

Práctica Algoritmos Genéticos y Meméticos APC Metaheurísticas

Ignacio Aguilera Martos

DNI: 77448262V e-mail: nacheteam@correo.ugr.es

Grupo de prácticas 1 Lunes 17:30-19:30

Curso 2017-2018

Índice

1. Introducción del problema	2
2. Introducción de la práctica	2
3. Descripción común a todos los algoritmos	4
3.1. Generación de soluciones aleatorias	4
3.2. Operador de cruce BLX- α	5
3.3. Operador de cruce Aritmético	6
3.4. Función de mutación	6
3.5. Torneo Binario	6
4. Genético Estacionario	7
5. Genético Generacional	8
6. Meméticos	9
7. Pseudocódigo KNN	11
8. Pseudocódigo Relief	12
9. Pseudocódigo Búsqueda Local	14
10. Procedimiento de desarrollo de la práctica	15
11. Resultados	16
11.1. Análisis de los datos	20
11.2. Análisis de la convergencia	22
11.3. Calibrando la tasa de mutación	23

1. Introducción del problema

Para el problema de clasificación partimos de un conjunto de datos dado por una serie de tuplas que contienen los valores de atributos para cada instancia. Esto es una n-tupla de valores reales en nuestro caso.

El objetivo del problema es obtener un vector de pesos que asocia un valor en el intervalo $[0, 1]$ indicativo de la relevancia de ese atributo. Esta relevancia va referida a lo importante que es en nuestro algoritmo clasificador ese atributo a la hora de computar la distancia entre elementos. Resumiendo lo que tenemos es un algoritmo clasificador que utiliza el vector de pesos calculado para predecir la clase a la que pertenece una instancia dada. Este algoritmo clasificador es el KNN con $k=1$. Lo que hace es calcular según la distancia euclídea (o cualquier otra) la tupla más cercana a la que queremos clasificar ponderando cada atributo con el correspondiente peso del vector, es decir, la distancia entre dos elementos sería:

$$d(e, f) = \sqrt{\sum_{i=0}^n w_i * (e_i - f_i)}$$

Donde e y f son instancias del conjunto de datos, w el vector de pesos y n la longitud de e y f que es la misma.

La calificación que se le asigna al vector w depende de dos cosas: la tasa de aciertos y la simplicidad.

La tasa de aciertos se mide contando el número de aciertos al emplear el clasificador descrito y la simplicidad se mide como el número de elementos del vector de pesos que son menores que 0.2, ya que estos pesos no son empleados por el clasificador, o lo que es lo mismo, son sustituidos por cero. Por lo tanto las calificaciones siguen las fórmulas:

$$Tasa_acierto = 100 \cdot \frac{n^\circ \text{ aciertos}}{n^\circ \text{ datos}}, \quad Tasa_simplicidad = 100 \cdot \frac{n^\circ \text{ valores de } w < 0,2}{n^\circ \text{ de atributos}}$$

$$Tasa_agregada = \frac{1}{2} \cdot Tasa_acierto + \frac{1}{2} \cdot Tasa_simplicidad$$

Cabe destacar que todas las tasas están expresadas en porcentajes, por lo tanto cuanto más cercano sea el valor a 100 mejor es la calificación.

De esta forma a través del algoritmo que obtiene el vector de pesos para el conjunto de datos dado y el clasificador obtenemos un programa que clasifica de forma automática las nuevas instancias de datos que se introduzcan.

2. Introducción de la práctica

En esta práctica he desarrollado algoritmos genéticos tanto estacionarios como generacionales con los dos operadores de cruce propuestos (aritmético y BLX) así como un algoritmo memético basado en el genético generacional.

Al igual que en la práctica anterior el objetivo es ejecutar estos algoritmos sobre los conjuntos de datos dados para observar su comportamiento y realizar una comparativa entre los mismos.

A los algoritmos mencionados anteriormente se les suman el 1NN con todos los pesos a uno, el greedy Relief y la búsqueda local (algoritmos implementados en la primera práctica).

Igual que en la práctica anterior he realizado un procesamiento de los datos para eliminar tuplas repetidas, de forma que ya tenemos implementado el leave one out para conjuntos distintos en el KNN y además, he implementado una versión más rápida de KNN usando la librería NumPy con la intención de reducir tiempos en la búsqueda local, en los algoritmos genéticos y en los meméticos.

En la práctica se desarrollará cómo he implementado los algoritmos genéticos (en sus dos variantes) incluyendo los operadores de cruce y mutación así como su adaptación a algoritmo memético.

3. Descripción común a todos los algoritmos

Los algoritmos empleados han sido el KNN, el algoritmo greedy Relief, la metaheurística de búsqueda local, un algoritmo genético estacionario, un algoritmo genético generacional y un memético basado en el algoritmo genético generacional.

Estos algoritmos comparten ciertos métodos y operadores que pasaré a explicar en esta sección. Para empezar se debe destacar que la representación escogida para las soluciones es un vector de números reales, es decir, si n es el número de características:

$$w \in \mathbb{R}^n \text{ t.q. } \forall i \text{ con } 0 \leq i < n \text{ se tiene } w_i \in [0, 1]$$

O lo que es lo mismo, un vector de tamaño n con todas las posiciones rellenas con números del intervalo $[0,1]$.

A estos números me referiré como pesos asociados a las características, ya que lo que nos indican es el grado de importancia de dicha característica a la hora de clasificar los datos, siendo 1 el máximo de relevancia y 0 el mínimo.

Así mismo cabe destacar que nuestra intención en este problema es obtener una buena calificación de dicho vector de pesos. Esto lo medimos mediante las tasas de acierto y simplicidad que se definen como:

$$Tasa_acierto = 100 \cdot \frac{n^\circ \text{ aciertos}}{n^\circ \text{ datos}}, \quad Tasa_simplicidad = 100 \cdot \frac{n^\circ \text{ valores de } w < 0,2}{n^\circ \text{ de atributos}}$$

$$Tasa_agregada = \frac{1}{2} \cdot Tasa_acierto + \frac{1}{2} \cdot Tasa_simplicidad$$

La tasa de aciertos lo que nos mide es en un porcentaje cuántas instancias hemos clasificado correctamente mediante el algoritmo KNN usando el vector de pesos w .

La tasa de simplicidad nos mide cuántos de los valores que tiene el vector de pesos son menores que 0.2. Esto se hace ya que, como imposición del problema, tenemos que si alguno de los pesos es menor que 0.2 no debemos usarlo, o lo que es lo mismo, debemos sustituirlo por un 0 en la función de la distancia que luego describiré. Midiendo esto obtenemos un dato de cuanto sobreajuste ha tenido nuestro algoritmo a la hora de obtener el vector de pesos. Cuantas menos características necesitemos para discernir la clase a la que pertenece una instancia de los datos, más simple será clasificar dicha instancia. Se expresa en porcentaje indicando 0 como ninguna simplicidad y 100 como la máxima simplicidad.

De esta forma combinando ambas tasas obtenemos la tasa agregada que nos hace la media entre ambas tasas, de forma que le asignamos la misma importancia a acertar en la clasificación de las instancias y a la simplicidad en la solución. Cabe destacar que es imposible obtener una tasa de un 100 % a no ser que los datos se compongan únicamente de un punto ya que ello implicaría que la simplicidad ha de ser un 100 % (todas las posiciones del vector menores que 0.2) y por tanto la distancia sería 0 en todos los casos. De esta forma aspiraremos a una calificación lo mas alta posible pero teniendo en cuenta las restricciones de la función objetivo construida.

Las funciones y operadores de uso común los he agrupado en un fichero llamado auxiliar.py. Este fichero contiene las funciones de lectura de datos, distancias, una función que devuelve el elemento más común de una lista, la norma euclídea, una función para dividir los datos en el número de particiones que queramos manteniendo el porcentaje de elementos de cada clase que había en el conjunto de datos original y el operador de mutación.

3.1. Generación de soluciones aleatorias

En los algoritmos genéticos y meméticos partimos de una población de soluciones aleatorias que generamos con una distribución uniforme, de forma que partimos en un inicio con una

población de 30 individuos con valores en los vectores de pesos entre 0 y 1 generados de forma aleatoria.

Nótese que en nuestro caso TAM_POBLACION=30.

Algorithm 1 generaPoblacionInicial(longitud)

```

poblacion  $\leftarrow$  []
for i=0 , ... , TAM_POBLACION-1 do
    cromosoma  $\leftarrow$  []
    for j=0 , ... , longitud-1 do
        cromosoma  $\leftarrow$  [cromosoma, uniforme(0,1)]
    end for
    poblacion  $\leftarrow$  [poblacion, cromosoma]
end for
return poblacion

```

3.2. Operador de cruce BLX- α

Este operador de cruce se usa tanto en los algoritmos genéticos como meméticos.

Se toman dos padres, de los que hallamos el elemento más grande de su vector de pesos y el más pequeño para poder obtener el máximo y mínimo de los dos. Esto nos va a dar un intervalo de valores para nuestro hijo.

El hijo se va a generar tomando valores aleatorios con una distribución uniforme que estén en el intervalo $[min_padres - \delta, max_padres + \delta]$, donde $\delta = \alpha \cdot (max_padres - min_padres)$. De esta forma podemos obtener el número que deseamos de hijos tan solo con dos padres, ya que los valores son aleatorios y por tanto los hijos obtenidos serán distintos.

Nótese que en nuestro caso $\alpha = 0,3$

Algorithm 2 cruceBLX(cromosoma1, cromosoma2)

```

hijo  $\leftarrow$  []
max_c1  $\leftarrow$  máximo(cromosoma1)
max_c2  $\leftarrow$  máximo(cromosoma2)
min_c1  $\leftarrow$  mínimo(cromosoma1)
min_c2  $\leftarrow$  mínimo(cromosoma2)
max_intervalo  $\leftarrow$  máximo(max_c1, max_c2)
min_intervalo  $\leftarrow$  mínimo(min_c1, min_c2)
 $\delta \leftarrow (max\_intervalo - min\_intervalo) \cdot \alpha$ 
for i=0 , ... , longitud(cromosoma1) do
    hijo  $\leftarrow$  [hijo, uniforme(min_intervalo -  $\delta$ , max_intervalo +  $\delta$ )]
end for
Si hay alguna posición negativa en el hijo se trunca a 0.
Si hay alguna posición mayor a 1 en el hijo se trunca a 1.
return hijo

```

Nótese que hemos tenido que truncar las soluciones, ya que el valor δ utilizado en el algoritmo puede provocar que el hijo que obtengamos tenga valores fuera del intervalo $[0,1]$, cosa que no tendría sentido para nuestro problema.

3.3. Operador de cruce Aritmético

El operador de cruce aritmético toma, igual que en el caso anterior, dos padres y devuelve un hijo. En este caso el hijo que obtenemos es único, ya que lo vamos a calcular haciendo la media posición a posición respecto a los dos padres. Esto nos va a garantizar que los hijos estén en el intervalo de definición, no como en el BLX.

Un inconveniente que puede presentar este algoritmo es que vamos a tener mucha menos posibilidad de obtener valores muy cercanos a 0 o a 1, ya que al realizar la media siempre vamos a ir alejándonos de estos valores.

Algorithm 3 cruceAritmetico(cromosoma1,cromosoma2)

```
hijo ← [ ]
for i=0 , ... , longitud(cromosoma1) do
    hijo ← [hijo,  $\frac{cromosoma1[i]+cromosoma2[i]}{2}$ ]
end for
return hijo
```

3.4. Función de mutación

Esta función recibe como entrada un vector de pesos y una posición que es la que se desea mutar, devolviendo como resultado el vector de pesos ya mutado y la posición aumentada en una unidad (se usa para el algoritmo de búsqueda local aunque puede ignorarse).

Algorithm 4 mutacion(w,pos)

```
incremento = gauss(mu=0,sigma=0.3)
posicion_nueva = pos+1
w[pos]+=incremento
Truncar el vector w (0 si es negativo y 1 si es mayor que 1).
return w,pos_nueva
```

Esta función es usada en búsqueda local y en todos los genéticos y meméticos a la hora de realizar la mutación de los cromosomas.

3.5. Torneo Binario

Para la selección de los dos padres utilizamos el torneo binario. Para ello cogemos dos individuos de la población y los comparamos entre sí cogiendo al mejor de los dos. Al repetir esta operación dos veces obtenemos los dos padres que necesitamos.

Algorithm 5 torneoBinario(data,poblacion,k,etiquetas,valoraciones)

```
individuos ← 2 números aleatorios entre 0 y TAM_POBLACION-1
valoracion_ind1 ← valoraciones[individuos[0]]
valoracion_ind2 ← valoraciones[individuos[1]]
if valoracion_ind1 > valoracion_ind2 then
    return individuos[0]
else
    return individuos[1]
end if
```

4. Genético Estacionario

El algoritmo genético estacionario se basa en la dinámica de poblaciones como todos los algoritmos genéticos, con la salvedad de que sólo evolucionamos y cruzamos una única pareja de padres para obtener sólo dos hijos en el caso de BLX y para el aritmético haremos lo mismo con cuatro padres para obtener dos hijos de igual forma.

Partimos de una población inicial de 30 individuos generados de forma aleatoria tal y como se ha explicado en la parte común a todos los algoritmos.

Tras la obtención de los dos hijos hacemos una mutación con probabilidad de 0.001 en cada gen (posición del vector de pesos).

Estos dos hijos generados se sumarán a la población existente. Haremos una valoración de la población viendo cuáles son los 30 individuos con mejor puntuación y nos quedaremos con ellos. Esto puede implicar que si los dos hijos generados son peores que el resto de la población desecharemos a los 2 hijos generados y nos volveremos a quedar con la población que teníamos antes de realizar el cruce.

Haciendo esto vamos a ir obteniendo a cada iteración dos individuos nuevos que se introducirán en la población mejorándola de forma gradual.

Al final del algoritmo comprobamos cuál de los elementos de la población tiene mejor valoración para devolver al mejor individuo de nuestra población.

Nótese que la constante TAM_POBLACION es 30 en nuestro caso y MAX_EVALUACIONES es 15000

Algorithm 6 GeneticoEstacionario(data,k,operador_cruce)

```
num_padres ← 0
if operador_cruce == cruceAritmetico then
    num_padres ← 4
else if operador_cruce == cruceBLX then
    num_padres ← 2
else
    Error en el operador de cruce.
end if

poblacion ← generaPoblacionInicial(numero_caracteristicas)
valoraciones ← tasa_agregada + tasa_reduccion de cada individuo de la poblacion
evaluaciones ← TAM_POBLACION
while evaluaciones < MAX_EVALUACIONES do
    padres ← Padres escogidos por torneo binario según num_padres
    hijos ← Obtenemos los hijos según operador_cruce con los padres calculados.

    Muta cada gen de los hijos si uniforme(0,1) es menor que 0.001.
    poblacion ← [poblacion,hijos]
    valoraciones ← [valoraciones,valoraciones de los hijos]
    Obtener los índices que los 30 mejores individuos de la población y quedarse con ellos.
    Actualizar poblacion y valoraciones según los índices obtenidos.
    evaluaciones ← evaluaciones+2
end while
return Devolver al individuo con mayor valoración de la población.
```

Donde el parámetro data y k se emplean en la llamada a KNN para obtener una calificación de cada individuo de la población para poder compararlos.

5. Genético Generacional

El algoritmo genético generacional se basa en la dinámica de poblaciones al igual que el estacionario. Este algoritmo, al contrario que el anterior, intenta reemplazar toda o gran parte de la población a cada iteración del mismo de forma que a cada paso mejore una parte sustancial de la misma tras los cruces.

En nuestro caso el porcentaje escogido es de un 70 % por lo que a cada iteración se generarán $0,7 \cdot 30 = 21$ hijos que se introducirán en la población reemplazando a los padres.

Así mismo vamos a ir guardando a cada paso el mejor individuo de cada generación con la intención de que si el peor de la población generada en esta iteración es peor que el mejor de la anterior lo reemplacemos.

Esto también nos va a proveer de una forma sencilla de reconocer al mejor individuo una vez acabemos el algoritmo.

También debemos de tener en cuenta que al igual que en el anterior algoritmo genético vamos a mutar la nueva población generada con una probabilidad de 0.001. En este caso al ser un número mayor de genes vamos a ahorrarnos la generación de números aleatorios mutando siempre un número fijo de los mismos que será $21 \cdot \text{num_caracteristicas} \cdot 0,001$.

Algorithm 7 GeneticoGeneracional(data,k,operador_cruce)

```
poblacion ← generaPoblacionInicial(num_caracteristicas)
mutaciones ← PROB_MUTACION*TAM_POBLACION*num_caracteristicas
num_parejas ← TAM_POBLACION*PROB_CRUCE
valoraciones ← valoraciones de la población
mejor_solucion ← Mejor solución de la población.
while evaluaciones < MAX_EVALUACIONES do
  hijos ← [ ]
  for i=0 , ... , num_parejas-1 do
    if operador_cruce==cruceAritmetico then
      padres ← genera 4 padres con torneoBinario
      hijos ← [hijos,operador_cruce(padres[0],padres[1])]
      hijos ← [hijos,operador_cruce(padres[2],padres[3])]
      hijos ← [hijos,operador_cruce(padres[0],padres[2])]
      hijos ← [hijos,operador_cruce(padres[1],padres[2])]
    else
      padres ← genera 2 padres con torneoBinario
      hijos ← [hijos,operador_cruce(padres[0],padres[1])]
      hijos ← [hijos,operador_cruce(padres[0],padres[1])]
    end if
  end for
  Muta la nueva población de hijos con probabilidad 0.001 con una distribución gauss( $\mu = 0, \sigma = 0,3$ )
  Rellena la población de hijos con padres haciendo torneos binarios.
  poblacion ← hijos
  Actualiza las valoraciones de los individuos.
  Si el peor de la nueva población es peor que el mejor de la anterior lo sustituimos.
  Actualiza el mejor de la población.
end while
return Mejor de la población.
```

6. Meméticos

El algoritmo memético toma la misma estructura que el algoritmo genético generacional en cuanto a esquema de evolución, cruce y mutaciones, con la salvedad de que introducimos una fase de explotación en el mismo.

La variante implementada toma el mismo algoritmo genético generacional y aplica al 10 % de los 30 individuos una búsqueda local para maximizar su valoración. De esta forma vamos a tener un tercio de la población con una valoración mejor que el resto. Esto lo que va a intentar hacer es maximizar y hacer la convergencia mucho más rápida que en los algoritmos genéticos. Así mismo este algoritmo está implementado con los dos operadores de cruce con la intención de comprobar cuál es el que nos da mejores resultados con respecto al otro.

Donde `prob_bl` es el porcentaje de la población al que queremos aplicar la búsqueda local.

Algorithm 8 Memetico(data,k,operador_cruce,nGeneraciones,prob_bl,mejores=False)

```
poblacion ← generaPoblacionInicial(num_caracteristicas)
mutaciones ← PROB_MUTACION*TAM_POBLACION*num_caracteristicas
num_parejas ← TAM_POBLACION*PROB_CRUCE
valoraciones ← valoraciones de la población
mejor_solucion ← Mejor solución de la población.
contador_generaciones ← 1
while evaluaciones < MAX_EVALUACIONES do
  if contador_generaciones % nGeneraciones == 0 then
    n_elem_bl ← prob_bl*TAM_POBLACION
    individuos ← [ ]
    if not mejores then
      individuos ← Tomar n_elem_bl de forma aleatoria desde 0,...,TAM_POBLACION-1
    else
      individuos ← Toma los 0.1*TAM_POBLACION mejores de la poblacion
    end if
    for ind en individuos do
      Aplica la búsqueda local a poblacion[ind]
      Actualiza el número de evaluaciones.
    end for
    Actualiza las valoraciones
    Actualiza las evaluaciones.
  end if

  hijos ← [ ]
  for i=0 , ... , num_parejas-1 do
    if operador_cruce == cruceAritmetico then
      padres ← genera 4 padres con torneoBinario
      hijos ← [hijos,operador_cruce(padres[0],padres[1])]
      hijos ← [hijos,operador_cruce(padres[2],padres[3])]
      hijos ← [hijos,operador_cruce(padres[0],padres[2])]
      hijos ← [hijos,operador_cruce(padres[1],padres[2])]
    else
      padres ← genera 2 padres con torneoBinario
      hijos ← [hijos,operador_cruce(padres[0],padres[1])]
      hijos ← [hijos,operador_cruce(padres[0],padres[1])]
    end if
  end for
  Muta la nueva población de hijos con probabilidad 0.001 con una distribución gauss( $\mu = 0, \sigma = 0,3$ )
  Rellena la población de hijos con padres haciendo torneos binarios.
  poblacion ← hijos
  Actualiza las valoraciones de los individuos.
  Si el peor de la nueva población es peor que el mejor de la anterior lo sustituimos.
  Actualiza el mejor de la población.
  contador_generaciones ← contador_generaciones + 1
end while
return Mejor de la población.
```

7. Pseudocódigo KNN

Algorithm 9 KNN($w, \text{datos_test}, \text{datos_entrenamiento}, \text{etiquetas_entrenamiento}, \text{etiquetas_test}, k, \text{mismos_conjuntos}$)

```
tam_datos_entrenamiento  $\leftarrow$  longitud(datos_entrenamiento)
clases  $\leftarrow$  []
for  $i=0, \dots, \text{longitud}(\text{datos\_test})$  do
     $p \leftarrow \text{datos\_test}[i]$ 
     $w\_m \leftarrow$  Repetir el vector  $w$  tantas veces como datos haya en datos_entrenamiento.
     $p\_m \leftarrow$  Repetir el vector  $p$  tantas veces como datos haya en datos_entrenamiento.
     $\text{dist} \leftarrow w\_m \cdot (p\_m - \text{datos\_entrenamiento})^2$ 
    if mismos_conjuntos then
         $\text{dist}[i] \leftarrow \infty$ 
    end if
    mins  $\leftarrow$  Los  $k$  índices correspondientes a las distancias más pequeñas.
    clases  $\leftarrow [\text{clases}, \text{masComun}(\text{etiquetas\_entrenamiento}[\text{mins}])]$ 
end for
return  $\frac{\text{Numero de elementos de clases que han acertado con respecto a etiquetas\_test}}{\text{longitud(etiquetas\_test)}}$ 
```

Cabe notar que el número que devolvemos está entre 0 y 1, por lo que en los algoritmos de valoración debemos tener esto en cuenta para multiplicarlo por 100 y convertirlo en un porcentaje.

8. Pseudocódigo Relief

Algorithm 10 elementoMinimaDistancia(e , lista)

```
distancias  $\leftarrow$  [ ]
for l en lista do
  if l!=e then
    distancias  $\leftarrow$  [distancias, distancia( $e$ ,l,[1..1])]
  else
    distancias  $\leftarrow$  [distancias, max(distancias)]
  end if
end for
indice_menor_distancia  $\leftarrow$  índice del elemento de menor valor del vector distancias.
return lista[indice_menor_distancia]
```

Algorithm 11 Relief(data)

```
w ← vector de pesos a 0
for elemento en data do
  clase ← clase de elemento
  amigos ← []
  enemigos ← []
  for e en data do
    if e!=elemento AND e[longitud(e)-1]==clase then
      amigos ← [amigos, e]
    else
      enemigos ← [enemigos, e]
    end if
  end for
  amigo_cercano ← elementoMinimaDistancia(elemento, amigos)
  enemigo_cercano ← elementoMinimaDistancia(elemento, enemigos)
  resta_enemigo ← element-enemigo_cercano
  resta_amigo ← element-amigo_cercano
  w ← w + resta_enemigo - resta_amigo
   $w_{max}$  ← máximo de w
end for
for i en [0..longitud(w)-1] do
  if w[i]<0 then
    w[i] ← 0
  else
     $w[i] \leftarrow \frac{w[i]}{w_{max}}$ 
  end if
end for
return w
```

9. Pseudocódigo Búsqueda Local

Algorithm 12 primerVector(n)

```
w ← []  
for i en [0..n-1] do  
    w ← [w, random.uniforme(0,1)]  
end for  
return w
```

Algorithm 13 busquedaLocal($data, k$)

```
MAX_EVALUACIONES ← 15000  
MAX_VECINOS ←  $20 \cdot longitud(data[0])$   
vecinos ← 0  
evaluaciones ← 0  
posicion_mutacion ← 0  
w ← primerVector(longitud(data[0]))  
valoracion_actual ← Valoracion(data, data, k, w)  
while evaluaciones < MAX_EVALUACIONES AND vecinos < MAX_VECINOS do  
    evaluaciones ← evaluaciones + 1  
    vecinos ← vecinos + 1  
    vecino, posicion_mutacion ← mutacion(w, posicion_mutacion)  
    valoracion_vecino ← Valoracion(data, data, k, vecino)  
    if valoracion_vecino > valoracion_actual then  
        vecinos ← 0  
        w ← vecino  
        valoracion_actual ← valoracion_vecino  
        posicion_mutacion ← 0  
    else if posicion_mutacion == longitud(w) then  
        posicion_mutacion ← 0  
    end if  
end while  
return w
```

10. Procedimiento de desarrollo de la práctica

Las prácticas las he implementado usando python3.5. Los archivos utilizados tienen cada uno el nombre de la temática que tratan, teniendo por ejemplo `geneticos.py` como el fichero que contiene la implementación de los genéticos o por ejemplo `auxiliar.py` que es el fichero que contiene funciones que se usan de forma regular por todos los algoritmos o por varios de ellos. Para la implementación no he usado ningún framework, aunque he probado a emplear Sklearn para la implementación del algoritmo KNN. El algoritmo empleado por el clasificador dado por Sklearn resultó ser más lento que mi versión implementada con la librería NumPy por lo que no lo he utilizado al final.

La ejecución de las prácticas se puede hacer mediante dos programas: `resultados.py` o `main.py`. En el caso de `resultados.py` se ejecutan todos los algoritmos sobre todos los conjuntos de datos de forma que obtenemos todo lo necesario para compararlos entre sí. Este fichero se puede ejecutar como `'python3.5 resultados.py'`.

El fichero `main.py` permite la ejecución de un algoritmo concreto sobre un fichero de datos concreto obteniendo los resultados asociados a dicho fichero y algoritmo. Para ello se nos pide la ruta del fichero de datos, el valor de la constante k para el KNN, el algoritmo que queremos evaluar y el número de particiones que vamos a hacer del conjunto de datos.

De igual modo si queremos cambiar la semilla usada en la generación de números aleatorios se puede encontrar al inicio de todos los ficheros de código para cambiarla.

11. Resultados

	Ozone				Parkinsons				Spectf-Heart			
	%_clas	%_red	Agr.	T (seg)	%_clas	%_red	Agr.	T (seg)	%_clas	%_red	Agr.	T (seg)
Partición 1	71.8750	0.0000	35.9375	0.0111	76.3158	0.0000	38.1579	0.0032	70.5882	0.0000	35.2941	0.0072
Partición 2	84.3750	0.0000	42.1875	0.0097	81.5789	0.0000	40.7895	0.0046	77.9412	0.0000	38.9706	0.0092
Partición 3	71.8750	0.0000	35.9375	0.0095	94.7368	0.0000	47.3684	0.0031	67.6471	0.0000	33.8235	0.0083
Partición 4	81.2500	0.0000	40.6250	0.0088	73.6842	0.0000	36.8421	0.0029	60.2941	0.0000	30.1471	0.0072
Partición 5	85.9375	0.0000	42.9688	0.0089	76.7442	0.0000	38.3721	0.0032	66.2338	0.0000	33.1169	0.0071
Media	79.0625	0.0000	39.5313	0.0096	80.6120	0.0000	40.3060	0.0034	68.5409	0.0000	34.2704	0.0078

Cuadro 1: Resultados 1NN

	Ozone				Parkinsons				Spectf-Heart			
	%_clas	%_red	Agr.	T (seg)	%_clas	%_red	Agr.	T (seg)	%_clas	%_red	Agr.	T (seg)
Partición 1	64.0625	0.0000	32.0313	2.3071	76.3158	0.0000	38.1579	0.2821	26.4706	0.0000	13.2353	1.0612
Partición 2	85.9375	0.0000	42.9688	1.6189	60.5263	0.0000	30.2632	0.2874	73.5294	0.0000	36.7647	1.0387
Partición 3	75.0000	0.0000	37.5000	1.7513	76.3158	0.0000	38.1579	0.2792	73.5294	0.0000	36.7647	1.1519
Partición 4	73.4375	0.0000	36.7188	1.7399	78.9474	0.0000	39.4737	0.2807	73.5294	0.0000	36.7647	1.0449
Partición 5	81.2500	0.0000	40.6250	1.6257	72.0930	0.0000	36.0465	0.2769	29.8701	0.0000	14.9351	0.6444
Media	75.9375	0.0000	37.9688	1.8086	72.8397	0.0000	36.4198	0.2812	55.3858	0.0000	27.6929	0.9882

Cuadro 2: Resultados Relief con K=1

	Ozone				Parkinsons				Spectf-Heart			
	%_clas	%_red	Agr.	T (seg)	%_clas	%_red	Agr.	T (seg)	%_clas	%_red	Agr.	T (seg)
Partición 1	76.5625	25.0000	50.7813	89.7886	78.9474	18.1818	48.5646	7.7242	72.0588	29.5454	50.8021	24.4655
Partición 2	79.6875	15.2778	47.4826	75.9767	86.8421	36.3636	61.6029	7.4996	73.5294	20.4545	46.9920	44.5414
Partición 3	68.7500	34.7222	51.7361	85.7498	94.7368	22.7273	58.7321	5.4946	75.0000	25.0000	50.0000	32.4179
Partición 4	81.2500	27.7778	54.5139	93.7621	76.3158	13.6364	44.9761	6.5065	58.8235	29.5454	44.1845	59.5462
Partición 5	78.1250	23.6111	50.8681	105.6183	76.7442	13.6364	45.1903	5.4971	62.3377	25.0000	43.6688	22.3619
Media	76.875	25.2778	51.0764	90.1781	82.7173	20.9091	51.8132	6.5444	68.3499	25.9091	47.1295	36.6666

Cuadro 3: Resultados Búsqueda Local con K=1

	Ozone				Parkinsons				Spectf-Heart			
	%_clas	%_red	Agr.	T (seg)	%_clas	%_red	Agr.	T (seg)	%_clas	%_red	Agr.	T (seg)
Partición 1	76.5625	52.7778	64.6701	534.7600	73.6842	72.7273	73.2057	144.2443	73.5294	59.0909	66.3102	268.5947
Partición 2	87.5000	51.3889	69.4444	482.7369	71.0526	68.1818	69.6172	145.8859	70.5882	54.5454	62.5668	343.7157
Partición 3	76.5625	50.0000	63.2813	452.4577	97.3684	68.1818	82.7751	189.4074	72.0588	63.6364	67.8476	376.4886
Partición 4	82.8125	55.5556	69.1840	481.0927	60.5263	68.1818	64.3541	192.2663	61.7647	61.3636	61.5642	353.3151
Partición 5	79.6875	52.7778	66.2326	476.6389	74.4186	72.7273	73.5729	185.5641	75.3247	61.3636	68.3442	241.8399
Media	80.6250	52.5000	66.5625	485.5372	75.4100	70.0000	72.7050	171.4736	70.6532	60.0000	65.3266	316.7908

Cuadro 4: Resultados AGE-BLX con K=1

	Ozone				Parkinsons				Spectf-Heart			
	%_clas	%_red	Agr.	T (seg)	%_clas	%_red	Agr.	T (seg)	%_clas	%_red	Agr.	T (seg)
Partición 1	78.1250	76.3889	77.2569	471.0574	68.4211	68.1818	68.3014	193.6963	76.4706	68.1818	72.3262	268.5880
Partición 2	84.3750	76.3889	80.3819	476.7666	73.6842	63.6364	68.6603	190.7289	70.5882	86.3636	78.4759	342.4545
Partición 3	81.2500	65.2778	73.2639	467.5143	78.9474	86.3636	82.6555	194.1895	70.5882	79.5455	75.0668	391.2035
Partición 4	82.8125	66.6667	74.7396	476.7075	65.7895	77.2727	71.5311	194.0040	69.1176	70.4545	69.7861	357.9221
Partición 5	76.5625	63.8889	70.2257	476.0006	76.7442	63.6364	70.1903	189.8313	74.0259	72.7273	73.3766	247.7655
Media	80.6250	69.7222	75.1736	473.6093	72.7173	71.8182	72.2677	192.4899	72.1581	75.4545	73.8063	321.5867

Cuadro 5: Resultados AGE-CA con K=1

	Ozone				Parkinsons				Spectf-Heart			
	%_clas	%_red	Agr.	T (seg)	%_clas	%_red	Agr.	T (seg)	%_clas	%_red	Agr.	T (seg)
Partición 1	71.8750	45.8333	58.8542	649.8476	76.3158	45.4545	60.8852	269.7200	67.6471	47.7273	57.6872	387.5749
Partición 2	78.1250	45.8333	61.9792	656.0903	86.8421	50.0000	68.4211	273.4718	70.5882	50.0000	60.2941	491.5933
Partición 3	71.8750	44.4444	58.1597	645.3196	86.8421	50.0000	68.4211	271.0081	70.5882	50.0000	60.2941	533.1007
Partición 4	81.2500	38.8889	60.0694	657.0321	78.9474	45.4545	62.2010	270.4252	67.6471	50.0000	58.8235	518.8346
Partición 5	79.6875	38.8889	59.2882	657.8484	65.1163	54.5455	59.8309	261.5370	64.9351	45.4545	55.1948	376.8476
Media	76.5625	42.7778	59.6701	653.2276	78.8127	49.0909	63.9518	269.2324	68.2811	48.6364	58.4587	461.5902

Cuadro 6: Resultados AGG-BLX con K=1

	Ozone				Parkinsons				Spectf-Heart			
	%_clas	%_red	Agr.	T (seg)	%_clas	%_red	Agr.	T (seg)	%_clas	%_red	Agr.	T (seg)
Partición 1	78.1250	44.4444	61.2847	1295.8234	86.8421	31.8182	59.3301	549.0934	69.1176	54.5455	61.8316	839.1870
Partición 2	84.3750	50.0000	67.1875	1308.7905	84.2105	40.9091	62.5598	554.3215	70.5882	45.4545	58.0214	1027.5440
Partición 3	79.6875	54.1667	66.9271	1287.9295	86.8421	31.8182	59.3301	459.0695	67.6471	56.8182	62.2326	1115.2930
Partición 4	76.5625	41.6667	59.1146	1307.3627	81.5789	40.9091	61.2440	430.1995	72.0588	54.5454	63.3021	1053.8761
Partición 5	81.2500	41.6667	61.4583	1307.9415	79.0698	36.3636	57.7167	405.0435	70.1299	45.4545	57.7922	662.3548
Media	80.0000	46.3889	63.1944	1301.5695	83.7087	36.3636	60.0362	479.5455	69.9083	51.3636	60.6360	939.6510

Cuadro 7: Resultados AGG-CA con K=1

	Ozone				Parkinsons				Spectf-Heart			
	%_clas	%_red	Agr.	T (seg)	%_clas	%_red	Agr.	T (seg)	%_clas	%_red	Agr.	T (seg)
Partición 1	76.5625	30.5556	53.5590	483.3842	84.2105	45.4545	64.8325	158.4467	75.0000	34.0909	54.5455	282.0805
Partición 2	87.5000	34.7222	61.1111	491.0853	81.5789	40.9091	61.2440	155.5619	82.3529	34.0909	58.2219	358.5910
Partición 3	75.0000	30.5556	52.7778	480.3444	89.4737	31.8182	60.6459	158.6902	82.3529	40.9091	61.6310	390.2710
Partición 4	85.9375	34.7222	60.3299	492.3788	71.0526	31.8182	51.4354	165.8306	60.2941	34.0909	47.1925	362.2775
Partición 5	85.9375	31.9444	58.9410	491.1975	72.0930	36.3636	54.2283	155.3547	68.8312	31.8182	50.3247	255.1079
Media	82.1875	32.5000	57.3438	487.6780	79.6818	37.2727	58.4772	158.7768	73.7662	35.0000	54.3831	329.6656

Cuadro 8: Resultados AM(10,1.0) BLX con K=1

	Ozone				Parkinsons				Spectf-Heart			
	%_clas	%_red	Agr.	T (seg)	%_clas	%_red	Agr.	T (seg)	%_clas	%_red	Agr.	T (seg)
Partición 1	71.8750	40.2778	56.0764	465.8056	71.0526	40.9091	55.9809	156.7125	72.0588	38.6364	55.3476	266.8972
Partición 2	78.1250	34.7223	56.4236	472.3412	73.6842	40.9091	57.2967	150.1130	76.4706	38.6364	57.5535	340.3339
Partición 3	75.0000	36.1111	55.5556	463.0502	94.7368	50.0000	72.3684	141.9956	70.5882	38.6364	54.6123	414.4833
Partición 4	79.6875	31.9444	55.8160	472.0138	65.7895	50.0000	57.8947	155.8208	75.0000	38.6364	56.8182	379.9297
Partición 5	81.2500	33.3333	57.2917	471.9598	74.4186	50.0000	62.2093	141.4247	67.5325	40.9091	54.2208	266.9989
Media	77.1875	35.2778	56.2326	469.0341	75.9364	46.3636	61.1499	149.2133	72.3300	39.0909	55.7105	333.7286

Cuadro 9: Resultados AM(10,0.1) BLX con K=1

	Ozone				Parkinsons				Spectf-Heart			
	%_clas	%_red	Agr.	T (seg)	%_clas	%_red	Agr.	T (seg)	%_clas	%_red	Agr.	T (seg)
Partición 1	73.4375	33.3333	53.3854	465.9320	73.6842	45.4545	59.5694	148.1477	72.0588	38.6364	55.3476	295.3414
Partición 2	82.8125	34.7222	58.7674	472.6991	78.9474	45.4545	62.2010	154.1124	76.4706	38.6364	57.5535	370.5857
Partición 3	68.7500	36.1111	52.4306	463.2197	86.8421	40.9091	63.8756	143.0956	69.1176	36.3636	52.7406	398.8947
Partición 4	79.6875	33.3333	56.5104	472.5732	71.0526	45.4545	58.2536	142.6770	73.5294	38.6364	56.0829	342.1724
Partición 5	82.8125	34.7222	58.7674	472.2727	72.0930	40.9091	56.5011	145.4911	71.4286	38.6364	55.0325	240.2233
Media	77.5000	34.4444	55.9722	469.3393	76.5239	43.6364	60.0801	146.7048	72.5210	38.1818	55.3514	329.4435

Cuadro 10: Resultados AM(10,0.1,mejores) BLX con K=1

	Ozone				Parkinsons				Spectf-Heart			
	%_clas	%_red	Agr.	T (seg)	%_clas	%_red	Agr.	T (seg)	%_clas	%_red	Agr.	T (seg)
Partición 1	76.5625	30.5556	53.5590	544.5574	86.8421	31.8182	59.3301	208.2288	83.8235	31.8182	57.8209	336.4153
Partición 2	82.8125	33.3333	58.0729	552.3451	76.3158	36.3636	56.3397	216.6982	76.4706	31.8182	54.1444	426.7882
Partición 3	71.8750	25.0000	48.4375	540.2087	92.1053	40.9091	66.5072	233.5908	76.4706	25.0000	50.7353	468.6593
Partición 4	81.2500	30.5556	55.9028	552.1704	76.3158	40.9091	58.6124	257.1846	69.1176	31.8182	50.4679	464.2057
Partición 5	79.6875	41.6667	60.6771	551.9782	67.4419	31.8182	49.6300	249.0803	71.4286	27.2727	49.3506	338.4131
Media	78.4375	32.2222	55.3299	548.2520	79.8042	36.3636	58.0839	232.9565	75.4622	29.5454	52.5038	406.8963

Cuadro 11: Resultados AM(10,1.0) CA con K=1

	Ozone				Parkinsons				Spectf-Heart			
	%_clas	%_red	Agr.	T (seg)	%_clas	%_red	Agr.	T (seg)	%_clas	%_red	Agr.	T (seg)
Partición 1	76.5625	33.3333	54.9479	830.5894	65.7895	45.4545	55.6220	419.5533	73.5294	45.4545	59.4920	579.7760
Partición 2	87.5000	38.8889	63.1944	838.5973	89.4737	45.4545	67.4641	420.6409	76.4706	40.9091	58.6898	694.4176
Partición 3	79.6875	38.8889	59.2882	822.3652	78.9474	50.0000	64.4737	407.4625	76.4706	38.6364	57.5535	815.4603
Partición 4	81.2500	40.2778	60.7639	838.2995	68.4211	40.9091	54.6651	416.2755	63.2353	36.3636	49.7995	763.9080
Partición 5	78.1250	33.3333	55.7292	839.6178	76.7442	50.0000	63.3721	393.3524	71.4286	40.9091	56.1688	541.2438
Media	80.6250	36.9444	58.7847	833.8938	75.8752	46.3636	61.1194	411.4569	72.2269	40.4545	56.3407	678.9612

Cuadro 12: Resultados AM(10,0.1) CA con K=1

	Ozone				Parkinsons				Spectf-Heart			
	%_clas	%_red	Agr.	T (seg)	%_clas	%_red	Agr.	T (seg)	%_clas	%_red	Agr.	T (seg)
Partición 1	71.8750	36.1111	53.9931	834.7623	86.8421	40.9091	63.8756	416.4395	73.5294	27.2727	50.4011	555.4199
Partición 2	84.3750	38.8889	61.6319	837.4081	73.6842	31.8182	52.7512	407.1841	77.9412	29.5455	53.7433	689.7598
Partición 3	75.0000	33.3333	54.1667	822.9041	100.0000	27.2727	63.6364	379.1863	66.1765	38.6364	52.4064	744.1559
Partición 4	82.8125	33.3333	58.0729	837.5973	81.5789	40.9091	61.2440	348.5440	63.2353	34.0909	48.6631	697.9048
Partición 5	81.2500	25.0000	53.1250	816.5085	76.7442	45.4545	61.0994	316.2853	70.1299	34.0909	52.1104	487.3722
Media	79.0625	33.3333	56.1979	829.8361	83.7699	37.2727	60.5213	373.5279	70.2024	32.7273	51.4649	634.9225

Cuadro 13: Resultados AM(10,0.1,mejores) CA con K=1

	Ozone				Parkinsons				Spectf-Heart			
	%_clas	%_red	Agr.	T (seg)	%_clas	%_red	Agr.	T (seg)	%_clas	%_red	Agr.	T (seg)
1-NN	79.0625	0.0000	39.5313	0.0096	80.6120	0.0000	40.3060	0.0034	68.5409	0.0000	34.2704	0.0078
Relief	75.9375	0.0000	37.9688	1.8086	72.8397	0.0000	36.4198	0.2812	55.3858	0.0000	27.6929	0.9882
BL	76.875	25.2778	51.0764	90.1781	82.7173	20.9091	51.8132	6.5444	68.3499	25.9091	47.1295	36.6666
AGE-BLX	80.6250	52.5000	66.5625	485.5372	75.4100	70.0000	72.7050	171.4736	70.6532	60.0000	65.3266	316.7908
AGE-CA	80.6250	69.7222	75.1736	473.6093	72.7173	71.8182	72.2677	192.4899	72.1581	75.4545	73.8063	321.5867
AGG-BLX	76.5625	42.7778	59.6701	653.2276	78.8127	49.0909	63.9518	269.2324	68.2811	48.6364	58.4587	461.5902
AGG-CA	80.0000	46.3889	63.1944	1301.5695	83.7087	36.3636	60.0362	479.5455	69.9083	51.3636	60.6360	939.6510
AM(10,1) BLX	82.1875	32.5000	57.3438	487.6780	79.6818	37.2727	58.4772	158.7768	73.7662	35.0000	54.3831	329.6656
AM(10,0.1) BLX	77.1875	35.2778	56.2326	469.0341	75.9364	46.3636	61.1499	149.2133	72.3300	39.0909	55.7105	333.7286
AM(10,0.1,mejores) BLX	77.5000	34.4444	55.9722	469.3393	76.5239	43.6364	60.0801	146.7048	72.5210	38.1818	55.3514	329.4435
AM(10,1) CA	78.4375	32.2222	55.3299	548.2520	79.8042	36.3636	58.0839	232.9565	75.4622	29.5454	52.5038	406.8963
AM(10,0.1) CA	80.6250	36.9444	58.7847	833.8938	75.8752	46.3636	61.1194	411.4569	72.2269	40.4545	56.3407	678.9612
AM(10,0.1,mejores) CA	79.0625	33.3333	56.1979	829.8361	83.7699	37.2727	60.5213	373.5279	70.2024	32.7273	51.4649	634.9225

Cuadro 14: Resultados globales con K=1

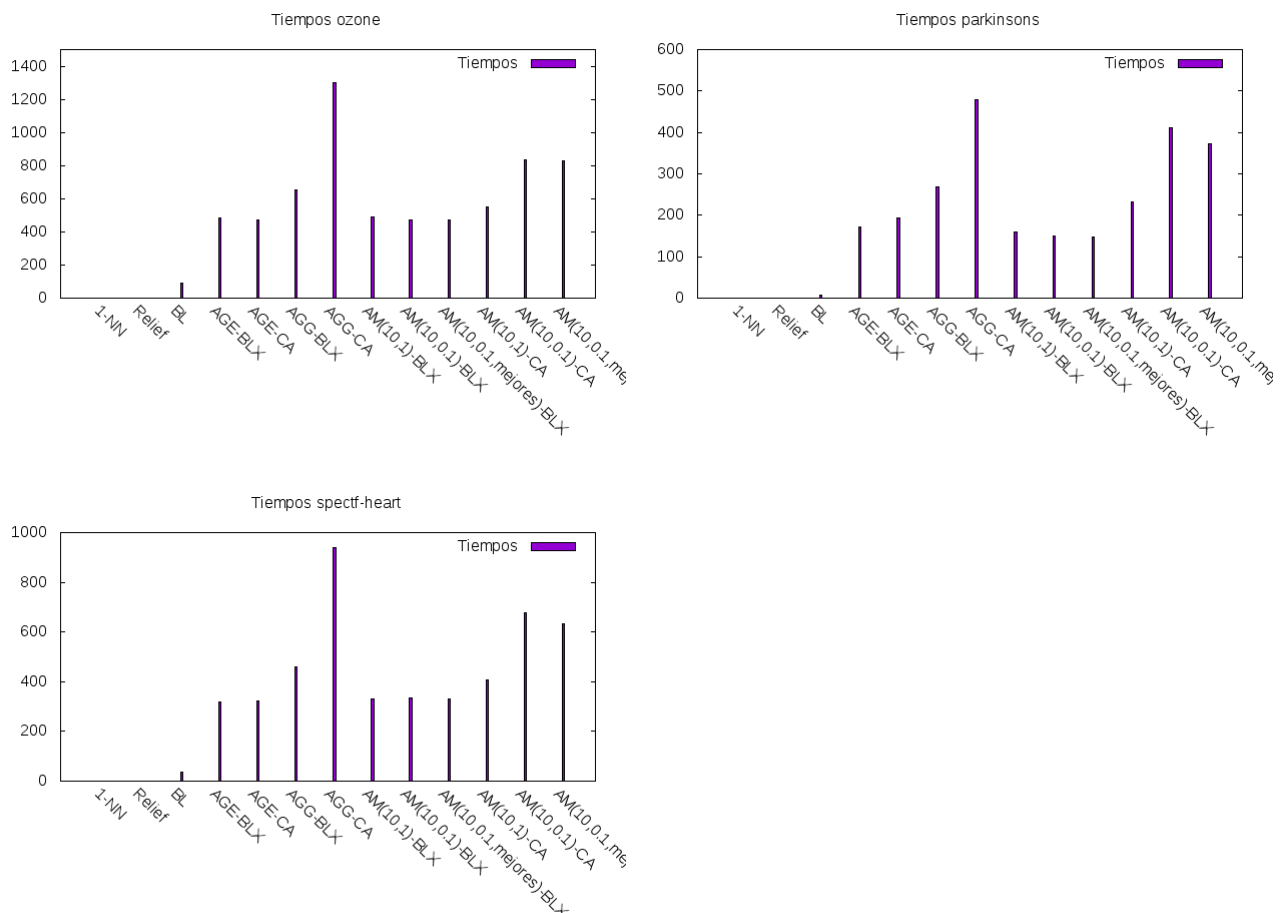
11.1. Análisis de los datos

Como podemos observar los algoritmos genéticos y meméticos han supuesto una mejora ante la búsqueda local estudiada en la práctica anterior. Como se puede comprobar los meméticos son los que se han quedado más atrás en cuanto a valoración de la tasa agregada teniendo en torno a un 50 % de calificación en media para los ficheros Ozone y Spectf-Heart y un 60 % para el fichero Parkinsons. Por contra los algoritmos que mejor resultado han arrojado han sido los genéticos teniendo hasta por encima de un 70 % el algoritmo genético estacionario en todos los ficheros.

Podemos comprobar que los algoritmos implementados en esta práctica no han sido especialmente rápidos comparados con la búsqueda local, pero al mejorar tanto la valoración podemos decir que arrojan un valor añadido con respecto a la metaheurística implementada en la práctica 1.

Así mismo podemos observar que los algoritmos que peores resultados han arrojado han sido los meméticos los cuales sólo superan el 60 % en el fichero Parkinsons acercándose mucho a las tasas obtenidas por la búsqueda local en Ozone y Spectf-Heart. Esta desmejora del algoritmo puede venir dada porque la búsqueda local no es capaz de mejorar los individuos escogidos de la población, por lo que el tiempo e iteraciones empleados en la búsqueda local producen menos mejora que el tiempo empleado en el algoritmo generacional puro. Esto implicaría que cada vez que llamamos a la búsqueda local estamos perdiendo $2 \cdot n$ iteraciones donde n es el número de características.

En cuanto al tiempo podemos hacer una comparativa de todos los algoritmos en cada uno de los ficheros:

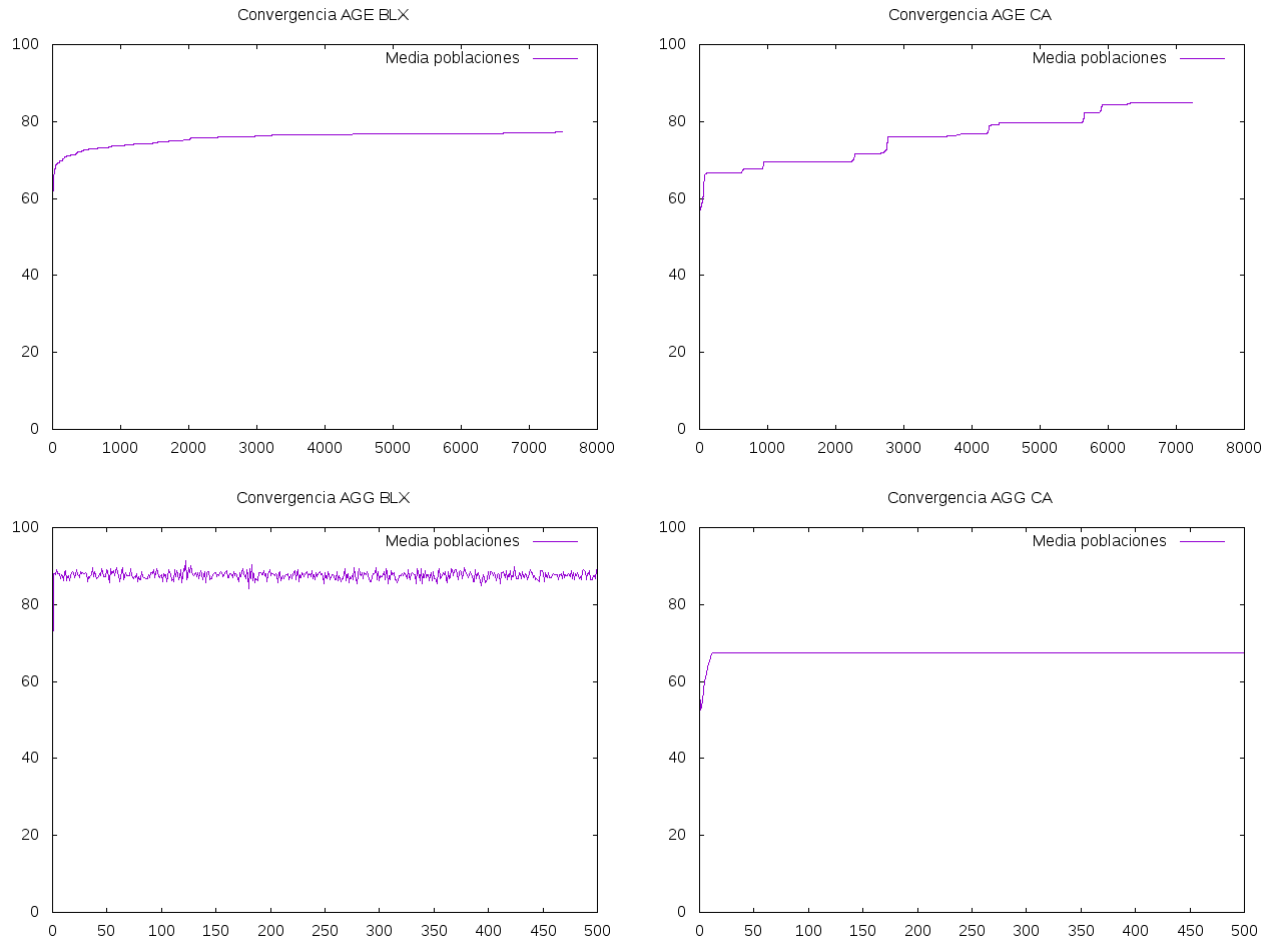


Podemos comprobar que uno de los algoritmos toma mucho más tiempo en todos los ficheros comparado con el resto de los mismos. El algoritmo genético generacional con cruce aritmético llega a consumir más de 1100 segundos en el archivo de datos Ozone, lo cual supone que por

ejemplo, el algoritmo genético generacional con cruce aritmético sea una mejor opción en estos conjuntos de datos ya que obtenemos tasas mucho más altas con un coste en tiempo de menos de la mitad con respecto al generacional con cruce aritmético.

11.2. Análisis de la convergencia

Para comprobar la eficiencia de los algoritmos genéticos he comprobado cómo converge el valor medio de las valoraciones a lo largo de las iteraciones y la generación de las poblaciones. Esto lo he hecho estudiando la media de la valoración (tasa agregada+tasa reducción) de las poblaciones a lo largo del algoritmo obteniendo las siguientes gráficas:



En estas gráficas observamos que el algoritmo genético estacionario con cruce aritmético ha tenido una convergencia muy progresiva aprovechando todas las iteraciones de las generaciones. En cambio en los algoritmos genéticos generacionales y el estacionario BLX podemos comprobar que la mayoría de las iteraciones han sido desaprovechadas ya que la población ha convergido muy rápidamente.

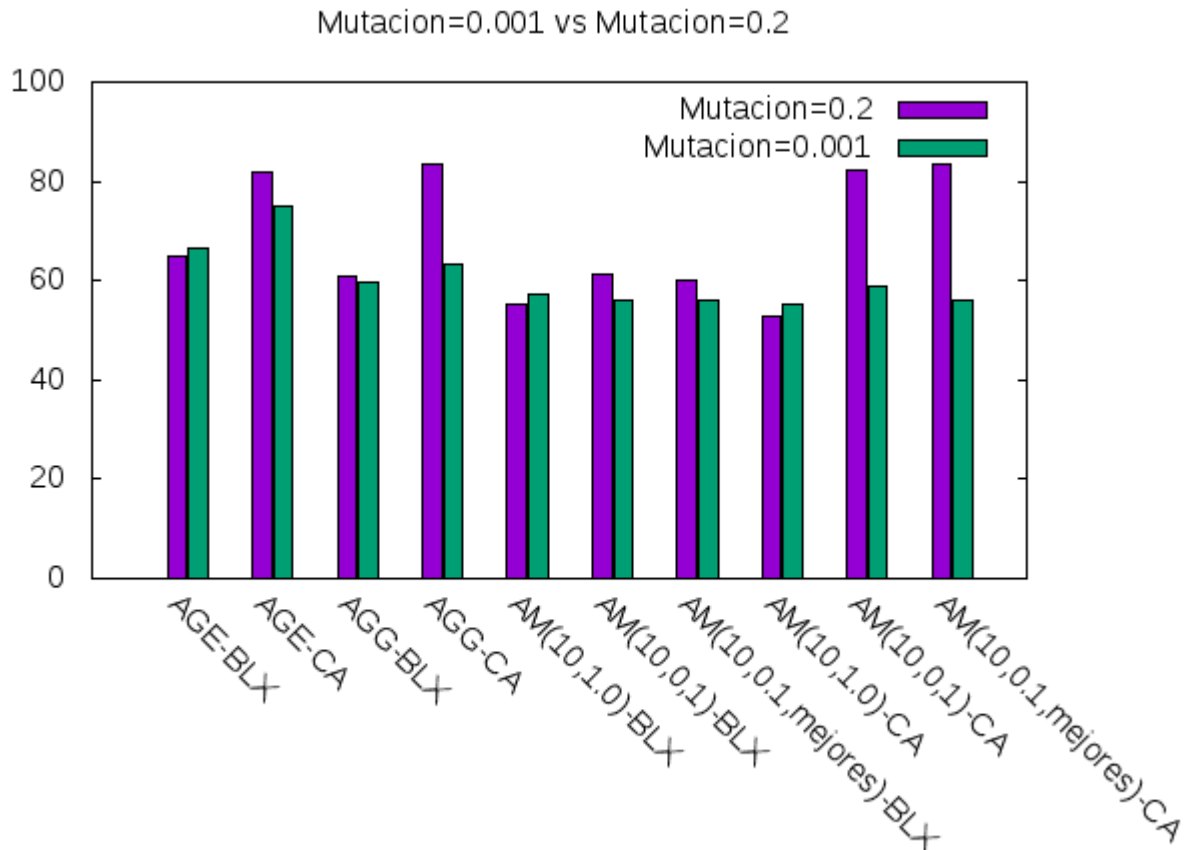
Podemos estudiar la situación que se ha producido en el generacional BLX, ya que la población ha tenido una variación muy pequeña a lo largo del tiempo y además ha ido obteniendo valores en un entorno muy reducido cercano al 90 %.

Por esto podemos decir que una posible mejora para los algoritmos genéticos es que si no obtenemos una mejora tras haber pasado un número dado de generaciones entonces debería parar. Esto nos ahorraría según estas gráficas de convergencia la mayoría de las iteraciones en el genético generacional con cruce aritmético y en el estacionario con cruce BLX. En el caso del generacional BLX sería más complicado saber que debemos parar, ya que los valores ahí si tienen un movimiento notable.

11.3. Calibrando la tasa de mutación

Durante el transcurso de esta práctica se nos ha pedido que tomemos como ratio de mutación 0.001, es decir, de los nuevos individuos que generamos debemos mutar el 0.001 % de sus genes. Este ratio nos está dejando como resultado una mutación muy pobre de forma que no notamos la diferencia entre dejarla o no hacer mutación alguna.

Por ello, y con el propósito de añadir más diversidad al algoritmo he experimentado cambiando las tasas de mutación de 0.001 a 0.2, obteniendo los siguientes resultados sobre el fichero de datos ozone-320.arff:



Podemos observar que en el peor de los casos hemos empeorado un poco los resultados obtenidos con la mutación a 0.001 pero hay 4 algoritmos en los que obtenemos una mejora sustancial al poner la tasa de mutación a 0.2.

Esto es debido a que el ratio de mutación que teníamos previamente no añadía la diversidad suficiente al modelo como para poder escapar de los máximos locales. Ahora al mutar muchos más genes hacemos el cambio suficiente como para pasar por ejemplo en el genético generacional con cruce aritmético de un 63 % de acierto a un 83 %, lo que supone una mejora muy notable.