UNIVERSIDAD DE GRANADA

Práctica 2: SNIMP

Metaheurísticas

Estudiante: Carmen Azorín Martí

DNI: 48768328W

Curso: 5º DGIIM

Correo: carmenazorin@correo.ugr.es

Prácticas: Lunes 15.30 - 17.30

Índice

Metaheurísticas
Práctica 2: SNIMP

1. Introducción

El problema SNIMP (Social Network Influence Maximization Problem) busca encontrar un conjunto de nodos (usuarios) en una red social que maximicen la influencia en la red. Es decir, dados unos usuarios "semilla", queremos que la propagación de la información a través de la red sea la mayor posible.

Formalmente, el problema se define a partir de un conjunto de números enteros y un tamaño de solución predefinido k. El objetivo es seleccionar exactamente k elementos del conjunto original de manera que el valor de la función objetivo (fitness) se maximice.

En esta práctica, SNIMP se presenta a través de un grafo dirigido, definido en archivos de texto con el siguiente formato:

```
# Directed graph (each unordered pair of nodes is saved once): CA-GrQc.txt
# Collaboration network of Arxiv General Relativity category
# Nodes: 5242 Edges: 28980
# FromNodeId   ToNodeId
0   1
0   2
0   3
0   4
0   5
0   6
...
```

Cada nodo representa un perfil de la red social y las aristas indican que un perfil ha influenciado a otro. Queremos seleccionar los k perfiles que más gente influencian.

El número total de soluciones posibles es combinacional, es decir, todas las combinaciones de n nodos tomados de k en k, lo que hace inviable recorrer el espacio de soluciones completo para instancias de tamaño grande. Por ese motivo, el problema SNIMP utiliza heurísticas y metahuerísticas que calculen soluciones buenas.

2. Aplicación de algoritmos

Una metaheurística es un algoritmo de optimización diseñado para encontrar soluciones cercanas a las óptimas en problemas complejos donde la búsqueda exhaustica es impracticable. En nuestro caso, usaremos las siguientes metaheurísticas para el problema SNIMP, que es NP-completo:

- **Algoritmos Genéticos Generacionales (AGG).** Basados en evolución poblacional completa en cada generación, con operadores de selección, cruce y mutación, y elitismo para conservar las mejores soluciones.
- **Algoritmos Genéticos Estacionarios (AGE).** Variante de los algoritmos genéticos donde solo se reemplaza una parte de la población por generación, lo que permite una evolución más progresiva.
- **Algoritmos Meméticos (AM).** Extienden los algoritmos genéticos incorporando búsqueda local sobre los cromosomas, mejorando la explotación del espacio de soluciones.

Estos algoritmos permiten comparar el rendimiento, tiempo de cómputo y calidad de la solución encontrada para un problema tan complejo y útil como el que nos respecta.

2.1. Representación de las soluciones

Las soluciones se representan mediante un vector de enteros, donde cada entero se corresponde con el identificador de un nodo seleccionado del grafo. Este vector tiene un tamaño fijo de 10 nodos, especificado en el constructor de la clase del problema:

```
typedef std::vector<int> tSolution;
```

2.2. Descripción del problema y función objetivo

El problema se representa mediante una clase `Snimp` derivada de `Problem` que contiene el grafo como una lista de adyacencia, junto con información sobre el número de nodos y el tamaño de la solución. La función objetivo (fitness) evalúa una solución simulando un proceso de propagación de infecciones.

Para cada solución candidata:

- Se realizan 10 simulaciones independientes (entornos).
- En cada simulación, se parte de los nodos seleccionados como infectados iniciales.
- En cada iteración, los nodos infectados intentan contagiar a sus vecinos una probabilidad del 1 %.

- El proceso se repite hasta que no aparezcan nuevos infectados.
- El fitness final es la media del número total de nodos infectados tras las 10 simulaciones.

```
Función Fitness(Solución S):
    fitness_total <- 0
    Para i = 1 hasta 10 hacer:
        infectados_iniciales <- S
        infectados <- S
        Mientras infectados_iniciales no vacío hacer:
            infectados_nuevos <- []
            Para cada nodo j en infectados_iniciales hacer:
                Para cada vecino v de j hacer:
                    Si v no está infectado y Random() < 0.01 entonces:
                        infectados_nuevos <- infectados_nuevos  {v}
            infectados <- infectados  infectados_nuevos
            infectados_iniciales <- infectados_nuevos
        fitness_total <- fitness_total + tamaño(infectados)
    devolver fitness_total / 10
```

2.3. Creación de soluciones aleatorias

El operador de generación de soluciones aleatorias selecciona `solSize` nodos aleatorios distintos del grafo:

```
Función CreateSolution():
    infectados <- []
    nodosDisponibles <- []

    Para cada par (nodo, vecinos) en graph:
        nodosDisponible <- nodosDisponibles + nodo

    nodosBarajados <- barajar(nodosDisponibles)

    Para i desde 0 hasta solSize-1:
        Si i < tamaño(nodosBarajados):
            infectados[i] <- nodosBarajados[i]
        Sino:
            terminar
    return infectados
```

Lo que hacemos es crear dos listas vacías: una para la solución final y otra para los nodos disponibles.

A continuación, extraemos todos los nodos existentes del grafo (las keys del `graph`) y los barajamos para obtener un orden aleatorio. Finalmente, tomamos los primeros `solSize` nodos del conjunto barajado.

2.4. Heurística asociada a cada nodo

Para facilitar el algoritmo voraz (Greedy), se define una función heurística que evalúa la importancia de un nodo. Esta heurística es la suma del número de vecinos del nodo más la suma de los grados de esos vecinos:

```
Función Heurística(Nodo n):
    heuristica ← 0
    vecinos <- grafo[nodo]

    Para cada vecino en vecinos:
        heuristica ← heuristica + tamaño(grafo[vecinos])
    return número_de_vecinos(nodo) + sumaGradosVecinos
```

2.5. Mutación de soluciones

La función de mutación implementa un operador que reemplaza un nodo de la solución actual por otro nodo que no esté ya incluido en ella.

```
Función Mutate(solution):
    mutated ← copia de solution
    used ← conjunto de nodos en solution
    unused ← nodos del grafo que no están en used

    if unused está vacío:
        return mutated

    pos ← posición aleatoria de 0 a solSize - 1
    newNode ← nodo aleatorio de unused

    mutated[pos] ← newNode
    return mutated
```

Lo que hace el método es copiar la solución actual para no modificarla directamente y construye una lista de nodos no presentes en la solución `unusedNodes`. Posteriormente, elige una posición aleatoria de la solución y se selecciona un nuevo nodo de entre los no usados. Finalmente, sustituye el nuevo nodo en la posición elegida.

2.6. Cruce en dos puntos con reparación

La función del cruce sin orden genera dos hijos válidos a partir de dos padres. Además, cada hijo debe tener exactamente `solSize` nodos únicos.

```
Función crossover2Puntos(p1, p2)
    n ← tamaño de la solución
    punto1 ← valor aleatorio entre 0 y n-2
    punto2 ← valor aleatorio entre punto1+1 y n-1

    hijo1 ← vector de tamaño n inicializado a -1
    hijo2 ← vector de tamaño n inicializado a -1

    Para i desde 0 hasta tamaño de p1 - 1 hacer
        Si i está entre punto1 y punto2 entonces
            hijo1[i] ← p2[i]
            hijo2[i] ← p1[i]
        Sino
            hijo1[i] ← p1[i]
            hijo2[i] ← p2[i]
        Fin Si
    Fin Para

    todosNodos ← lista de todos los nodos posibles

    repararHijo(hijo1, todosNodos)
    repararHijo(hijo2, todosNodos)

    return (hijo1, hijo2)
```

El método elige dos puntos aleatorios que delimitan el segmento de los genes. Y se copia ese segmento del otro padre en cada hijo:

- El hijo 1 recibe el segmento del padre 2
- El hijo 2 recibe el segmento del padre 1

El resto de los genes se completa desde el padre original, permitiendo que se repitan algunos nodos que son comunes a ambos padres. Para solucionar el problema, existe la función auxiliar `reparar_hijo` que busca nodos que no estén en el hijo todavía y los inserta en las posiciones con nodos repetidos.

2.7. Cruce con orden

La función de cruce con orden genera dos hijos distintos a partir de dos padres, manteniendo nodos sin repetir. Para ello, combina los nodos de ambos padres en una lista ordenada crecientemente, y luego reparte los nodos entre los hijos de forma alterna.

```
Función crossoverOrden(p1, p2)
    conjunto ← concatenación de p1 y p2

    ordenado ← copia de conjunto
    ordenar ordenado de menor a mayor

    h1, h2 ← listas vacías

    Para i desde 0 hasta tamaño de ordenado - 1 hacer
        Si i es par y tamaño de h1 < solSize entonces
            añadir ordenado[i] a h1
        Sino si tamaño de h2 < solSize entonces
            añadir ordenado[i] a h2
        Fin Si
    Fin Para

    return (h1, h2)
```

El método forma un conjunto con todos los nodos presentes en los padres `p1` y `p2` y los ordena crecientemente. A continuación, se reparten los hijos:

- El hijo 1 recibe los nodos de posiciones pares
- El hijo 2 recibe los nodos de las posiciones impares

3. La clase Graph

La clase `Graph` implementa una estructura de datos para representar grafos dirigidos mediante listas de adyacencia, donde cada nodo se asocia con un vector de sus nodos vecinos. Esta representación es eficiente en memoria y tiempo para algoritmos que requieren frecuentes accesos a los vecinos de un nodo.

La clase tiene un único atributo: `unordered_map<int, vector<int>> adjList`, un mapa no ordenado que asocia el identificador de un nodo con una lista de nodos adyacentes. Además tiene los siguientes métodos clave:

- `addEdge(int from, int to)` que añade una arista entre dos nodos.
- `printGraph()` que imprime el grafo en formato legible.
- `readGraphFromFile(const string &filename)` que lee un archivo de texto que define las aristas del grafo (los archivos incluidos en el enunciado de la práctica) y contruye el objeto Graph.

```
Función readGraphFromFile(texto nombre_archivo):
    archivo <- abrir nombre_archivo
    grafo <- nuevo Graph()

    Mientras leer_linea(archivo):
        Si linea empieza con '#':
            continuar
        from, to <- extraer enteros de linea
        grafo.addEdge(from, to)

    cerrar archivo
    devolver grafo
```

Al principio esta función verifica que el archivo exista y si falla, muestra un error y termina el programa. A continuación procesa línea por línea: si la línea está comentada, la ignora; si la línea es válida, extrae los nodos y añade la arista al grafo. Finalmente, devuelve el grafo construido.

En el `main` se crea la estructura del grafo a partir de un archivo de texto y luego se inicializa el problema SNIMP con estos datos.

4. Algoritmo Genético Generacional (AGG)

Las clases `AGG_conorden` y `AGG_sinorden` representan algoritmos genéticos generacionales que parten de una población de soluciones, las mejora generación tras generación aplicando selección, cruce y mutación, y mantiene la mejor solución encontrada.

La diferencia entre ambas clases es: `AGG_sinorden` usa el operador de cruce en dos puntos con reparación y `AGG_conorden` usa el operador de cruce por orden. La base de ambas variantes es la misma, solamente se diferencian en cómo combinan los padres.

```
Función AGG_sinorden_optimize(problem, maxevals):
    popSize <- 30
    Pc <- 0.7       // probabilidad de cruce
    Pm <- 0.1       // probabilidad de mutación
```

```
cromSize <- tamaño del cromosoma
evals <- 0

// Inicializar población aleatoria
poblacion <- []
fitnesses <- []
para i = 1 hasta popSize hacer:
    sol <- solución aleatoria
    fit <- fitness(sol)
    añadir sol a poblacion
    añadir fit a fitnesses
    evals++

bestSol <- mejor solución en poblacion
bestFit <- fitness correspondiente

mientras evals < maxevals hacer:
    // Selección por torneo (k = 3)
    padres <- []
    para i = 1 hasta popSize hacer:
        seleccionar 3 individuos aleatorios
        elegir el mejor según fitness
        añadirlo a padres

    // Cruzar parejas con probabilidad Pc
    numCruces <- ceil(Pc * (popSize / 2))
    hijos <- []
    para i = 0 hasta popSize paso 2 hacer:
        si (i / 2) < numCruces entonces:
            (h1, h2) <- crossover2Puntos(padres[i], padres[i+1])
            añadir h1 y h2 a hijos
        si no:
            añadir padres[i] y padres[i+1] a hijos

    // Mutación
    numMutaciones <- round(Pm * popSize)
    elegir al azar numMutaciones índices únicos
    para cada índice i:
        hijos[i] <- mutación(hijos[i])

    // Evaluar nueva población
```

```
        newFitnesses <- []
        para cada hijo h en hijos mientras evals < maxevals:
            fit <- fitness(h)
            añadir fit a newFitnesses
            evals++
            si fit > bestFit:
                bestFit <- fit
                bestSol <- h

        // Elitismo: reemplazar peor hijo si es necesario
        idxWorst <- índice del peor fitness en newFitnesses
        hijos[idxWorst] <- bestSol
        newFitnesses[idxWorst] <- bestFit

        poblacion <- hijos
        fitnesses <- newFitnesses

    return ResultMH(bestSol, bestFit, evals)
```

Se generan 30 soluciones aleatorias y cada una se evalúa mediante la función `fitness` del problema y se guarda el mejor individuo global. A continuación, en cada generación:

1. Se selecciona por torneo de 3 los padres a cruzar, lo que favorece los individuos con mejor fitness, pero manteniendo la diversidad
2. Se cruzan aproximadamente el 70 % de las parejas y el resto se copian tal cual
3. Se mutan aleatoriamente el 10 % de la población
4. Se evalúan todos los nuevos hijos (hasta llegar a `maxevals`)
5. Si el mejor global no está entre los nuevos hijos, se introduce en lugar del peor
6. Reemplazo total a la anterior generación por la nueva

Finalmente, se detiene el algoritmo cuando se alcanza el límite de evaluaciones.

Este algoritmo genñetico trabaja generando muchas soluciones aleatorias y luego las va cruzando, mutando y evaluando a lo largo del tiempo para intentar encontrar una solución óptima. Lo bueno que tiene es que empieza con una población diversa y va combinando las mejores soluciones para mejorar poco a poco. Además, el cruce y la mutación permiten que no todas las soluciones sean iguales, así que el algoritmo sigue explorando nuevas posibilidades en cada generación. Aun así, gracias al elitismo siempre se asegura de conservar la mejor solución encontrada hasta el momento,

evitando perder calidad si una generación sale peor.

Sin embargo, una desventaja clara es que en teoría tarda mucho más que otros métodos como Greedy o BLsmall, ya que evalúa muchas soluciones en cada iteración.

5. Algoritmo Genético Estacionario (AGE)

El Algoritmo Genético Estacionario es la variante de algoritmos genéticos donde la población se modifica poco a poco: en cada iteración se seleccionan sólo 2 padres y se generan 2 hijos. De esos dos hijos, se escoge el mejor y solo se reemplaza el individuo de la población si el hijo es mejor que el peor de la población.

```
Función AGE_conorden_optimize(problem, maxevals):
    popSize <- 30
    Pm <- 0.1
    evals <- 0

    // Inicializar población aleatoria
    poblacion <- []
    fitnesses <- []
    para i = 1 hasta popSize hacer:
        sol <- solución aleatoria
        fit <- fitness(sol)
        añadir sol a poblacion
        añadir fit a fitnesses
        evals++

    bestSol <- mejor solución en poblacion
    bestFit <- fitness correspondiente

    mientras evals < maxevals hacer:
        // Selección por torneo (k = 3) de 2 padres
        padres <- []
        para i = 1 hasta 2 hacer:
            seleccionar 3 individuos aleatorios
            elegir el mejor según fitness
            añadirlo a padres

        // Cruce con orden (Pc = 1)
        (h1, h2) <- crossoverOrden(padres[0], padres[1])
```

```
        // Mutación con probabilidad Pm
        si random() < Pm entonces:
            h1 <- mutación(h1)
        si random() < Pm entonces:
            h2 <- mutación(h2)

        // Evaluar hijos
        fit1 <- fitness(h1)
        evals++
        fit2 <- fitness(h2)
        evals++

        mejorHijo <- el de mayor fitness entre h1 y h2
        fitMejorHijo <- su fitness

        // Reemplazo: sustituir el peor si el hijo es mejor
        idxWorst <- índice del peor fitness en fitnesses
        si fitMejorHijo > fitnesses[idxWorst] entonces:
            poblacion[idxWorst] <- mejorHijo
            fitnesses[idxWorst] <- fitMejorHijo

        // Actualizar mejor solución global si mejora
        si fitMejorHijo > bestFit entonces:
            bestFit <- fitMejorHijo
            bestSol <- mejorHijo

    return ResultMH(bestSol, bestFit, evals)
```

Este método usa cruce con orden, aunque la clase `AGE_sinorden` llamaría al cruce sin orden.

El proceso de este algoritmo se basa en generar una población fija de 30 soluciones. En cada generción:

1. Se hace selección de dos padres por torneo de 3
2. Se hace un cruce del tipo determinado de ambos padres
3. Se hace mutación con probabilidad 0.1 de ambas soluciones
4. Se hace un reemplazo elitista donde, si alguno de los hijos supera al peor individuo de la población, lo sustituye

Esta estrategia hace que el algoritmo evolucione de forma más estable y lenta, refinando poco a

poco la población. En lugar de explorar muchas soluciones nuevas, como en AGG, se centra en una mejora más local y progresiva. Esto provoca una convergencia más lenta, pero más consistente, evitando grandes oscilaciones. Es bueno para mejorar soluciones ya buenas, pero es menos potente en la búsqueda de soluciones radicalmente nuevas, como es nuestro caso.

6. Algoritmo Memético (AM)

Un Algoritmo Memético es una combinación del algoritmo genético generacional con un componente de búsqueda local. La idea es mezclar soluciones (cruce y mutación) y mejorarlas localmente.

La idea general del algoritmo es la siguiente, aunque se han realizado 3 variantes diferentes:

```
Función AM_optimize(problem, maxevals):
    popSize <- 30
    Pc <- 0.7                  // probabilidad de cruce
    Pm <- 0.1                  // probabilidad de mutación
    generacionesBL <- 10       // cada cuántas generaciones aplicar BL
    evals <- 0
    generation <- 0

    // Inicializar población
    poblacion <- []
    fitnesses <- []
    para i = 1 hasta popSize hacer:
        sol <- solución aleatoria
        fit <- fitness(sol)
        añadir sol a poblacion
        añadir fit a fitnesses
        evals++

    bestSol <- mejor solución en poblacion
    bestFit <- su fitness

    mientras evals < maxevals hacer:
        generation++

        // Selección por torneo (k = 3)
        padres <- []
        para i = 1 hasta popSize hacer:
            seleccionar 3 individuos aleatorios
            añadir el mejor a padres
```

```
        // Cruzar parejas con probabilidad Pc
        numCruces <- ceil(Pc * (popSize / 2))
        hijos <- []
        para i = 0 hasta popSize paso 2 hacer:
            si (i / 2) < numCruces:
                (h1, h2) <- crossoverOrden(padres[i], padres[i+1])
            sino:
                h1 <- padres[i], h2 <- padres[i+1]
            añadir h1 y h2 a hijos

        // Mutación
        numMutaciones <- round(Pm * popSize)
        seleccionar al azar numMutaciones índices únicos
        para cada índice i:
            hijos[i] <- mutación(hijos[i])

        // Evaluación
        newFitnesses <- []
        para cada hijo h mientras evals < maxevals:
            fit <- fitness(h)
            añadir fit a newFitnesses
            si fit > bestFit:
                bestFit <- fit
                bestSol <- h
            evals++

        // Búsqueda Local cada N generaciones
        ...

        // Elitismo: insertar el mejor en lugar del peor
        idxWorst <- índice del peor fitness en newFitnesses
        hijos[idxWorst] <- bestSol
        newFitnesses[idxWorst] <- bestFit

        poblacion <- hijos
        fitnesses <- newFitnesses

    retornar ResultMH(bestSol, bestFit, evals)
```

Este algoritmo genera diversidad mediante cruces y mutaciones, pero también refina de vez en cuando

las soluciones usando una búsqueda local.

Primero inicializa una población aleatoria de soluciones y las evalúa, guardando la mejor solución encontrada. En cada generación, al igual que en AGG, se seleccionan los padres por torneo de 3 y se realizan cruces por parejas, generando dos hijos por cruce. Los que no se cruzan se copian tal cual a la siguiente generación. Y se aplican mutaciones aleatorias sobre algunos individuos.

Lo interesante es que cada 10 generaciones, se aplica la búsqueda local sobre los hijos según alguna restricción de cada versión. Esto permite refinar esas soluciones a nivel individual y aumentar su calidad.

Finalmente, se aplica elitismo: si el mejor individuo global no está en la nueva población, se asegura que lo esté, reemplazando al peor.

El algoritmo debería ir mejorando progresivamente, combinando la variabilidad de las soluciones nuevas con las mejoras puntuales gracias a la búsqueda local. Se espera que alcance mejores resultados que un algoritmo genético o una búsqueda local sola, ya que esta equilibrando exploración y explotación. Por otro lado, puede pasar que el tiempo de ejecución aumente, ya que las búsquedas locales son costosas.

6.1. AM-(10,1.0)

En esta versión cada 10 generaciones, se aplica búsqueda local a todos los individuos de la población. Para ello, usamos `BLSmall` con un máximo de 20 evaluaciones por individuo.

```
// Aplicar búsqueda local cada N generaciones
si (generation módulo generacionesBL == 0) entonces:
    para i = 0 hasta popSize - 1 hacer:
        si evals >= maxevals entonces salir del bucle

        // Aplicar BLsmall sobre el hijo i con un máximo de 20 evaluaciones
        resultBL <- BLsmall.optimize(problem, hijos[i], newFitnesses[i], mínimo(maxevals - e

        // Si mejora, actualizar la solución y su fitness
        si resultBL.fitness > newFitnesses[i] entonces:
            hijos[i] <- resultBL.solution
            newFitnesses[i] <- resultBL.fitness

        evals <- evals + resultBL.evaluations
```

Esta variante es la más intensa, ya que modifica todas las soluciones de la población cada 10 gene-

raciones, lo que teóricamente hace que aumente la calidad de la solución. Sin embargo, esto requiere un coste computacional muy alto.

6.2. AM-(10,0.1)

En esta versión, cada 10 generaciones, se selecciona cada individuo con probabilidad 0.1 y se les aplica búsqueda local.

```
// Aplicar BL cada N generaciones sobre un subconjunto aleatorio de hijos
si (generation módulo generacionesBL == 0) entonces:
    para i = 0 hasta popSize - 1 mientras evals < maxevals hacer:
        si número aleatorio entre 0 y 1 <= pLS entonces:
            resultBL <- BLsmall.optimize(problem, hijos[i], newFitnesses[i], mínimo(maxevals

            si resultBL.fitness > newFitnesses[i] entonces:
                hijos[i] <- resultBL.solution
                newFitnesses[i] <- resultBL.fitness

            evals <- evals + resultBL.evaluations
```

Esta versión tiene un coste más controlado, ya que no se hace la búsqueda local para toda la población, sino para un 10 % de ella. Pero mantiene la diversidad de la población, aunque con un efecto de mejora menos consistente que en la versión anterior.

6.3. AM-(10,0.1mej)

En esta versión, cada 10 generaciones, se ordena la población por fitness y se aplica la búsqueda local a los $0.1 \times M$ mejores individuos.

```
// Aplicar BL cada N generaciones sobre los mejores pLS * N hijos
si (generation módulo generacionesBL == 0) entonces:
    numMejores <- máximo(1, redondear(pLS * popSize))

    // Crear lista de índices ordenados por fitness descendente
    indices <- [0, 1, ..., popSize - 1]
    ordenar indices de forma que newFitnesses[indices[i]] > newFitnesses[indices[i+1]]

    para i = 0 hasta numMejores - 1 mientras evals < maxevals hacer:
        idx <- indices[i]
        resultBL <- BLsmall.optimize(problem, hijos[idx], newFitnesses[idx], mínimo(20, maxe
```

```
si resultBL.fitness > newFitnesses[idx] entonces:
    hijos[idx] <- resultBL.solution
    newFitnesses[idx] <- resultBL.fitness

evals <- evals + resultBL.evaluations
```

Esta versión mejora la anterior, ya que se concentra en las mejores soluciones, evitando malgastar evaluaciones no tan útiles. Sin embargo, si los mejores se estancan, no mejora al resto.

7. Estructura del código

El código está estructurado como la plantilla proporcionada por el profesor en `https://github.com/dmolina/template_mh`.A continuación se decribe la estructura general del proyecto:

- Carpeta `build/` se genera cuando se ejecuta el script de compilación (usando cmake y make), y contiene los archivos compilados necesarios para ejecutar el programa. Ademñas, se guardan los resultados de las ejecuciones en archivos con nombre `resultados_conjuntoDatos.txt`.

- El archivo `inc/snimp_problem.h` contiene la declaración de la clase Snimp, que es una subclase de la clase Problem. Esta clase define los métodos de creación de soluciones aleatorias, la evaluación del fitness y la heurística de cada nodo.

- Los archivos `inc/graph.h` y `src/graph.cpp` contienen la declaración e implementación de la clase Graph. Esta clase se encarga de leer el archivo de texto que contiene las aristas del grafo y convertirlo a listas de adyacencia, donde cada nodo se asocia con un vector de sus nodos vecinos.

- Los archivos `inc/greedy.h` y `inc/randomsearch.h` definen las clases GreedySearch y RandomSearch, que implementan los algoritmos correspondientes. Las clases se implementan en los archivos `src/greedy.cpp` y `src/randomsearch.cpp`.

- Los archivos `inc/blsmall.h` y `inc/lsall.h` definen las clases BLsmall y LSall, que implementan los algoritmos de búsqueda local. Las funciones optimize de ambas clases se implementan en el archivo `src/localsearch.cpp`, junto a la función auxiliar `buscar_vecinos_aleatorios` para generar soluciones vecinas aleatorias.

    - En esta práctica se ha modificado la clase `BLsmall` para heredar de `MHTrayectory`, permitiendo aplicar la búsqueda local desde una solución completa.

- En la careta `inc/` se han añadido los siguientes archivos:

    - `AGG1.h` algoritmo genético generacional con cruce de dos puntos y reparación.

  - `AGG2.h` algoritmo genético generacional con cruce por orden.
  - `AGE1.h` algoritmo genético estacionario con cruce por orden.
  - `AGE2.h` algoritmo genético estacionario con cruce de dos puntos y reparación.
  - `AM1.h`, `AM2.h`, `AM3.h` las trtes variantes de algoritmos meméticos.

- En la carpeta `src/` se han añadido los archivos que implementan las clases definidas en los `.h`.
- En el archivo `main.cpp` se inicializan los objetos de los diferentes algoritmos y se ejecutan.
- El archivo `script.sh` automatiza el proceso de compilación y ejecución del programa. Se le puede llamar con o sin parámetro de semilla.

7.1. Compilación y ejecución

El archivo `script.sh` es un script en bash que automatiza el proceso de compilación y ejecución del programa. Funciona en varios pasos:

Primero, configura las rutas importantes:

```
BUILD_DIR=~/Documentos/Quinto-DGIIM/MH/template_mh/build
OUTPUT_FILE=resultados_p2p-Gnutella25.txt
```

Luego compila el proyecto:

```
cd $BUILD_DIR || exit 1
cmake -DCMAKE_BUILD_TYPE=Debug .
make
```

Cuando ejecuta el programa principal (`./main "$SEED"`), va leyendo línea por línea la salida que generan los algoritmos. Cada vez que detecta el nombre de un algoritmo (AGG_conorden, AGG_sinorden, AGE_conorden, AGE_sinorden, AM1, AM2, AM3), guarda sus resultados:

```
42 AGG\_conorden "2741 786 4605 1796" 11.5 1000 209
42 AGG\_sinorden "3002 2156 3125 2985" 12.3 1000 12
```

El script hace esto:

- Extrae la solución, fitness, evaluaciones y tiempo de cada algoritmo
- Los formatea correctamente quitando texto sobrante

- Usa semillas que van aumentando (42, 43, 44...) cada vez que prueba los 4 algoritmos
- Todo lo guarda en el archivo `resultados_p2p-Gnutella25.txt` o en el que se indique

Para usarlo simplemente:

1. Poner el script en la carpeta correcta
2. Darle permisos con `chmod +x script.sh`
3. Ejecutarlo con `./script.sh` o `./script.sh 25` si se quisiese ejecutar con la semilla 25, por ejemplo

Cabe destacar que si se quiere ejecutar un conjunto de datos concreto, como `p2pGnutella25.txt`, debemos cambiar el nombre del archivo en el `main.cpp`. Además, para guardar los resultados en el archivo de salida correspondiente, en el script debemos indicar el `OUTPUT_FILE` al nombre que se le quiera dar. El archivo de salida se guardará en la carpeta autogenerada `build`.

8. Experimentos y análisis de resultados

8.1. Configuración de los algoritmos

Los algoritmos se han ejecutado bajo los siguientes parámetros:

Todos usan las mismas semillas (43 a 47) para ser comparables. Además, el fitness se calcula igual para todos (semilla 10), permitiendo una comparación justa. Los algoritmos genéticos tienen los siguientes parámetros:

- Evaluaciones: 1000
- Población: 30 cromosomas (soluciones diferentes)
- Probabilidad de cruce: 0.7 en el generacional y 1 en el estacionario
- Probabilidad de mutación: 0.1

Los algoritmos meméticos tienen los siguientes parámetros:

- Evaluaciones: 1000
- Población: 30 cromosomas (soluciones diferentes)
- Probabilidad de cruce: 0.7

- Probabilidad de mutación: 0.1

8.2. Análisis de los cruces

En los casos del problema que veremos en el siguiente apartado vamos a ver una diferencia de tiempos entre los algoritmos que usan el cruce con orden y los del cruce sin orden.

El `crossover2Puntos` toma un segmento aleatorio del padre 1 y lo reemplaza con el segmento correspondiente del padre 2, y viceversa. Tras eso, tiene que detectar duplicados, reparar los hijos en caso de tener nodos repetidos. Esto implica búsqueda, comparación y edición de vectores, que no tarda poco y se tiene que ejecutar en cada cruce. Todo esto incrementa el coste computacional del cruce.

Por otro lado, `crossoverOrden` simplemente concatena ambos padres, ordena el conjunto y reparte elementos alternos entre hijos. La única operación costosa es la ordenación, pero el resto es muy eficiente. Al no necesitar reparación ni verificación de duplicados, se reduce considerablemente el tiempo de ejecución.

8.3. Análisis de cada caso

Se han utilizado cuatro conjuntos de datos reales extraídos de la colección Standford Large Network Dataset Collection. Estos incluyen una red de colaboración académica y tres instancias de una red P2P en distintos días. A continuación, se analizan los resultados obtenidos en cada caso.

Tabla 1: Resultados promedio de ca-GrQc.txt

Algoritmo	**Posición**	**Fitness**	**Tiempo (segs)**	**Evaluaciones**
RandomSearch	10	12.5	5.72×10^{-1}	1000
Greedy	1	18.8	1.10×10^{-2}	1
LSall	2	15.1	7.08×10^{-1}	1000
BLsmall	11	11.3	2.58×10^{-2}	28.6
AGG_sinorden	6	13.56	1.18×10^{0}	1000
AGG_conorden	8	13.48	5.78×10^{-1}	1000
AGE_sinorden	3	13.7	1.38×10^{0}	1000
AGE_conorden	9	12.98	5.61×10^{-1}	1000
AM1	5	13.56	8.47×10^{-1}	1000
AM2	7	13.5	6.33×10^{-1}	1000
AM3	4	13.66	6.20×10^{-1}	1000

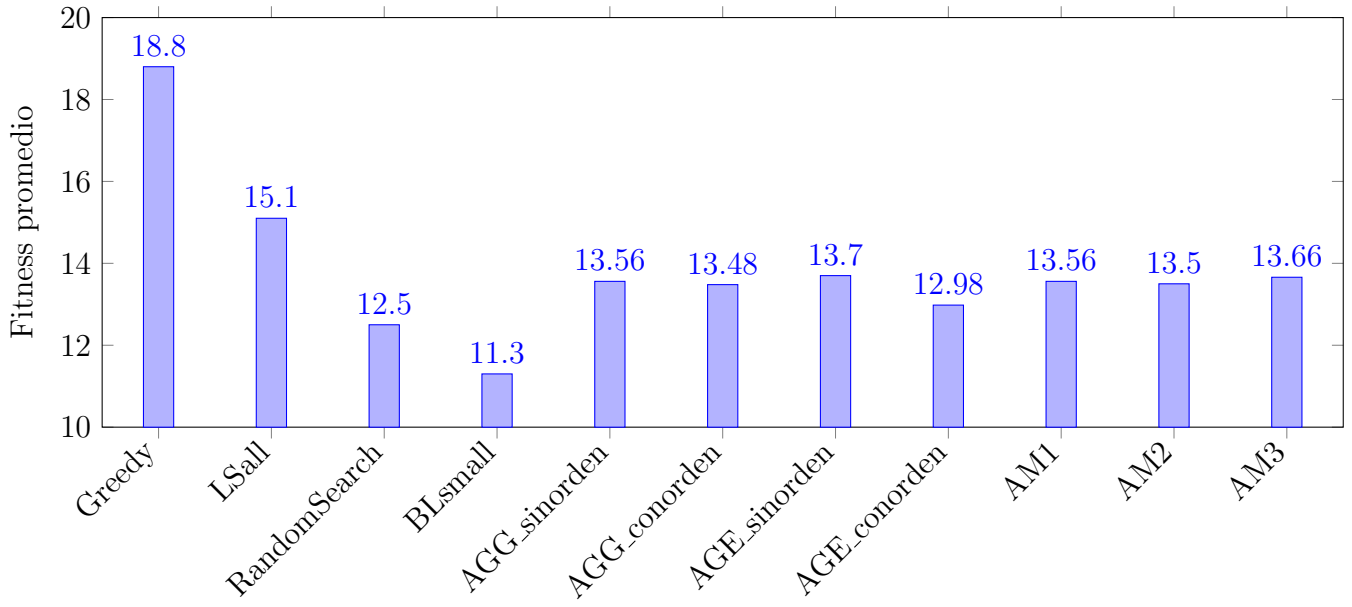


Figura 1: Fitness promedio por algoritmo en ca-GrQc.txt

Este conjunto representa una red de colaboración de autores en el campo de la relatividad general y la cosmología cuántica. Con 5242 nodos y 14496 enlaces, es una red relativamente pequeña y estructurada. Observamos que Greedy sigue destacando como el mejor algoritmo, alcanzando un fitness medio de 18.8 en una sola evaluación. Entre los algoritmos nuevos, los algoritmos meméticos y los genéticos obtienen valores de fitness más homogéneos, en torno a 13.5. Entre ellos, AM3 es el mejor, seguido de AGE_sinorden. Sin embargo, el tiempo de ejecución varía notablemente: AGE_sinorden es el más lento, mientras que AGG_conorden y AGE_conorden son los más rápidos.

Tabla 2: Resultados promedio de p2p-Gnutella05.txt

Algoritmo	**Posición**	**Fitness**	**Tiempo (segs)**	**Evaluaciones**
RandomSearch	9	11.38	6.80×10^{-1}	1000
Greedy	1	13.7	1.48×10^{-2}	1
LSall	10	10.98	2.18×10^{-1}	1000
BLsmall	11	10.8	3.48×10^{-2}	25.4
AGG_sinorden	6	11.5	1.21×10^{0}	1000
AGG_conorden	5	11.52	4.38×10^{-1}	1000
AGE_sinorden	4	11.52	1.47×10^{0}	1000
AGE_conorden	8	11.46	3.83×10^{-1}	1000
AM1	2	11.72	6.99×10^{-1}	1000
AM2	7	11.48	4.77×10^{-1}	1000
AM3	3	11.52	4.48×10^{-1}	1000

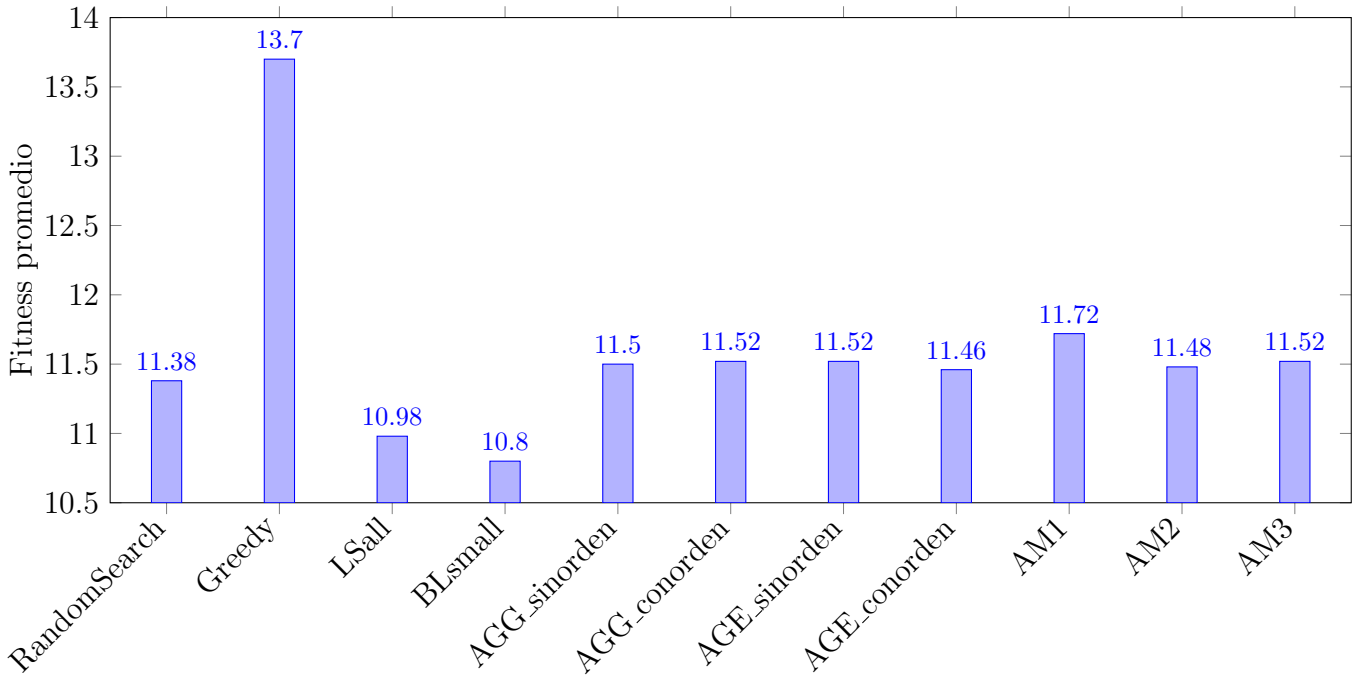


Figura 2: Comparación de fitness promedio por algoritmo en `p2p-Gnutella05.txt`

Este conjunto representa una red de intercambio de archivos P2P con 8846 nodos y 31839 enlaces. Esta estructura es más caótica, lo que podría afectar a la eficacia de algunos algoritmos. En este conjunto, Greedy vuelve a destacar claramente con fitness 13.7 y lo hace en una única evaluación. En segundo lugar se sitúa AM1 seguido de AM3, demostrando que los meméticos logran soluciones consistentes y de calidad, aunque a costa de tiempos de ejecución bastante superiores. Los algoritmos generacionales también tienen un rendimeinto similar entre ellos.

Tabla 3: Resultados promedio de p2p-Gnutella08.txt

Algoritmo	**Posición**	**Fitness**	**Tiempo (segs)**	**Evaluaciones**
RandomSearch	9	11.36	5.09×10^{-1}	1000
Greedy	1	12.60	1.02×10^{-2}	1
LSall	10	11.36	2.76×10^{-1}	1000
BLsmall	11	10.80	1.64×10^{-2}	22.2
AGG_sinorden	7	11.42	7.73×10^{-1}	1000
AGG_conorden	5	11.48	3.28×10^{-1}	1000
AGE_sinorden	8	11.44	9.42×10^{-1}	1000
AGE_conorden	4	11.50	3.41×10^{-1}	1000
AM1	2	11.56	4.54×10^{-1}	1000
AM2	3	11.44	3.34×10^{-1}	1000
AM3	6	11.40	3.36×10^{-1}	1000

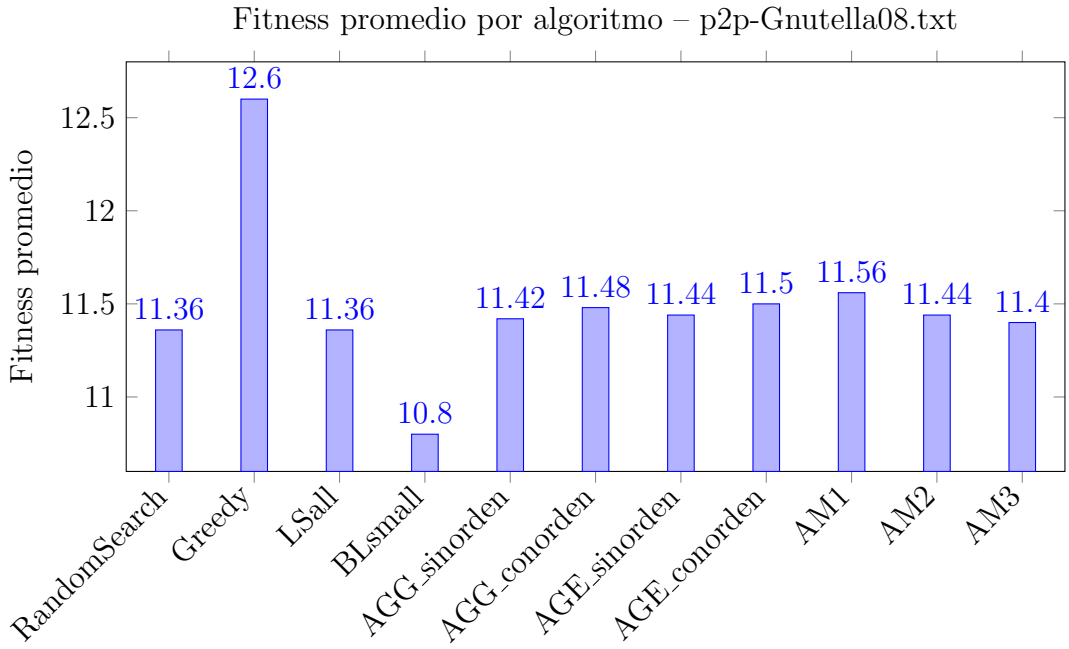


Figura 3: Comparación del fitness promedio de los algoritmos en el dataset `p2p-Gnutella08.txt`

Este conjunto corresponde a otra instancia de la red Gnutella, con 6301 nodos y 20777 enlaces. Es ligeramente más pequeña que la anterior. De nuevo Greedu es el algoritmo más eficaz en cuanto a calidad de la solución y eficiencia temporal. En cuanto a los algoritmos generacionales y meméticos: AM1 logra el segundo mejor resultado, superando a AM2 y AM3, sugiriendo que en este caso aplciar la búsqueda local a toda la población tiene el mejor impacto. AGE_conorden y AGG_sinorden destacan

entre los genéticos, sugiriendo que el uso de cruce con orden mejora ligeramente la calidad con respecto al sin orden.

Tabla 4: Resultados promedio de p2p-Gnutella25.txt

Algoritmo	**Posición**	**Fitness**	**Tiempo (segs)**	**Evaluaciones**
RandomSearch	7	11.14	1.38×10^{0}	1000
Greedy	1	13.4	4.62×10^{-2}	1
LSall	9	10.92	2.84×10^{-1}	1000
BLsmall	10	10.8	1.11×10^{-1}	36.2
AGG_sinorden	5	11.48	1.65×10^{0}	1000
AGG_conorden	4	11.52	4.45×10^{-1}	1000
AGE_sinorden	6	11.46	2.14×10^{0}	1000
AGE_conorden	6	11.46	4.77×10^{-1}	1000
AM1	2	11.54	8.71×10^{-1}	1000
AM2	8	11.38	5.70×10^{-1}	1000
AM3	6	11.44	5.64×10^{-1}	1000

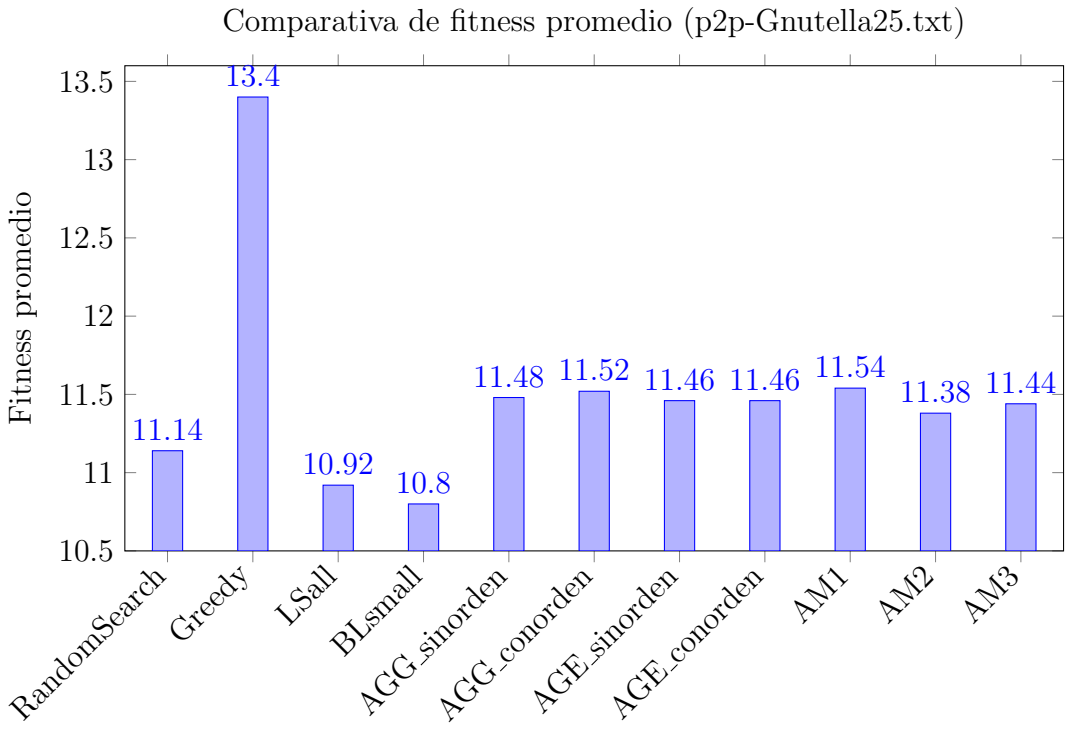


Figura 4: Comparación de fitness promedio por algoritmo en p2p-Gnutella25.txt

Esta instancia es la más grande analizada, con 22687 nodos y 54705 enlaces. Pero mantiene resultados similares a los anteriores casos, donde Greedy se consolida como la mejor estrategia para este tipo de red. Los algoritmos meméticos mantienen un rendimiento bastante bueno, especialmente AM1 que obtiene la segunda mejor posición, a pesar de requerir más tiempo. Los algoritmos genéticos también tienen buenos resultados. En particular, AGG_conorden supera a su versión sin orden y a los estacionarios. Los algoritmos estacionarios tienen tiempos mucho más altos, lo que implican un mayor carga computacional sin una mejora significativa del fitness.

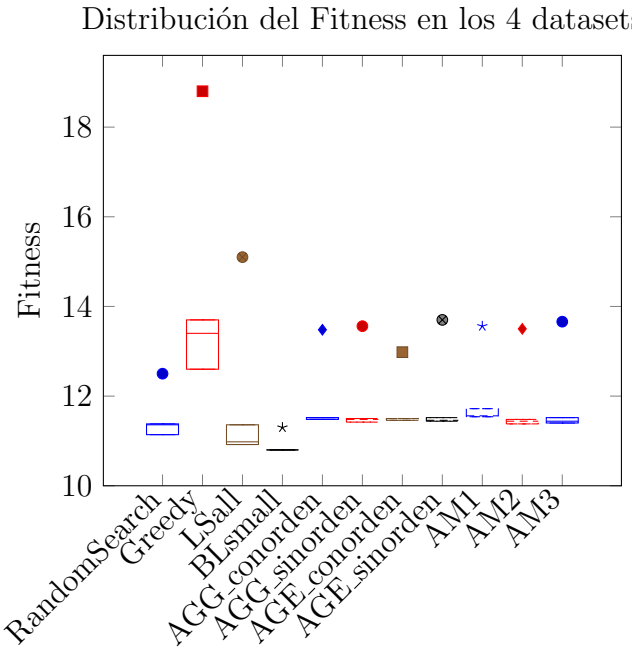
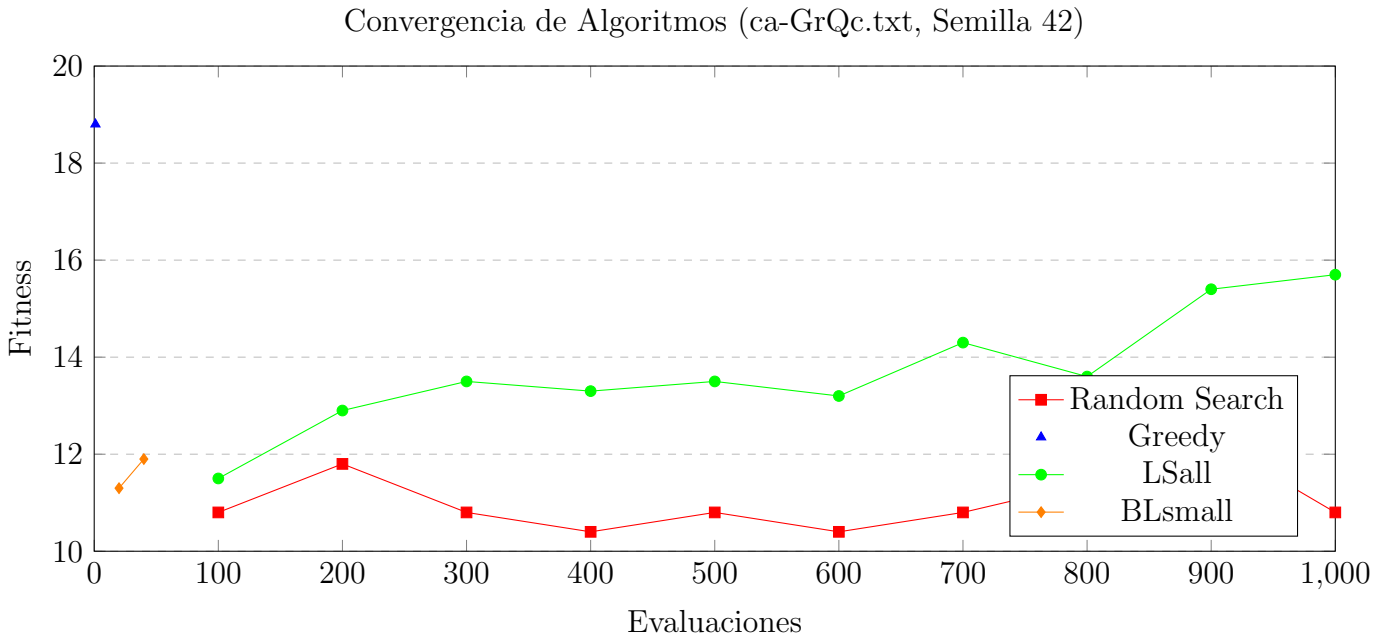


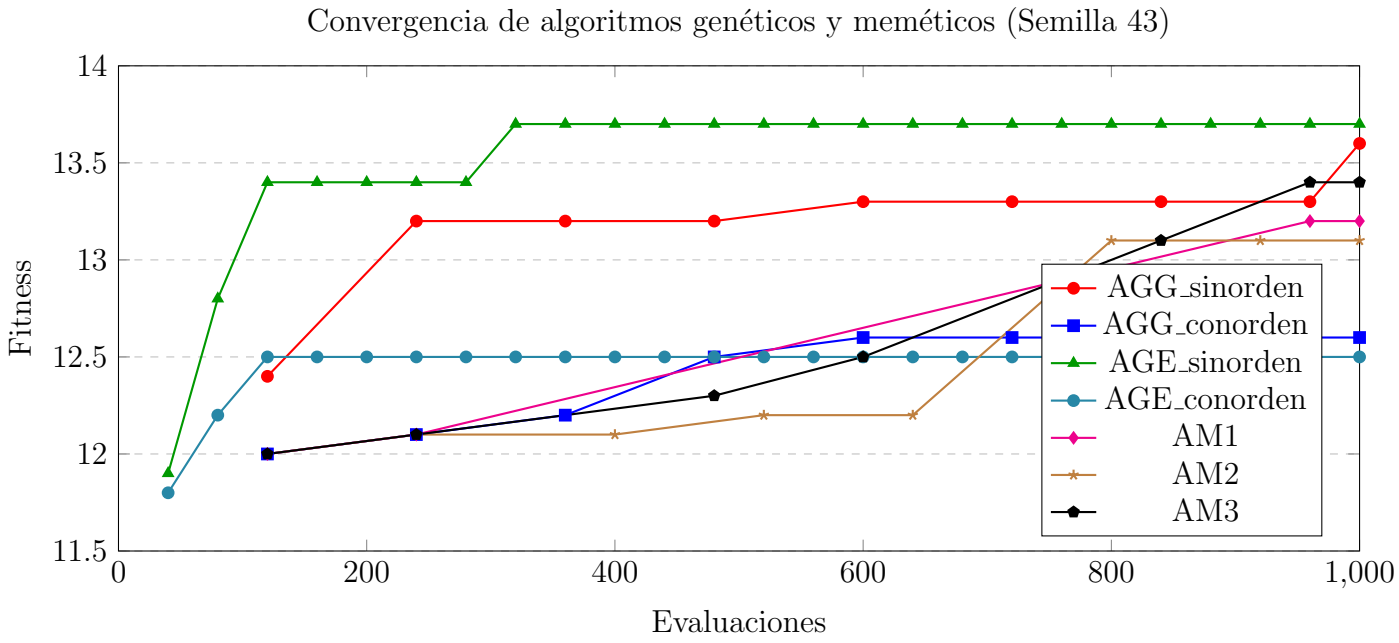
Figura 5: Boxplot del Fitness de todos los algoritmos en los 4 conjuntos de datos

El diagrama de caja muestra la distribución de los valores del fitness obtenidos por los 11 algoritmos. Observamos lo siguiente: Greedy sigue destacando como el algoritmo con el mayor valor de fitness, pero también presenta una dispersión muy amplia, incluyendo un outlier extremadamente alto. Esto sugiere que en algunos datasets puede encontrar soluciones muy buenas, aunque su rendimiento no es estable.

Los algoritmos nuevos presentan un rango de valores mucho más agrupado. AM1 logra una mediana elevada, siendo la mejor después de Greedy, pero con una dispersión mucho menor. Esto lo convierte en un método más fiable y eficaz.

AGE_conorden tiene valores ligeramente superiores a los métodos simples de la práctica anterior, pero debajo del resto de algoritmos evolutivos.





La gráfica muestra la convergencia de los algoritmos genéticos y meméticos aplicados al conjunto `ca-GRQc.txt` usando la semilla 43, donde el eje horizontal representa las evaluaciones realizadas y el eje vertical el valor del fitness.

La línea verde de AGE_sinorden destaca como la más efectiva, ya que alcanza rápidamente un fitness alto de 13.4 en solo 120 evaluaciones y sigue mejorando hasta estabilizarse en 13.7. Esta convergencia

tan rápida sugiere que la estrategia estacionaria es muy efectiva en eset conjunto de nodos. Este comportamiento tiene sentido ya que al ser un algoritmo estacionario, solo se generan dos descendientes por iteración y se selecciona el mejor entre padre e hijos. Esta estrategia evita la pérdida de buenas soluciones.

El AGG_sinorden también muestra un buen rendimeinto, alcanzando un fitness alto de 13.3 en unas 600 evaluaciones y manteniéndolo estable hasta el final. Al ser generacional, actualiza toda la población en cada iteración, aunque no se pierde el mejor gracias al elitismo, que permite una convergencia estable.

Los algoritmos genéticos con orden se estacan en valores mucho más bajos sin apenas mejora después de las primeras evaluaciones. Esto podría deberse a estar generando hijos demasiado similares.

Los algoritmos meméticos no llegan a converger tan claramente, van consiguiendo mejoras tras varias evaluaciones continuamente. Esto tiene sentido, ya que aplcian búsqueda local cada 10 generaciones. AM3 es el que mejor resultado final alcanza, como era de esperar, ya que la búsqueda local sobre los mejores individuos refina aún más las buenas soluciones. AM2, al aplicar búsqueda local aleatoriamente, ofrece un resultado intermedio. Y, finalmente, AM1 aplica búsqueda sobre toda la población, lo cual es costoso y no parece tener la eficiencia que debería.

8.4. Análisis Final

Tabla 5: Tabla final de resultados

Algoritmo	**Posición Promedio**	**Tiempo Promedio (segs)**	**Evaluaciones Promedio**
RandomSearch	9	7.85×10^{-1}	1000
Greedy	1	2.06×10^{-2}	1
LSall	10	2.28×10^{-1}	514.05
BLsmall	11	2.94×10^{-2}	28.2
AGG_sinorden	6	1.20×10^{0}	1000
AGG_conorden	5	4.47×10^{-1}	1000
AGE_sinorden	3	1.48×10^{0}	1000
AGE_conorden	8	4.40×10^{-1}	1000
AM1	2	7.18×10^{-1}	1000
AM2	7	5.04×10^{-1}	1000
AM3	4	4.92×10^{-1}	1000

Con esta tabla podemos ver los resultados finales, analizando las diferencias en el rendimiento de los algoritmos estudiados. Greedy ha sido el más rápido y efectivo en cuanto calidad de la solución en todos los conjuntos de datos. Esto se debe a su estrategia de selección de los nodos más conectados sin exploración adicional, lo que garantiza una alta calidad inicial.

Los algoritmos de búsqueda local son bastante limitados. LSall no consigue salir de óptimos locales, iniciando con una solución aleatoria que puede ser muy mala. En el caso de BLsmall, tiene un criterio de parada muy temprano, por lo que se coloca como última posición. Este comportamiento era previsible, ya que las búsquedas locales con solución inicial aleatoria van a necesitar más evaluaciones para explorar adecuadamente el espacio de soluciones.

Los algoritmos genéticos generacionales y estacionarios han mostrado una buena capacidad para encontrar soluciones de calidad buena. AGG_conorden ha sido más rápido de media que la versión sin orden. Esto tiene sentido, ya que el cruce por orden genera menos conflictos y requiere menos reparaciones en comparación con el cruce de dos puntos. En los AGE, la versión con orden ha sido más rápido, pero con puntuaciones mucho peores de media.

En cuanto a los algoritmos meméticos, vemos que han demostrado ser bastante buenos, como se esperaba. En promedio, se encuentran en posiciones altas del ranking, especialmente AM1 con posición segunda en la mayoría de los casos. La inclusión de búsqueda local cada 10 generaciones les permite refinar soluciones intermedias y escapar de óptimos locales en los que se quedan AGG y AGE. También cabe destacar, que esta mejora requiere un coste de tiempo considerable.