



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTONOMA DE MEXICO

FACULTAD DE ESTUDIOS SUPERIORES ACATLAN

EL PROBLEMA DE KEPLER BAJO LA LUZ DE LOS ALGORITMOS GENETICOS

T E S I S

QUE PARA OBTENER EL TITULO DE LICENCIADO EN MATEMATICAS APLICADAS Y COMPUTACION PRESENTA : DOMINGO MARQUEZ ORTEGA

ASESOR: DR. FERMIN VINIEGRA HEBERLEIN

ACATLAN EDO. DE MEXICO

m345757





Universidad Nacional  
Autónoma de México



**UNAM – Dirección General de Bibliotecas**  
**Tesis Digitales**  
**Restricciones de uso**

**DERECHOS RESERVADOS ©**  
**PROHIBIDA SU REPRODUCCIÓN TOTAL O PARCIAL**

Todo el material contenido en esta tesis esta protegido por la Ley Federal del Derecho de Autor (LFDA) de los Estados Unidos Mexicanos (México).

El uso de imágenes, fragmentos de videos, y demás material que sea objeto de protección de los derechos de autor, será exclusivamente para fines educativos e informativos y deberá citar la fuente donde la obtuvo mencionando el autor o autores. Cualquier uso distinto como el lucro, reproducción, edición o modificación, será perseguido y sancionado por el respectivo titular de los Derechos de Autor.

## Agradecimientos

Gracias a Dios por darme el don de la vida, por permitirme llegar a este momento.

Agradezco a la universidad, máxima casa de estudios del país; la UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO, en particular a la FACULTAD DE ESTUDIOS SUPERIORES ACATLÁN, por la oportunidad de formarme profesionalmente, por la generosidad y el privilegio de contar con profesores de tan prestigiada trayectoria académica, es motivo de orgullo, importancia y compromiso que conlleva formar parte de la misma.

Mi mayor admiración, respeto y sincero agradecimiento al Dr. FERMÍN A. VINIEGRA HEBERLEIN por haberme asesorado, por el tiempo cedido para la elaboración de este trabajo, por ser un grande entre los grandes, con una calidad humana, generosidad y sencillez incomparable.

La razón, el conocimiento y la crítica son una difícil responsabilidad que se nos da en las aulas, pero también una oportunidad de crear, con esfuerzo conjunto, un mundo mejor, por eso mi reconocimiento a todos y cada uno de los profesores que han transmitido su enseñanza, experiencia y sabiduría.

A mis profesores: ..., Noemí Huerta López, Genaro Raúl López Martínez,..., Albino Luna Sánchez, Valentín González,..., Sara Camacho Cansino, Manuel Gutiérrez Sedano, Beatriz Trueba Ríos, Verónica Jiménez Jacinto,...,

A los sinodales: Dr. Fermín Alberto Viniegra Heberlein  
Lic. Oscar Gabriel Caballero Martínez  
Lic. Ernesto Baltazar Martínez  
Lic. Javier Rosas Hernández  
Dr. José Manuel Hernández Flores

Por su tiempo, disposición y apoyo en la realización de este trabajo mi agradecimiento.

¡Gracias a todos!

## Dedicatorias

A pesar de la adversidad puedo decir: gracias a la vocación, tenacidad, paciencia, entereza y fortaleza que pocos imaginan, me siento agradecido con la universidad a la que amo infinitamente.

A la Memoria de mi padre con quien me hubiera gustado compartir este momento, por la falta que nos hace, por ese tiempo tan corto de convivir pero a la vez tan grande, lleno de recuerdos, sentimientos indescriptibles,..., pero este donde este, me estará viendo y se sentirá orgulloso.

Deseo expresar mi cariño sincero a mi madre por ser un ejemplo de vida, porque no cualquiera es capaz de hacer lo que ha hecho, de quien he aprendido que todo se logra con trabajo, empeño, honestidad.

A mis hermanos: Queta, Juan, Mari, Gollita, con quien he compartido momentos únicos que nos han dado alegrías, tristezas, pero lo más importante por ser parte fundamental en mi camino.

Gracias por creer en mí, por el gran apoyo, confianza, respeto que me han brindado.

A la memoria de mi abuelita María: de quien guardo gratos recuerdos

A la memoria de mi tío Silvano: por su compañía brindada

A mi tía Celia: por darnos día a día su apoyo

A mis tíos y primos: por el cariño sincero que me han demostrado

A mi sobrino Carlos por su inocencia y ternura

A mis sinceros amigos: por que me permitieron aprender de ellos y estar conmigo en los momentos difíciles.

A todas y cada una de las personas de quienes he aprendido algo.

¡Gracias!

Tenemos un corazón que se puede romper, un corazón que a menudo no entiende las razones de la razón. Con toda la lógica y el rigor del mundo, el corazón nos puede explotar para destrozarse en mil pedazos cuando ya no le cabe ni una sola gota más de tristeza, o desconcierto, o aflicción; o puede latir con profunda emoción cuando alguien lo acaricia con bellas palabras, con sentimientos profundos y conmovedores. Sus fibras pueden vibrar y resonar en armonía cuando puede hablar con alguien que habla el mismo lenguaje.

Las líneas románticas de Antonio Machado -en la canción de Joan Manuel Serrat- "caminante, ¡no hay camino! Se hace camino al andar..." y esta misma idea contrapuesta al *sueño imposible*: "con fe lo imposible soñar,...buscando la verdad o el error,... ese es mi ideal: la estrella alcanzar, no importa cuán lejos se pueda encontrar".

La primera canción nos invita un poco a vagar sin rumbo, a movernos en cualquier dirección sin importar el final.

La segunda es el ideal. Localizar la estrella polar y orientar la brújula hacia allá; es determinar cuál es la dirección óptima para moverse y darse al propósito de llegar al final de ese camino con la fe y la convicción de que lo que hay al final es *lo mejor*.

Autorizo a la Dirección General de Bibliotecas de la UNAM a difundir en formato electrónico e impreso el contenido de mi trabajo recepcional.

NOMBRE: Domingo Márquez  
Ortega

FECHA: 21 - Junio - 05

FIRMA: 

Generando aprecio por la belleza de las matemáticas:

El *ingenio*: es un proceso infinito, en un espacio donde él *limite no existe*.

El *aprendizaje*: un conjunto de funciones *continuas de integración*.

La vida: es una progresión que deriva en  $n$  obstáculos de muchas variables, donde encontramos espacios abstractos, complejos, y complicados que tratamos de entender a través de una transformación lineal.

Los *triumfos*: ... ¡Son máximos *relativos*!

Las *derrotas*: ... ¡Simples ecuaciones diferenciales y *parciales* donde el resultado diverge!

Para lograr nuestros sueños, la  $\sum_{i=0}^n E$  de esfuerzos no basta, hay que

$\int_0^{\infty} v_1 + v_2 + v_3 + \dots + v_k$  valores:  $V_1 =$  Virtud,  $V_2 =$  Lealtad,  $V_3 =$  Honestidad,  $V_4 =$  Amor,  $V_5 =$  Bondad,  $V_6 =$  Justicia,  $V_7 =$  Libertad, ... ,  $V_k$

Piensa en base a lo que **deseas**... para **actuar en potencia**, **d<sup>a</sup>**.

Ser mejores quiere decir...ser más humanos, para ello se combinan numerosos factores.

"A mis compañeros de **M@**,...,sí se puede, sí queremos, se puede".



## ÍNDICE

	<b>PAGINA</b>
<b>RESUMEN.....</b>	<b>3</b>
<b>INTRODUCCIÓN.....</b>	<b>5</b>
<b>CAPÍTULO I: ANTECEDENTES Y EL ESTADO DEL ARTE.....</b>	<b>7</b>
1.1. Introducción a los algoritmos genéticos.....	7
1.1.1. ¿Qué son los algoritmos genéticos?.....	8
1.1.2. Principales características.....	10
1.1.3. ¿Qué ventajas y limitaciones presentan con respecto a otras técnicas de búsqueda?.....	10
1.1.4. Comparación con otros métodos de optimización.....	12
1.1.5. Aplicaciones usuales.....	14
1.2. Mecanismo de trabajo de los algoritmos genéticos.....	15
1.2.1. El algoritmo genético simple.....	15
1.2.1.1. Codificación.....	18
1.2.2. Población.....	18
1.2.2.1. Tamaño de la población.....	18
1.2.2.2. Población inicial.....	19
1.2.3. Función objetivo.....	19
1.3. Operadores genéticos.....	21
1.3.1. Operador de selección.....	21
1.3.1.1. Método de la ruleta.....	22
1.3.1.2. Método de los torneos.....	24
1.3.2. Operador de cruce.....	24
1.3.3. Operador de mutación.....	28
1.3.4. Ejemplo.....	29

<b>CAPÍTULO II: EL PROBLEMA DE KEPLER CLÁSICO.....</b>	<b>39</b>
2.1. Campo central.....	39
2.2. Coordenadas polares.....	44
2.3. Leyes de Kepler.....	51
2.4. La teoría newtoniana de la gravitación.....	53
2.5. Resolución de la ecuación diferencial.....	58
2.6. Consideraciones importantes para las órbitas elípticas.....	62
<b>CAPÍTULO III: LOS ALGORITMOS GENÉTICOS APLICADOS AL                   PROBLEMA DE KEPLER.....</b>	<b>69</b>
3.1. Movimiento de los planetas.....	70
3.2. Órbita de movimiento.....	71
3.3. Posiciones de los planetas en el momento del lanzamiento de la nave espacial.....	73
3.4. Planteamiento.....	75
<b>CAPÍTULO IV: RESULTADOS, CONCLUSIONES Y                   RECOMENDACIONES.....</b>	<b>81</b>
<b>APÉNDICES.....</b>	<b>95</b>
<b>A.</b> Sistemas de representación de números.....	95
<b>B.</b> Procedimientos para llevar a efecto la selección, cruza y mutación.....	97
<b>C.</b> Vocabulario de los algoritmos genéticos.....	99
<b>BIBLIOGRAFÍA.....</b>	<b>101</b>
<b>GLOSARIO DE TÉRMINOS UTILIZADOS.....</b>	<b>105</b>



## RESUMEN

Los algoritmos genéticos son una mezcla del avance de la computación y de la genética, sin duda, un importante punto de partida para lo que será el desarrollo de la computación en el presente siglo. Son herramientas de inteligencia artificial, porque aprenden simulando parcialmente los mecanismos de la evolución. Usan una analogía directa con el comportamiento natural y pueden ser considerados como métodos adaptativos, siendo usados para resolver problemas de búsqueda y optimización.

El auge de esta técnica empezó a principios de los 80's y realmente se reconoció como una cuestión muy útil a principios de los 90's. A partir de entonces ha tenido una explosión fantástica; según el investigador mexicano Carlos Coello, se publica un gran número de artículos al día sobre el tema y sus aplicaciones. Parece exagerado, pero quiere decir que, se han constituido en uno de los focos de mayor atracción para investigadores.

Respecto al trabajo que se realiza en México en este campo, en las diferentes instituciones de educación superior se llevan a cabo investigaciones, algunas en cuestión práctica, otras en la teoría. Por ejemplo en el ITAM, El Instituto Tecnológico de Estudios Superiores Monterrey (ITESM), el IPN y por supuesto en la UNAM.

En la realidad que nos rodea es difícil encontrar fenómenos que pueden ser idealizados matemáticamente como funciones de una sola variable independiente, generalmente son más de una las variables que encontramos involucradas en algún proceso físico o problema matemático.

Las leyes de Kepler son un ejemplo adecuado de cómo se combinan diversas ramas de las matemáticas, como son: la geometría, el álgebra lineal, el cálculo diferencial e integral en una y varias variables, etc.

El movimiento de los cuerpos en el sistema solar puede deducirse a partir de las leyes del movimiento y de la ley de la gravitación universal. Como señaló Kepler, todos los planetas se mueven en órbitas elípticas con el Sol en uno de sus focos. Se puede aprender mucho del movimiento planetario considerando el caso especial de órbitas circulares. Las fuerzas entre los planetas pueden ignorarse, considerando sólo la interacción entre el Sol y un planeta dado. Estas consideraciones se aplicaran de igual manera al movimiento de un satélite (natural o artificial) alrededor de un planeta.

## INTRODUCCIÓN

En la actualidad la ciencia de la computación ha dirigido sus estudios hacia los sistemas biológicos y naturales. Tomando básicamente dos esquemas naturales de aprendizaje: el cerebro y la evolución, la estructura cerebral ha proporcionado fuentes de nuevas ideas para arquitectura computacional. Por su parte la evolución y selección natural han generado grandes desarrollos como los algoritmos genéticos y programas evolutivos.

La idea de la realización del presente trabajo nace de la inquietud de conocer: qué son y cómo funcionan los Algoritmos Genéticos (en lo sucesivo AG's) y cómo aplicarlos a la solución de un problema en particular.

El propósito en este trabajo es describir el funcionamiento de un algoritmo genético aplicado al problema de Kepler, que lleva al estudio de diferentes trayectorias (en general, tomando una en particular: la elíptica) que son de suma importancia dentro de la astronomía moderna, de cómo está conformado el sistema solar y por qué los diferentes cuerpos siguen esos movimientos tan armoniosos y siempre están en constante movimiento. Por ello, se expone el tema en forma simple para lograr un mejor entendimiento. El lector requiere tener conocimientos elementales de probabilidad, estadística, cálculo, física y estructura de datos. Con la finalidad de despertar el interés de los propios estudiantes de nivel licenciatura de las diversas áreas de la computación, en el uso de los algoritmos genéticos para aplicarlos a los problemas de su agrado.

Para estos fines, el trabajo se organiza de la manera siguiente en cuatro capítulos:

**Capítulo I    Antecedentes y el Estado del Arte.**

En él se introduce al lector al tema de los algoritmos genéticos, cómo trabajan y cuál es su estructura, se muestra un tipo particular de algoritmo genético conocido como simple y se ilustra su funcionamiento a través de un ejemplo de optimización.

**Capítulo II    El Problema de Kepler Clásico.**

En él se presenta de manera clara los fundamentos y análisis matemáticos de la solución analítica del problema de Kepler aplicado al caso de órbitas cerradas.

**Capítulo III    Los Algoritmos Genéticos Aplicados al Problema de Kepler.**

Se utiliza lo visto en los dos capítulos previos para plantear el problema de Kepler con los algoritmos genéticos; en particular, considerando un viaje de la Tierra al planeta Marte.

**Capítulo IV    Resultados, Conclusiones y Recomendaciones.**

Finalmente, en este capítulo se muestran las conclusiones así como resultados y recomendaciones.

## CAPÍTULO I

### ANTECEDENTES Y EL ESTADO DEL ARTE

La computación ha cambiado el mundo moderno, sus efectos en el campo de las ciencias y la ingeniería han sido profundos, la eficiencia de los algoritmos utilizados han multiplicado el impacto en todas las áreas de investigación. El espectro de usuarios de sistemas de cómputo se ha extendido a investigadores y técnicos de las más diversas especialidades.

Los organismos vivos son el mejor ejemplo de adaptación que existe. Los investigadores han visto su poder de evolución como algo digno de imitarse.

#### 1.1. INTRODUCCIÓN A LOS ALGORITMOS GENÉTICOS.

John Holland<sup>1</sup> investigador de la Universidad de Michigan en Ann Arbor, dentro del grupo Logic of Computers, inspirándose en el proceso de la evolución natural de los seres vivos y consciente de la importancia de la Selección Natural, desarrolló a fines de los 60's una técnica que permitió incorporarla en un programa de computadora. Aprendió que la evolución es una forma de adaptación más potente que el simple aprendizaje y tomo la decisión de aplicar estas ideas para desarrollar programas bien adaptados para un fin determinado; su objetivo era lograr que las computadoras aprendieran por sí mismas. A la técnica que inventó Holland se le llamó originalmente "planes reproductivos", pero se hizo popular bajo el nombre "*algoritmos genéticos*".

---

<sup>1</sup> J.H. Holland, autor de varios libros entre los que se encuentra: *Adaption in Natuarl and Artificial Systems*, Universidad de Michigan Press, Ann Arbor, 1975.

### 1.1.1. ¿QUÉ SON LOS ALGORITMOS GENÉTICOS?.

Los algoritmos genéticos son un método de búsqueda, basados en la teoría de la evolución de Charles Darwin, esta técnica se basa en los mecanismos de selección que la naturaleza utiliza, principalmente el de la "*supervivencia del más apto*".

Con base en cálculos, pruebas y simulación se define cómo ha de comportarse una población cuando se manipulan sus variables. En un algoritmo genético se define una estructura de datos que admite todas las posibles soluciones a un problema.

Por lo tanto, los Algoritmos Genéticos (AG's) son en realidad un método de búsqueda muy especial. En cada ciclo se seleccionan las soluciones que más se acercan al objetivo buscado. Y a su vez las soluciones seleccionadas se reproducirán entre sí, combinando sus características y generando nuevas soluciones, permitiendo de vez en cuando alguna mutación o modificación al azar durante la reproducción.

El algoritmo genético (en lo sucesivo AG) es un proceso de cómputo que emula la forma de actuar de la evolución biológica. Como la evolución, opera sobre una población de individuos que representan las soluciones potenciales a un determinado problema.

Los elementos de la población (posibles soluciones) son individuos a los que se les asocia un *parámetro de aptitud*, que será el criterio para seleccionar a los mejores. Para establecer el paradigma con la selección natural, se selecciona una población inicial (de entre todo el espacio solución) a partir de la cual se producen nuevas generaciones estudiando operaciones sobre el "*código genético*" de cada individuo<sup>2</sup>. No sólo se producen más soluciones, sino cada vez soluciones mejores.

---

<sup>2</sup> Nota: a lo largo del texto se usarán por igual los términos cromosoma, individuo y cadena binaria (Véase el apéndice C).

*Definiciones:*

Una definición bastante completa de un algoritmo genético es la propuesta por John Koza [1]:

*Es un algoritmo matemático altamente paralelo<sup>3</sup> que transforma un conjunto de objetos matemáticos individuales con respecto al tiempo usando operaciones modeladas de acuerdo al principio darwiniano de reproducción y supervivencia del más apto, y tras haberse presentado de forma natural una serie de operaciones genéticas de entre las que destaca la recombinación sexual. Cada uno de estos objetos matemáticos suele ser una cadena de caracteres (letras o números) de longitud fija, que se ajusta al modelo de las cadenas de cromosomas, y se les asocia con una cierta función matemática que refleja su aptitud.*

Dicho paralelismo implícito se obtiene sin ningún requerimiento añadido de memoria o de potencia de cálculo y seguramente es el más destacado ejemplo de una explotación combinatoria que actúa de modo benéfico.

El *teorema de los esquemas* [5] viene a decir que la cantidad de *buenos bloques* se va incrementando con el tiempo de ejecución de un algoritmo genético. La causa de esto radica en que los AG's no procesan estrictamente individuos, sino *patrones de similitud* entre ellos, y dado que cada uno tiene muchos patrones a la vez, la eficiencia de la búsqueda se multiplica. Este es el resultado teórico más importante en algoritmos genéticos.

El Algoritmo Genético se puede definir de la siguiente manera (Goldberg, 1989):

"Un algoritmo genético es un algoritmo de búsqueda basado en los mecanismos de selección natural y de genética natural. Los algoritmos genéticos combinan la supervivencia del mejor adaptado de entre una serie de elementos estructurados".

---

<sup>3</sup> La razón por la que dicen eso es por una propiedad del algoritmo genético denominada paralelismo implícito. Esto se refiere al hecho de que mientras el algoritmo genético calcula las aptitudes de los individuos en una población, calcula de forma implícita las aptitudes promedio de un número más elevado de cadenas cromosómicas a través del cálculo de las aptitudes promedio observadas en bloques constructores que se detectan en la población.

### 1.1.2. PRINCIPALES CARACTERÍSTICAS.

Hay que tener en cuenta que un algoritmo genético es independiente del problema, lo cual lo hace un algoritmo robusto, puesto que se puede aplicar a una gran variedad de problemas, pero a la vez débil, pues no está especializado en ninguno.

Algunas características de los Algoritmos Genéticos:

1. Son eficaces y eficientes, porque encuentran soluciones óptimas en un tiempo razonable.
2. Se usan parámetros codificados como una cadena de longitud finita sobre un alfabeto finito.
3. Son algoritmos de funcionamiento paralelo.
4. Usan operadores probabilísticos.
5. Se afectan menos por los máximos locales.
6. Están menos restringidos por continuidad, derivadas y unimodalidad.

### 1.1.3. ¿QUE VENTAJAS Y LIMITACIONES PRESENTAN CON RESPECTO A OTRAS TÉCNICAS DE BUSQUEDA?.

Existen "*métodos tradicionales*", en los que se exige un modelo matemático del problema: una función claramente definida y con ciertas propiedades. Entre ellos, la Programación Matemática, la Programación Lineal o el método Simplex, la Programación Dinámica, la Cuadrática, la Convexa, etc. En estos métodos deben resolverse un conjunto de ecuaciones para encontrar una sucesión de soluciones básicas factibles, cada una mejor que la anterior, hasta que se llega a la solución óptima. En general, estos métodos son adecuados cuando la función a optimizar es lineal. Sin embargo, si el problema es no lineal, y/o si las variables que intervienen son múltiples, el problema se complica enormemente. Muchas veces debe recurrirse a la fuerza bruta, sobre todo para aquellos problemas que ni siquiera pueden ser expresados por una función matemática cerrada (como problemas de dinámica y control), o como el problema del vendedor viajero.



Para este tipo de problemas, se requiere de gran capacidad de cómputo para triturar números y, aún así, muy frecuentemente, las soluciones están muy lejanas de ser las óptimas.

Diferencias con métodos tradicionales de búsqueda y optimización:

Tradicionales

1. Trabajan con los propios parámetros.
2. Inician la búsqueda desde un sólo punto.
3. Usan información de las derivadas u otro conocimiento adicional.
4. Emplean reglas de transición determinísticas.

Algoritmos Genéticos

1. Emplean codificación de los parámetros.
2. Inician la búsqueda desde un conjunto de puntos.
3. Usan información de la función objetivo a optimizar.
4. Usan reglas de transición probabilísticas.

De acuerdo con algunas características y diferencias con los métodos tradicionales de búsqueda se puede decir que los Algoritmos Genéticos presentan.

Ventajas:

- No se necesitan conocimientos específicos sobre el problema a resolver.
- Operan de forma simultánea con varias soluciones, en vez de trabajar de forma secuencial.
- Cuando se usan en problemas de optimización (maximizar a una función objetivo) resultan menos afectados por los máximos locales (falsas soluciones).
- Son fáciles de ejecutar en arquitecturas paralelas.
- Usan operadores probabilísticos en vez de determinísticos.

- Pueden optimizar funciones con muchas variables, funciones multimodales, discontinuas o con ruido.
- Pueden manejar toda clase de función objetivo y restricciones definidas sobre un espacio de búsqueda discreto, continuo o mezclado.
- Proporcionan una gran flexibilidad para hibridarse con otros métodos.

Limitaciones:

- Pueden tardar mucho tiempo en converger, o no converger en absoluto, dependiendo de los parámetros que se utilicen, tamaño de población, número de generaciones, etc.
- Pueden conducir a la convergencia prematura.
- No siempre encuentran la mejor solución.
- Se requiere de un tiempo de procesamiento considerable, para algunos problemas complejos.

#### 1.1.4. COMPARACIÓN CON OTROS MÉTODOS DE OPTIMIZACIÓN.

Algunos métodos efectúan la búsqueda de puntos óptimos mediante estrategias que, en buena medida, dependen de eventos aleatorios. A este tipo de estrategias se les conoce como heurísticas. Los algoritmos genéticos operan de esta manera.

En términos generales, los métodos presentados a continuación poseen las siguientes características:

Métodos tradicionales:

**Newton:** La función objetivo debe ser continua, dos veces derivable, con primera derivada continua y cuya derivada no se anule.

**Búsqueda de Fibonacci:** La función objetivo debe ser continua y suave (sin saltos violentos).

**Ascenso de máxima pendiente (*steepest ascent*):** La función objetivo debe ser continua y derivable.

Calcular el gradiente puede no ser fácil.

**Simplex:** La función a optimizar debe ser lineal así como sus restricciones. Al ejecutarlo en computadora la exactitud del resultado depende de la estabilidad numérica de la matriz asociada.

Métodos heurísticos:

El problema general en estos métodos es determinar a priori los valores de los parámetros de operación del algoritmo, por ejemplo: cómo establecer la dependencia entre la vecindad y la historia en *búsqueda tabú*, cómo ir modificando con el tiempo la temperatura en *recocido simulado (simulated annealing)* o qué valor asignarle a la probabilidad de mutación en un algoritmo genético.

Los métodos presentados aquí son tan solo una muestra de todos los existentes. El lector se preguntará ¿cuál de ellos es bueno? En optimización, al igual que en muchas otras situaciones de la vida cotidiana, no existe "el método", La conveniencia de cada uno depende del problema que se pretende resolver. Si éste involucra una función continua y derivable de una sola variable independiente, probablemente los métodos que se enseñan en los cursos de cálculo serán suficientes. En cambio, si el problema involucra una función muy complicada de decenas de variables independiente, de las que quizá no se conoce la regla de correspondencia, entonces es muy probable se elija uno de los métodos heurísticos.

Existen métodos aplicables a casi cualquier problema, como los heurísticos, entre los que se encuentran los algoritmos genéticos y otros métodos que exigen mucho del problema, como los basados en el cálculo diferencial. Pero nunca se puede estar completamente seguro de que el resultado entregado por un algoritmo heurístico sea el máximo o mínimo global o cuándo se debe detener el proceso de búsqueda.

### 1.1.5. APLICACIONES USUALES.

Los algoritmos han sido aplicados con éxito en una infinidad de problemas, que van desde problemas de programación, investigación de operaciones, problemas de diseño en ingeniería como la optimización paramétrica de elementos mecánicos, balanceo de turbinas, en computación para optimizar la arquitectura de redes neuronales, coloración de mapas, modelado de células biológicas, modelado de spin, estrategias en teorías de juegos, robótica, etc. Y en general en una gran cantidad de problemas en los que se desea optimizar el valor de alguna función.

La aplicación más común o frecuente de los algoritmos genéticos es en la solución a problemas de optimización, donde han demostrado ser muy confiables y eficientes. En la actualidad se emplean para resolver problemas como son:

Ejemplos de Aplicaciones.

#### A. Decisión y Estrategia

1. Toma de decisiones financieras (presupuestos)
2. Búsqueda de reglas en juegos
3. Experimentación de alternativas de marketing
4. Gestión de franquicias
5. Aprendizaje automático, (En Inteligencia Artificial se conocen como sistemas expertos)

#### B. Diseño y parametrización

1. Diseño de pistas de circuitos integrados VLSI
2. Parametrización de Sistemas (configuraciones de equipos hardware)
3. Diseño de redes (telecomunicaciones, carreteras) Ubicación de nodos
4. El diseño asistido por computadora

C. Planificación y asignación de recursos

1. Asignación del orden de N procesos en M CPU
2. Ordenación (ordenar cajas en un almacén)
3. Asignación de horarios de clase o turnos de trabajo
4. Resolución de sistemas de ecuaciones no lineales
5. Enrutamiento
6. El problema del agente vendedor viajero (TSP, Travel Salesman Problem)
7. La compresión de datos

D. Predicción

1. Selección de combinación de métodos de realización de series temporales
2. Reconocimiento de formas "rostros" (La identificación de criminales)

## 1.2. MECANISMO DE TRABAJO DE LOS ALGORITMOS GENÉTICOS.

### 1.2.1. EL ALGORITMO GENÉTICO SIMPLE.

Funcionamiento de un Algoritmo Genético Simple (AGS)

Simple Genetic Algorithm (SGA)

Es aquel caracterizado por presentar:

1. Tamaño de población fijo en todas las generaciones.
2. Selección proporcional (de ruleta).
3. Cruzamiento de un punto. La probabilidad de cruce se mantiene fija para todas las generaciones y todas las parejas.

4. Mutación uniforme (todas las posiciones de las cadenas genéticas tienen la misma probabilidad de ser cambiadas). La probabilidad de mutación permanece fija para todas las generaciones y todas las posiciones de los individuos.
5. Selección no elitista. Esto es, no se copian individuos de una generación a otra sin pasar por el proceso de selección aleatoria (en este caso proporcional).

La operación de un algoritmo genético simple se ilustra con el siguiente segmento de pseudo-código [2]:

```
generar población inicial,  $G(0)$ ;  
evaluar  $G(0)$ ;  
 $t:=0$ ;  
repetir  
     $t:=t+1$ ;  
    generar  $G(t)$  usando  $G(t-1)$ ;  
    evaluar  $G(t)$ ;  
hasta encontrar una solución;
```

Primero, se genera aleatoriamente la población inicial, que estará constituida por un conjunto de cromosomas, (donde cada uno se divide en unidades denominadas *genes* con valores  $\{0,1\}$ ) o cadenas de caracteres que representan las soluciones posibles del problema. A cada uno de los cromosomas de esta población se le aplicará la función de aptitud a fin de saber qué tan buena es la solución que está codificando.

En la Fig. 1-1. Se muestra de una forma detallada el desarrollo de un algoritmo genético simple.

```
BEGIN /* Algoritmo Genético Simple (AGS) */  
  Generar la población inicial aleatoriamente  
  Computar la función de evaluación de cada individuo  
  WHILE NOT Terminado DO  
    BEGIN /* Producir nueva generación */  
      FOR Tamaño población/2 DO  
        BEGIN /* Ciclo reproductivo */
```

Selección: dos individuos de la anterior generación, para el cruce (probabilidad de selección proporcional a la función de evaluación del individuo)

Cruza: con cierta probabilidad los dos individuos obteniendo dos descendientes

Mutación: mutar los dos descendientes con cierta probabilidad

Evaluar: la función de los dos descendientes mutados

Inserción: los dos descendientes mutados en la nueva generación

```
        END.  
      IF la población ha convergido THEN  
        Terminado := TRUE  
      END.  
    END.  
  END.
```

Figura 1-1 Pseudocódigo del algoritmo genético simple.

#### 1.2.1.1. CODIFICACION.

La codificación más común de las soluciones es a través de cadenas binarias, aunque se han utilizado también números reales y letras. El primero de estos esquemas ha gozado de mucha popularidad debido a que es el que propuso originalmente Holland y, además, porque resulta muy sencillo de implementar.

Si bien el alfabeto utilizado para representar los individuos no debe necesariamente estar constituido por el  $\{0,1\}$ , buena parte de la teoría en la que se fundamentan los algoritmos genéticos utilizan dicho alfabeto.

#### 1.2.2. POBLACIÓN.

Establece cuántos individuos habrá en cada una de las generaciones. Si el tamaño de la población es pequeño, el algoritmo genético tiene pocas posibilidades de evolucionar por el cruce y los individuos nuevos se parecerán mucho a sus padres. Tampoco un tamaño grande es adecuado porque se llega a un punto en el que los resultados no mejoran por mucho que se incremente el tamaño de la población. Debe de ser suficiente para garantizar la diversidad de las soluciones y, además, tiene que crecer con el número de bits del cromosoma.

##### 1.2.2.1. TAMAÑO DE LA POBLACIÓN.

Una cuestión que puede plantearse es la relacionada con el tamaño idóneo de la población. Parece intuitivo que las poblaciones pequeñas corren el riesgo de no cubrir adecuadamente el espacio de búsqueda, mientras que el trabajar con poblaciones de gran tamaño puede acarrear problemas relacionados con el excesivo costo computacional.

Goldberg [3] efectuó un estudio teórico, obteniendo como conclusión que el tamaño óptimo de la población para cromosomas de longitud  $l$ , con codificación binaria, crece exponencialmente con el tamaño del cromosoma.



### 1.2.2.2. POBLACIÓN INICIAL.

Habitualmente la población inicial se escoge generando cromosomas al azar, pudiendo contener cada gen uno de los posibles valores del alfabeto con probabilidad uniforme. Se podría preguntar qué es lo que sucede si los individuos de la población inicial se obtuviesen como resultado de alguna técnica heurística. En los trabajos que existen sobre este aspecto, se constata que esta inicialización no aleatoria de la población inicial, puede acelerar la convergencia prematura del algoritmo, queriendo indicar con esto la convergencia hacia óptimos locales.

### 1.2.3. FUNCIÓN OBJETIVO.

La función objetivo no es más que la función de adaptación del problema de optimización. Una característica peculiar de esta función es que tiene que ser capaz de distinguir propuestas de soluciones buenas de aquellas que no lo son. Es decir "castigar" a las malas soluciones, y de "premiar" a las buenas, de forma que sean estas últimas las que se propaguen con mayor rapidez.

Evidentemente, al hablar de que a cada individuo de la población se le asigna una y sólo una evaluación, se está hablando de una función que se denomina **función de adaptación**.

Dos aspectos que resultan cruciales en el comportamiento de los Algoritmos Genéticos son la determinación de una adecuada función de adaptación, así como la codificación utilizada de las posibles soluciones.

Idealmente el interés de construir funciones objetivo con "ciertas propiedades", es decir, funciones que verifiquen que para dos individuos que se encuentren cercanos en el espacio de búsqueda, sus respectivos valores en las funciones objetivo sean similares. Por otra parte, una dificultad en el comportamiento del Algoritmo Genético puede ser la existencia de gran cantidad de óptimos locales, así como el hecho de que el óptimo global se encuentre muy aislado.

La regla general para construir una buena función objetivo es que ésta refleje el valor del individuo de una manera "real", pero en muchos problemas de optimización combinatoria, donde existe gran cantidad de restricciones, buena parte de los puntos del espacio de búsqueda representan individuos no válidos.

Para este planteamiento en el que los individuos están sometidos a restricciones, se han propuesto varias soluciones. La primera sería la que se podría denominar absolutista, en la que aquellos individuos que no verifican las restricciones, no son considerados como tales, y se siguen efectuando cruces y mutaciones hasta obtener individuos válidos, o bien, a dichos individuos se les asigna una función objetivo igual a cero.

Otra posibilidad consiste en reconstruir aquellos individuos que no verifican las restricciones. Dicha reconstrucción suele llevarse a cabo por medio de un nuevo operador que se acostumbra a denominar reparador.

Otro enfoque está basado en la penalización de la función objetivo. La idea general consiste en dividir la función objetivo del individuo por una cantidad (la penalización) que guarda relación con las restricciones que dicho individuo viola. Dicha cantidad puede simplemente tener en cuenta el número de restricciones violadas ó bien el denominado "costo esperado de reconstrucción", es decir, el costo asociado a la conversión de dicho individuo en otro que no viole ninguna restricción.

Otra técnica que se ha venido utilizando en el caso en que la computación de la función objetivo sea muy compleja es la denominada evaluación aproximada de la función objetivo. En algunos casos la obtención de  $n$  funciones objetivo aproximadas puede resultar mejor que la evaluación exacta de una única función objetivo, supuesto el caso de que la evaluación aproximada resulta como mínimo  $n$  veces más rápida que la, evaluación exacta.

### 1.3. OPERADORES GENÉTICOS.



Figura 1 - 2 Ciclo de un algoritmo genético.

Estos algoritmos operan en un ciclo simple: Creación de la población inicial, selección y reproducción, éste último implicando una recombinación (o *crossover*) y mutación del material genético de las soluciones, como se muestra en la Fig. 1-2. Los tres procesos involucrados para pasar de una generación a otra son: **selección, cruza y mutación.**

#### 1.3.1. OPERADOR DE SELECCIÓN.

El punto más importante para cualquier AG es que cuente con un *método de selección* que premie a los individuos más aptos permitiéndoles que se reproduzcan más frecuentemente. Esta es la diferencia más importante entre los AG's y la búsqueda aleatoria.

La selección determina qué elementos de la población aportarán su "*material genético*" a la siguiente generación de individuos. El objetivo del método de selección es proporcionar un número creciente en forma exponencial de oportunidad de sobrevivir a los individuos más aptos.

La selección ocasiona que haya más individuos buenos, *explora* el conocimiento que se ha obtenido hasta el momento procurando elegir lo mejor que haya encontrado, elevando así el nivel de adaptación de toda la población.

1.3.1.1. MÉTODO DE LA RULETA<sup>4</sup>.

Este método es muy simple, el algoritmo de selección funciona en forma muy parecida a la ruleta de juegos de azar, pero aquí cada división de la ruleta está emparentada con la aptitud de los individuos. Esto es posible cuando el arco que define cada ranura de la ruleta en la que cada cromosoma tiene asignada una fracción proporcional a su aptitud. Es evidente que el paradigma para problemas de maximización se ajusta directamente a esta técnica - mayor ranura implica mayor aptitud - y por lo tanto una mayor oportunidad de ser seleccionado (presumiblemente, se escogerá a los "mejores").

Supóngase que se tiene una población de 4 cromosomas cuyas aptitudes están dadas por los valores mostrados en la Tabla 1-1.

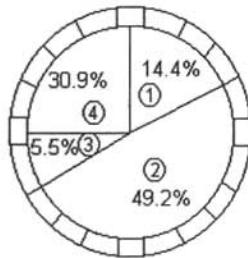
TABLA 1-1 Valores de ejemplo para ilustrar la selección mediante ruleta

No.	Cadena	Aptitud	% del Total
1	01101	169	14.4
2	11000	576	49.2
3	01000	64	5.5
4	10011	361	30.9
Total		1170	100.0

---

<sup>4</sup> Método usado por Goldberg en "Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning Addison-Wesley Publishing Company, 1989.

Con los porcentajes obtenidos en la cuarta columna de la Tabla 1-1 se puede elaborar la ruleta como se muestra en la Fig. 1-3. Esta ruleta se gira 4 veces para determinar qué individuos se seleccionarán. Debido a que a los individuos más aptos se les asignó un área mayor de la ruleta, se espera que sean seleccionados más número de veces.



**Figura 1-3** Ruleta que representa los valores de aptitud de la Tabla 1-1.

La probabilidad de caer en cada área que le corresponde a cada individuo en la ruleta esta dada por:

$$p(i) = \frac{x_i}{\sum_j x_j}$$

lo que es proporcional a su función de adaptación.

#### 1.3.1.2. MÉTODO DE LOS TORNEOS.

La selección por este método es muy simple. De la población se hace competir a los cromosomas que la integran en grupos de tamaño predefinido en un torneo del que resultarán ganadores aquellos que tengan valores de aptitud más altos. En especial el **torneo binario** (competencia por parejas), esta técnica garantiza la obtención de múltiples reproducciones del mejor individuo entre los progenitores de la siguiente generación y por lo tanto el mejor individuo será seleccionado dos veces.

El AG debe, no sólo seleccionar de entre lo mejor que ha encontrado, sino procurar encontrar mejores individuos. A esto se dedican los operadores que serán descritos a continuación, los que aseguran que en todo momento exista cierto grado de variedad en la población, procurando con ello que no se "vicie".

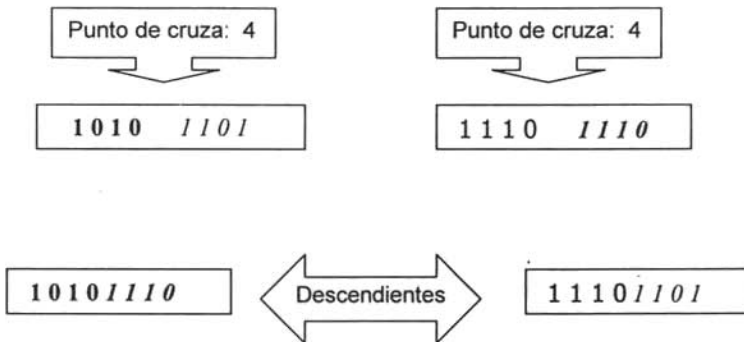
#### 1.3.2. OPERADOR DE CRUCE.

El segundo punto importante de un algoritmo genético es que contenga una forma de reproducir a los individuos. El emparentamiento se verifica mediante el operador genético denominado *cruza*. La **reproducción sexual** o **cruza** es el procedimiento mediante el cual los sobrevivientes intercambiarán su material genético y sus descendientes formarán la población de la siguiente generación.

Existen varias formas en que puede implementarse el cruzamiento. Algunas encuentran aplicación generalizada, otras son para problemas muy específicos. Aquí se hablará de la más primitiva (pero también muy eficaz) técnica de cruzamiento de un punto (**1- point crossover**).

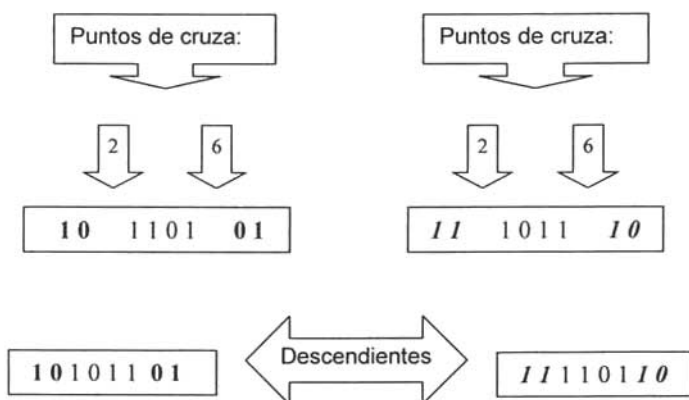
Las dos formas más comunes de reproducción sexual son: *uso de un punto único de cruza* y *uso de dos puntos de cruza*.

Cuando se usa un solo punto de cruza, éste se escoge de forma aleatoria sobre la longitud de la cadena que representa el cromosoma, y a partir de él se realiza el intercambio de material de los dos individuos, tal y como se muestra en la Fig. 1-4.



**Figura 1-4** Muestra el uso de un solo punto de cruza entre dos individuos. Obsérvese que cada pareja de cromosomas da origen a dos descendientes para la siguiente generación. El punto de cruza puede ser cualquiera de los dos extremos de la cadena, en cuyo caso no se realiza la cruza.

Cuando se usan 2 puntos de cruce, se procede de manera similar, pero en este caso el intercambio se realiza en la forma mostrada en la Fig. 1-5.



**Figura 1-5** Uso de 2 puntos de cruce entre dos individuos. Note cómo en este caso se mantienen los genes de los extremos, y se intercambian los del centro. También aquí existe la posibilidad de que uno o ambos puntos de cruce se encuentren en los extremos de la cadena, en cuyo caso se hará una cruce usando un solo punto, o ninguna cruce, según corresponda.

A demás de los operadores de cruzamiento antes mencionados existen:

*Cruce uniforme*: para cada gen de la cadena del descendiente existe una probabilidad de que el gen pertenezca al padre, y otra de que pertenezca a la madre.

*Cruce de mapeamiento parcial*: PMX, SEX: Son operadores más sofisticados fruto de mezclar y aleatorizar los anteriores.



Normalmente la cruce se maneja dentro de la implementación del algoritmo genético como un porcentaje que indica con qué frecuencia se efectuará. Esto significa que no todas las parejas de individuos se cruzarán, sino que habrá algunas que pasarán intactas a la siguiente generación.

De hecho, existe una estrategia desarrollada hace algunos años en la que el individuo más apto a lo largo de las distintas generaciones no se cruza, y se mantiene intacto hasta que surge otro individuo mejor que él, que lo desplazará. A esta estrategia se le denomina *elitismo* y puede ser generalizada especificando que permanezcan en la población los  $n$  mejores individuos de las pasadas  $k$  generaciones.

Por tanto, los hijos tenderán a ser diferentes a sus padres pero retendrán algunas de las características de ambos. Si los padres tuvieron gran aptitud (lo que es probable puesto que fueron seleccionados) existe entonces una buena oportunidad que al menos uno de los hijos tenga tan buena o mejor aptitud que alguno de sus padres. Si este es el caso, la selección favorecerá la procreación del hijo, si no, la extinción del mismo.

Existe por supuesto la posibilidad (aunque pequeña) que la mayoría o todos los cruces generen hijos con menor aptitud. Para contrarrestar ésta, se introduce un parámetro de probabilidad del cruzamiento, denotado por  $P_c$ . Dado que la cruce no da esperanza de mejorar en la solución, la probabilidad de la cruce  $P_c$  es alta ( $0.5 < P_c < 1.0$ ).

La cruce es el principal operador genético, hasta el punto que se puede decir que no es un algoritmo genético si no tiene cruce, y sin embargo, puede serlo perfectamente sin mutación. El rendimiento del algoritmo genético depende, en gran medida, del desempeño del operador de cruce usado.

### 1.3.3. OPERADOR DE MUTACIÓN.

La operación de Mutación es más sencilla, y una de la más utilizadas consiste en reemplazar con cierta probabilidad el valor de un bit (gene). La probabilidad de la mutación, denotada por  $P_m$ . Esta es siempre baja ( $0.0 < P_m < 0.1$ ).

El papel que juega la mutación es el de introducir un factor de diversificación ya que, en ocasiones, la convergencia del procedimiento a buenas soluciones puede ser prematura y quedarse atrapado en óptimos locales. Otra forma obvia de introducir nuevos elementos en una población es recombinar elementos tomados al azar sin considerar su grado de adaptación ("fitness").

Su importancia es secundaria al de la cruce. Mucha gente tiene la creencia errónea de que la mutación representa un papel predominante en la evolución natural. La razón es que la mutación puede producir más fácilmente cambios dañinos y aún destructivos que cambios benéficos. Un ambiente muy propenso a la mutación mataría rápidamente a la mayor parte de la población o aún a todos los individuos.

Demasiada mutación en un Algoritmo Genético, hace que el algoritmo degenera en búsqueda aleatoria.

A diferencia de la cruce, la mutación es un operador que se aplica a uno de los genes, de un cromosoma elegido aleatoriamente. El cual realiza un cambio, cuando se usa una representación binaria, un bit se sustituye por su complemento (un cero cambia en uno y viceversa).

El objetivo es generar nuevos individuos, que *exploren* regiones del dominio del problema que probablemente no se han visitado aún. Aleatoriamente, se buscan nuevas soluciones posibles que quizá superen las encontradas hasta el momento.

Al igual que la cruce, la mutación se maneja como un porcentaje que indica con qué frecuencia se efectuará, aunque se distingue de la primera por ocurrir mucho más esporádicamente (el porcentaje de cruce normalmente es de más del 60%, mientras que el de mutación normalmente nunca supera el 5%).

La mutación es un operador de respaldo que produce cambios aleatorios espontáneos en varios cromosomas. En los algoritmos genéticos, la mutación sirve como un papel crucial para:

1. Recuperación de material genético bueno que puede perderse a través del proceso de selección y cruce.
2. Provee los genes que no estuvieron presentes en la población inicial.
3. Proporciona un mecanismo de seguridad frente a posibles pérdidas de información valiosa.
4. Permite que todos los puntos del espacio de búsqueda tengan probabilidad de ser explorados.
5. Es importante, para asegurar la convergencia.
6. Este operador permite la introducción de nuevo material genético en la población.
7. Introduce diversidad de los descendientes respecto a los progenitores.

#### 1.3.4. EJEMPLO.

Como ilustración de los diferentes componentes del Algoritmo Genético Simple, supóngase el problema – adaptado de Goldberg [3] – de encontrar el máximo de la función  $f(x) = x^2$  sobre los enteros  $\{0,1,2,\dots,31\}$ . Evidentemente para lograr dicho óptimo, bastaría actuar por búsqueda exhaustiva, dada la baja cardinalidad del espacio de búsqueda. Se trata, por tanto, de un ejemplo con el que se pretende ilustrar el comportamiento del algoritmo anteriormente descrito.

Consultando el pseudocódigo de la Fig. 1-1, se ve que el primer paso a efectuar consiste en determinar el tamaño de la población inicial, para a continuación obtener dicha población al azar y computar la función de evaluación de cada uno de sus individuos.

Suponiendo que el alfabeto utilizado para codificar los individuos esté constituido por  $\{0, 1\}$ , se necesitan cromosomas de longitud  $5^5$ , para representar los 32 puntos del espacio de búsqueda.

En la Tabla 1-2, se han representado los 4 individuos (cromosomas) que constituyen la población inicial, junto con su función de adaptación al problema, así como la probabilidad de que cada uno de dichos individuos sea seleccionado – según el modelo de "la ruleta" (*roulette wheel selection*) sesgada – para emparentarse.

TABLA 1-2 Población inicial de la simulación efectuada a mano correspondiente al algoritmo genético simple

Cadena No. (individuo)	Población Inicial (genotipo)	Valor de x (fenotipo)	Valor f(x) (Función Adaptación)	% del Total	$f_i / \sum f$ (Probabilidad Selección)	$f_i / \bar{f}$ (Valor Esperado)	Valor Actual (ruleta)	Probabilidad de selección acumulada
1	01101	13	169	14.4	0.14	0.58	1	0.14
2	11000	24	576	49.2	0.49	1.97	2	0.63
3	01000	8	64	5.5	0.06	0.22	0	0.69
4	10011	19	361	30.9	0.31	1.23	1	1.00
Suma			1170	100.0	1.00	4.00	4.0	
Media			293		0.25	1.00	1.0	
Máximo			576		0.49	1.97	2.0	

Volviendo a consultar el pseudocódigo expresado en la Fig. 1-1, se ve que el siguiente paso consiste en la selección de 2 parejas de individuos.

<sup>5</sup> Una cadena de 5 bits, representa  $2^5=32$  números decimales entre  $[0..31]$ , es decir  $[00000..11111]$

Para ello es suficiente, con obtener 4 números reales provenientes de una distribución de probabilidad uniforme en el intervalo [0,1]. Y compararlos con la última columna de la Tabla 1-2. Así por ejemplo, supóngase que dichos 4 números hayan sido: 0.58; 0.84; 0.11 y 0.43. Esto significa que los individuos seleccionados para el cruce han sido: el individuo 2 junto con el individuo 4, así como el individuo 1 junto con el individuo 2.

**TABLA 1-3** Población en el tiempo 1 proveniente de efectuar los operadores de cruce y mutación sobre los individuos expresados en la Tabla 1-2, los cuales constituyen la población en el tiempo 0

Emparentamiento de individuos seleccionados	Pareja (seleccionada aleatoriamente)	Punto de Cruza	Descendientes	Nueva Población descendientes mutados	Valor de x (fenotipo)	Valor f(x) (Función Adaptación)	
11 / 000	2	2	11011	11011	27	729	
10 / 011	1	2	10000	10000	16	256	
011 / 01	4	3	01100	11100	28	784	
110 / 00	3	3	11001	11101	29	841	
Suma							2610
Media							652.5
Máximo							841

Para seguir con el Algoritmo Genético Simple, se debe determinar la probabilidad de cruce  $P_c$ . Supóngase que se fije en  $P_c = 0.8$ . Valiéndose al igual que antes de, dos en este caso, números provenientes de la distribución uniforme, determinarán si los emparentamientos anteriores se llevan a cabo. Se admite, por ejemplo, que los dos números extraídos sean menores que 0.8 decidiéndose, por tanto, efectuar el cruce entre las dos parejas. Para ello se escoge un número al azar entre  $\{1, l - 1\}$  (siendo  $l$  la longitud del cromosoma utilizado para representar el individuo). Notése que la restricción impuesta al escoger el número entre  $1$  y  $l - 1$ , y no  $l$ , se realiza con la finalidad de que los descendientes no coincidan con los padres.

Como se indica en la Tabla 1-3, que los puntos de cruce resulten ser 2 y 3. De esta manera se obtendría los 4 descendientes descritos en la cuarta columna de la Tabla 1-3.

A continuación, siguiendo el pseudocódigo de la Fig. 1-1, se mutaría con una probabilidad  $P_m$  cercana a cero, cada uno de los bits de los cuatro cromosomas de individuos. En este caso, se supone que los bits mutados corresponden al primer gen del tercer individuo, y el tercero del cuarto individuo. En las dos últimas columnas de la tabla 1-3, se pueden consultar los valores de los individuos, así como las funciones de adaptación correspondientes. Como puede observarse, tanto el mejor individuo como la función de adaptación media han mejorado sustancialmente al compararlos con los resultados de la Tabla 1-2.

Cómo funciona el algoritmo genético para la misma función objetivo, pero empleando la selección por el método del torneo.

Lo primero que se hace es encontrar una manera de codificar las posibles soluciones (posibles valores de  $x$ ).

Una manera de hacerlo es con la *Codificación Binaria*. Con esta codificación un posible valor de  $x$  es:

(01011)

¿Cómo se interpreta esto? En base 2 se tiene solamente dos dígitos para trabajar con 0 y 1, como un ejemplo el número 01011 decodificado en base 10.

$$0 \cdot 2^4 + 1 \cdot 2^3 + 0 \cdot 2^2 + 1 \cdot 2^1 + 1 \cdot 2^0 = 8 + 2 + 1 = 11$$

Observar que (00000) equivale a  $x = 0$  y que (11111) equivale a  $x = 31$ .

A cada posible valor de la variable  $x$  en representación binaria se le va a llamar individuo. Una colección de individuos constituye lo que se denomina población y el número de individuos que la componen es el tamaño de la población.

Una vez que se tiene codificada la solución, se escoge un tamaño de población. Para este ejemplo ilustrativo se va a escoger 6 individuos.

Se parte de una población inicial, una manera de generarla es aleatoriamente. El siguiente paso es hacer competir a los individuos entre sí. Este proceso se conoce como selección.

TABLA 1-4 Selección

No. Cadena (individuo)	Población inicial	Valor de $x$	Valor $f(x)$	Número de Pareja Asignada
1	01100	12	144	6
2	10010	18	324	3
3	01111	15	225	2
4	11000	24	576	5
5	11010	26	676	4
6	00001	1	1	1
Suma			1946	
Media			324.3	
Máximo			676	

Cada fila en la Tabla 1-4 está asociada a un individuo de la población inicial. Se observa que el mejor individuo es el 5 con  $f(x) = 676$ . Se calcula la media de  $f(x) = 324.3$

Una manera de realizar el proceso de selección es mediante un torneo entre dos. A cada individuo de la población se le asigna una pareja y entre ellos se establece un torneo: el mejor genera dos copias y el peor se desecha. La última columna indica la pareja asignada a cada individuo, lo cual se ha realizado aleatoriamente.

Existen muchas variantes de este proceso de selección, aunque este método ilustra el ejemplo. Después de realizar el proceso de selección, la población es la que se muestra en la Tabla 1-5. Se observa, por ejemplo, que en el torneo entre el individuo 1 y el 6 de la población inicial, el primero de ellos ha generado dos copias, mientras que el segundo queda en el olvido.

TABLA 1-5 Cruce

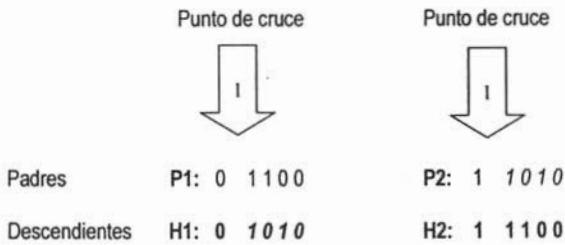
No. de Cadena (individuo)	Nueva Población	Número de Pareja Asignada	Punto de Cruza
1	0   1100	5	1
2	011   00	3	3
3	100   10	2	3
4	1   0010	6	1
5	1   1010	1	1
6	1   1010	4	1

Tras realizar la selección, se realiza el cruce. Una manera de hacerlo es mediante el cruce en un punto 1X, se forman parejas entre los individuos aleatoriamente de forma similar a la selección. Dados dos individuos pareja se establece un punto de cruce aleatorio entre 1 y 4.

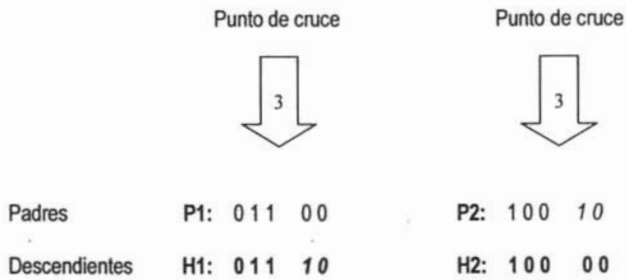
Por ejemplo, en la Fig. 1-6 se ilustra la pareja 2, donde el punto de cruce es 3, lo que significa que el primer hijo H1 de la pareja conserva los tres primeros bits del padre y hereda los dos últimos de la madre, mientras que el segundo hijo H2 de la pareja conserva los tres primeros bits de la madre y hereda los dos últimos del padre.



Pareja 1



Pareja 2



Pareja 3

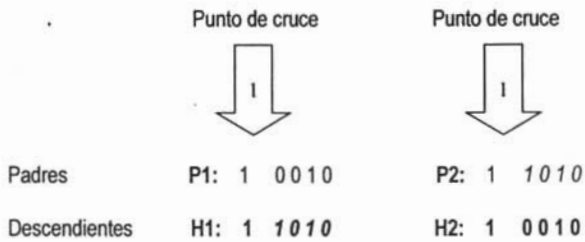


Figura 1-6 Punto de cruce aleatoriamente.

La población resultante se muestra en la Tabla 1-6.

**TABLA 1-6** Población después del cruce

No. de Cadena	Población	Valor de x	Valor f(x)
1	01010	10	100
2	11100	28	784
3	01110	14	196
4	10000	16	256
5	11010	26	676
6	10010	18	324
Suma			2336
Media			389.3
Máximo			784

En la tercera columna se tiene el valor de  $x$ ; en la cuarta el valor de  $f(x)$  correspondiente.

Ahora el valor máximo de  $f(x)$  es 784 (para el individuo 2), mientras que antes de la selección y cruce era de 676. Además, la media ha mejorado de 324.3 a 389.3. ¿Qué quiere decir esto? Simplemente que los individuos después de la selección y el cruce son mejores que antes de estas transformaciones.

El siguiente paso es volver a realizar la selección y el cruce tomando como población inicial la de la Tabla 1-6. Esta manera de proceder se repite tantas veces como número de iteraciones se fijen. Y ¿cuál es el óptimo?. En realidad un algoritmo genético no garantiza la obtención del óptimo, pero si está bien construido, proporciona una solución buena. Puede que se obtenga el óptimo, pero el algoritmo no confirma que lo sea. Así que hay que quedarse con la mejor solución de la última iteración. *También es buena idea ir guardando la mejor solución de todas las iteraciones anteriores y al final quedarse con la mejor de las exploradas.*

### Consideraciones Adicionales.

En problemas reales en los que se aplican los algoritmos genéticos, existe la tendencia a la homogeneización de la población, es decir, a que todos los individuos de la misma sean idénticos. Esto impide que el algoritmo siga *explorando* nuevas soluciones, con lo que podría quedar estancado en un mínimo y/o máximo local no muy bueno.

Existen técnicas para contrarrestar esta "deriva genética". El mecanismo más elemental, aunque no siempre suficientemente eficaz, es introducir una mutación tras la selección y el cruce. Una vez que se ha realizado la selección y el cruce se escoge un número determinado de bits de la población y se altera aleatoriamente. En este caso consiste simplemente en cambiar algún(os) bit(s) de 1 a 0 ó de 0 a 1.

Si se supiera la respuesta a la que se debe llegar, entonces detener el algoritmo genético sería algo trivial. Sin embargo, eso casi nunca es posible, por lo que normalmente se usan dos criterios principales de detención: correr el algoritmo genético durante un número máximo de generaciones (iteraciones) o detenerlo cuando la población se haya estabilizado (i.e., cuando todos o la mayoría de los individuos tengan la misma aptitud).

## CAPÍTULO II

### EL PROBLEMA DE KEPLER CLÁSICO

#### 2.1. CAMPO CENTRAL.

De todos los casos de fuerzas conservadoras, el más interesante y el más famoso es el llamado campo central. Se trata de una fuerza que no depende de la velocidad del cuerpo. Tampoco depende explícitamente del tiempo. El campo central corresponde a una fuerza de tipo puramente atractivo o repulsivo que actúa a distancia sobre los cuerpos y cuya intensidad depende únicamente de lo cercano o lo alejado que se encuentra ese cuerpo del origen de la fuerza. Así, si se sitúa el centro de la fuerza en el origen del sistema coordenado, por razones de sencillez, la fuerza se puede expresar como

$$\vec{F}(\vec{r}) = -\text{gra } dV(\vec{r}) \quad (2.1)$$

En este caso, la expresión para la conservación de la energía total es:

$$\frac{1}{2} m \left| \frac{\dot{\vec{r}}}{r^2} \right|^2 + V(\vec{r}) = E \quad (2.2)$$

Nuevamente, lo que (2.2) representa es una ecuación diferencial de primer orden (la primera derivada del vector de posición de la partícula). Se trata de una primera integral de las ecuaciones diferenciales de movimiento.

En si misma, la expresión (2.2) posee información interesante acerca del movimiento. La fórmula (2.2) da un balance de energía cinética y energía potencial. La partícula posee una cierta cantidad  $E$  de energía que puede emplear, bien como energía cinética; es decir, como movimiento, o bien la puede "guardar" en forma de energía potencial, para emplearla luego, pero nunca podrá usar más, ni menos que esa energía total  $E$ . Al moverse, emplea energía potencial para su movimiento, al disminuir su movimiento, acumula energía potencial. Así, una partícula en presencia de una fuerza conservadora central está obligada a moverse eternamente en algún movimiento que le imprime velocidad o se la resta, pero siempre gastando o acumulando energía potencial de modo que se cumpla (2.2).

Y bien, pero ¿Cómo es ese movimiento? - Para contestar a esta pregunta, habría que retomar la expresión (2.2), entendida como una ecuación diferencial de primer orden e integrarla. Solamente así será posible conocer finalmente la relación funcional del vector de posición de la partícula con el tiempo, así como con los parámetros particulares de la fuerza que la urge.

Mas he aquí que esta última etapa, tal como está expresada la fórmula (2.2), no es posible alcanzarla. La

razón es muy simple: desarrollando  $\left| \frac{\dot{\vec{r}}}{r} \right|^2$  por componentes (cartesianas) se tiene que:

$$\sqrt{\dot{x}^2 + \dot{y}^2 + \dot{z}^2} = \pm \sqrt{\frac{2}{m} (E - V(x, y, z))}$$

Se trata, en efecto, de una sola ecuación diferencial para tres funciones, no lineal. No se puede integrar... excepto que se trate de un movimiento en una sola dimensión. Claramente, en un problema unidimensional es posible destrabar el problema y expresar la ecuación diferencial como:

$$\frac{dx}{dt} = \pm \sqrt{\frac{2}{m} (E - V(x))} \quad (2.3)$$

Ahora si, es posible llevar a (2.3) hasta una "cuadratura"; es decir, una integral:

$$t - t_0 = \pm \int_{x_0}^x \frac{dx}{\sqrt{\frac{2}{m} (E - V(x))}} \quad (2.4)$$

Siendo  $x_0$  la posición del cuerpo en el instante  $t_0$ .

La cuadratura (2.4) puede muy bien ser tan simple que su integración sea inmediata o puede ser tan complicada que requiera de mucho sufrimiento, de una paciencia de Job y un talento Newtoniano para ser resuelta. Puede ocurrir, inclusive, que no sea posible realizar la integración y que en el mejor de los casos, solo una burda aproximación se puede hacer para salvar la situación.

Al menos, lo que puede afirmarse de (2.4) es que, una vez resuelto el asunto de la integración, se tendrá, finalmente que la posición es cierta expresión; cierta función del tiempo, de la masa y del parámetro o parámetros característicos de esa peculiar interacción; es decir:

$$X = X(t, m, \dots) \quad (2.5)$$

Así como de las condiciones iniciales. Esta es la ecuación de la trayectoria. Aquí termina el problema matemático y todo lo que resta es trazar la trayectoria en una hoja de papel y compararla con una foto de la trayectoria real, o bien tabular los resultados de (2.5) y contrastarlos con los datos observables.

Pero regresando al caso general de tres dimensiones del campo central, es de verse que, tal como esta expresado en (2.2) no es posible intentar una integración.

Sin embargo, es factible hallar una salida colateral que permitirá acceder a una cuadratura. Esta salida tiene que buscarse en otro orden de ideas; particularmente en la información contenida en las torcas.

En efecto, el campo central posee propiedades muy interesantes cuando se estudia bajo la perspectiva de las torcas. La torca es aquel vector que se construye como el momento de la fuerza:

$$\vec{N} \equiv \vec{r} \times \vec{F} \quad (2.6)$$

Si la fuerza es central; esto es solamente depende del vector de posición al cuerpo, entonces es claro que, usando un sistema de coordenadas "polares", en el cual una de las coordenadas sea precisamente la distancia radial que separa al cuerpo del origen se debe tener que la fuerza es del tipo.

$$\vec{F}(\vec{r}) \equiv F(\vec{r})\hat{\rho} \quad (2.7)$$

siendo  $\hat{\rho}$  un vector unitario en la dirección radial, definido como

$$\hat{\rho} \equiv \frac{\vec{r}}{|\vec{r}|} \quad (2.8)$$

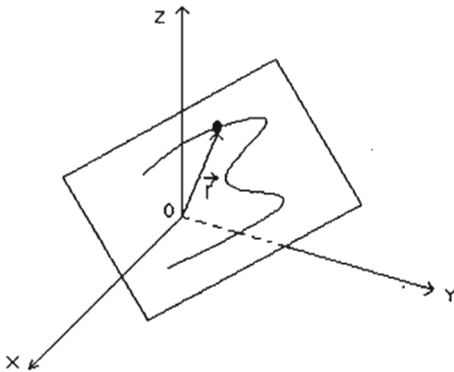
y  $F(\vec{r})$  es la magnitud de la fuerza radial. Por lo tanto, de acuerdo con (2.6), (2.7) y (2.8) es evidente ahora que en este caso, la torca es nula:

$$\vec{N} \equiv 0 \quad (2.9)$$

Es decir, que para toda fuerza central, la torca es nula. Esto a su vez conduce de inmediato a otro resultado: se debe concluir para las fuerzas centrales que el momento angular de los cuerpos es constante en esos casos, esto es

$$\vec{h} \equiv \vec{r} \times m \dot{\vec{r}} = \text{const.} \quad (2.10)$$

a lo largo de su movimiento. Este hecho conduce a afirmar que todo cuerpo que se mueve bajo la acción de una fuerza central, lo hace sobre una superficie de movimiento plana, esto es, se trata de un movimiento planar.



**Figura 2-1** Plano del movimiento y trayectoria de un cuerpo en un campo central.

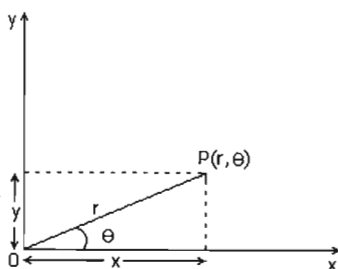
Aún nada se sabe sobre la trayectoria del cuerpo, pero ahora se ha descubierto que es planar; esto es, que ocurre sobre una superficie 2-D. plana. Si esto es así, entonces muy bien puede tomarse en lo sucesivo al plano del movimiento como uno de los planos coordenados; como se muestra en la Fig. 2-1, por ejemplo, el plano  $xoy$ . Así, un movimiento originalmente entendido como tridimensional, se puede estudiar de ahora en adelante como aquel que queda

descrito solamente con dos coordenadas. La tercera permanecerá nula a lo largo de la trayectoria, tal como se ha escogido el sistema coordenado cartesiano.



## 2.2. COORDENADAS POLARES.

El siguiente paso es utilizar ahora una descripción más adecuada para el movimiento. En vez de continuar con el uso de coordenadas cartesianas, conviene explorar las llamadas **coordenadas polares**. Por consiguiente, las coordenadas polares son una distancia radial  $r$  y un ángulo  $\theta$  tal como se muestra en la Fig. 2-2. En seguida se establecen las transformaciones (directa e inversa) para relacionar las coordenadas polares con las cartesianas.



**Figura 2.2** Un punto  $p$  sobre el plano cartesiano se localiza mediante coordenadas polares  $r, \theta$ .

Directa:

$$r = \sqrt{x^2 + y^2} \quad 2.11a$$

$$\theta = \arctan(y/x) \quad 2.11b$$

Inversa:

$$x = r \cos \theta \quad 2.12a$$

$$y = r \sin \theta \quad 2.12b$$

En particular, tomando la transformación inversa (2.12) y derivando miembro a miembro con respecto al tiempo, se ve que:

$$\dot{x} = \dot{r} \cos \theta - r \dot{\theta} \sin \theta \quad (2.13a)$$

$$\dot{y} = \dot{r} \sin \theta + r \dot{\theta} \cos \theta \quad (2.13b)$$

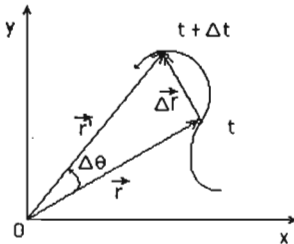
así que, elevando al cuadrado cada una de estas expresiones y sumado, se demuestra que la energía cinética de la partícula es:

$$\frac{1}{2} m(\dot{x}^2 + \dot{y}^2) = \frac{1}{2} m(\dot{r}^2 + r^2\dot{\theta}^2) \quad (2.14)$$

en términos de las coordenadas polares y sus derivadas temporales.

Por su parte, el cambio del vector de posición, cuando se observa a la partícula en dos posiciones sucesivas, se puede descomponer, tal como se muestra en las Figuras 2-3 y 2-4, en dos componentes: una radial y otra tangencial:

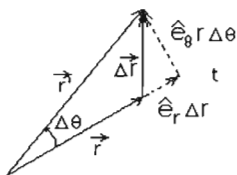
$$\Delta \vec{r} \equiv \vec{r}' - \vec{r} = \hat{e}_r \Delta r + \hat{e}_\theta r \Delta \theta \quad (2.15)$$



**Figura 2.3** Dos radios vectores apuntan a las posiciones sucesivas de una partícula sobre su trayectoria.

así que dividiendo miembro a miembro la igualdad (2.15), entre el lapso  $\Delta t$  que transcurrió para que la partícula ocupara las dos posiciones sucesivas sobre la línea de su trayectoria y haciendo tender este lapso a cero se obtiene, de acuerdo con la definición de derivada del cálculo diferencial, se obtiene (2.16).

$$\vec{v} \equiv \lim_{\Delta t \rightarrow 0} \frac{\Delta \vec{r}}{\Delta t} = \dot{r} \hat{e}_r + \dot{\theta} r \hat{e}_\theta \quad (2.16)$$



**Figura 2.4** La diferencia de los vectores de posición se descompone en una parte radial y otra tangencial.

Está es la expresión para el vector velocidad con coordenadas polares. Los vectores  $\hat{e}_r$  y  $\hat{e}_\theta$  son unitarios y apuntan; uno en la dirección radial y el otro en la dirección perpendicular a aquella, en el sentido del movimiento del cuerpo. En la fórmula (2.16)

se debe reconocer que  $\dot{r}$  representa la rapidez con la que el cuerpo se acerca o se aleja del origen de coordenadas; esta es la

llamada **velocidad radial**; en tanto que  $\dot{\theta}$

representa la rapidez con la cual el cuerpo barre el ángulo a partir del origen. A este objeto matemático se le llama **velocidad angular**. Cabe hacer notar en este punto que la velocidad radial tiene, en efecto, unidades de velocidad (distancia entre tiempo), en tanto que la velocidad angular debe medirse en unidades de ángulo (radianes o grados) entre tiempo. Si bien  $\dot{\theta}$  no tiene dimensiones de velocidad, el producto:

$$r \dot{\theta} \quad (2.17)$$

Si tiene las unidades de velocidad adecuadas. A este producto se le conoce como **velocidad tangencial** del cuerpo.

Ahora bien, regresando al estudio del movimiento angular, en la representación de coordenadas polares se tiene para este caso que.

$$\vec{h} \equiv \vec{r} \times m \dot{\vec{r}} \equiv \begin{vmatrix} \hat{e}_r & \hat{e}_\theta & \hat{k} \\ r & 0 & 0 \\ m\dot{r} & m r \dot{\theta} & 0 \end{vmatrix} \quad (2.18)$$

Siendo  $\hat{k}$  el vector unitario normal a la superficie del movimiento. Entonces, desarrollando el determinante (2.18) se obtiene lo siguiente:

$$\vec{h} = k m r^2 \dot{\theta} \hat{k} \quad (2.19)$$

Este resultado muestra varias cosas interesantes. En primer lugar, el momento angular aparece como un vector que apunta en la dirección de la línea normal al plano de la trayectoria. Se trata, de un vector constante, cuya magnitud  $h$  es también una constante a lo largo del movimiento, de modo que, de (2.19) se obtiene que:

$$\dot{\theta} = \frac{h}{m r^2} \quad (2.20)$$

En consecuencia, mientras más alejado se encuentra el cuerpo del centro de la fuerza, su velocidad angular disminuye y viceversa. Además, si se conociera la dependencia de la magnitud del radio vector con el tiempo, entonces se podría establecer de inmediato una cuadratura

$$\theta(t) - \theta_0 = \frac{h}{m} \int_{t_0}^t \frac{dt}{r^2(t)} \quad (2.21)$$

Con la cual, una vez integrada, se hallaría al ángulo  $\theta$  como función del tiempo. Con este acto, el problema quedaría resuelto.

Finalmente, se puede decir que la fórmula (2.20) exhibe el hecho de que la coordenada angular  $\theta$  no es independiente sino que, por el contrario, depende del radio  $r$ . En estas circunstancias es posible regresar a (2.2) y expresar la ley de conservación de la energía como.

$$\frac{1}{2} m \left( \dot{r}^2 + \frac{h^2}{m^2 r^2} \right) + V(r) = E \quad (2.22)$$

Se trata de una ecuación diferencial ordinaria, de primer orden, en una sola variable. Esta ecuación conduce de inmediato a una cuadratura, como se verá enseguida:

$$t - t_0 = \pm \int_{r_0}^r \frac{dr}{\sqrt{\frac{2}{m} \left( E - V(r) - \frac{h^2}{m^2 r^2} \right)}} \quad (2.23)$$

Así, realizando la integración (2.23) para la función energía potencial  $V(r)$  particular, se obtiene a la coordenada radial  $r$  como función del tiempo, de los parámetros dinámicos y de las condiciones iniciales del problema. Esta información sustituida en (2.21) permite obtener a  $\theta$  como función del tiempo y, tal como se mencionó, el problema analítico ha quedado resuelto. La tabulación y graficación de los resultados y la comparación con los datos experimentales, permitirá decidir si el problema estuvo bien planteado, bien desarrollado y bien resuelto. En caso de hallarse discrepancias habrá de comenzar de nuevo.

De hecho, es posible simplificar aun más el procedimiento y en vez de plantear dos cuadraturas: la (2.21) y la (2.23), establecer una sola. Para ello hay que recordar que de acuerdo con los resultados anteriores,  $r$  y  $\theta$  tienen una relación funcional entre sí, de manera que es posible manipular la derivada de una de ellas, en términos de la otra; esto es:

$$\dot{r} = \frac{dr}{d\theta} \dot{\theta}$$

o bien, usando (2.20)

$$\dot{r} = \frac{h}{m} \frac{d}{d\theta} \left( \frac{1}{r} \right) \quad (2.24)$$

así que sustituyendo (2.24) en (2.22) se obtiene una ecuación diferencial para  $r$  y  $\theta$  que ya no exhibe explícitamente al tiempo:

$$\frac{h^2}{2m} \left[ \left( \frac{d}{d\theta} \left( \frac{1}{r} \right) \right)^2 + \frac{1}{r^2} \right] = E - V(r) \quad (2.25)$$

Esta ecuación diferencial conduce de inmediato a la siguiente cuadratura:

$$\theta - \theta_0 = \pm \int_{\nu_0}^{\nu} \frac{d\nu}{\sqrt{\frac{2m}{h^2} (E - V(\nu)) - \nu^2}} \quad (2.26)$$

en donde se ha utilizado la llamada **variable de Binet**,

$$\nu \equiv \frac{1}{r} \quad (2.27)$$

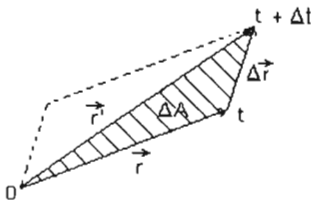
Para facilitar la escritura de la expresión matemática. Una vez integrada, la fórmula (2.26) conduce a una función de la variable radial en términos de la coordenada angular

$$r = r(\theta) \quad (2.28)$$

Conocida como la **ecuación de las órbitas**. En la teoría Newtoniana de la gravitación que se desarrollará en la sección 2.4 se hará uso de la ecuación de órbitas para el potencial newtoniano y se podrán obtener las órbitas de diferentes cuerpos celestes. En ese contexto se mostrara cómo sin necesidad de integrar (2.23) o (2.26), una valiosísima información acerca del movimiento de cuerpos masivos sujetos a la atracción gravitacional de otro aun mayor, se infiere del estudio de la ecuación de la energía (2.22).

Por el momento y antes de cerrar este capítulo, vale la pena hacer un último y muy interesante hallazgo en relación con el momento angular de los cuerpos materiales que se mueven bajo la acción de campos centrales. Una propiedad del producto vectorial, a saber que cuando dos vectores se multiplican vectorialmente el resultado es (en tres dimensiones) un nuevo vector, perpendicular a los dos primeros y cuya magnitud es igual al área generada por ellos. Entonces se propone el producto vectorial

$$\vec{r} \times \Delta \vec{r}$$



**Figura 2.5** El producto vectorial de  $\vec{r}$  y  $\Delta \vec{r}$  genera una área que es el doble de  $\Delta A$ . Esta es el área barrida por el cuerpo en el lapso  $\Delta t$ .

Siendo  $\Delta \vec{r}$  el vector diferencia de los dos vectores de posición sucesivos del cuerpo en un lapso  $\Delta t$ , tal como se explicó en (2.15), se obtiene como resultado el vector normal al plano de la trayectoria, cuya magnitud es, de acuerdo con la Fig. 2-5, el doble del área elemental barrida por el cuerpo a lo largo de ese mismo lapso. Entonces llamando  $\Delta A$  al área barrida, se tiene que:

$$\Delta A = \frac{1}{2} \left| \vec{r} \times \Delta \vec{r} \right|$$

Pero ahora con la ayuda de un pequeño artificio matemático que consiste en dividir miembro a miembro de la expresión anterior por el lapso  $\Delta t$  y someter el proceso de límite cuando  $\Delta t$  tiende a cero, se ve de inmediato que:

$$\frac{dA}{dt} = \frac{h}{2m} \quad (2.29)$$

como se ve de la definición del momento angular.

### 2.3. LEYES DE KEPLER ( MOVIMIENTO PLANETARIO ).

Ahora, el momento angular  $\vec{h}$  es una constante de movimiento para todos los cuerpos que se encuentran bajo la urgencia de una fuerza central; la que sea y cualquiera sea su origen, entonces se puede ver de (2.29) que el área barrida por esos cuerpos es siempre una constante. O dicho de otra manera: **Todo cuerpo material que se mueve bajo la acción de una fuerza central, barre áreas iguales en tiempos iguales en su transito alrededor del centro de la fuerza.**

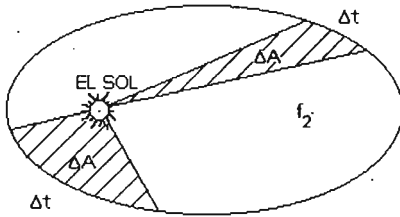
Debe reconocerse en el enunciado anterior, la expresión de la **Segunda Ley de Kepler**. Bueno, en realidad este enunciado es aún más general, pues en tanto que Johannes Kepler (1571-1630) la formuló dentro del contexto de la teoría planetaria de la gravitación, se ha demostrado como un resultado general para todos los cuerpos que se mueven bajo la influencia de una fuerza central.



Las trayectorias de los cuerpos celestes alrededor del Sol no resultaron ser círculos. Según sus propias palabras, se trataba de órbitas "oblongas" (cabe apuntar que Kepler desconocía las elipses en aquel entonces. Poco después, un antiguo profesor que había tenido en la universidad le aclaró el concepto). No se trataba de un error de observación. Tycho Brahe había observado una y otra vez a lo largo de muchos años, con sus instrumentos; los más precisos de la época y con su privilegiada vista, sus datos eran tan exactos como ningunos otros en el mundo. Por su parte, Kepler dibujó veinte veces cada trayectoria y sin excepción, aparecieron en sus pliegos de papel esas "extrañas" órbitas oblongas. Para colmo, el Sol nunca apareció exactamente en el centro de esos círculos achatados, sino que siempre, quedó situado a un lado; sobre la línea de los ápsides (la línea de los semiejes mayores).

Muy a su pesar y en contra de todas los argumentos teológicos que aseguraban que las órbitas debían ser círculos, ya que estos son figuras perfectas y como Dios creó entre otras cosas a los planetas y les imprimió sus movimientos, entonces necesariamente debió haberlos puesto en órbitas circulares, Kepler tuvo que rendirse ante la evidencia observacional: **las órbitas que trazan los planetas en el espacio, en su tránsito alrededor del Sol son elipses. El Sol, se encuentra en uno de los focos de esas elipses. Su Primera Ley.**

Este no fue el único resultado de su trabajo: los puntos que trazó en aquellas hojas de papel mostraron también otras características notables; una de ellas fue que al pasar cerca del Sol, los planetas apresuran el paso, así que los puntos aparecen más próximos entre sí, en tanto que al alejarse del Sol, caminan más y más lentamente, hasta llegar al punto más distante (el afelio). A partir de allí, nuevamente aceleran el paso y así sucesivamente. Pero esa eterna rutina de aceleraciones y desceleraciones guarda una armonía, un ritmo preciso; Kepler pudo comprobar, haciendo medidas cuidadosas sobre el papel, que siempre, el planeta, cualquiera sea éste, barre áreas iguales en tiempos iguales. **Esta es la Segunda Ley.**



**Figura 2-6** Los planetas describen órbitas elípticas, en uno de cuyos focos está el Sol. En su tránsito, barren áreas iguales ( $\Delta A$ ) en tiempos iguales ( $\Delta t$ ).

También de sus observaciones surgió la tercera ley; aquella que tiene que ver con los periodos de tránsito alrededor del Sol y su vínculo con los radios medios. De acuerdo con la Fig. 2-6. Al abordar el problema de la gravitación se regresara a estudiar estos resultados con detalle y amplitud.

#### 2.4. LA TEORÍA NEWTONIANA DE LA GRAVITACIÓN.

Para 1667, Newton tenía todo este bagaje de conocimientos. Sin embargo, era evidente para él que así, simplemente establecida como una lista de leyes naturales, no iba a ser suficiente para convencer a los remisos ni a cambiar las conciencias de los científicos de su época, que tenían sus pensamientos plagados de supersticiones y miedos religiosos. Por otra parte, resolver problemas simples de mecánica tal vez gustase a los académicos, pero no sentía que fuera suficiente. Tenía que demostrar que su modelo podía ayudar a resolver en forma espectacular un problema importante, ¿Qué mejor que aquel viejo problema del sistema del mundo?.

Copérnico, Tycho Brahe, Galileo y Kepler fueron gigantes que se habían asomado por primera vez al espacio exterior y con actitudes desafiantes se habían hecho la pregunta de por qué el mundo es así y por qué funciona de la manera como lo hace, sin temor a sufrir las llamaradas del infierno por su osadía. Independientemente de si Dios es o no y sin tomar en cuenta lo que puede hacer o deshacer, estos cuatro gigantes quisieron saber por qué. Por qué los planetas están donde están; por qué se desplazan en forma tan armoniosa, tan estable alrededor del Sol; por qué se encuentran a esas distancias unos de los otros; por qué, por qué...

Newton decidió montarse sobre los hombros de esos gigantes y caminar con ellos, viendo más lejos, más alto que ninguno otro. Llegó a la conclusión de que los fenómenos celestes estaban al alcance de su mano.

Para comenzar, propuso que la fuerza que mantiene a los planetas girando alrededor del Sol es la misma que tiene a todas las cosas sobre la Tierra atadas, adheridas a su superficie; es la misma que hace que la Luna orbite a este planeta. La fuerza es la **gravitación**, es una interacción que ocurre entre los cuerpos con masa y que ocurre a distancia, sin necesidad de un contacto físico entre ellos y aún en el más absoluto vacío cósmico se deja sentir.

La fuerza de gravitación es, pues, una interacción universal entre cuerpos masivos. Dados dos cuerpos en el espacio, instantáneamente se establece entre ellos una atracción que trata de unirlos. La fuerza de atracción gravitacional depende de las masas de los cuerpos, así que se puede escribir algo como

$$F \sim Mm$$

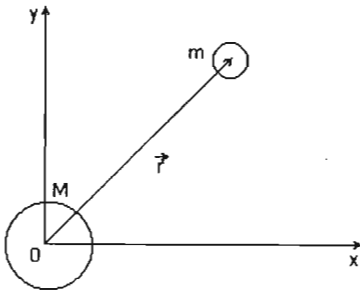
es decir, que depende del producto de las masas **M** y **m**. También hay que percatarse que la gravitación depende en forma inversa de alguna potencia de la distancia que separa a esos cuerpos; mientras más alejados se encuentran entre sí, más débil es la interacción y viceversa.

Estudiando las trayectorias; aquellas que Kepler había trazado sobre sus pliegos de papel de estraza, Newton dedujo, con esa genialidad nunca igualada ni antes, ni después de él, que la relación debía ser de inversos del cuadrado de las distancias relativas entre los cuerpos. Así situando a uno de ellos en el origen del sistema de coordenadas y colocando al otro en un punto cualquiera sobre el plano cartesiano, a una distancia  $r$  del primero, la fuerza de atracción gravitacional debe ser del tipo

$$F \sim \frac{1}{r^2}$$

Así, finalmente, la expresión para la fuerza de atracción gravitacional pudo ser sintetizada magistralmente por el genio de Woolsthorpe de la siguiente manera:

$$\vec{F} = -G \frac{Mm}{r^2} \left( \frac{\vec{r}}{r} \right) \quad (2.30)$$



**Figura 2-7** Dos masa,  $M$  y  $m$ , situadas a una distancia  $\vec{r}$  entre sí, interactúan gravitacionalmente.

Aquí se tiene una "ecuación constitutiva"; (Symon, Keith P.) esto es, una fórmula empíricamente deducida a partir de observaciones, con la cual se representa la interacción gravitacional entre dos cuerpos masivos, con masas  $M$  y  $m$ , respectivamente, situados a una distancia  $r$  entre sus centros de masa. Es una fórmula típicamente central y atractiva; siendo este rasgo definitivo de la gravitación el que se

representa en (2.30) mediante el signo menos. Como se muestra en la Fig. 2-7.

La constante  $G$  es universal. Se trata de una cantidad que tiene siempre el mismo valor numérico y cuyas unidades son aquellas que dan consistencia dimensional a ambos miembros de la fórmula. Medidas precisas realizadas recientemente, dan como valor de esta constante de la gravitación universal el siguiente:

$$G = 6.668 \times 10^{-11} \frac{N \cdot m^2}{(kg)^2} \quad (2.31)$$

La ecuación constitutiva (2.30) posee interesantes características: por ejemplo, es evidente que se trata de una fuerza central. También se puede observar de inmediato que cumple con la tercera ley de la mecánica, pues, la misma fuerza experimenta el cuerpo de masa  $m$  debido al otro; el de masa  $M$ , que la percibe es debido a la presencia de aquel, solo que los sentidos de las fuerzas de atracción son opuestos. También es evidente que esta fuerza provoca en un cuerpo una aceleración que es independiente de su masa, tal como lo aseguro Galileo Galilei en sus Diálogos sobre las dos Nuevas Ciencias: Esto último queda claro cuando se usa la ecuación constitutiva (2.30). Al hacerlo, se cancela la masa del cuerpo que experimenta la aceleración

$$\vec{a} = -G \frac{M}{r^3} \vec{r} \quad (2.32)$$

Así que, recordando aquella célebre anécdota del florentino Galileo Galilei cuando, según alguno de sus biógrafos, subió a lo alto del "Campanile" de la torre inclinada de Pisa, dejando caer a continuación objetos de diferentes materiales, tamaños y consistencias, que fueron a dar con estrépito a los pies de algunos asorados transeúntes, para ratificar su acertó que, sin importar su masa, todo cuerpo cae con la misma celeridad, en contra de lo que la lógica aristotélica afirma<sup>6</sup>, se puede observar que (2.32) contiene, en efecto dicho resultado.

---

<sup>6</sup> En verdad, este "experimento" nunca se llevó a cabo. La anécdota fue inventada años después por algún biógrafo exaltado.

finalmente, si se toma en cuenta que la masa de la Tierra es de

$$M_{\oplus} = 5.9764 \times 10^{24} \text{ kg} \quad (2.33)$$

y su radio ecuatorial

$$R_{\oplus} = 6.3782 \times 10^6 \text{ m} \quad (2.34)$$

entonces resulta que la aceleración que este planeta imprime a todo objeto que se encuentra cerca de su superficie es

$$g \equiv \frac{GM_{\oplus}}{R_{\oplus}^2} \equiv 9.7958 \frac{m}{s^2} \quad (2.35)$$

la llamada **aceleración de la gravedad terrestre**<sup>7</sup>. Este es el bien conocido valor de la constante para calcular el peso de los objetos materiales sobre la Tierra.

Como toda fuerza central esta es conservadora y sólo depende de la distancia del objeto que la experimenta al centro de la fuerza. Es fácil demostrar que (2.30) proviene de la energía potencial

$$V(r) = -\frac{GM}{r} \quad (2.36)$$

tal que

$$\vec{F} = -\text{gra } dV \quad (2.37)$$

usando la llamada "variable de Binet":

$$u \equiv \frac{1}{r}$$

se tiene que

$$V(u) = -GMu$$

---

<sup>7</sup> El valor que se toma por convención para esta constante es de  $9.80665 \text{ m/s}^2$ . Este corresponde a un radio medio  $\bar{R}_{\oplus} = 6.3735 \times 10^6 \text{ m}$ .

## 2.5. RESOLUCIÓN DE LA ECUACIÓN DIFERENCIAL.

Para calcular las órbitas de cuerpos masivos sujetos a la acción de la fuerza de gravitación (2.30), simplemente se debe sustituir la expresión de esta ecuación constitutiva en la fórmula general que se dedujo en (2.26), haciéndolo se tiene lo siguiente:

$$\theta - \theta_0 = \pm \int_{v_0}^v \frac{du}{\sqrt{\frac{2m}{h^2}(E + GMm\nu) - \nu^2}} \quad (2.38)$$

Ahora, completando el trinomio cuadrado perfecto dentro del radical, en el denominador de (2.38) y factorizándolo se obtiene de inmediato lo siguiente:

$$\theta - \theta_0 = \pm \frac{1}{\sqrt{\frac{2Em}{h^2} + \frac{G^2 M^2 m^4}{h^4}}} \int_{v_0}^v \frac{du}{\sqrt{1 - \left[ \frac{\nu - \frac{GMm^2}{h^2}}{\sqrt{\frac{2Em}{h^2} + \frac{G^2 M^2 m^4}{h^4}}} \right]^2}}$$

Tal como ha quedado esta cuadratura, se puede integrar, pues se trata de una expresión del tipo

$$\pm \int \frac{dx}{\sqrt{1-x^2}}$$

que da como resultado una función del tipo genérico de arco seno o arco coseno, según el signo que se elija.

Escogiendo el signo menos se obtiene entonces:

$$\theta - \theta_0 = \left[ \arg \cos \left( \frac{\nu - \frac{GMm^2}{h^2}}{\sqrt{\frac{2Em}{h^2} + \frac{G^2 M^2 m^4}{h^4}}} \right) \right]_{v_0}^v \quad (2.39)$$

El signo del integrando en (2.38) tiene que ver con el sentido del movimiento del cuerpo alrededor del centro de la fuerza y el hecho de que aparezca uno positivo y otro negativo significa que hay dos posibles soluciones (como debe ser, ya que se partió de una ecuación diferencial de segundo grado). Por lo tanto, escoger uno o el otro signo, en este nivel de desarrollo de la solución es irrelevante.

Por otra parte, el valor  $\theta_0$  para el ángulo inicial, a partir del cual se lleva cuenta del movimiento del cuerpo se escoge como aquel para el cual  $u_0$  (el inverso de la distancia inicial) anula a la función arg coseno; i.e.:

$$\arg \cos \left( \frac{u_0 - \frac{GMm^2}{h^2}}{\sqrt{\frac{2Em}{h^2} + \frac{G^2 M^2 m^4}{h^4}}} \right) = 0$$

por lo tanto, la solución a la que se arriba finalmente es la siguiente:

$$\frac{1}{r} = \frac{1 + \sqrt{\frac{2Eh^2}{G^2 M^2 m^3} + 1} \cos(\theta - \theta_0)}{\frac{h^2}{GMm^2}} \quad (2.40)$$

Pero (2.40) exhibe la misma estructura que la ecuación general de las cónicas, de la geometría analítica del plano, cuando se expresa en coordenadas polares:

$$\frac{1}{r} = \frac{1 + \varepsilon \cos(\theta - \theta_0)}{\ell} \quad (2.41)$$

Siendo  $\varepsilon$  la "excentricidad" de la cónica y  $\ell$  él, "semilado recto". Así, la ecuación de órbitas que es solución del problema de la interacción gravitacional newtoniana es ni más, ni menos que aquella para las cónicas.

En este caso, la excentricidad de las cónicas gravitacionales esta dada, de acuerdo con (2.40) y (2.41) por

$$\varepsilon = \sqrt{\frac{2Eh^2}{G^2 M^2 m^3} + 1} \quad (2.42)$$



De la misma manera, el semilado recto es

$$\ell \equiv \frac{h^2}{GMm^2} \quad (2.43)$$

De la geometría analítica, la excentricidad de una cónica es un número positivo y es el que determina de qué figura se trata. Así, si la excentricidad es igual a cero, se trata de un círculo; si, en cambio, su valor es mayor que cero, pero menor que uno, se trata de una elipse. A continuación se enlistan estas propiedades:

$$\text{Círculo: } \quad \varepsilon = 0$$

$$\text{Elipse: } \quad 0 < \varepsilon < 1$$

$$\text{Parábola: } \quad \varepsilon = 1$$

$$\text{Hipérbola: } \quad \varepsilon > 1$$

Observando con cuidado (2.40) se verá que dentro del radical aparece una expresión donde todas las literales son positivas, a excepción de la energía total  $E$ , que, bien puede ser positiva, pero también puede adquirir valores negativos, o incluso puede tener el valor cero, dependiendo de la clase de movimiento de que se trate. Se puede ver, adicionalmente que

(i) la órbita seguida por un cuerpo urgido por la fuerza gravitacional de Newton (2.30) será circular si:

$$\varepsilon = 0 \rightarrow E_0 = -\frac{G^2 M^2 m^3}{2h^2} \quad (2.44)$$

es decir, cuando la energía total del cuerpo sea negativa y posea precisamente el valor dado por (2.44) en términos de la masa central  $M$ , de la masa del cuerpo que órbita a ese  $m$  y de su momento angular  $h$ .

(ii) Por su parte, la órbita será elíptica si

$$0 < \varepsilon < 1 \rightarrow -\frac{G^2 M^2 m^3}{2h^2} < E_1 < 0 \quad (2.45)$$

esto significa que, nuevamente, la energía total de la partícula es negativa y esta acotada entre los valores que se exhiben en (2.45)

(iii) En el caso especial, cuando

$$\varepsilon = 1 \rightarrow E_2 = 0 \quad (2.46)$$

y la trayectoria del cuerpo es una parábola. Aquí se puede imaginar que la partícula llega desde el infinito; se acerca al centro de la fuerza a una distancia mínima y luego se aleja nuevamente al infinito. Cuerpos celestes como ciertos cometas que entran al Sistema Solar, provenientes del espacio exterior y después de pasar por las cercanías del Sol, se alejan para nunca más volver, son ejemplos de órbitas abiertas. Sin embargo, para que una trayectoria sea precisamente una parábola, se requiere, como se ve en (2.46) un valor de la energía total que sea precisamente cero; ni más, ni menos. Esto es un caso sumamente improbable en la Naturaleza. En la inmensa mayoría de los casos, la energía total del cuerpo será, bien un poco menor que cero, en cuya circunstancia la órbita estará acotada (una elipse), tal como se ve en (2.45), o bien,

(iv) Puede ser que la órbita sea una hipérbola, cuando

$$\varepsilon > 1 \rightarrow E_3 > 0 \quad (2.47)$$

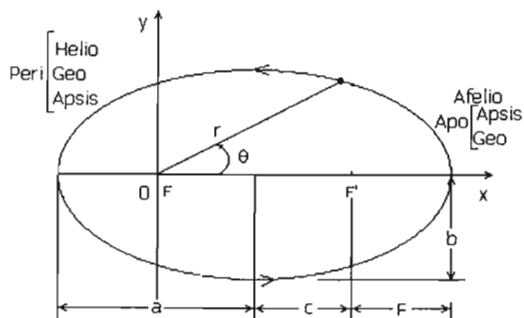
Elipses e hipérbolas son las trayectorias que suelen observarse con frecuencia en la astronomía. Círculos y parábolas no.

Curiosamente, aquellas órbitas perfectas: los círculos, que durante cerca de dos mil años se supuso que eran los senderos destinados por el Altísimo para los planetas; aquellas trayectorias que suscitaban discusiones y enconos y que llevaron a algunos infelices a la hoguera, o al menos a prisión, resulta ahora, a la luz de la gravitación de Newton que son totalmente improbables.

Que alegría debió haber sentido aquel genio inglés cuando al resolver sus ecuaciones resultó que las órbitas de los planetas, tal como lo descubrió Kepler casi sesenta años antes, son elipses, en uno de cuyos focos se encuentra el Sol y que barren áreas iguales en tiempos iguales.

## 2.6. CONSIDERACIONES IMPORTANTES PARA LAS ÓRBITAS ELÍPTICAS.

En particular, las órbitas elípticas tienen un conjunto de características muy interesantes. Así, de la Fig. 2-8 se distingue:



**Figura 2-8** Movimiento elíptico de un planeta alrededor del Sol.

estudie la órbita elíptica de un satélite de la Tierra, entonces el punto de mayor acercamiento a ella es el **PERIGEIO** y en un caso general, un cuerpo que órbita a otro, cuando está en ese punto; el más cercano al centro de la fuerza, se dice que se encuentra en el **PERIAPSIS**.

(iv) Por el contrario, el punto de mayor alejamiento es, en el caso del Sistema Planetario el **AFELIO**; en el caso de la Tierra es el **APOGEO** y en el caso general es el **APOAPSIS**.

(i) El radio desde el foco (ocupado por el Sol) hasta el planeta es la variable  $r$  de (2.40). Este radio es, instantáneamente, la distancia desde el centro del Sol al centro del planeta.

(ii) La elipse contiene siempre dos focos; uno esta ocupado y el otro esta vacante.

(iii) La distancia desde el foco ocupado, hasta el punto mas cercano de la órbita al Sol es el **PERIHELIO**. En el caso de que se

(v) En general, los puntos extremos de la elipse son los **ÁPSIDES** y la distancia entre ambos es el **EJE MAYOR "2a"**. La mitad de esta longitud; esto es, la distancia del centro de la elipse a un ápside es el semieje mayor **a**. Así, si **R<sub>p</sub>** es la distancia del foco ocupado al perihelio y **R<sub>A</sub>** es la distancia del foco ocupado al afelio, entonces.

$$a = \frac{1}{2}(R_p + R_A) \quad (2.48)$$

(vi) El eje menor es la distancia perpendicular al eje mayor que pasa por el centro de la elipse; se denota por **b**.

(vii) La distancia entre los focos es **2C** y se ve que

$$2C = R_A - R_p \quad (2.48a)$$

(viii) La **ANOMALIA VERDADERA** es el ángulo medido a partir del periapsis (o perihelio) hasta el punto sobre la órbita, donde se encuentra instantáneamente el cuerpo. En la Fig. 2-8 la anomalía verdadera es el ángulo  $\theta$  más 180°.

De acuerdo con (2.38), la distancia al afelio es cuando se toman  $\theta_0$  y  $\theta$  iguales a cero:

$$R_A = \left( \frac{1 + \sqrt{1 + \frac{2Eh^2}{G^2 M^2 m^3}}}{\frac{h^2}{GMm^2}} \right)^{-1} \quad (2.49)$$

en tanto que la distancia al perihelio es cuando  $\theta_0$  es igual a cero, en tanto que  $\theta$  adquiere el valor de 180°:

$$R_p = \left( \frac{1 - \sqrt{1 + \frac{2Eh^2}{G^2 M^2 m^3}}}{\frac{h^2}{GMm^2}} \right)^{-1} \quad (2.50)$$

Por lo tanto, los valores de los semiejes mayor y menor se obtienen de (2.49), (2.50) y (2.47), en términos de las masas, la energía total y la magnitud del momento angular.

(ix) La **excentricidad** se define como la relación entre la distancia entre los focos y el eje mayor:

$$\varepsilon \equiv \frac{2c}{2a} \quad (2.51)$$

como se recordará, la excentricidad, es el parámetro que define a la cónica.

(x) Tomando como punto de partida la ecuación general de las cónicas (2.40), así, como la expresión para el semieje mayor (2.48) en términos de los radios apsidales, se ve que el semilado recto  $\ell$  puede expresarse en términos de  $a$  y de la excentricidad  $\varepsilon$ :

$$a = \frac{1}{2}(R_A + R_P) = \frac{\ell}{2} \left( \frac{1}{1+\varepsilon} + \frac{1}{1-\varepsilon} \right) = \frac{\ell}{1-\varepsilon^2}$$

así que, despejando:

$$\ell = a(1 - \varepsilon^2) \quad (2.52)$$

Por otra parte, la interacción gravitacional newtoniana es central, entonces cumple con la segunda ley de Kepler enunciada y demostrada en (2.29). Por lo tanto, si se integra a toda la duración  $\tau$  de un periodo de traslación completa sobre su órbita, la expresión (2.29) da como resultado

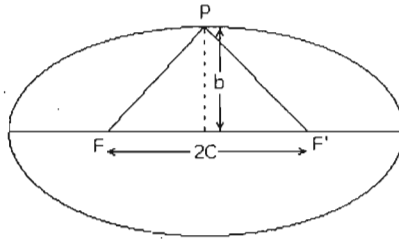
$$\int_0^\tau \frac{dA}{dt} dt = A = \frac{h\tau}{2m} \quad (2.53)$$

así que el periodo de tránsito  $\tau$  se puede expresar también en términos de los parámetros de la órbita, en particular, recordando que el área de la elipse esta dada por

$$A = \pi ab$$

se tiene que

$$\tau = 2\pi ab \frac{m}{h} \quad (2.54)$$



**Figura 2.9** Para construir una elipse se usa el hecho de que todos sus puntos son el lugar geométrico tal que el segmento  $2PF$  es una distancia constante.

De la Fig. 2-9 se observa que, por construcción de la elipse:

$$a = \sqrt{c^2 + b^2}$$

así que se puede expresar al semieje menor  $b$  en términos de  $a$  y  $\varepsilon$  como:

$$b = a\sqrt{1 - \varepsilon^2} \quad (2.55)$$

de manera que el periodo de tránsito (2.54) es

$$\tau = 2\pi a^2 \sqrt{1 - \varepsilon^2} \frac{m}{h} \quad (2.56)$$

ahora, de acuerdo con (2.40) y (2.47) se ve que:

$$a = \frac{GMm}{2E} \quad (2.57)$$

y por lo tanto:

$$\sqrt{1 - \varepsilon^2} = \frac{h}{m} \frac{1}{\sqrt{aGM}} \quad (2.58)$$

así que sustituyendo (2.58) en (2.56) se consigue finalmente el resultado:

$$\tau^2 = \frac{4\pi^2}{\mu} a^3 \quad (2.59)$$

siendo  $\mu \equiv GM_{\odot} = 3.98506 \times 10^{14} \text{ m}^3 / \text{s}^2$  (2.60)

para el caso del Sol y se le conoce como El **parámetro gravitacional**.

Se debe reconocer en (2.59) la expresión matemática de la **Tercera Ley de Kepler**, que establece que El **cuadrado de los periodos de tránsito alrededor del centro de la fuerza, es proporcional al cubo de las distancias**. Esta ley ha resultado ser de enorme ayuda en astronomía, ya que los periodos de tránsito se observan directamente de los planetas, entonces, mediante la regla (2.59) se calcula la distancia al Sol.

Muchas de las propiedades esenciales de las trayectorias de los cuerpos sujetos a la acción de la gravitación newtoniana son conocidas sin necesidad de integrar la expresión para la conservación de la energía total (2.2), cuando se sustituye en ella la fórmula para la energía potencial

$$V(r) = -\frac{\mu m}{r} \quad (2.61)$$

la misma que se empleó en la integral (2.38) para las órbitas. Haciendo esta operación, la ecuación para la conservación de la energía total adquiere el siguiente aspecto:

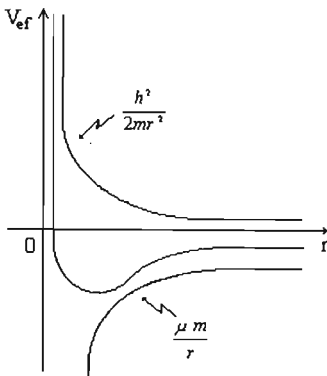
$$\frac{1}{2} m \dot{r}^2 + \frac{h^2}{2mr^2} - \frac{\mu m}{r} = E \quad (2.62)$$

en donde se ha hecho uso de la conservación del momento angular. El segundo sumando a la izquierda de la igualdad en (2.62) se conoce como la **barrera centrífuga**.

En términos generales se puede considerar a la expresión (2.62) como la ley de conservación de la energía total del cuerpo, compuesta por su energía cinética radial y una energía potencial efectiva  $V_{ef}$  que a su vez está constituida por la suma de la energía potencial gravitacional (2.61) y el término de barrera centrífuga

$$V_{ef}(r) \equiv \frac{h^2}{2mr^2} - \frac{\mu m}{r} \quad (2.63)$$

siendo este último siempre positivo, en tanto que el otro: la energía potencial gravitacional es siempre negativo, de modo tal que habrá ciertos valores del radio  $r$  para los cuales domine la barrera centrífuga, en tanto que para otros, la atracción gravitacional será preponderante. Para ver mejor esta competencia entre ambas funciones, vale la pena hacer una gráfica de estas funciones. Esta se ha dibujado en la Fig. 2-10.



**Figura 2-10** Gráfica de la energía potencial efectiva vs distancia.

Lo que muestra esta figura es la superposición de las dos funciones: la barrera centrífuga (positiva) y la energía potencial gravitacional (negativa). El resultado de esa superposición es la curva que corre entre las dos anteriores, y que exhibe la peculiaridad de tender al infinito (positivo) para valores muy pequeños de la distancia  $r$  al centro de la fuerza, pero se vuelve nula y luego negativa a medida que  $r$  aumenta. La forma de esta función es como de una concavidad, por lo cual se le conoce

como el pozo de la energía potencial efectiva.

El punto interesante de esta gráfica, y del hecho que la energía potencial efectiva tenga un dominio en el cual es positiva y otro en el cual es negativa en particular, es que para la región positiva, la energía total  $E$  debe ser, así mismo, positiva, de acuerdo con (2.62) ya que, por su parte, la energía cinética radial siempre es positiva.



## CAPÍTULO III

### LOS ALGORITMOS GENÉTICOS APLICADOS AL PROBLEMA DE KEPLER

El propósito es enviar una nave espacial desde la Tierra a Marte y regresar de nuevo a la Tierra en el menor tiempo posible. Se supone que las órbitas de la Tierra y Marte son circulares y que las únicas fuerzas sobre la nave espacial son las debidas a la acción del Sol, despreciándose las influencias mutuas entre planetas y de estos con la nave.

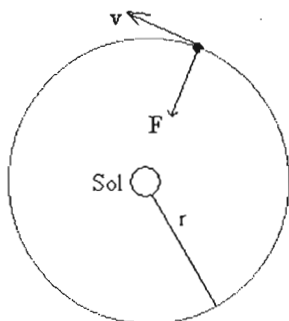
- Empleando el método de prueba y error: a partir de la observación del movimiento de los planetas, se deberá determinar, aproximadamente, cuál será la distancia angular entre el planeta origen y destino en el momento del lanzamiento de la nave.
- Resolviendo numéricamente el problema, para lo que es necesario conocer la dinámica del movimiento circular uniforme y la tercera ley de Kepler.

Primero se tiene que realizar el viaje de ida desde la Tierra a Marte. Se observan las magnitudes de las velocidades angulares de ambos planetas. ¿Cuál ha de ser la distancia angular entre la Tierra y Marte en el momento del lanzamiento para que la nave llegue a Marte?. ¿Qué planeta ha de ir por delante?.

Una vez que se haya alcanzado el planeta Marte, se formula las mismas preguntas para realizar el viaje de regreso a la Tierra.

## 3.1. MOVIMIENTO DE LOS PLANETAS.

## Descripción



Supóngase que los planetas, Marte y la Tierra describen órbitas circulares alrededor del Sol

Aplicando la ecuación de la dinámica del movimiento circular uniforme.

$$G \frac{Mm}{r^2} = m \frac{v^2}{r} \quad v = \sqrt{\frac{GM}{r}}$$

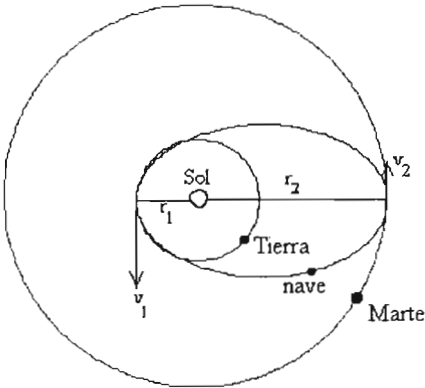
Donde  $M=1.98 \cdot 10^{30}$  kg es la masa del Sol,  $G=6.67 \cdot 10^{-11}$  Nm<sup>2</sup>/kg<sup>2</sup> es la constante de la gravitación universal y  $r$  es el radio de la trayectoria circular que describe el planeta.

Datos:

- $r_m = 2.28 \times 10^{11}$  m es el radio de la órbita de Marte.
  - $r_t = 1.49 \times 10^{11}$  m es el radio de la órbita de la Tierra.
- Para la Tierra  $r_t=1.49 \cdot 10^{11}$  m, por lo que  $v_t=29772.6$  m/s
  - Para Marte  $r_m=2.28 \cdot 10^{11}$  m, por lo que  $v_m=24067.3$  m/s

### 3.2. ÓRBITA DE MOVIMIENTO.

#### Trayectoria de la nave espacial



Supóngase despreciable la influencia de los planetas sobre el movimiento de la nave espacial en su trayecto de la Tierra a Marte. La nave describirá una órbita elíptica uno de cuyos focos está en el Sol, su perihelio será el radio de la Tierra  $r_1=1.49 \cdot 10^{11}$  m y su afelio el radio de Marte  $r_2=2.28 \cdot 10^{11}$  m.

Conocidos  $r_1 = r_p$  y  $r_2 = r_m$  se puede determinar la velocidad de la nave espacial en el perihelio  $v_1$  y en el afelio  $v_2$  aplicando las propiedades de la fuerza de atracción.

La fuerza de atracción entre la nave y el Sol es central, el momento angular permanece constante.

$$m r_1 \cdot v_1 \cdot \text{sen} 90^\circ = m \cdot r_2 \cdot v_2 \cdot \text{sen} 90^\circ$$

La fuerza de atracción es conservadora, la energía total permanece constante

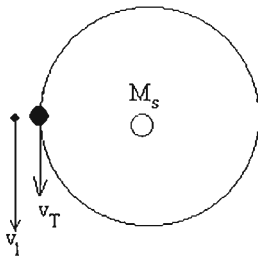
$$\frac{1}{2} m v_1^2 - \frac{GMm}{r_1} = \frac{1}{2} m v_2^2 - \frac{GMm}{r_2}$$

Se resuelve el sistema de dos ecuaciones con dos incógnitas despejando  $v_1$  y  $v_2$

$$v_1 = \sqrt{\frac{2GM r_2}{r_1(r_1 + r_2)}} \quad v_2 = \sqrt{\frac{2GM r_1}{r_2(r_1 + r_2)}}$$

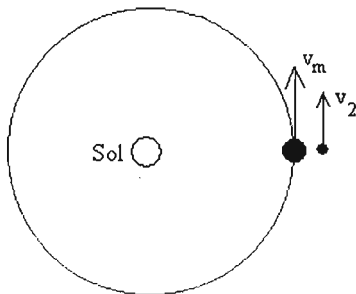
Datos:  $r_1=1.49 \cdot 10^{11}$  m, y  $r_2=2.28 \cdot 10^{11}$  m,

Incógnitas:  $v_1=32742.7$  m/s y  $v_2=21397.6$  m/s



Cuando se lanza la nave espacial desde las proximidades del planeta Tierra y en la dirección de su movimiento orbital, se ha de incrementar la velocidad de la nave en:

$$v_1 - v_T = 32742.7 - 29772.6 = 2971.1 \text{ m/s para que llegue al planeta Marte.}$$



En el viaje de regreso, cuando se lanza la nave en las proximidades del planeta Marte y en la dirección de su movimiento orbital, se debe disminuir su velocidad en:

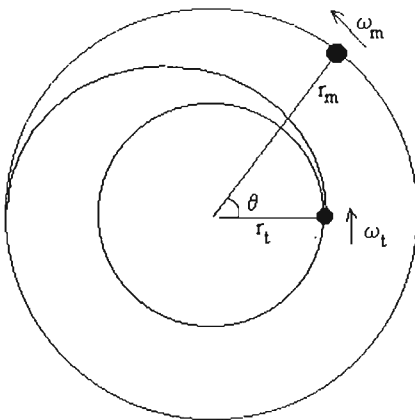
$$v_2 - v_m = 21397.6 - 24067.3 = -2669.7 \text{ m/s para que llegue a la Tierra.}$$

Conocido el eje mayor de la órbita elíptica  $2a=r_1+r_2$  se utiliza la tercera ley de Kepler para calcular el periodo.

$$P^2 = \frac{4\pi^2 a^3}{GM}$$

Sustituyendo los datos,  $P=517.8$  días. Para viajar de la Tierra a Marte o de Marte a la Tierra se emplea justamente la mitad de tiempo 258.9 días.

### 3.3. POSICIONES DE LOS PLANETAS EN EL MOMENTO DEL LANZAMIENTO DE LA NAVE ESPACIAL.



Si las posiciones de los planetas en el momento del lanzamiento son las que se muestran en la Fig. 3-5, Marte por delante de la Tierra, como corresponde a su menor velocidad angular, la distancia angular entre la Tierra y Marte en el momento del lanzamiento de la nave desde la Tierra será

$$\theta = \pi - \omega_m P/2$$

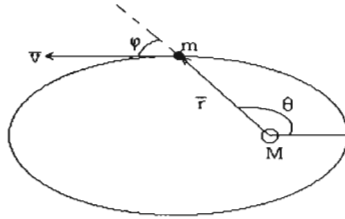
Donde  $\omega_m = v_m/r_m$  es la velocidad angular de Marte.

Figura 3-5 Posiciones de los planetas.

Marte tiene que ir  $44.7^\circ$  por delante de la Tierra en el momento del lanzamiento de la nave espacial en las proximidades de la Tierra.

Usando la misma argumentación para el viaje de regreso, se obtiene la distancia angular entre la Tierra y Marte en el momento del lanzamiento de la nave espacial desde Marte. La solución es la siguiente: la Tierra por delante de Marte  $76.1^\circ$ .

Cuando una nave espacial se mueve bajo la acción de fuerza de atracción del Sol o de un planeta, describe una trayectoria que es una cónica.



**Figura 3-6** Fuerza de atracción

La energía  $E$  y momento angular  $L$  son constantes por ser la fuerza de atracción central y conservadora

En cualquier punto de la trayectoria, la energía del cuerpo celeste vale

$$E = \frac{1}{2}mv^2 + \left( -G \frac{M_s m}{r} \right)$$

y el momento angular

$$L = m \cdot v \cdot r \cdot \text{sen} \varphi$$

Siendo  $\varphi$ , el ángulo entre la dirección de la velocidad (tangente a la trayectoria) y la dirección radial, tal como se indica en la fig. 3-6.

El vector velocidad en cada punto de la trayectoria presenta una: magnitud (módulo) y dirección diferentes.

Un vector cambia debido a su tamaño, dirección o ambos.

3.4. PLANTEAMIENTO.

El problema de Kepler para el caso particular de la órbita elíptica formada entre los planetas Tierra y Marte, Cuando se lanza el objeto lo que se hace es maximizar el radio-vector, es decir, partiendo de un radio mínimo  $r$ , éste comenzaría a incrementarse para ir mapeando los puntos de la trayectoria donde además de tener el punto  $P(r, \theta)$ , se tendrá una velocidad asignada en ese instante.

TABLA 3-1 Codificación y evaluación de los elementos del dominio de la función

No.	Código	E. Dominio	$R(\theta) \times 10^{11} \text{ m}$	$V(\theta) \text{ m/s}$
1	000...000	0°	1.48915	32,742.70
2	.	1°	1.48918936	32,741.80
3	.	2°	1.48930746	32,739.30
4	.	3°	1.48950428	32,735.10
5	.	4°	1.48977983	32,729.20
6	.	5°	1.49013412	32,721.60
7	.	6°	1.49056715	32,712.30
8	.	7°	1.49107892	32,701.40
9	.	8°	1.49166945	32,688.80
10	.	9°	1.49233873	32,674.50
11	.	10°	1.49308678	32,658.60
12	.	11°	1.4939136	32,641.10
13	.	12°	1.4948192	32,621.90
14	.	13°	1.49580359	32,601.10
15	.	14°	1.49686678	32,578.80
16	.	15°	1.49800877	32,554.80
17	.	16°	1.49922959	32,529.30
18	.	17°	1.50052922	32,502.20
.	.	.	.	.
.	.	.	.	.
.	.	.	.	.
180	111...111	180°	2.28	21,397.60

Utilizando la fórmula (2.48) se calcula el valor del parámetro  $a$

$$a = \frac{1}{2}(r_p + r_a) = \frac{1}{2}(1.49 \times 10^{11} + 2.28 \times 10^{11}) = 1.885 \times 10^{11}$$

de la ecuación (2.48a) se obtiene  $c$

$$c = \frac{1}{2}(r_a - r_p) = \frac{1}{2}(2.28 \times 10^{11} - 1.49 \times 10^{11}) = 3.95 \times 10^{10}$$

de modo que el valor de la excentricidad es:

$$\varepsilon = \frac{2c}{2a} = \frac{7.9 \times 10^{10}}{3.77 \times 10^{11}} = 0.2095071 \cong 0.21$$

como :

$$\ell = a(1 - \varepsilon^2) = 1.885 \times 10^{11}(1 - 0.2095490^2) = 1.802228117 \times 10^{11}$$

Se tiene que tener en cuenta que en cada punto de la trayectoria el vector tangente a esta representa la velocidad y por lo tanto se debe tener la capacidad de modificar. La magnitud (módulo), La dirección. Tomar en consideración la disminución de la masa del vehículo por consumo de combustible, la posición de los planetas, por todo lo anterior se trata de un modelo de simulación dinámico donde representa un sistema que se desarrolla sobre el tiempo.

Lo interesante sería que el algoritmo genético, proporcionara en cada punto de la trayectoria: la velocidad, tiempo y combustible gastado. Y que cada uno de estos parámetros fuera el óptimo, pero encontrar una función objetivo donde  $f(r, \theta, t, v, m, \dots)$  es difícil. Sin embargo, para tener un mejor desarrollo del problema y para fines de este trabajo únicamente se pretende calcular:

$$\frac{1}{r} = \frac{1 + \varepsilon \cos \theta}{\ell}$$



Representación:

La longitud de la cadena depende de la precisión deseada, si el dominio de la variable  $x_i$  es  $[a_j, b_j]$  y la precisión requerida es  $n$  dígitos después del punto decimal por lo tanto el rango del dominio debe ser dividido en al menos  $(b_j - a_j) * 10^n$  rangos de igual tamaño. Los bits requeridos ( $m_j$ ) serán:

$$2^{m_j - 1} < (b_j - a_j) * 10^n \leq 2^{m_j} - 1$$

Conversión de la cadena binaria a un número real:

Se convierte la cadena binaria, de la base 2 a la base 10:

$$1.- \quad ((b_{m_j-1} \dots b_0))_2 = \left( \sum_{i=0}^{m_j-1} b_i 2^i \right)_{10} = bin$$

$$2.- \quad x_j = a_j + decimal(bin) * \frac{b_j - a_j}{2^{m_j} - 1}$$

Se denota  $m$  como la longitud del cromosoma.

Se usara un vector binario como cromosoma para representar los valores del ángulo  $\theta$ . El tamaño del vector depende de la precisión requerida, en este ejemplo 4 lugares después del punto decimal.

El dominio de la variable  $\theta$  tiene un tamaño 180; la precisión requerida para este rango implica  $[0^\circ, 180^\circ]$

$$1048576 = 2^{20} < 1800000 < 2^{21} = 2097152$$

Para mapear de forma binaria la cadena  $\{b_{20} b_{19}, \dots, b_0\}$  es un ángulo en el rango  $[0^\circ, 180^\circ]$ .

Convertir la cadena binaria  $\{b_{20} b_{19}, \dots, b_0\}$  de la base 2 a la base 10:

$$\left( (b_{20} b_{19}, \dots, b_0) \right)_2 = \left( \sum_{i=0}^{20} b_i \cdot 2^i \right)_{10} = \theta'$$

Encontrar un ángulo correspondiente

$$\theta = 0^\circ + \theta' \frac{180^\circ}{2^{21} - 1}$$

Así, un cromosoma como el siguiente:

(000101110110101000111)

Representa el ángulo  $16.46362136^\circ$  de

$$\theta' = (000101110110101000111)_2 = 191815$$

y

$$\theta = 0^\circ + 191815 \frac{180^\circ}{2097151} = 16.46362136^\circ$$

Es decir, se tendrá como cromosoma inicial y final:

(0000.....0000)      y      (1111.....1111)

representan el rango del dominio respectivamente:

$$[0^\circ .. 180^\circ]$$

Población inicial:

El vector binario consta de 21 bits.

$$V_1 = (000101110110101000111) = 191815$$

$$V_2 = (000001110000000010000) = 57360$$

$$V_3 = (110000000111111000101) = 1576901$$

Corresponde

$$\theta_1 = 16.46362136^\circ$$

$$\theta_2 = 4.923250639^\circ$$

$$\theta_3 = 135.346563^\circ$$

$$\text{evaluando } v_1 : r(\theta_1) = 1.499822323 \times 10^{11}$$

$$\text{evaluando } v_2 : r(\theta_2) = 1.49010414 \times 10^{11}$$

$$\text{evaluando } v_3 : r(\theta_3) = 2.11832334 \times 10^{11}$$

Se realiza un cruzamiento en un punto aleatorio, en este caso 3 entre  $v_1$  y  $v_3$  se obtendrá:

$$v_1' = (000 101110110101000111) = 191815$$

$$v_3' = (110 000000111111000101) = 157690$$

Después de realizar el cruce se tiene:

$$v_1' = (000 000000111111000101) = 4037$$

$$v_3' = (110 101110110101000111) = 1764679$$

**ESTA TESIS NO SALI  
DE LA BIBLIOTECA**

sus respectivos ángulos son:

$$\theta'_1 = 0.346498654^\circ$$

$$\theta'_3 = 151.4636857^\circ$$

evaluando la función:

$$r(v'_1) = r(\theta'_1) = 1.489154726 \times 10^{11}$$

$$r(v'_3) = r(\theta'_3) = 2.209497352 \times 10^{11}$$

El Cromosoma  $V_3$  es el mejor, así que realizando una mutación en el 3er bit se tiene:

$$v_3^* = (11\ 1\ 101110110101000111) = 2026823$$

$$\theta_3^* = 173.9636965^\circ$$

$$\text{evaluando } v_3^* = r(\theta_3^*) = 2.277493285 \times 10^{11}$$

## CAPÍTULO IV

### RESULTADOS, CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES

**Tabla 4 -1** Se representa la población inicial, junto con sus valores significativos:

Cadena No. (individuo)	Población Inicial (genotipo)	Valor de (fenotipo)	eval ( $v_i$ ) (Función Adaptación)	eval( $v_i$ ) / $\Sigma$ eval( $v_i$ ) (Probabilidad Selección $p_i$ )	Probabilidad de selección Acumulada $q_i$
i	$v_i$	( $\theta_i$ )	$R(\theta_i) \times 10^{11}$	$\times 10^{11}$	$\times 10^{11}$
1	001111111010011011111	44.7554897	1.56878567	0.14886785	0.14886785
2	110111001010100011010	155.151231	2.22538247	0.21117474	0.36004259
3	001000001010111011101	22.9804053	1.51077167	0.14336269	0.50340527
4	101001111000001110010	117.783278	1.99731991	0.18953304	0.69293831
5	010011010111111000101	54.4871495	1.60665911	0.1524618	0.84540011
6	01010100101011111011	59.5454977	1.62919052	0.15459989	1.00000000
Suma			10.5381093	1.00000000	
Medía			1.75635156	0.16666667	
Máximo			2.22538247	0.21117474	

Nota: eval = evaluando.

Es evidente que el cromosoma  $V_2$  es el mejor, y el cromosoma  $V_3$  es el peor

¿Cómo funciona un algoritmo genético? A continuación se plantean el conjunto de pasos que se siguen para llevar a cabo el proceso evolutivo de un AGS.

Paso 1. *El procedimiento de selección:* método de la ruleta. Basado en "girar" la rueda tantas veces como el tamaño de la población, cada vez seleccionándose un cromosoma de la siguiente forma:

Calcular la aptitud (adaptación) total de la población:

$$(ATP) = \sum_{i=1}^{Población} Eval(V_i)$$

Calcular probabilidad de selección  $P_k$  para cada cromosoma:

$$P_k = \frac{Eval(V_k)}{ATP}$$

Calcular la probabilidad acumulada  $q_k$  de cada cromosoma:

$$q_k = \sum_{j=1}^k P_j$$

1a. Se generan  $r$  (tamaño de la población) en este caso 6 números aleatorios  $rand [0,1]$

1b. Si  $r < q_i$  entonces seleccionar el cromosoma  $v_i$

1c. En caso contrario seleccionar el  $i$ -th cromosoma  $v_i$  ( $2 \leq i \leq \text{tamaño\_población}$ ) y se comparan tal que  $q_{i-1} < r \leq q_i$ :

En consecuencia, algunos cromosomas serán seleccionados más de una vez, de esta manera, el mejor cromosoma tendrá más copias, los cromosomas promedios permanecerán y los malos mueren. Esta selección es con reemplazo, así que cada vez que se selecciona un individuo no se quita de la población de la que se está seleccionando, permanece en ella para que pueda ser elegido de nuevo.

0.51387025   0.17574122   0.30865264   0.53453447   0.94762847   0.17676367

El primer número  $r = 0.51387025$  es mayor que  $q_3$  y menor que  $q_4$ , significa que el cromosoma  $v_4$  es seleccionado para la nueva población; el segundo número  $r = 0.17574122$  es mayor que  $q_1$ , y menor que  $q_2$ , significa que el cromosoma  $v_2$  es seleccionado para la nueva población, etc.

Tabla 4 - 2 La nueva población consiste de los siguientes cromosomas:

Número Aleatorio	Individuo Seleccionado	Nuevo Valor
$q_3 < 0.51387025 < q_4$	$v_4$	$v'_1 = (101001111000001110010)$
$q_1 < 0.17574122 < q_2$	$v_2$	$v'_2 = (110111001010100011010)$
$q_1 < 0.30865264 < q_2$	$v_2$	$v'_3 = (110111001010100011010)$
$q_3 < 0.53453447 < q_4$	$v_4$	$v'_4 = (101001111000001110010)$
$q_5 < 0.94762847 < q_6$	$v_6$	$v'_5 = (010101001010111111011)$
$q_1 < 0.17676367 < q_2$	$v_2$	$v'_6 = (110111001010100011010)$

**Paso 2. Procedimiento de Cruce:** De entre los individuos anteriores se eligen los que se van a cruzar. Como  $P_c = 0.60$

Se generan 6 números aleatorios  $r_i = \text{rand} [0,1]$ , uno para cada individuo, y se eligen para la cruce aquellos para los que  $r_i < 0.60$ . Por ejemplo, si los números son:

0.82295172    0.35193276    0.62547715    0.71468576    0.43469014    0.91720452

Esto significa que la pareja de cromosomas  $v'_2$  y  $v'_5$  fueron seleccionados para la cruce.

2a. Cruce de un punto: Todas las parejas de individuos se cruzan en un punto, para cada par de padres se genera un número entero aleatorio entre  $[1, \dots, l - 1]$ .

En este caso el punto único de cruce obtenido es 9

$$V'_2 = (110111001 / 010100011010)$$

$$V'_5 = (010101001 / 010111111011)$$

2b. Estos cromosomas de la pareja intercambian su material genético, para formar dos individuos híbridos llamados  $V''_2$  y  $V''_5$  respectivamente:

$$V''_2 = (110111001 / 01011111011)$$

$$V''_5 = (010101001 / 010100011010)$$

Si la cantidad de padres seleccionados para el cruce es par, se realiza tomados de dos en dos aleatoriamente y por el contrario si es impar, se incluye otro tomado al azar o se elimina uno de los seleccionados. El cruce normalmente genera dos hijos, que reemplazan a los padres en la población actual. Los padres que no se cruzan pasan igual en la población.

Por lo que ahora la nueva población que se obtiene es:

$$V_1 = (101001111000001110010)$$

$$V''_2 = (110111001010111111011)$$

$$V_3 = (110111001010100011010)$$

$$V_4 = (101001111000001110010)$$

$$V''_5 = (010101001010100011010)$$

$$V_6 = (110111001010100011010)$$

**Paso 3. El procedimiento de mutación:** Cada vez que se tienen nuevos individuos, se realiza la mutación que es ejecutado bit a bit. Para una población de 6 individuos, donde cada uno de ellos es representado con un cromosoma de longitud 21. Se tienen 126 bit en la población, y  $P_m = 0.01$



Como todos los bits tienen las mismas probabilidades de ser mutados, para cada uno de ellos se genera un número  $r_i = \text{rand}[0,1]$  y si  $r_i < 0.01$  se realiza la mutación.

Ejemplo: se generan los 126 números aleatorios  $r_i$  y si son menores que 0.01; en este caso, 2 de estos números son menores que 0.01, el 24 y 85; es decir, el 3er bit del segundo cromosoma y el primero del quinto cromosoma.

3a. Se realiza la mutación de los bits correspondientes y se obtiene en definitiva la nueva población:

$$V'_1 = (1010011111000001110010)$$

$$V''_2 = (111111001010111111011)$$

$$V'_3 = (110111001010100011010)$$

$$V'_4 = (1010011111000001110010)$$

$$V''_5 = (110101001010100011010)$$

$$V'_6 = (110111001010100011010)$$

Siguiendo la secuencia de pasos planteados en los AG's los operadores de selección, cruce y mutación, la nueva población esta lista para su siguiente evaluación.

Con esto se ha realizado una iteración (i.e., una generación) y estos pasos se repite tantas veces como el parámetro de número máximo de generaciones se determine (un número prefijado).

**Tabla 4 - 3** La nueva población se muestra para iniciar la siguiente iteración

Cadena No. (individuo)	Población Inicial (genotipo)	Valor de (fenotipo)	eval ( $v_i$ ) (Función Adaptación)	eval( $v_i$ )/ $\Sigma$ eval( $v_i$ ) (Probabilidad Selección $p_i$ )	Probabilidad de selección Acumulada $q_i$
$i$	$v_i$	( $\theta_i$ )	$R (\theta_i) \times 10^{11}$	$\times 10^{11}$	$\times 10^{11}$
1	101001111000001110010	117.783278	1.99731991	0.15453917	0.15453917
2	111111001010111111011	177.670554	2.27950063	0.17637242	0.33091159
3	110111001010100011010	155.151231	2.22538247	0.17218512	0.50309671
4	101001111000001110010	117.783278	1.99731991	0.15453917	0.65763589
5	110101001010100011010	149.526229	2.19945458	0.17017899	0.82781488
6	110111001010100011010	155.151231	2.22538247	0.17218512	1.00000000
Suma			12.92436	1.00000000	
Media			2.15405999	0.16666667	
Máximo			2.27950063	0.17637242	

Para este problema en particular y para las gráficas mostradas en la pagina 87 se usaron los siguientes parámetros:

Tamaño de la población = 20

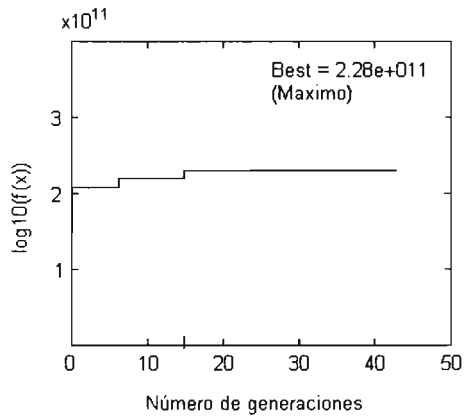
Longitud del cromosoma = 21

Probabilidad de cruza:  $P_c = 0.60$

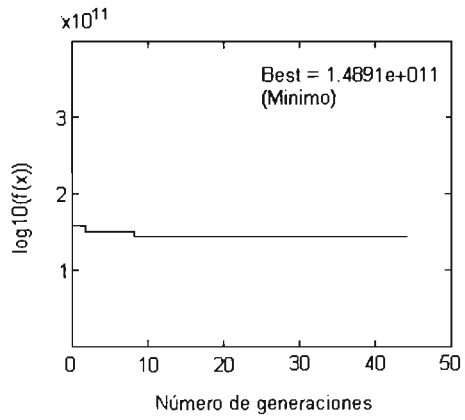
Probabilidad de mutación:  $P_m = 0.01$

Número máximo de generaciones = 50

Dando los resultados que se muestran en la gráfica 4.1. Cabe aclarar que los algoritmos genéticos tienen una característica peculiar que aún con los mismos parámetros pero realizando varias ejecuciones el algoritmo produce diferentes salidas(resultados), esto es porque la población inicial se genera aleatoriamente.



Gráfica 4.1



Gráfica 4.2

Como se observa el valor de la función ha mejorado notablemente, y cada vez se está más cerca del óptimo. A medida que el número de generaciones incrementa, es más probable que la adaptación media se aproxime a la del mejor individuo.

Un algoritmo genético tiene una serie de parámetros que se tienen que fijar para cada ejecución, como son los siguientes:

1. Tamaño de la Población
2. Probabilidad de Cruzamiento
3. Probabilidad de Mutación

Además de considerar:

1. Longitud del Cromosoma
2. Número máximo de Generaciones

¿El tamaño de la población depende de la longitud del cromosoma? ¿El tamaño de la población siempre debe ser par?

Nadie ha podido demostrar que el tamaño de la población realmente dependa de la longitud del cromosoma y hay ejemplos en ambas direcciones (a favor y en contra). Sin embargo, suele ser el caso que a mayor longitud del cromosoma se usen poblaciones grandes.

El tamaño de la población no tiene que ser par necesariamente, si es par muchas cosas del proceso se facilitan (por ejemplo, la cruce, la cual se efectúa por parejas).

Se ha realizado una gran cantidad de pruebas, Davis [16] sobre una amplia variedad de problemas de búsqueda y optimización con la intención de determinar rangos de buen funcionamiento para los parámetros del AGS. Aunque los resultados (medidos en términos de prestaciones) son dependientes en mayor o menor medida del problema en particular, se extraen las siguientes conclusiones generales:

El tamaño de la población varía habitualmente entre 50-100 individuos; valores menores (20-30), sin embargo, a veces suelen plantear graves problemas de convergencia prematura y valores mayores requieren un gran esfuerzo computacional sin obtener mejoras apreciables.

La longitud de los individuos suele venir dado como una consecuencia de los criterios de representación y codificación del problema. El único consejo que cabe dar es el de no alargar innecesariamente dicha cantidad, salvo si se tiene la garantía de que al introducir redundancias se van a obtener prestaciones muy superiores.

Las mejores prestaciones se obtienen en general con tasas de cruce que varían entre el 20% y el 60% y tasas de mutación bajas entre 1% y el 5%, aunque no es raro ver otros valores.

El máximo número de generaciones depende de la precisión especificada y varía mucho de un problema a otro; sirvan como valores orientadores 1000 para problemas de evaluación compleja y 50 para problemas de evaluación sencilla.

La mutación se considera un operador básico, que proporciona un pequeño elemento de aleatoriedad en los individuos de la población. Si bien se admite que el operador de cruce es el responsable de efectuar la búsqueda a lo largo del espacio de posibles soluciones, también parece desprenderse de los experimentos efectuados por varios investigadores que el operador de mutación va ganando en importancia a medida que la población de individuos va convergiendo.

Se han investigado otros operadores de cruce, habitualmente teniendo en cuenta más de un punto de cruce. De Jong [11] investigó el comportamiento del operador de cruce basado en múltiples puntos, concluyendo que el cruce basado en dos puntos, representa una mejora mientras que añadir más puntos de cruce no beneficia el comportamiento del algoritmo. La ventaja de tener más de un punto de cruce radica en que el espacio de búsqueda puede ser explorado más fácilmente, siendo la principal desventaja el hecho de aumentar la probabilidad de ruptura de buenos esquemas<sup>8</sup>.

Hay tres cosas que se deben considerar para resolver un problema utilizando un algoritmo genético.

1. Definir una representación genética (codificación).
2. Definir los operadores genéticos.
3. Definir la función objetivo.

Con la función objetivo se guía la búsqueda, es decir, a lo largo de las generaciones las buenas características se propagan a través de la población.

En ocasiones la selección de los mejores no es suficiente, por lo que se requiere encontrar los medios para crear nuevos y posiblemente mejores individuos. Es aquí donde se hace uso de los operadores genéticos (cruza y mutación) que alteran la composición de los individuos, para tener más y mejores soluciones.

---

<sup>8</sup> Esquema: A las cadenas compuestas de tres símbolos, a saber, {1, 0 y \*}.

Véase Cáp. II Algoritmos Genéticos, Kuri, A., y Galaviz, J., Fondo de Cultura Económica, México, 2002.

La mutación, por su parte, normalmente se produce con una probabilidad inversamente proporcional a la longitud del cromosoma. Se recomienda que esta probabilidad prefijada sea alta para posteriormente ir descendiendo su valor con algún criterio.

Por lo que se dice que:

Selección + Recombinación = Innovación

Selección + Mutación = Mejoramiento Continuo

Después del desarrollo del presente trabajo de investigación explicativo se llega a entender la importancia y alcance de los algoritmos genéticos para la resolución de problemas. Tomando en cuenta que estos métodos de optimización cada vez adquieren mayor importancia.

A su vez dependiendo del grado de entendimiento de la metodología de los algoritmos genéticos que se haya alcanzado gracias a la lectura del presente trabajo, así como del ingenio y sagacidad del lector puede encontrar una gran variedad de aplicaciones de los algoritmos genéticos.

Sin embargo, como se observa en la práctica, surgen problemas inevitables como:

1. Encontrar una función de aptitud que refleje el nivel de adaptación al problema.
2. Es imposible encontrar una representación perfecta del dominio del problema a través de cadenas binarias.

Lo más interesante de un algoritmo genético es que realiza una exploración apropiada y una explotación del espacio de búsqueda.

Como el algoritmo genético usa operadores probabilísticos, no se puede predecir de forma exacta la salida que producirá. Por ejemplo, la probabilidad de cruce es un parámetro que puede afectar el resultado que produzca el algoritmo.

En general los algoritmos genéticos trabajan sobre una población fija de  $n$  individuos, donde este tiene que ser un número que permita tener diversidad, para que la búsqueda no provoque una convergencia prematura, hacia un subóptimo.

La unidad básica de mutación es el gen, mientras que de la cruce es el individuo; en consecuencia, la probabilidad de que un individuo se cruce no depende de su longitud, por su parte la probabilidad de que contenga genes mutados es más alta cuando la cadena sea más larga.

La cruce normalmente se maneja de acuerdo a una probabilidad, que suele ser alta (0.6 a 1.0), esto implica que en ocasiones no se lleva a cabo. Sin embargo, alguna muestra de los resultados es buena aproximadamente entre 0.6 y 0.8.

Es alta ( $0.5 < p_c < 0.8$ )

1. Permite una mayor exploración del espacio de búsqueda y
2. Reduce la posibilidad de quedar atrapado en un óptimo local.

Se considera muy alta, aproximadamente entre ( $0.8 < p_c < .95$ )

1. Pérdida de tiempo de computo al explorar, regiones no prometedoras del espacio de búsqueda.
2. Consumir recursos computacionales inútilmente estando cerca del óptimo.



La mutación se aplica a uno de los genes, de cada individuo con una probabilidad baja (0.001 a 0.1).

Baja ( $0.01 < p_m < 0.1$ )

1. Algunos genes que podrían ser útiles no serán probados.

Alta ( $0.1 < p_m < 0.3$ ) ocasionando

1. Habrá perturbación aleatoria.
2. Los descendientes pierden parecido con sus padres.
3. El Algoritmo pierde la habilidad de aprender del pasado.

Normalmente la mutación se realiza de forma simultanea a la cruce.

Un algoritmo heurístico, es un proceso que tiene las siguientes propiedades:

1. Usualmente encuentra buenas soluciones, aunque no necesariamente soluciones óptimas.
2. Es más rápido y fácil de implementar que un algoritmo exacto conocido (uno que garantice una solución óptima).

Una proposición general para el diseño de un algoritmo heurístico es listar todos los requerimientos de una solución exacta y dividirlos en dos clases, por ejemplo:

1. Aquellos que se deben satisfacer (obligatorios).
2. Aquellos que deseamos satisfacer (voluntarios).

El objetivo del diseño, es entonces construir un algoritmo que garantice los requerimientos en la clase 1 pero no necesariamente aquellos de la clase 2. Lo cual no implica que no se haga ningún esfuerzo para satisfacer los requerimientos de la clase 2.

## APÉNDICE A

Sistemas de representación de números

Decimal	Binario	Octal	Hexadecimal
Base 10	Base 2	Base 8	Base 16
0	00000	0	0
1	00001	1	1
2	00010	2	2
3	00011	3	3
4	00100	4	4
5	00101	5	5
6	00110	6	6
7	00111	7	7
8	01000	10	8
9	01001	11	9
10	01010	12	A
11	01011	13	B
12	01100	14	C
13	01101	15	D
14	01110	16	E
15	01111	17	F
16	10000	20	10
17	10001	21	11
18	10010	22	12
19	10011	23	13
20	10100	24	14
21	10101	25	15
22	10110	26	16
23	10111	27	17
24	11000	30	18
25	11001	31	19
26	11010	32	1A
27	11011	33	1B
28	11100	34	1C
29	11101	35	1D
30	11110	36	1E
31	11111	37	1F

Notar que hay ocho dígitos octales y 16 hexadecimales. Los dígitos octales en el rango 0 a 7; los hexadecimales de 0 a 9, de A a F.

Cada dígito octal es equivalente a tres dígitos binarios (3 bits), y cada dígito hexadecimal es equivalente a cuatro dígitos binarios (4 bits). Por tanto, los números octales y hexadecimales proporcionan una forma conveniente y concisa para representar patrones binarios. Por ejemplo, el patrón binario 10110111 se representa en hexadecimal como B7. Para ver más claramente esta relación se reordenan en grupos de cuatro y cada grupo se representa mediante un dígito hexadecimal, por ejemplo, 1011 0111 → B7.

Este mismo patrón (10110111) puede representarse en octal como 267. Para ver más claramente esta relación se añade un cero a la izquierda (de modo que el número de bits del patrón sea múltiplo de 3), reordenar los bits en grupos de tres y representar cada grupo como un dígito octal, por ejemplo:

010 110 111 → 267.

La mayoría de las computadoras utilizan números hexadecimales para representar patrones de bits, pero algunas usan números octales para este propósito.

## APÉNDICE B

Procedimientos para llevar a efecto la selección, cruce y mutación.

Para efectuar la selección se hace lo siguiente:

1. Se genera un número aleatorio  $r \in [0, 1]$ .
2. Se multiplica  $r$  por la suma de las calificaciones de la población ( $S$ ), obteniéndose  $c = rS$ .
3. Se establece la calificación acumulada ( $C_a$ ) y el índice actual en cero:  $C_a = 0, i = 0$ .
4. A la calificación acumulada se le suma la calificación de  $i$ -ésimo individuo:  $C_a = C_a + \text{calif}(i)$ .
5. Si  $C_a > c$  entonces el  $i$ -ésimo individuo es seleccionado.
6. Si no, entonces se incrementa  $i$  y se regresa al paso 4.

Para determinar si deben o no ser cruzados:

1. Se genera un número aleatorio  $d \in [0, 1]$ .
2. Si  $d < p_c$  entonces la pareja seleccionada ( $A, B$ ) debe cruzarse.
3. Sea  $l$  la longitud de la cadena que constituye el código genético de cada individuo. Se genera un número aleatorio ( $x$ ) entero entre 1 y  $l - 1$ . Se indizan los bits de los individuos seleccionados de izquierda a derecha: 1, 2, ...,  $l$ .
4. Se pegan los bits de índices 1, ...,  $x - 1$  de  $A$  y los de índices  $x, \dots, l$  de  $B$  para formar un individuo híbrido llamado  $C$  y los bits 1, ...,  $x - 1$  de  $B$  se pegan con los de índices  $x, \dots, l$  de  $A$  para formar un individuo híbrido  $D$ .
5.  $C$  y  $D$  son los nuevos individuos.
6. Si  $d \geq p_c$  entonces la pareja seleccionada ( $A, B$ ) no se debe cruzar.  $A$  y  $B$  son los nuevos individuos.

Para ejecutar el procedimiento de mutación:

1. Se indizan nuevamente los bits de cada individuo de izquierda a derecha:  $1, \dots, l$  y para cada uno de los bits:
2. Se elige un número aleatorio  $q \in [0,1]$
3. Si  $q < p_m$  entonces el bit en turno se invierte (si valía 0 se transforma en 1 y viceversa).
4. Si  $q \geq p_m$  entonces el bit en turno permanece sin cambio.

## APÉNDICE C

## Vocabulario de los Algoritmos Genéticos

Algoritmo Genético	Significado
Cromosoma (Cadena, Individuo)	Solución (Código: cadena de símbolos)
Genes (bits)	Parte de la solución
Locus	Posición del gene
Aleles	Valor del gene
Fenotipo (Valores reales)	Solución decodificada (Apariencia externa)
Genotipo (Cadena de bits)	Solución codificada (Estructura interna)

## BIBLIOGRAFÍA

[1] Genetic Programming: On the Programming of Computers by Means of Natural Selection

Koza, J.R.,

The MIT Press, 1992

pp. 819

[2] Genetic Algorithms

Buckles, B.P., and Petry, F.E.,

IEEE Computer Society Press, 1992

pp. 109

[3] Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning

Goldberg, D.E.,

Addison- Wesley Publishing Company, 1989

pp. 412

[4] Genetic Algorithms + Data structures = Evolutionary Programs

Michalewicz, Z.,

Springer Verlag, 1996

pp. 387

3ª Edition

[5] Algoritmos Genéticos

Kuri, A., y Galaviz, J.,

México, 2002

Fondo de Cultura Económica

pp. 202

[6] An Introduction to Genetic Algorithms

Mitchell, M.

MIT Press, 1998

pp. 224

[7] Adaption in Natural and Artificial Systems

Holland, J. H.

MIT Press, 1992

Second Edition

[8] Mechanics

Symon, Keith P.

Addison Wesley Publ.(EUA)

5 fth edition (1999)

[9] Elements of Hamiltonian Mechanics

Ter Haar, D.

North Holland Publ. Co. (Holland)

1990

[10] Mechanics

Landau, L.D. & Lifshitz, E. M.

Pergamon Press

1960

[11] An Analysis of the Behaviour of a Class of Genetic Adaptative Systems

De jonng, K. A.

Tesis doctoral, University of Michigan

1975



[12] Una Mecánica sin talachas

Viniegra, F.

Fondo de Cultura Económica

Colección la ciencia para todos

CONACyT y UNAM coedición

Edición corregida y aumentada

1999

[13] Mecánica

Viniegra, F.

Editorial CECSA

Actualmente en imprenta.

[14] Ciencia y Desarrollo

Enero - Junio, 1996

No. 127

[15] IPN Ciencia, Arte: Cultura

Nueva Época, Año 5, No. 28

Especial, Vol. II Noviembre - Diciembre, 1999.

Revista en Internet: [www.cayc.ipn.mx](http://www.cayc.ipn.mx)

[16] Handbook of Genetic Algorithms

Davis, L.

Van Nostrand Reinhold

New York, 1991

pp. 385

## GLOSARIO DE TÉRMINOS UTILIZADOS

**Aleatoriedad:** Todo el proceso se realiza al azar. No se sigue una pauta determinada en las mutaciones y en las recombinaciones. No todos los individuos tienen el mismo número de descendientes ni todos podrán reproducirse. Incluso puede ocurrir que no siempre es el mejor adaptado el que sobrevive. Es aquí donde interviene la probabilidad.

**Aptitud (ajuste):** Un valor asignado a un individuo que refleja una "función de aptitud" en cada punto en el espacio de la búsqueda. Medida de su grado de adaptación.

**Bit:** Abreviatura de las palabras "Binary digi", que significa dígito binario. Es una unidad algebraica básica que puede tomar uno de dos valores. Es por convención que estos valores han sido etiquetados como "0" ó "1", aunque podría haberseles llamado de cualquier otro modo que los distinguiera.

**Bloque constructor:** Grupo pequeño y compacto de genes que han co-evolucionado de tal forma que su introducción en cualquier cromosoma tiene una alta probabilidad de incrementar su aptitud.

**Codificación:** Detonación de una cantidad por medio de un código.

**Codificación binaria:** Dado que toda la información tendrá que ser expresada en términos de dos posibles valores, decimos que debe ser traducida a un código binario de ceros y unos, de modo que estamos "codificando" la información.

**Cromosoma:** Es una molécula de ADN (ácido desoxirribonucleico), formada por cuatro compuestos más simples llamados bases o nucleótidos: *adenina* ( A ), *guanina* ( G ), *citocina* ( C ) y *timina* ( T ).

**Cruza (reproducción sexual):** Es un operador de reproducción que forma un nuevo cromosoma combinando las características de ambos padres, es decir, se da un intercambio de material genético.

**Decodificación:** Es el proceso de convertir el genotipo (bits) al fenotipo.

**Ecuación constitutiva:** Relación matemática deducida empíricamente a partir de la observación.

**Elipse:** Forma parecida a un círculo aplanado. La órbita de la mayoría de los objetos en el espacio es de forma elíptica.

**Elitismo:** Es un mecanismo que mantiene intacto al individuo más apto a través de las generaciones, sin que se le aplique ningún operador genético.

**Energía cinética:** Energía almacenada en un sistema en virtud de las velocidades de las distintas masas móviles presentes en él.

**Energía potencial:** Energía almacenada en un campo o sistema en virtud de la posición o la configuración del sistema. Coincide con el trabajo que se desarrolla al llevar un cuerpo desde algún punto de referencia hasta la posición de interés o al llevar un sistema desde una configuración de referencia hasta la configuración dada.

**Espacio de búsqueda:** Es el conjunto de todas las posibles soluciones a un problema. A veces el espacio de búsqueda puede ser bien definido, pero en la mayoría de las ocasiones sólo se conocen algunos puntos.

**Excentricidad:** Es un número adimensional entre 0 y 1. Medida de aplanamiento de la elipse o de cuánto se separa del círculo; su símbolo es  $e$ .

**Exploración:** El proceso de investigación de nuevas y desconocidas regiones (áreas) en el espacio de búsqueda, para ver si algo pueden encontrar. Al contrario de explotación, la exploración involucra saltos hacia lo desconocido. Problemas que tienen muchos máximos locales a veces pueden ser sólo resueltos por esta clase de búsqueda aleatoria.

**Explotación:** Es el proceso usando información recaudada de los puntos previamente visitados en el espacio de la búsqueda para determinar qué lugares podrían ser aprovechables.

**Fenotipo:** Los rasgos expresados de un individuo. Características "externas". Se refiere a la apariencia observable del individuo (del griego pheno, mostrar), conjunto de parámetros decodificados.

**Genotipo:** Conjunto de genes contenidos en el genoma. Se refiere a la estructura genética específica del (organismo) individuo. Para nuestro propósito son las cadenas de bits.

**Gravedad:** La más débil de las cuatro fuerzas básicas; es la responsable del peso de la materia y del movimiento de los planetas y las estrellas. Fuerza por la cual los objetos se atraen unos a otros. Cuanto mayor es la masa de un objeto, mayor es la fuerza de atracción. La gravedad actúa como si toda la masa de un cuerpo se hallara concentrada en un punto en su centro.

**Método Heurístico:** Técnica de investigación de buscar la solución de un problema mediante métodos no rigurosos, como por tanteo, reglas empíricas. Es un método numérico que no necesariamente garantiza el encontrar la solución óptima, sino que, la mayoría de las veces encuentra buenas soluciones, es decir, una solución factible, y algunas veces la solución óptima, pero siempre lo hace en un tiempo razonable.

**Módulo de un vector:** Es la longitud o tamaño del mismo. Para hallarla es preciso conocer el origen y el extremo del vector; pues para saber cuál es el módulo del vector, se debe medir desde su origen hasta su extremo. El símbolo  $|\vec{a}|$  se utilizará para denotar el módulo del vector  $\vec{a}$ .

**Mutación:** La ADN-polimerasa (la enzima encargada de replicar el código genético), se equivoca y produce una alteración accidental en el código genético de los seres vivos. Es la introducción de un cambio aleatorio en un elemento de un cromosoma descendiente.

**Notación Fluxional:** Una notación muy conveniente y frecuentemente empleada en la Mecánica Racional, consiste en denotar las derivadas con respecto al tiempo, o simplemente con respecto a la variable  $t$ , por medio de literales con uno o varios puntos en su parte superior, esto es:

$$\dot{r} = \frac{dr}{dt}, \quad \ddot{r} = \frac{d^2r}{dt^2}, \quad \overset{\circ}{r} = \frac{d^3r}{dt^3}.$$

Esta notación, debida a Newton, se llama notación fluxional.

**Operador Genético:** Es un operador de búsqueda que actúa sobre una estructura (cromosoma), fundamentalmente son; selección, cruza y mutación.

**Órbita:** Recorrido de un cuerpo en el espacio alrededor de otro. La forma de la órbita puede ser una elipse, una parábola e una hipérbola.

**Periodo:** Es el tiempo que tarda un cuerpo en recorrer una vez su órbita; símbolo P.

**Perturbación:** Ligero efecto del movimiento de un objeto causado por la atracción gravitatoria de otros cuerpos. El efecto de las perturbaciones significa que un objeto es empujado ligeramente fuera de su posición esperada de modo que no sigue un curso recto.

**Reproducción:** La creación de un nuevo individuo a partir de dos padres (reproducción sexual). La reproducción garantiza una nueva serie de recombinaciones para mantener y mejorar la población.

**Radio Vector:** Línea recta imaginaria que puede trazarse entre un objeto en órbita, por ejemplo, un planeta, y el objeto alrededor del cual órbita, por ejemplo, el Sol.

**Selección:** El proceso por el que algunos individuos en una población son escogidos para la reproducción. El parámetro de aptitud efectúa la evaluación y determina la selección de los individuos mejor adaptados para formar parte de la generación siguiente.

**Trayectoria:** Recorrido de un cuerpo en el espacio o a través de la atmósfera de la Tierra. El término suele utilizarse para describir el recorrido de cohetes y naves espaciales más que el de planetas y satélites.

**Vector:** Es todo segmento de recta dirigido en el espacio, que presenta magnitud, dirección y sentido.

**Vector Unitario:** Es un vector cuya longitud (magnitud y/o módulo) es igual a la unidad, es decir, 1. Si  $v$  es cualquier vector distinto de cero, entonces  $u = \frac{v}{|v|}$  es un vector unitario que apunta en la misma dirección que  $v$ . Son perpendiculares entre si y corresponderán a cada uno de los ejes del sistema de referencia.

**Vector de Posición:** Sea el punto A en el espacio de tres dimensiones, cuyas coordenadas son  $(a_1, a_2, a_3)$ ; se llama vector de posición de este punto al representado por el segmento dirigido que va del origen del sistema a dicho punto.