

## O problema

Dados do TSP Utilizado: att48.tsp

MÉTODO HÍBRIDO

Algoritmo Genético com técnica de troca de nós com a melhor solução vigente da geração.

# Algoritmo Perturbação

```
private void pertubacao (Individuo trial, Individuo xrl, Individuo xr2) throws CloneNotSupportedException {
   //Difrença entre rl e r2
    ArrayList<Double> diferencas = new ArrayList<>();
   int diferenca:
   for (int i = 0; i < problema.dimensao; i++) {
       for (int j = 0; j < problema.dimensao; j++) {
           if (Objects.equals(xr1.getCromossomos().get(i), xr2.getCromossomos().get(j))) {
                diferenca = Math.abs(i - j);
                trial = (Individuo) xrl.clone();
                int aux = trial.getCromossomos().get(diferenca);
                trial.getCromossomos().set(diferenca, xrl.getCromossomos().get(i));
                trial.getCromossomos().set(i, aux);
```

# Algoritmo Mutação

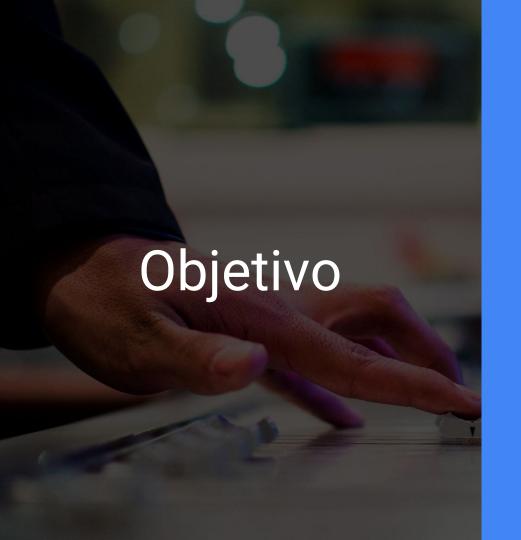
```
private void mutacao(Individuo trial, Individuo xr0) throws CloneNotSupportedException {
    for (int i = 0; i < problema.dimensao; i++) {
        for (int j = 0; j < problema.dimensao; j++) {
            if (Objects.equals(trial.getCromossomos().get(i), xr0.getCromossomos().get(j))) {
                int aux = trial.getCromossomos().get(j);
                trial.getCromossomos().set(j, xr0.getCromossomos().get(j));
                trial.getCromossomos().set(i, aux);
            }
        }
}</pre>
```

## Algoritmo Crossover

```
private void crossover(Individuo pail, Individuo pai2, Individuo filhol, Individuo filho2) {
   filhol.getCromossomos().addAll(pail.getCromossomos().subList(0, problema.dimensao / 2));
   filho2.getCromossomos().addAll(pai2.getCromossomos().subList(0, problema.dimensao / 2));
   for (int i = 0; i < problema.dimensao; i++) {
       int ver2 = pai2.getCromossomos().get(i);
       if (!filhol.getCromossomos().contains(ver2)) {
           filhol.getCromossomos().add(ver2);
   for (int i = 0; i < problema.dimensao; i++) {
       int verl = pail.getCromossomos().get(i);
       if (!filho2.getCromossomos().contains(verl)) {
           filho2.getCromossomos().add(ver1);
```

# Algoritmo Replace

```
public Individuo replace(Individuo trial) throws CloneNotSupportedException {
    Random rnd = new Random();
    for (int i = 1; i < trial.getCromossomos().size() - 1; i++) {
        if (rnd.nextDouble() <= this.taxa) {
            for (int j = 0; j < getMelhorSolucao().getCromossomos().size(); j++) {</pre>
                if (Objects.equals(trial.getCromossomos().get(i), getMelhorSolucao().getCromossomos().get(j))) {
                    int aux = trial.getCromossomos().get(j);
                    trial.getCromossomos().set(j, trial.getCromossomos().get(i));
                    trial.getCromossomos().set(i, aux);
                    break:
    return trial:
```



O objetivo do trabalho foi realizar experimentos com 4 casos de uso. O algoritmo para resolução do TSP implementou a Evolução Diferencial e um método que busca melhorar as soluções com base no melhor resultado registrado vigente.

## Parâmetros

Caso 1	Caso 2	Caso 3	Caso 4
Execuções: 30	Execuções: 30	Execuções: 30	Execuções: 30
Gerações = 300;	Gerações = 500;	Gerações = 100;	Gerações = 800;
Variáveis = 40;	Variáveis = 50;	Variáveis = 80;	Variáveis = 10;
TamPopulação = 100;	TamPopulação = 80;	TamPopulação = 200;	TamPopulação = 50;
TxReplace = 0.5;	TxReplace = 0.3;	TxReplace = 0.6;	TxReplace = 0.5;
F = 0.8;	F = 0.8;	F = 0.9;	F = 0.5;
Cr = 0.4;	Cr = 0.3;	Cr = 0.5;	Cr = 0.5;

## Casos

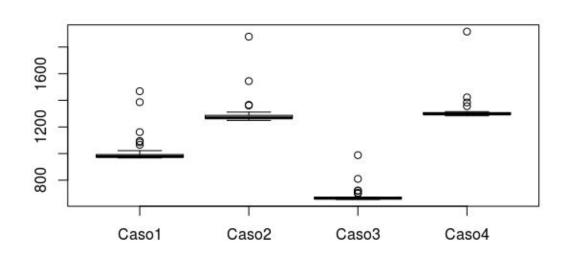
	Caso 1	Caso 2	Caso 3	Caso 4
Média	5691.9	5822.4	5712.267	5652.267*
Melhor Resultado	4389	4461	4618	4354*
Pior Resultado	6709	7421	6758*	6489
Melhor Tempo	967	1249	655*	1284

Média Geral	5719.708	Melhor Resultado	4354
-------------	----------	------------------	------

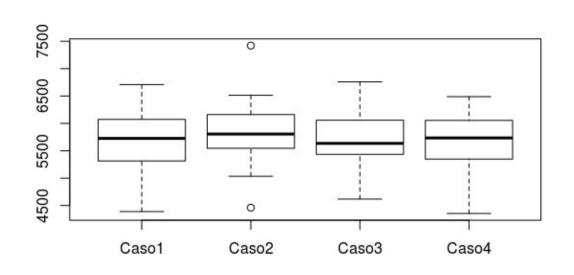
# Comparação entre as probabilidades de 'replace'

	Caso 1	Caso 2	Caso 3	Caso 4
Desvio Padrão-R	525.2124	552.31	531.2039	505.366*
Desvio Padrão-T	118.7918	121.4341	65.07539*	115.1907

# Casos - BoxPlot- Tempo



## Casos- BoxPlot-Resultado



#### P value and statistical significance:

The two-tailed P value equals 0.3522

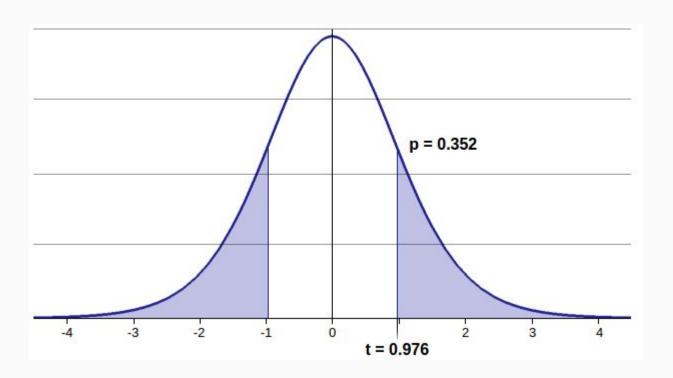
By conventional criteria, this difference is considered to be not statistically significant.

#### Confidence interval:

The mean of Caso1 minus Caso2 equals -130.50 95% confidence interval of this difference: From -409.04 to 148.04

#### Intermediate values used in calculations:

t = 0.9378 df = 58 standard error of difference = 139.152



### P value and statistical significance:

The two-tailed P value equals 0.8818

By conventional criteria, this difference is considered to be not statistically significant.

#### Confidence interval:

The mean of Caso1 minus Caso3 equals -20.37

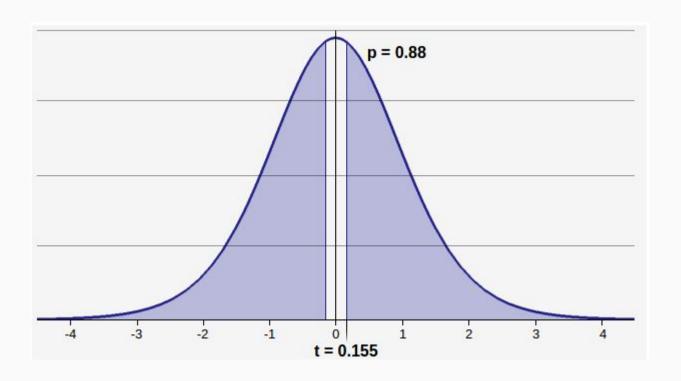
95% confidence interval of this difference: From -293.37 to 252.64

#### Intermediate values used in calculations:

t = 0.1493

df = 58

standard error of difference = 136.385



### P value and statistical significance:

The two-tailed P value equals 0.7669

By conventional criteria, this difference is considered to be not statistically significant.

#### **Confidence interval:**

The mean of Caso1 minus Caso4 equals 39.63

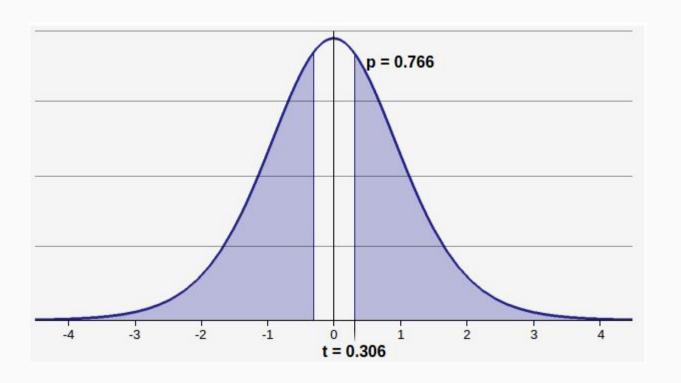
95% confidence interval of this difference: From -226.74 to 306.01

#### Intermediate values used in calculations:

t = 0.2978

df = 58

standard error of difference = 133.072



## Anova

	Summary of Data					
	Treatments	;				
	1	2	3	4	5	Total
N	30	30	30	30		120
ΣΧ	170757	174672	165421	169568		680418
Mean	5691.9	5822.4	5514.033 3	5652.266 7		5670.15
$\Sigma X^2$	97993136 1	10258565 98	94386601 5	96585000 2		39155039 76
Std.Dev.	525.2124	552.31	1045.995 8	505.366		694.709

## Anova

Result Details				
Source	SS	df	MS	
Between-treatm ents	1450360.5667	3	483453.5222	F = 1.00177
Within-treatmen ts	55981492.7333	116	482599.0753	
Total	57431853.3	119		

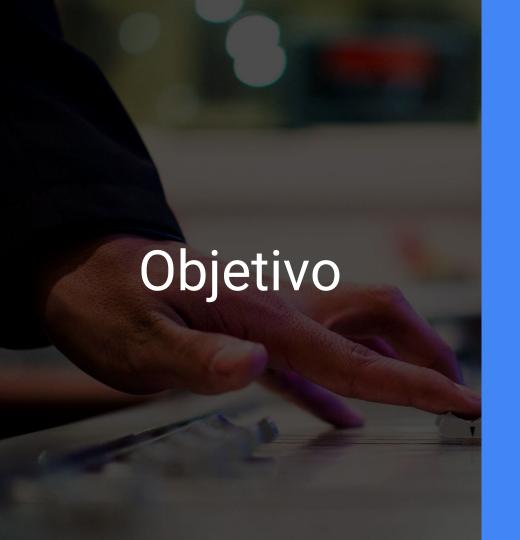
## O problema

Dados do TSP Utilizado: att48.tsp

MÉTODO HÍBRIDO

Algoritmo de Evolução Diferencial com método que busca melhorar as soluções com base no melhor resultado registrado vigente.

.....



O objetivo do trabalho foi realizar a comparação do Algoritmo Genético para o TSP, já implementado na sala, com o Algoritmo Genético com o uso da técnica desenvolvida no trabalho para o problema TSP.

## Parâmetros

Para poder realizar a comparação entre os métodos, optou-se em manter os parâmetros tamanho da população, probabilidade de crossover, probabilidade de mutação, probabilidade de busca local, número de gerações. Os valores que sofreram alteração foram os de probabilidade de 'replace'.

## Parâmetros - Valores

- Tamanho da População:1000
- Probabilidade de Crossover: 0.8
- Probabilidade de Mutação: 0.05
- Probabilidade de Busca Local: 0.8
- Número de Gerações: 100
- Número de Execuções: 30

## Probabilidade de Replace

- 0.3
- 0.5
- 0.8

# Comparação entre as probabilidades de 'replace'

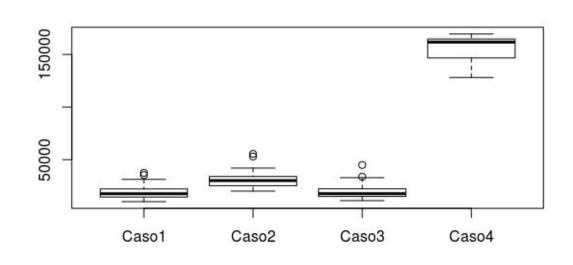
	Caso 1	Caso 2	Caso 3	Caso 4
Média	7591.433	7711.567	7790.7	5219.867*
Melhor Resultado	4514*	5746	5605	4695
Pior Resultado	10255*	8820	9625	5643
Melhor Tempo	10081*	20106	11103	128095

Média Geral	7078.392	Melhor Resultado	Caso 1 / 4514

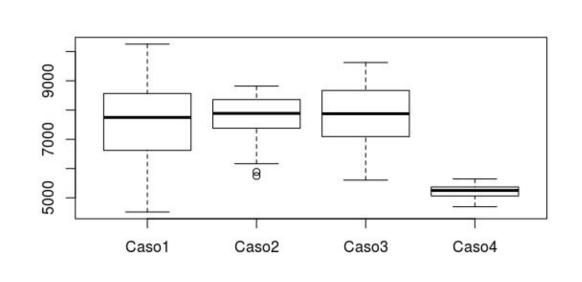
# Comparação entre as probabilidades de 'replace'

	Caso 1	Caso 2	Caso 3	Caso 4
Desvio Padrão-R	1495.177	841.5367	976.4532	215.0379
Desvio Padrão-T	7072.373	8335.878	7568.937	12214.88

# Comparação entre as probabilidades de 'replace' - BoxPlot- Tempo



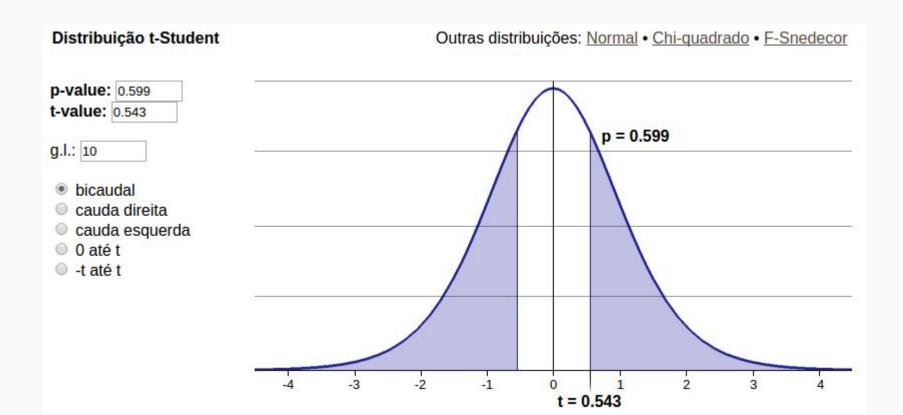
# Comparação entre as probabilidades de 'replace' - BoxPlot-Resultado



P value and statistical significance:

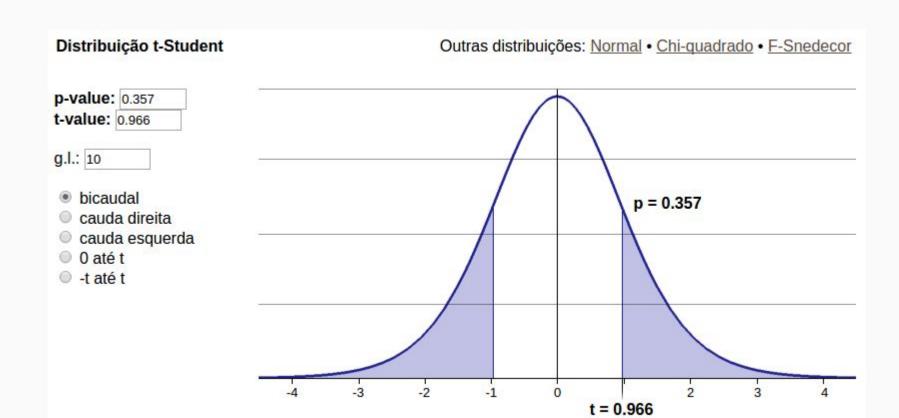
Review your data:

1 Value and Statistical Significance.			
The two-tailed P value equals 0.5999		Caso	Caso
By conventional criteria, this difference is considered to be not statistically significant.	Grou	1	3
	р		
Confidence interval:			
The mean of Caso 1 minus Caso 3 equals -166.72	Mean	7524.59	7691.31
95% confidence interval of this difference: From -799.91 to 466.46	SD	1475.31	848.96
	30	1473.51	040.90
Intermediate values used in calculations:	SEM	273.96	157.65
t = 0.5275			
df = 56	N	29	29
standard error of difference = 316.079			



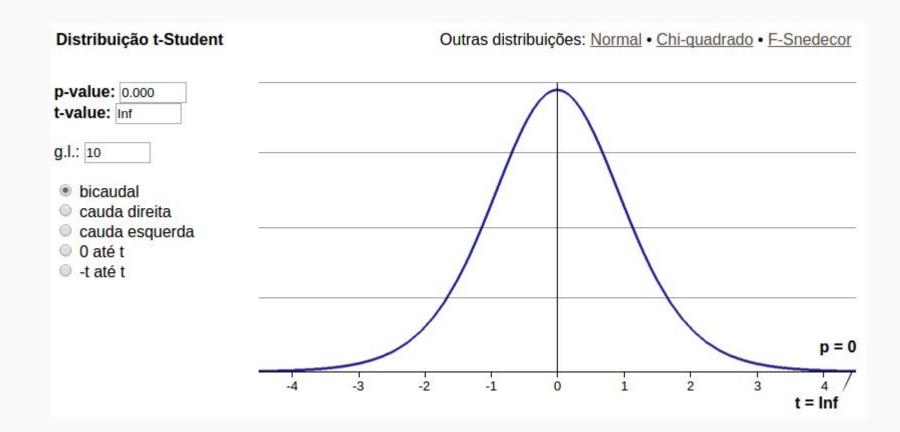
Review your data:

P value and statistical significance:			
The two-tailed P value equals 0.3576		Caso	Caso
By conventional criteria, this difference is considered to be not statistically significant.	Group	1	3
Confidence interval:	Mean	7524.59	7828.79
The mean of Caso 1 minus Caso 3 equals -304.21			
95% confidence interval of this difference: From -961.17 to 352.76	SD	1475.31	970.79
Intermediate values used in calculations:			
t = 0.9276	SEM	273.96	180.27
df = 56			
standard error of difference = 327.950	N	29	29



P value and statistical significance:  The two-tailed P value is less than 0.0001  By conventional criteria, this difference is considered to be extremely statistically significant.	Grou p	Caso 1	Caso 4
Confidence interval:	Mean	7524.59	5219.87
The mean of Caso 1 minus Caso 4 equals 2304.72 95% confidence interval of this difference: From 1759.61 to 2849.83	SD	1475.31	215.04
Intermediate values used in calculations:	SEM	273.96	39.26
t = 8.4664	N	29	30
df = 57 standard error of difference = 272.219			

### Review your data:



## Anova

Std.Dev.

1475.3142

848.9565

#### **Summary of Data Treatments** 2 3 4 5 Total Ν 29 29 29 29 116 ΣΧ 218213 223048 227035 151377 819673 Mean 7524.5862 7691.3103 7828.7931 5219.8966 7066,1466 $\Sigma X^2$ 17357117 17029059 18037979 79151327 60339289 83 48 61 7 69

970.7861

218.8441

1450.6353

Result Details				
Source	SS	df	MS	
Between-tr eatments	133146699 .819	3	44382233. 273	<i>F</i> = 45.66546
Within-trea tments	108852726 .6897	112	971899.34 54	
Total	241999426 .5086	115		