



Universidade Federal Rural de Pernambuco
Departamento de Estatística e Informática
Bacharelado em Sistemas de Informação

**SOLUÇÃO ALGORÍTMICA PARA O FLYFOOD:
FORÇA BRUTA E ALGORITMO GENÉTICO**

Carla Maria Carolyne Marques da Silva

Recife

Março de 2023

Resumo

O desenvolvimento acelerado das cidades nas últimas décadas trouxe uma série de desafios para a mobilidade urbana, em particular para o trânsito de veículos. As ruas cada vez mais lotadas e congestionadas têm prejudicado a vida das pessoas, bem como o funcionamento das empresas que dependem de transporte para realizar suas atividades, como os serviços de entrega.

Nesse contexto, a FlyFlood tem buscado soluções inovadoras para melhorar a eficiência das entregas, utilizando drones para realizar o transporte de alimentos e outros produtos. No entanto, um dos principais obstáculos enfrentados pela empresa é a limitação da vida útil das baterias dos drones, que restringe a área de cobertura e a quantidade de entregas que podem ser feitas em um determinado ciclo.

Para superar esse desafio, a equipe da FlyFlood decidiu investir em um projeto de otimização de rotas para drones de entrega. A ideia é desenvolver um algoritmo que possa encontrar a rota mais eficiente para o drone percorrer, levando em conta não apenas a distância a ser percorrida, mas também a duração da bateria e outros fatores relevantes.

Inicialmente, utilizou-se o algoritmo de força bruta para otimizar as rotas de seus drones de entrega. No entanto, após analisar os resultados e considerar as possibilidades de aprimoramento do método, a equipe decidiu adotar um novo modelo: o algoritmo genético.

Palavras-chave: algoritmo; força bruta; algoritmo genético, problema do caixeiro viajante; classe de problemas; análise de algoritmos; grande O; big O; otimização; NP completo; NP hard; análise assintótica; Heurística e Meta-heurística

1. Introdução

1.1 Apresentação e Motivação

A otimização de rotas tem se tornado cada vez mais importante na vida moderna, especialmente no setor de delivery. Com o aumento do número de entregas realizadas diariamente, torna-se fundamental encontrar soluções que permitam reduzir custos e tempo de deslocamento, garantindo que as entregas sejam realizadas de forma eficiente e sem atrasos.

A FlyFood é uma empresa que busca oferecer soluções inovadoras para otimização de entregas, utilizando drones capazes de transportar vários pedidos em seu compartimento. No entanto, a limitação das baterias dos drones é um grande desafio que precisa ser superado para tornar essa solução viável.

Para enfrentar esse desafio, a empresa está desenvolvendo um algoritmo capaz de determinar a melhor rota para o drone realizar as entregas, levando em consideração a duração da bateria, o ponto de origem, os pontos de entrega e o ponto de retorno do drone. O objetivo é garantir que todas as entregas possam ser realizadas dentro do ciclo de bateria do drone, maximizando a eficiência do processo.

Com essa solução, a FlyFood espera oferecer um serviço de delivery mais rápido, eficiente e sustentável, reduzindo o tempo de deslocamento e minimizando o impacto ambiental causado pelos veículos convencionais. A otimização de rotas é um importante passo em direção a um futuro mais inteligente e sustentável para o setor de entregas.

1.2 Formulação do problema

Para criar um software prático e real, é necessário definir os conceitos e equações que serão utilizados para resolver o problema. O programa terá como entrada uma matriz que contém o ponto de origem (chamado de Ponto R) e os pontos de entrega.

4 5
0 0 0 0 D
0 A 0 0 0
0 0 0 0 C
R 0 B 0 0

O drone que fará as entregas deve partir de um Ponto de Partida e retornar a ele depois de completar todas as entregas nos Pontos de Entrega. As coordenadas de uma matriz são as posições específicas de cada elemento na matriz, e são representadas por duas dimensões, linha e coluna.

Para avaliar o custo do percurso, utilizaremos o termo "Danômetro" como unidade de medida de distância. A Distância de Manhattan é uma medida de distância comumente utilizada em planos bidimensionais, também conhecida como Distância de Táxi ou Geometria Pombalina. Ela é calculada como a soma das diferenças absolutas dos componentes das coordenadas dos pontos. A distância de Manhattan é amplamente utilizada em várias áreas por sua simplicidade e precisão na representação de distâncias em planos 2D.

Para calcular a distância entre dois pontos utilizando a fórmula:

$$d = |x1 - x2| + |y1 - y2|$$

A fórmula representa a distância Manhattan entre dois pontos em um plano 2-dimensional com coordenadas (x1, y1) e (x2, y2). As barras de valor absoluto garantem que a diferença entre os dois pontos sempre seja positiva, e as duas diferenças são então somadas para encontrar a distância total entre os pontos.

Para encontrar o menor percurso para realizar as entregas, precisamos calcular o somatório da distância de Manhattan (também conhecido como distância L1):

$$f(d) = \sum_i d(n_i, n_{i+1})$$

O somatório pode ser referido como $f(d)$, e o objetivo é encontrar o argumento mínimo da função $f(d)$, ou seja, $\text{argmin}(f(d))$. Esse argumento representa o caminho que minimiza $f(d)$ e resulta no menor percurso possível. Com essa solução escalável, a distância de Manhattan será calculada diversas vezes para encontrar o menor percurso possível.

1.3 Objetivos

O objetivo geral deste trabalho é construir uma solução computacional que seja capaz de encontrar o percurso de menor distância total entre os destinos de entrega e o ponto inicial, de forma mais rápida e otimizada, além de conduzir experimentos para verificar a eficiência do algoritmo.

Objetivos específicos:

1. O estudo da literatura e da análise de algoritmos.
2. Codificação do algoritmo
3. Fazer experimentos para provar a eficácia da solução

1.4 Organização do trabalho

Na seção 1 do relatório encontra-se a Introdução onde é possível encontrar sucintamente o contexto do trabalho e o que foi feito, como por exemplo a formulação do algoritmo para resolver o problema. Já na seção 2 encontra-se o Referencial Teórico onde é possível encontrar conceitos que foram usados ao fazer esse trabalho. Além disso, na seção 3 é possível encontrar trabalhos relacionados a esse relatório e na seção 4 será encontrada a metodologia utilizada no trabalho. Por fim, nas seções seguintes podemos visualizar os experimentos realizados, bem como os resultados, conclusão e as referências bibliográficas do relatório.

2. Referencial Teórico

No referencial teórico, trataremos dos conceitos importantes para o entendimento total do trabalho, como a análise de algoritmos, notação assintótica, classe de problemas.

2.1 Análise de Algoritmos

Segundo Cormen (2012, p. 16), “analisar um algoritmo significa prever os recursos de que o algoritmo necessita”. Tal análise se faz necessária uma vez que, ao solucionar um problema computacionalmente, haverá recursos limitados, como a memória. Um algoritmo precisa encontrar a solução, mas também é preciso que seja escrito da maneira mais eficaz possível, evitando custos maiores.

O tipo de análise estudada neste trabalho foi o da ordenação por inserção, que se baseia no tamanho da entrada e no tempo de execução. O tamanho de entrada pode ser o número de itens na entrada ou o número total de bits necessários para representar a entrada. No entanto, o tempo de execução representa o número de passos feitos, ou seja, a soma dos tempos para cada instrução executada. Em tal análise, determinamos o tempo de execução do pior caso, para que tenhamos um limite e garantia sobre o maior tempo possível. Com o tempo de execução do pior caso calculado, atribuímos tal função a $t(n)$. Tal função é a responsável por calcular o crescimento da função, de acordo com a entrada (n).

Um algoritmo pode ser eficiente de duas formas: a eficiência temporal e a eficiência espacial. A eficiência temporal se refere ao tempo de execução, o quão rápido o algoritmo em questão é executado. A eficiência espacial está relacionada ao espaço extra que o algoritmo necessita durante a execução. Devido a grande quantidade extra de memória que temos nos dias atuais – quando comparado aos computadores iniciais – será a coadjuvante na análise de algoritmos neste trabalho.

Com a análise do algoritmo, também se torna possível prever a quantidade de recursos, como memória, tempo de execução que seriam alocados para funcionamento perfeito de tal algoritmo. O tempo de execução, ou seja, o custo é expresso na função anteriormente comentada, $t(n)$. A eficiência do algoritmo torna-se muito importante quando o problema a ser resolvido é de grande dimensão.

2.2 Algoritmos de força bruta para o problema do caixeiro viajante

A abordagem de força bruta para resolver o problema do caixeiro viajante testa todas as combinações possíveis de caminhos para encontrar a solução ideal. Apesar de garantir a solução ótima, pode ser impraticável para problemas maiores devido ao alto consumo de recursos. Por exemplo, para 10 cidades, existem mais de 3 milhões de possíveis combinações de caminhos. Para ilustrar, se considerarmos 5 cidades, o número de possíveis combinações pode ser calculado por meio da fórmula $(5-1)! = 4! = 24$, o que implica em 24 rotas que podem ser percorridas pelo caixeiro viajante.

2.3 Algoritmos genético para o problema do caixeiro viajante

O algoritmo genético é uma técnica de otimização que se baseia na evolução biológica para resolver problemas complexos em diversas áreas, como engenharia, ciência da computação e biologia. Para o problema do caixeiro viajante, por exemplo, o algoritmo genético gera uma população inicial de soluções aleatórias, representando sequências de cidades, e aplica seleção, cruzamento e mutação para gerar novas soluções mais eficientes.

A seleção é feita escolhendo as soluções mais aptas, aquelas com menor custo (ou distância percorrida), enquanto o cruzamento mistura características de duas soluções selecionadas e a mutação adiciona pequenas perturbações às soluções. Esse processo é repetido por várias gerações, gerando soluções cada vez melhores, até que uma solução ótima seja encontrada ou um critério de parada seja atingido.

Etapas para resolver o problema do caixeiro viajante:

1. Inicialização: Criação de uma população aleatória de rotas, onde cada rota é representada por uma sequência aleatória das cidades que devem ser visitadas.
2. Avaliação: Cálculo do valor de aptidão (fitness) de cada rota da população, com base na distância total percorrida (menor distância).
3. Seleção: Escolha as rotas mais aptas para reprodução, geralmente as rotas com os maiores valores de aptidão (para o problema do caixeiro viajante significa menor percurso).
4. Cruzamento: Combinar partes das rotas selecionadas para gerar novas rotas. Para realizar o cruzamento, primeiro é necessário selecionar um ponto de corte na rota, que pode ser escolhido aleatoriamente. A partir desse ponto de corte, os filhos são gerados combinando as partes de cada pai.
5. Mutação: Introduzir pequenas alterações aleatórias nas novas rotas geradas.
6. Substituição: Substituição da população anterior pela nova população de rotas geradas.
7. Condição de parada: Verificar se a solução ótima foi encontrada ou um critério de parada foi atingido, caso contrário, retornar à etapa de seleção.

2.4 Notação Assintótica

Ao analisarmos um algoritmo com tamanhos de entrada suficientemente grandes que fazem a ordem de crescimento do tempo de execução se tornar relevante, estamos

fazendo a análise assintótica de um algoritmo. Um algoritmo assintoticamente eficiente provavelmente será a melhor escolha para todas as entradas.

A notação assintótica é, no entanto, uma notação matemática usada para melhor analisarmos o comportamento das funções para grandes valores de n , podendo ignorar as constantes dadas na função $t(n)$. E o comportamento da velocidade que as funções crescem, é chamado de comportamento assintótico. Os algoritmos que têm funções assintoticamente menores, que crescem mais devagar, são as melhores opções para tratar entradas grandes. Antes de entender os tipos de notação, é importante que entendamos os tipos de análise possíveis.

Ao fazermos a análise do algoritmo, não estamos interessados somente no tempo de execução geral, mas nos extremos. Existem o pior caso, o caso médio e o melhor caso. O pior caso significa o tempo máximo de execução, ou seja, consiste basicamente em assumir o pior dos casos que podem acontecer, sendo muito usado e sendo normalmente o mais fácil de determinar. O melhor caso assume que o melhor irá acontecer, ou seja, o resultado do menor tempo possível. Não é muito utilizado e tem aplicação em poucos casos. O caso médio que retorna o tempo médio de execução para todo tipo de entrada possível, é o mais difícil de determinar, pois necessita de análise estatística e, portanto, de muitos testes. Porém, é muito utilizado.

Na análise assintótica, as constantes multiplicativas e os termos de menor ordem dados na função $t(n)$ são ignorados e é adotada a notação matemática específica para representar a complexidade do algoritmo. É válido reforçar que existem outras abordagens técnicas para a análise de algoritmos, porém a assintótica é a abordagem mais utilizada encontrada na literatura.

Existem tipos de notação, como o Big O, Ω e Θ . O Big O ou Grande O, é uma notação dada ao pior caso do algoritmo e será o limite assintótico superior. A notação Ω será o limite assintótico inferior, pode ser usado para o melhor caso. Já a notação Θ representa o limite assintótico firme.

Com o Big O de $t(n)$, é possível observar o limite superior de cada algoritmo e ver como ele se comporta, quando o número de entradas tende ao infinito. Os algoritmos mais eficientes – quanto ao tempo – terão crescimento devagar. Ou seja, os que são $O(n!)$ e $O(2^n)$ não serão capazes de tratar entradas grandes tão bem como os que são $O(n)$ ou $O(n \log n)$.

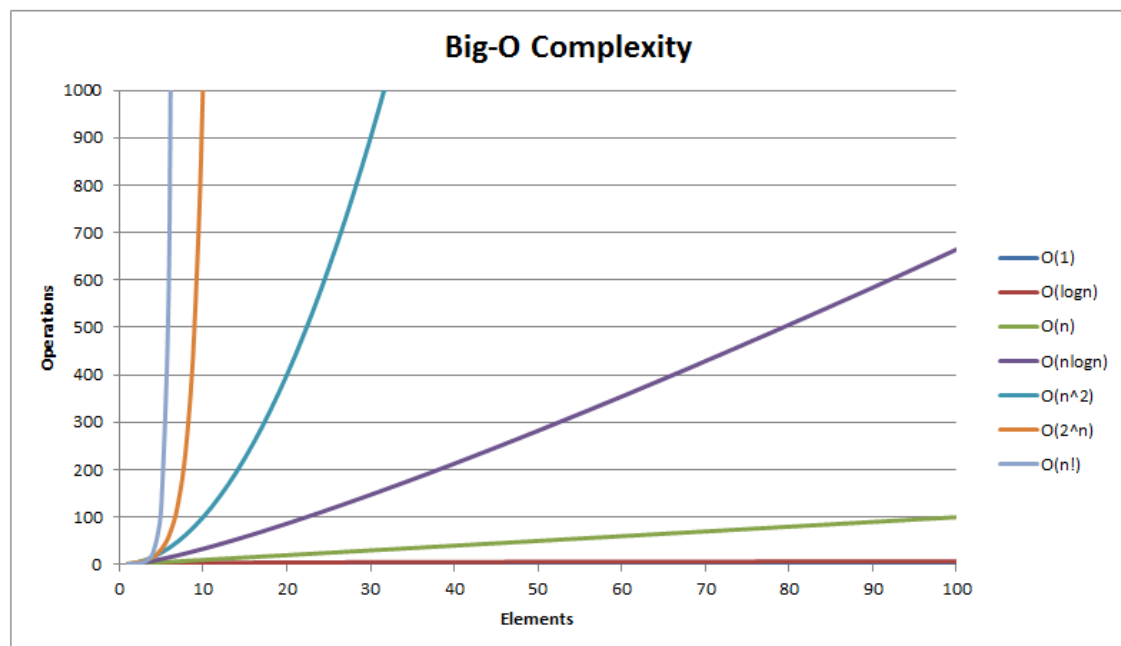


Figura 1. Gráfico da notação BIG-O (O grande)

2.5 Classe de problemas

Existem, então, classes de problemas nas quais se encaixam os algoritmos. Como por exemplo os algoritmos polinomiais, que são definidos polinomiais se seu consumo de tempo no pior caso é limitado por uma função polinomial do tamanho das instâncias do problema. São considerados tratáveis e razoavelmente rápidos. Sobre algoritmos polinomiais, podemos afirmar que:

A classe P consiste nos problemas que podem ser resolvidos em tempo polinomial. Mais especificamente, são problemas que podem ser resolvidos no tempo $O(n^k)$ para alguma constante k , onde n é o tamanho da entrada para o problema. (CORMEN, Thomas. **Algoritmos - Teoria e Prática**. Grupo GEN, 2012. p. 765)

Também existem os algoritmos não polinomiais, que são não polinomial se não existir algoritmo polinomial que resolva o problema. São considerados inaceitavelmente lentos. A classe NP consiste nos problemas que podem ser verificados em tempo polinomial e são considerados intratáveis. Um problema é NP-completo se pertence a NP e todo outro problema de NP se reduz polinomialmente ao problema dado. Um problema Q é NP-difícil se todo outro problema de NP se reduz polinomialmente a Q .

O circuito hamiltoniano e o problema do caixeiro viajante são dois problemas que são considerados NP-completos. O circuito hamiltoniano descreve o seguinte problema: dado um grafo, encontrar um circuito simples que passe por todos os vértices do grafo (ou constatar que tal circuito não existe). Tal problema pode ser verificado em tempo polinomial, mas não há solução polinomial. O Problema do Caixeiro Viajante é

um problema que tenta determinar a menor rota para percorrer uma série de cidades, retornando à cidade de origem. Os dois problemas têm grande semelhança com o problema que este trabalho descreve, portanto o FlyFood também será considerado um problema NP-completo, já que consegue se reduzir a esses dois problemas.

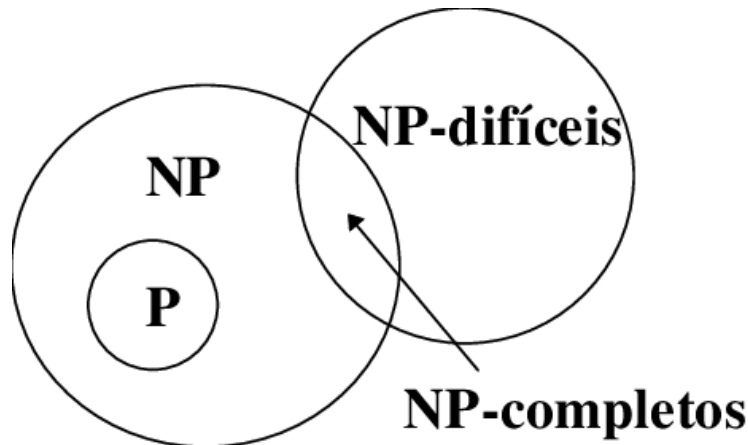


Figura 3. Diagrama de Venn com os tipos de problemas.

2.6 Heurística e Meta-heurística

Segundo Elizabeth Goldberg, em “Otimização Combinatória e Meta-heurísticas - Algoritmos e Aplicações”, uma heurística é “uma técnica computacional aproximativa que visa alcançar uma solução avaliada como aceitável para um dado problema que pode ser representado em um computador, utilizando um esforço computacional considerado razoável, sendo capaz de garantir, em determinadas condições, a viabilidade ou a otimalidade da solução encontrada.”. Em muitos casos, é esperado a solução ótima por heurísticas de problemas NP-difíceis ou NP-completos. No entanto, tal solução ótima não pode ser garantida, então, ao usar uma heurística, tomamos a decisão do que é mais importante: algoritmos computacionalmente eficientes ou a solução ótima.

Neste presente trabalho, o algoritmo de força bruta desenvolvido trará a resposta ótima, no entanto, não será eficiente computacionalmente. Para termos um algoritmo que resolve o problema em tempo razoável, desenvolvemos o algoritmo genético aplicado ao nosso problema de roteamento. O algoritmo genético é uma meta-heurística, que pode ser explicada por Goldberg:

Trata-se de uma arquitetura geral de regras que, formada a partir de um tema em comum, pode servir de base para o projeto de uma ampla gama de heurísticas computacionais. (GOLDBARG, Elizabeth. **Otimização Combinatória e Meta-heurísticas - Algoritmos e Aplicações**. Grupo GEN, 2015. E-book. ISBN 9788595154667. p. 72)

Gendreau e Potvin, em seu livro “Handbook of Metaheuristics” também trazem uma definição para Meta-heurística, na qual defendem que “Meta-heurísticas, em sua definição original, são métodos de solução que orquestram uma interação entre procedimentos de melhoria local e estratégias de alto nível que criam um processo capaz de escapar o ótimo local e performar uma busca robusta entre o espaço de solução.” (tradução literal).

2.7 Computação Evolucionária

A computação evolucionária é uma área da computação bioinspirada. Segundo Goldberg, é caracterizada pelas seguintes condições: É realizada através de um processo iterativo, baseia-se em uma população, possui intrinsecamente uma arquitetura de processamento paralelizável, corresponde a um processo de busca estocástica com viés – busca guiada, emprega o princípio darwiniano da seleção natural de acúmulos de variações genéticas. Eles operam seguindo o seguinte esquema geral:

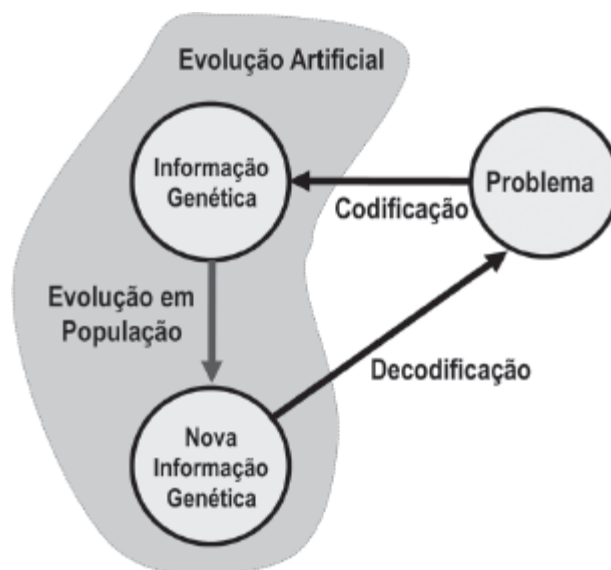


Figura 4: Evolução da informação genética. Retirada do livro Otimização Combinatória.

Tal informação genética, chamada também de cromossomos, será transportada por uma população de indivíduos que evolui de acordo com a seleção. Tais indivíduos da população representam propostas de solução para o problema em pauta, sejam elas viáveis ou não. É então feita a avaliação dos indivíduos, e o processo de reprodução é direcionado a favorecer os indivíduos mais aptos, seguindo a teoria da seleção natural de Darwin. A modificação do material genético de cada indivíduo foi descrita por Goldberg como: “No contexto computacional, recombinações e mutações são procedimentos heurísticos que visam utilizar as possibilidades combinatórias codificadas nos indivíduos da população trabalhada pelo algoritmo.”.

Os algoritmos evolucionários mimetizam o processo biológico, no entanto, ainda admitem grande grau de afastamento do modelo natural, segundo Burke *et al* em 1998. No entanto, tal afastamento pode ser justificável, já que há grande diferença entre o processo biológico e o computacional. Além disso, aprofundar a mimetização e deixar o processo computacional muito semelhante ao biológico não preserva a simplicidade de uma heurística, que é um dos aspectos mais importantes para o sucesso da Computação Evolucionária (Goldberg, 2015).

2.8 Algoritmo Genético

O processo de mimetização biológica que suporta a metáfora dos Algoritmos Genéticos está associado à reprodução multicelular sexuada. Ou seja, o processo de variação genética é realizado por meio da reprodução e da mutação. Tal reprodução segue o paradigma sexual, que reúne pais para a produção de um ou mais filhos.

Em tal algoritmo, “o indivíduo é representado por um cromossomo. A reprodução é um processo de mistura do material genético de dois (ou mais) indivíduos.” (GOLDBERG, 2015). Tal modelo se concentra na evolução biológica empregando os três princípios de Darwin: variação genética, hereditariedade e seleção natural. A variedade genética pode ser resultado de mutações ou de recombinação de genes. A hereditariedade é a preservação dos genes pertencentes aos pais. A seleção natural pode ser feita de três formas mais conhecidas: genética, de organismos e de grupos.

O algoritmo genético, segue então, alguns princípios. O primeiro é de codificação da informação em um conjunto de cromossomos denominado de população. O segundo é a reprodução da população por meio da combinação genética dos cromossomos. O terceiro é o emprego de mutações aleatórias ou guiadas para introduzir diversidade na população. E, por fim, fizemos a seleção dos cromossomos de melhor adequação (aptidão). Esses foram os princípios utilizados para o desenvolvimento desse algoritmo. Alguns termos muito comuns para descrever o processo de mimetização genética estão presentes na seguinte tabela, retirada do livro Otimização Combinatória de Goldberg:

Natureza	Algoritmo Genético
Indivíduo – cromossomo	Solução viável do problema

População	Conjunto de soluções
Adequação (<i>fitness</i>)	Valor (ou custo) da solução
Gene	Parte da solução
Cruzamento	Operador de busca
Mutação	Operador de busca
Seleção natural	Seleção de soluções

Tabela 1. Analogias da Mimetização

3. Trabalhos relacionados

Esta seção tem como objetivo mostrar alguns trabalhos relacionados ao Flyfood, que abordam os tópicos descritos no referencial teórico.

Jacqueline Fonseca, Elisangela Martine, Fabrício Molica e Paulo Sanches, apresentaram em seu trabalho “Otimização de rotas de entregas de materiais em uma rede hospitalar por meio do algoritmo do problema do caixeiro viajante” propostas de roteirização para distribuição de materiais médico-hospitalares. Nessas propostas, valorizaram minimizar os custos de transporte, por meio da redução das distâncias percorridas. Foram testados, então, modelos de otimização linear, baseados no algoritmo do Problema do Caixeiro Viajante. Em tal trabalho, foram utilizados cinco veículos nos quais dividiam rotas, diferentemente do FlyFood, que levava em conta apenas um drone por rota. Além disso, também eram considerados o peso máximo transportado por cada veículo e as restrições impostas pelas normas de circulação da cidade de Belo Horizonte. Tal trabalho, apesar de muito bem construído e oferecer uma solução exata para o problema, foca bastante na distribuição dos veículos, e de cargas, o que não é o foco do FlyFood.

Gabriel Alfadini *et al* apresentam em seu trabalho “Algoritmos heurísticos construtivos aplicados ao Problema do Caixeiro Viajante para a definição de rotas otimizadas.” a análise de tais algoritmos utilizados na otimização de rotas para resolver o Problema do Caixeiro Viajante. Em seu trabalho, eles estudam o algoritmo do vizinho mais próximo, inserção do mais distante, inserção do mais rápido e inserção do mais

próximo, sendo o de inserção do mais distante com maior vantagem. No entanto, tais algoritmos heurísticos nem sempre correspondiam à rota mais rápida. Os experimentos foram feitos através de um aplicativo móvel e do Google Geocoding API, com as coordenadas geográficas para os vértices das rotas. Tal trabalho, apesar de interessante, utiliza apenas de heurísticas simples, como a do vizinho mais próximo onde podem fornecer uma solução aproximada, mas não necessariamente ótima, já o apresentado nesse trabalho pode encontrar soluções mais precisas e eficientes. Isso ocorre porque os algoritmos genéticos são baseados em princípios de evolução biológica e seleção natural, permitindo uma exploração mais ampla do espaço de busca.

Ferreira Ribeiro, José Francisco *et al*, em “Logística para o recolhimento de frutas: um estudo de caso”, apresentam um método e um programa computacional que determinava a ordem de passagem dos veículos para recolher as frutas colhidas nas propriedades rurais do Brasil e de Gana. Utilizaram do modelo matemático do problema do caixeiro viajante e do *Evolutionary*, disponível no *Microsoft-Excel-Solver*. Os testes realizados mostraram bom desempenho e resultados melhores ou iguais aos métodos que eram utilizados anteriormente para tomada de decisão da rota. No entanto, tal trabalho apenas oferece a solução exata com o apoio de um software que já está com o algoritmo necessário para resolver o problema do caixeiro viajante. Além disso, o algoritmo deste trabalho apresenta uma abordagem mais flexível e adaptável para a otimização de rotas, já que pode ser ajustado e personalizado de acordo com as necessidades específicas do problema em questão.

4. Metodologia

Para desenvolver a solução computacional, utilizamos a linguagem Python e implementamos dois tipos de algoritmos: um baseado em força bruta e outro em metaheurística (algoritmo genético). O algoritmo de força bruta utiliza chamadas recursivas e buscas sequenciais para encontrar a solução ótima. Já o algoritmo genético é uma técnica de otimização baseada na evolução biológica, que busca encontrar uma solução satisfatória através de uma população de soluções e operadores genéticos. Com esses dois tipos de solução algorítmica, buscamos oferecer ao usuário diferentes opções para resolver o problema proposto de forma eficiente.

4.1 Construção do algoritmo de força bruta

O algoritmo desenvolvido neste trabalho recebe como entrada um arquivo de texto, no qual contém o tamanho da matriz, especificado na primeira linha, e a matriz nas linhas posteriores. O ponto inicial é representado pela letra “R” e os pontos de entrega são representados por letras A, B, C e D.

Para ler um arquivo que contém uma matriz e separar suas coordenadas em Python, foram necessário os seguintes passos:

1. Usar a função `open()` para abrir o arquivo e armazenar o objeto arquivo em uma variável.
2. Usar o método `read()` para ler o conteúdo do arquivo como uma string.
3. Usar a função `split()` para separar a string em uma lista de linhas.
4. Criação de listas vazias
5. Usar loops para iterar sobre as linhas da lista e separar cada linha em uma lista de elementos.
6. Usar a condição "se" para adicionar a lista vazia todos os pontos que sejam diferentes de 0.
7. Usar o método `remove()` para remover da lista o ponto R e coordenada (0,3)

Dessa forma, o programa abre o arquivo "matriz" para leitura e armazena em "file". Lê a primeira linha de "file" e armazena os valores separados por espaço em "n" e "m". Lê todas as linhas restantes de "file" e armazena em "lines" e cria uma lista vazia chamada "lista_coordenadas" e outra "lista_pontos". Encontra o índice de "R" em "lista_pontos" e armazena em "indice". Cria uma variável "ponto_R" com o valor na posição "indice" em "lista_coordenadas" Remove a coordenada R em "lista_coordenadas[indice]" e remove a string "R" de "lista_pontos".

```
# Recebendo como entrada a matriz e separando seus pontos e
coordenadas.

file <- open("matriz", "r")
n, m <- file.readline().split()
lines <- file.read().splitlines()
lista_coordenadas <- []
lista_pontos <- []
para i no intervalo de 0 até (n - 1) faça
    line <- lines[i].split()
    para j em line então
        se j != "0" então
            coordenada <- (i, line.index(j))
            lista_coordenadas.append(coordenada)
            lista_pontos.append(j)
        fim-se
    fim-para
fim-para
indice <- lista_pontos.index("R")
```

```
ponto_R <- lista_coordenadas[indice]
lista_coordenadas.remove(lista_coordenadas[indice])
lista_pontos.remove("R")
```

Figura 5. Pseudocódigo que extrai da matriz os pontos e coordenadas

Após isso, com a lista que contém todos os pontos de entrega, definiremos todas as permutações de rotas possíveis para que seja possível o cálculo da distância através da função *permute()*. A função utiliza o algoritmo de backtracking para gerar todas as permutações de uma lista de forma recursiva e possui três argumentos: lista, k e tamanho_lista, onde lista é a lista que será permutada, k é a posição inicial da permutação atual e tamanho_lista é o tamanho total da lista.

LISTA_PERMUTADA é uma lista global vazia que irá armazenar todas as permutações geradas pela função permute.

Sendo assim, o corpo da função permute é executado recursivamente. A cada chamada recursiva, o valor de k é incrementado em 1. Se k é igual a tamanho_lista, significa que todos os elementos da lista foram permutados e uma nova permutação é adicionada à LISTA_PERMUTADA. Caso contrário, o algoritmo itera sobre o intervalo [k, tamanho_lista) e permuta cada elemento da lista com o elemento na posição k. Em seguida, a função permute é chamada recursivamente com k + 1 como novo valor de k. Ao final da iteração, os valores são trocados de volta para sua posição original, permitindo que outra permutação seja gerada.

Este algoritmo garante que todas as permutações possíveis sejam geradas sem duplicidade, e todas as permutações geradas são armazenadas na lista LISTA_PERMUTADA.

```
# Função que permuta todas minhas rotas possíveis
LISTA_PERMUTADA <- []
funcao permute(lista, k, tamanho_lista):
    se k == tamanho_lista então
        LISTA_PERMUTADA.append(tuple(lista))
    senao faça
        para i no intervalo de k até (tamanho_lista - 1) faça
            lista[k], lista[i] <- lista[i], lista[k]
            permute(lista, k + 1, tamanho_lista)
            lista[k], lista[i] <- lista[i], lista[k]
        fim-se
    fim-funcao
```

Figura 6. Pseudocódigo da função permutação das rotas de entrega

Atrelado a isso, foi definido a função "calcular_distancias" onde tem como objetivo calcular a distância total percorrida a partir da posição inicial "ponto_R".

Ela realiza isso de duas formas: primeiro, a função "permute" é chamada para gerar todas as permutações possíveis das coordenadas das rotas, armazenando-as na lista "LISTA_PERMUTADA". Em seguida, é realizado um loop através das rotas geradas, calculando a distância total entre cada ponto da rota e armazenando-a na lista "distancias". E finalmente, a função retorna a lista "distancias".

```
funcao calcular_distancias(lista_coordenadas, ponto_R):
    distancias <- []
    permute(lista_coordenadas, 0, len(lista_coordenadas))
    coordenadas <- LISTA_PERMUTADA
    para cada pontos na lista coordenadas faça
        pontos <- list(pontos)
        pontos.append(ponto_R)
        posicao_atual <- ponto_R
        distancia_total <- 0
        para cada ponto na lista pontos faça
            x <- posicao_atual[0] - ponto[0]
            y <- posicao_atual[1] - ponto[1]
            dist_percorrida <- abs(x) + abs(y) #soma do módulo de
x e y.
            distancia_total += dist_percorrida
            posicao_atual <- ponto
        fim-para
        distancias.append(distancia total)
    fim-para
    retorne distancias
fim-função
```

Figura 7. Pseudocódigo da função que calcula a distância das rotas de entrega

Finalmente, o código busca o caminho mínimo entre as rotas para efetuar a entrega. A função "calcular_distancias" é usada para calcular a distância entre o ponto de partida (ponto_R) e todos os outros pontos da lista_coordenadas. O resultado é armazenado na variável "distancias".

Em seguida, há um loop que percorre todas as distâncias calculadas e verifica qual delas é a menor. Se a distância atual é igual à distância mínima, o código usa a função "permute" para gerar todas as permutações possíveis das coordenadas na lista_coordenadas e armazena a permutação corrente em "pontos_permutados".

Por fim, o código usa uma list comprehension para criar uma lista "nomes_pontos" que contém os nomes dos pontos ao invés das coordenadas. A lista é criada a partir de uma busca pelo índice do ponto corrente na lista_coordenadas e usando esse índice para encontrar o nome correspondente na lista_pontos. Finalmente, o código imprime os pontos da rota e a sua distância total.

```
# Caminho mínimo dentre as rotas para efetuar a entrega
distancias <- calcular_distancias(lista_coordenadas, ponto_R)
escreva("\n*** Caminho mínimo ***")
para cada distancia na lista distancias com indice i, faça
    se distancia == min(distâncias)
        nomes_pontos <- []
        pontos_permutados <- permute(lista_coordenadas, 0,
len(lista_coordenadas))[i]
        para cada ponto em pontos_permutados faça
            nomes_pontos.append(lista_pontos[lista_coordenadas.index
(ponto)])
        fim-para
        print(f"Rota {i+1}:{nomes_pontos} Distância:{distancia}")
    fim-se
fim-para
```

Figura 8. Pseudocódigo que busca o caminho mínimo das rotas de entrega

```
*** Caminho mínimo ***
Rota 7: ['A', 'D', 'C', 'B'] Distância: 14
Rota 22: ['B', 'C', 'D', 'A'] Distância: 14
```

Figura 9. Saída do programa FlyFood

4.2 Análise do algoritmo de força bruta

A análise de algoritmo é importante para estipularmos o gráfico de crescimento, de acordo com a entrada. No desenvolvimento do algoritmo, utilizamos da recursão e busca sequencial onde foi verificado que um número grande na entrada resulta em processamento maior dos dados.

A função *permute* é a implementação de uma rotina de permutação. Ela gera todas as permutações possíveis de uma lista de coordenadas (representadas como tuplas com coordenadas x e y). Ela faz isso usando recursão com uma técnica de permutação por troca, também conhecida como backtracking.

Uma desvantagem da recursão no código é que ele pode ser propenso ao uso excessivo da pilha de chamadas, resultando em um consumo excessivo de memória e, possivelmente, em um erro de pilha cheia se o tamanho da lista for muito grande. Além disso, o tempo de execução da função *permute* pode ser longo para listas muito grandes, pois o número de chamadas recursivas é proporcional ao fatorial do tamanho da lista.

Uma maneira de melhorar o desempenho seria usar uma abordagem iterativa em vez de recursiva para gerar as permutações. Por exemplo, o algoritmo de Heap para gerar todas as permutações de uma lista. Esse algoritmo é mais eficiente do que a abordagem recursiva usada no código, pois ele não requer a utilização da pilha de chamadas.

A busca sequencial é uma técnica de busca onde os elementos são percorridos em ordem sequencial, verificando cada um até encontrar a solução desejada. Acaba não sendo uma solução ideal em alguns casos, como é o caso do nosso programa, pois, a complexidade temporal do algoritmo de força bruta é de $O(n!)$, dessa forma existem $n!$ maneiras de visitar n pontos. Isso significa que, o tempo de execução do algoritmo aumenta exponencialmente com o número de pontos de entrega, tornando inviável para problemas com um grande número de cidades.

Tal busca sequencial foi utilizada na função *calcular_distancias*, onde recebe uma lista de coordenadas e um ponto "R" e calcula a distância total entre todos os pontos, incluindo o ponto R. Ela primeiro usa a função *permute* para gerar todas as permutações de coordenadas, e então calcula a distância total de cada uma dessas rotas. A distância é calculada como a soma das distâncias absolutas entre dois pontos consecutivos.

Existem outras alternativas como a busca binária, que costuma ser melhor, porém nesse caso, não fazemos muitas pesquisas e o custo de ordenação da lista para fazer tal busca seria maior que o uso da busca sequencial. Além disso, existe o algoritmo de programação linear e o algoritmo genético, que têm complexidade temporal menor e são mais adequados para problemas de grande escala. Esses algoritmos são baseados em técnicas de aprendizado de máquina e busca heurística, o que os torna mais flexíveis e capazes de lidar com problemas mais complexos.

4.3 Construção do Algoritmo Genético

O código começa abrindo e lendo um arquivo txt, que contém a matriz do flyfood. A primeira linha é ignorada e as outras linhas são lidas e armazenadas em uma lista de listas chamada "matrix".

```
import random, time, math
import matplotlib.pyplot as plt
# Inicializando meu programa e obtendo a minha matriz
with open("matriz", "r") as f:
    linhas <- f.readlines()[1:]
matrix <- []
para cada linha em linhas então:
    linha <- linha.strip().split()
    matrix.append(linha)
fim-para
```

Figura 10. Entrada da matriz

Cria-se duas listas a partir de uma matriz. A primeira lista chamada "pontos" é uma lista de todos os pontos de entrega presentes na matriz, exceto o ponto inicial representado pela letra "R". Já a segunda lista chamada "dict_pontos" é uma lista de dicionários contendo as informações de cada ponto de entrega, tais como sua posição no mapa e seu nome.

```
pontos <- []
dict_pontos <- []
para cada i no intervalo de 0 até len(matrix)-1 então
    para cada j no intervalo de 0 até len(matrix[0]) então
        se str(matrix[i][j]) != "0" então
            pontos.append(matrix[i][j])
            dict_pontos.append({"x": i, "y": j, "name":
matrix[i][j]})
        fim-se
    se matrix[i][j] == "R":
        posicao_R = {"x": i, "y": j, "name": matrix[i][j]}
    fim-se
fim-para
```

```
fim-para
```

Figura 11. Criação da lista e dicionário que recebe os pontos de entrega

Os parâmetros do algoritmo genético são definidos, incluindo o tamanho da população, a taxa de mutação e o número de gerações.

```
tamanho_populacao <- 10  
taxa_mutacao <- 0.01  
geracoes <- 200
```

Figura 12. Definição dos parâmetros

A função `aptidao` recebe como parâmetro uma população, ou seja, uma lista contendo vários indivíduos e define a aptidão de cada indivíduo. Ela chama a função `fitness` para calcular a distância percorrida na rota de cada indivíduo. Em seguida, normaliza as aptidões e retorna uma lista de aptidões normalizadas para cada indivíduo. A aptidão é calculada subtraindo a distância total do máximo valor de aptidão. O objetivo dessa função é avaliar o quão boa é cada solução representada pelos indivíduos da população

```
funcao aptidao(populacao) :  
  lista_apitidoes <- [None] * len(populacao)  
  para cada individuo em populacao com indice i faça  
    lista_apitidoes[i] <- fitness(individuo)  
  fim-para  
  maximo <- sum(lista_apitidoes)  
  retorne [maximo - x for x in lista_apitidoes]
```

Figura 13. Função que calcula a distância percorrida em um indivíduo.

A função `fitness` é responsável por calcular a distância total percorrida na rota representada por um indivíduo da população. Ela recebe como parâmetro um indivíduo, que é uma sequência de genes representando uma possível solução para o problema de encontrar a melhor rota. A função calcula a distância total percorrida na rota, somando as distâncias entre cada par de pontos consecutivos. Para isso, é usada a distância de Manhattan, que é a soma das diferenças absolutas entre as coordenadas x e y dos pontos. A função retorna a distância total percorrida.

```

funcao fitness(individuo):
    distancia_total <- abs(posicao_R["x"] -
dict_pontos[individuo[0]]["x"]) + abs(posicao_R["y"] -
dict_pontos[individuo[0]]["y"])
    # Para cada par de pontos consecutivos no indivíduo, calcula a
distância entre eles e adiciona à distância total
    para cada ponto_atual em individuo com indice i faça:
        se i != len(individuo) - 1 faça
            distancia_total += abs(
                dict_pontos[ponto_atual]["x"] -
dict_pontos[individuo[i + 1]]["x"]) +
abs(dict_pontos[ponto_atual]["y"] - dict_pontos[individuo[i +
1]]["y"])
        fim-se
    fim-para
    # Calcula a distância entre a posição R e o último ponto do
indivíduo, e adiciona à distância total
    distancia_total += abs(posicao_R["x"] -
dict_pontos[individuo[-1]]["x"]) + abs(
    posicao_R["y"] - dict_pontos[individuo[-1]]["y"]
)
    # Retorna a distância total calculada
    retorne distancia_total

```

Figura 14. Função que realiza o cálculo da distância de Manhattan.

A função “selection” recebe uma população de indivíduos e chama a função “aptidao” para calcular a aptidão de cada indivíduo. Em seguida, é criada uma lista de pais com o mesmo tamanho da população. É feito um loop que itera sobre os índices da população de dois em dois. Para cada par, é selecionado um pai através da função torneio, que escolhe aleatoriamente dois indivíduos da população e retorna o que tem a maior aptidão. Os pais selecionados são adicionados à lista de pais. Por fim, a lista de pais é retornada.

```

funcao selection(populacao):
    lista_apt <- aptidao(populacao)

```

```

    lista_pais <- [None] * len(populacao)

    para cada i no intervalo de 0 até len(populacao)-1 de 2 em 2
    faça:

        pai1 <- torneio(lista_apt)

        pai2 <- torneio(lista_apt)

        lista_pais[i], lista_pais[i + 1] = populacao[pai1],
populacao[pai2]

    fim-para

    retorne lista_pais

```

Figura 15. Função de seleção de indivíduos mais aptos na população

A função "torneio" realiza um torneio de seleção entre dois indivíduos aleatórios da população, selecionando o mais apto deles. Para isso, a função recebe como parâmetro uma lista de aptidões, seleciona dois índices aleatórios da lista e os compara. Se a aptidão do primeiro índice for maior que a do segundo, retorna o índice do primeiro, caso contrário, retorna o índice do segundo. A função usa o operador ternário para realizar a comparação.

```

funcao torneio(lista_apt):

    ind1 <- random.randint(0, len(lista_apt) - 1)

    ind2 <- ind1

    enquanto ind1 == ind2 faça:

        ind2 <- random.randint(0, len(lista_apt) - 1)

    retorne ind1 se lista_apt[ind1] > lista_apt[ind2] se não ind2

```

Figura 16. Função que realiza a seleção de indivíduos através do método do torneio.

A função "crossover" tem como objetivo gerar um filho a partir de dois pais (indivíduos). Para isso, utiliza-se uma adaptação do método CX, o qual seleciona aleatoriamente dois pontos de corte no pai1. Os elementos entre esses pontos são copiados na mesma posição do filho, enquanto os espaços vazios são preenchidos com os elementos não repetidos do pai2. Na minha implementação, a essência é a mesma, porém os valores entre os pontos de corte do pai1 são colocados nas primeiras posições do filho, enquanto o restante é adicionado a partir do segundo pai.

```

funcao crossover(pai1, pai2):
    ponto_corte1 <- random.randint(0, len(pai1) - 1)
    ponto_corte2 <- random.randint(0, len(pai1) - 1)
    se ponto_corte1 > ponto_corte2 faça
        ponto_corte1, ponto_corte2 <- ponto_corte2, ponto_corte1
    fim-se
    filho <- pai1[ponto_corte1:ponto_corte2]
    para cada i em pai2 faça
        se i não está em filho faça
            filho.append(i)
        fim-se
    fim-para
    retorne filho

```

Figura 17. Função que realiza o crossover entre dois pais para gerar um filho

A função "mutation" recebe um indivíduo e realiza a mutação com uma taxa de mutação. Para cada elemento do indivíduo, há uma chance igual à 1% ("taxa_mutacao") de ser trocado com outro elemento aleatório. Dessa forma, a função continuará percorrendo o indivíduo, fazendo a troca em posições aleatórias sempre que `random.random()` gerar um número menor que a taxa de mutação, até que todas as posições tenham sido avaliadas.

```

funcao mutation(individuo):
    para cada i no intervalo de 0 até len(individuo) faça
        se random.random() < taxa_mutacao faça
            j <- random.randint(0, len(individuo) - 1)
            individuo[i], individuo[j] <- individuo[j],
            individuo[i]
        fim-se
    fim-para
    retorne individuo

```

Figura 18. Função que realiza a mutação em um indivíduo.

A população inicial é criada como uma lista contendo meus indivíduos. Cada indivíduo é uma lista de índices de "pontos", que é embaralhada aleatoriamente.


```

funcao population(tamanho_populacao, pontos):
    populacao <- []
    individuos_gerados <- []
    se tamanho_populacao > math.factorial(len(pontos)) faça
tamanho_populacao <- math.factorial(len(pontos))
    fim-se
    enquanto len(populacao) < tamanho_populacao faça
        individuo <- list(range(len(pontos)))
        random.shuffle(individuo)
        se individuo não está em individuos_gerados faça
            populacao.append(individuo)
        fim-se
    fim-enquanto
    retorne populacao

```

Figura 19. Função que cria população inicial aleatoriamente

A função “algoritmo_genetico” necessita de 3 parâmetros onde o valor de “gerações” é a quantidade de vezes que o algoritmo será executado. A cada geração, a função "selection" é usada para selecionar uma nova população. Em seguida, a nova população é criada por meio de crossover e mutação dos indivíduos selecionados. A nova população é então usada na próxima iteração do algoritmo.

```

funcao algoritmo_genetico(geracoes, tamanho_populacao, pontos):
    para cada i no intervalo de 0 até geracoes faça
        populacao <- selection(population(tamanho_populacao,
pontos))
        nova_populacao <- []
        enquanto len(nova_populacao) < tamanho_populacao faça
            pai1 <- random.choice(populacao)
            pai2 <- random.choice(populacao)
            filho <- crossover(pai1, pai2)
            filho <- mutation(filho)
            nova_populacao.append(filho)
        fim-enquanto
        populacao <- nova_populacao
    fim-para
    retorne populacao

```

Figura 20. Execução do algoritmo genético

Por fim, o código produz uma população de indivíduos, e então calcula a aptidão de cada um. A variável "melhor_individuo" guarda o índice do indivíduo com a maior aptidão da população, e a variável "rota" guarda os pontos visitados por esse indivíduo em ordem. A distância total percorrida por essa rota é calculada usando a função "fitness" e armazenada na variável "distancia".

Em resumo, esse trecho de código encontra a melhor solução para um problema de otimização de rota, onde retorna a rota e a distância percorrida por essa solução, imprimindo o resultado da melhor rota com sua respectiva distância e tempo de execução.

```
start = time.time()
pop <- algoritmo_genetico(geracoes, tamanho_populacao, pontos)
lista_apt <- aptidao(pop)
melhor_individuo <- pop[lista_apt.index(max(lista_apt))]
rota <- [pontos[i] for i in melhor_individuo]
distancia <- fitness(melhor_individuo)
end = time.time()
imprimir(f"Rota:{rota} \nDistância: {distancia}\nTempo de execução:
{end-start}")
```

Figura 22. Imprime a rota com menor distância e tempo de execução

```
Rota:['A', 'D', 'C', 'B']
Distância: 14
Tempo de execução: 0.005997180938720703
```

Figura 23. Saída do programa FlyFood

4.4 Análise do Algoritmo Genético

O algoritmo implementado é um algoritmo genético para resolver um problema de caminho mínimo em uma matriz com pontos marcados. É uma técnica de busca baseada em evolução que simula o processo de seleção natural. Ele utiliza uma população de soluções candidatas, que evoluem ao longo de várias gerações, e usa operadores de seleção, cruzamento e mutação para gerar novas soluções.

Uma das vantagens do algoritmo genético é que ele é capaz de encontrar soluções ótimas ou próximas do ótimo em problemas complexos. Além disso, o algoritmo é fácil de implementar e pode lidar com uma grande variedade de problemas de otimização.

O algoritmo implementado utiliza as seguintes funções:

- A função fitness calcula o valor de fitness de um indivíduo da população, que é a distância total percorrida pelo caminho que ele representa. Essa função é uma função de avaliação adequada para o problema em questão, pois mede o desempenho do indivíduo de acordo com o objetivo do problema.
- A função selection é responsável por selecionar os indivíduos da população que irão gerar os descendentes na próxima geração. Ela utiliza o método de torneio para selecionar os indivíduos, o que pode levar a uma boa diversidade genética na população.
- A função crossover é responsável por criar um novo indivíduo a partir de dois indivíduos selecionados da população atual. Ela utiliza o método de crossover adaptado ao CX, que é um método simples, mas eficaz para criar novos indivíduos com características de ambos os pais. Exemplificado abaixo:

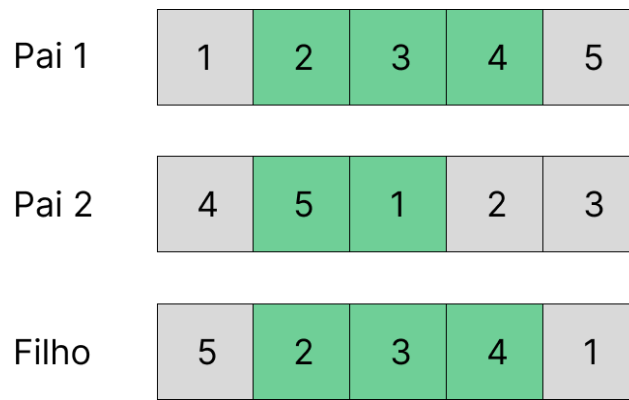


Figura 22. Método de crossover CX

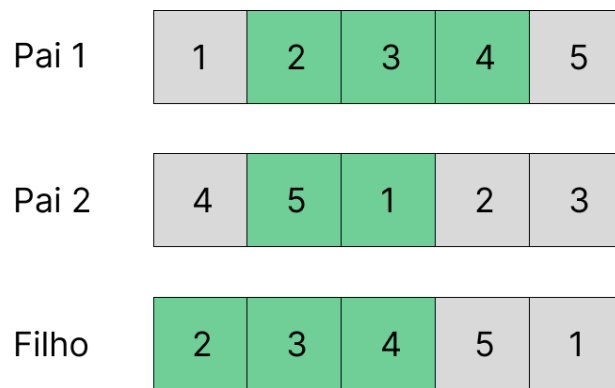


Figura 24. Método de crossover adaptado do CX

- A função mutation é responsável por introduzir variação genética na população, permitindo que os indivíduos evoluam para soluções melhores. Ela utiliza o método de mutação de permutação, que é um método simples, mas eficaz para criar variação genética na população.
- A função selection, crossover e mutation são combinadas para formar o loop principal do algoritmo genético, que executa o processo de evolução da população.

Na implementação do código uma das vantagens dessas funções é que elas são simples e fáceis de entender. Além disso, elas são altamente modulares, o que significa que podem ser facilmente adaptadas para outros problemas de otimização. Porém, também apresentam algumas limitações, como por exemplo, o método de seleção de torneio pode não selecionar sempre os melhores indivíduos e o processo de evolução pode levar muito tempo, dependendo do tamanho da população e do número de

gerações. Além disso, os resultados obtidos pelo algoritmo genético não são garantidos, ou seja, ele pode não encontrar a solução ótima em todos os casos.

Em resumo, o algoritmo genético é uma técnica poderosa para resolver problemas de otimização combinatória. No entanto, o sucesso dele depende da escolha cuidadosa dos parâmetros de entrada, o que pode levar muito tempo para encontrar a solução ideal.

5. Experimentos

Para testar a eficiência do algoritmo construído, conduzimos experimentos para verificarmos o tempo levado para processar a matriz e calcular a rota de distância mínima, levando em conta o número de pontos de entrega e as dimensões da matriz.

Número de pontos de entrega	Tamanho da matriz	Menor distância (em dronômetros)	Distância do melhor indivíduo - AG (Executado 20x)	Tempo de execução força bruta	Tempo de execução algoritmo genético
4	4x5	14	14	0.000971	0.005997
5	4x5	16	16	0.009004	0.006075
7	6x7	24	24	0.429994	0.073047
8	7x8	28	28	20.49354	0.079922
10	10x12	52	52	60.25687	0.275868
14	16x22	-	118	>10 min	1.252343

Tabela 2. Comparações de experimentos com o algoritmo de força bruta e genético

A Tabela 2 apresenta o número de pontos de entrega, as matrizes de entrada, a distância percorrida no menor caminho e o tempo de execução dos algoritmos de força bruta e genético. Observou-se que o algoritmo de força bruta é eficiente apenas com um número reduzido de pontos de entrega, visto que a máquina utilizada (Notebook com processador Intel Core i5-10500 H, de 10ª geração, com 12GB de memória RAM e armazenamento SSD) conseguiu executá-lo de maneira eficiente com, no máximo, 10 pontos de entrega. Portanto, para casos com poucos pontos de entrega, o algoritmo de força bruta apresenta uma solução ótima, mas para um maior número de pontos, o

tempo de execução excede os 10 minutos. É importante destacar que o desempenho pode variar de acordo com as configurações da máquina utilizada.

Por outro lado, o algoritmo genético manteve um tempo de execução razoável mesmo com um aumento no número de pontos de entrega, sendo que para o exemplo com 14 pontos de entrega, o tempo de execução foi de no máximo 1,5 segundos.

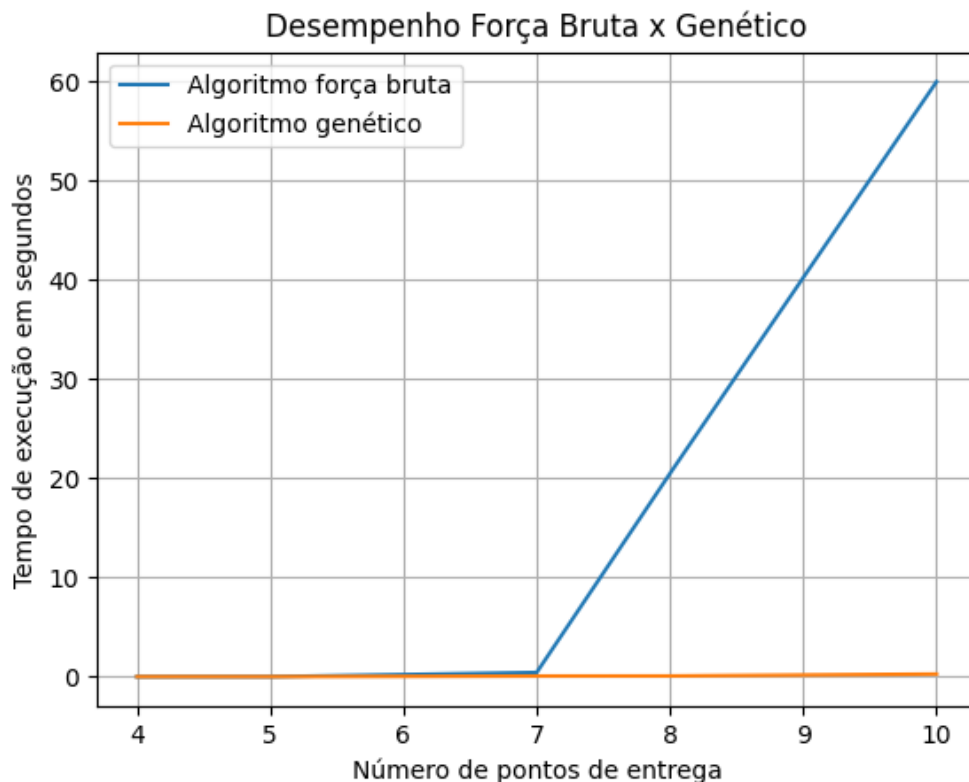


Figura 25. Tempo de execução força bruta x algoritmo genético

Ao analisarmos o gráfico do tempo de execução (figura 24), leva-se em conta a quantidade de pontos e o tempo levado para calcular a rota. Com tais informações, é importante perceber a diferença de tempo de execução do algoritmo de força bruta, pois para matrizes com mais de 10 pontos de entrega o algoritmo não obteve retorno, afinal utilizou-se mais memória do que o equipamento poderia oferecer, em contrapartida o algoritmo genético se mostrou mais eficiente em encontrar soluções ótimas ou muito próximas do ótimo em um tempo consideravelmente menor. Logo, quando analisamos a eficiência do algoritmo de força bruta levando em conta o espaço e o tempo gasto, 10 seria o ponto que ele se tornaria infrutífero.

No entanto, é importante levar em consideração que, como o algoritmo genético encontra diferentes rotas a cada execução, é preciso deixar claro quantas execuções foram realizadas para se obter a solução apresentada. Para isso, no experimento em questão, foram realizadas 10 execuções para cada configuração de pontos de entrega e tamanho da matriz, e os resultados apresentados na tabela correspondem à melhor solução obtida nessas 20 execuções.

Essa abordagem foi adotada para garantir uma análise mais robusta e confiável dos resultados, pois é possível que o desempenho dos algoritmos varie de acordo com as configurações da máquina utilizada e, com as diferentes rotas encontradas pelo algoritmo genético em cada execução, é importante que a melhor solução seja apresentada para que se possa comparar de maneira justa com os resultados obtidos pelo algoritmo de força bruta.

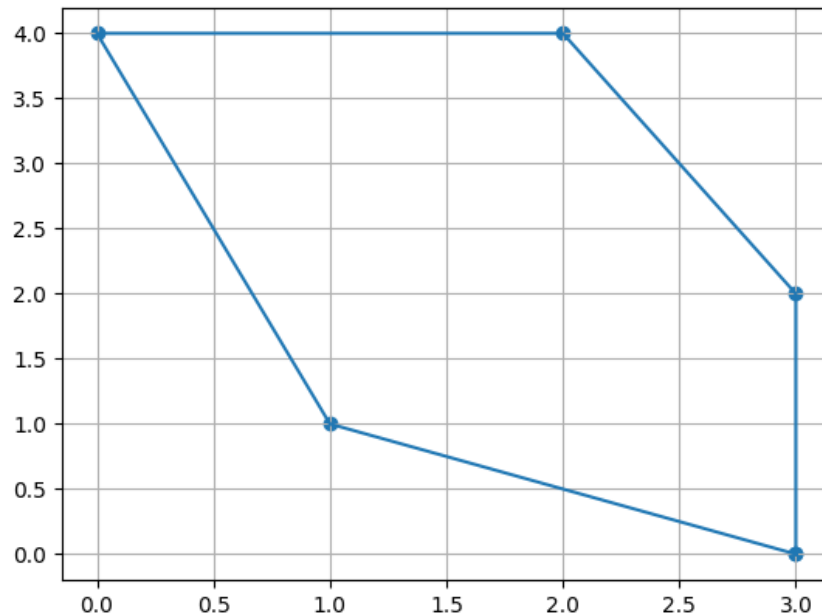


Figura 26. Gráfico do caminho ótimo para o problema do Flyfood

A figura 25 é uma representação visual da melhor solução encontrada pelo algoritmo genético para a problemática do Flyfood, ou seja, o gráfico permite visualizar a rota ótima (mínima) percorrida pelo entregador de delivery.

6. Conclusão

O objetivo principal deste trabalho foi desenvolver uma solução computacional que fosse capaz de encontrar o percurso com menor distância total que, saindo do ponto inicial, passe por todos os pontos de entrega e retorne ao ponto inicial. Então, foi elaborado um algoritmo de força bruta que calcule todas as rotas possíveis de entrega e retorne o caminho que obtivesse a menor distância.

Com o algoritmo implementado, foram feitos testes para calcular o tempo de execução para um valor x de pontos de entrega. Tais experimentos revelaram que o algoritmo conseguiu calcular rotas com até 10 pontos de entrega, entretanto, para pontos maiores levava mais de 10 minutos, que foi considerado longo demais para ser produtivo. Sendo assim, para um número mais razoável de pontos de entrega, consegue retornar a rota de menor distância e reduzir custos, visto que percursos maiores significam mais bateria e combustível gastos.

Além disso, o algoritmo, devido ao uso de força bruta e dos laços de repetição aninhados, é um algoritmo que têm crescimento fatorial. Ou seja, ao fazermos a análise desse algoritmo, a função de tempo do algoritmo ($t(n)$, na qual depende de n , o número de pontos de entrega que o drone terá que realizar) aumentará muito rapidamente, pois a curva de crescimento será pertencente a $n!$.

Entretanto o destaque deste trabalho foi a apresentação de uma solução baseada em algoritmos genéticos que se mostrou altamente eficiente para resolver problemas com um grande número de pontos de entrega. De fato, em comparação com o algoritmo de força bruta, o algoritmo genético foi capaz de encontrar soluções muito próximas do ótimo em um tempo razoável. Isso demonstra que a abordagem genética tem um grande potencial para resolver problemas complexos em logística, o que pode resultar em economias significativas de tempo e recursos para empresas que precisam otimizar suas rotas de entrega. encontrando soluções próximas do ótimo em um tempo razoável, o que não é possível com o algoritmo de força bruta.

Analizou-se também que o algoritmo genético apresenta algumas desvantagens. A primeira é a dificuldade de se escolher os parâmetros ideais, como o tamanho da população e a taxa de mutação, o que pode impactar a qualidade da solução encontrada. Além disso, pode ficar preso em mínimos locais, o que pode levar a soluções sub-ótimas. Por fim, o algoritmo genético não garante a solução ótima, embora apresente soluções próximas do ótimo em um tempo razoável.

Também foram realizadas modificações no código buscando melhorar sua complexidade e eficiência. Por exemplo, o cálculo de fitness foi otimizado para reduzir a busca pela posição dos elementos na matriz e a necessidade de mapear números em

letras, tornando-o mais rápido. Além disso, foi reduzido o tamanho da população inicial, que estava muito grande e acabava tendo um custo semelhante ao da abordagem de força bruta em casos com poucos pontos. A seleção também foi aprimorada, seguindo uma estratégia mais eficiente para garantir melhores soluções.

Com trabalhos a serem desenvolvidos a partir deste, é possível aprimorar o algoritmo genético utilizando técnicas como o elitismo, que mantém as melhores soluções da população atual para a próxima geração, evitando a perda de soluções promissoras. Além disso, uma investigação sobre o impacto de diferentes valores de taxa de mutação e tamanho da população pode ser realizada para avaliar a qualidade das soluções encontradas. É recomendado também a adoção de um método de seleção mais eficiente, como a seleção por roleta, que se baseia em uma probabilidade proporcional à aptidão de cada indivíduo na população. Esse método pode ser particularmente útil em problemas onde a aptidão é altamente variável entre os indivíduos, permitindo que os mais aptos tenham uma maior probabilidade de serem selecionados para reprodução.

Em resumo, a solução proposta neste trabalho foi eficiente e conseguiu resolver o problema de encontrar a rota mais curta que passasse por todos os pontos de entrega. A combinação de algoritmos de força bruta e genética permitiu encontrar soluções para problemas de diferentes tamanhos e complexidades, tornando o processo mais eficiente e produtivo.

Referências Bibliográficas

Fonseca, J. D. O., Sá, E. M., Mendonça, F. M., & Sanches Junior, P. F. (2020). Otimização de rotas de entregas de materiais em uma rede hospitalar por meio do algoritmo do problema do caixeiro viajante. Rev. Gest. Sist. Saúde, São Paulo, 9(2), 283-302. <https://doi.org/10.5585/rgss.v9i2.16570>

CORMEN, Thomas. Algoritmos - Teoria e Prática. [Brasil]: Grupo GEN, 2012. 9788595158092. E-book. Disponível em: <https://integrada.minhabiblioteca.com.br/#/books/9788595158092/>. Acesso em: 27 jan. 2023.

FILEOFF, Paulo. Problemas NP-completos. Instituto de Matemática e Estatística da USP, São Paulo. Disponível em: https://www.ime.usp.br/~pf/analise_de_algoritmos/aulas/NPcompleto.html. Acesso em 27 jan. 2023.

ANÁLISE de Complexidade. UFMG. Disponível em: <https://homepages.dcc.ufmg.br/~cunha/teaching/20121/aeds2/complexity.pdf> Acesso em 27 de jan. de 2023.

DE ABREU, Nair Maria Maia. A Teoria da Complexidade Computacional. R. mil. Cio e Tecno/., Rio de Janeiro, 4(1):90-95, jan./mar. 1987. Disponível em: http://rmct.ime.eb.br/arquivos/RMCT_1_tri_1987/teoria_complex_comput.pdf Acesso em: 27 de jan. de 2023.

Gabriel Altafini Neves da Silva, et al. “ALGORITMOS HEURÍSTICOS CONSTRUTIVOS APLICADOS AO PROBLEMA DO CAIXEIRO VIAJANTE PARA A DEFINIÇÃO DE ROTAS OTIMIZADAS.” Colloquium Exactarum (Online), vol. 5, no. 2, 2013, pp. Colloquium Exactarum (Online), 2013, Vol.5 (2).

GOLDBARG, Elizabeth. Otimização Combinatória e Meta-heurísticas - Algoritmos e Aplicações. Grupo GEN, 2015. E-book. ISBN 9788595154667. Disponível em: <https://integrada.minhabiblioteca.com.br/#/books/9788595154667/>. Acesso em: 15 mar. 2023.

GENDREAU, Michel., POTVIN, Jean-Yves. Handbook of Metaheuristics. Springer, 2019. ISBN 978-3-319-91085-7. Acesso em: 15 mar. 2023.