
  - Medidas de Monitoração
  - Medidas de Previsão
- **Algoritmos Alternativos**
  - Algoritmos *Messy*



# Convergência

## Como caracterizar o sucesso ou insucesso de um GA?

- GAs não garantem a convergência para um ponto ótimo em problemas de otimização.
- GAs podem encontrar soluções sub-ótimas em espaço complexo que satisfaçam as expectativas.
- Convergência é fortemente influenciada pela **modelagem**: representação, decodificação, avaliação, operadores, técnicas e parâmetros.
- Outros fatores que afetam a convergência:
  - **Decepção**
  - **Epistasia**



## Decepção

- Ocorre quando, em uma função, **o ponto ótimo está cercado pelos piores** pontos.
- Os **blocos construtores são desorientados**, devido à função ou código usados, e há dificuldade de se encontrar boas soluções (longo tempo).
- Por definição: Decepção ocorre quando **os melhores schemata de ordem  $k$  não instanciam o ponto ótimo**.
- Problemas artificiais são criados para avaliar o desempenho de GAs.



## Problema Mínimo de Decepção (PMD)

- Problema que viola a hipótese dos blocos construtores:
  - existem schemata curtos, de baixa ordem e com alta aptidão que levam a schemata incorretos de mais alta ordem.
- Two-bit Problem
  - Criado por Goldberg (1987) para avaliar o desempenho de GAs
  - 11 é o ponto ótimo**, então  
 $f(11) > f(10)$ ;  $f(11) > f(01)$  e  $f(11) > f(00)$
- Para não haver decepção em competição de schemata de ordem 1 devemos satisfazer às duas condições:  
**1)  $f(1^*) \geq f(0^*)$  e 2)  $f(*1) \geq f(*0)$**

isto é, melhores schemata de ordem  $K=1$  instanciam o ótimo

## Problema Mínimo de Decepção (PMD)

- Decepção ocorre se um das relações não se verificar.  
Exemplo:

$$1) f(0^*) > f(1^*) \Rightarrow \frac{f(00) + f(01)}{2} > \frac{f(10) + f(11)}{2}$$

$$2) f(*0) > f(*1) \Rightarrow \frac{f(00) + f(10)}{2} > \frac{f(01) + f(11)}{2}$$

- As duas expressões não podem se verificar simultaneamente no PMD (senão 11 não será o ponto ótimo).
- Escolhemos a condição **1)**

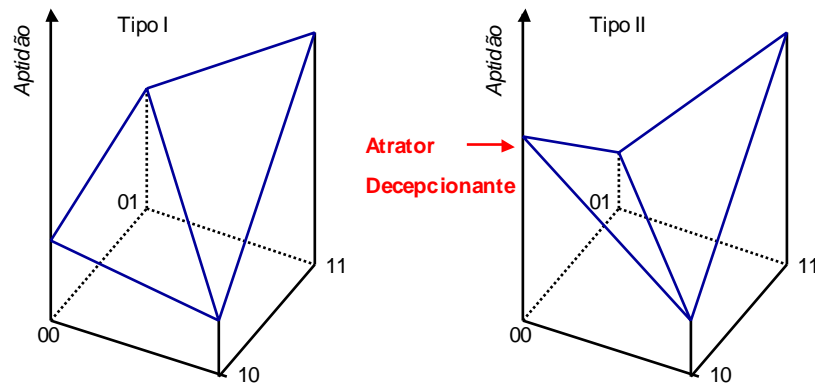


## Problema Mínimo de Decepção (PMD)

- Considerando todos valores positivos temos:  
 $f(00) + f(01) > f(10) + f(11) \Rightarrow f(01) - f(10) > f(11) - f(00)$
- Como  
 $f(11) - f(00) > 0 \Rightarrow f(01) - f(10) > 0 \Rightarrow f(01) > f(10)$
- Analogamente  
 $f(00) - f(10) > f(11) - f(01)$
- Como  
 $f(11) - f(01) > 0 \Rightarrow f(00) - f(10) > 0 \Rightarrow f(00) > f(10)$
- Resta saber a relação entre  $f(00)$  e  $f(01)$ :
  - Tipo I:  $f(01) > f(00) \Rightarrow f(11) > f(01) > f(00) > f(10)$
  - Tipo II:  $f(00) > f(01) \Rightarrow f(11) > f(00) > f(01) > f(10)$



## Representação Gráfica do PMD



Num GA, com a mesma proporção dos pontos na população inicial, o GA converge para para 11

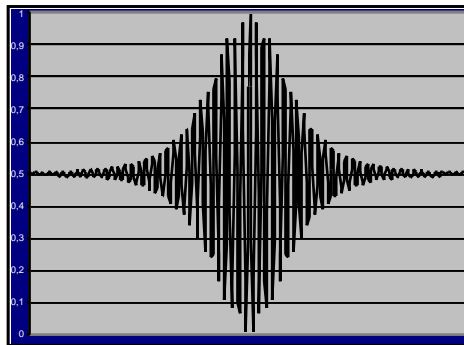
Num GA, se a proporção do ponto 00 é maior na população inicial, o GA converge para para 00

## Epistasia

- Biologia: *Interação funcional de genes: quando um gene não responsável por uma característica influencia o resultado desta característica, diz-se que os genes são epistáticos.*
- Em GAs: *quando há interdependência entre genes.*
- Desse modo, schemata de menor ordem não contém toda informação significativa.
- Schema significativo precisa representar também genes dependentes.
- Construção de blocos deve partir de schemata de maior ordem.

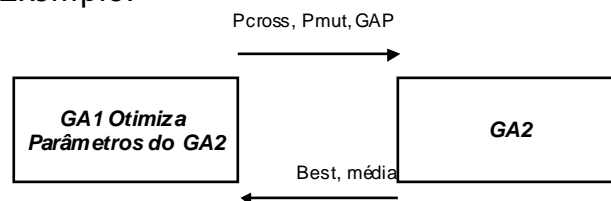
## Multimodalidade

- A existência de vários ótimos locais promove a ocorrência de atratores que afastam a convergência do ponto ótimo. Exemplo: **F6(x,y)**



## Ruído

- Representações Ruidosas:
  - quando é impossível representar de maneira exata o objeto desejado.
- Funções Ruidosas:
  - quando a função de avaliação retorna diferentes avaliações para o mesmo cromossoma.
- Exemplo:



## Medidas de Convergência

- Medidas de Monitoração
  - procuram acompanhar o comportamento da população ao longo da execução do GA.
    - On-line
    - Off-line
    - Best-so-far
    - Proporção dos Valores dos alelos
- Medidas de Previsão
  - estimar o grau esperado de dificuldade de um problema para o GA realizar a convergência a um ponto ótimo .
    - FDC (Fitness Distance Correlation)
  - avaliação dos pontos aumenta a medida que estes se aproximam do ponto ótimo.



## On-line e Off-line

- A medida On-line premia a rápida obtenção de boas soluções
- A medida Off-line premia melhores soluções, independente do tempo necessário para encontrá-las. (De Jong)

$$\text{medida (t)} = \frac{1}{T} \sum^T f^*(t)$$

- On-line:  $f_e^*(t)$  = valor da função dos indivíduos.
- Off-line:  $f_e^*(t)$  = valor da função dos melhores indivíduos.
- Em aplicações executadas “OFF-LINE”, o número total de avaliações do GA não é tão importante quanto para as aplicações que são executadas “ON-LINE”.



## Exemplo

- Sejam 5 indivíduos criados em 5 passos até o momento:  
{17, 21, 13, 28, 22}
- A medida **On-line(t)** é a média das avaliações de todos os indivíduos avaliados até o passo de avaliação t.  
$$\text{On-line}(t=3) = (17+21+13)/3=17$$
$$\text{On-line}(t=4) = (17+21+13+28)/4=19,75$$
$$\text{On-line}(t=5) = (17+21+13+28+22)/5=20,2$$
- A medida **Off-line(t)** é o valor médio das avaliações dos melhores indivíduos encontrados a cada passo de avaliação até o passo t.  
$$\text{Off-line}(t=3) = (17+21+21)/3=19,66$$
$$\text{Off-line}(t=4) = (17+21+21+28)/4=21,75$$
$$\text{Off-line}(t=5) = (17+21+21+28+28)/5=23$$

## Proporção dos Valores dos Alelos

- Um gene converge quando o seu alelo é o mesmo para, pelo menos, **95%** da população. (De Jong)
- A convergência do GA ocorre quando **todos os genes** da representação superam a taxa de 95%.
- A proporção de alelos permite avaliar o **grau de convergência** de um GA ao longo da execução e ser usada como critério de parada.

## FDC (Fitness Distance Correlation)

- Calcula a correlação entre Aptidão e Distância (ao ponto ótimo global) para os pontos do espaço de busca de um problema.
- $FDC = cov(F,D) / \sigma(F) \cdot \sigma(D)$
- $FDC = 1/n [\sum (f_i - f_{av}) (d_i - d_{av})] / \sigma(F) \cdot \sigma(D)$
- Correlação é a covariância normalizada entre -1 e 1
- FDC próximo a -1 indica que a avaliação dos pontos aumenta a medida que estes se aproximam do ponto ótimo.



## Algoritmos Alternativos

- Algoritmos que buscam melhor desempenho (convergência) através de métodos não convencionais em algoritmos genéticos.
- **Algoritmo Messy** (Goldberg)
  - Idealizado de modo a relaxar a rigidez posicional da representação tradicional.
  - Aumenta as chances de aproximar genes interdependentes que estão inicialmente distantes.
  - Adequado para problemas epistáticos.





## Algoritmo Messy

- Representação:
  - cada gene é representado por 2 valores: **(locus, alelo)**.  
Ex: Cromossoma [0 1 0 0 1 1] é representado por  
[ (1 0) (2 1) (3 0) (4 0) (5 1) (6 1) ]
- Operadores:
  - **Cut**: escolhe o ponto de corte e corta cromossomas  
[ (1 0) (2 1) (3 0) (4 0) ] ↓ [ (5 1) (6 1) ]
  - **Splice**: concatena os cromossomas  
[ (1 0) (2 1) (3 0) (4 0) (5 1) (6 1) ]
  - A aplicação do Splice não é vinculada a realização do Cut.



## Messy

- Consequências:
  - **Independência posicional** dos genes
  - **Sobre-especificação**: mais de um gene com o mesmo locus
  - **Sub-especificação**: determinado locus não está representado
- Exemplo:  
[ (1 0) (4 0) (3 1) (5 0) (2 1) ] e [ (2 0) (1 1) (3 0) (5 1) (4 1) ]
- Operador Cut:  
[ (1 0) (4 0) (3 1) ] [ (5 0) (2 1) ] e [ (2 0) (1 1) (3 0) (5 1) ] [ (4 1) ]
- Operador Slice:  
[ (1 0) (4 0) (3 1) (2 0) (1 1) (3 0) (5 1) ] ➔ sobre-especificado  
[ (5 0) (2 1) (4 1) ] ➔ sub-especificado

