PRÁCTICA 2: TÉCNICAS DE BÚSQUEDA BASADAS EN POBLACIONES

Problema: Aprendizaje de Pesos en Características
Algoritmos: Genéticos Generacionales (Cruce BLX y Cruce Aritmético), Genéticos Estacionarios (Cruce BLX y Cruce Aritmético), Meméticos (All, Rand y Best)

Juan Manuel Rodríguez Gómez
49559494Z
juanmaarg6@correo.ugr.es

Metaheurísticas, Grupo 1 (Lunes 17:30 – 19:30)
Curso 2022 – 2023

UNIVERSIDAD
DE GRANADA

Índice

Con el fin de mantener en un único documento toda la información relevante de las diferentes prácticas, se han incluido en esta memoria las explicaciones y descripciones de los algoritmos que ya se comentaron en la memoria de la práctica anterior, así como el análisis de los resultados que ya se realizó.

Para destacar la nueva información, se marcan en rojo las nuevas secciones añadidas referente a esta práctica.

1. Descripción del Problema

El **Problema del Aprendizaje de Pesos en Características (APC**) es un problema que consiste en obtener un vector de pesos que permita ponderar las características asociadas a un dato con la intención de obtener un mejor porcentaje de clasificación de datos futuros. Tenemos una muestra de datos X = {x_1, x_2, ..., x_n}, donde cada dato de dicha muestra está formado por un conjunto de características {c_1, c_2, ..., c_m,} y su CATEGORÍA, de forma que buscamos obtener un vector de pesos W = {w_1, w_2, ..., w_m} donde el peso w_i pondera la característica c_i y que ese vector de pesos nos permita optimizar el rendimiento del clasificador k-NN. Nosotros usaremos el clasificador 1-NN, por lo que vamos a considerar el vecino más cercano (con el que se tiene menor **distancia euclídea ponderada por pesos**) para predecir la clase de cada dato.

A lo largo de nuestro proceso vamos a realizar dos tareas: primero obtendremos el vector de pesos (aprendizaje) y a continuación valoraremos la calidad del mismo (validación). Usaremos la técnica de validación cruzada ***5-fold cross validation***. El conjunto de datos ya está dividido en 5 particiones disjuntas al 20% desordenadas, y con la misma distribución de clases. Aprenderemos un clasificador utilizando el 80% de los datos disponibles (4 particiones de las 5) y validaremos con el 20% restante (la partición restante). Así obtendremos un total de 5 valores de porcentaje de clasificación en el conjunto de prueba, uno para cada partición empleada como conjunto de validación. La calidad del método de clasificación se medirá con un único valor, correspondiente a la media de los 5 porcentajes de clasificación del conjunto de prueba.

Para la función de evaluación se combinan dos criterios:

- **Precisión →** $\boldsymbol{tasa\_clas = 100 * \frac{Nº\ de\ instancias\ bien\ clasificadas\ en\ T}{Nº\ de\ instancias\ en\ T}}$

- **Simplicidad →** $\boldsymbol{tasa\_red = 100 * \frac{Nº\ de\ valores\ w_i < 0.1}{Nº\ de\ características}}$

Utilizaremos una agregación sencilla que combine ambos objetivos en un único valor. Así, la **función objetivo** será $\boldsymbol{F(w) = \alpha * tasa\_clas(w) + (1 - \alpha) * tasa\_red(w)}$. El valor de α pondera la importancia entre el acierto y la reducción de características de la solución encontrada (el clasificador generado). Usaremos α = 0.8, dando más importancia al acierto. El objetivo es obtener el conjunto de pesos W que maximiza esta función, es decir, que maximice el acierto del clasificador 1-NN y, a la vez, que considere el menor número de características posible.

Los distintos algoritmos se van a ejecutar sobre **tres conjuntos de datos distintos: *diabetes*, *ozone* y *spectf-heart***. Hay que tener en cuenta que debemos normalizar los datos.

2. Descripción de la Aplicación de los Algoritmos Empleados al Problema

2.1. Esquema de Representación de Soluciones (Práctica 1)

Para representar los datos en el programa se emplea un ***struct Ejemplo*** que recoge toda la información necesaria: un *vector<double>* con los valores de cada una de las *n* características del ejemplo concreto, así como un *string* que representa su clase o categoría.

```
struct Ejemplo {
   vector<double> val_caracts;
   string categoria;
   int num_caracts;
}
```

Cada **conjunto de datos** se almacena en un ***vector<Ejemplo>*** y se emplean las funciones *leerFicheroARFF* y *normalizarValores* para leer los datos del conjunto, normalizarlos y almacenarlos en dicho vector.

Por otro lado, la **solución** a nuestro problema es un vector de pesos, *w*, representando mediante ***vector<double>***, de *n* componentes (siendo *n* el número de características de los ejemplos de nuestro conjunto de datos). En cada componente del vector tendremos un valor real $w_i \in [0, 1]$, que representa el peso asociado a la característica i-ésima.

2.2. Esquema de Representación de Soluciones (Práctica 2)

Para desarrollar los diferentes algoritmos genéticos, empleamos un ***struct*** que representa un **cromosoma**. En este contexto, un cromosoma será un vector de pesos (una posible solución) ya evaluado, es decir, con un valor otorgado por la función objetivo (*fitness*).

```
struct Cromosoma {
   vector<double> w;
   double fitness;
}
```

El valor por defecto del *fitness* de un cromosoma es -1, lo cual resulta útil para saber que un cromosoma no está correctamente evaluado.

Para representar una **población** de soluciones (un conjunto de cromosomas) utilizamos el tipo de dato ***multiset*** (contenedor asociativo y ordenado que admite repetidos). Es importante permitir repetidos, pues podemos tener una población con varios cromosomas iguales. Definimos la siguiente relación de orden entre cromosomas: *Si C_1 y C_2 son cromosomas, diremos que $C_1 < C_2$ si $C_1.fitness < C_2.fitness$.*

```
struct CromosomaComp {
   bool operator()(const Cromosoma& lhs, const Cromosoma& rhs) const {
      return lhs.fitness < rhs.fitness
   }
}
```

```
typedef multiset<Cromosoma, CromosomaComp> Poblacion
```

De esta forma, cuando queramos obtener el mejor cromosoma de la población, simplemente tendremos que mirar el último elemento del contenedor, y si queremos obtener el peor cromosoma de la población pues miraremos el primer elemento del contenedor.

Respecto a la representación de la población, hay ciertas fases de los diferentes algoritmos en los que no es necesario mantener los cromosomas ordenados. Por ello, introducimos un nuevo tipo de dato llamado ***PoblacionIntermedia*** que no es más que un **vector de cromosomas**, aprovechando así la posibilidad de acceso aleatorio que ofrece la clase *vector*.

```
typedef vector<Cromosoma> PoblacionIntermedia
```

2.3. Operadores Comunes (Práctica 1)

Todos los algoritmos hacen uso del cálculo de la distancia. Como dijimos, para este cálculo se emplea **la distancia euclídea ponderada mediante un vector de pesos**. En el caso de que la distancia deseada sea la estándar (es decir, sin ponderación de pesos), se asume que los pesos valen siempre uno. Se han realizado dos implementaciones de la distancia euclídea, una con pesos y otra sin pesos.

Como simplemente usamos la distancia para comparar, la vamos a implementar como si la eleváramos al cuadrado, es decir, eliminando la raíz cuadrada (podemos hacerlo sin problema ya que se mantiene el orden.). Hacemos esto para ahorrar tiempo de cálculo (ya que esta es la función más llamada a lo largo del programa).

```
función distanciaEuclidea(e1, e2)
   distancia = 0
   for i:=0 to n-1 do              (n es el número de características)
      distancia += (e1[i].val_caracts – e2[i].val_caracts) *
                  * (e1[i].val_caracts – e2[i].val_caracts)
```

```
función distanciaEuclideaPesos(e1, e2, w)
   distancia = 0
   for i:=0 to n-1 do              (n es el número de características)
      if w[i] > 0.1 then
         distancia += w[i] * (e1[i].val_caracts – e2[i].val_caracts) *
                     * (e1[i].val_caracts – e2[i].val_caracts)
```

También tenemos la función ***clasificador1NNPesos***, que clasifica un ejemplo basándose en la técnica del vecino más cercano. Debemos pasarle también el conjunto de entrenamiento (donde hay otros ejemplos ya están clasificados), y el vector de pesos. Al igual que pasaba con la distancia euclídea, si queremos que el clasificador no tenga en cuenta los pesos, hacemos que todas las componentes del vector de pesos sean 1.

```
función clasificador1NNPesos(e, entrenamiento, w)
   distancia_min = +infinito
   for i:=0 to n-1 do        (n es el número de ejemplos de entrenamiento)
      distancia = distanciaEuclideaPesos(e, entrenamiento[i], w)
      if distancia < distancia_min then
         distancia_min = distancia
         clase = entrenamiento[i].categoria
   return clase
```

2.4. Operadores Comunes (Práctica 2)

En lo que sigue, para generar números aleatorios reales o enteros, utilizamos los tipos predefinidos ***uniform_real_distribution*** y ***uniform_int_distribution***, respectivamente.

Disponemos de una función ***inicializarPoblacion*** que se encarga de generar la población inicial siguiendo una distribución uniforme en el intervalo [0, 1] para el vector de pesos de cada cromosoma que se añade a la población.

```
función inicializarPoblacion(n, m, entrenamiento)
   poblacion = Ø
   for i:=0 to n-1 do              (n es el número de cromosomas a crear)
      c = Ø
      for j:=0 to m-1 do           (m es el número de genes por cromosoma)
         c.w[j] = uniformInt(0,1)
      c.fitness = fitness(
                     tasaClasificacionLeaveOneOut(entrenamiento,c.w),
                     tasaReduccion(c.w)
                  )
      poblacion.insert(c)
   return poblacion
```

Describamos ahora los diferentes operadores usados para los algoritmos genéticos (selección, cruces y mutación). Comenzamos con el operador de **selección**, el cual realiza un torneo binario entre dos padres (cromosomas) escogidos al azar y devuelve aquel que tenga mayor valor de *fitness*. Como tenemos los cromosomas de una población almacenados en orden de menor a mayor a fitness, tenemos que iterar aleatoriamente sobre dicha población a la hora de escoger los dos padres.

```
función seleccion(poblacion)
                                          (n es el tamaño de la población)
   padre1 = advance(poblacion.begin(), uniformInt(0, n-1) )
   padre2 = advance(poblacion.begin(), uniformInt(0, n-1) )
   return padre1->fitness < padre2->fitness ? *padre2 : *padre1
```

Por otro lado, tenemos el operador de **cruce BLX**, que recibe dos cromosomas padres y devuelve dos cromosomas descendientes cuyos pesos se obtienen de forma aleatoria en un intervalo concreto dependiente de los vectores de pesos de los padres. La exploración que realiza está determinada por el valor del parámetro *alpha_blx*, el cual es de 0.3. Nótese que se podrían generar pesos fuera del intervalo [0, 1], por lo que, en caso de que sea necesario, habría que truncarlos a 0 o 1.

```
función cruceBLX(c1, c2)
   for i:=0 to n-1 do          (n es el número de genes de los cromosomas)
      c_min = min(c1.w[i], c2.w[i])
      c_max = max(c1.w[i], c2.w[i])
      dif = c_max – c_min
      h1.w[i] = uniformReal(c_min - dif*alpha_blx,c_max + dif*alpha_blx)
      h2.w[i] = uniformReal(c_min - dif*alpha_blx,c_max + dif*alpha_blx)
      if h1.w[i] < 0 then
         h1.w[i] = 0
      if h1.w[i] > 1 then
         h1.w[i] = 1
      if h2.w[i] < 0 then
         h2.w[i] = 0
      if h2.w[i] > 1 then
         h2.w[i] = 1
      h1.fitness = -1
      h2.fitness = -1
   return (h1, h2)
```

También contamos con el operador de **cruce aritmético**, el cual recibe dos cromosomas padres y devuelve un único cromosoma descendiente cuyos pesos se obtienen realizando la media aritmética componente a componente de los pesos de los padres.

```
función cruceAritmetico(c1, c2)
   for i:=0 to n-1 do          (n es el número de genes de los cromosomas)
      h.w[i] = (c1.w[i] + c2.w[i]) / 2
   h.fitness = -1
   return h
```

Finalmente, tenemos el operador de **mutación**, que simplemente altera un gen (una componente del vector de pesos) del cromosoma según un valor aleatorio de una distribución normal de *media* = 0 y desviación típica *sigma* = sqrt(0.3). En caso de ser necesario, truncamos el peso asociado a dicha componente a 0 o 1.

```
función mutacion(c, comp)
   c.w[comp] += normal(0, sqrt(0.3))
   c.fitness = -1
   if c.w[comp] < 0 then
      c.w[comp] = 0
   if c.w[comp] > 1 then
      c.w[comp] = 1
   return c
```

2.5. Función Objetivo

La función objetivo que queremos maximizar se implementa tal y como se dijo en la descripción del problema, donde el valor de *alpha* es de 0.8, dando más importancia al acierto que a la reducción. De igual forma, para la tasa de clasificación y la tasa de reducción, usamos las expresiones dadas en la descripción del problema.

```
función fitness(tasa_clas, tasa_red)
   return (alpha * tasa_clas) + ( (1 – alpha) * tasa_red )
```

```
función tasaClasificacion(test, entrenamiento)
   num_instancias_bien_clas = 0
   for i:=0 to n-1 do              (n es el número de ejemplos de test)
      if clasificador1NNPesos(test[i], entrenamiento, w) ==
         == test[i].categoria then
         num_instancias_bien_clas++
   return 100.0 * num_instancias_bien_clas / n
```

```
función tasaReduccion(w)
   num_caracts_descartadas = 0
   for i:=0 to n-1 do                (n es el tamaño del vector de pesos)
      if w[i] < 0.1 then
         num_caracts_descartadas++
   return 100.0 * num_caracts_descartadas / n
```

También se ha creado otra función para calcular la tasa de clasificación usando la técnica *Leave-One-Out* empleada en el algoritmo de búsqueda local.

```
función tasaClasificacionLeaveOneOut(entrenamiento, w)
   aux = entrenamiento
   num_instancias_bien_clas = 0
   for i:=0 to n-1 do              (n es el número de ejemplos de aux)
      ejemplo = aux[i]
      aux.erase(ejemplo)
      if clasificador1NNPesos(ejemplo, aux, w) == ejemplo.categoria then
         num_instancias_bien_clas++
      aux.insert(ejemplo)            (en la misma posición donde estaba)
   return 100.0 * num_instancias_bien_clas / n
```

Nótese que en las tasas de clasificación tenemos incorporada la función *clasificador1NNPesos* para así evaluar un vector de pesos sobre el conjunto correspondiente (test o entrenamiento) y pasar directamente el valor de dicha tasa a la función fitness para calcular directamente el valor de la función objetivo.

3. Descripción de los Algoritmos Implementados

En esta sección se describen los dos algoritmos implementados en la primera práctica para el problema del Aprendizaje de Pesos en Características: Greedy RELIEF y Búsqueda Local. En ambos lo que se pretende es rellenar un vector de pesos para maximizar la función objetivo.

3.1. Algoritmos Implementados (Práctica 1)

Compararemos los resultados obtenidos por estos algoritmos con los resultados obtenidos por los nuevos algoritmos implementados en esta práctica 2.

3.1.1. Algoritmo de Comparación: Greedy RELIEF

Este es un algoritmo voraz muy sencillo, que **servirá como caso base para comparar las diferentes metaheurísticas desarrolladas**. Se trata de buscar, para cada ejemplo, su amigo (otro ejemplo que tenga la misma clase) y su enemigo (otro ejemplo que tenga distinta clase) más cercano. Después, componente a componente, se suma al vector de pesos la distancia a su enemigo y se resta la distancia a su amigo.

En este proceso es posible que los pesos se salgan del intervalo [0, 1], por lo que al finalizar la suma componente a componente es necesario normalizar. Además, el vector de pesos inicialmente tiene todas sus componentes a 0 (para realizar esta inicialización disponemos de una función *inicializarVectorPesos*).

A continuación, se encuentran las funciones que se encargan de encontrar el amigo y el enemigo más cercano a un ejemplo dado (hay que tener en cuenta que el amigo más cercano no puede ser el propio ejemplo).

```
función amigoMasCercano(e, entrenamiento)
   distancia_min = +infinito
   for i:=0 to n-1 do        (n es el número de ejemplos de entrenamiento)
      if (e.val_caracts != entrenamiento[i].val_caracts and
          entrenamiento[i].categoria == e.categoria) then
         distancia = distanciaEuclidea(e, entrenamiento[i])
         if distancia < distancia_min then
            distancia_min = distancia
            amigo_mas_cercano = entrenamiento[i]
   return amigo_mas_cercano
```

```
función enemigoMasCercano(e, entrenamiento)
   distancia_min = +infinito
   for i:=0 to n-1 do        (n es el número de ejemplos de entrenamiento)
      if entrenamiento[i].categoria != e.categoria then
         distancia = distanciaEuclidea(e, entrenamiento[i])
         if distancia < distancia_min then
            distancia_min = distancia
            enemigo_mas_cercano = entrenamiento[i]
   return enemigo_mas_cercano
```

Utilizando dichas funciones, el **algoritmo Greedy RELIEF** sería el siguiente:

```
función greedy(entrenamiento)
   w = inicializarVectorPesos()
   for i:=0 to n-1 do        (n es el número de ejemplos de entrenamiento)
      enemigo_mas_cercano = enemigoMasCercano(entrenamiento[i], entrenamiento)
      amigo_mas_cercano = amigoMasCercano(entrenamiento[i], entrenamiento)
      for j:=0 to m-1 do            (m es el tamaño del vector de pesos)
         w[j] = w[j] +
+ |entrenamiento[i].val_caracts[j] - entrenamiento[pos_enemigo].val_caracts[j]|
- |entrenamiento[i].val_caracts[j] - entrenamiento[pos_amigo].val_caracts[j]|
   w_max = max(w)
   for j:=0 to m-1 do
      if w[j] < 0 then
         w[j] = 0
      else
         w[j] = w[j] / w_max
   return w
```

3.1.2. Algoritmo de Búsqueda Local

Empleamos la técnica de búsqueda local del **primer mejor** para rellenar el vector de pesos. La idea es mutar en cada iteración una componente aleatoria y **distinta** del vector de pesos, sumándole un valor extraído de una normal de *media* = 0 y desviación típica *sigma* = sqrt(0.3). Si tras esta mutación se mejora la función objetivo, nos quedamos con este nuevo vector, y si no lo desechamos. Si algún peso se sale del intervalo [0, 1] tras la mutación, directamente lo truncamos a 0 (si es menor que 0) o a 1 (si es mayor que 1).

Para la **generación de la solución inicial** sobre la que iterar, consideramos valores extraídos de una distribución uniforme *U[0,1]*, que obtenemos gracias al tipo *uniform_real_distribution<double>* de la librería *random*. Generamos así una solución inicial aleatoria.

(*)

```
// Inicializamos el vector de índices y el vector de pesos (este último
// se hace aleatoriamente)
for i:=0 to m-1 do                    (m es el tamaño del vector de pesos)
   indices.push_back(i)
   w[i] = uniformInt(0,1)
```

Para escoger el valor con el que se muta cada componente utilizamos esta vez el tipo predefinido *normal_distribution<double>* de la librería *random*. De esta forma, el **operador de generación de vecino** sería de la siguiente forma:

```
// Suponemos que comp_mutada es la componente del vector de pesos que
// vamos a modificar
w_mutado = w
w_mutado[comp_mutada] += normal(0, sqrt(0.3))
// Truncamos si es necesario
if w_mutado[comp_mutada] > 1 then
   w_mutado[comp_mutada] = 1
else if w_mutado[comp_mutada] < 0 then
   w_mutado[comp_mutada] = 0
```

Por otro lado, el **método de exploración del entorno** es el siguiente: Para escoger qué componente del vector de pesos vamos a mutar, tenemos un vector de índices del mismo tamaño que el vector de pesos, que barajamos de forma aleatoria y recorremos secuencialmente. Si llegamos al final, volvemos a barajarlo para seguir generando nuevas soluciones. Para **comprobar si se mejora el fitness con una nueva solución**, se realiza lo siguiente:

(**)

```
fitness_actual = fitness(
                    tasaClasificacionLeaveOneOut(entrenamiento,w),
                    tasaReduccion(w)
                 )
```

Con todo lo anterior, el algoritmo de Búsqueda Local sería el siguiente:

```
función busquedaLocal(entrenamiento)
  num_iteraciones = 0
  num_vecinos = 0
  hay_mejora = false
  w, indices = (*)       (Código de inicialización descrito anteriormente)
  shuffle(indices)
  mejor_fitness = (**) con w (Código de evaluación descrito anteriormente)
  while(num_iteraciones < MAX_ITER and num_vecinos < m*COEF_MAX_VECINOS) do
                                        (m es el tamaño del vector de pesos,
                                         MAX_ITER = 15000,
                                         COEF_MAX_VECINOS = 20)
    comp_mutada = index[num_iteraciones % m]
    w_mutado = w
    w_mutado[comp_mutada] += normal(0, sqrt(0.3))
    // Truncamos si es necesario
    if w_mutado[comp_mutada] > 1 then
      w_mutado[comp_mutada] = 1
    else if w_mutado[comp_mutada] < 0 then
      w_mutado[comp_mutada] = 0
    fitness_actual = (**) con w_mutado
    num_iteraciones++
    if fitness_actual > mejor_fitness then
      num_vecinos = 0
      w = w_mutado
      mejor_fitness = fitness_actual
      hay_mejora = true
    else
      num_vecinos++
    if (num_iteraciones % m == 0 or hay_mejora) then
      shuffle(índices)
      hay_mejora = false
  return w
```

3.2. Algoritmos Implementados (Práctica 2)

Los diferentes algoritmos desarrollados en esta práctica comparten una serie de **comportamientos comunes** que detallamos a continuación con el fin de evitar repeticiones.

Por un lado, en todos ellos tenemos un contador ***num_iteraciones*** para llevar la cuenta del número de evaluaciones que llevamos de la función objetivo. Saldremos del bucle principal cuando *num_iteraciones* sea mayor que 15000.

Por otro lado, la evolución de la población inicial se lleva a cabo generalmente mediante una población intermedia ***p_intermedia***, de tipo PoblacionIntermedia, a la cual podemos acceder por índices debido a que no es más que un vector de cromosomas. El proceso de **selección de un número concreto (*n*) de padres** se realiza siempre de la misma forma:

```
SELECCIONAR(n):
   for i:=0 to n-1 do
      p_intermedia[i] = seleccion(p)
```

El **proceso de cruce de *2n* padres** sigue también un esquema similar, pero hay pequeñas diferencias (de implementación) entre el cruce BLX y el cruce aritmético. Llamando *t* al tamaño de la población intermedia, en el cruce aritmético nos aseguraremos de que *4n <= p*, para que no disminuya el tamaño de la población (recordemos que este cruce nos devuelve un solo hijo por cada dos padres).

```
BLX(n):
   for i:=0 to 2*n - 1 step 2 do
      p_intermedia[i], p_intermedia[i+1] = cruceBLX(p_intermedia[i],
                                                    p_intermedia[i+1])
```

```
ARITMETICO(n, t):
   for i:=0 to 2*n - 1 do
      p_intermedia[i] = cruceAritmetico(p_intermedia[i],
                                        p_intermedia[2*t - i - 1])
```

Para el esquema de mutación tenemos dos alternativas:

1) **Calcular el número esperado de mutaciones de genes**, es decir, *mutaciones_esperadas = (P_m / N) * M*, donde P_m es la probabilidad de que un cromosoma mute, *N* es el número de genes del cromosoma de la población intermedia y *M* es el número total de genes de toda la población intermedia. En nuestro caso, ***P_m* = 0.1**.

   En vez de truncar el valor obtenido, consideramos su parte entera (*PE*) y su parte decimal (*PD*) y, en cada iteración del algoritmo se realizan, al menos, tantas mutaciones como indique *PE*. Establecemos la posibilidad de que se realice una mutación extra, generando en cada iteración un número aleatorio *u* entre 0 y 1 y sumando 1 a *mutaciones_esperadas* si *u <= PD*.

   Además, como queremos introducir diversidad en la población, imponemos que al menos se realice una mutación en cada generación.

```
                                (ngc es el número de genes de cada cromosoma)
                          (ngt es el número total de genes de toda la población)
función mutacionesEsperadas(ngc, ngt)
   mutaciones_esperadas = (Pm / ngc) * ngt
   if mutaciones_esperadas <= 1 then
      return 1
   resto = modf(mutaciones_esperadas, &mutaciones_esperadas)
   if uniformReal(0,1) <= resto then
      mutaciones_esperadas++
   return mutaciones_esperadas
```

   También es importante tener en cuenta que, al sustituir la comprobación en cada gen por realizar un número fijo de mutaciones, debemos **evitar mutar dos veces el mismo gen**. Para ello, usamos un ***set*** llamado ***mutados***, que no admite repetidos.

   Usaremos este esquema de mutación en los **algoritmos genéticos generacionales** y en los **algoritmos meméticos**.

```
                                (ngc es el número de genes de cada cromosoma)
                            (ngt es el número total de genes de toda la población)
MUTAR_1(ngc, ngt)
   mutados = Ø
   num_mut_esperadas = mutacionesEsperadas(ngc, ngt)
   for i:=0 to num_mut_esperadas - 1 do
      while mutados.size() == i do
         comp = uniformInt(0, ngt - 1)
         mutados.insert(comp)
      comp_seleccionada = comp / w.size()       (w es un vector de pesos)
      gen_seleccionado = comp % w.size()
      mutacion(p_intermedia[comp_seleccionada], gen_seleccionado)
```

2) **Realizar las mutaciones a nivel de cromosoma**. Esta alternativa es mejor cuando el tamaño de la población intermedia es pequeño, pues en esos casos el número esperado de mutaciones según la primera alternativa será casi siempre 0. De esta forma, si P_m es la probabilidad de que un cromosoma mute:

```
                                (n es el tamaño de la población intermedia)
                            (ngc es el número de genes de cada cromosoma)
MUTAR_2(n, ngc)
   for i:=0 to n- 1 do
      if uniformReal(0,1) <= Pm then
         gen_seleccionado = uniformInt(0, ngc - 1)
         mutacion(p_intermedia[i], gen_seleccionado)
```

Usaremos este esquema de mutación en los **algoritmos genéticos estacionarios**.

3.2.1. Algoritmos Genéticos Generacionales

Hemos implementado dos algoritmos genéticos generacionales, uno con cruce BLX (**AGG_BLX**) y otro con cruce aritmético (**AGG_Arit**). En ambos, la población será de ***TAMANIO_AGG* = 50**. Hay que tener en cuenta que el cruce aritmético produce un hijo por cada dos padres (a diferencia del cruce BLX, que produce dos hijos por cada dos padres), por lo que a la hora de seleccionar los padres para el torneo binario y cruzar, tendremos que escoger 2**TAMANIO_AGG* padres (es decir, escoger el doble para seguir manteniendo una población de *TAMANIO_AGG* individuos tras el cruce aritmético).

También cabe destacar que la probabilidad de cruce es P_c **= 0.7**, luego, en cada iteración realizamos el número de cruces esperado, el cual es igual a la parte entera de P_c * (*TAMANIO_AGG* / 2).

Por tanto, el pseudocódigo del **algoritmo genético generacional con cruce BLX** sería el siguiente:

```
función AGG_BLX(entrenamiento)
   w(entrenamiento[0].num_caracts)   (w es el vector de pesos a calcular)
   p = inicializarPoblacion(TAMANIO_AGG, w.size(), entrenamiento)
   num_iteraciones = TAMANIO_AGG
   num_generaciones = 1
   num_genes_individuo = w.size()
   num_total_genes = w.size() * TAMANIO_AGG
   num_cruces_esperados = Pc * (TAMANIO_AGG / 2)
   while num_iteraciones < MAX_ITER do                (MAX_ITER = 15000)
      p_intermedia = Ø                                      (No ordenada)
      nueva_p = Ø                                            (Ordenada)
      mejor_padre = p.end()
      SELECCIONAR(TAMANIO_AGG)
      BLX(num_cruces_esperados)
      MUTAR_1(num_genes_individuo, num_total_genes)
      for i:=0 to TAMANIO_AGG do                              (Reemplazo)
         if p_intermedia[i].fitness == -1 then
            p_intermedia[i].fitness = fitness(
               tasaClasificacionLeaveOneOut(entrenamiento,p_intermedia[i].w),
               tasaReduccion(p_intermedia[i].w)
              )
            num_iteraciones++
         nueva_p.insert(p_intermedia[i])
      mejor_padre_actual = nueva_p.end()
      if mejor_padre_actual->fitness < mejor_padre->fitness then
         nueva_p.erase(nueva_p.begin())                       (Elitismo)
         nueva_p.insert(*mejor_padre)
      p = nueva_p                                    (Nueva generación)
      num_generaciones++
   w = p.end()->w
   return w
```

Para el pseudocódigo del **algoritmo genético generacional con cruce aritmético**, lo único que cambiaría con respecto al pseudocódigo anterior serían las líneas destacadas en azul por lo que hemos comentado al principio de este apartado. De esta forma, el pseudocódigo sería idéntico al anterior, pero con el siguiente cambio:

```
función AGG_Arit(entrenamiento)
   ...                                                    (Idéntico a AGG_BLX)
      SELECCIONAR(2*TAMANIO_AGG)
      ARITMETICO(num_cruces_esperados, 2*TAMANIO_AGG)
   ...                                                    (Idéntico a AGG_BLX)
```

En el algoritmo AGG_Arit seleccionamos 2**TAMANIO_AGG* padres para la población intermedia, pero tras el cruce trabajamos únicamente con los *TAMANIO_AGG* primeros, respetando así el esquema generacional, en el cual la población intermedia tiene el mismo tamaño que la población original.

Tanto en AGG_BLX como en AGG_Arit, al reemplazar la nueva población nos aseguramos de que todos los cromosomas estén correctamente evaluados (y ordenados según el criterio aplicado). Finalmente, antes de pasar a la siguiente generación, aplicamos un comportamiento elitista: si hemos perdido la mejor solución que teníamos en la generación anterior, la introducimos en la nueva generación eliminando la peor solución de esta.

3.2.2. Algoritmos Genéticos Estacionarios

Al igual que en los algoritmos genéticos generacionales, para los algoritmos genéticos estacionarios también hemos implementado dos tipos, uno con cruce BLX (**AGE_BLX**) y otro con cruce aritmético (**AGE_Arit**). En este caso, cambia el esquema de reemplazamiento con respecto a los generacionales. De igual forma, como ahora la población intermedia está formada por únicamente dos cromosomas (que siempre cruzan), ***TAMANIO_AGE* = 2**, también cambia el esquema de mutación, utilizando la segunda alternativa que comentábamos en el apartado 3.2.

Los dos cromosomas que componen la población intermedia compiten con los dos peores de la población anterior para entrar en la nueva población. Al final nos quedamos con los dos mejores de entre los cuatro.

Así, el pseudocódigo del **algoritmo genético estacionario con cruce BLX** sería el siguiente:

```
función AGE_BLX(entrenamiento)
   w(entrenamiento[0].num_caracts)   (w es el vector de pesos a calcular)
   p = inicializarPoblacion(TAMANIO_AGG, w.size(), entrenamiento)
   num_iteraciones = TAMANIO_AGG
   num_generaciones = 1
   num_genes_individuo = w.size()
   num_cruces_esperados = 1.0 * (TAMANIO_AGE / 2)
   while num_iteraciones < MAX_ITER do                (MAX_ITER = 15000)
      p_intermedia = Ø                                      (No ordenada)
      nueva_p = Ø                                            (Ordenada)
      SELECCIONAR(TAMANIO_AGE)
      BLX(num_cruces_esperados)
      MUTAR_2(TAMANIO_AGE, num_genes_individuo)
      for i:=0 to TAMANIO_AGE do                              (Reemplazo)
         p_intermedia[i].fitness = fitness(
               tasaClasificacionLeaveOneOut(entrenamiento,p_intermedia[i].w),
               tasaReduccion(p_intermedia[i].w)
              )
         num_iteraciones++
         nueva_p.insert(p_intermedia[i])
      peor_cromosoma = p.begin()
      segundo_peor_cromosoma = p.begin() + 1
      mejor_descendiente_actual = nueva_p.end()
      segundo_mejor_descendiente_actual = nueva_p.end() - 1
      if segundo_mejor_descendiente_actual->fitness >
         segundo_peor_cromosoma ->fitness then
         p.erase(segundo_peor_cromosoma)      (Sobreviven los dos hijos)
         p.erase(peor_cromosoma)
         p.insert(*segundo_mejor_descendiente_actual)
         p.insert(*mejor_descendiente_actual)
      else if mejor_descendiente_actual->fitness >
              peor_cromosoma ->fitness then
         p.erase(peor_cromosoma)          (Sobrevive solo el mejor hijo)
         p.insert(*mejor_descendiente_actual)
      num_generaciones++                                  (Nueva generación)
   w = p.end()->w
   return w
```

Al igual que ocurría para los algoritmos genéticos generacionales, para el pseudocódigo del **algoritmo genético estacionario con cruce aritmético**, lo único que cambiaría con respecto al pseudocódigo anterior serían las líneas destacadas en azul. De esta forma, el pseudocódigo sería idéntico al anterior, pero con el siguiente cambio:

```
función AGE_Arit(entrenamiento)
   ...                                                    (Idéntico a AGE_BLX)
      SELECCIONAR(2*TAMANIO_AGE)
      ARITMETICO(num_cruces_esperados, 2*TAMANIO_AGE)
   ...                                                    (Idéntico a AGE_BLX)
```

3.2.3. Algoritmos Meméticos

Para implementar los algoritmos meméticos nos basamos en el algoritmo AGG_BLX (el cual es el que mejores resultados proporciona comparado con AGG_Arit, tal y como se puede observar en el apartado 5.3). En este caso, el tamanio de la población es de ***TAMANIO_AM* = 50** cromosomas.

Tenemos que ir contando el número de generaciones mediante una variable *num_generaciones* y, cada diez generaciones, es decir, si *num_generaciones* % 10 == 0, tenemos que aplicar un **algoritmo de búsqueda local de baja intensidad** (estructura idéntica al algoritmo de búsqueda local desarrollado en la primera práctica, solo que cambia el esquema de representación de las soluciones y, lo más destacable, cambia el criterio de parada, el cual consiste en parar cuando se hayan evaluado 2**n* vecinos distintos en la ejecución, siendo *n* el número de genes del cromosoma).

```
INDICES(n):
   for i:=0 to n - 1 do
      índices.push_back(i)
   shuffle(índices)
```

```
función busquedaLocalBajaIntensidad(entrenamiento, c)
  num_iteraciones = 0
  índices = INDICES(n)                                    (n = c.w.size())
  mejor_fitness = c.fitness
  while num_vecinos < n * COEF_MAX_VECINOS_BAJA_INTENSIDAD do
                                    (COEF_MAX_VECINOS_BAJA_INTENSIDAD = 2)
    comp_mutada = index[num_iteraciones % n]
    c_mutado = c
    c_mutado[comp_mutada] += normal(0, sqrt(0.3))
    if c_mutado[comp_mutada] > 1 then
      c_mutado[comp_mutada] = 1
    else if c_mutado[comp_mutada] < 0 then
      c_mutado[comp_mutada] = 0
    c_mutado.fitness = fitness(
              tasaClasificacionLeaveOneOut(entrenamiento,c_mutado.w),
              tasaReduccion(c_mutado.w)
            )
    num_iteraciones++
    if c_mutado.fitness > mejor_fitness then
      c = c_mutado
      mejor_fitness = c_mutado.fitness
    if num_iteraciones % n == 0 then
      shuffle(indices)
   return num_iteraciones
```

Hemos implementado tres versiones diferentes de **algoritmos meméticos** y, como están basados en el algoritmo AGG_BLX, los pseudocódigos serán casi idénticos, cambiando simplemente *TAMANIO_AGG* por *TAMANIO_AM* (aunque en nuestro caso, coinciden) y añadiendo la búsqueda local de baja intensidad al final, que es lo que vamos a especificar en los pseudocódigos:

1) **AM-(10,1.0) / AM_All**: Cada 10 generaciones, aplicamos la búsqueda local de baja intensidad sobre todos los cromosomas de la población.

```
función AM_All(entrenamiento)
   ...                                                    (Idéntico a AGG_BLX)
   while ...
      ...
      p = nueva_p
      if num_generaciones % 10 == 0 then
         nueva_p.clear()
         for c in p
            num_iteraciones += busquedaLocalBajaIntensidad(entrenamiento, c)
            nueva_p.insert(c)
         p = nueva_p
      num_generaciones++                                  (Nueva generación)
   w = p.end()->w
   return w
```

2) **AM-(10,0.1) / AM_Rand**: Cada 10 generaciones, aplicamos la búsqueda local de baja intensidad sobre un subconjunto de la población seleccionado aleatoriamente con probabilidad P_{LS} = 0.1 para cada cromosoma.

```
función AM_Rand(entrenamiento)
   ...                                                    (Idéntico a AGG_BLX)
   while ...
      ...
      p = nueva_p
      if num_generaciones % 10 == 0 then
         nueva_p.clear()
         for i:=0 to TAMANIO_AM * P_LS do
            num_random = uniformInt(0, TAMANIO_AM - 1)
            c = advance(p.begin(), random)
            num_iteraciones += busquedaLocalBajaIntensidad(entrenamiento, c)
            p.erase(p.begin() + random)
            p.insert(c)
      num_generaciones++                                  (Nueva generación)
   w = p.end()->w
   return w
```

3) **AM-(10,0.1mej) / AM_Best**: Cada 10 generaciones, aplicamos la búsqueda local de baja intensidad sobre los 0.1**TAMANIO_AM* mejores cromosomas de la población actual.

```
función AM_Best(entrenamiento)
   ...                                                    (Idéntico a AGG_BLX)
   while ...
      ...
      p = nueva_p
      if num_generaciones % 10 == 0 then
         nueva_p.clear()
         for i:=0 to TAMANIO_AM * P_LS do
            c = prev(p.end(), i+1)
            num_iteraciones += busquedaLocalBajaIntensidad(entrenamiento, c)
            p.erase(p.end() - i - 1)
            p.insert(c)
      num_generaciones++                                  (Nueva generación)
   w = p.end()->w
   return w
```

4. Procedimiento Considerado para Desarrollar la Práctica

Todo el código de la práctica se ha desarrollado en **C++** siguiendo el estándar 2011. Utilizamos diferentes librerías como *iostream, vector, cmath, random*... Además, hacemos uso también del archivo ***random.hpp*** proporcionado por el profesor para trabajar de forma más cómoda con números aleatorios. **No se ha hecho uso de ningún framework de metaheurísticas.**

Respecto a la **estructura de directorios y archivos**, Los ficheros de datos se encuentran en la carpeta *BIN/DATA* y los ejecutables en la carpeta *BIN*. Por otro lado, el código fuente se encuentra en la carpeta *FUENTES*, en la cual encontramos el archivo *CMakeLists.txt* (este contiene una serie de instrucciones que al lanzar el comando *cmake* para ejecutarlo, nos generará un makefile que nos permitirá compilar el proyecto mediante la orden *make*), la carpeta *INCLUDE* con los archivos de cabecera *.h* y la carpeta *SRC* con los archivos de código *.cpp*. Respecto a los diferentes archivos de código:

- ***util.h/util.cpp*** → Contienen funciones auxiliares que se utilizan en las diferentes prácticas, tales como aquellas destinadas a la lectura y normalización de datos de los archivos, las funciones de la distancia euclídea, la función de evaluación, etc.

- ***p1.h/p1.cpp*** → Contienen los algoritmos implementados en la primera práctica (clasificador1NN, Greedy RELIEF y Búsqueda Local), así como una función para cada algoritmo con el fin de ejecutar dicho algoritmo con los diferentes conjuntos de datos y mostrar los resultados obtenidos.
- ***p2.h/p2.cpp*** → Contienen los algoritmos implementados en la segunda práctica (AGG_BLX, AGG_Arit, AGE_BLX, AGE_Arit, AM_All, AM_Rand y AM_Best), así como una función para cada algoritmo con el fin de ejecutar dicho algoritmo con los diferentes conjuntos de datos y mostrar los resultados obtenidos.
- ***random.hpp*** → Archivo proporcionado por el profesor para trabajar de forma más cómoda con números aleatorios.
- ***main.cpp*** → Archivo que contiene la función principal para ejecutar el programa.

Para **compilar y ejecutar el proyecto** hay que hacer lo siguiente:

1) Situarnos en la carpeta ***software/FUENTES***.
2) Ejecutar el comando "***cmake .***", generándose así el makefile correspondiente.
3) Ejecutar el comando "***make***" para compilar el proyecto y obtener el ejecutable *practica2_MH* en la carpeta *software/BIN*.
4) Situarnos en la carpeta ***software/BIN***.
5) Como ya hemos dicho, trabajamos con números aleatorios, luego, necesitamos especificar una semilla mediante la línea de comandos a la hora de ejecutar el programa. Por ello, el comando para ejecutar el programa es ***./practica2_MH {semilla}.***

5. Experimentos y Análisis de Resultados

Ejecutamos los algoritmos sobre cada uno de los tres conjuntos de datos siguientes:

- **Diabetes**: Contiene atributos calculados a partir de mediciones de pacientes. La tarea consiste en determinar si desarrollarán diabetes en los próximos 5 años. Consta de 768 ejemplos, 8 atributos numéricos y la clase (puede ser de dos tipos, negativa o positiva).
- **Ozone**: Base de datos para la detección del nivel de ozono según las mediciones realizadas a lo largo del tiempo. Consta de 320 ejemplos, 72 atributos numéricos y la clase (puede ser de dos tipos, día normal o día con una alta concentración en ozono).
- **Spectf-heart**: Contiene atributos calculados a partir de imágenes médicas de tomografía computerizada (SPECT) del corazón de pacientes humanos. La tarea consiste en determinar si la fisiología del corazón analizado es correcta o no. Costa de 267 ejemplos, 44 atributos entero y la clase (puede ser de dos tipos, paciente sano o paciente con patología cardíaca).

5.1. Resultados Obtenidos

A continuación, se muestran las tablas de los resultados obtenidos para cada uno de los algoritmos aplicados sobre los diferentes conjuntos de datos con la **semilla 49559494**. En la tabla se observan los resultados de 5 ejecuciones diferentes para cada conjunto de datos de acuerdo a la técnica de validación cruzada *5-fold cross validation*. Se muestran los valores de la tasa de clasificación (*%_clas*), la tasa de reducción (*%red*), la función objetivo (*Fit.*) y el tiempo de ejecución en milisegundos (*T*). Finalmente, también se muestre una tabla global con los resultados medios obtenidos de cada algoritmo para los diferentes conjuntos de datos.

Tabla 5.1: Resultados obtenidos por el algoritmo 1-NN en el problema del APC

	Diabetes				Ozone				Spectf-heart			
	% clas	*%red*	*Fit.*	T	*% clas*	*%red*	*Fit.*	T	*% clas*	*%red*	*Fit.*	T
Partición 1	66,88	0,00	53,51	0,94	78,12	0,00	62,50	1,27	77,14	0,00	61,71	0,99
Partición 2	66,88	0,00	53,51	1,05	85,94	0,00	68,75	1,27	88,57	0,00	70,86	1,36
Partición 3	68,83	0,00	55,06	1,13	79,69	0,00	63,75	1,28	91,43	0,00	73,14	1,04
Partición 4	69,48	0,00	55,58	1,35	76,56	0,00	61,25	1,23	85,71	0,00	68,57	0,94
Partición 5	69,74	0,00	55,79	0,96	81,25	0,00	65,00	1,23	84,06	0,00	67,25	0,97
Media	**68,36**	**0,00**	**54,69**	**1,09**	**80,31**	**0,00**	**64,25**	**1,26**	**85,38**	**0,00**	**68,31**	**1,06**

Tabla 5.2: Resultados obtenidos por el algoritmo Greedy RELIEF en el problema del APC

	Diabetes				Ozone				Spectf-heart			
	% clas	*%red*	*Fit.*	T	*% clas*	*%red*	*Fit.*	T	*% clas*	*%red*	*Fit.*	T
Partición 1	63,64	0,00	50,91	9,61	73,44	6,94	60,14	5,28	84,29	22,73	71,97	4,32
Partición 2	63,64	12,50	53,41	9,72	76,56	8,33	62,92	5,15	87,14	25,00	74,71	3,94
Partición 3	70,78	0,00	56,62	10,05	78,12	8,33	64,17	5,17	85,71	25,00	73,57	3,96
Partición 4	72,73	12,50	60,68	9,61	68,75	2,78	55,56	5,38	85,71	22,73	73,12	3,85
Partición 5	67,76	0,00	54,21	9,91	81,25	8,33	66,67	5,45	79,71	25,00	68,77	3,91
Media	**67,71**	**5,00**	**55,17**	**9,78**	**75,62**	**6,94**	**61,89**	**5,29**	**84,51**	**24,09**	**72,43**	**4,00**

Tabla 5.3: Resultados obtenidos por el algoritmo BL en el problema del APC

	Diabetes				Ozone				Spectf-heart			
	% clas	*%red*	*Fit.*	T	*% clas*	*%red*	*Fit.*	T	*% clas*	*%red*	*Fit.*	T
Partición 1	62,99	50,00	60,39	855,54	76,56	6,94	62,64	7344,61	72,86	29,55	64,19	2972,07
Partición 2	35,06	100,00	48,05	1861,66	79,69	9,72	65,69	7184,96	85,71	13,64	71,30	3162,03
Partición 3	61,04	25,00	53,83	840,30	81,25	8,33	66,67	7469,99	92,86	25,00	79,29	3057,82
Partición 4	68,83	37,50	62,56	780,20	78,12	20,83	66,67	6566,30	75,71	13,64	63,30	3205,58
Partición 5	65,13	12,50	54,61	804,04	87,50	16,67	73,33	6999,03	78,26	22,73	67,15	3043,43
Media	**58,61**	**45,00**	**55,89**	**1028,35**	**80,62**	**12,50**	**67,00**	**7112,98**	**81,08**	**20,91**	**69,05**	**3088,19**

Tabla 5.4: Resultados obtenidos por el algoritmo AGG-BLX en el problema del APC

	Diabetes				Ozone				Spectf-heart			
	% clas	*%red*	*Fit.*	T	*% clas*	*%red*	*Fit.*	T	*% clas*	*%red*	*Fit.*	T
Partición 1	64,94	100,00	71,95	67624,10	75,00	47,22	69,44	58344,18	81,43	31,82	71,51	47225,60
Partición 2	72,08	62,50	70,16	68234,58	84,38	40,28	75,56	60198,34	88,57	47,73	80,40	44495,45
Partición 3	66,88	62,50	66,01	66636,67	79,69	51,39	74,03	60046,18	92,86	40,91	82,47	46570,37
Partición 4	68,83	75,00	70,06	65082,06	71,88	31,94	63,89	62988,75	80,00	45,45	73,09	45035,53
Partición 5	69,08	75,00	70,26	65562,97	75,00	27,78	65,56	64643,33	78,26	56,82	73,97	45381,13
Media	**68,36**	**75,00**	**69,69**	**66628,08**	**77,19**	**39,72**	**69,69**	**61244,16**	**84,22**	**44,55**	**76,29**	**45741,61**

Tabla 5.5: Resultados obtenidos por el algoritmo AGG-CA en el problema del APC

	Diabetes				Ozone				Spectf-heart			
	% clas	*%red*	*Fit.*	T	*% clas*	*%red*	*Fit.*	T	*% clas*	*%red*	*Fit.*	T
Partición 1	67,53	62,50	66,53	66861,70	79,69	25,00	68,75	70162,63	85,71	34,09	75,39	52413,85
Partición 2	72,73	50,00	68,18	66893,50	84,38	29,17	73,33	67928,01	85,71	29,55	74,48	50162,91
Partición 3	66,23	62,50	65,49	69808,61	78,12	12,50	65,00	77051,15	90,00	36,36	79,27	48425,92
Partición 4	66,88	62,50	66,01	66769,95	68,75	23,61	59,72	68373,41	81,43	31,82	71,51	49341,40
Partición 5	69,08	75,00	70,26	67815,73	81,25	30,56	71,11	64904,95	84,06	45,45	76,34	48092,60
Media	**68,49**	**62,50**	**67,29**	**67629,90**	**78,44**	**24,17**	**67,58**	**69684,03**	**85,38**	**35,45**	**75,40**	**49687,33**

Tabla 5.6: Resultados obtenidos por el algoritmo AGE-BLX en el problema del APC

	Diabetes				Ozone				Spectf-heart			
	% clas	*%red*	*Fit.*	T	*% clas*	*%red*	*Fit.*	T	*% clas*	*%red*	*Fit.*	T
Partición 1	69,48	62,50	68,08	66436,06	78,12	34,72	69,44	61050,48	80,00	36,36	71,27	46170,54
Partición 2	66,23	62,50	65,49	64635,30	82,81	27,78	71,81	64331,82	84,29	63,64	80,16	42729,07
Partición 3	66,88	62,50	66,01	66446,11	78,12	22,22	66,94	65244,54	88,57	43,18	79,49	44471,10
Partición 4	62,34	75,00	64,87	66009,49	71,88	38,89	65,28	58826,31	87,14	52,27	80,17	43782,17
Partición 5	69,08	62,50	67,76	65933,24	78,12	26,39	67,78	63077,72	82,61	47,73	75,63	44253,21
Media	**66,80**	**65,00**	**66,44**	**65892,04**	**77,81**	**30,00**	**68,25**	**62506,18**	**84,52**	**48,64**	**77,34**	**44281,22**

Tabla 5.7: Resultados obtenidos por el algoritmo AGE-CA en el problema del APC

	Diabetes				Ozone				Spectf-heart			
	% clas	*%red*	*Fit.*	T	*% clas*	*%red*	*Fit.*	T	*% clas*	*%red*	*Fit.*	T
Partición 1	70,13	62,50	68,60	66690,44	76,56	34,72	68,19	64303,52	81,43	27,27	70,60	50030,63
Partición 2	67,53	62,50	66,53	66310,45	82,81	36,11	73,47	63667,43	84,29	36,36	74,70	45608,22
Partición 3	67,53	62,50	66,53	64733,53	75,00	41,67	68,33	61091,69	88,57	29,55	76,77	47161,53
Partición 4	71,43	50,00	67,14	66335,88	75,00	34,72	66,94	61681,80	87,14	38,64	77,44	46185,23
Partición 5	63,82	62,50	63,55	65304,78	78,12	27,78	68,06	69011,29	85,51	34,09	75,22	48545,27
Media	**68,09**	**60,00**	**66,47**	**65875,02**	**77,50**	**35,00**	**69,00**	**63951,15**	**85,39**	**33,18**	**74,95**	**47506,18**

Tabla 5.8: Resultados obtenidos por el algoritmo AM-(10,1.0) en el problema del APC

	Diabetes				Ozone				Spectf-heart			
	% clas	*%red*	*Fit.*	T	*% clas*	*%red*	*Fit.*	T	*% clas*	*%red*	*Fit.*	T
Partición 1	69,48	62,50	68,08	67287,05	78,12	38,89	70,28	64861,95	80,00	59,09	75,82	57566,96
Partición 2	66,88	62,50	66,01	67443,97	78,12	37,50	70,00	66971,14	77,14	70,45	75,81	56475,04
Partición 3	66,88	62,50	66,01	66287,79	81,25	43,06	73,61	63619,21	88,57	63,64	83,58	56626,21
Partición 4	62,34	75,00	64,87	67154,74	76,56	31,94	67,64	67504,84	84,29	70,45	81,52	58432,11
Partición 5	69,08	75,00	70,26	67459,99	76,56	44,44	70,14	64597,63	85,51	56,82	79,77	58570,08
Media	**66,93**	**67,50**	**67,05**	**67126,71**	**78,12**	**39,17**	**70,33**	**65510,95**	**83,10**	**64,09**	**79,30**	**57534,08**

Tabla 5.9: Resultados obtenidos por el algoritmo AM-(10,0.1) en el problema del APC

	Diabetes				Ozone				Spectf-heart			
	% clas	*%red*	*Fit.*	T	*% clas*	*%red*	*Fit.*	T	*% clas*	*%red*	*Fit.*	T
Partición 1	64,94	100,00	71,95	62059,87	84,38	51,39	77,78	60706,12	85,71	43,18	77,21	45605,43
Partición 2	65,58	62,50	64,97	65204,25	82,81	43,06	74,86	60536,43	85,71	59,09	80,39	43395,79
Partición 3	67,53	62,50	66,53	65394,06	82,81	54,17	77,08	57566,18	90,00	63,64	84,73	42908,73
Partición 4	67,53	62,50	66,53	66909,06	78,12	54,17	73,33	58128,68	80,00	63,64	76,73	42860,50
Partición 5	69,08	75,00	70,26	71135,69	84,38	56,94	78,89	57600,70	88,41	68,18	84,36	42946,13
Media	**66,93**	**72,50**	**68,05**	**66140,59**	**82,50**	**51,94**	**76,39**	**58907,62**	**85,97**	**59,55**	**80,68**	**43543,32**

Tabla 5.10: Resultados obtenidos por el algoritmo AM-(10,0.1mej) en el problema del APC

	Diabetes				Ozone				Spectf-heart			
	% clas	*%red*	*Fit.*	T	*% clas*	*%red*	*Fit.*	T	*% clas*	*%red*	*Fit.*	T
Partición 1	69,48	62,50	68,08	65851,35	79,69	38,89	71,53	61379,81	88,57	43,18	79,49	45780,58
Partición 2	66,23	62,50	65,49	65127,29	81,25	44,44	73,89	58269,31	92,86	50,00	84,29	44339,34
Partición 3	66,88	62,50	66,01	66503,40	82,81	52,78	76,81	57545,23	88,57	47,73	80,40	44966,22
Partición 4	69,48	62,50	68,08	66185,94	75,00	48,61	69,72	58730,42	81,43	70,45	79,23	43201,84
Partición 5	71,05	62,50	69,34	66631,62	81,25	56,94	76,39	57850,38	81,16	61,36	77,20	47762,71
Media	**68,63**	**62,50**	**67,40**	**66059,92**	**80,00**	**48,33**	**73,67**	**58755,03**	**86,52**	**54,55**	**80,12**	**45210,14**

Tabla 5.11: Resultados globales en el problema del APC

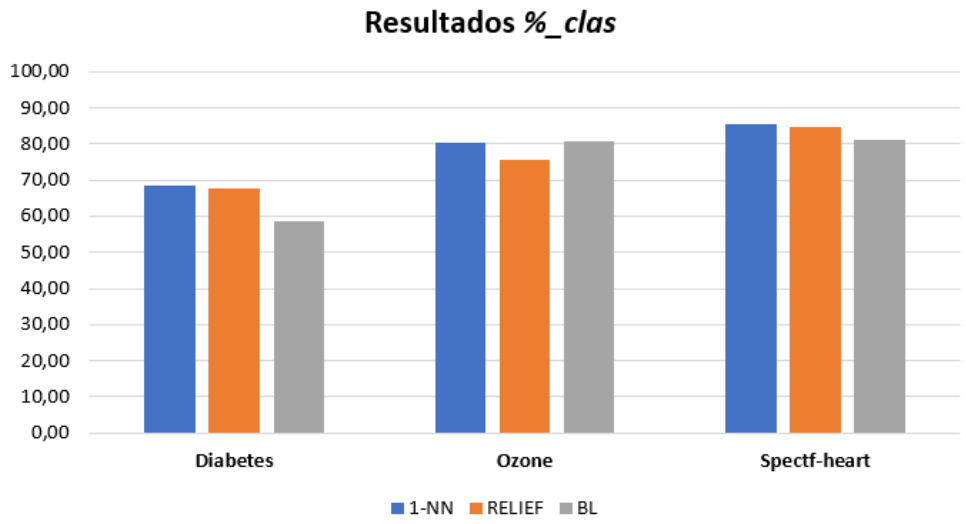
	Diabetes				Ozone				Spectf-heart			
	% clas	*%red*	*Fit.*	T	*% clas*	*%red*	*Fit.*	T	*% clas*	*%red*	*Fit.*	T
1-NN	68,36	0,00	54,69	1,09	80,31	0,00	64,25	1,26	85,38	0,00	68,31	1,06
RELIEF	67,71	5,00	55,17	9,78	75,62	6,94	61,89	5,29	84,51	24,09	72,43	4,00
BL	58,61	45,00	55,89	1028,35	80,62	12,50	67,00	7112,98	81,08	20,91	69,05	3088,19
AGG-BLX	68,36	75,00	**69,69**	66628,08	77,19	39,72	69,69	61244,16	84,22	44,55	76,29	45741,61
AGG-CA	68,49	62,50	67,29	67629,90	78,44	24,17	67,58	69684,03	85,38	35,45	75,40	49687,33
AGE-BLX	66,80	65,00	66,44	65892,04	77,81	30,00	68,25	62506,18	84,52	48,64	77,34	44281,22
AGE-CA	68,09	60,00	66,47	65875,02	77,50	35,00	69,00	63951,15	85,39	33,18	74,95	47506,18
AM-(10,1.0)	66,93	67,50	67,05	67126,71	78,12	39,17	70,33	65510,95	83,10	64,09	79,30	57534,08
AM-(10,0.1)	66,93	72,50	**68,05**	66140,59	82,50	51,94	**76,39**	58907,62	85,97	59,55	**80,68**	43543,32
AM-(10,0.1mej)	68,63	62,50	67,40	66059,92	80,00	48,33	**73,67**	58755,03	86,52	54,55	**80,12**	45210,14

En la tabla 5.11, donde se recogen los resultados globales de la ejecución de los diferentes algoritmos para cada conjunto de datos, se destaca en **rojo**, para cada conjunto de datos, el **mejor valor de fitness** obtenido de entre todos los algoritmos, y de igual forma, se destaca en **azul** el **segundo mejor valor de fitness**.

5.2. Análisis de los Resultados Obtenidos (Práctica 1)

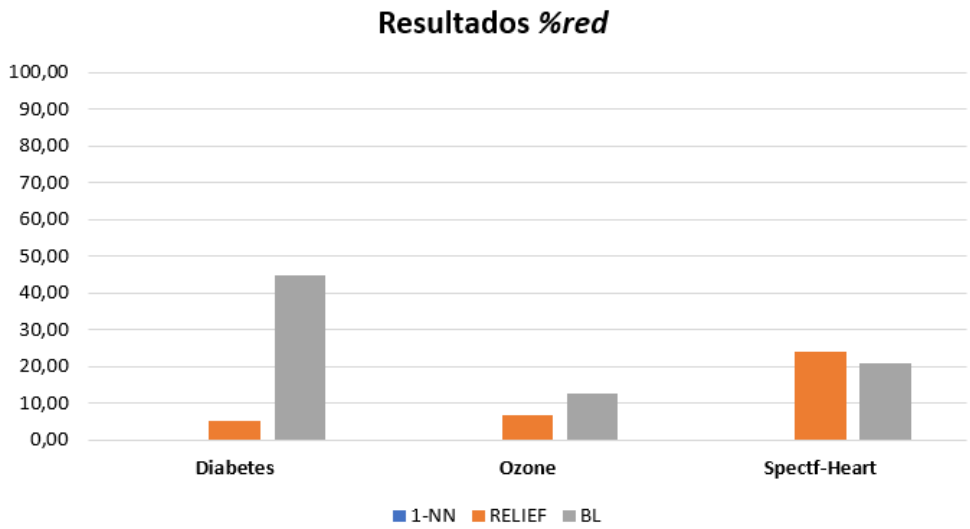
Vamos a comparar los diferentes resultados obtenidos por los diferentes algoritmos para cada conjunto de datos. Vamos a ir columna por columna (primero comparamos la tasa de clasificación media, luego la tasa reducción, después el fitness y finalmente el tiempo de ejecución).

- **Tasa de clasificación:**



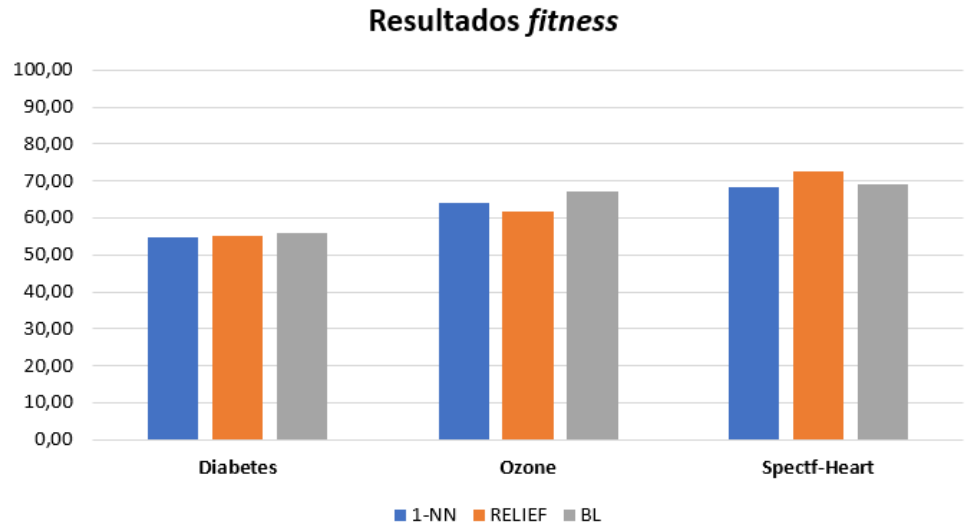
Observamos que, por lo general, la tasa de clasificación media obtenido por los tres algoritmos en cada conjunto de datos es muy **similar** (excepto en el algoritmo Greedy RELIEF para el conjunto de datos *diabetes*, la cual es notablemente inferior al resto).

- **Tasa de reducción:**



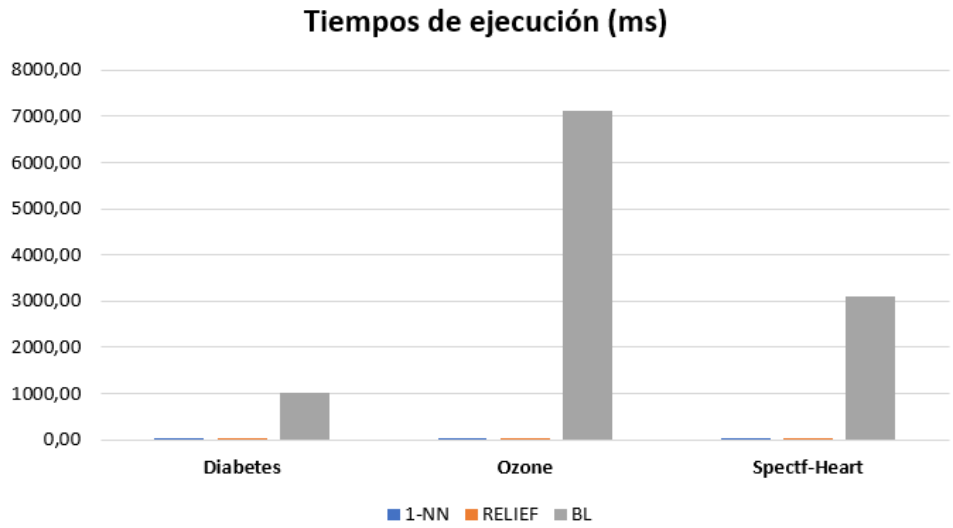
Vemos que se obtienen resultados esperados. Excepto en el conjunto de datos *spectf-heart* (donde la tasa de reducción media obtenida por el algoritmo Greedy RELIEF es ligeramente superior a la obtenida por el algoritmo de Búsqueda Local), en los otros dos conjuntos de datos **es superior la obtenida por el algoritmo de Búsqueda Local.**

- **Fitness:**



Se puede observar que, excepto en el conjunto de datos *spectf-heart*, el **algoritmo de Búsqueda Local nos proporciona mejores resultados medios de fitness** para los diferentes conjuntos de datos. Esto se debe en gran parte, como hemos visto anteriormente, a la mayor tasa de reducción que nos proporciona este algoritmo con respecto a los otros.

- **Tiempo de ejecución:**

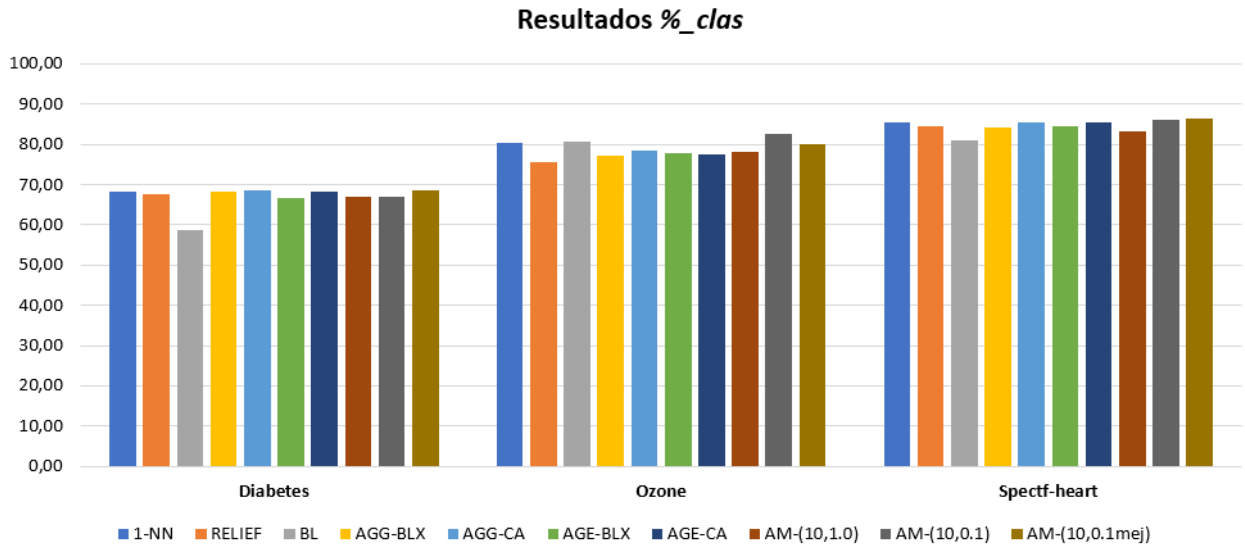


Se puede ver fácilmente que el **algoritmo de Búsqueda Local tarda de media muchísimo más** en ejecutarse con respecto a los otros algoritmos. Este es uno de los mayores inconvenientes que observamos en la Búsqueda Local, ya que, aunque nos proporcione datos muy buenos, el tiempo de ejecución puede llegar a ser desmesurado si tratamos con conjuntos de datos mucho más grandes de los que tenemos.

5.3. Análisis de los Resultados Obtenidos (Práctica 2)

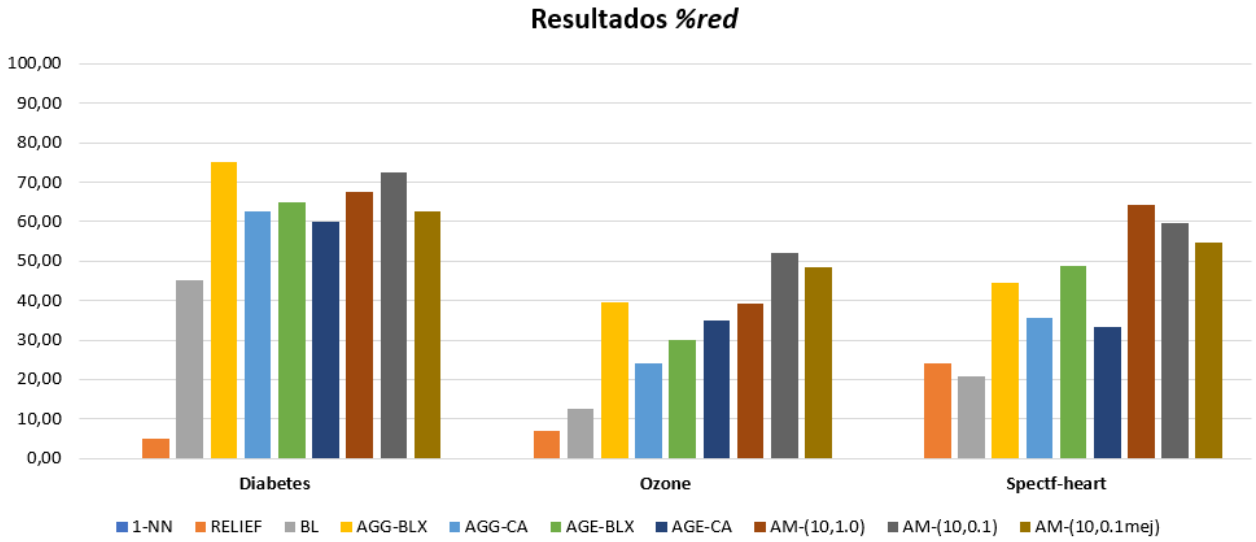
De igual manera que hicimos en la práctica 1, vamos a comparar los diferentes resultados obtenidos por los diferentes algoritmos para cada conjunto de datos. Vamos a ir columna por columna (primero comparamos la tasa de clasificación media, luego la tasa reducción, después el fitness y finalmente el tiempo de ejecución).

- **Tasa de clasificación:**



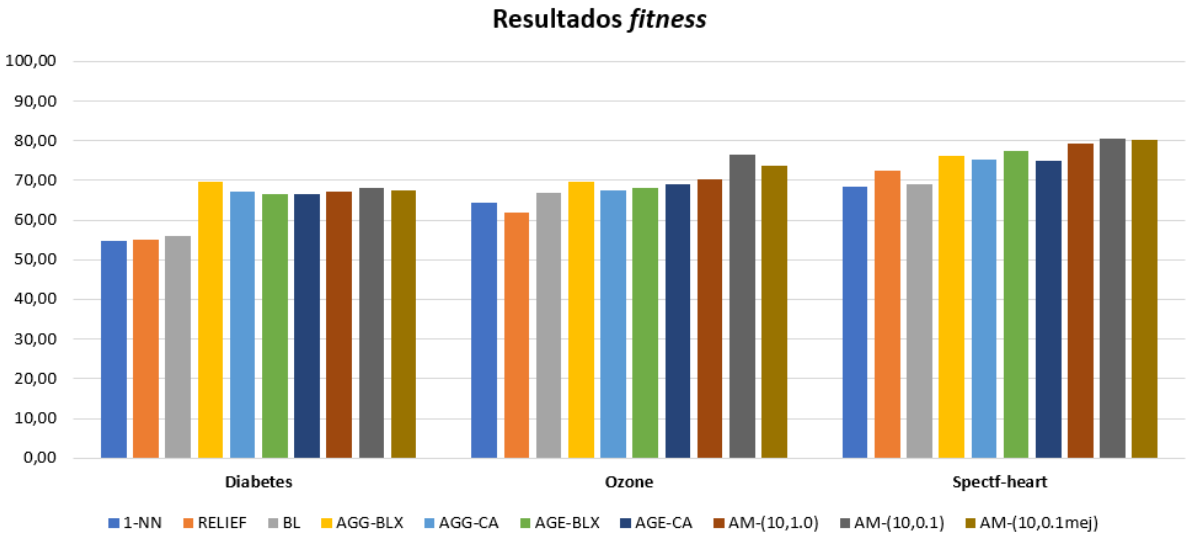
Observamos que, por lo general, la tasa de clasificación media obtenido por los diferentes algoritmos en cada conjunto de datos es muy **similar**. No hay gran mejora con respecto al algoritmo Greedy RELIEF o el algoritmo de Búsqueda Local implementados en la primera práctica (en algunos casos, incluso empeora). Podría destacarse que los **algoritmos meméticos** (en especial, **AM-(10,0.1)**) suelen ser mejores (o iguales como mínimo) que el resto.

- **Tasa de reducción:**



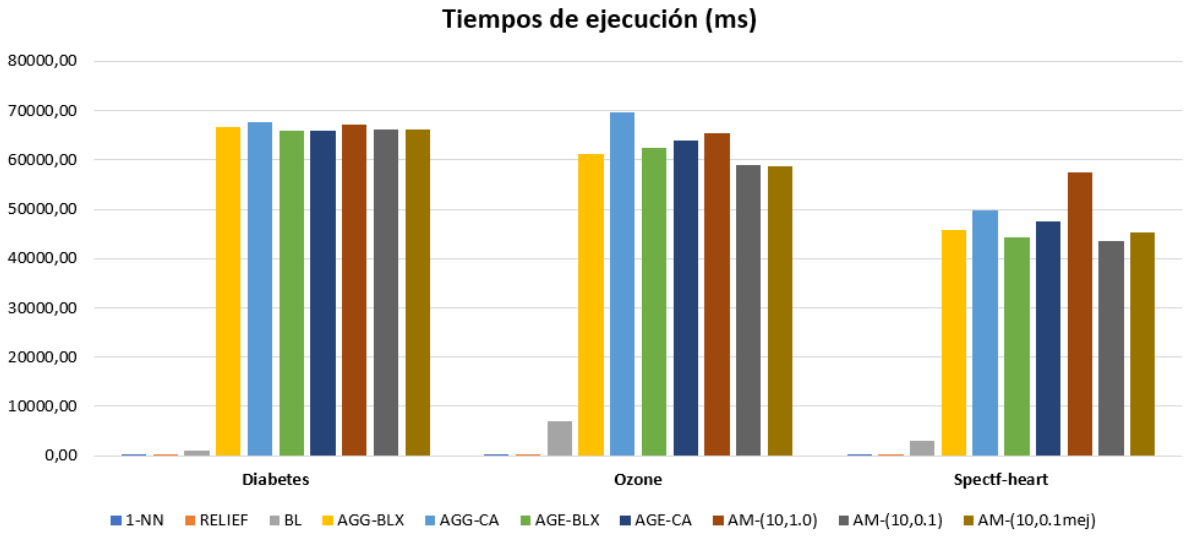
Con respecto a la tasa de reducción media obtenido por los diferentes algoritmos en cada conjunto de datos, sí que observamos variaciones de un algoritmo a otro. Para el conjunto de datos *diabetes*, es el algoritmo **AGG-BLX** el que tiene una mayor tasa de reducción mientras que para los conjuntos de datos *ozone* y *spectf-heart* son los **algoritmos meméticos** los que muestran un mayor valor de dicha tasa. Lo que se observa claramente es que todos los algoritmos implementados en esta segunda práctica superan a los de la primera práctica con respecto al valor de la tasa de reducción.

- **Fitness:**



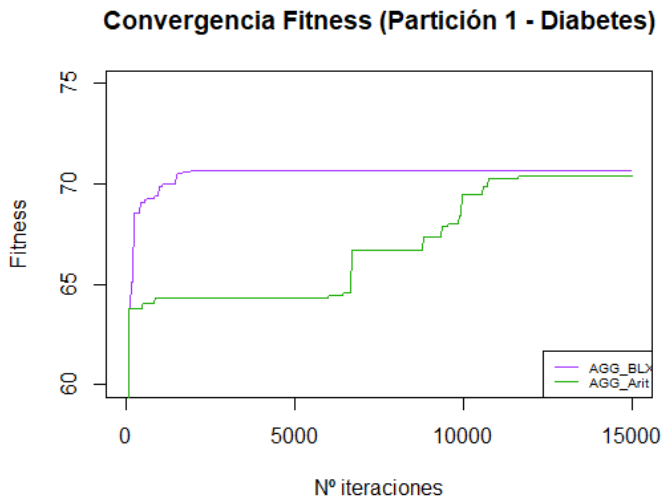
Se puede observar que, por lo general, los algoritmos desarrollados en esta segunda práctica ofrecen un mayor fitness con respecto a los de la primera práctica. También observamos que, para el conjunto de datos *diabetes*, es el algoritmo **AGG-BLX** el que tiene un mayor fitness mientras que para los conjuntos de datos *ozone* y *spectf-heart* son los algoritmos meméticos los que muestran un mayor fitness, en especial, el algoritmo **AM-(10,0.1)**. Esto último se debe en gran parte, como hemos visto anteriormente, a la mayor tasa de reducción que nos proporcionan estos dos algoritmos con su respectivo conjunto de datos donde destacan.

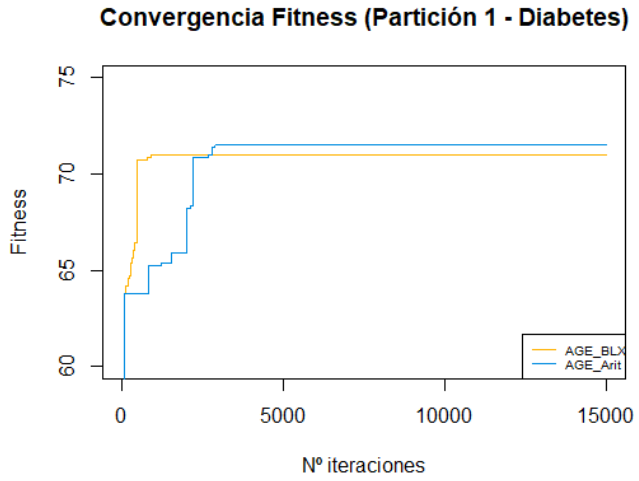
- **Tiempo de ejecución:**

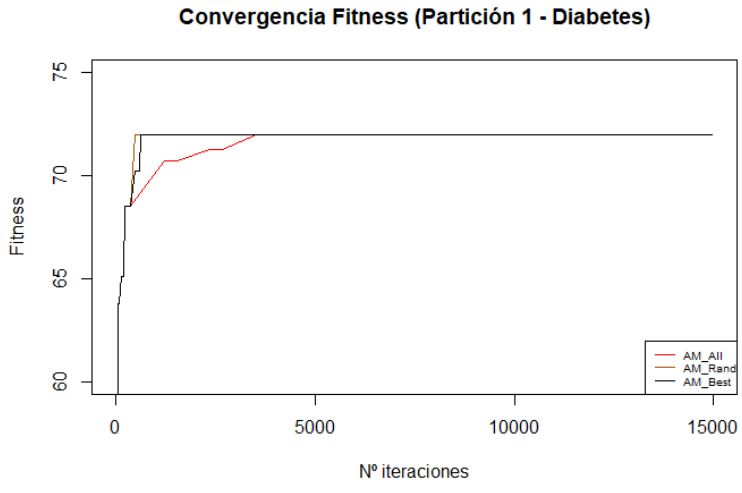


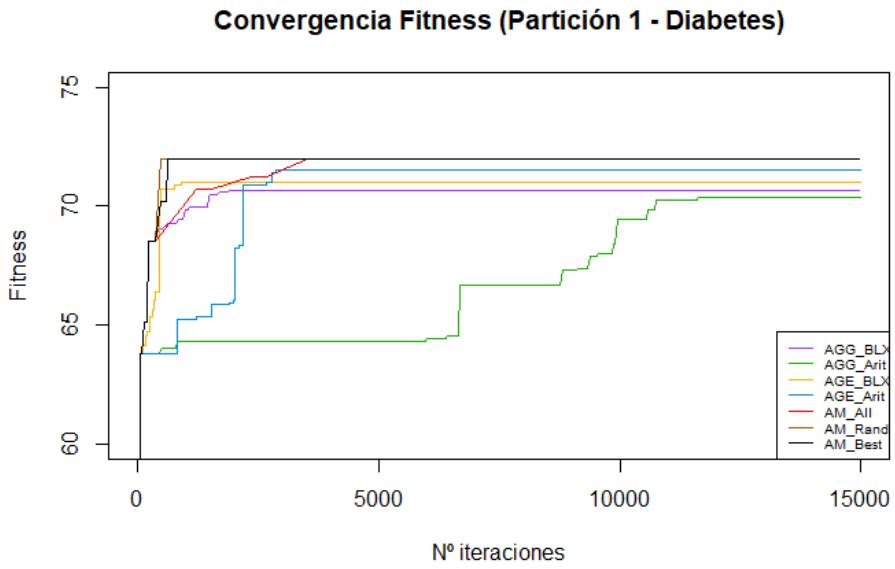
Se puede ver fácilmente que **los algoritmos desarrollados en esta segunda práctica tardan mucho más que los de la primera práctica**. Cabe destacar también que, entre los algoritmos de esta segunda práctica, **AM(10,0.1)** y **AM(10,0.1mej)** son los que ofrecen un menor tiempo de ejecución (aunque tampoco una diferencia exagerada).

- **Convergencia:**









Se ha decidido hacer también un análisis comparativo de la velocidad de convergencia de los diferentes algoritmos desarrollados en esta segunda práctica para la primera partición del conjunto de datos *diabetes*. Para ello, se ha hecho uso de la librería *ofstream* de C++ para realizar salida de datos (num_iteraciones y fitness concretamente a un fichero .txt) y, tras tener los ficheros de datos, hemos realizado un script en el lenguaje de programación R para obtener las diferentes gráficas (el código de este script se encuentra en la próxima imagen).

A primera vista, en la última gráfica de convergencia que recoge a todos los algoritmos de esta segunda práctica, se puede observar que el algoritmo **AGG-CA es el que más tarda en converger** de todos, y detrás de él le sigue el algoritmo AM_All pero este si está un poco más igualado con respecto al resto de algoritmos. Lo que es claro es que **AM-(10,0.1) es el que converge más rápido** de todos, seguido de AM-(10,0.mej) (dando estos dos algoritmos los mejores fitness para esa partición con respecto al resto).

```r
# Leer archivo de texto
datosAGG_BLX <- read.table("convergenciaAGG_BLX.txt", header = FALSE, col.names = c("x", "y"), sep = " ")
datosAGG_Arit <- read.table("convergenciaAGG_Arit.txt", header = FALSE, col.names = c("x", "y"), sep = " ")

datosAGE_BLX <- read.table("convergenciaAGE_BLX.txt", header = FALSE, col.names = c("x", "y"), sep = " ")
datosAGE_Arit <- read.table("convergenciaAGE_Arit.txt", header = FALSE, col.names = c("x", "y"), sep = " ")

datosAM_All <- read.table("convergenciaAM_All.txt", header = FALSE, col.names = c("x", "y"), sep = " ")
datosAM_Rand <- read.table("convergenciaAM_Rand.txt", header = FALSE, col.names = c("x", "y"), sep = " ")
datosAM_Best <- read.table("convergenciaAM_Best.txt", header = FALSE, col.names = c("x", "y"), sep = " ")

# Crear gráfico
plot(datosAGG_BLX$x, datosAGG_BLX$y, type = "l",
     xlim = c(0, 15000), ylim = c(60, 75),
     xlab = "Nº iteraciones", ylab = "Fitness",
     main = "Convergencia Fitness (Partición 1 - Diabetes)",
     col = rgb(168, 51, 255, maxColorValue = 255))

lines(datosAGG_Arit$x, datosAGG_Arit$y, type = "l",
      col = rgb(30, 174, 8, maxColorValue = 255))


lines(datosAGE_BLX$x, datosAGE_BLX$y, type = "l",
      col = rgb(255, 178, 0, maxColorValue = 255))

lines(datosAGE_Arit$x, datosAGE_Arit$y, type = "l",
      col = rgb(0, 140, 225, maxColorValue = 255))

lines(datosAM_All$x, datosAM_All$y, type = "l",
      col = rgb(240, 0, 0, maxColorValue = 255))

lines(datosAM_Rand$x, datosAM_Rand$y, type = "l",
      col = rgb(166, 86, 0, maxColorValue = 255))

lines(datosAM_Best$x, datosAM_Best$y, type = "l",
      col = rgb(0, 0, 0, maxColorValue = 255))

# Agregar leyenda al gráfico
legend("bottomright",
       legend = c("AGG_BLX", "AGG_Arit", "AGE_BLX", "AGE_Arit", "AM_All", "AM_Rand", "AM_Best"),
       col = c(rgb(168, 51, 255, maxColorValue = 255),
               rgb(30, 174, 8, maxColorValue = 255),
               rgb(255, 178, 0, maxColorValue = 255),
               rgb(0, 140, 225, maxColorValue = 255),
               rgb(240, 0, 0, maxColorValue = 255),
               rgb(166, 86, 0, maxColorValue = 255),
               rgb(0, 0, 0, maxColorValue = 255)),
       lty = 1,
       cex = 0.6)
```

5.4. Conclusiones (Práctica 1)

En general, la **Búsqueda Local** nos proporciona mejores resultados (aunque sean óptimos locales, los resultados son suficientemente buenos) en comparación con los otros algoritmos debido a su gran tasa de reducción, pero a cambio de tener un tiempo de ejecución mucho mayor con respecto a los otros algoritmos (aunque siguen siendo tiempos de ejecución viables). Si tuviésemos que reducir el número de características sin importar si la ejecución tarda más (sin llegar a ser un tiempo desmesurado), la mejor opción sería la Búsqueda Local. Sin embargo, si tuviésemos un conjunto de datos muy grande en el que no sea muy necesario la reducción de características, no elegiría la Búsqueda Local por su gran tiempo de ejecución.

Con respecto al **algoritmo Greedy RELIEF**, podemos observar que el fitness que proporciona es muy similar con respecto al proporcionado por el clasificador 1-NN para el conjunto de datos *diabetes* e incluso peor con respecto al del clasificador 1-NN para el conjunto de datos *ozone* (al ser un algoritmo voraz, no está garantizada siempre una mejor solución). Sin embargo, para el conjunto de datos de *spectf-heart*, este produce una gran mejora del fitness con respecto al clasificador 1-NN. Al permitir que la tasa de reducción no sea 0 (lo cual es lo que hace que varíe con respecto al clasificador 1-NN, donde la tasa de reducción siempre es 0), podemos aumentar la simplicidad (aunque no tanto como con la Búsqueda Local) y, por tanto, mejorar el valor de la función objetivo. Una de las grandes ventajas de este algoritmo, como se puede observar es que su tiempo de ejecución es ínfimo (similar al del clasificador 1-NN).

En conclusión, el algoritmo Greedy RELIEF nos proporciona resultados similares o ligeramente superiores a los del clasificador 1-NN y su tiempo de ejecución es ínfimo (parecido al del clasificador 1-NN), mientras que el algoritmo de Búsqueda Local nos proporciona destacablemente resultados mejores con respecto al clasificador 1-NN y al Greedy RELIEF pero una de sus grandes desventajas es el considerable aumento que produce del tiempo de ejecución.

5.5. Conclusiones (Práctica 2)

En primer lugar, con respecto a los **algoritmos genéticos generacionales**, observamos que el **AGG-CA es un poco peor que el AGG-BLX** (tampoco hay una gran diferencia). Es posible que esto sea así porque el cruce BLX introduce capacidad de exploración de las soluciones y porque el cruce aritmético es determinista, mientras que el cruce BLX tiene un factor aleatorio que establece un equilibrio entre explotación y exploración, consiguiendo así una convergencia más rápida a soluciones mejores. En cuanto a la comparación con el algoritmo de búsqueda local de la primera práctica, vemos que ambos proporcionan mejores resultados de fitness a cambio de tardar entre 6 y 8 veces más que la búsqueda local.

En segundo lugar, con respecto a los **algoritmos genéticos estacionarios**, observamos que el **AGE-BLX y el AGE-CA ofrecen resultados similares (destacando AGE-BLX un poco más con respecto a AGE-CA** en el conjunto de datos *spectf-heart*). Observamos también que el fitness dado por AGE-CA es muy similar al de AGG-CA, mientras que, en líneas generales, el fitness de AGG-BLX es ligeramente mayor al de AGE-BLX. En cualquier caso, en la implementación de los algoritmos estacionarios tenemos una probabilidad de mutación relativamente baja (al ser la población intermedia muy reducida), por lo que la diversidad introducida en la población está limitada. Esto hace que no se consiga mejorar mucho las soluciones y se observen largos períodos de estancamiento al converger prematuramente a óptimos locales. En este caso, el tiempo de ejecución es similar al de los algoritmos genéticos generacionales por lo que es mucho mayor con respecto al de la búsqueda loca, pero a cambio obtenemos una mejora significativa en el fitness.

En tercer lugar, **los algoritmos meméticos (en especial AM-(10,0.1)) ofrecen una mejora notable del fitness con respecto al resto de algoritmos considerados** (tanto los de esta segunda práctica como los de la anterior). Al hibridar un algoritmo genético con alta capacidad de exploración, como es el AGG-BLX, con un algoritmo que explota muchas soluciones, como es la búsqueda local, conseguimos una rápida convergencia inicial, con capacidad de mejorar las soluciones y escapar de óptimos locales. El hecho de emplear una búsqueda local de baja intensidad hace que el tiempo de ejecución de estos algoritmos sea incluso un poco inferior al de los algoritmos genéticos. Un detalle a observar es que las soluciones para AM-(10,0.1) y AM-(10,0.1mej) se estancan muy rápido, por debajo de las 2500 iteraciones. Probablemente esto sea así por las iteraciones de la búsqueda local de baja intensidad que no conducen a mejora, por lo que podría pensarse en un criterio de parada alternativo de la búsqueda local que contemple estas situaciones y consiga disminuir el tiempo de ejecución de los algoritmos. Entre los tres algoritmos meméticos, cabe destacar **AM-(10,0.1)** por tener, en general, un menor tiempo de ejecución y ofrecer un mayor valor de fitness.

En conclusión, si hubiera que elegir un solo algoritmos de entre todos, la elección más razonable sería AM-(10,0.1) para nuestra situación. Por lo general, los algoritmos meméticos mejoran a los genéticos (ya que los meméticos se basan en los genéticos añadiendo búsqueda local), pero nunca podemos dar las cosas por hecho ya que hay muchos factores a tener en cuenta (como son el sesgo que puedan tener los conjuntos de datos, la semilla utilizada, etc.). Sí parece preferible usar estos algoritmos con respecto a los de la primera práctica, ya que aunque aumente el tiempo de ejecución de forma considerable, los valores de fitness mejoran notablemente.