

# Proposta de algoritmo transgenético híbrido para o problema da Árvore Geradora Multiobjetivo baseada no operador *OWA*

Islame Felipe da Costa Fernandes

05 de Dezembro de 2017

## 1 Introdução

Os algoritmos memético (*M-SA*) e transgenético (*T-SA*) concebidos para o problema da *OWA-ST* foram re-implementados a fim de atualizar a versão do gerador de números aleatórios. A *OWA-ST* foi definida formalmente e revisada no primeiro trabalho de DIM0847 - Tópicos Avançados em Algoritmos Experimentais I, onde, na oportunidade, fez-se uma análise experimental dos seus modelos matemáticos (GALAND; SPANJAARD, 2012; FERNÁNDEZ et al., 2017). No segundo trabalho desta disciplina, foi proposto uma abordagem memética hibridizada com um procedimento de recozimento simulado (chamada *M-SA*). No terceiro trabalho, foi proposto um algoritmo transgenético também hibridizado com recozimento simulado (chamado *T-SA*). Este texto omite detalhes da definição matemática da *OWA-ST* (explorada no primeiro relatório).

O algoritmo transgenético proposto é inspirado naquele proposto por Monteiro, Goldbarg e Goldbarg (2010), o qual, por sua vez, é aplicado ao problema da Árvore Geradora Bi-objetivo (*AG-Bi*). De fato, entre os algoritmos meta-heurísticos que compõem o estado da arte da *AG-Bi*, o transgenético de Monteiro, Goldbarg e Goldbarg (2010) apresenta um dos melhores resultados (em tempo e qualidade de soluções). Almeja-se, assim, obter resultados semelhantes no problema da Árvore Geradora Multiobjetivo com preferência *OWA*. Cria-se, pois, um algoritmo transgenético inédito para o problema. De fato, até a data de escrita deste texto, a literatura não contemplava nenhuma meta-heurística para a *OWA-ST*. Eis, pois, a principal justificativa deste trabalho.

O objetivo desta pesquisa é (1) propor uma abordagem memética e uma transgenética aplicada ao problema objeto de estudo; (2) comparar o desempenho do *M-SA* e do *T-SA* com o melhor exato da literatura (a saber, o modelo matemático de Fernández et al. (2017)); (3) comparar o desempenho das meta-heurísticas entre si, em termos de qualidade de solução e tempo de processamento; (4) demonstrar que o desempenho da transgenética computacional, na grande maioria dos casos, é superior a do memético. Para tanto, serão submetidas a experimentos computacionais 90 instâncias com 10 objetivos, possuindo de

30 a 1000 vértices, todas adotando o critério *OWA Hurwicz* e classes *correlated* e *anticorrelated*.

Este documento está organizado como segue: a Seção 2 apresenta de concepção do algoritmo transgenético proposto (exatamente conforme descrito no terceiro trabalho desta disciplina); a Seção 3 apresenta o resultados computacionais e discussões; por fim, a Seção 4 contém as considerações finais.

## 2 O algoritmo

O código dos algoritmos *M-SA* e o *T-SA* precisou ser re-escrito a fim de atualizar a versão o gerador de número aleatório.

Esta seção (exatamente como descrita no terceiro trabalho da disciplina) detalha o procedimento geral do algoritmo transgenético proposto, o qual pode ser apreciado no Algoritmo 1. A subseção 2.1 detalha como é criada a população inicial, a subseção 2.2 explica o funcionamento do repositório do hospedeiro e a subseção 2.3 disserta sobre os vetores transgenéticos propostos. Portanto, nesta e nas seções subsequentes, denotar-se-á um grafo  $G(V, E)$ ,  $|V| = n$ , ponderado nas arestas com um de vetor  $M$  objetivos.

Os endossimbiontes são representados pela lista simples de arestas que compõem a árvore, conforme proposto por Raidl e Julstrom (2003). O *fitness* de um indivíduo é igual ao seu valor OWA. Inicialmente, *#popSize* endossimbiontes são criados e aquele de melhor *fitness* é guardado na variável *best*. O tamanho da população se mantém fixo até o fim do algoritmo. As cadeias de DNA de todos os endossimbiontes são inseridos no hospedeiro. O algoritmo começa, então, seu processo evolucionário, finalizando após *#max\_gen* gerações. Em cada geração, um conjunto de *#numPlasTotal* plasmídeos é criado. Primeiramente, todos os plasmídeos tentam atacar o ótimo corrente. Em seguida, cada indivíduo da população sofre o ataque de pelo menos um plasmídeo (sorteado com probabilidade uniforme). Experimentos preliminares executados por esta pesquisa mostraram que a estratégia de atacar, separadamente, o *best* tem duas vantagens principais: (1) acelerar a convergência em direção a soluções melhores; (2) aumentar as chances de preencher o hospedeiro com informações genéticas de melhor qualidade. De fato, quando um plasmídeo consegue com sucesso atacar o ótimo corrente significa que um novo ótimo foi alcançado, o que explica a afirmação (1). Ademais, a cadeia de DNA do *best* é inserida no hospedeiro, tal como indicado na Linha 14 do Algoritmo 1, o que justifica a afirmativa (2). Deste modo, melhores plasmídeos podem ser criados nas iterações posteriores. Detalhes da sub-rotina da Linha 14 serão fornecidos pela subseção 2.2.

Após a atuação dos plasmídeos, os transposons entram em ação. Dois tipos de transposons são propostos. O primeiro é baseado no método *rmcPrim* (KNOWLES, 2002) e executa com probabilidade *#probTrans1* e o segundo é baseado em recozimento simulado e executa com probabilidade *#probTrans2*. Em ambos os casos, o endossimbionte é substituído se, e somente se, o transposon conseguir gerar uma solução de *fitness* melhor. Esta ideia de aplicar proba-

bilidades à atuação dos transposons foi inspirada em Monteiro, Goldberg e Goldberg (2010). A estratégia destes vetores será detalhada na subseção 2.3.

---

**Algoritmo 1:  $T$ -SA**

---

```

Entrada: Grafo  $G(V, E)$ 
Saída: Árvore com melhor custo OWA encontrado
1   $P = \text{getInitialPop}(\#popSize)$ ;
2   $best = \infty$ ;
3   $\text{setBest}(P, best)$ ;
4   $H = \{\}$ ; // representa o hospedeiro;
5  para todo  $p \in P$  faça
6  |    $H.addGeneticInfo(p)$ ;
7  fim
8  para  $g = 1 \dots \#max\_gen$  faça
9  |    $pl = \text{criarPlasmideos}(\#numPlasTotal, H)$ ; // cria-se um vetor de
         $\#numPlasTotal$  plasmídeos
10 |   para  $i = 1 \dots \#numPlasTotal$  faça
11 |   |   // plasmídeos tentam, primeiramente, atacar o ótimo;
12 |   |    $\bar{b} = \text{plasmid}(pl[i], best)$ ;
13 |   |   se  $OWA(\bar{b}) < OWA(best)$  então
14 |   |   |    $H.addGeneticInfo(best)$ ;
15 |   |   |    $best = \bar{b}$ ;
16 |   |   fim
17 |   fim
18 |   para todo  $j = 1 \dots \#popSize$  faça
19 |   |   // Agora, ataca-se os demais endossimbiontes
20 |   |    $t = \text{random}(1, \#numPlasTotal)$ ;
21 |   |    $\bar{p} = \text{plasmid}(pl[t], P[j])$ ;
22 |   |   se  $OWA(\bar{p}) < OWA(P[j])$  então
23 |   |   |    $H.addGeneticInfo(P[j])$ ;
24 |   |   |    $P[j] = \bar{p}$ ;
25 |   |   fim
26 |   |   se  $\text{random}(0, 1) < \#probTrans1$  então
27 |   |   |    $\bar{p} = \text{primTrans}(P[j])$ ;
28 |   |   |   se  $OWA(\bar{p}) < OWA(P[j])$  então
29 |   |   |   |    $H.addGeneticInfo(P[j])$ ;
30 |   |   |   |    $P[j] = \bar{p}$ ;
31 |   |   |   fim
32 |   |   fim
33 |   |   se  $\text{random}(0, 1) < \#probTrans2$  então
34 |   |   |    $\bar{p} = P[j]$ ;
35 |   |   |    $SA\_Trans(\bar{p})$ ;
36 |   |   |   se  $OWA(\bar{p}) < OWA(P[j])$  então
37 |   |   |   |    $H.addGeneticInfo(P[j])$ ;
38 |   |   |   |    $P[j] = \bar{p}$ ;
39 |   |   |   fim
40 |   |   fim
41 |   |   se  $OWA(P[j]) < OWA(best)$  então
42 |   |   |    $best = P[j]$ ;
43 |   |   fim
44 |   fim
45 fim
46 Retorne  $best$ ;
```

---

## 2.1 População inicial

A população inicial do *T-SA* é idêntica a do *M-SA*. Uma vez que deseja-se avaliar a efetividade dos operadores transgenéticos face aos genéticos, de modo a haver maior igualdade possível entre os algoritmos, optou-se pela mesma população. Desde modo, os algoritmos podem partir da mesma configuração inicial. Entretanto, a subseção 2.1 do Trabalho 2 afirmava que alguns indivíduos da população inicial do *M-SA* seriam gerados com o método *Random Walk* (RAIDL; JULSTROM, 2003). Porém, esta estratégia foi revista e o método abandonado. Esta é, pois, a única diferença entre a versão do Trabalho 2 (depreciada) e a versão atual. A seguir, detalha-se a estratégia adotada por ambos os algoritmos.

A população inicial é formada por  $\#popSize$  indivíduos gerados com o auxílio do método *rmcPrim* (KNOWLES, 2002). Este método é inspirado no algoritmo clássico de Prim (1957) e constrói uma solução adicionando arestas à solução parcial, as quais são escolhidas entre aquelas pertencentes ao corte formado pelos vértices contidos na solução parcial e os vértices não contidos. Porém, diferente de Prim (1957), a escolha do *rmcPrim* é randômica (probabilidade uniforme) e feita numa lista restritas de arestas candidatas (LRC). A cada iteração, o procedimento toma a aresta  $e$  (do corte) que seria escolhida pelo Prim clássico. A lista LRC será composta pelas arestas cujo custo escalarizado seja, no máximo, 0,03% maior que  $e$ .

O *rmcPrim* deve receber como argumento um vetor de escalarização. Considera-se quatro categorias de vetores de escalarização: as direções de referência do SPEA/R (JIANG; YANG, 2017) e os critérios *k-centrum* (TAMIR, 2001), *k-trimmed* (GALAND; SPANJAARD, 2012) e *Hurwicz* (HURWICZ, 1951). Sendo  $M$  a quantidade de objetivos, a obtenção dos vetores do SPEA/R dar-se pela divisão do espaço objetivo em  $\kappa = 6$  camadas e pelos seguintes passos:

1. Criar um vetor central  $\mathbf{C} = (1/M, \dots, 1/M)$
2. Criar um conjunto de vetores  $\mathbf{B}_i = (b_1, \dots, b_M)$  onde  $b_i = 1$  e  $b_j = 0 \forall j \neq i, 1 \leq j \leq M, 1 \leq i \leq M$ ;  $\mathbf{B}_i$  é o  $i$ -ésimo ponto extremo e referente ao eixo do  $i$ -ésimo objetivo;
3. Criar  $\kappa$  vetores entre  $\mathbf{C}$  e  $\mathbf{B}_i$ . O  $r$ -ésimo vetor,  $r \in \{1, \dots, \kappa\}$ ,  $\mathbf{D}_i^r$ , é gerado pela seguinte equação:  $\mathbf{D}_i^r = \mathbf{C} + \frac{r}{\kappa}(\mathbf{B}_i - \mathbf{C})$ ;
4. Finalmente, para cada camada  $r \in \{1, \dots, \kappa\}$  e cada  $t \in \{1, \dots, r\}$ , computar os seguintes pontos dentro da camada  $\hat{\mathbf{D}}_{i,r}^t = \mathbf{D}_i^r + \frac{t}{r+1}(\mathbf{D}_{i+1}^r - \mathbf{D}_i^r)$ ;

O *k-centrum* consiste em sortear, com probabilidade uniforme, um inteiro  $k \in [1, M]$  e gerar os pesos tais que  $\omega_1 = \dots = \omega_k = 1/k$  e  $\omega_{k+1} = \dots = \omega_M = 0$ . O *k-trimmed* sorteia um inteiro  $k \in [1, \frac{M}{2}]$  e atribui  $\omega_1 = \dots = \omega_k = 0$ ,  $\omega_{k+1} = \dots = \omega_{M-k} = \frac{1}{M-2k}$  e  $\omega_{M-k+1} = \dots = \omega_M = 0$ . Por fim, o critério *Hurwicz* determina um  $\alpha$  e atribui  $\omega_1 = \alpha$ ,  $\omega_2 = \dots = \omega_{M-1} = 0$  e  $\omega_M = 1 - \alpha$ . A presente implementação sorteia, com probabilidade uniforme,

$\alpha \in \{0.2, 0.3, 0.4, 0.6, 0.7, 0.8\}$ . Esta variedade de vetores de escalarização proporciona a criação de soluções bem diversificadas, isto é, bem espalhadas pelo espaço de busca.

## 2.2 Material genético do hospedeiro

O material genético do hospedeiro é completamente formado *a posteriori*. Ou seja, as informações do hospedeiro emergem durante o processo evolutivo do algoritmo (GOLDBARG; GOLDBARG, 2013). Assim, o Algoritmo 1 não necessita calcular informações genéticas previamente. As informações adicionadas ao hospedeiro durante o processo evolucionário constituem bons limites superiores para o problema. Esta estratégia foi inspirada no trabalho de Monteiro, Goldbarg e Goldbarg (2010).

Seja  $H$  o conjunto de cadeias de DNA representando o hospedeiro.  $H$  pode armazenar no máximo  $3 * \#popSize$  cadeias de material genético. O DNA do indivíduo  $p \in P$  é adicionado ao hospedeiro  $H$  pela sub-rotina  $H.addGeneticInfo(p)$ . Esta sub-rotina, de acordo com o Algoritmo 1, é invocada sempre que o ataque de um vetor transgenético é bem sucedido e recebe como argumento o DNA original do indivíduo atacado. O objetivo é, ao invés de se desfazer complemento da cadeia atacada, guardá-la e utilizar seu material genético posteriormente. Com isso, visa-se transformar o hospedeiro num repositório de cadeias de DNA recicláveis. Experimentos preliminares realizados por esta pesquisa mostraram que, embora um endossimbionte seja atacado, porções de seu DNA podem ser reutilizadas para constituir bons vetores transgenéticos nas próximas gerações.

A sub-rotina  $H.addGeneticInfo(p)$  insere diretamente em  $H$  a nova cadeia de DNA caso haja espaço (ou seja, caso a supracitada capacidade máxima não tenha sido atingida). Caso contrário, a nova cadeia  $p$  de DNA deve substituir a cadeia  $p_{max}$  de maior *fitness*. Assim, tenta-se manter uma sorte de elitismo nas cadeias de DNA do hospedeiro. Mais que isso, as estratégias ora relatadas conferem ao hospedeiro traços de um repositório dinâmico e elitista de material genético reciclável.

## 2.3 Vetores transgenéticos

Esta seção relata os operadores (ou vetores) transgenéticos utilizados pelo Algoritmo 1. São propostos plasmídeos simples e recombinados, descritos na Subseção 2.3.1, bem como transposons, descritos na Subseção 2.3.2.

### 2.3.1 Plasmídeos

Três tipos de plasmídeos são implementados: *plas1*, *plas2* e *plas3*. Suas diferenças serão detalhadas nos parágrafos subsequentes. A cada geração do Algoritmo 1,  $\#numPlasTotal$  plasmídeos são criados, de modo que  $\#numPlasTotal = \#numPlas1 + \#numPlas2 + \#numPlas3$ , onde  $\#numPlas1$ ,  $\#numPlas2$  e  $\#numPlas3$  representam, respectivamente, a quantidade de plasmídeos do tipo

1, 2 e 3. O tamanho,  $p_{size}$ , da cadeia genética transportada por qualquer plasmídeo  $p$  é sorteada com probabilidade uniforme entre  $[2, \frac{n-1}{2}]$ , onde  $n$  é a quantidade de vértices do grafo.

O *plas1* foi proposto por Monteiro, Goldbarg e Goldbarg (2010). Este é um plasmídeo recombinado cuja informação genética é construída com o auxílio do método *rmcPrim* (KNOWLES, 2002). Em verdade, neste contexto, utilizou-se uma adaptação do *rmcPrim* capaz de gerar uma árvore parcial (subárvore) com  $p_{size}$  arestas. Tais arestas constituem a cadeia genética do *plas1*. Os vetores de escalarização utilizados são construídos seguindo as mesmas metodologias dos vetores adotados na população inicial: as direções de referência do SPEA/R (JIANG; YANG, 2017) e os critérios *k-centrum* (TAMIR, 2001), *k-trimmed* (GALAND; SPANJAARD, 2012) e Hurwicz (HURWICZ, 1951).

O *plas2* foi proposto por Rocha, Goldbarg e Goldbarg (2007) e adotado por Monteiro, Goldbarg e Goldbarg (2010). Este é um plasmídeo simples, cuja informação genética advém de uma cadeia de DNA escolhida com probabilidade uniforme no material genético do hospedeiro. Dada uma cadeia genética advinda do hospedeiro,  $p_{size}$  arestas são escolhidas com probabilidade uniforme, de modo que tais arestas formem um componente conexo, isto é, formem uma árvore parcial. A Figura 1 esquematiza a estratégia de construção do *plas2*.

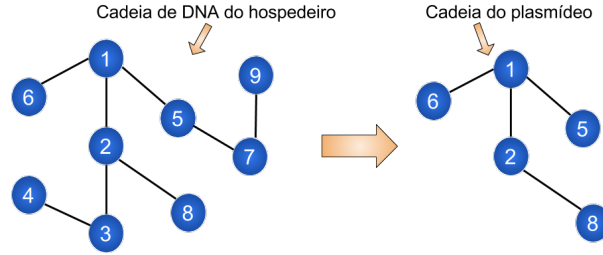


Figura 1: Esquematização do *plas2*

O *plas3* é proposto pelo presente trabalho. Este é um plasmídeo simples que obtém sua informação genética a partir de duas cadeias de DNA do hospedeiro. Sejam  $p_1$  e  $p_2$  duas cadeias de DNA. O *plas3* considera apenas as arestas em  $(p_1 \cup p_2) - (p_1 \cap p_2)$ . Destas arestas,  $p_{size}$  são escolhidas com probabilidade uniforme de modo a formar uma árvore parcial, obtendo, assim, a cadeia genética do *plas3*, cuja esquematização pode ser vista na Figura 2. A inspiração da proposta deste plasmídeo reside em tentar unir arestas que, possivelmente, ainda não se uniram pra formar uma árvore.

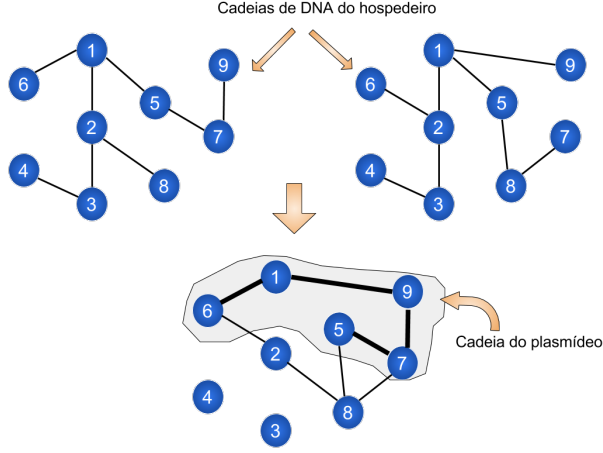


Figura 2: Esquematização do *plas3*

O procedimento de manipulação de uma solução  $p$  é idêntico para todos os plasmídeos. Uma árvore  $\bar{p}$  é construída inserindo, primeiramente, toda a cadeia genética do plasmídeo. Em seguida, tenta-se inserir as arestas de  $p$  em  $\bar{p}$  de modo a não formar ciclos. Caso necessário, arestas aleatórias da instância são inseridas em  $\bar{p}$  de modo a formar uma solução final. Esta estratégia foi utilizada por Monteiro, Goldberg e Goldberg (2010).

### 2.3.2 Transponsons

Dois transponsons são implementados: *primTrans* e *SA\_Trans*. O primeiro foi proposto e utilizado por Monteiro, Goldberg e Goldberg (2010) e o segundo é proposto pelo presente trabalho.

A regra do *primTrans* consiste em, dado um endossimbionte  $p \in P$ , remover algumas arestas de  $p$  e completar a solução com o procedimento *rmcPrim* (KNOWLES, 2002). As arestas removidas, cuja quantidade é determinada aleatoriamente entre 90% e 95%, são escolhidas com probabilidade que depende do custo escalarizado obtido pela aplicação de um vetor de escalarização. Este vetor, por sua vez, é escolhido com probabilidade uniforme no mesmo conjunto de vetores utilizado no procedimento de construção da população inicial. Deste modo, quanto maior o custo escalarizado da aresta, maior a probabilidade de ela ser removida da solução. Em sequência, o algoritmo *rmcPrim* é invocado e, a fim de completar a solução, recebe o mesmo vetor de escalarização utilizado para remover as arestas.

A regra do *SA\_Trans* consiste em realizar uma busca local baseada em recozimento simulado, cujo procedimento geral pode ser apreciado no Algoritmo 2. O transposon recebe um endossimbionte como argumento e considera todo seu DNA no processo de busca. O objetivo deste algoritmo é intensificar o *fitness* de tal endossimbionte, garantindo, simultaneamente, um certo grau de

diversificação. Eis, pois, a justificativa de adoção da referida meta-heurística: um razoável balanceamento dentre exploração e exploração num único procedimento de busca.

No Algoritmo 2, os parâmetros  $T_0$  e  $L_0$  denotam, respectivamente, a temperatura inicial e a quantidade de iterações nesta temperatura. Há ainda os parâmetros gerais  $F_T$  e  $F_L$ , que denotam, respectivamente, o fator de decaimento e o fator de crescimento da quantidade de iterações por temperatura. Ou seja, cai a temperatura, cresce a quantidade de iterações.

A cada iteração do Algoritmo 2, uma solução vizinha da solução corrente  $s$  é determinada randomicamente. O algoritmo sorteia uniformemente duas arestas, remove-as de  $s$  e religa seus vértices como no *2-OPT*. Tal estratégia de vizinhança foi utilizado por Rocha, Goldberg e Goldberg (2006) em sua busca tabu. Se o *fitness* da solução  $s'$  é melhor que o de  $s$ , então aquela passa a ser a solução corrente. Caso contrário,  $s'$  se torna a solução corrente com probabilidade  $\exp\{-\frac{\Delta C}{T_i}\}$ . Deste modo, percebe-se que quanto maior a temperatura, maior a probabilidade de  $s'$  ser considerada nas próximas iterações, mesmo que seu *fitness* não seja tão bom. Isso garante a diversificação. Conforme a temperatura diminui, tal probabilidade tende a zero e, assim, a diversificação tende a dar lugar à intensificação.

---

#### Algoritmo 2: *Simulated Annealing*

---

**Entrada:** sol: solução,  $T_0$ : temperatura inicial,  $L_0$ : quantidade inicial de iterações

```

1   $s = sol$ ;
2   $T_i = T_0$ ;
3   $L_i = L_0$ ;
4  enquanto  $T_i > 0$  faça
5      para  $i=1 \dots L_i$  faça
6          escolha randomicamente dois pares de aresta  $(v_l, v_{l+1})$  e  $(v_j, v_{j+1})$  em  $s$ ;
7          remova  $(v_l, v_{l+1})$  e  $(v_j, v_{j+1})$  de  $s$ ;
8          religue os vértices  $v_l, v_{l+1}, v_j, v_{j+1}$  e produza  $s'$ ;
9           $\Delta C = OWA(s') - OWA(s)$ ;
10         se  $\Delta C \leq 0$  então
11              $s = s'$ ;
12             se  $OWA(s) < OWA(sol)$  então
13                  $sol = s$ ;
14             fim
15         senão
16             se  $random(0, 1) < \exp\{-\frac{\Delta C}{T_i}\}$  então
17                  $s = s'$ ;
18             fim
19         fim
20     fim
21      $T_i = \frac{T_i}{F_T}$ ;
22      $L_i = L_i * F_L$ ;
23 fim
```

---



### 3 Experimentos computacionais

Apresenta-se, nesta seção, os resultados dos experimentos computacionais do algoritmo proposto. Todos os experimentos foram realizados numa máquina Intel *Xeon W3520*, 2.67 GHz, Sistema Operacional Ubuntu 14.04 *LTS*, 64 bits, 8GB de memória RAM. Os algoritmos foram implementados em linguagem *C++* e compilados com compilador *GNU g++* versão 4.8.4. O modelo de programação matemática de Fernández et al. (2017) foi implementado com o *solver Gurobi* versão 6.5.

#### 3.1 Instâncias utilizadas

Os experimentos foram efetuados em 90 grafos completos, com 10 objetivos, tendo de 30 a 1000 vértices. Para cada quantidade  $n$  de vértices, foram geradas três instâncias distintas, denotadas, respectivamente, por  $n.1$ ,  $n.2$  e  $n.3$ . Todas as instâncias foram geradas com o gerador de Knowles (2002) considerando a correção proposta por Chen et al. (2007) (que impede de gerar arestas com peso negativo). Knowles (2002) classificou suas instâncias em três subgrupos: *correlated*, *anti-correlated* e *concave*. As duas primeiras dizem respeito à correlação  $\beta$  dos pesos das arestas (positivo e negativo, respectivamente). Os valores escolhidos para  $\beta$  foram 0, 2, 0, 5 e 0, 85 para instâncias *correlated*  $n.1$ ,  $n.2$  e  $n.3$ , respectivamente. Para instâncias *anti-correlated*, o parâmetro  $\beta$  assume valores  $-0, 2$ ,  $-0, 5$  e  $-0, 85$  respectivamente para os grupos  $n.1$ ,  $n.2$  e  $n.3$ . Até a data dos experimentos aqui relatados, o gerador de Knowles (2002) não contemplava instâncias *concave* com mais de dois objetivos. Tal classe de instâncias foi, por isso, desconsiderada.

As instâncias precisam ser acrescidas de um vetor  $w \in \Re^M$  de pesos. O presente relatório relata experimentos apenas para o critério de Hurwicz (HURWICZ, 1951), o qual consiste em determinar um  $\alpha \in \{0.2, 0.3, 0.4, 0.6, 0.7, 0.8\}$  e atribuir  $\omega_1 = \alpha$ ,  $\omega_2 = \dots = \omega_{M-1} = 0$  e  $\omega_M = 1 - \alpha$ .

#### 3.2 Metodologia dos experimentos e de análise

Para cada instância, o *M-SA* e o *T-SA* foram executados 30 vezes. Foram observados dados como qualidade final da solução retornada, evolução da qualidade ao longo das gerações do processo evolucionário, tempo para atingir a melhor solução, tempo total e a contribuição de cada operador individualmente. Analisar a contribuição dos operadores genéticos e transgenéticos significa analisar a quantidade de vezes em que eles conseguiram, de fato, melhorar o *fitness* de uma solução. Falar-se-á, pois, em taxa de sucesso destes operadores. No caso do *M-SA*, foi observada ainda a quantidade de vezes em que a população precisou ser renovada.

Ambas as meta-heurísticas foram comparadas com o melhor algoritmo exato da literatura para o *OWA-ST*. Fernández et al. (2017) propuseram um modelo matemático para o problema, o qual, segundo os autores e segundo experimentos preliminares realizados por esta pesquisa, apresenta excelentes resultados,

principalmente para instâncias de grande porte. Fernández et al. (2017) ainda propuseram melhorias em seu modelo, diminuindo o conjunto de restrições e variáveis. Segundo os autores, tal modelo melhorado chega a ser melhor que aquele proposto por Galand e Spanjaard (2012).

Esta pesquisa comparou, em termos de qualidade de solução, o modelo melhorado de Fernández et al. (2017) com ambas as abordagens evolucionárias. A execução do modelo foi limitada em uma hora. Assim, visa-se verificar o quão boa é a qualidade da solução retornada pelas heurísticas quando comparada com aquela retornada pelo *solver* em até uma hora. Com este propósito, calculou-se o desvio percentual segundo a fórmula:

$$d_p = \frac{OWA(s_h) - OWA(s_s)}{OWA(s_s)} * 100 \quad (1)$$

onde  $s_s$  e  $s_h$  são, respectivamente, a solução retornada pelo *solver* e solução heurística mediana (das 30 execuções). O desvio percentual expressa o quão distante  $s_h$  está de  $s_s$ , com relação ao custo  $OWA$ . Note que, como o *solver* foi limitado a uma hora, então pode acontecer de  $OWA(s_h) < OWA(s_s)$ , o que implica  $d_p < 0$ , indicando que a solução heurística conseguiu ser melhor que a do *solver* limitado.

O *M-SA* e o *T-SA* foram ainda comparados entre si, no que se refere ao tempo de execução e qualidade de solução. Neste último aspecto, foi aplicado o teste de *Mann-Whitney one-tailed*, cuja implementação é disponibilizada pela ferramenta *PISA* (KNOWLES; THIELE; ZITZLER, 2006). O teste estatístico de *Mann-Whitney one-tailed* objetiva verificar se há diferença estatística significativa entre os resultados dos algoritmos. Considere duas amostras de resultados  $A$  e  $B$ . O teste de *Mann-Whitney* é não paramétrico e deve retornar um valor entre 0 e 1, chamado de *p-valor*, o qual indica se as amostras  $A$  e  $B$  advêm da mesma distribuição. O teste pressupõe a chamada hipótese nula e a hipótese alternativa. A hipótese nula pode ser enunciada da seguinte forma: " $A$  e  $B$  advêm da mesma distribuição". A hipótese alternativa, por sua vez, no contexto do *Mann-Whitney one-tailed*, é definida como " $A$  advém de uma distribuição melhor que  $B$ ". Assim, dado um nível de significância  $\alpha = 0,05$ , *p-valores* menores que 0,05 indicam que a hipótese nula deve ser rejeitada em favor da hipótese alternativa (" $A$  melhor que  $B$ " no quesito qualidade de soluções). Valores acima de 0,95 indicam que a hipótese nula deve ser aceita. No presente relatório, considere *T-SA* como sendo a amostra  $A$  e *M-SA* como sendo a amostra  $B$ .

### 3.3 Ajuste de parâmetros

Os valores atribuídos aos parâmetros do *M-SA* e *T-SA* foram sugeridos pelo *IRACE* (LÓPEZ-IBÁÑEZ et al., 2016). O conjunto de treinamento é composto por instâncias de todos os critérios  $OWA$ , de ambas as classes *correlated* e *anticorrelated* e quantidade de vértice  $n \in \{500, 600, 700, 800, 900, 1000\}$ .

Tabela 1: Parâmetros do *M-SA*

$\#popSize = 100$	$\#propCross = 96\%$
$\#max\_gen = 48$	$\#propMutation = 18\%$

Tabela 2: Parâmetros do *T-SA*

$\#popSize = 100$	$\#numPlasTotal = 19$
$\#max\_gen = 48$	$\#numPlas1 = 4$
$\#probTrans1 = 72\%$	$\#numPlas2 = 7$
$\#probTrans2 = 45\%$	$\#numPlas3 = 8$

Tabela 3: Parâmetros do recozimento simulado

$T\_0 = 20$	$L\_0 = 14$
$F\_T = 1,78$	$F\_L = 1,43$

As Tabelas 1, 2 e 3 mostram, respectivamente, os valores dos parâmetros para o *M-SA*, *T-SA* e do recozimento simulado. Os parâmetros  $\#popSize$  e  $\#max\_gen$  e os parâmetros do recozimento simulado são comuns a ambas meta-heurísticas. Os melhores valores destes parâmetros do *M-SA* (segundo o IRACE) foram também atribuídos ao *T-SA*. O objetivo é comparar o desempenho das abordagens evolucionárias quando ambas possuem os valores dos parâmetros comuns do *M-SA*.

### 3.4 Resultados

A Tabela 4 compara os resultados das meta-heurísticas com o resultado do *solver*, limitado a 1h, para instâncias *Hurwicz*. Esta tabela é dividida em duas grandes colunas: uma para instâncias *correlated* e outra para as *anticorrelated*. A coluna do resultado do exato mostra o valor *OWA* e o *gap* retornado pelo *solver*. Este *gap* representa quantos por cento o valor *OWA* encontrado pelo *solver*, limitado a uma hora, se distancia do valor relaxado calculado na raiz do *Branch-and-bound*. Em alguns casos, o *solver* não conseguiu retornar uma solução factível ou não conseguiu calcular o *gap* inicial. O símbolo “—” é utilizado para denotar este fato. Em sequência, a referida tabela possui as seguintes colunas, para cada algoritmo: tempo para atingir a melhor solução, tempo total do algoritmo, valor *OWA* da solução mediana e desvio percentual da solução do *solver* calculado segundo a fórmula (1).

Conforme se observa na Tabela 4, o exato, até uma hora, conseguiu encontrar uma solução factível em instâncias com até 700 vértices, em ambas as classes *correlated* e *anticorrelated*. A partir de 400 vértices, porém, o *solver* não consegue calcular nem mesmo o *gap* inicial. Das 34 instâncias em que o *solver* retornou uma solução factível, o *M-SA* conseguiu uma solução mediana melhor em 27 (79,41%) e 31 (91,18%), respectivamente para as classes *correlated* e

*anticorrelated*. Para o *T-SA*, estes valores são 28 (82,35%) e 30 (88,24%), respectivamente. De fato, o transgenético, para instâncias *correlated*, em relação ao memético, conseguiu superar o *solver* numa quantidade maior de instâncias. Nas instâncias *anticorrelated*, o memético possui leve vantagem. Ademais, o maior desvio percentual observado pelo *M-SA* foi 3,03% e 2,38% para instâncias *correlated* e *anticorrelated*, respectivamente. O maior desvio do *T-SA* foi 2,11% e 2,43%, respectivamente. Estes resultados sugerem que o transgenético, em termos de qualidade de solução, leva vantagem maior em instâncias *correlated*.

A Tabela 5 mostra os resultados do teste estatístico de *Mann-Whitney one-tailed*, comparando o *T-SA* e *M-SA* no quesito qualidade de solução. Considerando 0,05 o nível de significância, então *p-valores* menores que este valor indicam que o *T-SA* ganhou em tal quesito (células em verde); *p-valores* maiores que 0,95 indicam que o *M-SA* retornou melhores soluções (célula vermelha); *p-valores* entre 0,05 e 0,95 (inclusive) apontam para inconclusão (células brancas). A abordagem transgenética superou o memético em 41 (91,11%) instâncias *correlated* e 31 (68,89%) *anticorrelated*. A segunda abordagem supera a primeira em 0,00% das instâncias *correlated* e 11,11% das *anticorrelated*. Em 8,89% e 20,00% das instâncias *correlated* e *anticorrelated*, respectivamente, o teste foi inconclusivo. Considerando o conjunto total de 90 instâncias, o *T-SA* superou o *M-SA* em 80,00%, este superou aquele em apenas 5,56% e o teste foi inconclusivo em 14,44%. Percebe-se, pois, que, segundo o teste estatístico efetuado, o transgenético leva considerável vantagem na maioria das instâncias de ambas as classes, embora sua vantagem diminua na classe *anticorrelated*.

Tabela 4: Comparação do *T-SA* e o *M-SA* com o resultado do *solver* para as instâncias *Hurwicz*

Inst.	Correlated										Anticorrelated									
	Exato		M-SA				T-SA				Exato		M-SA				T-SA			
	OWA	Gap solver	Tempo para atingir a solução mínima	Tempo total	OWA mediano	Desvio percentual da solução mediana	Tempo para atingir a solução mínima	Tempo total	OWA mediano	Desvio percentual da solução mediana	OWA	Gap solver	Tempo para atingir a solução mínima	Tempo total	OWA mediano	Desvio percentual da solução mediana	Tempo para atingir a solução mínima	Tempo total	OWA mediano	Desvio percentual da solução mediana
30.1	414,80	53,93	0,19	0,96	420,85	1,46	0,33	0,41	418,20	0,82	1 056,30	53,63	0,43	0,98	1081,40	2,38	0,35	0,42	1081,95	2,43
30.2	376,00	48,56	0,17	0,97	387,40	3,03	0,26	0,41	378,20	0,59	1 295,80	51,58	0,77	0,98	1309,80	1,08	0,33	0,42	1310,10	1,10
30.3	216,40	21,35	0,01	0,95	216,40	0,00	0,00	0,41	216,40	0,00	757,60	78,17	0,05	0,97	609,40	-19,56	0,09	0,40	609,40	-19,56
35.1	451,30	53,00	0,35	1,08	461,65	2,29	0,44	0,49	460,80	2,11	1 253,80	52,38	0,50	1,08	1246,10	-0,61	0,40	0,50	1245,80	-0,64
35.2	412,00	45,44	0,21	1,08	420,30	2,01	0,39	0,49	414,00	0,49	1 498,20	52,37	0,92	1,10	1523,90	1,72	0,40	0,50	1509,40	0,75
35.3	273,60	32,89	0,12	1,10	273,00	-0,22	0,02	0,49	273,00	-0,22	703,80	73,00	0,01	1,07	696,20	-1,08	0,01	0,48	696,20	-1,08
40.1	679,60	52,50	0,33	1,23	678,40	-0,18	0,47	0,56	668,10	-1,69	1 520,60	53,76	0,76	1,24	1490,60	-1,97	0,35	0,57	1483,20	-2,46
40.2	652,80	42,62	0,33	1,20	645,00	-1,19	0,47	0,55	637,80	-2,30	736,80	73,32	0,16	1,20	652,10	-11,50	0,39	0,55	649,20	-11,89
40.3	306,40	33,98	0,18	1,21	307,80	0,46	0,38	0,55	305,30	-0,36	1 364,20	76,77	0,17	1,24	1109,70	-18,66	0,43	0,57	1109,60	-18,66
45.1	748,00	53,10	0,61	1,39	746,60	-0,19	0,58	0,66	744,90	-0,41	891,40	77,02	0,35	1,38	599,20	-32,78	0,52	0,65	597,70	-32,95
45.2	701,40	43,37	0,39	1,38	699,70	-0,24	0,43	0,65	686,90	-2,07	1 080,90	68,07	0,27	1,37	1052,40	-2,64	0,53	0,65	1046,40	-3,19
45.3	333,80	31,94	0,16	1,37	336,60	0,84	0,39	0,64	334,70	0,27	1 889,80	74,81	0,22	1,40	1642,80	-13,07	0,52	0,67	1643,20	-13,05
50.1	1 186,40	51,53	0,65	1,51	1136,60	-4,20	0,67	0,75	1127,00	-5,01	669,80	65,06	0,37	1,50	643,00	-4,00	0,58	0,74	639,70	-4,49
50.2	835,90	40,88	0,54	1,53	833,45	-0,29	0,56	0,76	824,65	-1,35	1 705,40	77,71	0,55	1,51	1159,15	-32,03	0,68	0,75	1153,25	-32,38
50.3	357,60	29,47	0,12	1,53	361,40	1,06	0,49	0,74	357,40	-0,06	2 322,80	66,13	1,35	1,54	2314,80	-0,34	0,55	0,78	2316,80	-0,26
100.1	2725,00	59,72	2,61	3,44	2398,55	-11,98	1,77	1,93	2367,10	-13,13	2240,00	72,78	1,45	3,42	1743,50	-22,17	1,73	1,90	1697,45	-24,22
100.2	1 786,60	49,67	1,18	3,44	1720,10	-3,72	1,47	1,91	1701,10	-4,79	4235,00	69,58	2,88	3,41	3997,30	-5,61	1,65	1,93	3921,80	-7,40
100.3	234,40	54,95	0,05	3,44	221,00	-5,72	1,32	1,86	218,30	-6,87	4 745,30	64,64	3,09	3,43	4736,85	-0,18	1,34	1,97	4750,15	0,10
200.1	10144,00	79,16	4,40	9,24	4650,30	-54,16	4,08	4,49	4633,10	-54,33	6844,00	60,17	8,16	8,98	6714,10	-1,90	4,25	4,65	6732,60	-1,63
200.2	4 079,70	86,04	4,10	8,59	1360,80	-66,64	4,04	4,45	1339,50	-67,17	8 137,90	84,63	4,17	8,76	4333,30	-46,75	4,15	4,55	4308,40	-47,06
200.3	9738,00	95,72	3,17	8,97	877,40	-90,99	3,91	4,45	860,00	-91,17	10155,00	71,90	7,99	8,68	9352,80	-7,90	3,31	4,75	9380,30	-7,63
300.1	17240,00	99,77	6,04	11,59	6535,70	-62,09	7,33	7,91	6524,70	-62,15	17131,00	99,88	9,69	11,47	6176,70	-63,94	6,98	8,10	5998,30	-64,99
300.2	17515,00	99,90	8,84	11,49	2477,80	-85,85	7,49	7,90	2442,50	-86,05	17376,00	99,77	10,71	11,37	13052,10	-24,88	7,07	8,36	12562,50	-27,70
300.3	17128,00	99,92	5,57	11,52	1541,80	-91,00	6,91	7,91	1524,80	-91,10	17512,00	99,89	8,99	11,54	10883,90	-37,85	7,02	8,12	10829,50	-38,16
400.1	20488,00	—	13,36	16,20	8325,10	-59,37	12,37	13,53	8234,30	-59,81	20146,00	—	14,85	16,08	6144,95	-69,50	12,90	13,70	6126,75	-69,59
400.2	19873,00	—	11,27	16,32	5054,85	-74,56	12,12	13,47	5030,45	-74,69	20451,00	—	15,49	16,03	17527,60	-14,29	11,15	13,99	16699,80	-18,34
400.3	20097,00	—	8,88	16,54	1059,50	-94,73	12,14	13,42	1049,20	-94,78	19934,00	—	15,38	16,30	18976,50	-4,80	11,67	14,21	19010,80	-4,63
500.1	24792,40	—	18,42	20,99	8219,20	-66,85	18,63	20,11	8142,20	-67,16	24945,80	—	18,34	21,30	15600,30	-37,46	16,53	20,57	15476,10	-37,96
500.2	24813,00	—	18,45	21,12	5572,70	-77,54	18,28	20,07	5507,70	-77,80	24598,40	—	18,17	21,04	7146,80	-70,95	19,61	20,27	7003,00	-71,53
500.3	24285,80	—	16,71	21,23	2167,95	-91,07	18,42	20,10	2143,25	-91,17	25153,00	—	17,66	21,35	13552,00	-46,12	19,07	20,35	13514,00	-46,27
600.1	30575,00	—	24,67	25,82	5380,35	-82,40	26,15	25,20	5297,10	-82,68	30890,00	—	24,78	25,92	18061,80	-41,53	25,15	27,40	18055,20	-41,55
600.2	30109,00	—	11,13	26,95	6469,10	-78,51	23,33	26,77	6387,80	-78,78	30318,00	—	24,69	26,01	12417,90	-59,04	25,87	27,25	12368,20	-59,21

Continua na próxima página

Tabela 4 – continuação da página anterior

Inst.	Correlated										Anticorrelated									
	Exato		M-SA				T-SA				Exato		M-SA				T-SA			
	OWA	Gap solver	Tempo para atingir a solução mínima	Tempo total	OWA mediano	Desvio percentual da solução mediana	Tempo para atingir a solução mínima	Tempo total	OWA mediano	Desvio percentual da solução mediana	OWA	Gap solver	Tempo para atingir a solução mínima	Tempo total	OWA mediano	Desvio percentual da solução mediana	Tempo para atingir a solução mínima	Tempo total	OWA mediano	Desvio percentual da solução mediana
600.3	30849,00	—	22,12	26,65	793,10	-97,43	24,17	26,65	746,50	-97,58	30064,00	—	24,95	26,49	28451,90	-5,36	17,85	28,04	28521,00	-5,13
700.1	—	—	29,36	31,52	4457,90	—	31,59	35,73	4187,00	—	—	—	29,01	31,05	22013,40	—	32,20	35,99	21932,20	—
700.2	35377,00	—	23,38	31,52	9339,20	-73,60	31,61	35,34	9291,90	-73,73	36188,00	—	29,82	30,62	29389,50	-18,79	31,91	36,34	28328,70	-21,72
700.3	—	—	14,38	32,58	3198,20	—	29,25	35,06	3190,60	—	—	—	28,34	32,19	32679,60	—	25,44	36,60	32756,90	—
800.1	—	—	33,84	37,37	12560,00	—	40,81	45,38	12324,30	—	—	—	36,32	37,64	24744,80	—	42,06	46,09	24465,00	—
800.2	—	—	29,40	38,05	9486,20	—	41,05	45,16	9418,25	—	—	—	35,95	37,09	33788,50	—	40,31	46,04	32290,70	—
800.3	—	—	29,28	38,88	1858,20	—	40,20	44,89	1835,30	—	—	—	27,30	39,13	21633,20	—	41,30	45,74	21504,00	—
900.1	—	—	34,92	43,16	16918,70	—	50,02	54,16	16883,00	—	—	—	40,21	42,47	8910,00	—	51,62	55,07	8841,40	—
900.2	—	—	32,15	43,34	3448,80	—	50,80	54,52	3364,00	—	—	—	37,65	42,68	12298,40	—	51,17	54,90	12243,10	—
900.3	—	—	39,02	42,94	1120,50	—	51,13	53,97	1051,90	—	—	—	35,99	43,18	24407,20	—	52,64	54,64	24214,00	—
1000.1	—	—	46,54	47,95	5736,20	—	62,94	60,40	5743,50	—	—	—	44,31	48,54	27009,20	—	60,47	66,84	26011,00	—
1000.2	—	—	44,73	48,02	5444,45	—	62,15	60,32	5371,45	—	—	—	41,61	48,87	13528,90	—	62,84	66,66	13490,70	—
1000.3	—	—	32,12	50,73	4284,80	—	59,45	60,62	4266,00	—	—	—	45,34	49,47	47917,10	—	35,78	67,62	48001,00	—

Tabela 5: p-valores para 10 objetivos

Inst.	Hurwicz	
	correlated	anticorrelated
30.1	0,0004	0,5964
30.2	0,0000	0,5704
30.3	0,0391	0,0002
35.1	0,1682	0,5353
35.2	0,0000	0,0000
35.3	0,0200	0,0026
40.1	0,0003	0,0044
40.2	0,0000	0,0000
40.3	0,0000	0,0036
45.1	0,1895	0,0005
45.2	0,0000	0,0000
45.3	0,0000	0,8390
50.1	0,0061	0,0002
50.2	0,0000	0,0007
50.3	0,0000	0,7588
100.1	0,0001	0,0000
100.2	0,0001	0,0481
100.3	0,0000	0,9939
200.1	0,0090	0,7701
200.2	0,0001	0,0007
200.3	0,0000	0,9962
300.1	0,1275	0,0015
300.2	0,0001	0,0000
300.3	0,0000	0,0002
400.1	0,0000	0,0801
400.2	0,0000	0,0000
400.3	0,0000	0,9906
500.1	0,0039	0,0005
500.2	0,0000	0,0312
500.3	0,0000	0,0000
600.1	0,0005	0,3837
600.2	0,0000	0,0036
600.3	0,0000	0,9999
700.1	0,0007	0,0056
700.2	0,0000	0,0000
700.3	0,0000	0,9970
800.1	0,0000	0,0000
800.2	0,0000	0,0000
800.3	0,0000	0,0000
900.1	0,0008	0,0002

Continua na próxima página

**Tabela 5 – continuação da página anterior**

Inst.	Hurwicz	
	correlated	anticorrelated
900.2	0,0017	0,0033
900.3	0,0000	0,0000
1000.1	0,4008	0,0000
1000.2	0,0002	0,0000
1000.3	0,0000	0,6976

A Tabela 4 também mostra o tempo total, em segundos, de cada abordagem, bem como o tempo que cada meta-heurística necessitou para atingir sua melhor solução. Os gráficos da Figura 3 exibem as curvas de crescimento do tempo total dos algoritmos para as instâncias *correlated* e *anticorrelated*. Em ambas as classes, o transgenético apresenta menor tempo computacional para instâncias de até 600 vértices. Mais precisamente, a abordagem transgenética, em termos de tempo total, superou a memética em 73,33% e 66,67% das instâncias *correlated* e *anticorrelated*, respectivamente. No total, a vantagem do *T-SA* é em 70,00% das instâncias. Assim, a abordagem transgenética é mais rápida na maioria das instâncias.

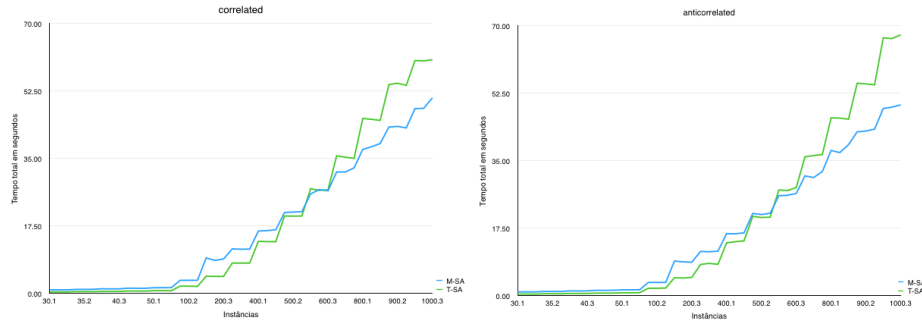


Figura 3: Tempo total em segundos para instâncias *Hurwicz*

Outra análise importante é o tempo em segundos que cada algoritmo necessitou para atingir sua melhor solução, o qual pode ser conferido na Tabela 4. Desta informação, deriva-se a porcentagem do seu tempo total em que o algoritmo efetivamente conduziu seu processo evolucionário. Esta análise possibilita saber até que ponto o algoritmo consegue otimizar sua melhor solução. Uma baixa porcentagem significa que o algoritmo não conseguiu evoluir adequadamente, ficando, pois, estagnado o restante do processamento. Porém, diante de uma alta porcentagem pode-se apenas inferir que, pelo menos, a melhor solução foi atingida nos últimos instantes do processamento. Os gráficos das Figuras 4-9 ajudam a identificar uma possível estagnação dos algoritmos. Cada gráfico destes possui dois eixos verticais: o eixo *Y1* (esquerda), ao qual estão associadas



as linhas, representa a porcentagem do tempo total que o algoritmo efetivamente utilizou para atingir sua melhor solução; o eixo  $Y_2$  (direita), ao qual estão associadas as barras, representa o melhor valor *OWA* encontrado pelo algoritmo. Assim, nestes gráficos, é possível saber qual algoritmo fica estagnado mais frequentemente e qual o melhor valor *OWA* encontrado.

As Figuras 4-6 resumizam o comportamento dos algoritmos para instâncias *correlated*. Nesta classe, a porcentagem do tempo utilizada pelo *M-SA* até sua última melhoria é menor que a do *T-SA*, o que sugere que o primeiro fica estagnado na maioria das instâncias, enquanto o segundo consegue seguir sua otimização até às últimas iterações. Mais que isso, o valor objetivo encontrado pelo *T-SA* é inferior àquele encontrado pelo *M-SA* (conforme se percebe nos gráficos em barra). Conclui-se, pois, que, além de apresentar menor incidência de estagnação, o *T-SA* encontra as melhores soluções. O *M-SA*, ao contrário, tem dificuldade de conduzir a otimização até às últimas iterações, ficando estagnado numa solução de valor *OWA* pior. Todavia, deve-se perceber que a abordagem memética apresenta as maiores incidências de estagnação nas instâncias *correlated* de pequeno porte. Nas instâncias de grande porte, tal abordagem consegue melhor conduzir seu processo evolucionário de otimização.

As Figuras 7-9 resumizam o comportamento dos algoritmos para instâncias *anticorrelated*. Nesta classe, *T-SA* e *M-SA* não apresentam grande diferença em relação ao tempo para atingir a melhor solução. As únicas exceções são as instâncias de 40 a 100 vértices do grupo *n.1* e 40 e 50 do grupo *n.2* onde o *M-SA* fica mais estagnado. Além disso, nas instâncias 30.3 e 35.3, ambos os algoritmos ficam estagnados nas primeiras iterações. Nas demais instâncias *anticorrelated*, a diferença entre as abordagens é pouco significativa. É preciso perceber, entretanto, que mesmo nas instâncias desta classe, o *T-SA* apresenta as melhores soluções na maioria das instâncias.

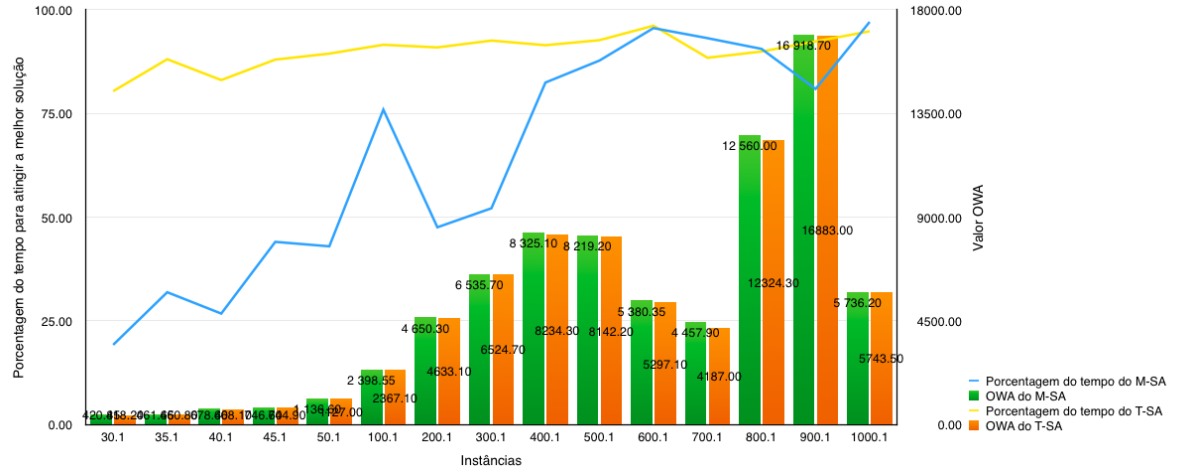


Figura 4: Indicativo de estagnação dos algoritmos para instâncias *Hurwicz correlated* do grupo *n.1*

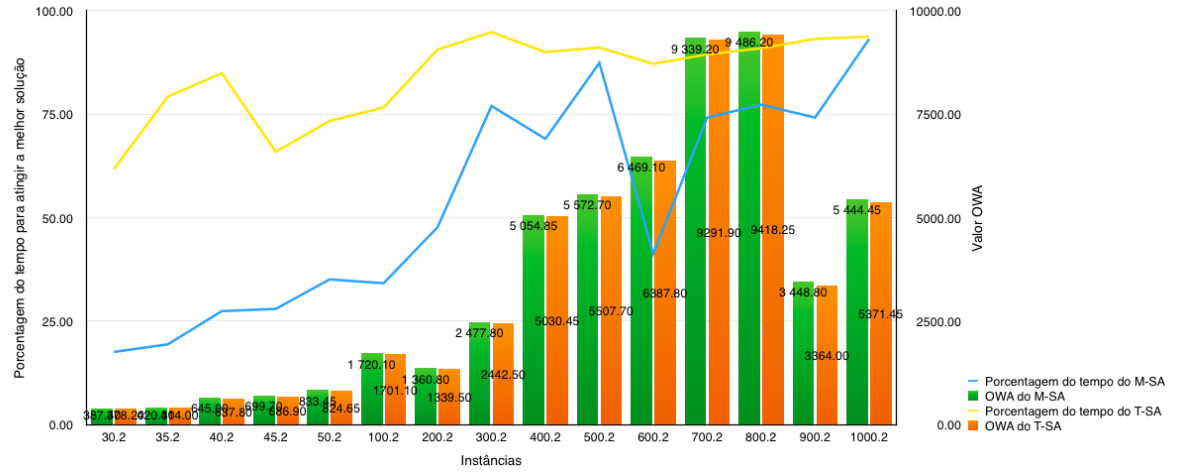


Figura 5: Indicativo de estagnação dos algoritmos para instâncias *Hurwicz correlated* do grupo *n.2*

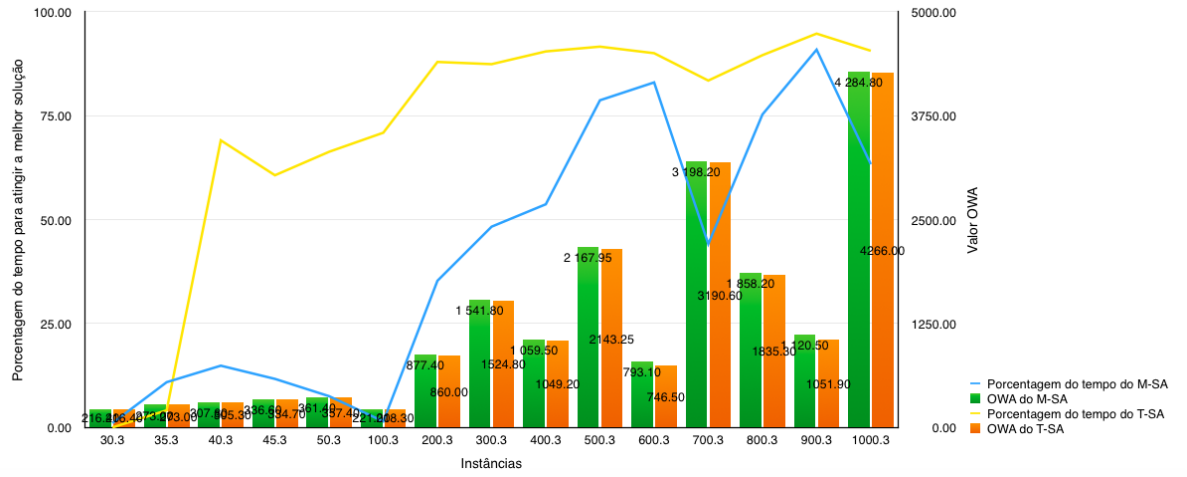


Figura 6: Indicativo de estagnação dos algoritmos para instâncias *Hurwicz correlated* do grupo *n.3*

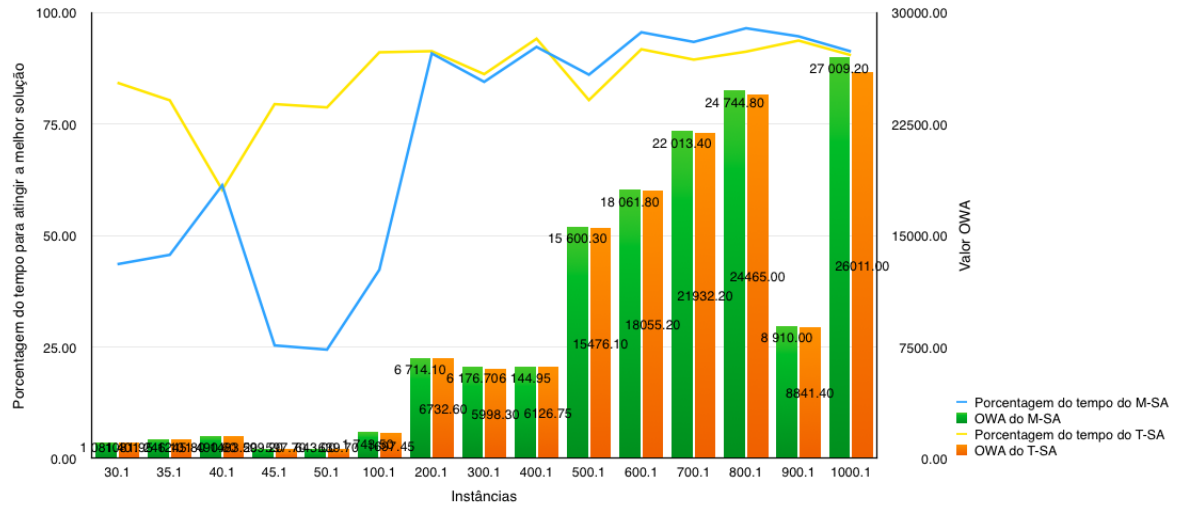


Figura 7: Indicativo de estagnação dos algoritmos para instâncias *Hurwicz anticorrelated* do grupo *n.1*

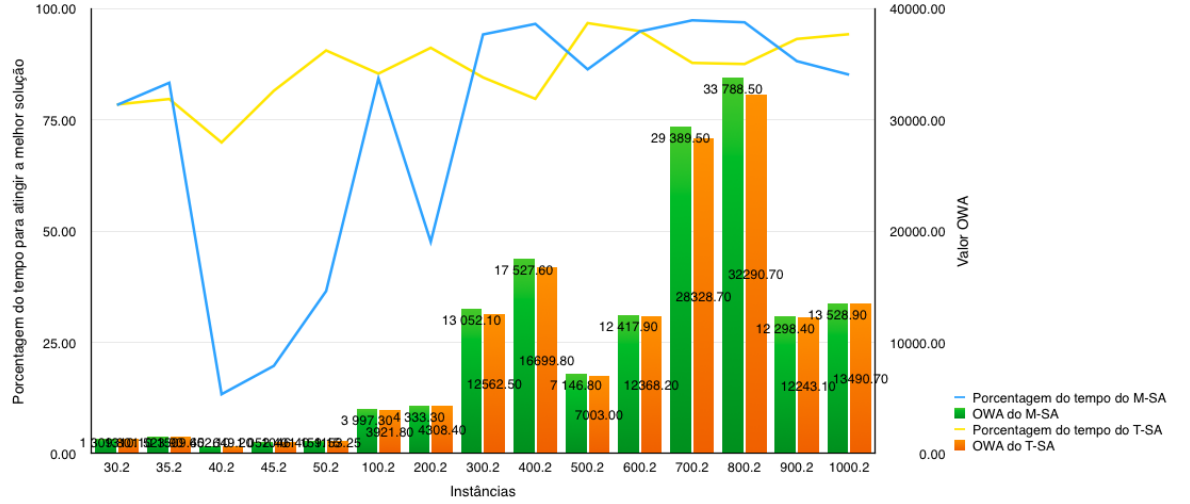


Figura 8: Indicativo de estagnação dos algoritmos para instâncias *Hurwicz anticorrelated* do grupo *n.2*

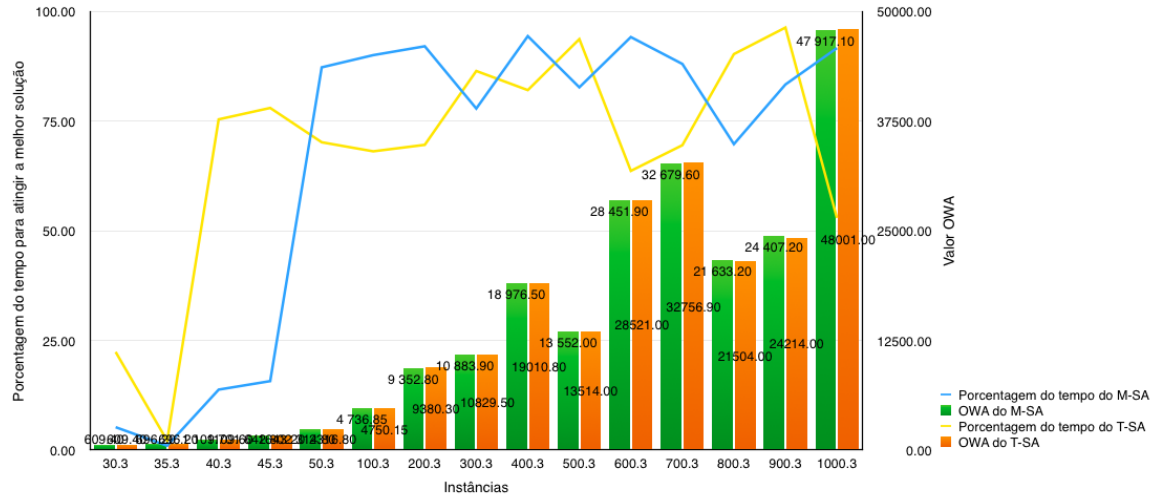


Figura 9: Indicativo de estagnação dos algoritmos para instâncias *Hurwicz anticorrelated* do grupo *n.3*

### 3.5 Outras estatísticas

Os gráficos das Figuras 10 e 11 ilustram a eficácia dos operadores transgenéticos nas instâncias *correlated* e *anticorrelated*, respectivamente. Estes gráficos

foram gerados com os dados da Tabela 7 do Apêndice A. Aqui, eficácia significa o quanto um operador consegue melhorar, média, uma solução que lhe foi entregue.

O *plas2* se destaca nas instâncias *n.1* e *n.2* da classe *correlated*. Nestes grupos, os demais operadores apresentam tímida eficácia. O protagonismo dos operadores cresce conforme aumenta-se o tamanho da instância. Contudo, para as instâncias do grupo *n.3*, todos os operadores tiveram pouca eficácia. Acredita-se que este fenômeno deva-se ao fato de o grupo *n.3* ser composto por instâncias de elevado coeficiente de correlação, o que as torna mais fáceis. Isso significa que, já nas primeiras gerações, a população será composta por boas soluções, o que dificulta o sucesso do ataque dos operadores.

Conforme ilustra a Figura 11, o *SA\_Trans* apresenta maior protagonismo nas instâncias *anticorrelated*. Os demais operadores colaboram de modo equilibrado para as instâncias destas classe.

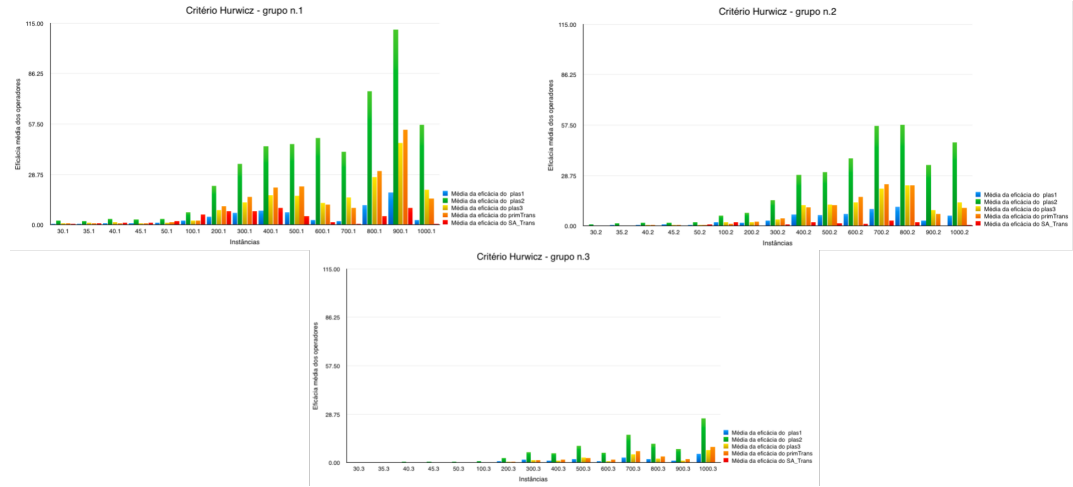


Figura 10: Eficácia dos operadores transgenéticos - instâncias *Hurwitz correlated*

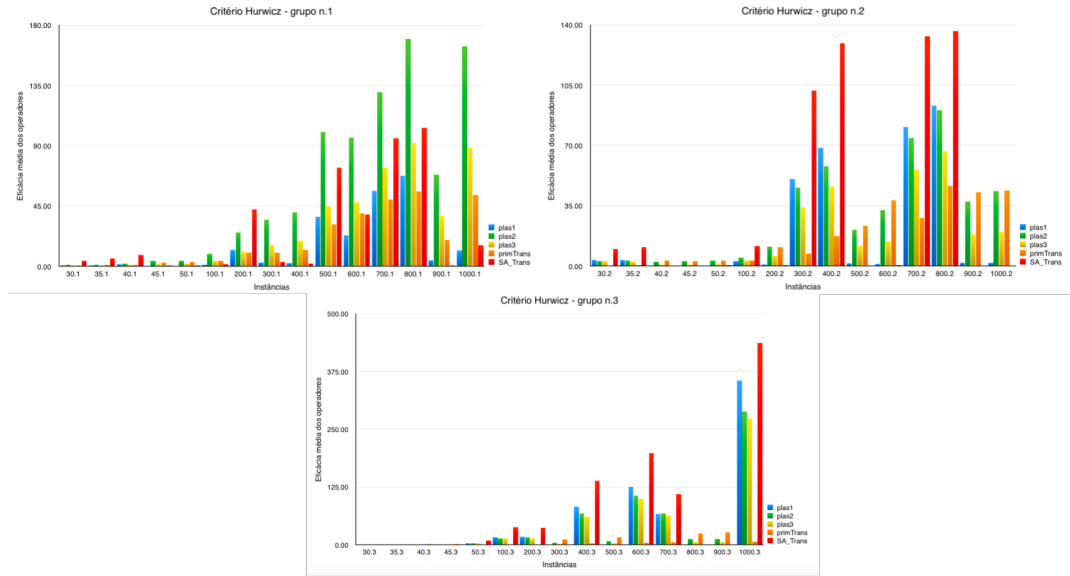


Figura 11: Eficácia dos operadores transgenéticos - instâncias *Hurwicz anticorrelated*

Os gráficos das Figuras 12 e 13 ilustram a eficácia dos operadores meméticos para instâncias da classes *correlated* e *anticorrelated*, respectivamente. Em todos os gráficos, de ambas as classes, nota-se que a eficácia do recozimento simulado se destaca. Na primeira classe, a eficácia do operador de cruzamento se destaca no grupo *n.1*. A eficácia deste operador também se destaca nas instâncias da classe *anticorrelated*, juntamente com o *SA*.

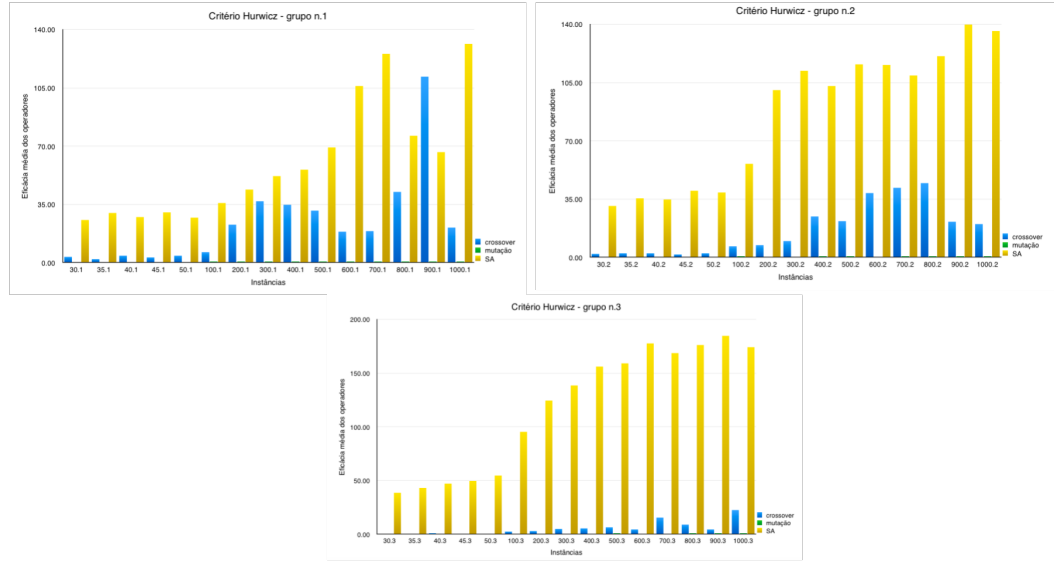


Figura 12: Eficácia dos operadores meméticos - instâncias *Hurwicz correlated*

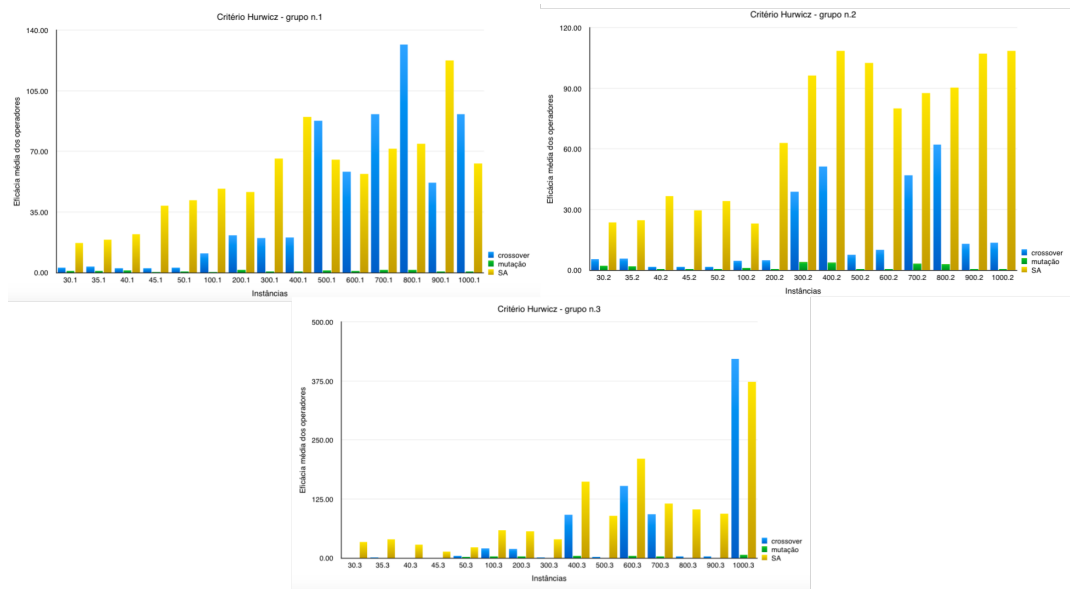


Figura 13: Eficácia dos operadores meméticos - instâncias *Hurwicz anticorrelated*

Por fim, os gráficos da Figura 14 ilustram a quantidade de renovações do *M-SA*. Em média, a quantidade de renovações diminui conforme cresce o tamanho

da instância. Além disso, na maioria dos casos, o algoritmo efetuou maior quantidade de renovações para as instâncias *correlated*.

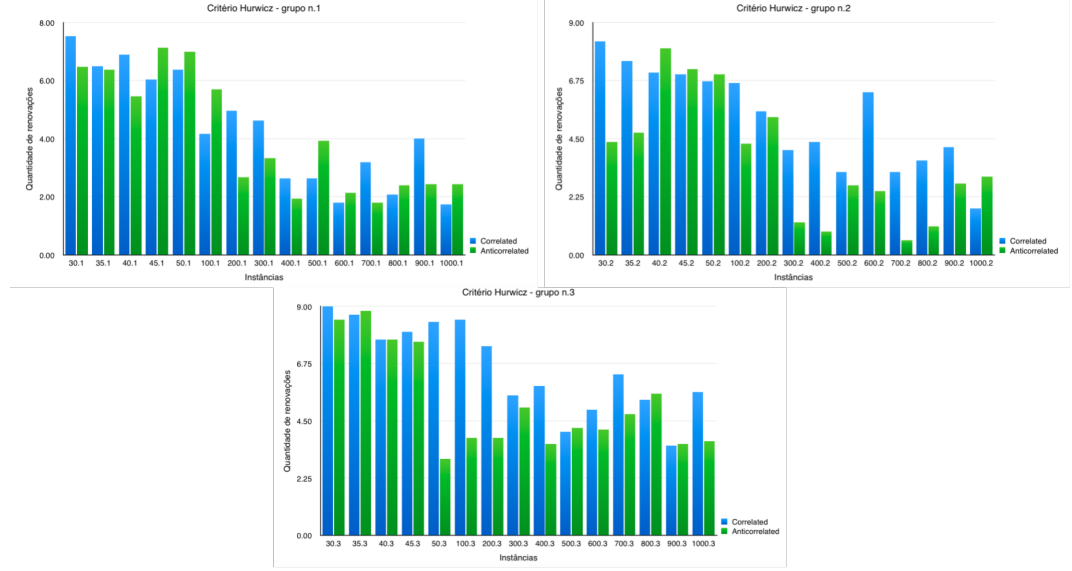


Figura 14: Média da quantidade de renovações efetuadas pelo *M-SA* nas instâncias *Hurwicz*

## 4 Considerações finais

Este texto apresentou os resultados experimentais referentes às novas versões dos algoritmos memético e transgenético aplicados à *OWA-ST*. O algoritmo transgenético demonstrou possuir, para o conjunto de instâncias utilizadas, desempenho consideravelmente superior ao do memético. De fato, o *T-SA* ganhou, em termos de qualidade de solução, na esmagadora maioria das instâncias. De modo geral, os operadores transgenéticos demonstraram ser mais eficazes na busca por melhores soluções. O *T-SA* também ganhou, em termos de tempo computacional, na maioria das instâncias. Porém, o *M-SA* apresenta, no quesito tempo, vantagem para instâncias com mais de 600 vértices. Ademais, ambas as abordagens meta-heurísticas demonstraram ser mais eficientes e eficazes que a abordagem de programação linear (FERNÁNDEZ et al., 2017) limitada em uma hora.



## Referências

- CHEN, G. et al. The multi-criteria minimum spanning tree problem based genetic algorithm. *Information Sciences*, v. 117, n. 22, p. 5050–5063, 2007.
- FERNÁNDEZ, E. et al. Ordered weighted average optimization in multiobjective spanning tree problem. *European Journal of Operational Research*, Elsevier, v. 260, n. 3, p. 886–903, 2017.
- GALAND, L.; SPANJAARD, O. Exact algorithms for owa-optimization in multiobjective spanning tree problems. *Computers & Operations Research*, Elsevier, v. 39, n. 7, p. 1540–1554, 2012.
- GOLDBARG, M. C.; GOLDBARG, E. F. G. Transgenética computacional. In: LOPES, H. S.; RODRIGUES, L. C. de A.; STEINER, M. T. A. (Ed.). *Meta-Heurísticas em Pesquisa Operacional*. 1. ed. Curitiba, PR: Omnipax, 2013. cap. 7, p. 99–112. ISBN 978-85-64619-10-4.
- HURWICZ, L. Optimality criteria for decision making under ignorance. *Cowles Commission Discussion Paper*, v. 370, p. 370, 1951.
- JIANG, S.; YANG, S. A strength pareto evolutionary algorithm based on reference direction for multiobjective and many-objective optimization. *IEEE Transactions on Evolutionary Computation*, IEEE, v. 21, n. 3, p. 329–346, 2017.
- KNOWLES, J. *Local-search and hybrid evolutionary algorithms for Pareto optimization*. Tese (Doutorado) — Department of Computer Science, University of Reading, Reading, UK, 2002.
- KNOWLES, J.; THIELE, L.; ZITZLER, E. *A tutorial on the performance assessment of stochastic multiobjective optimizers*. [S.l.], 2006.
- LÓPEZ-IBÁÑEZ, M. et al. The irace package: Iterated racing for automatic algorithm configuration. *Operations Research Perspectives*, Elsevier, v. 3, p. 43–58, 2016.
- MONTEIRO, S. M. D.; GOLDBARG, E. F. G.; GOLDBARG, M. C. A new transgenetic approach for the biobjective spanning tree problem. In: *IEEE CEC 2010 Congress on Evolutionary Computation, 2010, Barcelona. Proceedings of IEEE CEC 2010 Congress on Evolutionary Computation*. [S.l.]: Piscataway, IEEE, 2010. v. 1, p. 519–526.
- PRIM, R. C. Shortest connection networks and some generalizations. *Bell System Technical Journal*, v. 36, p. 1389–1401, 1957.
- RAIDL, G. R.; JULSTROM, B. A. Edge sets: an effective evolutionary coding of spanning trees. *IEEE Transactions on Evolutionary Computation*, v. 7, n. 3, p. 225–239, 2003.

ROCHA, D. A. M.; GOLDBARG, E. F. G.; GOLDBARG, M. C. A memetic algorithm for the biobjective minimum spanning tree problem. In: *6th European Conference on Evolutionary Computation in Combinatorial Optimization, 2006. Budapest, Lecture Notes in Computer Science*. [S.l.]: Heidelberg, Springer Berlin, 2006. v. 3906, p. 222–233.

ROCHA, D. A. M.; GOLDBARG, E. F. G.; GOLDBARG, M. C. A new evolutionary algorithm for the bi-objective minimum spanning tree. In: *SDA'07 Seventh International Conference on Intelligent Systems Design and Applications, 2007, Rio de Janeiro. Proceedings of ISDA'07*. [S.l.]: IEEE Computer Society, 2007. v. 1, p. 735–740.

TAMIR, A. The k-centrum multi-facility location problem. *Discrete Applied Mathematics*, Elsevier, v. 109, n. 3, p. 293–307, 2001.

## Apêndice A

Tabela 6: Média da eficácia dos operadores meméticos e outras estatísticas para instâncias *Hurwicz*

Instância	Correlated					Anticorrelated				
	Média da eficácia do crossover	Média da eficácia da mutação	Média da eficácia do SA	Média da quantidade de renovações da população	Média da quantidade de vezes em que o fitness foi avaliado	Média da eficácia do crossover	Média da eficácia da mutação	Média da eficácia do SA	Média da quantidade de renovações da população	Média da quantidade de vezes em que o fitness foi avaliado
30.1	3,51	0,40	25,57	7,53	1,17702E+06	2,75	0,87	17,25	6,47	1,17694E+06
30.2	2,04	0,40	30,92	8,27	1,17708E+06	5,40	2,06	23,56	4,37	1,17676E+06
30.3	0,51	0,54	38,58	9,00	1,17715E+06	1,10	0,70	34,49	8,47	1,17710E+06
35.1	2,21	0,41	29,84	6,50	1,17694E+06	3,58	0,83	19,14	6,37	1,17693E+06
35.2	2,31	0,40	35,31	7,50	1,17702E+06	5,57	1,99	24,61	4,73	1,17679E+06
35.3	0,62	0,55	43,30	8,67	1,17712E+06	1,28	0,63	39,91	8,83	1,17714E+06
40.1	4,00	0,42	27,21	6,90	1,17697E+06	2,62	1,30	22,10	5,47	1,17686E+06
40.2	2,41	0,42	34,82	7,07	1,17699E+06	1,67	0,63	36,51	8,00	1,17706E+06
40.3	0,74	0,50	46,87	7,70	1,17704E+06	1,01	0,48	27,97	7,70	1,17704E+06
45.1	3,29	0,40	30,21	6,03	1,17690E+06	2,60	0,46	38,58	7,13	1,17699E+06
45.2	1,85	0,46	39,92	7,00	1,17698E+06	1,65	0,48	29,46	7,20	1,17700E+06
45.3	0,64	0,54	49,57	8,00	1,17706E+06	0,59	0,31	13,54	7,60	1,17703E+06
50.1	4,18	0,46	26,86	6,37	1,17693E+06	2,72	0,52	41,67	7,00	1,17698E+06
50.2	2,46	0,46	38,82	6,73	1,17696E+06	1,73	0,51	34,09	7,00	1,17698E+06
50.3	0,64	0,58	54,52	8,40	1,17710E+06	3,97	2,65	22,70	3,00	1,17665E+06
100.1	6,28	0,61	35,66	4,17	1,17675E+06	11,20	0,44	48,36	5,70	1,17687E+06
100.2	6,75	0,49	56,24	6,67	1,17695E+06	4,55	1,07	23,01	4,30	1,17676E+06
100.3	2,68	0,60	95,20	8,47	1,17710E+06	20,84	3,86	58,44	3,83	1,17672E+06
200.1	22,92	0,68	43,87	4,97	1,17681E+06	21,63	1,50	46,45	2,67	1,17662E+06
200.2	7,46	0,47	100,58	5,57	1,17686E+06	4,84	0,54	63,07	5,33	1,17684E+06
200.3	2,99	0,66	124,54	7,43	1,17702E+06	19,26	3,25	56,49	3,83	1,17672E+06
300.1	36,75	0,74	52,13	4,63	1,17679E+06	19,87	0,48	65,75	3,33	1,17668E+06
300.2	9,79	0,45	112,07	4,07	1,17674E+06	38,77	3,94	96,30	1,27	1,17650E+06
300.3	4,70	0,62	138,74	5,50	1,17686E+06	1,51	0,42	39,89	5,03	1,17682E+06
400.1	34,91	0,73	55,92	2,63	1,17662E+06	20,32	0,58	89,77	1,93	1,17656E+06
400.2	24,62	0,53	102,78	4,37	1,17676E+06	51,28	3,88	108,47	0,90	1,17647E+06
400.3	5,22	0,67	156,07	5,87	1,17689E+06	92,08	4,71	161,54	3,60	1,17670E+06
500.1	31,36	0,60	69,09	2,63	1,17662E+06	87,57	1,32	65,16	3,93	1,17673E+06
500.2	21,76	0,54	115,94	3,20	1,17667E+06	7,51	0,63	102,59	2,70	1,17662E+06

Continua na próxima página

Tabela 6 – continuação da página anterior

Instância	Correlated					Anticorrelated				
	Média da eficácia do crossover	Média da eficácia da mutação	Média da eficácia do SA	Média da quantidade de renovações da população	Média da quantidade de vezes em que o fitness foi avaliado	Média da eficácia do crossover	Média da eficácia da mutação	Média da eficácia do SA	Média da quantidade de renovações da população	Média da quantidade de vezes em que o fitness foi avaliado
500.3	6,71	0,78	159,32	4,07	1,17674E+06	2,44	0,54	89,55	4,23	1,17675E+06
600.1	18,51	0,59	106,04	1,80	1,17655E+06	58,22	1,05	57,01	2,13	1,17658E+06
600.2	38,64	0,43	115,72	6,30	1,17692E+06	9,99	0,52	79,97	2,47	1,17661E+06
600.3	4,69	0,67	177,79	4,93	1,17681E+06	152,34	4,65	210,39	4,17	1,17675E+06
700.1	18,76	0,63	125,24	3,20	1,17667E+06	91,48	1,49	71,53	1,80	1,17655E+06
700.2	41,65	0,58	109,16	3,20	1,17667E+06	46,85	3,17	87,51	0,57	1,17645E+06
700.3	15,31	0,67	168,71	6,33	1,17693E+06	92,97	3,33	115,60	4,77	1,17680E+06
800.1	42,41	0,56	76,12	2,07	1,17657E+06	131,63	1,50	74,45	2,40	1,17660E+06
800.2	44,63	0,59	120,82	3,67	1,17671E+06	62,27	2,97	90,37	1,10	1,17649E+06
800.3	8,90	0,72	176,02	5,33	1,17684E+06	3,85	0,54	102,64	5,57	1,17686E+06
900.1	111,64	0,64	66,27	4,00	1,17673E+06	51,93	0,58	122,34	2,43	1,17660E+06
900.2	21,40	0,56	139,78	4,17	1,17675E+06	12,98	0,61	107,28	2,77	1,17663E+06
900.3	4,57	0,74	184,52	3,53	1,17670E+06	3,79	0,54	93,66	3,60	1,17670E+06
1000.1	21,15	0,61	131,37	1,73	1,17654E+06	91,48	0,70	63,13	2,43	1,17660E+06
1000.2	20,00	0,51	135,86	1,80	1,17655E+06	13,46	0,49	108,55	3,03	1,17665E+06
1000.3	22,45	0,72	173,94	5,63	1,17687E+06	421,17	6,25	372,97	3,70	1,17671E+06

Tabela 7: Eficácia dos operadores transgenéticos e outras estatísticas para instâncias *Hurwicz*

Instância	Correlated					Anticorrelated						
	Média da eficácia do plas1	Média da eficácia do plas2	Média da eficácia do plas3	Média da eficácia primTrans	Média da eficácia SA_Trans	Média da quantidade de vezes em que o fitness foi avaliado	Média da eficácia do plas1	Média da eficácia do plas2	Média da eficácia do plas3	Média da eficácia primTrans	Média da eficácia SA_Trans	Média da quantidade de vezes em que o fitness foi avaliado
30.1	0,43	2,54	0,97	0,84	0,40	533318,00	0,63	1,09	0,67	0,91	4,30	530259,00
30.2	0,26	0,73	0,21	0,34	0,04	534045,00	3,42	2,82	2,84	0,16	10,00	534124,00
30.3	0,03	0,13	0,01	0,10	0,00	534842,00	0,08	0,84	0,13	1,30	0,14	534970,00
35.1	0,44	2,05	1,11	0,86	0,70	536399,00	0,78	1,25	0,66	0,98	5,95	536829,00
35.2	0,39	1,34	0,22	0,26	0,04	534248,00	3,66	3,14	2,60	0,43	10,85	534095,00

Tabela 7 – continuação da página anterior

Instância	Correlated						Anticorrelated					
	Média da eficácia do plas1	Média da eficácia do plas2	Média da eficácia do plas3	Média da eficácia primTrans	Média da eficácia SA_Trans	Média da quantidade de vezes em que o fitness foi avaliado	Média da eficácia do plas1	Média da eficácia do plas2	Média da eficácia do plas3	Média da eficácia primTrans	Média da eficácia SA_Trans	Média da quantidade de vezes em que o fitness foi avaliado
35.3	0,07	0,14	0,02	0,15	0,00	533663,00	0,11	1,07	0,16	1,35	0,19	534776,00
40.1	0,81	3,23	1,36	0,94	1,02	532795,00	1,40	2,06	0,96	1,14	8,66	533755,00
40.2	0,67	1,66	0,56	0,55	0,38	534369,00	0,30	2,53	0,78	3,17	0,36	536762,00
40.3	0,16	0,40	0,10	0,04	0,00	531987,00	0,08	0,93	0,44	1,66	0,16	534642,00
45.1	0,77	3,14	0,88	0,79	1,15	535121,00	0,46	4,22	1,72	2,66	0,64	534449,00
45.2	0,81	1,76	0,55	0,43	0,21	532928,00	0,25	2,79	1,01	2,78	0,37	532377,00
45.3	0,17	0,43	0,05	0,11	0,00	533796,00	0,07	0,78	0,28	1,76	0,07	532721,00
50.1	1,28	3,47	1,12	1,34	2,11	533040,00	0,46	4,21	1,87	3,11	0,78	535750,00
50.2	0,62	2,02	0,67	0,59	0,79	534328,00	0,29	3,10	1,37	3,35	0,46	533114,00
50.3	0,15	0,43	0,05	0,26	0,01	535092,00	3,50	3,48	2,99	0,34	9,29	535656,00
100.1	2,47	7,00	2,55	2,34	5,91	538645,00	0,93	9,48	4,32	4,16	1,78	534588,00
100.2	2,01	5,93	2,03	1,14	2,19	534547,00	2,79	4,97	3,09	3,21	11,77	535253,00
100.3	0,12	0,79	0,06	0,28	0,00	536488,00	16,86	14,50	13,57	0,64	37,44	533572,00
200.1	4,48	22,34	8,26	10,52	7,67	533268,00	12,31	25,43	10,99	10,05	42,74	535934,00
200.2	1,80	7,53	2,05	2,41	0,37	533199,00	0,94	11,39	5,95	10,98	0,49	533890,00
200.3	0,90	2,62	0,55	0,63	0,05	533057,00	17,26	16,63	13,92	1,37	36,89	534960,00
300.1	6,80	34,75	12,81	15,80	7,86	532815,00	2,76	34,72	15,67	10,32	3,16	535539,00
300.2	3,13	14,73	3,83	4,19	0,72	532410,00	50,59	45,40	34,18	7,37	101,69	535940,00
300.3	1,92	6,05	1,53	1,53	0,13	532416,00	0,19	4,55	1,99	11,59	0,01	538343,00
400.1	7,93	44,81	16,80	21,21	9,54	536647,00	2,64	40,45	19,08	12,19	1,99	534193,00
400.2	6,45	29,09	11,98	10,54	1,98	534395,00	68,52	57,88	46,30	17,24	129,41	535155,00
400.3	1,25	5,47	1,11	1,74	0,02	536459,00	82,51	68,17	60,56	2,67	138,99	537213,00
500.1	7,06	46,10	16,45	21,89	4,98	534143,00	36,83	100,35	44,70	31,26	73,43	535933,00
500.2	6,08	30,80	12,11	11,85	1,48	530334,00	1,63	21,17	11,72	23,50	0,27	533863,00
500.3	2,26	9,90	3,18	2,80	0,11	534282,00	0,35	7,53	3,34	15,89	0,02	533883,00
600.1	2,62	49,33	12,51	11,40	1,57	533710,00	23,00	95,90	47,61	39,46	38,58	532684,00
600.2	6,82	38,43	13,28	16,45	1,23	532032,00	1,36	32,55	14,42	38,09	0,40	531373,00
600.3	0,81	5,89	0,85	1,68	0,01	535888,00	125,16	106,11	99,36	4,64	198,85	531362,00
700.1	1,98	41,61	15,67	9,57	0,64	535113,00	56,53	130,03	73,66	49,72	95,50	535985,00
700.2	9,77	56,97	21,27	23,82	2,94	535951,00	80,87	74,47	55,82	28,03	133,48	535220,00
700.3	3,14	16,59	4,89	6,87	0,13	531544,00	66,63	68,27	62,55	5,77	110,20	533273,00
800.1	11,24	76,05	27,17	30,56	4,93	535477,00	67,46	169,94	92,18	55,81	103,29	532732,00
800.2	10,78	57,71	23,07	23,06	2,08	535746,00	93,26	90,55	66,58	46,37	136,25	532776,00
800.3	2,21	11,24	2,39	3,77	0,03	534073,00	0,62	12,66	5,00	24,29	0,02	535816,00
900.1	18,54	111,38	46,54	54,10	9,71	535455,00	4,48	68,30	37,68	19,53	0,84	534442,00

Continua na próxima página

Tabela 7 – continuação da página anterior

Instância	Correlated						Anticorrelated						
	Média da	Média da	Média da	Média da	Média da	Média da	Média da	Média da	Média da	Média da	Média da	Média da	Média da
	eficácia	eficácia	eficácia	eficácia	eficácia	quantidade de	eficácia	eficácia	eficácia	eficácia	eficácia	quantidade de	eficácia
	do plas1	do plas2	do plas3	primTrans	SA_Trans	vezes em que	do plas1	do plas2	do plas3	primTrans	SA_Trans	vezes em que	do plas1
						o fitness foi						o fitness foi	
						avaliado						avaliado	
900.2	2,97	34,86	8,97	6,90	0,18	535371,00	1,98	37,53	18,27	42,68	0,26	537452,00	
900.3	1,15	8,20	1,15	2,16	0,01	531426,00	0,55	13,03	5,45	27,43	0,02	533377,00	
1000.1	2,62	56,93	20,12	14,89	0,64	533263,00	11,79	163,94	88,84	53,17	15,97	536096,00	
1000.2	5,84	47,51	13,42	10,14	0,51	536586,00	1,74	43,38	19,63	43,95	0,24	538584,00	
1000.3	5,24	26,17	7,31	9,18	0,12	532772,00	355,35	288,82	272,32	7,23	437,00	534594,00	