

**SELECCIÓN INTRASEXUAL: UN
NUEVO MÉTODO DE SELECCIÓN
EN ALGORITMOS GENÉTICOS
CON POBLACIONES SEXUADAS**

TRABAJO FIN DE MASTER

01/09/2012

Alumno: Diego Merino Ortiz
Profesor: Enrique J. Carmona Suárez

Contenido

RESUMEN	3
LISTA DE TABLAS	4
ACRONIMOS	6
1. INTRODUCCIÓN	7
1.1. ALGORITMOS GENÉTICOS	7
1.2. ALGORITMOS GÉNETICOS CON POBLACIONES SEXUADAS. ESTADO DEL ARTE	8
2. UN NUEVO MÉTODO DE SELECCIÓN EN AG'S: SELECCIÓN INTRASEXUAL	18
3. EXPERIMENTOS, ANÁLISIS Y COMPARACIÓN DE RESULTADOS	20
3.1 CARACTERIZACIÓN DE LOS PARÁMETROS DEL ALGORITMO GENÉTICO	21
3.2. IDENTIFICACIÓN DE LOS EXPERIMENTOS	26
3.3. ESTUDIO SOBRE FITNESS Y CONVERGENCIA	28
3.4. ESTUDIO SOBRE EL IMPACTO DEL TAMAÑO DEL TORNEO EN LA COMPARATIVA ...	42
3.5. ESTUDIO SOBRE DIVERSIDAD	46
3.6. ESTUDIO SOBRE EL VALOR DE "N" EN EL OPERADOR MNMTF	56
3.7. ESTUDIO SOBRE EL TAMAÑO DE LA POBLACIÓN	61
3.8. ESTUDIO SOBRE EL Nº DE DIMENSIONES DEL ESPACIO DE BÚSQUEDA	66
3.9. ESTUDIO SOBRE EL TAMAÑO DEL ESPACIO DE BÚSQUEDA	71
3.10. ESTUDIO SOBRE OTRAS FUNCIONES DE BENCHMARKING	75
3.11. COMPARATIVA CON OTROS MÉTODOS DE SELECCIÓN EN POBLACIONE SEXUADAS	92
4. CONCLUSIONES Y TRABAJO FUTURO	96
5. REFERENCIAS	98

RESUMEN

El objetivo de este TFM es describir y evaluar las prestaciones de un nuevo método de selección de padres, de fuerte inspiración biológica, y que está definido dentro del contexto de los algoritmos genéticos que trabajan con poblaciones sexuadas. Concretamente, el método de selección propuesto está basado en uno de los mecanismos de la selección sexual biológica, la denominada selección intrasexual. Así, la idea es trabajar con poblaciones en las que se mantiene aproximadamente que, a lo largo del proceso evolutivo, el 50% de individuos son masculinos y el 50% femeninos (aspecto habitual en numerosas especies animales), y donde el proceso de selección sólo se realiza sobre la población masculina: sólo los vencedores de las competiciones entre machos son los que se aparearán con las hembras.

Aunque existen numerosos trabajos dedicados al estudio de algoritmos genéticos con poblaciones sexuadas, la implementación típica de un algoritmo genético suele hacerse con poblaciones asexuadas. Por ello, puede decirse también que el objetivo de este TFM es doble: por un lado, mostrar las bondades de trabajar con algoritmos genéticos que usan poblaciones sexuadas y, por otro lado, mostrar las prestaciones de un nuevo método de selección que trabaja con este tipo de poblaciones. Para ello, se medirá y comparará las prestaciones del método propuesto con otros métodos de selección que trabajan tanto con poblaciones asexuadas como sexuadas.

El TFM está organizado de la siguiente manera: a lo largo de la sección 1 se realizará una introducción al mundo de los algoritmos genéticos en general y, de forma más específica, se hará también una revisión del estado del arte relacionado con el área de los algoritmos genéticos que usan poblaciones sexuadas. Seguidamente, la sección 2 describirá el método de selección propuesto. Los experimentos y resultados, así como la evidencia empírica de la mejora de prestaciones conseguidas con el nuevo método presentado respecto a otros métodos de selección, se mostrarán a lo largo de la sección 3. Por último, la sección 4 recogerá las principales conclusiones, así como algunas líneas futuras que pueden continuarse a partir de este trabajo.

LISTA DE TABLAS

Tabla 1. Parámetros de configuración	22
Tabla 2. Métodos de selección de padres.....	27
Tabla 3. Parámetros del vector de experimentos.....	27
Tabla 4. Métricas de resultados	28
Tabla 5. Fitness y Convergencia. Parámetros comunes. Esfera	29
Tabla 6. Fitness y Convergencia. Vector experimentos. Esfera	29
Tabla 7. Fitness y Convergencia. Relación experimentos. Esfera	29
Tabla 8. Fitness y Convergencia. Resultados. Esfera.....	30
Tabla 9. Fitness y Convergencia. Graficas. Esfera	31
Tabla 10. Fitness y Convergencia. Parámetros comunes. Ackley.....	32
Tabla 11. Fitness y Convergencia. Vector experimentos. Ackley.....	32
Tabla 12. Fitness y Convergencia. Relación experimentos. Ackley.....	32
Tabla 13. Fitness y Convergencia. Resultados. Ackley	33
Tabla 14. Fitness y Convergencia. Graficas. Ackley.....	34
Tabla 15. Fitness y Convergencia. Parámetros comunes. Rastrigin.....	35
Tabla 16. Fitness y Convergencia. Vector experimentos. Rastrigin	35
Tabla 17. Fitness y Convergencia. Relación experimentos. Rastrigin	35
Tabla 18. Fitness y Convergencia. Resultados. Rastrigin.....	36
Tabla 19. Fitness y Convergencia. Graficas. Rastrigin	37
Tabla 20. Fitness y Convergencia. Parámetros comunes. Schwefel	38
Tabla 21. Fitness y Convergencia. Vector experimentos. Schwefel.....	38
Tabla 22. Fitness y Convergencia. Relación experimentos. Schwefel.....	38
Tabla 23. Fitness y Convergencia. Resultados. Schwefel	39
Tabla 24. Fitness y Convergencia. Graficas. Schwefel.....	40
Tabla 25. Mejores configuraciones para MMTF y Torneo3	42
Tabla 26. TorneoK vs. MMTF. Esfera.....	43
Tabla 27. TorneoK vs. MMTF. Ackley	43
Tabla 28. TorneoK vs. MMTF. Rastrigin.....	44
Tabla 29. TorneoK vs. MMTF. Schwefel	44
Tabla 30. TorneoK vs. MMTF. Gráficas.....	45
Tabla 31. Diversidad. Resultados	48
Tabla 32. Diversidad. Gráficas	50
Tabla 33. Diversidad. 2D. Resultados	51
Tabla 34. Diversidad. Animacion 2D. Ackley	54
Tabla 35. Sobre el N de MNMTF. Esfera	57
Tabla 36. Sobre el N de MNMTF. Ackley.....	57
Tabla 37. Sobre el N de MNMTF. Rastrgin	58
Tabla 38. Sobre el N de MNMTF. Schwefel.....	58
Tabla 39. Sobre el N de MNMTF. Gráficas	60
Tabla 40. Tamaño población. MMTF vs Torneo3. Esfera.....	62
Tabla 41. Tamaño población. MMTF vs Torneo3. Ackley	62
Tabla 42. Tamaño población. MMTF vs Torneo3. Rastrigin.....	62
Tabla 43. Tamaño población. MMTF vs Torneo3. Schwefel	63

Tabla 44. Tamaño población. MMTF. Gráficas.....	64
Tabla 45. Dimensiones espacio de búsqueda. MMTF vs Torneo3. Esfera	67
Tabla 46. Dimensiones espacio de búsqueda. MMTF vs Torneo3. Ackley.....	67
Tabla 47. Dimensiones espacio de búsqueda. MMTF vs Torneo3. Rastrigin	68
Tabla 48. Dimensiones espacio de búsqueda. MMTF vs Torneo3. Schwefel.....	68
Tabla 49. Dimensiones espacio de búsqueda. MMTF vs. Torneo3. Gráficas	69
Tabla 50. Tamaño espacio de búsqueda. MMTF vs Torneo3. Esfera.....	72
Tabla 51. Tamaño espacio de búsqueda. MMTF vs Torneo3. Ackley	72
Tabla 52. Tamaño espacio de búsqueda. MMTF vs Torneo3. Rastrigin.....	72
Tabla 53. Tamaño espacio de búsqueda. MMTF vs. Torneo3. Gráficas.....	73
Tabla 54. Otras funciones. Parámetros comunes. Hiperelipsoide	78
Tabla 55. Otras funciones. Vector experimentos. Hiperelipsoide	78
Tabla 56. Otras funciones. Relación experimentos. Hiperelipsoide	78
Tabla 57. Otras funciones. Resultados. Hiperelipsoide.....	79
Tabla 58. Otras funciones. Parámetros comunes. Michalewicz n=2	80
Tabla 59. Otras funciones. Vector experimentos. Michalewicz n=2.....	80
Tabla 60. Otras funciones. Relación experimentos. Michalewicz n=2.....	80
Tabla 61. Otras funciones. Resultados. Michalewicz n=2	81
Tabla 62. Otras funciones. Parámetros comunes. Griewank n=2.....	82
Tabla 63. Otras funciones. Vector experimentos. Griewank n=2	82
Tabla 64. Otras funciones. Relación experimentos. Griewank n=2	82
Tabla 65. Otras funciones. Resultados. Griewank n=2.....	83
Tabla 66. Otras funciones. Parámetros comunes. Shubert.....	84
Tabla 67. Otras funciones. Vector experimentos. Shubert	84
Tabla 68. Otras funciones. Relación experimentos. Shubert	84
Tabla 69. Otras funciones. Resultados. Shubert	85
Tabla 70. Otras funciones. Parámetros comunes. Michalewicz n=10	86
Tabla 71. Otras funciones. Vector experimentos. Michalewicz n=10.....	86
Tabla 72. Otras funciones. Relación experimentos. Michalewicz n=10.....	86
Tabla 73. Otras funciones. Resultados. Michalewicz n=10	87
Tabla 74. Otras funciones. Parámetros comunes. Griewank n=10.....	88
Tabla 75. Otras funciones. Vector experimentos. Griewank n=10	88
Tabla 76. Otras funciones. Relación experimentos. Griewank n=10	88
Tabla 77. Otras funciones. Resultados. Griewank n=10.....	89
Tabla 78. Otras funciones. Comparativa resultados.	90
Tabla 79. Todas las funciones. Comparativa.	91
Tabla 80. TorneoMasculinos vs. MMTF. Esfera.....	93
Tabla 81. TorneoMasculinos vs. MMTF. Ackley	93
Tabla 82. TorneoMasculinos vs. MMTF. Rastrigin	94
Tabla 83. TorneoMasculinos vs. MMTF. Schwefel	94
Tabla 84. TorneoMasculinos vs. MMTF. Gráficas	95

ACRONIMOS

CGA	Classical Genetic Algorithm
FMD	Female and Male Differentiation
GA	Genetic Algorithm
GACD	GA with Chromosome Differentiation
GAS3	GA with Species and Sexual Selection
GGA	Gender GA
MLX	Multi-parent Cross-over with Lognormal Distribution
MPX	Multi-parent Crossover with Polynomial Distribution
MSGA	Multisexual GA
NAM	Non Assortative Mating
PBX	Position Based Crossover
PCX	Parent Centric Crossover
PCCO	Parent-Centric Crossover Operator
RBS	Rank Based Selection
RCGA	Real-Coded GA
RW	Roulette-wheel
SDM	Sex Determination Method
TS	Tournament Selection
UFS	Uniform Fertility Selection

1. INTRODUCCIÓN

1.1. ALGORITMOS GENÉTICOS

Introduciremos este trabajo dando un contexto general al mundo de los algoritmos genéticos. Previamente, antes de introducirnos en el tema, veremos un tipo de problema particular al que suelen aplicarse: problemas de optimización.

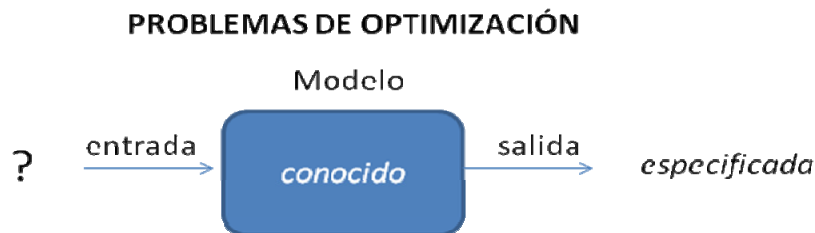


Ilustración 1. Problema de optimización

En la Ilustración 1 podemos apreciar lo siguiente: 1) que tenemos un modelo conocido, del que sabemos, 2) cual es la salida que deseamos obtener, y 3) desconocemos la entrada que proporcionaría dicha salida.

La manera de abordar esto con un algoritmo genético (teniendo en cuenta que este es una variante de la Computación Evolutiva, que no extenderemos aquí), sería llevar a cabo lo siguiente:

- Codificar las entradas, que serían una solución posible mediante un conjunto de parámetros. A cada uno de estos parámetros lo denominamos gen, y a cada solución compuesta por estos genes la denominamos cromosoma. Ver la Ilustración 2.

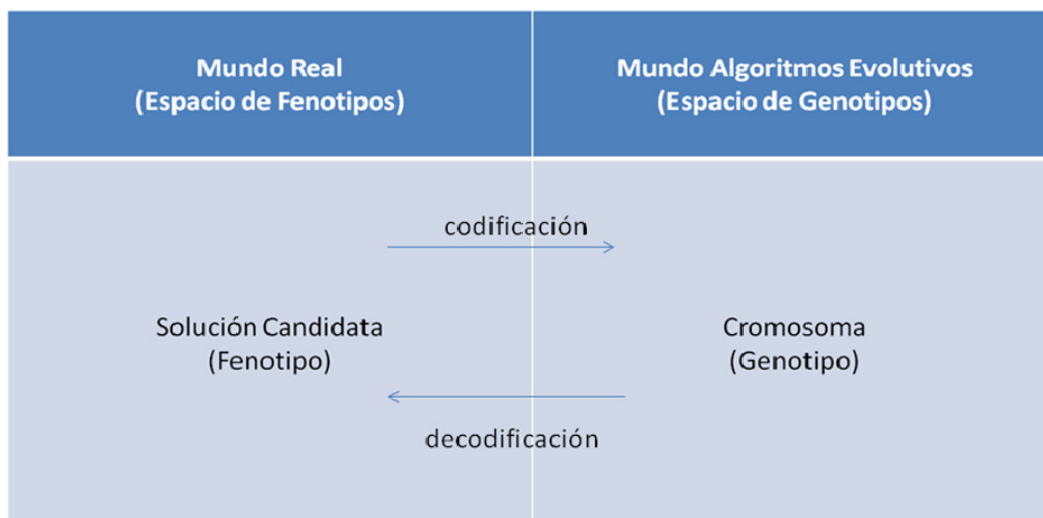


Ilustración 2. Codificación de una solución

- Sometemos a un conjunto de cromosomas, que forma una población, al algoritmo de la Ilustración 3. Allí, a muy groso modo, podemos apreciar lo siguiente. La población se inicializa de alguna manera (normalmente aleatoria); se somete dicha población a un proceso de selección de padres dirigido normalmente por una función de fitness que indica lo buena que es una solución. A continuación se cruzan los padres para obtener hijos, los cuales pueden sufrir un proceso de mutación en alguno de sus genes. Por último, de entre la descendencia así generada, únicamente sobreviven los que determine el proceso de selección de supervivientes (p.e. los mejores), y vuelve a comenzar el ciclo hasta que se cumpla una condición de finalización.

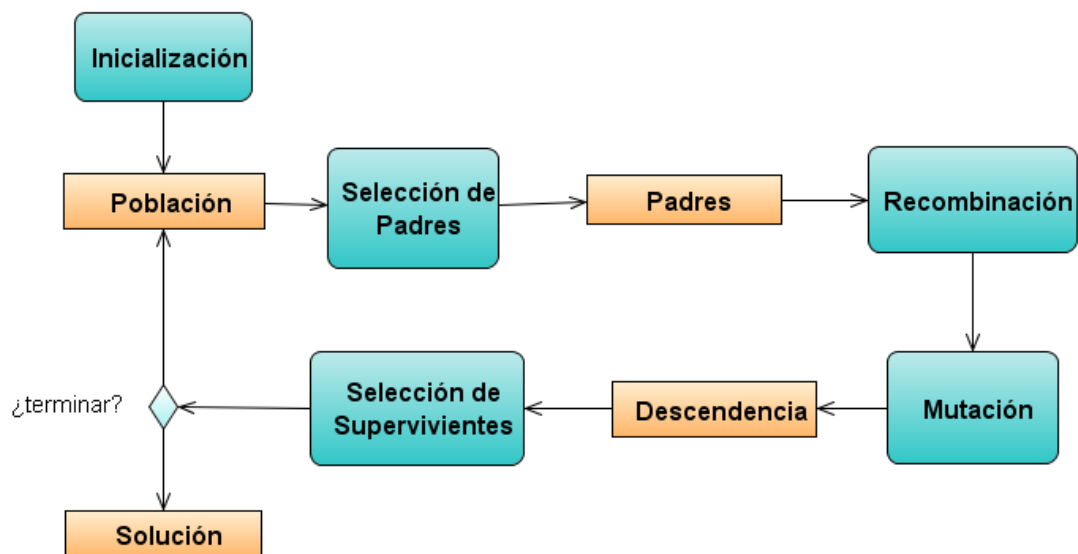


Ilustración 3. Algoritmo Genético

1.2. ALGORITMOS GÉNETICOS CON POBLACIONES SEXUADAS. ESTADO DEL ARTE

Lo habitual es que el enfoque tradicional de los Algoritmos Genéticos (GA's, *Genetic Algorithms*) no utilice el concepto de sexo. De otro lado, en lo referente a la utilización del sexo en tales algoritmos, tenemos multitud de enfoques que han ido apareciendo a lo largo de los últimos años. A continuación se presentan brevemente las ideas proporcionadas por estos, así como su comparación. Los temas a tratar, siempre que sean aplicables o se hayan mencionado en los artículos, serán los siguientes: contexto-problema (problema que se aborda, uso de GA, nº de sexos), representación y fitness (representación de la solución, campos adicionales, sexo asignado fijo, longitud fija, fitness), algoritmo (inicialización, forma de asignar el sexo, selección de padres, cruce, mutación, selección de supervivientes), experimentos y resultados.

Usos Fundamentales

Gran parte de las aproximaciones que usan poblaciones sexuadas se han aplicado a la optimización de problemas mono y multiobjetivo. Otras se aplican a problemas de satisfacción de restricciones, como **[SIM-11]**.

Por otro lado, algunos artículos tienen la finalidad primordial de exponer una idea aparte de su uso en sí, como son **[KAI-03]** **[PER-09]** **[SIV-11]** **[VRA-02]** **[VRA-05]** **[VRA-08]** **[WAG-05]**. Esto es, **[KAI-03]** se centra principalmente en comparar la selección sexual frente a otros tipos de selección, con el objetivo principal de evitar realizar el ajuste de los parámetros de escalado. El problema de la necesidad de escalado surge cuando la diferencia entre buenas y malas soluciones es muy grande, y por tanto su diferencia en fitness también lo es. De modo que esto normalmente lleva a una convergencia prematura. Para evitar este inconveniente se suelen emplear técnicas de escalado aplicadas a la función de fitness. Estas técnicas pueden utilizar parámetros como por ejemplo la desviación típica de los fitness, con lo que se hacen altamente dependientes del dominio donde se utilizan. La idea que trata de introducir el artículo es utilizar los sexos para evitar el empleo de estas técnicas de escalado, y aún conseguir una buena relación entre exploración y explotación, lo que se conseguirá para la primera a través de la reproducción de todas las hembras, y la segunda sometiendo a los machos a una mayor presión selectiva. **[PER-04]** expone la idea de inspiración biológica conocida como Selección Femenina, consistente básicamente en que para cada hembra elegida para reproducirse, ésta selecciona de entre un subconjunto de masculinos a aquel que mejor descendencia le proporcionará. **[RAG-06]** presenta el algoritmo GAS3 (*GA with Species and Sexual Selection*) que se caracteriza por poner en práctica las siguientes ideas: hay más de una clase (en concreto dos sexos), los individuos viven en grupos (lo que se vendrá a denominar especies), la reproducción no se hace indiscriminadamente, y las especies se reagrupan para sobrevivir. **[SIV-11]** viene a plantear una revisión de los distintos métodos de selección empleados en GA's, tanto los clásicos como algunos alternativos entre los que se incluyen algunas propuestas sexuadas. **[VRA-02]** **[VRA-05]** **[VRA-08]** tratan de explicar fenómenos de la naturaleza relacionados con la separación de sexos mediante el uso de simulación de GA's. Estos fenómenos consisten en ver para los distintos modos de reproducción que podríamos encontrar en la naturaleza (Masculinos con Femeninos, Hermafroditas, Autofertilizantes), cuál sería la evolución de poblaciones compuestas por mezclas de estos individuos así como comparar los distintos modos entre sí. **[WAG-05]** se basa principalmente en el estudio de la presión selectiva que proporciona la incorporación del sexo a los GA's.

Número de Sexos

La introducción del concepto del sexo en el algoritmo genético se lleva a cabo con distinto número de sexos. Aún así, la mayoría de aproximaciones utilizan sólo dos sexos; mientras que en otros enfoques, pueden existir más de dos, como son [EIB-97] [VRA-02] [VRA-05] [VRA-08]. La versión de [EIB-97] puede contener tantos sexos como funciones de optimización haya, de ahí el término *Multisexual GA* (MSGGA); mientras que [VRA-02] [VRA-05] [VRA-08] emplean hasta cuatro sexos: Masculino (M), Femenino (F), Autofertilizante (S) y Hermafrodita (H). Para estos últimos, la restricción de emparejamiento es como sigue: a) M con cualquier individuo que no sea M, b) F con cualquier individuo que no sea F, c) H con cualquier individuo que no sea él mismo, d) S con cualquier individuo incluido él mismo.

Representación del Sexo

Tenemos casos donde el sexo se codifica dentro del cromosoma, por ejemplo con dos bits [BAN-98]; un solo bit [PER-04] [REJ-00]; o bien casos más generales en los que utilizan tantos bits como se requieran para codificar el número de sexos que se utilice [EIB-97].

Por otro lado, existen enfoques en los que el sexo no estará codificado en los propios cromosomas sino como una estructura externa [DRE-06], asociada a la estructura que almacene la población (que tenga una correspondencia uno a uno con la población), de forma que para extender un algoritmo clásico a este paradigma, basta con incluir por ejemplo un nuevo vector que indique el sexo de los cromosomas que hay en la población original.

Finalmente tenemos mecanismos de representación del sexo en los que esta tarea se realiza de manera indirecta, como son [GAR-05] [KAI-03] [RAG-06] [SIM-06]. En [GAR-05], por ejemplo, no hay campos adicionales para codificar el sexo, sino que en su lugar se utiliza un proceso *Female and Male Differentiation* (FMD) para distinguir, cuando es necesario, a qué género pertenece un individuo. El proceso FMD consiste en crear dos conjuntos, el primero de ellos estará constituido por la población actual, y el segundo por un subconjunto de los mejores de ésta (apreciar que habrá individuos que están repetidos en ambos conjuntos). A uno de ellos se le asigna el género femenino y al otro el masculino.

Asignación de Sexo Estática o Dinámica

Hay un importante aspecto a considerar en cuanto a la identidad sexual de los individuos, este es, si una vez asignada es fija o bien si puede ir variando con el tiempo. Por tanto tenemos una versión estática, que una vez que se le asigna un sexo a un cromosoma, éste mantiene

siempre esa identidad sexual [ALL-92] [BAN-98] [PER-04] [SEL-09] [SEL-10] [SIM-06] [VRA-02] [VRA-05] [VRA-08]; y por otro lado, tenemos una versión variable o dinámica donde el sexo de un cromosoma no tiene por qué ser el mismo a lo largo de las generaciones [GAR-05] [KAI-03] [RAG-06] [REJ-00] [WAG-05].

Fitness

En lo que respecta a la función de fitness, normalmente dependerá del tipo de problema a tratar, pero tenemos algunas características que son susceptibles de comparación.

Existen aproximaciones que utilizan más de una función de fitness en las que la evaluación de cada cromosoma se realiza con la función objetivo asociada al sexo que posee dicho cromosoma [ALL-92] [EIB-97].

Otras utilizan dos funciones de fitness, uno directo y otro indirecto, como [PER-04] [SAN-03a] [SAN-03b]. El principal enfoque aquí es utilizar una estrategia competitiva dentro del mismo sexo y cooperativa en cuanto a un sexo frente a otro. En [SAN-03a] [SAN-03b] se emplea en los individuos masculinos un fitness directo o competitivo, y en los individuos femeninos un fitness indirecto o cooperativo. Este último se compone de una suma ponderada de: 1) el fitness normal o directo; 2) una función de la edad; y 3) una función de potenciales buenas descendencias para el padre masculino seleccionado, cada uno con una ponderación distinta.

Otro caso aparte es aquel donde la función de fitness consiste en utilizar el cromosoma como los parámetros de configuración de un algoritmo objetivo (un Solver), y ejecutar éste sobre un conjunto de instancias de entrenamiento del problema original del solver [SEL-09] [SEL-10], para este caso sólo uno de los géneros utiliza la función de fitness, el otro no, así se consigue ahorrar en esta costosa operación (aunque hay que tener en cuenta que este enfoque los individuos pueden cambiar de sexo en generaciones posteriores y así ser evaluados).

Inicialización del Campo Solución

En este aspecto, lo general es hacer una inicialización aleatoria.

Forma de Asignar el Sexo

Para el tratamiento de la asignación del sexo a los individuos, podemos para la mayoría de los casos descomponer la tarea según dos situaciones. Por un lado tenemos la forma de

asignar el sexo a la población inicial, y por otro la forma en que se asigna el sexo a los hijos que van surgiendo durante el proceso.

En lo que respecta a la asignación del sexo a la población inicial, lo más común en la mayoría de los enfoques es realizarlo de manera aleatoria. Un caso particular es aquel en el que a la mitad de los cromosomas iniciales se les asigna un género y a la otra mitad el otro **[BAN-98]**. Otra forma de asignar el sexo a la población inicial es ordenándola primero mediante su fitness y asignando un sexo distinto a cada individuo de manera alternativa **[REJ-00]**.

Para la asignación del sexo a los hijos tenemos varias posibilidades:

1) Asignarlo de manera aleatoria **[ALL-92]** **[DRE-06]** **[SEL-09]** **[SEL-10]**. En **[DRE-06]** por ejemplo, los autores reconocen con este método la posibilidad de que en un momento dado pudiera darse una situación en la que todos los miembros fueran de un único sexo, pero se indica que si la población es suficientemente grande, esta probabilidad es muy baja.

2) Los hijos pueden tomar su sexo en función de los bits de sexo heredados de cada padre **[BAN-98]**.

3) Asignando a cada hijo el sexo del padre que más genes haya aportado **[EIB-97]**.

4) Determinando el sexo por la operación de cruce, para esto se asignará al hijo el sexo que corresponda al fragmento de cromosoma que contiene el sexo heredado de uno de los padres **[REJ-00]**.

Finalmente tenemos métodos más específicos **[GAR-05]** **[RAG-06]** **[SIM-06]** **[WAG-05]**. Así en **[GAR-05]**, se crea un grupo al que se identifica con uno de los sexos mediante un número determinado de los mejores, y otro grupo al que identifica con el otro sexo y constituido por toda la población (observar que habrá individuos que pertenecen a los dos grupos). En **[RAG-06]** el sexo de los individuos se determina mediante un método denominado *Sex Determination Method* (SDM) que se basa en el concepto de fertilidad, esto es, para cada cromosoma se calcula un valor de fertilidad obtenido mediante la simulación de la descendencia que se obtendría al cruzarlo con otros cuatro individuos elegidos aleatoriamente. Los que mejor descendencia tendrían serán femeninos, y el resto masculinos. A partir de esta distinción de sexos se generan distintas especies. Por definición se considera que una especie contiene un solo individuo femenino y cero o más individuos masculinos. Por tanto, cada femenino constituirá el núcleo de una especie, y los masculinos se van asignando a

las especies de cuyo femenino se tiene una distancia menor; además se va manteniendo esta filosofía a medida que avanzan las generaciones. En **[SIM-06]** la asignación del sexo a los individuos es implícita, esto es, aquellos que son soluciones factibles son femeninos y aquellos que no son soluciones factibles son masculinos. En **[WAG-05]** con una asignación indirecta del sexo de los individuos, empleando dos métodos de selección distintos. Aquellos padres que se seleccionen con un método se considerarán que tiene un sexo, mientras que aquellos padres que sean escogidos mediante el otro método se les considerarán que poseen el otro sexo.

Selección de Padres

Respecto a la selección de padres, se suelen emplear métodos tradicionales, más o menos adaptados a la inclusión del concepto sexo. Aunque prácticamente cada autor propone una variación propia de este operador.

La variación menor consiste en no tomar en cuenta el sexo, de modo que se puede aplicar cualquier operador estándar, pero con la salvedad de que si todos los miembros elegidos son del mismo sexo, estos se reproducirán con el mejor de los disponibles del sexo contrario **[BAN-98]**.

Otra opción consiste en formar grupos por sexo, y ordenarlos internamente en función de su fitness. Ahora se elige mediante un método tradicional (p.e. *roulette wheel*) un padre dentro de cada grupo para constituir las parejas **[EIB-97]**.

Otra posibilidad consistiría en lo siguiente: se selecciona primero a una madre. Esta se escoge del conjunto de individuos femeninos que tienen el menor número de hijos ya generados, técnica *Uniform Fertility Selection* (UFS); mientras que para seleccionar al padre se escoge un número determinado de individuos masculinos, y de entre ellos se selecciona al más diferente a la madre, técnica *Non-Assortative Mating* (NAM) **[GAR-05]**.

Otro caso consistiría en que las hembras van a reproducirse todas. Ahora una vez seleccionada una a la que vamos a reproducir, se elige un padre de entre los individuos masculinos, escogiendo éste empleando un método como p.e. *roulette-wheel* (RW), *tournament selection* (TS) o *rank based selection* (RBS) aplicado a ese conjunto de masculinos **[KAI-03]**.

Otro método más es el denominado *Feminine Selection*, que consiste en: 1) se selecciona la madre usando el fitness directo (con un método tradicional), 2) se selecciona un grupo de padres para esa madre utilizando también el fitness directo, 3) la madre selecciona a uno de

los padres de acuerdo a un función de atracción o fitness indirecto. Este fitness indirecto puede admitir muchas posibilidades. Los autores dan una implementación concreta que consiste en calcular el fitness de la descendencia que se obtendría para cada uno de los padres del conjunto y elegir aquel que la maximiza **[PER-04]**.

Otro caso: se considera que las madres ya están seleccionadas implícitamente, se trata de todos los femeninos pues cada uno constituye el núcleo de una especie, entonces para reproducirse con ellas se selecciona a los masculinos con un método tradicional, pero estos dentro de cada especie para su misma hembra de la especie **[RAG-06]**.

Otro método: la selección de padres se realizará sobre los masculinos utilizando un fitness competitivo (con un método tradicional aplicado sobre el valor de fitness de los individuos) y una vez elegido un padre, la madre se seleccionará utilizando un fitness cooperativo (con otro o con el mismo método tradicional empleado antes, pero esta vez además de emplear únicamente el fitness directo de los individuos se utilizarán otros parámetros como la calidad de la descendencia, edad, etc.) **[SAN-03a] [SAN-03b]**.

Otra alternativa: se elige un determinado número de padres del sexo competitivo mediante un método tradicional y a cada uno asigna un número determinado de individuos del sexo cooperativo elegidos de manera aleatoria **[SEL-09] [SEL-10]**.

Un método que se puede aplicar a la optimización de un problema con restricciones consiste en que la selección de las madres puede hacerse bien determinísticamente por su fitness o bien emplear algún método tradicional (RW, RB, TS), mientras que la de los padres tendrá que hacerse por otros medios tales como la calidad de la descendencia, el número de restricciones que violan, etc. Se puede optar porque los individuos femeninos puedan seleccionar entre uno o varios de los masculinos (aquellos con los que se tiene menor distancia). Por otro lado, también se puede optar porque los individuos masculinos puedan ser seleccionados por un solo femenino (*Monogamous-male algorithm*) o bien por varios (*Polygamous-male algorithm*). El modo monógamo lleva a una búsqueda más global, mientras que el modo polígamo sin restricción (masculino con todas las que pueda) lleva a una rápida convergencia hacia individuos situados en la frontera. Finalmente conviene indicar que se puede permitir la reproducción asexual (femeninos con femeninos y masculinos con masculinos) para mejorar la búsqueda en zonas que no pertenecen a la frontera **[SIM-06]**.

Otro método consiste en lo siguiente: 1) se selecciona un individuo al azar, que será la madre; 2) se selecciona a otro individuo utilizando un método que tenga mayor presión

selectiva que la mera selección al azar (cualquiera de los tradicionales: RW, RB, TS), el cual será el padre. Por tanto el sexo ha quedado determinado en función de con cual método de selección haya sido seleccionado el individuo. Así, hemos implementado lo que se denomina el “*male vigor*”, esto es, los masculinos tratan de expandirse lo máximo, pues eligen su pareja al azar; y por otro lado el “*female choice*”, pues el femenino selecciona entre los mejores masculinos, pues eligen su pareja utilizando un método de mayor presión selectiva [WAG-05].

Finalmente podemos identificar una serie de conceptos que aparecen con el uso del sexo en el operador de selección de padres [SIV-11]: 1) *Genetic Algorithm with Chromosome Differentiation* (GACD), donde los cromosomas de cada uno de los géneros son distintos, esto es, por los valores que tienen sus genes un cromosoma puede ser o bien masculino o bien femenino; 2) *Restricted Mating*, donde un cromosoma sólo puede aparearse con otro que tenga cierta similitud (p.e. medida con la distancia de Hamming); 3) *Correlative Family-Based Selection*, donde se cogen dos padres de alguna forma y se produce su descendencia, formando todos estos una familia. Para esta familia hay que seleccionar sólo a dos individuos que pasen a la generación posterior. Estos dos individuos son: el de mayor fitness, y el que tiene mayor distancia de Hamming con respecto al anterior.

Cruce

Respecto al cruce, podemos utilizar versiones clásicas de *n-point crossover* [ALL-92] [BAN-98] [REJ-00] [SAN-03a] [SAN-03b]. Para el caso concreto de [ALL-92] debido la longitud variable de los cromosomas se utiliza una variante del operador de cruce de un solo punto. En [REJ-00] el cruce entre un masculino y un femenino se realiza empleado el operador de cruce de n-puntos, incluyéndose también el bit de sexo (se obtendrán por tanto dos hijos, uno masculino y otro femenino). Para [SAN-03a] [SAN-03b] la recombinación emplea 1-point crossover y se producen dos hijos, uno de cada sexo.

Puede utilizarse un cruce multipadre, empleando una versión de cruce uniforme, esto es, para cada bit del hijo se elige el de la posición correspondiente de uno de los padres escogido de manera aleatoria [EIB-97].

Otro enfoque se basa en utilizar en secuencia dos variantes de un mismo algoritmo, el primero más explorativo y el segundo más explotativo [GAR-05]. En este sólo se genera un hijo por cada pareja. Para conseguir lo que se denomina un *Real-Coded GA* (RCGA) global (que mejora la exploración), se utiliza un N_f (tamaño del conjunto femenino) muy alto, mientras que para conseguir un RCGA local (mejor en la explotación), se utiliza un N_f muy bajo. Por otro

lado se utilizan dos *Parent-Centric Crossover Operators* (PCCOs). Estos operadores utilizan una distribución de probabilidad para crear la descendencia en torno a una región del espacio apuntada por uno de los padres, el centro. El rango de esta distribución de probabilidad viene determinado por la distancia entre los dos padres. Para este caso concreto, el centro lo proporciona el individuo femenino y el rango lo da la distancia entre F y M. Estos operadores son: primero PBX-alfa (*Position Based Crossover*), que explicaremos a través de un sencillo ejemplo. Véase la Ilustración 4, donde tenemos dos padres, el masculino dado por el punto rojo, y el femenino dado por el centro de la nube de puntos. A partir de los dos padres, los posibles hijos vendrían dados por la nube de puntos (descendencia centrada en torno a la madre). Observar como en la dimensión que hay más diferencias entre padre y madre se produce la mayor dispersión de la posible descendencia (en este caso en el eje horizontal).

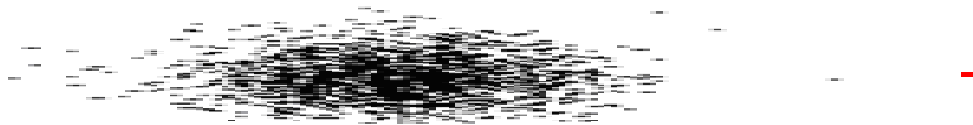


Ilustración 4. PBX

Segundo PCX (*Parent Centric Crossover*), que explicaremos también a través del sencillo ejemplo de la Ilustración 5. PCX. Allí tenemos tres padres, que vendrán dados por lo que en la figura serían los centros de las tres nubes de puntos. Dichas nubes, serían efectivamente la posible descendencia que se podría conseguir para estos tres padres con este operador.



Ilustración 5. PCX

Por tanto, continuando con este enfoque, ha hemos hablado de que se emplean un RCGA local, que estaría dado por un valor bajo para N_f y el uso de PCX, y por otro lado un RCGA global, dado a su vez por un valor alto para N_f y el uso de PBX-alfa. Estos dos algoritmos se combinan para obtener un algoritmo híbrido de la siguiente manera: primero se aplica lo que hemos dado en llamar algoritmo global durante un número de generaciones determinado, y a

los mejores individuos que consigue se les aplica el que hemos denominado algoritmo local durante el resto de generaciones.

Otro método consistiría en el denominado operador *Combined Balanced* [VRA-02] [VRA-05] [VRA-08], que consiste en que cada vez que ha de utilizarse, se elige aleatoriamente entre uno de los siguientes cruces: *1-point*, *2-point*, *uniform*, *dissociated*. El operador *uniform* intercambia cada uno de los genes de los padres con una determinada probabilidad sin tener en cuenta el género. *Dissociated* parte cada padre por dos puntos de cruce, los hijos se componen de la siguiente manera:

$$\begin{aligned}
 child_1 &= \begin{cases} parent_1(i) & \text{if } i \leq crossSite_1 \\ parent_1(i) & \text{if } crossSite_1 < i \leq crossSite_2 \\ \text{or } parent_2(i) \\ parent_2(i) & \text{if } i > crossSite_2 \end{cases} \\
 child_2 &= \begin{cases} parent_2(i) & \text{if } i \leq crossSite_1 \\ 0 & \text{if } crossSite_1 < i \leq crossSite_2 \\ parent_1(i) & \text{if } i > crossSite_2 \end{cases}
 \end{aligned}$$

Mutación

Normalmente se usan métodos tradicionales con la salvedad de que la aplicación de este operador nunca afecte a los campos (caso de tenerlos) que codifican el sexo de los individuos.

Selección de Supervivientes

En la mayoría de los casos, aquí se emplean estrategias de selección clásicas.

Experimentos y Resultados

En todos los artículos estudiados se muestra una clara ventaja de las aproximaciones sexuadas descritas sobre enfoques clásicos. La conclusión final a la que se llega en todos es la siguiente: la utilización de versiones sexuadas es, cuanto menos, tan buena como la versión sin sexo; siendo por otra parte la tónica habitual, que la sexuada consiga mejoras frente a la clásica.

Asimismo las causas que explican esta mejora suelen estar relacionadas en todos los casos con el operador de selección de padres, el cual caracteriza distintivamente al enfoque de Algoritmo Genético con Sexo. Por otro lado, el otro operador relevante para esta mejora sobre las versiones sin sexo, es el operador de cruce, cuya diferencia con respecto a su contraparte sin sexo viene a determinar fundamentalmente el número de hijos de cada sexo que se

generan, y a cuál de ellos se le asigna dicho sexo (aunque esto último no es aplicable a todos los casos).

Podemos concluir que la mejora de la versión sexuado frente a la que no lo es, viene dada por el siguiente orden de importancia: 1) operador selección de padres sexuado, y 2) operador de cruce sexuado.

2. UN NUEVO MÉTODO DE SELECCIÓN EN AG'S: SELECCIÓN INTRASEXUAL

El objetivo de este TFM es describir y evaluar las prestaciones de un nuevo método de selección de padres, definido dentro del contexto de los AGs que trabajan con poblaciones sexuadas, y con fuerte inspiración Biológica. Concretamente, está basado en uno de los mecanismos de la selección sexual, la denominada selección intrasexual.

Comencemos aclarando qué entendemos por selección intrasexual [WIK-12]. Desde un punto de vista general, la selección sexual es un concepto muy importante en la teoría de la evolución de Charles Darwin, a través del cual se explican el desarrollo de algunos caracteres sexuales secundarios que no parecían ajustarse a la selección natural. De forma muy resumida, se indica que ciertos rasgos que pueden hallarse en los individuos son el resultado de la competencia entre individuos del mismo sexo por el acceso a la cópula (selección intrasexual), así como de su selección por parte de los individuos del otro sexo, normalmente las hembras (selección intersexual).

Concretando ahora, la **selección intrasexual [WIK-12]** es la competencia entre individuos del mismo sexo en su acceso a los del contrario. Por lo general, adquieren especial relevancia las luchas, bien sean a través del contacto brutal y directo, o bien mediante la intimidación del oponente al hacer exhibición del poder de las armas. Normalmente estos combates los llevan a cabo los machos de la especie con el objetivo de acceder a las hembras directamente o bien a los lugares donde estas se encuentran. Otro mecanismo relacionado con el mismo fin es la competencia espermática, que consiste en que la propia cópula de un macho anterior impide que los gametos de otro macho posterior fecunden a la hembra.

Por otro lado, respecto a la **proporción de machos y hembras** de una población de una especie, llama la atención la **habitual 1:1**, dicha explicación podemos encontrarla en [WIK-12]. Sería de esperar que la evolución favoreciera proporciones diferentes al considerar que la

capacidad de reproducción de los machos es superior que la de las hembras. Por tanto un mayor número de hembras implicaría una descendencia mayor dado que cada macho puede aparearse con más de una hembra. Pero al contrario de lo que se podría suponer, estas proporciones desequilibradas traerían un perjuicio a las poblaciones debido a la inestabilidad que el proceso de mutación ocasionaría. Por ejemplo, en una especie con proporción 1:3 (un macho, tres hembras), y con cada reproducción produciendo un solo hijo; sucedería que si se produjera una mutación en un macho, ésta se propagaría muy rápidamente a la población (cada macho puede tener tres hijos, mientras que cada hembra sólo uno), lo que acabaría reduciendo su variabilidad genética.

Partiendo por tanto de estos dos conceptos analizados: selección intrasexual, y proporción 1:1 entre machos y hembras; propondremos nuestro particular algoritmo genético inspirado en ellos. Hemos decidido dejar fuera la selección intersexual (aquella en la que la hembra elige al macho de acuerdo a alguna característica que implícitamente mide su potencial y que es diferente del valor de su Fitness), ya que esta opción podría complicar la operativa del mecanismo de selección y pasaría a ser dependiente del problema.

Por tanto, se trabajará con poblaciones en las que se mantiene aproximadamente que, a lo largo del proceso evolutivo el 50% de individuos son masculinos y el 50% femeninos. El proceso de selección de padres sólo se realiza sobre la población masculina y los seleccionados se recombinan con todos los individuos de la subpoblación femenina. Para ello se emplearán dos nuevos operadores:

- 1) Mejor Masculino con Todos los Femeninos. Se seleccionará únicamente al mejor de los masculinos, que se cruzará con todos los femeninos de la población.
- 2) Mejores N Masculinos con Todos Femeninos. Consiste en una generalización del anterior. En este caso, de la subpoblación compuesta por todos los femeninos se hará una partición con N subconjuntos. Por otro lado en la población masculina se seleccionará a los mejores N individuos, y cada uno de estos será reproducido con todos los individuos femeninos de uno de los subconjuntos de la partición anterior.

Apréciase como en ambos casos subyace la idea de macho alfa representado por el mejor individuo (o los N mejores) de la población masculina.

Comparando nuestro enfoque con otros, se puede decir que nuestro método de selección sexual es parecido al utilizado en [KAI-03]. Sin embargo, la diferencia fundamental es que allí, en cada generación, para cada individuo femenino, la elección del padre se realiza aplicando el

método de torneo de tamaño dos sobre la población de individuos masculinos. Por el contrario nosotros, para cada generación, utilizamos como padre sólo el mejor individuo (caso MMTF) o los N mejores individuos (caso MNMTF), en ambos casos elegidos de la población masculina. Por tanto, si tal como se indica en **[KAI-03]**, el esquema de selección sexual facilita, por un lado, la exploración de la búsqueda evolutiva al seleccionar todos los individuos femeninos sin tener en cuenta su fitness y, por otro lado, el sesgo hacia la selección de los mejores fitness que se hace sobre la población masculina favorece la explotación; nosotros por nuestra parte, creemos que el seleccionar en cada generación el mejor individuo masculino (o los N mejores) permitirá mejorar aún el proceso de explotación frente a la opción de elegir un padre para cada una de las madres mediante un proceso de torneo.

Finalmente, para evaluar las prestaciones de los dos nuevos operadores aquí definidos se realizará una comparativa entre un AG clásico asexual con selección por torneo (uno de los métodos de selección clásico) y un AG sexual con cada uno de los dos métodos de selección intrasexual aquí propuestos. En esta comparativa, será necesario realizar varios estudios para determinar cómo influyen los valores de los distintos parámetros típicos de un AG. En los resultados, se medirá no solo la calidad de la solución sino también de la velocidad de convergencia, medida por el número de generaciones. Para acabar, también se comparará nuestro enfoque, no ya con un método clásico sin sexo, sino con el sexuado descrito aquí de **[KAI-03]**.

3. EXPERIMENTOS, ANÁLISIS Y COMPARACIÓN DE RESULTADOS

En esta sección se describen diferentes estudios encaminados a mostrar las ventajas de usar un método de selección sexual (aplicado a poblaciones sexuadas), frente al bien conocido clásico método de selección por torneo (aplicado a poblaciones asexuadas). A su vez, cada uno de estos estudios estará caracterizado por un conjunto de experimentos, cuyos resultados permitirán concluir si se aporta evidencia o no a las hipótesis consideradas en cada uno de dichos estudios. Se incluirá también al final de la sección la comparación entre dos métodos sexuados distintos.

Así, la sección 3.1 determinará la caracterización de los parámetros del algoritmo genético: función de fitness, dominio de definición, nº de ejecuciones, nº de generaciones, tipos de operadores, nº de cromosomas, nº de genes, etc. La sección 3.2 describe la notación utilizada

para describir cada uno de estos experimentos. La sección 3.3 describe los experimentos realizados para comparar las prestaciones en cuanto al valor de fitness y convergencia alcanzado por tres métodos de selección de padres, dos de ellos sexuales (MMTF, M4MTF) y el tercero tradicional no sexual (Torneo3); explicando la sección 3.4 el por qué de haber escogido $k=3$ para el método Torneo. La sección 3.5 realiza un análisis de la diversidad sobre el mejor método sexual (que se demostrará es MMTF) de la sección anterior frente al método clásico (Torneo3), que pueda ayudar a justificar el porqué de la superioridad del sexual frente al que no lo es. Una vez que en las dos secciones previas se haya visto las ventajas de los métodos de selección sexual, en la sección 3.6 comparemos los dos métodos de selección sexual utilizados, donde en este caso, los resultados mostrarán que no es útil el aumentar el parámetro N del método MNMTF, por lo que quedará confirmado que su mejor particularización será para $N=1$, esto es, MMTF. También se estudiará y comparará el impacto en las prestaciones de los dos métodos de selección MMTF y Torneo3 respecto al tamaño de la población (sección 3.7), a la dimensionalidad del problema, es decir, del número de genes (sección 3.8) y al tamaño del espacio de búsqueda (sección 3.9). En la sección 3.10 se tratarán de extender las conclusiones obtenidas en los epígrafes previos a otros tipos de funciones de fitness. Para acabar esta sección de experimentos y resultados, en la sección 3.11 se realizará la comparación del método sexual MMTF con otros enfoques sexuales distintos.

3.1 CARACTERIZACIÓN DE LOS PARÁMETROS DEL ALGORITMO GENÉTICO

Los parámetros que se emplearán para configurar los algoritmos están recogidos en la siguiente tabla. Posteriormente se da una descripción de cada uno.

Función de Fitness
Dominio de Definición
Número de Ejecuciones
Número de Generaciones
Objetivo de Fitness
Número de Genes
Número de Cromosomas
Número de Manadas
Operador de Inicialización
Operador de Selección de Padres
Probabilidad de Cruce
Operador de Cruce
Probabilidad de Mutación sobre Gen
Operador de Mutación

Tabla 1. Parámetros de configuración

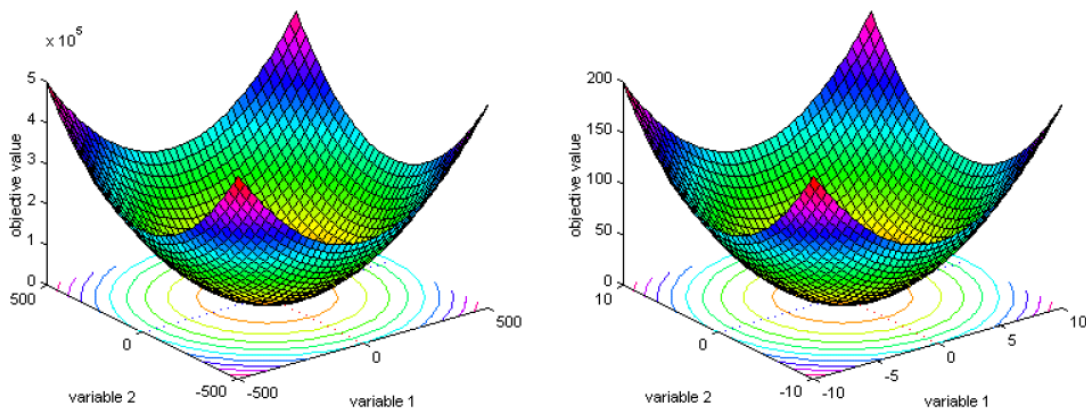
Función Fitness y Dominio de Definición

A diferencia de otros trabajos que usan un AG para obtener la solución de un problema concreto de optimización, el objetivo de este trabajo es aportar evidencia acerca de las ventajas de usar poblaciones sexuadas en el esquema evolutivo de un AG, frente a la aproximación clásica de AGs que utilizan poblaciones asexuadas. Por tanto, dado que en las condiciones de contorno de nuestro estudio no existe función fitness a optimizar, es necesario recurrir a un conjunto de funciones fitness de benchmarking que permitirán evaluar y comparar la validez de nuestra hipótesis de trabajo. Este tipo de funciones tienen la particularidad de ser conocidas y usadas por toda la comunidad científica que trabaja en computación evolutiva y, por tanto, facilitan la comparación de diferentes propuestas. Dado que el repertorio de estas funciones es amplio, nos hemos decantado por usar cuatro de ellas, muy utilizadas en la literatura [EIB-97]. Con esta elección, se trata de abarcar la gran mayoría de escenarios posibles: problemas monomodales y multimodales, todos ellos con la posibilidad de ser estudiados bajo la perspectiva multidimensional. A continuación se describen las características de las cuatro funciones elegidas:

- **Función Esfera**

$$f_1(x) = \sum_{i=1}^n x_i^2 \quad -5.12 \leq x_i \leq 5.12$$

Mínimo global: $f(x) = 0$, $x(i) = 0$, $i = 1:n$.

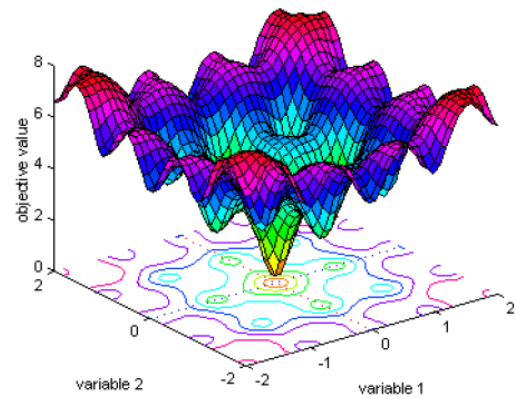
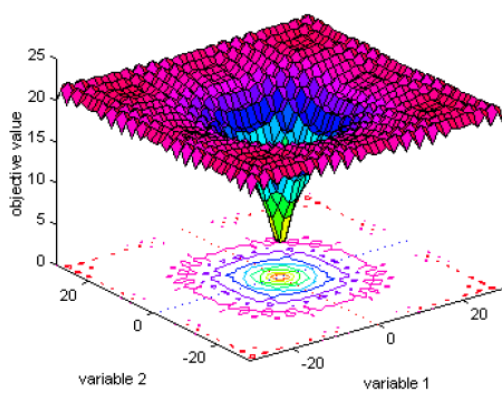


- **Función Ackley**

$$f_{10}(x) = -a \cdot e^{-b \cdot \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^n x_i^2}{n}}} - e^{\frac{\sum_{i=1}^n \cos(c \cdot x_i)}{n}} + a + e^1 \quad -1 \leq x_i \leq 1$$

$a=20; b=0.2; c=2 \cdot \pi; i=1:n; -32.768 \leq x(i) \leq 32.768.$

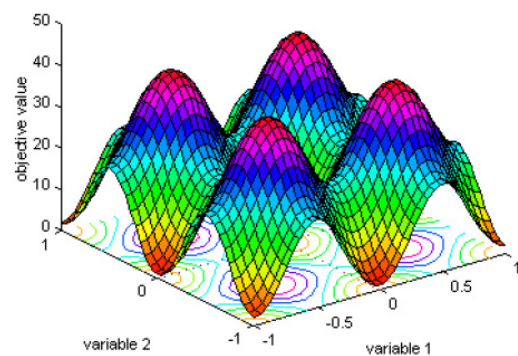
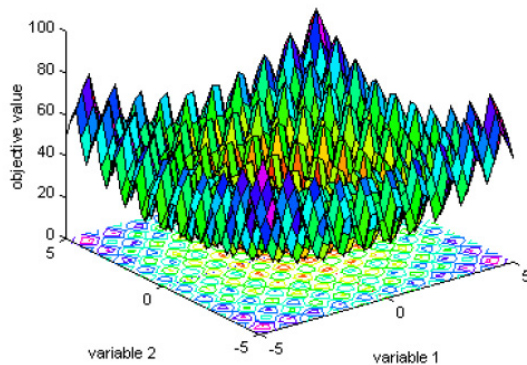
Mínimo global: $f(x)=0; x(i)=0, i=1:n.$



- **Función Rastrigin**

$$f_6(x) = 10 \cdot n + \sum_{i=1}^n (x_i^2 - 10 \cdot \cos(2 \cdot \pi \cdot x_i)) \quad -5.12 \leq x_i \leq 5.12$$

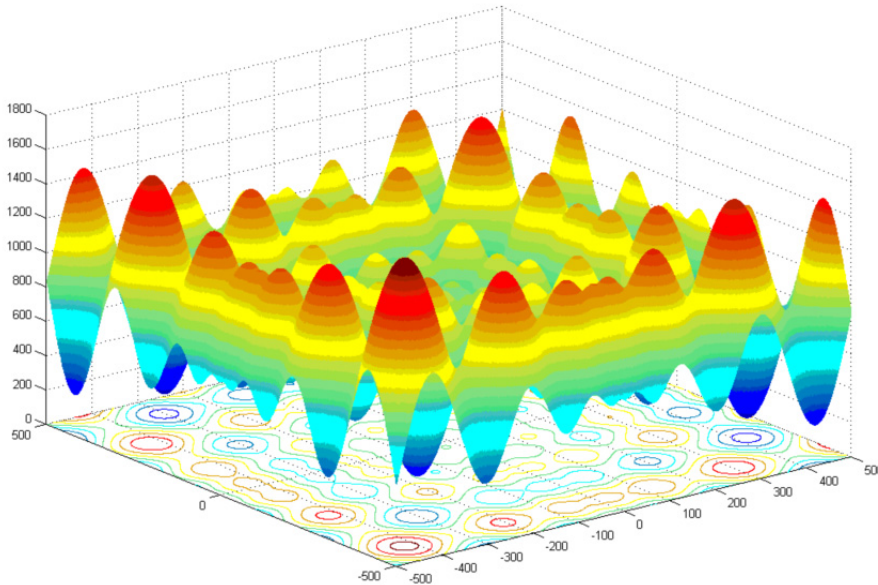
Mínimo global: $f(x)=0; x(i)=0, i=1:n.$



- **Función Schwefel**

$$f_7(x) = 418.9829 n + \sum_{i=1}^n -x_i \cdot \sin(\sqrt{|x_i|}) \quad -500 \leq x_i \leq 500$$

Mínimo global: $f(x) = 0.0$; $x(i) = 420.9687, i=1:n.$



La representación utilizada es un vector de reales de dimensión igual al número de variables existentes en el problema considerado y al que se le añade un gen más para indicar el sexo (masculino o femenino) en aquellos casos en los que se consideran poblaciones sexuadas.

Número de Ejecuciones

Debido a la naturaleza estocástica de los AG's es necesario realizar varias ejecuciones para cada experimento considerado. Por tanto, este parámetro establece la cantidad de veces que se ejecutará una misma configuración de un algoritmo sobre un problema determinado.

Número de Generaciones

Número de generaciones máximo que abarcará la ejecución del algoritmo genético.

Objetivo de Fitness

Valor deseado que desea alcanzarse en la ejecución del algoritmo para considerar dicha ejecución como exitosa.

Número de Genes

Este número refleja el número de genes o variables (tamaño del problema) que se estará tratando.

Número de Cromosomas

Número de individuos o cromosomas que componen una población. El tamaño de la población se mantiene constante a lo largo de las distintas generaciones para un experimento dado.

Operador de Inicialización

El método empleado consiste en inicializar de forma aleatoria uniforme los genes de los cromosomas considerando el dominio de definición de cada uno de ellos. En el caso de poblaciones sexuadas, se asigna al gen de sexo el valor masculino a la primera mitad de la población así generada, y el femenino a la otra.

Operador de Selección de padres

Los operadores de selección de padres implementados son los siguientes:

- Selección por Torneo (k). Se selecciona aleatoriamente un número de k cromosomas de la población, y de entre ellos se selecciona como padre el de fitness más alto. El proceso se repite tantas veces como cromosomas tenga la población. Finalmente, los padres se emparejan de forma aleatoria. Este operador se utilizará solo con poblaciones no sexuadas.
- Mejor Masculino con Todos los Femeninos. Véase la sección 1.
- Mejores N Masculinos con Todos Femeninos. Véase la sección 1.

Probabilidad de cruce (Pc)

Para una pareja dada, se emprenderá el cruce si $p \leq P_c$, siendo p un valor obtenido al azar del intervalo [0,1].

Operador de Cruce

El operador de cruce implementado es el clásico operador de Recombinación Aritmética Total (parámetro alfa). El método empleado consiste en crear los hijos donde cada gen será la media ponderada por el parámetro alfa de los valores de los genes de los padres.

$genhijo1 = \alpha * x1 + (1 - \alpha) * x2$; $genhijo2 = \alpha * x2 + (1 - \alpha) * x1$. Aleatoriamente uno de los hijos tendrá sexo masculino y el otro femenino.

Probabilidad de mutación (Pm)

Para un gen dado, se emprenderá la mutación si $p \leq P_m$, siendo p un valor obtenido al azar del intervalo $[0,1]$.

Operador de Mutación

El operador de mutación implementado es el de distribución gaussiana (parámetro Porcentaje Rango). Se le asigna a cada gen a ser mutado un valor extraído de una distribución gaussiana. Si el valor mutado se sale fuera del dominio de definición, se cambia por el valor más cercano de dicho dominio. No se muta el sexo. Como media de la distribución se utiliza el valor actual del gen. Como desviación de la distribución se utiliza un porcentaje del rango del dominio de definición definido por el usuario.

Operador de Selección de supervivientes

Se aplica un modelo generacional, es decir, la descendencia generada tiene el mismo tamaño de la población y sustituye completamente a la población anterior.

3.2. IDENTIFICACIÓN DE LOS EXPERIMENTOS

Para cada uno de los estudios mencionados en la introducción de esta sección, es necesario realizar una batería de diferentes experimentos, debido a que todo AG está caracterizado por diferentes parámetros. Por tanto, hay que analizar cómo influye el valor de dichos parámetros en el comportamiento del algoritmo. A su vez, no hay que olvidar que, debido a la naturaleza estocástica de un AG, cada uno de estos experimentos se repetirá un número determinado de veces. Así, con el fin de facilitar el seguimiento y aclaración de los experimentos, a continuación se describe el marco común utilizado para describir cada experimento. Para cada uno de los estudios mencionados anteriormente, se realizará:

- 1) Una tabla con los parámetros comunes del AG para toda la batería de experimentos.
- 2) Una tabla con los parámetros del AG que son objeto de estudio, que variarán de un experimento a otro de la batería.
- 3) Una tabla con la relación de los experimentos de la batería. Cada experimento se identificará mediante un vector de etiquetas que facilitará el seguimiento de la notación en la tabla de resultados y en los plots de convergencia.

- 4) Tablas de resultados.
- 5) Gráficas de los resultados
- 6) Todo el esquema anterior se repite para cada una de las funciones fitness consideradas.
- 7) Discusión de resultados.

Por otro lado, los experimentos se configuran básicamente con los parámetros que ya se mencionaron en la Tabla 1. No obstante, dicha Tabla 1 recoge los principales parámetros, por lo que en algunos casos, p.e. dependiendo del operador utilizado, pueden ser necesarios otros parámetros de ajuste de tal operador, que serán indicados claramente en donde corresponda.

A continuación, en la Tabla 2, se muestran los métodos de selección de padres que se encontrarán en este estudio.

Torneo3	Selección por Torneo, n=3. Siendo n el número de seleccionados para competir
MMTF	Mejor Masculino con Todos Femeninos
M4MTF	Mejores 4 Masculinos con Todos Femeninos

Tabla 2. Métodos de selección de padres

En lo que respecta a la definición del vector de etiquetas de experimentos, las abreviaturas empleadas se dan en la Tabla 3. Conviene tener en cuenta que **no todos los parámetros aparecerán en todos los vectores**, sino sólo los relevantes para la batería de pruebas sobre la que se esté llevando a cabo un estudio.

\$Pc	Probabilidad de Cruce
\$a	Alfa (para Recombinación Aritmética Total)
\$s	Porcentaje Rango (para Sigma en Mutación Gaussiana)
\$g	Nº de Genes
\$P	Nº de Cromosomas
\$D	% de mejores cromosomas empleados en métrica de diversidad

Tabla 3. Parámetros del vector de experimentos

La etiqueta "\$D" se utiliza en el contexto del estudio de cómo evoluciona la diversidad de la población (véase sección 4.3). Finalmente la Tabla 4 recoge los valores que podemos observar en las tablas de resultados, así como en las gráficas.

MBF	Mean Best Fitness	Media de los fitness del conjunto compuesto por el mejor individuo de cada ejecución.
SDBF	Standard Deviation	Desviación típica de los fitness del conjunto compuesto por el mejor

	Best Fitness	individuo de cada ejecución
SR	Success Rate	Tasa de éxito. Porcentaje del número de ejecuciones que alcanzaron el valor objetivo prefijado
MSG	Mean Success Generation	Media de las generaciones en que se obtuvo el éxito, para cada una de las ejecuciones donde se alcanzó.
SDSG	Standard Deviation Success Generation	Desviación típica de las generaciones en que se obtuvo el éxito, para cada una de las ejecuciones donde se alcanzó.
MD	Mean Diversity	Media de la medida de diversidad del conjunto compuesto por la media de diversidad de la población de cada ejecución.
SDD	Standard Deviation Diversity	Desviación típica de la medida de diversidad del conjunto compuesto por la media de diversidad de la población de cada ejecución.

Tabla 4. Métricas de resultados

3.3. ESTUDIO SOBRE FITNESS Y CONVERGENCIA

En este estudio se comparan las prestaciones de los dos tipos de operadores de selección considerados: sexual y asexuado (torneo). Para ello, se realizan distintas ejecuciones para distintos valores de los parámetros que definen los operadores de variación (cruce y mutación). Concretamente, para cada función considerada, se realizarán ocho experimentos para diferentes combinaciones de valores de estos parámetros.

3.3.1. FUNCIÓN ESFERA

Las Tabla 5, Tabla 6 y Tabla 7 describen los parámetros de configuración utilizados para esta función.

Función:	Esfera
Dominio:	[-100, 100]
Nº Ejecuciones:	20
Nº Generaciones:	1000
Objetivo de Fitness:	1E-3
Nº Genes:	20
Nº Cromosomas:	200
Inicialización:	Aleatoria Uniforme
Cruce:	Recombinación Aritmética Total
Mutación:	Gaussiana
Probabilidad de Mutación sobre Gen:	0.01
Selección de Supervivientes:	Solo Descendencia

Tabla 5. Fitness y Convergencia. Parámetros comunes. Esfera

x1Pc	Probabilidad de Cruce	0.5, 0.9
x2a	Alfa (para Recombinación Aritmética Total)	0.6, 0.9
x3s	Porcentaje Rango (para Sigma en Mutación Gaussiana)	0.1, 1

Tabla 6. Fitness y Convergencia. Vector experimentos. Esfera

Nº Exp.	Identificación
1	0.5Pc, 0.6a, 0.1s
2	0.5Pc, 0.6a, 1s
3	0.5Pc, 0.9a, 0.1s
4	0.5Pc, 0.9a, 1s
5	0.9Pc, 0.6a, 0.1s
6	0.9Pc, 0.6a, 1s
7	0.9Pc, 0.9a, 0.1s
8	0.9Pc, 0.9a, 1s

Tabla 7. Fitness y Convergencia. Relación experimentos. Esfera

Por otro lado, los resultados se presentan en la Tabla 8 y la Tabla 9.

		Población no sexuada (Torneo 3)			Población sexuada (MMTF)			Población sexuada (M4MTF)		
		MBF±SDBF	SR%	MSG±SDSG	MBF±SDBF	SR%	MSG±SDSG	MBF±SDBF	SR%	MSG±SDSG
1	0.5Pc, 0.6a, 0.1s	9.54E-01 ± 3.24E+00	42	874.2 ± 85.6	1.77E-08 ± 3.82E-08	100	549.0 ± 88.2	4.38E-08 ± 1.02E-07	100	597.1 ± 86.4
2	0.5Pc, 0.6a, 1s	2.53E-04 ± 1.34E-04	100	724.1 ± 79.8	5.55E-08 ± 5.27E-08	100	207.9 ± 13.7	6.14E-08 ± 5.04E-08	100	232.0 ± 17.5
3	0.5Pc, 0.9a, 0.1s	5.71E+02 ± 5.02E+02	-	-	1.40E+00 ± 7.20E+00	84	790.0 ± 117.1	2.88E+01 ± 4.86E+01	22	913.5 ± 61.7
4	0.5Pc, 0.9a, 1s	1.03E-04 ± 5.23E-05	100	625.6 ± 59.1	1.17E-11 ± 9.77E-12	100	209.2 ± 14.5	3.90E-11 ± 2.83E-11	100	261.6 ± 18.6
5	0.9Pc, 0.6a, 0.1s	8.80E-01 ± 3.08E+00	48	877.5 ± 82.0	4.69E+01 ± 9.02E+01	30	905.7 ± 64.8	1.93E+00 ± 8.46E+00	80	846.6 ± 96.1
6	0.9Pc, 0.6a, 1s	1.07E-03 ± 2.57E-04	48	938.9 ± 44.5	5.70E-12 ± 8.17E-12	100	230.6 ± 24.3	1.84E-11 ± 4.47E-11	100	228.8 ± 13.6
7	0.9Pc, 0.9a, 0.1s	4.76E+02 ± 3.72E+02	-	-	4.62E+02 ± 3.26E+02	-	-	9.76E+02 ± 5.64E+02	-	-
8	0.9Pc, 0.9a, 1s	7.43E-05 ± 4.51E-05	100	614.8 ± 59.8	2.62E-16 ± 3.05E-16	100	258.4 ± 18.7	1.07E-14 ± 1.43E-14	100	306.1 ± 20.2

Tabla 8. Fitness y Convergencia. Resultados. Esfera

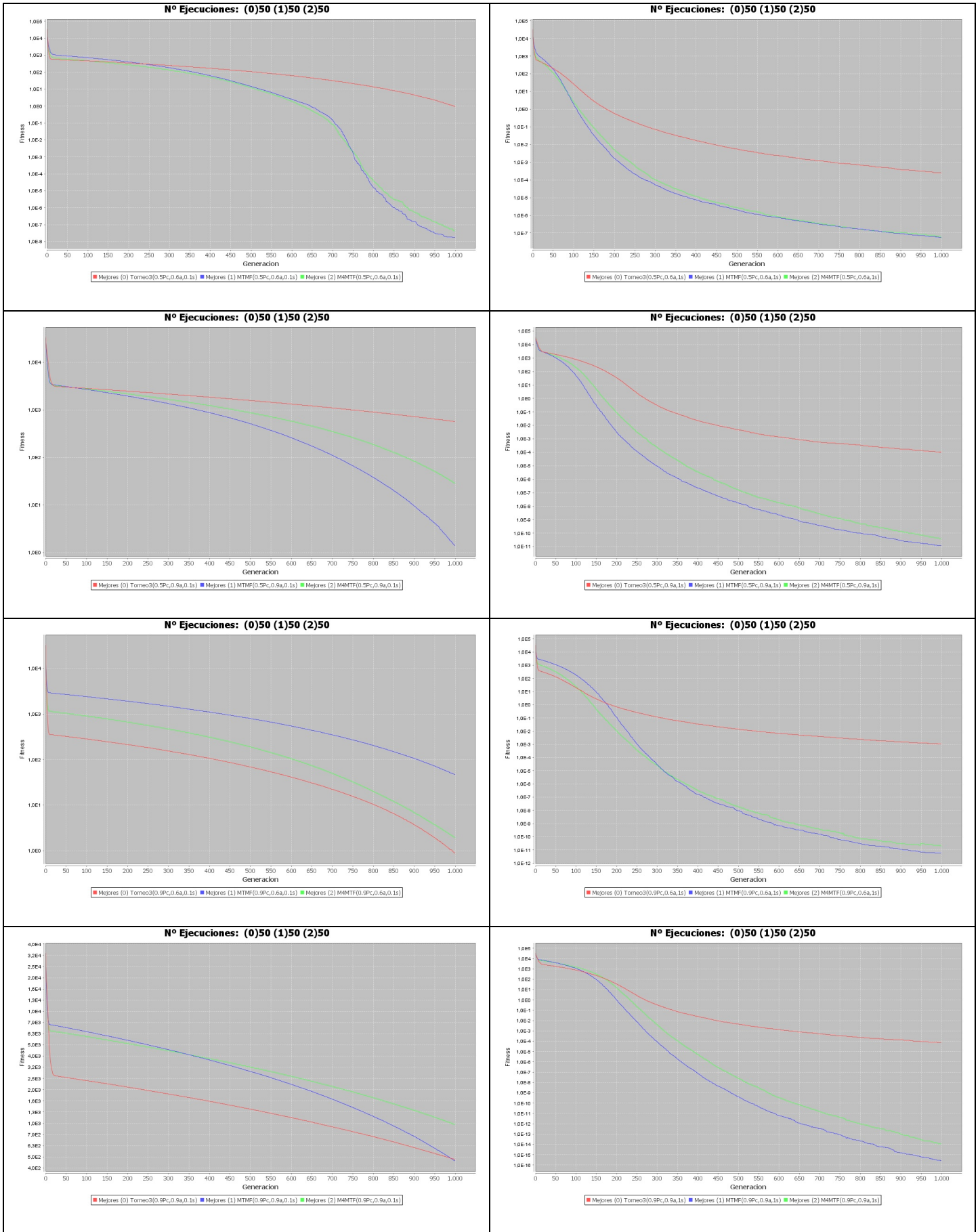


Tabla 9. Fitness y Convergencia. Graficas. Esfera

3.3.2. FUNCIÓN ACKLEY

Las Tabla 10, Tabla 11 y Tabla 12 describen los parámetros de configuración utilizados para esta función.

Función:	Ackley
Dominio:	[-32.768, 32.768]
Nº Ejecuciones:	50
Nº Generaciones:	2000
Objetivo de Fitness:	1E-3
Nº Genes:	10
Nº Cromosomas:	200
Inicialización:	Aleatoria Uniforme
Cruce:	Recombinación Aritmética Total
Mutación:	Gaussiana
Probabilidad de Mutación sobre Gen:	0.01
Selección de Supervivientes:	Solo Descendencia

Tabla 10. Fitness y Convergencia. Parámetros comunes. Ackley

x1Pc	Probabilidad de Cruce	0.5, 0.9
x2a	Alfa (para Recombinación Aritmética Total)	0.6, 0.9
x3s	Porcentaje Rango (para Sigma en Mutación Gaussiana)	1, 10

Tabla 11. Fitness y Convergencia. Vector experimentos. Ackley

Nº Exp.	Identificación
1	0.5Pc, 0.6a, 1s
2	0.5Pc, 0.6a, 10s
3	0.5Pc, 0.9a, 1s
4	0.5Pc, 0.9a, 10s
5	0.9Pc, 0.6a, 1s
6	0.9Pc, 0.6a, 10s
7	0.9Pc, 0.9a, 1s
8	0.9Pc, 0.9a, 10s

Tabla 12. Fitness y Convergencia. Relación experimentos. Ackley

Por otro lado, los resultados se presentan en la Tabla 13 y la Tabla 14.

		Población no sexuada (Torneo 3)			Población sexuada (MMTF)			Población sexuada (M4MTF)		
		MBF±SDBF	SR%	MSG±SDSG	MBF±SDBF	SR%	MSG±SDSG	MBF±SDBF	SR%	MSG±SDSG
1	0.5Pc, 0.6a, 1s	8.24E-04 ± 4.74E-04	74	1327.5 ± 361.2	3.33E-09 ± 3.15E-09	100	162.7 ± 18.5	3.08E-09 ± 2.68E-09	100	177.0 ± 18.5
2	0.5Pc, 0.6a, 10s	8.04E-03 ± 4.52E-03	2	1028.0 ± 0.0	3.15E-08 ± 3.48E-08	100	190.2 ± 26.8	2.97E-08 ± 2.62E-08	100	216.3 ± 28.8
3	0.5Pc, 0.9a, 1s	7.66E-04 ± 4.90E-04	82	1449.4 ± 355.1	3.11E-13 ± 3.28E-13	100	172.9 ± 41.7	6.69E-13 ± 5.66E-13	100	201.4 ± 26.3
4	0.5Pc, 0.9a, 10s	5.99E-03 ± 3.34E-03	2	1769.0 ± 0.0	2.42E-12 ± 2.33E-12	100	151.9 ± 16.3	4.55E-12 ± 4.88E-12	100	181.8 ± 18.3
5	0.9Pc, 0.6a, 1s	1.89E+00 ± 1.14E+00	-	-	5.32E-14 ± 8.71E-14	100	155.6 ± 26.9	1.18E-13 ± 3.25E-13	100	164.9 ± 24.4
6	0.9Pc, 0.6a, 10s	1.22E+00 ± 1.28E+00	-	-	3.04E-13 ± 4.08E-13	100	121.1 ± 10.2	3.49E-12 ± 1.37E-11	100	155.2 ± 12.9
7	0.9Pc, 0.9a, 1s	6.56E-04 ± 2.86E-04	94	1406.8 ± 324.0	7.27E-15 ± 2.34E-15	100	203.0 ± 35.0	5.70E-15 ± 1.78E-15	100	248.2 ± 39.7
8	0.9Pc, 0.9a, 10s	6.46E-03 ± 3.39E-03	-	-	7.41E-15 ± 2.01E-15	100	127.4 ± 12.3	6.56E-15 ± 1.60E-15	100	151.4 ± 17.0

Tabla 13. Fitness y Convergencia. Resultados. Ackley

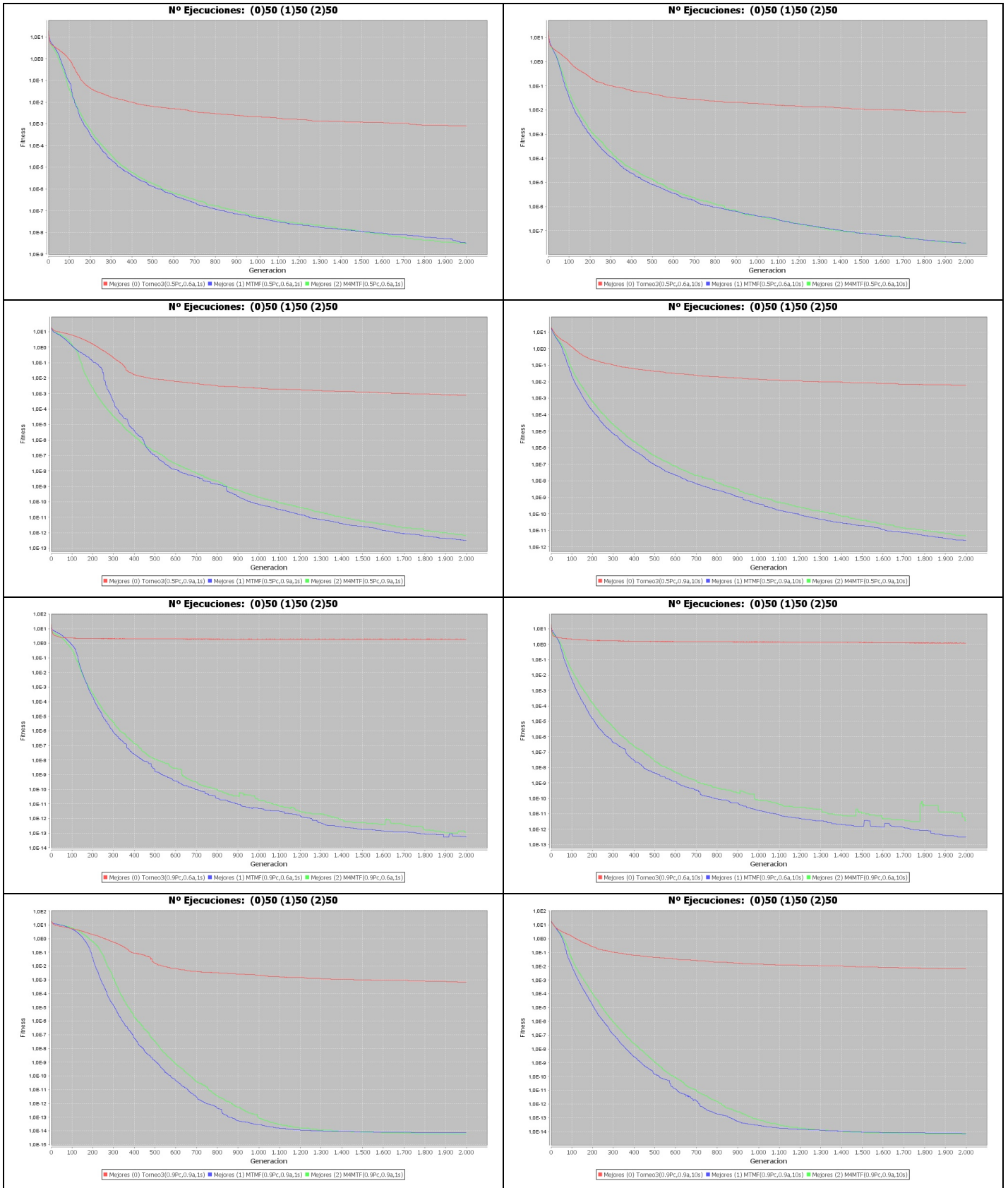


Tabla 14. Fitness y Convergencia. Graficas. Ackley

3.3.3. FUNCIÓN RASTRIGIN

Las Tabla 15, Tabla 16 y Tabla 17 describen los parámetros de configuración utilizados para esta función.

Función:	Rastrigin
Dominio:	[-5.12, 5.12]
Nº Ejecuciones:	50
Nº Generaciones:	2000
Objetivo de Fitness:	1E-3
Nº Genes:	10
Nº Cromosomas:	200
Inicialización:	Aleatoria Uniforme
Cruce:	Recombinación Aritmética Total
Mutación:	Gaussiana
Probabilidad de Mutación sobre Gen:	0.01
Selección de Supervivientes:	Solo Descendencia

Tabla 15. Fitness y Convergencia. Parámetros comunes. Rastrigin

x1Pc	Probabilidad de Cruce	0.5, 0.9
x2a	Alfa (para Recombinación Aritmética Total)	0.6, 0.9
x3s	Porcentaje Rango (para Sigma en Mutación Gaussiana)	1, 10

Tabla 16. Fitness y Convergencia. Vector experimentos. Rastrigin

Nº Exp.	Identificación
1	0.5Pc, 0.6a, 1s
2	0.5Pc, 0.6a, 10s
3	0.5Pc, 0.9a, 1s
4	0.5Pc, 0.9a, 10s
5	0.9Pc, 0.6a, 1s
6	0.9Pc, 0.6a, 10s
7	0.9Pc, 0.9a, 1s
8	0.9Pc, 0.9a, 10s

Tabla 17. Fitness y Convergencia. Relación experimentos. Rastrigin

Por otro lado, los resultados se presentan en la Tabla 18 y la Tabla 19.

		Población no sexuada (Torneo 3)			Población sexuada (M4MTF)			Población sexuada (M4MTF)		
		MBF±SDBF	SR%	MSG±SDSG	MBF±SDBF	SR%	MSG±SDSG	MBF±SDBF	SR%	MSG±SDSG
1	0.5Pc, 0.6a, 1s	6.31E+00 ± 4.45E+00	2	218.0 ± 0.0	1.47E+01 ± 6.79E+00	-	-	1.20E+01 ± 5.87E+00	-	-
2	0.5Pc, 0.6a, 10s	2.54E-04 ± 3.75E-04	96	1085.0 ± 347.3	1.45E-14 ± 1.81E-14	100	165.3 ± 36.3	1.05E-14 ± 1.27E-14	100	182.5 ± 30.2
3	0.5Pc, 0.9a, 1s	1.78E+01 ± 7.51E+00	-	-	3.29E+01 ± 1.20E+01	-	-	2.49E+01 ± 9.69E+00	-	-
4	0.5Pc, 0.9a, 10s	1.69E-04 ± 2.17E-04	100	982.9 ± 378.1	5.68E-16 ± 2.79E-15	100	148.7 ± 23.5	1.14E-15 ± 5.57E-15	100	164.1 ± 25.6
5	0.9Pc, 0.6a, 1s	1.59E+00 ± 1.13E+00	14	442.3 ± 31.3	1.71E+01 ± 7.11E+00	-	-	9.27E+00 ± 4.04E+00	-	-
6	0.9Pc, 0.6a, 10s	1.54E+00 ± 1.24E+00	4	1934.5 ± 7.5	0.00E+00 ± 0.00E+00	100	145.4 ± 36.5	0.00E+00 ± 0.00E+00	100	153.9 ± 35.6
7	0.9Pc, 0.9a, 1s	1.16E+01 ± 4.49E+00	-	-	3.36E+01 ± 1.06E+01	-	-	2.42E+01 ± 8.17E+00	-	-
8	0.9Pc, 0.9a, 10s	5.16E+00 ± 1.42E+00	-	-	0.00E+00 ± 0.00E+00	100	134.6 ± 27.6	0.00E+00 ± 0.00E+00	100	153.3 ± 25.4

Tabla 18. Fitness y Convergencia. Resultados. Rastrigin

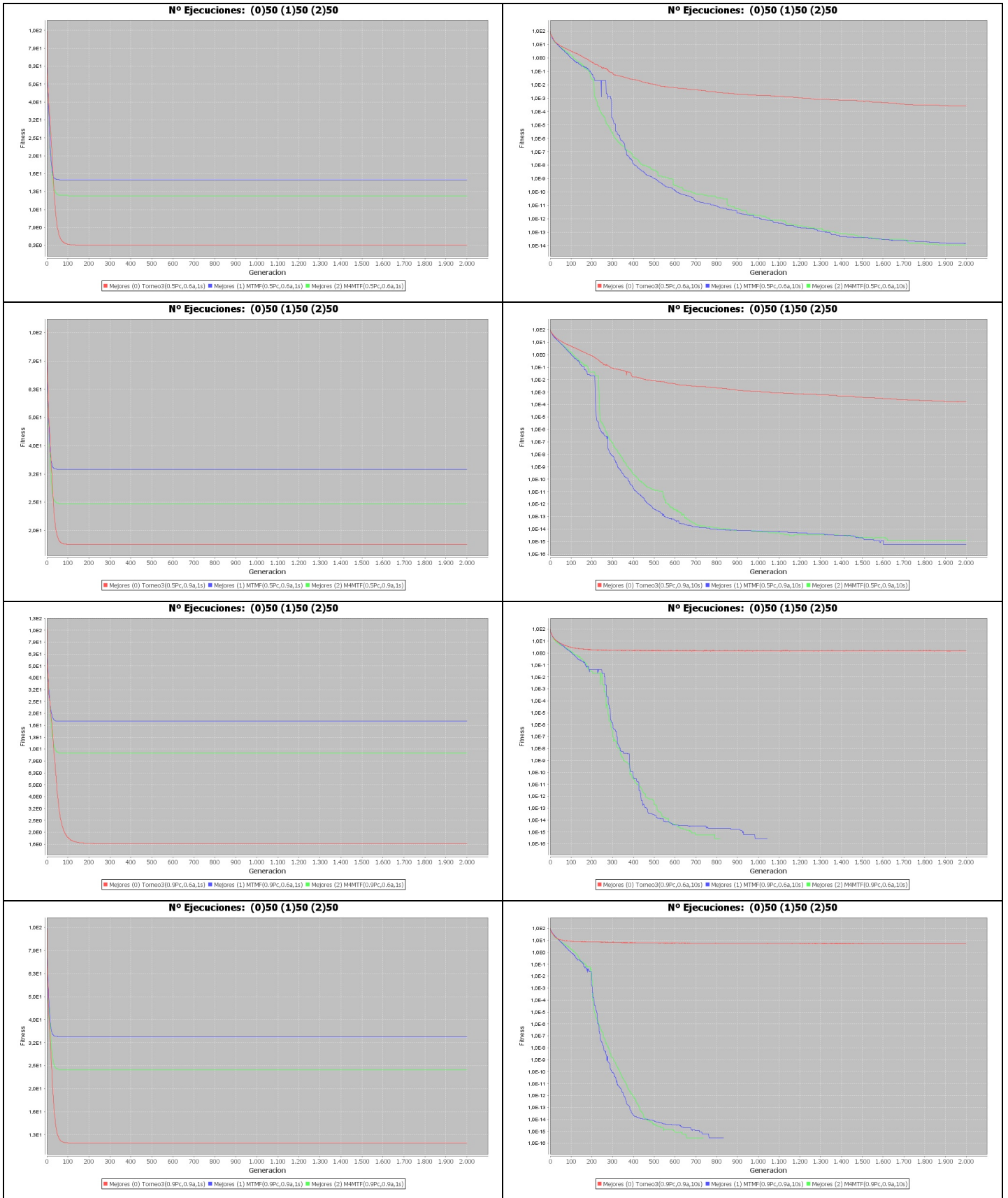


Tabla 19. Fitness y Convergencia. Graficas. Rastrigin

3.3.4. FUNCIÓN SCHWEFEL

Las Tabla 20, Tabla 21 y Tabla 22 describen los parámetros de configuración utilizados para esta función.

Función:	Schwefel
Dominio:	[-500, 500]
Nº Ejecuciones:	50
Nº Generaciones:	2000
Objetivo de Fitness:	1E-3
Nº Genes:	10
Nº Cromosomas:	200
Inicialización:	Aleatoria Uniforme
Cruce:	Recombinación Aritmética Total
Mutación:	Gaussiana
Probabilidad de Mutación sobre Gen:	0.01
Selección de Supervivientes:	Solo Descendencia

Tabla 20. Fitness y Convergencia. Parámetros comunes. Schwefel

x1Pc	Probabilidad de Cruce	0.5, 0.9
x2a	Alfa (para Recombinación Aritmética Total)	0.6, 0.9
x3s	Porcentaje Rango (para Sigma en Mutación Gaussiana)	10, 30

Tabla 21. Fitness y Convergencia. Vector experimentos. Schwefel

Nº Exp.	Identificación
1	0.5Pc, 0.6a, 10s
2	0.5Pc, 0.6a, 30s
3	0.5Pc, 0.9a, 10s
4	0.5Pc, 0.9a, 30s
5	0.9Pc, 0.6a, 10s
6	0.9Pc, 0.6a, 30s
7	0.9Pc, 0.9a, 10s
8	0.9Pc, 0.9a, 30s

Tabla 22. Fitness y Convergencia. Relación experimentos. Schwefel

Por otro lado, los resultados se presentan en la Tabla 23 y la Tabla 24.

		Población no sexuada (Torneo 3)			Población sexuada (MMTF)			Población sexuada (M4MTF)		
		MBF±SDBF	SR%	MSG±SDSG	MBF±SDBF	SR%	MSG±SDSG	MBF±SDBF	SR%	MSG±SDSG
1	0.5Pc, 0.6a, 10s	5.07E+02 ± 1.64E+02	-	-	4.93E+02 ± 1.83E+02	-	-	5.16E+02 ± 1.67E+02	-	-
2	0.5Pc, 0.6a, 30s	1.55E-02 ± 1.56E-02	10	1427.0 ± 179.8	1.27E-04 ± 5.57E-11	100	597.5 ± 292.0	1.27E-04 ± 1.81E-09	100	701.1 ± 323.9
3	0.5Pc, 0.9a, 10s	4.60E+02 ± 1.45E+02	-	-	4.69E+02 ± 1.85E+02	2	112.0 ± 0.0	4.79E+02 ± 1.97E+02	2	181.0 ± 0.0
4	0.5Pc, 0.9a, 30s	1.04E-02 ± 8.21E-03	4	1675.0 ± 173.0	1.27E-04 ± 4.07E-13	100	446.9 ± 198.9	1.27E-04 ± 4.76E-13	100	477.3 ± 198.8
5	0.9Pc, 0.6a, 10s	3.06E+03 ± 2.13E+02	-	-	4.86E+02 ± 1.56E+02	-	-	5.21E+02 ± 2.08E+02	-	-
6	0.9Pc, 0.6a, 30s	2.23E+03 ± 2.20E+02	-	-	1.27E-04 ± 4.54E-13	100	597.8 ± 357.5	2.37E+00 ± 1.66E+01	98	803.1 ± 359.9
7	0.9Pc, 0.9a, 10s	5.02E+02 ± 1.80E+02	-	-	4.83E+02 ± 1.44E+02	-	-	4.62E+02 ± 1.48E+02	-	-
8	0.9Pc, 0.9a, 30s	4.74E+02 ± 1.74E+02	-	-	1.27E-04 ± 3.64E-13	100	422.7 ± 214.4	1.27E-04 ± 0.00E+00	100	386.4 ± 189.0

Tabla 23. Fitness y Convergencia. Resultados. Schwefel

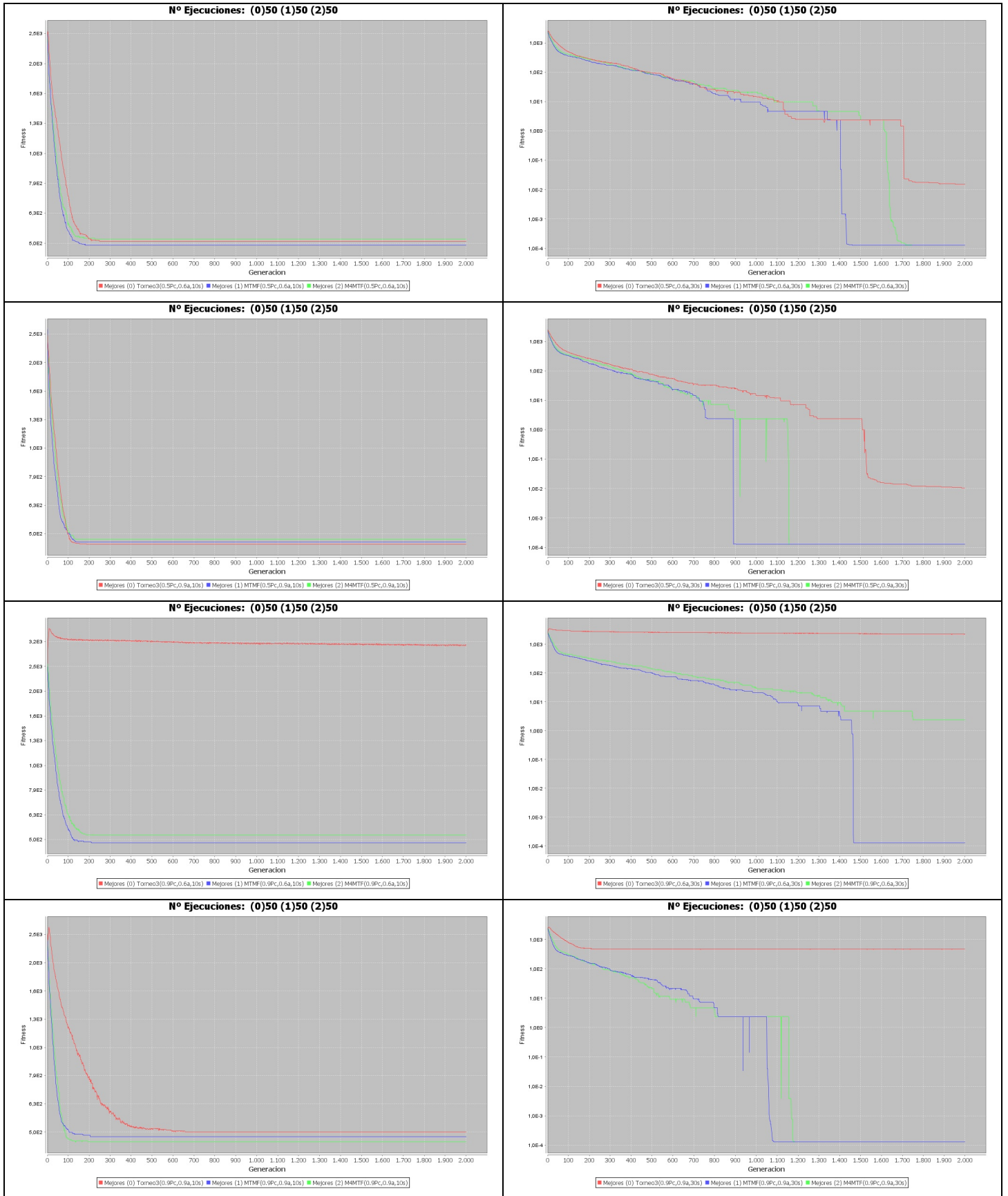


Tabla 24. Fitness y Convergencia. Graficas. Schwefel

Discusión de resultados

Veremos por una parte lo relativo a la función monomodal (Esfera) y por otra lo propio sobre las funciones multimodales utilizadas (Ackley, Rastrigin y Schwefel).

En lo que respecta a función Esfera, bastará con decir que el método que mejores prestaciones tiene, en cuanto a fitness, es el MMTF en la configuración 8 (0.9Pc, 0.9a, 1s); y que el que más rápido alcanza el objetivo fijado es el MMTF en la configuración 2 (0.5Pc, 0.6a, 1s). Tienen en común que ambos emplean 1s, que es el mayor parámetro de mutación empleado (el otro es 0.1s), lo que aumenta el valor de la desviación y la velocidad de convergencia, de manera que a más generaciones mejores resultados. De todas formas, si observamos todos los valores de los experimentos que usan 1s en MMTF vemos que los valores de generaciones a objetivo son relativamente parecidos. Sin embargo, en cuanto a la calidad del fitness alcanzado, sí que es determinante la ventaja de (0.9Pc, 0.9a). Para esta función, el método Torneo3 no tiene nada que hacer tanto en lo que respecta a la calidad de valor conseguido como en el número de generaciones en que se alcanza el objetivo prefijado.

Continuando con las funciones multimodales, lo primero que llama la atención es que para las tres funciones estudiadas, el método que mejores prestaciones proporciona es el MMTF (seguido muy de cerca por M4MTF, que incluso lo supera levemente en algunos casos), y que además lo hace en las configuraciones que tienen como parámetros de cruce a 0.9Pc y 0.9a. Lo que viene a significar en lo que respecta a 0.9Pc, que ese emprendan más cruces a cada generación, así como a 0.9a que lleva a que una vez hecho un cruce, uno de los hijos se parezca más a un padre y otro al otro. Por su parte, el tercer parámetro, es distinto para cada uno de los problemas, siendo los mejores para cada uno: 10s para Ackley y Rastrigin, y 30s para Schwefel. Para estas configuraciones, la tasa de éxitos es del 100% en ambos métodos sexuales (MMTF y M4MTF), donde las generaciones necesarias para alcanzarlos son inferiores en MMTF para Ackley y Rastrigin, y algo mejor para M4MTF en Schwefel. Por su parte, Torneo3 consigue algunas tasas de éxito importantes para Ackley y Rastrigin, no así para Schwefel. Sin embargo, las configuraciones mejores de Torneo3 en este sentido, no tienen similitudes en los parámetros empleados para la configuración en cada uno de los problemas (0.9Pc, 0.9a, 1s) para Ackley; (0.5Pc, 0.9a, 10s) para Rastrigin; (0.5Pc, 0.6a, 30s) para Schwefel, haciéndolos fuertemente dependientes del problema. Aún así, tampoco Torneo3 en sus mejores configuraciones puede competir en cuanto a número de generaciones con los métodos sexuales. De otro lado, entre MMTF y M4MTF se aprecian pocas diferencias, en su conjunto levemente favorables a MMTF.

Finalizamos esta sección recapitulando que los mejores resultados han sido obtenidos con las configuraciones para cada función, y para los dos métodos con los que continuaremos este trabajo (MMTF y Torneo3) en la Tabla 25.

	MMTF	Torneo3
Esfera	(0.9Pc, 0.9a, 1s)	(0.9Pc, 0.9a, 1s)
Ackley	(0.9Pc, 0.9a, 10s)	(0.9Pc, 0.9a, 1s)
Rastrigin	(0.9Pc, 0.9a, 10s)	(0.5Pc, 0.9a, 10s)
Schwefel	(0.9Pc, 0.9a, 30s)	(0.5Pc, 0.6a, 30s)

Tabla 25. Mejores configuraciones para MMTF y Torneo3

Prestemos atención en dicha tabla a las funciones multimodales. Vemos que el método MMTF se configura de manera más sencilla, al requerir únicamente variar el parámetro de mutación dependiendo del problema; mientras que para Torneo3 los parámetros se vuelven mucho más dependientes del problema particular.

3.4. ESTUDIO SOBRE EL IMPACTO DEL TAMAÑO DEL TORNEO EN LA COMPARATIVA

A la luz del estudio previo, ha quedado demostrada la superioridad de MMTF sobre Torneo3. Sin embargo, quedan en el aire unas preguntas que han quedado sin respuesta por el momento: ¿por qué escogimos $k=3$ para el método asexuado Torneo?, ¿tendría Torneo mejores opciones con otro valor para k ? Es lo que vamos a responder en este subepígrafe. Para ello nos vamos a servir de las mejores configuraciones conseguidas en la Tabla 25. Emplearemos para k los valores de 2, 3, 4 y 5.

Los resultados los tenemos en la Tabla 26, Tabla 27, Tabla 28, Tabla 29 y Tabla 30.

	Esfera		
	MBF±SDBF	SR%	MSG±SDSG
Población sexuada (MNTMF) (0.9Pc, 0.9a, 1s)	2.65E-16 ± 3.79E-16	100.0	252.7 ± 17.9
Población sexuada (Torneo2) (0.9Pc, 0.9a, 1s)	3.03E-05 ± 2.13E-05	100.0	685.0 ± 50.3
Población sexuada (Torneo3) (0.9Pc, 0.9a, 1s)	7.03E-05 ± 4.05E-05	100.0	597.5 ± 59.4
Población sexuada (Torneo4) (0.9Pc, 0.9a, 1s)	1.40E-04 ± 8.89E-05	100.0	595.0 ± 77.2
Población sexuada (Torneo5) (0.9Pc, 0.9a, 1s)	1.28E-04 ± 7.61E-05	100.0	547.1 ± 70.7

Tabla 26. TorneoK vs. MMTF. Esfera

	Esfera		
	MBF±SDBF	SR%	MSG±SDSG
Población sexuada (MNTMF) (0.9Pc, 0.9a, 10s)	8.05E-15 ± 2.66E-15	100.0	126.6 ± 11.0
Población sexuada (Torneo2) (0.9Pc, 0.9a, 1s)	1.79E-04 ± 1.49E-04	100.0	1048.2 ± 231.8
Población sexuada (Torneo3) (0.9Pc, 0.9a, 1s)	6.67E-04 ± 3.60E-04	84.0	1281.7 ± 349.6
Población sexuada (Torneo4) (0.9Pc, 0.9a, 1s)	8.40E-04 ± 4.13E-04	68.0	1267.8 ± 369.0
Población sexuada (Torneo5) (0.9Pc, 0.9a, 1s)	8.14E-04 ± 3.47E-04	70.0	1311.4 ± 355.0

Tabla 27. TorneoK vs. MMTF. Ackley

	Esfera		
	MBF±SDBF	SR%	MSG±SDSG
Población sexuada (MNTMF) (0.9Pc, 0.9a, 10s)	0.00E+00 ± 0.00E+00	100.0	134.4 ± 24.3
Población sexuada (Torneo2) (0.5Pc, 0.9a, 10s)	4.70E-05 ± 7.84E-05	100.0	933.7 ± 187.6
Población sexuada (Torneo3) (0.5Pc, 0.9a, 10s)	1.65E-04 ± 1.61E-04	100.0	987.0 ± 313.9
Población sexuada (Torneo4) (0.5Pc, 0.9a, 10s)	2.16E-04 ± 2.42E-04	100.0	908.1 ± 319.1
Población sexuada (Torneo5) (0.5Pc, 0.9a, 10s)	2.55E-04 ± 2.78E-04	98.0	971.3 ± 342.8

Tabla 28. TorneoK vs. MMTF. Rastrigin

	Esfera		
	MBF±SDBF	SR%	MSG±SDSG
Población sexuada (MNTMF) (0.9Pc, 0.9a, 30s)	1.27E-04 ± 3.99E-13	100.0	424.6 ± 199.0
Población sexuada (Torneo2) (0.5Pc, 0.6a, 30s)	4.19E+02 ± 1.72E+02	-	-
Población sexuada (Torneo3) (0.5Pc, 0.6a, 30s)	1.31E-02 ± 1.34E-02	6.0	1558.0 ± 271.6
Población sexuada (Torneo4) (0.5Pc, 0.6a, 30s)	8.17E-03 ± 1.39E-02	18.0	1282.7 ± 400.4
Población sexuada (Torneo5) (0.5Pc, 0.6a, 30s)	6.83E-03 ± 9.06E-03	20.0	1271.6 ± 250.6

Tabla 29. TorneoK vs. MMTF. Schwefel

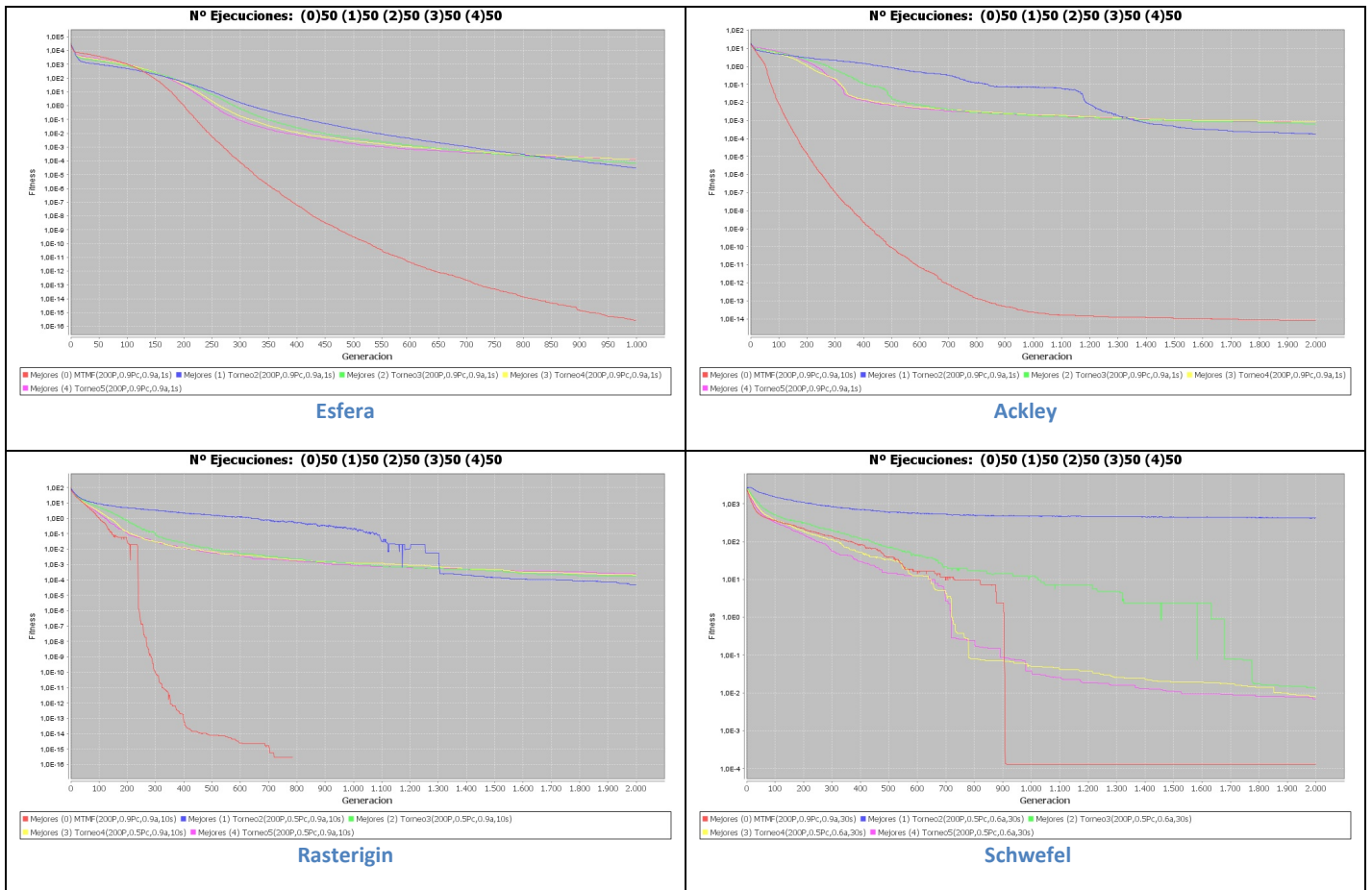


Tabla 30. TorneoK vs. MMTF. Gráficas

Discusión de resultados

A la luz de los resultados, se pueden apreciar diferencias entre los distintos valores de k que emplea Torneo, sin embargo, no conviene detenerse más aquí, pues la pregunta que pretendíamos responder al inicio de este subepígrafe tiene una clara y rápida respuesta si observamos las gráficas y las tablas: todas las versiones de TorneoK no pueden competir con MMTF, independientemente de los valores que tome k. Por decirlo de otro modo, las diferencias entre los distintos usos del valor de k para Torneo no son relevantes en su comparación con MMTF.

Indagando ahora en el por qué de la superioridad de MMTF sobre Torneo tenemos a la sección 3.5.

3.5. ESTUDIO SOBRE DIVERSIDAD

El objetivo final de los experimentos de esta sección es justificar las buenas prestaciones de fitness y convergencia mediante un estudio de cómo evoluciona la diversidad en el algoritmo.

La importancia que concedemos aquí a la diversidad radica en que en toda búsqueda genética debe haber un equilibrio entre exploración y explotación. En casos extremos, en donde la exploración tuviera mucha más importancia que la explotación, la búsqueda se convertiría en una búsqueda aleatoria. En caso contrario, en el que la explotación de la vecindad de soluciones ya encontradas tuviera mucho más peso que la exploración de nuevas soluciones, podría producirse una rápida convergencia y quedar así la búsqueda atrapada en un óptimo local. Por todo ello, cualquier mecanismo que permita mantener un equilibrio entre estos dos factores y, por tanto, favorezca el mantenimiento de la diversidad en la población, podría ser suficiente para explicar la mejora de prestaciones de dicho mecanismo frente a otro tipo de mecanismos que no favorezcan este equilibrio.

Para la realización de los experimentos de esta sección vamos a partir de aquellas configuraciones que resultaron ser las mejores en cuanto a fitness y convergencia (véase la sección 3.3). En todas las funciones (Ackley, Esfera, Rastrigin y Schewfel) el mejor método resultó ser MMTF. Por tanto, utilizaremos las mejores configuraciones empleadas en cada función y analizaremos la evolución de la diversidad de nuestro mejor método (MMTF) frente al clásico Torneo3. No repetiremos aquí dichas configuraciones, sino que emplazamos al lector a que las consulte en la sección 3.3. Ver la Tabla 25.

En lo que respecta a la diversidad, existen distintas medidas de ésta, la mayoría de las cuales consisten en el cálculo de alguna función f sobre todas y cada de las distintas parejas que podrían formarse con los individuos de la población:

$$\sum_{k=1}^{k=M-1} \sum_{k'=k+1}^{k'=M} f(x_k, x_{k'})$$

M : nº de individuos de la población, x_k : individuo k -ésimo.

Sin embargo, el problema que tienen las medidas de este tipo es el coste computacional ($O(M^2)$), ya que el número de cálculos que hay que hacer cada vez para obtener una media de diversidad es:

$$\binom{P}{2} = \frac{P^2 - P}{2}.$$

Finalmente, en la búsqueda de una medida más eficiente, nos hemos decantado por una con coste lineal dada en **[Jon-02]**. Esta consiste básicamente en una pequeña variación del momento de inercia. El momento de inercia tal como se propone en esta referencia se calcula a través de las siguientes expresiones:

$$c_i = \frac{\sum_{j=1}^{j=P} x_{ij}}{P}$$

$$I = \sum_{i=1}^{i=N} \sum_{j=1}^{j=P} (x_{ij} - c_i)^2.$$

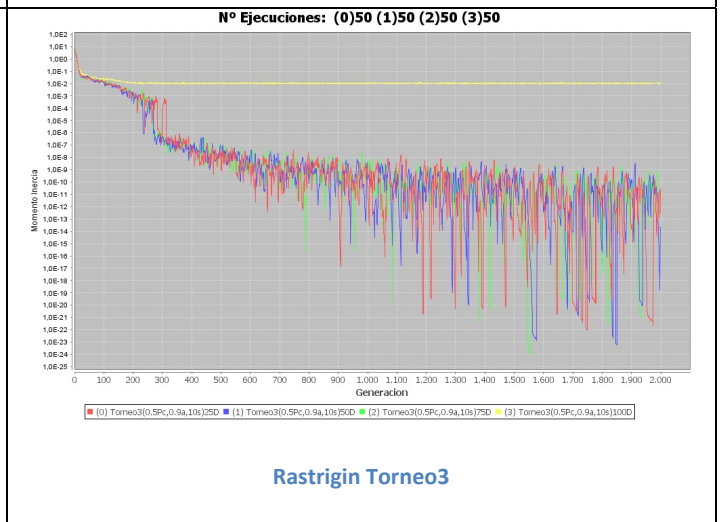
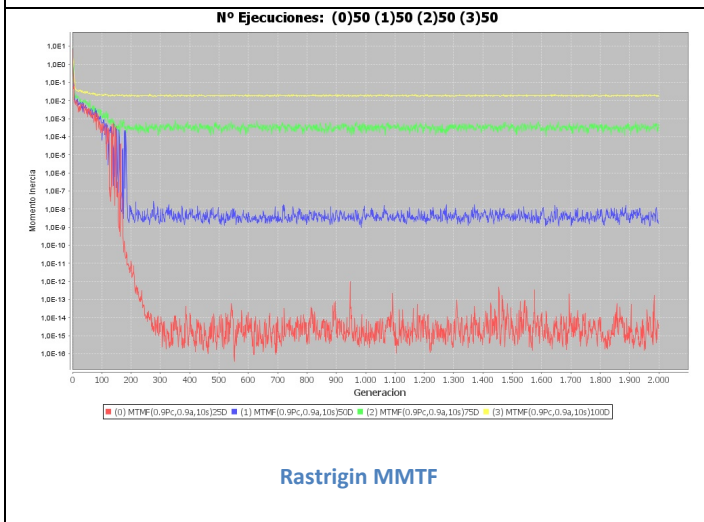
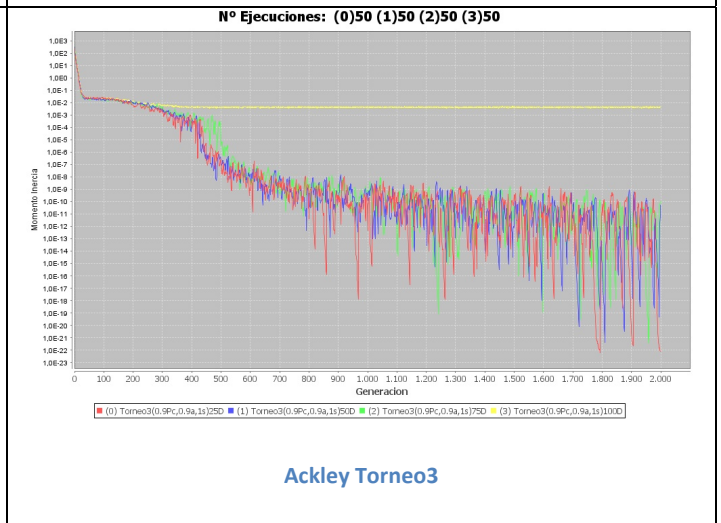
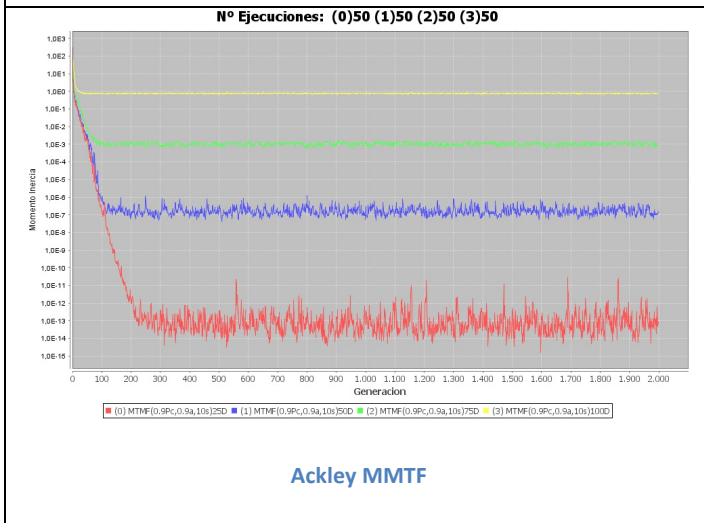
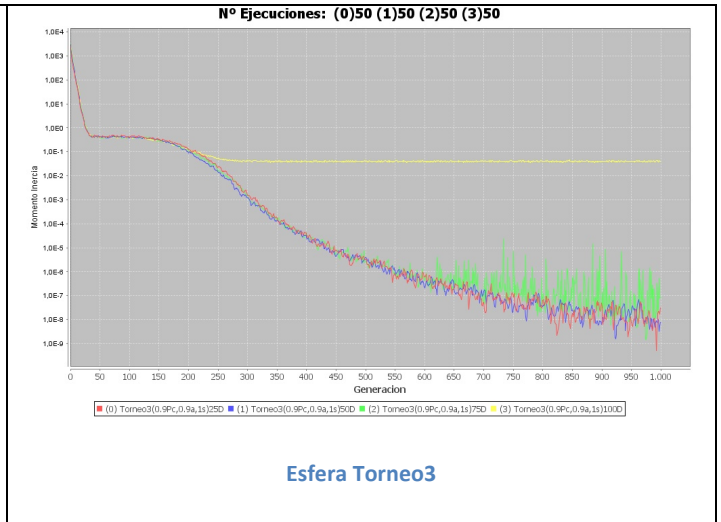
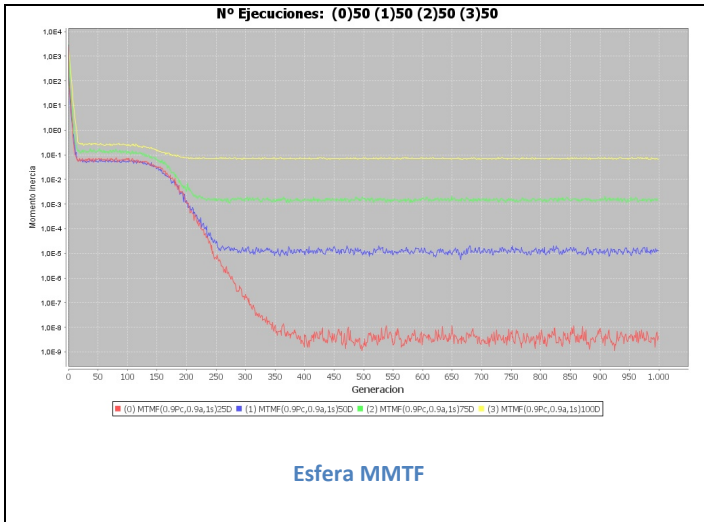
Sean N : nº de genes; P : nº cromosomas; x_{ij} : gen i del cromosoma j ; c_i : gen i del vector centroide.

Nuestra variación sobre esta métrica de **[Jon-02]**, consistirá en que lo que calcularemos sea dicho momento medio por gen sobre el total de la población, esto es, I' en lugar de I , siendo $I' = I/(N \cdot P)$. De esta forma, hacemos la medida independiente de la dimensión del problema, es decir, del número de genes.

Mostramos los resultados en la Tabla 31 y la Tabla 32. Nótese que aquí se utiliza el parámetro " $\$D$ ", que ya se mencionó en la Tabla 3. Este parámetro indica el porcentaje de los mejores individuos que se utilizan para realizar el cálculo de la métrica de diversidad propuesta (momento de inercia medio por gen).

	Población sexuada (MMTF)				Población no sexuada (Torneo3)			
	25D	50D	75D	100D	25D	50D	75D	100D
Esfera MMTF (0.9Pc, 0.9a, 1s) Torneo3 (0.9Pc, 0.9a, 1s)	4.04E-09 ± 1.17E-08	1.28E-05 ± 1.77E-05	1.52E-03 ± 8.70E-04	6.83E-02 ± 1.35E-02	2.98E-08 ± 1.39E-07	7.52E-09 ± 4.33E-08	8.80E-08 ± 4.12E-07	4.10E-02 ± 1.07E-02
Ackley MMTF (0.9Pc, 0.9a, 10s) Torneo3 (0.9Pc, 0.9a, 1s)	7.68E-14 ± 2.01E-13	1.55E-07 ± 4.46E-07	1.02E-03 ± 1.08E-03	7.26E-01 ± 2.40E-01	8.61E-23 ± 4.41E-22	5.03E-11 ± 2.96E-10	9.74E-11 ± 6.22E-10	4.46E-03 ± 1.69E-03
Rastrigin MMTF (0.9Pc, 0.9a, 10s) Torneo3 (0.5Pc, 0.9a, 10s)	4.44E-15 ± 2.80E-14	1.59E-09 ± 3.20E-09	4.65E-04 ± 8.01E-04	1.84E-02 ± 5.13E-03	3.14E-13 ± 2.18E-12	2.29E-14 ± 1.61E-13	4.06E-12 ± 2.77E-11	9.93E-03 ± 3.38E-03
Schwefel MMTF (0.9Pc, 0.9a, 30s) Torneo3 (0.5Pc, 0.6a, 30s)	1.29E-10 ± 4.10E-10	6.42E-05 ± 1.21E-04	6.28E-01 ± 8.29E-01	8.79E+02 ± 3.30E+02	3.39E-16 ± 2.31E-15	1.64E-06 ± 1.06E-05	1.02E-07 ± 7.17E-07	4.24E+02 ± 2.20E+02

Tabla 31. Diversidad. Resultados



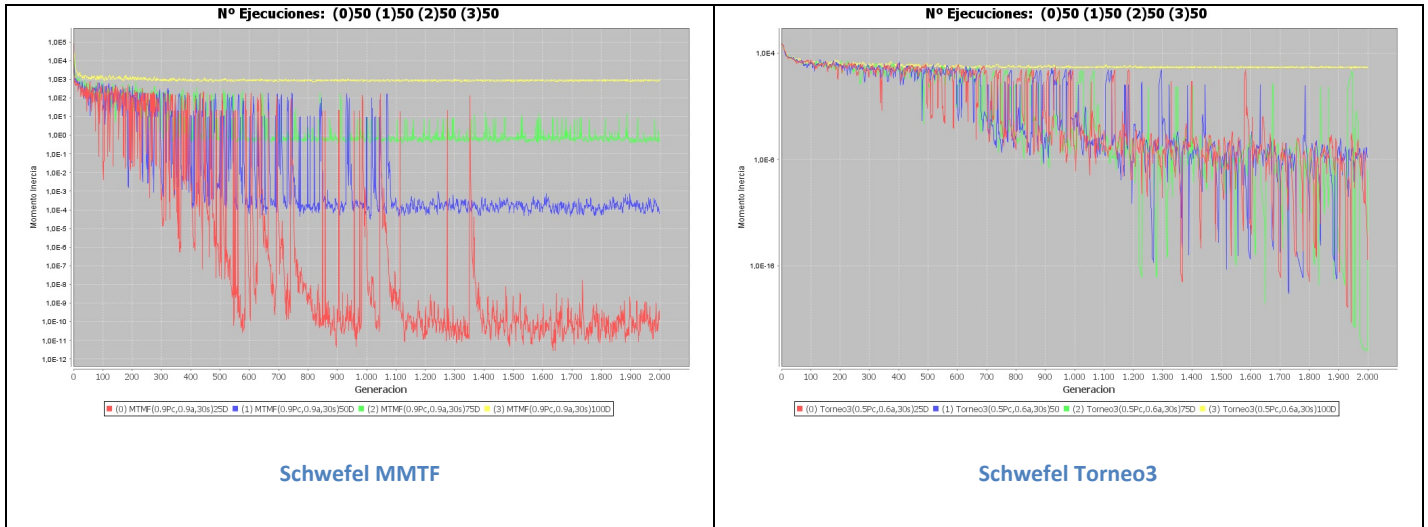
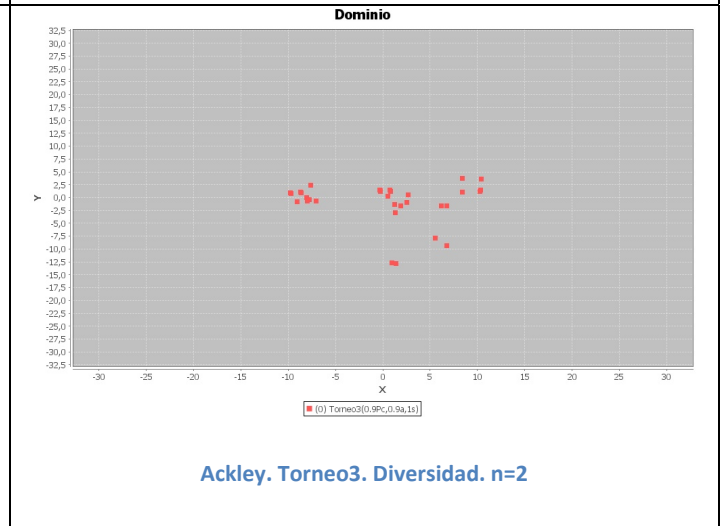
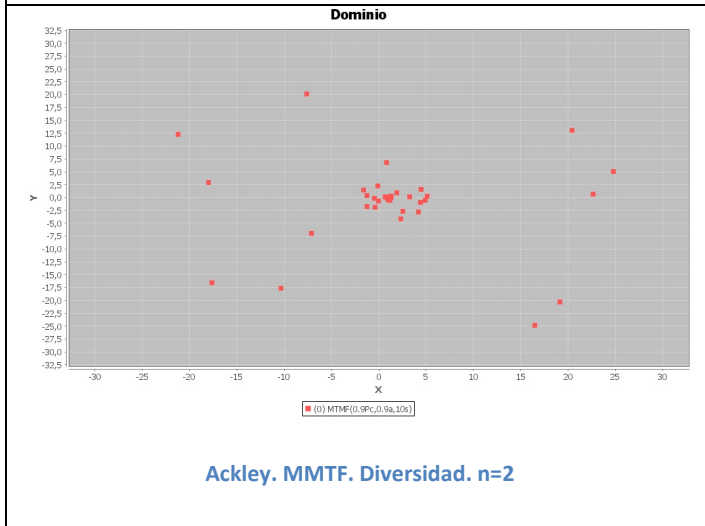
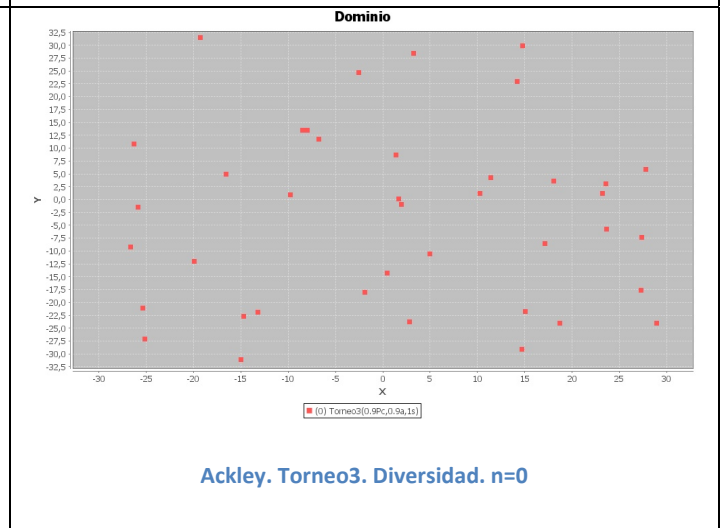
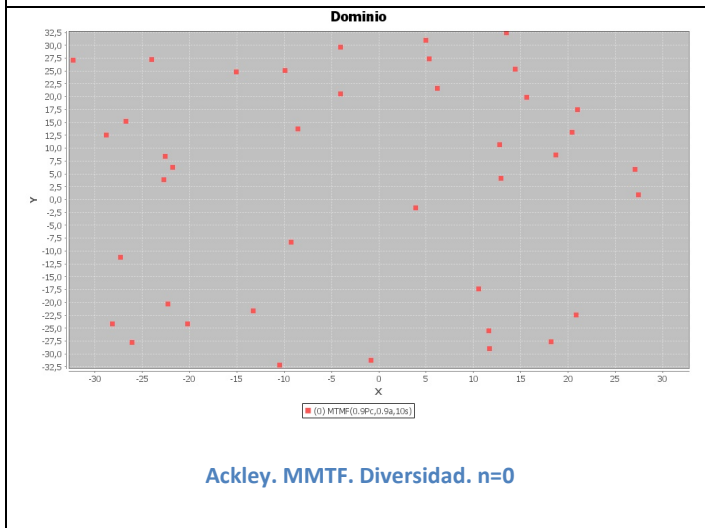
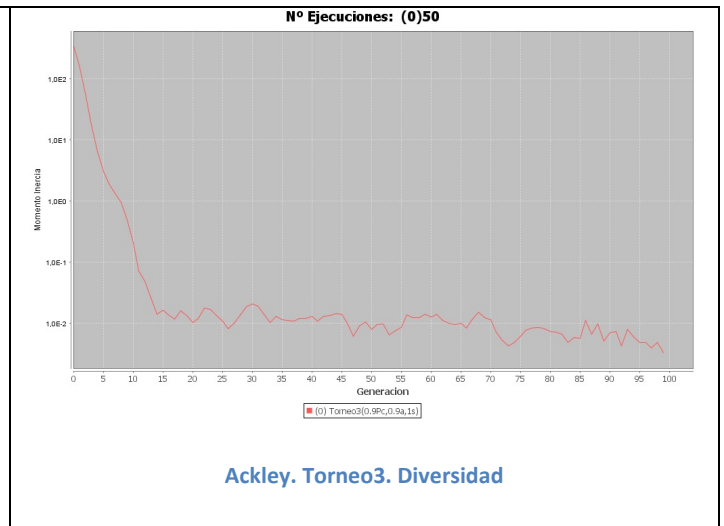
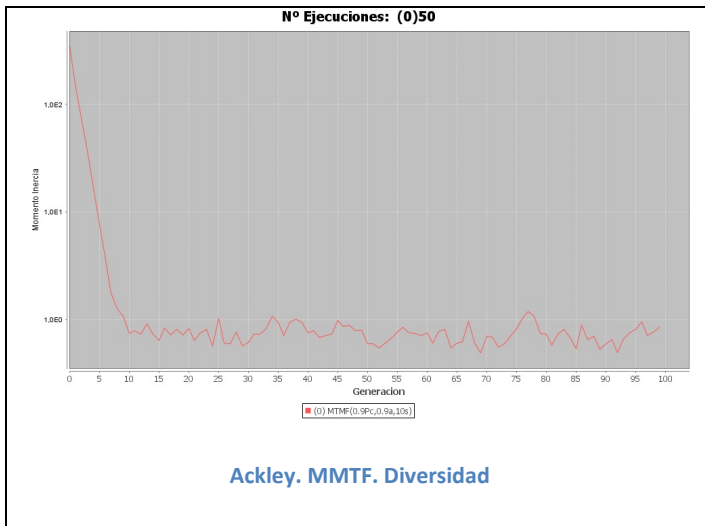


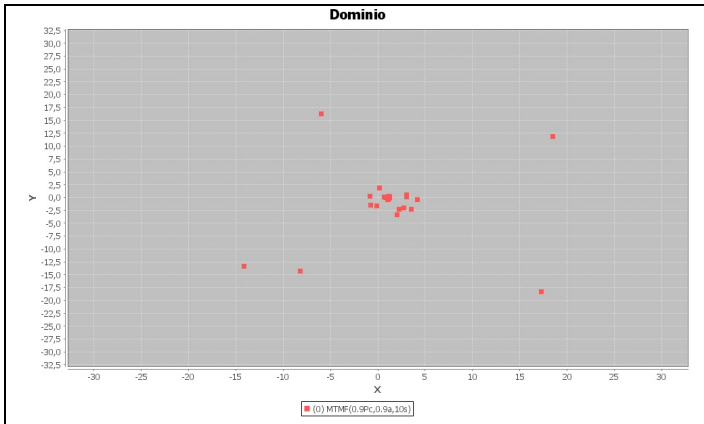
Tabla 32. Diversidad. Gráficas

A continuación, para facilitar la visión de los resultados del estudio sobre diversidad realizado, se muestra de manera gráfica cómo evoluciona la diversidad de la población para el caso de dos dimensiones. Emplearemos de nuevo los experimentos de la sección Tabla 25, pero en lugar de utilizar 10 genes en las multimodales y 20 en la modal, vamos a emplear aquí únicamente 2 genes, de manera que podamos apreciar los resultados en el plano. Igualmente vamos a reducir de manera proporcional el tamaño de la población (40 cromosomas para las multimodales, 20 para la modal). Los resultados se muestran en la Tabla 33 para todas las funciones, y una visión de la evolución en 2D para la función de Ackley en la Tabla 34. Téngase en cuenta que aquí para calcular la métrica de diversidad hemos dicho toda la población y no un porcentaje de ella.

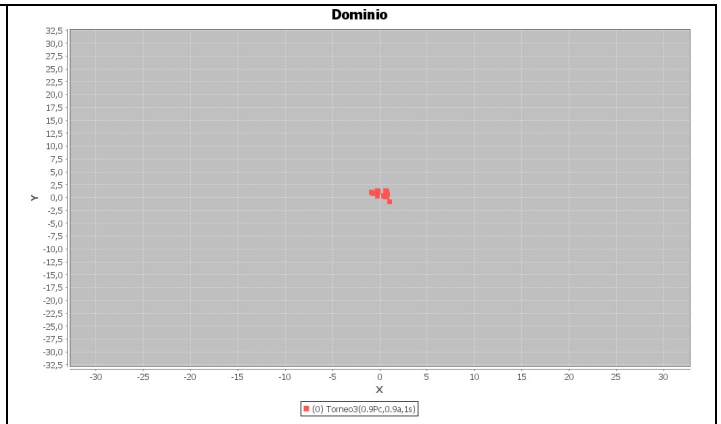
Problema	Población sexuada (MMTF)				Población no sexuada (Torneo3)			
	MBF ± SDBF	SR%	MSG ± SDGS	MD ± SDD	MBF ± SDBF	SR%	MSG ± SDGS	MD ± SDD
Esfera MMTF (0.9Pc, 0.9a, 1s) Torneo3 (0.9Pc, 0.9a, 1s)	2.73E+01 ± 5.72E+01	38	53.2 ± 23.0	9.52E-02 ± 1.39E-01	3.46E+01 ± 1.29E+02	8	75.3 ± 24.2	5.53E-02 ± 9.28E-02
Ackley MMTF (0.9Pc, 0.9a, 10s) Torneo3 (0.9Pc, 0.9a, 1s)	1.34E-03 ± 4.23E-03	84	55.4 ± 23.4	8.60E-01 ± 9.97E-01	1.25E+00 ± 2.15E+00	2	65.0 ± 0.0	3.30E-03 ± 6.74E-03
Rastrigin MMTF (0.9Pc, 0.9a, 10s) Torneo3 (0.5Pc, 0.9a, 10s)	6.22E-01 ± 8.08E-01	48	53.7 ± 28.2	2.00E-02 ± 2.48E-02	7.42E-01 ± 6.46E-01	4	68.5 ± 14.5	9.22E-03 ± 1.75E-02
Schwefel MMTF (0.9Pc, 0.9a, 30s) Torneo3 (0.5Pc, 0.6a, 30s)	9.40E+01 ± 8.89E+01	36	60.1 ± 19.9	6.50E+02 ± 1.08E+03	9.77E+01 ± 7.96E+01	2	82.0 ± 0.0	3.57E+02 ± 8.48E+02

Tabla 33. Diversidad. 2D. Resultados

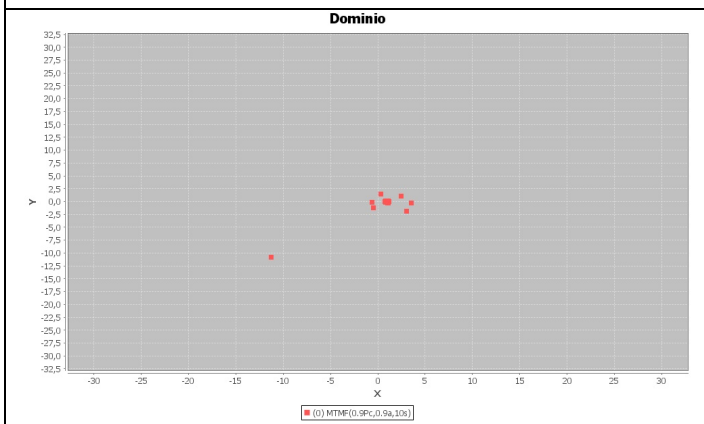




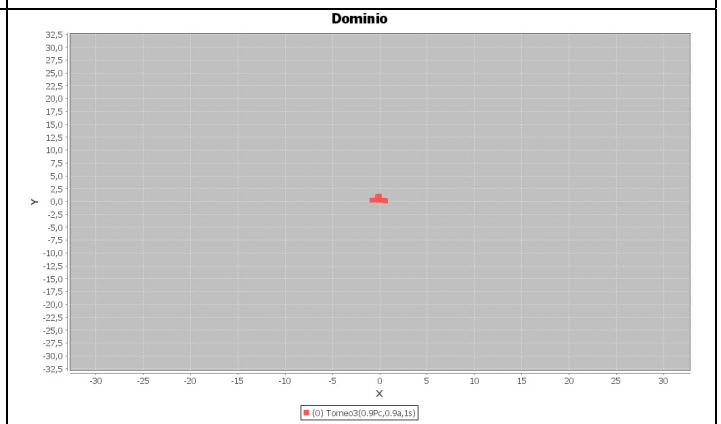
Ackley. MMTF. Diversidad. n=4



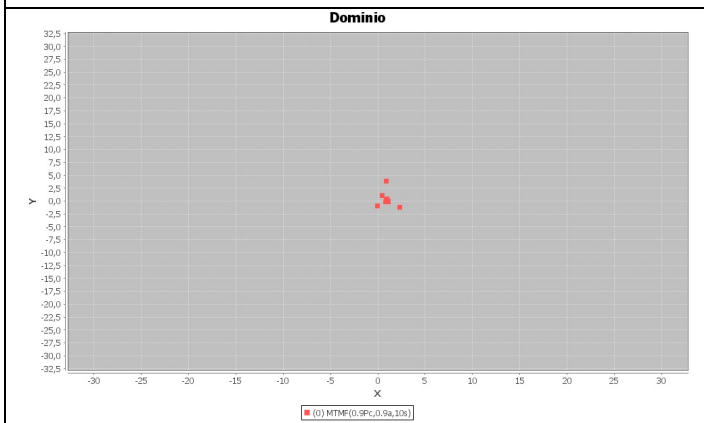
Ackley. Torneo3. Diversidad. n=4



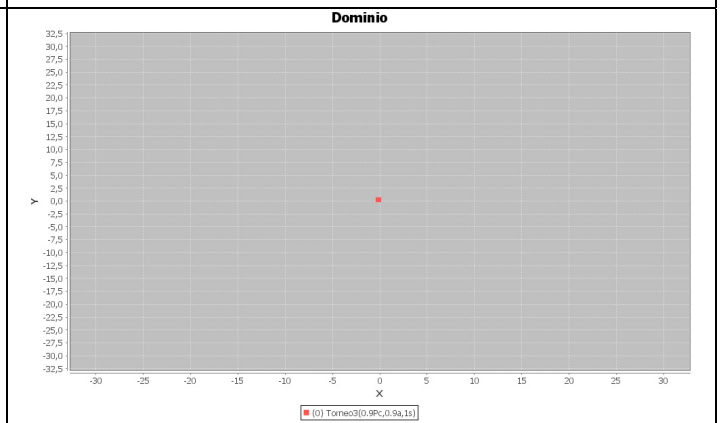
Ackley. 2g. Diversidad. n=6



Ackley. Torneo3. Diversidad. n=6



Ackley. MMTF. Diversidad. n=10



Ackley. Torneo3. Diversidad. n=10

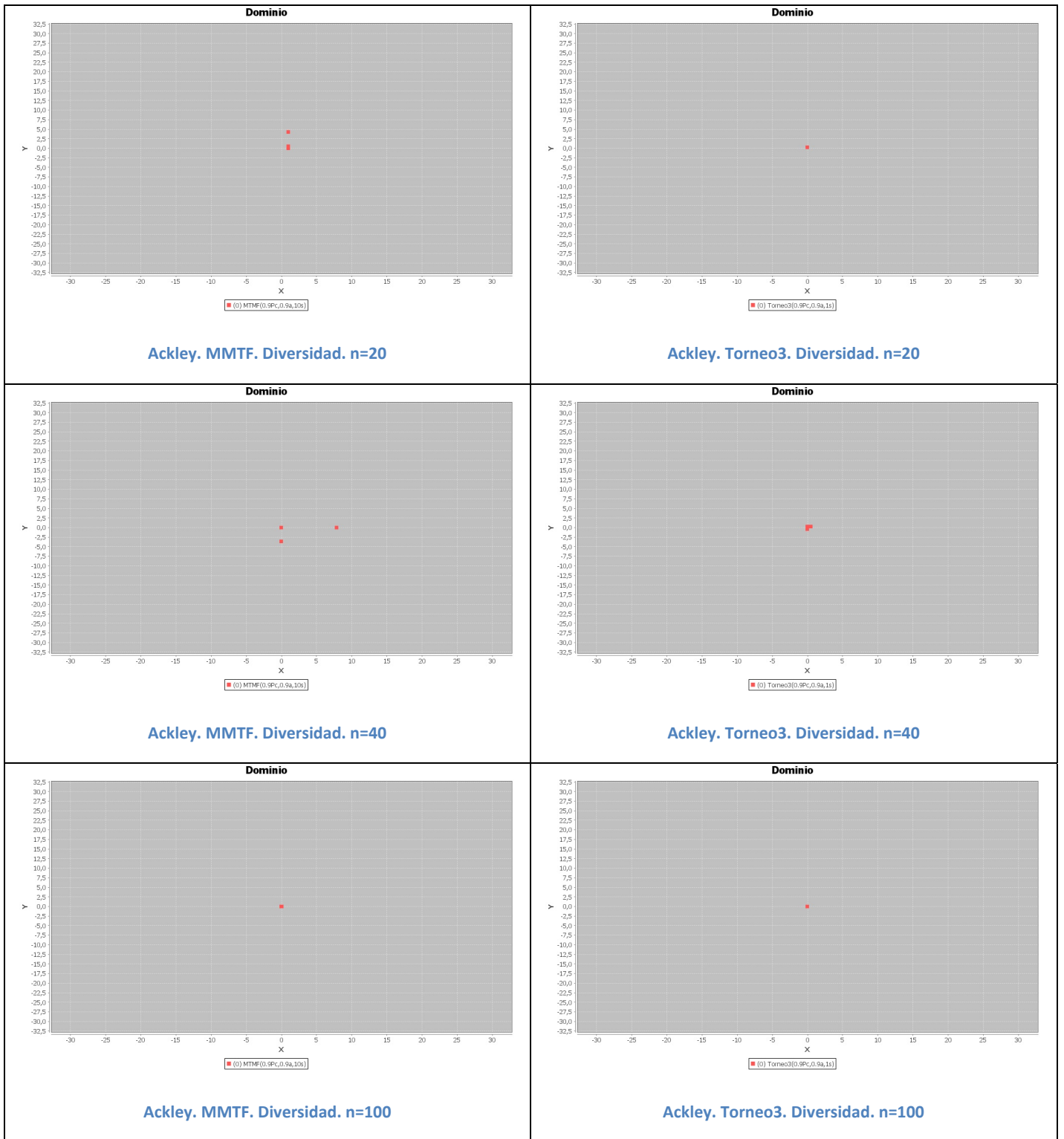


Tabla 34. Diversidad. Animacion 2D. Ackley

Discusión de resultados

Aquí podemos tener la explicación de por qué tiene mejor comportamiento MMTF frente a Torneo3. Se manifiesta lo siguiente (ver Tabla 31):

- a. MMTF mantiene la exploración para un número de generaciones alto. Esto se ve en la columna 100D, donde el momento de inercia medio por gen ha sido calculado a partir del 100% de los individuos. Allí vemos que es mayor para MMTF. Lo que quiere decir que poseen mayor diversidad que los de Torneo3.
- b. MMTF es lo suficientemente bueno en la explotación. Esto se ve en la columna 25D, donde el momento de inercia medio por gen ha sido calculado a partir del 25% de los individuos. Allí vemos que en unos casos es menor para MMTF y en otros es mayor que para Torneo3. En cualquier caso, la diferencia no es muy relevante.

La tónica común entre las comparaciones hechas entre MMTF y Torneo3 es: 1) MMTF alcanza mejores valores de fitness; 2) se hallan mayores tasas de éxito y cuando éste se alcanza, MMTF requiere de menos generaciones que Torneo3; 3) MMTF conserva un valor de medida de la diversidad mayor que Torneo3.

Por otro lado, podemos ver en la evolución 2D de la función de Ackley que hicimos, que la agrupación en torno a un punto se hace de manera más progresiva que en MMTF que en Torneo3. Ver para ello los gráficos con $n=2$, $n=4$, $n=6$ y $n=10$. Es esta agrupación de mayor diversidad lo que creemos que permite obtener mejores valores de fitness al final del proceso ($n=100$) tal y como se indica en la Tabla 33.

3.6. ESTUDIO SOBRE EL VALOR DE “N” EN EL OPERADOR MNMTF

Como conclusión de la sección 3.3 hemos determinado que el método que mejores prestaciones tenía era el MMTF, así como las razones de su mejora sobre un método tradicional (Torneo3) vistas en 3.5. Sabiendo que MMTF es una particularización de MNMTF para $N=1$, y viendo que en la sección 3.3, las prestaciones de M4MTF eran bastante buenas también, cabe preguntarnos por cual podría ser el impacto del parámetro N en MNMTF.

Esto último es el objetivo de esta sección. Para llevarlo a cabo se realizarán para cada una de las funciones, con la mejor configuración de MMTF determinada en la sección 3.3 (ver la Tabla 25), un conjunto de experimentos empleando diversos valores para el parámetro N de MNMTF.

Los resultados los tenemos en la Tabla 35, Tabla 36, la Tabla 37, la Tabla 38 y la Tabla 39.

N	Esfera (0.9Pc, 0.9a, 1s) Población sexuada (MNTMF)						
	MBF	SDBF	SR%	MSG	SDSG	MD	SDD
1	3.55E-16	6.24E-16	100.0	259.2	17.4	7.10E-02	1.28E-02
2	9.22E-16	7.33E-16	100.0	279.8	20.9	6.95E-02	1.74E-02
4	9.26E-15	7.33E-15	100.0	304.9	23.2	7.20E-02	1.65E-02
8	3.03E-13	2.62E-13	100.0	329.9	31.3	6.56E-02	1.31E-02
16	1.09E-10	8.09E-11	100.0	363.6	33.3	7.23E-02	1.15E-02
32	2.39E-07	1.44E-07	100.0	391.3	36.1	6.89E-02	1.03E-02
64	1.89E-04	9.01E-05	100.0	572.4	44.3	7.09E-02	1.28E-02

Tabla 35. Sobre el N de MNMTF. Esfera

N	Ackley (0.9Pc, 0.9a, 10s) Población sexuada (MNTMF)						
	MBF	SDBF	SR%	MSG	SDSG	MD	SDD
1	7.55E-15	1.59E-15	100.0	127.6	12.9	7.65E-01	2.04E-01
2	7.62E-15	1.81E-15	100.0	137.3	11.9	7.34E-01	2.32E-01
4	6.34E-15	2.09E-15	100.0	151.2	15.2	7.87E-01	1.95E-01
8	1.12E-14	2.87E-14	100.0	169.5	15.3	7.58E-01	1.70E-01
16	1.21E-10	2.22E-10	100.0	202.7	17.8	7.50E-01	2.39E-01
32	5.88E-07	5.05E-07	100.0	259.4	29.2	7.94E-01	2.07E-01
64	4.80E-04	2.27E-04	100.0	536.1	66.4	7.94E-01	1.85E-01

Tabla 36. Sobre el N de MNMTF. Ackley

N	Rastrigin (0.9Pc, 0.9a, 10s) Población sexuada (MNTMF)						
	MBF	SDBF	SR%	MSG	SDSG	MD	SDD
1	0.00E+00	0.00E+00	100.0	134.3	25.1	1.80E-02	5.01E-03
2	0.00E+00	0.00E+00	100.0	142.1	23.2	1.91E-02	5.55E-03
4	0.00E+00	0.00E+00	100.0	153.2	24.1	1.97E-02	5.73E-03
8	0.00E+00	0.00E+00	100.0	173.1	22.7	1.86E-02	5.07E-03
16	0.00E+00	0.00E+00	100.0	226.8	50.4	1.89E-02	5.90E-03
32	2.17E-12	3.50E-12	100.0	331.5	73.8	1.84E-02	5.09E-03
64	5.99E-02	3.09E-01	98.0	941.2	412.3	1.90E-02	4.55E-03

Tabla 37. Sobre el N de MNMTF. Rastrigin

N	Schwefel (0.9Pc, 0.9a, 30s) Población sexuada (MNTMF)						
	MBF	SDBF	SR%	MSG	SDSG	MD	SDD
1	1.27E-04	3.16E-13	100.0	418.4	210.9	7.93E+02	3.54E+02
2	1.27E-04	1.78E-13	100.0	364.5	220.4	8.28E+02	3.31E+02
4	1.27E-04	0.00E+00	100.0	450.7	213.5	8.69E+02	2.77E+02
8	1.27E-04	2.82E-13	100.0	654.5	374.5	8.98E+02	3.85E+02
16	2.37E+00	1.66E+01	98.0	951.1	505.4	7.69E+02	2.81E+02
32	8.30E+01	1.02E+02	44.0	1361.5	370.5	8.55E+02	3.67E+02
64	3.90E+02	1.60E+02	2.0	1282.0	0.0	8.22E+01	2.79E+02

Tabla 38. Sobre el N de MNMTF. Schwefel

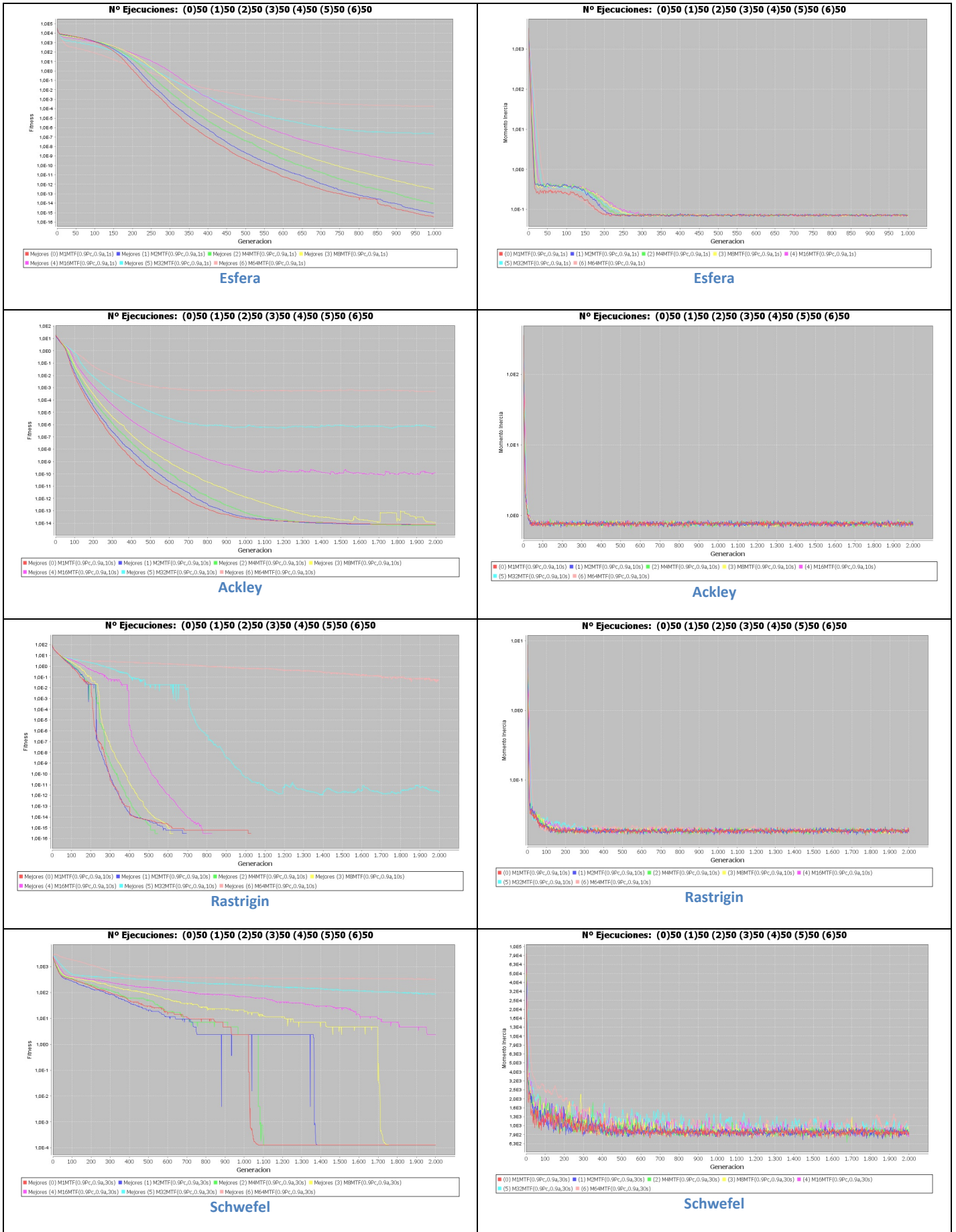


Tabla 39. Sobre el N de MNMTF. Gráficas

Discusión de resultados

A la luz de lo mostrado en las gráficas y tablas de esta sección, se puede decir lo siguiente para todas las funciones:

- 1) prácticamente no existen diferencias en cuanto a diversidad en los distintos valores de configuración empleados en el parámetro N. Aunque si bien el valor final de MD es distinto para cada valor de N en las tablas, esto se debe a que las gráficas individuales van oscilando, mostrándose en la tabla, en el campo MD, el valor alcanzado para la última generación. A este respecto, lo más recomendable es recurrir a la gráfica y verificar que están unas encima de otras.
- 2) Sí aparecen sin embargo diferencias en cuanto a fitness y convergencia, sucediendo que N=1 es el que mejores prestaciones presenta. (para Schwefel N=2 es mejor ya que obtiene el mismo fitness pero se requieren menos generaciones).

A modo de resumen, N no influye en la diversidad final, pero sí en la velocidad de convergencia y en el valor de fitness que se alcanza. Las prestaciones van empeorando con la variación creciente de N, al menos claramente a partir de $N > 2$, por tanto, la mejor solución general para todas las funciones la tenemos con $N=1$.

3.7. ESTUDIO SOBRE EL TAMAÑO DE LA POBLACIÓN

Como conclusión de la sección 3.3 hemos determinado que el método que mejores prestaciones tenía era el MMTF, así como las razones de su mejora sobre un método tradicional (Torneo3) vistas en la sección 3.5.

Después en la sección 3.6 hemos llegado a la conclusión de que no merecía la pena utilizar un $N > 1$, pues generalmente era $N = 1$ el que mejores prestaciones tenía, y en caso de no serlo para algún problema particular, seguía muy de cerca a la otra mejor opción ($N = 2$).

Por tanto, seguiremos investigando el comportamiento de MMTF. Ahora estudiaremos cómo se comporta empleando distinto número de cromosomas.

Para ello partiremos una vez más de las mejores configuraciones de MMTF para la sección 3.3, en donde iremos variando el tamaño de la población (50, 100, 200, 300). Realizaremos el estudio frente a Torneo3 y sus mejores configuraciones también obtenidas. Ver Tabla 25. Emplearemos como medida de la diversidad la ya utilizada del momento de inercia medio por gen calculado para toda la población.

Los resultados los tenemos en la Tabla 40, la Tabla 41, la Tabla 42, la Tabla 43 y la Tabla 44.

Tam. Pob	Población sexuada (MMTF) (0.9Pc, 0.9a, 1s)				Población no sexuada (Torneo3) (0.9Pc, 0.9a, 1s)			
	MBF ± SDBF	SR%	MSG ± SDSG	MD ± SDD	MBF ± SDBF	SR%	MSG ± SDSG	MD ± SDD
50	1.14E-08 ± 1.54E-08	100	558.1 ± 47.9	6.71E-02 ± 2.58E-02	1.91E-03 ± 1.37E-03	24	936.8 ± 62.4	4.35E-02 ± 2.31E-02
100	1.82E-12 ± 5.11E-12	100	361.5 ± 26.8	6.90E-02 ± 2.25E-02	3.38E-04 ± 2.15E-04	100	776.7 ± 92.6	3.94E-02 ± 1.49E-02
200	4.06E-16 ± 6.62E-16	100	256.3 ± 20.3	7.10E-02 ± 1.11E-02	7.47E-05 ± 5.71E-05	100	595.4 ± 58.8	3.99E-02 ± 1.25E-02
300	3.28E-18 ± 3.97E-18	100	216.1 ± 13.7	7.19E-02 ± 1.12E-02	3.79E-05 ± 2.75E-05	100	547.1 ± 45.0	3.74E-02 ± 7.70E-03

Tabla 40. Tamaño población. MMTF vs Torneo3. Esfera

Tam. Pob	Población sexuada (MMTF) (0.9Pc, 0.9a, 10s)				Población no sexuada (Torneo3) (0.9Pc, 0.9a, 1s)			
	MBF ± SDBF	SR%	MSG ± SDSG	MD ± SDD	MBF ± SDBF	SR%	MSG ± SDSG	MD ± SDD
50	1.26E-08 ± 7.43E-08	100	282.7 ± 43.2	7.53E-01 ± 3.79E-01	3.88E-03 ± 1.99E-03	2	1728.0 ± 0.0	4.48E-03 ± 3.33E-03
100	2.07E-14 ± 2.17E-14	100	179.1 ± 23.2	8.01E-01 ± 3.28E-01	1.67E-03 ± 7.75E-04	16	1594.5 ± 343.2	4.13E-03 ± 2.40E-03
200	7.69E-15 ± 2.46E-15	100	126.7 ± 13.4	7.83E-01 ± 2.15E-01	7.49E-04 ± 4.29E-04	80	1347.3 ± 286.3	4.25E-03 ± 1.73E-03
300	6.63E-15 ± 1.99E-15	100	107.8 ± 9.7	7.43E-01 ± 1.41E-01	4.94E-04 ± 3.08E-04	98	1083.7 ± 280.9	4.25E-03 ± 1.17E-03

Tabla 41. Tamaño población. MMTF vs Torneo3. Ackley

Tam. Pob	Población sexuada (MMTF) (0.9Pc, 0.9a, 10s)				Población no sexuada (Torneo3) (0.5Pc, 0.9a, 10s)			
	MBF ± SDBF	SR%	MSG ± SDSG	MD ± SDD	MBF ± SDBF	SR%	MSG ± SDSG	MD ± SDD
50	1.71E-15 ± 6.12E-15	100	366.3 ± 105.5	1.90E-02 ± 1.04E-02	4.44E-03 ± 4.73E-03	16	1485.9 ± 312.2	8.01E-03 ± 7.26E-03
100	0.00E+00 ± 0.00E+00	100	202.7 ± 41.6	1.84E-02 ± 7.86E-03	6.43E-04 ± 5.91E-04	84	1303.7 ± 321.1	1.08E-02 ± 6.02E-03
200	0.00E+00 ± 0.00E+00	100	135.5 ± 22.7	1.75E-02 ± 4.73E-03	2.17E-04 ± 2.05E-04	100	989.7 ± 351.2	1.15E-02 ± 4.12E-03
300	0.00E+00 ± 0.00E+00	100	106.4 ± 12.9	1.89E-02 ± 4.06E-03	6.92E-05 ± 7.15E-05	100	743.6 ± 263.9	1.13E-02 ± 3.80E-03

Tabla 42. Tamaño población. MMTF vs Torneo3. Rastrigin

Tam. Pob	Población sexuada (MMTF) (0.9Pc, 0.9a, 30s)				Población no sexuada (Torneo3) (0.5Pc, 0.6a, 30s)			
	MBF ± SDBF	SR%	MSG ± SDSDG	MD ± SDD	MBF ± SDBF	SR%	MSG ± SDSDG	MD ± SDD
50	4.03E+01 ± 5.61E+01	62	1276.5 ± 404.1	8.30E+02 ± 4.77E+02	5.10E+01 ± 7.15E+01	-	-	5.32E+02 ± 5.08E+02
100	1.27E-04 ± 9.53E-12	100	810.0 ± 400.7	8.71E+02 ± 3.60E+02	4.85E+00 ± 2.32E+01	2	1886.0 ± 0.0	4.35E+02 ± 2.89E+02
200	1.27E-04 ± 3.16E-13	100	437.5 ± 267.2	8.84E+02 ± 2.88E+02	1.25E-02 ± 1.41E-02	12	1517.5 ± 330.0	4.94E+02 ± 2.07E+02
300	1.27E-04 ± 3.49E-13	100	270.5 ± 138.5	8.57E+02 ± 2.45E+02	6.80E-03 ± 5.68E-03	14	1422.1 ± 342.2	4.72E+02 ± 2.03E+02

Tabla 43. Tamaño población. MMTF vs Torneo3. Schwefel

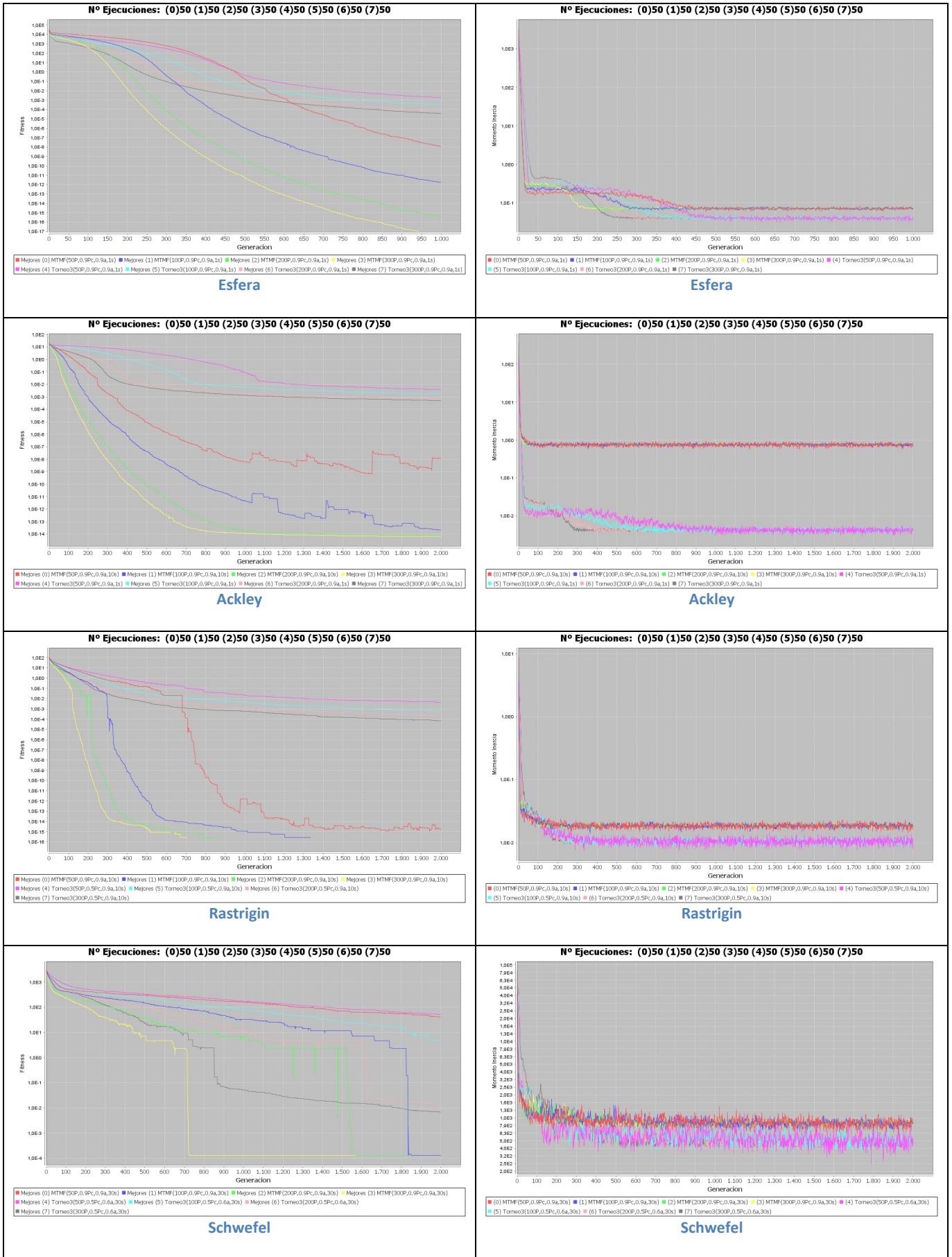


Tabla 44. Tamaño población. MMTF. Gráficas

Discusión de resultados

Lo que se puede decir aquí es bastante sencillo. También similar para las cuatro funciones: MMTF supera con enorme claridad a Torneo3. Por otro lado, en MMTF se aprecian ciertos aspectos que se pueden resumir en lo siguiente: 1) desde el punto de vista del fitness apreciamos que a medida que aumenta el número de cromosomas, los valores medios de mejor fitness van mejorando a su vez. Una salvedad a este punto se da en los problemas Rastrigin y Schwefel donde a partir de 100 cromosomas ya no se consigue ventaja con el empleo de más de estos (en cuanto a fitness se entiende); 2) el número de generaciones con que se consigue el objetivo se va reduciendo claramente a medida que se aumenta el número de cromosomas; 3) como es de esperar (ver la sección 3.5) la diversidad de los cromosomas de la población es mayor en MMTF que en Torneo 3, además resulta interesante apreciar que dentro de cada método, bien MMTF o bien Torneo3, sucede que se produce una convergencia al valor de diversidad media por gen, independientemente del número de cromosomas que empleamos en la prueba (recordar que para más detalles acerca de la composición interna de la población en cuanto a diversidad tenemos la sección 3.5, allí podrá el lector encontrar otras formas que toman las gráficas de diversidad diversos porcentajes de mejores individuos empleados en esta métrica).

Aquí no puede decirse claramente que un valor de Tamaño de Población sea mejor que otro en términos absolutos, pues aunque a medida que son mayores las poblaciones se mejoran las prestaciones de fitness y convergencia, debemos tener en cuenta que los costes computacionales aumentan con el número de cromosomas.

3.8. ESTUDIO SOBRE EL Nº DE DIMENSIONES DEL ESPACIO DE BÚSQUEDA

Como conclusión de la sección 3.3 hemos determinado que el método que mejores prestaciones tenía era el MMTF, así como las razones de su mejora sobre un método tradicional (Torneo3) vistas en 3.5.

Después en la sección 3.6 hemos llegado a la conclusión de que no merecía la pena utilizar un $N > 1$, pues generalmente era $N = 1$ el que mejores prestaciones tenía, y en caso de no serlo para algún problema particular seguía muy de cerca a la otra mejor opción ($N = 2$).

Por tanto, seguiremos investigando el comportamiento de MMTF. Ahora estudiaremos cómo se comporta empleando distinto número de genes.

Para ello partiremos una vez más de las mejores configuraciones de MMTF para la sección 3.3, en donde iremos variando el número de genes de los cromosomas de la población. Para cada función emplearemos un número de genes que sea suficiente como para que en algunos casos incluso MMTF no consiga el 100% como tasa de éxito. Para Esfera (60, 60, 80, 90), para Ackley (40, 50, 60, 70), para Rastrigin (70, 80, 90, 100), y para Schwefel (20, 30, 40, 50). Realizaremos el estudio frente a Torneo3 y sus mejores configuraciones. Ver Tabla 25. Emplearemos como medida de la diversidad la ya utilizada del momento de inercia medio por gen calculado para toda la población (ver sección 3.5).

Los resultados los tenemos en la Tabla 45, la Tabla 46, la Tabla 47, la Tabla 48 y la Tabla 49.

Nº Genes	Población sexuada (MMTF) (0.9Pc, 0.9a, 1s)				Población no sexuada (Torneo3) (0.9Pc, 0.9a, 1s)			
	MBF ± SDBF	SR%	MSG ± SDSG	MD ± SDD	MBF ± SDBF	SR%	MSG ± SDSG	MD ± SDD
60	2.35E-05 ± 8.53E-06	100	734.7 ± 25.7	6.83E-02 ± 6.13E-03	3.27E-02 ± 1.30E-02	-	-	4.14E-02 ± 4.94E-03
70	2.82E-04 ± 9.70E-05	100	887.5 ± 32.0	7.16E-02 ± 4.11E-03	8.43E-02 ± 4.26E-02	-	-	4.19E-02 ± 6.99E-03
80	1.72E-03 ± 1.03E-03	50	978.0 ± 12.2	7.05E-02 ± 4.80E-03	3.40E-01 ± 1.47E-01	-	-	4.09E-02 ± 6.94E-03
90	5.89E-03 ± 1.94E-03	-	-	7.70E-02 ± 7.26E-03	4.82E-01 ± 1.31E-01	-	-	4.35E-02 ± 6.12E-03

Tabla 45. Dimensiones espacio de búsqueda. MMTF vs Torneo3. Esfera

Nº Genes	Población sexuada (MMTF) (0.9Pc, 0.9a, 10s)				Población no sexuada (Torneo3) (0.9Pc, 0.9a, 1s)			
	MBF ± SDBF	SR%	MSG ± SDSG	MD ± SDD	MBF ± SDBF	SR%	MSG ± SDSG	MD ± SDD
40	4.41E-06 ± 1.95E-06	100	556.3 ± 27.1	7.35E-01 ± 8.57E-02	1.16E-03 ± 5.50E-04	50	1836.8 ± 65.0	4.45E-03 ± 5.14E-04
50	7.04E-05 ± 1.98E-05	100	822.4 ± 28.0	7.25E-01 ± 1.53E-01	3.42E-03 ± 2.36E-03	20	1940.5 ± 1.5	4.26E-03 ± 6.82E-04
60	3.85E-04 ± 1.69E-04	100	1200.4 ± 68.3	8.32E-01 ± 7.34E-02	1.10E-02 ± 1.33E-02	-	-	4.04E-03 ± 6.84E-04
70	1.49E-03 ± 7.12E-04	20	1910.0 ± 89.0	8.21E-01 ± 7.69E-02	1.45E-02 ± 6.75E-03	-	-	4.35E-03 ± 7.13E-04

Tabla 46. Dimensiones espacio de búsqueda. MMTF vs Torneo3. Ackley

Nº Genes	Población sexuada (MMTF) (0.9Pc, 0.9a, 10s)				Población no sexuada (Torneo3) (0.5Pc, 0.9a, 10s)			
	MBF ± SDBF	SR%	MSG ± SDSG	MD ± SDD	MBF ± SDBF	SR%	MSG ± SDSG	MD ± SDD
70	7.71E-05 ± 2.88E-05	100	1269.7 ± 62.9	1.78E-02 ± 1.81E-03	3.09E+01 ± 4.78E+00	-	-	1.56E-02 ± 1.71E-03
80	7.08E-04 ± 2.87E-04	90	1802.3 ± 70.9	1.88E-02 ± 2.16E-03	5.07E+01 ± 4.51E+00	-	-	1.94E-02 ± 3.36E-03
90	3.87E-03 ± 1.38E-03	-	-	1.82E-02 ± 2.23E-03	9.00E+01 ± 1.88E+01	-	-	2.41E-02 ± 5.43E-03
100	2.08E-02 ± 7.81E-03	-	-	1.87E-02 ± 1.34E-03	1.55E+02 ± 2.18E+01	-	-	3.13E-02 ± 6.00E-03

Tabla 47. Dimensiones espacio de búsqueda. MMTF vs Torneo3. Rastrigin

Nº Genes	Población sexuada (MMTF) (0.9Pc, 0.9a, 30s)				Población no sexuada (Torneo3) (0.5Pc, 0.69a, 30s)			
	MBF ± SDBF	SR%	MSG ± SDSG	MD ± SDD	MBF ± SDBF	SR%	MSG ± SDSG	MD ± SDD
20	2.55E-04 ± 1.09E-12	100	699.5 ± 235.9	7.93E+02 ± 1.89E+02	1.19E+01 ± 3.55E+01	-	-	4.98E+02 ± 1.75E+02
30	3.82E-04 ± 3.97E-10	100	975.5 ± 222.8	8.41E+02 ± 1.81E+02	1.69E+02 ± 1.34E+02	-	-	7.32E+02 ± 5.30E+02
40	1.18E+01 ± 3.55E+01	90	1404.4 ± 240.7	7.67E+02 ± 1.78E+02	7.84E+02 ± 2.91E+02	-	-	5.26E+02 ± 1.57E+02
50	5.92E+01 ± 5.92E+01	50	1506.2 ± 191.0	9.09E+02 ± 1.55E+02	2.10E+03 ± 3.21E+02	-	-	8.07E+02 ± 3.26E+02

Tabla 48. Dimensiones espacio de búsqueda. MMTF vs Torneo3. Schwefel

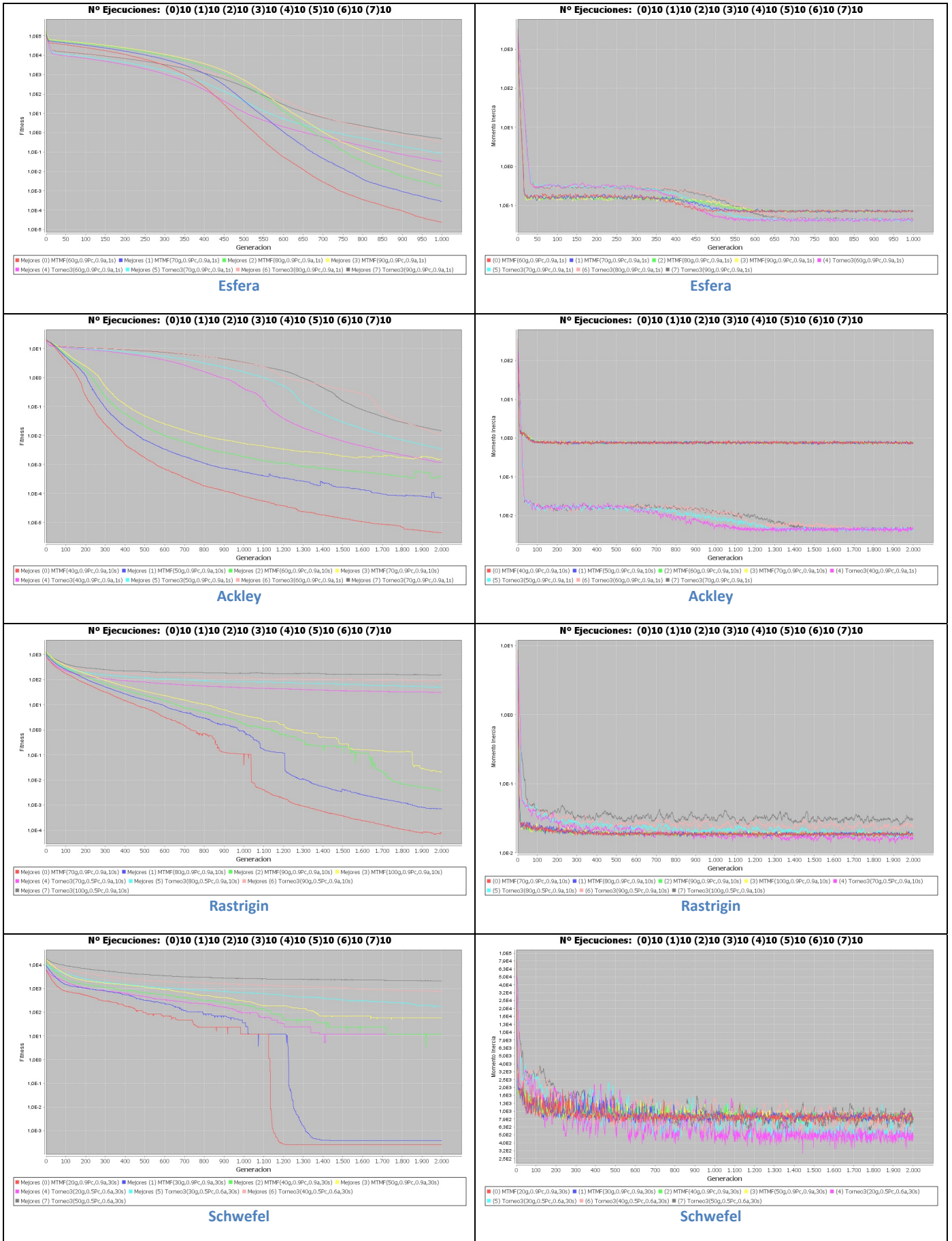


Tabla 49. Dimensiones espacio de búsqueda. MMTF vs. Torneo3. Gráficas

Discusión de resultados

Una vez más MMTF presenta mejor comportamiento que Torneo3. No merece la pena extenderse demasiado en las aclaraciones a estas gráficas y tablas. Lo que vienen a decir es que a medida que tenemos menor número de genes, esto es, un problema “menor” o “más fácil de resolver”, lo que se espera del algoritmo es que lo resuelva mejor (mejor valor de fitness) y más rápido (menor valor de generaciones a objetivo). Y efectivamente eso es lo que se aprecia en los resultados mostrados. Sobre la diversidad, como es de esperar (ver la sección 3.5) se observa que la diversidad de los cromosomas de la población es mayor en MMTF que en Torneo 3, además resulta interesante apreciar que dentro de cada método, bien MMTF o bien Torneo3, sucede que se produce una convergencia al valor de diversidad media por gen, independientemente del número de genes que empleamos en la prueba (recordar que para más detalles acerca de la composición interna de la población en cuanto a diversidad tenemos la sección 3.5, allí podrá el lector encontrar otras formas que toman las gráficas de diversidad diversos porcentajes de mejores individuos empleados en esta métrica).

3.9. ESTUDIO SOBRE EL TAMAÑO DEL ESPACIO DE BÚSQUEDA

Como conclusión de la sección 3.3 hemos determinado que el método que mejores prestaciones tenía era el MMTF, así como las razones de su mejora sobre un método tradicional (Torneo3) vistas en 3.5.

Después en la sección 3.6 hemos llegado a la conclusión de que no merecía la pena utilizar un $N > 1$, pues generalmente era $N = 1$ el que mejores prestaciones tenía, y en caso de no serlo para algún problema particular seguía muy de cerca a la otra mejor opción ($N = 2$).

Por tanto, seguiremos investigando el comportamiento de MMTF. Ahora estudiaremos cómo se comporta variando el tamaño del espacio de búsqueda.

Para ello partiremos una vez más de las mejores configuraciones de MMTF para la sección 3.1, en donde utilizaremos cuatro espacios de búsqueda: el espacio de búsqueda estándar con el que se define normalmente la función de benchmarking, tal como viene en la sección; un espacio “doble” definido de manera que para cada rango de gen, éste se ha multiplicado por dos manteniendo el centro; un espacio “triple” y un espacio “cuádruple” en los que se hace lo propio. Realizaremos el estudio frente a Torneo3 y sus mejores configuraciones. Ver Tabla 25. Emplearemos como medida de la diversidad la ya utilizada del momento de inercia medio por gen calculado para toda la población.

No lo haremos sobre la función Schwefel, ya que fuera del espacio de búsqueda estándar se produce una variación de los mínimos globales.

Los resultados los tenemos en la Tabla 50, la Tabla 51, la Tabla 52 y la Tabla 53.

Espacio búsqueda	Población sexuada (MMTF) (0.9Pc, 0.9a, 1s)				Población no sexuada (Torneo3) (0.9Pc, 0.9a, 1s)			
	MBF ± SDBF	SR%	MSG ± SDG	MD ± SDD	MBF ± SDBF	SR%	MSG ± SDG	MD ± SDD
Estándar	4.65E-16 ± 6.11E-16	100	262.0 ± 19.0	6.93E-02 ± 1.16E-02	7.53E-05 ± 4.25E-05	100	612.6 ± 63.5	4.15E-02 ± 1.14E-02
Doble	8.88E-16 ± 1.12E-15	100	274.7 ± 18.6	2.98E-01 ± 6.03E-02	3.11E-04 ± 1.91E-04	98	749.4 ± 73.1	1.57E-01 ± 4.52E-02
Triple	2.97E-15 ± 4.60E-15	100	279.9 ± 22.0	6.34E-01 ± 1.24E-01	7.06E-04 ± 2.98E-04	86	885.4 ± 76.5	3.67E-01 ± 8.18E-02
Cuádruple	5.71E-15 ± 7.73E-15	100	294.5 ± 22.4	1.13E+00 ± 2.12E-01	1.13E-03 ± 6.30E-04	54	893.7 ± 61.8	6.62E-01 ± 1.36E-01

Tabla 50. Tamaño espacio de búsqueda. MMTF vs Torneo3. Esfera

Espacio búsqueda	Población sexuada (MMTF) (0.9Pc, 0.9a, 10s)				Población no sexuada (Torneo3) (0.9Pc, 0.9a, 1s)			
	MBF ± SDBF	SR%	MSG ± SDG	MD ± SDD	MBF ± SDBF	SR%	MSG ± SDG	MD ± SDD
Estándar	7.83E-15 ± 2.55E-15	100	127.7 ± 12.3	8.05E-01 ± 2.13E-01	7.94E-04 ± 3.57E-04	82	1433.8 ± 325.0	4.24E-03 ± 1.46E-03
Doble	7.62E-15 ± 2.80E-15	100	222.0 ± 88.0	3.03E+00 ± 7.29E-01	1.45E-03 ± 7.82E-04	34	1416.5 ± 431.3	1.76E-02 ± 7.38E-03
Triple	1.04E-14 ± 5.46E-15	100	442.1 ± 195.8	7.03E+00 ± 1.89E+00	1.46E+00 ± 4.93E+00	16	1505.1 ± 240.2	3.90E-02 ± 1.62E-02
Cuádruple	5.20E+00 ± 8.77E+00	72	869.8 ± 412.6	1.20E+01 ± 3.60E+00	2.63E+00 ± 6.51E+00	2	1825.0 ± 0.0	7.39E-02 ± 3.56E-02

Tabla 51. Tamaño espacio de búsqueda. MMTF vs Torneo3. Ackley

Espacio búsqueda	Población sexuada (MMTF) (0.9Pc, 0.9a, 10s)				Población no sexuada (Torneo3) (0.5Pc, 0.9a, 10s)			
	MBF ± SDBF	SR%	MSG ± SDG	MD ± SDD	MBF ± SDBF	SR%	MSG ± SDG	MD ± SDD
Estándar	0.00E+00 ± 0.00E+00	100	131.4 ± 21.3	1.92E-02 ± 5.45E-03	1.82E-04 ± 2.00E-04	100	946.0 ± 253.2	1.11E-02 ± 3.99E-03
Doble	0.00E+00 ± 0.00E+00	100	151.3 ± 25.9	7.53E-02 ± 1.83E-02	6.82E-04 ± 1.51E-03	90	1388.4 ± 369.1	4.45E-02 ± 1.77E-02
Triple	0.00E+00 ± 0.00E+00	100	186.1 ± 51.3	1.57E-01 ± 4.24E-02	1.96E-03 ± 2.19E-03	52	1469.3 ± 275.4	9.43E-02 ± 3.09E-02
Cuádruple	0.00E+00 ± 0.00E+00	100	191.6 ± 54.3	3.02E-01 ± 9.27E-02	2.77E-03 ± 2.88E-03	34	1396.0 ± 338.4	1.69E-01 ± 6.83E-02

Tabla 52. Tamaño espacio de búsqueda. MMTF vs Torneo3. Rastrigin

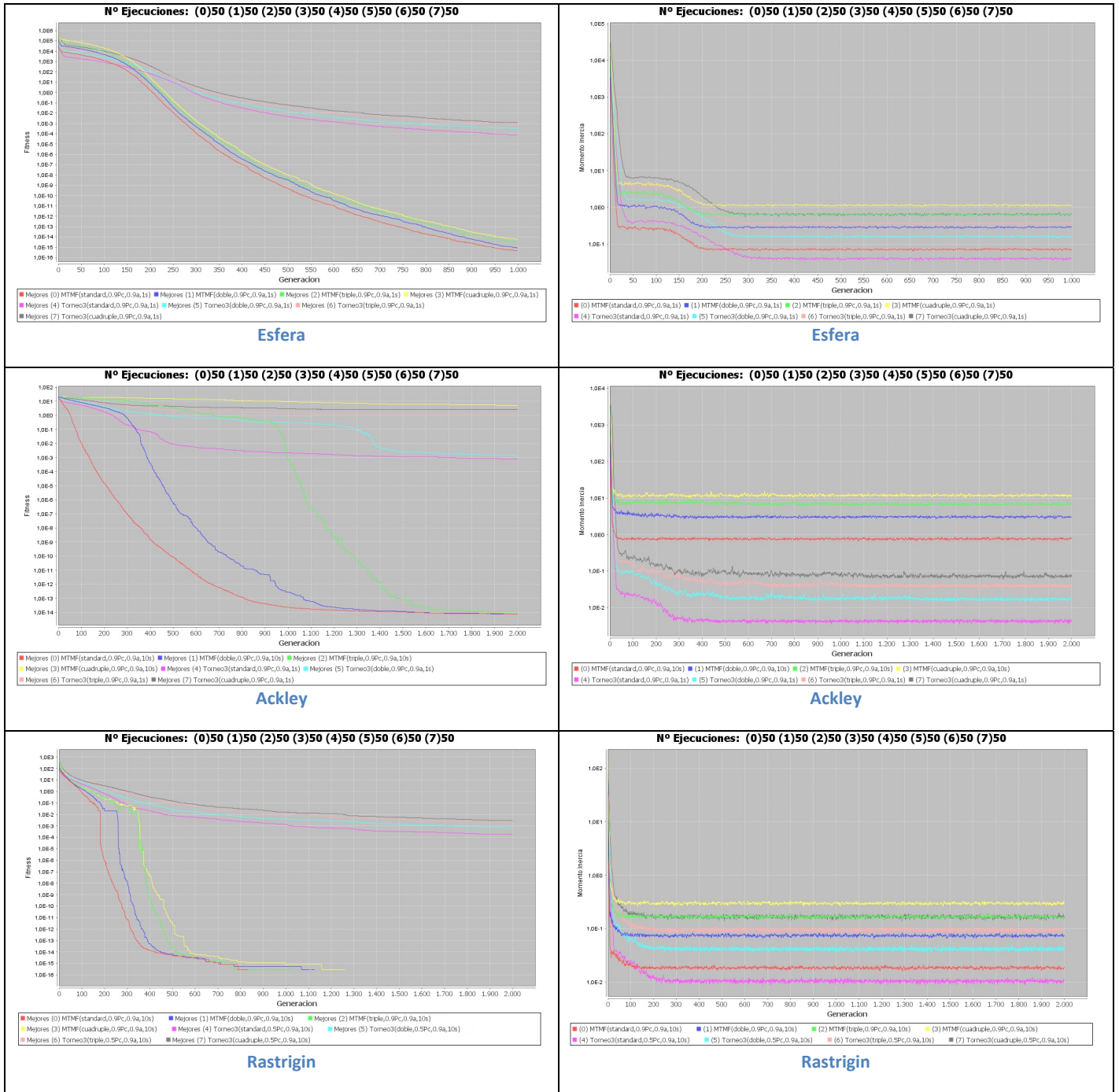


Tabla 53. Tamaño espacio de búsqueda. MMTF vs. Torneo3. Gráficas

Discusión de resultados

Para las tres funciones: MMTF supera a Torneo3. Para los casos de Esfera y Rastrigin se puede ver con claridad. Para el de Ackley también es mejor MMTF que Torneo3, pero el caso de “cuádruple” requiere una explicación.

Vamos a comenzar por los casos sencillos de ver, esto es Esfera y Rastrigin. Primero, en cuanto a fitness, siempre es mucho mejor MMTF que Torneo3. Además resulta que para MMTF se observa que el impacto del tamaño del espacio de búsqueda es inexistente para Rastrigin y muy poco significativo para Esfera. Segundo, que en cuanto al número de generaciones necesario para alcanzar el éxito, se aprecia un aumento a medida que aumenta el espacio de búsqueda. Sin embargo, hay que tener en cuenta que dicho aumento es poco significativo en cuanto a las ampliaciones de dicho espacio de búsqueda. Por ejemplo, véase que para Rastrigin, mientras que el espacio de “estándar” es $|A|^{10}$ (siendo $|A|$ la amplitud del dominio en una coordenada), el espacio de “cuádruple” es $(4|A|)^{10}$, y sin embargo, los objetivos se alcanzan de media solo en $(191.6 - 131.4) = 60.2$ generaciones más, esto es, un incremento del $60.2/191.6 = 31\%$, frente a un espacio que se ha multiplicado por 4^{10} (y menor aún para Esfera). Tercero, que a medida que aumenta el tamaño del espacio de búsqueda aumenta la diversidad, aunque bien sin impacto prácticamente en los valores de fitness.

Nos falta la función Ackley, que ya hemos dicho también es mejor que Torneo3, y para los casos de “estándar”, “doblé” y “triple” con igual razonamiento al expuesto en el párrafo previo para las otras dos funciones. Sin embargo, si miramos la gráfica de fitness, podría parecer que el caso “cuádruple” se comporta mejor Torneo3 que MMTF; pero recordemos que de hecho, lo que esta gráfica ilustra son los valores medios, de modo que si vamos a la tabla, veremos que dicho aparente empeoramiento se debe a que en algunas ejecuciones MMTF no ha conseguido obtener el éxito, sin embargo, sus porcentajes son muy elevados, de un 72% para “cuádruple”, y esto frente a un 2% de Torneo3 en todos los casos. Por tanto podemos decir que MMTF se comporta mejor que Torneo3 también para este problema.

3.10. ESTUDIO SOBRE OTRAS FUNCIONES DE BENCHMARKING

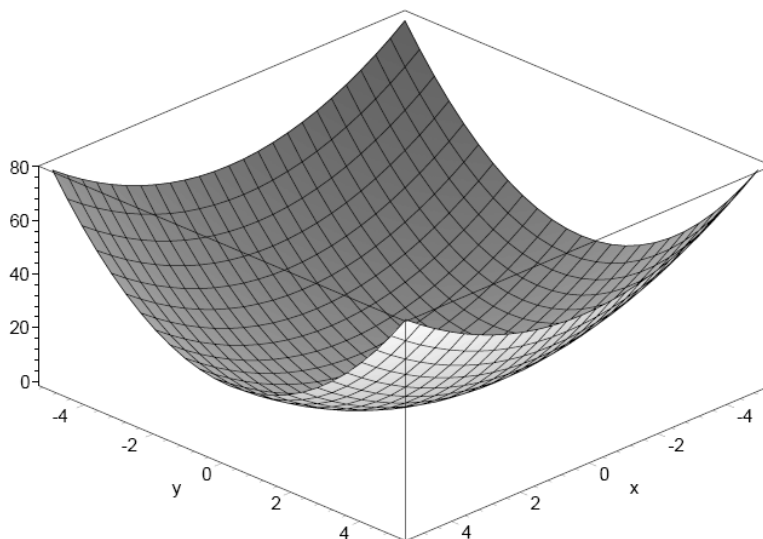
Tras realizar distintos estudios pormenorizados de la comparativa de los dos tipos de operadores de selección considerados (MTMF y Torneo3) en las secciones 3.3, 3.5, 3.6, 3.7, 3.8 y 3.9, utilizando para todos ellos las mismas cuatro funciones fitness (una modal: Esfera, y tres multimodales: Ackley, Rastrigin, Schwefel), vamos a ampliar el repertorio de funciones fitness consideradas. El objetivo final de este estudio sigue siendo el comparar ambos tipos de operadores, pero considerando otro repertorio de funciones fitness de benchmarking que representan problemas de búsqueda diferentes a los considerados hasta ahora, y esperando que las conclusiones obtenidas para las funciones previas se mantengan para las nuevas funciones. Prescindiremos ya aquí de gráficas y seremos menos prolijos en los experimentos y resultados.

Las nuevas funciones que trataremos son, según vienen en **[MOL-05]** y recogidas en su clasificación:

- Unimodal, convexa, multidimensional:
 - o Hiperelipsoide paralela a eje con $n=10$

$$f(x) = \sum_{i=1}^n (i \cdot x_i^2). \quad -5.12 \leq x_i \leq 5.12, i = 1, \dots, n.$$

$$\text{Mínimo global: } f(x) = 0 \quad x_i = 0, i = 1, \dots, n.$$

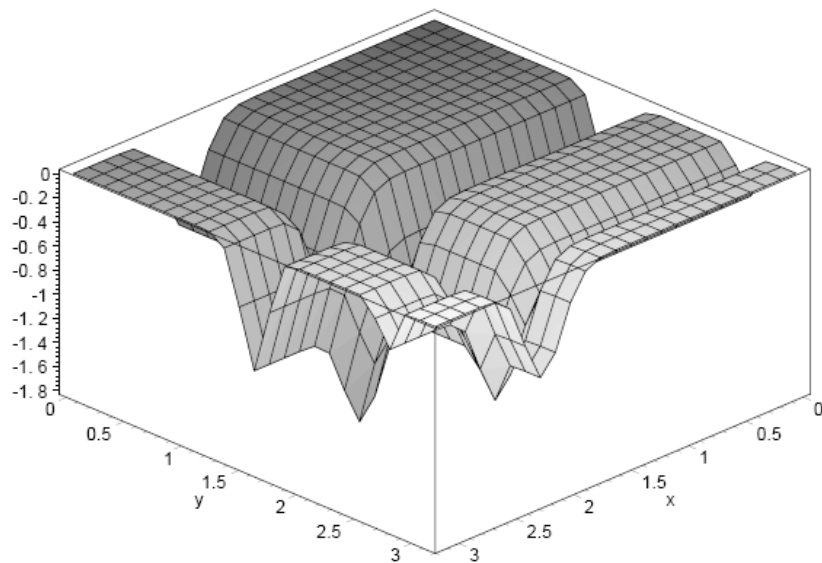


- Multimodal, bidimensional, con un pequeño número de extremos locales:

- Michaelewicz con $n=2$ (y $m=10$)

$$f(x) = - \sum_{i=1}^n \sin(x_i) \left[\sin\left(\frac{ix_i^2}{\pi}\right) \right]^{2m} \quad 0 \leq x_i \leq \pi, \quad i = 1, \dots, n.$$

Mínimo global: $f(x) = -1.8013 \quad (n=2)$

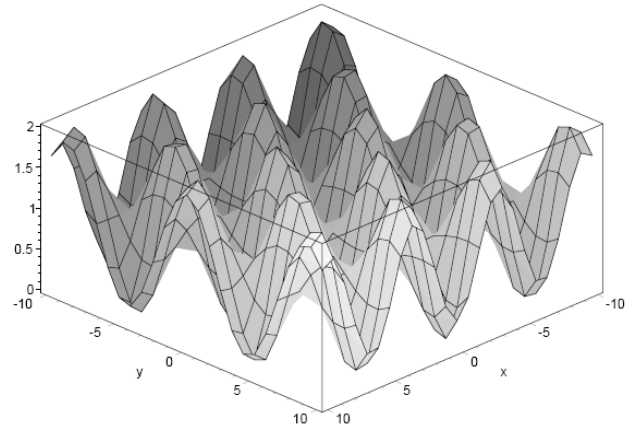
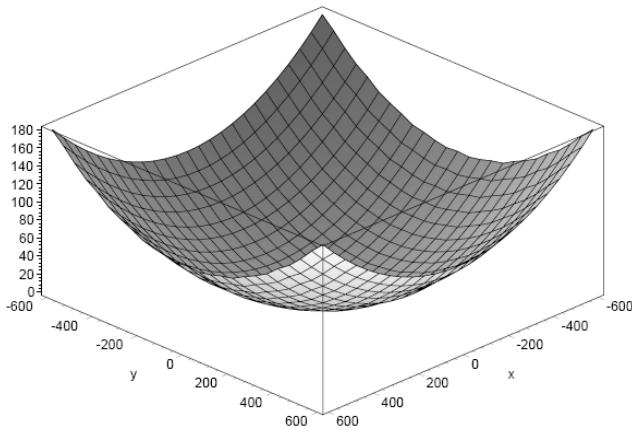


- Multimodal, bidimensional, con un gran número de extremos locales:

- Griewank con $n=2$

$$f(x) = \frac{1}{4000} \sum_{i=1}^n x_i^2 - \prod_{i=1}^n \cos\left(\frac{x_i}{\sqrt{i}}\right) + 1. \quad -600 \leq x_i \leq 600, \quad i = 1, \dots, n.$$

Mínimo global: $f(x) = 0 \quad x_i = 0, \quad i = 1, \dots, n.$

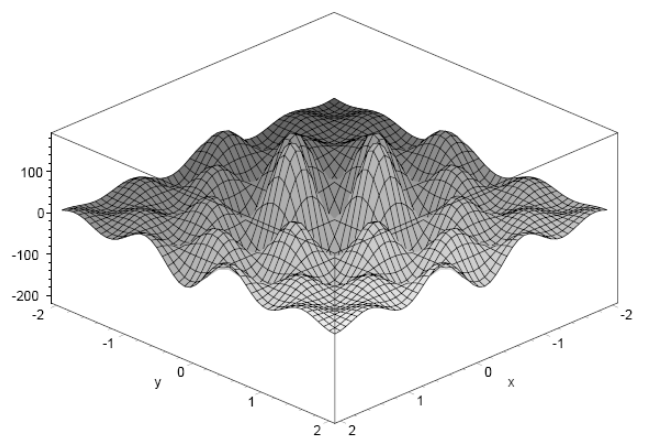
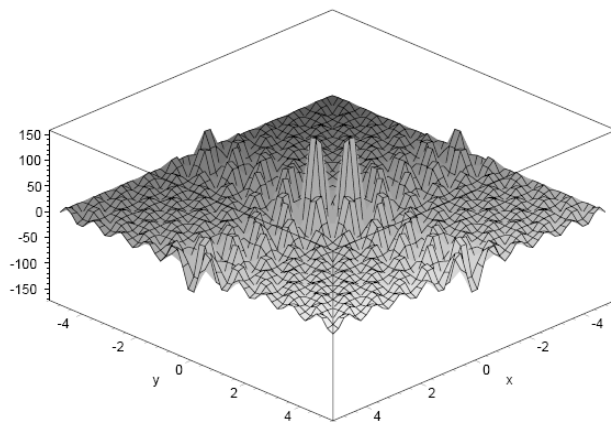


- Shubert

$$f(x_1, x_2) = - \sum_{i=1}^5 i \cos((i+1)x_1 + 1) \sum_{i=1}^5 i \cos((i+1)x_2 + 1),$$

$$-5.12 \leq x_1 \leq 5.12, \quad -5.12 \leq x_2 \leq 5.12.$$

Mínimo global (18 mínimos): - 186.7309



- Multimodal, multidimensional, con un gran número de extremos locales.

- Michalewicz con n=10 (con m=10)

Mínimo global: $f(x) = -9.66015$ (n=10)

- Griewank con n=10

Mínimo global: $f(x) = 0$ $x_i = 0, i = 1, \dots, n.$

3.10.1. FUNCIÓN HIPERELIPSOIDE PARALEJA AL EJE

Las Tabla 54, Tabla 55 y Tabla 56 describen los parámetros de configuración utilizados para esta función.

Función:	Hiperelipsoide
Dominio:	[-5.12, 5.12]
Nº Ejecuciones:	50
Nº Generaciones:	2000
Objetivo de Fitness:	1E-3
Nº Genes:	10
Nº Cromosomas:	200
Inicialización:	Aleatoria Uniforme
Cruce:	Recombinación Aritmética Total
Mutación:	Gaussiana
Probabilidad de Mutación sobre Gen:	0.01
Selección de Supervivientes:	Solo Descendencia

Tabla 54. Otras funciones. Parámetros comunes. Hiperelipsoide

x1Pc	Probabilidad de Cruce	0.5, 0.9
x2a	Alfa (para Recombinación Aritmética Total)	0.6, 0.9
x3s	Porcentaje Rango (para Sigma en Mutación Gaussiana)	0.1, 1

Tabla 55. Otras funciones. Vector experimentos. Hiperelipsoide

Nº Exp.	Identificación
1	0.5Pc, 0.6a, 0.1s
2	0.5Pc, 0.6a, 1s
3	0.5Pc, 0.9a, 0.1s
4	0.5Pc, 0.9a, 1s
5	0.9Pc, 0.6a, 0.1s
6	0.9Pc, 0.6a, 1s
7	0.9Pc, 0.9a, 0.1s
8	0.9Pc, 0.9a, 1s

Tabla 56. Otras funciones. Relación experimentos. Hiperelipsoide

Por otro lado, los resultados se presentan en la Tabla 57.

		Población no sexuada (Torneo3)				Población sexuada (MMTF)			
		MBF ± SDBF	SR%	MSG ± SDSG	MD ± SDD	MBF ± SDBF	SR%	MSG ± SDSG	MD ± SDD
1	0.5Pc, 0.6a, 0.1s	1.69E-01 ± 3.39E-01	34	835.5 ± 137.3	3.30E-06 ± 2.14E-06	3.24E-02 ± 1.47E-01	88	741.2 ± 127.6	2.47E-06 ± 1.21E-06
2	0.5Pc, 0.6a, 1s	7.05E-06 ± 3.05E-06	100	329.6 ± 24.6	1.06E-04 ± 2.75E-05	1.35E-09 ± 1.08E-09	100	153.3 ± 15.8	2.09E-04 ± 3.26E-05
3	0.5Pc, 0.9a, 0.1s	1.46E+01 ± 1.25E+01	-	-	1.86E-05 ± 9.09E-06	4.50E-01 ± 7.67E-01	40	873.1 ± 77.6	7.92E-06 ± 5.91E-06
4	0.5Pc, 0.9a, 1s	3.73E-06 ± 2.75E-06	100	387.1 ± 52.3	1.10E-04 ± 2.50E-05	3.12E-13 ± 4.22E-13	100	177.6 ± 21.5	2.66E-04 ± 3.60E-05
5	0.9Pc, 0.6a, 0.1s	1.48E-01 ± 2.72E-01	28	846.6 ± 121.5	1.76E-06 ± 7.09E-07	3.62E+00 ± 3.45E+00	2	764.0 ± 0.0	2.00E-06 ± 4.07E-07
6	0.9Pc, 0.6a, 1s	2.82E-05 ± 7.65E-06	100	391.2 ± 31.7	1.02E-04 ± 2.94E-05	1.40E-13 ± 2.94E-13	100	211.4 ± 28.3	1.47E-04 ± 3.38E-05
7	0.9Pc, 0.9a, 0.1s	1.14E+01 ± 9.22E+00	-	-	1.30E-05 ± 4.16E-06	1.79E+01 ± 1.33E+01	-	-	6.91E-06 ± 1.85E-06
8	0.9Pc, 0.9a, 1s	2.42E-06 ± 1.87E-06	100	387.4 ± 46.6	1.02E-04 ± 2.89E-05	1.39E-17 ± 2.02E-17	100	245.4 ± 25.6	1.86E-04 ± 3.81E-05

Tabla 57. Otras funciones. Resultados. Hiperelipsoide

3.10.2. FUNCIÓN MICHALEWICZ CON N=2

Las Tabla 58, Tabla 59 y Tabla 60 describen los parámetros de configuración utilizados para esta función.

Función:	Michalewicz
Dominio:	[0.0, PI]
Nº Ejecuciones:	50
Nº Generaciones:	2000
Objetivo de Fitness:	-1.8012
Nº Genes:	2
Nº Cromosomas:	40
Inicialización:	Aleatoria Uniforme
Cruce:	Recombinación Aritmética Total
Mutación:	Gaussiana
Probabilidad de Mutación sobre Gen:	0.01
Selección de Supervivientes:	Solo Descendencia

Tabla 58. Otras funciones. Parámetros comunes. Michalewicz n=2

x1Pc	Probabilidad de Cruce	0.5, 0.9
x2a	Alfa (para Recombinación Aritmética Total)	0.6, 0.9
x3s	Porcentaje Rango (para Sigma en Mutación Gaussiana)	1, 10

Tabla 59. Otras funciones. Vector experimentos. Michalewicz n=2

Nº Exp.	Identificación
1	0.5Pc, 0.6a, 1s
2	0.5Pc, 0.6a, 10s
3	0.5Pc, 0.9a, 1s
4	0.5Pc, 0.9a, 10s
5	0.9Pc, 0.6a, 1s
6	0.9Pc, 0.6a, 10s
7	0.9Pc, 0.9a, 1s
8	0.9Pc, 0.9a, 10s

Tabla 60. Otras funciones. Relación experimentos. Michalewicz n=2

Por otro lado, los resultados se presentan en la Tabla 61.

		Población no sexuada (Torneo3)				Población sexuada (MMTF)			
		MBF ± SDBF	SR%	MSG ± SDSG	MD ± SDD	MBF ± SDBF	SR%	MSG ± SDSG	MD ± SDD
1	0.5Pc, 0.6a, 1s	-1.80E+00 ± 1.24E-07	100	58.6 ± 55.9	8.91E-06 ± 1.21E-05	-1.75E+00 ± 1.62E-01	92	99.8 ± 188.4	1.60E-05 ± 2.04E-05
2	0.5Pc, 0.6a, 10s	-1.80E+00 ± 5.81E-05	96	250.0 ± 316.9	8.55E-04 ± 1.31E-03	-1.78E+00 ± 1.15E-01	96	51.1 ± 127.7	1.91E-03 ± 2.42E-03
3	0.5Pc, 0.9a, 1s	-1.79E+00 ± 8.22E-02	98	88.2 ± 72.6	8.66E-06 ± 1.65E-05	-1.70E+00 ± 2.27E-01	84	77.7 ± 115.7	2.38E-05 ± 2.25E-05
4	0.5Pc, 0.9a, 10s	-1.78E+00 ± 1.15E-01	94	368.6 ± 310.2	9.88E-04 ± 2.02E-03	-1.72E+00 ± 2.04E-01	86	75.6 ± 191.9	2.48E-03 ± 2.75E-03
5	0.9Pc, 0.6a, 1s	-1.79E+00 ± 8.22E-02	98	86.0 ± 136.6	1.51E-05 ± 3.48E-05	-1.75E+00 ± 1.91E-01	92	88.2 ± 296.5	1.58E-05 ± 1.86E-05
6	0.9Pc, 0.6a, 10s	-1.78E+00 ± 1.15E-01	96	363.6 ± 434.9	1.07E-03 ± 1.98E-03	-1.80E+00 ± 1.17E-15	100	31.1 ± 36.6	1.50E-03 ± 2.08E-03
7	0.9Pc, 0.9a, 1s	-1.79E+00 ± 1.12E-01	98	80.9 ± 76.2	7.54E-06 ± 2.13E-05	-1.68E+00 ± 2.57E-01	82	74.0 ± 117.1	2.31E-05 ± 2.75E-05
8	0.9Pc, 0.9a, 10s	-1.79E+00 ± 8.22E-02	98	326.9 ± 335.3	9.45E-04 ± 1.78E-03	-1.73E+00 ± 1.91E-01	88	54.1 ± 71.6	1.40E-03 ± 1.97E-03

Tabla 61. Otras funciones. Resultados. Michalewicz n=2

3.10.3. FUNCIÓN GRIEWANK CON N=2

Las Tabla 62, Tabla 63 y Tabla 64 describen los parámetros de configuración utilizados para esta función.

Función:	Griewank
Dominio:	[-600.0, 600.0]
Nº Ejecuciones:	50
Nº Generaciones:	2000
Objetivo de Fitness:	1E-3
Nº Genes:	2
Nº Cromosomas:	40
Inicialización:	Aleatoria Uniforme
Cruce:	Recombinación Aritmética Total
Mutación:	Gaussiana
Probabilidad de Mutación sobre Gen:	0.01
Selección de Supervivientes:	Solo Descendencia

Tabla 62. Otras funciones. Parámetros comunes. Griewank n=2

x1Pc	Probabilidad de Cruce	0.5, 0.9
x2a	Alfa (para Recombinación Aritmética Total)	0.6, 0.9
x3s	Porcentaje Rango (para Sigma en Mutación Gaussiana)	1, 10

Tabla 63. Otras funciones. Vector experimentos. Griewank n=2

Nº Exp.	Identificación
1	0.5Pc, 0.6a, 1s
2	0.5Pc, 0.6a, 10s
3	0.5Pc, 0.9a, 1s
4	0.5Pc, 0.9a, 10s
5	0.9Pc, 0.6a, 1s
6	0.9Pc, 0.6a, 10s
7	0.9Pc, 0.9a, 1s
8	0.9Pc, 0.9a, 10s

Tabla 64. Otras funciones. Relación experimentos. Griewank n=2

Por otro lado, los resultados se presentan en la Tabla 65.

		Población no sexuada (Torneo3)				Población sexuada (MMTF)			
		MBF ± SDBF	SR%	MSG ± SDG	MD ± SDD	MBF ± SDBF	SR%	MSG ± SDG	MD ± SDD
1	0.5Pc, 0.6a, 1s	3.57E-03 ± 3.65E-03	52	870.9 ± 498.3	1.91E+00 ± 3.46E+00	3.40E-03 ± 3.69E-03	54	327.4 ± 213.8	3.08E+00 ± 4.00E+00
2	0.5Pc, 0.6a, 10s	1.76E-02 ± 1.42E-02	8	1388.5 ± 153.2	1.10E+02 ± 1.88E+02	3.55E-03 ± 3.70E-03	52	308.4 ± 368.3	2.42E+02 ± 2.98E+02
3	0.5Pc, 0.9a, 1s	4.04E-03 ± 3.54E-03	42	788.1 ± 467.0	1.13E+00 ± 2.28E+00	3.70E-03 ± 3.70E-03	50	378.0 ± 253.3	4.15E+00 ± 4.96E+00
4	0.5Pc, 0.9a, 10s	2.11E-02 ± 1.70E-02	-	-	6.65E+01 ± 1.12E+02	3.25E-03 ± 3.67E-03	56	362.7 ± 245.1	4.44E+02 ± 4.67E+02
5	0.9Pc, 0.6a, 1s	6.23E-02 ± 6.76E-02	20	561.1 ± 434.7	1.71E+00 ± 2.54E+00	3.40E-03 ± 3.69E-03	56	385.8 ± 257.5	1.98E+00 ± 2.89E+00
6	0.9Pc, 0.6a, 10s	5.54E-02 ± 4.77E-02	6	409.0 ± 280.7	1.16E+02 ± 2.39E+02	4.73E-03 ± 3.55E-03	42	249.2 ± 151.1	1.85E+02 ± 2.68E+02
7	0.9Pc, 0.9a, 1s	1.09E-01 ± 9.14E-02	4	990.5 ± 867.5	1.37E+00 ± 2.59E+00	3.40E-03 ± 3.69E-03	54	376.7 ± 327.3	2.66E+00 ± 2.69E+00
8	0.9Pc, 0.9a, 10s	1.13E-01 ± 9.69E-02	2	334.0 ± 0.0	1.66E+02 ± 3.87E+02	3.25E-03 ± 3.67E-03	56	330.7 ± 167.7	2.00E+02 ± 2.68E+02

Tabla 65. Otras funciones. Resultados. Griewank n=2

3.10.4. FUNCIÓN SHUBERT

Las Tabla 66, Tabla 67 y Tabla 68 describen los parámetros de configuración utilizados para esta función.

Función:	Shubert
Dominio:	[-5.12, 5.12]
Nº Ejecuciones:	50
Nº Generaciones:	2000
Objetivo de Fitness:	-186.729
Nº Genes:	2
Nº Cromosomas:	40
Inicialización:	Aleatoria Uniforme
Cruce:	Recombinación Aritmética Total
Mutación:	Gaussiana
Probabilidad de Mutación sobre Gen:	0.01
Selección de Supervivientes:	Solo Descendencia

Tabla 66. Otras funciones. Parámetros comunes. Shubert

x1Pc	Probabilidad de Cruce	0.5, 0.9
x2a	Alfa (para Recombinación Aritmética Total)	0.6, 0.9
x3s	Porcentaje Rango (para Sigma en Mutación Gaussiana)	1, 10

Tabla 67. Otras funciones. Vector experimentos. Shubert

Nº Exp.	Identificación
1	0.5Pc, 0.6a, 1s
2	0.5Pc, 0.6a, 10s
3	0.5Pc, 0.9a, 1s
4	0.5Pc, 0.9a, 10s
5	0.9Pc, 0.6a, 1s
6	0.9Pc, 0.6a, 10s
7	0.9Pc, 0.9a, 1s
8	0.9Pc, 0.9a, 10s

Tabla 68. Otras funciones. Relación experimentos. Shubert

Por otro lado, los resultados se presentan en la Tabla 69.

		Población no sexuada (Torneo3)				Población sexuada (MMTF)			
		MBF ± SDBF	SR%	MSG ± SDSG	MD ± SDD	MBF ± SDBF	SR%	MSG ± SDSG	MD ± SDD
1	0.5Pc, 0.6a, 1s	-1.40E+02 ± 5.39E+01	52	260.0 ± 451.5	1.86E-04 ± 3.45E-04	-1.44E+02 ± 5.71E+01	60	40.9 ± 30.4	1.62E-04 ± 1.78E-04
2	0.5Pc, 0.6a, 10s	-1.85E+02 ± 1.50E+01	68	444.8 ± 530.8	1.40E-02 ± 2.59E-02	-1.78E+02 ± 2.91E+01	92	149.7 ± 344.9	1.69E-02 ± 2.42E-02
3	0.5Pc, 0.9a, 1s	-1.17E+02 ± 6.01E+01	38	312.9 ± 238.0	5.66E-05 ± 1.21E-04	-1.30E+02 ± 5.71E+01	44	42.0 ± 17.1	2.17E-04 ± 3.26E-04
4	0.5Pc, 0.9a, 10s	-1.80E+02 ± 2.55E+01	48	932.6 ± 665.3	6.25E-03 ± 1.15E-02	-1.80E+02 ± 2.55E+01	94	208.6 ± 396.2	2.48E-02 ± 2.99E-02
5	0.9Pc, 0.6a, 1s	-1.21E+02 ± 6.19E+01	40	175.7 ± 201.4	6.89E-05 ± 1.90E-04	-1.38E+02 ± 5.80E+01	54	28.4 ± 19.3	1.82E-04 ± 2.50E-04
6	0.9Pc, 0.6a, 10s	-1.66E+02 ± 4.02E+01	48	895.0 ± 564.5	8.00E-03 ± 1.69E-02	-1.74E+02 ± 3.49E+01	88	51.8 ± 59.1	1.34E-02 ± 1.92E-02
7	0.9Pc, 0.9a, 1s	-1.20E+02 ± 6.17E+01	42	303.8 ± 263.2	1.16E-04 ± 2.45E-04	-1.07E+02 ± 5.81E+01	30	43.4 ± 26.6	1.84E-04 ± 2.23E-04
8	0.9Pc, 0.9a, 10s	-1.75E+02 ± 3.50E+01	44	768.8 ± 408.5	9.00E-03 ± 1.44E-02	-1.76E+02 ± 3.22E+01	88	135.2 ± 236.9	1.39E-02 ± 1.96E-02

Tabla 69. Otras funciones. Resultados. Shubert

3.10.5. FUNCIÓN MICHALEWICZ CON N=10

Las Tabla 70, Tabla 71 y Tabla 72 describen los parámetros de configuración utilizados para esta función.

Función:	Michalewicz
Dominio:	[0.0, PI]
Nº Ejecuciones:	50
Nº Generaciones:	2000
Objetivo de Fitness:	-9.659
Nº Genes:	10
Nº Cromosomas:	200
Inicialización:	Aleatoria Uniforme
Cruce:	Recombinación Aritmética Total
Mutación:	Gaussiana
Probabilidad de Mutación sobre Gen:	0.01
Selección de Supervivientes:	Solo Descendencia

Tabla 70. Otras funciones. Parámetros comunes. Michalewicz n=10

x1Pc	Probabilidad de Cruce	0.5, 0.9
x2a	Alfa (para Recombinación Aritmética Total)	0.6, 0.9
x3s	Porcentaje Rango (para Sigma en Mutación Gaussiana)	1, 10

Tabla 71. Otras funciones. Vector experimentos. Michalewicz n=10

Nº Exp.	Identificación
1	0.5Pc, 0.6a, 1s
2	0.5Pc, 0.6a, 10s
3	0.5Pc, 0.9a, 1s
4	0.5Pc, 0.9a, 10s
5	0.9Pc, 0.6a, 1s
6	0.9Pc, 0.6a, 10s
7	0.9Pc, 0.9a, 1s
8	0.9Pc, 0.9a, 10s

Tabla 72. Otras funciones. Relación experimentos. Michalewicz n=10

Por otro lado, los resultados se presentan en la Tabla 73.

		Población no sexuada (Torneo3)				Población sexuada (MMTF)			
		MBF ± SDBF	SR%	MSG ± SDG	MD ± SDD	MBF ± SDBF	SR%	MSG ± SDG	MD ± SDD
1	0.5Pc, 0.6a, 1s	-9.23E+00 ± 2.92E-01	-	-	9.98E-06 ± 3.87E-06	-8.57E+00 ± 5.71E-01	-	-	1.92E-05 ± 4.45E-06
2	0.5Pc, 0.6a, 10s	-9.66E+00 ± 9.91E-03	92	890.9 ± 352.5	1.08E-03 ± 4.70E-04	-9.63E+00 ± 9.09E-02	82	728.7 ± 510.1	1.98E-03 ± 4.96E-04
3	0.5Pc, 0.9a, 1s	-8.58E+00 ± 5.56E-01	-	-	1.15E-05 ± 6.09E-06	-8.18E+00 ± 6.23E-01	-	-	2.42E-05 ± 6.56E-06
4	0.5Pc, 0.9a, 10s	-9.66E+00 ± 1.13E-02	94	927.4 ± 404.2	9.37E-04 ± 3.84E-04	-9.66E+00 ± 8.18E-03	98	729.1 ± 501.3	2.70E-03 ± 5.36E-04
5	0.9Pc, 0.6a, 1s	-9.51E+00 ± 1.19E-01	8	586.0 ± 221.0	1.03E-05 ± 4.39E-06	-8.75E+00 ± 5.44E-01	-	-	1.33E-05 ± 4.11E-06
6	0.9Pc, 0.6a, 10s	-9.53E+00 ± 1.16E-01	16	1400.5 ± 257.9	9.82E-04 ± 4.22E-04	-9.64E+00 ± 8.73E-02	86	633.6 ± 437.3	1.39E-03 ± 3.94E-04
7	0.9Pc, 0.9a, 1s	-8.81E+00 ± 3.91E-01	-	-	1.08E-05 ± 4.91E-06	-8.07E+00 ± 6.72E-01	-	-	1.75E-05 ± 4.63E-06
8	0.9Pc, 0.9a, 10s	-8.96E+00 ± 3.32E-01	-	-	1.04E-03 ± 3.77E-04	-9.65E+00 ± 8.24E-02	94	648.5 ± 370.4	1.85E-03 ± 5.76E-04

Tabla 73. Otras funciones. Resultados. Michalewicz n=10

3.10.6. FUNCIÓN GRIEWANK CON N=10

. Las Tabla 74, Tabla 75 y Tabla 76 describen los parámetros de configuración utilizados para esta función.

Función:	Griewank
Dominio:	[-600.0, 600.0]
Nº Ejecuciones:	50
Nº Generaciones:	2000
Objetivo de Fitness:	1E-3
Nº Genes:	10
Nº Cromosomas:	200
Inicialización:	Aleatoria Uniforme
Cruce:	Recombinación Aritmética Total
Mutación:	Gaussiana
Probabilidad de Mutación sobre Gen:	0.01
Selección de Supervivientes:	Solo Descendencia

Tabla 74. Otras funciones. Parámetros comunes. Griewank n=10

x1Pc	Probabilidad de Cruce	0.5, 0.9
x2a	Alfa (para Recombinación Aritmética Total)	0.6, 0.9
x3s	Porcentaje Rango (para Sigma en Mutación Gaussiana)	1, 10

Tabla 75. Otras funciones. Vector experimentos. Griewank n=10

Nº Exp.	Identificación
1	0.5Pc, 0.6a, 1s
2	0.5Pc, 0.6a, 10s
3	0.5Pc, 0.9a, 1s
4	0.5Pc, 0.9a, 10s
5	0.9Pc, 0.6a, 1s
6	0.9Pc, 0.6a, 10s
7	0.9Pc, 0.9a, 1s
8	0.9Pc, 0.9a, 10s

Tabla 76. Otras funciones. Relación experimentos. Griewank n=10

Por otro lado, los resultados se presentan en la Tabla 77.

		Población no sexuada (Torneo3)				Población sexuada (MMTF)			
		MBF ± SDBF	SR%	MSG ± SDSDG	MD ± SDD	MBF ± SDBF	SR%	MSG ± SDSDG	MD ± SDD
1	0.5Pc, 0.6a, 1s	6.40E-02 ± 2.53E-02	-	-	1.43E+00 ± 5.50E-01	5.29E-02 ± 2.45E-02	-	-	2.81E+00 ± 6.20E-01
2	0.5Pc, 0.6a, 10s	6.11E-02 ± 3.23E-02	2	1351.0 ± 0.0	1.34E+02 ± 4.87E+01	4.52E-02 ± 2.04E-02	2	341.0 ± 0.0	2.95E+02 ± 8.97E+01
3	0.5Pc, 0.9a, 1s	6.16E-02 ± 2.16E-02	-	-	1.44E+00 ± 5.43E-01	3.87E-02 ± 2.02E-02	4	134.5 ± 34.5	3.42E+00 ± 7.28E-01
4	0.5Pc, 0.9a, 10s	6.03E-02 ± 3.00E-02	-	-	1.42E+02 ± 4.59E+01	4.08E-02 ± 1.88E-02	2	313.0 ± 0.0	3.66E+02 ± 8.36E+01
5	0.9Pc, 0.6a, 1s	2.22E-01 ± 1.45E-01	2	734.0 ± 0.0	1.48E+00 ± 6.80E-01	5.72E-02 ± 2.92E-02	4	567.0 ± 441.0	1.93E+00 ± 5.03E-01
6	0.9Pc, 0.6a, 10s	1.72E-01 ± 1.33E-01	-	-	1.38E+02 ± 6.55E+01	3.81E-02 ± 2.04E-02	4	190.5 ± 8.5	2.13E+02 ± 7.35E+01
7	0.9Pc, 0.9a, 1s	4.62E-01 ± 3.94E-01	2	393.0 ± 0.0	1.70E+00 ± 7.21E-01	4.26E-02 ± 2.10E-02	2	95.0 ± 0.0	2.53E+00 ± 6.35E-01
8	0.9Pc, 0.9a, 10s	1.83E-01 ± 1.66E-01	-	-	1.45E+02 ± 4.71E+01	3.65E-02 ± 2.08E-02	4	111.5 ± 17.5	2.55E+02 ± 7.55E+01

Tabla 77. Otras funciones. Resultados. Griewank n=10

Discusión de resultados

A lo largo de este trabajo venimos observando varios aspectos conseguidos por los distintos métodos: los valores de fitness, las tasas de éxito y el número de generaciones para llegar al objetivo.

Los resultados de este epígrafe podemos verlos en la Tabla 78, observar cada uno de estos aspectos, teniendo en cuenta que hablamos de las mejores configuraciones de cada uno de los operadores MMTF y Torneo3.

	Fitness. Mejor MMTF vs Torneo3	Éxito. Mejor MMTF vs Torneo3	Rápido. Mejor MMTF vs Torneo3
Hiperelipsoide (n=10)	Si	Igual	Si
Michalewicz (n=2)	Igual	Igual	Si
Griewank (n=2)	Igual	Igual	Si
Shubert (n=2)	No	Si	Si
Michalewicz (n=10)	Igual	Igual	Si
Griewank (n=10)	Si	Si	Si

Tabla 78. Otras funciones. Comparativa resultados.

El único caso donde no se ha conseguido un mejor fitness ha sido para Shubert, allí tiene Torneo3 un ligero mejor valor, pero no puede competir con MMTF en cuanto a tasa de aciertos y la velocidad a objetivo.

Por otra parte, en lo que respecta a las tasas de éxito de Griewank (n=10), conviene notar que estas son bajas, por lo que quizás el umbral considerado como éxito quizás ha sido demasiado estricto. De todas formas, tampoco supone mayor problema en la comparación de ambos métodos.

Finalmente, para proceder a un análisis global conjunto con las funciones estudiadas hasta ahora, mostramos la Tabla 79 donde se han separado según las dimensiones empleadas, aspecto este que proporciona la más clara diferenciación.

	Fitness. Mejor MMTF vs Torneo3	Éxito. Mejor MMTF vs Torneo3	Rápido. Mejor MMTF vs Torneo3
Michalewicz (n=2)	Igual	Igual	Si
Griewank (n=2)	Igual	Igual	Si
Shubert (n=2)	No	Si	Si
Hiperelipsoide (n=10)	Si	Igual	Si
Michalewicz (n=10)	Igual	Igual	Si
Griewank (n=10)	Si	Si	Si
Ackley (n=10)	Si	Si	Si
Rastrigin (n=10)	Si	Igual	Si
Schwefel (n=10)	Si	Si	Si
Esfera (n=20)	Si	Igual	Si

Tabla 79. Todas las funciones. Comparativa.

Podemos ver en la Tabla 79 que las mejoras en cuanto a fitness a favor de MMTF sobre Torneo3, son más relevantes cuando mayores son las dimensiones del espacio de búsqueda. Mientras que en el caso de la velocidad a objetivo siempre se consigue mejorar.

3.11. COMPARATIVA CON OTROS MÉTODOS DE SELECCIÓN EN POBLACIONE SEXUADAS

Finalizaremos la sección de experimentos y resultados llevando a cabo una comparativa con el método más parecido explorado en la sección 1.2. **[KAI-03]** y detallando sus diferencias con nuestro enfoque en la sección 1.

Para llevar a cabo la comparación, emplearemos la identificación “TorneoMasculinos” para el método de **[KAI-03]**, y las configuraciones más favorables obtenidas para MMTF en la sección 3.3. La propuesta original de TorneoMasculinos se lleva a cabo para seleccionado al padre masculino con un torneo de $k=2$ entre los masculinos. Aquí extenderemos el enfoque y probaremos con distintos valores para este k (2, 10 y 50).

Por otro lado, los resultados se presentan en la Tabla 80, la Tabla 81, la Tabla 82, la Tabla 83 y la Tabla 84.

	Esfera			
	MBF±SDBF	SR%	MSG±SDSG	MD±SDD
Población sexuada (MMTF) (0.9Pc, 0.9a, 1s)	3.24E-16 ± 4.95E-16	100.0	258.2 ± 18.4	7.00E-02 ± 1.03E-02
Población sexuada (TorneoMasculinos2) (0.9Pc, 0.9a, 1s)	5.24E-03 ± 1.87E-03	-	-	8.29E-02 ± 1.36E-02
Población sexuada (TorneoMasculinos10) (0.9Pc, 0.9a, 1s)	1.76E-10 ± 5.42E-10	100.0	359.8 ± 23.9	7.15E-02 ± 1.44E-02
Población sexuada (TorneoMasculinos50) (0.9Pc, 0.9a, 1s)	4.71E-15 ± 6.05E-15	100.0	287.3 ± 25.1	6.85E-02 ± 1.21E-02

Tabla 80. TorneoMasculinos vs. MMTF. Esfera

	Ackley			
	MBF±SDBF	SR%	MSG±SDSG	MD±SDD
Población sexuada (MMTF) (0.9Pc, 0.9a, 10s)	7.76E-15 ± 3.21E-15	100.0	125.1 ± 11.5	7.50E-01 ± 2.27E-01
Población sexuada (TorneoMasculinos2) (0.9Pc, 0.9a, 1s)	1.73E-01 ± 6.81E-01	34.0	1422.8 ± 443.3	8.28E-03 ± 3.71E-03
Población sexuada (TorneoMasculinos10) (0.9Pc, 0.9a, 1s)	3.39E-10 ± 4.36E-10	100.0	285.9 ± 40.6	8.01E-03 ± 2.04E-03
Población sexuada (TorneoMasculinos50) (0.9Pc, 0.9a, 1s)	4.57E-15 ± 1.30E-15	100.0	230.1 ± 37.0	7.77E-03 ± 1.73E-03

Tabla 81. TorneoMasculinos vs. MMTF. Ackley

	Rastrigin			
	MBF±SDBF	SR%	MSG±SDSG	MD±SDD
Población sexuada (MMTF) (0.9Pc, 0.9a, 10s)	0.00E+00 ± 0.00E+00	100.0	131.7 ± 24.7	1.93E-02 ± 5.15E-03
Población sexuada (TorneoMasculinos2) (0.5Pc, 0.9a, 10s)	1.43E+00 ± 1.12E+00	10.0	1142.6 ± 455.9	3.26E-02 ± 7.36E-03
Población sexuada (TorneoMasculinos10) (0.5Pc, 0.9a, 10s)	0.00E+00 ± 0.00E+00	100.0	191.5 ± 31.4	2.63E-02 ± 6.20E-03
Población sexuada (TorneoMasculinos50) (0.5Pc, 0.9a, 10s)	2.84E-16 ± 1.99E-15	100.0	165.0 ± 31.4	2.56E-02 ± 4.55E-03

Tabla 82. TorneoMasculinos vs. MMTF. Rastrigin

	Schwefel			
	MBF±SDBF	SR%	MSG±SDSG	MD±SDD
Población sexuada (MMTF) (0.9Pc, 0.9a, 30s)	1.27E-04 ± 3.16E-13	100.0	418.9 ± 219.8	9.33E+02 ± 2.90E+02
Población sexuada (TorneoMasculinos2) (0.5Pc, 0.6a, 30s)	8.97E+02 ± 2.25E+02	-	-	1.42E+03 ± 5.94E+02
Población sexuada (TorneoMasculinos10) (0.5Pc, 0.6a, 30s)	1.27E-04 ± 2.47E-09	100.0	665.2 ± 354.8	9.84E+02 ± 3.49E+02
Población sexuada (TorneoMasculinos50) (0.5Pc, 0.6a, 30s)	1.27E-04 ± 3.51E-11	100.0	599.3 ± 280.3	9.15E+02 ± 3.16E+02

Tabla 83. TorneoMasculinos vs. MMTF. Schwefel

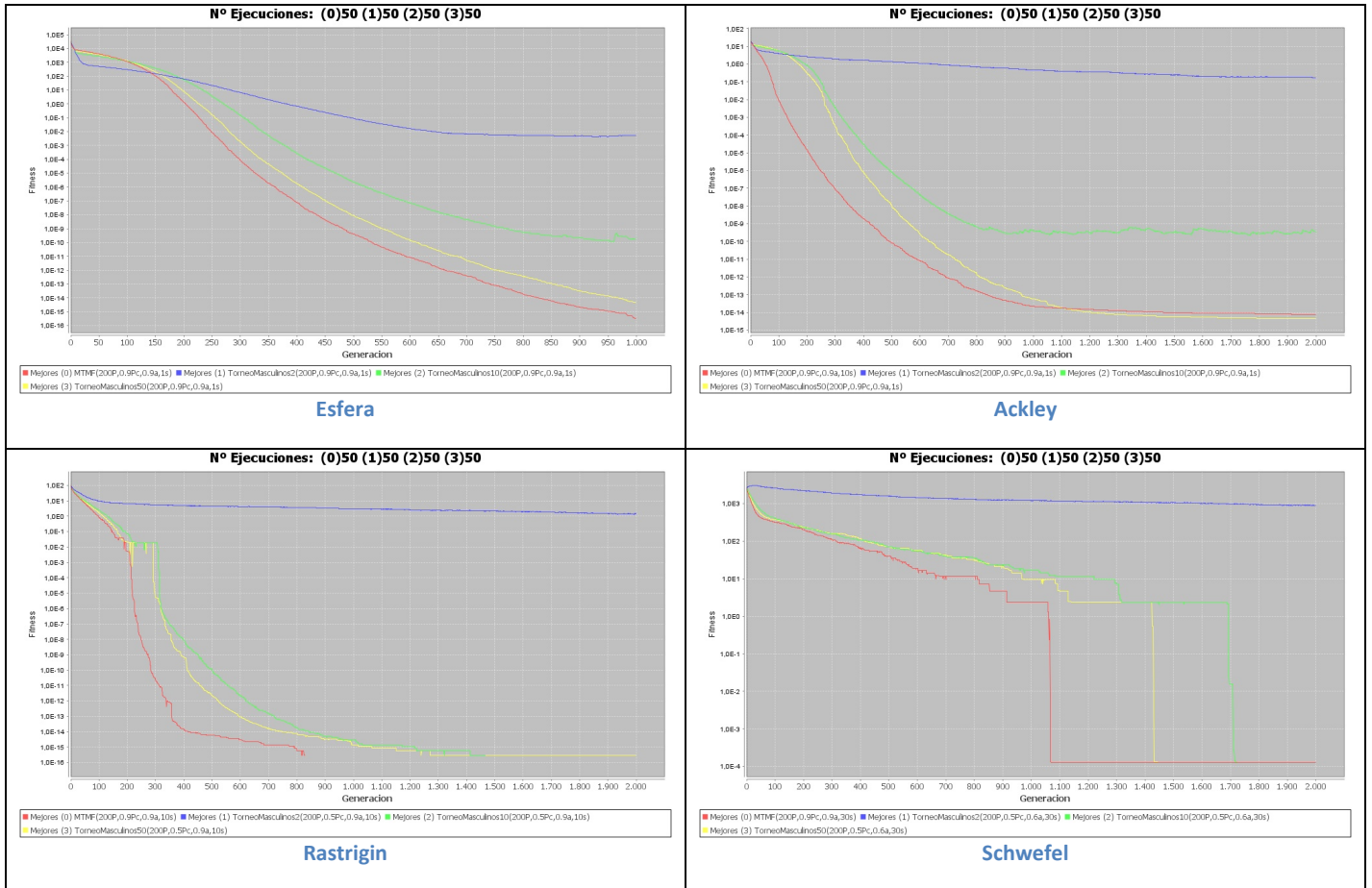


Tabla 84. TorneoMasculinos vs. MMTF. Gráficas

Discusión de resultados

Se aprecia que los resultados de MMTF son mejores que para TorneoMasculinos2, que es la propuesta original del [KAI-03], sin embargo, a medida que aumenta la k de TorneoMasculinosk, van desapareciendo las diferencias entre ambos métodos. Lo que sucede en realidad es que a efectos prácticos TorneoMasculinosk se va convirtiendo, para valores altos de k, casi en el mismo MMTF.

La justificación es que si el esquema de selección sexual facilita la exploración de la búsqueda evolutiva al seleccionar todos los individuos femeninos sin tener en cuenta su fitness y, por otro lado, el sesgo hacia la selección de los mejores fitness que se hace sobre la población masculina favorece la explotación, el seleccionar en cada generación el mejor individuo (o los N mejores), tal y como hacemos en nuestro método, permite sintonizar aún más el proceso de explotación, frente a la opción de elegir un padre para cada una de las madres mediante un proceso de torneo [KAI-03].

Téngase en cuenta la clara mejora. La utilización de MMTF independiza al problema de tener que elegir un valor apropiado para k, caso de utilizar TorneoMasculinosk.

4. CONCLUSIONES Y TRABAJO FUTURO

Hemos estudiado aquí el comportamiento de algoritmos genéticos sexuales aplicados a distintos tipos de problemas monomodales y multimodales. Concretamente, en una población compuesta por la mitad de los individuos de un género y la otra mitad de otro, hemos propuesto un método de selección intrasexual en el que se reproducían todas las hembras con el mejor masculino (MMTF) o bien con los N mejores masculinos (MNMTF) (ver sección 1).

A lo largo del trabajo, se realiza una comparación de nuestros métodos sexuales frente a un método clásico de selección de padres, el método Torneo, sobre poblaciones asexuadas. En este caso podemos apreciar las siguientes conclusiones:

- En cuanto a prestaciones de fitness y la velocidad de convergencia determinamos que el método que mejores prestaciones tenía era el MMTF. Tuvimos ocasión de comprobar también que era el más sencillo de configurar, o si se quiere, el menos dependiente del problema, ya que bastaba únicamente con ajustar el parámetro de mutación.
- La explicación sobre la ventaja de prestaciones de este método sexual MMTF sobre el clásico Torneo podemos encontrarla en la diversidad de la población, donde vimos que MMTF mantenía mayor diversidad en el 100% de sus individuos, mejorando la exploración, y sin embargo más o menos la misma diversidad en sus mejores individuos, lo que le permitía ser al menos tan bueno en la explotación como Torneo3.
- MMTF es un caso particular de MNMTF cuando $N=1$. Hemos observado que en general la mejor opción es mantener $N=1$. Todavía existe un buen comportamiento en algunos casos para $N=2$. Y claramente no conviene utilizar $N>2$.
- Se pueden mejorar las soluciones de MMTF a medida que se aumenta el número de cromosomas, pero se tiene una cota superior. Además conviene tener en cuenta que el aumento de cromosomas aumenta el coste computacional.
- El método propuesto se comporta mejor que el método de torneo ante el cambio de escala, tanto al aumentar la dimensión del problema o el tamaño del espacio de búsqueda. En el caso de dos dimensiones las mejoras son menos evidentes que en el caso de diez dimensiones donde las ventajas son claras.

Por otro lado, en la comparativa con otro método de selección sexuado con el que se guardaban ciertas similitudes en su planteamiento (ver sección 1), se ha llegado a la conclusión de que nuestra proposición posee mayor capacidad para los experimentos estudiados. Dicho de otro modo, se consiguen mejores resultados en los tipos de poblaciones estudiados seleccionando al mejor padre masculino para la reproducción con todas las hembras, que seleccionando para cada una de ellas un masculino mediante torneo en el conjunto de la población masculina.

Finalmente, en lo que respecta a líneas de trabajo futuras, podemos citar las siguientes:

- Comprobar la validez del nuevo operador de selección propuesto en otro tipo de algoritmos evolutivos.
- Hemos visto que bastaban los mismos valores para los parámetros del operador de cruce, independientemente del problema, gracias a la utilización de MMTF, por tanto una línea más consistiría en indagar en algunos mecanismos que combinados con el operador expuesto, hagan también menos dependiente del dominio el valor del parámetro de mutación.
- Otra línea futura podría ser la de mezclar el método de selección propuesto con otros métodos de cruce o de mutación inspirados en mecanismos biológicos, y que puedan aplicarse a poblaciones sexuadas.

5. REFERENCIAS

- [ALL-92] Genetic algorithms with gender for multi-function optimisation
Robin Allenson.
Technical Report EPCC-SS92-01, Edinburgh Parallel Computing Centre, Edinburgh, Scotland, 1992.
- [BAN-98] Incorporating chromosome differentiation in genetic algorithms
S. Bandyopadhyay, S. K. Pal, U. Maulik.
Information Sciences (February 1998), 104 (3-4), pg. 293-319
- [DRE-06] Gender-specific genetic algorithms
Tammy Drezner, Zvi Drezner.
Infor - Information Systems and Operational Research vol.44 no. 2 Contents (Page 117 - 128). 2006
- [EIB-97] A multi-sexual genetic algorithm for multiobjective optimization
Joanna Lis, A. E. Eiben
IEEE International Conference on Evolutionary Computation. Publication Year: 1997 , Page(s): 59 - 64
- [EIB-03] Introduction to Evolutionary Computing.
A. E. Eiben, J. E. Smith
Springer Natural Computing Series
- [GAR-05] Hybrid real-coded genetic algorithms with female and male differentiation
C. Garcia Martinez, M. Lozano
IEEE Congress on Evolutionary Computation
Volume: 1. Publication Year: 2005, Page(s): 896 - 903
- [JON-02] Measurement of population diversity

Ronald W. Morrison, Kenneth A. De Jong.

P. Collet et al. (Eds.): EA 2001, LNCS 2310, pp. 31–41, 2002.

- [KAI-03] Sexual selection for genetic algorithms
Kai Song Goh, Andrew Lim, Brian Rodrigues
Artificial Intelligence Review. Volume 19, Number 2, 123-152. 2003
- [MOL-05] Test functions for optimization needs
M. Molga, C. Smutnicki,
<http://www.zsd.ict.pwr.wroc.pl/files/docs/functions.pdf>
- [PER-04] A genetic algorithm with feminine selection
José Pereira de Castro, Adriana Postal, Guilherme Bittencourt
ECAI European Conference on Artificial Intelligence pp.244-248
- [RAG-06] Genetic Algorithm with species and sexual selection
M. M. Raghuwanshi, O.G Kakde
IEEE Conference on Cybernetics and Intelligent Systems.
Issue Date: 7-9 June 2006 On page(s): 1 - 8
- [REJ-00] New gender genetic algorithm for solving graph partitioning problems
Jale Rejeb, Malik AbuElhaija
Proceedings of the 43rd IEEE Midwest Symposium on Circuits and Systems.
Issue Date: 2000 On page(s): 444 - 446 vol.1
- [SAN-03a] Gendered selection algorithm strategies in genetic algorithms for optimization
José Sánchez-Velasco, John A. Bullinaria
In J. M. Rossiter and T. P. Martin, editors, Proceedings of the UK Workshop on Computational Intelligence: UKCI-2003, pages 217–223, Bristol (UK), 2003. University of Bristol.

- [SAN-03b] Sexual selection with competitive/co-operative operators for genetic algorithms
 José Sanchez-Velasco, John A. Bullinaria
 In O. Castillo, editor, Neural Networks and Computational Intelligence, volume 389, pages 389–048–049, Cancun (Mexico), 19.-21. May 2003.
- [SEL-09] A gender-based genetic algorithm for the automatic configuration of algorithms
 Carlos Ansótegui, Meinolf Sellman, Kevin Tierney
 I.P. Gent (Ed.): CP 2009, LNCS 5732, pp. 142–157, 2009.
- [SEL-10] A gender-based genetic algorithm for the automatic configuration of algorithms
 Meinolf Sellman, Kevin Tierney, 2010
- [SIM-06] A two-population evolutionary algorithm for constrained optimization problems
 P.A. Simionescu, G.V. Dozier, R.L. Wainwright
 IEEE Congress on Evolutionary Computation, 2006
 On page(s): 1647 - 1653
- [SIV-11] A review of selection methods in genetic algorithm
 R. Sivaraj, T. Ravichandran
 International Journal of Engineering Science and Technology (IJEST), 3(5), 3792 - 3797. 2011
- [VRA-02] Simulation gender separation with genetic algorithms
 Dana Vrajitoru
 In Proceedings of the Genetic and Evolutionary Computation Conference, pages 634-641. Morgan Kaufmann Publishers, 2002.
- [VRA-05] Simulating gender separation and mating constraint for genetic algorithm

Dana Vrajitoru

Technical Report TR-20050520-1, Indiana University South Bend, 2005.

[VRA-08] Natural selection and mating constraint with genetic algorithms

Dana Vrajitoru

International Journal of Modeling and Simulation, Vol. 28, nr. 2, 188-194.

[WAG-05] SexualGA: Gender-Specific selection for genetic algorithms

Stefan Wagner, Michael Affenzeller, 2005

Proceedings of the 9th World Multi-Conference on Systemics, Cybernetics and Informatics (WMSCI) 2005, vol. 4, pp. 76–81. International Institute of Informatics and Systemics (2005)

[WIK-12] Selección Sexual

http://es.wikipedia.org/wiki/Selecci%C3%B3n_sexual