



UNIVERSIDAD
DE GRANADA

METAHEURÍSTICA

Práctica Final

Uso de una distinta Metaheurística

Lukas Häring García

Tabla de Contenidos

1. Introducción
2. Descripción de los algoritmos
 - a. Esquema General
 - b. Búsqueda Global
 - c. Búsqueda Local
 - d. Pseudo Simplex Method
3. Análisis de los resultados
4. Bibliografía



[Image Source](#)

Tabla de Contenidos

1. **Introducción**
2. Descripción de los algoritmos
 - a. Esquema General
 - b. Búsqueda Global
 - c. Búsqueda Local
 - d. Pseudo Simplex Method
3. Análisis de los resultados
4. Bibliografía



[Image Source](#)

Introducción

Dentro de la organización de algoritmos, se ha elegido la colección de **Inteligencia de Enjambres** (SI), introducido por Gerardo Beni y Jing Wan en 1989, estos algoritmos están basados en comportamientos colectivos descentralizados y auto-organizados.

En particular, el algoritmo elegido dentro de esta colección es el **Sistema de Abejas de 1997**, desarrollado en la Universidad de Keiō por dos investigadores, Tomoya Sato y Masafumi Hagiwara del departamento de Ingeniería Eléctrica, inspirándose en el comportamiento colectivo de las abejas.

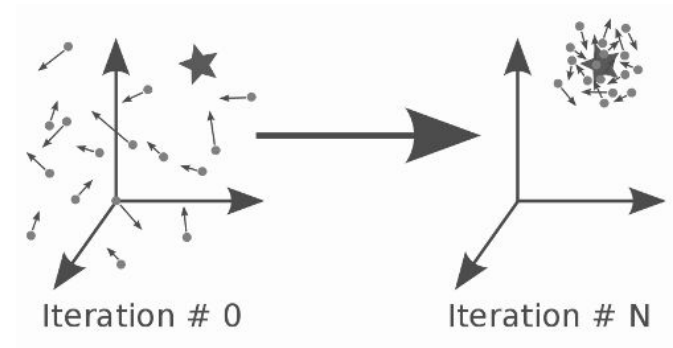


Tabla de Contenidos

1. Introducción
2. **Descripción de los algoritmos**
 - a. **Esquema General**
 - b. Búsqueda Global
 - c. Búsqueda Local
 - d. Pseudo Simplex Method
3. Análisis de los resultados
4. Bibliografía



[Image Source](#)

Esquema General

El algoritmo hace uso de una búsqueda global inicial, de éste, tomará “n” cromosomas superiores, se considerará un cromosoma superior a otro si no se ha encontrado otro mejor en un número prefijado de iteraciones.

Los cromosomas superiores serán utilizados para la generación inicial utilizada en la búsqueda local. Para cada iteración de la búsqueda local, el algoritmo permite migrar individuos de a otras poblaciones.

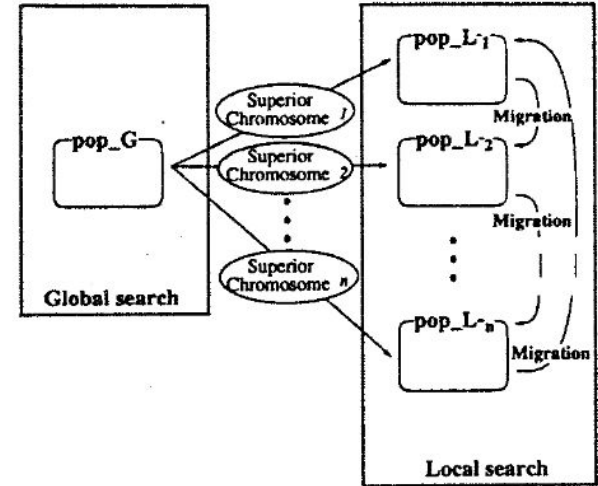


Tabla de Contenidos

1. Introducción
2. **Descripción de los algoritmos**
 - a. Esquema General
 - b. **Búsqueda Global**
 - c. Búsqueda Local
 - d. Pseudo Simplex Method
3. Análisis de los resultados
4. Bibliografía



[Image Source](#)

Búsqueda Global

Crearemos nuestra población actual, para cada iteración del algoritmo genético, tendremos un contador de veces que no ha mejorado desde la última modificación de nuestra población.

Este umbral es de **20 iteraciones** sin ser modificado, si es cierto, nos quedaremos el mejor cromosoma, este proceso lo realizaremos tantas veces como deseemos, el paper considera suficiente para sus problemas un número total de **tres** cromosomas superiores.

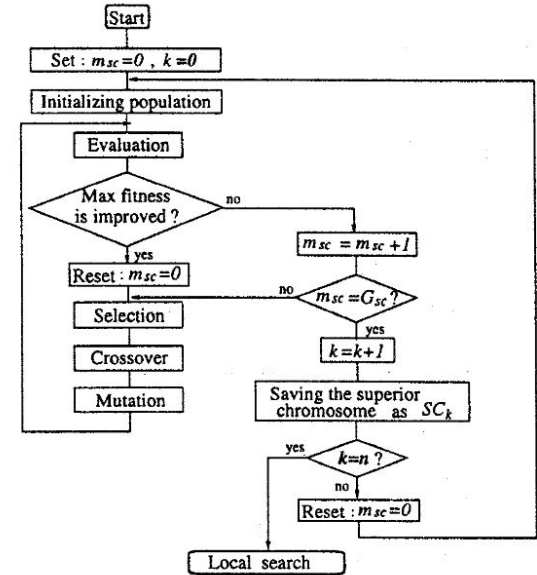


Tabla de Contenidos

1. Introducción
2. **Descripción de los algoritmos**
 - a. Esquema General
 - b. Búsqueda Global
 - c. **Búsqueda Local**
 - d. Pseudo Simplex Method
3. Análisis de los resultados
4. Bibliografía



[Image Source](#)

Búsqueda Local

Genera una población inicial y utiliza los cromosomas superiores obtenidos por la búsqueda global para cruzarlos entre estos, para cada población local k -ésima, utiliza el cromosoma superior k -ésimo y cruza todos los de la población con este, consiguiendo así elementos cercanos a dicho cromosoma superior.

Seguidamente, repetirá el mismo esquema evolutivo que el utilizado en el algoritmo global, aunque previamente, vamos a almacenar los tres mejores cromosomas los cuales serán utilizados para lo que ellos llaman “Pseudo Simplex Method”, que veremos posteriormente.

Una vez realizada la pasada por el esquema genético, tomaremos un elemento aleatorio que será transferido a otra población local.

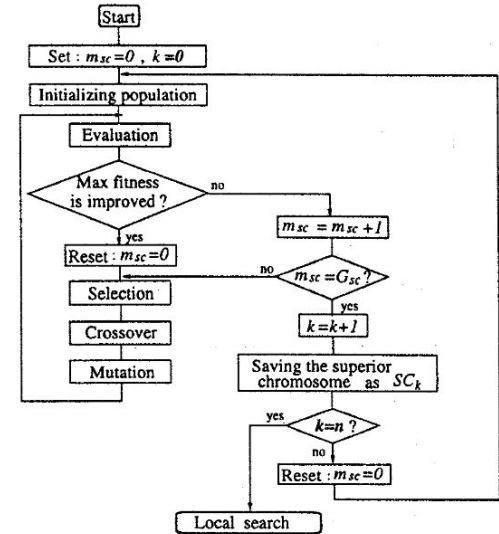


Tabla de Contenidos

1. Introducción
2. **Descripción de los algoritmos**
 - a. Esquema General
 - b. Búsqueda Global
 - c. Búsqueda Local
 - d. **Pseudo Simplex Method**
3. Análisis de los resultados
4. Bibliografía



[Image Source](#)

Pseudo-Simplex Method

Se crean 3 cromosomas X_1 X_{cont} X_{ref} a partir de los tres mejores cromosomas X_1 X_2 X_3 de la iteración pasada, aunque este algoritmo está creado para números reales, podemos llevarlo a los números naturales de forma sencilla. Cabe destacar que hace uso de dos pesos α , β .

$$X_o = \frac{X_1 + X_2}{2}$$

Se trata de una interpolación y una extrapolación,

$$X_{cont} = (1 - \beta)X_o + \beta X_3 \quad \text{si } \beta = \frac{1}{3} \Rightarrow \quad X_{cont} = \frac{X_1 + X_2 + X_3}{3}$$

$$X_{ref} = (1 + \alpha)X_o - \alpha X_3 \quad \text{si } \alpha = \frac{1}{3} \Rightarrow \quad X_{ref} = \frac{2(X_1 + X_2) - X_3}{3}$$

Nos aseguramos que el cromosoma resultante es correcto mapeando cada valor si sale fuera o realizando una corrección si algún cluster se queda vacío.

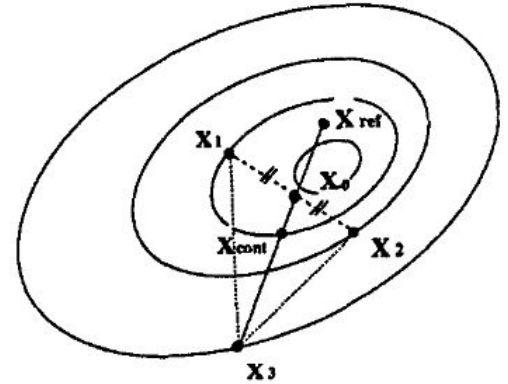


Tabla de Contenidos

1. Introducción
2. Descripción de los algoritmos
 - a. Esquema General
 - b. Búsqueda Global
 - c. Búsqueda Local
 - d. Pseudo Simplex Method
- 3. Análisis de los resultados**
4. Bibliografía




[Image Source](#)

Análisis de los resultados

Ofrece buenos resultados para los datasets sencillos, además las mejoras propuestas ayudan a que la convergencia sea monótonamente decreciente, por lo que podemos observar resultados óptimos para estos datasets.

Para los datasets más complejos, la convergencia es lenta por lo que 100.000 evaluaciones resultan pocas, pero se podría afirmar con rotundidad que este algoritmo es bueno y que en un número mayor de evaluaciones, resultaría en un mejor resultado.

10%	IRIS (k = 3)			
	<u>Tasa C</u>	<u>Tasa inf</u>	<u>Agr.</u>	<u>T</u>
<u>COPKM</u>	0.90	492.8	3.20	1.94s
BL 	0.67	0.00	0.67	3.04s (1556 its)
ES	0.67	0.00	0.67	111.14s
AGE-SF	0.67	0.00	0.67	218.00s
CA	0.68	12.80	0.76	247.07s
CA-M	0.67	0.00	0.67	240.59s


10%	<u>ECOLI (k = 8)</u>			
	<u>Tasa C</u>	<u>Tasa inf</u>	<u>Agr.</u>	<u>T</u>
<u>COPKM</u>	29.16	1452.00	68.11	251.01s
BL	23.35	63.20	25.04	250.48s (22994 its)
ES	22.56	32.80	23.44	888.41s
AGE-SF	27.93	502.40	34.47	1562.72s
CA	40.13	1974.00	93.09	1134.83s
CA-M 	38.44	1618.80	81.87	814.67s

Tabla de Contenidos

1. Introducción
2. Descripción de los algoritmos
 - a. Esquema General
 - b. Búsqueda Global
 - c. Búsqueda Local
 - d. Pseudo Simplex Method
3. Análisis de los resultados
4. **Bibliografía**



[Image Source](#)

Bibliografía

1. *S.Tomoya, M.Hagiwara. Bee System: Finding Solution by a Concentrated Search.* “In this paper we propose an improved genetic algorithm named Bee System. The concept of the Bee System comes from behavior of bees: first, a bee finds feed and then it notifies the information to the other many bees by dance to work together. In the proposed Bee System, each chromosome tries to find good solution individually...”. Source: <https://ieeexplore.ieee.org/document/633289>