

# Projektowanie Efektywnych Algorytmów

Zadanie projektowe nr 3

Mikołaj Pastuszek 259138

Czwartek 11:15

Prowadzący: Mgr inż. Antoni Sterna

## 1. Cel projektu

Należy zaimplementować oraz dokonać analizy efektywności algorytmu genetycznego dla problemu komiwojażera (TSP).

## 2. Wstęp teoretyczny

### 2.1. Opis Problemu komiwojażera

Biorąc pod uwagę zestaw miast i odległość między każdą parą miast, problem polega na znalezieniu najkrótszej możliwej trasy, która odwiedza każde miasto dokładnie raz i wraca do punktu początkowego. W projekcie rozwiązywaliśmy asymetryczny problem komiwojażera. Jest to trudniejsza wersja tego problemu gdyż długość ścieżki z punktu A do B i z B do A mogą się od siebie różnić.

### 2.2. Opis algorytmu genetycznego

**Krok 1:** Pierwszym krokiem jest wygenerowanie populacji losowo generowanych rozwiązań problemu (losowych permutacji cyklu Hamiltona).

**Krok 2:** Drugim krokiem jest obliczenie wartości dopasowania dla każdego rozwiązania. Wartość dopasowania jest obliczana za pomocą funkcji dopasowania, która ocenia siłę określonego chromosomu. (W przypadku zaimplementowanego algorytmu jest to długość drogi. Im mniejsza tym lepsza.)

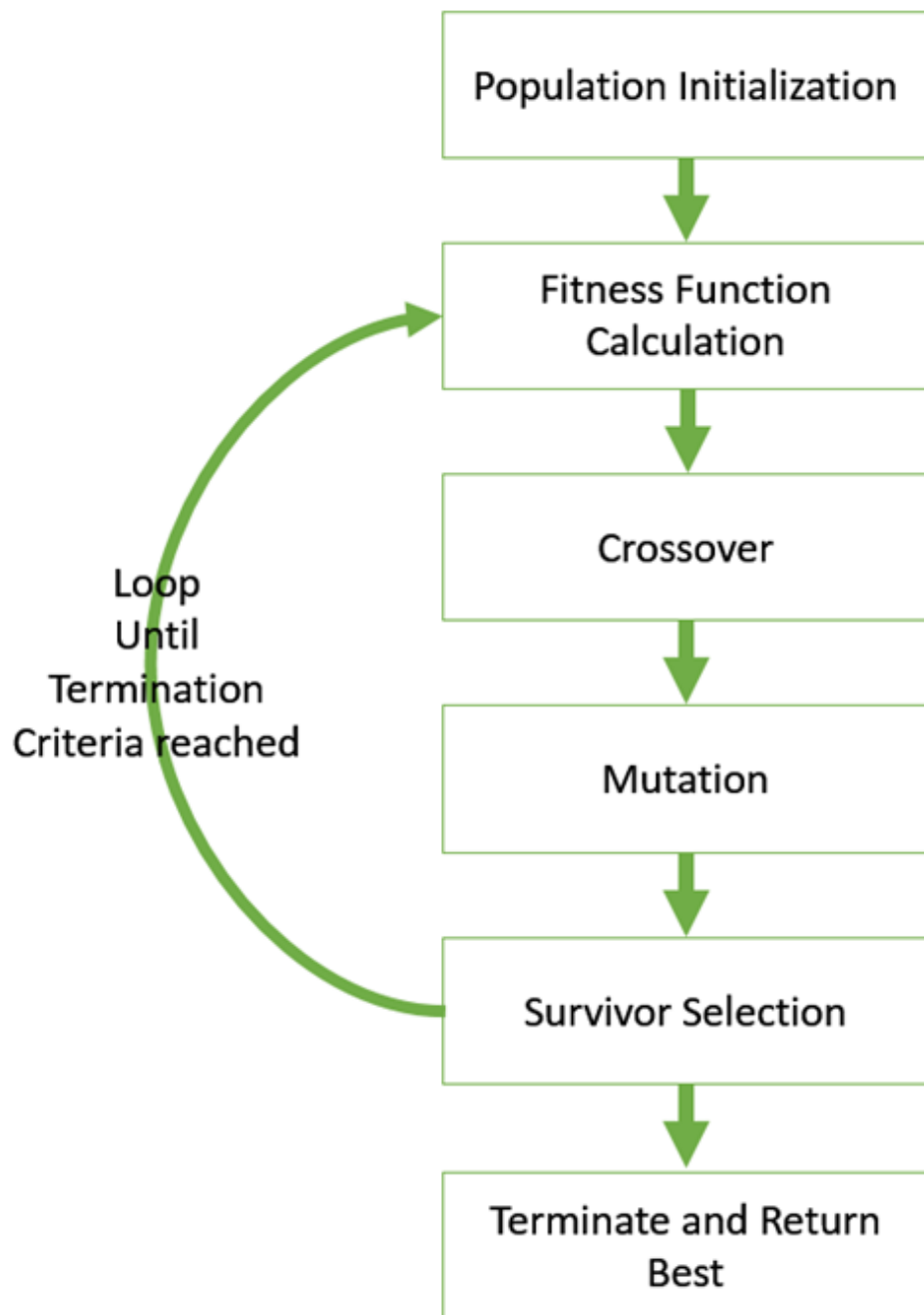
**Krok 3:** Trzecim krokiem jest wybór rodziców w oczekiwaniu na krok czwarty, reprodukcję. Istnieje kilka technik selekcji rodziców, ale generalnie silniejsze chromosomy są wybierane jako rodzice częściej niż słabsi rodzice. (W zaimplementowanym algorytmie wybór rodzica jest poprzez Roulette Wheel Selection. Polega to na tym, że dwójka rodziców jest wybierana losowo. Prawdopodobieństwo wyboru rodzica jest wprost proporcjonalne do jakości rozwiązania względem innych rozwiązań rodziców. Przy okazji zostało wykorzystane zjawisko elitaryzmu, czyli najlepsze rozwiązanie zawsze jest przepisywane do nowej populacji.)

**Krok 4:** Czwarty krok to produkcja potomstwa. Zwykle dwa chromosomy rodzicielskie są krzyżowane ze sobą, aby wytworzyć jedno lub więcej dzieci. Jest wiele metod krzyżowania. Występowanie zjawiska krzyżowania jest zależne od współczynnika krzyżowania. (W zaimplementowanym algorytmie zostały napisane dwa operatory (funkcje) krzyżowania: jednopunktowy crossover oraz PMX.)

**Krok 5:** Piąty krok to mutacja potomstwa. Zazwyczaj zmutowane jest od 1 do 5 procent potomstwa, wszystko zależy od współczynnika mutacji. Materiał genetyczny jest losowo zmieniany w celu wprowadzenia nowego materiału genetycznego do populacji. (W algorytmie zostały zaimplementowane dwa operatory: Scramble Mutation oraz Inversion Mutation.)

**Krok 6:** Wykonuj Kroki 3,4,5 do momentu stworzenia nowej populacji.

**Krok 7:** Wykonuj algorytm do momentu spełnienia warunku zakończenia. (Do pewnego czasu)



Rysunek 1. [https://www.tutorialspoint.com/genetic\\_algorithms/images/basic\\_structure.jpg](https://www.tutorialspoint.com/genetic_algorithms/images/basic_structure.jpg)

### 2.3. Elementy algorytmu genetycznego

**Populacja** – Jest to podzbiór wszystkich możliwych (zakodowanych) rozwiązań danego problemu.

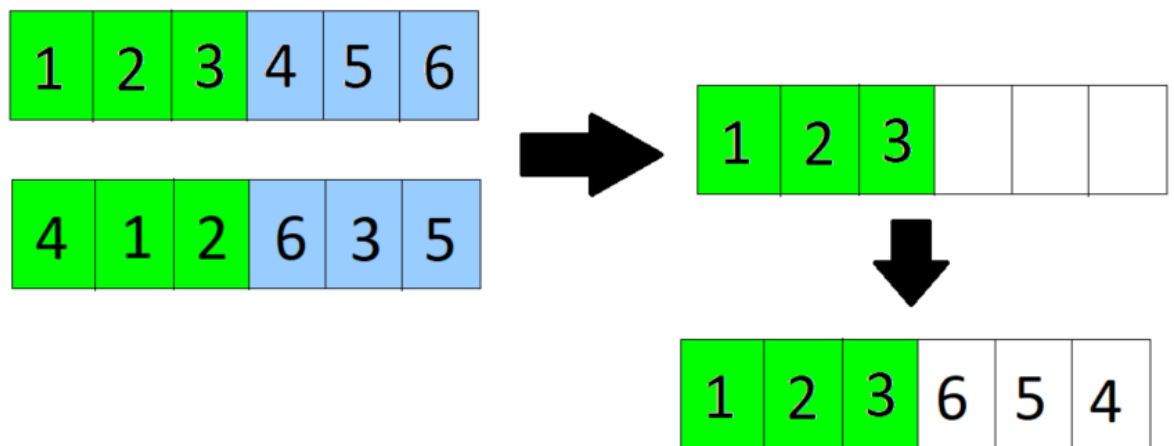
**Chromosomy** – Chromosom jest jednym z takich rozwiązań danego problemu.

**Gen** – Gen to pozycja jednego elementu chromosomu

**Operatory genetyczne** – zmieniają skład genetyczny potomstwa. Należą do nich krzyżowanie, mutacja.

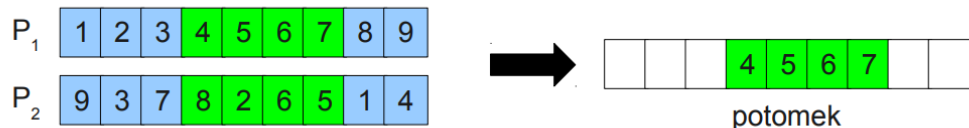
### 2.3.1. Operatory krzyżowania

**One-point Crossover** – W tym jednopunktowym skrzyżowaniu wybierany jest losowy punkt skrzyżowania. Lewa część pierwszego rodzica od wybranego punktu jest przepisywana na początek potomka, następnie zaczynając od prawej strony drugiego rodzica a następnie lewej strony przepisujemy do potomka te liczby co jeszcze w nim nie występują.

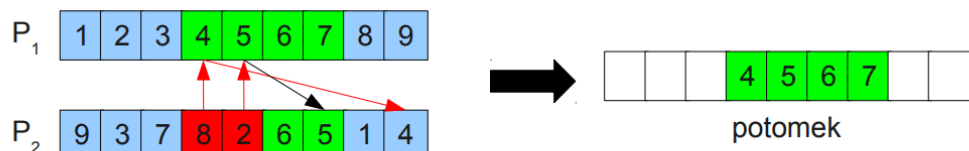


**PMX (ang. partially matched crossover)** –

Wybierz losowo dwa punkty krzyżowania. Skopiuj wybrany segment z rodzica  $P_1$ .

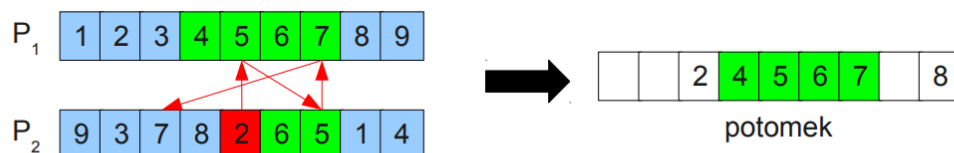


Patrząc na analogiczny segment w  $P_2$  znajdź te elementy, które nie zostały skopiowane. (musimy je umieścić poza skopiowanym segmentem) Dla każdego z tych elementów i określ jaki element  $j$  został skopiowany z  $P_1$  na jego miejsce (na miejsce 8: 4, na miejsce 2: 5).



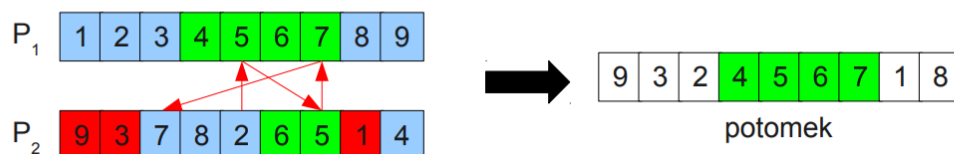
A zatem mamy pary  $(i,j)$ : (8,4) oraz (2,5). Dla każdej pary spróbuj umieścić  $i$  na pozycji zajmowanej przez  $j$  w rodzicu  $P_2$ . Dla 8 jest to możliwe, dla 2 nie, ponieważ 5 będąca na miejscu 2 została już skopiowana..





W takiej sytuacji sprawdzamy który wierzchołek został skopiowany na miejsce 5. Jest to 7, który nie został skopiowany jeszcze do potomka. Umieszczamy 2 na miejsce zajmowane w  $P_2$  przez 7.

Pozostałe wierzchołki kopiuujemy z  $P_2$ .



Rysunek 3. <http://aragorn.pb.bialystok.pl/~wkwedlo/EA5.pdf> strona 16

### 2.3.2. Operatory mutacji

#### Scramble Mutation –



#### Implementacja

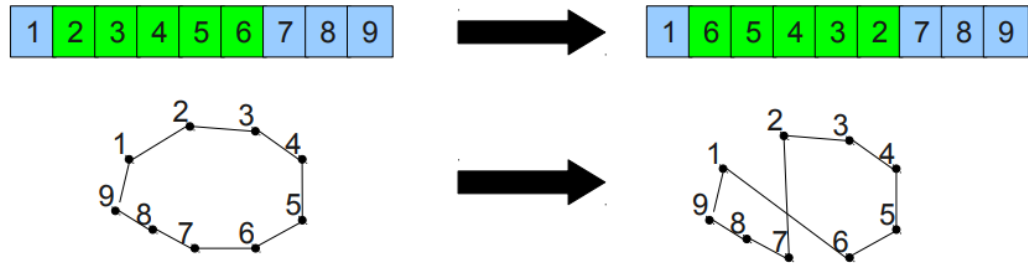
- Wylosuj numery pozycji  $i_1, i_2, \dots, i_k$
- Dla każdego wylosowanego numeru  $i_j$  zamień wierzchołek z innym losowo wybranym spośród pozycji  $i_1, i_2, \dots, i_k$ .

Liczba  $k$  wylosowanych pozycji może być stała, albo zmniejszana wraz z postępem algorytmu.

Rysunek 4. <http://aragorn.pb.bialystok.pl/~wkwedlo/EA5.pdf> strona 14

### Inversion Mutation –

Mutacja poprzez inwersję wybiera losowo dwie pozycje w chromosomie i odwraca kolejność wierzchołków pomiędzy nimi:



Inwersja w permutacji jest równoważna zmianie jedynie dwóch krawędzi w cyklu

Rysunek 5. <http://aragorn.pb.bialystok.pl/~wkwedlo/EA5.pdf> strona 13

### 3. Opis najważniejszych klas

Najważniejszy kod programu, odpowiadający za logikę zaimplementowanego algorytmu, znajdują się w klasie Genetic.

#### 3.1. Zmienne oraz struktury

```
int** matrix; // graf
int size; // wielkość grafu
unsigned long long stopTime; // czas w sekundach

long long int frequency, start, elapsed; // zmienne potrzebne do wyliczenia najlepszego czasu

struct Journey
{
    vector<int> path;
    int cost;
};

Journey theBest; //najlepsza ścieżka

int crossoverProbability; // w promilach
int mutationProbability; // w promilach
int populationSize;

vector<Journey> population;
```

#### 3.2. Funkcje

```
void mutation(Journey& journey); // zamiana max 4 wierzchołki
void mutation2(Journey& journey); // 2 krawędzie zamiana (odwrócenie kawałka cyklu)
Journey crossover(Journey journey1, Journey journey2); // jednopunktowy crossover
Journey crossover2(Journey journey1, Journey journey2); // Operator krzyżowania PMX
void firstPopulation(); // tworzenie pierwszej populacji
void newPopulation(int mut, int cross); // tworzenie nowej populacji. Mozliwy wybór cross i mut

long long int read_QPC();
void writeResult(); // wypisanie wyników
bool random(int probability); // funkcja zwraca true albo false. Podaje sie prawd. na true
int countPathCost(Journey journey); // oblicza koszt ścieżki
int randomNumber(int min, int max); // zwraca losową liczbę z zakresu <min,max>
void changeBestPath(Journey journey); // jeśli journey ma mniejszy koszt to staje się theBest

public:
    Genetic(int** matrixCon, int sizeCon, unsigned long long stopTimeCon,
            int populationSize, int crossoverProbabilityCon, int mutationProbabilityCon);
    void genetic(int mut, int cross); //główna funkcja
```

### 3.3. Opisy funkcji

Nazwa funkcji	Opis
mutation	Przyjmuje strukturę Journey i zamienia 3 maksymalnie 4 losowe wierzchołki.
mutation2	Przyjmuje strukturę Journey i odwraca losowy fragment ścieżki.
crossover	Jest to operator One-point Crossover
crossover2	Jest to operator PMX
firstPopulation	Tworzy pierwszą populację.
newPopulation	Tworzy nową populację. W zależności od parametrów używa różnych mutacji i krzyżowania.
read_QPC	Funkcja pomocnicza do wyliczania czasu.
writeResult	Wypisanie wyniku.
random	Zwraca true albo false w zależności od przyjmowanego prawdopodobieństwa.
countPathCost	Przyjmuje strukturę Journey i liczy koszt dla jej ścieżki.
randomNumber	Zwraca losowy numer z przedziału przyjmowanego.
changeBestPath	Porównuje czy obecna ścieżka jest mniejsza od najlepszej. Jeśli tak to zamienia najlepszą wartość przypisujemy do zmiennej wartość dzięki której obliczymy najlepszy czas.
genetic	Główna funkcja.

#### 4. Plan i wyniki eksperymentu

##### 4.1. Przebieg eksperymentu

Testy efektywności zostały przeprowadzone dla trzech plików z grafami: br17.astp, ftv47.astp, rgb403.astp. Pliki zostały przekonwertowane przez program znajdujący się na stornie: [http://staff.iiar.pwr.wroc.pl/antoni.sterna/pea/tests/tsp\\_conv.cpp](http://staff.iiar.pwr.wroc.pl/antoni.sterna/pea/tests/tsp_conv.cpp), tak aby pasowały do założeń projektowych. Program będzie badany na każdym pliku na 3 sposoby:

- wpływ wielkości populacji na wyniki dla trzech różnych wartości: 25, 50 i 100 dla wszystkich możliwych metod krzyżowania i mutacji przyjmując współczynnik krzyżowania 0.8 oraz współczynnik mutacji 0,01.
- dla najlepszej wielkości populacji (z punktu a) i ustalonego współczynnika krzyżowania 0,8 przeanalizować wpływ współczynnika mutacji na wyniki (dla wartości: 0,01, 0,05 i 0,10).
- dla najlepszej wielkości populacji (z punktu b) i ustalonego współczynnika mutacji 0,01 przeanalizować wpływ współczynnika krzyżowania na wyniki (dla wartości: 0,5, 0,7 i 0,9).

Każda pojedyncza próba została wykonana dwa razy po 5 minut i został wybrany lepszy wynik.

##### 4.2. Wyniki eksperymentu

Najlepsze możliwe wyniki do otrzymania dla każdego pliku to:

br17.astp - 39, ftv47.astp - 1776, rgb403.astp – 2465.

Aby ułatwić zapis w tabelach i wykresach przyjęto, że:

SM – **Scramble Mutation**

IM – **Inversion Mutation**

OC – **One-point Crossover**

PMX – **PMX**

a) **Wyniki dla br17.astp:**

Populacja	Czas [ms] dla SM OC	Czas [ms] dla IM OC	Czas [ms] dla SM PMX	Czas [ms] dla IM PMX
25	1119	1874	1015	1964
50	2455	1614	1798	1775
100	3032	1982	2187	2893
Populacja	Wynik dla SM OC	Wynik dla IM OC	Wynik dla SM PMX	Wynik dla IM PMX
25	39	39	39	39
50	39	39	39	39
100	39	39	39	39

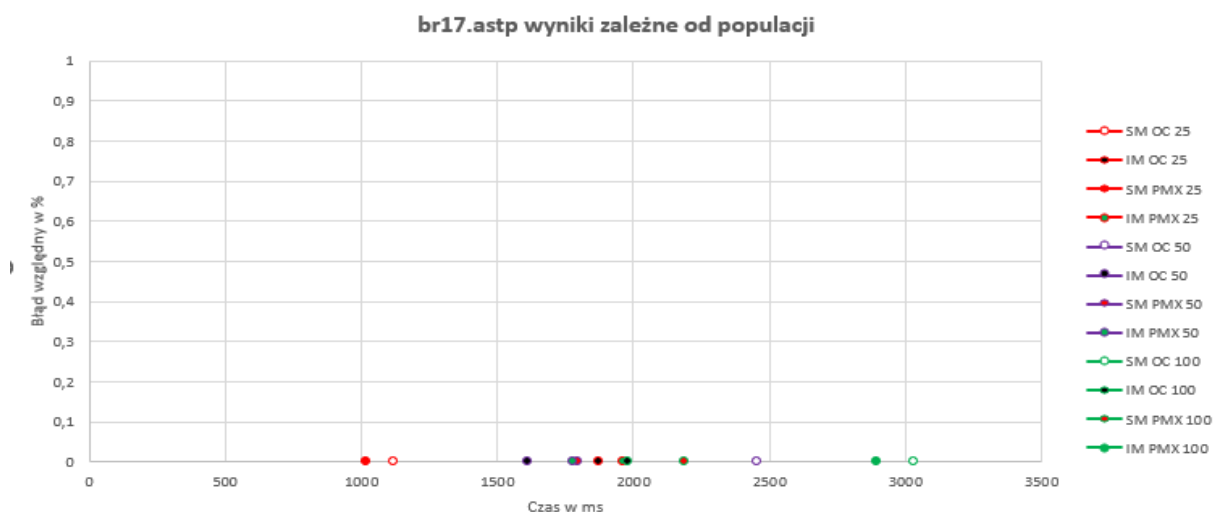


Najlepszy wynik okazał się dla populacji 25 dla mutacji Scramble Mutation oraz krzyżowania PMX.

Wynik: 39

Czas [ms]: 1015

Ścieżka: 0 11 15 6 14 5 3 4 8 7 16 12 9 10 1 2 13 0



**Wyniki dla ftv47.astp:**

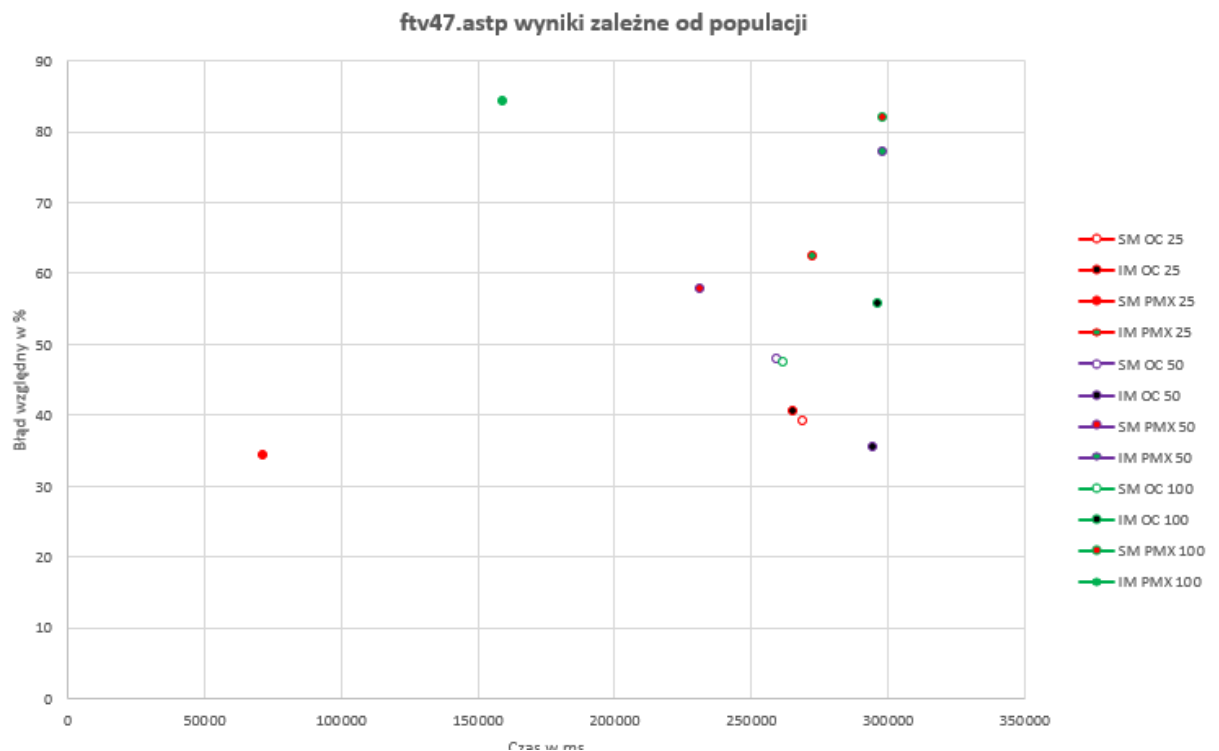
Populacja	Czas [ms] dla SM OC	Czas [ms] dla IM OC	Czas [ms] dla SM PMX	Czas [ms] dla IM PMX
25	268792	265412	71586	272418
50	259411	294282	231222	298154
100	261953	296356	298241	159431
Populacja	Wynik dla SM OC	Wynik dla IM OC	Wynik dla SM PMX	Wynik dla IM PMX
25	2472	2495	2385	2884
50	2626	2407	2802	3145
100	2620	2765	3231	3274

Najlepszy wynik okazał się dla populacji 25 dla mutacji Scramble Mutation oraz krzyżowania PMX.

Wynik: 2385

Czas [ms]: 71586

Ścieżka: 0 46 36 15 18 17 45 16 14 13 34 35 23 12 7 31 5 4 3 11 25 1 10 6 8 32 24 29 30 33 9 27 28 2 43 21 47 26 42 22 41 19 44 39 40 20 37 38 0



#### Wyniki dla rgb403.astp:

Populacja	Czas [ms] dla SM OC	Czas [ms] dla IM OC	Czas [ms] dla SM PMX	Czas [ms] dla IM PMX
25	297756	299322	260173	293974
50	298285	299226	251406	298005
100	295862	298898	278432	286379
Populacja	Wynik dla SM OC	Wynik dla IM OC	Wynik dla SM PMX	Wynik dla IM PMX
25	3994	3956	6081	6216
50	4533	4596	6391	6510
100	4868	5083	6484	6441

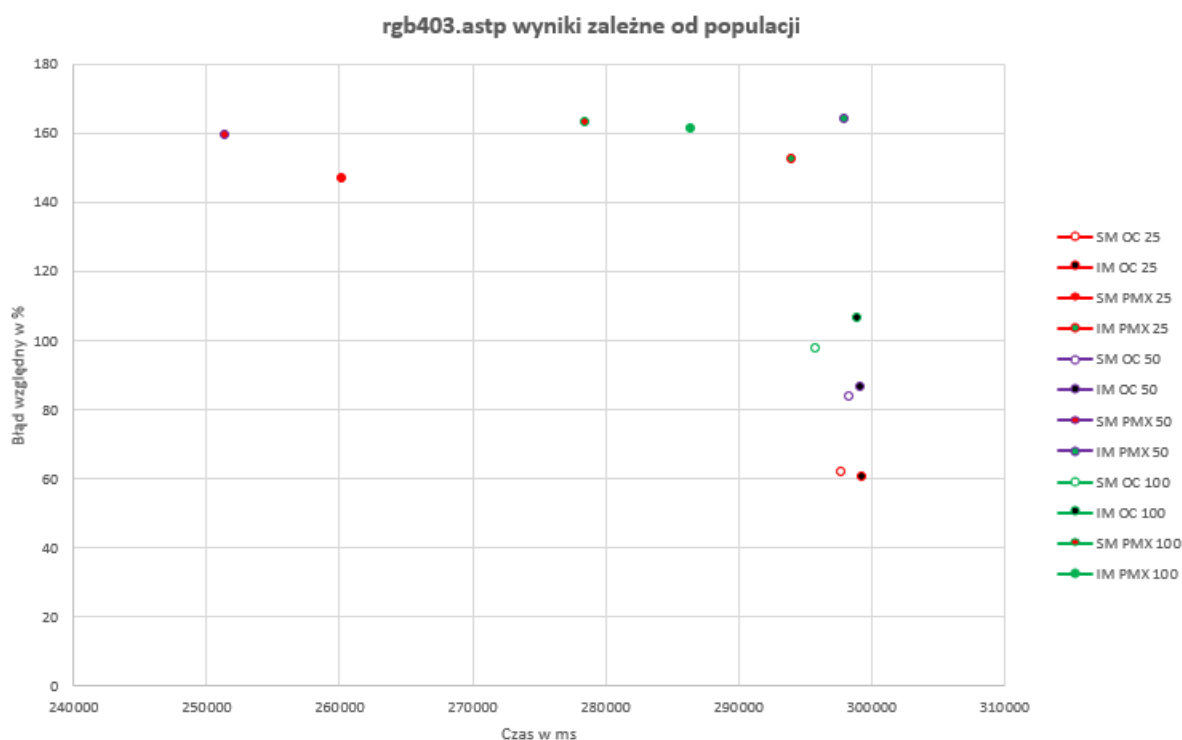
Najlepszy wynik okazał się dla populacji 25 dla mutacji Scramble Mutation oraz krzyżowania One-point Crossover.

Wynik: 3994

Czas [ms]: 297756

Ścieżka: 0 297 108 227 247 54 99 199 290 172 203 373 94 166 300 364 191 149 37 13 205  
308 35 389 361 313 355 377 92 51 303 246 299 392 134 288 273 257 175 120 366 356 2  
105 306 264 44 38 395 91 192 126 55 59 340 376 287 281 268 64 3 274 243 351 317 127

285 45 189 65 168 240 256 280 110 322 270 350 123 221 67 213 32 17 347 39 132 100 98  
102 56 249 326 31 202 359 177 222 250 117 196 265 63 159 7 369 183 234 289 42 139 235  
391 6 43 296 28 388 348 200 309 157 188 146 144 86 66 215 162 332 25 49 384 10 116  
201 173 344 372 21 88 73 345 89 396 46 242 80 114 160 150 9 197 182 380 315 133 129  
402 181 346 337 111 14 69 245 170 284 78 226 368 214 230 107 121 79 353 263 103 292  
400 124 401 52 360 225 82 255 342 155 20 96 209 190 154 331 271 357 104 84 327 174  
176 138 58 283 152 310 136 272 27 40 341 218 237 266 211 156 147 217 251 112 330 329  
276 118 169 278 122 119 248 295 335 143 75 1 90 76 11 101 72 57 312 5 220 145 259 238  
375 399 85 294 232 334 318 71 208 16 382 291 204 106 339 338 262 163 15 231 219 19  
398 87 277 233 113 53 354 195 275 381 167 311 253 254 223 151 269 387 131 97 12 179  
18 239 185 279 286 236 47 358 83 367 352 314 323 319 397 343 385 229 224 109 207 4  
187 184 282 328 370 307 378 140 142 186 8 29 33 161 148 390 193 130 68 93 349 180 165  
62 320 252 371 48 305 383 34 23 304 267 293 333 158 141 178 362 171 135 212 244 260  
261 316 77 125 74 115 50 60 325 24 26 394 393 153 30 302 41 298 210 95 363 164 365  
301 228 336 321 194 61 386 324 81 22 70 241 258 206 128 379 198 137 36 374 216 0



**NAJLEPSZA POPULACJĄ OKAZAŁA SIĘ 25, DLATEGO PODPUNKT B I C ZOSTAŁ PRZEPROWADZONY DLA TEJ WIELKOŚCI.**

b) **Wyniki dla br17.astp:**

Współczynnika mutacji	Czas [ms] dla SM OC	Czas [ms] dla IM OC	Czas [ms] dla SM PMX	Czas [ms] dla IM PMX
0,01	6118	2209	393	880
0,05	1083	3127	2478	4027
0,10	1550	7211	1669	1013
Współczynnika mutacji	Wynik dla SM OC	Wynik dla IM OC	Wynik dla SM PMX	Wynik dla IM PMX
0,01	39	39	39	39
0,05	39	39	39	39
0,10	39	39	39	39

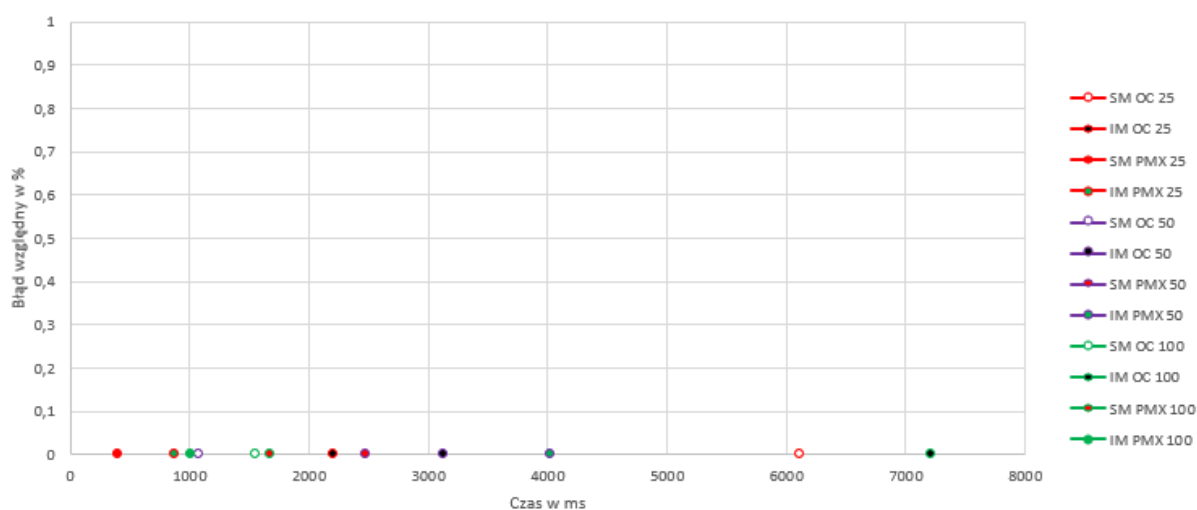
Najlepszy wynik okazał się dla współczynnika mutacji 0,01 dla mutacji Scramble Mutation oraz krzyżowania PMX.

Wynik: 39

Czas [ms]: 393

Ścieżka: 0 14 6 5 15 3 4 7 16 8 12 10 1 9 2 13 11 0

**br17.astp wyniki zależne od współczynnika mutacji**



Wyniki dla ftv47.astp:

Współczynnika mutacji	Czas [ms] dla SM OC	Czas [ms] dla IM OC	Czas [ms] dla SM PMX	Czas [ms] dla IM PMX
0,01	298842	261711	231353	298675
0,05	279201	233820	263254	276299
0,10	198505	238388	284307	265848
Współczynnika mutacji	Wynik dla SM OC	Wynik dla IM OC	Wynik dla SM PMX	Wynik dla IM PMX
0,01	2434	2348	2540	2753
0,05	2351	2403	2376	2837
0,10	2419	2434	2546	2718

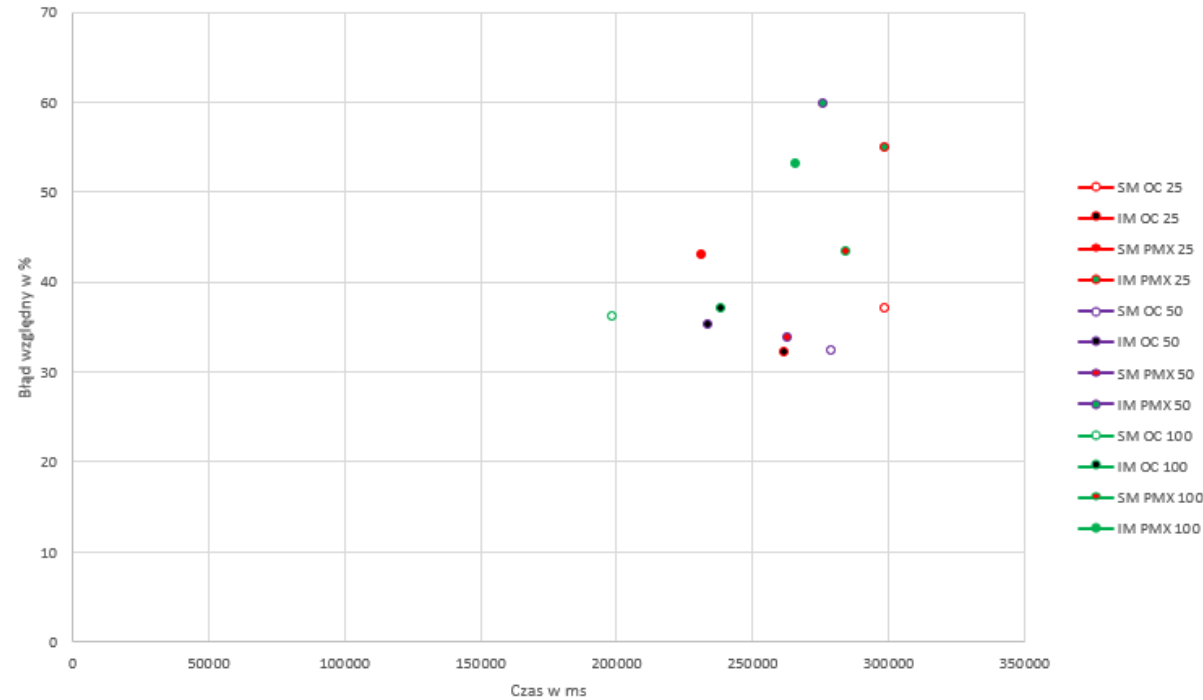
Najlepszy wynik okazał się dla współczynnika mutacji 0,05 dla mutacji Scramble Mutation oraz krzyżowania One-point Crossover.

Wynik: 2351

Czas [ms]: 279201

Ścieżka: 0 1 47 26 9 3 33 27 28 2 21 18 17 46 36 35 14 15 16 45 39 19 44 13 34 23 12 6 24 29 30 4 11 8 32 7 31 5 10 37 25 41 43 42 22 40 20 38 0

ftv47.astp wyniki zależne od współczynnika mutacji



**Wyniki dla rgb403.asp:**

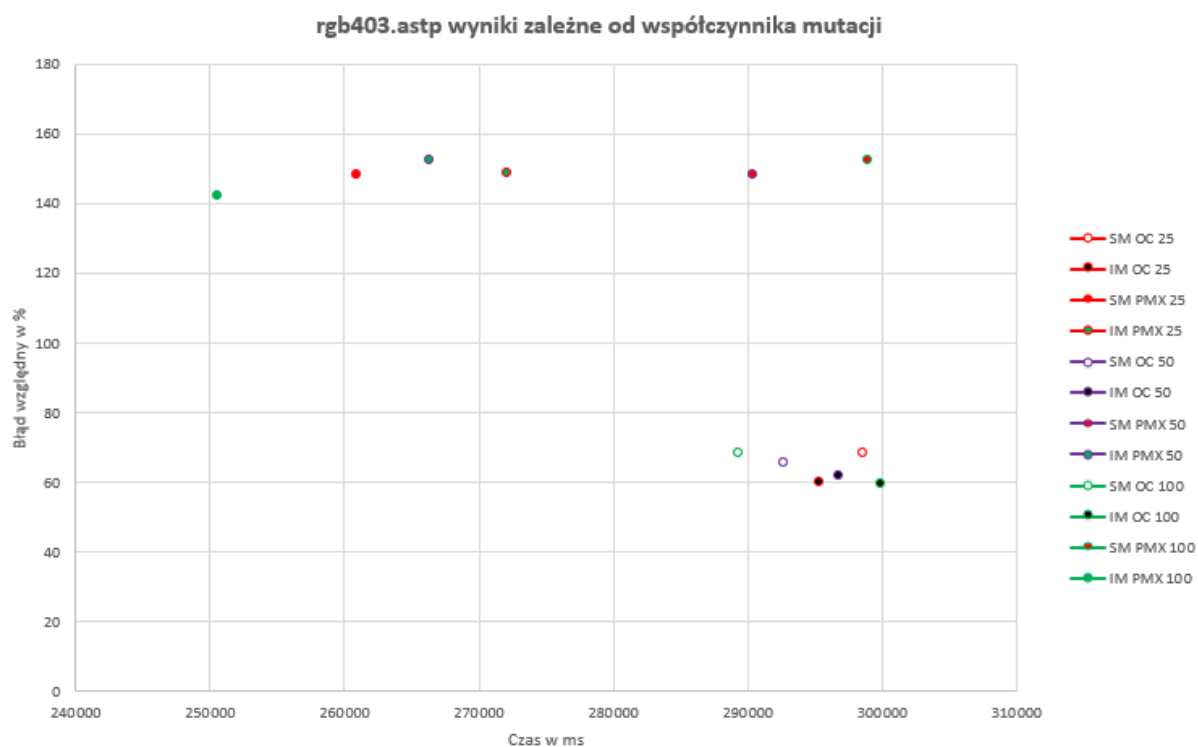
Współczynnika mutacji	Czas [ms] dla SM OC	Czas [ms] dla IM OC	Czas [ms] dla SM PMX	Czas [ms] dla IM PMX
0,01	298532	295339	260921	272056
0,05	292715	296793	290445	266334
0,10	289304	299954	298903	250499
Współczynnika mutacji	Wynik dla SM OC	Wynik dla IM OC	Wynik dla SM PMX	Wynik dla IM PMX
0,01	4150	3939	6122	6132
0,05	4079	3989	6123	6217
0,10	4154	3933	6222	5971

Najlepszy wynik okazał się dla współczynnika mutacji 0,10 dla mutacji Inversion Mutation oraz krzyżowania One-point Crossover.

Wynik: 3933

Czas [ms]: 299954

Ścieżka: 0 65 49 299 298 229 194 4 237 352 374 141 392 381 181 342 239 296 291 379 166 16 2 19 128 172 35 246 209 41 48 83 105 43 140 27 180 340 245 304 260 232 193 62 384 236 227 377 169 341 164 3 92 378 198 208 250 51 363 5 56 80 356 247 197 295 231 12 32 272 359 305 204 385 361 79 202 267 357 275 147 123 220 368 286 153 252 191 253 160 393 241 121 107 317 177 300 101 17 394 400 103 297 308 347 335 161 82 136 280 162 376 155 10 303 313 7 11 97 98 373 30 68 157 186 277 251 322 112 358 327 388 367 72 398 88 115 114 244 117 1 353 263 211 288 212 78 226 372 278 58 8 178 138 318 383 331 33 87 316 351 257 102 9 74 283 176 31 52 401 214 150 21 195 380 156 210 387 290 77 215 29 190 382 320 360 99 310 168 24 36 149 116 262 323 216 86 143 189 170 269 64 50 104 25 366 38 219 46 106 96 126 222 185 365 175 268 89 69 159 76 233 205 329 199 13 325 93 203 187 217 349 319 95 218 145 22 221 34 337 242 276 15 225 127 399 122 108 348 343 130 213 302 118 165 238 146 144 364 292 42 158 333 338 312 84 243 120 124 109 61 386 47 274 39 207 223 309 171 63 248 289 234 44 134 306 344 235 326 390 183 81 346 397 67 66 273 330 255 26 321 362 188 60 113 370 270 258 139 355 240 151 334 131 110 391 279 307 20 28 132 311 339 6 133 71 336 119 354 261 287 293 142 70 173 301 228 314 135 402 230 111 371 395 182 328 281 90 192 332 148 154 206 94 264 324 294 350 167 249 54 152 75 137 389 18 345 55 259 129 256 315 163 284 285 45 254 282 200 266 201 375 271 23 224 91 59 369 174 196 396 85 57 125 37 53 73 179 40 265 100 14 184 0



**c) Wyniki dla br17.astp:**

Współczynnika krzyżowania	Czas [ms] dla SM OC	Czas [ms] dla IM OC	Czas [ms] dla SM PMX	Czas [ms] dla IM PMX
0,5	2967	309	1095	526
0,7	847	3184	83	526
0,9	2780	12119	828	3913
Współczynnika krzyżowania	Wynik dla SM OC	Wynik dla IM OC	Wynik dla SM PMX	Wynik dla IM PMX
0,5	39	39	39	39
0,7	39	39	39	39
0,9	39	39	39	39

Najlepszy wynik okazał się dla współczynnika krzyżowania 0,7 dla mutacji Scramble Mutation oraz krzyżowania One-point Crossover.

Wynik: 39

Czas [ms]: 83

Ścieżka: 0 11 6 5 14 15 4 3 16 7 8 1 12 10 9 2 13 0



#### Wyniki dla ftv47.astp:

Współczynnika krzyżowania	Czas [ms] dla SM OC	Czas [ms] dla IM OC	Czas [ms] dla SM PMX	Czas [ms] dla IM PMX
0,5	279768	267385	286864	281205
0,7	245030	239262	182258	285670
0,9	270238	103279	258189	272891
Współczynnika krzyżowania	Wynik dla SM OC	Wynik dla IM OC	Wynik dla SM PMX	Wynik dla IM PMX
0,5	2373	2530	2394	2564
0,7	2363	2487	2329	2821
0,9	2232	2243	2415	2863

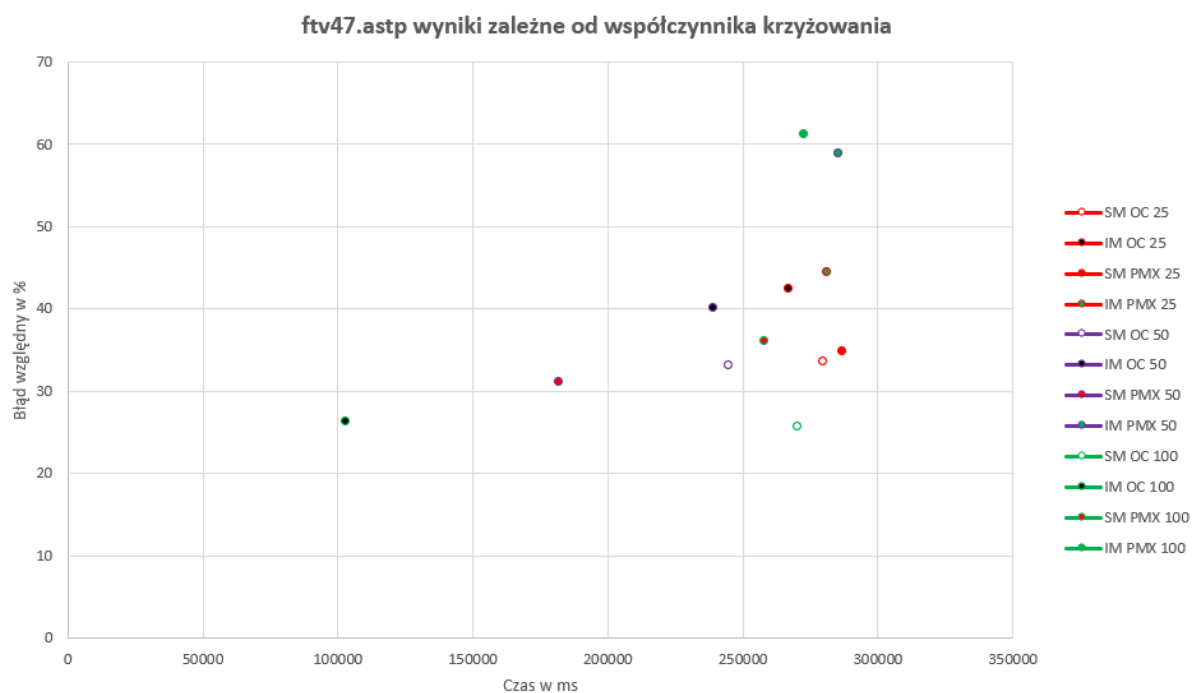
Najlepszy wynik okazał się dla współczynnika krzyżowania 0,9 dla mutacji Scramble Mutation oraz krzyżowania PMX.

Wynik: 2232

Czas [ms]: 270238

Ścieżka: 0 25 47 26 1 8 32 6 9 33 27 28 2 42 18 17 46 36 15 16 45 20 37 38 11 10 24 29 30  
5 4 3 31 7 23 12 13 34 35 14 39 21 40 41 43 22 19 44 0





#### Wyniki dla rgb403.astp:

Współczynnika krzyżowania	Czas [ms] dla SM OC	Czas [ms] dla IM OC	Czas [ms] dla SM PMX	Czas [ms] dla IM PMX
0,5	298653	295797	262410	281534
0,7	299438	298059	257976	289237
0,9	298288	296541	272516	268978
Współczynnika krzyżowania	Wynik dla SM OC	Wynik dla IM OC	Wynik dla SM PMX	Wynik dla IM PMX
0,5	4035	3843	5932	6113
0,7	3954	3916	6060	6103
0,9	4034	3856	6126	6014

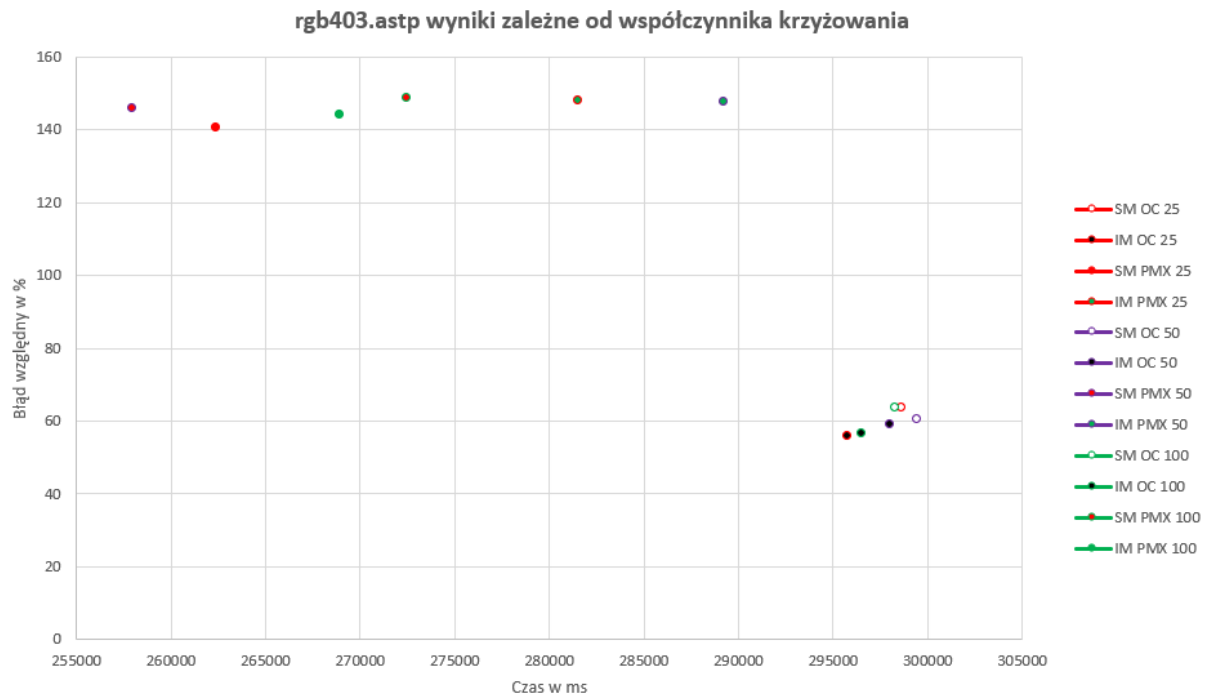
Najlepszy wynik okazał się dla współczynnika krzyżowania 0,10 dla mutacji Scramble Mutation oraz krzyżowania PMX.

Wynik: 3843

Czas [ms]: 295797

Ścieżka: 0 175 291 204 253 117 267 46 164 25 345 37 402 93 145 359 182 31 319 142 9 348 274 326 390 152 225 335 263 130 194 324 72 57 375 399 236 156 270 144 127 40 385 300 367 371 83 180 94 268 261 186 132 396 272 368 184 58 277 122 115 209 271 317 213 278 398 308 16 98 169 208 80 55 103 181 129 243 252 191 178 212 193 185 50 159 245

190 100 107 386 141 21 77 147 361 276 365 8 344 166 384 3 47 217 203 284 290 124 339  
81 15 68 42 364 28 148 210 307 20 59 101 114 69 377 196 123 192 78 362 366 321 289 38  
205 258 314 187 135 113 395 160 116 95 242 340 151 311 232 157 269 233 373 206 189  
91 33 376 104 356 380 315 283 301 255 13 262 89 140 24 280 12 163 287 327 174 299 111  
237 220 349 85 5 235 61 293 201 323 241 328 257 149 51 133 372 41 334 52 161 286 158  
341 136 304 260 71 102 303 18 139 30 254 282 292 394 96 126 10 99 146 379 331 393 285  
45 352 234 105 19 238 229 88 39 82 389 202 355 309 90 360 128 221 67 222 250 223 336  
137 343 231 138 251 358 350 87 247 320 92 295 230 226 381 248 214 106 17 259 131 4  
266 316 70 65 279 333 363 2 275 56 199 347 401 73 162 183 312 35 400 64 134 288 120  
23 14 109 256 34 197 7 1 246 170 97 244 346 338 110 62 54 32 154 374 224 302 118 11  
342 108 351 281 387 49 60 354 200 119 29 264 329 294 125 297 240 177 173 168 86 369  
388 63 198 265 53 313 143 48 391 227 211 330 332 228 153 76 310 188 215 6 150 27 165  
171 207 43 79 353 195 239 378 337 172 26 382 306 305 273 370 44 155 176 112 322 357  
167 36 397 392 249 218 318 296 383 84 121 74 216 22 66 298 219 325 179 75 0



#### 4.3. Porównanie najlepszych wyników algorytmu genetycznego z algorytmem Tabu Search

Plik	Algorytm genetyczny				TS	
	Wynik dla SM OC	Wynik dla IM OC	Wynik dla SM PMX	Wynik dla IM PMX	Wynik bez dywersyfikacji	Wynik z dywersyfikacji
br17.astp	39	39	39	39	41	39
ftv47.astp	2232	2243	2329	2564	2007	1957
rgb403.astp	3954	3856	5932	5971	3317	3116

#### 5. Wnioski

Najlepszą populacją z badanych okazała się 25. Wszystkie wariacje parametrów dla pliku br17.astp dały dobry wynik. Najlepszy czas okazały się dla parametrów: 25 populacja, 0,7 współczynnik krzyżowania, 0,01 współczynnik mutacji. W tym przypadku czas mógł się okazać kwestią przypadku, gdyż początkowa populacja mogła okazać się lepsza od innych.

Dla pliku ftv47.astp najlepszym wynikiem okazał się 2232. Najlepszym współczynnikiem krzyżowania okazał się 0,9 dla współczynnika mutacji 0,01. Wyniki dla danego pliku odstawały jedynie w przypadku połączenia Inversion Mutation oraz PMX przy populacji 25, jednak przy wzroście populacji Scramble Mutation z PMX również dawał słabsze rezultaty.

Plik rgb403.astp posiadał najgorsze rezultaty ze wszystkich badanych. Operator krzyżowania PMX radził sobie o wiele gorzej niż One-point Crossover, niezależnie od wybieranych parametrów. Najlepszym wynikiem okazał się 3856.

Jedynie w przypadku pliku br17.astp algorytm genetyczny okazał się skuteczniejszy i to jedynie w przypadku algorytmu TS bez dywersyfikacji. Mogło zostać to spowodowane zbyt małym czasem testu ( 5 min zamiast 10 tak jak było w przypadku TS), jednak i tak algorytm TS odnotowywał lepsze wyniki dla takiego samego czasu. Podsumowując algorytm TS okazał się lepszy.

#### 6. Kod źródłowy

Link do dysku z kodem i sprawozdaniem:

<https://drive.google.com/drive/folders/1HSQwXcP4D1CCaRY9WMWvqNR4Nh3vXwRK>