

INSTITUTO FEDERAL DE  
EDUCAÇÃO, CIÊNCIA E TECNOLOGIA  
SÃO PAULO  
Campus Campos do Jordão

VICTOR HUGO CARLQUIST DA SILVA

**DESENVOLVIMENTO DE UM ALGORITMO GENÉTICO HÍBRIDO  
PARA A SOLUÇÃO DO PROBLEMA DOS MÚLTIPLOS  
CAIXEIROS VIAJANTES (MTSP)**

CAMPOS DO JORDÃO  
2014



VICTOR HUGO CARLQUIST DA SILVA

**DESENVOLVIMENTO DE UM ALGORITMO GENÉTICO HÍBRIDO  
PARA A SOLUÇÃO DO PROBLEMA DOS MÚLTIPLOS  
CAIXEIROS VIAJANTES (MTSP)**

Trabalho de Conclusão de Curso em Tecnologia em Análise e Desenvolvimento de Sistemas.

**BANCA EXAMINADORA**  
6 de novembro de 2014

---

**Orientador: Prof. Dr. Helton Hugo de  
Carvalho Júnior**

---

**Co-orientador: Prof. Me. André  
Malvezzi Lopes**

---

**Paulo Giovani de Faria Zeferino**

**LOCAL**

Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de São Paulo – *campus* Campos do Jordão - *campus* Campos do Jordão  
Campos do Jordão, SP



VICTOR HUGO CARLQUIST DA SILVA

**DESENVOLVIMENTO DE UM ALGORITMO GENÉTICO HÍBRIDO  
PARA A SOLUÇÃO DO PROBLEMA DOS MÚLTIPLOS  
CAIXEIROS VIAJANTES (MTSP)**

Trabalho de Conclusão de Curso em Tecnologia em Análise e Desenvolvimento de Sistemas.

**Orientador:** Prof. Dr. Helton Hugo de Carvalho Júnior

Co-orientador: Prof. Me. André Malvezzi Lopes

Co-orientador: Prof. Dr. Silvio Alexandre de Araujo

CAMPOS DO JORDÃO

2014



## SUMÁRIO

<b>Sumário . . . . .</b>	<b>3</b>
<b>1 INTRODUÇÃO . . . . .</b>	<b>7</b>
<b>2 METODOLOGIA . . . . .</b>	<b>8</b>
<b>3 PROBLEMA DO CAIXEIRO VIAJANTE - TSP . . . . .</b>	<b>9</b>
3.1 Problema dos Múltiplos Caixeiros Viajantes . . . . .	9
<b>4 ALGORITMO GENÉTICO . . . . .</b>	<b>11</b>
4.1 Operadores de cruzamento . . . . .	11
4.1.1 Cruzamento de Mapeamento Parcial - PMX . . . . .	12
4.2 Operador de mutação . . . . .	13
4.3 Algoritmo Genético Híbrido . . . . .	13
<b>5 ESTADO DA ARTE . . . . .</b>	<b>14</b>
<b>6 ALGORITMO NEAREST-NEIGHBOR (NN) . . . . .</b>	<b>15</b>
<b>7 DESENVOLVIMENTO . . . . .</b>	<b>16</b>
7.1 Parâmetros . . . . .	17
7.2 <i>Nearest-Neighbor</i> modificado . . . . .	18
7.3 Estrutura do cromossomo (indivíduo) - <i>two-part</i> . . . . .	19
7.4 Avaliação do Indivíduo ( <i>fitness</i> ) . . . . .	19
7.5 Cruzamento . . . . .	20
7.6 Mutação . . . . .	20
7.7 Desempenho . . . . .	20
7.7.1 Resultados do Problema do Caixeiro Viajante (TSP) . . . . .	21
7.7.1.1 GANN <i>versus</i> LKH . . . . .	22
7.7.2 Resultados do Problema dos Múltiplos Caixeiros Viajantes (mTSP) . . . . .	24
7.7.2.1 Múltiplos Caixeiros - GANN . . . . .	24
7.7.2.2 Múltiplos Caixeiros - GA . . . . .	25
7.7.3 Threads . . . . .	25
7.7.3.1 Threads (GANN) . . . . .	26
<b>8 TRABALHOS FUTUROS . . . . .</b>	<b>27</b>
<b>9 CONCLUSÃO . . . . .</b>	<b>28</b>

<b>Referências</b> . . . . .	<b>29</b>
<b>APÊNDICE A – CÓDIGO FONTE - MAIN.CPP</b> . . . . .	<b>31</b>
<b>APÊNDICE B – CÓDIGO FONTE - GA.H</b> . . . . .	<b>37</b>
<b>APÊNDICE C – CÓDIGO FONTE - GA.CPP</b> . . . . .	<b>40</b>

## **RESUMO**

A alta complexidade para definir a melhor rota para diversos veículos estimula o desenvolvimento de novos algoritmos computacionais para resolver este problema. Este problema pode ser definido como o problema dos múltiplos caixeiros viajantes (*Multiple Traveling Salesman Problem (MTSP)*). Portanto, foi proposto a criação de um algoritmo híbrido utilizando o Algoritmo Genético com o algoritmo *Nearest Neighbor* (NN), dividindo o espaço dos objetivos para otimizar o cruzamento dos indivíduos, diminuindo assim o número de gerações necessárias para conseguir uma rota ótima, ou quase ótima.



## **ABSTRACT**

The high complexity to define the best route for multiple vehicles motivate a development for a new algorithm to solve this problem. This problem is known as multiple Traveling Salesman Problem (*mTSP*). It was created a hybrid algorithm using Genetic Algorithm with *Nearest Neighbor* Algorithm. Executing and analyzing results of the software, it shows very efficient to solve the mTSP.



## **1 INTRODUÇÃO**

A importância do transporte veicular nos dias de hoje causa impactos positivos e negativos no meio ambiente e na sociedade, principalmente na economia mundial (DIAS; KUWAHARA, 2009).

Apesar de agilizar o transporte de pessoas e de mercadorias, os veículos também geram despesas com combustível e manutenção, entre outros fatores. Se um veículo percorrer uma menor rota, a empresa diminui custos, com, por exemplo, combustível, manutenção e tempo de entrega.

O crescimento das cidades e da complexidade rodoviária dificulta a análise da melhor rota a se percorrer. Esse problema tende a ficar mais complexo conforme aumenta a quantidade de veículos que a empresa possui. Com isso, surge a necessidade de criar *softwares* cada vez mais robustos que resolvam o problema de roteirização de veículos, encontrando o melhor caminho para os veículos percorrer, realizando suas entregas nestes pontos já pré-estabelecidos.



## 2 METODOLOGIA

O objetivo deste trabalho é desenvolver um novo algoritmo, ou otimizar um algoritmo, para encontrar a rota ótima<sup>1</sup> ou quase ótima, para o problema dos múltiplos caixeiros viajantes, consumindo menos recurso computacional, mais especificamente o tempo de execução.

Antes de se iniciar o desenvolvimento do algoritmo híbrido, foi realizado o levantamento bibliográfico sobre o assunto e debatido como otimiza-lo com o orientador do projeto.

Foi utilizado a base de testes TSPLIB desenvolvida para o Problema do Caixeiro Viajante (TSP)<sup>2</sup>, já que não foi possível encontrar uma base de testes específica para o Problema dos Múltiplos Caixeiros Viajantes (mTSP). Esta base de testes foi utilizada como referência para medir o desempenho das rotas e o tempo de execução do algoritmo híbrido desenvolvido<sup>3</sup> (RESEARCH, 2014).

Para exemplificar, foi escolhido um teste da base TSPLIB que já possuí resultados de outros algoritmos, como a distância encontrada e o tempo que o algoritmo levou para calcular a rota. O teste foi submetido ao algoritmo híbrido os resultados que ele gerou foram comparados com os resultados da base TSPLIB.

Após esses testes foram utilizados diversas configurações de cenário, modificando os parâmetros do Algoritmo Genético, que serão explicados neste trabalho, comparando o tamanho das rotas e o tempo de execução do Algoritmo Genético “tradicional” com o algoritmo híbrido para verificar a eficiência e eficácia do algoritmo desenvolvido.

---

<sup>1</sup> Quando a rota gerada por um algoritmo é o menor caminho possível, essa rota é considerada uma “rota ótima”.

<sup>2</sup> Disponível em <<http://www.math.uwaterloo.ca/tsp/world/countries.html>>

<sup>3</sup> O TSPLIB se baseia em informações geográficas do *National Imagery and Mapping Agency*



### 3 PROBLEMA DO CAIXEIRO VIAJANTE - TSP

O Problema do Caixeiro Viajante (*Traveling Salesman Problem* - TSP) consiste em estabelecer uma rota para um **único** caixeiro, passando por cada vértice do grafo apenas uma vez e retorne ao vértice de partida. O número de rotas possíveis pode ser expressa por  $(n-1)!$ , sendo  $n$  o número de pontos (vértices). O problema TSP é classificado como *NP-Hard*(ARNBORG; PROSKUROWSKI, 1989), ou seja, não existe algoritmo com limitação polinomial capaz de resolvê-lo (BENEVIDES et al., 2012).

Este problema pode ser formulado da seguinte forma:

$$\min \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^n c_{ij} x_{ij} \quad (3.1)$$

então

$$\sum_{i=1}^n x_{ij} = 1 \quad j = 1, \dots, n \quad (3.2)$$

$$\sum_{j=1}^n x_{ij} = 1 \quad i = 1, \dots, n \quad (3.3)$$

$$\{(i, j) | i, j = 2, \dots, n; x_{ij} = 1\} \text{ não contém sub-rotas}, \quad (3.4)$$

$$x_{ij} \in \{0, 1\} \forall i, j = 1, \dots, n \quad (3.5)$$

Para um grafo  $G = (V, A)$ , onde  $V$  é o conjunto de vértices e  $A$  é o conjunto de arestas, sendo  $C = (C_{ij})$  a matriz que corresponde ao custo associado com  $A$ . A matriz  $C$  é simétrica caso  $c_{ij} = c_{ji}, \forall (i, j) \in A$  e assimétrica caso contrário. A variável  $x_{ij}$  é binária, usada para indicar se a aresta foi usada na rota. As equações 3.2 e 3.3 criam uma restrição, para que haja um caminho de entrada e um caminho de saída para cada cidade. Já a equação 3.4 previne sub-rotas, ou seja, não permite um grafo desconexo (CARTER, 2003)

#### 3.1 Problema dos Múltiplos Caixeiros Viajantes

O problema dos Múltiplos Caixeiros Viajantes (*Multiple Traveling Salesman Problem* - *mTSP*) é uma extensão do TSP citado na sessão anterior. Neste problemas há mais de um caixeiro que precisar visitar um conjunto de vértices, sendo que não é permitido um caixeiro visitar uma vértice que o outro caixeiro já visitou, estabelecendo várias rotas, uma para cada caixeiro viajante.

Sendo assim, o Problema dos Múltiplos Caixeiros Viajantes torna-se mais complexo conforme o número de caixeiros aumenta, porque é necessário distribuir os vértices (cidades) da melhor possível para cada caixeiro, tentando reduzir o tamanho das rotas.

O algoritmo híbrido desenvolvido leva em consideração o tamanho da rota global, mas não leva em consideração o tamanho da rota de cada caixeiro, ou seja, o algoritmo híbrido não tenta igualar o tamanho das rotas entre os caixeiros (CARTER, 2003).

## 4 ALGORITMO GENÉTICO

Segundo Correia (2003), os Algoritmos Genéticos (AGs) são técnicas de procura e otimização baseadas em mecanismos de seleção natural.

Nas décadas de 60 e 70, John Holland e seus colegas da Universidade de Michigan criaram modelos para estudar o processo de adaptação dos seres vivos. Holland realizou diversas pesquisas e em 1975 publicou o seu livro intitulado *Adaptation in Natural and Artificial System* (HOLLAND, 1975). Hoje, este livro é considerado um dos mais importantes sobre Algoritmos Genéticos (CARVALHO, 2013).

No Algoritmo Genético, o cromossomo, também chamado de indivíduo, é representado por um conjunto de genes que armazena uma possível solução de um problema. Cada gene possui um valor que representa um vértice do grafo, sendo assim, os indivíduos são cruzados gerando novos indivíduos com sequência de genes (vértices) diferentes. Conforme a população cresce, surgem indivíduos cada vez mais aptos, ou seja, armazenam em seus cromossomos uma solução para o problema cada vez melhor, sendo que um deles será o mais apto, contendo no seu cromossomo a solução do problema, portanto, este indivíduo terá a melhor sequência de vértices, entre os indivíduos da população, pelo qual o caixeiro deverá passar.

O Algoritmo Genético possui alguns parâmetros importantes para configurar a evolução dos indivíduos, por exemplo, o tamanho da população, que indica quantos indivíduos existirão para realizar o cruzamento. Se o número da população for pequena deixará as rotas ruins (muito grandes), pois terá um pequeno conjunto para a busca da solução do problema. Já uma população muito grande pode afetar o desempenho do algoritmo, também existe a **taxa de mutação**, que define as chances de um cromossomo sofrer mutação. Uma alta taxa de mutação irá deixar o algoritmo aleatório, mas com uma baixa taxa previne que os indivíduos sejam sempre os mesmos. É preciso salientar que estes parâmetros são pertinente ao algoritmo e não ao modelo matemático.

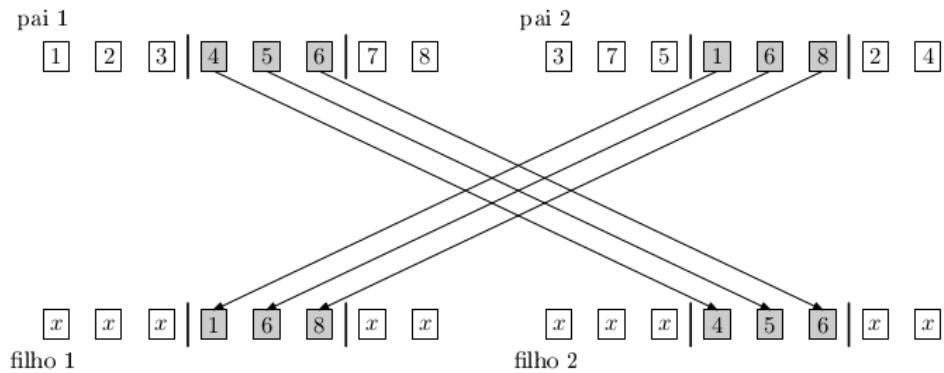
### 4.1 Operadores de cruzamento

Os operadores de cruzamento definem como ocorrerá o cruzamento entre dois indivíduos, ou seja, como será a feita a troca de uma sequência de genes entre dois indivíduos, gerando novos indivíduos na população (MALAQUIAS, 2006).

Neste trabalho foi utilizado o Cruzamento de Mapeamento Parcial, que foi utilizado no algoritmo híbrido.

#### 4.1.1 Cruzamento de Mapeamento Parcial - PMX

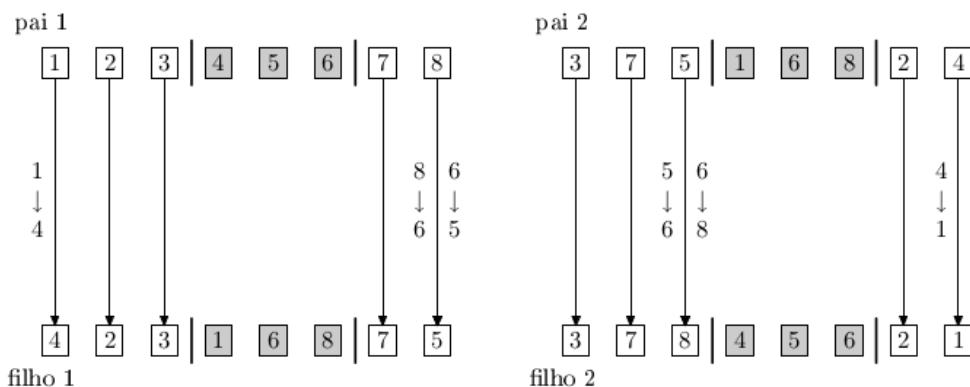
O operador de Cruzamento de Mapeamento Parcial (*Partially-mapped crossover - PMX*) seleciona e copia três genes do pai para um filho e completa o restante do cromossomo com os genes do outro pai, como a **figura 1** demonstra.



**Figura 1 – PMX - cruzamento**

Fonte:(MALAQUIAS, 2006).

Caso o cromossomo já possua o mesmo número, é escolhido outro número com o mesmo índice do pai que não esteja no cromossomo:



**Figura 2 – PMX - preenchimento**

Fonte:(MALAQUIAS, 2006).

Por exemplo, como o “filho 1” já possui o valor 1, então é pesquisado qual a posição que o valor 1 está neste vetor, no caso da **figura 2** o valor 1 está na posição 4, então o valor na posição 4 do vetor do “pai 1” é copiado para a posição 1 do vetor “filho 1”. No outro exemplo na mesma figura, na terceira posição do vetor do “filho 2”, o número 5 já existe na posição 5, sendo assim, o valor que está na posição 5 no vetor “pai 2” é o valor 6, mas este valor também existe do vetor “filho 2”, portanto é pesquisado a posição do

valor 6 no vetor “filho 2”, que neste caso é a posição 6, então copia-se o valor 8 que está na posição 6 do vetor “pai 2” para a terceira posição do vetor “filho 2”. Este processo descrito acima é repetido para todos os outros elementos vazios<sup>1</sup> dos filhos.

## 4.2 Operador de mutação

O operador de mutação define como será realizada a mutação de um cromossomo, impedindo que o programa sempre gere os mesmos indivíduos (cromossomos) (MALAQUIAS, 2006).

Foi implementado no algoritmo proposto o operador de mutação por troca *exchange mutation* (EM). Ele seleciona dois genes, aleatoriamente, do cromossomo e os troca de posição.

## 4.3 Algoritmo Genético Híbrido

Os Algoritmos Genéticos possuem o objetivo de serem robustos, ou seja, são eficientes nas soluções de problemas com complexidade *NP-HARD*, mas, estes algoritmos têm dificuldade em encontrar o caminho ótimo. Para solucionar esse problema foram criados os Algoritmos Genéticos Híbridos.

Os Algoritmos Genéticos Híbridos consistem em utilizar um outro algoritmo em conjunto com o Algoritmo Genético, produzindo algoritmos eficientes na prática (DAVENDRA, 2010).

---

<sup>1</sup> Os valores vazios são representados pelos caracteres “x” na figura 1



## 5 ESTADO DA ARTE

Existem diversos trabalhos sobre a utilização de Algoritmos Genéticos na resolução do problema do TSP. Pacheco e Fukasawa (2010), implementaram uma solução para este problema, os Algoritmos Genéticos não são eficientes na resolução do TSP em comparação com métodos determinísticos. Neste trabalho o Algoritmo Genético foi executado em um período de tempo maior e não encontrou a solução ótima em comparação com algoritmos determinísticos.

A solução apresentada por Belfiore (2006) propõe resolver os problemas de roteirização de veículos com entregas fracionadas, problema clássico de roteirização de veículos e com frota heterogênea criando o algoritmo de roteirização de veículos com frota heterogênea, restrições de janelas de tempo e entregas fracionadas(*Heterogeneous Fleet Vehicle Routing Problem with Time Windows and Split Deliveries* (HFVRPTWSD)) utilizando Algoritmo Genético (AG).

Na proposta apresentada por Sedighpour et al. (2011) para a resolução do *mTSP* com um depósito, foi criado um único cromossomo utilizando o método *two-part*, que será explicado na próxima seção. Este método mostrou-se muito eficiente.

Wu (2007) mostra que é possível calcular as rotas de múltiplos veículos utilizando AG para igualar o tempo de espera de encomendas de clientes, sendo que a variável “menor tempo da rota” não é levada em consideração.



## 6 ALGORITMO NEAREST-NEIGHBOR (NN)

O Algoritmo *Nearest-Neighbor* (NN) é classificado como um algoritmo guloso<sup>1</sup>.

O NN é um algoritmo simples de implementação, sua única tarefa é selecionar uma vértice e verificar quais vértices ao seu redor esta mais próximo desta e coloca-la como próxima vértice á ser visitada. Após isso, esse passo é repetido para a vértice escolhida.

O Algoritmo NN possuí possui uma alta complexidade,  $O((n - 1)!)$ , pois faz a comparação com todas as vértices ainda não visitadas, sendo inviável sua utilização em grafos com muitas vértices (MIYAZAWA, 2002).

---

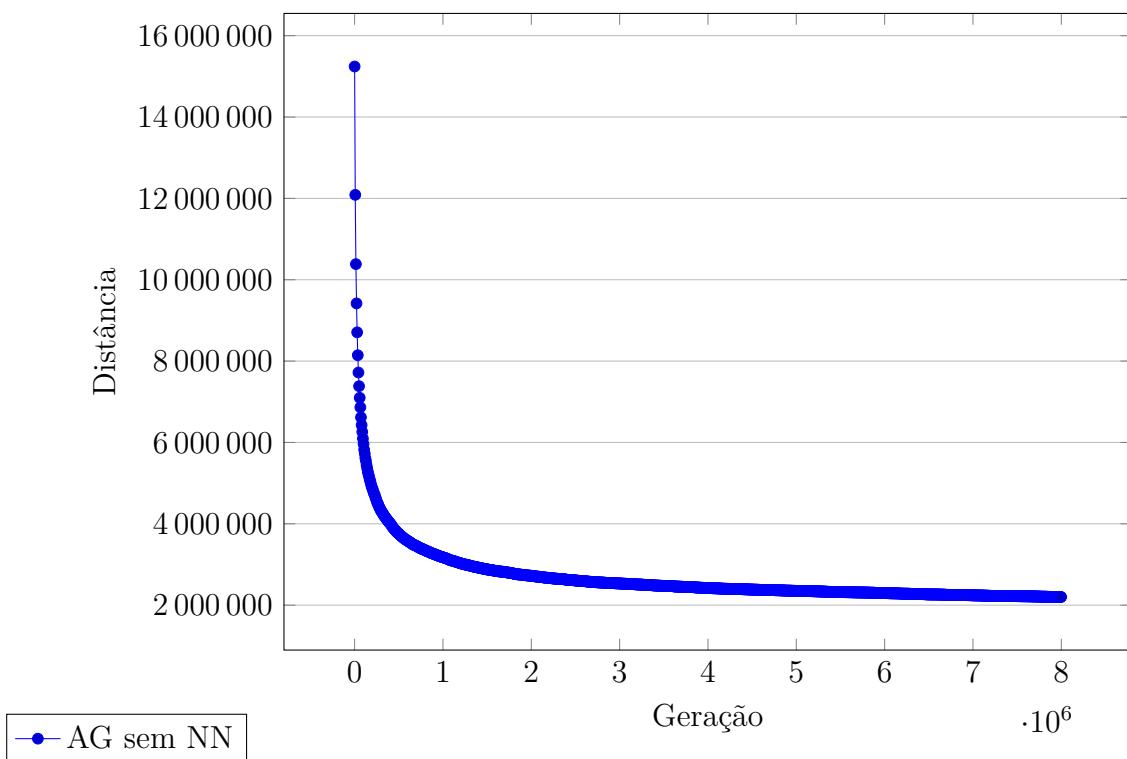
<sup>1</sup> Um algoritmo guloso preza pela menor rota localmente, sem se preocupar com o desempenho da rota globalmente



## 7 DESENVOLVIMENTO

O Algoritmo Genético Híbrido (GANN - *Genetic Algorithm with Nearest Neighbor*) proposto, utiliza os conceitos do Algoritmo Genético tradicional em conjunto com o algoritmo *Nearest-Neighbor* (NN).

O desenvolvimento do Algoritmo Híbrido foi necessário pois, como demonstra a **figura 3** o Algoritmo Genético não consegue reduzir, satisfatoriamente, a rota depois que a população atinge um certo grau de evolução, isto provavelmente ocorre por causa que a probabilidade de escolher uma aresta que pode ser otimizada diminui com o tempo, fazendo com que o algoritmo gere mudanças que não reduzem o tamanho da rota.

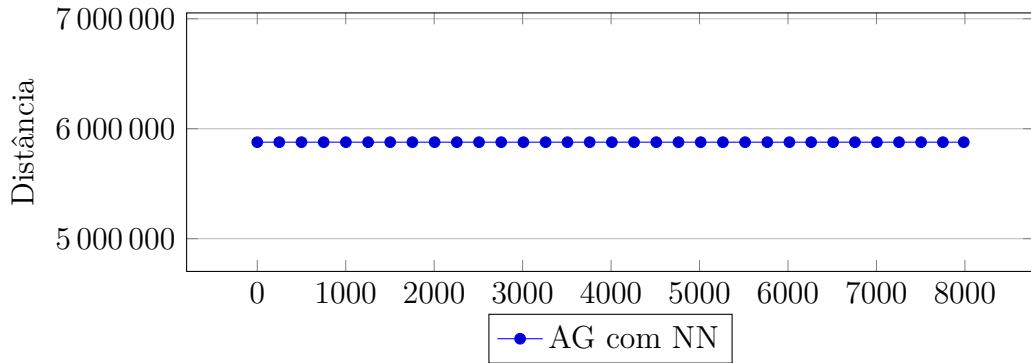


**Figura 3** – Evolução da rota utilizando AG com 2000 pontos.

Portanto, com a utilização do algoritmo *Nearest-Neighbor*, pode-se criar um indivíduo ou uma população inicial já otimizada, contudo, após a criação desses indivíduos, o Algoritmo Híbrido (Algoritmo Genético com o *Nearest-Neighbor*) não consegue evoluir a população, como a **figura 4** demonstra.

O algoritmo *Nearest-Neighbor* é utilizado para gerar a quantidade de indivíduo na população inicial definida pelo parâmetro *AmountPopulationWithNN*. Para calcular o número de indivíduos que serão gerados aleatoriamente é utilizado este cálculo:

$$\text{NúmeroDeIndividuosAleatorios} = \text{InitialPopulation} - \text{AmountPopulationWithNN} \quad (7.1)$$



**Figura 4** – Evolução da rota com o algoritmo híbrido (GANN).

Sendo que a variável *InitialPopulation* na **equação 7.1** é um parâmetro do algoritmo que armazena a quantidade total de indivíduos que a população inicial deve contém antes do processo de evolução ocorrer, como o cruzamento e a mutação.

## 7.1 Parâmetros

Segundo Carvalho (2013) os parâmetros são importantes para analisar o comportamento do algoritmo e ajustá-lo para suprir as necessidades do problema.

No algoritmo GA-NN foram implementados os seguintes parâmetros:

- **MaxPopulation:** Define o número máximo da população;
- **InitialPopulation:** Define a quantidade inicial de indivíduos dentro da população, as rotas destes indivíduos serão gerados aleatoriamente. Caso o parâmetro *InitialPopulationWithNN* for *true*,
- **InitialPopulationWithNN:** Se for igual a *true* um indivíduo da população inicial será gerado utilizando o algoritmo NN;
- **MutationRouteItself:** Se for igual a *true* a mutação ocorrerá dentro da rota de um caixeiro viajante, ou seja, os pontos da rota de um caixeiro não poderão ser trocadas com outros caixeiros. Se for igual a *false* os pontos poderão ser trocados entre os caixeiros;
- **NNsizePart:** Define o tamanho da área que os pontos serão gerados, por exemplo, se está variável possuir o valor 100, então será criada um espaço 100x100;
- **NNnPart:** Define o número de áreas que o espaço será dividido para a utilização do algoritmo NN;
- **AmountMutation:** Define quantos pares de vértices serão trocas por uma mutação.

- **RateMutation:** Define a probabilidade de um indivíduo da população sofrer mutação;
- **RateGeneration:** Define a chance de adicionar ou substituir novos indivíduos na população, por exemplo, se o parâmetro *MaxPopulation* for maior que o valor do parâmetro *Initial Population*, então os dois novos indivíduos que serão gerados por meio do cruzamento terão chances de substituir um indivíduo da população, mesmo que o número máximo da população não tenha sido atingido, ou serão adicionados sem substituir nenhum indivíduo. Após a população atingir o número máximo permitido pelo parâmetro *MaxPopulation*, apenas ocorrerá substituição dos piores indivíduos;
- **RateSalesmanMutation:** Define a probabilidade de mutação no número de pontos que cada caixeiro irá visitar, ou seja, irá afetar a segunda parte do cromossomo (*two-part*);
- **Generation:** Define o número de iterações que o programa realizará;
- **Deposit:** Define qual ponto será o depósito no qual os caixeiros irão sair;
- **Salesman:** Define o número de caixeiros viajantes;
- **SaveBetterChromo:** Se for igual a *true*, o melhor indivíduo não poderá sofrer mutação;
- **AmountThread:** Define o número de *threads* para processar as áreas do NN.

## 7.2 *Nearest-Neighbor* modificado

O algoritmo *Nearest-Neighbor* (NN) possui uma alta complexidade. Para resolver este problema, o plano cartesiano pode ser dividido em inúmeras áreas de tamanhos iguais, sendo que o número de áreas é definido pelo parâmetro *NNnPart*, sendo sempre  $NNnPart > 0$ . Com isso, pode-se aplicar o NN em cada área, sendo assim, os pontos de uma área não podem ser comparados com os pontos de outras áreas reduzindo assim a complexidade para, na melhor hipótese,  $O((\frac{n}{k} - 1)!k)$ , sendo  $n$  o número total de pontos e  $k$  o número de áreas, e na pior hipótese  $O((n - 1)!)$ , quando todos os pontos estão em apenas uma área.

O tamanho do plano cartesiano é definido pelo parâmetro *NNsizePart*, utilizando o NN, o plano cartesiano será dividido em linhas e colunas sendo que cada área, será de tamanho igual, por exemplo, se o parâmetro *NNnPart* = 4, então o plano cartesiano com os vértices será dividido em 4 linhas e 4 colunas.

### 7.3 Estrutura do cromossomo (indivíduo) - *two-part*

Cada cromossomo representa uma possível solução para o problema, então, para definir a estrutura do cromossomo do algoritmo foi utilizado o método *two-part*.

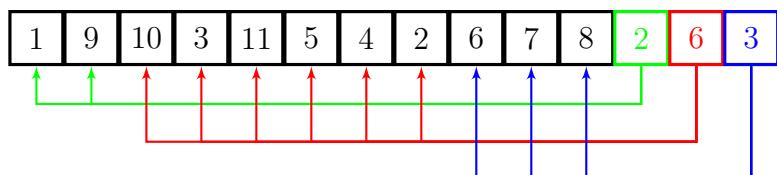
O *two-part* consiste em dividir o cromossomo em duas partes, uma parte armazena as informações da rota e a outra a informação dos caixeiros. Considere o cromossomo da **figura 5**.

1	9	10	3	11	5	4	2	6	7	8	2	6	3
---	---	----	---	----	---	---	---	---	---	---	---	---	---

**Figura 5** – Cromossomo representado pelo método *two-part*.

Os três últimos genes representam os caixeiros. Neste exemplo foi definido o ponto de partida como sendo o 0. Seguindo este raciocínio, o primeiro caixeiro terá que sair do ponto 0 e visitar dois pontos, ou seja, os pontos 1 e 9 e retornar ao ponto 0, já o segundo caixeiro terá que sair do ponto 0 e visitar seis pontos, os pontos 10, 3, 11, 5, 4 e 2 e retornar ao ponto 0 e o último caixeiro terá que sair do ponto 0 e visitar três pontos, os pontos 6, 7 e 8 e retornar ao ponto 0 (**figura 6**).

**Figura 6** – Cromossomo - *two-part*.



Fonte: O autor.

### 7.4 Avaliação do Indivíduo (*fitness*)

Para cada novo indivíduo gerado, é calculado a distância dos pontos da rota, por meio da distância euclidiana bidimensional que pode ser definida pela **equação 7.2**.

$$d = \sqrt{(x_2 - x_1)^2 + (y_2 - y_1)^2} \quad (7.2)$$

Sendo que a variável  $d$  é a distância entre dois vértices do grafo, o valor  $d$  se torna o valor do peso da aresta que liga os dois vértices.

O cálculo da distância total ( $dt$ ) é dado por:

$$d = \sum_{i=1}^c \sum_{j=1}^{a_i-1} \sqrt{(vcx_{ji} - vcx_{ji+1})^2 + (vcy_{ji} - vcy_{ji+1})^2} \quad (7.3)$$

$$dt = d + \sum_{i=1}^c (\sqrt{(depX - vcx_{i1})^2 + (depY - vcy_{i1})^2} + \sqrt{(depX - vcx_{iq})^2 + (depY - vcy_{iq})^2}) \quad (7.4)$$

Considerando que  $a$  é um vetor que representa o número total de vértices de cada caixeiro, sem considerar as arestas que estão vinculadas ao depósito,  $vcx$  e  $vcy$  são matrizes de duas dimensões, sendo que o primeiro índice representa o caixeiro e o segundo índice representa o vértice pertencente ao caixeiro do primeiro índice, que armazenam os valores de  $x$  e  $y$  respectivamente. As variáveis  $depX$  e  $depY$  armazenam as posições do depósito, onde os caixeiros irão iniciar seus trajetos, assim:

$$vcx, vcy, depX, depY \in \mathbb{R} \quad (7.5)$$

A variável  $c$  representa o número de caixeiros viajantes, e a variável  $q$  representa o valor do último vértice do caixeiro.

Na **equação 7.3** é calculado a distância das conexões entre os vértices, não considerando o depósito. Já na **equação 7.4** é adicionado a distância do depósito para o primeiro e o último vértice da rota de cada caixeiro, finalizando o cálculo da distância total.

O algoritmo considera o melhor indivíduo, aquele que tiver a menor distância total.

## 7.5 Cruzamento

O programa proposto utiliza o operador de cruzamento PMX, descrito no capítulo (4.1.1).

A cada iteração (geração) é realizado um cruzamento, para isso é selecionado, aleatoriamente, dois cromossomos da população. No cruzamento é gerado dois novos indivíduos, esses indivíduos serão avalizados pela função *fitness* e inseridos na população.

## 7.6 Mutação

O programa proposto utiliza o operador de mutação EM (*Exchange Mutation*), descrito no capítulo 4.2. A chance do cromossomo sofrer mutação é definida no parâmetro *RateMutation*, sendo que  $\{RateMutation \in \mathbb{R} \mid 0 \leq RateMutation \leq 1\}$ . O parâmetro *AmountMutation*, considerando que  $\{AmountMutation \in \mathbb{N}^*\}$ , estabelece quantos pares de genes (vértices) do cromossomo serão trocados.

## 7.7 Desempenho

Para mensurar o desempenho do algoritmo foram realizados diversos teste com parâmetros diferentes, levando em consideração o tamanho da rota e o tempo de execução. A

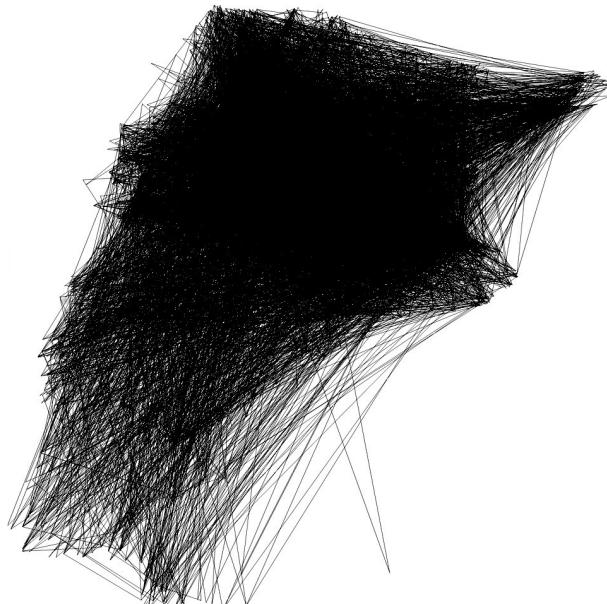
base de testes TSPLIB foi utilizada apenas para validar o algoritmo, pois esta base apenas contem testes para o problema do caixeiro viajante, sendo que o algoritmo proposto tentar solucionar o problema dos múltiplos caixeiros viajantes.

O algoritmo foi implementado utilizando a linguagem C++ e os resultado gráficos das rotas foram gerados pela biblioteca BITMAPIMG<sup>1</sup>. O computador que executou os testes possui processador Intel®Core™ i5 2,4Hz, 4GB de memória RAM. É necessário ressaltar que os tempos de execuções entre os resultados da base de testes TSPLIB e o algoritmo desenvolvido pelo autor possuem discrepâncias, pois as arquiteturas dos processadores são diferentes, exceto o teste PR2392, portanto, os testes entre esses resultados são utilizados para, apenas, validar o algoritmo.

### 7.7.1 Resultados do Problema do Caixeiro Viajante (TSP)

É necessário medir o desempenho do Algoritmo Híbrido contra o Problema do Caixeiro Viajante, pois com os resultados é possível se ter uma base de comparação para constatar se o Algoritmo Híbrido está sendo executado corretamente, já que não foi possível encontrar nenhuma base de testes para o problema dos múltiplos caixeiros viajantes.

**Figura 7** – Teste utilizando o Algoritmo Genético - Argentina.



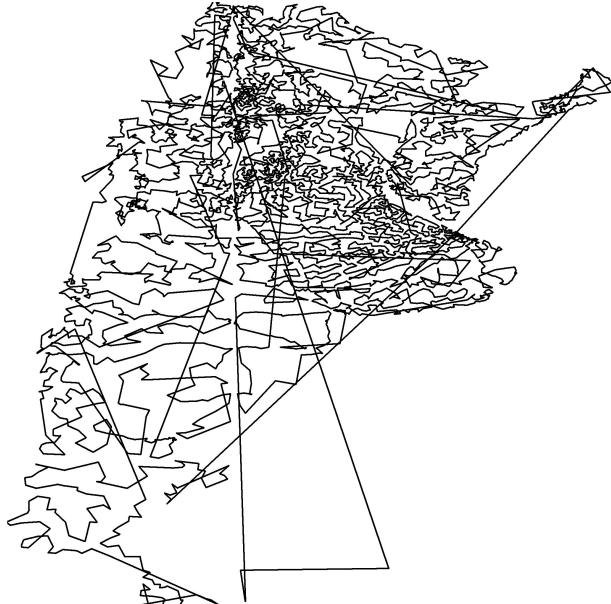
Fonte: o autor.

Foram utilizados três testes da base de dados do *TSPLIB*. Os testes escolhidos contém todas as cidades da Argentina (9152 cidades), China (71.009 cidades) e um teste denominado PR2392 (2392 pontos) fornecido pela *Tektronics Incorporated* e armazenado no *TSPLIB*.

<sup>1</sup> A biblioteca BITMAPIMG foi desenvolvida pelo autor e está disponível em <<https://github.com/VictorCarlquist/BITMAPIMG>>

A rota ótima para o Problema do Caixeiro Viajante (TSP) utilizando à Argentina é de 837.479km. O melhor algoritmo para este problema, encontrou a rota ótima em 24.301 segundos (aproximadamente 6 horas e 45 minutos) sendo executado em uma arquitetura Sun Ultra 80 450 MHz.

**Figura 8** – Teste utilizando o Algoritmo *Nearest-Neighbor* - Argentina.



Fonte: o autor.

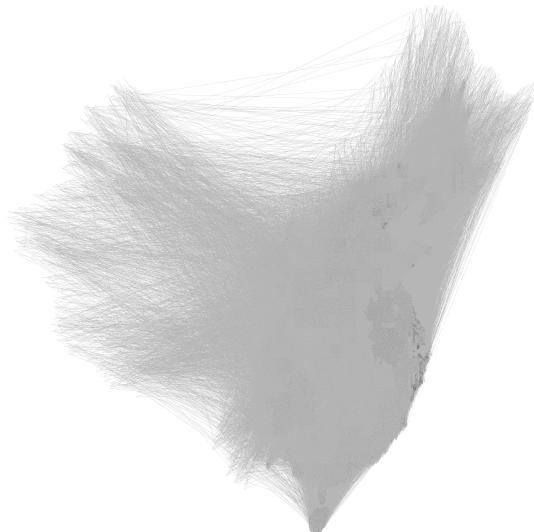
Executando o teste com as cidades da Argentina utilizando o Algoritmo Genético “tradicional”, foi gerado uma rota com tamanho de 67.889.725,27km (**figura 7**) e com o Algoritmo Híbrido (GANN), gerou uma rota com tamanho de 1.182.405,53km (**figura 8**), ambos com apenas um caixeario. Isso demonstra que o algoritmo desenvolvido pode ser utilizado para se ter uma solução rápida, mas com uma qualidade menor, no Problema do Caixeiro Viajante, a rota gerada foi 41,18% maior, tendo um tempo de execução de 13,41 segundos. Utilizando apenas o *Nearest-Neighbor* modificado, o tempo de execução é reduzido para, aproximadamente, 1,16 segundo com o mesmo tamanho de 1.182.405,53km.

Os teste com as cidades da China utilizando apenas o Algoritmo Genético resultaram em uma rota de 804.136.489,44km (**figura 9**), executado em 97,53 segundos com 8000 gerações, e utilizando o GANN, o tamanho da rota foi de 5.884.954,34km, executado em 75,93 segundos (**figura 10**). Uma rota ótima já encontrada, segundo o TSPLIB, é de 4.566.563km com o tempo de execução de 72.945 segundos utilizando um processador Sun Ultra 80 450 MHz.

#### 7.7.1.1 GANN versus LKH

O melhor algoritmo que é utilizado para gerar as menores rotas do TSPLIB é o LKH (Lin-Kernighan). Este algoritmo é especializado em *exchanges* (trocas), ou seja, é reali-

**Figura 9** – Teste utilizando o Algoritmo Genético - China.



Fonte: o autor.

**Figura 10** – Teste utilizando o GANN - China.



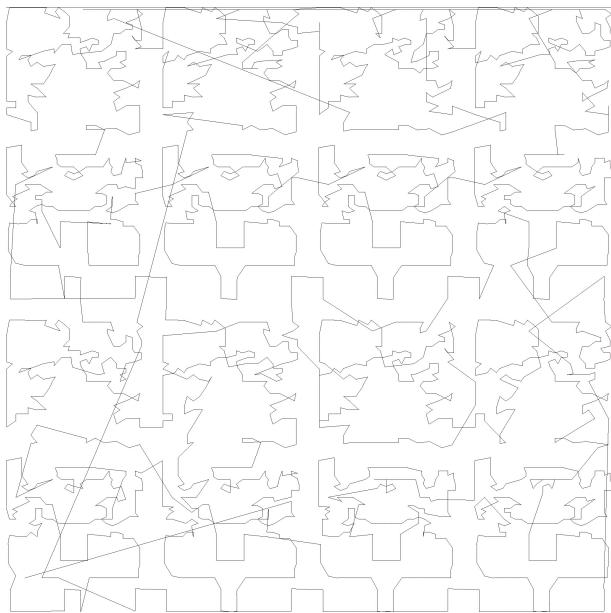
Fonte: o autor.

zados diversos trocas de arestas entre os vértices, obtendo, assim, demonstrando ser um poderoso algoritmo para resolver o Problema do Caixeiro Viajante (HELSGAUN, 2007).

Foi executado o teste PR2392 (2392 pontos) utilizando o LKH e o GANN, sendo que ambos foram executados no mesmo computador<sup>2</sup>. Neste teste o LKH gerou uma rota com 378.032km em 0,70 segundos, já o algoritmo GANN gerou 481.994,76km em 0,30 segundos (**figura 11**). O algoritmo GANN, apesar de não gerar a melhor rota, é eficiente em encontrar uma solução aceitável em um menor tempo.

<sup>2</sup> Processador Intel®Core™ i5 2,4Hz com 4GB de memória RAM.

**Figura 11** – Resultado do teste PR2392 gerado por GANN.



Fonte: o autor.

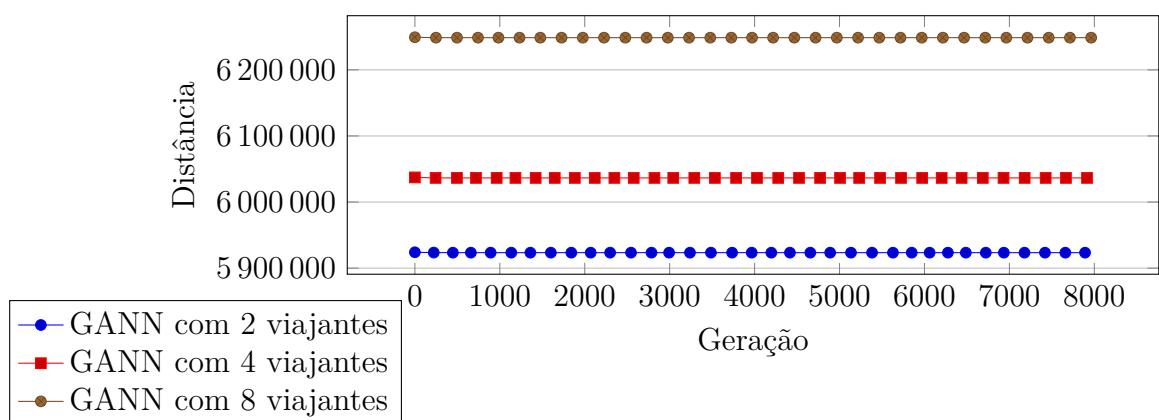
## 7.7.2 Resultados do Problema dos Múltiplos Caixeiros Viajantes (mTSP)

### 7.7.2.1 Múltiplos Caixeiros – GANN

O Algoritmo Híbrido mostrou-se eficiente na solução do Problema dos Múltiplos Caixeiros Viajantes (mTSP), pois o tempo de execução se manteve o mesmo com diversos caixeiros, apesar da rota aumentar conforme o número de caixeiros aumenta também.

Como a **figura 12** apresenta, o tamanho da rota aumenta conforme o número de caixeiros também aumenta.

**Figura 12** – Evolução da rota com diversos caixeiros viajantes (GANN).

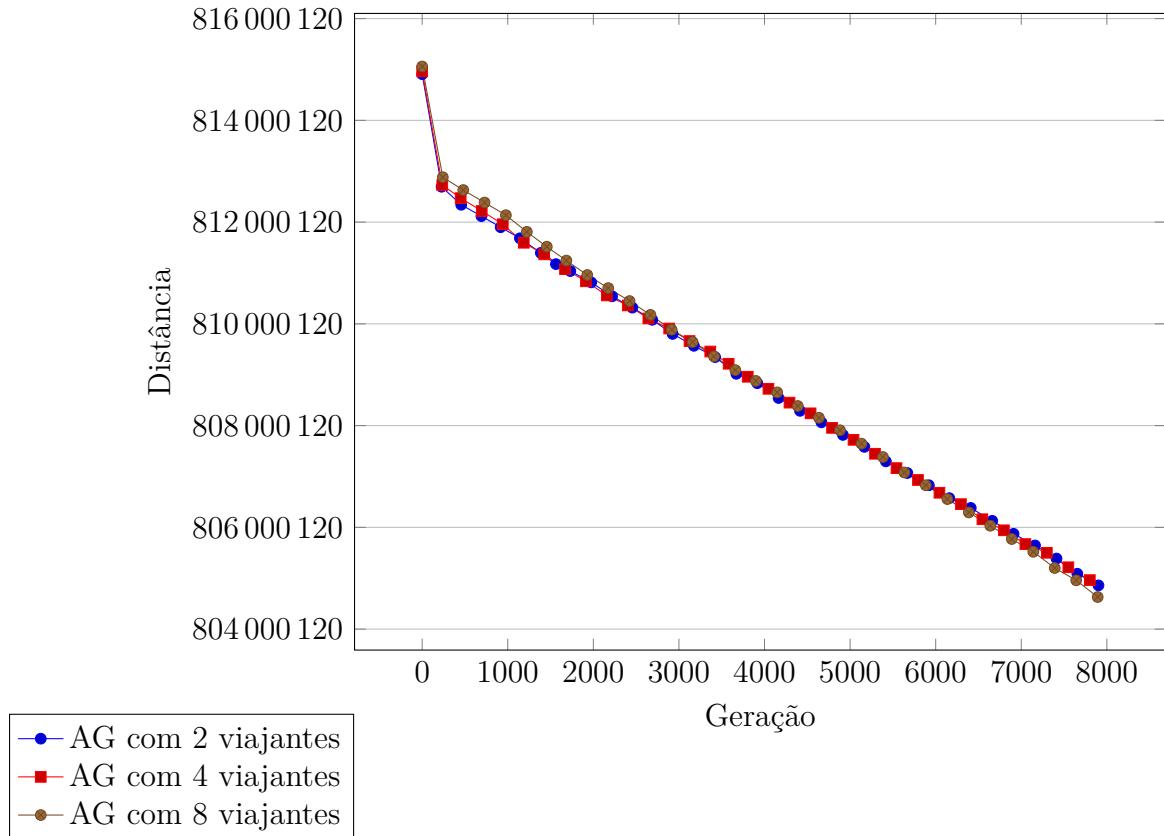


Fonte: o autor.

### 7.7.2.2 Múltiplos Caixeiros - GA

Apesar de que o Algoritmo Genético não é eficiente na solução do Problema dos Múltiplos Caixeiros Viajantes (mTSP), foram realizados testes para verificar o comportamento do algoritmo utilizando apenas o Algoritmo Genético com múltiplos caixeiros viajante.

**Figura 13** – Evolução da rota com diversos viajantes (GA).



Fonte: o autor.

A figura 13 demonstra que, apesar de que cada teste possui um número de caixeiros diferentes, todos os resultados tem um comportamento semelhante. Vale salientar que o resultado com 8 caixeiros iniciou-se com a maior rota e terminou com o melhor resultado das 3 soluções expostas nesta figura.

### 7.7.3 Threads

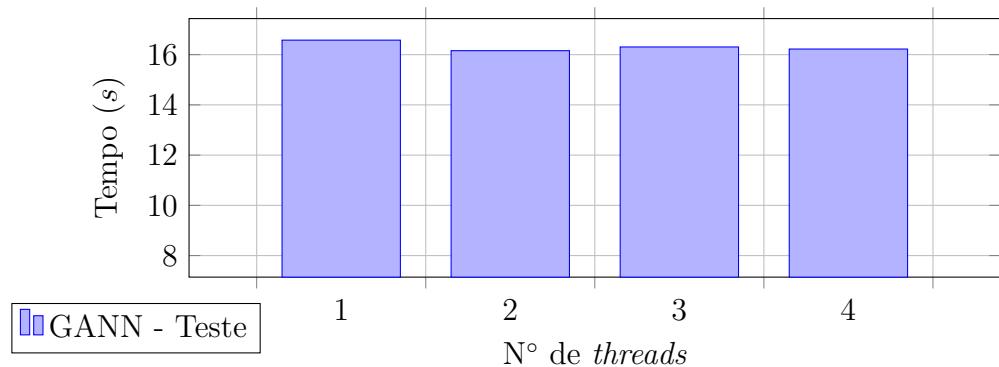
Uma *thread* possui um ID, um contador de programa, um conjunto de registradores e uma pilha. Também compartilha com outras *threads* em um mesmo processo a seção de código, seção de dados e outros recursos do sistema operacional (SO), como arquivos abertos e sinais. O processo tendo mais de uma *thread*, significa que é possível realizar mais de uma tarefa ao mesmo tempo (SILBERSCHATZ, 2008).

### 7.7.3.1 *Threads* (GANN)

Foram implementados *threads* para otimizar o tempo de execução do *Nearest-Neighbor*.

O parâmetro *NNnPart* define a quantidade de áreas que o espaço será dividido, essas áreas serão distribuídas igualmente para cada *thread*, dividindo a carga de processamento entre os núcleos, caso o *hardware* tenha mais que um processador ou núcleo (*core*).

**Figura 14** – Desempenho do algoritmo utilizando *threads*.



Fonte: o autor.

A **figura 14** mostra que nos 4 testes realizados, a utilização das *threads* não tem impacto no tempo de execução, a razão deste resultado precisará ser investigado em um trabalho futuro, pois a implementação do algoritmo está tendo um falso paralelismo, pois o tempo de execução sempre continua inalterado, mesmo aumentando o número de *threads*.



## **8 TRABALHOS FUTUROS**

Como apresentado nesta pesquisa, o Algoritmo Genético mostrou-se eficiente em uma população gerada aleatoriamente, mas com a utilização do algoritmo *Nearest Neighbor* modificado, para gerar a população inicial, o Algoritmo Genético não consegue evoluir a população com eficácia, pois é necessário muitas gerações para haver uma melhoria na rota.

Em um trabalho futuro poderia ser adicionado novos algoritmos para gerar a população inicial e realização dos cruzamentos dos cromossomos. Com essas implementações a probabilidade do Algoritmo Genético evoluir a população poderia aumentar.

Um segunda abordagem para otimizar a solução poderia ser em adicionar novas análises ao algoritmo *Nearest Neighbor*, fazendo com que a análise de seus vizinhos seja melhor gerenciada, podendo eliminar o Algoritmo Genético.

A implementação de *threads* utilizando GPUs (*Graphics Processing Unit*) poderia deixar mais rápido o algoritmo, já que cada geração do algoritmo genético ou a otimização de cada parte (área) do *Nearest Neighbor* pode ocorrer separadamente.



## **9 CONCLUSÃO**

O Algoritmo Híbrido proposto demonstra que o



## REFERÊNCIAS

- ARNBORG, S.; PROSKUROWSKI, A. Linear time algorithms for np-hard problems restricted to partial k-trees. *Elsevier Science Publishers*, Março 1989.
- BELFIORE, P. P. *Scatter search para Problemas de Roteirização de Veículos com Frota Heterogênea, Janelas de Tempo e Entregas Fracionadas*. Tese (Doutorado) — Escola Politécnica da Universidade de São Paulo. Departamento de Engenharia de Produção., 2006.
- BENEVIDES, P. F. et al. Aplicação e análise de alguns procedimentos de construção de rota para o problema do caixeiro viajante. *Revista Ingeniería Industrial*, p. 17–25, 2012.
- CARTER, A. E. *Design and Application of Genetic Algorithms for the Multiple Traveling Salesperson Assignment Problem*. Tese (Doutorado) — Virginia Polytechnic Institute and State University, 2003.
- CARVALHO, A. P. de Leon F. de. *Algoritmos Genéticos*. 2013. Disponível em: <<http://www2.icmc.usp.br/~andre/research/genetic/>>.
- CORREIA, M. Algoritmos genéticos. *dosalgarves*, p. 36–43, junho 2003.
- DAVENDRA, D. *Traveling Salesman Problem, Theory, and Applications*. [S.l.]: InTech, 2010.
- DIAS, I. P. da S.; KUWAHARA, M. Y. Sistema de transporte público urbano da rmsp e seus impactos ambientais. *Jovens Pesquisadores*, Janeiro 2009.
- HELSGAUN, K. *An Effective Implementation of K-opt Moves for the Lin-Kernighan TSP Heuristic*. [S.l.]: Roskilde University, 2007.
- HOLLAND, J. H. *Adaptation in Natural and Artificial Systems*. [S.l.]: University of Michigan Press, 1975.
- MALAQUIAS, N. G. L. *Uso dos algoritmos genéticos para a otimização de rotas de distribuição*. Dissertação (Mestrado) — Universidade Federal de Uberlândia, 2006.
- MIYAZAWA, F. K. *Otimização*. 2002. Disponível em: <<http://www.ic.unicamp.br/~fkm/lectures/otimo.pdf>>.
- PACHECO, M. A.; FUKASAWA, R. Resolução do problema do entregador viajante. *Revista de Inteligência Computacional Aplicada*, n. 4, 2010.
- RESEARCH, O. of N. *The Traveling Salesman Problem*. 2014. Disponível em: <<http://www.math.uwaterloo.ca/tsp/index.html>>.
- SEDIGHPOUR, M.; YOUSEFIKHOSHBAKHT, M.; DARANI, N. M. An effective genetic algorithm for solving the multiple traveling salesman problem. *Journal of Optimization in Industrial Engineering*, p. 73–79, 2011.
- SILBERSCHATZ, A. *Sistemas operacionais com Java*. [S.l.]: Elsevier, 2008.

WU, L. *O problema de roteirização periódica de veículos*. Tese (Doutorado) — Escola Politécnica da Universidade de São Paulo. Departamento de Engenharia de Transportes., 2007.

## APÊNDICE A – CÓDIGO FONTE - MAIN.CPP

```
/*
 * Author: Victor Carlquist
 * Date: 22/09/2014
 * IFSP - Campos do Jordão
 * e-mail: victorcarlquist@gmail.com
 */

#include <iostream>
#include <cstdlib>
#include <ctime>
#include <fstream>
#include <cstring>
#include <search.h>
#include <algorithm>

#include <float.h>
#include <cmath>

#define BMP_WIDTH 2048
#define BMP_HEIGHT 2048
#define TOTAL_COLOR 14
uint8_t COLORS[TOTAL_COLOR][3] = {
    {255, 0, 0},
    {0, 0, 0},
    {0, 0, 255},
    {255,255,0},
    {0,255,0},
    {255, 0, 255},
    {0, 255, 255},
    {0, 255, 255},
    {144, 238, 144},
    {139, 0, 0},
    {139, 0, 139},
    {0, 139, 139},
    {0, 0, 139},
    {79, 79, 79}
};
extern "C"{
    #include "bitmap.h"
}
#include "ga.h"

using namespace std;

vector<string> split(const string& s, const string& delim, const bool keep_empty = true) {
    vector<string> result;
    if (delim.empty()) {
        result.push_back(s);
        return result;
    }
    string::const_iterator substart = s.begin(), subend;
    while (true) {
        subend = search(substart, s.end(), delim.begin(), delim.end());
        string temp(substart, subend);
        if (keep_empty || !temp.empty()) {
```

```

        result.push_back(temp);
    }
    if (subend == s.end()) {
        break;
    }
    substart = subend + delim.size();
}
return result;
}

void loadCity(GA *world, string path)
{
    string line;
    ifstream myfile (path);

    if (myfile.is_open()) {
        vector<string> c = split(line, " ");
        while (getline (myfile,line)) {
            c = split(line, " ");
            //cout<< c[0] << " " << c[1] << " " << c[2] << "\n";
            //if (c[0] != "7179")
                world->setCity(atof(c[1].c_str()),atof(c[2].c_str()),atoi(c[0].c_str()));
        }
        myfile.close();
        cout<< "Loaded file.\n";
    }
    else
        cout << "Unable to open file";
}

void loadCityWorld(GA *world)
{
    string line;
    ifstream myfile ("../world.tsp");

    if (myfile.is_open()) {
        vector<string> c = split(line, " ");
        while (getline (myfile,line)) {
            c = split(line, " ");
            //cout<< c[0] << " " << c[1] << " " << c[2] << "\n";
            world->setCity(atof(c[1].c_str())+200, atof(c[2].c_str())+200, atoi(c[0].c_str()))
            ;
        }
        myfile.close();
        cout<< "Loaded file.\n";
    }
    else
        cout << "Unable to open file";
}

int main(int argc, char *argv[]){
    srand(11111);

    clock_t begin, end;
    double time_spent;

    begin = clock();

    if (argc == 2) {
        if (strcmp(argv[1], "-h") == 0) {

```

```

        std::cout << "Parameter\n"
        "world.MaxPopulation          = 20;\n"
        "world.InitialPopulation      = 10;\n"
        "world.InitialPopulationWithNN = true;    utilizar o algortimo Nearest Neighbor\
n"
        "world.AmountPopulationWithNN = 1;" 
        "world.MutationRouteItself    = true;    realiza a mutação em cada rota de cada
         viajante, sem afetar a outra\n"
        "world.NNsizePart            = 382;      Arg: 75000 world:382 Tamanho de cada
         regiao para a divisao do Nearest neighbor\n"
        "world.NNnPart                = 40;       Arg: 4 World: 300 ou 40 Quantidade de
         regioes para a divisao do Nearest neighbor\n"
        "world.RateGeneration         = 0;        taxa de substituição dos individuos\n"
        "world.AmountMutation         = 1;        número randomico entre 0 e |
         AmountMutation|\n"
        "world.RateMutation           = 1;        quantidade de mutação\n"
        "world.RateSalesmanMutation  = 0;        taxa de mutação\n"
        "world.Generation             = 5000;" 
        "world.Deposit                = 1;        O deposito está na cidade 1\n"
        "world.Salesman               = 10;\n"
        "world.SaveBetterChromo      = true;     Evita que o melhor individuo sofra
         mutação\n"
        "world.AmountThread           = 4;\n";
        pthread_exit(NULL);
    }
    pthread_exit(NULL);
}

GA world;
if (argc == 1) {
    world.MaxPopulation          = 20;
    world.InitialPopulation      = 10;
    // Utilizar o algortimo Nearest Neighbor.
    world.InitialPopulationWithNN = true;
    // Quantidade NN gerado na populacao inicial
    world.AmountPopulationWithNN = 1;
    // realiza a mutação em cada rota de cada viajante, sem afetar a outra
    world.MutationRouteItself    = true;
    // pp: 16000 China: 150000 Arg: 75000 world:382
    // Tamanho de cada regiao para a divisao do Nearest neighbor
    world.NNsizePart            = 16000;
    // Arg: 4 World: 300 ou 40
    // Quantidade de regioes para a divisao do Nearest neighbor
    world.NNnPart                = 1;
    // taxa de substituição dos individuos
    world.RateGeneration         = 0;
    // número randomico entre 0 e |AmountMutation|
    world.AmountMutation         = 1;
    // taxa de mutação
    world.RateMutation           = 0.1;
    // taxa de mutação
    world.RateSalesmanMutation  = 0;
    world.Generation             = 10;
    // O deposito está na cidade 1
    world.Deposit                = 1;
    world.Salesman               = 1;
    //Evita que o melhor individuo sofra mutação
    world.SaveBetterChromo      = true;
    // Numero de threads do NN
    world.AmountThread           = 1;
}

```

```

loadCity(&world, "../pr2392.tsp");
} else {
    world.MaxPopulation          = std::atoi(argv[1]);
    world.InitialPopulation     = std::atoi(argv[2]);
    world.InitialPopulationWithNN = (strcmp(argv[3], "true") == 0) ? true : false; // utilizar o algortimo Nearest Neighbor
    world.AmountPopulationWithNN = std::atoi(argv[4]); // realiza a mutação em cada rota de cada viajante, sem afetar a outra
    world.MutationRouteItself   = (strcmp(argv[5], "true") == 0) ? true : false; // world.NNsizePart           = std::atoi(argv[6]); // Arg: 75000 //world :382 // Tamanho de cada regiao para a divisao do Nearest neighbor
    world.NNnPart                = std::atoi(argv[7]); // Arg: 4 World: 300 ou 40 // Quantidade de regioes para a divisao do Nearest neighbor
    world.RateGeneration         = std::atof(argv[8]); // taxa de substituição dos individuos
    world.AmountMutation         = std::atoi(argv[9]); // número randomico entre 0 e |AmountMutation|
    world.RateMutation           = std::atof(argv[10]); // taxa de mutação
    world.RateSalesmanMutation   = std::atof(argv[11]); // taxa de mutação
    world.Generation             = std::atoi(argv[12]);
    world.Deposit                = std::atoi(argv[13]); // O deposito está na cidade 0(zero)
    world.Salesman               = std::atoi(argv[14]);
    world.SaveBetterChromo       = (strcmp(argv[15], "true") == 0) ? true : false; // Evita que o melhor individuo sofra mutação
    world.AmountThread            = std::atoi(argv[16]);
    loadCity(&world, argv[17]);
}

unsigned int i,j,k,m;
//for (i=0;i<argc;++i)
//cout << argv[i] << " ";
//for (i=0;i<3000;++i)
//world.setCity(rand()%world.NNsizePart,rand()%world.NNsizePart,i);
/*
loadCityWorld(&world);
world.setCity(5,5,0);
world.setCity(1,5,1);
world.setCity(2,6,2);
world.setCity(3,2,3);
world.setCity(4,3,4);
world.setCity(6,7,5);
world.setCity(2,5,6);
world.setCity(2,3,7);
world.setCity(3,1,8);
world.setCity(4,4,9);
*/
ofstream myfile;
GA::Chromossome *a;

myfile.open("gnuplot.conf");
myfile << "set term png size 1000,1000 font \"Helvetica,10\"\n" \
        "set output 'output.png'\n" \
        "set size square\n" \
        "unset key; unset tics; unset border\n";
if (world.Salesman == 1)
    myfile << "plot 'route0.txt' using 1:2 with linespoint, 'route0.txt' using 1:2:3 with \
        labels font 'Helvetica,1' offset 0.7 notitle\n";
else

```

```

myfile << "plot 'route0.txt' using 1:2 with linespoint, 'route0.txt' using 1:2:3 with
      labels font 'Helvetica,1' offset 0.7 notitle, \\\n";
for (j=1;j<world.Salesman;++j) {
    if (j != world.Salesman-1)
        myfile << "'route"<< j <<".txt' using 1:2 with linespoint, 'route"<< j <<".txt'
                  using 1:2:3 with labels font 'Helvetica,1' offset 0.7 notitle, \\\n";
    else
        myfile << "'route"<< j <<".txt' using 1:2 with linespoint, 'route"<< j <<".txt'
                  using 1:2:3 with labels font 'Helvetica,1' offset 0.7 notitle, \\\n";
}
//myfile << endl << "pause 1" << endl;
//myfile << endl << "replot" << endl;
//myfile << endl << "reread" << endl;
myfile.close();

world.evolution();
end = clock();

cout << "Gerando Imagem...\n";
/*for (i = 0;i<world.Population.size();++i)
{
    for (j = 0;j < world.getRouteIndexMax();++j)
        cout << world.Population[i]->Gene[j].id << "-";
    cout << "|";
    for (j = 0;j < world.Population[i]->Salesman.size();++j)
        cout << world.Population[i]->Salesman[j] << "-";
    cout << "Dist: " << world.Population[i]->dist << endl;
}*/
a = world.Population.back();
for (j = 0;j < a->Salesman.size();++j) {
    cout << a->Salesman[j];
    if (j < a->Salesman.size()-1)
        cout << "-";
}
cout << "\nDist: " << a->dist << endl;

m = 0;

// BMPIMG
bmp_pixel color = bmp_create_pixel(255,255,255);
BMPFILE *bmpFile = bmp_init_bmp(BMP_WIDTH,BMP_HEIGHT, color, BMP_SCALE_FIT_XY);
color = bmp_create_pixel(COLORS[1][0], COLORS[1][1], COLORS[1][2]);

GA::Point paux = world.cities[world.Deposit];
bmp_pixel colorD = bmp_create_pixel(COLORS[0][0], COLORS[0][1], COLORS[0][2]);
bmp_add_dot(bmpFile, paux.x, paux.y,0 , colorD);
for (j=0;j<a->Salesman.size();++j) {
    color = bmp_create_pixel(COLORS[j%TOTAL_COLOR+1][0], COLORS[j%TOTAL_COLOR+1][1],
                           COLORS[j%TOTAL_COLOR+1][2]);
    bmp_add_line(bmpFile,paux.x, paux.y, a->Gene[m].x, a->Gene[m].y, 1, color);
    for (k=0;k<a->Salesman[j];++k) {
        bmp_add_line(bmpFile,paux.x, paux.y, a->Gene[m].x, a->Gene[m].y,1, color);
        bmp_add_dot(bmpFile, a->Gene[m].x, a->Gene[m].y, 1, colorD);
        paux = a->Gene[m];
        m++;
    }
    bmp_add_line(bmpFile,paux.x, paux.y, a->Gene[m-1].x, a->Gene[m-1].y, 1, color);
}
if (argc != 1)

```

```

    bmp_generate_bmp(bmpFile, argv[18]);
else
    bmp_generate_bmp(bmpFile, "teste.bmp");

// END BMPIMG

/*
m = 0;

for (j=0;j<a->Salesman.size();++j) {
    string path = "route";
    path += std::to_string(j) + ".txt";
    myfile.open (path);
    myfile << "#Distancia total de todas as rotas: " << a->dist << endl;
    myfile << world.cities[world.Deposit] << endl;
    for (k=0;k<a->Salesman[j];++k) {
        myfile << a->Gene[m] << endl;
        m++;
    }
    myfile << world.cities[world.Deposit] << endl;
    myfile.close();
}
system("gnuplot 'gnuplot.conf'");
system("xdg-open 'output.png'");
*/
char str[80];
std::strcat(str, "xdg-open ");

if (argc == 1)
    std::strcat(str, "teste.bmp");
else
    std::strcat(str, argv[18]);

//system(str);

time_spent = (double)(end - begin) / CLOCKS_PER_SEC;
cout << "Tempo: " << time_spent << endl;
pthread_exit(NULL);
}

```

## APÊNDICE B – CÓDIGO FONTE - GA.H

```
/*
 * Author: Victor Carlquist
 * Date:22/09/2014
 * IFSP - Campos do Jordão
 */

#ifndef GA_H
#define GA_H

#include <iostream>
#include <vector>
#include <CL/cl.hpp>

#define INF 0xFFFFFFFF

class GA
{
public:

    struct Point{
        int id;
        float x,y;
        friend std::ostream & operator<<(std::ostream &Str, Point const &v)
        {
            Str << v.x << " " << v.y << " " << v.id;
            return Str;
        }
    };
    struct Chromossome
    {
        std::vector<Point> Gene;
        std::vector<unsigned int> Salesman;
        double dist;
    };
};

GA();
~GA(){};
bool SaveBetterChromo;
unsigned int MaxPopulation ;           //      = 1000;
unsigned int InitialPopulation;       //      = 10;
unsigned int AmountPopulationWithNN;  //      = 10;
unsigned int NNsizePart;
unsigned int NNnPart;
bool InitialPopulationWithNN;         //      = 10;
float RateGeneration;                //      = 0.02; // taxa de substituição dos
                                     individuos
float RateMutation;                  //      = 0.01; // taxa de mutação da rota
bool MutationRouteItself;
float RateSalesmanMutation;          //      = 0.02; // taxa de mutação do numero de
                                     objetivos por viajante
unsigned int AmountMutation;          //      = 1;    // troca dois genes de posição
unsigned int Generation;             //      = 1000; //
unsigned int Deposit;                //      = 0;    // 0 deposito está na cidade 0(
                                     zero)
```

```

unsigned int Salesman;           //      = 2;    // quantidade de viajantes
unsigned int AmountThread;       //  Número total de thread
void addChromo(Chromossome *a);
virtual void fitness(Chromossome *a);
virtual void crossover(Chromossome *f1, Chromossome *f2);
virtual void mutation(Chromossome *chromo); // EX
// muda o numero de objetivos que o viajante deve visitar
virtual void salesmanMutation(Chromossome *chromo);
static unsigned int find(std::vector<Point> *vec, Point target);
std::vector<Point> NN(std::vector<Point>);

std::vector<cl::Platform> all_platforms;
cl::Platform default_platform;
std::vector<cl::Device> all_devices;
cl::Device default_device;
cl::Context context;
cl::Program program;
cl::Program::Sources sources;
cl::CommandQueue queue;
cl::Buffer buffer_A;
cl::Buffer buffer_B;
cl::Buffer buffer_I;
cl::Buffer buffer_C;
cl::Kernel kernel_add;

/*
 * Retorna a quantidade de cidades em uma rota
 */
unsigned int getRouteIndexMax()
{
    return (this->cities.size()-1);
}
void setCity(float x, float y, int id);

/* Cada individuo será representado utilizando o método two-part
 * (Para facilitar a implementação foi criado a classe Chromossome
 * para separa os tipos de variáveis. Nesta classe foi criado dois
 * vetores, um armazena a rota e o outro os viajantes)
 * | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 / 2 | 3 |
 * Os dois ultimos elementos representa o caixeteiro 1 e 2, sendo que
 * o caixeteiro 1 irá visitar os dois primeiros elementos do vetor,
 * e o segundo caixeteiro irá visitar os três últimos elementos do vetor.
 * A distância da rota será armazenada no ultimo indice do vetor:
 * | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 / 2 | 3 || 44 |
 */
std::vector<Chromossome *> Population;
/*
 * Executa o algoritmo - nucleo (core)
 */
void evolution();
std::vector<Point> cities;

// Thread gnuplot
void saveGnuplot();
bool finish;
//



private:

/*
 * divide os objetivos em partes iguais para cada viajante

```

```
    * e gera a população inicial
    */
void prepare();

#endif // GA_H
```



## APÊNDICE C – CÓDIGO FONTE - GA.CPP

```
/*
 * Author: Victor Carlquist
 * Date: Date: 22/09/2014
 * IFSP - Campos do Jordão
 */

#include "ga.h"

#include <cmath>
#include <cstdlib>      /* srand, rand */
#include <ctime>
#include <algorithm>    // std::sort
#include <vector>
#include <iostream>
#include <fstream>
#include <cstring>
#include <thread>
#include <unistd.h>
#include <CL/cl.hpp>

pthread_mutex_t mutex1 = PTHREAD_MUTEX_INITIALIZER;

// Ordem crescente
bool Csort (GA::Chromossome *i,GA::Chromossome *j) {
    return (i->dist < j->dist);
}

// Ordem decrescente
bool CsortM (GA::Chromossome *i,GA::Chromossome *j) {
    return (i->dist > j->dist);
}

// utilizado no shuffle das rotas iniciais
int myrandom (int i) { return std::rand()%i; }

GA::GA()
{
    std::srand(11111);
}

/*
 * retorna o indice do alvo no vetor
 */
unsigned int GA::find(std::vector<Point> *vec, Point target)
{
    register unsigned int i;
    const unsigned int max = vec->size();
    for (i=0;i<max;++i) {
        if ((*vec)[i].id == target.id)
            return i;
    }
    return vec->size();
}

void GA::addChromo(Chromossome *a)
```

```

{
    this->fitness(a);
    if (this->RateGeneration < ((float)rand() / (RAND_MAX)) &&
        this->Population.size() < this->MaxPopulation)
    {
        this->Population.push_back(a);
    } else {
        if (this->Population.size() == 0)
            this->Population.push_back(a);
        else {
            bool s = false;
            if (this->Population.back()->dist < a->dist)
                s = true;
            delete this->Population.back();
            this->Population.back() = a;
            if (!s)
                std::sort(this->Population.begin(),this->Population.end(),Csort);
        }
    }
}

void GA::setCity(float x, float y, int id)
{
    GA::Point p;
    p.id = id;
    p.x = x;
    p.y = y;
    this->cities.push_back(p);
}

static double euclideanDistance(GA::Point *a, GA::Point *b)
{
    if (a == nullptr || b == nullptr)
        return 0;
    float da = (a->x-b->x)*(a->x-b->x);
    float db = (a->y-b->y)*(a->y-b->y);

    return sqrt((double)(da+db));
}

/* fitness
 * Ira avaliar o individuo somando as distancias euclidianas
 * Menor distancia, melhor é o individuo
 */
void GA::fitness(Chromossome *a)
{
    register unsigned int i = 0;
    unsigned int j,k;
    double dist = 0;

    for (j=0;j<a->Salesman.size();++j) {
        dist += euclideanDistance(&this->cities[this->Deposit],&a->Gene[i]);
        for (k=0;k<a->Salesman[j]-1;++k) {
            //if ((i+1) >= a->Gene.size())
            //std::cout << "j: " << j << "Sal: " << a->Salesman[j] << "k: " << k;
            dist += euclideanDistance(&a->Gene[i],&a->Gene[i+1]);
            i++;
        }
        dist += euclideanDistance(&this->cities[this->Deposit],&a->Gene[i]);
    }
}

```

```

        i++;
    }

    a->dist = dist;
}

/*
 * Crossover
 * O cruzamento usara o metodo PMX
 */
void GA::crossover(Chromossome *f1, Chromossome *f2)
{
    GA::Chromossome *s1, *s2;
    s1 = new GA::Chromossome;
    s2 = new GA::Chromossome;
    s1->Gene.reserve(this->getRouteIndexMax());
    s2->Gene.reserve(this->getRouteIndexMax());
    // armaza a quantidade de indices reservados para a rota,
    // usando apenas a primeira parte do cromossomo,
    // mas descontando 3 indices para o PMX funcionar
    unsigned int x = rand() % (this->getRouteIndexMax() - 2);

    register int ind;
    register unsigned int i;
    Point foo;
    foo.x = -1;
    foo.y = -1;
    foo.id = -1;

    std::fill_n(s1->Gene.begin(),this->getRouteIndexMax(),foo);
    std::fill_n(s2->Gene.begin(),this->getRouteIndexMax(),foo);

    for (i = x;i<(x+3);++i) {
        s1->Gene[i] = f2->Gene[i];
        s2->Gene[i] = f1->Gene[i];
    }

    //Evita que as cidades sejam repetidas dentro do cromossoma
    for (i = 0; i<this->getRouteIndexMax(); ++i) {
        if (s1->Gene[i].id != -1)
            continue;
        if (GA::find(&s1->Gene, f1->Gene[i]) == s1->Gene.size() ) {
            s1->Gene[i] = f1->Gene[i];
        } else {
            ind = GA::find(&s1->Gene, f1->Gene[i]);
            while (GA::find(&s1->Gene, f1->Gene[ind]) != s1->Gene.size()) {
                ind = GA::find(&s1->Gene, f1->Gene[ind]);
            }
            s1->Gene[i] = f1->Gene[ind];
        }
    }

    for (i = 0; i<f1->Salesman.size(); ++i)
        s1->Salesman.push_back(f1->Salesman[i]);
    for (i = 0; i<this->getRouteIndexMax(); ++i)
    {
        if (s2->Gene[i].id != -1)
            continue;
        if (GA::find(&s2->Gene, f2->Gene[i]) == s2->Gene.size() ) {
            s2->Gene[i] = f2->Gene[i];
        }
    }
}

```

```

    } else {
        ind = GA::find(&s2->Gene, f2->Gene[i]);
        while (GA::find(&s2->Gene, f2->Gene[ind]) != s2->Gene.size()) {
            ind = GA::find(&s2->Gene, f2->Gene[ind]);
        }
        s2->Gene[i] = f2->Gene[ind];
    }
}

for (i = 0; i<f2->Salesman.size(); ++i)
    s2->Salesman.push_back(f2->Salesman[i]);
this->addChromo(s1);
this->addChromo(s2);
}

/*
 * O operador de mutação é o EX
 * Troca dois ou mais elementos de lugar
 */
void GA::mutation(Chromossome *chromo)
{
    unsigned int a,b, r;
    r = rand() % this->AmountMutation + 1;

    for (unsigned int k = 0; k < this->AmountMutation; ++k)
    {
        if (!this->MutationRouteItself) {
            a = rand() % this->getRouteIndexMax();
            b = rand() % this->getRouteIndexMax();

            GA::Point x = chromo->Gene[a];
            chromo->Gene[a] = chromo->Gene[b];
            chromo->Gene[b] = x;
        } else {
            // Troca as posicoes entre os pontos de um mesmo caixeiro
            unsigned int i, offset = 0;
            i = rand() % this->Salesman;

            for (unsigned int j = 0; j < i; ++j)
                offset+=chromo->Salesman[j];

            a = offset + rand() % chromo->Salesman[i];
            b = offset + rand() % chromo->Salesman[i];

            GA::Point x = chromo->Gene[a];
            chromo->Gene[a] = chromo->Gene[b];
            chromo->Gene[b] = x;
        }
    }
    this->fitness(chromo);
}

void GA::salesmanMutation(Chromossome *chromo)
{
    unsigned int a,b,c;

    std::vector<unsigned int> newSalesmans;
    //0 '-1' é o desconto da cidade deposito
    c = this->cities.size()-1-this->Salesman;
    for (b=0;b<this->Salesman-1;++b) {
        a = rand()%c+1;
        newSalesmans.push_back(a);
    }
}

```

```

        c -= a-1;
    }
    c = 0;
    for (b=0;b<newSalesmans.size();++b)
        c+=newSalesmans[b];
    newSalesmans.push_back(this->cities.size()-1-c);
    chromo->Salesman = newSalesmans;

    this->fitness(chromo);
}

/*
 * É passado o vetor que contem os pontos de uma região
 */
std::vector<GA::Point> GA::NN(std::vector<Point> citiesReg)
{
    unsigned int j, indClosest;
    double dist,closestDist;

    std::vector<Point> routeNN;
    routeNN.reserve(citiesReg.size());

    routeNN.push_back(citiesReg[0]);
    citiesReg.erase(citiesReg.begin());
    while (citiesReg.size() > 0) {
        j = 0;
        closestDist = std::numeric_limits<double>().max();
        while (j < citiesReg.size()) {
            if (routeNN.back().id != citiesReg[j].id) {
                //std::cout << citiesReg.size() << " " << j << "\n";
                dist = euclideanDistance(&routeNN.back(), &citiesReg[j]);
                if (closestDist > dist) {
                    closestDist = dist;
                    indClosest = j;
                }
            }
            j++;
        }
        //std::cout << citiesReg.size() << std::endl;
        routeNN.push_back(citiesReg[indClosest]);
        citiesReg.erase(citiesReg.begin()+indClosest);
    }

    return routeNN;
}

typedef struct {
    std::vector<std::vector<GA::Point> > *PartNN;
    GA *global;
    int id;
    GA::Chromossome *a;
} argStruct;

void *NNThread(void *arguments)
{
    argStruct *args = (argStruct *)arguments;
    GA::Chromossome *a = args->a;
    int auxMaxArea, maxArea = args->global->NNnPart*args->global->NNnPart/args->global->
        AmountThread;
    auxMaxArea = 0;
}

```

```

if (args->id == args->global->AmountThread-1)
    auxMaxArea = args->global->NNnPart*args->global->NNnPart % args->global->AmountThread;

for (int i = maxArea*args->id; i < maxArea*(args->id+1)+auxMaxArea; ++i) {
    std::vector<GA::Point> *auxVec;
    auxVec = &(*args->PartNN)[i];
    if (!auxVec->empty()) {
        std::random_shuffle(auxVec->begin(), auxVec->end(), myrandom);
        *auxVec = args->global->NN(*auxVec);
        a->Gene.insert(a->Gene.end(), auxVec->begin(), auxVec->end());
    }
    //std::cout << "NN " << i << " id: "<< args->id << " I: " << i << "\n";
}

pthread_exit(NULL);
}

/*
 *Gera a populaçao inicial
 */
void GA::prepare()
{
    unsigned int n = this->getRouteIndexMax() / this->Salesman;

    GA::Chromossome *a;
    unsigned int i, j, k, max;

    if (this->InitialPopulationWithNN)
        max = this->InitialPopulation - this->InitialPopulationWithNN;
    else
        max = this->InitialPopulation;

    for (k=0;k<max;++k) {
        a = new GA::Chromossome();
        for (i=0;i<cities.size();++i) {
            if (i != this->Deposit) {
                a->Gene.reserve(this->getRouteIndexMax());
                a->Gene.push_back(cities[i]);
            }
        }
        std::random_shuffle(a->Gene.begin(), a->Gene.end(), myrandom );
        for (j=0;j<this->Salesman-1;++j)
            a->Salesman.push_back(n);
        a->Salesman.push_back(n+this->getRouteIndexMax()%this->Salesman);

        this->addChromo(a);
        //std::cout << "Ale\n";
    }
    // Nearest Neighbor
    /*
     * Para deixar o algoritmo NN eficiente,o código abaixo divide o espaço
     * em regioes, comparando os vizinhos que pertencem a mesma região do plano cartesiano
     */
    // nPart, numero de regiões
    // nPart, o valor armazenado sempre será dividido por 2 e deve ser par
    // Ex: nPart = 4, divididos em 2 linhas e 2 colunas
    // Ex: nPart = 8, divididos em 2 linhas e 4 colunas
    if (!this->InitialPopulationWithNN)
        return;
}

```

```

    unsigned int nPart = this->NNnPart;
    float retSizeY = this->NNsizePart / nPart;
    float retSizeX = this->NNsizePart / nPart;
    float x, y;

    for (uint32_t m = 0; m < this->AmountPopulationWithNN; ++m) {
        std::vector<std::vector<Point>> PartNN;
        for (i = 0; i < (nPart*nPart); ++i) {
            std::vector<Point> lineReg;
            PartNN.push_back(lineReg);
        }

        // Separa os pontos em cada area.
        for (i=0;i<this->cities.size();++i) {
            x = y = 0;
            if (i == this->Deposit)
                continue;
            for (j = 0; j < (nPart*nPart); ++j) {
                if (this->cities[i].x >= x && this->cities[i].x < x+retSizeX
                    && this->cities[i].y >= y && this->cities[i].y < y+retSizeY) {
                    PartNN[j].push_back(this->cities[i]);
                    break;
                }
                if (j%nPart != 0 || j == 0)
                    x+=retSizeX;
                else {
                    x = 0;
                    y+=retSizeY;
                }
            }
        }
    }

    a = new GA::Chromossome();
    pthread_t threads[this->AmountThread];
    pthread_attr_t attr;
    void *status;
    int rc;

    // Initialize and set thread joinable
    pthread_attr_init(&attr);
    pthread_attr_setdetachstate(&attr, PTHREAD_CREATE_JOINABLE);

    argStruct args[this->AmountThread];
    for( i=0; i < this->AmountThread; i++ ){
        args[i].global = this;
        args[i].PartNN = &PartNN;
        args[i].id = i;
        args[i].a = new GA::Chromossome();
        //std::cout << "main() : creating thread, " << i << "endereco: "<< &args[i] << std
        ::endl;
        rc = pthread_create(&threads[i], NULL, &NNThread, (void *)&args[i]);
        if (rc){
            //std::cout << "Error:unable to create thread," << rc << std::endl;
            exit(-1);
        }
    }

    // free attribute and wait for the other threads

```

```

pthread_attr_destroy(&attr);
for(i = 0; i < this->AmountThread; i++){
    rc = pthread_join(threads[i], &status);
    if (rc){
        //std::cout << "Error:unable to join," << rc << std::endl;
        exit(-1);
    }
    //std::cout << "Main: completed thread id :" << i ;
    //std::cout << " exiting with status :" << status << std::endl;
}
for(i = 0; i < this->AmountThread; i++) {
    a->Gene.insert(a->Gene.end(), args[i].a->Gene.begin(), args[i].a->Gene.end());
    delete args[i].a;
}

for (j=0;j<this->Salesman;++j)
    a->Salesman.push_back(0);

i = (nPart*nPart)/this->Salesman;
k = 0;
if (i != 0)
    for (j=0;j<nPart*nPart;++j) {
        if (!PartNN[j].empty())
            a->Salesman[k]+=PartNN[j].size();
        if (((j+1)%i) == 0)
            k++;
    }
j = 0;
i = 0;
max = 0;
// se i != 0 entao eh preciso desmontar uma rota de um caixeiro pois
// foi preciso dar um objetivo para um caixeiro que nao tinha nenhum
for (k=0;k<this->Salesman;++k) {
    if (a->Salesman[k] == 0)
        i++;
    else
        max+=a->Salesman[k];
}

max -= i;
max = this->cities.size()-1-max;
while (max != 0 || i != 0) {
    if (i != 0) {
        if (a->Salesman[j] > 1) {
            a->Salesman[j]--;
            i--;
        }
    }
    if (max != 0 && a->Salesman[j] < (this->cities.size() - 1 - this->Salesman)) {
        a->Salesman[j]++;
        max--;
    }
    j++;
    if (j==this->Salesman)
        j = 0;
    for (k=0;k<this->Salesman;++k)
        if (a->Salesman[k] == 0 && max == 0)
            max++;
}

```

```

        this->addChromo(a);
        std::sort(this->Population.begin(),this->Population.end(),Csort);
        //std::cout << "Adicionado: " << m << std::endl;
    }
    // Fim Nearest Neighbor
}
/*
 * Executa o nucleo do AG
 */
void GA::evolution()
{
    this->prepare();

    this->finish = false;
    //std::thread t1(&GA::saveGnuplot,this);
    clock_t begin = clock();
    clock_t end = clock();
    double elapsed_secs;
    unsigned int i = 0;

    std::cout.setf(std::ios::fixed, std::ios::floatfield);
    std::cout.setf(std::ios::showpoint);

    for (i=0;i<this->Generation;++i) {
        end = clock();
        elapsed_secs = double(end - begin) / CLOCKS_PER_SEC;
        if (elapsed_secs>3 || i == 0) {
            begin = clock();
            //this->saveGnuplot();
            std::cout << i << "," << this->Population[0]->dist << std::endl;
        }

        float mr = ((float)rand() / (RAND_MAX));
        unsigned int a,b;

        if (mr < this->RateMutation) {
            b = rand()%this->Population.size();
            if (this->SaveBetterChromo)
                if (b == 0)
                    b = 1;
            this->mutation(this->Population[b]);
        }
        mr = ((float)rand() / (RAND_MAX));

        if (mr < this->RateSalesmanMutation) {
            b = rand()%this->Population.size();
            if (this->SaveBetterChromo)
                if (b == 0)
                    b = 1;
            this->salesmanMutation(this->Population[b]);
        }

        a = rand() % this->Population.size();
        //do{
        b = rand() % this->Population.size();
        //}while (a == b);
        this->crossover(this->Population[a], this->Population[b]);
    }
}

```

```

    this->finish = true;
    //t1.join();
    std::sort(this->Population.begin(), this->Population.end(), CsortM);
}

void GA::saveGnuplot()
{
    std::ofstream myfile;
    GA::Chromossome *a;
    unsigned int m,j,k;
    system("xdg-open 'output.png'");
    // while (!this->finish && this->Population.size()>1)
    //{
        a = this->Population.front();
        m = 0;
        for (j=0;j<a->Salesman.size();++j) {
            std::string path = "route";
            path += std::to_string(j) + ".txt";
            myfile.open (path,std::fstream::out);
            if (myfile.is_open()) {
                myfile << "#Distancia total de todas as rotas: " << a->dist << std::endl;
                myfile << this->cities[this->Deposit] << std::endl;
                for (k=0;k<a->Salesman[j];++k) {
                    myfile << a->Gene[m] << std::endl;
                    m++;
                }
                myfile << this->cities[this->Deposit] << std::endl;
                myfile.close();
                //myfile.clear();
            }
        }
        system("gnuplot 'gnuplot.conf' &");
        //sleep(2);
    //}
}

```