

# COMPUTACIÓN BIOLÓGICA

Pedro Isasi<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Informática  
Universidad Carlos III de Madrid  
Avda. de la Universidad, 30. 28911 Leganés (Madrid). Spain  
email: isasi@ia.uc3m.es

Presentación

## 1 INTRODUCCIÓN

## 2 ALGORITMOS GENÉTICOS

- Introducción a los Algoritmos Genéticos
- Algoritmos Genéticos Canónicos
- Ejemplo de Algoritmo Genético
- Propiedades de los Algoritmos Genéticos
- Métodos de compartición y soluciones múltiples
- Manejo de restricciones en Algoritmos Genéticos
- Fundamentos matemáticos

## 3 COMPUTACIÓN EVOLUTIVA

## 4 COMPUTACIÓN CON INSPIRACIÓN BIOLÓGICA

## 5 BIOLOGÍA Y COMPUTACIÓN

## 1 INTRODUCCIÓN

## 2 ALGORITMOS GENÉTICOS

- Introducción a los Algoritmos Genéticos
- **Algoritmos Genéticos Canónicos**
- Ejemplo de Algoritmo Genético
- Propiedades de los Algoritmos Genéticos
- Métodos de compartición y soluciones múltiples
- Manejo de restricciones en Algoritmos Genéticos
- Fundamentos matemáticos

## 3 COMPUTACIÓN EVOLUTIVA

## 4 COMPUTACIÓN CON INSPIRACIÓN BIOLÓGICA

## 5 BIOLOGÍA Y COMPUTACIÓN

## 1 INTRODUCCIÓN

## 2 ALGORITMOS GENÉTICOS

- Introducción a los Algoritmos Genéticos
- Algoritmos Genéticos Canónicos
- **Ejemplo de Algoritmo Genético**
- Propiedades de los Algoritmos Genéticos
- Métodos de compartición y soluciones múltiples
- Manejo de restricciones en Algoritmos Genéticos
- Fundamentos matemáticos

## 3 COMPUTACIÓN EVOLUTIVA

## 4 COMPUTACIÓN CON INSPIRACIÓN BIOLÓGICA

## 5 BIOLOGÍA Y COMPUTACIÓN

## 1 INTRODUCCIÓN

## 2 ALGORITMOS GENÉTICOS

- Introducción a los Algoritmos Genéticos
- Algoritmos Genéticos Canónicos
- Ejemplo de Algoritmo Genético
- **Propiedades de los Algoritmos Genéticos**
- Métodos de compartición y soluciones múltiples
- Manejo de restricciones en Algoritmos Genéticos
- Fundamentos matemáticos

## 3 COMPUTACIÓN EVOLUTIVA

## 4 COMPUTACIÓN CON INSPIRACIÓN BIOLÓGICA

## 5 BIOLOGÍA Y COMPUTACIÓN

## 1 INTRODUCCIÓN

## 2 ALGORITMOS GENÉTICOS

- Introducción a los Algoritmos Genéticos
- Algoritmos Genéticos Canónicos
- Ejemplo de Algoritmo Genético
- Propiedades de los Algoritmos Genéticos
- **Métodos de compartición y soluciones múltiples**
- Manejo de restricciones en Algoritmos Genéticos
- Fundamentos matemáticos

## 3 COMPUTACIÓN EVOLUTIVA

## 4 COMPUTACIÓN CON INSPIRACIÓN BIOLÓGICA

## 5 BIOLOGÍA Y COMPUTACIÓN

## 1 INTRODUCCIÓN

## 2 ALGORITMOS GENÉTICOS

- Introducción a los Algoritmos Genéticos
- Algoritmos Genéticos Canónicos
- Ejemplo de Algoritmo Genético
- Propiedades de los Algoritmos Genéticos
- Métodos de compartición y soluciones múltiples
- Manejo de restricciones en Algoritmos Genéticos
- Fundamentos matemáticos

## 3 COMPUTACIÓN EVOLUTIVA

## 4 COMPUTACIÓN CON INSPIRACIÓN BIOLÓGICA

## 5 BIOLOGÍA Y COMPUTACIÓN

## 1 INTRODUCCIÓN

## 2 ALGORITMOS GENÉTICOS

- Introducción a los Algoritmos Genéticos
- Algoritmos Genéticos Canónicos
- Ejemplo de Algoritmo Genético
- Propiedades de los Algoritmos Genéticos
- Métodos de compartición y soluciones múltiples
- Manejo de restricciones en Algoritmos Genéticos
- **Fundamentos matemáticos**

## 3 COMPUTACIÓN EVOLUTIVA

## 4 COMPUTACIÓN CON INSPIRACIÓN BIOLÓGICA

## 5 BIOLOGÍA Y COMPUTACIÓN

## ¿POR QUÉ FUNCIONAN?

- Los AGs no procesan estrictamente individuos, sino similitudes entre ellos
- Patrones de similitud entre individuos o esquemas
- Dado que cada individuo encaja en muchos patrones a la vez, la eficiencia de la búsqueda se multiplica. **Paralelismo Implícito**
- Se utiliza como herramienta matemática los esquemas. **Teorema del Esquema**

- El esquema es una herramienta para estudiar la forma en que una cadena representa a otras cadenas
- Es un patrón de similitud que describe un subconjunto de cadenas con similitudes en ciertas posiciones.
- Consideramos el alfabeto 0, 1, \*:
  - Un esquema recoge una determinada cadena si encada posición del esquema un 1 corresponde a un 1 en la cadena, un 0 a un 0, y el \* se corresponde concualquier cosa
  - Por ejemplo, el esquema \*0000 encaja con las dos cadenas:  
00000, 10000

- Símbolos del alfabeto: 0, 1, #, donde #, símbolo comodín, puede corresponder tanto a 0 como a 1
- Un esquema es una cadena con símbolos fijos y variables que representa a cadenas formadas por símbolos fijos
- El esquema  $H=01\#1\#$  representa las cadenas:

01010    01110  
01111    01011

- El valor de adecuación de un esquema se calcula como la media de los valores de adecuación de los individuos a los que representa

$$f_H = \frac{f(01010) + f(01011) + f(01110) + f(01111)}{4}$$

Se verifican las siguientes propiedades:

- 1 Si un esquema contiene  $k$  símbolos de indiferencia entonces representa a  $2^k$  cadenas binarias
- 2 Una cadena binaria de longitud  $\lambda$  encaja en  $2^\lambda$  esquemas distintos
- 3 Considerando las cadenas binarias de longitud  $\lambda$  existen en total  $3^\lambda$  posibles esquemas.
- 4 Una población de  $n$  cadenas binarias de longitud  $\lambda$  contiene entre  $2^\lambda$  y  $n \cdot 2^\lambda$  esquemas distintos
  - $2^\lambda$  si todas las cadenas son iguales
  - $n \cdot 2^\lambda$  da una cota superior al número de esquemas distintos en cadenas distintas

- Cada cadena evaluada aporta información parcial acerca del valor de adecuación de todos los esquemas que representan a dicha cadena
- En la reproducción proporcional al valor de adecuación, el número de individuos,  $m$ , representados por un determinado esquema,  $H$ , en la generación  $t + 1$  está relacionado con:

$$m(H, t + 1) = m(H, t) \frac{f_H(t)}{\bar{f}(t)}$$

donde  $f_H(t)$  es el fitness medio del esquema  $H$  y  $\bar{f}(t)$  el fitness medio de la población

- El número de cadenas que son representadas por un esquema con valor de adecuación superior a la media tienen un crecimiento exponencial

- Algunos esquemas son más específicos que otros:
  - El esquema  $011 * 1 **$  está más definido que el esquema  $0 * * * * *$
- Ciertos esquemas abarcan más parte de la longitud total de la cadena que otros:
  - El esquema  $1 * * * * 1 *$  abarca una porción de la cadena mayor que el esquema  $1 * 1 * * * *$
- Para cuantificar estas ideas se definen dos propiedades de los esquemas:
  - El orden de un esquema
  - La longitud característica

Dado un esquema  $H$  se definen:

- **Orden de un esquema,  $o(H)$** : Es el número de posiciones fijadas que contiene dicho esquema
  - Por ejemplo, el orden del esquema  $o(011 * 1 ** ) = 4$  y  $o(0 * * * * *) = 1$
- **Longitud característica de un esquema,  $\delta(H)$** : Es la distancia entre las primera y última posiciones fijadas de la cadena
  - El esquema  $H = 011 * 1 **$  tiene una longitud característica de:  $\delta(H) = 4$
  - La última posición especificada es 5 y la primera es 1
  - El esquema  $H = 0 * * * * *$  tiene longitud de definición  $\delta(H) = 0$

- Un esquema  $H$  representa a  $2^{\lambda - o(H)}$  cadenas:
  - Cuanto mayor sea el orden del esquema a menos cadenas representará
  - El orden de un esquema da una medida de su especificidad
- La longitud característica da una medida de la compacidad de la información contenida en el esquema
- Un esquema con una sola posición especificada tiene una longitud característica de cero
- Ejemplo: El esquema  $H = * * * * 00 * **$  tiene  $O(H) = 2$  y  $\delta(H) = 6 - 5 = 1$

- Supóngase que en un instante dado de tiempo  $t$  hay  $m$  ejemplares de un esquema  $H$ :  $m(H, t) = m$
- Durante la reproducción, una cadena se copia de acuerdo con su aptitud. Una cadena  $A_i$  es seleccionada con probabilidad:

$$p(A_i) = \frac{f_i}{\sum f_j}$$

- Si la población es de tamaño  $n$ . Mediante reemplazamientos se espera tener  $m(H, t + 1)$  representantes del esquema en la siguiente generación, donde:

$$m(H, t + 1) = m(H, t) \cdot n \cdot \frac{f(H)}{\sum f_j}$$

- Un esquema particular crece como el porcentaje de la aptitud media del esquema respecto de la aptitud de la población

- Si un esquema  $H$  permanece por encima de la media una cantidad  $c \cdot \bar{f}$ , el efecto de la reproducción es:

$$m(H, t + 1) = m(H, t) \frac{\bar{f} + c \cdot \bar{f}}{\bar{f}} = (1 + c)m(H, t)$$

Comenzando en  $t = 0$ :

$$m(H, t) = m(H, 0)(1 + c)^t$$

- La reproducción asigna un número exponencialmente creciente (decreciente) de ejemplares a los esquemas por encima (por debajo) de la media.

- Los operadores genéticos actúan sobre los esquemas:
  - El efecto del sobrecruzamiento es disminuir el incremento exponencial por una cantidad proporcional a  $p_c$ , y depende de la longitud de la cadena,  $\lambda$ , y de la longitud de definición del esquema,  $\delta(H)$
  - La probabilidad de que una cadena sobreviva al cruce es:

$$p_c \frac{\delta(H)}{\lambda - 1}$$

- La longitud de definición es la distancia entre el primer y último símbolo fijo (no #) de un esquema:

$$\begin{array}{ll} 01\#1\# & \delta(H) = 3 \\ \#\#1\#1010 & \delta(H) = 5 \end{array}$$

## EJEMPLO DEL EFECTO DEL CRUCE

- Sea el individuo:  $I = 0111000$
- Está representado por los esquemas:

$$H_1 = *1***0, \delta(H_1) = 5$$

$$H_2 = ***10**, \delta(H_2) = 1$$

- Si se utiliza para cruce y se elige el locus 4:

$$\begin{array}{rcl} I & = & 011 \mid 1000 \\ H_1 & = & *1* \mid ***0 \\ H_2 & = & *** \mid 10** \end{array}$$

- El esquema  $H_2$  seguirá representando al descendiente, pero no así el  $H_1$
- La probabilidad de que  $H_1$  y  $H_2$  sean destruidos es respectivamente  $5/6$  y  $1/6$

- En el caso de la mutación:
  - Si la probabilidad de mutación es  $p_m$ , entonces la probabilidad de que un bit sobreviva es  $1 - p_m$
  - La probabilidad de que una cadena sobreviva a las mutaciones es:

$$(1 - p_m)^{O(H)}$$

- La probabilidad de sobrevivir a la mutación con  $p_m \ll 1$ , puede ser aproximado por  $(1 - O(H) \cdot p_m)$
- El orden de un esquema,  $O(H)$ , se define como la longitud de la cadena,  $\lambda$ , menos el número de símbolos comodín

- Agrupando los efectos de los operadores genéticos se obtiene el Teorema del Esquema:

$$m(H, t + 1) \leq m(H, t) \frac{f_H(t)}{\bar{f}(t)} \left[ 1 - p_c \frac{\delta(H)}{\lambda - 1} - O(H) \cdot p_m \right]$$

- El número de cadenas cortas, de bajo orden, crece exponencialmente en las siguientes generaciones si están por encima de la media

- El resultado anterior recibe el nombre de Teorema del esquema o Teorema Fundamental de los algoritmos genéticos:

*La presencia de un esquema  $H$  en la población  $P$  en el instante  $t$  en un Algoritmo Genético evoluciona estadísticamente de modo exponencial según la ecuación anterior.*

- Los esquemas de orden bajo adaptados por encima de la media reciben un número exponencialmente creciente de oportunidades en siguientes generaciones
- La presencia de un esquema en una población evoluciona estadísticamente en progresión geométrica, cuyo factor está determinado por el fitness del esquema, su longitud característica y su orden

- Los bloques constructivos son esquemas muy adaptados de baja longitud característica y bajo orden
- Los algoritmos genéticos buscan un rendimiento cercano al óptimo mediante la yuxtaposición de los bloques constructivos.
- **Hipótesis de los Bloques Constructivos:** Los Algoritmos Genéticos exploran el espacio de búsqueda a través de la yuxtaposición de esquemas aventajados, cortos y de bajo orden. Estos esquemas se denominan bloques constructivos

- Una cadena de longitud  $L$  incluye  $2^L$  esquemas
- Hay  $3^L$  diferentes esquemas de longitud  $L$
- Una población de tamaño  $N$  contiene entre  $2^L$  y  $\min(N \cdot 2^L, 3^L)$  esquemas
- El AG opera implícitamente sobre un número de esquemas mucho mayor que el tamaño de la población:

$$\begin{array}{ll} L = 6, N = 20 & \{64, 729\} \\ L = 40, N = 100 & \{10^{12}, 10^{19}\} \end{array}$$

- La estrategia de búsqueda en AG's incrementa exponencialmente a los individuos con mejor "fitness", pero sin dejar de probar nuevas soluciones
- El crecimiento de individuos es exponencial en aquellos que se estiman como mejores frente a aquellos que se estiman peores

- La estrategia de búsqueda en AG's incrementa exponencialmente a los individuos con mejor "fitness", pero sin dejar de probar nuevas soluciones
- El crecimiento de individuos es exponencial en aquellos que se estiman como mejores frente a aquellos que se estiman peores

- La adaptación es una tensión entre la exploración (búsqueda de nuevas y mejores soluciones) y la explotación (el uso y la propagación de esas soluciones)
- Se trata de encontrar el recorrido que optimiza la generación de nuevos caminos de exploración con la explotación de caminos que están siendo explorados
- A pesar de la ruptura de los esquemas largos de orden alto por los operadores de cruce y mutación, los algoritmos genéticos procesan inherentemente una gran cantidad de esquemas mientras procesan una cantidad relativamente pequeña de cadenas

# TWO ARMED BANDIT

- Problema:



- Máquina tragaperras con dos brazos:  $A_1$  y  $A_2$
- Cada máquina da premios según una variable aleatoria gaussiana definida por su media y su varianza,  $G(\mu_1, \sigma_1)$  y  $G(\mu_2, \sigma_2)$ , independientes
- Una de las dos máquinas da más premios que la otra ( $\mu_i > \mu_j$ ), pero se desconoce cuál

- Jugador:
  - $N$  monedas para jugar en la máquina
  - No conoce a priori los valores de las medias y varianzas de los pagos; sólo puede estimarlos a partir de las jugadas que realiza
- El objetivo del jugador es maximizar las ganancias (minimizar las pérdidas) totales obtenido tras las  $N$  jugadas
- De las  $N$  jugadas  $n$  las hace en la máquina  $A_1$  y  $N - n$  en la máquina  $A_2$

- Las pérdidas generadas serán la diferencia de premio entre lo que se ha jugado y lo que se habría obtenido si se hubiera jugado en la máquina que da más premio:

- Si la Máquina  $A_1$  es la que produce más ganancias ( $\mu_1 > \mu_2$ ):

$$P = (N - n)(\mu_1 - \mu_2)$$

- Si la Máquina  $A_2$  es la que produce más ganancias ( $\mu_2 > \mu_1$ ):

$$P = n(\mu_1 - \mu_2)$$

- Se desconocen los valores de  $\mu_1$  y  $\mu_2$ , por lo que solo se puede estimar cuál es la máquina que da más premio
- Se llama  $q_e(n)$  a la probabilidad de error, es decir la probabilidad de hacer  $n$  jugadas en la peor máquina
- La probabilidad de hacer  $n$  jugadas en la mejor máquina será  $1 - q_e(n)$

- Según lo anterior, las pérdidas totales al hacer  $N$  jugadas, de las cuales  $n$  se realizan en la máquina  $A_1$ , pensando que es la óptima será:

$$P(N, n) = q_e(n)(N - n)(\mu_1 - \mu_2) + (1 - q_e(n))n(\mu_1 - \mu_2)$$

- Teniendo en cuenta el teorema central del límite, se puede aproximar  $q_e(n)$  mediante la cola de una distribución normal:

$$q_e(n) \approx \frac{1}{\sqrt{2 \cdot \pi}} \frac{e^{-c^2/2}}{c}$$

donde:

$$c = \frac{\mu_1 - \mu_2}{\sqrt{\sigma_1^2 + \sigma_2^2}} \sqrt{n}$$

- Si se hace  $n = 0$ , es decir, se apuesta siempre a la misma máquina, el riesgo es máximo. Se hace explotación de una de las máquinas:
  - Si la elegida es la mejor se obtendrán todas las ganancias
  - Pero si la elegida es la peor se obtendrán todas las pérdidas
- Si se hace  $n = \frac{N}{2}$ , se está en la postura más conservadora. Se hace únicamente exploración
- Aparentemente la primera parece la postura más razonable, pero si hay muchas máquinas (N bandit armed problem) entonces la probabilidad de elegir la mejor es muy baja
- Lo mejor es hacer un balance entre exploración y explotación

- Para hacer un balance entre exploración y explotación se sustituye la aproximación de  $q_e(n)$  en la ecuación de las pérdidas:

$$P(N, n) = \frac{1}{\sqrt{2 \cdot \pi}} \frac{e^{-c^2/2}}{c} (N-n)(\mu_1 - \mu_2) + \left(1 - \frac{1}{\sqrt{2 \cdot \pi}} \frac{e^{-c^2/2}}{c}\right) n(\mu_1 - \mu_2)$$

donde:

$$c = \frac{\mu_1 - \mu_2}{\sqrt{\sigma_1^2 + \sigma_2^2}} \sqrt{n}$$

- Para saber cuál sería la forma óptima de apostar, habría que obtener el máximo de la expresión anterior, o lo que es lo mismo hacer:

$$\frac{\partial P(N, n)}{\partial n}$$

- Si se hacen una serie de simplificaciones, como que las distribuciones son independientes, etc. el óptimo anterior se encuentra en:

$$n^* \approx b^2 \ln \left( \frac{N^2}{8\pi b^4 \ln N^2} \right)$$

y:

$$N - n^* \approx \sqrt{8\pi b^4 \ln N^2} \cdot e^{n^*/2b^2}$$

donde:

$$b = \frac{\sigma_1}{\mu_1 - \mu_2}$$

- Los valores de  $\mu_1$  y  $\mu_2$  son desconocidos, pero se pueden estimar mediante las medias observadas hasta el momento de las ganancias de las dos máquinas  $A_1$  y  $A_2$

- Por lo tanto la estrategia óptima es apostar de forma exponencial en la mejor máquina observada hasta el momento, de forma proporcional a la diferencia entre las ganancias observadas hasta el momento en las dos máquinas
- Los algoritmos genéticos siguen esta misma idea de dar un número de intentos exponencialmente a los mejores individuos hasta la fecha
- Los mejores esquemas son explorados de forma exponencial frente a los peores, según el teorema del esquema

- Si se considera una posición arbitraria como fija, existen para ella dos posibles esquemas, p. ej.  $H_1 = ****0****$  y  
 $H_1 = ****1****$
- Según el teorema del esquema el AG decide implícitamente entre estos dos esquemas, a partir de su fitness (ganancias observadas)
- En este sentido, el AG está resolviendo un gran número de Two Armed Bandit Problems en paralelo

- Los Algoritmos Genéticos **NO son optimizadores de funciones**, lo que hacen es minimizar (maximizar) las pérdidas (ganancias) durante toda la búsqueda
- Supóngase que se quiere obtener una vacuna para solucionar una terrible enfermedad. Durante el periodo de investigación se diseña una vacuna y se prueba con un número de individuos
- Los efectos de la vacuna puede ser beneficiosos, se curan algunos individuos, o perjudiciales, algunos individuos se mueren
- El problema NO es encontrar la mejor vacuna posible, sino encontrarla con el menor número de personas afectadas
- Los Algoritmos Genéticos hacen una búsqueda óptima, bajo estas circunstancias
- El fitness medio de todos los individuos probados a lo largo de todas las generaciones es óptimo

## 1 INTRODUCCIÓN

## 2 ALGORITMOS GENÉTICOS

- Introducción a los Algoritmos Genéticos
- Algoritmos Genéticos Canónicos
- Ejemplo de Algoritmo Genético
- Propiedades de los Algoritmos Genéticos
- Métodos de compartición y soluciones múltiples
- Manejo de restricciones en Algoritmos Genéticos
- Fundamentos matemáticos

## 3 COMPUTACIÓN EVOLUTIVA

## 4 COMPUTACIÓN CON INSPIRACIÓN BIOLÓGICA

## 5 BIOLOGÍA Y COMPUTACIÓN