

Problem komiwojażera – Algorytm genetyczny

Sprawozdanie

Marcin Polanowski

1.Wstęp

Problem komiwojażera (ang. Traveling salesman problem) – zagadnienie optymalizacyjne polegające na znalezieniu minimalnego cyklu Hamiltona w pełnym grafie ważonym. Istnieje wiele odmian i podejść do tego problemu, ja zajmę się odmianą symetryczną (graf nieskierowany).

2.Złożoność obliczeniowa

Cykl hamiltona to taki cykl, który zawiera wszystkie wierzchołki w grafie i każdy tylko raz. Cykl ten można więc reprezentować jako pewną permutację liczb od 1 do n gdzie n to liczba wierzchołków grafu. Jeśli będziemy chcieli rozwiązać ten problem przeglądając wszystkie możliwe rozwiązania to jego złożoność wyniesie $O(n!)$, gdyż $n!$ To liczba wszystkich możliwych permutacji n -elementowych.

Teoria złożoności klasyfikuje TSP jako problem NP-trudny.

3.Opis chromosomu

Jak opisałem wyżej:

$\langle x_1, x_2, \dots, x_n \rangle$ gdzie $x_1 x_2 \dots x_n$ – pewna permutacja liczb 0 do $n-1$ (wierzchołków w grafie)

Reprezentacja taka jest nazywana reprezentacją ścieżkową

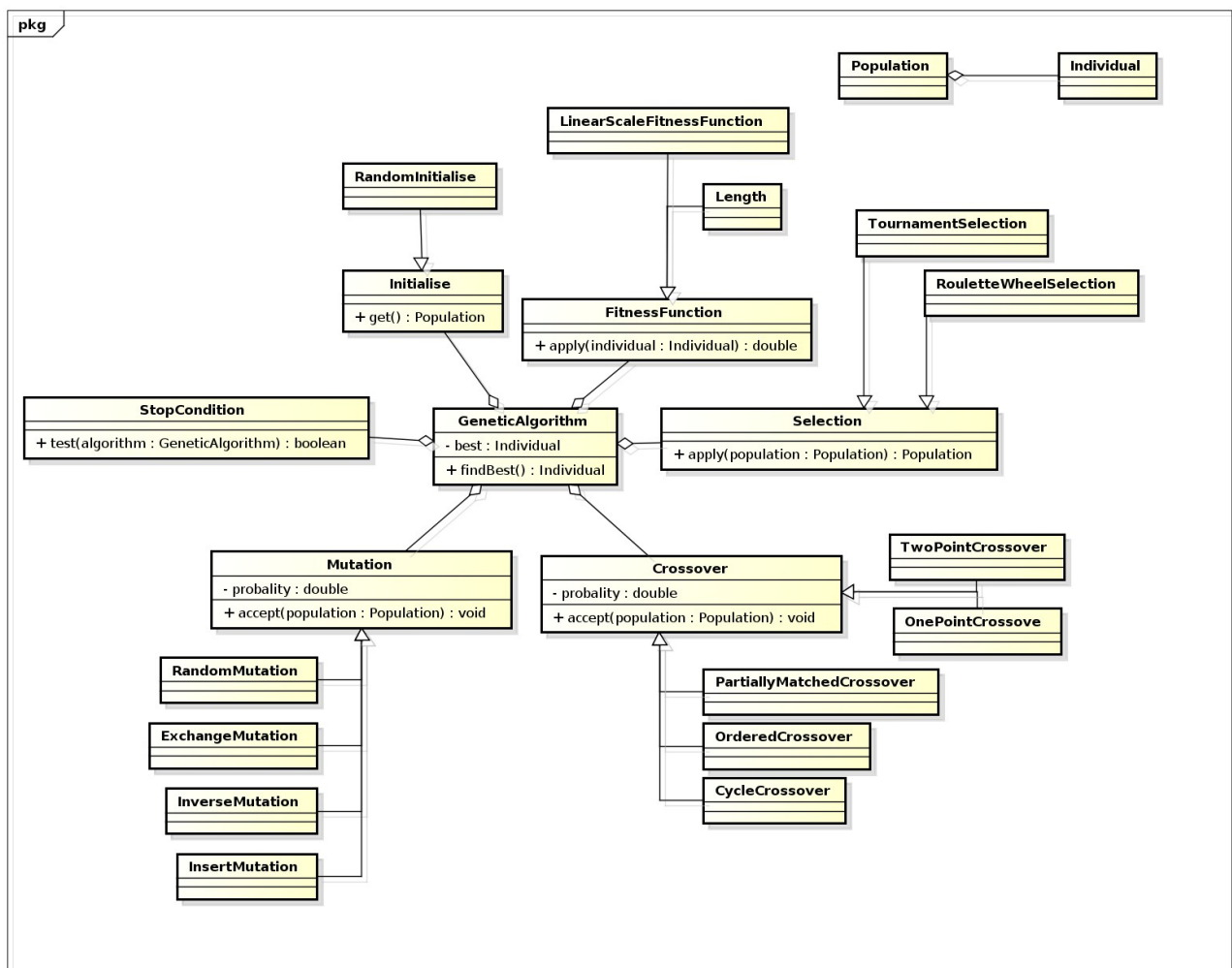
4.Opis funkcji przystosowania

Ponieważ szukamy minimalnego cyklu hamiltona funkcją celu będzie długość cyklu $\text{length}(\langle x_1, x_2, \dots, x_n \rangle)$. Funkcję tą musimy minimalizować, więc funkcja przystosowania będzie wyglądała następująco:

$f(\langle x_1, x_2, \dots, x_n \rangle) = \text{MAX} - \text{length}(\langle x_1, x_2, \dots, x_n \rangle)$ gdzie MAX jest bardzo dużą liczbą większą bądź równą maksimum funkcji length. Parametr ten musimy sami dobrać.

5.Opis implementacji

Główny algorytm jest wykonywany w obiekcie klasy GeneticAlgorithm. Składa się on z kilku operacji wykonywanych w pętli. Każda z tych operacji (generowanie populacji początkowej, selekcja, krzyżowanie, mutacja) istnieje w różnych wariantach i podejściach w zależności od użytkownika, lub rozwiązywanego problemu. Oddelegowałem te funkcje do oddzielnych obiektów i po zastosowaniu dziedziczenia oraz polimorfizmu uzyskałem sprawny mechanizm dzięki, któremu można szybko zmienić daną metodę krzyżowania, mutacji itd. Dodatkowo dodałem również interfejs graficzny.



6. Opis wykorzystanych zbiorów

a. att48

$\min \text{length}(\langle x_1, x_2, \dots, x_{48} \rangle) = 33523.71$

$\text{MAX} = 180000$

$\max f(\langle x_1, x_2, \dots, x_{48} \rangle) = \text{MAX} - 33523.71 = 180000 - 33523.71 = 146476.29$

b. tsp225

$\min \text{length}(\langle x_1, x_2, \dots, x_{225} \rangle) = 3859$

$\text{MAX} = 22000$

$\max f(\langle x_1, x_2, \dots, x_{225} \rangle) = \text{MAX} - 3859 = 22000 - 3859 = 18141$

c. lin105

$\min \text{length}(\langle x_1, x_2, \dots, x_{105} \rangle) = 14382.996$

$\text{MAX} = 100000$

$\max f(\langle x_1, x_2, \dots, x_{105} \rangle) = \text{MAX} - 14382.996 = 100000 - 14382.996 = 85617,004$

7. Badania

Istnieją różne metody ustalania parametrów. Główny Ich podział to:

- Dostrajanie parametrów – przed uruchomieniem algorytmu
- Sterowanie parametrami – w trakcie pracy algorytmu

Sterowanie parametrami polega na zaimplementowaniu mechanizmu wewnątrz algorytmu który będzie zmieniał parametry w trakcie jego działania. Dostrajanie parametrów zaś to po prostu stworzenie zbiorów elementów dla każdego parametru (np. Krzyżowanie $\{0.5, 0.6, 0.7, 0.8, 0.9, 1\}$) i odpalenie algorytmu ze wszystkimi możliwymi kombinacjami. Wadą tego rozwiązania jest mnogość tych kombinacji. Ja zastosowałem skróconą procedurę dostrajania parametrów

a. att48

Główne badania przeprowadziłem właśnie na tym zbiorze. Uproszczona procedura dostrajania polega na tym że na przyjęciu jakiś paraetrów początkowych a potem zmianie pojedynczego parametru przy stałości pozostałych parametrów.

1.Parametry początkowe:

2.Testowanie mutacji 0-0.1 delta=0.01

3. Testowanie krzyżowania 0.5-1 delta=0.05

4. Testowanie selekcji (dla turnieju od 1-20 delta 1)

5. Testowanie wielkości populacji 50 -1000 delta 50

6. Testowanie liczby pokolen 500 – 1000 delta=100

Przeprowadziłem dwie takie iteracje:

Iteracja 1:

ad 1. Parametry początkowe:

$t=500$

$N=50$

Selekcja – Turniej

$k=3$

Krzyżowanie – OX

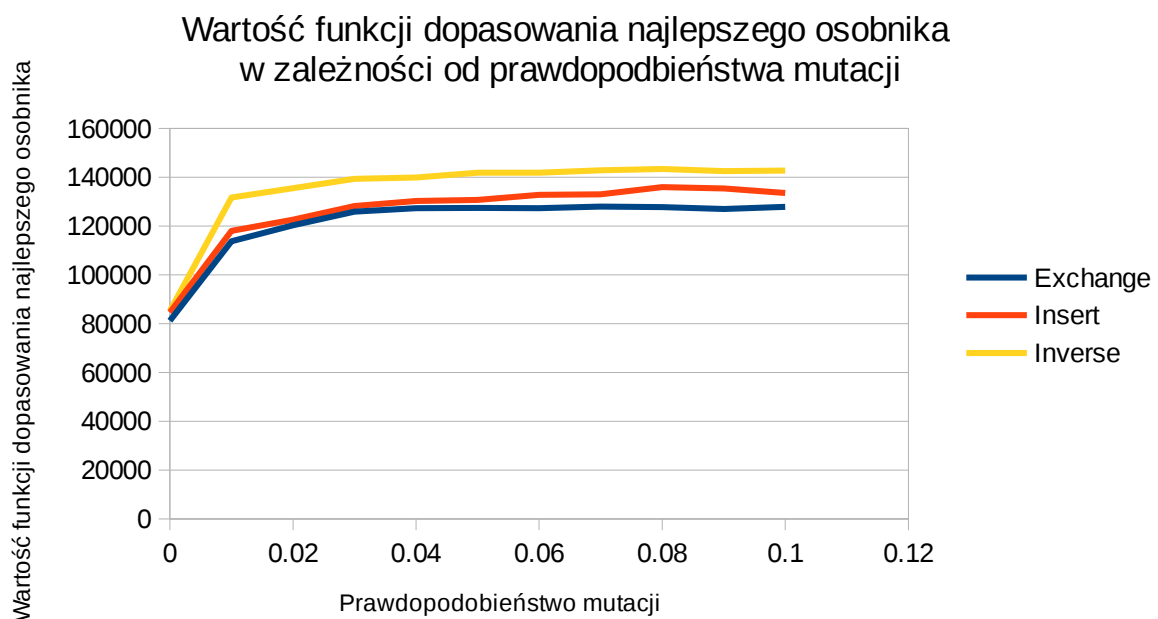
$p_k=0.7$

ad 2. Testowanie mutacji 0-0.1 $\delta=0.01$

Wynik:

Typ mutacji – Inwersja

$p_m = 0.08$



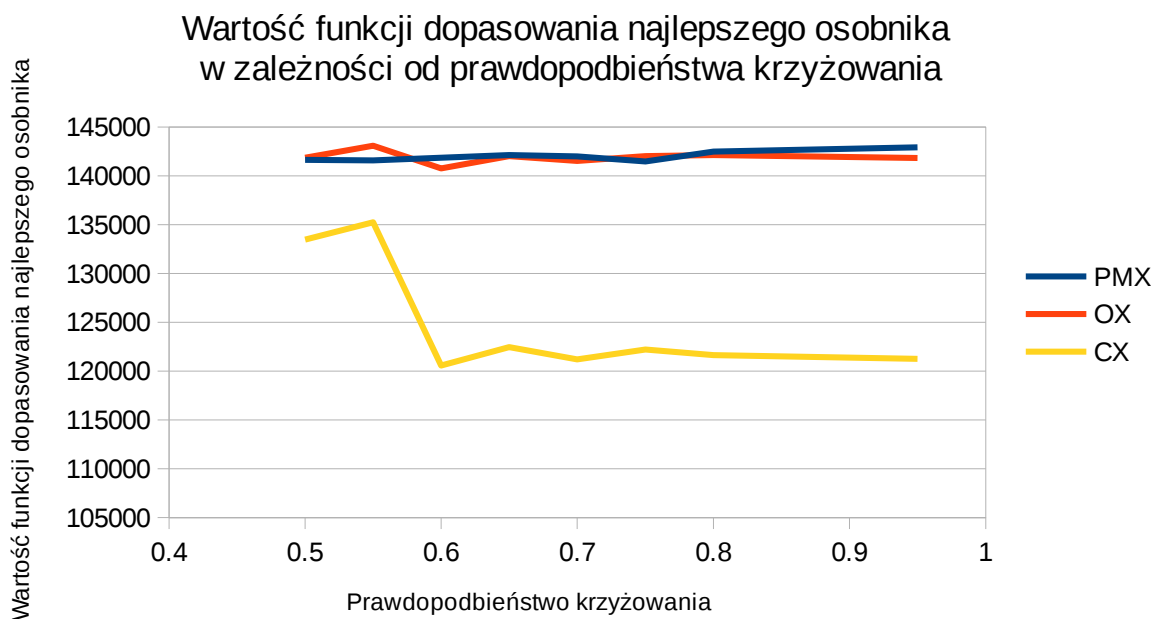
Obserwacja

Przy wszystkich trzech wariantach mutacji wynik rośnie wraz ze wzrostem p_m i osiąga swe maksimum przy 0.7-0.8 po czym maleje

Obserwacja

Inwersja wydaje się osiągać najlepsze wyniki, potem wstawianie, pote wymiana

ad 3. Testowanie krzyżowania 0.5-1 delta=0.05



Wynik:

Typ krzyżowania – OX

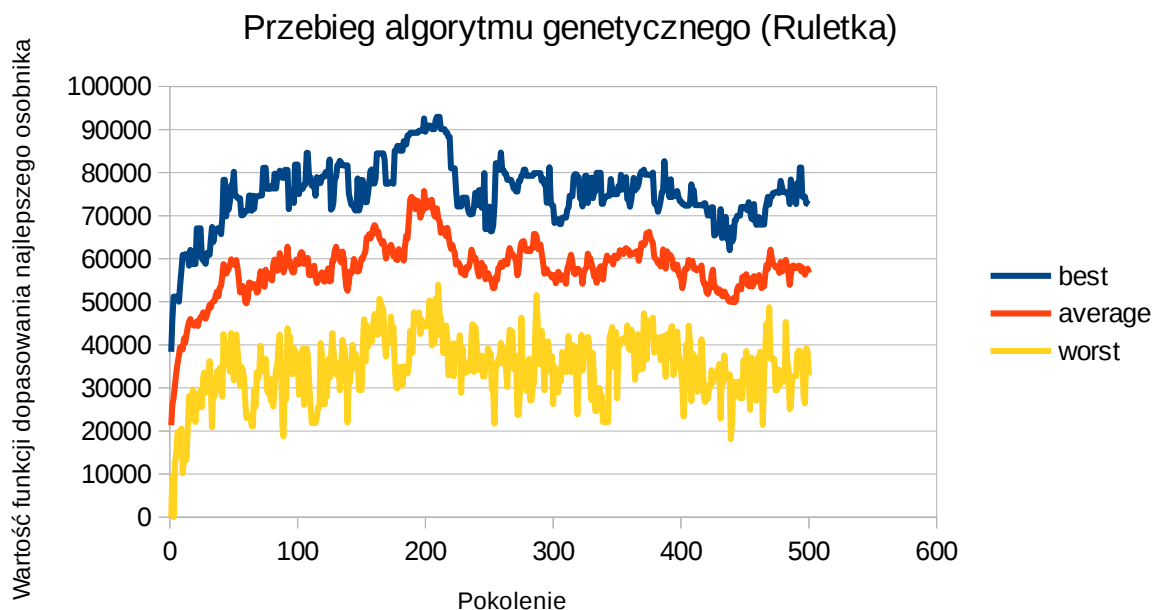
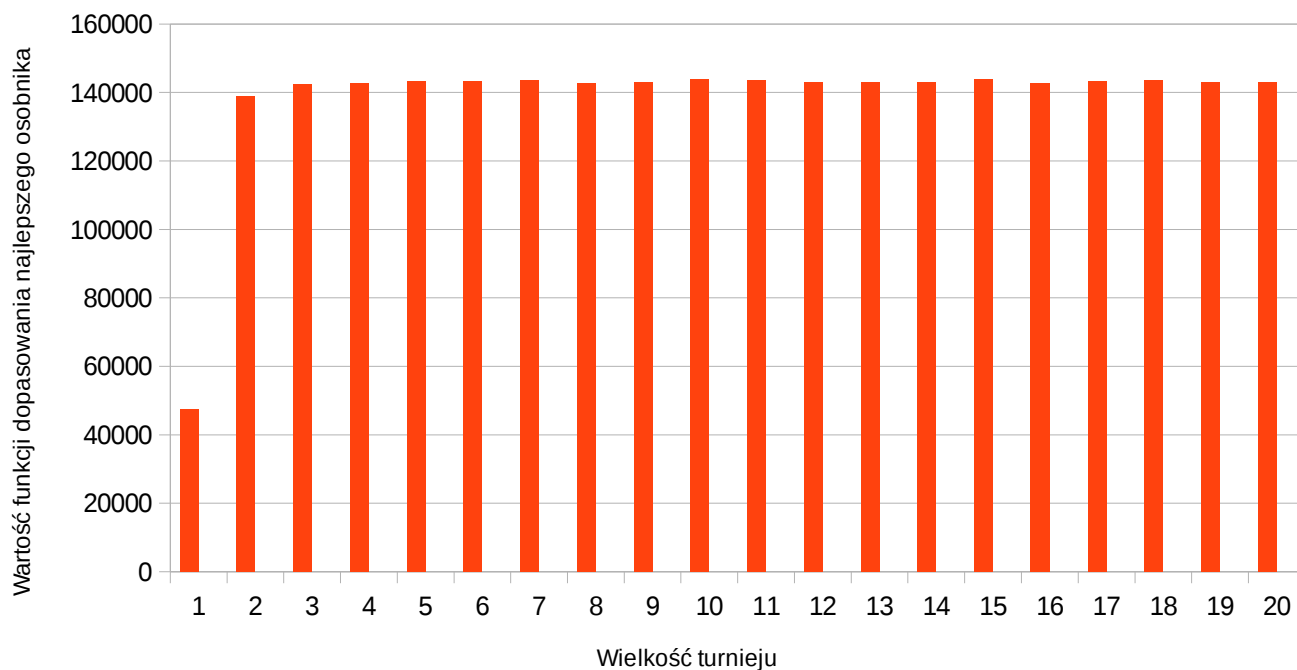
pk=0.55

Obserwacja

CX znacznie odbiega od pozostałych typów krzyżowania

ad 4. Testowanie selekcji (dla turnieju od 1-20 delta 1)

Wartość funkcji dopasowania najlepszego osobnika w zależności od wielkości turnieju



Wynik:

Typ selekcji – Turniej

k=3

Obserwacja

Ruletka jest bardzo nieefektywną metodą selekcji

Obserwacja

Rozmiar turnieju mało wpływa na jakość algorytmu

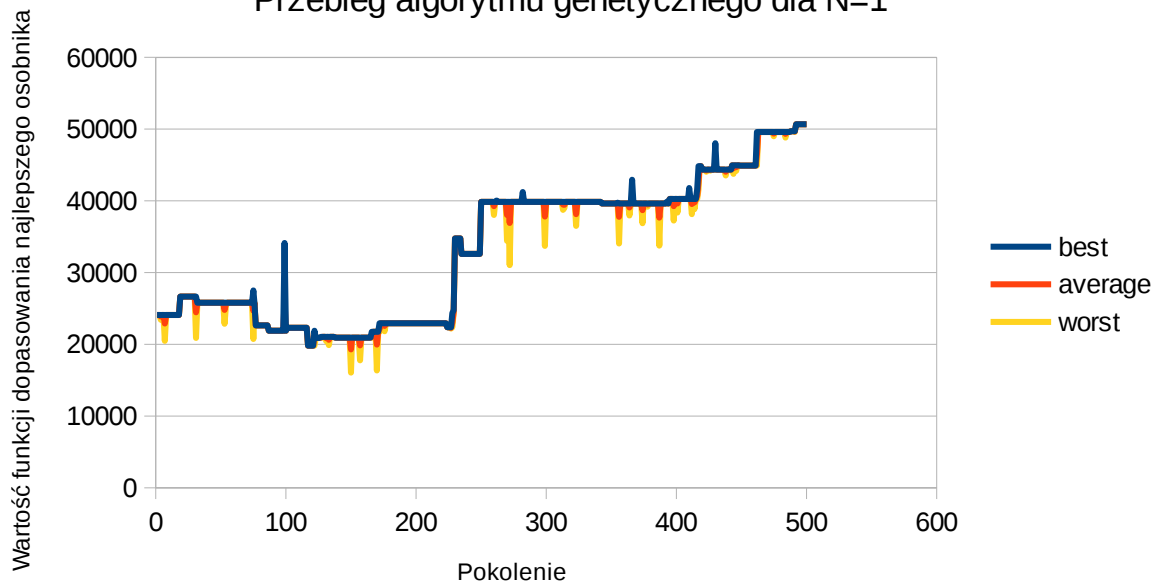
ad 5. Testowanie wielkości populacji 50 -1000 delta 50

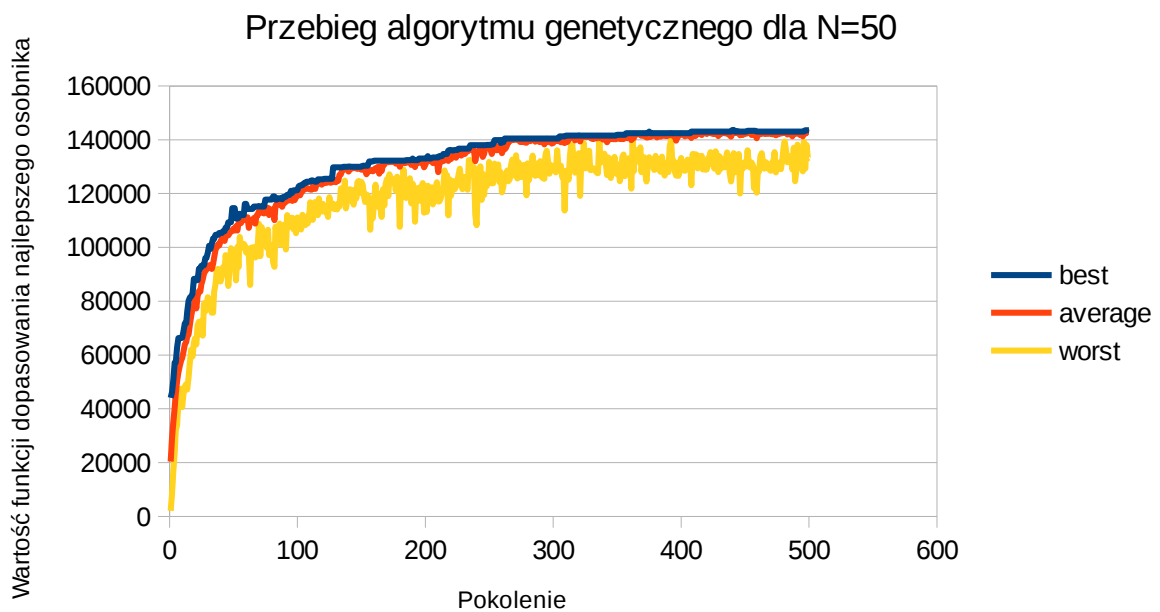
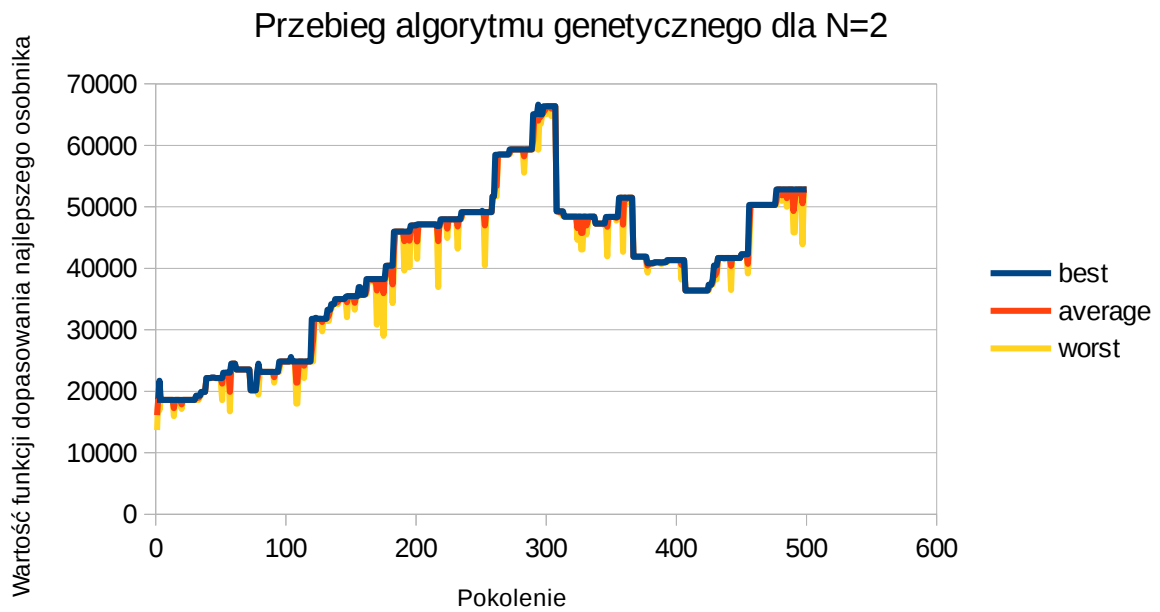
Wartość funkcji dopasowania najlepszego osobnika w zależności od wielkości populacji

Wartość funkcji dopasowania najlepszego osobnika



Przebieg algorytmu genetycznego dla N=1





Wynik:
N=50

Obserwacja:
Rozmiar populacji mało wpływa na jakość algorytmu

Obserwacja:
N=1 jest przypadkiem skrajnym w którym działa tylko mutacja, jest więc bardzo zbliżony do algorytmu całkowicie losowego

Obserwacja:
N=2 podobnie, lecz działa również krzyżowanie

ad 6. Testowanie liczby pokolen 500 – 1000 delta=100

Obserwacja

Złamanie na poziomie 600-700

$t=900$

Iteracja 2:

ad 5. Testowanie wielkości populacji 50 -1000 delta 50

$N=50$

ad 4. Testowanie selekcji (dla turnieju od 1-20 delta 1)

Typ selekcji – Turniej

$k=3$

Obserwacja

Dziwny spadek dla $k=20$

ad 3. Testowanie krzyżowania 0.5-1 delta=0.05

Typ krzyżowania – OX

$p_k=0.8$

Obserwacja

Mały wpływ krzyżowania

Obserwacja

CX lekko odbiega od pozostałych typów mutacji

Obserwacja

Dziwny spadek dla $p_k=0.95$

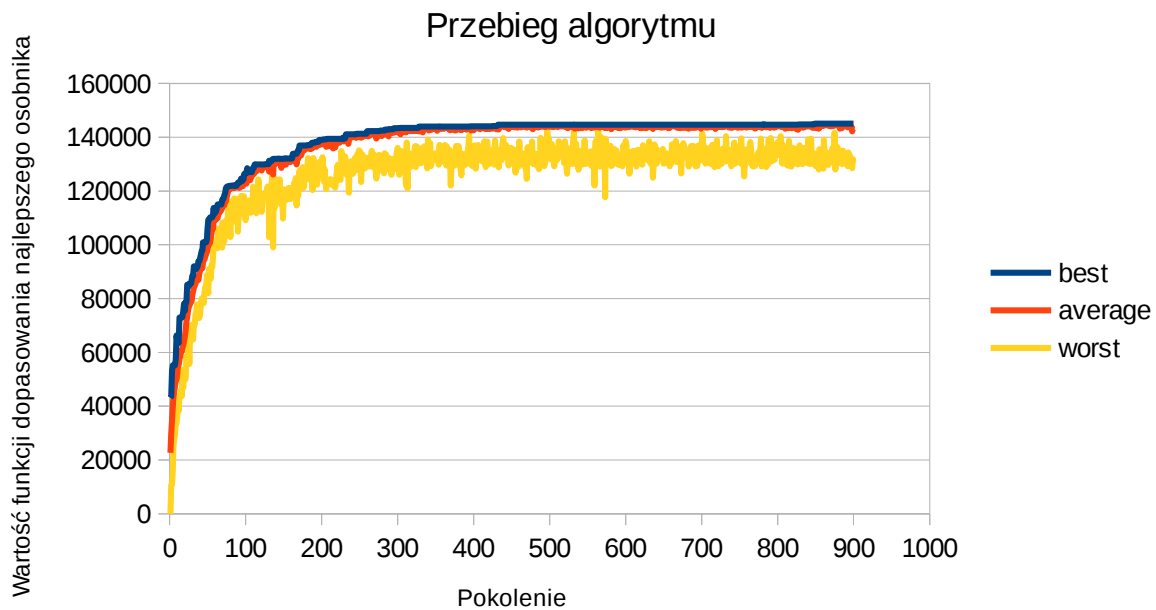
ad 2. Testowanie mutacji 0-0.1 delta=0.01

Typ mutacji – Inwersja

$p_m= 0.09$

Obserwacja

Znów dziwny spadek dla $p_m=1$



b. tsp225

Wartość funkcji dopasowania:

- Optymalna ścieżka: 3859
- Najlepszy wynik uzyskany przez algorytm: 35285.52
- Średni wynik uzyskany przez algorytm: 35120.834

c. lin105

Wartość funkcji dopasowania:

- Optymalna ścieżka: 85617,004
- Najlepszy wynik uzyskany przez algorytm: 83964.33
- Średni wynik uzyskany przez algorytm: 83366.243

8. Wnioski:

- Brak wpływu niektórych parametrów na działanie algorytmu może być spowodowane dobrym dobraniem parametrów początkowych lub zbyt małą wielkością zbioru
- Niepokojące spadki przy najwyższych wartościach parametrów (biorąc pod uwagę błędy przy formatowaniu na wyjściu) mogą być spowodowane błędami przy konwersji pomiędzy postacią binarną a dziesiętną
- Prawdopodobnie szybciej byłoby prowadzić badania nie w excelu, a w zaimplementowanym wewnątrz programu mechanizmie, który automatycznie wykonałby wszystkie obliczenia, przedstawił wykresy i wyniki
- Problem ruletki można rozwiązać wprowadzając współczynnik skalowania:

$$f(<x_1, x_2, \dots, x_n>) = \text{MAX} - a * \text{length}(<x_1, x_2, \dots, x_n>)$$