



Test A

Metaheurísticas

Convocatoria Ordinaria Enero – 21/enero/2021

Normativa:

- Indicar con V o F la respuesta en el test. En caso de cambiar la respuesta se debe tachar con una X la que no se desea. Otra fórmula penaliza como ERROR.
- El tipo test se evalúa como ACIERTOS – ERRORES, y si el resultado del mismo es negativo se restará a la parte de las preguntas cortas.
- Se debe obtener un mínimo de 2 puntos en test + preguntas cortas y 3 puntos en problemas para superar el examen, salvo grupos de trabajo que deben obtener un 5 en el examen.
- El examen tiene una duración de 2 horas.

Apellidos, Nombre:

Tipo test (2 puntos)

___ JADE es un algoritmo de programación genética que emplea el operador ternario modificado para incluir en la evolución a los p-mejores individuos de la generación anterior.

___ Los elementos clave de una metaheurística son la representación de la solución, las soluciones cercanas, la transformación de la solución actual en otra y la factibilidad de la solución y la función objetivo.

___ El algoritmo GRASP y los Sistemas de Colonias de Hormigas se denominan algoritmos constructivos en la literatura.

___ El enfriamiento simulado persigue una explotación al comienzo de la búsqueda y exploración en las etapas finales.

___ El manejo de restricciones en búsquedas exclusivamente en espacios factibles se realizan de forma habitual mediante penalización.

___ La matriz de feromonas permanece sin cambios en la construcción de las soluciones en los sistemas de hormigas. Sin embargo, en los sistemas de colonias de hormigas si se modifica mediante la actualización online de la feromona.

___ Un óptimo global puede no ser local.

___ Los tiempos obtenidos en las exploraciones de metaheurísticas dependen exclusivamente de la técnica a emplear en su resolución.

___ El teorema del “No Free Lunch” nos dice que una técnica puede funcionar muy bien para un problema, pero en otro tener un funcionamiento totalmente distinto.

___ El paradigma Map-Reduce es un enfoque de paralelización empleado en Metaheurísticas paralelas para mejorar la eficiencia de los enfoques clásicos.

Preguntas cortas (2 puntos)

1. Describe brevemente (5 líneas máximo) las principales diferencias entre los algoritmos genéticos y la programación genética.
2. Explica el concepto de oscilación estratégica de la búsqueda tabú y cuál es su principal objetivo (5 líneas máximo).
3. Presenta dos operadores de cruce para un algoritmo genético con representación de orden con valores enteros sin repetidos en la representación. Explica y dibuja los dos operadores.
4. Describe (5 líneas máximo) el mecanismo de enfriamiento simulado.
5. ¿Cómo emplearías un enfoque paralelo en un algoritmo genético? Describe el proceso y dibuja un esquema de funcionamiento.

Problemas (6 puntos)

1. (3 puntos) El Real Jaén SAD necesita diseñar un sistema inteligente capaz de configurar la posible alineación para los siguientes partidos considerando los datos de los partidos ya jugados. En concreto, el *staff* técnico cuenta con los datos de los 25 jugadores (j_i) donde $i=1, \dots, 25$ (3 porteros, 8 defensas, 9 medios y 5 delanteros) en función de técnica t_{ik} , estado físico, f_{ik} y estado anímico a_{ik} , donde k es igual al número de partidos con datos recogidos.

El sistema diseñado deberá proporcionar la lista de los mejores 11 jugadores (1 portero, 4 defensas, 4 medios y 2 delanteros) que formarán la alineación titular para el siguiente partido, considerando todos los datos donde t y f tienen igual valor, mientras que a tiene la mitad de valor.

- a) Representación de una solución binaria y justifica todas las posibles restricciones para exploración del espacio factible.
 - b) Considerando a) presenta la función objetivo y su fórmula matemática, y poner un ejemplo de buena alineación y otro de mala alineación.
 - c) Si se implementase una búsqueda tabú, ¿cómo gestionarías las memorias considerando la representación de a)? Justifica la respuesta y represéntalas.
 - d) Implementa y representa un operador de cruce válido para un algoritmo genético con la representación de a).
2. (3 puntos) El equipo de investigación del Complejo Hospitalario de Jaén cuenta con una base de datos de 1 millón de virus (ARN¹), 10.000 medicamentos², y todas las relaciones existentes entre los medicamentos y los virus con un valor del siguiente conjunto: {efectividad muy baja, baja, media, alta y muy alta}.

Con estos datos, el equipo de trabajo tiene dos objetivos:

1. Obtener los n virus con estructuras similares a una proteína de SARS-COV-2 conocida, donde a mayor número de nucleobases (A, C, G y U) consecutivas coincidentes más similares son.
 2. Obtener el medicamento definitivo contra el SARS-COV-2. Para ello se requiere buscar reglas que combinen los medicamentos más efectivos (media, alta o muy alta) sobre los n virus más similares a la proteína de SARS-COV-2 (objetivo 1). Una regla es una conjunción de pares atributo-valor (MEDICAMENTO-EFECTIVIDAD) que forman el antecedente, y el consecuente viene dado por una base de reglas sobre la combinación de efectividades de los medicamentos (calculado de forma automática según el antecedente).
- a) Define el objetivo uno, la representación más óptima para una solución y represéntala, la metaheurística más adecuada de entre las basadas en población estudiadas justificando la respuesta, y la función de fitness.
 - b) Define la representación para codificar una regla del objetivo 2, indica y justifica la metaheurística más adecuada.

¹ Los virus están formados por una cadena de ARN sin tamaño fijo formada por una cadena simple de ribonucleótidos con cuatro bases: ADENINA (A), GUANINA (G), CITOSINA (C) y URACILO (U).

² Un medicamento está formado por un conjunto indeterminado de principios activos.