

# Práctica 3

Algoritmos Genéticos para el  
Problema de la Asignación Cuadrática

AGG-POS • AGG-PMX • AGE-POS • AGG-PMX

**Mario Ruiz Calvo**  
**mariorc@correo.ugr.es**  
**33958755-Z**

**Grupo 2**  
**(J 17:30-19:30)**

*Curso 2014-2015*

## INDICE

1. Descripción del Problema.....	3
2. Componentes del algoritmo.....	3
3. Algoritmos BMB, GRASP e ILS...	6
4. Procedimiento.....	7
5. Análisis de resultados.....	9

# 1.Descripción del Problema

El problema de asignación cuadrática es un problema de optimización combinatoria.. En éste se trata de asignar N unidades a una cantidad N de localizaciones en donde se considera un costo asociado a cada una de las asignaciones. Este costo dependerá de las distancias y flujo entre las instalaciones. Por lo que el problema consiste en encontrar la asignación óptima de caada unidad a una localización. La función objetivo mide la bondad de una asignación, considerada el producto de la distancia entre cada par de localizaciones y el flujo que circula entre cada par de unidades.

## 2.Componentes de los algoritmos

- Esquema de representación: La solución se representa con un vector en forma de permutación  $\pi$  de tamaño n, donde los indices del vector corresponden a las unidades y el contenido a las distancias.
- Función objetivo:

$$\min_{\pi \in \Pi_N} \left( \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^n f_{ij} \cdot d_{\pi(i)\pi(j)} \right)$$

- Generación de soluciones aleatorias:

```

GenerarSolucionAleatoria(sol)
  Desde i=1 hasta n (tamaño del problema)
    Hacer
      r = rand(0,n)
      Mientras r este contenido en sol
        sol[i] = r
    Fin
  Fin

```

- Descripción del mecanismo de selección:

```

seleccion(poblacion,padres,npadres)
  Desde i=1 hasta npadres hacer
    j=rand(0,N_CROMOSOMAS)
    k=rand(0,N_CROMOSOMAS) (k distinto de j)
    Si ( coste(poblacion[j]) < coste(poblacion[k]) )
      padres[i]=poblacion[j]
    Sino
      padres[i]=poblacion[k]
  Fin
Fin

```

- Descripción del operador de cruce:

```

crucePosicion(padres,ncruces)
  Desde i=1 hasta ncrucres hacer
    Desde j=1 hasta n hacer
      Si padres[i*2][j] != padres[(i*2)+1][j]
        Insertar j en posiciones
        Insertar padres[i*2][j] en asignaciones
      FinSI
    Fin
  Mientras posiciones no sea vacio
    pos=rand(0,posiciones.size())
    padres[i*2][posiciones[pos]]=asignaciones[0]
    Eliminar posiciones[pos]
    Eliminar asignaciones[0]
  FinMientras
Fin

```

```

cruceOX(padres,npadres,ncruces,nsuubcadena)
  Inicial = (n/2) – (nsuubcadena/2)
  Desde i=1 hasta ncrucres hacer
    Desde j=1 hasta inicial hacer
      Insertar padres[i*2][j] en aux
    Desde j=inicial hasta inicial+nsuubcadena
      hijo[j]=padres[i*2][j]
    Desde j=inicial+nsuubcadena hasta n
      Insertar padres[i*2][j] en aux

    Desde j=1 hasta n
      Si padres[(i*2)+1][j] esta en aux
        Insertar padres[(i*2)+1][j] en aux2

    K=0
    Desde j=inicial+nsuubcadena hasta n
      hijo[j]=aux2[k]
      K++
    Desde j=1 hasta inicial
      hijo[j]=aux2[k]

    padres[i*2]=hijo

    Limpiar aux
    Limpiar aux2
  Fin
Fin

```

```

mutacion(padres,npadres,prob_mutacion)
    Desde i=1 hasta npadres
        p=rand(0,1)
        Si prob_mutacion<p
            GeneraVecinoAleatorio(padres[i])
    Fin
Fin

```

```

GeneraVecinoAleatorio(sol)
    r=rand(0,n)
    s=rand(0,n) (r distinto de s)
    intercambiar(sol[r],sol[s])
Fin

```

Para evitar generar muchos números aleatorios que después no se van a utilizar en el esquema generacional, se calcula previamente el número de mutaciones que se van a realizar como  $prob\_mutacion * n * N\_CROMOSOMAS$  y se mutan directamente.

```

mutacionG(padres,npadres,nmutaciones)
    Desde i=1 hasta nmutaciones
        p=rand(0,N_CROMOSOMAS) (p no repetido)
        GeneraVecinoAleatorio(padres[p])
    Fin
Fin

```

### 3. Algoritmos Genéticos

```

reemplazamientoG(poblacion,padres,mejor_sol)
    poblacion=padres
    Si Min(costes(padres)) == coste(mejor_sol)
        poblacion[Max(costes(padres))]=coste(mejor_sol)
Fin

```

```

reemplazamientoE(poblacion,padres,mejor_sol)
    ordenar(poblacion)
    Si padres[0] && padres[1] son menores que poblacion[n] y poblacion[n-1]
        Intercambiar(padres[0],poblacion[n])
        Intercambiar(padres[1],poblacion[n-1])
Fin

```

Se utilizará el mismo esquema para las cuatro versiones del algoritmo genético cambiando en cada caso el número de padres ha considerar, el operador de cruce (OX o Posicion) y el tipo de reemplazamiento.

```

esquemaGenetico(sol,coste, prob_cruce, prob_mutacion)
    Ncruces = prob_cruce*(N_CROMOSOMAS)/2
    Nmutaciones = prob_mutacion*n*N_CROMOSOMAS

    inicializar(poblacion,padres)
    evaluar(poblacion, costes_poblacion, sol, coste)

    Desde i=1 hasta 25000
        seleccion(poblacion,padres,npadres)
        cruce(padres,ncruces)
        mutacion(padres,npadres,prob_mutacion)
        reemplazamiento(poblacion,padres,mejor_sol)
        evaluar(poblacion, costes_poblacion, sol_l, coste_l)
        ActualizarMejorSolucion(sol, sol_l,coste,coste_l)
    FinDesde
Fin

```

## 4. Procedimiento para la práctica

Para el desarrollo de la práctica se ha partido de un código desde cero, siguiendo como referencia el código proporcionado en la plataforma DECSAI y en el pseudocódigo y explicación de los seminarios y las transparencias de teoría.

La práctica se organiza en las siguientes carpetas:

- bin: contiene los ficheros ejecutables
- data: contiene los ficheros .dat de donde se extraen los flujos y distancias.
- Include: contiene los ficheros .h
- lib: contiene las librerías con todos los ficheros objeto
- obj: contiene los ficheros objeto .o
- resultados: contiene las tablas con los resultados que se han obtenido para los distintos algoritmos y las desviaciones de tiempo y costo.
- Src: contiene el código fuente.

Además el directorio raíz contiene un fichero makefile para compilar los ejecutables y dos scripts con los que se obtienen los resultados en un formato fácil de trasladar a las tablas.

Ejecutando el fichero makefile se obtienen dos ejecutables: main y obtener\_resultados:

main: Ejecuta la búsqueda local primer mejor, la búsqueda multiarranque básica y la búsqueda local retroactiva, con una semilla fija (5555), mostrando el costo obtenido y el tiempo.

-modo de empleo (desde directorio practica2):

*./bin/main data/nombre\_del\_fichero.dat*

obtener\_resultado: Realiza una ejecución de un algoritmo pasado por parámetro con una semilla variable (también pasada como

parámetro) e imprime el coste y el tiempo de ejecución en un formato adecuado para la extracción de datos para las 20 instancias.

-modo de empleo (desde directorio practica2):

*./bin/obtener\_resultado id\_algoritmo semilla*

identificador de algoritmo:

- 0: greedy
- 1: búsqueda local primero mejor
- 2: BMB
- 3: GRASP
- 4: ILS

Ejecutando el script `obtener_resultado.ssh` se realizan 20 ejecuciones DE LAS 20 INSTANCIAS del algoritmo pasado por parámetro, cada una con diferente semilla. Se imprimen los resultados en un formato adecuado para recoger los datos en tablas.

-modo de empleo (desde directorio practica2):

*./obtener\_resultados.ssh id > resultados/nombre*



## 5. Análisis de resultados

Para obtener los resultados se ha realizado una única ejecución de las 20 instancias con semilla 5555.

Greedy					
Caso	Desv	Tiempo	Caso	Desv	Tiempo
<b>Chr20b</b>	342,82	0,000046	<b>Sko64</b>	18,39	0,000132
<b>Chr20c</b>	456,63	0,00003	<b>Sko72</b>	15,16	0,000161
<b>Chr22a</b>	130,31	0,000045	<b>Sko81</b>	15,11	0,000208
<b>Chr22b</b>	134,48	0,000034	<b>Sko90</b>	13,49	0,000278
<b>Els19</b>	124,42	0,000027	<b>Sko100a</b>	14,37	0,000185
<b>Esc32b</b>	140,48	0,00007	<b>Sko100b</b>	13	0,000207
<b>Kra30b</b>	28,04	0,000056	<b>Sko100c</b>	12,89	0,00018
<b>Lipa90b</b>	29,36	0,000422	<b>Sko100d</b>	14,07	0,000227
<b>Nug30</b>	21,69	0,00002	<b>Sko100e</b>	14,64	0,000178
<b>Sko56</b>	16,09	0,000104	<b>Wil50</b>	10,59	0,000056

AGGpos					
Caso	Desv	Tiempo	Caso	Desv	Tiempo
Chr20b	13,75	4,661348	Sko64	<b>2,16</b>	43,399052
Chr20c	49,38	4,741295	Sko72	2,16	54,73518
Chr22a	6,69	5,397944	Sko81	2,57	68,915314
Chr22b	<b>5,94</b>	5,569252	Sko90	<b>1,97</b>	90,476707
Els19	<b>0</b>	4,357876	Sko100a	<b>1,46</b>	104,445107
Esc32b	<b>9,52</b>	11,96969	Sko100b	<b>1,79</b>	104,601967
Kra30b	4,88	9,860563	Sko100c	2,74	104,687782
Lipa90b	<b>22,07</b>	84,647217	Sko100d	<b>2,05</b>	104,136032
Nug30	4,41	9,678495	Sko100e	<b>1,79</b>	104,032654
Sko56	2,98	33,489449	Wil50	1,45	27,716801

## AGGox

Caso	Desv	Tiempo	Caso	Desv	Tiempo
Chr20b	<b>5,92</b>	6,38619	Sko64	2,57	51,532604
Chr20c	35,17	6,464711	Sko72	2,27	64,776062
Chr22a	11,7	7,436623	Sko81	<b>2,48</b>	81,889687
Chr22b	9,78	7,391784	Sko90	2,67	100,524246
Els19	<b>0</b>	5,900079	Sko100a	1,64	124,15818
Esc32b	19,05	14,297687	Sko100b	2,35	122,646873
Kra30b	6,23	12,867749	Sko100c	<b>2,2</b>	122,631126
Lipa90b	22,08	100,360207	Sko100d	2,34	124,422592
Nug30	<b>2,02</b>	13,135749	Sko100e	1,98	123,881088
Sko56	4,48	41,045452	Wil50	1,65	35,433498

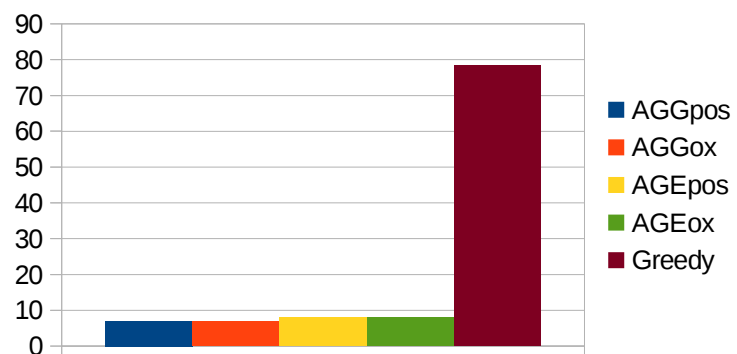
## AGEpos

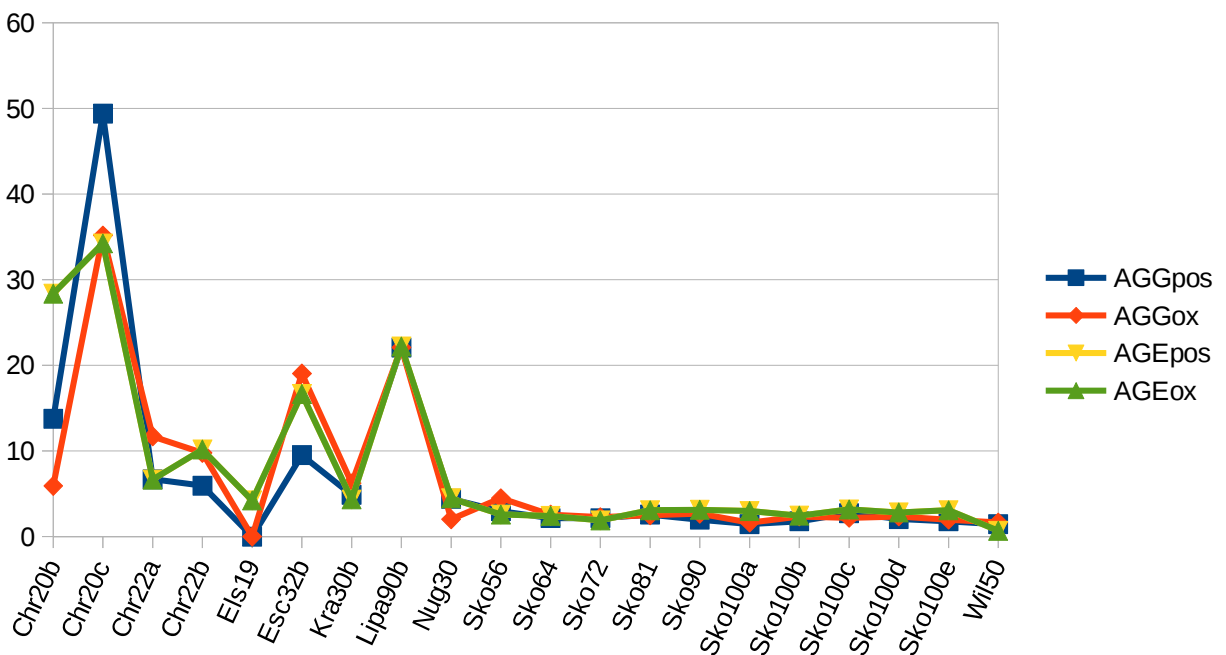
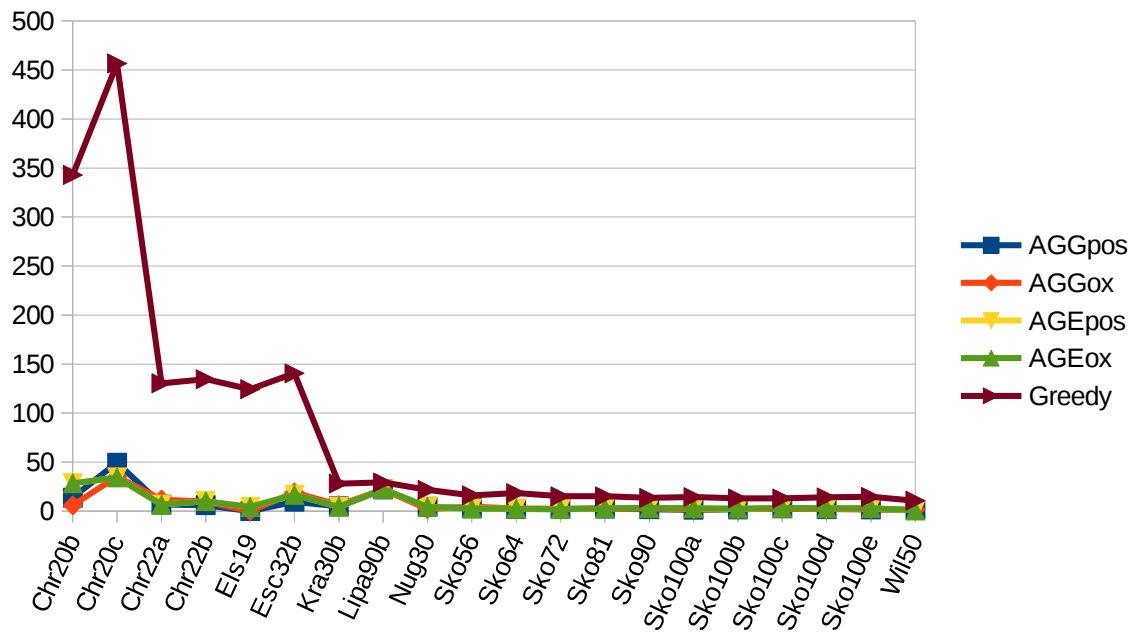
Caso	Desv	Tiempo	Caso	Desv	Tiempo
Chr20b	28,37	4,326752	Sko64	2,41	39,533844
Chr20c	<b>34,24</b>	4,312407	Sko72	<b>1,9</b>	52,390858
Chr22a	<b>6,66</b>	4,997578	Sko81	3,08	63,938206
Chr22b	10,17	5,061188	Sko90	3,13	78,651848
Els19	4,21	4,058217	Sko100a	2,99	99,169136
Esc32b	16,67	10,600887	Sko100b	2,44	98,925339
Kra30b	<b>4,34</b>	9,515444	Sko100c	3,17	106,019417
Lipa90b	22,21	84,818176	Sko100d	2,82	103,68071
Nug30	4,47	9,135925	Sko100e	3,08	98,220627
Sko56	<b>2,58</b>	30,686382	Wil50	<b>0,68</b>	24,387119

AGEox						
Caso	Desv	Tiempo		Caso	Desv	Tiempo
Chr20b	28,37	4,388088		Sko64	2,41	40,178318
Chr20c	<b>34,24</b>	4,387081		Sko72	<b>1,9</b>	51,142048
Chr22a	<b>6,66</b>	5,092771		Sko81	3,08	64,064247
Chr22b	10,17	5,12596		Sko90	3,13	80,21627
Els19	4,21	4,118004		Sko100a	2,99	98,628387
Esc32b	16,67	10,26131		Sko100b	2,44	98,059113
Kra30b	<b>4,34</b>	8,996072		Sko100c	3,17	97,374802
Lipa90b	22,21	79,578407		Sko100d	2,82	97,987144
Nug30	4,47	9,494042		Sko100e	3,08	97,819954
Sko56	<b>2,58</b>	31,174059		Wil50	<b>0,68</b>	25,342871

\*nota: los resultados son iguales a AGEpos pero no se porque ocurre. Se han obtenido con obtener\_resultados pero al ejecutarlos con main si salen distintos. No me ha dado tiempo ha ejecutarlo uno por uno para poner los valores correctos.

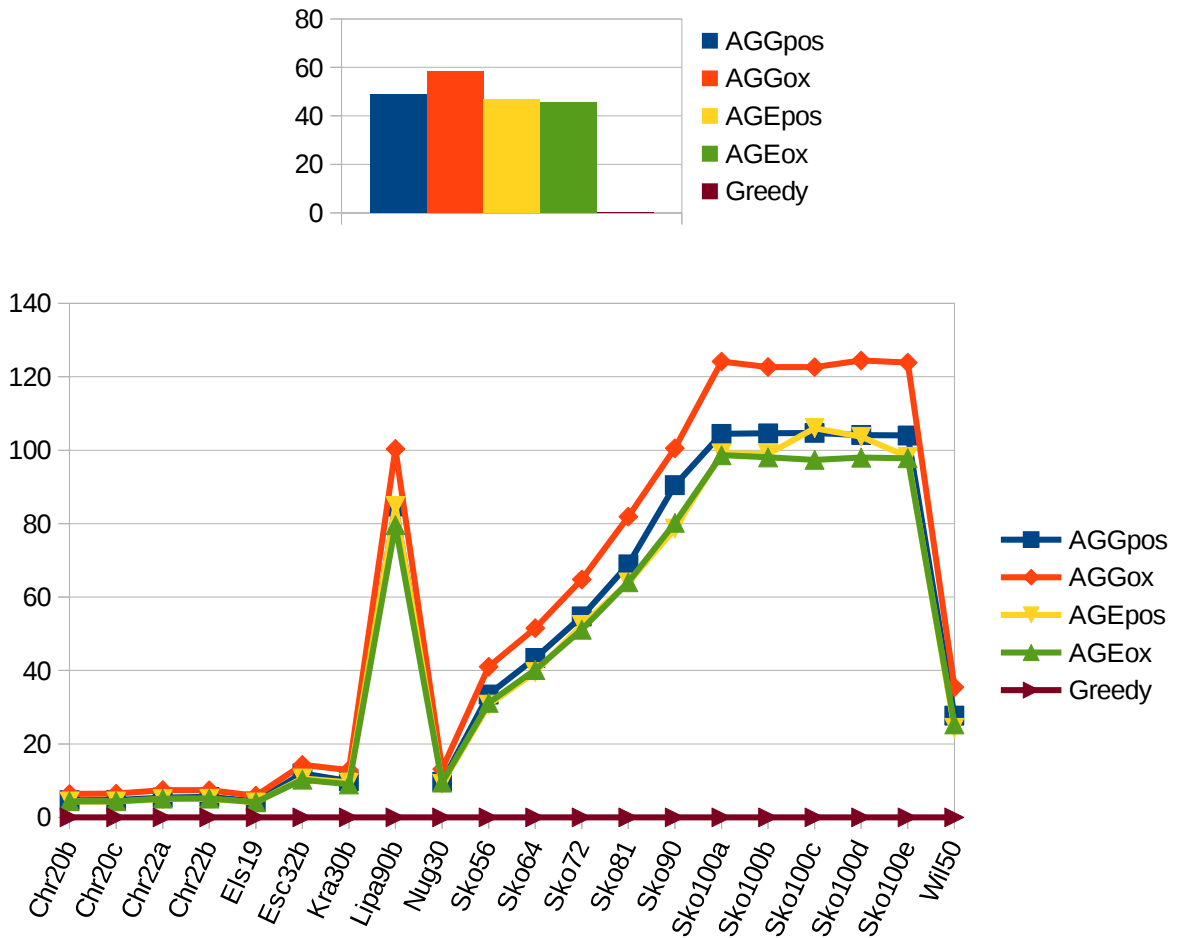
Algoritmo	Desv	Tiempo
<b>AGGpos</b>	6,99	49,08
<b>AGGox</b>	6,93	58,36
<b>AGEpos</b>	7,98	46,62
<b>AGEox</b>	7,98	45,67
<b>Greedy</b>	78,3	0,0001333





Los cuatro versiones se comportan de manera parecida. Cuando los tamaños de memoria son grandes la diferencia de desviaciones de un algoritmo a otro son menores y están muy cercanas a 0 superando a los algoritmos de la práctica 2.

Las dos versiones generacionales, en media, tienen mejores resultados. Incluso llegan a alcanzar el óptimo en la instancia *els19*.



Los tiempos son muy altos en instancias con tamaño grande. Las versiones generacionales consumen mas tiempo.

En conclusión si queremos soluciones muy buenas en instancias grandes, podemos sacrificar un poco de tiempo para conseguirlo utilizando algoritmos genéticos. Pero si no podemos perder demasiado tiempo, podemos aceptar peores soluciones con algoritmos como los de la practica 2 que tienen tiempos mas bajos.