

SEMINARIO DE SEGUIMIENTO 4

Trabajo de Fin de Grado

Néstor Torres Díaz

TEMAS TRATADOS

Se ha realizado una revisión del estado de las tareas planteadas en reuniones previas:

- **Optimización de las simulaciones:** Una de las tareas planteadas con más importancia era la optimización de las simulaciones, puesto que cada simulación tardaba aproximadamente unos 30 segundos en devolver un resultado. Se ha conseguido realizar una instalación local del paquete BabSim.Hospital, además de implementar un script en R que simula el comportamiento del Docker que se estaba utilizando para las simulaciones, permitiendo rebajar los tiempos de las simulaciones hasta los 2 segundos.
- **Implementación de mutación polinómica:** Con motivo de añadir algo diferente a la librería, se propuso realizar la implementación de una mutación polinómica, la cual ha sido implementada con éxito y adaptada para poder utilizarla en los individuos mixtos.
- **Manejo de lanzamientos del algoritmo genético mediante línea de comandos:** Otro aspecto clave para facilitar una fácil utilización de las implementaciones realizadas hasta el momento, es la inclusión de alguna librería que facilite la ejecución del algoritmo genético con diversos tipos de opciones a través de línea de comandos. Para ello se ha incluido la librería [yargs](#), la cual nos permite precisamente esto.

DIFICULTADES ENCONTRADAS

Para la implementación de estas tareas han habido una gran cantidad de dificultades. Empezando por la optimización de las simulaciones, nos encontramos con que no se disponía del script que ejecutaba el Docker disponible para el Track 1 del reto de la GECCO, por lo que se tuvo que implementar un script que simulara dicho comportamiento, pero con la desventaja de que ahora se obtenían resultados deterministas. Para solventar esto, se han tenido que realizar diversos cambios en el manejo de las semillas a la hora de realizar ejecuciones. Por otro lado, se encontraron ciertas dificultades al implementar [yargs](#) para manejar las ejecuciones del algoritmo genético mediante línea de comandos, así que se planteó de manera que se pueda elegir un fichero .ts de configuración, donde ya vienen predefinidos los parámetros del algoritmo, y luego aparte de esto se pueden configurar también el tamaño de la población, el número de generaciones y el número de réplicas a ejecutar por cada individuo.

LÍNEA DE TRABAJO

Para la próxima reunión el objetivo es realizar una ejecución con 25 individuos, 10 réplicas por individuo y 100 generaciones. De los resultados obtenidos de dicha ejecución, tomar el mejor y el peor resultado y analizar ambas simulaciones para ver qué parámetros pueden haber influido en los resultados. Por otro lado, sería ideal conseguir para la siguiente reunión instalar todo dentro de la máquina de celaje.