Genetic Algorithms

Dr. Mahmoud Nabil Mahmoud mnmahmoud@ncat.edu

North Carolina A & T State University

September 6, 2021

(日)

э

1/10

September 6, 2021

A Working Example

Find x that maximize the following function?



< 1 k

Initialize random pobulation

pop = np.random.randint(2, size=(POP_SIZE, CHROMOSOME_SIZE))

• A binary population of size POP_SIZE and the size of each chromosome is CHROMOSOME_SIZE

イロト イヨト イヨト

Initialize random pobulation

pop = np.random.randint(2, size=(POP_SIZE, CHROMOSOME_SIZE))

- A binary population of size POP_SIZE and the size of each chromosome is CHROMOSOME_SIZE
- The CHROMOSOME_SIZE will be chosen such that the precision of the solution is up to certain value.

< □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ >

pop = np.random.randint(2, size=(POP_SIZE, CHROMOSOME_SIZE))

- A binary population of size POP_SIZE and the size of each chromosome is CHROMOSOME_SIZE
- The CHROMOSOME_SIZE will be chosen such that the precision of the solution is up to certain value.
- For instance, what is the float point precession of the solution that we need from 0 to 5?

• Assume we need to achieve precision of 1024 steps between 0 and 5

3

イロト イヨト イヨト

- Assume we need to achieve precision of 1024 steps between 0 and 5
- CHROMOSOME_SIZE will have a size 10

3

< □ > < 同 > < 回 > < 回 > < 回 >

- Assume we need to achieve precision of 1024 steps between 0 and 5
- CHROMOSOME_SIZE will have a size 10
- If CHROMOSOME = 0000000111 then a decoded value will be $X_{min} + \text{BASE}_{10}(000000111) * \frac{X_{max} - X_{min}}{2^{\text{CERDMOSOME_SIZE}_1}}$

▲ □ ▶ ▲ □ ▶ ▲ □

- Assume we need to achieve precision of 1024 steps between 0 and 5
- CHROMOSOME_SIZE will have a size 10
- If CHROMOSOME = 0000000111 then a decoded value will be

$$X_{min} + \text{BASE}_{10}(000000111) * \frac{X_{max} - X_{min}}{2^{\text{CHROMOSOME_SIZE}_{-1}}}$$

• To decode the entire population at once:

▲ □ ▶ ▲ □ ▶ ▲

- Assume we need to achieve precision of 1024 steps between 0 and 5
- CHROMOSOME_SIZE will have a size 10
- If CHROMOSOME = 0000000111 then a decoded value will be

$$X_{min} + \text{BASE}_{10}(000000111) * \frac{X_{max} - X_{min}}{2^{\text{CHROMOSOME_SIZE}_{-1}}}$$

• To decode the entire population at once:

▲ □ ▶ ▲ □ ▶ ▲

- Assume we need to achieve precision of 1024 steps between 0 and 5
- CHROMOSOME_SIZE will have a size 10
- If CHROMOSOME = 0000000111 then a decoded value will be

$$X_{min} + \text{BASE}_{10}(000000111) * \frac{X_{max} - X_{min}}{2^{\text{CHROMOSOME_SIZE}_1}}$$

To decode the entire population at once:

```
def Decode(pop):
    return pop.dot(2 ** np.arange(CHROMOSOME_SIZE)[::-1])* X_MAX / float(2**CHROMOSOME_SIZE-1)
```

イロト イポト イヨト イヨト 二日

Reproduction

 np.random.choice can take a probability p of associated with each individual in the population pop

(日)

Reproduction

- np.random.choice can take a probability p of associated with each individual in the population pop
- A roulette wheel selection in just a single line.

(日)

Crossover

```
def crossover(parent1, parent2):  # mating process (genes crossover)
    if np.random.rand() < CROSS_RATE:
        cross_over_site = np.random.randint(0, CHROMOSOME_SIZE)  # choose crossover site
        child1 = np.concatenate((parent1[0:cross_over_site],parent2[cross_over_site:]))
        child2 = np.concatenate((parent2[0:cross_over_site],parent1[cross_over_site:]))
    else:
        child1, child2 = parent1, parent2
    return child1, child2</pre>
```

 Mating between two parents parent1 and parent1 if the probability is less than the CROSS_RATE

< ロ > < 同 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ >

Crossover

```
def crossover(parent1, parent2):  # mating process (genes crossover)
    if np.random.rand() < CROSS_RATE:
        cross_over_site = np.random.randint(0, CHROMOSOME_SIZE)  # choose crossover site
        child1 = np.concatenate((parent1[0:cross_over_site],parent2[cross_over_site:]))
        child2 = np.concatenate((parent2[0:cross_over_site],parent1[cross_over_site:]))
    else:
        child1, child2 = parent1, parent2
    return child1, child2</pre>
```

- Mating between two parents parent1 and parent1 if the probability is less than the CROSS_RATE
- Single point crossover.

< ロ > < 同 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ >

Crossover

```
def crossover(parent1, parent2):  # mating process (genes crossover)
    if np.random.rand() < CROSS_RATE:
        cross_over_site = np.random.randint(0, CHROMOSOME_SIZE)  # choose crossover site
        child1 = np.concatenate((parent1[0:cross_over_site],parent2[cross_over_site:]))
        child2 = np.concatenate((parent2[0:cross_over_site],parent1[cross_over_site:]))
    else:
        child1, child2 = parent1, parent2
    return child1, child2</pre>
```

- Mating between two parents parent1 and parent1 if the probability is less than the CROSS_RATE
- Single point crossover.
- Two offsprings are generated.

< ロ > < 同 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < 回 > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ >

Mutation

```
def mutate(child):
    for point in range(CHROMOSOME_SIZE):
        if np.random.rand() < MUTATION_RATE:
            child[point] = 1 - child[point]
        return child</pre>
```

- Each bit can be mutated (i.e., flipped) with probability MUTATION_RATE
- Single point crossover.
- Two offsprings are generated.

< □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ >

- Below is the main operations done by a simple GA
- Mating the first have of the population with the second half.

```
pop = reproduction(pop, fitness)
pop = np.random.permutation(pop)
i = 0
while i< len(pop)//2 :
    parent1 = pop[i]
    parent2 = pop[-(i+1)]
    child1, child2 = crossover(parent1, parent2)
    child1 = mutate(child1)
    child2 = mutate(child2)
    pop[i] = child1
    pop[-i] = child2
    i+=1</pre>
```

イロト イポト イヨト イヨト 二日

References

- Goldenberg, D.E., 1989. Genetic algorithms in search, optimization and machine learning.
- Michalewicz, Z., 2013. Genetic algorithms + data structures= evolution programs. Springer Science & Business Media

< ロト < 同ト < ヨト < ヨト





< □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □ ▶ < □

10 / 10

