TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE AGUASCALIENTES

CENTRO DE CIENCIAS BÁSICAS

Diseño de un Algoritmo Evolutivo para Atacar Problemas NP-Duros, Basado en la Técnicas Transgénicas.

TESIS

QUE PARA OBTENER EL GRADO DE

DOCTOR EN CIENCIAS DE LA COMPUTACIÓN

INTELIGENCIA ARTIFICIAL

Presenta:

CHRISTIAN JÓSE CORREA VILLALÓN

Tutor:

DR. FELIPE PADILLA DÍAZ

Comité Tutoral:

DRA. EUNICE ESTHER PONCE DE LEÓN SENTÍ
DRA. ELVA DÍAZ DÍAZ
DR. CARLOS ALBERTO OCHOA ORTIZ ZEZZATTI
DR. ALEJANDRO PADILLA DÍAZ
DR. EUGENIO PÉREZ MOLPHE

Aguascalientes, Ags. México. Julio de 2010

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

UNIVERSIDAD AUTONOMA DE AGUASCALIENTES

UNIVERSIDAD AUTONOMA DE AGUASCALIENTES
Conmemoración del Bicentenario del inicio de la Independencia de México y del Centenario de la Revolución Mexicana

Centro de Ciencias Básicas

M. en C. CHRISTIAN JOSÉ CORREA VILLALÓN
PASANTE DEL DOCTORADO EN
CIENCIAS DE LA COMPUTACION
AREA DE INTELIGENCIA ARTIFICIAL
P R E S E N T E .

Estimado (a) Alumno (a) Correa:

Por medio de este conducto me permito comunicar a Usted que habiendo recibido los votos aprobatorios de los revisores de su trabajo de tesis titulado: **"Diseño de un Algoritmo Evolutivo para Atacar Problemas NP-Duros, Basado en la Técnicas Transgénicas",** hago de su conocimiento que puede imprimir dicho documento y continuar con los trámites para la presentación de su examen de grado.

Sin otro particular me permito saludarle muy afectuosamente.

A T E N T A M E N T E
Aguascalientes, Ags., 17 de agosto de 2010
"LUMEN PROFERRE"
EL DECANO

DR. FRANCISCO JAVIERÁLVAREZ RODRÍGUEZ

UNIVERSIDAD AUTONOMA DE AGUASCALIENTES
CENTRO DE CIENCIAS BÁSICAS

c.c.p.- Archivo

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

UNIVERSIDAD AUTONOMA DE AGUASCALIENTES

Aguascalientes, Ags. agosto de 2010

Dr. Francisco Javier Álvarez Rodríguez
Decano del Centro de Ciencias Básicas
P R E S E N T E.

Estimado Dr. Álvarez:

Por medio de la presente le solicito a usted, tenga a bien programar el examen de Grado del candidato a doctor CHRISTIAN JOSÉ CORREA VILLALÓN, estudiante del Doctorado en Ciencias de la Computación en el área de Inteligencia Artificial en la Modalidad de Doctorado Directo. El título de la tesis es: **"Diseño de un Algoritmo Evolutivo para Atacar Problemas NP-Duros, Basado en la Técnicas Transgénicas"**. Para tal efecto, le informo que los miembros actuales de su Comité Doctoral son:

DR. FELIPE PADILLA DÍAZ	Director de Tesis
DRA. EUNICE ESTHER PONCE DE LEÓN SENTÍ	Asesor
DR. CARLOS ALBERTO OCHOA ORTÍZ ZEZZATTI	Asesor
DR. ALEJANDRO PADILLA DÍAZ	Asesor
DRA. ELVA DÍAZ DÍAZ	Asesor
DR. EUGENIO PÉREZ MOLPHE	Asesor

Sin otro particular me permito saludarle muy afectuosamente

ATENTAMENTE
Aguascalientes, Ags., 18 de agosto de 2010
"SE LUMEN PROFERRE"

Dr. Felipe Padilla Díaz

Director de Tesis

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

Aguascalientes, Ags. Junio de 2010

Dr. Francisco Javier Álvarez Rodríguez
Decano del Centro de Ciencias Básicas
Universidad Autónoma de Aguascalientes
P r e s e n t e:

Por este conducto hago de su conocimiento que la **M.C.C Christian José Correa Villalón**, egresada del **Doctorado en Ciencias de la Computación** del Centro de Ciencias Básicas de la Universidad Autónoma de Aguascalientes, ha integrado satisfactoriamente el documento de tesis titulado **"Diseño de un Algoritmo Evolutivo para Atacar Problemas NP-Duros, Basado en la Técnicas Transgénicas"**, por lo que doy mi voto aprobatorio para que continúe con los trámites para presentar el examen de grado reglamentario.

Atentamente:

Dr. Felipe Padilla Díaz
Director de Tesis

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

Aguascalientes, Ags. Junio de 2010

Dr. Francisco Javier Álvarez Rodríguez
Decano del Centro de Ciencias Básicas
Universidad Autónoma de Aguascalientes
P r e s e n t e:

Por este conducto hago de su conocimiento que la **M.C.C Christian José Correa Villalón**, egresada del **Doctorado en Ciencias de la Computación** del Centro de Ciencias Básicas de la Universidad Autónoma de Aguascalientes, ha integrado satisfactoriamente el documento de tesis titulado **"Diseño de un Algoritmo Evolutivo para Atacar Problemas NP-Duros, Basado en la Técnicas Transgénicas"**, por lo que doy mi voto aprobatorio para que continúe con los trámites para presentar el examen de grado reglamentario.

Atentamente:

Dr. Alejandro Padilla Díaz
Asesor de Tesis

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

Aguascalientes, Ags. Junio de 2010

Dr. Francisco Javier Álvarez Rodríguez
Decano del Centro de Ciencias Básicas
Universidad Autónoma de Aguascalientes
P r e s e n t e:

Por este conducto hago de su conocimiento que la **M.C.C Christian José Correa Villalón**, egresada del **Doctorado en Ciencias de la Computación** del Centro de Ciencias Básicas de la Universidad Autónoma de Aguascalientes, ha integrado satisfactoriamente el documento de tesis titulado **"Diseño de un Algoritmo Evolutivo para Atacar Problemas NP-Duros, Basado en la Técnicas Transgénicas"**, por lo que doy mi voto aprobatorio para que continúe con los trámites para presentar el examen de grado reglamentario.

Atentamente:

Dra. Eunice Ponce de León Sentí
Asesora de Tesis

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

Aguascalientes, Ags. Junio de 2010

Dr. Francisco Javier Álvarez Rodríguez
Decano del Centro de Ciencias Básicas
Universidad Autónoma de Aguascalientes
P r e s e n t e:

Por este conducto hago de su conocimiento que la **M.C.C Christian José Correa Villalón**, egresada del **Doctorado en Ciencias de la Computación** del Centro de Ciencias Básicas de la Universidad Autónoma de Aguascalientes, ha integrado satisfactoriamente el documento de tesis titulado **"Diseño de un Algoritmo Evolutivo para Atacar Problemas NP-Duros, Basado en la Técnicas Transgénicas"**, por lo que doy mi voto aprobatorio para que continúe con los trámites para presentar el examen de grado reglamentario.

Atentamente:

Dra. Elva Díaz Díaz

Asesora de Tesis

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

UNIVERSIDAD AUTONOMA DE AGUASCALIENTES

Aguascalientes, Ags. Junio de 2010

Dr. Francisco Javier Álvarez Rodríguez
Decano del Centro de Ciencias Básicas
Universidad Autónoma de Aguascalientes
P r e s e n t e:

Por este conducto hago de su conocimiento que la **M.C.C Christian José Correa Villalón**, egresada del **Doctorado en Ciencias de la Computación** del Centro de Ciencias Básicas de la Universidad Autónoma de Aguascalientes, ha integrado satisfactoriamente el documento de tesis titulado **"Diseño de un Algoritmo Evolutivo para Atacar Problemas NP-Duros, Basado en la Técnicas Transgénicas"**, por lo que doy mi voto aprobatorio para que continúe con los trámites para presentar el examen de grado reglamentario.

Atentamente:

Dr. Eugenio Pérez Molphe Balch
Asesor de Tesis

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

Aguascalientes, Ags. Junio de 2010

Dr. Francisco Javier Álvarez Rodríguez
Decano del Centro de Ciencias Básicas
Universidad Autónoma de Aguascalientes
P r e s e n t e:

Por este conducto hago de su conocimiento que la **M.C.C Christian José Correa Villalón**, egresada del **Doctorado en Ciencias de la Computación** del Centro de Ciencias Básicas de la Universidad Autónoma de Aguascalientes, ha integrado satisfactoriamente el documento de tesis titulado **"Diseño de un Algoritmo Evolutivo para Atacar Problemas NP-Duros, Basado en la Técnicas Transgénicas"**, por lo que doy mi voto aprobatorio para que continúe con los trámites para presentar el examen de grado reglamentario.

Atentamente:

Dr. Carlos Alberto Ochoa Ortiz Zezzatti

Asesor de tesis

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

Dedicatorias

Esta tesis está dedicada a mi esposa por su apoyo incondicional y su compañía en esos momentos difíciles, desde que inicié este camino, gracias Sofía ya que sin ti esto no sería posible.

A mis padres por haber fomentado en mí el deseo de superación en la vida, por compartir mis tristezas y alegrías, y siempre contar para mí con una palabra de aliento para continuar luchando.

Y por ultimo pero no menos importantes, mis hermanos ya que sin esos momentos en los que me hacían reír y me alentaban no hubiera llegado hasta aquí, gracias Sarai, Michel y Alan.

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

Agradecimientos

A mis padres por este nuestro logro, como una muestra de agradecimiento por toda un vida de esfuerzos y sacrificios brindándome su apoyo incondicional en todo momento.

Por haberme guiado por el camino recto de la vida inculcándome los valores que ahora poseo, por haberme demostrado amistad incondicional logrando hacer de mí lo que soy.

Gracias a ustedes profesores por el apoyo, la paciencia de estar conmigo en los momentos difíciles siempre guiándome por el mejor camino.

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

Resumen

Muchas de las tareas más interesantes y difíciles de programación implican utilizar el CPU para resolver problemas del tipo: ¿Cuál es el camino más corto? Listar todos los casos posibles, ¿Existe una disposición de elementos que satisfaga? Las características de estos problemas implica potencialmente una búsqueda exhaustiva de todas las posibles combinaciones de algún conjunto finito, que si no está controlado puede producir una "explosión combinatoria" (incremento exponencial del espacio de búsqueda con la dimensión del problema) imposible de tratar.

Los métodos Heurísticos han venido a significar el uso del conocimiento específico del alguna área de dominio para cubrir esta explosión de posibilidades guiando la búsqueda por las direcciones más prometedoras. Se puede definir como "aquel tipo de programación computacional que aplica para la resolución de problemas reglas de buena lógica denominadas heurísticas, las cuales proporcionan entre varias características, resultados que pueden ser los más prometedores, pero no garantiza necesariamente la resolución más efectiva."

El objetivo principal de esta tesis fue el de crear un algoritmo eficiente, basado en una rama de la biología moderna, la biotecnología, siendo más específicos se tomaron los principios que son usados en la creación de individuos Transgénicos, estos principios buscan la mejora constante de los individuos que son sometidos a ellas. Como consecuencia se decidió realizar una aplicación para comprobar los resultados obtenidos.

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

Índice General

CAPÍTULO 1 ..... **2**

COMPUTACIÓN EVOLUTIVA **2**

1.1 INTRODUCCIÓN 2
1.2 LOS ORÍGENES. 3
1.2.1 Adaptacionismo de Jean Batiste de Lamarck (1 de agosto de 1744 - 28 de diciembre de 1829. ..... *3*
1.2.2 Diversidad de los seres vivos. *4*
1.2.3 Charles Darwin *5*
1.2.4 Selección Natural. *6*
1.2.5 Gregor Mendel *6*
1.2.6 Primera Ley *7*
1.2.7 Segunda Ley *8*
1.2.8 Recruzamiento. *10*
1.2.9 Tercera Ley *10*
1.2.10 Teoría del Plasma Germinal, August Weismann. *12*
1.2.11 Neo-Darwinismo *12*
1.3 ANÁLISIS DE ALGORITMOS. 13
1.3.1 Problemas NP Completos *14*
1.4 DECEPCIÓN 15
1.5 HEURÍSTICA 16
1.6 COMPUTACIÓN EVOLUTIVA 18
1.7 PROGRAMACIÓN EVOLUTIVA. 19
1.8 ESTRATEGIAS EVOLUTIVAS 20
1.9 ALGORITMO GENÉTICO 23
1.10 PROGRAMACIÓN GENÉTICA. 27
1.11 ALGORITMOS BIOINSPIRADOS 28
1.11.1 Colonia de Hormigas. *28*
1.11.2 Sistema Inmune Artificial. *31*
1.12 MODELOS PROBABILÍSTICOS 34
1.13 OPTIMIZACIÓN MULTIOBJETIVO. 35
1.13.1 Definición de óptimo de pareto: *37*
1.13.2 Estado Actual. *39*
1.13.3 Uso de de Algoritmos Evolutivos. *39*
1.13.4 Ventajas de los algoritmos evolutivos *40*

CAPITULO 2 ..... **41**

BIOTECNOLOGÍA **41**

2.1 BIOTECNOLOGÍA HOY. 41
2.2 CLASIFICACIÓN Y TÉCNICAS USADAS EN LA BIOTECNOLOGÍA. 42
2.2.1 Biotecnología animal. *43*
2.2.2 Biotecnología Industrial. *44*
2.3 BIOTECNOLOGÍA AMBIENTAL. 46
2.4 BIOTECNOLOGÍA VEGETAL. 49
2.5 ORGANISMOS TRANSGÉNICOS 55
2.5.1 Generación de un individuo Transgénico. *55*
2.5.2 Alineamiento. *57*
2.5.3 Homología. *57*
2.5.4 Resolución Positiva y Negativa. *58*

CAPITULO 3. ..... **59**

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

ALGORITMO TRANSGÉNICO. 59

3.1 INTRODUCCIÓN. 59
3.2 JUSTIFICACIÓN 59
3.3 ¿UNA HEURÍSTICA TRANSGÉNICA? 61
3.4 ALGORITMO TRANSGÉNICO. 61
3.5 IMPLEMENTACIÓN DEL ALGORITMO TRANSGÉNICO. 63
3.5.1 Creación de la población inicial. 64
3.5.2 Evaluación y decodificación. 64
3.5.3 Selección. 65
3.5.4 Homología 66
3.5.5 Resolución Positiva y Negativa 67
3.5.6 Resolución Positiva y Negativa 69
3.5.7 Replica 71
3.6 DESCRIPCIÓN DE PARÁMETROS. 72
3.7 CÓDIGO DEL ALGORITMO TRANSGÉNICO. 74
3.8 INVESTIGACIONES RELACIONADAS 75
3.8.1 Diferencias y Similitudes. 77

CAPITULO 4 78

FUNCIONES DE PRUEBA Y ANÁLISIS DE RESULTADOS 78

4.1 INTRODUCCIÓN 78
4.2 ALGORITMO TRANSGÉNICO VS ALGORITMO GENÉTICO. 78
4.3 ALGORITMO TRANSGÉNICO VS ALGORITMO GENÉTICO INTERACTIVO. 81
4.4 FUNCIONES DECEPTIVAS. 82
4.5 ALGORITMO EVOLUTIVO USANDO MAPAS DE MARKOV PARA MODELAS SOLUCIONES PROMETEDORAS UEMMA. 82
4.5.1 Experimentación del UEMMA con el AT. 83
4.6 ALGORITMO GENÉTICO CON DIFERENTE CRUZAMIENTO. 84
4.6.1 Experimentación del Algoritmo Genético y el AT 85
4.7 ALGORITMO GENÉTICO CON SELECCIÓN RESERVADA. 87
4.7.1 Experimentos del GARS y el AT 87

CONCLUSIONES 92

REFERENCIAS 94

ANEXOS 98

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

Índice de Figuras

Figura 1: Los artífices de la teoría de la evolución. (A) Jean Baptiste de Monet, caballero de Lamarck (1744-1829). (B) Charles Darwin (1809-1882) 5
Figura 2: Gregor Johann Mendel (1822-1884) 7
Figura 3: Ejemplo de un gen Dominante cómo lo comprobó Mendel 8
Figura 4: Cruza de dos flores "dondiego de noche" una roja y una blanca da como resultado una flor rosa 8
Figura 5: Se muestra que hay más semillas amarillas pero no desaparece por completa las semillas verdes 9
Figura 6: Flores "dondiego de noche" donde también se cumple la segunda ley de Mendel. 9
Figura 7: Aparece nuevamente el gen dominante y recesivo y se cumple la primera ley. 10
Figura 8: Si las semillas tienen genes heterocigóticos la descendencia será de un 50%. 10
Figura 9: Muestra la obtención de plantas dihíbridas. 11
Figura 10: Diferentes combinaciones posibles, pero siempre respetando las leyes de Mendel. 11
Figura 11: August Weismann (1834-1914) 12
Figura 12: Frecuencias de Ejecución para la sentencia a=a+b. 13
Figura 13: Ejemplo típico del Problema del Viajante. 15
Figura 14: Algoritmo básico de la computación evolutiva. 20
Figura 15: Algoritmo General de las estrategias evolutivas. 22
Figura 16: Ejemplo de la codificación (mediante cadenas binarias) usada tradicionalmente con los algoritmos transgénico. 23
Figura 17: Cruce de un punto 25
Figura 18: Cruce de dos puntos. 25
Figura 19: Cruce uniforme 26
Figura 20: Algoritmo genético simple 26
Figura 21: Esquema de árbol para la programación genética 27
Figura 22: Algoritmo básico de la programación genética 27
Figura 23. El comportamiento de la colonia termina por obtener el camino más corto entre dos puntos. Basado en una figura de [30, 33]. 30
Figura 24. Defensa del sistema inmune por niveles [36]. 32
Figura 25. Evaluación de las funciones f1 y f2 37
Figura 26. Conjunto factible S y el conjunto de Pareto en el espacio de las variables de decisión (izquierda), y de sus imágenes en espacio de las funciones objetivo (derecha). 38
Figura 27 Diferencia entre un frente de Pareto falso y uno verdadero. 38

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

Figura 28. Ejemplo del frente de Pareto. 39
Figura 29. La Biotecnología es una actividad multidisciplinaria sustentada en varias disciplinas [45]. 42
Figura 30. Salmon modificado genéticamente por Business Development at Aqua Bounty Farms [47]. 43
Figura 31. Tipos de fitorremediación, en donde se indica la zona de la planta en donde ocurre el proceso [48]. 47
Figura 32. Cultivos Biotecnológicos en el 2008 expresado en millones de hectáreas en América. 51
Figura 33. Cultivos Biotecnológicos en el 2008 expresado en millones de hectáreas en África y Europa. 52
Figura 34. . Cultivos Biotecnológicos en el 2008 expresado en millones de hectáreas en Asia y Australia. 53
Figura 35. Ranking Mundial, Superficie Agro biotecnológica. 54
Figura 36. Principales cultivos Biotecnológicos. 54
Figura 37. Estadísticas de la biotecnología a nivel mundial. 54
Figura 38. Una planta del tabaco que se ha diseñado genéticamente para expresar un gen tomado de las luciérnagas (específicamente: el pyralis de Photinus) qué produce el luciferase [49] 55
Figura 39. Fases para la elaboración de un Organismo Transgénico. 56
Figura 40. Alineamiento de secuencias generado por ClustalW entre dos proteínas dedos de zinc identificadas por el número de acceso GenBank. 57
Figura 41. Dos formas distintas de representación de datos, con números o ceros y unos. 60
Figura 42. Algoritmo Transgénico. 62
Figura 43. Representación grafica del OneMax [14] 64
Figura 44. Soluciones Iníciales 64
Figura 45. Evaluación del la función objetivo 65
Figura 46. Selección Elitista y Selección Inversa 65
Figura 47. Selección Elitista y Selección Elitista Inversa trabajando juntas. 66
Figura 48. Homología usada en los mejores y peores resultados. 67
Figura 49. Alineamiento de solo los mejores individuos. 67
Figura 50. Gen Domínate Positivo. 68
Figura 51. Columna sin gen dominante. 68
Figura 52. Resultado de la Alineación Positiva 68
Figura 53. Resultado del Antisentido. 69
Figura 54. Resolución Positiva y Negativa 70
Figura 55. Vector Positivo y Negativo. 70
Figura 56. Cromosoma Transgénico. 71
Figura 57. Siembra Única, Vector R 71
Figura 58. Replicas de la Siembra. 71
Figura 59. Población Inicial y la cantidad de unos de cada individuo 72
Figura 60. Tamaño de cromosoma. 72
Figura 61. Porcentaje de Resolución Positiva 73
Figura 62. Representación de la dominancia de los genes positivos. 73
Figura 63. Porcentaje de Resolución Negativa. 74
Figura 64. Representación de la dominancia de los genes negativos. 74

Figura 65. Evolución Transgénica 77
Figura 66. Pseudocódigo Código del Algoritmo Transgénico de Goldbarg 77
Figura 67. Experimentos para Onemax, con diferentes tamaños de torneo y niveles de ruido. 79
Figura 68. Experimentos del Algoritmo Transgénico, con promedios. 80
Figura 69. Comparación de una Genético, un algoritmo iterativo y un transgénico. 81
Figura 70. Resultados de la comparación del EUMMA y el AT 84
Figura 71. Resultados de Comparación del AG vs AT. 86
Figura 72. Comparación de los promedios del AG, GARS, AT con 10 Sub funciones. 89
Figura 73. Comparación de los promedios del AG, GARS, AT con 100 Sub funciones 90
Figura 74. Comparación de los promedios del AG, GARS, AT con 200 Sub funciones 91

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

Índice de Tablas

Tabla 1: Tabla de transacciones de una autónoma. 19
Tabla 2: Diferentes tipos de estrategias evolutivas. 22
Tabla 3. Alagunas Empresas que usan Biotecnología y que laboran en México. 46
Tabla 4. Tipos de fitorremediación, en donde se indica las características de cada una de ellas [48]. 48
Tabla 5. Parámetros del Transgénico para OneMax 80
Tabla 6. Parámetros del Transgénico para OneMax con diferentes tamaños de población 82
Tabla 7. Parámetros del UEMMA 83
Tabla 8. Parámetros del AT. 83
Tabla 9. Resultados obtenidos por el EUMMA y el AT. 83
Tabla 10. Teoría de bloques constructores 85
Tabla 11. Valores posibles para 3 bits. 85
Tabla 12. Parámetros del Algoritmo Genético 85
Tabla 13. Parámetros del AT para Deceptivas del Orden 3 86
Tabla 14 Resultados del Algoritmo Genético. 86
Tabla 15. Resultados del AT. 86
Tabla 16. Parámetros del Genético Simple y GARS 88
Tabla 17. Parámetros del AT para Deceptivas del Orden 3 y tamaño de población de 10. 89
Tabla 18. Comparación del GARS, AG y AT con problemas engañosos de Orden 3 con un tamaño de 10 Sub funciones engañosas equivalente a 30 bits (El máximo global es 300). 89
Tabla 19. Comparación del GARS, AG y AT con problemas engañosos de Orden 3 con un tamaño de 100 Sub funciones engañosas equivalente a 300 bits (El máximo global es 3000) 90
Tabla 20. Comparación del GARS, AG y AT con problemas engañosos de Orden 3 con un tamaño de 200 Sub funciones engañosas equivalente a 600 bits (El máximo global es 6000) 90

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

Introducción

En la actualidad el poder de procesamiento y las capacidades de los CPU's han crecido enormemente, de tal manera que se han podido resolver problemas que anterior mente parecían intratables, pero aunado a este crecimiento has surgido problemas aun más complejos y por lo tanto difíciles de resolver. Por esta razón el uso de técnicas de Computación Evolutiva es más que justificado. La computación evolutiva, es un conjunto de algoritmos, que presentan una serie de características idóneas para resolver este tipo de problemas. Aunque la Computación Evolutiva ah estado presente desde ya bastante tiempo, es hasta recientemente que se ha comenzado realizar investigación sobre la eficiencia de sus algoritmos. El tener algoritmos eficientes, se refleja directamente en la calidad de las soluciones que éstos pueden encontrar y en la velocidad de ejecución de cada corrida.

Esta tesis muestra el surgimiento de una nueva heurística que se basa en procesos que han demostrado su eficacia y eficiencia en la mejora de organismos vivos, donde se tiene como resultado Organismos Modificados Genéticamente o también conocidos como Organismos Transgénicos.

La organización de esta tesis es la siguiente: **Capítulo 1** Provee una revisión histórica de la computación evolutiva, abarcando desde el origen de sus bases científicas y concluyendo con una breve descripción de sus principales paradigmas. **Capítulo 2** contiene las definiciones y conceptos básicos necesarios para comprender la fuente de inspiración de esta tesis, nos referimos a una rama de la Biotecnología, que se dedica a la creación de organismos modificados genéticamente, mejor conocidos como organismos transgénicos. **Capítulo 3** brinda una descripción detallada de la técnica propuesta, las capacidades y limitaciones de cada componente y una descripción de sus parámetros. **Capítulo 4** describe las métricas utilizadas, las funciones de prueba y los resultados obtenidos por el algoritmo propuesto y por las técnicas con quienes se le comparan. Finalmente se presentan las conclusiones obtenidas de la elaboración de éste trabajo y algunas rutas futuras de investigación.

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

Capítulo 1

Computación Evolutiva

1.1 Introducción

En la naturaleza todos los seres vivos se enfrentan a problemas que deben resolver con éxito, como conseguir más luz del sol, o cazar una mosca. La Computación Evolutiva interpreta la naturaleza como una inmensa máquina de resolver problemas y trata de encontrar el origen de dicha potencialidad para utilizarla en nuestros programas.

Los Algoritmos Genéticos son una de las más conocidas y originales técnicas de resolución de problemas dentro de lo que se ha definido como "Computación Evolutiva" (o "Algoritmos Evolutivos"), término que agrupa a los Algoritmos Genéticos, las Estrategias Evolutivas y la Programación Evolutiva. En realidad todas estas técnicas son muy parecidas y comparten muchos aspectos.

Un Algoritmo Evolutivo es una técnica de resolución de problemas inspirada en la evolución de los seres vivos. En un Algoritmo Evolutivo se define una estructura de datos que admita todas las posibles soluciones a un problema. Cada uno de los posibles conjuntos de datos admitidos por esa estructura será una solución al problema. Unas soluciones serán mejores, otras peores. Solucionar el problema consistirá en encontrar la solución óptima, y por tanto, los Algoritmos Evolutivos son en realidad un método de búsqueda. Pero un método de búsqueda muy especial, en el que las soluciones al problema son capaces de reproducirse entre sí, combinando sus características y generando nuevas soluciones.

En cada ciclo se seleccionan las soluciones que más se acercan al objetivo buscado, eliminando el resto de soluciones. Las soluciones seleccionadas se reproducirán entre sí, permitiendo de vez en cuando alguna mutación o modificación al azar durante la reproducción. En la actualidad la computación evolutiva está inscrita dentro de la inteligencia artificial (IA) y está involucrada dentro del aprendizaje maquina no supervisado y la búsqueda heurística [1].

En este capítulo se proporcionan los antecedentes históricos que llevaron a la formulación del Neo-Darwinismo, así como una breve discusión sobre la computación evolutiva y sus principales paradigmas.

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

1.2 Los Orígenes.

La genética es una rama del conocimiento muy joven, y aun que sus comienzos datan del 1000 A.C. no fue hasta 1930 que se afianzo como ciencia con la teoría sintética de la evolución [1].

Antes que esto sucediera se tuvieron que producir y madurar los conceptos que se describen a continuación.

1.2.1 Adaptacionismo de Jean Batiste de Lamarck (1 de agosto de 1744 - 28 de diciembre de 1829.

Este gran naturista francés del siglo 19, fue uno de los primeros en utiliza el término de *biología* en un sentido moderno [2].

Lamarck es recordado principalmente por su desacreditada teoría de la *Herencia de Rasgos Adquiridos*. Aun que Charles Darwin y otros le han reconocido como una primera propuesta sobre la evolución. En 1891 Darwin escribió:

"Lamarck fue el primer hombre cuyas conclusiones llamaron mi atención. Este celebre naturalista público por primera vez su opinión en 1801 en su obra llamada *Philosophie Zoologique [2]*. "Lo primero que me llama la atención es la probabilidad de que todos los cambios en la orgánica, así como en el mundo inorgánico son resultado de una ley, y no de una interposición milagrosa" [2].

Lamarck pronunció su propia teoría de la evolución que se basa en la idea que las personas se adaptan a su medio durante sus vidas y transmiten estos rasgos a sus descendientes. Como mecanismo para la adaptación Lamarck propuso el ejercicio, para aumentar capacidades específicas de las personas, mientras que la pérdida de otras a través del desuso.

Lamarck elaboró dos leyes.

La ley del uso y del desuso: En cada animal que no ha superado el límite de su desarrollo, y con la frecuencia y el uso continuo de cualquier órgano, éste gradualmente se fortalece desarrolla y amplía, y le da una potencia proporcional a la cantidad de tiempo que ha sido usado, mientras que el desuso permanente de cualquier órgano hace que éste se debilite y deteriore imperceptiblemente, disminuyendo así y progresivamente su capacidad funcional hasta que finalmente desaparece.

La Ley de la herencia de los caracteres adquiridos: Todas las adquisiciones o pérdidas causados por la naturaleza en las

personas, a través de la influencia del entorno que lo rodea, y a través de la influencia predominante del uso permanente o desuso de cualquier órgano, todos estos son conservados en la reproducción a las nuevas generaciones, siempre y cuando las modificaciones sean comunes a ambos sexos por lo menos a los individuos que intervienen en la producción de nuevas generaciones.

Mediante estas suposiciones, Lamarck explicó el mecanismo de la evolución, asegurando que las especies evolucionaban después de muchas generaciones como resultado de la adquisición o pérdida de caracteres.

1.2.2 Diversidad de los seres vivos.

La teoría de la evolución biológica explica el origen de la diversidad de las especies extintas y las vivientes [3]. El mecanismo que la desarrolla es la selección natural. La evolución es un proceso lento y gradual. La teoría de la evolución tuvo su origen en el siglo XIX, con las observaciones y conclusiones de Charles Darwin y Alfred Russel Wallace, sobre las similitudes y las diferencias entre grupos de especies distribuidas en una misma área geográfica [3]. Un examen superficial de los seres vivos permite ver que presentan grandes variaciones en cuanto al tamaño, la estructura, las funciones y la conducta. Existen diferencias evidentes entre los miembros entre los diferentes grupos raciales, entre los individuos de distintas familias, y aún entre nuestros padres, hermanos y primos. Estas diferencias se obtienen entre distintas especies animales como perros, gatos, caballos, peces y aun mayores, entre animales y plantas. Existen animales tan pequeños, como algunos insectos, que no son perceptibles a simple vista; o los hay grandes como la ballena azul, que sobre pasa los 30 metros de longitud y 115 toneladas de peso. La causa de la diversidad biológica ha sido una de las preguntas que más ha interesado a los seres humanos. Desde la antigüedad se ha formulado mitos y teorías que la explican. Aunque Darwin fue el fundador de la teoría moderna de la evolución, no fue el primero en sugerir el hecho que los organismos cambian en la medida que pasa el tiempo [3]. Desde antes de Aristóteles, quien ordeno los animales en una jerarquía conocida como la Escala de la Naturaleza [3], en donde las criaturas iban ascendiendo en peldaños según su complejidad [3], ya se había planteado la idea de transformación de los organismos. La escuela de filosofía griega fundada por Anaximandro (611-547 a.c.) [3] desarrollo una idea de la evolución muy parecida a la actual. Para Aristóteles los organismos habían existido siempre, en cambio para los naturalistas que le siguieron, la versión aceptada por largo tiempo, fue la de la creación directa por Dios, como se narra en la Biblia.
Las explicaciones científicas de la diversidad biológica, que se fundamentan en evidencias demostrables, comenzaron a plantearse en el siglo XVIII. El científico francés George Louis Le Clero de

Buffon (1707-1788) [3] propone que aparte de las criaturas concebidas en la creación divina, hay otras familias que han sido producidas por el tiempo y la naturaleza.

1.2.3 Charles Darwin

Los fundamentos de la teoría moderna de la evolución fueron enunciados por el británico Charles Darwin (1809-1882) hacia 1859. Aunque la formación universitaria de Darwin fue la teología, estuvo profundamente interesado en la biología y geología. Darwin estudió los animales y los vegetales propios de los litorales de diversas partes del mundo. La idea de la selección natural surgió en Darwin poco después de su regreso a Inglaterra en 1836. Transcurrieron 20 años, durante los cuales clasificó las ricas colecciones de plata, animales y fósiles, y ordenó los numerosos datos acumulados en el viaje, hasta que finalmente los consiguió en su obra *On the Origin of the Species by Means of Natural Selection* [3]. La obra conocida comúnmente bajo el nombre de El Origen de las Especies [3] fue publicada en 1859 y supuso una gran revolución de las ciencias biológicas de la época.
El Origen de las Especies es considerado por muchos, el libro más importante del siglo XIX, ya que presenta una teoría coherente y comprobable sobre el mecanismo de Evolución del mundo viviente. Darwin fue influido por el tratado de Thomas Robert Malthus (1766-1864) [3] sobre el crecimiento de la población, los recursos disponibles y la necesaria lucha por le existencia. Según Malthus, las poblaciones crecen a ritmo geométrico en tanto los recursos para su sostenimiento lo hacen en progresión aritmética. Esta condición conduciría a las especies a una lucha por la supervivencia en que *solo los mejores adaptados podrían sobrevivir* [3].

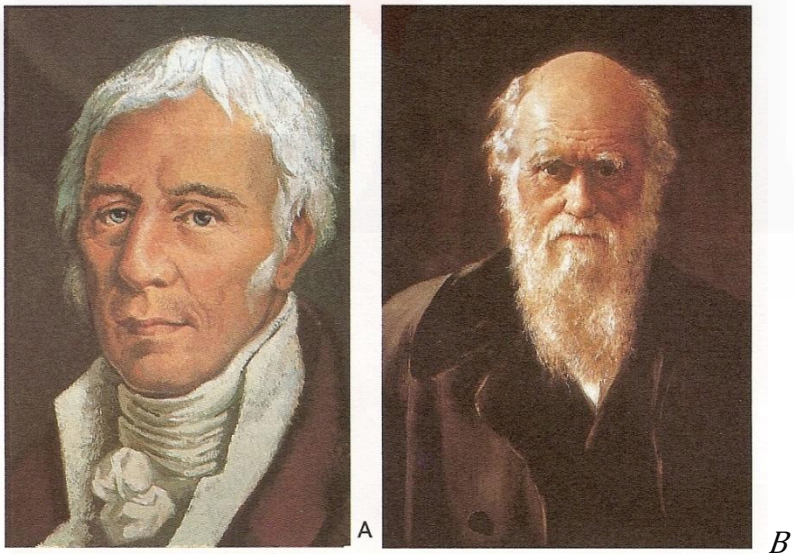


Figura 1: Los artífices de la teoría de la evolución. (A) Jean Baptiste de Monet, caballero de Lamarck (1744-1829). (B) Charles Darwin (1809-1882).

1.2.4 Selección Natural.

Darwin realizó tres observaciones fundamentales para el desarrollo de la teoría evolucionista. La primera, era la tendencia de las poblaciones a reproducirse. La segunda, hacía referencia a que no todos los hijos son copias exactas de sus progenitores. Y la tercera estaba dirigida al número relativamente constante en el que suelen mantenerse las poblaciones. Las conclusiones a tales observaciones llevaron a plantear la existencia de un mecanismo natural que consiste en que aquellos organismos que demuestren las mejores condiciones serán premiados, tal mecanismo es el de la Selección Natural y actúa *eliminando los tipos inadecuados y conservando los más adecuados, dada una serie de mutaciones al azar* [3]. Este concepto implica la posibilidad de variación genética en los seres vivos.

En cualquier especie nacen más individuos de los que pueden obtener alimentación adecuada y sobrevivir. Dado que nacen más sujetos de los que pueden sobrevivir, debe tener un proceso de eliminación, producto de la competencia por el espacio y el alimento. *Aquellas variaciones que capacitan a un organismo para sobrevivir mejor, en un medio ambiente dado, favorecen a sus poseedores sobre otros individuos menos adaptados.* La idea de “lucha por la supervivencia” y “supervivencia del más apto” son la esencia de la teoría de de la selección natural de Darwin. Los individuos sobrevivientes tendrán la posibilidad de reproducirse y trasmitir sus características “afortunadas” a la siguiente generación. Actualmente la selección natural se concibe como el producto de la interacción de los individuos con su ambiente. Es decir con los competidores, los predadores, las enfermedades y los demás componentes de su nicho ecológico. Los individuos seleccionados serán los más aptos para desenvolverse con éxito en su nicho.

1.2.5 Gregor Mendel

Los descubrimientos hechos por Darwin, dan una mejor perspectiva de cómo se desenvuelven las distintas especies en su medio, pero ahora profundizaremos en un tema que un que pareciera que es distinto a la selección natural de Darwin guarda una estrecha relación, la genética. La genética es el proceso de heredar las características de los padres a los hijos [4]. El iniciador de estos descubrimientos fue Gregor Mendel (1822-1884) [5]. Las teorías de herencia se atribuyeron a Gregor Mendel, su trabajo está basado en el estudio de plantas de guisantes. En esa época su trabajo resulto ser tan brillante e inaudito que le tomo a la comunidad científica treinta y cuatro años entenderla [5]. Los experimentos con las plantas hibridas en donde Mendel describió cómo se heredaran los rasgos genéticos, se ha vuelto una de las publicaciones más influyentes en la historia de la ciencia. Al trabajar con los guisantes tipifico las características fenotípicas (apariencia externa) lo cual llamó "caracteres" [3]. Usó el nombre de "elemento", para referirse a las

entidades hereditarias separadas. Su merito radica en darse cuenta de que sus experimentos (variedades de guisantes) siempre ocurrían en variantes con proporciones numéricas simples. Los "elementos" y "caracteres" han recibido posteriormente infinidad de nombres, pero hoy las conocemos de forma universal por la que sugirió en 1909 el biólogo danés Wilhem Ludvig Johannsen [3], como *genes*. Siendo más exactos, las versiones diferentes de genes responsables de un fenotipo particular, se llaman *alelos*. Los guisantes verdes y amarillos corresponden a distintos alelos del gen responsable del color.

Figura 2: Gregor Johann Mendel (1822-1884)

La principal aportación de Mendel son sus ya famosas 3 leyes que veremos a continuación:

1.2.6 Primera Ley

Llamada también ley de **uniformidad** de la primera generación filial: El tipo hereditario de la prole no es intermedio entre los tipos de los padres, sino que en él predomina el de uno u otro. Si se cruzan dos variedades bien definidas de una misma especie, el descendiente híbrido mostrará las características distintivas de uno de los progenitores *(característica dominante)* [5]. Mendel llegó a esta conclusión trabajando con una variedad pura de plantas de guisantes que producían las semillas amarillas y con una variedad que producía las semillas verdes. Al hacer un cruzamiento entre estas plantas, obtenía siempre plantas con semillas amarillas. El polen de la planta progenitora aporta a la descendencia un alelo para el color de la semilla, y el óvulo de la otra planta progenitora aporta el otro alelo para el color de la semilla; de los dos alelos, solamente se manifiesta aquél que es *dominante* (A), mientras que el *recesivo* (a) permanece oculto.

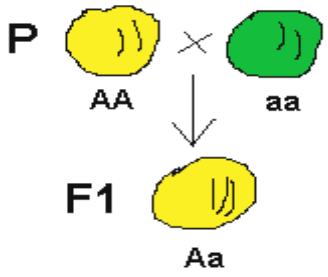


Figura 3: Ejemplo de un gen Dominante cómo lo comprobó Mendel

La primera ley de Mendel se cumple también para el caso en que un determinado gen de lugar a una **herencia intermedia** y no dominante, como es el caso del color de las flores del **"dondiego de noche"** (*Mirabilis jalapa*). Al cruzar las plantas de la variedad de **flor blanca** con plantas de la variedad de **flor roja**, se obtienen plantas de **flores rosas**. La interpretación es la misma que en el caso anterior, solamente varía la manera de expresarse los distintos alelos [5].

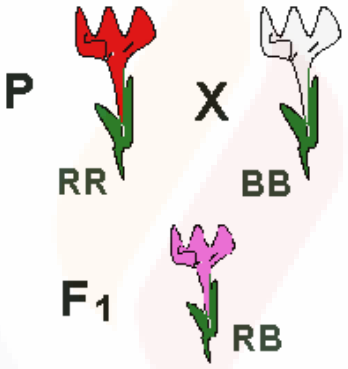


Figura 4: Cruza de dos flores *"dondiego de noche"* una roja y una blanca da como resultado una flor rosa

1.2.7 Segunda Ley

Ley de de la **separación o disyunción de los alelos.** Mendel tomó plantas procedentes de las semillas de la primera generación (F1) del experimento anterior **(figura 3)** y las polinizó entre sí. Del cruce obtuvo semillas amarillas y verdes en la proporción que se indica en la figura 5. Así pues, aunque el alelo que determina la coloración verde de las semillas parecía haber desaparecido en la primera generación filial, vuelve a manifestarse en esta segunda generación [5].

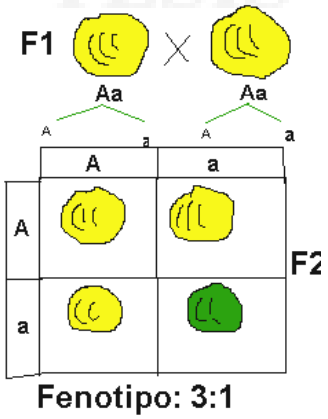


Figura 5: Se muestra que hay más semillas amarillas pero no desaparece por completa las semillas verdes

Los dos alelos distintos para el color de la semilla presentes en los individuos de la primera generación filial, no se han mezclado ni han desaparecido, simplemente ocurría que se manifestaba sólo uno de los dos. Cuando el individuo de **fenotipo amarillo** y **genotipo Aa**, forme los gametos, se separan los alelos, de tal forma que en cada gameto sólo habrá **uno de los alelos** y así puede explicarse los resultados.

En el caso de los genes que presentan herencia intermedia, también se cumple el enunciado de la segunda ley. Si tomamos dos plantas de flores rosas de la **primera generación filial (F1)** del cruce que se observa en la **figura 4** y las cruzamos entre sí, se obtienen plantas con **flores blancas, rosas y rojas**, en la proporción que se indica en el esquema de la **figura 6**. También en este caso se manifiestan los alelos para el color rojo y blanco, que permanecieron ocultos en la primera generación filial [4].

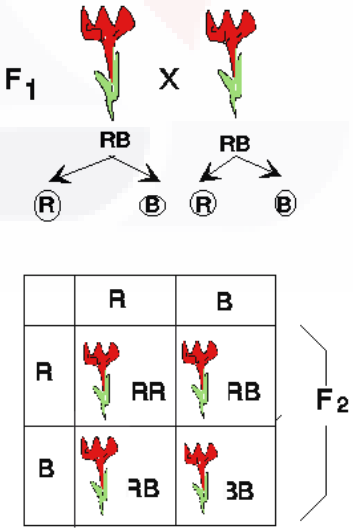


Figura 6: Flores “dondiego de noche” donde también se cumple la segunda ley de Mendel.

1.2.8 Recruzamiento.

En el caso de los genes que manifiestan herencia dominante, no existe ninguna diferencia aparente entre los individuos **heterocigóticos (Aa)** y los **homocigóticos (AA)**, pues ambos individuos presentarían un fenotipo amarillo. La prueba del **retrocruzamiento**, o simplemente **cruzamiento prueba**, sirve para diferenciar el individuo homo del heterocigótico. Consiste en cruzar el **fenotipo dominante** con la variedad **homocigota recesiva** (aa). Si es **homocigótico**, toda la descendencia será igual, en este caso se cumple la primera Ley de Mendel. (Figura 3). Si es **heterocigótico**, en la descendencia volverá a aparecer el carácter recesivo en una proporción del 50%. (Figura 8) [5].

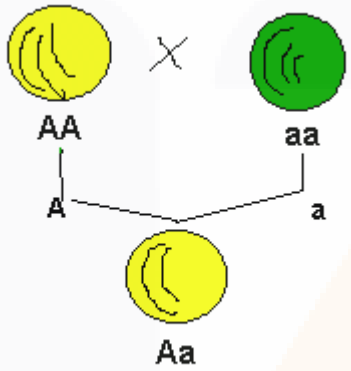


Figura 7: Aparece nuevamente el gen dominante y recesivo y se cumple la primera ley.

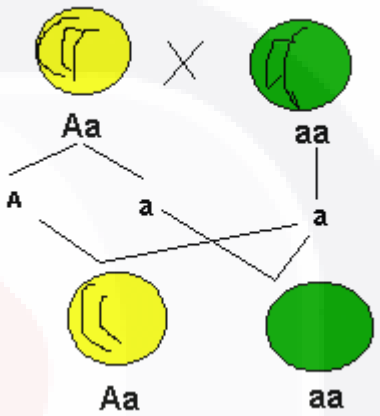


Figura 8: Si las semillas tienen genes heterocigóticos la descendencia será de un 50%.

1.2.9 Tercera Ley

Se conoce esta ley como la de **la herencia independiente de caracteres,** y hace referencia al caso de que se contemplen dos caracteres distintos. Cada uno de ellos se transmite siguiendo las leyes anteriores con independencia de la presencia del otro carácter. Mendel cruzó plantas de guisantes de **semilla amarilla y lisa** con plantas de **semilla verde y rugosa** (Homocigóticas ambas para los dos caracteres). **(Figura 9)** Las semillas obtenidas en este cruzamiento eran todas **amarillas y lisas**, cumpliéndose así la primera ley para cada uno de los caracteres considerados, y revelándonos también que los alelos dominantes para esos caracteres son los que determinan el **color amarillo** y la **forma lisa**. Las plantas obtenidas y que constituyen la F1 son **dihíbridas (AaBb)** [5].

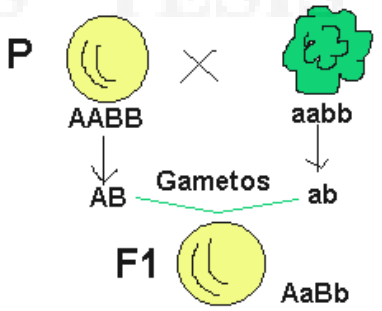


Figura 9: Muestra la obtención de plantas dihíbridas.

En el cuadro de la **figura 10** se ven las semillas que aparecen y en las proporciones que se indica. Se puede apreciar que los alelos de los distintos genes se transmiten con independencia unos de otros, ya que en la segunda generación filial F2 aparecen guisantes **amarillos y rugosos** y otros que son **verdes y lisos**, combinaciones que no se habían dado ni en la generación parental (P), ni en la filial primera (F1).

Asimismo, los resultados obtenidos para cada uno de los caracteres considerados por separado, responden a la segunda ley.

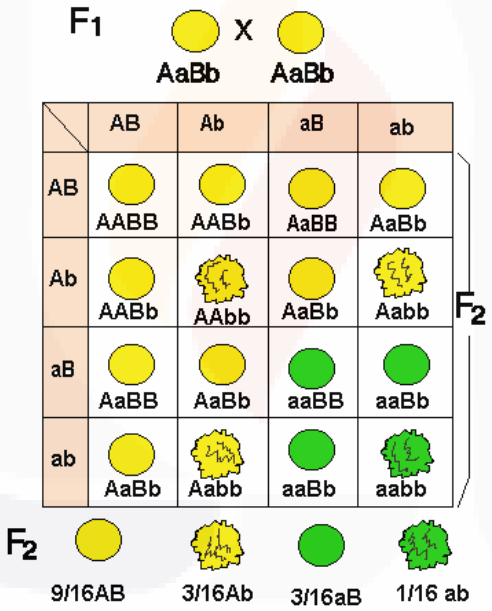


Figura 10: Diferentes combinaciones posibles, pero siempre respetando las leyes de Mendel.

Los resultados de los experimentos de la tercera ley refuerzan el concepto de que los genes son independientes entre sí, que no se mezclan ni desaparecen generación tras generación. Para esta interpretación fue providencial la elección de los caracteres, pues estos resultados no se cumplen siempre, sino solamente en el caso de que los dos caracteres a estudiar estén regulados por genes que se encuentran en distintos cromosomas. No se cumple cuando los dos genes considerados se encuentran en un mismo cromosoma, es el caso de los ***genes ligados*** [5].

1.2.10 Teoría del Plasma Germinal, August Weismann.

El alemán August Weismann (1834-1941) enuncia en 1883 la teoría de que las partículas hereditarias (biófora) eran invisibles, autorreplicativas y asociadas con los cromosomas de un modo lineal y postuló que cada biófora estaba implicada en la determinación de una característica. Esta teoría fue denominada *continuidad del plasma germinal* [1]. En ella se reconocen dos tipos de tejidos en los organismos, el somatoplasma y el germoplasma. El primero forma la mayor parte del cuerpo del individuo, mientras que el germoplasma era una porción inmortal de un organismo que tenia la potencialidad de duplicar a un individuo. A diferencia de la teoría de la pangénesis, el germoplasma no viene del somatoplasma ni se forma nuevamente en cada generación, sino que constituye la continuidad de la información genética entre generaciones. Su teoría rechazaba rotundamente la herencia de los caracteres adquiridos y supuso más énfasis en el material hereditario [1].

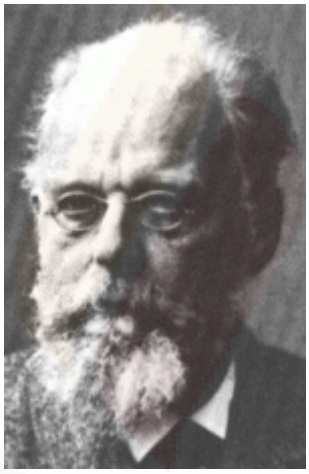


Figura 11: August Weismann (1834-1914)

1.2.11 Neo-Darwinismo

Se llamo Neo Darwinismo a la fusión de la teoría de la evolución por selección natural, las leyes de la herencia de Mendel y la hipótesis del plasma germinal de Weismann [1].
El pensamiento evolutivo actual gira en torno al Neo Darwinismo, el cual establece que toda la vida en el planeta puede ser explicada a través de:

- **Reproducción:** Mediante este mecanismo se asegura que el material genético se herede de una generación a otra.

- **Mutación:** Se produce cuando ocurre un error en la copia del material genético durante la reproducción. Se creé que algunas mutaciones pueden resultar benéficas para los organismos. Si la mutación resulta ser benéfica entonces el organismo se adapta mejor a su entorno.

- **Competencia:** Es el proceso natural, en que los organismos tienen una lucha constante por sobrevivir y hereda si código genético a otra generación.

- **Selección:** Los organismos más aptos, tendrán más oportunidad de sobrevivir y por ende de reproducirse.

1.3 Análisis de algoritmos.

El análisis de algoritmos comprende 2 etapas: el análisis a *priori* y el análisis *posteriori*. En el primero de ellos, se obtiene una función que acota el tiempo de cálculo del algoritmo. En el análisis *posteriori* se recolecta estadísticas acerca del consumo del tiempo y espacio mientras este se ejecuta [6] [7].
Es importante tener en mente que durante el análisis a priori de un algoritmo se ignoran los detalles que sean dependientes a la arquitectura de una computadora o de un lenguaje de programación y se analiza el orden frecuencia de ejecución de las instrucciones básicas del algoritmo [6].

```
(1)  a=a+b

(2)  For i=1 to n do
     b=a+b
      end for i

(3)  For i=1 to n do
     For j=1 to n do
       a=a+b
     end for j
      end for i
```

Figura 12: Frecuencias de Ejecución para la sentencia a=a+b.

Las frecuencias de ejecución para la figura 12 son:

- 1 para el segmento (1).
- n para el segmento (2).
- n^2para el segmento (3).

La notación que expresa la complejidad de un algoritmo se conoce como "O" (big-O en ingles) [6]. Formalmente se define de la siguiente manera:

Definición: $F(n) = O(g(n))$ si y solo si existen dos constantes positivas c y n_0 tales que $|f(n)| \leq c|g(n)|$ para toda $n \geq n_0$

Los problemas cuya complejidad esta acotada por un polinomio son los denominados problemas **P.** Un problema pertenece a esta clase si puede ser resuelto en tiempo polinomial en una computadora determinista [6].
El término **determinista** significa que sin importar lo que realice el algoritmo, solo hay un paso que hacer a continuación (es decir, el paso siguiente se define por los pasos anteriores) [6].
Un problema pertenece a la clase **NP** si puede ser resuelto en tiempo polinomial pero usando una computadora no determinista.
Cuando una computadora **no determinista** es confrontada con varias opciones, tiene el poder de "adivinar" la correcta (en caso de que esta exista). Una computadora no determinista no hace elecciones incorrectas que la hagan regresar a un estado previo [6].
Los siguientes puntos son de gran importancia al comparar la clase **P** contra la clase **NP**:

- La clase **P** contiene problemas que pueden resolverse rápidamente.
- La clase **NP** contiene problemas cuya solución puede verificarse rápidamente.
- En 1971 se planteó la pregunta: ¿Es P=**NP**? Desde entonces, sigue siendo una pregunta abierta para los teólogos [6].
- Se cree que $P \neq NP$.

1.3.1 Problemas NP Completos

Existen otra clase de problemas llamados NP Completos, que son de un gran interés en la computación evolutiva. Un problema pertenece a esta clase, si todos los algoritmos para resolverlo requieren tiempo exponencial en el peor caso [6]. Dicho en otras palabras estos problemas son sumamente difíciles de resolver. Un ejemplo de este tipo de problemas es el llamado **TSP** (Travel Sales Problem), mejor conocido como el problema del **Viajero**. Este problema consiste en encontrar una permutación que represente el recorrido de una serie de ciudades de tal manera que todas sean visitadas una sola vez minimizando la distancia total viajada [6]. El mejor algoritmo que se conoce para resolver este problema es $O(n^2 2^n)$.

El tamaño del espacio de búsqueda del problema del viajero crece conforme a la expresión: $\frac{(n-1)!}{2}$ esto significa que:

Para n=10 hay unas 181,000 soluciones posibles.
Para n=20, hay unas 10,000,000,000,000,000 soluciones posibles.
Para n=50, hay unas
100,000,000,000,000,000,000,000,000,000,000,000,000,000,000,000
,000,000,000,000,000 soluciones posibles.

Para tener una idea de las magnitudes que se mencionan, basta decir que sólo hay 1,000,000,000,000,000,000,000 litros de agua en el planeta [6].

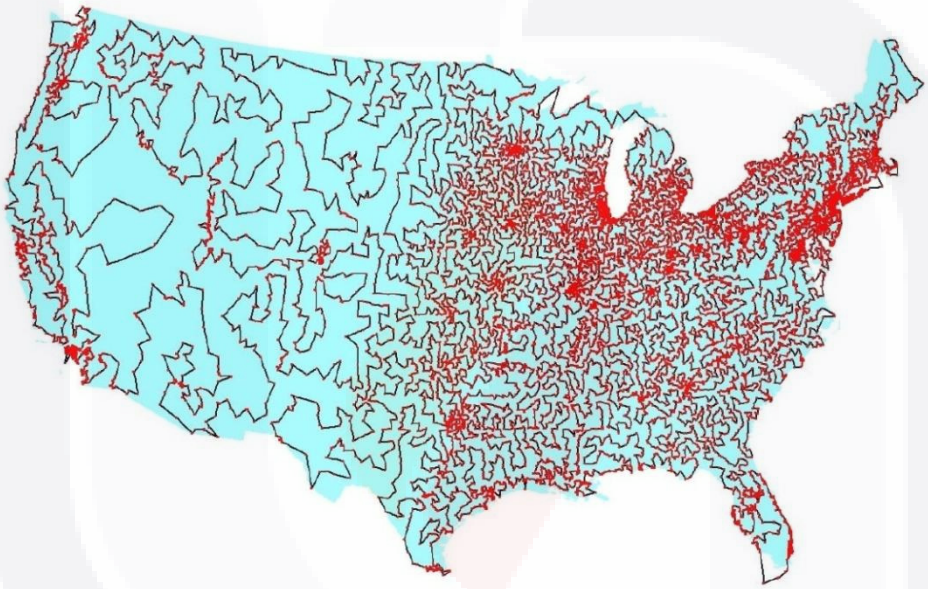


Figura 13: Ejemplo típico del Problema del Viajante.

1.4 Decepción

Se llama **decepción** a la condición donde la combinación de buenos bloques constructores llevan a una reducción de aptitud, en vez de un incremento. Este fenómeno fue sugerido originalmente por Goldberg [8] para explicar el mal desempeño del AG en algunos problemas. Veamos un ejemplo de un problema deceptivo:
Supongamos que tenemos una función de aptitud que nos devuelve los siguientes valores para las cadenas binarias de longitud 3:

Cadena	Aptitud
000	70
001	50
010	49
011	1
100	30
101	2
110	3
111	80

Las cadenas con mayor número de ceros tienen mayor aptitud, pero el óptimo global es la cadena de todos unos. En este caso, el AG tendera a favorecer durante la selección a las cadenas con más ceros y encontrara la cadena de todos ceros (un óptimo local) en vez de llegar al óptimo global.

1.5 Heurística

Como se pudo observar existen problemas que no pueden ser resueltos por algoritmos que requieran tiempo polinomial, inclusive en muchas aplicaciones prácticas, no se puede definir siquiera que exista una solución eficiente [6].
También, existen muchos problemas para los cuales el mejor algoritmo que se conoce requiere tiempo exponencial.
Cuando estos algoritmos se enfrentan a espacios de búsquedas tan grandes, como en el caso del problema del viajero y que además para resolver el problema requiere de tiempo exponencial, resulta obvio que las técnicas clásicas de optimización son insuficientes. Es entonces cuando se recurre a las "heurísticas".

Se denomina **heurística** a la capacidad de un sistema para realizar de forma inmediata innovaciones positivas para sus fines. La capacidad heurística es un rasgo característico de los humanos, desde cuyo punto de vista puede describirse como *el arte y la ciencia del descubrimiento y de la invención* o de resolver problemas mediante la creatividad y el pensamiento lateral o pensamiento divergente, según lo publicado en el diccionario [9], pero esta definición se apega mas a los pensamientos filosóficos. La popularización del concepto se debe al matemático George Polya con su libro *Cómo resolverlo* (*How to solve it*) [10]. Habiendo estudiado tantas pruebas matemáticas desde su juventud, quería saber cómo los matemáticos llegan a ellas. El libro contiene la clase de recetas heurísticas que trataba de enseñar a sus alumnos de matemáticas. Cuatro ejemplos extraídos de él ilustran el concepto mejor que ninguna definición:

- Si no consigues entender un problema, dibuja un esquema.
- Si no encuentras la solución, haz como si ya la tuvieras y mira a ver qué puedes deducir de ella (razonando hacia atrás).
- Si el problema es abstracto, prueba a examinar un ejemplo concreto.

- Intenta abordar primero un problema más general (es la "paradoja del inventor": el propósito más ambicioso es el que tiene más posibilidades de éxito).

Visto desde el punto que nos interesa, nos referimos a las ciencias computacionales y de acuerdo con ANSI/IEEE [11], la heurística trata de aquellos métodos o algoritmos exploratorios para la resolución de problemas, en los que las soluciones se descubren por la evaluación del progreso logrado en la búsqueda de un resultado final. Se trata de métodos en los que, aunque la exploración se realiza de manera algorítmica, el progreso se logra por la evaluación puramente empírica del resultado. Se gana eficacia, sobre todo en términos de eficiencia computacional, a costa de la precisión. Las técnicas heurísticas son usadas por ejemplo en problemas en los que la complejidad de la solución algorítmica disponible es función exponencial de algún parámetro; cuando el valor de este, crece el problema se vuelve rápidamente inaccesible. Una alternativa heurística será viable, si la complejidad de cómputo depende por ejemplo polinómicamente del mismo parámetro. Las técnicas heurísticas no aseguran soluciones óptimas, sino solamente soluciones válidas, aproximadas; y frecuentemente no es posible justificar en términos estrictamente lógicos la validez del resultado. Es útil al respecto recordar la distinción entre tres tipos de estrategias para la resolución de problemas: búsquedas ciegas, búsquedas heurísticas (basadas en la experiencia) y búsquedas racionales (usando un sistema formal de razonamiento). Actual mente existe una gran cantidad de heurísticas y cada una de ellas con sus características propias, unas se basan en la ingeniería de metales como es el *recosido simulado* [12] en la que emulan la forma en que los metales se enfrían con el paso del tiempo y otras están inspiradas en la biología como son los Algoritmos Genéticos [13] los cuales se inspiran en la selección natural de las especies, y así podemos nombrar una gran cantidad de métodos Heurísticos y sus derivados. Un punto en común de estos métodos es que sus creadores buscaron la forma de adaptar procesos que observaban tanto en la ingeniería como en la naturaleza para definir dichos métodos, presumiendo que si en la ingeniería a demostrado su eficiencia o si la naturaleza no ha cambiado dichos métodos por ser tan eficientes la probabilidad de su funcionamiento para problemas de optimización será alta así como lo dice George Polya [10] "*Si no consigues entender un problema, dibuja un esquema*".

Con lo anterior observamos que los investigadores se basan en procesos que han demostrado su funcionamiento para después implementarlos, claro con sus respectivas proporciones, ya que no se emula la complejidad con la que se lleva a cabo la selección de las especies por ejemplo, si no nada más lo fundamental del mismo.

En resumen una heurística es una técnica que busca soluciones buenas (es decir casi óptimas) a un costo computacional razonable, aunque sin garantizar factibilidad u optimidad de las mismas. En algunos casos no se puede determinar siquiera que tan cerca del óptimo se encuentra una solución factible.

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

1.6 Computación Evolutiva

La computación evolutiva es capaz de generar soluciones para problemas del mundo real gracias a que se basa en los fundamentos del Neo Darwinismo (más específicamente en el aspecto en donde las poblaciones evolucionan en la naturaleza acorde a los principios de la selección natural y la supervivencia de los más aptos) [1, 6]. La evolución de las soluciones a valores óptimos depende en gran medida de la adecuada implementación de los siguientes puntos:

- Representar adecuadamente las soluciones al problema a resolverse.
- Operaciones que afecten a los “individuos”.
- Una función de aptitud.
- Un mecanismo de selección.

En la actualidad la computación evolutiva se encuentra muy bien posicionada dentro de las ciencias computacionales gracias a ciertas características que posé, de las cuales destacan las siguientes:

- No se necesitan conocimientos específicos sobre el problema que intentan resolver, inclusive resolviendo problemas para los que no se conoce solución alguna.
- Son relativamente muy simples y tienen amplia aplicabilidad.
- Pueden implementar fácilmente las arquitecturas en paralelo, siempre y cuando sean requeridas.

Sumadas a estas, las técnicas evolutivas (TE) posen diferentes características con respecto a las técnicas tradicionales. Las TE usan una población de soluciones iníciales en vez de una sola, lo cual las hace menos susceptibles a quedar atrapadas en mínimos/máximos locales [1]; usan operadores probabilísticos, mientras las técnicas tradicionales usan operadores deterministicos, esto no quiere decir que funcionen como una simple búsqueda aleatoria; tienen la capacidad de incorporar conocimiento sobre el dominio y para combinarse con otras técnicas de búsqueda; son robustas a los cambios dinámicos y generalmente puede auto adaptar sus parámetros.
Por la forma en que trabaja la computación evolutiva se puede agrupar en 6 paradigmas principales:

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

- Programación Evolutiva.
- Estrategias Evolutivas.
- Algoritmos Genéticos.
- Programación Genética.
- Algoritmos Bioinspirados.
- Algoritmos Probabilísticos.

1.7 Programación Evolutiva.

Lawrence J. Fogel propuso en los 60s una técnica denominada *"Programación Evolutiva"*, en la cual la inteligencia se ve como un proceso adaptativo [14] [15]. La Programación Evolutiva enfatiza los nexos de comportamiento entre padres e hijos, en vez de buscar emular operadores genéticos específicos (como en el caso de los Algoritmos Genéticos).

El algoritmo básico de la Programación Evolutiva es el siguiente:

- Generar aleatoriamente una población inicial.
- Se aplica mutación.
- Se calcula la aptitud de cada hijo y se usa un proceso de selección mediante torneo (normalmente estocástico) para determinar cuáles serán las soluciones que se retendrán.

La Programación Evolutiva es una abstracción de la evolución al nivel de las especies, por lo que no se requiere el uso de un operador de recombinación (diferentes especies no se pueden cruzar entre sí). Asimismo, usa selección probabilística. Resulta un tanto más fácil entender la Programación Evolutiva analizando un ejemplo como el que se muestra en la tabla 1 de transiciones de este autómata es la siguiente:

Estado Actual	C	B	C	A	A	B
Símbolo de Entrada	0	1	1	1	0	0
Estado Siguiente	B	C	A	A	B	B
Símbolo de Salida	b	c	c	b	b	c

Tabla 1: Tabla de transacciones de una autónoma.

En este autómata pueden ahora aplicarse cinco diferentes tipos de mutaciones: cambiar un símbolo de salida, cambiar una transición, agregar un estado, borrar un estado y cambiar el 1 0 estado inicial. El objetivo es hacer que el autómata reconozca un cierto conjunto de entradas (o sea, una cierta expresión regular) sin equivocarse ni una sola vez. Algunas aplicaciones de la Programación Evolutiva son [15]:

- Predicción
- Generalización
- Juegos
- Control automático
- Problema del viajero
- Planeación de rutas
- Diseño y entrenamiento de redes neuronales
- Reconocimiento de patrones

El algoritmo básico de la computación evolutiva se muestra en la figura 14:

```
begin
  generar aleatoriamente la población inicial
  repeat
    aplicar Mutación
    calcular la aptitud de cada hijo
    seleccionar las soluciones que se retendrán
    reemplazar la población actual por la seleccionada
  until que cierta condición se satisfaga
end
```

Figura 14: Algoritmo básico de la computación evolutiva.

1.8 Estrategias Evolutivas

Las Estrategias Evolutivas fueron desarrolladas en 1964 en Alemania para resolver problemas hidrodinámicos de alto grado de complejidad por un grupo de estudiantes de ingeniería encabezado por Ingo Rechenberg [16].
La versión original (1+1)-EE usaba un solo padre y con él se generaba un solo hijo. Este hijo se mantenía si era mejor que el padre, o de lo contrario se eliminaba (a este tipo de selección se le llama *extintiva*, porque los peores individuos tienen una probabilidad cero de ser seleccionados).

En la (1+1)-EE, un individuo nuevo es generado usando:

$$\bar{x}^{t+1} = \bar{x}^{t} + N(0, \sigma)$$

donde *t* se refiere a la generación (o iteración) en la que nos encontramos, y $N(0, \sigma)$ es un vector de números Gaussianos independientes con una media de cero y desviaciones estándar σ [14].

Rechenberg [16] introdujo el concepto de población, al proponer una estrategia evolutiva llamada (λ +1)-EE, en la cual hay λ padres y se genera un solo hijo, el cual puede reemplazar al peor padre de la población (selección extintiva).
Schwefel [17, 18] introdujo el uso de múltiples hijos en las denominadas (μ+λ)-EEs y (μ,λ)-EEs.
La notación se refiere al mecanismo de selección utilizado:

- En el primer caso, los μ mejores individuos obtenidos de la unión de padres e hijos sobreviven.
- En el segundo caso, sólo los μ mejores hijos de la siguiente generación sobreviven.

Rechenberg [16] formuló una regla para ajustar la desviación estándar de forma determinista durante el proceso evolutivo de tal manera que el procedimiento convergiera hacia el óptimo [14].
Esta se conoce como la "regla del éxito 1/5", que indica que:

"La razón entre mutaciones exitosas y el total de mutaciones debe ser 1/5. Si es mayor, entonces debe incrementarse la desviación estándar. Si es menor, entonces debe decrementarse" [14].

Formalmente:

$$\sigma(t) = \begin{cases} \sigma(t-n)/c & si\ p_s > 1/5 \\ \sigma(t-n)*c & si\ p_s < 1/5 \\ \sigma(t-n) & si\ p_s = 1/5 \end{cases}$$

donde *n* es el número de dimensiones, *t* es la generación, p_s es la frecuencia relativa de mutaciones exitosas medida sobre intervalos de por ejemplo *10n* individuos, y *c =0.817* (este valor fue derivado teóricamente por Schwefel [17]). σ(t) se ajusta cada *n* mutaciones [14].

Los operadores de recombinación de las Estrategias Evolutivas pueden ser:

- **Sexuales**: el operador actúa sobre 2 individuos elegidos aleatoriamente de la población de padres.
- **Panmíticos**: se elige un solo padre al azar, y se mantiene fijo mientras se elige al azar un segundo padre (de entre toda la población) para cada componente de sus vectores.

En la tabla 2 se muestran las aportaciones innovadoras que se le añadieron a la versión original $(1+1)-EE$ [1].

Aportación	Autor	Notación
Concepto de población μ padres y genera un solo hijo reemplazando al peor padre de la población.	Rechenberg (1973)	$(\mu+1)-EE$
Concepto de múltiples hijos a) Los μ mejores individuos obtenidos sobreviven. b) Sólo μ individuos obtenidos sobreviven.	Schwefel (1975)	a) $(\mu+\lambda)-EE$ y b) $(\mu,\lambda)-EE$
Regla del éxito $1/5$	Rechenberg	
Regla del éxito $1/7$	Thomas Bäck (1996)	

Tabla 2: Diferentes tipos de estrategias evolutivas.

En las estrategias evolutivas no sólo se evolucionan las variables del problema sino también los parámetros mismos de la técnica (desviación estándar), permitiendo con esto la auto-adaptación. La recombinación es posible gracias a que en la PE se trabaja a nivel de los individuos (fenotípico), la recombinación puede ser tanto sexual como panmíticas (cualquier individuo puede reproducirse con otro con una probabilidad que depende solamente de su aptitud) y la selección utilizada es generalmente determinista [1]. Su algoritmo general se muestra en el pseudocódigo mostrado en la figura 15.

```
begin
  generar aleatoriamente la población inicial, G(0)
  sea t := 0
  evaluar G(t)
  repeat
    sea t := t + 1
    seleccionar G1(t) de G(t)
    recombinar G1(t) para generar G(t + 1)
    mutar
    evaluar
    supervivientes
  until que cierta condición se satisfaga
end
```

Figura 15: Algoritmo General de las estrategias evolutivas.

Algunas aplicaciones de las Estrategias Evolutivas son [17]:

- Problemas de rutas y redes
- Bioquímica
- Óptica
- Diseño en ingeniería
- Magnetismo

1.9 Algoritmo Genético

Los Algoritmos Genéticos (denominados originalmente "planes reproductivos genéticos" fueron desarrollados por John H. Holland a principios de los 1960s [13], motivado por su interés en resolver problemas de aprendizaje de máquina.
Una definición bastante completa de algoritmos genéticos es la brindada por Koza [19]:

> Es un algoritmo matemático altamente paralelo que transforma un conjunto de objetos matemáticos individuales con respecto al tiempo usando operaciones modeladas de acuerdo al principio Darwiniano de reproducción y supervivencia del más apto, y tras haberse presentado de forma natural una serie de operaciones genéticas de entre las que destaca la recombinación sexual. Cada uno de estos objetos matemáticos suele ser una cadena de caracteres (letras o números) de longitud fija que se ajusta, el modelo de las cadenas de cromosomas, y se les asocia con una cierta función matemática que refleja su aptitud.

Para poder aplicar el algoritmo genético se requiere de los siguientes seis componentes básicos:

1.- Una representación de las soluciones potenciales del problema. La representación es la cadena binaria para la codificación de las soluciones del problema (a la cadena se le llama cromosoma). A cada posición de la cadena se le denomina gene y al valor dentro de esta posición se le llama alelo [1, 14].

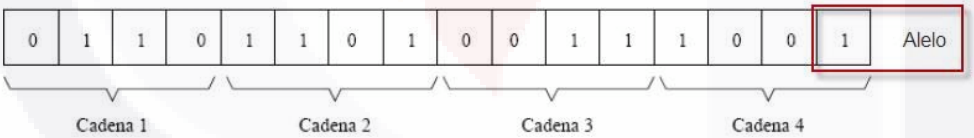


Figura 16: Ejemplo de la codificación (mediante cadenas binarias) usada tradicionalmente con los algoritmos transgénico.

2.- Una forma de crear una población inicial de posibles soluciones (normalmente un proceso aleatorio).

3.- Una *función de evaluación* que juegue el papel del ambiente, clasificando las soluciones en términos de su aptitud.

4.- Un *mecanismo de selección* que permita seleccionar a los individuos de acuerdo a su aptitud. En los algoritmos genéticos se puede llevar el proceso de selección de diversas maneras, ya sea determinística o probabilísticamente (dando la oportunidad a los menos aptos para reproducirse). Las técnicas de selección se pueden agrupar en tres grupos:

(a) Selección proporcional: Originalmente propuesta por Holland [13]. En esta selección los individuos se eligen de acuerdo a su aptitud con respecto a la población. Se subdivide en:

- Ruleta.
- Sobrante estocástico.
- Universal estocástico.
- Muestreo determinístico.

Y puede presentar aditamentos como: escalamiento sigma, jerarquías y selección de Boltzman.

(b) Selección mediante Torneo: Propuesta por Wetzel [20]. Se selecciona con base en comparaciones directas entre los individuos. Se subdivide en:

- Torneo determinístico.
- Torneo probabilístico.

(c) Selección de estado uniforme. Propuesta por Whitley [21], Reemplaza a los individuos menos aptos de la generación por los más aptos de la nueva generación. Esta técnica se usa en los AGs no generacionales.

5.- Operadores genéticos (cruza, mutación y elitismo) que alteren la composición de los hijos que se producirán para las siguientes generaciones. El AG enfatiza la importancia de la cruza sexual (operador principal) sobre el de la mutación (operador secundario) y necesita elitismo para poder converger al óptimo [22].

Existen tres tipos principales de cruza:

- **Cruza de un punto**: se selecciona un punto de manera aleatoria dentro del cromosoma de cada padre y a partir de éste se intercambian los materiales genéticos para dar origen a nuevos individuos [13] Figura 18.
- **Cruza de dos puntos**: Igual a la anterior excepto que se generan dos puntos de cruza por cada padre [23] Figura 19.
- **Cruza uniforme**: cruza de n puntos [24, 25].

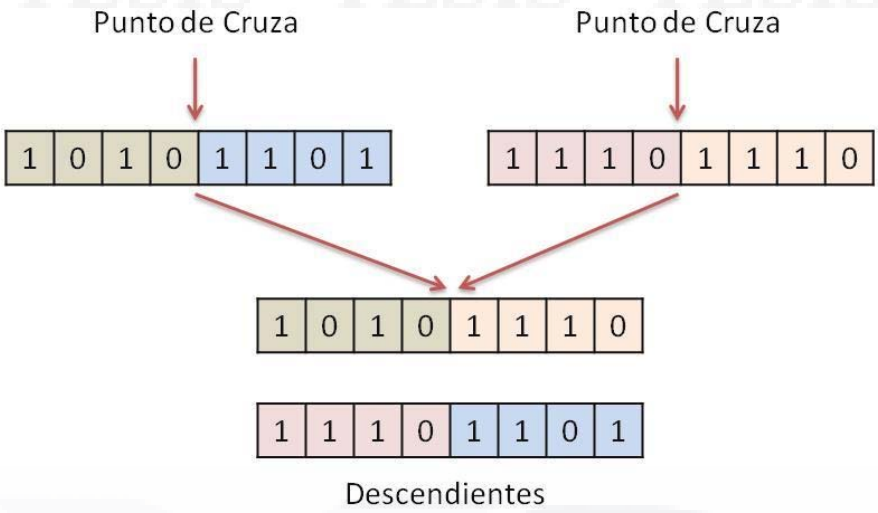


Figura 17: Cruce de un punto.

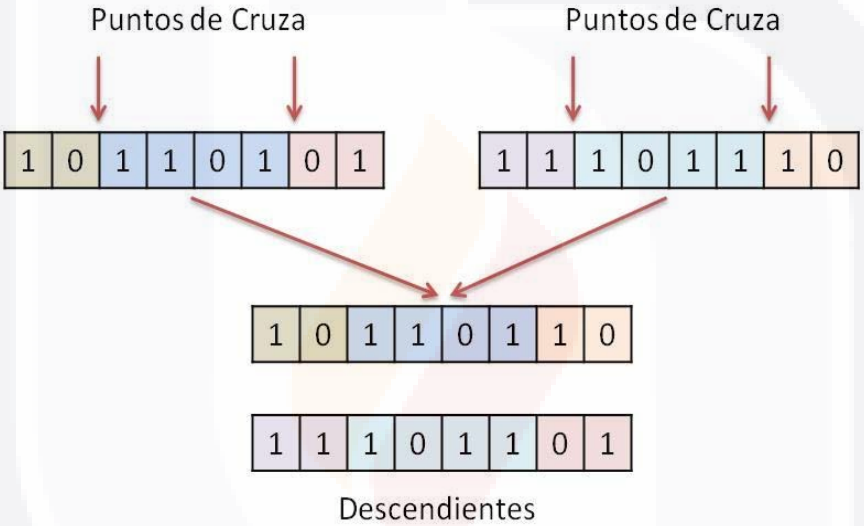


Figura 18: Cruce de dos puntos.

En la Figura 19 se observa la cruza uniforme con una probabilidad de 50%. Nótese que la mitad de los bits del Hijo 1 se tomaron del Padre 1 y la otra mitad, del Padre 2. El Hijo 2 obtiene sus bits de manera opuesta a como las obtiene el Hijo 1 [14].

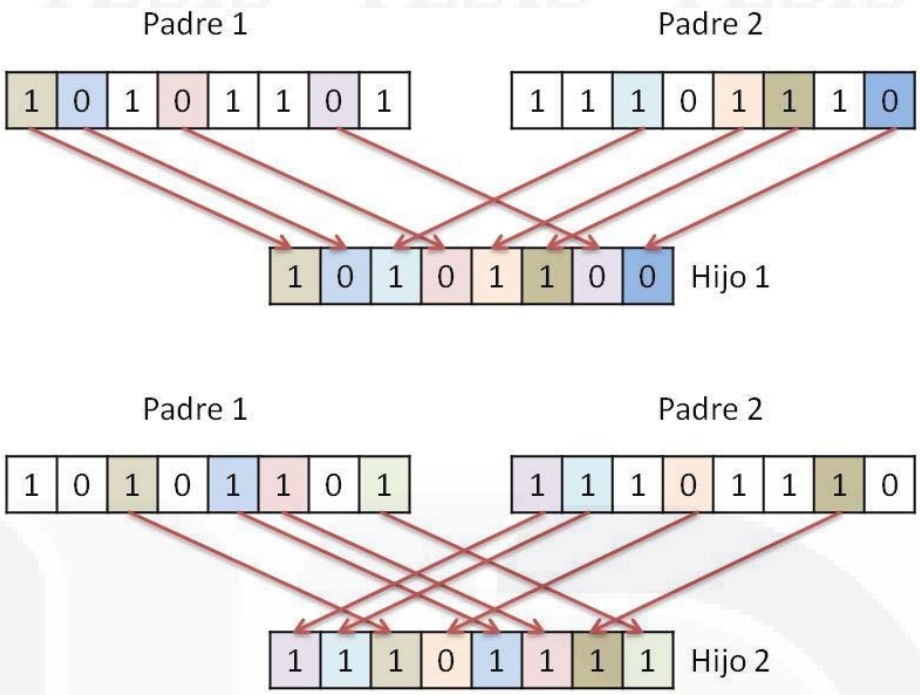


Figura 19: Cruce uniforme

6.- Valores para los diferentes parámetros que utiliza el algoritmo genético (tamaño de la población, probabilidad de cruza, probabilidad de mutación, número máximo de generaciones, etc.).

El algoritmo general de un algoritmo genético simple [26] se muestra en la figura 20:

```
begin
  generar aleatoriamente la población inicial, G(0)
  sea t := 0
  repeat
    sea t := t + 1
    calcular la aptitud de cada individuo de G(t)
    seleccionar G1(t) en base a la aptitud de G(t)
    aplicar los operadores genéticos a G1(t) para generar G(t + 1)
  until que cierta condición se satisfaga
end
```

Figura 20: Algoritmo genético simple

Algunas aplicaciones de los Algoritmos Genéticos son las siguientes [8]:

- Optimización (estructural, de topologías, numérica, combinatoria, etc.)
- Aprendizaje de máquina (sistemas clasificadores)
- Bases de datos (optimización de consultas)
- Reconocimiento de patrones (por ejemplo, imágenes o letras)
- Generación de gramáticas (regulares, libres de contexto, etc.)
- Planeación de movimientos de robots
- Predicción

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

1.10 Programación Genética.

Programación Genética consiste en la evolución automática de programas usando ideas basadas en la selección natural (Darwin). Propuesta inicialmente por Nichal Lynn Cramer [27] y posteriormente, John R. Koza [28] propusieron (de forma independiente) el uso de una representación de árbol figura 21 en la que se implementó un operador de cruza para intercambiar sub-arboles entre los diferentes programas de una población generada al azar (con ciertas restricciones impuestas por la sintaxis del lenguaje de programación utilizado) [1]. La diferencia fundamental entre el trabajo de Cramer y el de Koza es que el primero usó o una función de aptitud interactiva (es decir, el usuario debía asignar a mano el valor de aptitud de cada árbol de la población), mientras el segundo logro automatizarla, por lo anterior expuesto, la propuesta de Koza llego a ser la que se adaptara de manera extendida, quedando asentada con el nombre de Programación genética (PG) [40]. Hoy en día es muy popular y cuenta con una amplia gama de aplicaciones [1].

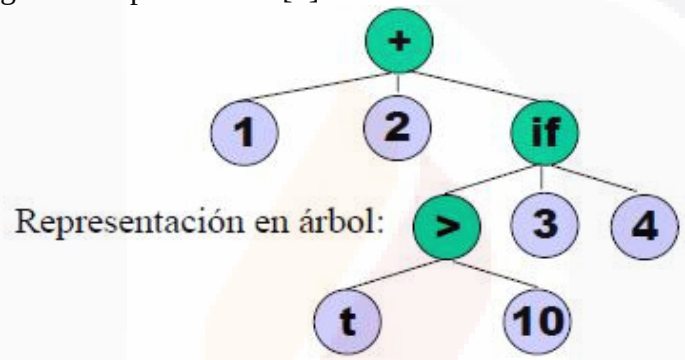


Figura 21: Esquema de árbol para la programación genética

El algoritmo general de la programación Genética [29] se muestra en la figura :

```
begin
  generar aleatoriamente la población inicial, G(0)
  sea t := 0
  repeat
    evaluar los programas en G(t) la población existente y asignar
    un valor de aptitud a cada individuo
    repeat
      seleccionar G_temp en base a algún proceso de selecci G(t)
      aplicar los operadores genéticos a G_temp
      insertar insertar G_temp en G_1(t)
    until la nueva población sea completada
    sea G(t+1) = G_1(t)
    sea t := t+1
  until que cierta condición se satisfaga
  presentar el mejor individuo de la población
end
```

Figura 22: Algoritmo básico de la programación genética

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

Algunas características que defienden a la programación evolutiva son:

- Estructuras sintácticas restringidas.
- Definición automática de funciones.
- Definición automática de iteraciones.
- Definición automática de Bucles.
- Operadores de alteración de la estructura de un programa.
- PG embriológica.

Las áreas de aplicación de la programación evolutiva son diversas pero es importante considerar los siguientes aspectos:

- Donde las interrelaciones entre las variables sea desconocida.
- Donde contemos con buenos simuladores para testear el rendimiento de las soluciones tentativas al problema, pero no contemos con métodos para obtener directamente buenas soluciones.
- Donde las matemáticas convencionales no pueden proporcionarnos soluciones analíticas.
- Donde una solución aproximada es aceptable.
- Donde son muy valoradas las posibles pequeñas mejoras obtenidas en el rendimiento.

1.11 Algoritmos Bioinspirados

Los algoritmos Bioinspirados emplean analogías con sistemas naturales o sociales para la resolución de problemas, simulando el comportamiento de estos, para el diseño de métodos heurísticos no derterministicos de búsqueda, aprendizaje, comportamiento, etc.
En la actualidad los Algoritmos Bioinspirados son uno de los campos más prometedores de la investigación en el diseño de algoritmos.

1.11.1 Colonia de Hormigas.

Las hormigas son insectos sociales que viven en colonias y que, debido a su colaboración mutua, son capaces de mostrar comportamientos complejos y realizar tareas difíciles [30]. Un aspecto a destacar del comportamiento de muchas especies de hormigas es la habilidad de encontrar recorridos cortos entre el hormiguero y una fuente de alimento. Este hecho es especial mente interesante si se toma en cuenta que muchas especies de hormigas son casi ciegas, lo que evita el uso de pistas visuales.
Mientras se mueven entre el hormiguero y la fuente de alimento, algunas especies de hormiga depositan una sustancia química denominada *feromona* (una sustancia que puede “olerse”). Si no existe presencia de feromonas, las hormigas presentan un movimiento básicamente aleatorio, pero cuando existe feromona depositada, tienden a seguir el rastro. De hecho, los experimentos

realizados por biólogos demuestran que la capacidad que tiene una hormiga de seleccionar un camino está directamente ligado a la probabilidad de contener una mayor cantidad de feromona [31, 32]. En la práctica, la elección de distintos caminos toma lugar cuando varios caminos se cruzan. Entonces, las hormigas eligen el camino a elegir a seguir con una decisión probabilística sesgada por la cantidad de feromona: cuanto más fuerte es el rastro de feromona, mayor es la probabilidad de elegirlo [30]. Puesto que las hormigas depositan feromona en el camino que siguen, este comportamiento lleva a un proceso de auto-refuerzo que concluye con la formación de rastros señalados por una concentración de feromona elevada. Este comportamiento permite además a las hormigas encontrar los caminos más cortos entre su hormiguero y la fuente del alimento [30, 32].

En la figura 23 se ilustra cómo este mecanismo permite a las hormigas encontrar el camino más corto. Inicialmente no existe ningún rastro de feromona en el medio y, cuando una hormiga llega a una intersección, elige de manera aleatoria una de las bifurcaciones posibles. Según transcurre el tiempo y mientras que las hormigas están recorriendo los caminos más prometedores, estos van recibiendo una cantidad superior de feromona [33]. Esto ocurre gracias a que al ser los caminos más cortos, las hormigas que los siguen consiguen encontrar la comida más rápidamente, por lo que comienzan su viaje de retorno antes. Entonces, en el camino más corto habrá un rastro de feromona ligeramente superior y, por lo tanto, las decisiones de las siguientes hormigas estarán dirigidas en mayor medida a dicho camino. Además, este camino recibirá una proporción mayor de feromona por las hormigas que vuelven por él que por las que vuelven por el camino más largo. Este proceso finaliza haciendo que la probabilidad de que una hormiga escoja el camino más corto aumente progresivamente y que al final el recorrido de la colonia converja al más corto de todos los caminos posibles [30, 33].

Esta convergencia se complementa con la acción del entorno natural que provoca que la feromona se evapore transcurrido un cierto tiempo. Así, los caminos menos prometedores pierden progresivamente feromona porque son visitados cada vez por menos hormigas [30, 33].

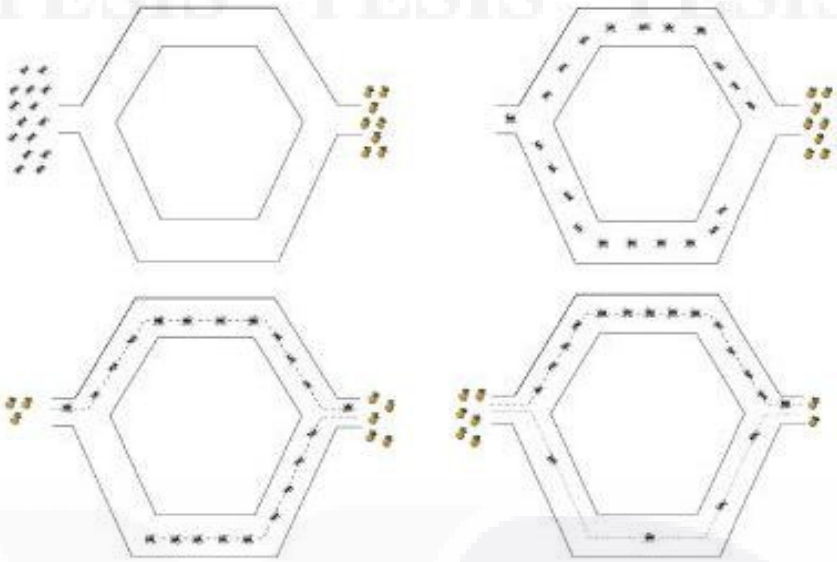


Figura 23. El comportamiento de la colonia termina por obtener el camino más corto entre dos puntos. Basado en una figura de [30, 33].

La estructura de un algoritmo de colonia de hormigas es como sigue [34, 35]:

```
1 Procedimiento Metaheuristica_OCH()
2   Inicializacion_de_parámetros
3   mientras (criterio_de_terminación_no_satisfecho)
4      Programación_de_actividades
5         Generación_de_Hormigas_y_actividad()
6         Evaporacion_de_Feromona()
7         Acciones_del_demonio() {opcional}
8      fin Programación_de_actividades
9   fin mientras
10 fin Procedimiento
```

```
1 Procedimiento Generación_de_Hormigas_y_actividad()
2   repetir en paralelo desde k=1 hasta m (numero_hormigas)
3      Nueva_Hormiga(k)
4   fin repetir en paralelo
5 fin Procedimiento
```

```
1 Procedimiento Nueva_Hormiga(id_Hormiga)
2   inicializa_hormiga(id_Hormiga)
3   L = actualiza_memoria_hormiga()
4   mientras (estado_actual ≠ estado_objetivo)
5      P = calcular_probabilidades_de_transición(A,L,Ω)
6      siguiente_estado = aplicar_política_decisión(P,Ω)
7      mover_al_siguiente_estado(siguiente_estado)
       si (actualizacion_feromona_en_linea_paso_a_paso)
8         depositar_feromona_en_el_arco_vistado()
       fin si
9      L = actualizar_estado_interno()
10  fin mientras
    si (actualizacion_feromona_en_linea_a_posteriori)
11     para cada arco visitado
12        depositar_feromona_en_el_arco_visitado()
13     fin para
    fin si
14  liberar_recursos_hormiga(id_Hormiga)
15 fin Procedimiento
```

1.11.2 Sistema Inmune Artificial.

Una de las principales tareas del sistema inmune es mantener al organismo sano. Algunos microorganismos (llamados patógenos) que invaden al organismo pueden resultar dañinos para éste. Los *antígenos* son moléculas que se encuentran expresadas en la superficie de los patógenos que pueden ser reconocidos por el sistema inmune y que además son capaces de dar inicio a la respuesta inmune para eliminarlos [36].

Esta respuesta defensiva del sistema inmune presenta interesantes características desde el punto de vista del procesamiento de información. Es por ello que se ha usado como inspiración para crear soluciones alternativas a problemas complejos de ingeniería y la ciencia. Esta es un área relativamente nueva a la cual se le llama *sistema inmune artificial* [36, 37].

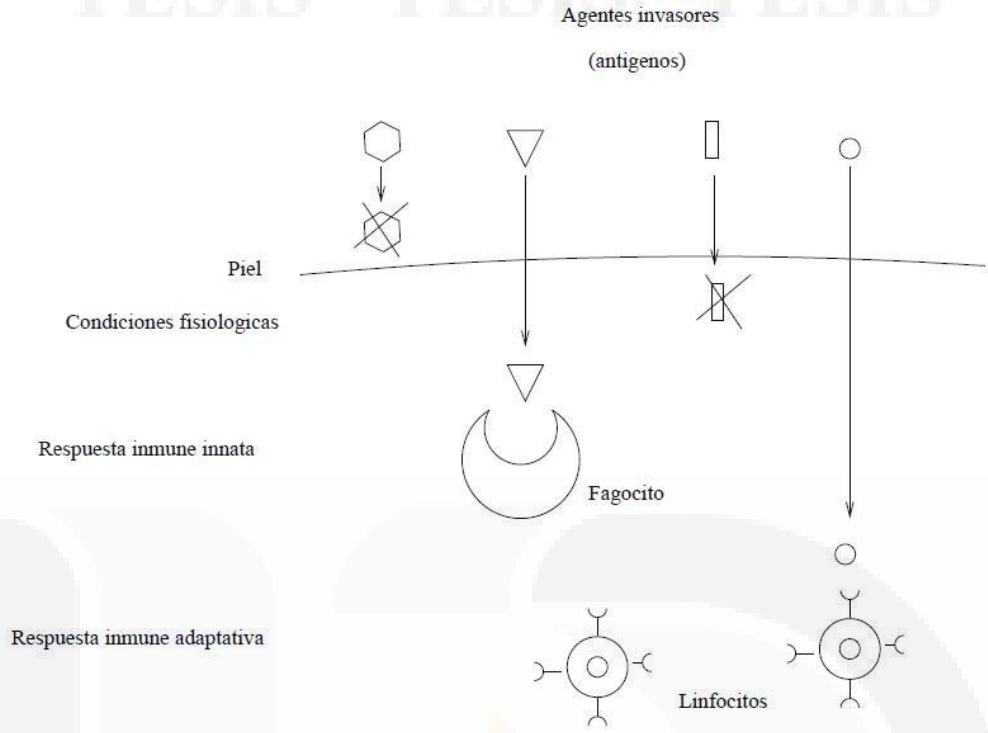


Figura 24. Defensa del sistema inmune por niveles [36].

1.11.2.1 Principio de selección clonal

Uno de los mecanismos del sistema inmune que intenta explicar el proceso por el cual se combate contra un antígeno es el llamado *principio de selección clonal*, el cual establece la idea de que sólo aquellas células inmunes (*linfocitos B*) que mejor reaccionen ante el estimulo de un antígeno se clonar. A continuación se describe de manera muy simplificada [36, 37] este principio: Cuando se ha detectado la presencia de algún invasor, aquellos *linfocitos* con afinidad más alta con respecto al invasor, sufren un proceso de clonación seguido de una mutación de gran magnitud o hipermutación. Después de esta clonación y mutación los linfocitos se convierten en grandes productores de anticuerpos que eliminaran y neutralizaran a los antígenos invasores [36].

El exceso de células es eliminado. Sin embargo, una parte de ellas permanece en el organismo circulando por un largo periodo como células de memoria, de manera que, cuando se presenta el mismo tipo de antígeno o uno similar, la respuesta del sistema inmune es más rápida y eficiente. A esta respuesta se le llama *respuesta secundaria*.

El algoritmo propuesto es como sigue [36]:

1. La población inicial se crea de manera que los individuos estén distribuidos a lo largo del espacio de búsqueda de manera uniforme.

2. Inicializar la memoria secundaria (externa) de manera tal que esté vacía.

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

3. Determinar para cada individuo de la población, si es dominado (en el sentido de Pareto) o no y, para el caso de problemas con restricciones, determinar si es factible o no.

4. Determinar cuáles son los mejores linfocitos, de acuerdo al siguiente criterio:
   Para un espacio sin restricciones: Todos los individuos no dominados son los mejores.
   Para un espacio restringido:
   i. Si existen individuos factibles: Se selecciona a los no dominados (con respecto al conjunto de individuos factibles).
   ii. Si no existe ningún individuo factible: Todos los individuos no dominados.

5. Copiar a los mejores linfocitos (resultantes del paso anterior) en la memoria secundaria.

6. Se determina para cada "mejor linfocito" la cantidad de clones que se deben crear, de manera tal que el total de clones sea igual al 60% de la población.
7. Además, si la memoria secundaria está saturada, se aplica el siguiente criterio:
   i. Si al individuo no se le permitió ingresar a la memoria secundaria por ser repetido o pertenecer a la celda más saturada, entonces se crean cero clones.
   ii. Si el individuo pertenece a una celda de la memoria secundaria, tal que su población es menor al promedio (con respecto a la cantidad de individuos en cada celda de la memoria secundaria), entonces la cantidad de clones se duplica.
   iii. Si el individuo pertenece a una celda con población mayor al promedio (con respecto a todas las celdas), entonces la cantidad de clones es dividida entre 2.

8. Se realiza el proceso de clonación de los mejores linfocitos de acuerdo a la información creada en el paso anterior.

9. Se aplica el operador de mutación a los clones. El número de genes que se mutan de cada cadena cromosómica, es igual a la cantidad de variables existentes.

10. Aquellos linfocitos que no resultaron ser los mejores, se les aplica el operador de mutación uniforme. El porcentaje de mutación inicial es alto y se va decrementando a lo largo de las generaciones de manera lineal (desde 0.9 hasta 0.3)

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

11. Si la memoria secundaria está saturada, se aplica cruza a una fracción de ella (cruza de dos puntos). Los individuos resultantes que sean no dominados ingresan a la memoria.

12. El tamaño de la población debe regresarse a su valor original, de manera que se eliminan a los individuos excedentes, dando preferencia de sobrevivir a los nuevos clones.

13. Se repite el proceso desde el paso 3 un número predeterminado de veces.

1.12 Modelos Probabilísticos

Los EDAs (*Estimation of Distribution Algorithms*) [38] son algoritmos que usan un modelo probabilístico de soluciones promisorios para guiar la exploración posterior del espacio de búsqueda. Su motivación principal fue la limitante de los AGs en problemas en los cuales los bloques constructores no se encuentran fuertemente unidos. En dichos problemas, se vuelve necesario aprender la estructura del problema en tiempo real, de manera que se pueda usar esta información para realizar la recombinación de la manera más apropiada. Los EDAs son precisamente este tipo de algoritmos [6].
Los EDAs usan una población inicial generada aleatoriamente, al igual que el AG simple. La distribución de probabilidad verdadera se estima a partir de un conjunto selecto de soluciones de esta población. Se generan luego nuevas soluciones de acuerdo a esta estimación. Las nuevas soluciones se agregan a la población original, reemplazando algunas de las anteriores. Este proceso continúa hasta alcanzar la condición de paro del algoritmo. Los EDAs son, por tanto, similares a los AGs, excepto por el hecho de que no usan cruza ni mutación [6].
Los operadores genéticos se reemplazan por los dos pasos siguientes [6]:

- Se construye un modelo (un estimado de la verdadera distribución) de las soluciones prometedoras.
- Se generan nuevas soluciones de acuerdo al modelo construido.

Aunque los EDAs procesan soluciones de manera diferente que los AGs simples, se ha demostrado teórica y empíricamente que los resultados de ambas técnicas son muy similares. Por ejemplo, el AG simple con cruza uniforme es asintóticamente equivalente al algoritmo de distribución marginal univariada que supone que las variables son independientes [6].
Una estimación de distribución puede capturar la estructura de los bloques constructores de un problema de forma muy precisa, de forma que se asegure su efectiva recombinación. Esto resulta en un desempeño lineal o subcuadrático de los EDAs en estos problemas.
De hecho, si se obtiene una estimación de distribución precisa que capture la estructura del problema a resolverse, los EDAs convergen de acuerdo a como lo indica la teoría de los AGs. El problema es que determinar dicha estimación es una tarea que dista de lo trivial. Por lo tanto, hay un

compromiso entre precisión y eficiencia de la estimación probabilística adoptada [6].

1.13 Optimización Multiobjetivo.

En la búsqueda de soluciones a problemas del mundo real puede ser necesario satisfacer de manera simultánea múltiples objetivos, los cuales pueden ser contradictorios [39].
De existir la posibilidad de combinar los diferentes objetivos y conociendo la mejor manera de hacerlo, entonces se puede considerar la existencia de un único objetivo a optimizar. En este caso, para obtener la solución óptima, basta con encontrar el mínimo o el máximo de una única función que resuma todos los objetivos. Sin embargo, lo usual es que no se conozca de que manera combinar los diferentes objetivos, o esto sea inadecuado, cuando no imposible. Entonces, se trata de un Problema de Optimización Multiobjetivo (*Multiobjective Optimization Problem* - MOP) [39].

En los problemas de optimización multiobjetivo con objetivos contradictorios no existe una solución única que pueda ser considerada la mejor, sino un conjunto de estas representando los mejores compromisos entre los objetivos, en el sentido que cada una es mejor que las otras en algún objetivo, pero ninguna es mejor que otra en todos los objetivos simultáneamente [39]. Dicho conjunto es llamado conjunto de soluciones Pareto óptimas y sus correspondientes vectores en el espacio objetivo constituyen el denominado Frente Pareto [39].
Los Algoritmos Evolutivos (*Evolutionary Algorithms* - EAs) [39] han demostrado ser especialmente adecuados para la optimización multiobjetivo. Desde la década de los 80s se han desarrollado varios EAs, capaces de buscar múltiples soluciones Pareto óptimas en forma simultánea en una sola corrida [40]. Con el paso de los años, la Optimización Evolutiva Multiobjetivo (EMOO - *Evolutionary MultiObjective Optimization*) se ha establecido como un área importante de investigación, recibiendo cada vez mayor atención [40].
En la actualidad, existe un gran número de Algoritmos Evolutivos para Optimización Multiobjetivo (*Multiobjective Evolutionary Algorithms* - MOEAs) [41]. Con el uso cada vez más extendido de estos algoritmos en problemas reales de optimización, se hace necesario mejorar el desempeño de los mismos [39]. Por lo tanto, para asegurar la aplicabilidad de la técnica de optimización evolutiva multiobjetivo a problemas de complejidad creciente, es necesario mejorar tanto en la efectividad como en la eficiencia de los métodos evolutivos. Para ello, una alternativa es la incorporación de conceptos de paralelismo al diseño de estos algoritmos [39], así tenemos a los algoritmos evolutivos multiobjetivo paralelos (*parallel Multiobjective Evolutionary Algorithms* - pMOEAs).

Por otra parte tenemos a los TA (*Team Algorithm*), que han demostrado ser una excelente técnica computacional para combinar una variedad de algoritmos corriendo en diferentes procesadores de una red típicamente

asíncrona, como las actuales redes de área local conformadas por computadores personales heterogéneos [39].
Ya que se dispone de diversos algoritmos MOEAs surgen el *Team Algorithm Multiobjetive Evolutionary Algorithms* (TA-MOEA) como una alternativa válida para mejorar tanto la efectividad como en la eficiencia al poder explorar con características diferentes porciones, posiblemente disjuntas, del espacio de búsqueda. Siendo el área de algoritmos evolutivos multiobjetivo un área de gran importancia y reciente interés, es necesario determinar las ventajas y desventajas existentes en el desarrollo y aplicación de un TA-MOEA. A fin de determinar la efectividad de la técnica, como en [39]. Para ello, se han realizado implementaciones paralelas de siete algoritmos evolutivos para optimización multiobjetivo y combinando los mismos en un *Team Algorithm*, aplicados a los seis problemas ZDT, que presentan distintas dificultades [39].

Formalmente se define cómo a continuación se menciona

Vector de variables de decisión: Este vector contiene los valores que darán solución a un problema de optimización (Espacio de decisión)

$$\vec{x}^* = [x_1^*, x_2^*, \ldots, x_n^*]^T \qquad (1)$$

Las *m* ecuaciones de desigualdad

$$g_i(\vec{x}) \geq 0 \qquad i = 1, 2, \ldots, m \qquad (2)$$

Las *n* ecuaciones de igualdad

$$h_i(\vec{x}) = 0 \qquad i = 1, 2, \ldots, p \qquad (3)$$

Vector de funciones objetivo: Es el conjunto de funciones que se desean optimizar, las cuales están restringidas por las ecuaciones de igualdad y desigualdad. (Espacio de soluciones, funciones objetivo)

$$\vec{f}(\vec{x}) = [f_1(\vec{x}), f_2(\vec{x}), \ldots, f_k(\vec{x})]^T \qquad (4)$$

Conjunto factible: El conjunto factible ***S*** está definido como el conjunto de vectores de decisión ***x*** que cumple con las restricciones del problema.

$$S = \{\bar{x} \in \bar{X}\}$$

La imagen de ***S*** en el espacio de las funciones objetivo está definida por *Z=f(S)*

Dominancia de Pareto: La dominancia de pareto se da en el espacio de las variables de decisión pero la comparación se da en el espacio de funciones objetivo.

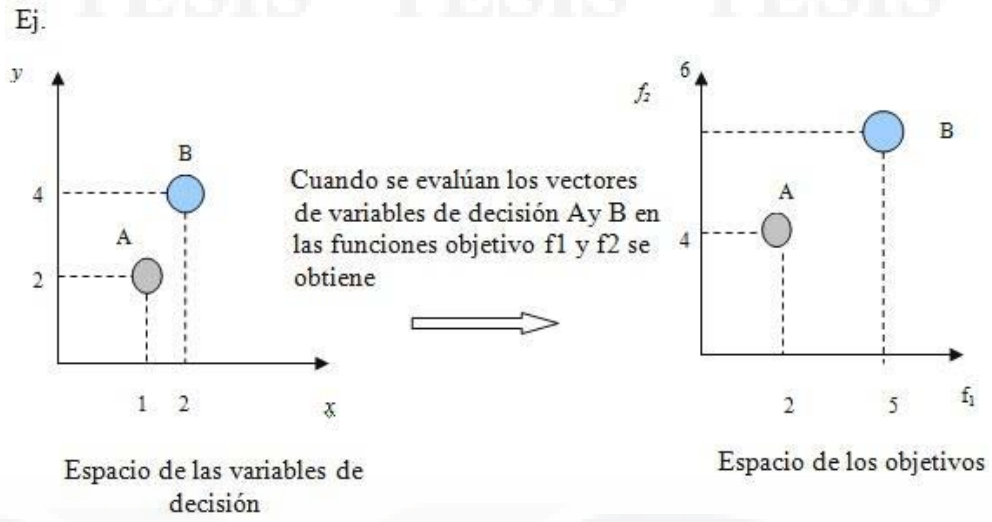


Figura 25. Evaluación de las funciones f1 y f2

1.13.1 Definición de óptimo de pareto:

$\vec{x}^*$ es óptimo si no existe otro vector de variables de decisión no factible $\vec{x} \in \mathcal{F}$ que al decrecer alguno de los criterios no cause un aumento simultáneamente en otro es decir que lo domine. Desafortunadamente, este concepto no da una solución única pero se crea un conjunto de soluciones llamadas Conjunto de Pareto Óptimo. Los vectores $\vec{x}^*$ correspondientes a las soluciones incluidas en el conjunto Pareto Optimo son llamadas ***no-dominadas***.

La grafica de las funciones que sus variables de decisión son ***no-dominadas*** y están en el Conjunto de Pareto Optimo es llamada **Frente de Pareto** [39].

Formalmente se define de la siguiente manera:

$$\overline{x^*} \in S | \neg \exists \overline{y^*} \in S | \bar{f}(\overline{x^*}) \preceq \bar{f}(\overline{y^*})$$

Conjunto de Óptimo de Pareto: Se define como

$$P^* = \{\overline{x^*} \in S | \neg \exists \overline{y^*} \in S | \bar{f}(\overline{x^*}) \preceq \bar{f}(\overline{y^*})\}$$

El conjunto de óptimos de pareto se conforma por las variables de decisión.

Algunas veces existe lo que se conoce como Falso Frente de Pareto, el cuál atrae muchas soluciones

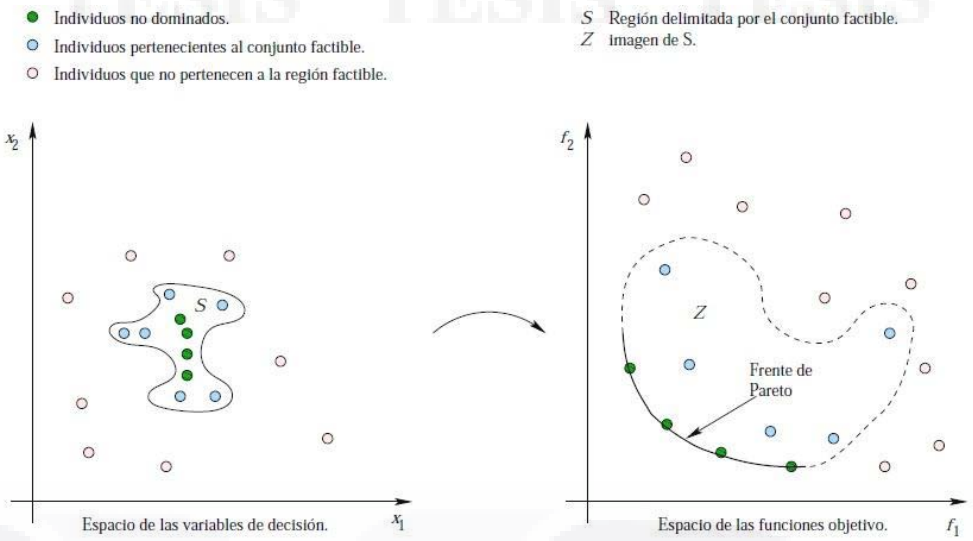


Figura 26. Conjunto factible S y el conjunto de Pareto en el espacio de las variables de decisión (izquierda), y de sus imágenes en espacio de las funciones objetivo (derecha).

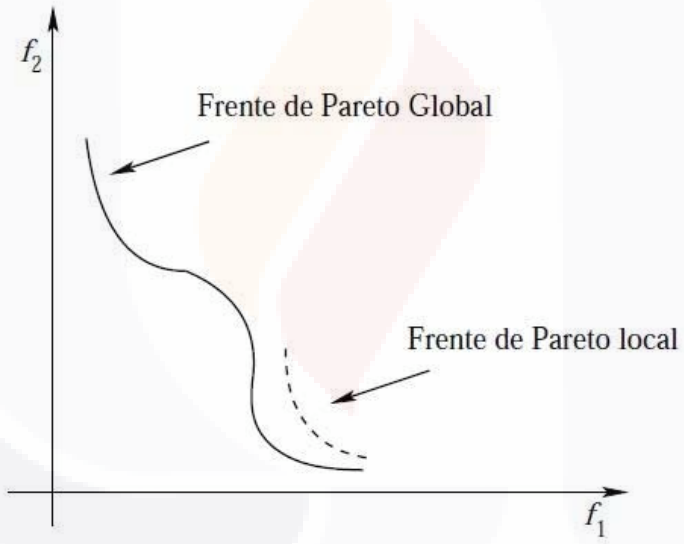


Figura 27 Diferencia entre un frente de Pareto falso y uno verdadero.

Ejemplo:
Un ejemplo claro es la compra de un auto. En este caso lo que se toma en cuenta son el precio y el poder de la máquina, las cuales serán las funciones objetivo.

El espacio de valores de las variables de decisión (Espacio de decisión)

-Los diferentes modelos y marcar de automóviles

El espacio de los objetivos

- Los resultado obtenidos de evaluar las características de cada modelo (Espacio de objetivos)

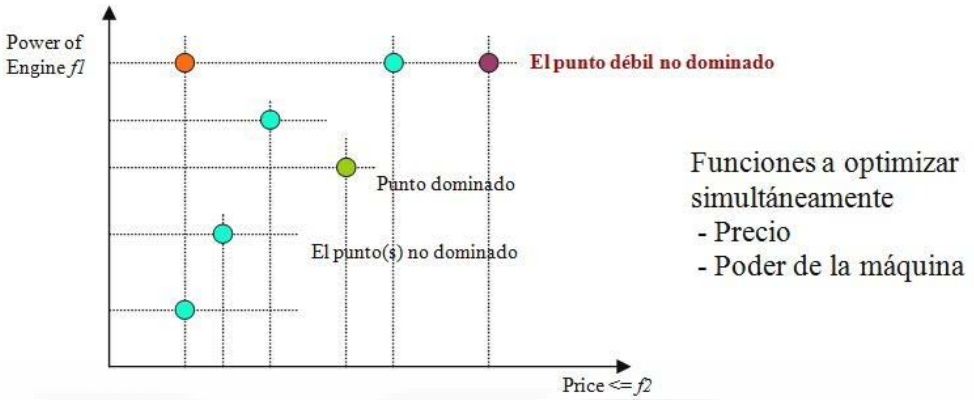


Figura 28. Ejemplo del frente de Pareto.

1.13.2 Estado Actual.

Actualmente existen unas 30 técnicas de optimización multiobjetivo en la literatura de investigación de operaciones. Sin embargo, la mayoría de ellas están limitadas a frentes de Pareto con ciertas características (p.ej., convexos) y suelen requerir un punto inicial de búsqueda. Adicionalmente, suelen generar una sola solución por ejecución.

1.13.3 Uso de de Algoritmos Evolutivos.

El potencial de los algoritmos evolutivos para resolver problemas de optimización multiobjetivo se remonta a finales de los 1960s en que la tesis doctoral de Rosenberg [42] 1967 indico la posibilidad de usar algoritmos genéticos en este dominio. Sin embargo, el primer intento real por extender un algoritmo evolutivo a problemas multiobjetivo es el Vector Evaluated Genetic Algorithm (VEGA) desarrollado por Schafer en su tesis doctoral de 1984 y presentado en la Primera Conferencia Internacional de Algoritmos Genéticos (en 1985) [39].
Pueden considerarse, en general, dos tipos principales de algoritmos evolutivos multiobjetivo:

1. Los algoritmos que no incorporan el concepto de óptimo de Pareto en el mecanismo de selección del algoritmo evolutivo (p.ej., los que usan funciones agregativas lineales) [39].
2. Los algoritmos que jerarquizan a la población de acuerdo a si un individuo es no dominado o no (usando el concepto de optimo de Pareto). Ejemplos: MOGA, NSGA, NPGA, etc [39].

Históricamente podemos considerar que ha habido dos generaciones de algoritmos evolutivos multiobjetivo:

1. Primera Generación: Caracterizada por el uso de jerarquización de Pareto y nichos. Algoritmos relativamente simples. También se

produjeron enfoques más rudimentarios (p.ej., funciones agregativas lineales).

2. Segunda Generación: Se introduce el concepto de elitismo en dos formas principales: usando selección ($\mu + \lambda$) y usando una población secundaria.

1.13.4 Ventajas de los algoritmos evolutivos

Los algoritmos evolutivos son especialmente apropiados para resolver problemas de optimización multiobjetivo debido a su gran flexibilidad, adaptabilidad y sólido desempeño. Estas características hacen posible que sea capaz de lidiar con diferentes formas del frente de Pareto (desconectados, convexos o cóncavos), sin que se degrade su desempeño. También le permite localizar y poblar zonas promisorias en problemas con grandes espacios de búsqueda mientras que las técnicas tradicionales no podrían acercarse siquiera a la zona factible de muchos de ellos (generalmente asumen que el frente de Pareto es convexo y que las funciones objetivo son diferenciables). Adicionalmente a esto los algoritmos evolutivos tienen la capacidad inherente de encontrar diferentes miembros del conjunto de óptimos de Pareto en una sola corrida, gracias en gran medida al hecho de que son una técnica poblacional y no una técnica local como el recocido simulado o la búsqueda tabú.

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

Capitulo 2

Biotecnología

2.1 Biotecnología hoy.

Ya que hemos analizado los orígenes que dieron la pauta para la creación de heurísticas tan conocidas como son los algoritmos genéticos [8], explicaremos ahora de donde surge la inspiración para realizar lo que aquí se propone que como ya se ha mencionado antes es una Heurística basada en la Biotecnología, pero que es biotecnología, existen varias definiciones pero nos quedaremos con la pronunciada en Convention on Biological Diversity organizada por las Naciones unidas: *"Es cualquier aplicación tecnológica que usa sistemas biológicos, organismos vivientes, o derivados de estos, para hacer o modificar productos o procesos para un uso específico"* [43].

Para poder entender mejor el concepto de biotecnología nos remontaremos a su historia así como algunos de sus usos más conocidos, conoceremos las ventajas y sus desventajas y veremos su implementación, claro todo desde el punto de vista biológico.

La Biotecnología posee la capacidad de cambiar a la comunidad industrial del ya del siglo XXI debido a su potencial para producir cantidades prácticamente ilimitadas de:

- Sustancias de las que nunca se había dispuesto antes;
- Productos que se obtienen normalmente en cantidades pequeñas ;
- Productos con costo de producción mucho menor que el de los fabricados por medios convencionales ;
- Productos que ofrecen mayor seguridad que los hasta ahora disponibles.
- Productos obtenidos a partir de nuevas materias primas más abundantes y baratas que las utilizadas anteriormente.

Por ejemplo la **manipulación genética de las plantas** en beneficio del hombre es parte de la Biotecnología [44].

La biotecnología moderna se puede definir como una actividad multidisciplinaria, cuyo sustento es el conocimiento en la frontera generado en diversas disciplinas (entre otras, biología molecular, ingeniería bioquímica, microbiología, inmunología, bioquímica, genómica,

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

bioinformática, ingeniería de proteínas), que permite el estudio integral y la manipulación de los sistemas biológicos (microbios, plantas y animales). A partir de dicho estudio integral y del uso de los sistemas biológicos, sus productos y sus partes, la biotecnología moderna busca hacer una utilización inteligente, respetuosa y sustentable de la biodiversidad, mediante el desarrollo de tecnología eficaz, limpia y competitiva para facilitar la solución de problemas importantes en sectores tales como el de la salud, el agropecuario, el industrial y del medio ambiente [45].
De lo anterior, se desprende que hay un conjunto de disciplinas y campos disciplinarios (alimentos, agronomía, agrobiotecnología, biorremediación, medicina molecular, monitoreo y diagnóstico, etc.), que se sustentan a su vez en la biotecnología.

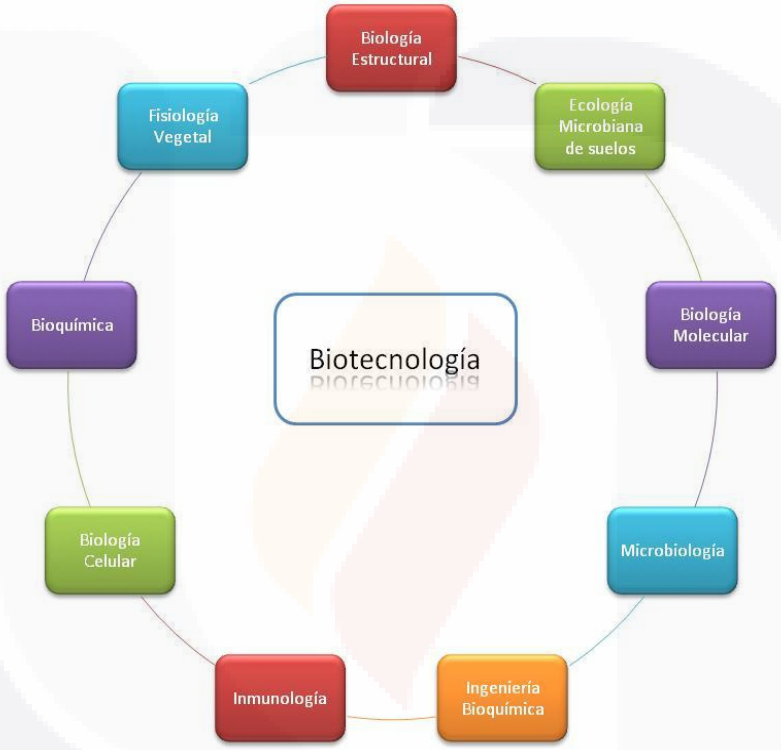


Figura 29. La Biotecnología es una actividad multidisciplinaria sustentada en varias disciplinas [45].

2.2 Clasificación y Técnicas usadas en la Biotecnología.

La biotecnología, y en particular la llamada "nueva biotecnología", se ha convertido en las últimas décadas en el centro de investigación científica puntera. La mayor parte de los presupuestos gubernamentales dedicados a Investigación y Desarrollo está, hoy en día, dedicada a éste ámbito tecnocientífico [46].

La biotecnología puede ser clasificada en cinco amplias áreas.

- Biotecnología en Salud Humana (Donde se incluye la Alimentaria).
- Biotecnología Animal.
- Biotecnología Industrial.
- Biotecnología Vegetal.

2.2.1 Biotecnología animal.

La biotecnología animal ha experimentado un gran desarrollo en las últimas décadas. Las aplicaciones iníciales se dirigieron principalmente a sistemas diagnósticos, nuevas vacunas y drogas, fertilización de embriones in vitro, uso de hormonas de crecimiento, etc. Los animales transgénicos como el "ratón oncogénico" han sido muy útiles en trabajos de laboratorio para estudios de enfermedades humanas [46].

Existen tres áreas diferentes en las cuales la biotecnología puede influir sobre la producción animal:

- El uso de tecnologías reproductivas.
- Nuevas vacunas.
- Nuevas bacterias y cultivos celulares que producen hormonas.

En animales tenemos ejemplos de modelos desarrollados para evaluar enfermedades genéticas humanas, el uso de animales para la producción de drogas y como fuente donante de células y órganos, por ejemplo el uso de animales para la producción de proteínas sanguíneas humanas o anticuerpos.
Para las enfermedades animales, la biotecnología provee de numerosas oportunidades para combatirlas, y están siendo desarrolladas vacunas contra muchas enfermedades bovinas y porcinas, que en los últimos tiempos han hecho mella en estos animales [46].
Otro ejemplo de cómo pueden ser modificados los animales se observa en la figura 30, en donde se observa un salmón del doble del tamaño que uno normal, ya que fue modificado para crecer más pero sin perder sus cualidades de sabor esto fue hecho por la Business Development at Aqua Bounty Farms, una compañía de biotecnología de Massachusetts [47].

Figura 30. Salmon modificado genéticamente por Business Development at Aqua Bounty Farms [47].

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

2.2.2 Biotecnología Industrial.

Las tecnologías de ADN ofrecen muchas posibilidades en el uso industrial de los microorganismos con aplicaciones que van desde producción de vacunas recombinantes y medicinas, tales como insulina, hormonas de crecimiento, como enzimas y producción de proteínas especiales. Desde hace varias décadas las grandes multinacionales de la biotecnología tienen puestos sus ojos en el control de algo vital para todos los pueblos del planeta, las plantas. Ya que, tanto las plantas silvestres como los cultivos encierran unas posibilidades de hacer negocio verdaderamente insospechadas. Y esta posibilidad la han visto claramente dos empresas como:

- Pharmagenesis es una empresa Americana que une, la investigación de las plantas, la biología y la informática. Esta empresa basa sus estudios en el análisis de una planta china, llamada *"Liana del Dios del Trueno"*, ha sido analizada química y genéticamente y se ha descubierto que es eficaz contra la artritis y además es anti cancerígena, ya que la molécula extraída de la planta provoca el suicidio de las células cancerígenas de distintos tumores. Los chinos llevan muchos años (muchísimos) utilizando de forma natural estas plantas, pero Pharmagenesis tiene la patente para explotar el principio activo de la "Liana del Dios del Trueno" y los chinos no obtienen ningún beneficio de ello, en cambio, esta empresa ganará mucho dinero por los derechos de autor en la venta de cada caja de medicamento que se venda. Pharmagenesis piensa que de alguna forma compensa a los ciudadanos chinos, puesto que les compra las plantas y porque todos sus empleados, en China, son nacionales del país [46].

- Otra de estas industrias es Monsanto. Esta empresa americana es una de las gigantes de la química y los plásticos, y desde hace poco, de los genes. Ha creado cerca de dos hectáreas de invernaderos en los que ha recreado los distintos climas existentes en el mundo, incluso las estaciones, y ha plantado en ellas una gran variedad de plantas, arroz, soja, maíz, tabaco, etc., a las que somete a estudios y pruebas. En sus estudios, cultiva plantas transgénicas, y las sitúa junto a otras plantas que no han sido modificadas genéticamente, y el resultado es asombroso. La planta de patata transgénica ha soportado una plaga de escarabajos, debido a que en sus hojas existe una sustancia letal para ellos, en cambio la planta no modificada ha quedado destrozada por el ataque. Monsanto se fundó en 1901, en ese momento era una de las cinco mayores empresas químicas americanas. Fabricó muchos productos que después se demostró que eran tóxicos. En la guerra de Vietnam la aviación norteamericana derramó un potente herbicida, "el agente naranja" y uno de los principales proveedores fue Monsanto. Hoy hace lo que puede por cambiar de imagen, pero parece que no lo está logrando del todo, ya que se sabe que cada año destina un 20% más al desarrollo y elaboración de herbicidas [45].

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

Todos los beneficios que obtiene, los están destinando al descubrimiento de nuevos genes y puesta a punto de nuevas plantas. En 1998 obtuvo unos beneficios de 118.000.000 millones de pesetas. Monsanto ha declarado que para el 2002 producirá algodón coloreado genéticamente, será de color amarillo, rojo, blanco y azul. No será necesario tintarlo después.
Es uno de los principales productores de soja transgénica. Los agricultores que adquieren semillas transgénicas contratan con ella deben firmar un contrato por el que se comprometen a pedir otro stock de semillas al año siguiente, no tiene derecho a revender las semillas a otros, ya que tienen que devolverlas a la empresa, tampoco pueden volver a utilizarlas, los agricultores están atrapados por la empresa ya que crean en ellos una dependencia total. Mediante una tarjeta de socio o cliente controlan a los agricultores, saben cuántos kilos de semillas se han llevado, dónde la cultivan, en qué fecha la cultivan, etc.
Nueve de cada diez agricultores siguen a Monsanto y nueve de cada diez venden su soja a una empresa que, curiosamente, pertenece a Monsanto desde hace unos pocos años. Es una prisión para los agricultores ya que entran en un círculo vicioso del que es difícil salir. Estos agricultores de soja transgénica utilizan un herbicida, propiedad de Monsanto, lo esparcen sobre el terreno y lo dejan limpio para sembrar, esparcen las semillas y tres meses después vuelven a echar el herbicida, que mata todo menos la planta de soja. Monsanto les prometía cosechas abundantes y grandes beneficios, los agricultores se quejan de la escasez de las mismas y de lo caras que son las semillas, pero la gran empresa alega que ha de proteger sus obras científicas y quien quiera utilizarlas ha de pagar su precio: "La población mundial crece, por lo que hay que producir más alimentos pero el terreno de cultivo sigue siendo el mismo, por ello es necesario cultivar más y mejor." (Monsanto) [46]

Ha patentado una semilla que esteriliza las semillas que produce, por lo que éstas no servirán para poder plantar al año siguiente. Esta semilla es denominada por los ecologistas como "terminator". También ha modificado una mala hierba que ahora produce plástico flexible.

Algunas empresas con presencia en México son:

Bayer CropScience	Bayer CropScience
DowAgroScience	Dow AgroSciences
Du Ponnt - Pioneer	PIONEER. A DuPont Company
Monsanto	MONSANTO
Syngenta	syngenta

Tabla 3. Alagunas Empresas que usan Biotecnología y que laboran en México.

2.3 Biotecnología Ambiental.

La biotecnología ambiental se refiere a la aplicación de los procesos biológicos modernos para la protección y restauración de la calidad del ambiente.

El uso de microorganismos en procesos ambientales se encuentra desde el siglo XIX. Hacia finales de 1950 y principios de 1960, cuando se descubrió la estructura y función de los ácidos nucléicos, se puede distinguir entre biotecnología antigua tradicional y la biotecnología de segunda generación, la cual, en parte, hace uso de la tecnología del ADN recombinante. Actualmente, la principal aplicación de la biotecnología ambiental es limpiar la polución. La limpieza del agua residual fue una de las primeras aplicaciones, seguida por la purificación del aire y gases de desecho mediante el uso de biofiltros. La biorremediación (uso de sistemas biológicos para la reducción de la polución del aire o de los sistemas acuáticos y terrestres) se está enfocando hacia el suelo y los residuos sólidos, tratamientos de aguas domésticas e industriales, aguas procesadas y de consumo humano, aire y gases de desecho, lo que está provocando que surjan muchas inquietudes e interrogantes debido al escaso conocimiento de las interacciones de los organismos entre sí, y con el suelo. Los sistemas biológicos utilizados son microorganismos y plantas.

Un ejemplo de ellos es la fitorremediacion.

La fitorremediación es el uso de plantas para limpiar ambientes contaminados. Aunque se encuentra en desarrollo, constituye una estrategia muy interesante, debido a la capacidad que tienen algunas especies vegetales de absorber, acumular y/o tolerar altas concentraciones de contaminantes como metales pesados, compuestos orgánicos y radioactivos [48]. La fitorremediación ofrece algunas ventajas y desventajas frente a los otros tipos de biorremediación:

Ventajas:

- Las plantas pueden ser utilizadas como bombas extractoras de bajo costo para depurar suelos y aguas contaminadas.
- Algunos procesos degradativos ocurren en forma más rápida con plantas que con microorganismos.
- Es un método apropiado para descontaminar superficies grandes o para finalizar la descontaminación de áreas restringidas en plazos largos.

Limitaciones**:**

- El proceso se limita a la profundidad de penetración de las raíces o aguas poco profundas.
- Los tiempos del proceso pueden ser muy prolongados.
- La biodisponibilidad de los compuestos o metales es un factor limitante de la captación.

Las plantas pueden incorporar las sustancias contaminantes mediante distintos procesos que se representan en la siguiente ilustración y se explican en la tabla que continúa [48]:

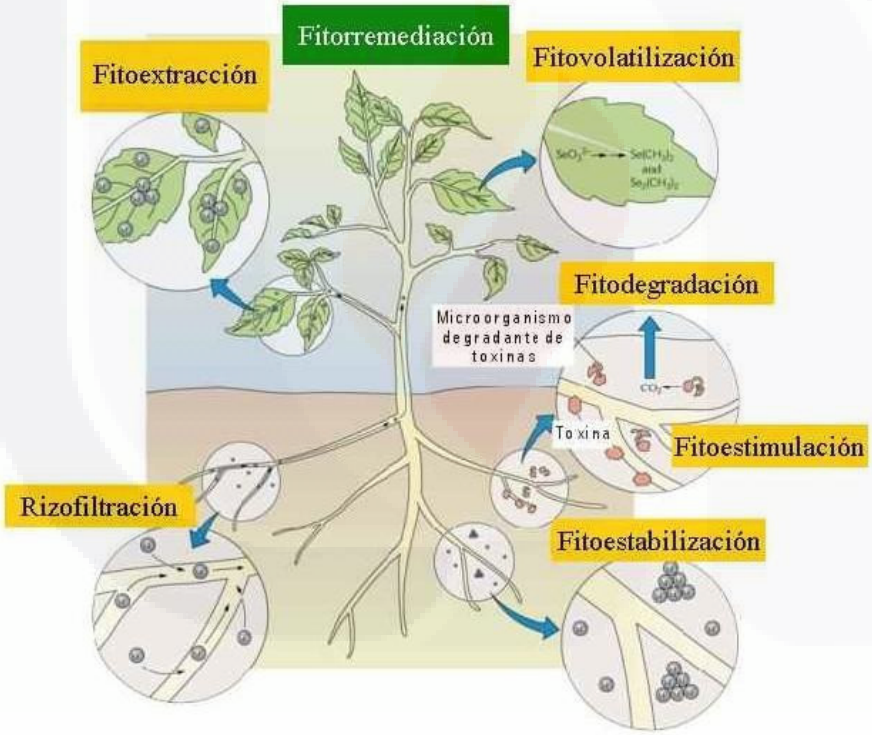


Figura 31. Tipos de fitorremediación, en donde se indica la zona de la planta en donde ocurre el proceso [48].

Tipo	Proceso Involucrado	Contaminación Tratada
Fitoextracción	Las plantas se usan para concentrar metales en las partes cosechables (hojas y raíces)	Cadmio, cobalto, cromo, niquel, mercurio, plomo, plomo selenio, zinc
Rizofiltración	Las raíces de las plantas se usan para absorber, precipitar y concentrar metales pesados a partir de efluentes líquidos contaminados y degradar compuestos orgánicos	Cadmio, cobalto, cromo, níquel, mercurio, plomo, plomo selenio, zinc isótopos radioactivos, compuestos fenólicos
Fitoestabilización	Las plantas tolerantes a metales se usan para reducir la movilidad de los mismos y evitar el pasaje a napas subterráneas o al aire.	Lagunas de desecho de yacimientos mineros. Propuesto para fenólicos y compuestos clorados.
Fitoestimulación	Se usan los exudados radiculares para promover el desarrollo de microorganismos degradativos (bacterias y hongos)	Hidrocarburos derivados del petróleo y poliaromáticos, benceno, tolueno, atrazina, etc
Fitovolatilización	Las plantas captan y modifican metales pesados o compuestos orgánicos y los liberan a la atmósfera con la transpiración.	Mercurio, selenio y solventes clorados (tetraclorometano y triclorometano)
Fitodegradación	Las plantas acuáticas y terrestres captan, almacenan y degradan compuestos orgánicos para dar subproductos menos tóxicos o no tóxicos.	Municiones (TNT, DNT, RDX, nitrobenceno, nitrotolueno), atrazina, solventes clorados, DDT, pesticidas fosfatados, fenoles y nitrilos, etc.

Tabla 4. Tipos de fitorremediación, en donde se indica las características de cada una de ellas [48].

Cada vez más compañías industriales están desarrollando procesos en el área de prevención, con el fin de reducir el impacto ambiental como respuesta a la tendencia internacional al desarrollo de una sociedad sostenible. La biotecnología puede ayudar a producir nuevos productos que tengan menos impacto ambiental.

En definitiva, la biotecnología puede ser utilizada para evaluar el estado de los ecosistemas, transformar contaminantes en sustancias no tóxicas, generar materiales biodegradables a partir de recursos renovables y

desarrollar procesos de manufactura y manejo de desechos ambientalmente seguros [46].

2.4 Biotecnología Vegetal.

Con las técnicas de la biotecnología moderna, es posible producir más rápidamente que antes, nuevas variedades de plantas con características mejoradas, produciendo en mayores cantidades, con tolerancia a condiciones adversas, resistencia a herbicidas específicos, control de plagas, cultivo durante todo el año. Problemas de enfermedades y control de malezas ahora pueden ser tratados genéticamente en vez de con químicos.
La ingeniería genética (proceso de transferir ADN de un organismo a otro) aporta grandes beneficios a la agricultura a través de la manipulación genética de microorganismos, plantas y animales. Una planta modificada por ingeniería genética, que contiene ADN de una fuente externa, es un organismo transgénico. Un ejemplo de planta transgénica es el tomate que permite mantenerse durante más tiempo en los almacenes evitando que se reblandezcan antes de ser transportados.
En el mes de Enero del pasado año 2000, se llegó a un acuerdo sobre el Protocolo de la Bioseguridad. Europa y Estados Unidos acordaron establecer medidas de control al comercio de productos transgénicos [45].
Más de 130 países dieron el visto bueno al acuerdo de Montreal, sin embargo, en este acuerdo existen partes con posiciones, que si no son incompatibles, sí son contradictorias en lo relativo al etiquetado y comercialización de estos productos:

- De una parte encontramos a EEUU y a sus multinacionales, que acompañados por otros grandes países exportadores de materias primas agrícolas, quieren una legislación abierta y permisiva, en la que el mercado sea quien imponga su ley. EEUU defiende el uso de la biotecnología y pone de relieve la importancia de su industria, que crea nuevos puestos de trabajo y fomenta la innovación tecnológica y podría acabar con el hambre del mundo.
- En el lado opuesto se encuentra la Unión Europea y otros países desarrollados de Asia, que pretenden poner orden y límite a ese comercio, empezando por un etiquetado riguroso que diferencie, tanto las materias primas como los productos elaborados en los que se incluyan organismos modificados genéticamente (OMG). Así mismo pretenden controlar y limitar el desarrollo de las patentes, propugnando incluso, una moratoria de 10 años, debido a que no se conoce con certeza los verdaderos efectos de esas manipulaciones genéticas sobre el resto de variedades vegetales y sobre el ecosistema. España ha sido acusada por grupos ecologistas y organizaciones agrarias como, COAG y UPA de ser uno de los países más permisivos en este aspecto.
- El sector más radical lo constituye aquellos los grupos conservacionistas y colectivos científicos que abogan por la prohibición de cualquier tipo de alteración de los códigos genéticos.

Las multinacionales de la biotecnología son las que, por ahora se están llevando el gato al agua. Los cinco gigantes son:

- AstraZeneca.
- DuPont.
- Monsanto.
- Novartis.
- Aventis.

Suponen el 60% del mercado de pesticidas.
23% del mercado de semillas.
100% del mercado de semillas transgénicas.

Entre los cultivos transgénicos autorizados en la Unión Europea:

PRODUCTO EMPRESA

Tabaco Selta.
Soja Monsanto.
Colza PGS.
Maíz Novartis.
Colza AgrEvo.
Maíz (T25) AgrEvo.
Maíz (MON 810) Monsanto.
Maíz (MON 809) Ploneer.
Achicoria Bejo Zaden.
Colza AgrEvo.
Maíz Novartis.
Colza PGS.
Patata AVEBE.
Remolacha DLF-Trifolium.
Clavel Florigene.
Tomate Zeneca.
Algodón Monsanto.
Maíz DeKalb.
Patata Amylogene.
Clavel Florigene.

En Europa, los casos de Soja y Maíz transgénicos resultan de especial relevancia. La soja se utiliza en un 40 a 60% de los alimentos procesados: aceite, margarina, alimentos dietéticos e infantiles, cerveza, etc. España importa de EEUU 1.5 millones de toneladas, el cuarto país importador detrás de Japón, Taiwan y Holanda.
La comercialización del maíz transgénico está autorizada en EEUU, Canadá, Japón y también en la Unión Europea desde Enero de 1997 [45].
En las figuras se observa la situación mundial de cultivos biotecnológicos hasta el año del 2008 basado en la ISAAA

(International Service for the Arcquisition of Agri-Biotech Applications).

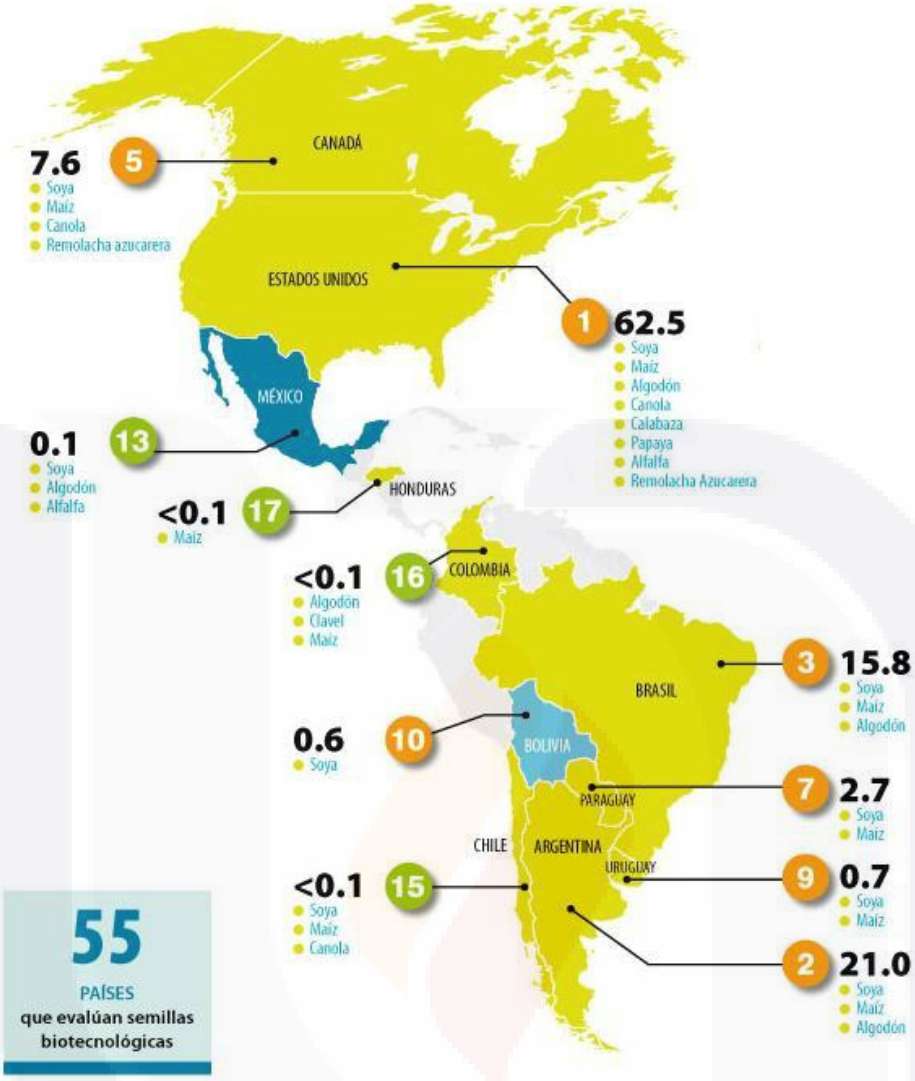


Figura 32. Cultivos Biotecnológicos en el 2008 expresado en millones de hectáreas en América.

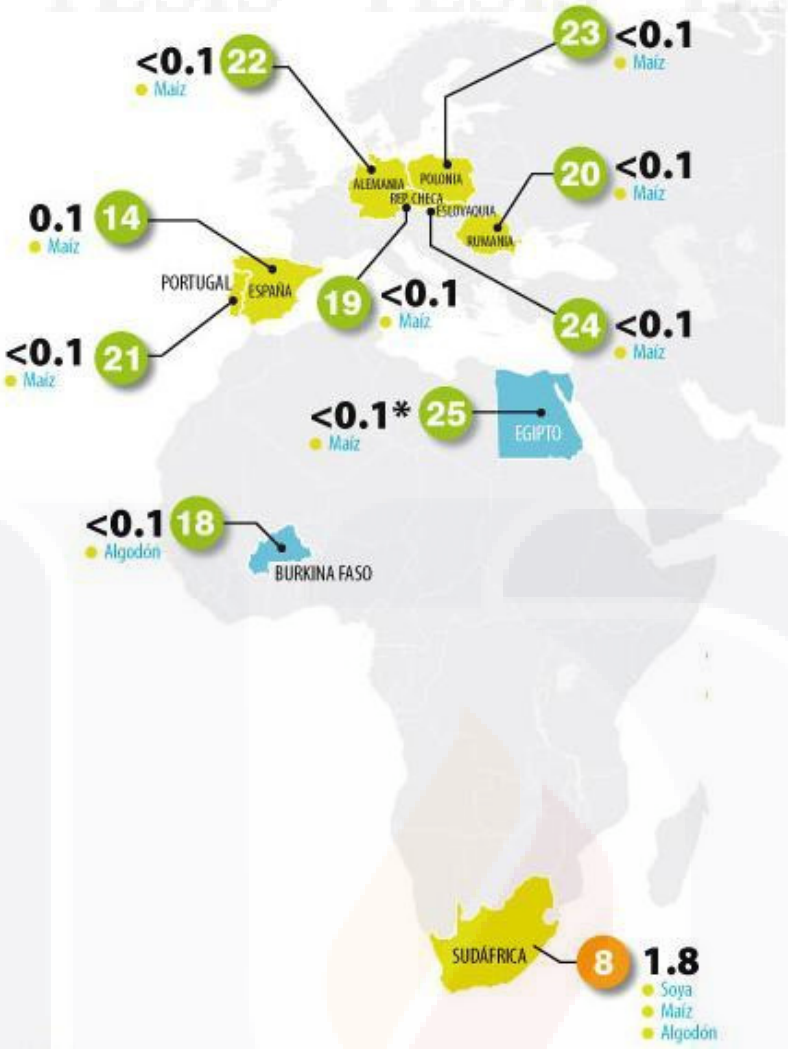


Figura 33. Cultivos Biotecnológicos en el 2008 expresado en millones de hectáreas en África y Europa.

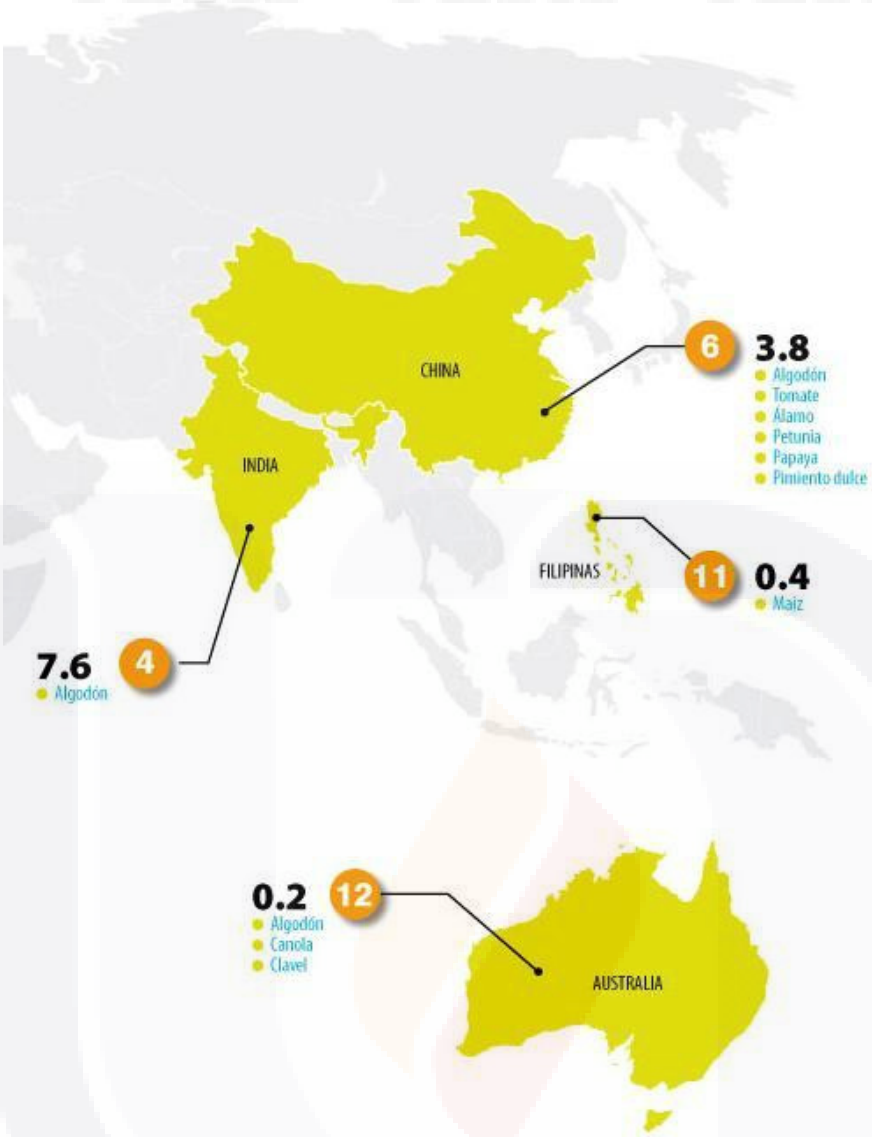


Figura 34. . Cultivos Biotecnológicos en el 2008 expresado en millones de hectáreas en Asia y Australia.

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

Figura 35. Ranking Mundial, Superficie Agro biotecnológica.

Figura 36. Principales cultivos Biotecnológicos.

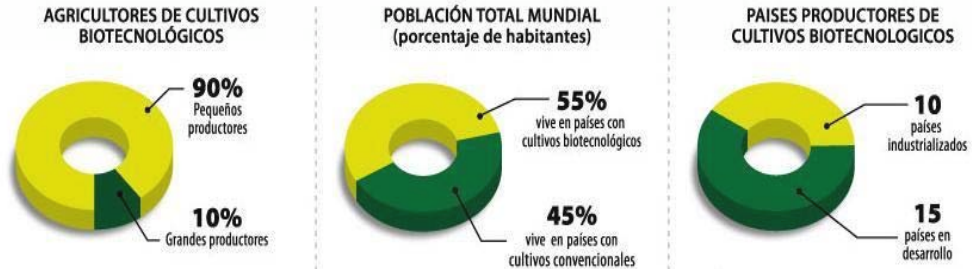


Figura 37. Estadísticas de la biotecnología a nivel mundial.

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

2.5 Organismos Transgénicos

A los individuos que han sufrido alguna alteración en sus genes a través de técnicas de biotecnología reciben el nombre de *Transgénicos*, estos pueden ser animales o plantas. Los cambios aplicados a dichos individuos son hechos persiguiendo un fin o propósito especifico, generalmente *para mejorar ha dicho individuo o resaltar algunas de sus propias características.* En este sentido existen una gran cantidad de ejemplos que pueden ser mencionados de organismos modificados genéticamente (OMG), pueden ir desde lo menos imaginables como es la alteración de una planta de tabaco, en donde se le añaden genes de luciérnaga específicamente la característica luminosa que en contacto con una sustancia puede producir cierta radiación [49], hasta las cosas tan comunes como son los cereales que comemos por las mañanas, o el algodón con que están elaborados los billetes con los que pagamos comúnmente.

Figura 38. Una planta del tabaco que se ha diseñado genéticamente para expresar un gen tomado de las luciérnagas (específicamente: el *pyralis* de *Photinus*) qué produce el *luciferase* [49]

Este tipo de organismos han creado una gran expectativa y ya en muchas de sus aplicaciones han demostrado una alta eficiencia y sean mejorado considerablemente los individuos que se han expuesto a dichas alteraciones, sin embargo existen muchas organizaciones que se opone a los OMG, argumentando ser perjudiciales para la salud o que llegara un tiempo en que no se sabrá con certeza cual es un individuo Modificado y cual no lo es *perdiendo así la diversidad original* de los organismos generados naturalmente.

2.5.1 Generación de un individuo Transgénico.

A continuación veremos de una forma resumida la creación de un OMG.

1. Lo primero es aislar el gen que se va a insertar en la planta y que servirá para aumentar su calidad (el gen puede provenir de otra planta, de una bacteria, de un virus o incluso de un animal. No se puede introducir un gen desnudo directamente en la planta. En un

principio hay que rodearlo de DNA para darle una apariencia similar al de la planta. El gen se acopla entre un fragmento de DNA de la planta y otro de una bacteria, que ayudará en el proceso [50]. El nuevo gen se inserta en una bacteria común, que como cualquier otra bacteria, lleva su material genético dispuesto de forma circular y no como en los cromosomas humanos.

2. Se añade un gen que hace que la planta sea resistente a un gen común, y que más tarde servirá como una bandera para avisar de que planta ha incorporado el nuevo gen [50].

3. Se transfieren los genes a otra bacteria que los transportará más tarde a la planta y que, aunque podría afectar a la planta, ha sido modificada para que sea inocua. Se hacen crecer trozos de la planta en un laboratorio y se mezclan con el Agrobacterium. La bacteria infecta a algunos de ellos y les transfiere su material genético. Sólo uno de cada cinco trozos se infecta. Para saber cuáles se les hace crecer en un nutriente que contiene antibióticos. Sólo los que llevan el gen resistente al antibiótico sobreviven, el resto muere. Las que están sanas son las que contienen el gen de resistencia [50].

4. Los nuevos genes se han colocado en la planta de forma aleatoria, por ello algunas crecerán bien y con sabor y otras no. Para saberlo se llevan al invernadero y se ve cómo crecen evaluando cuidadosamente la dureza, el sabor, el tamaño, etc...

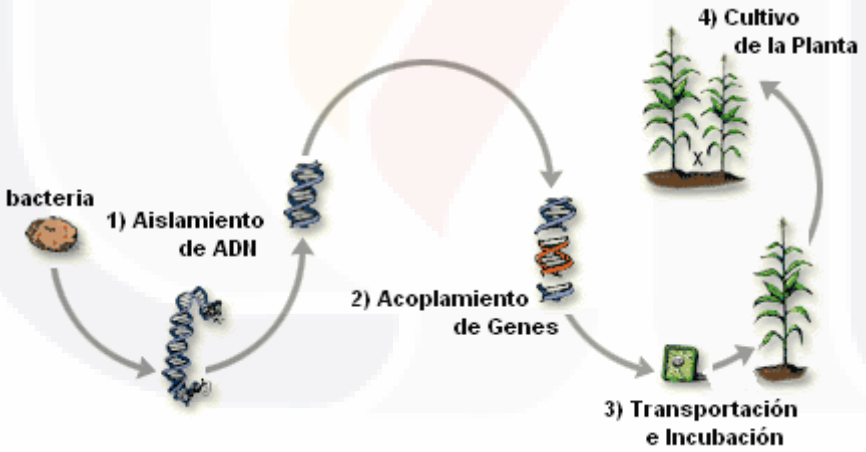


Figura 39. Fases para la elaboración de un Organismo Transgénico.

El proceso transgénico que aquí se menciona, involucra de forma general los procesos que están involucrados en la creación de un de una planta transgénica. En el siguiente punto veremos ha detalle la forma de aislamiento del gen y el acoplamiento de los genes, con el uso de la ***Alineamiento***, Homología***, Resolución Positiva y Negativa***.

2.5.2 Alineamiento.

El proceso de creación de un individuo transgénico, requiere del ADN de un individuo que sirva como base y el ADN de otro que es el receptor. Para poder conocer qué genes serán modificados se requiere conocer el grado de similitud o patrones existentes en cada una de las cadenas de ADN de los individuos que participan en el proceso. Para conocer la similitud de las cadenas de ADN se requiere **Alinear** las cadenas de ADN a esto se le conoce como **Alineamiento de Secuencias.** Un alineamiento de secuencias en bioinformatica es una forma de representar y comparar dos o más secuencias o cadenas de ADN, ARN Figura 40, o estructuras primarias proteicas para resaltar sus zonas de similitud, que podrían indicar relaciones funcionales o evolutivas entre los genes o proteínas consultados. Las secuencias alineadas se escriben con las letras (representando aminoácidos o nucleótidos) en filas de una matriz en las que, si es necesario, se insertan espacios para que las zonas con idéntica o similar estructura se alinean [51].

```
AAB24882        TYHMCQFHCRYVNNHSGEKLYECNERSKAFSCPSHLQCHKRRQIGEKTHEHNQCGKAFPT 60
AAB24881        --------------------YECNQCGKAFAQHSSLKCHYRTHIGEKPYECNQCGKAFSK 40
                                    ****: .***:  * *:** * :****.:* *******..

AAB24882        PSHLQYHERTHTGEKPYECHQCGQAFKKCSLLQRHKRTHTGEKPYE-CNQCGKAFAQ- 116
AAB24881        HSHLQCHKRTHTGEKPYECNQCGKAFSQHGLLQRHKRTHTGEKPYMNVINMVKPLHNS 98
                 **** *:***********:***:**.: .***************    :  *.: :
```

Figura 40. Alineamiento de secuencias generado por ClustalW entre dos proteínas dedos de zinc identificadas por el número de acceso GenBank.

Una vez alineadas las secuencias de ADN, se obtiene el grado de similitud de ellas, como se menciono antes, esto se hace con la finalidad de encontrar patrones en las secuencias de ADN, que ayuden a identificar donde será la modificación o la conservación de los genes. El grado de similitud de las secuencias de ADN que surge del alineamiento, es conocido como **Homología**.

2.5.3 Homología.

En el plano epistemológico "homología" es la *correspondencia* que existe entre dos o más rasgos de los organismos. No es una relación directamente observable sino que la homología se detecta como resultado de un método de análisis inferencial, para el estudio comparativo de las similitudes entre organismos [52]. Dicho en otras palabras la homología es el grado de similitud entre dos secuencias, puede ser alta, hasta el 100% si son secuencias idénticas, hasta de cero si no hay ninguna similitud, este método es usado en la creación de organismos transgénicos para detectar patrones de genes contenidos tanto en el organismo receptor de los nuevos genes como en el organismo donador, con la homología entonces los procesos transgénicos pueden identificar genes que pueden ser modificados y

cuáles no deben de ser modificados, o en su defecto cuales genes se quieren conservar y cuales desechar, ha esto se le conoce como **Homología Positiva** cuando solo detectamos los genes que se quieren conservar y **Homología Negativa** cuando solo detectamos genes que no se quieren conservar. Dicho de otra forma estos términos se refieren más bien a la regulación de los genes, que puede ser positiva (cuando se estimula su funcionamiento) o negativa (cuando se reprime su funcionamiento). Se pueden hacer transgénicos que expresen intensamente los genes insertados (positivos), o bien a través de transgénicos se puede reprimir la expresión de un gen natural (negativo), a esta última tecnología se le llama "**Antisentido**" y son secuencias que bloquean la expresión de otras.
Cuando se usa solamente la **Homología Negativa** también conocido como **Antisentido**, un mARN antisentido es un mARN transcrito que es complementario de un mARN endogeno, en otras palabras, la hebra complementaria (no codificadora) a una secuencia de mARN (codificadora). La introducción de un transgen codificante para un mARN antisentido es una técnica usada para ***bloquear la expresión*** de un gen de interés. Un mARN de antisentido marcado radioactivamente puede usarse para mostrar el nivel de transcripción de genes en varios tipos de células [51]. Su funcionamiento es muy similar a la homología positiva, se detectan los genes en las secuencias de ADN que no se quieren conservar o los que no se quieren modificar.
Independiente del tipo de homología que se use, cada una de ellas tiene como objetivo el hacer una identificación de genes, cuando las dos técnicas se usan al mismo tiempo, se conoce como **Resolución Positiva y Negativa**.

2.5.4 Resolución Positiva y Negativa.

La Resolución Positiva y Negativa se refiere al uso de la homología positiva y negativa también conocida como Antisentido al mismo tiempo con la finalidad de encontrar por un lado los genes que generan un patrón que indique cuáles de ellos queremos conservar y por otra parte y gracias al Antisentido cuales patrones de genes no debemos conservar o bloquearlos. Todo esto con la finalidad de generar un individuo con las características seleccionadas o definidas y evitar aquellas características que no convienen en la creación de dicho individuo.

En el siguiente capítulo se explica la adaptación de estos conceptos en la creación de un heurística computacional llama Algoritmo Transgénico.

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

Capitulo 3.

Algoritmo Transgénico.

3.1 Introducción.

El algoritmo aquí presentado fue desarrollado usando técnicas de la biotecnología moderna, implementadas para la creación o mejora de organismos vivos. Los individuos que han sufrido este tipo de cambios son llamados Transgénicos. De la misma forma que heurísticas tan conocidas como lo son los algoritmos genéticos o las colonias de hormigas, la inspiración surge en un ámbito fuera de las ciencias computacionales, se ha basado en procesos naturales aplicándolos con éxito. Aunque el algoritmo transgénico estas basado en un proceso que no es 100% natural, ha probado en los últimos años su gran eficiencia

3.2 Justificación

Es importante justificar el por qué la realización de un heurística transgénica, en una área donde constantemente se busca la innovación, es necesario seguir con esa búsqueda de nuevas técnicas que nos permitan acércanos a nuevas soluciones y mas valederas.

La propuesta consiste en crear una heurística con los principios de la Biotecnología, para generar una heurística transgénica, en donde se modificara las propiedades de un individuo u individuos para hacerlos más cercano al óptimo para la búsqueda de mejores soluciones y así tener una población de individuos altamente factibles. Esto es más complicado de lo que parece ya que hay que conservar un porcentaje de diversidad en la población para no caer en óptimos locales, este también es un problema que se presenta, en el momento de la implementación del organismos transgénicos a una población que ha sido modificada, esta corre el riesgo de perder la originalidad de los individuos que no fueron modificados genéticamente, una de las soluciones que se manejan en la Biotecnología para que no ocurra esto es el asilamiento de los individuos transgénicos de los que no lo son, así se tiene una plena identificación de dichos individuos. La heurística que se propone será muy parecida al funcionamiento de un algoritmo genético en su base, por tratarse de un proceso genético, contendrá, una selección de individuos pero la selección presenta una

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

variante que se llama selección inversa donde seleccionamos a los individuos menos aptos más adelante se explicará ha detalle este proceso, pero la diferencia principal radica en la creación de nuevos individuos, para la creación de dichos individuos se hace uso de las técnicas descritas en al capítulo anterior como la ***homología de secuencias,*** el ***Alineamiento***, y el ***Antisentido.*** En este capítulo se describe la adaptación de estas técnicas al algoritmo.

La justificación para la creación del Algoritmo transgénico se basa en 4 puntos fundamentales:

- Características únicas: Por la incorporación de técnicas usadas para la creación de individuos transgénicos como el ***Alineamiento de Secuencias***, la ***Homología de ADN*** y la ***Resolución Positiva*** y el ***Antisentido*** por esto se considera el Algoritmo Transgénico como una técnica única que usa estas técnicas como operadores y no es una variante de una técnica que ya existe.

- Fácil Implementación: Por las características del diseño de Algoritmo Transgénico resulta relativamente sencilla la aplicación a distintos problemas de optimización, ya que la representación de los datos no solamente se restringe al uso de ceros o unos, además los datos pueden ser representados por letras o números esto hace más fácil la implementación.

OneMax
Cromosomas

1	0	1	0	1
1	0	0	1	1
0	1	1	0	1

Ciudad 1	Ciudad 2	Ciudad 3	Ciudad 4
4	3	2	1
2	3	4	1
3	2	1	4

Figura 41. Dos formas distintas de representación de datos, con números o ceros y unos

- Reducir el número de generaciones: El objetivo principal del usar técnicas transgénicas fue el descubrir si es posible reducir el número de iteraciones o generaciones que le lleva a una Heurística encontrar una buena solución o en su defecto la mejor solución posible. La base en que se sustenta la investigación de individuos transgénicos es la reducción del tiempo que le llevaría de forma natural a la evolución hacer un ajuste sobre las características de un individuo, haciendo estos ajustes en tan solo meses. De este modo se busca reducir el número de generaciones aplicando estas técnicas de igual forma que se hace en la biotecnología.

- Superar Heurísticas ya existentes: En este punto se resume lo que todas las heurísticas quieren, es ser más rápidas y que regresen buenos resultados, para el Algoritmo Transgénico no será la acepción, lo que se pretende es demostrar que se pueden resolver

problemas de una forma eficiente y lo más rápido posible esto en comparación con otras técnicas ya existentes.

3.3 ¿Una heurística Transgénica?

En esta sección hablaremos de cómo surge la idea de llevar el proceso Biotecnológico para crear individuos genéticamente modificados, a las Ciencias computacionales, para la creación de una *heurística transgénica*, pero haber llegado hasta aquí no fue un proceso fácil, se requirió del estudio de teoría de algoritmos, estadística, diseño de experimentos etc., para poder llegar hasta este resultado.
Lo primero para crear una heurística es conocer (en este caso) el modelo de donde surge la inspiración, dicho modelo tiene que haber demostrado su eficacia en su área de aplicación, por ejemplo los algoritmos genéticos, como su nombre lo dice su inspiración surge en el proceso natural de selección descubierto por Darwin [3], dicho proceso ha demostrado a través de los siglos su eficiencia y eficacia, otro proceso del cual no se tiene duda de su funcionamiento es el Sistema Inmunológico el cual también ha servido como inspiración para la creación de una heurística, una vez que se tiene identificado el modelo que va a servir como inspiración y haber comprobado su eficiencia se tiene que hacer la adaptación hacia un modelo computacional y adaptarlo para la solución de un problema.

El caso que nos atañe no es la excepción, los organismos modificados genéticamente han demostrado su eficacia en las diferentes y diversas aplicaciones en donde han sido requeridos, aun que se trata de un modelo resiente y que no es natural. Este modelo nos da un sin fin de posibilidades ya que se apega a la perfección al funcionamiento de una heurística. Los organismos Transgénicos presentan una característica, que resulta ser el punto fundamental de estudio y aplicación hacia un modelo computacional, dicha propiedad es la de *mejorar ha dicho individuo o resalar algunas de sus propias características*, esto llevado al ambiente de las heurísticas computacionales, nos da la pauta para un ***Nuevo*** paradigma en la computación evolutiva, el mejoramiento continuo de los resultados obtenidos.

3.4 Algoritmo Transgénico.

Cuando surgió el primer algoritmo transgénico [53] como ya se menciona antes, se tomo como base el proceso usado en la mejora genética de las plantas, en donde el proceso era realmente sencillo. Al seguir con el estudio de las técnicas transgénicas [54] se descubre que hay otros factores que intervienen en la producción de individuos transgénicos, que al ser analizados parecen influir de manera importante en el desarrollo de las técnicas reales, considerando estos factores tenemos la creación del Algoritmo Transgénico Mejorado.

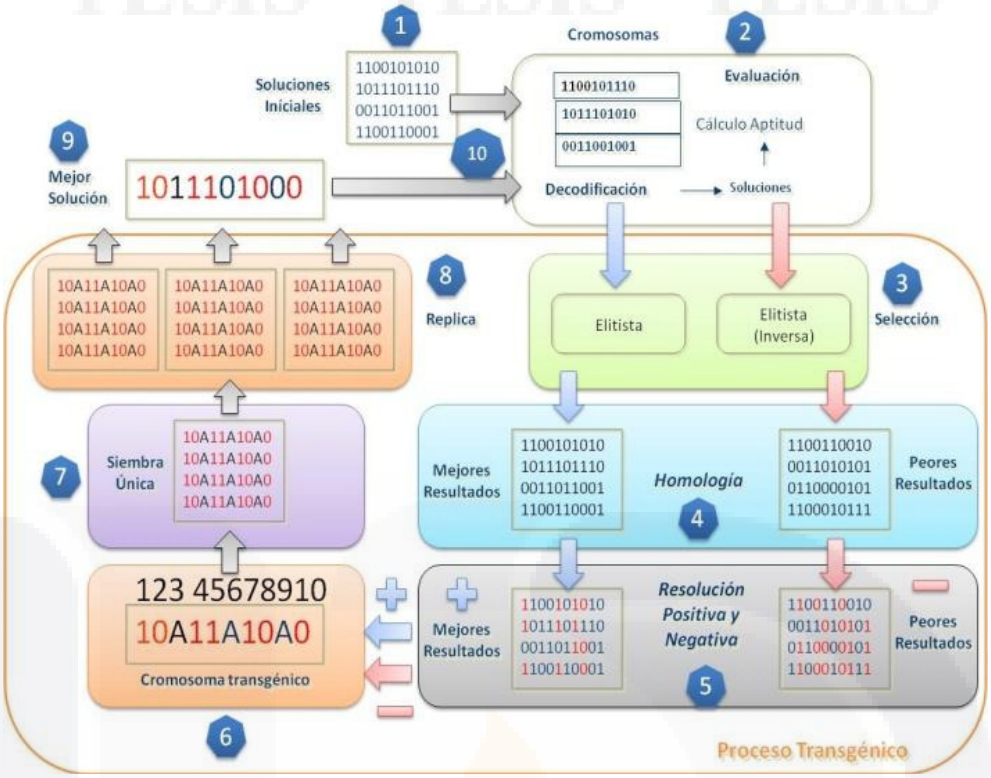


Figura 42. Algoritmo Transgénico.

Este nuevo algoritmo incorpora nuevos elementos como son el Alineamiento, Homología, Resolución Positiva y Negativa (Antisentido) y Siembras [55].

Se explicara cada uno de los procesos. Los puntos numerados de color azul nos indica los pasos que se tienes que seguir para entender el diagrama.

1. Se crea una población inicial.
2. Evaluación: Se obtiene el grado de satisfacción del cada uno de los individuos en base a la función objetivo.
3. Selección: Se selecciona un porcentaje de los individuos mejor dotados (que cumpla de mejor manera la función objetivo) y también se selecciona un porcentaje de los individuos menos aptos "Elitismo inverso".
4. Se aplica **Homología** para detectar patrones en los genes de cada individuo usando un *alineamiento de cromosomas*, esta técnica es usada en la biotecnología para identificar el gen que será usado para la creación de nuevos individuos basándose en este.
5. Con el alineamiento de cromosomas podemos encontrar patrones en los individuos más aptos a esto se le conoce como **Resolución Positiva,** cuando se encuentran patrones en los individuos menos aptos se le conoce como **Resolución Negativa** o **Antisentido.**
6. Se construye un ***cromosoma transgénico*** respetando los genes resultantes de la Resolución Positiva y Negativa de tal manera que tendremos un cromosoma con genes aptos pero excluyendo los genes que podrían generar individuos no aptos, en los genes que no se detectó tanto genes positivos como negativos se deja que se creen de forma aleatoria.

7. Se genera la siembra de una nueva población con las características resultantes de la Resolución Positiva y Negativa, recordando siempre que cada generación es única y no necesariamente tiene que guardar relación entre ellas.
8. Como cada generación es única, repetiremos la siembra un número de veces pequeño de tal manera que no se pierda las propiedades encontradas en la Resolución Positiva y Negativa.
9. Se toma la mejor solución encontrada, de entre los resultados de cada siembra de tal manera que se garantiza un salto en la evolución por lo que se requiere de menos generaciones para encontrar un buen resultado.
10. La mejor solución en esta iteración se incorpora a la plantación, con el fin de ser evaluado en el paso 2.

Se repite el proceso hasta entrar una función de alto o que el algoritmo tienda a una solución.

A continuación se describe a detalle los puntos estratégicos mencionados anterior mente:

a) Elitismo Inverso.
b) Homología.
c) Resolución Positiva y Negativa (Antisentido).
d) Cromosoma Transgénico.

3.5 Implementación del Algoritmo Transgénico.

Para poder entender el funcionamiento del algoritmo que se propone, es necesaria su implementación a un problema de optimización. El problema OneMax [56] (o Recuento de bits) es un simple problema que consiste en maximizar el número de unos en una cadena binaria. Formalmente, este problema puede ser descrito como la búsqueda de una cadena, $\vec{x} = \{x_1, x_2, x_3 \dots, x_N\}$ con, $x_i \in \{1,0\}$ que maximiza la siguiente ecuación:

$$F(\vec{x}) = \sum_{i=1}^{N} x_i$$

Fórmula 1. Función objetivo para resolver el problema del OneMax

Dicho en otras palabras sólo es necesaria definir la longitud de la cadena binaria (N). Para un determinado N, la solución óptima del problema es una cadena de N unos, es decir, todos los bits de la cadena se definen a uno.

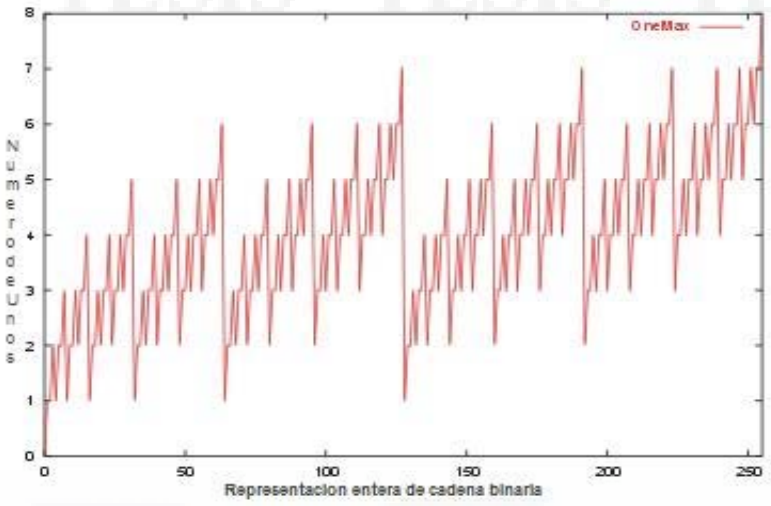


Figura 43. Representación grafica del OneMax [14]

A continuación se describirá el funcionamiento del AT, usando como referencia el problema de OneMax. Esto con la finalidad de medir los tiempos y la puesta a punto antes de implementarlo en un problema más complejo.

3.5.1 Creación de la población inicial.

El primer paso es crear una población inicial totalmente aleatoria, este proceso es parecido a otras técnicas evolutivas como son los algoritmos genéticos [8].

Figura 44. Soluciones Iníciales

Como se ilustra en la figura 44 se crea una población inicial aleatoria, en este caso se trata de soluciones iniciales conformadas de ceros y unos.

3.5.2 Evaluación y decodificación.

El siguiente paso es evaluar la población inicial obteniendo de cada uno de los individuos el nivel de complacencia de la función objetivo. La decodificación es la interpretación que se le da a los datos

contenidos en cada uno de los individuos por ejemplo, en este caso estamos evaluando la máxima cantidad de unos, que están contenidos en cada cromosoma.
Hasta en este punto prácticamente el funcionamiento es muy similar a otras técnicas [57] a partir del tercer punto empiezan los dos cambios más importantes y que definen a él algoritmo transgénico.

Figura 45. Evaluación del la función objetivo

3.5.3 Selección.

Como ya se conoce existen muchos tipos de selección para cada una de las heurísticas y cada una de ellas usan la que más le convenga, para el algoritmo transgénico se está usando una selección totalmente elitista. Recordemos que el objetivo de la selección es identificar los individuos más aptos, si estuviéramos hablando de un algoritmo genético, estos individuos serían seleccionados para realizar una cruza y así generar nuevos individuos con el fin preservar los genes de los padres más aptos, en el algoritmo transgénico la selección elitista juega el mismo papel, identificaremos los individuos más aptos de la población y seleccionamos un porcentaje de estos individuos, la diferencia en el algoritmo transgénico es que utiliza además una selección que hemos llamado selección **elitista inversa,** que así como la selección elitista normal tiene como objetivo identificar los individuos más aptos, la selección elitista inversa tiene como objetivo identificar los individuos menos aptos, de esta manera no solamente identificamos cuáles son los individuos que cumplen con la función objetivo de forma más acertada sino que también tenemos identificados individuos que no la cumplen.

Mejores Individuos Selección Elitista	
1100101010	5
1011101110	7
0011011001	5
1100110001	5

Peores Individuos Selección Elitista Inversa	
1100110010	5
0011010101	5
0110000101	4
1100010100	4

Figura 46. Selección Elitista y Selección Inversa

La selección puede hacerse en un solo sentido o en ambos, con esto tratamos de decir que el Algoritmo puede trabajar ya sea usando solamente selección elitista o usando selección elitista Inversa, pero el verdadero potencial del algoritmo es cuando se usa los dos tipos de selecciones.

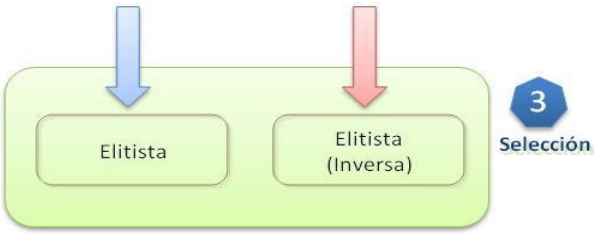


Figura 47. Selección Elitista y Selección Elitista Inversa trabajando juntas.

3.5.4 Homología

En el plano epistemológico "homología" es la *correspondencia* que existe entre dos o más rasgos de los organismos. No es una relación directamente observable sino que la homología se detecta como resultado de un método de análisis inferencial. Este marco teórico permite reconocer a las hipótesis de homología y de homólogos como el fundamento epistemológico para el estudio comparativo de las similitudes entre organismos [51]. Este método es usado en la creación de organismos transgénicos para detectar patrones de genes contenidos tanto en el organismo que va a recibir los nuevos genes como en el organismo que los va a donar, con la homología entonces los procesos transgénicos pueden identificar genes que pueden ser modificados y cuáles no deben de ser modificados. Llevado esto al ámbito computacional se usa la homología para detectar patrones en los diferentes cromosomas que conforman la población, ya sea que estos cromosomas se han tanto positivos como negativos. Para poder realizar la homología se requiere aplicar una técnica llamada ***Alineamiento***, un alineamiento de secuencias en bioinformatica es una forma de representar y comparar dos o más secuencias o cadenas de ADN, ARN, o estructuras primarias proteicas para resaltar sus zonas de similitud, que podrían indicar relaciones funcionales o evolutivas entre los genes o proteínas consultados. Las secuencias alineadas se escriben con las letras (representando aminoácidos o nucleótidos) en filas de una matriz en las que, si es necesario, se insertan espacios para que las zonas con idéntica o similar estructura se alineen [51].
La homología se usa en algoritmo Transgénico con el mismo fin de encontrar patrones similares que nos indiquen que existen buenos resultados.

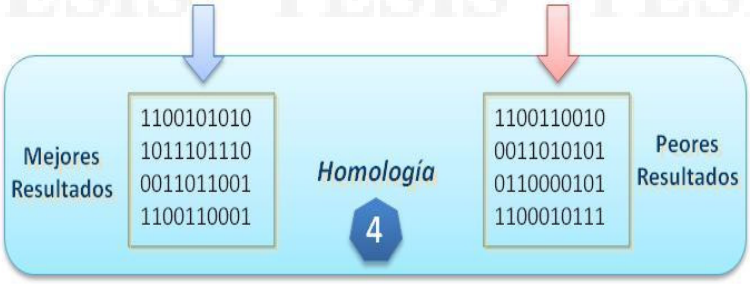


Figura 48. Homología usada en los mejores y peores resultados.

3.5.5 Resolución Positiva y Negativa

Como ya se menciono anterior mente el Alineamiento nos permitirá conocer si existen patrones similares en los cromosomas, también recordemos que se obtuvo el grado de satisfacción de cada uno de los individuos en la función objetivo, como los individuos que en menor grado cumplieron la función objetivo, esto con el fin de obtener patrones positivos (los cuales queremos preservar) y con los individuos menos aptos obtener patrones negativos (los cuales no queremos preservar).

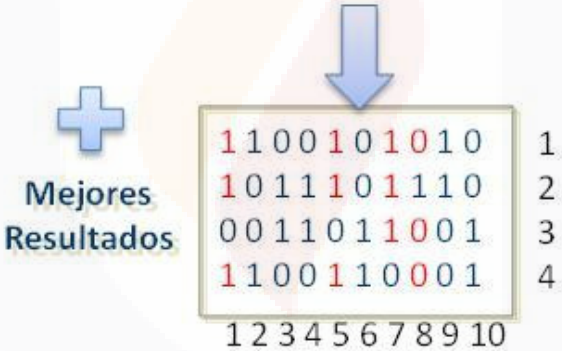


Figura 49. Alineamiento de solo los mejores individuos.

En la Figura 49 se puede observar un alineamiento de los mejores individuos, la forma en la que se buscan patrones va de columna en columna, podemos observar los genes dominantes en color rojo, el dominio de un gen esta dado por el número de veces que este aparece en una columna, para este ejemplo podemos observar que en la columna 1 Fig. 50 existe un gen dominante que es el número 1 en color rojo, por lo consiguiente asumimos que esté es el gen que de prevalecer en la siguiente cosecha en esa posición.

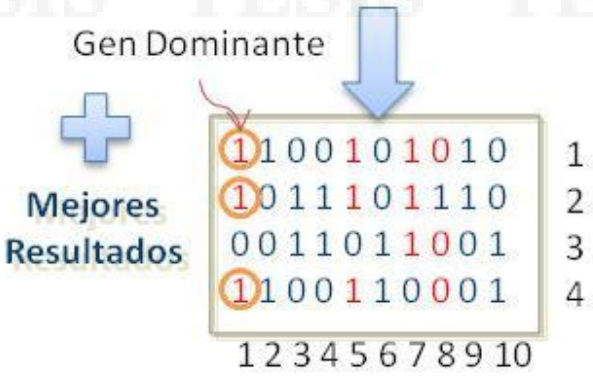


Figura 50. Gen Domínate Positivo.

En la columna número 2 Figura 51 podemos observar que no existe un dominio absoluto por ningún gen ya que aparece la misma cantidad de veces tanto 1 y 0, por lo tanto no existe un dominio de un gen, por lo que en esta posición en la siguiente cosecha tendrá un valor aleatorio, este proceso se repite para cada una de las columnas.

Figura 51. Columna sin gen dominante.

Al finalizar el alineamiento de cada uno de los genes, se obtiene un vector resultante, con el cual podremos construir la siguiente cosecha.

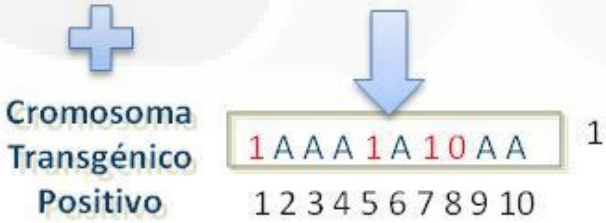


Figura 52. Resultado de la Alineación Positiva

En la figura 52 podemos observar el resultado de la alineación positiva con un cromosoma resultante que va de la posición 1 a la 10 y que además nos dice que en la posición 1, 5, 7 por el resultado del gen dominante debe ser 1 y en la posición 8 un cero, en las demás por no existir patrones dominantes se opta por generarlos nuevamente aleatoriamente.

En resumen, en las posiciones de color rojo representan los genes que se conservaran para crear la siguiente cosecha colocándolas arbitrariamente en esas mismas posiciones.
El proceso de Alineamiento negativo es realizado de la misma manera, y es conocido como **Antisentido,** un mARN antisentido es un mARN transcrito que es complementario de un mARN endogeno, en otras palabras, la hebra complementaria (no codificadora) a una secuencia de mARN (codificadora). La introducción de un transgen codificante para un mARN antisentido es una técnica usada para bloquear la expresión de un gen de interés. Un mARN de antisentido marcado radioactivamente puede usarse para mostrar el nivel de transcripción de genes en varios tipos de células [58].
El proceso del antisentido, es similar al Alineamiento Positivo, la diferencia radica en que el proceso de Alineamiento se aplica sobre los individuos que resultaron de la selección elitista inversa que obtiene a los menos aptos, con el fin de encontrar patrones en los genes que generen mutaciones en los cromosomas y generen malos resultados, solo se muestra el vector resultante del Antisentido ya que el proceso de cómo generar el cromosoma es similar al Alineamiento Positivo Figura 53.

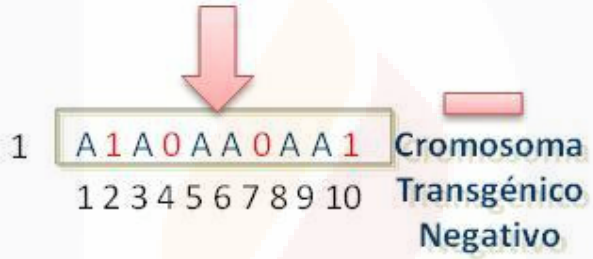


Figura 53. Resultado del Antisentido.

En la figura 53 podemos observar el cromosoma resultante del antisentido, tenemos un vector que va desde la posición 1 hasta la 10, observemos que en las posiciones 2, 4, 7, 10 existió un gen dominante, en las demás posiciones se generan genes aleatorios por no existir un gen dominante.
En este cromosoma las posiciones en rojo representan los genes que no queremos que aparezcan en la siguiente cosecha en esas posiciones haciéndolos restrictivos.
Es importante mencionar que hasta este punto el algoritmo transgénico puede trabajar con cada una de las técnicas por separado, aunque también puede trabajar uniendo las dos técnicas, a este proceso se le llama **Resolución Positiva y Negativa.**

3.5.6 Resolución Positiva y Negativa

En la ***Resolución Positiva y Negativa*** se alinean los resultados de las dos vectores resultantes, el cromosoma (vector) positivo como el cromosoma (vector) negativo, para obtener un solo vector llamado

"***cromosoma transgénico***", este vector nos indicará cómo construiremos la siguiente cosecha.

Figura 54. Resolución Positiva y Negativa

Como ya se menciono antes el cromosoma resultante, surgirá de enfrentar la Alineación Positiva y el Antisentido.

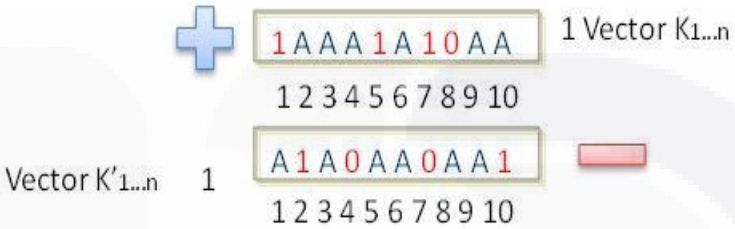


Figura 55. Vector Positivo y Negativo.

Posterior mente se crea un Vector Transgénico el cual servirá de base para crear la siguiente población, a forma en que se obtiene el vector que contiene el cromosoma transgénico *R*, es comparando el vector positivo *k* y el vector negativo *k'*, recordemos que el vector positivo tiene los genes que queremos conservar y el negativo (antisentido) los genes que no queremos conservar fig. 55. Las condiciones para generar el vector resultante *R* son:

```
Desde j=1 hasta n= tamaño del cromosoma
     {
          Si kj=k'j Entonces
          Rj=Aleatorio
Else
          Rj es igual valor que tiene kj pero
          que sea diferente de k'j

     }
```

En donde, *j* indica la posición del gen que se está evaluando, *n* es el tamaño del cromosoma, entonces si el gen en la posición *j* del vector positivo k_j es igual al gen *j* del vector negativo (antisentido) k'_j, el gen *j* en el vector transgénico R_j será creado aleatoriamente *A*, en caso contrario el gen *j* en el vector transgénico R_j tendrá el valor del gen *j* del vector positivo k_j, pero nunca el gen *j* del vector negativo k'_j, de esta forma el cromosoma transgénico *R* tendrá solo los patrones encontrados en los genes de mejores individuos y excluyendo aquellos patrones de los peores individuos.

El vector resultante *R* de esta condición es el siguiente:

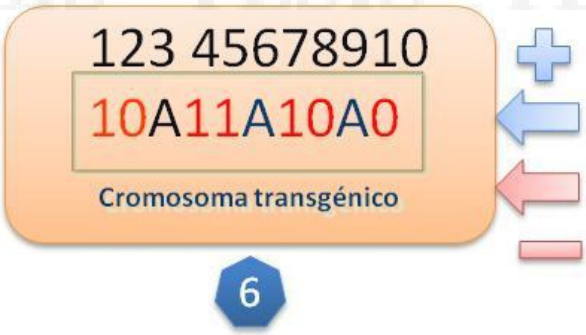


Figura 56. Cromosoma Transgénico.

El Cromosoma resultante servirá como base para crear la **Siembra,** para la nueva población.

Figura 57. Siembra Única, Vector R

3.5.7 Replica

Usando el mismo principio para generar una población transgénica, se crea una siembra que puede ser única figura 57 o con replicas de la población resultante figura 58, para observar el comportamiento de las mismas, cuando se crean las replicas se obtiene el grado de satisfacción de la función objetivo de cada una de ellas, y se toma los mejores casos de cada una de las replicas, como además los casos en los que la función objetivo no fue cumplida de muy buena forma.

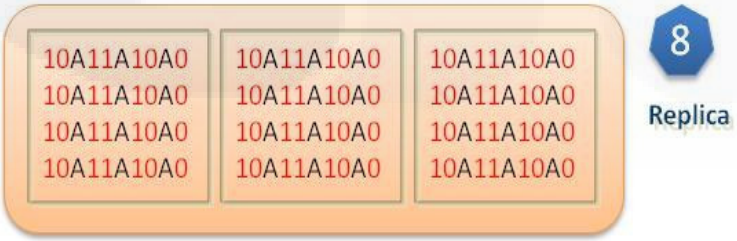


Figura 58. Replicas de la Siembra.

Como se observa en la figura 58 se generan las replicas respetando la siembra única, en donde los genes están definidos no se modifican y donde no están definidos se completa el gen con un valor aleatorio.
Por último, es evaluado el mejor individuo obtenido, como se observa en la fig. 42, paso 9, si cumple la condición de paro se detiene, de lo contrario repite el proceso hasta encontrar una

condición de paro o que sean cumplidas todas las siembras, esto se observa en la fig. 42 en paso 10.

3.6 Descripción de Parámetros.

En esta sección se hará una descripción de los paramentaros utilizados por el sistema propuesto.

Int ittot Hace referencia a la condición de paro del Algoritmo Transgénico (Numero de siembras). Varía de acuerdo a la complejidad del problema.

Int TamPob Hace referencia al tamaño de la población inicial con la que trabajara el Algoritmo. Varía de acuerdo a la complejidad del problema.

Población Inicial

1100101010	5
1011101110	7
0011011001	5
1100110001	5
1100110010	5
0011010101	5
0110000101	4
1100010100	4

Figura 59. Población Inicial y la cantidad de unos de cada individuo

Int TamCro Hace referencia al tamaño del cromosoma, que está muy relacionado a la complejidad de los problemas que puede resolver el Algoritmo Transgénico.

Tamaño de cromosoma

1100110010	10

Figura 60. Tamaño de cromosoma.

Int NCosech Hace referencia al número de replicaciones de la cosecha transgénica, mientras más replicas mas diversidad, pero aumenta el tiempo de respuesta ver figura 60.

Double PorResPos Hace referencia al porcentaje de la población de los individuos más aptos que serán seleccionados, se recomienda que se a un porcentaje entre el 5 y el 10 % de la población. Varía de acuerdo a la complejidad del problema.

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

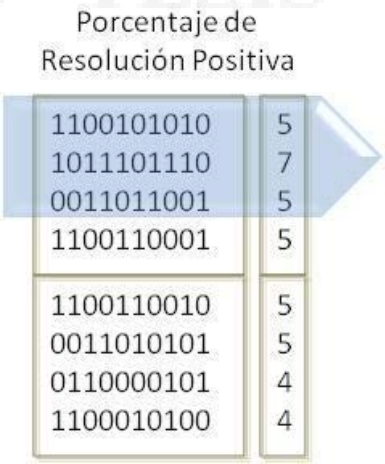


Figura 61. Porcentaje de Resolución Positiva.

Int DurPos Hace referencia al porcentaje de dureza en la detección de patrones en los individuos más aptos seleccionados. Se recomienda que sea del 30 al 60 %. Varía según la complejidad del problema.

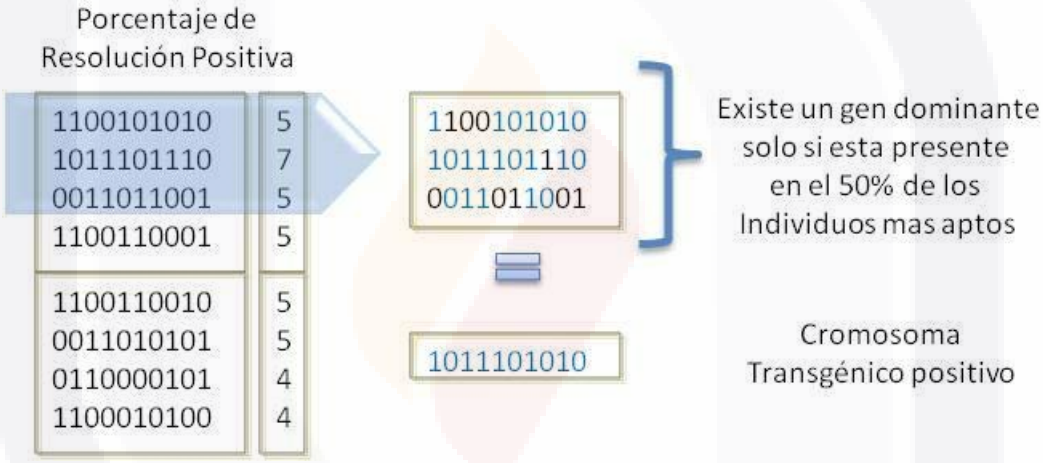


Figura 62. Representación de la dominancia de los genes positivos.

Double PorResNeg Hace referencia al porcentaje de la población de los individuos menos aptos que serán seleccionados, se recomienda que se a un porcentaje entre el 5 y el 10 % de la población. Varía de acuerdo a la complejidad del problema.

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

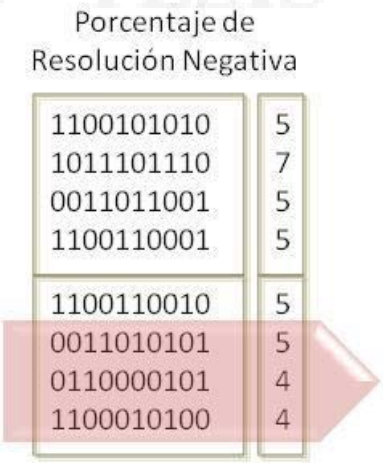


Figura 63. Porcentaje de Resolución Negativa.

Int DurNeg Hace referencia al porcentaje de dureza en la detección de patrones en los individuos menos aptos seleccionados. Se recomienda que sea del 30 al 60 %. Varía según la complejidad del problema.

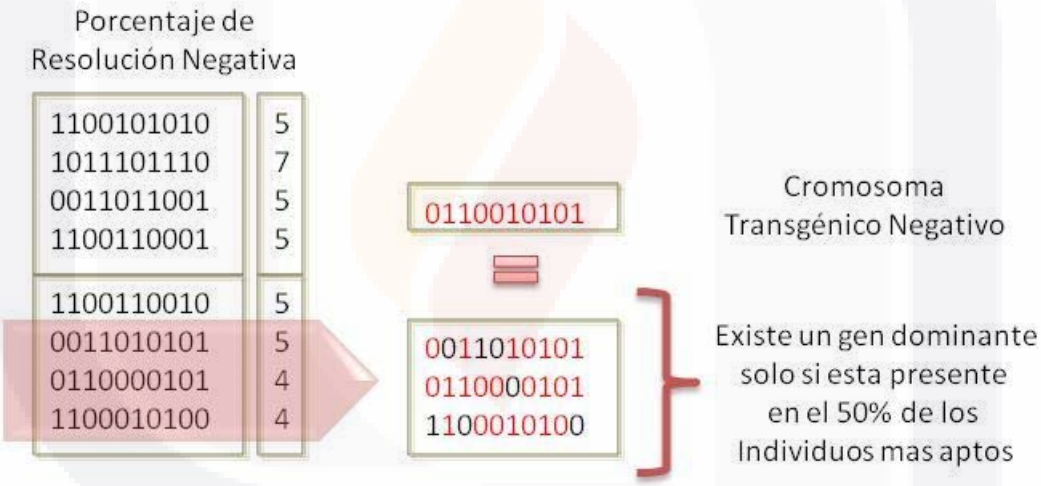


Figura 64. Representación de la dominancia de los genes negativos.

3.7 Código del algoritmo transgénico.

```
function AT
     Begin
          Generar la población inicial P de tamaño
N
          i=0
          while i<Max do
               obtener el porcentaje de la
población más apta (PorResPos)
```

```
                obtener el porcentaje de la
población menos apta (PorResNeg)
          repeat
               begin
                    Aplicar selección elitista
                    Aplicar selección elitista
inversa
                    Aplicar homología con
resolución positiva
                    Aplicar homología con
resolución negativa
                    Crear Cromosoma transgénico
                    Crear siembre única
                    Aplicar replicación de la
siembra
               End
          Until convergencia normal es alcanzada
          End while
end function
```

3.8 Investigaciones Relacionadas

En esta sección hablaremos de algunas técnicas que aunque usan otros procesos diferentes o se enfocan en otras características del proceso transgénico, también usan la biotecnología como medio de inspiración.

El algoritmo que analizaremos es llamado **Transgenetic Algorithm: A New Evolutionary Perspective for Heuristics Design** propuesto por Elizabeth F. G. Goldbarg, Marco C. Goldbarg y Ligia B. Bagi 2007 [59].

Estos algoritmos evolutivos se basan en la teoría endosimbiótica y sobre las propiedades del flujo intracelular [60]. La teoría endosimbiótica fue popularizada por Margulis [61] y son los estados con los cuales puede surgir un nuevo organismo de la fusión de dos o más seres independientes. El término "endosimbiosis" especifica la relación entre los organismos que viven uno dentro de otro (simbiontes dentro del huésped). La teoría sugiere que la competencia no es la única manera de promover el mejoramiento genético. Ella afirma que "la vida no se llevó en el globo por combate, sino por la creación de redes". El enfoque también sugiere que la reproducción sexual se originó en una variante del endosimbiosis y que este medio de reproducción era una forma de prevenir la perpetuación de alteraciones genéticas provocadas por transcripciones microbianas.
El algoritmo utiliza una base de datos de host con la información contenida en el citoplasma del huésped. Se trata de un depósito general de de la información. Esa base puede contener información obtenida a priori o información encontrada durante la ejecución del proceso evolutivo. La información puede ser codificada ya sea en un formato genético, tales como

soluciones parciales a un problema determinado, o en un formato abstracto, como los procedimientos o normas para el intercambio genético.
El proceso evolutivo de este algoritmo se realiza mediante una estructura de reglas que simulan los mecanismos naturales de detección de quórum que es la capacidad de las bacterias para comunicarse, que propone la posibilidad de dirigir y orientar la acción de una población microbiana en el contexto celular. Esas reglas se denominan reglas transgénicas. El control de la evolución de la población de cromosomas, vectores transgénicos y la información de la base de datos de host se realiza por tres clases de reglas transgénicas. Reglas de tipo 1 dirigen la construcción de la cadena de información que es transportado por los vectores transgénicos. Las Reglas de tipo 1 pueden utilizar cualquier tipo de conocimientos almacenados en la base de datos del host. Las reglas de tipo 2 definen cómo la información se transcribe en un cromosoma, el operador utilizado es λ. Las reglas de transcripción pueden evolucionar dependiendo de la resistencia mostrada por los cromosomas. Las reglas de tipo 1 y tipo 2 reglas puede existir en un algoritmo. La figura 65 muestra las 3 reglas en el proceso en la detección de quórum. Las reglas de tipo 3 definen que vectores serán utilizados, el número de cromosomas que son atacados en una iteración determinada, el número de vectores que se crean, el criterio de parada, etc.
La figura 66 presenta un marco general de este algoritmo. Las reglas transgénicas no están detalladas en la descripción del algoritmo para evitar sobrecargar el texto. Inicialmente, se genera una población de cromosomas. Esto se hace de la misma manera que otros algoritmos evolutivos. A continuación, se cargan los parámetros de las reglas transgénicas. La información de la base de datos de host puede obtenerse de conocimientos teóricos o heurísticos acerca del problema que está siendo abordado. Puede actualizarse durante la ejecución del algoritmo. Se realiza el intercambio de información entre la población de cromosomas y los vectores transgénicos hasta cumplirse un criterio de parada.

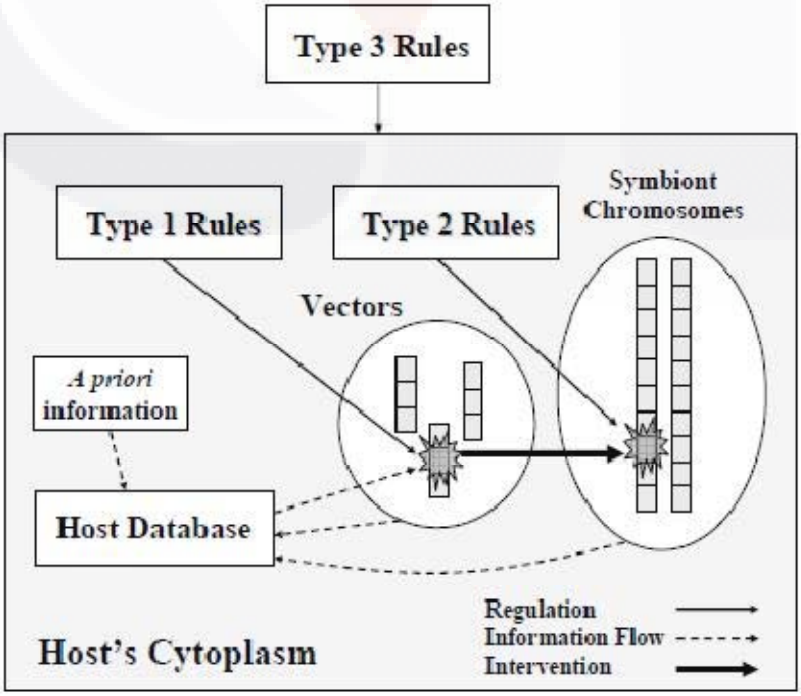


Figura 65. Evolución Transgénica

```
1. Generate an initial population
2. Load transgenetic rules (TR)
3. Load the host database (HB)
4. Repeat
5.    Generate extra-intracellular vectors
6.    Select chromosomes for manipulation
7.    Manipulate chromosomes in conformity with TR
8.    Update TR and HB
9. until a stopping criterion is satisfied
```

Figura 66. Pseudocódigo Código del Algoritmo Transgénico de Goldbarg

3.8.1 Diferencias y Similitudes.

Hasta aquí se ha observado el funcionamiento del Algoritmo Genético propuesto por Golbarg y a aunque en algunos conceptos coincide con el Algoritmo que aquí se propone, como por ejemplo Golbarg menciona vectores transgénicos los cuales sirven para ayudar a la transportación de genes, en el caso del transgénico de Correa, el vector transgénico es usado para definir la creación de la siguiente población, también se menciona en el algoritmo de Golbarg unas reglas transgénicas las cuales son usadas para definir la forma es que se llevara a cabo la iteración del todo el algoritmo por ejemplo, cantidad de vectores transgénicos, la forma en la que se realizará la interacción con la base de datos de soluciones, la forma en se construirán la nuevas soluciones y las condiciones de paro, el algoritmo de Correa estas reglas más bien tiene que ver con la construcción del vector transgénico basando se en los cromosomas que surgen del alineamiento positivo y negativo.

En el algoritmo de Golbarg no usan nada relacionado con alineamiento de secuencias de ADN, nada de homología y mucho menos nada de Anti sentido.
Por lo anterior podemos concluir que aunque las técnicas comparten algunas características estas solo son de nombre, ya que usan estrategias totalmente diferentes, Golbarg usa técnicas más enfocadas al ámbito celular y la comunicación entre células y Correa se enfoca en los genes como un ámbito general y no tanto molecular.

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

Capitulo 4

Funciones de prueba y análisis de resultados

4.1 Introducción

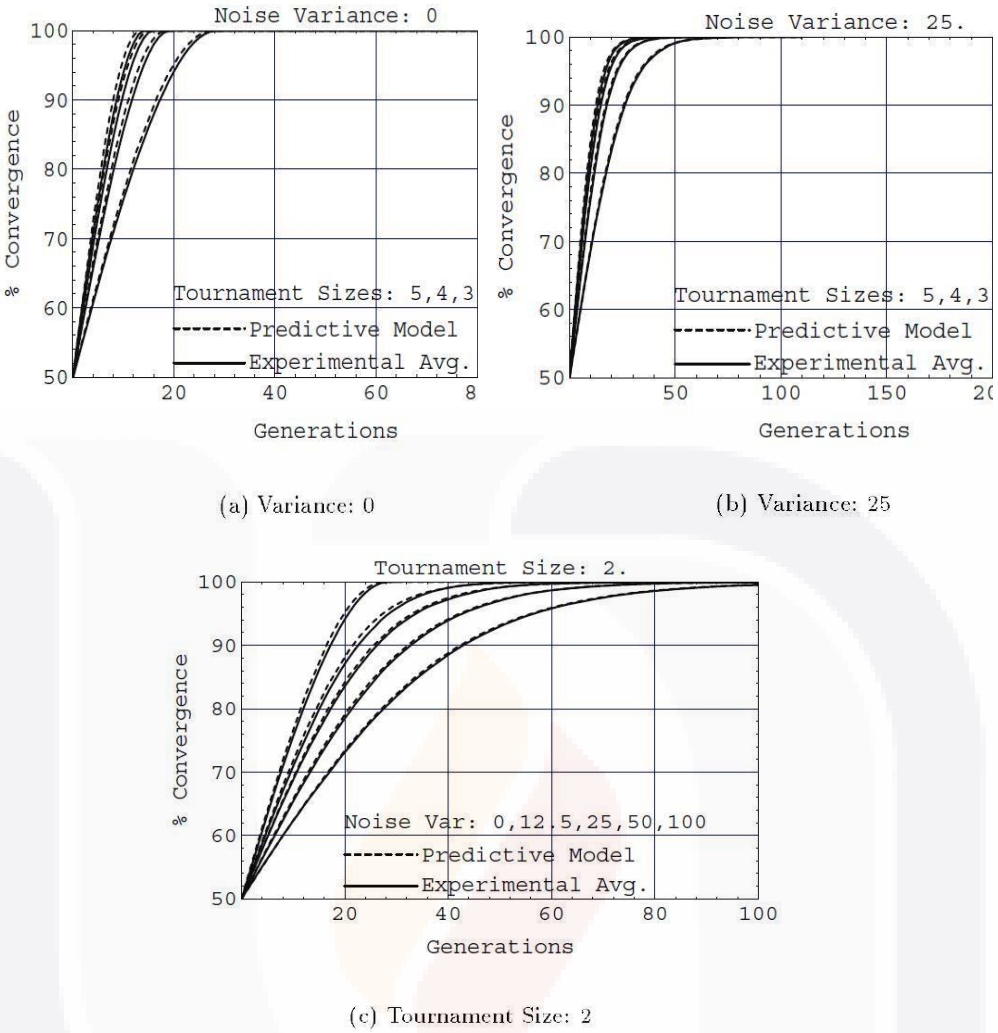
No solo basta con diseñar o clasificar una heurística también hay que comparar el desempeño de esta con otras, los algoritmos transgénicos serán sometidos a competencia con otras heurísticas. En primera instancia mostraremos dos comparaciones, en primer lugar tenemos los resultados de la publicación de Brad L. Miller y David E. Goldberg [62], donde se reportaba el impacto de la selección por torneo y el ruido que se genera en el desempeño de un algoritmo genético para probar esta usaron como datos de prueba el problema del Onemax, por lo que se ha usado para una primera comparación. En segundo término se muestra una comparación con un algoritmo genético interactivo realizado por Xavier Llorà, Kumara Sastry, David E. Goldberg, Abhimanyu Gupta, and Lalitha Lakshmi [63], donde reportan el funcionamiento de su algoritmo con el problema de OneMax. Posterior mente se verán otras comparaciones con las llamadas funciones engañosas de tal modo que se prueba el funcionamiento del AT. Un punto importante de partida para cualquier heurística es compararse siempre ante los algoritmos genéticos por ser la base de muchas de las heurísticas existentes, y siempre debe de ser una de las heurísticas a vencer.

4.2 Algoritmo Transgénico vs Algoritmo Genético

A continuación veremos una comparación, de un Algoritmo Genético contra un Algoritmo Transgénico, los resultados que se muestran del algoritmo genético son de una publicación de Brad L. Miller y David E. Goldberg [62], donde se muestra el impacto de la selección por torneo y el ruido que se genera con este tipo de selección, estas pruebas fueron aplicadas para resolver el problema del Onemax, de un tamaño de 100 bit's. Se probo el Algoritmo Transgénico con este mismo tamaño de bit's, lo que se evaluaba, es el numero de generación en donde se generaba la convergencia del problema. En las graficas de a continuación se muestran los resultados obtenidos por el algoritmo genético.

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

TESIS TESIS TESIS TESIS



(a) Variance: 0

(b) Variance: 25

(c) Tournament Size: 2

Figura 67. Experimentos para Onemax, con diferentes tamaños de torneo y niveles de ruido.

En la grafica a, b, c podemos observar los diferentes resultados obtenidos para diferentes valores para la selección por Torneo y para diferentes niveles de Ruido de un algoritmo Genético, de este experimento lo que interesa es, el numero de generación donde converge el algoritmo, los resultados que se observan en la grafica son los promedios de diferentes corridas.

TESIS TESIS TESIS TESIS

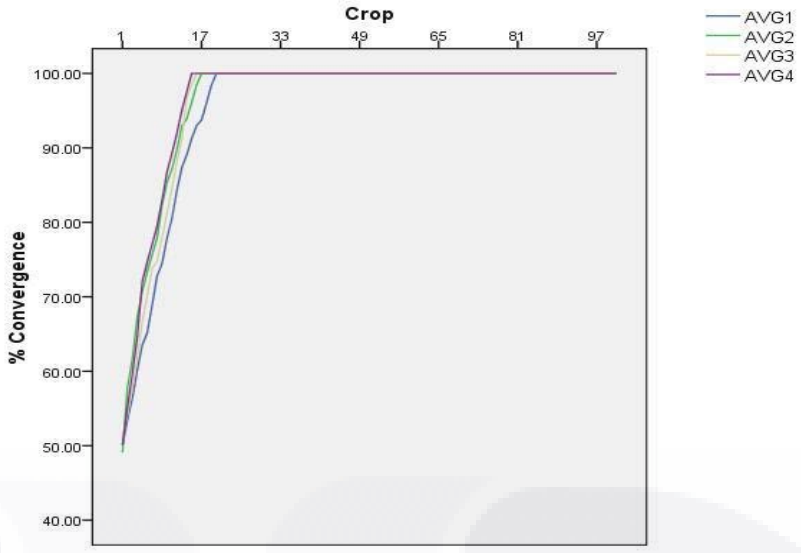


Figura 68. Experimentos del Algoritmo Transgénico, con promedios.

En la Figura 68 se observan los promedios de cada cosecha obtenidos por el algoritmo transgénico y se muestra que la convergencia empieza desde la cosecha 14 para las cuatro repeticiones, superando al Algoritmo Genético ya que para el Genético empieza su convergencia desde la generación 20, recordemos que son para casos de 100 bits del Onemax.

Los parámetros para el algoritmo transgénico fueron los siguientes:

Tamaño de población	100
Tamaño Cromosoma	100
Numero de Generaciones	100
Numero de cosechas	2
Selección Positiva	3%
Selección Negativa	30%
Dureza Positiva	40%
Dureza Negativa	80%

Tabla 5. Parámetros del Transgénico para OneMax

4.3 Algoritmo Transgénico Vs Algoritmo Genético Interactivo.

Otra comparación del funcionamiento del AT (Algoritmo Transgénico), surge con la publicación de Xavier Llorà, Kumara Sastry, David E. Goldberg, Abhimanyu Gupta, and Lalitha Lakshmi [63]. Donde se compara el funcionamiento de un Algoritmo Genético Interactivo donde se propone una variación de un Algoritmo Genético con la adición de que el usuario puede tomar parte en la ejecución del algoritmo con la modificación en tiempo de ejecución de los parámetros del Algoritmo esto con el fin de reducir el número de generaciones, con un Algoritmo Genético, también aplicado al problema del Onemax con diferentes tamaños de cromosoma, (4, 8, 12, 16, 20, 24, 28, 32).

El Algoritmo Transgénico, también fue probado con estos tamaños de cromosoma. Los resultados de cada uno de ellos se observa en las graficas de a continuación:

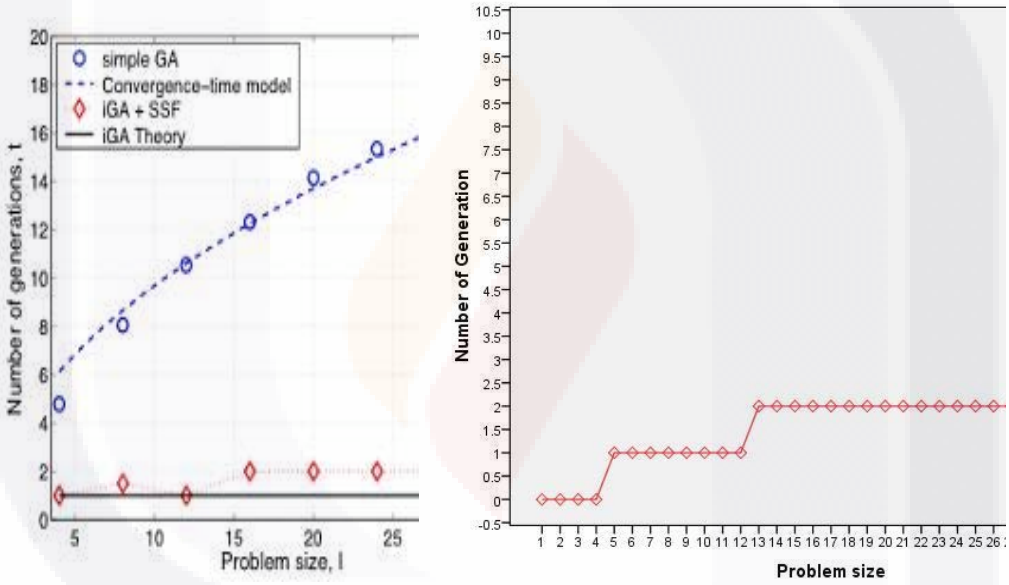


Figura 69. Comparación de una Genético, un algoritmo iterativo y un transgénico.

En el grafico se observa una gran diferencia entre un algoritmo genético y un iGA, requiere sólo 2 generaciones para resolver la instancia donde el cromosoma es igual a 32. Tenga en cuenta que el algoritmo de Transgénico puede compararse con un iGA y en comparación con un GA, está por encima de los resultados de estos. De esta forma podernos observar que el transgénico puede encontrar soluciones en menos generaciones.

Tamaño de población	5, 10, 15, 20, 25
Tamaño Cromosoma	4, 8, 12, 16, 20, 24, 28, 32
Numero de Generaciones	100
Numero de cosechas	2
Selección Positiva	3%

Selección Negativa	30%
Dureza Positiva	40%
Dureza Negativa	80%

Tabla 6. Parámetros del Transgénico para OneMax con diferentes tamaños de población

4.4 Funciones Deceptivas.

En esta sección se muestra los resultados obtenidos de someter al algoritmo al estudio de funciones deceptivas. Como se menciono en el capítulo 1.4 de este documento la decepción es la condición donde la combinación de buenos bloques constructores llevan a una reducción de aptitud, en vez de un incremento.
Es importante mencionar que el principal objetivo de estas funciones son el de averiguar qué tan eficiente son los algoritmos para salir de óptimos locales.

4.5 Algoritmo Evolutivo usando mapas de Markov para modelas soluciones prometedoras UEMMA.

La primera comparación será con el algoritmo propuesto por Eunice Ponce de León, Elva Díaz y Felipe Padilla [64], donde se propone una variante del algoritmo genético pero la selección se hace a través de mapas de Markov. Para probar el funcionamiento de este algoritmo, se le aplicaron varias funciones deceptivas, destacado de ellas la siguiente función:

$$F^5_{muhl}(x)=\begin{cases} 3.0 & \text{for } x = (0,0,0,0,1) \\ 2.0 & \text{for } x = (0,0,0,1,1) \\ 1.0 & \text{for } x = (0,0,1,1,1) \\ 3.5 & \text{for } x = (1,1,1,1,1) \\ 4.0 & \text{for } x = (0,0,0,0,0) \\ 0.0 & \text{otherwise} \end{cases}$$

$$Fc_2=\sum_{j=1}^{m} F^5{}_{muhl}(s_j)$$

Where $s_j = (x_{5j-4}, x_{5j-3}, x_{5j-2}, x_{5j-1}, x_{5j})$ and n=5m.

Esta función es conocida como FC_2 y fue propuesta por Muhlenbein [65], y es considera hasta hoy, una de las funciones con mas alto grado de complejidad.

4.5.1 Experimentación del UEMMA con el AT.

Los parámetros de experimentación de cada uno de los algoritmos se definen a continuación en las siguientes tablas, para el UEMMA, siempre se conserva para todos los casos un porcentaje de selección de la población del 70%.

Problema	FC_2
Variables	10
Tamaño población	100, 300
% de Selección	70%

Tabla 7. Parámetros del UEMMA

Problema	FC_2
Variables	10
Tamaño de población	100, 300
Cosechas	2
% Selección Positiva	2%
% Selección Negativa	2%
% Dureza Positiva	90%
% Dureza Negativa	10%

Tabla 8. Parámetros del AT.

Una vez mencionados los parámetros para cada uno de los algoritmos, veremos los resultados para cada uno de ellos.

UEMMA			AT	
Problema	FC_2	FC_2	FC_2	FC_2
Variables	10	10	10	10
Tamaño Población	100	300	100	300
Media de Generaciones	**24**	**18**	**6**	**2**

Tabla 9. Resultados obtenidos por el EUMMA y el AT.

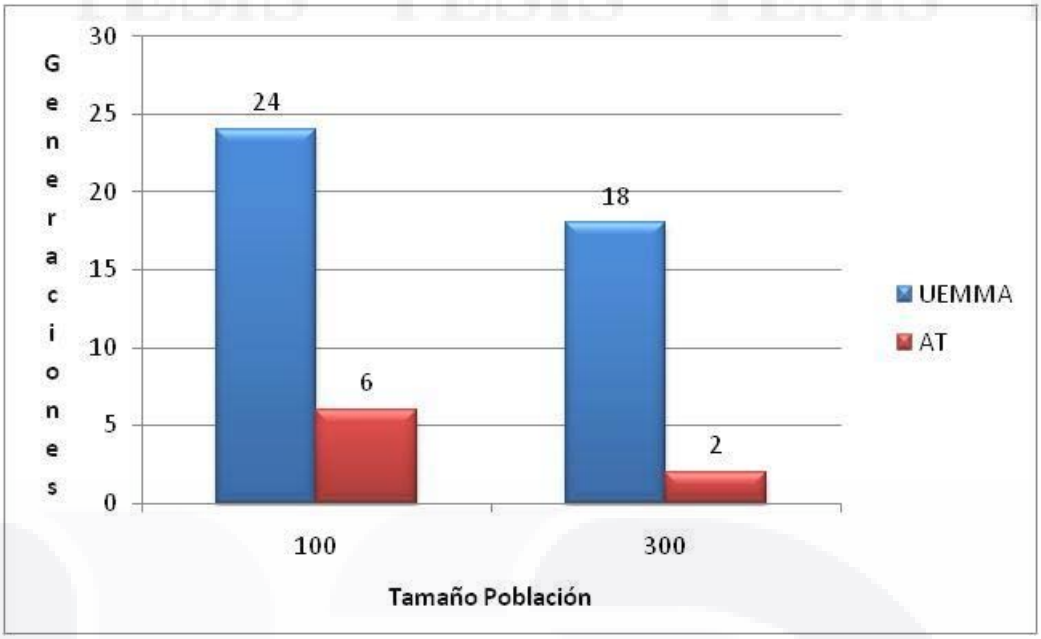


Figura 70. Resultados de la comparación del EUMMA y el AT

En la tabla 9 se pueden observar los resultados obtenidos por cada uno de los algoritmos, lo primero que se observa que la dos técnicas fueran sometidas a la función deceptiva FC_2, en donde el tamaño de variables es de 10, y con dos tamaños de poblaciones iniciales, que son 100 y 300, lo que se evaluó es el numero de generación donde se encontró el optimo para esta función. Los resultados muestran que para los dos tamaños de población, el AT resulta mucho mejor ya que el óptimo es encontrado en menos generaciones que EUMMA, esto puede verse de mejor forma en la figura 70 donde se muestra una comparación de las dos técnicas.

Es importante destacar que aunque se trata de problemas deceptivos del más alto orden el tamaño de bits es este caso de 10, es pequeño para las capacidades de las computadoras actuales, es por ello que a continuación se muestra la comparación con tamaños de bits mas grande.

4.6 Algoritmo Genético con diferente cruzamiento.

La siguiente comparación es con la publicación de Malcom I. Heywood [66] donde mostraba el comportamiento de un Algoritmo Genético ante problemas deceptivos, con diferentes tipos de cruzamiento. El problema deceptivo que se uso para probar el algoritmo es el siguiente:

F(0**) > f(1**)	F(00*) > f(11*), f(01*), f(10*)
F(*0*) > f(*1*)	F(0*0) > f(1*1), f(0*1), f(1*0)
F(**0) > f(**1)	F(*00) > f(*11), f(*01), f(*10)

Tabla 10. Teoría de bloques constructores

En la tabla 11 se muestra como está constituida la teoría de los bloques constructores, esto para un problema deceptivo de orden 3 los valores para el problema son:

f(000) = 28	f(001) = 26
f(010) = 22	f(100) = 14
f(110) = 0	f(011) = 0
f(101) = 0	f(111) = 30

Tabla 11. Valores posibles para 3 bits.

El problema deceptivo consta de 3 bits de esta forma se considera que es de orden 3.

4.6.1 Experimentación del Algoritmo Genético y el AT

Los parámetros de experimentación para cada uno de los algoritmos se definen a continuación, el número de bits se incrementa a 30, aumentando así la complejidad del problema.

Problema	Orden3
Variables	30
Tamaño población	200, 2000
Cruzamiento	1 Punto Uniforme Tagged
Evaluaciones	10,000 50,000

Tabla 12. Parámetros del Algoritmo Genético

Problema	Orden 3
Variables	30
Tamaño de población	200, 2000
Cosechas	2
% Selección Positiva	2%
% Selección Negativa	2%
% Dureza Positiva	90%

% Dureza Negativa	10%
Evaluaciones	10,000
	50,000

Tabla 13. Parámetros del AT para Deceptivas del Orden 3

Los resultados obtenidos para cada uno de los algoritmos se muestran a continuación.

Cruza	Tamaño de Población	Resuelto	Evaluaciones
1-Punto	200	27%	10,000
Uniforme	200	27%	10,000
Tagged	200	53%	10,000
1-Punto	2000	38%	50,000
Uniforme	2000	35%	50,000
Tagged	2000	64%	50,000

Tabla 14 Resultados del Algoritmo Genético.

Tamaño de Población	Resuelto	Evaluaciones
200	70%	10,000
2000	100%	50,000
10	60%	300

Tabla 15. Resultados del AT.

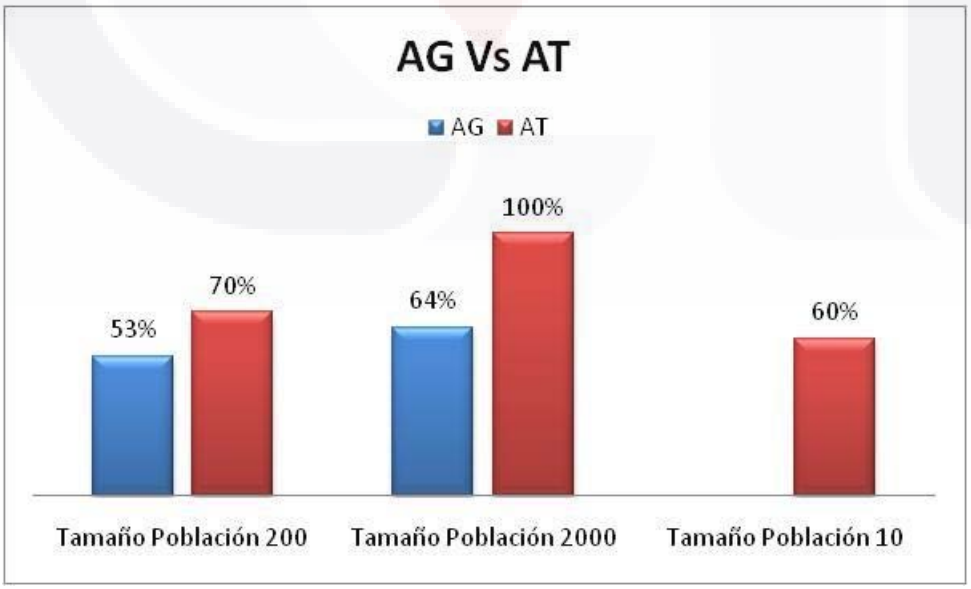


Figura 71. Resultados de Comparación del AG vs AT.

Los resultados obtenidos por el Ag que se muestran en la tabla 14 representan el porcentaje de ocasiones en las que se resolvió el problema de 30 bits de nivel 3 deceptivo, podemos observar que cuando se tiene una población inicial de 200 individuos, y tenemos la cruza Tagged, se encontró el optimo en 53% de las ocasiones, en contraste cuando al AG se le aumentó el tamaño de la población inicial a 2000, se pudo encontrar el optimo 64% de las ocasiones, con el mismo tipo de cruza. Si comparamos lo obtenido por el AT cuando el tamaño de la población es de 200, es encontrado un 70% de veces el óptimo, cuando aumentamos el tamaño de la población a 2000, el óptimo es localizado el 100% de las ocasiones, además que se añadió una comparación mas, se corrió el algoritmo con una población inicial de 10, encontrando el optimo en un 60% de las ocasiones lo que podemos concluir es que a diferencia del AG, el AT no requiere de muchas generaciones y de una población inicial grande para obtener buenos resultados.

Hasta el momento se ha realizado comparaciones con tamaños de bits relativamente pequeños la siguiente comparación se realizo con tamaños de bits más grandes, a continuación se explica.

4.7 Algoritmo Genético con Selección Reservada.

El Algoritmo Genético con Selección Reservada (GARS), propuesto por Yang Chen, Jinglu Hu, Kotaro Hirasawa, and Songnian Yu rere [67], presenta una variación del un AG simple, en donde además de considerar los individuos más aptos también, son considerados algunos individuos menos aptos, esto con la finalidad de proporcionar más diversidad a cada una de las generaciones, de esta forma se busca evitar que el algoritmo caiga en óptimos locales, ya que una de las desventajas del AG es la de quedar estancado en óptimos locales ya que solo considera una parte de la población.

4.7.1 Experimentos del GARS y el AT

La comparación fue tomada siguiendo los lineamientos en la publicación de Yang [67], en donde realizo una comparación con un AG simple, sobre una función deceptiva de orden 3, como la mencionada en 4.6, como ya se menciono antes el problema es difícil ya que tiene un valor engañoso 000, que es un óptimo local superior a todos sus vecinos en el espacio de búsqueda. El problema también es totalmente engañoso ya que el óptimo local tiene un valor atractivo que cubre la mayor parte del espacio de búsqueda, mientras que una espiga aislada representada por 111, es el óptimo global que es exactamente el complemento del óptimo local. Una función binaria de tres bits por sí mismo es demasiado pequeña para demostrar

cualquier algoritmo de búsqueda, Goldberg construyo uno más grande [68]. Se compone de 10 sub funciones engañosas de tres bits, cada uno de los cuales es orden-3 deceptiva. Por lo tanto, el valor de una función de 30 bits se define como la suma del valor de sus 10 sub funciones. Para este problema, hay totalmente $2^{30} = 1{,}07 \times 10^9$ puntos en el espacio de búsqueda, donde $2^{10} = 1024$ puntos son óptimos (cada sub función tiene 2 óptimos), entre los cuales sólo uno es el óptimo global (es decir, la cadena con todos 1s). El problema se hace más difícil cuando los bits de las sub funciones son reordenados para que los tres bits de cada sub función máxima estén separados. Por lo tanto, los tres bits de la subfunction de i-ésimo se encuentran en posición i, i + 10 e i + 20 respectivamente (i = 1... 10). La combinación de engaño y reordenamiento dificulta al AG estándar descubrir el óptimo global. Se demostró de esta forma que el AG consistentemente convergen a una solución sub óptima al problema, con cada sub función convergen a 000 en lugar de 111 [68].

En estas pruebas, se observa la comparación del GARS comparando con AG estándar y el AT. Tabla 16 muestra los valores de los parámetros para el AG y el GARS que se usan para el experimento, respectivamente en la tabla 17 se muestra los parámetros de AT.

Los operadores genéticos adoptados aquí son selección de torneo con estrategia elitista, un punto de cruce y mutación de bits. Además, establecimos la amplitud de muestreo B = 30 y muestreo de profundidad D = 1 para GARS. Los resultados se muestran en las tablas 18, 19, 20, en tres grupos de pruebas con un número diferente de sub funciones engañosas 10, 100 y 200 se llevan a cabo respectivamente. Medimos el mejor (máx.), la media (media) y la desviación estándar (SD) del resultado obtenido en 100 carreras independientes como criterios de evaluación del desempeño.

Parámetro	Valor
Tamaño de Población	10
Numero de Generaciones	100
Tamaño de Selección de Torneo	2
Porcentaje de Cruza	0.5
Porcentaje de Mutación	1.5
Porcentaje de Adaptación	1.0

Tabla 16. Parámetros del Genético Simple y GARS

Problema	Orden 3
Variables	30, 300, 600
Tamaño de población	10
Cosechas	6

% Selección Positiva	2%
% Selección Negativa	2%
% Dureza Positiva	90%
% Dureza Negativa	10%
Evaluaciones	100

Tabla 17. Parámetros del AT para Deceptivas del Orden 3 y tamaño de población de 10.

Algoritmo	Max	Avg	DS
AG	296	287.52	3.27561
GARS	300	292.2	3.58329
AT	300	296.98	3.35742

Tabla 18. Comparación del GARS, AG y AT con problemas engañosos de Orden 3 con un tamaño de 10 Sub funciones engañosas equivalente a 30 bits (El máximo global es 300).

Como puede observarse en la tabla 18, el AG estándar es incapaz de encontrar el óptimo global en 100 generaciones, ya que llega a una convergencia prematura. Sin embargo, esto no ocurre para el GARS ni para el AT ya que resuelven el problema engañoso con éxito. A medida que aumenta el número de sub funciones engañosas a 100 y 200 (véase los cuadros 19 y 20), el problema se vuelve cada vez más difícil para el AG estándar. Dentro el mismo número de generaciones, sin embargo, el GARS y el AT funcionan mejor que el GA en el caso del GARS libera las potencialidades de los individuos reservados por la adaptación que fácilmente se podría mejorar las pobres soluciones para este problema en el caso del AT con la resolución positiva y negativa se logra mantener la diversidad y la creación de mejores individuos y escapando de los óptimos locales, los resultados se pueden apreciar mejor en la figura 72.

Figura 72. Comparación de los promedios del AG, GARS, AT con 10 Sub funciones.

Algoritmo	Max	Avg	DS
AG	2642	2545.24	44.5554
GARS	2904	2886.82	8.49986
AT	2800	2796.44	25.14697

Tabla 19. Comparación del GARS, AG y AT con problemas engañosos de Orden 3 con un tamaño de 100 Sub funciones engañosas equivalente a 300 bits (El máximo global es 3000)

Figura 73. Comparación de los promedios del AG, GARS, AT con 100 Sub funciones

Algoritmo	Max	Avg	DS
AG	4686	4503.42	44.5554
GARS	5688	5607.88	8.49986
AT	5600	5580.44	25.14697

Tabla 20. Comparación del GARS, AG y AT con problemas engañosos de Orden 3 con un tamaño de 200 Sub funciones engañosas equivalente a 600 bits (El máximo global es 6000)

Figura 74. Comparación de los promedios del AG, GARS, AT con 200 Sub funciones

Esta comparación a diferencia de las presentadas anterior mente, son realizadas utilizando un tamaño de de bit muy grande, que va desde 30 bits, pasando por 300 bits, hasta 600 bits, aunado a esto el numero de generaciones tan pequeño de solo 100 y con una población inicial de solamente 10 individuos para cada uno de los algoritmos, hace bastante complicado el resolver estos problemas, como se pueden observar en las graficas 72, 73, 74 el algoritmo genético presenta en menor desempeño de los tres, en cabio el GARS y el AT muestran un desempeño muy favorable, considerando los valores iniciales con los que inician. En la primera comparación donde el problema es de 10 sub funciones, el AT muestra el mejor desempeño, no obstante cuando aumentamos el tamaño del problema a 100 sub funciones, el desempeño del GARS es mejor que el AT, en la última comparación donde el problema aumenta a 200 sub funciones tanto el GARS y el AT presentan un desempeño muy parecido.

Con esto concluimos que el desempeño del AT y el GARS es muy bueno para estas funciones y no requieren de cantidades grandes de generaciones o de poblaciones iniciales. Es importante destacar que tanto como el AT y GARS asen uso de poblaciones no aptas, para poder mejorar los resultados, aunque cada uno de ellos tiene un tratamiento especial para el manejo de estas poblaciones.

Conclusiones

El objetivo principal de esta tesis fue el de proponer una técnica de optimización, basada en los procesos que son usados en la biotecnología moderna para crear organismos modificados genéticamente, y así expresar en ellos mejoras, que de otra forma le llevaría años a la naturaleza por sí sola, con esto se reduce el tiempo (Generaciones) para tener los resultados. Estas modificaciones pueden ir desde cambiar el color, el olor o el sabor esto hablando de un fruto, hasta la modificación de los genes para añadir resistencia a virus o bacterias trasportando dichas cualidades de otros individuos. Tomando como referencia estó, se creó un algoritmo emulando los procesos que se requieren para crear un individuo transgénico, incorporando así nuevos conceptos como lo son la Alineamiento, Homología, Resolución Positiva y la Resolución Negativa también conocida como Atisentido.

Para validar el funcionamiento del algoritmo se planteo resolver el problema del OneMax, este problema es usado más para medir el funcionamiento y la velocidad de un algoritmo, que la complejidad que represente el OneMax al él algoritmo expuesto a este. En la primera comparación se baso en los resultados obtenidos de un algoritmo genético usando selección de torneo, reportando el número de generación donde existía convergencia, se registro que el Transgénico puedo resolver este problema en generaciones más tempranas que el Genético.

Para una segunda comparación se tomaron los resultados obtenidos por una variación de un algoritmo genético, es un algoritmo genético interactivo, en donde su principal aportación, es que permite al usuario ir modificando los parámetros del algoritmo para obtener un mejor resultado, los resultados muestran que el Transgénico resuelve de forma similar el problema y el algunos casos lo supera, usando como métrica de comparación el numero de generación donde se converge.

Con la finalidad de probar el Algoritmo Transgénico con diferentes problemas, se tomo la decisión de trabajar con funciones engañosas o también conocidas como funciones deceptivas, estas funciones son particular mente difícil de resolver, ya que fueron creadas con el propósito de confundir a los Algoritmos, ya que no tienen muy claro cuáles son las mejores soluciones.

La primera comparación usando funciones engañosas fue con un UEMMA, el cual es un algoritmo que usa mapas de Markov para modelar individuos más aptos, en esta comparación se evaluó, en que generación se encontraba la mejor solución, el tamaño de prueba fue de 10 bits. En esta comparación resulto ser mejor el AT ya que encontró las soluciones en generaciones más tempranas.

La segunda comparación usando funciones engañosas, fue la comparación con un Algoritmo Genético Simple con el Transgénico, en esta comparación en número de bits, fue de 30 bits, con esto se aumento la

complejidad del problema, en esta comparación se midió el número de veces que encontraba la solución optima, nuevamente el al AT, resulta ser mejor ya que llega en más ocasiones al optimo que el AG.

La tercera y última comparación fue realizada con un algoritmo genético con selección reservada, GARS, este tipo de algoritmos, al igual que el AT, aplica un tratamiento especial a los individuos menos aptos, es importante mencionar que aunque los 2 algoritmos, trabajan con estas poblaciones cada uno lo hace de manera particular y diferente, esta ultima comparación resulto de mucho provecho ya que a diferencia de las primeras comparaciones, en donde se trabajo con tamaños de bits pequeños y un numero de generaciones y poblaciones iniciales grandes, aquí fue todo lo contrario, se trabajó con poblaciones pequeñas, pocas generaciones y problemas muy grandes, los tamaños de bits, fueron 30, 300, 600, para una función engañosa trabajar con esta cantidad de individuos, convierte el problema en un problema np duro, en otras palabras intratable. Los resultados obtenidos tanto por el GARS y el AT son muy similares, obteniendo resultados muy buenos ambos. Es importante destacar estos resultados ya estas técnicas trabajan con poblaciones poco aptas, lo cual demuestra que esta rama puede dar buenos resultados, y pocos algoritmos consideran estas poblaciones.

Con estas comparaciones concluimos que, el algoritmo no requiere de poblaciones grandes, ni un gran número de generaciones para obtener buenos resultados, esto gracias a la homología, la resolución Positiva y Negativa, de esta manera comprobamos que es importante tener en consideración las poblaciones de los individuos menos aptos, con la finalidad de no estancar el algoritmo en optimo locales.

Por ultimo solo queda mencionar el trabajo futuro que se espera con el Algoritmo Transgénico, principalmente se buscará la aplicación del AT en otros problemas, como son el problema del Viajante, el problema de asignación de tareas, etc, esto con el propósito de demostrar que el Algoritmo Transgénico, puede ser aplicado a diferentes problemas de optimización.

Referencias

1. Toscano, G.P., *Optimización Multiobjetivo Usando un Micro Algortimo Genético*. 2001, Universidad Veracruzana. p. 100.
2. Jenkins, J., *Genetics*. 1984, Boston, Massachusetts: Houghton Mifflin Company.
3. *Enciclopedia Autodidáctica Millenium*, S.A. Norma, Editor. 2001: Mexico, DF.
4. Utah, T.U.o., *The Basics*. 2006, Genetic Science Learning Center.
5. Mendel, G.J., *Experiments in plant hybridisation.* Journal of Royal Horticultural Society, 1901. **26**: p. 1-32.
6. Coello, C.A.C., *Introducción a la Computación Evolutiva*, I.P. Nacional, Editor. 2006: México, D.F.
7. Horowitz, E. and S. Sahni, in *Fundamentals of Computer Algortihms*. 1984, Computer Science.
8. Goldberg, D.E., *Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning*. 1989: Massachussets.
9. *Diccionario esencial de la lengua española*. 2006, Asociación de Academias de la Lengua Española: España.
10. Polya, G., *How to Solve It*. 2nd ed. 1957: Princeton University Press.
11. ANSI/IEEE. 1984.
12. Glover, F. and M. Laguna, *Tabu Search*. 1998, Kluwer Academic: Norwell Massachusetts.
13. Holland, J.H., *Adaptation in Natural and Artificial System*. 1975, Ann Arbor, Michigan: University of Michigan.
14. Quintero, L.V.S. and C.A.C. Coello, *Una Introduccón a la Computación Evolutiva y Alguna de sua Apliacaiones en Ecónomia y Finanzas.* 2006.
15. Fogel, L.J., *Artificial Intelligence through Simulated Evolution.* 1966.
16. Rechenberg, I., *Evolutionsstrategie: Optimierung technischer Systemenach Prinzipien der biologischen Evolution.* Frommann-Holzboog, Stuttgart, Alemania,, 1973.
17. Schwefel, H.-P., *Numerische Optimierung von Computer-Modellen mittels der Evolutionsstrategie*. 1977: Basel, Alemania.
18. Schwefel, H.-P., *Numerical Optimization of Computer Models.* 1981: Wiley, Chichester, UK.
19. Koza, J.R., *Genetic Programming: On the Programming of Computers by Means of Natural Selection*. 1992, The MIT Press: Cambridge, Massachusetts.
20. A.Wetzel, *Evaluation of Efectiveness of genetic algorithms in combinational optimization*. 1983, University of Pittsburgh: Pittsburgh.
21. Whitley, D., *The GENITOR Algorithm and Selection Pressure: Why Rank-Based Allocation of Reproductive Trials is Best*, in *In Proceedings of the Third International Conference on Genetic Algorithms*. 1989, Morgan Kaufmann Publishers: San Mateo, California. p. 116-121.

22. Rudolph, G., *Convergence analysis of canonical genetic algorithms.* 1994, IEEE Transactions on Neural Networks.
23. Jong, A.K.D., *An Analysis of the Behavior of a Class of Genetic Adaptative Systems*. 1975, University of Michigan: Michigan.
24. Syswerd, G., *Uniform Crossover in Genetic Algorithms*, in *Proceedings of the Third International Conference on Genetic Algorithms*, J.D. Schaffer, Editor. 1989: San Mateo, California.
25. Davis, L., *Handbook of Genetic Algorithms*. 1991, Van Nostrand Reinhold: New York.
26. Buckles, B.P. and F.E. Petry, *Genetic Algorithms*. 1992.
27. Cramer, N.L., *A representation for the adaptive generation of simple*, in *Proceedings of an International Conference on Genetic*, I.J.J. Grefenstette, Editor. 1985: Pittsburgh, PA. p. 183–187.
28. Koza, J.R., *Herarchical genetic algorithms operating on populations of computer programs*, in *Proceedings of 11th International Joint Conference on Artificial Intelligence*, I.N.S. Sridharan, Editor. 1989: SanMateo, California. p. 768–774.
29. Banz, W., R.E. Keller, and F.D. Francone, *Genetic Programming – An Introduction; On the Automatic Evolution of Computer Programs and its Applications*. 1998.
30. Alonso, S., et al., *La Metaheurística de Optimización Basada en Colonias de Hormigas: Modelos y Nuevos Enfoques*. 2002, Departamento de Ciencias de la Computación e Inteligencia Artificial, E.T.S. Ingeniería Informática: Granada, España.
31. Goss, S., et al., *Self-organized shortcuts in the Argentine ant*. 1989. p. 579-581.
32. Pasteels, J.M., J.-L. Deneubourg, and S. Goss, *Self-organization mechanisms in ant societes*. 1987. p. 155-175.
33. Bonabeau, E., M. Dorigo, and G. Theraulaz, *Swarm Intelligence: From Natural to Artificial Systems*. 1999, New York, NY: Oxford University Press.
34. Dorigo, M. and G.D. Caro, *The Ant Colony Optimization meta-heuristic*. D. Corne, M.Dorigo, y F. Glover ed. 1999, London, UK: McGraw Hill.
35. Dorigo, M., G.D. Caro, and L.M. Gambardella, *Ant algorithms for discrete optimization*. 1999.
36. Cortés, N.C. and C.A.C. Coello, *Un Sistema Inmune Artificial para Solucionar Problemas de Optimizaci´on Multiobjetivo*. 2002, Instituto Politíecnico Nacional: México.
37. Castro, L.N.d. and J. Timmis, *An Introduction to Artificial Immune Systems: A New Computational Intelligence Paradigm*. 2002.
38. Naga, P.L. and J.A. Lozano, *Estimation of Distribution Algorithms:A New Tool for Evolutionary Computation*. 2001: New York.
39. Coello, C.A.C., *A Comprehensive Survey of Evolutionary-Based Multiobjective Optimization Techniques.* Knowledge and Information Systems An International Journal, 1999. **1(3)**: p. 269-308.
40. Veldhuizen, D.A.v., *Multiobjective Evolutionary Algorithms: Classifications, Analyses, and New Innovations*, in *Department of*

Electrical and Computer Engineering. 1999, School of Engineering. Air Force Institute of Technology: Wright-Patterson AFB, Ohio.
41. Coello, C.A.C. and C.E.M. Romero, *Evolutionary Algorithms and Multiple Objective Optimization*. 2002: Boston. p. 277-331.
42. Rosenberg, R.S., *Simulation of genetic populations with biochemical properties*. 1967, University of Michigan: Ann Harbor, Michigan.
43. *UN Economic and Social Development*. 1995.
44. Lacadena, J.R. 2001, Centro Nacional de Información y Comunicación Educativa: España.
45. Zapata, F.B., in *Recomendaciones para el desarrollo y consolidación de la Biotecnología en México*. 2003, Consego Nacional de Ciencias y Tecnologia: Mexico, DF.
46. Noguera, N.G., *Nuevas Tecnologías Aspectos legales de la Biotecnología*. 2000.
47. Butlera, T.M. and G.L. Fletcher, *Promoter analysis of a growth hormone transgene in Atlantic salmon*. 2009, Business Development at Aqua Bounty Farms: Newfoundland, Canada.
48. ArgenBio, *El cuaderno de porque Biotecnologia*. 2006, Consejo para la informacion y el desarrollo de la biotecnologia.
49. Ow, D.W., et al., *Transient and stable expression of the firefly luciferase gene in plant cells and transgenic plants*. 1986, US Dept. of Agriculture, National Science Foundation.
50. Horticulture, D.o.A.a., *Descripción de la Ingeniería Genética*. 2004, University of Nebraska-Linconl.
51. De Luna, E. and B.D. Mishler, *El concepto de homologia filogenética y la selección de caracteres taxonómicos*. 1996, Boletín de la Sociedad Botánica de México: Mexico, DF. p. 131-146.
52. Luna, E.D. and B.D. Mishler, *El concepto de homología filogenética y la selección de caracteres taxonómicos*, 59, Editor. 1996, Boletín de la Sociedad Botánica de México: México DF. p. 131-146.
53. Correa, V.C.J. and F. Padilla Díaz, *Algoritmo Transgénico*. 2008, Universidad Autonoma de Agascalientes: Aguascalientes. p. 8.
54. Ignacimuthu, *Biotechnology: an introduction*. 2008, New Delhi, India: Alpha Science International, Ltd.
55. *Los Trasngénicos: oportunidades y amenazas*. ed. 1. 2007, Mundi-Prensa: Madrid España.
56. Eshelman, J.D.S.a.L.J., *"On crossover as an evolutionary viable strategy"*, in *Proceedings of the 4th International Conference on Genetic Algorithms*, I.R.K.B.a.L.B. Booker, Editor. 1991, Morgan Kaufmann. p. 61-68.
57. Melián and Moreno, *Metaheurísticas: Una visión global*, in *Revista Iberoamericana de Inteligencia Artificial*. 2003. p. 7-28.
58. Prescott, L., *Microbiology*. 1993: Dubuque, Iowa, USA.
59. Goldbarg, E.F.G., M.C. Goldbarg, and L.B. Bagi, *Transgenetic Algorithm: A New Evolutionary Perspective for Heuristics Design*. 2007, GECCO'07: London, England, United Kingdom.
60. Goldbarg, M.C. and E.F.G. Goldbarg, *Transgenética computacional: Uma aplicação ao problema quadrático de alocação*. 2002, Pesquisa Operacional. p. 359-389.

61. Margulis, L., *Symbiosis as a Source of Evolutionary Innovation: Speciation and Morphogenesis*. 1991, The MIT Press.
62. Miller, B.L. and D.E. Goldberg, *Genetic Algorithms, Tournament Selection, and the Effects of Noise*, 95006, Editor. 1995, Illigal.
63. Llorà, X., et al., *Combating User Fatigue in iGAs: Partial Ordering, Support Vector Machines, and Synthetic Fitness.* 2005.
64. León, E.P.d., E. Díaz, and F. Padilla, *Evolutionary Algorithm based on a Markov graphical model selection of promising solutions*. 2004, CIC.
65. Mühlenbein, Mahnig, and O. Rodriguez, *Schemata, distributions and graphical models in evolutionary optimization.* Journal of Heuristics, 1998. **5**: p. 215-247.
66. Heywood, M.I., *Deception in Genetic Search*. 2006.
67. Chen, Y., et al., *Solving Deceptive Problems Using A Genetic Algorithm with Reserve Selection*. 2009: Congress on Evolutionary Computation (CEC).
68. Goldberg, D.E., B. Korb, and K. Deb, *Messy genetic algorithms: Motivation, analysis and first results*. 1989.

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

Anexos

A continuación se enlistan las diferentes publicaciones obtenidas con esta tesis:

- ✓ **Publicación en la Revista Computación y Sistemas, Edición especial de Sistemas Híbridos Inteligentes (Instituto Politécnico Nacional y Conacyt) 2010, ISSN 1405-5546.**
  New Algorithm Transgenic with Homology to solve the problem of OneMax**.**

- ✓ **Publicación en el Mexican International Conference on Artificial Intelligence (MICAI) 2009, Artificial Intelligence and Applications, Sociedad Mexicana de Inteligencia Artificial ISBN: 978-607-95367-0-1.**
  New Algorithm Transgenic with Homology

- ✓ **Publicación en el TERCER CONGRESO MEXICANO DE COMPUTACIÓN EVOLUTIVA COMCEV' 07** "Algoritmo Transgénico para resolver el problema del TCP"

- ✓ **Publicación en la 6 CONFERENCIA IBEROAMERICANA EN SISTEMAS, CIBERNÉTICA E INFORMÁTICA: CISCI 2007,** "Algoritmo Transgénico: Un Nuevo Paradigma". Correa Villalón, C.J. del 12 al 15 de julio de 2007. Orlando, Florida, EE.UU.

- ✓ **Publicación en el SEGUNDO CONGRESO ESTATAL "LA INVESTIGACIÓN EN EL POSGRADO 2006",** "Algoritmo Transgénico para Problemas de Optimización". Correa Villalón, C.J. 22 de Noviembre. Aguascalientes, Ags.

- ✓ **Publicación en el XII SIMPOSIO ESTATAL DE INVESTIGACIÓN Y DESARROLLO TECNOLÓGICO AGUASCALIENTES 2006,** "Algoritmo Transgénico para el Problema del Viajante: Un Nuevo Paradigma" Correa Villalón, C.J. (UAA) 27 de Septiembre del 2006. Aguascalientes, Ags.

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

COMPUTACIÓN Y SISTEMAS
REVISTA IBEROAMERICANA DE COMPUTACIÓN
PUBLICACIÓN TRIMESTRAL

ISSN 1405-5546

Abril - Junio / 2010 Vol. 13 No. 4 April - Jun / 2010

Editorial
Alberto Ochoa Ortiz Zezzatti
Arturo Hernández Aguirre

MIRROS: Intermediary Model to Recovery Learning Objects 247
Ma. de Lourdes Margain Fuentes, Jaime Muñoz Arteaga, Francisco Álvarez Rodríguez, Jean Vanderdonkt and Michael Orey

A Hybrid Approach in the Development of Behavior Based Robotics 257
Fernando Montes González, Carlos Alberto Ochoa Ortiz Zezzatti, Luis Felipe Marin-Urias and Jöns Sánchez Aguilar

Construction of an Optimal Solution for a Real-World Routing-Scheduling-Loading Problem 273
Juan Javier González Barbosa, José Francisco Delgado Orta, Héctor Joaquín Fraire Huacuja, José Antonio Martínez Flores and María Lucila Morales Rodríguez

A Robust Evolvable System for the Synthesis of Analog Circuits 295
Aurora Torres Soto, Eunice E. Ponce de León Sentí, Arturo Hernández Aguirre, María Dolores Torres Soto and Elva Díaz Díaz

New Algorithm Transgenic with Homology to solve the problem of OneMax 313
Christian José Correa Villalón, Felipe Padilla Díaz, Eugenio Pérez Molphe, Eunice Ponce de Leon, Fátima Sayuri Quezada Aguilera and Julio Cesar Ponce Gallegos

A Self-Adaptive Ant Colony System for Semantic Query Routing Problem in P2P Networks 331
Claudia Gómez Santillán, Laura Cruz Reyes, Eustorgio Meza Conde, Elisa Schaeffer and Guadalupe Castilla Valdez

Resumen de Tesis Doctoral
Prototype Selection Methods 345
José Arturo Olvera López

Design and Implementation of an Advanced Security Remote Assessment System for Universities Using Data Mining 355
José Alberto Hernández Aguilar

Anuncios y Eventos

Centro de Investigación en Computación - IPN
"La Técnica al Servicio de la Patria" Impreso en México 2010

COMPUTACIÓN Y SISTEMAS

Deutsche Nationalbibliothek: 5343
Yrcebibliothek: 7
Deutsche Nationalbibliothek: 5343

COMPUTACIÓN Y SISTEMAS
REVISTA IBEROAMERICANA DE COMPUTACIÓN
PUBLICACIÓN TRIMESTRAL

ISSN 1405-5546

Sistemas Híbridos Inteligentes

Número Especial
Editores Invitados:
Alberto Ochoa Ortiz Zezzatti
Arturo Hernández Aguirre

Instituto Politécnico Nacional

Abril - Junio / 2010 *Vol. 13 No.4* *April - Jun / 2010*

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

A New Transgenic Algorithm with Homology to Solve the OneMax Problem

Nuevo Algoritmo Transgénico con Homología, para resolver el problema OneMax

Christian José Correa Villalón[1], Felipe Padilla Díaz[1], Eugenio Pérez Molphe[1], Eunice Esther Ponce de León Sentí, Fátima Sayuri Quezada Aguilera[1], Julio Cesar Ponce Gallegos[1] and Alejandro Padilla Díaz[1]

[1]Universidad Autonóma de Aguascalientes. Centro de Ciencias Básicas. Departamento de Ciencias de la Computación.
crisjc_2000@yahoo.com.mx,fpadilla@correo.uaa.mx, eponce@correo.uaa.mx, sayu_172002@yahoo.com.mx, jcponce@correo.uaa.mx, apadilla@correo.uaa.mx

Article received on July 07, 2009; accepted on September xx, 2009

Abstract
A new area of Biology known as Biotechnology has already been the inspiration of a very novel heuristic. This field that refers to "any technological application that uses biological systems, living organisms, or their derivatives thereof, to make or modify products or processes for specific use" is the core for the "Transgenic Algorithm" presented in this work. The algorithm was named like this because animals or plants who, have been changed genetically through biotechnology techniques are known as **transgenic**. The objective of genetic changes is to improve an individual or to emphasize some of its original attributes. In this work some improvements have been made to the first transgenic algorithm, such as the incorporation of positive and negative homology in the search of more capable individuals.
Keywords: Transgenic Organisms, Biotechnology, New Transgenic Algorithm, GMO, Directed Crossing, Homology, Antisense, Resolution

Resumen
La Biotecnología es una nueva área de la Biología, que ha sido la inspiración de una novedosa heurística. La biotecnología es conocida como "cualquier aplicación tecnológica que usa sistemas biológicos, organismos vivientes, o derivados de estos, para hacer o modificar productos o procesos para un uso especifico". Este campo ha sido el núcleo del "Algoritmo Transgénico" presentado en este trabajo. El nombre del algoritmo se debe a que simulamos el mecanismo que se aplica en animales y plantas que han cambiado genéticamente con técnicas de la biotecnología, a estos se les conoce como **transgénicos**. El objetivo de los cambios genéticos es mejorar a un individuo o enfatizar algunos de sus atributos originales. En este trabajo se han hecho mejoras al primer algoritmo transgénico, con la incorporación de la homología positiva y negativa en la búsqueda de individuos más capaces.
Palabras clave: Organismos Transgénicos, Biotecnología, Nuevo Algoritmo Transgénico, OMG, Cruza Dirigida, Homología, Anti-sentido, Resolución.

1 Introduction

The inspiration for what is proposed is a heuristic-based biotechnology. What is biotechnology, there are several definitions but we will stay with pronounced Convention on Biological Diversity, organized by the United Nations: "It is any technological application that uses biological systems, living organisms, or derivatives thereof, to make or modify products or processes for a specific use" [CBD, 1993].

To better understand the concept of biotechnology we go back to their history and some of its uses more knowledge, the advantages and disadvantages, as well as their implementation, as seen from a biological point of view. For example, the **genetic manipulation of plants** for the benefit of humans is part of the Biotechnology. Individuals who have had some changes in their genes through biotechnology techniques are known as transgenic, they can be animals or plants. The changes applied to these individuals are made to pursue a specific objective, usually said to improve individual resale or some of its characteristics. In this way there are a lot of examples can be mentioned of Genetically Modified Organisms (GMOs) may range from at least imaginable as the alteration of a plant snuff, which added to the plant genes of firefly, specifically the characteristic of light in contact with a

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

substance can cause some radiation [Ow et al., 1986], until things are as common as the cereal we eat in the morning or cotton which are produced with the ticket that commonly pay.

Fig. 1. Snuff of a plant that has been genetically engineered to express a gene taken from fireflies (Specifically: the Photinus of pyralis) which produces Lucifero.

1.2 New Transgenic Algorithm with Homology

For the first transgenic algorithm [Correa et al., 2007], the basis is the process used in genetic improvement of plants, where the process was really simple. To continue the study of transgenic techniques [Ignacimuthu, 2008] is found that there are other factors involved in the production of transgenic individuals who appear to be analyzed has a significant impact on the actual technical development, considering these factors, we create an improved transgenic algorithm.

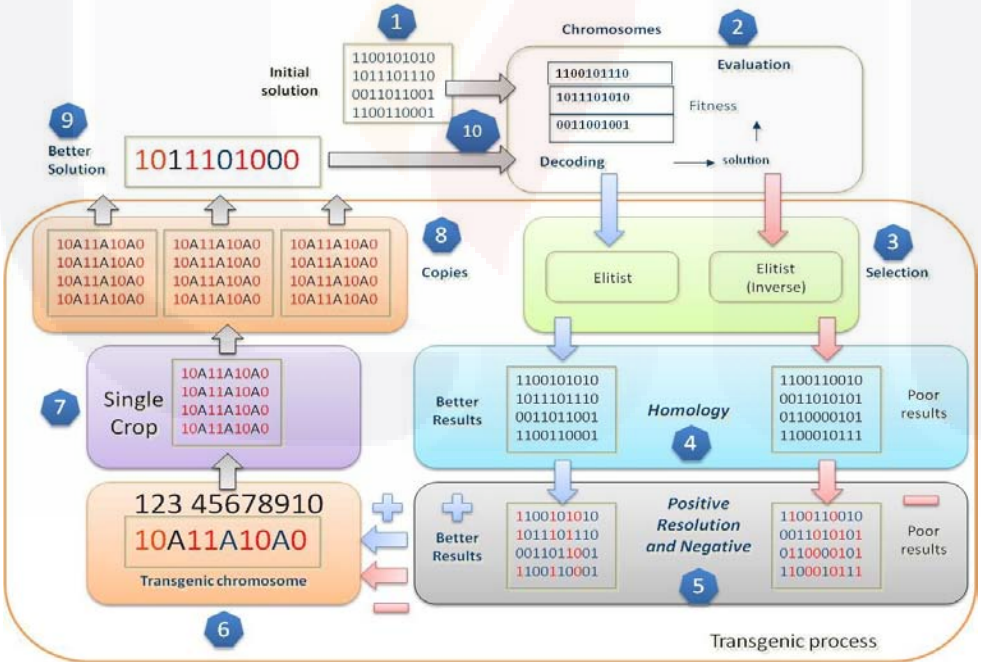


Fig. 2. New Transgenic Algorithm with Homology

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

This new algorithm incorporates new features such as ***homology, alignment, and positive and negative resolution*** [Villalobos, 2007]**.** Explaining each process and see the difference with respect to the first algorithm created. The points numbered in blue indicate the steps that must be followed to understand the diagram.

1. Create an initial population.
2. Evaluation. We get the satisfaction of each of the individuals according to the objective function.
3. Selection. Select a percentage of the fittest individuals (who best meets the objective function) and select a percentage of individuals less able, "***inverse elitism***".
4. **Homology** is used to find similar patterns in the best and worst individuals, using an ***alignment*** of chromosomes, this technique is used in biotechnology to identify the gene to be isolated and manipulated to create new individuals.
5. With the ***alignment*** of chromosomes can be found gene patterns in more fit individuals, this is known as ***positive resolution***, when we found gene patterns in less fit individuals, is known as ***negative resolution***.
6. We built a ***transgenic chromosome***, respecting the genes of the positive and negative resolution, to produce a chromosome with good genes, but excluding the gene that could generate good individuals, which is not positive or negative sense genes are created at random.
7. Generates the seed of a new population with the specifications, and ***passive and negative resolution***, always remembering that each generation is unique and does not necessarily have to relate with each other.
8. As each generation is unique, repeated planting a small number of times, not to lose the properties found in the ***positive and negative resolution***.
9. It takes the best solution found between the results of each planting to ensure a leap in evolution, so it requires fewer generations to find a good result.
10. The best solution in this iteration is incorporated to planting, in order to be evaluated in step 2.

The process is repeated until a stop function or the algorithm converges.

2 Related Work

In this section is described an implementation of Transgenic Algorithm with Homology (TAH) to solve the OneMax problem, which will be explained by steps as shown in Figure 2. The four relevant parameters that impact the performance are harvests per generation, positive and negative homology and hardness, for this example the values were 3, 25%, 25%, 70% respectively.

Creating the initial population. The first step consists in generate initial population randomly; this process is the same as in the old transgenic algorithm and also to other evolutionary algorithms like genetic algorithms (Goldberg, 1989) (see Figure 3).

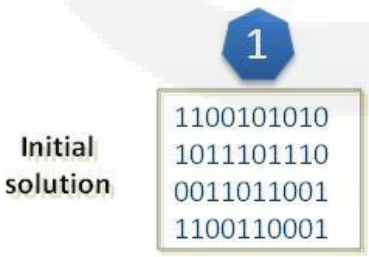


Fig. 3. Initial solution

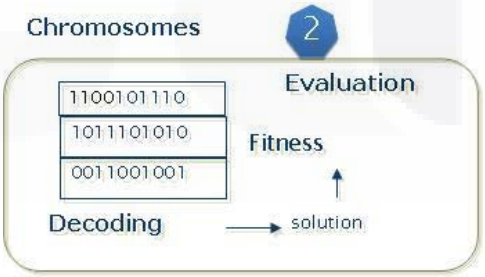


Fig. 4. Evaluation of the objective function

Assessment and decoding. This step consists in the evaluation of the initial population to obtain the fitness (level of satisfaction) from each individual. Decoding is the data interpretation, in this case the fitness function consist in

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

account the number of ones that is contained in each individual, and the objective is to find an individual with a fitness equal to the individual size. Until this point the operation is almost similar to other techniques [Melián et al., 2003], from third step is observed the two most important changes and that define the TAH (see Figure 2).

Selection. As is known, there are many types of selection for each of the heuristics and each use that is most convenient for the transgenic algorithm, using a totally elitist selection. The purpose of selection is to identify the best qualified individuals, if we were talking about a genetic algorithm these individuals would be selected for a crossing, and generate new individuals to preserve the gene of the fittest parents, in transgenic algorithm, the elitist selection plays the same role, it identifies the fittest individuals of the population, the difference in the new transgenic algorithm is also used a selection that we call ***inverse selection***, the elitist selection to identify the best qualified individuals, the ***inverse elitist*** selection , seeks to identify individuals least able, thus the one hand we have the fittest individuals, and on the other hand we have individuals who are less fit (Figure 5).

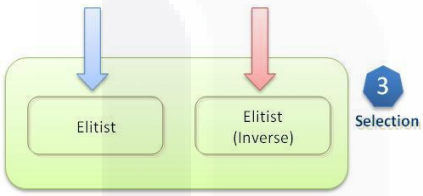


Fig. 5. Elitist selection and reverse selection

```
AAB24882    TYHMCQFHCRYVNNHSGEKLYECNERSKAFSCPSHLQCHKRRQIGEKTHEHNQCGKAFPT 60
AAB24881    --------------------YECNQCGKAFAQHSSLKCHYRTHIGEKPYECNQCGKAFSK 40
                                ****: .***:  * *:** * :****.:* *******..

AAB24882    PSHLQYHERTHTGEKPYECHQCGQAFKKCSLLQRHKRTHTGEKPYE-CNQCGKAFAQ- 116
AAB24881    HSHLQCHKRTHTGEKPYECNQCGKAFSQHGLLQRHKRTHTGEKPYMNVINMVKPLHNS 98
             **** *:***********:***:**.: .***************    :  *.: :
```

Fig. 6. Alignment of sequences generated by ClustalW between two zinc finger proteins identified by the GenBank access number [De Luna & Mishler, 1996]

Homology. On the epistemological **"homology"** is a correspondence between two or more traits of organisms. It is not a directly observable, but the homology is detected as a result of an inferential method of analysis. This theoretical framework allows recognizing the assumptions of homology, and as the epistemological basis for the comparative study of the similarities between organisms [De Luna & Mishler, 1996]. This method is used in biotechnology in the creation of transgenic organisms, to identify patterns of genes contained in the body that will, receive the new gene in the body that is going to donate. Thus the homology identified the gene that can be modified and thus lead to an improvement in an organism, but also identifies that gene should not be altered as this would lead to an unwanted mutation in an organism. This led to computing the homology is used to detect patterns in the different chromosomes that make up the population, these chromosomes can be positive or negative. To perform the homology is required to apply a technique called ***alignment.*** A sequence alignment in bioinformatics is a way to represent and compare two or more sequences or strings of DNA, RNA, or protein primary structures to highlight their areas of similarity that could indicate functional or evolutionary relationships between genes or proteins consulted. The aligned sequences are written with the letters (representing amino acids or nucleotides) in rows of a matrix in which, if necessary, insert spaces for areas with similar or identical structure to align (Figure 6) [De Luna & Mishler, 1996]. The homology is used in the transgenic algorithm for the same purpose of finding similar patterns exist that tell us we can manipulate gene and that gene cannot manipulate, and create more fit individuals (Figure 7).

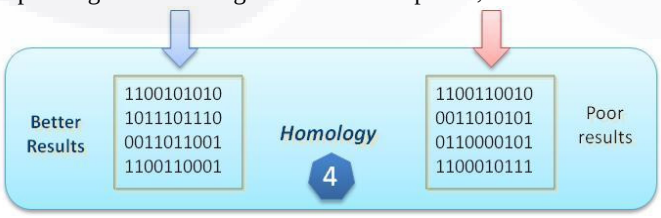


Fig. 7. Homology used in the best and poor results

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

Positive and negative resolution. The alignment will enable us to see if similar patterns exist in the chromosomes, also remember that it had the satisfaction of each of the individuals in the objective function, such as individuals who met at least the objective function, to obtain positive patterns (which we want to preserve), and individuals least able to obtain a negative pattern (which we do not want to preserve).

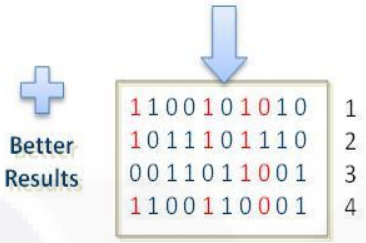


Fig. 8. Alignment of only the best individuals

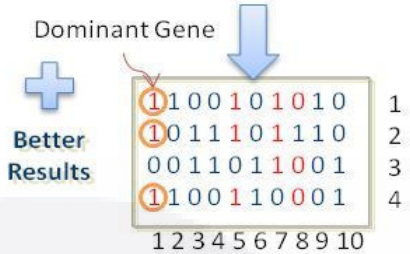


Fig. 9. Positive dominant gene

In Figure 8 one can observe an alignment of the best individuals, the way that you look for patterns from column to column, we see the ***dominant gene*** in red, the domain of a gene is determined by the number of times this appears in a column, for this example we can see that in column 1 of Figure 9 that there is a ***dominant gene*** that is number 1 in red, so therefore we assume that this is the gene that prevail in the next harvest in that position. In column No. 2, Figure 10, we can see that there is no absolute rule for any gene, and appears the same number of times both 1 and 0, therefore there is no domain of a gene, so in this position next harvest will be a random value, this process is repeated for each of the columns.

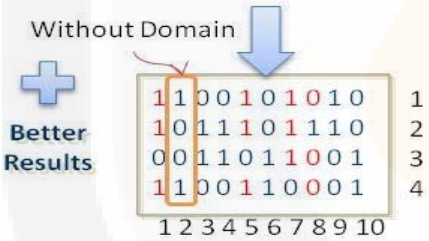


Fig. 10. Column without a dominant gene

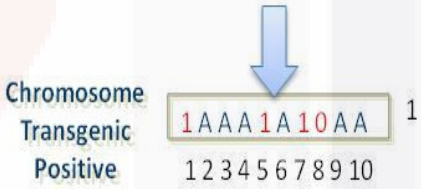


Fig. 11. Results of Positive Alignment

At the end of the alignment of individual gene, we obtain a resultant vector, with which we can build the next harvest. In Figure 11 shows the result of the positive line, the result is a chromosome which starts at position 1 to 10, and also marks that position 1, 5, 7, the dominant gene must be 1, and the position 8 is placed a zero, in other places in the absence of dominant patterns were chosen by generating random again. The process of negative alignment is performed in the same way, and is known as antisense, an antisense mRNA is a mRNA transcript that is complementary to an endogenous mRNA, in other words, the complementary strand (non-coding) to a sequence of mRNA (coding). The introduction of a transgenic coding for antisense mRNA is a technique used to block the expression of a gene of interest. An antisense mRNA of radioactively tagging can be used to show the level of gene transcription in several cell types [Prescott et al., 1999]. The antisense process (negative alignment) is similar to positive alignment, the difference is that the alignment process is applied to individuals resulting from the inverse elitist selection gets the least skilled, with the goal of finding patterns in the genes that generate mutations in chromosomes and generate bad results, only shows the resultant vector of antisense (Figure 12).

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

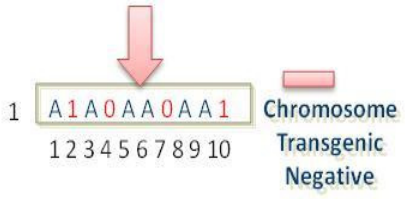


Fig. 12. Result of the antisense

Fig. 13. Positive and negative resolution

In Figure 12 is observed resulting from the antisense chromosome, is a vector that starts at position 1 to 10, please note that in positions 2, 4, 7, 10 there is a dominant gene in the other positions are generated at random chromosomes absence of a dominant gene.

It is important to mention that until this point the transgenic algorithm can work with each of the separate techniques, but also can work combining the two techniques; this process is called **resolution positive and negative (**Figure 13). Resolution positive and negative, are alienated from the results of the two resulting vectors, the vector positive and negative vector, to obtain a single vector called "***transgenic chromosome***" (Figure 14), this vector will indicate how to build the next harvest (Figure 15). As mentioned before the resulting chromosome will emerge to confront the **positive alignment, and antisense (negative alignment).**

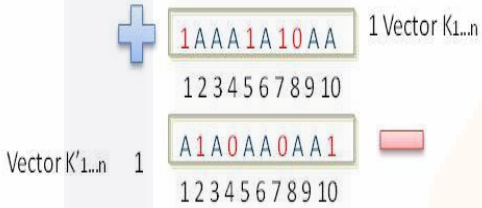


Fig. 14. Positive and Negative Vector

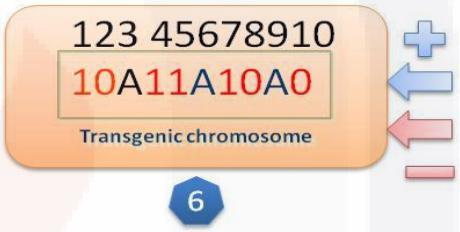


Fig. 15. Transgenic chromosome

The way you get the vector containing the transgenic chromosome, R is comparing the positive vector k, and the negative vector k ', remember that the positive vector contains the genes that we want to preserve, and negative (antisense) genes that we want to keep (Figure 14). The conditions for generating the resultant vector R are:

```
For j = 1 to n = size of chromosome
  {
   If kj = k'j Then
        Rj = Random
   Else
        Rj is equal to kj is but that is different from k'j
  }
```

Where, j indicates the position of the gene being evaluated, n is the size of chromosome, so if the gene at position j, the positive vector k_j is equal to gene j, the negative vector (antisense) k'_j, j gene in the transgenic vector R_j, is created randomly A, otherwise the gene j in the transgenic vector R_j have the value of the gene j of the positive vector k_j, but never the gene j, the negative vector k'_j , so the transgenic chromosome, R will have only the patterns found in the genes of best individuals, and excluding those masters of the worst individuals. The vector resulting can be seen in Figure 15. The resulting chromosome R will create the basis for seeding for the new population.

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

Fig. 16. Vector R

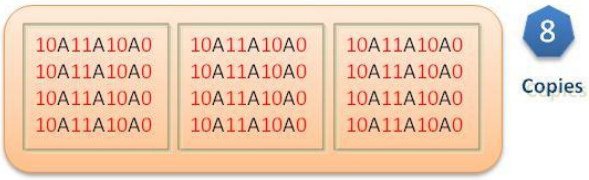


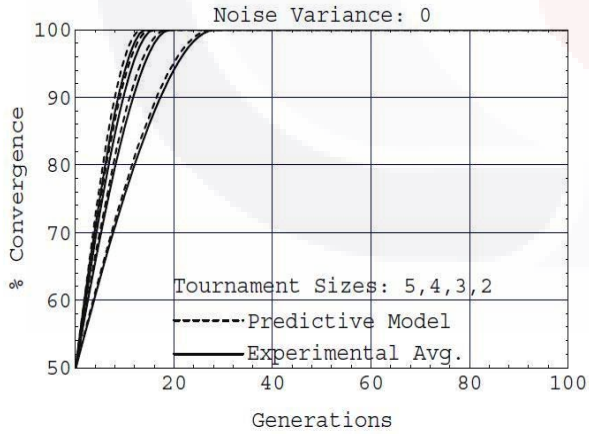
Fig. 17. Copies of the Sowing

Repetition. Using the same principle to generate a transgenic population, in the algorithm is created a single or multiple seed (see fig. 16, 17) based in the Transgenic chromosome (see fig 15.); to observe the seed's behavior when creating is calculated the satisfaction level of the objective function of each individual that belong to seeds, and take the best cases for each seeds, and also the worst individuals of each seeds. Such as, in the step 6, where the genes are defined (e.g.1 or 0) are unchanged and where are not defined (e.g. A) the gene is generated randomly.

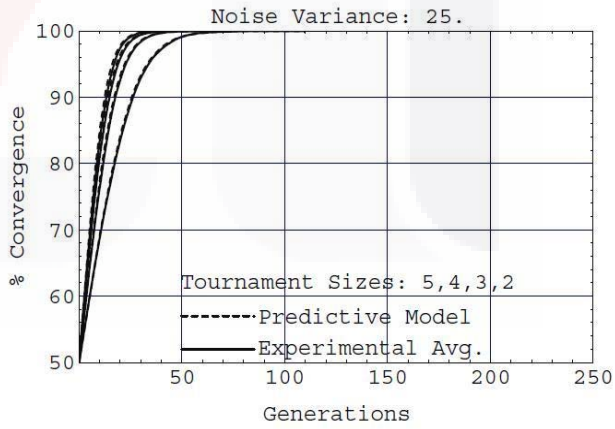
The step 9 consists in select the best individual of the seeds and compare if the stop condition has been satisfied the algorithm is stopped, else the best solution in this iteration is incorporated to planting (step 10) and return to step 2 until overtake stop condition or achieve all the plantings (iterations).

3 Results

This section shows a comparison between a Genetic Algorithm (GA) and a Transgenic Algorithm with Homology (TAH). The Genetic Algorithm, used to compare against the TAH, was developed by Brad L. Miller and David Goldberg [Miller & Goldberg, 1995], to solve the OneMax Problem with size of 100 bits. The aspects evaluated or analyzed in the Miller's paper were the impact of the tournament selection and the noise generated. The size of the problem used in the experiment designed to prove the performance of TAH was the same of the GA. The results show an improvement in the number of generations in which TAH converge.



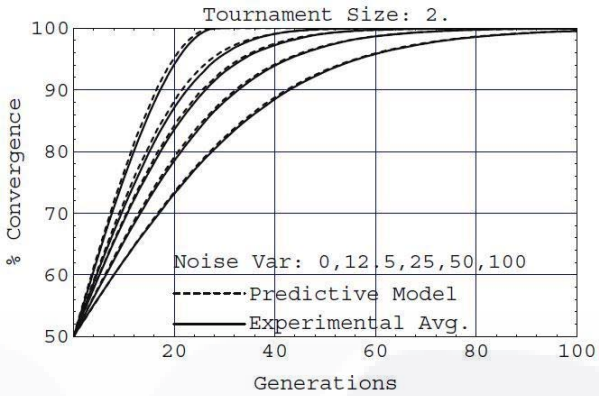
(a) Variance: 0



(b) Variance: 25

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

TESIS TESIS TESIS TESIS



(c) Tournament Size: 2

Fig. 18. OneMax experiments with different tournament sizes and noise levels

In the graphic a, b, c (Figure 18), we can see different results for different values of the selection tournament for different noise levels of a genetic algorithm, this experiment it is of interest is the number of generation where the algorithm converges, the results observed in the graph are averages of several runs.

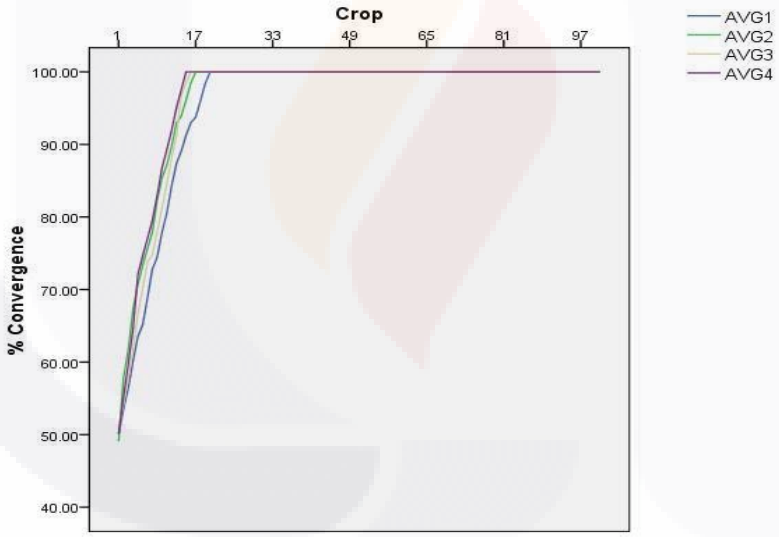


Fig. 19. Experiments of the Transgenic Algorithm with Homology (TAH). Averages

In Figure 19 show the averages for each crop and shows that the convergence begins harvesting 14 for the four replications, surpassing the genetic algorithm, the genetic convergence starts from the generation 20, to remember that cases are 100 bits OneMax.

3.1 Transgenic Algorithm with Homology Vs Interactive Genetic Algorithm (iGA)

Another comparison of the performance of the TAH algorithm, emerges with the publication of Xavier Llorà, Kumara Sastry, David E. Goldberg, Abhimanyu Gupta, Lalitha Lakshmi [Llorá et al., 2005]. Which compares the

TESIS TESIS TESIS TESIS

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

performance of an Interactive Genetic Algorithm with a Genetic algorithm, also applied to the problem of different sizes OneMax chromosome, (4, 8, 12, 16, 20, 24, 28, 32). The TAH algorithm was also tested with these sizes chromosome.

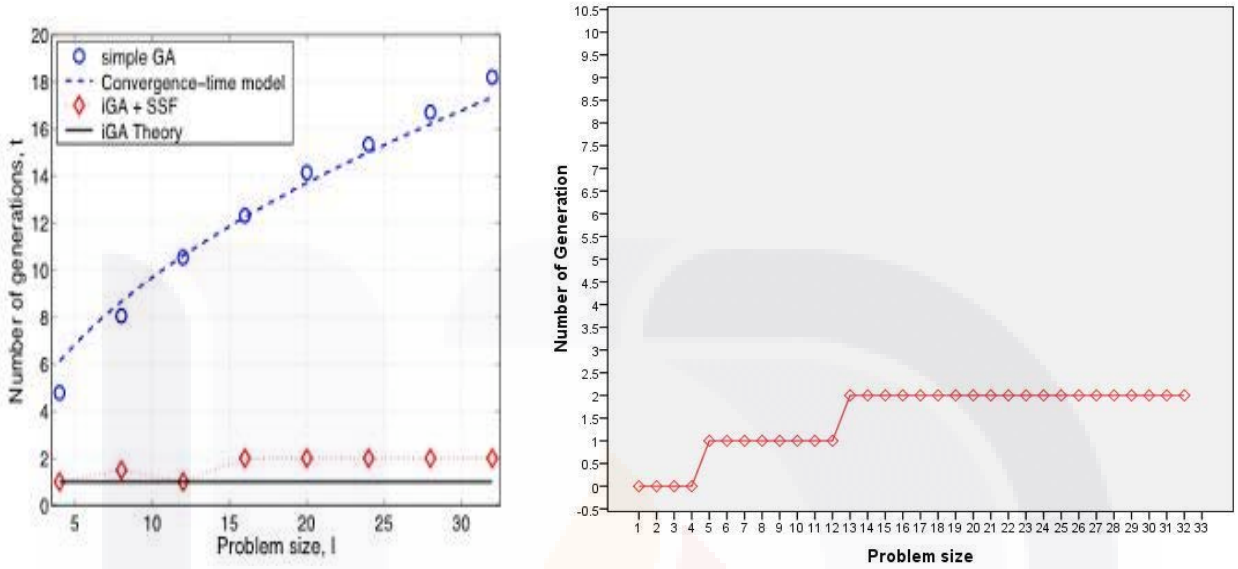


Fig. 20. Comparison of Genetic, Genetic iterative and Transgenic (TAH) for OneMax

In the graph shows that there is a large difference of conventional GA and an iterative GA; almost iGA, requires only 2 generations to solve the instance where the chromosome is equal to 32. Note that the TAH algorithm can be compared with an iGA and compared with a GA, is above the results of these.

4 Conclusions

An important point of departure for any heuristic is always compared to genetic algorithms as the basis for many of the existing heuristics, and should always be one of the heuristics to overcome. It can be concluded that with the new changes that have suffered the TAH algorithm, its performance has raised, the comparisons that have been shown to be enhanced rather than a genetic algorithm. The new mechanisms were added, are an important part in the creation of transgenic organisms, the homology, positive and negative resolution, and consider each as a single crop.

5 Future Work

The future work will concentrate on resolve the Traveling Salesman Problem (TSP) with the Transgenic Algorithm with Homology. In recent years, the ant colony optimization [Dorigo & Stützle, 2004] has shown a great acceptance for their performance in Combinatorial Optimization problems [Papadimitriou, 1998], it will be one of the contenders for the TAH algorithm. The Lin-Kernighan heuristic [Helsgaun, 2000] is an algorithm that has proven its great functionality to the problem of TSP with excellent results, so it is a suitable candidate for the competition, too.

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

References

1. **CBD (1993).** *Convention on Biological Diversity*. Biotechnology. Use of Terms. No. 30619:1993, Rio de Janeiro, Brasil.
2. **Correa, C. J., Padilla, F., Pérez, E. & Quezada, F. (2007).** Algoritmo Transgénico para resolver el problema del TSP. *Tercer Congreso Mexicano de Computación Evolutiva COMCEV' 07*, Aguascalientes, México, 75-78.
3. **De Luna, E. & Mishler, B.D. (1996)**. El concepto de homología filogenética y la selección de caracteres taxonómicos. *Boletín de la Sociedad Botánica de México*, 59(1), 131-146.
4. **Dorigo, M. & Stützle, T. (2004).** *Ant Colony Optimization.* MIT Press, Cambridge MA, USA.
5. **Goldberg, D.E. (1989).** *Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning.* MA: Addison-Wesley, Boston, MA, USA.
6. **Helsgaun, K. (2000).** An Effective implementation of the Lin-Kernighan traveling sales heuristic. *European Journal of Operation Research*, 126(1), 106-130.
7. **Ignacimuthu, S. (2008).** *Biotechnology: an introduction*. Alpha Science International, Ltd, New Delhi, India.
8. **Llorà, X., Sastry, K, Goldberg, D. E., Gupta, A., & Lakshmi, L. (2005).** Combating User Fatigue in iGAs: Partial Ordering, Support Vector Machines, and Synthetic Fitness. *In Proceedings of Genetic and Evolutionary Computation Conference GECCO'05*, Washington, USA, 1363-1370.
9. **Melián, B., Moreno, J.A. & Moreno, J.M. (2003).** Metaheurísticas: Una visión global. *Revista Iberoamericana de Inteligencia Artificial*, 7(19), 7-28.
10. **Miller, B. L. & Goldberg, D. E. (1995).** Genetic Algorithms, Tournament Selection, and the Effects of Noise. *Complex System*, 9(3), 193-212.
11. **Ow, D. W., de Wet, J. R., Helinski, D. R., Howell, S. H., Wood, K. V. & de Luca, M. (1986).** Transient and stable expression of the firefly luciferase gene in plant cells and transgenic plants. *Science*, 234(4778), 856-859.
12. **Papadimitriou, C.H. (1998).** *Combinatorial Optimization: Algorithms and Complexity*, Dover Publications, Mineola, NY, USA.
13. **Prescott, L., Harley, J., & Klein, D.** (**1999).** *Microbiology* (4), Wm. C. Brown Publishers, Dubuque, Iowa, USA.
14. **Villalobos, V. (2007).** *Los Trasngénicos: oportunidades y amenazas.* (1) Mundi-Prensa, Madrid España.

Christian José Correa Villalón *received the B.S. degree in computer system engineering from the Instituto Tecnologico de Aguascalientes in 2003, and the M.S. degree in computer sciences from the Universidad Autónoma de Aguascalientes in 2007. He is currently working towards the PhD. Degree In the creation of a new optimization algorithm based on transgenic techniques. from the UAA.*

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

Felipe Padilla Díaz *received the B.S. degree in computer science engineering from the Instituto Tecnológico de Queretaro, in 1985. He received the M.S. degree in enterprise management from the Universidad Autónoma de Aguascalientes in 1999, and the PhD. in engineering (Artificial Intelligence). His research interests include Evolutionary Computation, Data Mining and learning classifier systems.*

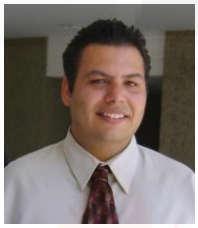
Eugenio Pérez Molphe *received the MSc degree in Plant Biology (1991), and the Doctor degree in Plant Biotechnology (1997), both in the Plant Genetic Engineering Department of the CINVESTAV-IPN. He works as professor and researcher in the Department of Chemistry of the Autonomous University of Aguascalientes. His research interest includes the development of transgenic plants.*

Eunice Esther Ponce de León Sentí *received her PhD. degree in Mathematics Science from Cybernetic, Mathematics and Physics Institute from Ministry of Science, Technology and Environment, Cuba, in 1998. She works as full time professor-researcher at Computer Science Department of Autonomous University of Aguascalientes, Mexico. Her current research interests include Combinatorial Optimization, Computational Complexity and Metaheuristics.*

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

Fatima Sayuri Quezada Aguilera *received her B.S. in Computer Systems from the Autonomous University of Aguascalientes (UAA), in 2003. Actually she is studying the Doctorate in Computer Science at the UAA. Her research interests include Evolutionary Computation and Artificial Immune Systems.*



Julio Cesar Ponce Gallegos *received the B.S. degree in computer system engineering from the Universidad Autónoma de Aguascalientes in 2003 and the M.S. degree in computer sciences from the Universidad Autónoma de Aguascalientes in 2007. He is currently working towards the PhD. Degree in Ant Colony Optimization from the UAA. He is currently an professor in the Universidad Autónoma de Aguascalientes. His research interests include Evolutionary Computation, and Data Mining.*

Alejandro Padilla Díaz *received the B.S. degree in computer science from the Instituto Tecnológico de Aguascalientes in 1991, received the M.S. degree in enterprise management from the Universidad Autónoma de Aguascalientes in 1999, and the PhD. in Learning Methodologies from the Instituto Mexicano de Pedagogía in 2005. His research interests include Evolutionary Computation and Intelligent Games. He is the leader of the Artificial Intelligence Laboratory in Aguascalientes University.*

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

MICAI 2009

CIMAT

SMOIA

THE MEXICAN ASSOCIATION FOR ARTIFICIAL INTELLIGENCE

awards this certificate to

Christian Correa et al.

Por su participación como ponente en el Hybrid Intelligent Systems Workshop at MICAI'2009

the 8TH MEXICAN INTERNATIONAL CONFERENCE ON ARTIFICIAL INTELLIGENCE

Guanajuato, Mexico. November 9-13, 2009

Dr. Jean Bernard Hayet
Local Chair

A. Hdez. Aguirre.

Dr. Arturo Hernández Aguirre
Program Chair

SISEL TESIS

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

New Algorithm Transgenic with Homology to solve the problem of OneMax

Christian José Correa Villalón[1], Felipe Padilla Díaz[1], Eugenio Pérez Morphe[1], Fátima Sayuri Quezada Aguilera[1], Ochoa Ortiz-Zezzatti.

[1]Universidad Autonoma de Aguascalienes (Departamento de Inteligencia Artificial); UAA
crisjc_2000@yahoo.com.mx, sayu_172002@yahoo.com.mx, megamax8@hotmail.com

Abstract. Already proposed a new vision, a heuristic based on a modern branch of biology called Biotechnology. "This is any technological application that uses biological systems, living organisms, or derivatives thereof, to make or modify products or processes for specific use"[3]. For individuals who have undergone any change in their genes through biotechnology techniques are known as **Transgenic**, they can be animals or plants. The changes applied to these individuals are made for a specific purpose; usually to improve an individual has highlighted some of its own characteristics [4]. Now incorporates new elements to the first algorithm for transgenic improvement. Homology has been incorporated in the search for the fittest individuals. The Homology has been incorporated in the search for the fittest individuals. With the use of positive and negative homology.

Keywords: Transgenic Organisms, Biotechnology, New Algorithms Transgenic, GMO, Directed Crossing, Homology, Anti sense, Resolution

Nuevo Algoritmo Transgénico con Homología, para resolver el problema del OneMax.

Resumen. Ya se propuso una nueva visión, una heurística basada en una rama de la biología moderna llamada Biotecnología. *"Es cualquier aplicación tecnológica que usa sistemas biológicos, organismos vivientes, o derivados de estos, para hacer o modificar productos o procesos para un uso específico"* [3]. A los individuos que han sufrido alguna alteración en sus genes a través de técnicas de biotecnología reciben el nombre de ***Transgénicos***, estos pueden ser animales o plantas. Los cambios aplicados a dichos individuos son hechos persiguiendo un fin o propósito especifico, generalmente *para mejorar ha dicho individuo o resalar algunas de sus* propias características [4]. Ahora se incorporan nuevos elementos al primer algoritmo transgénico. La homología se ha incorporado en la búsqueda de los individuos más aptos. Con el uso de la homología positivos y negativos.

Palabras clave: Organismos Transgénicos, Biotecnología, Nuevo Algoritmo Transgénico, OMG, Cruza Dirigida, Homología, Anti sentido, Resolución.

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

1 Introduction

The inspiration for what is proposed is a heuristic-based biotechnology. What is biotechnology, there are several definitions but we will stay with pronounced Convention on Biological Diversity, organized by the United Nations: "It is any technological application that uses biological systems, living organisms, or derivatives thereof, to make or modify products or processes for a specific use "[8].
To better understand the concept of biotechnology we go back to their history and some of its uses more knowledge, the advantages and disadvantages, as well as their implementation, as seen from a biological point of view.
Biotechnology has the ability to change the industrial community because of its potential to produce virtually unlimited quantities of:

1. Substances for which provisions had never been before;
2. Products are usually obtained in small quantities;
3. Products with production cost much lower than those produced by conventional means;
4. Products that offer better security;
   Products from new raw materials more plentiful and cheaper than those used previously.

For example, the **genetic manipulation of plants** for the benefit of humans is part of the Biotechnology [9].
Individuals who have had some changes in their genes through biotechnology techniques are known as transgenic, they can be animals or plants. The changes applied to these individuals are made to pursue a specific objective, usually said to improve individual resale or some of its characteristics. In this way there are a lot of examples can be mentioned of genetically modified organisms (GMOs) may range from at least imaginable as the alteration of a plant snuff, which added to the plant genes of firefly, specifically the characteristic of light in contact with a substance can cause some radiation [10], until things are as common as the cereal we eat in the morning or cotton which are produced with the ticket that commonly pay.

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

TESIS TESIS TESIS TESIS

Fig. 1. Snuff of a plant that has been genetically engineered to express a gene taken from fireflies (specifically: the Photinus of pyralis) which produces Lucifero.

These individuals have created great expectations as many of its applications have demonstrated a high efficiency and considerably improved the individuals who have been exposed to these alterations, however, there are many organizations that are opposed to GMOs, claiming to be harmful to the health or to come a time when there will not be known with certainty that an individual is changed and what is not, thus losing the original diversity of organisms generated naturally.

1.2 New Algorithm Transgenic

For the first transgenic algorithm, the basis is the process used in genetic improvement of plants, where the process was really simple. To continue the study of transgenic techniques is found that there are other factors involved in the production of transgenic individuals who appear to be analyzed has a significant impact on the actual technical development, considering these factors, we create an algorithm Transgenic improved.

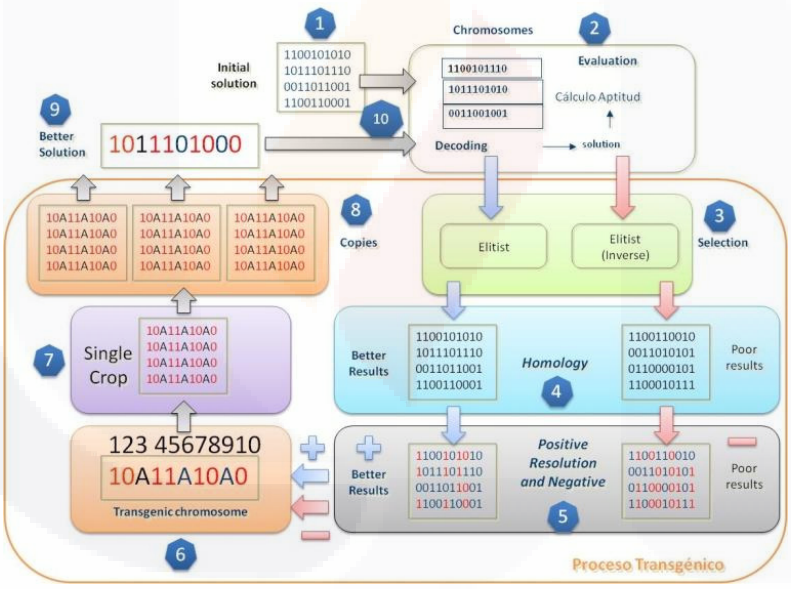


Fig. 2. New Algorithm Transgenic

This new algorithm incorporates new features such as **Alignment, Homology, Order positive and negative.** Explaining each process and see the difference with respect to the first algorithm created. The points numbered in blue indicate the steps that must be followed to understand the diagram.

1. Create an initial population.
   We get the satisfaction of each of the individuals according to the objective

TESIS TESIS TESIS TESIS

function.
Select a percentage of the fittest individuals (who best meets the objective function) and select a percentage of individuals less able "Reverse Elitism."

2. Homology is applied to detect patterns in the genes of each individual.
3. When patterns are found in genes of the fittest individuals, such as those that are not, this is known as negative and positive resolution.
4. We built an individual, respecting the genes of the resolution positive and negative, to produce a chromosome with good genes, but excluding the genes that could generate good individuals, which is not positive or negative sense genes are created at random.
5. Generates the seed of a new population with the specifications and Resolution Passive negative, always remembering that each generation is unique and does not necessarily have to relate with each other.
6. As each generation is unique, repeated planting a small number of times, not to lose the properties found in the resolution positive and negative.
7. It takes the best solution found between the results of each planting to ensure a leap in evolution, so it requires fewer generations to find a good result.

The process is repeated until a stop function or the algorithm converges.

2 Related Work

This section is an implementation of transgenic algorithm to the problem of OneMax to show the operation thereof, will explain each item as shown in Figure 2. The parameters that were used to solve the problem were three harvests per generation and with a positive and negative homology of 25% of the population size and with a hardness of 70% for individuals who meet the objective function.

Creating the initial population. The first step is to create a completely random initial population; this process is the same as in the old transgenic algorithm that is also similar to other evolutionary techniques like genetic algorithms.

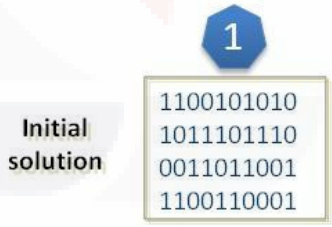


Fig. 3. Initial solution

Assessment and decoding. The next step is to evaluate the initial population were obtained from each individual level of satisfaction of the objective function. Decoding is the interpretation given to the data contained in each individual, such as in this case we are testing the maximum amount of 1 that are contained in each chromosome.

Until this point the operation is almost similar to other techniques, from third to observe the two most important changes and define the new algorithm transgenic.

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

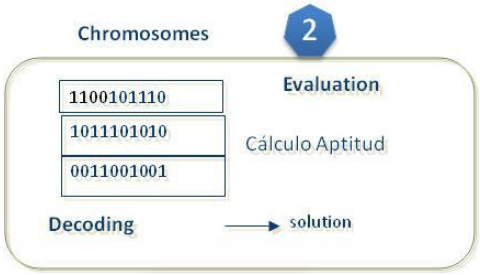


Fig. 4. Evaluation of the objective function

Selection. As is known, there are many types of selection for each of the heuristics and each use that is most convenient for the transgenic algorithm, using a totally elitist selection. The purpose of selection is to identify the best qualified individuals, if we were talking about a genetic algorithm these individuals would be selected for a crossing and generate new individuals to preserve the genes of the fittest parents in transgenic algorithm, the elitist selection plays the same role, it identifies the fittest individuals of the population, the difference in the new transgenic algorithm is also used a selection that we call **reverse selection**, the elitist selection to identify the best qualified individuals, the reverse elitist selection , seeks to identify individuals least able in this way not only to identify individuals who meet the objective function in a more accurate, we also identified individuals who do not comply.

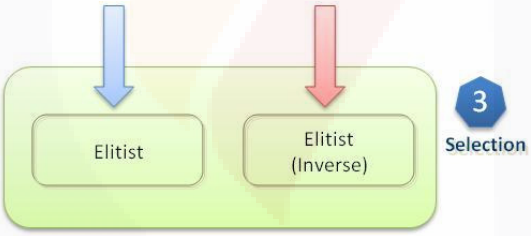


Fig. 5. Elitist selection and reverse selection

Homology. On the epistemological **"homology"** is a correspondence between two or more traits of organisms. It is not a directly observable, but the homology is detected as a result of an inferential method of analysis. This theoretical framework allows to recognize the assumptions of homology and as the epistemological basis for the comparative study of the similarities between organisms [15]. This method is used in the creation of transgenic organisms to identify patterns of genes contained in the body that will receive the new gene in the body that is going to donate, the homology with transgenic processes can identify genes that can be modified and which should not be modified. This led to computing the homology is used to detect patterns in the different chromosomes that make up the population, these chromosomes can be positive or negative. To perform the homology is required to apply a technique called alignment, a sequence alignment in bioinformatics, is a way to represent and compare

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

two or more sequences or strings of DNA, RNA, or protein primary structures to highlight their areas of similarity that could indicate functional or evolutionary relationships between genes or proteins consulted. The aligned sequences are written with the letters (representing amino acids or nucleotides) in rows of a matrix in which, if necessary, insert spaces for areas with similar or identical structure to align [15].

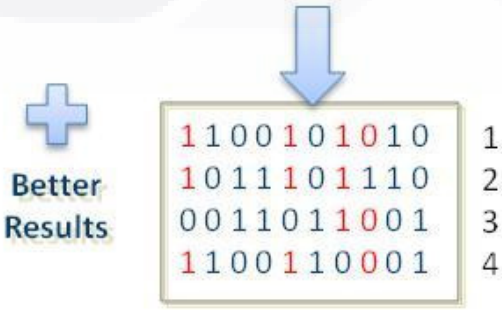
```
AAB24882    TYHMCQFHCRYVNNHSGEKLYECNERSKAFSCPSHLQCHKRRQIGEKTHEHNQCGKAFPT 60
AAB24881    --------------------YECNQCGKAFAQHSSLKCHYRTHIGEKPYECNQCGKAFSK 40
                                ****: .***:  * *:** * :****.:* *******..

AAB24882    PSHLQYHERTHTGEKPYECHQCGQAFKKCSLLQRHKRTHTGEKPYE-CNQCGKAFAQ- 116
AAB24881    HSHLQCHKRTHTGEKPYECNQCGKAFSQHGLLQRHKRTHTGEKPYMNVINMVKPLHNS 98
             **** *:***********:***:**.: .**************    :  *.: :
```

Fig. 6. Alignment of sequences generated by ClustalW between two zinc finger proteins identified by the GenBank access number [15]

The homology is used in Transgenic algorithm to find similar patterns that indicate the existence of good results.

Fig. 7. Homology used in the best and poor results.

Resolution positive and negative. The alignment will enable us to see if similar patterns exist in the chromosomes, also remember that it had the satisfaction of each of the individuals in the objective function, such as individuals who met at least the objective function, to obtain positive patterns (which we want to preserve) and individuals least able to obtain a negative pattern (which we do not want to preserve).



TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

Fig. 8. Alignment of only the best individuals.

In Fig. 8 shows an alignment of the best individuals, seeking patterns in each column, for this example shows that in column 1 there is a dominant gene that is the number 1, so therefore we assume that this is the gene prevail in the next generation.

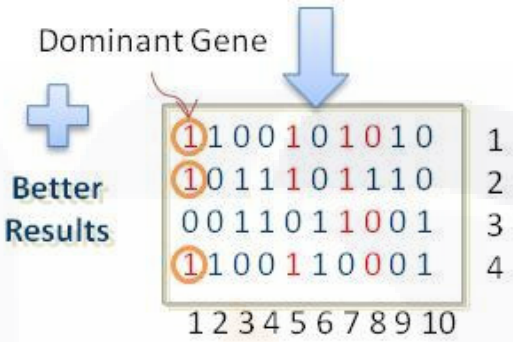


Fig. 9. Positive dominant gene.

In column 2 shows that there is no dominance by any chromosome, so in this position in the next generation will have a random value, this process is repeated for each column.

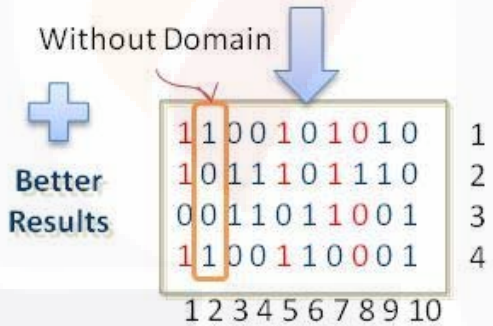


Fig. 10. Column without a dominant gene.

At the end of the alignment of individual genes, we obtain a resultant vector, with which we can build the next harvest.

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

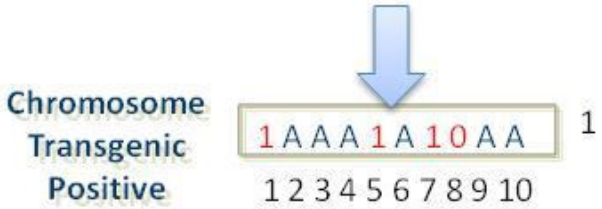


Fig. 11. Results Positive Alignment

In Fig. 11 shows the result of the positive line, the result is a chromosome which starts at position 1 to 10 and also mark that position 1, 5, 7, the dominant gene must be 1, and the position 8 is placed a zero, in other places in the absence of dominant patterns were chosen by generating random again. The process of negative alignment is performed in the same way, and is known as antisense, an antisense mRNA is a mRNA transcript that is complementary to an endogenous mRNA, in other words, the complementary strand (non-coding) to a sequence of mRNA (coding). The introduction of a transgene coding for antisense mRNA is a technique used to block the expression of a gene of interest. An antisense mRNA of radioactively tagging can be used to show the level of gene transcription in several cell types [16]. The alignment process is similar to positive, thus only shows the resulting vector of Antinsense.

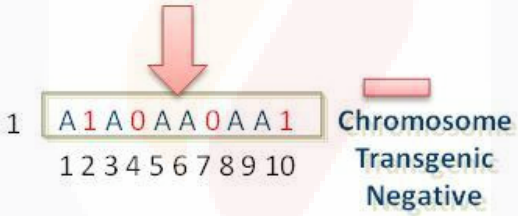


Fig. 12. Result of the antisense.

In fig. 12 is observed resulting from the antisense chromosome, is a vector that starts at position 1 to 10, please note that in positions 2, 4, 7 there is a dominant gene in the other positions are generated at random chromosomes absence of a dominant gene.
It is important to mention that until this point the Transgenic algorithm can work with each of the separate techniques, but also can work combining the two techniques, this process is called **resolution positive and negative**. In resolution positive and negative, combine the results of the two resulting vectors to obtain a single vector, this vector will tell us how to build the next harvest.

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

Fig. 13. Resolution positive and negative.

As mentioned before the resulting chromosome will emerge to confront the **positive alignment, and antisense.**

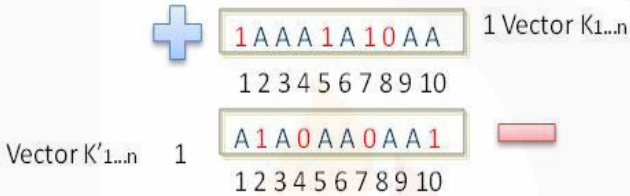


Fig. 14. Positive and Negative Vector.

The way in which the vector is obtained by comparing the resulting vector k positive, with the vector k ' negative, remember that the positive vector has the gene that we want to retain the negative genes that do not want to keep. The conditions for generating the resultant vector R are:

```
For j = 1 to n = size of chromosome
  {
   If kj = k'j Then
       Rj = Random
   Else
       Rj is equal to kj is but that is different from
k'j
  }
```

The vector resulting from this condition is as follows:

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

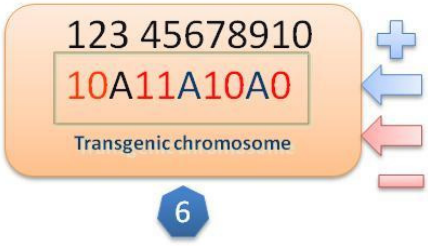


Fig. 15. Transgenic chromosome.

The resulting chromosome will create the basis for seeding for the new population.

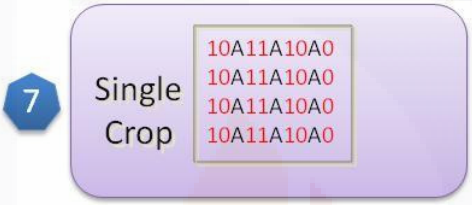


Fig. 16. Vector R

Repetition. Using the same principle to generate a transgenic population, generate **replicas** of the resulting population to observe the same behavior when creating replicas obtained the degree of satisfaction of the objective function of each, and takes the best cases for each of the replicas, also cases in which the objective function was not performed very well.

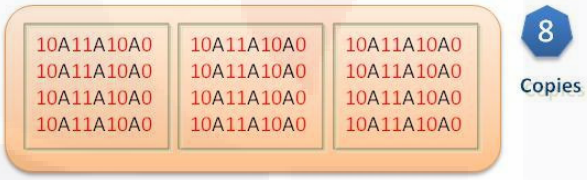


Fig. 17. Copies of the Sowing.

As shown in Fig. 17 are generated replicas respecting sowing only, where the positions are already defined are not modified, but which indicates that the number that must be generated is random. Finally the process is repeated until a stop condition or that all the plantings.

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

3 Problem at hands

To understand the functioning of the algorithm is proposed, is necessary to implement an optimization problem. The problem **OneMax** [14] (or Counting bits) is a simple problem is to maximize the number of each in a binary string. Formally, this problem can be described as the search for a string, $\vec{x}=\{x_1,x_2,x_3\ldots,x_N\}$ with, $x_i\in\{1,0\}$ that maximizes the following equation:

$$F(\vec{x})=\sum_{i=1}^{N} x_i \qquad \textbf{(1)}$$

Objective function to solve the problem of OneMax

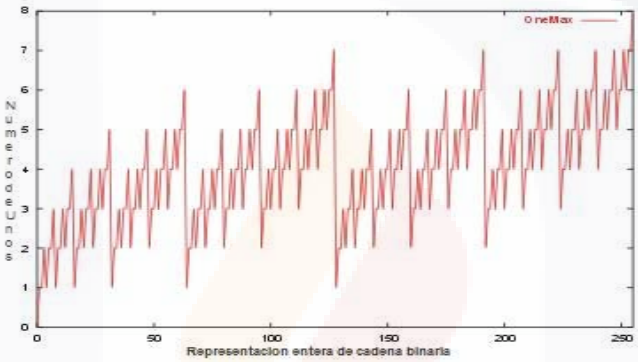


Fig. 18. Graph of OneMax [14]

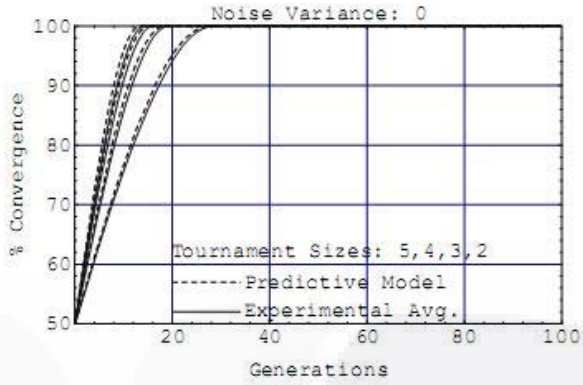
When it was created the first transgenic algorithm [1] it was decided to solve the TSP problem with this new algorithm is intended to do the same, but the decision was made to test the operation using it to OneMax problem. Testing times and generations it takes to resolve the problem before implementing a more complex problem.

4 Results

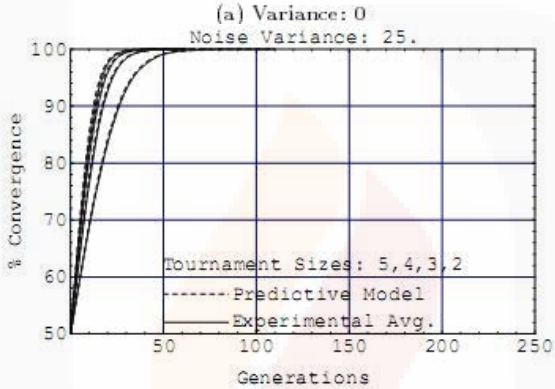
Shows a comparison of a genetic algorithm, and a Transgenic algorithm, the results show that the genetic algorithm is a publication of Brad L. Miller and David E. Goldberg [17], which shows the impact of tournament selection and the noise is generated, these tests were implemented to solve the problem of Onemax, a bit size of 100's. The algorithm was tested with the same size Transgenic Bit's, as demonstrated, is the number of generation which generates convergence.

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

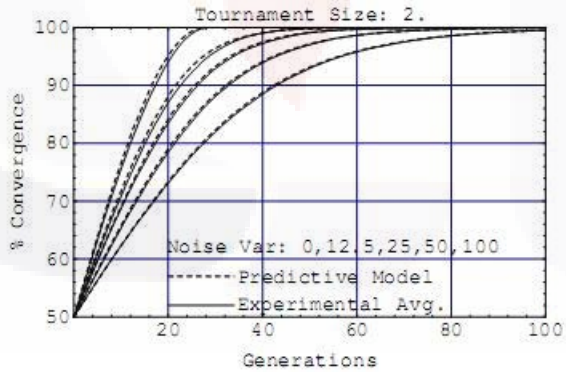
TESIS TESIS TESIS TESIS



(a) Variance: 0



(b) Variance: 25



(c) Tournament Size: 2

Fig. 19. Onemax experiments with different tournament sizes and noise levels

TESIS TESIS TESIS TESIS

In the graphic a, b, c we can see different results for different values of the selection tournament for different noise levels of a genetic algorithm, this experiment it is of interest is the number of generation where the algorithm converges, the results observed in the graph are averages of several runs.

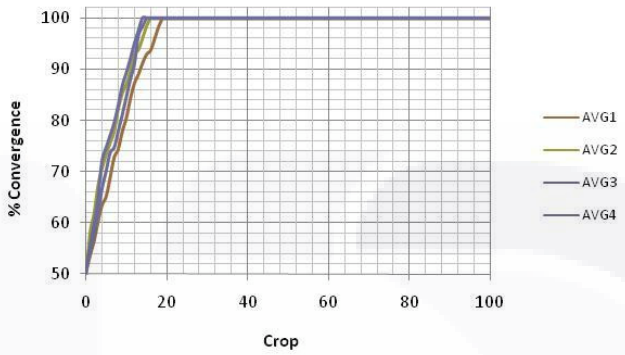


Fig. 20. Algorithm Transgenic experiments, with averages.

In Figure 20 show the averages for each crop and shows that the convergence begins harvesting 14 for the four replications, surpassing the Genetic Algorithm, the Genetic convergence starts from the generation 20, to remember that cases are 100 bits Onemax.

Transgenic Algorithm Vs Interactive Genetic Algorithm

Another comparison of the performance of the AT (Transgenic Algorithm), emerges with the publication of Xavier Llorà, Kumara Sastry, David E. Goldberg, Abhimanyu Gupta, Lalitha Lakshmi and [18]. Which compares the performance of an Interactive Genetic Algorithm with a Genetic algorithm, also applied to the problem of different sizes Onemax chromosome, (4, 8, 12, 16, 20, 24, 28, 32).

The GM algorithm was also tested with these sizes chromosome.

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

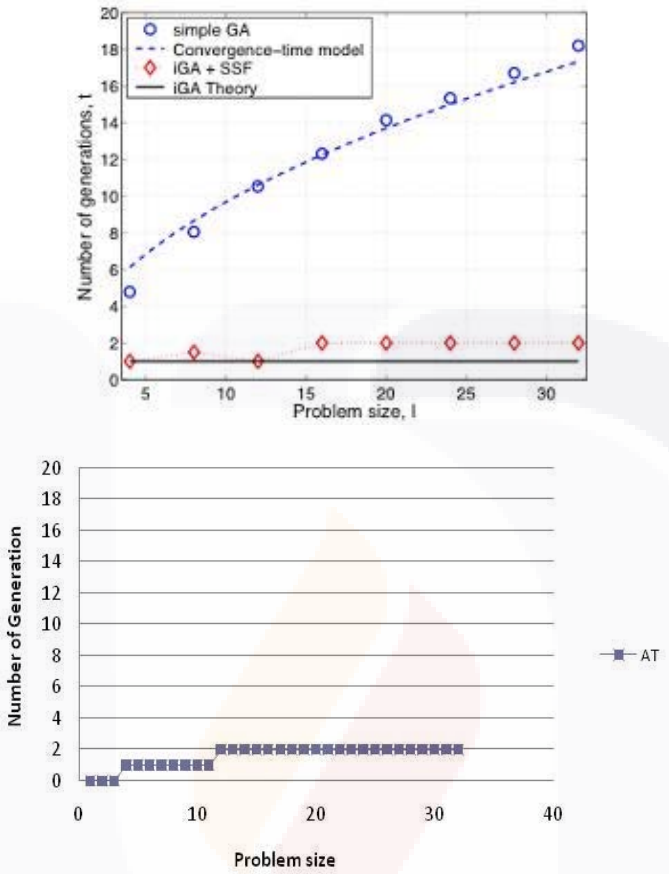


Fig. 21. Comparison of Genetic, Genetic iterative and Transgenic (AT) for OneMax

In the graph shows that there is a large difference of conventional AG and an iterative AG; almost AGI, requires only 2 generations to solve the instance where the chromosome is equal to 32.Note that the Transgencio can be compared with a virtually AGI and compared with genetic, is above the results of these.

5 Conclusions

An important point of departure for any heuristic is always compared to genetic algorithms as the basis for many of the existing heuristics, and should always be one of the heuristics to overcome.

It can be concluded that with the new changes that have suffered the GM algorithm, its performance has raised, the comparisons that have been shown to be enhanced rather than a genetic algorithm. The new mechanisms were added, are an important

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

part in the creation of transgenic organisms, the homology, positive and negative resolution, and consider each as a single crop.

6 Future Work.

Desired, as it happened with the first transgenic algorithm solving the traveling salesman problem, since the initial design was to solve the problem.Where there is an adjustment to the TSP problem, which aims to use the algorithm Transgenic, a BechMark where we know the optimal route for the case of TSP. In recent years, the colony of ants has shown a great acceptance for their performance in various applications, it will be one of the contenders for the AT (Transgenic Algorithm). Lin-Kernighan[19] is an algorithm that has proven its great functionality to the problem of TSP with excellent results, so it is a suitable candidate for the competition, remember that is the problem that will be the basis for testing the AT.

References

[1] "Algoritmo Transgénico" TERCER CONGRESO MEXICANO DE COMPUTACIÓN EVOLUTIVA COMCEV' 07 , 2008
[2] G. Polya, "How to Solve It", 2nd ed., Princeton University Press, 1957, ISBN 0-691-08097-6
[3] ANSI/IEEE Std 100-1984
[4] Centro Nacional de Información y Comunicación Educativa (C.N.I.C.E.) Laboratorio de Genética
[5] Enciclopedia Autodidáctica Millenium, Editorial Norma, S.A., Edición 2001.
[6] The University of Utah, Genetic Science Learning Center 2006
[7] Access Excellence The National Health Museum 2006
[8] UN Economic and Social Development
[9] Centro Nacional de Información y Comunicación Educativa Departamento de genética España 2001
[10] David W. Ow, Keith V. Wood, Marlene DeLuca, Jeffrey R. de Wet, Donald R. Helinski and Stephen H. Howell. US Dept. of Agriculture and the National Science Foundation.
[11] Department of Soil and Crop Sciences at Colorado State University, 1999-2004
[12] Juan J. Merelo Guervós Depto. Arquitectura y Tecnología de Computadores Escuela Técnica Superior de Ingenería Informática Campus Aynadamar Daniel Saucedo Aranda, s/n 18071 Granada (Spain)
[13] Metaheurísticas: una visión global* Belén Melian, José A. Moreno Pérez, J. Marcos Moreno Vega DEIOC. Universidad de La Laguna 38271 La Laguna 2003
[14] J.D. Schaffer and L.J. Eshelman. "On crossover as an evolutionary viable strategy". In R.K. Belew and L.B. Booker, editors. *Proceedings of the 4th International Conference on Genetic Algorithms*, pages 61-68, Morgan Kaufmann, 1991.
[15] De Luna E. & B.D. Mishler. 1996 El concepto de homologia filogenética y la selección de caracteres taxonómicos. BOLETIN DE LA SOCIEDAD BOTANICA DE MEXICO 59: 131-146
[16] Prescott, L. (1993). Microbiology, Wm. C. Brown Publishers, ISBN 0-697-01372-3
[17] Brad L. Miller & David E. Goldberg. 1995. Genetic Algorithms, Tournament Selection, and the Effects of Noise, Illigal Report No. 95006, July 1995.

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

[18] Xavier Llorà, Kumara Sastry, David E. Goldberg, Abhimanyu Gupta, and Lalitha Lakshmi. Combating User Fatigue in iGAs: Partial Ordering, Support Vector Machines, and Synthetic Fitness, 2005.

[19] K. Helsgaun. An Effective implementation of the Lin-Kernighan traveling sales heuristic. European Journal of Operation Research, 126:106-130, 2000. Source code currently available from the author's http://www.dat.ruc.dk/~keld/.

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

UNIVERSIDAD AUTONOMA
DE AGUASCALIENTES

COMCEV'07

COMPUTACIÓN EVOLUTIVA

PADILLA FELIPE,
ÁLVAREZ FRANCISCO,
RODRÍGUEZ KATYA,
PADILLA ALEJANDRO,
PONCE DE LEÓN EUNICI
SÁNCHEZ HERMILO, (ED

ISBN: 970-728-055-

INDICE

An Enhanced Genetic Algorithm for the Motif Finding Problem
Giovanna Martínez-Arellano and Carlos A. Brizuela 1

Assisted location of web advertisement zones using interactive genetic algorithms guided by event tracking
F. Martínez-Ruiz, C. Ochoa, J. Ponce-Gallegos, J. Muñoz, E. García-Sánchez 7

Algoritmo Genético aplicado al diseño evolutivo de circuitos analógicos
A.Torres Soto, E. E. Ponce de León, D. Torres Soto,F. J. Luna Rosas 13

Aplicando una Estrategia Genéticamente para Mejorar el Balanceo Dinámico de Carga Bajo CORBA en un Sistema Neuronal de Verificación de Firmas Off-line
Fco. Javier Luna Rosas, Julio César Martínez Romo 21

Utilización de Algoritmos Genéticos en Problemas de Agrupamientos
J.F Jiménez Vielma, F.J. Cuevas de la Rosa, J.M. Carpio Valadez 35

Optimización Combinatoria utilizando Algoritmos Genéticos en Sistemas Eléctricos de Distribución
A. D. Trujillo Hernández, R. A. Trujillo Hernández Luís Enrique Gómez Aguilera e Ismael Osuna Galán 41

Un Nuevo Operador Para Mejorar La Diversificación En *Algoritmos Genéticos*, Bioinspirado En Genética De Poblaciones.
F. Ornelas, A. Padilla Díaz, F. Padilla, E. Ponce de León Sentí 49

Selección de Subconjuntos de Características en Aprendizaje No Supervisado utilizando una estrategia genética en combinación con Testores y Testores Típicos
María Dolores Torres Soto, Eunice E. Ponce de León Sentí, Aurora Torres Soto, Francisco Javier Luna Rosas .. 57

Una Funci´on Neutral en PG para el Problema de la Hormiga Artificial
Esteban Ricalde González Katya Rodríguez Vázquez 67

Algoritmo Transgénico para Resolver el Problema del TSP
C. J. Correa Villalón, F. Padilla Díaz, E. Perez Molphe, F. S. Quezada Aguilera 75

Estudio del comportamiento en-línea de algoritmos bio-inspirados usando medidas de desempeño en optimización con restricciones
B. López-Ramírez, E. Mezura-Montes 79

Sistema Inmune Artificial
F. S. Quezada Aguilera, F. Padilla Díaz, E. E. Ponce de León Sentí, A. Ochoa Zezzati C. J. Correa Villalón 85

Ruteo de avispas para coordinación en ambientes industriales dinámicos
Luis Fernando Gutiérrez Marfileño, Francisco Javier Luna Rosas 89

TESIS TESIS TESIS TESIS

D ojrulvp r#Wudqvj+qlfr#
Sdud#Jhvroyhu#hq#Suredmp d#ghd#WVS1#
#
#

F kulwldq#Mrv+#Fruhd#Y lodd&q/#Iholsh#Sdgloodd#G ,d}/#Ixjhqlr#S+uh}#P ruskh/#L«wlp d#Vd|xul#Fxh}dgd#D jxldnud#
G hsduwdp hqwr#gh#F lhqfldv#E«vlfdv/#Xqlyhuvlgdg#D xv&qrp d#gh#D jxdvfddlhqwhv#
D jxdvfddlhqwhv/#D jvl/#P +{lfr1#
#
#
#

U HVX P HQ#
#

Sursrqhp rv#xqd#qxhyd#ylv&q/#xqd#khxu,wlfd#edvdgd#hq#xqd#udp d#gh#od#elrorj ,d#p rghuqd#oodp dgd#E lrwhfqrorj ,d1#ÈHv#fxdotxlhu#dsolfdf&q#whfqro&jlfd#txh#xvd#vlwhp dv#elro&jlfrv/#rujdqlvp rv#ylylhqwhv/#r#ghulydgrv#gh#hwrv/#sdud#kdfhu#r#p rglilfdu#surgxfwrv#r#surfhvrv#sdud#xq#xvr#nvshf,ilfrŠ#^6'1#D#orv#lqglylgxrv#txh#kdq#xiulgr#dojxqd#dowudf&q#hq#xv#jhqhv#d#wdy+v#gh#w#fqlfdv#gh#elrwhfqrorj ,d#uhflehq#hd#qrp euh#gh#Wudqvj+qlfrv/#hwrv#sxhghq#vhu#dqlp ddnv#r#sodqwdv1#Orv#fdp elrv#dsolfdgrv#d#glfkrv#lqglylgxrv#vrq#khfkrv#shuvljxlhqgr#xq#ilq#r#surs&vlwr#hvshflilfr/#jhqhudqp hqwh#sdud#p hmrudu#kd#glfkr#lqglylgxr#r#uhvdodu#dojxqdv#gh#xv#sursldv#fdudfvhu,wlfdv#^7'1#
#
Sdoleudv#F odyh=#Rujdqlvp rv#Wudqvj+qlfrv/#E lrwhfqrorj ,d/#D ojrulvp r#Wudqvj+qlfr/#R P J /#Fux}d#G liljgd/#Suredmp d#ghd#Y ldndqwh1#
#
#

4 1#E IR WH F Q R O R J åD #K R \ 1#
#

\d#txh#khp rv#dqdol}dgr#orv#ru,jhqhv#txh#glhurq#od#sdxwd#sdud#od#fuhdf&q#gh#khx,wlfdv#wdq#frqrflgdv#frp r#vrq#orv#dojrulvp rv#jhq+wlfrv/#h{solfduhp rv#dkrud#gh#grqgh#vxujh:#od#lqvsludf&q#sdud#uhdol}du#or#txh#dtx,#vh#sursrqh#txh#frp r#|d#vh#kd#p hqflrqdgr#dqwhv#hv#xqd#Khxu,wlfd#edvdgd#hq#od#E lrwhfqrorj ,d/#shur#txh#hv#elrwhfqrorj ,d/#h{lwhq#yduldv#ghilqlflrqhv#shur#grv#txhgduhp rv#frq#od#surqxqfldgd#hq#F rqyhqwhq#rq#E lrorjlfd#G lyhuvlw|#rujdql}dgd#sru#odv#Q dflrqhv#xqlgdv=#ÈHv#fxdotxlhu#dsolfdf&q#whfqro&jlfd#txh#xvd#vlwhp dv#elro&jlfrv/#rujdqlvp rv#ylylhqwhv/#r#ghulydgrv#gh#hwrv/#sdud#kdfhu#r#p rglilfdu#surgxfwrv#r#surfhvrv#sdud#xq#xvr#nvshf,ilfrŠ#^;'1#
Sdud#srghu#hqwqghu#p hmru#hd#frqfhswr#gh#elrwhfqrorj ,d#qrv#uhp rqwduhp rv#d#vx#klwruld#dv,#frp r#dojxqrv#gh#xv#xvr#p dv#frqrflgrv/#frqrfhuhp rv#odv#yhqwdnv#|#vx#ghvyhqwdnv#|#yhuhp rv#vx#lp schp hqwdf&q/#fodur#wrgr#ghvgh#hd#sxqwr#gh#ylwd#elro&jlfr1#
Od#E lrwhfqrorj ,d#srvhh#od#fdsdflgdg#gh#fdp eldu#od#frp xqlgdg#lggxvuldd#ghd#|d#su&{lp r#vljor#[[I#ghelgr#d#vx#srwhqfldd#sdud#surgxflu#fdqwlgdghv#su«fwlfdp hqvh#ldp lwdgdv#gh+#

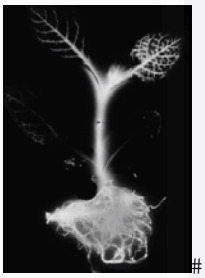
4,# Vxvwdqfldv#gh#odv#txh#pxqfd#vh#kde,d#glvsxhwr#dqwhv#
5,# Surgxfwrv#txh#vh#rewlhqhq#qrup dp hqvh#hq#fdqwlgdghv#shtxh..dv#
6,# Surgxfwrv#frq#frwr#gh#surgxff&q#p xfkr#p hqru#txh#hd#gh#orv#ideulfdgrv#sru#p hglrv#frqyhqflrqddnv#
7,# Surgxfwrv#txh#riuhfhq#p d|ru#vhjxulgdg#txh#orv#kdvwd#dkrud#glvsrqlednv#
8,# Surgxfwrv#rewqlgrv#d#sdulu#gh#qxhydv#p dwuldv#sulp dv#p «v#dexqgdqwhv#|#eludwdv#txh#odv#xwdol}dgdv#dqwuhrup hqwh1

#

Sru#hmmp scr#od#p dqlsxodf&q#jhq+wlfd#gh#«dv#sodqwdv#hq#ehqhilflr#ghd#krp euh#hv#sduwh#gh#od#E lrwhfqrorj ,d#<'1#
#

R ujdqlvp rv#Wudqvj+qlfrv1#

D #orv#lqglylgxrv#txh#kdq#xiulgr#dojxqd#dowudf&q#hq#xv#jhqhv#d#wdy+v#gh#w#fqlfdv#gh#elrwhfqrorj ,d#uhflehq#hd#qrp euh#gh#Wudqvj+qlfrv/#hwrv#sxhghq#vhu#dqlp ddnv#r#sodqwdv#Orv#fdp elrv#dsolfdgrv#d#glfkrv#lqglylgxrv#vrq#khfkrv#shuvljxlhqgr#xq#ilq#r#surs&vlwr#hvshflilfr/#jhqhudqp hqwh#sdud#p hmrudu#kd#glfkr#lqglylgxr#r#uhvdodu#dojxqdv#gh#xv#sursldv#fdudfvhu,wlfdv1#Hq#hvwh#vhqwlgr#h{lwhq#xqd#judq#fdqwlgdg#gh#mmp scrv#txh#sxhghq#vhu#p hqflrqdgrv#gh#rujdqlvp rv#p rglilfdgrv#jhq+wlfdp hqwh#+R P J ,/#sxhghq#lu#ghvgh#or#p hqrv#lp djlqdednv#frp r#hv#od#dowudf&q#gh#xqd#sodqwd#gh#wdedfr/#hq#grqgh#vh#dh#l..dghq#jhqhv#gh#oxfl+uqdjd#nvshf,ilfdp hqwh#od#fdudfvhu,wlfd#oxp lqrvd#txh#hq#frqwdfwr#frq#xqd#xvwdqfld#sxhgh#surgxflu#flhuwd#udglf&q#^43'/#kdvwd#odv#frvdv#wdq#frp xqhv#frp r#vrq#orv#fhuhddnv#txh#frp hp rv#sru#odv#p dl..dqdv#r#hd#dojrg&q#frq#txh#hvw«q#hoolerudgrv#orv#elodhwnv#frq#orv#txh#sdjdp rv#frp ~qp hqwh1#
#



I ljxud#41#K qd#sodqwd#ghd#wdedfr#txh#vh#kd#glvh..dgr#jhq+wlfdp hqwh#sdud#h{suhvdu#xq#jhq#wrp dgr#gh#odv#oxfl+uqdjdv#+nvshf,ilfdp hqwh=#hd#s|udolv#gh#Skrwqqxv,#tx+#surgxfh#ho«oxflhudvh#

#

H vwh#wlsr#gh#rujdqlvp rv#kdq#fuhdgr#xqd#judq#h{shfwdwlyd#|d#hq#p xfkrv#gh#xv#dsolfdflrqhv#kdq#ghp rvwdgr#xq#dowd#hilflqfld#|#p hmrudgr#frqvlghudednp hqwh#d#orv#lqglylgxrv#txh#vh#kdq#h{sxhwr#d#glfkdv#dowudflrqhv/#vlq#hp edujr#h{lwhq#p xfkdv#rujdql}dflrqhv#txh#vh#rsrqh#d#orv#R P J /#dujxp hqwdqgr#vhu#shurxglfddnv#sdud#od#wdoxg#r#txh#odhjdud#xq#wlhp sr#hq#txh#qr#vh#vdeu«#frq#fhuwh}d#fxdd#hv#xq#lqglylgxr#P rglilfdgr#|#fxdd#qr#or#hv#shuglhqgr#dv/#od#glyhuvlgdg#rulljqdd#gh#orv#rujdqlvp rv#jhqhudgrv#qdwudp hqwh1#
#

F uhdf&q#gh#xq#lqglylgxr#Wudqvj+qlfr1#

D #frqwlqxdf&q#yhuhp rv#gh#xqd#irup d#hvxp lgd#od#fuhdf&q#gh#xq#R P J 1#
#

4, Or#sulp hur#hv#dlvodu#hd#jhq#txh#vh#yd#d#qvhuwdu#hq#od#sodqwd#|#txh#vhuylu«#sdud#dxp hqwdu#vx#fddgdg#+hd#jhq#sxhgh#suryhqlu#gh#rwd#sodqwd/#gh#xqd#edfwhuld/#gh#xq#ylurv#r#lqfoxvr#gh#xq#dqlp dd#Q r#vh#sxhgh#lqwurgxflu#xq#jhq#ghvqxgr#gluhfwdp hqwh#hq#od#sodqwd1#Hq#kq#sulqflslr#kd|#txh#urghduor#gh#GQD #sdud#gduh#xqd#dsdulhqfld#vlp ldu#dd#gh#od#sodqwd1#Hd#jhq#vh#dlfrsd#hqwh#xq#iudjp hqwr#gh#GQD #gh#od#

TESIS TESIS TESIS TESIS

TESIS TESIS TESIS TESIS

soqwd#|#rwur#gh#xqd#edfwhuld/#txh#d|xgdu«#hq#hd#surfhvr#
5,# #txh/# frp r# fxdotxlhu# rwd# edfwhuld/# ohyd# vx# p dwhuldd#
jhq+wlfr#glvsxhwr#gh#irup d#flufxodu#|#qr#frp r#hq#orv#
furp rvrp dv#kxp dqrv#

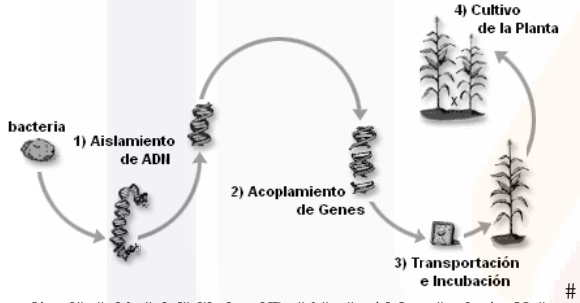
#

6,# Vh#d..dgh#xq#jhq#txh#kdfh#txh#kd#soqwd#vhd#uhvlwhqwh#d#xq#
jhq#frp ~q/#|#txh#p «v#wdugh#vhuylu«#frp r#xqd#edqghud#sdud#
dylvdu#gh#txh#soqwd#kd#qfrusrudgr#hd#pxhyr#jhqf'44 '1#

7,# Vh#wudqvilhuhq#orv#jhqhv#d#rwd#edfwhuld#txh#orv#wudqvsrudu«#
p «v#wdugh#d#od#soqwd#|#txh/#dxqtxh#srgu,d#dihfwdu#d#od#
soqwd/#kd#vlgr#p rglilfdgd#sdud#txh#vhd#lqrfxd1#Vh#kdfhq#
fuhfhu#wur}rv#gh#od#soqwd#rq#xq#odeurdwrulr#|#vh#p h}foqd#
frq#hd#D juredfwhuxp 1#Od#edfwhuld#lqihfwd#d#dojxqrv#gh#
hoorv#|#dhv#wudqvilhuh#vx#p dwhuldd#jhq+wlfr1#V%or#xqr#gh#fdgd#
flqfr#wur}rv#vh#lqihfwd1#Sdud#vdehu#fx«#hv#vh#hv#kdfh#fuhfhu#
hq#xq#qxwlhqwh#txh#frqwlhqh#dqwle%wlfrv1#V%or#orv#txh#
ohydq#hd#jhq#uhvlwhqwh#dd#dqwle%wlfr#vreuhylyhq/#hd#hvwr#
p xhuh1#Odv#txh#hvw«q#vdqdv#vrq#odv#txh#frqwlhqhq#hd#jhq#gh#
uhvlwhqfld#'44 '1#

8,# Orv#qxhyrv#jhqhv#vh#kdq#frorfdgr#hq#od#soqwd#gh#irup d#
ddndwuld/#sru#hor#dojxqdv#fuhfhu«q#elhq#|#frq#vderu#|#rwdv#
qr1#Sdud#vdehuor#vh#ohydq#dd#lqyhuqdghur#|#vh#yh#frp r#
fuhfhq#hydoxdqgr#fxlgdgrvdp hqw#od#gxuh}d/#hd#vderu#hd#
wdp d..r/#hwf:1#

#



#

Iljxud#51#Idvhv#sdud#od#odeurdf%q#gh#xq#Rujdqlvp r#Wudqvj+qlfr#

#

#

51#úXQD#KHXUâVWLFD#WUDQVJ§QLFDB#

#

Hq#hwd#vhff%q#kdeodhp rv#gh#f%p r#vxujh#od#lghd#gh#ohydu#hd#
surfhvr#Elrwhfqrc&jlfr/#d#kdv#Flhqfldv#frp sxwdflrqddnv/#sdud#od#
fuhdf%q#gh#xqd#khxu,wlfd#wudqvj+qlfd/#shur#kdehu#ohjdgr#kdvd#
dtx,#qr#ixh#xq#surfhvr#i«flo/#ixh#xq#hvwxglr#gh#grv#d..rv#hq#od#
txh#vh#wxyr#txh#hvwxgldu/#whru,d#gh#dojrulwp rv/#hvwdg,wlfd/#
glvh..r#gh#h{shulp hqwrv#hwf1/#kdvd#ohjdu#d#hvwh#sxqwr1#Or#
sulp hur#sdud#fuhdu#xqd#khxu,wlfd#hv#frqrfhu#+hq#hwh#fdvr,#hd#
p rghor#gh#grqgh#vxujh#od#lqvsludf%q/#glfkr#p rghor#whqh#txh#
kdehu#ghp rvwdgr#vx#hilfdfld#hq#vx#«uhd#gh#dsolfdf%q/#sru#
hnhp sor#orv#dojrulwp rv#jhq+wlfrv/#frp r#vx#qrp euh#orv#glfh#vx#
lqvsludf%q#vxujh#hq#hd#surfhvr#qdwudodgh#vhdnff%q#ghvfxelhwr#
sru#Gduz lq#^:'/#glfkr#surfhvr#kd#ghp rvwdgr#d#wudy+v#gh#orv#
vljorv#vx#hilflhqfld#|#hilfdfld/#rvur#surfhvr#ghd#fxdo#qr#vh#whqh#
gxgd#gh#vx#ixqflrqdp lhqwr#hv#hr#Vlwhp d#Iqp xqr&jlfr#hd#fxdo#
wdp el+q#kd#vhuylgr#frp r#lqvsludf%q#sdud#od#fuhdf%q#gh#xqd#
khxu,wlfd/#xqd#yhv#txh#vh#whqh#ghqwlifdgr#hdp rghor#txh#ydd#kd#
vhuylu#frp r#lqvsludf%q#|#kdehu#frp suredgr#vx#hilflhqfld##vh#
wlhqh#txh#kdfhu#od#dgdswdf%q#kdfld#xq#p rghor#frp sxwdflrqdo#|#
dgdswduor#sdud#od#vroxf%q#gh#xq#suredhp d1#

#

^44 '1#Hd#qxhyr#jhq#vh#lqvhuvd#hq#xqd#edfwhuld#frp ~q
Hd#fdvr#txh#qrv#dvd..h#qr#hv#od#h{fhsf%q/#orv#rujdqlvp rv#
p rglilfdgrv#jhq+wlfdp hqwh#kdq#ghp rvwdgr#vx#hilfdfld#hq#odv#
glihuhqhv#|#glyhuvdv#dsolfdflrqhv#hq#grqgh#kdq#vlgr#uhtxhulgrv/#
xq#txh#vh#wwdwd#gh#xq#p rghor#uhvlhqwh#|#txh#qr#hv#gdwudd#Hvh#
p rghor#qrv#gd#xq#vlq#ilq#gh#srvleolgdghv#|#d#txh#vh#dshjd#d#od#
shuihff%q#dd#ixqflrqdp lhqwr#gh#xqd#khxu,wlfd#Orv#rujdqlvp rv#
Wudqvj+qlfrv# suhvqwdq# xq# fdudfwru,wlfd/# txh# unvxwd# vhu# hd#
sxqwr#ixqgdp hqwd#gh#hvwxglr#|#dsolfdf%q#kdfld#xq#p rghor#
frp sxwdflrqdo/# glfkd# sursnhgdg# hv# od# p hnrudu# kd# glfkr#
lqglylgxr#r#uhvdodu#dojxqdv#gh#vxv#sursldv#fdudfwru,wlfdv/#hwr#
ohydgr#dd#dp elhqwh#gh#odv#khxu,wlfdv#frp sxwdflrqddnv/#qrv#gd#
od#sdxwd#sdud#xq#Qxhyr#sdudgljd#hq#od#frp sxwdf%q#hyroxwlyd/#
hdp hnrudp lhqwr#frqvlqxr#gh#orv#uhvxwdgrv#rewhqlgrv1#

#

#

6#DOJRUILWP R#WUDQVJ§QLFR1

#

Hv#p srudqwh#vlhp suh#lqlfldu#frq#od#sursxhwd#gh#xq#dojrulwp r#
edvh +txh#sxhgh#vxiulu#fdp elrv,/# glfkr#dojrulwp r#wlhqh#txh#
ghvfulelu# od# irup d# hq# txh# ixqflrqdud# glfkd# dgdswdf%q#
frp sxwdflrqdd#p hwh#kdeodggr,/#d#frqwlqxdf%q#vh#p xhwud#od#
sulp hud#sursxhwd#gh#xq#Dojrulwp r#Wudqvj+qlfr/#dfoudgr#txh#
sxhgh#vxiulu#fdp elrv#frq#irup h#p dv#vh#vhsd#gh#Whp d=#

4, Ighqwilfdu#hd#lqglylgxr#Ruljhq1#

5, D lvodu#hd#jhq#gh#lqglylgxr#Ruljhq/#uhfrughp rv#txh#glfkr#
jhq#ghehh#fxp sdu#frq#orv#urtxhulp lhqwr#gh#rewlp lgdg#
vhj~q#vhd#hd#fdvr1#

6, Ighqwilfdgr#hd#jhq#txh#uhvxwd#vhu#p dv#frqyhqlhqwh#vh#
d..dgh#d#orv#pxhyrv#lqglylgxrv#gh#od#vljxlhqwh#jhqhudf%q1#

7, Vh#hydo~d#hd#ilwqhvv#gh#od#pxhyd#sreodf%q1#

#

#

Iljxud#61#Loxwudf%q#gh#sulp hu#dojrulwp r#Wudqvj+qlfr1#

#

#

71#LP SOHP HQWDFLŽQ#GHO#DOJRULWP R#
WUDQVJ§QLFR#DO#SUREOHP D#GHO#WVS1#

#

Sdud#srghu#hqwqgh#hd#ixqflrqdp lhqwr#ghd#dojrulwp r#txh#vh#
sursrqh/#hv#qhfhvdld#vx#lp sdnp hqwdf%q#d#xq#suredhp d#gh#
rswlp l}df%q1#Hd#suredhp d#gh#ydlhdqwh#frqvlwwh+frp r#wrgrv#or#
vdehp rv,#hq#kdoodu#xq#uhfruulgr#sru#q#flxgdghv/#vlq#sdvdu#grv#
yhfhv#sru#od#p lvp d#flxgdg/#txh#p lqlp lfh#od#glvwdqfld#wrwd#
uhfruulgd1#Hq#hwwh#fdvr/#hd#suredhp d#gh#e~vtxhgd#frqvlwwh#hq#
hqfrqwdu#hd#uhfruulgr#%swlp r/#sru#or#txh/#ghvgh#hd#sulqflslr/#
hw«#irup xodgr#frp r#xq#suredhp d#gh#rswlp l}df%q1#Gdgr#txh#
fdgd#flxgdg#vh#sxhgh#ylvlwdu#xqd#vrod#yh}/#vh#wudwd#gh#xq#
suredhp d#gh#rswlp l}df%q#frp elqdwuld#odv#vroxflrqhv#srvledhv#
hw«q#vlwxdgdv#hq#hr#hvsdflr#gh#wrgdv#odv#shup xwdflrqhv#ghd#
frqmxqwr#gh#flxgdghv1#Vl#ghqrp lqdp rv#d#odv#flxgdghv#frq#dhwdv#
p d|~vfxodv/#D/#E,#IIIL#xqd#vroxf%q#srvledn#srgu,d#vhu#

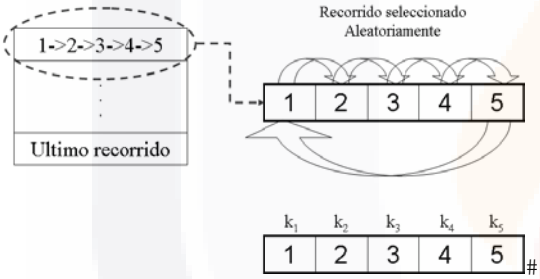
TESIS TESIS TESIS TESIS

TESIS TESIS TESIS TESIS

DEGHIF/#|#rwd#EGIHFD1#Fdgd#xqd#gh#hwdv#vroxflrqhv#wlhqh#
xqd#sxqwxdfl%q/#txh#vhu/d#od#fdqwlgdg#wrwdd#gh#nl%p hwurv#
uhfruulgrv#hylghqwhp hqwh#kdeu«#xqd#fx|r#nlorp hwdmn#vhd#
p hqru#r#jxdd#txh#wrgdv#odv#rwdv#vroxflrqhv1#Fodur#rw«/#kd|#txh#
hqfrqwdu#hvd#vroxfl%q1#Sdud#9#flxgdghv#hv#i«flk/#shur#sdud#533#
qr#or#hv#Od#ud}%q#hv/#vlp sdnp hqwh/#txh#hd#wdp d..r#gh#hvsdflr#
gh#e~vtxhgd#dxp hqwd#frq#hd#q~p hur#gh#flxgdghv/#gh#khfkr/#vx#
wdp d..r#hv#+q04,$25/#grqgh#q#hv#hd#q~p hur#gh#flxgdghv1#Hvr#or#
kdfh#xq#suredhp d#QS0G lilflo#qr#sxhghq#vhu#uhvxhowrv#sru#xqd#
p «txlqd#gh#Wxulqj#qr#ghwhup lq,wlfd#hq#wlhp sr#srdq%p lfr1#
Fxdqgr#dxp hqwd#hd#wdp d..r#ghdp lvp r/#hd#wdp d..r#ghd#hvsdflr#gh#
e~vtxhgd#dxp hqwd#p xfkr#p «v#u«slgdp hqwh/#||#sru#wdqwr/#hd#
wlhp sr#gh#vroxfl%q#ghd#suredhp d#+r#hd#hvsdflr#hq#p hp ruld#
qhfhvdulr#sdud#vroxflrqduor,/#vh%ulfdp hqwh/#dxp hqwd#p «v#r#
p hqrv#gh#od#p lvp d#irup d#^45`1#
Od#lp sdnp hqwdfl%q#ghd#dojrulwp r#wdqvj‡qlfr#sdud#uhvroyhu#hd#
suredhp d#ghd#WVS#hv#frp r#vh#p xhwwd#d#frqwlqxdfl%q#
#
4,# Vh#jhqhud#od#sreodfl%q#lqlfldd#frq#orv#uhfruulgrv#ddhdwruulrv1
#

40A50A60A70A8#
1# 1# 1#
Xowdp r#uhfruulgr#

#
5,# Vh#vhdnfflrqd#xq#uhfruulgr#gh#od#sreodfl%q#ddhdwruldp hqwh/#
#



#
#
Hq#grqgh#n#hv#hd#qxp hur#gh#kd#srvlfl%q#ghd#jhq#txh#yd#gh#
n_4ý $n_{q#}$Hd#lqgylgxr#txh#kdp duhp rv#furp rvrp d#vh#ghvfrp srqh#
hq#vxefdghqdv#gh#wdp d..r#ÈqŠ#hq#grqgh#ÈqŠ#hv#hd#wdp d..r#gh#od#
vxefdghqd1#Sdud#ÈqŠ#vh#gheh#fxp sdu#od#vljxlhqwh#frqglfl%q#
Hf1+4,##

$$q >= n_{4+4}$$

$$q <= n_{q-4}$$ #4,#

Vl#ÈqŠ#fxp sdh#frq#or#dqwhuru#vh#glvsrqh/#kd#glylgu#hd#
furp rvrp d#hq#jhqhv#gh#wdp d..r#ÈqŠ/#shur#Kifxdqwrv#jhqhv#ghehq#
vhu#wrp dgrvB#Od#uhvsxhwd#vh#hqfxhqwd#hq#od#vljxlhqwh#irup xod#
Hf1+5,=#
#

$$FV@+\#n_q2_1,\#+5,\#$$

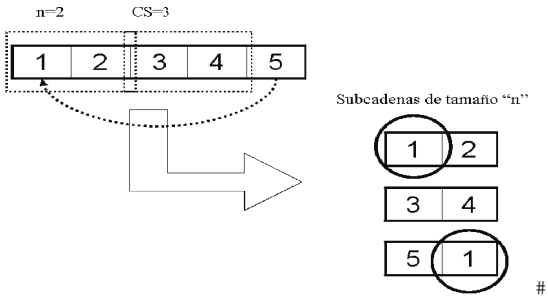
#
Hq#grqgh#FV#hv#od#fdqwlgdg#gh#fdghqdv#kd#vhdnfflrqdu#
Vxsrqjdp rv#txh#q@5#||#n_q@8=#

$$FV = 825$$

$$FV = 518$$ #

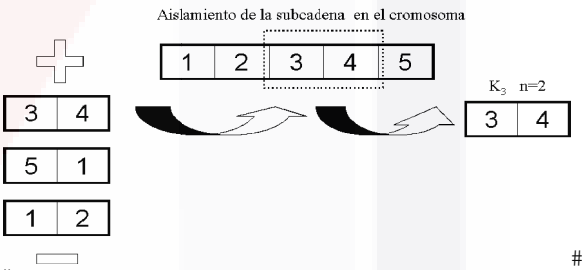
Hd#uhvxowdgr#gh#FV@#518/#nvh#uhvxowdgr#vh#uhgrqgh#srukmnp sor#
hq#nvwh#fdvr#hd#ydoru#gh#FV@61#Frp r#|d#vh#p hqflrqr#FV#nv#od#
fdqwlgdg#gh#xvefdghqdv#txh#vh#ydq#d#wrp du#nq#hd#fdvr#vhu«q#61#

#

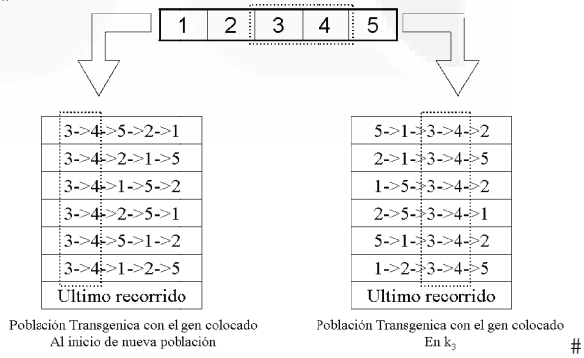


#
#
6, Xqd#yhv#txh#vh#wlhqhq#odv#fdghqdv#gh#wdp d..r#ÈqŠ#vh#dsdfd#
od#ixqfl%q#remnvlyr#d#fdgd#xqr#gh#odv#vxefdghqdv#sdud#dv/#
dlvodu#hd#txh#vh#d#wdqvlhulu#d#od#pxhyd#sreodfl%q1#
#

#
#
Hq#nnhp sor#txh#hwwdp rv#p dqhmdgr#hd#uhfruulgr#vhdnfflrqdgr#
vhu«#gh#od#flxgdg#6#d#od#7/#frq#nwr#khp rv#fghqwlilfdgr#hd#jhq#od#
vhu#d..dglgr#d#od#vljxlhqwh#sreodfl%q/#kd#frqwlqxdfl%q#vh#kdfh#od#
lqvhuflr%q#gh#d#od#vljxlhqwh#jhqhudfl%q1#Od#lqvhuflr%q#d#od#qxhyd#
jhqhudfl%q#sxhgh#vhu#gh#grv#irup dv#sxhgh#frorfduvh#hq#od#
sulp hud#srvlfl%q#r#frorfduvh#hq#od#srvlfl%q#grqgh#ixh#
hqfrqwdgd#d#xvefdghqd1#
#



#
#
7, Vh#dvljqd#hd#jhq#dlvodgr#d#od#qxhyd#jhqhudfl%q1
#



#
#
#
8#SDUÎP HWURV#GH#H[SHULP HQWDFLŽQ1#

TESIS TESIS TESIS TESIS

TESIS TESIS TESIS TESIS

#

Hvwd#vhffl&q#doehujd#or#uhodflrqdgr#d#od#h{shulp hqwdfl&q#grqgh# srghp rv#hqfrqwdu#glihuhqwhv#idfwruhv#txh#sxhghq#dihfwdu#d# fdgd#h{shulp hqwr#frp r#vrq=#hd#wdp d..r#gh#od#sreodfl&q/#hd# q~p hur#gh#jhqhudflrqhv# |#hd#q~p hur#gh#flxgdghv/#hvwdv# fdudfwhu,wlfdv#vrq#jhqhuddnv#|d#txh#su«fwlfdp hqwh#fxddtxlhu# Khxu,wlfd#odv#wlhqh1#

#

Sdu«p hwurv1#

Orv#sdu«p hwurv#vrq#dtxhoorv#ydoruhv#txh#lqiox|hq#gluhfwdp hqwh# hq#hd#ixqflrqdp lhqwr#gh#od#khxu,wlfd/#hvwrv#sdu«p hwurv#vrq#p x|# surslrv#gh#fdgd#xqd#gh#odv#khxu,wlfdv#hq#hwh#fdvr#vh#p xhwudq# gh#frqru#hl}xd#orv#sdudp hqwrv#gh#dojrulwp r#wudqvj+qlfr#txh#p x|# gli,flqp hqwh#vh#srgu«q#kdoodu#hq#cwd#khxu,wlfd1#

Fdgd#kqr#gh#orv#sdu«p hwurv#vh#h{solfdq#kd#frqwlqxdfl&q#

Wlsr#gh#Vhdhffl&q=#Ghilqh#od#vhdhffl&q#hq#fdgd# jhqhudfl&q#ghd#lqglylgxr#dd#txh#vh#dh#h{wdhu«q#vxv#p hmruhv# fdudfwhu,wlfdv#sdud#vhu#odnydgdv#d#od#vljxlhqwh#jhqhudfl&q/# dfwxdqp hqwh#vh#fxhqwd#frq#5#wlsrv#gh#vhdhffl&q#hdwlwd#|# ddndwruld1#Od#vhdhffl&q#Hdwlwd#qrv#shup lwh#vhdhfflrqdu#gh#fdgd# jhqhudfl&q#hd#p hmru#lqglylgxr#uhfruqhp rv#txh#kdeodp rv#gh# uhfruqlgrv#hd#p hmru#lqglylgxr#vhu«#hd#uhfruqlgr#p dv#fruwr#hq# fdgd#jhqhudfl&q,#hwr#qrv#dvhjxud#txh#hd#lqglylgxr#hwd# frp sxhwr#hq#vx#p d|ru,d#frq#exhqrv#uhfruqlgrv/#hwr#qrv#gd# xqd#sureedelqgdg#p dv#dwd#gh#txh#od#vljxlhqwh#jhqhudfl&q#hwh# frp sxhwd#sru#uhfruqlgrv#exhqrv1#Hq#vhdhffl&q#Dndwruld#vlp sdn# p hqwh#vh#vhdhfflrqd#hq#fdgd#jhqhudfl&q#lqglylgxrv#ddndwrulrv/# hwr#frq#od#ilqdodgdg#gh#qr#shughu&glyhuvlgdg#hq#od#sreodfl&q#or# fxdd#hv#xq#idfwru#lp sruwdqwh#hq#hwh#wlsr#gh#khxu,wlfdv/#qr# hwdqfduvh#hq#&swlp rv#orfddnv1#Sru#lqioxlu#hq#p dqhud#lp sruwdqwh# hq#hd#Dojrulwp r#wudqvj+qlfr#vh#kd#d..dglgr#d#orv#sdudp hqwrv#gh# od#khxu,wlfd1#

Wdp d..r#gh#Vxefdghqd=#Ghilqh#hd#wdp d..r#ghd# furp rvrp d#txh#vhu«#vhdhfflrqdgr#gh#fdgd#lqglylgxr#vlhp suh# hp sh}dqgr#sru#hd#sulp hu#jhq/#uhfruqhp rv#txh#hwdp rv#exvfdgr# od#p hmru#vxefdghqd#gh#jhqhv#ghd#lqglylgxr#vhdhfflrqdgr#sru# hmnp sor#vl#vh#wlhqh#xq#uhfruqlgr#gh#8#flxgdghv#hd#uhfruqlgr#gh# odv#8#flxgdghv#uhsuhvhqwd#xq#furp rvrp d,/#vhdhfflrqdp rv#sdud# hwh#hmnp sor#6#furp rvrp dv#gh#wdp d..r#5/#vh#kd#ghilqlgr#hd# wdp d..r#gh#vxefdghqd#frp r#sdu«p hwur#|d#txh#lqiox|h#gluhfwd#|# frqvlghudednp hqwh#hq#hd#ghvdurcor#gh#dojrulwp r1#

Iqvhuflf&q#gh#Qxhyr#Furp rvrp d=#Hvwh#sdu«p hwur# qrv#shup lwh#d..dglu#hd#furp rvrp d#p dv#dswr#ghd#lqglylgxr# vhdhfflrqdgr#d#od#vljxlhqwh#jhqhudfl&q/#od#lqvhuflf&q#ghd# furp rvrp d#sxhghd#vhu#gh#5#irup dv/#Dd#lqlfr#gh#fdgd#jhqhudfl&q# r#hq#grqgh#xh#hqfrqwdgr1#Vl#vh#frorfd#dd#lqlfr#gh#od#sreodfl&q# qrv#jdudqwl}d#txh#hd#uhfruqlgr#lqlfldu#frq#exhqdv#h{shfwdwlydv/# |#vl#vh#frorfd#hq#grqgh#ixh#hqfrqwdgr#jdudqwl}dp rv#txh#dd# p hqrvh{lwh#hq#hd#lqglylgxr#xq#uhfruqlgr#p x|#exhqr1#

#

#

91#F R Q F O X VIR Q H V#

#

Srghp rv#frqfoxlu#txh#dxq#txh#qrv#hqfrqwdp rv#dudqfdgqr#frq# od# lqyhwljdfl&q/# vh# fxhqwd# |d# frq# xqd# sulp hud# yhuvl&q# surjudp dgd# ghd# Dojrulwp r#Wudqvj+qlfr/# hq# od# fxdd# vh# kd# uhdd}dgr#dojxqrv#h{shulp hqwrv#+dxq#qr#whup lqdgrv,#txh#kdq# ghp rwudgr#od#hilfdfld#|#udslgh}#ghd#Dojrulwp r#Wudqvj+qlfr/# uhfruqhp rv#txh/#xqd#gh#orv#ixhuhv#ghd#Dojrulwp rv#hv#od#qr# h{lwhqfld#gh#fux}d#|#gh#xqd##p xwdfl&q#Gluljgd/#|d#txh#vh#edvd# hq#orv#Rujdqlvp rv#Wudqvj+qlfrv/#hq#grqgh#od#p xwdfl&q#hv#od# p rglilfdfl&q#ghd#lqglylgxr#d..dgl+qgrdn#odv#p hmruhv#fxddqdghv# gh#rwur/#|#od#fux}d/#hv#jdudqwl}du#txh#wrgrv#orv#p lnp eurv#gh#od# sreodfl&q#whqjdq#sru#or#p hqrv#hvd#Vxe#fdghqd#gh#furp rvrp dv1#

Dxq#qrv#idwd#hqiuhqwdu#hd#Dojrulwp r#Wudqvj+qlfr#d#Ehfk P dun# grqgh#vh#frqrfh#hd#uhfruqlgr#&swlp r#sdud#hd#fdvr#ghd#WVS#shur# qxhwudv#suxhedv#suholp lqduhv#kdq#ghp rwudgr#vx#judq# ghvhp sh..r1#Xq#sxqwr#lp sruwdqwh#gh#sdwlgd#sdud#fxddtxlhu# khxu,wlfd#hv#frp sduduvh#vlhp suh#dqwh#orv#dojrulwp rv#jhq+wlfrv# sru#vhu#od#edvh#gh#p xfkrv#gh#odv#khxu,wlfdv#h{lwhqwhv/#|# vlhp suh#gheh#gh#vhu#xqd#gh#odv#khxu,wlfdv#d#yhqfhu1#Hq#orv# ~owp rv#d..rv#frorqld#gh#krup ljdv#kd#ghp rwudgr#xqd#judq# dfhswdfl&q#sru#vxv#uhvxowdgrv#rewhqlgrv#hq#vxv#glihuhqwhv# dsolfdflrqhv/#sru#hor#vhu«#xqr#gh#orv#frqwhqglhqwhv#gh#orv#DW# +Dojrulwp r#Wudqvj+qlfr,1#OlqONhuqljkdq#hv#xq#dojrulwp r#txh# kd#suredgr#xv#judq#ixqflrqdodgdg#sdud#hd#sureednp d#ghd#WVS#frq# h{fhdhqwhv#uhvxowdgrv/#sru#hor#hv#xq#fdqglgdwr#lg&qhr#sdud#od# frp shwqfld/#uhfrughp rv#txh#hv#od#sureednp «wlfd#txh#vhu«#od# edvh#gh#od#h{shulp hqwdfl&q#gh#orv#DW1#

#

#

:1#UHIHUHQFLDV#

#

^4'# hvlz lnlshgldlruj#

^5'# J1#Sro|d/#%Krz #wr#Vroyh#Dw&/#5qg#hg1/#Sulqflwrq#Xqlyhuvlw|# Suhvv/#4<8:/#LVEQ#309<403;3<:09#

^6'# DQVLZHHH#Vwg#43304<;7#

^7'# Fhqwr#Qdflrqdd#gh#Iqirup dfl&q#|#Frp xqlfdfl&q#Hgxfdwlyd# +FIQILF1H1,#Oderudwrulr#gh#Jhq+wlfd#

^8'# Hqflforshgld#Dxwrglg«fwlfd#P ladnqlxp /#Hglwruldd#Qrup d/# VID1/#Hglfl&q#5334#

^9'# Wkh#Xqlyhuvlw|#ri#Xwdk/#Jhqhwlf#Vflhqfh#Ohduqlqj#Fhqwhu# 5339#

^:'# Dffhvv#H{fhohqfh#Wkh#Qdwlrqdd#Khdowk#Pxvhxp #5339#

^;'# XQ#Hfrqrp lf#dqg#Vrfldd#Ghyhorsp hqw#

^<'# Fhqwr#Qdflrqdd#gh#Iqirup dfl&q#|#Frp xqlfdfl&q#Hgxfdwlyd# Ghsdudp hqwr#gh#jhq+wlfd#Hvsd..d#5334#

^43'# Gdylg#Z 1#Rz /#Nhlwk#V1#Z rrg/#P dudnqh#GhOxfd/#Mniiuh|#U1# gh#Z hw#Grqdog#U1#Khalqvnl#dqg#Vwhskhq#K1#Krz hod#XV# Ghsw#ri#Djulfxowuh#dqg#wkh#Qdwlrqdd#Vflhqfh#Irxqgdwlrq1#

^44'# Ghsdup hqw#ri#Vrld#dqg#Furs#Vflhqfhv#dw#Frorudgr#Vwdwh# Xqlyhuvlw|/#4<<<05337#

^45'# Mxdq#M#P huhor#Jxhuy&v#Ghswr1#Dutxlwfwxud#|#Whfqrorj,d# gh#Frp sxwdgruhv#Hvfxhod#W+fqlfd#Vxshulru#gh#Iqjhqhu,d# Iqirup «wlfd#Fdp sxv#D|qdgdp du#GdqIhd#Vdxfhgr#Dudqgd/# v2q#4;3:4#Judqdgd#Vsdlq,#

^46'# P hwdkxu,wlfdv+#xqd#ylvl&q#jcredo-#Ehot+q#P holdq/#Mrv+#D1# P ruhqr# S+uh}/# M# P dufrv# P ruhqr# Yhjd# GHIRF1# Xqlyhuvlgdg#gh#Od#Odjxqd#6;5:4#Od#Odjxqd#5336#

TESIS TESIS TESIS TESIS

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

del 12 al 15 de julio de 2007
Orlando, Florida ~ EE.UU.

Volumen III

Editores:

Jorge Baralt
Nagib Callaos
Andrés Tremante
Friedrich Welsch
Angel Oropeza
J. V. Carrasquero

Organizada por
International Institute of Informatics and Systemics
Miembro de la International Federation for Systems Research (IFSR)

2007 International Institute of informatics and Systemics. Todos los derechos reservados

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

VOLUMEN III

CONTENIDO

Contenido

Aplicaciones de Informática y Cibernética en Ciencia e Ingeniería

Bustamante, John; Sáenz, José F.; Amaya, Adrián A. (Colombia): "Sistema Telemédico de Registro y Monitoreo Inalámbrico Cardiaco"

Flórez Pardo, Luz M.; López Galán, Jorge E. (Colombia): "Selección de Enzimas Secundarias en la Hidrólisis de Maracuyá Utilizando Redes Neuronales"

Giraldo, Jorge E.; Guzmán, Jaime A.; Ovalle, Demetrio A. (Colombia): Modelo Global de Comunicación para la Coreografía de Servicios Web"

Martins Junior, Antonio Real; Sales Calçado, Vera Lúcia X. de; Camapum, Juliana F. (Brasil): "Desenvolvimento de um Sistema de Gerenciamento do Processamento de Impressão de Imagens Médicas Digitais Utilizando o Protocolo Dicom"

Ciencia e Ingeniería de la Computación

Cardona Q., Jesús D. *; Castán R., Héctor **; Hidalgo S., Miguel A. * (* Colombia, ** España): "Una Aproximación Metodológica para la Construcción de Entornos Virtuales Mediante Procesos de Desarrollo Genérico"

Computación Emergente

Correa Villalón, Christian José; Padilla Díaz, Felipe; Pérez Morphe, Eugenio; Quezada Aguilera, Fátima Sayuri (México): "Algoritmo Transgénico. Un nuevo Paradigma" 28

Ponce, Julio C.; Padilla, Felipe; Padilla, Alejando; Meza, Miguel A.; Ochoa, Carlos A. (México): "ACHPM: Algoritmo de Optimización con Colonia de Hormigas para el Problema de la Mochila" 32

Siqueira, Paulo Henrique; Scheer, Sérgio; Steiner, Maria Teresinha Arns (Brasil): "Uma Nova Abordagem para a Resolução do Problema do Caixeiro Viajante Utilizando Redes Neurais" 36

Desarrollo de Sistemas de Información

Batista de Chambers, Delva O. *; Sastrón Baguena, Francisco **; Galán, Ramón ** (* Panamá, ** España): "Modelo de un Sistema de Información para la Gestión de la Producción bajo un Enfoque de Empresas Virtuales, Orientado a la Industria de Ingeniería y Fabricación bajo Pedido (ETO/MTO): Resultado de un Caso de Estudio" 42

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

TESIS TESIS TESIS TESIS

D ojrulwp r#Wudqvj+qlfr#
X q#qxhyr#Sdudgljp dl#
#
#

F kulwldq#Mrv+#F ruhd#Y lood&q/#I holsh#Sdgloo#G ,d}/#Hxjhqlr#S+uh}#P ruskh/#L«wlp d#Vd|xul#F xh}dgd#D jxldnud#
G hsduwdp hqwr#gh#F lnqfldv#E«vlfdv/#X qlyhuvlgdg#D xw&qrp d#gh#D jxdvfdolhqwhv#
D jxdvfdolhqwhv/#D jv1#F 1S1#53433/#P +{lfr#

#
#
#

U HVX P HQ#

#

Sursrqhp rv#xqd#qxhyd#ylv&q/#xqd#khxu,wlfd#edvdgd#hq#xqd#udp d#gh#od#elrorj ,d#p rghuqd#oodp dgd#E lrwhfqrorj ,d1#ÈHv#fxdotxlhu#dsolfdf&q#whfqro&jlfd#txh#xvd#vlwhp dv#elro&jlfrv/#rujdqlvp rv#ylylhqwhv/#r#ghulydgrv#gh#hwrv/#sdud#kdfhu#r#p rglilfdu#surgxfwrv#r#surfhvrv#sdud#xq#xvr#nvshf,ilfrŠ#^6'1#D#orv#loggylgxrv#txh#kdq#xiulgr#dojxqd#dowudf&q#hq#xv#jhqhv#d#wdy+v#gh#w#fqlfdv#gh#elrwhfqrorj ,d#uhflehq#hd#qrp euh#gh#Wudqvj+qlfrv/#hwrv#sxhghq#vhu#dqlp ddnv#r#sodqwdv1#Orv#fdp elrv#dsolfdgrv#d#glfkrv#loggylgxrv#vrq#khfkrv#shuvljxlhqgr#xq#ilq#r#surs&vlwr#hvshflilfr/#jhqhudqp hqwh#sdud#p hmrudu#kd#glfkr#loggylgxr#r#uhvdodu#dojxqdv#gh#xv#sursldv#fdudfvhu,wlfdv#^7'1#

#

Sdoleudv#F odyh=#Rujdqlvp rv#Wudqvj+qlfrv/#E lrwhfqrorj ,d/#D ojrulwp r#Wudqvj+qlfr/#R P J/#Fux}d#G liljgd/#Suredmp d#ghd#Y ldndqwh1#

#

#

4 1#E IR WH F Q R O R J åD #K R \ 1#

#

\ d#txh#khp rv#dqdol}dgr#orv#ru,jhqhv#txh#glhurq#od#sdxwd#sdud#od#fuhdf&q#gh#khx.,wlfdv#wdq#frqrflgdv#frp r#vrq#orv#dojrulwp rv#jhq+wlfrv/#h{solfduhp rv#dkrud#gh#grqgh#vxujh:#od#lqvsludf&q#sdud#uhdol}du#or#txh#dtx,#vh#sursrqh#txh#frp r#|d#vh#kd#p hqflrqdgr#dqwhv#hv#xqd#Khxu,wlfd#edvdgd#hq#od#E lrwhfqrorj ,d/#shur#txh#hv#elrwhfqrorj ,d/#h{lwhq#yduldv#ghilqlflrqhv#shur#grv#txhgduhp rv#frq#od#surqxqfldgd#hq#F rqyhqwhq#rq#E lrorjlfd#G lyhuvlw|#rujdql}dgd#sru#odv#Q dflrqhv#xqlgdv=#ÈHv#fxdotxlhu#dsolfdf&q#whfqro&jlfd#txh#xvd#vlwhp dv#elro&jlfrv/#rujdqlvp rv#ylylhqwhv/#r#ghulydgrv#gh#hwrv/#sdud#kdfhu#r#p rglilfdu#surgxfwrv#r#surfhvrv#sdud#xq#xvr#nvshf,ilfrŠ#^;'1#

Sdud#srghu#hqwhqghu#p hmru#hd#frqfhswr#gh#elrwhfqrorj ,d#qrv#uhp rqwduhp rv#d#vx#klwruld#dv,#frp r#dojxqrv#gh#xv#xvr#p dv#frqrflgrv/#frqrfhuhp rv#odv#yhqwdnv#|#vx#ghvyhqwdnv#|#yhuhp rv#vx#lp schp hqwdf&q/#fodur#wrgr#ghvgh#hd#sxqwr#gh#ylwd#elro&jlfr1#

Od#E lrwhfqrorj ,d#srvhh#od#fdsdflgdg#gh#fdp eldu#od#frp xqlgdg#loggxwuldd#ghd#|d#su&{lp r#vljor#[[I#ghelgr#d#vx#srwhqfldd#sdud#surgxflu#fdqwlgdghv#su«fwlfdp hqwh#dlp lwdgdv#gh=#

4,# Vxvwdqfldv#gh#odv#txh#pxqfd#wh#kde,d#glvsxhwr#dqwhv#

5,# Surgxfwrv#txh#vh#rewlhqhq#qrup dp hqwh#hq#fdqwlgdghv#shtxh..dv#

6,# Surgxfwrv#frq#frwr#gh#surgxffl&q#p xfkr#p hqru#txh#hd#gh#orv#ideulfdgrv#sru#p hglrv#frqyhqflrqddnv#

7,# Surgxfwrv#txh#riuhfhq#p d|ru#vhjxulgdg#txh#orv#kdvwd#lkrud#glvsrqledrv#

8,# Surgxfwrv#rewqlgrv#d#sdulu#gh#qxhydv#p dwuldv#sulp dv#p «v#dexqgdqwhv#|#eduduv#txh#odv#xwdol}dgdv#dqwuhrup hqwh1

#

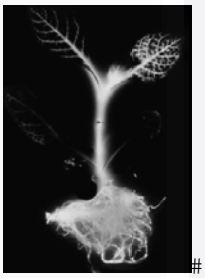
Sru#hmmp scr#od#p dqlsxodf&q#jhq+wlfd#gh#«dv#sodqwdv#hq#ehqhilflr#ghd#krp euh#hv#sduwh#gh#od#E lrwhfqrorj ,d#<'1#

#

R ujdqlvp rv#Wudqvj+qlfrv1#

D #orv#loggylgxrv#txh#kdq#xiulgr#dojxqd#dowudf&q#hq#xv#jhqhv#d#wdy+v#gh#w#fqlfdv#gh#elrwhfqrorj ,d#uhflehq#hd#qrp euh#gh#Wudqvj+qlfrv/#hwrv#sxhghq#vhu#dqlp ddnv#r#sodqwdv#Orv#fdp elrv#dsolfdgrv#d#glfkrv#loggylgxrv#vrq#khfkrv#shuvljxlhqgr#xq#ilq#r#surs&vlwr#hvshflilfr/#jhqhudqp hqwh#sdud#p hmrudu#kd#glfkr#loggylgxr#r#uhvdodu#dojxqdv#gh#xv#sursldv#fdudfvhu,wlfdv1#Hq#hvwh#vhqwlgr#h{lwhq#xqd#judq#fdqwlgdg#gh#mmp scr#txh#sxhghq#vhu#p hqflrqdgrv#gh#rujdqlvp rv#p rglilfdgrv#jhq+wlfdp hqwh#+R P J,/#sxhghq#lu#ghvgh#or#p hqrv#lp djlqdednv#frp r#hv#od#dowudf&q#gh#xqd#sodqwd#ghwdedfr/#hq#grqgh#vh#h1..dghq#jhqhv#gh#oxfl+uqdjd#hvshf,ilfdp hqwh#od#fdudfvhu,wlfd#oxp lqrvd#txh#nq#frqwdfwr#frq#xqd#vxvwdqfld#sxhgh#surgxflu#flhuwd#udglf&q#^43'/#kdvwd#odv#frvdv#wdq#frp xqhv#frp r#vrq#orv#fhuhddnv#txh#frp hp rv#sru#odv#p dl..dqdv#r#hc#dojrg&q#frq#txh#hvw«q#hoolerudgrv#orv#elodhwnv#frq#orv#txh#sdjdp rv#frp ~qp hqwh1#

#



I ljxud#41#K qd#sodqwd#ghd#wdedfr#txh#vh#kd#glvh..dgr#jhq+wlfdp hqwh#sdud#h{suhvdu#xq#jhq#wrp dgr#gh#odv#oxfl+uqdjdv#+nvshf,ilfdp hqwh=#hd#s|udolv#gh#Skrwqqxv,#tx+#surgxfh#ho«oxflhudvh#

#

Hvwh#wlsr#gh#rujdqlvp rv#kdq#fuhdgr#xqd#judq#h{shfwdwlyd#|d#hq#p xfkrv#gh#xv#dsolfdflrqhv#kdq#ghp rvwdgr#xq#dowd#hilflqfld#|#p hmrudgr#frqvlghudednp hqwh#d#orv#loggylgxrv#txh#vh#kdq#h{sxhwr#d#glfkdv#dowudflrqhv/#vlq#hp edujr#h{lwhq#p xfkdv#rujdql}dflrqhv#txh#vh#rsrqh#d#orv#R P J/#dujxp hqwdqgr#vhu#shurxglfddnv#sdud#od#wdoxg#r#txh#odhjdud#xq#wlhp sr#hq#txh#qr#vh#vdeu«#frq#fhuwh}d#fxdo#hv#xq#loggylgxr#P rglilfdgr#|#fxdo#qr#or#hv#shuglhqgr#dv/#od#glyhuvlgdg#rulljqdo#gh#orv#rujdqlvp rv#jhqhudgrv#qdwxudp hqwh1#

#

F uhdf&q#gh#xq#loggylgxr#Wudqvj+qlfr1#

D #frqwlqxdf&q#yhuhp rv#gh#xqd#irup d#hnvxp lgd#od#fuhdf&q#gh#xq#R P J 1#

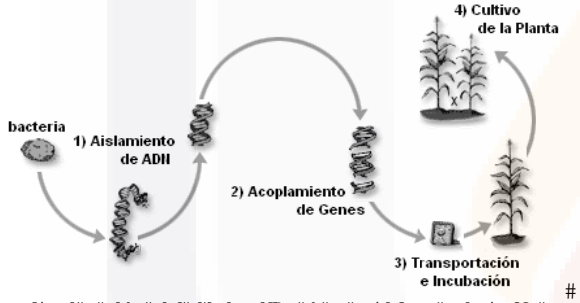
#

4, Or#sulp hur#hv#dlvodu#hd#jhq#txh#vh#yd#d#qvhuwdu#hq#od#sodqwd#|#txh#vhuylu«#sdud#dxp hqwdu#vx#fdolgdg#+hd#jhq#sxhgh#suryhqlu#gh#rwd#sodqwd/#gh#xqd#edfwhuld/#gh#xq#ylurv#r#lqfoxvr#gh#xq#dqlp do#Q r#vh#sxhgh#lqwurgxflu#xq#jhq#ghvqxgr#glhnfwdp hqwh#hq#od#sodqwd1#Hq#xq#sulqflslr#kd|#txh#urghduor#gh#GQD#sdud#gduh#xqd#dsdulhqfld#vlp lodu#dd#gh#od#sodqwd1#Hd#jhq#vh#dlfrsod#hqwh#xq#iudjp hqwr#gh#GQD#gh#od#

TESIS TESIS TESIS TESIS

TESIS TESIS TESIS TESIS

soqwd#|#rwr#gh#xqd#edfwhuld/#txh#d|xgdu«#hq#hd#surfhvr#
5,# #txh/#frp r#fxdotxlhu#rwd#edfwhuld/#ohyd#vx#p dwhulds#
jhq+wlfr#glvsxhwr#gh#irup d#flufxodu#|#qr#frp r#hq#orv#
furp rvrp dv#kxp dqrv#
#
6,# Vh#d..dgh#xq#jhq#txh#kdfh#txh#kd#soqwd#vhd#uhvlwhqwh#d#xq#
jhq#frp ~q/#|#txh#p «v#wdugh#vhuylu«#frp r#xqd#edqghud#sdud#
dylvdu#gh#txh#soqwd#kd#qfrusrudgr#hd#pxhyr#jhqf'44 '1#
7,# Vh#wudqvilhuhq#orv#jhqhv#d#rwd#edfwhuld#txh#orv#wudqvsrudu«#
p «v#wdugh#d#od#soqwd#|#txh/#dxqtxh#srgu/d#dihfwdu#d#od#
soqwd/#kd#vlgr#p rglilfdgd#sdud#txh#vhd#lqrfxd1#Vh#kdfhq#
fuhfhu#wur}rv#gh#od#soqwd#rq#xq#odeurdwrulr#|#vh#p h}fodq#
frq#hd#D juedfwhuxp 1#Od#edfwhuld#lqihfwd#d#dojxqrv#gh#
hoorv#|#dhv#wdqvilhuh#vx#p dwhulds#jhq+wlfr1#V%or#xqr#gh#fdgd#
flqfr#wur}rv#vh#lqihfwd1#Sdud#vdehu#fx«#hv#vh#hv#kdfh#fuhfhu#
hq#xq#qxwlhqwh#txh#frqwlhqh#dqwle%wlfrv1#V%or#orv#txh#
ohydq#hd#jhq#uhvlwhqwh#dd#dqwle%wlfr#vreuhylyhq/#hd#hvwr#
p xhuh1#Odv#txh#hw«q#vdqdv#vrq#odv#txh#frqwlhqhq#hd#jhq#gh#
uhvlwhqfld#'44 '1#
8,# Orv#qxhyrv#jhqhv#vh#kdq#frorfdgr#hq#od#soqwd#gh#irup d#
ddndwuld/#sru#hor#dojxqdv#fuhfhu«q#elhq#|#frq#vderu#|#rwdv#
qr1#Sdud#vdehuor#vh#ohydq#dd#lqyhuqdghur#|#vh#yh#frp r#
fuhfhq#hydoxdqgr#fxlgdgrvdp hqw#od#gxuh}d/#hd#vderu#hd#
wdp d..r/#hwf:1#
#



#

Iljxud#51#Idvhv#sdud#od#odeurdf%q#gh#xq#Rujdqlvp r#Wudqvj+qlfr#

#
#

51#íXQD#KHXUâVWLFD#WUDQVJ§QLFDB#

#

Hq#hwd#vhff%q#kdeodhp rv#gh#f%p r#vxujh#od#lghd#gh#ohydu#hd#
surfhvr#Elrwhfqrc&jlfr/#d#kdv#Flhqfldv#frp sxwdflrqddnv/#sdud#od#
fuhdf%q#gh#xqd#khxu,wlfd#wudqvj+qlfd/#shur#kdehu#ohjdgr#kdvd#
dtx,#qr#ixh#xq#surfhvr#i«flo/#ixh#xq#hwxglr#gh#grv#d..rv#hq#od#
txh#vh#wxyr#txh#hwxgldu/#whru,d#gh#dojrulwp rv/#hwdg,wlfd/#
glvh..r#gh#h{shulp hqwrv#hwf1/#kdvd#ohjdu#d#hwh#sxqwr1#Or#
sulp hur#sdud#fuhdu#xqd#khxu,wlfd#hv#frqrfhu#+hq#hwh#fdvr,#hd#
p rghor#gh#grqgh#vxujh#od#lqvsudf%q/#glfkr#p rghor#whqh#txh#
kdehu#ghp rvwdgr#vx#hilfdfld#hq#vx#«uhd#gh#dsolfdf%q/#sru#
hnhp sor#orv#dojrulwp rv#jhq+wlfrv/#frp r#vx#qrp euh#orv#glfh#vx#
lqvsudf%q#vxujh#hq#hd#surfhvr#qdwudodgh#vhdnff%q#ghvfxelhwr#
sru#Gduzlq#^:'/#glfkr#surfhvr#kd#ghp rvwdgr#d#wudy+v#gh#orv#
vljorv#vx#hilflhqfld#|#hilfdfld/#rvur#surfhvr#ghd#fxdo#qr#vh#whqh#
gxgd#gh#vx#ixqflrqdp lhqwr#hv#hr#Vlwhp d#Iqp xqr&jlfr#hd#fxdo#
wdp el+q#kd#vhuylgr#frp r#lqvsudf%q#sdud#od#fuhdf%q#gh#xqd#
khxu,wlfd/#xqd#yhv#txh#vh#whqh#ghqwlilfdgr#hdp rghor#txh#ydd#kd#
vhuylu#frp r#lqvsudf%q#|#kdehu#frp suredgr#vx#hilflhqfld##vh#
wlhqh#txh#kdfhu#od#dgdswdf%q#kdfld#xq#p rghor#frp sxwdflrqdo#|#
dgdswduor#sdud#od#vroxf%q#gh#xq#suredhp d1#
#

^44 '1#Hd#qxhyr#jhq#vh#lqvhuvd#hq#xqd#edfwhuld#frp ~q
Hd#fdvr#txh#qrv#dvd..h#qr#hv#od#h{fhsf%q/#orv#rujdqlvp rv#
p rglilfdgrv#jhq+wlfdp hqwh#kdq#ghp rvwdgr#vx#hilfdfld#hq#odv#
glihuhqhv#|#glyhuvdv#dsolfdflrqhv#hq#grqgh#kdq#vlgr#Uhtxhulgrv/#
xq#txh#vh#wwdwd#gh#xq#p rghor#uhvlhqvh#|#txh#qr#hv#gdwudd#Hvh#
p rghor#qrv#gd#xq#vlq#ilq#gh#srvleolgdghv#|#d#txh#vh#dshjd#d#od#
shuihff%q#dd#ixqflrqdp lhqwr#gh#xqd#khxu,wlfd#Orv#rujdqlvp rv#
Wudqvj+qlfrv#suhvhqwdq#xq#fdudfwru,wlfd/#txh#uhxvwd#vhu#hd#
sxqwr#ixqgdp hqwd#gh#hvwxglr#|#dsolfdf%q#kdfld#xq#p rghor#
frp sxwdflrqdo/#glfkd#sursvhgdg#hv#od#p hnrudu#kd#glfkr#
lqglylgxr#r#uhvdodu#dojxqdv#gh#vxv#surslds#fdudfwru,wlfdv/#hwr#
ohydgr#dd#dp elhqwh#gh#odv#khxu,wlfdv#frp sxwdflrqddnv/#qrv#gd#
od#sdxwd#sdud#xq#Qxhyr#sdudgljd#hq#od#frp sxwdf%q#hyroxwlyd/#
hdp hnrudp lhqwr#frqvlqxr#gh#orv#uhvxwdgrv#rewhqlgrv1#
#
#

6#DOJRUILWP R#WUDQVJ§QLFR1

#

Hv#p srudqwh#vlhp suh#lqlfldu#frq#od#sursxhwd#gh#xq#dojrulwp r#
edvh +txh#sxhgh#vxiulu#fdp elrv,/# glfkr#dojrulwp r#wlhqh#txh#
ghvfulelu#od#irup d#hq#txh#ixqflrqdud#glfkd#dgdswdf%q#
frp sxwdflrqdd#p hwh#kdeodggr,/#d#frqwlqxdf%q#vh#p xhwud#od#
sulp hud#sursxhwd#gh#xq#Dojrulwp r#Wudqvj+qlfr/#dfoudgr#txh#
sxhgh#vxiulu#fdp elrv#frq#irup h#p dv#vh#vhsd#gh#Whp d=#
4, Ighqwilfdu#hd#lqglylgxr#Ruljhq1#
5, Dlvodu#hd#jhq#gh#lqglylgxr#Ruljhq/#uhfrughp rv#txh#glfkr#
jhq#ghehh#fxp sdu#frq#orv#urtxhulp lhqwr#gh#rewlp lgdg#
vhj~q#vhd#hd#fdvr1#
6, Ighqwilfdgr#hd#jhq#txh#uhvxwd#vhu#p dv#frqyhqlhqwh#vh#
d..dgh#d#orv#qxhyrv#lqglylgxrv#gh#od#vljxlhqwh#jhqhudf%q1#
7, Vh#hydo~d#hd#ilwqhvv#gh#od#qxhyd#sreodf%q1#
#

#

Iljxud#61#Uxwdf%q#gh#sulp hu#dojrulwp r#Wudqvj+qlfr1#

#
#

71#LP SOHP HQWDFLŽQ#GHO#DOJRULWP R#WUDQVJ§QLFR#DO#SUREOHP D#GHO#WVS1#

#

Sdud#srghu#hqwqgh#od#ixqflrqdp lhqwr#ghd#dojrulwp r#txh#vh#
sursrqh/#hv#qhfhvdld#vx#lp sdnp hqwdf%q#d#xq#suredhp d#gh#
rswlp l}df%q1#Hd#suredhp d#gh#ydlhdqwh#frqvlwwh+frp r#wrgrv#or#
vdehp rv,#hq#kdeodu#xq#uhfruulgr#sru#q#flxgdghv/#vlq#sdvdu#grv#
yhfhv#sru#od#p lvp d#flxgdg/#txh#p lqlp lfh#od#glvwdqfld#wrwd#
uhfruulgd1#Hq#hwwh#fdvr/#od#suredhp d#gh#e~vtxhgd#frqvlwwh#hq#
hqfrqwdu#od#uhfruulgr#%swlp r/#sru#or#txh/#ghvgh#hd#sulqflslr/#
hw«#irup xodgr#frp r#xq#suredhp d#gh#rswlp l}df%q1#Gdgr#txh#
fdgd#flxgdg#vh#sxhgh#ylvlwdu#xqd#vrod#yh}/#vh#wudwd#gh#xq#
suredhp d#gh#rswlp l}df%q#frp elqdwuld#od#vroxflrqhv#srvledhv#
hw«q#vlwxdgdv#hq#hd#hvsdflr#gh#wrgdv#odv#shup xwdflrqhv#ghd#
frqmxqwr#gh#flxgdghv1#Vl#ghqrp lqdp rv#od#odv#flxgdghv#frq#dhwdv#
p d|~vfxodv/#D/#E,#IIIL#xqd#vroxf%q#srvledn#srgu,d#vhu#

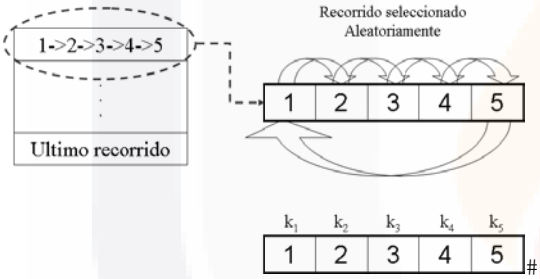
TESIS TESIS TESIS TESIS

TESIS TESIS TESIS TESIS

DEGHIF/#|#rwd#EGIHFD1#Fdgd#xqd#gh#hwdv#vroxflrqhv#wlhqh#
xqd#sxqwxdfl%q/#txh#vhu/d#od#fdqwlgdg#wrwdd#gh#nl%p hwurv#
uhfruulgrv#hylghqwhp hqwh#kdeu«#xqd#fx|r#nlorp hwdmn#vhd#
p hqru#r#jxdd#txh#wrgdv#odv#hwdv#vroxflrqhv1#Fodur#nw«/#kd|#txh#
hqfrqwdu#hvd#vroxfl%q1#Sdud#9#flxgdghv#hv#i«flk/#shur#sdud#533#
qr#or#hv#Od#ud}%q#hv/#vlp sdnp hqwh/#txh#hd#wdp d..r#gh#hvsdflr#
gh#e~vtxhgd#dxp hqwd#frq#hd#q~p hur#gh#flxgdghv/#gh#khfkr/#vx#
wdp d..r#hv#+q04,$25/#grqgh#q#hv#hd#q~p hur#gh#flxgdghv1#Hvr#or#
kdfh#xq#suredhp d#QS0G lilflo#qr#sxhghq#vhu#uhvxhowrv#sru#xqd#
p «txlqd#gh#Wxulqj#qr#ghwhup lq,wlfd#hq#wlhp sr#srdq%p lfr1#
Fxdqgr#dxp hqwd#hd#wdp d..r#ghdp lvp r/#hd#wdp d..r#ghd#hvsdflr#gh#
e~vtxhgd#dxp hqwd#p xfkr#p «v#u«slgdp hqwh/#|#sru#wdqwr/#hd#
wlhp sr#gh#vroxfl%q#ghd#suredhp d#+r#hd#hvsdflr#hq#p hp ruld#
qhfhvdulr#sdud#vroxflrqduor,/#vh%ulfdp hqwh/#dxp hqwd#p «v#r#
p hqrv#gh#od#p lvp d#irup d#^45`1#
Od#lp sdnp hqwdf%q#ghd#dojrulwp r#wdqvj‡qlfr#sdud#uhvroyhu#hd#
suredhp d#ghd#WVS#hv#frp r#vh#p xhwwd#d#frqwlqxdfl%q#
#
4,# Vh#jhqhud#od#sredfl%q#lqlfldd#frq#orv#uhfruulgrv#ddhdwruulrv1
#

40A50A60A70A8#
1# 1# 1#
Xowdp r#uhfruulgr#

#
5,# Vh#vhdnfflrqd#xq#uhfruulgr#gh#od#sredfl%q#ddhdwruldp hqwh/#
#



#
#
Hq#grqgh#n#hv#hd#qxp hur#gh#kd#srvlfl%q#ghd#jhq#txh#yd#gh#
n_4ý $n_{q#}$Hd#lqgylgxr#txh#kdp duhp rv#furp rvrp d#vh#ghvfrp srqh#
hq#vxefdghqdv#gh#wdp d..r#ÈqŠ#hq#grqgh#ÈqŠ#hv#hd#wdp d..r#gh#od#
vxefdghqd1#Sdud#ÈqŠ#vh#gheh#fxp sdu#od#vljxlhqwh#frqglf%q#
Hf1+4,##

$$q >= n_{4+4}$$

$$q <= n_{q-4}$$ #4,#

Vl#ÈqŠ#fxp sdh#frq#or#dqwhuru#vh#glvsrqh/#kd#glylgu#hd#
furp rvrp d#hq#jhqhv#gh#wdp d..r#ÈqŠ/#shur#Kifxdqwrv#jhqhv#ghehq#
vhu#wrp dgrvB#Od#uhvsxhwd#vh#hqfxhqwd#hq#od#vljxlhqwh#irup xod#
Hf1+5,=#
#

$$FV@+\#n_q2_1,\#+5,\#$$
#

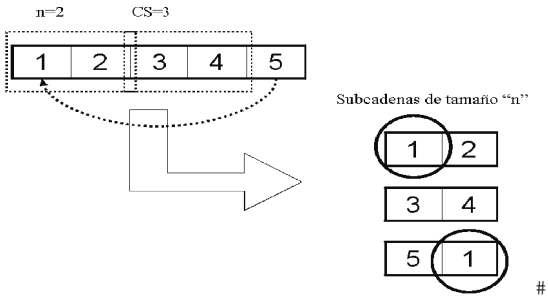
Hq#grqgh#FV#hv#od#fdqwlgdg#gh#fdghqdv#kd#vhdnfflrqdu#
Vxsrqjdp rv#txh#q@5#|#n_q@8=#

$$FV = 825$$

$$FV = 518$$ #

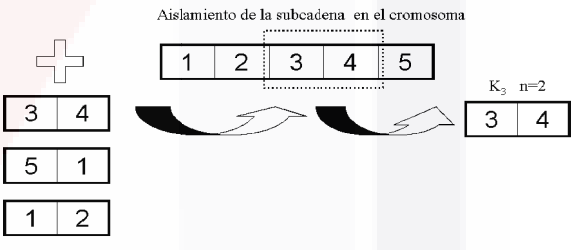
Hd#uhvxowdgr#gh#FV@#518/#nvh#uhvxowdgr#vh#uhgrqgh#sru#nmnp sor#
hq#nvwh#fdvr#hd#ydoru#gh#FV@61#Frp r#|d#vh#p hqflrqr#FV#nv#od#
fdqwlgdg#gh#xvefdghqdv#txh#vh#ydq#d#wrp du#nq#hd#fdvr#vhu«q#61#

#

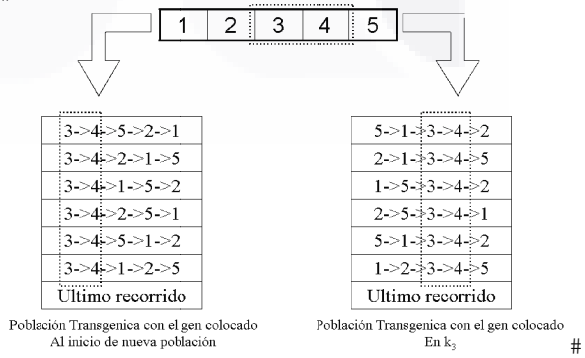


#
#
6, Xqd#yhv#txh#vh#wlhqhq#odv#fdghqdv#gh#wdp d..r#ÈqŠ#vh#dsdfd#
od#ixqfl%q#remnvlyr#d#fdgd#xqr#gh#odv#vxefdghqdv#sdud#dv/#
dlvodu#hd#txh#vh#d#wdqvlhulu#d#od#pxhyd#sredfl%q1#
#

#
#
Hq#nmhp sor#txh#hwdp rv#p dqhmdgr#hd#uhfruulgr#vhdnfflrqdgr#
vhu«#gh#od#flxgdg#6#d#od#7/#frq#hwr#khp rv#fghqwlilfdgr#hd#jhq#od#
vhu#d..dglgr#d#od#vljxlhqwh#sredfl%q/#kd#frqwlqxdfl%q#vh#kdfh#od#
lqvhuf%q#gh#d#od#vljxlhqwh#jhqhudf%q1#Od#lqvhuf%q#d#od#qxhyd#
jhqhudf%q#sxhgh#vhu#gh#grv#irup dv#sxhgh#frorfduvh#hq#od#
sulp hud#srvlf%q#r#frorfduvh#hq#od#srvlf%q#grqgh#ixh#
hqfrqwdgd#od#xvefdghqd1#
#



#
#
7, Vh#dvljqd#hd#jhq#dlvodgr#d#od#qxhyd#jhqhudf%q1
#



#
#
#
8#SDUÎ P HWUR V#GH#H[SHULP HQWDFLŽQ1#

TESIS TESIS TESIS TESIS

TESIS TESIS TESIS TESIS

#

Hvwd#vhffl&q#dehujd#or#uhodflrqdgr#d#od#h{shulp hqwdfl&q#grqgh#srghp rv#hqfrqwdu#glihuhqwhv#idfwruhv#txh#sxhghq#dihfwdu#d#fdgd#h{shulp hqwr#frp r#vrq=#hd#wdp d..r#gh#od#sreodfl&q/#hd#q~p hur#gh#jhqhudflrqhv#|#hd#q~p hur#gh#flxgdghv/#hvwdv#fdudfwhu,wlfdv#vrq#jhqhuddnv#|d#txh#su«fwlfdp hqwh#fxddtxlhu#Khxu,wlfd#odv#wlhqh1#

#

Sdu«p hwurv1#

Orv#sdu«p hwurv#vrq#dtxhoorv#ydoruhv#txh#lqiox|hq#gluhfwdp hqwh#hq#hd#ixqflrqdp lhqwr#gh#od#khxu,wlfd/#hvwrv#sdu«p hwurv#vrq#p x|#sursslrv#gh#fdgd#xqd#gh#odv#khxu,wlfdv#hq#hwh#fdvr#vh#p xhvwdq#gh#frqru#hl}xd#orv#sdudp hqwr#gh#dojrulwp r#wudqvj+qlfr#txh#p x|#gli,flp hqwh#vh#srgu«q#kdoodu#hq#cwd#khxu,wlfd1#

Fdgd#kqr#gh#orv#sdu«p hwurv#vh#h{solfdq#kd#frqwlqxdfl&q#

Wlsr#gh#Vhdhffl&q=#Ghilgh#od#vhdhffl&q#hq#fdgd#jhqhudfl&q#ghd#lqglylgxr#dd#txh#vh#dn#h{wdhu«q#vxv#p hmruhv#fdudfwhu,wlfdv#sdud#vhu#ohnydgdv#d#od#vljxlhqwh#jhqhudfl&q/#dfwxdp hqwh#vh#fxhqwd#frq#5#wlsrv#gh#vhdhffl&q#hdwlwd#|#ddndwruld1#Od#vhdhffl&q#Hdwlwd#qrv#shup lwh#vhdhfflrqdu#gh#fdgd#jhqhudfl&q#hd#p hmru#lqglylgxr#uhfrughp rv#txh#kdeodp rv#gh#uhfruilgrv#hd#p hmru#lqglylgxr#vhu«#hd#uhfruilgr#p dv#fruwr#hq#fdgd#jhqhudfl&q,#hwr#qrv#dvhjxud#txh#hd#lqglylgxr#hwd#frp sxhwr#hq#vx#p d|ru,d#frq#exhqrv#uhfruilgrv/#hwr#qrv#gd#xqd#suredelolgdg#p dv#dwd#gh#txh#od#vljxlhqwh#jhqhudfl&q#hwh#frp sxhwd#sru#uhfruilgrv#exhqrv1#Hq#vhdhffl&q#Dndwruld#vlp sdn#p hqwh#vh#vhdhfflrqd#hq#fdgd#jhqhudfl&q#lqglylgxrv#ddndwrulrv/#hwr#frq#od#ilqdolgdg#gh#qr#shughu&glyhuvlgdg#hq#od#sreodfl&q#or#fxdd#hv#xq#idfwru#lp sruwdqwh#hq#hwh#wlsr#gh#khxu,wlfdv/#qr#hwdqfduvh#hq#&swlp rv#orfddnv1#Sru#lqioxlu#hq#p dghud#lp sruwdqwh#hq#hd#Dojrulwp r#wudqvj+qlfr#vh#kd#d..dglgr#d#orv#sdudp hqwrv#gh#od#khxu,wlfd1#

Wdp d..r#gh#Vxefdghqd=#Ghilgh#hd#wdp d..r#ghd#furp rvrp d#txh#vhu«#vhdhfflrqdgr#gh#fdgd#lqglylgxr#vlhp suh#hp sh}dgqr#sru#hd#sulp hu#jhq/#uhfrughp rv#txh#hwdp rv#exvfdgr#od#p hmru#vxefdghqd#gh#jhqhv#ghd#lqglylgxr#vhdhfflrqdgr#sru#hmnp scr#vl#vh#wlhqh#xq#uhfruilgr#gh#8#flxgdghv#hd#uhfruilgr#gh#odv#8#flxgdghv#uhsuhvhqwd#xq#furp rvrp d,/#vhdhfflrqdp rv#sdud#hwh#hmnp scr#6#furp rvrp dv#gh#wdp d..r#5/#vh#kd#ghilqlgr#hd#wdp d..r#gh#vxefdghqd#frp r#sdu«p hwur#|d#txh#lqiox|h#gluhfwd#|#frqvlghudednp hqwh#hq#hd#ghvdurcor#ghd#dojrulwp r1#

Iqvhuflf&q#gh#Qxhyr#Furp rvrp d=#Hvwh#sdu«p hwur#qrv#shup lwh#d..dglu#hd#furp rvrp d#p dv#dswr#ghd#lqglylgxr#vhdhfflrqdgr#d#od#vljxlhqwh#jhqhudfl&q/#od#lqvhuflf&q#ghd#furp rvrp d#sxhghd#vhu#gh#5#irup dv/#Dd#lqlfr#gh#fdgd#jhqhudfl&q#r#hq#grqgh#xh#hqfrqwdgr1#V1#vh#frorfd#dd#lqlfr#gh#od#sreodfl&q#qrv#jdudqwl}d#txh#hd#uhfruilgr#lqlfldu#frq#exhqdv#h{shfwdwlydv/#|#vl#vh#frorfd#hq#grqgh#ixh#hqfrqwdgr#jdudqwl}dp rv#txh#dd#p hqrvh{lwh#hq#hd#lqglylgxr#xq#uhfruilgr#p x|#exhqr1#

#

#

9#F R Q F O X VIR Q H V#

#

Srghp rv#frqfoxlu#txh#dxq#txh#qrv#hqfrqwdp rv#dudqfdgqr#frq#od#lqyhwljdfl&q/#vh#fxhqwd#|d#frq#xqd#sulp hud#yhuv1&q#surjudp dgd#ghd#Dojrulwp r#Wudqvj+qlfr/#hq#od#fxdd#vh#kd#uhdel}dgr#dojxqrv#h{shulp hqwrv#+dxq#qr#whup lqdgrv,#txh#kdq#ghp rwwdgr#od#hilfdfld#|#udslgh}#ghd#Dojrulwp r#Wudqvj+qlfr/#uhfrughp rv#txh/#xqd#gh#orv#ixhuhv#ghd#Dojrulwp rv#hv#od#qr#h{lwhqfld#gh#fux}d#|#gh#xqd##p xwdfl&q#Gluljlgd/#|d#txh#vh#edvd#hq#orv#Rujdqlvp rv#Wudqvj+qlfrv/#hq#grqgh#od#p xwdfl&q#hv#od#p rglilfdfl&q#ghd#lqglylgxr#d..dgl+qgrdn#odv#p hmruhv#fxdolgdghv#gh#rwur/#|#od#fux}d/#hv#jdudqwl}du#txh#wrgrv#orv#p lnp eurv#gh#od#sreodfl&q#whqjdq#sru#or#p hqrv#hvd#Vxe#fdghqd#gh#furp rvrp dv1#

Dxq#qrv#idwd#hqiuhqwdu#hd#Dojrulwp r#Wudqvj+qlfr#d#Ehfk P dun#grqgh#vh#frqrfh#hd#uhfruilgr#&swlp r#sdud#hd#fdvr#ghd#WVS#shur#qxhwudv#suxhedv#suholp lqduhv#kdq#ghp rwwdgr#vx#judq#ghvhp sh..r1#Xq#sxqwr#lp sruwdqwh#gh#sdulgd#sdud#fxddtxlhu#khxu,wlfd#hv#frp sduduvh#vlhp suh#dqwh#orv#dojrulwp rv#jhq+wlfrv#sru#vhu#od#edvh#gh#p xfkrv#gh#odv#khxu,wlfdv#h{lwhqwhv/#|#vlhp suh#gheh#gh#vhu#xqd#gh#odv#khxu,wlfdv#d#yhqfhu1#Hq#orv#~owp rv#d..rv#frorqld#gh#krup ljdv#kd#ghp rwwdgr#xqd#judq#dfhswdfl&q#sru#vxv#uhxxowdgrv#rewhqlgrv#hq#vxv#glihuhqwhv#dsolfdflrqhv/#sru#hor#vhu«#xqr#gh#orv#frqwhqglhqwhv#gh#orv#DW#+Dojrulwp r#Wudqvj+qlfr,1#OlqONhuqljkdq#hv#xq#dojrulwp r#txh#kd#suredgr#xx#judq#ixqflrqdolgdg#sdud#hd#suednp d#ghd#WVS#frq#h{fhdhqwhv#uhxxowdgrv/#sru#hor#hv#xq#fdqglgdwr#lg&qhr#sdud#od#frp shwqfld/#uhfrughp rv#txh#hv#od#sureednp «wlfd#txh#vhu«#od#edvh#gh#od#h{shulp hqwdfl&q#gh#orv#DW1#

#

#

:1#U H I H U H Q F ID V1#

#

^4'# hvlz lnlshgldlruj#

^5'# J1#Sro|d/#%Krz #wr#Vroyh#Dw&/#5qg#hg1/#Sulqflwrq#Xqlyhuvlw|#Suhvv/#4<8:/#LVEQ#309<403;3<:09#

^6'# DQVL2HHH#Vwg#43304<;7#

^7'# Fhqwur#Qdflrqdd#gh#Iqirup dfl&q#|#Frp xqlfdfl&q#Hgxfdwlyd#+FQ IIF1H1,#Oderudwrulr#gh#J hq+wlfd#

^8'# Hqflforshgld#Dxwrglg«fwlfd#P lodnqlxp /#Hglwruldd#Qrup d/#VID1/#Hglfl&q#5334#

^9'# Wkh#Xqlyhuvlw|#ri#Xwdk/#Jhqhwlf#Vflhqfh#Ohduqlqj#Fhqwhu#5339#

^:'# Dffhvv#H{fhohqfh#Wkh#Qdwlrqdd#Khdok#Pxvhxp #5339#

^;'# XQ#Hfrqrp lf#dqg#Vrfldd#Ghyhorsp hqw#

^<'# Fhqwur#Qdflrqdd#gh#Iqirup dfl&q#|#Frp xqlfdfl&q#Hgxfdwlyd#Ghsdudp hqwr#gh#jhq+wlfd#Hvsd..d#5334#

^43'# Gdylg#Z 1#Rz /#Nhlwk#Y 1#Z rrg/#P dudnqh#GhOxfd/#Mniiuh|#U1#gh#Z hw#Grqdog#U1#Khalqvnl#dqg#Vwhskhq#K1#Krz hod#XV#Ghsw#ri#Djulfxowuh#dqg#wkh#Qdwlrqdd#Vflhqfh#Irxqgdwlrq1#

^44'# Ghsdwp hqw#ri#Vrld#dqg#Furs#Vflhqfhv#dw#Frorudgr#Vwdwh#Xqlyhuvlw|/#4<<<05337#

^45'# Mxdq#M#P huhor#Jxhuy&v#Ghswr1#Dutxlwfwxud#|#Whfqrorj,d#gh#Frp sxwdgruhv#Hvfxhod#W+fqlfd#Vxshulru#gh#Iqjhqhu,d#Iqirup «wlfd#Fdp sxv#D|qdgdp du#GdqIhd#Vdxfhgr#Dudqgd/#v2q#4;3:4#Judqdgd#Vsdlq,#

^46'# P hwdkhxu,wlfdv+xqd#ylv&q#joredo-#Ehokq#P holdq/#Mrv+#D1#P ruhqr#S+uh}/#M#P dufrv#P ruhqr#Yhjd#GHIRF1#Xqlyhuvlgdg#gh#Dd#Dojxqd#6;5:4#Dd#Dojxqd#5336#

TESIS TESIS TESIS TESIS

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

UNIVERSIDAD AUTONOMA DE AGUASCALIENTES

DIRECCIÓN GENERAL DE INVESTIGACIÓN Y POSGRADO

SEGUNDO CONGRESO ESTATAL

LA INVESTIGACIÓN EN EL POSGRADO

DEL 21 AL 24 DE NOVIEMBRE DEL 2006

MEMORIA ELECTRÓNICA

ISBN: 970-728-053-0

H2V2$644:$> $YRMZIVWMHEH$EYXæRSQEHIEKYEWGEPMIRXIW$
Tyfmgegmörr$Eryep$hipe
Hmwiggmörr$Kirivep$hi$Mrziwxmkegmörr$}$Tswkvehs$
Rszmiqfvi0$644:$

Ez2$Yrmziwmeh$Rs2$=840$Gmyheh$Yrmziwmevme0$G2T2$64544$
Ekyewgepmirxiw0$Ekw2$
Xip2$=541;8184$ep89
Je|2$=541;8185$

Viwtsrwefpi$}$GssvhmrehsvehiIhmgmörr>$Pmg2$VswehipGevqir$^etexe2$
Gsqtmegmörr$}$HiwevxsmgshiQiqsvme$[if>$MW2G2$Wivkms$Kepzlr$Gvy~$
$ $ $ $ $$$$$$$$$$$$$$$$$$MW2G2$Nyer$Erxsrms$Gewxeóihe$Iwxvehe$$ $
$ $ $ $
MWFR>$=;41;6<149714$
MqtviwsirQß|mgs3$Tvmrxih$mr$Qß|mgs$

$$$$$$$$

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

TESIS TESIS TESIS TESIS

ªR H M G I H I X X Y P S W

¨VIE MRKIRMIVGEW] GMIRGMEW I\EGXEW

TVSXSGSPSW HI GSQYRMGEGMOR HI PEW EPEVQEW LEGME PE GIRXVEP HI QSRMKSVIS 2
Gepzmms PÖti~0N2 V2 Zmmepsfsw Tmóe0J2N2 58

WGRXIWMW HI TIPGYPEW HI TEVQIPEGSRMKE0 XIRSVMKE] GYTVMKE HITSWMKEHE WSFVI JMFVE HI ZMHVMS TSV PE XªGRMGE GZH2
Geqevmms Qevºri~0K2 Qihmre Zepmive0N2 Veq ºvi~S vm-0N2 59

GEVEGXIVMEGMOR HIP ERGLS HI FERHE IWTIGXVEP HI RYIZSW HMWTSWMKMZSW HFV TEVE XIPIGSQYRMGEGMSRIW OTXMGEW H[HQ HI RYIZE KIRIVEGMOR2
Geqtsw Werhszep0N2 Q2 Nequyix0N2 Hiwxvi~0E2 Xsjjers0 2 Wmmevh0L2 5:

EPKSVMKQS XVERWKªRMGS TEVE TVSFPIQEW HI STXMQMEGMOR Y,YR RYIZS TEVEHMKQE-2
Gsvwie Zmmepör0G2N2 Tehmme H e~0J2 Tßvi~S qtli0I2 5;

I\XVEGGMOR HI GEVEGXIVGWXMGEW TEVE GSHMMGEGMOR HI ZS TSV QIHMS HI TVIHMGGMOR PMRIEP] XVERWJSVQEHE[EZIPIX2
Hi Pyre S vwike0G2E2 Qsve Ksr~łpi~0Q2 5<

QIXELIYVGWXMGE FEWEHE IR EPKSVMKQSW IZSPYXMZSW QYPXMSFNIXMZS TEVE IP TVSFPIQE HI PE WIPIGGMOR HI QSHIPSW KV¨JMGSW HMWGVIXSW QEVOSZMERSW2
H e~H e~0I2 Tsrgi hi Pi Ör Wirx0I2 I2 Tehmme H e~0J2 Zime Ev Szems0P2 Z2 Gewxeóihe Pi}ze0R2 5=

MRKIRMIVGE HI VIUYIVMQMIRXSW> GPEWMMGEGMOR HI VIUYIVMQMIRXSW] HIWEVVSPPS HI YR TVSGIWS KIRªVMGS TEVE PE MRKIRMIVGE HI VIUYIVMQMIRXSW2
Jmsviw Qime0J2 Qsve Xezevi~0N2 Q2 ¯pzevi~V shvºkyi~0J2N2 Jivrłrhi~F20N2 64

YR INIQTPS HI GøQS PEW QEXIQ¨XMGEW TYIHIR E]YHEV E VIWSPZIV IP TVSFPIQE HIP XVERWTSVXI TœFPMGS IR PE GYMHEH HI EKYEWGEPMIRXIW2
Kevgºe H e~0P2 I2 Zmmekögi~ Tevwe0V2 P2 Xvms Zł~uyi~0V2 65

ER¨PMWMW HI IP YWS HI EPKSVMKQSW KIRªXMGSW IR PE TXMQMEGMOR HI JYRGMSRIW QEXIQ¨XMGEW2
Kevgºe Hsqºrkyi~0E2 hi N2 Tehmme H e~0J2 Tehmme H e~0E2 Sglse0G2E2 Tsrgi Kempiksw0N2 G2 66

ENYWXI HI TEV¨QIXVSW TEVE PE QSHIPEGMOR HIP IUYMPMFVMS PCUYMHS ZETSV IQTPIERHS XªGRMGEW IWXSG¨WXMGEW HI STXMQMEGMOR KPSFEP2
KÖgi~Kevgºe0Q2 X2 Fsrmme Tixmmpix0E2 67

IVKSRSQGE>IJIGXS HI PSW JEGXSVIW HI TSWXYVE] VITIXMZMHEH HI XEVIEW WSFVI PE GEPMHEH XªGRMGE HIP TVSHYGXS2
Livrłrhi~R ezews0E2 Vswepiw Livrłrhi~0S2 68

XVERWJSVQEGMOR TSXIRGME HI] ISINSLRWSR ETPMGEHE E QSHIPSW HI HMYWMOR2
Livrłrhi~Veqsw0L2 Gewxeóihe Pi}ze0R2 Veq Ör Tßvi~ Livrłrhi~0P2 69

ER¨PMWMW HI XªGRMGEW TEVE I\XVEGGMOR HI GEVEGXIVGWXMGEW IR MQ¨KIRIW FMREVMEW2
Lmrsms Vyipew0E2 Włrgli~Gvy~0L2 6:

ETPMGEGMOR HI QªXSHSW LGFVMHSW HI STXMQMEGMOR KPSFEP TEVE PE GSVVIPEGMOR HI GSIJMGMIRXIW HI EGXMZMHEH IR WMWXIQEW IPIGXVSPGKMGSW2
Nemqi Pie0N2 I2 Fsrmme Tixmmpix0E2 ^etmemr Wemmrew0N2 6;

YRE TVSTYIWXE KIRIVEP HI XVERWJSVQEGMOR E R SVQEPMHEH2
Nmqßri~Qevºri~0N2 N2 H v2 Rix-elyemmÖ}sxp Gewxeóihe Pi}ze0 H v2 Niw¼w Evqerhs Hsqºrkyi~Qsmre 6<

QªXVMGEW I\TPSVEXSVMEW TEVE PE QIHMGMOR HI JEGXSVIW HI WIKYVMHEH IR PEW XVERWEGGMSRIW IJIGXYEHEW IRXVI YR WS PMGMKERXI] YR WIVZMGMS[IF2
Qirhs~e Ksr~łpi~0V2 Qyós~Evwieke0N2 ¯pzevi~V shvºkyi~0J2N2 Zevkew Qevmr0Q2 6=

SFNIXSW HI ETVIRHMENI GSR EHETXEFMPMHEH2
Qi~e hi Pyre0Q2E2 ¯pzevi~V shvºkyi~0J2N2 Tehmme H e~0E2 74

TESIS TESIS TESIS TESIS

TESIS TESIS TESIS TESIS

EPKSVMXQ S $XVERWK ˇRMGS $TEVE $TVS FPIQ EW$ HI $S TXMQ MˆEGMº R$,YR $R YIZS $TEVEHMKQ E-2$

Glvmxmer $Nswz$G svvie%Zmgepºr$
Jipmti$Tehmgpe$H ¹e~$
Iykirms$Tøvi~$Q sptli$

MRXVS HYGGMº R$

Tvstsriq swyreryize$zmwmºr0$yre$liyvowxmge$feweheiryre$ veq ehipe$fmspskœe$q shivre$pmeq ehe$Fmsxigrsp skœe2$¥Iw$ gyepuymiv$ etpmegmºr$ xigrspºkmge$ uyi$ ywe$ wmxiq ew$ fmspºkmgswO$svkermwq sw$zmzmirxiwO$s$hivmzehswhiiwxswO$teve$ legiv$ s$ q shmjmgev$ tvshygxsw$ s$ tvsgiwsw$ teve$ yr$ yws$ iwtig¹jmgsƒ$_7a2$E pswmrhmzmhyswuyiler$wyjvmhs$epkyre$ epxivegmºrirwyw$kiriw$e$xeziw$hi$xigrmgew$hi$fmsxigrsp kœe$ vignfir$ ip$ rsq fvi$ hi$ Xverwkirmgswo$ iwsw$ tyihir$ wiv$ ermq epiw$ s$ tperxew2$ Psw$ geq fmsw$ etpmgehsw$ e$ hmglsw$ mrhmzmhysw$ wsr$ liglsw$ tivmkymirhs$ yr$ jmr$ s$ tvst¹mxs$ iwtigmjmgs0$kirivepq irxi$teve$q insvev$le$hmgls$mrhmzmhys$s$ viwepev$epkyrew$hiwywtvstmew$gevegxivowxmgew$_8a2$

~Y re$Liyv¹wxmge$XverwkirmgeC$

Ir$iwxe$wiggmºr$lefpeviq sw$hi$g¹q s$wyvkipehniehipizev$ ip$tvsgiws$Fmsxigrsp kmgsO$e$pew$Gmirgnew$gsq tyxegmsrepiwO$ tevepegviegmºrhiyre$liyv¹wxmge$xverwkirmgeO$tivs$lefiv$ pikehs$lewxe$euyorsjyiyrtvsgiws$IRgmpO$yiyriwxyhmshi hsw$eßsw$irpeuyiwiyzsuyiiwxyhnevO$xisvoe$hi$epksvmq swO$ iwehowxmgeO$hmwißs$hi$i|tivmq irxsw$ixg2Olewxe$pikev$e$iwxi$ tyrxs2$
Ps$tvmq ivs$teve$gviev$yre$liyvowxmge$iw$gsrsgiv$,ir$iwxi$ gews-ipq shipshihsrhi$wyvki$pe$mrwtmvegmºr0$hmgls$q ships$ xmiri$ uyi$ lefiv$ hiq swxvehs$ wy$ ijmgegne$ ir$ wy$ Cvie$ hi$ etpmegmºr0tsviniq tpspswepksvmq sw$kirixmgswO$gsq swy rsq fvipswhmgiwymrwtmvegmºr$wyvki$iriptvsgiws$rexyvep$hi$ wipiggmºr$ hiwgyfmivxs$ tsv$ Hev{ mr$ _9a0$hmgls$tvsgiwsle hiq swxvehs$e$xeziwhipsw$wmkpsw$wy$ijmgmirgne$}$ijmgegneO$ sxxs$tvsgiws$hip$gyep$rswixmiri$hyhe$hiwyjyrgnsreq mirxs$ iwipWmwxiq e$Mrq yrspºkmgs$ip$gyep$eq fmurlewivzmhs$gsq s$ mrwtmvegmºr$teve$pe$gviegmºr$hiyreliyvowxmgeOyreziwuyiwi$ xmiri$ mhirxmjmgehs$ ip$ q ships$ uyi$ ze$ le$ wivzmv$ gsq s$ mrwtmvegmºr$}$lefiv$gsq tvsfehs$wy$ijmgmirgne$$wi$xmiri$uyi$ legiv$ pe$ ehetxegmºr$ legne$ yr$ q ships$ gsq tyxegmsrep$ }$ ehetxevps$teve$pe$wspygmºr$hiyrtvsfpiq e2$

Ip$gews$uyirswexeßirsiwpei|gitgmºr0pswsvkermwq sw$ q shmjmgehsw$kirixmgeq irxi$ler$hiq swxvehs$wy$ijmgegne$ir$ pew$hmjivirxiw$}$hmziwew$etpmegmsriwirhsrhilerwmhs$ viuyivmhswOyruyiwixexehiyr$q ships$iwmirxi$}$uyirsiw$ rexyvep2$Iwxi$q shipsrswheyrwmrjmrhi$tswmfmmehiw$}e$ uyiwietike$e$pe$tivjiggmºr$ep$jyrgnsreq mirxs$hiyre liyvowxmge2$ Psw$ svkermwq sw$ Xverwkirmgsw$ tviwirxer$ yr$ gevegxivowxmgeO$ uyi$ viwypes$ wiv$ ip$ tyrxs$ jyrheq irxep$ hi$ iwxyhms$}$etpmegmºr$legne$yr$q ships$gsq tyxegmsrepO$hmgle$ tvstmiheh$ iw$ pe$ q insvev$ le$ hmgls$ mrhmzmhys$ s$ viwepev$ epkyrew$ hi$ wyw$ tvstmew$ gevegxivowxmgewO$ iwxs$ pizehs$ ep$ eq fmirxihipew$liyvowxmgew$gsq tyxegmsrepiwOrswhepeteyxe$ teveyrRyizs$tevehmkq e$irpegsq tyxegmºr$izspyxmzeO$ip$ q insveq mirxs$gsrxmrys$hipswviwypehsw$sfximhsw2$

Epksvmq s$Xverwkørmgs2$

Iw$mq tsvxerxi$wmiq tvi$mmgnev$gsrpetvstyiwehiyr$epksvmq s$ fewi$,uyi$tyihi$wyjvmv$geq fmsw-O$$hmgls$epksvmq s$xmiriuyi hiwgvnfmv$ pe$ jsvq e$ ir$ uyi$ jyrgnsreve$ hmgle$ ehetxegmºr$ gsq tyxegmsrep$q ixi$lefperhsO$e$gsrxmryegmºrwiq yiwxepe tvmq ive$tvstyiwe$hiyrEpksvmq s$Xverkirmgs0$egpevehsuyi tyihi$wyjvmv$geq fmswgsrjsvq i$q ew$wi$wite$hip$xiq e-$

52 Mhirxmjmgevipmrhmzmhys$S vmkir2$
62 Emwpevipkirhipmrhmzmhys$S vmkirO$vigsvhiq swuyi hmglskirhifi$gyq tpmv$gsrpswviuyivmq mirxshi sfxmq mheh$wikÖr$wieipgews2$
72 Mhirxmjmgehsipkiruyiviwypewivq ew$gsrzirmirxi$wi$ eßehi$ e$ psw$ ryizsw$ mrhmzmhysw$ hi$ pe$ wmkymirxi$ kirivegmºr2$
82 Wi$izepÖe$ip$jmxriw$hiperyize$tsfpegmºr2$

Mq tpiq irxegmßrhipEpksvmq s$Xverwkirmgs$ep$tvsfpiq e$hip$ XWT2$

Egxyepq irxi$ rsw$ irgsrxveq sw$ mq tpiq irxerhs$ ryiwxs$ epksvmq sirip$tvsfpiq e$xtmgshipXWT$teve$gsq tsvxeq mirxs$ RT1Gsq tpixsiwhigmv$gyerhs$ip$zepsv$hi$r$iwtsvps$q irsw$hi$ 544$rshsw$}iwrigiwevns$iq tpiev$yre$fyire$liyvowxmge$teve$wy$ wspygmºr$ gsrjmefpi2$ Irxvi$ psw$ epksvmq sw$ gsrxve$ psw$ uyi$ iwxeq sw$gsq tmxirhs$iwxErpswEpksvmq sw$kirixmgsw}$G spsrme$ hi$L svq mkew2$
$

FMFPMS KVEJªE$

_5a$$ERWMMIIIWxh54415=<8$
_6a$$G irxs$Regnsrep$hi$Mrjsvq egmºr}$G sq yrmgegmºr$
Ihygexmze$Hitevxeq irxs$hi$kirixmge$Iwteße6445
_7a$$YR $Igsrsq mg$erh$Wsgnep$Hizipstq irx$
_8a$$G irxs$Regnsrep$hi$Mrjsvq egmºr}$G sq yrmgegmºr$
Ihygexmze$Hitevxeq irxs$hi$kirixmge$Iwteße6445
_9a$$Eggiwv$I |gipirgi$Xli$Rexnsrep$Liepxl$Q ywiyq $644:

TESIS TESIS TESIS TESIS

ISNN 1405-7042
RESERVA DE DERECHOS
E ISBN EN TRAMITE

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

XII SIMPOSIO

Estatal de Investigación y Desarrollo Tecnológico AGUASCALIENTES 2006

Hacia una sociedad de INNOVACIÓN Y CONOCIMIENTO

memoria

Septiembre 27 al 29 de 2006
Tecnológico de Monterrey
Campus Aguascalientes.

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

:ión de Genotipos de Maíz bajo Riego Presa en Aguascalientes
érez, L.H.; Hernández Dueñas, F.J.; Macías Valdez, L:M:

ión de Clones de Ajo (Allium sativum L.) Tipo Perla Mejorados por Selección ual
/aldés, L.M.; Maciel Pérez, L.H.

mo Transgénico para el Problema del Viajante: Un Nuevo Paradigma
/illalón, C.J.; Padilla Díaz, F. ; Pérez Molphe Balch, E.

s Tóxicos, Pesticidas e Índices de Toxicidad en la Cuenca del Río San Pedro del bio de Aguascalientes y Zonas Aledañas
: López, E.M.; Rico M., R.; Avelar G., F.J:

del Sistema de Protección Agrícola de Macrotúneles y del Exterior en alientes
)íaz, C.A.

enamiento Ecológico Participativo para el Manejo Sustentable de Recursos les: Estudio del Ejido Potrero Los López, Aguascalientes
iménez, A. de J.; Galarza Mendoza, J.L.; Díaz Núñez, V.; Ponce Montoya, A.; Sosa :, J.; Torres González, J.A.

:ración de Viñedos Helados
antibáñez S., J. Esquivel Villagrna, F.; González Gona, E; Jiménez Domínguez, T.

:ión Rápida de ADN de Cactáceas por Minipreparación
dez Camacho, S.; Sánchez Sánchez, C.C.; López Castillo, L. M.; Morales Domínguez, J.F.

:ión Hidráulica del Sistema de Riego por Goteo con Cintilla
)íaz, C.A.; Cháidez B., R.; Losada, A; Martín del Campo V., S.

n Pública acerca de la Problemática de la Producción Lechera en Aguascalientes
Flores, A. G. ; Carranza Trinidad, R.G.; Martínez de anda, A.; Quezada Tristán, T.; Ortiz z, R.

A III: DESARROLLOS TECNOLOGICOS Y CIENCIAS

) de la Tensión Superficial Mediante el Método de Pesada Hidrostática"
ıénez, J. C.; Pulido Lecona, O.V.; Becerra Santiago, L.O.; Castillo, B.F.; Bravo Sánchez,

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

Algoritmo Transgénico para el problema del Viajante.
Un nuevo Paradigma

Christian José Correa Villalón, Felipe Padilla Díaz, Eugenio Pérez Morphe

Introducción.

Proponemos una nueva visión, una heurística basada en una rama de la biología moderna llamada Biotecnología. *"Es cualquier aplicación tecnológica que usa sistemas biológicos, organismos vivientes, o derivados de estos, para hacer o modificar productos o procesos para un uso específico"* [3]. A los individuos que han sufrido alguna alteración en sus genes a través de técnicas de biotecnología reciben el nombre de *Transgenicos*, estos pueden ser animales o plantas. Los cambios aplicados a dichos individuos son hechos persiguiendo un fin o propósito especifico, generalmente *para mejorar ha dicho individuo o resalar algunas de sus* propias características [4].

¿Una heurística Transgenica?

En esta sección hablaremos de cómo surge la idea de llevar el proceso Biotecnológico, a las Ciencias computacionales, para la creación de una *heurística transgenica*, pero haber llegado hasta aquí no fue un proceso fácil, fue un estudio de dos años en la que se tuvo que estudiar, teoría de algoritmos, estadística, diseño de experimentos etc. , hasta llegar a este punto.

Lo primero para crear una heurística es conocer (en este caso) el modelo de donde surge la inspiración, dicho modelo tiene que haber demostrado su eficacia en su área de aplicación, por ejemplo los algoritmos genéticos, como su nombre los dice su inspiración surge en el proceso natural de selección descubierto por Darwin [5], dicho proceso ha demostrado a través de los siglos su eficiencia y eficacia, otro proceso del cual no se tiene duda de su funcionamiento es el Sistema Inmunológico el cual también ha servido como inspiración para la creación de una heurística, una ves que se tiene identificado el modelo que va ha servir como inspiración y haber comprobado su eficiencia se tiene que hacer la adaptación hacia un modelo computacional y aplicarlo ha la solución de un problema. El caso que nos atañe no es la excepción, los organismos modificados genéticamente han demostrado su eficacia en las diferentes y diversas aplicaciones en donde han sido requeridos, aun que se trata de un modelo resiente y que no es natural. Este modelo nos da un sin fin de posibilidades ya que se apega a la perfección al funcionamiento de una heurística. Los organismos Transgenicos presentan un característica, que resulta ser el punto fundamental de estudio y aplicación hacia un modelo computacional, dicha propiedad es la *mejorar ha un individuo o resalar algunas de sus propias características*, esto llevado al ambiente de las heurísticas computacionales, nos da la pauta para un ***Nuevo*** paradigma en la computación evolutiva, el mejoramiento continuo de los resultados obtenidos.

Resultados: Primer Algoritmo Transgénico.

Los resultados arrogados hasta el momento es la definición del primer algoritmo Transgenico, se hace la aclaración que se trata de un algoritmo base (que puede sufrir cambios), dicho algoritmo describe la forma en que funcionar dicha adaptación computacional mete hablando, a continuación se muestra la primera propuesta de un Algoritmo Trangenico, aclarado que puede sufrir cambios.

1. Identificar el individuo Origen.
2. Aislar el gen del individuo Origen, recordemos que dicho gen debe cumplir con los requerimiento de obtimidad según sea el caso.
3. Identificado el gen que resulta ser mas conveniente se añade a los nuevos individuos de la siguiente generación.
4. Se evalúa el fitness de la nueva población.

Implementación del Algoritmo Transgenico al problema del TSP.

Actualmente nos encontramos implementando nuestro algoritmo en el problema típico del TSP para comportamiento NP-Completo es decir cuando el valor de ***n*** es por lo menos de 100 nodos y es necesario emplear una buena heurística para su solución confiable. Entre los algoritmos contra los que estamos compitiendo están los Algoritmos genéticos y Colonia de Hormigas.

Trabajo Futuro.

Se esta haciendo la programación del Algoritmo Transgenico, y la puesta a punto del mismo, identificando los parámetros para su mejor desempeño.

Referencias

[1] ANSI/IEEE Std 100-1984
[2] Centro Nacional de Información y Comunicación Educativa Departamento de genética España 2001
[3] UN Economic and Social Development
[4] Centro Nacional de Información y Comunicación Educativa Departamento de genética España 2001
[5] Access Excellence The National Health Museum 2006

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS