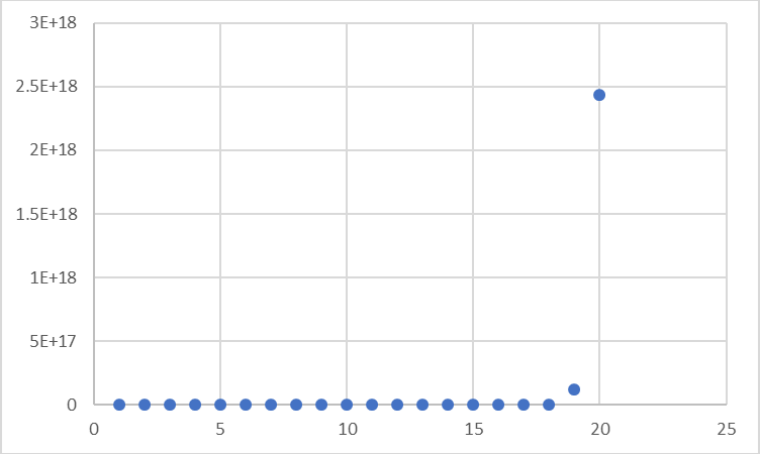
Wstęp

Problem kwadratowego przydziału zasobów QAP jest jednym z najważniejszych w przemyśle i obecnym w literaturze naukowej. Problem sprowadza się do wskazania lokalizacji dla N fabryk, tak, aby zminimalizować koszt transportu pomiędzy nimi, co stanowi rozszerzenie klasycznego problemu komiwojażera i jest problemem NP-trudnym.

Jednym z rozwiązań problemów tego problemu może być przegląd zupełny, czyli sprawdzenie wszystkich możliwych rozwiązań. Da to rozwiązanie optymalne, jednak w bardzo nieefektywny sposób. W przypadku problemu QAP zależność między parametrem N a liczbą rozwiązań to N!.



Wykres 1 - Wartość silni dla zadanego x

Jak łatwo zauważyć, na wykresie 1 wartość silni rośnie bardzo szybko, i dla większych wartości N przegląd zupełny jest bardzo nieefektywny i w praktyce niewykonalny.

W związku z tym, kolejnym możliwym rozwiązaniem problemu może być np. algorytm genetyczny. Algorytm ten przypomina zjawisko ewolucji biologicznej, a sam twórca algorytmu właśnie z biologii czerpał inspirację do stworzenia algorytmu.

Opis problemu QAP

W przypadku problemu QAP musimy wskazać N lokalizacji (1, 2, … n) dla fabryk (A, B, …) tak, aby koszty były najmniejsze. Liczba fabryk i lokalizacji jest taka sama. Każda fabryka ma zdefiniowany wymagany przepływ do innej fabryki a także koszt transportu między danymi lokalizacjami. Chcemy uzyskać informację, jak przypisać fabrykę do lokalizacji w taki sposób, aby sumaryczny koszt był największy.

Wejście: liczba fabryk (N), macierz odległości (D), macierz przepływu (F)

Wyjście: Numery przypisanej lokalizacji odpowiednio dla fabryk A, B …

Opis algorytmu genetycznego

W algorytmie genetycznym podstawowym pojęciem jest populacja. Jest to zbiór osobników z pewnym przypisanym genotypem (zbiorem informacji), który stanowi podstawę do utworzenia fenotypu (zbioru cech). Następnie algorytm dokonuje losowania pewnej populacji początkowej, która poddawana jest selekcji (ocenie). Osobniki z największą oceną biorą udział w procesie reprodukcji, poprzez ich skrzyżowanie i przeprowadzenie mutacji. Skrzyżowane osobniki są kolejnym pokoleniem. Aby utrzymać stałość populacji najsłabsze osobniki są z niej usuwane.

Zatem, algorytm genetyczny możemy zapisać w następujący sposób:

- Dokonaj losowania populacji początkowej (1)

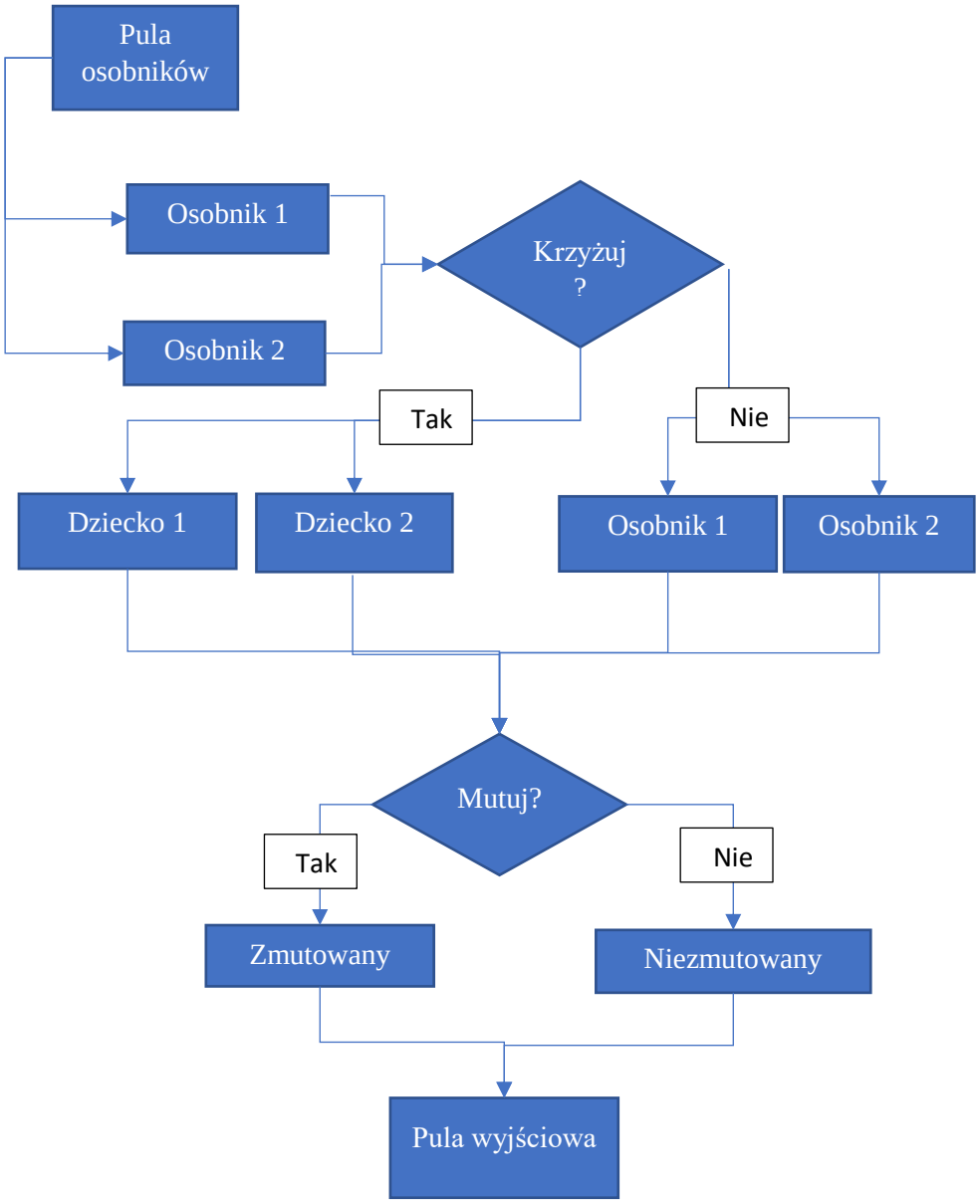
- Poddaj wybraną populację selekcji (2)
- Wybierz najlepsze osobniki które wezmą udział w reprodukcji (3)
- Genotypy najlepszych osobników skrzyżuj oraz poddaj mutacji (4)
- Poddaj nowe osobniki ocenie. Jeżeli osiągnięto warunek końcowy zakończ, jeżeli nie, wróć do punktu 2 (5).

Realizacja algorytmu dla problemu QAP

Niech:

- *N* – liczba miast/lokalizacji
- *pop_size* – wielkość populacji
- *gen* – ilość generacji
- *Px* – prawdopodobieństwo krzyżowania
- *Py* – prawdopodobieństwo mutacji
- *Tour* – wielkość turnieju (istotna dla selekcji)

1. Na początku dokonujemy wybrania losowej populacji początkowej. W tym celu wybieramy losowe *pop_size* ze zbioru wszystkich możliwych rozwiązań problemu.
2. Następnie dokonujemy selekcji każdego osobnika, wg funkcji oceny:
   Niech S oznacza wektor cech osobnika (tj. kolejno przyporządkowane lokacje). Wtedy, funkcja kosztu wyraża się jako:
   $$\sum_{x \in N} \sum_{y \in N} cost_{xy} * flow_{S[x]S[y]}$$
3. Następnie wybieramy osobników, których poddamy krzyżowaniu. Będziemy to robić w następujący sposób: wybieramy z całej populacji losowo *Tour* osobników. Następnie, z tego turnieju wybieramy tego osobnika, który miał największą adopcję (tj. najmniejszy koszt). Powtarzamy ten krok do momentu, aż nasza nowa populacja osiągnie *pop_size* osobników.
4. Następnie poddajemy osobniki krzyżowaniu i mutacji, wg schematu 1.



Schemat 1 - sposób krzyżowania i mutacji

Dla każdego krzyżowania wybieramy 2 osobników bez zwracania. Decydujemy, czy ich krzyżować (zgodnie z prawdopodobieństwem *Px*). Jeżeli tak, dokonujemy krzyżowania. Losujemy liczbę n z zakresu *1..N*. Z pierwszego osobnika „bierzemy" n pierwszych wartości, pozostałe wartości uzupełniamy biorąc kolejne wartości z drugiego osobnika, które nie występują w pierwszym (aby zachować unikatowość danego osobnika). Z drugim osobnikiem postępujemy tak samo. Dzięki temu uzyskujemy 2 nowych osobników. Jeżeli natomiast ich nie krzyżujemy pozostawiamy je bez zmian.
Następnie, po wykonaniu krzyżowania dokonujemy mutacji na każdym osobniku. Dla każdego genu osobnika decydujemy zgodnie z prawdopodobieństwem *Py* czy dokonujemy mutacji. Jeżeli tak – zamieniamy gen miejscem z losowym innym genem.

5. Poddajemy osobniki ocenie. Jeżeli osiągnęliśmy zadane *gen* (czyli nr_pokolenia = *gen*), przerywamy algorytm. Jeżeli nie, wracamy do punktu 2.

Implementacja algorytmu

Algorytm został zaimplementowany w języku Kotlin. Aby go uruchomić, należy w klasie Main.kt ustawić odpowiednie parametry. Opis parametrów w tabeli 1.

Aplikacja wykonuje zadaną liczbę przebiegów dla każdego z plików, wyświetlając uśrednione wyniki na ekranie. Na wykresie widoczny jest również uśredniony błąd średniokwadratowy dla danego pokolenia

Nazwa parametru	Opis	Domyślna wartość
outputPrefix	Folder, do którego będą zapisywać się wyniki prób	output/
inputPrefix	Folder, z którego będą brane dane do uruchomienia algorytmu	input/
inputFilenames	Pliki z folderu, na których zostanie uruchomiony algorytm	had12.dat …
populationSelector	Sposób wyboru populacji. Instancja selektora musi implementować interfejs *IPopulationSelector*. Aplikacja ma zaimplementowane: *RouletteSelector* oraz *TournamentSelector*	TournamentSelector
geneticOperations	Instancja interfejsu *IGeneticOperations*, implementująca metody *crossover* oraz *mutate*.	StandardGeneticOperations
numberOfTries	Liczba wywołań algorytmu dla pojedynczego pliku.	10
startPopulationCount	Liczba osobników w startowej populacji	100
numberOfGenerations	Liczba generacji do zakończenia algorytmu	100
tournamentSampleCount	Liczba osobników biorących udział w turnieju (dotyczy tylko sytuacji, gdy wybrany jest TournamentSelector)	10
crossoverPropability	Prawdopodobieństwo krzyżowania 2 osobników	0.8f
mutationPropability	Prawdopodobieństwo mutacji jednego genu osobnika	0.03f

Tabela 1- parametry aplikacji

W programie użyto zewnętrzne biblioteki, tj:

"com.github.dpaukov:combinatoricslib3:3.2.0" – obliczenia do kombinatoryki

"org.knowm.xchart:xchart:3.5.0" - wykresy

Zbadanie działania algorytmu dla przykładowych plików.

Zostało zbadane działanie algorytmu dla 5 instancji dla domyślnych parametrów. Wyniki z 10 prób uśredniono uzyskując następujące dane. Wartość „optymalny” pochodzi ze strony http://anjos.mgi.polymtl.ca/qaplib/inst.html#HRW i jest optymalnym rozwiązaniem danego problemu.

		Najlepszy		Średni		Najgorszy	
Plik	Optymalny	Wynik	Błąd	Wynik	Błąd	Wynik	Błąd
had12	1652	1670	0	1690	0	1852	4
had14	2724	2742	0	2776	1	3063	8
had16	3720	3747	-2	3800	0	4139	2
had18	5358	5401	-1	5457	-2	5873	3
had20	6922	6960	0	7036	0	7527	15

W pozostałej części wszystkie pominięte (niewymienione) parametry algorytmu są domyślne i zgodne z Tabela 1.

Wykresy dla kolejnych instancji wyglądają następująco:

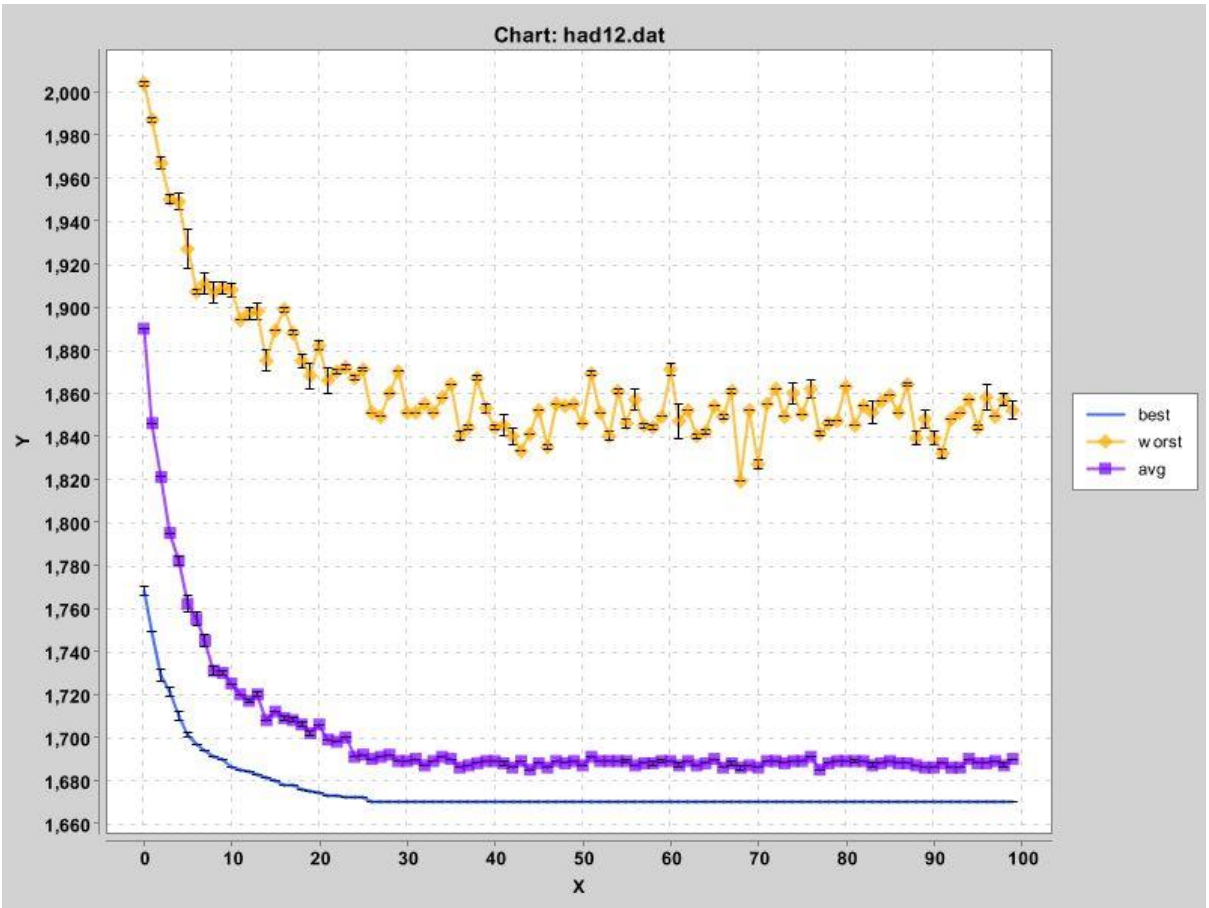


Chart: had12.dat
Y
X
best
worst
avg

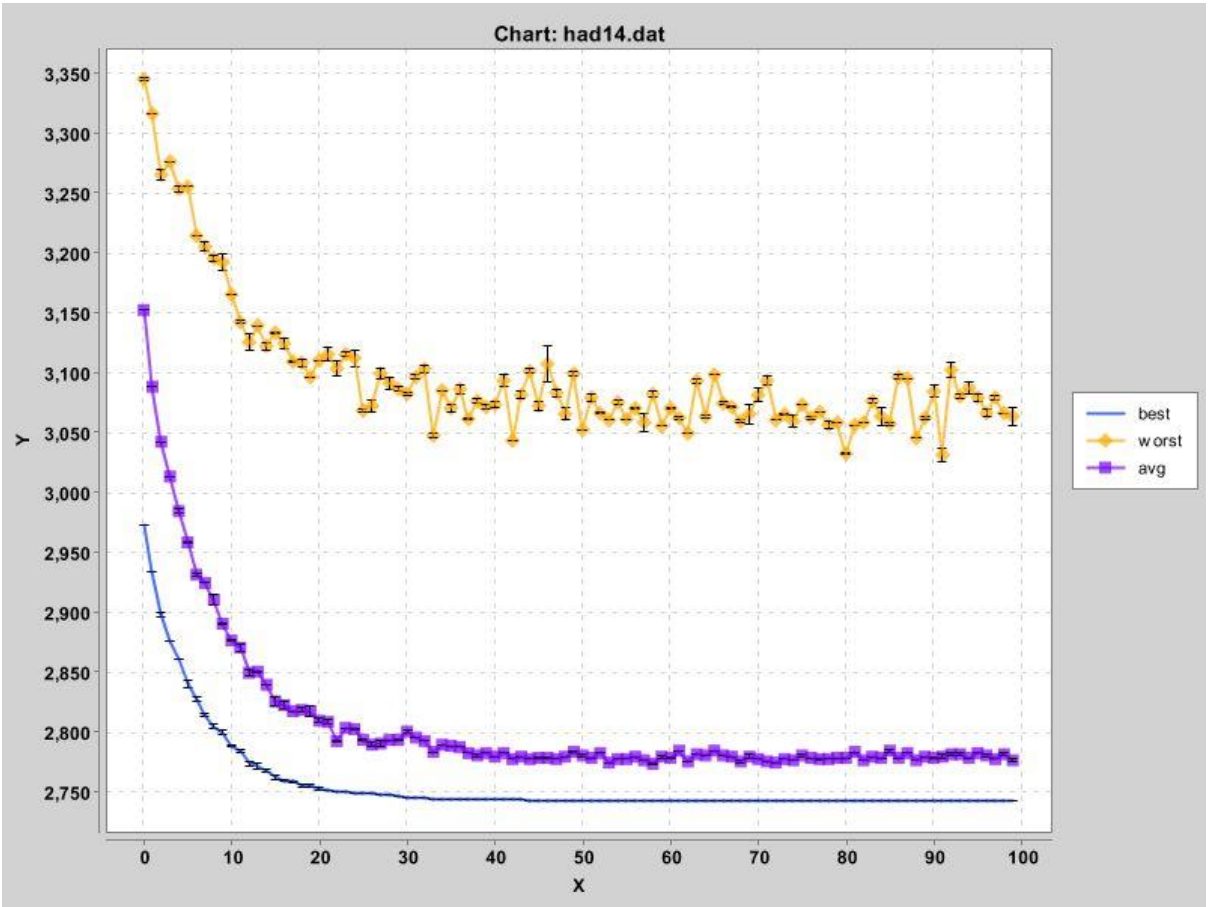


Chart: had14.dat
Y
X
best
worst
avg

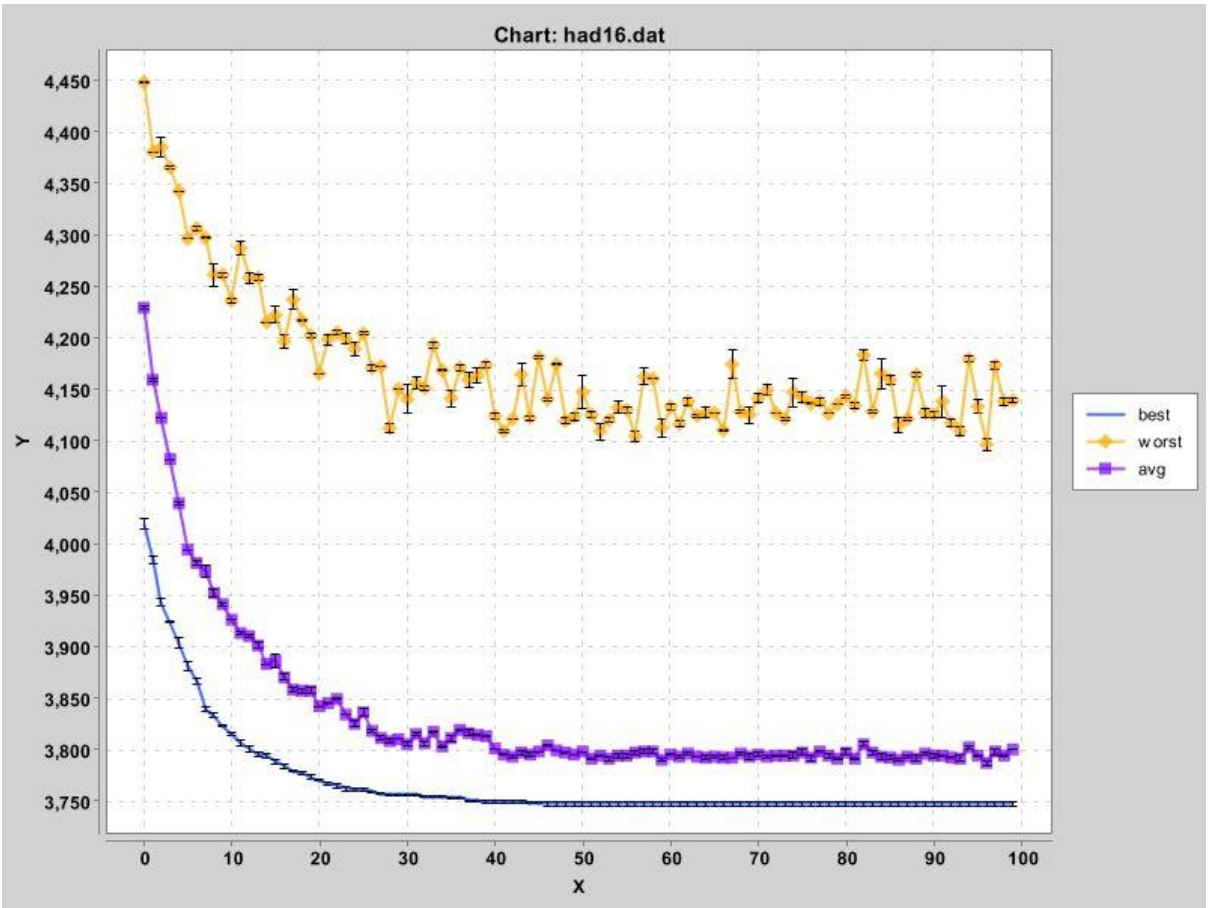


Chart: had16.dat
4,450
4,400
4,350
4,300
4,250
4,200
4,150
4,100
4,050
4,000
3,950
3,900
3,850
3,800
3,750
Y
0
10
20
30
40
50
60
70
80
90
100
X
best
worst
avg

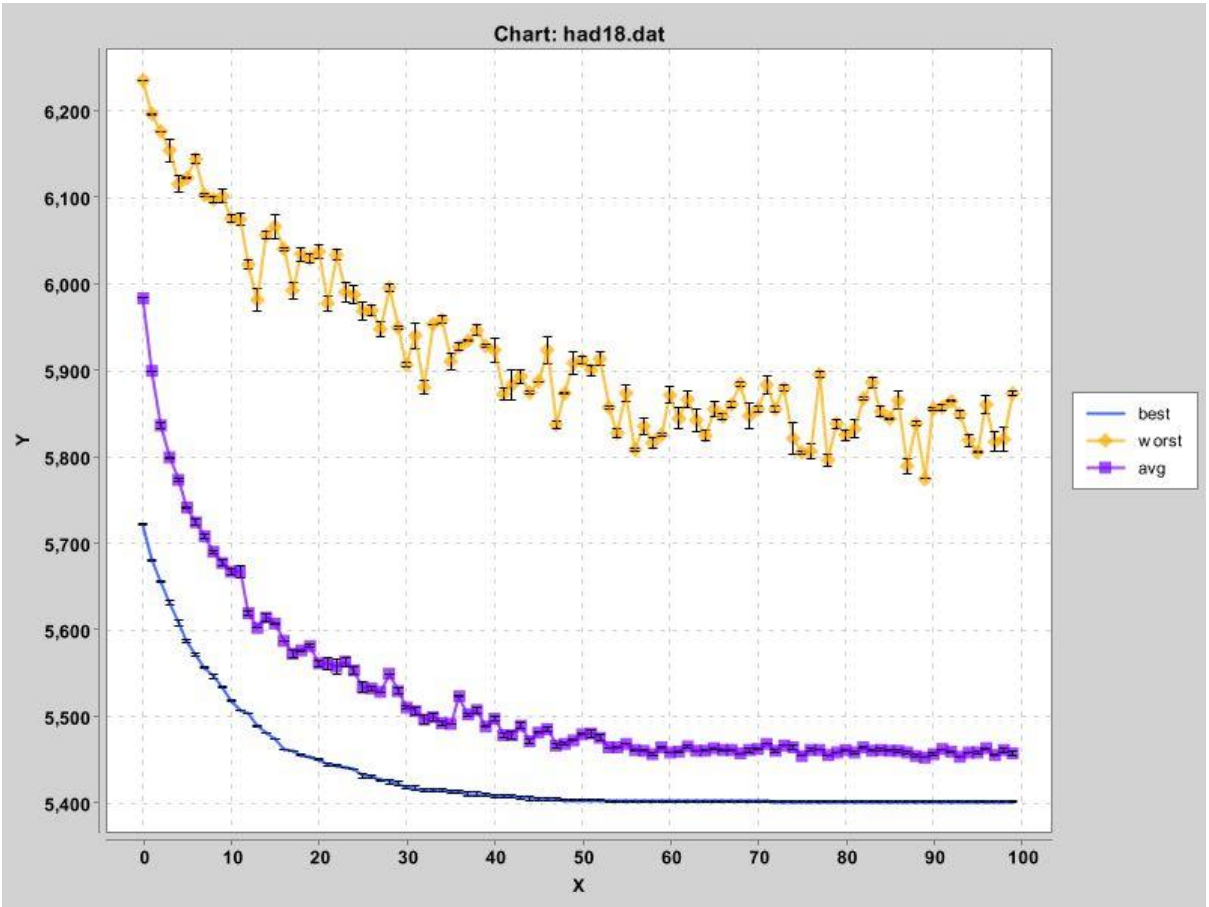
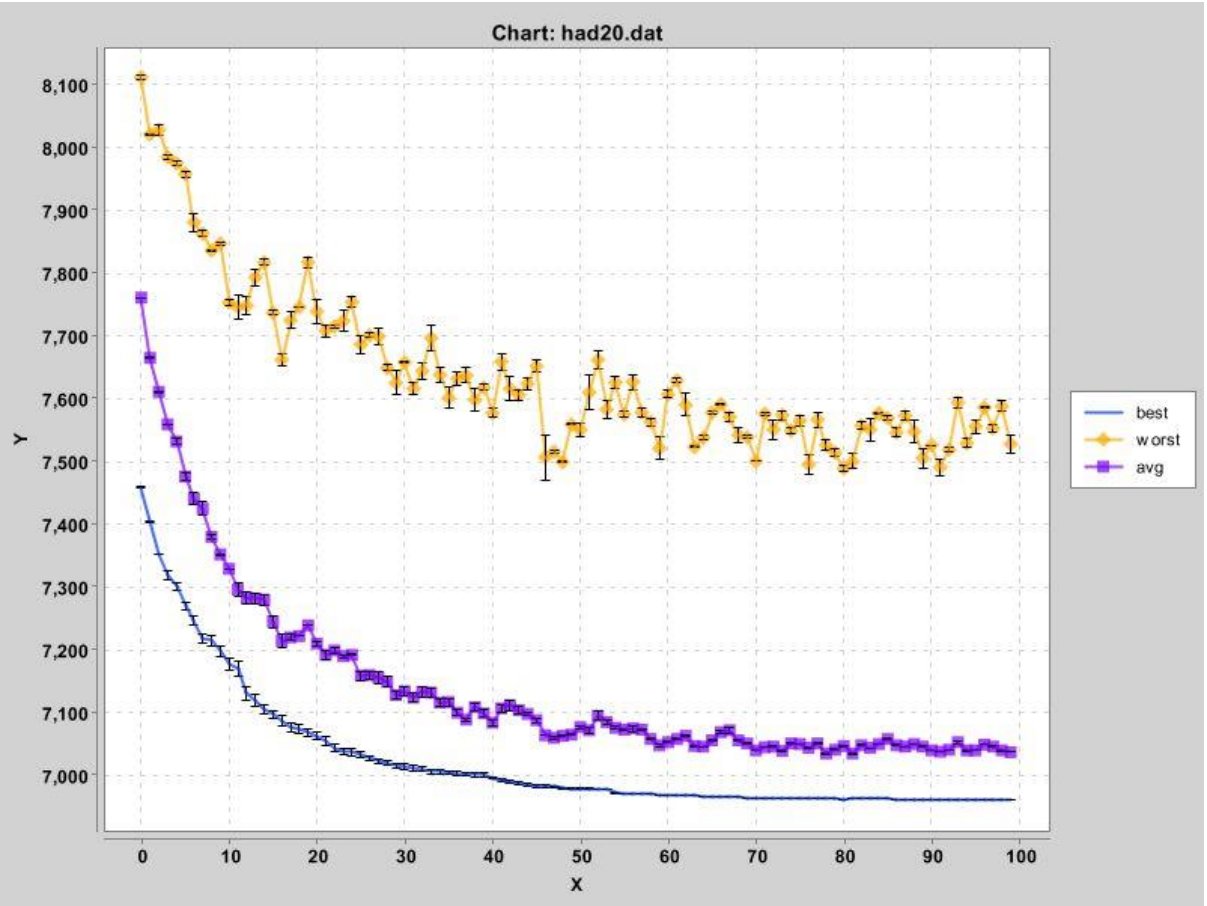


Chart: had18.dat
6,200
6,100
6,000
5,900
5,800
5,700
5,600
5,500
5,400
Y
0
10
20
30
40
50
60
70
80
90
100
X
best
worst
avg



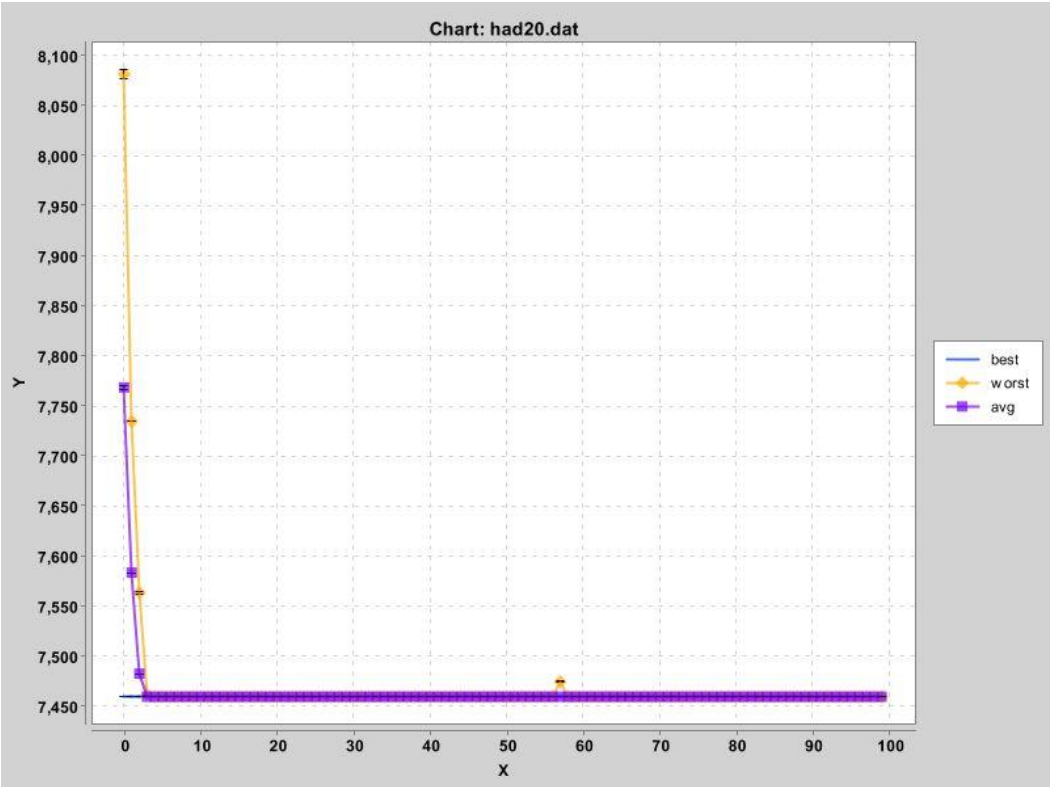
Następnie, dla wybranej instancji (tj. had20) zbadano wpływ poszczególnych parametrów na wynik.

Prawdopodobieństwo krzyżowania Px, prawdopodobieństwo mutacji Pm

Działanie algorytmu zbadano dla następujących kombinacji [wyniki z tabeli dotyczą tylko ostatniego pomiaru]:

1. Px = 0 && Pm = 0 (mutacja i krzyżowanie nie działają)

		Najlepszy	Średni	Najgorszy
Px	Pm	Wynik	Wynik	Wynik
0	0	7459	7459	7459

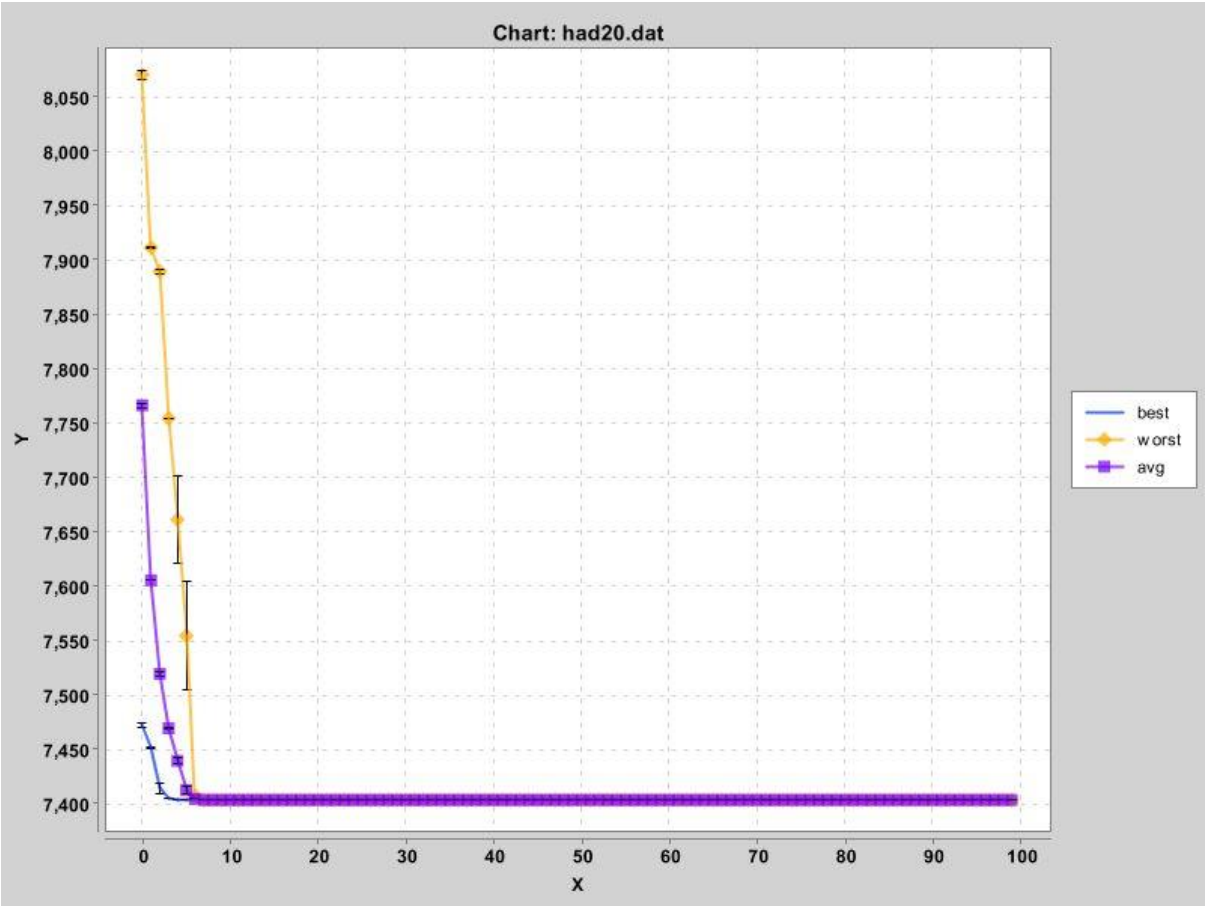


Jak widać algorytm bardzo szybko znalazł swoje optymalne minimum, jednak z powodu wyłączonej mutacji i krzyżowania wynik okazał się być bardzo niski i daleki od optymalnego. Program w zasadzie ciągle operował na tych samych danych, przez co nie mógł znaleźć lepszego rozwiązania**. Brak różnorodności populacji z powodu braku mutacji jest widoczny.**

2. Px = 0.2 && Pm = 0 (Mutacja wyłączona, krzyżowanie na bardzo niskim poziomie)

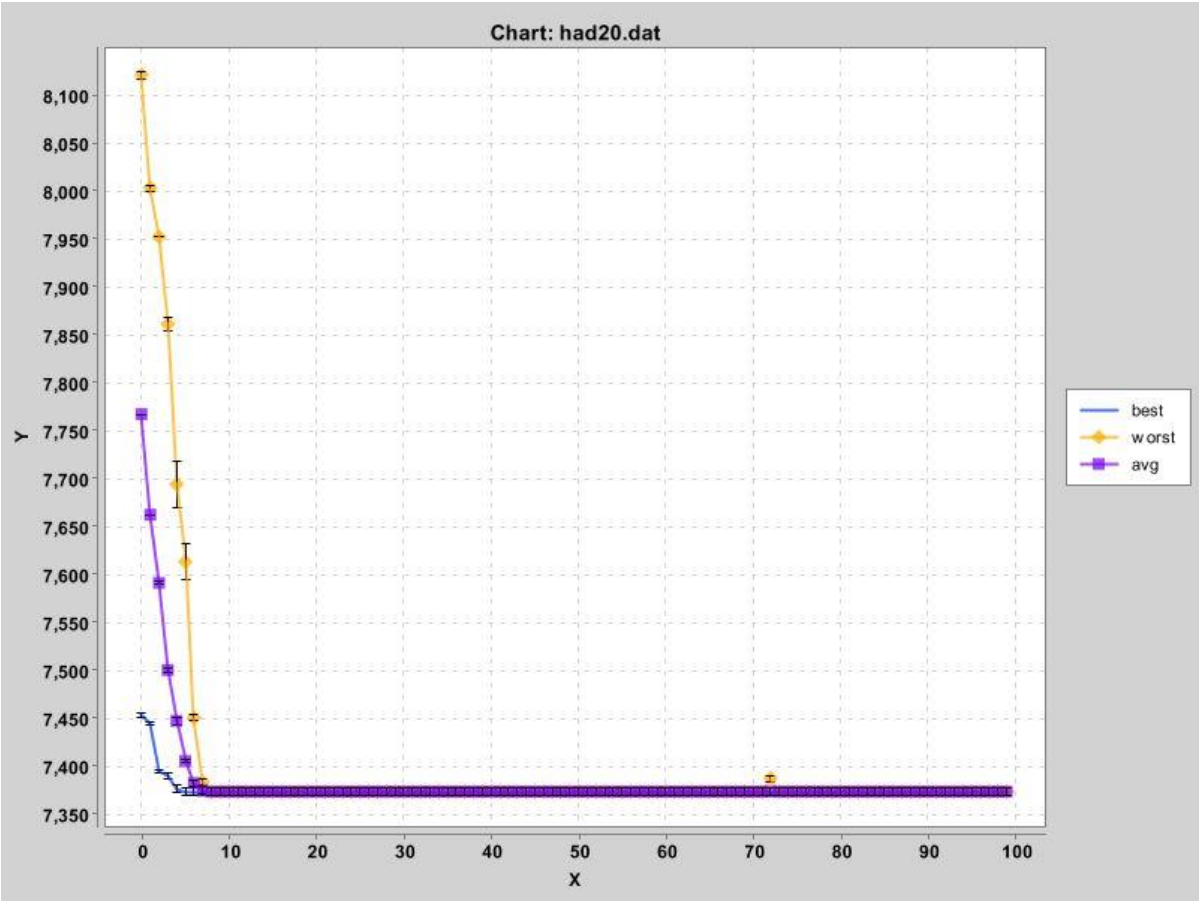
		Najlepszy	Średni	Najgorszy
Px	Pm	Wynik	Wynik	Wynik
0.2	0	7403	7403	7403

Algorytm poradził sobie nieco lepiej, jednak dalej miał problem z wychodzeniem z minimów lokalnych. Ponieważ do krzyżowania dochodziło bardzo rzadko, program operował w zasadzie ciągle na bardzo podobnej populacji. Wynik był daleki od optymalnego.



3. Px = 0.8 && Pm=0

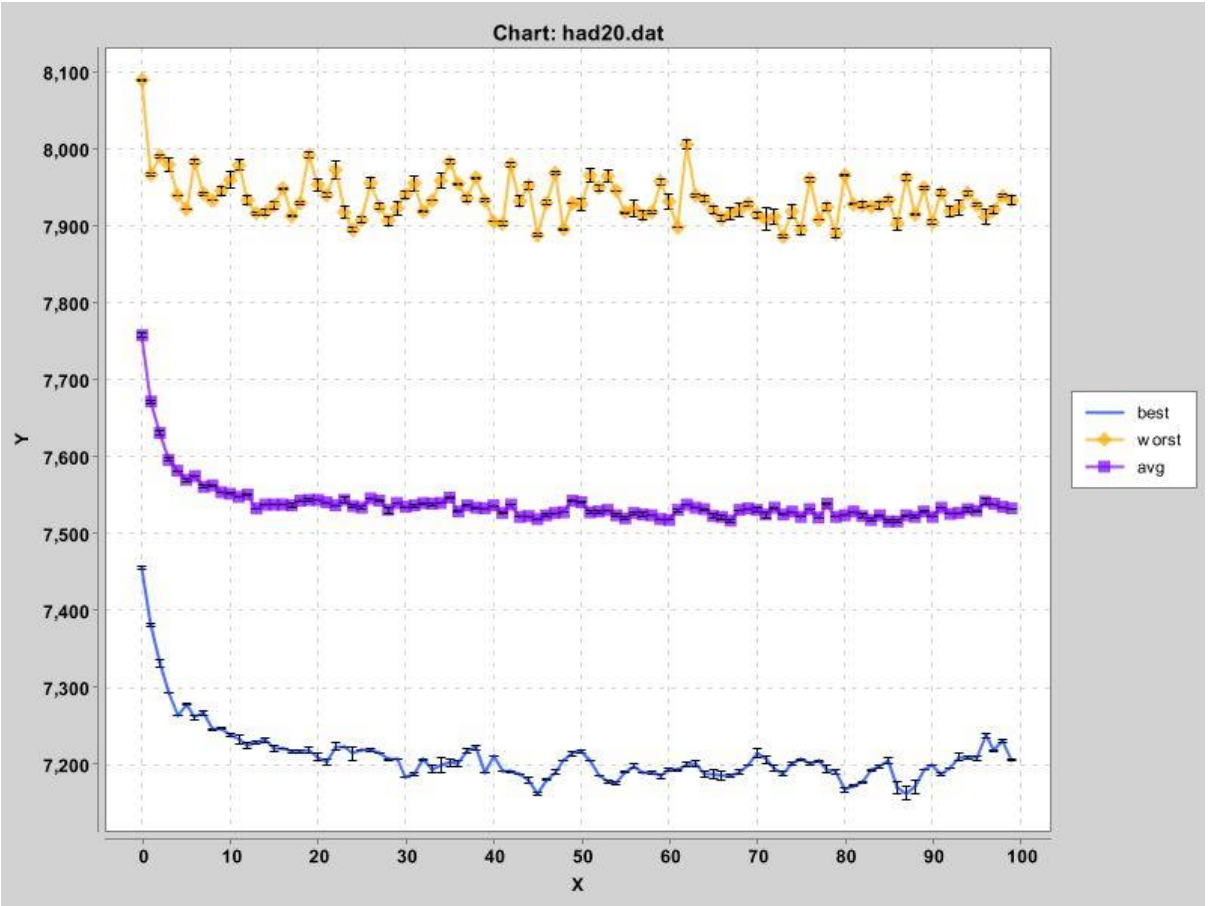
		Najlepszy	Średni	Najgorszy
Px	Pm	Wynik	Wynik	Wynik
0.8	0	7373	7373	7373



W przypadku dużego prawdopodobieństwa krzyżowania oraz zerowego prawdopodobieństwa mutacji efekt był taki, że populacja była bardzo jednorodna i algorytm nie był w stanie zbliżyć się do dosyć dobrego wyniku, ponieważ z powodu braku mutacji często utykał minimach lokalnych.

4. Px = 0 && Pm = 0.2

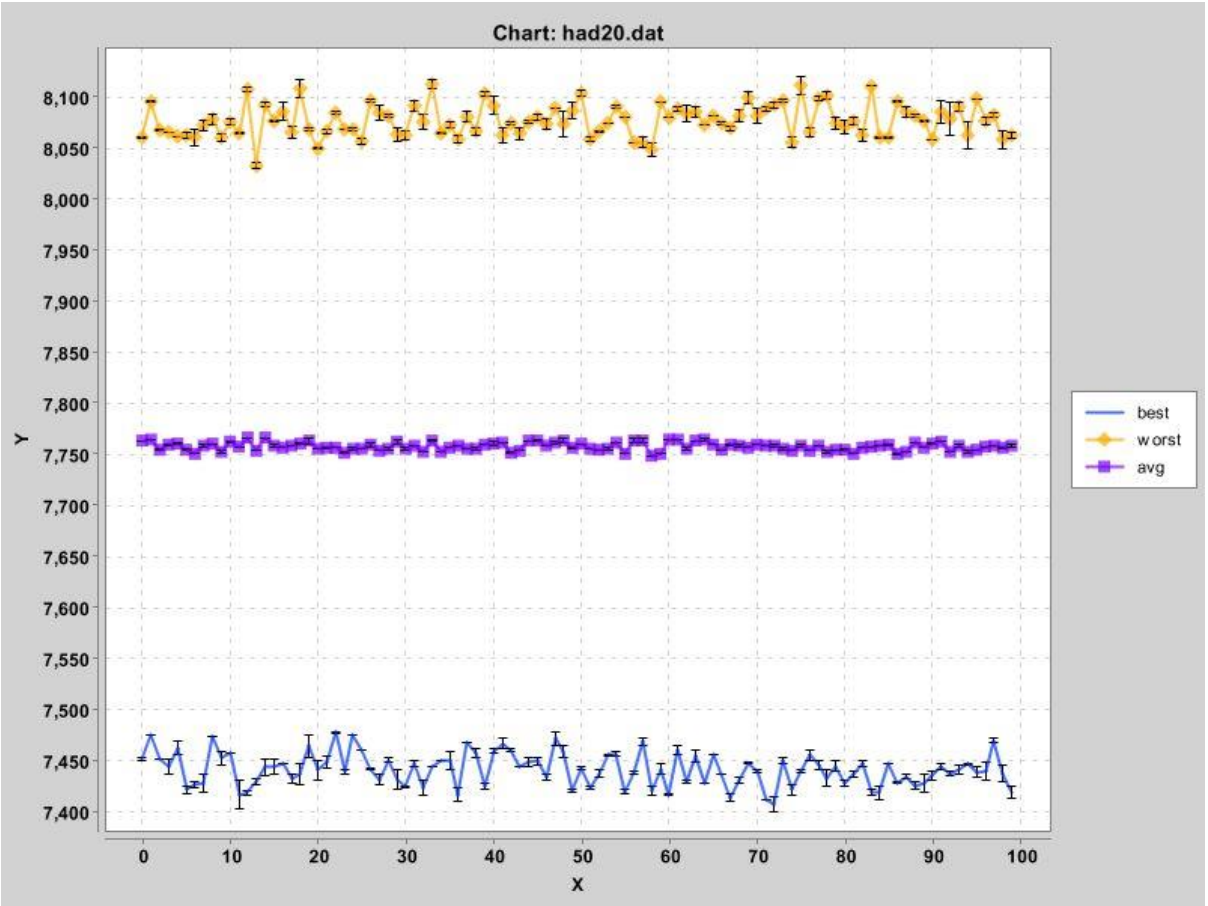
		Najlepszy	Średni	Najgorszy
Px	Pm	Wynik	Wynik	Wynik
0	0.2	7205	7532	7932



Bez krzyżowania, z włączoną mutacją na poziomie 0.2 poradził sobie nadzwyczaj dobrze. Fakt mutowania oraz wybierania z populacji najlepszych osobników wystarczył, aby osiągnąć wynik lepszy, niż przy samym krzyżowaniu.

5. Px = 0 && Pm = 0.8

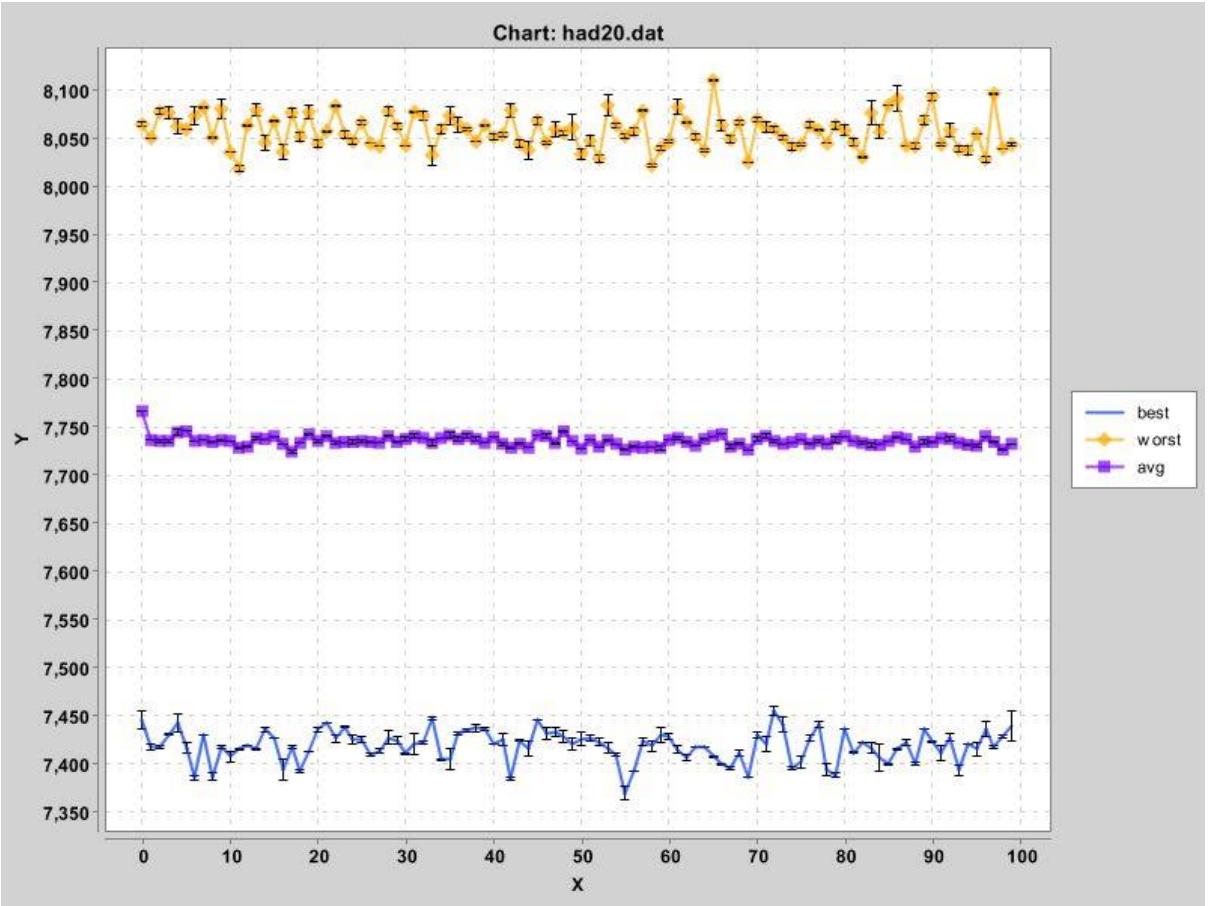
		Najlepszy	Średni	Najgorszy
Px	Pm	Wynik	Wynik	Wynik
0	0.8	7419	7758	8062



Tym razem zbyt wysoka mutacja spowodowała, że w zasadzie brak jest widocznej poprawy wyników. Wyniki utrzymują się w zasadzie na jednym poziomie (czyli są losowe).

6. Px = 0.5 && Pm = 0.5

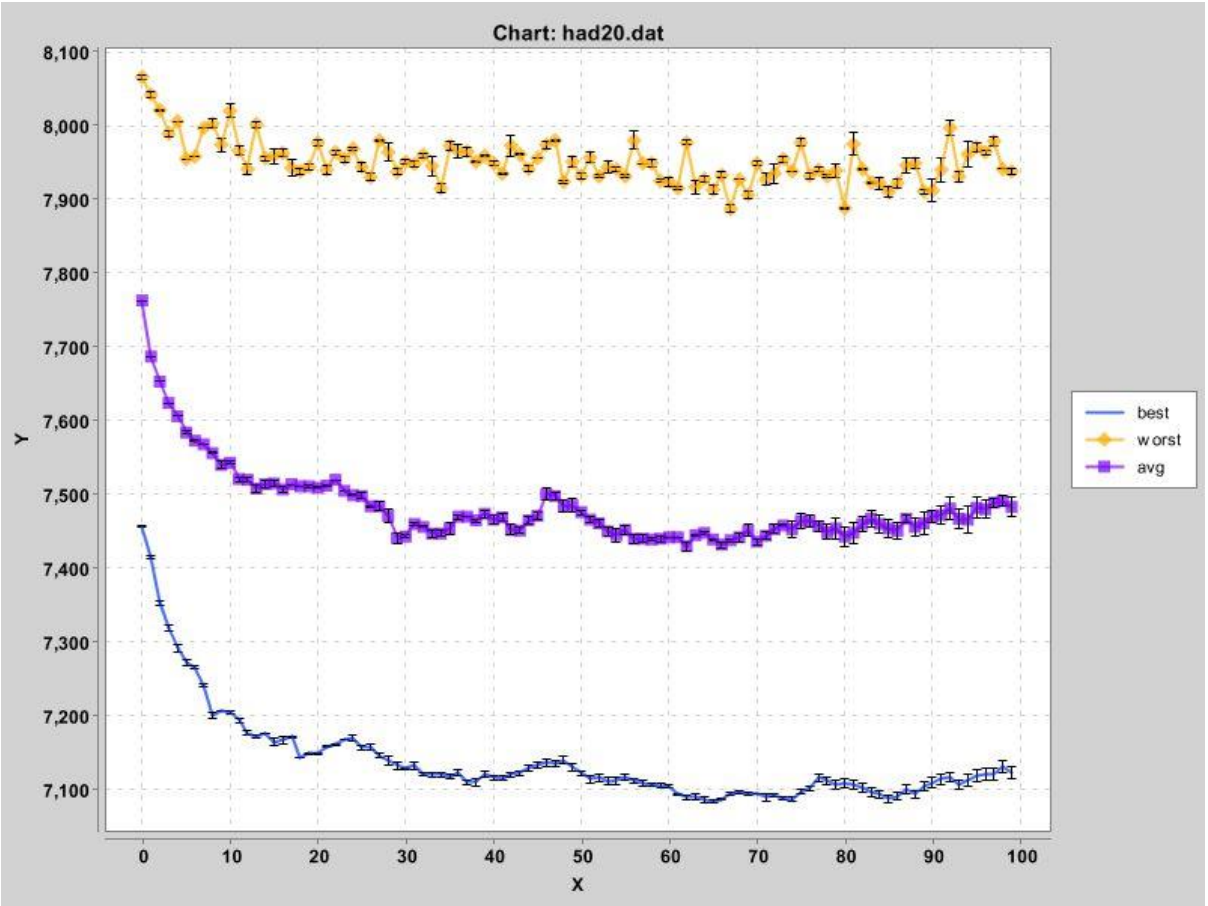
		Najlepszy	Średni	Najgorszy
Px	Pm	Wynik	Wynik	Wynik
0.5	0.5	7439	7732	8043



Podobnie jak w powyższym przypadku wyniki są losowe.

7. Px = 0.8 && Pm = 0.1

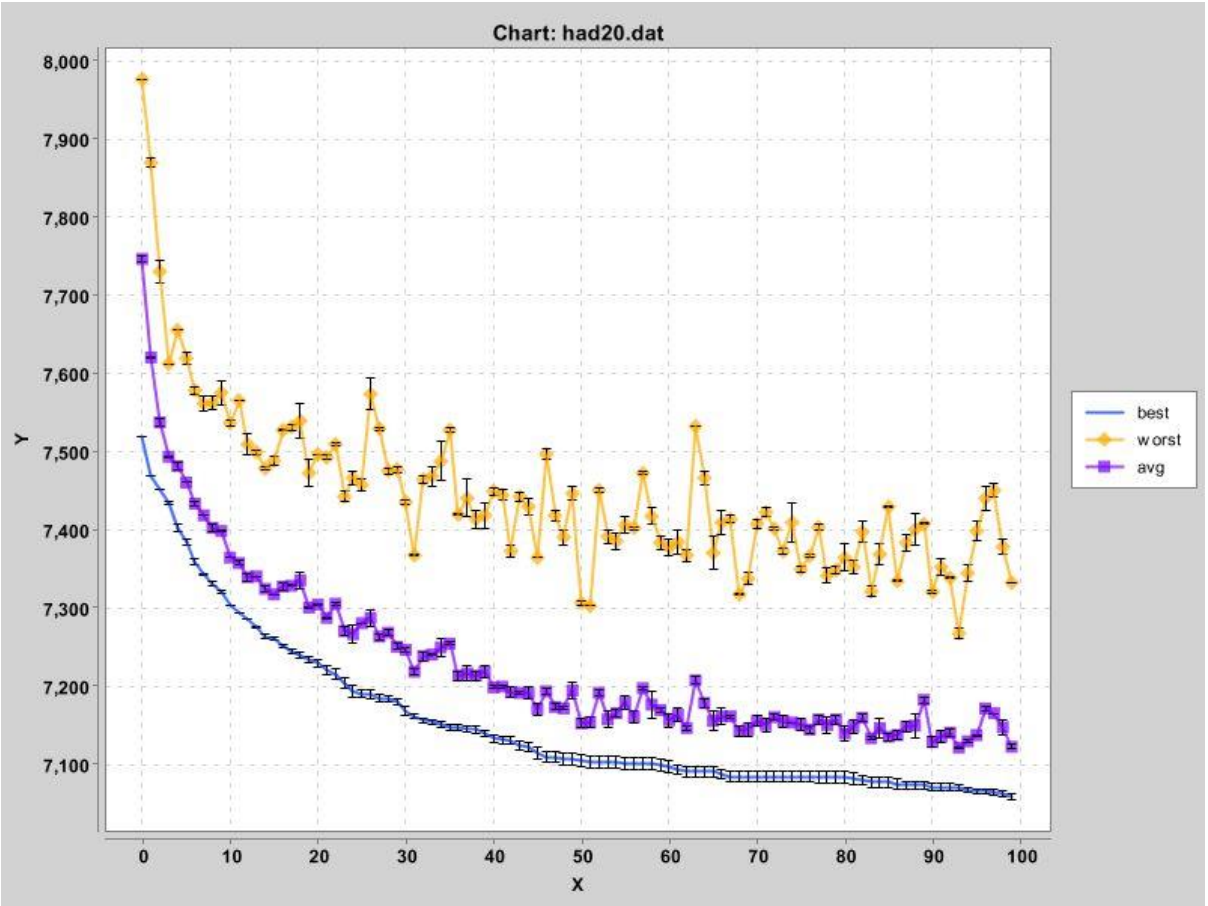
		Najlepszy	Średni	Najgorszy
Px	Pm	Wynik	Wynik	Wynik
0.8	0.1	7122	7482	7937



Jak widać, algorytm znajduje kolejne minima, jednak z powodu zbyt dużej mutacji często gubi minimum lokalne.

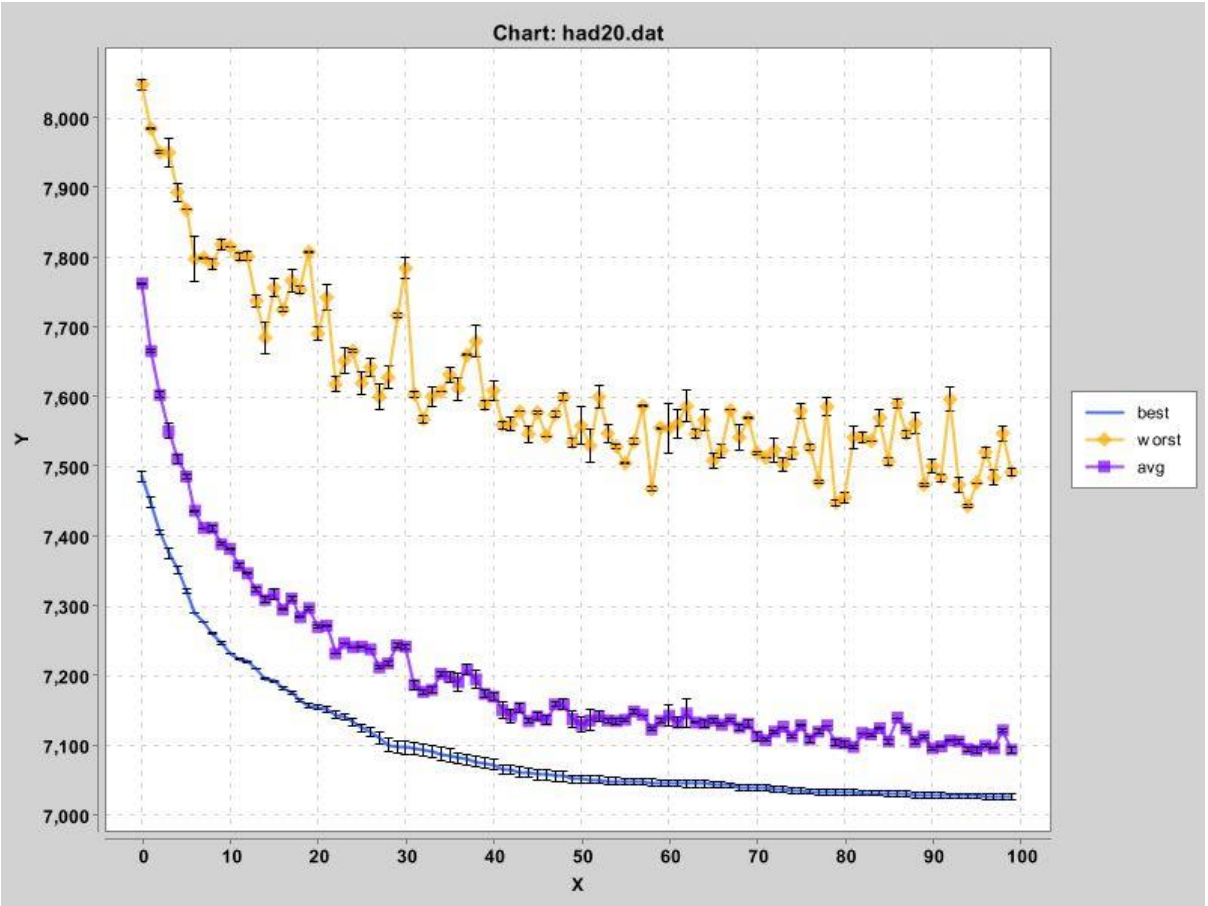
Zbadanie pop_size oraz gen

1. pop_size = 20



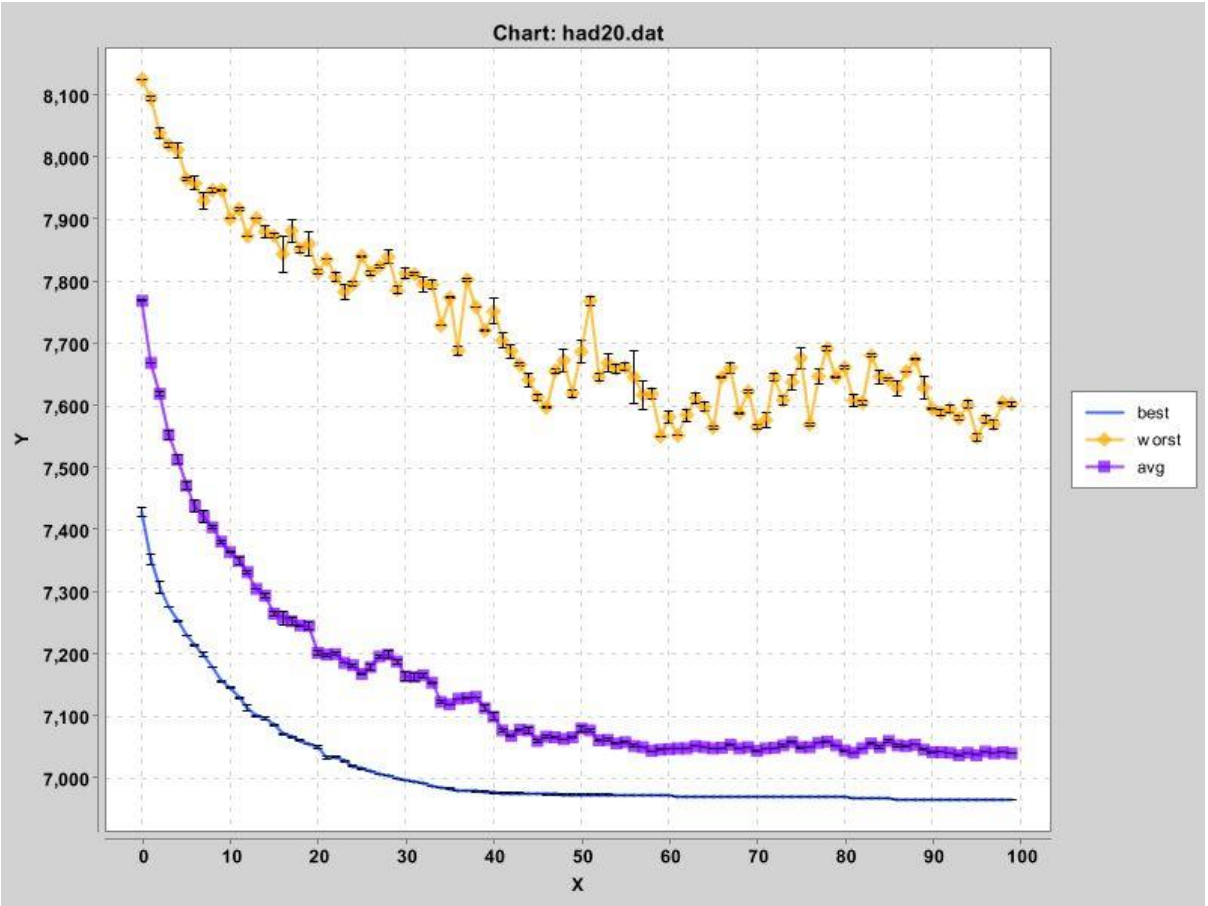
Mała liczba populacji początkowej powoduje, że jest mała różnorodność. Widać, że z każdym krokiem jest coraz lepsze rozwiązanie, ponieważ algorytm potrzebuje większą liczbę generacji, aby znaleźć optymalny wynik.

2. Pop_size = 50



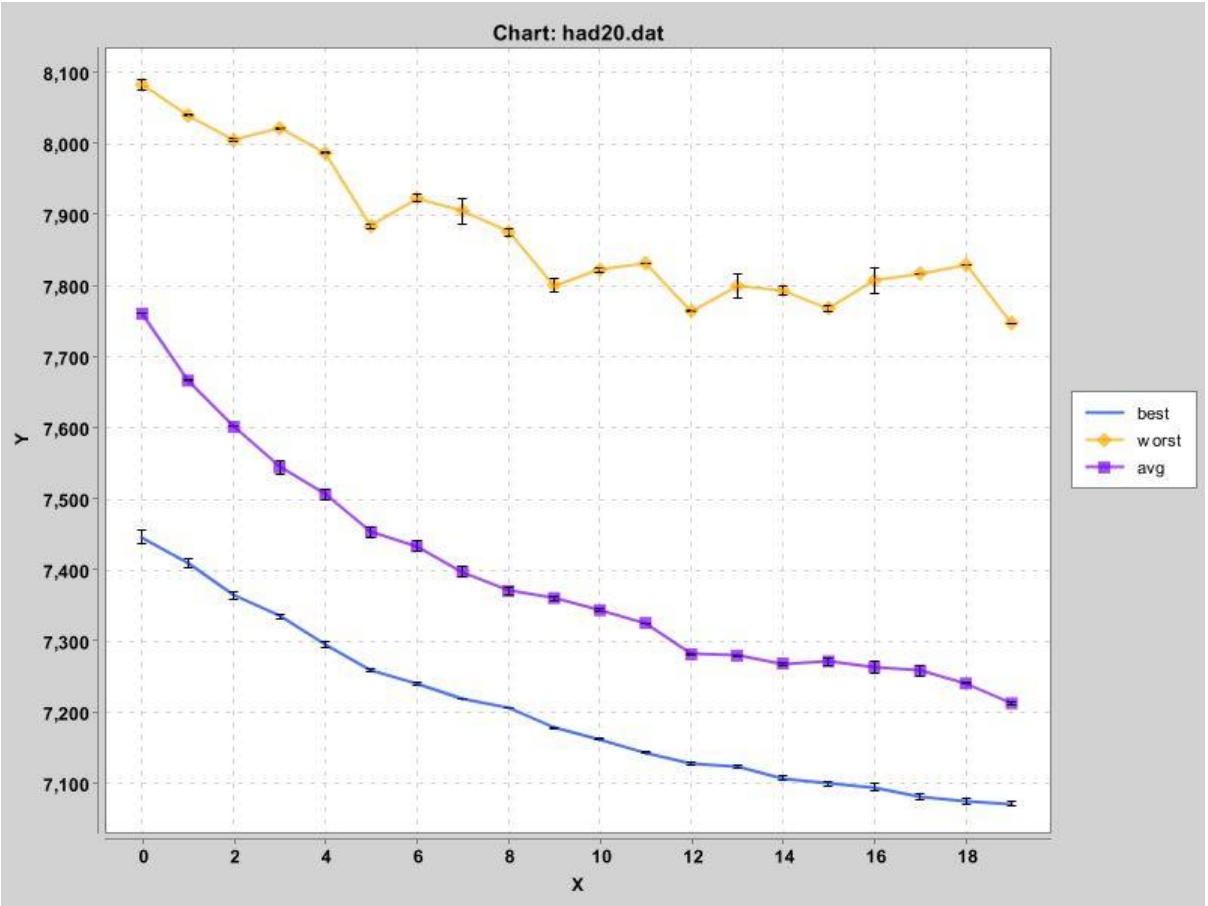
Większa liczba populacji powoduje, że algorytm szybciej znajduje lepsze osobniki, jednak w późniejszych pokoleniach nie jest to tak wydajne.

3. Pop_size = 250



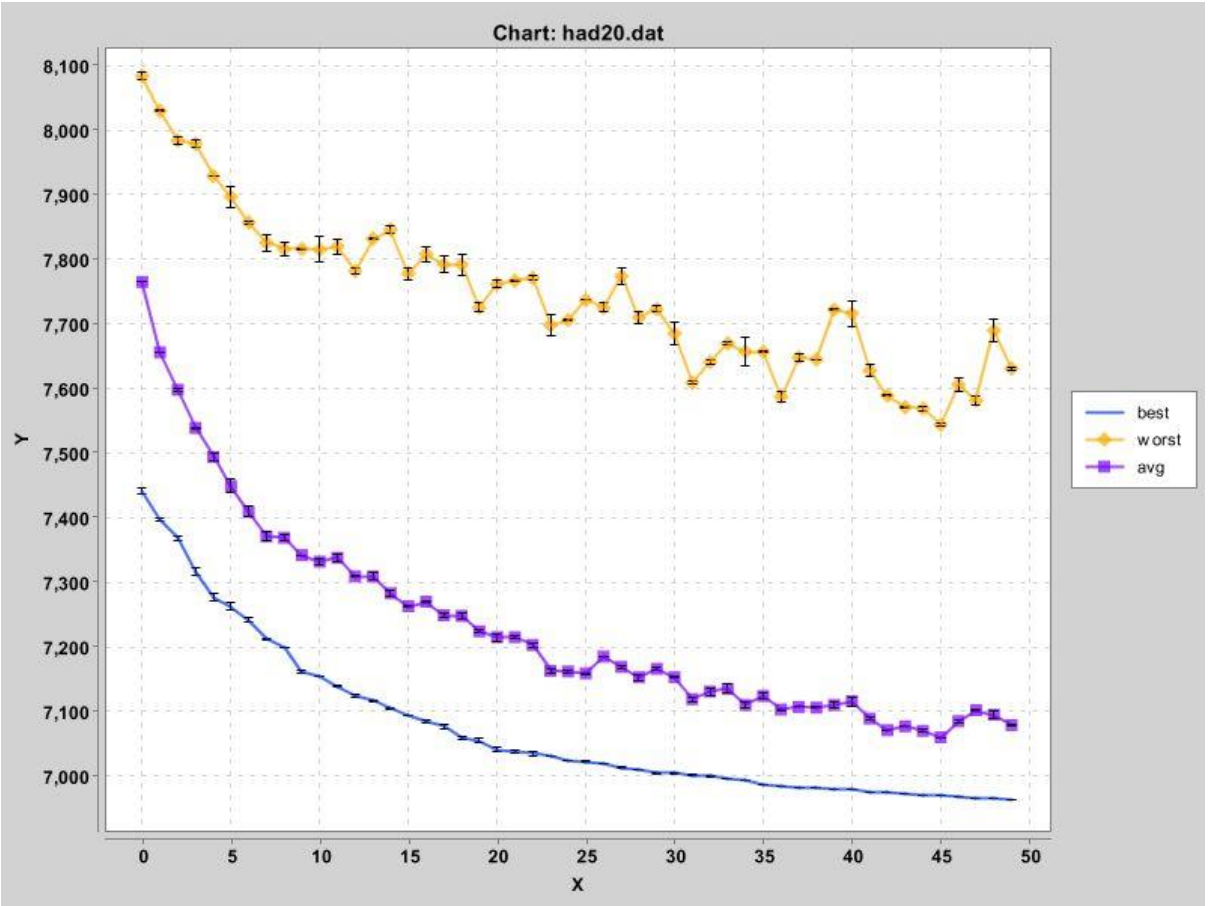
Algorytm ma tendencję malejącą, znajduje lepsze rozwiązania. Duża liczba osobników w populacji początkowej powoduje, że rozwiązanie znajdywane jest bardzo szybko, a w późniejszych generacjach bardzo rzadko odnajdywane są lepsze osobniki.

4. Gen = 20



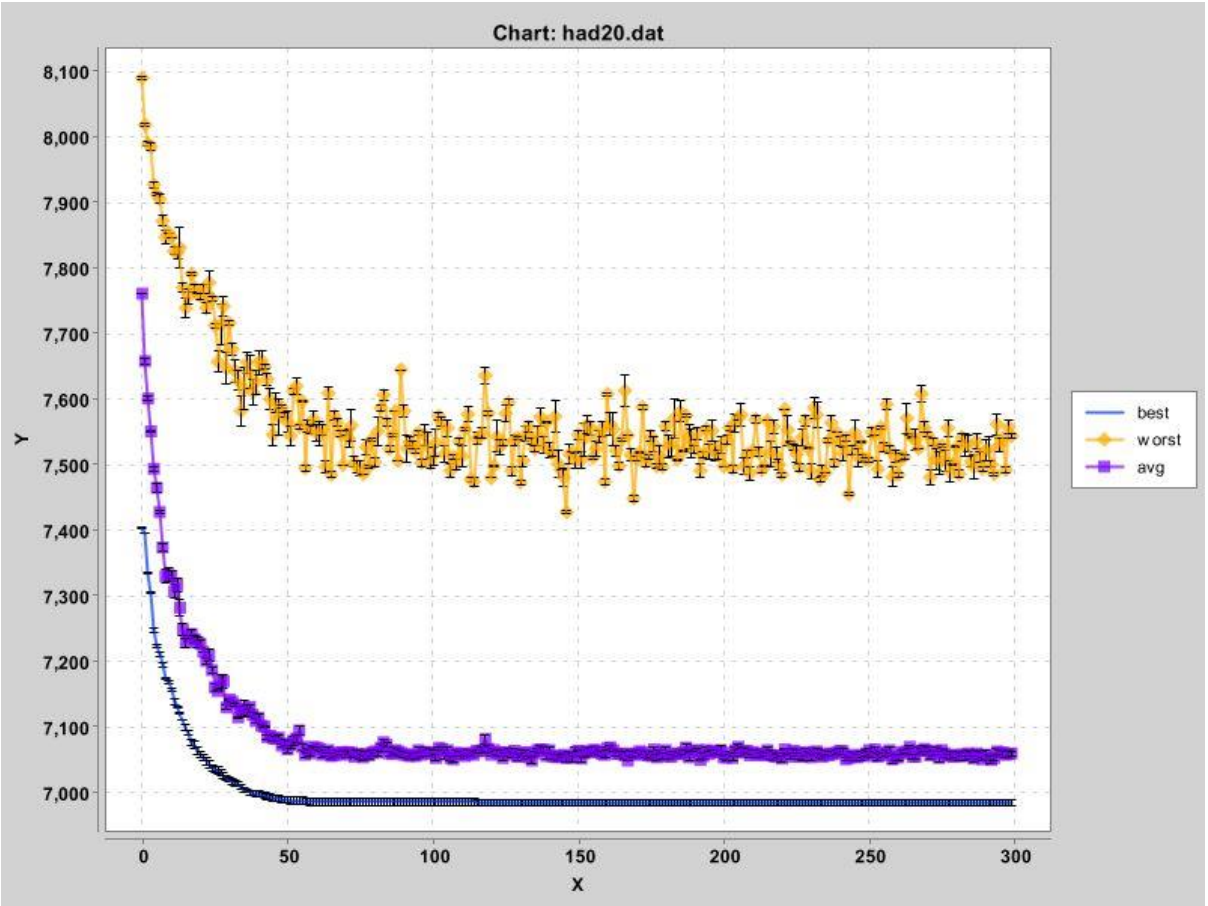
Dla małej liczby pokoleń algorytm ma ciągle tendencję malejącą. Mała liczba pokoleń powoduje, że algorytm nie zdąży znaleźć optymalnego rozwiązania.

5. Gen = 50



Algorytm w późniejszych pokoleniach ma coraz spadek, ponieważ algorytm zbliża się do swojego minimum.

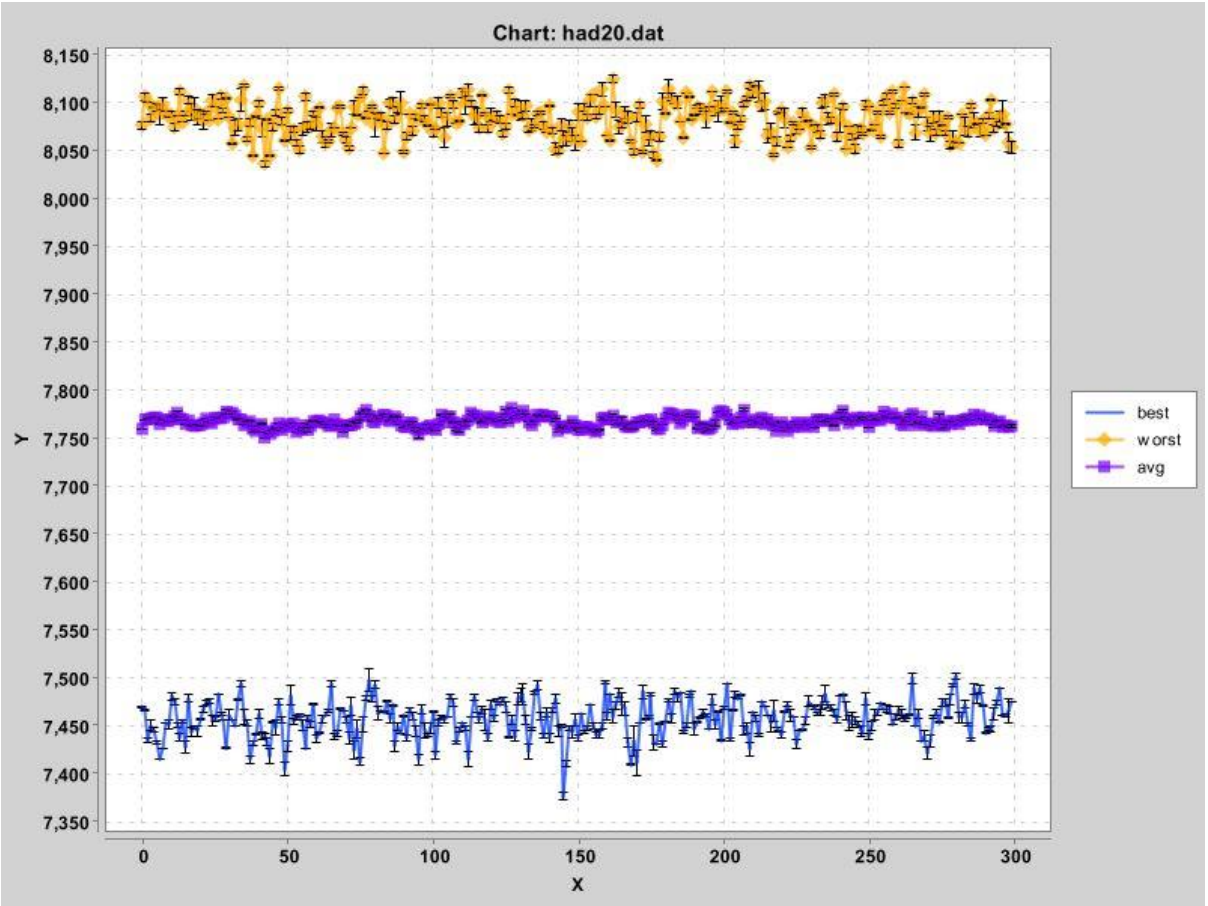
6. Gen = 300



W około 80 pokoleniu algorytm znalazł rozwiązanie bliskie swojemu minimum. W późniejszych pokoleniach algorytm miał problem ze znalezieniem lepszego rozwiązania.

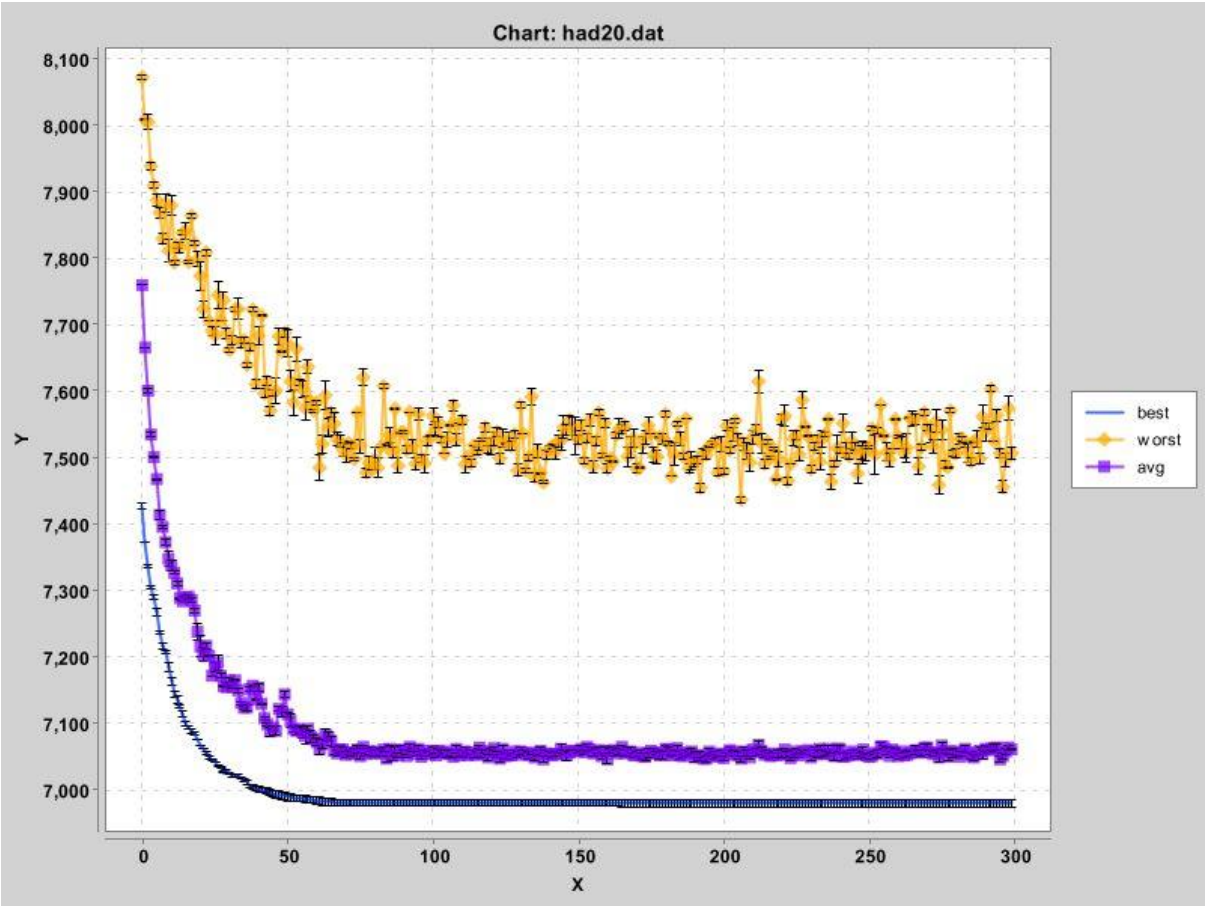
Wpływ sposobu selekcji na wynik działania algorytmu

1. Selekcja za pomocą ruletki:



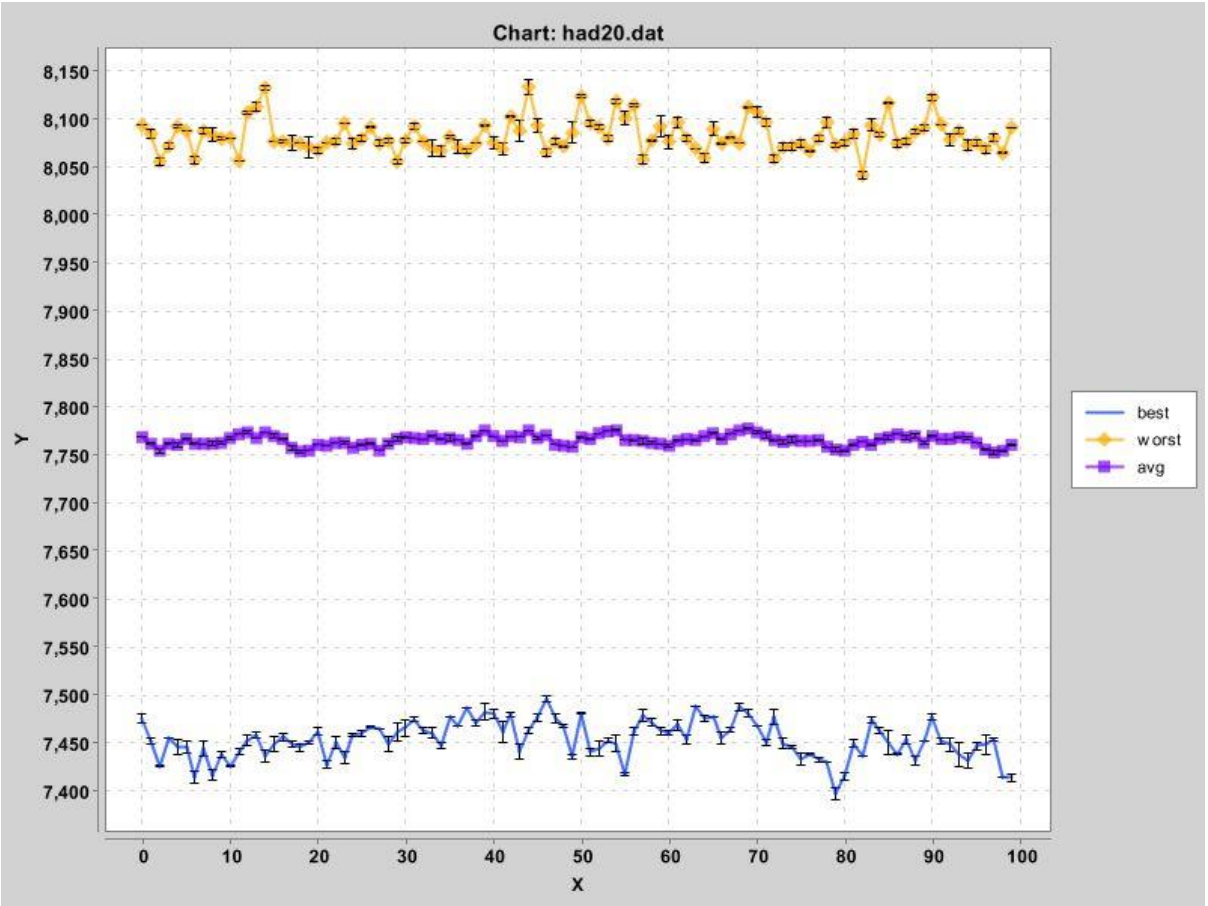
Wybór za pomocą algorytmu ruletki nie daje rady, ponieważ do kolejnych pokoleń dostają się wszystkie osobniki, w tym również słabe. Selekcja osobników jest niewydajna. Algorytm w zasadzie zwraca losowe rozwiązania.

2. Selekcja za pomocą turnieju:



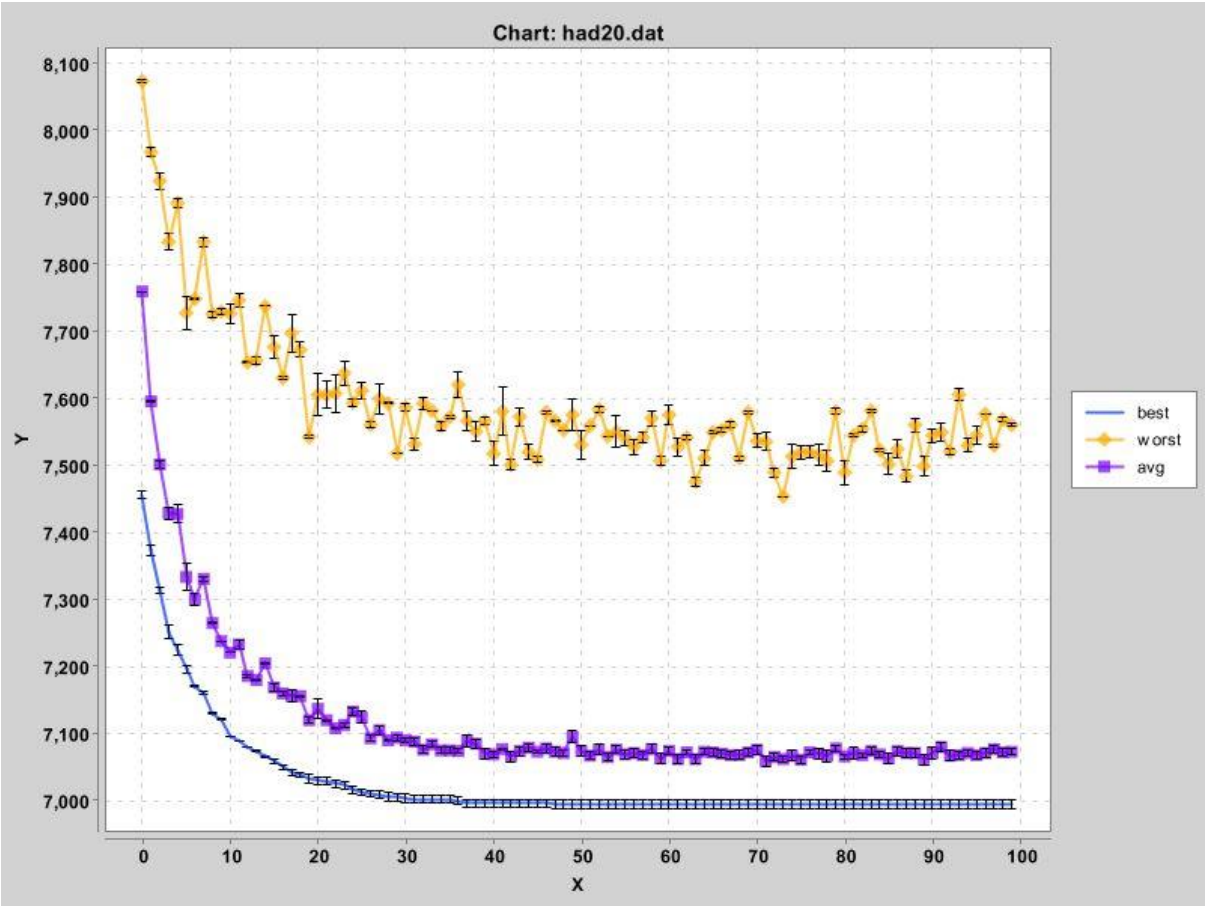
Ponieważ selekcja była dokonywana za pomocą turnieju, do puli osobników przechodziły tylko najlepsze osobniki, dlatego też w kolejnych były znajdywane lepsze rozwiązania.

3. Selekcja za pomocą turnieju, przy rozmiarze turnieju = 1



Występuje bardzo podobna sytuacja jak przy selekcji za pomocą ruletki. Algorytm nie jest w stanie wytypować najlepszych osobników (ponieważ jest ciągle wybierany jeden losowy).

4. Selekcja za pomocą turnieju, przy rozmiarze turnieju = 50



Do turnieju jest wybierane zbyt wiele osobników, przez co słabsze osobniki nie mają szansy ewoluować. Algorytm nie może wyjść z lokalnego minimum.

Podsumowanie

Algorytm genetyczny stanowi bardzo ciekawą alternatywę dla algorytmów nieheurystycznych. Nie znajduje on optymalnego rozwiązania, jednak często są to rozwiązania bardzo dobre i wystarczające. Dlatego też może być używany do rozwiązywania problemów NP-trudnych.

Rozwiązanie, które otrzymamy dzięki zastosowaniu tego algorytmu bardzo zależy od wybranych parametrów, z których za główne możemy wymienić:

- pop_size – liczba startowej populacji. Jeżeli jest zbyt wielka to algorytm szybko znajdzie rozwiązanie, jednak dla późniejszych pokoleń przestaje on znajdować lepsze rozwiązania (szybko osiąga minimum lokalne).
- gen – liczba generacji. Jeżeli jest zbyt wielka algorytm dla późniejszych pokoleń przestanie znajdować lepsze wyniki. Zbyt mała powoduje natomiast, że algorytm nie zdąży znaleźć swojego minimum.
- tour – liczba osobników w populacji. Zbyt mała powoduj, że do populacji wybierane są słabe osobniki, przez co algorytm działa w zasadzie tak samo jak dla ruletki. Dla zbyt dużej słabsze osobniki nie mają szans się krzyżować.
- Px – krzyżowanie odpowiada za wybór z najlepszych cech z osobników. Zbyt małe powoduje, że osobniki nie są krzyżowane, przez co algorytm utyka w swoich minimach lokalnych.

- Pm – brak mutacji powoduje, że algorytm wpada bardzo szybko w optimum lokalne. Zbyt wielka powoduje jednak, że algorytm nie może się utrzymać w minimum, przez co znajduje często gorsze rozwiązania niż w poprzedniej populacji.