

MÚLTIPLES VALORES ÓPTIMOS CON ALGORITMOS GENÉTICOS

Daniel D. Carpintero* y Erika Gularte*

*Facultad de Ciencias Astronómicas y Geofísicas
Universidad Nacional de La Plata,
Paseo del Bosque S/N (B1900FWA), La Plata, Argentina,
y CONICET, Argentina
email: ddc@fcaglp.unlp.edu.ar, erika@fcaglp.unlp.edu.ar

Claves: Algoritmos genéticos, Métodos numéricos, Optimización.

Abstract. *Los códigos de optimización basados en algoritmos genéticos permiten explorar completamente el espacio de soluciones disponible, logrando así obtener el valor óptimo buscado sin quedar atrapado en valores óptimos locales. Esta característica constituye la principal ventaja de este tipo de optimizadores frente a los tradicionales. Un código, frecuentemente usado, que implementa estas ideas, es el PIKAIA. Este optimizador, no obstante, en presencia de más de un valor óptimo absoluto, no es siempre capaz de discernir la totalidad de los mismos. En estos casos, toda la población tiende hacia un único valor óptimo y sólo con una excesiva mutación, teóricamente inconsistente con la obtención de resultados razonables, se encuentran todas las soluciones buscadas. Mostramos este comportamiento con un sencillo ejemplo, y mostramos cómo corregir este efecto.*

1. INTRODUCCIÓN: ALGORITMOS GENÉTICOS

Las tareas de optimización (entre las cuales se encuentran las de minimización y maximización, es decir, hallar extremos de una función), normalmente se llevan a cabo con éxito usando potentes y probadas técnicas numéricas. Sin embargo, existen situaciones en las cuales dichas técnicas fallan estrepitosamente. En particular, la mayoría de ellas necesitan de un valor inicial correctamente elegido para poder encontrar el máximo (o mínimo) absoluto de una dada función; de otra manera, quedan irremediabilmente atrapadas en cualquier extremo relativo. Este comportamiento es particularmente problemático en situaciones en las que el máximo absoluto se encuentra cerca de uno o más máximos relativos, ya que en tal caso la elección de un valor inicial adecuado implica una labor casi comparable a la de hallar el máximo absoluto.

Los algoritmos genéticos^{1,2,3} son técnicas heurísticas de búsqueda que incorporan, en lenguaje matemático, la noción biológica de evolución. Estos algoritmos, con la evolución natural como inspiración, usan selección artificial y operadores de cruce genético y de mutación para manipular cadenas de números que codifican las variables del problema, alcanzando soluciones que van mejorando sin pausa a medida que el algoritmo avanza.

Usando como ejemplo el problema de maximizar una función real de 2 variables reales $f(x, y)$, los pasos a seguir para obtener una solución con un algoritmo genético serían los siguientes: 1) Establecer una *función de aptitud*, que indica numéricamente cuándo un punto (x, y) está más cerca de la solución (el máximo) que otro. En este caso, el valor $f(x, y)$ o cualquier función monótona de f serviría como función de aptitud, ya que simplemente mayores valores de f indican valores más aptos de (x, y) . 2) Generar un conjunto inicial de puntos (x, y) (la *población*) al azar, y evaluar la aptitud de cada individuo. 3) Generar una nueva población de puntos, a partir de puntos seleccionados de la vieja población. Esta selección, naturalmente, está vinculada a la aptitud calculada. 4) Reemplazar la vieja población por la nueva, que tendrá, en promedio, una mejor aptitud (es decir, estará en promedio más cerca de la solución). 5) Verificar si el individuo más apto está dentro de la tolerancia buscada para la solución; si no lo está, volver a generar una nueva población.

Así descrito, el algoritmo es prácticamente indistinguible del método de Montecarlo⁴, que buscaría el máximo a ciegas probando repetidamente con distintos puntos (x, y) hasta dar con la solución. Lo que diferencia sustancialmente al algoritmo genético del de Montecarlo es el tercer paso, que se realiza teniendo en cuenta tres ingredientes que constituyen el condimento genético: 1) la obtención de los nuevos puntos (*individuos* o *fenotipos*) se realiza a partir de la codificación de sus "padres" en cadenas numéricas de *genes* llamadas *genotipos*, y no a partir de los valores de los puntos mismos; 2) los genotipos de los descendientes, antes de ser decodificados en fenotipos (puntos (x, y)), son sometidos a operadores de cruce de genes y de mutación, que involucran procedimientos en los que el azar juega un importante papel; 3) la probabilidad de que un dado individuo sea seleccionado para ser "padre" legar así parte de sus genes a la siguiente generación es proporcional a su aptitud. Una descripción detallada del funcionamiento de los algoritmos genéticos está más allá del propósito de este artículo, por lo que remitimos al lector a las obras de Goldberg² y Davis³.

La gran ventaja de los algoritmos de optimización basados en algoritmos genéticos estriba en la posibilidad de encontrar máximos en situaciones desventajosas para los algoritmos tradicionales, entre las cuales mencionaremos: a) cuando además del máximo absoluto existen máximos relativos, en especial cuando están cercanos y/o su amplitud es similar a la del absoluto, y b) cuando el espacio a explorar tiene muchas dimensiones, situación en la que el único método estándar en la práctica es la búsqueda al azar utilizando alguna variedad Montecarlo.

En la Fig. 1 presentamos un ejemplo del primer caso. La función a maximizar

$$f(x, y) = [16x(1 - x)y(1 - y) \operatorname{sen}(9\pi x) \cos(9\pi y)]^2 \quad (1)$$

tiene 81 máximos locales en el dominio considerado $0 \leq x \leq 1$, $0 \leq y \leq 1$, lo que para un algoritmo tradicional constituye una pesadilla; el punto inicial debe darse dentro del limitado rango $\frac{4}{9} < x < \frac{5}{9}$, $\frac{4}{9} < y < \frac{5}{9}$, correspondiente a la cuenca del máximo absoluto, para evitar caer en otro máximo local. El algoritmo genético, por otra parte, encuentra con toda facilidad el máximo absoluto sin mediar ningún análisis previo de la forma de la función⁵.

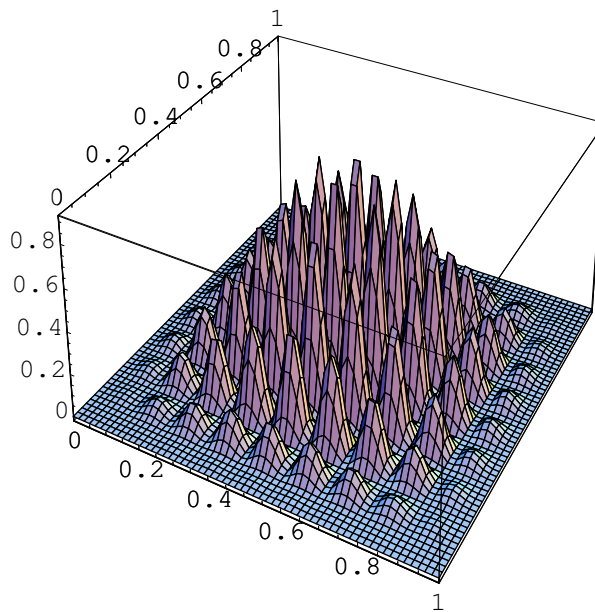


Figura 1: Función a optimizar con 81 máximos locales, Ec. (1).

2. EL PROGRAMA

En el marco de una investigación sobre el camino dinámico que una galaxia debe tomar para llegar al equilibrio, necesitábamos de un algoritmo que pudiera encontrar varios máximos absolutos en un espacio de muchas dimensiones, $n \gg 1$. Naturalmente, la elección recayó en un algoritmo genético (siendo el método de Montecarlo la única alternativa viable); en particular, elegimos el algoritmo genético estándar PIKAIA^{5,6}. Este algoritmo está codificado en

FORTTRAN 77, es de aplicación general a cualquier problema de optimización, y cuenta con una serie de parámetros que describimos brevemente a continuación.

1) El *número de individuos* de una generación (es decir, el número de puntos simultáneos que se evalúan) y el *número de generaciones* durante las cuales se desarrolla la evolución. Una centena de individuos y unas 500 generaciones suelen bastar para optimizar la mayoría de problemas.

2) El *ritmo de mutación*, μ , que se da como la probabilidad de que un gen (dígito) cualquiera del genotipo de un individuo cualquiera sufra una modificación aleatoria en el momento de ser generado por sus padres; un valor típico es $\mu \simeq 0,001$. La mutación es el factor que permite la existencia de diversidad en la población, de manera de evitar la rápida convergencia de la misma a una solución, que puede ser incorrecta, y que no pueda salir de allí. Mediante un ingenioso mecanismo, el programa puede decidir si la población ha convergido demasiado desde el punto de vista genético, y aumentar entonces el ritmo de mutación, o si ha divergido en demasía, disminuyendo consecuentemente dicho ritmo. También puede optarse por un ritmo constante.

3) El método de incorporar nuevos individuos a la población, o *plan de reproducción*. Las estrategias son innumerables, aunque son tres las más útiles: a) el reemplazo generacional, en el cual se generan N descendientes, y estos reemplazan simultáneamente a los N padres; b) la eliminación del menos apto, en la cual cada individuo al ser generado reemplaza inmediatamente al menos apto; y c) ídem b) pero el reemplazado se elige al azar. La estrategia estándar es la a).

4) El *elitismo*, que consiste en preservar al individuo más apto, evitando que sea reemplazado cuando cambia la generación. De esta manera, la solución más prometedora se conserva. El elitismo es usado en forma estándar.

5) La *presión de selección*, $0 \leq f_d \leq 1$, parámetro que indica cuánta ventaja supone tener una aptitud alta para ser elegido progenitor. Cuando $f_d = 1$, la ventaja es máxima (es decir, los individuos más aptos tienen las mayores ventajas para transmitir sus genes); con $f_d = 0$, la presión de selección se anula, y los individuos son elegidos al azar, independientemente de su aptitud (eliminando así la componente genética del algoritmo). El valor estándar es el máximo.

6) El *ritmo de entrecruzamiento de genes*, que consiste en la probabilidad p_c de que los genes de los padres se entrecrucen al generar la descendencia. En caso de que no se dé el cruzamiento, los genes parentales pasan sin modificación a sus descendientes. Un valor estándar es $p_c \simeq 0,85$.

3. EL PROBLEMA

Para encontrar el conjunto buscado de máximos absolutos, razonábamos, bastaría con verificar, al final de la simulación, la distribución completa de la población, esperando que el individuo más apto estuviera en uno de los máximos absolutos, que alguno de los demás individuos más aptos estuviera en otro máximo absoluto, y así siguiendo con el resto de la población. Al graficar la distribución completa de la población, entonces, se esperarían encontrar a la misma distribuida más o menos uniformemente en todos los máximos absolutos, y tal vez (como sucede habitualmente), alguna parte de la población distribuida también en algún máximo relativo.

Para verificar esta hipótesis, diseñamos un sencillo experimento consistente en la maxi-

mización del par de gaussianas bidimensionales

$$f(x, y) = \exp \left[\frac{(x - 0,25)^2 + (y - 0,25)^2}{\sigma^2} \right] + \exp \left[\frac{(x - 0,75)^2 + (y - 0,75)^2}{\sigma^2} \right], \quad (2)$$

donde $0 \leq x \leq 1$, $0 \leq y \leq 1$, y $\sigma = 0,3$ (ver Fig. 2). Esta función posee sus dos máximos en $(0,252013 ; 0,252013)$ y $(0,747987 ; 0,747987)$, puntos en los cuales toma el valor $f = 1,00395$. Utilizando parámetros estándar para el algoritmo genético, luego de 500 generaciones de 100 individuos el resultado es sorprendente: la población queda totalmente concentrada en uno, y sólo un máximo (el cercano a $(0,25 ; 0,25)$); ningún individuo prefiere el otro. Un estudio pormenorizado de la evolución de la población arrojó el motivo por el cual sucede esto: una vez que uno o dos individuos llegan a uno de los máximos, su éxito reproductivo es tal que toda la población tiende rápidamente a ese máximo (Fig. 3).

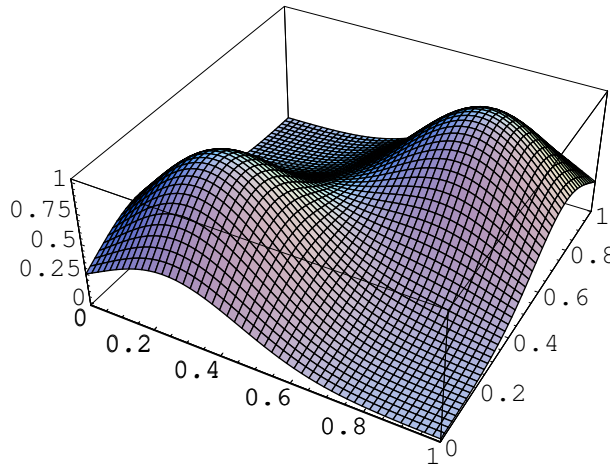


Figura 2: Función a optimizar con dos máximos absolutos, Ec. (2).

Claramente, este resultado no sólo no nos permite llevar a cabo con éxito los experimentos con multiplicidad de máximos, sino que ni siquiera satisface las expectativas de comportamiento del algoritmo genético, ya que el resultado es indistinguible del de un algoritmo tradicional con valor inicial en la cuenca del máximo hallado.

4. EXPERIMENTOS NUMÉRICOS EN BÚSQUEDA DE LA SOLUCIÓN: VARIACIÓN DE PARÁMETROS

Suponiendo que esta situación era debida a una desafortunada selección de valores para los parámetros del algoritmo, diseñamos una serie de experimentos en los que variamos dichos valores, buscando la maximización de la función (2) en todos ellos.

En primer lugar se varió el plan de reproducción, utilizando la estrategia de eliminar al menos apto (a la que llamaremos de aquí en más plan *B*) en lugar del reemplazo generacional completo

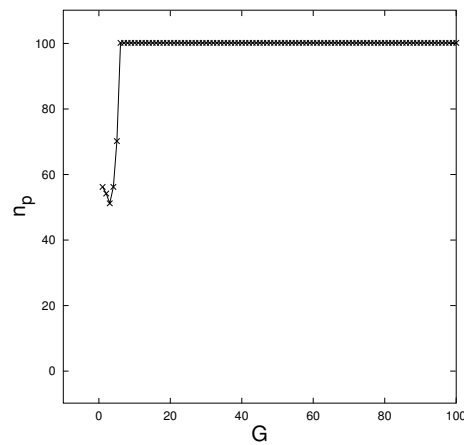


Figura 3: Número de individuos n_p en la cuenca del máximo absoluto correspondiente al punto $(0,252013 ; 0,252013)$ de la Ec. (2) en función de la generación G .

(al que llamaremos plan A); el resultado no varió, es decir, toda la población siguió convergiendo rápidamente al máximo cercano a $(0,25 ; 0,25)$.

Los siguientes experimentos consistieron en variar tanto el número de individuos como el número de generaciones, utilizando en cada caso los dos planes reproductivos A y B ; ninguna de estas alternativas produjo modificaciones en el resultado.

Se realizaron luego sendos experimentos utilizando los valores $p_c = 0 ; 0,25 ; 0,5$ y 1 para el ritmo de cruce (correspondiendo el primero de ellos a eliminar el cruce, dejando la evolución exclusivamente en manos de la mutación), y probando en cada caso con ambos planes de reproducción A y B y el resto de los parámetros en su valor estándar. En ninguno de estos experimentos se observó variación alguna en el estado final de la población.

Luego modificamos el elitismo. La eliminación de esta característica no logró modificar en absoluto el resultado de la simulación.

La mutación fue el siguiente parámetro considerado. Utilizando ambos planes de reproducción A y B y mutación variable, y utilizando valores iniciales de mutación $\mu = 0,0005 ; 0,01 ; 0,09 ; 0,095$ y $0,1$, se obtuvieron nuevamente los resultados previos, aunque con una salvedad: en el caso de $\mu = 0,1$ con plan A , el máximo al cual convergió la población fue el cercano a $(0,75 ; 0,75)$. En estos experimentos, la mutación variable convergió rápidamente a su máximo valor permitido de $0,25$ (valor que tiene por objetivo evitar divergencias muy grandes en la población y que la reproducción se realice en ese caso esencialmente al azar). Para verificar lo que sucedería en el caso de una mutación mayor, elegimos, con el plan B , un valor alto y constante de μ . Para valores $\mu < 0,75$, la situación no varió, pero para $\mu = 0,75$, apareció por primera vez como resultado la población repartida (en partes desiguales) en ambos extremos. Para valores de $\mu = 0,8 ; 0,9$ y 1 , respectivamente, encontramos que la población va repartiéndose en forma cada vez más equitativa entre los máximos, y la dispersión de individuos alrededor de los máximos va aumentando. Es claro que, en el caso $\mu = 1$, con el plan B utiliza-

do, el algoritmo es equivalente a un Montecarlo en el cual cada número generado reemplaza al más alejado de la solución. Esto hace que, con cada punto nuevo generado, el rango de valores de la función vaya disminuyendo, y así llega un punto en que la evolución se detiene por completo, ya que nuevos puntos tienen grandes probabilidades de tener menor aptitud que cualquier miembro de la población, descartándose automáticamente por ser el menos apto. Esto, claramente, hace que, aun cuando se ha logrado que la población se distribuya en ambos máximos, el juego de parámetros encontrado no sea útil en el sentido de encontrar soluciones mediante métodos genéticos.

El siguiente parámetro a estudiar fue la presión de selección, con el resto de los parámetros en sus valores estándar. Con valores de presión de selección alta a media ($f_d = 0,9$ a $f_d = 0,5$), y utilizando ambos planes de reproducción, la población se agrupó nuevamente en uno u otro máximo. Cuando la presión de selección usada fue suficientemente baja ($f_d = 0,4$ a $f_d = 0,3$), valores que ya no son razonables para el correcto funcionamiento de la evolución, la población comenzó a distribuirse casi al azar, sin aglutinarse en los máximos.

La siguiente prueba consistió en cambiar el plan B por la estrategia de insertar a cada nuevo individuo eliminando un poblador de la vieja generación al azar (aunque conservando el elitismo) (Plan C), manteniendo la mutación completa $\mu = 1$. De esta manera, cada nuevo individuo no desplaza automáticamente a otro, y la convergencia debería ser más lenta. En este experimento, la población se acumuló nuevamente en ambos máximos, aunque con mayor dispersión que en los casos anteriores. Esta convergencia a los máximos tiene su explicación en el hecho de que, aun cuando en este experimento cada nuevo individuo no necesariamente provoca la eliminación de otro, cada vez que sí lo hace la aptitud del menos apto crece. Es una cuestión de tiempo, entonces, lograr una aptitud mínima en la población suficientemente alta como para emular el comportamiento del Plan B . Por otra parte, mediante un experimento con elitismo eliminado, se verificó que éste no es un factor de influencia en el resultado obtenido en este caso.

Al llevar a cabo un experimento con $\mu = 1$ pero con Plan A , efectivamente se encuentra que la población final se distribuye completamente al azar, como es de esperar del método de Montecarlo al cual este experimento en particular emula por completo. Variando el nivel de mutación en experimentos adicionales, se encuentra lo esperado: con valores $0,4 < \mu < 1$, la población sigue distribuyéndose al azar. Cuando $\mu \simeq 0,3$, la población se agrupa claramente alrededor de un único máximo, con gran dispersión. Esta dispersión va disminuyendo a medida que seguimos disminuyendo μ , aunque siempre agrupándose la población alrededor de un único máximo.

En resumen, para lograr que la población se distribuyese en ambos máximos se debieron utilizar valores de mutación $\mu \geq 0,75$, muy superiores a los valores estándar necesarios para que la evolución funcione correctamente. En otras palabras, los resultados deseados se obtienen sólo cuando asemejamos el algoritmo genético a un método de Montecarlo. La única ventaja sobre el método de Montecarlo sería que con pocos puntos (individuos) y unas pocas generaciones ya se llega a la solución. Sin embargo, esto no es lo buscado, ya que al trabajar con mutación completa con PIKAIA se va destruyendo la dirección hacia la que va la solución, perdiéndose

así los atributos de un algoritmo genético. Por otra parte, con valores razonables de mutación ($\mu \leq 0,25$), la población queda rápidamente localizada alrededor de un único máximo. Y si se elimina la mutación, aunque el algoritmo convergerá más rápidamente a una solución, ésta podría ser un máximo local (inexistente en nuestros experimentos, pero posiblemente presente en funciones complicadas de muchas dimensiones), compartiendo así el problema de los algoritmos tradicionales, problema que justamente se quiere evitar con los algoritmos genéticos. Así, resta encontrar entonces cómo obtener ambos máximos utilizando valores razonables de los parámetros que permitan un funcionamiento adecuado de la búsqueda evolutiva.

Una cuestión que vale la pena remarcar es que en casi todos los casos mencionados hasta aquí en los que la población se decidió por un único máximo, éste fue el correspondiente al punto $(0,25; 0,25)$. Esto nos lleva a advertir que, en cualquier tipo de experimento realizado con algoritmos genéticos, es osado afirmar que una dada solución encontrada es única cuando, al variar los parámetros, se obtiene repetidamente esa única solución.

5. EXPERIMENTOS NUMÉRICOS EN BÚSQUEDA DE LA SOLUCIÓN: CAMBIO DE LA FUNCIÓN A MAXIMIZAR.

Existe la posibilidad de que la función a maximizar utilizada sea suficientemente suave (o "fácil" de resolver) como para que la población converja sólo a un máximo por el hecho de que un individuo llegue rápidamente a la máxima aptitud, y así arrastre al resto de la población al máximo al cual pertenece. Para verificar esto, diseñamos varios experimentos en los que variamos los parámetros de la función a maximizar, aunque manteniéndola esencialmente como dos gaussianas bidimensionales.

En primer lugar, variamos la dispersión de las gaussianas. De esta manera, intentamos verificar si la dificultad para encontrar el máximo evita el arrastre poblacional. Tanto al utilizar una dispersión mayor ($\sigma = 1$) como una dispersión menor ($\sigma = 0,0001$), la población siguió prefiriendo un único máximo.

La mutación, al variar un gen de un individuo al azar, puede modificarlo poco o mucho dependiendo del gen alterado. Así, la distancia entre los máximos podría ser un factor de peso a la hora de redistribuir a la población en ambos. Por lo tanto, esta distancia fue el siguiente parámetro a estudiar. Al variar la distancia, por supuesto, debe variarse en forma acorde la dispersión de manera tal que persistan dos máximos al sumar las gaussianas. La distancia d de la función trabajada hasta el momento era de 0,707. Los experimentos con $d = 0,47$ ($\sigma = 0,3$), $d = 0,28$ ($\sigma = 0,1$) y $d = 0,14$ ($\sigma = 0,07$) dieron como resultado una vez más una preferencia por un único máximo, aun con alta mutación ($\mu = 1$). Al analizar las distintas generaciones, verificamos que, en algunas de ellas, el segundo máximo aparecía, aunque con pocos pobladores, para luego desaparecer en la siguiente generación. Es decir, el encontrar ambos máximos depende de la generación en la que termina el algoritmo, resultado claramente indeseable.

6. SOLUCIÓN: SEMILLA DEL GENERADOR DE NÚMEROS AL AZAR

Finalmente, decidimos modificar la semilla del generador de números al azar, para verificar si la preferencia de la población por uno u otro máximo dependía de ello. Elegimos entonces tres conjuntos de parámetros que reflejan distintas situaciones encontradas en las soluciones: la población agrupada en el máximo correspondiente al punto $(0,25 ; 0,25)$, la población agrupada en el otro máximo $(0,75 ; 0,75)$, y la población repartida en ambos máximos. Realizando experimentos con 100 semillas generadas al azar en cada uno de los tres casos mencionados, finalmente encontramos que aproximadamente la mitad de las corridas convergió rápidamente a un máximo y la otra mitad al otro. Es decir, para determinar la existencia de ambos máximos bastaría entonces con tomar los individuos más aptos de varios experimentos que difieran en sus semillas, en lugar de considerar la distribución final de la población de un único experimento.

Alentados por este resultado, repetimos los experimentos pero utilizando ahora cuatro gaussianas bidimensionales simétricamente distribuidas en el cuadrado unitario:

$$f(x, y) = \exp \left[\frac{(x - 0,25)^2 + (y - 0,25)^2}{\sigma^2} \right] + \exp \left[\frac{(x - 0,25)^2 + (y - 0,75)^2}{\sigma^2} \right] + \exp \left[\frac{(x - 0,75)^2 + (y - 0,25)^2}{\sigma^2} \right] + \exp \left[\frac{(x - 0,75)^2 + (y - 0,75)^2}{\sigma^2} \right], \quad (3)$$

con $\sigma = 0,3$. Una vez realizados los experimentos con 100 semillas distintas generadas al azar, y usando valores estándar para los parámetros del ΠΙΚΑΙΑ, uno de los máximos fue elegido por el individuo de mayor aptitud en 20 oportunidades, otro en 31, otro 24 veces, y el cuarto máximo fue elegido en 25 experimentos. Un test χ^2 con $\nu = 3$ grados de libertad, arrojó un valor de $P(\chi^2 | \nu) = 0,35$ para la probabilidad de que el χ^2 obtenido no sea superado por azar, confirmando que la distribución es compatible con la hipótesis de haber sido obtenida por azar.

La solución al problema planteado residiría, entonces, en encontrar un conjunto adecuado de parámetros del ΠΙΚΑΙΑ para encontrar un primer máximo, y luego variar la semilla para encontrar si existen otros máximos. Un conjunto adecuado de parámetros significa, en este contexto, aquel que permite llegar rápidamente a uno cualquiera de los máximos. Así, en los ejemplos usados hasta aquí, casi cualquier valor de los parámetros puede considerarse adecuado. Sin embargo, para problemas de maximización más complejos, este conjunto habrá que buscarlo, de manera similar al caso de búsqueda de un único máximo.

Por otra parte, es claro que cuanto mayor sea la cantidad de máximos, mayor deberá ser la población a utilizar y mayor la cantidad de experimentos a realizar. En el caso esperado de que los máximos sean encontrados al azar, la distribución de soluciones en los máximos tendrá fluctuaciones poissonianas, por lo que deberá realizarse un mínimo de $\mathcal{N}\sqrt{\mathcal{N}}$ experimentos para tratar de asegurar (estadísticamente) el encuentro de \mathcal{N} máximos absolutos iguales. Aun así, no existiría la seguridad de haber encontrado todos. Adicionalmente, cuantos más experimentos se realicen, más se desdibuja la ventaja de utilizar esta metodología frente al método directo de Montecarlo.

7. MÉTODO DE LOS POZOS

Una manera relativamente sencilla de evitar la realización de tantos experimentos, y al mismo tiempo asegurar el encuentro de todos los máximos absolutos existentes, es la siguiente:

- 1) Encontrar, con un conjunto de parámetros adecuado y una dada semilla, uno de los máximos de la función a optimizar.
- 2) Eliminar de la búsqueda a la región circundante a este máximo, asignándole una aptitud nula, y buscar un segundo máximo con una segunda semilla.
- 3) Repetir el proceso hasta que el máximo encontrado tenga una aptitud menor a la de los anteriores.

Esto equivale a construir un "pozo" en la función alrededor de cada máximo encontrado; el último paso correspondería al momento en el que, agotados los máximos absolutos, el máximo de la función resultante cae en el borde de uno de los pozos, cuyo valor obviamente será menor que el de los máximos eliminados.

Utilizando este algoritmo con una función consistente en 7 gaussianas bidimensionales con máximos absolutos iguales (Fig. 4a), se logró efectivamente encontrar los 7 máximos al cabo de 7 corridas; el algoritmo paró automáticamente al agotarse los máximos. La Fig. 4b muestra la distribución final de los individuos más aptos en cada uno de los 7 experimentos, señalando efectivamente la localización de los 7 máximos. Una variación de este experimento, en la que se redujo la altura de 5 de los máximos de manera tal de conservar sólo 2 máximos absolutos y crear 5 máximos locales, también culminó exitosamente, encontrándose sin dificultad los dos máximos deseados.

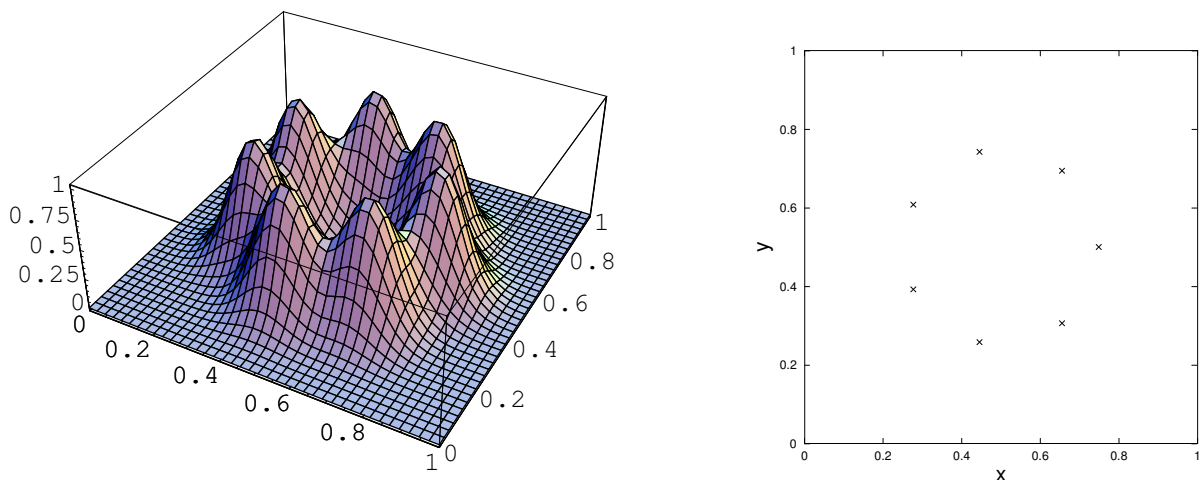


Figura 4: (a) Izq.: Función a optimizar con 7 máximos locales. (b) Der.: Localización de los máximos encontrados con el PIKAIA.

Para poner a prueba el método, utilizamos la función (Fig. 5a)

$$f(x, y) = \cos(16\pi x) \sin(16\pi y), \quad (4)$$

la cual tiene 136 máximos absolutos iguales en la región $0 \leq x \leq 1$, $0 \leq y \leq 1$ a estudiar. La Fig. 5b muestra la distribución de los individuos más aptos luego de 136 experimentos; el método ha podido encontrar sin dificultad la totalidad de los máximos.

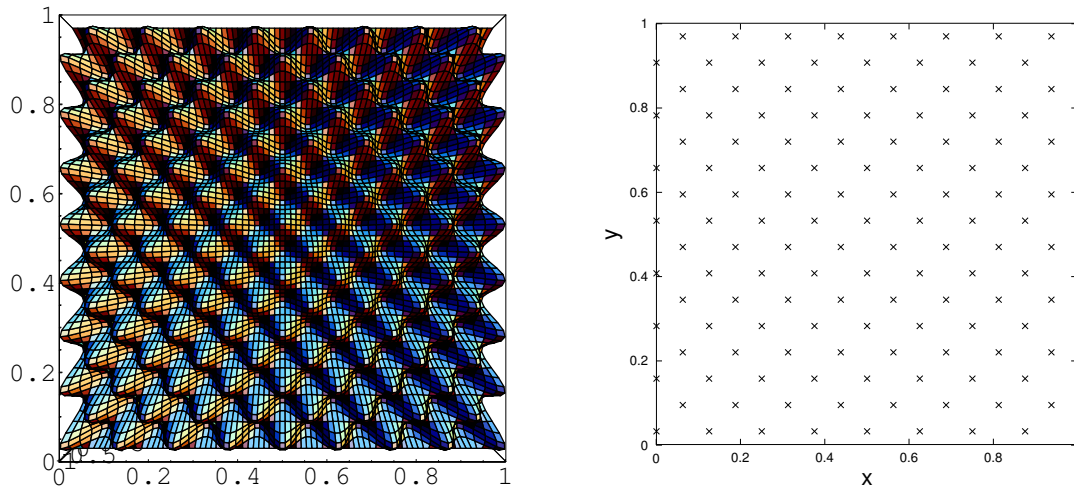


Figura 5: (a) Izq.: Función a optimizar con 136 máximos locales. (b) Der.: Localización de los máximos encontrados con el PIKAIA.

Es claro que, para el éxito de este método, dos parámetros adicionales han de ser elegidos con cierto cuidado: el diámetro (n -dimensional) de la región a eliminar con cada máximo, y el valor que ha de considerarse menor que los máximos encontrados, que está relacionado con el anterior aunque no son deducibles uno de otro en el caso general.

Desde un punto de vista práctico, aunque ya no sería necesario variar la semilla en cada corrida, ya que los máximos previamente encontrados son eliminados, es conveniente seguir haciéndolo, ya que la semilla original volvería a intentar pasar por el primer máximo, con la consiguiente pérdida de tiempo computacional.

Una observación final, válida para cualquier caso de búsqueda de máximos múltiples, es que el número total de individuos debe ser igual o mayor, preferiblemente mucho mayor, al número esperado de máximos. Así, en aquellos casos en los que no es posible estimar el número de máximos, debe verificarse si el número de máximos encontrados es superior al número de individuos; si es así, es indicio de que la población no ha logrado identificar aún la totalidad de máximos existentes, debiéndose en tal caso aumentar la misma.

8. CONCLUSIÓN

El uso de algoritmos genéticos para buscar una pluralidad de máximos absolutos sufre del inconveniente de que, cuando se usan valores razonables para el algoritmo, la población tiende a agruparse exclusivamente en uno solo de ellos, ignorando la existencia del resto. Para lograr encontrar todos, es necesario realizar más de un experimento, variando la semilla del generador de

números al azar en cada caso, para lograr que la solución explore todos los máximos existentes, hallando de a uno por experimento. Es claro que, cuanto mayor sea la cantidad de máximos, mayor deberá ser la población a utilizar y mayor la cantidad de experimentos a realizar. Para evitar el crecimiento indiscriminado de tiempo de cómputo que ello conllevaría, y, al mismo tiempo, incluir aquellos casos en lo que se desconoce a priori el número total de máximos de la función a optimizar, se propone la eliminación de cada máximo encontrado. Con esta modificación, se logra que en un número \mathcal{N} de corridas del algoritmo genético, se puedan hallar \mathcal{N} máximos absolutos de la función a optimizar.

9. BIBLIOGRAFÍA

- [1] J.H. Holland, *Adaptation in Natural and Artificial Systems*, Univ. of Michigan Press (1975).
- [2] D.E. Goldberg, *Genetic Algorithms in Search, Optimization, & Machine Learning*, Addison-Wesley (1989).
- [3] L. Davis, *Handbook of Genetic Algorithms*, Van Nostrand Reinhold (1991).
- [4] Yu.A. Schreider, *The Monte Carlo Method*, Pergamon Press (1967).
- [5] P. Charbonneau, "Genetic Algorithms in Astronomy and Astrophysics", *Astrophysical Journal Supplement Series*, **101**, 309–334 (1995).
- [6] P. Charbonneau & B. Knapp, *A User's Guide to PIKAIA 1.0*, NCAR Technical Note 418+IA, National Center for Atmospheric Research (1996).