



UNIVERSIDAD DE CHILE

FACULTAD DE CIENCIAS FÍSICAS Y MATEMÁTICAS

DEPARTAMENTO DE INGENIERÍA CIVIL

MONITOREO DE AGUAS SUBTERRÁNEAS UTILIZANDO MODELOS GENÉTICOS.

MEMORIA PARA OPTAR AL TÍTULO DE INGENIERO CIVIL

GIOVANNI PAOLO CUNEO BARBOSA

PROFESOR GUÍA:
JUVENAL LETELIER VILLALÓN.

MIEMBROS DE LA COMISIÓN:
JAIME ORTEGA PALMA.
YARKO NIÑO CAMPOS.

SANTIAGO DE CHILE

2022

**RESUMEN DE MEMORIA PARA OPTAR AL
TÍTULO DE INGENIERO CIVIL**

POR: Giovanni Paolo Cuneo Barbosa

FECHA: 2022

PROFESOR GUÍA: Juvenal Letelier Villalón

**MONITOREO DE AGUAS SUBTERRÁNEAS UTILIZANDO
MODELOS GENÉTICOS.**

Una adecuada gestión de las aguas subterráneas implica necesariamente el diseño de un buen modelo conceptual. Esto requiere diferentes especialidades de las ciencias de la ingeniería, que van desde el geólogo o especialista en geotecnia, que realiza las prospecciones de suelos; el especialista en hidrología, que determina la recarga en función del respectivo análisis de frecuencia, tipo de suelo, superficie de la zona de estudio; hasta el hidrogeólogo, encargado de concebir, determinar y analizar las diferentes variables que comprenden el acuífero y su entorno. Asimismo, es necesario un monitoreo continuo de la carga hidráulica en diferentes puntos de la zona de estudio.

La carga hidráulica de los acuíferos se monitorea manual o automáticamente mediante equipos electrónicos. Sin embargo, esto último requiere de grandes inversiones, que puede llegar a medio millón de dólares para un acuífero de 100 pozos (Horiva U-53G Multiparameter Water Quality Meter, Australian Scientific).

Para determinar la cantidad óptima de pozos en una red de monitoreo normalmente se utilizan 1) criterios hidrogeológicos que permiten buscar sectores con parámetros físicos similares, 2) dotar al acuífero de una determinada densidad de pozos de monitoreo, o 3) criterios geoestadísticos que utilicen un modelo de flujo y transporte acompañados de parámetros estadísticos (DGA, 2019).

El presente informe plantea una metodología diferente. Utilizando una de las ramas de la Inteligencia Artificial (IA), computación evolutiva (Algoritmos Genéticos), es posible determinar la cantidad óptima de pozos para una red de monitoreo en función de la data histórica de pozos.

El programa diseñado comprende los procesos desde la toma de datos (bruto) a través de Excel, el propio modelo genético, hasta la exportación de los resultados principales. Fue puesto a prueba por data creada y data real tomada de dos acuíferos del Salar de Atacama y comparada con modelaciones creadas por la empresa *Golder Associates* el año 2017.

El presente trabajo y todo el material generado, posee licencia CC de Atribución-No comercial-Compartir Igual [CC BY-NC-SA 4.0]. Es decir, se permite a otros distribuir, remezclar, retocar y crear a partir de este trabajo de modo no comercial, siempre y cuando den crédito al autor de este trabajo y licencien sus nuevas creaciones bajo las mismas condiciones.

Agradecimientos

En primer lugar, quiero agradecer a mi familia, quienes me han dado un apoyo incondicional a lo largo de la carrera. Mi madre, por siempre levantarme el ánimo cuando no siempre tenía ganas de hacer las tareas diarias. Mi padre por siempre empujarme un poco más y hacerme ver las cosas. Mi hermana y mi cuñado por siempre preocuparse por si eventualmente me faltaba algo ya sea en la universidad o en la esfera recreativa.

Agradezco a los profesores, quienes han permitido guiar y formar a profesionales de excelencia. Al profesor Juvenal por darme la oportunidad de trabajar en su área de investigación, entregarme todas las herramientas a su alcance para el desarrollo de este trabajo y permitirme terminarlo en Australia. Al profesor De La Fuente, quien me dio la oportunidad de ejercer la bonita disciplina de la docencia y también quien me hizo inclinarme hacia la especialidad de la Hidráulica. A mi entrenador y profesor Tito Villalobos quien me ayudó y sacó adelante como atleta. Al profesor Mario Rodríguez quien me incentivó a seguir con el atletismo en la universidad. A mi profesor de colegio y amigo mío Pierre Sepúlveda quien fue un pilar fundamental en mi etapa escolar y quien me introdujo al mundo del atletismo.

Agradezco al atletismo que me dio la oportunidad de conocer a un gran número de personas desde diferentes lados de Chile, por darme las aptitudes de la disciplina, tenacidad y rigurosidad. Agradezco a la rama de atletismo de la facultad por acogirme el primer año de carrera y por darme la oportunidad de ser su capitán durante mis últimos 3 años de esta.

Agradezco a mis amigos, con quienes tuve una gran cantidad de vivencias. A mi mejor amigo de la infancia, Oscar, por estar ahí siempre. A Jerko, Jorge, Matías, y Santi, por lograr convertir el grupo en un espacio de confianza, apoyo y de buenos momentos, los admiro mucho y ojalá tenerlos mucho más tiempo cerca. A Superman, por las tardes de pool, risas y por ser una persona con un corazón de oro. A Sebita por las gratas vivencias desde segundo año de universidad e interesantes conversaciones que aún hoy mantengo. A mis amigos y amigas del DVI, por todas las tardes de “Pool” en mi primer año, “Truco” y los viernes en la tarde. Agradezco a todas y cada una de las personas que conocí en mi camino por la universidad y que alegraron, de alguna manera, mi vida en su momento. Por último, agradezco a la facultad por entregarme 6 años donde pude vivir algunos de los momentos más bonitos de mi vida.

TABLA DE CONTENIDO

1. INTRODUCCIÓN	1
1.1. Introducción.....	1
1.3. Objetivos específicos	2
1.4 Contenido del Informe.....	3
2. Antecedentes de Estudio.....	4
2.1 La Inteligencia Artificial	4
2.1.1 Machine Learning	5
2.1.2 Deep Learning	7
2.2 Computación Evolutiva	8
2.2.1 Algoritmos Genéticos.....	9
2.3 Gestión de las aguas subterráneas en Chile y el mundo utilizando diferentes criterios	17
2.3.1 Criterio Espacial (DGA,2019).....	18
2.3.2 Criterio Geoestadístico (DGA, 2019)	19
2.4 Aplicaciones de la IA en la gestión de las aguas subterráneas en el mundo 21	
2.5 Integrated approach for optimizing groundwater monitoring systems using evolutionary algorithms (Mahmod et al., 2021)	23
2.5.1 Algoritmo Genético (GA).....	23
2.5.2 Algoritmo Genético Modificado (MGA).....	26
2.5.3 Modelo de Combinación Progresiva (PC).....	30
2.5.4 Selección Optimizada	35
2.5.5 Diagramas de Flujo.....	35
2.5.6 Comparación de Resultados.....	36
3. Metodología	37
3.1 Alcances	37
3.2 Diseño del Programa Computacional.....	37
3.2.1 Diseño del <i>Input Data Function</i> (IDF).....	39
3.2.2 Diseño del <i>Main Algorithm</i> (MA)	41
3.2.3 Diseño del <i>Output Results Function</i> (ODF).....	54
3.3 Tiempo de Compilación	56
3.3.1 Número de Cromosomas.....	57

3.3.2	Número de Pozos	59
3.3.3	Cantidad de Data Temporal (# Tiempos).....	60
3.3.4	Número de Generaciones.....	61
3.3.5	Expresión Analítica General para el Tiempo de Compilación del Proceso FP	63
3.3.6	Factor de Corrección	63
3.3.7	Expresión Analítica General para el Tiempo de Compilación del PLWSP	65
3.3.8	Tiempo Compilación Versión Numpy.....	66
3.4	Valores Tipo Arange	69
3.5	Caso Simulado con Valores Sintéticos	69
3.6	Caso en Estudio, Salar de Atacama	71
3.6.1	Elección de Pozos	73
3.6.2	Negrillar	75
3.6.3	Tilopozo.....	77
4.	Resultados	79
4.1	Parámetros de Replicación	79
4.1.1	Probabilidad de Entrecruzamiento.....	79
4.1.2	Probabilidad de Mutación	81
4.1.3	Número de Generaciones y Cromosomas.....	85
4.2	Implementación de mejoras en el modelo genético	88
4.2.1	Caso Simulado con Valores Sintéticos	88
4.2.2	Caso en Estudio Salar de Atacama Negrillar.....	100
4.2.3	Resumen de Resultados.....	112
4.3	Tiempo de Compilación	114
4.3.1	Número de Cromosomas.....	114
4.3.2	Número de Pozos	115
4.3.3	Cantidad de Data Temporal (# Tiempos).....	117
4.3.4	Número de Generaciones.....	118
4.3.5	Expresión Analítica General para el Tiempo de Compilación del Proceso FP	119
4.3.6	Factor de Corrección	120
4.3.7	Expresión Analítica General para el Tiempo de Compilación del PLWSP	122

4.3.8 Tiempo Compilación Versión Numpy	125
4.4 Caso en Estudio, Salar de Atacama	127
4.4.1 Negrillar	127
4.4.2 Tilopozo	130
5. Discusión	133
5.1 Parámetros de Replicación	133
5.1.1 Probabilidad de Entrecruzamiento	133
5.1.2 Probabilidad de Mutación	133
5.1.3 Número de Generaciones y Cromosomas	134
5.2 Implementación de mejoras en el modelo genético	134
5.3 Tiempo de Compilación	137
5.3.1 Número de Cromosomas-Data Temporal-Generaciones-Número de Pozos.....	137
5.3.2 Factor de Corrección	138
5.3.3 Expresión Analítica General	138
5.3.3. Tiempo de Compilación Versión Numpy	139
5.4 Caso en Estudio, Salar de Atacama	139
5.4.1 Negrillar	139
5.4.2 Tilopozo	139
5.4.3 Comentarios Generales	140
6. Conclusiones y Recomendaciones	141
6.1 Conclusiones.....	141
6.2 Recomendaciones	142
7. BIBLIOGRAFÍA	143
Anexos 148	
Anexo A.	149
Anexo B.	154
Anexo B.1	155
Anexo B.2	194
Anexo C.	208
Anexo C.1	209
Anexo C.2	254
Anexo C.3.....	259

Anexo C.4	265
Anexo C.5	271
Anexo C.6	276
Anexo C.7	319
Anexo D.	353
Anexo D.1	354
Anexo D.2	372
Anexo E.	400
Anexo F.....	402
Anexo F.1	403
Anexo F.1	405

INDICE DE FIGURAS

Figura 2.1 Ramas de la IA (Regona et al., 2022).	5
Figura 2.2 Adaptación de las fórmulas para la cuantificación del rendimiento (Bartneck et al., 2020).....	6
Figura 2.3 Modelo básico de ANN (Hai Tao et.al, 2022).	8
Figura 2.4 Esquema general de los algoritmos evolutivos (Eiben y Smith, 2015). 9	9
Figura 2.5 Descripción gráfica de los parámetros básicos en un algoritmo genético (Abdalfattah, 2020).	10
Figura 2.6 Representación gráfica del proceso de mutación (Abdalfattah, 2020). 13	13
Figura 2.7 Representación gráfica del proceso de entrecruzamiento (Abdalfattah, 2020).....	14
Figura 2.8 Diagrama de flujo general de un algoritmo genético.	15
Figura 2.9 Resultados estadísticos utilizando diferentes cantidades de pozos representativos (Briceño-Ruiz et.al, 2011).	20
Figura 2.10 Representación cartográfica de la utilización de IA en la modelación de niveles estáticos (Hai Tao et.al, 2022).	22
Figura 2.11 Conceptualización aritmética del crecimiento observado de artículos de investigación que utilizan IA para la modelación de niveles estáticos durante el periodo 2008-2020 (Hai Tao et.al, 2022).	22
Figura 2.12 Matriz de Selección (Mahmod et al.,2021).....	29
Figura 2.13 Matriz de Frecuencia.....	31

Figura 2.14	Matriz Fitness (Mahmod et al.,2021).....	34
Figura 2.15	Diagramas de flujo: (a) Genetic Algorithm; (b) Modified Genetic Algorithm; (c) Progressive Combination (Mahmod et al.,2021).....	35
Figura 2.16	Contraste de resultados utilizando LWS (a) y CLWS (b) para el pozo OW24 (Mahmod et al.,2021).	36
Figura 2.17	Contraste de resultados utilizando LWS (a) y CLWS (b) para el pozo OW33 (Mahmod et al.,2021).	36
Figura 3.1	Diagrama de funciones generales.....	38
Figura 3.2	Diagrama de funciones IDF.....	40
Figura 3.3	Diagrama de funciones MA.	42
Figura 3.4	Representación gráfica de la deducción de las ecuaciones del Rotation Process.....	52
Figura 3.5	Diagrama de funciones ODF.....	55
Figura 3.6	Mapa de la zona de estudio.	72
Figura 3.7	Representación gráfica de los parámetros mencionados. Adaptado de Williams (1985).	74
Figura 3.8	Mapa del sector de Negrillar.....	76
Figura 3.9	Mapa del sector de Tilopozo.	78
Figura 4.1	Resultado gráfico para simulaciones con probabilidad de entrecruzamiento del 20%.	79
Figura 4.2	Resultado gráfico para simulaciones con probabilidad de entrecruzamiento del 60%.	80
Figura 4.3	Resultado gráfico para simulaciones con probabilidad de entrecruzamiento del 85%.	80
Figura 4.4	Resultado gráfico para simulaciones con probabilidad de entrecruzamiento del 100%.	81
Figura 4.5	Resultado gráfico para simulaciones con data temporal de 5 pozos. 82	
Figura 4.6	Resultado gráfico para simulaciones con data temporal de 20 pozos. 82	
Figura 4.7	Resultado gráfico para simulaciones con data temporal de 100 pozos. 83	
Figura 4.8	Resultado gráfico para simulaciones con data temporal de 200 pozos. 83	
Figura 4.9	Resultado gráfico para simulaciones con data temporal sintética de 12 pozos. 84	

Figura 4.10	Resultado gráfico para simulaciones con data temporal sintética de 24 pozos.	85
Figura 4.11	RMSE vs Número de generaciones para una data temporal de 5 pozos.	85
Figura 4.12	RMSE vs Número de generaciones para una data temporal de 20 pozos.	86
Figura 4.13	RMSE vs Número de generaciones para una data temporal de 50 pozos.	86
Figura 4.14	RMSE vs Número de generaciones para una data temporal de 100 pozos.	87
Figura 4.15	RMSE vs Número de generaciones para una data temporal de 200 pozos.	87
Figura 4.16	Comparación de las diferentes curvas obtenidas con el modelo de Mahmud et al. (2021) asociado a data sintética para el pozo OWT-4.....	88
Figura 4.17	Comparación de las diferentes curvas obtenidas con el modelo de Mahmud et al. (2021) asociado a data sintética para el pozo OWT-11.....	89
Figura 4.18	Comparación de las diferentes curvas obtenidas con el modelo de Mahmud et al. (2021) asociado a data sintética para el pozo OWT-23.....	89
Figura 4.19	FIM para el caso del modelo de Mahmud et al. (2021) asociado a data sintética.	90
Figura 4.20	Comparación de las diferentes curvas obtenidas con el modelo que incorpora la implementación Constant Addition asociado a data sintética para el pozo OWT-4.	91
Figura 4.21	Comparación de las diferentes curvas obtenidas con el modelo que incorpora la implementación Constant Addition asociado a data sintética para el pozo OWT-11.....	92
Figura 4.22	Comparación de las diferentes curvas obtenidas con el modelo que incorpora la implementación Constant Addition asociado a data sintética para el pozo OWT-23.....	92
Figura 4.23	FIM para el caso del modelo que incorpora la implementación Constant Addition asociado a data sintética.	93
Figura 4.24	Comparación de las diferentes curvas obtenidas con el modelo que incorpora la implementación Random Index Position asociado a data sintética para el pozo OWT-4.....	94
Figura 4.25	Comparación de las diferentes curvas obtenidas con el modelo que incorpora la implementación Random Index Position asociado a data sintética para el pozo OWT-11.....	95

Figura 4.26	Comparación de las diferentes curvas obtenidas con el modelo que incorpora la implementación Random Index Position asociado a data sintética para el pozo OWT-23.....	95
Figura 4.27	FIM para el caso del modelo que incorpora la implementación Random Index Position asociado a data sintética.....	96
Figura 4.28	Comparación de las diferentes curvas obtenidas con el modelo que incorpora la implementación Rotation Process asociado a data sintética para el pozo OWT-4.	97
Figura 4.29	Comparación de las diferentes curvas obtenidas con el modelo que incorpora la implementación Rotation Process asociado a data sintética para el pozo OWT-11.....	98
Figura 4.30	Comparación de las diferentes curvas obtenidas con el modelo que incorpora la implementación Rotation Process asociado a data sintética para el pozo OWT-23.....	98
Figura 4.31	FIM para el caso del modelo que Incorpora la Implementación Rotation Process asociado a data sintética.	99
Figura 4.32	Comparación de las diferentes curvas obtenidas con el modelo de mahmod et al. (2021) asociado a Negrillar para el pozo NEP-3.	101
Figura 4.33	Comparación de las diferentes curvas obtenidas con el modelo de mahmod et al. (2021) asociado a Negrillar para el pozo NEP-3.	101
Figura 4.34	FIM para el caso del modelo de Mahmud et al. (2021) asociado a Negrillar.	102
Figura 4.35	Comparación de las diferentes curvas obtenidas con el modelo que incorpora la implementación Constant Addition asociado a Negrillar para el pozo NEP-3.	103
Figura 4.36	Comparación de las diferentes curvas obtenidas con el modelo que incorpora la implementación Constant Addition asociado a Negrillar para el pozo NEP-9.	104
Figura 4.37	FIM para el caso del modelo que incorpora la implementación Constant Addition asociado a Negrillar.	105
Figura 4.38	Comparación de las diferentes curvas obtenidas con el modelo que incorpora la implementación Random Index Position asociado a Negrillar para el pozo NEP-3.	106
Figura 4.39	Comparación de las diferentes curvas obtenidas con el modelo que incorpora la implementación Random Index Position asociado a Negrillar para el pozo NEP-9.	107
Figura 4.40	FIM para el caso del modelo que incorpora la implementación Random Index Position asociado a Negrillar.	108

Figura 4.41	Comparación de las diferentes curvas obtenidas con el modelo que incorpora la implementación Rotation Process asociado a Negrillar para el pozo NEP-3.	109
Figura 4.42	Comparación de las diferentes curvas obtenidas con el modelo que incorpora la implementación Rotation Process asociado a Negrillar para el pozo NEP-9.	110
Figura 4.43	FIM para el caso del modelo que incorpora la implementación Rotation Process asociado a Negrillar.	111
Figura 4.44	Relación temporal del número de cromosomas.	114
Figura 4.45	Relación temporal del número de pozos.	116
Figura 4.46	Relación temporal de la cantidad de data temporal.	117
Figura 4.47	Relación temporal del número de generaciones.	118
Figura 4.48	Relación entre la razón de tiempos de ejecución y la cantidad de data temporal.121	
Figura 4.49	Relación entre la razón de tiempos de ejecución de los procesos PLWSP y FP y el número de pozos.	122
Figura 4.50	Relación entre los tiempos de ejecución teóricos y empíricos. .	125
Figura 4.51	Relación entre la razón de tiempos de ejecución entre Numba y Numpy y el número de pozos de entrada en el modelo.	126
Figura 4.52	Resultado gráfico de la FIM para la data de pozos del sector de Negrillar.	129
Figura 4.53	Resultado gráfico de la FIM para la data de pozos del sector de Tilopozo.	132

ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 2.1	Replication parameter values.	17
Tabla 3.1	Combinaciones posibles para las simulaciones realizadas en el apartado de probabilidad de entrecruzamiento.	45
Tabla 3.2	Combinaciones posibles para las simulaciones realizadas en el apartado de probabilidad de mutación.	46
Tabla 3.3	Combinaciones posibles para las simulaciones realizadas en el apartado de número de generaciones y cromosomas.	48
Tabla 3.4	Combinaciones posibles para las simulaciones realizadas en el apartado de tiempo de compilación.	57
Tabla 3.5	Combinaciones posibles para las simulaciones realizadas en el apartado de número de cromosomas.	58
Tabla 3.6	Combinaciones posibles para las simulaciones realizadas en el apartado de número de pozos.	59
Tabla 3.7	Combinaciones posibles para las simulaciones realizadas en el apartado de cantidad de data temporal.	60
Tabla 3.8	Combinaciones posibles para las simulaciones realizadas en el apartado de número de generaciones.	62
Tabla 3.9	Combinaciones posibles para las simulaciones realizadas en el apartado de factor de corrección.	64
Tabla 3.10	Combinaciones posibles para las simulaciones de comprobación realizadas en el apartado de factor de corrección.	64
Tabla 3.11	Combinaciones posibles para las simulaciones realizadas en el apartado de expresión analítica general para el tiempo de compilación del PLWSP.	66
Tabla 3.12	Organización de resultados para la comparación entre los tiempos teóricos de ejecución del modelo con Numba vs El modelo con Numpy.	68
Tabla 3.13	Modelo de data numpy utilizado en las diferentes secciones mencionadas.	69
Tabla 3.14	Data de valores sintéticos.	70
Tabla 4.1	Resumen resultados estadísticos obtenidos con el modelo de Mahmud et al. (2021) asociado a data sintética.	91
Tabla 4.2	Resumen resultados estadísticos obtenidos con el modelo que incorpora la implementación Constant Addition asociado a data sintética.	94

Tabla 4.3	Resumen resultados estadísticos obtenidos con el modelo que incorpora la implementación Random Index Position asociado a data sintética.	97
Tabla 4.4	Resumen resultados estadísticos obtenidos con el modelo que incorpora la implementación Rotation Process asociado a data sintética.	100
Tabla 4.5	Resumen resultados estadísticos obtenidos con el modelo de Mahmud et al. (2021) asociado a data sintética.	103
Tabla 4.6	Resumen resultados estadísticos obtenidos con el modelo que incorpora la implementación Constant Addition asociado Negrillar.	106
Tabla 4.7	Resumen resultados estadísticos obtenidos con el modelo que incorpora la implementación Random Index Position asociado a Negrillar.	109
Tabla 4.8	Resumen resultados estadísticos obtenidos con el modelo que incorpora la implementación Rotation Process asociado a Negrillar.	112
Tabla 4.9	Resumen de resultados estadísticos por metodología asociada a data sintética.	112
Tabla 4.10	Resumen de pozos representativos por metodología.	113
Tabla 4.11	Resumen de resultados estadísticos por metodología asociada a Negrillar.	113
Tabla 4.12	Resumen resultados estadísticos asociados a simulaciones del apartado número de cromosomas.	115
Tabla 4.13	Resumen resultados estadísticos asociados a simulaciones del apartado número de pozos.	116
Tabla 4.14	Resumen resultados estadísticos asociados a simulaciones del apartado cantidad de data temporal.	117
Tabla 4.15	Resumen resultados estadísticos asociados a simulaciones del apartado número de generaciones.	119
Tabla 4.16	Resumen resultados estadísticos asociados a simulaciones del apartado factor de corrección.	120
Tabla 4.17	Resumen resultados estadísticos asociados a simulaciones del apartado expresión analítica general para el tiempo de compilación del PLWSP.	122
Tabla 4.18	Resultados de los tiempos de ejecución (teóricos y empíricos) por muestra.	123
Tabla 4.19	Resultados de los tiempos de ejecución (teóricos y empíricos) por muestra para los casos target.	124
Tabla 4.20	Resultados estadísticos de los tiempos de ejecución por tipo de muestra.	125

Tabla 4.21	Relación entre la razón de tiempos de ejecución entre Numba y Numpy y el número de pozos de entrada en el modelo.	127
Tabla 4.22	Resumen de resultados (RMSE) asociados a Negrillar por pozo. 128	
Tabla 4.23	Resumen resultados estadísticos asociados a Negrillar obtenidos por método. 128	
Tabla 4.24	Pozos representativos caso Negrillar.	128
Tabla 4.25	Error promedio obtenido por Golder Associates asociado al sector de Negrillar (2017).	128
Tabla 4.26	Resumen de resultados (RMSE) asociados a Tilopozo por pozo. 130	
Tabla 4.27	Resumen resultados estadísticos asociados a Tilopozo obtenidos por método. 130	
Tabla 4.28	Pozos representativos Tilopozo.	131
Tabla 4.29	Error promedio obtenido por Golder Associates asociado al sector de Negrillar (2017).	131

1. INTRODUCCIÓN

1.1. Introducción

El desarrollo de las primeras civilizaciones fue favorecido, en gran medida, por su ubicación geográfica, en valles fértiles con grandes ríos, tales como el Tigris y el Éufrates en Mesopotamia, el Ganges y el Indo en el valle del Indo, el Amarillo en China y el Nilo en Egipto. Esta combinación geográfica permitió el desarrollo de un nuevo sistema económico basado en la agricultura y la ganadería, además del desarrollo de grandes urbes dependientes del recurso hídrico (Vuorinen et al., 2007).

Desde sus inicios Chile ha utilizado el agua superficial como principal fuente de recurso para las diferentes actividades antrópicas. Sin embargo, con el constante avance del cambio climático, el país se ha visto forzado a buscar otras fuentes, como norias o pozos, para sustraer el agua ubicada en el subsuelo. Evidencia de esto es el número de derechos subterráneos que creció en 4350% entre 2001 y 2017, mientras que los derechos superficiales crecieron un 207% para el mismo periodo (Donoso et al. 2020). A su vez, lo anterior se refleja en que, para este año 2022, el 1.6% de los caudales extraídos son de origen subterráneo (DGA, 2022). Esto ha provocado que en los últimos años los niveles freáticos bajen considerablemente, afectando a diferentes ecosistemas, entre ellos al Valle del Copiapó (Rinaudo y Donoso, 2018), a la Pampa del Tamarugal (Donoso et al. 2020) y al Sector de Tilopozo en el Salar de Atacama (SMA, 2022).

Bajo este contexto, frente al constante crecimiento poblacional y tecnológico, es necesario una correcta gestión del recurso hídrico para satisfacer las diferentes actividades de la esfera diaria. Una correcta gestión requiere de personal calificado, una buena base de datos y, principalmente, herramientas computacionales necesarias para manejar una gran cantidad de información. El desarrollo de la computación e informática ha permitido un avance sustancial en el progreso y la calidad de vida de las personas al servir como herramienta para la invención de diferentes aparatos electrónicos que ayuden al fin mencionado. Estas herramientas tienen un origen incluso antes del nacimiento de Cristo, como es el ábaco chino, creado alrededor del 1100 a.C. (Shu-T'ien Li, 1959).

En el último siglo la humanidad ha transitado hacia un progreso tecnológico sin precedentes, pasando por el primer ordenador programable funcional "Z3" creado por Konrad Zuse en la Alemania Nazi en 1941 (Zuse, 2013), seguido de las máquinas Bombe creadas por Alan Turing, que posibilitó el descifre de Enigma (Grime, 2013), hasta la invención del primer lenguaje de programación de alto nivel "FORTRAN" en 1954 creado por John W. Backus (Backus, 1998).

Sin embargo, en la última década, un área de la informática ha sido objeto de gran investigación por sus aplicaciones en diferentes sectores de la industria, la Inteligencia Artificial (IA). Impulsada fuertemente en los años 40 por Alan Turing (Muggleton, 2014), tiene como objetivo crear procesos automáticos que funcionen de manera inteligente.

Es en este contexto, que el presente trabajo busca aportar en el área de la gestión de las aguas subterráneas, reduciendo el número de pozos monitoreados de forma continua y bajando así los costos operacionales, sin perder demasiada información. Para ello, el desarrollo de este trabajo se enmarca en la creación de un programa en Python 3.x que utilice modelos genéticos y entregue al usuario parámetros estadísticos, permitiéndole tomar decisiones respecto a la cantidad óptima de pozos que representen al sistema acuífero. Algunos de los modelos genéticos que se utilizarán para el desarrollo del programa son Algoritmo Genético (GA), Algoritmo Genético Modificado (MGA) y el Modelo de Combinación Progresiva (PC).

Este informe será el primero de este tipo en Chile, según las fuentes al año 2020 (Hai Tao et al., 2022), utilizando como apoyo y base el artículo *Integrated approach for optimizing groundwater monitoring systems using evolutionary algorithms* (2021) realizado por los académicos Wael Elham Mahmud, Hassan I. Mohamed y Ahmed H. Suleiman.

Utilizar Modelos Genéticos para replicar el modelo de Elham Mahmud, Hassan I. Mohamed y Ahmed H. Suleiman (2021) y determinar si es posible obtener resultados favorables para el caso particular del Salar de Atacama.

1.3. Objetivos específicos

Los objetivos específicos definidos son los siguientes:

- Replicar el modelo de los académicos Wael Elham Mahmud, Hassan I. Mohamed y Ahmed H. Suleiman (2021).
- Validar el modelo con datos sintéticos.
- Aplicar el modelo utilizando los datos de pozos existentes en el Salar de Atacama.

1.4 Contenido del Informe

Capítulo 1 - Introducción: Se expone la motivación y los objetivos del trabajo, junto con los contenidos del informe.

Capítulo 2 – Antecedentes de Estudio: Se presenta la literatura revisada en relación con el trabajo de título; en primer lugar, se presenta una descripción de la Inteligencia Artificial junto con las especialidades más utilizadas. Luego, se presentan los componentes básicos y la metodología de los algoritmos genéticos. Por último, se revisan antecedentes de la gestión de las aguas subterráneas en Chile y la aplicación de la Inteligencia Artificial en este rubro en el mundo.

Capítulo 3 - Metodología: Se presenta la metodología utilizada para la elaboración y verificación de un código computacional basado en algoritmos genéticos que permita dar al usuario una serie de resultados estadísticos para la toma de decisión de la cantidad óptima de pozos que logren representar a un acuífero.

Capítulo 4 - Resultados: Se entregarán los resultados y se validará la metodología empleada al comparar los resultados en la fase de aprendizaje y testeo del modelo computacional.

Capítulo 5 - Discusión: Se discuten los resultados obtenidos, se analizan y se comentan posibles mejoras a los modelos planteados.

Capítulo 6 - Conclusiones: Se presentan las conclusiones del trabajo realizado.

2. Antecedentes de Estudio

En este capítulo se presenta una revisión de los antecedentes y conceptos fundamentales para el desarrollo de esta investigación. En la primera sección, se define el concepto de Inteligencia Artificial y se describen los campos existentes con mayor participación en el área de aguas subterráneas. A continuación, se aborda el concepto de computación evolutiva y algoritmo genético. En la tercera sección, se describe brevemente antecedentes y criterios de la gestión de las aguas subterráneas en el país. En la cuarta sección se describen diferentes aplicaciones de la IA en el campo de aguas subterráneas en el mundo. Por último, en la quinta sección, se describe la metodología utilizada por Mahmud et al. (2021).

2.1 La Inteligencia Artificial

Aunque no exista una definición universal para la inteligencia artificial, existe consenso sobre el elemento básico que define a esta materia. La inteligencia artificial implica el estudio, diseño y construcción de agentes inteligentes que pueden lograr objetivos (Bartneck et al., 2020). Este elemento es lo que proporciona una base para las diferentes definiciones existentes en la literatura. Kaplan y Haenlein (2019) definen a la IA como “la capacidad de un sistema para interpretar correctamente datos, aprender de dichos datos y utilizar esos aprendizajes para lograr metas específicas y tareas a través de una adaptación flexible”. Por otra parte, Poole y Mackworth (2010) definen a la IA como “el campo que estudia la síntesis y el análisis de agentes computacionales que actúan inteligentemente”. Una definición simple sería la cualidad de aprender y tomar decisiones que hace que la IA sea utilizada en diferentes campos, tales como la robótica, la telemedicina, la psicología, la rehabilitación, la educación, el cuidado de la salud, entre otros (Bartneck et al., 2020).

Existen diferentes subcampos de la IA dependiendo del enfoque, funcionalidad y objetivos que persiga. La mayoría de ellos se muestran en la Figura 2.1.

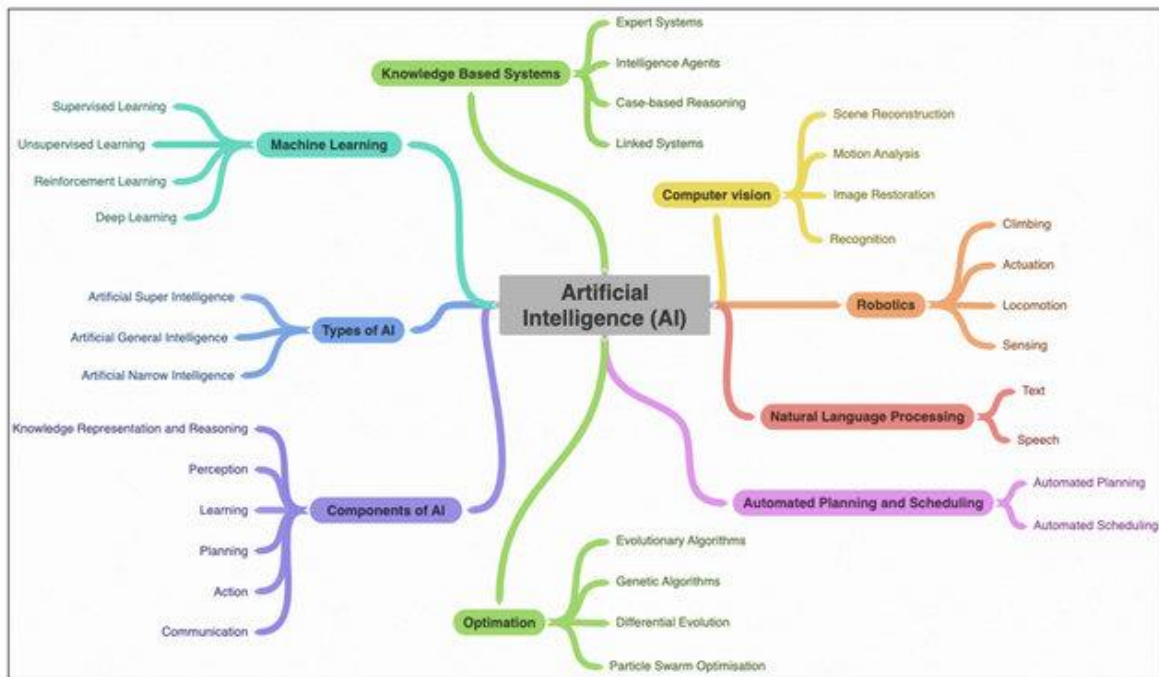


Figura 2.1 Ramas de la IA (Regona et al., 2022).

2.1.1 Machine Learning

El *Machine Learning* es un subcampo de la IA centrada en la creación de algoritmos que utilizan la experiencia. Dichas experiencias vienen de la retroalimentación en función de una serie de tareas y tienen como objetivo aumentar el desempeño (Bartneck et al., 2020). Sin embargo, dependiendo del tipo de entrada de datos, existen tres tipos de aprendizaje dentro esta misma: *Supervised Learning*, *Unsupervised Learning*, *Reinforcement Learning* (Jagdale et al., 2022).

2.1.1.1 Supervised Learning

Los algoritmos en esta rama son mayormente utilizados cuando hay data previamente etiquetada. Esto último significa que la data está previamente categorizada o, en otras palabras, cada punto está mapeado en la categoría que le pertenece. De esta manera, en la etapa de aprendizaje se le entrega a la máquina tanto los *inputs* como los *outputs* (etiquetados) para que vaya “aprendiendo” (Jagdale et al., 2022). En el entretanto, a la máquina se le entrega una segunda data testada. De esta manera, este proceso permite la mejora de la máquina en cuanto a su rendimiento. La manera de cuantificar el rendimiento es calcular el *True*

Positive Rate y el *False Positive Rate* (Figura 2.2) (Bartneck et al., 2020). Este tipo de entrenamiento es útil para problemas de clasificación y/o predicción. Un ejemplo de *Supervised Learning* es entregarle una serie de fotografías etiquetadas de animales a una máquina, entrenarla indicándole qué tipo de animal es cada fotografía y que internalice patrones comunes entre los diferentes animales. De esta manera, al momento que se le entregue una imagen no etiquetada, tomará una decisión de acuerdo con los patrones internalizados en el entrenamiento.

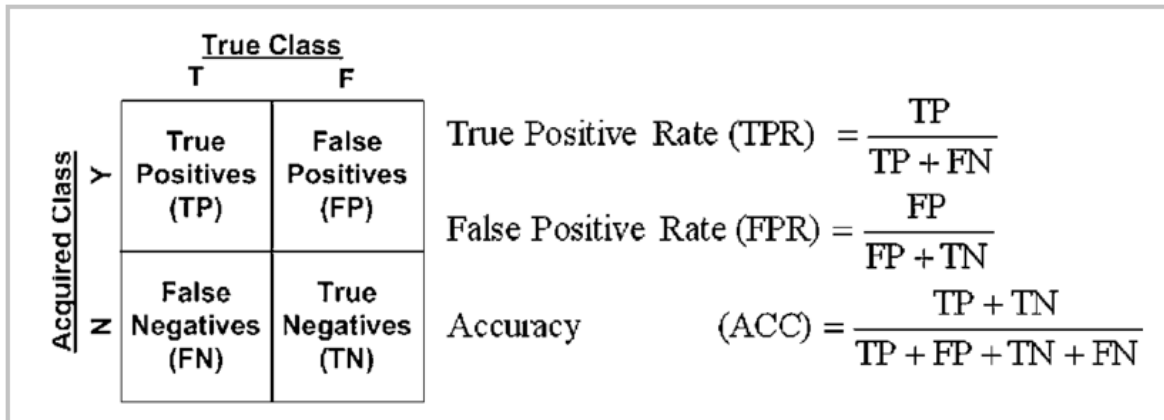


Figura 2.2 Adaptación de las fórmulas para la cuantificación del rendimiento (Bartneck et al., 2020).

2.1.1.2 Unsupervised Learning

A diferencia del tipo de aprendizaje anterior, el *Unsupervised Learning* no requiere de *input* etiquetados. Un modelo basado en este tipo de entrenamiento obtiene generalmente data donde los resultados no están disponibles previamente para el modelo (Jagdale et al., 2022). Así, un modelo de este tipo es usado para extraer información de la data que no puede ser fácilmente percibida, como los patrones. Este tipo de entrenamiento es útil para la comprensión de los patrones y relaciones dentro de la data para la predicción (Bartneck et al., 2020). Asimismo, es en esta subrama donde se incluyen la mayoría de los algoritmos de *Deep Learning*. Un ejemplo de *Unsupervised Learning* es entregarle una serie de fotografías no etiquetadas de animales a una máquina, y que esta distinga patrones entre las imágenes, como el color de pelaje, número de pies, tipo de animal (ave o terrestre), entre otros.

2.1.1.3 Reinforcement Learning

Este tipo de entrenamiento utiliza un agente que reacciona a su entorno, toma decisiones con respecto de sus alrededores y es recompensada positiva o negativamente basado en los resultados. Cuando el agente es recompensado positivamente, es incentivado a tomar decisiones similares. Por el contrario, cuando es recompensado negativamente, evita tomar decisiones similares. Mientras mayor sean las recompensas positivas, mayor será el rendimiento y eficiencia del modelo (Jagdale et al., 2022). La forma de recompensa generalmente es una función matemática. Si se tuviera que categorizar a los algoritmos genéticos en el campo del *Machine Learning*, estas serían esencialmente *Reinforcement Learning* (Shapiro, 2001).

2.1.2 Deep Learning

Este tipo de IA es, en gran medida, un tipo de *Unsupervised Learning* (Jagdale et al., 2022), porque de esta manera distingue patrones y relaciones dentro de la data. Sin embargo, se inspira y utiliza como base, algoritmos con estructura en forma de capas llamadas redes neuronales (ANN). Las redes neuronales consisten en representaciones matemáticas de unidades conectadas llamadas neuronas artificiales. Similar a la sinapsis cerebral, cada conexión entre ellas transmite señales, las cuales pueden ser amplificadas o atenuadas por un ponderador que es continuamente ajustado durante la etapa de aprendizaje (Figura 2.3). Estas señales solo son procesadas por neuronas contiguas, si es que se excede cierto umbral determinado por una función de activación. Típicamente, las neuronas son organizadas en forma de redes con diferentes niveles de capas. La capa de entrada generalmente recibe la data (por ejemplo, imágenes de productos de una tienda) y una capa de salida produce el resultado final (por ejemplo, categorización de los productos) (Janiesch et al., 2021). Entre ellas existen capas ocultas que son responsables de aprender un mapeo no lineal entre las capas de entrada y salida (Bishop, 2006; Goodfellow et al., 2016).

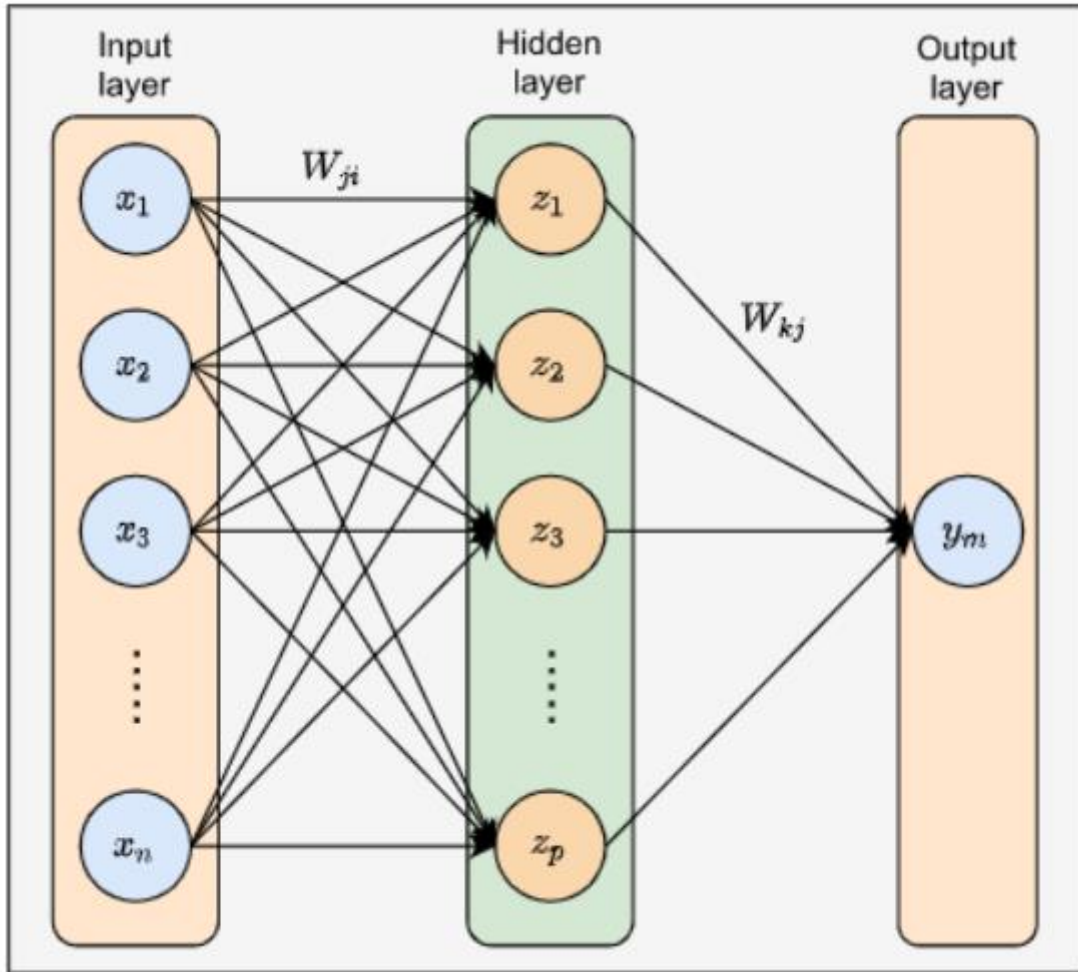


Figura 2.3 Modelo básico de ANN (Hai Tao et.al, 2022).

2.2 Computación Evolutiva

Es uno de los campos inspirado fuertemente en la selección natural. Tuvo sus inicios en la década de los 60, cuando diferentes autores a lo largo del mundo crearon modelos a partir de esta teoría. Fogel y su equipo introdujeron lo que se llama *Programación Evolutiva* (Fogel et al., 1965; Fogel et al., 1966), mientras que Holland creó el modelo principal de este trabajo que denominó *Algoritmo Genético* (De Jong, 1975; Holland, 1973; Holland, 1992) y finalmente, Rechenberg y Schwefel inventaron las *Estrategias Evolutivas* (Rechenberg, 1973; Schwefel, 1995).

La computación evolutiva utiliza el proceso de selección natural como modelo a seguir para alcanzar una solución óptima o casi óptima (Abdalfattah, 2020). Es en 1859 cuando Charles Darwin había presentado una explicación plausible sobre cómo la variación genética y el principio de selección natural resultaban en la evolución. Darwin explicó que cuando los recursos escasean o el entorno cambia,

los organismos se someten a una lucha por la existencia. Posteriormente, se produce la selección natural. Los organismos que sobreviven a tal selección están permitidos a procrearse y a entregar sus capacidades de sobrevivencia a la siguiente generación. Así, de acuerdo con Darwin, evoluciona una generación “más adaptada” (Bagchi, 1999).

Hay muchos enfoques que han surgido en el campo de la computación evolutiva. El término general para estos enfoques se denomina “Algoritmos Evolutivos”. La forma de algoritmo evolutivo mayormente utilizado se denomina “Algoritmos Genéticos” (GAs) (Mitchell y Taylor, 1999). El esquema general de los algoritmos evolutivos se muestra en la Figura 2.4.

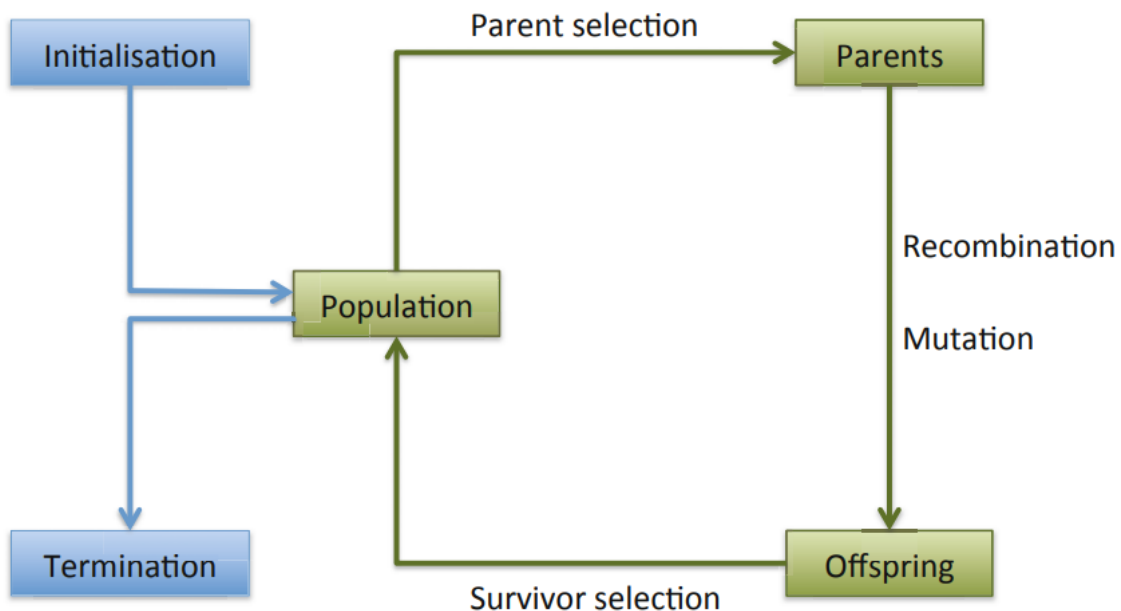


Figura 2.4 Esquema general de los algoritmos evolutivos (Eiben y Smith, 2015).

2.2.1 Algoritmos Genéticos

Los algoritmos genéticos son un tipo de búsqueda inspirado por la teoría clásica de Darwin, en conjunto con los conceptos de genética de Mendel. Esta se fundamenta en los procesos de reproducción, mutación y selección (Abdalfattah, 2020). Los algoritmos genéticos evolucionan a una población aleatoria de individuos débiles e individuos fuertes, con cada individuo representando una solución del problema. El desempeño de la población se cuantifica a través de una función, la cual es un

indicador de la relación que existe entre los individuos y su entorno (Ganguli, 2018). A continuación, se muestran los componentes más importantes en el modelo.

- Representación (Definición de individuos).
- Función evaluación (o función fitness).
- Mecanismo de Selección.
- Operadores de Variación, Entrecruzamiento y Mutación.
- Mecanismo de sobrevivencia (Reemplazo).

Fuente: (Eiben y Smith, 2015)

2.2.1.1 Representación

La representación matemática de los diferentes parámetros del “mundo real” debe ser un puente entre el problema original y el problema matemático donde la evolución toma lugar. Esta es la primera etapa del problema donde es necesario identificar el rol que juega cada uno de los parámetros del modelo evolutivo (Eiben y Smith, 2015).

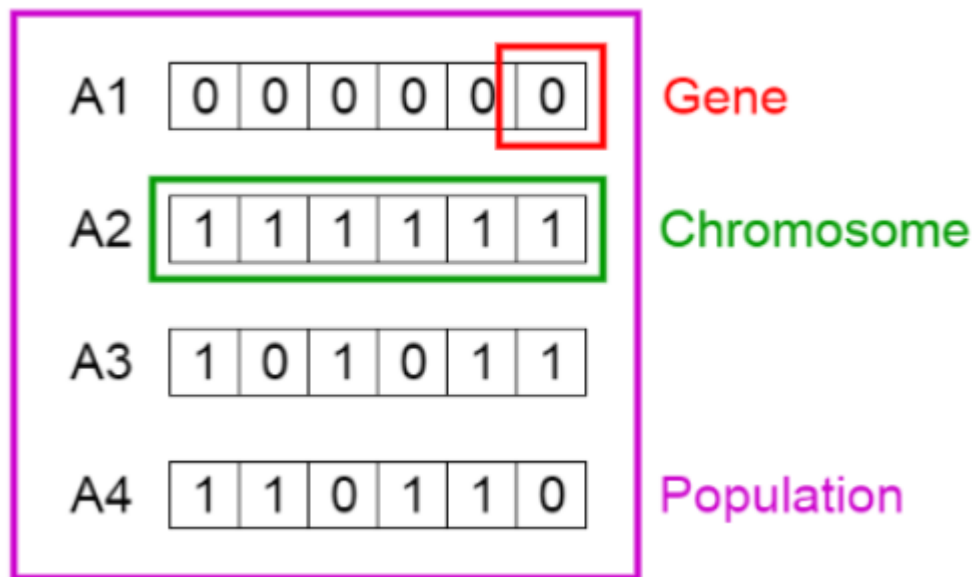


Figura 2.5 Descripción gráfica de los parámetros básicos en un algoritmo genético (Abdalfattah, 2020).

- Gen: Cada gen muestra las propiedades de un elemento en particular sujeto a evaluación (Figura 2.5). Las características individuales son las unidades funcionales de operación en los algoritmos genéticos. Este tipo de algoritmos se basa en genes para representar las características de los individuos (Ganguli, 2018).
- Cromosoma: El proceso de modelar genes resulta en la formación de un vector, al que comúnmente se hace referencia en términos genéticos como un cromosoma (Figura 2.5). Adicionalmente, los cromosomas ejemplifican a los individuos en un modelo genético en el que se realizan operaciones de acuerdo con las características de estos, con el objetivo de desarrollar un individuo que se ajuste bien a su entorno (Ganguli, 2018).
- Población: La población en un algoritmo genético hace referencia al set de individuos que pasarán por las etapas de mutación y selección para identificar una combinación de individuos sanos que acelerarán el proceso de convergencia (Ganguli, 2018). En un lenguaje matemático, la población representa a un set de posibles soluciones (Eiben y Smith, 2015) (Figura 2.5).

2.2.1.2 Función Evaluación (o función Fitness)

La función evaluación representa los requerimientos que la población debería adaptar para sobrevivir en el entorno inmerso. Constituye la base para la etapa de selección y, por lo tanto, facilita el proceso de evolución. Más precisamente, define lo que significa la evolución (Eiben y Smith, 2015). Un ejemplo de función de evaluación es el *Root Mean Square Error* (RMSE), esta se presenta en la Ecuación 2.1.

$$RMSE = \sqrt{\sum_{i=1}^n \frac{(\hat{y}_i - y_i)^2}{n}} \quad (2.1)$$

Donde:

\hat{y}_i : Valores predichos.

y_i : Valores observados.

2.2.1.3 Mecanismo de Selección

El rol del proceso de selección es diferenciar a los individuos (cromosomas) en base a sus cualidades y, en particular, permitir a los mejores individuos ser padres de la siguiente generación. Un individuo es padre si ha sido seleccionado para someterse a una variación de sus cualidades con el fin de crear descendencia. Juntos, con el mecanismo de sobrevivencia, el mecanismo de selección es responsable de impulsar mejoras de la calidad de los individuos. En la computación evolutiva, este proceso es típicamente probabilístico. Así, individuos con mejores cualidades, tienen mayores probabilidades de ser padres que aquellos con peores cualidades. Sin embargo, estos últimos son dados con una pequeña probabilidad, de otro modo, la búsqueda podría ser muy ambiciosa y la población podría estancarse en mínimos locales (Eiben y Smith, 2015).

Uno de los métodos de selección más utilizados es la “Rueda de la Ruleta” (Roulette Wheel Selection) (Saini, 2017). Este método es el más fácil y simple de implementar y consume el menor tiempo posible. Sin embargo, sufre el problema de convergencia prematura, lo cual resulta en encontrar una solución que puede ser un óptimo local. La selección en este método es proporcionada por las cualidades físicas de los individuos (fitness) (Saini, 2017). La probabilidad de que un individuo sea seleccionado como padre para el entrecruzamiento está dada por la Ecuación 2.2 (Jebary y Madiafi, 2013):

$$p(i) = \frac{f(i)}{\sum_{j=1}^n f(i)} \quad (2.2)$$

Donde:

$p(i)$: Probabilidad de que un individuo sea seleccionado.

$f(i)$: Función fitness de cada individuo.

2.2.1.4 Operadores de Variación, Mutación y Entrecruzamiento

El rol de los operadores de variación es crear nuevos individuos a partir de los antiguos. Matemáticamente, corresponde a la creación de nuevos candidatos a ser solución del problema en cuestión. Los operadores de variación en la computación evolutiva están divididos en el proceso de mutación y entrecruzamiento (Eiben y Smith, 2015).

- **Mutación:** Este operador es aplicado a un individuo entregando como resultado a un individuo mutado. Por otro lado, es estocástico, es decir, el resultado depende de una serie de decisiones aleatorias (Eiben y Smith, 2015). Estas decisiones aleatorias se reflejan en un cambio en el valor de los genes en base a una baja probabilidad de ocurrencia (Abdalfattah, 2020). El valor de este último varía según el autor. Algunos valores se muestran más adelante (Sección 2.2.1.7). La Figura 2.6 ejemplifica el proceso mencionado.

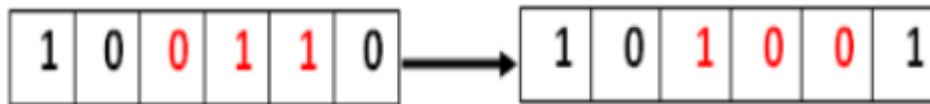


Figura 2.6 Representación gráfica del proceso de mutación (Abdalfattah, 2020).

- **Entrecruzamiento:** Este operador combina la información de dos cromosomas padres en uno o dos hijos. Tal como la mutación, el entrecruzamiento es un operador estocástico. La decisión de qué partes de cada padre es combinada y cómo es realizada dependen de sorteos aleatorios. El principio detrás del entrecruzamiento es simple, al cruzar dos individuos con diferentes pero deseables características, se puede producir un descendiente que combine ambas características. La recombinación en los algoritmos genéticos es generalmente probabilística, es decir, que existe una probabilidad no nula de que no se realice el proceso (Eiben y Smith, 2015). El caso más simple consiste en realizar el proceso con un punto de cruzamiento. Por cada par de padres, un punto de entrecruzamiento es escogido y es asignado en una posición aleatoria. Por ejemplo, si el punto de entrecruzamiento es la cuarta posición en los cromosomas de la Figura 2.7, se obtendrían la siguiente combinación (Abdalfattah, 2020):

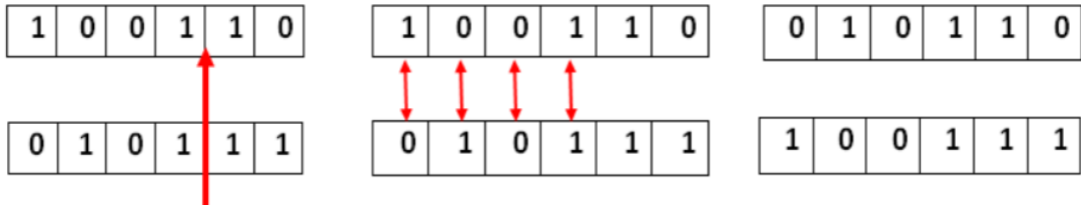


Figura 2.7 Representación gráfica del proceso de entrecruzamiento (Abdalfattah, 2020).

2.2.1.5 Mecanismo de sobrevivencia (Reemplazo)

Similar al mecanismo de selección, el rol de este proceso es diferenciar a los individuos en base a sus cualidades. Sin embargo, este proceso es utilizado en una etapa diferente del ciclo evolutivo, el mecanismo es llamado después de la creación de los hijos provenientes de la etapa de selección. En contraste con el mecanismo de selección, el cual es estocástico, este proceso es generalmente determinístico. Así, por ejemplo, un método común es el basado en las cualidades físicas (fitness), donde se realiza un ranking unificado del set de padres e hijos seleccionando al segmento con mejores cualidades (Eiben y Smith, 2015).

2.2.1.6 Diagrama de Flujo

Con los componentes mencionados, se puede detallar la metodología a seguir del ciclo evolutivo. El diagrama de flujo que representa este ciclo se presenta en la Figura 2.8.

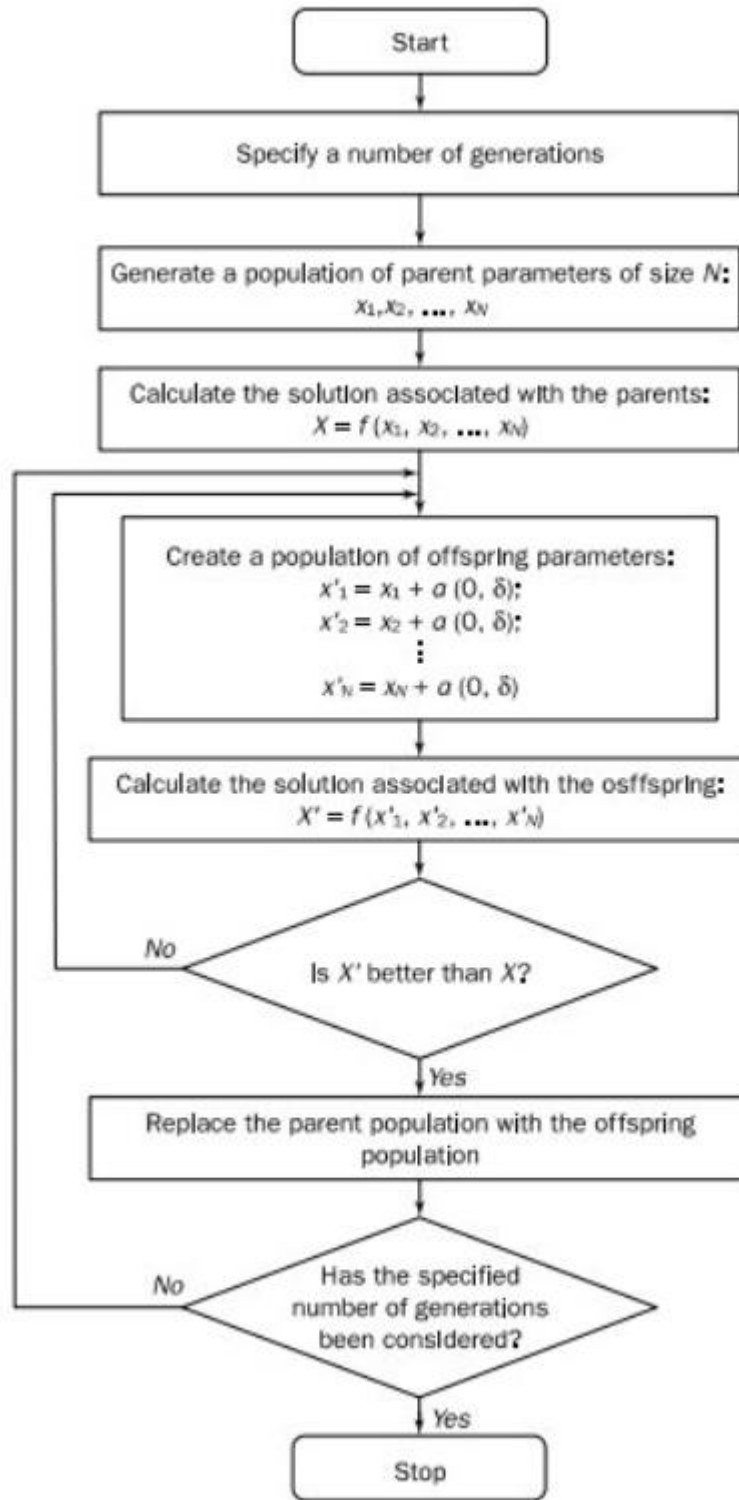


Figura 2.8 Diagrama de flujo general de un algoritmo genético.

Los pasos son los siguientes:

Paso 1: Se representa las variables del problema como cromosomas de un número fijo de genes, se escoge la cantidad de la población (número de cromosomas), la probabilidad de entrecruzamiento y la probabilidad de mutación.

Paso 2: Se define la función fitness para medir el desempeño de los cromosomas. Esta función establece la base para la selección de estos últimos.

Paso 3: Aleatoriamente, se genera un población de N cromosomas: x_1, x_2, \dots, x_N .

Paso 4: Se calcula el "fitness" de cada individuo: $f(x_1); f(x_2); \dots; f(x_N)$.

Paso 5: De la población, se selecciona un par de cromosomas para el apareamiento. Los cromosomas progenitores se seleccionan en base a una probabilidad relacionada con su aptitud ($f(x_y)$).

Paso 6: Se crea un par de cromosomas hijos aplicando los operadores genéticos, entrecruzamiento y mutación.

Paso 7: Se coloca a los cromosomas creados en la nueva generación.

Paso 8: Se repiten los procesos 5-6-7 hasta que la cantidad de cromosomas de la población de la nueva generación sea igual a la población de la generación progenitora.

Paso 9: Se reemplaza la generación progenitora por la generación descendiente.

Paso 10: Se retorna al paso 4 y se repite el proceso hasta que se satisfaga el criterio de término (asociado a la función fitness o número de generaciones).

2.2.1.7 Valores de los parámetros de replicación (Mecanismo de Selección y Operadores de Variación)

En la bibliografía existen diversos criterios para definir los valores a adoptar por parte de los parámetros de replicación. Esto es de suma importancia al momento de ejecutar el modelo, puesto que es parte de los parámetros de entrada. A continuación, se resume en una tabla algunos valores encontrados en la literatura para los diferentes parámetros de replicación.

Tabla 2.1 Replication parameter values.

Parámetro/Autor	Dejong (1975)	Grefenstette (1986)	Schlierkamp-Voosen (1993)	Mahmod et al. (2021)
Population Size (n)	50-100	20-40	-	50-500
Mutation Rate	0.001	0.01/<0.05	1/n	0.1/0.4
Crossover Rate	0.6	0.95	-	0.6

Fuente: Elaboración propia en base a diferentes autores.

Cabe destacar que los valores obtenidos por los autores son intrínsecamente dependientes del modelo utilizado por los autores. De esta manera, se da cuenta que no existe un valor único en la literatura.

2.3 Gestión de las aguas subterráneas en Chile y el mundo utilizando diferentes criterios

El agua subterránea representa cerca del 30% del agua dulce en el mundo (USGS, 2016). Es un recurso vital para el abastecimiento de agua potable para consumo humano, la agricultura y otros usos, incluyendo el del medio natural, con alcance para cubrir de forma parcial la adaptación a la variabilidad climática. Por dichas razones es que el estado de estos recursos hídricos subterráneos debe ser monitoreado continuamente para establecer las bases para su evaluación y gestión sostenible (Ruz Vargas, 2020).

Durante décadas el agua subterránea se ha ido convirtiendo de forma gradual en una fuente esencial de agua, en particular en el norte de Chile (Peña et al., 2011). El número de derechos subterráneos creció en 4350% entre 2001 y 2017, mientras que los derechos superficiales crecieron un 207% para el mismo periodo. Esto se traduce que para el año 2022 el 1.6% de los caudales extraídos son de origen subterráneo (DGA, 2022). Hoy la importancia del agua subterránea como fuente, es particularmente evidente en la macrozona norte y centro del país.

En la macrozona norte, donde los acuíferos tienen un rol importante como fuente de agua para la actividad minera y agrícola, se estima una recarga de 10 m³/s, mientras que la descarga se estima en el rango entre 10 m³/s y 20 m³/s (McPhee et al. 2012). Situación similar ocurre en la macrozona central, donde la carga anual oscila entre los 50 m³/s y 100 m³/s, mientras que la descarga fluctúa entre 54 m³/s y 120 m³/s

(DGA, 2016a). En el futuro, se espera que esta tendencia crezca como consecuencia del mayor uso de agua debido al crecimiento económico, junto con el crecimiento de la población, la urbanización, la contaminación del agua, así como los impactos proyectados del cambio climático en la disponibilidad de agua superficial. El rápido desarrollo del uso de las aguas subterráneas ha generado una serie de problemas que amenazan la sostenibilidad de los recursos. Los niveles estáticos han disminuido en varias regiones, lo que revela que los acuíferos se explotaron más allá de los límites sostenibles (Donoso et al., 2020).

El decreto N°203 del 2014 (Gobierno de Chile, 2014) establece las bases legales y regulaciones técnicas para la exploración y explotación del recurso subterráneo. En ella, se indica que solo es posible otorgarse un derecho de agua una vez que haya sido confirmada la existencia del recurso y que su extracción no afectará los derechos de terceros. La Dirección General de Aguas (DGA) también debe considerar un elemento adicional al estudiar la disponibilidad de aguas subterráneas: la explotación del acuífero debe ser adecuada para su conservación en el largo plazo, de acuerdo con las estimaciones de recarga y los usos existentes y previsibles sostenibles (Donoso et al., 2020).

A pesar de la regulación institucional, existen acuíferos sobreexplotados (ej.; Valle del Copiapó, Rinaudo & Donoso, 2018; Pampa del Tamarugal, Donoso, 2020; Tilopozo, SMA, 2022), los cuales muestran un descenso constante de sus niveles estáticos, que, en el largo plazo, repercute no solo al pozo aledaño, sino al ecosistema en el que se encuentra inmerso.

El monitoreo de las aguas subterráneas es una de las acciones más importantes para determinar la disponibilidad y la evolución de estas, el cual debe realizarse constantemente por periodos largos de tiempo.

El diseño de redes de monitoreo del agua subterránea consiste en establecer un programa de supervisión continua en pozos de muestreo para medir niveles del agua subterránea y tomar muestras para el análisis de variables físicas, químicas y biológicas previamente establecidas. Este tipo de redes de monitoreo piezométricas y de calidad del agua subterránea son indispensables para conocer el comportamiento de un acuífero, así como sus tendencias de calidad del agua. Esta información es básica para lograr una gestión eficaz y controlar los impactos ambientales negativos de la extracción del agua subterránea y de las cargas de contaminantes (Briseño Ruiz et al., 2011).

A continuación, se presentan diferentes criterios en los cuales la DGA toma como referencia para diseñar/mejorar una red de monitoreo (DGA, 2019):

2.3.1 Criterio Espacial (DGA,2019)

La selección de la densidad de una red de monitoreo debe estar vinculada al fin para el cual se está monitoreando (calidad o niveles) y hacia la escala espacial que

se quiera priorizar, una vez definido esto se deberá aplicar el mismo criterio a todos los pozos (ya que solo así será posible comparar los resultados). Se hace referencia en la importancia de definir la red con base a las condiciones geológicas del área a monitorear (ej.: Zonas con alta capacidad de infiltración deben ser monitoreadas más intensivamente, estructuras hidrogeológicas similares con bajos impactos, áreas kársticas, etc.). Una de las recomendaciones de este criterio es establecer las estaciones de monitoreo dentro de los acuíferos distribuidas en un patrón más o menos geométrico y, como una regla, con una densidad de al menos 1 sitio de monitoreo por cada 20-25 km² de acuífero. Se indica además que para establecer una nueva red de monitoreo se debe comprender que la ubicación sea:

- Zona de fácil acceso.
- De propiedad fiscal.
- Cerca de los centros poblados y en los acuíferos definidos como importantes.
- Profundidad mínima entre 15 y 50 m.
- Productividad mayor a 10 l/s, de modo que no sea una noria.
- Distribución homogénea en cada región.
- Lejos de las zonas de recargas importantes (ríos, esteros, etc.).

2.3.2 Criterio Geoestadístico (DGA, 2019)

Este criterio tiene como base el modelo de flujo del acuífero en cuestión, en conjunto con herramientas estadísticas y de optimización (Reducción de un estimador de error). Presenta varias ventajas. Por un lado, permite seleccionar tanto ubicaciones como tiempos de monitoreo de forma óptima. Además, con la información obtenida de la red de monitoreo, permite hacer estimaciones en espacio y tiempo, y utiliza un modelo de flujo y transporte, el cual sintetiza el conocimiento de las características del acuífero, de la dinámica del flujo subterráneo y de la problemática de calidad del agua subterránea que se tenga, así como del conocimiento de las leyes de la física

Dicho criterio es adecuado para optimizar redes de monitoreo de largo plazo, en casos en los que el acuífero ha sido investigado ampliamente y se cuenta con un modelo de flujo para el mismo

A continuación, se presenta una de las referencias de la DGA, el trabajo de Briceño Ruiz et al. (2011), que corresponde a la aplicación de un modelo geoestadístico elaborado por Herrera (1998), en el acuífero del Valle de Querétaro (AVG).

2.3.2.1 Método para el diseño óptimo de redes de monitoreo de los niveles del agua subterránea (Briceño Ruiz et al., 2011)

El método que se propone en este trabajo se autodenomina adecuado para optimizar redes de monitoreo de largo plazo, en casos en los que el acuífero ha sido

investigado ampliamente y se cuenta con un modelo de flujo para el mismo. La metodología se divide en dos procedimientos:

1. El primero se utiliza para estimar la carga hidráulica (en lo siguiente h) y la incertidumbre del error de esta estimación cuando se tienen datos de h en diferentes pozos y tiempos de monitoreo.
2. El segundo método escoge las posiciones de los pozos y los tiempos de muestreo que minimicen la predicción de la incertidumbre de h (obtenida en el paso 1), con los cuales se definen la red de monitoreo y su programa de muestreo.

- Caso de estudio sintético

Se probó la metodología en un caso basado en una representación simplificada del AVG. Se rediseñó una red de monitoreo de los niveles del agua subterránea, suponiendo que los cambios en los mismos son insignificantes. Para esto se utilizó un modelo numérico de flujo en régimen permanente. El objetivo del diseño de la red de monitoreo de los niveles del agua subterránea consistió en seleccionar, de entre 33 pozos preexistentes, aquellos que no dieran información redundante para la estimación de h en todo el acuífero. De acuerdo con este objetivo se estimará h en todo el acuífero, dándole el mismo peso a todas las zonas

- Resultados

Al utilizar una red de 22 pozos se obtiene una estimación con errores similares a los obtenidos con los 33 pozos, esto indica que los once pozos con orden de selección de 23 a 33 se pueden considerar como redundantes. Los resultados de la piezometría indican que con 22 pozos obtenemos una representación piezométrica muy parecida a la real, con errores de estimación del orden de 1.92 a -1.33 metros, y con un error cuadrático medio estándar de 0.97, muy cercano a 1 (Figura 2.9).

Número de pozos	EM (m) $\left(EM = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n e_i\right)$	ECM (m ²) $\left(ECM = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (e_i)^2\right)$	ECME $\left(ECME = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \frac{(e_i)^2}{\sigma_i^2}\right)$	Máx error (+) (m)	Máx error (-) (m)
33	0.1811047	0.38521572	0.96964912	1.935	1.29
22	0.18506818	0.406800151	0.927066718	1.943	1.325
12	0.12124242	0.42495848	0.72998227	2.287	1.46

Figura 2.9 Resultados estadísticos utilizando diferentes cantidades de pozos representativos (Briceño-Ruiz et.al, 2011).

Con respecto al caso de Chile, es importante tener en cuenta que el número de pozos que conformarán la red final de monitoreo estará definido por la autoridad,

estatal, o en su caso por los usuarios potenciales del agua subterránea, como empresas que requieran de algún monitoreo de nivel del agua en sus instalaciones.

2.4 Aplicaciones de la IA en la gestión de las aguas subterráneas en el mundo

Los modelos numéricos son extensamente utilizados para simular la cantidad y calidad de las aguas subterráneas. Estos (i.e., MODFLOW) requieren de algunos parámetros de entrada; por lo tanto, la preparación de valores adecuados para estos parámetros es una actividad costosa y requiere mucho tiempo. Además, las desventajas de los métodos numéricos incluyen dificultades para representar condiciones de borde irregulares, no optimización para mallas no estructuradas, lento para problemas grandes y tendencias a simplificar unidimensionalmente los bordes. Para controlar estas limitaciones, se utilizan diferentes herramientas computacionales (i.e., Algoritmos Genéticos, ANN) para predecir los niveles de aguas subterráneas proporcionando resultados con alta precisión y menor tiempo computacional (Parisouj et al., 2020).

Para predecir niveles estáticos y la complejidad de las condiciones del subsuelo, métodos de *Machine Learning* basados en dependencia no lineal pueden ser utilizados sin mayores conocimientos de los parámetros físicos básicos (Tahmasebi, P & Sahimi, M, 2021).

En las últimas dos décadas, modelos basados en IA han sido ampliamente usados para superar los inconvenientes de los métodos numéricos convencionales (Hai Tao et al., 2022). La Figura 2.10 destaca los cuatro países principales que han realizado extensos estudios relacionados con el modelado de niveles estáticos, mientras que la zona de color negro revela las áreas donde la aplicación de la IA aún no ha ganado popularidad (artículos correspondientes al periodo 2008-2020). Alrededor del 70% de las áreas aún no han utilizado modelos de aguas subterráneas, ya que muchos no necesitan estudios relacionados a ello, debido a una cantidad suficiente de agua superficial o menos habitantes, tales son los casos de Rusia y las zonas polares (Hai Tao et al., 2022).

Groundwater Level Modelling Studies

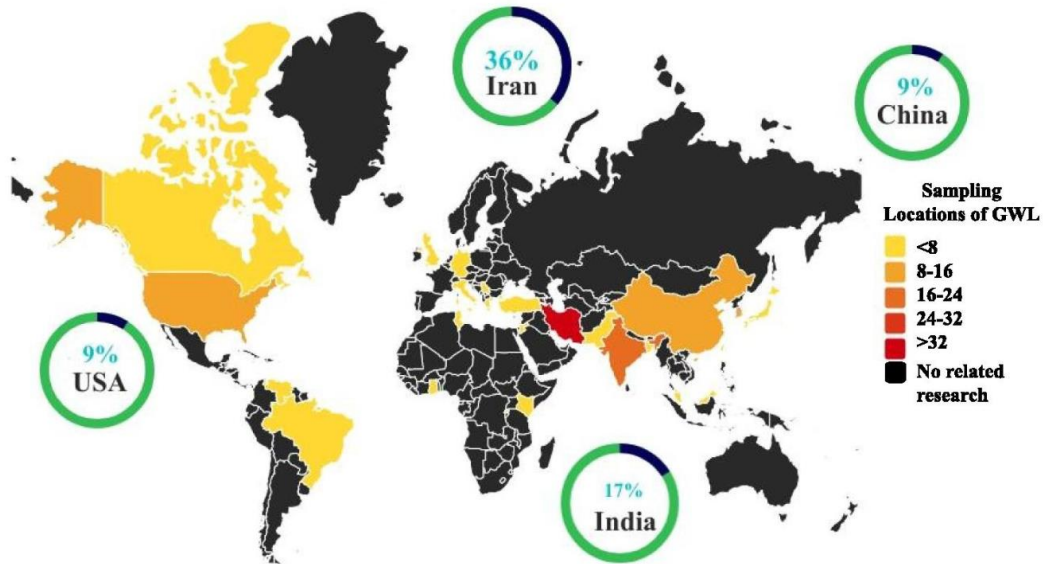


Figura 2.10 Representación cartográfica de la utilización de IA en la modelación de niveles estáticos (Hai Tao et.al, 2022).

Tal como se muestra en la Figura 2.11, ha habido un aumento significativo de los estudios en este campo en los últimos años; sin embargo, se deben hacer más estudios, basados en diferentes ubicaciones geográficas, para probar la eficiencia de los modelos propuestos (Hai Tao et.al, 2022).



Figura 2.11 Conceptualización aritmética del crecimiento observado de artículos de investigación que utilizan IA para la modelación de niveles estáticos durante el periodo 2008-2020 (Hai Tao et.al, 2022).

Durante las últimas dos décadas, un gran número de estudios han reportado la aplicabilidad de la IA en los modelos hidrogeológicos (Ranjithan et al., 1993). La mayoría de los primeros incluían métodos simples y estándar de IA, como ANN (Rogers & Dowla, 1994). Sin embargo, la última década ha sido testigo de la aplicación de una variedad de modelos de *Machine Learning* (Tao et al. 2022). Rajaei et al. (2019), por ejemplo, estudió 67 artículos y proporcionó una revisión bibliográfica de las aplicaciones de IA en simulación y predicción de modelos hidrogeológicos. Teniendo en cuenta los resultados de diferentes métodos clásicos de la IA, como ANN, “Adaptive neuro fuzzy inference system” (ANFIS), “Support Vector Machines” (SVMs), “Genetic Programming” (GP) y métodos híbridos de IA, el estudio concluyó que los métodos de IA se pueden utilizar con éxito para modelar y pronosticar niveles estáticos en acuíferos ubicados en regiones con diferentes geologías y climas. Por otro lado, Hai Tao et al. (2022) llegó a una conclusión similar, estudió 138 artículos que utilizaban algún modelo basado en *Machine Learning* desde el periodo 2008-2020, entregando información detallada de los tipos de modelos, rango de la data, escala de tiempo, datos de entrada y de salida, criterio del desempeño utilizado y los mejores modelos utilizados.

2.5 Integrated approach for optimizing groundwater monitoring systems using evolutionary algorithms (Mahmod et al., 2021)

Este artículo describe gran parte de la metodología a utilizar en este trabajo del y utiliza como herramienta 3 modelos genéticos diferentes en 4 etapas, las cuales tienen como objetivo encontrar los pozos que mejor correlación tienen con el sistema acuífero.

La metodología utilizada por los autores se describe a continuación

2.5.1 Algoritmo Genético (GA)

Primera fase del modelo genético. Las diferentes etapas de este proceso se enumeran a continuación.

- Generación de cromosomas.
- Cálculo de niveles y RMSE (Root Mean Square Error) con los cromosomas creados.
- Cálculo del ponderador de selección.
- Selección entrecruzamiento y mutación.
- Repetición procesos anteriores.
- Ranking genes cromosoma seleccionado.

2.5.1.1 Generación de Cromosomas

Para cada pozo existente OW_T , se utiliza el algoritmo genético con el fin establecer la correlación existente con los demás pozos OW_s ($N-1$). De esta manera, para cada OW_T , se genera un set de n_c cromosomas ($v_g, v_g = 1, 2 \dots n_c$), donde cada cromosoma contiene N cantidad de genes, que indica la correlación entre un determinado OW_s y OW_T . La condición que debe establecerse en cada cromosoma es que cada gen debe tener un valor entre -1 y 1 y la suma de estos debe ser igual a la unidad

$$C_{i,v_g} = \{ \alpha_{i,v_g}^{(1)}, \alpha_{i,v_g}^{(2)}, \dots, \alpha_{i,v_g}^{(N)} \}$$

Donde:

C_i : Indica el pozo i -ésimo.

V_g : Indica el cromosoma v de la generación g .

2.5.1.2 Cálculo de Niveles y RMSE con los Cromosomas Creados

Con los cromosomas creados se procede al cálculo de los niveles de pozos aproximados, es decir, los que se obtienen en base al modelo matemático. De esta manera y utilizando los niveles de pozos observados ($H_i(t), i = 1, \dots, N$) se calculan los niveles de pozos y error asociados con las ecuaciones 2.3 y 2.4:

$$H_{i,v_g}^C(t) = \sum_{j=1}^N \alpha_{i,v_g}^{(j)} \cdot H_j(t); \sum_{j=1}^N \alpha_{i,v_g}^{(j)} = 1; \alpha_{i,v_g}^{(i)} = 0 \quad (2.3)$$

Donde:

$H_{i,v_g}^C(t)$: Indica el nivel calculado del pozo i -ésimo del cromosoma v de la generación g .

$$RMSE_{i,v_g}(\tau) = \left(\frac{1}{\tau} \int_0^{\tau} (H_i^{Obs}(t) - H_{i,v_g}^C(t))^2 dt \right)^{1/2} \quad (2.4)$$

Donde:

$RMSE_{i,v_g}(\tau)$: Error cuadrático medio (Root Mean Square Error) del pozo i -ésimo del cromosoma v de la generación g .

τ : Parámetro temporal que tiene como valor la mitad de la serie de tiempo trabajada.

2.5.1.3 Cálculo de la Probabilidad de Selección

Mahmod et al. (2021) calcula la probabilidad de selección utilizando la ecuación descrita por Jebary & Madiafi (2013) y mencionada en la revisión bibliográfica (Ecuación 2.1). Sin embargo, comete el error de asignar mayor probabilidad a los individuos con mayor valor RMSE, es decir, a los más defectuosos (Ecuación 2.5). La ecuación corregida se encuentra en la sección 3.2.2.1.1.

$$P_{i,v_g} = \frac{RMSE_{i,v_g}}{\sum_{v_g=1}^{n_c} RMSE_{i,v_g}} \quad (2.5)$$

Donde:

P_{i,v_g} : Ponderador que permite realizar los procesos de selección.

2.5.1.4 Selección Entrecruzamiento y Mutación

En esta etapa se realizan los procesos mencionados y descritos con más detalles en la sección 2.2.1.3 y 2.2.1.4, con la salvedad de que en este caso se utilizan valores continuos para los genes. Sin embargo, Mahmod et al. (2021) no es claro en cómo soluciona el problema de que los genes poseen valores continuos para los procesos mencionados. De esta manera en la sección 3.2.2.1.1 se muestra una forma de abordar esta problemática.

2.5.1.5 Repetición Procesos Anteriores

Una vez que se consigue una nueva generación de cromosomas se repiten los procesos desde el número 2 hasta el 4, hasta conseguir que un cromosoma tenga un RMSE menor al requerido o se cumpla un número determinado de generaciones.

2.5.1.6 Ranking Genes Cromosoma Seleccionado

Con el cromosoma obtenido, ya sea, porque se llegó a un determinado valor de RMSE, o se llegó a un número determinado de generaciones, se procede a calcular un ranking según el valor de cada gen (Ecuación 2.6). De esta manera, mientras mayor sea el valor del gen, mayor ranking tendrá. Esto indica la correlación entre un OW_s y su OW_T .

$$RN_j = N - r \quad (2.6)$$

Donde:

RN_j : Ranking del gen j (menor valor, mejor ranking).

r : Posición según orden descendente del gen en cuestión.

Estos procesos se repiten para cada OW_T

2.5.2 Algoritmo Genético Modificado (MGA)

Este algoritmo tiene como objetivo filtrar los pozos que tienen una mayor correlación que el resto. Para esto, se utiliza una nueva clasificación llamada BIC_k ($k =$ número de inputs, $2 \leq k \leq (N - 1)$), donde los *inputs* del MGA son los niveles de pozos obtenidos asociados al ranking obtenido en la etapa anterior ($R_j(t), j = 1, 2, \dots, N - 1$).

Las diferentes etapas de este proceso se enumeran a continuación.

- Generación de Cromosomas.
- Cálculo de Niveles.
- Algoritmo Genético y RMSE.

- Matriz de Selección.
- Repetición Procesos Anteriores.
- Ranking Genes Cromosoma Seleccionado.

2.5.2.1 Generación de Cromosomas

Para cada pozo existente OW_T , los dos primeros *inputs* son procesados ($BICK(R_j(t)); j = 1,2; k = 2$) y un set de cromosomas es creado (v_g)

2.5.2.2 Cálculo de Niveles

Con la Ecuación 2.7 se procede a calcular los niveles de cada OW_T utilizando los k primeros *inputs*.

$$R_{i,v_g}^c(t) = \sum_{j=1}^k \alpha_{i,v_g}^{(j)} \cdot R_j(t); \sum_{j=1}^k \alpha_{i,v_g}^{(j)} = 1; \alpha_{i,v_g}^{(i)} = 0; 2 \leq k \leq (N - 1) \quad (2.7)$$

Donde:

$R_{i,v_g}^c(t)$: Indica el nivel calculado del pozo i -ésimo del cromosoma v de la generación g .

2.5.2.3 Algoritmo Genético y RMSE

Se utiliza el proceso del GA incluyendo los procesos de selección, entrecruzamiento y mutación. Luego, se calcula el RMSE para obtener el mejor cromosoma para esta etapa ($k = 2$) (Ecuación 2.4).

Este proceso se repite para el siguiente *input* ($BICK(R_j(t)); j = 1,2,3; k = 3$) y el RMSE es calculado.

Si el último RMSE calculado es menor al anterior ($RMSE < RMSE_{FORMER}$), entonces el siguiente *input* es agregado ($BICK(R_j(t)); j = 1,2,3,4; k = 4$). Por el contrario, si es mayor, el último *input* es reemplazado por el siguiente ($BICK(R_j(t)); j = 1,2,4; k = 3$).

Repitiendo este proceso, incorporando el siguiente *input* ($k = k+1$) y comparando su RMSE con el anterior ($RMSE_{FORMER}$), se llegará al RMSE requerido, entregando la combinación final ($BIC_k(R_j(t)); j = 1, 2, \dots, k; 2 \leq k \leq (N-1)$).

2.5.2.4 Matriz de Selección (SM)

Utilizando los procesos anteriores para cada OW_T , se genera una matriz de $N \times N$, llamada "Matriz de Selección" (SM) (Figura 2.12). Las filas corresponden a cada OW_T , mientras que las columnas corresponden a los OW_s . Los valores en la SM corresponden al binario, considerando la unidad a los k pozos seleccionados en el proceso anterior.

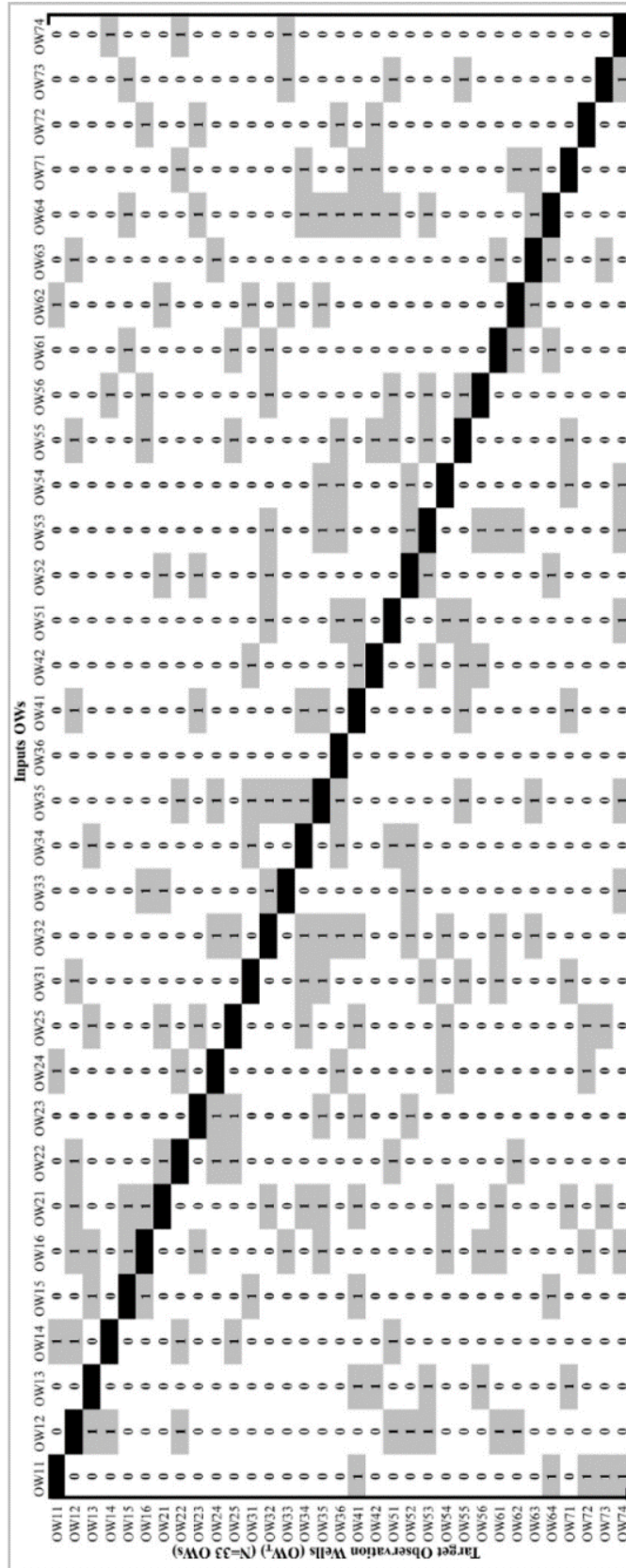


Figura 2.12 Matriz de Selección (Mahmod et al.,2021).

2.5.3 Modelo de Combinación Progresiva (PC)

Esta etapa consiste en seleccionar OW_s , dentro de los k seleccionados para representar los niveles de todos los pozos. A estos pozos se les denomina pozos líderes (LWS).

Utilizando la SM, se obtiene un vector de N columnas, al sumar cada columna del SM. Esta matriz muestra la frecuencia con la que cada OW_s , está incluido en el BIC_k , ($f_i; 0 \leq N$) y se denomina, el vector de frecuencia (FM) (Figura 2.13). Para cada OW_T , se ordena de forma descendente los OW_s , acorde a los valores f_i , y son considerados nuevos *inputs* para el PC model. De manera análoga a la etapa anterior, estos se van agregando progresivamente hasta completar los $N-1$ pozos. Esta clasificación se denomina “*Combination Input*”. ($CIn(Ij(t)); j = 1,2,..N-1; n =$ número de combinaciones $OW_s, 2 \leq n \leq N-1$).

Las diferentes etapas de este proceso se enumeran a continuación.

- Generación de Cromosomas.
- Cálculo de Niveles.
- Algoritmo Genético y RMSE.
- Matriz Fitness (FIM).

All OWS (N)	
OW11	5
OW12	8
OW13	5
OW14	5
OW15	5
OW16	11
OW21	11
OW22	6
OW23	5
OW24	5
OW25	8
OW31	7
OW32	10
OW33	5
OW34	5
OW35	10
OW36	0
OW41	6
OW42	5
OW51	6
OW52	5
OW53	8
OW54	5
OW55	8
OW56	6
OW61	5
OW62	6
OW63	5
OW64	10
OW71	6
OW72	4
OW73	5
OW74	3

Figura 2.13 Matriz de Frecuencia.

2.5.3.1 Generación de Cromosomas

Para cada pozo existente OW_T , los dos primeros *inputs* son procesados, es decir los que poseen una mayor frecuencia, ($Cln(I_j(t)); j = 1,2, n = 2$) y un set de cromosomas es creado (v_g).

2.5.3.2 Cálculo de Niveles

Con la ecuación (2.8) se procede a calcular los niveles de cada OW_T utilizando los n primeros *inputs*.

$$I_{i,v_g}^c(t) = \sum_{j=1}^n \alpha_{i,v_g}^{(j)} \cdot I_j(t); \sum_{j=1}^n \alpha_{i,v_g}^{(j)} = 1; \alpha_{i,v_g}^{(i)} = 0; 2 \leq n \leq (N - 1) \quad (2.8)$$

Donde:

$R_{i,v_g}^c(t)$: Indica el nivel calculado del pozo i -ésimo del cromosoma v de la generación g .

$I_j(t)$: Niveles de pozos según el ranking realizado al comienzo de la etapa.

2.5.3.3 Algoritmo Genético y RMSE

Se utiliza el proceso del GA incluyendo los procesos de selección, entrecruzamiento y mutación. Luego, se calcula el RMSE para obtener el mejor cromosoma para esta etapa ($n = 2$) (Ecuación 2.4).

Este proceso se repite para los siguientes *inputs* ($n = n+1$) ($Cln(I_j(t)); j = 1,2,..N-1; 2 \leq n \leq N-1$) y el RMSE es recalculado para cada Cln ($RMSE_n$) hasta que $n = N-1$.

2.5.3.4 Matriz Fitness (FIM)

Utilizando los procesos anteriores para cada OW_T , se genera una matriz de $N-1 \times N$, donde las filas corresponden a los Cl_n , las columnas a los OW_T , y las celdas corresponden a cada $RMSE_n$ (Figura 2.14).

CI	Selected LWS(n=9)										Target Observation Wells (OW-1) (N=33 OWs)																						
	OW16	OW21	OW52	OW35	OW64	OW12	OW25	OW53	OW55	OW31	OW22	OW41	OW51	OW56	OW62	OW71	OW13	OW14	OW23	OW24	OW33	OW34	OW42	OW54	OW73	OW11	OW15	OW52	OW61	OW63	OW72	OW74	OW56
C1	6.568	0.533	0.092	1.268	0.328	3.284	0.520	0.518	0.638	0.112	0.055	0.206	0.679	0.509	0.155	0.200	1.234	2.870	0.067	0.061	0.099	0.170	0.658	0.517	0.097	3.223	0.860	0.658	0.107	0.220	0.125	0.099	1.310
C2	5.669	0.070	0.091	0.095	0.324	2.858	0.149	0.510	0.568	0.091	0.047	0.222	0.684	0.502	0.129	0.201	0.990	2.474	0.068	0.056	0.048	0.126	0.665	0.509	0.998	3.044	0.549	0.651	0.103	0.211	0.108	0.094	0.635
C3	5.435	0.117	0.067	0.096	0.342	2.397	0.145	0.537	0.530	0.088	0.092	0.200	0.644	0.469	0.106	0.213	0.261	1.265	0.081	0.080	0.029	0.196	0.674	0.501	0.080	2.189	0.310	0.609	0.100	0.221	0.119	0.177	0.630
C4	0.100	0.133	0.225	0.079	0.283	1.692	0.138	0.285	0.476	0.204	0.206	0.151	0.439	0.290	0.072	0.222	0.225	1.779	0.194	0.111	0.064	0.131	0.401	0.422	0.082	1.792	0.226	0.405	0.039	0.127	0.105	0.162	0.643
C5	0.179	0.330	0.064	0.146	0.329	1.485	0.178	0.312	0.395	0.208	0.139	0.280	0.450	0.319	0.153	0.209	0.227	0.061	0.078	0.078	0.299	0.153	0.403	0.360	0.105	0.083	0.066	0.491	0.046	0.100	0.108	0.078	0.625
C6	0.110	0.187	0.238	0.158	0.262	2.644	0.148	0.300	0.415	0.224	0.066	0.226	0.438	0.278	0.088	0.208	0.095	0.073	0.093	0.142	0.064	0.166	0.340	0.298	0.116	0.174	0.067	0.436	0.104	0.136	0.147	0.050	0.593
C7	0.199	0.202	0.305	0.247	0.226	2.331	0.230	0.127	0.161	0.124	0.187	0.191	0.367	0.094	0.143	0.223	0.210	0.118	0.136	0.222	0.184	0.190	0.433	0.380	0.164	0.280	0.131	0.256	0.281	0.104	0.175	0.334	0.616
C8	0.145	0.171	0.287	0.221	0.185	0.776	0.176	0.304	0.287	0.094	0.102	0.220	0.197	0.164	0.146	0.310	0.414	0.148	0.133	0.150	0.103	0.255	0.227	0.136	0.136	0.279	0.087	0.183	0.075	0.113	0.176	0.188	0.633
C9	0.258	0.278	0.117	0.286	0.230	1.969	0.231	0.218	0.201	0.182	0.188	0.157	0.223	0.430	0.188	0.215	0.163	0.160	0.232	0.238	0.202	0.131	0.412	0.164	0.065	0.221	0.183	0.372	0.180	0.226	0.057	0.189	0.640
C10	0.171	0.270	0.169	0.128	0.299	0.726	0.183	0.237	0.145	0.154	0.128	0.186	0.227	0.178	0.264	0.237	0.209	0.149	0.110	0.150	0.099	0.148	0.298	0.187	0.158	0.195	0.163	0.294	0.178	0.268	0.209	0.134	0.733
C11	0.284	0.271	0.238	0.199	0.351	1.424	0.171	0.194	0.236	0.129	0.208	0.158	0.274	0.167	0.228	0.185	0.122	0.174	0.192	0.102	0.250	0.279	0.277	0.194	0.279	0.297	0.190	0.224	0.098	0.166	0.193	0.191	0.627
C12	0.257	0.261	0.206	0.245	0.339	0.578	0.232	0.173	0.304	0.100	0.233	0.127	0.264	0.250	0.302	0.118	0.115	0.280	0.124	0.203	0.226	0.130	0.491	0.147	0.179	0.196	0.198	0.189	0.111	0.267	0.128	0.184	0.675
C13	0.218	0.415	0.198	0.161	0.365	0.314	0.291	0.088	0.198	0.175	0.168	0.186	0.337	0.312	0.068	0.260	0.236	0.400	0.307	0.357	0.212	0.406	0.313	0.258	0.120	0.234	0.135	0.343	0.117	0.301	0.184	0.223	0.541
C14	0.233	0.210	0.336	0.459	0.243	1.247	0.208	0.194	0.201	0.341	0.181	0.288	0.197	0.070	0.336	0.190	0.153	0.197	0.136	0.292	0.150	0.247	0.229	0.103	0.238	0.352	0.201	0.251	0.154	0.118	0.143	0.112	0.647
C15	0.260	0.225	0.244	0.169	0.325	0.473	0.236	0.159	0.266	0.244	0.377	0.227	0.185	0.271	0.332	0.183	0.357	0.132	0.204	0.106	0.117	0.122	0.231	0.287	0.190	0.120	0.118	0.142	0.188	0.216	0.276	0.266	0.635
C16	0.362	0.297	0.231	0.321	0.208	0.162	0.201	0.194	0.216	0.168	0.199	0.171	0.458	0.401	0.230	0.376	0.139	0.118	0.103	0.083	0.187	0.208	0.410	0.208	0.203	0.273	0.175	0.211	0.165	0.213	0.466	0.103	0.615
C17	0.122	0.314	0.300	0.249	0.201	0.724	0.355	0.262	0.151	0.285	0.167	0.202	0.236	0.288	0.151	0.266	0.228	0.097	0.256	0.212	0.289	0.176	0.484	0.167	0.357	0.134	0.300	0.262	0.213	0.167	0.211	0.122	0.728
C18	0.228	0.258	0.288	0.368	0.285	0.173	0.301	0.387	0.456	0.345	0.126	0.138	0.228	0.175	0.258	0.170	0.193	0.287	0.173	0.605	0.125	0.250	0.404	0.308	0.123	0.525	0.236	0.246	0.207	0.176	0.157	0.215	0.717
C19	0.221	0.618	0.223	0.185	0.254	0.154	0.172	0.188	0.172	0.253	0.157	0.149	0.163	0.152	0.281	0.176	0.193	0.287	0.173	0.605	0.125	0.250	0.404	0.308	0.123	0.525	0.236	0.246	0.207	0.176	0.157	0.215	0.717
C20	0.101	0.439	0.185	0.257	0.398	0.335	0.217	0.306	0.213	0.256	0.284	0.296	0.209	0.161	0.137	0.271	0.087	0.133	0.251	0.158	0.222	0.337	0.318	0.203	0.137	0.683	0.199	0.079	0.193	0.246	0.209	0.086	0.638
C21	0.307	0.355	0.197	0.425	0.321	0.255	0.244	0.393	0.262	0.180	0.396	0.202	0.124	0.128	0.099	0.340	0.427	0.258	0.210	0.297	0.155	0.222	0.293	0.208	0.267	0.150	0.168	0.442	0.365	0.242	0.185	0.165	0.625
C22	0.331	0.402	0.261	0.436	0.208	0.120	0.179	0.365	0.270	0.304	0.521	0.290	0.309	0.172	0.331	0.286	0.296	0.314	0.153	0.385	0.403	0.229	0.196	0.282	0.272	0.412	0.335	0.319	0.133	0.325	0.219	0.165	0.650
C23	0.269	0.276	0.323	0.456	0.150	0.374	0.368	0.208	0.320	0.242	0.186	0.202	0.226	0.307	0.230	0.495	0.308	0.255	0.185	0.204	0.220	0.116	0.162	0.255	0.215	0.245	0.147	0.470	0.223	0.200	0.220	0.304	0.679
C24	0.185	0.403	0.219	0.492	0.445	0.203	0.280	0.356	0.168	0.158	0.311	0.229	0.250	0.366	0.212	0.182	0.294	0.339	0.186	0.196	0.299	0.303	0.360	0.194	0.305	0.305	0.346	0.243	0.223	0.166	0.320	0.239	0.661
C25	0.224	0.294	0.272	0.209	0.239	0.197	0.500	0.357	0.259	0.241	0.123	0.268	0.278	0.204	0.138	0.177	0.335	0.339	0.140	0.337	0.259	0.298	0.322	0.301	0.387	0.244	0.414	0.300	0.249	0.415	0.275	0.234	0.722
C26	0.152	0.245	0.403	0.336	0.237	0.276	0.197	0.360	0.354	0.221	0.131	0.271	0.145	0.219	0.198	0.194	0.144	0.392	0.123	0.169	0.322	0.269	0.498	0.196	0.110	0.220	0.344	0.461	0.190	0.285	0.281	0.373	0.649
C27	0.111	0.223	0.327	0.253	0.295	0.279	0.322	0.218	0.465	0.181	0.159	0.282	0.239	0.655	0.250	0.295	0.286	0.369	0.146	0.387	0.102	0.309	0.347	0.435	0.269	0.302	0.241	0.223	0.304	0.339	0.200	0.182	0.649
C28	0.539	0.191	0.548	0.260	0.268	0.314	0.184	0.284	0.383	0.325	0.249	0.231	0.175	0.255	0.154	0.182	0.291	0.289	0.236	0.347	0.262	0.273	0.103	0.166	0.340	0.120	0.297	0.239	0.220	0.351	0.255	0.186	0.725
C29	0.234	0.268	0.455	0.208	0.298	0.393	0.256	0.478	0.182	0.202	0.130	0.222	0.223	0.206	0.267	0.343	0.176	0.157	0.116	0.234	0.221	0.207	0.365	0.185	0.339	0.213	0.177	0.159	0.332	0.200	0.314	0.394	0.558
C30	0.287	0.261	0.560	0.191	0.242	0.585	0.252	0.306	0.496	0.261	0.339	0.401	0.173	0.181	0.171	0.265	0.209	0.315	0.263	0.329	0.218	0.181	0.185	0.332	0.231	0.130	0.128	0.124	0.175	0.329	0.180	0.221	0.704
C31	0.281	0.357	0.385	0.204	0.385	0.525	0.178	0.469	0.386	0.263	0.425	0.408	0.485	0.501	0.149	0.530	0.375	0.685	0.274	0.198	0.325	0.239	0.295	0.157	0.379	0.307	0.407	0.627	0.347	0.262	0.257	0.704	
C32																																	

Figura 2.14 Matriz Fitness (Mahmod et al.,2021).

2.5.4 Selección Optimizada

Esta cuarta y última etapa tiene como objetivo seleccionar los pozos que mejor se correlacionen a cada OW_T , llamados “Core Leaders Wells” (CLWS). Esta etapa se enmarca en los pasos del MGA, $BICk(R_j(t); j = 1, 2, \dots, k); k = na; 2 \leq na \leq n$, donde na , indica el número de CLW involucrados en la selección de cada OW_T .

2.5.5 Diagramas de Flujo

A continuación, la Figura 2.15 muestra los diagramas de flujo expuestos en el artículo de Mahmod.

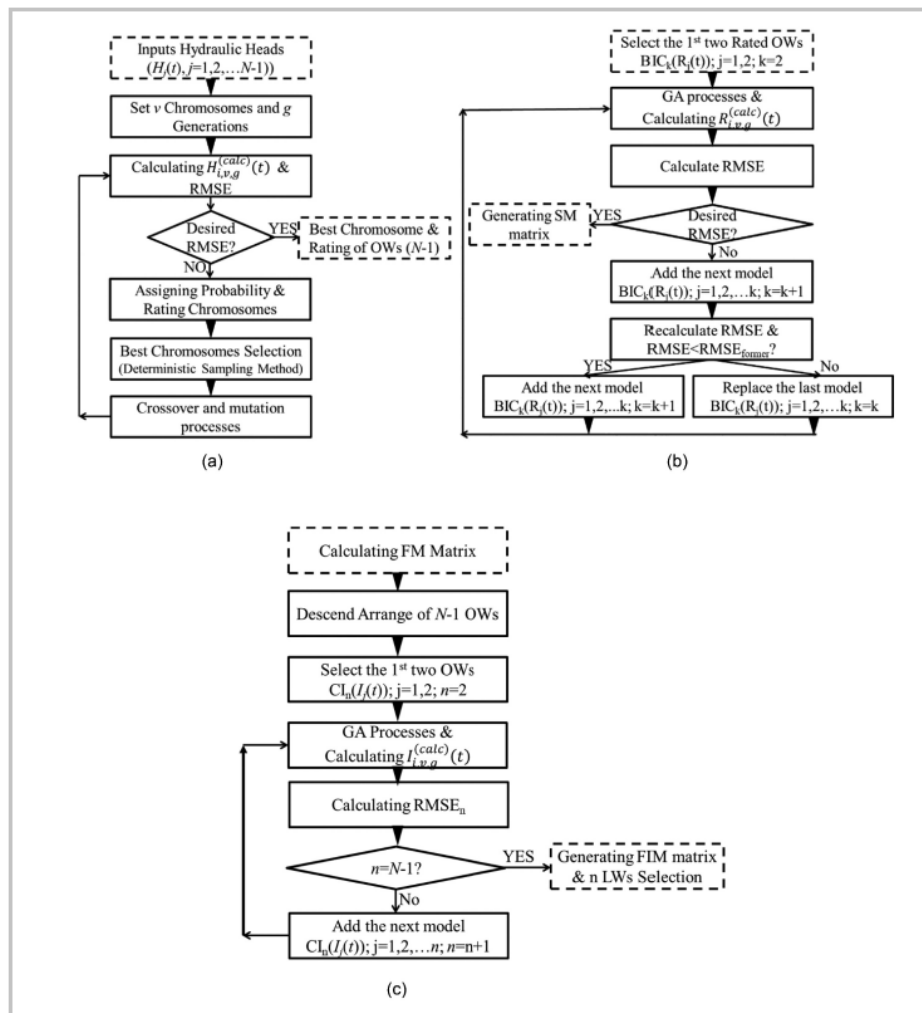


Figura 2.15 Diagramas de flujo: (a) Genetic Algorithm; (b) Modified Genetic Algorithm; (c) Progressive Combination (Mahmod et al.,2021).

2.5.6 Comparación de Resultados

A continuación, las Figuras 2.16 y 2.17 muestran los resultados obtenidos por los autores utilizando LWS y CLWS.

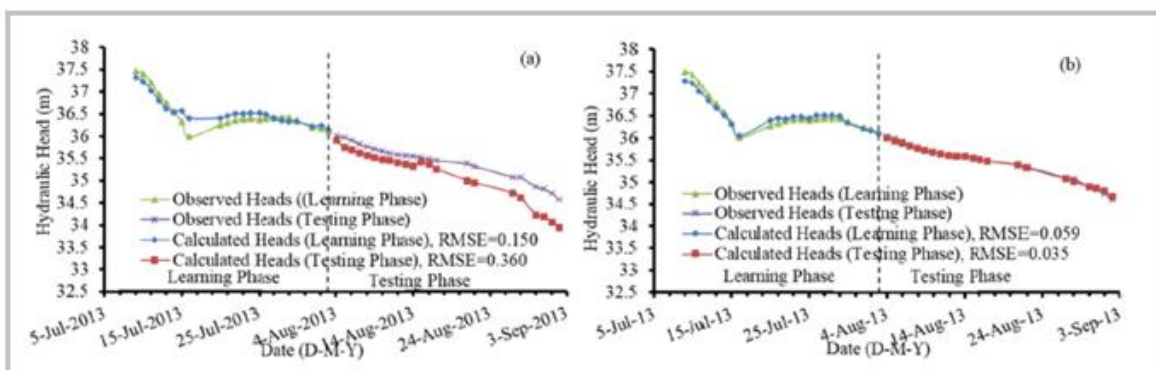


Figura 2.16 Contraste de resultados utilizando LWS (a) y CLWS (b) para el pozo OW24 (Mahmod et al.,2021).

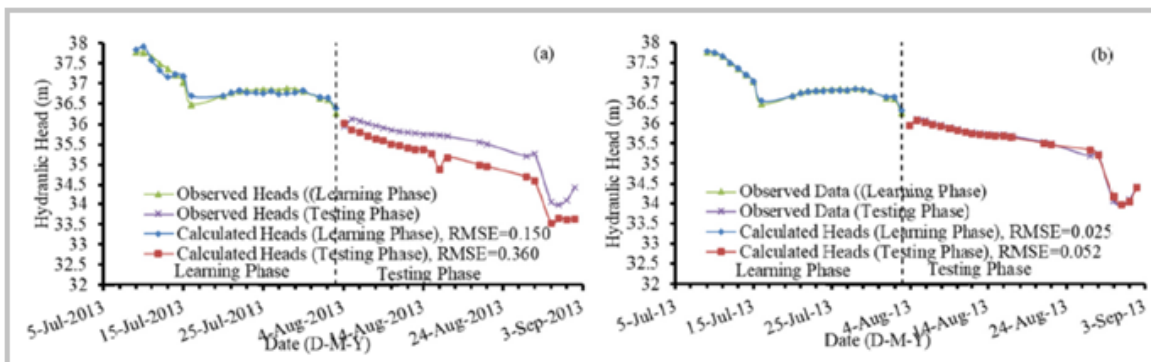


Figura 2.17 Contraste de resultados utilizando LWS (a) y CLWS (b) para el pozo OW33 (Mahmod et al.,2021).

Como se puede observar, los modelos genéticos, entregan resultados bastante cercanos a la data original, demostrando que en ciertos casos es plausible utilizar esta herramienta.

3. Metodología

3.1 Alcances

Como se menciona en el capítulo introductorio de este trabajo, el objetivo es obtener un código computacional que replique la metodología de Mahmud et al. (2021) en su trabajo de investigación. Sin embargo, se encontraron problemas en dicho trabajo. Dichos problemas son principalmente la probabilidad de selección que entrega mayores chances de reproducción a individuos defectuosos, y la nula información de cómo abordar el proceso de entrecruzamiento y mutación para cromosomas con genes con valores continuos. De esta manera, se proponen soluciones a estos problemas de acuerdo a la bibliografía y a la lógica del problema, estas se describen en la sección 3.2.2.1.1 de la presente metodología. Asimismo, se entrega un agregado de optimizaciones realizadas en los parámetros de replicación del algoritmo genético, que no se mencionan en la bibliografía.

El programa creado, en base a los puntos mencionados, fue puesto a prueba considerando diferentes tipos de datos de entrada, las cuales tienen como objetivo contrastar los resultados que entrega el programa con valores teóricos predecibles en función de los valores de los *inputs*.

3.2 Diseño del Programa Computacional

La metodología para el diseño del programa computacional comprende 3 etapas, las cuales tienen como objetivo general:

1. Recibir y procesar los datos de entrada del usuario.
2. Ejecutar los modelos genéticos utilizando los datos procesados de la etapa anterior.
3. Procesar y entregar los resultados obtenidos al usuario, en formato Excel.

Estas tres etapas comprenden al programa computacional en su totalidad y se dividen en IDF, MA y ODF. El diagrama de funciones se detalla en la Figura 3.1.

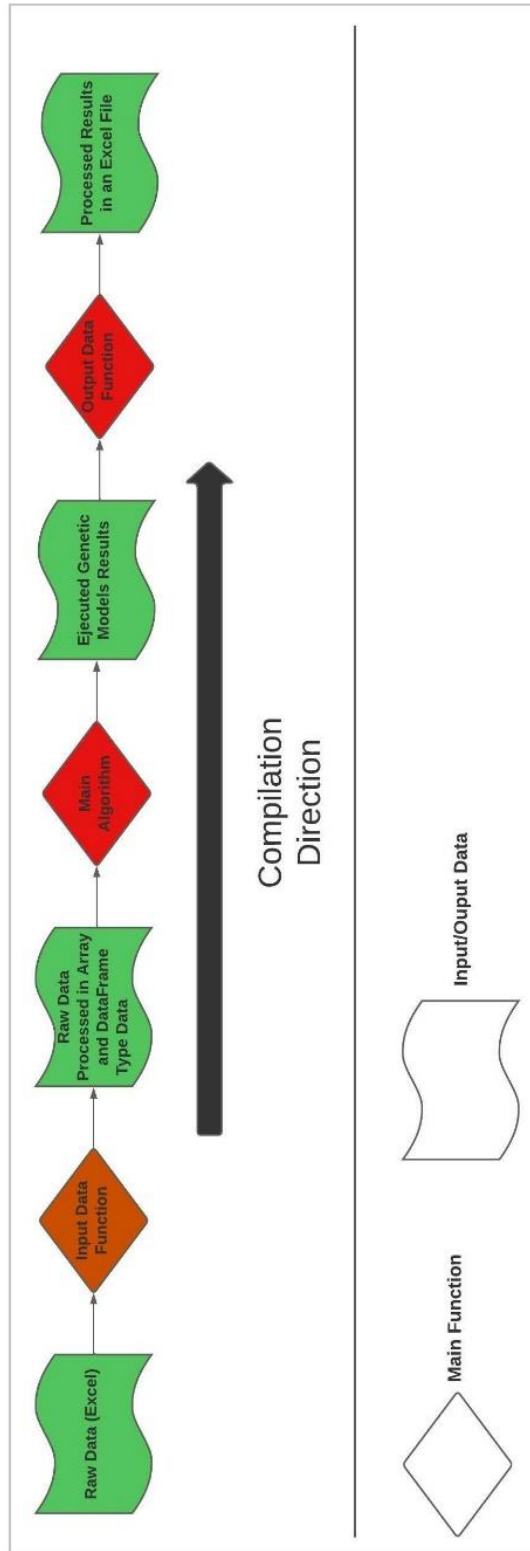


Figura 3.1 Diagrama de funciones generales.

3.2.1 Diseño del *Input Data Function* (IDF)

El *Input Data Function*, desde ahora IDF, comprende a una gama de funciones que tienen como objetivo permitirle a Python poder compilar los datos de entrada que recibe del usuario en la *Main Function*. Para cumplir este objetivo se diseñó el IDF con diferentes aptitudes, las cuales se mencionan a continuación:

- Puede recibir datos de Excel.
- Relleno de datos para los diferentes pozos (Regresión Lineal).
- Eliminación del análisis a pozos con poco historial de datos según usuario.

El IDF entrega los datos procesados en formato DataFrame y Array, utilizando las librerías de Pandas y Numpy respectivamente. A continuación, la Figura 3.2 presenta el diagrama de funciones del IDF. La definición de la simbología se presenta en el Anexo E.

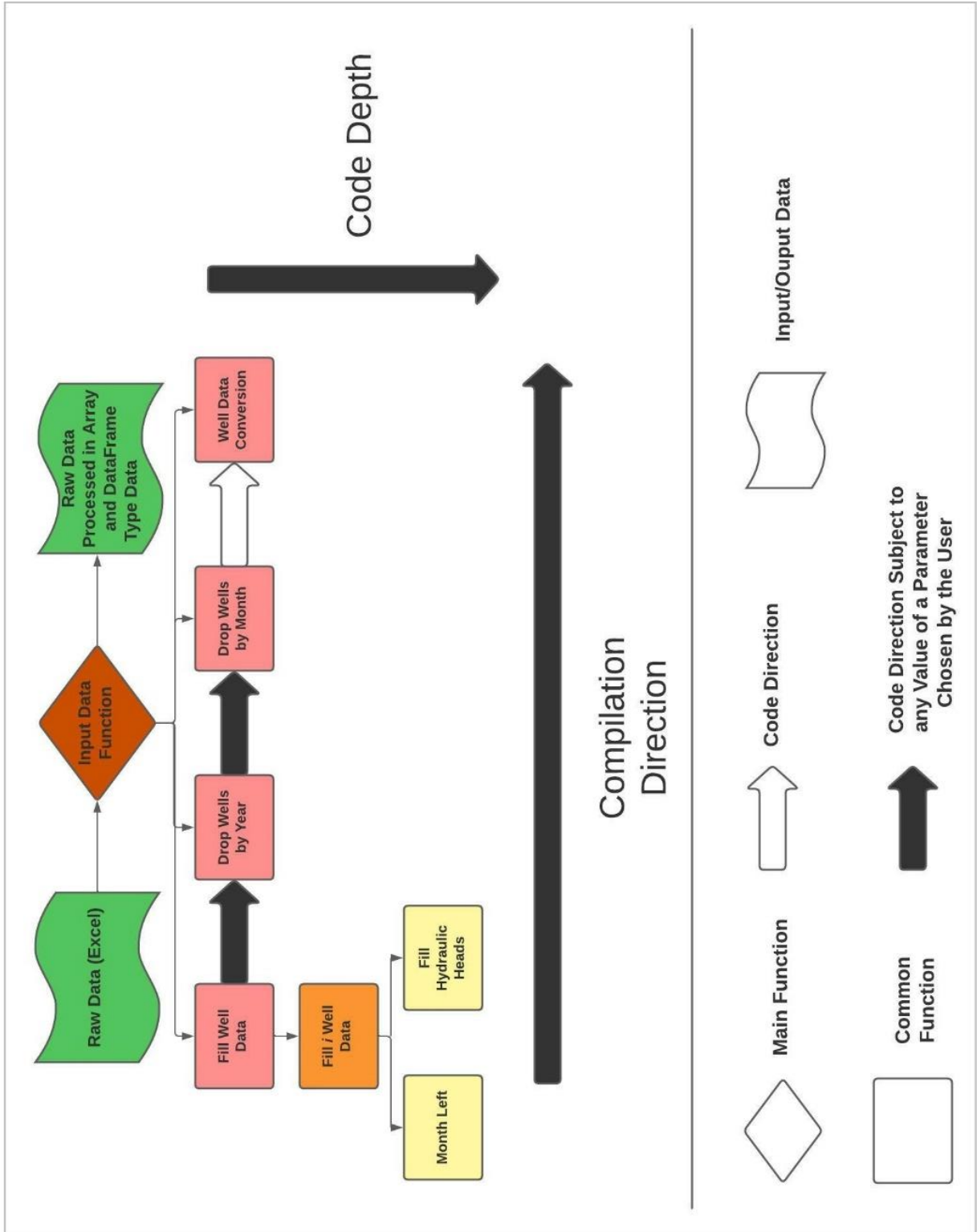


Figura 3.2 Diagrama de funciones IDF.

Este diagrama, inspirado en los diagramas OOP (Object Oriented Programming), indica los diferentes niveles de profundidad, en conjunto con las diferentes relaciones existentes entre estas, así como también la versatilidad de una función. Estas se compilan de arriba hacia abajo y de izquierda a derecha o viceversa según la flecha lo indique, en ese orden jerárquico. Es decir, el IDF llama primeramente al *Fill Well Data*, para luego, llamar al *Fill i Well Data* y así sucesivamente hasta llegar a lo más profundo del código y posteriormente llamar al *Drop Wells by Year* condicionado a los valores entregados por el usuario (flecha oscura). La funcionalidad de cada función se detalla en el código computacional.

3.2.2 Diseño del *Main Algorithm* (MA)

3.2.2.1 Estructura del Algoritmo

El *Main Algorithm*, desde ahora MA, es básicamente la función principal del programa computacional, que utiliza como base el modelo genético propuesto por Mahmud et al (2021) y que recoge los datos recibidos de la IDF para procesarlos y entregar los pozos más representativos, de un cúmulo de estos, en conjunto con los valores de los genes que logran representar a los demás. De esta manera, es necesario realizar un diagrama de funciones para tener clara su estructura y su funcionamiento de manera general. A continuación, la Figura 3.3 presenta el diagrama de funciones del MA.

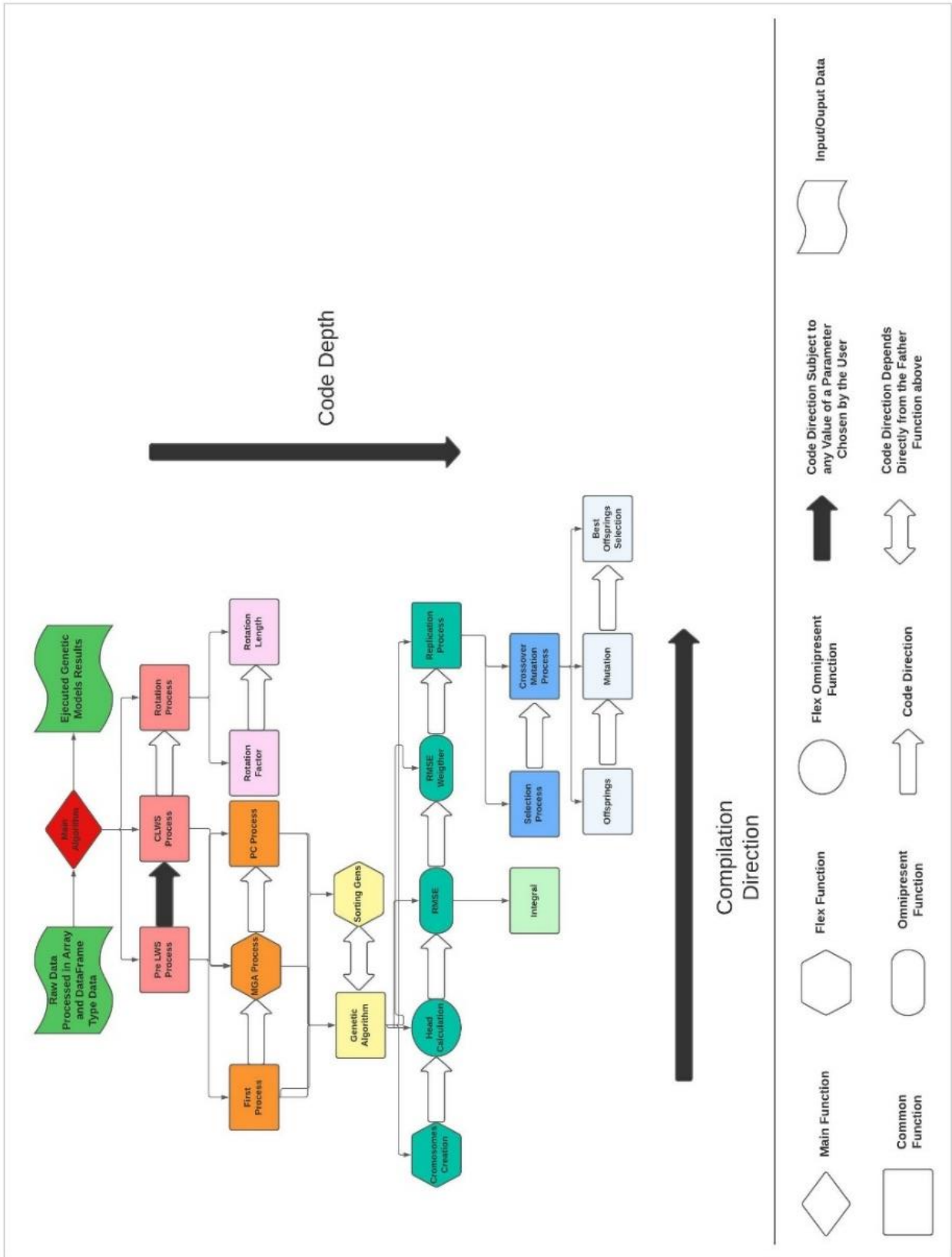


Figura 3.3 Diagrama de funciones MA.

De este diagrama se destacan cinco procesos, los cuales tienen como base el modelo genético de Mahmud et al. (2021), con ciertas modificaciones, acorde a los problemas encontrados y mejoras encontradas a lo largo del camino. Los cinco procesos más relevantes se mencionan a continuación.

- **First Process (FP):** Proceso que entrega las correlaciones entre cada pozo y un ranking acorde a estas. El funcionamiento general de este proceso, se describe con más detalle en la sección 2.5.1 según el planteamiento de Mahmud et al (2021).
- **Modified Genetic Algorithm Model (MGA):** Proceso que entrega la matriz de frecuencia. El funcionamiento general de este proceso, se describe con más detalle en la sección 2.5.2, según el planteamiento de Mahmud et al. (2021).
- **Progressive Combination Model (PC):** Proceso que entrega la matriz fitness. El funcionamiento general de este proceso, se describe con más detalle en la sección 2.5.3, según el planteamiento de Mahmud et al (2021).
- **CLWS Process (CP):** Proceso que entrega los CLWS según la cantidad de pozos líderes que el usuario determinó. El funcionamiento general de este proceso, se describe con más detalle en la sección 2.5.4, según el planteamiento de Mahmud et al (2021).
- **Rotation Process (RP):** Quinto proceso creado por el autor de este trabajo que entrega como resultado las correlaciones obtenidas en el CP, sumado a un parámetro de rotación en función de t (parámetro que indica la escala de tiempo de la primera mitad de la data en estudio). El funcionamiento general de este proceso, se describe en la sección 3.2.2.3.3.

A continuación, se presentan las modificaciones realizadas en cada proceso descrito por Mahmud et al (2021).

3.2.2.1.1 Modificaciones Modelo Mahmud et al (2021)

Mahmud et al (2021) en su modelo utiliza que, para todos los cromosomas, cada gen debe tener un valor entre -1 y 1 y la suma de estos debe ser igual a la unidad. Sin embargo, esto no fue posible de replicar en el modelo debido a la naturaleza de los procesos de replicación. Cuando ocurre el proceso de entrecruzamiento (Figura 2.7) se crean hijos que tendrán valores negativos en sus genes y en consecuencia una sumatoria de estos diferente a 1. Esto no es solucionable dividiendo cada valor del gen por el valor de la sumatoria debido a que eventualmente dichos valores se escaparán del rango [-1,1]. De esta manera este modelo propone que cada gen

posea valores entre 0 y 1. Así, cuando ocurre el proceso de entrecruzamiento y la sumatoria de los genes de los hijos sea diferente a 1, se divide cada valor de cada gen por el valor total de la sumatoria.

Otro proceso que se le realizaron modificaciones, es a la expresión de la probabilidad de selección. La expresión de Mahmud et al (2021) (Ecuación 2.5), asigna mayor dominancia, o probabilidad de reproducción, a los cromosomas con mayor RMSE, persiguiendo exactamente lo contrario a lo que se tiene como objetivo. De esta manera, la expresión correcta es involucrar al inverso multiplicativo, logrando asignar mayor dominancia a los cromosomas con menor RMSE y con ello una mayor probabilidad de generar hijos con mejores valores del parámetro de decisión. La expresión corregida, se muestra en la Ecuación 3.1.

$$\bar{P}_{i,v_g} = \frac{\frac{1}{RMSE_{i,v_g}}}{\sum_{v_g=1}^{n_c} \frac{1}{RMSE_{i,v_g}}} \quad (3.1)$$

Donde:

\bar{P}_{i,v_g} : Ponderador corregido que permite realizar los procesos de selección.

3.2.2.2 Implementación de Mejoras en los Parámetros de Replicación

Como se describe en el capítulo 2.4 los parámetros involucrados en el proceso de replicación son:

- La probabilidad de entrecruzamiento.
- La probabilidad de mutación.
- El número de generaciones.
- El número de cromosomas.

Con la revisión bibliográfica, se dio cuenta de que los valores de estos son mayormente fijos dependiendo del modelo genético. Sin embargo, en el presente trabajo, se proponen expresiones matemáticas o valores, para los tres últimos parámetros, que contemplan la relación entre las diferentes variables dependientes intrínsecos al problema, como, por ejemplo, la media, la desviación estándar de los datos de entrada y la cantidad de pozos. Esto tiene como finalidad evitar arbitrariedad al momento de asignar valores y principalmente llegar a resultados óptimos de RMSE. Con respecto a la probabilidad de entrecruzamiento, no se encontró mayor diferencia en los resultados de RMSE según los valores mencionados en la bibliografía, tal como se mostrará más adelante.

Los valores obtenidos de las expresiones matemáticas sirvieron como parámetros de entrada, una vez el código fue creado, utilizando los datos descritos en las secciones 3.5 y 3.6, y se realizó un análisis con el objetivo de visualizar la importante variación en los resultados de RMSE al cambiar los valores de estos.

Por otro lado, para abordar la optimización de este problema, se asumió la independencia de cada una de estos parámetros entre sí, permitiendo fijar valores de estos al momento de estudiar alguno en particular. Es decir, la existencia de un óptimo para un parámetro en particular, contempla que ese mismo óptimo se utilice como entrada para estudiar otro diferente.

3.2.2.2.1 Probabilidad de Entrecruzamiento.

Este parámetro se utiliza para generar la variabilidad dentro del proceso de reproducción al momento de generar los cromosomas hijos a partir de los cromosomas padres. En la revisión bibliográfica este parámetro es fijo y varía según la metodología del modelo genético, del número de cromosomas y de los puntos de entrecruzamiento, considerando valores que van desde 0.2 hasta 0.95. De esta manera, se propuso estudiar el valor óptimo a considerar al momento de ejecutar el código, con los diferentes casos de estudio. La metodología implementada para visualizar este caso, contempla tanto la variación de este parámetro con 4 valores diferentes [0.2,0.6, 0.85,1], como también la variación del parámetro de “*Probabilidad de Mutación*” en el proceso GA, descrito en la sección 3.2.2.2.2. Las simulaciones se realizaron utilizando los datos descritos en la sección 3.5. El objetivo de la metodología, es visualizar el comportamiento de este parámetro y realizar un análisis para obtener un rango o valor en particular, que permita obtener los menores valores de RMSE. Los casos simulados se resumen en la Tabla 3.1.

Tabla 3.1 Combinaciones posibles para las simulaciones realizadas en el apartado de probabilidad de entrecruzamiento.

Number of wells = 24 ; Number of Times = 205; Crossover Rate = [0.2,0.6,0.85,1]		
Simulation	Mutation Rate	RMSE
1	1	RMSE ₁
2	0.9	RMSE ₂
3	0.81	RMSE ₃
.	.	.
.	.	.
.	.	.
100	3.0E-05	RMSE ₁₀₀

3.2.2.2.2 Probabilidad de Mutación

Al igual que el parámetro anterior, este se utiliza para generar variabilidad dentro del proceso de reproducción, con el fin de evitar eventuales mínimos locales. Tal como se vio en la revisión bibliográfica, el valor de este parámetro varía entre 0.001 y 0.6. Sin embargo, se propone una expresión que permita calcular el valor más adecuado para este parámetro, permitiendo obtener valores óptimos de la variable de decisión (RMSE). La expresión propuesta se muestra en la Ecuación 3.2.

$$P_{mut} = 4 \cdot \frac{\sigma_{hd}}{\bar{x}_{hd}} \cdot \frac{1}{n_w} \quad (3.2)$$

Donde:

P_{mut} [-]: Probabilidad de mutación.

σ_{hd} [m]: Desviación estándar de la carga hidráulica de los datos.

\bar{x}_{hd} [m] : Promedio de la carga hidráulica de los datos.

n_w [-]: Número de pozos.

La metodología implementada para visualizar este caso, contempla 100 simulaciones del proceso GA, variando dicho parámetro, desde 1 hasta 3×10^{-5} . El objetivo de la metodología, es visualizar el comportamiento de este parámetro y corroborar la eficacia de la expresión propuesta. Los casos simulados se resumen en la Tabla 3.2.

Tabla 3.2 Combinaciones posibles para las simulaciones realizadas en el apartado de probabilidad de mutación.

Number of wells = [[5,20,50,100,200], [12,24]] ; Number of Times = [20,205]; Crossover Rate = 0.85		
Simulation	Mutation Rate	RMSE
1	1	RMSE ₁
2	0.9	RMSE ₂
3	0.81	RMSE ₃
.	.	.
.	.	.
.	.	.

100	3.0E-05	RMSE ₁₀₀
-----	---------	---------------------

3.2.2.2.3 Número de Generaciones y Cromosomas

Estos dos parámetros se utilizan para generar la mayor variabilidad en el proceso genético. Sin embargo, para acuíferos con un alto número de pozos y/o datos de observación, puede no ser factible utilizar valores muy grandes para estos parámetros, al aumentar considerablemente el tiempo de ejecución del programa. Si bien la bibliografía indica valores óptimos para estos parámetros, cada metodología tiene su particularidad en función de su velocidad de convergencia. De esta manera, se propuso estudiar el comportamiento de estos parámetros, con los casos de la sección 3.5. La metodología implementada para visualizar este caso contempla la variación de ambos parámetros, como también de la cantidad de pozos, para una data con 20 tiempos, para el proceso GA. En este punto, se asume que para una cantidad de datos temporales mayor a 10, esto no influye mayormente en los resultados del RMSE permitiendo fijar este valor. El objetivo de la metodología es visualizar el comportamiento del RMSE en función de la variación de los parámetros mencionados y estimar la mejor combinación que permita obtener los mejores resultados en función del RMSE sin perder de vista el factor temporal. Los 160 casos simulados se resumen en la Tabla 3.3.

Tabla 3.3 Combinaciones posibles para las simulaciones realizadas en el apartado de número de generaciones y cromosomas.

Number of Wells = [5, 20, 50, 100, 200]; Number of Times = 20								
Generations	Cromosomes							
	10	15	20	25	30	35	40	45
10	RMSE ₁₁	RMSE ₁₂	RMSE ₁₃	RMSE ₁₈
25	RMSE ₂₁	RMSE ₂₂	RMSE ₂₃	RMSE ₂₈
40
55
70
85
100
115
130
145
160
175
190
205
220
235
250
265
280
295	RMSE ₂₀₁	RMSE ₂₀₂	RMSE ₂₀₃	RMSE ₂₀₈

3.2.2.3 Implementación de Mejoras en el Modelo Genético

Si bien el modelo que propone Mahmud et al (2021) es bastante completo y entrega, resultados bastante buenos, existen subprocesos que se pueden mejorar entregando resultados aún mejores en la teoría. Dichas mejoras, se traducen básicamente en una disminución del RMSE resultante bajo un aumento poco importante o nulo del tiempo de compilación del modelo. A continuación, se presentan las mejoras implementadas en su modelo.

- Constant Addition.
- Random pre-FM index Position.
- Rotation Process.

3.2.2.3.1 Constant Addition

El modelo de Mahmud et al. (2021) tiene la dificultad de modelar pozos con cargas hidráulicas mayor al promedio, debido a que, al momento de elegir los pozos representativos, estos podrían poseer una carga hidráulica menor comparado a los que posean una carga elevada, por lo que no se podrían representar estos pozos. De esta manera, se adiciona una constante a la solución, semejándose a un polinomio con $n-1$ grados de libertad y de grado 1. Esta constante se considera una vez terminado el proceso de replicación de las m generaciones, del proceso GA. Esto tiene como objetivo converger a una solución única en relación a los pozos que más representan a la zona de estudio, debido a que involucrar dicha constante durante el proceso de reproducción, originaría múltiples soluciones y/o mínimos locales asociados al parámetro RMSE. Cabe mencionar que esta implementación contribuye solamente a disminuir los valores de RMSE y no a obtener mejores correlaciones físicas entre pozos. Es decir, que, si bien con esta implementación se puede obtener mejores cálculos de niveles estáticos de pozos en función de otros, los CLWS obtenidos por este modelo no contribuirán a mejorar la representación física de un eventual modelo hidrogeológico, debido a que aun cuando se pueda representar matemáticamente las correlaciones, el modelo físico no tiene esa información, por lo que una zona con un equipotencial elevado no verse reflejado en dicho modelo. De esta manera, esta implementación se deja como optativa para el usuario. La ecuación que permite calcular la constante una vez terminado el proceso mencionado, se muestra en la Ecuación 3.3.

$$Cte_i = \frac{1}{n_\tau} \sum_{i=0}^{n_\tau} H_c(t[i]) - \frac{1}{n_\tau} \sum_{i=0}^{n_\tau} H^{Obs}(t[i]) \quad (3.3)$$

Donde:

$Cte_i [m]$: Constante de adición para cada pozo i-ésimo.

$n_\tau [-]$: Índice que indica la posición del parámetro τ (ecuación 2) en relación a la data temporal.

$t[i] [Time Units]$: Vector con la serie de tiempo de los datos de carga hidráulica

$H_i^{Obs} [m]$: Indica el nivel observado del pozo i-ésimo.

$H_i^C [m]$: Indica el nivel calculado del pozo i-ésimo.

De esta manera, la carga hidráulica se calcula siguiendo la Ecuación 3.4

$$H_{Cte\ i,v_g}^C(t) = \sum_{j=1}^N \alpha_{i,v_g}^{(j)} \cdot H_j(t) - Cte_i; \sum_{j=1}^N \alpha_{i,v_g}^{(j)} = 1; \alpha_{i,v_g}^{(i)} = 0 \quad (3.4)$$

Donde:

$H_{Cte\ i,v_g}^C(t)$: Indica el nivel calculado del pozo i-ésimo del cromosoma v de la generación g , utilizando la implementación “*Constant Addition*”.

La metodología implementada tiene como objetivo comparar los resultados que entrega el modelo de Mahmud et al. (2021) en contraste de los que entrega este modelo con la implementación de dicha mejora. Para aquello, se realizaron diferentes corridas del modelo para los casos de los subcapítulos 3.5 y 3.6, utilizando valores de los parámetros de replicación obtenidos de la metodología explicada en la sección 3.2.2.2. Hay que dejar en claro que no se tiene el código computacional de Mahmud et al. (2021), por lo que se realizó un modelo similar considerando toda la base teórica explicada en su artículo. Este se asemeja al

modelo en esta memoria al implementar la mejora *Constant Addition*, solamente cuando el valor de dicha constante sea menor a 0. El objetivo de la metodología es comprobar la eficacia de la mejora propuesta.

3.2.2.3.2 *Random Index Position*

Esta implementación tiene como objetivo aumentar la variabilidad del proceso de replicación genética, al permitir una mayor eficiencia en el proceso de entrecruzamiento. Mahmod et al. (2021) en su programa computacional, utiliza dos puntos de entrecruzamiento, los que permiten la creación de la siguiente generación de cromosomas. Sin embargo, existe la posibilidad de que la data se organice de tal manera que el proceso de entrecruzamiento entregue mínimos locales. Dicha organización se presenta principalmente al ubicar una cierta data de pozos altamente correlacionados de manera consecutiva, pudiendo eventualmente conseguir que esta se encuentre en un rango en el cual no se logre entrecruzar dicha data con otro cromosoma padre. De esta manera, este proceso aleatoriza la ubicación de la data antes del entrecruzamiento genético, para luego, después de este, ubicarlos nuevamente en su ubicación original.

La metodología implementada consta de comparar los resultados que entregan tanto la réplica del Mahmod et al. (2021) como el modelo con la mejora *Constant Addition*, descrita en la sección 3.2.2.3.1, en contraste con los que entrega este modelo con la implementación. Para aquello, se realizaron diferentes corridas del modelo para los casos de los subcapítulos 3.5 y 3.6, utilizando valores de los parámetros de replicación obtenidos de la metodología explicada en la sección 3.2.2.2. El objetivo de la metodología es comprobar la eficacia de la mejora propuesta.

3.2.2.3.3 *Rotation Process*

Al igual que la implementación “Constant Addition”, esta solo logra una mejora en el RMSE y no en las correlaciones físicas del Modelo. Esta implementación tiene como objetivo aumentar la eficacia del modelo, incluyendo un quinto proceso. Este proceso básicamente rota la curva obtenida por los CLWS en función de un pivote ubicado en $\frac{\tau}{2}$ [Time Units] y de la curva observada para los primeros τ [Time Units]. La rotación para cada curva de cada pozo se realiza considerando los dos puntos extremos de la curva de niveles de pozos observados y la calculada por el modelo en $t=0$ y $t= \tau$, asumiendo una línea recta. Posteriormente se calcula la distancia vertical de rotación mediante geometría elemental y se realiza la posterior rotación, teniendo la nueva curva. La geometría involucrada en el problema, en conjunto a

las ecuaciones involucradas, se muestra en la Figura 3.4 y en las Ecuaciones 3.5-3.7.

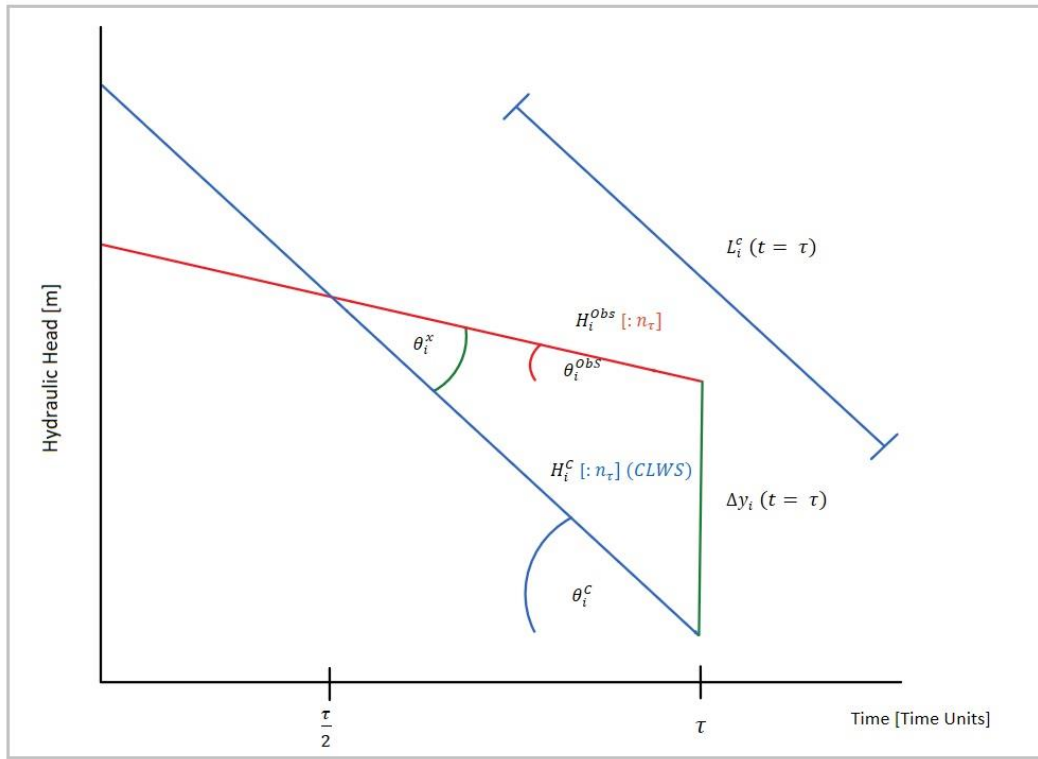


Figura 3.4 Representación gráfica de la deducción de las ecuaciones del Rotation Process.

$$\Delta y_i(t) = L_i^c(t) \cdot \frac{\sin(\theta_i^x)}{\cos(\theta_i^{Obs})} \cdot sign_i(t) \quad (3.5)$$

$$\theta_i^x = \theta_i^c - \theta_i^{Obs} \quad (3.6)$$

$$sign_i(t) = \frac{\left| t - \frac{\tau}{2} \right|}{t - \frac{\tau}{2}} \quad (3.7)$$

Donde:

$\Delta y_i(t)$ [m]: Constante de adición para el proceso de rotación para cada paso de tiempo y pozo i-ésimo.

$L_i^c(t)$ [-]: Largo de la curva H_c , desde el pivote ubicado en $t = \frac{\tau}{2}$ Hasta $t = t$ para cada pozo i-ésimo.

$\frac{\sin(\theta_i^x)}{\cos(\theta_i^{Obs})}$ [-]: Factor de rotación que se obtiene del teorema del seno para cada pozo i-ésimo.

θ_i^x [-]: Ángulo ubicado en la intersección entre la curva observada y la curva calculada para cada pozo i-ésimo.

θ_i^c [-]: Ángulo asociado a la pendiente de la curva H_i^c para cada pozo i-ésimo.

θ_i^{Obs} [-]: Ángulo asociado a la pendiente de la curva H_i^{Obs} para cada pozo i-ésimo.

De esta manera, la carga hidráulica se calcula siguiendo la Ecuación 3.8.

$$H_{Rot\ i,V_g}^c(t) = H_{Cte\ i,V_g}^c(t) + \Delta y_i(t) \quad (3.8)$$

Donde:

$H_{Rot\ i,V_g}^c(t)$: Indica el nivel calculado del pozo i-ésimo del cromosoma v de la generación g , utilizando la implementación "Rotation Factor".

La metodología implementada consta de comparar los resultados que entregan tanto el modelo de Mahmod et al. (2021) como el modelo con la mejora *Constant Addition* y *Random Index Position*, descrita en la sección 3.2.2.3.1 y 3.2.2.3.2, en contraste con los que entrega este modelo con la implementación del quinto proceso mencionado. Para aquello, se realizaron diferentes corridas del modelo para los casos de los subcapítulos 3.5 y 3.6, utilizando valores de los parámetros de replicación obtenidos de la metodología explícita en la sección 3.2.2.2. El objetivo de la metodología es comprobar la eficacia de la mejora propuesta.

3.2.3 Diseño del Output Results Function (ODF)

El *Output Data Function*, desde ahora ODF, comprende a una gama de funciones, que tienen como objetivo otorgarle al usuario un manejo más amigable de los resultados del modelo genético, al exportar los resultados de salida del modelo genético, desde Python a un archivo Excel. Para cumplir este objetivo, se utilizaron las librerías *xlwings* y *openpyxl*, las cuales, utilizando los resultados en formato DataFrame y/o Numpy entregan al usuario los siguientes resultados en el archivo Excel:

- Resumen de RMSE obtenidos por cada método utilizado y pozo de la zona de estudio
- Resumen de los valores de parámetros estadísticos asociados al RMSE (Promedio y Desviación estándar)
- Resumen de pozos líderes escogidos
- Resumen de los mejores cromosomas resultantes, utilizando tanto los pozos líderes (LWS) como los pozos núcleo (CLWS)
- Matriz Rating
- Matriz de Selección (SM)
- Matriz de Frecuencia (FM)
- Matriz Fitness (FIM)
- Gráfico asociado a la matriz Fitness
- Data temporal observado por pozo
- Data temporal calculada por los diferentes métodos por pozo
- Gráfico comparativo entre los niveles de pozos calculados con los diferentes métodos y los observados por pozo
- Detalle de los mejores cromosomas resultantes, utilizando tanto los pozos líderes (LWS) como los pozos núcleo (CLWS) por pozo}
- Detalle de RMSE obtenido por cada método utilizado por pozo

La Figura 3.5 presenta el diagrama de funciones del ODF. La definición de la simbología se presenta en el Anexo E.

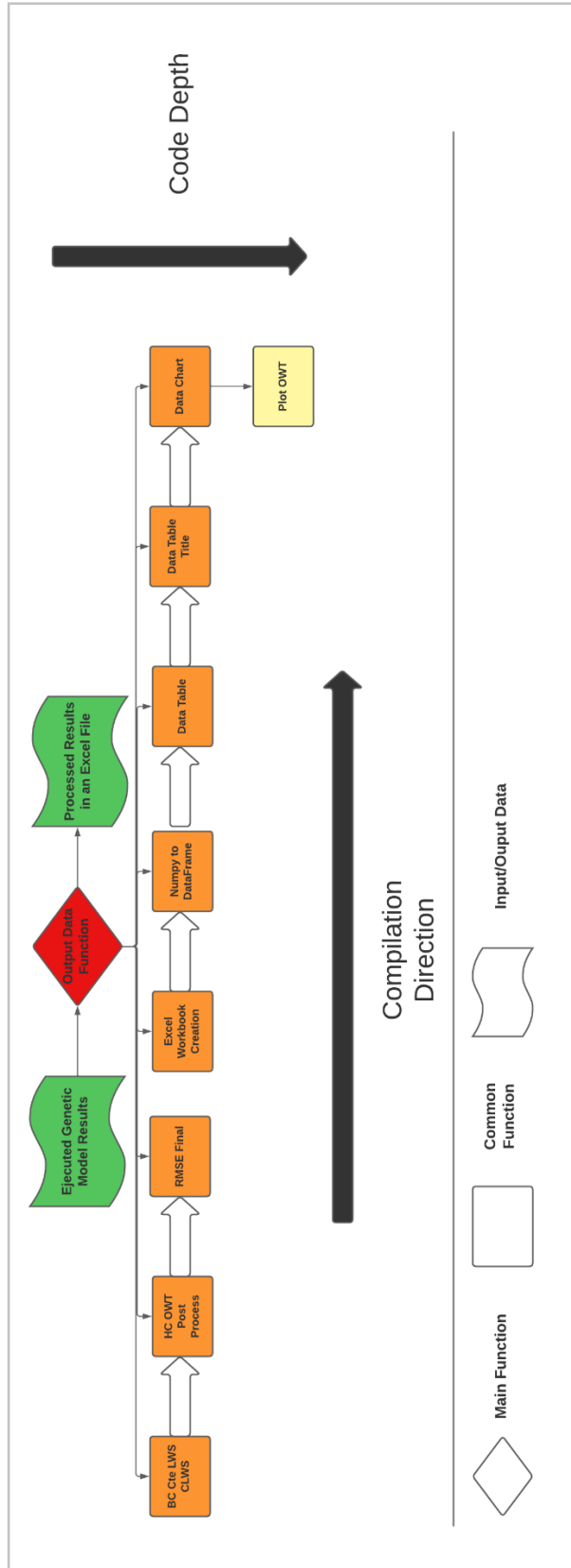


Figura 3.5 Diagrama de funciones ODF.

3.3 Tiempo de Compilación

Si bien este parámetro no es una variable independiente en el modelo genético, está presente directamente en la calidad de los resultados al variar los valores de los parámetros de replicación mencionados en la sección 3.2.2.2. En consecuencia, es de suma importancia tener al menos una idea del tiempo de compilación del código para la toma de decisiones respecto a posibles cambios en los parámetros de replicación, con el objetivo de acortar o alargar dicho tiempo en relación a la calidad de los resultados en cuanto a RMSE y correlación se refiere, aun cuando se recomiendan valores determinados según los resultados obtenidos por la metodología descrita en la sección mencionado líneas atrás.

Para abordar este problema, primeramente, se asume que gran parte del tiempo de compilación es a causa del proceso *Pre LWS Process*, desde ahora (PLWSP) del MA, proceso donde se ejecuta el modelo y se realizan las recursiones necesarias para obtener la base de los resultados principales. De esta manera, se desprecian los tiempos asociados a los procesos previos o posteriores.

El tiempo de compilación depende intrínsecamente de 4 parámetros:

- Número de cromosomas.
- Número de pozos.
- Cantidad de la data temporal (# Tiempos).
- Número de generaciones.

Con estos 4 parámetros, es posible determinar el comportamiento del tiempo de compilación de los subprocesos involucrados en el MA, como también de una expresión analítica que permita tener una idea sobre el valor de este. Sin embargo, debido a la cantidad de simulaciones y los diferentes valores, que generarían semanas y semanas de trabajo, se hace difícil modelar el PLWSP por sí mismo. De esta manera, se utiliza el subproceso FP para determinar tanto el comportamiento como una expresión analítica. Los datos de entrada son los descritos en la sección 3.4.

En resumen, en esta metodología se tiene como objetivo obtener, tanto el comportamiento, como una expresión analítica del tiempo de compilación, utilizando como variables independientes los parámetros mencionados, obteniendo como resultado, el tiempo de compilación. La interfaz web que se utilizó para este proceso es "Google Colab".

Las simulaciones, en conjunto a los diferentes escenarios para las múltiples variables, se muestran en la Tabla 3.4.

Tabla 3.4 Combinaciones posibles para las simulaciones realizadas en el apartado de tiempo de compilación.

Number of Wells = [5, 20, 50, 100, 200]; Number of Times = [20,40,60]								
Cromosomas	10	15	20	25	30	35	40	45
Generations								
10	Time ₁₁	Time ₁₂	Time ₁₃	Time ₁₈
25	Time ₂₁	Time ₂₂	Time ₂₃	Time ₂₈
40
55
70
85
100
115
130
145
160
175
190
205
220
235
250
265
280
295	Time ₂₀₁	Time ₂₀₂	Time ₂₀₃	Time ₂₀₈

3.3.1 Número de Cromosomas

Este parámetro está presente solamente en una dimensión en el programa computacional, por lo que se estima que el orden de complejidad es lineal, $O(n)$. Para corroborar esto, una vez realizadas las simulaciones y obtenidas las múltiples tablas asociadas a cada parámetro en particular, se utilizó como caso de estudio las simulaciones con 20 tiempos y se utilizó como base el valor temporal asociado a 15 cromosomas. Luego, se calculó la relación que existe entre los tiempos de compilación, utilizando como entrada diferentes cromosomas y este valor base (15

cromosomas), para una misma cantidad de generaciones y pozos. A continuación, la Tabla 3.5 muestra un ejemplo de lo anterior mencionado.

Tabla 3.5 Combinaciones posibles para las simulaciones realizadas en el apartado de número de cromosomas.

Scenario: Number of Wells = 5; Number of Times = 20								
Generations \ Cromosomes	10	15	20	25	30	35	40	45
	10	1	2	3	4	5	6	7
25	1	2.1	2.9	3.9	4.9	6	7.1	8.2
.	-
295	1	1.8	3.05	4	5	6.05	7	8.05

En palabras, lo que indica la tabla es básicamente que, por ejemplo, para 5 pozos, el tiempo en que se ejecuta el proceso FP para 15 cromosomas y 10 generaciones es 2 veces que para el caso base de 10 cromosomas y la misma cantidad de pozos y generaciones. Esto se repite para cada generación y para las restantes simulaciones con 20, 50, 100 y 200 pozos. Una vez realizado este proceso, se obtienen más de 800 relaciones entre los múltiples valores de cromosomas y el caso base, para posteriormente obtener un intervalo de confianza con la T-Student. Finalmente, se consigue una regresión polinómica que permite conocer el comportamiento y calcular una expresión analítica de este parámetro. La expresión analítica teórica que resulta de seguir esta metodología, se presenta en la Ecuación 3.9.

$$T_{Cr}(Cr) [-] = B_{Cr} \cdot (Cr) + C_{Cr} \quad (3.9)$$

Donde:

$T_{Cr}(Cr)$ [s]: Ecuación que calcula la contribución del número de cromosomas en el tiempo de compilación del proceso FP.

B_{Cr} [-]: Constante asociada a la variable independiente de primer grado de la ecuación de número de cromosomas.

C_{Cr} [-]: Constante asociada a la ecuación de número de cromosomas.

3.3.2 Número de Pozos

Este parámetro, a diferencia del anterior, está presente en dos dimensiones en el programa computacional, al presentarse tanto OWS, como OWT existan, por lo que se estima que el orden de complejidad es cuadrático $O(n^2)$. Para corroborar esto una vez realizadas las simulaciones y obtenidas las múltiples tablas asociadas a cada parámetro en particular, se utilizó como caso de estudio las simulaciones con 20 tiempos y se utilizó como base el valor temporal asociado a 5 pozos. Luego, se calculó la relación que existe entre los diferentes pozos y este valor base para una misma cantidad de generaciones y cromosomas. A continuación, la Tabla 3.6 presenta un ejemplo de lo anterior mencionado.

Tabla 3.6 Combinaciones posibles para las simulaciones realizadas en el apartado de número de pozos.

Scenario: Number of Chromosomes = 10; Number of Times = 20					
Wells \ Generations	5	20	50	100	200
10	1	2	4	8	16
25	1	2.1	4.4	8.7	16.3
.
295	1	2	3.7	8.1	16.2

En palabras, lo que indica la tabla es básicamente que, por ejemplo, para 10 cromosomas, el tiempo en que se ejecuta el proceso FP para 20 pozos y 10 generaciones es 2 veces que para el caso base de 5 pozos y la misma cantidad de cromosomas y generaciones. Esto se repite para cada generación y para las restantes simulaciones con 15, 20, 25, 30, 35, 40 y 45 cromosomas. Una vez realizado este proceso, se obtienen más de 800 relaciones entre los múltiples valores de pozos y el caso base, para posteriormente obtener un intervalo de confianza con la T-Student. Finalmente, se consigue una regresión polinómica que permite conocer el comportamiento y calcular una expresión analítica de este parámetro. La expresión analítica teórica que resulta de seguir esta metodología, se presenta en la Ecuación 3.10.

$$T_w(w) [-] = A_w \cdot (w)^2 + B_w \cdot (w) + C_w \quad (3.10)$$

Donde:

$T_w(w)$ [s]: Ecuación que calcula la contribución del número de pozos en el tiempo de compilación del proceso FP.

A_w [-]: Constante asociada a la variable independiente de segundo grado de la ecuación de número de pozos.

B_w [-]: Constante asociada a la variable independiente de primer grado de la ecuación de número de pozos.

C_w [-] : Constante asociada a la ecuación de número de pozos.

3.3.3 Cantidad de Data Temporal (# Tiempos)

Este parámetro, al igual que los cromosomas, está presente solamente en una dimensión en el programa computacional, por lo que se estima que el orden de complejidad es lineal, $O(n)$. Para corroborar esto una vez realizadas las simulaciones y obtenidas las múltiples tablas asociadas a cada parámetro en particular, se utilizó como caso de estudio todas las simulaciones y se utilizó como base el valor temporal asociado a 20 tiempos. Luego, se calculó la relación que existe entre las simulaciones con diferentes cantidades de data temporal y este valor base para una misma cantidad de generaciones, cromosomas y pozos. A continuación, la Tabla 3.7 presenta un ejemplo de lo anterior mencionado.

Tabla 3.7 Combinaciones posibles para las simulaciones realizadas en el apartado de cantidad de data temporal.

Scenario: Number of Chromosomes = 10; Number of Wells = 5				
Generations \ Times	Times			
	20	40	60	80
10	1	2	3	4
25	1	1.9	3.1	4
.
295	1	2	2.9	3.8

En palabras, lo que indica la tabla es básicamente que, por ejemplo, para 10 cromosomas, el tiempo en que se ejecuta el proceso FP para 40 tiempos y 10 generaciones es 2 veces que para el caso base de 20 tiempos y la misma cantidad de cromosomas, pozos y generaciones. Esto se repite para cada generación y para las restantes simulaciones con 15, 20, 25, 30, 35, 40 y 45 cromosomas. Una vez realizado este proceso, se obtienen más de 800 relaciones entre los múltiples valores de cantidades de data temporal y el caso base, para posteriormente obtener un intervalo de confianza con la T-Student. Finalmente, se consigue una regresión polinómica que permite conocer el comportamiento y calcular una expresión analítica de este parámetro. La expresión analítica teórica que resulta de seguir esta metodología, se presenta en la Ecuación 3.11.

$$T_{\#t}(\#t) [-] = B_{\#t} \cdot (\#t) + C_{\#t} \quad (3.11)$$

Donde:

$T_{\#t}(\#t)$ [s]: Ecuación que calcula la contribución del número de tiempos en el tiempo de compilación del proceso FP.

$B_{\#t}$ [-]: Constante asociada a la variable independiente de primer grado de la ecuación de número de tiempos.

$C_{\#t}$ [-] : Constante asociada a la ecuación de número de tiempos.

3.3.4 Número de Generaciones

Este parámetro, al igual que los cromosomas y la cantidad de data temporal, está presente solamente en una dimensión en el programa computacional, por lo que se estima que el orden de complejidad es lineal, $O(n)$. Para corroborar esto una vez realizadas las simulaciones y obtenidas las múltiples tablas asociadas a cada parámetro en particular, se utilizó como caso de estudio las simulaciones con 20 tiempos y se utilizó como base el valor temporal asociado a 10 generaciones. Luego, se calculó la relación que existe entre las simulaciones con diferentes generaciones y este valor base para una misma cantidad de cromosomas y pozos. A continuación, la Tabla 3.8 presenta un ejemplo de lo anterior mencionado

Tabla 3.8 Combinaciones posibles para las simulaciones realizadas en el apartado de número de generaciones.

Scenario: Number of Wells = 5; Number of Times = 20						
Cromosomes \ Generations	10	25	40	.	.	295
	10	1	2	3	.	.
15	1	1.9	3.1	.	.	20.9
.	
45	1	2	2.9	.	.	18.7

En palabras, lo que indica la tabla es básicamente que, por ejemplo, para 5 pozos cromosomas, el tiempo en que se ejecuta el proceso FP para 25 generaciones tiempos y 10 cromosomas es 2 veces que para el caso base de 10 generaciones tiempos y la misma cantidad de cromosomas, y pozos. Esto se repite para cada cromosoma y para las restantes simulaciones con 20, 50, 100 y 200 pozos. Una vez realizado este proceso, se obtienen más de 800 relaciones entre los múltiples valores de generaciones y el caso base, para posteriormente obtener un intervalo de confianza con la T-Student. Finalmente, se consigue una regresión polinómica que permite conocer el comportamiento y calcular una expresión analítica de este parámetro. La expresión analítica teórica que resulta de seguir esta metodología, se presenta en la Ecuación 3.12.

$$T_{gen}(gen) [-] = B_{gen} \cdot (gen) + C_{gen} \quad (3.12)$$

Donde:

$T_{gen}(gen)$ [s]: Ecuación que calcula la contribución del número de generaciones en el tiempo de compilación del proceso FP.

B_{gen} [-]: Constante asociada a la variable independiente de primer grado de la ecuación de número de generaciones.

C_{gen} [-]: Constante asociada a la ecuación de número de generaciones.

3.3.5 Expresión Analítica General para el Tiempo de Compilación del Proceso FP

Una vez obtenida las expresiones para cada parámetro, se procede a obtenerse la expresión analítica que permite tener una idea del valor del tiempo de ejecución del proceso FP. Dicha expresión no es más que la multiplicación de cada una de estas, con una constante que deriva del valor base de asociado a un número determinado de cromosomas, generaciones, pozos y tiempos. La expresión analítica teórica que resulta de seguir esta metodología, se presenta en la Ecuación 3.13.

$$T_{cFP}(Cr, w, gen, \#t) [s] = cte \cdot T_{Cr}(Cr) \cdot T_w(w) \cdot T_{\#t}(\#t) \cdot T_{gen}(gen) \quad (3.13)$$

Donde:

$T_{cFP}(\#t) [s]$: Ecuación que calcula el tiempo de compilación del proceso FP.

$cte [-]$: Constante temporal asociada al valor base según la cantidad de cromosomas, generaciones, pozos y tiempos que el usuario escogió.

Dicha constante se obtiene de promediar cinco simulaciones para la cantidad de parámetros estimado por el usuario como valor base. Cabe mencionar que esta constante es variable dependiendo de los componentes de la computadora en caso de ocupar Jupyter Notebook.

3.3.6 Factor de Corrección

Dado que los valores temporales son obtenidos mediante el uso de la función *time* de la librería Time de Python, es necesario realizar un ajuste a la ecuación general. Este ajuste, deriva del hecho, de que el uso de la función *time*, puede interferir en los procesos del proceso FP, por lo que, en una ejecución real, el tiempo de compilación tendrá una variación con respecto a lo obtenido por la expresión analítica obtenida sin la corrección. De esta forma, se realiza el ajuste multiplicando por cierto factor a la ecuación antes mencionada

La metodología contempla 48 combinaciones posibles entre los parámetros mencionados, en las cuales, se les calcula el tiempo de compilación con la función *%time* de la misma librería mencionada anteriormente, para un total de 5 simulaciones por combinación, para luego obtener un promedio representativo. Cabe mencionar, que el uso de esta función, no retrasa el proceso FP, a diferencia del anterior mencionado, que se utilizaba solamente para poder guardar los valores temporales en una matriz. Con los promedios obtenidos, se procede a calcular las relaciones entre los valores reales del tiempo de ejecución y los obtenidos con la ecuación analítica. Posteriormente, se obtiene un promedio de dichas relaciones en

función del algún parámetro y con ello, una regresión algebraica, la cual se acopla a la expresión original, obteniéndose una nueva ecuación (Ver sección 3.3.7). Finalmente, se realizan 48 simulaciones y se comprueba la eficacia de dicha ecuación, comparándola con los tiempos reales de compilación. El objetivo de esta metodología, es mejorar la exactitud de la ecuación general del tiempo de compilación, debido al uso de la función *time* antes mencionada. Las 48 combinaciones posibles entre los diferentes parámetros, se presentan en la Tabla 3.9.

Tabla 3.9 Combinaciones posibles para las simulaciones realizadas en el apartado de factor de corrección.

Number of Wells = [45, 80]; Number of Times = [25, 50]			
Cromosomes	20	30	40
Generations			
100	Time ₁₁	.	Time ₁₃
150	.	.	.
200	.	.	.
250	Time ₄₁	.	Time ₄₃

Las 48 simulaciones que tienen como finalidad comprobar la eficacia de la nueva ecuación, se presentan en la Tabla 3.10.

Tabla 3.10 Combinaciones posibles para las simulaciones de comprobación realizadas en el apartado de factor de corrección.

Number of Wells = [30,150], Number of Times = [30,60]			
Generations/Cromosomas	20	30	40
100	Time ₁₁	.	Time ₁₃
150	.	.	.
200	.	.	.
250	Time ₄₁	.	Time ₄₃

La expresión analítica teórica que resulta de seguir esta metodología, se presenta en la Ecuación 3.14

$$\bar{T}_{CFP}(Cr, w, gen, \#t) [s] = cte \cdot T_{Cr}(Cr) \cdot T_w(w) \cdot T_{\#t}(\#t) \cdot T_{gen}(gen) \cdot f_1(parameter) \quad (3.14)$$

Donde:

$\bar{T}_{CFP}(w)$ [s]: Ecuación ajustada que calcula el tiempo de compilación del proceso FP

$f_1(parameter)$ [-]: Función ajuste que resulta de seguir la metodología.

A_w [-]: Constante asociada a la variable independiente de segundo grado de la ecuación de número de pozos.

B_w [-]: Constante asociada a la variable independiente de primer grado de la ecuación de número de pozos.

C_w [-]: Constante asociada a la ecuación de número de pozos.

3.3.7 Expresión Analítica General para el Tiempo de Compilación del PLWSP

Obtenida la expresión analítica para el proceso FP, se procede a calcular el factor que permite obtener una expresión para el proceso PLWSP completo. De igual forma que para el factor de corrección mencionado en la sección 3.3.6, se asume que este, es dependiente del parámetro con mayor incidencia, el número de pozos.

La metodología contempla 72 combinaciones posibles entre los parámetros mencionados, en las cuales, se compila el proceso PLWSP y se les calcula el tiempo de compilación con la función *%time*, para un total de 3 simulaciones por combinación, para luego obtener un promedio representativo. Con los promedios obtenidos, se procede a calcular las relaciones entre los valores temporales de ejecución del proceso FP y los obtenidos del proceso PLWSP. Posteriormente, se obtiene un promedio de dichas relaciones en función de la cantidad de pozos y con ello, una regresión con una expresión algebraica. Dicha expresión, se acoplará con la Ecuación 19 y se obtiene la expresión analítica que permite calcular el tiempo de compilación del proceso PLWSP. Finalmente, se realizan 21 simulaciones y se comprueba la eficacia de dicha expresión versus los tiempos reales de compilación. El objetivo de esta metodología, es obtener una expresión que permita calcular el

tiempo de compilación del proceso PLWSP. Las 72 combinaciones posibles entre los diferentes parámetros, se muestra en la Tabla 3.11.

Tabla 3.11 Combinaciones posibles para las simulaciones realizadas en el apartado de expresión analítica general para el tiempo de compilación del PLWSP.

Number of Wells = [10, 45, 80]; Number of Times = [25, 50]			
Generations \ Chromosomes	20	30	40
	100	Time ₁₁	.
150	.	.	.
200	.	.	.
250	Time ₄₁	.	Time ₄₃

La expresión analítica teórica que resulta de seguir esta metodología, se presenta en la Ecuación 3.15.

$$\bar{T}_{CFP}(Cr, w, gen, \#t) [s] = cte \cdot T_{Cr}(Cr) \cdot T_w(w) \cdot T_{\#t}(\#t) \cdot T_{gen}(gen) \cdot f_1(parameter) \quad (3.15)$$

Donde:

$T_{CSPLWSP}(Cr, w, gen, \#t) [s]$: Ecuación que calcula el tiempo de compilación del proceso PLWSP.

$f_2 [-]$: Función ajuste que resulta de seguir la metodología.

3.3.8 Tiempo Compilación Versión Numpy

Para visualizar la eficacia del modelo presentado, se propone comparar los tiempos de compilación de dicho modelo, con la versión Numpy de este. Para aquello, la metodología contempla replicar los pasos a seguir de los subcapítulos anteriores, para el proceso FP, y obtener una expresión analítica que permita calcular el tiempo de compilación con la versión de Numpy. Luego, se fijan los parámetros asociados al número de cromosomas, número de generaciones y cantidad de data temporal, en función de los resultados obtenidos en la sección 4.3 para los dos primeros y de la data histórica para este último. Con esto, se calcula la relación temporal entre las dos ecuaciones utilizando diferentes escenarios. Dichos escenarios se presentan en la Tabla 3.12. El objetivo de esta

metodología, es visualizar y comprobar la eficacia del modelo propuesto, utilizando la librería *Numba*, en comparación a la versión de *Numpy*. Las expresiones involucradas se presentan en las Ecuaciones 3.16-3.20.

$$T_{Cr_N}(Cr) [-] = B_{Cr_N} \cdot (Cr) + C_{Cr_N} \quad (3.16)$$

$$T_{w_N}(w, parameter) [s] = A_{w_N} \cdot (w)^2 + B_{w_N} \cdot (w) + C_{w_N} \quad (3.17)$$

$$T_{\#t_N}(\#t) [-] = B_{\#t_N} \cdot (\#t) + C_{\#t_N} \quad (3.18)$$

$$T_{gen_N}(gen) [-] = B_{gen_N} \cdot (gen) + C_{gen_N} \quad (3.19)$$

$$T_{CFP}(Cr, w, gen, \#t) [s] = cte \cdot T_{Cr}(Cr) \cdot T_w(w) \cdot T_{\#t}(\#t) \cdot T_{gen}(gen) \cdot f_1(parameter) \quad (3.20)$$

Donde:

$T_{Cr_N}(Cr) [s]$: Ecuación que calcula la contribución del número de Cromosomas en el tiempo de compilación del proceso FP para la versión *Numpy*.

$T_{w_N}(w) [s]$: Ecuación que calcula la contribución del número de pozos en el tiempo de compilación del proceso FP para la versión *Numpy*.

$T_{\#t_N}(\#t) [s]$: Ecuación que calcula la contribución del número de tiempos en el tiempo de compilación del proceso FP para la versión *Numpy*.

$T_{gen_N}(gen) [s]$: Ecuación que calcula la contribución del número de Generaciones en el tiempo de compilación del proceso FP para la versión *Numpy*.

$B_{Cr_N} [-]$: Constante asociada a la variable independiente de primer grado de la ecuación de número de cromosomas para la versión *Numpy*.

$C_{Cr_N} [-]$: Constante asociada a la ecuación de número de cromosomas para la versión *Numpy*.

A_{wN} [-]: Constante asociada a la variable independiente de segundo grado de la ecuación de número de pozos para la versión Numpy.

B_{wN} [-]: Constante asociada a la variable independiente de primer grado de la ecuación de número pozos para la versión Numpy.

C_{wN} [-]: Constante asociada a la ecuación de número de pozos para la versión Numpy.

$B_{\#tN}$ [-]: Constante asociada a la variable independiente de primer grado de la ecuación de número de tiempos para la versión Numpy.

$C_{\#tN}$ [-]: Constante asociada a la ecuación de número de tiempos para la versión Numpy.

B_{genN} [-]: Constante asociada a la variable independiente de primer grado de la ecuación de número de generaciones para la versión Numpy.

C_{genN} [-]: asociada a la ecuación de número de generaciones para la versión Numpy.

Tabla 3.12 Organización de resultados para la comparación entre los tiempos teóricos de ejecución del modelo con Numba vs El modelo con Numpy.

Number of Cromosomes = 30; Number of Generations = 200; Number of Times = 200			
Number of Wells	\bar{T}_{CFP} [s]	\bar{T}_{CFPN} [s]	$\frac{\bar{T}_{CFPN}}{\bar{T}_{CFP}}$ [-]
10	Time ₁₁	.	Time ₁₃
50	.	.	.
100	.	.	.
150	.	.	.
200	.	.	.
250	.	.	.
300	.	.	.
500	.	.	.
1000	.	.	.
1500	.	.	.
2000	.	.	.
3000	.	.	.
5000	.	.	.
10000	.	.	.
100000	Time ₁₅₁	.	Time ₁₅₃

3.4 Valores Tipo Arange

Este tipo de datos consiste en la creación artificial de niveles de pozos con el objetivo de realizar diferentes pruebas, específicamente a las relacionadas a la probabilidad de mutación, número de cromosomas y generaciones y tiempo de compilación, descritas en las secciones 3.2.2.2.2, 3.2.2.2.3 y 3.3, respectivamente. Tal como indica su nombre, esta se inspira en la función de la librería de *Numpy*, “*arange*”, que entrega un arreglo de números enteros de forma ascendente. De esta manera, los niveles de pozos estarán distribuidos en una matriz, siendo las filas, las relacionadas a los tiempos, y las columnas, a los pozos, con la singularidad de que estas siguen el patrón mencionado. Los niveles de pozos con las características mencionadas se muestran en la Tabla 3.13.

Tabla 3.13 Modelo de data numpy utilizado en las diferentes secciones mencionadas.

Time/Well	1	2	.	.	n
0	2500	2501	.	.	2500+n-1
1	2550	2551			2500+50+n-1
.	.	.			.
.
m	2500+50*m	2500+50*m+1			2500+50*m+n-1

Se tomó la decisión de crear altos valores de niveles de pozos debido a las características de la zona de estudio, y principalmente para testear cómo se comporta el modelo definido por Mahmod et al. (2021) para tales valores, complementando a los que estudia en su artículo.

3.5 Caso Simulado con Valores Sintéticos

Este tipo de datos consiste en la creación artificial de niveles de pozos con el objetivo de realizar diferentes pruebas, específicamente a las relacionadas a la Probabilidad de Entrecruzamiento, Probabilidad de Mutación, Número de Cromosomas y Generaciones, Tiempo de Compilación, Constant Addition, Random Index Position y Rotation Process descritas en las secciones 3.2.2.2.1, 3.2.2.2.2,

3.2.2.2.3, 3.2.2.3.1, 3.2.2.3.2, 3.2.2.3.3, respectivamente. La creación de la data, se tomó considerando la información temporal de cuatro pozos del acuífero Monturaqui-Negrillar-Tilopozo (ver sección 3.6). Con ello, se realizó una suma de un valor entero a cada data temporal original, hasta obtener un set de 12 y 24 pozos artificiales. Los pozos originales y el valor numérico adicionados para obtener los sets mencionados, se muestran en la Tabla 3.14.

Tabla 3.14 Data de valores sintéticos.

Well Name	Sets	Addition
MER - 27	24	-
OWT-2	-	50
OWT-3	-	-30
OWT-4	-	15
MEC-2	12	-
OWT-6	-	-30
OWT-7	-	-40
OWT-8	-	2
NEP - 10	24	-
OWT-10	-	55
OWT-11	-	-35
OWT-12	-	-45
NEP - 5	12	
OWT-14	-	13
OWT-15	-	-25
OWT-16	-	55
DGA - 1A	12	-
OWT-18	-	-2
OWT-19	-	40
OWT-20	-	2
ASC - 2	24	-
OWT-22	-	5
OWT-23	-	40
OWT-24	-	-60

3.6 Caso en Estudio, Salar de Atacama

En esta sección, se lleva a cabo las simulaciones con data de pozos reales, localizadas en el acuífero Monturaqui-Tilopozo-Negrillar, en el Salar de Atacama, Región de Antofagasta. Se escogió esta zona debido a la delicada situación en la que se presenta el sector, debido a las constantes extracciones de compañías mineras (MEL principalmente), y que provocaron una disminución del nivel freático irreversible, en la cual el sistema de vegetaciones conocida como “Las Vegas de Tilopozo”, no puede soportar (SMA, 2022). Los resultados son comparados con el modelo físico hecho por *Golder Associates* y mostrados en su informe “Modelo Hidrogeológico Conceptual y Numérico para el Acuífero Monturaqui-Negrillar-Tilopozo” (2017). El objetivo de esta metodología es validar y utilizar el programa computacional propuesto con el fin de optimizar la selección de pozos para el diseño de una red de monitoreo. A continuación, la Figura 3.14 presenta la ubicación de los diferentes sectores a estudiar.

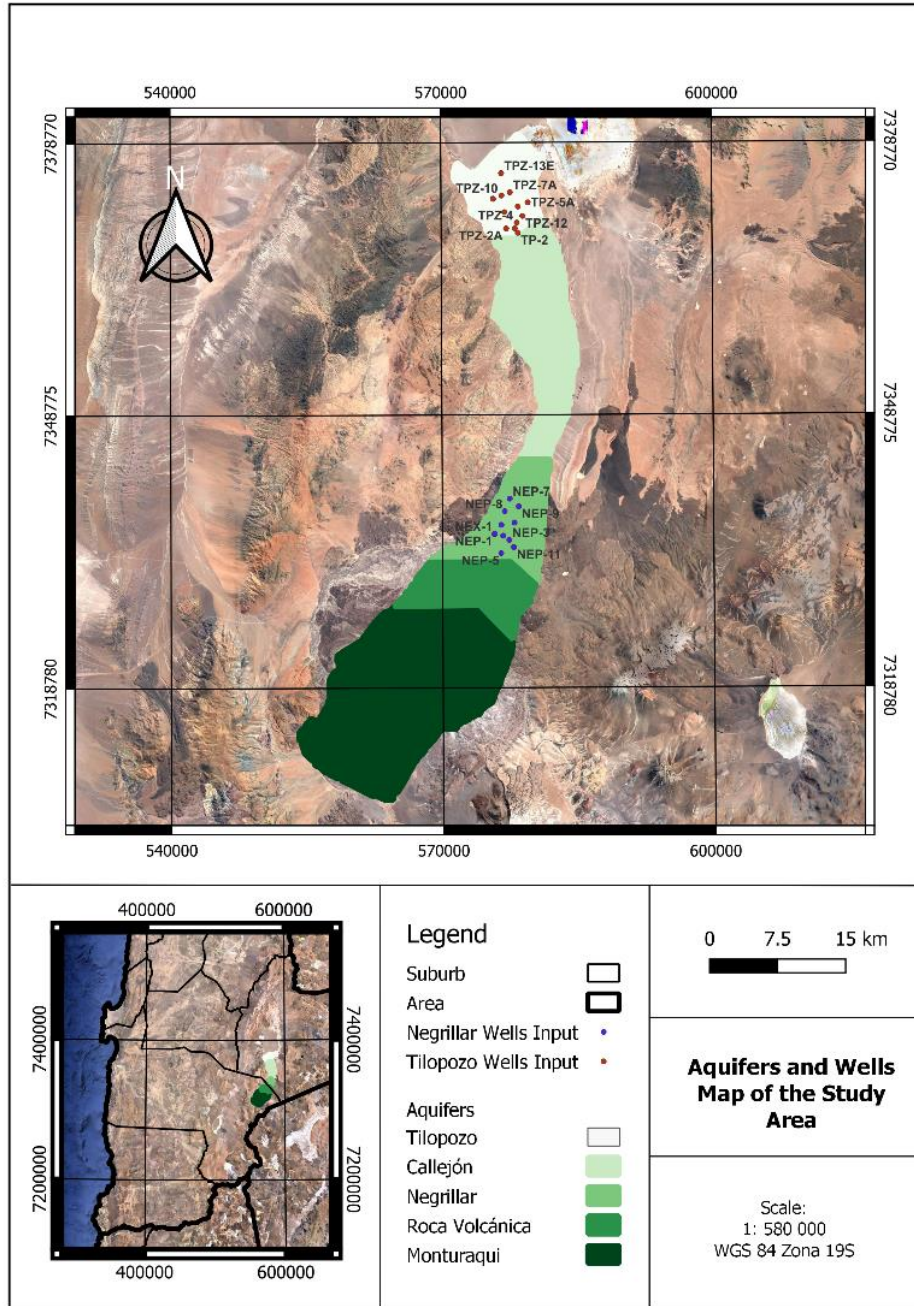


Figura 3.6 Mapa de la zona de estudio.

3.6.1 Elección de Pozos

La data de pozos actualizada al año 2015, fue entregada mediante la plataforma U-Cursos, "Material Docente". Destacar que de los más de 300 pozos existentes que miden la carga (Golder Associates, 2017), se posee información de 138. Sin embargo, la mayor parte de estas se ubican en el sector de Monturaqui. Esto deja a un total cercano a 35 *input* de data de pozos entre el sector de Segrillar y Tilopozo, siendo la mayoría pozos de monitoreo y algunos, pozos de bombeo.

Es importante destacar que, debido a las pérdidas de carga cercanas a los pozos, no se tomó consideración la data de pozos de bombeo.

En la Figura 3.7 se muestra un ejemplo de un pozo de bombeo para un acuífero. En ella se puede observar el descenso entre el nivel freático del pozo y la carga hidráulica para una distancia mayor o igual al radio de influencia (S_{iw}). Este descenso es la suma entre el descenso debido a la formación geológica (S_w) del acuífero y debido al flujo que pasa a través de la envoltura de grava que rodea el pozo de bombeo y que resulta en un flujo turbulento (Bouwer, 1978) (S_e). Para el régimen permanente y flujo laminar, S_w varía linealmente con Q. Sin embargo, S_e varía con una potencia de Q. Así, la Ecuación 3.21 permite calcular el descenso total (Bouwer, 1978).

$$\frac{S_{iw}}{Q} = C_f + c_w Q^{n-1} \quad (3.21)$$

Donde:

Q [L/T³]: Caudal que se extrae del pozo.

C_f : Coeficiente de formación geológica que relaciona Q y S_w .

c_w : Coeficiente de pérdida de pozo que relaciona Q y S_e .

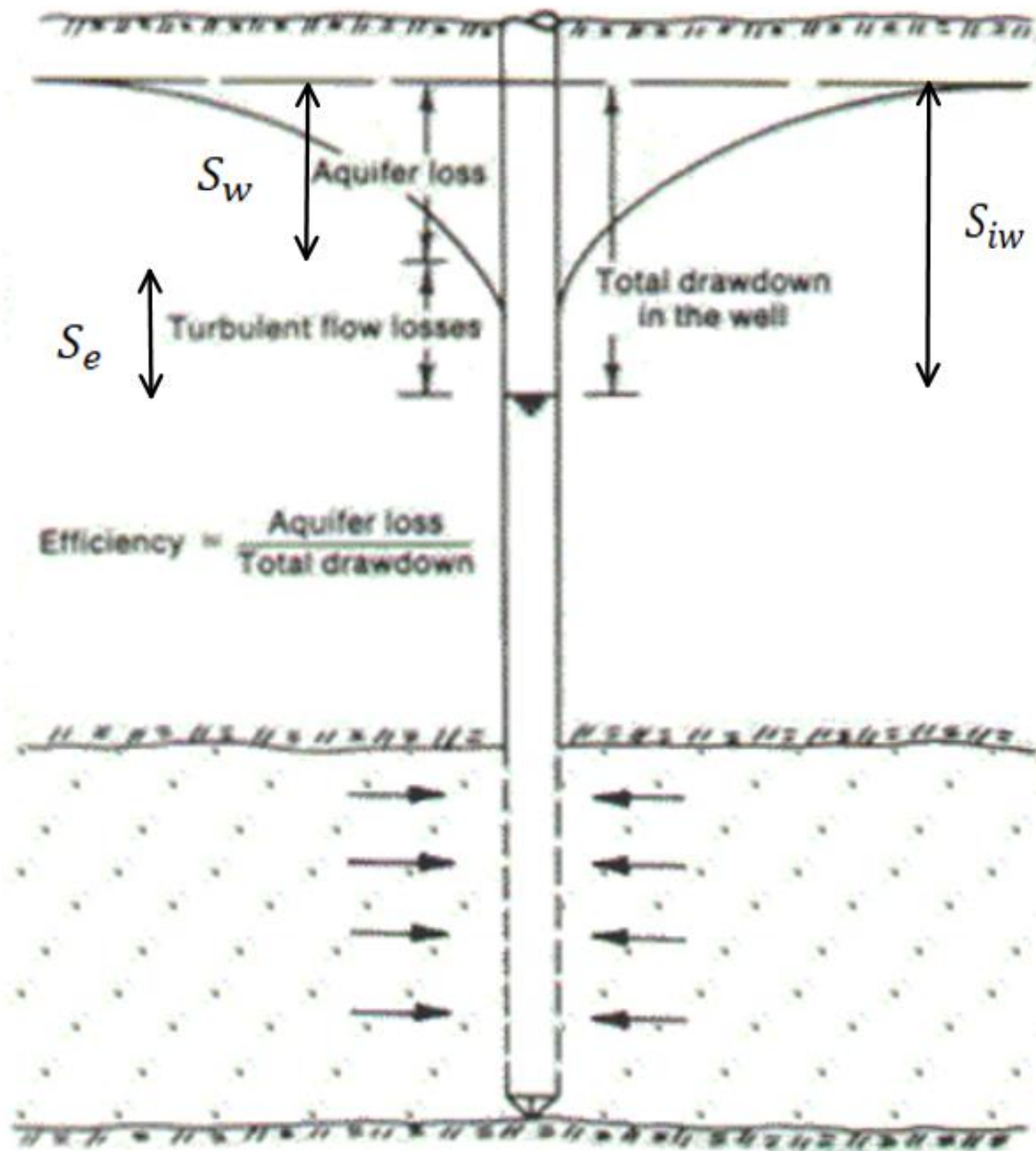


Figura 3.7 Representación gráfica de los parámetros mencionados. Adaptado de Williams (1985).

Jacob (1947) sugería que $n=2$, mientras que Rorabaugh (1953) concluyó que un valor de 2.5 era un valor más apropiado. Por otro lado, Lennox (1966) encontró valores de n tan altos como 3.5. Esto quiere decir que para una variación del caudal la relación del descenso entre los pozos ya no será lineal, sino cuadrático o incluso cúbico.

Para el caso de un acuífero no confinado es sencillo de ver, dado de que además de que existan pérdidas de carga, la relación entre el caudal y la carga no es lineal (Ecuación Dupuit-Forchheimer, Bouwer H. 1978).

El modelo del presente trabajo, las correlaciones entre pozos se representan con un polinomio de $n-1$ grados de libertad y de grado 1. Es decir, dado que las correlaciones dependen de coeficientes fijos, se puede representar a un pozo con ayuda de los demás (son linealmente dependientes uno del otro), siempre y cuando no haya una variación de los parámetros físicos intrínsecos a la formación geológica del acuífero. Sin embargo, el caudal de extracción si puede ser variable (siempre pensando en una variación que haya llegado al régimen permanente), lo que lleva a la pregunta si el modelo puede representar de buena manera a los pozos aún con una variación del caudal. Tal como se vio para el caso de los pozos de bombeo, no es posible en la teoría, dado que el modelo representa correlaciones linealmente independientes, mientras que las pérdidas de carga ya poseen un comportamiento cuadrático o cúbico. De esta manera, dependiendo del valor de c_w , un cambio en el valor del caudal puede provocar que el modelo genético pierda exactitud. Sin embargo, la respuesta en la teoría es afirmativa para pozos de observación si se cumplen los siguientes casos.

- En primer lugar, el pozo de observación está fuera del radio de influencia de un pozo de extracción.
- En caso de acuíferos no confinados esta posee pequeñas reducciones del nivel freático con el fin de tratarlos como confinados y con ello que se obtenga una relación lineal entre el caudal y el descenso entre dos pozos.

Con respecto al primer punto, con el fin de no dificultar más el modelo se supondrá que están fuera del radio de influencia del uno del otro. Con respecto al segundo punto, si bien los acuíferos de la zona son mayormente libres/no confinados (Golder Associates, 2017), se puede asumir que son confinados, debido a que las disminuciones del nivel freático son pequeñas (del orden de cm al año) comparado con la carga hidráulica total (del orden de los 2500 metros).

3.6.2 Negrillar

El sector de Negrillar, presentadp en la Figura 3.8, se ubica al sector centro-sur de la zona de estudio. La data utilizada que sirvió como *input* para el modelo genético, comprende a los pozos de observación de la zona, con fechas desde 1992, hasta 2015. Asimismo, es importante destacar que la data entregada en la materia cursada entrega información de 11 pozos de los 27 existentes en la zona La ubicación de cada pozo, según el sistema WGS94 19S, se encuentra en el Anexo F.1.

La data de los 11 pozos, entra al IDF para determinar los pozos que entran al siguiente proceso, en conjunto con realizar el correspondiente relleno de datos, según se requiera. Una vez obtenida la data en formato Numpy/Pandas, esta entra al modelo genético y se visualizan los resultados mediante el ODF, según la cantidad de LWS que el usuario estime conveniente.

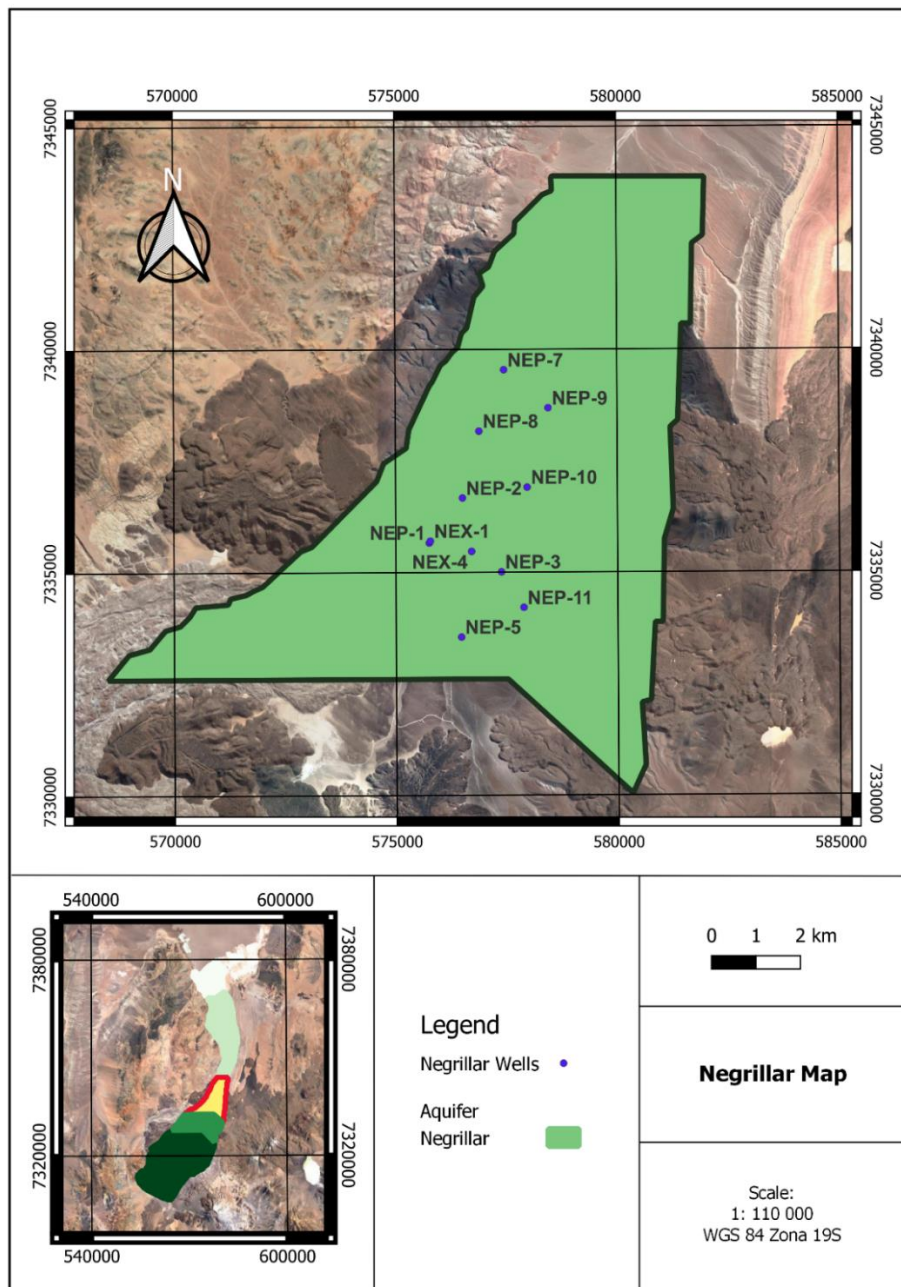


Figura 3.8 Mapa del sector de Negrillar.

3.6.3 Tilopozo

El sector de Tilopozo, presentado en la Figura 3.9, se ubica al sector norte de la zona de estudio. La data utilizada que sirvió como *input* para el modelo genético, comprende a los pozos de observación de la zona, con fechas desde 1996, hasta 2015. Cabe mencionar, que debido a las perdidas singulares que se presentan en los pozos de bombeo, se descartó este tipo de data. Asimismo, es importante destacar que la data entregada en la materia cursada entrega información de 21 pozos de los 138 existentes en la zona. Sin embargo, esto no desmerece los resultados conseguidos al servir como objeto de comprobación para el modelo propuesto. La ubicación de cada pozo, según el sistema WGS94 19S, se encuentra en el Anexo F.2.

La data de los 21 pozos, entra al IDF para determinar los pozos que entran al siguiente modelo, en conjunto con realizar el correspondiente relleno de datos, según se requiera. Una vez obtenida la data en formato Numpy/Pandas, esta entra al modelo genético y obtienen los resultados mediante el ODF, según la cantidad de LWS que el usuario estime conveniente.

Cabe mencionar, que en este sector se ubica “Las Vegas de Tilopozo”, sector dañado debido a las extracciones de MEL. De esta manera, se hace interesante poner a prueba el modelo en esta zona dado el programa intensivo de vigilancia que la SMA está desarrollando en el Salar de Atacama, pudiendo este trabajo aportar en el área de monitoreo continuo del componente hídrico.

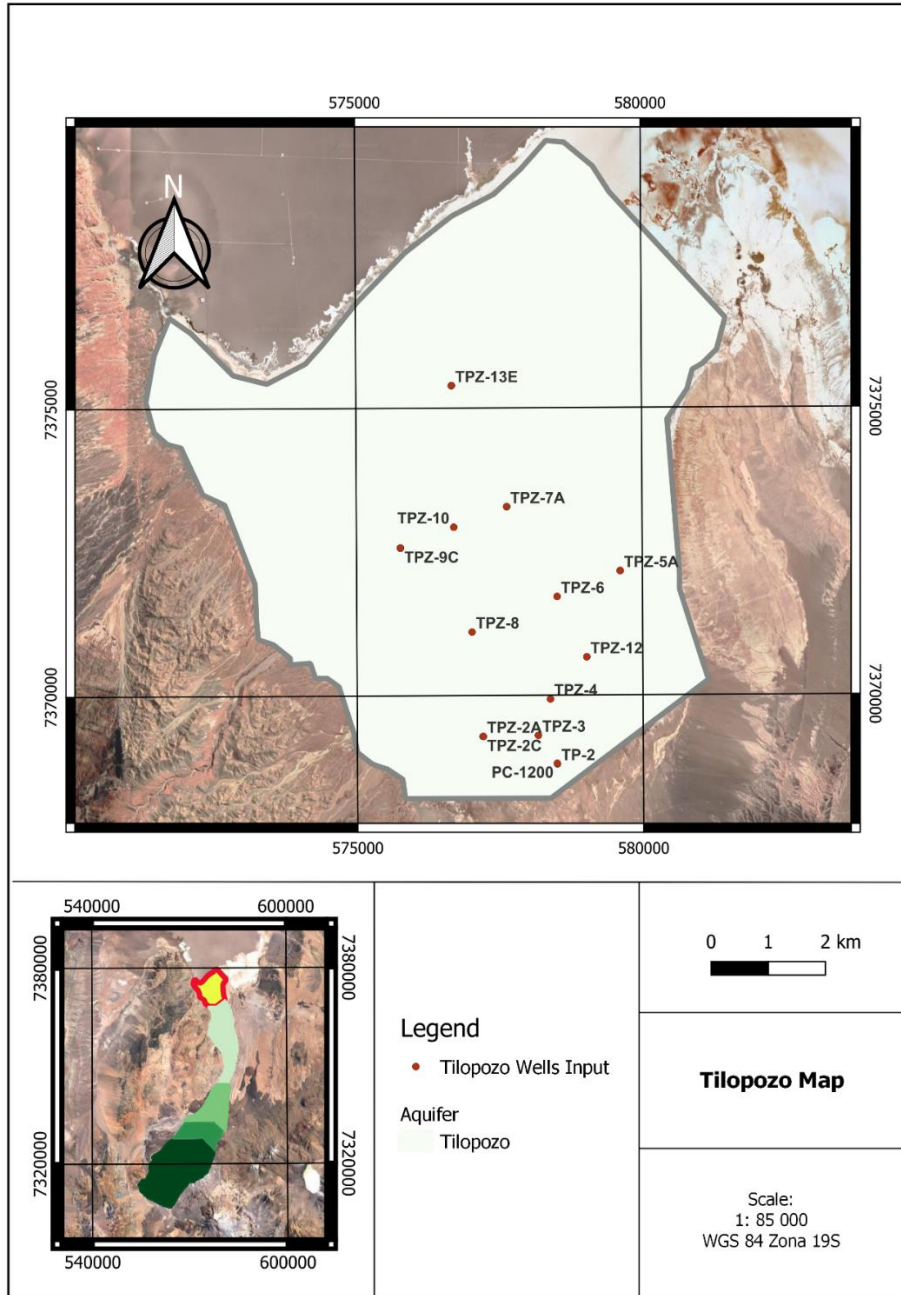


Figura 3.9 Mapa del sector de Tilopozo.

4. Resultados

4.1 Parámetros de Replicación

Como se describió en la sección 3.2.2.2, para obtener los valores óptimos de parámetros de replicación, se realizan diferentes simulaciones para el FP. Dichos resultados, se muestran en forma de gráfico para su mejor comprensión.

4.1.1 Probabilidad de Entrecruzamiento

En línea con la metodología descrita en la sección 3.2.2.2.1, a continuación, se presentan las Figuras 4.1-4.4 referidas a los resultados de las simulaciones con probabilidad de entrecruzamiento de 0.2, 0.6, 0.85 y 1 respectivamente.

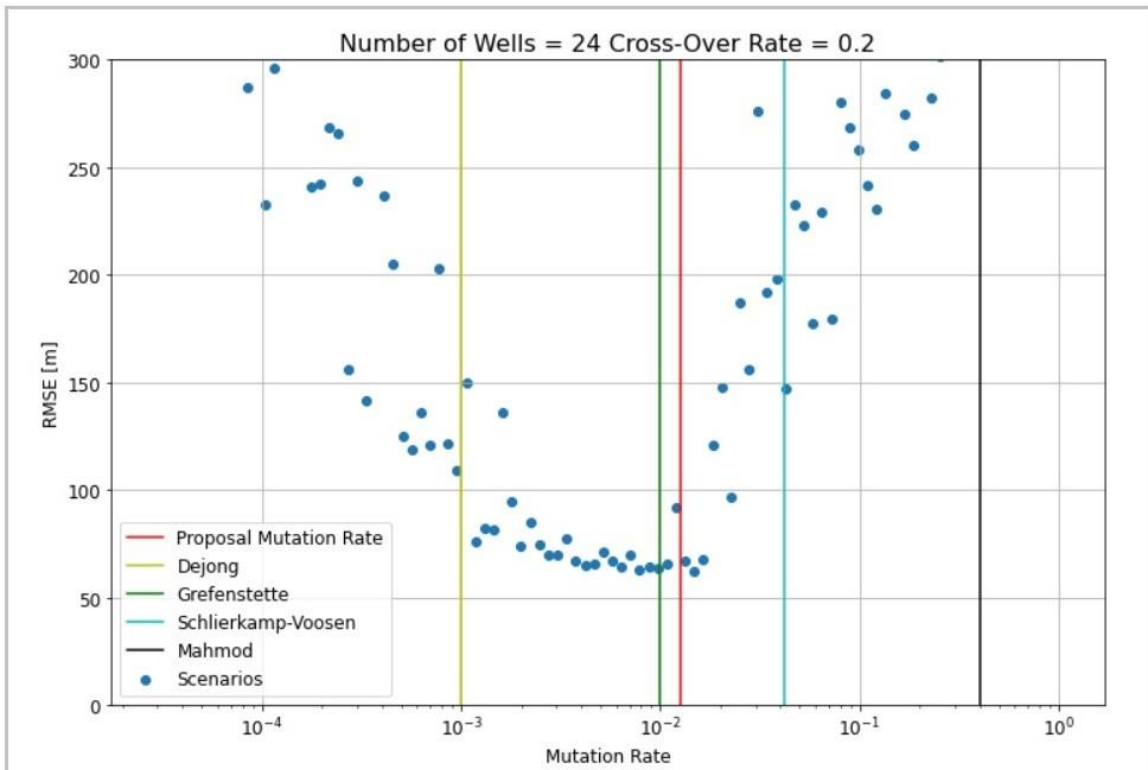


Figura 4.1 Resultado gráfico para simulaciones con probabilidad de entrecruzamiento del 20%.

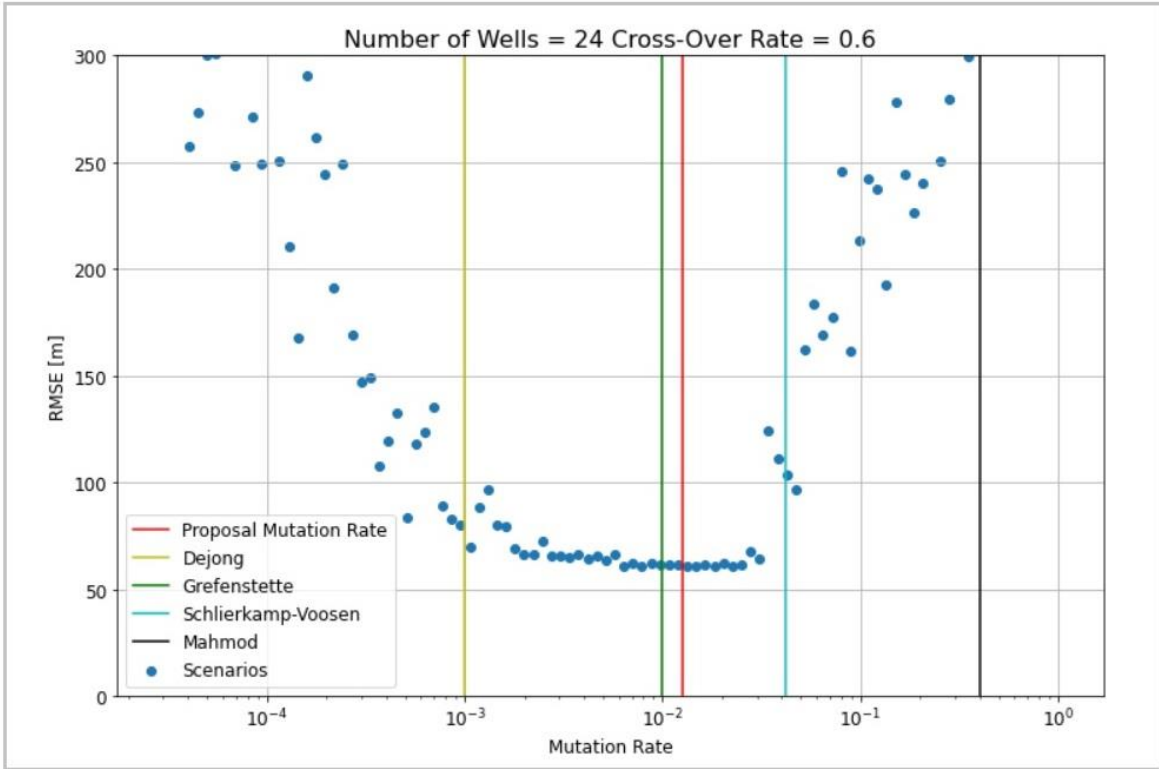


Figura 4.2 Resultado gráfico para simulaciones con probabilidad de entrecruzamiento del 60%.

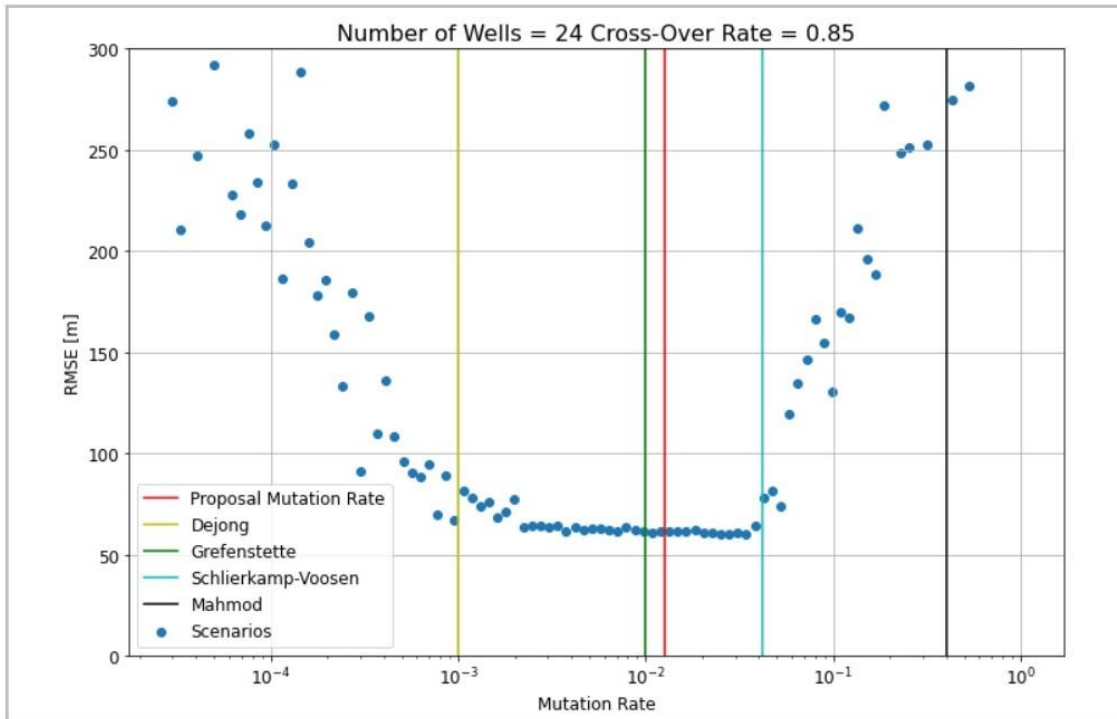


Figura 4.3 Resultado gráfico para simulaciones con probabilidad de entrecruzamiento del 85%.

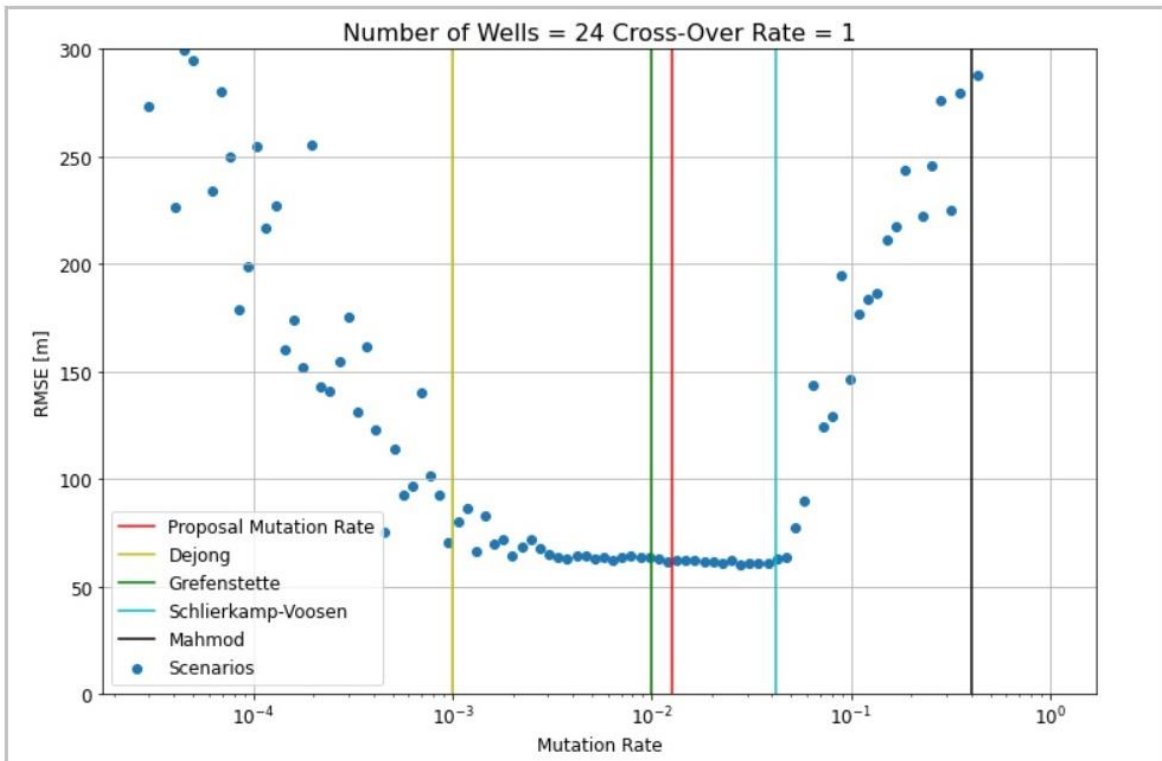


Figura 4.4 Resultado gráfico para simulaciones con probabilidad de entrecruzamiento del 100%.

4.1.2 Probabilidad de Mutación

En línea con la metodología descrita en la sección 3.2.2.2. A continuación, se presentan los resultados de las simulaciones asociadas a este apartado.

4.1.2.1 Valores Tipo Arange

En relación a este tipo de valores de datos, las Figuras 4.5-4.8, comprenden los resultados para las simulaciones con 5, 20, 100 y 200 pozos, respectivamente.

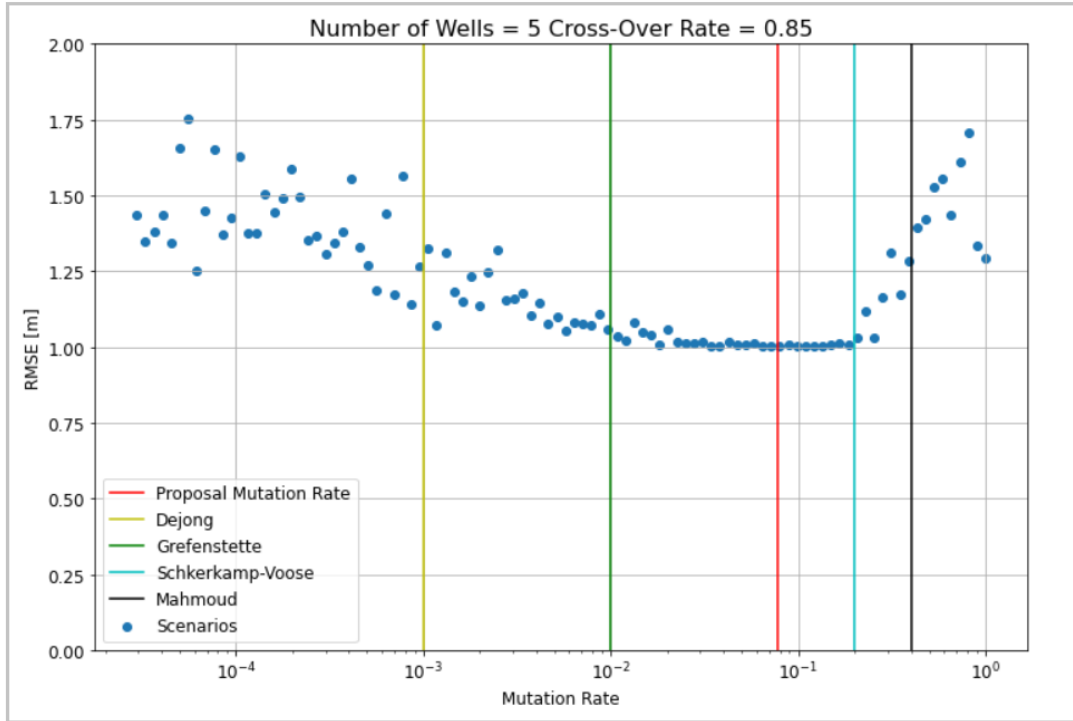


Figura 4.5 Resultado gráfico para simulaciones con data temporal de 5 pozos.

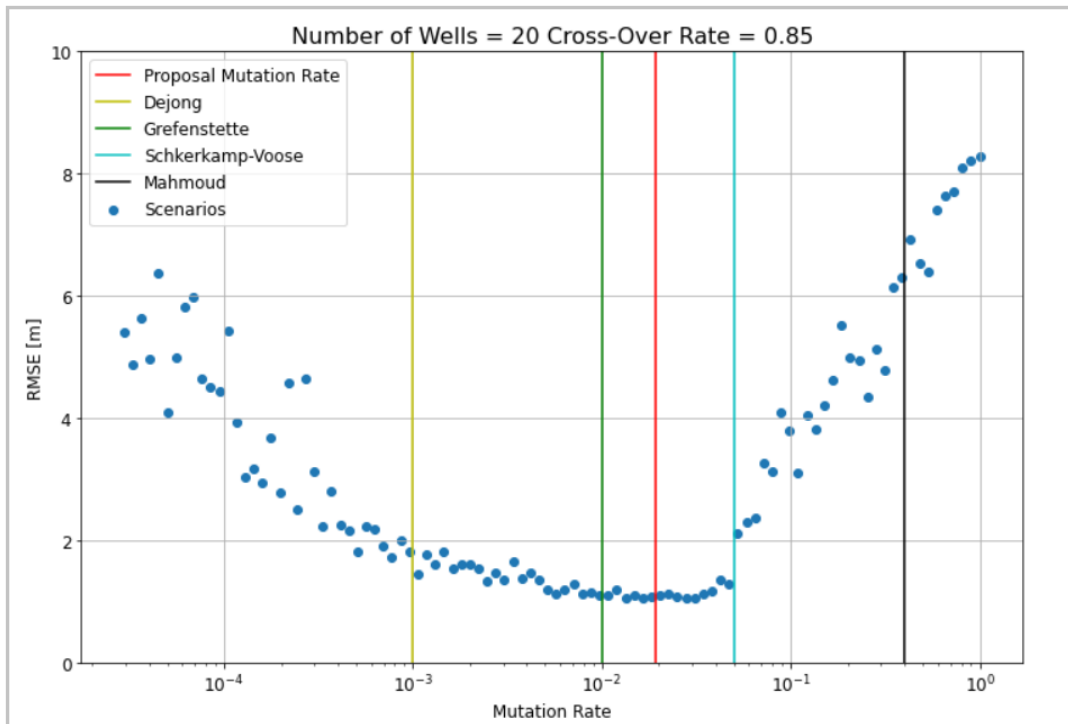


Figura 4.6 Resultado gráfico para simulaciones con data temporal de 20 pozos.

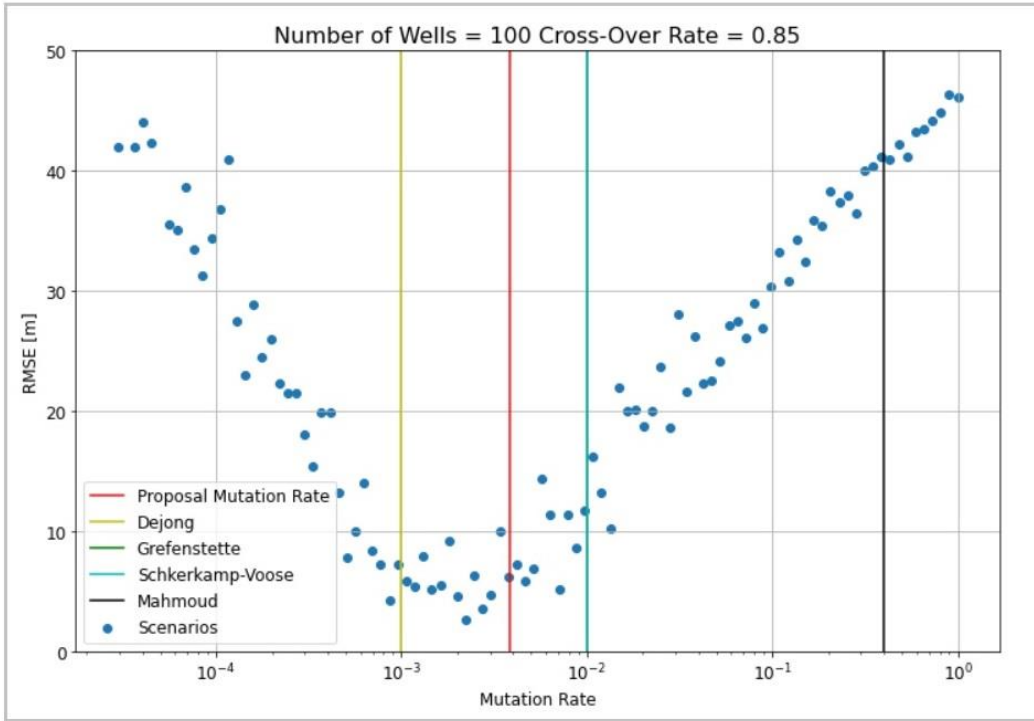


Figura 4.7 Resultado gráfico para simulaciones con data temporal de 100 pozos.

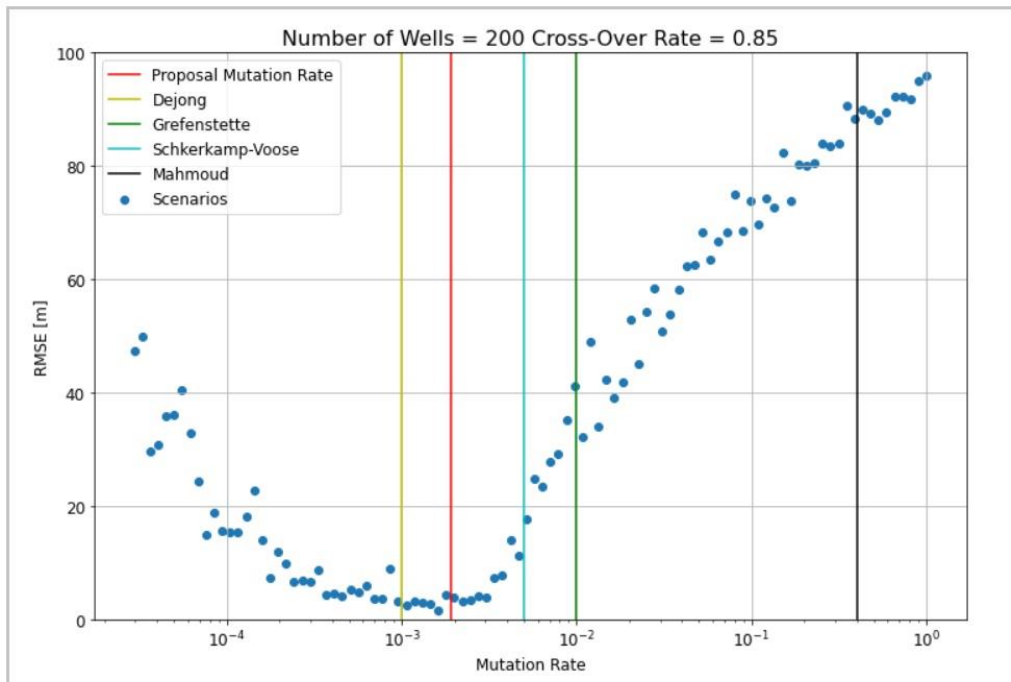


Figura 4.8 Resultado gráfico para simulaciones con data temporal de 200 pozos.

4.1.2.2 Valores Tipo Sintético

En relación a este tipo de valores de datos, las Figuras 4.9 y 4.10, comprenden los resultados para las simulaciones con 12 y 24 pozos, respectivamente.

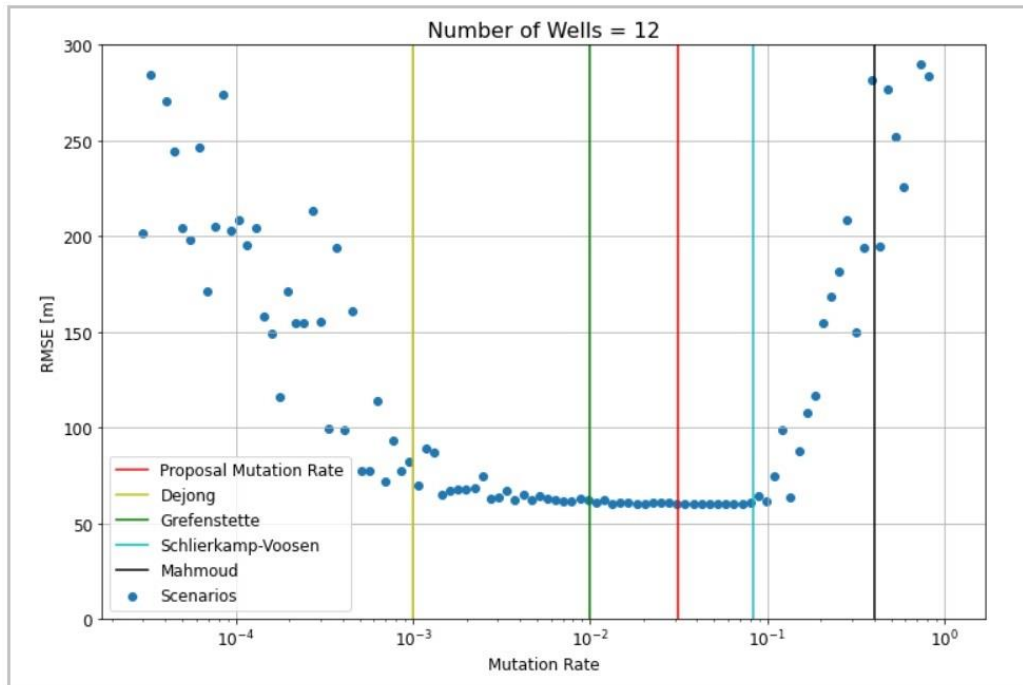


Figura 4.9 Resultado gráfico para simulaciones con data temporal sintética de 12 pozos.

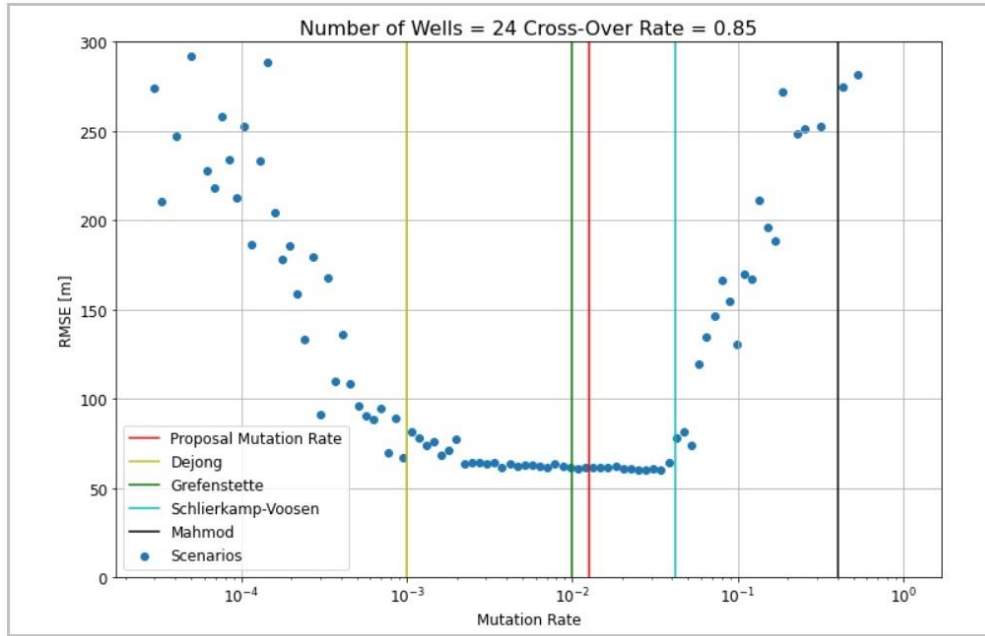


Figura 4.10 Resultado gráfico para simulaciones con data temporal sintética de 24 pozos.

4.1.3 Número de Generaciones y Cromosomas

Tal como se describe en la sección 3.2.2.2.3 de la presente metodología, en este apartado se muestran las Figuras 4.11-4.15, referidas a los resultados gráficos para 20 tiempos. Las tablas correspondientes a los gráficos restantes se encuentran en el Anexo A.

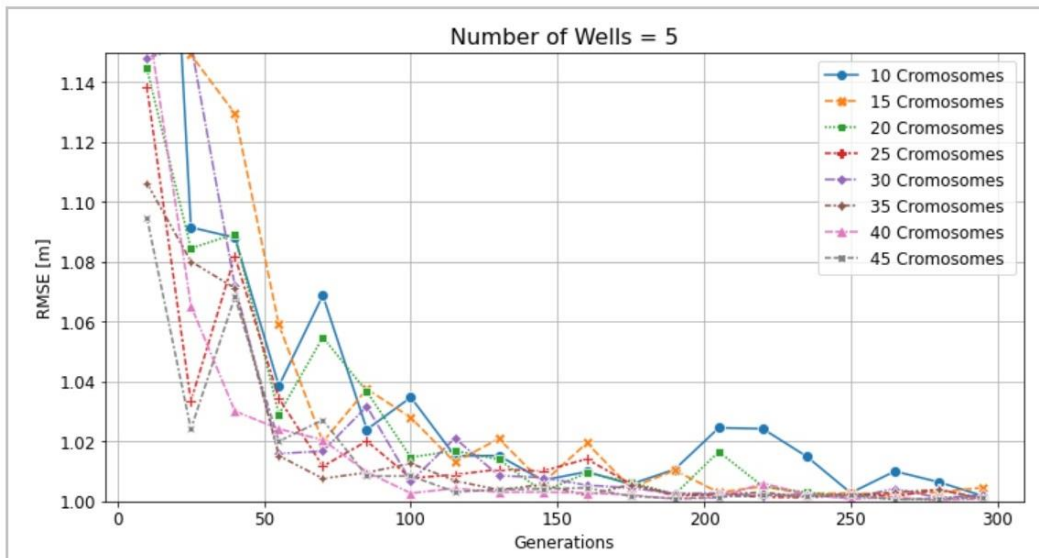


Figura 4.11 RMSE vs Número de generaciones para una data temporal de 5 pozos.

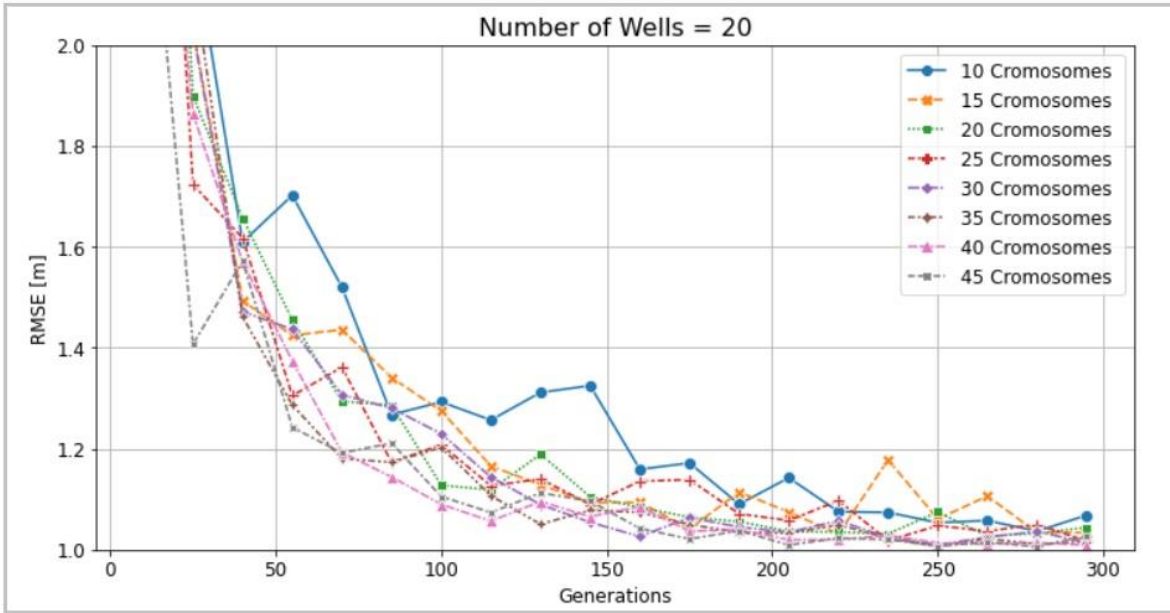


Figura 4.12 RMSE vs Número de generaciones para una data temporal de 20 pozos.

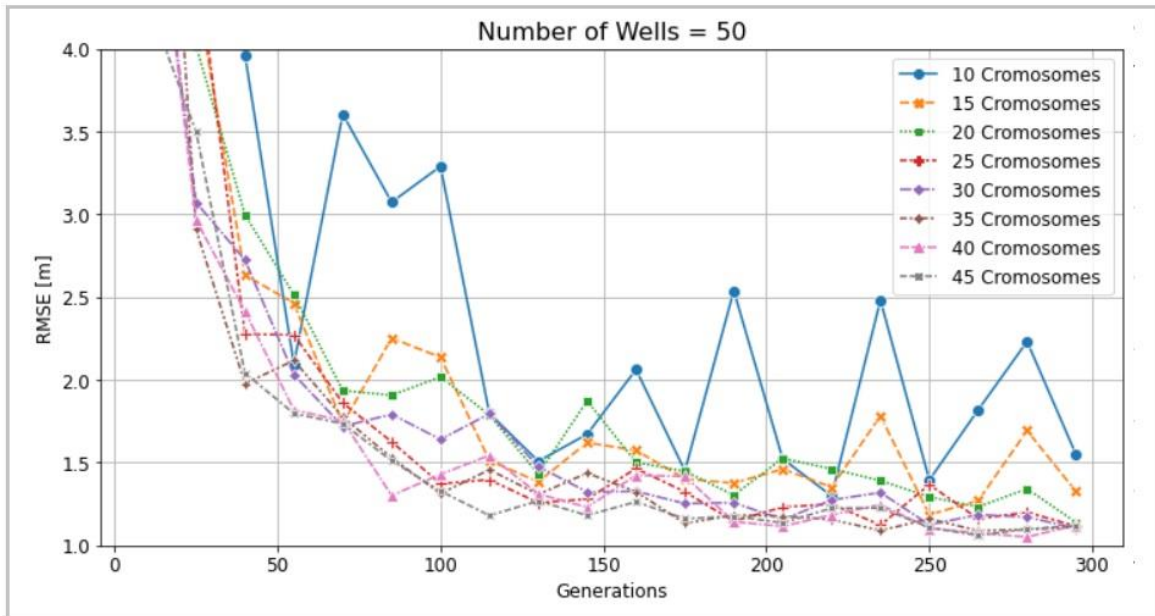


Figura 4.13 RMSE vs Número de generaciones para una data temporal de 50 pozos.

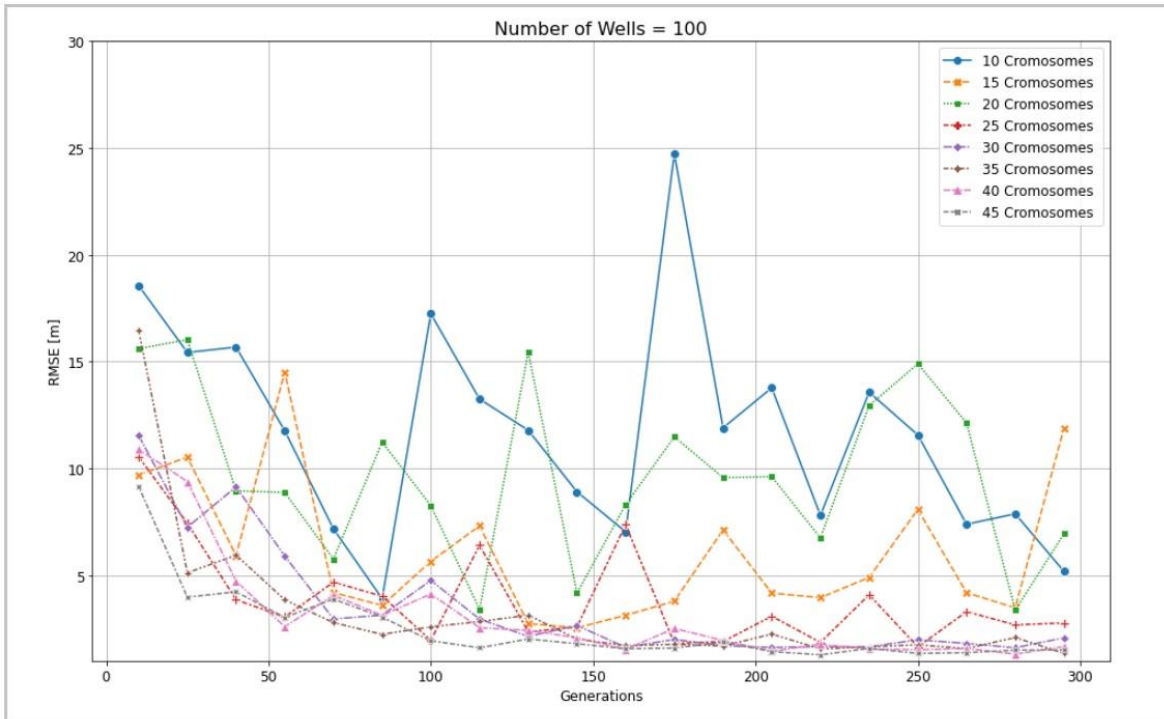


Figura 4.14 RMSE vs Número de generaciones para una data temporal de 100 pozos.

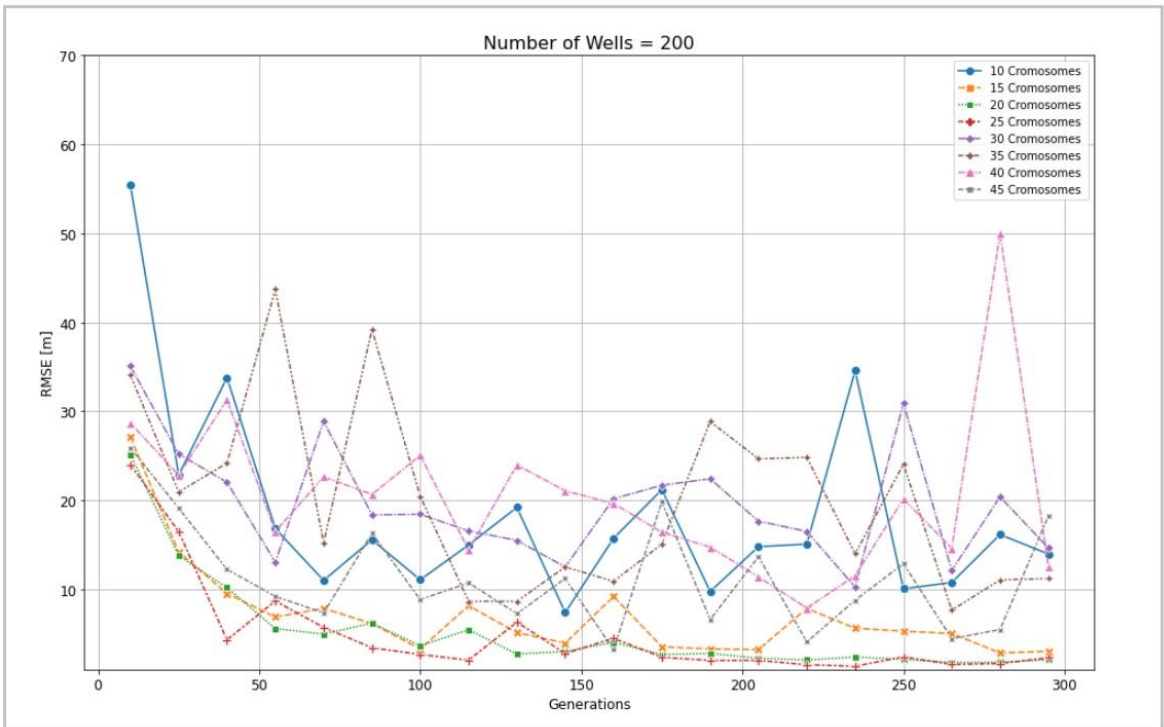


Figura 4.15 RMSE vs Número de generaciones para una data temporal de 200 pozos.

4.2 Implementación de mejoras en el modelo genético

Siguiendo con la metodología descrita en el apartado 3.2.2.3, se presentan los principales resultados asociados a las diferentes implementaciones mencionadas en la metodología del presente trabajo. Tablas y gráficos no mostrados en esta sección, se encuentran en el Anexo B.

4.2.1 Caso Simulado con Valores Sintéticos

4.2.1.1 Modelo Original de Mahmud et al. (2021)

A continuación, se presentan los resultados asociados a la réplica del modelo de Mahmud et al. (2021) para el caso de data sintética. En las Figuras 4.16-4.18 se presentan los niveles estáticos calculados por el modelo utilizando 4 LWS. La Figura 4.19 muestra la matriz FIM en el cual se ve como varía el RMSE en función de la cantidad de pozos a elección. Finalmente, la Tabla 4.1 entrega diferentes parámetros estadísticos resultantes del modelo. El Anexo B.1.1 entrega las tablas y gráficas restantes.

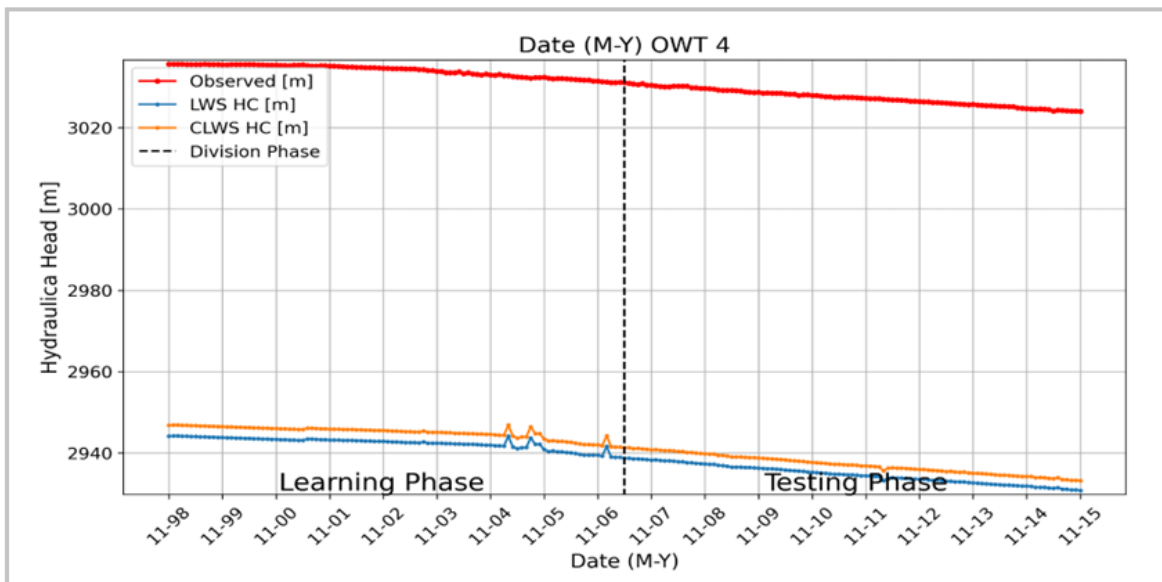


Figura 4.16 Comparación de las diferentes curvas obtenidas con el modelo de Mahmud et al. (2021) asociado a data sintética para el pozo OWT-4.

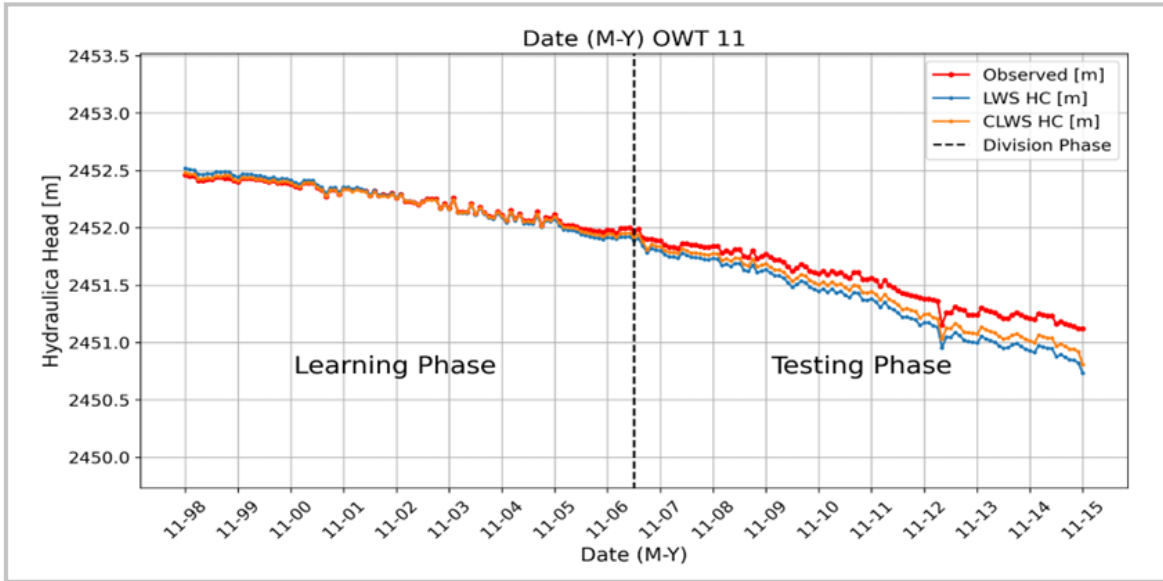


Figura 4.17 Comparación de las diferentes curvas obtenidas con el modelo de Mahmud et al. (2021) asociado a data sintética para el pozo OWT-11.

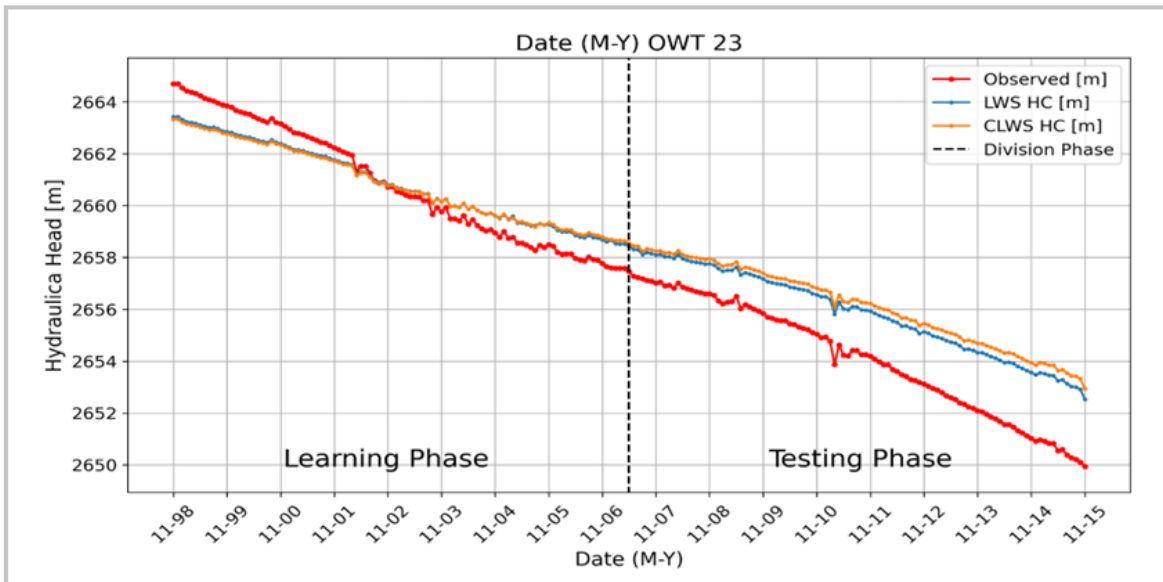


Figura 4.18 Comparación de las diferentes curvas obtenidas con el modelo de Mahmud et al. (2021) asociado a data sintética para el pozo OWT-23.

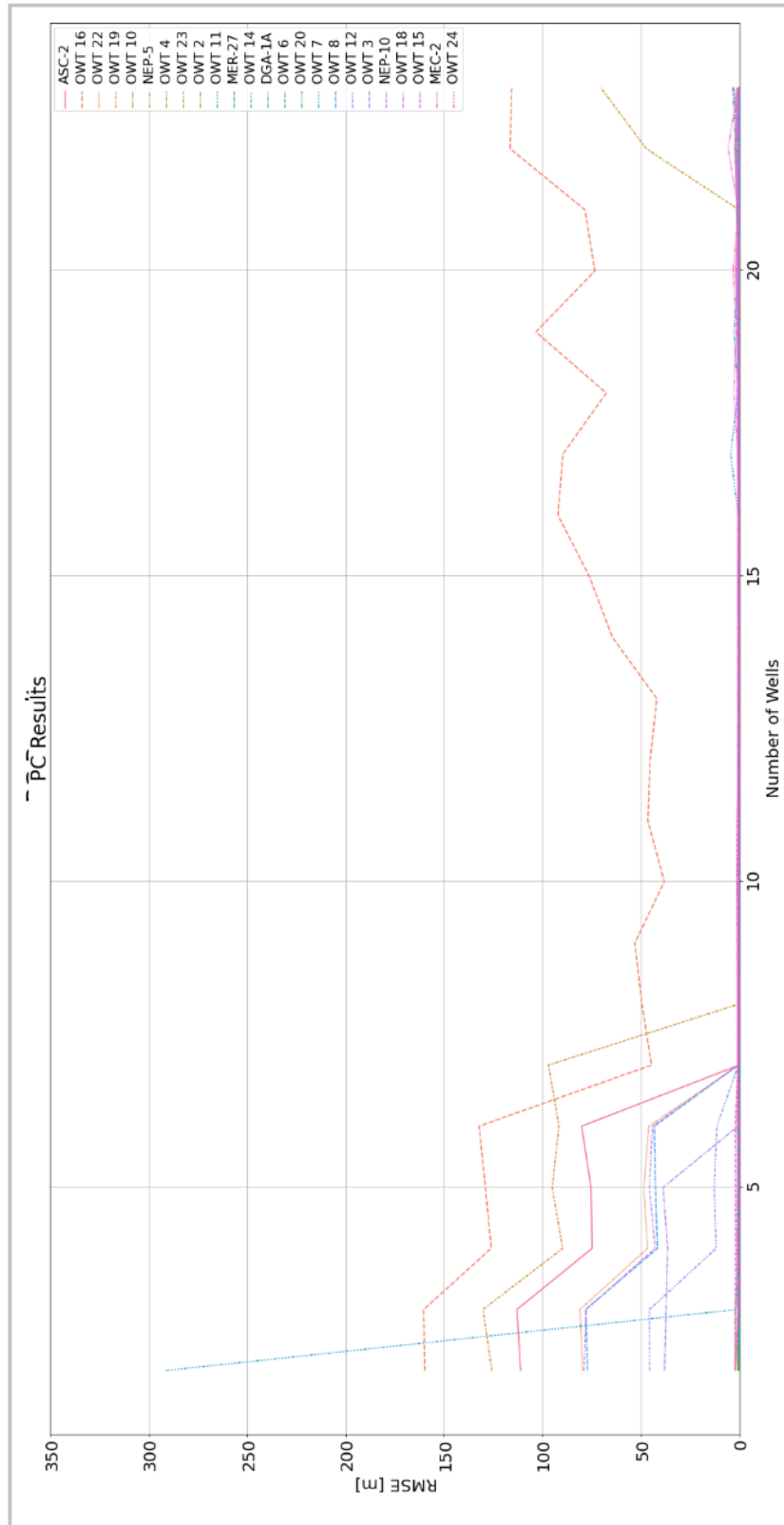


Figura 4.19 FIM para el caso del modelo de Mahmud et al. (2021) asociado a data sintética.

Tabla 4.1 Resumen resultados estadísticos obtenidos con el modelo de Mahmud et al. (2021) asociado a data sintética.

Summary RMSE Statistical Parameters Results per Method		
Type Method	Average [m]	Standard Deviation [m]
LWS	25.37	39.89
CLWS	7.62	22
Combinated	7.56	22.03

4.2.1.2 Constant Addition

A continuación, se presentan los resultados asociados a la implementación de la mejora “Constant Addition” para el caso de data sintética. En las Figuras 4.20-4.22 se presentan los niveles estáticos calculados por el modelo utilizando 4 LWS. La Figura 4.23 muestra la matriz FIM, en el cual se ve como varía el RMSE en función de la cantidad de pozos a elección. Finalmente, la Tabla 4.2 entrega diferentes parámetros estadísticos resultantes del modelo. El Anexo B.1.2 entrega las tablas y gráficas restantes.

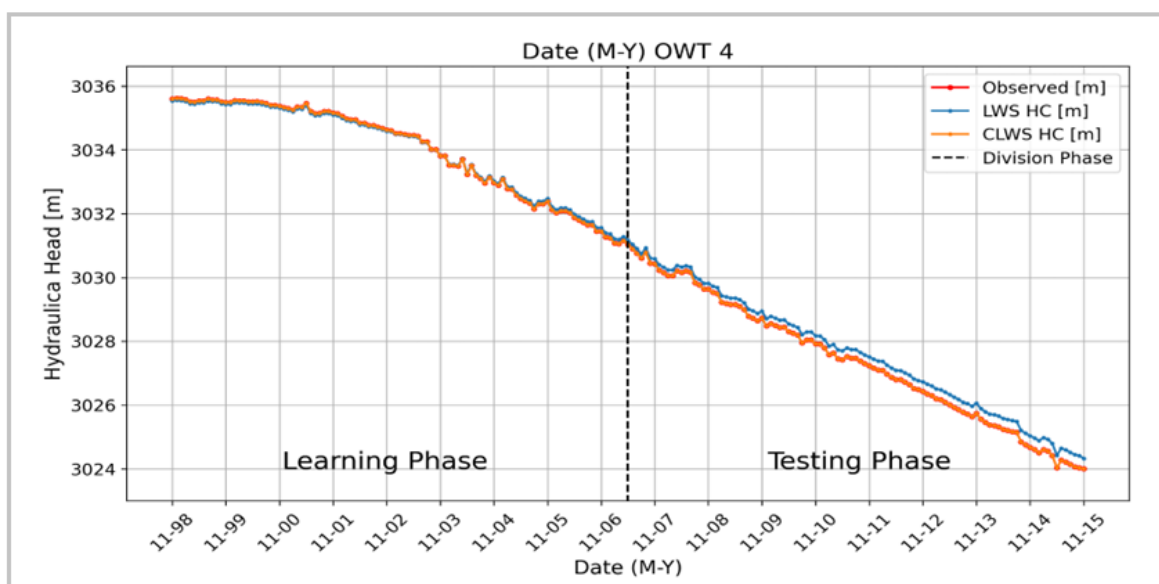


Figura 4.20 Comparación de las diferentes curvas obtenidas con el modelo que incorpora la implementación Constant Addition asociado a data sintética para el pozo OWT-4.

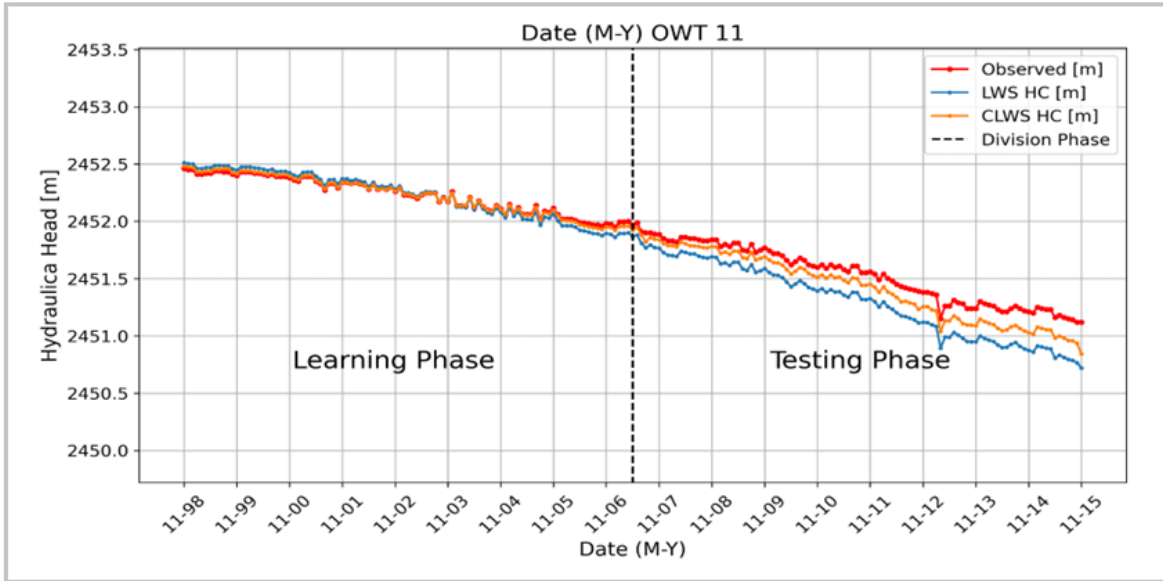


Figura 4.21 Comparación de las diferentes curvas obtenidas con el modelo que incorpora la implementación Constant Addition asociado a data sintética para el pozo OWT-11.

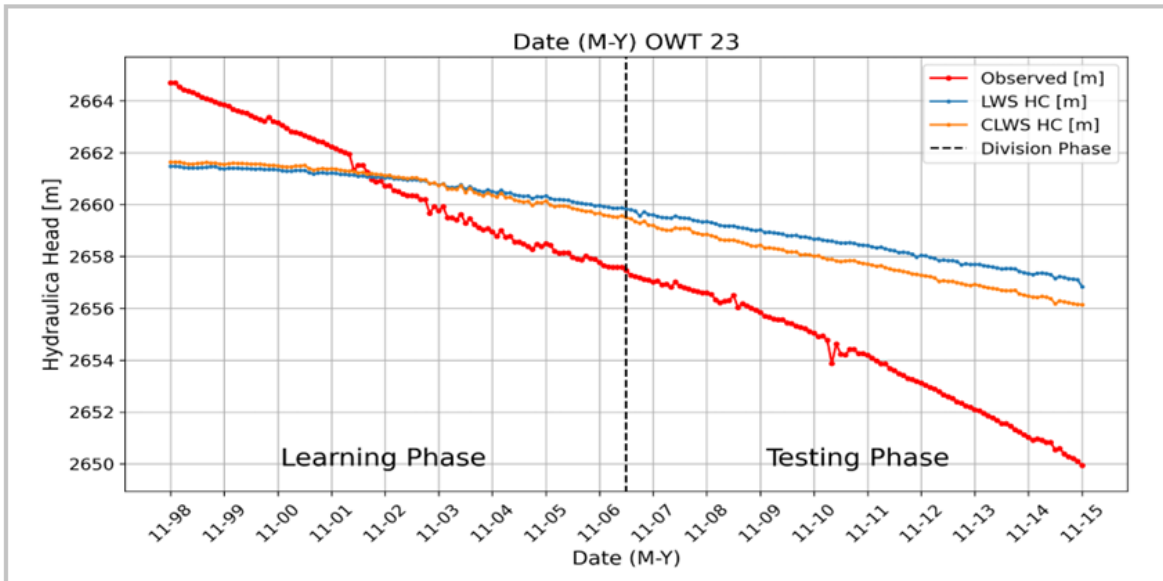


Figura 4.22 Comparación de las diferentes curvas obtenidas con el modelo que incorpora la implementación Constant Addition asociado a data sintética para el pozo OWT-23.

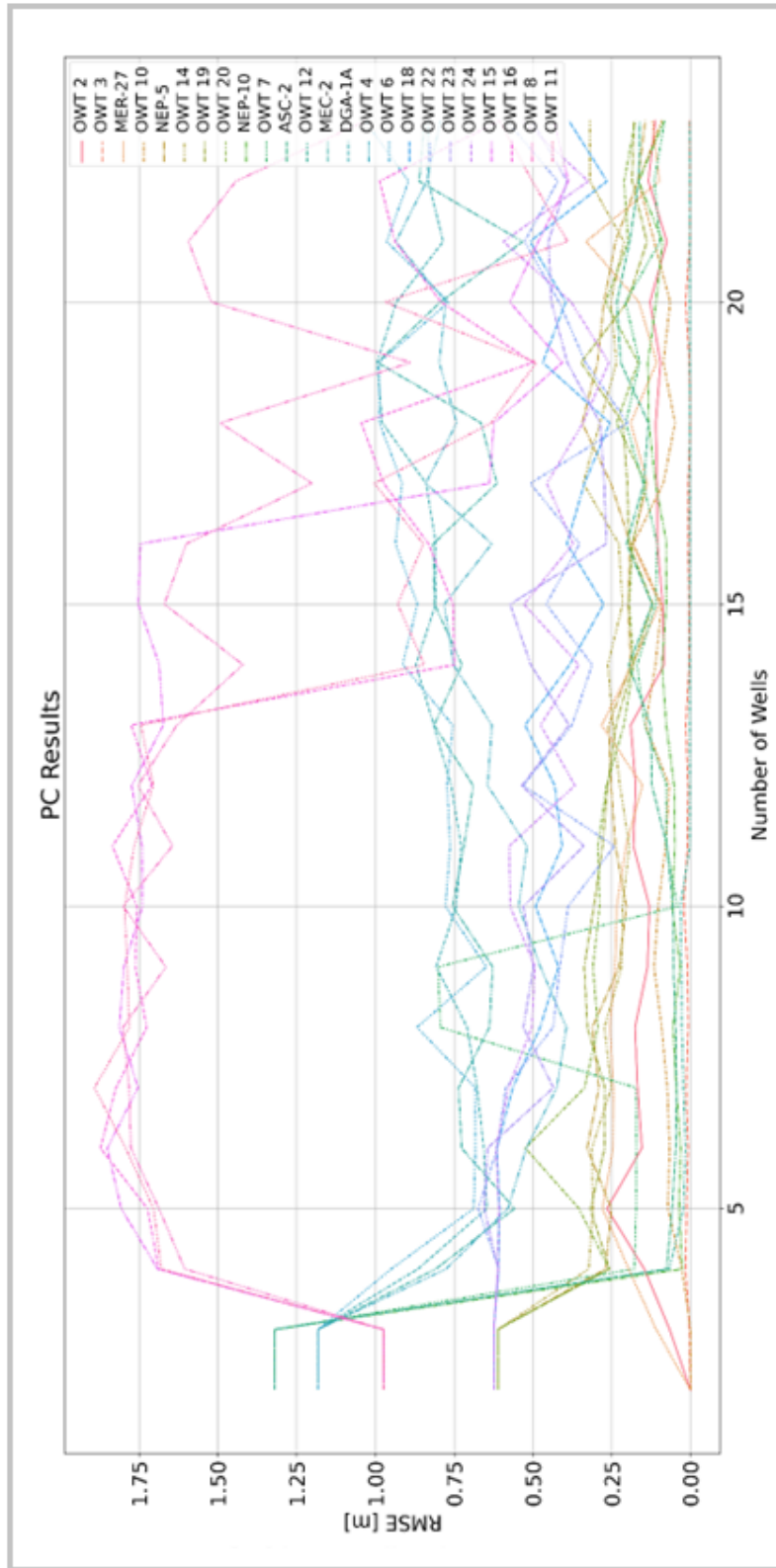


Figura 4.23 FIM para el caso del modelo que incorpora la implementación Constant Addition asociado a data sintética.

Tabla 4.2 Resumen resultados estadísticos obtenidos con el modelo que incorpora la implementación Constant Addition asociado a data sintética.

Summary RMSE Statistical Parameters Results per Method		
Type Method	Average [m]	Standard Deviation [m]
LWS	1.63	1.28
CLWS	1.18	1.28
Combinated	1.18	1.28

4.2.1.3 Random Index Position

A continuación, se presentan los resultados asociados a la implementación de la mejora “Random Index Position” para el caso de data sintética. En las Figuras 4.24-4.26 se presentan los niveles estáticos calculados por el modelo utilizando 4 LWS. La Figura 4.27 muestra la matriz FIM, en el cual se ve como varía el RMSE en función de la cantidad de pozos a elección. Finalmente, la Tabla 4.3 entrega diferentes parámetros estadísticos resultantes del modelo. El Anexo B.1.3 entrega las tablas y gráficas restantes.

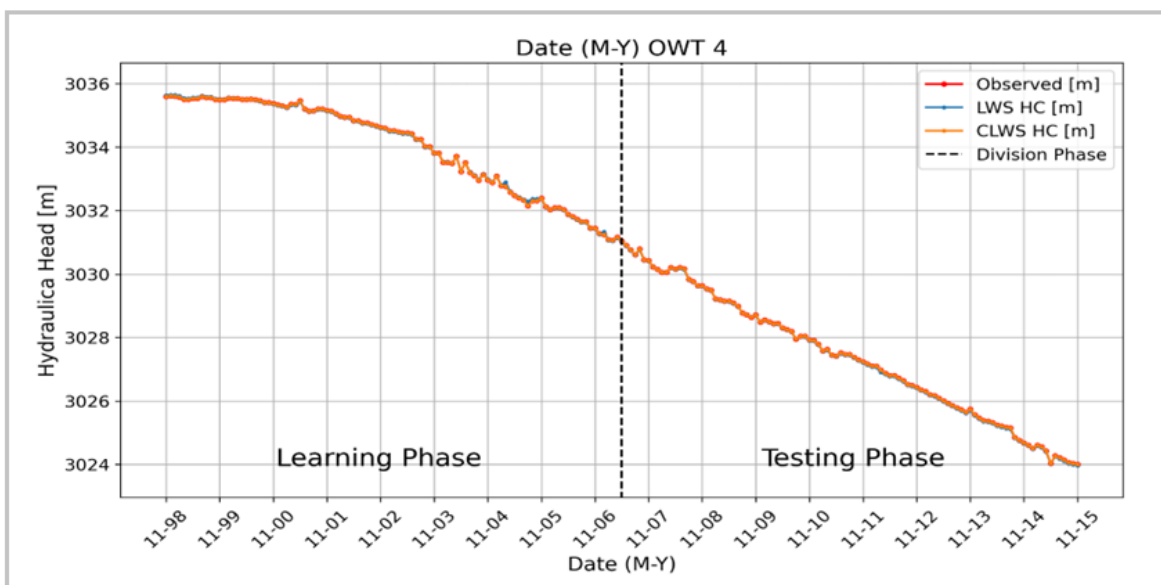


Figura 4.24 Comparación de las diferentes curvas obtenidas con el modelo que incorpora la implementación Random Index Position asociado a data sintética para el pozo OWT-4.

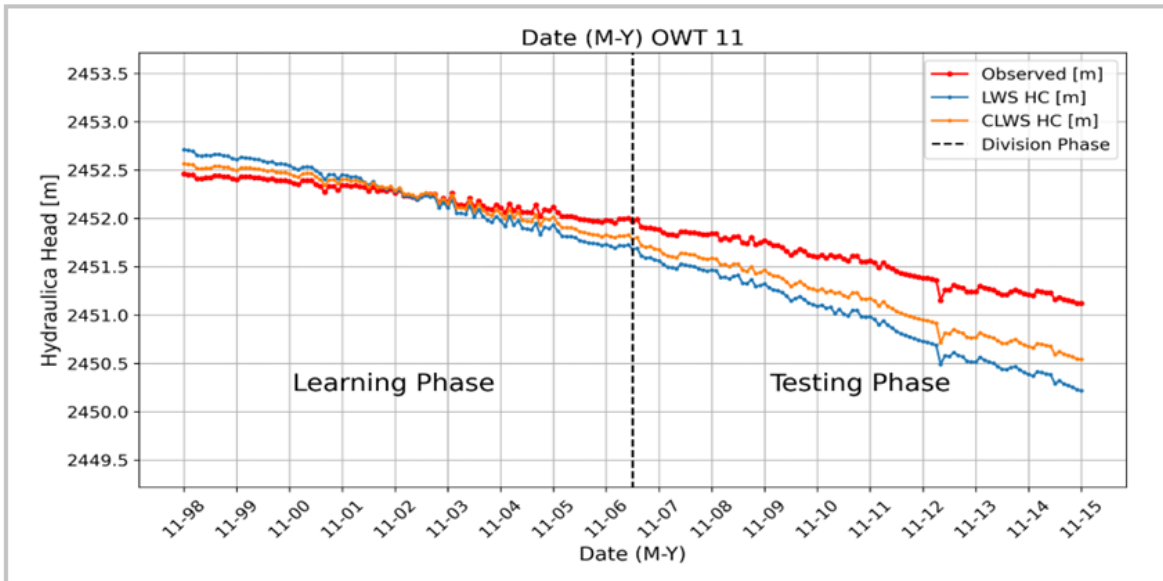


Figura 4.25 Comparación de las diferentes curvas obtenidas con el modelo que incorpora la implementación Random Index Position asociado a data sintética para el pozo OWT-11.

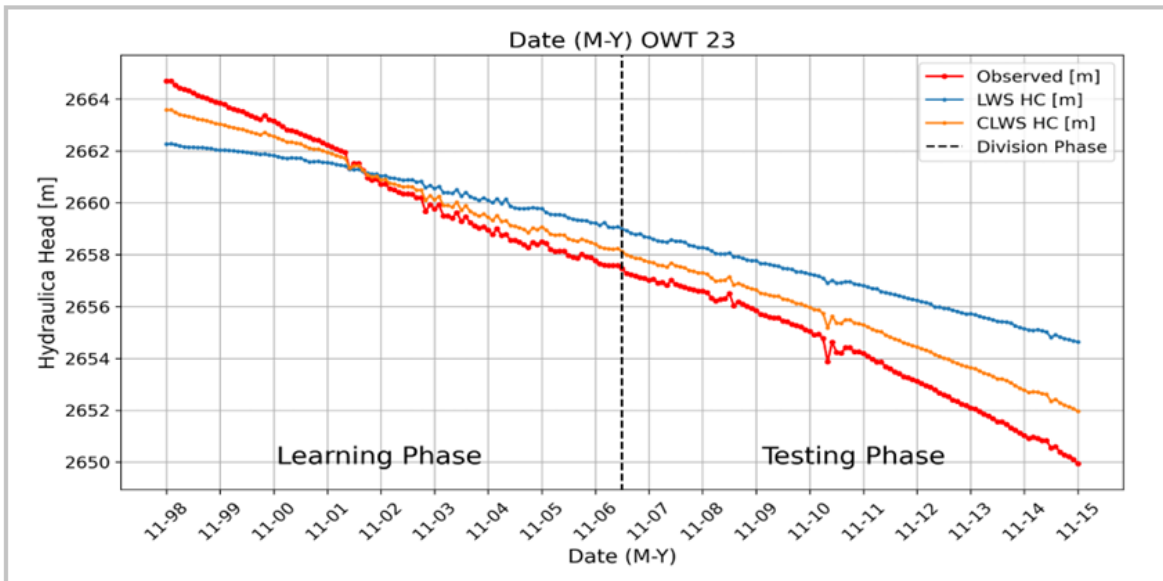


Figura 4.26 Comparación de las diferentes curvas obtenidas con el modelo que incorpora la implementación Random Index Position asociado a data sintética para el pozo OWT-23.

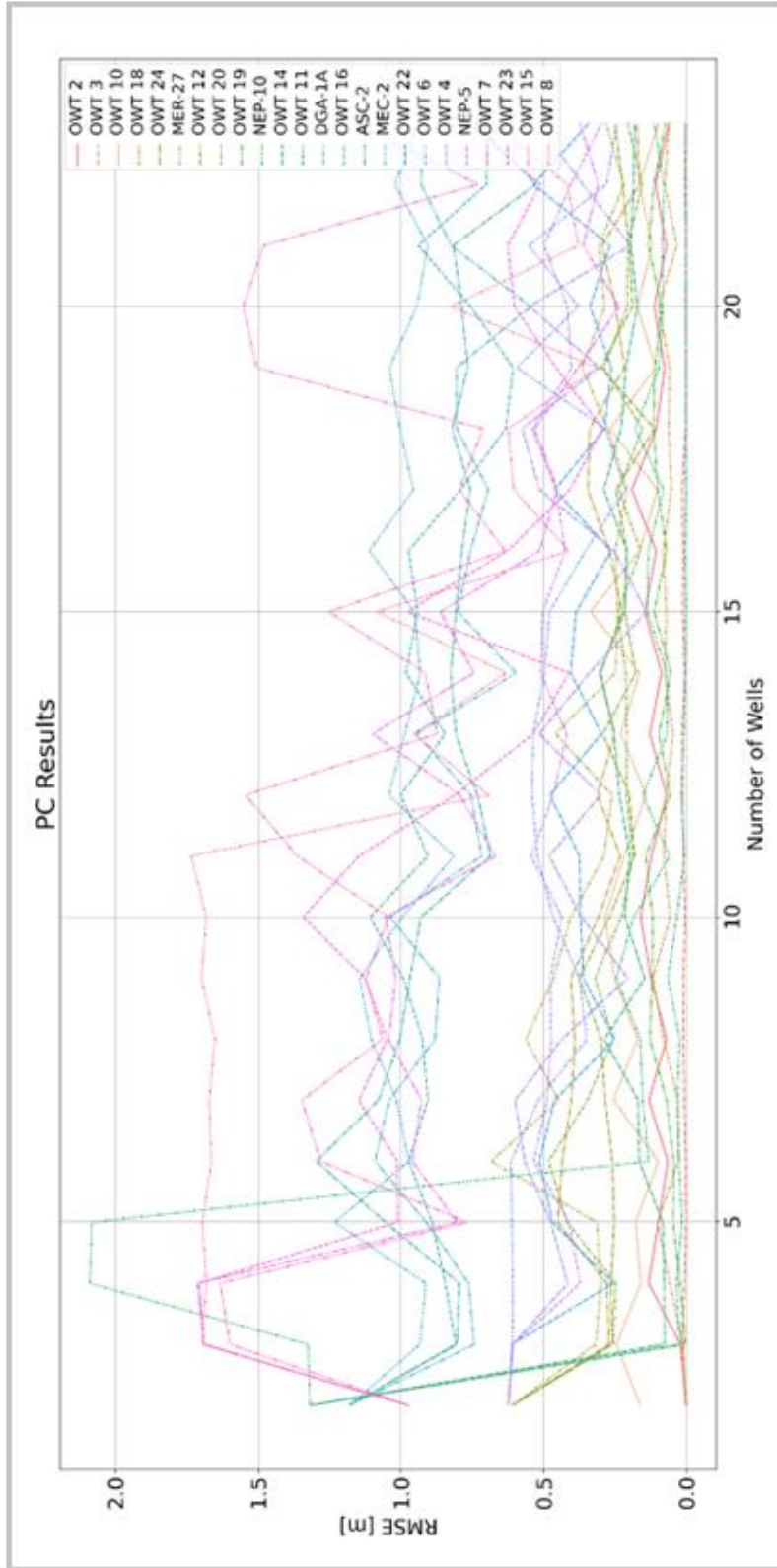


Figura 4.27 FIM para el caso del modelo que incorpora la implementación Random Index Position asociado a data sintética.

Tabla 4.3 Resumen resultados estadísticos obtenidos con el modelo que incorpora la implementación Random Index Position asociado a data sintética.

Summary RMSE Statistical Parameters Results per Method		
Type Method	Average [m]	Standard Deviation [m]
LWS	1.4	1.08
CLWS	0.84	1.06
Combinated	0.82	1.03

4.2.1.3 Rotation Process

A continuación, se presentan los resultados asociados a la implementación de la mejora “Rotation Process” para el caso de data sintética. En las Figuras 4.28-4.30 se presentan los niveles estáticos calculados por el modelo utilizando 4 LWS. La Figura 4.31 muestra la matriz FIM, en el cual se ve como varía el RMSE en función de la cantidad de pozos a elección. Finalmente, la Tabla 4.4 entrega diferentes parámetros estadísticos resultantes del modelo. El Anexo B.1.4 entrega las tablas y gráficas restantes.

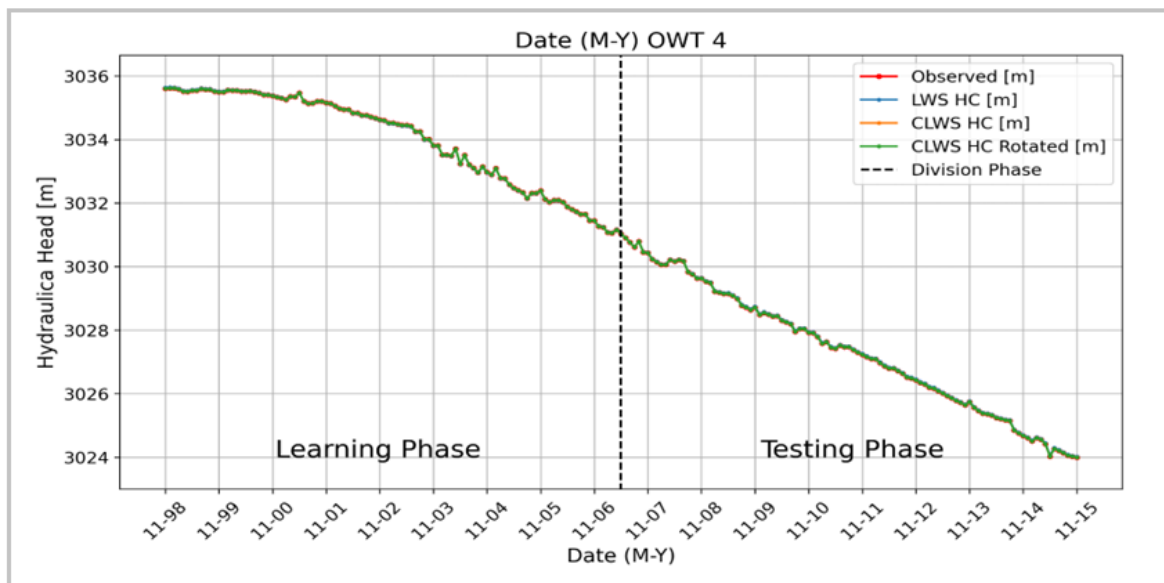


Figura 4.28 Comparación de las diferentes curvas obtenidas con el modelo que incorpora la implementación Rotation Process asociado a data sintética para el pozo OWT-4.

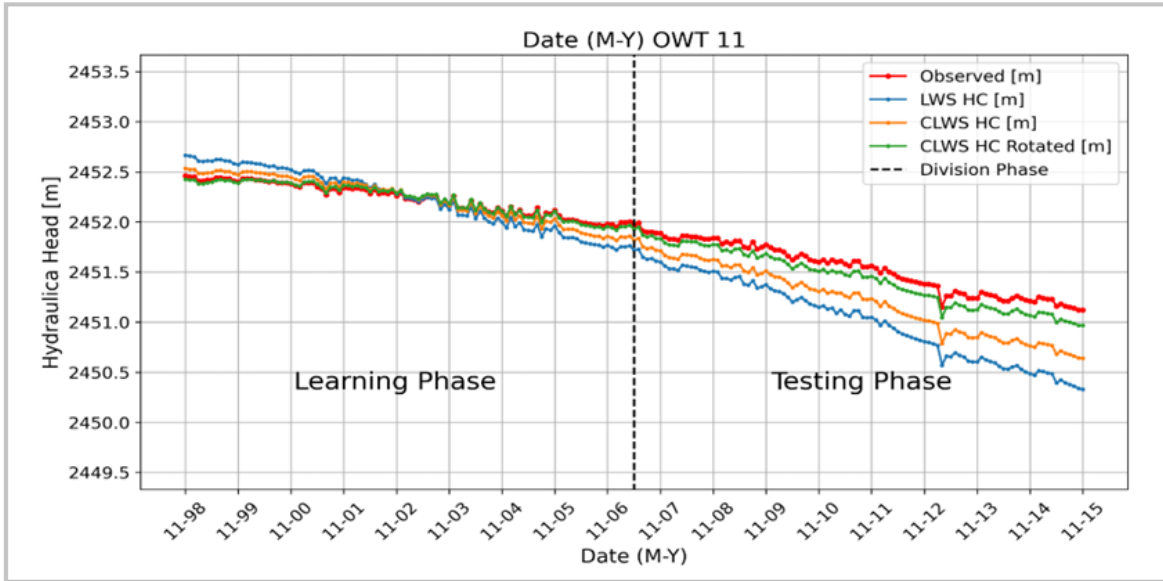


Figura 4.29 Comparación de las diferentes curvas obtenidas con el modelo que incorpora la implementación Rotation Process asociado a data sintética para el pozo OWT-11.

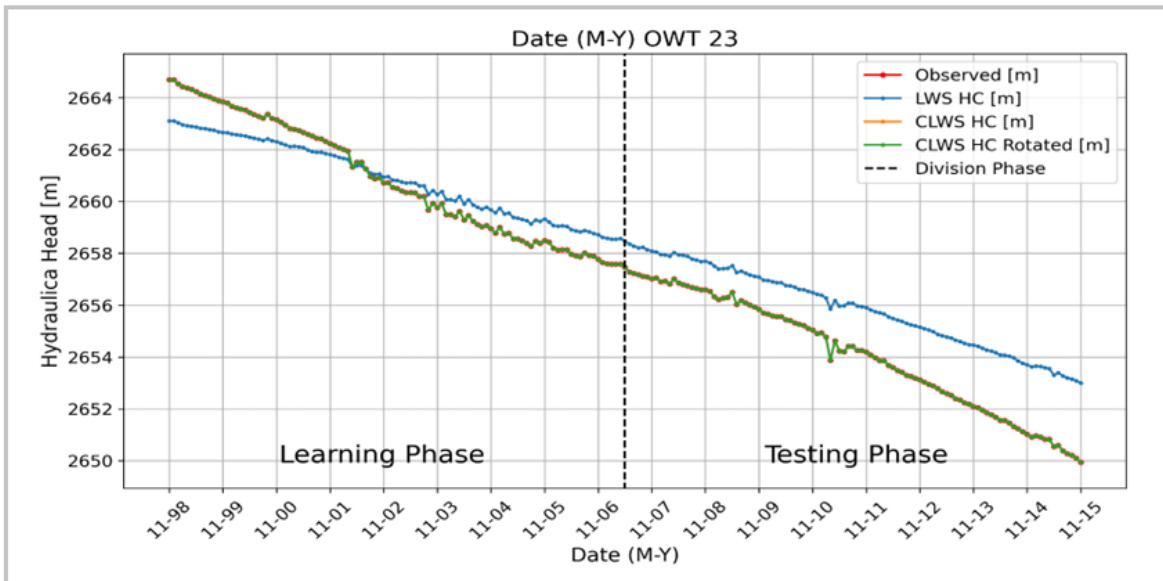


Figura 4.30 Comparación de las diferentes curvas obtenidas con el modelo que incorpora la implementación Rotation Process asociado a data sintética para el pozo OWT-23.

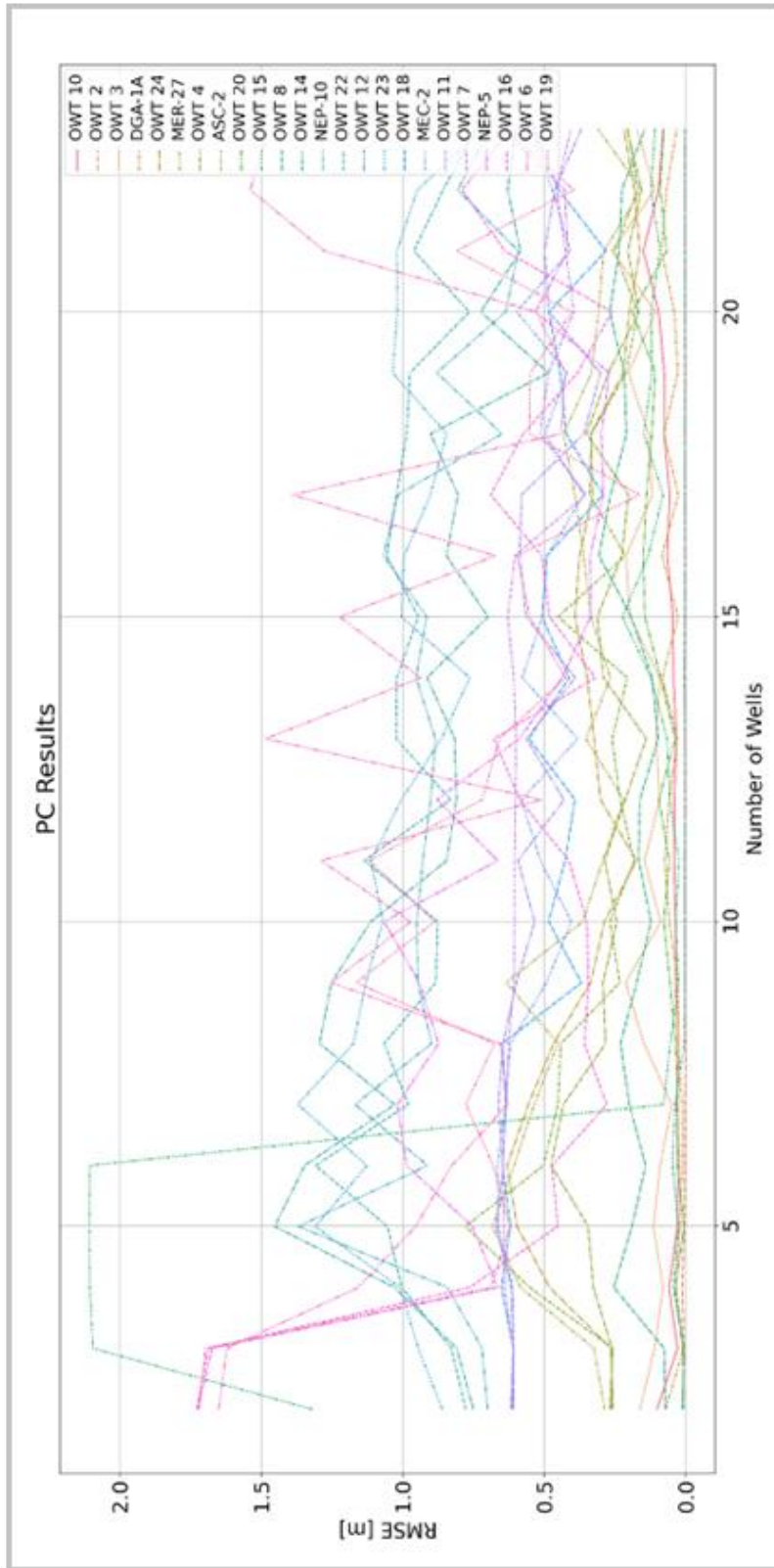


Figura 4.31 FIM para el caso del modelo que Incorpora la Implementación Rotation Process asociado a data sintética.

Tabla 4.4 Resumen resultados estadísticos obtenidos con el modelo que incorpora la implementación Rotation Process asociado a data sintética.

Summary RMSE Statistical Parameters Results per Method		
Type Method	Average [m]	Standard Deviation [m]
LWS	1.3	1.05
CLWS	1.03	0.9
CLWS Rot	0.37	0.29
Combinated	0.36	0.29

4.2.2 Caso en Estudio Salar de Atacama Negrillar

Se presentan los resultados generados asociados al sector de Negrillar del Acuífero Monturaqui-Negrillar-Tilopozo. Tablas y gráficos restantes, se encuentran en el Anexo B.2.

4.2.2.1 Modelo Original de Mahmud et al. (2021)

A continuación, se presentan los resultados a la réplica del modelo de Mahmud et al. (2021) para el caso del sector de Negrillar. En las Figuras 4.32 y 4.33 se presentan los niveles estáticos calculados por el modelo utilizando 4 LWS. La Figura 4.34 muestra la matriz FIM, en el cual se ve como varía el RMSE en función de la cantidad de pozos a elección. Finalmente, la Tabla 4.5 entrega diferentes parámetros estadísticos resultantes del modelo. El Anexo B.2.1 entrega las tablas y gráficos restantes.

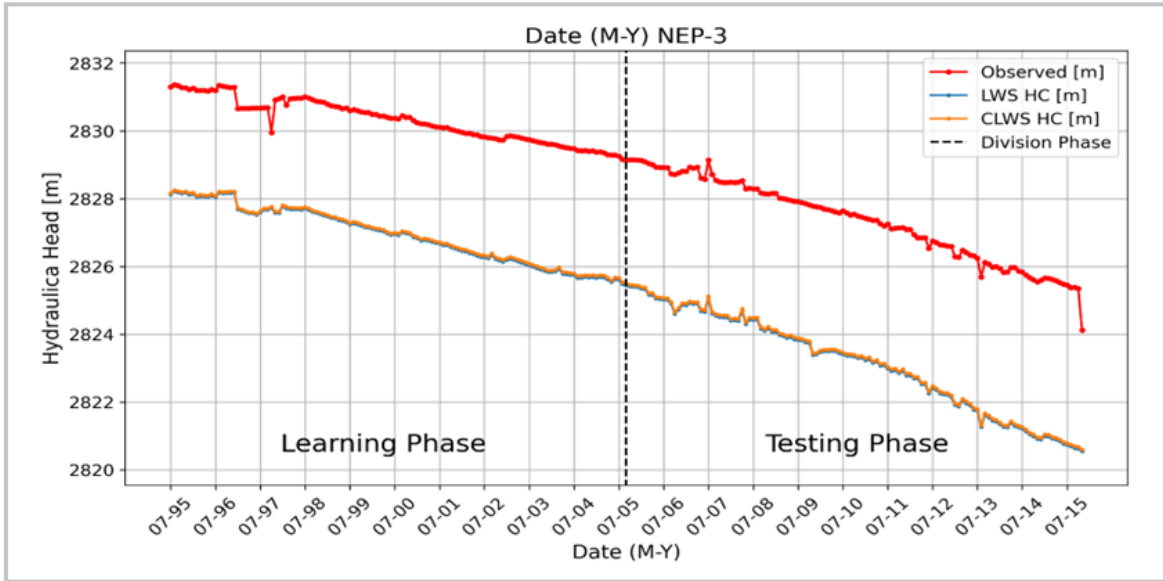


Figura 4.32 Comparación de las diferentes curvas obtenidas con el modelo de mahmod et al. (2021) asociado a Negrillar para el pozo NEP-3.

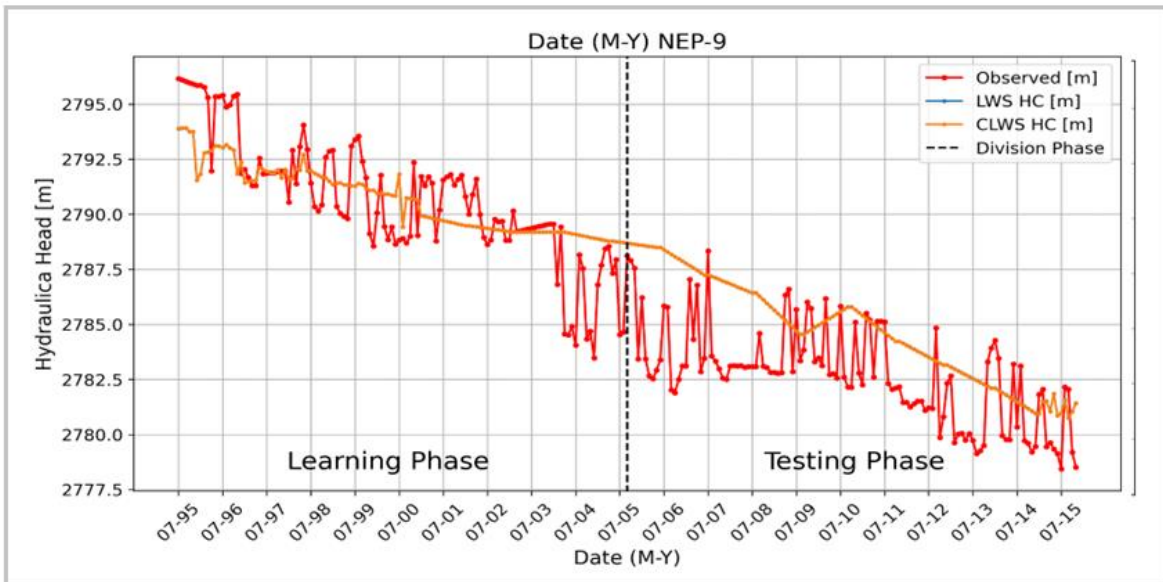


Figura 4.33 Comparación de las diferentes curvas obtenidas con el modelo de mahmod et al. (2021) asociado a Negrillar para el pozo NEP-3.

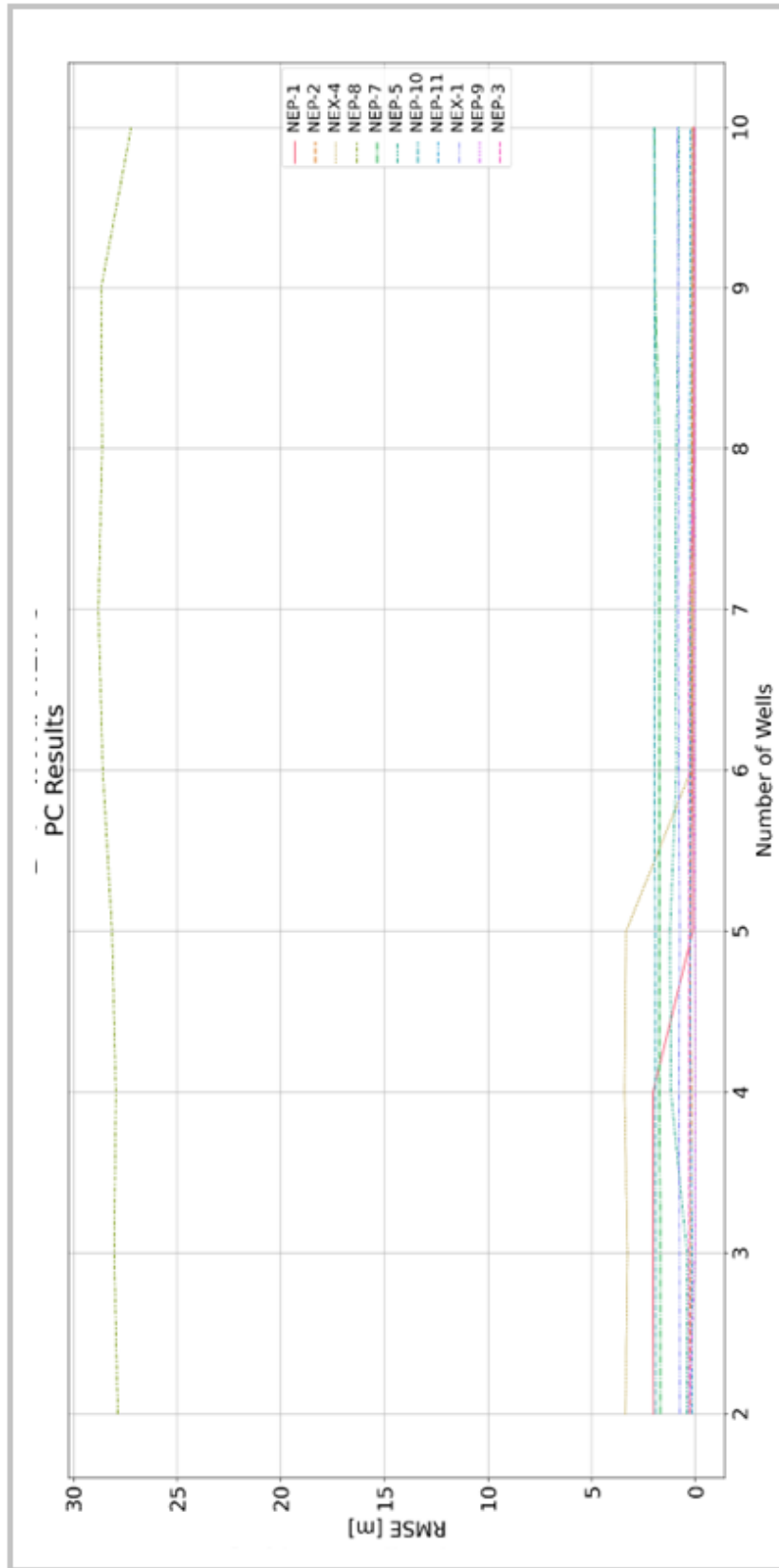


Figura 4.34 FIM para el caso del modelo de Mahmud et al. (2021) asociado a Negrillar.

Tabla 4.5 Resumen resultados estadísticos obtenidos con el modelo de Mahmud et al. (2021) asociado a data sintética.

Summary RMSE Statistical Parameters Results per Method		
Type Method	Average [m]	Standard Deviation [m]
LWS	5.71	10.29
CLWS	5.68	10.25
Combinated	5.68	10.25

4.2.2.2 Constant Addition

A continuación, se presentan los resultados asociados a la implementación de la mejora “Constant Addition” para el caso del sector de Negrillar. En las Figuras 4.35 y 4.36 se presentan los niveles estáticos calculados por el modelo utilizando 4 LWS. La Figura 4.37 muestra la matriz FIM, en el cual se ve como varía el RMSE en función de la cantidad de pozos a elección. Finalmente, la Tabla 4.6 entrega diferentes parámetros estadísticos resultantes del modelo. El Anexo B.2.2 entrega las tablas y gráficas restantes.

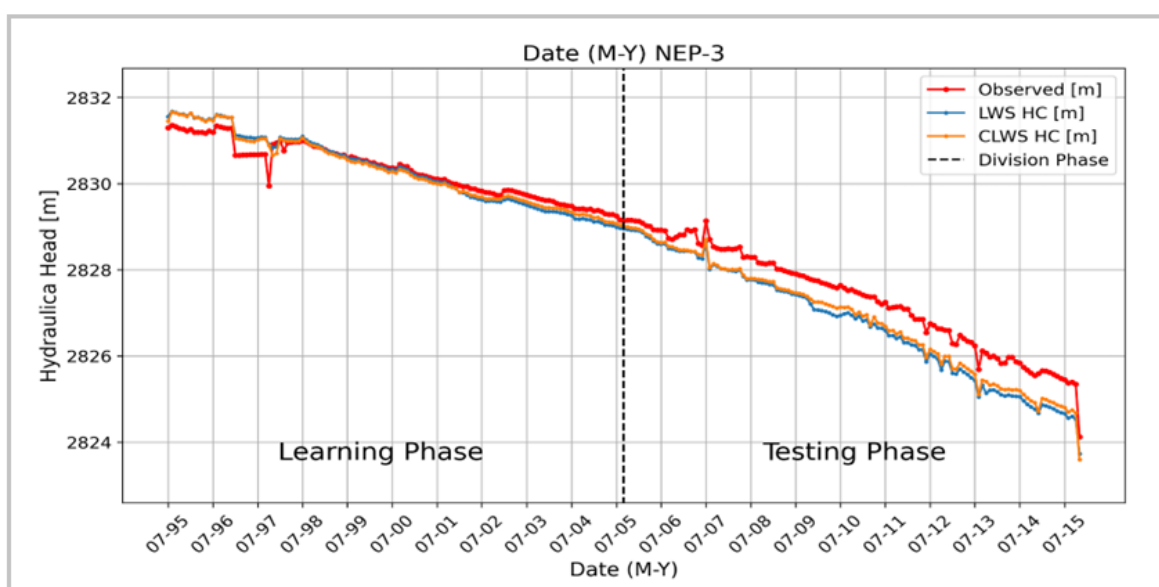


Figura 4.35 Comparación de las diferentes curvas obtenidas con el modelo que incorpora la implementación Constant Addition asociado a Negrillar para el pozo NEP-3.

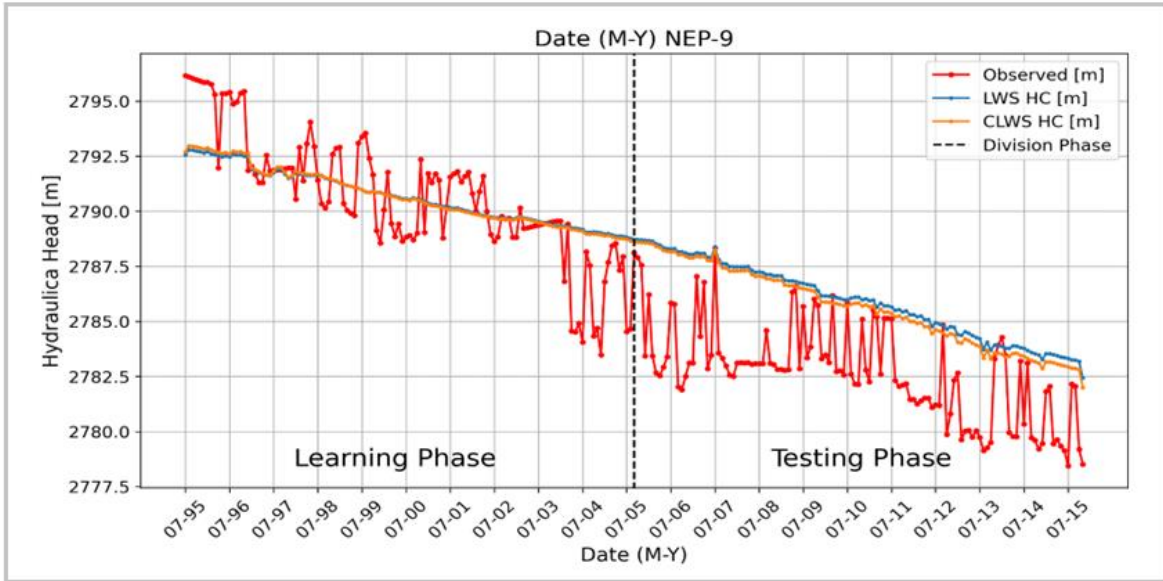


Figura 4.36 Comparación de las diferentes curvas obtenidas con el modelo que incorpora la implementación Constant Addition asociado a Negrillar para el pozo NEP-9.

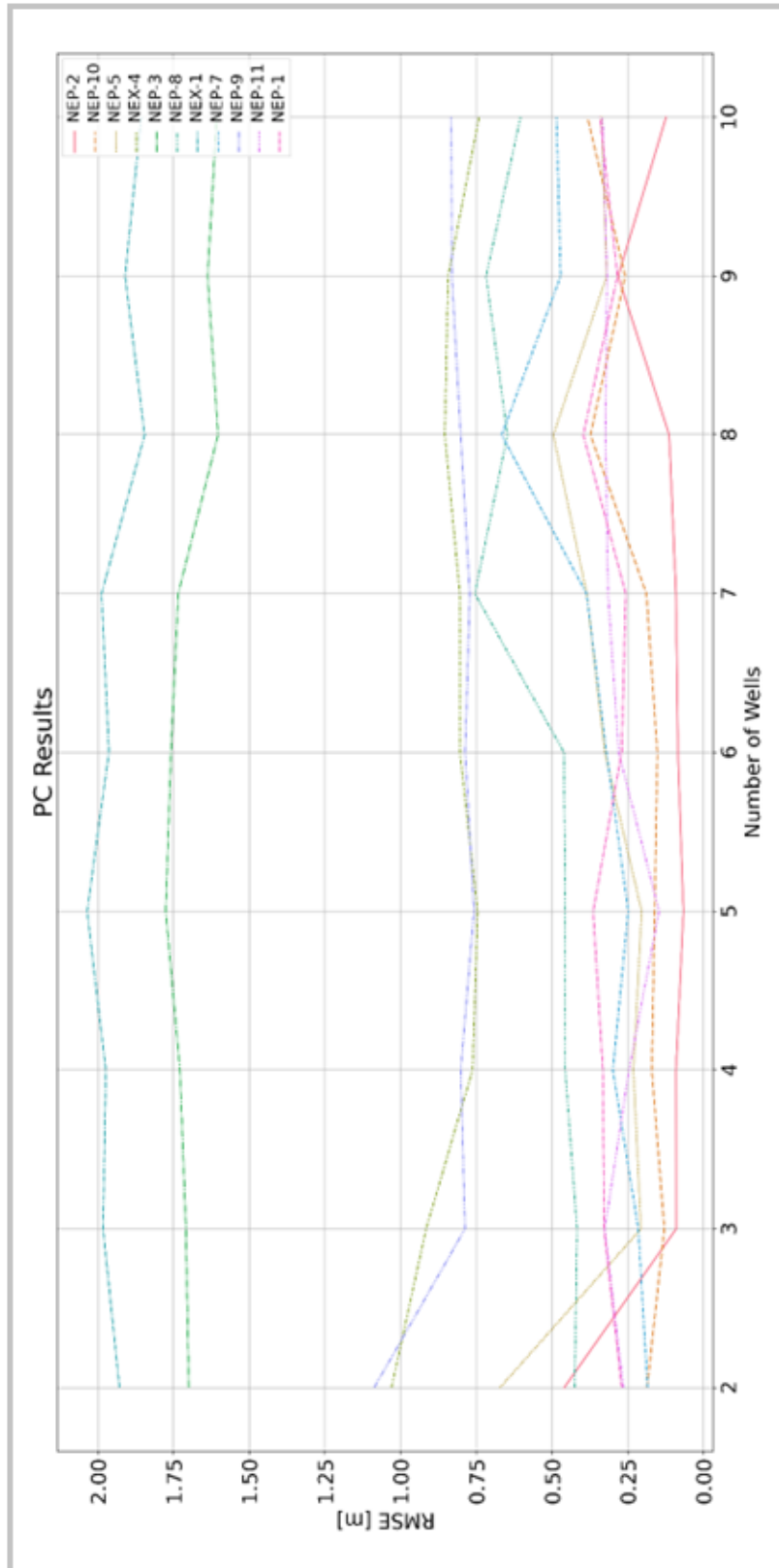


Figura 4.37 FIM para el caso del modelo que incorpora la implementación Constant Addition asociado a Negrillar.

Tabla 4.6 Resumen resultados estadísticos obtenidos con el modelo que incorpora la implementación Constant Addition asociado Negrillar.

Summary RMSE Statistical Parameters Results per Method		
Type Method	Average [m]	Standard Deviation [m]
LWS	1.37	1.21
CLWS	1.26	1.19
Combinated	1.26	1.19

4.2.2.3 Random Index Position

A continuación, se presentan los resultados asociados a la implementación de la mejora “Random Index Position” para el caso del sector de Negrillar. En las Figuras 4.38 y 4.39 se presentan los niveles estáticos calculados por el modelo utilizando 4 LWS. La Figura 4.40 muestra la matriz FIM, en el cual se ve como varía el RMSE en función de la cantidad de pozos a elección. Finalmente, la Tabla 4.7 entrega diferentes parámetros estadísticos resultantes del modelo. El Anexo B.2.3 entrega las tablas y gráficas restantes.

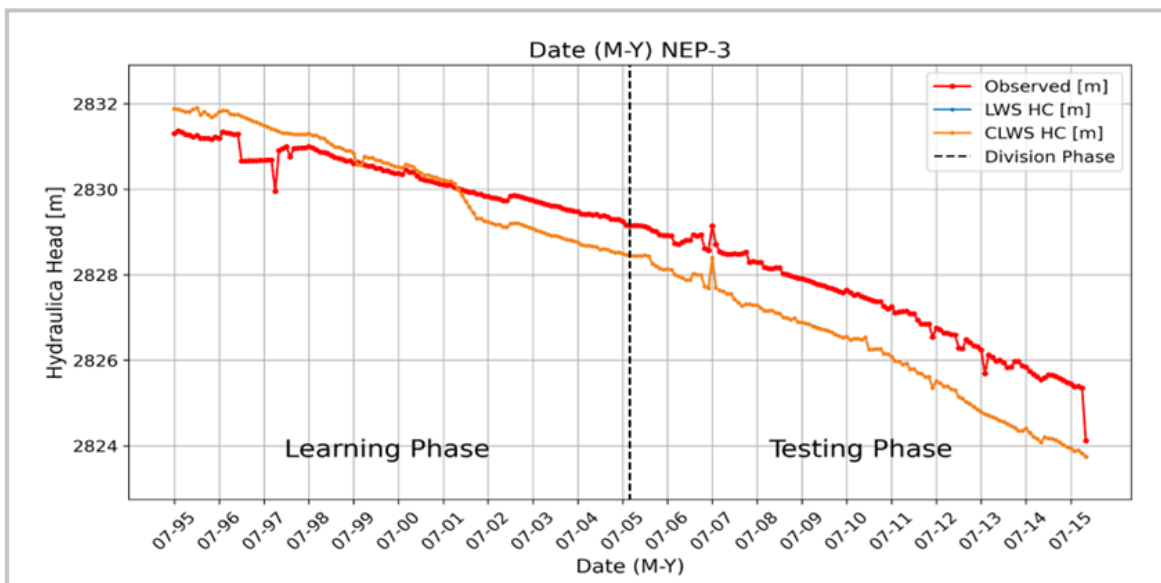


Figura 4.38 Comparación de las diferentes curvas obtenidas con el modelo que incorpora la implementación Random Index Position asociado a Negrillar para el pozo NEP-3.

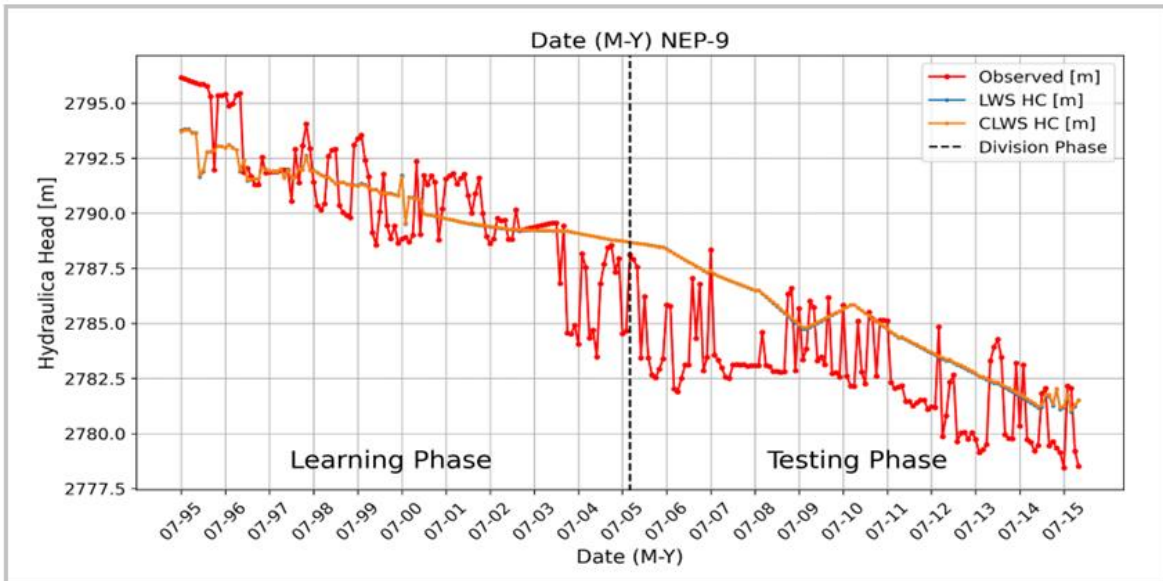


Figura 4.39 Comparación de las diferentes curvas obtenidas con el modelo que incorpora la implementación Random Index Position asociado a Negrillar para el pozo NEP-9.

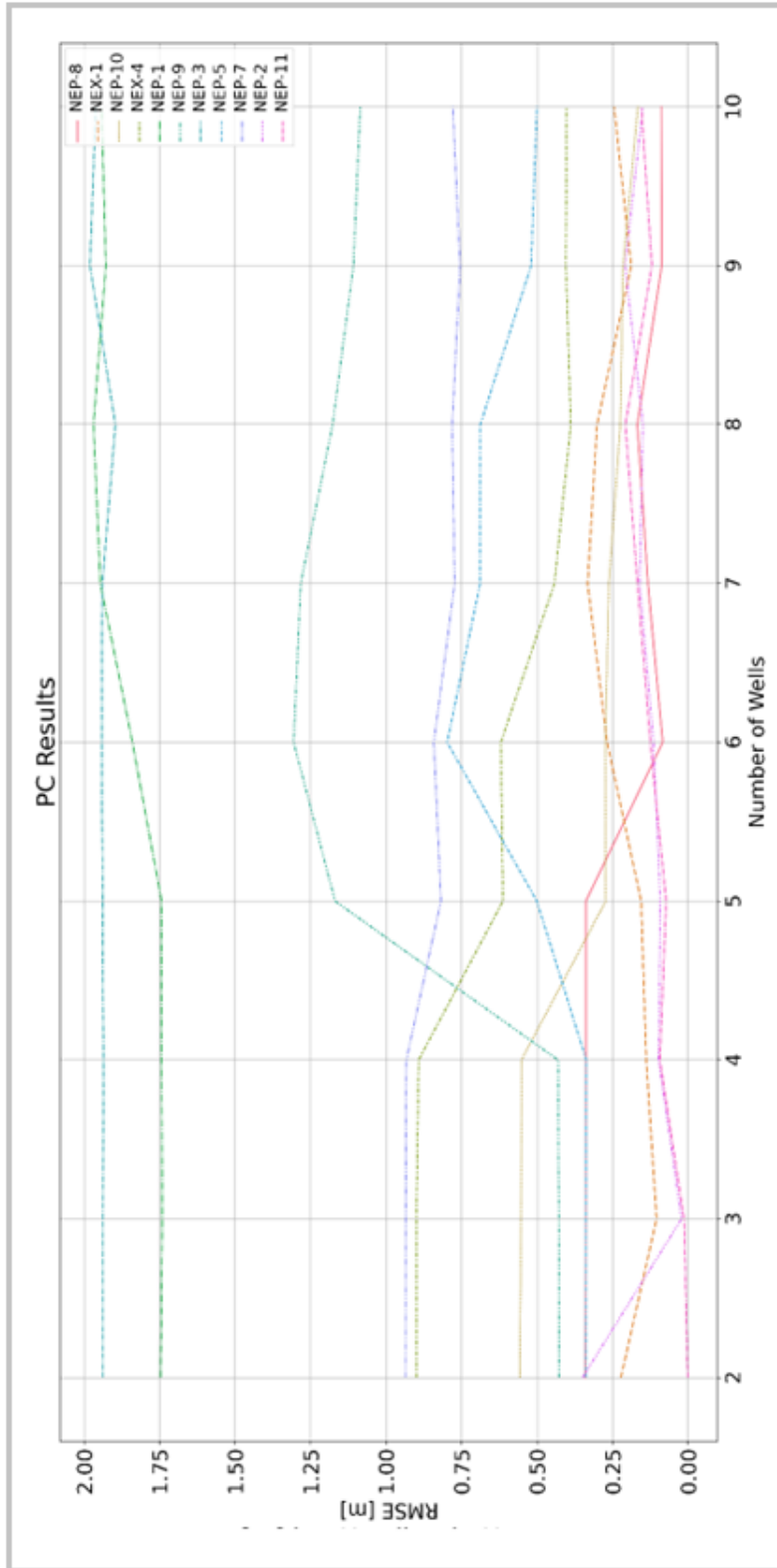


Figura 4.40 FIM para el caso del modelo que incorpora la implementación Random Index Position asociado a Negrillar.

Tabla 4.7 Resumen resultados estadísticos obtenidos con el modelo que incorpora la implementación Random Index Position asociado a Negrillar.

Summary RMSE Statistical Parameters Results per Method		
Type Method	Average [m]	Standard Deviation [m]
LWS	1.44	0.94
CLWS	1.44	0.94
Combinated	1.43	0.94

4.2.1.4 Rotation Process

A continuación, se presentan los resultados asociados a la implementación de la mejora “Rotation Process” para el caso del sector de Negrillar. En las Figuras 4.41 y 4.42 se presentan los niveles estáticos calculados por el modelo utilizando 4 LWS. La Figura 4.43 muestra la matriz FIM, en el cual se ve como varía el RMSE en función de la cantidad de pozos a elección. Finalmente, la Tabla 4.8 entrega diferentes parámetros estadísticos resultantes del modelo. La sección 4.4.1 y el Anexo D.1.5 entrega las tablas y gráficas restantes.

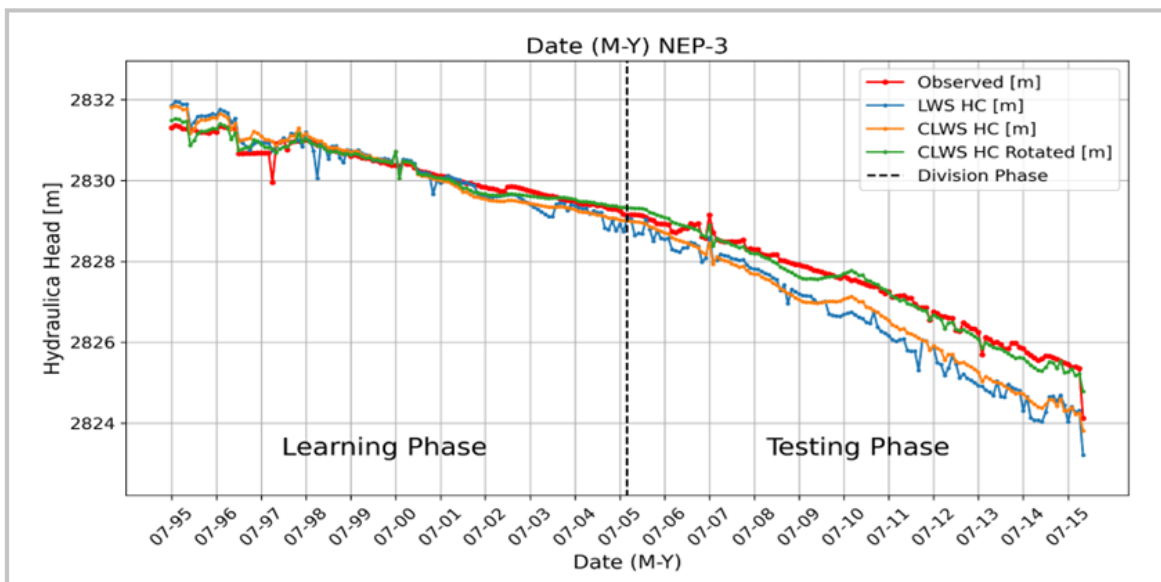


Figura 4.41 Comparación de las diferentes curvas obtenidas con el modelo que incorpora la implementación Rotation Process asociado a Negrillar para el pozo NEP-3.

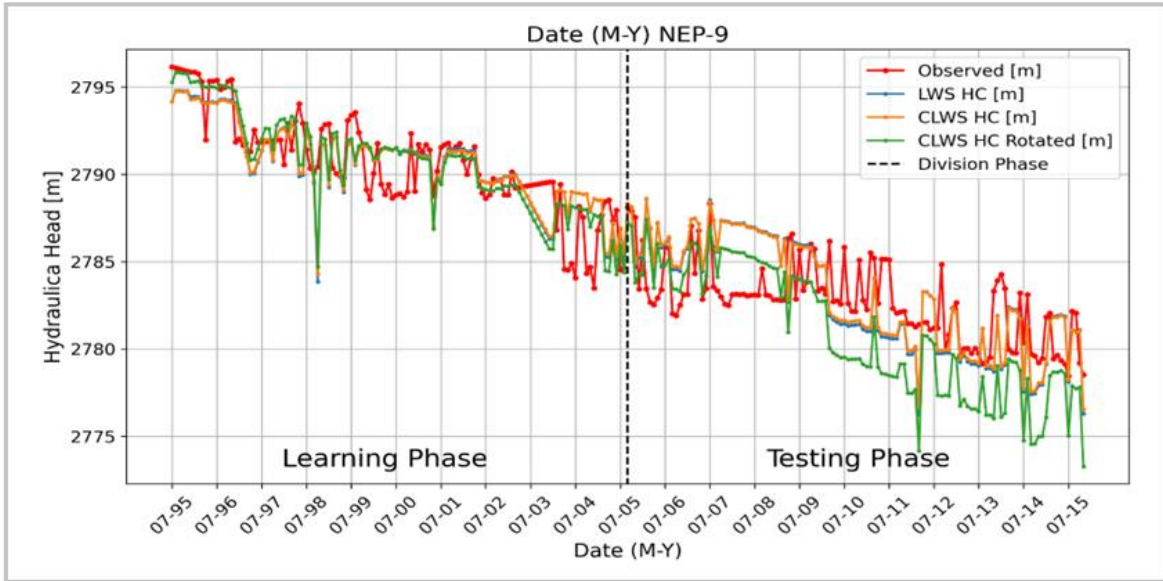


Figura 4.42 Comparación de las diferentes curvas obtenidas con el modelo que incorpora la implementación Rotation Process asociado a Negrillar para el pozo NEP-9.

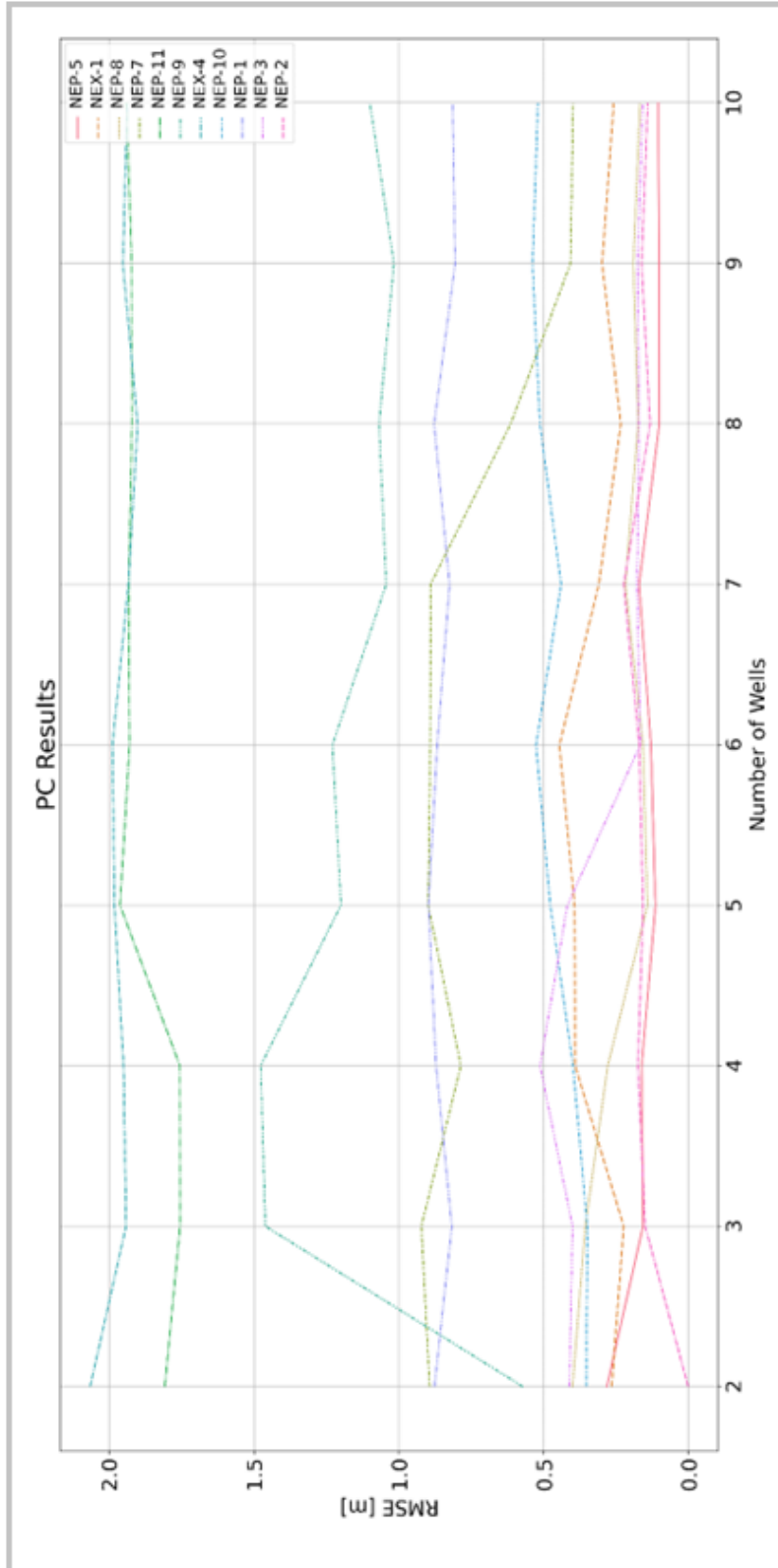


Figura 4.43 FIM para el caso del modelo que incorpora la implementación Rotation Process asociado a Negrillar.

Tabla 4.8 Resumen resultados estadísticos obtenidos con el modelo que incorpora la implementación Rotation Process asociado a Negrillar.

Summary RMSE Statistical Parameters Results per Method		
Type Method	Average [m]	Standard Deviation [m]
LWS	0.96	0.88
CLWS	0.89	0.9
CLWS Rot	0.67	0.94
Combinated	0.59	0.78

4.2.3 Resumen de Resultados

A continuación, se presentan el resumen de los principales resultados por cada metodología/implementación propuesta. El resumen de los resultados del parámetro RMSE por cada pozo por metodología/implementación se encuentra en el Anexo B.1 (data sintética), B.2 (Negrillar) y 4.4.1 (Rotation Process Negrillar).

4.2.3.1 Caso Simulado con Valores Sintéticos

La Tabla 4.9 entrega el resumen de los parámetros estadísticos de cada modelo/implementación. La Tabla 4.10 entrega los pozos representativos entregados por cada modelo/implementación además de los pozos teóricos que debería entregar el código computacional (primera columna).

Tabla 4.9 Resumen de resultados estadísticos por metodología asociada a data sintética.

Summary Best RMSE Statistical Parameters Results per Method				
Methodology/Implementati on	Average [m]	Standard Deviation [m]	Average Improvement (Mahmod et al. (2021) Baseline) [%]	Standard Deviation Improvement (Mahmod et al. (2021) Baseline) [%]
Mahmod et al. (2021)	7.56	22.03	-	-
Constant Addition	1.18	1.28	84%	94%
Random Index Position	0.82	1.03	89%	95%
Rotation Process	0.36	0.29	95%	99%

Tabla 4.10 Resumen de pozos representativos por metodología.

Representative Wells (LWS)					
Well's Number	Supposed to be	Mahmod et al. (2021)	Constant Addition	Random Index Position	Rotation Process
1	MER-27/ OWT 2-3-4	ASC-2	OWT 2	OWT 2	OWT 10
2	NEP-10 /OWT 6-7-8	OWT 16	OWT 3	OWT 3	OWT 2
3	ASC-2/OWT 10-11-12	OWT 22	MER-27	OWT 10	OWT 3
4	NEP-5/ OWT 14-15-16	OWT 19	OWT 10	OWT 18	DGA-1A
5	MEC-2/OWT 18-19-20	OWT 10	NEP-5	OWT 24	OWT 24
6	DGA-1A/OWT 22-23-24	NEP-5	OWT 14	MER-27	MER-27

4.2.3.1 Caso en Estudio Salar de Atacama Negrillar

La Tabla 4.11 entrega el resumen de los parámetros estadísticos de cada modelo/implementación.

Tabla 4.11 Resumen de resultados estadísticos por metodología asociada a Negrillar.

Summary Best RMSE Statistical Parameters Results per Method				
Methodology/Implementation	Average [m]	Standard Deviation [m]	Average Improvement (Mahmod et al. (2021) Baseline) [%]	Standard Deviation Improvement (Mahmod et al. (2021) Baseline) [%]
Mahmod et al. (2021)	5.68	10.25	-	-
Constant Addition	1.26	1.19	78%	88%
Random Index Position	1.43	0.94	75%	91%
Rotation Process	0.59	0.78	90%	92%

4.3 Tiempo de Compilación

En esta sección se presentan los resultados asociados al comportamiento del tiempo de compilación del modelo. Los tiempos de ejecución para cada caso se muestran en el Anexo C.1

4.3.1 Número de Cromosomas

A continuación, se muestran los resultados principales asociados a la metodología descrita en la sección 3.3.1. La Figura 4.44 muestra la relación que existen entre el tiempo de compilación para un modelo genético con 15 cromosomas vs diferentes modelos genéticos con n cromosomas. La Tabla 4.12 muestra las relaciones y los valores estadísticos que permiten crear el gráfico de la Figura 4.44. Las demás tablas y gráficos se presentan en el Anexo C.2.

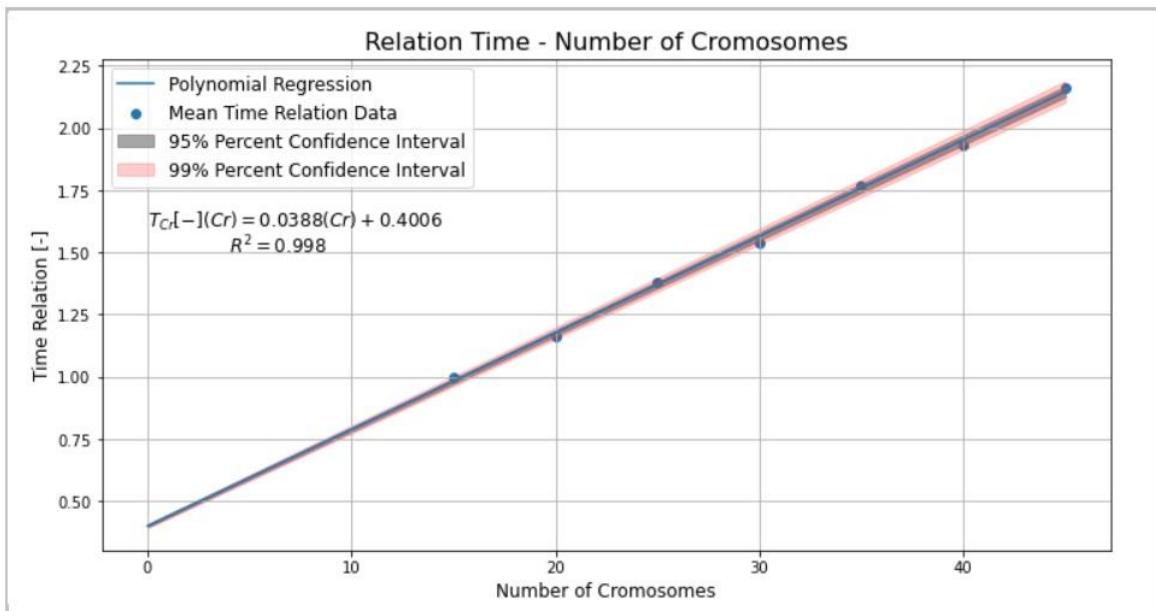


Figura 4.44 Relación temporal del número de cromosomas.

Tabla 4.12 Resumen resultados estadísticos asociados a simulaciones del apartado número de cromosomas.

Sample s	Number of Chromosomes	Mean Time Relation [-]	Standard Deviation of the Time Relation[-]	T Student 95% value	T Student 99% value	Delta 95% Confidence Interval [-]	Delta 99% Confidence Interval [-]	Delta/Mean Time Relation 95% [%]	Delta/Mea n Time Relation 99% [%]
100	15	1	-	-	-				
	20	1.16	0.05	1.98	2.63	0.01	0.01	0.8%	1.1%
	25	1.38	0.03			0.01	0.01	0.5%	0.6%
	30	1.54	0.04			0.01	0.01	0.5%	0.6%
	35	1.77	0.04			0.01	0.01	0.4%	0.5%
	40	1.93	0.06			0.01	0.02	0.7%	0.9%
	45	2.16	0.05			0.01	0.01	0.5%	0.6%

$$T_{Cr}(Cr) [-] = 0.0388 \cdot (Cr) + 0.4006 \quad (4.1)$$

Donde:

$T_{Cr}(Cr)$ [s]: Ecuación que calcula la contribución del número de cromosomas en el tiempo de compilación del proceso FP.

4.3.2 Número de Pozos

A continuación, se muestran los resultados principales asociados a la metodología descrita en la sección 3.3.2. La Figura 4.45 muestra la relación que existen entre el tiempo de compilación para un modelo genético con 5 data de pozos vs diferentes modelos genéticos con n data de pozos. La Tabla 4.13 muestra las relaciones y los valores estadísticos que permiten crear el gráfico de la Figura 4.45. Las demás tablas y gráficos se presentan en el Anexo C.3.

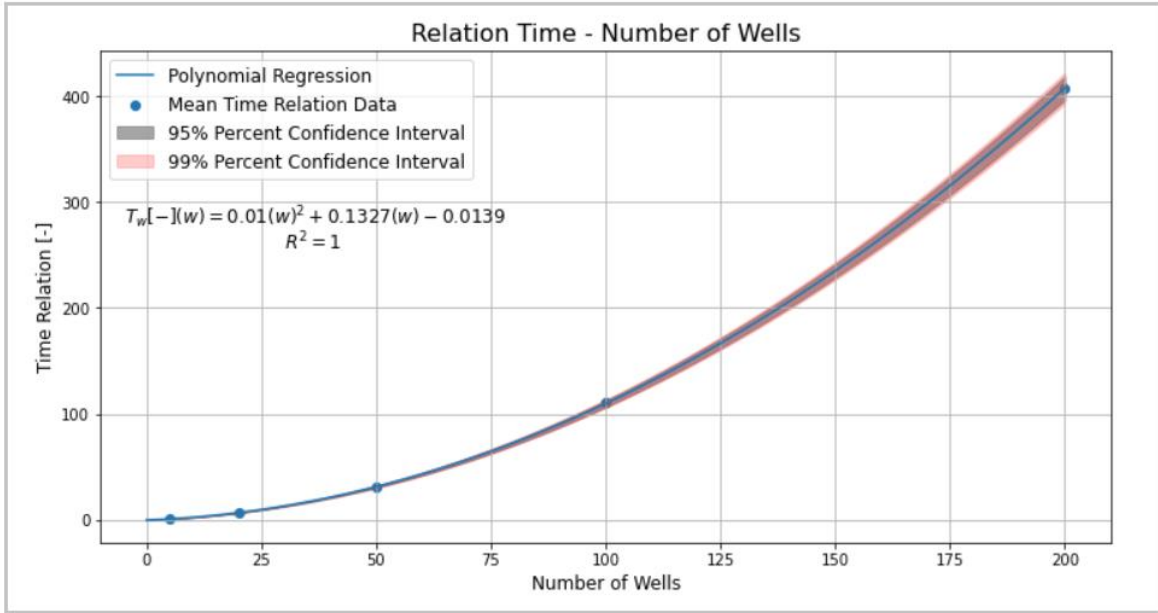


Figura 4.45 Relación temporal del número de pozos.

Tabla 4.13 Resumen resultados estadísticos asociados a simulaciones del apartado número de pozos.

Samples	Number of Wells	Mean Time Relation [-]	Standard Deviation of the Time Relation[-]	T Student 95% value	T Student 99% value	Delta 95% Confidence Interval [-]	Delta 99% Confidence Interval [-]	Delta/Mean Time Relation 95% [%]	Delta/Mean Time Relation 99% [%]
140	5	1	-	-	-	-	-	-	-
	20	6.8	0.3	1.97	2.61	0.0	0.1	0.6%	0.8%
	50	31.0	2.9			0.5	0.6	1.5%	1.9%
	100	113.7	14.0			2.2	2.9	1.9%	2.5%
	200	426.7	13.6			2.1	2.8	0.5%	0.7%

$$T_w(w) [-] = 0.01 \cdot (w)^2 + 0.1327 \cdot (w) - 0.0139 \quad (4.2)$$

Donde:

$T_w(w)$ [s]: que calcula la contribución del número de pozos en el tiempo de compilación del proceso FP.

4.3.3 Cantidad de Data Temporal (# Tiempos)

A continuación, se muestran los resultados principales asociados a la metodología descrita en la sección 3.3.3. La Figura 4.46 muestra la relación que existen entre el tiempo de compilación para un modelo genético con 20 datos temporales vs diferentes modelos genéticos con n datos temporales. La Tabla 4.14 muestra las relaciones y los valores estadísticos que permiten crear el gráfico de la Figura 4.46. Las demás tablas y gráficos se presentan en el Anexo C.4.

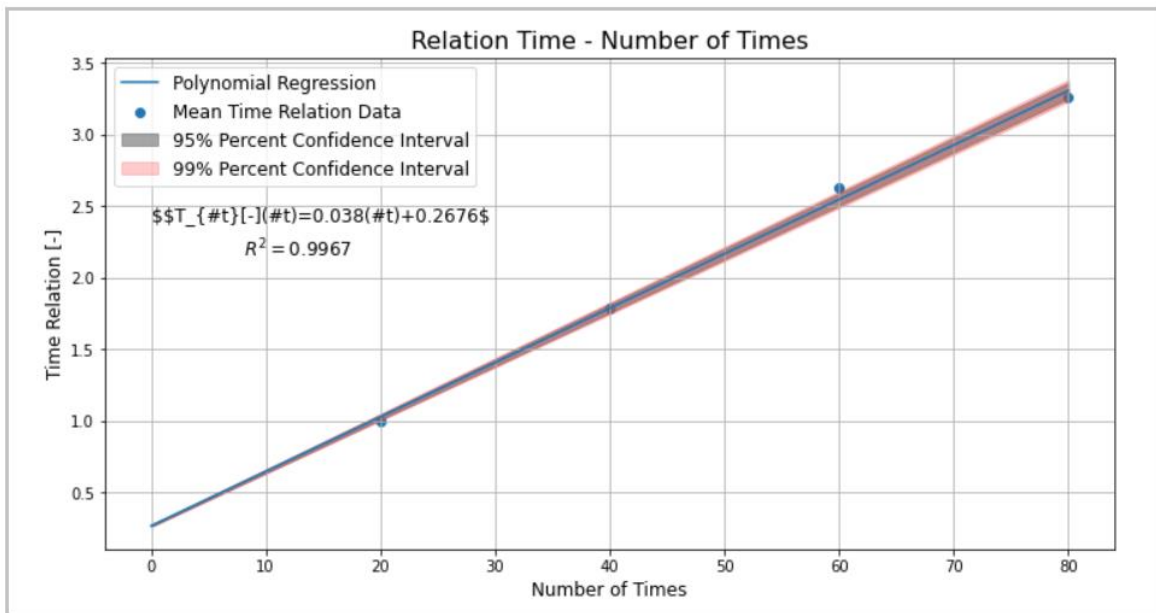


Figura 4.46 Relación temporal de la cantidad de data temporal.

Tabla 4.14 Resumen resultados estadísticos asociados a simulaciones del apartado cantidad de data temporal.

Sample s	Number of Times	Mean Time Relation [-]	Standard Deviation of the Time Relation[-]	T Student t 95% value	T Student t 99% value	Delta 95% Confidence Interval [-]	Delta 99% Confidence Interval [-]	Delta/Mea n Time Relation 95% [%]	Delta/Mea n Time Relation 99% [%]
140	20	1	-	-	-	-	-	-	-
	40	1.79	0.19	1.98	2.61	0.031	0.04	1.7%	2.3%
	60	2.63	0.14			0.02	0.03	0.9%	1.2%
	80	3.26	0.14			0.02	0.03	0.7%	0.9%

(4.3)

$$T_{\#t}(\#t) [-] = 0.038 \cdot (\#t) + 0.2676$$

Donde:

$T_{\#t}(\#t)$ [s]: Ecuación que calcula la contribución del número de Tiempos en el tiempo de compilación del proceso FP.

4.3.4 Número de Generaciones

A continuación, se muestran los resultados principales asociados a la metodología descrita en la sección 3.3.4. La Figura 4.47 muestra la relación que existen entre el tiempo de compilación para un modelo genético de 10 generaciones vs diferentes modelos genéticos de n generaciones. La Tabla 4.15 muestra las relaciones y los valores estadísticos que permiten crear el gráfico de la Figura 4.47. Las demás tablas y gráficos se presentan en el Anexo C.5.

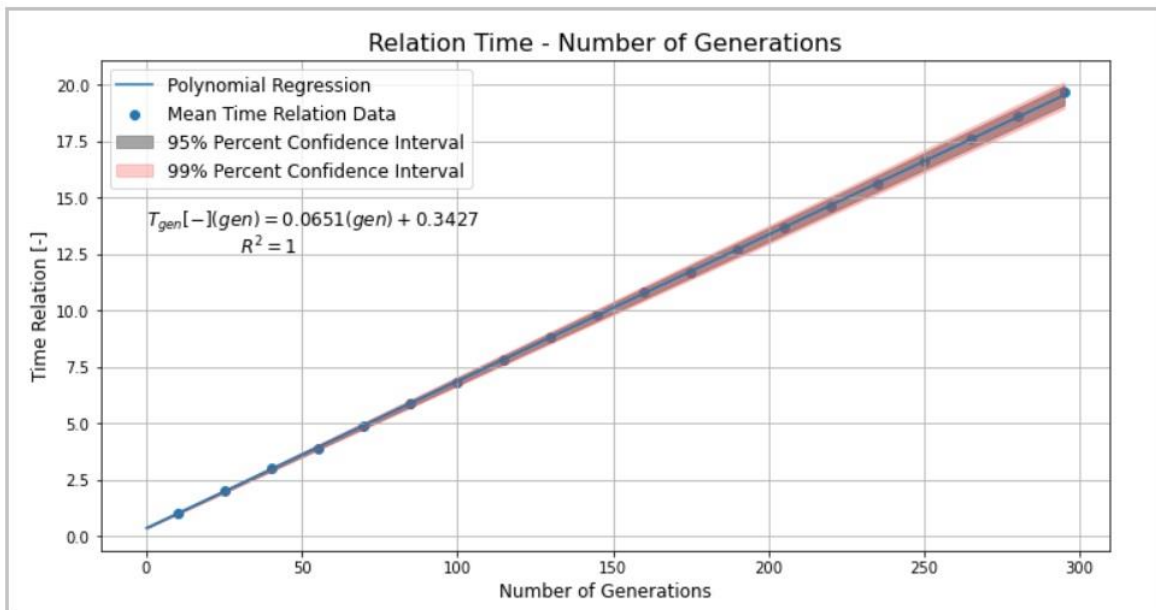


Figura 4.47 Relación temporal del número de generaciones.

Tabla 4.15 Resumen resultados estadísticos asociados a simulaciones del apartado número de generaciones.

Samples	Number of Generations	Mean Time Relation [-]	Standard Deviation of the Time Relation[-]	T Student 95% value	T Student 99% value	Delta 95% Confidence Interval [-]	Delta 99% Confidence Interval [-]	Delta/Mea n Time Relation 95% [%]	Delta/M ean Time Relation 99% [%]
35	10	1		2.0	2.7				
	25	2.0	0.0			0.02	0.02	0.9%	1.1%
	40	3.0	0.1			0.04	0.06	1.5%	2.0%
	55	3.9	0.2			0.06	0.08	1.5%	2.0%
	70	4.9	0.3			0.10	0.14	2.0%	2.8%
	85	5.9	0.3			0.09	0.13	1.6%	2.1%
	100	6.8	0.3			0.11	0.15	1.6%	2.2%
	115	7.8	0.4			0.12	0.17	1.6%	2.1%
	130	8.8	0.3			0.12	0.16	1.4%	1.8%
	145	9.8	0.4			0.13	0.18	1.4%	1.8%
	160	10.8	0.5			0.17	0.23	1.6%	2.2%
	175	11.7	0.5			0.18	0.24	1.5%	2.1%
	190	12.7	0.6			0.19	0.26	1.5%	2.0%
	205	13.7	0.6			0.21	0.29	1.6%	2.1%
	220	14.6	0.7			0.23	0.31	1.6%	2.1%
	235	15.6	0.7			0.23	0.31	1.5%	2.0%
	250	16.6	0.8			0.26	0.35	1.6%	2.1%
265	17.6	0.8	0.27	0.37	1.5%	2.1%			
280	18.6	0.8	0.28	0.37	1.5%	2.0%			
295	19.7	1.3	0.44	0.59	2.2%	3.0%			

$$T_{gen}(gen) [-] = 0.0651 \cdot (gen) + 0.3427 \quad (4.4)$$

Donde:

$T_{gen}(gen)$ [s]: Ecuación que calcula la contribución del número de Generaciones en el tiempo de compilación del proceso FP.

4.3.5 Expresión Analítica General para el Tiempo de Compilación del Proceso FP

Con las ecuaciones anteriores mostradas, la Ecuación 4.5 presenta la expresión analítica general para el tiempo de compilación del proceso.

$$T_{cFP}(Cr, w, gen, \#t) [s] = 0.01013 \cdot T_{Cr}(Cr) \cdot T_w(w) \cdot T_{\#t}(\#t) \cdot T_{gen}(gen) \quad (4.5)$$

Donde:

$T_{cFP}(\#t) [s]$: Ecuación que calcula el tiempo de compilación del proceso FP.

4.3.6 Factor de Corrección

A continuación, se presentan el promedio de las relaciones temporales, considerando como parámetro estadístico el número de cromosomas para las diferentes simulaciones realizadas, según lo indicado en la sección 3.3.6 de la presente metodología. La Figura 4.16 muestra la relación entre los tiempos de compilación teóricos y empíricos para el proceso FP en función del número de cromosomas. La Tabla 4.16 muestra los valores referidos a dichas relaciones. Los tiempos de ejecución, en conjunto con las relaciones para los diferentes escenarios, se presentan en el Anexo C.6.

Tabla 4.16 Resumen resultados estadísticos asociados a simulaciones del apartado factor de corrección.

Number of Chromosomes /Statistical Parameter	Average [m]	Standard Deviation [m]
20	0.7	0.02
30	0.61	0.02
40	0.6	0.02

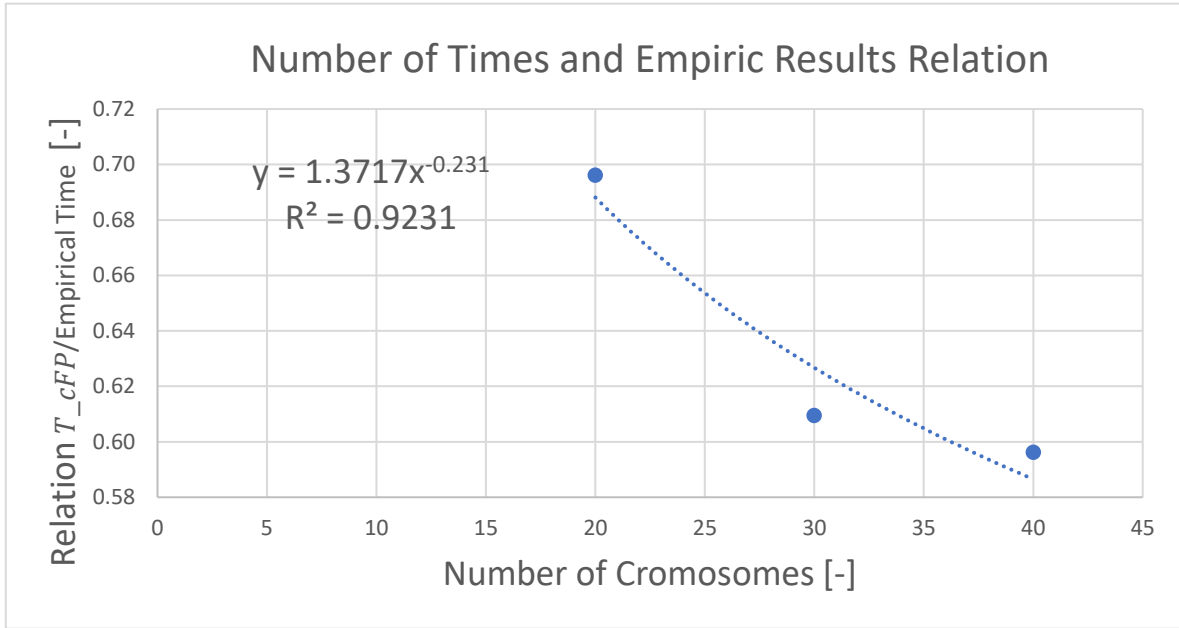


Figura 4.48 Relación entre la razón de tiempos de ejecución y la cantidad de data temporal.

De esta manera, se obtienen las ecuaciones que resultan de aplicar la metodología en función de los resultados mencionados anteriormente.

$$f_1(Cr)[-] = (1.315 \cdot (Cr)^{-0.23})^{-1} \quad (4.6)$$

$$\bar{T}_{cFP}(Cr, w, gen, \#t) [s] = 0.01013 \cdot T_{Cr}(Cr) \cdot \bar{T}_w(w) \cdot T_{\#t}(\#t) \cdot T_{gen}(gen) \cdot f_1(Cr) \quad (4.7)$$

Donde:

$f_1(\text{parameter}) [-]$: Función ajuste presentada en la presente sección y derivada de la metodología explicada en la sección 3.3.6.

$\bar{T}_{cFP}(w) [s]$: Ecuación ajustada que calcula el tiempo de compilación del proceso FP.

4.3.7 Expresión Analítica General para el Tiempo de Compilación del PLWSP

A continuación, se presentan los valores obtenidos, en conjunto con la gráfica, de los diferentes parámetros estadísticos de las relaciones temporales entre los múltiples escenarios simulados mencionados en la sección 3.3.8 de la presente metodología. La Figura 4.17 muestra la relación entre los tiempos de compilación empíricos del PLWSP y el FP en función del número de pozos. La Tabla 4.17 muestra los valores referidos a dichas relaciones

Tabla 4.17 Resumen resultados estadísticos asociados a simulaciones del apartado expresión analítica general para el tiempo de compilación del PLWSP.

Number of Wells/Statistical Parameter	Average Relation PLWSP/FP [-]	Standard Deviation [-]
10	11.8	1.2
45	43.8	1.4
80	65.1	1.9

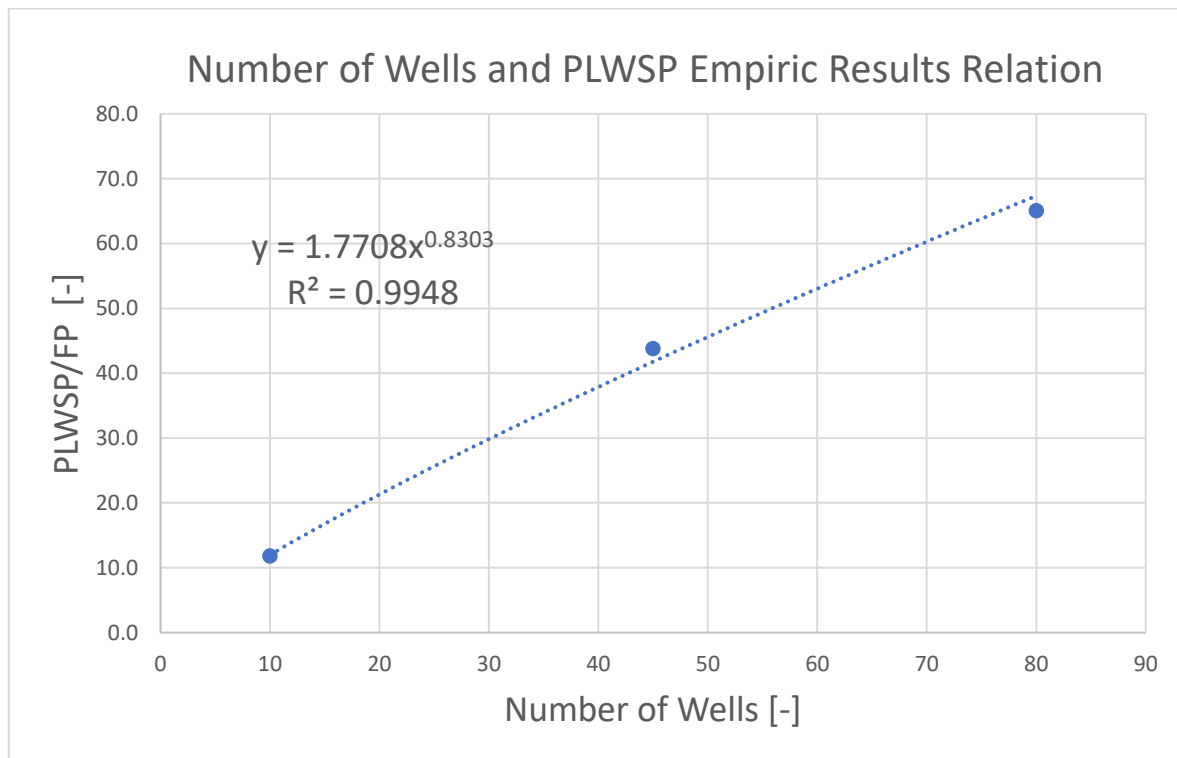


Figura 4.49 Relación entre la razón de tiempos de ejecución de los procesos PLWSP y FP y el número de pozos.

Una vez obtenido el factor que caracteriza la relación entre el FP y el PLWSP, se presenta a continuación la expresión analítica general para el tiempo de compilación del PLWSP. El factor de ajuste para esta expresión se obtuvo comparando diferentes curvas con el fin de disminuir el error entre los diferentes escenarios simulados.

$$f_2(w) = 1.78 \cdot (w)^{0.84} \quad (4.8)$$

$$T_{cPLWSP}(Cr, w, gen, \#t) [s] = \bar{T}_{cFP}(Cr, w, gen, \#t) \cdot f_2(w) \quad (4.9)$$

Donde:

$T_{cPLWSP}(Cr, w, gen, \#t) [s]$: Ecuación que calcula el tiempo de compilación del proceso PLWSP.

$f_2 [-]$: Función ajuste que resulta de seguir la metodología.

Los resultados de los 21 escenarios simulados, se presentan en la Tabla 4.18. Por otro lado, la Tabla 4.19 muestra los resultados obtenidos para los casos target. La Tabla 4.20 muestra los resultados estadísticos asociados a las tablas anteriores. La Figura 4.50 muestra la relación entre los tiempos empíricos del algoritmo genético completo (PLWSP) y los tiempos teóricos resultante. Los detalles de los parámetros utilizados para cada uno de estos, en conjunto con los *Target Simulations* se presentan en el Anexo C.7.

Tabla 4.18 Resultados de los tiempos de ejecución (teóricos y empíricos) por muestra.

Sample	Colab Time [s]	Proposal Equation Time [s]	Error
1	422	405	4%
2	420	441	5%
3	518	445	14%
4	1467	1585	8%
5	213	197	7%
6	835	889	7%

7	1993	1930	3%
8	223	215	3%
9	938	959	2%
10	524	644	23%
11	224	198	12%
12	87	84	3%
13	248	260	5%
14	288	341	19%
15	135	142	6%
16	229	251	10%
17	1193	1193	0%
18	2379	2327	2%
19	18965	20069	6%
20	2680	2648	1%
21	212	204	4%

Tabla 4.19 Resultados de los tiempos de ejecución (teóricos y empíricos) por muestra para los casos target.

Sample	Colab Time [s]	Proposal Equation Time [s]	Error
1	422	418	1%
5	213	210	2%
9	938	897	4%
11	224	211	6%

18	2379	2242	6%
19	18965	17976	5%
21	212	216	2%

Tabla 4.20 Resultados estadísticos de los tiempos de ejecución por tipo de muestra.

Scenario/Statistical Parameter	RMSE	Standard Deviation
All Simulations	8.84%	5.7%
Target Simulations	5.6%	3.3%

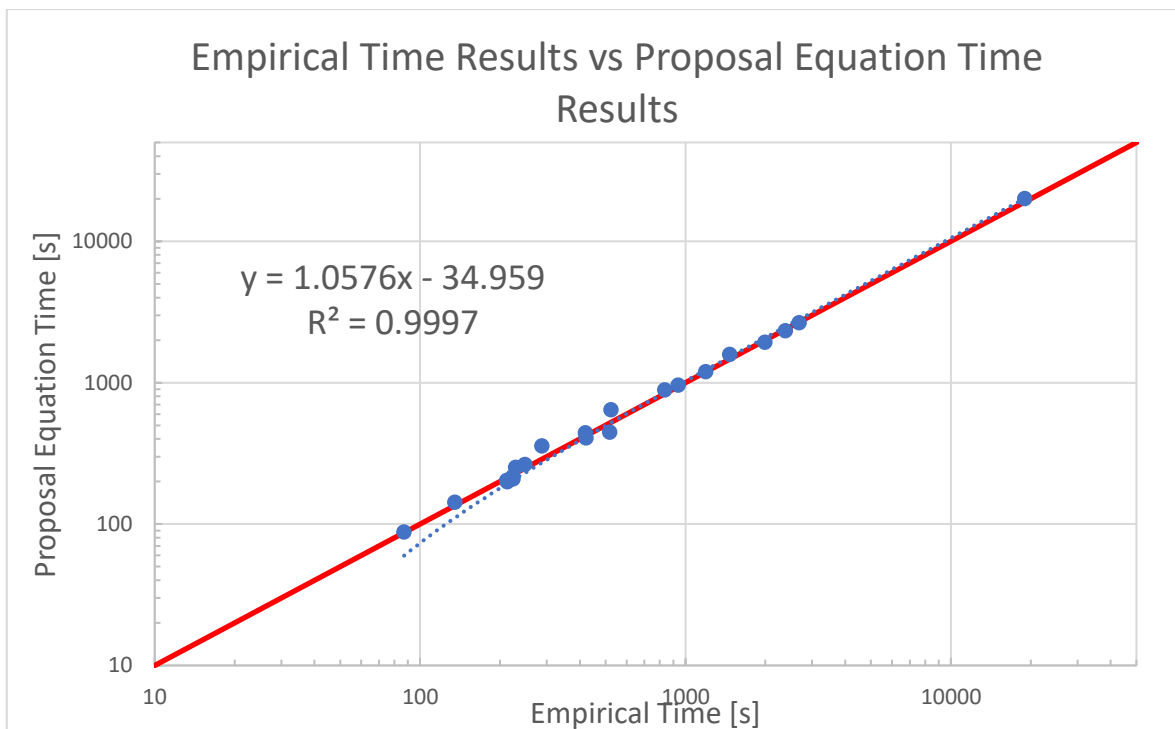


Figura 4.50 Relación entre los tiempos de ejecución teóricos y empíricos.

4.3.8 Tiempo Compilación Versión Numpy

Por simplicidad, se presentará solo la ecuación característica del proceso FP. Las tablas y otros gráficos, se presentan en el anexo. La ecuación 4.14 representa la expresión que permite calcular el tiempo de compilación para el proceso FP utilizando la librería *Numpy*, mientras que las Ecuaciones 4.10-4.14 son las expresiones asociadas a las diferentes variables dependientes involucradas en la ecuación.

$$T_{Cr_N}(Cr) [-] = 0.0423 \cdot (Cr) + 0.3629 \quad (4.10)$$

$$f_{1_N}(\#t)[-] = (1.315 \cdot (Cr)^{-0.23})^{-1} \quad (4.11)$$

$$T_{\#t_N}(\#t) [-] = 0.0321 \cdot (\#t) + 0.3609 \quad (4.12)$$

$$T_{gen_N}(gen) [-] = 0.0663 \cdot (gen) + 0.3349 \quad (4.13)$$

$$T_{CFPN}(Cr, w, gen, \#t) [s] = 0.306 \cdot T_{Cr_N}(Cr) \cdot T_{w_N}(w) \cdot T_{\#t_N}(\#t) \cdot T_{gen_N}(gen) \cdot f_{1_N}(\#t) \quad (4.14)$$

En la Figura 4.51 y Tabla 4.21 se muestran los tiempos de ejecución en conjunto con las relaciones al evaluar las expresiones encontradas anteriormente, según se explica en la sección 3.3.8 de la presenta metodología.

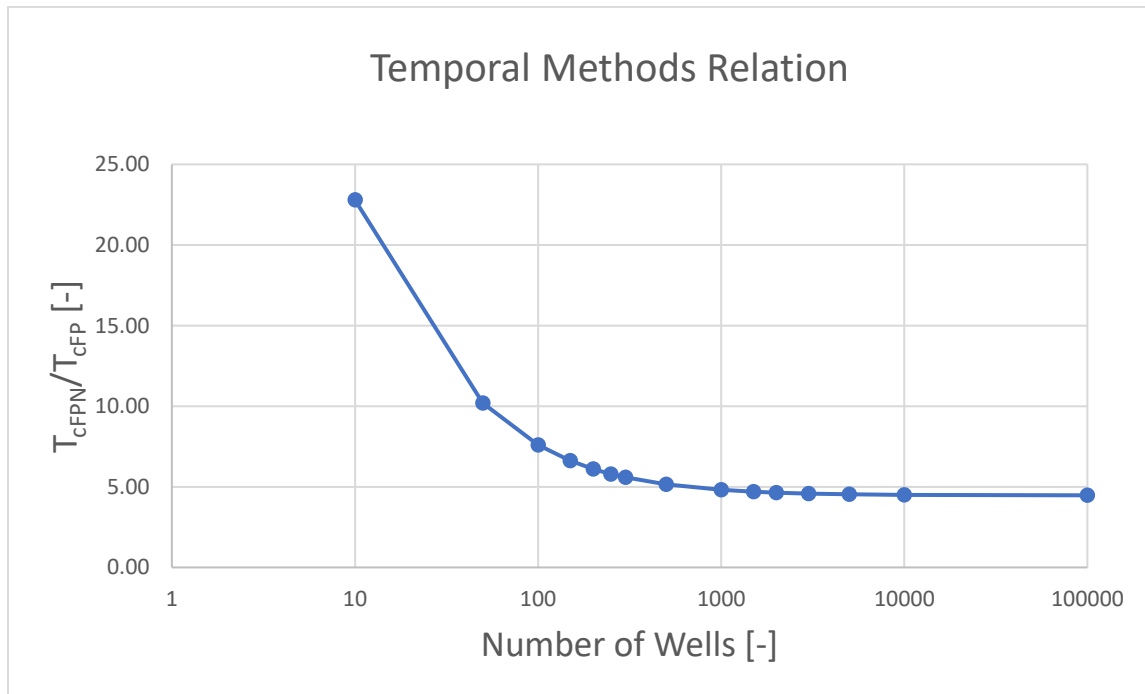


Figura 4.51 Relación entre la razón de tiempos de ejecución entre Numba y Numpy y el número de pozos de entrada en el modelo.

Tabla 4.21 Relación entre la razón de tiempos de ejecución entre Numba y Numpy y el número de pozos de entrada en el modelo.

Number of Cromosomes = 30; Number of Generations = 200; Number of Times = 200			
Number of Wells	Numba [s]	Numpy [s]	Relation Numba/Numpy
10	3	77	22.79
50	60	609	10.19
100	232	1758	7.59
150	521	3449	6.62
200	932	5694	6.11
250	1467	8499	5.79
300	2127	11871	5.58
500	6051	31133	5.15
1000	25124	120855	4.81
1500	57831	271642	4.70
2000	104487	484846	4.64
3000	240457	1102041	4.58
5000	686690	3115679	4.54
10000	2847255	12820490	4.50
100000	316268324	1414241965	4.47

4.4 Caso en Estudio, Salar de Atacama

A continuación, se presentan los principales resultados, del programa computacional para la data de pozos del sector de Negrillar y Tilopozo, tal como se describe en la sección 3.6 de la presente metodología. Los resultados gráficos de las curvas obtenidas por el modelo y otros varios, se encuentran en el Anexo D.

4.4.1 Negrillar

La Tabla 4.22 muestra los resultados de RMSE obtenidos por el código computacional en función de las curvas obtenidas y de los diferentes pozos estudiados en el sector. La Tabla 4.23 muestra los principales resultados estadísticos obtenidos por el modelo en función de las curvas obtenidas. La Tabla 4.24 muestra los pozos *LWS* obtenidos por el código computacional. La Tabla 4.25 muestra el RMSE aproximado obtenido por *Golder Associates* para el sector de Negrillar. Finalmente, la Figura 4.52 muestra la matriz FIM, en el cual se ve como varía el RMSE en función de la cantidad de pozos a elección. Los demás resultados se muestran en el Anexo D.1.

Tabla 4.22 Resumen de resultados (RMSE) asociados a Negrillar por pozo.

RMSE Results per Method Summary							
Well/RMSE Result per Method	RMSE LWS LP [m]	RMSE CLWS LP [m]	RMSE LWS TP [m]	RMSE CLWS TP [m]	RMSE CLWS Rot TP [m]	Optimum Well Type [m]	Optimum RMSE [m]
NEP-1	0.16	0.16	0.21	0.19	0.24	CLWS	0.19
NEP-2	0.39	0.22	0.51	0.29	0.25	CLWS Rot	0.25
NEP-3	0.28	0.26	0.67	0.57	0.16	CLWS Rot	0.16
NEP-9	1.95	1.91	2.32	2.27	2.73	CLWS	2.27
NEP-10	0.4	0.42	0.73	0.88	0.49	CLWS Rot	0.49
NEP-11	0.87	0.84	2.11	2.02	0.78	CLWS Rot	0.78
NEX-4	0.17	0.02	0.17	0.03	0.01	CLWS Rot	0.01

Tabla 4.23 Resumen resultados estadísticos asociados a Negrillar obtenidos por método.

Summary RMSE Statistical Parameters Results per Method		
Type Method	Average [m]	Standard Deviation [m]
LWS	0.96	0.88
CLWS	0.89	0.9
CLWS Rot	0.67	0.94
Combinated	0.59	0.78

Tabla 4.24 Pozos representativos caso Negrillar.

Representative Wells (LWS)	
Well's Number	LWS
1	NEP-5
2	NEX-1
3	NEP-8
4	NEP-7

Tabla 4.25 Error promedio obtenido por Golder Associates asociado al sector de Negrillar (2017).

	Average RMSE [m]
Golder Associates (2017)	4.3

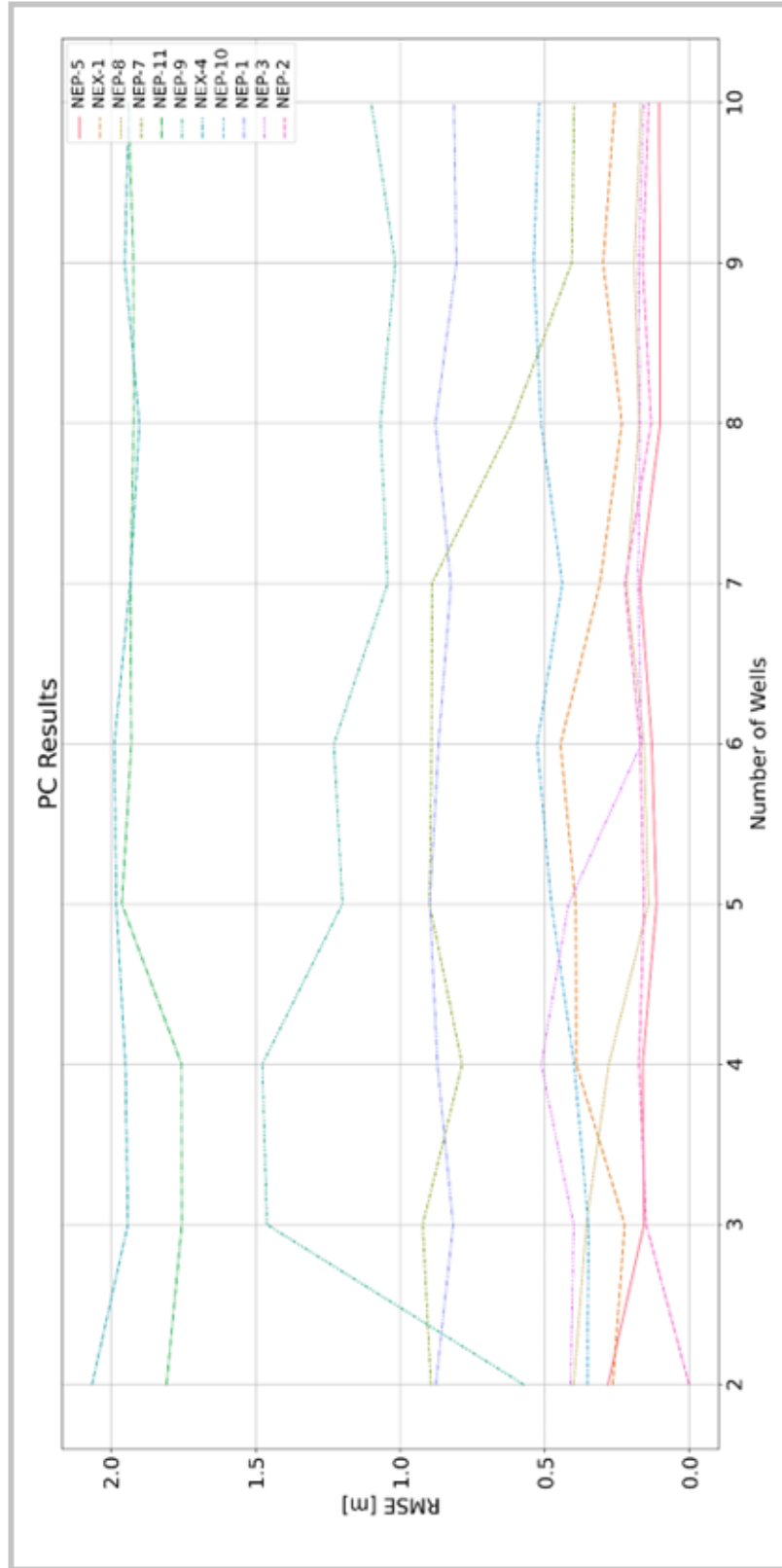


Figura 4.52 Resultado gráfico de la FIM para la data de pozos del sector de Negrillar.

4.4.2 Tilopozo

La Tabla 4.26 muestra los resultados de RMSE obtenidos por el código computacional en función de las curvas obtenidas y de los diferentes pozos estudiados en el sector. La Tabla 4.27 muestra los principales resultados estadísticos obtenidos por el modelo en función de las curvas obtenidas. La Tabla 4.28 muestra los pozos *LWS* obtenidos por el código computacional. La Tabla 4.29 muestra el RMSE aproximado obtenido por *Golder Associates* para el sector de Negrillar. Finalmente, la Figura 4.53 muestra la matriz FIM, en el cual se ve como varía el RMSE en función de la cantidad de pozos a elección. Los demás resultados se muestran en el Anexo D.2.

Tabla 4.26 Resumen de resultados (RMSE) asociados a Tilopozo por pozo.

RMSE Results per Method Summary							
Well/RMSE Result per Method	RMSE LWS LP [m]	RMSE CLWS LP [m]	RMSE LWS TP [m]	RMSE CLWS TP [m]	RMSE CLWS Rot TP [m]	Optimum Well Type [m]	Optimum RMSE [m]
TP-2	0.07	0.07	0.08	0.08	0.08	CLWS Rot	0.08
PC-1200	0.07	0.07	0.13	0.13	0.09	CLWS Rot	0.09
TPZ-3	0.02	0.02	0.03	0.03	0.03	CLWS Rot	0.03
TPZ-2B	0.03	0.04	0.15	0.15	0.16	CLWS	0.15
TPZ-4	0.06	0.06	0.06	0.07	0.07	LWS	0.06
TPA-5A	0.08	0.08	0.08	0.08	0.08	CLWS	0.08
TPZ-5B	0.06	0.06	0.05	0.06	0.2	LWS	0.05
TPZ-6	0.07	0.06	0.49	0.49	0.82	CLWS	0.49
TPZ-7B	0.08	0.08	0.08	0.08	0.32	CLWS	0.08
TPZ-8	0.03	0.03	0.03	0.03	0.14	CLWS	0.03
TPZ-9A	0.08	0.07	2.35	2.35	2.07	CLWS Rot	2.07
TPZ-10	0.08	0.09	0.08	0.09	0.17	LWS	0.08
TPZ-12	0.04	0.04	0.04	0.04	0.1	LWS	0.04

Tabla 4.27 Resumen resultados estadísticos asociados a Tilopozo obtenidos por método.

Summary RMSE Statistical Parameters Results per Method		
Type Method	Average [m]	Standard Deviation [m]
LWS	0.28	0.63
CLWS	0.28	0.63
CLWS Rot	0.33	0.56
Combinated	0.26	0.56

Tabla 4.28 Pozos representativos Tilopozo.

Representative Wells (LWS)	
Well's Number	LWS
1	TPZ-2C
2	TPZ-2A
3	TPZ-9C
4	TPZ-9B

Tabla 4.29 Error promedio obtenido por Golder Associates asociado al sector de Negrillar (2017).

	Average RMSE [m]
Golder Associates (2017)	0.5

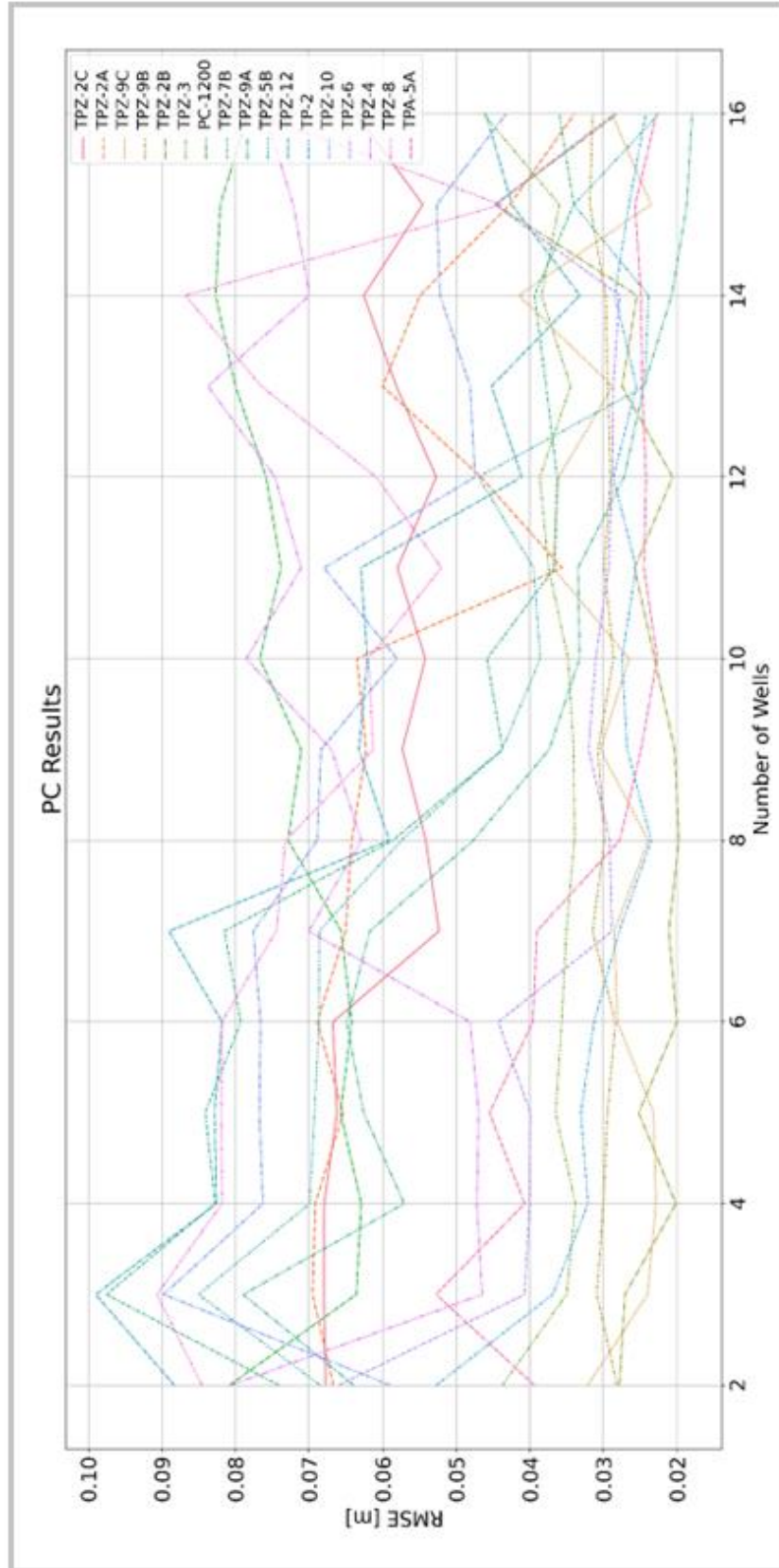


Figura 4.53 Resultado gráfico de la FIM para la data de pozos del sector de Tilopozo.

5. Discusión

En la presente sección se hace una discusión de los resultados obtenidos en el capítulo anterior, en base a la revisión bibliográfica hecha y los análisis llevados a cabo en el trabajo.

5.1 Parámetros de Replicación

5.1.1 Probabilidad de Entrecruzamiento

Como se puede observar en las Figuras 4.1-4.4, a nivel general, la variación de este parámetro no tiene como consecuencia mayores diferencias en los resultados en cuanto a RMSE se refiere. Sin embargo, se aprecia que, a mayores valores de este, el rango de valores donde se obtienen los mínimos valores de RMSE, es mayor. De esta manera, y siguiendo en línea con los diferentes autores mencionados en la sección 2.2.1.7 de la presente bibliografía (Tabla 2.1), se recomienda valores altos para el modelo creado en este trabajo. Mencionado aquello, en base a los resultados obtenidos, considerando los valores sugeridos, y para evitar que ocurra siempre el entrecruzamiento, en este trabajo se recomiendan valores de **0.85**, para este parámetro. Valor utilizado en los resultados posteriores descritos en la sección de resultados.

5.1.2 Probabilidad de Mutación

Para el caso de este parámetro, en las Figuras 4.5-4.10, se observa una dependencia importante entre la cantidad de pozos y la dispersión de los resultados, en cuanto a RMSE se refiere. Asimismo, se observa que, a mayor cantidad de pozos, el mínimo valor de RMSE se obtiene para menores probabilidades de mutación. Por otro lado, se observa que en la totalidad de las simulaciones realizadas tanto para valores tipo arange como sintéticos, la probabilidad de mutación obtenida mediante la Ecuación 3.2, propuesta en este trabajo, se encuentra en el rango donde se encuentran los mínimos. Por el contrario, los valores propuestos por los diferentes autores de la Bibliografía (Tabla 2.1), entregan resultados que se alejan del óptimo en al menos alguna de las simulaciones realizadas. De esta manera, y en línea con el objetivo de la metodología de la presente sección, se comprueba la eficacia de la expresión propuesta para calcular la probabilidad de mutación en este modelo en particular.

5.1.3 Número de Generaciones y Cromosomas

Referente a estos parámetros, se puede observar en las Figuras 4.11-4.15, por un lado, que, a mayor cantidad de generaciones, disminuye el error obtenido por el modelo. Sin embargo, esta disminuye de manera logarítmica, por lo que, a partir de cierto número de generaciones, lo que se gana en disminución de error, no se compensa con la cantidad de tiempo requerido para correr el modelo. Por otro lado, se puede observar que, a mayor cantidad de cromosomas, el error disminuye de igual manera en la mayoría de los casos, sin presentar alguna tendencia matemática visible. Asimismo, se puede apreciar que para una cantidad muy pequeña de cromosomas (10, 15) el modelo obtiene resultados variables (RMSE) a medida que aumenta la cantidad de pozos y las generaciones, perdiendo el comportamiento logarítmico antes mencionado. Esto se debe posiblemente, a que el modelo, o, no alcanza a converger bajo la cantidad de generaciones simuladas, o converge a mínimos locales debido a la pequeña cantidad de las mismas, resultado de la poca diversificación en el propio modelo de replicación. Otro resultado interesante, es que para un modelo una gran cantidad de pozos (200) (Figura 4.15), tampoco resulta apropiado tener como parámetro de entrada un número de cromosomas demasiado alto (40,45), generando resultados similares a simulaciones realizadas con una baja cantidad de cromosomas. Sin embargo, se puede apreciar que, entre 25 y 35 cromosomas, el modelo presenta ese comportamiento logarítmico, sin mayores variaciones en cuanto a RMSE se refiere.

En cuanto al número de generaciones, lo correcto sería realizar una discusión con respecto al tiempo promedio de ejecución requerido para correr el modelo. Sin embargo, en primer lugar, esto involucraría agregar dicho parámetro en el análisis, lo que complicaría el trabajo, además de escaparse del objetivo general de esta tesis. En segundo lugar, al ser una variable más bien subjetiva, queda a criterio de cada usuario un valor óptimo de este. De esta manera, el presente análisis se realiza tomando en consideración el rango óptimo de cromosomas antes mencionado. Para este rango, se puede observar en la tabla del Anexo A, correspondiente al caso con 20 pozos, que el RMSE es menor a 5% en promedio, con respecto al mínimo posible (asintótico a 1 como se observa en la Figura 4.12), para una cantidad entre 195 y 205 generaciones. Es importante destacar, que se toma esta tabla como referencia, debido a que 20 es la cantidad promedio de pozos con data, que se presenta en las dos zonas de estudio del presente trabajo. Dicho esto, y en base a lo discutido en este apartado, se recomienda para este modelo en particular, una cantidad de **30 cromosomas y como mínimo 200 generaciones**.

5.2 Implementación de mejoras en el modelo genético

En primer lugar, se puede observar que el modelo que simula la metodología realizada por Mahmud et al. (2021), logra buenos resultados para ciertos pozos. Sin embargo, este no logra representar de buena manera, a pozos con carga hidráulica

elevada (OWT 4, Caso Valores Sintéticos, Figura 4.13. NEP-3, Caso Negrillar, Figura 4.32), debido a las propias limitantes del modelo genético. En efecto, debido a la capacidad de que los genes adopten valores entre -1 y 1 , con una suma de estos igual a 1 . Esto conlleva a errores elevados (Tablas 4.1 y 4.5), que, en primera instancia, dejarían al usuario con la incertidumbre de utilizar dicho modelo. Sin embargo, esto es indicador de que en dicha zona solamente existen pocos pozos de observación en la zona, por lo que el usuario del modelo debería considerar representar esa zona con alguno de esos pozos.

Por otro lado, el modelo con la implementación “*Constant Adittion*”, suprime esta limitación, al adicionar una constante que permite eliminar las diferencias de cotas entre pozos, (OWT 4, Caso Valores Sintéticos, Ver Figura 4.19, NEP-3, Caso Negrillar, Figura 4.34), esto permite al modelo correlacionar a los pozos solamente por su comportamiento, el cual viene dado por las características físicas del acuífero, como lo son la conductividad, coeficiente de almacenamiento, transmisividad, entre otros. Tal como se observa en la tabla de resultados (Tablas 4.9 y 4.11), solo esta implementación, mejora en un **84%** el error promedio, para el caso con valores sintéticos y un **78%** para el caso de estudio en Negrillar. Mientras que disminuye la desviación estándar en un **94%** y **88%** respectivamente. Es importante mencionar, que esto no fue problema para Mahmud et al. (2021), debido a que la zona de estudio presentaba cargas hidráulicas del orden de los 30 metros, por lo que los pozos de dicha zona, presentaban cotas bajas y relativamente cercanas entre ellas. Por el contrario, el Salar de Atacama se destaca por tener altitudes que rondan los 3000 metros, resultando en los problemas antes mencionados, pero que, sin embargo, son fácilmente solucionables con esta implementación. Cabe destacar que estos resultados si bien mejora el valor de RMSE no mejoraría eventualmente los resultados en cuanto a la optimización de la elección en la red de monitoreo, esto debido a que una mejora en el RMSE no indica una mejora en la correlación física entre los pozos. Esto último es a causa de que cargas hidráulicas elevadas que antes no podía ser representadas y daban al usuario un mensaje de que no existen pozos que correlacionen a este, ahora si serán representadas (matemáticamente). Esto repercute al momento de por ejemplo de realizar un modelo hidrogeológico y calcular las equipotenciales utilizando los CLWS. Sin embargo, si eventualmente el objetivo es representar esa zona utilizando las correlaciones matemáticas obtenidas por el modelo, esta mejora incrementa de manera importante las correlaciones matemáticas. De esta manera, esta implementación se deja como optativa para el usuario.

Siguiendo con la línea de resultados, la implementación del “*Random Index Position*”, entrega resultados variables en cuanto a mejora en el parámetro de RMSE se refiere. Por un lado, mejora los resultados con respecto al modelo de original de Mahmud et al. (2021), en un **83%**, para el caso con datos sintéticos (Tabla 4.9), pero en un **75%** (Tabla 4.11), para el caso de estudio en Negrillar, resultando en una mejora levemente menor a la obtenida por el modelo con la

implementación ‘Constant Addition’. En contra parte, se aprecia una leve mejora con respecto a la desviación estándar, en un **95%** y **91%** respectivamente. Aun cuando, según la teoría, mencionada en el apartado 3.2.2.3.2, se debería obtener una mejora con respecto a la implementación anterior, la discrepancia mostrada, se debe principalmente a la convergencia de los modelos al valor mínimo asintóticamente posible, debido tanto a las correlaciones matemáticas entre la data de pozos, como a los valores de los parámetros de replicación. A pesar de esto, los resultados estadísticos tienden a mostrar una leve inclinación a una mejora en el modelo, por lo que se incluye de todas formas en el modelo propuesto.

Finalmente, la última implementación “Rotation Process”, entrega resultados bastante favorables en cuando a mejora porcentual se refiere. Tal como se puede ver en las Figuras 4.28-4.30, 4.41-4.43 y las presentes en el Anexo B.1.4, la curva generada por esta, entrega mejores resultados, al aproximar de mejor manera la data historia, tanto en la etapa de aprendizaje, como en la etapa de testeo. En efecto, las Tablas 4.4 y 4.8, indican que la mayoría de las curvas que mejor representan a la data original, son las originadas por el modelo que incluye este quinto proceso. Utilizando los resultados de las Tablas 4.9 y 4.11, se puede apreciar que la mejora en el parámetro RMSE utilizando este proceso, es de un **95%** para el caso con datos sintéticos, y un **90%**, para el caso de estudio en Negrillar. Asimismo, la mejorar con respecto a la desviación estándar es de **99%** y un **92%** respectivamente.

Los casos en que no se consiguen mejores resultados son pocos, y se debe principalmente a la forma sinusoidal “No suave”, de la data histórica, como es el caso de la Figura 4.33, relativa al pozo NEP-9 de Negrillar, o a los bajos valores de RMSE logrados en la etapa de aprendizaje, donde este quinto proceso tiene su base, el cual provoca que el modelo matemático en el cual se construye este quinto proceso, pierda sentido (Ver Apartado 3.2.2.3.3 de la presente metodología). Cabe destacar, que la forma sinusoidal de la data histórica, no es una excepción a la regla debido principalmente a los diferentes periodos estacionales que tengan como consecuencia la variación de la carga hidráulica, ya sea por la recarga directa desde la lluvia, o por la entrada y salida de agua entre los diferentes sistemas hídricos conectados hidráulicamente. Es posible que este efecto no sea visible con gran fuerza en el Salar de Atacama debido a las condiciones áridas del sector, a las extracciones de la zona y a las propiedades físicas de ciertos sectores de la zona. Sin embargo, debido a los buenos resultados expuestos, se incluye este quinto proceso en el modelo, y se deja a criterio del usuario la utilización de este. Cabe destacar que al igual que la primera implementación, esta no mejora los valores obtenidos que representan las correlaciones físicas entre los pozos y apunta solamente a mejorar las correlaciones matemáticas entre estas.

Con respecto a los resultados gráficos de la “Fitness Matrix”, se puede observar que efectivamente, el caso original de Mahmud et al. (2021) presenta los valores más altos de RMSE, (Figuras 4.19 y 4.34). Por otro lado, los demás casos no presentan

mayores diferencias, principalmente debido a que las implementaciones realizadas (“Random Index Position”, etc.) tienen su base en un proceso posterior al que entrega este tipo de resultados (Figuras 4.23,4.27 y 4.31 para la Data Sintética y Figuras 4.37, 4.40 y 4.43 para el caso de Negrillar).

Finalmente, en la Tabla 4.10, se pueden apreciar los diferentes pozos representativos por metodología, destacando con un color, a cada grupo de pozos con correlaciones perfectas. En la primera columna, se presenta la combinación de pozos, en el cual, un modelo debería entregar, para obtener resultados con RMSE igual a 0, teóricamente. Se destaca, como el modelo de Mahmud et al. (2021) es el que abarca un mayor abanico de colores, es decir, una mejor representación teórica en cuanto a las correlaciones entre los diferentes pozos. Sin embargo, tal como se mencionó anteriormente, este entregó el peor resultado (en cuanto a RMSE se refiere), por lo que a priori, esto no es un buen indicador si el modelo no logra ajustar de buena manera las diferentes correlaciones físicas innatas entre los pozos. Por el contrario, los demás modelos presentan de 3 a 4 bandas de colores, siendo la implementación “*Random Index Position*” la que presenta la mayor cantidad de estos, incluso más que el modelo con la implementación “*Rotation Process*”, en cuanto a los resultados de RMSE de los CLWS. Cabe destacar, que esto último es consecuencia únicamente de la cualidad aleatoria que presenta los modelos genéticos, debido a que la implementación “*Rotation Process*”, tal como se menciona en la metodología, se realiza una vez obtenidos los CLWS. De esta manera, se hace necesario aumentar la cantidad de generaciones y/o cromosomas iniciales, o realizar diferentes simulaciones y obtener una suerte de promedio, proceso conocido como método de Montecarlo, con la salvedad de tener presente el aumento en el costo del tiempo de ejecución del modelo.

5.3 Tiempo de Compilación

5.3.1 Número de Cromosomas-Data Temporal-Generaciones-Número de Pozos

Como se puede apreciar en las Figuras 4.44, 4.46 y 4.47, estos tres primeros parámetros presentan una correlación lineal con el tiempo de compilación, presentando un R2 de casi uno y confirmando la premisa expuesta en la metodología, de acuerdo al orden de complejidad que presentan en el modelo.

Con respecto al número de pozos, a diferencia de los demás, presenta un comportamiento cuadrático (Figura 4.45), presentando un R2 de casi uno e igualmente confirmando la premisa expuesta en cuanto a su orden de complejidad. Este comportamiento, da cuenta de la alta elasticidad con respecto al tiempo de compilación, por lo que, si llegase haber una cantidad elevada de pozos, se hace

imprescindible acotar la cantidad de estos, en función de algún criterio en particular, ya sea geográfico, hidrogeológico u otro.

Por otro lado, se puede observar la baja banda de error del promedio de los datos, tanto para un intervalo del 95% como del 99%. De este modo, se puede esperar una alta exactitud en cuanto a los valores teóricos obtenidos mediante las ecuaciones propuestas en dichos apartados, y los valores empíricos.

5.3.2 Factor de Corrección

En la Figura 4.48, se puede observar la correlación entre la cantidad de cromosomas y la relación entre los tiempos del proceso FP, entregados por la Ecuación 4.5 y los datos empíricos. En ella se puede apreciar como los valores entregados por la ecuación propuesta subestiman a los valores reales empíricos. Asimismo, se puede ver como la regresión no logra representar de buena manera el comportamiento de estas variables. Esto provoca que los valores a predecir por la ecuación ajustada presenten cierto error. Sin embargo, debido a que el objetivo de esta ecuación es obtener una noción del tiempo de compilación y no un valor exacto, se permite un cierto margen de error. Por otro lado, la ecuación de ajuste (Ecuación 4.6) presenta cierta diferencia, con la entregada por Excel, principalmente para obtener los menores errores posibles (RMSE) en las simulaciones de comprobaciones (Tabla 4.20).

5.3.3 Expresión Analítica General

Con respecto al apartado que detallan los resultados expuestos en el capítulo anterior, se puede apreciar como el segundo factor de corrección presenta una correlación bastante elevada entre el número de pozos y la relación entre las funciones FP y PLWSP (Ver Figura 4.49). Por otro lado, el comportamiento de esta, revela como el aumento de la cantidad de pozos en el input, aumenta de manera prácticamente lineal la relación antes mencionada. Por otro lado, si bien esta es lineal, si se toma en cuenta que el proceso FP, ya considera una relación cuadrática con respecto a la cantidad de pozos, esto indica que el proceso completo, PLWSP, tiene **una relación cúbica en cuanto a la cantidad de pozos y el tiempo de compilación.**

Con respecto a la ecuación de ajuste (Ecuación 4.8), esta presenta diferencias a la presentada por Excel, con el objetivo de disminuir el RMSE de cada simulación correspondiente al proceso de comprobación de la ecuación. En estas, se puede apreciar como el error para las simulaciones es menor al 10%, y cercano al 6% para las simulaciones "Target" (Tablas 4.18-4.20), las cuales se muestran gráficamente en la Figura 4.5. Es importante destacar, que más allá de la exactitud de las ecuaciones planteadas, lo relevante de los resultados de este tópico es el orden de complejidad de cada uno de los parámetros independientes, y más aún, la relación cúbica que presenta el parámetro asociado a la cantidad de pozos. Esto da cuenta

de la importancia de acotar la cantidad de pozos a estudiar, de lo contrario, se tendrá un elevado tiempo de compilación.

5.3.3. Tiempo de Compilación Versión Numpy

En este apartado se puede observar, la relación entre los tiempos de ejecución para el proceso FP entre un código escrito únicamente con la librería *Numpy* de Python y el código presentado en este trabajo, que se combina con la librería *Numba*. Es interesante destacar como mientras mayor sea la cantidad de pozos, menor es la contribución que aporta Numba en la optimización en el tiempo de compilación del programa (Figura 4.51). Esto da cuenta que, en el peor de los casos, el programa presentado en este trabajo es en promedio 4.5 veces más rápido (Tabla 4.21), que el mismo código escrito solamente con la librería Numba. Sin embargo, para efectos prácticos, este valor es de alrededor de 20-10 veces, tomando en consideración una cantidad promedio de 20-50 pozos, por zona de estudio. Estos resultados, permiten observar la importancia en el tiempo de ejecución de un programa computacional, esto dado que, si bien, es importante tener un código ejecutable y que realice cierta tarea, es imprescindible que también sea lo suficientemente rápido como para realizar los análisis pertinentes de los resultados, debido a la escasez del factor tiempo que hoy en día presenta el mercado en general.

5.4 Caso en Estudio, Salar de Atacama

5.4.1 Negrillar

Para este caso de estudio es importante destacar los buenos resultados obtenidos con solamente 4 pozos representativos. Cabe mencionar que el proceso IDF, generó que de los 11 pozos originales que entraron al input, los 11 entraron al siguiente proceso, MA. Por otro lado, como se puede apreciar en la Tabla 4.24, el error para este caso es cercano a 0.6 metros, utilizando las curvas con mejores desempeños para cada pozo. Con respecto al estudio de *Golder Associates* del año 2017, la calibración del estudio mencionado, llegó a un RMSE de 4.3 metros (ver Tabla 4.25, ver Anexo D.1.7). Sin embargo, es importante mencionar que este último valor, corresponde a la calibración de 13 pozos ubicados en la zona de estudio y no 7 a los cuales se refiere el presente trabajo. De todas formas, es interesante destacar la gran exactitud que se obtiene utilizando este modelo, incluso obteniendo mejores resultados que utilizando modelos físicos convencionales de la industria.

5.4.2 Tilopozo

El caso de Tilopozo es uno de los casos interesantes a analizar debido a la actual situación presente en la zona. Cabe mencionar que el proceso IDF, generó que de los 21 pozos originales que entraron al input, 17 entraran al siguiente proceso,

debido a la baja cantidad de datos que poseían 4 de ellos (TPZ-7A, TPZ-13C, TPZ-13E, TPZ-13C). Con respecto al modelo actual, este nuevamente arrojó mejores resultados que el modelo de Golder, obtenido el primero un RMSE de 0.26 (ver Tabla 4.27, ver Anexo D.2.7), mientras que el segundo, un valor de 0.5 (Tabla 4.29), utilizando solamente 4 pozos representativos.

Nuevamente es importante mencionar que este último valor, corresponde a la calibración de 63 pozos, y no a 13 a los cuales se refiere el presente trabajo (13 pozos representados y 4 representativos). Sin embargo, como valor de referencia, esto nos indica como el modelo, nuevamente obtiene mejores resultados que incluso un modelo físico. Por otro lado, es interesante notar que gran parte de los pozos presentan una gran exactitud, con respecto a la data histórica original, siendo solamente dos pozos, los que contribuyen a subir el RMSE promedio (pozos TPZ-6 y TPZ-9A, ver Tabla 4.26 y Anexo D.2.6). También es interesante analizar los resultados gráficos mostrados en el Anexo D.2.6, en esta se puede apreciar como la curva generada por el proceso "*Rotation Process*", no genera, en la mayoría de los casos, mejores resultados como se tenía originalmente previsto. Esto es, a causa del comportamiento oscilatorio de la carga hidráulica, tal como se mencionó en la sección 5.2 de la discusión.

5.4.3 Comentarios Generales

Los resultados de las dos zonas de estudio, muestran como el modelo presentado en este trabajo entrega, por un lado, buenos resultados en cuanto a RMSE se refiere y una mejora sustancial en comparación a los resultados de un modelo físico convencionales (en cuanto a RMSE se refiere). Esto último, considerando una cantidad relativamente baja de pozos para representar a los demás (CLWS). Sin embargo, estos resultados corresponden a una ejecución del modelo, por lo que, una nueva ejecución de este, podría eventualmente entregar diferentes pozos representativos, y, en consecuencia, diferentes correlaciones. Por otro lado, la cantidad de pozos representativos, se escogió en base al valor de RMSE para los primeros pozos, según lo indicado en la FIM. Sin embargo, sería interesante ver la respuesta para mayores cantidades de LWS.

6. Conclusiones y Recomendaciones

6.1 Conclusiones

A continuación, se establecen las principales conclusiones de este trabajo:

- Si es posible obtener una réplica del modelo de Mahmud et al. (2021), utilizando el lenguaje Python y sus librerías. Más aún, fue posible mejorar dicho modelo, incorporando nuevos procesos y conceptos teóricos aplicados a la práctica, que permitieron obtener mejores resultados en cuanto a la correlación entre los diferentes pozos, logrando muy por encima los objetivos propuestos en este trabajo.
- Se logró un crear un programa computacional básico, que va desde la toma de datos de entrada (IDF), hasta la exportación de los resultados del modelo presentado en este trabajo, a un archivo Excel (ODF).
- Tomando en cuenta lo discutido en cuanto a los valores óptimos en los parámetros de replicación, se da cuenta que cada modelo funciona de manera diferente, por lo que valores especificados en las diferentes bibliografías son referenciales.
- Considerando los resultados y la discusión correspondiente a la implementación de mejoras en el modelo genético, la cualidad aleatoria de este, entrega diferentes resultados, en cuanto la selección de los CLWS, y una pequeña variación del RMSE promedio. Esto último da cuenta de cómo el modelo si logra correlacionar los pozos que poseen características hidrogeológicas similares, aun a pesar de la eventual diferencia en cuanto a la selección de los CLWS.
- El quinto proceso implementado, "Rotation Process" funciona bastante bien en gran parte de los casos. Sin embargo, para data con periódicos estacionales muy marcados (Sinusoidales), puede no optimizar los resultados obtenidos por los CLWS.
- Como se observó en el apartado del tiempo de compilación, el modelo genético posee un orden de complejidad cúbico, en cuanto a la cantidad de pozos de entrada. De esta manera, se recomienda acotar la cantidad de estos, utilizando algún criterio en particular, ya espacial o geoestadístico (criterios DGA, sección 2.3).

- De las diferentes simulaciones, se puede observar que, a grandes rasgos el modelo funciona bastante bien, tanto en la fase de aprendizaje, como de prueba y en particular, para los casos de estudio presentados en este trabajo. Más aún, llegando a mejores resultados que los modelos físicos convencionales (RMSE). De esta manera, este trabajo da cuenta de la posibilidad de utilizar modelos genéticos para una red de monitoreo de las aguas subterráneas.

6.2 Recomendaciones

- Como futura mejora a este trabajo, se recomienda realizar un análisis de Montecarlo al modelo genético, con el fin de visualizar como varía el comportamiento de la media (RMSE).
- Reemplazar el proceso MGA, por un proceso más rápido y eventualmente igual o más eficiente, que obtenga la FM utilizando solamente el promedio del ranking de cada pozo obtenido en el FP.
- Analizar el efecto de involucrar mayor cantidad de puntos de entrecruzamiento.
- Utilizar el modelo incluyendo esta vez data de pozos de bombeo y analizar si es que es perceptible el efecto de la pérdida singular debido al flujo con régimen turbulento que fluye a través de la envoltura de grava.
- Realizar un modelo hidrogeológico y obtener las equipotenciales utilizando primeramente todos los pozos y luego solamente los CLWS. En la teoría las equipotenciales de ambos modelos deberían ser similares.

7. BIBLIOGRAFÍA

Abdalfattah, Aseel. (2020). Genetic Algorithms. 10.13140/RG.2.2.25427.81449.

Australian Scientific. “Horiva U-53G Multiparameter Water Quality Meter”
Revisado el 10/10/2022. Disponible en:

<https://www.austscientific.com.au/product/horiba-u-53g-multiparameter-water-quality-meter/>

Backus J. (1998). "The history of Fortran I, II, and III," in *IEEE Annals of the History of Computing*, vol. 20, no. 4, pp. 68-78, Oct.-Dec.

Bagchi T.P. (1999). What Are Genetic Algorithms?. In: *Multiobjective Scheduling by Genetic Algorithms*. Springer, Boston, MA.

Bartneck C., Lütge C., Wagner A., Welsh S. (2020). *An Introduction to Ethics in Robotics and AI*. Springer.

Bishop, C. M. (2006). *Pattern recognition and machine learning (Information science and statistics)*. Springer-Verlag New York, Inc.

Briseño Ruiz, J. V., Herrera Zamarrón, G. del S., & Júnez Ferreira, H. E. (2011). Método para el diseño óptimo de redes de monitoreo de los niveles del agua subterránea. *Tecnología Y Ciencias Del Agua*, 2(4), 77-96.

Bower Herman. (1978). *Groundwater Quality, Groundwater Hydrology*, Mc.Graw-Hill Kogakusha Ltd., Tokyo, pp. 83.

DGA. (2016a) Atlas del Agua Chile 2016. Santiago, Chile: Dirección General de Aguas, Ministerio Obras Públicas.

DGA. (2019). CRITERIOS PARA IMPLEMENTACIÓN DE REDES DE MONITOREO DE AGUAS SUBTERRÁNEAS, Informe técnico 420. Santiago de Chile: DGA, Ministerio de Obras Públicas, Gobierno de Chile. Disponible en:

<https://snia.mop.gob.cl/sad/SUB5873.pdf>

DGA. (2022). Derechos de aprovechamiento de aguas registrados en DGA, Consolidado Nacional. Disponible en:

https://dga.mop.gob.cl/productosyservicios/derechos_historicos/Paginas/default.aspx

DeJong, K. (1975). *Analysis of the Behavior of a Class of Genetic Adaptive*. Ph.D. Thesis, University of Michigan, Ann Arbor, MI, USA.

Donoso G, Lictevout E, Rinaudo JD, et al. (2020). Groundwater management lessons from Chile. In: Rinaudo JD, Holley C, Barnett S, editor. Sustainable groundwater management. Cham, ZH: Springer Nature.

Eiben A. E. and Smith J. E. (2015). Introduction to Evolutionary Computing (2nd. ed.). Springer Publishing Company, Incorporated.

Fogel L.J., Owens A.J., and Walsh M.J. (1965). Artificial intelligence through a simulation of evolution. In A. Callahan, M. Maxfield, and L.J. Fogel, editors, Biophysics and Cybernetic Systems, pages 131–156. Spartan, Washington D.

Fogel L.J., Owens A.J., and Walsh M.J. (1966). Artificial Intelligence through Simulated Evolution. Wiley, Chichester, UK.

Ganguli, Rupa. (2018). Genetic Algorithms and Machine Learning a Qualitative Approach Genetic Algorithms and Machine Learning a Qualitative Approach.

Gobierno de Chile (2014). 'Decreto 203, Reglamento y Normas de Exploración y Explotación de Aguas Subterráneas' Ministerio de Obras Públicas. Dirección General de Aguas. Santiago, Chile. Disponible en:

<http://www.leychile.cl/Navegar?idNorma=1060095>.

Golder Associates. (2017). Modelo Hidrogeológico Conceptual y Numérico para el Acuífero Monturaqui-Negrillar-Tilopozo. Preparado para: Minera Escondida Ltda.

Golestani Kermani, S.; Sayari, S.; Kisi, O.; Zounemat-Kermani, M. (2019). Comparing data driven models versus numerical models in simulation of waterfront advance in furrow irrigation. Irrig. Sci, 37, 547–560.

Goodfellow, I., Bengio, Y., & Courville, A. (2016). Deep learning. The MIT Press

Grefenstette, J. (1986). Optimization of control parameters for genetic algorithms. IEEE Trans. Syst. Man Cybern, 16, 122–128.

Grime, J (2013). Maths from the talk “Alan Turing and The Enigma Machine”

Hai Tao, Mohammed Majeed Hameed, Haydar Abdulameer Marhoon, Mohammad Zounemat-Kermani, Salim Heddami, Sungwon Kim, Sadeq Olewi Sulaiman, Mou Leong Tan, Zulfaqr Sa’adi, Ali Danandeh Mehr, Mohammed Falah Allawi, S.I. Abba, Jasni Mohamad Zain, Mayadah W. Falah, Mehdi Jamei, Neeraj Dhanraj Bokde, Maryam Bayatvarkeshi, Mustafa Al-Mukhtar, Suraj Kumar Bhagat, Tiyasha Tiyasha, Khaled Mohamed Khedher, Nadhir Al-Ansari, Shamsuddin Shahid, Zaher Mundher Yaseen. (2022). Groundwater level prediction using machine learning models: A comprehensive review, Neurocomputing, Volume 489, Pages 271-308.

Holland J.H. (1973). Genetic algorithms and the optimal allocation of trials. SIAM J. of Computing, 2:88–105.

- Holland J.H. (1992).** Adaption in Natural and Artificial Systems. MIT Press, Cambridge, MA. 1st edition: 1975, The University of Michigan Press, Ann Arbor.
- Herrera, G.S. (1998).** Cost Effective Groundwater Quality Sampling Network Design. Ph. D. thesis. Vermont: University of Vermont, Burlington, 172 pp.
- Jagdale K. (2022).** Artificial Intelligence and its Subsets: Machine Learning and its Algorithms, Deep Learning, and their Future Trends. 9.
- Janiesch, Christian & Zschech, Patrick & Heinrich, Kai. (2021).** Machine learning and deep learning.
- Jebari K., & Madiafi M. (2013).** Selection Methods for Genetic Algorithms. International Journal of Emerging Sciences.
- Kaplan A. and Haenlein M. (2019).** Siri, Siri, in my hand: Who's the fairest in the land? On the interpretations, illustrations, and implications of artificial intelligence, Business Horizons, Volume 62, Issue 1, 2019, Pages 15-25.
- Mahmod, W.E, Hassan I. Mohamed & Ahmed H. Suleiman. (2021).** Integrated approach for optimizing groundwater monitoring systems using evolutionary algorithms, Hydrological Sciences Journal.
- McPhee, J., de la Fuente, A., Herrera, P., Niño, Y., Olivares, M., Sancha, M. A., et al. (2012).** 'Diagnóstico del Agua en las Américas'. Mexico Distrito Federal: Foro Consultivo Científico y Tecnológico, AC.
- Mitchell, M., & Taylor, C. E. (1999).** Evolutionary Computation: An Overview. *Annual Review of Ecology and Systematics*, 30, 593–616.
- Muggleton S. (2014).** Alan Turing and the development of Artificial Intelligence. AI Communications. 27. 3-10.
- Najafabadipour A., Kamali G., Nezamabadi-Pour H. (2022).** Application of Artificial Intelligence Techniques for the Determination of Groundwater Level Using Spatio–Temporal Parameters. ACS Omega. 2022;7:10751–10764.
- Parisouj, P.; Mohebzadeh, H.; Lee, T. (2020).** Employing Machine Learning Algorithms for Streamflow Prediction: A Case Study of Four River Basins with Different Climatic Zones in the United States. *Water Resour. Manag*, 34, 4113–4131.
- Peña, H., Brown, E., Ahumada, G., Berroeta, C., Carvalho, J., Contreras, M., et al. (2011).** 'Temas Prioritarios para una Política Nacional de Recursos Hídricos.' I. d. I. d. C. Comisión de Aguas.
- Poole David L. and Mackworth Alan K. (2010).** Artificial Intelligence: Foundations of Computational Agents. Cambridge University Press, USA.
- Rajae T., Ebrahimi H., Nourani V. (2019).** A review of the artificial intelligence methods in groundwater level modeling, *J. Hydrol.* 572 336–351.

Ranjithan S., Eheart J., Garrett Jr. J. (1993). Neural network-based screening for groundwater reclamation under uncertainty. *Water Resour. Res.*, 29 (3) (1993), pp. 563-574.

Rechenberg I. (1973). *Evolutionstrategie: Optimierung technischer Systeme nach Prinzipien der biologischen Evolution.* Frommann-Hollboog Verlag, Stuttgart.

Regona, M.; Yigitcanlar, T.; Xia, B.; Li, R.Y.M. (2022). Opportunities and Adoption Challenges of AI in the Construction Industry: A PRISMA Review. *J. Open Innov. Technol. Mark. Complex.* 2022, 8, 45.

Rinaudo, J.-D., & Donoso, G. (2018). State, market or community failure? Untangling the determinants of groundwater depletion in Copiapó (Chile). *International Journal of Water Resources Development*, 1-21.

Rogers L.L., Dowla F.U. (1994). Optimization of groundwater remediation using artificial neural networks with parallel solute transport modeling, *Water Resour. Res.* 30 (2) 457–481.

Ruz-Vargas, C., Samaniego, L., Rangel, M. (2020). Estado actual del Monitoreo de agua subterránea en América Latina e Introducción al programa GGMN. *Aqua-LAC Volumen 12(1)*, 118-126.

Saini, N. (2017). Review of Selection Methods in Genetic Algorithms. *International Journal of Engineering and Computer Science*, 6(12), 22261–22263.

Schlierkamp-Voosen, D. (1993). Optimal interaction of mutation and crossover in the breeder genetic algorithm. In *International Conference on Genetic Algorithms*; Morgan Kaufmann Publishers Inc.: San Francisco, CA, USA.

Schwefel H.-P. (1995). *Evolution and Optimum Seeking.* Wiley, New York.

Shapiro J. (2001). Genetic algorithms in machine learning. In G. Paliouras, V. Karkaletsis, and C. D. Spyropoulos, editors, *Machine Learning and Its Applications*, volume LNAI 2049, pages 146 - 169. Springer, 2001.

Shu-T'ien Li. (1959). Origin and Development of the Chinese Abacus. *J. ACM* 6, 1 102–110.

SMA. (2022). SMA sancionó a Minera Escondida por \$6.600 millones tras daño ambiental. Disponible en:

<https://portal.sma.gob.cl/index.php/2022/03/10/sma-sanciono-a-minera-escondida-por-6-600-millones-tras-dano-ambiental/>

Tahmasebi, P.; Sahimi, M. (2021). Special issue on Machine Learning for Water Resources and Subsurface Systems. *Adv. Water Resour.* 149, 103851.

Ucursos. (2021). Curso: “Modelación de Aguas Subterráneas”. “Base de datos de niveles de los pozos de monitoreo del acuífero MNT”.

USGS. United States Geological Survey. (2016). U.S. Department of the Interior
Disponible en:

<https://www.usgs.gov/special-topics/water-science-school/science/where-earths-water>

Vuorinen, Heikki & Juuti, Petri & Katko, Tapio. (2007). History of water and health from ancient civilizations to modern times. Water Science & Technology: Water Supply. 7. 10.2166/ws.2007.006.

Williams, D.E. (1985). Modern Techniques in Well Design. Journal - American Water Works Association, 77: 68-74.

Zuse, H. (2013). Reconstruction of Konrad Zuse’s Z3. In: Tatnall, A., Blyth, T., Johnson, R. (eds) Making the History of Computing Relevant. HC 2013. IFIP Advances in Information and Communication Technology, vol 416. Springer, Berlin, Heidelberg.

Anexos

Anexo A.

Número de Generaciones y Cromosomas.

Number of Wells = 5; Number of Times = 20								
Generations	Cromosomes							
	10	15	20	25	30	35	40	45
10	1.37	1.22	1.14	1.14	1.15	1.11	1.16	1.09
25	1.09	1.15	1.08	1.03	1.15	1.08	1.07	1.02
40	1.09	1.13	1.09	1.08	1.07	1.07	1.03	1.07
55	1.04	1.06	1.03	1.03	1.02	1.02	1.02	1.02
70	1.07	1.02	1.05	1.01	1.02	1.01	1.02	1.03
85	1.02	1.04	1.04	1.02	1.03	1.01	1.01	1.01
100	1.03	1.03	1.01	1.01	1.01	1.01	1.00	1.01
115	1.02	1.01	1.02	1.01	1.02	1.01	1.00	1.00
130	1.02	1.02	1.01	1.01	1.01	1.00	1.00	1.00
145	1.01	1.01	1.00	1.01	1.01	1.01	1.00	1.00
160	1.01	1.02	1.01	1.01	1.01	1.00	1.00	1.00
175	1.01	1.00	1.01	1.01	1.00	1.01	1.00	1.00
190	1.01	1.01	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00
205	1.02	1.00	1.02	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00
220	1.02	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.01	1.00
235	1.01	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00
250	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00
265	1.01	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00
280	1.01	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00
295	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00

Number of Wells = 20; Number of Times = 20								
Generations	Cromosomes							
	10	15	20	25	30	35	40	45
10	4.05	2.94	3.71	3.38	2.06	3.02	2.86	2.51
25	2.21	2.03	1.90	1.72	2.03	2.13	1.86	1.41
40	1.61	1.49	1.66	1.62	1.47	1.46	1.57	1.57
55	1.70	1.42	1.46	1.31	1.44	1.29	1.37	1.24
70	1.52	1.44	1.29	1.36	1.31	1.18	1.19	1.19
85	1.27	1.34	1.29	1.17	1.28	1.17	1.14	1.21
100	1.29	1.27	1.13	1.21	1.23	1.20	1.09	1.11
115	1.26	1.17	1.12	1.13	1.14	1.11	1.06	1.07
130	1.31	1.13	1.19	1.14	1.09	1.05	1.10	1.11
145	1.32	1.09	1.10	1.09	1.05	1.08	1.07	1.10

160	1.16	1.09	1.08	1.14	1.03	1.07	1.09	1.04
175	1.17	1.04	1.06	1.14	1.06	1.05	1.04	1.02
190	1.09	1.11	1.06	1.07	1.04	1.03	1.04	1.04
205	1.14	1.07	1.04	1.06	1.03	1.03	1.02	1.01
220	1.08	1.03	1.03	1.10	1.06	1.05	1.02	1.02
235	1.07	1.18	1.03	1.02	1.02	1.02	1.03	1.02
250	1.05	1.06	1.07	1.05	1.01	1.01	1.01	1.01
265	1.06	1.11	1.03	1.04	1.02	1.02	1.01	1.02
280	1.04	1.03	1.03	1.05	1.04	1.01	1.01	1.01
295	1.07	1.03	1.04	1.02	1.01	1.02	1.01	1.03

Number of Wells = 50; Number of Times = 20								
Cromosomes \ Generations	10	15	20	25	30	35	40	45
	10	9.00	5.48	5.48	6.94	5.41	7.38	5.45
25	4.68	4.37	4.02	4.58	3.07	2.91	2.96	3.50
40	3.96	2.63	3.00	2.28	2.72	1.98	2.41	2.04
55	2.10	2.46	2.51	2.27	2.03	2.12	1.82	1.80
70	3.60	1.74	1.94	1.86	1.72	1.78	1.75	1.74
85	3.07	2.25	1.91	1.63	1.79	1.53	1.30	1.51
100	3.29	2.14	2.02	1.37	1.64	1.31	1.43	1.33
115	1.80	1.51	1.79	1.40	1.79	1.46	1.54	1.18
130	1.51	1.38	1.43	1.26	1.48	1.31	1.31	1.27
145	1.67	1.62	1.87	1.28	1.32	1.44	1.23	1.18
160	2.06	1.57	1.50	1.46	1.33	1.32	1.42	1.26
175	1.45	1.40	1.45	1.32	1.25	1.13	1.42	1.16
190	2.54	1.38	1.30	1.15	1.26	1.18	1.14	1.18
205	1.52	1.46	1.53	1.23	1.16	1.18	1.12	1.14
220	1.30	1.35	1.46	1.25	1.27	1.16	1.18	1.22
235	2.48	1.78	1.39	1.12	1.32	1.09	1.25	1.23
250	1.39	1.19	1.29	1.37	1.12	1.16	1.10	1.11
265	1.82	1.27	1.23	1.16	1.19	1.09	1.07	1.06
280	2.23	1.69	1.34	1.20	1.17	1.10	1.05	1.10
295	1.55	1.33	1.14	1.12	1.10	1.11	1.12	1.12

Number of Wells = 100; Number of Times = 20								
Cromosomes \ Generations	10	15	20	25	30	35	40	45

Generations \ Chromosomes								
10	18.6	9.7	15.6	10.5	11.6	16.5	10.9	9.2
25	15.4	10.5	16.0	7.4	7.2	5.1	9.4	4.0
40	15.7	5.9	9.0	3.9	9.1	5.9	4.7	4.2
55	11.8	14.5	8.9	3.0	5.9	3.9	2.6	3.0
70	7.2	4.2	5.8	4.7	3.0	2.8	4.1	3.9
85	3.9	3.6	11.2	4.0	3.1	2.2	3.1	3.0
100	17.2	5.7	8.3	2.0	4.8	2.6	4.1	1.9
115	13.2	7.3	3.4	6.4	3.0	2.8	2.5	1.6
130	11.8	2.7	15.4	2.4	2.1	3.1	2.4	2.0
145	8.9	2.5	4.2	2.6	2.7	2.0	2.1	1.8
160	7.0	3.1	8.3	7.4	1.6	1.7	1.5	1.6
175	24.7	3.8	11.5	1.8	2.0	1.8	2.5	1.6
190	11.9	7.1	9.6	1.9	1.7	1.7	2.0	1.9
205	13.8	4.2	9.6	3.1	1.6	2.3	1.5	1.4
220	7.8	4.0	6.7	1.9	1.7	1.6	1.8	1.3
235	13.6	4.9	12.9	4.1	1.7	1.7	1.6	1.6
250	11.6	8.1	14.9	1.6	2.0	1.7	1.5	1.3
265	7.4	4.2	12.1	3.3	1.8	1.6	1.6	1.4
280	7.9	3.5	3.4	2.7	1.6	2.1	1.3	1.5
295	5.2	11.9	6.9	2.8	2.1	1.3	1.7	1.5

Number of Wells = 200; Number of Times = 20								
Generations \ Chromosomes								
	10	15	20	25	30	35	40	45
10	55.5	27.1	25.1	24.0	35.1	34.1	28.7	25.9
25	22.8	14.2	13.8	16.5	25.2	20.9	22.8	19.1
40	33.8	9.5	10.2	4.3	22.0	24.2	31.3	12.2
55	16.8	6.9	5.6	8.7	13.1	43.7	16.5	9.2
70	11.0	7.9	5.0	5.7	28.9	15.2	22.6	7.3
85	15.6	6.1	6.2	3.4	18.4	39.2	20.7	16.3
100	11.1	3.3	3.7	2.7	18.4	20.4	25.0	8.8
115	15.0	8.2	5.5	2.0	16.6	8.7	14.4	10.7

130	19.2	5.1	2.7	6.3	15.5	8.6	24.0	7.3
145	7.4	4.0	3.0	2.8	12.5	12.5	21.1	11.2
160	15.7	9.2	4.1	4.5	20.2	10.9	19.6	3.2
175	21.2	3.5	2.7	2.4	21.7	15.1	16.4	19.8
190	9.8	3.3	2.8	2.0	22.4	28.8	14.7	6.6
205	14.8	3.2	2.3	2.0	17.7	24.6	11.4	13.7
220	15.1	7.8	2.1	1.5	16.5	24.8	7.9	4.1
235	34.6	5.6	2.4	1.4	10.2	14.0	11.5	8.8
250	10.1	5.3	2.1	2.4	30.9	24.0	20.1	12.9
265	10.8	5.0	1.8	1.6	12.1	7.6	14.6	4.5
280	16.2	2.9	1.8	1.7	20.4	11.1	50.0	5.5
295	14.0	3.0	2.1	2.3	14.6	11.2	12.5	18.2

Anexo B.

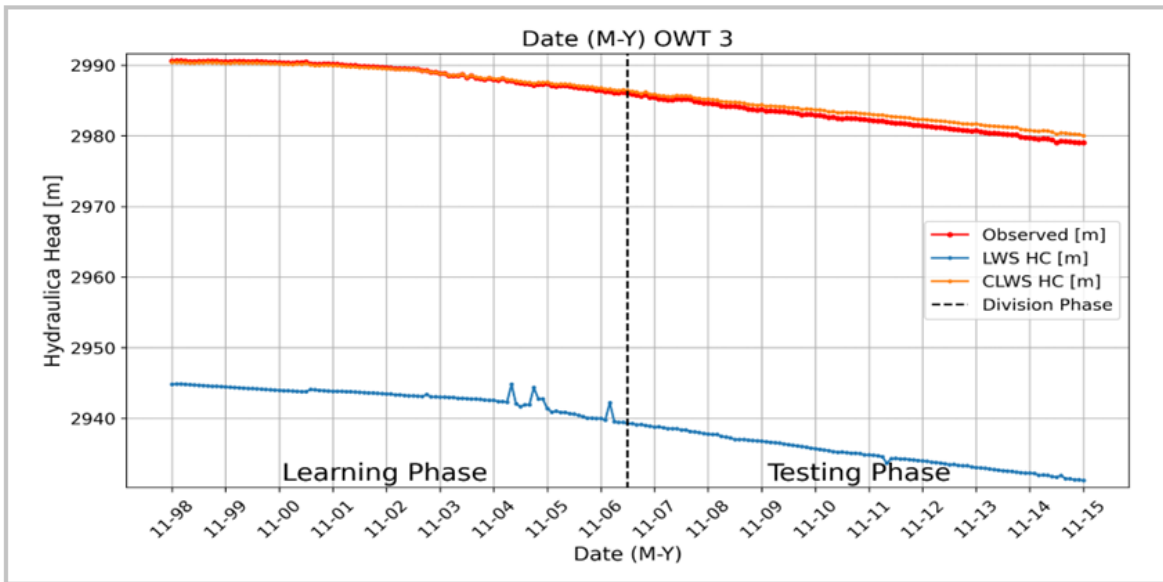
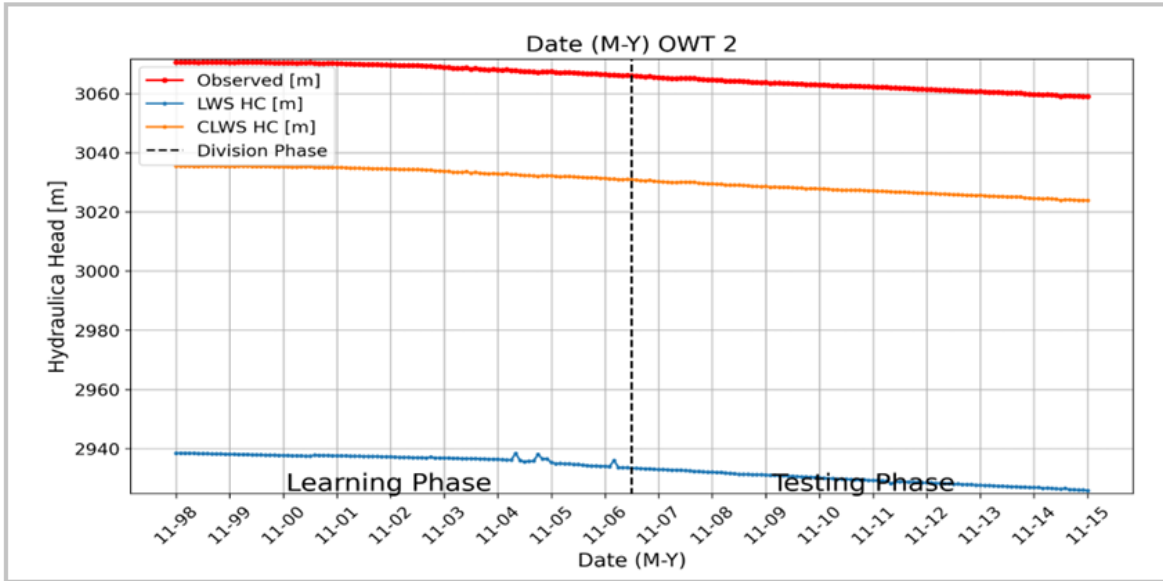
Implementación de mejoras en el modelo genético

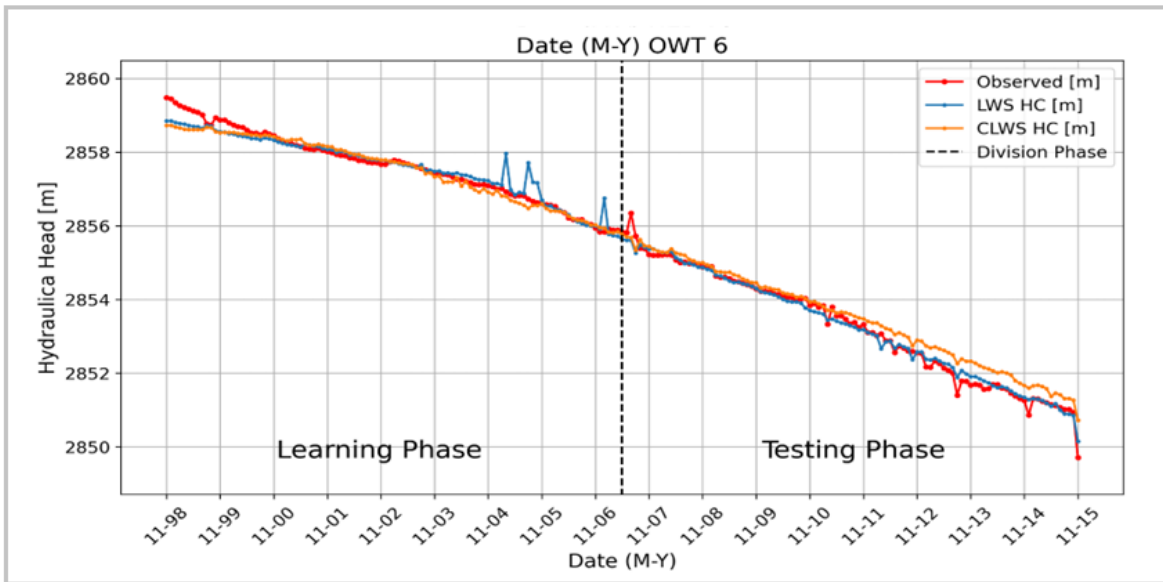
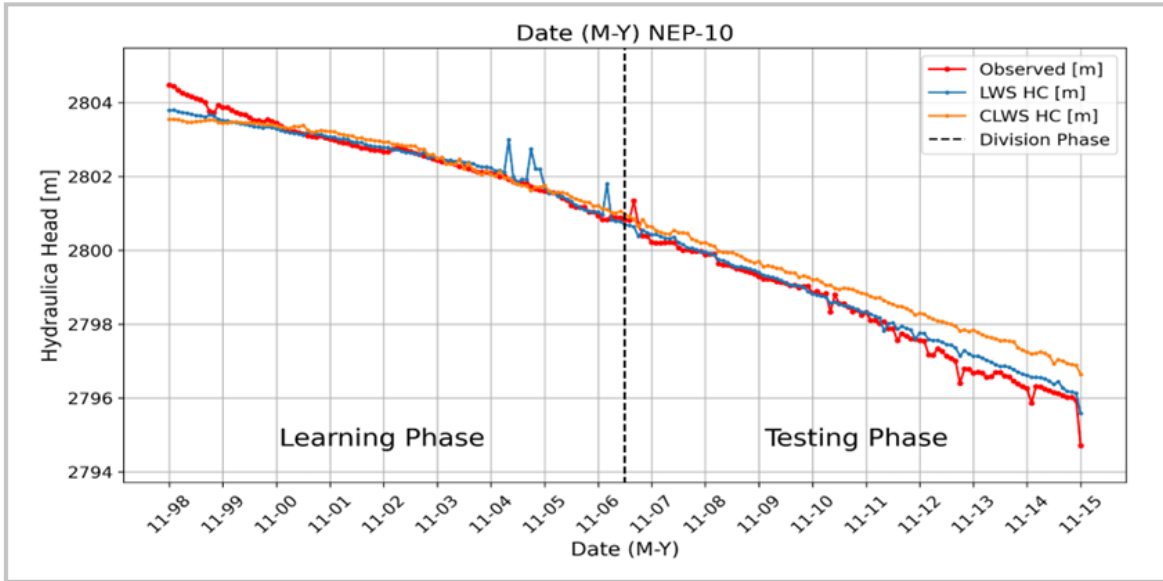
Anexo B.1

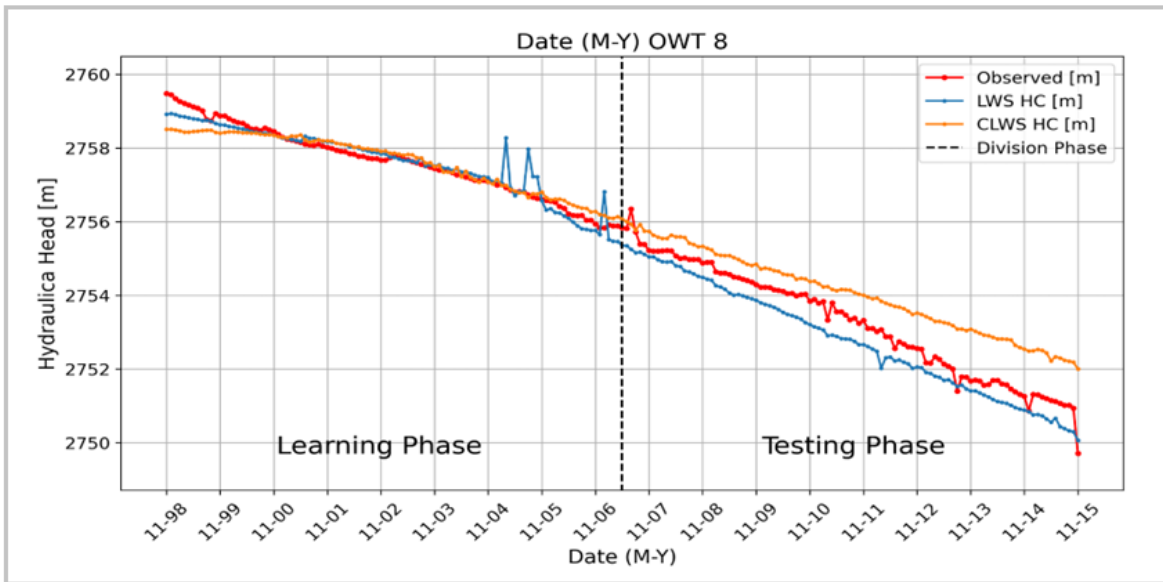
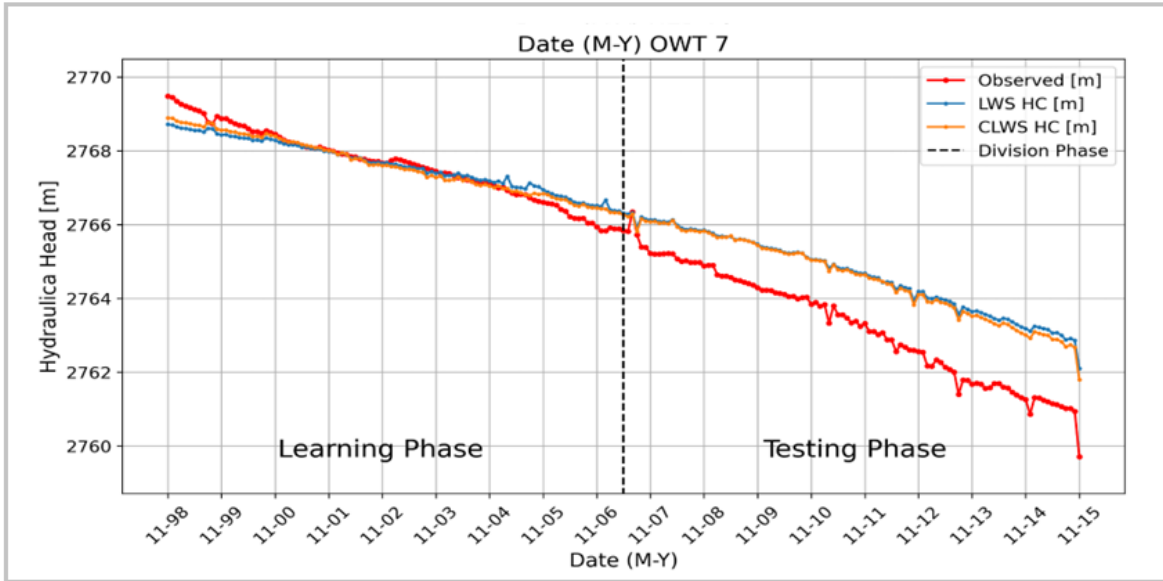
Caso Simulado con Valores Sintéticos

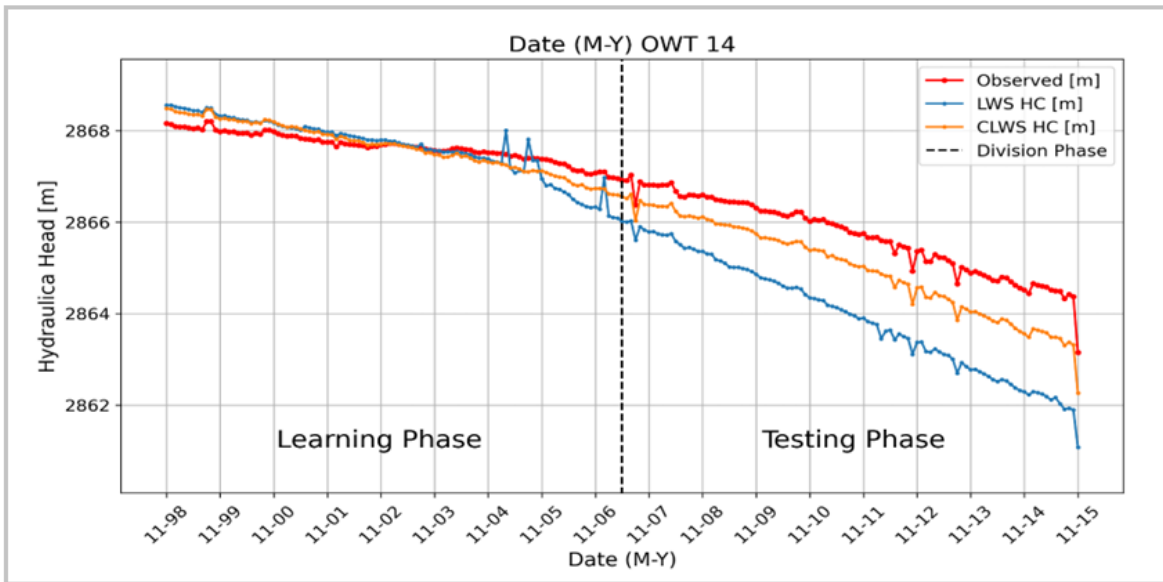
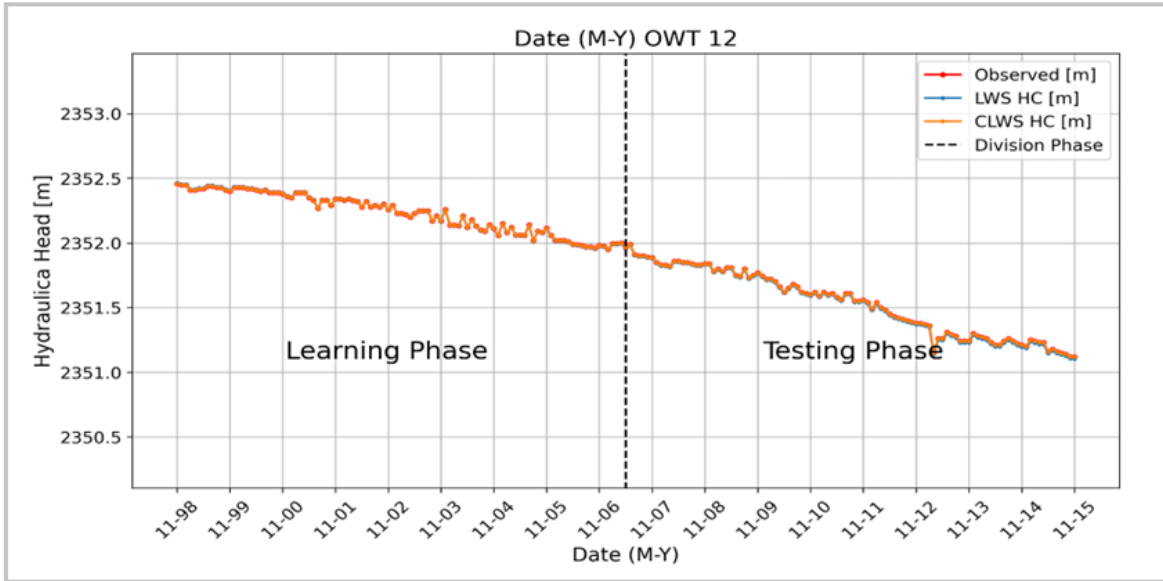
Anexo B.1.1

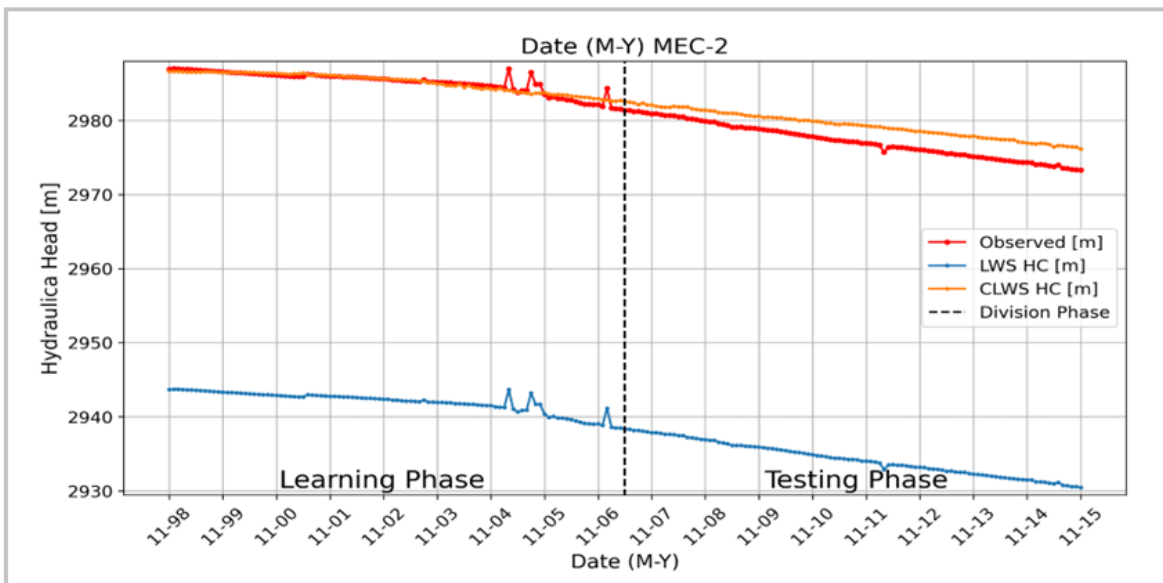
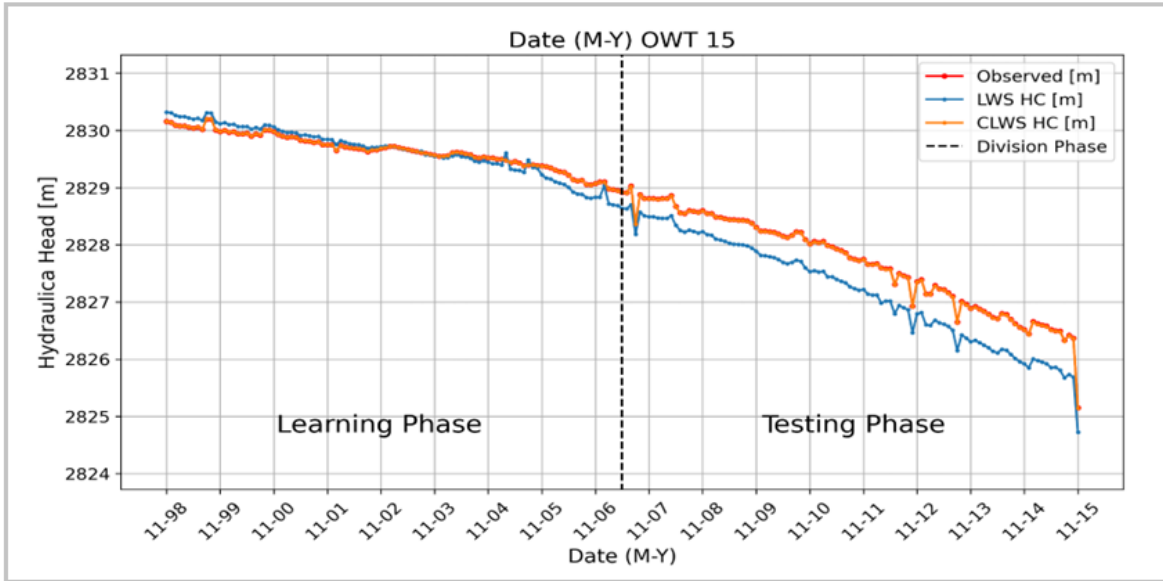
Modelo Original de Mahmood et al. (2021)

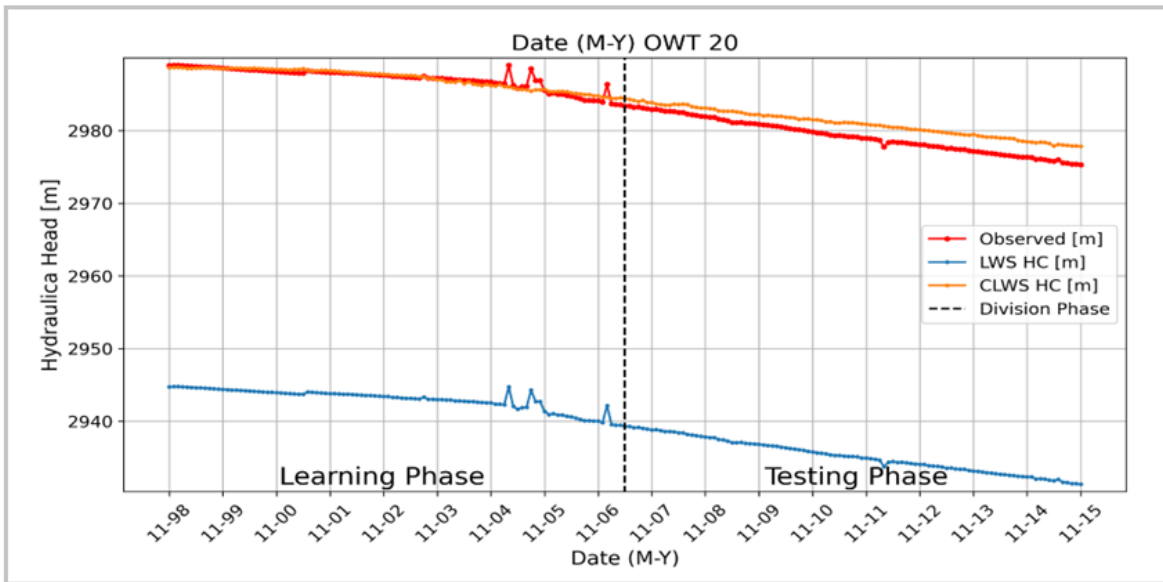
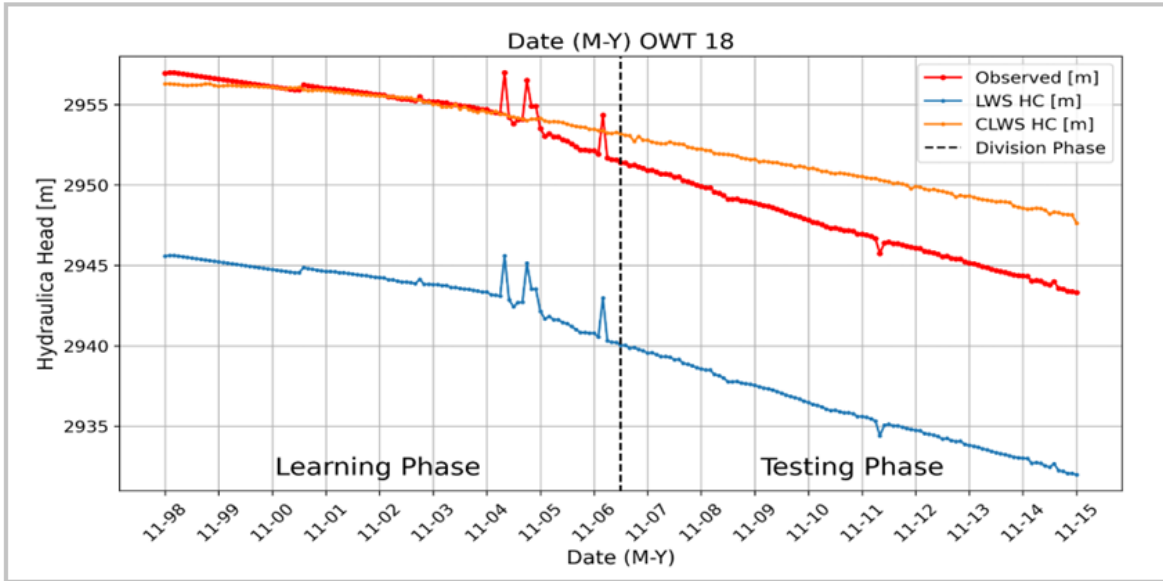


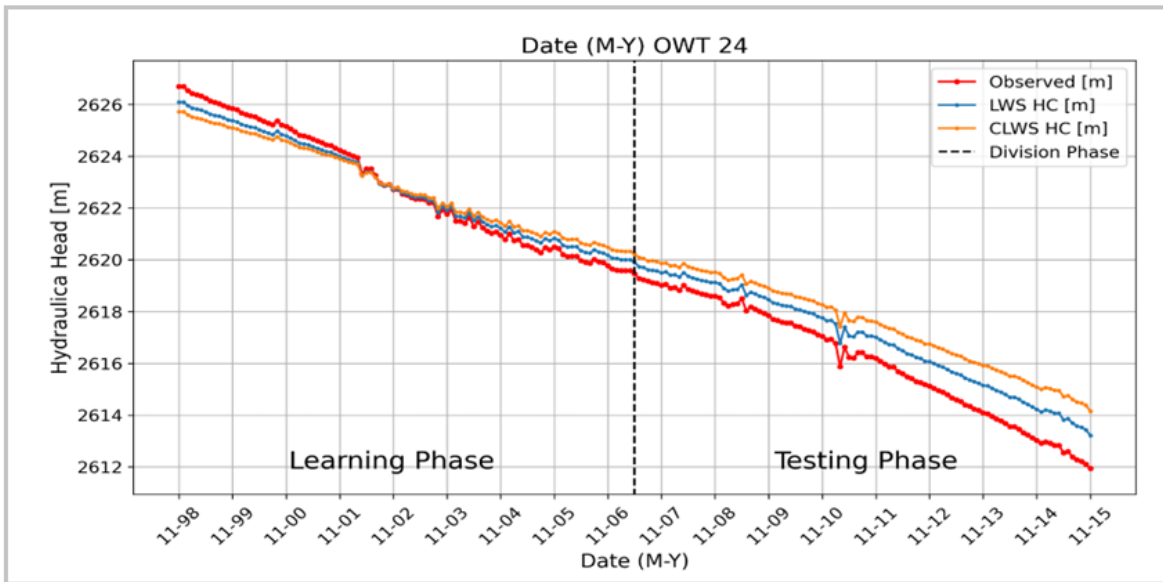
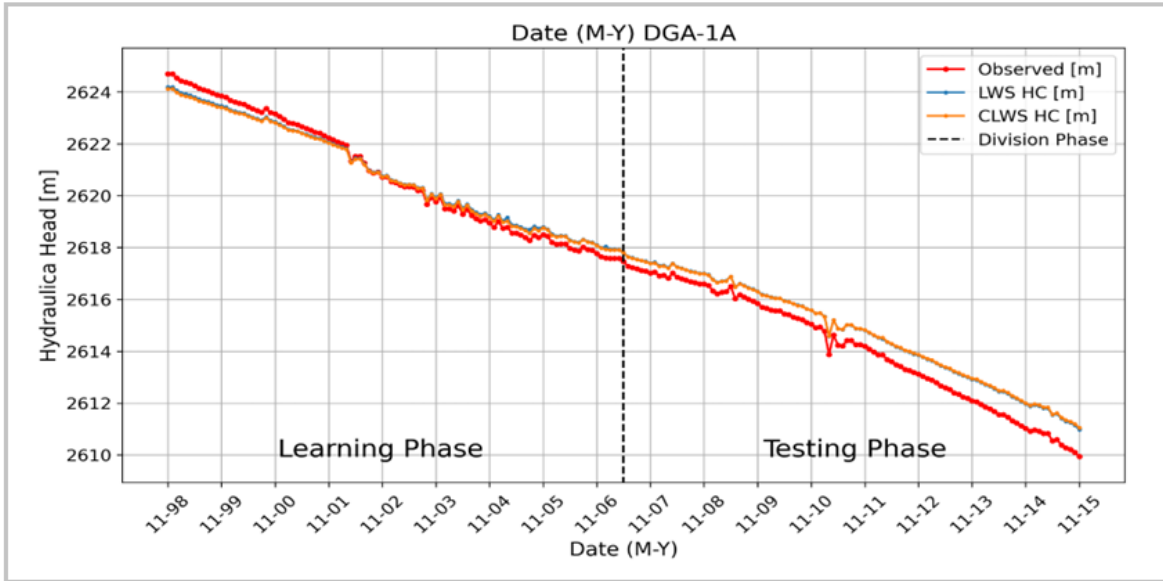










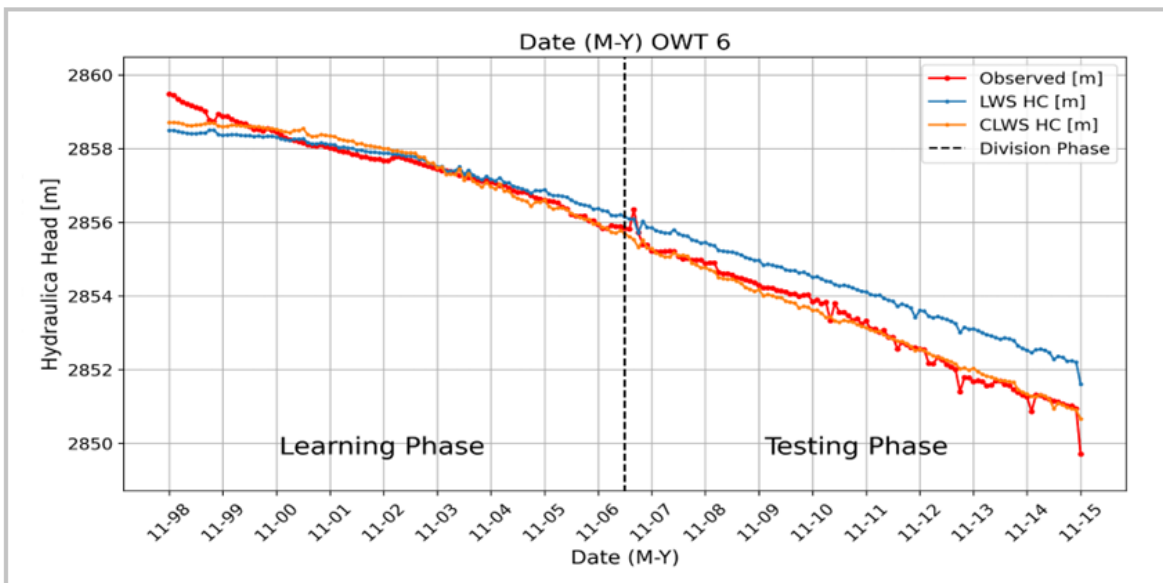
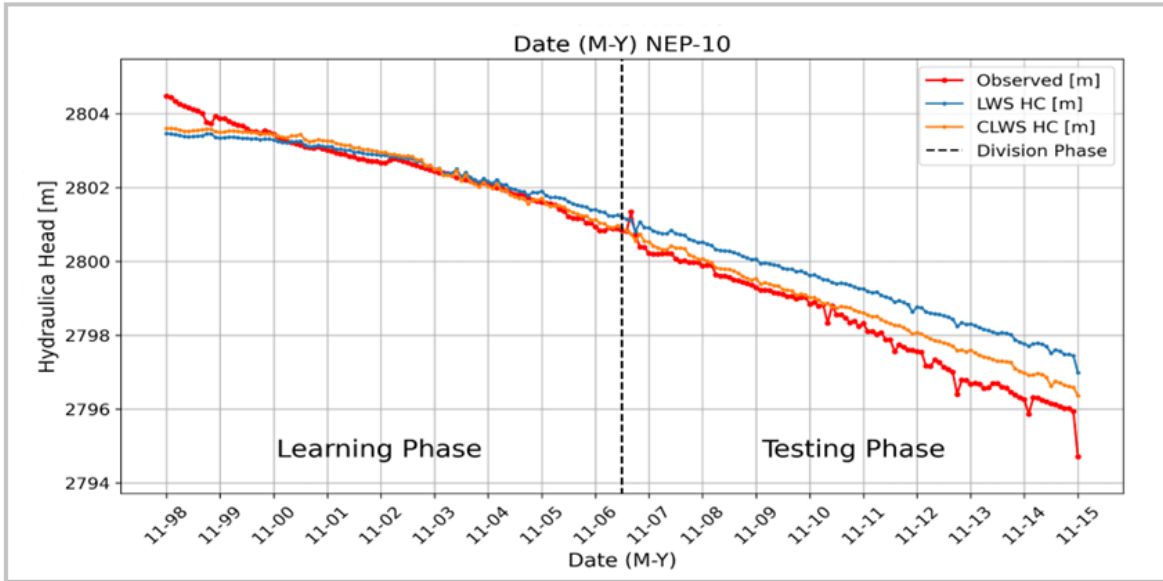


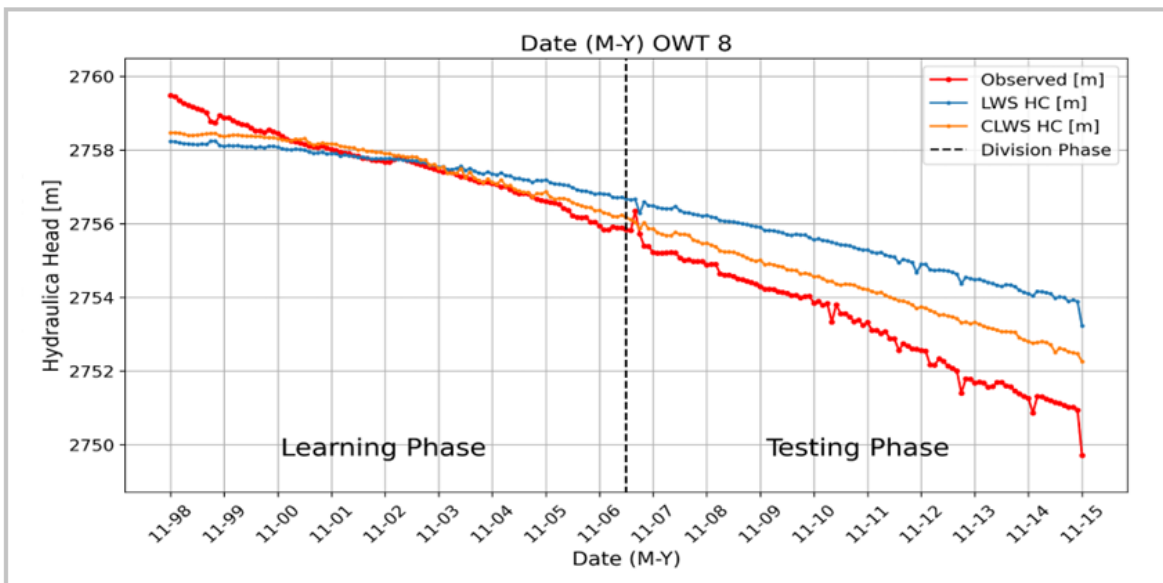
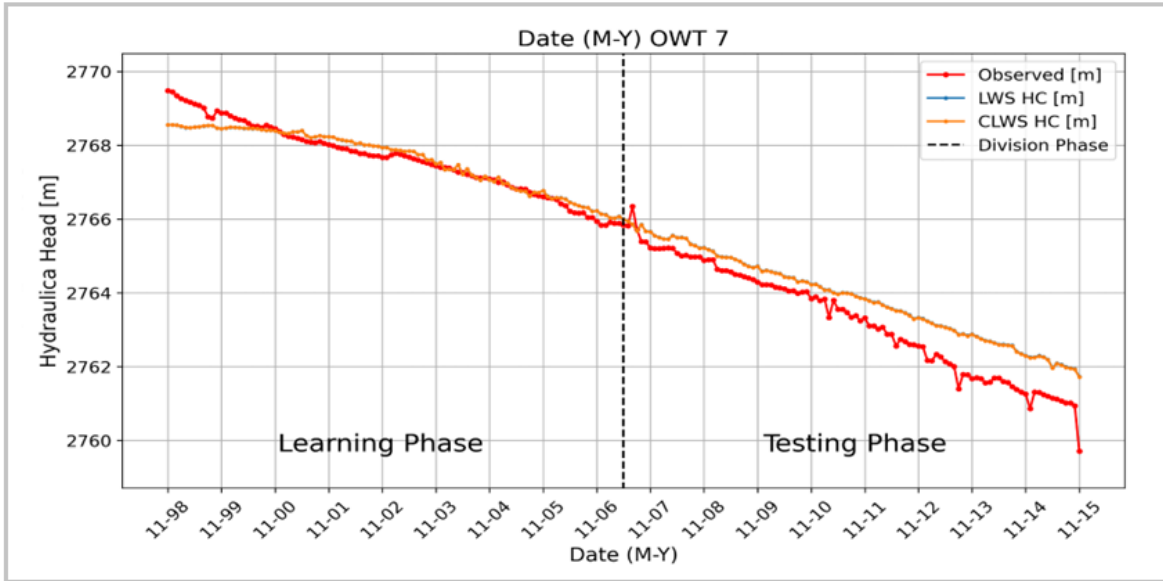
RMSE Results per Method Summary						
Well/RMSE Result per Method	RMSE LWS LP	RMSE CLWS LP	RMSE LWS TP	RMSE CLWS TP	Optimum Well Type [m]	Optimum RMSE [m]
MER-27	80.07	0.05	80.58	0.16	CLWS	0.16
OWT 2	132.18	35.12	132.48	35.12	CLWS	35.12
OWT 3	45.98	0.2	46.6	0.6	CLWS	0.6
OWT 4	91.6	88.95	92.14	89.59	CLWS	89.59
NEP-10	0.27	0.27	0.26	0.52	LWS	0.26
OWT 6	0.26	0.21	0.22	0.27	LWS	0.22
OWT 7	0.31	0.24	1.06	0.99	CLWS	0.99
OWT 8	0.3	0.29	0.41	0.65	LWS	0.41
OWT 11	0.03	0.02	0.14	0.09	CLWS	0.09
OWT 12	0	0	0.01	0	CLWS	0
OWT 14	0.36	0.23	1.29	0.54	CLWS	0.54
OWT 15	0.13	0	0.37	0	CLWS	0
MEC-2	43.2	0.61	43.06	1.63	CLWS	1.63
OWT 18	11.37	0.7	11.35	2.48	CLWS	2.48
OWT 20	44.18	0.61	44.1	1.35	CLWS	1.35
DGA-1A	0.29	0.29	0.52	0.53	LWS	0.52
OWT 23	0.74	0.79	1.4	1.6	LWS	1.4
OWT 24	0.33	0.55	0.65	1.12	LWS	0.65

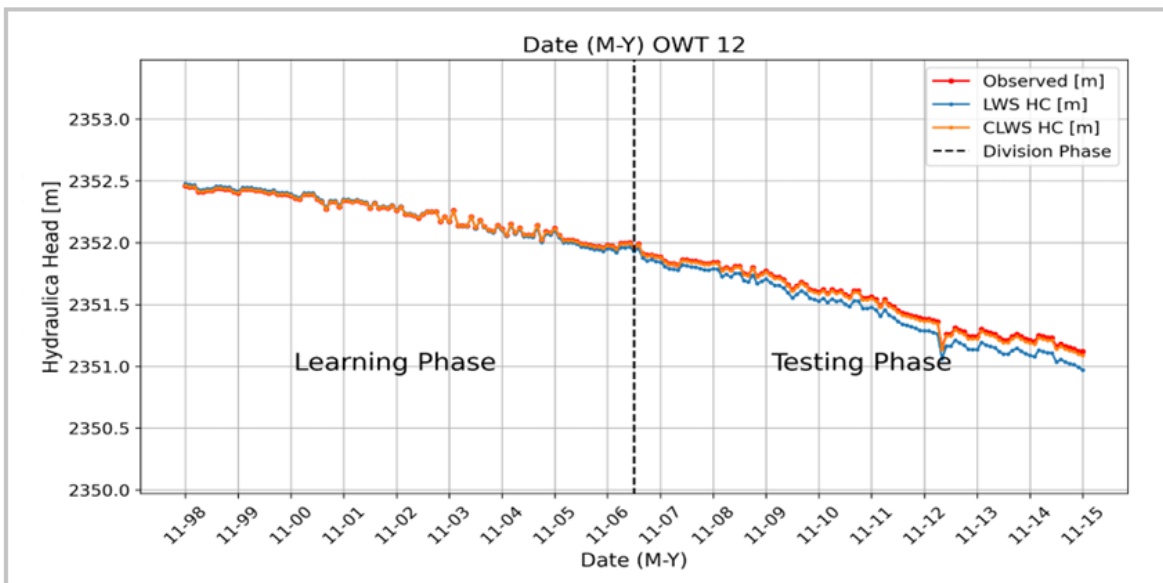
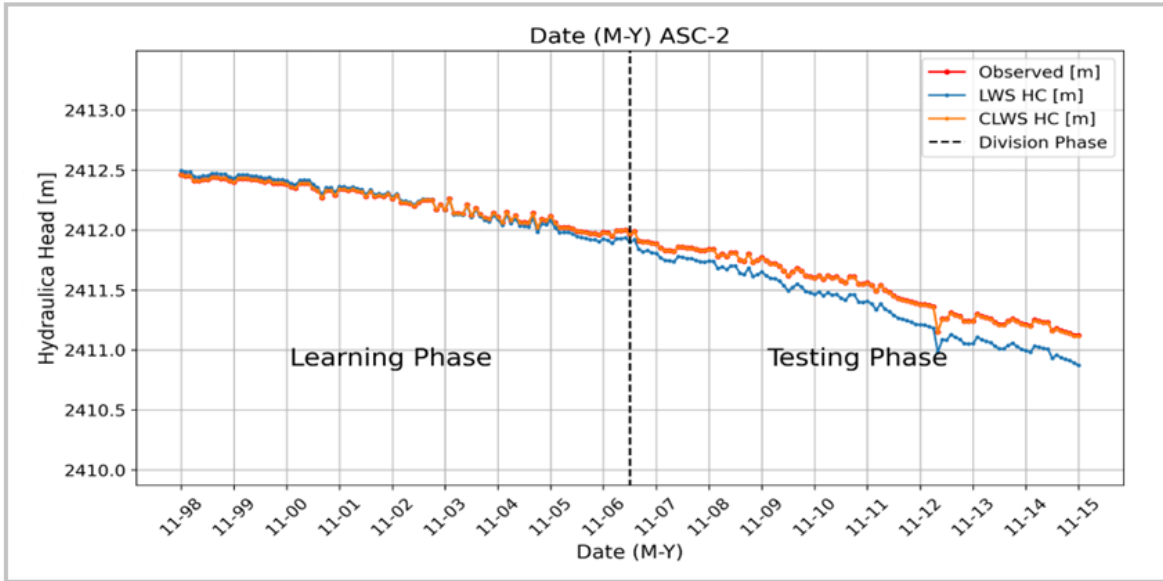
Representative Wells (LWS)	
Well's Number	LWS
1	ASC-2
2	OWT 16
3	OWT 22
4	OWT 19
5	OWT 10
6	NEP-5

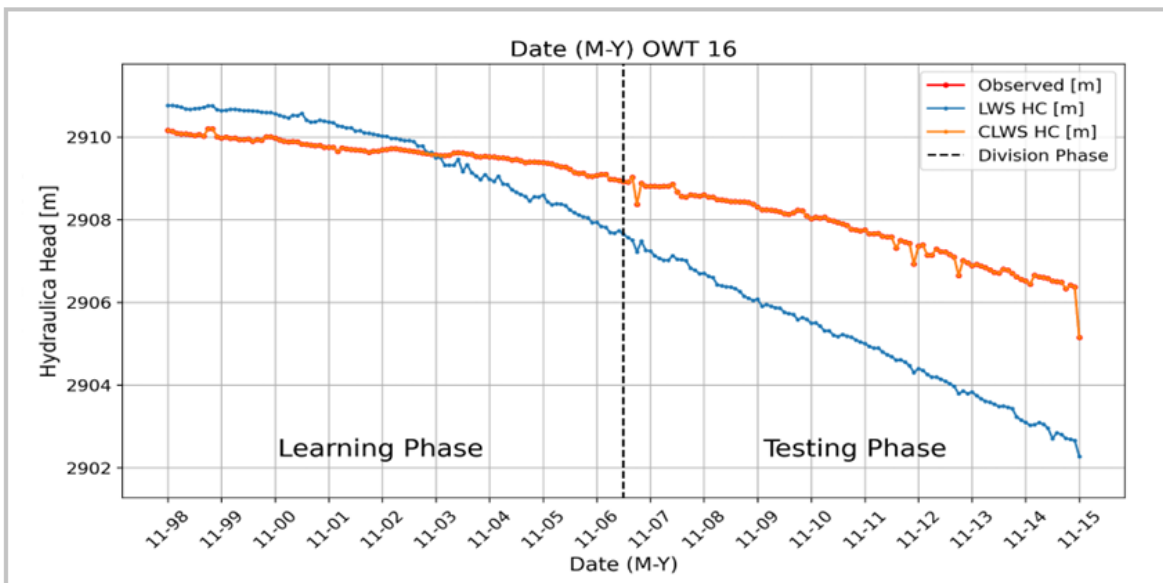
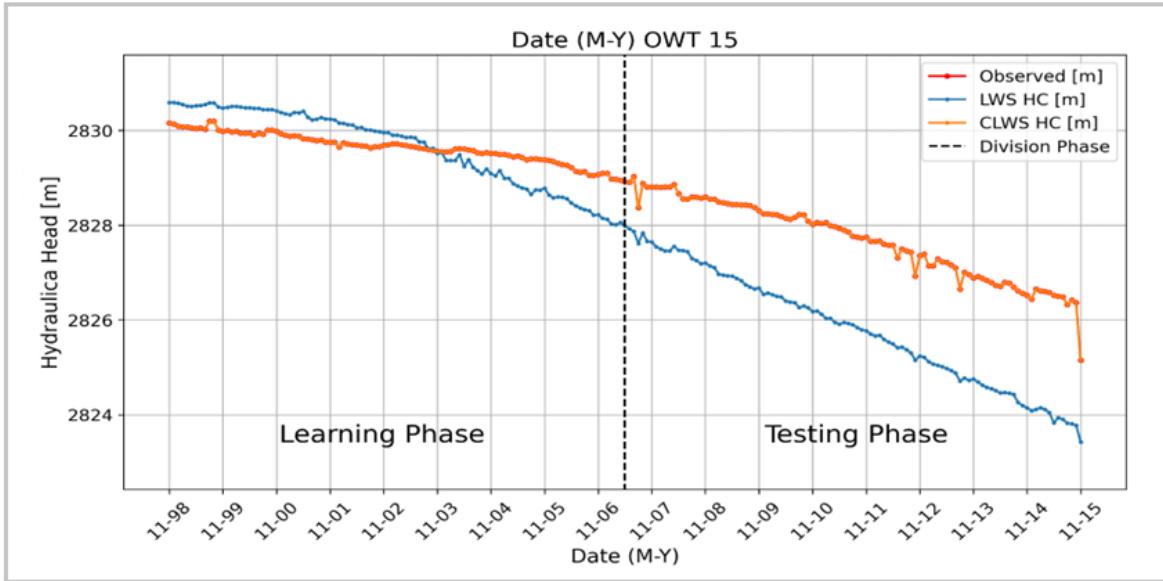
Anexo B.1.2

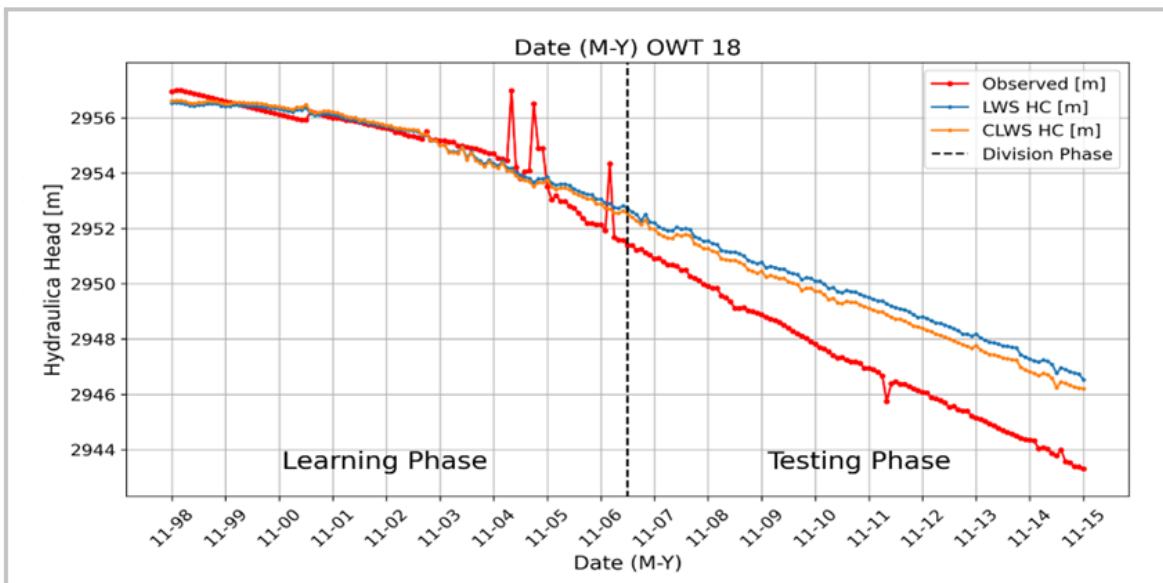
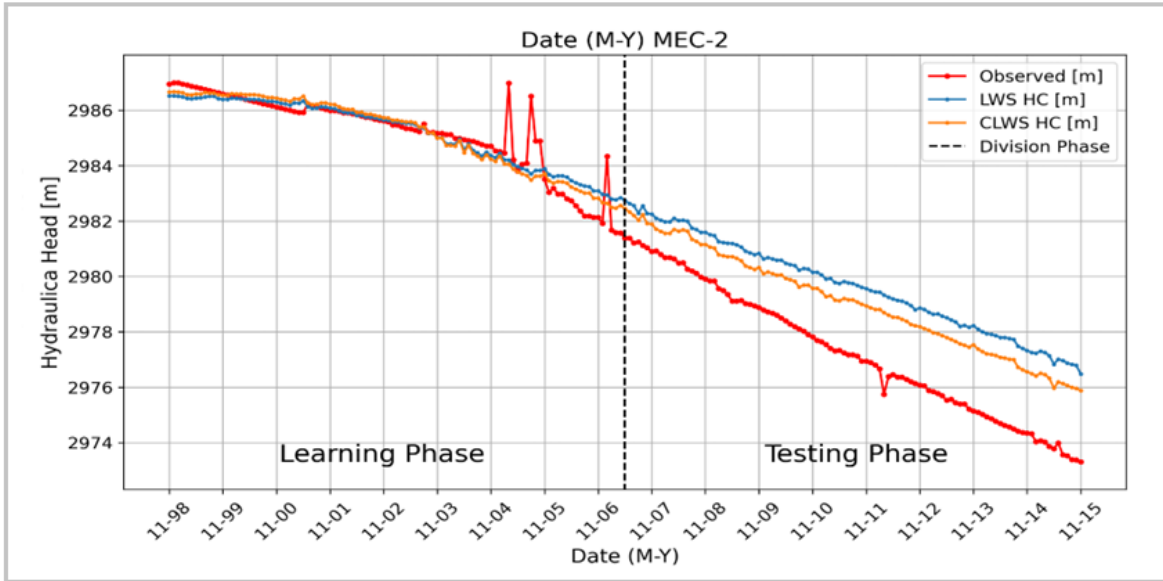
Constant Addition

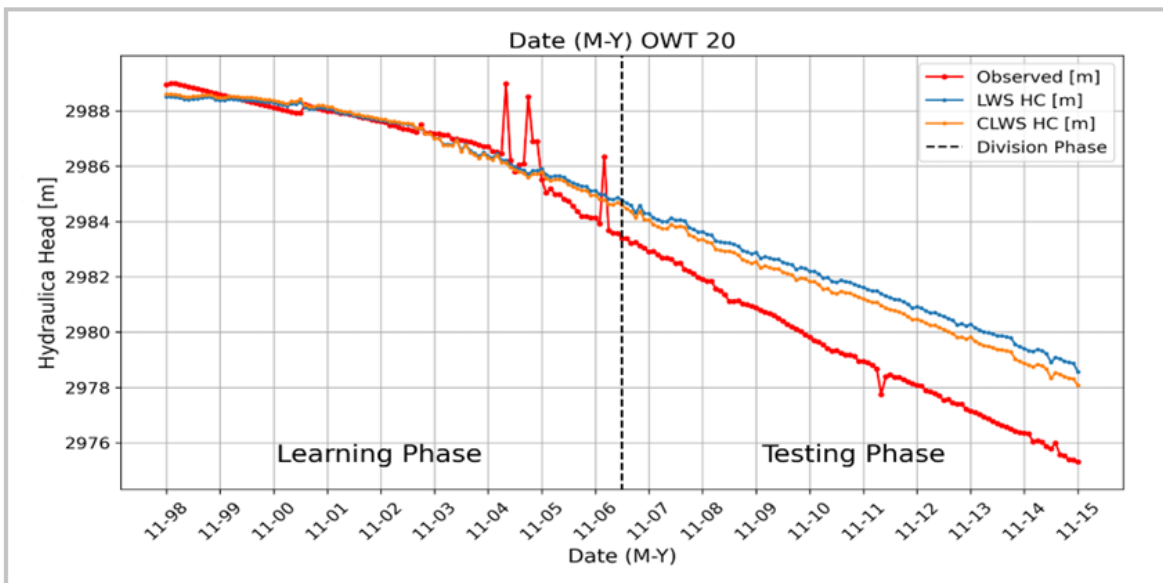
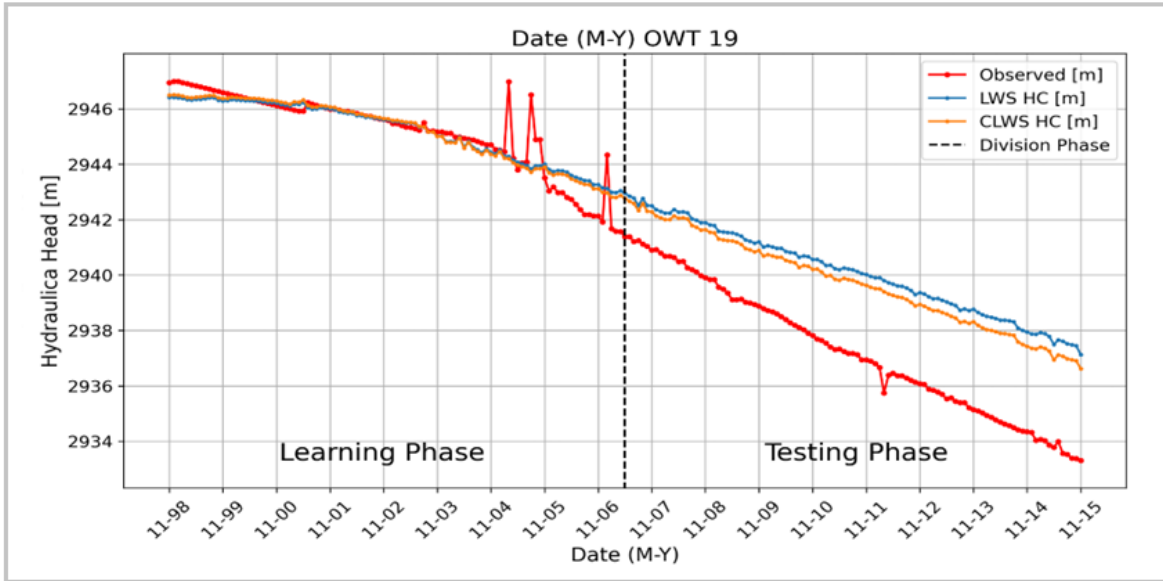


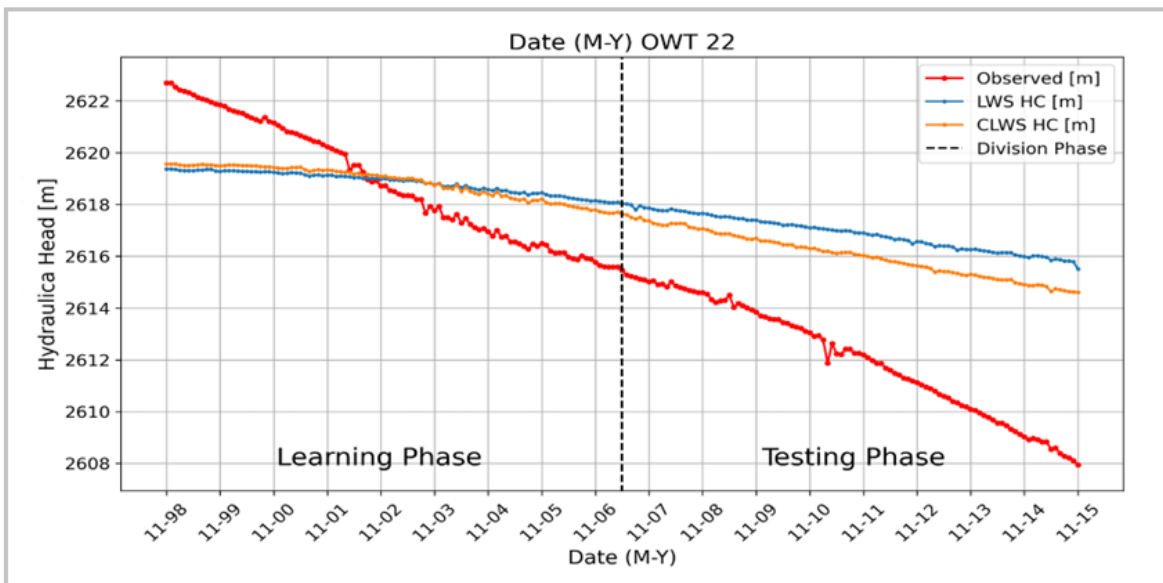
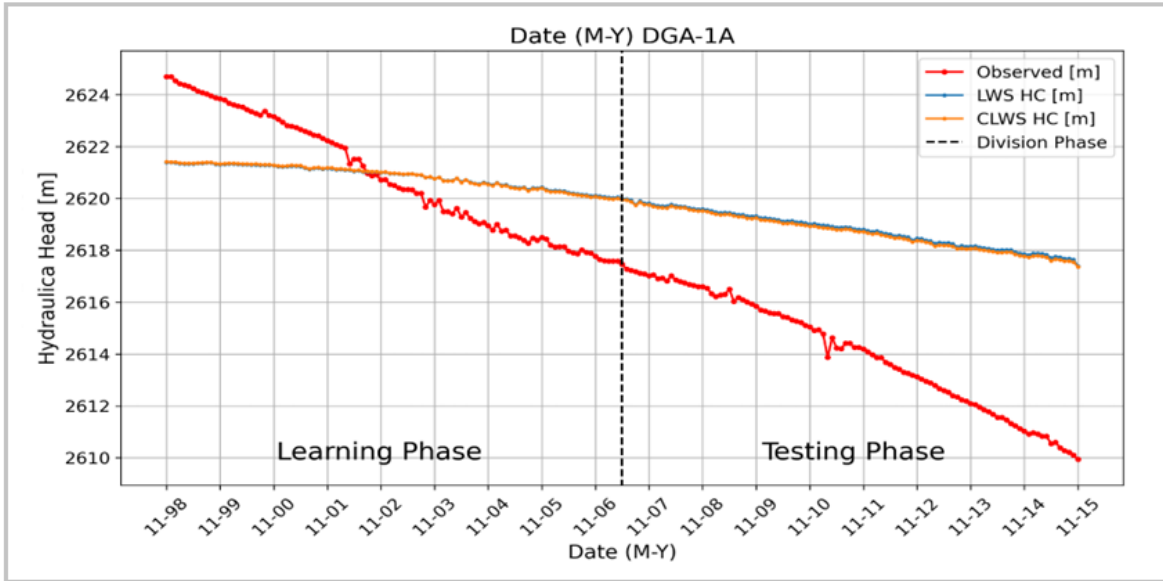


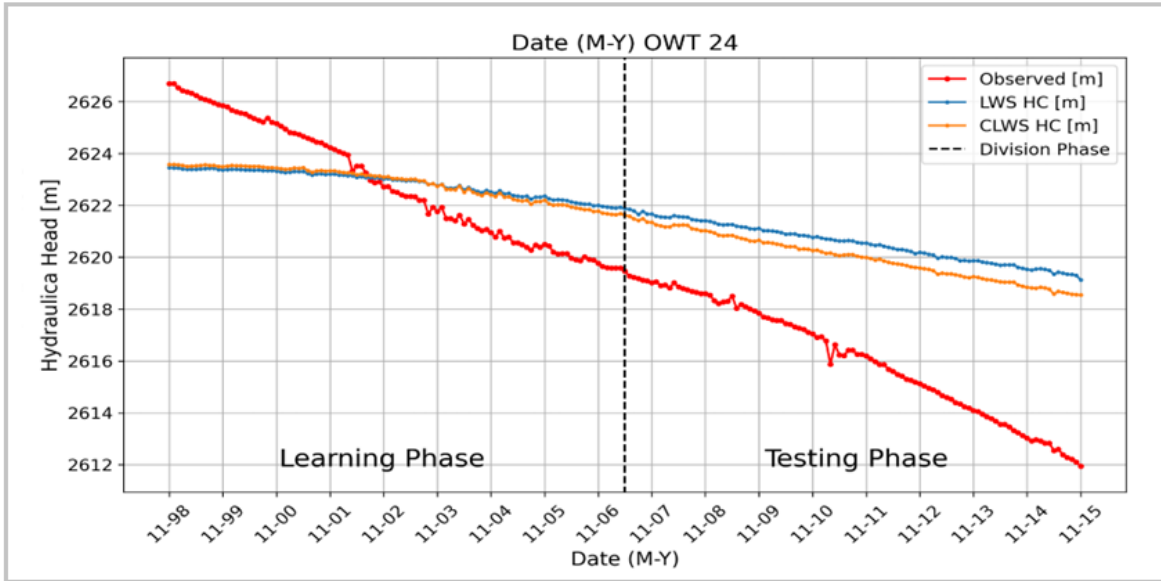










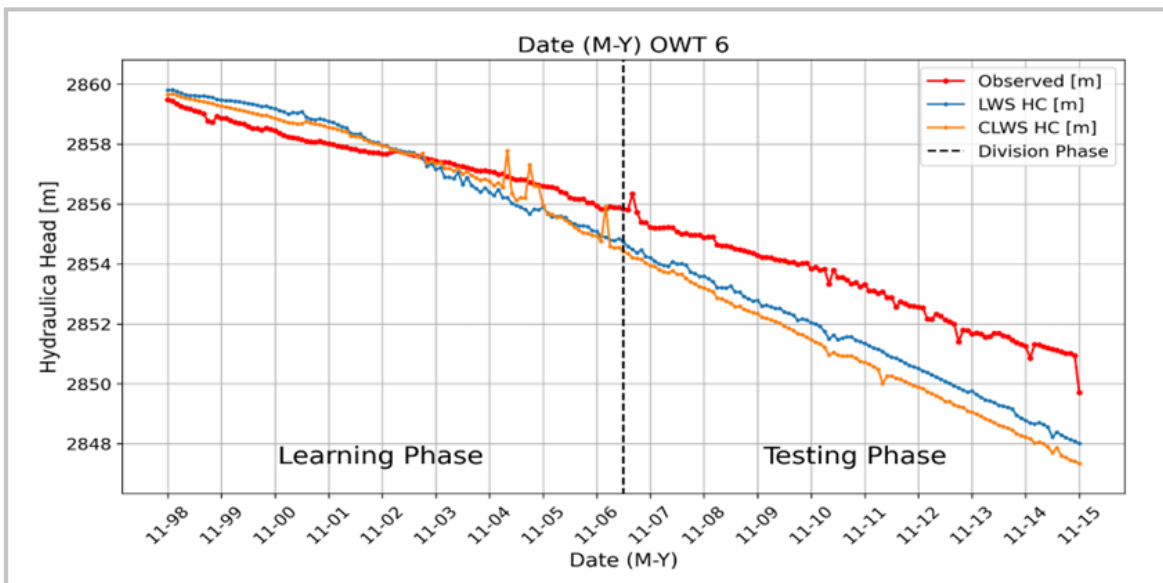
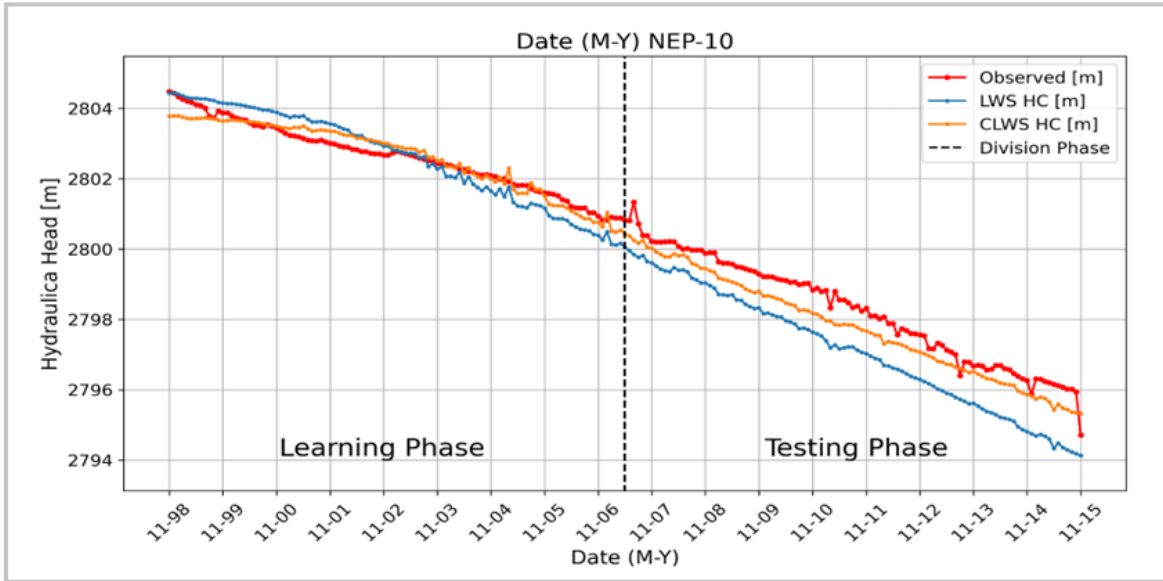


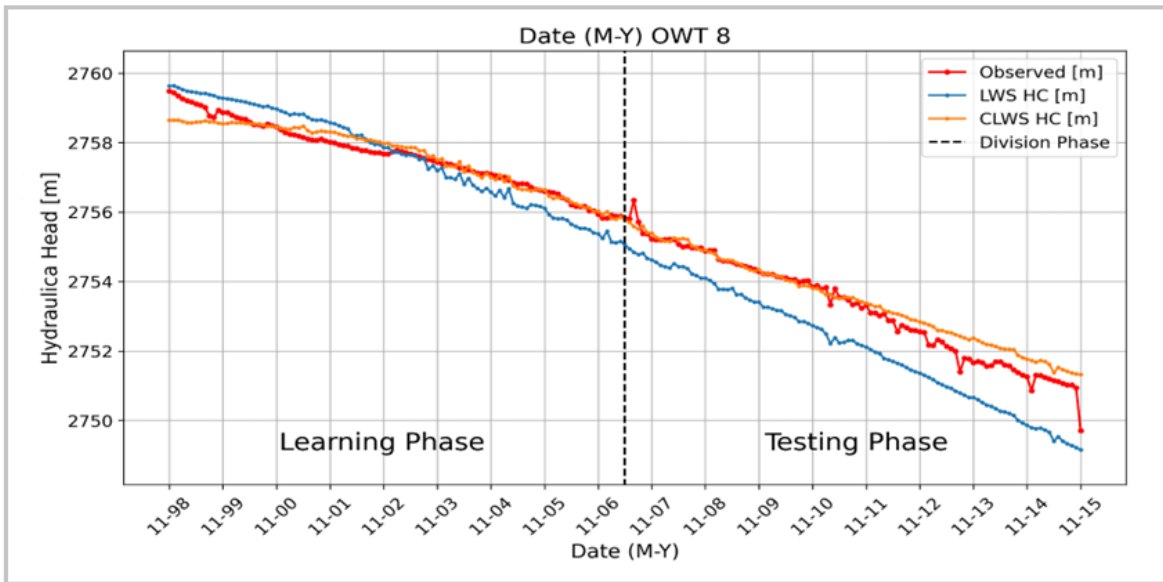
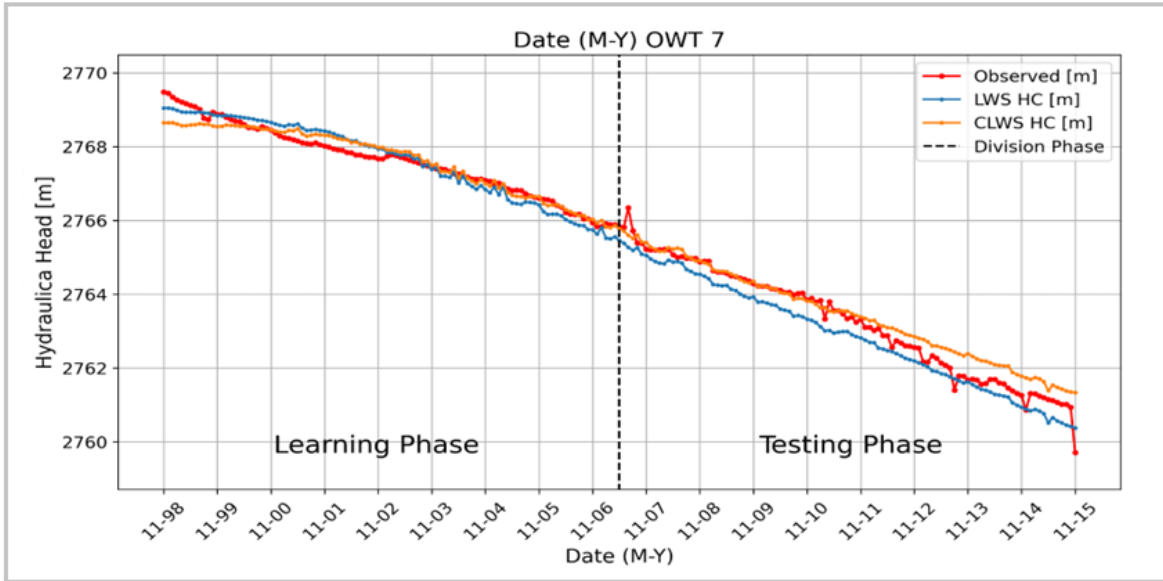
RMSE Results per Method Summary						
Well/RMSE Result per Method	RMSE LWS LP	RMSE CLWS LP	RMSE LWS TP	RMSE CLWS TP	Optimum Well Type [m]	Optimum RMSE [m]
OWT 4	0.07	0	0.2	0	CLWS	0
NEP-10	0.33	0.25	0.8	0.39	CLWS	0.39
OWT 6	0.31	0.25	0.7	0.23	CLWS	0.23
OWT 7	0.27	0.27	0.54	0.53	CLWS	0.53
OWT 8	0.52	0.31	1.53	0.79	CLWS	0.79
ASC-2	0.03	0	0.11	0	CLWS	0
OWT 11	0.05	0.02	0.17	0.08	CLWS	0.08
OWT 12	0.02	0	0.06	0.01	CLWS	0.01
OWT 15	0.52	0	1.41	0	CLWS	0
OWT 16	0.68	0	1.96	0	CLWS	0
MEC-2	0.61	0.61	1.81	1.39	CLWS	1.39
OWT 18	0.61	0.61	1.77	1.52	CLWS	1.52
OWT 19	0.64	0.62	2.13	1.86	CLWS	1.86
OWT 20	0.62	0.6	1.85	1.57	CLWS	1.57
DGA-1A	1.85	1.83	3.69	3.63	CLWS	3.63
OWT 22	1.87	1.68	3.76	3.15	CLWS	3.15
OWT 23	1.78	1.61	3.42	2.93	CLWS	2.93
OWT 24	1.79	1.67	3.51	3.12	CLWS	3.12

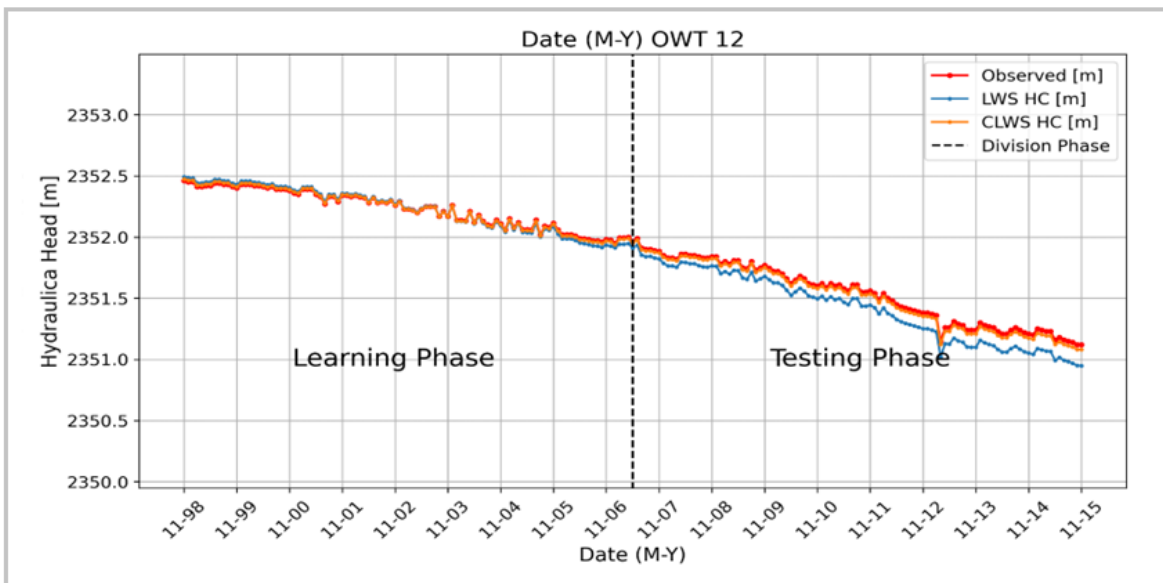
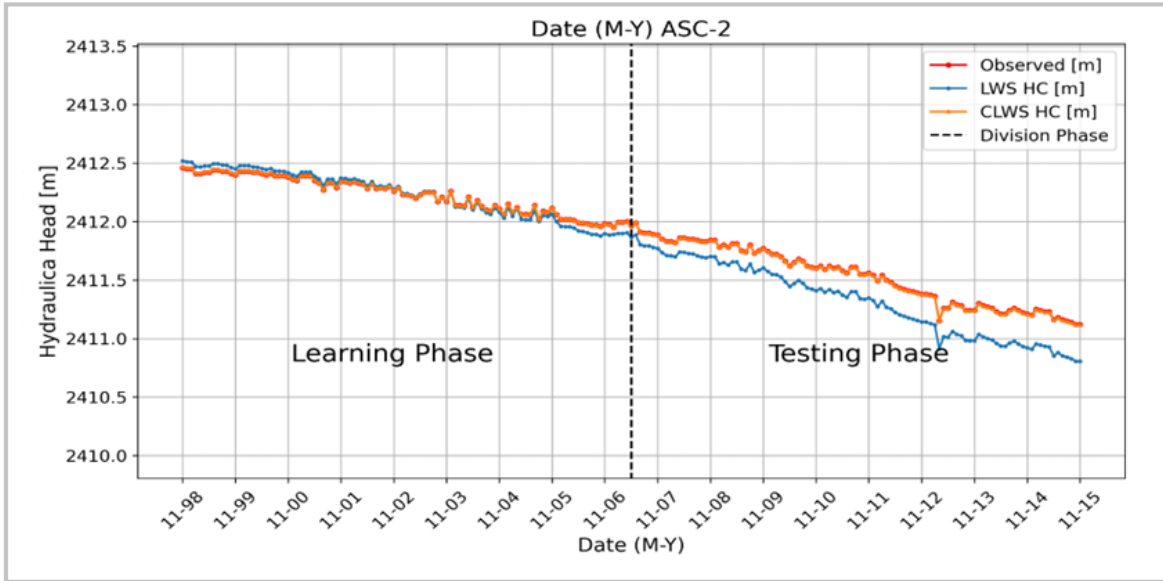
Representative Wells (LWS)	
Well's Number	LWS
1	OWT 2
2	OWT 3
3	MER-27
4	OWT 10
5	NEP-5
6	OWT 14

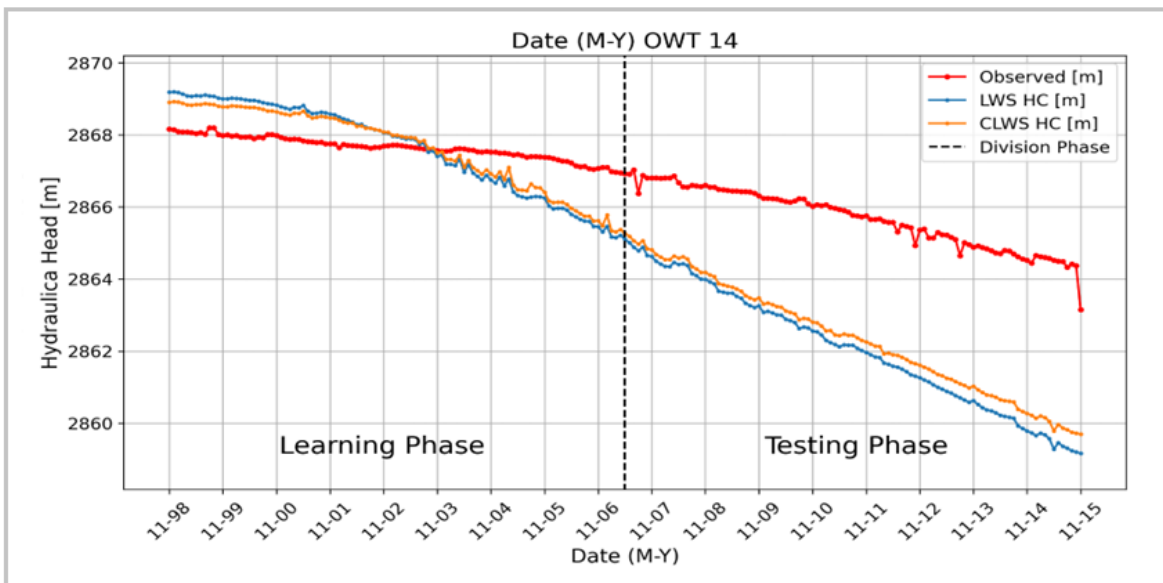
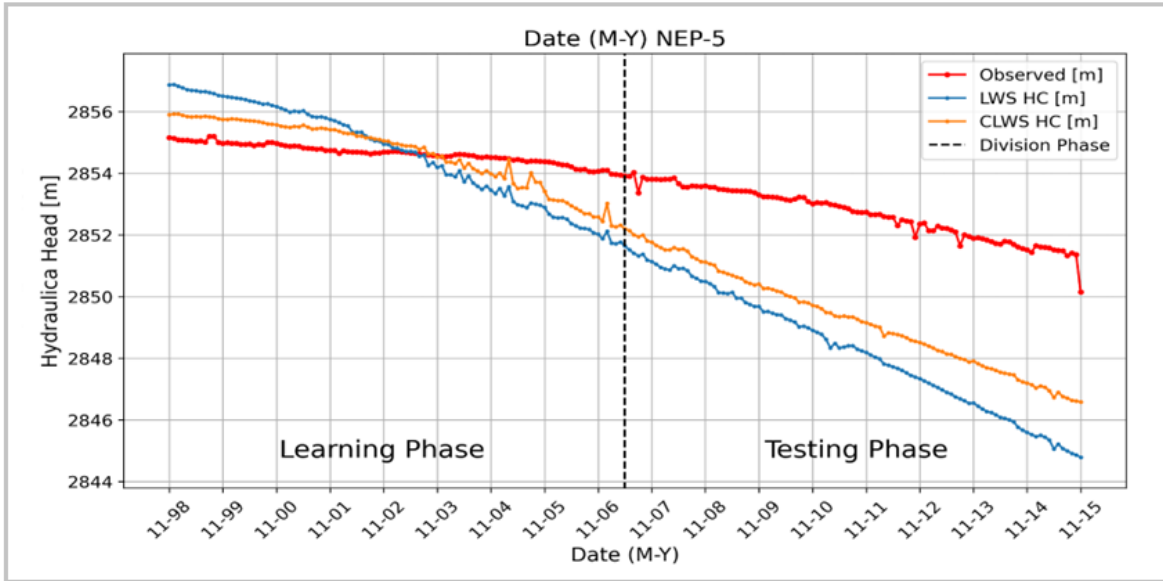
Anexo B.1.3

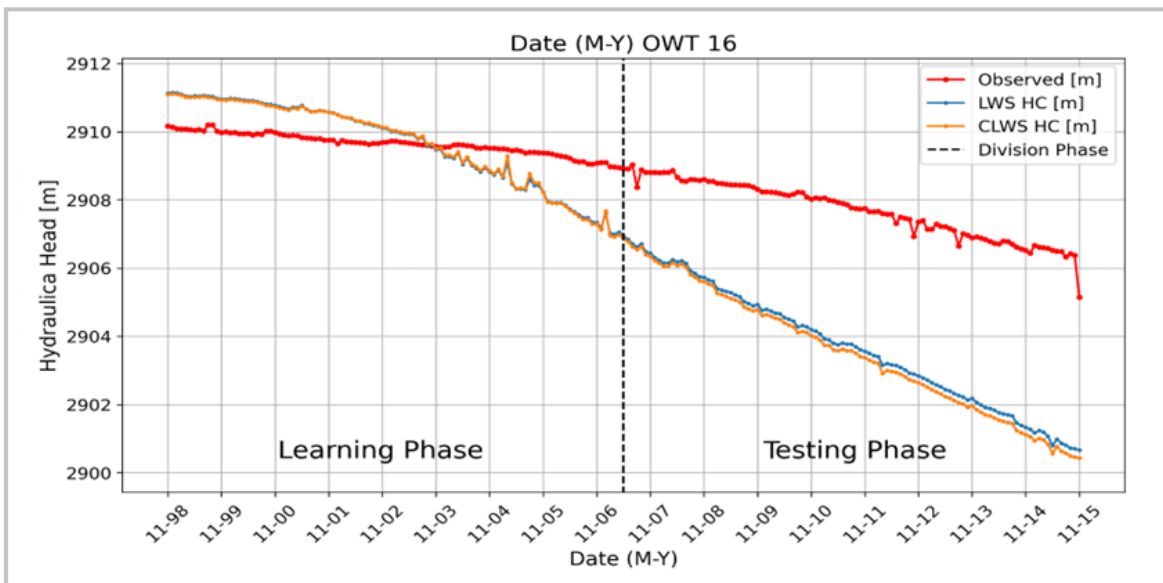
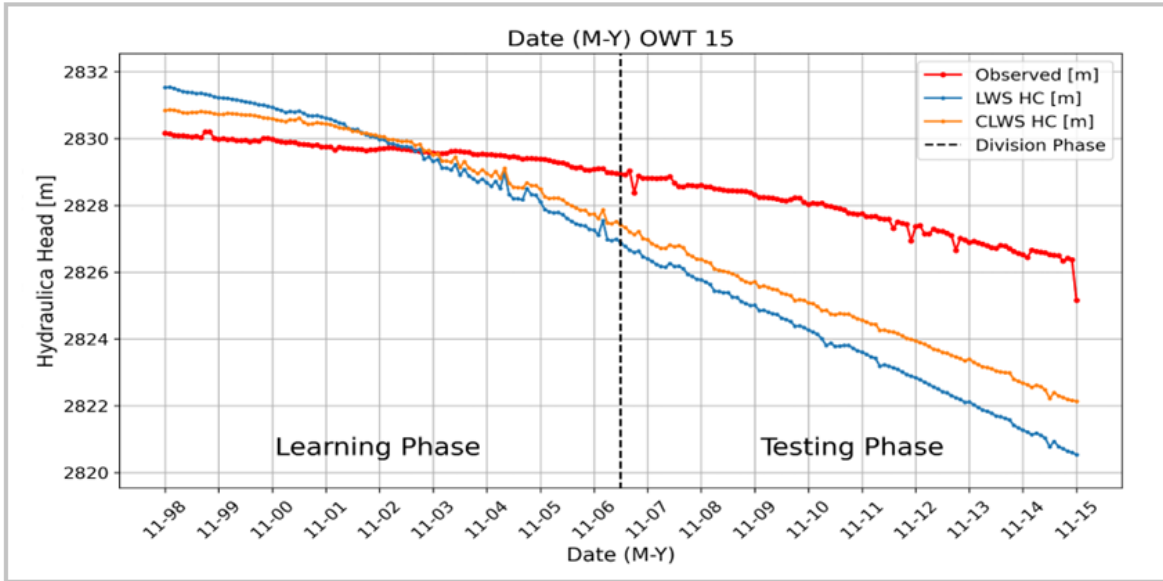
Random Index Position

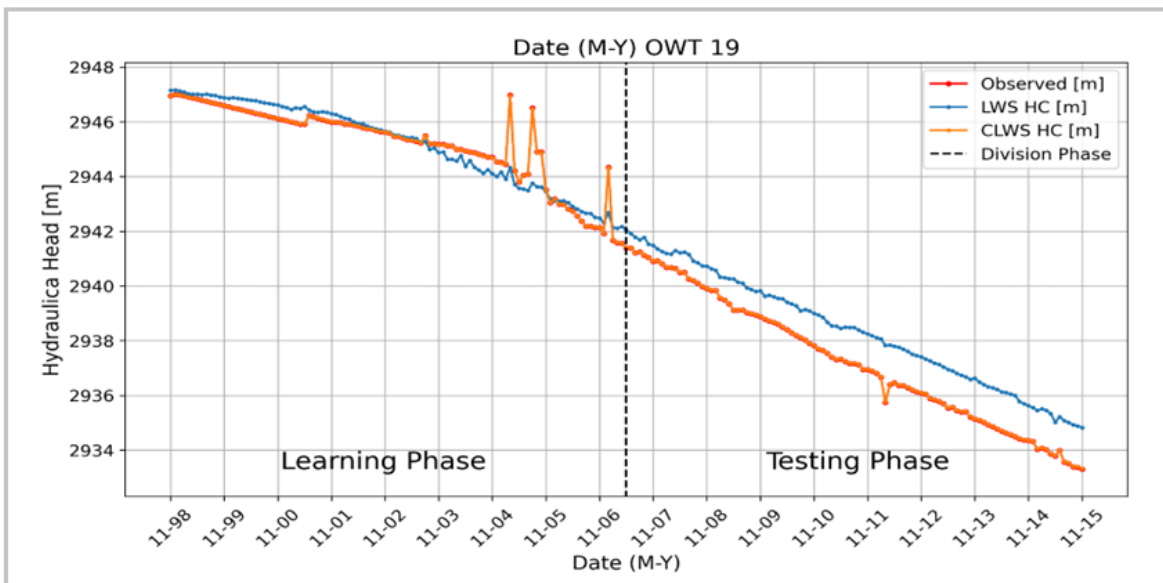
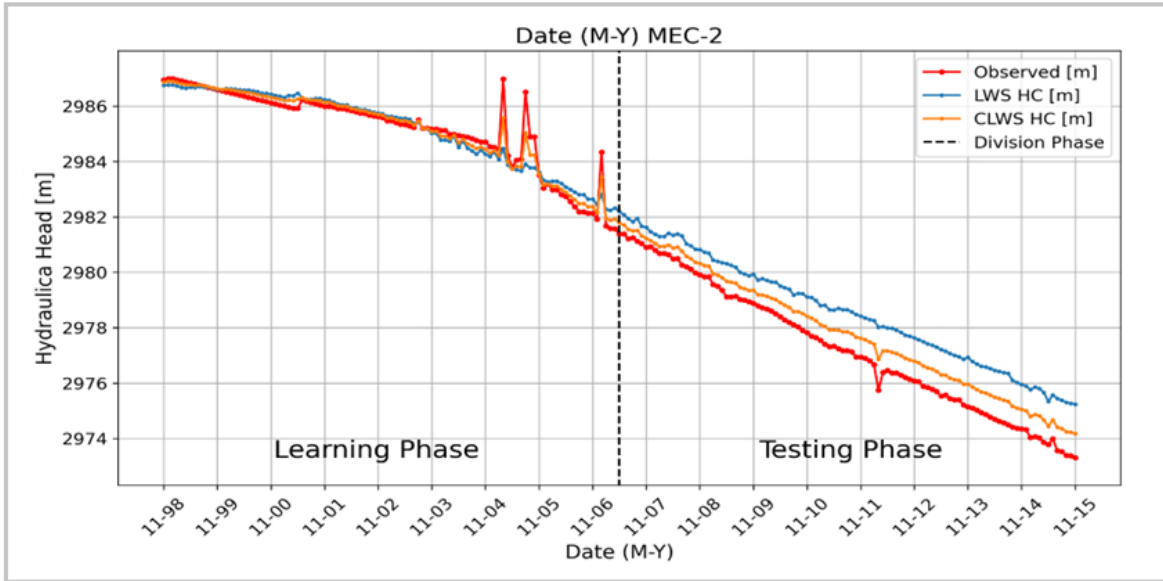


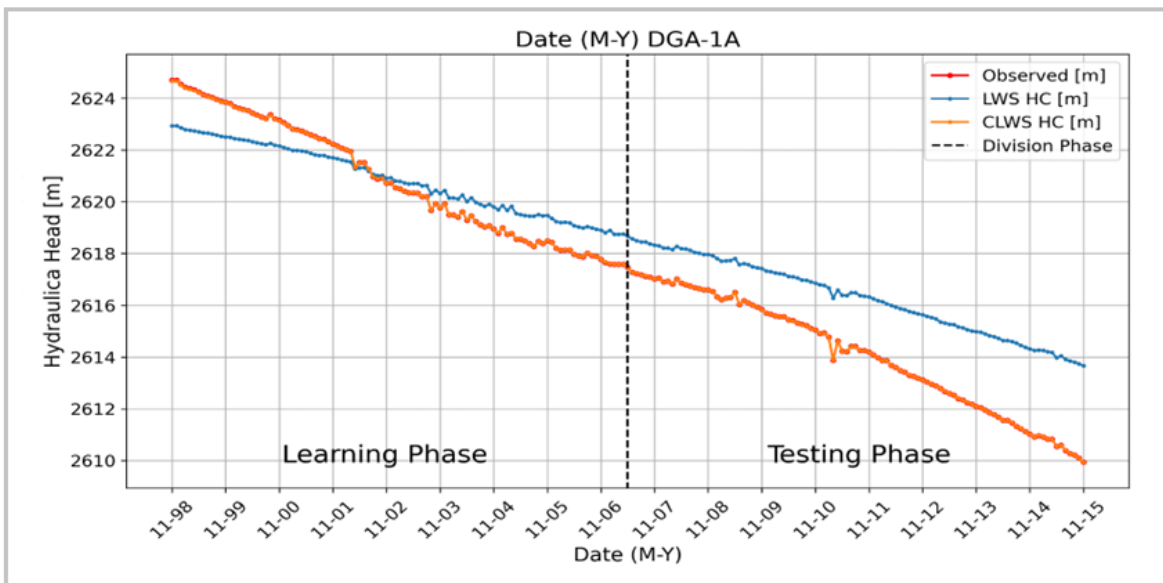
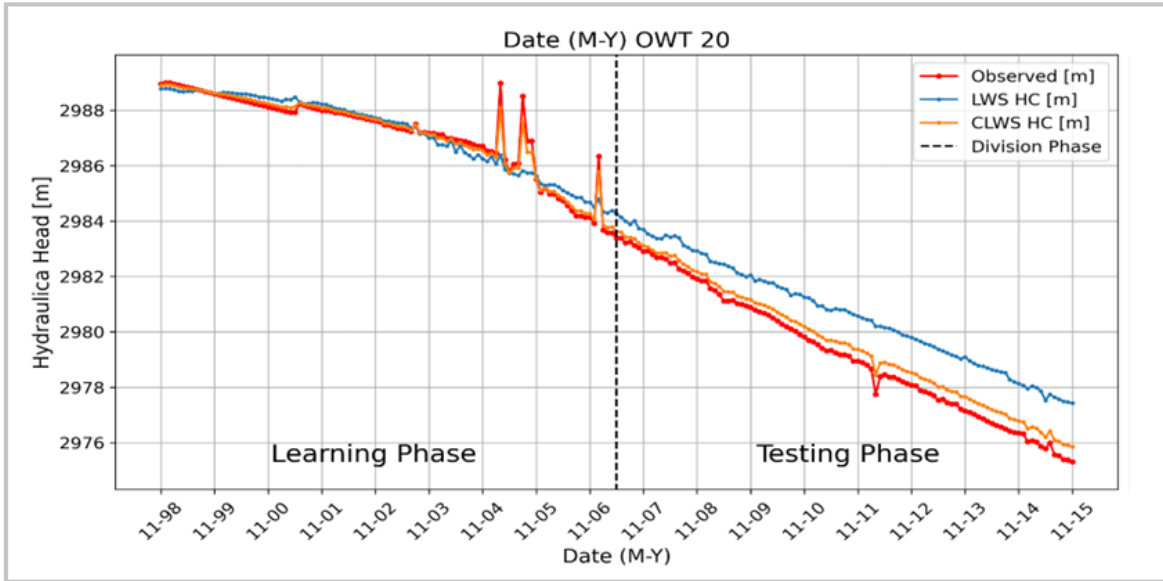


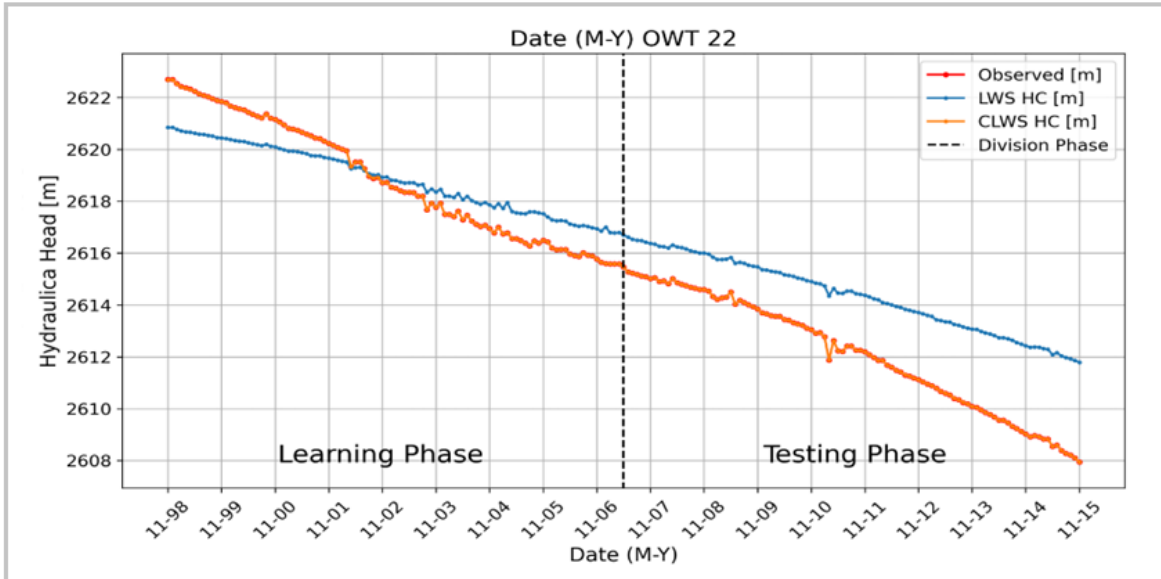










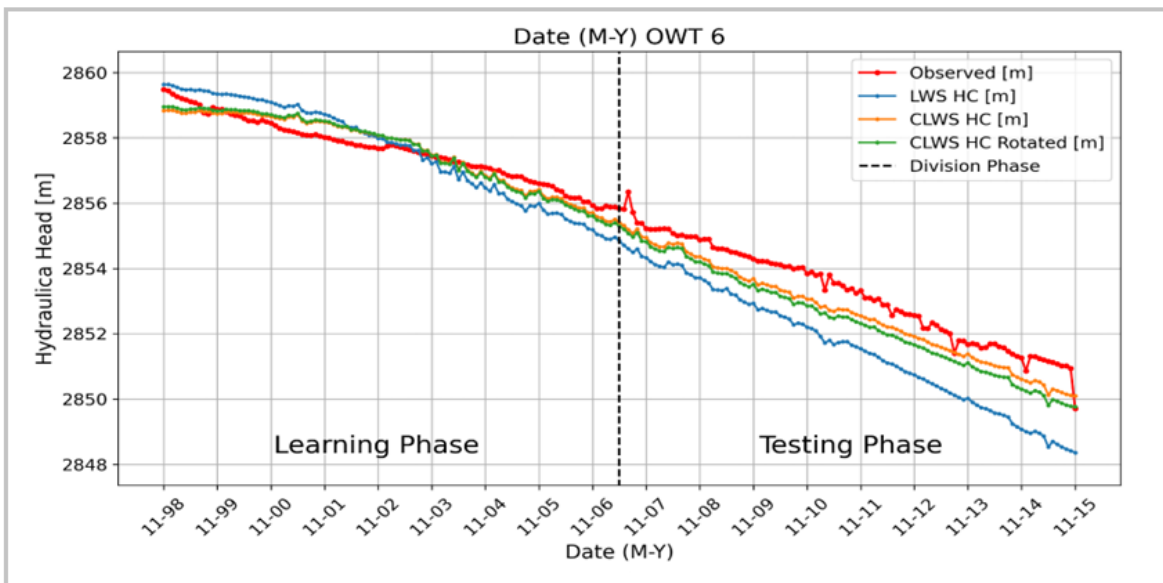
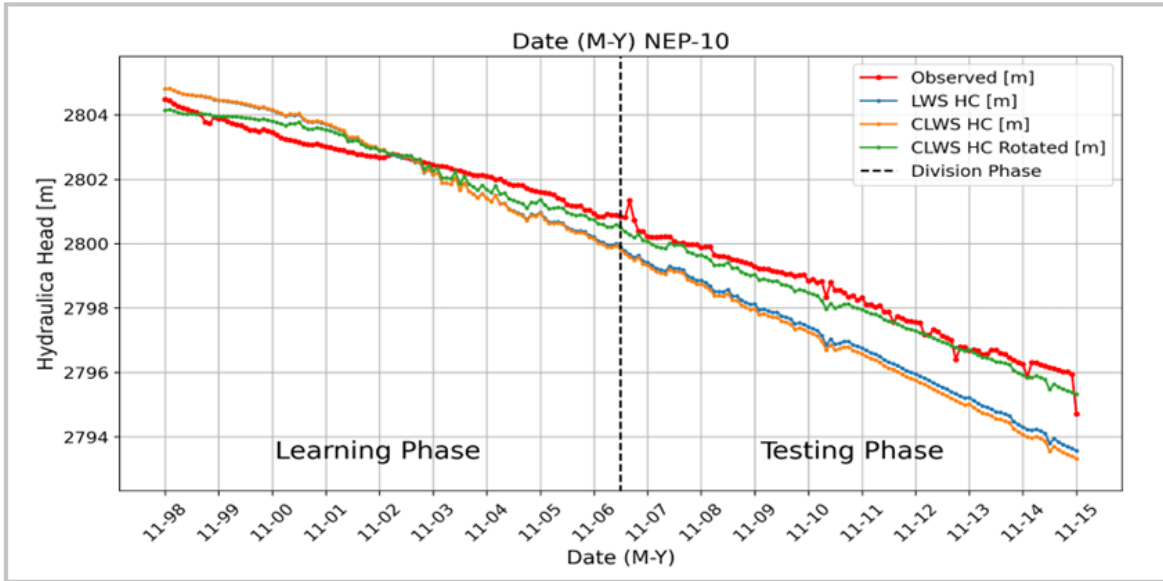


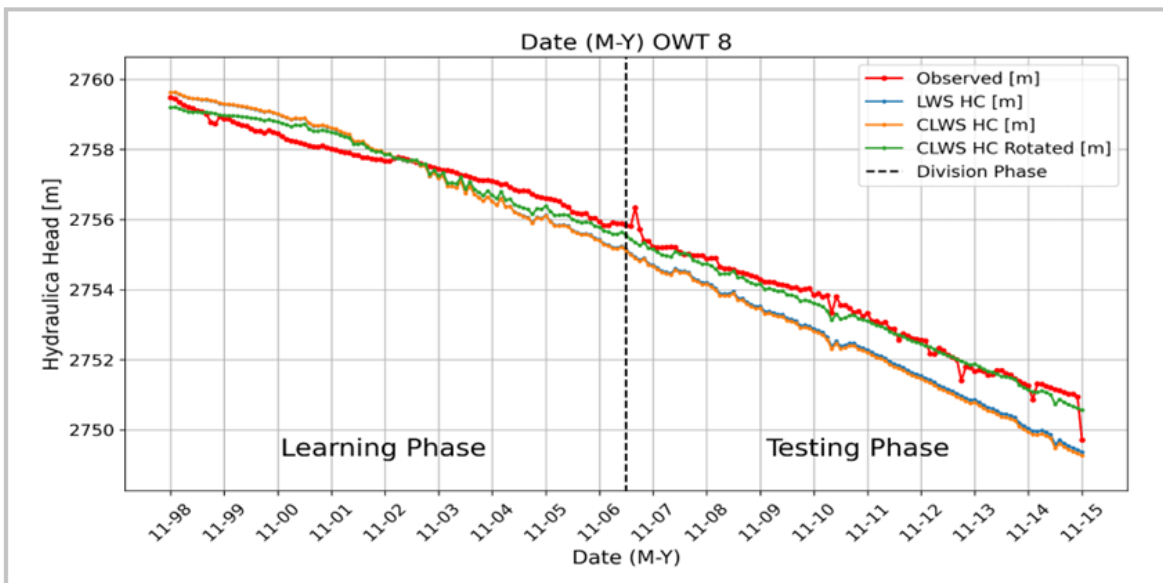
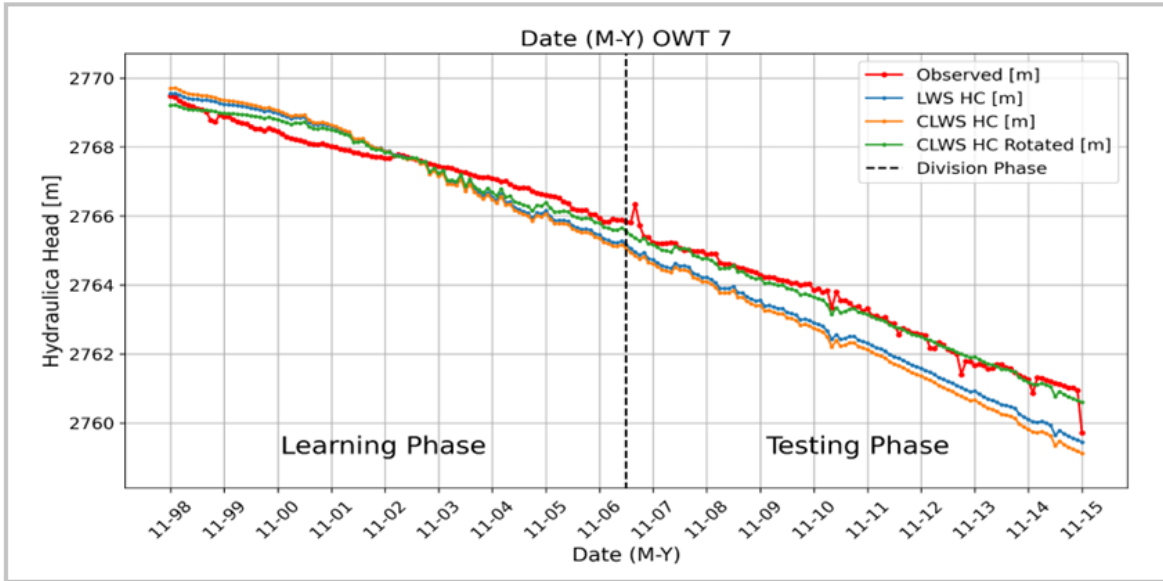
RMSE Results per Method Summary						
Well/RMSE Result per Method	RMSE LWS LP	RMSE CLWS LP	RMSE LWS TP	RMSE CLWS TP	Optimum Well Type [m]	Optimum RMSE [m]
OWT 4	0.03	0	0.03	0	CLWS	0
NEP-10	0.44	0.26	0.9	0.41	CLWS	0.41
OWT 6	0.68	0.57	1.43	1.77	LWS	1.43
OWT 7	0.26	0.25	0.34	0.3	CLWS	0.3
OWT 8	0.48	0.25	0.86	0.3	CLWS	0.3
ASC-2	0.05	0	0.16	0	CLWS	0
OWT 11	0.17	0.09	0.44	0.29	CLWS	0.29
OWT 12	0.03	0.01	0.08	0.02	CLWS	0.02
NEP-5	1.3	0.8	3.35	2.53	CLWS	2.53
OWT 14	0.97	0.82	2.72	2.47	CLWS	2.47
OWT 15	1.09	0.76	3	2.26	CLWS	2.26
OWT 16	0.97	0.97	2.98	3.1	LWS	2.98
MEC-2	0.52	0.29	1.04	0.49	CLWS	0.49
OWT 19	0.57	0	0.92	0.01	CLWS	0.01
OWT 20	0.53	0.18	1.14	0.3	CLWS	0.3
DGA-1A	0.96	0.01	1.76	0.01	CLWS	0.01
OWT 22	1.01	0	1.82	0	CLWS	0
OWT 23	1.28	0.57	2.22	0.95	CLWS	0.95

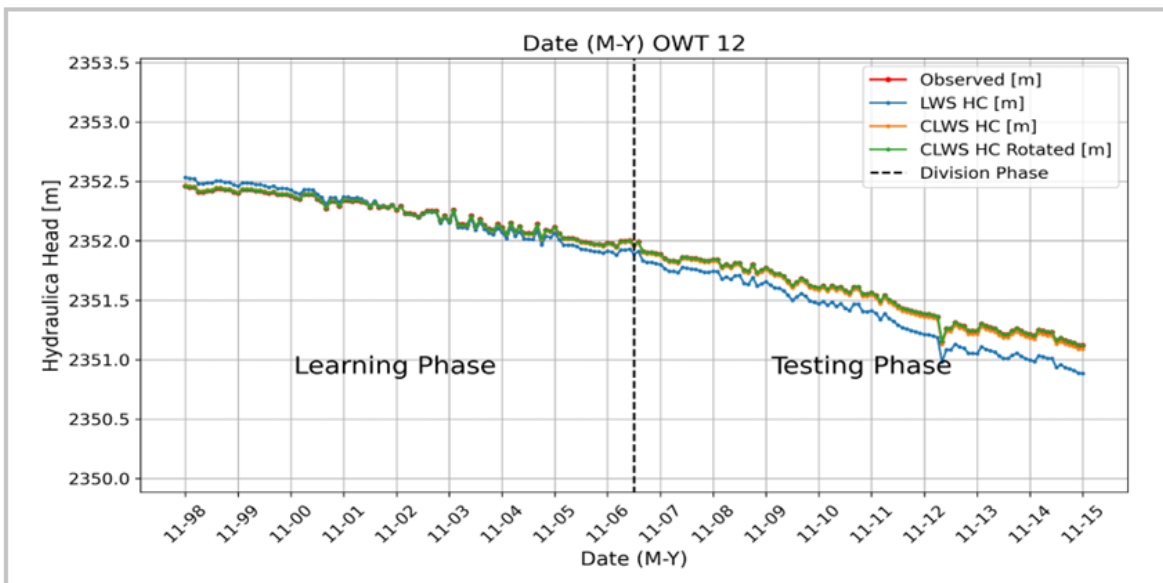
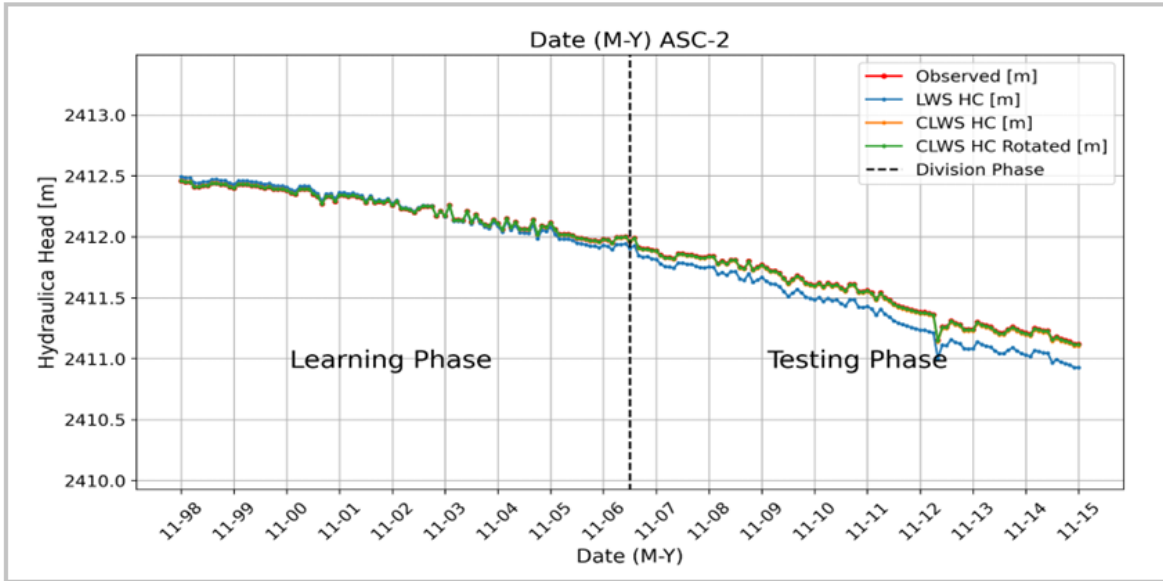
Representative Wells (LWS)	
Well's Number	LWS
1	OWT 2
2	OWT 3
3	OWT 10
4	OWT 18
5	OWT 24
6	MER-27

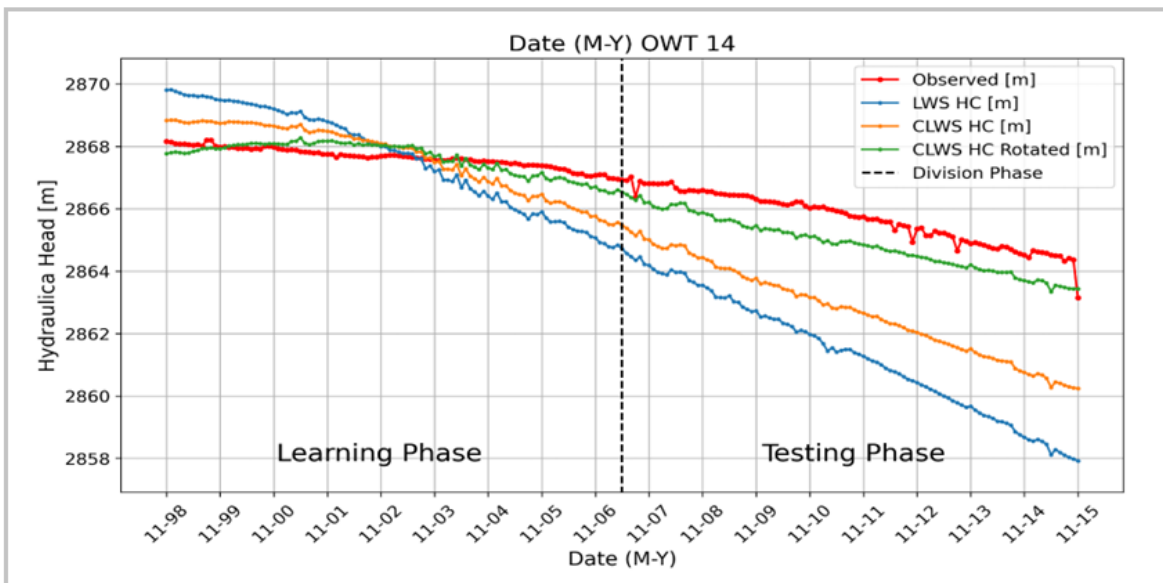
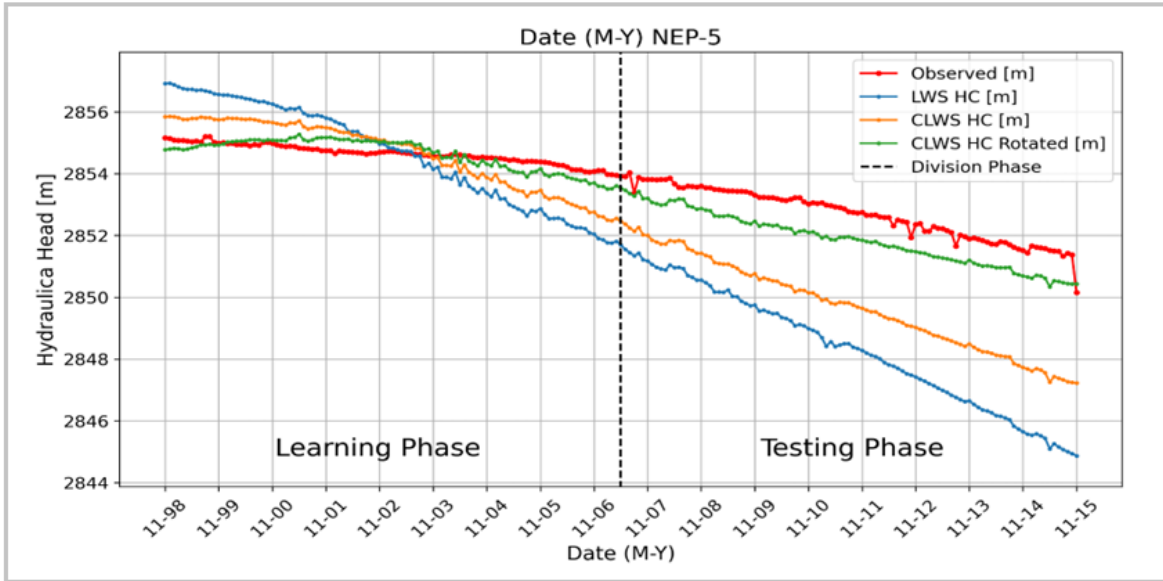
Anexo B.1.4

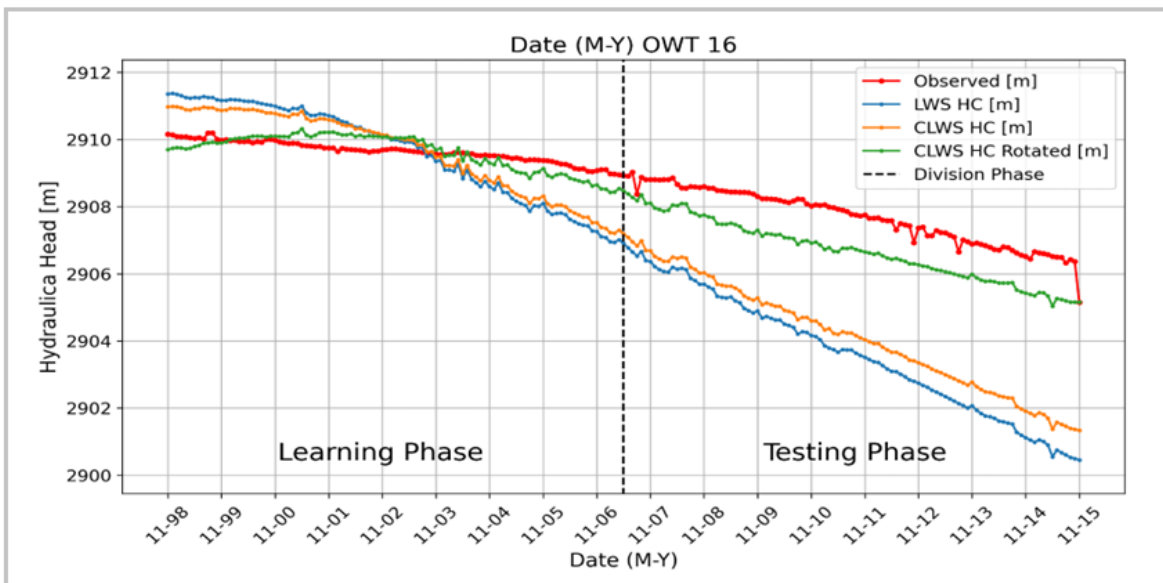
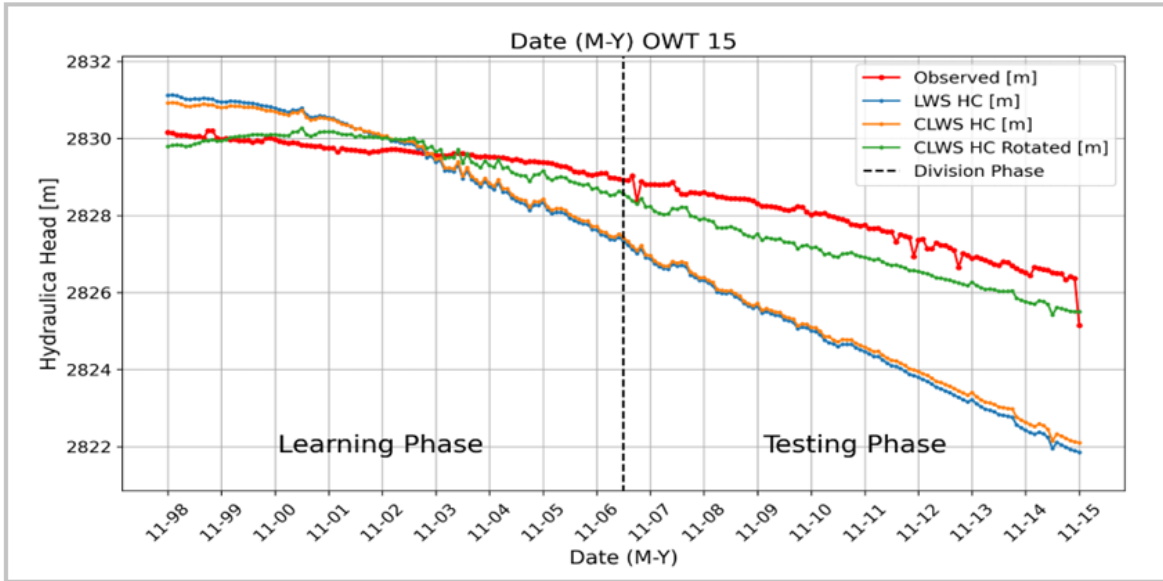
Rotation Process

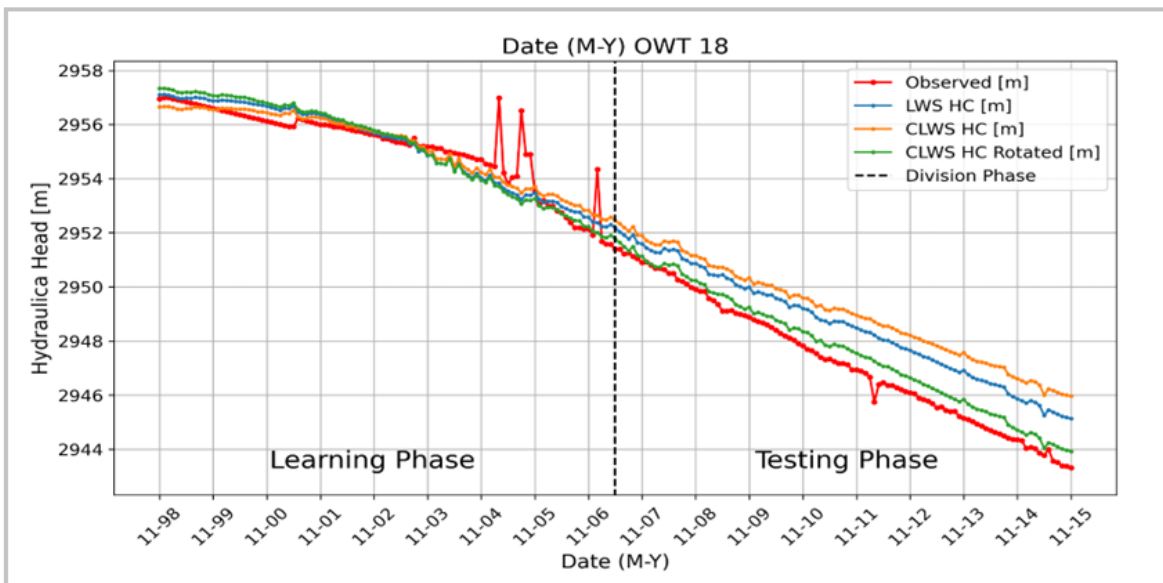
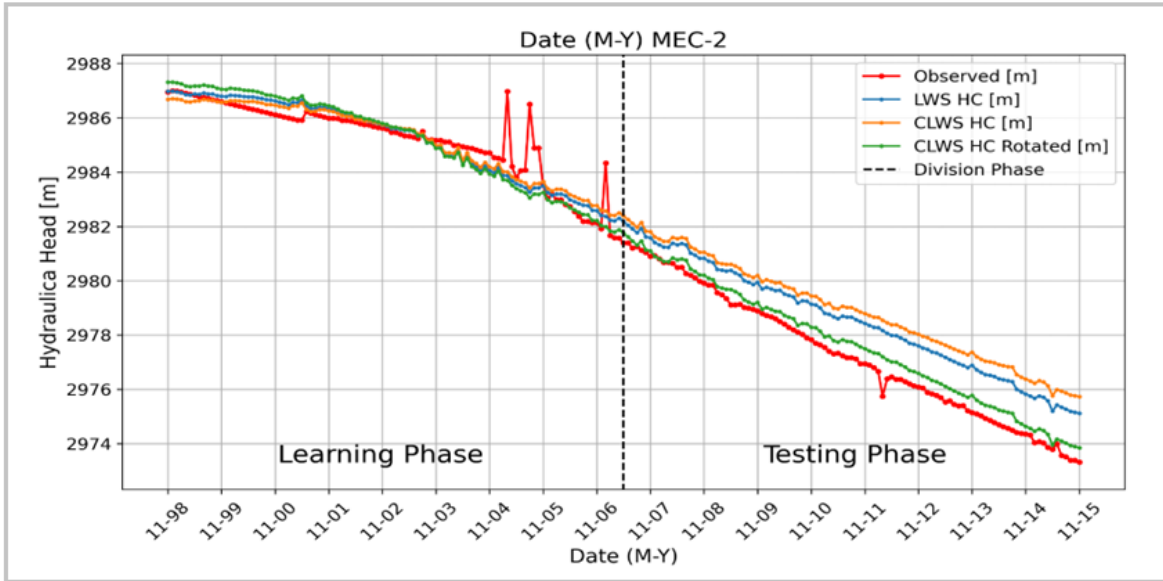


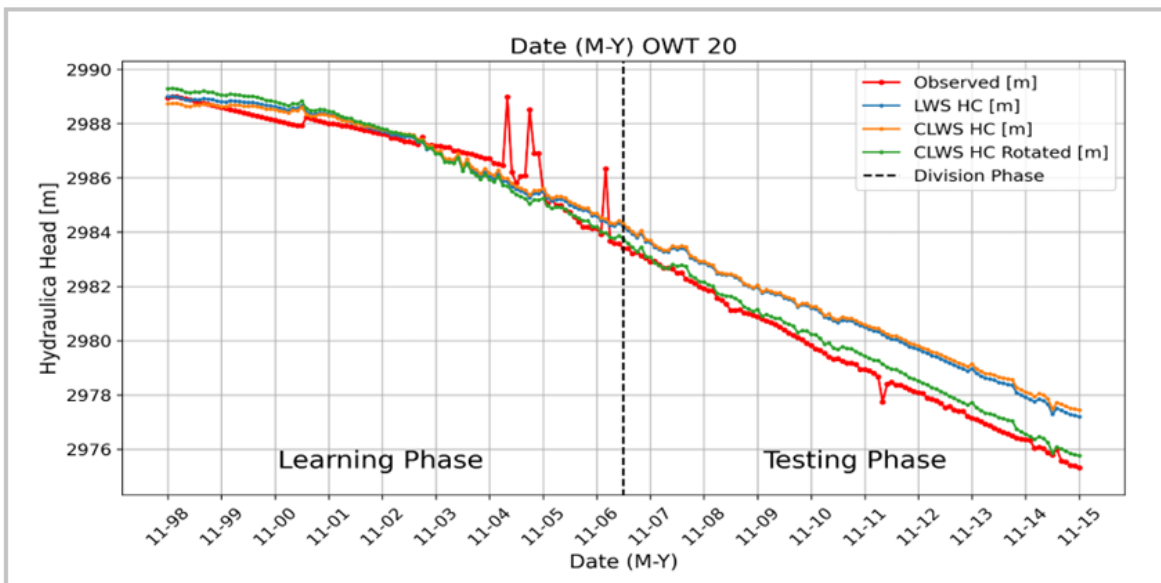
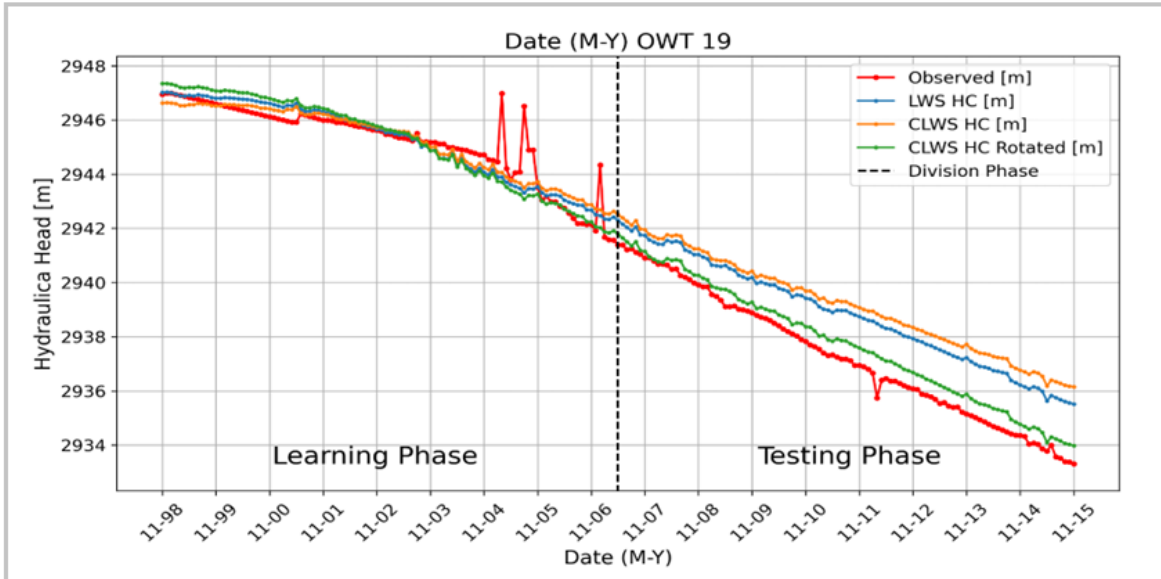












RMSE Results per Method Summary							
Well/RM SE Result per Method	RMSE LWS LP [m]	RMSE CLWS LP [m]	RMSE LWS TP [m]	RMSE CLWS TP [m]	RMSE CLWS Rot TP [m]	Optimum Well Type [m]	Optimum RMSE [m]
OWT 4	0,01	0	0,02	0	0	CLWS	0
NEP-10	0,63	0,65	1,15	1,27	0,34	CLWS Rot	0,34
OWT 6	0,61	0,32	1,27	0,51	0,66	CLWS	0,51
OWT 7	0,48	0,55	0,74	0,89	0,27	CLWS Rot	0,27

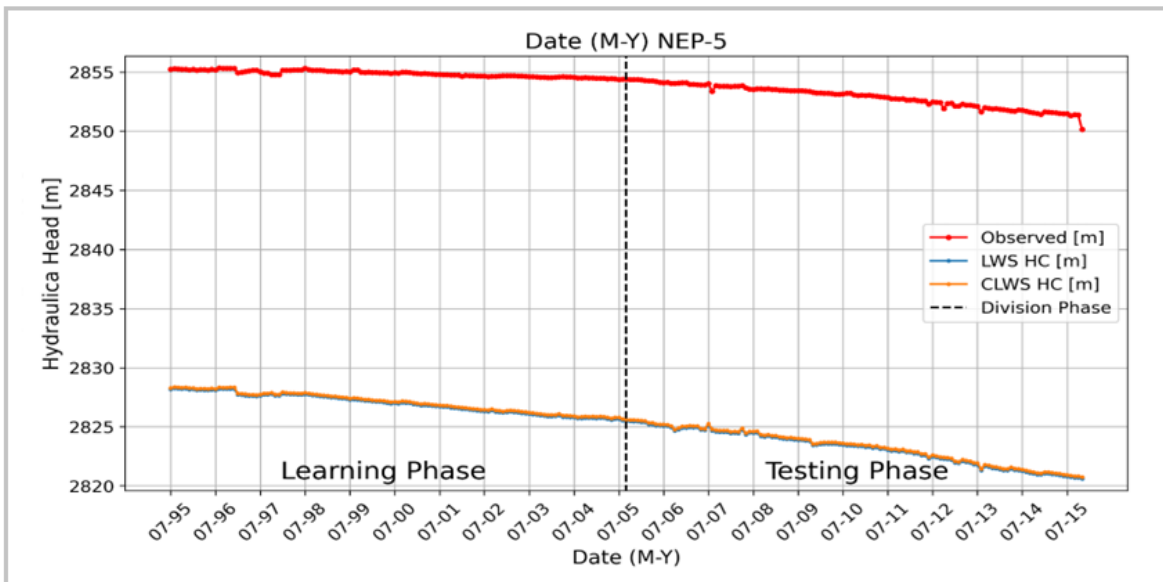
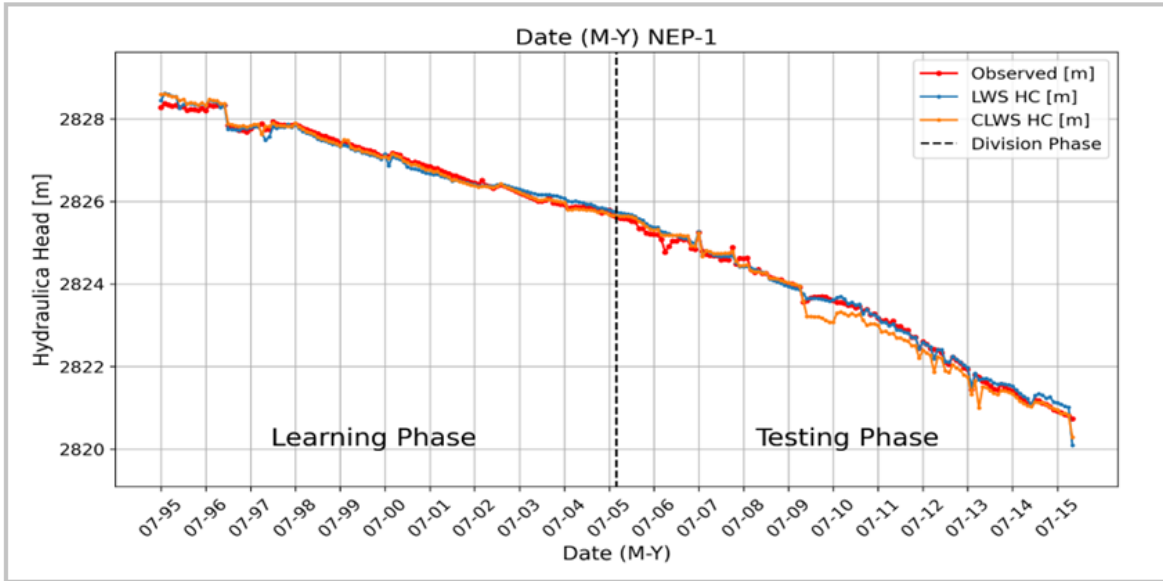
OWT 8	0,5	0,51	0,78	0,83	0,28	CLWS Rot	0,28
ASC-2	0,03	0	0,1	0,01	0	CLWS Rot	0
OWT 11	0,14	0,07	0,38	0,24	0,08	CLWS Rot	0,08
OWT 12	0,05	0,01	0,11	0,02	0	CLWS Rot	0
NEP-5	1,35	0,8	3,31	2,22	0,63	CLWS Rot	0,63
OWT 14	1,31	0,8	3,3	2,21	0,63	CLWS Rot	0,63
OWT 15	0,91	0,83	2,38	2,27	0,59	CLWS Rot	0,59
OWT 16	1,13	0,93	3,07	2,66	0,77	CLWS Rot	0,77
MEC-2	0,65	0,61	1,06	1,3	0,61	CLWS Rot	0,61
OWT 18	0,66	0,61	1,09	1,41	0,63	CLWS Rot	0,63
OWT 19	0,64	0,61	1,25	1,49	0,64	CLWS Rot	0,64
OWT 20	0,65	0,62	1,1	1,17	0,59	CLWS Rot	0,59
OWT 22	0,47	0	0,91	0	0	CLWS	0
OWT 23	0,83	0	1,44	0	0	CLWS	0

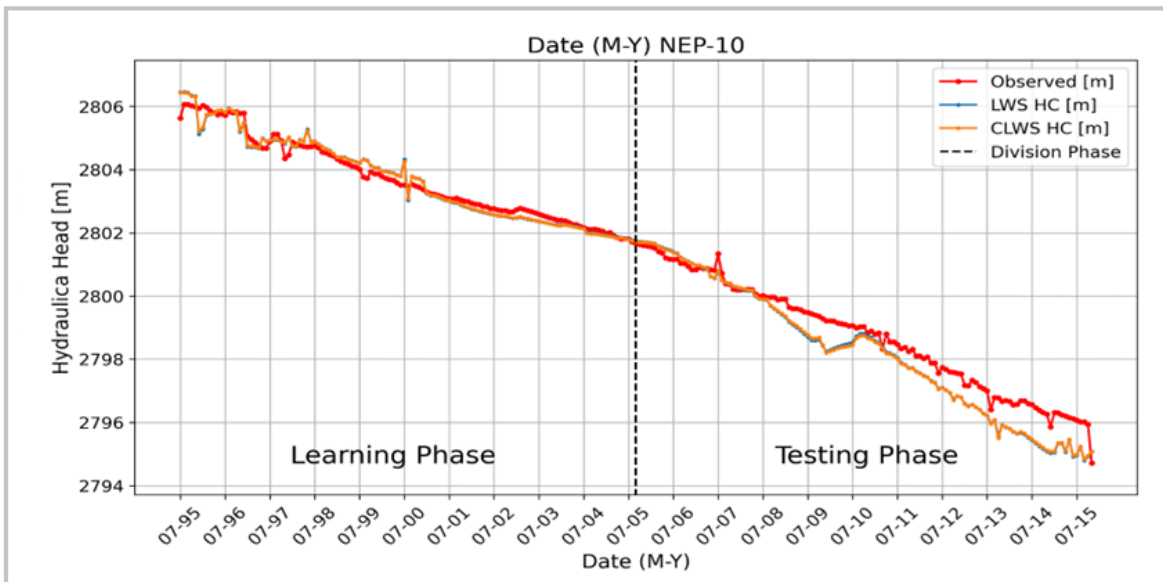
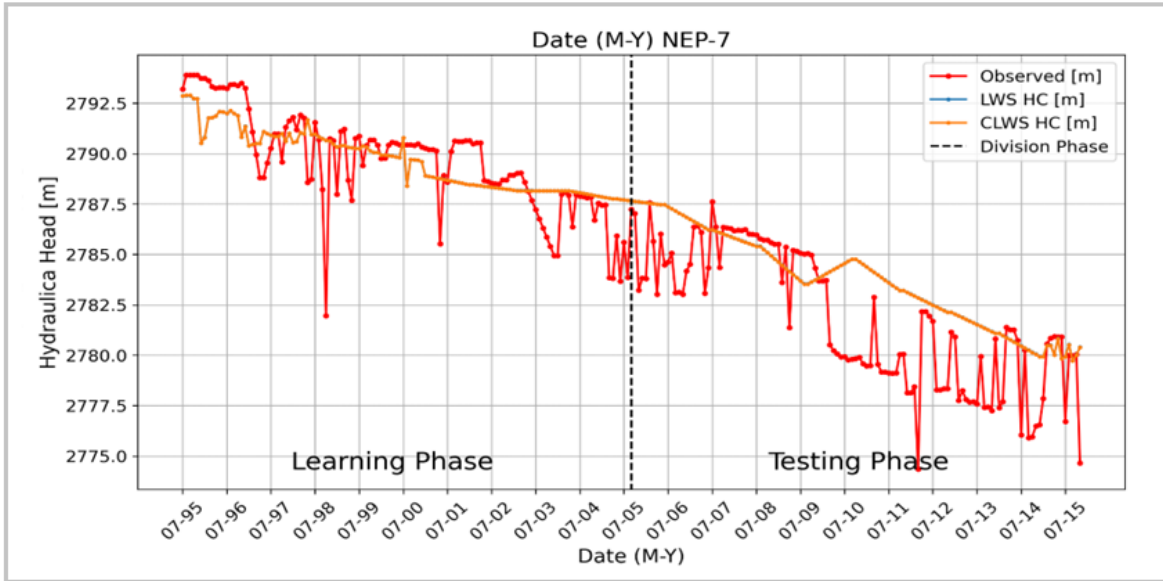
Anexo B.2

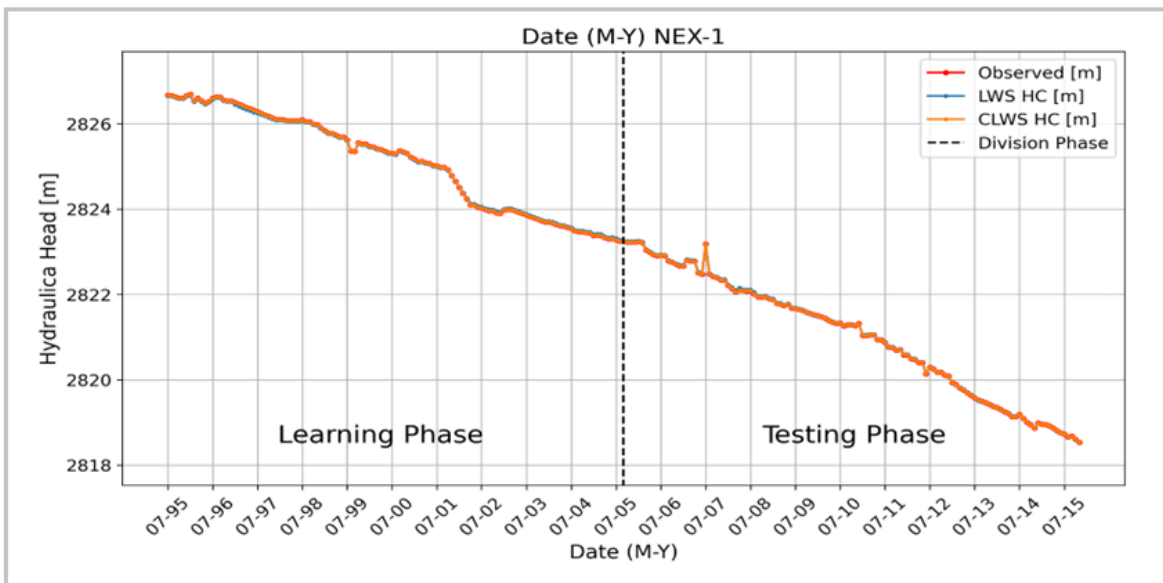
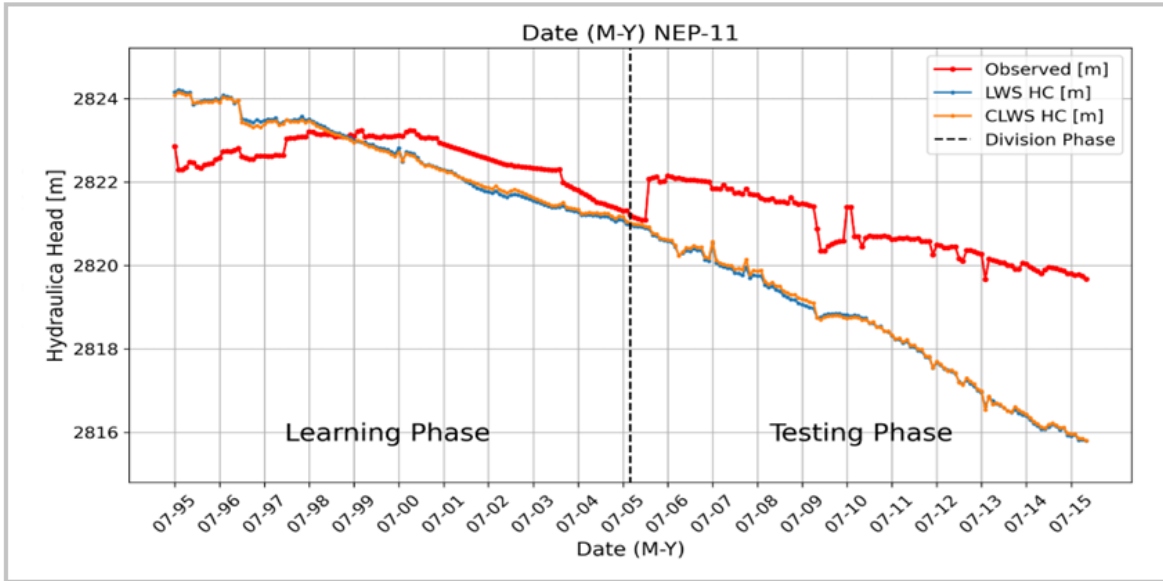
Caso en Estudio, Negrillar, Salar de Atacama

Anexo B.2.1

Modelo Original de Mahmud et al. (2021)





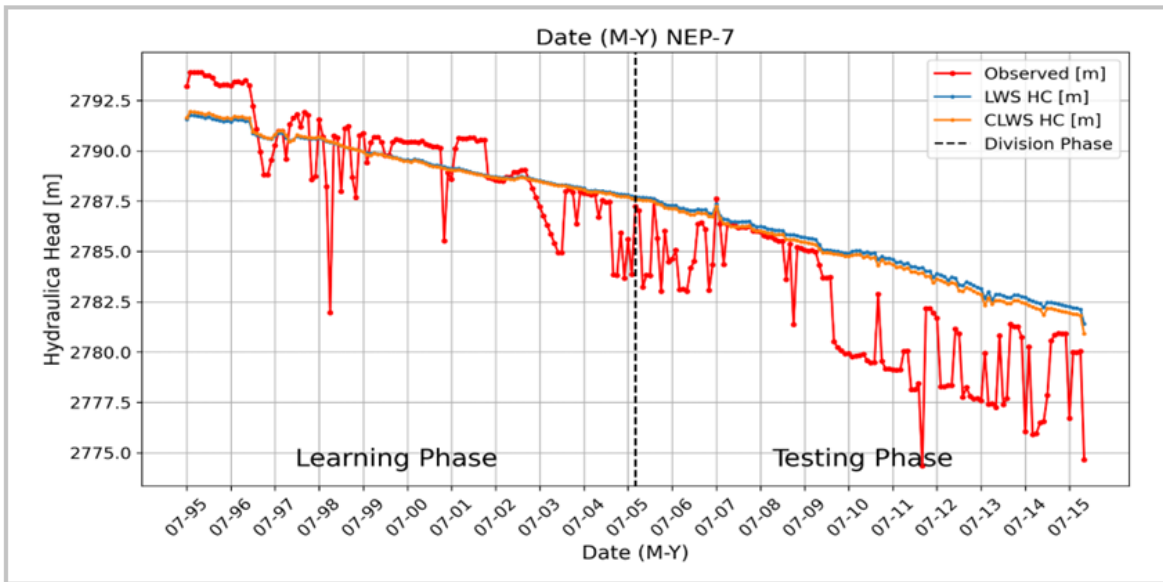
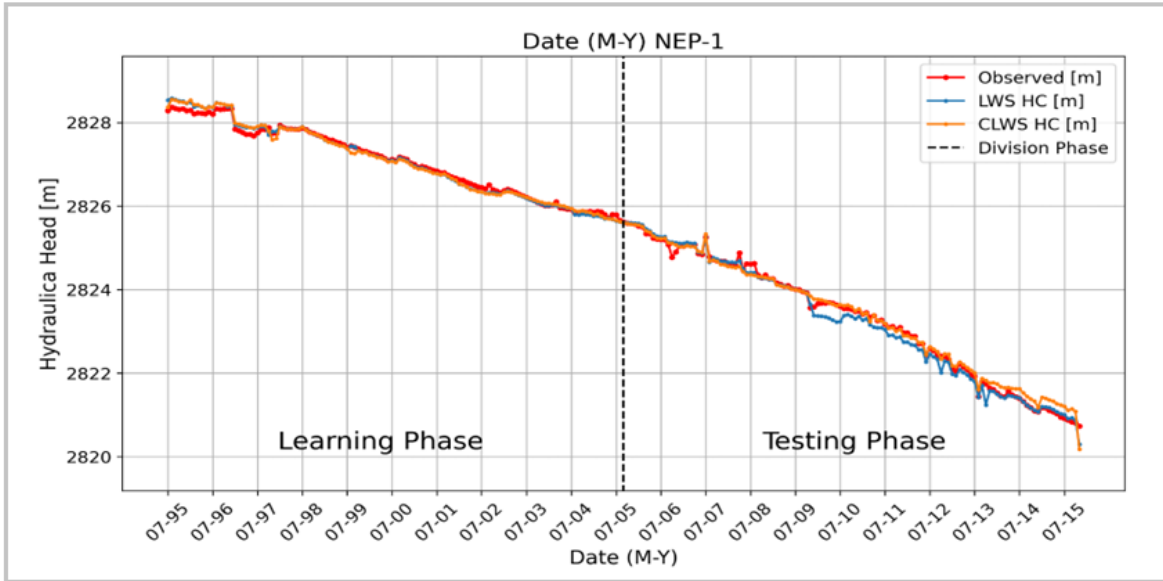


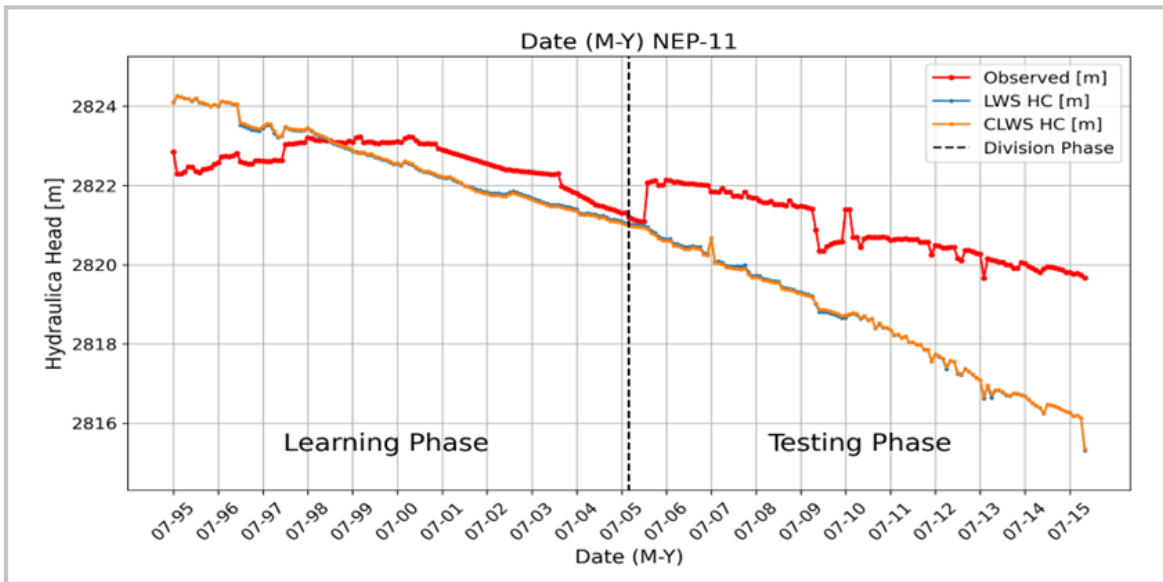
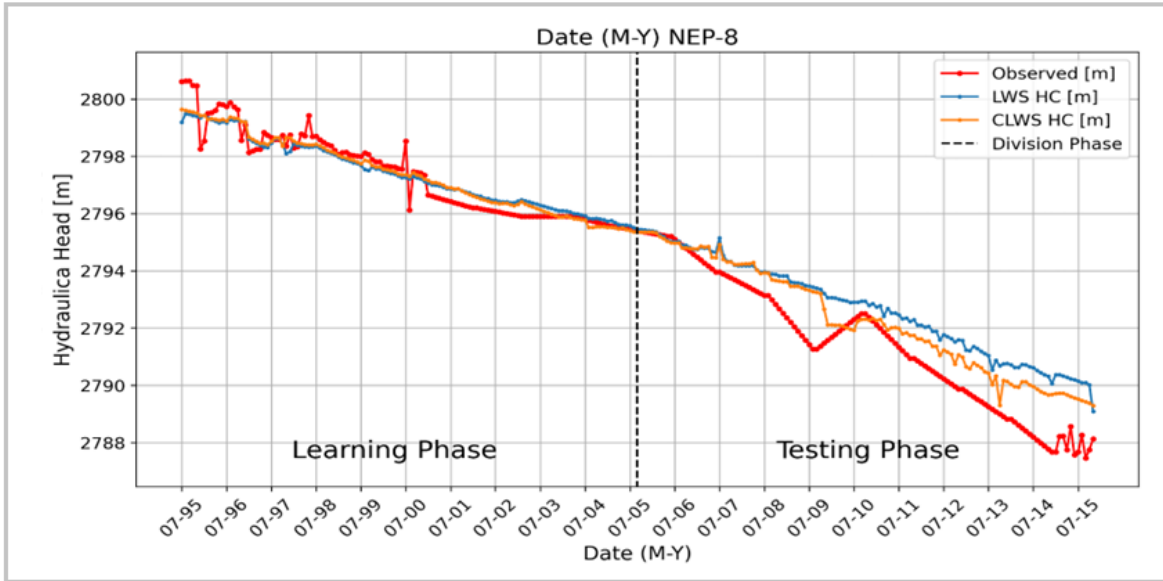
RMSE Results per Method Summary						
Well/RMSE Result per Method	RMSE LWS LP	RMSE CLWS LP	RMSE LWS TP	RMSE CLWS TP	Optimum Well Type [m]	Optimum RMSE [m]
NEP-3	3.42	3.37	3.85	3.8	CLWS	3.8
NEP-5	27.95	27.83	28.86	28.74	CLWS	28.74
NEP-7	1.75	1.75	2.44	2.43	CLWS	2.43
NEP-9	1.94	1.94	2.43	2.43	CLWS	2.43
NEP-10	0.25	0.24	0.49	0.48	CLWS	0.48
NEP-11	0.79	0.76	1.9	1.87	CLWS	1.87
NEX-1	0.03	0	0.02	0	CLWS	0

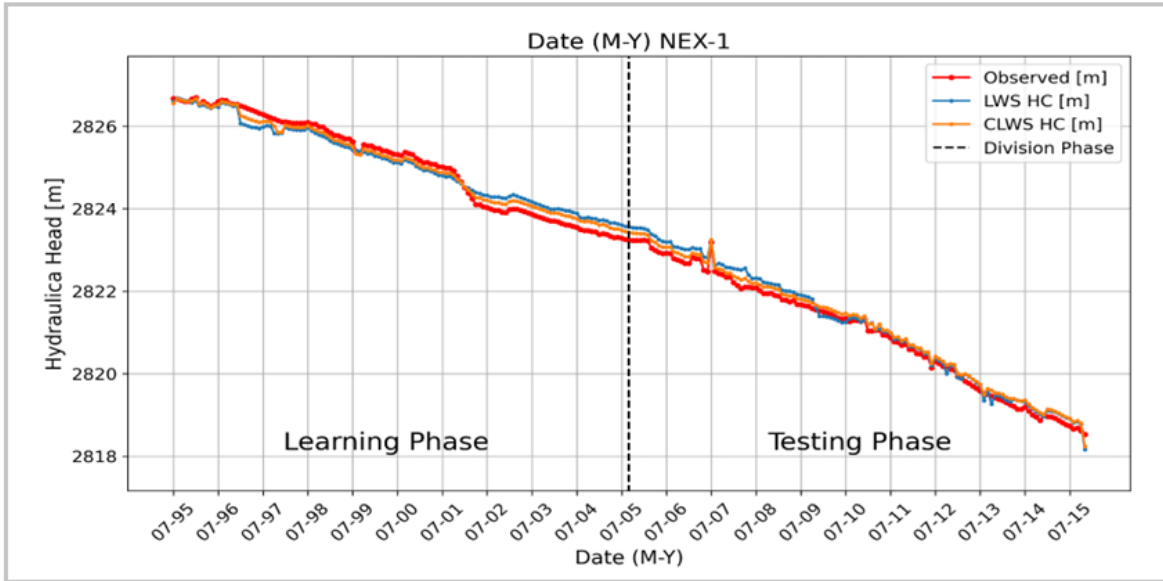
Representative Wells (LWS)	
Well's Number	LWS
1	NEP-1
2	NEP-2
3	NEX-4
4	NEP-8

Anexo B.2.2

Constant Addition





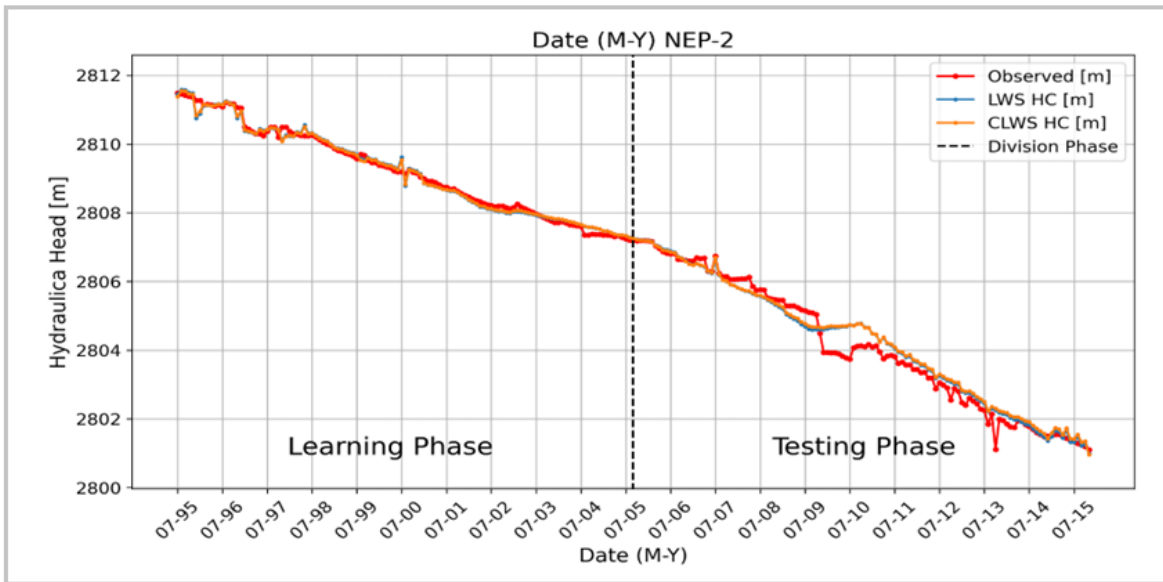
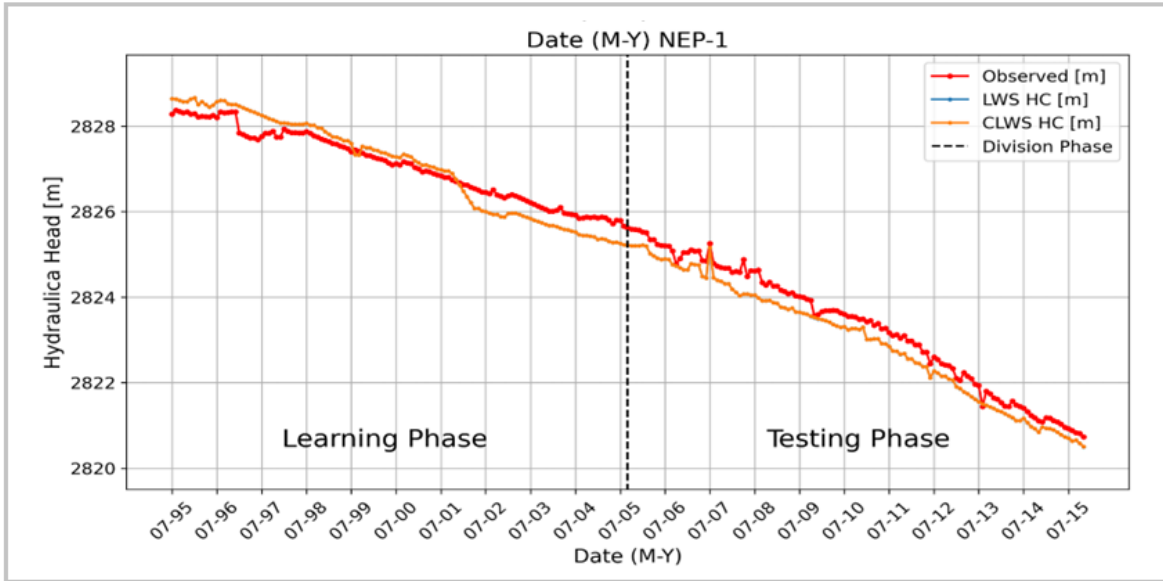


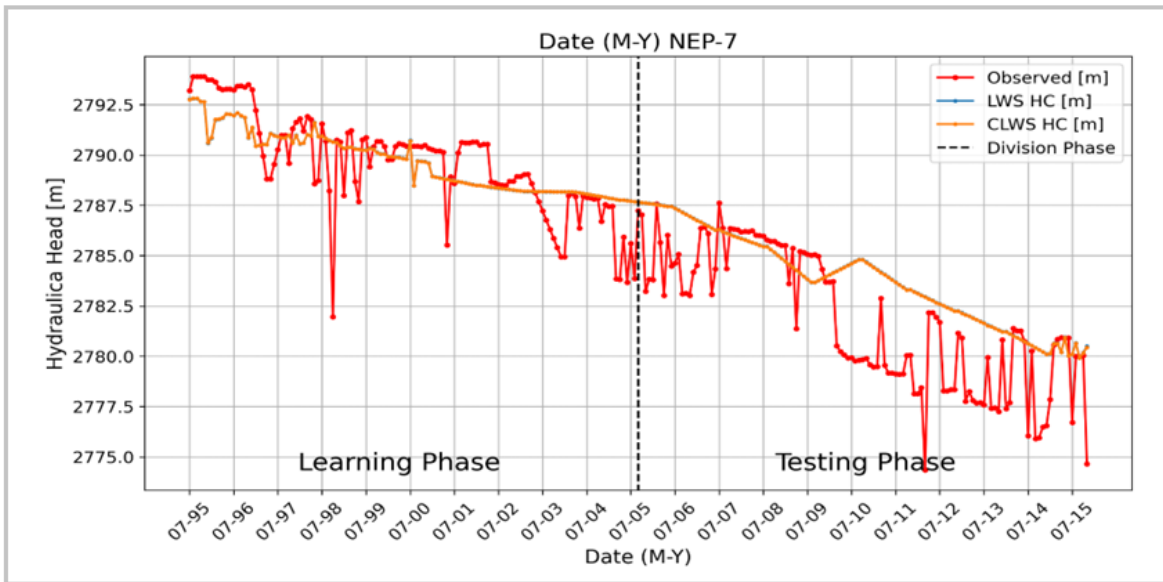
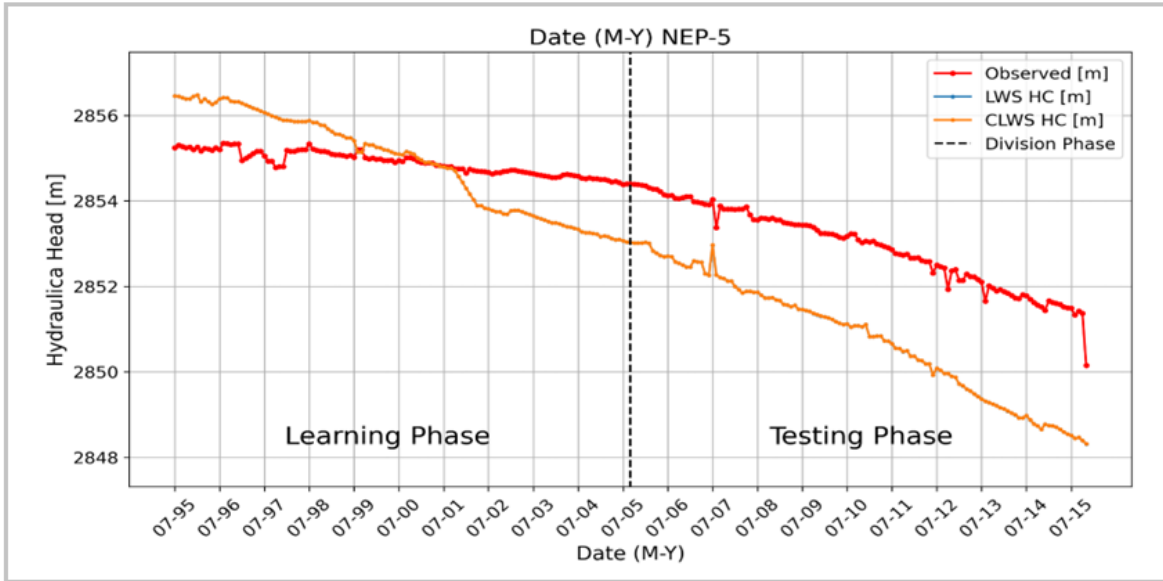
RMSE Results per Method Summary						
Well/RMSE Result per Method	RMSE LWS LP	RMSE CLWS LP	RMSE LWS TP	RMSE CLWS TP	Optimum Well Type [m]	Optimum RMSE [m]
NEP-1	0.09	0.1	0.13	0.11	CLWS	0.11
NEP-3	0.23	0.2	0.47	0.4	CLWS	0.4
NEP-7	1.73	1.7	2.93	2.8	CLWS	2.8
NEP-8	0.46	0.41	1.07	0.8	CLWS	0.8
NEP-9	1.97	1.93	2.91	2.76	CLWS	2.76
NEP-11	0.8	0.81	1.82	1.82	LWS	1.82
NEX-1	0.25	0.15	0.23	0.15	CLWS	0.15

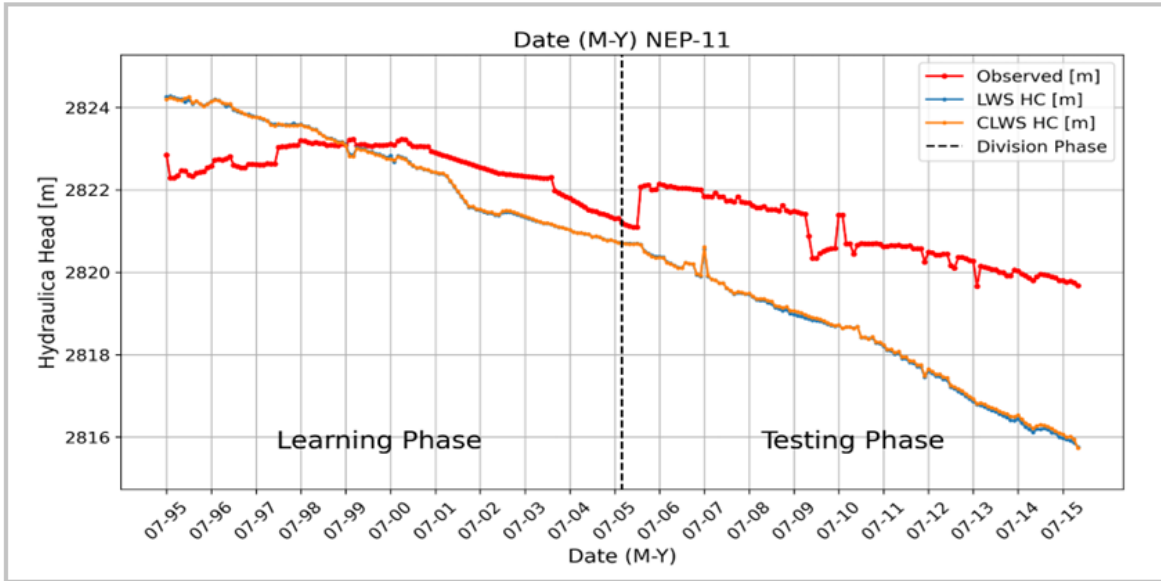
Representative Wells (LWS)	
Well's Number	LWS
1	NEP-2
2	NEP-10
3	NEP-5
4	NEX-4

Anexo B.2.3

Random Index Position







RMSE Results per Method Summary						
Well/RMSE Result per Method	RMSE LWS LP	RMSE CLWS LP	RMSE LWS TP	RMSE CLWS TP	Optimum Well Type [m]	Optimum RMSE [m]
NEP-1	0.34	0.34	0.34	0.34	CLWS	0.34
NEP-2	0.14	0.12	0.26	0.26	LWS	0.26
NEP-3	0.55	0.55	0.9	0.9	LWS	0.9
NEP-5	0.89	0.89	1.67	1.67	CLWS	1.67
NEP-7	1.74	1.74	2.47	2.46	CLWS	2.46
NEP-9	1.94	1.93	2.46	2.47	LWS	2.46
NEP-11	0.93	0.93	1.98	1.95	CLWS	1.95

Representative Wells (LWS)	
Well's Number	LWS
1	NEP-8
2	NEX-1
3	NEP-10
4	NEX-4

Anexo C.

Tiempos de Compilación

Anexo C.1

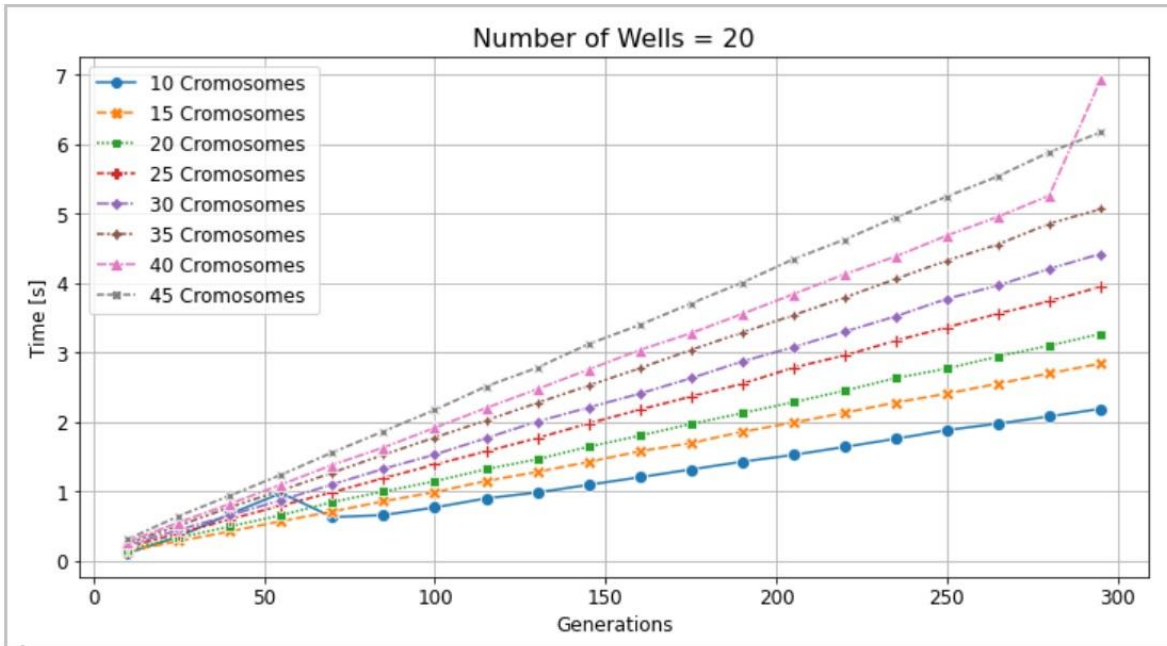
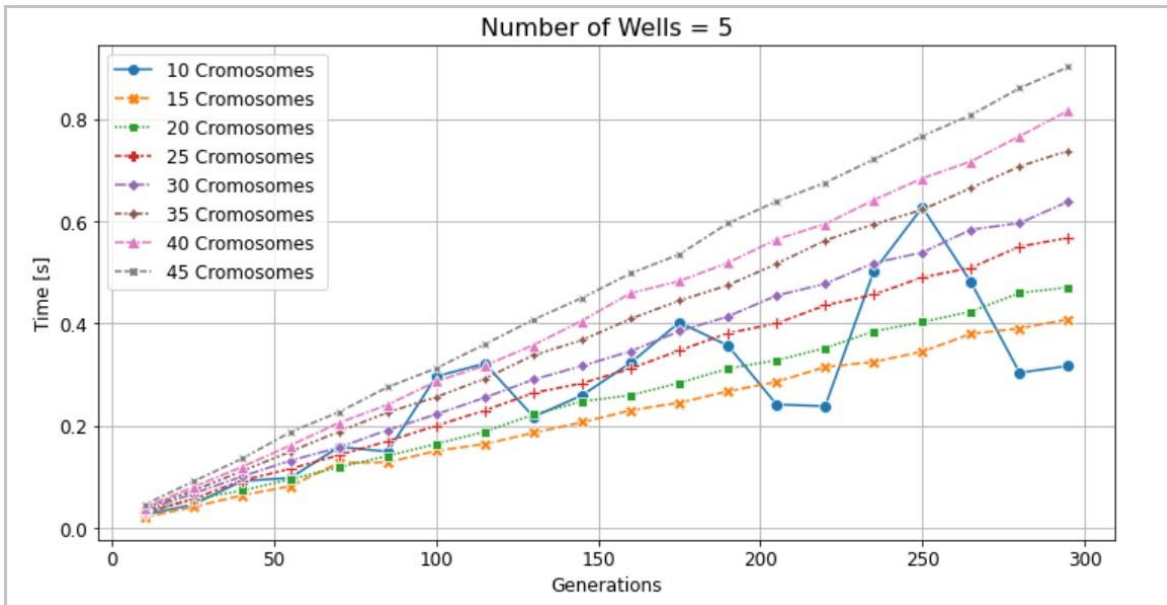
Tiempos de Ejecución

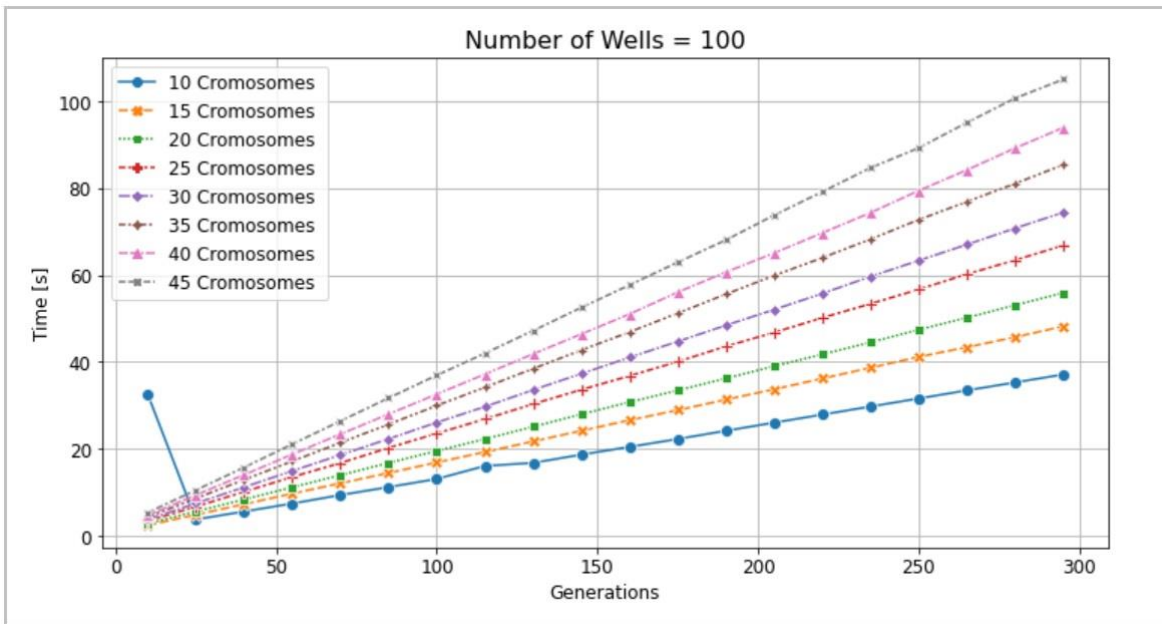
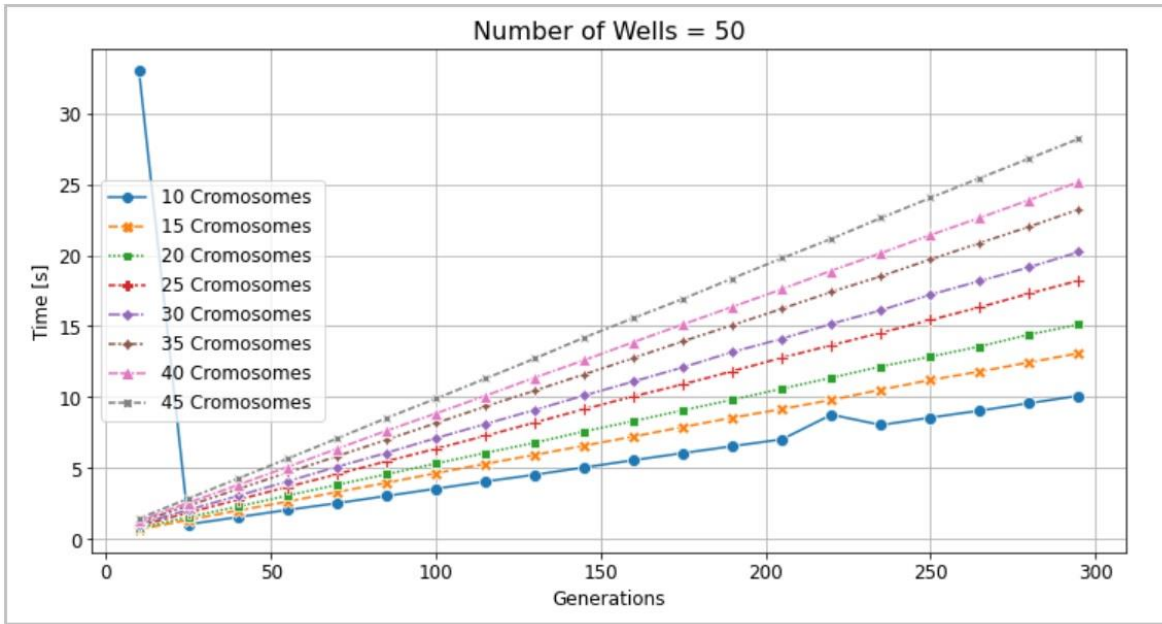
Anexo C.1.1

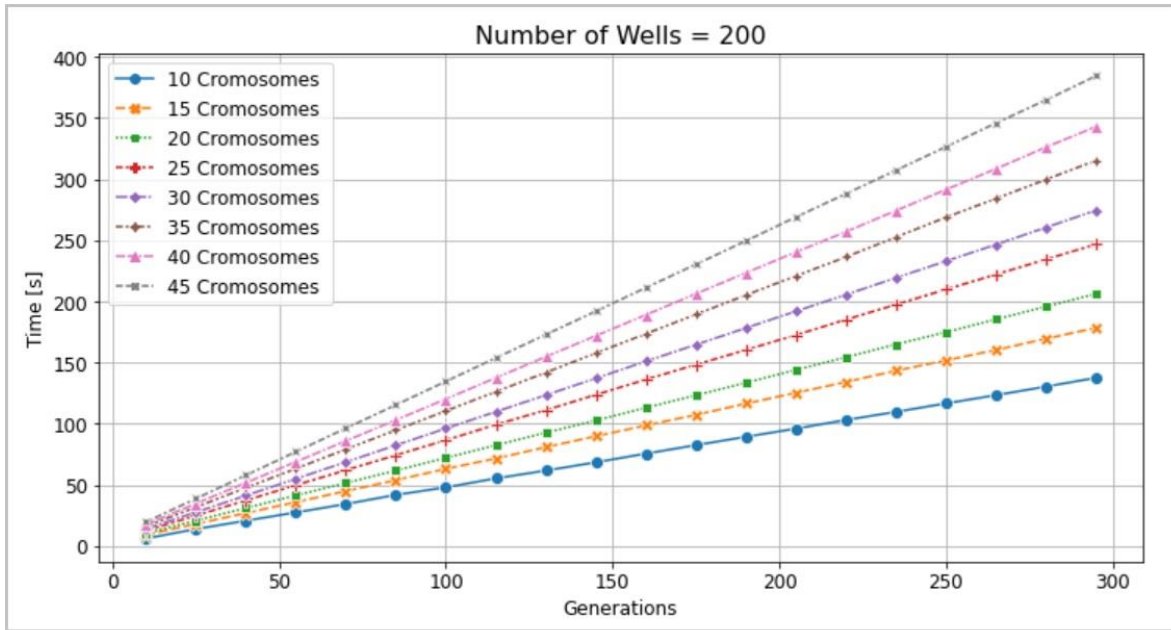
Numba

Anexo C.1.1.1

20 Tiempos







Number of Wells = 5; Number of Times = 20; Tiempo de Ejecución FP [s]

Generations	Cromosomes							
	10	15	20	25	30	35	40	45
10	0.03	0.02	0.03	0.03	0.03	0.04	0.04	0.05
25	0.05	0.04	0.06	0.06	0.07	0.07	0.08	0.09
40	0.09	0.06	0.07	0.09	0.10	0.11	0.12	0.14
55	0.10	0.08	0.10	0.12	0.13	0.15	0.16	0.19
70	0.16	0.13	0.12	0.14	0.16	0.19	0.21	0.23
85	0.15	0.13	0.14	0.17	0.19	0.23	0.24	0.28
100	0.30	0.15	0.16	0.20	0.22	0.26	0.29	0.31
115	0.32	0.16	0.19	0.23	0.26	0.29	0.32	0.36

130	0.22	0.19	0.22	0.26	0.29	0.34	0.36	0.41
145	0.26	0.21	0.25	0.28	0.32	0.37	0.41	0.45
160	0.32	0.23	0.26	0.31	0.35	0.41	0.46	0.50
175	0.40	0.25	0.28	0.35	0.39	0.44	0.48	0.54
190	0.36	0.27	0.31	0.38	0.41	0.48	0.52	0.60
205	0.24	0.29	0.33	0.40	0.45	0.52	0.56	0.64
220	0.24	0.32	0.35	0.44	0.48	0.56	0.59	0.68
235	0.50	0.33	0.38	0.46	0.52	0.59	0.64	0.72
250	0.63	0.35	0.40	0.49	0.54	0.62	0.68	0.77
265	0.48	0.38	0.42	0.51	0.58	0.67	0.72	0.81
280	0.30	0.39	0.46	0.55	0.60	0.71	0.77	0.86
295	0.32	0.41	0.47	0.57	0.64	0.74	0.82	0.90

Number of Wells = 20; Number of Times = 20; Tiempo de Ejecución FP [s]								
Generations	Cromosomes							
	10	15	20	25	30	35	40	45
10	0.1	0.1	0.2	0.2	0.2	0.3	0.3	0.3
25	0.4	0.3	0.3	0.4	0.4	0.5	0.6	0.6
40	0.7	0.4	0.5	0.6	0.7	0.8	0.8	0.9
55	1.0	0.6	0.7	0.8	0.9	1.0	1.1	1.2
70	0.6	0.7	0.8	1.0	1.1	1.3	1.4	1.6
85	0.7	0.9	1.0	1.2	1.3	1.5	1.6	1.9
100	0.8	1.0	1.1	1.4	1.5	1.8	1.9	2.2
115	0.9	1.2	1.3	1.6	1.8	2.0	2.2	2.5
130	1.0	1.3	1.5	1.8	2.0	2.3	2.5	2.8
145	1.1	1.4	1.6	2.0	2.2	2.5	2.8	3.1
160	1.2	1.6	1.8	2.2	2.4	2.8	3.0	3.4
175	1.3	1.7	2.0	2.4	2.6	3.0	3.3	3.7
190	1.4	1.9	2.1	2.5	2.9	3.3	3.6	4.0
205	1.5	2.0	2.3	2.8	3.1	3.5	3.8	4.3
220	1.6	2.1	2.4	3.0	3.3	3.8	4.1	4.6
235	1.8	2.3	2.6	3.2	3.5	4.1	4.4	4.9
250	1.9	2.4	2.8	3.4	3.8	4.3	4.7	5.2
265	2.0	2.6	2.9	3.6	4.0	4.6	5.0	5.5

280	2.1	2.7	3.1	3.7	4.2	4.9	5.3	5.9
295	2.2	2.8	3.3	3.9	4.4	5.1	6.9	6.2

Number of Wells = 50; Number of Times = 20; Tiempo de Ejecución FP [s]								
Generations	Cromosomes							
	10	15	20	25	30	35	40	45
10	1.8	0.7	0.8	0.9	1.0	1.2	1.3	1.4
25	1.0	1.3	1.5	1.8	2.0	2.3	2.5	2.8
40	1.5	2.0	2.3	2.7	3.0	3.5	3.8	4.2
55	2.0	2.6	3.0	3.7	4.0	4.7	5.1	5.6
70	2.5	3.3	3.8	4.5	5.1	5.8	6.3	7.1
85	3.0	3.9	4.5	5.5	6.1	7.0	7.6	8.5
100	3.5	4.6	5.3	6.3	7.1	8.1	8.8	9.9
115	4.0	5.3	6.0	7.3	8.1	9.3	10.1	11.3
130	4.5	5.9	6.8	8.2	9.1	10.4	11.4	12.7
145	5.0	6.6	7.6	9.1	10.1	11.6	12.6	14.2
160	5.5	7.2	8.3	10.1	11.1	12.8	13.9	15.6
175	6.0	7.9	9.1	10.9	12.1	13.9	15.1	16.9
190	6.5	8.5	9.8	11.8	13.2	15.1	16.4	18.4
205	7.0	9.1	10.6	12.8	14.1	16.2	17.6	19.8
220	8.8	9.8	11.4	13.7	15.2	17.4	18.9	21.2
235	8.0	10.5	12.2	14.5	16.1	18.5	20.1	22.6
250	8.5	11.2	12.8	15.4	17.2	19.7	21.4	24.1
265	9.0	11.8	13.6	16.3	18.2	20.9	22.6	25.4
280	9.6	12.4	14.4	17.3	19.2	22.0	23.9	26.8
295	10.1	13.1	15.1	18.2	20.2	23.2	25.2	28.2

Number of Wells = 100; Number of Times = 20; Tiempo de Ejecución FP [s]								
Generations	Cromosomes							
	10	15	20	25	30	35	40	45

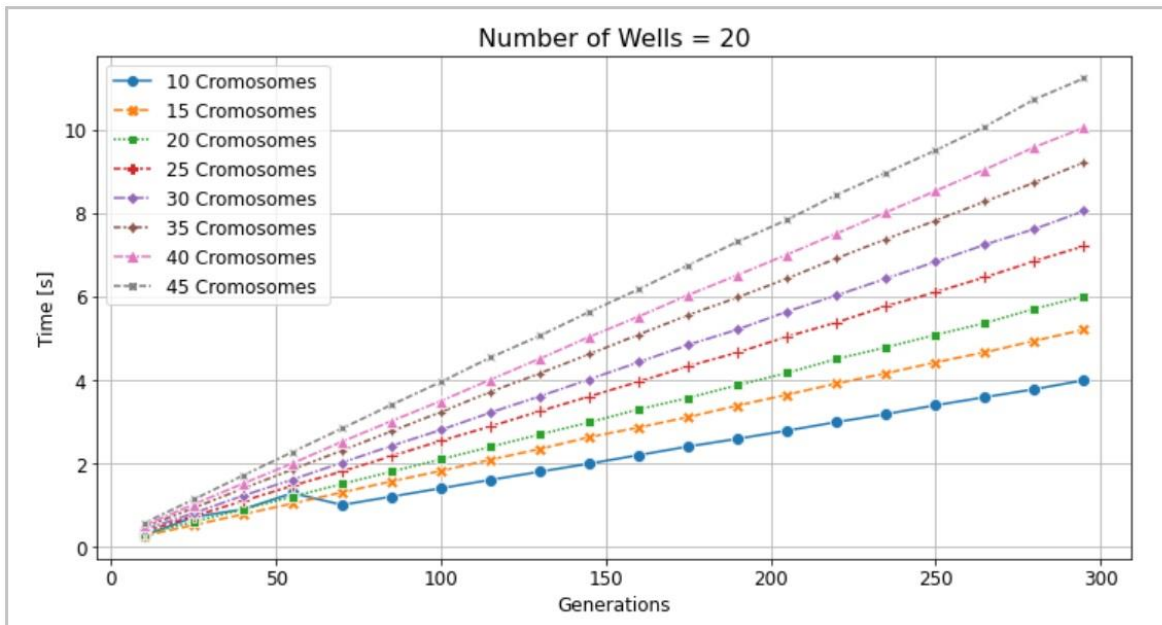
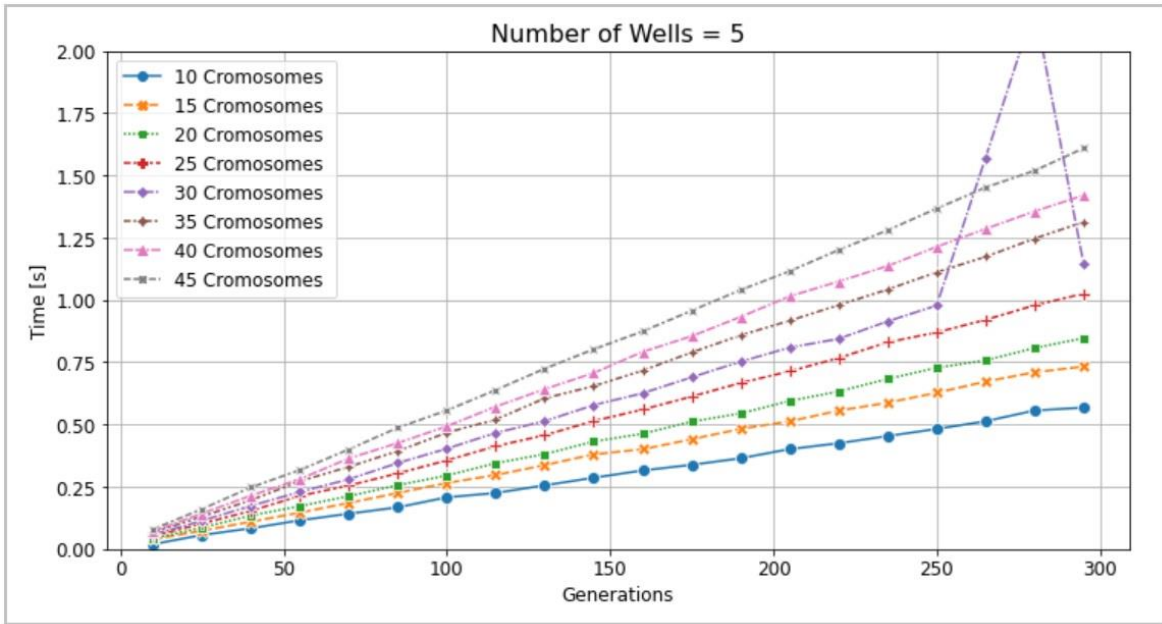
10	1	2	3	3	4	4	5	5
25	4	5	6	7	7	9	9	11
40	6	7	8	10	11	13	14	16
55	7	10	11	14	15	17	19	21
70	9	12	14	17	19	21	23	26
85	11	14	17	20	22	26	28	32
100	13	17	20	24	26	30	33	37
115	16	19	22	27	30	34	37	42
130	17	22	25	30	34	38	42	47
145	19	24	28	34	37	43	46	53
160	20	27	31	37	41	47	51	58
175	22	29	33	40	45	51	56	63
190	24	31	36	44	48	56	61	68
205	26	34	39	47	52	60	65	74
220	28	36	42	50	56	64	70	79
235	30	39	45	53	60	68	74	85
250	32	41	47	57	63	73	79	89
265	33	43	50	60	67	77	84	95
280	35	46	53	63	71	81	89	101
295	37	48	56	67	74	85	94	105

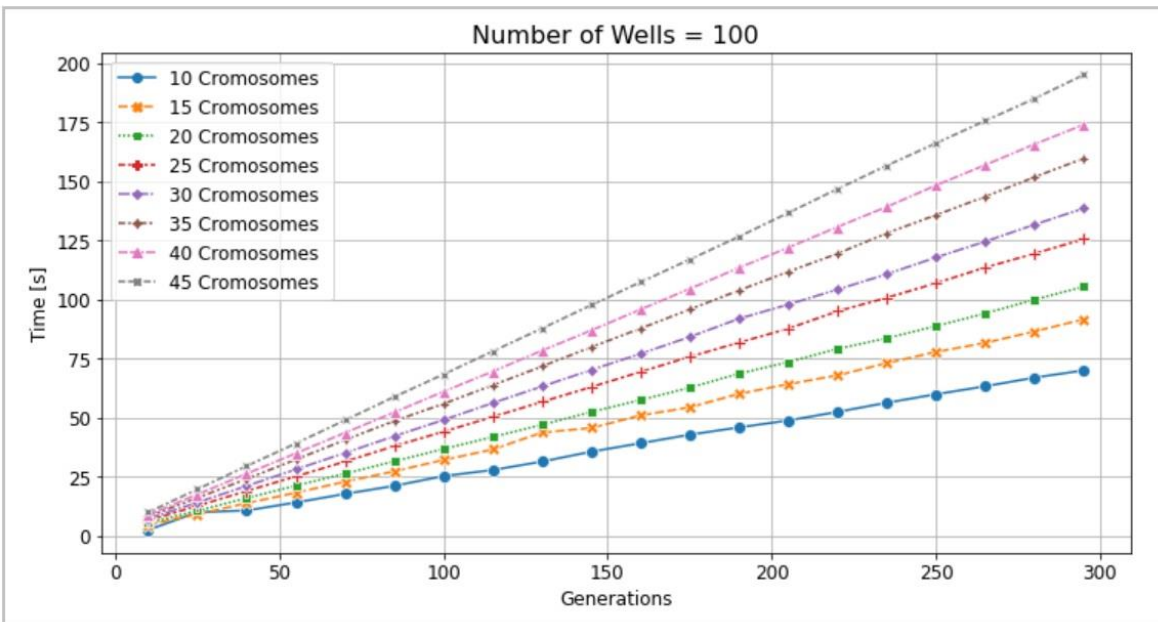
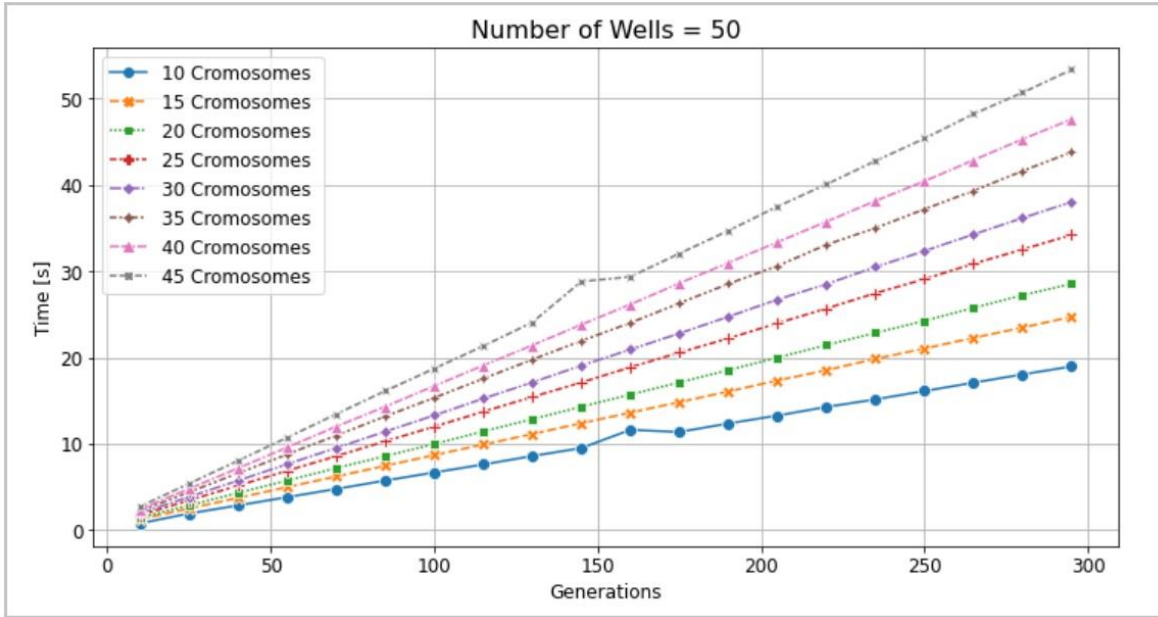
Number of Wells = 200; Number of Times = 20; Tiempo de Ejecución FP [s]								
Generations	Cromosomes							
	10	15	20	25	30	35	40	45
10	6	9	11	13	14	16	18	20
25	14	18	21	25	28	32	35	39
40	21	27	31	37	41	48	52	58
55	28	36	41	50	55	63	69	77
70	34	45	52	62	69	79	86	96
85	42	54	62	74	82	95	103	115
100	48	63	72	87	96	111	120	135
115	55	72	83	99	110	126	138	154
130	62	81	93	111	124	142	155	173
145	69	90	103	124	137	158	172	192
160	76	99	113	136	151	174	189	211
175	83	107	123	148	165	189	206	230
190	89	117	134	160	178	205	223	250
205	96	125	144	173	192	221	240	269
220	103	134	154	185	206	236	257	288
235	110	143	165	197	219	253	274	307

250	117	152	175	210	233	269	291	326
265	123	160	185	222	247	284	308	346
280	130	170	196	234	260	300	326	365
295	138	178	206	247	274	315	343	384

Anexo C.1.1.2

40 Tiempos





Number of Wells = 5; Number of Times = 40; Tiempo de Ejecución FP [s]								
Generations	Cromosomes							
	10	15	20	25	30	35	40	45
10								
20								
30								
40								
50								
60								
70								
80								
90								
100								

10	0.02	0.04	0.04	0.05	0.06	0.07	0.07	0.08
25	0.06	0.07	0.09	0.10	0.11	0.13	0.14	0.16
40	0.08	0.11	0.13	0.15	0.17	0.20	0.21	0.25
55	0.12	0.15	0.17	0.21	0.23	0.27	0.28	0.32
70	0.14	0.19	0.21	0.26	0.28	0.33	0.36	0.40
85	0.17	0.22	0.26	0.30	0.35	0.39	0.43	0.49
100	0.21	0.27	0.30	0.36	0.40	0.47	0.49	0.56
115	0.22	0.30	0.34	0.41	0.47	0.52	0.57	0.64
130	0.26	0.34	0.38	0.46	0.51	0.61	0.64	0.72
145	0.29	0.38	0.43	0.51	0.58	0.65	0.71	0.80
160	0.32	0.40	0.46	0.56	0.63	0.72	0.79	0.87
175	0.34	0.44	0.51	0.61	0.69	0.79	0.85	0.96
190	0.36	0.48	0.54	0.67	0.75	0.86	0.93	1.04
205	0.40	0.51	0.59	0.71	0.81	0.92	1.01	1.12
220	0.42	0.56	0.63	0.77	0.84	0.98	1.07	1.20
235	0.45	0.59	0.68	0.83	0.91	1.04	1.14	1.28
250	0.48	0.63	0.73	0.87	0.98	1.11	1.21	1.37
265	0.51	0.67	0.76	0.92	1.57	1.17	1.29	1.45
280	0.56	0.71	0.81	0.98	2.18	1.25	1.36	1.52
295	0.57	0.73	0.85	1.03	1.15	1.31	1.42	1.61

Number of Wells = 20; Number of Times = 40; Tiempo de Ejecución FP [s]								
Generations	Cromosomes							
	10	15	20	25	30	35	40	45
10	0.3	0.3	0.3	0.4	0.4	0.5	0.5	0.6
25	0.7	0.5	0.6	0.7	0.8	0.9	1.0	1.1
40	0.9	0.8	0.9	1.1	1.2	1.4	1.5	1.7
55	1.3	1.0	1.2	1.5	1.6	1.9	2.0	2.3
70	1.0	1.3	1.5	1.8	2.0	2.3	2.5	2.8
85	1.2	1.6	1.8	2.2	2.4	2.8	3.0	3.4
100	1.4	1.8	2.1	2.5	2.8	3.2	3.5	4.0
115	1.6	2.1	2.4	2.9	3.2	3.7	4.0	4.5
130	1.8	2.3	2.7	3.3	3.6	4.2	4.5	5.1
145	2.0	2.6	3.0	3.6	4.0	4.6	5.0	5.6
160	2.2	2.9	3.3	4.0	4.4	5.1	5.5	6.2
175	2.4	3.1	3.6	4.3	4.8	5.6	6.0	6.8

190	2.6	3.4	3.9	4.7	5.2	6.0	6.5	7.3
205	2.8	3.6	4.2	5.0	5.6	6.4	7.0	7.8
220	3.0	3.9	4.5	5.4	6.0	6.9	7.5	8.4
235	3.2	4.2	4.8	5.8	6.4	7.4	8.0	9.0
250	3.4	4.4	5.1	6.1	6.8	7.8	8.5	9.5
265	3.6	4.7	5.4	6.5	7.2	8.3	9.0	10.1
280	3.8	4.9	5.7	6.9	7.6	8.7	9.6	10.7
295	4.0	5.2	6.0	7.2	8.1	9.2	10.1	11.2

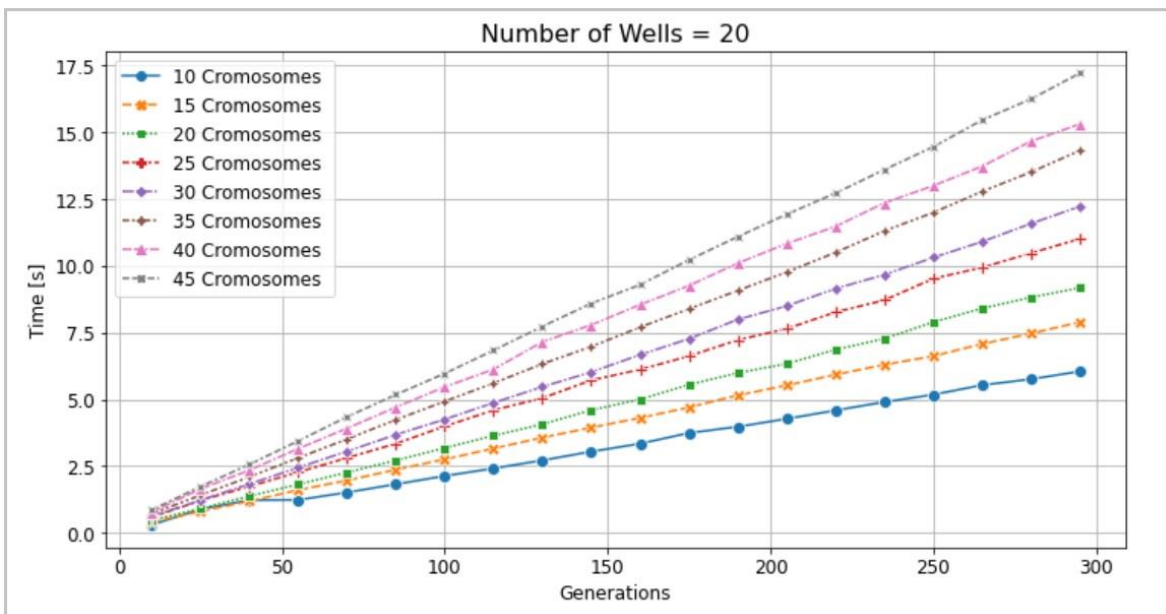
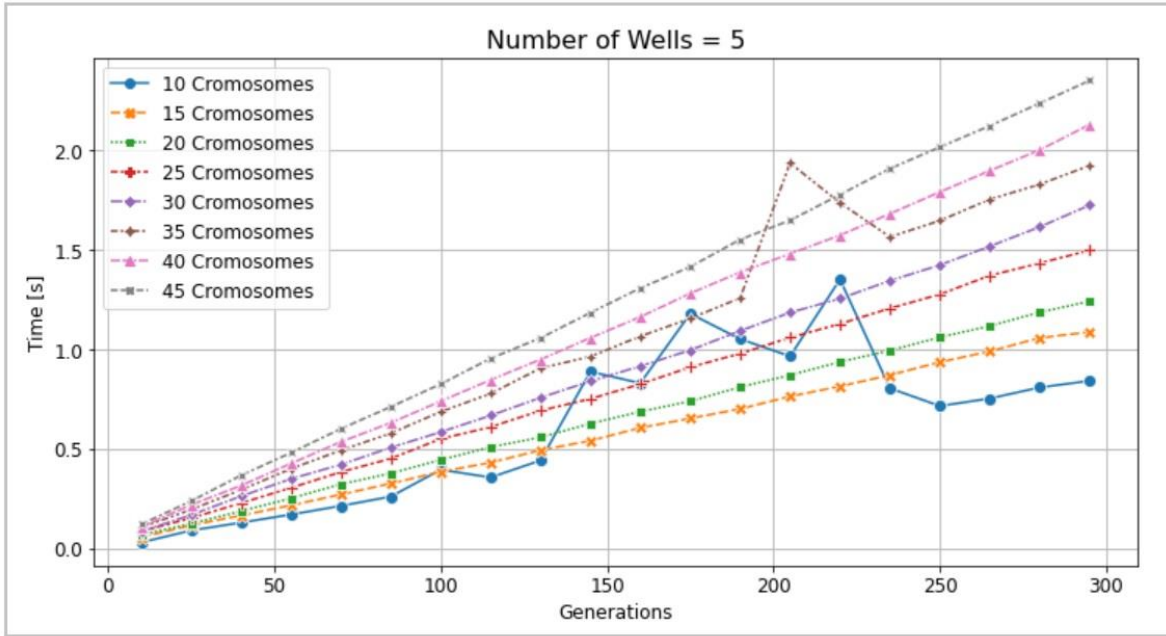
Number of Wells = 50; Number of Times = 40; Tiempo de Ejecución FP [s]								
Cromosomes Generations								
	10	15	20	25	30	35	40	45
10	0.8	1.2	1.4	1.7	1.9	2.2	2.4	2.7
25	1.9	2.5	2.9	3.4	3.8	4.4	4.8	5.4
40	2.8	3.7	4.3	5.1	5.7	6.6	7.2	8.0
55	3.8	5.0	5.7	6.9	7.6	8.8	9.6	10.7
70	4.8	6.2	7.2	8.6	9.5	11.0	12.0	13.4
85	5.7	7.4	8.6	10.3	11.4	13.2	14.3	16.1
100	6.7	8.7	10.0	12.0	13.3	15.3	16.7	18.7
115	7.6	9.9	11.4	13.7	15.2	17.5	19.1	21.3
130	8.6	11.1	12.8	15.4	17.1	19.8	21.4	24.1
145	9.5	12.4	14.3	17.1	19.1	21.9	23.8	28.8
160	11.6	13.6	15.7	18.9	20.9	24.0	26.1	29.4
175	11.4	14.8	17.1	20.6	22.8	26.3	28.6	32.0
190	12.4	16.1	18.5	22.2	24.7	28.5	31.0	34.7
205	13.3	17.3	20.0	24.0	26.7	30.6	33.4	37.5
220	14.3	18.5	21.4	25.7	28.5	33.1	35.7	40.1
235	15.1	19.8	22.8	27.5	30.5	35.0	38.1	42.8
250	16.1	21.0	24.3	29.1	32.3	37.2	40.4	45.4
265	17.1	22.3	25.8	30.9	34.3	39.3	42.9	48.2
280	18.0	23.5	27.2	32.5	36.2	41.6	45.3	50.7
295	19.0	24.7	28.5	34.2	38.0	43.8	47.6	53.4

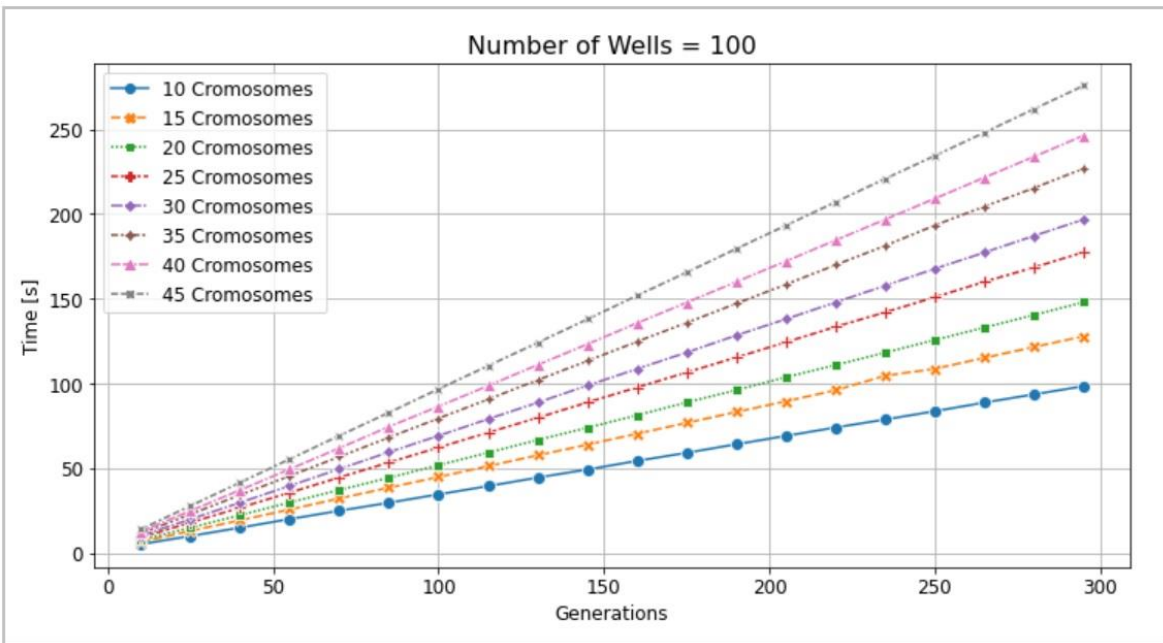
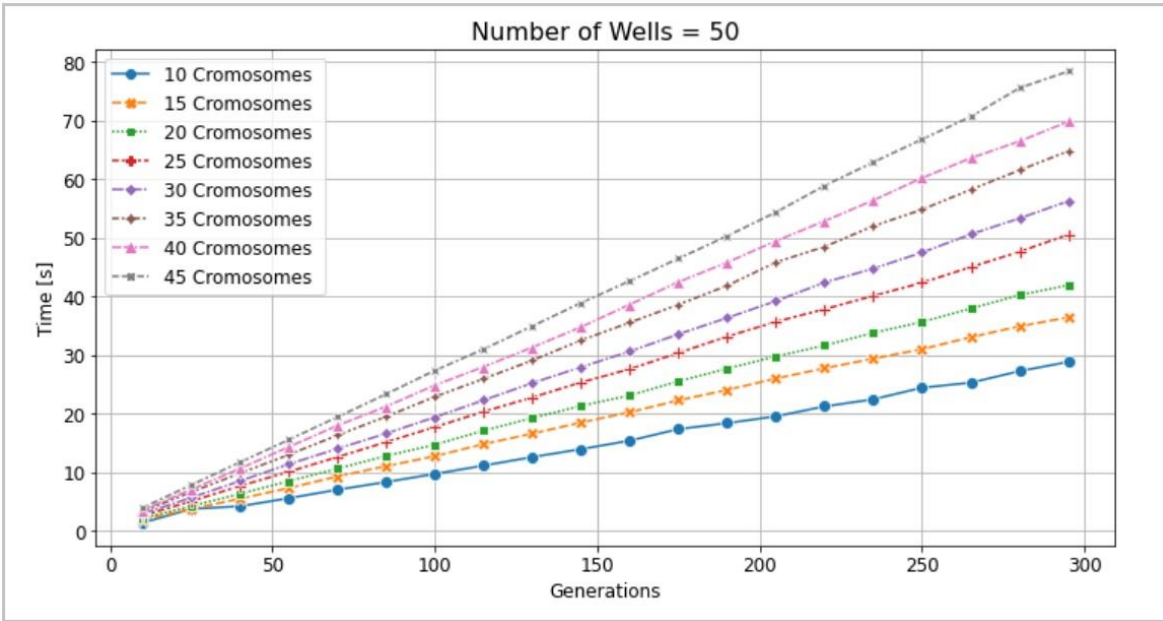
Number of Wells = 100; Number of Times = 40; Tiempo de Ejecución FP [s]
--

Generations	Cromosomes							
	10	15	20	25	30	35	40	45
10	2	5	5	6	7	8	9	10
25	10	9	11	13	14	16	17	20
40	11	14	16	19	21	24	26	29
55	14	18	21	25	28	32	35	39
70	18	23	26	31	35	40	44	49
85	21	27	31	38	42	49	52	59
100	25	32	37	44	49	56	61	68
115	28	36	42	50	56	64	69	78
130	31	44	47	57	63	72	78	88
145	36	46	52	63	70	80	87	98
160	39	51	57	69	77	88	96	107
175	43	54	63	76	84	96	104	117
190	46	60	69	82	92	104	113	127
205	49	64	73	88	98	112	122	137
220	52	68	79	95	104	119	131	147
235	56	73	84	101	111	128	139	157
250	60	78	89	107	118	136	148	166
265	63	82	94	113	124	143	157	176
280	67	86	100	119	132	152	166	185
295	70	92	105	125	138	160	174	195

Anexo C.1.1.3

60 Tiempos





Number of Wells = 5; Number of Times = 60; Tiempo de Ejecución FP [s]

Generations \ Cromosomes	Cromosomes							
	10	15	20	25	30	35	40	45
10	0.03	0.05	0.07	0.08	0.08	0.10	0.11	0.12
25	0.09	0.11	0.12	0.15	0.17	0.19	0.22	0.24
40	0.13	0.16	0.19	0.23	0.26	0.29	0.31	0.37
55	0.17	0.21	0.25	0.30	0.35	0.40	0.43	0.48
70	0.21	0.27	0.32	0.38	0.42	0.49	0.53	0.60
85	0.26	0.32	0.38	0.45	0.51	0.58	0.63	0.71
100	0.39	0.38	0.44	0.55	0.58	0.69	0.74	0.82
115	0.35	0.43	0.51	0.61	0.67	0.78	0.85	0.95
130	0.44	0.49	0.56	0.69	0.76	0.90	0.95	1.06
145	0.89	0.54	0.63	0.75	0.84	0.96	1.06	1.18
160	0.83	0.60	0.69	0.82	0.92	1.07	1.16	1.31
175	1.18	0.65	0.74	0.91	1.00	1.15	1.28	1.42
190	1.05	0.70	0.81	0.98	1.09	1.26	1.39	1.55
205	0.96	0.76	0.87	1.06	1.18	1.94	1.48	1.65
220	1.35	0.81	0.94	1.13	1.25	1.74	1.57	1.78
235	0.80	0.87	0.99	1.21	1.35	1.57	1.68	1.91
250	0.71	0.94	1.06	1.28	1.42	1.65	1.79	2.02
265	0.75	0.99	1.12	1.37	1.52	1.75	1.90	2.12
280	0.81	1.06	1.19	1.43	1.62	1.83	2.00	2.24
295	0.84	1.09	1.24	1.50	1.73	1.92	2.13	2.35

Number of Wells = 20; Number of Times = 60; Tiempo de Ejecución FP [s]								
Generations \ Cromosomes	Cromosomes							
	10	15	20	25	30	35	40	45
10	0.3	0.4	0.5	0.6	0.6	0.7	0.8	0.9
25	0.9	0.8	0.9	1.2	1.2	1.4	1.6	1.7
40	1.2	1.2	1.4	1.7	1.8	2.1	2.3	2.6
55	1.2	1.6	1.8	2.3	2.4	2.8	3.2	3.4
70	1.5	2.0	2.3	2.8	3.0	3.5	3.9	4.3

85	1.8	2.4	2.7	3.3	3.7	4.2	4.7	5.2
100	2.1	2.8	3.2	4.0	4.2	4.9	5.5	6.0
115	2.4	3.2	3.6	4.6	4.9	5.6	6.1	6.8
130	2.7	3.6	4.1	5.0	5.5	6.3	7.2	7.7
145	3.0	3.9	4.6	5.7	6.0	7.0	7.8	8.6
160	3.3	4.3	5.0	6.1	6.7	7.7	8.5	9.3
175	3.7	4.7	5.5	6.6	7.3	8.4	9.3	10.2
190	4.0	5.2	6.0	7.2	8.0	9.1	10.1	11.1
205	4.3	5.5	6.3	7.6	8.5	9.8	10.8	11.9
220	4.6	5.9	6.9	8.3	9.1	10.5	11.5	12.7
235	4.9	6.3	7.3	8.7	9.7	11.3	12.4	13.6
250	5.2	6.6	7.9	9.5	10.3	12.0	13.0	14.4
265	5.5	7.1	8.4	9.9	10.9	12.8	13.7	15.5
280	5.8	7.5	8.8	10.5	11.6	13.5	14.7	16.2
295	6.0	7.9	9.2	11.0	12.2	14.3	15.3	17.2

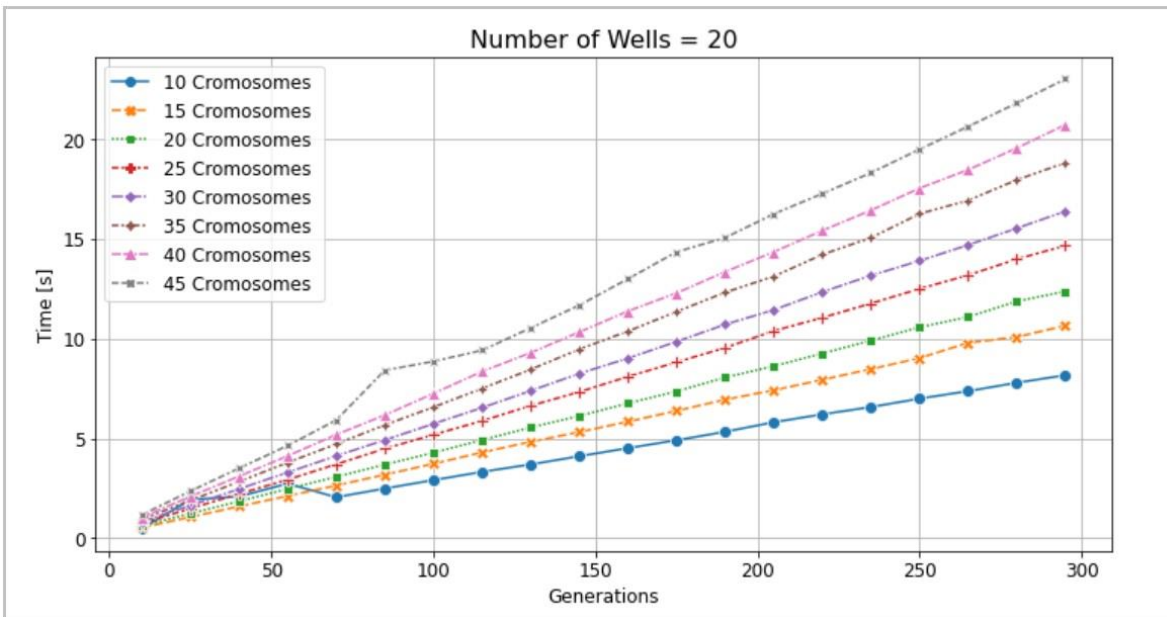
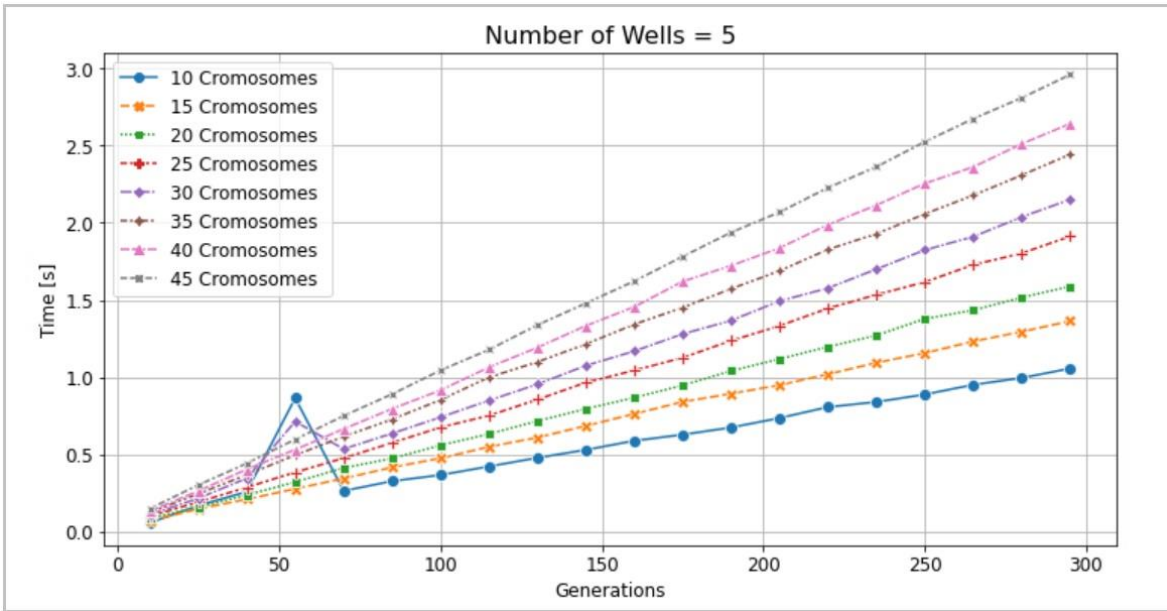
Number of Wells = 50; Number of Times = 60; Tiempo de Ejecución FP [s]								
Generations	Cromosomes							
	10	15	20	25	30	35	40	45
10	1.4	1.9	2.1	2.6	2.9	3.3	3.5	3.9
25	3.7	3.7	4.2	5.0	5.6	6.6	7.0	7.8
40	4.2	5.5	6.3	7.6	8.5	9.8	10.6	11.7
55	5.6	7.3	8.5	10.1	11.3	13.0	14.3	15.5
70	7.0	9.3	10.6	12.6	14.0	16.3	17.9	19.4
85	8.3	11.0	12.8	15.1	16.6	19.5	21.2	23.3
100	9.7	12.7	14.7	17.7	19.4	22.8	24.8	27.3
115	11.1	14.8	17.1	20.3	22.3	25.9	28.0	31.0
130	12.6	16.6	19.2	22.7	25.2	29.0	31.3	34.9
145	13.9	18.5	21.3	25.3	27.9	32.5	34.7	38.9
160	15.4	20.2	23.1	27.6	30.6	35.5	38.6	42.6
175	17.3	22.2	25.5	30.3	33.5	38.6	42.4	46.4
190	18.4	24.0	27.7	33.1	36.3	41.8	45.7	50.3
205	19.5	26.0	29.7	35.6	39.2	45.8	49.4	54.3
220	21.2	27.7	31.6	37.8	42.4	48.4	52.8	58.8
235	22.4	29.4	33.8	40.1	44.7	52.0	56.3	62.8
250	24.4	31.0	35.6	42.3	47.5	54.8	60.2	66.7

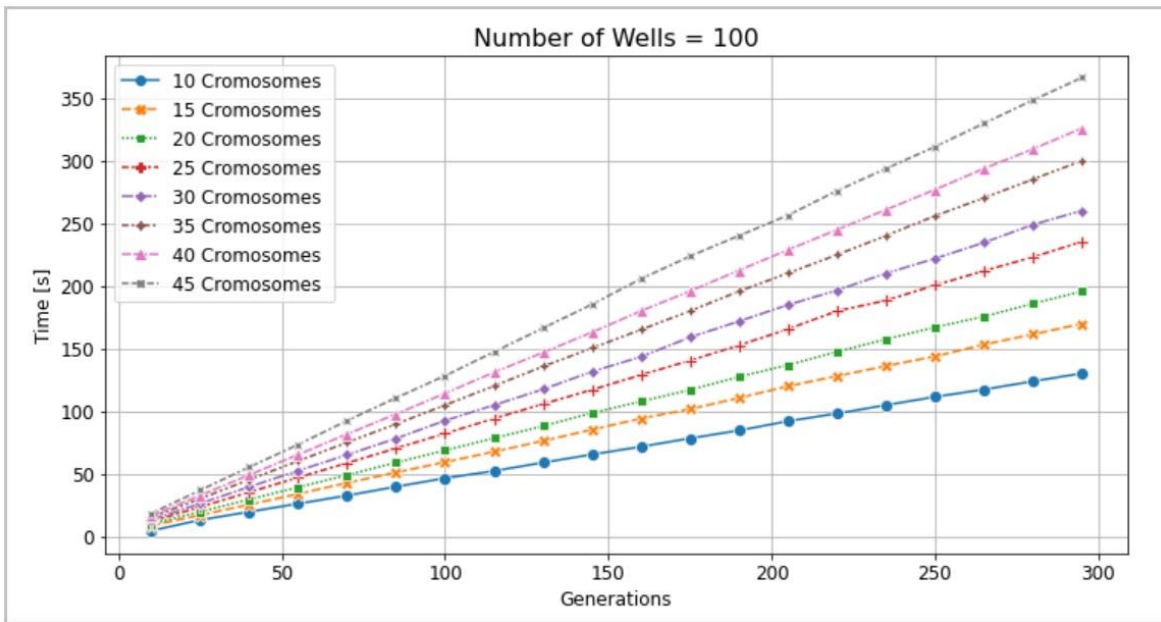
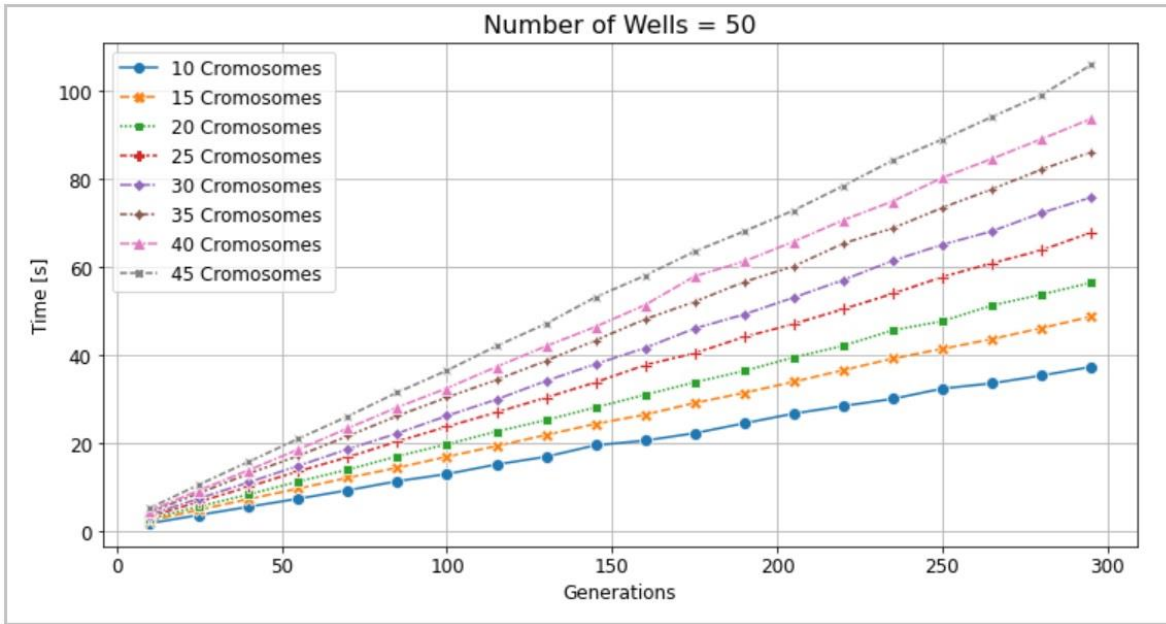
265	25.3	33.0	37.9	45.0	50.6	58.2	63.5	70.6
280	27.2	34.9	40.2	47.6	53.3	61.5	66.4	75.5
295	28.8	36.4	41.9	50.5	56.2	64.7	69.8	78.3

Number of Wells = 100; Number of Times = 60; Tiempo de Ejecución FP [s]								
Generations	Cromosomes							
	10	15	20	25	30	35	40	45
10	5	6	7	9	10	11	12	14
25	10	13	15	18	20	23	25	28
40	15	19	22	27	30	34	37	41
55	20	26	30	36	40	45	49	55
70	25	32	37	44	49	57	62	69
85	30	38	44	53	59	68	74	83
100	34	45	52	62	69	79	86	97
115	39	51	59	71	79	91	99	110
130	44	58	67	80	89	102	111	124
145	49	64	74	89	99	113	123	138
160	54	70	81	98	109	125	136	152
175	59	77	89	106	118	136	148	166
190	64	83	96	115	128	147	160	179
205	69	89	104	124	138	158	172	193
220	74	96	111	133	148	170	184	207
235	79	105	118	142	158	181	197	221
250	84	109	126	151	168	193	209	234
265	89	115	133	160	177	204	221	248
280	94	121	140	168	187	215	234	262
295	98	128	148	177	197	227	246	276

Anexo C.1.1.4

80 Tiempos





Number of Wells = 5; Number of Times = 80; Tiempo de Ejecución FP [s]

Cromosomes	10	15	20	25	30	35	40	45
Generations								

10	0.08	0.07	0.09	0.09	0.10	0.12	0.13	0.15
25	0.25	0.14	0.16	0.18	0.21	0.24	0.26	0.29
40	0.26	0.20	0.23	0.28	0.31	0.37	0.39	0.45
55	0.48	0.27	0.31	0.37	0.42	0.48	0.52	0.59
70	0.48	0.35	0.41	0.47	0.51	0.61	0.65	0.73
85	0.61	0.40	0.47	0.56	0.63	0.74	0.78	0.88
100	0.88	0.47	0.56	0.66	0.73	0.84	0.91	1.02
115	0.42	0.55	0.62	0.75	0.82	0.98	1.04	1.18
130	0.46	0.61	0.71	0.85	0.93	1.34	1.17	1.31
145	0.52	0.67	0.78	0.93	1.03	1.21	1.32	1.46
160	0.56	0.75	0.86	1.03	1.14	1.33	1.45	1.61
175	0.63	0.82	0.93	1.12	1.26	1.44	1.58	1.77
190	0.67	0.89	1.01	1.22	1.35	1.56	1.69	1.93
205	0.73	0.96	1.10	1.30	1.47	1.68	1.83	2.06
220	0.78	1.04	1.17	1.40	1.57	1.79	1.95	2.19
235	0.83	1.08	1.24	1.50	1.68	1.91	2.07	2.33
250	0.88	1.15	1.33	1.58	1.76	2.19	2.20	2.49
265	0.94	1.22	1.40	1.69	1.87	2.61	2.33	2.61
280	0.99	1.29	1.48	1.78	2.00	2.26	2.48	2.77
295	1.05	1.35	1.56	1.87	2.09	2.40	3.17	2.92

Number of Wells = 20; Number of Times = 80; Tiempo de Ejecución FP [s]								
Generations	Cromosomes							
	10	15	20	25	30	35	40	45
10	0.5	0.5	0.6	0.7	0.8	0.9	1.0	1.2
25	1.9	1.1	1.2	1.5	1.6	1.9	2.1	2.4
40	2.1	1.6	1.8	2.2	2.5	2.8	3.1	3.5
55	2.7	2.1	2.5	2.9	3.3	3.8	4.1	4.6
70	2.1	2.6	3.1	3.7	4.1	4.7	5.2	5.9
85	2.5	3.2	3.7	4.5	4.9	5.7	6.2	8.4
100	2.9	3.7	4.3	5.2	5.7	6.6	7.2	8.9
115	3.3	4.3	4.9	5.9	6.5	7.5	8.4	9.4
130	3.7	4.8	5.5	6.6	7.4	8.5	9.3	10.5
145	4.1	5.3	6.1	7.3	8.2	9.5	10.3	11.7
160	4.5	5.8	6.8	8.1	9.0	10.4	11.4	13.0
175	4.9	6.4	7.4	8.8	9.8	11.3	12.3	14.3

190	5.3	6.9	8.1	9.5	10.7	12.3	13.4	15.1
205	5.8	7.4	8.6	10.4	11.4	13.1	14.3	16.2
220	6.2	7.9	9.3	11.0	12.3	14.2	15.4	17.3
235	6.6	8.5	9.9	11.8	13.2	15.1	16.4	18.3
250	7.0	9.0	10.6	12.5	13.9	16.3	17.5	19.5
265	7.4	9.8	11.1	13.2	14.7	16.9	18.5	20.6
280	7.8	10.1	11.9	14.0	15.5	18.0	19.5	21.8
295	8.2	10.7	12.4	14.7	16.4	18.8	20.7	23.0

Number of Wells = 50; Number of Times = 80; Tiempo de Ejecución FP [s]								
Cromosomes Generations	10	15	20	25	30	35	40	45
	10	1.8	2.5	2.8	3.4	3.7	4.4	4.7
25	3.7	4.9	5.7	6.7	7.5	8.7	9.4	10.7
40	5.6	7.4	8.4	10.2	11.2	13.1	13.9	15.8
55	7.4	9.7	11.3	13.7	14.9	17.2	18.6	21.0
70	9.4	12.2	14.0	16.9	18.7	21.7	23.4	26.2
85	11.4	14.5	17.1	20.4	22.3	26.2	28.2	31.6
100	13.0	17.0	19.8	23.8	26.3	30.4	32.5	36.6
115	15.2	19.4	22.7	27.0	30.0	34.4	37.4	42.1
130	17.0	21.9	25.3	30.4	34.2	38.7	42.1	47.2
145	19.6	24.4	28.2	33.9	38.0	43.4	46.5	53.2
160	20.6	26.5	31.0	37.8	41.7	48.2	51.4	58.1
175	22.3	29.2	33.9	40.5	46.1	52.2	57.9	63.6
190	24.6	31.5	36.4	44.1	49.3	56.7	61.3	68.2
205	26.8	34.0	39.5	47.1	53.1	60.2	65.8	72.9
220	28.5	36.6	42.2	50.5	57.1	65.4	70.7	78.5
235	30.1	39.3	45.7	54.0	61.5	68.9	75.0	84.3
250	32.4	41.5	47.7	57.8	65.1	73.5	80.3	89.0
265	33.6	43.7	51.3	60.9	68.2	77.7	84.6	94.1
280	35.4	46.2	53.8	63.8	72.3	82.2	89.1	99.1
295	37.4	48.8	56.5	67.9	75.8	86.1	93.7	105.9

Number of Wells = 100; Number of Times = 80; Tiempo de Ejecución FP [s]
--

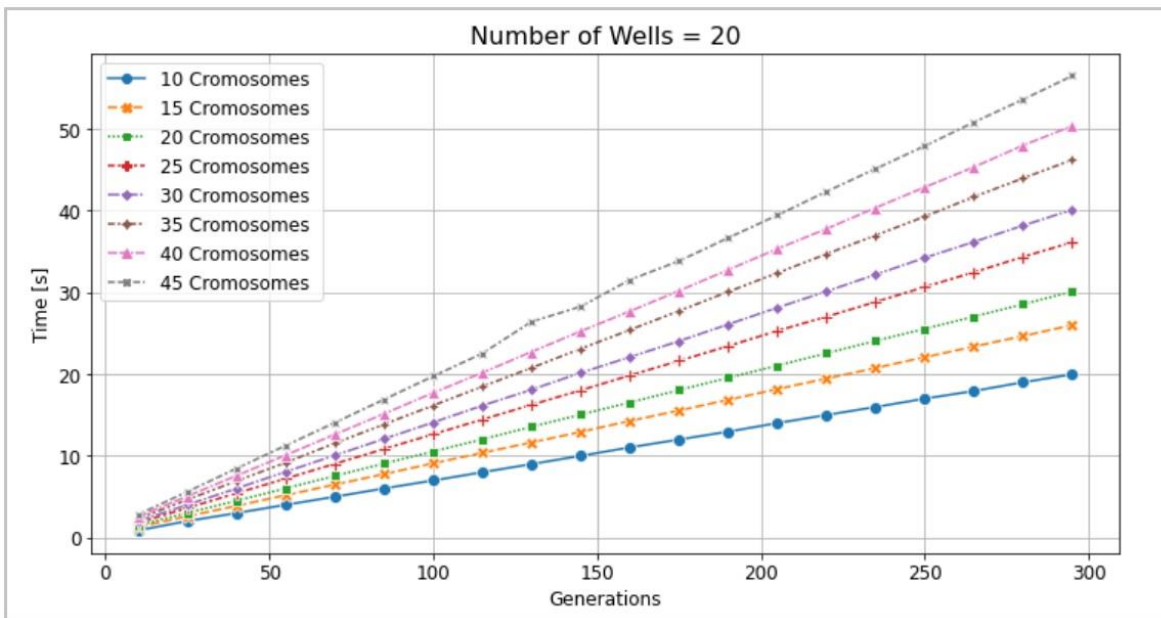
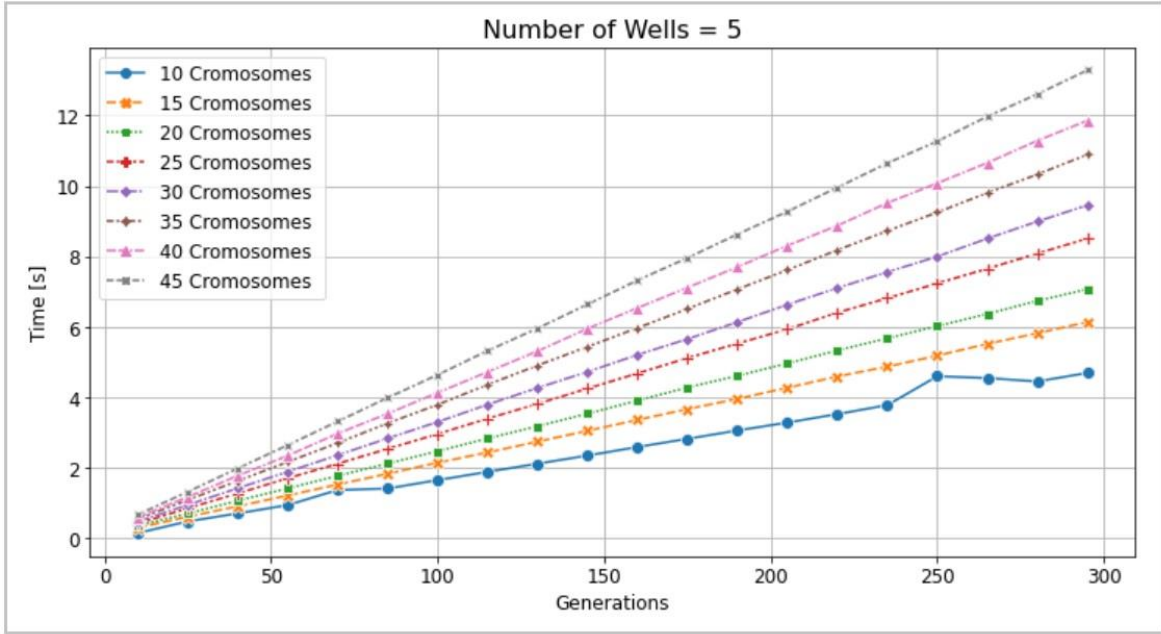
Generations	Cromosomes							
	10	15	20	25	30	35	40	45
10	5	9	10	12	13	15	16	18
25	13	17	20	24	26	30	33	37
40	20	25	29	35	40	45	49	55
55	26	34	39	47	52	60	65	73
70	33	43	49	59	65	75	82	92
85	40	51	59	70	78	90	98	111
100	46	59	69	82	92	105	114	128
115	52	68	78	94	105	120	131	147
130	59	76	88	106	117	136	147	166
145	65	85	99	117	132	150	163	185
160	72	94	108	129	143	165	180	206
175	78	102	117	140	159	180	196	224
190	85	111	127	153	172	196	212	240
205	92	120	137	166	185	210	229	256
220	98	128	147	180	197	225	245	276
235	105	136	157	188	210	240	261	294
250	111	144	167	201	222	256	277	311
265	117	153	176	212	235	270	294	330
280	124	161	186	223	249	285	309	348
295	130	170	196	235	260	300	326	366

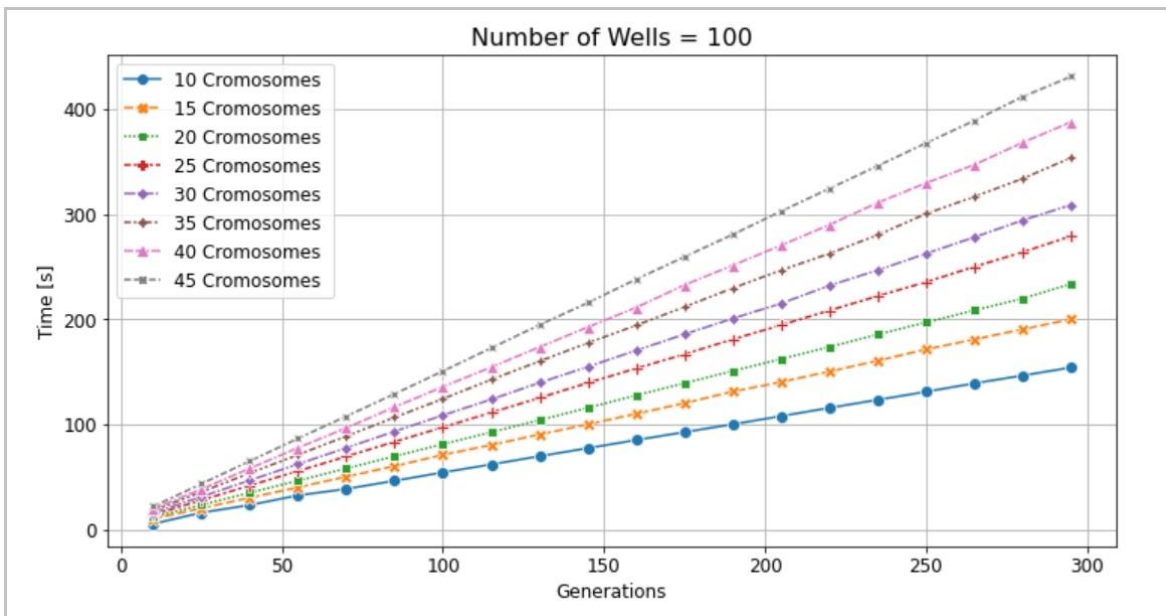
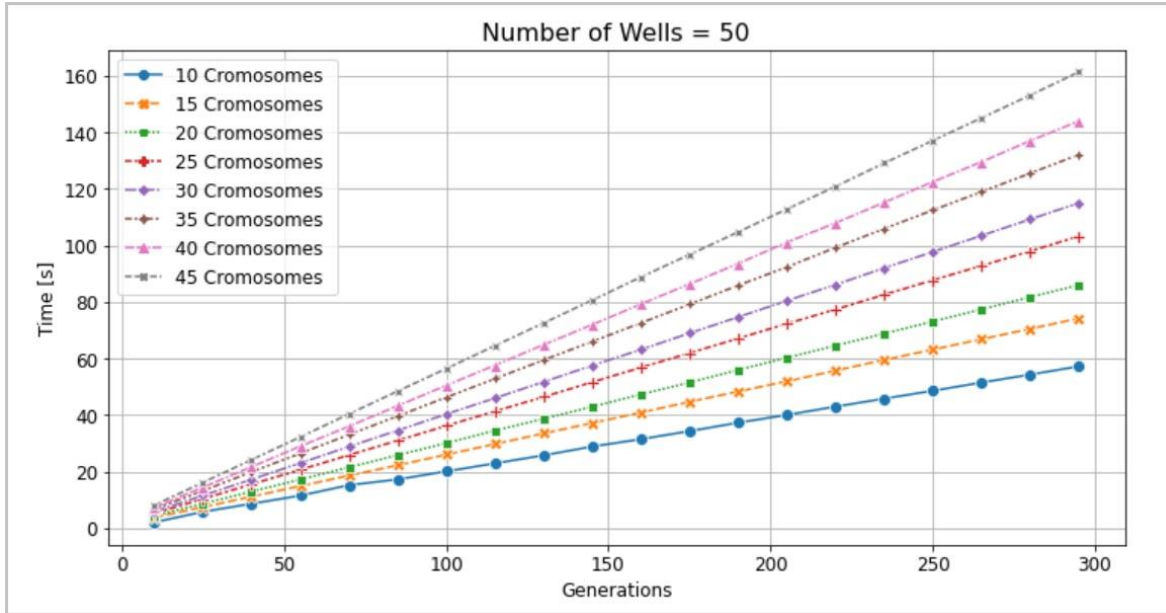
Anexo C.1.2

Numpy

Anexo C.1.2.1

20 Tiempos





Number of Wells = 5; Number of Times = 20; Tiempo de Ejecución FP [s]								
Cromosomes	10	15	20	25	30	35	40	45
Generations	10	25	40	55	70			
10	0.16	0.31	0.36	0.43	0.48	0.55	0.60	0.68
25	0.49	0.62	0.71	0.86	0.95	1.10	1.18	1.33
40	0.71	0.92	1.07	1.28	1.43	1.63	1.78	1.99
55	0.95	1.22	1.42	1.71	1.90	2.17	2.35	2.65
70	1.38	1.53	1.78	2.12	2.37	2.71	2.98	3.32

85	1.42	1.84	2.13	2.55	2.84	3.27	3.54	3.99
100	1.66	2.16	2.48	2.97	3.31	3.80	4.14	4.64
115	1.89	2.44	2.84	3.40	3.80	4.36	4.73	5.33
130	2.13	2.75	3.19	3.82	4.27	4.91	5.32	5.96
145	2.35	3.06	3.54	4.26	4.73	5.44	5.96	6.64
160	2.60	3.37	3.91	4.69	5.21	5.98	6.54	7.33
175	2.83	3.67	4.29	5.12	5.66	6.52	7.12	7.96
190	3.07	3.97	4.62	5.53	6.14	7.07	7.70	8.63
205	3.29	4.28	4.97	5.94	6.64	7.62	8.31	9.28
220	3.53	4.60	5.34	6.41	7.11	8.19	8.88	9.96
235	3.79	4.88	5.68	6.82	7.56	8.73	9.52	10.65
250	4.61	5.19	6.03	7.24	8.00	9.25	10.08	11.27
265	4.55	5.52	6.37	7.66	8.51	9.81	10.66	11.97
280	4.46	5.83	6.74	8.09	8.99	10.33	11.29	12.61
295	4.70	6.14	7.07	8.51	9.46	10.89	11.86	13.29

Number of Wells = 20; Number of Times = 20; Tiempo de Ejecución FP [s]									
Generations	Cromosomes								
	10	15	20	25	30	35	40	45	
10	0.9	1.3	1.5	1.8	2.0	2.3	2.5	2.8	
25	2.0	2.6	3.0	3.6	4.0	4.6	5.1	5.6	
40	3.0	3.9	4.5	5.4	6.0	6.9	7.6	8.4	
55	4.0	5.2	6.0	7.2	8.1	9.2	10.1	11.3	
70	5.0	6.5	7.5	9.0	10.0	11.5	12.6	14.1	
85	6.0	7.8	9.1	10.8	12.1	13.9	15.1	16.9	
100	7.0	9.1	10.5	12.6	14.1	16.2	17.7	19.7	
115	8.0	10.4	12.0	14.4	16.1	18.5	20.2	22.5	
130	9.0	11.6	13.5	16.2	18.1	20.8	22.7	26.4	
145	10.0	12.9	15.0	18.0	20.1	23.1	25.2	28.3	
160	11.0	14.3	16.5	19.8	22.1	25.4	27.7	31.5	
175	12.0	15.5	18.0	21.6	24.0	27.7	30.2	33.8	
190	13.0	16.8	19.5	23.4	26.1	30.1	32.7	36.6	
205	14.0	18.2	21.0	25.3	28.1	32.4	35.3	39.4	
220	15.0	19.4	22.5	27.0	30.1	34.7	37.7	42.3	
235	16.0	20.7	24.1	28.8	32.2	37.0	40.3	45.1	
250	17.0	22.1	25.5	30.6	34.2	39.3	42.8	47.9	
265	17.9	23.4	27.0	32.5	36.2	41.7	45.3	50.8	
280	19.0	24.6	28.5	34.3	38.2	43.9	48.0	53.6	
295	20.0	26.0	30.1	36.1	40.1	46.2	50.3	56.5	

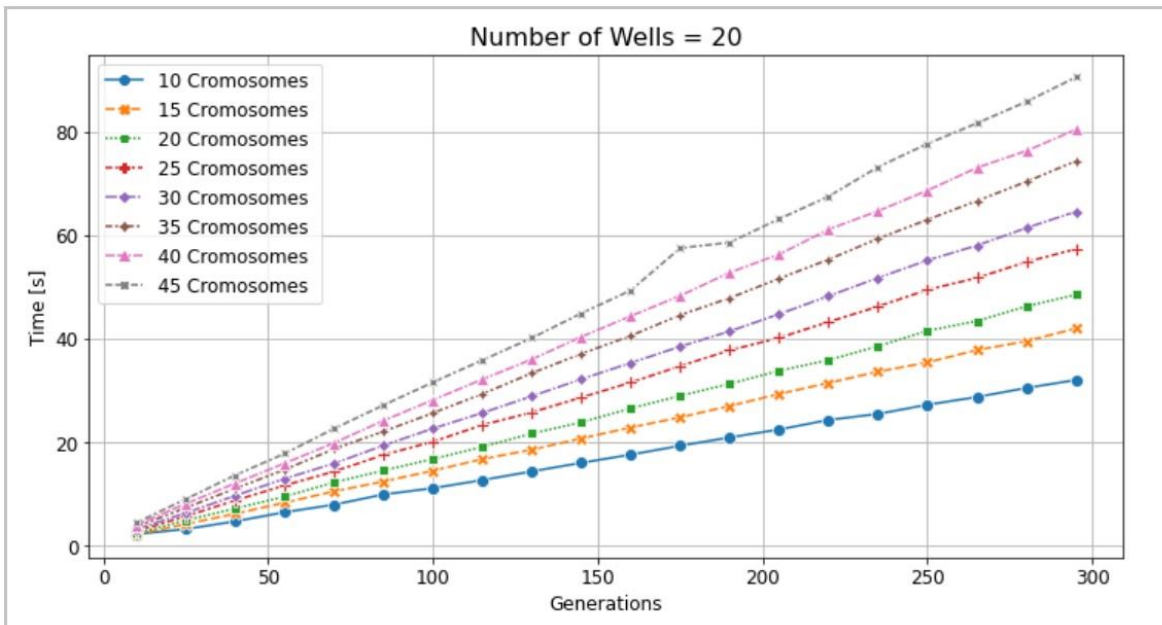
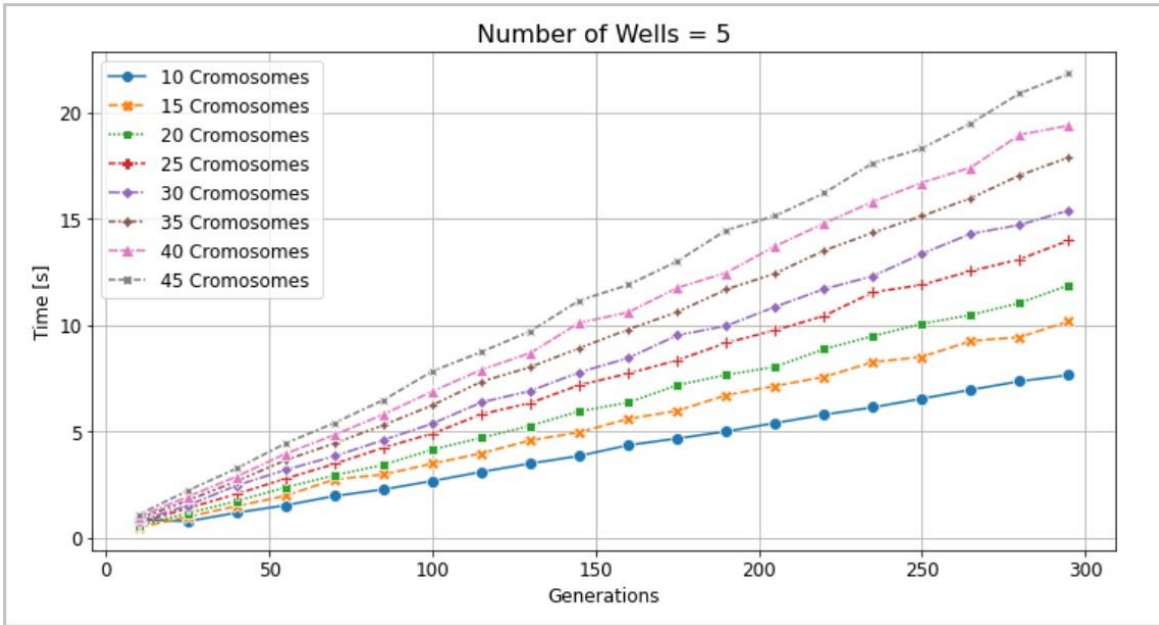
Number of Wells = 50; Number of Times = 20; Tiempo de Ejecución FP [s]								
Generations \ Cromosomes	Cromosomes							
	10	15	20	25	30	35	40	45
10	2.0	3.7	4.3	5.2	5.8	6.6	7.2	8.1
25	5.7	7.4	8.6	10.3	11.5	13.2	14.4	16.1
40	8.6	11.1	12.9	15.5	17.2	19.8	21.6	24.2
55	11.4	14.8	17.1	20.6	23.0	26.4	28.9	32.2
70	15.1	18.5	21.5	25.8	28.8	33.0	36.0	40.3
85	17.2	22.2	25.8	30.9	34.5	39.6	43.2	48.4
100	20.0	25.9	30.0	36.1	40.3	46.2	50.4	56.4
115	22.9	29.7	34.4	41.3	45.9	52.8	57.5	64.5
130	25.7	33.4	38.6	46.3	51.7	59.4	64.8	72.5
145	28.8	37.1	42.9	51.6	57.5	65.9	71.9	80.6
160	31.4	40.8	47.2	56.8	63.1	72.5	79.2	88.7
175	34.2	44.6	51.5	61.8	68.9	79.1	86.3	96.7
190	37.2	48.3	55.9	67.0	74.6	85.8	93.5	104.7
205	40.0	51.9	60.2	72.2	80.4	92.3	101.0	112.8
220	42.9	55.7	64.5	77.3	86.0	99.1	107.8	120.8
235	45.7	59.4	68.7	82.5	91.9	105.8	115.1	129.0
250	48.5	63.1	73.0	87.6	97.6	112.4	122.4	137.0
265	51.4	66.8	77.3	92.7	103.4	118.9	129.5	145.0
280	54.2	70.4	81.7	97.9	109.2	125.4	136.9	153.0
295	57.1	74.1	85.9	103.2	114.9	132.0	143.8	161.3

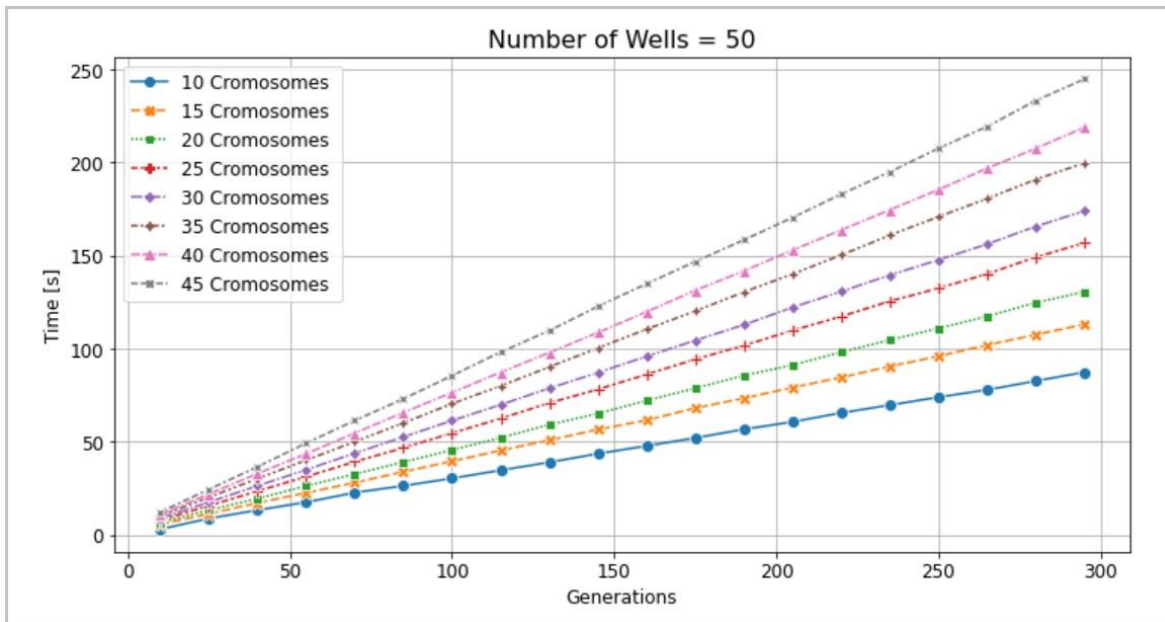
Number of Wells = 100; Number of Times = 20; Tiempo de Ejecución FP [s]								
Generations \ Cromosomes	Cromosomes							
	10	15	20	25	30	35	40	45
10	5	10	12	14	16	18	19	22
25	16	20	23	28	31	36	38	43
40	23	30	35	42	47	53	58	65
55	32	40	46	55	62	71	78	86
70	38	50	58	69	78	89	97	108
85	46	60	70	83	93	107	116	129
100	54	71	81	97	109	124	136	151
115	62	80	92	111	124	142	154	172
130	70	90	104	125	139	160	173	194
145	77	100	116	139	155	177	192	215
160	85	110	127	153	170	194	211	238
175	92	120	139	167	186	212	232	259

190	100	131	151	181	201	229	251	280
205	108	140	162	194	215	246	270	303
220	116	150	174	208	232	262	290	324
235	123	160	185	222	247	280	311	346
250	131	171	197	235	262	300	329	367
265	139	181	208	250	278	316	347	389
280	146	190	220	264	294	334	368	411
295	154	200	233	279	309	353	387	431

Anexo C.1.2.2

40 Tiempos





Number of Wells = 5; Number of Times = 40; Tiempo de Ejecución FP [s]								
Generations	Cromosomes							
	10	15	20	25	30	35	40	45
10	0.9	0.5	0.6	0.7	0.8	0.9	1.0	1.1
25	0.8	1.0	1.2	1.4	1.5	1.8	1.9	2.2
40	1.2	1.5	1.7	2.1	2.5	2.7	2.9	3.3
55	1.5	2.0	2.4	2.8	3.2	3.7	4.0	4.4
70	2.0	2.8	2.9	3.5	3.8	4.4	4.8	5.4
85	2.3	3.0	3.4	4.2	4.6	5.3	5.8	6.5
100	2.7	3.5	4.2	4.9	5.4	6.2	6.9	7.8
115	3.1	4.0	4.7	5.8	6.4	7.4	7.9	8.7
130	3.5	4.6	5.3	6.3	6.9	8.0	8.7	9.7
145	3.9	5.0	6.0	7.2	7.8	8.9	10.1	11.2
160	4.4	5.6	6.4	7.7	8.5	9.8	10.6	11.9
175	4.7	6.0	7.2	8.4	9.5	10.6	11.8	13.0
190	5.0	6.7	7.7	9.2	10.0	11.7	12.5	14.5
205	5.4	7.1	8.0	9.8	10.9	12.4	13.7	15.1
220	5.8	7.6	8.9	10.4	11.7	13.5	14.8	16.2
235	6.1	8.3	9.5	11.6	12.3	14.4	15.8	17.6
250	6.5	8.5	10.1	11.9	13.4	15.1	16.7	18.3
265	7.0	9.3	10.5	12.5	14.3	16.0	17.4	19.5
280	7.4	9.4	11.0	13.1	14.7	17.1	19.0	20.9
295	7.7	10.2	11.9	14.0	15.4	17.9	19.4	21.8

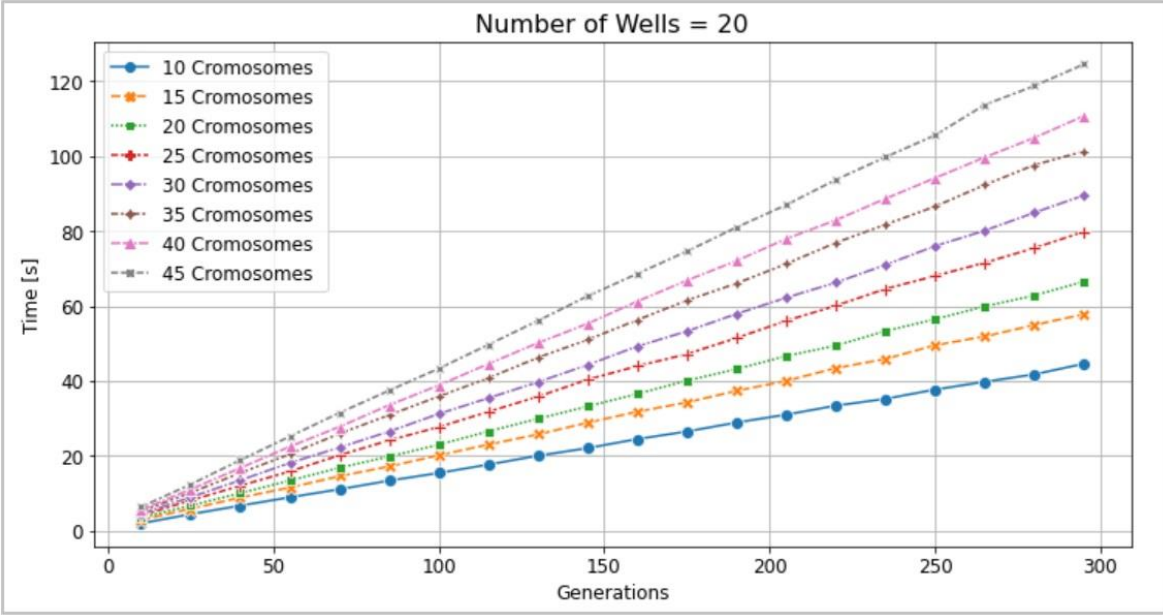
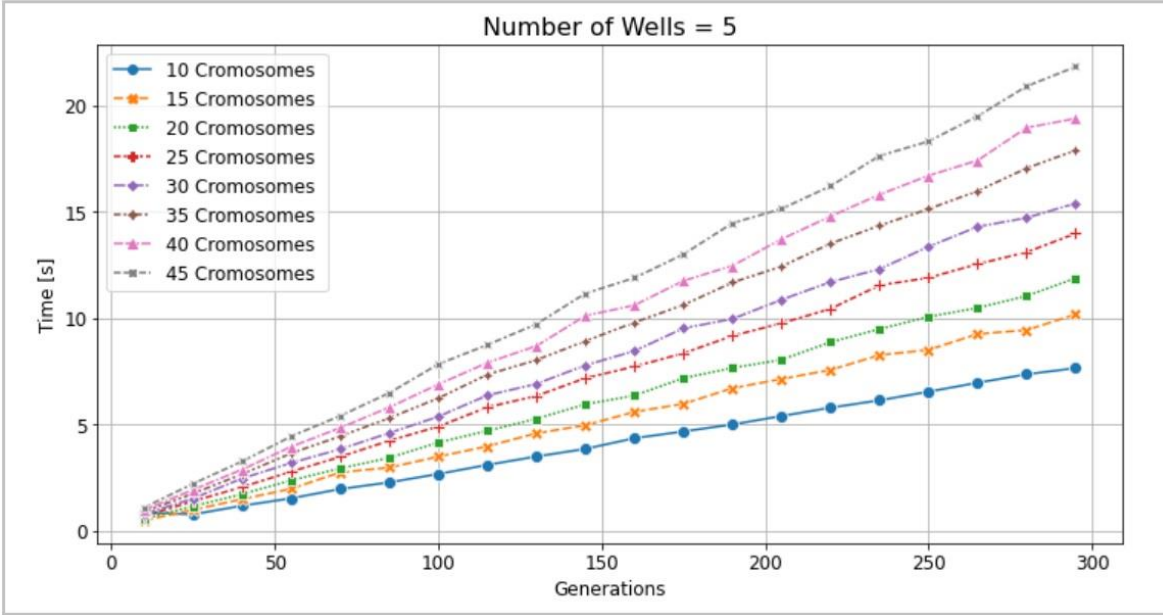
Number of Wells = 20; Number of Times = 40; Tiempo de Ejecución FP [s]								
Generations	Cromosomes							
	10	15	20	25	30	35	40	45
10	2.3	2.2	2.4	2.8	3.2	3.7	4.0	4.5
25	3.2	4.2	4.9	5.7	6.4	7.3	8.1	9.0
40	4.7	6.2	7.2	8.8	9.7	11.1	12.1	13.6
55	6.5	8.4	9.5	11.7	13.0	14.7	15.9	17.8
70	8.0	10.5	12.3	14.4	15.9	18.7	19.9	22.6
85	9.9	12.4	14.6	17.6	19.4	22.1	24.2	27.2
100	11.2	14.5	16.8	20.1	22.7	25.6	28.2	31.6
115	12.7	16.8	19.1	23.3	25.7	29.3	32.2	35.9
130	14.4	18.6	21.7	25.8	28.9	33.3	36.0	40.1
145	16.0	20.7	23.9	28.7	32.2	37.1	40.4	44.9
160	17.6	22.9	26.6	31.5	35.3	40.6	44.4	49.3
175	19.3	24.8	29.0	34.7	38.5	44.6	48.3	57.5
190	20.9	27.0	31.3	37.8	41.4	47.8	52.8	58.6
205	22.5	29.3	33.8	40.2	44.7	51.6	56.3	63.1
220	24.3	31.5	35.9	43.2	48.2	55.3	61.1	67.5
235	25.5	33.6	38.5	46.2	51.7	59.3	64.6	73.1
250	27.3	35.4	41.5	49.4	55.1	63.0	68.6	77.6
265	28.7	37.8	43.4	51.7	58.0	66.6	73.0	81.6
280	30.5	39.5	46.3	54.8	61.4	70.3	76.2	85.7
295	32.0	42.0	48.5	57.3	64.5	74.3	80.4	90.5

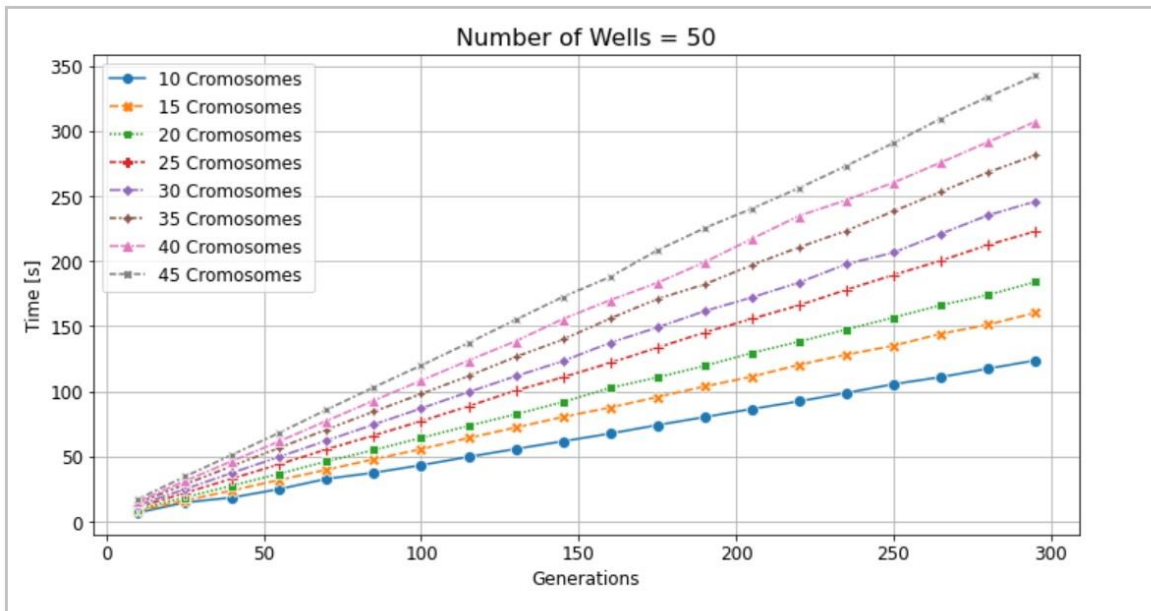
Number of Wells = 50; Number of Times = 40; Tiempo de Ejecución FP [s]								
Generations	Cromosomes							
	10	15	20	25	30	35	40	45
10	3	6	7	8	9	10	11	12
25	9	11	13	16	17	20	22	24
40	13	17	19	23	26	30	33	36
55	17	23	26	31	35	40	43	49
70	23	28	33	39	44	50	55	61
85	26	34	39	47	53	60	66	73
100	30	39	46	55	61	70	76	85
115	35	45	52	62	70	80	87	98
130	39	51	59	71	79	90	98	110
145	44	57	65	78	87	100	109	123

160	48	61	72	86	96	110	120	135
175	52	68	79	94	104	120	131	147
190	57	73	86	102	113	130	142	158
205	61	79	91	110	122	140	153	170
220	65	85	98	117	131	150	164	183
235	70	90	105	125	139	161	175	195
250	74	96	111	132	148	171	185	208
265	78	102	117	140	156	181	197	219
280	83	107	125	149	166	191	207	233
295	87	113	130	157	174	200	219	245

Anexo C.1.2.3

60 Tiempos





Number of Wells = 5; Number of Times = 60; Tiempo de Ejecución FP [s]								
Generations	Cromosomes							
	10	15	20	25	30	35	40	45
10	0.3	0.7	0.8	1.0	1.1	1.2	1.4	1.5
25	1.1	1.4	1.6	1.9	2.2	2.4	2.8	3.0
40	1.6	2.1	2.5	3.0	3.2	3.8	4.3	4.5
55	2.1	2.9	3.3	3.9	4.3	5.0	5.5	6.0
70	2.7	3.5	4.0	4.8	5.5	6.1	6.7	7.8
85	3.4	4.1	4.8	5.9	6.4	7.3	8.0	9.1
100	3.7	4.9	5.6	6.7	7.5	8.6	9.3	10.5
115	4.4	5.8	6.6	7.7	8.7	10.0	10.8	12.0
130	4.8	6.4	7.3	8.7	9.8	11.2	12.0	13.8
145	5.4	7.0	8.1	9.9	10.7	12.3	13.6	15.1
160	5.8	7.8	8.9	10.6	11.8	13.7	15.1	16.7
175	6.3	8.5	9.7	11.6	13.0	14.8	16.4	17.9
190	7.2	9.3	10.5	12.6	14.1	16.1	17.4	19.5
205	7.5	9.8	11.4	13.5	15.1	17.3	18.7	21.3
220	8.0	10.5	12.1	14.7	16.3	19.0	20.4	22.3
235	8.5	11.2	13.1	15.4	17.4	19.7	21.5	24.3
250	8.9	11.9	13.8	16.4	18.6	21.2	23.3	25.7
265	9.7	12.5	14.3	17.5	19.3	22.3	24.1	27.3
280	10.1	13.4	15.6	18.5	20.4	23.6	25.7	28.8
295	10.7	13.8	16.4	19.3	21.7	24.8	27.1	30.2

Number of Wells = 20; Number of Times = 60; Tiempo de Ejecución FP [s]								
Generations	Cromosomes							
	10	15	20	25	30	35	40	45
10	2	3	3	4	4	5	6	6
25	4	6	7	8	9	10	11	12
40	7	9	10	12	13	15	17	19
55	9	11	13	16	18	20	22	25
70	11	15	17	20	22	26	28	31
85	13	17	20	24	26	31	33	37
100	15	20	23	28	31	36	39	43
115	18	23	26	32	35	41	45	50
130	20	26	30	36	40	46	50	56
145	22	29	33	40	44	51	55	63
160	24	32	36	44	49	56	61	69
175	26	34	40	47	53	61	67	75
190	29	37	43	51	58	66	72	81
205	31	40	47	56	62	71	78	87
220	33	43	49	60	66	77	83	94
235	35	46	53	65	71	82	89	100
250	38	50	56	68	76	87	94	106
265	40	52	60	72	80	92	100	114
280	42	55	63	75	85	98	105	119
295	45	58	66	80	90	101	111	125

Number of Wells = 50; Number of Times = 60; Tiempo de Ejecución FP [s]								
Generations	Cromosomes							
	10	15	20	25	30	35	40	45
10	7	8	9	11	12	14	15	17
25	15	16	19	22	25	29	31	35
40	18	24	28	33	37	43	47	51
55	25	32	37	44	50	57	62	68
70	33	40	46	55	62	71	77	86
85	37	48	55	66	75	85	93	103
100	43	56	64	77	87	98	108	120
115	50	64	73	89	99	112	124	137
130	56	72	82	101	112	126	139	155
145	62	80	92	111	123	140	156	173

160	68	88	103	122	137	156	170	188
175	74	96	111	134	149	171	183	208
190	80	104	120	145	162	182	199	225
205	86	111	129	156	172	197	217	240
220	92	120	138	166	184	211	235	256
235	99	128	147	178	198	223	247	273
250	105	135	157	189	207	238	260	291
265	111	144	166	200	221	253	276	309
280	117	151	174	212	235	268	291	326
295	124	160	184	223	246	281	307	342

Anexo C.2

Número de Cromosomas

Number of Wells = 5; Number of Times = 20; Temporal Chromosomes Relation [-]							
Generations	Cromosomes						
	15	20	25	30	35	40	45
10	1	1.52	1.38	1.62	1.81	1.90	2.17
25	1	1.35	1.37	1.62	1.77	1.94	2.20
40	1	1.14	1.45	1.57	1.73	1.87	2.12
55	1	1.16	1.41	1.61	1.83	1.97	2.29
70	1	0.93	1.12	1.23	1.48	1.61	1.77
85	1	1.10	1.32	1.49	1.76	1.87	2.14
100	1	1.09	1.33	1.48	1.70	1.90	2.07
115	1	1.15	1.40	1.55	1.78	1.93	2.18
130	1	1.19	1.42	1.56	1.82	1.92	2.19
145	1	1.20	1.37	1.53	1.78	1.96	2.18
160	1	1.13	1.35	1.50	1.78	2.00	2.16
175	1	1.16	1.42	1.57	1.81	1.97	2.18
190	1	1.17	1.42	1.55	1.78	1.94	2.23
205	1	1.15	1.40	1.59	1.81	1.97	2.23
220	1	1.12	1.38	1.52	1.79	1.89	2.14
235	1	1.18	1.40	1.60	1.83	1.97	2.22
250	1	1.17	1.42	1.56	1.80	1.98	2.22
265	1	1.11	1.34	1.54	1.75	1.89	2.13
280	1	1.18	1.41	1.53	1.81	1.96	2.20
295	1	1.15	1.39	1.56	1.81	2.00	2.21

Number of Wells = 20; Number of Times = 20; Temporal Chromosomes Relation [-]							
Generations	Cromosomes						
	15	20	25	30	35	40	45
10	1	1.18	1.43	1.57	1.79	1.96	2.21
25	1	1.17	1.39	1.56	1.77	1.94	2.26
40	1	1.17	1.41	1.55	1.82	1.94	2.22
55	1	1.15	1.39	1.53	1.77	1.92	2.17
70	1	1.19	1.39	1.55	1.79	1.94	2.20
85	1	1.16	1.39	1.54	1.78	1.90	2.17
100	1	1.16	1.40	1.55	1.79	1.94	2.20
115	1	1.15	1.37	1.54	1.76	1.91	2.18
130	1	1.14	1.38	1.57	1.77	1.93	2.17

145	1	1.15	1.39	1.55	1.77	1.93	2.19
160	1	1.14	1.38	1.53	1.76	1.92	2.15
175	1	1.16	1.39	1.55	1.79	1.93	2.18
190	1	1.14	1.37	1.54	1.77	1.91	2.15
205	1	1.15	1.40	1.55	1.78	1.93	2.18
220	1	1.15	1.39	1.55	1.78	1.94	2.17
235	1	1.15	1.39	1.54	1.78	1.92	2.17
250	1	1.15	1.40	1.57	1.80	1.95	2.18
265	1	1.15	1.39	1.55	1.79	1.94	2.17
280	1	1.15	1.38	1.56	1.80	1.95	2.18
295	1	1.15	1.39	1.56	1.78	2.44	2.17

Number of Wells = 50; Number of Times = 20; Temporal Chromosomes Relation [-]							
Cromosomes Generations	15	20	25	30	35	40	45
	10	1	1.16	1.40	1.56	1.79	1.94
25	1	1.15	1.38	1.53	1.76	1.91	2.14
40	1	1.14	1.38	1.52	1.76	1.91	2.13
55	1	1.16	1.40	1.55	1.78	1.93	2.16
70	1	1.15	1.38	1.54	1.77	1.92	2.14
85	1	1.15	1.39	1.53	1.77	1.93	2.16
100	1	1.15	1.37	1.54	1.76	1.91	2.14
115	1	1.14	1.37	1.53	1.76	1.91	2.14
130	1	1.14	1.39	1.54	1.77	1.92	2.15
145	1	1.15	1.39	1.54	1.77	1.92	2.16
160	1	1.15	1.39	1.54	1.77	1.92	2.16
175	1	1.15	1.38	1.53	1.77	1.92	2.15
190	1	1.15	1.38	1.54	1.77	1.92	2.15
205	1	1.16	1.40	1.54	1.77	1.93	2.16
220	1	1.16	1.39	1.55	1.78	1.93	2.16
235	1	1.16	1.38	1.53	1.76	1.92	2.15
250	1	1.15	1.38	1.54	1.76	1.91	2.15
265	1	1.15	1.38	1.54	1.77	1.92	2.16
280	1	1.16	1.39	1.54	1.77	1.92	2.16
295	1	1.15	1.39	1.55	1.78	1.92	2.16

Number of Wells = 100; Number of Times = 20; Temporal Chromosomes Relation [-]

Generations \ Chromosomes	Chromosomes						
	15	20	25	30	35	40	45
10	1	1.16	1.41	1.54	1.77	1.94	2.20
25	1	1.16	1.39	1.54	1.78	1.94	2.17
40	1	1.15	1.39	1.54	1.78	1.93	2.16
55	1	1.15	1.39	1.54	1.77	1.93	2.17
70	1	1.16	1.39	1.54	1.77	1.94	2.19
85	1	1.16	1.40	1.54	1.77	1.94	2.19
100	1	1.16	1.40	1.55	1.78	1.93	2.19
115	1	1.15	1.39	1.54	1.77	1.93	2.18
130	1	1.16	1.40	1.55	1.77	1.93	2.17
145	1	1.16	1.39	1.54	1.77	1.92	2.17
160	1	1.16	1.38	1.54	1.76	1.92	2.17
175	1	1.16	1.39	1.55	1.77	1.94	2.18
190	1	1.16	1.39	1.55	1.77	1.94	2.17
205	1	1.16	1.39	1.54	1.78	1.93	2.19
220	1	1.15	1.39	1.54	1.77	1.93	2.19
235	1	1.15	1.38	1.54	1.77	1.92	2.19
250	1	1.15	1.38	1.54	1.77	1.93	2.17
265	1	1.16	1.39	1.54	1.77	1.94	2.19
280	1	1.16	1.39	1.55	1.77	1.95	2.20
295	1	1.16	1.39	1.54	1.77	1.95	2.18

Number of Wells = 200; Number of Times = 20; Temporal Chromosomes Relation [-]							
Generations \ Chromosomes	Chromosomes						
	15	20	25	30	35	40	45
10	1	1.14	1.37	1.53	1.75	1.90	2.14
25	1	1.15	1.37	1.53	1.75	1.91	2.14
40	1	1.15	1.38	1.53	1.77	1.92	2.14
55	1	1.15	1.38	1.53	1.76	1.91	2.14
70	1	1.15	1.38	1.53	1.76	1.91	2.14
85	1	1.15	1.38	1.53	1.76	1.91	2.14
100	1	1.14	1.37	1.52	1.75	1.90	2.13
115	1	1.15	1.39	1.53	1.76	1.92	2.15
130	1	1.15	1.37	1.53	1.75	1.91	2.14
145	1	1.14	1.38	1.53	1.76	1.91	2.14
160	1	1.15	1.38	1.53	1.76	1.92	2.14
175	1	1.15	1.38	1.53	1.76	1.92	2.15
190	1	1.15	1.38	1.53	1.76	1.92	2.14

205	1	1.15	1.38	1.53	1.76	1.92	2.15
220	1	1.15	1.38	1.53	1.76	1.91	2.15
235	1	1.15	1.38	1.53	1.76	1.91	2.14
250	1	1.15	1.38	1.53	1.77	1.92	2.15
265	1	1.16	1.38	1.54	1.77	1.92	2.16
280	1	1.15	1.38	1.54	1.77	1.92	2.15
295	1	1.16	1.38	1.54	1.77	1.92	2.15

Anexo C.3

Número de Pozos

Number of Chromosomes = 15; Number of Times = 20; Temporal Well Relation [-]						
Generations	Wells	5	20	50	100	200
	10		1	6.7	31.0	114.6
25		1	6.9	32.1	117.1	440.0
40		1	6.6	31.1	113.5	422.3
55		1	7.0	31.9	118.5	439.7
70		1	5.6	25.8	94.4	352.0
85		1	6.7	30.7	112.4	419.6
100		1	6.6	30.6	111.9	419.1
115		1	7.0	32.1	117.2	435.6
130		1	6.9	31.8	116.6	434.6
145		1	6.9	31.7	116.9	434.2
160		1	6.9	31.3	115.5	428.4
175		1	6.9	32.2	117.9	437.8
190		1	6.9	31.9	117.1	435.5
205		1	7.0	32.0	117.9	438.2
220		1	6.8	31.1	114.9	425.9
235		1	7.0	32.4	119.0	441.1
250		1	7.0	32.4	119.3	440.0
265		1	6.7	31.0	114.2	421.9
280		1	6.9	31.9	117.1	434.3
295		1	7.0	32.0	118.0	436.6

Number of Chromosomes = 20; Number of Times = 20; Temporal Well Relation [-]						
Generations	Wells	5	20	50	100	200
	10		1	5.2	23.8	87.9
25		1	6.0	27.1	100.0	373.4
40		1	6.8	31.0	114.1	425.5
55		1	6.9	32.0	117.3	435.6
70		1	7.1	31.9	117.2	433.9
85		1	7.1	32.1	118.8	437.9
100		1	7.0	32.2	118.6	438.3
115		1	7.0	32.1	118.2	437.8
130		1	6.6	30.5	113.0	418.2
145		1	6.6	30.6	112.9	414.7
160		1	6.9	32.0	118.4	435.5
175		1	6.9	31.9	117.8	434.4

190	1	6.8	31.5	116.2	428.3
205	1	7.0	32.2	118.9	438.9
220	1	7.0	32.3	118.6	438.7
235	1	6.8	31.6	115.7	428.5
250	1	6.9	31.9	117.7	433.9
265	1	6.9	32.0	118.5	437.6
280	1	6.7	31.3	115.4	425.8
295	1	6.9	32.1	118.7	437.8

Number of Chromosomes = 25; Number of Times = 20; Temporal Well Relation [-]						
Generations	Wells	5	20	50	100	200
	10		1	6.9	31.5	116.8
25		1	7.0	32.3	118.1	440.0
40		1	6.4	29.5	108.7	401.7
55		1	6.9	31.6	117.0	430.9
70		1	6.9	31.8	117.3	435.2
85		1	7.0	32.1	119.0	437.6
100		1	6.9	31.7	117.7	432.8
115		1	6.8	31.5	116.6	431.4
130		1	6.7	31.0	114.7	420.7
145		1	7.0	32.3	118.7	436.9
160		1	7.0	32.2	118.0	436.8
175		1	6.8	31.3	115.3	426.9
190		1	6.7	31.0	114.4	420.9
205		1	6.9	31.9	116.9	431.0
220		1	6.8	31.3	115.1	425.0
235		1	6.9	31.8	116.9	432.4
250		1	6.9	31.5	115.5	427.7
265		1	7.0	32.1	118.2	435.9
280		1	6.8	31.4	115.2	425.6
295		1	7.0	32.1	117.7	434.5

Number of Chromosomes = 30; Number of Times = 20; Temporal Well Relation [-]					
Wells	5	20	50	100	200
Generations					
10	1	6.5	29.9	109.4	411.6
25	1	6.7	30.3	111.1	413.4
40	1	6.5	30.1	111.0	410.1
55	1	6.6	30.6	113.1	417.1
70	1	7.0	32.2	118.0	436.3
85	1	6.9	31.5	116.2	429.9
100	1	6.9	31.9	117.2	432.3
115	1	6.9	31.7	116.4	430.7
130	1	6.9	31.3	115.5	425.1
145	1	7.0	31.9	117.6	432.5
160	1	7.0	32.1	118.7	436.7
175	1	6.8	31.4	116.1	427.8
190	1	6.9	31.8	117.0	430.8
205	1	6.8	31.0	114.4	422.1
220	1	6.9	31.7	116.7	430.2
235	1	6.8	31.1	115.1	422.9
250	1	7.0	31.9	117.5	432.0
265	1	6.8	31.1	114.8	422.2
280	1	7.0	32.1	118.6	436.6
295	1	6.9	31.7	116.5	429.6

Number of Chromosomes = 35; Number of Times = 20; Temporal Well Relation [-]					
Wells	5	20	50	100	200
Generations					
10	1	6.6	30.6	112.1	419.3
25	1	6.9	31.9	117.8	435.7
40	1	7.0	31.5	116.2	430.0
55	1	6.8	31.1	114.6	423.2
70	1	6.7	30.8	113.5	419.6
85	1	6.8	30.8	113.3	419.1
100	1	6.9	31.8	116.9	431.4
115	1	6.9	31.9	116.9	431.8
130	1	6.7	30.9	113.7	419.7

145	1	6.9	31.5	116.2	429.2
160	1	6.8	31.2	114.6	424.1
175	1	6.8	31.3	115.1	425.6
190	1	6.9	31.7	117.1	432.0
205	1	6.8	31.4	115.9	427.3
220	1	6.7	31.0	113.7	420.0
235	1	6.8	31.2	114.9	425.0
250	1	6.9	31.6	116.8	431.5
265	1	6.8	31.4	115.6	427.0
280	1	6.9	31.1	114.6	423.5
295	1	6.9	31.5	115.7	427.0

Number of Chromosomes = 40; Number of Times = 20; Temporal Well Relation [-]					
Generations	Wells				
	5	20	50	100	200
10	1	6.9	31.6	116.7	435.8
25	1	6.9	31.6	117.0	434.3
40	1	6.9	31.7	117.4	433.8
55	1	6.8	31.3	115.9	426.1
70	1	6.7	30.8	113.7	418.1
85	1	6.8	31.6	116.1	427.6
100	1	6.7	30.8	113.5	418.8
115	1	6.9	31.7	117.0	433.0
130	1	6.9	31.7	116.9	432.6
145	1	6.8	31.0	114.4	423.8
160	1	6.6	30.2	111.0	411.3
175	1	6.8	31.3	116.0	427.0
190	1	6.8	31.5	117.0	430.5
205	1	6.8	31.2	115.2	425.5
220	1	6.9	31.8	117.2	431.9
235	1	6.8	31.4	115.9	427.3
250	1	6.8	31.3	116.1	425.9
265	1	6.9	31.6	117.4	429.9
280	1	6.9	31.2	116.4	425.3
295	1	8.5	30.8	115.0	419.8

Number of Chromosomes = 45; Number of Times = 20; Temporal Well Relation [-]					
---	--	--	--	--	--

Generations	Wells				
	5	20	50	100	200
10	1	6.8	31.2	116.5	430.0
25	1	7.1	31.2	115.6	427.0
40	1	6.9	31.3	116.0	427.5
55	1	6.6	30.1	112.3	411.0
70	1	6.9	31.1	116.4	424.6
85	1	6.8	30.9	115.0	418.7
100	1	7.0	31.6	118.2	430.8
115	1	7.0	31.4	116.8	427.9
130	1	6.8	31.2	115.8	424.2
145	1	6.9	31.5	116.7	426.5
160	1	6.8	31.3	115.8	424.0
175	1	6.9	31.6	117.6	430.2
190	1	6.7	30.8	114.2	418.4
205	1	6.8	31.0	115.5	421.0
220	1	6.8	31.3	117.2	426.2
235	1	6.9	31.4	117.4	425.9
250	1	6.8	31.4	116.4	425.5
265	1	6.9	31.5	117.7	427.9
280	1	6.8	31.2	117.0	423.7
295	1	6.8	31.3	116.5	426.0

Anexo C.4

Cantidad de Data Temporal (#Tiempos)

Number of Cromosomes = 15; Number of Wells = 5; Temporal #Times Relation [-]						
Times		20	40	60	80	
Generations	Times		20	40	60	80
	10	1	1.84	2.57	3.27	
	25	1	1.78	2.76	3.31	
	40	1	1.72	2.56	3.15	
	55	1	1.79	2.62	3.27	
	70	1	1.45	2.11	2.70	
	85	1	1.75	2.52	3.13	
	100	1	1.76	2.54	3.11	
	115	1	1.81	2.61	3.31	
	130	1	1.81	2.64	3.28	
	145	1	1.84	2.61	3.24	
	160	1	1.74	2.63	3.25	
	175	1	1.80	2.66	3.35	
	190	1	1.80	2.62	3.33	
	205	1	1.79	2.67	3.35	
	220	1	1.76	2.58	3.32	
	235	1	1.81	2.68	3.33	
	250	1	1.82	2.71	3.33	
	265	1	1.77	2.60	3.22	
	280	1	1.82	2.71	3.30	
295	1	1.79	2.66	3.30		

Number of Cromosomes = 20; Number of Wells = 5; Temporal #Times Relation [-]						
Times		20	40	60	80	
Generations	Times		20	40	60	80
	10	1	1.32	2.05	2.76	
	25	1	1.54	2.18	2.81	
	40	1	1.84	2.53	3.20	
	55	1	1.81	2.63	3.27	
	70	1	1.78	2.70	3.41	
	85	1	1.82	2.66	3.30	
	100	1	1.79	2.69	3.40	
	115	1	1.83	2.69	3.27	
	130	1	1.72	2.51	3.18	
	145	1	1.74	2.53	3.16	
	160	1	1.78	2.64	3.32	

175	1	1.80	2.60	3.27
190	1	1.75	2.60	3.25
205	1	1.81	2.65	3.35
220	1	1.80	2.66	3.32
235	1	1.77	2.58	3.23
250	1	1.81	2.63	3.29
265	1	1.79	2.64	3.31
280	1	1.75	2.58	3.21
295	1	1.80	2.64	3.31

Number of Cromosomes = 25; Number of Wells = 5; Temporal #Times Relation [-]				
Generations \ Times	20	40	60	80
	10	1	1.78	2.87
25	1	1.80	2.65	3.26
40	1	1.65	2.43	3.04
55	1	1.84	2.61	3.20
70	1	1.79	2.68	3.32
85	1	1.79	2.65	3.28
100	1	1.78	2.74	3.28
115	1	1.79	2.64	3.25
130	1	1.73	2.62	3.20
145	1	1.81	2.65	3.29
160	1	1.80	2.64	3.31
175	1	1.76	2.62	3.21
190	1	1.75	2.57	3.19
205	1	1.78	2.64	3.25
220	1	1.76	2.59	3.21
235	1	1.82	2.64	3.28
250	1	1.77	2.60	3.23
265	1	1.81	2.69	3.33
280	1	1.78	2.60	3.24
295	1	1.81	2.64	3.30

Number of Cromosomes = 30; Number of Wells = 5; Temporal #Times Relation [-]				
Generations \ Times	20	40	60	80

10	1	1.69	2.42	3.03
25	1	1.69	2.47	3.08
40	1	1.72	2.58	3.12
55	1	1.74	2.63	3.22
70	1	1.78	2.66	3.25
85	1	1.80	2.63	3.26
100	1	1.81	2.62	3.29
115	1	1.83	2.61	3.23
130	1	1.77	2.60	3.22
145	1	1.82	2.65	3.26
160	1	1.81	2.65	3.30
175	1	1.79	2.59	3.26
190	1	1.82	2.64	3.25
205	1	1.78	2.60	3.24
220	1	1.77	2.63	3.29
235	1	1.76	2.59	3.23
250	1	1.81	2.64	3.26
265	1	2.69	2.60	3.21
280	1	3.65	2.71	3.35
295	1	1.80	2.70	3.27

Number of Cromosomes = 35; Number of Wells = 5; Temporal #Times Relation [-]				
Generations \ Times	20	40	60	80
	10	1	1.74	2.69
25	1	1.79	2.64	3.32
40	1	1.77	2.63	3.33
55	1	1.82	2.66	3.23
70	1	1.75	2.60	3.22
85	1	1.74	2.55	3.25
100	1	1.82	2.68	3.28
115	1	1.78	2.66	3.35
130	1	1.79	2.68	3.96
145	1	1.78	2.62	3.28
160	1	1.75	2.60	3.24
175	1	1.77	2.60	3.24
190	1	1.81	2.65	3.28
205	1	1.77	3.75	3.25
220	1	1.74	3.09	3.17

235	1	1.75	2.63	3.21
250	1	1.78	2.64	3.51
265	1	1.76	2.64	3.92
280	1	1.76	2.59	3.19
295	1	1.78	2.61	3.25

Number of Chromosomes = 40; Number of Wells = 5; Temporal #Times Relation [-]				
Times	20	40	60	80
Generations				
10	1	1.76	2.62	3.27
25	1	1.78	2.71	3.24
40	1	1.80	2.63	3.28
55	1	1.74	2.63	3.25
70	1	1.77	2.59	3.16
85	1	1.77	2.61	3.22
100	1	1.72	2.57	3.18
115	1	1.80	2.66	3.28
130	1	1.79	2.65	3.27
145	1	1.74	2.61	3.26
160	1	1.72	2.53	3.15
175	1	1.77	2.65	3.27
190	1	1.80	2.67	3.25
205	1	1.80	2.62	3.24
220	1	1.81	2.65	3.29
235	1	1.77	2.62	3.23
250	1	1.77	2.62	3.22
265	1	1.79	2.65	3.25
280	1	1.77	2.61	3.23
295	1	1.74	2.61	3.89

Number of Chromosomes = 45; Number of Wells = 5; Temporal #Times Relation [-]				
Times	20	40	60	80
Generations				
10	1	1.74	2.59	3.20
25	1	1.77	2.60	3.18
40	1	1.83	2.69	3.30
55	1	1.69	2.55	3.12

70	1	1.76	2.64	3.23
85	1	1.77	2.58	3.18
100	1	1.78	2.64	3.27
115	1	1.78	2.65	3.28
130	1	1.78	2.59	3.22
145	1	1.78	2.63	3.25
160	1	1.75	2.63	3.22
175	1	1.79	2.64	3.31
190	1	1.74	2.60	3.23
205	1	1.75	2.58	3.22
220	1	1.78	2.63	3.24
235	1	1.77	2.65	3.23
250	1	1.78	2.63	3.25
265	1	1.80	2.63	3.23
280	1	1.76	2.60	3.22
295	1	1.78	2.61	3.23

Anexo C.5

Número de Generaciones

Number of Wells = 5; Number of Times = 20; Temporal Chromosomes Relation [-]							
Generations \ Chromosomes	Chromosomes						
	15	20	25	30	35	40	45
10	1	1	1	1	1	1	1
25	1.95	1.74	1.94	1.96	1.90	1.99	1.98
40	3.02	2.28	3.18	2.94	2.89	2.96	2.95
55	3.86	2.96	3.96	3.85	3.89	4.01	4.09
70	6.03	3.70	4.88	4.60	4.91	5.10	4.94
85	6.07	4.40	5.81	5.59	5.89	5.98	6.01
100	7.12	5.13	6.84	6.49	6.66	7.12	6.81
115	7.76	5.87	7.87	7.44	7.60	7.88	7.83
130	8.79	6.91	9.04	8.47	8.79	8.88	8.88
145	9.76	7.71	9.69	9.25	9.56	10.06	9.81
160	10.87	8.09	10.66	10.09	10.64	11.40	10.86
175	11.57	8.84	11.88	11.23	11.57	11.98	11.66
190	12.62	9.71	13.03	12.07	12.35	12.87	12.99
205	13.50	10.22	13.69	13.27	13.44	14.01	13.92
220	14.86	10.96	14.90	13.93	14.63	14.75	14.72
235	15.34	11.98	15.61	15.12	15.45	15.92	15.71
250	16.29	12.54	16.77	15.73	16.19	16.97	16.71
265	17.93	13.18	17.42	17.03	17.30	17.79	17.60
280	18.42	14.31	18.83	17.40	18.39	19.01	18.75
295	19.28	14.66	19.41	18.63	19.20	20.25	19.65

Number of Wells = 20; Number of Times = 20; Temporal Chromosomes Relation [-]							
Generations \ Chromosomes	Chromosomes						
	15	20	25	30	35	40	45
10	1	1	1	1	1	1	1
25	2.02	2.00	1.96	2.02	2.00	2.00	2.07
40	3.01	2.99	2.98	2.97	3.06	2.97	3.01
55	4.06	3.95	3.95	3.96	4.01	3.96	3.97
70	5.04	5.09	4.91	4.98	5.03	4.99	5.00
85	6.08	6.01	5.91	5.99	6.05	5.89	5.97
100	7.01	6.89	6.88	6.92	7.03	6.91	6.96
115	8.15	7.93	7.82	7.99	7.99	7.94	8.04
130	9.08	8.79	8.77	9.06	8.99	8.92	8.90
145	10.09	9.88	9.82	9.98	9.97	9.94	9.99
160	11.18	10.83	10.80	10.88	10.96	10.95	10.87
175	12.01	11.84	11.74	11.88	12.00	11.82	11.85

190	13.17	12.78	12.65	12.97	12.99	12.82	12.82
205	14.10	13.73	13.80	13.90	13.98	13.85	13.90
220	15.10	14.72	14.68	14.91	14.98	14.89	14.80
235	16.15	15.82	15.73	15.91	16.05	15.81	15.81
250	17.05	16.64	16.69	17.05	17.09	16.90	16.78
265	18.07	17.69	17.66	17.92	18.02	17.87	17.71
280	19.12	18.63	18.55	19.00	19.19	18.97	18.83
295	20.12	19.64	19.58	19.97	20.02	24.98	19.73

Number of Wells = 50; Number of Times = 20; Temporal Chromosomes Relation [-]							
Generations \ Chromosomes	Chromosomes						
	15	20	25	30	35	40	45
10	1	1	1	1	1	1	1
25	2.01	1.99	1.99	1.98	1.98	1.99	1.98
40	3.02	2.97	2.98	2.95	2.97	2.97	2.96
55	3.97	3.98	3.96	3.94	3.96	3.97	3.95
70	5.01	4.98	4.93	4.94	4.94	4.97	4.94
85	5.99	5.95	5.93	5.89	5.93	5.98	5.95
100	7.02	6.95	6.88	6.91	6.92	6.93	6.91
115	8.03	7.93	7.87	7.88	7.93	7.91	7.89
130	8.99	8.87	8.89	8.85	8.88	8.92	8.89
145	9.98	9.92	9.92	9.84	9.85	9.88	9.93
160	10.96	10.88	10.90	10.81	10.84	10.88	10.89
175	11.98	11.88	11.82	11.78	11.84	11.87	11.84
190	12.98	12.85	12.83	12.84	12.81	12.84	12.84
205	13.90	13.87	13.86	13.74	13.79	13.82	13.84
220	14.88	14.88	14.81	14.77	14.80	14.84	14.80
235	15.98	15.93	15.77	15.70	15.74	15.81	15.82
250	17.02	16.83	16.74	16.77	16.74	16.81	16.82
265	17.93	17.78	17.73	17.71	17.74	17.77	17.79
280	18.92	18.88	18.77	18.66	18.71	18.75	18.76
295	19.88	19.80	19.76	19.70	19.75	19.75	19.73

Number of Wells = 100; Number of Times = 20; Temporal Chromosomes Relation [-]							
Generations \ Chromosomes	Chromosomes						
	15	20	25	30	35	40	45
10	1	1	1	1	1	1	1
25	1.99	1.98	1.96	1.99	2.00	1.99	1.97

40	2.99	2.96	2.96	2.98	2.99	2.98	2.94
55	4.00	3.95	3.96	3.98	3.98	3.98	3.94
70	4.97	4.94	4.90	4.96	4.97	4.97	4.94
85	5.95	5.94	5.92	5.95	5.95	5.95	5.93
100	6.95	6.92	6.89	6.96	6.95	6.93	6.91
115	7.94	7.89	7.86	7.92	7.93	7.90	7.86
130	8.94	8.89	8.88	8.95	8.92	8.89	8.83
145	9.96	9.91	9.84	9.95	9.91	9.86	9.83
160	10.95	10.90	10.77	10.94	10.88	10.84	10.80
175	11.91	11.85	11.73	11.92	11.89	11.91	11.77
190	12.90	12.83	12.76	12.91	12.90	12.90	12.73
205	13.88	13.82	13.69	13.88	13.90	13.83	13.80
220	14.90	14.79	14.68	14.87	14.85	14.81	14.81
235	15.92	15.77	15.63	15.91	15.84	15.80	15.84
250	16.96	16.80	16.59	16.89	16.88	16.87	16.69
265	17.87	17.78	17.63	17.87	17.84	17.89	17.78
280	18.83	18.81	18.57	18.87	18.81	18.96	18.83
295	19.85	19.80	19.56	19.84	19.81	19.96	19.65

Number of Wells = 200; Number of Times = 20; Temporal Chromosomes Relation [-]							
Generations \ Chromosomes	Chromosomes						
	15	20	25	30	35	40	45
10	1	1	1	1	1	1	1
25	1.97	1.98	1.98	1.97	1.97	1.98	1.97
40	2.93	2.95	2.96	2.93	2.96	2.95	2.94
55	3.90	3.93	3.95	3.90	3.93	3.92	3.91
70	4.87	4.89	4.91	4.87	4.91	4.90	4.88
85	5.84	5.86	5.89	5.84	5.88	5.87	5.85
100	6.84	6.84	6.85	6.82	6.86	6.84	6.82
115	7.76	7.81	7.86	7.79	7.83	7.83	7.79
130	8.76	8.79	8.80	8.75	8.80	8.81	8.76
145	9.72	9.73	9.79	9.72	9.79	9.79	9.73
160	10.68	10.72	10.78	10.70	10.77	10.76	10.70
175	11.62	11.68	11.74	11.67	11.74	11.74	11.67
190	12.61	12.65	12.69	12.63	12.73	12.72	12.64
205	13.57	13.65	13.65	13.61	13.69	13.68	13.63
220	14.52	14.63	14.65	14.56	14.66	14.62	14.59
235	15.52	15.62	15.62	15.54	15.66	15.61	15.56
250	16.44	16.56	16.60	16.51	16.67	16.59	16.54
265	17.35	17.56	17.57	17.47	17.62	17.55	17.52

280	18.36	18.55	18.54	18.46	18.58	18.56	18.47
295	19.31	19.53	19.52	19.44	19.55	19.51	19.47

Anexo C.6

Factor de Corrección

Anexo C.6.1

**Tiempos de Ejecución Simulaciones FP y
Relaciones Temporales**

Anexo C.6.1.1

45 Pozos

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	20	1	8.73
Wells	45	2	8.73
Times	25	3	8.78
Generations	250	4	8.78
Mean Time [s]	8.76	5	8.78

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	20	1	8.46
Wells	45	2	7.05
Times	25	3	7.06
Generations	200	4	7.14
Mean Time [s]	7.37	5	7.15

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	20	1	6.05
Wells	45	2	5.24
Times	25	3	5.27
Generations	150	4	5.31
Mean Time [s]	5.43	5	5.28

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	20	1	5.13
Wells	45	2	3.65
Times	25	3	3.53
Generations	100	4	3.58
Mean Time [s]	3.88	5	3.53

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	30	1	14.4
Wells	45	2	13.2
Times	25	3	13.3
Generations	250	4	13.4
Mean Time [s]	13.52	5	13.3

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	30	1	13.3
Wells	45	2	10.5
Times	25	3	10.5
Generations	200	4	10.7
Mean Time [s]	11.14	5	10.7

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	30	1	9.37
Wells	45	2	7.9
Times	25	3	7.94
Generations	150	4	7.94
Mean Time [s]	8.23	5	8.01

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	30	1	7.88
Wells	45	2	5.28
Times	25	3	5.28
Generations	100	4	5.27
Mean Time [s]	5.80	5	5.28

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	40	1	19.1
Wells	45	2	17
Times	25	3	16.9
Generations	250	4	16.9
Mean Time [s]	17.36	5	16.9

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	40	1	14.9
Wells	45	2	13.6
Times	25	3	13.6
Generations	200	4	13.5
Mean Time [s]	13.84	5	13.6

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	40	1	11.8
Wells	45	2	10.2
Times	25	3	10.2
Generations	150	4	10.2
Mean Time [s]	10.52	5	10.2

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	40	1	7.62
Wells	45	2	7.83
Times	25	3	6.79
Generations	100	4	6.8
Mean Time [s]	7.17	5	6.81

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	20	1	16.3
Wells	45	2	16.3
Times	50	3	16.3
Generations	250	4	16.3
Mean Time [s]	16.3	5	16.3

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	20	1	14
Wells	45	2	13.1
Times	50	3	13.1
Generations	200	4	13.1
Mean Time [s]	13.26	5	13

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	20	1	11.5
Wells	45	2	9.88
Times	50	3	9.78
Generations	150	4	9.8
Mean Time [s]	10.16	5	9.85

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	20	1	7.35
Wells	45	2	6.58
Times	50	3	6.54
Generations	100	4	6.57
Mean Time [s]	6.72	5	6.54

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	30	1	26.5
Wells	45	2	25.1
Times	50	3	25
Generations	250	4	24.9
Mean Time [s]	25.3	5	25

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	30	1	20.8
Wells	45	2	20
Times	50	3	20
Generations	200	4	20
Mean Time [s]	20.16	5	20

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	30	1	16.4
Wells	80	2	15
Times	50	3	14.9
Generations	150	4	15
Mean Time [s]	15.26	5	15

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	30	1	10.6
Wells	45	2	10.6
Times	50	3	10.1
Generations	100	4	10.1
Mean Time [s]	10.28	5	10

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	40	1	33.9
Wells	45	2	32.2
Times	50	3	32
Generations	250	4	32.7
Mean Time [s]	32.6	5	32.2

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	40	1	28.4
Wells	45	2	25.6
Times	50	3	25.6
Generations	200	4	25.6
Mean Time [s]	26.28	5	26.2

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	40	1	20
Wells	45	2	19.4
Times	50	3	19.2
Generations	150	4	19.2
Mean Time [s]	19.4	5	19.2

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	40	1	14.1
Wells	45	2	12.8
Times	50	3	12.8
Generations	100	4	12.8
Mean Time [s]	13.06	5	12.8

Anexo C.6.1.2

80 Pozos

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	20	1	24.6
Wells	80	2	24.7
Times	25	3	24.7
Generations	250	4	25
Mean Time [s]	24.76	5	24.8

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	20	1	21.4
Wells	80	2	19.8
Times	25	3	19.8
Generations	200	4	19.8
Mean Time [s]	20.12	5	19.8

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	20	1	16.8
Wells	80	2	14.9
Times	25	3	14.8
Generations	150	4	14.8
Mean Time [s]	15.24	5	14.9

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	20	1	12
Wells	80	2	10.3
Times	25	3	10.3
Generations	100	4	10.2
Mean Time [s]	10.55	5	9.97

Scenario			
-----------------	--	--	--

Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	30	1	38
Wells	80	2	37.7
Times	25	3	37.6
Generations	250	4	37.5
Mean Time [s]	37.68	5	37.6

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	30	1	32.9
Wells	80	2	30.5
Times	25	3	30.3
Generations	200	4	30.2
Mean Time [s]	31.12	5	31.7

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	30	1	22.6
Wells	80	2	22.6
Times	25	3	22.6
Generations	150	4	22.6
Mean Time [s]	22.62	5	22.7

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	30	1	17.7
Wells	80	2	15.1
Times	25	3	15.1
Generations	100	4	15.1
Mean Time [s]	15.62	5	15.1

Scenario			
-----------------	--	--	--

Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	40	1	48.4
Wells	80	2	48.3
Times	25	3	48.4
Generations	250	4	48.5
Mean Time [s]	48.38	5	48.3

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	40	1	40.4
Wells	80	2	38.7
Times	25	3	38.6
Generations	200	4	38.7
Mean Time [s]	39	5	38.6

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	40	1	30.3
Wells	80	2	29
Times	25	3	29
Generations	150	4	29
Mean Time [s]	29.24	5	28.9

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	40	1	20.9
Wells	80	2	19.3
Times	25	3	19.3
Generations	100	4	19.3
Mean Time [s]	19.64	5	19.4

Scenario			
-----------------	--	--	--

Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	20	1	47
Wells	80	2	45.9
Times	50	3	46.1
Generations	250	4	46.2
Mean Time [s]	46.28	5	46.2

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	20	1	36.6
Wells	80	2	37.2
Times	50	3	36.5
Generations	200	4	36.4
Mean Time [s]	36.9	5	37.8

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	20	1	31.7
Wells	80	2	27.6
Times	50	3	27.6
Generations	150	4	27.5
Mean Time [s]	28.4	5	27.6

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	20	1	22.5
Wells	80	2	19.3
Times	50	3	19.3
Generations	100	4	19
Mean Time [s]	19.86	5	19.2

Scenario			
-----------------	--	--	--

Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	30	1	72
Wells	80	2	72
Times	50	3	71
Generations	250	4	71
Mean Time [s]	71.4	5	71

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	30	1	57.2
Wells	80	2	57.2
Times	50	3	57.2
Generations	200	4	57.2
Mean Time [s]	57.76	5	60

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	30	1	44.2
Wells	80	2	43
Times	50	3	42.9
Generations	150	4	42.9
Mean Time [s]	43.24	5	43.2

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	30	1	30.3
Wells	80	2	29
Times	50	3	29
Generations	100	4	29.3
Mean Time [s]	29.28	5	28.8

Scenario			
-----------------	--	--	--

Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	40	1	92
Wells	80	2	92
Times	50	3	92
Generations	250	4	92
Mean Time [s]	92	5	92

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	40	1	74
Wells	80	2	73
Times	50	3	73
Generations	200	4	73
Mean Time [s]	73.2	5	73

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	40	1	58.4
Wells	80	2	57.2
Times	50	3	57.1
Generations	150	4	57.3
Mean Time [s]	57.44	5	57.2

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	40	1	40.1
Wells	80	2	36.5
Times	50	3	36.5
Generations	100	4	36.6
Mean Time [s]	37.28	5	36.7

Anexo C.6.1.3

Promedio Tiempos de Ejecución

Number of Wells = 45, Number of Times = 25			
Generations/Cromosomas	20	30	40
100	3.88	5.80	7.17
150	5.43	8.23	10.52
200	7.37	11.14	13.84
250	8.76	13.52	17.36

Number of Wells = 45, Number of Times = 50			
Generations/Cromosomas	20	30	40
100	6.72	10.28	13.06
150	10.16	15.26	19.40
200	13.26	20.16	26.28
250	16.30	25.30	32.60

Number of Wells = 80, Number of Times = 25			
Generations/Cromosomas	20	30	40
100	10.6	15.6	19.6
150	15.2	22.6	29.2
200	20.1	31.1	39.0
250	24.8	37.7	48.4

Number of Wells = 80, Number of Times = 50			
Generations/Cromosomas	20	30	40
100	19.9	29.3	37.3
150	28.4	43.2	57.4
200	36.9	57.8	73.2
250	46.3	71.4	92.0

Anexo C.6.1.4

Tiempos de Ejecución Teórico

Number of Wells = 45, Number of Times = 25			
Generations/Cromosomas	20	30	40
100	2.61	3.46	4.32
150	3.84	5.11	6.38
200	5.08	6.76	8.43
250	6.32	8.40	10.48

Number of Wells = 45, Number of Times = 50			
Generations/Cromosomas	20	30	40
100	4.64	6.17	7.70
150	6.84	9.10	11.35
200	9.04	12.03	15.01
250	11.25	14.96	18.67

Number of Wells = 80, Number of Times = 25			
Generations/Cromosomas	20	30	40
100	7.4	9.9	12.3
150	10.9	14.5	18.2
200	14.5	19.2	24.0
250	18.0	23.9	29.8

Number of Wells = 80, Number of Times = 50			
Generations/Cromosomas	20	30	40
100	13.2	17.6	21.9
150	19.5	25.9	32.3
200	25.7	34.2	42.7
250	32.0	42.6	53.1

Anexo C.6.1.5

Relaciones Temporales

Number of Wells = 45, Number of Times = 25; Temporal Relation [-]			
Generations/Cromosomas	20	30	40
100	0.67	0.60	0.60
150	0.71	0.62	0.61
200	0.69	0.61	0.61
250	0.72	0.62	0.60

Number of Wells = 45, Number of Times = 50; Temporal Relation [-]			
Generations/Cromosomas	20	30	40
100	0.69	0.60	0.59
150	0.67	0.60	0.59
200	0.68	0.60	0.57
250	0.69	0.59	0.57

Number of Wells = 80, Number of Times = 25; Temporal Relation [-]			
Generations/Cromosomas	20	30	40
100	0.70	0.63	0.63
150	0.72	0.64	0.62
200	0.72	0.62	0.62
250	0.73	0.63	0.62

Number of Wells = 80, Number of Times = 50; Temporal Relation [-]			
Generations/Cromosomas	20	30	40
100	0.66	0.60	0.59
150	0.69	0.60	0.56
200	0.70	0.59	0.58
250	0.69	0.60	0.58

Anexo C.6.2

Tiempo Simulaciones de Comprobación y Relaciones

Anexo C.6.2.1

30 Pozos

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	25	1	7.24
Wells	30	2	6.46
Times	30	3	6.44
Generations	250	4	6.48
Mean Time [s]	6.62	5	6.46

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	25	1	5.91
Wells	30	2	5.19
Times	30	3	5.19
Generations	200	4	5.17
Mean Time [s]	5.32	5	5.16

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	25	1	5
Wells	30	2	3.91
Times	30	3	3.9
Generations	150	4	3.88
Mean Time [s]	4.12	5	3.91

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	25	1	3.38
Wells	30	2	2.6
Times	30	3	2.75
Generations	100	4	2.58
Mean Time [s]	2.78	5	2.61

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	35	1	9.76
Wells	30	2	9
Times	30	3	8.97
Generations	250	4	8.92
Mean Time [s]	9.13	5	8.99

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	35	1	7.97
Wells	30	2	7.3
Times	30	3	7.27
Generations	200	4	7.3
Mean Time [s]	7.41	5	7.23

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	35	1	7.94
Wells	30	2	5.4
Times	30	3	5.44
Generations	150	4	5.47
Mean Time [s]	5.93	5	5.39

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	35	1	4.99
Wells	30	2	3.59
Times	30	3	3.59
Generations	100	4	3.57
Mean Time [s]	3.87	5	3.59

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	45	1	11.5
Wells	30	2	11.5
Times	30	3	11.5
Generations	250	4	11.5
Mean Time [s]	11.5	5	11.5

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	45	1	11.8
Wells	30	2	9.18
Times	30	3	9.27
Generations	200	4	9.26
Mean Time [s]	9.73	5	9.14

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	45	1	8.9
Wells	30	2	6.88
Times	30	3	6.89
Generations	150	4	6.9
Mean Time [s]	7.29	5	6.9

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	45	1	5.76
Wells	30	2	4.61
Times	30	3	4.75
Generations	100	4	4.58
Mean Time [s]	4.86	5	4.58

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	25	1	14.4
Wells	30	2	12.3
Times	60	3	12.3
Generations	250	4	12.2
Mean Time [s]	12.68	5	12.2

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	25	1	11.3
Wells	30	2	9.78
Times	60	3	9.78
Generations	200	4	9.78
Mean Time [s]	10.09	5	9.79

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	25	1	9.1
Wells	30	2	7.35
Times	60	3	7.36
Generations	150	4	7.33
Mean Time [s]	7.70	5	7.34

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	25	1	6.07
Wells	30	2	4.9
Times	60	3	4.91
Generations	100	4	4.89
Mean Time [s]	5.14	5	4.91

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	35	1	17.8
Wells	30	2	16.9
Times	60	3	16.9
Generations	250	4	17
Mean Time [s]	17.12	5	17

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	35	1	14.9
Wells	30	2	13.6
Times	60	3	13.6
Generations	200	4	13.6
Mean Time [s]	13.86	5	13.6

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	35	1	12.9
Wells	80	2	10.2
Times	60	3	10.2
Generations	150	4	10.2
Mean Time [s]	10.74	5	10.2

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	35	1	8.35
Wells	80	2	6.81
Times	60	3	6.8
Generations	100	4	6.78
Mean Time [s]	7.11	5	6.79

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	45	1	22
Wells	30	2	22
Times	60	3	22
Generations	250	4	22
Mean Time [s]	22.04	5	22.2

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	45	1	19.7
Wells	30	2	17.3
Times	60	3	17.3
Generations	200	4	17.3
Mean Time [s]	17.78	5	17.3

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	45	1	14.5
Wells	30	2	13
Times	60	3	13
Generations	150	4	13
Mean Time [s]	13.3	5	13

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	45	1	10.2
Wells	30	2	8.74
Times	60	3	8.71
Generations	100	4	8.67
Mean Time [s]	9.00	5	8.66

Anexo C.6.2.2

150 Pozos

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	25	1	125
Wells	150	2	124
Times	30	3	124
Generations	250	4	125
Mean Time [s]	124.4	5	124

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	25	1	101
Wells	150	2	99
Times	30	3	98
Generations	200	4	99
Mean Time [s]	100	5	103

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	25	1	76
Wells	150	2	73
Times	30	3	73
Generations	150	4	73
Mean Time [s]	73.6	5	73

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	25	1	50.9
Wells	150	2	49.5
Times	30	3	50.2
Generations	100	4	50.6
Mean Time [s]	50.2	5	50

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	35	1	175
Wells	150	2	173
Times	30	3	175
Generations	250	4	174
Mean Time [s]	174	5	174

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	35	1	139
Wells	150	2	139
Times	30	3	139
Generations	200	4	141
Mean Time [s]	139.4	5	139

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	35	1	107
Wells	150	2	106
Times	30	3	105
Generations	150	4	105
Mean Time [s]	106	5	106

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	35	1	71
Wells	150	2	70
Times	30	3	70
Generations	100	4	71
Mean Time [s]	70.4	5	70

Scenario			
-----------------	--	--	--

Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	45	1	221
Wells	150	2	221
Times	30	3	221
Generations	250	4	221
Mean Time [s]	221	5	219

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	45	1	181
Wells	150	2	181
Times	30	3	180
Generations	200	4	180
Mean Time [s]	180	5	179

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	45	1	133
Wells	150	2	132
Times	30	3	132
Generations	150	4	131
Mean Time [s]	132	5	131

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	45	1	85
Wells	150	2	85
Times	30	3	85
Generations	100	4	85
Mean Time [s]	85	5	85

Scenario			
----------	--	--	--

Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	25	1	237
Wells	150	2	237
Times	60	3	238
Generations	250	4	242
Mean Time [s]	239	5	242
Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	25	1	193
Wells	150	2	193
Times	60	3	192
Generations	200	4	193
Mean Time [s]	193	5	193

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	25	1	147
Wells	150	2	144
Times	60	3	143
Generations	150	4	144
Mean Time [s]	144	5	142

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	25	1	97
Wells	150	2	95
Times	60	3	95
Generations	100	4	95
Mean Time [s]	95.4	5	95

Scenario			
----------	--	--	--

Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	35	1	334
Wells	150	2	335
Times	60	3	335
Generations	250	4	334
Mean Time [s]	335	5	335

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	35	1	270
Wells	150	2	268
Times	60	3	268
Generations	200	4	269
Mean Time [s]	269	5	268

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	35	1	204
Wells	80	2	201
Times	60	3	201
Generations	150	4	202
Mean Time [s]	202	5	202

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	35	1	133
Wells	80	2	132
Times	60	3	131
Generations	100	4	131
Mean Time [s]	132	5	131

Scenario			
----------	--	--	--

Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	45	1	410
Wells	150	2	409
Times	60	3	408
Generations	250	4	408
Mean Time [s]	409	5	408

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	45	1	329
Wells	150	2	326
Times	60	3	327
Generations	200	4	326
Mean Time [s]	327	5	326

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	45	1	247
Wells	150	2	245
Times	60	3	245
Generations	150	4	245
Mean Time [s]	245	5	245

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	45	1	164
Wells	150	2	163
Times	60	3	163
Generations	100	4	163
Mean Time [s]	163	5	163

Anexo C.6.2.3

Promedio Tiempos de Ejecución

Number of Wells = 30, Number of Times = 30			
Generations/Cromosomas	25	35	45
100	2.78	3.87	4.86
150	4.12	5.93	7.29
200	5.32	7.41	9.73
250	6.62	9.13	11.50

Number of Wells = 30, Number of Times = 60			
Generations/Cromosomas	25	35	45
100	5.14	7.11	9.00
150	7.70	10.74	13.30
200	10.09	13.86	17.78
250	12.68	17.12	22.04

Number of Wells = 150, Number of Times = 30			
Generations/Cromosomas	25	35	45
100	50.24	70.4	85
150	73.6	105.8	131.8
200	100	139.4	180.2
250	124.4	174.2	220.6

Number of Wells = 150, Number of Times = 60			
Generations/Cromosomas	25	35	45
100	95.4	131.6	163.2
150	144	202	245.4
200	192.8	268.6	326.8
250	239.2	334.6	408.6

Anexo C.6.2.4

Tiempos de Ejecución Teórico

Number of Wells = 30, Number of Times = 30			
Generations/Cromosomas	25	35	45
100	2.77	3.84	4.96
150	4.08	5.66	7.32
200	5.40	7.48	9.68
250	6.71	9.30	12.03

Number of Wells = 30, Number of Times = 60			
Generations/Cromosomas	25	35	45
100	5.01	6.94	8.98
150	7.39	10.24	13.25
200	9.77	13.54	17.51
250	12.15	16.84	21.78

Number of Wells = 150, Number of Times = 30			
Generations/Cromosomas	25	35	45
100	52	72	94
150	77	107	138
200	102	141	183
250	127	176	227

Number of Wells = 150, Number of Times = 60			
Generations/Cromosomas	25	35	45
100	95	131	170
150	140	193	250
200	184	256	331
250	229	318	411

Anexo C.6.1.5

Relaciones Temporales

Number of Wells = 30, Number of Times = 30			
Generations/Cromosomas	25	35	45
100	1.01	1.01	0.98
150	1.01	1.05	1.00
200	0.99	0.99	1.01
250	0.99	0.98	0.96

Number of Wells = 30, Number of Times = 60			
Generations/Cromosomas	25	35	45
100	1.03	1.02	1.00
150	1.04	1.05	1.00
200	1.03	1.02	1.02
250	1.04	1.02	1.01

Number of Wells = 150, Number of Times = 30			
Generations/Cromosomas	25	35	45
100	0.96	0.97	0.91
150	0.95	0.99	0.95
200	0.98	0.99	0.99
250	0.98	0.99	0.97

Number of Wells = 150, Number of Times = 60			
Generations/Cromosomas	25	35	45
100	1.01	1.00	0.96
150	1.03	1.04	0.98
200	1.05	1.05	0.99
250	1.04	1.05	0.99

Anexo C.7

**Expresión Analítica General para el Tiempo de
Compilación del PLWSP**

Anexo C.7.1

**Tiempos de Ejecución Simulaciones PLWSP y
Relaciones Temporales**

Anexo C.7.1.1

10 Pozos

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	20	1	13.1
Wells	10	2	11.2
Times	25	3	11.2
Generations	250		
Mean Time [s]	11.8		

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	20	1	10.5
Wells	10	2	9.04
Times	25	3	9.04
Generations	200		
Mean Time [s]	9.5		

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	20	1	8.24
Wells	10	2	6.69
Times	25	3	6.67
Generations	150		
Mean Time [s]	7.2		

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	20	1	5.48
Wells	10	2	4.48
Times	25	3	4.54
Generations	100		

Mean Time [s]	4.8		
----------------------	------------	--	--

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	30	1	18.7
Wells	10	2	17.1
Times	25	3	17.3
Generations	250		
Mean Time [s]	17.7		

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	30	1	14.7
Wells	10	2	14.1
Times	25	3	13.6
Generations	200		
Mean Time [s]	14.1		

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	30	1	13
Wells	10	2	10.2
Times	25	3	10.2
Generations	150		
Mean Time [s]	11.1		

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	30	1	8.38
Wells	10	2	6.91

Times	25	3	7
Generations	100		
Mean Time [s]	7.4		

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	40	1	24.4
Wells	10	2	23.1
Times	25	3	23
Generations	250		
Mean Time [s]	23.1		

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	40	1	19.4
Wells	10	2	18.5
Times	25	3	18.7
Generations	200		
Mean Time [s]	18.9		

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	40	1	15.4
Wells	10	2	13.8
Times	25	3	13.7
Generations	150		
Mean Time [s]	14.3		

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]

Cromosomes	40	1	9.96
Wells	10	2	9.29
Times	25	3	9.84
Generations	100		
Mean Time [s]	9.7		

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	20	1	21.4
Wells	10	2	19.6
Times	50	3	19.5
Generations	250		
Mean Time [s]	20.2		

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	20	1	20.0
Wells	10	2	15.9
Times	50	3	16.1
Generations	200		
Mean Time [s]	17.3		

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	20	1	13.8
Wells	10	2	12.1
Times	50	3	13.5
Generations	150		
Mean Time [s]	13.1		

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]

Cromosomes	20	1	8.68
Wells	10	2	7.91
Times	50	3	7.87
Generations	100		
Mean Time [s]	8.15		

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	30	1	31.1
Wells	10	2	29.8
Times	50	3	29.8
Generations	250		
Mean Time [s]	30.2		

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	30	1	24.8
Wells	10	2	23.8
Times	50	3	23.7
Generations	200		
Mean Time [s]	24.1		

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	30	1	19.5
Wells	10	2	17.9
Times	50	3	17.8
Generations	150		
Mean Time [s]	18.4		

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	30	1	13.4
Wells	10	2	12

Times	50	3	12
Generations	100		
Mean Time [s]	12.5		

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	40	1	44.9
Wells	10	2	40.6
Times	50	3	40.2
Generations	250		
Mean Time [s]	41.9		

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	40	1	34.2
Wells	10	2	32.3
Times	50	3	32.3
Generations	200		
Mean Time [s]	32.9		

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	40	1	27.4
Wells	10	2	23.9
Times	50	3	24
Generations	150		
Mean Time [s]	25.1		

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	40	1	18.1
Wells	10	2	16.3
Times	50	3	16.3

Generations	100		
Mean Time [s]	16.9		

Anexo C.7.1.2

45 Pozos

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	20	1	399
Wells	45	2	398
Times	25	3	399
Generations	250		
Mean Time [s]	399		

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	20	1	319
Wells	45	2	317
Times	25	3	314
Generations	200		
Mean Time [s]	317		

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	20	1	237
Wells	45	2	235
Times	25	3	236
Generations	150		
Mean Time [s]	236		

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	20	1	159
Wells	45	2	158
Times	25	3	158
Generations	100		
Mean Time [s]	158		

Scenario			
-----------------	--	--	--

Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	30	1	598
Wells	45	2	600
Times	25	3	597
Generations	250		
Mean Time [s]	598		

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	30	1	477
Wells	45	2	478
Times	50	3	478
Generations	200		
Mean Time [s]	478		

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	30	1	360
Wells	45	2	356
Times	25	3	357
Generations	150		
Mean Time [s]	358		

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	30	1	240
Wells	45	2	259
Times	25	3	259
Generations	100		
Mean Time [s]	253		

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]

Cromosomes	40	1	802
Wells	45	2	808
Times	25	3	810
Generations	250		
Mean Time [s]	807		

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	40	1	647
Wells	45	2	641
Times	25	3	645
Generations			
Mean Time [s]	644		

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	40	1	483
Wells	45	2	480
Times	25	3	479
Generations	150		
Mean Time [s]	481		

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	40	1	323
Wells	45	2	320
Times	25	3	320
Generations	100		
Mean Time [s]	321		

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	20	1	726

Wells	45	2	761
Times	50	3	727
Generations	250		
Mean Time [s]	738		

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	20	1	579
Wells	45	2	578
Times	50	3	579
Generations	200		
Mean Time [s]	579		

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	20	1	430
Wells	45	2	432
Times	50	3	429
Generations	150		
Mean Time [s]	430		

Anexo C.7.1.3

80 Pozos

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	20	1	1663
Wells	80	2	1653
Times	25	3	1654
Generations	250		
Mean Time [s]	1657		

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	20	1	1331
Wells	80	2	1320
Times	25	3	1322
Generations	200		
Mean Time [s]	1324		

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	20	1	998
Wells	80	2	992
Times	25	3	994
Generations	150		
Mean Time [s]	995		

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	20	1	662
Wells	80	2	667
Times	25	3	662
Generations	100		
Mean Time [s]	664		

Scenario			
-----------------	--	--	--

Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	30	1	2478
Wells	80	2	2460
Times	25	3	2462
Generations	250		
Mean Time [s]	2467		

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	30	1	1986
Wells	80	2	1979
Times	25	3	1975
Generations	200		
Mean Time [s]	1980		

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	30	1	1485
Wells	80	2	1483
Times	25	3	1479
Generations	150		
Mean Time [s]	1482		

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	30	1	991
Wells	80	2	989
Times	25	3	988
Generations	100		
Mean Time [s]	989		

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]

Cromosomes	40	1	3351
Wells	80	2	3297
Times	25	3	3292
Generations	250		
Mean Time [s]	3295		
Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	40	1	2668
Wells	80	2	2668
Times	25	3	2675
Generations	200		
Mean Time [s]	2670		

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	40	1	1992
Wells	80	2	1986
Times	25	3	1990
Generations	150		
Mean Time [s]	1989		

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	40	1	1318
Wells	80	2	1319
Times	25	3	1314
Generations	100		
Mean Time [s]	1317		

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	20	1	3021
Wells	80	2	3024
Times	50	3	3032

Generations	250		
Mean Time [s]	3026		

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	20	1	2482
Wells	80	2	2471
Times	50	3	2475
Generations	200		
Mean Time [s]	2476		

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	20	1	1856
Wells	80	2	1872
Times	50	3	1881
Generations	150		
Mean Time [s]	1870		

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	20	1	1240
Wells	80	2	1237
Times	50	3	1236
Generations	100		
Mean Time [s]	1238		

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	30	1	4518
Wells	80	2	4517
Times	50	3	4526
Generations	250		
Mean Time [s]	4520		

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	30	1	3639
Wells	80	2	3624
Times	50	3	3631
Generations	200		
Mean Time [s]	3631		

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	30	1	2722
Wells	80	2	2737
Times	50	3	2734
Generations	150		
Mean Time [s]	2731		

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	30	1	1813
Wells	80	2	1804
Times	50	3	1810
Generations	100		
Mean Time [s]	1809		

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	40	1	6041
Wells	80	2	6069
Times	50	3	6046
Generations	250		
Mean Time [s]	6052		

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	40	1	4837
Wells	80	2	4811
Times	50	3	4850
Generations	200		
Mean Time [s]	4833		

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	40	1	3630
Wells	80	2	3610
Times	50	3	3610
Generations	150		
Mean Time [s]	3617		

Scenario			
Number of (Parameter)	Value	Samples	Time [s]
Cromosomes	40	1	2410
Wells	80	2	2399
Times	50	3	2405
Generations	100		
Mean Time [s]	2405		

Anexo C.7.1.4

Promedio Tiempos de Ejecución

Number of Wells = 10, Number of Times = 25			
Generations/Cromosomas	20	30	40
100	4.8	7.4	9.7
150	7.2	11.1	14.3
200	9.5	14.1	18.9
250	11.8	17.7	23.1

Number of Wells = 10, Number of Times = 50			
Generations/Cromosomas	20	30	40
100	4.8	7.4	9.7
150	7.2	11.1	14.3
200	9.5	14.1	18.9
250	11.8	17.7	23.1

Number of Wells = 45, Number of Times = 25			
Generations/Cromosomas	20	30	40
100	158	253	321
150	236	358	481
200	317	478	644
250	399	598	807

Number of Wells = 45, Number of Times = 50			
Generations/Cromosomas	20	30	40
100	289	429	573
150	430	647	871
200	579	863	1161
250	738	1085	1440

Number of Wells = 80, Number of Times = 25			
Generations/Cromosomas	20	30	40
100	664	989	1317
150	995	1482	1989
200	1324	1980	2670
250	1657	2467	3295

Number of Wells = 80, Number of Times = 50			
Generations/Cromosomas	20	30	40

100	1238	1809	2405
150	1870	2731	3617
200	2476	3631	4833
250	3026	4520	6052

Anexo C.7.1.5

Relaciones Temporales PLWSP vs FP

Number of Wells = 10, Number of Times = 25; Temporal Relation [-]			
Generations/Cromosomas	20	30	40
100	9.9	11.3	11.8
150	11.1	8.9	12.5
200	11.7	9.9	13.0
250	11.8	12.2	12.6

Number of Wells = 10, Number of Times = 50; Temporal Relation [-]			
Generations/Cromosomas	20	30	40
100	10.6	11.8	13.9
150	12.2	11.3	13.1
200	12.2	11.7	13.1
250	11.0	12.6	13.5

Number of Wells = 45, Number of Times = 25			
Generations/Cromosomas	20	30	40
100	40.8	43.6	44.8
150	43.5	43.4	45.7
200	43.0	42.9	46.6
250	45.5	44.3	46.5

Number of Wells = 45, Number of Times = 50			
Generations/Cromosomas	20	30	40
100	43.1	41.8	43.9
150	42.3	42.4	44.9
200	43.6	42.8	44.2
250	45.3	42.9	44.2

Number of Wells = 80, Number of Times = 25			
Generations/Cromosomas	20	30	40
100	62.9	63.3	67.1
150	65.3	65.5	68.0
200	65.8	63.6	68.5
250	66.9	65.5	68.1

Number of Wells = 80, Number of Times = 50			
Generations/Cromosomas	20	30	40
100	62.3	61.8	64.5
150	65.8	63.2	63.0

200	67.1	62.9	66.0
250	65.4	63.3	65.8

Anexo C.7.2

Tiempo Simulaciones de Comprobación

Simulation 1 (Target Simulation 1)			
Number of (Parameter)	Value	Type	Time [s]
Cromosomes	30	Colab Time	422
Wells	20	Proposal Equation	405
Times	200	Percentual Error [%]	4%
Generations	200		

Simulation 2			
Number of (Parameter)	Value	Type	Time [s]
Cromosomes	40	Colab Time	420
Wells	50	Proposal Equation	441
Times	25	Percentual Error [%]	5%
Generations	100		

Simulation 3			
Number of (Parameter)	Value	Type	Time [s]
Cromosomes	35	Colab Time	518
Wells	20	Proposal Equation	445
Times	150	Percentual Error [%]	14%
Generations	250		

Simulation 4			
Number of (Parameter)	Value	Type	Time [s]
Cromosomes	20	Colab Time	1467
Wells	60	Proposal Equation	1585
Times	50	Percentual Error [%]	8%
Generations	250		

Simulation 5			
Number of (Parameter)	Value	Type	Time [s]

Cromosomes	50	Colab Time	213
Wells	10	Proposal Equation	197
Times	200	Percentual Error [%]	7%
Generations	300		
Simulation 6			
Number of (Parameter)	Value	Type	Time [s]
Cromosomes	40	Colab Time	835
Wells	60	Proposal Equation	889
Times	20	Percentual Error [%]	7%
Generations	150		

Simulation 7			
Number of (Parameter)	Value	Type	Time [s]
Cromosomes	30	Colab Time	1993
Wells	40	Proposal Equation	1930
Times	220	Percentual Error [%]	3%
Generations	150		

Simulation 8 (Target Simulation 2)			
Number of (Parameter)	Value	Type	Time [s]
Cromosomes	30	Colab Time	223
Wells	35	Proposal Equation	215
Times	20	Percentual Error [%]	3%
Generations	200		

Simulation 9 (Target Simulation 3)			
Number of (Parameter)	Value	Type	Time [s]
Cromosomes	30	Colab Time	938
Wells	55	Proposal Equation	959
Times	30	Percentual Error [%]	2%
Generations	200		

Simulation 10			
Number of (Parameter)	Value	Type	Time [s]
Cromosomes	20	Colab Time	524
Wells	100	Proposal Equation	644
Times	20	Percentual Error [%]	23%
Generations	50		

Simulation 11 (Target Simulation 4)			
Number of (Parameter)	Value	Type	Time [s]
Cromosomes	30	Colab Time	224
Wells	15	Proposal Equation	198
Times	195	Percentual Error [%]	12%
Generations	200		

Simulation 12			
Number of (Parameter)	Value	Type	Time [s]
Cromosomes	15	Colab Time	87.0
Wells	30	Proposal Equation	84.2
Times	50	Percentual Error [%]	3%
Generations	100		

Simulation 13			
Number of (Parameter)	Value	Type	Time [s]
Cromosomes	25	Colab Time	248
Wells	50	Proposal Equation	260
Times	50	Percentual Error [%]	5%
Generations	50		

Simulation 14			
Number of (Parameter)	Value	Type	Time [s]

Cromosomes	50	Colab Time	288
Wells	35	Proposal Equation	341
Times	200	Percentual Error [%]	19%
Generations	20		

Simulation 15			
Number of (Parameter)	Value	Type	Time [s]
Cromosomes	60	Colab Time	135
Wells	20	Proposal Equation	142
Times	200	Percentual Error [%]	6%
Generations	30		

Simulation 16			
Number of (Parameter)	Value	Type	Time [s]
Cromosomes	100	Colab Time	229
Wells	20	Proposal Equation	251
Times	200	Percentual Error [%]	10%
Generations	30		

Simulation 17			
Number of (Parameter)	Value	Type	Time [s]
Cromosomes	30	Colab Time	1193
Wells	40	Proposal Equation	1193
Times	200	Percentual Error [%]	0%
Generations	100		

Simulation 18 (Target Simulation 5)			
Number of (Parameter)	Value	Type	Time [s]
Cromosomes	30	Colab Time	2379
Wells	40	Proposal Equation	2327
Times	200	Percentual Error [%]	2%

Generations	200	
--------------------	-----	--

Simulation 19 (Target Simulation 6)			
Number of (Parameter)	Value	Type	Time [s]
Cromosomes	30	Colab Time	18965
Wells	90	Proposal Equation	20069
Times	200	Percentual Error [%]	6%
Generations	200		

Simulation 20			
Number of (Parameter)	Value	Type	Time [s]
Cromosomes	25	Colab Time	2680
Wells	50	Proposal Equation	2648
Times	200	Percentual Error [%]	1%
Generations	150		

Simulation 21 (Target Simulation 7)			
Number of (Parameter)	Value	Type	Time [s]
Cromosomes	30	Colab Time	212
Wells	15	Proposal Equation	203
Times	200	Percentual Error [%]	4%
Generations	200		

Anexo D.

Caso en Estudio, Salar de Atacama

Anexo D.1

Negrillar

Anexo D.1.1

First Process

Rating Number Gens First Process										
OWT/Index Rating	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
NEP-1	NEP-5	NEP-3	NEX-1	NEX-4	NEP-10	NEP-11	NEP-8	NEP-9	NEP-2	NEP-7
NEP-2	NEP-8	NEX-1	NEP-10	NEX-4	NEP-11	NEP-9	NEP-3	NEP-1	NEP-7	NEP-5
NEP-3	NEP-5	NEP-11	NEX-1	NEP-8	NEX-4	NEP-10	NEP-9	NEP-2	NEP-7	NEP-1
NEP-5	NEP-3	NEX-1	NEP-11	NEP-1	NEX-4	NEP-9	NEP-2	NEP-8	NEP-10	NEP-7
NEP-7	NEP-9	NEP-8	NEP-10	NEP-2	NEP-3	NEP-11	NEX-1	NEX-4	NEP-5	NEP-1
NEP-8	NEP-9	NEP-7	NEP-10	NEP-1	NEP-2	NEP-3	NEX-1	NEP-5	NEP-11	NEX-4
NEP-9	NEP-7	NEP-8	NEP-10	NEP-2	NEX-4	NEP-11	NEP-3	NEP-1	NEP-5	NEX-1
NEP-10	NEP-8	NEP-7	NEP-2	NEP-9	NEX-4	NEP-1	NEP-5	NEP-3	NEP-11	NEX-1
NEP-11	NEP-1	NEP-5	NEP-2	NEP-3	NEP-7	NEX-4	NEP-10	NEX-1	NEP-9	NEP-8
NEX-1	NEX-4	NEP-5	NEP-2	NEP-1	NEP-9	NEP-3	NEP-10	NEP-11	NEP-8	NEP-7
NEX-4	NEX-1	NEP-1	NEP-5	NEP-2	NEP-9	NEP-10	NEP-11	NEP-7	NEP-8	NEP-3

Anexo D.1.2

MGA Process

Selection Matrix											
OWT/OWS	NEP-1	NEP-2	NEP-3	NEP-5	NEP-7	NEP-8	NEP-9	NEP-10	NEP-11	NEX-1	NEX-4
NEP-1	0	0	1	1	0	0	0	1	1	1	1
NEP-2	0	0	0	0	0	1	0	1	1	1	0
NEP-3	0	0	0	1	1	1	0	0	1	1	1
NEP-5	0	0	1	0	0	0	1	0	1	1	0
NEP-7	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0	0
NEP-8	0	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0
NEP-9	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0
NEP-10	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0
NEP-11	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0
NEX-1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1
NEX-4	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0

Anexo D.1.3

PC Process

Frequency Matrix											
Parameter/OWT	NEP-1	NEP-2	NEP-3	NEP-5	NEP-7	NEP-8	NEP-9	NEP-10	NEP-11	NEX-1	NEX-4
Frequency	3	1	3	6	4	5	3	3	4	5	3

Fitness Matrix											
Combined Inputs (CIn)/ Sorted Wells by FM	NEP-5	NEX-1	NEP-8	NEP-7	NEP-11	NEP-9	NEX-4	NEP-10	NEP-1	NEP-3	NEP-2
2	0.28	0.27	0.4	0.89	1.81	0.57	2.07	0.35	0.88	0.41	0
3	0.16	0.22	0.36	0.92	1.75	1.46	1.94	0.35	0.82	0.4	0.15
4	0.16	0.39	0.28	0.79	1.76	1.48	1.95	0.4	0.87	0.51	0.17
5	0.11	0.39	0.14	0.9	1.96	1.2	1.98	0.48	0.9	0.42	0.16
6	0.13	0.45	0.16	0.89	1.93	1.23	1.99	0.53	0.87	0.17	0.17
7	0.17	0.31	0.22	0.89	1.93	1.04	1.93	0.44	0.82	0.18	0.22
8	0.1	0.23	0.17	0.61	1.92	1.07	1.9	0.51	0.88	0.17	0.13
9	0.1	0.3	0.19	0.41	1.92	1.02	1.95	0.54	0.81	0.18	0.16
10	0.11	0.26	0.17	0.4	1.94	1.1	1.94	0.52	0.81	0.16	0.14

Anexo D.1.4

CLWS Process

Best Chromosomes LWS Values Summary												
OWT/OWS	NEP-1	NEP-2	NEP-3	NEP-5	NEP-7	NEP-8	NEP-9	NEP-10	NEP-11	NEX-1	NEX-4	Constant Addition
NEP-1	0	0	0	0.439	0.029	0.364	0	0	0	0.168	0	0.003
NEP-2	0	0	0	0.08	0.255	0.333	0	0	0	0.333	0	0.007
NEP-3	0	0	0	0.509	0.101	0.229	0	0	0	0.16	0	0.01
NEP-5	0	0	0	0	0.002	0.001	0	0	0.133	0.864	0	-30.21
NEP-7	0	0	0	0.02	0	0.959	0	0	0.018	0.002	0	9.434
NEP-8	0	0	0	0.095	0.856	0	0	0	0.03	0.018	0	0.1
NEP-9	0	0	0	0.005	0.899	0.091	0	0	0	0.005	0	0.177
NEP-10	0	0	0	0.026	0.199	0.544	0	0	0	0.231	0	0.011
NEP-11	0	0	0	0.341	0.142	0.274	0	0	0	0.243	0	0.027
NEX-1	0	0	0	0.436	0.236	0.15	0	0	0.178	0	0	-0.003
NEX-4	0	0	0	0.219	0.055	0.164	0	0	0	0.562	0	0.025

Best Chromosomes CLWS Values Summary												
OWT/OWS	NEP-1	NEP-2	NEP-3	NEP-5	NEP-7	NEP-8	NEP-9	NEP-10	NEP-11	NEX-1	NEX-4	Constant Addition
NEP-1	0	0	0	0.37	0	0.326	0	0	0	0.304	0	0.004
NEP-2	0	0	0	0	0.105	0.439	0	0	0	0.456	0	0.004
NEP-3	0	0	0	0.422	0	0.265	0	0	0	0.313	0	0.008
NEP-5	0	0	0	0	0.007	0	0	0	0.152	0.842	0	-30.403
NEP-7	0	0	0	0	0	0.994	0	0	0.001	0.006	0	7.921
NEP-8	0	0	0	0	0.77	0	0	0	0.142	0.089	0	0.071
NEP-9	0	0	0	0	0.848	0.152	0	0	0	0	0	0.149
NEP-10	0	0	0	0	0.009	0.991	0	0	0	0	0	-6.412
NEP-11	0	0	0	0.325	0.057	0.366	0	0	0	0.251	0	0.024
NEX-1	0	0	0	0.434	0.249	0.132	0	0	0.185	0	0	-0.001
NEX-4	0	0	0	0.017	0	0	0	0	0	0.983	0	0.516

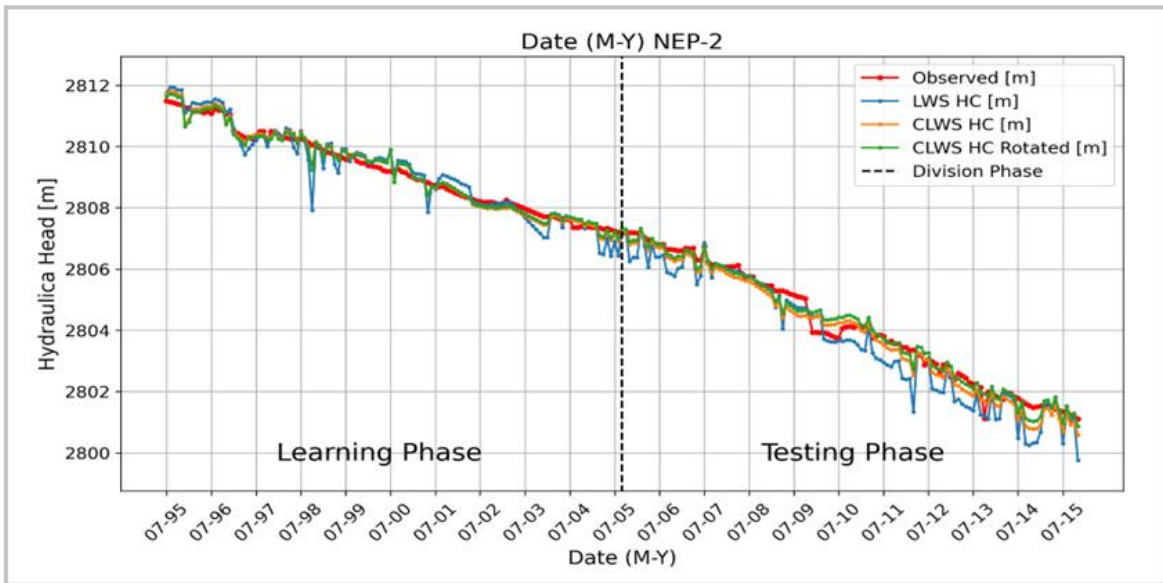
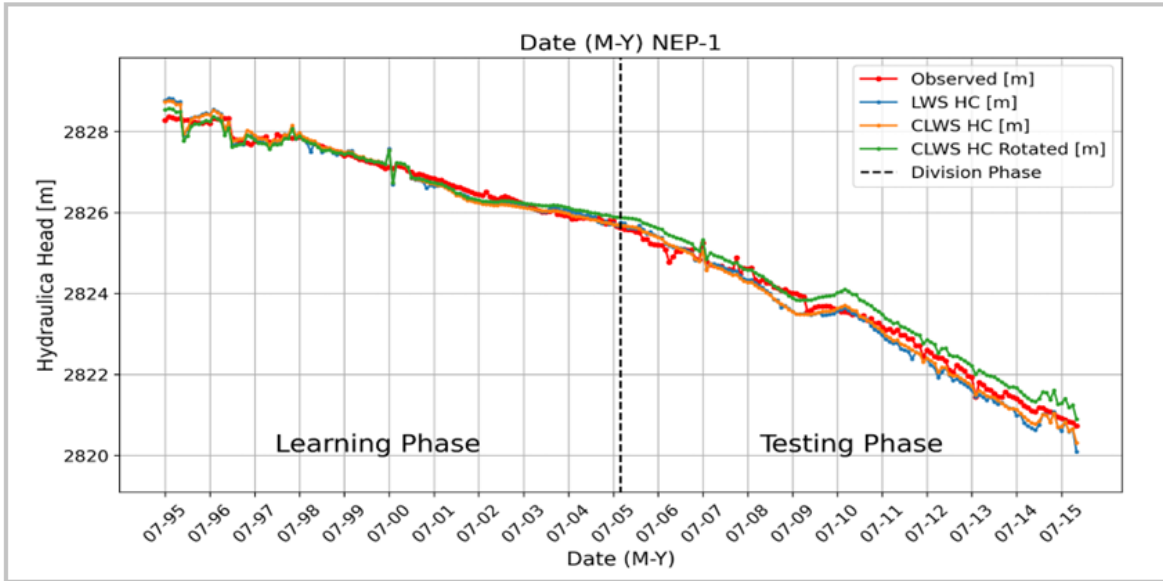
Anexo D.1.5

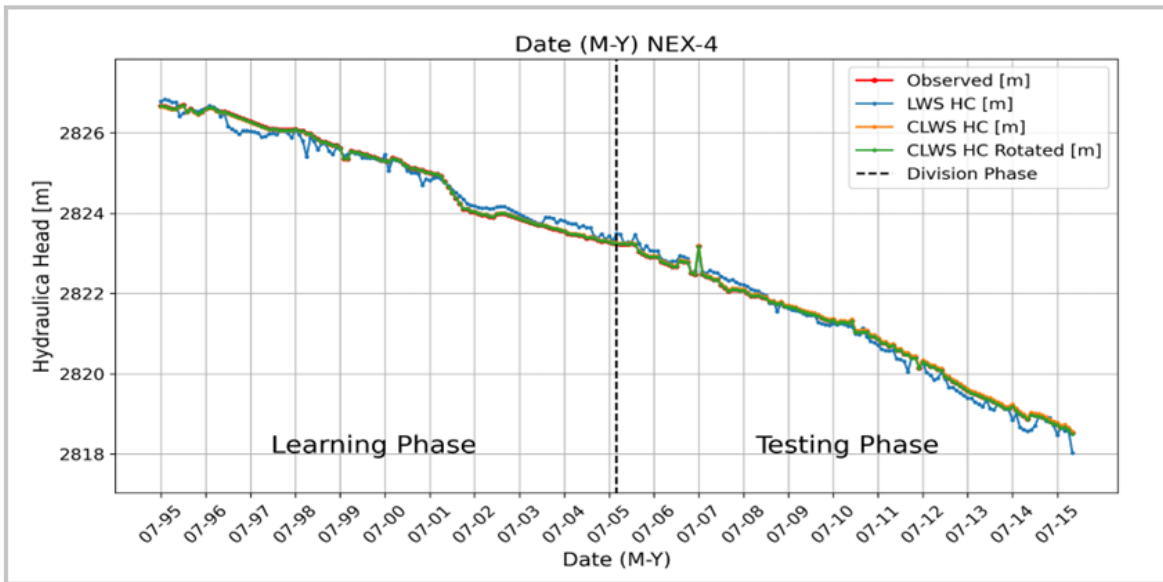
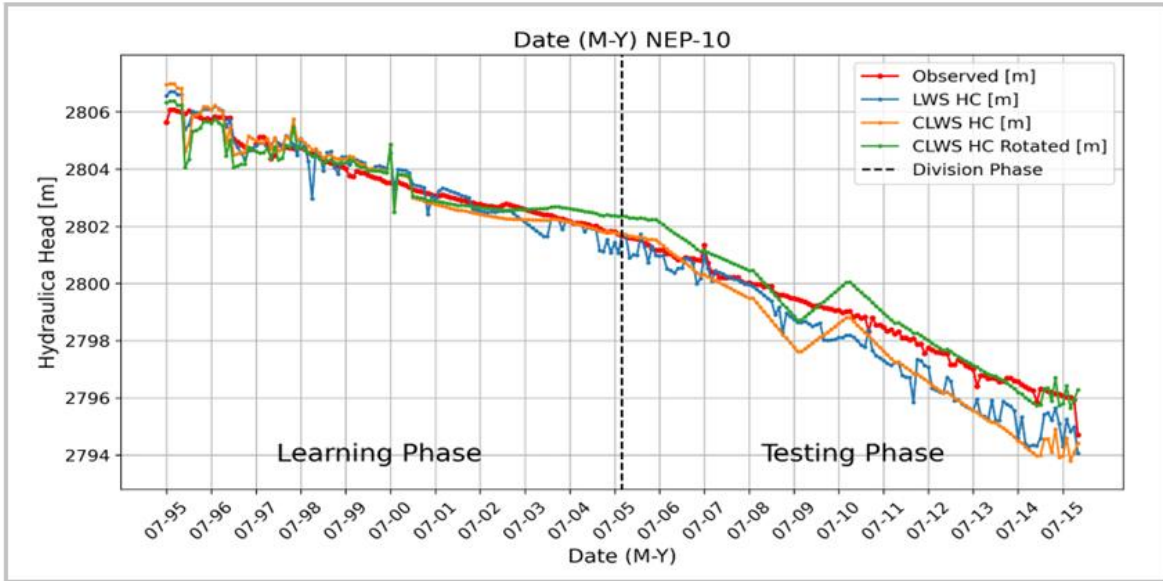
Rotation Process

Well's Name	Rotation Factor
NEP-1	0.0032
NEP-2	0.0015
NEP-3	0.0053
NEP-9	-0.0178
NEP-10	0.0102
NEP-11	0.0142
NEX-4	-0.0004

Anexo D.1.6

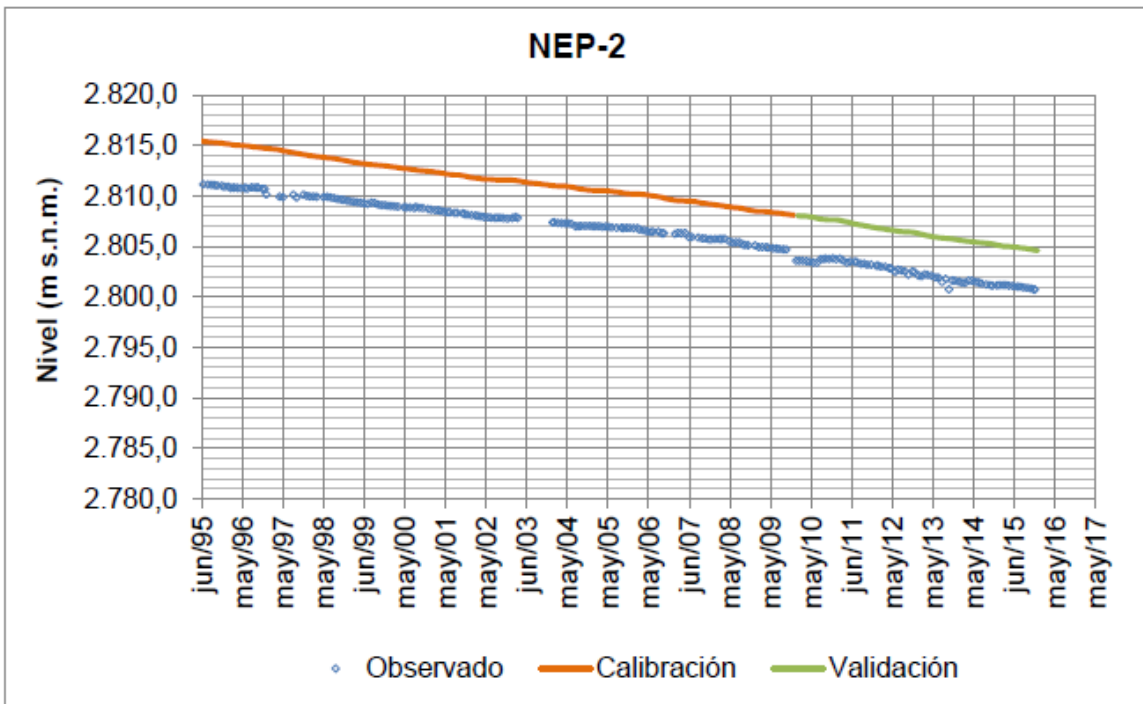
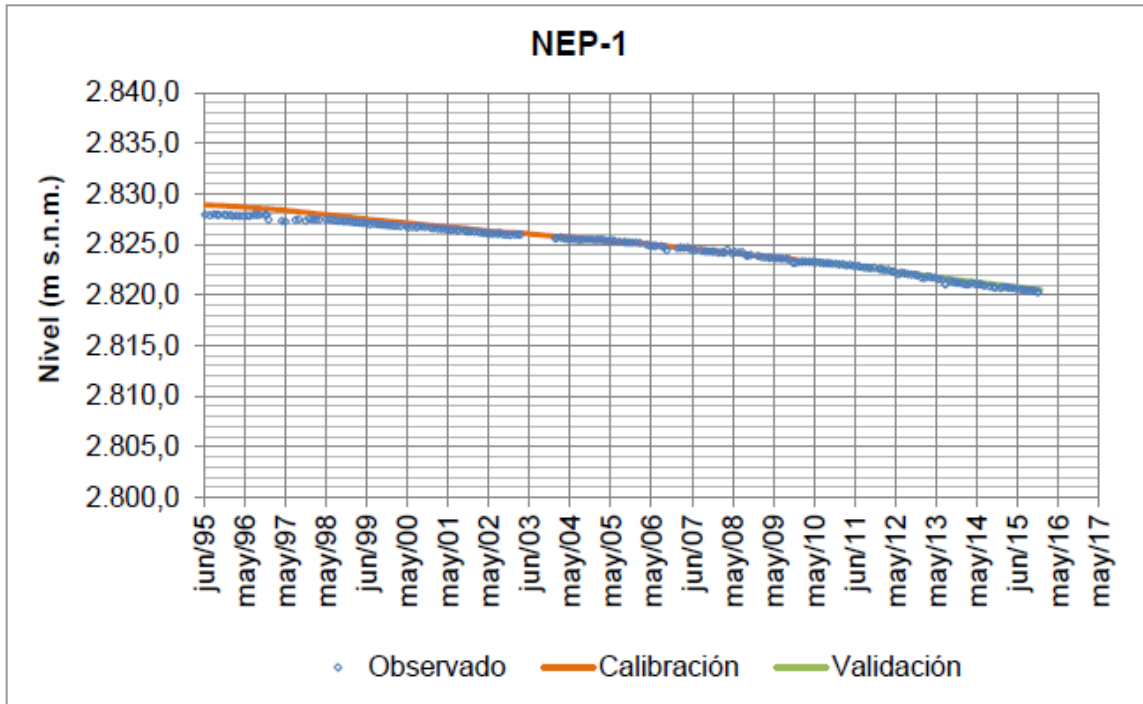
Gráficos Modelo Propuesto

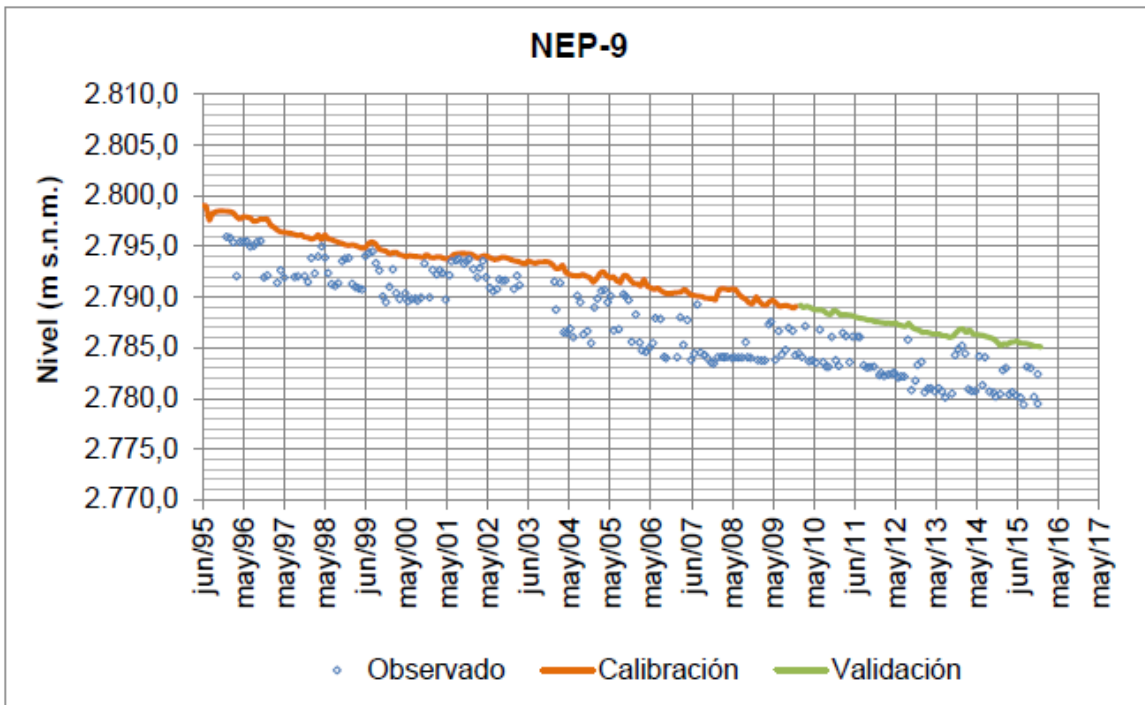
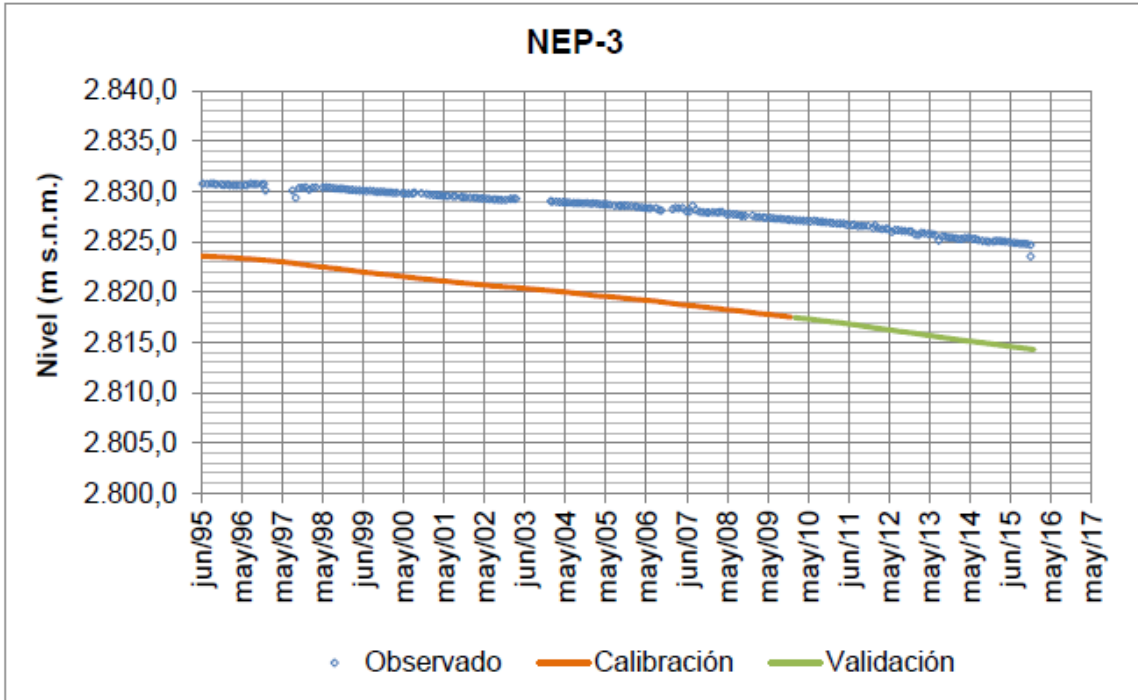


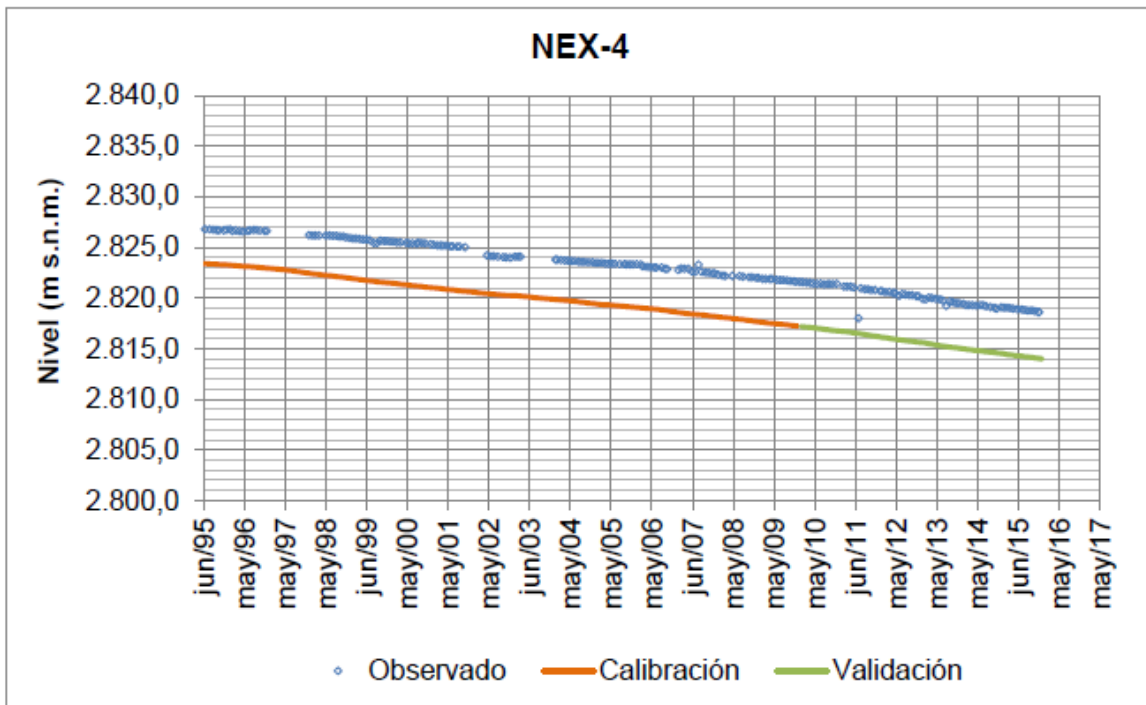
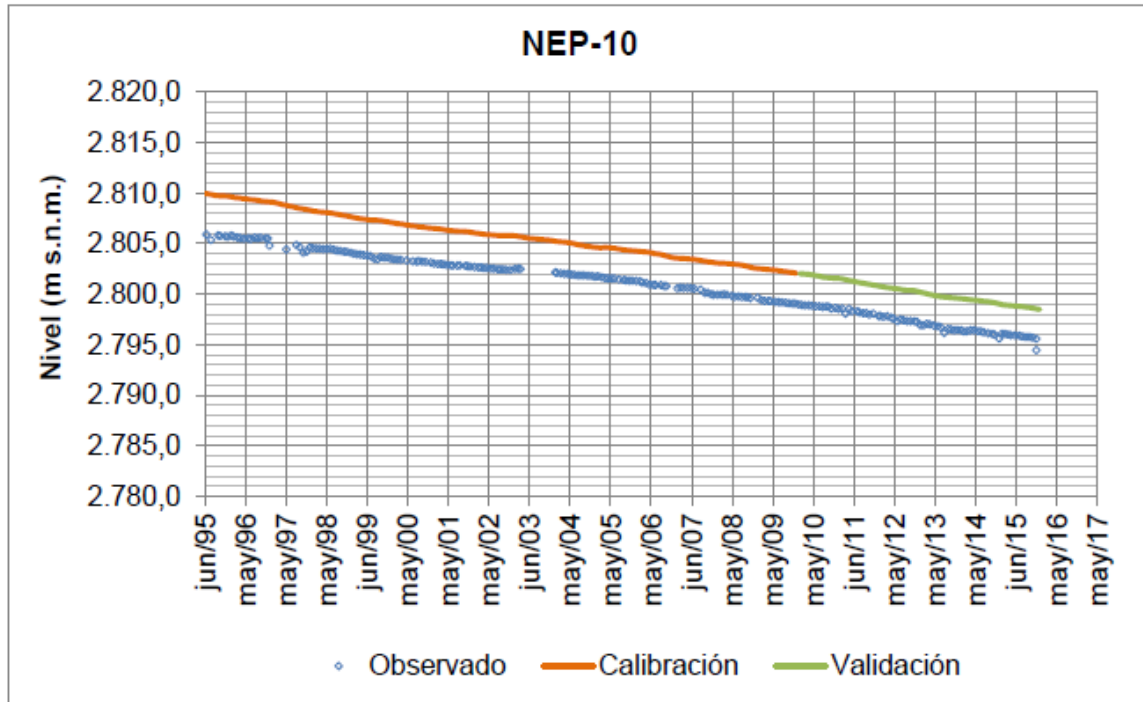


Anexo D.1.7

Gráficos Golder Associates (2017)







Anexo D.2

Tilopozo

Anexo D.2.1

First Process

Rating Number Gens First Process																
OWT/In dex Rating	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16
TPZ-2	TPZ-2C	TPZ-2B	TPZ-2A	TPZ-3	PC-1200	TPZ-4	TPZ-8	TPZ-7B	TPZ-9B	TPZ-10	TPA-5A	TPZ-9C	TPZ-9A	TPZ-5B	TPZ-6	TPZ-12
PC-1200	TPZ-2B	TPZ-2C	TP-2	TPZ-2A	TPZ-3	TPZ-4	TPZ-12	TPZ-9C	TPZ-8	TPZ-5B	TPZ-6	TPZ-10	TPZ-9A	TPA-5A	TPZ-9B	TPZ-7B
TPZ-3	TPZ-2A	TPZ-2B	TPZ-2C	TP-2	PC-1200	TPZ-4	TPZ-5B	TPZ-8	TPZ-7B	TPZ-10	TPZ-9A	TPZ-9C	TPZ-9B	TPZ-6	TPZ-12	TPA-5A
TPZ-2A	TPZ-2C	TP-2	TPZ-2B	PC-1200	TPZ-3	TPZ-8	TPZ-12	TPZ-10	TPZ-5B	TPZ-9C	TPA-5A	TPZ-9A	TPZ-4	TPZ-9B	TPZ-6	TPZ-7B
TPZ-2C	TPZ-2A	TP-2	TPZ-3	TPZ-2B	PC-1200	TPZ-4	TPZ-8	TPZ-7B	TPZ-9B	TPZ-9A	TPZ-10	TPZ-6	TPA-5A	TPZ-9C	TPZ-12	TPZ-5B
TPZ-2B	TPZ-2A	PC-1200	TPZ-2C	TP-2	TPZ-3	TPZ-4	TPZ-8	TPZ-12	TPZ-10	TPZ-9C	TPZ-6	TPA-5A	TPZ-9B	TPZ-9A	TPZ-5B	TPZ-7B
TPZ-4	TPZ-2A	TPZ-2C	TPZ-2B	TPZ-3	TPZ-8	TPZ-7B	TP-2	TPA-5A	TPZ-12	PC-1200	TPZ-9B	TPZ-6	TPZ-9A	TPZ-9C	TPZ-5B	TPZ-10
TPA-5A	TPZ-5B	TPZ-7B	TPZ-6	TPZ-10	TPZ-9A	TPZ-9C	TPZ-2A	TPZ-9B	TPZ-2B	TPZ-2C	PC-1200	TPZ-12	TPZ-3	TPZ-8	TPZ-4	TP-2
TPZ-5B	TPZ-7B	TPZ-9A	TPZ-10	TPA-5A	TPZ-12	TPZ-6	TP-2	TPZ-9B	TPZ-9C	TPZ-2B	TPZ-2A	TPZ-2C	TPZ-3	TPZ-8	TPZ-4	PC-1200
TPZ-6	TPZ-9C	TPZ-10	TPZ-9A	TPZ-9B	TPZ-7B	TPZ-5B	TPA-5A	TPZ-4	TPZ-12	TPZ-2C	TPZ-3	TPZ-8	TPZ-2A	TPZ-2B	TP-2	PC-1200
TPZ-7B	TPZ-9A	TPZ-9B	TPZ-9C	TPZ-10	TPZ-6	TPA-5A	TPZ-4	TPZ-3	TP-2	TPZ-8	TPZ-2B	TPZ-12	TPZ-2A	TPZ-5B	TPZ-2C	PC-1200
TPZ-8	TPZ-9C	PC-1200	TPZ-2C	TPZ-3	TPZ-12	TPZ-5B	TP-2	TPZ-2A	TPZ-7B	TPZ-6	TPZ-10	TPZ-2B	TPZ-4	TPZ-9B	TPA-5A	TPZ-9A
TPZ-9A	TPZ-9C	TPZ-10	TPZ-9B	TPZ-6	TPZ-7B	TPZ-12	TPZ-4	TPZ-5B	TPA-5A	TP-2	TPZ-2C	TPZ-3	TPZ-8	TPZ-2B	PC-1200	TPZ-2A
TPZ-9B	TPZ-9A	TPZ-9C	TPZ-10	TPZ-6	TPZ-7B	TPA-5A	TPZ-8	TPZ-4	PC-1200	TPZ-3	TP-2	TPZ-5B	TPZ-2C	TPZ-2A	TPZ-12	TPZ-2B
TPZ-9C	TPZ-9B	TPZ-10	TPZ-9A	TPZ-6	TPZ-7B	TPZ-5B	TPA-5A	TPZ-4	PC-1200	TP-2	TPZ-2A	TPZ-8	TPZ-2B	TPZ-12	TPZ-2C	TPZ-3
TPZ-10	TPZ-9C	TPZ-9A	TPZ-9B	TPZ-6	TPZ-7B	TPZ-5B	TPZ-3	PC-1200	TPZ-2B	TPZ-2A	TP-2	TPZ-12	TPZ-8	TPZ-2C	TPZ-4	TPA-5A
TPZ-12	TPZ-9C	TPZ-9B	TPA-5A	TPZ-8	PC-1200	TPZ-2A	TPZ-7B	TPZ-2C	TPZ-10	TPZ-2B	TPZ-4	TPZ-5B	TPZ-3	TP-2	TPZ-6	TPZ-9A

Anexo D.2.2

MGA Process

Selection Matrix																	
OWT/O WS	TP -2	PC- 1200	TPZ -3	TPZ -2A	TPZ -2C	TPZ -2B	TPZ -4	TPA -5A	TPZ -5B	TPZ -6	TPZ -7B	TPZ -8	TPZ -9A	TPZ -9B	TPZ -9C	TPZ -10	TPZ -12
TP-2	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PC-1200	1	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
TPZ-3	0	0	0	1	1	1	1	0	1	0	0	1	0	0	0	1	0
TPZ-2A	1	1	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
TPZ-2C	1	0	1	1	0	1	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0
TPZ-2B	0	1	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
TPZ-4	0	0	1	1	1	1	0	0	0	1	0	0	0	1	1	0	0
TPA-5A	0	1	0	1	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	0	0
TPZ-5B	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	1	1
TPZ-6	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	1	1	1	1
TPZ-7B	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	1	1	0	0
TPZ-8	1	1	1	0	1	0	1	0	0	0	1	0	0	0	1	0	1
TPZ-9A	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1	1	0
TPZ-9B	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	1	0	1
TPZ-9C	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0
TPZ-10	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	1
TPZ-12	1	1	1	1	0	0	0	1	1	1	0	1	0	1	1	0	0

Anexo D.2.3

PC Process

Frequency Matrix																	
Parameter/O WT	TP -2	PC- 120 0	TP Z-3	TPZ -2A	TPZ -2C	TPZ -2B	TP Z-4	TPA -5A	TPZ -5B	TP Z-6	TPZ -7B	TP Z-8	TPZ -9A	TPZ -9B	TPZ -9C	TP Z- 10	TP Z- 12
Frequency	5	6	7	8	8	7	4	2	5	5	6	3	6	7	8	5	5

Fitness Matrix																	
Combined Inputs (CIn)/ Sorted Wells by FM	TPZ -2C	TPZ -2A	TPZ -9C	TPZ -9B	TPZ -2B	TP Z-3	PC- 1200	TPZ -7B	TPZ -9A	TPZ -5B	TPZ -12	T P- 2	TPZ -10	TP Z-6	TP Z-4	TP Z-8	TPA -5A
2	0.07	0.07	0.03	0.03	0.03	0.04	0.08	0.07	0.06	0.07	0.09	0.05	0.06	0.07	0.08	0.08	0.04
3	0.07	0.07	0.02	0.03	0.03	0.03	0.06	0.1	0.08	0.09	0.1	0.04	0.09	0.04	0.05	0.09	0.05
4	0.07	0.07	0.02	0.03	0.02	0.03	0.06	0.08	0.06	0.07	0.08	0.03	0.08	0.04	0.05	0.08	0.04
5	0.07	0.07	0.02	0.03	0.03	0.04	0.07	0.08	0.06	0.07	0.08	0.03	0.08	0.04	0.05	0.08	0.05
6	0.07	0.07	0.03	0.03	0.02	0.04	0.06	0.08	0.06	0.07	0.08	0.03	0.08	0.04	0.05	0.08	0.04
7	0.05	0.07	0.03	0.03	0.02	0.04	0.07	0.08	0.06	0.07	0.09	0.03	0.08	0.03	0.07	0.07	0.04
8	0.05	0.06	0.02	0.03	0.02	0.03	0.07	0.06	0.05	0.06	0.06	0.02	0.07	0.03	0.06	0.07	0.03
9	0.06	0.06	0.03	0.03	0.02	0.03	0.07	0.04	0.04	0.04	0.06	0.03	0.07	0.03	0.07	0.06	0.02
10	0.05	0.06	0.03	0.03	0.02	0.03	0.08	0.05	0.03	0.04	0.06	0.03	0.06	0.03	0.08	0.06	0.02
11	0.06	0.04	0.04	0.03	0.03	0.04	0.07	0.04	0.03	0.04	0.06	0.03	0.07	0.03	0.07	0.05	0.02
12	0.05	0.05	0.04	0.03	0.02	0.04	0.08	0.04	0.03	0.05	0.04	0.03	0.05	0.03	0.07	0.06	0.02
13	0.06	0.06	0.03	0.03	0.03	0.03	0.08	0.04	0.02	0.02	0.05	0.03	0.05	0.03	0.08	0.08	0.02
14	0.06	0.05	0.04	0.03	0.03	0.04	0.08	0.04	0.02	0.02	0.03	0.03	0.05	0.03	0.07	0.09	0.02
15	0.05	0.04	0.02	0.03	0.04	0.04	0.08	0.03	0.02	0.03	0.04	0.03	0.05	0.04	0.07	0.04	0.03
16	0.06	0.03	0.03	0.03	0.03	0.05	0.08	0.04	0.02	0.02	0.05	0.02	0.04	0.03	0.08	0.08	0.02

Anexo D.2.4

CLWS Process

Best Chromosomes LWS Values Summary																		
OWT/OWS	TP-2	PC-1200	TPZ-3	TPZ-2A	TPZ-2C	TPZ-2B	TPZ-4	TPA-5A	TPZ-5B	TPZ-6	TPZ-7B	TPZ-8	TPZ-9A	TPZ-9B	TPZ-9C	TPZ-10	TPZ-12	Constant Addition
TP-2	0	0	0	0.53	0.41	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00	0.05	0	0	0
PC-1200	0	0	0	0.24	0.65	0	0	0	0	0	0	0	0	0.03	0.08	0	0	0
TPZ-3	0	0	0	0.30	0.59	0	0	0	0	0	0	0	0	0.05	0.06	0	0	0
TPZ-2A	0	0	0	0	0.73	0.26	0	0	0	0	0	0	0	0.00	0.01	0	0	-0.01
TPZ-2C	0	0	0	0.52	0	0.45	0	0	0	0	0	0	0	0.00	0.02	0	0	-0.295
TPZ-2B	0	0	0	0.12	0.83	0	0	0	0	0	0	0	0	0.01	0.05	0	0	0
TPZ-4	0	0	0	0.19	0.56	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00	0.25	0	0	-0.001
TPA-5A	0	0	0	0.11	0.15	0	0	0	0	0	0	0	0	0.42	0.32	0	0	0.001
TPZ-5B	0	0	0	0.08	0.16	0	0	0	0	0	0	0	0	0.75	0.01	0	0	-0.002
TPZ-6	0	0	0	0.00	0.05	0	0	0	0	0	0	0	0	0.47	0.48	0	0	0.002
TPZ-7B	0	0	0	0.01	0.10	0	0	0	0	0	0	0	0	0.53	0.36	0	0	-0.001
TPZ-8	0	0	0	0.30	0.23	0	0	0	0	0	0	0	0	0.26	0.22	0	0	-0.001
TPZ-9A	0	0	0	0.00	0.03	0	0	0	0	0	0	0	0	0.49	0.48	0	0	-0.01
TPZ-9B	0	0	0	0.02	0.14	0.04	0	0	0	0	0	0	0	0	0.79	0	0	0.767
TPZ-9C	0	0	0	0.01	0.13	0.04	0	0	0	0	0	0	0	0.83	0	0	0	0.902
TPZ-10	0	0	0	0.00	0.01	0	0	0	0	0	0	0	0	0.39	0.60	0	0	0.153
TPZ-12	0	0	0	0.34	0.12	0	0	0	0	0	0	0	0	0.39	0.15	0	0	0

Best Chromosomes CLWS Values Summary																		
OWT/OWS	TP-2	PC-1200	TPZ-3	TPZ-2A	TPZ-2C	TPZ-2B	TPZ-4	TPA-5A	TPZ-5B	TPZ-6	TPZ-7B	TPZ-8	TPZ-9A	TPZ-9B	TPZ-9C	TPZ-10	TPZ-12	Constant Addition
TP-2	0	0	0	0.48	0.46	0	0	0	0	0	0	0	0	0.06	0	0	0	0
PC-1200	0	0	0	0.35	0.53	0	0	0	0	0	0	0	0	0.11	0	0	0	0
TPZ-3	0	0	0	0.34	0.56	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.11	0	0	0
TPZ-2A	0	0	0	0	0.77	0.21	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02	0	0	-0.02
TPZ-2C	0	0	0	0.56	0	0.41	0	0	0	0	0	0	0	0.01	0.02	0	0	-0.32
TPZ-2B	0	0	0	0.36	0.59	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.05	0	0	0
TPZ-4	0	0	0	0.28	0.47	0	0	0	0	0	0	0	0	0.04	0.21	0	0	0
TPA-5A	0	0	0	0.16	0.10	0	0	0	0	0	0	0	0	0.50	0.25	0	0	0
TPZ-5B	0	0	0	0.00	0.26	0	0	0	0	0	0	0	0	0.45	0.29	0	0	0
TPZ-6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.93	0.07	0	0	-0.17
TPZ-7B	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.84	0.16	0	0	-0.45
TPZ-8	0	0	0	0.07	0.45	0	0	0	0	0	0	0	0	0.37	0.11	0	0	0
TPZ-9A	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.998	0	0	0	-0.08
TPZ-9B	0	0	0	0.13	0.02	0.06	0	0	0	0	0	0	0	0	0.79	0	0	0.75
TPZ-9C	0	0	0	0.01	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.99	0	0	0	0.18

TPZ-10	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.22	0.78	0	0	0.06
TPZ-12	0	0	0	0.28	0.19	0	0	0	0	0	0	0	0	0.31	0.23	0	0	0

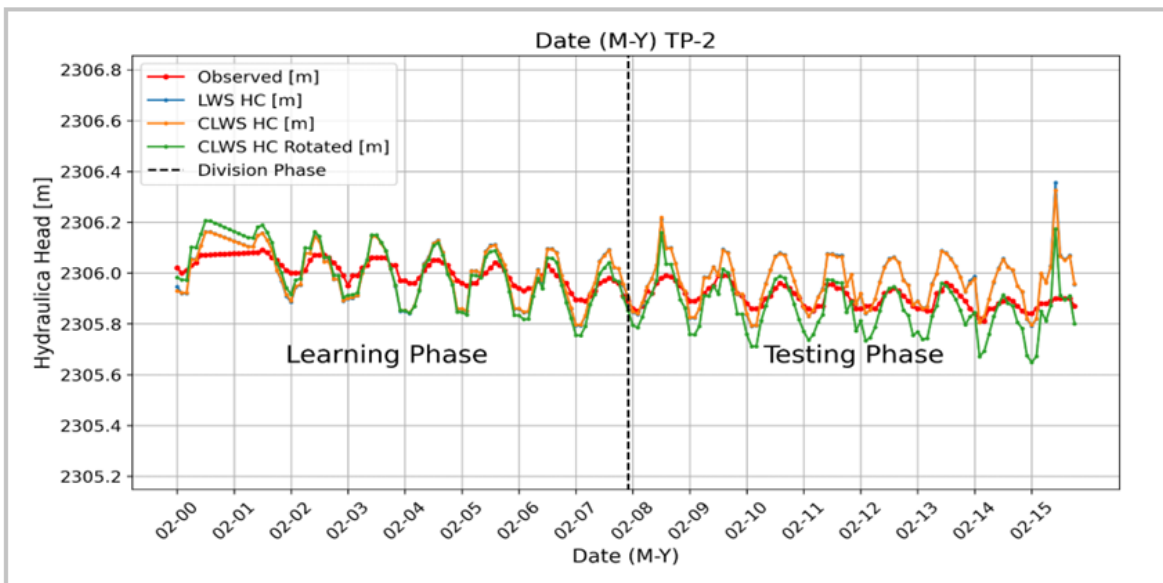
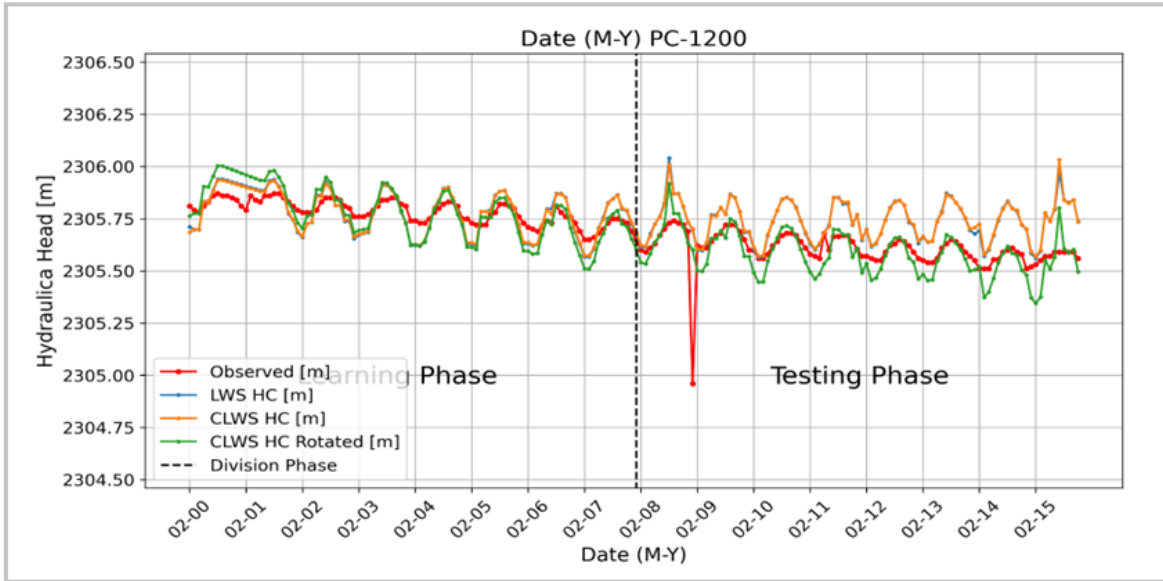
Anexo D.2.5

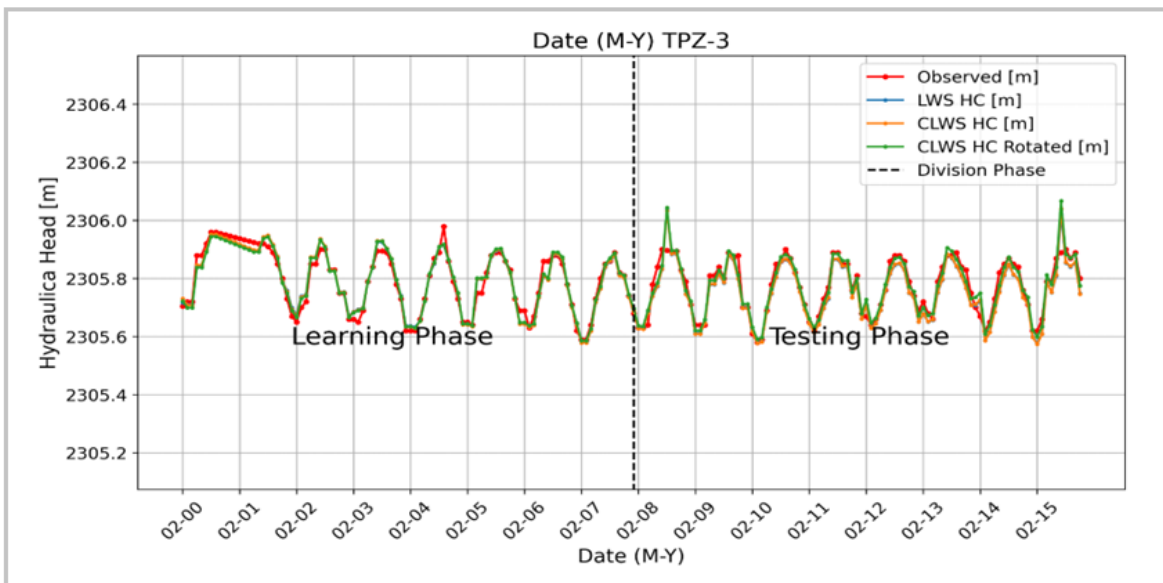
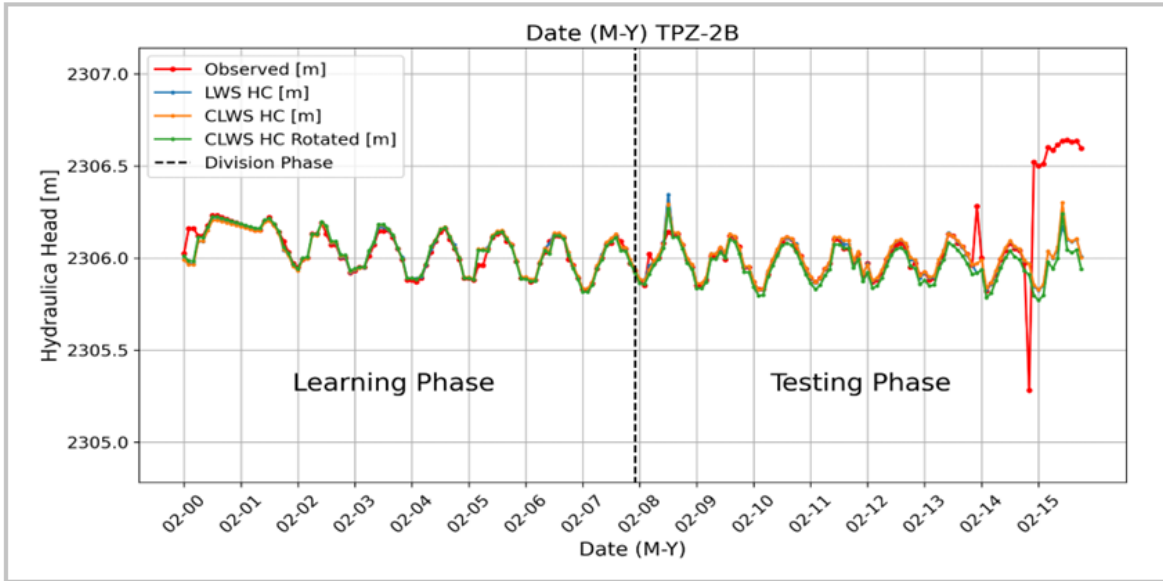
Rotation Process

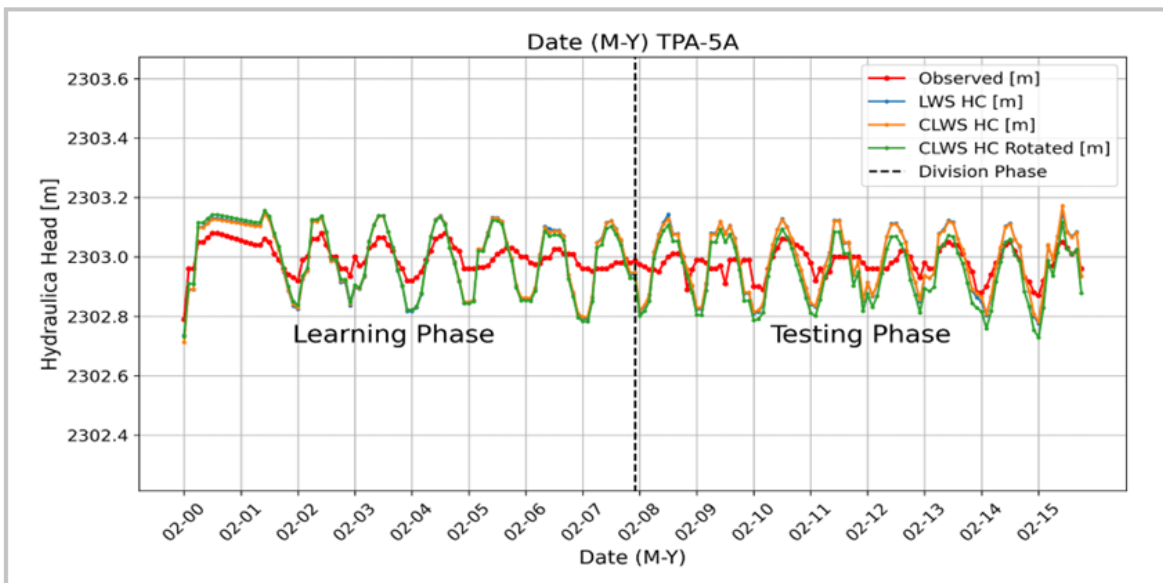
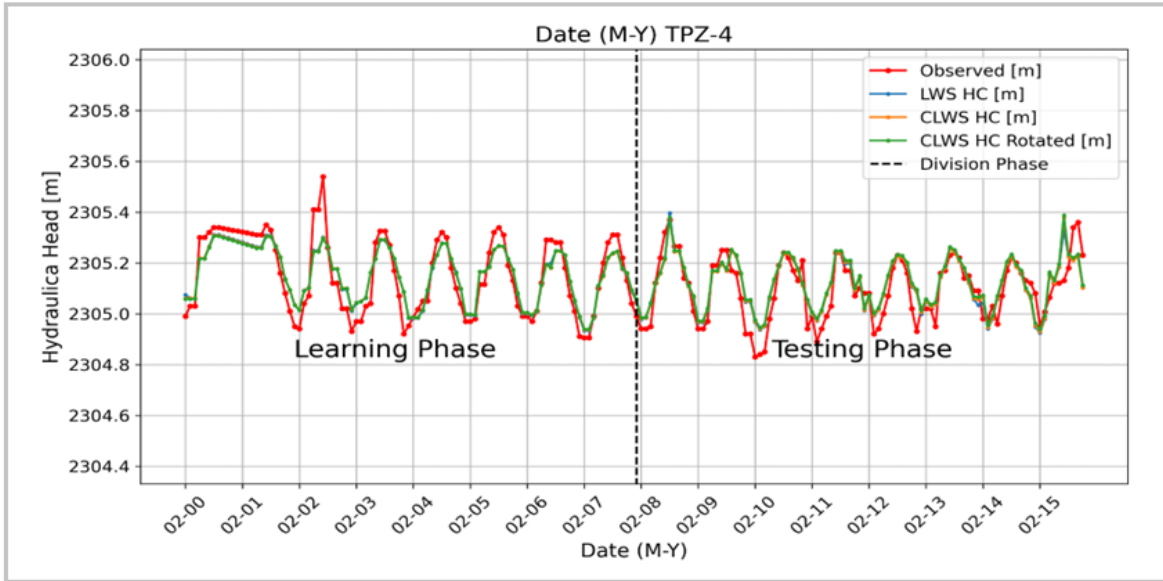
Rotation Factor Data per Well	
Well's Name	Rotation Factor
TP-2	-0.0011
PC-1200	-0.0017
TPZ-3	0.0002
TPZ-2B	-0.0004
TPZ-4	0.0001
TPA-5A	-0.0004
TPZ-5B	-0.0026
TPZ-6	-0.0048
TPZ-7B	-0.0043
TPZ-8	-0.0017
TPZ-9A	-0.0043
TPZ-10	-0.002
TPZ-12	-0.0013

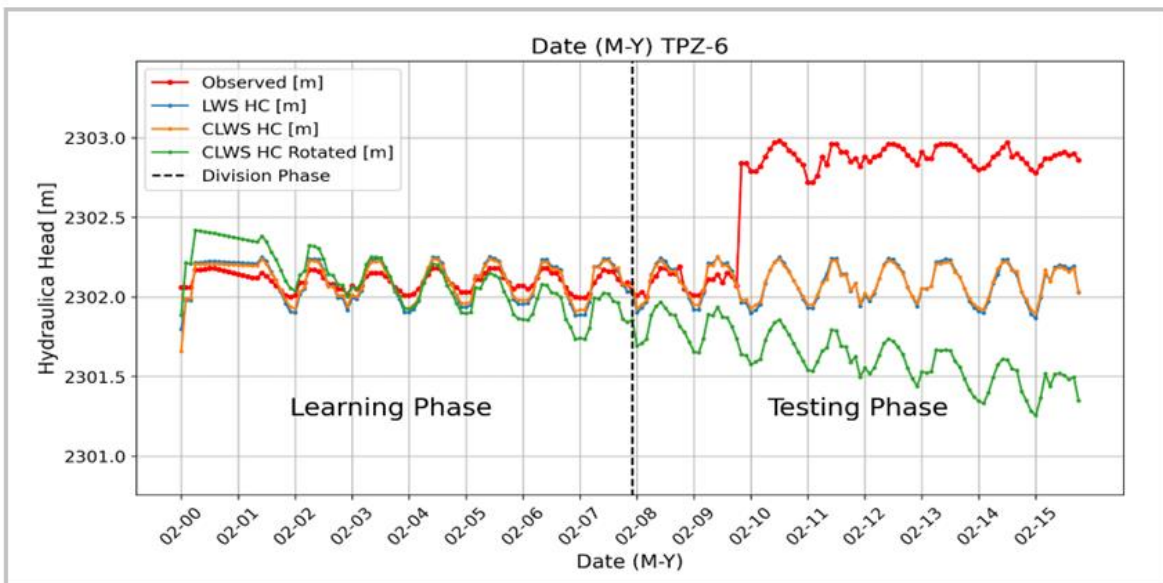
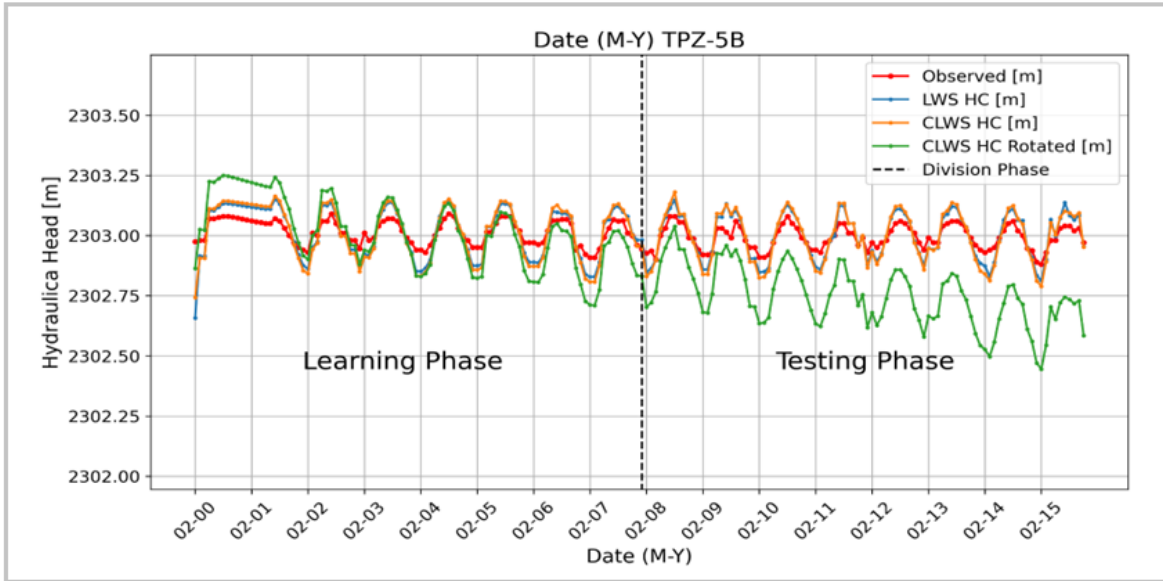
Anexo D.2.6

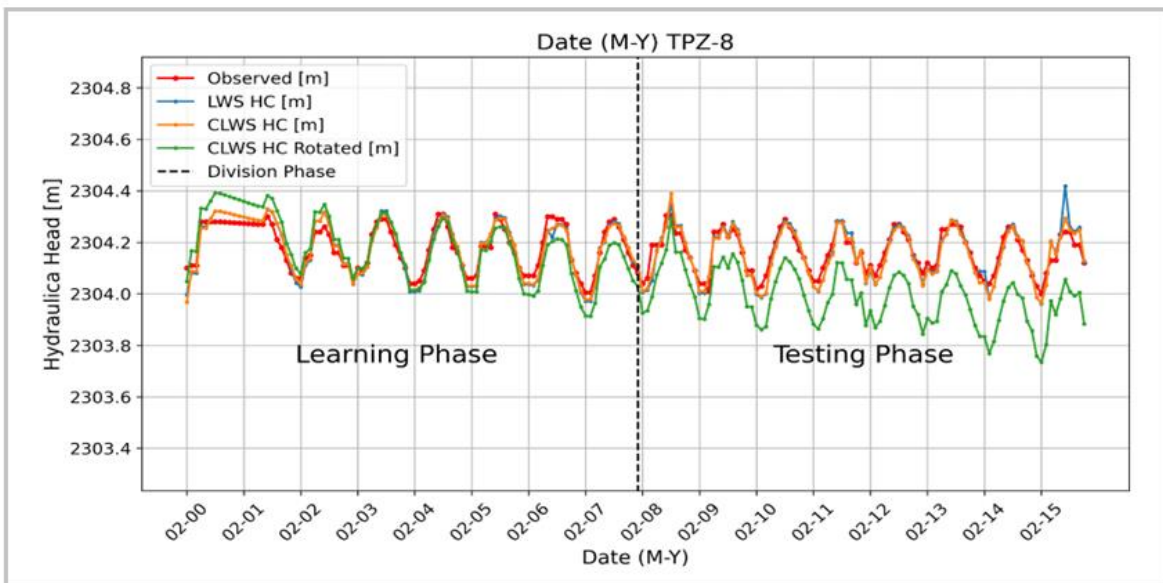
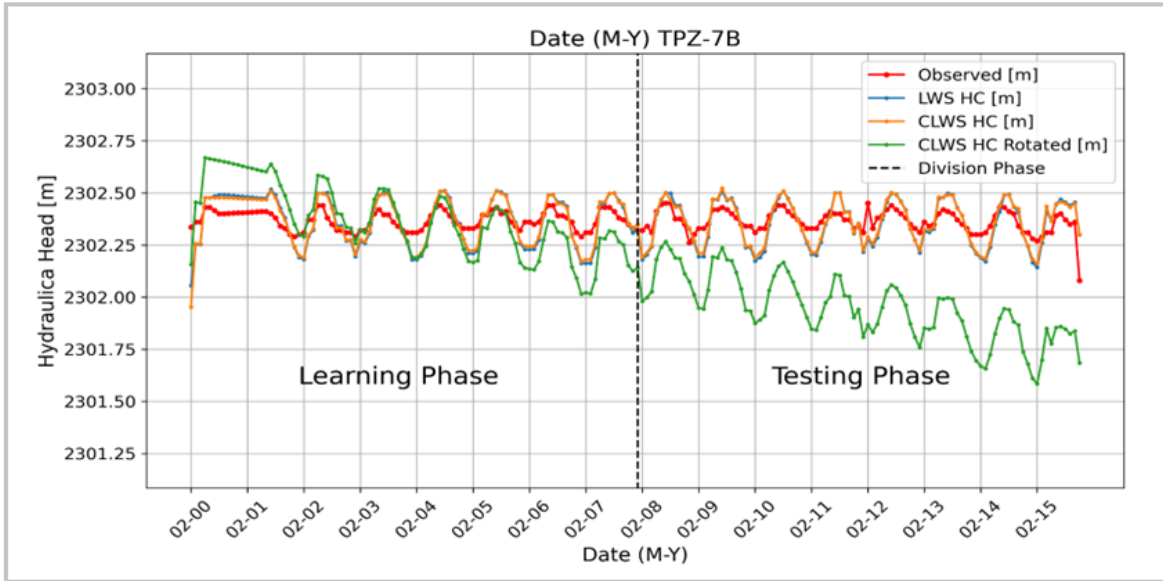
Gráficos Modelo Propuesto

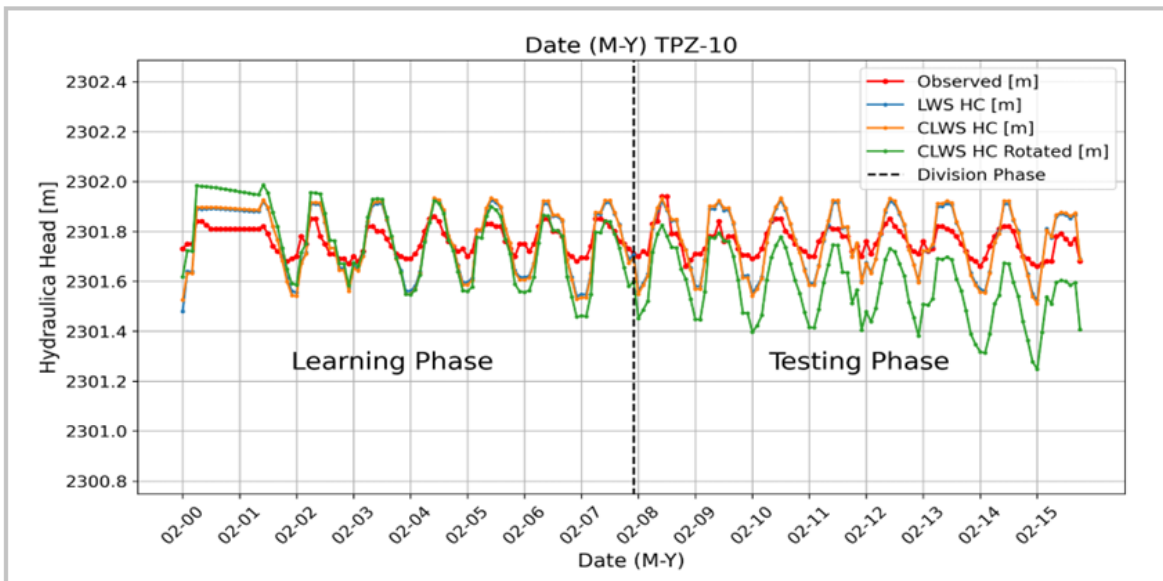
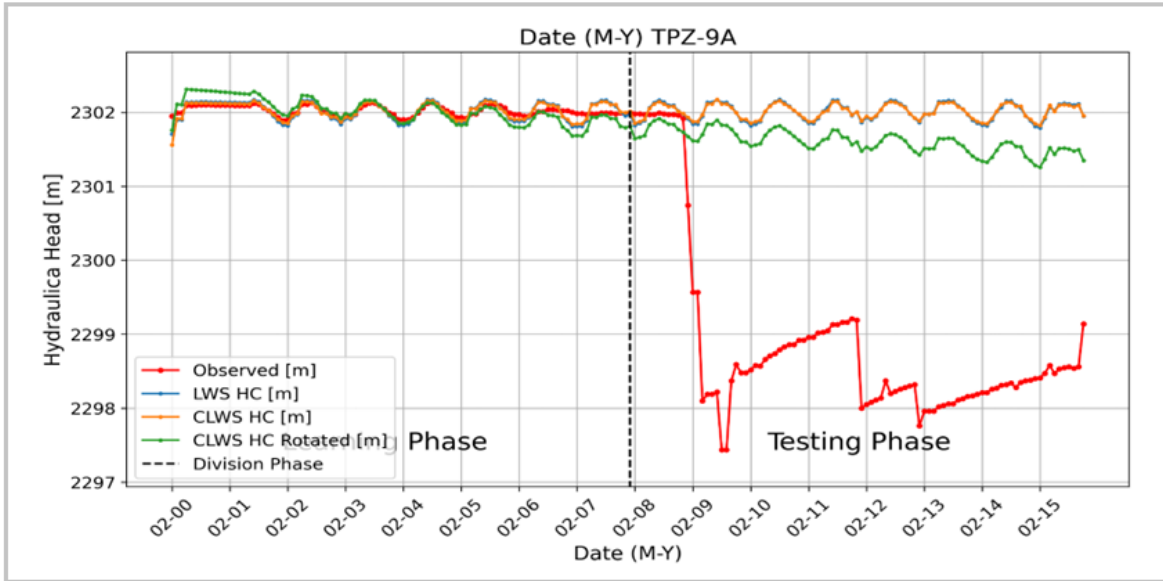


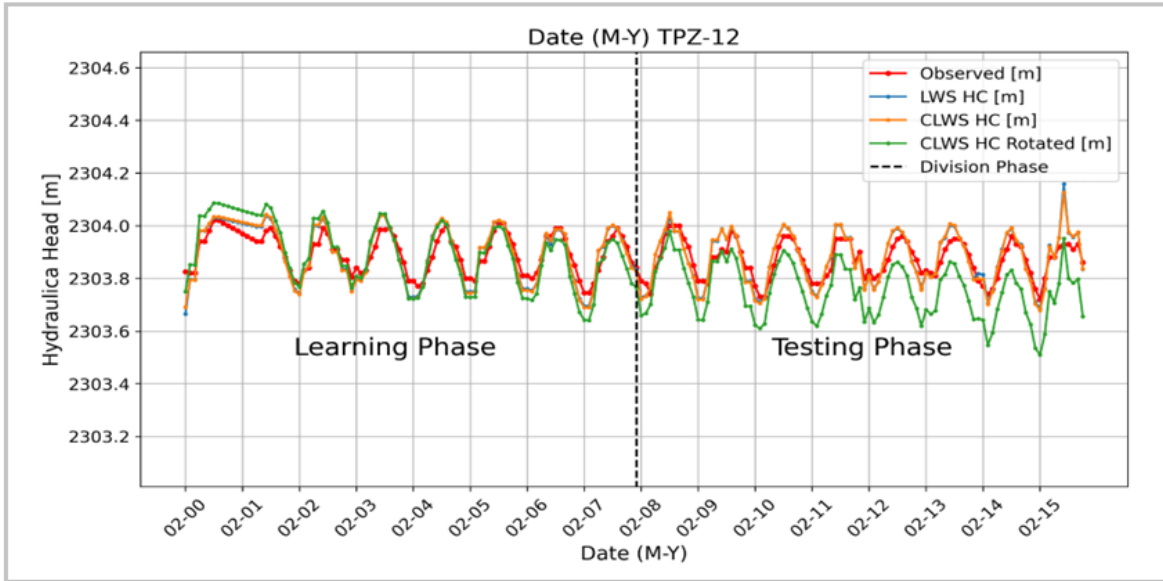






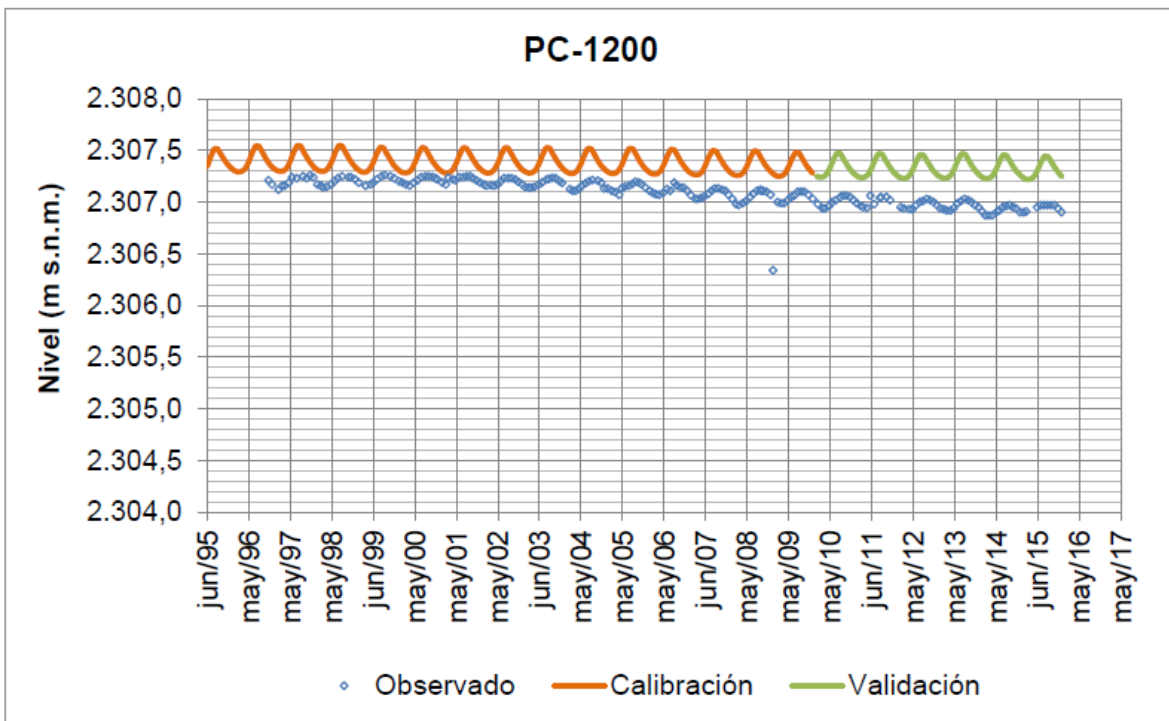
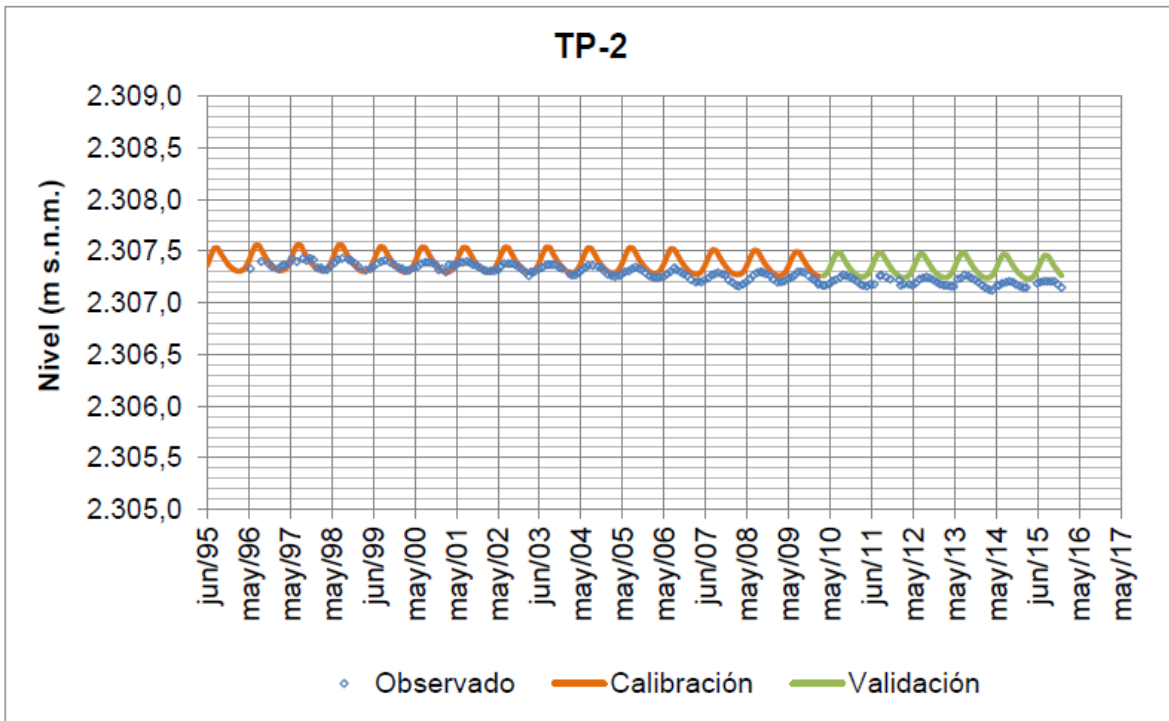


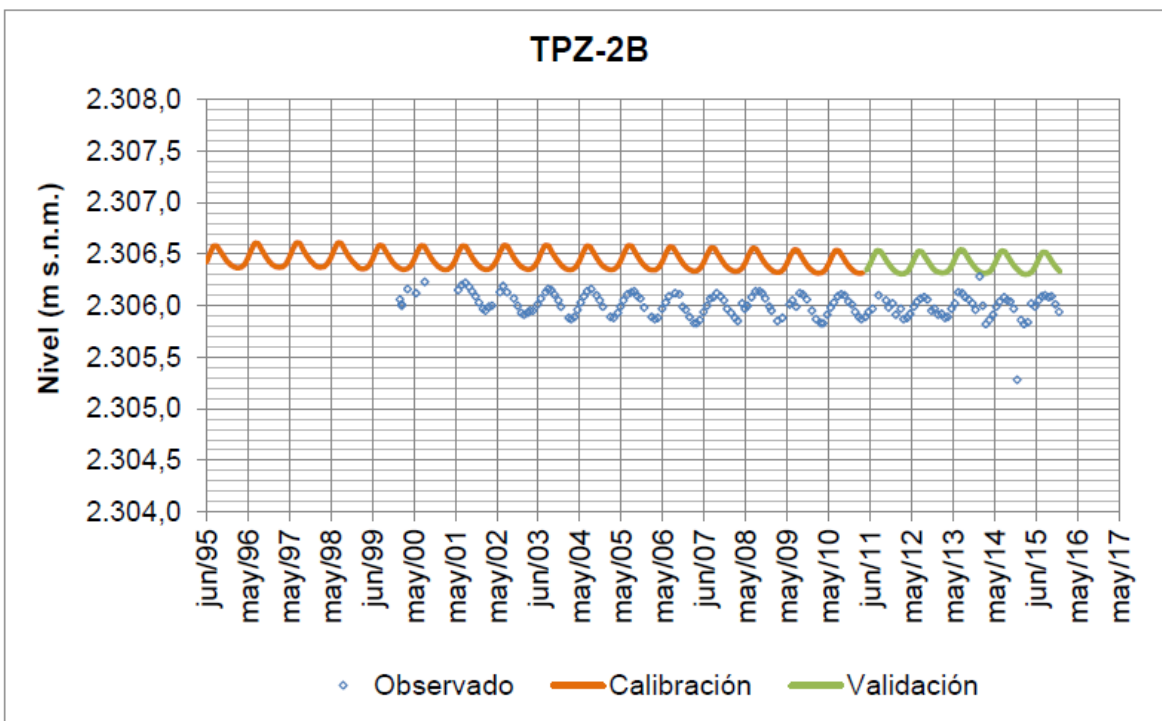
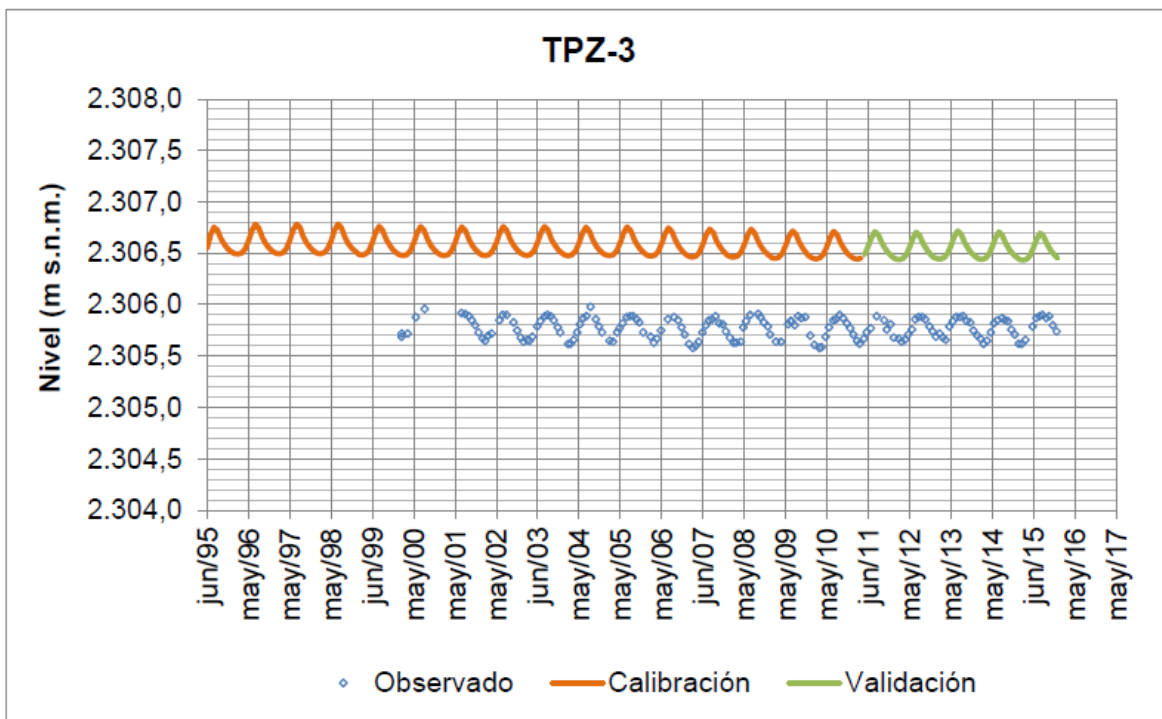


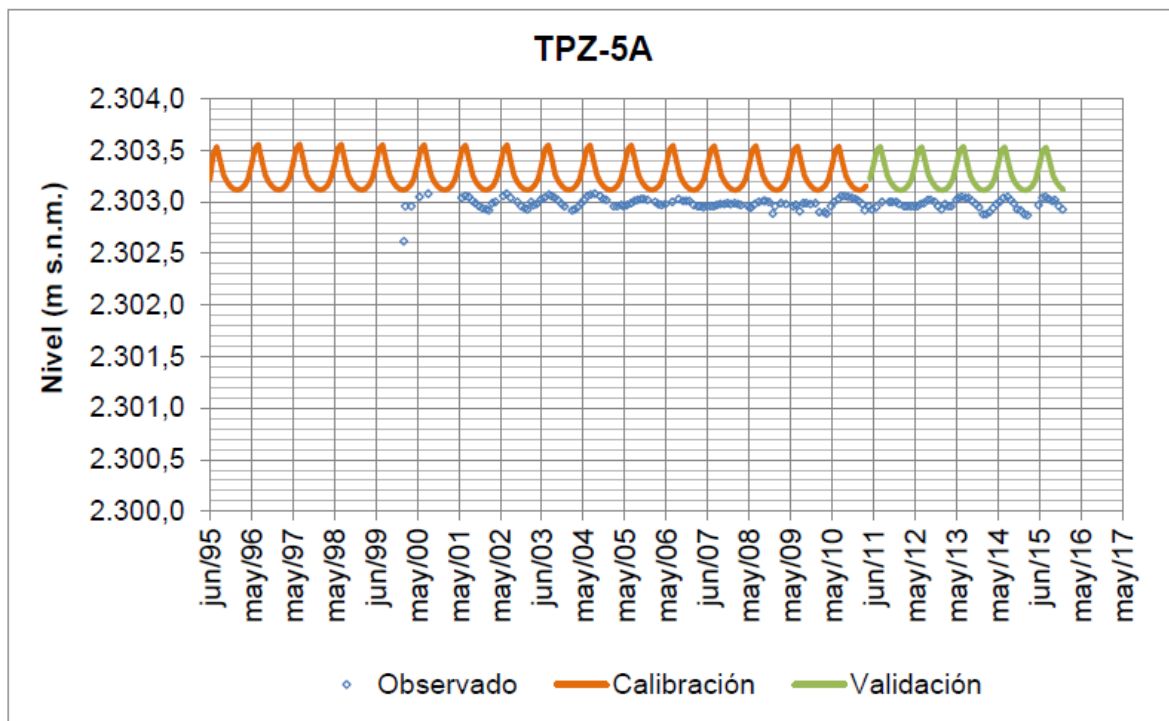
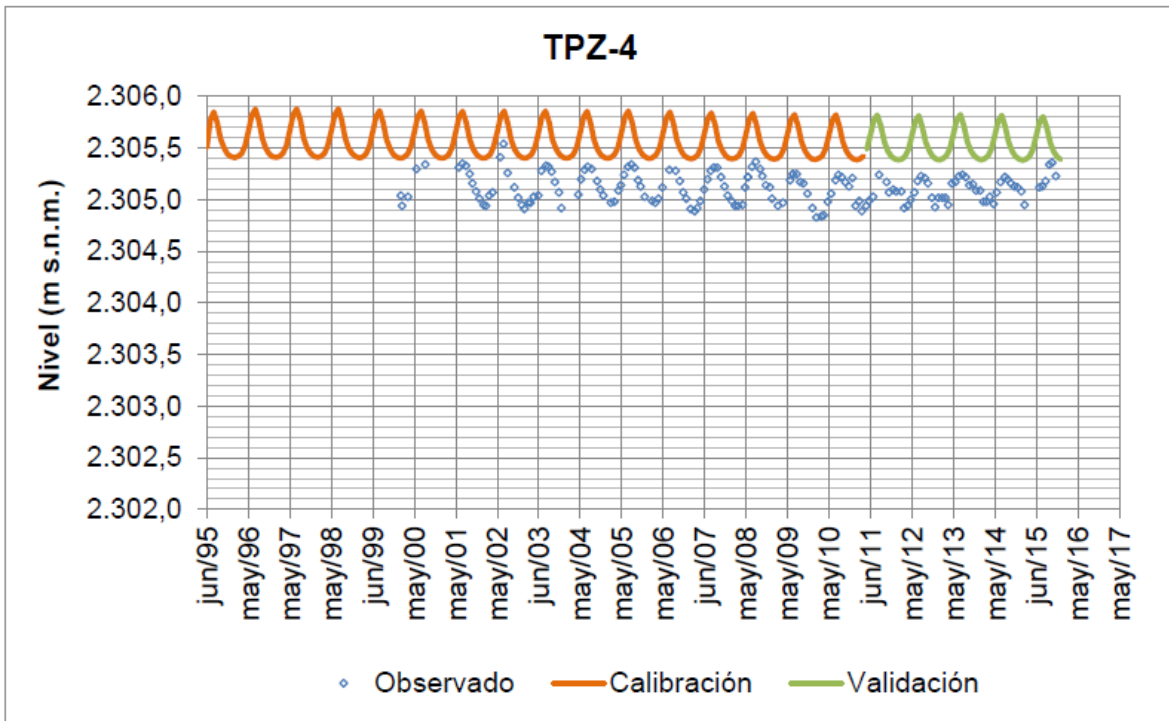


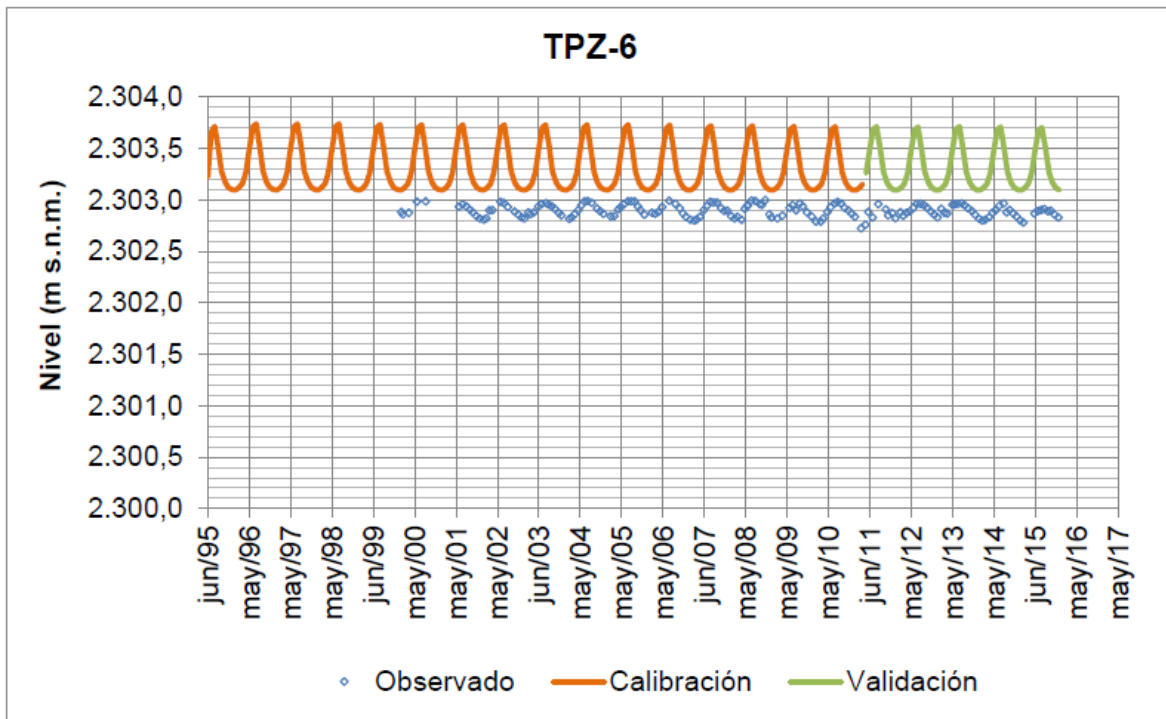
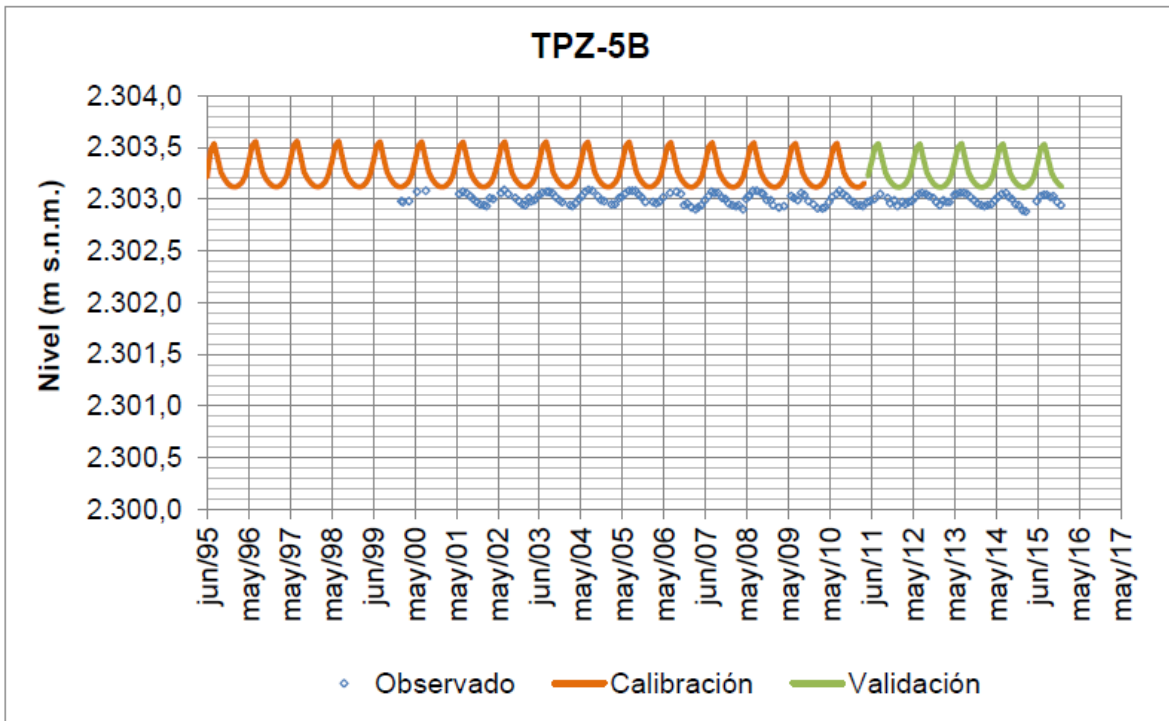
Anexo D.2.7

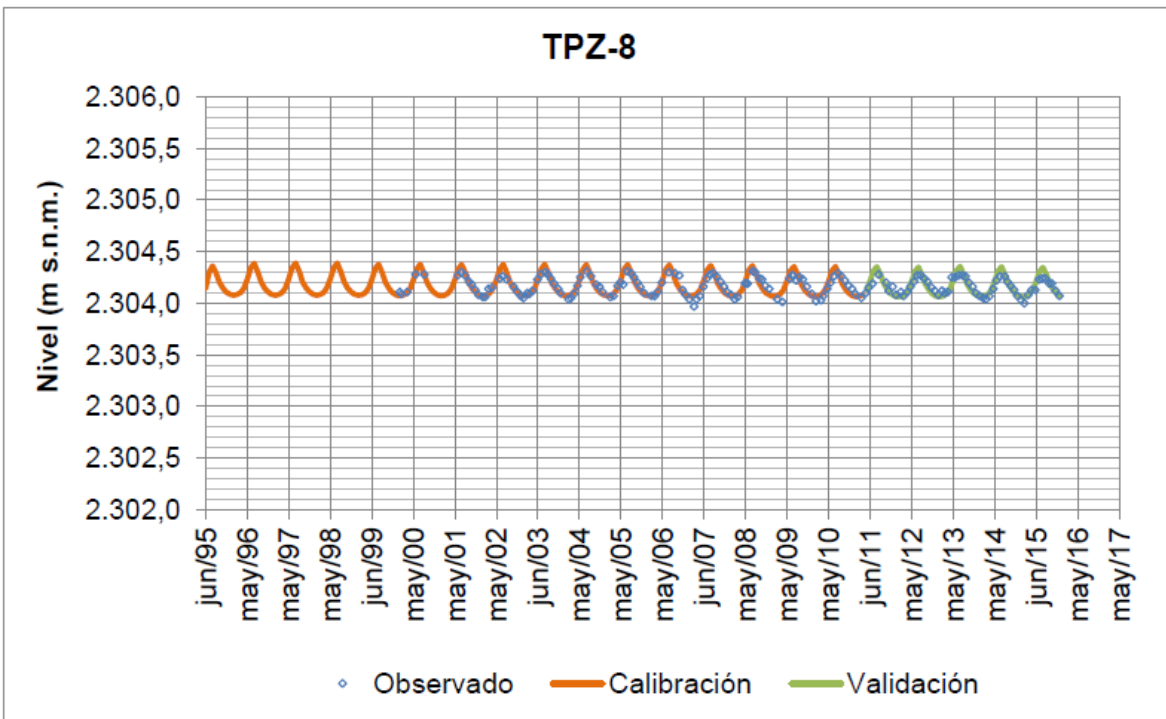
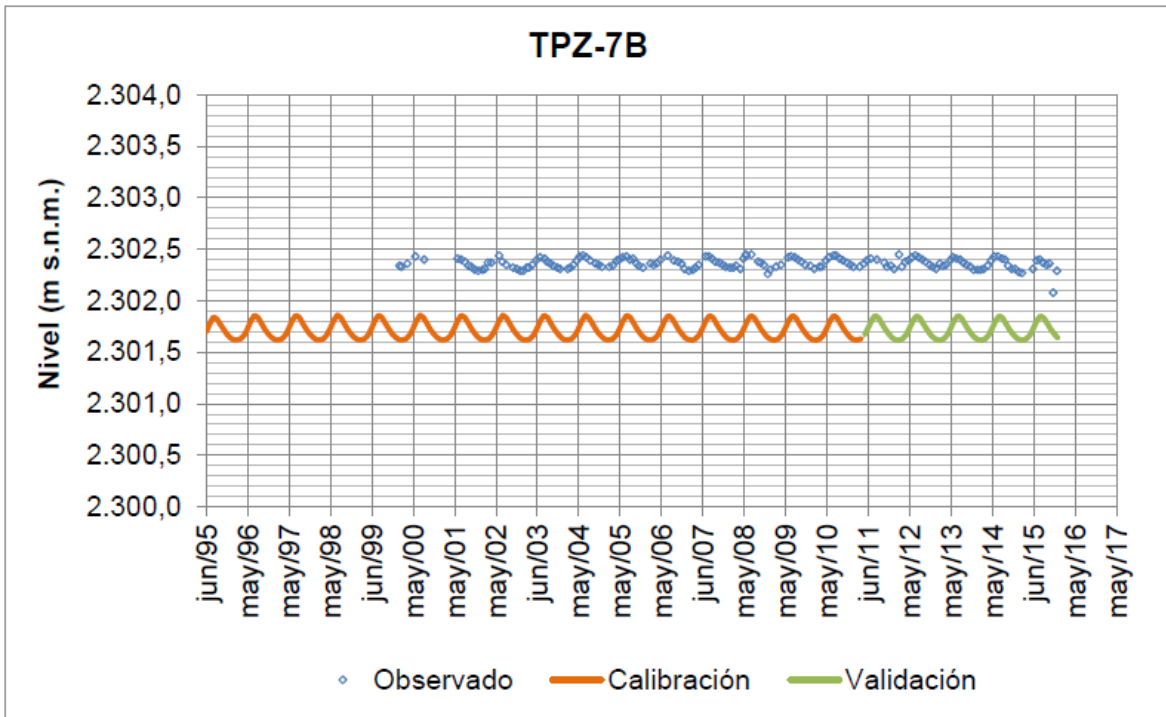
Gráficos Golder Associates (2017)

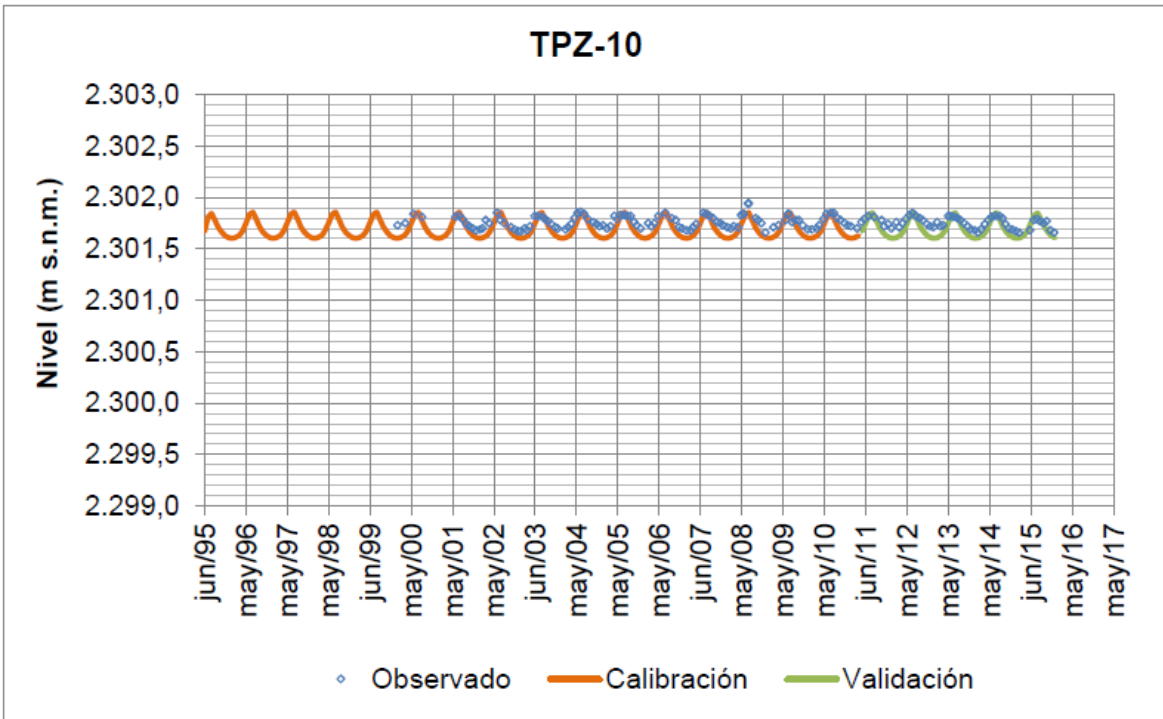
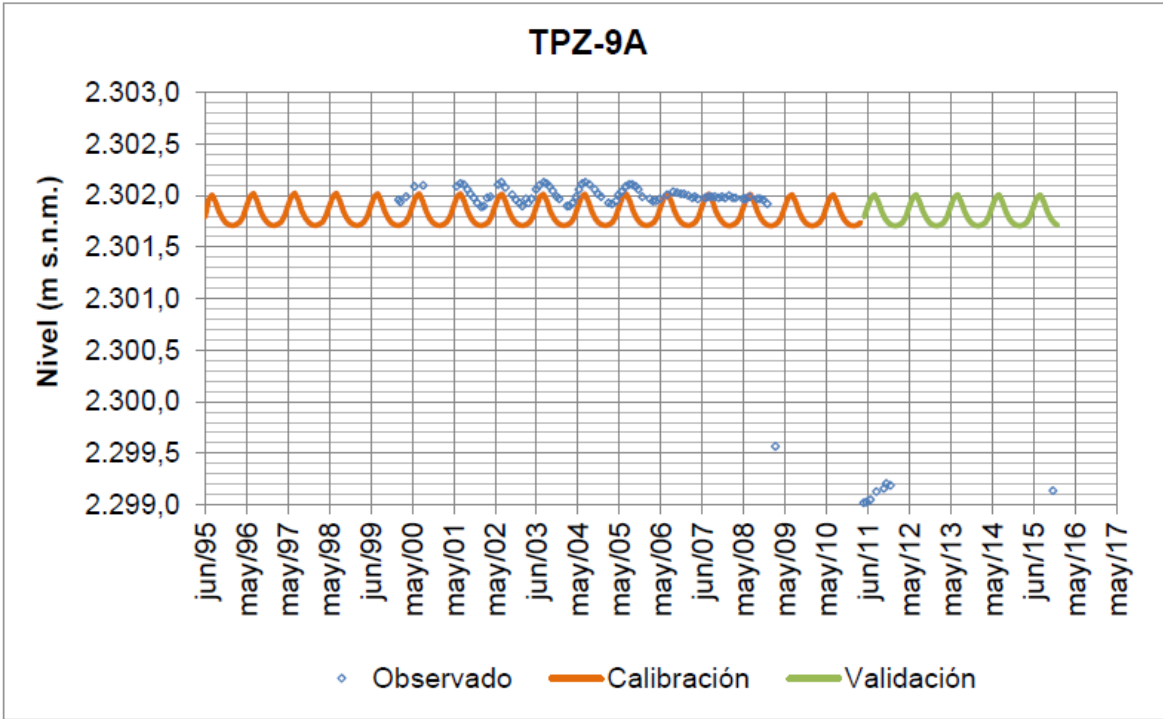


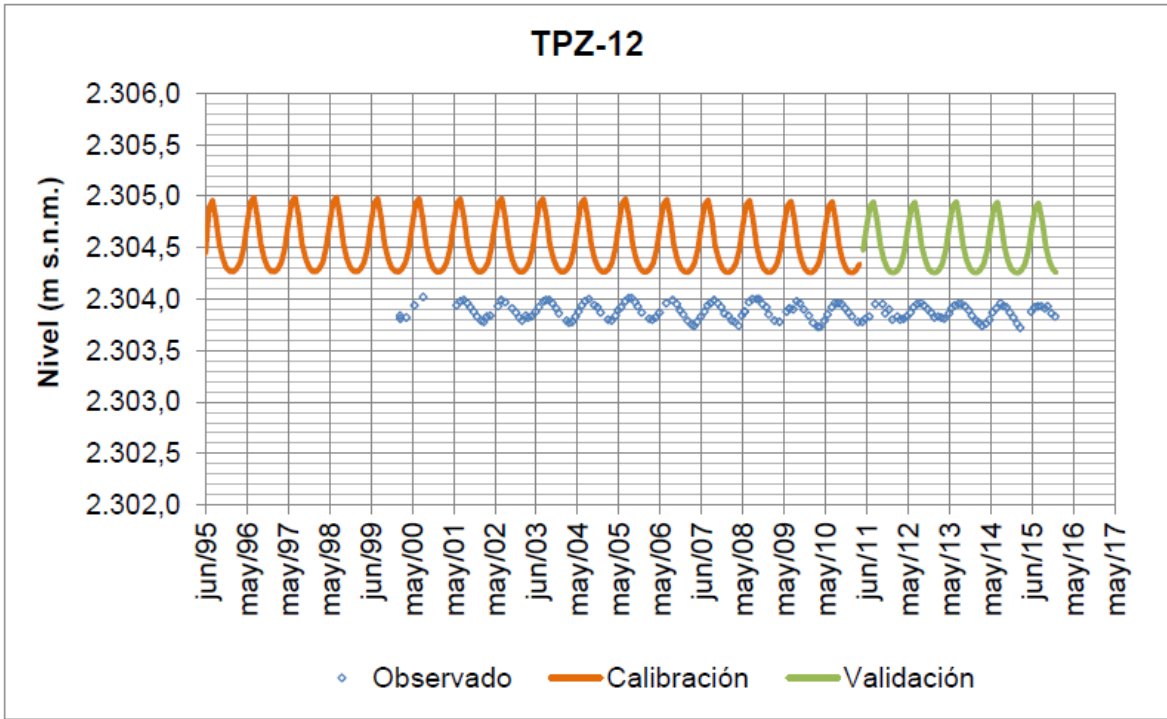












Anexo E.

Definiciones Diagramas de Funciones

- **Main Function:** Función Principal (IDF, MA,ODF)
- **Common Function:** Función que no tiene ninguna particularidad.
- **Flex Function:** Función que puede presentar pequeñas diferencias en su funcionamiento dependiendo del padre que lo llame.
- **Omnipresent Function:** Función que se presenta en varios subprocesos/procesos, además del mostrado en el diagrama.
- **Flex Omnipresent Function:** Función que combina las características de los dos antes mencionados.
- **Code Direction:** Dirección de compilación del programa computacional
- **Code Direction Subject to any Value of a Parameter Chose by the User:** Dirección de compilación que está sujeta a un cierto valor, que debe ser escogido por el usuario.
- **Code Direction Depends Directly From the Father Function Above:** La Dirección de compilación (izquierda o derecha en el diagrama), depende de la función padre al cual se le llama.
- **Input/Output Data:** Información que entra a las diferentes Main Function o que son resultados de estos.

Anexo F.

Definiciones Diagramas de Funciones

Anexo F.1

Negrillar

Name	East [m]	North [m]
NEP-1	575751	7335660
NEP-2	576503	7336667
NEP-3	577377	7335008
NEP-5	576470	7333548
NEP-7	577447	7339541
NEP-8	576881	7338166
NEP-9	578444	7338684
NEP-10	577963	7336905
NEP-11	577878	7334208
NEX-1	575775	7335702
NEX-4	576705	7335469

Anexo F.1

Tilopozo

Name	East [m]	North [m]
TP-2	578497	7368805
PC-1200	578494	7368814
TPZ-3	578166	7369303
TPZ-2A	577200	7369287
TPZ-2C	577201	7369287
TPZ-2B	577201	7369287
TPZ-4	578381	7369933
TPZ-5A	579612	7372160
TPZ-5B	579611	7372160
TPZ-6	578506	7371715
TPZ-7A	577631	7373281
TPZ-7B	577631	7373281
TPZ-8	577015	7371104
TPZ-9A	575769	7372570
TPZ-9B	575768	7372570
TPZ-9C	575769	7372570
TPZ-10	576704	7372928
TPZ-12	579020	7370663
TPZ-13C	576674	7375391
TPZ-13E	576675	7375391
TPZ-13O	576674	7375391