

# Consigna General del Proyecto Final

Metaheurísticas Poblacionales (2022 - 1er Cuatrimestre)

## Propuesta

Para la consigna del reporte técnico se pide usar dos algoritmos: Algoritmo Genético (AG) y Evolución Diferencial (ED) con el objeto de realizar un breve estudio comparativo sobre el siguiente conjunto de funciones: Ackley 1, Ackley 2, Ackley 3 y Ackley 4 (ver archivo provisto “Test-Functions.pdf”, páginas 5 y 6). Para las funciones 1 y 4, que son escalables, usar el valor de  $D = 10$  (la dimensión del vector de entrada para la función a optimizar).

El reporte deberá presentar, entre otros detalles y siguiendo el modelo provisto, una descripción general de los algoritmos usados y en la parte experimental deberá incluir una comparación de los resultados (mejores valores objetivo, mediana y desviación) de 25 ejecuciones con distintas semillas. Y si fuera posible, mostrar alguna curva que compare la velocidad de convergencia de AG y ED sobre las funciones Ackley 1 y 4.

Se deberá fijar y reportar el conjunto de valores de parámetros usados para cada uno de los algoritmos.

Se sugiere usar para ambos algoritmos los siguientes valores de parámetros, pero pueden probar con otros valores a los efectos de mejorar la calidad de los resultados.

- AG:  $p_m = 0,01$ ;  $p_c = 0,65$ .
- ED:  $F = 0,5$  y  $C_r = 0,6$

Para ambos algoritmos usar un tamaño de población de 50 y un máximo de 5000 generaciones.

En el caso del AG deberán considerar el uso de una representación de cromosomas como vector real y el uso de operadores de crossover y mutación adecuados.

Por ejemplo como crossover se puede usar el de 1-punto, 2-puntos o uniforme. Y también el crossover aritmético:

Sean  $\mathbf{x}, \mathbf{y}, \mathbf{z} \in R^n$  y  $\alpha \in (0, 1)$ , de dos padres  $\mathbf{x}$  e  $\mathbf{y}$ , se puede obtener un hijo  $\mathbf{z} = \alpha \times \mathbf{x} + (1 - \alpha) \times \mathbf{y}$ .

Y para la mutación:

Sea  $\mathbf{x} \in \mathcal{R}^n$ , donde  $x_i \in [a_i, b_i]$ , para  $i = 1 \dots n$ , los límites del rango de cada variable  $x_i$ , se puede obtener un cromosoma  $\mathbf{x}'$  mutado donde,

$\mathbf{x}' = (x_1, x_2, \dots, x'_r, \dots, x_n)$ , y  $r \in \{1, \dots, n\}$  un número natural aleatorio generado uniformemente y

$$x'_r = \begin{cases} x_r + rnd_2 \times (b_r - x_r) & Si \ rnd_1 < 0,5 \\ x_r - rnd_2 \times (x_r - a_r) & Si \ rnd_1 \geq 0,5 \end{cases}$$

y  $rnd_1, rnd_2 \in (0, 1)$  números aleatorios.