Proceedings of the V Brazilian Conference on Neural Networks - V Congresso Brasileiro de Redes Neurais
pp. 1–6, April 2–5, 2001 - Rio de Janeiro - RJ - Brazil

Planejamento de Rotas Aéreas Utilizando Algoritmos Genéticos

Wagner Pimentel, Celina Miraglia Herrera de Figueiredo, Luís Alfredo Vidal de Carvalho
COPPE / UFRJ – Prog. de Eng. de Sistemas e Computação – Universidade Federal do Rio de Janeiro, Caixa Postal 68511, 21945-970 Rio de Janeiro, RJ, Brasil.
E-mails: {pimentel, celina, alfredo}@ cos.ufrj.br.

Abstract

The current airway network used by aircraft is composed of a set of segments that intersect on special points defined by radio beacons emitting signals from the ground. The help of the Global Positioning System, which can determine precisely the location of aircraft, might allow the design of a network without using any ground fixed radio beacons. Therefore, we can project a new skyway network with straight airways between airports, allowing an airway to change levels once or more times between its origin and destination to avoid potential conflict points. We consider three problems of combinatorial optimization, which arise with the proposed model. We apply genetic algorithms to model and solve these three problems. Finally, we present some results based on execution of the genetic algorithms on a hypothetic situation of the traffic air.

1. Introdução

O algoritmo genético (AG) é uma metaheurística bastante eficiente para resolver vários problemas complexos, em particular, problemas de otimização combinatória.

AGs foram introduzidos por Holland [1], e popularizados por um dos seus alunos, David Goldberg [2]. Neste artigo, apresentaremos três problemas de otimização combinatória que serão tratados utilizando AGs. Estes problemas surgem com o novo modelo de redes de vias aéreas proposto [3].

A atual rede de vias aéreas usada pelas aeronaves é composta de um conjunto de segmentos que se cruzam em pontos especiais definidos por sinais de rádio emitidos da terra.

Com auxílio do GPS, Sistema de Posicionamento Global, é possível imaginar um projeto de redes de vias aéreas mais eficiente, isto é, eliminando custos adicionais de monitoramento das redes. O GPS pode, determinar precisamente a localização de uma aeronave e, permitir o projeto de uma rede de vias aéreas sem o monitoramento de um centro de controle de tráfego aéreo. Por esta razão, poderíamos construir uma nova rede com rotas diretas entre os aeroportos, podendo, desta forma, gerar uma redução dos custos operacionais das aeronaves.

Por outro lado, o aumento do número de rotas dentro de um setor do espaço aéreo envolveria, necessariamente, um intenso controle de tráfego, pois, aumentaria o número de cruzamentos entre elas e, consequentemente, haveria sobrecarga dos centros de controle. Por esta razão, não é vantajosa a criação deste tipo de rotas, a menos que, novas ferramentas sejam desenvolvidas para auxiliar o fluxo do tráfego aéreo. Por exemplo, estas ferramentas permitiriam minimizar o número de cruzamentos entre as rotas. Isto poderia ser feito de duas formas:

1. Por determinação de um nível (altitude) fixo para o vôo entre a origem e o destino das rotas; e
2. Por determinação de um número ótimo de pontos de mudanças de níveis nas rotas.

Formalizaremos o modelo de rede de vias aéreas da seguinte forma:

- Um aeroporto, *ae*, é representado por um ponto no plano;
- Uma rota direta, *r*, entre dois aeroportos, corresponde a um segmento de reta entre dois pontos;
- Um cruzamento, *c*, é um ponto comum a duas rotas que, não é considerado como um aeroporto; e
- Uma mudança de nível, *mn*, em uma rota, é um ponto entre dois cruzamentos desta rota e, corresponde a uma mudança de nível para toda aeronave que utilize esta rota.

Neste modelo, supomos a não existência de um cruzamento comum a três ou mais rotas.

Na seção 2, mostraremos algumas características de um AG convencional e do AG proposto. Na seção 3, faremos algumas definições que serão usadas nos tópicos seguintes. Na seção 4, discutiremos o problema que consiste em minimizar o número de cruzamentos em um conjunto de rotas, dado um número fixo de níveis. Na seção 5, a meta é determinar o menor número de níveis, possível, para um conjunto de rotas, de forma que, entre duas rotas no mesmo nível não haja cruzamento. Na seção 6, o objetivo é, dado um número fixo de níveis de vôo, determinar o menor número de inserções de pontos de mudanças de níveis, de forma que, entre duas rotas no mesmo nível não haja cruzamento. Finalmente, na seção 7, apresentaremos alguns resultados baseados na execução dos AGs em uma situação hipotética de tráfego aéreo.

2. Algoritmo genético (AG)

Um AG convencional normalmente mapeia um problema em um conjunto de *strings* binárias, cada *string* representando uma solução potencial do problema, chamada de cromossomo. Um AG tipicamente executa um ciclo de quatro estágios:

- Criação da população inicial de cromossomos;
- Avaliação de cada cromossomo;
- Seleção dos cromossomos para reprodução; e
- Manipulação genética, criando a nova população, que inclui, normalmente, dois operadores: cruzamento e mutação.

A seleção dos cromossomos para reprodução e a mutação são baseadas em mecanismos aleatórios. Além disso, o critério de sobrevivência é baseado em uma função objetivo que avalia a adequação de cada cromossomo na população.

3. Definições

Um grafo G(V, E) é dito grafo de interseção de um conjunto de rotas se cada vértice corresponde a uma rota e, dois vértices são adjacentes se existe um cruzamento entre as suas respectivas rotas.

Uma coloração de vértices de um grafo G(V, E) é uma atribuição de cores a cada vértice, de tal forma que dois vértices adjacentes não possuam a mesma cor. Uma menor coloração significa encontrar um menor T de tal forma que G(V, E) possa ser colorido com as cores $\{c_1, c_2, ..., c_T\}$. Desta forma, podemos afirmar que G(V,E) é T colorível. O grafo da Figura 1b, por exemplo, é 3-colorível.

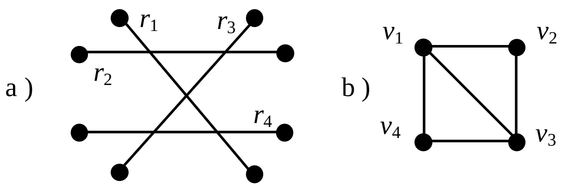

Figura 1: (a) Conj. de rotas e (b) Grafo de interseção

Considere um conjunto de rotas que se interceptam.

Um par de cruzamentos, p, é um segmento da rota limitado por dois cruzamentos.

Dois pares de cruzamentos são adjacentes do tipo 1, se possuem um cruzamento em comum e não pertencem à mesma rota. (na Figura 2a, p_1 e p_2 são adjacentes tipo 1)

Dois pares de cruzamentos são adjacentes do tipo 2, se possuem um cruzamento em comum e pertencem à mesma rota. (na Figura 2a, p_2 e p_4 são adjacentes tipo 2)

Um grafo G(V,E) é dito grafo de interseção de um conjunto de pares de cruzamentos se:

- Cada vértice corresponde a um par de cruzamentos.
- Dois vértices são adjacentes por aresta tipo 1, se os seus respectivos pares são adjacentes tipo 1.
- Dois vértices são adjacentes por aresta tipo 2, se os seus respectivos pares são adjacentes tipo 2.

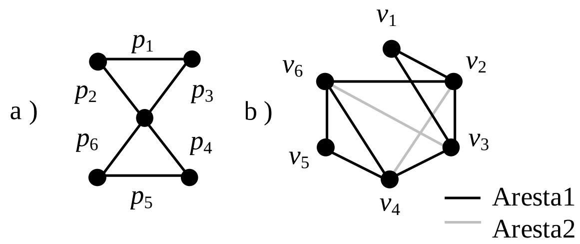

Figura 2: (a) Conj. de pares de cruzamentos e (b) Grafo de interseção.

4. Minimizando o número de cruzamentos usando *M* níveis

Este problema está diretamente relacionado com a primeira forma de minimizar o número de cruzamentos entre rotas, isto é, uma rota deve ser associada a um único nível, de modo que, evite possíveis pontos de cruzamentos.

Considere um conjunto de rotas que se interceptam e um número fixo, M, de níveis de vôo. O problema consiste em, particionar as rotas em M níveis, de forma que, minimize o somatório do número de cruzamentos entre as rotas

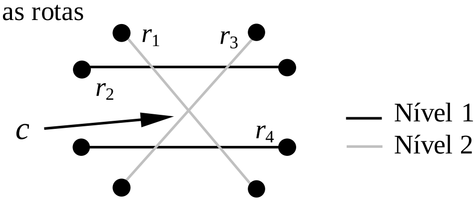

Figura 3 : Conj. de rotas representado em 2 níveis, com 1 cruzamento no 2º nível.

Este problema equivale ao problema de colorir os vértices de G(V,E), grafo de interseção do conjunto de rotas, usando M cores, de tal forma, que o número de arestas entre vértices de mesma cor seja mínimo. Ou ainda, colorir os vértices de G(V,E) usando M cores, de tal forma, que o número de arestas entre dois vértices de cores diferentes seja máximo. Este último, significa o *maximum M-cut problem*, ou seja, particionar os vértices de G(V,E) em M conjuntos de tal forma que o número total de arestas entre os conjuntos seja máximo. Este problema, o *maximum M-cut problem*, é NP-completo [4] e justifica o uso de heurísticas para resolvê-lo.

4.1. Algoritmo genético I (AG I)

Neste problema um gene corresponderá a uma rota. Um cromossomo s será representado por um vetor de dimensão n, onde n é o número de rotas. O conteúdo de cada posição do cromossomo corresponderá ao índice de um nível, desta forma, uma rota está sempre associada com um determinado nível. Por exemplo, seja s = (2121) o cromossomo referente à Figura 3, podemos concluir a partir de s que, $M = 2$, $N_1 = \{ r_2, r_4\}$ e $N_2 = \{r_1 , r_3\}$.

A população inicial será criada aleatoriamente. O espaço de busca para este problema é:

$$M^n,$$

onde M é o número de níveis, e n é o número de rotas.

A função objetivo, $f(s)$, que avaliará o cromossomo s será a seguinte:

$$f(s) = \sum_{k=1}^{M} \left(\sum_{i=1}^{n_{k-1}} \sum_{j=i+1}^{n_k} c(r_i, r_j) \right),$$

onde n_k é o número de rotas do nível N_k ; r_i e r_j são as i-ésima e j-ésima rotas de N_k.

Esta função efetuará o somatório do número de cruzamentos em todos os níveis.

Na Figura 3, temos que $N_1 = \{r_2, r_4\}$ e $N_2 = \{r_1 , r_3\}$, portanto, $f(s) = 0 + 1 = 1$, o que corresponde a um cruzamento em N_2.

O método de seleção escolhido foi o método da roleta com *ranking* linear ([5], [6]).

A função aptidão, f_i, do *ranking* linear será:

$$f_i = \frac{2\times (N-i)}{N-1} ,$$

onde i é o índice (ou *ranking*) do cromossomo na população em ordem crescente do valor da função objetivo e N significa o tamanho da população.

O método da roleta utiliza o seguinte procedimento:

- Calcule a aptidão acumulada para todos os indivíduos da população.
- Gere um número aleatório a no intervalo [0, N].
- O cromossomo selecionado será o primeiro cromossomo cuja aptidão acumulada for maior que a.
-

Rank (i)	**Crom.(s)**	**Função Objetivo f (s)**	**Aptidão**	**Aptidão Acum.** $\sum_{j=1}^{i} f_j$
1	311222	1	2	2
2	332112	1	1,93	3,93
3	111213	4	1, 86	5,76
N	322222	7	0	N

Tabela 1: Tabela do método da roleta.

Com a = 3,89, o cromossomo selecionado, na Tabela 1, será o segundo melhor cromossomo.

Desta maneira, este método prioriza os cromossomos com maior aptidão, ou seja, a chance de um número ser sorteado no intervalo [0, 2] é maior do que no intervalo [3,93, 5,76].

Após a seleção de todos os cromossomos para a população intermediária, faremos o cruzamento.

Caso um par de cromossomos, retirado da população intermediária, passe no teste de cruzamento, utilizaremos o cruzamento de dois pontos.

O cruzamento de dois pontos consiste em gerar dois números aleatórios a_1 e a_2 no intervalo [0 , n–1], onde a parte do cromossomo limitada por a_1 e a_2 é trocada entre pai_1 e pai_2, gerando $filho_1$ e $filho_2$, respectivamente. Por exemplo, considere a_1=2 e a_2=4

Pai_1 (**311222**) Pai_2 (332112)

$Filho_1$ (**31**211**2**) $Filho_2$ (33**122**2)

Figura 4: Cruzamento de 2 pontos.

O teste de cruzamento consiste em: para cada par de cromossomos é sorteado um número aleatório no intervalo [0, 1]. Se este número for menor que a taxa de cruzamento, o cruzamento será efetuado, gerando dois filhos que possuem características dos pais. Caso contrário, os filhos serão a cópia dos pais.

Após o cruzamento de todos os pares de cromossomos, inicia-se o processo de mutação, isto é, serão selecionados aleatoriamente x% bits do número total de bits da população ($n \times N$), onde x é a taxa de mutação, n é o tamanho do cromossomo e N é o tamanho da população.

Os bits selecionados receberão um número aleatório no intervalo [1, M], isto é, a rota selecionada receberá um novo nível.

Suponha que na população temos um total de 600 bits. Sortearemos um número aleatório no intervalo [0, 600]. Por exemplo, a_1 = 499, dividiremos a_1 pelo tamanho do cromossomo (499/6 = 83 com resto = 1). Então, o segundo bit do 83º cromossomo sofrerá mutação. Suponha que a_2 = 2, então, a segunda rota será associada com o nível 2.

s_{83} = (1**1**2323)

s'_{83} = (1**2**2323)

Figura 5: Mutação no 2º bit do 83º cromossomo.

A etapa de mutação encerra a criação de uma nova população (nova geração). Estes novos cromossomos da nova geração passarão por todos os processos já mencionados, levando a formação de uma outra geração.

Todas estas etapas ocorrem repetidamente até que 95% dos cromossomos possuam o mesmo valor para $f(s)$. Neste momento, o AG I pára e retorna o melhor cromossomo, isto é, aquele com menor valor para $f(s)$. Este cromossomo representa a partição do conjunto de rotas, em M níveis, com o menor número de cruzamentos. Note que, o AG I recebe como entrada um grafo de interseção de um conjunto de rotas (Figura 1b) mais o número de níveis M.

Os parâmetros de entrada do AG I foram:

- A população inicial foi igual a 200 cromossomos, pois, desta forma, podemos obter uma suficiente representação do espaço de busca.
- A taxa de cruzamento foi de 90%, pois queremos cruzar a maior parte dos pares selecionados na população intermediária.
- A taxa de mutação foi de 0,1%, pois não queremos afetar as características herdadas dos pais.

5. Minimizando o número de níveis

Este problema, assim como o primeiro, está diretamente relacionado com a primeira forma de minimizar o número de cruzamentos entre rotas.

Considere um conjunto de rotas que se interceptam. O problema consiste em determinar o menor número, *M*, de níveis de vôo, de forma que, ao particionar as rotas em *M* níveis, o somatório do número de cruzamentos entre as rotas seja nulo.

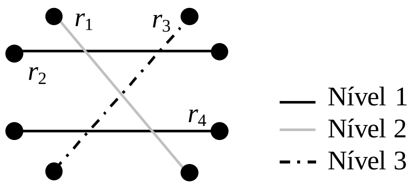

Figura 6: Conj. de rotas representado em 3 níveis.

Este problema equivale ao problema de determinar a menor coloração de vértice de G(V,E), grafo de interseção do conjunto de rotas associado.

Os vértices coloridos com a mesma cor correspondem aos subconjuntos de rotas e as cores correspondem aos níveis.

O problema de determinar se G é k-colorível, para todo $k \geq 3$, nesta classe de grafos, é NP-completo [6], isto é, não existe nenhum algoritmo de tempo polinomial no tamanho da entrada para este problema. Isto nos motiva utilizar heurísticas para resolver este problema.

5.1. Algoritmo genético II (AG II)

O AG II utilizou os mesmos operadores e parâmetros de entrada do AG I. Recebendo como entrada, apenas, o grafo de interseção de um conjunto de rotas, (Figura 1b) o AG II, inicialmente, executa o AG I com $M = n$ (número de níveis igual ao número de rotas, ou tamanho do cromossomo). Se $f(s)$ é nula para algum s da população, isto é, se encontrou alguma partição do conjunto de rotas, tal que, entre quaisquer duas rotas no mesmo nível não haja cruzamento, então faça $M = M - 1$. Este processo é repetido até que 95% dos cromossomos possuam o mesmo valor para a função objetivo.

A solução retornada pelo AG II será $M + 1$, isto é, o menor número de níveis em que foi encontrado uma solução tal que $f(s) = 0$.

6. Minimizando o número de mudanças de níveis utilizando *M* níveis.

Este problema está diretamente ligado com a segunda forma de minimizar o número de cruzamentos entre rotas, ou seja, um cruzamento é sempre evitado mediante a adição de pontos de mudanças de níveis em uma das rotas.

Considere um conjunto de rotas que se interceptam e um número fixo, *M*, de níveis de vôo. O problema consiste em determinar o menor número de inserções de pontos de mudanças de níveis *NM*, de forma que, ao particionar as rotas em *M* níveis, o somatório do número de cruzamentos seja nulo.

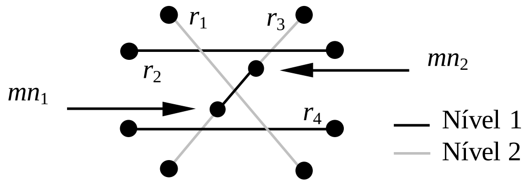

Figura 7: Conj. de rotas representado em 2 níveis, com 2 pontos de mudanças de níveis.

Fixando $M = 2$, este problema equivale ao problema de minimizar o número de vias em uma placa de circuito impresso, de forma que, duas trilhas de um mesmo lado da placa nunca se cruzem [8]. As trilhas correspondem as rotas e os lados correspondem aos níveis.

6.1. Algoritmo genético III (AG III)

Como uma mudança de nível sempre ocorre entre dois cruzamentos (par de cruzamentos), podemos descartar a parte da rota entre um aeroporto e o primeiro cruzamento. Desta forma, somente os segmentos de rotas limitados por cruzamentos serão relevantes neste contexto, em particular os pares de cruzamentos.

Vale notar que, a inserção de um ponto de mudança de nível em uma rota, corresponde a criação de mais um par de cruzamentos nesta rota.

Neste problema um gene será representado por um par de cruzamentos. Um cromossomo s será representado por um vetor de dimensão $2 \times n$, onde n é o número de pares de cruzamentos do conjunto de rotas e:

- O conteúdo das n posições iniciais de s corresponderá ao índice do nível; e
- O conteúdo das n posições finais será binário.

Qualquer ocorrência de 1s significará a inserção de um ponto de mudança de nível no par de cruzamentos representado pela posição.

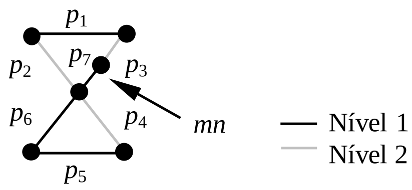

Figura 8: Inserção de um ponto de mudança de nível e a criação de p_7.

Seja s = (12221110010000) o cromossomo da Figura 8, assim podemos afirmar que M = 2 e NM = 1, ou seja, que p_3 recebeu um ponto de mudança de nível. Logo
$N_1 = \{p_1, p_5, p_6, p_7\}$ e $N_2 = \{p_2, p_3, p_4\}$.

A população inicial será criada aleatoriamente. O tamanho do espaço de busca para este problema é:

$$M^n \times C^n_{NM} \,,$$

onde n é o número de pares de cruzamentos, M é o número de níveis e NM é o número de pontos de mudanças de níveis.

A função objetivo $f(s)$ que avaliará o cromossomo s será a seguinte:

$$f(s) = \sum_{k=1}^{M} \left(\sum_{i=1}^{n_k - 1} \sum_{j=i+1}^{n_k} (p_i, p_j) \right),$$

onde n_k é o número de pares de cruzamentos do nível N_k; e p_i e p_j são os i-ésimo e j-ésimo pares de N_k.

Esta função efetuará o somatório total do número de pares de cruzamentos adjacentes do tipo 1 em todos os níveis, isto é, o somatório do número de cruzamentos.

Na Figura 8, $N_1 = \{p_1, p_5, p_6, p_7\}$ e $N_2 = \{p_2, p_3, p_4\}$. Logo $f(s) = 1 + 0 = 1$, ou seja, o par de cruzamentos (p_5, p_6) são adjacentes do tipo 1 em N_1.

O método de seleção escolhido é o método da roleta com *ranking* linear, isto é, o mesmo utilizado nos AGs anteriores.

Utilizaremos o cruzamento de dois pontos na primeira e na segunda metade do cromossomo.

Na Figuras 9, considere a_1 = 2 e a_2 = 4.

Pai$_1$ (11**211**101**001**0)   Pai$_2$ (12**212**201**100**0)

Filho$_2$ (12**211**201**001**0)   Filho$_1$ (11**212**101**100**0)

Figura 9: Cruzamento de 2 pontos na 1ª metade e na 2ª metade do cromossomo.

Se o número de mudanças de níveis em filho$_1$ (filho$_2$) for diferente de NM então a segunda metade de filho$_1$ (filho$_2$) será idêntica a segunda metade de pai$_1$ (pai$_2$) de trás para frente (invertida). Desta forma, não teremos alteração no número de pontos de mudanças de níveis, quando gerarmos os descendentes.

Na mutação serão selecionados aleatoriamente x% bits do número total de bits da população $2n \times N$, onde x é a taxa de mutação, $2n$ é o tamanho do cromossomo e N é o tamanho da população.

Na primeira metade do cromossomo, o bit selecionado receberá um número aleatório no intervalo [1, M].

Na segunda metade, será sorteada aleatoriamente uma posição, no intervalo [n, $2n - 1$], que será trocada com o bit selecionado.

Suponha que na população temos um total de 1200 bits. Sortearemos um número aleatório no intervalo [0, 600]. Por exemplo, a_1 = 345, dividiremos a_1 pelo número de pares de cruzamentos (345/6 = 57 com resto = 1). Então, o segundo bit, na primeira metade e na segunda metade, do 57º cromossomo sofrerão mutação. Suponha a_2 = 1 e a_2 = 11, então a segunda rota será associada com o nível 1 e o par p_6 receberá um ponto de mudança de nível.

s $_{57}$ = (1**2**21120**1**000**0**)

s´$_{57}$ = (1**1**212220**0**00**1**)

Figura 10: p_2 foi atribuído ao nível 1 e p_6 recebeu um ponto de mudança de nível.

Recebendo como entrada o grafo de interseção de um conjunto de pares de cruzamentos, (Figura 2b) mais o número de níveis M, o AG II , inicialmente, faz NM = n (número de mudanças de níveis igual ao número de pares de cruzamentos). Se $f(s)$ é nula para algum s da população, isto é, se encontrou alguma partição do conjunto de rotas, tal que, entre quaisquer duas rotas no mesmo nível não haja cruzamento, então faça
$NM = NM - 1$. Este processo é repetido até que 95% dos cromossomos possuam o mesmo valor para a função objetivo.
A solução retornada pelo AG III será NM + 1, isto é, o menor número de pontos de mudanças de níveis tal que $f(s)$ = 0.

Foi implementado um método que copia para a população seguinte somente o melhor cromossomo da população atual, o elitismo[9].

Os parâmetros de entrada do AG foram:

- Tamanho da população igual a 200.
- A taxa de cruzamento foi de 98%, pois queremos cruzar a maior parte dos pares selecionados na população intermediária.
- Taxa de mutação foi de 0,1%.

7. Resultados e conclusão

O Gráfico 1 compara o pior, a média e o melhor cromossomo a cada geração do AG I. O melhor cromossomo ($f(s)$=0) é encontrado a partir da 20ª geração. Já o Gráfico 2 mostra a evolução da população em três gerações do AG I. O melhor cromossomo é
s = (1 4 1 2 4 5 5 2 2 5 3 1 3 2 3 3 1 2 1 5 5 1 4).

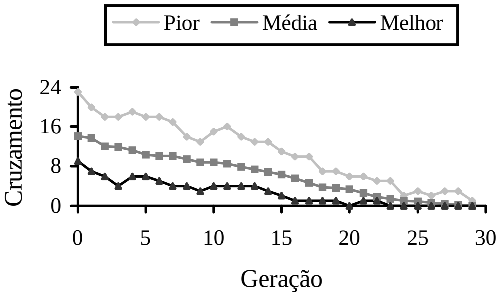

Gráfico 1: AG I encontra *f*(*s*) = 0 na 20ª geração.

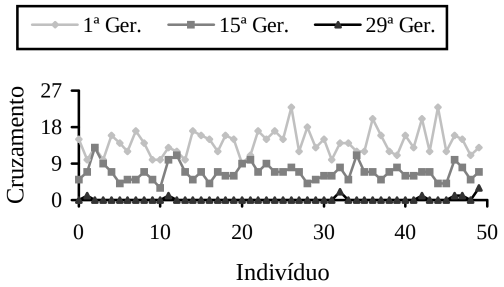

Gráfico 2: 95% da população tem *f*(*s*)=0 no AG I.

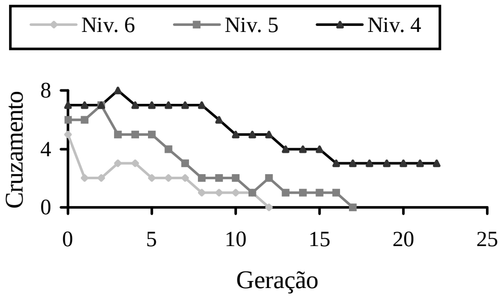

Gráfico 3: Com N = 4 o AG II não encontra solução tal que *f*(*s*)=0.

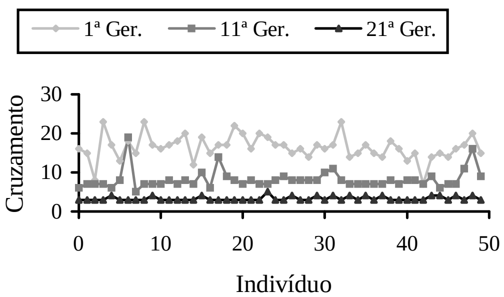

Gráfico 4: 95% da população converge para *f*(*s*)=3 no AG II, com N=4. Logo o menor número de níveis é 5.

O Gráfico 3 mostra a evolução do melhor cromossomo nos três últimos níveis do AG II. Já o Gráfico 4 mostra a evolução da população em três gerações do último nível do AG II, M = 4. Observe que a população converge para o valor 3 (três cruzamentos).

Estes gráficos foram obtidos através do resultado da execução dos AG I e II para o grafo myciel4.col [10], 5 colorível, que representa um conjunto de rotas, com 23 rotas e 71 cruzamentos. O grafo citado representa uma situação hipotética de tráfego aéreo.

Com M = 5, o AG I encontrou uma solução cujo valor da função objetivo é 0, isto é, uma partição do conjunto de rotas sem cruzamento entre rotas. Com M = 4, o AG II não encontrou a solução ótima, pois, o menor nível para tal solução é 5.

Os resultados em relação ao terceiro problema serão omitidos por falta de espaço.

Sabemos que quanto mais alto uma aeronave voe menor será o custo do vôo. Baseado nesta informação, podemos pensar em soluções cujos custos sejam minimizados, isto é, produzir soluções que tenham maiores quantidades de rotas situadas nos níveis mais elevados. Esta restrição está ligada aos dois problemas iniciais.

Sabemos também que o custo de mudar de um nível mais baixo para um nível mais alto é maior do que o inverso. Podemos pensar, baseado nesta informação, em soluções que minimizem o número de mudanças de níveis em uma única rota. Esta restrição está ligada ao terceiro problema.

Estas restrições estão sendo implementadas em seus respectivos AGs.

Referências

[1] J. H. Holland. *Adaptation in Natural and Artificial Systems.* University of Michigan Press , Ann Arbor, 1976.

[2] D. Goldberg. *Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning*, Addison-Wesley, 1989.

[3] R. Fondacci, O. Goldschmidt, and V. Letrouit. *Combinatorial Issues in Air Traffic Optimization. Transportation Science*, Vol. 32, Nº 3, August 1998.

[4] M. Karp. *"Reducibility Among Combinatorial Problems"*, In; *Complexity of Computer Computations*. Miller and J. Thatcher (eds.). Plenum Press, New York, 85-103, 1972.

[5] J. Baker. *Reducing bias and inefficiency in the selection algorithm.* In: J. Grefenstette. Ed. *Proceedings of the Second International Conference on Genetic Algorithms and Their Aplication*, p.14-21. Hillsdale, New Jersey: Lawrence Erlbaum Associates, 1987.

[6] D. Whitley. *The Genitor algorithm and selection pressure: Why rank based allocation of reproductive trials is best.* In: J. Schaffer. Ed. *Proceedings of the Third International Conference on Genetic Algorithms*, p.116-121. San Mateo, California: Morgan Kaufmann, 1989.

[7] G. Ehrlich, S. Even, and R. Tarjan. *"Intersection Graphs of Curves in the Plane,"* J. C.mb. theory B 21, 8-20, 1976.

[8] R. Printer. *"Optimal Layer Assignment for Interconnect,"* J. VLSI Computer Systems 1(2), 123-137, 1984.

[9] K. Dejong. *The analysis and behaviour of a class of genetic adaptive systems*. Ph.D. thesis, University of Michigan, 1975.

[10] Graph Coloring Instances, padrão DIMACS, http://mail.informs.org/COLOR/ instances.html