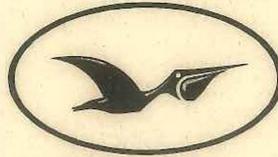


**Centro de Investigación Científica y de
Educación Superior de Ensenada**



CICESE

**DIVISIÓN DE FÍSICA APLICADA
DEPARTAMENTO DE CIENCIAS DE LA COMPUTACIÓN**

**Algoritmos Genéticos para el problema de Localización de
Radio Bases**

TESIS

que para cubrir parcialmente los requisitos necesarios para obtener el grado de

MAESTRO EN CIENCIAS

Presenta:

Everardo Gutiérrez López

Ensenada, Baja California, a Agosto del 2003.

TESIS DEFENDIDA POR
Everardo Gutiérrez López

Y aprobada por el siguiente comité:



Dr. Carlos Alberto Brizuela Rodríguez

Director del Comité



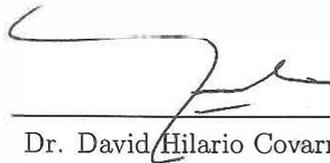
Dr. Gustavo Olague Caballero

Miembro del Comité



Dr. Pedro Gilberto López Mariscal

Miembro del Comité



Dr. David Hilario Covarrubias Rosales

Miembro del Comité



Dr. Jesús Favela Vara

*Jefe del Departamento de
Ciencias de la Computación*



Dr. Luis Alberto Delgado Argote

Director de Estudios de Posgrado

18 de Agosto de 2003

CENTRO DE INVESTIGACIÓN CIENTÍFICA Y DE EDUCACIÓN
SUPERIOR DE ENSENADA



DIVISIÓN DE FÍSICA APLICADA
DEPARTAMENTO DE CIENCIAS DE LA COMPUTACIÓN

**Algoritmos Genéticos para el problema de Localización de
Radio Bases**

TESIS

que para cubrir parcialmente los requisitos necesarios para obtener el grado de

MAESTRO EN CIENCIAS

Presenta:

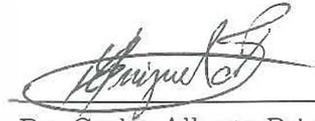
Everardo Gutiérrez López

Ensenada, Baja California a Agosto de 2003.

RESUMEN de la tesis de **Everardo Gutiérrez López**, presentada como requisito parcial para obtener el grado de MAESTRO EN CIENCIAS en CIENCIAS DE LA COMPUTACIÓN. Ensenada, B. C. Agosto de 2003.

Algoritmos Genéticos para el problema de Localización de Radio Bases

Resumen aprobado por:



Dr. Carlos Alberto Brizuela Rodríguez

Director de Tesis

En la actualidad existe un conjunto de problemas para los cuales no se conoce ningún método eficiente para resolverlos computacionalmente. Este conjunto de problemas pertenece a la clase NP-completa. La mayoría de estos problemas han sido tratados utilizando meta-heurísticas, obteniendo resultados alentadores en muchos de los casos. Entre las meta-heurísticas más utilizadas se encuentran los Algoritmos Genéticos, que son parte de la Computación Evolutiva, los cuales están inspirados en los mecanismos de evolución natural.

El problema del Conjunto Mínimo Dominante pertenece a la clase NP-completa y es un problema de grafos que tiene diversas aplicaciones en el mundo real. Una de ellas es el problema de Localización de Radio Bases (LRB), que es parte de la planificación de redes móviles celulares. Este problema consiste en seleccionar los sitios más adecuados, de un conjunto de sitios candidatos, donde instalar radio bases de tal forma que se de la mayor cobertura posible.

En este trabajo de tesis, se propone un algoritmo genético para tratar el problema de LRB. Se propone una representación para el problema así como los operadores necesarios para esa representación. Se compara el desempeño del algoritmo propuesto con el utilizado en trabajos anteriores, utilizando dos modelos del problema. Se analiza además la calidad de la solución generada por el algoritmo propuesto, en un caso que considera las características de la tecnología CDMA (Code Division Multiple Access). Se presenta también un análisis del comportamiento del algoritmo utilizando el concepto de vecindades.

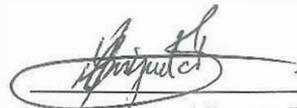
Los resultados obtenidos en este trabajo indican, por un lado, que el algoritmo propuesto es superior a los utilizados anteriormente en la literatura, y que las soluciones que genera son aceptables en un entorno CDMA. Por último, el análisis de vecindades nos muestra que las vecindades generadas sobre la representación entera mejoran a las generadas sobre la representación binaria.

Palabras clave: Algoritmos Genéticos, Optimización Combinatoria, Localización de Radio Bases.

ABSTRACT of the thesis presented by **Everardo Gutiérrez López**, as a partial requirement to obtain the **MASTER OF SCIENCE** degree in **COMPUTER SCIENCES**.
Ensenada, B. C. August 2003.

Genetic Algorithms for the Base Station Location problem

Abstract approved by:



Dr. Carlos Alberto Brizuela Rodríguez

Thesis director

There are many problems for which it is not known algorithms that can solve any given instance efficiently. These problems belong to a special class denominated the NP-complete class. Search techniques such as Meta-Heuristics have been deal with some of these problems giving good results. Genetic Algorithms are one of the most successful ones, they are a part of Evolutionary Computation, and are inspired in the mechanisms of natural evolution.

The Minimum Dominating Set problem belongs to NP-complete class, it is a graph problem which has several applications in the real world. One of them is the Base Station Location (BSL) problem, which is part of the cell planning process in cellular networks. This problem consists of the appropriate selection of sites where to install base stations, such that the serviced area is optimized.

In this thesis, we propose a genetic algorithm for the BSL problem. We propose a representation for the problem, and its corresponding operators. We compare the performance of the proposed algorithm with algorithms used before in the literature. The comparison is over a set of instances generated by two models of the problem. We analyze the quality of a solution generated by the proposed algorithm, in an scenario where the CDMA (Code Division Multiple Access) technology is considered. We present an analysis of the algorithm behavior based on neighborhood concepts.

The results obtained in this work show that the proposed algorithm improves others previously proposed in the literature, and that the solutions are acceptable from the system capacity point of view, for a given scenario. Finally, the neighborhood analysis shows that the neighborhoods over the integer representation improve the neighborhoods over the binary representation.

Keywords: Genetic Algorithms, Combinatorial Optimization, Base Station Location Problem.

A mi familia

Agradecimientos

En cada etapa de mi vida he tenido la dicha de contar con el apoyo valiosas personas que me han motivado a salir adelante, a no rendirme y ser cada vez mejor. Quiero agradecer a todos aquellos que me apoyaron en esta etapa, a los que menciono más adelante y a los que por falta de memoria, espacio o coraje quedan fuera de esta lista.

A mi familia, mis padres, mis hermanos y mis sobrinas, por ser la fuerza que me mantiene en pie.

A mi asesor, el Dr. Carlos Alberto Brizuela Rodríguez, por brindarme todo su apoyo y amistad.

A los miembros de mi comité, Dr. Gustavo Olague Caballero, Dr. Pedro Gilberto López Mariscal y Dr. David Hilario Covarrubias Rosales, por sus valiosas observaciones.

A Rodrigo Aceves, Angel Andrade, Dora Álvarez, Alejandro Pardo, Enrique Dunn, y todos aquellos que compartieron sus conocimientos conmigo enriqueciendo este trabajo.

A todos aquellos amigos que me brindaron su compañía, en persona o a distancia.

Al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología.

Ensenada, México
18 de Agosto de 2003.

Everardo Gutiérrez López

Tabla de Contenido

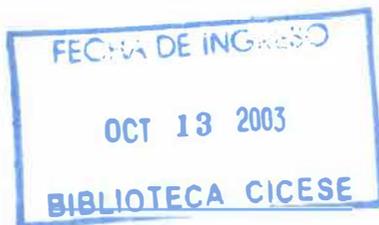
	Página
Resumen	ii
Abstract	iii
Agradecimientos	v
Tabla de Contenido	vi
Lista de Figuras	ix
Lista de Tablas	xi
Tabla de símbolos	xii
I Introducción	1
I.1 Antecedentes y Motivación	1
I.2 Descripción del Problema	3
I.3 Metodología Propuesta	4
I.4 Objetivos y Metas	5
I.4.1 Objetivo General	5
I.4.2 Objetivos Específicos	6
I.5 Organización de la Tesis	6
II Localización de Radio Bases (LRB)	8
II.1 El Problema de Localización de Radio Bases	8
II.2 Modelado del problema de LRB	12
II.2.1 Penalizando coberturas múltiples	14
II.2.2 Minimizando interferencias entre las radio bases	15
II.3 El Problema del Conjunto Mínimo Dominante	16
II.3.1 Equivalencia entre MDS y LRB	18
III Metodología	23
III.1 Algoritmo Genético Canónico	24
III.2 Trabajo Previo en AG para el problema de LRB	27
III.2.1 Calégari <i>et al.</i>	27
III.2.2 Krishnamachari y Wicker	27
III.2.3 Meunier <i>et al.</i>	28
III.3 Algoritmos Genéticos utilizados para el Problema de LRB	29
III.3.1 Representaciones	30
III.3.1.1 Binaria	30
III.3.1.2 Entera	31
III.3.2 Operadores	31

Tabla de Contenido (Cont.)

	Página
III.3.2.1 Mutación	32
III.3.2.2 Cruzamiento	32
IV Experimentos y Resultados	36
IV.1 Modelos del problema de LRB	36
IV.1.1 Generación del Modelo Artificial	37
IV.1.2 Generación del Modelo Básico de Propagación	38
IV.1.2.1 Modelo B en un escenario CDMA	39
IV.2 Resultados	45
IV.2.1 Resultados de la Comparación de Representaciones en el Modelo A	45
IV.2.2 Resultados de la Comparación de Representaciones en el Modelo B	48
IV.2.3 Resultados de la Comparación de Operadores de Cruzamiento en el Modelo A	50
IV.2.4 Resultados de la Comparación de Operadores de Cruzamiento en el Modelo B	52
IV.2.5 Capacidad del sistema para el escenario de CDMA	55
V Análisis del comportamiento del AG	59
V.1 Vecindad Binaria	60
V.1.1 Vecinos binarios comunes	61
V.2 Vecindad Entera	62
V.2.1 Vecinos enteros comunes	65
V.3 Experimentos	68
V.3.1 Análisis de Vecindades	68
V.3.2 Cálculo de la correlación	69
V.4 Resultados	70
V.4.1 Mejor Vecino	70
V.4.2 Primer Mejor Vecino	72
V.4.3 Vecino Aleatorio	73
V.4.4 Correlación	76
VI Conclusiones y Trabajo Futuro	79
VI.1 Sumario	79
VI.2 Conclusiones	80
VI.3 Trabajo Futuro	82

Tabla de Contenido (Cont.)

	Página
Índice	84
Bibliografía	86



Lista de Figuras

Figura		Página
1	Modelado de las células utilizando hexágonos.	9
2	Modelado de las células utilizando figuras irregulares.	10
3	Modelado con Nodos de Demanda. a) Área discretizada. b) Localiza- ciones Candidatas. c) Áreas de cobertura.	11
4	Modelado con Nodos de Demanda. a) Cobertura de una Radio Base. b) Nodos de Demanda cubiertos por una Radio Base.	12
5	Conjunto Mínimo Dominante.	17
6	Representación del Problema MDS. El MDS para este caso es {2,5}. . .	19
7	El problema de LRB contiene al MCD.	21
8	Cruzamiento para el Algoritmo Genético Canónico.	25
9	Mutación para el Algoritmo Genético Canónico.	26
10	Representación Binaria.	30
11	Representación Entera.	31
12	a) Operador de Cruzamiento PMX. b) Operador de Mutación OP1. . .	33
13	Operador de Cruzamiento PPX.	33
14	Operador de Cruzamiento TP.	34
15	Operador de Cruzamiento OP.	35
16	Estructura de la rejilla y celda para el modelo artificial. $M \times M$ rejillas agrupadas en $P \times P$ celdas de $Q \times Q$ rejillas.	37
17	Localizaciones Candidatas de las Radio Bases y Cobertura. a) Gene- ración aleatoria de 51 RB. b) Cobertura de una sola RB. c) Cobertura cuando las 51 localizaciones están seleccionadas (tomada como el 100% de cobertura).	39
18	Sistema CDMA. a) Enlace Ascendente (RL) y Descendente (FL). b) Usuario móvil y sus interferentes de la misma celda.	40
19	Escenario con 19 celdas hexagonales.	41
20	Interferencia de usuarios externos.	43
21	Caso generado utilizando el Modelo B en un escenario CDMA.	44
22	Comparación de representaciones en Modelo B. Valores promedio de la Función Objetivo (Minimización).	49
23	Comparación de representaciones en Modelo B. a) Cobertura Promedio (Maximización) y b) Número promedio de Radio Bases (Minimización). .	50

Lista de Figuras (Cont.)

Figura		Página
24	Comparación de operadores en Modelo B. Valores promedio de la Función Objetivo (Minimización).	53
25	Comparación de Operadores en Modelo B. a) Cobertura Promedio (Maximización) y b) Número promedio de Radio Bases (Minimización).	54
26	Solución sub-óptima con 13 Radio Bases. Cobertura de 92.33%. Cruzamiento OP.	55
27	Solución sub-óptima con 17 Radio Bases. Cobertura de 90.36%.	55
28	Valores de BER obtenidos.	57
29	Valores de <i>Outage</i> obtenidos.	57
30	Vecindad Binaria.	61
31	Vecindad Entera.	64
32	Vecinos Enteros Comunes.	68
33	Modelo A - Mejor Vecino.	71
34	Modelo B - Mejor Vecino.	72
35	Modelo A - Primer Mejor Vecino.	73
36	Modelo B - Primer Mejor Vecino.	73
37	Modelo A - Vecino Aleatorio.	74
38	Modelo B - Vecino Aleatorio.	75
39	Correlación y Longitud de Correlación.	77

Lista de Tablas

Tabla		Página
I	Tres casos generados utilizando el Modelo A	46
II	Comparación de representaciones en Modelo A. Valores promedio de la F.O. para el caso I1 (Maximización).	47
III	Comparación de representaciones en Modelo A. Número promedio de RB para el caso I1 (Minimización).	47
IV	Comparación de representaciones en Modelo A. Promedio de Cobertura para el caso I1 (Maximización).	48
V	Comparación de operadores en Modelo A. Valores promedio de la Función Objetivo para el caso I1 (Maximización).	51
VI	Comparación de operadores en Modelo A. Cobertura (Maximización) y número promedio de Radio Bases (Minimización) para el caso I1.	52
VII	Comparación de operadores en Modelo B. Valores promedio de la Función Objetivo (Minimización).	54
VIII	Modelo A - Mejor Vecino	71
IX	Modelo B - Mejor Vecino	71
X	Número promedio de evaluaciones	75
XI	Correlación	76

Tabla de símbolos

Símbolo	Significado
k	Escalar
x	Vector
S	Conjunto
M	Matriz

Capítulo I

Introducción

I.1 Antecedentes y Motivación

Desde su aparición, las ciencias de la computación han auxiliado a otras ramas de la ciencia y la ingeniería automatizando la solución de los problemas derivados de ellas. Esta automatización, ha mejorado a la par del incremento en el poder de cómputo. El área de complejidad computacional, es la rama de las ciencias de la computación que estudia el costo que implica el resolver computacionalmente un determinado problema, utilizando el modelo en el que están basadas las computadoras modernas.

Una de las problemáticas más estudiadas en complejidad computacional, son aquellos problemas para los cuales no se conoce ningún algoritmo que resuelva todos sus casos de forma eficiente. Estos problemas pertenecen a la clase denominada NP-completa. Esta clase de problemas es de gran interés científico, no solo por su significado teórico, sino también porque una gran cantidad de problemas de la vida real son equivalentes a esos problemas.

En este trabajo de tesis, se estudia el problema del Conjunto Mínimo Dominante (Minimum Dominating Set, MDS), el cual pertenece a la clase NP-completa [Garey y Johnson, 1979]. El MDS es un problema de grafos, en el cual queremos encontrar un conjunto de nodos que domine a todos los demás, siendo ese conjunto el de mínima cardinalidad.

Uno de los problemas del mundo real que contiene al MDS tiene sus orígenes en la planificación de redes de telecomunicaciones, más específicamente en redes celulares.

El problema se denomina Localización de Radio Bases (LRB) y es parte de la etapa de planificación celular. En este trabajo tratamos con este problema ya que el auge de la telefonía móvil celular en los últimos años, y las comunicaciones inalámbricas en el sentido amplio, exigen, cada vez más, métodos efectivos para el diseño de redes móviles celulares.

Actualmente, el diseño de las redes celulares utiliza un modelo teórico ideal para determinar la localización que deben tener las radio bases. Este modelo considera escenarios ideales como áreas con forma regular (hexágono) y uniformes para todas las radio bases [Yacoub, 1993]. El resultado obtenido de aplicar este modelo, debe ser adaptado después a las restricciones reales del problema, entre las que se encuentran la factibilidad o no de colocar las radio bases en las posiciones dadas por el modelo. Esta limitante motiva a buscar métodos que consideren esas restricciones desde el inicio mismo del proceso de diseño con el fin de generar soluciones aceptables al problema.

En los últimos años se han realizado algunas propuestas para resolver esta problemática. Algunas de ellas plantean un modelo matemático para el problema y utilizan para resolverlo algunas técnicas tradicionales como programación lineal, y heurísticas [Mathar y Niessen, 2000] [Vasquez y Hao, 2001]. Otras, utilizan una o más Meta-Heurísticas (como algoritmos genéticos, búsqueda tabú, etc.) y presentan resultados experimentales [Calégari *et al.*, 1997] [Krishnamachari y Wicker, 2000] [Meunier *et al.*, 2000]. Por último, se han realizado trabajos en el área de algoritmos de aproximación tratando de resolver la misma problemática [Galota *et al.*, 2000].

Los trabajos realizados hasta la fecha en la línea de Meta-Heurísticas, se han enfocado a proponer procedimientos eficientes y efectivos más que a tratar de explicar el éxito de los mismos. Este vacío existente en la explicación más detallada acerca del éxito o no de un procedimiento dado, da lugar y motiva el trabajo de investigación que aquí se presenta.

I.2 Descripción del Problema

La comunicación en las redes celulares se basa en componentes denominados células, en cuyo centro se encuentran las radio bases. Éstas, son equipos de comunicación encargados de dar servicio a los usuarios de la red. El servicio se proporciona a través de ondas de radio que son emitidas por las radio bases. El área en la que puede dar servicio una radio base, denominada área de cobertura, es lo que llamamos una célula [Rappaport, 1996]. Para todos los usuarios de estos servicios de comunicación, el ideal, según Cátedra y Pérez, es poder comunicarse con otros usuarios, siempre y desde cualquier lugar para intercambiar cualquier tipo de información [Cátedra y Pérez-Arriaga, 1999].

Una de las principales restricciones en las redes celulares es el número de usuarios que puede atender una radio base a un mismo tiempo. La restricción se debe principalmente a que cada radio base tiene asignado un intervalo limitado de frecuencias, con el cual debe dar servicio a los usuarios. Otra de las restricciones es el área de cobertura, es decir, la región geográfica en la que puede darse servicio a los usuarios. Esta área está delimitada por diversos factores, entre los que se encuentran la potencia de transmisión, las condiciones geográficas, y otras más. Regularmente se utilizan modelos de propagación para simular estos factores y determinar el área de cobertura de cada radio base [Yacoub, 1993].

Estos dos problemas, y otros más, son tratados en la etapa de planificación de la red celular. En esta etapa debe diseñarse la red realizando una distribución adecuada de las radio bases dentro de la región que se desea cubrir, con los parámetros que permitan una cobertura adecuada. Además deben asignarse los intervalos de frecuencia necesarios para dar servicio a los usuarios potenciales evitando interferencias. Los objetivos que deben alcanzarse con una buena planificación celular abarcan desde garantizar la

cobertura del área de las células, garantizar la calidad del servicio, satisfacer la demanda de tráfico, y algunos más, todo esto con el menor número de radio bases para reducir los costos [Cátedra y Pérez-Arriaga, 1999].

El problema de LRB consiste en seleccionar, dentro de un área a la que se desea dar el servicio celular, las localizaciones en donde debe colocarse cada una de las radio bases, de tal forma que se alcance la cobertura requerida con un mínimo de radio bases. La principal restricción del problema es que existe un conjunto limitado de localizaciones en donde pueden colocarse las radio bases, de entre las cuales deben seleccionarse aquellas que permitan cumplir el objetivo planteado. Podemos observar que el problema de LRB está involucrado en varios de los objetivos de la planificación celular, por lo que tiene una gran importancia en el diseño de redes celulares. En este trabajo de tesis se estudia al problema de LRB como aplicación del problema MDS, debido a que las redes celulares representan en la actualidad un medio de comunicación muy importante, por lo que existe gran interés en resolver las problemáticas que impiden hacer diseños más eficientes.

I.3 Metodología Propuesta

La clase de problemas denominada NP-completa, es aquella para la cual, no se conoce, hasta la fecha, la forma de resolverlos computacionalmente de forma eficiente [Garey y Johnson, 1979]. Lo anterior hace que el estudio y aplicación de nuevas técnicas computacionales en ese tipo de problemas, sea de gran importancia en las ciencias de la computación. En los últimos lustros, han cobrado auge los métodos de búsqueda denominados “Meta-Heurísticas”, los cuales se utilizan en aquellos problemas cuya complejidad no permite la utilización de métodos tradicionales para su solución [Murphey *et al.*, 1999]. Debido a que la problemática a tratar en este trabajo pertenece a esa clase

de problemas (NP-completa), se propone utilizar “Meta-Heurísticas” en el tratamiento de la misma.

Dentro de las Meta-Heurísticas, una de las más utilizadas es la que se denomina como “Algoritmos Genéticos (AG)”. Estos algoritmos, propuestos originalmente por John H. Holland, tienen sus principios en las teorías evolucionistas. Son sistemas artificiales que tratan de imitar el comportamiento evolutivo de los sistemas naturales con el fin de encontrar solución a problemas [Holland, 1975]. Estos sistemas simulan una población de individuos (soluciones), la cual debe adaptarse a un ambiente, el cual determina lo apropiado de su comportamiento. Los algoritmos genéticos, tienen como ventaja que han mostrado ser eficaces para obtener buenos resultados en problemas cuya complejidad no permite que sean tratados con métodos tradicionales. Por el contrario, la desventaja de estos algoritmos, es que no pueden garantizar un desempeño a priori para cualquier caso de un problema.

En la última década se han utilizado los algoritmos genéticos para solucionar problemas de optimización, sobre todo a partir de que David E. Goldberg los popularizó al publicar un libro al respecto [Goldberg, 1989]. En este trabajo de tesis, se plantea utilizar algoritmos genéticos para atacar la problemática, se propone una nueva representación del problema en AG y se analizan los resultados experimentales así como el comportamiento del algoritmo.

I.4 Objetivos y Metas

I.4.1 Objetivo General

- Diseñar un algoritmo genético para atacar el problema de Localización de Radio Bases en el diseño de redes celulares.

I.4.2 Objetivos Específicos

- Proponer una representación del problema de LRB para Algoritmos Genéticos, así como los operadores necesarios.
- Comparar el desempeño de la representación propuesta con la utilizada en trabajos anteriores.
- Evaluar el resultado del algoritmo con la representación propuesta, en un caso que considere restricciones de alguna de las tecnologías utilizadas actualmente en redes celulares.
- Analizar el comportamiento del algoritmo con el fin de explicar su desempeño o, en su caso, formular las hipótesis a las que den pie los resultados del análisis realizado.

I.5 Organización de la Tesis

Este trabajo consta de 6 capítulos y está organizado como sigue.

En el capítulo 2 (Localización de Radio Bases (LRB)) se plantea la problemática a resolver. Se describe el problema de LRB así como un modelo matemático que permite mostrar su equivalencia con el MDS. Se describe el problema de MDS, su complejidad computacional y se plantea una variante para mostrar su equivalencia con el LRB.

En el capítulo 3 (Metodología) se describe la metodología utilizada para tratar la problemática. Se describe el algoritmo genético canónico, mismo que servirá como base en algunos de los experimentos. Se menciona brevemente los principales trabajos existentes que utilizan algoritmos genéticos para tratar el problema de LRB. Finalmente se describen las representaciones del problema utilizadas en algoritmos genéticos, así como los operadores utilizados en cada caso.

En el capítulo 4 (Experimentos y Resultados) se describe cómo se diseñaron los experimentos realizados y se muestran los resultados obtenidos. Se describen primero los modelos utilizados para generar los datos del problema, así como las características de la tecnología CDMA. Después se presentan los resultados de comparar las representaciones propuestas, así como la comparación de operadores de cruzamiento realizada en la representación entera. Por último se muestran los resultados del análisis de capacidad del sistema, utilizando tecnología CDMA, realizado a la solución dada por el algoritmo genético, y se compara con los resultados obtenidos mediante la metodología clásica.

En el capítulo 5 (Análisis del comportamiento del AG) se realiza un análisis del comportamiento del algoritmo genético, utilizando el concepto de vecindades. Se definen primeramente la vecindad de una solución y los vecinos comunes de dos soluciones vecinas. Después se describen los experimentos realizados utilizando movimientos sobre esas vecindades. Finalmente, se muestran y discuten los resultados obtenidos.

En el capítulo 6 (Conclusiones y Trabajo Futuro) se presenta una síntesis de lo hecho en este trabajo. Se comentan las conclusiones a las que se llegó con este trabajo de tesis. Se discuten las implicaciones de los resultados obtenidos con los experimentos realizados, así como sus limitaciones. Y por último, se comentan las perspectivas y el trabajo futuro al que dan pie las conclusiones obtenidas.

Capítulo II

Localización de Radio Bases (LRB)

En este capítulo se describe uno de los principales problemas de la planificación de las redes celulares: el Problema de Localización de Radio Bases. Una vez planteado el problema de LRB se muestra su equivalencia con el problema del Conjunto Mínimo Dominante. Este último representa el problema teórico de fondo, y el problema de LRB es una de las aplicaciones prácticas que equivalen a él. En este trabajo de tesis se abordan estas dos problemáticas.

II.1 El Problema de Localización de Radio Bases

Consiste en encontrar la configuración óptima de las radio bases, dentro de un área para formar una red celular. Las radio bases deben ubicarse de tal forma que cubran la mayor área posible, considerando, que existen áreas con mayor demanda que otras, que las radio bases tienen una capacidad limitada para ofrecer sus servicios, y que su área de cobertura está también limitada.

Las localizaciones en las que es posible instalar radio bases para dar servicio a un área las denominamos "Localizaciones Candidatas". Las localizaciones candidatas de las radio bases se determinan por diversas restricciones siendo las geográficas y económicas las principales. Posteriormente al proceso de obtener las localizaciones candidatas, se lleva a cabo el proceso de optimización para determinar en cuáles de ellas se colocará una radio base para dar el servicio requerido¹.

¹Con radio base nos referimos a toda la infraestructura necesaria para dar el servicio celular (antenas, equipo de comunicación, equipo de cómputo, etc.)

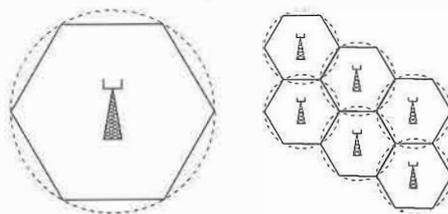


Figura 1: Modelado de las células utilizando hexágonos.

Si consideramos antenas omnidireccionales, que irradian la señal en todas direcciones, el área de cobertura tendría una forma circular, para el caso ideal. Pero al momento de modelar el problema, utilizar un área de cobertura circular presenta problemas de regiones donde varias radio bases dan servicio o ninguna lo ofrece, lo que genera interferencias y falta de cobertura, respectivamente. Para evitar estos problemas, se utilizan formas geométricas que permitan un buen acoplamiento entre ellas. De las formas posibles, el hexágono regular es la más conveniente para efectos de acoplamiento y cobertura, tal como se explica en ([Yacoub, 1993], página 33).

La figura 1, muestra una celda en forma de hexágono con su radio base en el centro, equidistante de los vértices. La línea punteada representa la circunferencia que delimitaría el área de cobertura ideal. También muestra un conjunto de células, cuya forma hexagonal permite un perfecto acoplamiento entre ellas. De nuevo, las líneas punteadas representan las circunferencias que delimitarían las áreas de cobertura ideales. Podemos observar que, de utilizarse círculos como forma geométrica, existirían áreas de traslape (o teselación) que no pueden evitarse a menos que se permita tener regiones sin cobertura.

En un escenario real, la forma de la célula se determina por diversos factores, entre los que se encuentran las condiciones geográficas del área, el tipo de entorno (ciudad, campo), entre otros. La figura 2, muestra un escenario aproximado a un entorno real. Podemos notar que en este caso, las células no poseen una forma determinada, así como también que las áreas de cobertura se traslapan, provocando interferencia. En

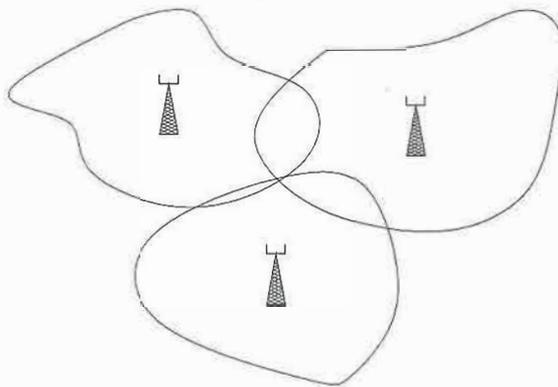


Figura 2: Modelado de las células utilizando figuras irregulares.

este trabajo el problema de LRB considera escenarios equivalentes al de la figura 2.

Cabe aclarar que en sistemas reales, el traslape entre las áreas de cobertura cumple con una función específica. En las regiones de traslape se lleva a cabo la transición de los usuarios móviles de , conocida como “Traspaso” (o “Handoff”). En este proceso, el usuario pasa de ser atendido por una radio base a ser atendido por otra. El traspaso se realiza cuando se detecta que el usuario recibe una señal más potente a la de la radio base que, hasta ese momento, le daba servicio. En este proceso se toma en cuenta, además de la potencia de la señal, la carga de tráfico del sistema y la calidad del servicio. De tal forma que no se asignan más usuarios, hasta donde es posible, a aquellas celdas con altas concentraciones de tráfico ([Rappaport, 1996], página 34).

El problema de optimización combinatoria, inherente al problema de LRB, consiste en seleccionar aquellas localizaciones candidatas donde deben instalarse radio bases. Esto, de tal forma que se maximice la cobertura de la demanda, al mismo tiempo que se minimiza el número de radio bases que deben instalarse y se minimiza también la interferencia resultante entre ellas.

Para modelar este problema, introduciremos el concepto de “Nodos de Demanda”, propuesto en [Tutschku *et al.*, 1996]. Este concepto permite discretizar el área a la que deseamos ofrecer el servicio en un conjunto de nodos de demanda. Cada nodo

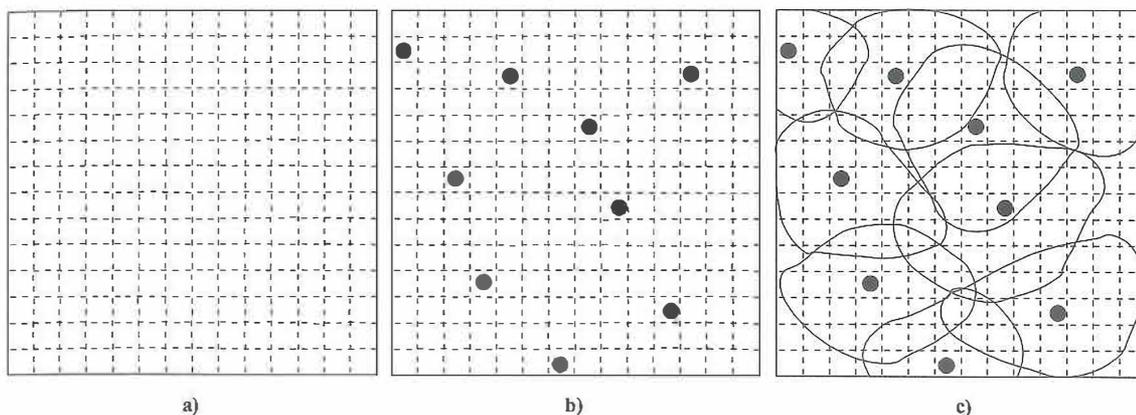


Figura 3: Modelado con Nodos de Demanda. a) Área discretizada. b) Localizaciones Candidatas. c) Áreas de cobertura.

de demanda representa el centro de un área de cobertura con una demanda de tráfico determinada. Este concepto permite discretizar la demanda de tráfico en términos del espacio y de la demanda. Los nodos de demanda son más densos en áreas con alta demanda, y dispersos en áreas con demanda baja.

El planteamiento base considera que la demanda está uniformemente distribuida en toda el área a cubrir. Esto, generaría una discretización uniforme de esa área. La figura 3 muestra un ejemplo, la 3 a) muestra un área discretizada, donde cada cuadro de la rejilla representa una región a cubrir (cada cuadro estará representado en un nodo de demanda). La 3 b) muestra las localizaciones candidatas donde es posible instalar radio bases (regiones con círculos negros). Finalmente la 3 c) muestra el área de cobertura para cada una de las localizaciones candidatas, de ser instalada una radio base en cada una de ellas. Hasta aquí hemos considerado el área discretizada, las localizaciones candidatas y las regiones de cobertura que se generarían.

Para terminar de entender el concepto de nodos de demanda se muestra la figura 4, en la cual se concentra la atención en una sola localización candidata y su posible área de cobertura. Además, se representa cada cuadro de la rejilla con un círculo negro que es el nodo de demanda que representa a dicha región. La figura 4 a) muestra una

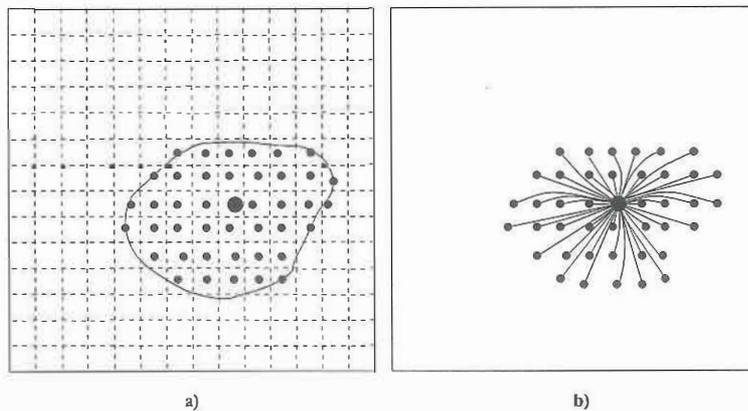


Figura 4: Modelado con Nodos de Demanda. a) Cobertura de una Radio Base. b) Nodos de Demanda cubiertos por una Radio Base.

localización seleccionada (círculo grande), y la región o puntos (nodos) de demanda a los que da servicio (círculos pequeños). La figura 4 b) presenta el mismo escenario solo que las regiones están representadas solo por círculos pequeños, que representan el concepto de nodos de demanda. Las líneas representan el enlace que existe entre los nodos de demanda y la radio base que puede otorgarles el servicio. Podemos observar que al representar de esta forma el problema, se genera un grafo cuyos nodos son cada uno de los nodos de demanda y las localizaciones candidatas², y cuyas aristas representan el enlace entre cada nodo de demanda y las radio bases que pueden darle servicio .

Hasta este momento, hemos realizado el planteamiento básico del problema, así como su discretización. En la siguiente sección se muestra un modelo matemático para este problema donde también se considera el concepto de “Nodos de Demanda” .

II.2 Modelado del problema de LRB

Utilizando el plantamiento del problema propuesto por Mathar y Niessen, cuyo modelo se muestra a continuación, podemos definir el problema de Localización de Radio Bases de la siguiente forma [Mathar y Niessen, 2000]:

²Cada localización candidata es a la vez un nodo de demanda.

Sea:

q = número de nodos de demanda

p = número de localizaciones candidatas de las radio bases

k = número máximo de radio bases

d_1, \dots, d_q = nodos de demanda

s_1, \dots, s_p = localizaciones candidatas de las radio bases

$$T = (t_{ij}) \in \{0, 1\}^{p \times q} \quad (1)$$

$$t_{ij} = \begin{cases} 1, & \text{si el nodo } d_j \text{ es servido por } s_i \\ 0, & \text{en otro caso} \end{cases} \quad i = 1, \dots, p \quad j = 1, \dots, q$$

$$x_i = \begin{cases} 1, & \text{si la local. } s_i \text{ es seleccionada} \\ 0, & \text{en otro caso} \end{cases} \quad i = 1, \dots, p$$

$$z_j = \begin{cases} 1, & \text{si el nodo } d_j \text{ es servido por al menos una RB} \\ 0, & \text{en otro caso} \end{cases} \quad j = 1, \dots, q$$

Dado lo anterior podemos definir la función objetivo, consistente en maximizar la cobertura con un número máximo de k radio bases, como sigue:

$$\text{Maximizar} \quad \sum_{j=1}^q z_j \quad (2)$$

sujeto a:

$$\sum_{i=1}^p x_i \leq k \quad (3)$$

$$\sum_{i=1}^p t_{ij} x_i \geq z_j \quad j = 1, \dots, q \quad (4)$$

El planteamiento anterior representa el caso base del problema de Localización de Radio Bases. En este caso solo se plantea la maximización de la cobertura, con la restricción del número máximo de radio bases que pueden ser instaladas, ecuación (3). Por su parte la ecuación (4) especifica que al menos una localización que puede cubrir al nodo d_j debe estar seleccionada, para que pueda recibir el servicio.

Se pueden considerar otros factores, como tratar de evitar que más de una RB de servicio al mismo nodo de demanda (coberturas múltiples). También se pueden considerar las restricciones derivadas de la interferencia que se genera entre radio bases. Estos dos aspectos son considerados a continuación:

II.2.1 Penalizando coberturas múltiples

Una de las características deseables de la solución al problema de LRB, es que cada nodo de demanda sea cubierto por el menor número de radio bases. Esto, para minimizar los traslapes entre las áreas de cobertura. Debido a ello, se plantea la necesidad de minimizar aquellos nodos que son servidos por más de una de las localizaciones candidatas seleccionadas. Esta restricción se presenta en la siguiente ecuación:

$$\text{Maximizar} \quad \left(\gamma \sum_{j=1}^q z_j - \sum_{j=1}^q \sum_{i=1}^p t_{ij} x_i \right) \quad (5)$$

En la ecuación (5) se penalizan las coberturas múltiples a los nodos de demanda. Esto se hace restándole a la cobertura la suma de los nodos cubiertos por cada localización seleccionada. Sabemos, por la ecuación (4) que esa suma es mayor o igual a la cobertura. Se agrega γ como factor al valor de la cobertura para balancear el compromiso entre los dos objetivos.

II.2.2 Minimizando interferencias entre las radio bases

En los sistemas celulares que utilizan el método de asignación de frecuencias, se debe considerar la interferencia provocada por ello. Se debe restringir asignar el mismo intervalo de frecuencias a radio bases que puedan interferirse. A continuación se muestra el planteamiento que al respecto se hace en el modelo:

$$\text{Maximizar} \quad \left(\sum_{j=1}^q z_j - \lambda \sum_{(l,k) \in \mathbf{I}} w_{lk} \right) \quad (6)$$

donde:

$$\mathbf{I} = \left\{ (l, k) \mid 1 \leq l, k \leq p, l \neq k, \sum_{j=1}^q t_{lj} t_{kj} \neq 0 \right\}$$

sujeto a: (3), (4), y:

$$w_{lk} \geq x_l + x_k - 1, w_{lk} \in \{0, 1\}. \quad (7)$$

$$w_{lk} = \begin{cases} 1, & \text{si ocurre interferencia entre las localizaciones } s_l \text{ y } s_k \\ 0, & \text{en otro caso} \end{cases}$$

En la ecuación (6) se penalizan las interferencias entre las localizaciones candidatas seleccionadas. El conjunto \mathbf{I} está formado por todos los pares de localizaciones (l, k) que dan cobertura simultánea al menos a un nodo de demanda. Además w_{lk} indica si existe interferencia entre las localizaciones s_l y s_k (7). Por lo tanto, la forma en que se penalizan las interferencias es, restándole a la cobertura el conjunto de pares de localizaciones en \mathbf{I} que se interfieren entre si y que además están seleccionadas. Se agrega λ como factor al valor de las interferencias para balancear el compromiso entre los dos objetivos. Podemos redefinir la ecuación (6), si hacemos que $w_l = \sum_{(l,k) \in \mathbf{I}} w_{lk}$ para cada $l = 1, \dots, p$, tenemos:

$$\text{Maximizar} \quad \left(\sum_{j=1}^q z_j - \lambda \sum_{l=1}^p w_l \right) \quad (8)$$

sujeto a: (3), (4) y:

$$w_l \geq |\mathbf{I}_l| (x_l - 1) + \sum_{k \in \mathbf{I}_l} x_k \quad l = 1, \dots, p \quad (9)$$

donde:

$$\mathbf{I}_l = \left\{ k \mid 1 \leq k \leq p, k \neq l, \sum_{j=1}^q t_{lj} t_{kj} \neq 0 \right\}$$

$$w_l \geq 0$$

La ecuación (8), al igual que la (6), penaliza las interferencias entre las localizaciones candidatas seleccionadas. En este caso \mathbf{I}_l define el conjunto de todas las localizaciones que tienen al menos un nodo en común con l en su área de cobertura. Mientras que w_l tendrá 0 en caso de que la localización l no esté seleccionada, en caso de estarlo, w_l tendrá la suma de localizaciones cuyas áreas de cobertura se traslapan con l y que además están seleccionadas. Se agrega λ como peso sobre las interferencias para balancear el compromiso entre los dos objetivos.

Hasta aquí se muestra solo una parte del planteamiento realizado en [Mathar y Niessen, 2000]. La parte mostrada aquí incluye diversas restricciones, entre las que se encuentra restringir coberturas múltiples a los nodos, para evitar interferencia.

II.3 El Problema del Conjunto Mínimo Dominante

En aplicaciones del mundo real se necesita conocer el número mínimo de radio bases necesarias para proveer una cobertura dada. Este problema es una variante del denominado problema del Conjunto Mínimo Dominante (Minimum Dominating Set), o MDS

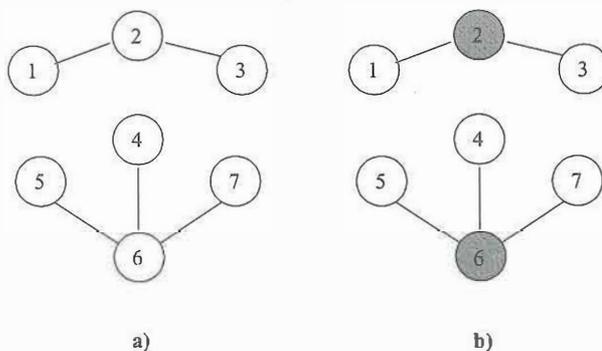


Figura 5: Conjunto Mínimo Dominante.

por sus siglas en inglés, variante descrita en [Mathar y Niessen, 2000]. Con el fin de establecer esa variante se define a continuación el problema del MDS.

Definición 1. Problema del Conjunto Mínimo Dominante [Garey y Johnson, 1979]. Dado un grafo $G = (V, E)$ donde V es el conjunto de nodos y E el conjunto de aristas, el subconjunto $V' \subseteq V$ se denomina dominante si por cada nodo $v \in V - V'$ existe una arista que lo conecta al nodo $u \in V'$ tal que $(u, v) \in E$. El problema del Conjunto Mínimo Dominante consiste en encontrar el V' de mínima cardinalidad $|V'|$.

En la figura 5 a) se muestra un grafo en el cual el conjunto de nodos $V = \{1, 2, 3, 4, 5, 6, 7\}$. En la figura 5 b) se muestra el Conjunto Mínimo Dominante para ese grafo, el cual está representado por el conjunto de nodos $V' = \{2, 6\}$. Es fácil notar que V' representa el Conjunto Mínimo Dominante para este caso, ya que cumple con la definición 1.

Considerando el concepto de nodos de demanda, el problema de LRB es equivalente, en su forma más simple, al problema del Mínimo Conjunto Dominante [Calégari, 1999], el cual pertenece a la clase NP-completa [Garey y Johnson, 1979]

II.3.1 Equivalencia entre MDS y LRB

Para efectos de demostrar la equivalencia del problema MDS con el de LRB, se presenta a continuación el planteamiento que, con ese fin, se hace en [Mathar y Niessen, 2000].

Definición 2. Sea $B(\mathbf{G})$ un grafo bipartito³, en donde $\mathbf{G} = (\mathbf{V}, \mathbf{E})$ es un grafo donde \mathbf{V} representa el conjunto de nodos y \mathbf{E} el conjunto de aristas. Los conjuntos de nodos de $B(\mathbf{G})$ son $\{s_v | v \in \mathbf{V}\}$ y $\{d_v | v \in \mathbf{V}\}$. Existe una arista que va de un nodo s_u a un nodo d_v si y solo si $u = v$ o u y v están unidos por una arista en \mathbf{G} . Dado esto, tenemos que el problema MDS es equivalente al cálculo de la menor k tal que existe una selección de k nodos de $\{s_v | v \in \mathbf{V}\}$ dominando todos los nodos de $\{d_v | v \in \mathbf{V}\}$. Esto se ilustrará mejor con el siguiente ejemplo.

Ejemplo 1. En la figura 6 se muestra un ejemplo de grafo bipartito $B(\mathbf{G})$. En éste, los puntos negros representan nodos, conjunto $\{1,2,3,4,5\}$, las líneas sólidas representan el enlace entre nodos equivalentes y las líneas punteadas representan enlaces entre nodos que se encontraban unidos en el grafo original \mathbf{G} . En el grafo $\mathbf{G} = (\mathbf{V}, \mathbf{E})$ está representada la solución a este caso particular. Los nodos encerrados en un cuadro, conjunto $\{2,5\}$, representan las localizaciones en las que se colocarán radio bases. Ese conjunto de nodos representa el Mínimo Conjunto Dominante para el grafo \mathbf{G} .

En este ejemplo, podemos notar que el problema del MDS equivale al problema de localización de las radio bases en su caso básico. En la figura 6 los puntos negros representan los nodos de demanda y las líneas indican las relaciones de cobertura entre ellos. En el grafo $\mathbf{G} = (\mathbf{V}, \mathbf{E})$ aquellos nodos que quedaron encerrados en un cuadro representan las localizaciones candidatas que deben seleccionarse para alcanzar la mayor cobertura posible.

³Un grafo $\mathbf{G} = (\mathbf{X}, \mathbf{A})$ no dirigido es bipartito, si el conjunto \mathbf{X} de nodos puede ser particionado en 2 subconjuntos \mathbf{X}^a y \mathbf{X}^b , tal que todas las aristas tienen un nodo terminal en \mathbf{X}^a y otro en \mathbf{X}^b [Christofides, 1975]

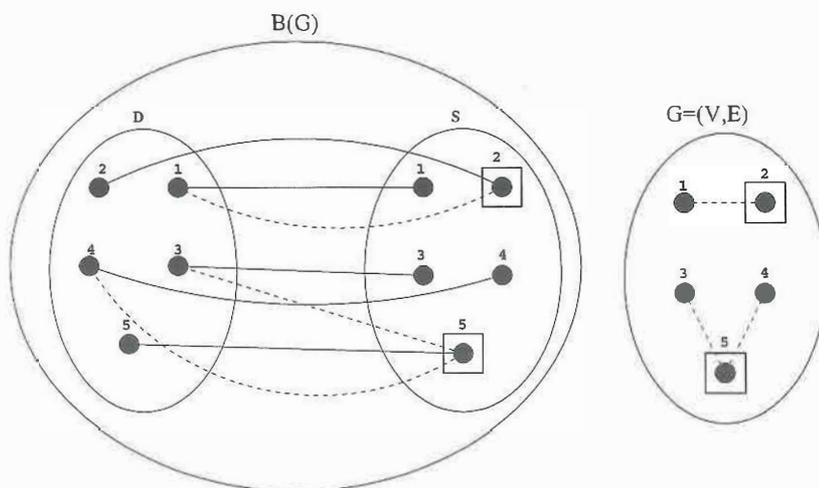


Figura 6: Representación del Problema MDS. El MDS para este caso es $\{2,5\}$.

Volviendo al planteamiento del problema, tenemos para este caso el grafo $\mathbf{G} = (\mathbf{V}, \mathbf{E})$. Donde $\mathbf{V} = \{1, 2, 3, 4, 5\}$ y $\mathbf{E} = \{(2, 1), (5, 3), (5, 4)\}$. Entonces el MDS del grafo \mathbf{G} es $\mathbf{V}' = \{2, 5\}$, ya que para cada $v \in \mathbf{V} - \mathbf{V}'$, conjunto $\{1, 3, 4\}$, existe una arista que conecta el nodo $u \in \mathbf{V}'$, conjunto $\{2, 5\}$, tal que $(u, v) \in \mathbf{E}$, ya que $(2, 1) \in \mathbf{E}$, $(5, 3) \in \mathbf{E}$ y $(5, 4) \in \mathbf{E}$. Lo que nos lleva a que instalando radio bases en ese conjunto de localizaciones, obtenemos la mayor cobertura con el menor número de localizaciones seleccionadas.

Si tomamos el grafo $\mathbf{G} = (\mathbf{V}, \mathbf{E})$. Donde \mathbf{V} representa el conjunto de nodos de demanda de un área a la que deseamos dar servicio. El conjunto de localizaciones candidatas $\mathbf{L} \subseteq \mathbf{V}$. Y el conjunto de aristas $\mathbf{E} = \{(u, v) | u \in \mathbf{L}, v \in \mathbf{V}\}$. Es decir, cada arista en \mathbf{E} representa un enlace entre una localización candidata y un nodo de demanda que puede ser servido al instalar una radio base en dicha localización candidata.

Dado el grafo $\mathbf{G} = (\mathbf{V}, \mathbf{E})$ podemos definir el grafo bipartito $B(\mathbf{G})$ como se hizo anteriormente. De tal forma que $B(\mathbf{G})$ está formado por los conjuntos de nodos $\mathbf{D} = \{d_v | v \in \mathbf{V}\}$ y $\mathbf{S} = \{s_v | v \in \mathbf{V}\}$. Por la definición 2, tenemos que en el conjunto de nodos \mathbf{S} , el grado de cada nodo es 1, excepto en aquellos nodos que representan localizaciones

candidatas, ya que los nodos que no son localizaciones candidatas solo estarán unidos con su nodo equivalente en el conjunto \mathbf{D} . Mientras que los que sí lo son, estarán unidos con su equivalente y con todos aquellos nodos en \mathbf{D} a los que pueden dar cobertura. El peor caso es que cada localización pueda dar servicio tan solo a su misma región, en cuyo caso tenemos que el grafo \mathbf{G} solo tendrá un MDS si y solo si cada nodo es una localización candidata.

En un escenario real, el grado de los nodos que representen localizaciones candidatas será mayor a 1. De esto podemos deducir que el MDS del grafo \mathbf{G} estará formado por un conjunto de nodos $\mathbf{L}' \subseteq \mathbf{L}$ y por aquellos nodos que no pueden ser cubiertos por ninguna de las localizaciones candidatas, debido a que cualquier subconjunto $\mathbf{L}' \subseteq \mathbf{L}$ dará servicio a un número mayor de nodos que cualquier subconjunto $\mathbf{L}'' \subseteq \mathbf{V} - \mathbf{L}$ que tenga su misma cardinalidad, $|\mathbf{L}'| = |\mathbf{L}''|$. Por lo tanto, si encontramos el \mathbf{L}' de menor cardinalidad que a la vez cubra a todos los nodos de demanda, habremos encontrado el MDS del grafo \mathbf{G} . Esto es, necesitamos encontrar el \mathbf{L}' de mínima cardinalidad tal que para cada nodo $u \in \mathbf{D}$ existe una arista en $B(\mathbf{G})$ que conecta al nodo $v \in \mathbf{L}'$.

En el caso de que existan nodos de demanda que no pueden ser servidos por ninguna localización candidata, entonces no existirá un conjunto \mathbf{L}' que represente el MDS del grafo \mathbf{G} . En este caso, se debe resolver el MDS para aquellos nodos que si puedan ser cubiertos por alguna localización candidata. Una vez determinado ese MDS, se deben agregar los nodos que no son cubiertos por ninguna localización. Esto quiere decir que el problema del MDS es un caso particular del problema de LRB. Debemos resolver al menos el problema del MDS para poder resolver el de LRB. Por lo que podemos concluir que el problema de cubrir el máximo número de nodos de demanda con un número dado de radio bases es al menos tan complejo como el problema MDS [Mathar y Niessen, 2000]. Con todo esto, podemos afirmar lo siguiente: *"El problema de LRB pertenece a la clase NP-difícil"*.

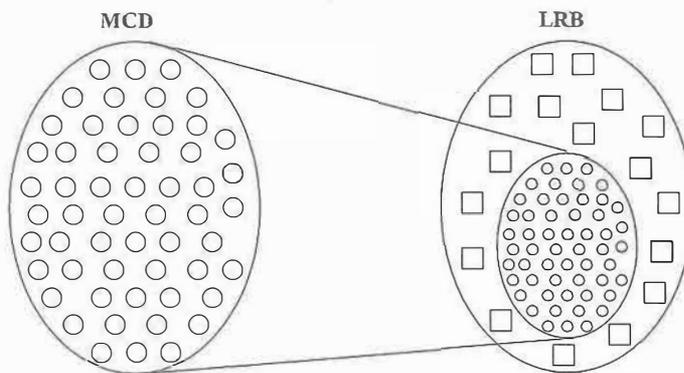


Figura 7: El problema de LRB contiene al MCD.

En la figura 7 se ilustra gráficamente esta afirmación. Dado que hemos concluido que todos los casos del MCD (representados como círculos en la figura) pueden representarse como casos del LRB, decimos que el LRB contiene al MCD. Además mostramos que existen casos del LRB que no pueden ser representados como casos del MCD (representados como cuadrados en la figura). Por todo ello es que decimos que el LRB contiene al MCD.

Una vez descrito el problema de LRB, así como su equivalencia con el MDS, podemos plantear algunas preguntas prácticas como saber ¿cuál es el número mínimo de radio bases que se necesita para cubrir un área dada?, lo que equivaldría a resolver el MDS, o dado un número de radio bases, ¿cuál es el área máxima que puede ser cubierta?, pregunta que puede contestarse resolviendo una variante del MDS.

La variante del problema queda establecida como sigue: dado un número q , encontrar el MDS de un subconjunto $\mathbf{S} \subseteq \mathbf{V}$ tal que $q = |\mathbf{S}|$. Si la cardinalidad de \mathbf{V} es N entonces necesitamos resolver $\binom{N}{q}$ problemas MDS en el peor caso [Brizuela y Gutiérrez, 2003]. Esto es, porque si queremos resolver el MDS dado un q , existen $\binom{N}{q}$ subconjuntos diferentes de \mathbf{V} para los cuales debemos resolver el MDS.

El problema MDS pertenece a la clase NP-completa ([Garey y Johnson, 1979], página 190). Además, resultados de no-aproximabilidad muestran, que no puede ser

aproximado a $(1 - \epsilon) \ln |\mathbf{V}|$ para cualquier $\epsilon > 0$ como se explica en ([Ausiello *et al.*, 1999], página 370). Este resultado implica que, en el peor caso, es difícil encontrar (inclusive) soluciones aproximadas al problema.

Lo anterior significa que es difícil encontrar métodos que den resultados que se aproximen a la solución del problema, considerando todos los casos posibles. Debido a esto, se propone estudiar experimentalmente el comportamiento de Meta-Heurísticas sobre un conjunto de casos específicos del problema. Esto nos permitirá evaluar la eficiencia de esos métodos en el tratamiento de un subconjunto de casos del problema con características específicas. De tal forma, dado un caso que posee esas características, determinar si puede ser tratado eficientemente con las Meta-Heurísticas que aquí se estudian.

En el siguiente capítulo, se describe la Meta-Heurística que se utilizó como metodología para atacar el problema. Se describe su funcionamiento básico, así como los mecanismos que la componen. Se describen además, los trabajos previos más relevantes que han utilizado esa misma metodología en el problema de Localización de Radio Bases, así como la propuesta basada en esa Meta-Heurística que se hace en este trabajo de tesis.

Capítulo III

Metodología

La Inteligencia Artificial ha sido durante las últimas décadas un área muy importante de las ciencias de la computación. En ella han surgido diversas ramas de investigación, entre las que se encuentra la Computación Evolutiva, misma que se utiliza en este trabajo de tesis.

La Computación Evolutiva surge como inquietud de algunos científicos por aplicar procesos de la evolución natural en la solución de problemas. Esto es, se inspira en las teorías de la evolución de los seres vivos y los procesos que se llevan a cabo en ella. Existen muchas teorías que intentan explicar el proceso de evolución de los seres vivos. Los diversos mecanismos propuestos en ellas han servido de inspiración a los creadores de las diversas ramas de la computación evolutiva.

En la actualidad existen diversos paradigmas de la Computación Evolutiva, pero en general se considera que tres son los principales:

- Programación Evolutiva.
- Estrategias Evolutivas.
- Algoritmos Genéticos.

En este trabajo de tesis utilizaremos el último de estos paradigmas: los Algoritmos Genéticos. Éstos, están inspirados en una corriente llamada Neo-Darwinismo, la cual combina una serie de teorías evolutivas. En la siguiente sección se describe el denominado Algoritmo Genético Canónico, así como sus principales componentes.

III.1 Algoritmo Genético Canónico

Al Algoritmo Genético propuesto originalmente por Holland se le llama Canónico. En este, los individuos están representados por cadenas de bits, es decir que cada gene puede tomar solo el valor de uno o cero [Holland, 1975]. Holland definió esta representación, así como los operadores genéticos correspondientes de selección, cruzamiento y mutación. A continuación se muestran los pasos básicos del Algoritmo Genético Canónico [Michalewicz, 1996].

- 1 Generar Población Inicial.
- 2 Evaluación.
- 3 Selección.
- 4 Mientras no se cumpla el criterio de parada hacer:
 - 5 Cruzamiento.
 - 6 Mutación.
 - 7 Evaluación.
 - 8 Selección.

En este algoritmo, se inicia generando un conjunto de individuos (generalmente al azar) que se conoce como la población inicial. La Evaluación se realiza utilizando la función objetivo (o función aptitud) definida para el problema que se está atacando. El funcionamiento de los operadores de Selección, Cruzamiento y Mutación se describe a continuación.

Selección: Se utiliza el método de la ruleta. En este, se asigna a cada individuo una probabilidad de ser seleccionado proporcional a su función aptitud. De tal forma que los individuos más aptos tendrán mayor probabilidad de ser seleccionados, por medio de un proceso aleatorio, para la reproducción. Este operador cumple la función de seleccionar los individuos más aptos para que formen parte del proceso de generación de la nueva población. Esto permite ir eliminando aquellos individuos que representen

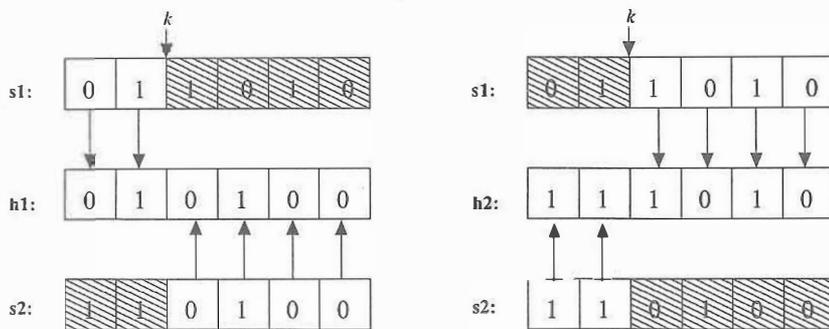


Figura 8: Cruzamiento para el Algoritmo Genético Canónico.

malas soluciones al problema, a la vez que conserva, con alta probabilidad, a los mejores individuos.

Cruzamiento de un punto: Sean $s1$ y $s2$ individuos con una longitud de cromosoma N , se selecciona al azar un punto $k \in \{1, \dots, N\}$. Se toman los genes de los loci 1 al $k - 1$ de $s1$ y los genes de los loci k al N de $s2$ para formar al primer hijo ($h1$). Se toman los genes de los loci k al N de $s1$ y los genes de los loci 1 al $k - 1$ de $s2$ para formar al segundo hijo ($h2$). Este operador permite la combinación de las características genéticas de los individuos de la población actual, para generar nuevos individuos. El funcionamiento deseable de este operador, es que los individuos con un buen valor de aptitud, transmitan sus características a los nuevos individuos, generando a la vez individuos con una buena aptitud. El funcionamiento de este operador se ilustra en la figura 8.

Mutación: Sea s un individuo con una longitud de cromosoma N , se recorre el cromosoma en el intervalo $[1, \dots, N]$. Se cambia el valor del gene k de cero a uno o viceversa (con probabilidad P_m), generándose un nuevo individuo s' , tal como se muestra en la figura 9. Este operador introduce cambios aleatorios contribuyendo a la diversidad de la población. Esto permite que el algoritmo pueda explorar nuevas regiones del espacio de búsqueda, en donde pudieran encontrarse mejores soluciones e incluso el óptimo. Este operador suele aplicarse con una probabilidad baja, ya que

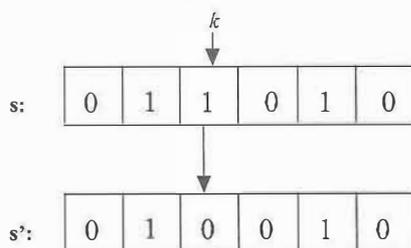


Figura 9: Mutación para el Algoritmo Genético Canónico.

en los sistemas naturales la mutación se presenta solo esporádicamente. Esto tiene sentido desde el punto de vista de la implementación, ya que una alta tasa de mutación convertiría la búsqueda en una caminata aleatoria.

El algoritmo aplica esta serie de operadores hasta que se cumpla un número determinado de iteraciones o se cumpla algún otro criterio de parada. De tal forma que, al terminar de ejecutarse el algoritmo se cuenta con un conjunto de individuos (soluciones) que son resultado de la evolución de la población inicial después de haberle aplicado los operadores descritos anteriormente en cada una de las iteraciones del algoritmo.

En 1994 Günter Rudolph publicó un artículo donde demuestra la convergencia del algoritmo genético canónico. La condición es que se aplique un operador extra llamado elitismo. El elitismo consiste en mantener intacto al mejor individuo de cada generación para pasarlo a la siguiente. Esto impide que las buenas características de ese individuo, el mejor hasta esa generación, se pierdan. Rudolph en su demostración modeló al algoritmo genético utilizando cadenas de Markov [Rudolf, 1994]. Esta demostración, sin embargo, se limita a convergencia al infinito utilizando la representación binaria y los operadores descritos en el algoritmo genético canónico. Condiciones que no se cumplen para la problemática tratada en este trabajo (problema combinatorio), ni para la representación y operadores que se proponen en el siguiente capítulo para atacarla.

III.2 Trabajo Previo en AG para el problema de LRB

En los últimos años, el problema de Localización de Radio Bases ha sido tratado utilizando algoritmos genéticos en una serie de trabajos. A continuación se presenta una breve descripción de los trabajos más importantes que se han hecho al respecto.

III.2.1 Calégari *et al.*

En 1997 Calégari *et al.* publican un artículo en el que por primera vez hablan de la equivalencia entre el problema de LRB y el del MDS [Calégari *et al.*, 1997]. Además Calégari publica dos años después su tesis doctoral que contiene todo el trabajo que realizó al respecto [Calégari, 1999]. En estos trabajos, se utiliza un algoritmo genético basado en el canónico para atacar el problema. Se utiliza una representación binaria, en la que cada bit representa una localización candidata y el valor del bit indica si esa localización está o no seleccionada. Debido a lo anterior, utilizan cromosomas de una longitud igual al número de localizaciones candidatas. Se utilizan los operadores de selección, cruzamiento y mutación del algoritmo genético canónico. Los experimentos se realizan sobre un modelo artificial propuesto por ellos mismos y sobre un par de casos, tomando datos reales de ciudades europeas. El trabajo pone mucho énfasis en la paralelización del algoritmo genético utilizando el modelo de islas de hormigas.

III.2.2 Krishnamachari y Wicker

Krishnamachari y Wicker realizaron una comparación experimental de varios algoritmos de búsqueda aplicados al problema de LRB [Krishnamachari y Wicker, 2000]. Utilizaron Algoritmos Genéticos, Recocido Simulado, Búsqueda Tabú y Caminata Aleatoria. En

el caso del algoritmo genético, utilizaron la misma representación binaria y el mismo operador de mutación que en [Calégari, 1999]. No utilizaron cruzamiento y en el caso de la selección utilizaron tres tipos: Selección Proporcional, Selección por Torneo y Selección basada en Rango. Proponen un modelo para generar los datos del problema, utilizando un modelo básico de propagación para definir el área de cobertura de cada celda. La conclusión a la que llegan es que, para el modelo del problema que ellos tratan, el Algoritmo Genético y la Búsqueda Tabú obtienen los mejores resultados experimentales.

III.2.3 Meunier *et al.*

Meunier *et al.* utilizan un algoritmo genético multi-objetivo para atacar el problema de LRB [Meunier *et al.*, 2000]. En su trabajo, ellos utilizan 3 funciones objetivo: minimizar el número de localizaciones seleccionadas; maximizar el caudal eficaz de la red; y, minimizar la interferencia resultante. Utilizan una codificación de tres niveles, en el primero codifican lo concerniente a la selección de las localizaciones, en el segundo el número y tipo de antenas, y en el tercero codifican los parámetros de las antenas. Definen sus propios operadores de cruzamiento y mutación, específicos para la representación que utilizaron. Su contribución principal son los dos indicadores que proponen para analizar el desempeño del algoritmo: *contribution*, que permite evaluar la convergencia del algoritmo; y *entropía*, que es un indicador de la diversidad de las soluciones obtenidas por el algoritmo.

En este trabajo, Meunier *et al.* utilizan un modelo simple de propagación (Espacio Libre) para realizar una simulación con la que evaluaban las soluciones, misma que requería mucho tiempo de procesamiento. Debido a ello, paralelizaron el algoritmo para reducir el tiempo de cada ejecución. A pesar de ello, reportan que cada ejecución

del algoritmo tomaba aproximadamente 10 horas¹, utilizando un tamaño de población de 100, e iterando 10,000 veces.

III.3 Algoritmos Genéticos utilizados para el Problema de LRB

A continuación se muestra el algoritmo base, derivado del algoritmo genético canónico, que se utilizó en este trabajo de tesis.

- 1 Generar **Población Inicial**.
- 2 Evaluación de la **Población Inicial**.
- 3 Selección de individuos para generar la **Nueva Población**.
- 4 Reemplazar **Población Inicial** con **Nueva Población**.
- 5 Desde $i=1$ hasta *NumeroDeIteraciones* hacer:
 - 6 Aplicar Cruzamiento con probabilidad P_c
 - 7 Aplicar Reemplazo Generacional
 - 8 Aplicar Mutación con probabilidad P_m
 - 9 Evaluación de la **Población i** .
 - 10 Selección de individuos para generar la **Nueva Población**.
 - 11 Reemplazar **Población i** con **Nueva Población**.

Tal como en el canónico, este algoritmo genético inicia generando la población inicial y realiza la Evaluación de los individuos de la Población, utilizando la función objetivo definida para el problema que se está atacando. En este algoritmo se utilizaron dos diferentes representaciones, la binaria y la entera. En el caso de la primera, se utilizaron los operadores de cruzamiento y mutación definidos en el algoritmo genético canónico.

¹Los autores no comentan las características de las máquinas utilizadas, solo dicen que utilizaron una red homogénea de 24 estaciones de trabajo con sistema operativo LINUX.

Localizaciones seleccionadas: 1, 3, 4, 5, 7, 10

1	0	1	1	1	0	1	0	0	1	0	0
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12

Figura 10: Representación Binaria.

En el caso de la representación entera, se definieron cuatro nuevos operadores de cruce y uno de mutación. Las dos representaciones y los operadores utilizados en la representación entera, se describen en las siguientes subsecciones de este capítulo.

III.3.1 Representaciones

Se utilizaron dos diferentes representaciones del problema en algoritmos genéticos. La primera propuesta por Calégari, que utiliza cromosomas binarios [Calégari, 1999]. La segunda propuesta por Brizuela y Gutiérrez, que utiliza cromosomas enteros y de tamaño variable [Brizuela y Gutiérrez, 2003]. A continuación se describen estas dos representaciones:

III.3.1.1 Binaria

En esta representación, el alfabeto utilizado es el binario, por lo que cada gene del cromosoma puede tomar solo los valores de cero o uno. Cada cromosoma tiene la longitud igual al número de localizaciones candidatas, y cada gene representa a una de ellas. Un valor de cero en el gene i , indica que la localización candidata i no está seleccionada. Mientras que un uno en el gene i indica que si lo está. En la figura 10 se muestra un ejemplo de esta representación.

Localizaciones seleccionadas: 1, 3, 4, 5, 7, 10

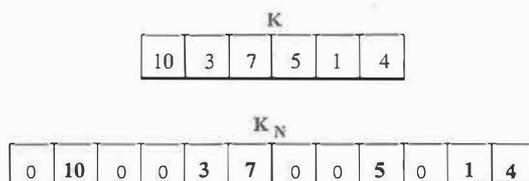


Figura 11: Representación Entera.

III.3.1.2 Entera

En esta representación se utiliza como alfabeto los números enteros de 1 a N , en donde N es el número de localizaciones candidatas. Cada gene puede tener un valor entero que esté dentro de ese rango, o un valor especial de 0. El que el gene tenga un valor dentro del rango indica que la localización candidata correspondiente a ese valor está seleccionada. Por el contrario, si el gene tiene un valor de cero indica que no se está seleccionando ninguna localización.

En esta representación se debe tomar en cuenta que no debe repetirse el valor de los genes en un mismo cromosoma, porque eso indicaría que una localización está seleccionada dos veces. Además, esta representación permite modificar la longitud máxima del cromosoma para analizar el comportamiento del algoritmo. En particular se puede ajustar la longitud del cromosoma al número óptimo de radio bases necesarias, en caso de conocerse. En la figura 11 se muestra un ejemplo de esta representación.

III.3.2 Operadores

Para la representación binaria se utilizaron los operadores del algoritmo genético canónico. Para la representación entera se propuso un operador de mutación (OP1), y cuatro operadores de cruzamiento (PMX, PPX, TP, OP). A continuación se describen

los operadores propuestos para la representación entera.

III.3.2.1 Mutación

Mutación (OP1). El locus a mutar es seleccionado aleatoriamente, entonces el gene es reemplazado por un entero generado aleatoriamente en el rango de 1 a n . Si el nuevo valor ya existe en el cromosoma, el gene es reemplazado por un cero. La figura 12 b) ilustra el funcionamiento de este operador. Brizuela y Gutiérrez propusieron originalmente este operador para la representación entera del problema de LRB [Brizuela y Gutiérrez, 2003].

III.3.2.2 Cruzamiento

Cruzamiento (PMX). En este cruzamiento se seleccionan aleatoriamente dos posiciones. La figura 12 a) ilustra el funcionamiento de este operador, los genes de los loci 1 al $s1 - 1$ del padre 1 son copiados a los loci 1 a $s1 - 1$ en el hijo. Loci $s1$ al $s2$ del padre 2 son copiados a los loci $s1$ al $s2$ en el hijo, y finalmente de los loci $s2 + 1$ al N del padre 1 son copiados a los loci $s2 + 1$ al N en el hijo. En cada caso, si se intenta copiar un gene que ya fue copiado, se copia un cero en su lugar. Esta situación genera un conflicto tal como se muestra en la figura 12 a). Esta es una versión modificada del cruzamiento PMX propuesto en [Goldberg y Lingle, 1985].

PPX. Un subconjunto de relaciones de precedencia de los padres son preservados en el hijo. Se genera una máscara binaria aleatoria, los unos indican que los genes del padre 1 son copiados al hijo, y los ceros indican que los genes del padre 2 son los que se copian, en el orden en que aparecen de izquierda a derecha. Ante un conflicto se aplica la misma solución que en PMX. Esta es una versión modificada del cruzamiento PPX presentado en [Bierwirth *et al.*, 1996]. En la figura 13 se muestra el funcionamiento de este operador.

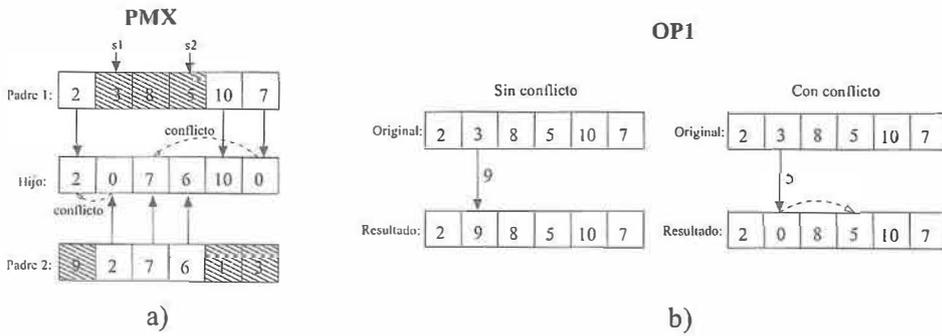


Figura 12: a) Operador de Cruzamiento PMX. b) Operador de Mutación OP1.

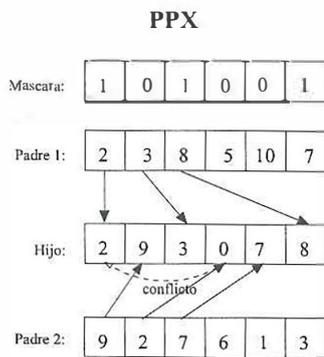


Figura 13: Operador de Cruzamiento PPX.

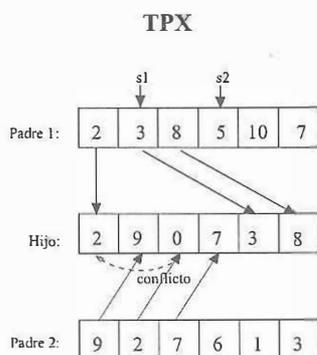


Figura 14: Operador de Cruzamiento TP.

TP. Se preserva la posición de algunos genes correspondientes a los padres. Al igual que en PPX, se genera una máscara binaria aleatoria, los unos indican que el gene seleccionado se copia del padre 1, y los ceros indican que el gene se copia del padre 2. De nueva cuenta, si se presenta un conflicto se resuelve tal como en PMX. Esta es una versión modificada del cruzamiento estándar de dos puntos cuya descripción puede encontrarse en ([Gen y Cheng, 2000], página 408).

OP. En este cruzamiento, se selecciona aleatoriamente un punto de cruce. Los genes a partir de ese punto son intercambiados entre el padre 1 y el padre 2, generando dos nuevos individuos (hijo 1 e hijo 2). También en este cruzamiento se aplica la resolución de conflictos como en PMX. Esta es una versión modificada del cruzamiento de un punto usado en [Calégari, 1999].

Hasta aquí, se ha descrito la metodología a utilizar, sus componentes básicos y su funcionamiento. Se ha descrito además, la propuesta que se hace para utilizar esa metodología en el problema de Localización de Radio Bases. Dado todo esto, el siguiente paso es realizar los experimentos necesarios que nos lleven a alcanzar los objetivos propuestos. En el siguiente capítulo se describen los experimentos realizados y se muestran y discuten los resultados obtenidos.

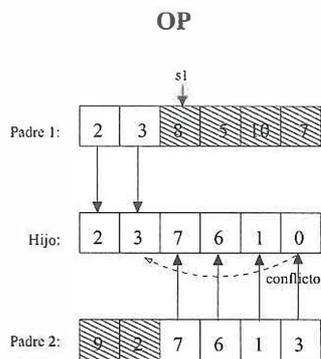


Figura 15: Operador de Cruzamiento OP.

Capítulo IV

Experimentos y Resultados

En este capítulo se describen los experimentos realizados, así como los resultados que se obtuvieron. Primero se describen los modelos del problema que se utilizaron para generar los casos, así como el escenario CDMA que se consideró en uno de los modelos. Se describen los experimentos realizados para comparar el desempeño entre las dos representaciones del problema, y se muestran sus resultados. Se describen además, los experimentos realizados para comparar el desempeño de los cuatro operadores de cruzamiento definidos para la representación binaria. Por último, se muestra el resultado de realizar el análisis de capacidad del sistema a la solución generada por el algoritmo genético para el caso que considera un escenario CDMA.

IV.1 Modelos del problema de LRB

Se estudiaron dos modelos diferentes del problema para la generación de los datos. El primero tomado del trabajo de Calégari, el cual propone un modelo artificial del problema en el cual conocemos la solución óptima para los casos generados [Calégari, 1999]. La segunda tomado del trabajo de Krishnamachari y Wicker, en el cual se utiliza un modelo básico de propagación para generar las áreas de cobertura de cada localización candidata [Krishnamachari y Wicker, 2000], en los casos generados de esta forma no conocemos la solución óptima. A continuación se explican las dos formas de generación de datos.

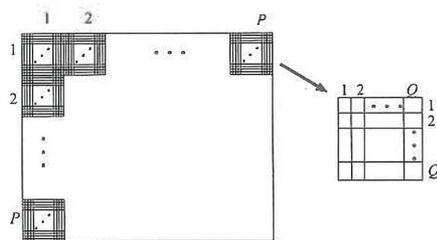


Figura 16: Estructura de la rejilla y celda para el modelo artificial. $M \times M$ rejillas agrupadas en $P \times P$ celdas de $Q \times Q$ rejillas.

IV.1.1 Generación del Modelo Artificial

Este modelo artificial (que en adelante llamaremos Modelo A) considera L localizaciones candidatas distribuidas en una rejilla de $M \times M$. El modelo está dividido en $P \times P$ sub-rejillas, cada una de tamaño $Q \times Q$, siendo $M = P \times Q$, esta estructura se muestra en la figura 16. Las primeras P^2 localizaciones candidatas, son ubicadas en el centro de cada celda de tal forma que estas localizaciones dan una cobertura del 100%, representando la solución óptima. Otras $L - P^2$ localizaciones candidatas son generadas de manera aleatoria y uniforme sobre toda la estructura de rejilla de $M \times M$.

Para este modelo, Calégari propone la siguiente función objetivo a utilizar en el algoritmo genético:

$$\text{Maximizar } f = \frac{sr^\gamma}{nRB} \quad (10)$$

donde:

sr = área cubierta / área total.

nRB = número de localizaciones candidatas seleccionadas.

γ = parámetro utilizado para favorecer el sr con respecto al nRB .

IV.1.2 Generación del Modelo Básico de Propagación

La forma de generar casos (que en adelante llamaremos Modelo B) fue propuesta por Krishnamachari y Wicker [Krishnamachari y Wicker, 2000]. En ésta, el área cubierta está determinada por un modelo denominado “*Shadow Fading Model*”. Aquí, la pérdida de potencia en dB a una distancia d de la radio base está dada por la siguiente ecuación [Krishnamachari y Wicker, 2000]:

$$P_{loss} = A + B \log(d) + G \quad (11)$$

donde G es una variable aleatoria gaussiana con media cero y varianza σ^2 , A y B son constantes. Como en [Krishnamachari y Wicker, 2000] $A = 50$, $B = 40$, y $\sigma^2 = 10$. La P_{loss} es calculada para cada radio base y cada punto en la rejilla, si $P_{loss} < 100$ dB en un nodo dado, entonces el nodo es cubierto por la radio base.

En este caso el número de localizaciones candidatas es generado aleatoriamente sobre la rejilla entera de tamaño $M \times M$. La figura 17 a) muestra las 51 localizaciones candidatas generadas aleatoriamente, la figura 17 b) muestra el área cubierta por una de las 51 localizaciones (el nodo negro al centro), y la figura 17 c) muestra el área cubierta cuando las 51 localizaciones están seleccionadas. En los experimentos consideramos estos nodos cubiertos como el 100% de cobertura, es decir, como el área total a cubrir.

Para este modelo, Krishnamachari propone la siguiente función objetivo a utilizar en el algoritmo genético:

$$\text{Minimizar } f = k \frac{nRB}{sr^\beta} \quad (12)$$

donde:

sr = área cubierta / área total.

nRB = número de localizaciones candidatas seleccionadas.

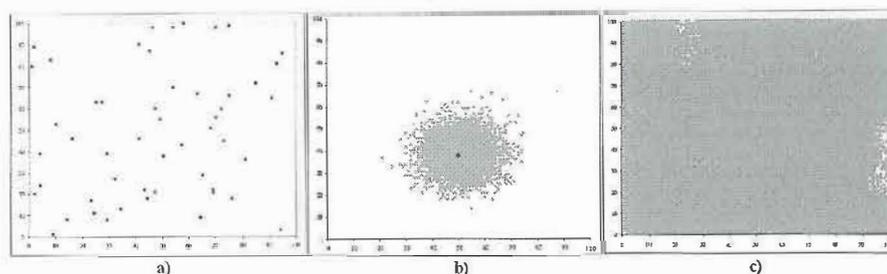


Figura 17: Localizaciones Candidatas de las Radio Bases y Cobertura. a) Generación aleatoria de 51 RB. b) Cobertura de una sola RB. c) Cobertura cuando las 51 localizaciones están seleccionadas (tomada como el 100% de cobertura).

β = parámetro utilizado para favorecer el sr con respecto al nBR .

k = factor de escalamiento.

IV.1.2.1 Modelo B en un escenario CDMA

Muchos de los sistemas celulares actualmente utilizan la tecnología CDMA. Debido a esto, se llevo a cabo un análisis del Modelo B en un escenario que considera las características de la tecnología CDMA. Asimismo, se pretende mostrar que los algoritmos de localización aquí propuestos son de utilidad a la hora de tratar un problema del mundo real.

La principal característica de la tecnología CDMA es que su capacidad está determinada por la interferencia. Entre mayor sea el número de usuarios en el sistema, mayor será el nivel de interferencia. La capacidad del sistema está determinada por el máximo nivel de interferencia que puede tolerar manteniendo los requerimientos de calidad ([Rappaport, 1996], página 422). Las principales características de CDMA son:

- Todos los usuarios comparten la misma frecuencia todo el tiempo.
- Los diferentes canales de comunicación son diferenciados por el código que usan.
- El límite en la capacidad del sistema está establecido por las interferencias.

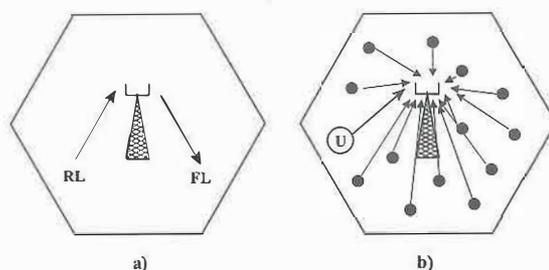


Figura 18: Sistema CDMA. a) Enlace Ascendente (RL) y Descendente (FL). b) Usuario móvil y sus interferentes de la misma celda.

En la figura 18 se muestra un esquema básico de un sistema CDMA. En la figura 18 a) se muestran los dos tipos de enlaces: FL (Forward Link) o enlace descendente, es la señal que va de la radio base al usuario; RL (Reverse Link) o enlace ascendente, es la señal que va del usuario a la radio base. En la figura 18 b) se muestra un usuario móvil (U), así como los interferentes que se encuentran en esa misma celda (círculos negros), los cuales representan a los demás usuarios de esa celda que se encuentran activos en ese momento.

La señal transmitida por el usuario móvil sufre atenuaciones provocadas por factores como la distancia que lo separa de la radio base, la obstrucción de otros elementos y por el canal radio (multitrayectorias). En el escenario considerado aquí, se supone que la señal está sujeta a pérdidas por propagación con un factor $\alpha = 4$. Se supone además, que las pérdidas en dB por obstrucción, también llamado sombreado, están sujetas a una distribución denominada "log-normal" (con media cero y desviación estándar σ), una explicación más amplia de estos parámetros puede encontrarse en ([Rappaport, 1996], página 104). No se tomaron en cuenta pérdidas por multitrayectorias. Se considera además una de las funciones básicas de las terminales móviles, la cual consiste en desactivarse cuando el usuario no se encuentre transmitiendo. Al tiempo que los usuarios se encuentran activos durante la transmisión se le denomina "Factor de Actividad de Voz". Algunos estudios han demostrado que un usuario de voz está activo únicamente

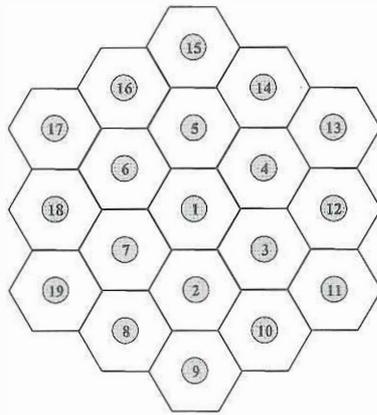


Figura 19: Escenario con 19 celdas hexagonales.

entre el 35% y el 40% del tiempo de la transmisión [Gilhousen *et al.*, 1990]. Debido a esto, se considera un factor de actividad de voz $\beta = 3/8$.

Se considera un escenario con $N = 19$ celdas, cada una de las cuales posee M usuarios distribuidos uniformemente y transmitiendo simultáneamente. En la figura 19 se muestra un conjunto de 19 celdas en forma de hexágonos agrupadas alrededor de una de ellas (celda 1).

Se realizó un análisis de la capacidad del sistema en el enlace ascendente. Para ello, se toma en cuenta lo que se conoce como relación portadora-interferencia C/I . Esta relación representa la potencia con la que recibe una radio base la señal de un usuario móvil, tomando en cuenta a la vez las interferencias de los demás usuarios activos. Se utilizará la ecuación definida en [Gilhousen *et al.*, 1991] para el cálculo de C/I de un usuario k , el cual es servido por la radio base j , la cual considera múltiples celdas en CDMA. A continuación se muestra la ecuación:

$$\left(\frac{C}{I}\right)_{jk} = \frac{Pr_{jk}}{\sum_{i=1}^{M-1} X_{ji} + \sum_{j=2}^N \sum_{i=1}^M X_{ji} \left(\frac{I}{C}\right)_{ji}} \quad (13)$$

en donde Pr_{jk} es la potencia que recibe la radio base j , de la señal del usuario k . Se considerará que la celda en la que está el usuario k es la 1. N es el número de celdas y M

el número de usuarios de cada celda. La variable X_{ij} representa el factor de actividad de voz del usuario i de la celda j , y es una variable aleatoria con distribución

$$X_{ji} = \begin{cases} 1, & \text{con probabilidad } \beta \\ 0, & \text{con probabilidad } 1 - \beta \end{cases} \quad (14)$$

por lo que la sumatoria de $i = 1$ hasta $M - 1$ de esta variable representa el total de interferencias de usuarios que se encuentran en la misma celda que el usuario k . Por otro lado $(I/C)_{ji}$ representa la interferencia que provoca el usuario i de la celda j , por lo que la doble sumatoria de esta variable, representa el total de interferencias de usuarios que se encuentran en las demás celdas. La variable $(I/C)_{ji}$ se define como sigue:

$$\left(\frac{I}{C}\right)_{ji} = \left(\frac{r_m}{r_o}\right)^\alpha 10^{(\varepsilon_o - \varepsilon_m)/10} \quad (15)$$

en donde α representa el factor de pérdidas por propagación. El significado de las variables $r_o = r_o(j, i)$ y $r_m = r_m(j, i)$ se ilustra en la figura 20. U representa al usuario i de la celda j , donde j en este caso es 4. Este usuario se encuentra a una distancia r_m de la radio base que le da servicio, y a una distancia r_o de la radio base que da servicio al usuario al que se le están calculando las interferencias. Además ε_o y ε_m son variables aleatorias gaussianas, con media cero y $\sigma^2 = 8dB$, que representan las pérdidas por sombreado.

Se consideraron los siguientes criterios para medir la capacidad del sistema:

- **Probabilidad de error en el bit (BER¹).** Representa la probabilidad de que se tenga error en la transmisión de un bit. Este criterio nos proporciona información relacionada con las prestaciones o capacidad del sistema CDMA. Se considera que se está trabajando con un canal con ruido aditivo blanco gaussiano, también

¹Bit Error Rate

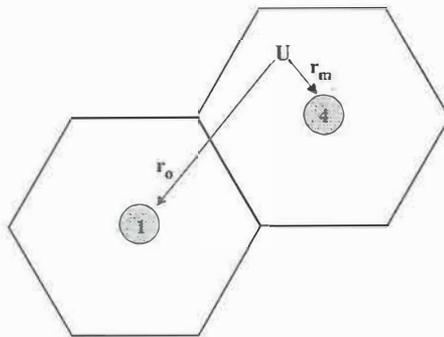


Figura 20: Interferencia de usuarios externos.

llamado AWGN², utilizando control de potencia perfecto y antenas omnidireccionales ([Rappaport, 1996], página 237). Para este escenario la probabilidad de error en el bit está dada por la siguiente expresión:

$$Pb = Q \left(\sqrt{3Gp \frac{C}{I} i} \right) \quad (16)$$

donde $\sqrt{3Gp \frac{C}{I} i} = z$ y la función $Q = \frac{1}{2} \operatorname{erfc} \left(\frac{z}{\sqrt{2}} \right)$.

- **Probabilidad de interrupción (Outage).** En el caso del enlace ascendente en CDMA, ocurre una interrupción cuando todos los usuarios generan una interferencia tal que un usuario móvil no alcance un valor de C/I (o CIR) establecido, llamado nivel de captura. Para el cálculo de la interferencia, se consideran tanto a los usuarios que se encuentran en la misma celda como a los que se encuentran en las demás celdas.

Podemos calcular el *outage* utilizando la siguiente fórmula [Gilhousen *et al.*, 1991]:

$$\text{Outage} = \sum_{k=0}^{M-1} \binom{M-1}{k} \beta^k (1-\beta)^{M-1-k} \cdot Q \left(\frac{\delta - k - E(I/C)}{\sqrt{\operatorname{Var}(I/C)}} \right) \quad (17)$$

²Additive White Gaussian Noise

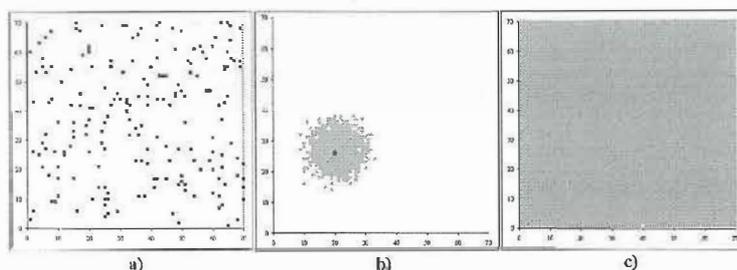


Figura 21: Caso generado utilizando el Modelo B en un escenario CDMA.

El caso utilizando el Modelo B y considerando un escenario CDMA se generó tomando las 19 celdas hexagonales con radio de un kilómetro. Al tener el radio, podemos calcular el área del hexágono con la fórmula $A = (3\sqrt{3}R^2)/2$, donde R es el radio del hexágono. Tenemos entonces que para $R = 1km$, el área de un hexágono es $A = 2.598km^2$. Si definimos a AT como el área total de las 19 celdas, tenemos que el área total a cubrir será de $AT \approx 49km^2$.

Se generó un caso equivalente al de las 19 celdas hexagonales utilizando el Modelo B. Se define una rejilla de tamaño 70x70, en donde cada cuadro de la rejilla mide 100x100 metros, lo que nos da un área total de $49km^2$. Se generaron 200 localizaciones candidatas. La figura 21 a) muestra las 200 localizaciones candidatas generadas aleatoriamente, la figura 21 b) muestra el área cubierta por una de las 200 localizaciones (el nodo negro al centro), y la figura 21 c) muestra el área cubierta cuando las 200 localizaciones están seleccionadas. En los experimentos consideramos estos nodos cubiertos como el 100% de cobertura (área total a cubrir).

A este caso se le va a aplicar el algoritmo genético, utilizando la ecuación (12) como función objetivo. A la mejor solución generada por el algoritmo genético se le realizará el análisis de capacidad, y los resultados se compararán con los obtenidos para el escenario ideal mostrado en la figura 19.

IV.2 Resultados

Comparación de Representaciones

El primer conjunto de experimentos realizados, tuvo como objetivo comparar las dos representaciones del problema en algoritmos genéticos (binaria y entera). Esto, se hizo para casos específicos, utilizando tanto el Modelo A como el Modelo B para la generación de los datos del problema.

Para la representación binaria, se utilizaron los operadores del algoritmo genético canónico. En el caso de la representación entera, se utilizaron operadores especiales (OP1 y PMX), cuyo funcionamiento se describió en el capítulo anterior.

Comparación de Operadores de Cruzamiento

El segundo conjunto de experimentos, tuvo como objetivo comparar diversos operadores de cruzamiento para la representación entera. De nueva cuenta, esto se realizó para casos específicos, utilizando tanto el Modelo A como el Modelo B para la generación de los datos del problema. Para este conjunto de experimentos se utilizó el operador de mutación OP1 descrito en el capítulo anterior. Los operadores de cruzamiento que se compararon, fueron el PMX, PPX, TP y OP, cuyo funcionamiento se describió en el capítulo anterior.

IV.2.1 Resultados de la Comparación de Representaciones en el Modelo A

Para probar el algoritmo con datos generados utilizando el Modelo A, se generaron 3 casos. En la tabla I se muestran las características de esos tres casos. Sobre estos tres casos, se realizaron dos experimentos diferentes. En el primer experimento se fijó la longitud del cromosoma a un máximo de 49, el cual es el valor óptimo de radio bases.

Tabla I: Tres casos generados utilizando el Modelo A

Caso	Área ($M \times M$)	Tamaño de Celda ($Q \times Q$)	Número Óptimo de Celdas
I1	287 x 287	41 x 41	49
I2	217 x 217	31 x 31	49
I3	147 x 147	21 x 21	49

Este experimento solo se realizó utilizando la representación entera. En el segundo experimento se consideró una longitud de cromosoma igual al número de localizaciones candidatas para cada caso.

Para cada experimento, se calculó el valor promedio de la función objetivo, el valor promedio del área cubierta y el valor promedio de localizaciones seleccionadas, sobre un total de 50 corridas. En este conjunto de experimentos, se fijaron las probabilidades de cruzamiento y mutación a 0.6. Se fijó además el número de iteraciones del algoritmo a 1000. El número de individuos utilizado como población fue de 30, y el valor de γ fue 4. Calégari propuso estos valores para las probabilidades de aplicación de los operadores, así como el valor de γ [Calégari, 1999].

En la tabla IV se muestran los valores promedio de la función objetivo obtenidos en estos experimentos y su desviación estándar. La longitud K indica que se fijó la longitud del cromosoma al número óptimo de localizaciones que deben ser seleccionadas (49 para este caso). Mientras que una longitud de K_N indica que se fijó la longitud del cromosoma al número total de localizaciones candidatas (149 para este caso). El valor K no se utilizó con la representación binaria.

Tomando en cuenta que es un problema de maximización, notamos que para K_N el resultado obtenido con la representación entera es mejor que el de la binaria. Y si comparamos el resultado de la codificación entera utilizando K con la binaria utilizando K_N , la diferencia es más notable aún, lo que nos lleva a suponer que si conocemos

Tabla II: Comparación de representaciones en Modelo A. Valores promedio de la F.O. para el caso I1 (Maximización).

Longitud	Representación	Promedio de F.O.	Desviación Estándar (%)
K	Entera	0.0202978	1.19
K_N	Entera	0.0176148	4.86
	Binaria	0.0168669	5.87

Tabla III: Comparación de representaciones en Modelo A. Número promedio de RB para el caso I1 (Minimización).

Longitud	Representación	Promedio de RB	Desviación Estándar (%)
K	Entera	49.0	0.00
K_N	Entera	53.1	3.08
	Binaria	53.7	3.53

el número óptimo de localizaciones que deben ser seleccionadas, es mejor utilizar la representación entera. Pero aun así, si no conocemos ese valor, la representación entera presenta mejores resultados que la binaria con longitudes de cromosoma iguales al total de localizaciones candidatas.

En la tabla III se muestra el número promedio de localizaciones que fueron seleccionadas en los experimentos, así como su desviación estándar. Valores que están acotados por K y K_N , representando estos lo mismo que en la tabla anterior. Para estos valores, notamos que de nueva cuenta la representación entera obtiene mejores valores que la binaria. Siendo esto más notorio al utilizar K como longitud de cromosoma. Para K_N los valores son muy parecidos, siendo sin embargo, mejores los de la representación entera.

En la tabla IV se muestran los resultados obtenidos para la cobertura promedio. De nueva cuenta, se repite el comportamiento presentado para el caso de la función objetivo y el número de radio bases.

Tabla IV: Comparación de representaciones en Modelo A. Promedio de Cobertura para el caso I1 (Maximización).

Longitud	Representación	Cobertura (%)	Desviación Estándar (%)
K	Entera	99.86	0.30
K_N	Entera	98.29	0.68
	Binaria	97.50	0.78

En todos los casos, el desempeño del algoritmo empeora al pasar de K a K_N . Esto se debe a que se tiene una mayor diversidad en la población para K_N debido a la mayor longitud del cromosoma. Debido a ello el algoritmo requiere un mayor número de iteraciones para alcanzar la convergencia.

IV.2.2 Resultados de la Comparación de Representaciones en el Modelo B

Se probó el algoritmo con datos generados utilizando el Modelo B y sobre ese caso se realizaron los experimentos. En todos ellos se consideró una longitud de cromosoma igual al número de localizaciones candidatas.

Para cada experimento, se calculó el valor promedio de la función objetivo, el valor promedio del área cubierta y el valor promedio de localizaciones seleccionadas, sobre un total de 50 corridas. En este conjunto de experimentos, se fijó la probabilidad de cruzamiento a 0.7 y la de mutación a 0.5. Se fijó además el número de iteraciones del algoritmo a 1000. Se utilizaron tres tamaños de población: 10, 30 y 50, respectivamente. El valor de β fue de 3 y el de k fue 10^4 . Krishnamachari propuso estos valores para las probabilidades de aplicación de los operadores, así como el valor de β [Krishnamachari y Wicker, 2000] y el de k .

En la figura 22, se presentan los valores promedio de la función objetivo obtenidos en estos experimentos, así como sus barras de error (desviación estándar). Tomando en

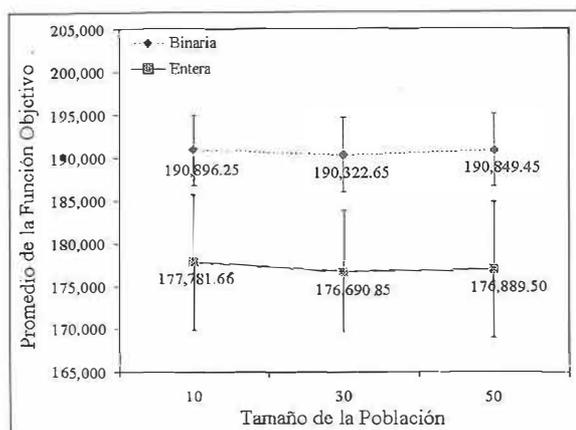


Figura 22: Comparación de representaciones en Modelo B. Valores promedio de la Función Objetivo (Minimización).

cuenta que se trata de un problema de minimización, notamos la clara superioridad de los valores obtenidos al utilizar la representación entera. Superioridad que se manifiesta no solo en los mejores valores promedio, sino también en una menor desviación de los resultados sobre los que se calcularon esos promedios, lo cual habla de la mayor consistencia de los resultados.

En la figura 23 a) se muestran los valores promedio de cobertura obtenidos y en la figura 23 b) se muestra el número promedio de localizaciones candidatas seleccionadas en cada experimento. En estas dos figuras podemos notar que la representación binaria obtiene un menor número de localizaciones que deben ser seleccionadas. Sin embargo, obtiene también la menor cobertura. Por otro lado, con la representación entera se obtienen mejores promedios de cobertura, utilizando casi el mismo número de radio bases (localizaciones candidatas seleccionadas para poner ahí una radio base). Esto explica que en términos de la función objetivo, con la representación entera se obtengan mejores resultados.

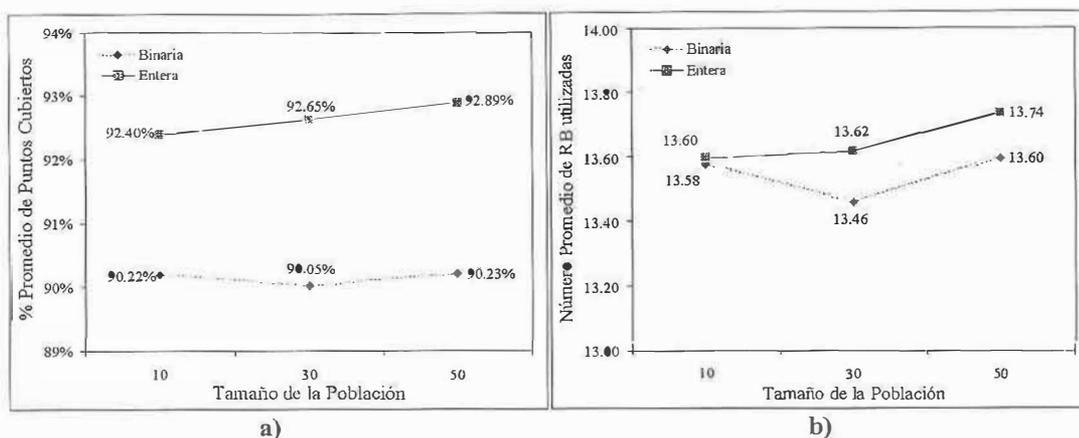


Figura 23: Comparación de representaciones en Modelo B. a) Cobertura Promedio (Maximización) y b) Número promedio de Radio Bases (Minimización).

IV.2.3 Resultados de la Comparación de Operadores de Cruzamiento en el Modelo A

Se realizaron dos experimentos diferentes sobre estos casos. Para el primer experimento la longitud del cromosoma se fijó a 49, siendo éste el número óptimo de radio bases necesarias. En el segundo experimento, se consideró una longitud de cromosoma igual al número de localizaciones posibles. Se estudiaron los cuatro operadores de cruzamiento descritos anteriormente. Se calculó el promedio de la función objetivo, el promedio de la cobertura, y el promedio del número de localizaciones seleccionadas sobre el total de corridas. Se repitió esto para cada experimento. Los valores de los parámetros se establecieron de acuerdo con Calégari [Calégari, 1999].

La tabla V muestra el promedio de la función objetivo para ambos experimentos. K indica una longitud de cromosoma de 49, y K_N un cromosoma de longitud igual al número de localizaciones posibles, 149 en este caso. Podemos ver que para K el operador OP obtiene el peor rendimiento y PPX el mejor. Para K_N el mejor valor objetivo promedio es obtenido por OP, y en desviación estándar es superado por TP y PPX. En la tabla VI vemos que PPX y TP obtienen en promedio una cobertura del

Tabla V: Comparación de operadores en Modelo A. Valores promedio de la Función Objetivo para el caso I1 (Maximización).

Longitud de Cromosoma	Tipo de Cruzamiento	Valor Promedio de la Función Objetivo	Desviación Estándar (%)
K	ppx	0.0204033	0.16
	tp	0.0204001	0.27
	pmx	0.0202978	1.19
	op	0.0194640	3.13
K_N	ppx	0.0164076	4.23
	tp	0.0167186	3.70
	pmx	0.0176148	4.86
	op	0.0184367	4.53

99.99% utilizando 49 radio bases en promedio, siendo estos los mejores operadores para K . Para K_N OP obtiene los mejores resultados con una cobertura promedio de 98.73% utilizando 51.6 radio bases en promedio.

Es notable que para los cuatro operadores el rendimiento del algoritmo empeora al pasar de K a K_N en términos de la función objetivo. Esto puede atribuirse a una mayor diversidad en la población para K_N (cromosoma más largo) y al número de iteraciones necesarias para alcanzar la convergencia. Sin embargo, es claro que los tres primeros operadores (PPX, TP y PMX) son más susceptibles al parámetro de longitud del cromosoma, lo que afecta en gran medida su desempeño. El operador OP resulta ser el menos afectado al disminuir su desempeño en mucha menor proporción que los demás operadores, pasando de ser el de peor desempeño para K a ser el mejor para K_N .

Tabla VI: Comparación de operadores en Modelo A. Cobertura (Maximización) y número promedio de Radio Bases (Minimización) para el caso I1.

Longitud de Cromosoma	Tipo de Cruzamiento	% de Cobertura Promedio	Número Promedio de Radio Bases
K	ppx	99.99	49.0
	tp	99.99	49.0
	pmx	99.86	49.0
	op	98.49	48.4
K_N	ppx	98.20	56.8
	tp	98.35	56.0
	pmx	98.29	53.1
	op	98.73	51.6

IV.2.4 Resultados de la Comparación de Operadores de Cruzamiento en el Modelo B

Se probó el algoritmo con datos generados utilizando el Modelo B y sobre ese caso se realizaron los experimentos. En todos ellos se consideró una longitud de cromosoma igual al número de localizaciones candidatas. Para cada experimento se calculó el valor promedio de la función objetivo, el valor promedio del área cubierta y el valor promedio de localizaciones seleccionadas, sobre un total de 50 corridas. En este conjunto de experimentos, se fijaron los valores de los parámetros de acuerdo a los propuestos en [Krishnamachari y Wicker, 2000].

La figura 24 presenta los valores promedio de la función objetivo sobre 50 corridas, para diferentes tamaños de población, y diferentes operadores de cruzamiento. En este caso, podemos notar una clara superioridad del operador de cruzamiento OP sobre los otros en términos de la optimalidad de la función objetivo, considerando que en este caso estamos hablando de un problema de minimización. En este caso, la superioridad mostrada por el operador OP solo está dada en términos del valor promedio. En la tabla VII se muestran de nuevo los valores promedio de la función objetivo, pero

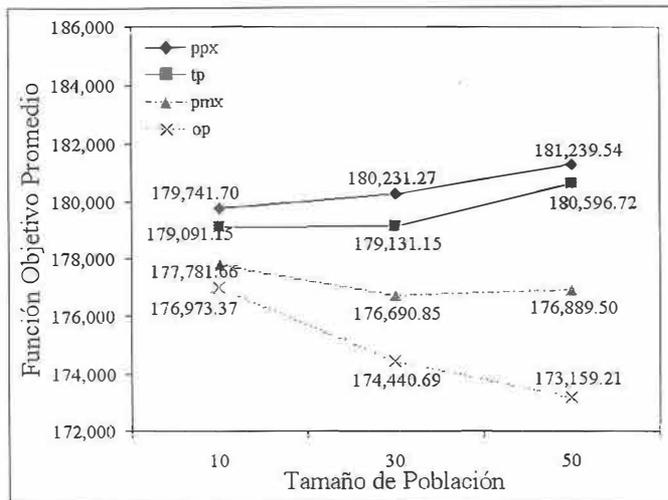


Figura 24: Comparación de operadores en Modelo B. Valores promedio de la Función Objetivo (Minimización).

se agrega la desviación estándar de cada muestra. Es fácil notar que si se toma en cuenta la desviación estándar, los rangos de los valores obtenidos se traslapan. Sin embargo, podemos notar también, que el operador OP no solo obtiene los mejores valores promedio, también obtiene los menores valores de desviación estándar, lo que nos indica que sus resultados son más consistentes ya que son menos variables.

La figura 25 a) muestra la cobertura promedio, aquí OP obtiene el mejor resultado para una población de 30 y es superado por TP para poblaciones de 10 y 50 individuos (maximización). En la figura 25 b) se muestra el promedio del número de RB seleccionadas, en este caso, OP obtiene los mejores resultados siendo superado por PMX para una población de 10 (minimización).

La figura 26 muestra una solución sub-óptima de 13 radio bases y una cobertura de 92.33% obtenida con el operador de cruzamiento OP.

Tabla VII: Comparación de operadores en Modelo B. Valores promedio de la Función Objetivo (Minimización).

Tamaño de Población	Tipo de Cruzamiento	Valor Promedio de la Función Objetivo	Desviación Estándar (%)
10	ppx	179,741.70	3.01
	tp	179,091.15	2.14
	pmx	177,781.66	2.29
	op	176,973.37	1.84
20	ppx	180,231.27	2.73
	tp	179,131.15	2.63
	pmx	176,690.85	2.40
	op	174,440.69	1.47
30	ppx	181,239.54	2.79
	tp	180,596.72	2.49
	pmx	176,889.50	2.35
	op	173,159.21	1.43

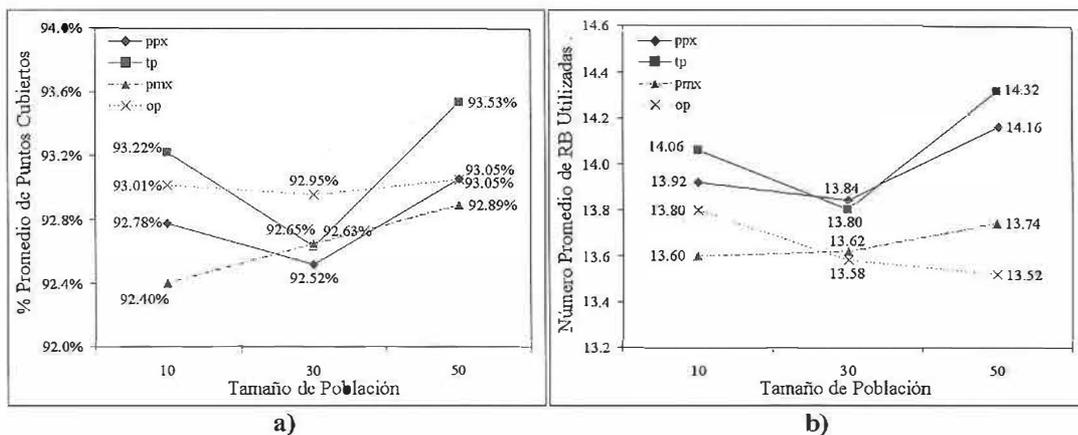


Figura 25: Comparación de Operadores en Modelo B. a) Cobertura Promedio (Maximización) y b) Número promedio de Radio Bases (Minimización).

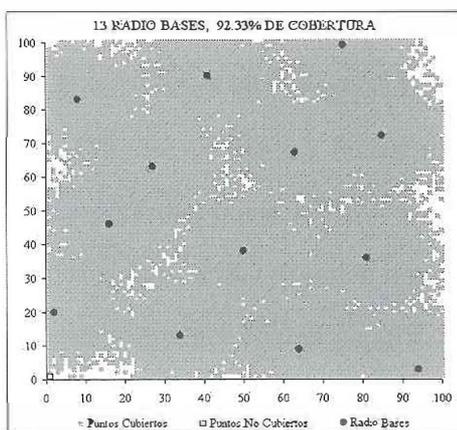


Figura 26: Solución sub-óptima con 13 Radio Bases. Cobertura de 92.33%. Cruzamiento OP.

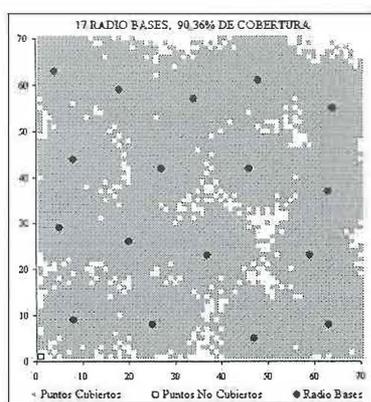


Figura 27: Solución sub-óptima con 17 Radio Bases. Cobertura de 90.36%.

IV.2.5 Capacidad del sistema para el escenario de CDMA

Se tomó el escenario CDMA generado con el Modelo B y se le aplicó el algoritmo genético. Se utilizó la representación entera y se usó como función objetivo la ecuación (12). En la figura 27 se muestra una solución sub-óptima con 17 radio bases y una cobertura de 90.36%. A esta solución se le realizó el análisis de capacidad del sistema.

Para realizar el análisis de la capacidad del sistema, se tomó la solución sub-óptima obtenida por el algoritmo genético y sobre ella se realizó una simulación. Se generaron 4000 muestras de la ecuación (13), se utilizó un factor de pérdidas por propagación $\alpha = 4$, un valor $\sigma^2 = 8$ para las pérdidas por sombreado, y un factor de actividad de voz $\beta = \frac{3}{8}$. Un total de $M \times N$ usuarios fueron distribuidos uniformemente en toda el área a cubrir, siendo M el número de usuarios por celdas (se utilizó 28,30,32,34,36,38,40,42,44 y 46) y N el número de celdas (se tomó el número de celdas del caso ideal, 19). Se realizó además, el mismo análisis de capacidad para el escenario de 19 celdas hexagonales que se muestra en la figura 19. Se generaron el mismo número de muestras de la ecuación (13) y se utilizaron los mismos valores de los parámetros α , σ^2 y β . Se generaron M usuarios distribuidos uniformemente en cada celda (utilizando los mismos valores de M que en el caso anterior).

En la figura 28, se muestran los valores de BER obtenidos para el escenario ideal de 19 celdas hexagonales, y para la solución sub-óptima de 17 celdas generada con el algoritmo genético. Se observa en ambos casos que, para todos los números de usuarios para los cuales se realizó la simulación, se obtuvo un valor de $BER < 10^{-3}$, necesario para garantizar la calidad en los enlaces de voz [Gilhousen *et al.*, 1991].

En la figura 29, se muestran los valores de *Outage* obtenidos para el escenario ideal de 19 celdas hexagonales y para la solución sub-óptima de 17 celdas generada con el algoritmo genético. Se observa que para garantizar un valor de $Outage \leq 10^{-2}$, valor que suele recomendarse [Gilhousen *et al.*, 1991], se debe manejar un máximo de 32 a 34 usuarios por celda en el caso ideal y un máximo de 34 a 36 usuarios en el caso generado con el algoritmo genético.

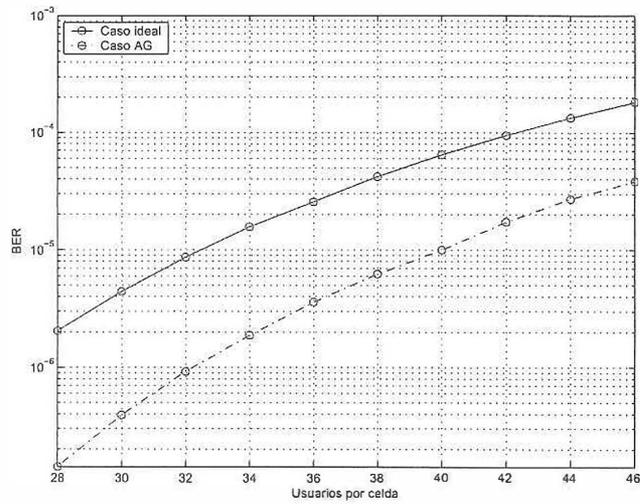


Figura 28: Valores de BER obtenidos.

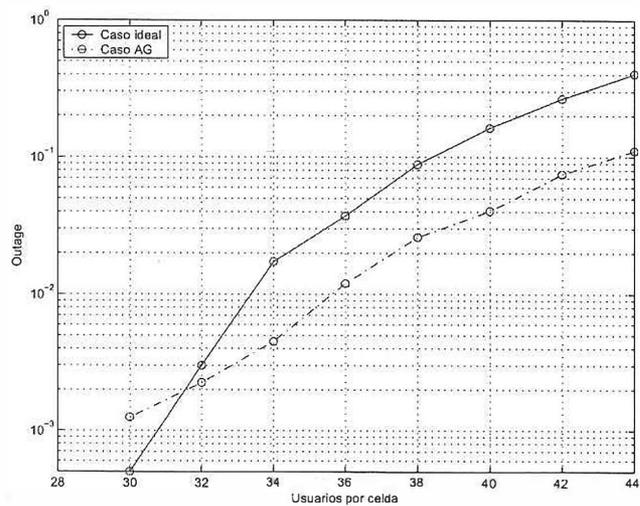


Figura 29: Valores de *Outage* obtenidos.

Dados estos resultados podemos notar que la solución generada por el algoritmo genético arroja buenos resultados para los criterios utilizados para realizar el análisis de capacidad del sistema. La diferencia está determinada por la cobertura total de cada caso. Mientras que el caso ideal supone una cobertura del 100%, en el caso generado con el Modelo B se alcanza a obtener una cobertura de 90.36. Esto no minimiza los resultados obtenidos por este último, ya que en él se consideran restricciones de la problemática real, mientras que en el caso ideal no, restricciones referentes a la localización de las radio bases, además de la forma de las celdas. Además, se optimiza el número de radio bases tomando en cuenta esas restricciones. El caso ideal solo es óptimo para condiciones ideales como localizaciones candidatas en toda el área a cubrir (subconjunto de \mathbb{R}^2) y áreas de cobertura hexagonales. Por todo esto, podemos decir que se obtuvieron resultados aceptables que pueden ser útiles en la planificación celular considerando escenarios de CDMA como el planteado aquí.

En general, podemos decir que los resultados obtenidos por el algoritmo genético fueron alentadores, no solo para el caso de los modelos sencillos del problema, sino también en el caso en que se consideraron restricciones más apegadas a la realidad. Además, podemos mencionar que los mejores resultados se obtuvieron utilizando la representación del problema propuesta en este trabajo, y utilizando la modificación de los operadores propuesta también aquí.

Estos resultados motivan a considerar en los modelos aquí analizados los parámetros de las diferentes tecnologías actuales de sistemas celulares, lo cual no parece presentar demasiada dificultad en principio. Sin embargo, ese trabajo queda fuera de los alcances de esta tesis. Otra motivación que surge, es el analizar el comportamiento del algoritmo genético, en aras de explicar el mejor desempeño obtenido por la representación propuesta aquí. En el siguiente capítulo se realiza un análisis al respecto.

Capítulo V

Análisis del comportamiento del AG

En este capítulo se presenta el análisis del comportamiento del algoritmo genético. Esto, con el objeto de explicar los resultados obtenidos, o por lo menos formular las hipótesis que nos ayuden a dar dicha explicación.

Para analizar el comportamiento del algoritmo, se decidió iniciar por los operadores de mutación. Se analiza el operador de mutación del algoritmo genético canónico para la representación binaria, y el operador OP1 para la representación entera (ver sección 3 del capítulo 4). Se definen vecindades para los operadores de mutación utilizados en el algoritmo genético, con representación binaria y entera del problema de Localización de Radio Bases.

Empezaremos definiendo lo que es una vecindad, tomando como base el trabajo de Jones presentado en su tesis doctoral [Jones, 1995]. Sea \mathbf{S} el conjunto de soluciones al problema, $\mathbf{s} \in \mathbf{S}$ una solución al problema. Sea ϕ un operador que modifica una solución $\mathbf{s} \in \mathbf{S}$, y da como resultado otra solución $\mathbf{s}' \in \mathbf{S}$ con una probabilidad denotada por $P_\phi(\mathbf{s}, \mathbf{s}') \in [0, 1]$. El vecindario de \mathbf{s} utilizando el operador ϕ , denotado por $V_\phi(\mathbf{s})$, es el conjunto de soluciones de \mathbf{S} que pueden generarse aplicándole a \mathbf{s} el operador ϕ una vez. Es decir, que el vecindario de \mathbf{s} estará formado por todas aquellas soluciones $\mathbf{s}' \in \mathbf{S}$ que cumplan con la condición $P_\phi(\mathbf{s}, \mathbf{s}') > 0$. Dado esto, podemos denotar el vecindario de \mathbf{s} de la siguiente forma: $V_\phi(\mathbf{s}) = \{\mathbf{s}' \in \mathbf{S} | \mathbf{s}' = \phi(\mathbf{s}), P_\phi(\mathbf{s}, \mathbf{s}') > 0\}$.

Una vez definida la vecindad, definiremos ahora lo que son los vecinos comunes. Sean $\mathbf{s}, \mathbf{s}' \in \mathbf{S}$, sea ϕ un operador que modifica a $\mathbf{s} \in \mathbf{S}$, y da como resultado $\mathbf{s}' \in \mathbf{S}$ con una probabilidad denotada por $P_\phi(\mathbf{s}, \mathbf{s}') \in [0, 1]$. Los vecinos comunes entre \mathbf{s}

y s' , $VC_\phi(s, s')$, son aquellos elementos que pertenecen a $V_\phi(s)$ y a $V_\phi(s')$. Esto es, $VC_\phi(s, s') = \{w \in \mathbf{S} | w \in V_\phi(s) \cap V_\phi(s')\}$. Podemos notar que dichos $w \in \mathbf{S}$ deben satisfacer que $P_\phi(s, w) > 0$ y $P_\phi(s', w) > 0$.

Para fines prácticos, consideraremos que la probabilidad de aplicar el operador ϕ a una solución s , dando como resultado la misma solución s es cero. Lo que es lo mismo, $P_\phi(s, s) = 0$. Esto implica que una solución no es vecina de si misma. Lo que nos lleva a decir que si tenemos dos soluciones vecinas s y s' , ellas no están incluidas en el conjunto $VC_\phi(s, s')$.

V.1 Vecindad Binaria

En la representación binaria, cada solución está codificada en cromosomas cuyos genes solo toman valores de cero o uno. El operador de mutación utilizado en esta representación cambia un bit de cero a uno y viceversa. En esta representación, un valor de uno en el gene i , indica que la localización candidata i está seleccionada, y un cero indica que no lo está.

Si definimos a ϕ como el operador de mutación en la representación binaria, podemos definir la vecindad de una solución en esa representación. La vecindad de una solución s estaría representada por el conjunto de soluciones cuyos genes poseen los mismos valores que los genes de s , excepto en uno de ellos. A continuación se define formalmente dicha vecindad.

Sea \mathbf{S} el conjunto de soluciones al problema de LRB utilizando la representación binaria. Sea ϕ el operador de mutación utilizado en esta representación, sea $s \in \mathbf{S}$ una solución al problema, y N el número de localizaciones candidatas. Tenemos que cada solución $s \in \mathbf{S}$ está representada por un vector de N dígitos binarios. Por lo tanto, aplicando el operador ϕ una sola vez a s se puede obtener N diferentes soluciones. Lo

difieren entre si en dos bits. Es decir, sean $s', s'' \in V_\phi(s)$, cada una difiere de s en un bit (un bit diferente cada una), por lo que entre ellas difieren en dos bits. Si construimos el vecindario de s' , cada solución $w \in V_\phi(s')$ será diferente a s'' en al menos un bit, ya que el operador ϕ solo modifica un bit para generar los vecinos. Por todo esto decimos que s y s' no poseen vecinos en común.

La falta de vecinos comunes entre una solución s y otra $s' \in V_\phi(s)$, nos indica que cada solución $w \in V_\phi(s')$ representa un punto en el espacio de búsqueda que no fue explorado en la generación de $V_\phi(s)$. Sin embargo, esto no necesariamente implica que dado una $w \in V_\phi(s')$ no exista una $w' \in V_\phi(w)$ que pertenezca también a $V_\phi(s)$. Este conocimiento nos servirá al momento de experimentar con diferentes estrategias de búsqueda entre vecindarios, para tratar de explicar su comportamiento.

V.2 Vecindad Entera

En la representación entera, cada solución está codificada en cromosomas cuyos genes toman valores enteros en el rango $1, \dots, N$, siendo N el número de localizaciones candidatas. Cada valor de gene, indica el número de localización que está seleccionada a través de ese gene. En esta representación no están permitidos valores repetidos, exceptuando el valor cero, el cual indica que con el valor de ese gene no se está seleccionando localización alguna.

Si definimos al operador ϕ como el operador de mutación en la representación entera, podemos definir la vecindad de una solución en esa representación. La vecindad de una solución s estaría representada por el conjunto de soluciones cuyos genes poseen los mismos valores que los genes de s , excepto en uno de ellos. A continuación se define formalmente dicha vecindad.

Sea S el conjunto de soluciones al problema de LRB utilizando la representación

entera. Sea ϕ el operador de mutación utilizado en esa representación, $\mathbf{s} \in \mathbf{S}$ una solución al problema, y N el número de localizaciones candidatas y la longitud del cromosoma que se está utilizando. Sea K el número de genes de la solución \mathbf{s} con valor diferente de cero, *i.e.* las localizaciones candidatas seleccionadas. Tenemos entonces $N - K$ genes con valor cero y por ende el mismo número de localizaciones candidatas que no están seleccionadas.

En esta representación, el operador ϕ puede realizar el cambio de valor a un gene que posea un cero o a uno que posea otro valor. En el caso que el cambio se realice en un gene que tenga un cero, no importa cual de los $N - K$ genes sea el que cambia, ya que asignar el mismo valor a cualquiera de ellos representa la misma solución al problema. Por esto, para generar la vecindad en esta representación consideraremos cambios en los K genes con valor diferente de cero, y si existen genes con valor cero, consideramos uno de ellos, para un total de $K + 1$ genes a los que puede cambiarse su valor .

Los cambios que se pueden realizar son los siguientes:

- A cada gene susceptible de ser modificado podemos asignarle cualquiera de los $N - K$ valores que no se encuentran actualmente en el cromosoma.
- A cada uno de los K genes con valor diferente de cero podemos asignarle un cero.

Dado esto, tenemos dos casos: cuando $K = N$ y cuando $K < N$. En el primero, tenemos que podemos realizar $K(N - K)$ cambios del primer tipo, y K cambios del segundo tipo. Debido a que $K = N$, solo pueden realizarse cambios del segundo tipo, así que una solución en la que todos sus genes tengan valores diferentes de cero, tendrá N vecinos. Es decir, para $K = N$, $|V_{\phi}(\mathbf{s})| = N$.

En el segundo caso, tenemos que podemos realizar $(K + 1)(N - K)$ cambios del primer tipo, y K cambios del segundo tipo. En total tenemos $(K + 1)(N - K) + K$ cambios, o lo que es lo mismo $KN + N - K^2$ vecinos para una solución dada. Es decir,

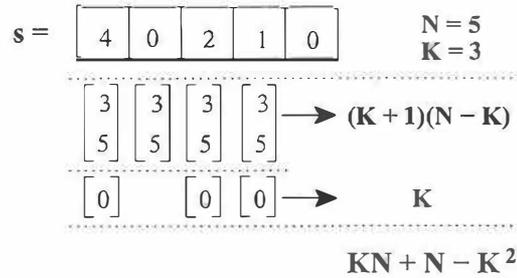


Figura 31: Vecindad Entera.

para $K < N$, tenemos que $|V_\phi(\mathbf{s})| = KN + N - K^2$. Nótese que la fórmula $KN + N - K^2$ también aplica para el caso especial en que $K = N$, por lo que en adelante se utilizará en todos los casos.

En la figura 31, se muestra un ejemplo de vecindad entera, de una solución \mathbf{s} . Cada valor debajo de los genes de \mathbf{s} representa un posible cambio que genera una solución vecina. Podemos observar gráficamente de donde salen los $(K + 1)(N - K)$ cambios, así como los K restantes, tal como se explicó en el párrafo anterior. Dando un total de $KN + N - K^2$ cambios posibles y por ende el mismo número de vecinos para \mathbf{s} . Tomando en cuenta que en este ejemplo $N = 5$ y $K = 3$, tenemos $(3 * 5) + 5 - 3^2 = 11$ vecinos.

Cabe destacar que la vecindad entera de una solución, incluye a la vecindad binaria de la solución equivalente. Es decir, si tenemos la solución $s_E = \{4\ 0\ 2\ 1\ 0\}$ en representación entera, y su equivalente en representación binaria $s_B = \{1\ 1\ 0\ 1\ 0\}$. Sea ϕ_E el operador de mutación para la representación entera y ϕ_B el operador de mutación para la binaria. Tenemos que $V_{\phi_B}(s_B) \subseteq V_{\phi_E}(s_E)$. Esto se prueba recordando que el vecindario binario siempre tiene cardinalidad N , siendo N el número de localizaciones candidatas. Cada una de esas N soluciones vecinas, están determinadas por los N cambios de un bit que pueden realizarse, y cada cambio representa, en esencia, el seleccionar una localización que no está seleccionada o el realizar el proceso inverso. La vecindad entera contiene todos esos cambios, lo cual es fácil de observar en la figura 31.

El agregar cualquiera de los $N - K$ valores que no se encuentran en el cromosoma a un gene que actualmente posea un cero, equivale a seleccionar cada una de las $N - K$ localizaciones que no están seleccionadas. Por otro lado, el asignar un cero a cualquiera de los K genes que poseen un valor diferente de cero equivale a dejar de seleccionar cada una de las K localizaciones que se encuentran seleccionadas actualmente. Utilizando estos cambios, tenemos en total $N - K + K = N$ vecinos, los cuales, son equivalentes a los generados por la vecindad binaria. Dado esto, se puede intuir que el operador de mutación de la representación entera permite salir de óptimos locales en los que la mutación de la representación binaria se quedaría estancada. Esto nos lleva a plantear la siguiente conjetura.

Conjetura 1. Una vecindad, definida sobre un problema que pertenece a la clase NP-completa, mejora a todas aquellas vecindades que representan un subconjunto de ella, es decir, que están contenidas en ella.

V.2.1 Vecinos enteros comunes

Sea \mathbf{s} una solución al problema de LRB en la representación entera, con N genes, \mathbf{s} tiene $KN + N - K^2$ vecinos. Sea $\mathbf{s}' \in V_\phi(\mathbf{s})$, y sea K' el número de genes en \mathbf{s}' con valor diferente de cero, analizaremos los vecinos en común entre \mathbf{s} y \mathbf{s}' considerando los siguientes casos:

- $K = K'$. Este caso ocurre cuando el gene en el que difieren \mathbf{s} y \mathbf{s}' posee un valor diferente de cero en ambos. Los vecinos comunes en este caso están determinados por los cambios que pueden realizarse en el gene en el que difieren las dos soluciones. Se tiene que se puede asignar a ese gene cualquiera de los valores no cero que no se encuentren en ninguna de las dos soluciones ($N - K - 1$) más el valor cero ($N - K - 1 + 1 = N - K$). Dado esto, tenemos que, para este caso, \mathbf{s} y \mathbf{s}'

poseen $N - K$ vecinos comunes. Esto queda denotado por $|VC_\phi(\mathbf{s}, \mathbf{s}')| = N - K$.

Es evidente que lo mismo aplica utilizando K' debido a la suposición inicial de este caso.

- $K > K'$. Este caso ocurre cuando el gene en el cual difieren \mathbf{s} y \mathbf{s}' , en \mathbf{s} es diferente de cero y en \mathbf{s}' es cero. De nueva cuenta, los vecinos comunes están determinados por los cambios que pueden realizarse en el gene en el cual difieren las dos soluciones. Debido a que la solución \mathbf{s} posee todos los K' valores diferentes a cero de \mathbf{s}' más uno ($K = K' + 1$), el número de valores no cero que pueden asignarse al gene en que difieren es $N - K$. En este caso no se asigna el valor cero, ya que una de las soluciones ya posee ese valor en ese gene. Dado esto, tenemos que, para este caso, \mathbf{s} y \mathbf{s}' poseen $N - K$ vecinos comunes, $|VC_\phi(\mathbf{s}, \mathbf{s}')| = N - K$.
- $K < K'$. Este caso es el inverso del anterior, y ocurre cuando el gene en el cual difieren \mathbf{s} y \mathbf{s}' , en \mathbf{s} es cero y en \mathbf{s}' es diferente de cero. En este caso, aplica el mismo análisis que en el anterior, solo que aquí es la solución \mathbf{s}' la que posee todos los valores diferentes a cero de \mathbf{s} más uno ($K' = K + 1$). Por lo que, para este caso, \mathbf{s} y \mathbf{s}' poseen $N - K'$ vecinos comunes, $|VC_\phi(\mathbf{s}, \mathbf{s}')| = N - K'$.

Podemos notar que en cada uno de los tres casos anteriores, el número de vecinos comunes entre \mathbf{s} y \mathbf{s}' está dado por N menos el valor mayor entre K y K' , siendo $K = K'$ un caso especial. Se puede entonces generalizar el número de vecinos comunes entre \mathbf{s} y \mathbf{s}' y decir que poseen $N - \max\{K, K'\}$. Quedando denotado como $|VC_\phi(\mathbf{s}, \mathbf{s}')| = N - \max\{K, K'\}$.

El valor máximo que puede tomar $\max\{K, K'\}$ es N , mientras que el mínimo es 1. Cuando $\max\{K, K'\} = N$, no existen vecinos comunes entre \mathbf{s} y \mathbf{s}' . Mientras que cuando $\max\{K, K'\} = 1$, existe el máximo número posible de vecinos comunes entre \mathbf{s} y \mathbf{s}' , $|VC_\phi(\mathbf{s}, \mathbf{s}')| = N - 1$. Para este último caso, tenemos que $|VC_\phi(\mathbf{s}, \mathbf{s}')| =$

$N - 1$, y que $|V_\phi(\mathbf{s}) \cup V_\phi(\mathbf{s}')| = |V_\phi(\mathbf{s})| + |V_\phi(\mathbf{s}')| - |V_\phi(\mathbf{s}) \cap V_\phi(\mathbf{s}')|$, o lo que es lo mismo $(KN + N - K^2) + (K'N + N - K'^2) - (N - 1)$. Entonces la proporción que guardan los vecinos comunes entre \mathbf{s} y \mathbf{s}' con respecto a la unión de sus vecinos es a lo más

$$\frac{N - 1}{2N + KN + K'N - K^2 - K'^2} \quad (18)$$

Sabemos que para este caso $\max\{K, K'\} = 1$, lo que quiere decir que entre K y K' al menos una tiene el valor de uno, mientras que la otra puede tener cero o uno. El caso en que se maximiza la proporción es cuando entre K y K' existe una con valor cero. Suponemos $K = 1$ y $K' = 0$, tenemos entonces que la relación queda

$$\frac{N - 1}{3N - 1} \quad (19)$$

Esto nos indica el máximo de puntos en el espacio de búsqueda que se están explorando de forma redundante entre los vecindarios de \mathbf{s} y \mathbf{s}' , el cual es menor a la tercera parte.

El que existan vecinos comunes entre una solución \mathbf{s} y otra $\mathbf{s}' \in V_\phi(\mathbf{s})$ indica que un subconjunto de las soluciones en $V_\phi(\mathbf{s}')$, representan puntos en el espacio de búsqueda que ya fueron explorados en la generación de $V_\phi(\mathbf{s})$. Este conocimiento nos servirá al momento de experimentar con diferentes estrategias de búsqueda entre vecindarios, para tratar de explicar su comportamiento.

En la figura 32 se muestra un ejemplo de los vecinos comunes entre dos soluciones vecinas \mathbf{s} y \mathbf{s}' . Tomando en cuenta que para este caso $N = 5$, $K = 3$ y $K' = 2$, tenemos $5 - \max\{3, 2\} = 2$ vecinos comunes entre \mathbf{s} y \mathbf{s}' .

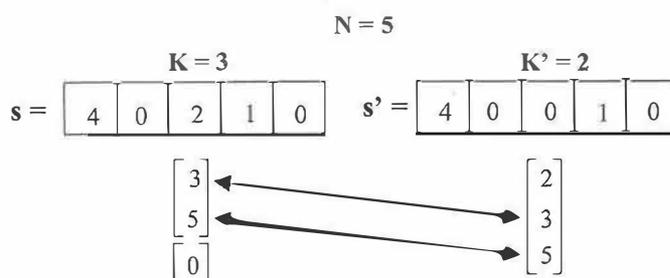


Figura 32: Vecinos Enteros Comunes.

V.3 Experimentos

V.3.1 Análisis de Vecindades

Se generaron aleatoriamente 50 soluciones para cada combinación entre los modelos del problema y las representaciones del mismo (Modelo A-Binaria, Modelo A-Entera, Modelo B-Binaria y Modelo B-Entera), dando un total de 4 conjuntos de 50 soluciones cada uno. Para cada conjunto de soluciones se realizaron los siguientes experimentos utilizando los conceptos de vecindad, en los cuales se realizaron los siguientes movimientos.

Mejor Vecino: En este experimento, se toma una de las soluciones generadas aleatoriamente \mathbf{s} . Se generan todos los vecinos de esta solución utilizando el operador que corresponda a su representación. Es decir, se genera el conjunto $V_\phi(\mathbf{s})$ que representa a la vecindad de la solución \mathbf{s} , en donde ϕ es el operador de mutación que corresponde a la representación utilizada en esta solución. Del conjunto de vecinos generado, se toma aquel que posea el mejor valor de función objetivo que corresponda a su modelo del problema. Con esta nueva solución se reemplaza a la solución original.

Primer Mejor Vecino: En este análisis, se tomó una de las soluciones generadas aleatoriamente \mathbf{s} . Se generan uno a uno los vecinos de esa solución, usando el operador de mutación, ϕ , correspondiente. Si la solución vecina generada, \mathbf{s}' posee una mejor función objetivo que la solución original \mathbf{s} , se reemplaza con ella a la original. Se repite

el proceso hasta que se encuentre una mejor solución que la original o hasta que se termine de explorar la vecindad $V_\phi(\mathbf{s})$.

Vecino Aleatorio: En este análisis, se tomó también una de las soluciones generadas aleatoriamente \mathbf{s} . Se aplicó el operador de mutación ϕ , correspondiente al tipo de representación. Si la solución generada posee un mejor valor de función objetivo, se reemplaza con ella a la original. De no ser así, se aplica de nuevo el operador de mutación a la solución original. Se repite el proceso hasta que se encuentre una mejor solución o hasta que el número de repeticiones sea igual al número de vecinos de la solución $|V_\phi(\mathbf{s})|$.

En los tres experimentos, cada proceso se repitió hasta que no se pudo encontrar un vecino mejor que la solución actual, o se alcanzó un número determinado de iteraciones (100 para este conjunto de experimentos). Esto se realizó para cada una de las 50 soluciones, de cada uno de los cuatro conjuntos de soluciones descritos anteriormente.

V.3.2 Cálculo de la correlación

Además de los experimentos descritos anteriormente se realizó un análisis de la correlación existente entre un conjunto de soluciones generadas por los operadores de mutación. Se tomaron los 4 conjuntos de 50 soluciones utilizados en el análisis de la vecindad. A cada solución de esos conjuntos, se les aplicó el operador de mutación correspondiente, reemplazando la solución original con la resultante. Se repitió esto 100,000 veces. Para cada uno de estos conjuntos de datos se calcula la correlación [Mattfeld, 1999]:

$$\rho(h) = \frac{\frac{1}{l-h} \sum_{t=1}^{l-h} (f_t - \bar{f})(f_{t+h} - \bar{f})}{\frac{1}{l} \sum_{t=1}^l (f_t - \bar{f})^2} \quad (20)$$

Donde l es el número de veces que fue aplicado el operador y $h < l$. La longitud h^* para la cual podemos observar correlación en los datos es llamada la longitud

de correlación. Algunos estudios muestran que si la longitud de correlación no puede determinarse analíticamente, puede adoptarse el valor de h^* tal que $\rho(h^*) = 1/2$ [Manderick *et al.*, 1991]. En este experimento se hizo $h = 1, \dots, 1000$ y se verificó la h^* para cada caso. Entre menor sea la longitud de correlación de los datos, se considera que el problema es más complejo [Mattfeld, 1999].

V.4 Resultados

V.4.1 Mejor Vecino

En la tabla VIII se muestran los resultados obtenidos utilizando el Mejor Vecino para el Modelo A. En la figura 33 a) se muestra la gráfica del promedio de la función objetivo obtenida. En ella podemos notar que con la representación entera se obtienen mejores resultados. En la figura 33 b) se muestra el resultado de restarle a la función objetivo obtenida con la representación binaria la obtenida con la representación entera, esto para cada una de las 50 soluciones. Podemos notar que todos los valores resultantes son menores que cero, lo cual indica que siempre el valor obtenido con la entera fue mayor al de la binaria, es decir, mejor ya que se trata de un problema de maximización. Podemos notar también que utilizando la representación binaria, las 50 corridas llegan al valor de la función objetivo 0.020408, que para este caso es el óptimo. El que se llegue siempre al óptimo al utilizar este movimiento, que representa una simple búsqueda local, en el que el tamaño de la vecindad es una función polinomial del número de localizaciones candidatas (calculado en la sección V.2), nos lleva a plantear la siguiente conjetura.

Conjetura 2. El Modelo A se puede resolver en tiempo polinomial.

En la tabla IX se muestran los resultados obtenidos utilizando el Mejor Vecino para el Modelo B. En la figura 34 a) se muestra la gráfica del promedio de la F.O. obtenida. En ella podemos notar que con la representación entera se obtienen mejores resultados.

Tabla VIII: Modelo A - Mejor Vecino

Representación	FO Inicial	FO Final	Desv. Est.
Binaria	0.006784	0.017649	5.68%
Entera	0.006784	0.020408	0.00%

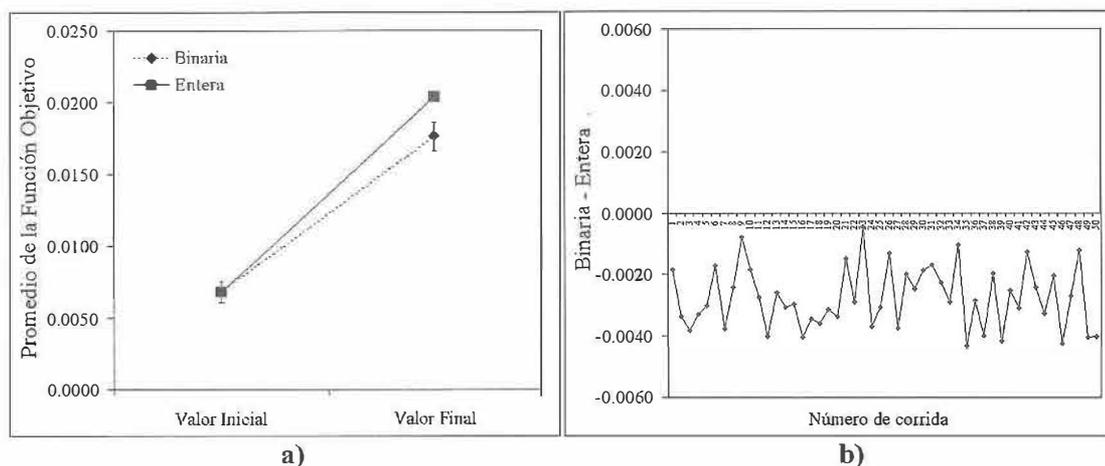


Figura 33: Modelo A - Mejor Vecino.

En la figura 34 b) se muestra el resultado de restarle a la función objetivo obtenida con la representación binaria la obtenida con la representación entera, esto para cada una de las 50 soluciones. Podemos notar que todos los valores resultantes son mayores que cero, lo cual indica que siempre el valor obtenido con la entera fue menor al de la binaria, es decir, mejor ya que se trata de un problema de minimización.

Tabla IX: Modelo B - Mejor Vecino

Representación	FO Inicial	FO Final	Desv. Est.
Binaria	330,387.52	183,809.51	3.42%
Entera	330,387.52	173,197.74	1.18%

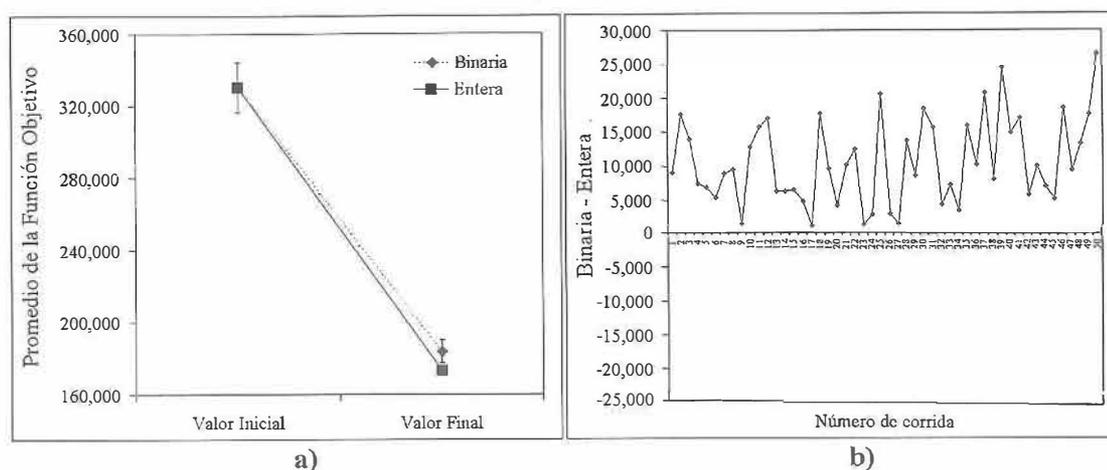


Figura 34: Modelo B - Mejor Vecino.

V.4.2 Primer Mejor Vecino

En la figura 35 se muestran los resultados obtenidos utilizando el Primer Mejor Vecino para el Modelo A. En la figura 35 a) se muestra la gráfica del promedio de la F.O. obtenida. En ella podemos notar que con la representación entera se obtienen mejores resultados. En la figura 35 b) se muestra el resultado de restarle a la función objetivo obtenida con la representación binaria la obtenida con la representación entera, esto para cada una de las 50 soluciones. Podemos notar que todos los valores resultantes son menores que cero, lo cual indica que siempre el valor obtenido con la entera fue mayor al de la binaria, es decir, mejor ya que se trata de un problema de maximización.

En la figura 36 se muestran los resultados obtenidos utilizando el Primer Mejor Vecino para el Modelo B. En la figura 36 a) se muestra la gráfica del promedio de la F.O. obtenida. En ella podemos notar que con la representación entera se obtienen mejores resultados. En la figura 36 b) se muestra el resultado de restarle a la función objetivo obtenida con la representación binaria la obtenida con la representación entera, esto para cada una de las 50 soluciones. Podemos notar que todos los valores resultantes son mayores que cero, lo cual indica que siempre el valor obtenido con la entera fue

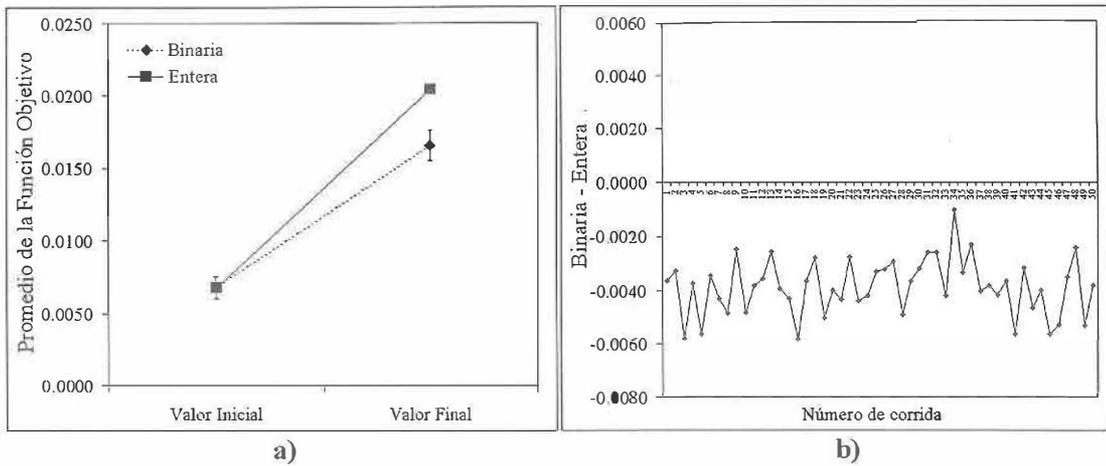


Figura 35: Modelo A - Primer Mejor Vecino.

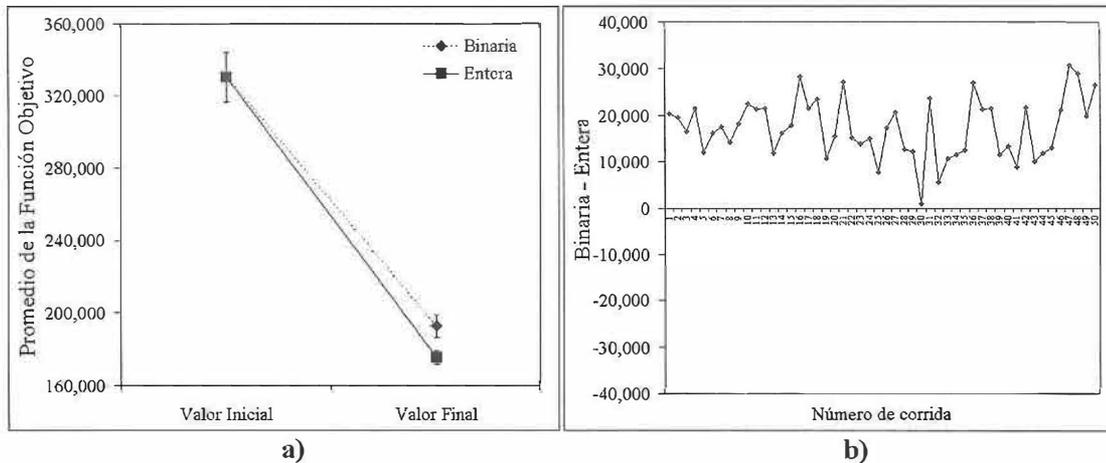


Figura 36: Modelo B - Primer Mejor Vecino.

menor al de la binaria, es decir, mejor ya que se trata de un problema de minimización.

V.4.3 Vecino Aleatorio

En la figura 37 se muestran los resultados obtenidos utilizando el Vecino Aleatorio para el Modelo A. En la figura 37 a) se muestra la gráfica del promedio de la F.O. obtenida. En ella podemos notar que con la representación entera se obtienen mejores resultados. En la figura 37 b) se muestra el resultado de restarle a la función objetivo obtenida

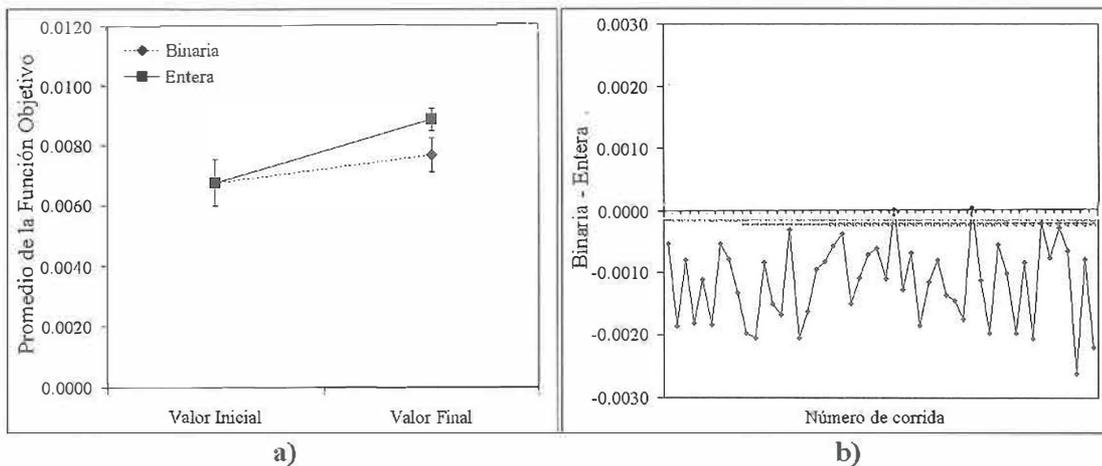


Figura 37: Modelo A - Vecino Aleatorio.

con la representación binaria la obtenida con la representación entera, esto para cada una de las 50 soluciones. Podemos notar que la mayoría de los valores resultantes son menores que cero, lo cual indica que en la mayoría de los casos el valor obtenido con la entera fue mayor al de la binaria, es decir, mejor ya que se trata de un problema de maximización.

En la figura 38 se muestran los resultados obtenidos utilizando el Vecino Aleatorio para el Modelo B. En la figura 38 a) se muestra la gráfica del promedio de la F.O. obtenida. En ella podemos notar que con la representación entera se obtienen mejores resultados, aunque las barras de desviación se traslapan un poco. En la figura 38 b) se muestra el resultado de restarle a la función objetivo obtenida con la representación binaria la obtenida con la representación entera, esto para cada una de las 50 soluciones. Podemos notar que la mayoría de los valores resultantes son mayores que cero, lo cual indica que en la mayoría de los casos el valor obtenido con la entera fue menor al de la binaria, es decir, mejor ya que se trata de un problema de minimización.

En la tabla X se muestran el número promedio de evaluaciones que llevo a cabo cada uno de los experimentos que se realizaron (promedio sobre las 50 soluciones de

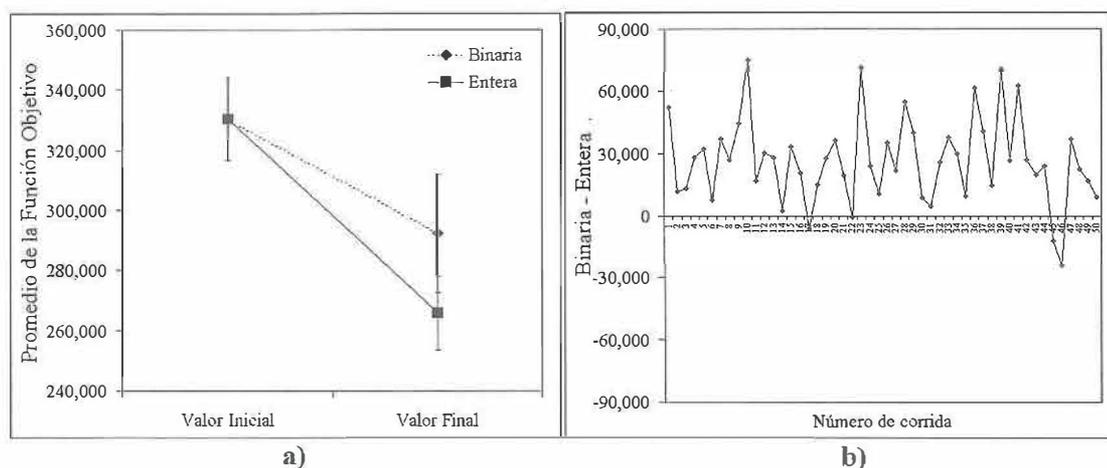


Figura 38: Modelo B - Vecino Aleatorio.

Tabla X: Número promedio de evaluaciones

Tipo de Problema	Tipo de Representación	Mejor Vecino	Primer Mejor Vecino	Vecino Aleatorio
Modelo A	Binaria	10,492.58	5,852.48	256.08
	Entera	361,264.51	186,354.76	10,055.16
Modelo B	Binaria	885.36	474.07	86.48
	Entera	14,065.74	6,469.10	1,334.96

cada caso). Notamos que el número de evaluaciones requeridas por la representación entera es mucho mayor que el de la binaria. Y que dentro del tipo de experimentos, el Mejor Vecino es el que requirió mayor número de evaluaciones, lo cual es obvio debido a que es el único que explora todo el vecindario en cada paso. Mientras que el Vecino Aleatorio es el que requirió el menor número de evaluaciones, pero tal como se mostró anteriormente los valores de F.O. a los que converge son muy malos.

El que los movimientos en la representación entera necesiten un mayor número de iteraciones para alcanzar la convergencia no demerita sus resultados. En el caso de los movimientos Mejor Vecino y Primer Mejor Vecino, los resultados obtenidos en cada representación no pueden ser mejorados, ya que el procedimiento es determinístico y

Tabla XI: Correlación

Tipo de Problema	Tipo de Representación	promedio de h^*	Desviación Estándar (%)
Modelo A	Binaria	37.60	4.92%
	Entera	36.76	4.65%
Modelo B	Binaria	9.88	4.40%
	Entera	10.32	4.57%

dará los mismos resultados cada que se realice. Además el punto al que se converge es aquel en el cual ya no se puede salir siguiendo el mismo procedimiento con el que se llegó a él, es decir que no importa que se incremente el número de iteraciones el resultado será el mismo. En ese sentido, el que la representación entera requiera un mayor número de iteraciones para lograr mejores resultados que la binaria, no le resta importancia a los resultados obtenidos. Por último, el que la representación entera haya obtenido mejores resultados que la binaria en todos los experimentos aquí realizados nos llevan a plantear la siguiente conjetura.

Conjetura 3. La búsqueda local con vecindario entero tiene un desempeño promedio que supera a la binaria para los casos de los modelos A y B.

V.4.4 Correlación

En la tabla XI se muestran los resultados obtenidos para la longitud de correlación para cada uno de los experimentos. En el caso del Modelo A, se obtuvo en promedio un valor de $h^* = 37.18$. Si tomamos en cuenta que el número de localizaciones para este caso es $N = 149$, tenemos que la longitud de correlación en términos de N es $37.18/149 \approx 1/4$. Para el caso del Modelo B, se obtuvo en promedio un valor de $h^* = 10.1$. En este caso $N = 51$, por lo que tenemos que la longitud de correlación en términos de N es $10.1/51 \approx 1/5$.

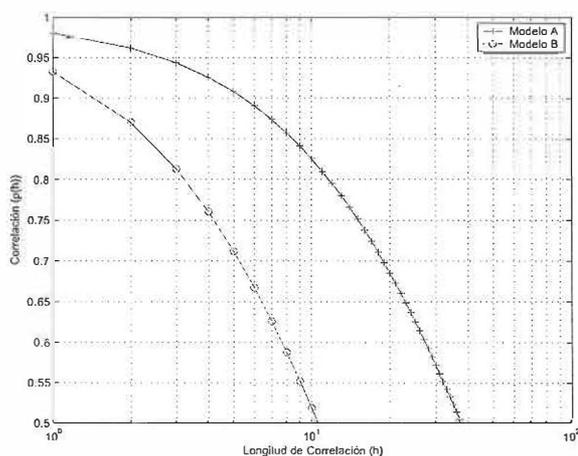


Figura 39: Correlación y Longitud de Correlación.

En la figura 39 se muestra el promedio de correlación para diferentes intervalos de longitud. La línea con cruces representa los promedios para el Modelo A, mientras que la línea con círculos representa los promedios para el Modelo B.

Hasta aquí el análisis realizado al comportamiento del algoritmo genético. Los resultados obtenidos permiten formular hipótesis que, de ser ciertas, explicarían el mejor desempeño de la representación entera frente a la binaria. La primera de ellas proviene del hecho que la vecindad binaria es un subconjunto de la vecindad entera, lo cual permite intuir que esta última realiza una mejor búsqueda al poder salir de óptimos locales en los que la binaria se quedaría estancada. La segunda considera que la redundancia en la búsqueda que realiza la representación entera está lo suficientemente acotada para representar un problema en el desempeño del algoritmo. Estas hipótesis se ven reforzadas por el hecho de que la representación entera obtuvo mejores resultados que la binaria para todas las estrategias de movimiento entre vecindarios. Esto nos habla de la consistencia con la que la representación propuesta en este trabajo supera a la utilizada en trabajos anteriores.

Sin embargo, para poder realizar afirmaciones contundentes sobre el comportamiento del algoritmo, se necesita de un análisis más profundo, el cual involucre a

todos sus operadores. Esto es, realizar un análisis equivalente al mostrado en este capítulo, utilizando los operadores de cruzamiento del algoritmo genético, así como los de selección. Una vez realizado eso, se debe buscar el método adecuado para evaluar el algoritmo como un todo, tomando como base el comportamiento observado en el análisis individual de los operadores.

Capítulo VI

Conclusiones y Trabajo Futuro

VI.1 Sumario

En este trabajo de tesis se presentó el problema de Localización de Radio Bases, el cual es parte del problema de planificación de redes celulares. Se presentó un modelo matemático del problema y se mostró la equivalencia con el problema del Conjunto Mínimo Dominante. Esto nos condujo a plantear que el problema de LRB pertenece a la clase NP-difícil, para la cual no se conoce ningún método que resuelva eficientemente todos sus casos.

Se realizó una propuesta de solución al problema de LRB utilizando algoritmos genéticos. Se propuso una representación entera del problema y se definieron operadores adecuados para esa representación.

Se realizaron experimentos para probar la eficacia de la propuesta de solución, utilizando datos generados con dos modelos diferentes del problema. Obteniéndose, en todos los casos, que la representación entera mejora los resultados obtenidos con la representación binaria (utilizada en trabajos anteriores). Además se utilizó un escenario con las características y restricciones de la tecnología CDMA para evaluar las soluciones generadas por la representación entera en un caso del Modelo B. Para este caso, se realizó un análisis de la capacidad del enlace ascendente a la solución generada con el algoritmo genético utilizando la representación entera. Se obtuvieron buenos resultados, mismos que se compararon con los obtenidos con un caso ideal, dadas las restricciones consideradas en el caso analizado.

Por último, se realizó un análisis del comportamiento del algoritmo genético, con el fin de explicar los resultados obtenidos.

VI.2 Conclusiones

Las conclusiones a las que se llega con los resultados obtenidos son las siguientes:

- El problema de Localización de Radio Bases, que es parte del diseño de redes celulares, es al menos tan difícil como el problema del Conjunto Mínimo Dominante, por lo que pertenece a la clase NP-difícil.
- Los Algoritmos Genéticos permiten el tratamiento de problemas para los cuales no se conoce un método eficiente para resolverlos. En este caso, se aplicó Algoritmos Genéticos para el problema de Localización de Radio Bases.
- El Algoritmo Genético Canónico, con sus operadores básicos, presenta inconvenientes al aplicarse a ciertos problemas, por lo que en esos casos debe adaptarse el algoritmo al problema. En este trabajo, se propuso una nueva representación (codificación entera) para el problema de Localización de Radio Bases, así como los operadores adecuados para esa representación.
- La representación entera obtuvo mejores resultados experimentales que la binaria tradicional [Brizuela y Gutiérrez, 2003]. Esto, para casos específicos del par de modelos del problema utilizados aquí, los cuales representan casos básicos.
- El operador de cruzamiento más adecuado, de los analizados en este trabajo, para la representación entera es el OP, ya que con él se obtuvieron los mejores resultados experimentales [Gutiérrez y Brizuela, 2003].

- Se mostró además, que la solución generada por el algoritmo genético propuesto obtiene buenos resultados de capacidad de sistema para un entorno CDMA. Por lo que decimos que se obtienen resultados aceptables al atacar la problemática con el método propuesto en este trabajo.
- Se mostró que el operador de mutación de la representación entera, es capaz de generar todas las soluciones que puede generar la mutación de la representación binaria, partiendo de una misma solución. Esto nos permite conjeturar que el operador de mutación de la representación entera mejora al de la binaria, ya que puede escapar de óptimos locales en los que el operador de la binaria se quedaría estancado (ver Conjetura 1).
- Se mostró además que las búsquedas redundantes que realiza el operador de la representación entera están suficientemente acotadas como para representar una problemática intratable (sección V.2).
- Se obtuvo además que, independientemente de la estrategia utilizada para moverse entre los vecindarios, la vecindad entera obtuvo mejores resultados que la binaria en todos los casos analizados aquí.
- Los resultados obtenidos con la representación entera para el Modelo A, nos llevó a conjeturar en este trabajo de tesis que ese modelo es de dificultad mínima (una simple búsqueda local lo resuelve). Esto nos lleva a cuestionar los resultados obtenidos en las publicaciones mencionadas sobre ese modelo (ver Conjetura 2).
- El análisis de vecindad nos permite proponer una conjetura (Conjetura 3) acerca de la superioridad de la representación entera sobre la binaria, para los dos modelos básicos del problema analizados en este trabajo (Modelo A y Modelo B).

En resumen, podemos decir que el objetivo general de la tesis se cumplió, ya que se diseñó un algoritmo genético para atacar el problema de LRB y con él se obtuvieron mejores resultados que con el utilizado en la literatura, para casos específicos del problema. En términos de los objetivos específicos, se propuso una nueva representación del problema de LRB para AG y se comparó su desempeño con la utilizada en la literatura. Se evaluó además, el resultado del algoritmo utilizando la representación propuesta en un escenario CDMA. Y por último, se realizó un análisis del comportamiento del algoritmo, *mismo que aun sin llegar a dar una explicación del por qué una representación es mejor que la otra, es un primer paso en esa dirección.*

VI.3 Trabajo Futuro

Dadas las conclusiones de este trabajo, y desde el punto de vista práctico, se plantean los siguientes aspectos como trabajo futuro.

- Se puede extender la aplicación del algoritmo adaptándole las demás características y restricciones de las tecnologías que, al igual que CDMA, se utilizan actualmente en los sistemas celulares.
- Utilizar un algoritmo genético multi-objetivo, que tome en cuenta como funciones independientes más objetivos que los considerados en este trabajo, y comparar los resultados con los obtenidos aquí.

Desde el punto de vista teórico se plantean además los siguientes aspectos como trabajo futuro.

- Continuar con el análisis del comportamiento del algoritmo para confirmar, o en su caso refutar, las hipótesis planteadas sobre el por qué se obtiene un mejor

desempeño utilizando la representación entera y los operadores propuestos en este trabajo con respecto a las utilizadas anteriormente.

- Realizar un análisis del comportamiento del algoritmo utilizando los operadores de cruzamiento y selección. Comparar los resultados con los obtenidos en este trabajo para analizar el comportamiento del algoritmo como un todo.
- Realizar un análisis de correlación para los modelos utilizados aquí, que nos permita reafirmar las conclusiones a las que se llegó con el análisis del algoritmo.
- Utilizar métodos que permitan atacar el problema desde el punto de vista teórico, como algoritmos de aproximación, o siguiendo la línea propuesta por Carson en [Carson, 2001].

Índice

A

- AG 5, 7, 27, 59
 Algoritmo Genético
 .. 2, 5-7, 23, 24, 26-30, 37,
 38, 44, 45, 55, 56, 58, 59, 78-81
 Canónico 6, 23-27, 31, 45, 59, 80
 Comportamiento del,
 7, 58, 59, 77, 80
 Multi-Objetivo 28, 82
 área de cobertura 3, 8, 9, 11, 16, 28

B

- BER 42, 56, 57

C

- célula 3, 9
 células 3, 4, 9, 10
 CDMA .. 7, 39-44, 55, 58, 79, 81, 82
 Computación Evolutiva 23
 Conjunto Mínimo Dominante ..
 1, 8, 16, 17, 79, 80
 cruzamiento ... 7, 24, 25, 27, 28,
 32, 45, 46, 48, 50-52, 54, 78, 83
 de un punto 25
 OP . 31, 34, 35, 45, 50-53, 55, 80
 PMX 31-33, 45, 51, 53
 PPX 31-33, 45, 50, 51
 TP 31, 34, 45, 50, 51

G

- grafo 12, 17-20
 bipartito 18, 19

L

- Localización de Radio Bases 2, 5,
 6, 8, 12, 14, 22, 27, 34, 59, 79, 80
 Localizaciones Candidatas 8,
 10-16, 18-20, 27, 30, 31, 37-
 39, 44, 46-49, 52, 58, 60, 62-64
 LRB 2,
 4, 6, 8, 10, 12, 14, 17, 18, 20,
 21, 27-29, 32, 36, 60-62, 65, 79

M

- MDS 1, 4, 6, 16-21, 27
 Meta-Heurística 22
 Meta-Heurísticas 2, 4, 5, 22
 Modelo A
 37, 45-48, 50-52, 68, 70-77, 81
 Modelo B 38, 39, 44, 45, 48-
 50, 52-55, 58, 68, 70-77, 79, 81
 mutación 24-28, 32,
 46, 48, 59-62, 64, 65, 68, 69, 81
 OP1 31-33, 45, 59

N

- nodos de demanda ... 10-14, 17-20

NP-completa 1, 4, 5, 17, 21, 65

O

Outage 43, 56, 57

P

planificación celular 2-4, 8, 58, 79

R

radio bases 2-4, 8-16,

18-21, 31, 39, 45, 47, 49-55, 58

redes celulares 1-6, 8, 79, 80

representación 5,

6, 24, 26, 28, 30, 31, 47, 48,

58, 60, 68, 69, 71, 75, 76, 80, 82

binaria 26-28, 30, 31, 45, 46, 49,

59-61, 64, 65, 70-72, 74, 79, 81

entera 7, 31, 32, 45-47, 49, 55,

59, 62-65, 70, 72-77, 79-81, 83

S

selección 24, 27, 28, 78, 83

V

vecindad 7, 59, 60, 62, 63, 65, 68, 69

análisis de, 68, 81

binaria 60, 61, 64, 65, 77

entera 62, 64, 77, 81

Bibliografía

- Ausiello, G., Crescenzi, P., Gambosi, G., Kann, V., Marchetti-Spaccamela, A., y Pro-
tasi, M. 1999. “Complexity and Approximation - Combinatorial Optimization
Problems and Their Approximability”. Springer-Verlag, Berlin. 523 pp.
- Bierwirth, C., Mattfeld, D. C., y Kopfer, H. 1996. “On Permutation Representations
for Scheduling Problems”. En: Voigt, H.-M., Ebeling, W., Rechenberg, I., y Schwe-
fel, H.-P., editores, “Parallel Problem Solving from Nature – PPSN IV”, Berlin.
Springer, 310–318 p.
- Brizuela, C. A. y Gutiérrez, E. 2003. “An Experimental Comparison of Two Different
Encoding Schemes for the Location of Base Stations in Cellular Networks”. En:
Günter, R., editor, “Application of Evolutionary Computing, LNCS 2611”, Berlin.
Springer, 176–186 p.
- Calégari, P. R. 1999. “Parallelization of population-based evolutionary algorithms for
combinatorial optimization problems”. Tesis de Doctorado, Swiss Federal Institute
of Technology (EPFL), Lausanne, Suiza. 143 pp.
- Calégari, P. R., Guidec, F., Kuonen, P., y Kobler, D. 1997. “Parallel island-based
genetic algorithm for radio network design”. *Journal on Parallel Distrib. Comput.*,
47:86–90 p.
- Carson, T. 2001. “Empirical and Analytic Approaches to Understanding Local Search
Heuristics”. Tesis de Doctorado, UCSD, San Diego.
- Cátedra, M. F. y Pérez-Arriaga, J. 1999. “Cell Planning for Wireless Communications”.
Artech House, Boston. 216 pp.
- Christofides, N. 1975. “Graph Theory. An Algorithmic Approach”. Academic Press,
Londres. 400 pp.

- Galota, M., Glaßer, C., Reith, S., y Vollmer, H. 2000. "A Polynomial-Time Approximation Scheme for Base Station Positioning in UMTS Networks". En: "Proceedings of the Fifth Discrete Algorithms and Methods for Mobile Computing and Communication". 52–59 p.
- Garey, M. R. y Johnson, D. S. 1979. "Computers and Intractability: A Guide to the Theory of Np-Completeness". W. H. Freeman & Co., New York. 338 pp.
- Gen, M. y Cheng, R. 2000. "Genetic Algorithms and Engineering Optimization". John Wiley & Sons, New York. 512 pp.
- Gilhousen, K. S., Jacobs, I. M., Padovani, R., Viterbi, A. J., Weaver, L. A., y Wheatly, C. E. 1991. "On the Capacity of a Cellular CDMA System". *IEEE Transactions on Vehicular Technology*, 40(2):303–312 p.
- Gilhousen, K. S., Jacobs, I. M., Padovani, R., y Weaver, L. A. 1990. "Increased capacity using CDMA for mobile satellite communications". *IEEE Trans. Select. Areas Commun.*, 8:503–514 p.
- Goldberg, D. E. 1989. "Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning". Addison-Wesley Pub. Co., Massachusetts. 432 pp.
- Goldberg, D. E. y Lingle, R. 1985. "Alleles, Loci, and the TSP". En: Grefenstette, J. J., editor, "Proceedings of the First International Conference on Genetic Algorithms", Hillsdale, NJ. Lawrence Erlbaum Associates, 154–159 p.
- Gutiérrez, E. y Brizuela, C. A. 2003. "Comparación Experimental de Operadores de Cruzamiento para el Problema de Localización de Radio Bases en Redes Celulares". En: Botella, S., Hernández, A., y Coello, C., editores, "Congreso Mexicano de Computación Evolutiva (COMCEV'03)", Guanajuato. CIMAT, 81–93 p.
- Holland, J. H. 1975. "Adaptation in Natural and Artificial Systems". University of Michigan Press, Ann Harbor. 211 pp.

- Jones, T. 1995. "Evolutionary Algorithms, Fitness Landscape and Search". Tesis de Doctorado, The University of New Mexico, Albuquerque, New Mexico. 224 pp.
- Krishnamachari, B. y Wicker, S. B. 2000. "Experimental Analysis of Local Search Algorithms for Optimal Base Station Location". En: "International Conference on Evolutionary Computing for Computer, Communication, Control and Power (ECCAP 2000)", Chennai, India.
- Manderick, B., de Weger, M., y Spiessens, P. 1991. "The Genetic Algorithm and the Structure of the Fitness Landscape". En: Belew, R. K. y Booker, L. B., editores, "Proc. of the 4th Int. Conf. on Genetic Algorithms", San Mateo, California. Morgan Kaufman, 143-145 p.
- Mathar, R. y Niessen, T. 2000. "Optimum Positioning of Base Stations for Cellular Radio Networks". *Wireless Networks*, 6(4):421-428 p.
- Mattfeld, D. C. 1999. "A Search Space Analysis of the Job Shop Scheduling Problem". *Annals of Operations Research*, 86:441-453 p.
- Meunier, H., Talbi, E.-G., y Reininger, P. 2000. "A Multiobjective Genetic Algorithm for Radio Network Optimization". En: "Proceedings of the 2000 Congress on Evolutionary Computation CEC00", La Jolla Marriott Hotel La Jolla, California, USA. IEEE Press, 317-324 p.
- Michalewicz, Z. 1996. "Genetic Algorithms + Data Structures = Evolution Programs". Springer Verlag, Berlin. 387 pp.
- Murphey, R. A., Pardalos, P. M., y Resende, M. G. C. 1999. "Suplement Volume A". En: Zhu, D. y Pardalos, P. M., editores, "Handbook of Combinatorial Optimization". Kluwer Academic Publishers. Boston. 295-377 p.
- Rappaport, T. S. 1996. "Wireless Communications". Prentice Hall, New Jersey. 736 pp.

- Rudolf, G. 1994. "Convergence Analysis of Canonical Genetic Algorithm". *IEEE Transactions on Neural Networks*, 5(1):96–101 p.
- Tutschku, K., Gerlich, N., y Tran-Gia, P. 1996. "An Integrated Approach to Cellular Network Planning". En: "Proceedings of the 7th International Telecommunication Network Planning Symposium (Networks '96)", Sydney, Australia.
- Vasquez, M. y Hao, J.-K. 2001. "A Heuristic Approach for Antenna Positioning in Cellular Networks". *Journal of Heuristics*, 7:443-472 p.
- Yacoub, M. D. 1993. "Foundations of Mobile Radio Engineering". CRC Press, Boca Raton. 496 pp.