Universidad Autónoma de Querétaro

División de Investigación y Posgrado

Computo Evolutivo

Practica 4

Problema TSP Restrictivo

Profesor: Dr. Marco Antonio Aceves Fernández

Presenta:
Ing. Osmar Antonio Espinosa Bernal

06 de octubre de 2021

1. Objetivo

Desarrollar algoritmo que permita encontrar la ruta mas corta que recorra todas y cada una de las diferentes ciudades mostradas en la tabla 1.

City No.	City Name
1	Berlin
2	Hamburg
3	Stuttgart
4	Munich
5	Paris
6	Lyon
7	Bordeaux
8	Toulouse
9	Amsterdam
10	Brussels
11	Luxemburg
12	Zurich
13	Geneva
14	Vienna
15	Linz
16	Rome
17	Florencia
18	Naples

Tabla 1: Listas de ciudades para TSP Restringido

2. Marco Teórico

El problema del agente viajero o TSP es un problema que pertenece a la clase de problemas NP-Duros debido a que no existe un algoritmo exacto que lo resuelva en tiempo polinomial. La importancia del TSP se estriba en que varios problemas de optimización combinatoria se pueden modelar con base en él, como la planeación de rutas de transporte, el taladrado en placas de circuitos, la planeación de tiempos de vuelos y la asignación de tareas, así como otros que pueden ser consultados. Existen métodos conocidos como Metaheurísticas los cuales son algoritmos aproximados que se pueden adaptar a varios problemas de optimización.

El problema fue formulado por primera vez en 1930 y es uno de los problemas de optimización más estudiados. Es usado como prueba para muchos métodos de optimización. Aunque el problema es computacionalmente complejo, se conoce gran cantidad de heurísticas y métodos exactos, así que es posible resolver

planteamientos concretos del problema desde cien hasta miles de ciudades.

Algoritmos genéticos

Los algoritmos genéticos parten de la premisa de emplear la evolución natural como un procedimiento de optimización que se caracteriza por tener operaciones básicas que son:

- Selección de cromosomas
- Cruzamiento de cromosomas
- Mutación de cromosomas

Por lo tanto, el algoritmo es una búsqueda empleando dichas operaciones; por ejemplo, se puede plantear una familia de individuos los cuales se seleccionan y después se considera a los mas óptimos para realizar un cruzamiento entre ellos, y la forma de evitar caer en mínimos locales es el empleo de la mutación. Por ello la mutación puede considerarse una operación de fuga de mínimos locales. Esta búsqueda se define como una búsqueda de un espectro amplio.

Métodos de Selección de cromosomas

- **Selección por torneo:** se eligen subgrupos de individuos de la población, y los miembros de cada subgrupo compiten entre ellos. Sólo se elige a un individuo de cada subgrupo para la reproducción.
- **Selección Rank:** a cada individuo de la población se le asigna un rango numérico basado en su aptitud, y la selección se basa en este ranking, en lugar de las diferencias absolutas en aptitud.

Estos son los tipos de seleccion de cromosomas que se eligen para la presente practica.

Cruzamiento de cromosomas

El cruce parcialmente mapeado (PMX) fue propuesto por Goldberg y Lingle[1]. Seleccionados 2 cromosomas, este cruce realiza 2 cortes en el cromosoma 1 aleatoriamente y lo coloca en el descendiente 2 en la posición elegida para corte. Lo mismo sucede con el cromosoma 2 y lo asigna al descendiente 1. Como se observa a continuación:

$$C_1 = (348|271|65)$$

$$C_2 = (425|168|37)$$

$$D_1 = (xxx|168|xx)$$

$$D_2 = (xxx|271|xx)$$

Después se buscan los genes faltantes buscando en la matriz de correspondencia del descendiente 1 para el descendiente 2 y viceversa. También se comprueba que el gen a intercambiar no se encuentra ya en el nuevo descendiente, se procede a su llenado como sigue:

$$D_1 = (34x|168|x5)$$

$$D_2 = (4x5|271|8x)$$

Finalmente se mapean los genes que ya tienen un gen igual y lo intercambian por su correspondiente en la matriz de correspondencia, quedando los descendientes como sigue:

$$D_1 = (342|168|75)$$

$$D_2 = (485|271|36)$$

El operador de cruce de órdenes (OX) fue propuesto por Davis[2]. Este cruce hace 2 cortes definidos de forma aleatoria a los 2 cromosomas que se desean cruzar y se pasan al los descendientes manteniendo sus posiciones o eligiendo uno aleatorio. Después se mantiene el orden de los cromosomas donde finalizo el corte se procede a inserta siguiendo ese mismo orden evitando insertar los genes ya presentes en el descendiente. De esta manera se evitan duplicados, como se muestra a continuación.

$$C_1 = (348|271|65)$$

$$C_2 = (425|168|37)$$

$$D_1 = (xxx|271|xx)$$

$$D_2 = (xxx|168|xx)$$

Ahora, la secuencia a partir del segundo corte del cromosoma 2 es: 3, 7, 4, 2, 5, 1, 6, 8. Eliminando los genes ya presentes en el descendiente 1, queda: 3, 4, 5, 6, 8. El descendiente 2 se construye análogamente, por lo tanto los descendientes quedan de la siguiente manera:

$$D_1 = (568|271|34)$$

$$D_2 = (427|168|53)$$

Mutación

La mutación en los algoritmos se utiliza para evitar que los algoritmos genético caigan en mínimos locales, esto al realizar cambios a cromosomas seleccionados que dan la oportunidad de hacer nuevas búsquedas para mejorar o cambiar la descendencia. Generalmente se le aplica a los individuos de una población procurando que no exceda el 10% de la población total.

Mutación Scramble 2

Esta mutación se realiza haciendo un corte en 2 puntos en un cromosoma elegido aleatoriamente, después los genes restante en el cromosoma se juntan, formando un subcromosoma, finalmente la sección cortada se realiza un cambio de posición de sus genes evitando que queden en su ubicación original. Para terminar de completar la mutación, se re-inserta la sección mutada de nuevo a la sección donde se juntaron los genes originales de forma aleatoria, como se muestra a continuación:

$$D_1 = (\ 5\ 6\ 8\ |\ 2\ 7\ 1\ |\ 3\ 4\ )$$
$$D_2 = (\ 4\ 2\ 7\ |\ 1\ 6\ 8\ |\ 5\ 3\ )$$

$$D_1 = (\ 5\ 6\ 8\ 3\ 4\ )$$
$$D_2 = (\ 4\ 2\ 7\ 5\ 3\ )$$

$$D_1 = (\ 2\ 7\ 1\ )$$
$$D_2 = (\ 1\ 6\ 8\ )$$

$$D_1 = (\ 1\ 2\ 7\ )$$
$$D_2 = (\ 8\ 1\ 6\ )$$

$$D_1 = (\ 5\ |\ 1\ 2\ 7\ |\ 6\ 8\ 3\ 4\ )$$
$$D_2 = (\ 4\ |\ 8\ 1\ 6\ |\ 2\ 7\ 5\ 3\ )$$

3. Materiales

Computadora personal portátil MSI, procesador Intel(R)Core(TM) i7-750H CPU @ 2.60GHz, 16GB de memoria RAM, Sistema operativo Windows 10 de 64 bits, Software: Jupyter Notebook y entorno Anaconda, lenguaje Python.

4. Metodología

El algoritmo desarrollado es como sigue:

Creación de una población aleatoria de cromosomas
    Validación de cromosomas
Evaluación cromosomas
Ordenación por criterio elitista
Selección tipo de selección
Selección tipo de cruza
Selección tipo de mutación
for epsilon <90 % or iteración > a Generaciones
    Llamada a cruza
        Validación de cromosomas
    Llamada a mutación
        Validación de cromosomas
    Evaluación
    Recopilación de datos de interés
    Iteración + 1
Graficación de resultados
Fin

Dado que unas ciudades no pueden ser directamente visitadas por otras ciudades, entonces se hace una validación de cromosomas cada vez que hay una modificación. Estos se producen durante la creación, la cruza y la mutación de los cromosomas.

Para realizar la validación, se verifica que la cadena no contenga 'ND' cuando se revisa su respectiva distancia de una ciudad a otra. Los cromosomas validos se muestran en la figura 1.

```
[231, 749, 469, 500, 579, 757, 492, 173, 296, 401, 877, 'ND', 'ND', 'ND', 'ND', 201, 155, 632]
['ND', 'ND', 744, 534, 250, 461, 567, 835, 244, 949, 453, 613, 430, 1460, 'ND', 201, 464, 877]
[401, 657, 556, 408, 938, 538, 1105, 697, 668, 365, 745, 744, 835, 782, 524, 592, 162, 250]
Es cadena valida, SALE DEL CICLO A POR OTRO CROMOSOMA
no hay "ND":  [401, 657, 556, 408, 938, 538, 1105, 697, 668, 365, 745, 744, 835, 782, 524, 592, 162, 250]
```

Figura 1: Cadena de genes validos.

Esta validación se realiza con el método *if 'ND' not in cadena* integrada en python.

De igual manera, para asegurar la validez de un cromosoma se hace la mutación y cruza de manera aleatoria cada vez que busca un cromosoma, esto es, el tamaño de corte de genes y el indice de la sección donde cortara al cromosoma, en caso de no encontrar validos, vuelve a seleccionar valores aleatorios, la

sección de código de la figura 2 muestra como determina de manera aleatoria los nuevos indices y sección de corte.

```
while mutnovalido:                # <----- CICLO SE MANTIENE HASTA ENCONTRAR CROMOSOMAS MUTADOS VALIDOS
    size_cut = np.random.randint(1,6)    # SE SELECCIONA TAMAÑO DE CORTE E INDICE DE CORTE CADA CICLO PARA ENCONTRAR
    lisinrange = len(selec_muta[0])-size_cut
    cuts_in_mutacion = np.random.randint(0,lisinrange)

    secc_a_mutar=mutacion[cuts_in_mutacion:cuts_in_mutacion+size_cut]
    ################################ seccion que pasara los cromosomas no seleccionados para mutar
```

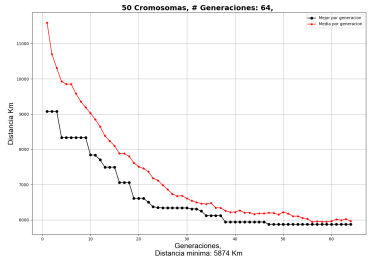
Figura 2: Cadena de genes validos.

5. Resultados y discusión

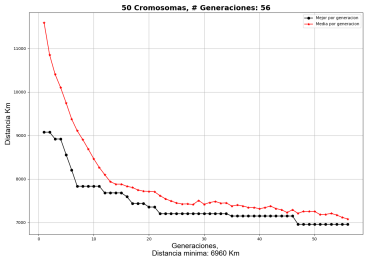
Prueba 1

Población inicial: 50 y 100 cromosomas
Selección Torneo y Seleccion Rank
Cruza PMX (Partially Mapped Crossover Operator)
Mutación Scramble
Generaciones: 150

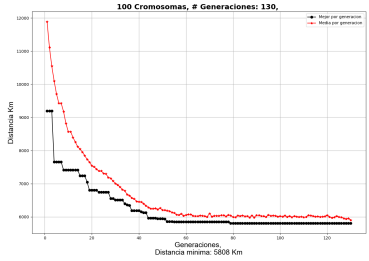
En la gráfica de la figura 3 se observa la evolución de los cromosomas con una población inicial de 50 y 100 hasta encontrar una ruta que sea la mas corta posible y la media por generación.



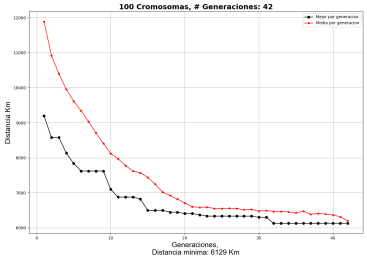
(a) Seleccion Torneo



(b) Seleccion Rank



(c) Seleccion Torneo



(d) Seleccion Rank

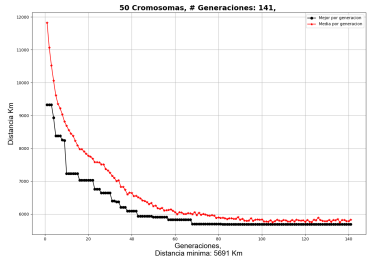
Figura 3: Comparación de Resultados con 50 y 100 cromosomas

Cuando se observan las gráficas se aprecia que la cantidad de cromosomas y el tipo de selección define la rapidez de encontrar tanto la distancia mas corta como el numero de iteraciones mas bajo para alcanzar dicha distancia corta. Sin embargo, no siempre se cumple ya que algunas veces, aunque alcanza el mínimo de distancia la mayoría de los cromosomas, la distancia es no es tan baja. Sin embargo el uso del selección PMX ofrece resultados mas bajos y en menos generaciones.

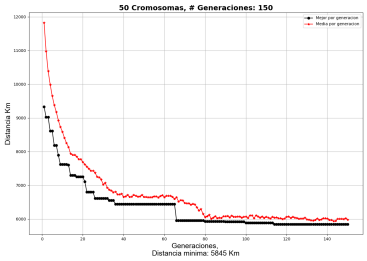
Prueba 2

Población inicial: 50 y 100 cromosomas
Selección Torneo y Seleccion Rank
Cruza OX (Order Crossover Operator)
Mutación Scramble
Generaciones: 150

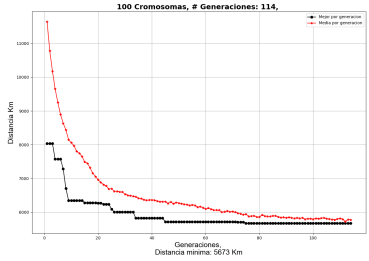
En la gráfica de la figura 4 se observa la evolución de los cromosomas con una población inicial de 50 y 100 hasta encontrar una ruta que sea la mas corta posible y la media por generación utilizando el método de selección OX (Order Crossover Operator).



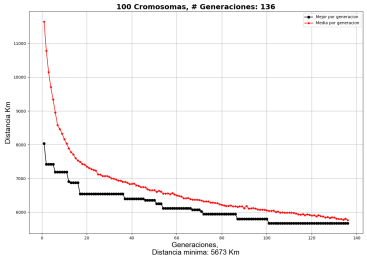
(a) Seleccion Torneo



(b) Seleccion Rank



(c) Seleccion Torneo



(d) Seleccion Rank

Figura 4: Comparación de Resultados con 50 y 100 cromosomas

Con selección OX se observa que le toma mas generaciones alcanzar una valor de distancia mínimo, ademas de que la media le cuesta mas conseguir un valor promedio estable, sin embargo un numero mayor de cromosomas le ayuda a disminuir las generaciones para encontrar un mínimo, aunque no lo suficiente.

6. Conclusiones

Cuando se trabaja con algoritmos de búsqueda de rutas con restricciones, los algoritmos de cruzamiento y mutación se enfrentan al desafió de encontrar combinaciones de cromosomas validos ademas de el tiempo necesario para encontrarlos, y que no contengan dichas restricciones, sin embargo una vez realizado no se observa diferencia alguna con la búsqueda tradicional, ya que cumple con el objetivo de encontrar la ruta mas corta posible. Sin embargo algunos algoritmos de cruza y mutación pueden tener problemas si no se desarrollan adecuadamente ya que pueden producir cromosomas no validos.

En las figuras 5 y 6 se muestran los recorridos para la selección Torneo y Rank mas corto obtenido, el punto rojo indica el inicio del camino y el punto negro, la ciudad antes de volver al inicio de la ruta.

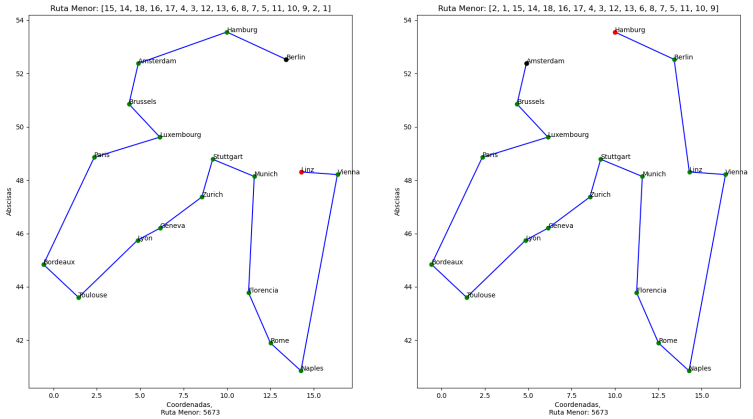


Figura 5: Recorrido final: Selección Torneo.

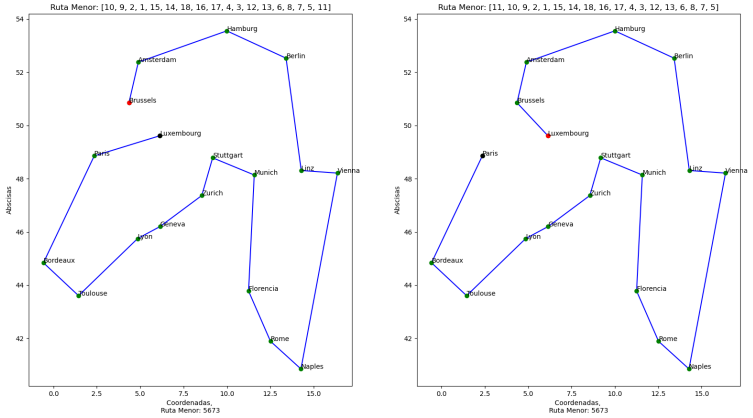


Figura 6: Recorrido final: Selección Rank.

Como se observa en las figuras es posible encontrar mas de una ruta corta si no se toma en cuenta el inicio de la ciudad. Ademas, como se ve en las figuras, las rutas son equivalentes si hacen el mismo recorrido pero iniciando en diferente ciudad.

En la figura 7 se muestran cadenas con la misma distancia minima pero diferente orden, que muestran diferentes rutas minimas.

```
Generacion #:  113 Distancia Minima:  5673.00
Distancia de ruta alcanzada por mayoria de cromosomas, Genracion alcanzada:  114

[15, 14, 18, 16, 17, 4, 3, 12, 13, 6, 8, 7, 5, 11, 10, 9, 2, 1] 5673.00
[15, 14, 18, 16, 17, 4, 3, 12, 13, 6, 8, 7, 5, 11, 10, 9, 2, 1] 5673.00
[2, 1, 15, 14, 18, 16, 17, 4, 3, 12, 13, 6, 8, 7, 5, 11, 10, 9] 5673.00
[12, 13, 6, 8, 7, 5, 11, 10, 9, 2, 1, 15, 14, 18, 16, 17, 4, 3] 5673.00
[15, 14, 18, 16, 17, 4, 3, 12, 13, 6, 8, 7, 5, 11, 10, 9, 2, 1] 5673.00
[11, 10, 9, 2, 1, 15, 14, 18, 16, 17, 4, 3, 12, 13, 6, 8, 7, 5] 5673.00
[15, 14, 18, 16, 17, 4, 3, 12, 13, 6, 8, 7, 5, 11, 10, 9, 2, 1] 5673.00
[15, 14, 18, 16, 17, 4, 3, 12, 13, 6, 8, 7, 5, 11, 10, 9, 2, 1] 5673.00
[15, 14, 18, 16, 17, 4, 3, 12, 13, 6, 8, 7, 5, 11, 10, 9, 2, 1] 5673.00
[1, 15, 14, 18, 16, 17, 4, 3, 12, 13, 6, 8, 7, 5, 11, 10, 9, 2] 5673.00
[15, 14, 18, 16, 17, 4, 3, 12, 13, 6, 8, 7, 5, 11, 10, 9, 2, 1] 5673.00
[15, 14, 18, 16, 17, 4, 3, 12, 13, 6, 8, 7, 5, 11, 10, 9, 2, 1] 5673.00
[15, 14, 18, 16, 17, 4, 3, 12, 13, 6, 8, 7, 5, 11, 10, 9, 2, 1] 5673.00
[1, 15, 14, 18, 16, 17, 4, 3, 12, 13, 6, 8, 7, 5, 11, 10, 9, 2] 5673.00
[8, 7, 5, 11, 10, 9, 2, 1, 15, 14, 18, 16, 17, 4, 3, 12, 13, 6] 5673.00
[3, 12, 13, 6, 8, 7, 5, 11, 10, 9, 2, 1, 15, 14, 18, 16, 17, 4] 5673.00
[13, 6, 8, 7, 5, 11, 10, 9, 2, 1, 15, 14, 18, 16, 17, 4, 3, 12] 5673.00
[18, 16, 17, 4, 3, 12, 13, 6, 8, 7, 5, 11, 10, 9, 2, 1, 15, 14] 5673.00
[15, 14, 18, 16, 17, 4, 3, 12, 13, 6, 8, 7, 5, 11, 10, 9, 2, 1] 5673.00
[15, 14, 18, 16, 17, 4, 3, 12, 13, 6, 8, 7, 5, 11, 10, 9, 2, 1] 5673.00
[15, 14, 18, 16, 17, 4, 3, 12, 13, 6, 8, 7, 5, 11, 10, 9, 2, 1] 5673.00
[1, 15, 14, 18, 16, 17, 4, 3, 12, 13, 6, 8, 7, 5, 11, 10, 9, 2] 5673.00
[15, 14, 18, 16, 17, 4, 3, 12, 13, 6, 8, 7, 5, 11, 10, 9, 2, 1] 5673.00
[15, 14, 18, 16, 17, 4, 3, 12, 13, 6, 8, 7, 5, 11, 10, 9, 2, 1] 5673.00
[1, 15, 14, 18, 16, 17, 4, 3, 12, 13, 6, 8, 7, 5, 11, 10, 9, 2] 5673.00
[15, 14, 18, 16, 17, 4, 3, 12, 13, 6, 8, 7, 5, 11, 10, 9, 2, 1] 5673.00
[8, 7, 5, 11, 10, 9, 2, 1, 15, 14, 18, 16, 17, 4, 3, 12, 13, 6] 5673.00
[15, 14, 18, 16, 17, 4, 3, 12, 13, 6, 8, 7, 5, 11, 10, 9, 2, 1] 5673.00
[4, 3, 12, 13, 6, 8, 7, 5, 11, 10, 9, 2, 1, 15, 14, 18, 16, 17] 5673.00
[13, 6, 8, 7, 5, 11, 10, 9, 2, 1, 15, 14, 18, 16, 17, 4, 3, 12] 5673.00
```

Figura 7: Diferentes cadenas obtenidas con rutas minimas diferentes.

Referencias

[1] http://reaxion.utleon.edu.mx/Reaxion_a3_numero_2.pdf

[2] https://es.wikipedia.org/wiki/Problema_del_viajante

[3] http://www.cs.us.es/f̃sancho/?e=65

[4] M. Yousaf., (2017), Genetic Algorithm for Traveling Salesman Problem with Modified Cycle Crossover Operator., Computational Intelligence and Neuroscience., Research Article., 7430125., 7 Pages.

7. Anexos

```
#!/usr/bin/env python
# coding: utf-8

# In[1]:


import numpy as np
import math
import matplotlib.pyplot as plt
import pandas as pd
import random
from random import sample
from collections import Counter
from itertools import chain, combinations, permutations
get_ipython().run_line_magic('matplotlib', '')
plt.ioff() # Activa Grafica en ventana nueva


# In[316]:


# Distancia de ciudades en diccionarios
cities_distances={'1':{'2':255,'3':512,'4':504,'5':878,'6':975,'7':'ND','8':'ND'
,'9':576,'10':782,

'11':589,'12':670,'13':877,'14':524,'15':473,'16':1520,'17':'ND','18':'ND','Ciud
ad':'Berlin',
                      'cx':13.41053,'cy':52.52437},


'2':{'1':255,'3':534,'4':613,'5':745,'6':'ND','7':'ND','8':'ND','9':365,'10':488
,

'11':493,'12':694,'13':862,'14':744,'15':656,'16':1309,'17':'ND','18':'ND','Ciud
ad':'Hamburg',
                      'cx':9.99302, 'cy':53.55073},


'3':{'1':512,'2':534,'4':190,'5':500,'6':469,'7':862,'8':828,'9':'ND','10':'ND',

'11':250,'12':162,'13':366,'14':534,'15':379,'16':'ND','17':579,'18':968,'Ciudad
':'Stuttgart',
                      'cx':9.17702, 'cy':48.78232},


'4':{'1':504,'2':613,'3':190,'5':685,'6':576,'7':'ND','8':'ND','9':668,'10':603,

'11':'ND','12':242,'13':464,'14':355,'15':201,'16':697,'17':486,'18':838,'Ciudad
':'Munich',
                      'cx':11.57549, 'cy':48.13743},


'5':{'1':878,'2':745,'3':500,'4':685,'6':462,'7':579,'8':744,'9':430,'10':302,
```

```
'11':294,'12':488,'13':410,'14':1034,'15':'ND','16':1460,'17':887,'18':1292,'Ciu
dad':'Paris',
                      'cx':2.3488, 'cy':48.85341},


'6':{'1':975,'2':'ND','3':469,'4':576,'5':462,'7':538,'8':537,'9':'ND','10':567,

'11':461,'12':335,'13':112,'14':'ND','15':'ND','16':749,'17':553,'18':938,'Ciuda
d':'Lyon',
                      'cx':4.84671, 'cy':45.74846},


'7':{'1':'ND','2':'ND','3':862,'4':'ND','5':579,'6':538,'8':244,'9':929,'10':763
,

'11':749,'12':757,'13':545,'14':'ND','15':1199,'16':1105,'17':949,'18':'ND','Ciu
dad':'Bordeaux',
                      'cx':-0.5805, 'cy':44.84044},


'8':{'1':'ND','2':'ND','3':828,'4':'ND','5':744,'6':537,'7':244,'9':1008,'10':83
5,

'11':778,'12':694,'13':469,'14':'ND','15':'ND','16':'ND','17':789,'18':'ND','Ciu
dad':'Toulouse',
                      'cx':1.44367, 'cy':43.60426},


'9':{'1':576,'2':365,'3':'ND','4':668,'5':430,'6':'ND','7':929,'8':1008,'10':173
,

'11':296,'12':613,'13':691,'14':936,'15':'ND','16':1297,'17':1066,'18':'ND','Ciu
dad':'Amsterdam',
                      'cx':4.88969, 'cy':52.37403},


'10':{'1':782,'2':488,'3':'ND','4':603,'5':302,'6':567,'7':763,'8':835,'9':173,

'11':170,'12':492,'13':533,'14':915,'15':770,'16':1501,'17':'ND','18':'ND','Ciud
ad':'Brussels',
                      'cx':4.34878, 'cy':50.85045},


'11':{'1':589,'2':493,'3':250,'4':'ND','5':294,'6':461,'7':749,'8':778,'9':296,'
10':170,

'12':324,'13':401,'14':768,'15':617,'16':'ND','17':'ND','18':'ND','Ciudad':'Luxe
mbourg',
                      'cx':6.13, 'cy':49.61167},


'12':{'1':670,'2':694,'3':162,'4':242,'5':488,'6':335,'7':757,'8':694,'9':613,'1
0':492,
```

```
'11':324,'13':224,'14':592,'15':441,'16':684,'17':453,'18':857,'Ciudad':'Zurich'
,
                    'cx':8.55, 'cy':47.36667},


'13':{'1':877,'2':862,'3':366,'4':464,'5':410,'6':112,'7':545,'8':469,'9':691,'1
0':533,

'11':401,'12':224,'14':804,'15':657,'16':697,'17':485,'18':885,'Ciudad':'Geneva'
,
                    'cx':6.14569, 'cy':46.20222},


'14':{'1':524,'2':744,'3':534,'4':355,'5':1034,'6':'ND','7':'ND','8':'ND','9':93
6,'10':915,

'11':768,'12':592,'13':804,'15':155,'16':765,'17':632,'18':835,'Ciudad':'Vienna'
,
                    'cx':16.37208, 'cy':48.20849},


'15':{'1':473,'2':656,'3':379,'4':201,'5':'ND','6':'ND','7':1199,'8':'ND','9':'N
D','10':770,

'11':617,'12':441,'13':657,'14':155,'16':'ND','17':556,'18':'ND','Ciudad':'Linz'
,
                    'cx':14.28611, 'cy':48.30639},


'16':{'1':1520,'2':1309,'3':'ND','4':697,'5':1460,'6':749,'7':1105,'8':'ND','9':
1297,'10':1501,

'11':'ND','12':684,'13':697,'14':765,'15':'ND','17':231,'18':188,'Ciudad':'Rome'
,
                    'cx':12.51133, 'cy':41.89193},


'17':{'1':'ND','2':'ND','3':579,'4':486,'5':887,'6':553,'7':949,'8':789,'9':1066
,'10':'ND',

'11':'ND','12':453,'13':485,'14':632,'15':556,'16':231,'18':408,'Ciudad':'Floren
cia',
                    'cx':11.24626, 'cy':43.77925},


'18':{'1':'ND','2':'ND','3':968,'4':838,'5':1292,'6':938,'7':'ND','8':'ND','9':'
ND','10':'ND',

'11':'ND','12':857,'13':885,'14':835,'15':'ND','16':188,'17':408,'Ciudad':'Naple
s',
                    'cx':14.26811, 'cy':40.85216 } }


# # Funcion que calcula las distancias entre ciudades, se adjuntan a sus
```

respectivas cromosomas.

In[18]:

```
# Calcula distancias con diccionarios
def calDist(set_ciudad):
    poblacion=set_ciudad.copy()
    dis_Tot=0
    pob_dis=[]
    for cro in poblacion:
        dis_Tot = cities_distances[str(cro[-1])][str(cro[0])]
        ii=1
        #print(cro)
        for gen in cro:
            if ii <= len(cro) - 1:
                #print(cities_distances[str(gen)][str(cro[ii])])
                dis_Tot = dis_Tot + cities_distances[str(gen)][str(cro[ii])]

            ii = ii + 1
        pob_dis += [(cro,dis_Tot)]

    return pob_dis
```

Funcion VERIFICA VALIDEZ DE CROMOSOMA

In[4]:

```
def validacion(cromosoma_x):
    crom_x= cromosoma_x.copy()
    no_NDS= []
    no_NDS+= [cities_distances[str(crom_x[-1])][str(crom_x[0])]]

    ii= 1
    for gen in crom_x:
        if ii <= len(crom_x) - 1:
            no_NDS+= [cities_distances[str(gen)][str(crom_x[ii])]]
        ii+= 1

    return no_NDS
```

Funcion CREACION DE CROMOSOMA VALIDO

In[5]:

```
def crom_validos(cities):
    ciudades=cities.copy()
    valCrom= True
    control=0
    while valCrom:
```

```
        crom_new= random.sample(citKey,len(citKey))

        crom_nuevo= validacion(crom_new)
        if not 'ND' in crom_nuevo:
            return crom_new

        control+=1
    return crom_new


# # Funcion MUTACION SCRAMBLER

# In[171]:


def Mut_Scrambler(selec_muta):
    mutables = selec_muta.copy()
    cromosomas_mutados=[]

    #======================== Seccion que corta, muta e inserta nueva
combinacion de genes
    for mutacion in mutables:
        mutnovalido= True
        while mutnovalido:                # <----- CICLO SE MANTIENE HASTA
ENCONTRAR CROMOSOMAS MUTADOS VALIDOS
            size_cut = np.random.randint(1,6)    # SE SELECCIONA TAMAÑO DE CORTE
E INDICE DE CORTE CADA CICLO PARA ENCONTRAR VALIDOS
            lisinrange = len(selec_muta[0])-size_cut
            cuts_in_mutacion = np.random.randint(0,lisinrange)

            secc_a_mutar=mutacion[cuts_in_mutacion:cuts_in_mutacion+size_cut]
            ################################## seccion que pasara los cromosomas
no seleccionados para mutar
            secc_inmuta = []
            for gen in mutacion:
                    if gen not in secc_a_mutar:
                        secc_inmuta += [gen]
            ######################### Seccion que muta la lista mutable mediante
cambio de posicion de sus elementos
            cambio_pos=secc_a_mutar.copy()
            cambio_pos += [cambio_pos.pop(0)]

            num = np.random.randint(0,len(secc_inmuta)+1)

            molt= np.insert(secc_inmuta,num,cambio_pos)
            crom_molt=[x for x in molt]
            ####################################################
            molt_nuevo1= validacion(crom_molt.copy())

            if not 'ND' in molt_nuevo1:
                cromosomas_mutados += [crom_molt]
                mutnovalido= False
                #break
```

```
            #print('A buscar otra mutación valida')
            ###################################################

    return cromosomas_mutados


# # Funcion que realiza busqueda de genes faltantes para PMX.

# In[28]:


def busquedaGen(gen,bandera,cromos1,cromos2,new1,new2):
############################################ Para buscar genes faltantes para el
primer newGen
    if bandera ==0:                         # Bandera indica que gen complementa
        val1=cromos1[gen[1]]                # Bandera = 0, busca para gen 1
        valordado=True                      # Bandera = 1, busca para gen 2
        iteracion=0
        while valordado==True:              # Mientra no salga de la busqueda
            if iteracion ==10:              # Control en caso de error en
busqueda
                print('Error!!!:  Iteracion alcanzo 10')
                break
            if val1 not in new1:            # Primero toma valor del indice del
primer 0 en cromosoma
                new1[gen[1]]= val1          # se asigna valor en caso de que no
este
                return new1
            if val1 in new1:
                ind=new1.index(val1)      # se obtiene indice para buscar su
contraparte
            ind
            val1=new2[ind]             #se obtiene nuevo valor para comprobar si
ya esta
            val1
            iteracion=iteracion+1
    ############################################ para buscar genes faltantes para
el segundo newGen
    if bandera ==1:
        val1=cromos2[gen[1]]
        valordado=True
        iteracion=0
        while valordado==True:
            if iteracion ==10:
                print('Error!!!:  Iteracion alcanzo 10')
                break
            if val1 not in new2:
                new2[gen[1]]= val1    #se asigna valor en caso de que no este
                return new2
            if val1 in new2:
                ind=new2.index(val1)      # se obtiene indice para buscar su
contraparte
            ind
            val1=new1[ind]             #se obtiene nuevo valor para comprobar si
```

```
ya esta
            val1
            iteracion=iteracion+1
    ##########################################
    return new1, new2


# # Función CRUZA PMX (Partially Mapped Crossover Operator)

# In[41]:


def cruzaPMX(gen1, gen2):
    cromos1 = gen1.copy()
    cromos2 = gen2.copy()
    novalido= True
    flag= 0
    val1, val2= cromos1,cromos2
    while novalido:                       # <------- CICLO SE MANTIENE HASTA
ENCONTRAR CROMOSOMAS VALIDOS
        size_cut= np.random.randint(1,6)            # SE CAMBIA TAMAÑO DE CORTE
E INDICE DE CORTE ALEATORIO CADA CICLO
        cutinrange= len(set_ciudad[0])-size_cut     # PARA ASEGURAR ENCONTRAR
CROMOSOMAS VALIDOS
        cut_index= np.random.randint(0,cutinrange)

        numCeros = len(cromos1)-size_cut
        newGene1 = [0 for x in range(numCeros)]
        newGene2 = [0 for x in range(numCeros)]

        genpru1 = cromos2[cut_index:cut_index+size_cut]
        genpru2 = cromos1[cut_index:cut_index+size_cut]
        newGe1 = np.insert(newGene1,cut_index,genpru1)
        newGe2 = np.insert(newGene2,cut_index,genpru2)
        newGen1 = [x for x in newGe1]
        newGen2 = [x for x in newGe2]

        for cit in cromos1:
            if cit not in newGen1:
                ds= cit
                sd= cromos1.index(cit)
                if sd < cut_index or sd > cut_index + size_cut-1:
                    newGen1[sd] = ds

            if cit not in newGen2:
                ds= cit
                sd= cromos2.index(cit)
                #if sd < 6 or sd > 11:
                if sd < cut_index or sd > cut_index + size_cut-1:
                    newGen2[sd] = ds

        new1=newGen1.copy()
        new2=newGen2.copy()
    #
```

```
================================================================================
    # Seccion REVISION DE GENES FALTANTES PARA SU BUSQUEDA
        index=0
        zerosingen1=[]
        zerosingen2=[]
        for valzero1,valzero2 in zip(newGen1,newGen2):
            if valzero1 == 0:
                zerosingen1+=[(valzero1,index)]
            if valzero2 == 0:
                zerosingen2+=[(valzero2,index)]
            index=index+1
    #
================================================================================
    # Seccion LLAMADA A FUNCION DE BUSQUEDA DE GENES FALTANTES POR MATRIZ DE
CORRESPONDECIA
        descendiente1= new1
        descendiente2= new2
        for ge1, ge2 in zip(zerosingen1,zerosingen2):
            offspring1 = busquedaGen(ge1,0,cromos1,cromos2,new1,new2)
# PUEDE HABER PROBLEMAS SI NO SE LLEVAN LOS CORRESPONDIENTES ARREGLOS PARA !!!!!

            offspring2 = busquedaGen(ge2,1,cromos1,cromos2,new1,new2)
# REALIZAR EL CAMBIO POR CORRESPONDENCIA Y BUSCAR GENES FALTANTES !!!!!!!!!!!!!
            descendiente1= offspring1.copy()
            descendiente2= offspring2.copy()

        crom_nuevo1= validacion(descendiente1.copy())
        crom_nuevo2= validacion(descendiente2.copy())

        if not 'ND' in crom_nuevo1:
            #print('Enceuntra cromosoma 1')
            val1= descendiente1.copy()
            if flag > 0:  # <--------- VALIDACION SI YA SE ENCONTRO CROMOSOMA 2
                novalido= False
                return val1, val2
            flag+= 1

        if not 'ND' in crom_nuevo2:
            #print('Enceuntra cromosoma 2')
            val2= descendiente2.copy()
            if flag > 0:  # <--------- VALIDACION SI YA SE ENCONTRO CROMOSOMA 2
                novalido= False
                return val1, val2
            flag+= 1

        #print('A buscar otro para de cruzados validos')

    return descendiente1, descendiente2


# # Funcion CRUZA XO(ORDER CROSSOVER OPERATOR)

# In[42]:
```

```
def cruza_OX(c1, c2):
    cromos1 = c1.copy()
    cromos2 = c2.copy()
    no_valido= True
    flags= 0
    val1, val2= cromos1,cromos2
    while no_valido:
        size_cut= np.random.randint(1,6)
        cutinrange= len(set_ciudad[0])-size_cut
        cut_index= np.random.randint(0,cutinrange)

        #size_cut = 6
        genpru1 = cromos1[cut_index:cut_index+size_cut]  # Se corta
aleatoriamente seccion de genes en cromosomas seleccionados
        genpru2 = cromos2[cut_index:cut_index+size_cut]

        ######### Se tranfiere cromosoma2 con nuevo orden definido desde donde
termino corte de genes anterior
        start=cut_index+size_cut
        if start==len(cromos2):start=0
        newordgen1=[]
        newordgen2=[]
        for x in range(len(cromos2)):
            newordgen1+=[cromos1[start]]
            newordgen2+=[cromos2[start]]
            start=start+1
            if start == len(cromos2):start=0
        ######### SE ELIMINAN DEL CROMOSOMA 2 y 1 RESPECTIVAMENTE LOS GENES
SELECCIONADOS DEL CROMOSOMA 1 Y 2
        li2=[gen for gen in newordgen2 if gen not in genpru1]
        li1=[gen for gen in newordgen1 if gen not in genpru2]

        newGe1 = np.insert(li2,cut_index,genpru1) # Se reinsertan en seccion de
cromosoma previamente arreglado
        newGe2 = np.insert(li1,cut_index,genpru2) # en donde se quedo el corte
de seccion, aplica para ambos.

        nuevoGen1 = [x for x in newGe1]  # Finalmente se acomodan los nuevos
GENES
        nuevoGen2 = [x for x in newGe2]

        crom_nuevo1= validacion(nuevoGen1.copy())
        crom_nuevo2= validacion(nuevoGen2.copy())

        if not 'ND' in crom_nuevo1:
            #print('Enceuntra cromosoma 1')
            val1= nuevoGen1.copy()
            if flags > 0:               # <---- VALIDACION SI  YA ENCONTRO
CROMOSOMA 2
                no_valido= False
                return val1, val2
            flags+= 1
```

```
        if not 'ND' in crom_nuevo2:
            #print('Enceuntra cromosoma 2')
            val2= nuevoGen2.copy()
            if flags > 0:               # <---- VALIDACION SI  YA ENCONTRO
CROMOSOMA 1
                no_valido= False
                return val1, val2
            flags+= 1

    return val1, val2


# # Funcion SELECCION TORNEO

# In[228]:


def selec_Torneo(pob,Generaciones,tipoC,tipoM): # tipoC: Tipo de Cruza: PMX OR
OX.  tipoM: Tipo de Mutacion: Scramble or Heuristica
    oldGeneracion=pob.copy()
    theBestPath=[]
    Med_Gener=[]
    toleCambio=100
    ########## CONTROL POR GENERACIONES FOR
    for ng in range(Generaciones):
        print('Generacion #: ',ng, 'Distancia Minima:
','{:.2f}'.format(oldGeneracion[0][1]))

        newGen=[]
        indiv=0
        for i in range(len(oldGeneracion)//2):
            gen1= oldGeneracion[indiv][0]
            gen2= oldGeneracion[len(oldGeneracion)-indiv-1][0]
            if tipoC == 0:
                off1,off2 = cruzaPMX(gen1,gen2)  # < ----- Llamada a cruza PMX
            elif tipoC == 1:
                off1,off2 = cruza_OX(gen1,gen2) # <------- Llamada a CRUZA OX
            #print(off1,off2)
            newGen += [off1.copy()]
            newGen += [off2.copy()]
            indiv += 1

        ##################### Seccion evaluacion de nueva Generacion newGen
        pob_dis=calDist(newGen)
        pob_dis=sorted(pob_dis, key=lambda pob_dis: pob_dis[1], reverse=False)
        ############################## Seccion de Seleccion 50 mejores de 2
Generaciones
        newPoblacion=[]                                  # Se producen 100
individuos
        for indiv1, indiv2 in zip(pob_dis, oldGeneracion): # Aqui se mezclan las
primeras
            newPoblacion += [indiv1,indiv2]           # 2 generaciones y me
genera los mas aptos para su cruza
```

```
        newPoblacion=sorted(newPoblacion, key=lambda newPoblacion:
newPoblacion[1], reverse=False)
        pob_Mejor=newPoblacion[:len(newPoblacion)//2]
        #pob_Mejor=newPoblacion[:len(pob)+4]

        ############################ Seccion MUTACION
        numcromosMut = (10*len(pob_Mejor))//100
        mut=[]
        for _ in range(numcromosMut):
            crom=random.choice(pob_Mejor)
            mut += [crom[0]]
            pob_Mejor.remove(crom)
        if tipoM==0:
            cromosMutados=Mut_Scrambler(mut)    # < ------------ FUNCION
MUTACION
#         elif tipoM==1:
#             cromosMutados= Mut_Heuristica(mut) # < ------------ FUNCION
MUTACION

        newPob_dis=[unoe[0] for unoe in pob_Mejor]                 # Esta
seccion obtiene lista de lista sin su distancia para procesar mutacion se guarda
en aptoss

        ########### SECCION que reinserta cromosomas mutados de nuevo a la
poblacion
        for sdd in cromosMutados:
            indice=np.random.randint(0,len(newPob_dis))
            newPob_dis.insert(indice,sdd)
        ################################ Nuevamente se anexa su distancia
        pob_dis2=calDist(newPob_dis)
        pob_dis2=sorted(pob_dis2, key=lambda pob_dis2: pob_dis2[1],
reverse=False)

        ############################### Seccion evaluacion EPSILON
        dife_absold= [ p[1] for p in oldGeneracion]
        Med_Gener+=[dife_absold]
        dife_absnew= [ p[1] for p in pob_dis2]
        dif_absoluta= abs(sum(dife_absold)-sum(dife_absnew))

        dtot=0
        for lw in range(len(oldGeneracion)):                 # Revision de todos
los cromosomas 1x1, cuantos son iguales que
            if oldGeneracion[0][1] == oldGeneracion[lw][1]:  # el de menor
distancia para determinar epsilon
                dtot +=1

        oldless= oldGeneracion[0][1]
        newless= pob_dis2[0][1]
        theBestPath += [oldGeneracion[0]]

        if dtot >= (90*len(oldGeneracion))//100:  # Si 90% cromosomas iguales
TERMINA EL CICLO
            print('Distancia de ruta alcanzada por mayoria de cromosomas,
Genracion alcanzada: ', ng+1)
```

```
            return oldGeneracion, theBestPath, Med_Gener

        if newless <= oldless:
            oldGeneracion = pob_dis2.copy()
        if newless > oldless:
            oldGeneracion = oldGeneracion
        #print('The best of the best of the best:
','{:.2f}'.format(oldGeneracion[0][1]))
        #oldGeneracion = pob_Mejor.copy()

    return oldGeneracion, theBestPath, Med_Gener


# # Funcion SELECCION RANK

# In[225]:


def selec_Rank(poblacion,Generaciones,tipoC,tipoM):
    oldGeneracion= poblacion.copy()
    theBestPath= []
    Med_GenerRank= []
    toleCambio= 50
    for _ in range(Generaciones):
        print('Generacion #: ', _ ,', Distancia Minima:
''{:.2f}'.format(oldGeneracion[0][1]))
        newGen=[]
        indiv=0
        for i in range(len(oldGeneracion)//2):   # Se toma la longitud del
arreglo "apto" para obtener descendientes
            gen1= oldGeneracion[2*indiv][0]
            gen2= oldGeneracion[2*indiv+1][0]
            if tipoC==0:
                off1,off2 = cruzaPMX(gen1,gen2)  # < --------- Llamada a CRUZA
PMX
            elif tipoC==1:
                off1,off2 = cruza_OX(gen1,gen2) # <------------- Llamada a CRUZA
OX
            newGen += [off1]
            newGen += [off2]
            indiv = indiv+1
        ################### Seccion evaluacion de nueva Generacion newGen
        dis_Tot=0
        pob_dis=[]
        for cro in newGen:
            dis_Tot = cities_distances[str(cro[-1])][str(cro[0])]

            ii=1
            for gen in cro:
                if ii <= len(cro) - 1:
                    dis_Tot = dis_Tot + cities_distances[str(gen)][str(cro[ii
])]
                ii = ii + 1
            pob_dis += [(cro,dis_Tot)]
```

```
        pob_dis=sorted(pob_dis, key=lambda pob_dis: pob_dis[1], reverse=False)

        ############################## Seccion de Seleccion 50 mejores de 2
Generaciones
        newPoblacion=[]                                    # Se producen 100
individuos
        for indiv1, indiv2 in zip(pob_dis, oldGeneracion): # Aqui se mezclan las
primeras
            newPoblacion += [indiv1,indiv2]           # 2 generaciones y me
genera los mas aptos para su cruza

        newPoblacion=sorted(newPoblacion, key=lambda newPoblacion:
newPoblacion[1], reverse=False)
        pob_Mejor=newPoblacion[:len(newPoblacion)//2]
        #pob_Mejor=newPoblacion[:len(poblacion)+4]

        ########### Seccion MUTACION
        numcromosMut = (10*len(pob_Mejor))//100
        mut=[]
        for yh in range(numcromosMut):
            crom=random.choice(pob_Mejor)
            mut += [crom[0]]
            pob_Mejor.remove(crom)

        if tipoM ==0:
            cromosMutados=Mut_Scrambler(mut) # < ---------------------------
FUNCION MUTACION
#         elif tipoM ==1:
#             cromosMutados= Mut_Heuristica(mut) # < ---------------------
FUNCION MUTACION

        newPob_dis=[unoe[0] for unoe in pob_Mejor]                 # Esta
seccion obtiene lista de lista sin su distancia para procesar mutacion se guarda
en aptoss

        for sdd in cromosMutados:
            indice=np.random.randint(0,len(newPob_dis))
            newPob_dis.insert(indice,sdd)
        ########### Nuevamente se anexa su distancia
        pob_dis2=calDist(newPob_dis)
        pob_dis2=sorted(pob_dis2, key=lambda pob_dis2: pob_dis2[1],
reverse=False)
        ################################################
        dife_absold= [ p[1] for p in oldGeneracion]
        Med_GenerRank+= [dife_absold]
        dife_absnew= [ p[1] for p in pob_dis2]
        dif_absoluta= abs(sum(dife_absold)-sum(dife_absnew))

        dtot=0
        for lw in range(len(oldGeneracion)):                   # For revisa
cuantos cromosomas son iguales suma 1 si lo es.
            if oldGeneracion[0][1] == oldGeneracion[lw][1]:    # para control
epsilon
                dtot +=1
```

```
        oldless= oldGeneracion[0][1]
        newless= pob_dis2[0][1]

        if dtot >= (90*len(oldGeneracion))//100:  # Si 90% cromosomas iguales
TERMINA EL CICLO
            epsilon= False
            print('Distancia de ruta alcanzada por mayoria de cromosomas:
Termina ejecucion en iteracion ', _)
            return oldGeneracion, theBestPath, Med_GenerRank
        if newless <= oldless:
            oldGeneracion = pob_dis2.copy()
        if newless > oldless:
            oldGeneracion = oldGeneracion
        theBestPath += [oldGeneracion[0]]
        ################################################
        #oldGeneracion = pob_dis2.copy()

    return oldGeneracion, theBestPath,Med_GenerRank


# # Creacion de cromosomas

# In[290]:


ciudades= [cities_distances[key]['Ciudad'] for key in cities_distances]
citKey= [int(key) for key in cities_distances]

set_ciudad=[]
size_Population= 100

valCrom= True
for _ in range(size_Population):
    newCromosoma= crom_validos(citKey)
    set_ciudad+= [newCromosoma]

set_ciudad
# # #Counter(set_ciudad[28])
dist_City=calDist(set_ciudad)
print('Cromosomas validos ordenados por elitismo')
dist_City = sorted(dist_City, key=lambda dist_City: dist_City[1], reverse=False)
for gen in dist_City:
    print(gen[0], '{:.2f}'.format(gen[1]))


# # Main SELECCION TORNEO

# In[291]:


Gener=150
tipoCruza,TipoMuta = 1,0  # CRUZA: 0= PMX; 1= OX,  MUTACION: 0= SCRAMBLER
mejores_Torneo, thePathTorneo, mediaTorneo =
```

```
selec_Torneo(dist_City,Gener,tipoCruza,TipoMuta)
print()
for gens1 in mejores_Torneo:
    print(gens1[0], '{:.2f}'.format(gens1[1]))
print(len(mejores_Torneo))
# for mid in mediaxG:
#     print(mid)
# print(len(mediaxG))


# In[293]:


top_Gener= []
media_Gener= []
gener= []
varRank=[]
g=1
for mid in mediaTorneo:
    top_Gener+= [mid[0]]
    m= sum(mid)/len(mid)
    media_Gener+= [m]
    vrank= sum((xi-m)**2 for xi in mid)/len(mid)
    varRank+= [vrank**1/2]
    gener+= [g]
    g+=1

#print(varRank)
fig, ax = plt.subplots(figsize=(15,10))
ax.plot(gener,top_Gener, 'k', marker='o',label='Mejor por generacion')
ax.plot(gener,media_Gener, 'r', marker='*',label='Media por generacion')
#ax.scatter(gener[len(gener)-1],top_Gener[len(gener)-1], 'b',
marker='*',label='Media por generacion')
plt.title('100 Cromosomas, # Generaciones: {0},
'.format(len(gener)),fontweight="bold",fontsize=18)
ax.legend()
ax.set_xlabel('Generaciones, \nDistancia minima: {0}
Km'.format(top_Gener[len(gener)-1]),font="Arial",fontsize=18)
ax.set_ylabel('Distancia Km',font="Arial",fontsize=18)
plt.grid()
plt.show()


# # Recorrido de ruta mas corta

# In[328]:


ciudades1=mejores_Torneo[0][0]
ciudades2=mejores_Torneo[2][0]
print(ciudades1,ciudades2)
# distancia_total=23861.88
coor1=[]
coor2=[]
```

```
absc1=[]
absc2=[]
city1=[]
city2=[]
for c1,c2 in zip(ciudades1,ciudades2):
    #print(_)
    coor1 += [cities_distances[str(c1)]['cx']]
    absc1 += [cities_distances[str(c1)]['cy']]
    city1 += [cities_distances[str(c1)]['Ciudad']]

    coor2 += [cities_distances[str(c2)]['cx']]
    absc2 += [cities_distances[str(c2)]['cy']]
    city2 += [cities_distances[str(c2)]['Ciudad']]

plt.subplot(1,2,1)
plt.scatter(coor1,absc1,color='g',zorder=2)
plt.scatter(coor1[0],absc1[0],color='r',zorder=3)
plt.scatter(coor1[-1],absc1[-1],color='k',zorder=3)
plt.plot(coor1,absc1,linestyle='solid',color='blue',zorder=1)
plt.title('Ruta Menor: {0}'.format(mejores_Torneo[0][0]))
plt.xlabel('Coordenadas, \nRuta Menor: {0}'.format(mejores_Torneo[0][1]))
plt.ylabel('Abscisas')
#plt.ylim(0,60)
#plt.xlim(0,40)
for i,label in enumerate(city1):
    plt.annotate(label,(coor1[i],absc1[i]))

plt.subplot(1,2,2)
plt.scatter(coor2,absc2,color='g',zorder=2)
plt.scatter(coor2[0],absc2[0],color='r',zorder=3)
plt.scatter(coor2[-1],absc2[-1],color='k',zorder=3)
plt.plot(coor2,absc2,linestyle='solid',color='blue',zorder=1)
plt.title('Ruta Menor: {0}'.format(mejores_Torneo[2][0]))
plt.xlabel('Coordenadas, \nRuta Menor: {0}'.format(mejores_Torneo[2][1]))
plt.ylabel('Abscisas')
#plt.ylim(0,60)
#plt.xlim(0,40)
for i,label in enumerate(city2):
    plt.annotate(label,(coor2[i],absc2[i]))
plt.show()


# # Main SELECCION RANK

# In[294]:


generaciones= 150
tipoCruza,TipoMuta = 1,0   # CRUZA: 0= PMX; 1= OX,  MUTACION: 0= SCRAMBLER
mejores_Rank,thePathRank,mediaRank =
selec_Rank(dist_City,generaciones,tipoCruza,TipoMuta)
for gens1 in mejores_Rank:
    print(gens1[0], '{:.2f}'.format(gens1[1]))
print(len(mejores_Rank))
```

```
# In[295]:


top_Gener= []
media_Gener= []
gener=[]
g=1
for mid in mediaRank:
    top_Gener+= [mid[0]]
    media_Gener+= [sum(mid)/len(mid)]
    gener+= [g]
    g+=1

fig, ax = plt.subplots(figsize=(15,10))
ax.plot(gener,top_Gener, 'k', marker='o',label='Mejor por generacion')
ax.plot(gener,media_Gener, 'r', marker='*',label='Media por generacion')
plt.title('100 Cromosomas, # Generaciones:
{0}'.format(len(gener)),fontweight="bold",fontsize=18)
ax.legend()
ax.set_xlabel('Generaciones, \nDistancia minima: {0}
Km'.format(top_Gener[len(gener)-1]),font="Arial",fontsize=18)
ax.set_ylabel('Distancia Km',font="Arial",fontsize=18)
plt.grid()
plt.show()


# # Recorrido de ruta mas corta

# In[326]:


ciudades1=mejores_Rank[0][0]
ciudades2=mejores_Rank[1][0]
print(ciudades1,ciudades2)
# distancia_total=23861.88
coor1=[]
coor2=[]
absc1=[]
absc2=[]
city1=[]
city2=[]
for c1,c2 in zip(ciudades1,ciudades2):
    #print(_)
    coor1 += [cities_distances[str(c1)]['cx']]
    absc1 += [cities_distances[str(c1)]['cy']]
    city1 += [cities_distances[str(c1)]['Ciudad']]

    coor2 += [cities_distances[str(c2)]['cx']]
    absc2 += [cities_distances[str(c2)]['cy']]
    city2 += [cities_distances[str(c2)]['Ciudad']]

plt.subplot(1,2,1)
```

```
plt.scatter(coor1,absc1,color='g',zorder=2)
plt.scatter(coor1[0],absc1[0],color='r',zorder=3)
plt.scatter(coor1[-1],absc1[-1],color='k',zorder=3)
plt.plot(coor1,absc1,linestyle='solid',color='blue',zorder=1)
plt.title('Ruta Menor: {0}'.format(mejores_Rank[0][0]))
plt.xlabel('Coordenadas, \nRuta Menor: {0}'.format(mejores_Rank[0][1]))
plt.ylabel('Abscisas')
#plt.ylim(0,60)
#plt.xlim(0,40)
for i,label in enumerate(city1):
    plt.annotate(label,(coor1[i],absc1[i]))

plt.subplot(1,2,2)
plt.scatter(coor2,absc2,color='g',zorder=2)
plt.scatter(coor2[0],absc2[0],color='r',zorder=3)
plt.scatter(coor2[-1],absc2[-1],color='k',zorder=3)
plt.plot(coor2,absc2,linestyle='solid',color='blue',zorder=1)
plt.title('Ruta Menor: {0}'.format(mejores_Rank[1][0]))
plt.xlabel('Coordenadas, \nRuta Menor: {0}'.format(mejores_Rank[1][1]))
plt.ylabel('Abscisas')
#plt.ylim(0,60)
#plt.xlim(0,40)
for i,label in enumerate(city2):
    plt.annotate(label,(coor2[i],absc2[i]))
plt.show()
```