
Projektowanie efektywnych algorytmów

Projekt nr 4 - Implementacja i analiza efektywności
algorytmu genetycznego dla problemu komiwojażera

semestr zimowy 2023/2024

Autor:
Eryk Mika 264451

Prowadzący:
Dr inż. Marcin Łopuszyński

Spis treści

1. WSTĘP TEORETYCZNY.....	1
1.1. METODY KRZYŻOWANIA	1
1.2. METODY MUTACJI	2
1.3. METODA SELEKCJI	2
1.4. POPULACJA POCZĄTKOWA.....	3
2. OPIS IMPLEMENTACJI ALGORYTMÓW.....	3
2.1. KLASA <i>GRAPH</i>	3
2.2. KLASA <i>GRAPH</i> – METODA <i>GENERATEINITIALSOLUTION()</i>	3
2.3. KLASA <i>GRAPH</i> – METODA <i>SOLVEGA()</i>	4
2.4. KLASA <i>ROUTE</i>	6
3. SPOSÓB PRZEPROWADZENIA BADANIA	9
4. WYNIKI PRZEPROWADZONEGO BADANIA	9
4.1. WSZYSTKIE WYNIKI PRZEDSTAWIONE TABELARYCZNIE.....	9
4.2. WYNIKI PRZEDSTAWIONE ZA POMOCĄ WYKRESÓW	19

1. Wstęp teoretyczny¹

Zgodnie z informacjami przedstawionymi w poprzednich sprawozdaniach, problem komiwożera (*TSP*) jest problemem trudnym pod względem obliczeniowym. W tym opracowaniu zostanie omówione rozwiązanie tego problemu z wykorzystaniem algorytmu genetycznego. Jest to rodzaj algorytmu ewolucyjnego - jest wzorowany na biologicznej ewolucji oraz stosowany jest do optymalizacji oraz planowania.

Algorytm genetyczny jest heurystyką². Symuluje on proces naturalnej selekcji poprzez ocenę adaptacji poszczególnych jednostek, eliminację słabszych osobników oraz krzyżowanie tych o największym przystosowaniu – w ten sposób powstają nowe osobniki w populacji. Każdy osobnik reprezentuje określony sposób rozwiązania problemu, który wyznacza dany *chromosom*. Osobniki oceniane są według pewnego kryterium – *funkcji oceny* – która, w przypadku problemu *TSP*, może być rozumiana jako funkcja przyporządkowująca koszt do danej trasy. Istotnym elementem algorytmu jest także mutacja, która polega na zmianie pewnych elementów rozwiązania według pewnego wzorca z określonym prawdopodobieństwem. Efektem tego procesu jest populacja jednostek, z których wybierane są te o najwyższym stopniu przystosowania. Zbiór informacji całej populacji określa się jako *genotyp*.

1.1. Metody krzyżowania

Krzyżowanie, realizowane poprzez *operator krzyżowania*, polega na kombinacji cech różnych osobników z populacji, co prowadzi do powstania nowych rozwiązań. Krzyżowanie zachodzi z pewnym ustalonym prawdopodobieństwem.

W zaimplementowanym i omawianym algorytmie zastosowano operator krzyżowania **PMX** (ang. *partially matched crossover*) – krzyżowanie z częściowym odwzorowaniem. W algorytmie realizującym ten operator wybierane są dwa punkty podziału, które wyznaczają tzw. sekcję dopasowania (ang. *matching section*). W ten sposób definiowane są punkty, które wyznaczają sposób transpozycji (zmianę miejsc) elementów danego rozwiązania³ – szczegółowy opis algorytmu zawarty jest w opisie implementacji.

¹ https://sound.eti.pg.gda.pl/student/isd/isd03-algorytmy_genetyczne.pdf

² https://pl.wikipedia.org/wiki/Algorytm_genetyczny

³ <https://www.aragorn.wi.pb.edu.pl/~wkwedlo/EA5.pdf>

1.2. Metody mutacji⁴

Mutacja polega na wprowadzaniu losowych zmian do genotypu populacji. Ma to na celu zwiększenie różnorodności generowanych rozwiązań. Mutacja zachodzi z pewnym ustalonym prawdopodobieństwem, które z reguły jest niewielkie ($\leq 1\%$), co ma na celu zachowanie równowagi pomiędzy przeszukiwaniem lokalnym (wokół pewnej grupy rozwiązań) oraz zwiększaniem przeszukiwanej przestrzeni rozwiązań⁵.

W prezentowanym projekcie zastosowano dwa operatory mutacji: *inverse* oraz *scramble*.

Operator *inverse* polega na odwróceniu kolejności elementów rozwiązania pomiędzy dwoma przyjętymi punktami w chromosomie (Rysunek 1.1).

Rysunek 1.1 Przykład zastosowania operatora *inverse*



Źródło: opracowanie własne

Operator *scramble* polega na losowym przestawianiu wybranych elementów z genotypu (Rysunek 1.2).

Rysunek 1.2 Przykład zastosowania operatora *scramble*



Źródło: opracowanie własne

1.3. Metoda selekcji

Selekcja w algorytmie genetycznym polega na wybieraniu osobników z populacji, które przejdą do następnego pokolenia (iteracji algorytmu). Możliwa jest realizacja selekcji na wiele sposobów. Do najważniejszych należą między innymi tzw. metoda ruletki oraz **metoda rankingowa**⁶, która została zaimplementowana i użyta w przedstawionym projekcie.

Metoda rankingowa w zaimplementowanej postaci polega na posortowaniu osobników w populacji rosnąco według przyjętej funkcji oceny – kosztu danej trasy. Następnie, zakładając, że do następnego pokolenia przechodzi n najlepszych osobników, pozostałe (gorsze) są usuwane (przykład przedstawia Rysunek 1.3).

Rysunek 1.3 Przykład zastosowania metody rankingowej. Populacja jest przedstawiona w postaci tablicy kosztów osobników.

$[55, 62, 74, 80, 91, 100, 120, 182] \rightarrow [55, 62, 74, 80, 91] \quad n = 5$
--

Źródło: opracowanie własne

⁴ <https://www.aragorn.wi.pb.edu.pl/~wkwedlo/EA5.pdf>

⁵ <https://www.baeldung.com/cs/genetic-algorithms-crossover-probability-and-mutation-probability>

⁶ [https://en.wikipedia.org/wiki/Selection_\(genetic_algorithm\)](https://en.wikipedia.org/wiki/Selection_(genetic_algorithm))

1.4. Populacja początkowa

Populacja początkowa jest grupą osobników – rozwiązań, od których zaczyna swoje działanie algorytm. Wielkość tej populacji jest różna i zazwyczaj zależy ona od specyfiki rozwiązywanego problemu⁷. Często stosuje się wygenerowanie całości populacji w sposób losowy, jednakże spotyka się także podejście z wykorzystaniem „ziarna”, które stanowią osobniki, o których wstępnie wiadomo, że mogą być obiecujące – są wygenerowane, na przykład, za pomocą metody zachłannej⁸. „Ziarno” to stanowi pewną część osobników populacji początkowej oprócz osobników wygenerowanych losowo. Ten sposób został wykorzystany w tym projekcie.

2. Opis implementacji algorytmów

W celu analizy efektywności omawianych algorytmów został napisany program w języku C++ z wykorzystaniem obiektowego paradygmatu programowania. Najistotniejszymi komponentami aplikacji są klasy *Graph* oraz *Route*, których pola (struktury danych) oraz metody są odpowiedzialne za realizację algorytmu. Wiele istotnych kwestii związanych z implementacją zostało wyjaśnionych w komentarzach w plikach źródłowych.

2.1. Klasa *Graph*

Klasa *Graph* jest główną klasą programu, która jest odpowiedzialna za przechowywanie struktury i metod grafu, na którym wykonywane są badane algorytmy. Pola prywatne klasy – dwuwymiarowa tablica *std::vector matrix* oraz *size* są użyte do przechowywania długości krawędzi w postaci macierzy kwadratowej – kosztów - *matrix* stopnia *size*. Oba pola przechowują liczby stałoprzecinkowe typu *int*. W macierzy komórka o współrzędnych *i, j* zawiera odległość pomiędzy wierzchołkami *i i j*.

Zaimplementowano konstruktor wczytujący instancję z pliku tekstowego, przeładowany operator przypisania oraz metodę wypisującą graf (macierz) na ekran. Została zaimplementowana metoda *calculateRouteCost()*, która służy do obliczania kosztu danej trasy komiwojażera w grafie – poprzez iterowanie po krawędziach w ścieżce i dodanie ich długości do kosztu, który jest przypisywany do odpowiedniego pola w obiekcie klasy *Route*.

2.2. Klasa *Graph* – metoda *generateInitialSolution()*

Metoda ta użyta do wyznaczenia rozwiązania początkowego w sposób **zachłanny**. Rozwiązanie to wykorzystane jest do tworzenia „ziarna” populacji początkowej.

⁷ https://en.wikipedia.org/wiki/Genetic_algorithm

⁸ <https://medium.datadriveninvestor.com/population-initialization-in-genetic-algorithms-ddb037da6773>

Algorytm:

1. Utworzenie listy *visited*, zainicjowanej odwiedzeniem korzenia (wierzchołka 0).
2. Rozpoczyna się pętla, która wykonuje się *size-1* razy, ponieważ trasa musi odwiedzić wszystkie wierzchołki oprócz korzenia.
3. Dla aktualnego wierzchołka *curlIndex* na trasie, znajdowany jest najbliższy nieodwiedzony wierzchołek *dst* z najmniejszą wagą krawędzi. Wartość minimalnej wagi przechowywana jest w zmiennej *dstMin*.
4. Znaleziony wierzchołek *dst* jest dodany do listy *visited* i do wynikowej trasy *res* na odpowiedniej pozycji.
5. Po zakończeniu pętli, waga krawędzi powrotnej do korzenia, czyli od ostatnio odwiedzonego wierzchołka do korzenia (wierzchołek 0), jest dodawana do kosztu. Wygenerowana trasa jest zwracana z metody.

2.3. Klasa *Graph* – metoda *solveGA()*

Metoda ta użyta jest do rozwiązywania problemu komiwojażera za pomocą algorytmu genetycznego.

W metodzie tworzony jest wektor *population* przechowujący populację tras. Tworzona jest populacja początkowa. 10% osobników w tej populacji stanowią rozwiązanie uzyskane metodą zachłanną oraz osobniki pochodzące z tego rozwiązania poprzez wywoływania operatora *swap()* (zamiana elementów miejscami). Uzyskana populacja jest sortowana (Rysunek 2.1).

Rysunek 2.1 Algorytm tworzenia populacji początkowej

```
/*  
    10% osobników w początkowej populacji wywodzi się z rozwiązania zachłannego  
    razem z bazowym rozwiązaniem wygenerowanym zachłannie  
*/  
while(population.size() < (unsigned)(0.1 * initialPopulation))  
{  
    /* Wygenerowanie osobników pochodzących z rozwiązania zachłannego (greedy) - losowe  
    przestawianie elementów trasy */  
    Route r = greedy;  
    r.procedureSwap(rand() % routeElements, rand() % routeElements);  
    r.procedureSwap(rand() % routeElements, rand() % routeElements);  
    calculateRouteCost(r);  
    population.emplace_back(r);  
}  
  
// Reszta osobników jest wygenerowana losowo  
while(population.size() < initialPopulation)  
{  
    Route r(routeElements);  
    r.randomize();  
    calculateRouteCost(r);  
    population.emplace_back(r);  
}  
  
// Sortowanie populacji wg kosztów tras - podejście rankingowe  
std::sort(population.begin(), population.end());
```

Źródło: opracowanie własne

Następnie, po inicjalizacji zmiennych związanych z obsługą pomiaru czasu, rozpoczyna się główna pętla algorytmu (Rysunek 2.2).

Rysunek 2.2 Główna pętla algorytmu genetycznego w postaci pseudokodu

```
// Główna pętla algorytmu
while(warunek stopu)
{
    // Rozmiar populacji w obecnej iteracji
    unsigned populationSize = population.size();

    for(unsigned i=0; i<populationSize; i++)
    {
        // Mutacja
        if( (double)rand() / (double)RAND_MAX < mutationFactor )
        {
            // Mutacja typu scramble
            if( mutationChoice )
            {
                // Wybierana jest losowa liczba elementów trasy do poprzestawiania
                population[i].mutateScramble( rand() % routeElements );
            }
            // Mutacja typu inverse
            else
            {
                // Odwracanie trasy pomiędzy indeksami idx1, idx2
                int idx1 = 0, idx2 = 0;

                // Uniknięcie braku efektu mutacji
                while(idx1==idx2)
                {
                    idx1 = rand() % routeElements;
                    idx2 = rand() % routeElements;
                }
                population[i].mutateInverse( idx1, idx2 );
            }
            calculateRouteCost(population[i]);
        }

        // Krzyżowanie
        if( (double)rand() / (double)RAND_MAX < crossoverFactor )
        {
            // Wybranie drugiego osobnika - rozwiązania - do krzyżowania
            unsigned secIndex = rand() % populationSize;
            if(secIndex == i) secIndex = ( secIndex + 1 ) % populationSize;
            Route offspring = population[i].crossoverPMX( population[secIndex] );
            calculateRouteCost(offspring);
            population.emplace_back(offspring);
        }
    }

    std::sort(population.begin(), population.end());

    // Jeżeli znaleziono nowe najlepsze rozwiązanie
    if( population[0].getCost() < bestSolution )
    {
        bestSolution = population[0].getCost();
        pomiarczasu;
    }

    /*
    Selekcja rodziców do następnej iteracji
    Wybierane jest 'eliteSize' najbardziej obiecujących (najlepszych) rozwiązań
    */
    if( population.size() > initialPopulation )
    {
        population.erase( population.begin() + eliteSize, population.end() );
    }

    // Sprawdzenie warunku stopu
    if( czas przekroczony )
    {
        break;
    }
}
}
```

Źródło: opracowanie własne

W każdej iteracji algorytmu zachodzą operacje mutacji oraz krzyżowania – z ustalonym prawdopodobieństwem odpowiednio *mutationFactor* oraz *crossoverFactor*. W przypadku mutacji możliwe jest wybranie jednego z dwóch operatorów. W przypadku operatora *scramble* losowana jest liczba elementów do przestawiania, natomiast w przypadku operatora *inverse* losowane są dwa indeksy, które wyznaczają odwracany fragment rozwiązania. Po zakończeniu tych operacji populacja jest sortowana i, jeżeli znaleziono nowe najlepsze rozwiązanie, jest ono zapisywane (*bestSolution*). Jednocześnie dokonywany jest pomiar czasu jego znalezienia. Następuje selekcja osobników zgodnie z podejściem rankingowym – zostawiane jest *eliteSize* najlepszych osobników w populacji. Parametr *eliteSize* określony jest jako 50% liczebności populacji początkowej. Na końcu sprawdzany jest warunek stopu jako przekroczony czas – pomiar ten jest wykonywany co 10. iterację pętli w celu zapobieżenia nadmiernego wpływu pomiaru czasu na czas wykonywania właściwego algorytmu. Efekty działania algorytmu są zwracane z metody jako para (*czas znalezienia najlepszej trasy*, *koszt najlepszej trasy*).

2.4. Klasa *Route*

Klasa ta jest użyta do reprezentowania ścieżki – trasy komiwojażera bez pierwszego i ostatniego przystanku na trasie, który jest przyjęty jako 0. Oznacza to, że przykładowo ciąg wierzchołków 0-1-2-3-0 jest w tej klasie reprezentowany jako ciąg 1-2-3. Ciąg wierzchołków jest przechowywany w postaci tablicy `std::vector<int> route`.

Zostały zaimplementowane następujące komponenty klasy:

- Konstruktor *Route(int n)* - tworzy obiekt trasy o rozmiarze *n*. Inicjalizuje wektor *route* o zadanej wielkości,
- Metoda *randomize()* generuje losową permutację trasy, reprezentującą trasę komiwojażera bez pierwszego i ostatniego przystanku na trasie (0),
- Metoda *toString()* zwraca tekstową reprezentację trasy, gdzie kolejne liczby są oddzielone spacją.
- Operator przypisania *operator=* przypisuje zawartość jednej trasy do drugiej.
- Operator dostępu do elementu *operator[]* umożliwia odczyt i modyfikację elementów trasy.
- Operator porównania *operator==* porównuje dwie trasy i zwraca *true*, jeśli są identyczne.
- Metoda *procedureSwap()* wykonuje operację swap (zamiana miejscami) dla dwóch wierzchołków na trasie.
- Metoda *procedureInverse()* wykonuje operację odwracania kolejności elementów trasy między dwoma wskazanymi indeksami.
- Metoda *getSize()* zwraca rozmiar trasy.

- Pomocnicza metoda *swap()* zamienia miejscami dwa elementy trasy na podstawie ich indeksów.

W klasie tej zostały zaimplementowane operatory mutacji oraz krzyżowania.

W przypadku operatorów mutacji, operator *inverse* odwraca kolejność elementów w danym fragmencie rozwiązania poprzez iteracyjne zamienianie elementów z pozycji *i* i *j*. Dla operatora *scramble* losowane są indeksy elementów które będą przestawiane (*chosenIndices*) – dodawane są te indeksy, które nie zostały jeszcze wybrane – nieoznaczone w trasie *markedAsVisited* jako 0. Następnie wybrane wcześniej elementy są losowo przestawiane za pomocą metody pomocniczej *swap()*.

Rysunek 2.3 Implementacja operatorów mutacji w klasie *Route*

```
// Mutacja typu inverse - iteracyjne odwracanie kolejności elementów
void Route::mutateInverse(unsigned i, unsigned j)
{
    if(i > j)
    {
        int temp = i;
        i = j;
        j = temp;
    }

    while(i < j) swap(i++, j--);
}

// Mutacja typu scramble - losowe przestawianie k elementów trasy
void Route::mutateScramble(unsigned k)
{
    if(k > route.size()) return;
    // Kopia obecnej trasy służąca do oznaczania wybranych elementów/indeksów - jako 0
    Route markedAsVisited = *this;
    // Wybrane indeksy do przestawiania
    std::vector<int> chosenIndices = {};

    // Wybierane są k elementy trasy, które będą losowo przestawiane
    while(chosenIndices.size() < k)
    {
        int chosenIndex = rand() % ( route.size() );
        if( markedAsVisited[chosenIndex] != 0 )
        {
            chosenIndices.push_back(chosenIndex);
            markedAsVisited[chosenIndex] = 0;
        }
    }

    // Wcześniej wybrane elementy trasy są losowo przestawiane - wywołanie własnej metody pomocniczej
    for(unsigned i=0; i<chosenIndices.size(); i++)
        swap( chosenIndices[i], chosenIndices[ rand() % chosenIndices.size() ] );
}
```

Źródło: opracowanie własne

W klasie zaimplementowano operator krzyżowania *PMX*. Algorytm zaczyna się od losowego wyboru dwóch indeksów (*a* i *b*), które określają segment poddawany krzyżowaniu. Zapewnione jest, że *a* jest mniejsze niż *b*. Następnie potomek jest tworzony, inicjalizując go trasą drugiego rodzica (*sec*). W kolejnym kroku następuje kopiowanie wybranego segmentu z pierwszego rodzica (*this*) do potomka. Dla każdego elementu w tym segmencie, kopiowany jest do potomka. Po skopiowaniu segmentu identyfikowane są pary elementów, które nie zostały skopiowane w tym segmencie z drugiego rodzica. Tworzona jest lista par (*i, j*), gdzie *i* to element z drugiego rodzica, a *j* to odpowiadający mu element z pierwszego rodzica. Następnie następuje iteracja przez te pary i elementy potomka są umieszczane w miejscach określonych przez te pary. W przypadku konfliktu, gdy element, który ma być umieszczony, już istnieje w potomku, dokonywane są odpowiednie zamiany. Na koniec zwracana jest trasa potomka, która zawiera połączenie cech obu rodziców z uwzględnieniem krzyżowania *PMX*.

Rysunek 2.4 Algorytm operatora *PMX*

```
// Zamieniamy jeżeli taka konieczność, aby a <= b
if(a > b) {
    unsigned temp = a;
    a = b;
    b = temp;
}
// Wynikowy potomek
Route offspring = sec;
// Skopiowanie wybranego segmentu z pierwszego rodzica (*this)
for(unsigned i=a; i<=b; i++)
{
    offspring[i] = this->route[i];
}

std::vector<std::pair<int, int>> pairs = {};

// Wyznaczenie par (i, j); elementy, które nie zostały skopiowane w analogicznym segmencie z drugiego rodzica
for(unsigned i=a; i<=b; i++)
{
    int secRouteElement = sec.route[i];
    bool isFound = false;
    for(unsigned k=a; k<=b; k++) {
        if(secRouteElement == this->route[k]) {
            isFound = true;
            break;
        }
    }
    if(isFound) continue;
    pairs.push_back(std::pair<int, int>(secRouteElement, this->route[i]));
}

// Umieszczanie elementów z par (i, j)
for(unsigned p=0; p<pairs.size(); p++)
{
    int i = pairs[p].first;
    int j = pairs[p].second;
    int destIndex = -1;

    unsigned it = 0;
    while( it < routeSize ) {
        // Czy wewnątrz skopiowanego fragmentu
        bool withinCopiedSegment = ( it >= a && it <= b );
        if( sec.route[it] == j && withinCopiedSegment )
        {
            j = this->route[it];
            it = 0;
            continue;
        } else if ( sec.route[it] == i ){
            destIndex = it;
            break;
        }
        it++;
    }
    // Umieszczenie i na pozycji zajmowanej przez j
    offspring[destIndex] = i;
}
return offspring;
```

Źródło: opracowanie własne

3. Sposób przeprowadzenia badania

W celu realizacji badania – eksperymentu zostały wykorzystane omówione wcześniej klasy. Podobnie jak w przypadku realizacji wcześniejszych projektów, w celu oceny efektywności badanych algorytmów został wykorzystany pomiar czasu przy wykorzystaniu funkcjonalności biblioteki *<chrono>* i zawartej w niej klasy *steady_clock*, która reprezentuje zegar monotoniczny, dla którego gwarantowane jest, że różnica czasu (przykładowo przekonwertowanego do milisekund – tak jak w programie) będzie większa od zera dla dwóch momentów czasu badania, z których drugi występuje później niż pierwszy. Po wykonaniu metody realizującej algorytm genetyczny wypisywany jest czas uzyskania wyniku w milisekundach oraz koszt ścieżki.

Do badań zostały wykorzystane problemy wskazane w wytycznych dot. projektu. Są one reprezentowane przez pliki:

- *ftv47.atsp* (1776),
- *ftv170.atsp* (2755) ,
- *rgb403.atsp* (2465).

W nawiasach zostały podane najlepsze znane rozwiązania – koszty tras – dla tych problemów⁹.

Przeanalizowano rezultaty działania algorytmu dla dwóch opisanych wcześniej operatorów mutacji oraz jednego operatora przypisania. Badania zrealizowano w pierwszej kolejności dla współczynnika mutacji 0,01 oraz współczynnika krzyżowania 0,8 oraz następujących wielkości populacji 10^3 , 10^4 oraz 10^5 .

Następnie ustalono, że najlepsze rezultaty uzyskiwane są dla największej liczebności populacji (10^5), w związku z czym przeprowadzono kolejne badania dla tej wartości – przeanalizowano wpływ współczynnika mutacji na wyniki (wartości **0,02, 0,5, 0,1**) dla obu operatorów mutacji.

Ustalono warunek stopu – limit czasu wykonywania algorytmu na: 2 minuty dla problemu *ftv47.atsp*, 4 minuty dla problemu *ftv170.atsp* oraz 6 minut dla problemu *rbg403.atsp* – identyczny jak w poprzednim projekcie, co umożliwia porównanie działania algorytmów.

4. Wyniki przeprowadzonego badania

Wyniki zostały przedstawione za pomocą tabel oraz wykresów.

4.1. Wszystkie wyniki przedstawione tabelarycznie

Wyniki uruchomień algorytmu dla poszczególnych problemów z ustalonymi parametrami zostały zestawione w tabelach.

⁹ <http://comopt.ifi.uni-heidelberg.de/software/TSPLIB95/ATSP.html>

Tabela 1

Problem ftv47.atsp
 Mutacja: inverse Populacja: 1000 Wsp. mutacji: 0.01
 Wsp. krzyżowania: 0.8 Limit czasu: 120 s.

Czas [ms]	Koszt ścieżki	Błąd
8.16e+04	2287	28%
4.43e+03	2234	25%
6.83e+04	2287	28%
2.85e+04	2287	28%
1.28e+04	2241	26%
7.45e+03	2287	28%
1.56e+04	2241	26%
1.04e+04	2234	25%
4.82e+04	2287	28%
9.17e+03	2241	26%

Źródło: opracowanie własne

Tabela 2

Problem ftv47.atsp
 Mutacja: inverse Populacja: 10000 Wsp. mutacji: 0.01
 Wsp. krzyżowania: 0.8 Limit czasu: 120 s.

Czas [ms]	Koszt ścieżki	Błąd
4.93e+03	2218	24%
1.54e+03	2241	26%
1.20e+03	2217	24%
1.22e+03	2289	28%
1.09e+03	2234	25%
8.95e+02	2241	26%
1.26e+04	2181	22%
5.87e+04	2265	27%
1.25e+03	2234	25%
4.69e+04	2202	23%

Źródło: opracowanie własne

Tabela 3

Problem ftv47.atsp
 Mutacja: inverse Populacja: 100000 Wsp. mutacji: 0.01
 Wsp. krzyżowania: 0.8 Limit czasu: 120 s.

Czas [ms]	Koszt ścieżki	Błąd
1.28e+04	2202	23%
2.03e+04	2176	22%
9.74e+04	2164	21%
1.10e+04	2217	24%
1.55e+04	2218	24%
3.34e+04	2173	22%
1.12e+04	2183	22%
1.01e+04	2183	22%
8.81e+03	2234	25%
3.76e+04	2145	20%

Źródło: opracowanie własne

Tabela 4

Problem ftv47.atsp
 Mutacja: scramble Populacja: 1000 Wsp. mutacji: 0.01
 Wsp. krzyżowania: 0.8 Limit czasu: 120 s.

Czas [ms]	Koszt ścieżki	Błąd
1.02e+05	2130	19%
2.69e+03	2234	25%
5.89e+03	2210	24%
2.94e+04	2199	23%
7.13e+04	2181	22%
4.90e+04	2195	23%
9.86e+04	2199	23%
9.50e+04	2210	24%
5.28e+04	2176	22%
1.86e+04	2273	27%

Źródło: opracowanie własne

Tabela 5

Problem ftv47.atsp
 Mutacja: scramble Populacja: 10000 Wsp. mutacji: 0.01
 Wsp. krzyżowania: 0.8 Limit czasu: 120 s.

Czas [ms]	Koszt ścieżki	Błąd
9.58e+04	2183	22%
1.14e+05	2183	22%
1.07e+05	2170	22%
8.25e+04	2165	21%
8.17e+04	2146	20%
6.60e+03	2218	24%
4.55e+04	2170	22%
8.01e+04	2141	20%
9.17e+04	2146	20%
1.14e+03	2243	26%

Źródło: opracowanie własne

Tabela 6

Problem ftv47.atsp
 Mutacja: scramble Populacja: 100000 Wsp. mutacji: 0.01
 Wsp. krzyżowania: 0.8 Limit czasu: 120 s.

Czas [ms]	Koszt ścieżki	Błąd
1.34e+04	2135	20%
3.86e+04	2234	25%
1.16e+05	2175	22%
1.16e+05	2122	19%
1.55e+04	2215	24%
9.71e+04	2217	24%
8.64e+03	2234	25%
1.83e+04	2194	23%
1.03e+04	2183	22%
1.02e+04	2217	24%

Źródło: opracowanie własne

Tabela 7

Problem ftv170.atsp
 Mutacja: inverse Populacja: 1000 Wsp. mutacji: 0.01
 Wsp. krzyżowania: 0.8 Limit czasu: 240 s.

Czas [ms]	Koszt ścieżki	Błąd
4.89e+04	3824	38%
2.38e+05	3822	38%
1.85e+05	3856	39%
2.00e+04	3861	40%
2.68e+03	3901	41%

Źródło: opracowanie własne

Tabela 8

Problem ftv170.atsp
 Mutacja: inverse Populacja: 10000 Wsp. mutacji: 0.01
 Wsp. krzyżowania: 0.8 Limit czasu: 240 s.

Czas [ms]	Koszt ścieżki	Błąd
2.06e+03	3810	38%
5.10e+04	3844	39%
2.28e+05	3810	38%
5.48e+03	3921	42%
3.41e+03	3848	39%

Źródło: opracowanie własne

Tabela 9

Problem ftv170.atsp
 Mutacja: inverse Populacja: 100000 Wsp. mutacji: 0.01
 Wsp. krzyżowania: 0.8 Limit czasu: 240 s.

Czas [ms]	Koszt ścieżki	Błąd
1.75e+04	3810	38%
2.41e+04	3785	37%
1.75e+04	3771	36%
1.88e+04	3824	38%
1.59e+04	3771	36%

Źródło: opracowanie własne

Tabela 10

Problem ftv170.atsp
 Mutacja: scramble Populacja: 1000 Wsp. mutacji: 0.01
 Wsp. krzyżowania: 0.8 Limit czasu: 240 s.

Czas [ms]	Koszt ścieżki	Błąd
1.74e+05	3822	38%
1.27e+05	3771	36%
2.40e+05	3819	38%
5.87e+04	3700	34%
1.09e+05	3861	40%

Źródło: opracowanie własne

Tabela 11

Problem ftv170.atsp
 Mutacja: scramble Populacja: 10000 Wsp. mutacji: 0.01
 Wsp. krzyżowania: 0.8 Limit czasu: 240 s.

Czas [ms]	Koszt ścieżki	Błąd
2.13e+05	3834	39%
1.20e+03	3846	39%
5.05e+04	3771	36%
1.63e+05	3771	36%
2.13e+05	3790	37%

Źródło: opracowanie własne

Tabela 12

Problem ftv170.atsp
 Mutacja: scramble Populacja: 100000 Wsp. mutacji: 0.01
 Wsp. krzyżowania: 0.8 Limit czasu: 240 s.

Czas [ms]	Koszt ścieżki	Błąd
1.66e+04	3771	36%
1.57e+04	3771	36%
7.92e+04	3734	35%
1.76e+04	3771	36%
1.57e+04	3771	36%

Źródło: opracowanie własne

Tabela 13

Problem rbg403.atsp
 Mutacja: inverse Populacja: 1000 Wsp. mutacji: 0.01
 Wsp. krzyżowania: 0.8 Limit czasu: 360 s.

Czas [ms]	Koszt ścieżki	Błąd
3.53e+05	3332	35%
3.43e+05	3330	35%
3.30e+05	3322	34%
3.27e+05	3349	35%
3.21e+05	3308	34%

Źródło: opracowanie własne

Tabela 14

Problem rbg403.atsp
 Mutacja: inverse Populacja: 10000 Wsp. mutacji: 0.01
 Wsp. krzyżowania: 0.8 Limit czasu: 360 s.

Czas [ms]	Koszt ścieżki	Błąd
3.47e+05	3009	22%
3.59e+05	3282	33%
3.54e+05	3065	24%
3.46e+05	3234	31%
3.58e+05	3066	24%

Źródło: opracowanie własne

Tabela 15

Problem rbg403.atsp
 Mutacja: inverse Populacja: 100000 Wsp. mutacji: 0.01
 Wsp. krzyżowania: 0.8 Limit czasu: 360 s.

Czas [ms]	Koszt ścieżki	Błąd
3.59e+05	2999	21%
3.56e+05	3006	21%
3.55e+05	2979	20%
3.58e+05	2991	21%
3.60e+05	2984	21%

Źródło: opracowanie własne

Tabela 16

Problem rbg403.atsp
 Mutacja: scramble Populacja: 1000 Wsp. mutacji: 0.01
 Wsp. krzyżowania: 0.8 Limit czasu: 360 s.

Czas [ms]	Koszt ścieżki	Błąd
3.58e+05	3142	27%
3.60e+05	3180	29%
3.55e+05	3193	29%
3.50e+05	3188	29%
3.49e+05	3219	30%

Źródło: opracowanie własne

Tabela 17

Problem rbg403.atsp
 Mutacja: scramble Populacja: 10000 Wsp. mutacji: 0.01
 Wsp. krzyżowania: 0.8 Limit czasu: 360 s.

Czas [ms]	Koszt ścieżki	Błąd
3.51e+05	3042	23%
3.31e+05	3194	29%
3.55e+05	3173	28%
3.47e+05	3156	28%
3.50e+05	3064	24%

Źródło: opracowanie własne

Tabela 18

Problem rbg403.atsp
 Mutacja: scramble Populacja: 100000 Wsp. mutacji: 0.01
 Wsp. krzyżowania: 0.8 Limit czasu: 360 s.

Czas [ms]	Koszt ścieżki	Błąd
3.57e+05	2964	20%
3.57e+05	2983	21%
3.59e+05	3001	21%
3.55e+05	2926	18%
3.58e+05	2982	20%

Źródło: opracowanie własne

Tabela 19

Problem ftv47.atsp
 Mutacja: inverse Populacja: 100000 Wsp. mutacji: 0.02
 Wsp. krzyżowania: 0.8 Limit czasu: 120 s.

Czas [ms]	Koszt ścieżki	Błąd
8.95e+04	2059	15%
1.11e+04	2210	24%
1.14e+04	2135	20%
9.94e+04	2174	22%
1.50e+04	2151	21%

Źródło: opracowanie własne

Tabela 20

Problem ftv47.atsp
 Mutacja: inverse Populacja: 100000 Wsp. mutacji: 0.05
 Wsp. krzyżowania: 0.8 Limit czasu: 120 s.

Czas [ms]	Koszt ścieżki	Błąd
1.08e+05	2107	18%
1.67e+04	2210	24%
5.33e+04	2129	19%
1.08e+05	2073	16%
7.80e+04	2130	19%

Źródło: opracowanie własne

Tabela 21

Problem ftv47.atsp
 Mutacja: inverse Populacja: 100000 Wsp. mutacji: 0.1
 Wsp. krzyżowania: 0.8 Limit czasu: 120 s.

Czas [ms]	Koszt ścieżki	Błąd
5.29e+04	1974	11%
9.19e+04	2093	17%
8.87e+04	2039	14%
1.18e+05	1984	11%
5.00e+04	2020	13%

Źródło: opracowanie własne

Tabela 22

Problem ftv47.atsp
 Mutacja: scramble Populacja: 100000 Wsp. mutacji: 0.02
 Wsp. krzyżowania: 0.8 Limit czasu: 120 s.

Czas [ms]	Koszt ścieżki	Błąd
1.25e+04	2269	27%
6.93e+04	2122	19%
4.74e+04	2176	22%
7.97e+04	2082	17%
9.56e+04	2156	21%

Źródło: opracowanie własne

Tabela 23

Problem ftv47.atsp
 Mutacja: scramble Populacja: 100000 Wsp. mutacji: 0.05
 Wsp. krzyżowania: 0.8 Limit czasu: 120 s.

Czas [ms]	Koszt ścieżki	Błąd
6.50e+04	2199	23%
8.26e+04	2133	20%
3.39e+04	2135	20%
7.60e+04	2191	23%
6.23e+04	2103	18%

Źródło: opracowanie własne

Tabela 24

Problem ftv47.atsp
 Mutacja: scramble Populacja: 100000 Wsp. mutacji: 0.1
 Wsp. krzyżowania: 0.8 Limit czasu: 120 s.

Czas [ms]	Koszt ścieżki	Błąd
1.16e+05	2122	19%
7.74e+04	2114	19%
1.63e+04	2218	24%
8.48e+04	2122	19%
1.17e+05	2027	14%

Źródło: opracowanie własne

Tabela 25

Problem ftv170.atsp
 Mutacja: inverse Populacja: 100000 Wsp. mutacji: 0.02
 Wsp. krzyżowania: 0.8 Limit czasu: 240 s.

Czas [ms]	Koszt ścieżki	Błąd
2.59e+04	3822	38%
1.80e+04	3771	36%
1.72e+04	3771	36%
1.89e+04	3771	36%
1.99e+04	3771	36%

Źródło: opracowanie własne

Tabela 26

Problem ftv170.atsp
 Mutacja: inverse Populacja: 100000 Wsp. mutacji: 0.05
 Wsp. krzyżowania: 0.8 Limit czasu: 240 s.

Czas [ms]	Koszt ścieżki	Błąd
2.41e+04	3695	34%
1.81e+04	3771	36%
3.72e+04	3768	36%
1.89e+04	3771	36%
1.12e+05	3771	36%

Źródło: opracowanie własne

Tabela 27

Problem ftv170.atsp
 Mutacja: inverse Populacja: 100000 Wsp. mutacji: 0.1
 Wsp. krzyżowania: 0.8 Limit czasu: 240 s.

Czas [ms]	Koszt ścieżki	Błąd
3.08e+04	3822	38%
3.84e+04	3693	34%
2.02e+04	3771	36%
2.08e+04	3771	36%
2.34e+04	3771	36%

Źródło: opracowanie własne

Tabela 28

Problem ftv170.atsp
 Mutacja: scramble Populacja: 100000 Wsp. mutacji: 0.02
 Wsp. krzyżowania: 0.8 Limit czasu: 240 s.

Czas [ms]	Koszt ścieżki	Błąd
1.62e+05	3781	37%
2.00e+04	3771	36%
2.51e+04	3771	36%
1.64e+05	3747	36%
1.91e+04	3771	36%

Źródło: opracowanie własne

Tabela 29

Problem ftv170.atsp
 Mutacja: scramble Populacja: 100000 Wsp. mutacji: 0.05
 Wsp. krzyżowania: 0.8 Limit czasu: 240 s.

Czas [ms]	Koszt ścieżki	Błąd
1.94e+04	3771	36%
2.46e+04	3771	36%
1.49e+05	3695	34%
2.36e+04	3771	36%
2.26e+04	3771	36%

Źródło: opracowanie własne

Tabela 30

Problem ftv170.atsp
 Mutacja: scramble Populacja: 100000 Wsp. mutacji: 0.1
 Wsp. krzyżowania: 0.8 Limit czasu: 240 s.

Czas [ms]	Koszt ścieżki	Błąd
1.39e+05	3695	34%
9.77e+04	3676	33%
2.24e+05	3676	33%
1.70e+05	3710	34%
2.31e+05	3694	34%

Źródło: opracowanie własne

Tabela 31

Problem rbg403.atsp
 Mutacja: inverse Populacja: 100000 Wsp. mutacji: 0.02
 Wsp. krzyżowania: 0.8 Limit czasu: 360 s.

Czas [ms]	Koszt ścieżki	Błąd
3.58e+05	3040	23%
3.58e+05	2982	20%
3.60e+05	2986	21%
3.52e+05	2966	20%
3.58e+05	3024	22%

Źródło: opracowanie własne

Tabela 32

Problem rbg403.atsp
 Mutacja: inverse Populacja: 100000 Wsp. mutacji: 0.05
 Wsp. krzyżowania: 0.8 Limit czasu: 360 s.

Czas [ms]	Koszt ścieżki	Błąd
3.60e+05	3030	22%
3.60e+05	3032	23%
3.59e+05	3011	22%
3.58e+05	3037	23%
3.55e+05	2987	21%

Źródło: opracowanie własne

Tabela 33

Problem rbg403.atsp
 Mutacja: inverse Populacja: 100000 Wsp. mutacji: 0.1
 Wsp. krzyżowania: 0.8 Limit czasu: 360 s.

Czas [ms]	Koszt ścieżki	Błąd
3.53e+05	3024	22%
3.59e+05	3042	23%
3.49e+05	3048	23%
3.57e+05	3036	23%
3.57e+05	2987	21%

Źródło: opracowanie własne

Tabela 34

Problem rbg403.atsp
 Mutacja: scramble Populacja: 100000 Wsp. mutacji: 0.02
 Wsp. krzyżowania: 0.8 Limit czasu: 360 s.

Czas [ms]	Koszt ścieżki	Błąd
3.56e+05	3004	21%
3.57e+05	2996	21%
3.59e+05	2959	20%
3.53e+05	3032	23%
3.58e+05	3014	22%

Źródło: opracowanie własne

Tabela 35

Problem rbg403.atsp
 Mutacja: scramble Populacja: 100000 Wsp. mutacji: 0.05
 Wsp. krzyżowania: 0.8 Limit czasu: 360 s.

Czas [ms]	Koszt ścieżki	Błąd
3.56e+05	3062	24%
3.56e+05	3005	21%
3.59e+05	2984	21%
3.58e+05	3043	23%
3.56e+05	3050	23%

Źródło: opracowanie własne

Tabela 36

Problem rbg403.atsp
Mutacja: scramble Populacja: 100000 Wsp. mutacji: 0.1
Wsp. krzyżowania: 0.8 Limit czasu: 360 s.

Czas [ms]	Koszt ścieżki	Błąd
3.59e+05	3075	24%
3.58e+05	3058	24%
3.59e+05	3095	25%
3.56e+05	3067	24%
3.57e+05	3076	24%

Źródło: opracowanie własne

4.2. Wyniki przedstawione za pomocą wykresów

Zgodnie z założeniami dot. projektu, sporządzono wykresy współczynnika błędu względnego w funkcji czasu działania algorytmu.

Po każdym wykresie sporządzonym dla poszczególnych problemów dla różnych wielkości populacji początkowej podany jest wykres dla różnych wartości współczynnika mutacji dla danego problemu.





