

Car Sequencing Problem

“Una aproximación utilizando Selección Clonal” (Sintonización)



Cristián D. Maureira Fredes

**Taller de Métodos y Modelos
Cuantitativos**

Departamento de Informática
(UTFSM)

9 de noviembre de 2010

Introducción

- Car Sequencing Problem mediante Selección Clonal.
- Sintonización.
 - Manual
 - Automática

Parámetros

- POP [10,210]
- GENS [10,2000,30]
- clonationFactor [0,1]
- clonationRate [0,1] *
- replaceRate [0,1] *

Sintonización Manual

Configuración Inicial

- `POP = 20`
- `GENS = 200`
- `clonationFactor = 0.4`
- `clonationRate = 0.5`
- `replaceRate = 0.6`

Sintonización Manual

Instancias escogidas

Instancia	Mejor Fitness conocido
pb_200_01.txt	0
pb_200_09.txt	10
pb_200_10.txt	19

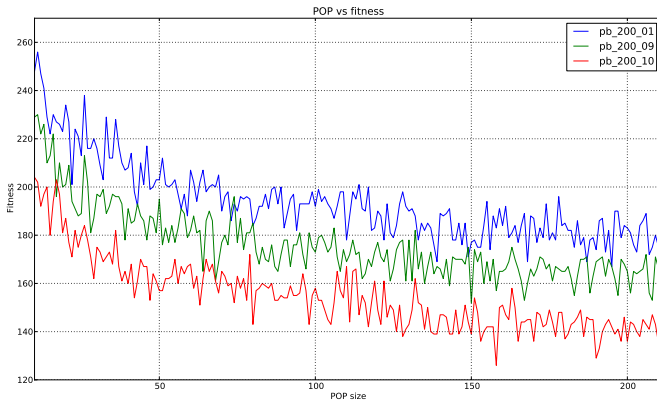
Sintonización Manual

Prueba 1

Tamaño de población (POP).

Sintonización Manual

Prueba 1



Sintonización Manual

Prueba 1

Instancia	POP	F	T [s]	T tot [s]
pb_200_01.txt	195	167	15.110	1608.853
pb_200_09.txt	150	152	11.243	1593.739
pb_200_10.txt	158	126	11.210	1662.580

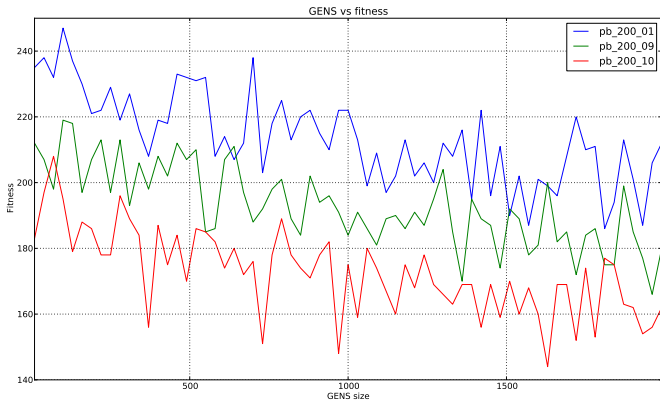
Sintonización Manual

Prueba 2

Número de generaciones (GENS)

Sintonización Manual

Prueba 2



Sintonización Manual

Prueba 2

Instancia	GENS	F	T [s]	T tot [s]
pb_200_01.txt	1810	186	7.782	256.177
pb_200_09.txt	1960	166	8.460	262.906
pb_200_10.txt	1630	144	7.562	256.546

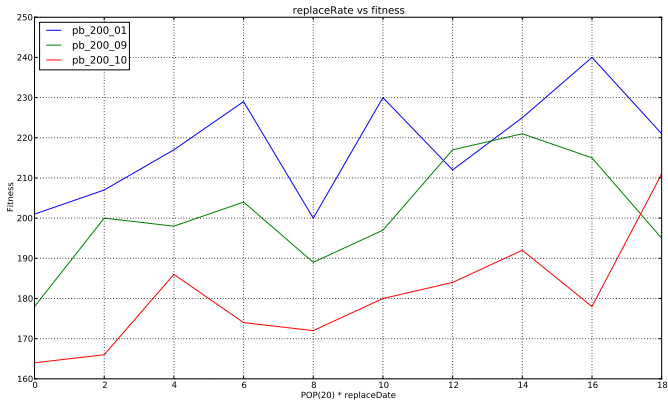
Sintonización Manual

Prueba 3

Tasa de reemplazo (`replaceRate`)

Sintonización Manual

Prueba 3



Sintonización Manual

Prueba 3

Instancia	POP*replaceRate	F	T [s]	T tot [s]
pb_200_01.txt	8	200	1.374	13.246
pb_200_09.txt	0	178	1.463	12.027
pb_200_10.txt	0	164	0.515	12.133

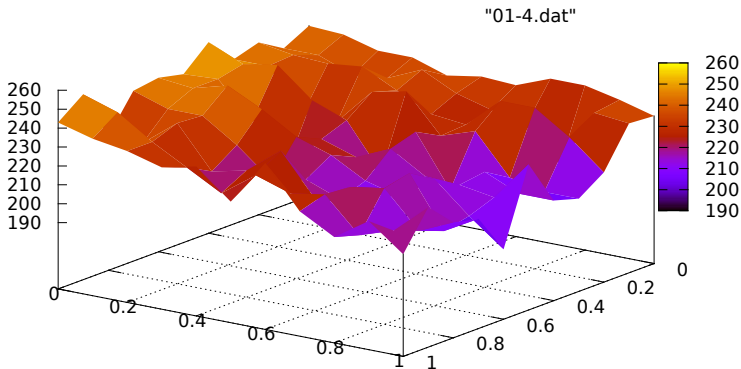
Sintonización Manual

Prueba 4

Tasa de clonación (`clonationRate`) y Factor de clonación (`clonationFactor`).

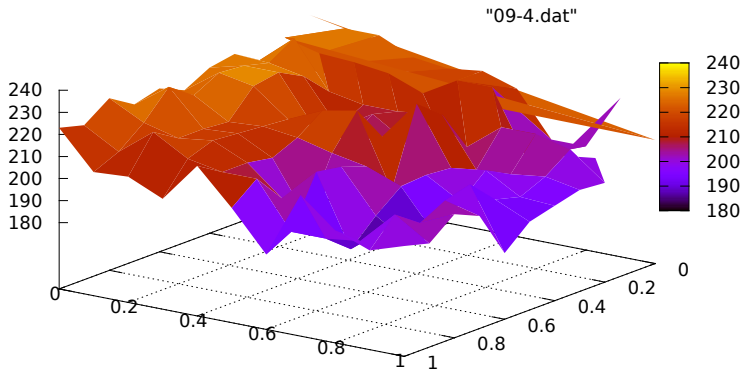
Sintonización Manual

Prueba 4



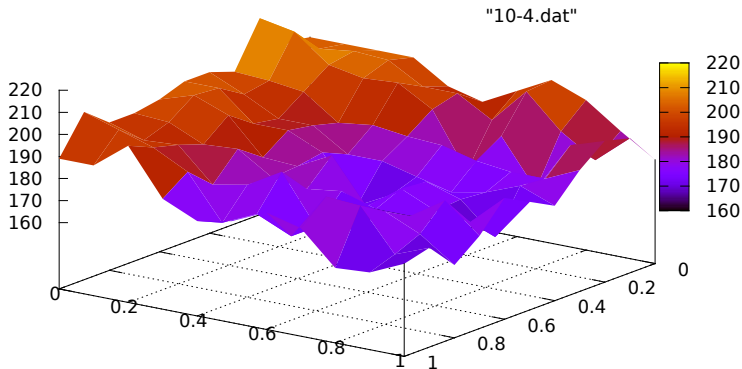
Sintonización Manual

Prueba 4



Sintonización Manual

Prueba 4



Sintonización Manual

Prueba 4

Instancia	cRate	cFactor	F	T [s]	T tot [s]
pb_200_01.txt	0.6	1	192	1.241	132.608
pb_200_09.txt	0.6	1	180	1.378	132.068
pb_200_10.txt	0.5	0.9	160	1.379	132.124

Sintonización Automática

REVAC - Parámetros

- `clonationRate` TASA_CL [0,1]
- `clonationFactor` FACT_CL [0,1]
- `replaceRate` TASA_RP [0,1]

Sintonización Automática

REVAC - Detalles

- Iteraciones: 200
- Tamaño de población (M): 18
- Cantidad de padres (N): 6
- Intervalo de mutación (H) : 3
- Tipo de búsqueda: Algoritmo genético.

Sintonización Automática

REVAC - Resultados

Instancia	cR	cF	rR	F	T [s]
pb_200_01.txt	0.56	0.65	0.57	203	161
pb_200_09.txt	0.95	0.60	0.13	189	195
pb_200_10.txt	0.80	0.66	0.60	159	169

Conclusiones

Fitness

Instancia	p1	p2	p3	p4	p5
pb_200_01.txt	167	186	200	192	203
pb_200_09.txt	152	166	178	180	189
pb_200_10.txt	126	144	164	160	159

Conclusiones

Tiempos [s]

Instancia	p1	p2	p3	p4	p5
pb_200_01.txt	1608.853	256.177	13.246	132.608	161
pb_200_09.txt	1593.739	262.906	12.027	132.068	195
pb_200_10.txt	1662.580	256.546	12.133	132.124	169

Conclusiones

Sintonizador

- Configuración inicial.
- Parámetros a sintonizar.
- Rango de valores.
- Distribución uniforme.

Conclusiones

Algoritmo

- Evolución.
- Hiérmutación.
- Parámetros.
 - POP, GENS
 - clonationRate, clonationFactor, replaceRate
- Elitismo.

¿Preguntas?