Silly Season Algorithm. Diseño e implementación de una metaheurística original

Antonio José Blánquez Pérez

Práctica final Metaheurísticas - Universidad de Granada

1 Proposición

1.1 Motivación

El concepto de esta metaheurística nace cuando, en medio de la cuarentena, la temporada 2020 de Formula 1 se está desarrollando de manera anómala. Esta comenzará en julio y no en marzo como es habitual[1], provocando que la temporada dure hasta noviembre ininterrumpidamente también durante el mes de agosto(lo que nos dejará ver un Gran Premio de España el 16 de agosto, que se correrá a una temperatura poco convencional), se cancela el Gran Premio de Mónaco por primera vez desde 1955 y, lo que nos ocupa en este caso, debido al cambio en el calendario y a que en este deporte no existe un mercado de fichajes con fechas establecidas como, por ejemplo, en el fútbol, los equipos están dedicando su tiempo a cerrar fichajes para 2021, año en el que la mayoría de pilotos acaba contrato al ser fecha de cambio en el reglamento(aunque se ha retrasado a 2022). El término *Silly Season*, que da nombre a la metaheurística, se acuñó para definir el tiempo, generalmente los meses de verano, en el que a falta de noticias los medios de comunicación comienzan a hablar sobre rumores y, en el contexto del deporte, rumores sobre fichajes; aunque este término es ampliamente usado para referirse al período de fichajes que suele darse en los parones de verano e invierno. Aunque en el momento en el que se escriben estas líneas aún no es verano y deberíamos de estar a la espera del GP de Francia, la realidad es que esta temporada aún no ha comenzado y se ha desarrollado una Silly Season como no se recuerda en años[2].

De esta situación surgió la idea de plantear una metaheurística basada en la ya comentada Silly Season, donde los pilotos serán individuos soluciones al problema que se organizarán en equipos o conjuntos que determinarán el trato que se le dará a cada individuo.

1.2 Resumen en contexto

El funcionamiento de esta metaheurística se basa en unos elementos bien definidos, las soluciones, que serán nuestros pilotos, se generarán y organizarán en equipos inicialmente de manera aleatoria, y se les asignará una puntuación a través de la función objetivo. Los equipos cuyos pilotos tengan mejor puntuación serán los que estén en la zona alta de la tabla y viceversa. Como los equipos de la parte alta tienen más dinero no pueden arriesgarse a cambios relevantes en su organización, por lo que generalmente se centrarán en mejorar al máximo el rendimiento de su coche(y por tanto el de su piloto). Por otra parte los equipos de la parte, puesto que no tienen nada que

[1] https://www.formula1.com/en/latest/article.f1-schedule-2020-latest-information.3P0b3hJYdFDm9xFieAYqCS.html

[2] https://www.motorpasion.com/formula1/cascada-fichajes-formula-1-daniel-ricciardo-confirmado-como-sustituto-carlos-sainz-mclaren

perder, tienden a realizar grandes cambios tanto en su organización como en su plantilla. Es decir, en los equipos con mayor puntuación los pilotos evolucionarán mediante explotación y los que tengan una puntuación más baja lo harán mediante exploración. Además, tras un cierto período(la temporada o época) los pilotos cambiarán de equipo , aunque también habrá una posibilidad de que lo hagan entre temporadas.

Este concepto se puede plantear como una buena metaheurística en la medida en la que se consigue equilibrar la exploración y la explotación controlando cuantas iteraciones hacen cada una en proporción, equilibrio que podría proporcionar una buena solución. Esto es porque intentaremos conseguir que las soluciones sean buenas mediante explotación en el caso de las que sean ya buenas en los que hemos definido como los mejores equipos y evitaremos óptimos locales mediante la exploración en el entorno de los peores equipos, ya que con ellos terminaremos consiguiendo soluciones potencialmente buenas.

2 Descripción detallada

2.1 Concepto

En este apartado se va a concretar el funcionamiento comentado en la sección anterior, apoyándose en el pseudocódigo de abajo.

Algorithm 1 Silly Season Algorithm

```
procedure SILLY SEASON(dataset, constraints, k)
    for number of teams do                                ▷ Generate initial random solutions
        for number of pilots per team do
            team.add(random_solution)
        end for
        teams.add(team)
    end for
    generate hierarchy vector                             ▷ Where i value is the mean of f values of team i
    while eval ≤ max_eval do
        for all team do
            if hierarchy[team] > f_mean then              ▷ Where f_mean is the f mean of all pilots
                for all pilot do
                    LS(pilot, BL_max)                     ▷ Local Search with BL_max maximum evaluations
                end for
            else
                for all pilot do
                    mutate(pilot, mutation_prob)          ▷ Mutation with mutation_prob probability
                end for
            end if
        end for
        if current season has finished then
            swap N pilots
        else
            swap M pilots
        end if
        fix hierarchy
    end while
    return best solution
end procedure
```

Primero el algoritmo genera un conjunto de soluciones aleatorias de manera que formarán conjuntos, los equipos, que tendrán cada uno un número de soluciones, los pilotos, determinado. El número de equipos y el de pilotos por equipo serán dos parámetros a tener en cuenta en la solución.

A partir de los equipos podemos formar un vector de jerarquía con la media para cada equipo de los valores dados por la función de coste a los pilotos. Entonces se les aplicará Búsqueda Local a los pilotos de los equipos que superen la media, los equipos grandes, y se mutará a los que pertenezcan a los equipos que tengan peor media, los equipos pequeños. Las evaluaciones máximas para BL y la probabilidad de mutación habrán de tenerse también en cuenta.

Esto se hará en bucle y, para cada iteración, si se ha terminado la temporada se intercambiarán de equipo N parejas de pilotos aleatoriamente, si no ha terminado lo harán M parejas, siendo generalmente $M < N$. Por supuesto es necesario ajustar la jerarquía tras el intercambio.

Al superar el número máximo de evaluaciones el algoritmo devolverá la mejor solución encontrada hasta el momento.

2.2 Parámetros

Del concepto final del algoritmo aparecen varios parámetros que han de usarse para controlar el equilibrio entre exploración y explotación, en concreto 8:

- Número de equipos: variar este parámetro resultará importante en gran medida para determinar el tamaño de la población y, por tanto, el tiempo de ejecución.
- Número de pilotos por equipo: exactamente igual al anterior, ya que nuestra población final será el resultado de $n\_equipos \cdot n\_pilotos\_por\_equipo$.
- Número máximo de evaluaciones para BL: este parámetro será primordial para determinar el número de evaluaciones que hará BL por iteración, lo que resulta importante para el equilibrio explotación-exploración.
- Probabilidad de mutación: el caso opuesto al anterior para el equilibrio explotación-exploración. A mayor probabilidad más exploración existirá en proporción a la explotación.
- Número de intercambios entre temporadas: determinará el número de intercambios durante la Silly Season, importante para la explotación.
- Número de intercambios(por iteración) durante la temporada: mismo caso que el anterior para intercambios cuando una iteración no sea final de temporada.
- Máximo número total de evaluaciones: Como en todas las metaheurísticas, para poder tener una referencia de su bondad respecto a otras.

3 Aplicación

3.1 Descripción del problema

El agrupamiento o clustering busca clasificar objetos de un conjunto en subconjuntos o clusters a través de sus posibles similaridades. Es una técnica de aprendizaje no supervisado que permite descubrir grupos inicialmente desconocidos o agrupar objetos similares, de manera que podemos encontrar patrones en grandes grupos de datos que serían imposibles(o extremadamente difíciles) de encontrar sin esta técnica.

Un ejemplo cotidiano del problema del agrupamiento sería dividir una cantidad de frutas en verdes, poco maduras y muy maduras que, aunque trivial, nos permite entender el concepto que hay detrás de la técnica que nos ocupa. Con ésto podemos comprender otras aplicaciones del clustering, como pueden ser el análisis de caracteres escritos a mano, muestras de diálogo, huellas dactilares o imágenes, la clasificación de especies en subespecies o el agrupamiento para moléculas o proteínas. Para poder aplicar esta técnica debemos medir d características de nuestro grupo de n objetos, por ejemplo el color o la textura en el caso de las frutas o la simetría o la intensidad en el caso de caracteres escritos a mano, obteniendo una conjunto de datos de longitud n con d dimensiones.

En nuestro caso concreto abordaremos una variación del clustering clásico, el Problema de Agrupamiento con Restricciones(PAR), es decir, además de nuestro conjunto de datos tenemos cierta información a la que llamaremos restricciones o, más concretamente, restricciones de instancia. Ésto quiere decir que tenemos alguna información sobre objetos que tienen que pertenecer al mismo cluster(ML, Must-Link) y sobre objetos que no pertenecen al mismo cluster(CL, Cannot-Link), siendo éstas restricciones débiles, o lo que es lo mismo, podemos incumplir restricciones pero debemos minimizar el número de incumplidas al máximo. El planteamiento combinatorio de este problema es NP-Completo, por tanto a continuación propondremos algunas alternativas de algoritmos para intentar resolver el problema de forma aproximada en un tiempo razonable. El problema se abordará con k(nº de clusters) conocida, ya que su búsqueda es otro problema complejo.

3.2 Formalización de conceptos del problema

Vamos a definir distintos conceptos que se nombrarán a lo largo del documento y que son necesarios para entender los procedimientos en cada algoritmo. Primeramente podemos formalizar la definición de nuestro conjunto de datos como una matriz X de $n \cdot d$, n objetos en un espacio de d dimensiones(el número de medidas que tenemos sobre cada objeto).

$$\vec{x_i} = \{x_{i,1}, ..., x_{i,d}\} \mid x_{i,j} \in \mathbb{R} \; \forall j \in \{1, ..., d\}$$

Llamaremos $C = \{c_1, ..., c_k\}$ al conjunto de los k clusters, de manera que cada c_i será un subconjunto de X y podrá asociada una etiqueta l_i que lo nombre Para cada cluster es posible calcular su centroide asociado $\vec{\mu_i}$, siendo el vector promedio de sus instancias.

$$\vec{\mu_i} = \tfrac{1}{|c_i|} \sum_{\vec{\mu_j} \in c_i} \vec{x_j}$$

También debemos definir la distancia media intra-cluster, c_i , como la media de las distancias entre cada instancia del cluster y su centroide asociado, usando en este caso la distancia euclídea, aunque es equivalente a usar, por ejemplo, la distancia Manhattan.

$$\overline{c_i} = \tfrac{1}{|c_i|} \sum_{\vec{\mu_j} \in c_i} ||\vec{x_j} - \vec{\mu_i}||$$

A través de estas, podemos llegar a la desviación general de C, la media de las desviaciones intracluster, que nos será de gran ayuda para minimizar la solución y para su posterior análisis.

$$\overline{C} = \tfrac{1}{k} \sum_{c_i \in C} \overline{c_i}$$

Por otro lado tenemos las restricciones, $R = ML \cup CL$, donde $ML(\vec{x_i}, \vec{x_j})$ indica que las instancias $\vec{x_i}$ y $\vec{x_j}$ deben estar asignadas al mismo cluster y $CL(\vec{x_i}, \vec{x_j})$ que las instancias $\vec{x_i}$ y $\vec{x_j}$ no pueden ser asignadas al mismo cluster. Con ello, definimos la infactibilidad o infeasibility, que es un indicador de las restricciones que incumple nuestra solución.

$$infeasibility = \sum_{i=0}^{|ML|} 1(h_c(\vec{ML}_{[i,1]}) \neq h_c(\vec{ML}_{[i,2]})) + \sum_{i=0}^{|CL|} 1(h_c(\vec{CL}_{[i,1]}) = h_c(\vec{CL}_{[i,2]}))$$

Siendo 1 la función booleana que devolverá 1 si la expresión que toma como argumento es verdadera y 0 en otro caso.

3.3 Representación de la información

Ahora que tenemos algunos conceptos claros y formalizados, pasamos a ver como representaremos la información necesaria en el proceso de resolución del problema. Primero aclarar que los datos de entrada, nuestro conjunto de datos, estará organizado en una matriz implementada como un vector<vector<float>> (ambos vectores de la librería STL), es decir, un vector de longitud n de vectores de reales en coma flotante de longitud d. Para las restricciones usaremos dos formas de representación, una para facilitar el acceso cuando conocemos la restricción que queremos comprobar y otra para cuando queramos recorrer todas las restricciones. Para el primer caso se usará la misma representación que para el dataframe, mientras que para el segundo se construirá una lista con elementos del tipo $[x, y, 1, -1]$, siendo x e y los dos elementos que tiene la restricción y el último elemento 1 si conforman una restricción ML y -1 si es CL. Esta lista se ha implementado usando un vector<vector<int>>, también de la STL. De ésta manera, al recorrer esa lista evadiremos todos los pares que no tienen una restricción y nuestra búsqueda será mucho más eficiente que en una matriz. Por último, representaremos la solución con un vector<int> de longitud n, de manera que la posición i contendrá el número del cluster asignado al objeto i.

3.4 Función objetivo

La función objetivo es la función que debemos minimizar, es decir, la función que dice como de buena es la solución que le pasamos como parámetro. De todas las definiciones que hemos hecho, desviación general($\overline{C}$) e infactibilidad(infeasibility) nos dan información acerca de la bondad de la solución, la primera a través de la distancia promedio de cada dato a su centroide correspondiente y la segunda a través de la medida del incumplimiento de las restricciones de la solución dada. Ambas han de ser minimizadas, pero hay que darle más o menos importancia a una y a otra, de manera que debemos introducir un parámetro con el que controlar ésta importancia que debatiremos posteriormente.

$$f = \overline{C} + infeasibility \cdot \lambda$$

Dicho ésto queda definir el parámetro λ, el cual se ha decidido proponer como el entero superior a la distancia máxima D dividida por el número de restricciones totales R.

$$\lambda = \frac{\lceil D \rceil}{|R|}$$

3.5 Conjuntos de datos usados

Los conjuntos de datos usados para testear la bondad de los algoritmos son los siguientes:

- Iris: Contiene información sobre las características de tres tipos de flores de Iris. Tiene 3 clases(k=3) y 6 dimensiones.
- Ecoli: Contiene medidas sobre las ciertas características de diferentes tipos de células que pueden ser empleadas para predecir la localización de ciertas proteínas. Tiene 8 clases(k=8) y 7 dimesiones.

- Rand: Conjunto de datos artificial formado por tres agrupamientos bien diferenciados generados en base a distribuciones normales. Tiene 3 clases(k=3) y 2 dimensiones.
- Newthyroid: Contiene medidas cuantitativas tomadas sobre la glándula tiroides de 215 pacientes. Tiene 3 clases(k=3) y 5 dimensiones.

4 Manual de usuario

Compilación: Se incluye un makefile, por lo que se compila tan solo ejecutando la orden 'make' desde la terminal en la carpeta que contiene el código.

Ejecución: Para ejecutar el algoritmo sobre un conjunto de datos concreto se hará mediante la siguiente orden en la terminal.

./silly_season <fichero_datos> <fichero_restricciones> $< k >$ <seed>

También es posible llamarlo sin argumentos, entonces pedirá por teclado la información necesaria, o usar el script incluído, que replicará todos el experimento realizado para el análisis de rendimiento.

5 Análisis de rendimiento

5.1 Descripción de los casos del problema

Se van utilizar todos los conjuntos de datos anteriormente mencionados para analizar como de buenos son los algoritmos planteados para resolver el problema del agrupamiento con restricciones, con el 10 y el 20% de restricciones en cada conjunto de datos. Los datos se organizan en tablas y se analizarán posteriormente. Para ello se quería realizar con cada uno de los cuatro conjuntos, Iris, Newthyroid, Ecoli y Rand, tanto con el 10% como con el 20% de restricciones, un total de 5 veces, lo que hace un total de 40 ejecuciones(4 conjuntos x 2 conjuntos de restricciones x 5 veces). Sin embargo, como veremos, Ecoli resulta un problema en cuanto a tiempo de ejecución, por solo se ha podido obtener las soluciones con una semilla. Para poder replicar el total de ejecuciones todas ellas se han realizado utilizando semillas para la generación de números aleatorios, por lo que conociendo estas semillas se puede realizar el estudio exactamente de la misma manera y con los mismos resultados. Las semillas usadas en este estudio son las siguientes:

Ejecución 1	Ejecución 2	Ejecución 3	Ejecución 4	Ejecución 5
798245613	798245613	25022020	17042026	459268694

5.2 Resultados obtenidos

En las siguientes tablas se muestra el resultado de las pruebas anteriormente mencionadas a excepción de Ecoli, que como se verá requiere un tiempo de ejecución excesivamente alto y por tanto solo se ha realizado una ejecución para cada conjunto de restricciones, cuyo resultado es el que se añade a las últimas tablas para comparar datos. También es necesario recalcar que se han recogido los algoritmos más relevantes de cada práctica y que, tanto el algoritmo genético como el memético, no son los míos si no que son cedidos por Ángel de la Vega Jiménez para poder hacer la comparación ya que mi práctica 2 tiene varios problemas que no he tenido tiempo de solucionar y que no son objetivo de esta práctica.

SSA 10%	**Iris**				**Newthyroid**				**Rand**			
	Tasa_C	***Tasa_inf***	***Agr.***	**T**	***Tasa_C***	***Tasa_inf***	***Agr.***	**T**	***Tasa_C***	***Tasa_inf***	***Agr.***	**T**
Ej 1	0,669	0	0,669	12,219	10,82	109	12,64	65,86	0,716	0	0,716	16,719
Ej 2	0,669	0	0,669	36,688	10,84	109	12,66	125,83	0,716	0	0,716	28,906
Ej 3	0,669	0	0,669	16,484	10,88	100	12,55	65,94	0,716	0	0,716	18,969
Ej 4	0,669	0	0,669	18,609	10,82	109	12,64	99,11	0,716	0	0,716	15,938
Ej 5	0,669	0	0,669	14,594	10,88	97	12,50	92,88	0,716	0	0,716	19,250
Media	0,669	0,0	0,669	19,719	10,847	104,8	12,597	89,922	0,716	0,0	0,716	19,956

SSA 20%	**Iris**				**Newthyroid**				**Rand**			
	Tasa_C	***Tasa_inf***	***Agr.***	**T**	***Tasa_C***	***Tasa_inf***	***Agr.***	**T**	***Tasa_C***	***Tasa_inf***	***Agr.***	**T**
Ej 1	0,669	0	0,669	17,141	10,72	309	13,42	59,78	0,716	0	0,716	14,328
Ej 2	0,669	0	0,669	32,297	13,55	41	13,91	117,53	0,716	0	0,716	10,406
Ej 3	0,669	0	0,669	17,688	10,74	329	13,61	73,94	0,716	0	0,716	16,000
Ej 4	0,669	0	0,669	13,109	10,83	255	13,05	88,23	0,716	0	0,716	14,422
Ej 5	0,669	0	0,669	14,594	10,88	293	13,43	79,98	0,716	0	0,716	15,047
Media	0,669	0,0	0,669	18,966	11,344	245,4	13,484	83,894	0,716	0,0	0,716	14,041

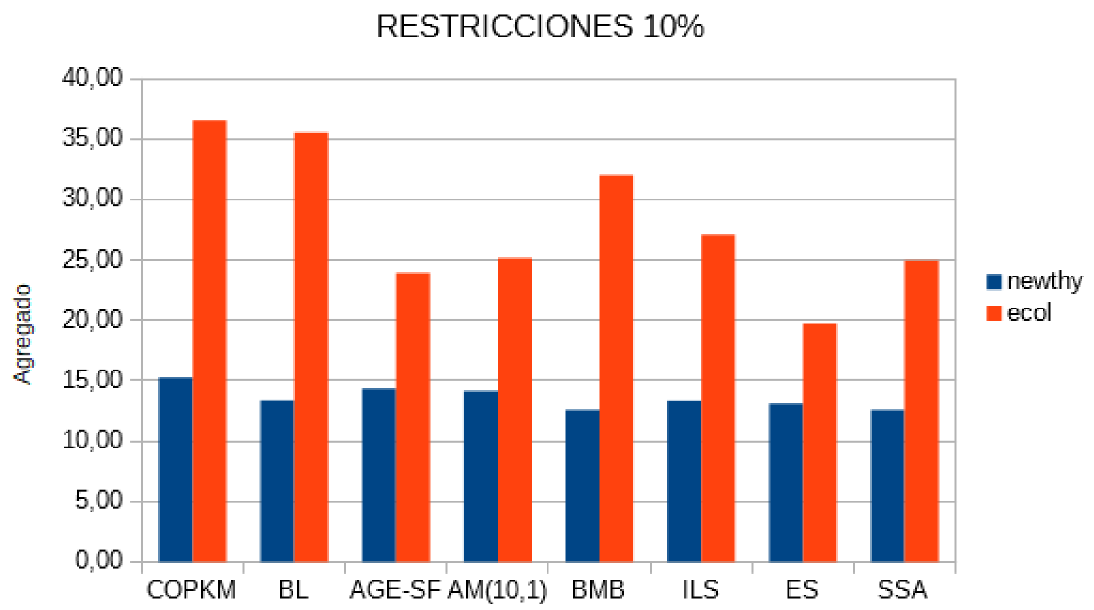
10%	**Iris**				**Newthyroid**				**Ecoli**				**Rand**			
	Tasa_C	***Tasa_inf***	***Agr.***	**T**	***Tasa_C***	***Tasa_inf***	***Agr.***	**T**	***Tasa_C***	***Tasa_inf***	***Agr.***	**T**	***Tasa_C***	***Tasa_inf***	***Agr.***	**T**
COPKM	0,67	0,00	0,67	0,00	15,12	9,40	15,28	0,01	36,32	28,60	36,58	0,27	0,72	0,00	0,72	0,01
BL	0,67	0,00	0,67	0,02	11,85	90,00	13,36	0,29	25,96	1042,40	35,57	0,41	0,72	0,00	0,72	0,02
AGE-SF	0,67	0,00	0,67	0,95	12,64	45,80	14,33	2,09	22,96	36,40	23,93	4,33	0,72	0,00	0,72	0,94
AM(10,1)	0,67	0,00	0,67	0,68	13,25	23,80	14,13	1,04	24,11	40,20	25,19	0,80	0,72	2,20	0,74	0,64
BMB	0,67	0,00	0,67	0,25	10,84	105,20	12,60	0,63	23,94	1087,40	32,05	4,50	0,72	0,00	0,72	0,22
ILS	0,67	0,00	0,67	0,16	12,47	50,80	13,31	0,40	21,67	588,40	27,10	1,49	0,72	0,00	0,72	0,14
ES	0,67	0,00	0,67	0,26	11,91	71,60	13,10	0,22	17,43	250,20	19,74	1,75	0,72	0,00	0,72	0,13
SSA	0,67	0,00	0,67	19,72	10,85	104,80	12,60	89,92	19,09	642,00	25,01	4740,10	0,72	0,00	0,72	19,96

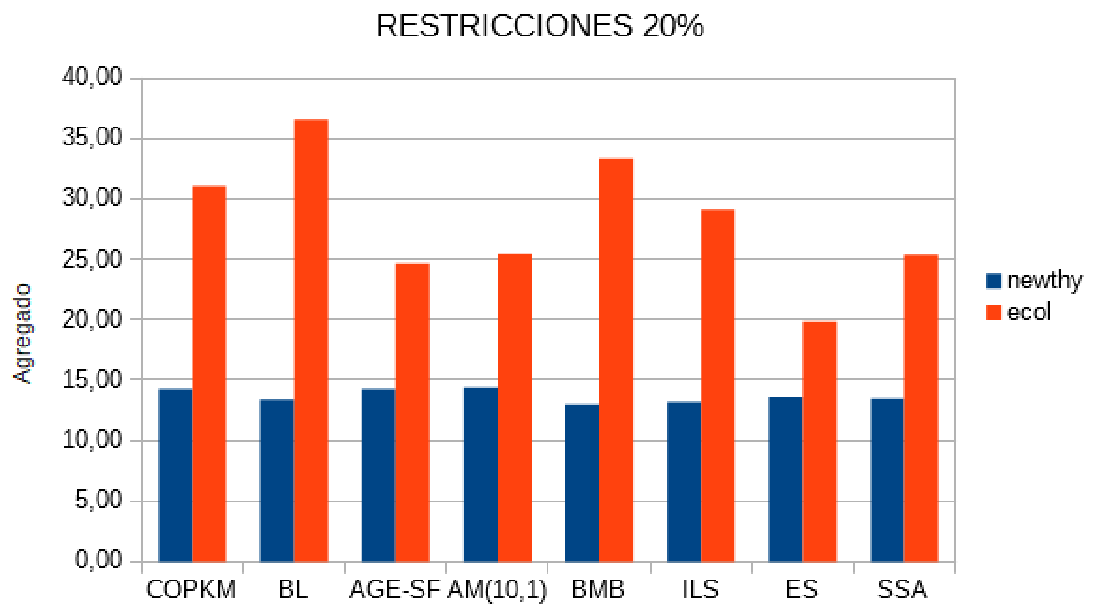
20%	**Iris**				**Newthyroid**				**Ecoli**				**Rand**			
	Tasa_C	***Tasa_inf***	***Agr.***	**T**	***Tasa_C***	***Tasa_inf***	***Agr.***	**T**	***Tasa_C***	***Tasa_inf***	***Agr.***	**T**	***Tasa_C***	***Tasa_inf***	***Agr.***	**T**
COPKM	0,67	0,00	0,67	0,01	14,29	0,00	14,29	0,03	31,11	1,00	31,11	0,36	0,72	0,00	0,72	0,01
BL	0,67	0,00	0,67	0,02	10,79	301,00	13,42	0,07	26,66	2088,20	36,57	0,91	0,72	0,00	0,72	0,02
AGE-SF	0,67	0,00	0,67	1,36	14,29	0,00	14,29	3,61	23,48	88,80	24,67	7,60	0,72	0,00	0,72	1,30
AM(10,1)	0,67	0,00	0,67	0,91	14,29	6,60	14,41	1,43	24,32	85,60	25,47	1,10	0,72	0,00	0,72	0,87
BMB	0,67	0,00	0,67	0,28	10,84	248,40	13,00	0,77	23,60	1642,20	33,39	9,69	0,72	0,00	0,72	0,28
ILS	0,67	0,00	0,67	0,18	11,38	211,00	13,22	0,40	22,52	1394,60	29,13	4,45	0,72	0,00	0,72	0,17
ES	0,67	0,00	0,67	0,20	12,46	129,00	13,58	0,17	16,19	643,00	19,84	7,67	0,72	0,00	0,72	0,16
SSA	0,67	0,00	0,67	18,97	11,34	245,40	13,48	83,89	18,96	1354,00	25,39	4735,89	0,72	0,00	0,72	14,04

En cuanto a los parámetros se han decidido usar 5 equipos de 2 pilotos cada, con temporadas de 10000 evaluaciones en las que se hace 1 intercambio de pilotos a cada iteración durante la temporada y 4 cuando esta acaba. Las iteraciones máximas para BL se han establecido en 1000 y la probabilidad de mutación en una mutación por cada 1050 "genes"; siendo todos estos parámetros regulados en función de pruebas en las que se buscaba un buen equilibro explotación-exploración, objetivo de cualquier metaheurística. Para poder compararla con el resto de algoritmos se ha establecido el número máximo de evaluaciones en 100000.

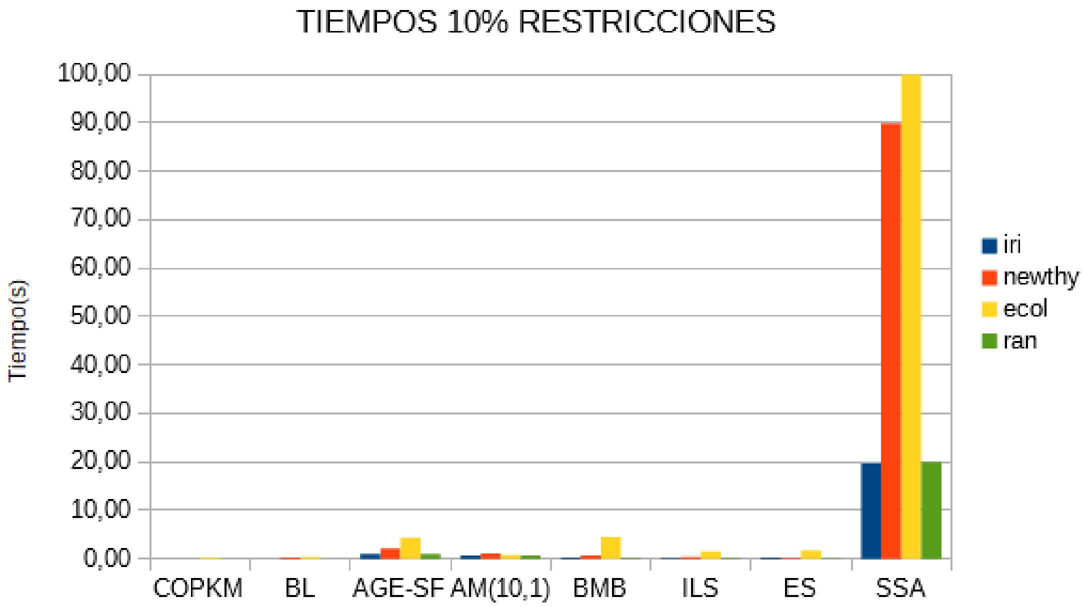
5.3 Análisis de resultados

A partir de los resultados obtenidos podemos sacar varias conclusiones. La primera, que se puede ver en los gráficos de 10 y 20% de restricciones, es que SSA(Silly Season Algorithm) es bastante competente, en concreto para Newthyroid encuentra soluciones muy cercanas a las mejores para el resto de algoritmos y para Ecoli(para las única prueba que ha podido realizarse), sorprendentemente solo es peor que Enfriamiento Simulado, AGE y Memético. No tiene sentido hablar de Iris y Rand ya que salvo algunas excepciones sin importancia para todos los casos se optiene el óptimo. Como ya se ha hablado en prácticas, a partir de los resultados obtenidos se puede deducir que en ese equilibrio explotación-exploración ya comentado Newthyroid obtiene mejores resultados fomentando la explotación, mientras que Ecoli suele funcionar mejor con un enfoque explorativa, aunque cuando realmente se consigue un buen resultado es con un equilibrio lo más óptimo posible como podemos ver en los resultados obtenidos por ES. A la vista de esto, vemos que SSA es capaz de obtener buenos resultados en ambos casos, acercándose aunque quedándose atrás de ES, que se perfila como el mejor algoritmo utilizado hasta el momento, y devolviendo mejores resultados que algoritmos ya buenos de por sí como ILS. También se puede ver una clara coincidencia con los Algoritmos Meméticos, lo cual es lógico ya que el funcionamiento es muy parecido con la salvedad de que en AM se aplican cruces y BL a toda la población, mientras que en SSA no se aplican cruces, solo mutaciones, y se usan ambas técnicas de manera disjunta.





No obstante, pese a los buenos resultados, encontramos una pega muy importante al uso de SSA. Como vemos en el gráfico de tiempos, el coste computacional de esta técnica es desproporcionadamente superior al del resto de algoritmos usados, encontrando el caso límite en el que estos consumen en torno a 5 segundos para Ecoli, mientras que SSA se demora en torno a 1 hora y 20 minutos. En otros casos no es un problema tan acusado, por ejemplo en Iris tarda unos 20 segundos y en Newthyroid ronda el minuto, pero estamos hablando de conjuntos no demasiado complejos y un número de evaluaciones relativamente bajo, por lo que el algoritmo, a falta de optimización en tiempo, no puede ser considerado como una buena alternativa a cualquiera del resto de algoritmos tan solo por este hecho, no es viable en cuestiones de coste computacional.



5.4 Mejoras durante el desarrollo

A continuación se hará una breve descripción de las mejoras realizadas sobre la idea original de la metaheurística.

- Matriz f: Inicialmente los valores f de cada piloto se guardaban en una matriz para ahorrar evaluaciones, sin embargo se llegó a una versión que, eliminando esta matriz, ahorra incluso más evaluaciones.
- Optimización en cambio de equipo: El intercambio de pilotos entre equipos tenía el planteamiento de que los mejores vayan a los mejores equipos y viceversa, pero finalmente se ha optado por una solución que debería ser mejor y más simple, y es que cambien aleatoriamente. Con ello se gana en exploración y la implementación de esta parte pasa a ser mucho más sencilla.
- Pequeñas optimizaciones: Desde la idea original se han hecho pequeños cambios sin importancia para ahorrar algo de coste.

5.5 Posibles futuras mejoras

Como última medida se van a comentar posibles mejoras sobre la metaheurística que no se han podido abordar en este proyecto por temas de tiempo.

- BL suave: Siguiendo el ejemplo de los Algoritmos Meméticos es probable que llegue a funcionar mejor usando una BL suave, siendo también menos costosa.
- Más optimización en tiempo: Es obvio que si se busca que este algoritmo sea competente es necesario mejorar el tiempo de ejecución en gran medida, lo cual requiere un estudio en conciencia de las partes más costosas y sus posibles mejoras.
- Integración de jerarquía en BL: Como pequeña medida, es posible integrar el ajuste de la jerarquía dentro de la modificación de los pilotos, ahorrando evaluaciones en el proceso. No es demasiado relevante ya que no parece estar falta de exploración por ese motivo, pero sí que es posible llevarla a cabo.

5.6 Conclusión

Podemos concluir por tanto en que se ha llegado a un algoritmo con unos resultados muy competentes, pero que no es viable atendiendo a su tiempo de ejecución. Si se consiguiera optimizar este último sin sacrificar potencia de cálculo sí que tendríamos una metaheurística que podría competir con las ya estudiadas, aunque a pesar de ello, sin un estudio más concienzudo, no se puede saber con certeza si ésto es posible y de donde proviene el gran coste en tiempo de esta técnica.