

# Práctica 5

Algoritmos Genéticos para el  
Problema de la Asignación Cuadrática

AM-(10,1.0) • AM-(10,0.1) • AM-(10,0.1mej)

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 Meméticos.....	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 algoritmo de búsqueda local:

```

BúsquedaLocalPrimeroMejor(sol, coste, nevaluaciones)
  Hacer
    n_vecinos=0
    Hacer
      espacioCompleto=generarVecino(sol, svec, r, s, reiniciar)
      reiniciar=false
      costoFactorizado(sol, r, s, coste_vecino)
      Nevaluaciones = nevaluaciones +1
      nvecinos=nvecions+1
    Mientras (coste_vecino>=0 && !espacioCompleto && nvecinos<400)

      Actualizar MejorSolucion (sol, svec, coste, coste_vecino)
      Si coste_vecino<0 reiniciar=true

  Mientras (coste_vecino<0 &&)
Fin

```

- Coste factorizado:

$$\sum_{k=1, k \neq r, s}^n \left[ f_{rk} \cdot (d_{\pi(s)\pi(k)} - d_{\pi(r)\pi(k)}) + f_{sk} \cdot (d_{\pi(r)\pi(k)} - d_{\pi(s)\pi(k)}) \right] \\ f_{kr} \cdot (d_{\pi(k)\pi(s)} - d_{\pi(k)\pi(r)}) + f_{ks} \cdot (d_{\pi(k)\pi(r)} - d_{\pi(k)\pi(s)})$$

- Generar vecinos para la búsqueda local: El tamaño del entorno es  $\frac{n \cdot (n-1)}{2}$

```

generarVecino(sol, vecino, r, s, reiniciar)

```

```

  Static i=0, j=1

```

```

  Si reiniciar

```

```

    I=0, =01

```

```

  Si i==n-1

```

```

    Devolver true

```

```

  r=i, s=j, vecino=sol

```

```

  Intercambiar (vecino[i], vecino[j])

```

```

  Si j>n-1

```

```

    i=i+1

```

```

    j=i+1

```

```

  Sino

```

```

    j=j+1

```

```

  Devolver false

```

```

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 ncruces 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
Fin

```

- Descripción del operador de mutación:

```

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

La Búsqueda Local que se aplica a la población de cromosomas se lleva a acabo en la función reemplazar, siendo necesarias 3 funciones distintas según el tipo de algoritmo memético.

```

reemplazamientoT(poblacion,padres,mejor_sol,n_evaluaciones,aplicar_local)
    poblacion=padres
    Si Min(costes(padres)) == coste(mejor_sol)
        poblacion[Max(costes(padres))]=coste(mejor_sol)
    Si aplicar_local
        Desde i=1 hasta N_CROMOSOMAS
            BusquedaLocalPrimeroMejor(poblacion[i],costes[i],n_evaluaciones)
    Fin

```

```

reemplazamientoS(poblacion,padres,mejor_sol,n_evaluaciones,aplicar_local,pls)
    poblacion=padres
    Si Min(costes(padres)) == coste(mejor_sol)
        poblacion[Max(costes(padres))]=coste(mejor_sol)
    Si aplicar_local
        Desde i=1 hasta N_CROMOSOMAS
            Si rand()<pls
                BusquedaLocalPrimeroMejor(poblacion[i],costes[i],n_evaluaciones)
    Fin

```

```

reemplazamientoM(poblacion,padres,mejor_sol,n_evaluaciones,aplicar_local)
    poblacion=padres
    Si Min(costes(padres)) == coste(mejor_sol)
        poblacion[Max(costes(padres))]=coste(mejor_sol)
    Si aplicar_local
        ordenar(poblacion) (de mayor a menor)
        Desde i=1 hasta N_CROMOSOMAS*0,1
            BusquedaLocalPrimerMejor(poblacion[i],costes[i],n_evaluaciones)
Fin

```

Se utilizará el mismo esquema para las tres versiones del algoritmo memético cambiando solo la función reemplazamiento utilizando la propia de cada problema.

```

esquemaGenerico(sol,coste, prob_cruce, prob_mutacion)
    Ncruces = prob_cruce*(N_CROMOSOMAS)/2
    Nmutaciones = prob_mutacion*n*N_CROMOSOMAS
    aplicar_local = false

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

    Desde i=1 hasta 25000 (i+=N_CROMOSOMAS)
        seleccion(poblacion,padres,npadres)
        cruce(padres,ncruces)
        mutacion(padres,npadres,prob_mutacion)
        aplicar_local = (ngeneraciones==0 && i!=0)
        reemplazamientoX(poblacion,padres,mejor_sol, i, aplicar_local [, p])
        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 practica se orgainza en las siguientes carpetas:

- bin: contiene los ficheros ejecutables
- data: contiene los ficheros .dat de donde se extraen los flujos y distancias.
- Include: contiene las ficheros .h
- lib: contien la librerias con todos lof 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 busqueda 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 ejcución 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: AM-(10,1.0)
- 2: AM-(10,0.1)
- 3: AM-(10,0.1mej)

Ejecutando el script `obtener_resultado2.ssh` se realizan una ejecuciones DE LAS 20 INSTANCIAS del algoritmo pasado por parámetro. Se imprimen los resultados en un formato adecuado para recoger los datos en tablas.

-modo de empleo (desde directorio `practica2`):

*`./obtener_resultados2.ssh id semilla > 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
Chr20b	342,82	0,000046		Sko64	18,39	0,000132
Chr20c	456,63	0,00003		Sko72	15,16	0,000161
Chr22a	130,31	0,000045		Sko81	15,11	0,000208
Chr22b	134,48	0,000034		Sko90	13,49	0,000278
Els19	124,42	0,000027		Sko100a	14,37	0,000185
Esc32b	140,48	0,00007		Sko100b	13	0,000207
Kra30b	28,04	0,000056		Sko100c	12,89	0,00018
Lipa90b	29,36	0,000422		Sko100d	14,07	0,000227
Nug30	21,69	0,00002		Sko100e	14,64	0,000178
Sko56	16,09	0,000104		Wil50	10,59	0,000056

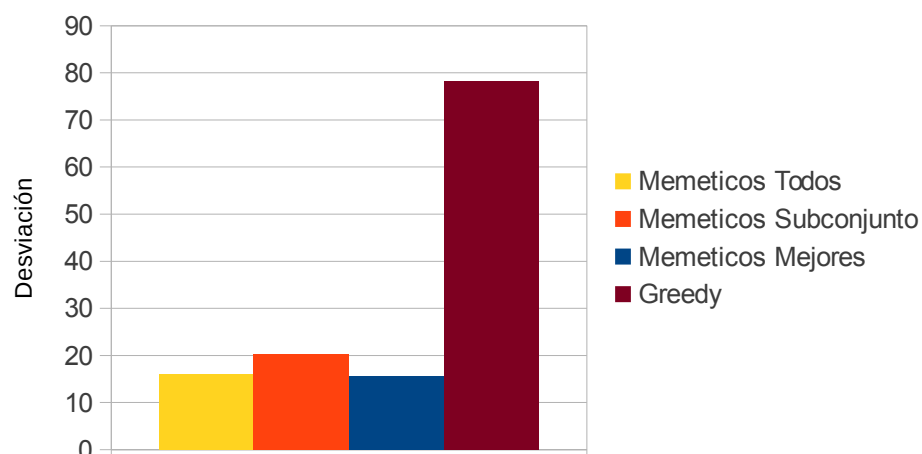
Memeticos Todos						
Caso	Desv	Tiempo		Caso	Desv	Tiempo
Chr20b	<b>45,95</b>	0,451981		Sko64	12,3	3,383867
Chr20c	<b>83,31</b>	0,461414		Sko72	10,37	4,312914
Chr22a	<b>7,05</b>	0,590017		Sko81	<b>11,54</b>	4,653349
Chr22b	<b>10,04</b>	0,588104		Sko90	12,27	5,480952
Els19	30,1	0,414146		Sko100a	<b>3,96</b>	7,151489
Esc32b	<b>28,57</b>	1,480248		Sko100b	4,14	6,779602
Kra30b	<b>4,21</b>	1,40774		Sko100c	5,66	7,111238
Lipa90b	25,41	4,999515		Sko100d	<b>3,73</b>	7,019949
Nug30	5,94	1,387815		Sko100e	4,89	6,890097
Sko56	<b>5,26</b>	2,897747		Wil50	4,83	2,651749

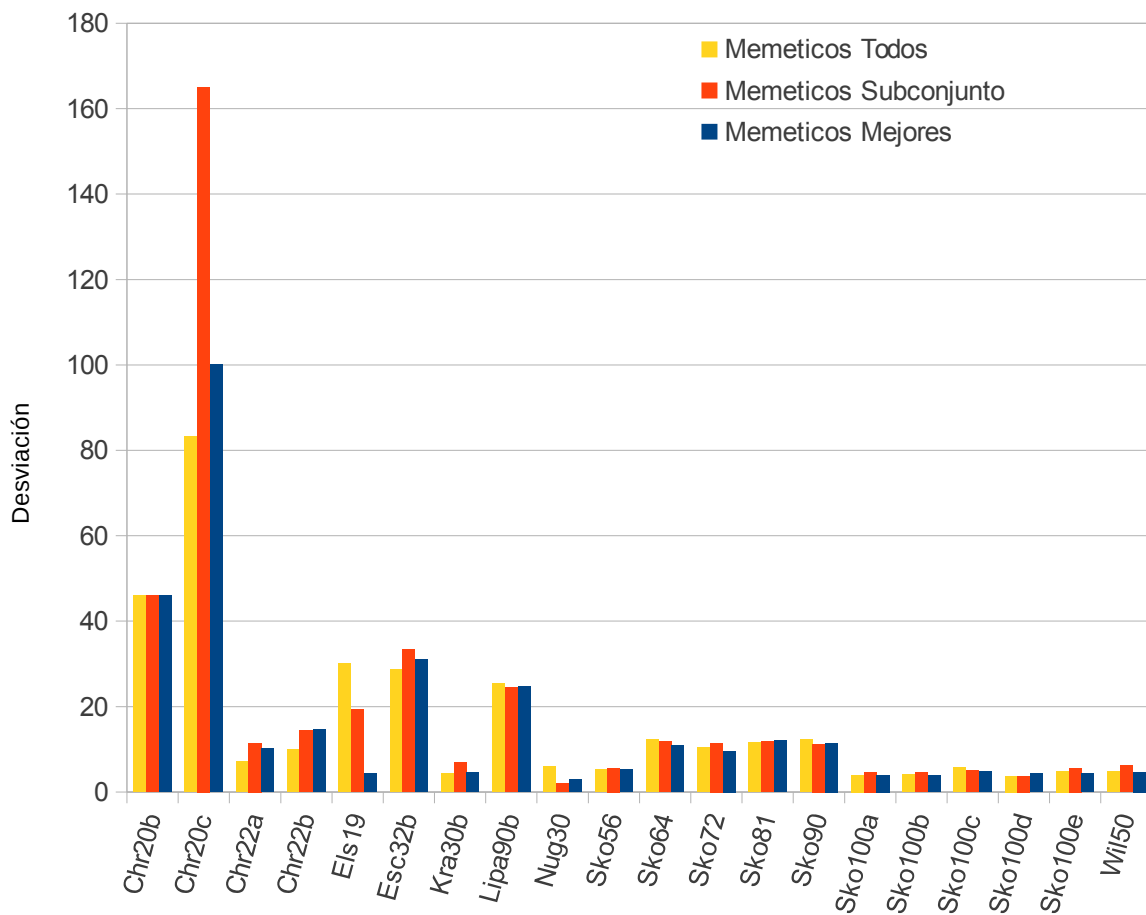
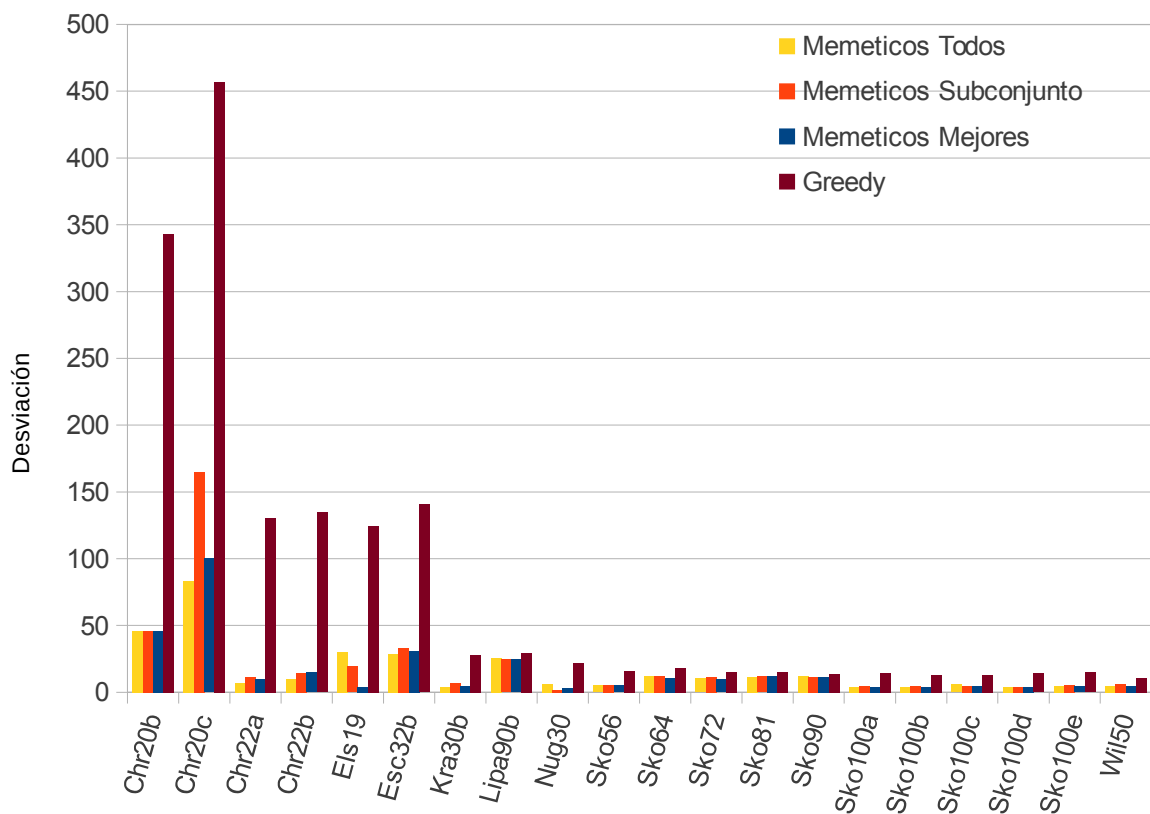
Memeticos Subconjunto						
Caso	Desv	Tiempo		Caso	Desv	Tiempo
Chr20b	<b>45,95</b>	0,159951		Sko64	11,83	1,062057
Chr20c	165,05	0,120004		Sko72	11,46	1,301353
Chr22a	11,5	0,148802		Sko81	11,71	1,607994
Chr22b	14,43	0,149922		Sko90	<b>11,24</b>	1,844921
Els19	19,31	0,105126		Sko100a	4,64	2,528875
Esc32b	33,33	0,320014		Sko100b	4,56	2,333826
Kra30b	6,96	0,340383		Sko100c	5	2,562811
Lipa90b	<b>24,51</b>	1,925832		Sko100d	<b>3,73</b>	2,655841
Nug30	<b>1,89</b>	0,326999		Sko100e	5,61	2,552207
Sko56	5,58	0,868758		Wil50	6,26	0,783241

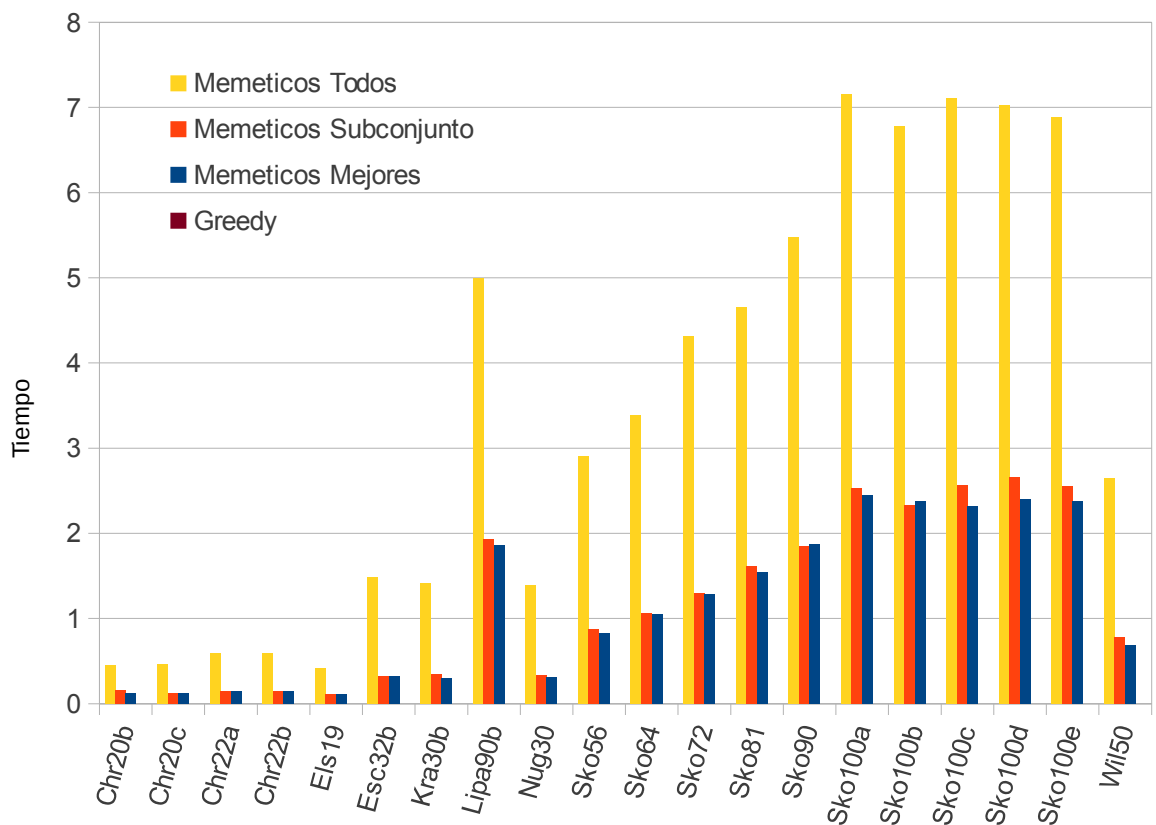
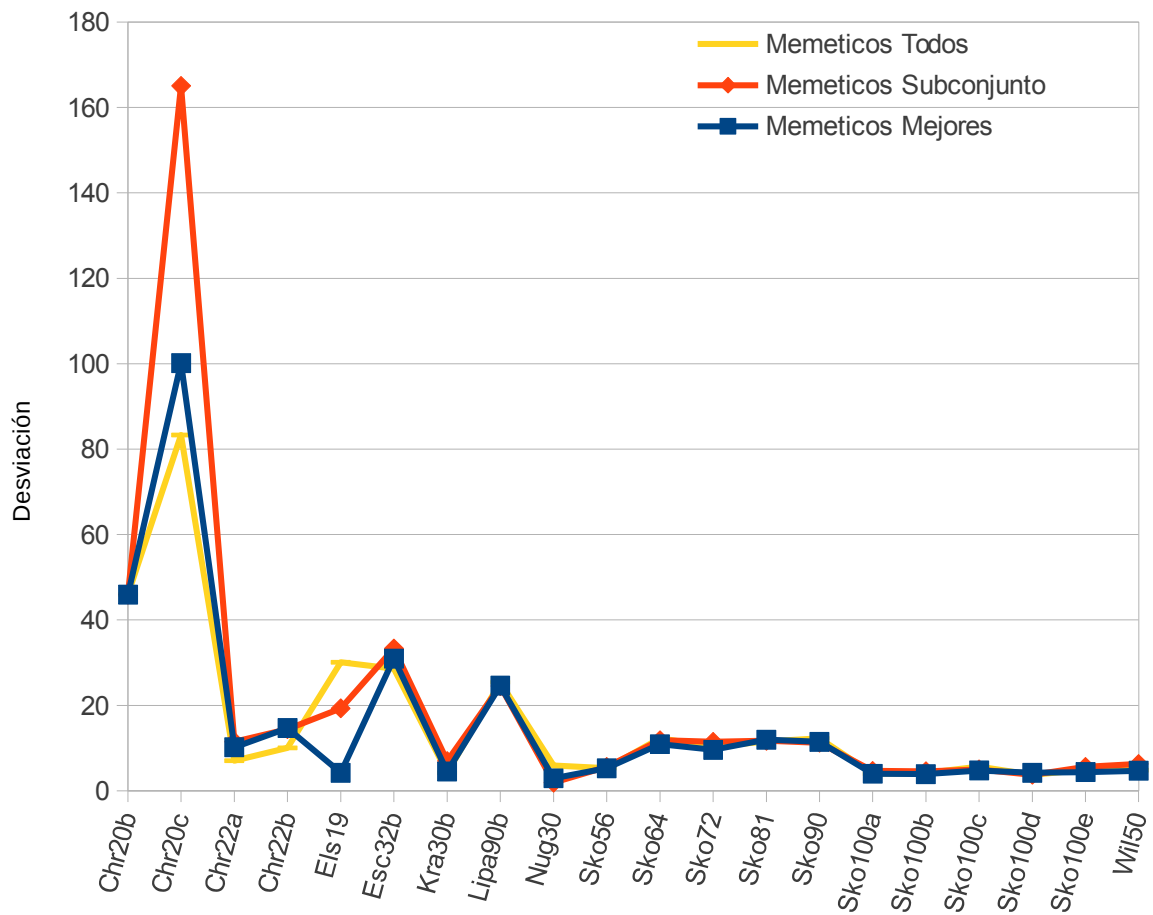
Caso	Desv	Tiempo
Chr20b	<b>45,95</b>	0,12195
Chr20c	100,16	0,119152
Chr22a	10,17	0,146021
Chr22b	14,66	0,146774
Els19	<b>4,21</b>	0,10901
Esc32b	30,95	0,325354
Kra30b	4,51	0,300126
Lipa90b	24,61	1,855774
Nug30	2,91	0,310486
Sko56	<b>5,26</b>	0,83013

Caso	Desv	Tiempo
Sko64	<b>10,92</b>	1,047585
Sko72	<b>9,59</b>	1,283406
Sko81	11,96	1,546033
Sko90	11,46	1,868233
Sko100a	3,97	2,446804
Sko100b	<b>3,91</b>	2,382026
Sko100c	<b>4,73</b>	2,319614
Sko100d	4,21	2,402884
Sko100e	<b>4,36</b>	2,383014
Wil50	<b>4,68</b>	0,68413

Algoritmo	Desv	Tiempo
<b>Memeticos Todos</b>	15,98	3,50569665
<b>Memeticos Subconjunto</b>	20,23	1,18494585
<b>Memeticos Mejores</b>	<b>15,66</b>	1,13
<b>Greedy</b>	78,3	0,0001333







En media los meméticos-mejores tienen un mejor coste, sobretodo en instancias grandes.

En instancias pequeñas los que mejor funcionan son los meméticos-todos que hace un mayor número de búsquedas locales al aplicarla sobre todos los cromosomas de la población. Es también por este motivo que tienen mayores tiempos (que se acentúan en instancias grandes) que los demás algoritmos.

Como es lógico en tiempo los mejores son los meméticos mejores, seguidos de los meméticos-subconjunto y por último meméticos-todos. Esto es debido al número de búsquedas locales que hacen.

También se puede observar (en los tres algoritmos) que cuanto mayores son las instancias, los costes están más cercanos al óptimo y los tiempos son más altos.