

## Análisis de Paralelización en un Algoritmo Genético para Diseño de Antenas

Anciano, Juan Luis Arráiz, Emely y Savino, Nunzio  
janciano@usb.ve arraiz@usb.ve nunzio@usb.ve

Departamento de Computación y Tecnología de la Información.  
Universidad Simón Bolívar  
Apto 89000 - Caracas 1080-A  
Venezuela.

### Resumen

El diseño de un conjunto de antenas busca determinar los valores de magnitud y fase de la corriente a ser aplicada a cada elemento, para encontrar un patrón de radiación con valores óptimos definidos en uno o más ángulos del espectro de emisión. Este problema de optimización puede resolverse a través de algoritmos genéticos.

En este artículo se estudian estrategias de paralelización, para arquitecturas \MIMD/DM, de una aplicación de cómputo de los parámetros de diseño de un conjunto de antenas sujeto a dos óptimos del patrón de emisión en cuarenta (40) y cien (100) grados, respectivamente.

Como resultados de este estudio se compara el rendimiento de diferentes versiones paralelas implementadas sobre el multiprocesador MIMD/DM PARSYTEC MC3-3<sup>1</sup> con la librería de comunicación eMP.

**Palabras Clave:** Algoritmos genéticos, algoritmos paralelos, arquitecturas MIMD/DM.

---

<sup>1</sup>Equipo del Centro de Estadística y Software Matemático de la Universidad Simón Bolívar.

## 1. Introducción.

Los algoritmos genéticos resultan ser una técnica efectiva en las tareas de reconocimiento y cálculo de valores óptimos para diversos problemas[1]. El uso de un algoritmo genético para la resolución de este tipo de problemas parte del modelaje de las características de los objetos involucrados, como genotipos de individuos de una población. La ocurrencia aleatoria de efectos que afectan el genotipo (como las mutaciones, cruces, reproducciones y migraciones) de los individuos producen cambios en la adaptabilidad de éstos al medio. Al conseguir entonces un individuo con máxima adaptabilidad, se habrán encontrado las características del objeto que mejor se acercan a la solución del problema modelado.

El problema de diseño de antenas consiste en la determinación de los valores de magnitud y fase de la corriente a ser aplicada a cada antena del conjunto, que garanticen un patrón de emisión con óptimos en ciertos ángulos del espectro de radiación. Una técnica de cálculo de valores óptimos de funciones, basada en algoritmos genéticos, permite entonces resolver este problema modelando los individuos de la población como los posibles valores de alimentación de cada antena y la adaptabilidad (“*fitness*”) como la cercanía del óptimo de la función de emisión a los puntos con máxima radiación deseados.

El uso de algoritmos genéticos en este tipo de aplicaciones, sin embargo, acarrea dos problemas: la lentitud de la convergencia a la solución, y el gran número de operaciones matemáticas de alto costo (funciones de punto flotante y trigonométricas) que deben ser efectuadas para obtener la función de radiación a partir de los parámetros de alimentación. En tal sentido, tanto la división de la población en subpoblaciones (distritos) y la paralelización de programas[2][3], ofrecen alternativas viables para alcanzar soluciones adecuadas (con un rango de precisión aceptable ) y oportunas (con un costo en tiempo razonable).

En este artículo se describe la implementación de una herramienta secuencial para la resolución de este problema a través de algoritmos genéticos y se analizan las diferentes estrategias de paralelización de la aplicación seguidas para mejorar el desempeño de la misma.

En la sección 2 de este artículo se describe el problema a resolver a través de algoritmos genético. En la sección 3 se describe el modelaje genético del problema, incluyendo el modelaje del genotipo, la descripción de operaciones genéticas requeridas y las políticas de particionamiento de individuos consideradas para acelerar la convergencia de la solución. Los resultados obtenidos con la aplicación secuencial desarrollada y el análisis de la misma se muestran en la sección 4. En la sección 5 se proponen las

alternativas de paralelización estudiadas, cuya implementación es analizada a nivel de rendimiento en la sección 6. Finalmente, en la sección 7 se resumen las conclusiones del estudio y se indican los estudios posteriores a ser realizados sobre esta aplicación.

## 2. Descripción del Problema.

Un conjunto radiante es una secuencia de antenas  $A_1, \dots, A_n$ , cada una de las cuales está caracterizada por tres parámetros: magnitud ( $m$ ) o intensidad de la corriente aplicada, fase ( $f$ ) o parámetro tipificador de la corriente alterna aplicada y distancia longitudinal ( $d$ ) o distancia física entre dos elementos radiantes  $A_i, A_{i+1}$ .

Dada la secuencia de parámetros  $P_n = (m_1, f_1, d_1), \dots, (m_n, f_n, d_n)$  que caracteriza un conjunto radiante, es posible determinar la denominada función de radiación  $\gamma(P_n, \alpha)$  que calcula la intensidad de ondas emitidas por el conjunto en el espectro de radiación 0 a 180 grados. Para lograr la recepción en ángulos  $\alpha_1, \dots, \alpha_k$  (máximos lóbulos laterales) del espectro de emisión, y determinar la configuración de las antenas, es necesario garantizar que la función  $\gamma(P_n, \alpha)$  sea maximizada en los puntos  $\alpha_1, \dots, \alpha_k$ .

El problema general se resume entonces en encontrar, dado el número de elementos radiantes a ser utilizados, la distancia longitudinal entre éstos y los máximos puntos del espectro de emisión, cuál debe ser la característica de la corriente que debe alimentar a cada antena del conjunto, para garantizar que el patrón de radiación resultante cumpla con la condición de maximalidad deseada.

## 3. Modelaje genético del problema.

El modelaje genético del problema consiste en visualizar el genotipo un individuo como la secuencia  $P_n$ . En tal sentido, un individuo corresponde a los valores de magnitud, fase y distancia longitudinal de cada antena del conjunto radiante. La diversidad de individuos viene garantizada por las diferencias en magnitud y fase de la corriente aplicada a cada antena del conjunto (la distancia longitudinal es la misma en todos los individuos ya que es un parámetro de configuración del problema). Los individuos considerados poseen la propiedad de hermafroditismo: pueden reproducirse por sí solos (reproducción) o con otros individuos (cruce).

La adaptabilidad de un individuo corresponde con la cercanía de la función  $\gamma(P_n, \alpha)$  calculada para el individuo respecto a cada uno de los lóbulos laterales que restringen la solución del problema.

La población se divide en distritos para generar subpoblaciones que puedan probabilísticamente mejorar su adaptabilidad con una convergencia mayor. Las subpoblaciones poseen un mismo número de individuos y son sometidas a secuencias genéticas de la forma:

- **Cruces:** En base a una frecuencia de cruce, estadísticamente determinada, dos individuos aleatorios de la población intercambian código genético para generar un individuo que sustituye al progenitor con menor adaptabilidad.
- **Reproducciones:** En base a una frecuencia de reproducción, estadísticamente determinada, un individuo se reproduce generando un nuevo individuo que lo sustituye. El nuevo individuo resulta de aplicar un intercambio de código genético por corte sencillo al individuo que lo genera.
- **Mutaciones:** Un grupo aleatorio de individuos de la población (el factor de frecuencia de mutación afecta el número de individuos a mutar en una secuencia genética) cambian uno o más de los parámetros de alimentación de antenas y se transforman en nuevos individuos. Para garantizar que la subpoblación mejore su adaptabilidad con el devenir de las generaciones se restringe el código genético a mutar de forma que toda mutación del individuo aumente la adaptabilidad del mismo.
- **Migración:** Entre pares aleatorios de distritos, y dependiendo de la frecuencia de migración deseada, se produce un intercambio de los mejores individuos de éstos. Esta operación garantiza que las subpoblaciones mejoren, en conjunto, los individuos con mejor adaptabilidad y se aumente la convergencia de la solución.

En cada secuencia genética es calculada la desviación de la adaptabilidad de los individuos, con la finalidad de entonar los parámetros de frecuencia de cruce, reproducción y mutación; a fin de preservar la propiedad de crecimiento monótono de la máxima adaptabilidad de la población y la convergencia de la solución.

#### **4. Estudio de rendimiento de la aplicación secuencial.**

A fin de analizar el rendimiento de la aplicación desarrollada, se estudió el problema de diseño de un conjunto radiante compuesto por veinte (20) antenas equidistantes a una razón de 2.5 metros entre ellas. Se definieron dos (2) lóbulos laterales ubicados en 40 y 100 grados respectivamente. Se generó una población de individuos distribuida uniformemente en cuatro (4) distritos de treinta (30) individuos cada uno. A fin de evaluar el rendimiento en condiciones extremas, se prefijó en uno (1) la frecuencia de migración, y se efectuaron mediciones para la ejecución de treinta (30) generaciones

con una tolerancia de resultado de  $10^{-4}$  (condición de parada en 30 generaciones o máxima adaptabilidad obtenida de 0.9999).

Las mediciones efectuadas incluyeron: tiempo total de ejecución, número de invocaciones a cada operación, tiempo invertido por cada operación y porcentaje del tiempo global invertido por cada operación. No se incluyó en esta medición el tiempo requerido para generar la población ni el tiempo de transformación de la máxima adaptabilidad en la solución al problema (configuración final del conjunto radiante).

Las tabla 4.1 muestra los resultados porcentuales de estas mediciones.

Operación	Tiempo Invertido (seg)	%
Reproducción	0.5741	0.005
Mutación	8967.3661	78.095
Cruce	2480.8239	21.605
Migración	23.4246	0.204
Maxima Adaptabilidad	11.0233	0.096
Estadísticas	0.2297	0.002

Tabla Número 4.1: Porcentajes de tiempo invertidos por las operaciones relevantes de la aplicación secuencial estudiada.

De la tabla puede deducirse que de las operaciones evaluadas, Mutación y Cruce tardan prácticamente la totalidad del tiempo de ejecución de la aplicación. Al analizar estas funciones se encontró que el único aspecto relevante y común en ambas era el hecho de invocar a la función de cómputo de adaptabilidad. Se procedió a estudiar el impacto de esta suboperación en las operaciones antes mencionadas. En la tabla 4.2 se muestra el porcentaje de tiempo invertido en esta función en base al tiempo de la operación que la utiliza. Las operaciones de Reproducción, Migración y Estadísticas no hacen uso de esta suboperación y por lo tanto no se indican en la tabla.

Operación	Tiempo Invertido (seg)	Tiempo Evaluar Adaptabilidad	%
Mutación	8967.3661	8960.9903	99.9289
Cruce	2480.8239	2470.9527	99.6021
Maxima Adaptabilidad	11.0233	11.0213	99.9820

Tabla Número 4.2: Porcentajes de tiempo invertidos por la operación de cómputo de adaptabilidad en las operaciones que la utilizan

Al analizar los resultados, se dedujo que la operación de cómputo de adaptabilidad era la unidad de programa que afectaba el desempeño de la aplicación. Sin embargo, era importante ahora determinar a qué nivel de la operación estaban siendo

afectados los valores de rendimiento de la aplicación. La operación está subdividida en tres tareas principales:

- **Codificación de Corrientes:** Dado un individuo  $C$ , obtiene los valores de magnitud y fase de cada antena  $A_i$  ( $m_i, f_i$ ), a partir de las características genóticas de éste. Para tal fin realiza una decodificación de las mismas y cómputo en aritmética de bit y punto flotante.
- **Generación de Datos:** Obtiene los valores de  $\gamma$  para el espectro de emisión del conjunto, en base a la información de cada antena. El proceso realiza un pesado cálculo sobre cada grado del espectro, utilizando funciones trigonométricas y raíces de números reales.
- **Cálculo sobre Lobulos Laterales:** determina de la cercanía al óptimo en los lóbulos laterales considerados y adaptabilidad del individuo. Sus operaciones son sencillas.

En la tabla 4.3 se muestra el tiempo consumido por cada una de la fases de la función de cómputo de adaptabilidades. A partir de esta tabla se dedujo que en la aplicación, el mayor tiempo era consumido por la fase de generación de datos.

Operación	%
Codificación Corrientes	1.333
Generación Datos	98.069
Cálculo sobre Lóbulos	0.598

**Tabla Número 4.3: Porcentajes de tiempo invertidos por las fases de la función de cómputo de adaptabilidad.**

## 5. Paralelización de la aplicación.

En base a la información arrojada por el análisis del rendimiento de la aplicación secuencial, se formularon tres diferentes estrategias de paralelización:

- **Enfoque basado en paralelización de datos:** Debido a que la operación de cómputo de adaptabilidad de un individuo calcula la emisión del espectro en el rango de emisión sin dependencias de datos, surgió como alternativa paralelizar el cómputo de esta función. En tal sentido, se provee de un procesador maestro que ejecuta la aplicación genética, y  $p$  procesadores asistentes que ayudan al procesador maestro cuando se requiere del cómputo de la adaptabilidad de un individuo. En esta estrategia sólo se requiere de comunicación cuando se calcula la adaptabilidad del individuo.
- **Paralelización de Procesos:** Dado que la operación de cómputo de adaptabilidad se ejecuta con mayor frecuencia, se pensó en distribuir los

distritos entre procesadores a fin de que cada uno de ellos calcule secuencialmente las operaciones genéticas de cada generación en su distrito. La única comunicación requerida se da a nivel de las operaciones de migración, cuando los procesadores deben comunicarse para intercambiar sus mejores individuos. Adicionalmente se requiere del cómputo del máximo distribuido de las adaptabilidades de los mejores individuos de un distrito para evaluar la condición de parada de la aplicación por convergencia de la solución.

- **Paralelización Mixta:** Combina las dos estrategias anteriores, dividiendo el total de procesadores involucrados en la aplicación en tantos grupos como distritos se manejen. En cada grupo existirá un procesador que ejecutará la secuencia genética de un distrito y un grupo de procesadores que le asistirán en el cómputo de la adaptabilidad de los individuos. Adicionalmente se definirá un procesador como coordinador de migraciones, quien establecerá cuando y cómo efectuar la migración de mejores individuos entre los distritos.

### 5.1 Paralelización de datos.

La componente sujeta a paralelización por datos efectúa el cómputo de la función de emisión  $\gamma$  para  $0 \leq \alpha \leq 180$ , donde el cómputo de  $\gamma(P_n, \alpha+1)$  es independiente del cómputo de  $\gamma(P_n, \alpha)$  -no hay dependencia de datos-. En tal sentido, la paralelización asocia a cada procesador un rango de grados para el cual efectuar el cómputo paralelo de la función  $\gamma$ , de la siguiente forma:

Dados  $p$  procesadores (numerados de 0 a  $p-1$ ), para cada procesador  $i$  se definen las magnitudes  $L_i$  y  $H_i$  como:

$$L_i = \begin{cases} 0 & \text{si } i = 0 \\ i \times \underline{180 + p} + 1 & \text{si no}^2 \end{cases}$$

$$H_i = \begin{cases} (i+1) \times \underline{180 + p} + 1 & \text{si } i \neq p \\ 180 & \text{si no} \end{cases}$$

En base a las magnitudes anteriores, se designa un procesador como coordinador del cómputo (sea este procesador  $p_{\text{coord}}$ ). El algoritmo de cómputo paralelo es entonces:

<sup>2</sup> \_\_\_ es el operador matemático "piso de"

1.  $p_{coord}$  envía a los asistentes el individuo I para el cual calcular la función  $\gamma$ .
2. Todo procesador (incluyendo  $p_{coord}$ ) recibe le individuo I y decodifica su genotipo para obtener los parámetros de alimentación de las antenas.
3. Todo procesador  $p_i$  (incluyendo  $p_{coord}$ ) calcula los valores de  $\gamma(P_n, \alpha)$ ,  $L_{pi} \leq \alpha \leq H_{pi}$ . Llamemos a esta porción  $\gamma_i$
4. Cada asistente envía a  $p_{coord}$  la porción  $\gamma_i$ .
5.  $p_{coord}$  recibe de cada procesador i la porción  $\gamma_i$  y construye  $\gamma(P_n, \alpha)$  como:  

$$\gamma(P_n, \alpha) = \gamma_0 \parallel \dots \parallel \gamma_{p-1}^3$$

**5.2 Paralelización de procesos.**

En el caso de paralelización de procesos, dada una población genética subdividida en D distritos, se requieren D procesadores que realizan en cada generación las siguientes actividades:

- Aplicación de las operaciones genéticas a los individuos que manipulan.
- Comunicación con otros procesadores cuando se requiera una migración.
- Comunicación con los demás procesadores, en cada generación, para determinar el mejor individuo de toda la población.

Como puede observarse, en esta estrategia de paralelización todos los procesadores ejecutan el mismo programa. La figura 5.1 muestra el esquema lógico de funcionamiento de los procesadores en esta estrategia de paralelización.

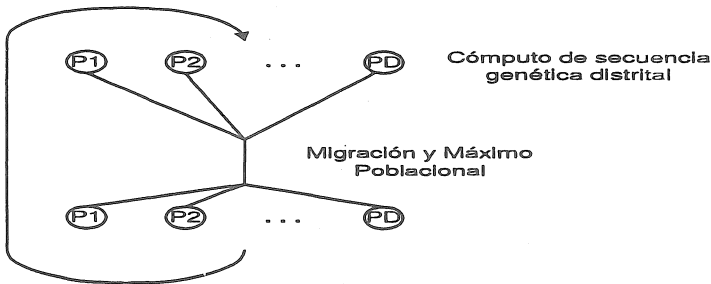


Figura 5.1 Esquema lógico de funcionamiento de paralelización de procesos.

**5.3 Paralelización de datos mixta.**

Dada la división de la población genética en D distritos y la definición de k asistentes por distrito para el cómputo de la adaptabilidad, se requieren  $D+k \times D$  procesadores para la ejecución paralela de la aplicación. Los procesadores ejecutan dos tipos de códigos:

<sup>3</sup>  $\parallel$  es el operador de concatenación de secuencias.

- D procesadores ( $c_1, \dots, c_d$ ) ejecutan un código iterativo sobre el número de generaciones, y en cada generación aplican la secuencia genética al conjunto de individuos que contienen. Se comunican con k asistentes de acuerdo al esquema de paralelización de datos antes mencionado para calcular la adaptabilidad de un individuo, cuando sea necesario.
- $k \times D$  procesadores ( $a_{11}, \dots, a_{1D}, \dots, a_{D1}, \dots, a_{DD}$ ) se comportan como asistentes de cómputo de adaptabilidad. Cada uno de estos procesadores tienen asignado un procesador coordinador que suministra y obtiene información del cómputo de adaptabilidades realizado.
- De los D procesadores, se designa un procesador como coordinador de la aplicación. Este procesador sólo garantiza el sistolismo de las operaciones de secuencia genética, migración y cómputo del mejor individuo de la población global de todo el conjunto de procesadores coordinadores de distritos. En la figura 5.2 se muestra el esquema lógico de funcionamiento de los procesadores en la aplicación genética y en la figura 5.3 se muestra la topología física para el caso de una malla  $4 \times 4$ .

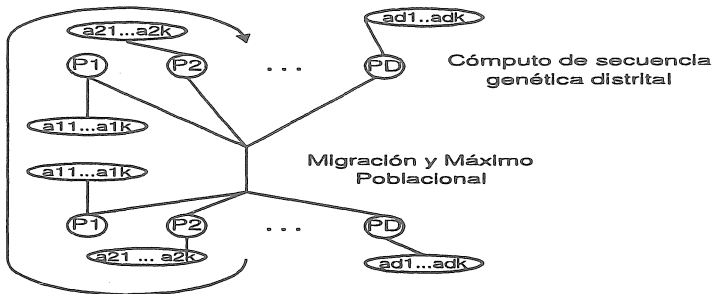


Figura 5.2 Esquema lógico de funcionamiento de paralelización mixta.

## 6. Análisis de rendimiento.

A fin de analizar el rendimiento de la aplicación papelala, se estudió el mismo problema planteado para la medición de la aplicación secuencial: un conjunto radiante compuesto por veinte (20) antenas equidistantes a una razón de 2.5 metros entre ellas. Se definieron dos (2) lobulos laterales ubicados en 40 y 100 grados, respectivamente. Se generó una población de individuos distribuida uniformemente en cuatro (4) distritos de treinta (30) individuos cada uno. A fin de evaluar el rendimiento en condiciones borde, se prefijó la frecuencia de migración en una migración por cada secuencia genética, y se efectuaron mediciones para la ejecución de treinta (30) generaciones con una tolerancia de resultado de  $10^{-4}$  (condición de parada en 30 generaciones o máxima adaptabilidad obtenida de 0.9999). La implementación se desarrolló sobre el multiprocesador PARSYTEC MC3-3 con la librería de comunicación eMP[4].

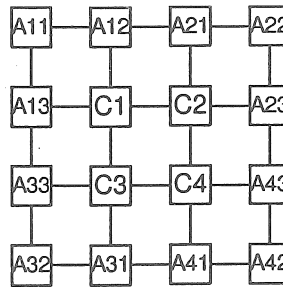


Figura 5.3 Arquitectura física de la aplicación para  $D=4$  y  $k=3$

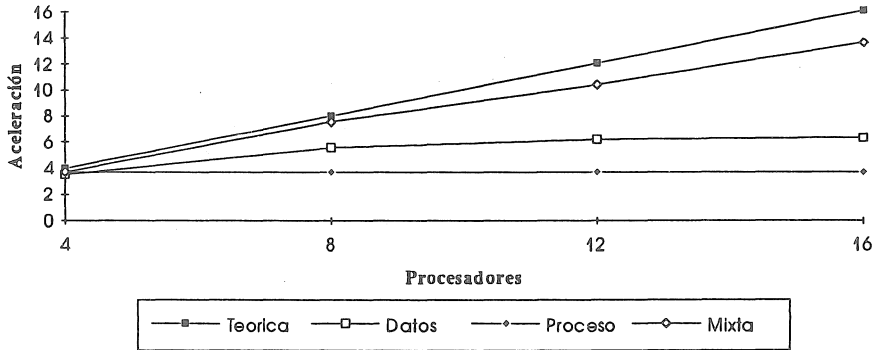
Las mediciones efectuadas garantizan la misma población aleatoria que la versión secuencial y no incluyen el tiempo de generación de la población ni la decodificación del resultado final del problema.

Debido a las restricciones de hardware (malla de  $4 \times 4$  procesadores), los escenarios de paralelización evaluados fueron los siguientes:

- Paralelización de procesos (4 procesadores).
- Paralelización de datos con cero (0) a quince (15) asistentes (de 1 a 16 procesadores).
- Paralelización mixta con 1 asistente a 3 asistentes (ocho, doce y dieciséis procesadores respectivamente).

La figura 6.1 muestra la gráfica de aceleración contra número de procesadores para las diferentes versiones de aplicación genética paralela utilizada.

De esta figura se desprende que la aceleración lograda a través de la paralelización mixta es comparativamente mejor que las versiones desarrolladas para otras estrategias de paralelización. Esto fundamentalmente se debe a el enfoque de paralelización mixta aumenta el rendimiento de la aplicación respecto a la paralelización de procesos por el cómputo asistido en el cálculo de la adaptabilidad de individuos. Por otra parte, la paralelización mixta mejora el rendimiento respecto a la paralelización de datos por la división de las tareas secuenciales de operaciones genéticas en los  $D$  procesadores coordinadores de distrito. A pesar de que en la paralelización mixta se requiere de comunicación adicional durante las migraciones y cálculo de los mejores individuos de la población, el número de mensajes necesarios es a lo más dos (2) por cada procesador, no introduciendo un "overhead" de comunicación comparativamente alto respecto a la paralelización de datos.



El resultado de la medición de tiempos de comunicación promedio (expresado en segundos) entre procesadores puede ser observado en la tabla 6.1, para la estrategia de paralelización mixta

Procesadores	Coord/Asistente	Coord/Coord	Tiempo Ejecución
4	0	25.01165	3098.37722
8	19.78534	27.87501	1523.38048
12	28.00051	28.49687	1107.37696
16	38.53018	21.48774	882.59891

De esta tabla puede concluirse que los tiempos de comunicación son comparativamente insignificantes respecto al tiempo de procesamiento global, lo que garantiza un buen rendimiento a bajo costo de comunicación, en la estrategia de paralelización mixta.

Los resultados anteriores permiten concluir que la estrategia de paralelización mixta resulta ser la más conveniente para esta aplicación, ya que logra aceleraciones razonables con relaciones comunicación/procesamiento muy pequeñas.

## 7. Conclusiones y Estudios Posteriores.

A partir de los resultados obtenidos con la paralelización de la aplicación secuencial original puede concluirse que:

- La estrategia de paralelización mixta resulta adecuada cuando es factible la subdivisión de la población de individuos y cuando el cómputo de adaptabilidades de individuos es un proceso muy costoso.
- La paralelización sugerida logra una aceleración razonable con un pequeño número de procesadores. Esto hace factible su implementación en arquitecturas paralelas de bajo coste y por lo tanto accesible a pequeñas industrias. En particular, la aceleración obtenida para cuatro (4) distritos y tres (3) asistentes por distrito resultó ser aproximadamente igual a 13.
- El número óptimo de procesadores a ser utilizado depende de la discretización de problema deseado. En particular para el proceso de evaluación de la función de emisión  $\gamma$ . El requerimiento de la aplicación desarrollada restringía el valor del ángulo del espectro de emisión de ondas a valores enteros. Para ángulos variantes en menos de un grado, la granularidad del problema podría llegar a influir considerablemente, pudiendo degradar el rendimiento de las versiones de paralelización mixta y de datos. Este aspecto constituye la continuación de esta investigación, con la finalidad de encontrar el número óptimo de asistentes requeridos como una función de la granularidad requerida en el cómputo de la función de emisión y por lo tanto en la operación genética de cómputo de adaptabilidades de individuos.

### Referencias Bibliográficas:

- [1] Goldberg, D.E., "Genetic Algorithms in Search, Optimization & Machine Learning". Addison-Wesley, 1989.
- [2] Gordon, S., y Withley, D., "Serial and Parallel Genetic Algorithms as Function Optimizers". Proceedings of the Fifth International Conference on Genetic Algorithms, Morgan Kaufmann, 1993. Pág. 177-183
- [3] Olvera, M. y Cantú, E. "DGENESIS- Software para la ejecución de algoritmos genéticos distribuidos". Memorias de la XX Conferencia Latinoamericana de Informática PANEL 1994. Págs. 935-946.
- [4] De Lila, A., Karina, R. Rutinas de comunicación eMP. Reporte Técnico, INTEVEP, 1991.
- [5] AKL, S. "The Design and Analysis of Parallel Algorithms". Prentice-Hall International. 1989