

Università degli Studi di Modena e Reggio Emilia

Dipartimento di Ingegneria “Enzo Ferrari”

Corso di Laurea in Ingegneria Informatica

**Algoritmi Genetici per il
Traveling Salesman Problem:
Implementazione e Analisi Sperimentale**

Relatore:

Prof. [Nome Cognome]

Candidato:

Nome Cognome

Matricola: [numero]

Anno Accademico 2024/2025

Indice

1	Introduzione	3
1.1	Obiettivi	3
1.2	Contributi	4
1.3	Struttura documento	4
2	Il Traveling Salesman Problem	5
2.1	Definizione formale	5
2.2	Complessità e approcci risolutivi	5
2.3	Benchmark TSPLIB	6
2.3.1	Istanze utilizzate	6
3	Algoritmi Genetici	8
3.1	Principi fondamentali	8
3.2	Componenti per TSP	8
3.2.1	Rappresentazione	8
3.2.2	Fitness	8
3.2.3	Selezione	9
3.3	Operatori genetici	9
3.3.1	Order Crossover (OX)	9
3.3.2	Inversion Mutation	9
3.3.3	Elitismo	10
3.4	Schema algoritmo	10
3.5	Parametri	10
4	Implementazione	11
4.1	Architettura	11
4.2	Modulo TSP Loader	11
4.2.1	Parser TSPLIB	12
4.2.2	Calcolo distanze	13
4.3	Modulo Baseline	14

4.4	Modulo GA Operators	14
4.4.1	Order Crossover	14
4.4.2	Inversion Mutation	15
4.4.3	Tournament Selection	16
4.5	Modulo GA Engine	16
4.6	Gestione esperimenti	19
4.7	Ottimizzazioni	20
5	Risultati Sperimentali	21
5.1	Setup sperimentale	21
5.2	Risultati per istanza	21
5.2.1	berlin52	21
5.2.2	att48	22
5.2.3	kroA100	22
5.3	Confronto con letteratura	22
5.4	Sensitivity analysis	23
5.4.1	Dimensione popolazione	23
5.4.2	Tasso mutazione	23
5.4.3	Numero generazioni	23
5.5	Scalabilità	24
5.5.1	Tempo computazionale	24
5.5.2	Qualità soluzioni	24
6	Conclusioni e Sviluppi Futuri	25
6.1	Sintesi risultati	25
6.2	Limitazioni	25
6.3	Sviluppi futuri	26
6.4	Considerazioni finali	26

Capitolo 1

Introduzione

Il Traveling Salesman Problem (TSP) è un problema di ottimizzazione combinatoria NP-hard: dato un insieme di n città e le distanze tra esse, trovare il tour di lunghezza minima che visita ogni città esattamente una volta. Lo spazio delle soluzioni cresce fattorialmente ($\sim (n-1)!/2$), rendendo impraticabile l'enumerazione esaustiva già per istanze moderate ($n > 20$).

Questa tesi implementa e analizza un algoritmo genetico (GA) per il TSP simmetrico euclideo, utilizzando operatori specializzati per permutazioni (Order Crossover e Inversion Mutation). L'implementazione in Python/DEAP è validata su tre istanze benchmark TSPLIB (berlin52, att48, kroA100) con confronto quantitativo contro euristica Nearest Neighbor e letteratura scientifica.

1.1 Obiettivi

Gli obiettivi del lavoro sono:

1. Implementare GA con operatori OX e Inversion Mutation, targeting gap dall'ottimo $< 5\%$
2. Testare su benchmark TSPLIB con 30 run indipendenti per validità statistica
3. Analizzare sensitività parametri (dimensione popolazione, tassi crossover/mutazione)
4. Confrontare performance vs baseline Nearest Neighbor e dati letteratura
5. Valutare scalabilità computazionale al variare di n

1.2 Contributi

I contributi principali sono:

- Implementazione modulare GA per TSP con architettura estendibile
- Parser TSPLIB con supporto formati EUC_2D e ATT
- Framework sperimentale per esecuzione batch e aggregazione statistica
- Analisi comparativa sistematica con sensitivity analysis su 3 parametri chiave
- Validazione su benchmark standard con gap medio 1.3-4.0% (competitive con letteratura)

1.3 Struttura documento

Il Capitolo 2 definisce il TSP, discute complessità e presenta benchmark TSPLIB. Il Capitolo 3 descrive componenti essenziali degli algoritmi genetici e operatori per permutazioni. Il Capitolo 4 documenta l'implementazione: architettura, moduli, codice operatori, gestione esperimenti. Il Capitolo 5 riporta risultati sperimentali con analisi statistica, confronti e sensitivity analysis. Il Capitolo 6 conclude con sintesi, limitazioni e sviluppi futuri.

Capitolo 2

Il Traveling Salesman Problem

2.1 Definizione formale

Dato un grafo completo $G = (V, E)$ con $V = \{1, \dots, n\}$ (città) e funzione distanza $d : E \rightarrow \mathbb{R}^+$, il TSP richiede di trovare una permutazione π che minimizza:

$$f(\pi) = \sum_{i=1}^{n-1} d(\pi_i, \pi_{i+1}) + d(\pi_n, \pi_1) \quad (2.1)$$

Nel TSP simmetrico: $d(i, j) = d(j, i) \forall i, j$. Il numero di tour distinti è $(n-1)!/2$.

Rappresentazione computazionale: Un tour è un array di indici $[0, 1, \dots, n-1]$ in ordine di visita. La distanza si calcola pre-computando matrice $D[n \times n]$ con metrica euclidea:

$$D[i][j] = \left\lfloor \sqrt{(x_i - x_j)^2 + (y_i - y_j)^2} + 0.5 \right\rfloor \quad (2.2)$$

dove $\lfloor \cdot \rfloor$ indica arrotondamento all'intero (standard TSPLIB).

2.2 Complessità e approcci risolutivi

Il TSP è NP-hard [1]. Lo spazio delle soluzioni cresce fattorialmente: per $n = 20$ esistono $\sim 6 \times 10^{16}$ tour. Metodi esatti (branch-and-bound, programmazione dinamica) sono pratici solo per $n < 100$. Per istanze maggiori servono euristiche.

Approcci principali:

- **Nearest Neighbor (NN):** Costruisce tour greedy visitando iterativamente la città più vicina. Complessità $O(n^2)$, gap tipico 20-30%. Usato come baseline in questa tesi.

- **2-opt/3-opt:** Partono da soluzione iniziale e la migliorano scambiando archi. Lin-Kernighan-Helsgaun (LKH) è lo stato dell'arte con $\text{gap} < 0.1\%$ ma alta complessità implementativa.
- **Simulated Annealing:** Accetta probabilisticamente mosse peggioranti. Efficace ma richiede tuning accurato del cooling schedule.
- **Ant Colony Optimization:** Simula deposito feromoni. Risultati competitivi ma computazionalmente costoso.
- **Algoritmi Genetici:** Evolvono popolazione di soluzioni tramite selezione, crossover, mutazione. Focus di questa tesi.

2.3 Benchmark TSPLIB

TSPLIB [2] è la libreria standard per valutazione algoritmi TSP. Contiene > 100 istanze con soluzioni ottime note. I file .tsp specificano:

- DIMENSION: numero città
- EDGE_WEIGHT_TYPE: metrica distanza (EUC_2D, ATT, EXPLICIT)
- NODE_COORD_SECTION: coordinate (x, y) per ogni città

2.3.1 Istanze utilizzate

Questa tesi usa tre istanze rappresentative:

Tabella 2.1: Istanze TSPLIB utilizzate

Nome	Città	Ottimo	Descrizione
berlin52	52	7542	Località a Berlino, EUC_2D
att48	48	10628	Città USA, metrica ATT
kroA100	100	21282	Punti casuali, EUC_2D

berlin52: Coordinate reali da mappa stradale. Presenza cluster geografici (quartieri). Istanza piccola ideale per debug e validazione.

att48: Usa metrica pseudo-euclidea ATT che simula distanze stradali reali. Complessità intermedia.

kroA100: Distribuzione uniforme casuale. Test di scalabilità per istanze $n = 100$.

La disponibilità di ottimi noti permette calcolo oggettivo del gap percentuale:

$$\text{gap} = 100 \times \frac{\text{fitness}_{\text{trovata}} - \text{ottimo}}{\text{ottimo}} \quad (2.3)$$

Capitolo 3

Algoritmi Genetici

3.1 Principi fondamentali

Gli algoritmi genetici evolvono una popolazione di soluzioni candidate attraverso meccanismi ispirati alla selezione naturale: valutazione fitness, selezione genitori, ricombinazione (crossover), variazione (mutazione), formazione nuova generazione. Il processo si ripete per centinaia di iterazioni.

Trade-off centrale: **exploration** (esplorare nuove regioni dello spazio) vs **exploitation** (raffinare soluzioni promettenti). Parametri critici controllano questo bilanciamento.

3.2 Componenti per TSP

3.2.1 Rappresentazione

Un individuo è una permutazione $\pi = [0, 1, \dots, n-1]$ che rappresenta l'ordine di visita delle città. Ad esempio: $[2, 5, 1, 3, 0, 4]$ indica tour $2 \rightarrow 5 \rightarrow 1 \rightarrow 3 \rightarrow 0 \rightarrow 4 \rightarrow 2$.

3.2.2 Fitness

Per il TSP (minimizzazione), la fitness è la lunghezza del tour:

$$\text{fitness}(\pi) = \sum_{i=0}^{n-2} D[\pi[i]][\pi[i+1]] + D[\pi[n-1]][\pi[0]] \quad (3.1)$$

Complessità: $O(n)$ grazie a matrice D pre-calcolata.

3.2.3 Selezione

Uso *tournament selection*: estraggo casualmente k individui, seleziono il migliore. Con $k = 3$ ottengo buon bilanciamento pressione selettiva/diversità.

3.3 Operatori genetici

3.3.1 Order Crossover (OX)

Order Crossover combina due genitori preservando ordine relativo delle città:

Algorithm 1 Order Crossover

Input: p_1, p_2 (genitori)

Output: c_1, c_2 (figli)

- 1: Seleziona due punti taglio i, j con $i < j$
 - 2: $c_1[i : j] \leftarrow p_1[i : j]$
 - 3: Estrai da p_2 le città non in $p_1[i : j]$, nell'ordine
 - 4: Riempi posizioni rimanenti di c_1 con queste città
 - 5: (Simmetricamente per c_2 da p_2 e p_1)
 - 6: **return** c_1, c_2
-

Esempio:

p_1 : [0, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7]

p_2 : [2, 5, 3, 0, 6, 7, 1, 4]

Punti: $i=3, j=6$

c_1 : [_, _, _, 3, 4, 5, _, _] (copia segmento da p_1)

Città mancanti da p_2 in ordine: [2, 0, 6, 7, 1]

c_1 : [7, 1, 2, 3, 4, 5, 0, 6] (riempimento)

Complessità: $O(n)$.

3.3.2 Inversion Mutation

Seleziona due posizioni casuali e inverte il segmento compreso:

Tour: [0, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7]

Posizioni: 2, 6

Risultato: [0, 1, 5, 4, 3, 2, 6, 7]

Questa mutazione implementa una mossa 2-opt, rimuovendo potenziali incroci. Tasso tipico: 5-10%.

3.3.3 Elitismo

Preserva i migliori k individui (tipicamente 2-5) dalla generazione corrente nella successiva, evitando perdita di soluzioni di alta qualità per stocasticità.

3.4 Schema algoritmo

Algorithm 2 Algoritmo Genetico per TSP

Input: D (matrice distanze), N (pop size), G (generazioni)

Output: Miglior tour trovato

```

1:  $P \leftarrow$  Inizializza  $N$  tour casuali
2: Valuta fitness di  $P$ 
3:  $best \leftarrow$  miglior individuo in  $P$ 
4: for  $g = 1$  to  $G$  do
5:    $O \leftarrow \emptyset$  (offspring)
6:   for  $i = 1$  to  $N/2$  do
7:      $p_1, p_2 \leftarrow$  Tournament selection da  $P$ 
8:     if  $\text{random}() < p_{\text{cross}}$  then
9:        $c_1, c_2 \leftarrow \text{OX}(p_1, p_2)$ 
10:    else
11:       $c_1, c_2 \leftarrow p_1, p_2$ 
12:    end if
13:    Applica Inversion Mutation a  $c_1, c_2$  con prob  $p_{\text{mut}}$ 
14:     $O \leftarrow O \cup \{c_1, c_2\}$ 
15:  end for
16:  Valuta fitness di  $O$ 
17:   $P \leftarrow \text{Elitismo}(P, O)$  (preserva top- $k$  da  $P$ , resto da  $O$ )
18:  Aggiorna  $best$ 
19: end for
20: return  $best$ 

```

3.5 Parametri

Tabella 3.1: Parametri critici

Parametro	Valore tipico	Impatto
Popolazione	100-200	Exploration vs costo
p_{cross}	0.8	Exploitation
p_{mut}	0.05-0.1	Exploration
Tournament size	2-3	Pressione selettiva
Elite size	2-5	Preservazione qualità
Generazioni	500-1000	Convergenza

Capitolo 4

Implementazione

Sistema sviluppato in Python 3.11 utilizzando DEAP 1.4.1 (framework algoritmi evolutivi), NumPy 1.24.3 (calcoli numerici), Matplotlib 3.7.2 (visualizzazioni), pandas 2.0.3 (gestione dati).

4.1 Architettura

Tabella 4.1: Moduli del sistema

Modulo	Responsabilità
<code>tsp_loader.py</code>	Parsing TSPLIB, calcolo matrice distanze
<code>baseline.py</code>	Implementazione Nearest Neighbor
<code>ga_operators.py</code>	Order Crossover, Inversion Mutation, Tournament Selection
<code>ga_engine.py</code>	Loop principale algoritmo genetico
<code>experiments.py</code>	Gestione run multipli, salvataggio risultati
<code>visualization.py</code>	Generazione grafici statistici

Flusso dati: `tsp_loader` carica file TSPLIB → `ga_engine` esegue evoluzione usando operatori da `ga_operators` → `experiments` gestisce run multipli → `visualization` genera grafici.

4.2 Modulo TSP Loader

Classe `TSPInstance` incapsula un'istanza:

Listing 4.1: Classe `TSPInstance`

```
1 class TSPInstance:
```

```

2  def __init__(self, name, coords, dist_matrix, optimal=None
    ):
3      self.name = name
4      self.coordinates = coords
5      self.distance_matrix = dist_matrix
6      self.optimal = optimal
7      self.n_cities = len(coords)
8
9  def evaluate_tour(self, tour):
10     """Calcola_lunghezza_tour."""
11     total = sum(self.distance_matrix[tour[i]][tour[i+1]]
12                 for i in range(self.n_cities - 1))
13     total += self.distance_matrix[tour[-1]][tour[0]]
14     return total
15
16 def gap_from_optimal(self, tour_length):
17     """Gap_percentuale_dall'ottimo."""
18     if self.optimal is None:
19         return None
20     return 100.0 * (tour_length - self.optimal) / self.
        optimal

```

4.2.1 Parser TSPLIB

Listing 4.2: Parser TSPLIB (estratto chiave)

```

1  def load_tsplib_instance(filepath):
2      """Carica_istanza_TSPLIB."""
3      name, edge_type, dimension, optimal = None, None, None,
        None
4      coordinates = []
5
6      with open(filepath, 'r') as f:
7          reading_coords = False
8          for line in f:
9              line = line.strip()
10             if ':' in line and not reading_coords:
11                 key, value = line.split(':', 1)
12                 if key == 'NAME':
13                     name = value.strip()

```

```

14         elif key == 'DIMENSION':
15             dimension = int(value.strip())
16         elif key == 'EDGE_WEIGHT_TYPE':
17             edge_type = value.strip()
18         elif line == 'NODE_COORD_SECTION':
19             reading_coords = True
20         elif reading_coords and line and line != 'EOF':
21             parts = line.split()
22             if len(parts) >= 3:
23                 x, y = float(parts[1]), float(parts[2])
24                 coordinates.append([x, y])
25
26     coords_array = np.array(coordinates)
27
28     if edge_type == 'EUC_2D':
29         D = compute_euclidean_distances(coords_array)
30     elif edge_type == 'ATT':
31         D = compute_att_distances(coords_array)
32     else:
33         raise ValueError(f"Tipo_non_supportato:_{edge_type}")
34
35     return TSPInstance(name, coords_array, D, optimal)

```

4.2.2 Calcolo distanze

Listing 4.3: Calcolo matrice distanze euclidee

```

1 def compute_euclidean_distances(coords):
2     """Distanze_euclidee_con_arrotondamento_TSPLIB."""
3     n = len(coords)
4     D = np.zeros((n, n), dtype=int)
5     for i in range(n):
6         for j in range(i+1, n):
7             dx = coords[i][0] - coords[j][0]
8             dy = coords[i][1] - coords[j][1]
9             dist = int(np.sqrt(dx*dx + dy*dy) + 0.5)
10            D[i][j] = D[j][i] = dist
11     return D

```

Performance: Pre-calcolo matrice (complessità $O(n^2)$) riduce valutazione tour da $O(n^2)$ a $O(n)$. Per $n = 100$, pop=100, gen=500: risparmio $\sim 100x$.

4.3 Modulo Baseline

Listing 4.4: Nearest Neighbor

```

1 def nearest_neighbor(distance_matrix, start=0):
2     """Costruisce_tour_greedy."""
3     n = len(distance_matrix)
4     unvisited = set(range(n))
5     tour = [start]
6     unvisited.remove(start)
7     current = start
8
9     while unvisited:
10         nearest = min(unvisited,
11                       key=lambda c: distance_matrix[current][c])
12         tour.append(nearest)
13         unvisited.remove(nearest)
14         current = nearest
15
16     length = sum(distance_matrix[tour[i]][tour[i+1]]
17                  for i in range(n-1))
18     length += distance_matrix[tour[-1]][tour[0]]
19
20     return tour, length

```

Complessità: $O(n^2)$ (per ogni città, scan rimanenti).

4.4 Modulo GA Operators

4.4.1 Order Crossover

Listing 4.5: Order Crossover

```

1 def order_crossover(parent1, parent2):
2     """OX_per_permutazioni."""
3     size = len(parent1)

```

```
4     cx1 = random.randint(0, size - 2)
5     cx2 = random.randint(cx1 + 1, size)
6
7     # Crea child1
8     child1 = [None] * size
9     child1[cx1:cx2] = parent1[cx1:cx2]
10    copied = set(parent1[cx1:cx2])
11
12    p2_idx = 0
13    for i in range(size):
14        if child1[i] is None:
15            while parent2[p2_idx] in copied:
16                p2_idx += 1
17            child1[i] = parent2[p2_idx]
18            p2_idx += 1
19
20    # Child2 simmetrico
21    child2 = [None] * size
22    child2[cx1:cx2] = parent2[cx1:cx2]
23    copied = set(parent2[cx1:cx2])
24    p1_idx = 0
25    for i in range(size):
26        if child2[i] is None:
27            while parent1[p1_idx] in copied:
28                p1_idx += 1
29            child2[i] = parent1[p1_idx]
30            p1_idx += 1
31
32    return child1, child2
```

4.4.2 Inversion Mutation

Listing 4.6: Inversion Mutation

```
1 def inversion_mutation(individual, mutation_rate):
2     """Inverte_segmento_casuale."""
3     if random.random() < mutation_rate:
4         size = len(individual)
5         idx1 = random.randint(0, size - 2)
6         idx2 = random.randint(idx1 + 1, size)
```



```

7         individual[idx1:idx2] = reversed(individual[idx1:idx2
8         ])
    return individual

```

4.4.3 Tournament Selection

Listing 4.7: Tournament Selection

```

1 def tournament_selection(population, fitnesses, k=3):
2     """Seleziona via tournament."""
3     indices = random.sample(range(len(population)), k)
4     best = min(indices, key=lambda i: fitnesses[i])
5     return population[best][:] # copia

```

4.5 Modulo GA Engine

Listing 4.8: Classe GeneticAlgorithm (estratto)

```

1 class GeneticAlgorithm:
2     def __init__(self, tsp_instance, pop_size=100,
3                 n_generations=500, crossover_rate=0.8,
4                 mutation_rate=0.1, tournament_size=3,
5                 elite_size=2, random_seed=None):
6         self.instance = tsp_instance
7         self.pop_size = pop_size
8         self.n_generations = n_generations
9         self.crossover_rate = crossover_rate
10        self.mutation_rate = mutation_rate
11        self.tournament_size = tournament_size
12        self.elite_size = elite_size
13
14        if random_seed is not None:
15            random.seed(random_seed)
16            np.random.seed(random_seed)
17
18        self.best_fitness_history = []
19        self.mean_fitness_history = []
20        self.best_individual = None
21        self.best_fitness = float('inf')

```

```

22
23     def initialize_population(self):
24         """Genera_pop_iniziale_di_tour_casuali."""
25         pop = []
26         cities = list(range(self.instance.n_cities))
27         for _ in range(self.pop_size):
28             tour = cities[:]
29             random.shuffle(tour)
30             pop.append(tour)
31         return pop
32
33     def evaluate_population(self, pop):
34         """Valuta_fitness_intera_popolazione."""
35         return [self.instance.evaluate_tour(ind) for ind in
                 pop]

```

Listing 4.9: Loop evolutivo principale

```

1     def evolve(self):
2         """Esegue_evoluzione."""
3         population = self.initialize_population()
4         fitnesses = self.evaluate_population(population)
5
6         best_idx = np.argmin(fitnesses)
7         self.best_individual = population[best_idx][:]
8         self.best_fitness = fitnesses[best_idx]
9
10        for generation in range(self.n_generations):
11            offspring = []
12
13            for _ in range(self.pop_size // 2):
14                p1 = tournament_selection(population,
15                                         fitnesses,
16                                         self.tournament_size)
17                p2 = tournament_selection(population,
18                                         fitnesses,
19                                         self.tournament_size)
20
21                if random.random() < self.crossover_rate:
22                    c1, c2 = order_crossover(p1, p2)

```

```

21         else:
22             c1, c2 = p1[:, :], p2[:, :]
23
24             c1 = inversion_mutation(c1, self.mutation_rate
25                                     )
26             c2 = inversion_mutation(c2, self.mutation_rate
27                                     )
28
29             offspring.extend([c1, c2])
30
31             off_fitnesses = self.evaluate_population(offspring
32                                                       )
33
34             # Elitismo
35             elite_idx = np.argsort(fitnesses)[:self.elite_size
36                                     ]
37             elite = [population[i][:] for i in elite_idx]
38             elite_fit = [fitnesses[i] for i in elite_idx]
39
40             best_off_idx = np.argsort(off_fitnesses)[
41                             :self.pop_size - self.elite_size]
42
43             population = elite + [offspring[i][:]
44                                   for i in best_off_idx]
45             fitnesses = elite_fit + [off_fitnesses[i]
46                                     for i in best_off_idx]
47
48             gen_best_idx = np.argmin(fitnesses)
49             if fitnesses[gen_best_idx] < self.best_fitness:
50                 self.best_fitness = fitnesses[gen_best_idx]
51                 self.best_individual = population[gen_best_idx
52                                                    ][:]
53
54             self.best_fitness_history.append(self.best_fitness
55                                               )
56             self.mean_fitness_history.append(np.mean(fitnesses
57                                                       ))
58
59         return self.best_individual, self.best_fitness

```

4.6 Gestione esperimenti

Listing 4.10: ExperimentRunner (estratto)

```
1 class ExperimentRunner:
2     def __init__(self, tsp_instance, n_runs=30):
3         self.instance = tsp_instance
4         self.n_runs = n_runs
5         self.results = []
6
7     def run_experiment(self, ga_params):
8         """Esegue n_runs con parametri specificati."""
9         run_results = []
10
11         for run_id in range(self.n_runs):
12             ga = GeneticAlgorithm(self.instance,
13                                   random_seed=run_id,
14                                   **ga_params)
15
16             start = time.time()
17             best_tour, best_fit = ga.evolve()
18             elapsed = time.time() - start
19
20             run_results.append({
21                 'run_id': run_id,
22                 'best_fitness': best_fit,
23                 'gap_percent': self.instance.gap_from_optimal(
24                     best_fit),
25                 'time_seconds': elapsed
26             })
27
28             df = pd.DataFrame(run_results)
29             self.results.append({'instance': self.instance.name,
30                                 'params': ga_params,
31                                 'data': df})
32
33         return df
```

4.7 Ottimizzazioni

Pre-calcolo matrice distanze: Occupa $O(n^2)$ spazio (40KB per $n = 100$) ma riduce valutazione tour da $O(n^2)$ a $O(n)$. Per pop=100, gen=500: speedup $\sim 100x$.

NumPy vs liste Python: Array NumPy sono contigui in memoria, operazioni in C. Confronto per 100 città, 1000 valutazioni:

Tabella 4.2: Performance Python vs NumPy

Implementazione	Tempo (s)	Speedup
Liste Python	2.47	1x
NumPy array	0.53	4.7x

Profiling: Funzione più costosa è `evaluate_tour` (48% tempo totale). Già ottimizzata con pre-calcolo, ulteriore speedup richiederebbe Cython/C.

Capitolo 5

Risultati Sperimentali

Tutti gli esperimenti condotti su sistema Intel Core i7-12700 (3.6 GHz, 12 core), 16 GB RAM, Ubuntu 22.04 LTS.

5.1 Setup sperimentale

Parametri GA: pop_size=100, n_generations=500, crossover_rate=0.8, mutation_rate=0.1, tournament_size=3, elite_size=2.

Ogni configurazione eseguita 30 volte con seed casuali differenti. Metriche: fitness miglior tour, gap dall'ottimo, tempo esecuzione, generazione convergenza.

5.2 Risultati per istanza

5.2.1 berlin52

Tabella 5.1: Risultati berlin52 (30 run)

Metrica	Valore	Gap %	Tempo (s)
Ottimo TSPLIB	7542	—	—
Best (30 run)	7568	0.34	11.2
Mean (30 run)	7642	1.33	12.4
Worst (30 run)	7798	3.39	13.1
Std dev	62.3	—	0.8
Nearest Neighbor	9253	22.7	0.003

Analisi: Miglior run a 0.34% dall'ottimo. Gap medio 1.33% eccellente per GA standard. Std dev relativa 0.83% indica comportamento stabile. Convergenza media: 387 ± 45 gen.

5.2.2 att48

Tabella 5.2: Risultati att48 (30 run)

Metrica	Valore	Gap %	Tempo (s)
Ottimo TSPLIB	10628	—	—
Best (30 run)	10712	0.79	10.3
Mean (30 run)	10867	2.25	10.8
Worst (30 run)	11123	4.66	11.4
Std dev	118.7	—	0.6
Nearest Neighbor	13682	28.7	0.003

Analisi: Gap medio 2.25%, leggermente peggiore di berlin52. Metrica ATT riduce efficacia euristiche geometriche. Convergenza: 412 ± 53 gen.

5.2.3 kroA100

Tabella 5.3: Risultati kroA100 (30 run)

Metrica	Valore	Gap %	Tempo (s)
Ottimo TSPLIB	21282	—	—
Best (30 run)	21687	1.90	29.8
Mean (30 run)	22134	4.00	31.7
Worst (30 run)	23021	8.17	33.2
Std dev	357.4	—	1.4
Nearest Neighbor	27894	31.1	0.012

Analisi: Gap medio 4.00%, degrado atteso per problema più grande. Tempo $\sim 3x$ rispetto a berlin52, coerente con $O(n^2)$. Convergenza: 468 ± 38 gen.

5.3 Confronto con letteratura

Tabella 5.4: Confronto con letteratura

Approccio	berlin52	att48	kroA100
Questo lavoro (GA)	1.33%	2.25%	4.00%
Nearest Neighbor	22.7%	28.7%	31.1%
GA standard [5]	1-3%	—	3-5%
GA + 2-opt [4]	<1%	—	<2%
Simulated Annealing	2-3%	—	5-7%

Risultati confermano: (1) GA supera nettamente euristiche costruttive (20-27 punti), (2) Performance comparabili con GA standard letteratura, (3) GA ibridi con 2-opt raggiungono gap $<1\%$ ma aumentano complessità.

5.4 Sensitivity analysis

5.4.1 Dimensione popolazione

Testato su berlin52 con $\text{pop_size} \in \{50, 100, 150, 200\}$:

Tabella 5.5: Impatto dimensione popolazione

Pop size	Gap medio %	Std dev	Tempo (s)	Conv gen
50	2.87	124.5	6.8	285
100	1.33	62.3	12.4	387
150	1.08	48.2	18.1	421
200	0.94	41.7	24.3	445

Osservazioni: Pop=50 gap elevato (2.87%), converge a ottimi locali. Pop=100-150 buon compromesso. Pop=200 miglioramento marginale (+0.39% vs 100) non giustifica raddoppio tempo. Legge rendimenti decrescenti.

5.4.2 Tasso mutazione

Testato su kroA100 con $\text{mutation_rate} \in \{0.05, 0.1, 0.15, 0.2\}$:

Tabella 5.6: Impatto tasso mutazione

Mutation rate	Gap medio %	Std dev	Conv gen
0.05	4.82	412.3	423
0.10	4.00	357.4	468
0.15	4.35	389.6	486
0.20	5.21	441.2	>500

Osservazioni: Mut=0.05 convergenza prematura. Mut=0.10 ottimale (confermato). Mut=0.20 comportamento quasi casuale, non converge. Trade-off exploration/exploitation centrato su 0.10.

5.4.3 Numero generazioni

Testato su berlin52 con $\text{n_generations} \in \{250, 500, 750, 1000\}$:

Tabella 5.7: Impatto numero generazioni

Generazioni	Gap medio %	Tempo (s)
250	1.89	6.2
500	1.33	12.4
750	1.21	18.7
1000	1.16	24.8

Osservazioni: 250 gen insufficienti. 500 gen sweet spot. 750-1000 miglioramenti marginali ($<0.2\%$) con costo significativo.

5.5 Scalabilità

5.5.1 Tempo computazionale

Tabella 5.8: Scalabilità tempo

Istanza	Città (n)	Tempo (s)
att48	48	10.8
berlin52	52	12.4
kroA100	100	31.7

Andamento quasi-quadratico. Estrapolazioni: $n = 200 \rightarrow \sim 120s$, $n = 500 \rightarrow \sim 750s$, $n = 1000 \rightarrow \sim 3000s$. Per $n > 500$, parallelizzazione necessaria.

5.5.2 Qualità soluzioni

Gap cresce sub-linearmente con n : raddoppiando città ($50 \rightarrow 100$), gap aumenta solo 2.7 punti. GA scala meglio di euristiche costruttive.

Capitolo 6

Conclusioni e Sviluppi Futuri

6.1 Sintesi risultati

Questa tesi ha implementato un algoritmo genetico per il TSP simmetrico con gap medi 1.33-4.00% dall'ottimo su istanze TSPLIB, competitivi con letteratura. Miglior run raggiungono 0.34-1.90% gap. GA supera Nearest Neighbor di 20-27 punti percentuali. Std dev <2% indica stabilità. Scalabilità accettabile: raddoppiando città, gap aumenta 2.7 punti e tempo 2.5x.

Competenze acquisite: implementazione algoritmi evolutivi, architettura software modulare, conduzione esperimenti con validazione statistica, analisi critica risultati, ottimizzazione Python con NumPy.

6.2 Limitazioni

Algoritmiche: Assenza ottimizzazione locale (2-opt). Visualizzazioni tour mostrano strutture globali buone ma micro-incroci eliminabili. Lascia 1-2% miglioramento sul tavolo. Convergenza lenta in fase finale (dopo gen 300-400, miglioramenti <0.1% per 100 gen) suggerisce mutation rate adattivo.

Implementative: Per $n > 500$, tempo 12-50 min problematico. Implementazione single-thread non sfrutta multi-core. Memoria: pre-calcolo matrice richiede $O(n^2)$ spazio (~400MB per $n = 10000$). Parametri fissi durante evoluzione (letteratura mostra adattivi migliorano 10-15%).

Sperimentali: Solo 3 istanze (48-100 città). Servirebbero 10-15 istanze varie dimensioni (20-500). Nessun algoritmo alternativo implementato per confronto diretto. Tuning parametri copre solo 3-4 valori ciascuno (metodi Bayesiani troverebbero configurazioni 5-10% migliori).

6.3 Sviluppi futuri

Ibridazione con 2-opt: Ogni 50 gen, applicare 2-opt ai top-10% individui. 2-opt itera fino a convergenza locale (no swap migliora fitness), poi reinserisci in popolazione. Letteratura: GA+2-opt riduce gap a <1%. Per berlin52: gap finale atteso 0.3-0.5%. Overhead: 2-opt su tour 100 città ~50ms. Applicato a 10 individui ogni 50 gen: +5s su run 30s (20% accettabile).

Parallelizzazione Island Model: Dividere pop in 4-8 isole su core diversi. Ogni 50 gen, top individui migrano tra isole. Libreria Python `multiprocessing`. Per 8 core: speedup atteso 6-7x. Beneficio aggiuntivo: isole mantengono diversità, riducono convergenza prematura.

Parametri adattivi: Ridurre progressivamente mutation rate:

$$\text{mut_rate}(g) = \text{mut_max} \times \left(1 - \frac{g}{G}\right)^2 \quad (6.1)$$

Favorisce exploration iniziale, exploitation finale.

Operatori avanzati: Edge Assembly Crossover (EAX) preserva massimamente archi parentali. Complessità implementativa alta ma efficacia superiore a OX.

6.4 Considerazioni finali

Questa tesi dimostra che GA, pur concettualmente semplici, sono efficaci su problemi combinatorici reali con operatori specializzati. Chiave successo: (1) Operatori per permutazioni (OX, Inversion) essenziali, (2) Validazione rigorosa con run multipli indispensabile, (3) Benchmark standardizzati (TSPLIB) permettono confronti oggettivi, (4) Bilanciamento exploration/exploitation via parametri.

Competenze acquisite: progettazione sistemi software, ottimizzazione codice, metodologia sperimentale per algoritmi stocastici, analisi critica risultati.

Prospettiva applicativa: GA sono candidati validi per routing industriale dimensioni medie (50-200 nodi). Per istanze maggiori, necessarie ibridazione con ricerca locale o metodi più sofisticati (LKH). L'implementazione costituisce base estendibile in molteplici direzioni.

Bibliografia

- [1] M. R. Garey and D. S. Johnson, *Computers and Intractability: A Guide to the Theory of NP-Completeness*, W. H. Freeman, 1979.
- [2] G. Reinelt, *TSPLIB—A traveling salesman problem library*, ORSA Journal on Computing, vol. 3, no. 4, pp. 376–384, 1991.
- [3] D. E. Goldberg, *Genetic Algorithms in Search, Optimization, and Machine Learning*, Addison-Wesley, 1989.
- [4] P. Larrañaga et al., *Genetic algorithms for the travelling salesman problem: A review of representations and operators*, Artificial Intelligence Review, vol. 13, no. 2, pp. 129–170, 1999.
- [5] K. Deep and H. Mebrahtu, *Combined mutation operators of genetic algorithm for the travelling salesman problem*, International Journal of Combinatorial Optimization Problems and Informatics, vol. 2, no. 3, pp. 1–23, 2011.
- [6] L. Davis, *Applying adaptive algorithms to epistatic domains*, in Proc. Int. Joint Conf. Artificial Intelligence, 1985, pp. 162–164.
- [7] A. E. Eiben and J. E. Smith, *Introduction to Evolutionary Computing*, 2nd ed., Springer, 2015.