Beamsearch.

Met de beamsearch methode worden alle mogelijke inversies uitgevoerd tot drie lagen diep. Er word één genoom geinjecteerd, van dit genoom worden alle 300 verschillende inversies uitgevoerd en opgeslagen in een List. Iedere List van 25 getallen heeft 300 verschillende mogelijke inversies om uitgevoerd te worden. Deze 300 verschillende resultaten die in de List staan zijn de eerste laag. Van al deze resultaten worden ook alle 300 inversies uitgevoerd, dit zijn vervoglens 90.000 resultaten die de tweede laag vormen. Ook weer van deze 90.000, worden alle 300 verschillende inversies uitgevoerd. Dit zijn totaal 27 miljoen resultaten, dit is de derde laag, en hiervan word één resultaad uitgekozen. Met het uitgekozen resultaat word dit process vervolgens weer herhaald totdat de reeks getallen volledig gesorteerd is.

Voor het kiezen van het beste resultaat van de 27 miljoen verschillende resultaten, hebben wij meerdere systemen bedacht. Deze verschillende systemen worden hier onder behandeld als verschillende versies. Voor iedere versie geld dat de beamsearch methode hetzelfde is, maar word het kiezen van het beste resultaat anders gedaan.

**Versie 1**  
*Aantal inversies: 17  
Aantal verplaatste genen: 160*  
In de eerste versie van de beamsearch is gekozen voor een score systeem dat zijn score haalt uit de totale chunk groote van alle chunk bij elkaar, gedeeld door het aantal elementen. Hierdoor word er naar een resultaat gezocht met zo min mogelijk verschillende elementen en dus zo groot mogelijk totale chunk groote. Het nadeel is dat deze methode alle losse getallen zo snel mogelijk in kleine chunks zet, zonder rekening te houden met de plaats van deze chunks. Hierdoor moeten ook al deze verschillende chunks nog ingedeeld worden wat extra inversies vraagt.

**Versie 2**  
*Aantal inversies: 15  
Aantal verplaatste genen: 169*  
Versie twee is een verbetering op de vorige methode. Hier word hetzelfde score systeem gehanteerd, maar worden er extra punten gegeven voor de chunks die groter zijn dan twee getallen. Voor ieder getal in een chunk dat groter is dan twee, wordt er een punt gegeven. Hierdoor licht het belang niet meer bij het creeren van vele kleinere chunks, maar bij het vergroten van bestaande chunks. Dit leverde 2 inversies minder op, maar wel meer verplaatste genen.

**Versie 3**  
*Aantal inversies: 13  
Aantal verplaatste genen: 111*  
De derde versie voor het kiezen van het beste resultaat is een methode met een ander score systeem dan gebruikt is in de eerste twee versies. Hierbij word een een negatief punt (-1) gegeven voor iedere stap dat een getal verwijderd is van de plaats waar hij hoort te staan. Dit betekend dat wanneer alles op de juiste plek staat, de score 0 is. Er word bij het kiezen gekeken naar het resultaat dat het dichts bij 0 zit. Doordat deze methode zo snel mogelijk alle vergelegen getallen in de buurt van hun plaats zet, hoeven er al snel geen grote inversies uitgevoerd te worden. Hierdoor blijft het aantal verplaatste genen erg laag en kost het nog weinig inversies om alles op de juiste plek te zetten.

Voor ieder scoremethode is het eerste beste resultaat gekozen én ter vergelijking het laatse beste resultaat. In iedere methoden waren deze hetzelfde, wat betekend dat er maar één resultaat is gegenereerd met die gekozen score.