

```

mirror_mod.use_x = False
mirror_mod.use_y = True
mirror_mod.use_z = False
elif operation == "MIRROR_Z":
    mirror_mod.use_x = False
    mirror_mod.use_y = False
    mirror_mod.use_z = True

#selection at the end --add back the deselected mirror modifier
mirror_ob.select= 1
modifier_ob.select=1
bpy.context.scene.objects.active = modifier_ob
print("Selected" + str(modifier_ob)) # modifier ob is the active ob

```

**Grupo A:**  
Adrián Racero Serrano  
Santiago Ponce Arrocha  
Carlos Velasco Hurtado  
Juan Manuel Cardeñosa Borrego

```

public static Cromosoma crossover(Cromosoma c1, Cromosoma c2) {
    Cromosoma hijo = new Cromosoma(); //hijo fruto del cruce de c1 y c2
    Random r = new Random();

    int puntoCruce = r.nextInt(SIZE - 1) + 1; //seleccionamos de forma aleatoria el punto de cruce (entre 1 y 8)

    //Copiamos la primera parte de c1
    for (int i = 0; i < puntoCruce; i++) {
        for (Tupla t : c1.cromosoma[i]) {
            hijo.addValue(i, t.pos, t.value);
        }
    }

    //Copiamos la segunda parte de c2
    for (int i = puntoCruce; i < SIZE; i++) {
        for (Tupla t : c2.cromosoma[i]) {
            hijo.addValue(i, t.pos, t.value);
        }
    }

    return hijo;
}

```

Crossover

Objetivo del mutar: intercambiar los valores dentro del cromosoma (de forma aleatoria, no las posiciones).  
Si intercambio posición: al mostrar cromosoma, los valores quedan desordenados.

```
public static Cromosoma mutate(Cromosoma c) {  
    Cromosoma mutant = new Cromosoma(c); //cromosoma fruto de la mutacion de c  
    Random r = new Random();  
  
    int whereToMutate = r.nextInt(SIZE); //en que parte del cromosoma se va a mutar (entre 0 y 8)  
    int portionSize = c.cromosoma[whereToMutate].size(); //longitud de la porcion del cromosoma  
  
    if (portionSize > 1) { Necesito como mínimo 2 valores para mutar  
        int posicion1, posicion2;  
        do {  
            posicion1 = r.nextInt(portionSize);  
            posicion2 = r.nextInt(portionSize);  
        } while (posicion1 == posicion2);  
  
        Tupla t1 = mutant.cromosoma[whereToMutate].get(posicion1); //variable auxiliar para el intercambio  
        Tupla t2 = mutant.cromosoma[whereToMutate].get(posicion2); //variable auxiliar para el intercambio  
        mutant.cromosoma[whereToMutate].set(posicion1, new Tupla(t1.pos, t2.value)); //intercambiamos los valores de posicion1 con posicion2 (queremos  
        mutant.cromosoma[whereToMutate].set(posicion2, new Tupla(t2.pos, t1.value)); //intercambiamos los valores de posicion2 con posicion1  
    }  
  
    return mutant;  
}
```

# Mutate

# Fitness

```
public int fitness(Cromosoma c){
    int valoresUnicos = 0; //Contador de valores unicos

    //Contamos valores unicos en las columnas
    for (int i = 0; i < SIDE; i++) {
        ArrayList<Integer> numeros = new ArrayList<>();
        for (int j = 0; j < SIDE; j++) {
            int n = tablero[j][i];
            if(n == 0){ //Si n vale 0, miramos al cromosoma
                n = c.getValue(j,i);
            }
            if(!numeros.contains(n)){ //si no hemos guardado ese valor previamente, es unico
                numeros.add(n);
                valoresUnicos++;
            }
        }
    }

    //Contamos para los cuadrados
    //Iterar sobre los cuadrados
    for (int i = 0; i < SIDE; i+=3) {
        for (int j = 0; j < SIDE; j+=3) {

            //Iteramos dentro de cada cuadrado 3x3
            ArrayList<Integer> numeros = new ArrayList<>();
            for (int k = i; k < i + 3; k++) {
                for (int l = j; l < j + 3; l++) {
                    int n = tablero[k][l];
                    if(n == 0){ //Si n vale 0, miramos al cromosoma
                        n = c.getValue(k,l);
                    }
                    if(!numeros.contains(n)){ //si no hemos guardado ese valor previamente, es unico
                        numeros.add(n);
                        valoresUnicos++;
                    }
                }
            }
        }
    }

    //Devolvemos los valores unicos que hemos contado
    return valoresUnicos;
}
```



# Solve

```
public void solve(){
    ArrayList<Cromosoma> population = new ArrayList<>(poblacionInicial);
    ArrayList<Cromosoma> population2 = new ArrayList<>();
    Cromosoma bestIndividual = bestFitness(population);
    int timer = 0;
    System.out.println(fitnessMedio(population) + " " + fitness(bestIndividual));

    while(fitness(bestIndividual) != MAXFITNESS && timer<100000) {
        for (int i = 0; i < population.size(); i++) {
            Cromosoma primero, segundo;
            Random r = new Random();
            int size;
            Set<Integer> set;
            int probabilidadMutar; //numero entre el 0 y el 100
            if(fitness(bestIndividual) >= 156){
                size = 8;
                probabilidadMutar = 80;
            } else {
                size = 4;
                probabilidadMutar = 30;
            }

            set = new HashSet<>();
            while(set.size() < size){
                set.add(r.nextInt(population.size()));
            }
        }
    }
}
```

```
ArrayList<Cromosoma> competicion = new ArrayList<>();
for (Integer n : set) {
    competicion.add(population.get(n));
}
primero = bestFitness(competicion);
competicion.remove(primero);
segundo = bestFitness(competicion);

Cromosoma hijo = Cromosoma.crossover(primero, segundo);

if(r.nextInt(bound:100) < probabilidadMutar){
    hijo = Cromosoma.mutate(hijo);
}
population2.add(hijo);
}

population = new ArrayList<>(population2);
population2 = new ArrayList<>();
bestIndividual = bestFitness(population);
timer++;
System.out.println(fitnessMedio(population) + " " + fitness(bestIndividual));
}

if(fitness(bestIndividual) == MAXFITNESS){
    resuelto = true;
}

reconstructSudoku(bestIndividual);
}
```

# Problemas surgidos

El algoritmo genético resultaba muy lento antes de implementar la estrategia de competición y de cambiar el parámetro para la probabilidad de mutar. Sigue resultando lento para sudokus complejos, pero los sencillos los resuelve rápidamente.

# Conclusión

Es una práctica muy interesante, la cual nos ha permitido entender cómo funcionan más a fondo los algoritmos genéticos, tanto sus ventajas (adaptables a muchos problemas, en algunos casos son eficientes, ...) como sus desventajas (puede no encontrar la solución óptima, para problemas complejos puede tardar mucho, ...).

**PARTE VOLUNTARIA**



Fitness medio y del mejor individuo a lo largo de las iteraciones

