

Algoritmos genéticos Agustin Marseillen Conrado Mader Blanco Federico Ramundo

Resultados TP 2

[1:118:1] Ecroc: [0]:-4

Representación

I 0.5 p.3 a 1.4 0.3 4.3 1.4

Fitness 1/ECM

k-ECM

Criterios de corte Generaciones

Firmess

Métodos de selección

No reemplazan completamente la población actual permitiendo sobrevit/ir a los más aptus.

Elitismo = poca diversidad. Torneos = azaroso. Ruleta y boltzman = 😂

Benefician a los individuos con mejor fitmos mantaniendo la diversidad a través de las generaciones.

Mejor – ninguno Se croò uno propio para intentar mojorar pero no presentó grandos cambios.

Métodos de cruce

Mutación

Backpropagation

Resultados

AG BP Error: 10'-4 Error: 10'-4 ¿Iguales?

Gene mix cross





Algoritmos genéticos

Agustin Marseillan Conrado Mader Blanco Federico Ramundo



Resultados TP 2

[1 11 8 1]

Error: 10^-4



Representación

1 0.5 0.3 6 1.4 0.3 4.3 1.4



Fitness

1/ECM

k-ECM



Criterios de corte

Generaciones

Fitness

Contenido

Estructura



Métodos de selección

Métodos II y III

No reemplazan completamente la población actual permitiendo sobrevivir a los más aptos.



Métodos de reemplazo

Elitismo = poca diversidad.

Torneos = azaroso.

Ruleta y boltzman = :

Benefician a los individuos con mejor fitness manteniendo la diversidad a través de las generaciones.



Métodos de cruce

Mejor = ninguno

Se creó uno propio para intentar mejorar pero no presentó grandes cambios.



Gene mix cross

```
hijo1 = padre1 * r + padre2 * (1-r)
hijo2 = padre2 * r + padre1 * (1-r)
r random e [0,1]
```

No presentó mejoras notables pero probó ser un método utilizable en algoritmos genéticos.



Mutación

Agrega diversidad, evitando estancamiento.

Backpropagation

Cantidad de épocas indicadas por parámetro Presenta grandes mejoras.



Resultados

Reemplazo 2

150 individuos

0.8 brecha

300 generaciones

fitness lineal sin BP ni mutación

P(cruce): 0.9

ruleta -> elite

gene mix cross

ECM = 0.3975

Reemplazo 3 50 individuos

0.6 brecha

60 generaciones

fitness lineal

P(mutación): 0.1 (*0.75/5gen)

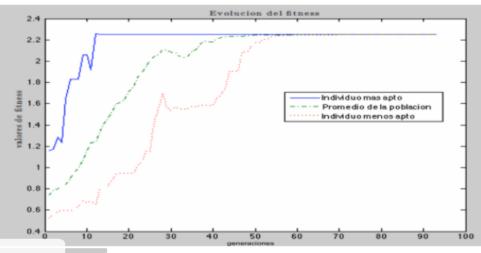
P(BP): 0.05 x 100 épocas

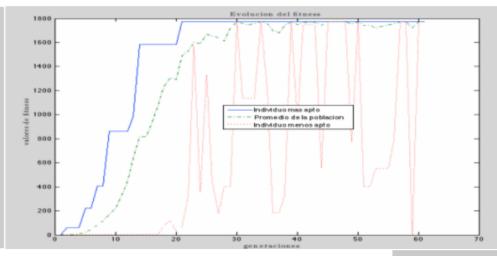
P(cruce): 0.7

mix-Boltzman -> Boltzman

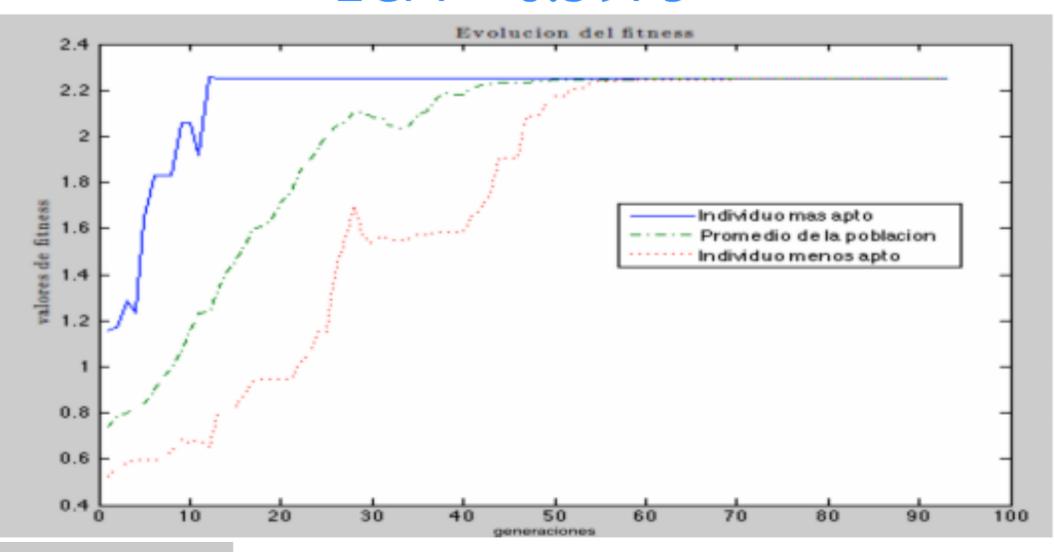
anular cross

ECM = 0.000546





gene mix cross ECM = 0.3975





Resultados

Reemplazo 2 150 individuos

0.8 brecha

300 generaciones

fitness lineal sin BP ni mutación

P(cruce): 0.9

ruleta -> elite

gene mix cross

ECM = 0.3975

Reemplazo 3 50 individuos

0.6 brecha

60 generaciones

fitness lineal

P(mutación): 0.1 (*0.75/5gen)

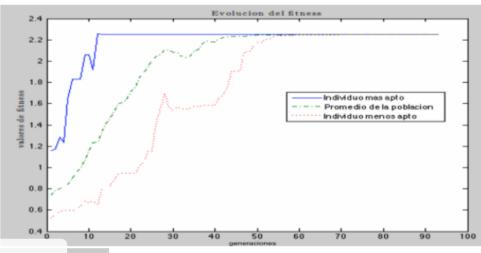
P(BP): 0.05 x 100 épocas

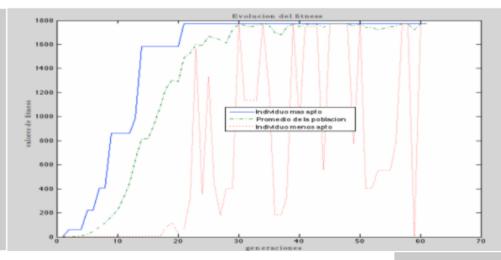
P(cruce): 0.7

mix-Boltzman -> Boltzman

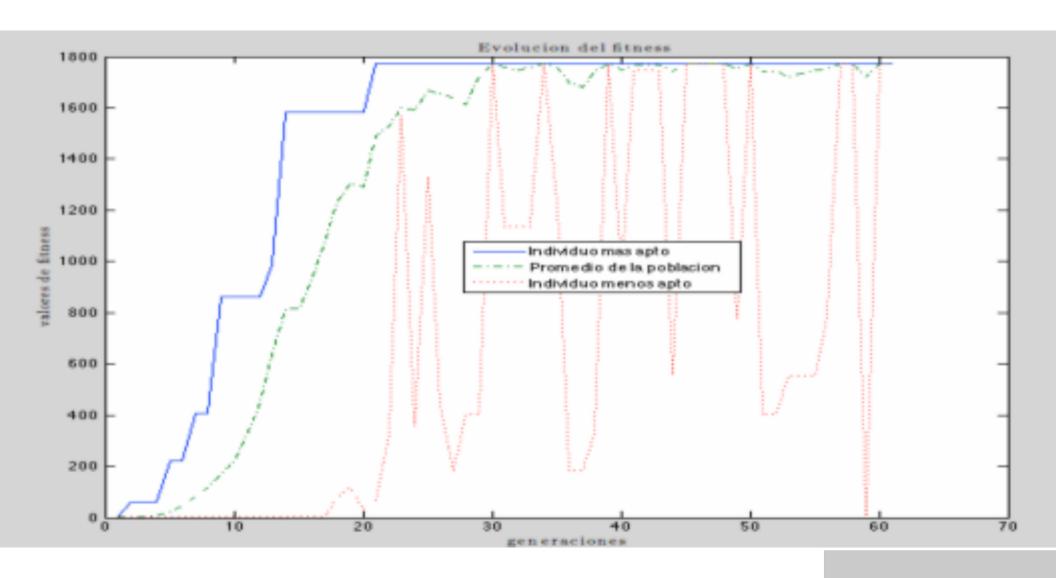
anular cross

ECM = 0.000546





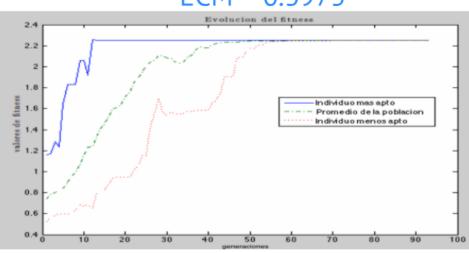
anular cross ECM = 0.000546



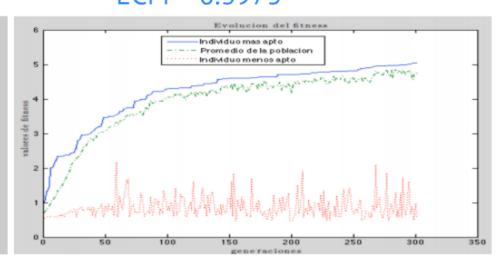


Resultados

Reemplazo 2
150 individuos
0.8 brecha
300 generaciones
fitness lineal sin BP ni mutación
P(cruce): 0.9
ruleta -> elite
gene mix cross
ECM = 0.3975

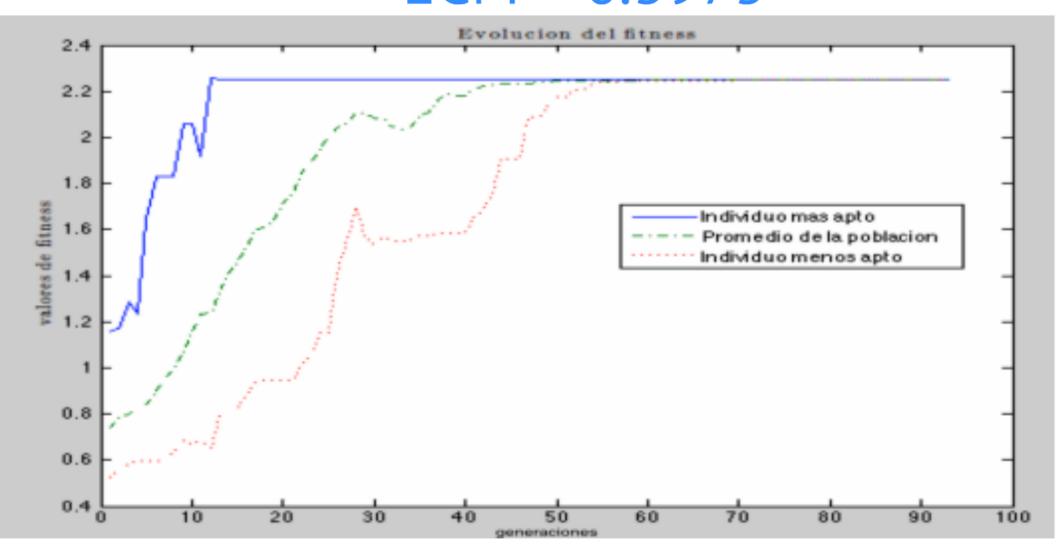


Reemplazo 2
150 individuos
0.8 brecha
300 generaciones
fitness lineal sin BP
P(mutación): 0.1
P(cruce): 0.9
ruleta -> elite
gene mix cross
ECM = 0.3975





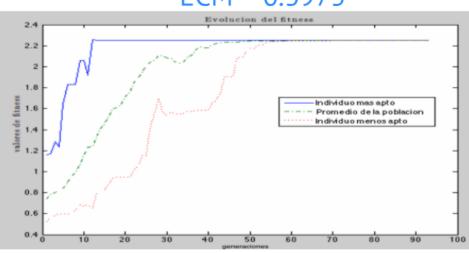
gene mix cross ECM = 0.3975



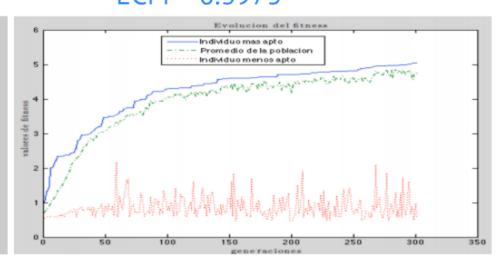


Resultados

Reemplazo 2
150 individuos
0.8 brecha
300 generaciones
fitness lineal sin BP ni mutación
P(cruce): 0.9
ruleta -> elite
gene mix cross
ECM = 0.3975

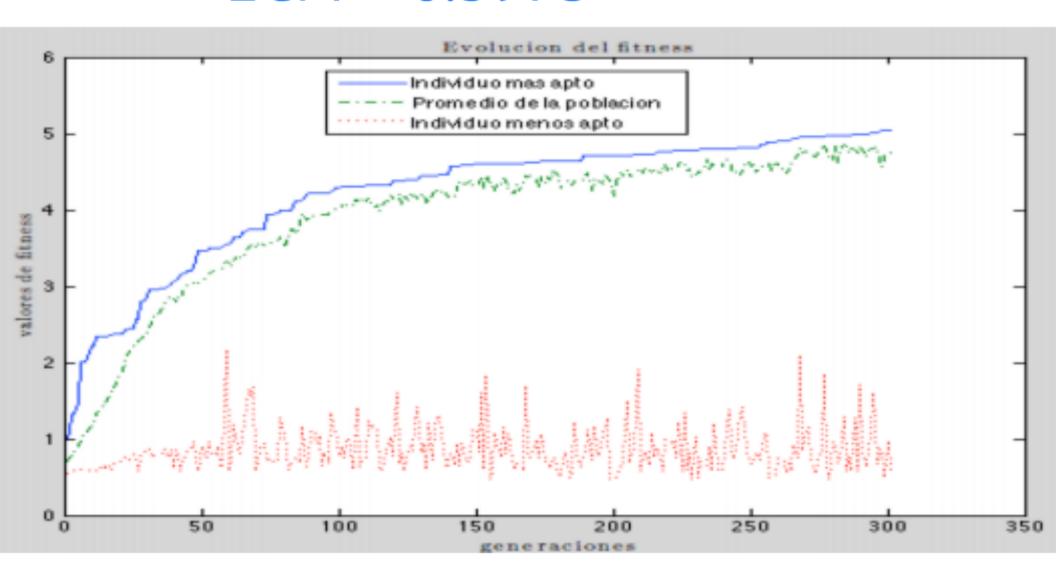


Reemplazo 2
150 individuos
0.8 brecha
300 generaciones
fitness lineal sin BP
P(mutación): 0.1
P(cruce): 0.9
ruleta -> elite
gene mix cross
ECM = 0.3975





gene mix cross ECM = 0.3975





Genético vs Backpropagation

AG

Error: 10⁻⁴

BP

Error: 10⁻⁴

¿Iguales?



Conclusiones

Mejor que backpropagation.

Usar BP da muy buenos resultados.

• Se requiere diversidad para no estancarse en mínimos locales.

• La mutación es una buena fuente de diversidad.

