## Universidad Nacional Autónoma de México

## FACULTAD DE CIENCIAS





## Tarea 05:

## Algoritmo genético simple y bloques constructores

Pablo A. Trinidad Paz - 419004279

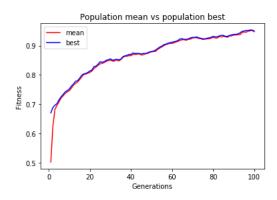
1. Tenemos dos cromosomas padres distintos en un SGA con codificación binaria, cada uno con L bits. Seleccionamos aleatoriamente un punto de cruza  $c \in 1, ..., L-1$  y realizamos la cruza de un punto. ¿Cuál es la probabilidad de que ambas soluciones hijas sean clones (idénticas) de sus padres?

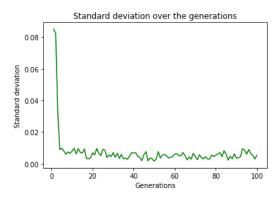
**Solución:** Sean a y b los cromosomas padres tal que  $a \neq b$  y c es el punto de cruza descrito anteriormente, entonces los hijos p y q de la cruza de a y b resultan en

$$p = a_1 + b_2$$
$$q = b_1 + a_2$$

donde  $a_1$  y  $b_1$  son las cadenas de los cromosomas padres a y b respectivamente antes del punto de cruza c y  $a_2$  y  $b_2$  son las cadenas después del punto de cruza. Para que p y q sean hijos idénticos a los padres se tiene que cumplir que  $a_1 = b_1$  o  $b_2 = a_2$ , por lo tanto la probabilidad de que eso suceda dependerá del la posición del punto de cruza y la longitud de las sub-cadenas que genera. En otras palabras estamos buscando la probabilidad de que exista una sub-cadena s de a y b en los índices [0,c] o [c,L-1]

- 2. El problema one-max consiste en buscar una cadena binaria de L bits con el mayor número de unos posible, es decir, el fitness de una cadena es el número de unos que contiene, por lo que se quiere maximizar  $f(x) = \sum_{i=1}^{L} x_i$  con  $x_i \in \{0,1\}$ . Por supuesto que podemos resolver este problema de forma sencilla escribiendo 1s consecutivamente en la solución, pero estamos interesados en ver si el SGA puede resolverlo. Implementa en Python el SGA usando
  - Selección proporcional (FPS)
  - Cruza de un punto con  $P_c = 0.7$
  - Mutación bit a bit con  $P_m = 0.01$
  - $\blacksquare$  Tamaño del cromosoma L=30
  - Límite de generaciones: 100
  - Tamaño de población: 20
  - a) Lanza 20 simulaciones del algoritmo y grafica el fitness del mejor individuo y el fitness de la población como función del número de generación.





- 3. Usando el paquete SCHEMATAX de Python: https://github.com/iSTB/python-schemata vamos a validar de forma experimental el teorema de los esquemas de J. Holland, calculando los esquemas procesados en cada iteración de SGA para observar los bloques constructores.

  Usando el problema anterior
  - a) Grafica el orden promedio y tamaño de definición promedio de los esquemas procesados.
  - b) Considerando que un esquema tiene bajo orden si está por debajo del orden promedio y de igual forma tiene bajo tamaño de definición si está por debajo del tamaño de definición promedio. Gracia el orden promedio y tamaño de definición promedio de los bloques constructores.
  - c) Grafica el histograma de frecuencias sobre los bloques constructores
  - d) Selecciona los 10 bloques constructores más frecuentes.