



Práctica 2

Genéticos

Autores: David Díaz Jiménez 77356084T Andrés Rojas Ortega 77382127F

Metaheurísticas

Informe de prácticas

David Díaz Jiménez, Andrés Rojas Ortega

Contents

1	Def	inición y análisis del problema	2
	1.1	Representación de la solución	2
	1.2	Función objetivo	2
	1.3	Operadores comunes	2
2	Cla	ses auxiliares	2
	2.1	Archivo	2
	2.2	Configurador	3
	2.3	ElementoSolucion	3
	2.4	GestorLog	3
	2.5	Metaheuristicas	3
	2.6	Pair	3
	2.7	RandomP	3
	2.8	Timer	3
3	Pse	udocódigo	4
4	Exp	perimentos y análisis de resultados	12
	4.1^{-}	Procedimiento de desarrollo de la práctica	12
		4.1.1 Equipo de pruebas	12
		4.1.2 Manual de usuario	12
	4.2	Parámetros de los algoritmos	13
		4.2.1 Genetico	13
		4.2.2 Semillas	13
	4 3	Análisis de los resultados	13

1 Definición y análisis del problema

Dado un conjunto N de tamaño n, se pide encontrar un subconjunto M de tamaño m, que maximice la función:

$$C(M) = \sum_{s_i, s_j \in M} d_{ij}$$

donde d_{ij} es la diversidad del elemento s_i respecto al elemento s_j

1.1 Representación de la solución

Para representar la solución se ha optado por el uso de un vector de enteros, en el que el elemento contenido en cada posición se corresponde con un integrante de la solución. La solución vendrá dada por las siguientes restricciones:

- La solución no puede contener elementos repetidos.
- \bullet Debe tener exactamente m elementos.
- El orden de los elementos es irrelevante.

1.2 Función objetivo

$$C(M) = \sum_{s_i, s_j \in M} d_{ij}$$

1.3 Operadores comunes

El operador de intercambio es el 1-opt, se seleccionara un elemento de la solución actual en base a un criterio y se sustituirá por un elemento que no pertenece a la solución.

2 Clases auxiliares

A continuación se enumeran las diferentes clases auxiliares utilizadas en el programa acompañadas de una breve descripción de las mismas.

nota: Para obtener información detallada se deben consultar los comentarios insertados en el código de cada una de las clases.

2.1 Archivo

Esta clase se encarga de almacenar toda la información que se encuentra dentro de cada archivo que contiene cada uno de los problemas.

2.2 Configurador

Utilizamos esta clase para leer y almacenar los parámetros del programa que se encuentran dentro del archivo de configuración.

2.3 ElementoSolucion

Clase encargada de representar a un elemento perteneciente a una solución y almacenar toda la información necesaria para la ejecución de las metaheurísticas del programa.

2.4 GestorLog

La función principal de esta clase es la administración de los archivos Log del programa y el almacenamiento de información para debug en los mismos.

2.5 Metaheuristicas

Esta clase se utiliza para lanzar la ejecución de los algoritmos para cada problema facilitado como parámetro.

2.6 Pair

Representa un par formado por un candidato y un coste asociado a este.

2.7 RandomP

Clase para generar números aleatorios.

2.8 Timer

Clase para gestionar los tiempos de ejecución del algoritmo.

3 Pseudocódigo

Algorithm 1 Algoritmo Genético

```
poblacion Padres \leftarrow Genera Poblacion Inicial (semilla) \\ \textbf{while} \ evaluaciones Relizadas < evaluaciones Limite \ \textbf{do} \\ Evaluacion (poblacion Padres) \\ elites \leftarrow Seleccion Elites (poblacion Padres) \\ poblacion Hijos \leftarrow Cruzar Poblacion (poblacion Padres, semilla) \\ Reparar (poblacion Hijos) \\ Mutar Poblacion (poblacion Hijos, semilla) \\ Evaluacion (poblacion Hijos) \\ poblacion Padres \leftarrow Reemplazar Elite (poblacion Hijos, elite) \\ \textbf{end while} \\
```

La primera acción que se realiza en la función principal es la generación de un conjunto de individuos aleatorios que se almacenará en la variable global "poblacionPadres". La función encargada de realizar esta labor es "GeneraPoblacionInicial(semilla)"

Damos paso a la ejecución de un bucle while hasta que alcancemos el número de evaluaciones objetivo. Este número de evaluaciones lo indica la variable "evaluacionesLimite", parámetro del programa.

Lo primero que realizamos dentro del bucle while es calcular los costes de todos y cada uno de los individuos pertenecientes a "poblacionPadres". Esta tarea sera encomendada a la función "Evaluacion(poblacionPadre)".

Cuando ya dispongamos de los costes calculados de todos los individuos de "poblacionPadres", lo siguiente que debemos hacer es guardar en "elites" los individuos élites que nos indique "numElites" (parámetro del programa). La función "SeleccionElites(poblacionPadres)" será la encargada de realizar esta tarea.

Procedemos ahora a cruzar "poblacionPadres". "CruzarPoblacion(poblacionPadres,semilla)" es la función que realiza dicha tarea, y la población resultante se guarda en la variable "poblacionHijos".

Algorithm 2 GeneraPoblacionInicial(semilla)

```
\begin{tabular}{l} individuo \leftarrow \emptyset \\ poblacion \leftarrow \emptyset \\ \begin{tabular}{l} while $tama\~no$Poblacion < numIndividuosPoblacion $do$ \\ \begin{tabular}{l} while $num$GenesIndividuo < numGenesIndividuos) $do$ \\ $genAleatorio \leftarrow GeneraEnteroAleatorio (semilla)$ \\ \begin{tabular}{l} if $genAleatorio \notin individuo $then$ \\ $individuo \leftarrow individuo \cup \{genAleatorio\}$ \\ \begin{tabular}{l} end if \\ \begin{tabular}{l} end while \\ $poblacion \leftarrow poblacion \cup \{individuo\}$ \\ $individuo \leftarrow \emptyset$ \\ \begin{tabular}{l} end while \\ \begin{tabular}{l} return & poblacion \\ \end & \begin{tabular}{l} end & \begin{tabular}{l} end
```

Inicializamos las variables "individuo" y "poblacion". La variable "individuo" se utilizará como contenedor de todos los genes que se vayan generando aleatoriamente, se inicializa como un conjunto vacío. "poblacion" irá almacenando cada uno de los individuos generados, se inicializa como un conjunto vacío.

Hasta que "poblacion" no contenga el número de individuos especificado como parámetro del programa hacemos lo siguiente:

Generamos un genotipo aleatorio haciendo uso de la función "GeneraEnteroAleatorio(semilla)" y lo almacenamos en la variable local "genAleatorio".

Comprobamos que "genAleatorio" no se encuentre ya contenido dentro de "individuo" y lo añadimos en el caso de que cumpla con esta condición.

Repetimos la generación aleatoria de genotipos hasta que el número de los mismos contenido en "individuo" se corresponda con el número de genotipos pasado como parámetro del programa.

Cuando "individuo" tiene el número de genes deseado, se añade a "poblacion" y acto seguido se modifica el valor de "individuo" a vacío para dar paso a la generación de otro "individuo" nuevo.

Una vez tengamos hayamos completado "poblacion", la devolvemos como resultado de la ejecución de la función.

Algorithm 3 Evaluacion(poblacion)

Algorithm 4 SeleccionElites(poblacion)

```
 \begin{array}{l} individuosElites \leftarrow \emptyset \\ mejor \leftarrow \emptyset \\ costeMejor \leftarrow 0 \\ \textbf{while} \ individuosElites.tamaño() < numElites \ \textbf{do} \\ \textbf{for} \ individuo \in poblacion \ \textbf{do} \\ \textbf{if} \ (individuo.coste > costeMejor) \land (individuo \notin individuosElite) \ \textbf{then} \\ mejor \leftarrow individuo \\ costeMejor \leftarrow individuo.coste \\ \textbf{end if} \\ \textbf{end for} \\ individuosElites \leftarrow individuosElites \cup \{mejor\} \\ \textbf{end while} \\ \textbf{return} \ individuosElites \\ \end{array}
```

El primer paso de todos es inicializar las variables locales "individuosElites", "mejor" y "costeMejor". "individuosElites" es un vector encargado de ir almacenando los mejores individuos de "población" que se encuentren, se inicializa como un conjunto vacío. "mejor" se utiliza para ir almacenan uno a uno los individuos de "poblacion" que presenten un mejor coste para guardarlos posteriormente en "individuosElites", su valor se inicia como vacío. "costeMejor" guarda el coste del mejor individuo encontrado hasta el momento para poder comparar con el resto de individuos de "poblacion", su valor se inicia a cero.

El algoritmo de la función realiza un bucle for hasta que el tamaño de "individuos Elites" se corresponda con "numElites", es decir, el número de individuos elites que se guardan. El valor de "numElites" se deberá pasar como parámetro del programa.

El bucle for consiste en recorrer todos los individuos de "poblacion" y, si el coste de "individuo" mejora a "mejorCoste" y no ha sido introducido aún en "individuosElites", se actualizan los valores de "mejor" y "mejorCoste" con los datos del individuo. Cuando se termina el bucle for se introduce el mejor individuo encontrado en esa iteración del bucle while en "individuosElites".

Una vez que hayamos completado "individuos Elites", lo devolvemos como resultado de la ejecución de la función.

Algorithm 5 CruzarPoblacion(poblacion, semilla)

```
poblacionHijos \leftarrow \emptyset
poblacionHijos \leftarrow SeleccionaPoblacion(poblacion, semilla)
\textbf{if} \ \text{tipoCruceMPX then}
poblacionHijos \leftarrow RealizaCruceMPX(poblacionHijos)
\textbf{else}
poblacionHijos \leftarrow RelizaCruce2p(poblacionHijos)
\textbf{end if}
\textbf{return} \ poblacionHijos
```

Se inicializa el valor de "poblacion Hijos" a un conjunto vacío para evitar errores.

A continuación, rellenamos el vector a partir de "poblacion" con la función "SeleccionaPoblacion(poblacion, semilla)".

Una vez tenemos "poblacionHijos" relleno con todos los individuos necesarios, damos paso a ejecutar el cruce. El tipo de cruce viene determinado por la variable "tipoCruceMPX", un booleano.

Si el valor de "tipoCruceMPX" resulta positivo, se lanza la ejecución de "RealizaCruceMPX(poblacionHijos)". En caso contrario, se lanza "Realiza-Cruce2p(poblacionHijos)".

Una vez se haya realizado la ejecución del cruce, se devuelve "poblacionHijos" como resultado de ejecutar la función.

Algorithm 6 SeleccionaPoblacion(poblacion, semilla)

```
poblacionHijos \leftarrow \emptyset
while tamañoPoblacionHijos<numHijos do
individuoSeleccionado \leftarrow SeleccionaIndividuo(poblacion, semilla)
poblacionHijos \leftarrow poblacionHijos \cup \{individuoSeleccionado\}
end while
return poblacionHijos
```

Mientras que el tamaño de "poblacionHijos" sea inferior a "numHijos" (el número de hijos de cada generación) se realizará lo siguiente:

Se selecciona por torneo binario un individuo perteneciente a "poblacion" haciendo uso de la función "SeleccionaIndividuo(poblacion,semilla)". El individuo que resulte ganador se almacena en la variable "individuoSeleccionado".

"individuoSeleccionado" se añade a "poblacionHijos" y se repite el proceso.

Una vez "poblacionHijos" alcanza el tamaño deseado, finaliza la ejecución de la función y se devuelve como resultado.

Algorithm 7 SeleccionaIndividuo(poblacion,semilla)

```
seleccionado1 ← GeneraEnteroAleatorio(semilla)
seleccionado2 ← GeneraEnteroAleatorio(semilla)
while seleccionado1==seleccionado2 do
seleccionado2 ← GeneraEnteroAleatorio(semilla)
end while
if poblacion[seleccionado1].coste > poblacion[seleccionado2].coste then
return poblacion[seleccionado1]
else
return poblacion[seleccionado2]
end if
```

Para realizar el torneo binario lo primero que necesitamos es generar dos números aleatorios que se corresponderan con los índices en los que se encuentran los individuos seleccionados. Realizaremos tal generación de números aleatorios con la función "GeneraEnteroAleatorio(semilla)", y almacenaremos los valores resultantes en las variables "seleccionado1" y "seleccionado2".

Comprobamos que no se repitan los valores de "seleccionado1" y "seleccionado2". Si ocurre esto, generamos otro nuevo valor para "seleccionado2" hasta que obtengamos uno válido.

Para finalizar, comparamos el coste de los dos individuos seleccionados y devolvemos como resultado aquel que posea un mejor coste.

Algorithm 8 RealizarCruceMPX(poblacionHijos)

Algorithm 9 RealizarCruce2p(poblacionHijos)

```
for i=0; i<49; i+=2 do
  aleatorioCruce \leftarrow GeneraFloatAleatorio(semilla)
  if aleatorioCruce<=probabilidadCruce then
     corte1 \leftarrow GeneraEnteroAleatorio(semilla)
     corte2 \leftarrow GeneraEnteroAleatorio(semilla)
     padre1 \leftarrow poblacionPadre[i]
     padre2 \leftarrow poblacionPadre[i+1]
     while corte1==corte2 do
        corte2 \leftarrow GeneraEnteroAleatorio(semilla)
     end while
     for j=0; j<\text{corte1}; j++ do
       hijo1 \leftarrow hijo1 \cup padre1.qetGen[j]
       hijo2 \leftarrow hijo2 \cup padre2.getGen[j]
     end for
     for j = corte1; j < corte2; j++ do
       hijo1 \leftarrow hijo1 \cup padre2.getGen[j]
       hijo2 \leftarrow hijo2 \cup padre1.getGen[j]
     end for
     for j=corte2;j<tamañoIndividuo;j++ do
        hijo1 \leftarrow hijo1 \cup padre1.getGen[j]
        hijo2 \leftarrow hijo2 \cup padre2.getGen[j]
     end for
     poblacionHijos[i] \leftarrow hijo1
     poblacionHijos[i+1] \leftarrow hijo2
  end if
end for
return poblacionHijos
```

Recorremos "poblacion" de dos en dos realizando lo que a continuación se expone.

Lo primero a realizar es comprobar si debemos realizar el cruce entre los dos primeros padres. Esta comprobación se realiza comparando "aleatorioCruce" y "probabilidadCruce". "aleatorioCruce" almacena un float aleatorio generado haciendo uso de la función "GeneraFloatAleatorio(semilla)". "probabilidadCruce" tiene almacenada la probabilidad de que dos individuos se reproduzcan, esta información se pasa al programa como parámetro.

En el caso de que sí se tengan que cruzar, generamos dos puntos de corte aleatorios haciendo uso de "GeneraEnteroAleatorio(semilla)" y los almacenamos en las variables "corte1" y "corte2". Almacenamos en las variables "padre1" y "padre2" los individuos a cruzar.

Comprobamos que los cortes generados no sean los mismos y, si lo son, generamos otro valor aleatorio para "corte2" hasta que los dos cortes dejen de ser iguales.

Rellenamos "hijo1" con lo genotipos de "padre2" e "hijo2" con los genotipos de "padre1" hasta llegar a "corte1". Rellenamos los genotipos a continuación de "corte1" de "hijo1" con los genotipos de "padre1", y los genotipos de "hijo2" con los de "padre2" hasta llegar a "corte2". A partir de "corte2" y hasta llegar al final, rellenamos "hijo1" con los genotipos de "padre2", e "hijo2" con los genotipos de "padre1".

Cuando hayamos completado el cruce, sobreescribimos el valor de la posición de "padre1" y "padre2" con el valor de "hijo1" e "hijo2" en "poblacionHijos".

Una vez hayamos terminado el bucle for principal, tendremos almacenados en "poblacionHijos" todos los nuevos individuos resultantes del cruce. Devolvemos "poblacionHijos" como resultado.

Algorithm 10 Reparar(poblacionHijos)

```
for individuo \in poblacionHijos do

if !FuncionSolucion(individuo) then

if tama\~noIndividuo>tama\~noIndividuoProblema then

while tama\~noIndividuo>tama\~noIndividuoProblema do

elementoMenor \leftarrow CalcularAportes(individuo)

individuo \leftarrow individuo\{elementoMenor\}

end while

else if tama\~noIndividuo<tama\~noIndividuoProblema then

elementoMayor \leftarrow CalcularMayorAporte(individuo)

individuo \leftarrow individuo \cup \{elementoMayor\}

end if

end if
end for
```

Algorithm 11 FuncionSolucion(individuo)

```
for i=0;i<numGenesIndividuo-1;i++ do
for j=i+1;numGenesIndividuo;j++ do
if individuo[i]==individuo[j] then
seRepite \leftarrow true
end if
end for
numGenes \leftarrow numGenes + 1
end for
if numGenes!=numGenesIndividuo then
malTama\tilde{n}o \leftarrow true
end if
return !(malTama\tilde{n}o \lor seRepite)
```

Algorithm 12 CalcularAportes(individuo)

```
aporte \leftarrow 0

listaAportes \leftarrow \emptyset

for gen1 \in individuo do

for gen2 \in individuo do

aporte \leftarrow aporte + matrizDistancias[gen1][gen2]

end for

A \tilde{n} adirAporte(gen1,aporte)

end for

Sort(listaAportes)

return listaAportes[0]
```

Algorithm 13 CalcularMayorAporte(individuo)

```
aporte \leftarrow 0

listaAportes \leftarrow \emptyset

for \ gen1 \in matrizDatos \ do

for \ gen2 \in matrizDatos \ do

aporte \leftarrow aporte + matrizDistancias[gen1][gen2]

end \ for

A \ nadirAporte(gen1,aporte)

end \ for

Sort(listaAportes)

return \ listaAportes[numGenesIndividuos-1]
```

Algorithm 14 Mutar(poblacionHijos,semilla)

```
for individuo \in poblacionHijos do

posMuta \leftarrow GeneraEnteroAleatorio(semilla)

eleMutado \leftarrow GeneraEnteroAleatorio(semilla)

Intercambia(individuo,posMuta,eleMutado)

end for
```

Algorithm 15 ReemplazarElite(poblacionHijos,elites)

```
Sort(poblacionHijos)
indice \leftarrow 0
for \ elite \in elites \ do
poblacionHijos[indice] \leftarrow elite
indice \leftarrow indice + 1
end \ for
return \ poblacionHijos
```

4 Experimentos y análisis de resultados

4.1 Procedimiento de desarrollo de la práctica

Para realizar la práctica, se ha optado por implementar las heurísticas propuestas en el lenguaje de programación JAVA. El ejecutable que se entrega junto a este documento ha sido compilado bajo APACHE NETBEANSIDE 12.0.

4.1.1 Equipo de pruebas

Los resultados de las heurísticas han sido obtenidos en el siguiente equipo:

- Host: 80WK Lenovo Y520-15IKBN
- S.O: KDE neon User Edition 5.20 x86 64
- Kernel: 5.4.0-52-generic
- CPU: Intel i5-7300HQ (4) @ 3.500GHz
- GPU: NVIDIA GeForce GTX 1050 Mobile
- GPU: Intel HD Graphics 630
- Memoria RAM: 7837 MiB.

4.1.2 Manual de usuario

Para ejecutar el software asegúrese de que el archivo .jar proporcionado se ubica en el mismo directorio que la carpeta *archivos*.

Cuando se muestre la GUI, podrá seleccionar la heurística que desee mediante el botón correspondiente. Una vez empiece la ejecución de una heurística no sera posible seleccionar otra hasta que finalice su ejecución. Los resultados finales se mostrarán en el cuadro de texto, a su vez, se generan los log correspondientes a cada archivo y semilla en la carpeta Log.



Figure 1: GUI

4.2 Parámetros de los algoritmos

4.2.1 Genetico

4.2.2 Semillas

Para la generación de números pseudoaleatorios se utiliza una semilla previamente definida en el archivo de configuración, en este caso es 77356084. Esta semilla se va rotando en las 5 iteraciones de cada archivo.

 $77356084 \to 73560847 \to 35608477 \dots$

4.3 Análisis de los resultados

References

- [1] Fred Glover, Manuel Laguna, Rafael Martí. Principles of Tabu Search. https://www.uv.es/rmarti/paper/docs/ts1.pdf
- [2] https://sci2s.ugr.es/graduateCourses/Metaheuristicas
- [3] https://sci2s.ugr.es/graduateCourses/Algoritmica