



# INSTITUTO TECNOLÓGICO AUTÓNOMO DE MÉXICO

## Investigación de Operaciones | Proyecto final – Reporte

Juan Carlos Sigler

Alonso Martinez

Rebeca Angulo

Carlos Galeana

Jacqueline Lira

### Índice general

<b>1</b>	<b>Marco teórico</b>	<b>2</b>
1.1	Formulación como problema de programación lineal . . . . .	2
1.2	Algoritmos genéticos . . . . .	2
1.2.1	Representación . . . . .	2
1.3	Operadores genéticos . . . . .	3
1.3.1	Selección: . . . . .	3
1.3.2	Cruce: . . . . .	3
1.3.3	Mutación: . . . . .	4
1.3.4	Copia: . . . . .	4
1.4	Implementación . . . . .	4
1.5	Vecinos más cercanos . . . . .	4
<b>2</b>	<b>Resultados</b>	<b>5</b>
2.1	Pruebas . . . . .	5
<b>3</b>	<b>Conclusión</b>	<b>7</b>
<b>4</b>	<b>Referencias</b>	<b>9</b>
<b>5</b>	<b>Código en python</b>	<b>9</b>

# 1 Marco teórico

## 1.1 Formulación como problema de programación lineal

Planteamos el problema de encontrar un *tour*, es decir una ruta cerrada que pasa por todas las ciudades, sin repetir ninguna y regresando a la ciudad de origen como un problema de minimización. Para el acercamiento mediante algoritmos genéticos planteamos lo siguiente para un individuo dado.

Sea  $G = [g_1, g_2, \dots, g_n]$  el *genoma* del individuo. El genoma se puede representar como una lista ordenada de números  $g_i$  con  $g_1 \leq g_i \leq g_n$  que representan el índice dado de una ciudad. Cada ciudad tiene un índice único y lo usamos como su nombre. El conjunto  $C$  es el conjunto de los índices de todas la ciudades.

Entonces, podemos formular el problema como el siguiente problema de programación lineal en forma estándar:

$$\min = \sum_{i=1}^{n-1} \|C_i - C_{i+1}\| + \|C_n - C_1\| \quad (1)$$

Sujeto a:

$$\sum_{i \in G} 1 = |C| \text{ Se deben visitar todas las ciudades}$$
$$g_i \neq g_j \quad \forall i \neq j \text{ No se repite ninguna ciudad en el tour}$$

## 1.2 Algoritmos genéticos

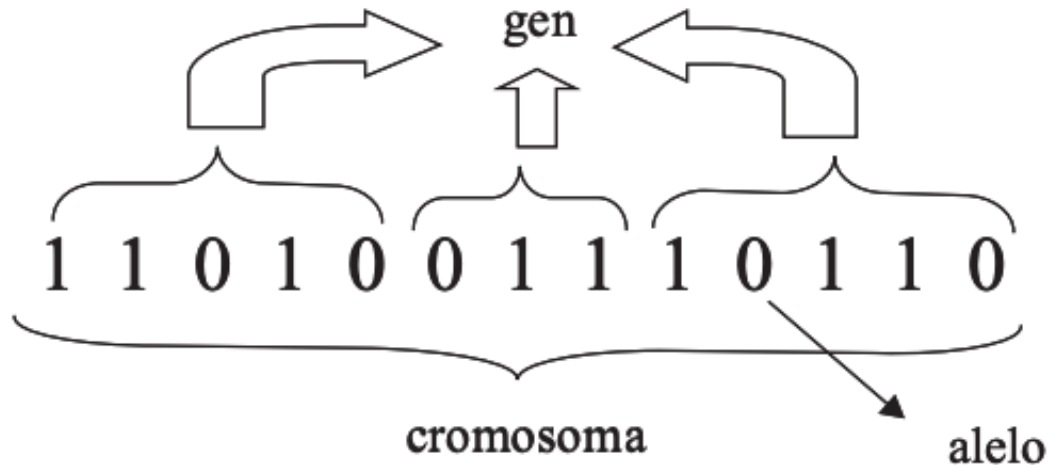
Los algoritmos genéticos son algoritmos de optimización, búsqueda y aprendizaje inspirados en los procesos de evolución natural y evolución genética. La evolución es un proceso que opera sobre los cromosomas. La selección natural, expuesta en la teoría de la evolución biológica por Charles Darwin (1859), es un mecanismo que relaciona los cromosomas (genotipo) con el fenotipo (caracteres observables) y otorga a los individuos más adaptados un mayor número de oportunidades de reproducirse, lo cual aumenta la probabilidad de que sus características genéticas se repliquen.

Los procesos evolutivos tienen lugar durante la etapa de reproducción, algunos de los mecanismos que afectan a la reproducción son la mutación, causante de que los cromosomas en la descendencia sean diferentes a los de los padres y el cruce que combina los cromosomas de los padres para producir una nueva descendencia.

En un algoritmo genético para alcanzar la solución a un problema se parte de un conjunto inicial de individuos, llamado población, el cual es generado de manera aleatoria. Cada uno de estos individuos representa una posible solución al problema. Se construye una función objetivo mejor conocida como función *fitness*, ya definida en la ecuación (1), y se definen los *adaptive landscapes*, los cuales son evaluaciones de la función objetivo para todas las soluciones candidatas. Por medio de una función de evaluación, se establece una medida numérica, la cual permite controlar en número de selecciones, cruces y copias. En general, esta medida puede entenderse como la probabilidad de que un individuo sobreviva hasta la edad de reproducción.

### 1.2.1 Representación

Para trabajar con las características genotípicas de una población dotamos a cada individuo de un *genotipo*. En nuestra implementación éste se representa como una lista de índices de ciudades. En general, el genotipo es se puede representar como una cadena de bits que se manipula y muta.



### 1.3 Operadores genéticos

Una generación se obtiene a partir de la anterior por medio de operadores, mejor conocidos como operadores genéticos. Los más empleados son los operadores de selección, cruce, copia y mutación, los cuales vamos a utilizar en la implementación del algoritmo.

#### 1.3.1 Selección:

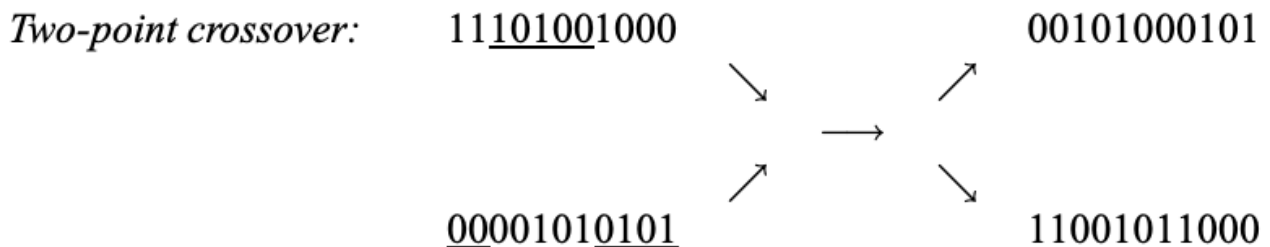
Es el mecanismo por el cual son seleccionados los individuos que serán los padres de la siguiente generación. Se otorga un mayor número de oportunidades de reproducción a los individuos más aptos. Existen diversas formas de realizar una selección, por ejemplo: 1. Selección por truncamiento 2. Selección por torneos 3. Selección por ruleta 4. Selección por jerarquías

Los algoritmos de selección pueden ser divididos en dos grupos: probabilísticos, en este grupo se encuentran los algoritmos de selección por ruleta, y determinísticos, como la selección por jerarquías.

En nuestro algoritmo utilizamos la selección por ruleta, donde cada padre se elige con una probabilidad proporcional a su desempeño en relación con la población.

#### 1.3.2 Cruce:

Consiste en un intercambio de material genético entre dos cromosomas de dos padres y a partir de esto se genera una descendencia. Existen diversas formas de hacer un cruce, en nuestro algoritmo utilizamos el cruce de dos puntos.



La idea principal del cruce se basa en que si se toman dos individuos correctamente adaptados y se obtiene una descendencia que comparta genes de ambos, al compartir las características buenas de dos individuos, la descendencia, o al menos parte de ella, debería tener una mayor bondad que cada uno de los padres.

### 1.3.3 Mutación:

Una mutación en un algoritmo genético causa pequeñas alteraciones en puntos determinados de la codificación del individuo, en otras palabras, produce variaciones de modo aleatorio en un cromosoma. Por lo general primero se seleccionan dos individuos de la población para realizar el cruce y si el cruce tiene éxito entonces el descendiente muta con cierta probabilidad.

### 1.3.4 Copia:

Consiste simplemente en la copia de un individuo en la nueva generación. Un determinado número de individuos pasa directamente a la siguiente generación sin sufrir variaciones.

## 1.4 Implementación

A continuación presentamos el pseudocódigo del algoritmo que implementaremos. Nos basamos principalmente en [M K19] y en [Tae21].

---

**Algoritmo 1:** GA( $n, \chi, \mu$ )

---

**Result:** individuo más apto de  $P_k$

```
1 Inicializamos generación 0;
2  $k := 0$ 
3  $P_k :=$  población de  $n$  individuos generados al azar;
4 Evaluar  $P_k$  :
5 do
6   Crear generación  $k + 1$ ;
7   1. Copia;
8   Seleccionar  $(1 - \chi) \times n$  miembros de  $P_k$  e insertar en  $P_{k+1}$ 
9   2. Cruce  $k + 1$ ;
10  Seleccionar  $\chi \times n$  miembros de  $P_k$ ; emparejarlos; producir descendencia; insertar la descendencia en  $P_{k+1}$ 
11  3. Mutar;
12  Seleccionar  $\mu \times n$  miembros de  $P_{k+1}$ ; invertir bits seleccionados al azar
13  Evaluar  $P_{k+1}$ ;
14  Calcular  $fitness(i)$  para cada  $i \in P_k$ 
15  Incrementar:  $k := k + 1$ ;
16 while el fitness del individuo más apto en  $P_k$  no sea lo suficientemente bueno;
```

---

$n$  es el número de individuos en la población.  $\chi$  es la fracción de la población que será reemplazada por el cruce en cada iteración.  $(1 - \chi)$  es la fracción de la población que será copiada.  $\mu$  es la tasa de mutación.

En cuanto a los criterios de terminación de nuestro algoritmo, nosotros indicamos que debe detenerse cuando alcance el número de generaciones máximo especificado.

El código de *python* utilizado para los resultados se adjunta al final de este documento como un anexo en interés de la brevedad y legibilidad de este reporte.

## 1.5 Vecinos más cercanos

El algoritmo de Vecinos más cercanos es otra heurística pensada para resolver el problema del agente viajero mediante una estrategia *greedy*. A diferencia de un algoritmo genético, vecinos más cercanos planea una ruta mediante un criterio simple: si se minimiza la distancia recorrida al recorrer una ciudad más, es sensato pensar que se minimiza la distancia total del tour. Entonces, se selecciona una ciudad al azar para empezar el tour, y se calculan las ciudades más cercanas sucesivamente hasta que no quede ninguna.

Esta idea queda retratada en el siguiente algoritmo presentado como pseudocódigo:

---

**Algoritmo 2:** Algoritmo vecinos más cercanos

---

**Result:** Ruta elegida con vecinos más cercanos a partir de ciudad inicial

---

```
1 Comenzamos con un conjunto de ciudades por visitar y un conjunto de visitados
2  $c_0 \leftarrow$  ciudad elegida al azar.
3  $c_a \leftarrow c_0$  fijamos la ciudad actual.
4  $V \leftarrow \emptyset$  ciudades visitadas
5  $C \leftarrow \{c_1, \dots, c_n\}$  ciudades por visitar
6 while  $|V| \neq |C|$  do
7    $V \leftarrow V \cup \{c_a\}$ 
8    $c^* \leftarrow \min\{d(c_a, c_i) \mid c_i \in C \setminus V\}$ 
9    $c_a \leftarrow c^*$ 
```

---

Cabe mencionar que para este trabajo, implementamos un algoritmo genético y otro híbrido con el propósito de comparar su desempeño en los datos del país de Qatar.

El algoritmo híbrido que desarrollamos consta en una mezcla de las estrategias de vecinos más cercanos con algoritmos genéticos. Nuestro algoritmo difiere de uno genético en que la población inicial no se genera solo aleatoriamente. Damos la posibilidad de elegir qué porcentaje de esa población son individuos generados con la estrategia de vecinos más cercanos. Después de la generación de esta población inicial se deja que el algoritmo continúe con el proceso de mutación y cruza como lo haría sin modificaciones; solo interferimos en la creación de la población inicial.

La idea detrás de este algoritmo híbrido es fomentar una convergencia más rápida a un óptimo auténtico introduciendo un “super gen” que generación a generación se irá haciendo más común en la población por la ventaja que da. Además, esperamos que la estrategia de mutación permitiera mejorar paulatinamente una solución que ya era en sí muy buena, y llegar a un óptimo global real y no solo uno local. En la siguiente sección hablamos con más detalle de lo que sucedió realmente.

## 2 Resultados

Para dar contexto, presentamos primero un mapa de el país seleccionada: Qatar.

Seleccionamos este país porque su baja densidad permite ver sin mucho esfuerzo qué rutas son más óptimas que otras. Por ejemplo, cruces de un lado a otro del mapa indican rutas sub-óptimas.

### 2.1 Pruebas

Para los resultados que se presentan a continuación se corrieron 10,000 generaciones del algoritmo genético tanto en su versión estándar como la versión híbrida. Para asegurar la reproducibilidad de estos resultados se fijó el *seed* de el generador de números aleatorios. De esta manera aseguramos que las versiones del algoritmo híbrido que comparamos más tarde comenzaron en la misma ciudad.

En la figura siguiente, presentamos cómo evoluciona la distancia total del tour a medida que avanzan las generaciones.

Algunas cosas resultan aparentes de la figura. Por ejemplo: se puede notar que el algoritmo genético es efectivo y si logra reducir la distancia total recorrida generación a generación. Es decir el algoritmo está bien implementado. Dicho eso, también se puede ver con claridad que hay varias puntos en la gráfica en los cuales la disminución de distancia total entre generaciones sucesivas es cero. El algoritmo se estanca.

Otra detalle a notar es que la distancia total recorrida en el caso del algoritmo híbrido es casi constante. Se empieza con una distancia muy buena, y la mutación y cruza puede hacer muy poco para mejorarla. Incluso después de 10 mil generaciones.

La siguiente figura es una comparación directa de la distancia del tour que proponen el algoritmo genético y el híbrido. Es clara la diferencia abismal.

Finalmente, para hacer claro cómo se comparan en desempeño ambos algoritmos presentamos la siguiente gráfica que está dividida en 4 subgráficas. Como sugieren los títulos, en la primera fila se encuentra la comparación de

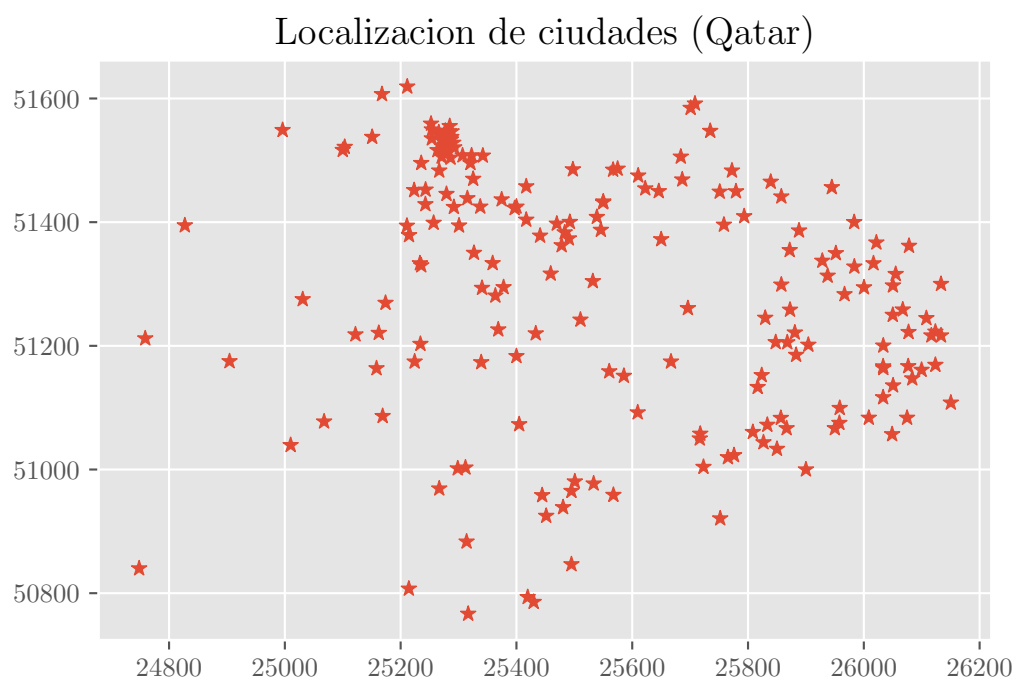


Figura 1: Qatar

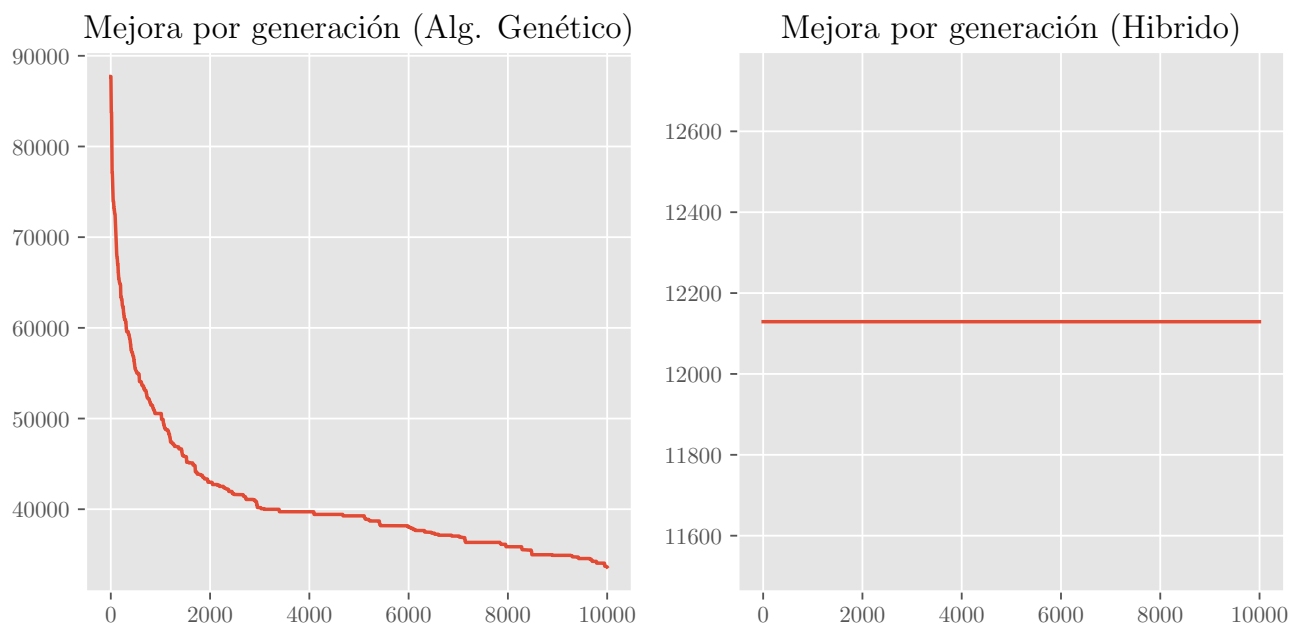


Figura 2: Disminucion de distancia de tour

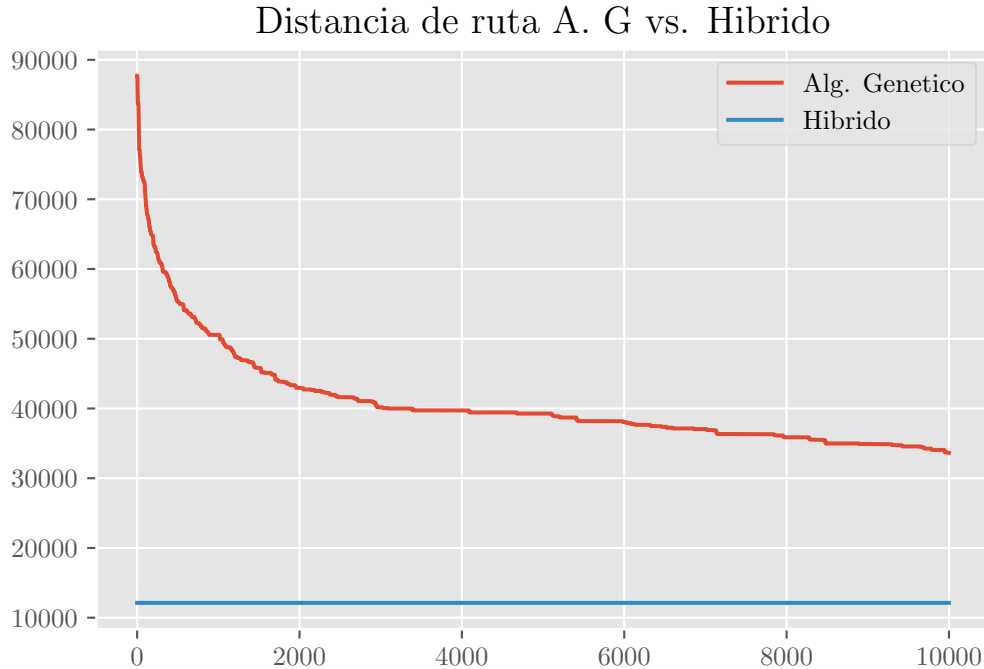


Figura 3: Comparacion directa de las distancias

los tours propuestos por el algoritmo genético (izquierda) contra el algoritmo híbrido (derecha) ambos al final de 10,000 generaciones. En la fila de abajo, el análogo pero para apenas 10 generaciones.

El ver los tours graficados directamente sobre el mapa de el país permite ver con claridad qué ruta es mejor, ya que es fácil ver que una ruta de apariencia menos caótica es más eficiente en la distancia total.

Esta figura resulta ilustrativa de dos fenómenos importantes: Primero que nada, se nota que el algoritmo genético si está encontrando rutas cada vez mejores, pero lo hace a costa de mucho cómputo pesado y tiempo. Después, se puede ver que el algoritmo híbrido tiene rutas por mucho superiores a su contraparte, y además es claro que estas no mejoran de manera obvia bajo mutación incluso a través de varios miles de generaciones. Lo cual sugiere que eran rutas muy aceptables desde el inicio.

### 3 Conclusión

De los resultados anteriores podemos ver el comportamiento de ambos algoritmos con mucha claridad. En particular vale la pena hacer notar lo siguiente:

1. El algoritmo genético es muy caro computacionalmente hablando y en general propone rutas poco óptimas
2. El algoritmo híbrido llega muy rápido a un óptimo local y no cambia mucho después de eso. Lo cual podría sugerir que la solución propuesta es de inicio muy buena o que el componente genético no es lo suficientemente bueno como para privilegiar las ventajas tan pequeñas que podría dar la mutación.

En resumen, se podría decir que bajo estas condiciones particulares y la implementación específica de ambos algoritmos, resulta mucho más conveniente resolver el problema del agente viajero mediante una estrategia greedy como vecinos más cercanos y el algoritmo híbrido que hacerlo mediante un algoritmo genético. En este caso particular, parece ser que el algoritmo híbrido es poco efectivo, porque llega a un óptimo desde la primera iteración y por el resto de las generaciones y mutaciones no mejora. Entonces no hace falta el componente genético y se puede lograr una solución satisfactoria con una sola aplicación del algoritmo de vecinos más cercanos.

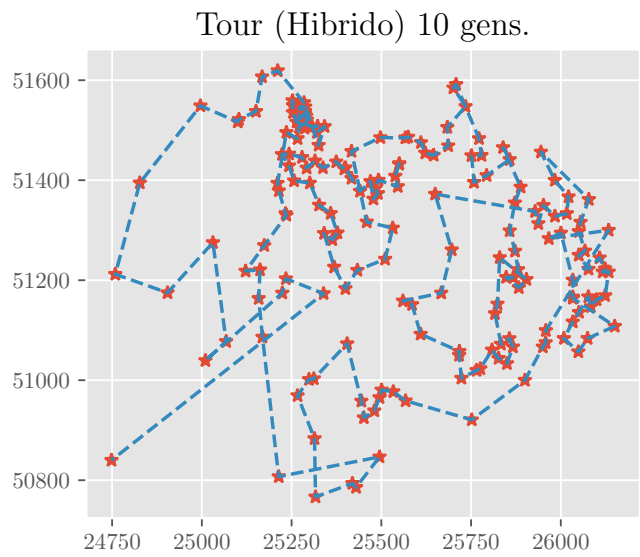
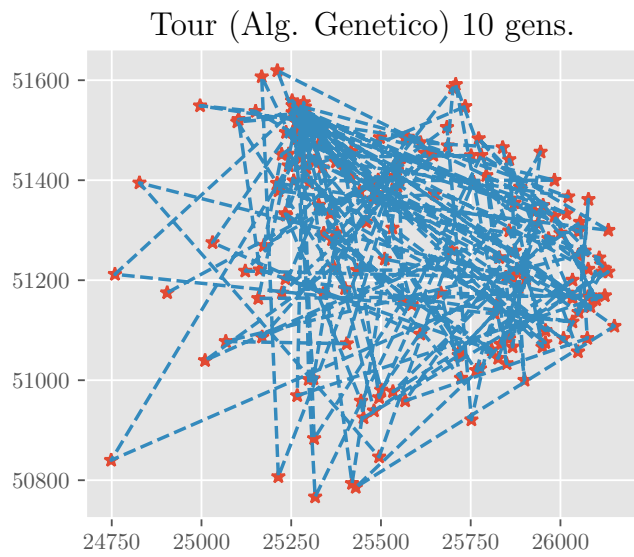
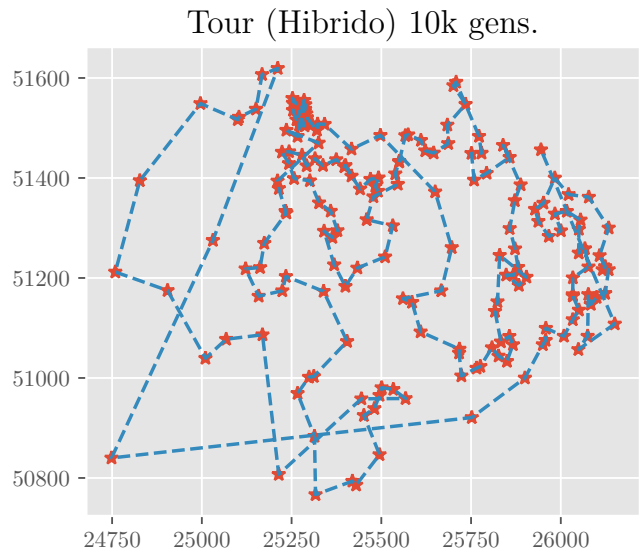
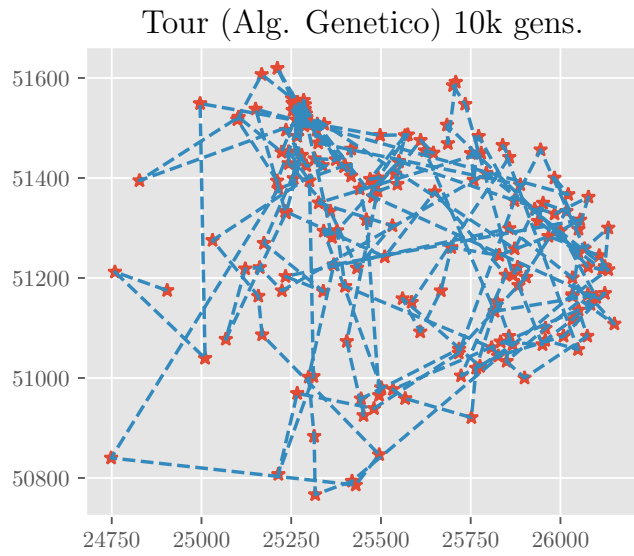


Figura 4: Tours



## 4 Referencias

## 5 Código en python

Listing 1: Implementación de algoritmos descritos

```
1 import matplotlib
2 import tikzplotlib
3 import matplotlib.pyplot as plt
4 matplotlib.use('pgf')
5
6 plt.rcParams.update({
7     "pgf.texsystem": "pdflatex",
8     "font.family": "serif",
9     "font.serif": [],
10 })
11
12 plt.style.use("ggplot")
13
14 # +
15 import numpy as np
16 import numpy.linalg as la
17
18 #matplotlib.use("module://matplotlib-backend-kitty")
19
20 #np.set_printoptions(threshold=0)
21 np.random.seed(42)
22
23 # %matplotlib inline
24 # -
25
26 cities = np.genfromtxt("csv/Qatar.csv", delimiter=",")
27 cities = cities[1:, 1:]
28 n_cities = cities.shape[0]
29 n_cities
30
31 # +
32 plt.scatter(cities[:, 0], cities[:, 1], marker="*")
33 plt.title("Localizacion de ciudades (Qatar)")
34
35 plt.savefig("qatar.pdf")
36
37 # -
38
39
40 def d(i, j):
41     return np.linalg.norm(cities[i, :] - cities[j, :])
42
43
44 d(0, 1)
45
46
47 class Individual:
48     def __init__(self, genome):
49         self.genome = genome
50         self.fitness = sum(
51             [d(genome[i], genome[i + 1]) for i in range(0, len(genome) - 1)]
52             + d(genome[len(genome) - 1], genome[0])
53         )
54
55     # Muta al individuo
56     def mutate(self):
```

```

56     genome = np.copy(self.genome)
57     i, j = np.random.choice(len(genome), size=2, replace=False)
58     genome[i], genome[j] = genome[j], genome[i]
59     return Individual(genome)
60
61 # Two point crossover
62 def cross(self, q):
63     child = np.copy(self.genome)
64     start, end = np.sort(np.random.choice(len(child), size=2, replace=False))
65     child[:start] = child[end + 1 :] = -1
66     child[child == -1] = np.setdiff1d(q.genome, child, assume_unique=True)
67     return Individual(child)
68
69 def __lt__(self, other):
70     return self.fitness < other.fitness
71
72 def __gt__(self, other):
73     return self.fitness > other.fitness
74
75 def __repr__(self):
76     return "Individual(genome: {0}, fitness: {1})".format(
77         self.genome.__str__(), self.fitness
78     )
79
80
81 i = Individual(np.array([0, 5, 10, 15]))
82 i.fitness
83
84 o = i.mutate()
85 o.genome, o.fitness, i.genome, i.fitness
86
87 a = Individual(np.array([1, 2, 3, 4, 5]))
88 b = Individual(np.array([2, 1, 3, 5, 4]))
89 c = a.cross(b)
90 a.genome, b.genome, c.genome
91
92
93 # DEPRECATED: Lo generaliza greedy_population con ratio=0
94 def random_population(n_population):
95     # TODO: Generar individuos aleatorios
96     return np.array(
97         [Individual(np.random.permutation(n_cities)) for _ in range(n_population)]
98     )
99
100
101 def greedy_population(n_population, ratio=1 / 2):
102     """
103     Genera población parte aleatoria parte generada mediante nearest neighbours
104
105     Args:
106         n_population: Tamaño total de la población
107         ratio: Qué porcentaje de la población se genera greedily. 0 -> toda random
108     """
109     # Guardamos la población generada en population
110     population = []
111
112     # Primero generamos los de nearest neighbours
113     n_greedy = round(n_population * ratio)
114     n_random = n_population - n_greedy
115
116     for _ in range(n_greedy):
117         # Anotamos las ciudades visitadas modificando una copia de la lista de ciudades. Las

```

```

118     # visitadas se vuelven nan. Asi se excluyen del cálculo de distancias.
119     visitados = []
120     index = range(len(cities))
121     # Elegimos ciudad al azar
122     curr_city = np.random.randint(0, len(cities))
123     visitados.append(curr_city)
124     city_record = np.copy(cities)
125
126     while len(visitados) != len(index):
127         city_record[curr_city] = np.nan
128
129         distancias = la.norm(city_record - cities[curr_city], axis=1)
130         # Tomamos la ciudad más cercana como actual
131         curr_city = np.nanargmin(distancias)
132         visitados.append(curr_city)
133
134     # Añadiendo el individuo a la población
135     population.append(Individual(visitados))
136
137     # Generamos el resto de la población aleatoriamente
138     population = population + [
139         Individual(np.random.permutation(n_cities)) for _ in range(n_random)
140     ]
141     return np.array(population)
142
143
144 # El de menor fitness es el que tiene más probabilidades de reproducirse
145 def calculate_wheel_probability(population):
146     fitnesses = np.array([p.fitness for p in population])
147     # fitnesses = np.min(fitnesses) + np.max(fitnesses) - fitnesses
148     # return fitnesses / np.sum(fitnesses)
149     fitnesses = np.max(fitnesses) + 1 - fitnesses
150     s = np.sum(fitnesses)
151     return fitnesses / s
152
153
154 calculate_wheel_probability([i, o])
155
156
157 def GA(
158     n_population=100,
159     n_generation=1000,
160     cross_rate=0.3,
161     mutate_rate=0.2,
162     greedy_rate=0,
163     verbose=False,
164     print_interval=10,
165 ):
166     """
167     Resuelve el problema del agente viajero mediante una versión modificada de la estrategia
168     del
169     algoritmos genéticos. Se genera una población del tamaño especificado y con las
170     características
171     de aleatoriedad deseadas.
172
173     Args:
174         n_population: Tamaño total de la población
175         n_generation: Número de generaciones
176         cross_rate:
177         mutate_rate:
178         greedy_rate: Porcentaje de la población inicial que se genera mediante nearest
179         neighbours

```

```

177         verbose: Controla la cantidad de información que imprime el algoritmo
178         """
179         # Para la generación 0
180         # Pk = random_population(n_population)
181         history = []
182         Pk = greedy_population(n_population, greedy_rate)
183         best_individual = Pk[Pk.argmin()]
184         for k in range(1, n_generation):
185             # Creamos la siguiente generacion
186             Pk_next = np.array([])
187             # Para seleccionar usamos wheel roulette selection
188             # Calculamos la wheel probability
189             wheel_prob = calculate_wheel_probability(Pk)
190             # 1. Copy: seleccionamos (1 - cross_rate) * n individuos de Pk y los insertamos en
191             # Pk+1
192             Pk_next = np.append(
193                 Pk_next,
194                 np.random.choice(
195                     Pk, round((1 - cross_rate) * n_population), p=wheel_prob, replace=True
196                 ),
197             )
198             # 2. Crossover: seleccionamos (cross_rate * n) parejas de Pk y los cruzamos para
199             # añadirlos en Pk+1
200             parejas = np.random.choice(
201                 Pk, 2 * round(cross_rate * n_population), p=wheel_prob, replace=True
202             ).reshape(-1, 2)
203             Pk_next = np.append(Pk_next, [p.cross(q) for p, q in parejas])
204
205             # 3. Mutate: seleccionamos mutate_rate de la población Pk+1 y la mutamos
206             mutate_index = np.random.choice(
207                 len(Pk_next), int(mutate_rate * len(Pk_next)), replace=True
208             )
209             Pk_next[mutate_index] = np.array([x.mutate() for x in Pk_next[mutate_index]])
210
211             # Actualizamos la generación
212             Pk = Pk_next
213             if Pk[Pk.argmin()] < best_individual:
214                 best_individual = Pk[Pk.argmin()]
215
216             history.append(best_individual)
217             # Imprimimos status
218             #if verbose is True or k % print_interval == 0:
219             #    print(f"Generation {k}: {best_individual}")
220
221         return best_individual, history
222
223 # + tags=[]
224 best_ga, hist_ga = GA(n_population=15, n_generation=10000)
225 best_nn, hist_nn = GA(n_population=15, n_generation=10000, greedy_rate=9/10)
226 # -
227 best_ga_sm, hist_ga_sm = GA(n_population=15, n_generation=10)
228 best_nn_sm, hist_nn_sm = GA(n_population=15, n_generation=10, greedy_rate=9/10)
229
230 # +
231 fig, axs = plt.subplots(2, 2, figsize=(8,7))
232
233 # Tour GA
234 axs[0, 0].plot(cities[best_ga.genome][:, 0], cities[best_ga.genome][:, 1], "*")
235 axs[0, 0].plot(cities[best_ga.genome][:, 0], cities[best_ga.genome][:, 1], "--")
236 axs[0, 0].set_title("Tour (Alg. Genetico) 10k gens.")

```

```

237
238 # Tour NN
239 axs[0, 1].plot(cities[best_nn.genome][:, 0], cities[best_nn.genome][:, 1], "*")
240 axs[0, 1].plot(cities[best_nn.genome][:, 0], cities[best_nn.genome][:, 1], "--")
241 axs[0, 1].set_title("Tour (Hibrido) 10k gens.")
242
243 # Tour NN chico
244 axs[1, 0].plot(cities[best_ga_sm.genome][:, 0], cities[best_ga_sm.genome][:, 1], "*")
245 axs[1, 0].plot(cities[best_ga_sm.genome][:, 0], cities[best_ga_sm.genome][:, 1], "--")
246 axs[1, 0].set_title("Tour (Alg. Genetico) 10 gens.")
247
248 # Tour NN chico
249 axs[1, 1].plot(cities[best_nn_sm.genome][:, 0], cities[best_nn_sm.genome][:, 1], "*")
250 axs[1, 1].plot(cities[best_nn_sm.genome][:, 0], cities[best_nn_sm.genome][:, 1], "--")
251 axs[1, 1].set_title("Tour (Hibrido) 10 gens.")
252
253 fig.tight_layout()
254
255 plt.savefig("tours.pdf")
256
257 # +
258 fig, axs = plt.subplots(1, 2, figsize=(8,4))
259
260 # Mejora GA
261 axs[0].plot(range(len(hist_ga)), [ind.fitness for ind in hist_ga])
262 axs[0].set_title("Mejora por generación (Alg. Genético)")
263
264 # Mejora NN
265 axs[1].plot(range(len(hist_nn)), [ind.fitness for ind in hist_nn])
266 axs[1].set_title("Mejora por generación (Hibrido)")
267
268
269 fig.tight_layout()
270
271 plt.savefig("mejora.pdf")
272 # -
273
274
275
276 # +
277 plt.plot(range(len(hist_ga)), [ind.fitness for ind in hist_ga], label="Alg. Genetico")
278 plt.plot(range(len(hist_nn)), [ind.fitness for ind in hist_nn], label="Hibrido")
279 plt.title("Distancia de ruta A. G vs. Hibrido")
280 plt.legend()
281
282 plt.savefig("comparacion.pdf")
283 # -

```

## Referencias

- [M K19] T.A. Wheeler M. Kochenderfer. *Algorithms for Optimization*. The MIT Press, 2019.
- [Tae21] J Tae. “Traveling Salesman Problem with Genetic Algorithms”. En: (2021). URL: <https://jaketae.github.io/study/genetic-algorithm/>.