

Optymalizacja Kombinatoryczna - Projekt

# Ant System dla problemu komiwojażera

Michał Łatka 160263  
Stanisław Fiedler 160250

Politechnika Poznańska, Styczeń 2025

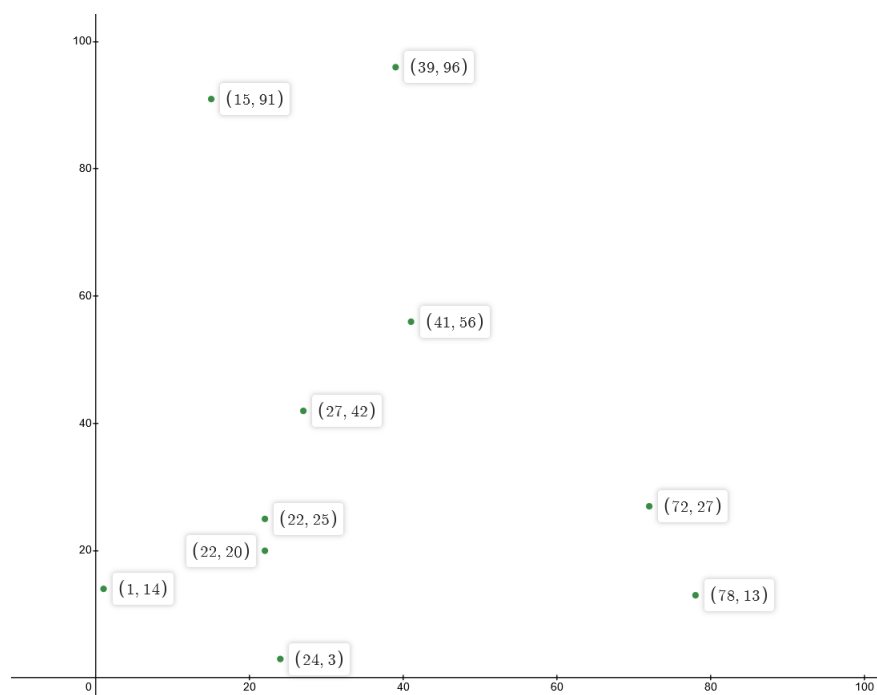
## Spis treści

<b>1</b>	<b>Ant System</b>	<b>1</b>
1.1	Inicjalizacja . . . . .	1
1.2	Opis Algorytmu . . . . .	2
1.3	Pseudokod . . . . .	2
1.4	Przykład obrazujący działanie . . . . .	4
1.5	Finalizacja . . . . .	5
<b>2</b>	<b>Wykresy</b>	<b>6</b>
2.1	Porównanie z algorytmem zachłannym . . . . .	6
2.2	Wartości błędu do wartości optymalnej . . . . .	6
2.3	Wyniki algorytmu dla instancji rankingowych . . . . .	7

## 1 Ant System

### 1.1 Inicjalizacja

Instancja początkowa reprezentowana jest przez następujące dane: liczbę wierzchołków ( $n$ ) oraz  $n$  par liczb całkowitych  $(x_i, y_i)$  oznaczających rozmieszczenie tych wierzchołków na płaszczyźnie kartezjańskiej.



## 1.2 Opis Algorytmu

Algorytmy mrówkowe są stosowane przy rozwiązywaniu niektórych problemów NP-trudnych. W przeszukiwaniu przestrzeni rozwiązań symulują one zachowanie kolonii mrówek. Każde znalezione rozwiązanie pozostawia informacje używane do budowy następnego.

Dla problemu komiwojażera w każdej iteracji wypuszczana jest pewna ilość mrówek które mają znaleźć rozwiązanie. Dla każdej mrówki, po znalezieniu ścieżki, na każdej krawędzi z której jest zbudowana, jest dodawana wartość (tzw. feromony) odwrotnie proporcjonalna do długości znalezionej trasy. Mrówka tworząc trasę wybiera wierzchołki z prawdopodobieństwem zgodnym z siłą feromonów na krawędziach. Po każdej iteracji z krawędzi jest usuwany pewien procent feromonów.

Działanie algorytmu jest zależne od ustawionych parametrów:

INITIAL\_FEROMONES: początkowa wartość feromonów na krawędziach

EVAPORATION\_RATE: ułamek feromonów usuwany przy każdej iteracji

Q: stała określająca ilość feromonów pozostawianych przez mrówki

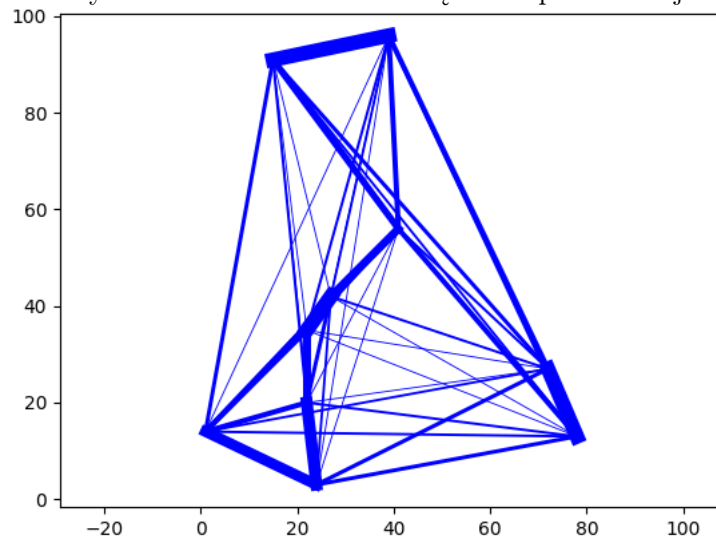
A, B: stałe używane przy wyborze następnego wierzchołka

## 1.3 Pseudokod

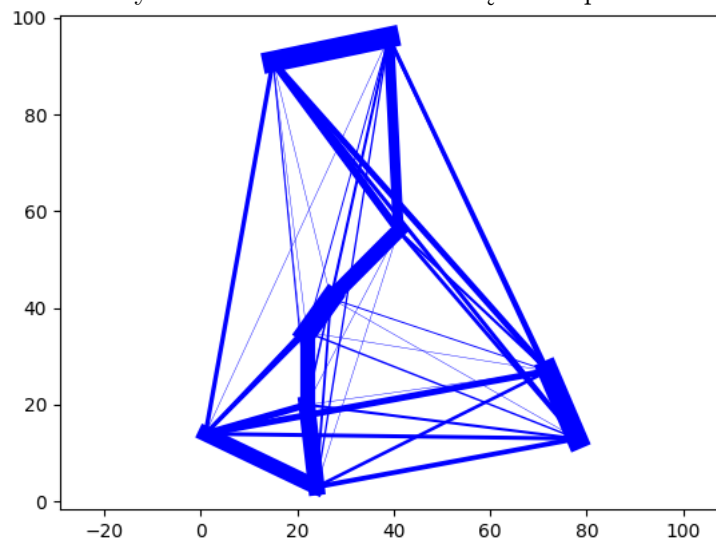
```
1 for each edge:
2 begin
3     edge.length = distance(edge.start, edge.end);
4     edge.feromones = INITIAL_FEROMONES;
5 end
6
7 for i in 0..ITERATION_MAX:
8 begin
9     for each vertex:
10    begin
11        new ant;
12        ant.visited[vertex] = true;
13        ant.path += vertex;
14
15        while ant.path < number_of_vertices:
16            begin
17                //find next unvisited vertex based on probabilities
18                next_vertex = find_next_vertex();
19                ant.path += next_vertex;
20            end
21        end
22
23    for each edge:
24    begin
25        edge.feromones *= EVAPORATION_RATE;
26    end
27
28    for each ant:
29    begin
30        tour_length = length(ant.path);
31        shortest_path = min(shortest_path, tour_length);
32        for each edge in ant.path:
33            begin
34                edge.feromones += Q/tour_length;
35            end
36        end
37    end
38 end
```

## 1.4 Przykład obrazujący działanie

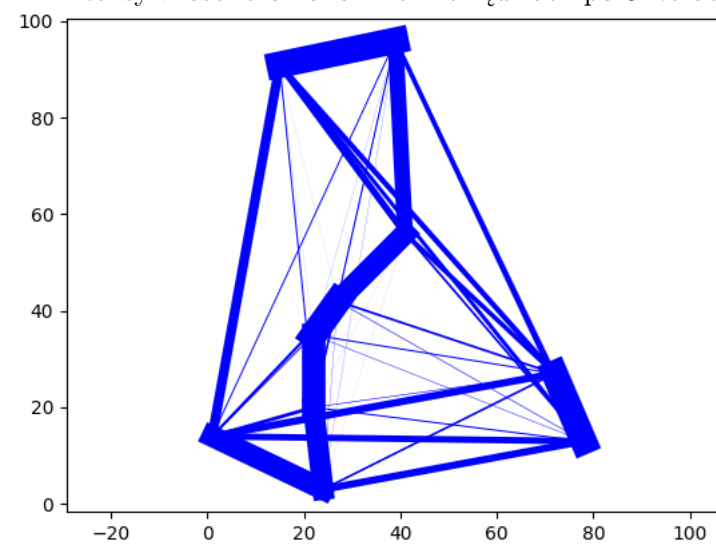
Intensywność feromonów na krawędziach po 1 iteracji:



Intensywność feromonów na krawędziach po 2 iteracjach:

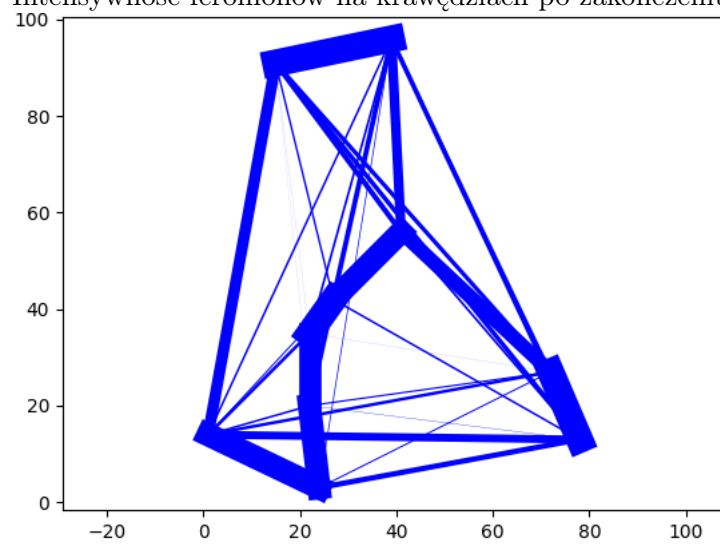


Intensywność feromonów na krawędziach po 5 iteracjach:

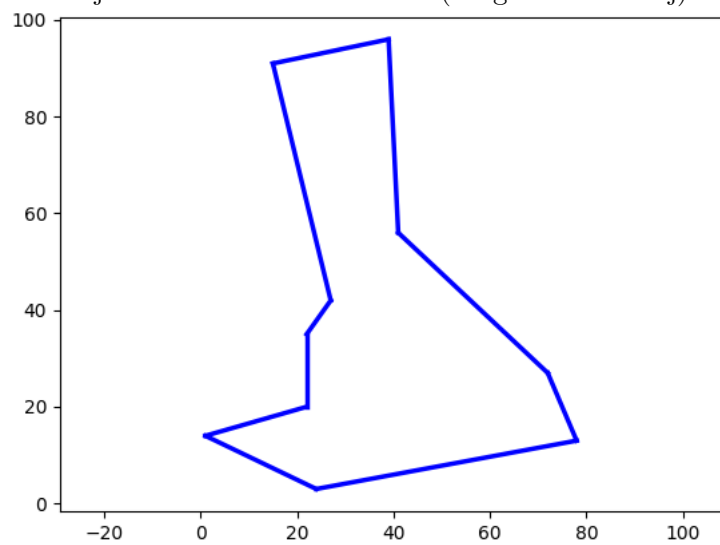


## 1.5 Finalizacja

Intensywność feromonów na krawędziach po zakończeniu programu:



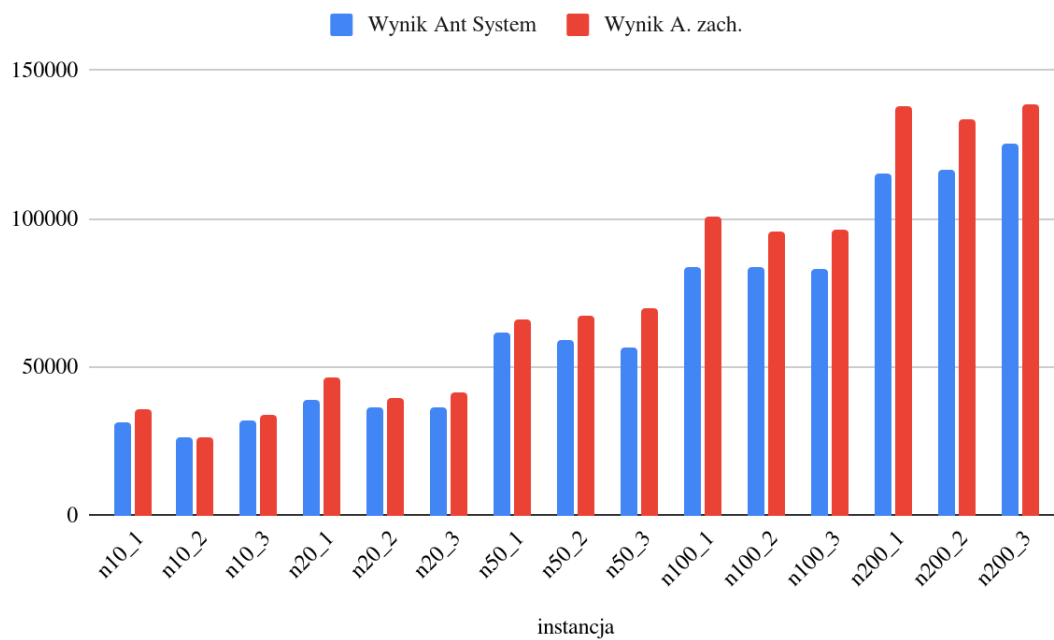
Najkrótsza znaleziona ścieżka (długości 298.551 j):



## 2 Wykresy

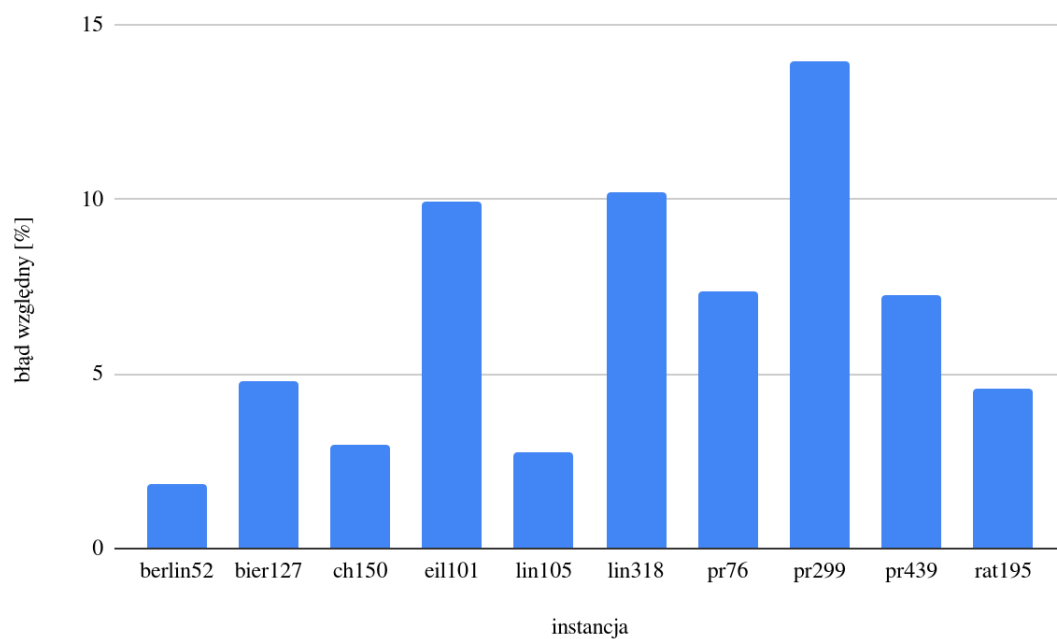
### 2.1 Porównanie z algorytmem zachłannym

Porównanie optymalizowanej wartości dla algorytmu Ant System z algorytmem zachłannym:



### 2.2 Wartości błędu do wartości optymalnej

Wykres wartości błędu względnego algorytmu Ant System w stosunku do wartości optymalnej:



### 2.3 Wyniki algorytmu dla instancji rankingowych

Nazwa instancji	Wynik
berlin52	7677
bier127	123903
tsp250	13414
tsp500	93377
tsp1000	27362