

## PRÁCTICA 2

En esta práctica hemos desarrollado un código en java que resuelve el [problema del viajante](#) haciendo uso de un algoritmo genético. En esta memoria comentaremos los resultados obtenidos al aplicar distintas metodologías, puesto que al ser un algoritmo probabilista la respuesta puede cambiar considerablemente según la variante que apliquemos. También comentaremos como se ha llevado a cabo la implementación de los métodos de cruce y mutación ideados por nosotros mismos.

### CRUCE IMPAR

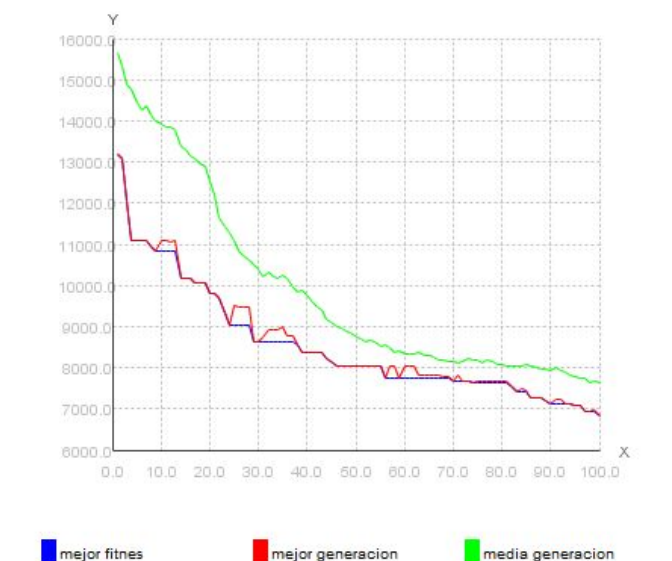
La idea principal del cruce impar consiste en intercambiar los genes de las posiciones impares entre los progenitores. Como el problema mantiene el invariante de no tener genes repetidos en ningún cromosoma, cada cromosoma se ajusta, intercambiando el gen que tiene repetido por el que acaba de perder:

<u>1</u>	<u>2</u>	<u>3</u>												
<table><tr><td>1</td><td>2</td><td>3</td><td>4</td></tr></table>	1	2	3	4	<table><tr><td>1</td><td>3</td><td>3</td><td>4</td></tr></table>	1	3	3	4	<table><tr><td>1</td><td>3</td><td>2</td><td>4</td></tr></table>	1	3	2	4
1	2	3	4											
1	3	3	4											
1	3	2	4											
<table><tr><td>2</td><td>3</td><td>4</td><td>1</td></tr></table>	2	3	4	1	<table><tr><td>2</td><td>2</td><td>4</td><td>1</td></tr></table>	2	2	4	1	<table><tr><td>3</td><td>2</td><td>4</td><td>1</td></tr></table>	3	2	4	1
2	3	4	1											
2	2	4	1											
3	2	4	1											

*Explicación gráfico: En el paso uno intercambiamos la posición 1 de los cromosomas, como vemos en el paso 2 hemos obtenido genes repetidos, por lo tanto cambiamos el gen que está repetido (el antiguo, no el nuevo) por el gen que acabamos de perder al intercambiar.*

Ofrece unos resultados bastante buenos cuando se aplica al problema del viajante, ayuda a que la media de la generación converja hacia valores muy positivos de forma rápida pero no prematuramente extinguiendo la diversidad. Además nos da un valor mejor para el problema del viajante bastante bueno, oscila entre 6300 y 8000.

Madrid-->Guadalajara-->Burgos-->Huesca-->Lérida-->Gerona-->Barcelona-->Castelló...  
Cuenca-->Albacete-->Murcia-->Alicante-->Ávila-->Lugo-->A coruña-->  
León-->Logroño-->Bilbao-->Cáceres-->Badajoz-->Ciudad Real-->Almería-->Granada-->  
Málaga-->Cádiz-->Huelva-->Córdoba-->Jaén-->Madrid  
Mejor Fitnes: 6831.0



*Como ya hemos dicho en la gráfica se puede apreciar como la media de la población (línea verde) mejora rápidamente con el avance de las generaciones.*

## MUTACIÓN POR BLOQUES

Nuestro método de mutación consiste en intercambiar dos bloques consecutivos de genes. En un principio pensamos en hacer el tamaño del bloque variable pero nos decidimos por dejarlo fijo en 3, puesto que un tamaño muy grande podría hacer que la mutación tuviese demasiado impacto introduciendo ruido en la población.

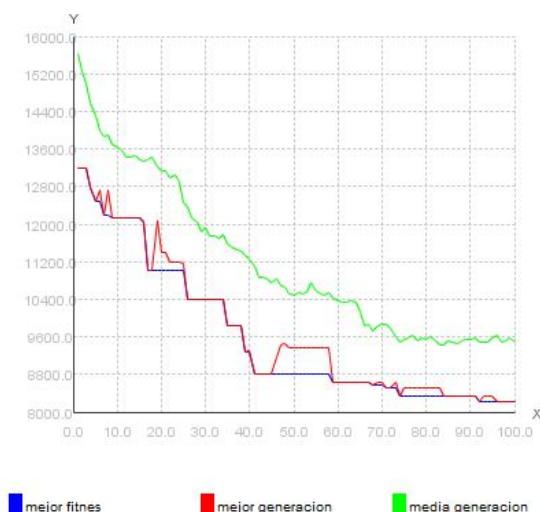
*Ejemplo gráfico:*

1	8	2	4	7	5	3	6
---	---	---	---	---	---	---	---

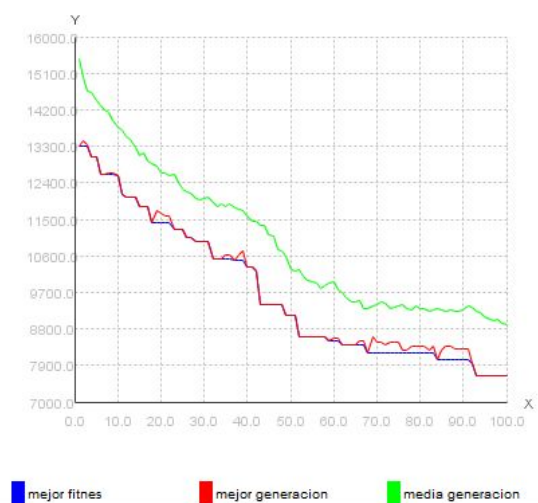
1	5	3	6	7	8	2	4
---	---	---	---	---	---	---	---

Para analizar el método hemos lanzado el algoritmo poniendo a 0 la prob. de cruce y aumentando al 30% la prob. de mutación, así podemos observar mejor el comportamiento. Los resultados obtenidos no distan demasiado de otros métodos como inserción o inversión, salvo por que en algunos puntos si aparecen fluctuaciones más notables en el mejor de la generación (línea roja en el gráfico), a la izquierda bloques, a la derecha inserción:

### **Bloques**



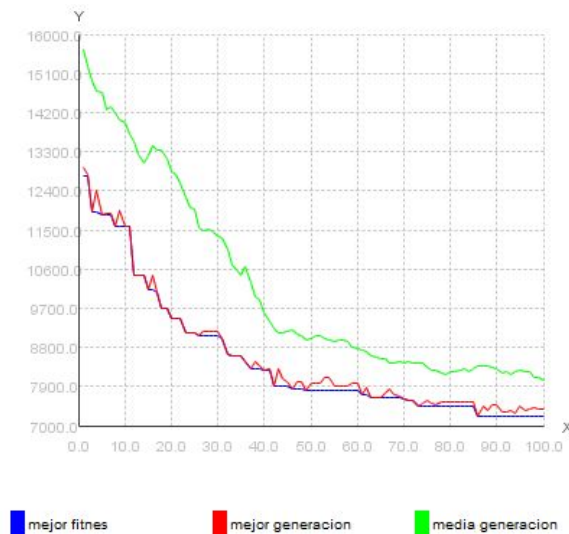
### **Inserción**



## MÉTODOS DE SELECCIÓN

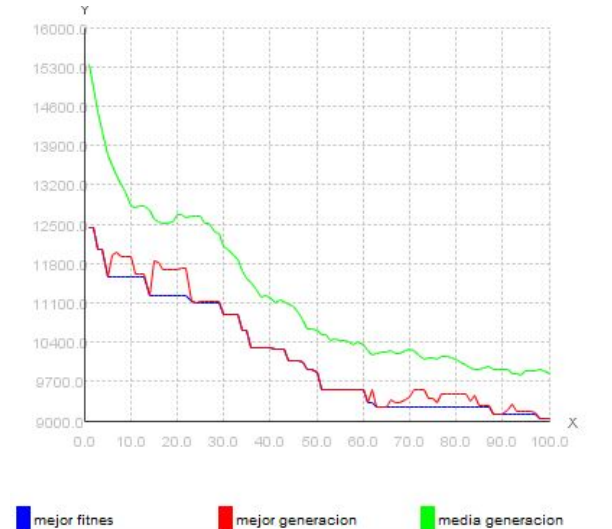
Tanto el método por ruleta como el método estocástico hacen que la población converja rápido hacia valores buenos pero no respeta demasiado al mejor de la generación lo que hace que pocas veces se llegue al mejor valor posible.

**Ruleta**



*Mejor fit: 7500*

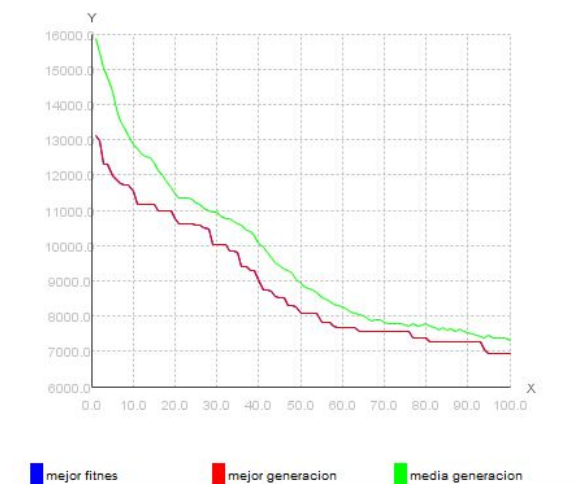
**Estocástico**



*Mejor fit: 9200*

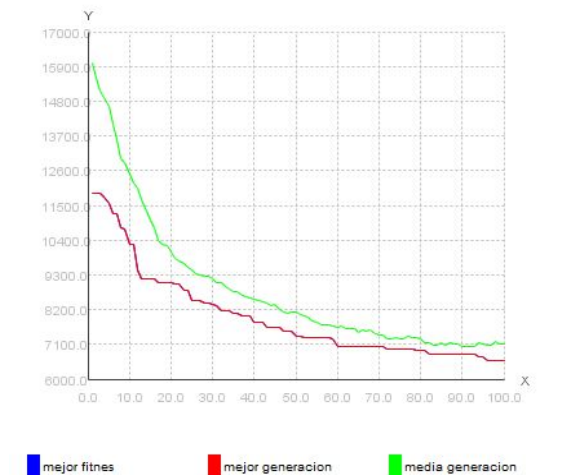
Como vamos a observar en este problema, mantener a los mejores de la generación ayuda mucho a obtener buenos resultados, por lo tanto seleccionar la opción de elitismo es una buena opción con estos métodos:

**Ruleta (con elitismo)**



*Mejor fit: 6800*

**Estocástico(con elitismo)**

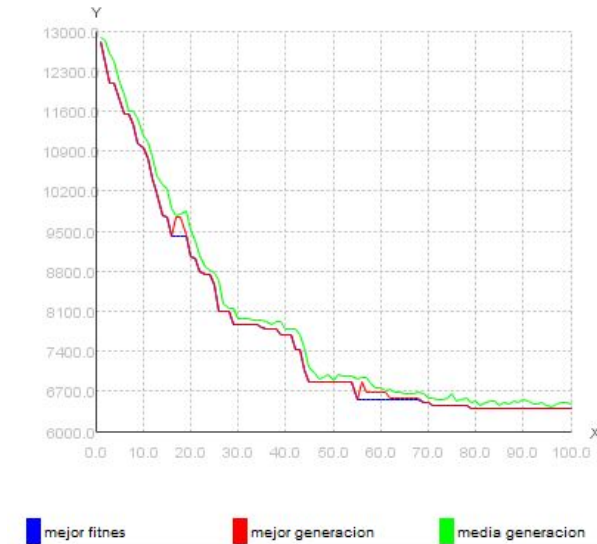


*Mejor fit: 6930*

## MÉTODOS DE SELECCIÓN (CONT)

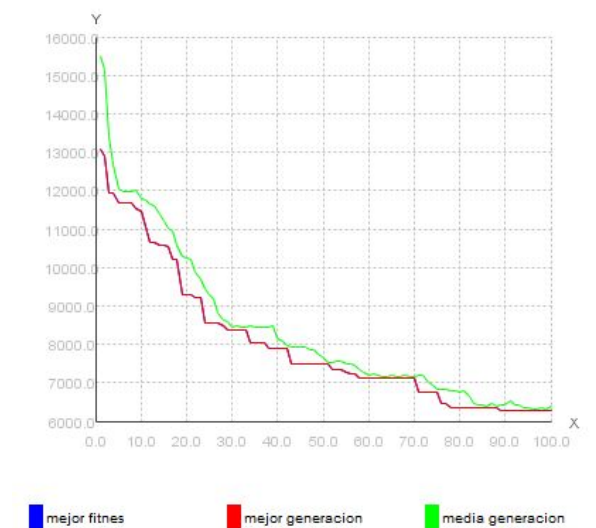
Tanto el método por torneos como el de truncamiento ofrecen valores mejores muy bueno puesto que ambos favorecen a los mejores de la generación. Con estos métodos es recomendable no utilizar elitismo ya que sería dar demasiado peso a lo mejores y aumenta mucho la homogeneidad en la población.

**Torneo**



*Mejor fit: 6400*

**Truncamiento**

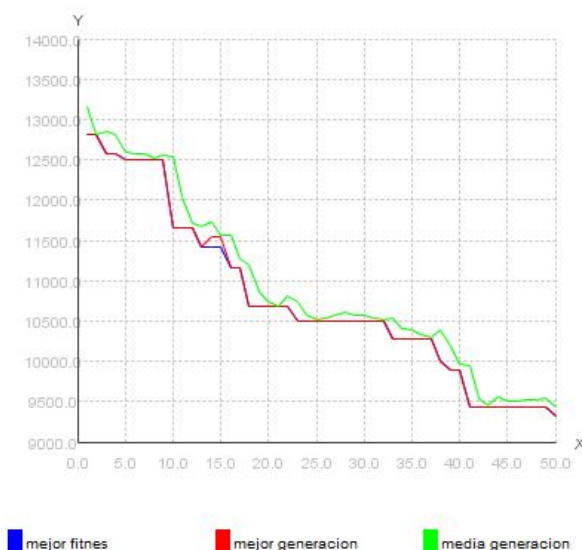


*Mejor fit: 6265*

El método de selección por torneos favorece en gran medida al mejor por que tenemos una población de alto tamaño, si disminuimos el tamaño de la población este método deja de ser una buena opción. Así como no es buena opción el método de selección por restos que ofrecen unos resultados muy pobres, ofreciendo un valor mejor demasiado alto y haciendo que la media de la población converja en valores también altos.

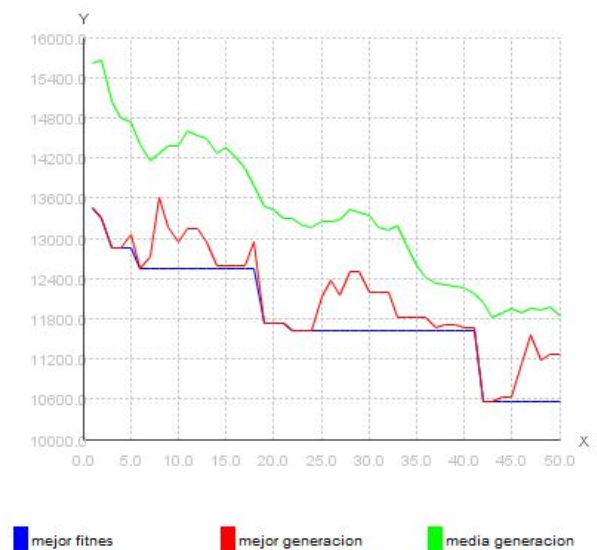
**Torneo (tam pob = 50)**

*Mejor fit: 9326*



**Restos**

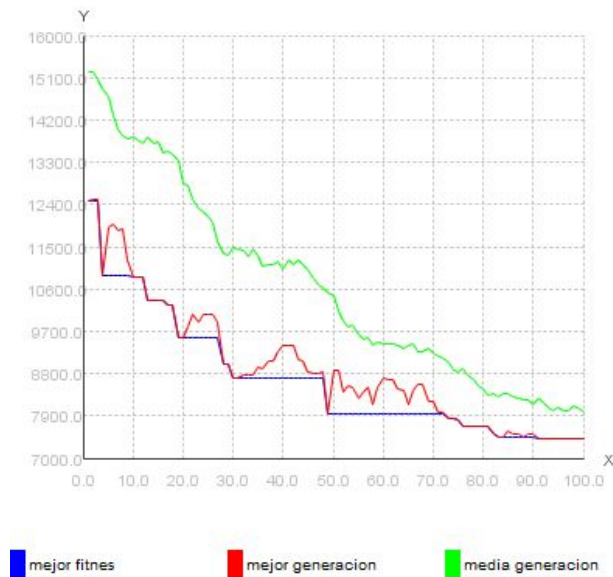
*Mejor fit: 10556*



## MÉTODOS DE CRUCE

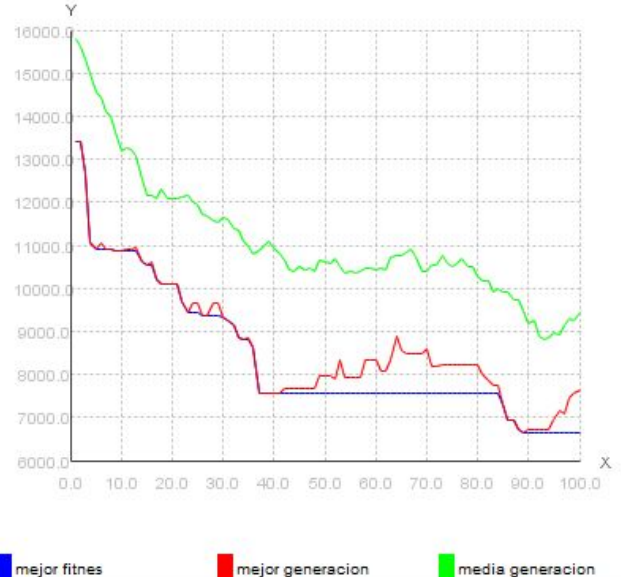
Tanto el cruce PMX como el cruce OX son los que ofrecen los mejores resultados, de nuevo aquellos métodos que respetan a los mejores ofrecen mejores resultados, en este problema no nos interesa tener una población extremadamente heterogénea. Las pruebas están realizadas con selección por ruleta que al ofrecer más diversidad nos permite observar mejor los efectos del cruce:

**PMX**



*Mejor fit: 7752*

**OX**

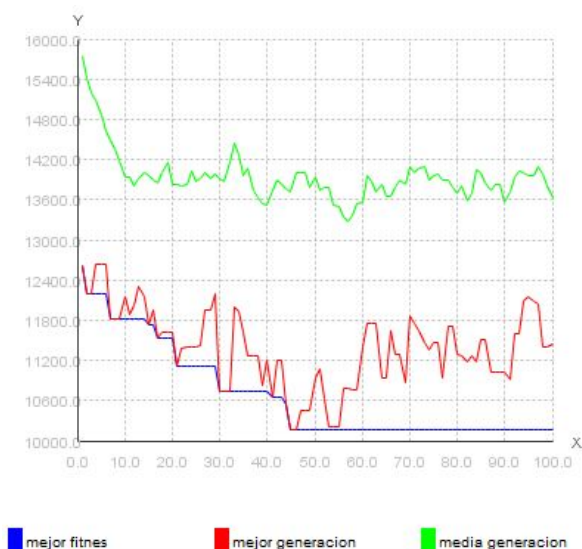


*Mejor fit: 6640*

Las otras versiones del cruce OX (Orden prioritario y Posiciones prioritarias) ofrecen una mayor diversidad en la generación y no respetan tanto al mejor de la generación. Orden prioritario da resultados demasiado altos pero los de Posiciones prioritarias son muy aceptables, a pesar de que no respete a la “elite”:

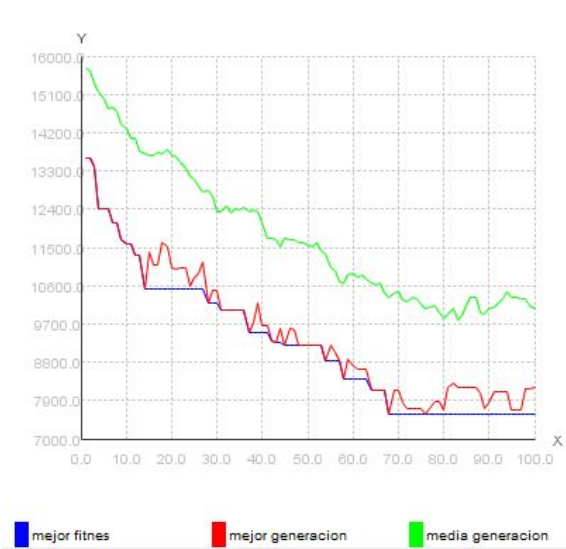
**Orden prioritario**

*Mejor fit: 10500*



**Posiciones Prioritarias**

*Mejor fit: 7565*

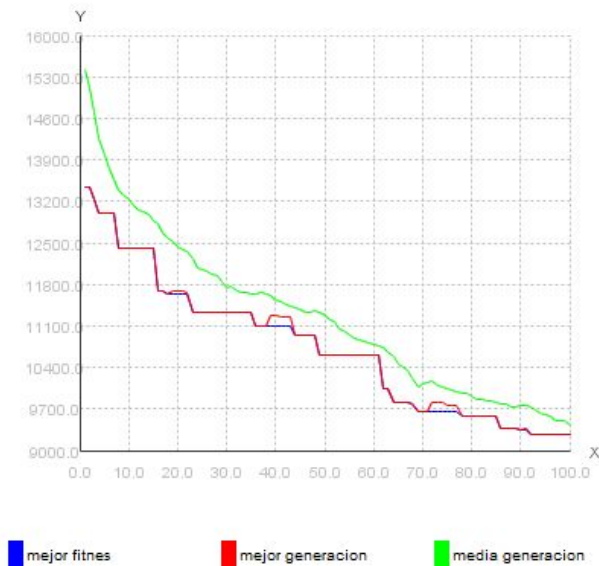




## MÉTODOS DE CRUCE (CONT)

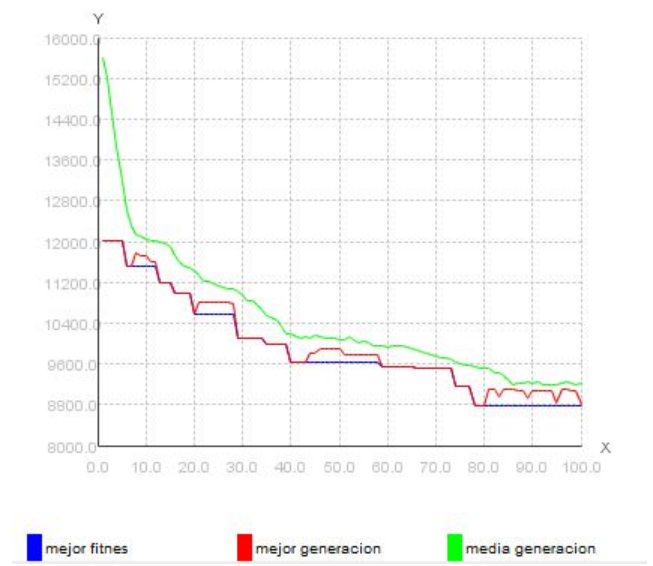
Los resultados que obtenemos con Recombinación de rutas y Ciclos son más variables. Como la longitud de del cromosoma en relativamente alta en este problema, recombinación de rutas muchas veces no encuentra solución, cuando esto ocurre se acelera mucho la convergencia. El mejor global suele quedar en un punto más alto de lo deseado pero se aproxima bastante.

**Ciclos**



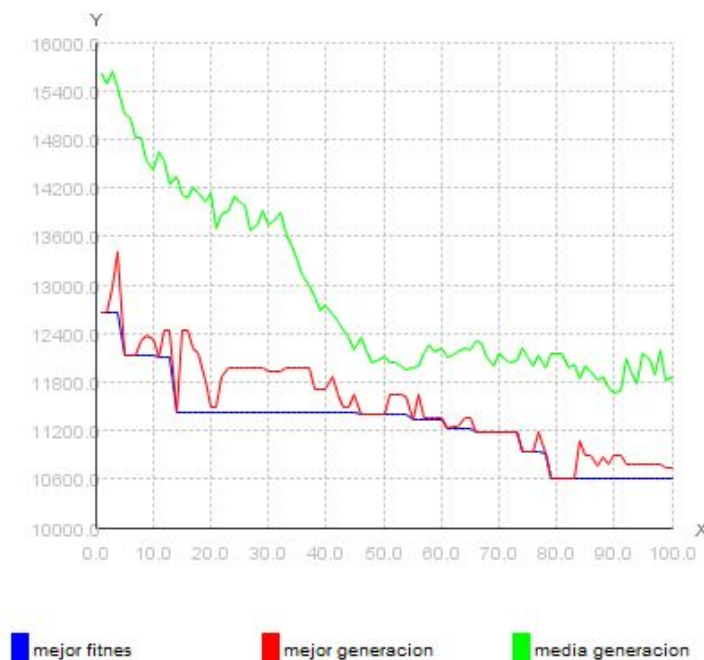
*Mejor fit: 9600*

**Rutas**



*Mejor fit: 8786*

El método de cruce por codificación ordinal ofrece unos resultados muy similares a los dos anteriores aunque en algunas ocasiones se dispara ofreciendo valores demasiado altos por encima de 10.000.

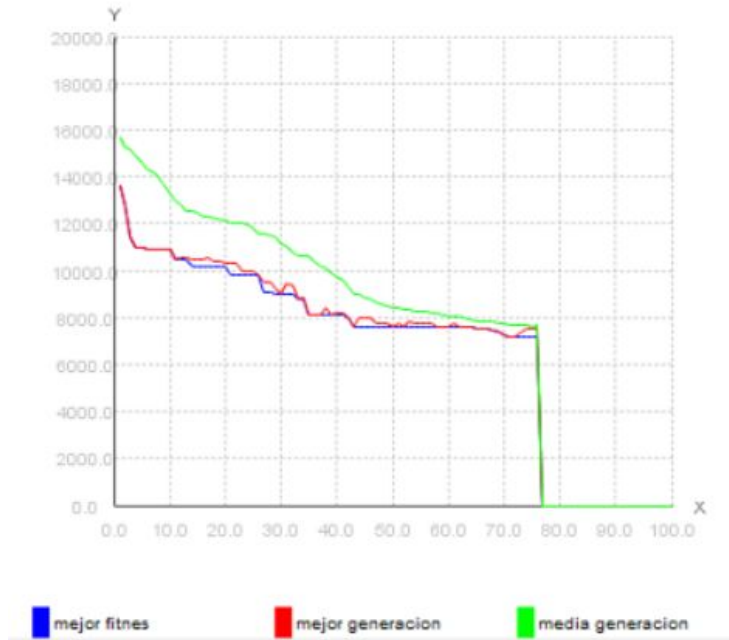


**Codificación ordinal**

*Mejor fit: 10614*

## CONTRACTIVIDAD

Si elegimos la mejora contractividad podemos ver como en algunos casos no se llegan a ejecutar el numero de generaciones en específico pero la convergencia es rápida y la población se vuelve homogénea rápidamente.



**Contractividad**

*Mejor fit: 7578*

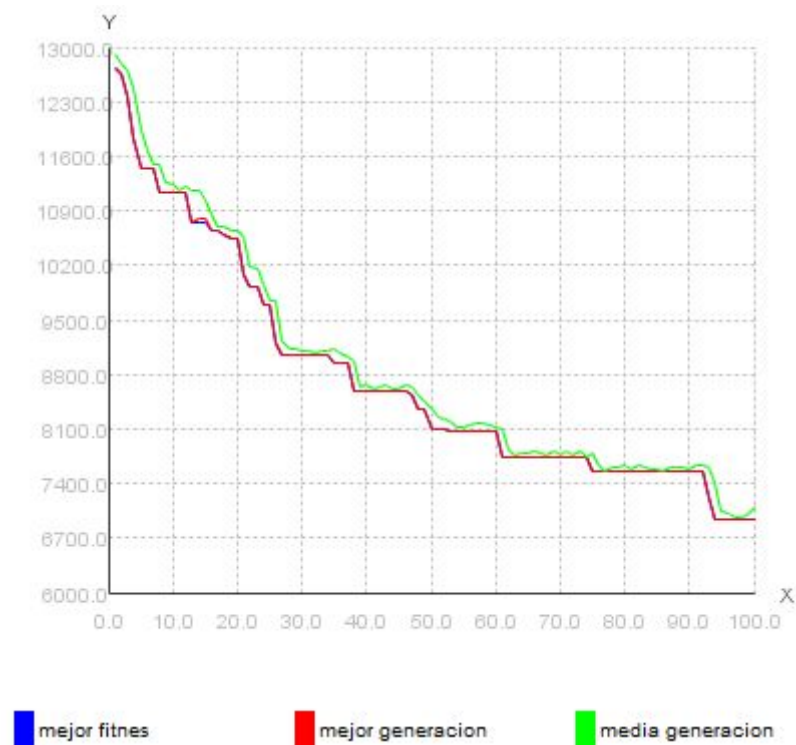
## CONCLUSIÓN

Al resolver el problema del viajante mediante algoritmos genéticos nos conviene aplicar políticas que favorezcan a los mejores, estos nos permitirán alcanzar los resultados más bajos.

En los métodos de cruce nos puede interesar utilizar un método que conceda mayor variedad a la población como el **cruce por orden de posiciones prioritarias**, haciendo esto podemos provocar que la convergencia sea más lenta o que no alcancemos valores tan altos pero a la vez nos permitirá alcanzar valores mejores en otras ejecuciones gracias a la diversidad. Aunque si no vamos a realizar muchas ejecuciones el cruce **PMX** tiene mayor probabilidad de dar un mejor resultado.

La mutación no tiene un impacto muy grande en los resultados que obtenemos, pero siguiendo el hilo de que mantener a los mejores nos conviene, el método de **mutación heurística** parece una buena opción. Por la misma idea, el **elitismo** es también una buena elección en este problema en la mayoría de situaciones (salvo con selección por torneo).

*Ejemplo con Torneo + PMX + Mut. Heurística:*



*Mejor fit: 6832*