



Trabajo Práctico Nro. 1

Metaheurísticas -
Algoritmos Genéticos

METAHEURISTICAS POBLACIONALES
MAESTRÍA EN INFORMÁTICA Y SISTEMAS

METAHEURÍSTICAS – CUESTIONARIO

1. Defina con sus propias palabras lo que entiende por una metaheurística (MH).
2. Una de las posibles clasificaciones de las MHs las divide en poblacionales y de trayectoria. Explicar las principales diferencias entre ambas clases y discutir posibles ventajas y desventajas de cada clase. ¿Existen otras posibilidades de clasificación para la familia de MHs?
3. Dado un problema de optimización particular a resolver: ¿cuándo es recomendable aplicar MHs?
4. Explicar el concepto de “Quedar atascado en un óptimo local”.
5. Definir el concepto de “tamaño del espacio de búsqueda del problema”.
6. Dado un problema particular y una codificación para las posibles soluciones de dicho problema. ¿Qué condiciones mínimas deberías reunir dicha codificación para aplicar adecuadamente una MH particular?
7. ¿Por qué se define en general a una MH como un proceso o algoritmo estocástico? ¿qué implicancias tiene sobre el análisis del desempeño de este tipo de algoritmos?
8. Si se afirma que una determinada MH tiene poca capacidad de diversificar la búsqueda, ¿Qué implica dicha afirmación? De manera similar, si decimos que no tiene capacidad de intensificación, ¿cuál sería el efecto en su desempeño?

ALGORITMOS GENÉTICOS

Los Algoritmos Genéticos (AGs) son los principales representantes de la familia de los Algoritmos Evolutivos. Un AG canónico es aquel que usa codificación binaria (se provee un AG en Lenguaje C en la página de UNPABIMODAL). El AG provisto está preparado para compilar y ejecutar bajo Linux. Sin embargo, es adecuado para Windows realizando algunas modificaciones y eliminando invocaciones la función “plot()”.

Se pide:

1. ¿Cuáles son los principales operadores genéticos de un AG? ¿qué función cumple cada uno de ellos en el proceso de búsqueda?
2. Analizar el código provisto y determinar la función que optimiza.
3. Ejecutar el AG para optimizar la función provista (opción -f1) usando los siguientes parámetros de entrada: probabilidad de crossover = 0.1, 0.3, 0.6 y probabilidad de mutación: 0.0, 0.01, 0.1. Bajo Linux se puede usar el archivo bat-runs haciendo las modificaciones necesarias o bien desde la línea de comando (luego de compilado): ./ga-c -f1 -n100 ... etc. Para el resto de los parámetros, usar los valores por omisión. Analizar los resultados obtenidos en cuanto al desempeño del AG para las distintas combinaciones de los parámetros indicados arriba (probabilidad de crossover y mutación).

4. (OPCIONAL) Agregar al AG básico la función $f2(x,y,z)=x+y+z$ (similar a la función $f1$ implementada). NOTA: El proceso de decodificación debe dividir al cromosoma en tres partes. Controlar que la longitud del cromosoma (opción $-n$) sea múltiplo de 3. Realizar un estudio similar al del punto anterior, pero usando la mejor combinación de parámetros que de acuerdo a su criterio permitió al AG alcanzar el mejor desempeño.