

WYDZIAŁ PODSTAWOWYCH PROBLEMÓW TECHNIKI
POLITECHNIKA WROCŁAWSKA

EWOLUCYJNY ALGORYTM DLA NIELINIOWEGO ZADANIA TRANSPORTOWEGO

PIOTR BEREZOWSKI
NR INDEKSU: 236749

Praca inżynierska napisana
pod kierunkiem
dr hab. Pawła Zielińskiego



Politechnika
Wrocławska

WROCŁAW 2019

Spis treści

1	Wstęp	1
2	Analiza problemu	3
2.1	Zadanie transportowe	3
2.1.1	Wersja liniowa	4
2.1.2	Wersja nieliniowa	4
3	Ewolucyjne podejście do nieliniowego zadania transportowego	5
3.1	Algorytmy metaheurystyczne	5
3.1.1	Algorytmy ewolucyjne	5
3.2	Reprezentacja chromosomu	7
3.3	Inicjalizacja chromosomu	8
3.4	Operator krzyżowania	9
3.5	Operator mutacji	9
3.6	Funkcje oceny	11
3.7	Metoda selekcji	11
3.8	Wersja równoległa	11
3.8.1	Modele algorytmu	12
3.9	Parametry algorytmu	14
4	Wyniki eksperymentalne	15
4.1	Dobór parametrów dla algorytmu	15
4.2	Model klasyczny algorytmu ewolucyjnego	15
4.3	Model wyspowy algorytmu ewolucyjnego	15
4.4	Porównanie modelu klasycznego i wyspowego	15
5	Podsumowanie	17
	Bibliografia	19
A	Zawartość płyty CD	21

Wstep

[2]



Analiza problemu

2.1 Zadanie transportowe

Zadanie transportowe możemy zaliczyć do grupy zadań optymalizacyjnych z ograniczeniami. Rozwiązując je, staramy się przy użyciu n punktów nadania zaspokoić zapotrzebowanie m punktów odbioru w taki sposób, aby całkowity koszt transportu był minimalny. Zadanie wymaga określenia ilości towaru znajdującej się w każdym z punktów nadania, oraz zapotrzebowania na towar w każdym z punktów odbioru. Dodatkowo musimy określić koszt transportu pomiędzy poszczególnymi punktami. Klasyczne zadanie transportowe ogranicza się do transportu tylko jednego rodzaju towaru, dzięki czemu punkty odbioru mogą być zaopatrywane przez jeden lub więcej punktów nadania.

Zadanie transportowe nazywamy zbilansowanym, jeśli całkowita podaż towaru jest równa całkowitemu popytowi. W przeciwnym wypadku zadanie jest niezbilansowane. Rozwiązywanie zadania niezbilansowanego polega na sprowadzeniu go do zadania zbilansowanego, poprzez dodanie fikcyjnego dostawcy (w przypadku większego popytu), lub fikcyjnego odbiorcy (w przypadku większej podaży). Koszt transportu między fikcyjnym dostawcą a odbiorcami, lub między dostawcami a fikcyjnym odbiorcą najczęściej ustalany jest jako zerowy.

Załóżmy, że mamy n punktów nadania i m punktów odbioru. Początkowa ilość towaru w i -tym punkcie nadania jest równa $supply(i)$, a początkowe zapotrzebowanie w j -tym punkcie odbioru jest równe $demand(j)$. Jeśli x_{ij} jest ilością towaru dostarczanego przez i -ty punkt nadania do j -tego punktu odbioru, to zbilansowane zadanie transportowe możemy zdefiniować w następujący sposób:

$$\min \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^m f_{ij}(x_{ij})$$

Przy spełnionych ograniczeniach:

$$\sum_{j=1}^m x_{ij} = supply(i), \text{ dla } i = 1, 2, \dots, n$$

$$\sum_{i=1}^n x_{ij} = demand(j), \text{ dla } j = 1, 2, \dots, m$$

$$x_{ij} \geq 0, \text{ dla } i = 1, 2, \dots, n \text{ i } j = 1, 2, \dots, m$$

Pierwszy zestaw ograniczeń mówi o tym, że całkowita ilość towaru transportowana z pojedynczego punktu nadania musi być równa jego początkowej ilości znajdującej się w tym punkcie. Z kolei drugi zestaw mówi o tym, że całkowita ilość towaru transportowana do pojedynczego punktu odbioru musi być równa jego początkowemu zapotrzebowaniu. W przypadku zadania niezbilansowanego równości w dwóch pierwszych zestawach ograniczeń należy zmienić na odpowiednie nierówności.

Zadanie jest liniowe, jeśli koszt transportu między punktami nadania i odbioru jest wprost proporcjonalny do ilości transportowanego towaru, tzn. jeśli $f_{ij}(x_{ij}) = cost_{ij}x_{ij}$, gdzie $cost_{ij}$ jest jednostkowym kosztem transportu między i -tym punktem nadania, a j -tym punktem odbioru. W przypadku kiedy zależność między kosztem transportu, a ilością transportowanego towaru wygląda inaczej mówimy o zadaniu nieliniowym.



2.1.1 Wersja liniowa

Zadanie transportowe w wersji liniowej możemy przedstawić jako problem programowania liniowego. Optymalne rozwiązanie możemy więc wyznaczyć przy pomocy znanych metod używanych przy tej klasy problemach, takich jak np. metoda sympleks[1].

Metoda ta polega na iteracyjnym wyszukiwaniu coraz lepszych rozwiązań zdefiniowanego problemu. Na początku wyznaczamy rozwiązanie początkowe, będące wierzchołkiem przestrzeni dopuszczalnych rozwiązań. Obliczamy dla niego wartość maksymalizowanej funkcji celu i następnie odrzucamy wszystkie wierzchołki, w których funkcja celu przyjmuje mniejsze wartości. W kolejnej iteracji przechodzimy do wierzchołka graniczącego z odnalezionym punktem, dla którego funkcja celu osiąga lepszą wartość i powtarzamy powyższe kroki. Algorytm kończy działanie w momencie, kiedy nie możemy znaleźć lepszego rozwiązania do kolejnej iteracji.

Zadanie transportowe posiada również interpretację sieciową. [TODO: opisać] Możemy je więc łatwo sprowadzić do zadania najtańszego przepływu. [TODO: opisać]

2.1.2 Wersja nieliniowa

O ile liniowa wersja zadania jest stosunkowo łatwa w rozwiązaniu, o tyle dla wersji nieliniowej nie ma ogólnej metody rozwiązywania. Należy ono do problemów z kategorii NP-trudnych. Do jego rozwiązania używa się różnych algorytmów wyznaczających rozwiązania przybliżone, takich jak algorytmy metaheurystyczne.

Wersja nieliniowa lepiej oddaje rzeczywisty problem planowania dostaw, gdzie koszty zależą od wielu czynników, które wpływają na to, że zależność między kosztem, a ilością transportowanego towaru nie jest liniowa. Niniejsza praca skupia się głównie na takich problemach. [TODO: - znaleźć publikacje]

Ewolucyjne podejście do nieliniowego zadania transportowego

Tak jak powiedzieliśmy w poprzednim rozdziale, nieliniowe zadanie transportowe należy do zadań optymalizacyjnych, dla których trudno jest wyznaczyć dokładne rozwiązanie. Możemy za to za pomocą algorytmów przeszukujących zbiór dopuszczalnych rozwiązań, czyli algorytmów metaheurystycznych postarać się wyznaczyć wystarczająco dobre rozwiązanie przybliżone.

3.1 Algorytmy metaheurystyczne

Powiedzmy najpierw czym są algorytmy metaheurystyczne. Metaheurystyki są to algorytmy, które definiują sposób w jaki ma być przeszukiwany zbiór dopuszczalnych rozwiązań zdefiniowanego problemu. Znajdują one zastosowanie w przypadkach kiedy nie znamy algorytmów, które wyznaczają rozwiązanie dokładne lub ich koszt jest zbyt duży. Do tego typu problemów możemy zaliczyć rozważane tutaj nieliniowe zadanie transportowe. Minusem stosowania algorytmów metaheurystycznych jest fakt, że nie dają one gwarancji na znalezienie wystarczająco dobrego rozwiązania.

3.1.1 Algorytmy ewolucyjne

Algorytmy ewolucyjne stanowią podzbiór algorytmów metaheurystycznych. Sposób ich działania jest inspirowany przez zjawisko ewolucji występujące w naturze. Działają one na podzbiorach przestrzeni wszystkich rozwiązań, które nazywamy **populacjami**. Przy użyciu specjalnie zdefiniowanych operatorów, na podstawie jednej populacji tworzona jest kolejna zawierająca w sobie lepsze rozwiązania, nazywane dalej **chromosomami** lub **osobnikami**.

Na początku działania algorytmu generowana jest w sposób losowy populacja startowa. Procedurę generowania pojedynczego osobnika lub całej populacji nazywać będziemy **inicjalizacją**. Następnie na przestrzeni pokoleń(iteracji algorytmu) populacja ewoluuje generując coraz lepsze rozwiązania. W każdej iteracji pewna część osobników zostaje wybrana do reprodukcji. Procedurę wyboru rodziców do reprodukcji nazywać będziemy **selekcją**. Wybrane osobniki krzyżujemy między sobą, tworząc w ten sposób nowe, posiadające cechy wybranych wcześniej rodziców. Następnie losowo wybrane osobniki ulegają mutacji. Ostatecznie z otrzymanych osobników tworzona jest nowa populacja, która będzie stanowić bazę dla kolejnej iteracji algorytmu. Algorytm kończy działanie w momencie kiedy zostanie spełniony warunek końcowy, którym może być np. wygenerowanie wystarczająco dobrego rozwiązania lub przejście określonej liczby iteracji.

Ogólny schemat działania algorytmu ewolucyjnego przedstawiono w postaci pseudokodu [3.1](#) oraz schematu



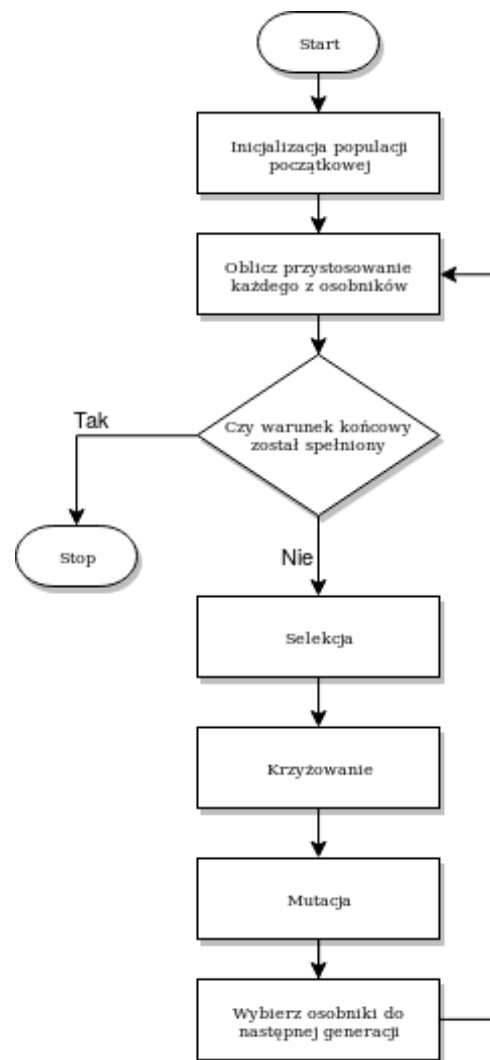
blokowego 3.1.

Pseudokod 3.1: Ogólny schemat działania algorytmu ewolucyjnego

```

1  $P(t)$ : Populacja w  $t$ -tej iteracji algorytmu;
2  $O(t)$ : Populacja dzieci w  $t$ -tej iteracji algorytmu;
3  $t \leftarrow 0$ ;
4 inicjalizacja  $P(t)$ ;
5 while Warunek końcowy nie został spełniony do
6    $parents \leftarrow$  selekcja z  $P(t)$ ;
7    $O(t+1) \leftarrow$  zastosuj operator krzyżowania na  $parents$ ;
8    $O(t+1) \leftarrow$  zastosuj operator mutacji na  $O(t+1)$ ;
9    $P(t+1) \leftarrow$  wybierz osobniki do następnej generacji z  $O(t+1)$ ;
10   $t \leftarrow t+1$ ;
11 return najlepszy osobnik z  $P(t)$ ;

```



Rysunek 3.1: Ogólny schemat działania algorytmu ewolucyjnego

Projektowanie algorytmu ewolucyjnego możemy podzielić na kilka oddzielnych części, są to:

- **Reprezentacja** - określa sposób zakodowania rozwiązania w chromosomie(osobniku). Wybór repre-

zentacji chromosomu jest bardzo ważnym etapem projektowania algorytmu. Odpowiednia reprezentacja może w znacznym stopniu wpłynąć na szybkość i jakość rozwiązań znajdowanych przez algorytm, ponieważ to ona w dużej mierze określa sposób w jaki przeszukiwana będzie przestrzeń rozwiązań zadania. Jako reprezentacje bardzo często stosowane są wektory lub macierze genów, gdzie gen może być pojedynczą liczbą całkowitą lub rzeczywistą. Oczywiście jako sposób reprezentacji rozwiązania możemy wybrać dowolną strukturę danych, należy jednak pamiętać, że zdefiniowane później operacje mutacji i krzyżowania muszą być dostosowane do wybranej struktury.

- **Funkcja oceny** - określa stopień przystosowania danego osobnika. Bardzo często funkcja oceny jest równoważna funkcji celu, którą nasz algorytm ma minimalizować/maksymalizować, nie jest to jednak regułą.
- **Operator krzyżowania** - jest jednym z operatorów używanych do generowania kolejnego pokolenia w algorytmach ewolucyjnych. Z założenia przyjmuje on jako argumenty dwa lub więcej rozwiązań (rodziców) i generuje na ich podstawie nowe (dzieci), które łączą w sobie cechy rodziców.

[TODO: przykład]

- **Operator mutacji** - jest drugim z operatorów używanych do generowania następnych pokoleń w algorytmach ewolucyjnych. Jego celem jest poszerzenie obszaru przeszukiwanych rozwiązań. Ten operator powinien wprowadzać minimalną zmianę w rozwiązaniu, co zapobiega zbyt szybkiej zbieżności algorytmu i pozwala na wprowadzenie dodatkowej różnorodności w populacji. Należy pamiętać o tym, że wprowadzana zmiana nie może być za duża, bo może to prowadzić do odwrotnego rezultatu, czyli zamiast różnicować rozwiązania nasz operator może je niszczyć.

[TODO: przykład]

- **Selekcja** - określa sposób wyboru rodziców na których użyjemy operatora krzyżowania. Istnieje wiele opisanych metod selekcji[3] takich jak np. metoda koła ruletki czy metoda rankingowa. Przy tworzeniu procedury selekcji należy pamiętać o tym, że rozwiązania lepiej przystosowane powinny mieć większe szanse na zostanie rodzicami dla kolejnego pokolenia. Zapewnia to większe szanse na wygenerowanie lepszych dzieci do następnej generacji.

[TODO: przykład]

- **Wybór następnego pokolenia** - ostateczny krok algorytmu, w którym wybieramy które osobniki wejdą w skład populacji początkowej w kolejnej iteracji algorytmu. Podstawową składową tej populacji powinny być oczywiście osobniki wygenerowane za pomocą krzyżowania. Często stosowaną praktyką jest również przepisywanie części najlepszych rozwiązań oraz kilku losowo wybranych z poprzedniego pokolenia.
- **Parametry algorytmu** - do standardowych parametrów należą wielkość populacji, prawdopodobieństwo krzyżowania oraz prawdopodobieństwo mutacji. Odpowiedni dobór parametrów ma kluczowe znaczenie dla efektywności oraz szybkości algorytmu.

W kolejnych sekcjach proponujemy algorytm ewolucyjny przystosowany dla zadania transportowego oparty na algorytmie zaprezentowanym przez dr. Zbigniewa Michalewicza[2].

3.2 Reprezentacja chromosomu

W opisywanym algorytmie jako reprezentacje rozwiązania przyjęto macierz:

$$V = (v_{ij}), \text{ gdzie } 1 \leq i \leq \text{length}(\text{supply}) \wedge 1 \leq j \leq \text{length}(\text{demand})$$

Rozwiązanie jest zakodowane w taki sposób, że komórka macierzy o indeksie $[i, j]$ określa ilość transportowanego towaru między i -tym punktem nadania i j -tym punktem odbioru. Jest to jedna z najbardziej naturalnych reprezentacji rozwiązania dla zadania transportowego.



	s_1	s_2	s_3	s_4	s_5	$demand$
d_1	0.0	7.0	5.0	0.0	0.0	12.0
d_2	5.0	0.0	0.0	0.0	5.0	10.0
d_3	3.0	0.0	0.0	0.0	0.0	3.0
d_4	0.0	0.0	0.0	3.0	7.0	10.0
d_5	2.0	0.0	0.0	10.0	0.0	12.0
$supply$	10.0	7.0	5.0	13.0	12.0	

Tablica 3.1: Przykładowe rozwiązanie.

Aby ograniczenia zadania zostały zachowane macierz rozwiązania musi spełniać następujące warunki:

$$\sum_{j=1}^m v_{ij} = supply[i], \text{ dla } i = 1, 2, \dots, n, \text{ gdzie } n = length(supply)$$

$$\sum_{i=1}^n v_{ij} = demand[j], \text{ dla } j = 1, 2, \dots, m, \text{ gdzie } m = length(demand)$$

$$v_{ij} \geq 0, \text{ dla } i = 1, 2, \dots, n \text{ i } j = 1, 2, \dots, m$$

3.3 Inicjalizacja chromosomu

Projektując procedurę inicjalizacji rozwiązania musimy pamiętać o tym, żeby generowane rozwiązania spełniały ograniczenia przedstawione w poprzedniej sekcji oraz obejmowały jak największą część przestrzeni wszystkich rozwiązań. Zaproponowana procedura przyjmuje jako argumenty wektory popytu i podaży. Iterując po kolejnych, losowych komórkach macierzy przypisujemy im wartość $val = \min(supply[i], demand[j])$, gdzie i, j są indeksami wylosowanej komórki macierzy, a $supply[i]$ oraz $demand[j]$ odpowiadającymi im wartościami w wektorach popytu i podaży. Następnie zmniejszamy wartości w wektorach o wpisaną wartość val . W ten sposób ograniczenia zadania zostają spełnione. Wygenerowane rozwiązania są wierzchołkami sympleksu, opisującego wypukły brzeg przestrzeni dopuszczalnych rozwiązań.

Pseudokod 3.2: Procedura inicjalizacji chromosomu

Data: $supply$ - wektor popytu rozmiaru n , $demand$ - wektor podaży rozmiaru m

Result: V - zainicjalizowana macierz

```

1  $V \leftarrow zeros(n, m);$  /* generujemy macierz zerową rozmiaru  $n \times m$  */
2  $indices \leftarrow$  lista wszystkich indeksów macierzy  $V$  w losowej kolejności;
3 for  $(s, d) \in indices$  do
4    $val \leftarrow \min(demand[d], supply[s]);$ 
5    $demand[d] \leftarrow demand[d] - val;$ 
6    $supply[s] \leftarrow supply[s] - val;$ 
7    $V[s, d] \leftarrow val;$ 
8 return  $V$ 
```

[TODO: Przykład zastosowania]

3.4 Operator krzyżowania

Operator krzyżowania został zdefiniowany jako kombinacja wypukła dwóch rodziców. W ten sposób w wyniku jednego krzyżowania powstają dwa nowe rozwiązania.

Pseudokod 3.3: Operator krzyżowania

Data: P_1, P_2 - rodzice wybrani do krzyżowania

Result: O_1, O_2 - otrzymane dzieci

```
1  $c_1 \leftarrow rand(0, \dots, 1);$  /* losujemy liczbę z przedziału [0,1] */
2  $c_2 \leftarrow 1.0 - c_1;$ 
3  $O_1 \leftarrow c_1 * P_1 + c_2 * P_2;$ 
4  $O_2 \leftarrow c_2 * P_1 + c_1 * P_2;$ 
5 return ( $O_1, O_2$ );
```

Zdefiniowany tak operator krzyżowania nie narusza ograniczeń zadania, ponieważ przestrzeń rozwiązań jest wypukła. Wynika z tego, że jeśli rodzice spełniali ograniczenia, to otrzymane w ten sposób dzieci również muszą spełniać ograniczenia.

[TODO: Przykład zastosowania]

3.5 Operator mutacji

Operator mutacji opiera się na modyfikacji rozwiązania poprzez wybranie z niego podmacierzy i jej ponowną inicjalizację (patrz 4). Załóżmy, że mamy n punktów nadania i m punktów odbioru. Wybierzmy jako kandydata do mutacji macierz $V = (v_{ij})$, gdzie $1 \leq i \leq n$ i $1 \leq j \leq m$. Podmacierz $W = w_{ij}$ jest tworzona w następujący sposób:

- Losujemy podzbiór k indeksów $\{i_1, \dots, i_k\}$ ze zbioru $\{1, \dots, n\}$ oraz podzbiór l indeksów $\{j_1, \dots, j_l\}$ ze zbioru $\{1, \dots, m\}$, $2 \leq k \leq n$ i $2 \leq l \leq m$.
- Tworzymy podmacierz W składającą się z takich elementów macierzy V , które zostały wylosowane, tzn. element $v_{ij} \in V$ zostaje włączony do podmacierzy W tylko jeśli $i \in \{i_1, \dots, i_k\}$ oraz $j \in \{j_1, \dots, j_l\}$.

Dla stworzonej macierzy W tworzymy nowe wektory $demand_W$ i $supply_W$ w następujący sposób:

$$supply_W[i] = \sum_{j \in \{j_1, \dots, j_l\}} v_{ij}, \text{ dla } 1 \leq i \leq k$$

$$demand_W[j] = \sum_{i \in \{i_1, \dots, i_k\}} v_{ij}, \text{ dla } 1 \leq j \leq l$$

Następnie na nowo inicjalizujemy podmacierz W macierzy V używając stworzonych wektorów $demand_W$ oraz $supply_W$ do określenia popytu i podaży w wybranych punktach nadania i odbioru. Po zakończeniu



inicjalizacji przepisujemy wartości z podmacierzy W z powrotem w odpowiadające miejsca macierzy V .

Pseudokod 3.4: Operator mutacji

Data: V - osobnik wybrany do mutacji wielkości $n \times m$, k, l - wielkość podmacierzy

Result: V - osobnik po mutacji

```

1  $supply\_idx \leftarrow$  wylosuj podzbiór długości  $k$  ze zbioru  $\{1, \dots, n\}$ ;
2  $demand\_idx \leftarrow$  wylosuj podzbiór długości  $l$  ze zbioru  $\{1, \dots, m\}$ ;
3  $W \leftarrow zeros(k, l)$ ; /* generujemy macierz zerową rozmiaru  $k \times l$  */
4 for  $i \in \{1, \dots, k\}$  do
5   for  $j \in \{1, \dots, l\}$  do
6      $W[i, j] \leftarrow V[demand\_idx[j], supply\_idx[i]]$ ;
7  $supply\_vec \leftarrow zeros(k)$ ; /* generujemy wektor zerowy długości  $k$  */
8  $demand\_vec \leftarrow zeros(l)$ ; /* generujemy wektor zerowy długości  $l$  */
9 for  $i \in supply\_idx$  do
10    $supply\_vec[i] \leftarrow \sum_{j \in demand\_idx} V[i, j]$ ;
11 for  $j \in demand\_idx$  do
12    $demand\_vec[j] \leftarrow \sum_{i \in supply\_idx} V[i, j]$ ;
13  $W \leftarrow inicjalizacja(W, demand\_vec, supply\_vec)$ ;
14 for  $i \in \{1, \dots, k\}$  do
15   for  $j \in \{1, \dots, l\}$  do
16      $V[demand\_idx[j], supply\_idx[i]] \leftarrow W[i, j]$ ;
17 return  $V$ 

```

Zdefiniowano dwa operatory mutacji. Różnią się one jedynie procedurą inicjalizacji. W pierwszym używamy tej samej procedury, którą inicjalizujemy nowe chromosomy podczas generowania populacji początkowej (patrz 2). Druga jest modyfikacją tej procedury. Modyfikacja polega na tym, że zamiast wybierać jako wartość pola $val = \min(demand[j], supply[i])$ wybieramy liczbę z zakresu $[0, val]$. Zmiana ta powoduje, że otrzymana macierz może naruszać ograniczenia zadania, dlatego po wstępnym wyznaczeniu wartości naprawiamy rozwiązanie poprzez zrobienie wymaganych dodawań w taki sposób, żeby rozwiązanie spełniało ograniczenia.

Poniżej przedstawiono schemat zmodyfikowanej procedury inicjalizacji w postaci pseudokodu.

Pseudokod 3.5: Zmodyfikowana procedura inicjalizacji

Data: $supply$ - wektor podaży rozmiaru n , $demand$ - wektor popytu rozmiaru m

Result: V - zainicjalizowana macierz

```

1  $V \leftarrow zeros(n, m)$ ; /* generujemy macierz zerową rozmiaru  $n \times m$  */
2  $indices \leftarrow$  lista wszystkich indeksów macierzy  $V$  w losowej kolejności;
3 for  $(s, d) \in indices$  do
4    $val \leftarrow$  wartość z przedziału  $[0, \min(demand[d], supply[s])]$ ;
5    $demand[d] \leftarrow demand[d] - val$ ;
6    $supply[s] \leftarrow supply[s] - val$ ;
7    $V[s, d] \leftarrow val$ ;
8 for  $(s, d) \in indices$  do
9    $val \leftarrow \min(demand[d], supply[s])$ ;
10   $demand[d] \leftarrow demand[d] - val$ ;
11   $supply[s] \leftarrow supply[s] - val$ ;
12   $V[s, d] \leftarrow V[s, d] + val$ ;
13 return  $V$ 

```

[TODO: Przykład zastosowania]

3.6 Funkcje oceny

W przypadku omawianego problemu funkcja oceny jest równoważna funkcji celu dla zadania transportowego. Powinna więc mieć postać:

$$\sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^m f(v_{ij})$$

, gdzie $f(v_{ij})$ jest dowolną funkcją przyjmującą jako argument ilość towaru transportowanego między punktami i oraz j .

[TODO: Przykłady funkcji oceny użytych w części eksperymentalnej + wykresy]

3.7 Metoda selekcji

W algorytmie zastosowano standardową metodę selekcji - metodę koła ruletki. W tej metodzie lepiej przystosowane osobniki mają odpowiednio większe szanse na to, że zostaną wybrane do puli rodziców dla następnej generacji. Polega ona na tym, że dla każdego osobnika z populacji przyporzątkowujemy odpowiednio duży wycinek koła. Wielkość wycinka zależy od wartości funkcji przystosowania, jaką osiągnął dany chromosom. Następnie losujemy kołem tyle razy, ile rodziców chcemy otrzymać. Metoda ta pozwala na to, że jeden osobnik zostanie wybrany na rodzica kilkukrotnie.

Bardziej formalnie procedura została przedstawiona na poniższym pseudokodzie.

Pseudokod 3.6: Procedura selekcji

Data: *population* - populacja chromosomów, n - ilość rodziców do wybrania

Result: *parents* - wektor wybranych rodziców

```
1 parents ← stwórz pusty wektor długości  $n$ ;  
2  $k \leftarrow \text{length}(\text{population})$ ;  
3 wheel ← zeros( $k$ ); /* Generujemy wektor zerowy długości  $n$  */  
4 total ←  $\sum_{i=1}^k \text{population}[i].\text{cost}$ ;  
5 wheel[1] ←  $\text{population}[1].\text{cost}/\text{total}$ ;  
6 for  $i \in 2, \dots, k$  do  
7    $\text{wheel}[i] \leftarrow \text{population}[i].\text{cost}/\text{total} + \text{wheel}[i - 1]$ ;  
8 for  $i \in 1, \dots, n$  do  
9    $\text{num} \leftarrow \text{rand}(0, \dots, 1)$ ; /* losujemy wycinek koła */  
10  selectedIdx ← wybierz pierwszy taki  $x$ , że  $x \leq \text{num}$ ;  
11  parents[ $i$ ] ← population[selectedIdx];  
12 return parents
```

[TODO: przykład]

3.8 Wersja równoległa

Zaprojektowany w ten sposób algorytm możemy w dość łatwy sposób zrównoleglić. Przyjźmy się jeszcze raz jego strukturze. Bazą algorytmu jest populacja, która ewoluuje tworząc coraz lepsze, bardziej przystosowane rozwiązania. Zauważmy, że składa się ona z określonej liczby osobników, które są od siebie niezależne, to znaczy, że operacje wykonane na jednym osobniku populacji nie wpływają na inne osobniki. Przykładowo obliczając wartość funkcji przystosowania dla całej populacji nie musimy się martwić o kolejność w jakiej będziemy wybierać osobniki. Możemy więc podzielić populację na mniejsze części i następnie zlecić obliczenie funkcji przystosowania poszczególnych części pojedynczym wątkom. W ten sposób, wszystkie części mogą być obliczane w tym samym czasie, co powinno skutkować skróceniem czasu całkowitych obliczeń dla całej populacji.



[TODO: obrazek przedstawiający proces]

Podobnie możemy postąpić w przypadku zastosowania operatorów genetycznych, które również wpływają tylko na poszczególne osobniki, a nie całą populację.

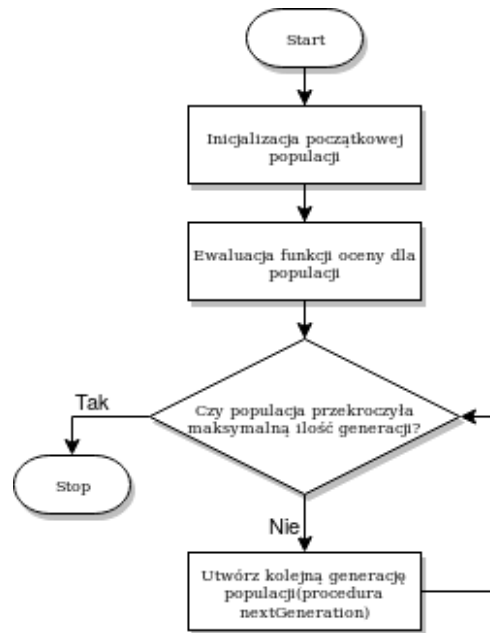
Kolejną opcją zrównoleglenia jest podział populacji na kilka mniejszych, które przez określoną liczbę pokoleń mogą ewoluować niezależnie od siebie. Dodatkowo dzięki temu, że częściowe populacje ewoluują niezależnie od siebie, mogą one przeszukiwać osobne części przestrzeni rozwiązań, co może pozytywnie wpłynąć na ostateczne rozwiązanie znalezione przez algorytm[4].

3.8.1 Modele algorytmu

Zaproponujmy i opiszmy dwa modele dla algorytmu:

- Klasyczny
- Wyspowy

Na początku procedura inicjalizacji generuje losową populację o określonej liczbie osobników i oblicza wartość funkcji oceny dla każdego z nich. Następnie przechodzimy do głównej pętli algorytmu, która kończy się w momencie kiedy populacja osiągnie maksymalną ilość generacji. Każdy z trybów różni się przebiegiem procedury *nextGeneration*(patrz 3.2), która tworzy nową generację osobników.



Rysunek 3.2: Przebieg zaimplementowanego algorytmu ewolucyjnego

Model klasyczny nie różni się wiele od standardowego algorytmu ewolucyjnego. Mamy tutaj jedną populację, która ewoluuje przez określoną przy starcie liczbę pokoleń. Wszystkie dostępne parametry algorytmu oraz ich dopuszczalne wartości opisane są w dalszej części pracy, w sekcji *Pliki konfiguracyjne*.

W modelu klasycznym zrównoleglenie odbywa się na poziomie pojedynczej iteracji(patrz 3.3). Ewolucję populacji możemy podzielić tutaj na dwie części:

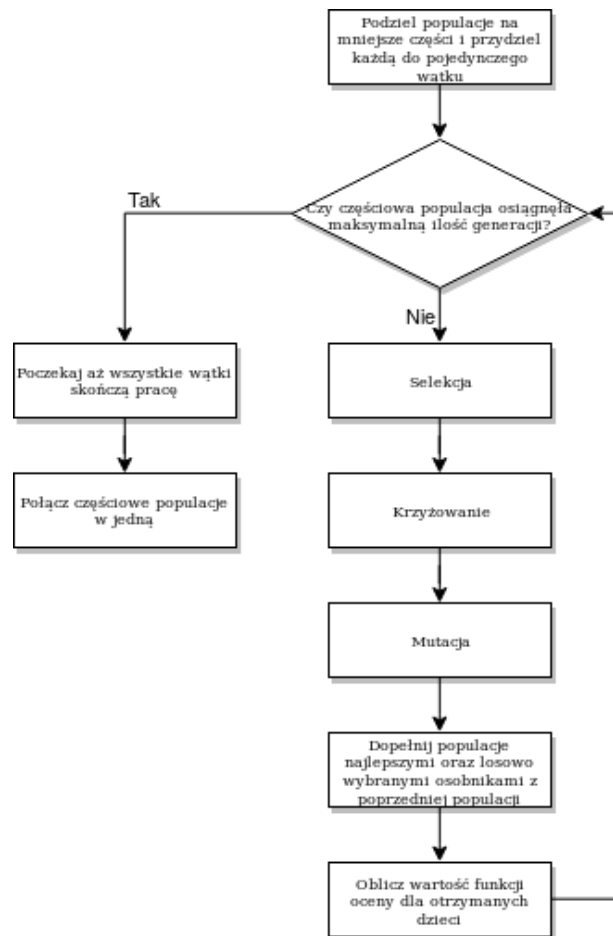
- **Krzyżowanie** - w tej części między wątki rozdzielani są rodzice wybrani do krzyżowania. Następnie każdy z wątków generuje swoją część dzieci oraz z określonym prawdopodobieństwem stosuje na nich operator mutacji i ostatecznie oblicza dla nich wartość funkcji oceny. Dzieci są dodawane do kolejnej populacji.
- **Dopełnienie populacji** - w tej części do kolejnej populacji przepisywana jest część najlepszych rozwiązań oraz losowo wybranych osobników z poprzedniej populacji. Następnie te dodane osobniki są poddawane mutacji i obliczana jest dla nich funkcja oceny.



Rysunek 3.3: Przebieg procedury nextGeneration dla modelu klasycznego

Model wyspowy różni się od klasycznego podejścia tym, że całkowita populacja jest tutaj rozdzielana na kilka mniejszych. Następnie każda z populacji częściowych ewoluuje niezależnie od innych przez określoną liczbę pokoleń. Po zakończeniu tego procesu wszystkie częściowe populacje są na nowo łączone w jedną. Następnie najlepsze rozwiązywanie jest zapisywane, a populacja zostaje na nowo podzielona na kilka mniejszych i cały proces się powtarza, do momentu w którym ilość generacji przekroczy określoną na początku liczbę. Na końcu najlepsze znalezione rozwiązanie jest zwracane.

W tym modelu zrównoleglenie obliczeń polega na tym, że przy każdym podziale populacji jeden wątek zarządza pojedynczą częścią populacji (patrz 3.4). Model ten skaluje się lepiej niż model klasyczny ze względu na to, że podzadania przydzielane wątkom są większe. Minusem jest tutaj to, że populacja musi być odpowiednio duża, żeby jej podział na mniejsze części się sprawdził.



Rysunek 3.4: Przebieg procedury nextGeneration dla modelu wyspowego

3.9 Parametry algorytmu

Opiszmy teraz krótko jakie parametry muszą zostać określone dla prezentowanego algorytmu i o czym będą decydować.

- *populationSize* - rozmiar całkowitej populacji.
- *eliteProc* - ułamek najlepszych rozwiązań, które zostają przepisane do następnego pokolenia.
- *mutationProb* - prawdopodobieństwo mutacji.
- *mutationRate* - wielkość mutacji, określa stosunek rozmiaru podmacierzy, wybieranej do ponownej inicjalizacji podczas mutacji, do macierzy rozwiązania.
- *crossoverProb* - prawdopodobieństwo krzyżowania. Należy pamiętać o tym, że suma parametrów *eliteProc* i *crossoverProb* nie może być większa niż 1.
- *mode* - tryb w jakim ma działać algorytm. Określa wybrany model ewolucji.
- *numberOfSeparateGenerations* - określa ilość iteracji jakie wykona algorytm pomiędzy rozdzieleniem populacji na mniejsze części, a ponownym jej scaleniem. Ma wpływ jedynie na model wyspowy.

Wyniki eksperymentalne

4.1 Dobór parametrów dla algorytmu

4.2 Model klasyczny algorytmu ewolucyjnego

4.3 Model wyspowy algorytmu ewolucyjnego

4.4 Porównanie modelu klasycznego i wyspowego



Podsumowanie

W tym rozdziale znajdzie się podsumowanie pracy.



Bibliografia

- [1] S. J.K. *Linear Programming and Its Applications*. Springer, New York, NY, 1989.
- [2] Z. Michalewicz. *Algorytmy genetyczne + struktury danych = programy ewolucyjne*. WNT, 2003.
- [3] N. Saini. Review of selection methods in genetic algorithms. *International Journal of Engineering and Computer Science*, 6(12):22261–22263, Dec. 2017.
- [4] D. Whitley, S. Rana, R. Heckendorn. The island model genetic algorithm: On separability, population size and convergence. *Journal of Computing and Information Technology*, 7, 12 1998.



Zawartość płyty CD

W tym rozdziale należy krótko omówić zawartość dołączonej płyty CD.

