# **Projet Optimisation Discrète - Bin Packing**

# I. Exécution du programme

- 1) Prérequis
- Java 21
- Maven

### 2) Exécution avec Maven

Pour exécuter le programme, il suffit de lancer la commande suivante :

mvn javafx:run

## 3) Exécution avec un IDE

Il est également possible d'exécuter le programme avec un IDE en lançant la classe Main située dans le package tp.optimisation. Nous avons uniquement testé le programme avec IntelliJ IDEA.

## II. Modélisation du problème

On appelle un problème de Bin Packing (BP) un problème où il faut ordonner les objets dans les boîtes de manière à utiliser le moins de boîtes possibles.

Dans notre cas, les boîtes et les objets sont en 2 dimensions.

Ce problème peut être séparé en plusieurs configurations :

- Si les objets peuvent être tournés (R) ou s'ils sont orientés (O)
- Si les objets doivent être ordonnés de manière qu'on puisse toujours guillotiner la boîte, une fois celle-ci remplie (G) ou si la position des objets est libre à l'intérieur d'une boîte (F)

Pour ce projet, la demande était d'autoriser les rotations, mais d'obliger la présence de guillotines (2BPRG).

Les dimensions d'une boîte et une liste d'objets rectangulaires avec leurs dimensions sont définies dans des fichiers fournis. Chaque fichier correspondra à un jeu de données.

Les algorithmes mis en place utilisent un système de voisinage pour s'approcher de la solution optimale. À partir d'une solution, nous prenons pour voisin toute autre solution qui est le résultat d'un de ces changements :

- Déplacer un item d'une bin à une autre
- Déplacer un item d'une bin à une autre et le faire tourner de 90°
- Échanger deux items
- Échanger deux items en faisant tourner de 90° l'item 1
- Échanger deux items en faisant tourner de 90° l'item 2
- Échanger deux items en les faisant tourner de 90°

Afin de calculer la fitness d'une solution, nous additionnons pour chaque bin de la solution la racine carrée du pourcentage de son espace vide.

Afin de remplir les boîtes de manière à respecter les guillotines, nous mettons l'ensemble des items sur des lignes de largeur identique à une boîte, et "empilons" ces lignes dans la boîte, ainsi, les premières guillotines se feront dans la largeur (pour séparer les lignes) et toutes les autres seront dans le sens de la hauteur (pour séparer les objets d'une ligne). Ce système de gestion est tiré de l'algorithme Finite First Fit (FFF).

Pour obtenir une première solution aléatoire, nous n'empilons pas les lignes dans une même boîte, mais créons autant de boîtes qu'il y a de lignes.

# III. Analyses des algorithmes

Fichier	Surface d'une bin	Surface de l'ensemble des items	Minimum théorique du nombre de bins
binpacking2d- 01.bp2d	62500	163562	3
binpacking2d- 02.bp2d	62500	274563	5
binpacking2d- 03.bp2d	62500	407651	7
binpacking2d- 04.bp2d	62500	731408	12
binpacking2d- 05.bp2d	250000	545300	3
binpacking2d- 06.bp2d	250000	1232057	5
binpacking2d- 07.bp2d	250000	2004791	9
binpacking2d- 08.bp2d	250000	2805462	12
binpacking2d- 09.bp2d	1000000	2021830	3
binpacking2d- 10.bp2d	1000000	5355377	6
binpacking2d- 11.bp2d	1000000	6536520	7
binpacking2d- 12.bp2d	1000000	12521992	13
binpacking2d- 13.bp2d	9000000	14315508	2

## 1) Protocole de test

Pour tester les performances de nos métaheuristiques en temps d'exécution et en qualité de solution, nous avons utilisé les fichiers de test fournis. Pour supprimer le facteur aléatoire, Chaque test d'une métaheuristique sur un jeu de données a été réalisé 20 fois et nous avons fait les moyennes des résultats.

Le nombre d'itérations maximum a été fixé à 1000 pour toutes les métaheuristiques.

La qualité de la solution correspond au nombre de bins utilisés par la métaheuristique divisé par le nombre de bins minimum théorique.

## 2) Résultats

#### Méthode de descente

Fichier	Nombre de bins	Temps d'exécution	Nombre d'itération	Qualité de la solution
binpacking2d- 01.bp2d	4.0	3.7ms	5.0	133.33%
binpacking2d- 02.bp2d	6.0	13.85ms	15.45	120.0%
binpacking2d- 03.bp2d	8.0	35.8ms	23.45	114.29%
binpacking2d- 04.bp2d	13.0	230.7ms	52.8	108.33%
binpacking2d- 05.bp2d	3.0	0.8ms	7.0	100.0%
binpacking2d- 06.bp2d	7.0	9.05ms	16.8	140.0%
binpacking2d- 07.bp2d	11.0	32.7ms	26.4	122.22%
binpacking2d- 08.bp2d	13.0	250.4ms	52.4	108.33%
binpacking2d- 09.bp2d	3.0	0.65ms	6.0	100.0%
binpacking2d- 10.bp2d	7.0	8.85ms	14.9	116.67%
binpacking2d- 11.bp2d	8.0	45.85ms	28.15	114.29%
binpacking2d- 12.bp2d	15.5	176.45ms	39.5	119.23%
binpacking2d- 13.bp2d	3.0	64.95ms	28.0	150.0%

De manière générale, la méthode de descente (Hill-Climbing) n'est, contrairement à nos attentes, pas si mauvaise que ça, mais n'est pas si bonne que ça non plus. Elle a cependant l'avantage d'être très rapide (moins de 50ms pour la plupart des solutions).

#### Méthode de descente avec recuit simulé

Les paramètres utilisés pour le recuit simulé sont les suivants :

• Température initiale : 10000

• Décroissance de la température : 0.01

• Nombre d'itérations par descente de température : 10

• Epsilon: 0.0005

Fichier	Nombre de bins	Temps d'exécution	Nombre d'itération	Qualité de la solution
binpacking2d- 01.bp2d	4.0	17.35ms	52.0	133.33%
binpacking2d- 02.bp2d	6.1	19.75ms	75.2	122.0%
binpacking2d- 03.bp2d	9.0	47.3ms	144.05	128.57%
binpacking2d- 04.bp2d	16.9	43.65ms	125.4	140.83%
binpacking2d- 05.bp2d	3.05	2.9ms	16.6	101.67%
binpacking2d- 06.bp2d	7.0	26.2ms	118.3	140.0%
binpacking2d- 07.bp2d	12.0	35.3ms	124.3	133.33%
binpacking2d- 08.bp2d	14.9	64.4ms	168.0	124.17%
binpacking2d- 09.bp2d	3.0	9.45ms	41.45	100.0%
binpacking2d- 10.bp2d	8.1	20.2ms	86.0	135.0%
binpacking2d- 11.bp2d	9.1	36.05ms	121.45	130.0%
binpacking2d- 12.bp2d	17.9	66.7ms	213.35	137.69%
binpacking2d- 13.bp2d	2.75	218.75ms	33.7	137.5%

• Epsilon: 0

Fichier	Nombre de bins	Temps d'exécution	Nombre d'itération	Qualité de la solution
binpacking2d- 01.bp2d	4.0	130.65ms	916.0	133.33%
binpacking2d- 02.bp2d	6.0	229.25ms	916.0	120.0%
binpacking2d- 03.bp2d	8.0	372.45ms	916.0	114.29%
binpacking2d- 04.bp2d	14.5	389.9ms	916.0	120.83%
binpacking2d- 05.bp2d	3.0	240.9ms	916.0	100.0%
binpacking2d- 06.bp2d	6.35	243.35ms	916.0	127.0%
binpacking2d- 07.bp2d	11.05	323.85ms	916.0	122.78%
binpacking2d- 08.bp2d	14.15	390.05ms	916.0	117.92%
binpacking2d- 09.bp2d	3.0	183.15ms	916.0	100.0%
binpacking2d- 10.bp2d	7.1	266.1ms	916.0	118.33%
binpacking2d- 11.bp2d	8.25	316.2ms	916.0	117.86%
binpacking2d- 12.bp2d	16.6	321.05ms	916.0	127.69%
binpacking2d- 13.bp2d	2.0	6411.3ms	916.0	100.0%

De manière générale, la méthode de descente avec recuit simulé est plutôt bonne. Cette méthode peut être très longue, c'est pourquoi nous avons ajouté epsilon, une variable qui arrête la métaheuristique si celle-ci ne change pas le score de la solution d'une valeur supérieure à epsilon. Ce biais améliore grandement le temps d'exécution (de  $\sim 300 \, \mathrm{ms}$  à  $< 50 \, \mathrm{ms}$ ), mais rend les résultats moins bons.

#### Méthode de descente avec tabou

Les paramètres utilisés pour la méthode de descente avec tabou sont les suivants :

• Taille de liste taboue : 2

Fichier	Nombre de bins	Temps d'exécution	Nombre d'itération	Qualité de la solution
binpacking2d- 01.bp2d	4.0	12.2ms	29.45	133.33%
binpacking2d- 02.bp2d	6.0	20.85ms	23.2	120.0%
binpacking2d- 03.bp2d	8.0	58.0ms	31.25	114.29%
binpacking2d- 04.bp2d	13.0	339.8ms	54.35	108.33%
binpacking2d- 05.bp2d	3.0	1.5ms	12.15	100.0%
binpacking2d- 06.bp2d	6.9	17.5ms	28.45	138.0%
binpacking2d- 07.bp2d	11.0	49.1ms	33.15	122.22%
binpacking2d- 08.bp2d	13.0	406.55ms	60.9	108.33%
binpacking2d- 09.bp2d	3.0	1.3ms	11.15	100.0%
binpacking2d- 10.bp2d	7.0	13.95ms	20.85	116.67%
binpacking2d- 11.bp2d	8.0	71.6ms	37.8	114.29%
binpacking2d- 12.bp2d	15.65	271.75ms	49.25	120.38%
binpacking2d- 13.bp2d	2.2	136.15ms	41.5	110.0%

## • Taille de la liste taboue : 4

Fichier	Nombre de bins	Temps d'exécution	Nombre d'itération	Qualité de la solution
binpacking2d- 01.bp2d	4.0	16.7ms	54.65	133.33%
binpacking2d- 02.bp2d	6.0	36.15ms	59.8	120.0%
binpacking2d- 03.bp2d	8.0	59.35ms	35.0	114.29%
binpacking2d- 04.bp2d	13.1	366.85ms	60.65	109.17%
binpacking2d- 05.bp2d	3.0	1.35ms	9.0	100.0%
binpacking2d- 06.bp2d	6.2	24.75ms	51.15	124.0%
binpacking2d- 07.bp2d	11.0	54.8ms	40.1	122.22%
binpacking2d- 08.bp2d	13.0	392.2ms	63.45	108.33%
binpacking2d- 09.bp2d	3.0	3.5ms	34.35	100.0%
binpacking2d- 10.bp2d	7.0	15.35ms	27.9	116.67%
binpacking2d- 11.bp2d	8.0	86.95ms	56.1	114.29%
binpacking2d- 12.bp2d	15.2	366.7ms	78.15	116.92%
binpacking2d- 13.bp2d	2.0	188.3ms	67.65	100.0%

Taille de la liste taboue : 8

Fichier	Nombre de bins	Temps d'exécution	Nombre d'itération	Qualité de la solution
binpacking2d- 01.bp2d	4.0	7.25ms	10.75	133.33%
binpacking2d- 02.bp2d	6.0	162.75ms	325.0	120.0%
binpacking2d- 03.bp2d	8.0	97.6ms	69.7	114.29%
binpacking2d- 04.bp2d	13.0	339.1ms	57.15	108.33%
binpacking2d- 05.bp2d	3.0	1.3ms	9.0	100.0%
binpacking2d- 06.bp2d	6.15	35.9ms	83.2	123.0%
binpacking2d- 07.bp2d	10.6	179.5ms	150.15	117.78%
binpacking2d- 08.bp2d	13.0	459.95ms	83.75	108.33%
binpacking2d- 09.bp2d	3.0	3.7ms	33.3	100.0%
binpacking2d- 10.bp2d	7.0	14.65ms	22.0	116.67%
binpacking2d- 11.bp2d	8.0	161.05ms	124.85	114.29%
binpacking2d- 12.bp2d	15.0	540.65ms	138.95	115.38%
binpacking2d- 13.bp2d	2.0	281.8ms	105.1	100.0%

De manière générale, la méthode de descente avec tabou est très bonne. Elle peut cependant être plus lente que les autres méthodes malgré un plutôt faible nombre d'itérations. La taille de la liste taboue influence le temps d'exécution et le nombre d'itérations, comme on pouvait s'y attendre en contrepartie de meilleurs résultats. Pourtant, avec certains jeux de données, la différence entre 2, 4 et 8 est quasiment nulle. La meilleure taille est quand même 8, mais la différence ne sera visible que sur une partie des jeux de données.

#### Méthode génétique

Les paramètres utilisés pour la méthode de génétique sont les suivants :

- Taux de mutation : 0.2

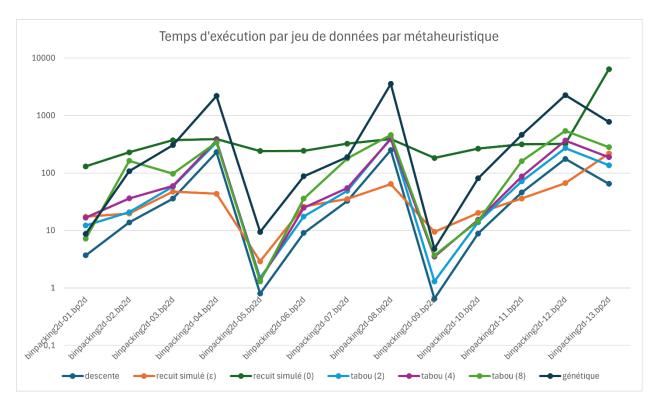
Pourcentage des meilleures solutions gardées : 20%

- Epsilon : 0.0005

Fichier	Nombre de bins	Temps d'exécution	Nombre d'itération	Qualité de la solution
binpacking2d- 01.bp2d	4.15	8.75ms	7.1	138.33%
binpacking2d- 02.bp2d	6.3	107.45ms	24.25	126.0%
binpacking2d- 03.bp2d	9.5	305.9ms	27.55	135.71%
binpacking2d- 04.bp2d	15.5	2198.1ms	53.3	129.17%
binpacking2d- 05.bp2d	3.3	9.4ms	10.1	110.0%
binpacking2d- 06.bp2d	7.3	87.6ms	21.4	146.0%
binpacking2d- 07.bp2d	11.9	189.3ms	28.35	132.22%
binpacking2d- 08.bp2d	14.4	3561.3ms	62.05	120.0%
binpacking2d- 09.bp2d	3.25	4.8ms	7.5	108.33%
binpacking2d- 10.bp2d	8.15	80.6ms	20.85	135.83%
binpacking2d- 11.bp2d	8.8	461.75ms	31.45	125.71%
binpacking2d- 12.bp2d	16.5	2270.9ms	61.5	126.92%
binpacking2d- 13.bp2d	5.8	774.25ms	13.9	290.0%

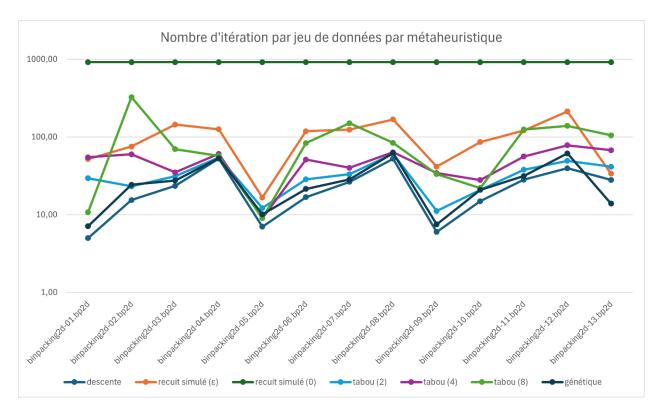
De manière générale, la méthode génétique est correcte, il ne s'agit cependant pas de la meilleure méthode. Selon les jeux de données, il arrive même qu'elle n'arrive pas à converger vers une solution convenable (jeu de donnée 13). De plus, elle est plutôt lente prenant parfois plusieurs secondes pour obtenir un résultat satisfaisant. Ici aussi, la variable epsilon a été utilisée, sans cela la méthode ne s'arrête pas.

### 3) Comparaison



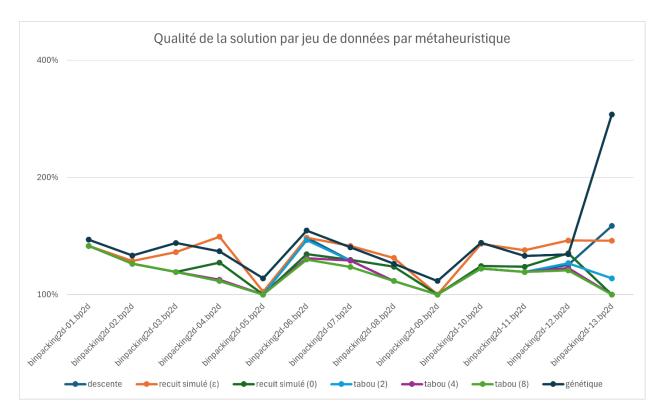
Concernant les temps d'exécution, nous pouvons voir sur le graphique qu'en moyenne les métaheuristiques les plus rapides sont la méthode de descente et le recuit simulé avec un valeur epsilon  $\epsilon$  = 0.0005. Cela est dû pour la méthode de descente au fait que l'algorithme s'arrête directement dès qu'un maximum local est trouvé. Pour le recuit simulé avec une valeur d'epsilon, cela est dû au fait que si la différence de fitness entre deux itérations est inférieure à epsilon alors l'algorithme s'arrête.

Sur le graphique, on peut voir que le recuit simulé sans valeur d'epsilon et la méthode génétique sont les plus longs en termes de temps d'exécution. Pour le recuit simulé, cela est dû au fait que l'algorithme ne trouve pas de solution et continue jusqu'à ce que la température soit nulle. Dans le cas de la méthode génétique cela est dû au fait que calculer des mutations pour une partie des individus de la population est demandant en ressources et en temps d'exécution.



Concernant le nombre d'itération, les meilleures métaheuristiques sont la méthode de descente et la méthode génétique. Dans le premier cas, cela est dû au fait qu'il s'arrête au premier maximum local trouvé ce qui limite le nombre d'itération. Dans le cas de la méthode génétique, cela est dû au fait que, grâce au système de population, l'algorithme peut parcourir plus de solution plus rapidement.

Les métaheuristiques qui utilisent le plus d'itérations sont les méthodes de recuits simulés avec et sans valeur d'epsilon. Dans les deux cas, cela est dû au fait que le recuit simulé met longtemps à s'arrêter du fait d'une température de départ élevée (10000°). Dans le premier cas, elle s'arrête car la différence de fitness entre les itérations est trop faible. Dans le deuxième cas, cela est dû au fait que l'algorithme attend d'avoir une température nulle.



Concernant la qualité des solutions, on peut voir sur le graphique que les meilleures métaheuristiques sont les méthodes taboues avec, dans l'ordre, une liste taboue de taille 8, 4 et 2. Cela est dû au fait que contrairement aux autres métaheuristiques la méthode taboue n'utilise pas d'aléatoire ce qui permet d'arriver à une solution correcte plus rapidement.

Toujours grâce au graphique, on peut voir que les pires métaheuristiques sont la méthode génétique et le recuit simulé avec une valeur d'epsilon. Dans les deux cas, cela vient du fait que les algorithmes s'arrêtent avant d'avoir trouvé une solution correcte car la différence de fitness entre les solutions est trop faible.

#### IV. Conclusion

Avec l'utilisation d'epsilon, la méthode de descente avec recuit simulé est nettement moins performante que celle avec tabou pour un temps d'exécution équivalent. La méthode génétique n'est cependant absolument pas intéressante pour ce problème et avec ces jeux de données. La méthode de descente Hill Climbing a, pour sa part, apportée une vraie surprise avec son efficacité, qui n'est malheureusement pas là pour tous les jeux de données. Sans epsilon, la méthode de recuit simulé est aux coudes à coudes avec tabou au niveau de la qualité des solutions, mais ne rivalise pas pour ce qui est du temps d'exécution.