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

Wstęp

W niniejszej pracy przedstawiono ewolucyjne podejście do rozwiązywania zadania transportowego. Pokazano w niej elementy, z których składa się algorytm ewolucyjny, oraz przedstawiono zasadę jego działania. Następnie pokazano w jaki sposób można dostosować algorytm pod konkretny problem jakim jest omawiane zadanie transportowe. W tym celu zastosowano niestandardową reprezentację rozwiązania, oraz dostosowano do niej operatory mutacji i krzyżowania w taki sposób, żeby ich użycie nie naruszało ograniczeń zadania. W celu uzyskania lepszych wyników czasowych zaproponowano dwa modele zrównoleglenia algorytmu.

Praca została podzielona na dwie części. Pierwsza z nich składa się z rodziałów „Analiza problemu" oraz „Ewolucyjne podejście do nieliniowego zadania transportowego". Przedstawiono w niej problem transportowy i w sposób teoretyczny opisano budowę prezentowanego algorytmu. Znajduje się w tutaj też opis użytych rozwiązań wraz z pseudokodem i przykładami, które w przejrzysty sposób pokazują zasadę ich działania. W drugiej części, w rozdziale zatytułowanym „Wyniki eksperymentalne" przeprowadzono analizę eksperymentalną algorytmu ewolucyjnego, w której między innymi porównano go z dostępnymi solverami służącymi do optymalizacji. Pokazano również jaki zysk daje wprowadzenie opisanych modeli zrównoleglenia.

Do implementacji opisanego rozwiązania użyto języka Julia w wersji 1.3. Szczegóły dotyczące implementacji znajdują się w dodatku A. Wykresy przedstawione w części eksperymentalnej zostały stworzone przy użyciu bibliotyki *PyPlot*. Dostęp do solverów był możliwy dzięki serwisowi NEOS, który został opsiany na początku rozdziału 4.

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:

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

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

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

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 $f_{ij}(x_{ij}) = c_{ij}x_{ij}$, gdzie c_{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[7].

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. Dla n punktów nadania i m punktów odbioru możemy zdefiniować taki graf skierowany, który ma $n + m$ wierzchołków, gdzie n wierzchołków odpowiada punktom nadania, oraz m wierzchołków odpowiada punktom odbioru. Wierzchołki są połączone krawędziami w taki sposób, że każdy z wierzchołków nadania posiada m krawędzi, po jednej skierowanej do każdego z wierzchołków odbioru. Koszt na krawędzi jest kosztem jednostkowym przewozu towaru. Możemy je więc łatwo sprowadzić do zadania największego przepływu[8].

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[4, 11]. 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.

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**.

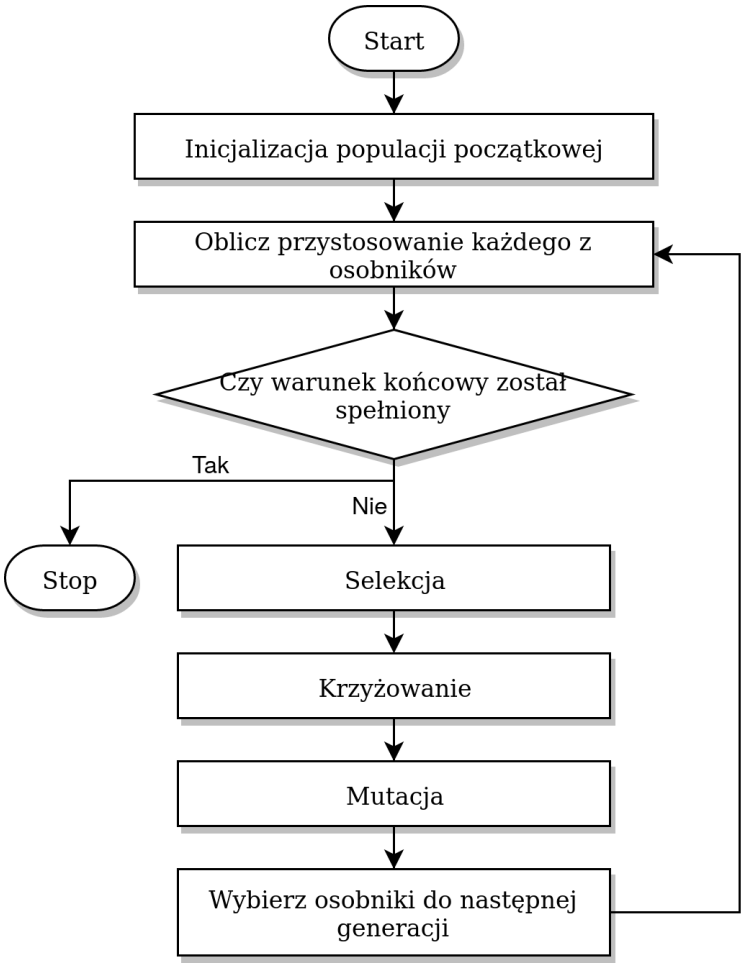
Na początku działania algorytmu generowana jest w sposób losowy populacja startowa. Procedurę generowania pojedynczego osobnika lub całej populacji nazywać będziemy **inicjalizacją**. Następnie na przestrzeni pokoleń(iteracji algorytmu) populacja ewoluuje generując coraz lepsze rozwiązania. W każdej 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 wczesniej 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 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 ← 0;
4  inicjalizacja P_t;
5  while Warunek końcowy nie został spełniony do
6  |  parents ← selekcja z P_t;
7  |  O_{t+1} ← zastosuj operator krzyżowania na parents;
8  |  O_{t+1} ← zastosuj operator mutacji na O_{t+1};
9  |  P_{t+1} ← wybierz osobniki do następnej generacji z O_{t+1};
10 |  t ← t + 1;
11 return najlepszy osobnik z P_t;
```



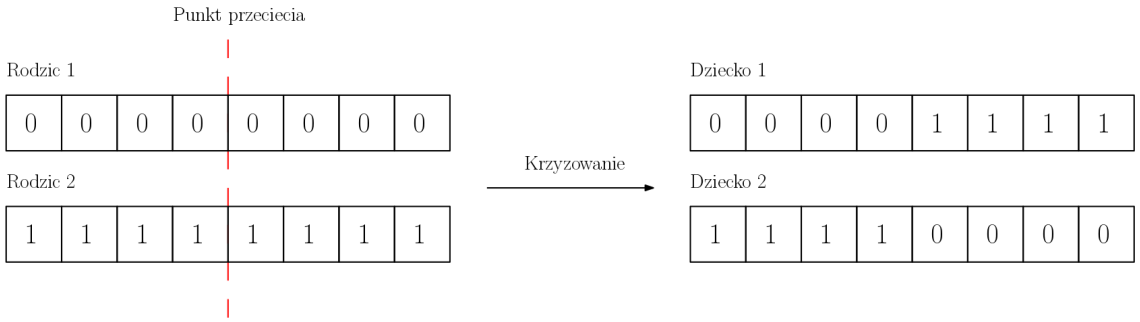
Rysunek 3.1: Ogólny schemat działania algorytmu ewolucyjnego

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

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



Rysunek 3.2: Przykład krzyżowania przez rozcięcie.

- **Operator mutacji** - jest drugim z operatorów używanych do generowania następnych pokoleń w algorytmach ewolucyjnych. Jego celem jest poszerzene 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.

Rysunek 3.3: Przykład mutacji przez zanegowanie jednego bitu w rozwiązaniu.

- **Selekcja** - określa sposób wyboru rodziców na których użyjemy operatora krzyżowania. Istnieje wiele opisanych metod selekcji[10] 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.
- **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 pomącą 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 zaproponujemy algorytm ewolucyjny przystosowany do zadania transportowego, oparty na algorytmie zaprezentowanym przez dr. Zbigniewa Michalewicza[9].

3.2 Reprezentacja chromosomu

W opisywanym algorytmie jako reprezentacje rozwiązania przyjęto macierz:

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

Rozwiązanie jest zakodowane w taki sposób, że komórka macierzy o indeksie $[i, j]$ określa ilość transportowanego towaru między i-tym punketm 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:

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

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

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

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

Wejście: *supply* - wektor popytu rozmiaru n, *demand* - wektor podaży rozmiaru m
Wyjście: V - zainicjalizowana macierz

```
1 V ← zeros(n, m);                    /* generujemy macierz zerową rozmiaru n × m */
2 indices ← lista wszystkich indeksów macierzy V w losowej kolejności;
3 for (s, d) ∈ indices do
4 |   val ← min(demand[d], supply[s]);
5 |   demand[d] ← demand[d] − val;
6 |   supply[s] ← supply[s] − val;
7 |   V[s, d] ← val;
8 return V
```

Przykład 3.1 *Przyklad inicjalizacji dla 3 dostawców i 2 odbiorców.*

1. *Weźmy następujące wektory popytu i podaży:*

$$demand = [10, 12]$$

$$supply = [8, 7, 7]$$

2. *Wygenerujmy zerową macierz rozwiązania* V*.*

$$V = \begin{bmatrix} 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{bmatrix}$$

3. *Wygenerujmy losowy wektor permutacji wszystkich indeksów macierzy rozwiązania.*

$$indices = [(1,1), (3,2), (1,2), (2,1), (3,1), (2,2)]$$

4. *Zainicjalizujmy komórki macierzy* $V[s,d] = \min(supply[s], demand[d])$*, gdzie* $(s,d) \in indices$

$$\begin{bmatrix} 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{bmatrix} \rightarrow^{(1,1)} \begin{bmatrix} \boldsymbol{8} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{bmatrix} \rightarrow^{(3,2)} \begin{bmatrix} 8 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \boldsymbol{7} \end{bmatrix} \rightarrow^{(1,2)} \begin{bmatrix} 8 & 0 & 0 \\ \boldsymbol{0} & 0 & 7 \end{bmatrix} \rightarrow^{(2,1)}$$

$$\begin{bmatrix} 8 & \boldsymbol{2} & 0 \\ 0 & 0 & 7 \end{bmatrix} \rightarrow^{(3,1)} \begin{bmatrix} 8 & 2 & \boldsymbol{0} \\ 0 & 0 & 7 \end{bmatrix} \rightarrow^{(2,2)} \begin{bmatrix} 8 & 2 & 0 \\ 0 & \boldsymbol{5} & 7 \end{bmatrix}$$

5. *W tym momencie kończymy procedurę inicjalizacji, nasza macierz rozwiązania ma postać:*

$$V = \begin{bmatrix} 8 & 2 & 0 \\ 0 & 5 & 7 \end{bmatrix}$$

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

Wejście: P_1, P_2 - rodzice wybrani do krzyżowania
Wyjście: O_1, O_2 - otrzymane dzieci

```
1 c1 ← rand(0,...,1);          /* losujemy liczbę z przedziału [0,1] */
2 c2 ← 1.0 − c1;
3 O1 ← c1 * P1 + c2 * P2;
4 O2 ← c2 * P1 + c1 * P2;
5 return (O1, O2);
```

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.

Przykład 3.2 *Przykład zastowania operatora krzyżowania dla macierzy rozwiązania rozmiaru* 3×2*.*

1. *Wybierzmy rodziców do krzyżowania:*

$$P_1 = \begin{bmatrix} 8 & 2 & 0 \\ 0 & 5 & 7 \end{bmatrix}$$

$$P_2 = \begin{bmatrix} 0 & 3 & 7 \\ 8 & 4 & 0 \end{bmatrix}$$

2. *Wylosujmy współczynniki* $c_1 = 0.6$ *oraz* $c_2 = 1 - c_1 = 0.4$
3. *Zastosujmy krzyżowanie.*

$$O_1 = 0.6\begin{bmatrix}8 & 2 & 0\\ 0 & 5 & 7\end{bmatrix} + 0.4\begin{bmatrix}0 & 3 & 7\\ 8 & 4 & 0\end{bmatrix} = \begin{bmatrix}4.8 & 2.4 & 2.8\\ 3.2 & 4.6 & 4.2\end{bmatrix}$$
$$O_2 = 0.4\begin{bmatrix}8 & 2 & 0\\ 0 & 5 & 7\end{bmatrix} + 0.6\begin{bmatrix}0 & 3 & 7\\ 8 & 4 & 0\end{bmatrix} = \begin{bmatrix}3.2 & 2.6 & 4.2\\ 4.8 & 4.4 & 2.8\end{bmatrix}$$

3.5 Operator mutacji

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

- Losujemy podzbiór k indeksów $\{i_1, \ldots, i_k\}$ ze zbioru $\{1, \ldots, n\}$ oraz podzbiór l indeksów $\{j_1, \ldots, j_l\}$ ze zbioru $\{1, \ldots, m\}$, $2 \leqslant k \leqslant n$ i $2 \leqslant l \leqslant m$.
- 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 $i \in \{i_1, \ldots, i_n\}$ oraz $j \in \{j_1, \ldots, j_l\}$.

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

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

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

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

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

```
1  supply_idx ← wylosuj podzbiór długości k ze zbioru {1,...,n};
2  demand_idx ← wylosuj podzbiór długości l ze zbioru {1,...,m};
3  W ← zeros(k,l);                          /* generujemy macierz zerową rozmiaru k × l */
4  for i ∈ {1,...,k} do
5      for j ∈ {1,...,l} do
6          W[i,j] ← V[demand_idx[j], supply_idx[i]];
7  supply_vec ← zeros(k);                   /* generujemy wektor zerowy długości k */
8  demand_vec ← zeros(l);                   /* generujemy wektor zerowy długości l */
9  for i ∈ supply_idx do
10     supply_vec[i] ← Σ_{j∈demand_idx} V[i,j];
11 for j ∈ demand_idx do
12     demand_vec[j] ← Σ_{i∈supply_idx} V[i,j];
13 W ← inicjalizacja(W, demand_vec, supply_vec);
14 for i ∈ {1,...,k} do
15     for j ∈ {1,...,l} do
16         V[demand_idx[j], supply_idx[i]] ← 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

Wejście: *supply* - wektor podaży rozmiaru n, *demand* - wektor popytu rozmiaru m
Wyjście: V - zainicjalizowana macierz

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

[TODO: przykład]

3.6 Funkcje oceny

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

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

, gdzie $f(v_{ij})$ jest dowolną funkcją przyjmującą jako argument ilość towaru transportowanego między punktami i oraz j. Bierzemy odwrotnośc, ponieważ chemy minimalizować funkcję celu, tzn. im mniejszy koszt osobnika, tym większa wartość funkcji przystosowania.

Przykładowe funkcje celu znajdują się w części eksperymentalnej.

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 przyporządkowujemy 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

Wejście: *population* - populacja chromosomów, n - ilość rodziców do wybrania
Wyjście: *parents* - wektor wybranych rodziców

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

Przykład 3.3 *Przykład konstrukcji koła ruletki dla populacji 5 osobników.*

Weźmy populację liczącą 5 osobników $V_1, \ldots, V_5$. Niech wartość funkcji przystosowania dla osobnika V_i będzie równa c_i.

Załużmy, że $c_1 = 5, c_2 = 10, c_3 = 15, c_4 = 20, c_5 = 25$.

1. Tworzymy zerowy wektor o długości równej wielkości populacji, czyli w naszym wypadku długości 5.

$$wheel = [0, 0, 0, 0, 0]$$

2. Sumujemy wartość funkcji przystosowania wszystkich osobników w populacji.

$$total = \sum_{i=1}^{5} c_i = 75$$

3. Obliczamy kolejne przedziały dla każdego z osobników.

$$wheel[1] = c_1/total = 0.0667$$

$$wheel[2] = c_2/total + wheel[1] = 0.1333 + 0.0667 = 0.2$$

$$wheel[3] = c_3/total + wheel[2] = 0.2 + 0.2 = 0.4$$

$$wheel[4] = c_4/total + wheel[3] = 0.2667 + 0.4 = 0.6667$$

$$wheel[5] = c_5/total + wheel[4] = 0.3333 + 0.6667 = 1$$

4. Ostatecznie nasze koło ma postać $wheel = [0.0667, 0.2, 0.4, 0.6667, 1]$

Teraz, aby wybrać rodzica losujemy liczbę z zakresu $[0, 1]$ i wybieramy osobnika, w którego przedziale znajduje się wylosowana liczba, np. załużmy, że wylosowaliśmy liczbe $r = 0.5$. Szukamy wtedy takiej liczby w naszym wektorze wheel takiej liczby, $x \geqslant r$, która będzie najbliższa naszemu r. W naszym przypadku jest to 0.6667. Indeks wybranego rodzica jest indeksem na którym znajduje się x, czyli w tym wypadku $idx = 4$. Wybieramy więc jako rodzica osobnika V_4.

Możemy łatwo zauważyć, że losując rodziców w ten sposób, osobniki z większą wartością funkcji przystosowania mają większe przedziały na kole ruletki, a co za tym idzie mają wieksze szanse na to, że zostaną wybrane.

3.8 Wersja równoległa

Zaprojektowany w ten sposób algorytm możemy w dość łatwy sposób zrównoleglić. Przyjżyjmy 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 populacje 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.

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

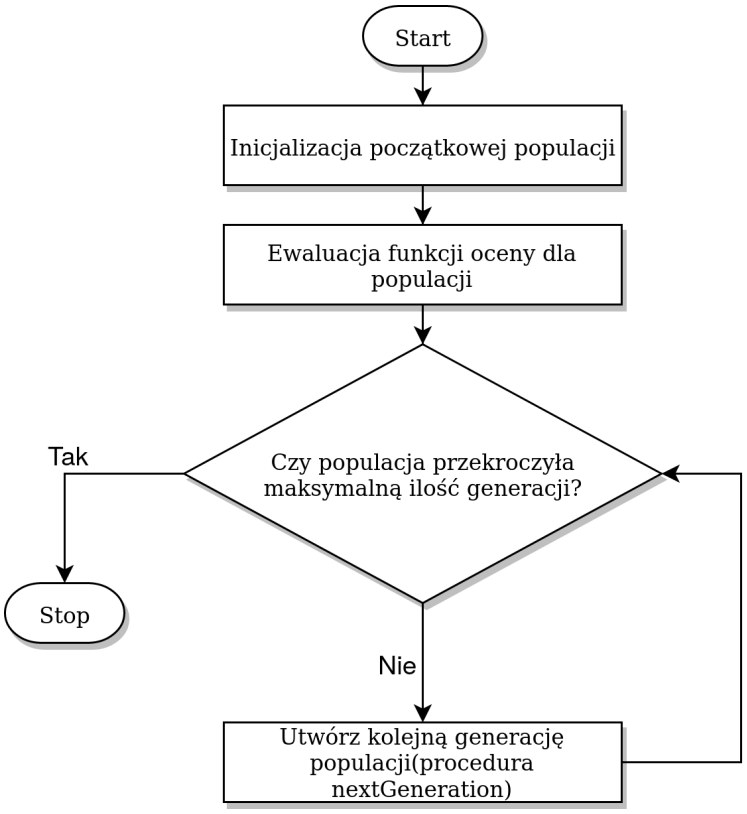
Kolejną opcją zrównoleglenia jest podział populacji na kilka mniejszych, które przez określoną liczbę pokoleń mogą ewoluować niezależnie od siebie. Dodatkowo dzięki temu, że częściowe populacje ewoluują niezależnie od siebie, mogą one przeszukiwać osobne części przestrzeni rozwiązań, co może pozytywnie wpłynąć na ostateczne rozwiązanie znalezione przez algorytm[12].

3.8.1 Modele algorytmu

Zaproponujmy i opiszmy dwa modele dla algorytmu:

- Klasyczny
- Wyspowy

Na początku procedura inicjalizacji generuje losową populacje 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 3.4), która tworzy nową generacje osobników.

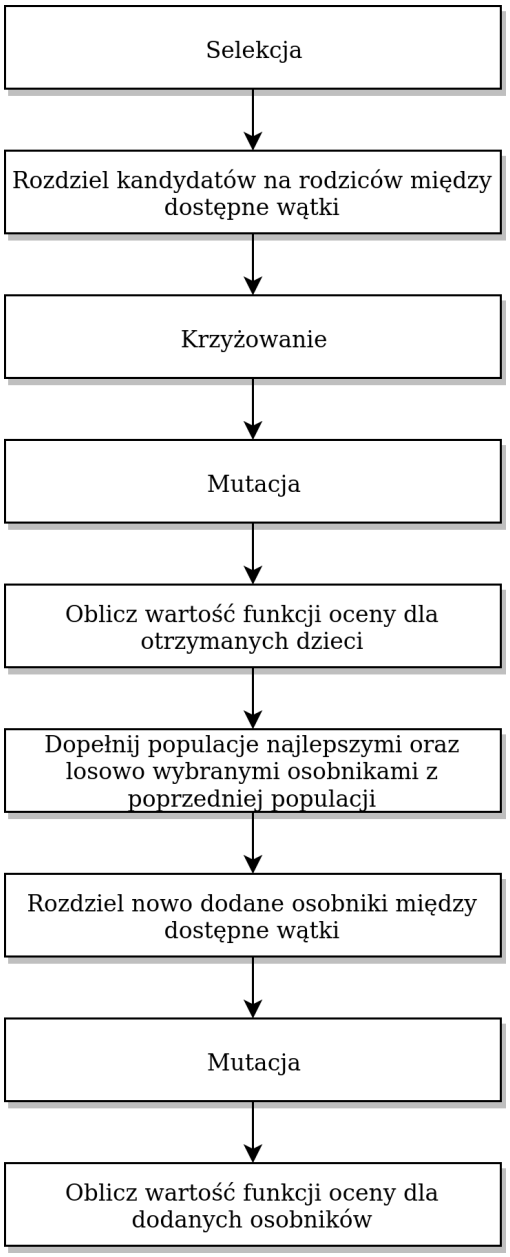


Rysunek 3.4: Przebieg zaimplementowanego algorytmu ewolucyjnego

Model klasyczny nie różni się wiele od standardowego algorytmu ewolucyjnego. Mamy tutaj jedną populacje, która ewoluuje przez określoną przy starcie liczbę pokoleń. Wszystkie dostępne parametry algorytmu zostały krótko opisane w dalczej części pracy, w sekcji *Parametry algorytmu.*

W modelu klasycznym zrównoleglenie odbywa się na poziomie pojedynczej iteracji(patrz 3.5). Ewolucję populacji możemy podzielić tutaj na dwie części:

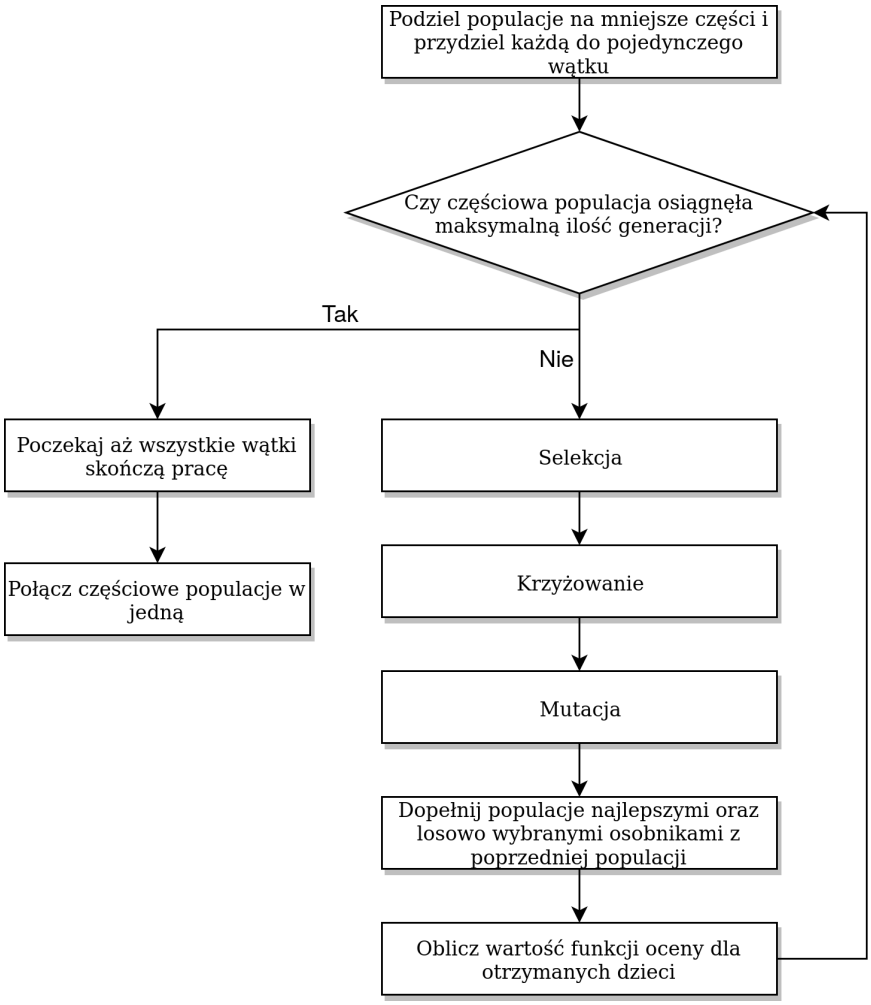
- **Krzyżowanie** - w tej części między wątki rozdzielani są rodzice wybrani do krzyżowania. Następnie każdy z wątków generuje swoją część dzieci oraz z określonym prawdopodobieństwem stostuje na nich operator mutacji i ostatecznie oblicza dla nich wartość funkcji oceny. Dzieci są dodawane do kolejnej 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 3.5: 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 3.6). 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 3.6: 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 one decydować.

- *populationSize* - rozmiar całkowitej populacji.
- *eliteProc* - ułamek najlepszych rozwiązań, które zostają przepisane do następnego pokolenia.
- *mutationProb* - prawdopodobieństwo z jaką występuje mutacja.
- *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.

3.10 Użyte technologie

Do implementacji algorytmu zastosowano język Julia[5] w wersji 1.3. Julia jest stosunkowo nowym językiem programowania. Został zaprojektowany z myślą o zastosowaniach w obliczeniach numerycznych i analizie danych. Łączy on w sobie zalety języków niskopoziomowych i wysokopoziomowych takie jak szybkość i czytelność kodu. Testy pokazują, że program napisany w Julii może być równie szybki, jak odpowiadający mu program napisany w C[6]. Dodatkową zaletą jest możliwość bezpośredniego wywoływania bibliotek napisanych w C, Fortranie i kilku innych językach popularnych w dziedzinie obliczeń numerycznych bezpośrednio z Julii.

Julia używa kompilatora JIT(just-in-time), który kompiluje program tuż przed jego wykonaniem, dzięki czemu jest szybsza niż języki interpretowane. Należy pamiętać o tym, że nie każdy program napisany w Julii będzie szybki. Wszystko zależy od jakości dostarczonego kodu. Głównym czynnikiem, który wpływa na szybkość są typy. Julia jest językiem dynamicznie typowanym, jednak podczas kompilacji tworzone są warianty tej samej funkcji dla różnych typów(o ile to możliwe). Pozwala to pominąć kontrolę typów podczas wykonywania kodu i tym samym znacząco przyspieszyć jego działanie. Dlatego pisząc kod w julii powinniśmy pamiętać o tym, żeby unikać miejsc, w których kompilator będzie zmuszony do konwersji zmiennych do konkretnego typu. Aby identyfikować tego typu miejsca możemy używać dostarczonych w bibliotece standardowej narzędzi, które pomagają analizować nasz kod. Warte wymienienia są tutaj:

- pakiet $Profile$, który zbiera informacje o czasie wywołania kolejnych fragmentów kodu, dzięki czemu w łatwy sposób możemy zidentyfikować fragmenty do dalszej optymalizacji. Pozwala on też śledzić liczbę ilość pamięci alokowanej przez konkretne fragmenty kodu, co również w wielu przypadkach może okazać się przydatną informacją.
- makro @*code_warntype*, które zwraca strukturę AST(abstract syntax tree) dla wykonywanego kodu, dzięki czemu możemy zobaczyć możliwe typy dla wszystkich zmiennych. Dodatkowo miejsca w których kompilator nie jest w stanie jednoznacznie określić typu danej zmiennej jest zaznaczony na czerwono.

Julia udostępnia też środowisko uruchomieniowe $REPL$(read-eval-print loop), dzięki któremu możemy w bardzo łatwy sposób testować napisany kod. Dzięki dostępnym bibliotekom takim jak *Debugger.jl* oraz *Rebugger.jl* możemy w razie potrzeby debugować napisany kod z poziomu $REPL$ co znacznie przyspiesza znajdowanie błędów.

Ostatnie aktualizacje w znaczącym stopniu rozwinęły wsparcie języka dla obliczeń równoległych i rozproszonych. W tym momencie Julia oferuje wsparcie dla równoległości na poziomie wątków jak i procesów, co dodatkowo wpłynęło na wybór tego właśnie języka. Posiada własny protokół komunikacji między procesami, jednak istnieje również biblioteka implementująca najbardziej powszechny protokół MPI.

Biblioteka standardowa oferuje makra, które umożliwiają podział wszystkich iteracji pętli między wątki (makro @*threads*) lub procesy(makro @*distributed*). Taki podział zadań jest idealnym rozwiązaniem w przypadku kiedy iteracje pętli są niezależne od siebie i kolejność ich wykonywania nie ma znaczenia. Dokładnie taka sytuacja ma miejsce w implementowanym przez nas algorytmie, kiedy np. dzielimy populacje osobników na populacje częściowe, które ewoluują niezależnie od siebie. Dzięki temu mechanizm równoległości oferowany przez Julię idealnie sprawdza się w przedstawianym tutaj problemie.

Wyniki eksperymentalne

W tym rozdziale pokazano wyniki testów dla prezentowanego programu oraz porównano go z innymi istniejącymi rozwiązaniami. Wszystkie eksperymenty zostały wykonane na serwerze Politechniki Wrocławskiej - *OTRYT*. Serwer jest wyposażony w 4 procesory *Intel(R) Xeon(R) CPU E7- 4850 @ 2.00GHz* posiadające po 10 rdzeni każdy oraz w 256 GB pamięci RAM. Serwer działa pod systemem *Linux Debian* w wersji *9.11*.

Dane testowe pochodzą częściowo z książki dr. Michalewicza(zadania 7×7 oraz 10×10)[9], a częściowo zostały wygenerowane. Sposób generowania danych zaczerpnięto z publikacji [13]. Dla wektorów popytu i podaży ustalano całkowity popyt/podaż, a następnie wypełniano je losowymi liczbami, zachowując przy tym warunek całkowitego popytu i podaży. Macierz kosztu generowano w taki sposób, że na początku ustalano dolne i górne ograniczenie wartości pojedynczego przewozu, a następnie macierz wypełniano losowymi liczbami z ustalonego zakresu. W przypadku jednej z funkcji kosztu, potrzebna była również macierz, która określa koszt stały, jaki ponosimy niezależnie od ilości towaru przewożonego między punktami. Macierz ta jest generowana w taki sam sposób, jak macierz kosztu. Charakterystyka poszczególnych zadań znajduje się w tabeli 4.1.

Rozmiar	Popyt	Podaż	Zakres dla macierzy kosztu	Zakres dla macierzy kosztów stałych
15×15	15000	15000	$[3, 8]$	$[50, 200]$
30×30	3000	3000	$[5, 15]$	$[100, 400]$
20×70	30000	30000	$[3, 8]$	$[200, 800]$
30×60	25000	25000	$[5, 15]$	$[50, 100]$
100×100	45000	45000	$[3, 8]$	$[100, 400]$

Tablica 4.1: Charakterystyka wygenerowanych zadań.

Funkcje kosztu użyte w testach w większości pochodzą z książki [9]. Przedstawiono je w tabeli 4.2. Dodatkowo użyto funkcji kosztu, która w przypadku przewozu towaru dodaje do kosztów liniowych koszt stały(Funkcja G w tabeli 4.2).

W eksperymentach porównano przedstawiany algorytm z wybranymi solverami wspieranymi przez system **GAMS**. Dostęp do solverów był możliwy poprzez serwis **NEOS Server** [1, 2, 3], który pozwala na używanie kilkudziesięciu różnych solverów do optymalizacji problemów różnej kategorii. Do wybranych solverów należą:

- LINDOGlobal
- CPLEX
- MINOS
- SNOPT
- scip

Funkcja liniowa:	$f(x_{i,j}) =$	$c_{i,j}x_{i,j}$
Funkcja A:	$f(x_{i,j}) =$	$c_{i,j}(\text{arctg}(1000(xi,j-S))/\pi+0.5+$ $\text{arctg}(1000(xi,j-2S))/\pi+0.5+$ $\text{arctg}(1000(xi,j-3S))/\pi+0.5+$ $\text{arctg}(1000(xi,j-4S))/\pi+0.5+$ $\text{arctg}(1000(xi,j-5S))/\pi+0.5)$
Funkcja B:	$f(x_{i,j}) =$	$c_{i,j}[(x_{i,j}/5)(\text{arctg}(1000x_{i,j})/\pi+0.5)+$ $(1-x_{i,j}/5)(\text{arctg}(1000(x_{i,j}-5))/\pi+0.5)+$ $(x_{i,j}/5-2)(\text{arctg}(1000(x_{i,j}-10))/\pi+0.5)]$
Funkcja C:	$f(x_{i,j}) =$	$c_{i,j}x_{i,j}^2$
Funkcja D:	$f(x_{i,j}) =$	$c_{i,j}\sqrt{x_{i,j}}$
Funkcja E:	$f(x_{i,j}) =$	$c_{i,j}[(1+(x_{i,j}-10)^2)^{-1}+$ $(1+(x_{i,j}-11.25)^2)^{-1}+$ $(1+(x_{i,j}-8.75)^2)^{-1}]$
Funkcja F:	$f(x_{i,j}) =$	$c_{i,j}x_{i,j}(\sin(5\pi x_{i,j}/20)+1)$
Funkcja G:	$f(x_{i,j}) =$	$c_{i,j}x_{i,j}+c'_{i,j}y_{i,j}$

Tablica 4.2: Funkcje kosztu

Z uwagi na to że serwis NEOS narzuca limit czasowy na wykonywanie pojedynczego zadania, przedstawione rozwiązania są najlepszym wynikiem znalezionym przez solver w czasie nie większym niż 8 godzin.

W następnych sekcjach zaprezentowano wyniki dla dwóch przedstawionych w poprzednim rozdziale modeli równoległości. Na początku zaprezentowano wyniki dla modelu klasycznego, który operuje na jednej populacji. Następnie z wynikami solverów zestawiono wyniki modelu wyspowego, w którym populacja jest dzielona na populacje częściowe. Na końcu porównano ze sobą oba modele.

Aby dostosować parametry dla testowanego systemu, na początku przeprowadzono serię testów dla różnych zadań i na podstawie tych wyników ustawiono odpowiednio parametry programu:

- Rozmiar populacji: 100(model klasyczny), 400(model wyspowy)
- Prawdopodobieństwo krzyżowania: 0.5
- Prawdopodobieństwo mutacji: 0.1
- Wielkość mutacji: 0.05
- Ułamek najlepszych osobników przepisywanych do nowej generacji: 0.2
- Ilość niezależnych generacji dla populacji częściowej(model wyspowy): 50

Maksymalną ilość iteracji algorytmu ustalono na 30000.

4.1 Model klasyczny algorytmu ewolucyjnego

Wyniki przeprowazdone dla modelu klasycznego znajdują się w tabelach 4.3 oraz 4.4. Tabela 4.3 zawiera porównanie modelu klasycznego z systemem GENOCOP(wyniki pochodzą z książki[9]), który pozwala optymalizować wszelkiego rodzaju zadania z ograniczeniami liniowymi i nieliniową funkcją celu. Widzimy tutaj że nasz algorytm wypada lepiej niż system GENOCOP w większości testów. Niestety nie udało się uzyskać wyników GENOCOPA dla zadania rozmiaru 10×10.

Rozmiar zadania	Funkcja celu	Model klasyczny			GENOCOP	LindoGlobal
		min	śr	max		
7×7	Liniowa	1132.03	1203.98	1265.20	– – –	1132.0
7×7	A	0.0	13.62	67.0	24.15	4.26
7×7	B	180.65	193.31	224.07	205.60	183.59
7×7	C	2535.29	2535.29	2535.29	2571.04	2535.29
7×7	D	480.16	565.57	1046.45	480.16	480.16
7×7	E	204.71	206.64	221.52	204.82	204.84
7×7	F	67.31	196.48	351.38	119.61	70.25
7×7	G	1813.99	1856.83	1916.12	– – –	1796.0
10×10	Liniowa	1179.0	1188.96	1213.24	– – –	1179.0
10×10	A	192.0	200.2	212.0	– – –	174.07
10×10	B	147.15	154.19	166.82	– – –	146.99
10×10	C	4401.65	4401.65	4401.65	– – –	4401.65
10×10	D	388.41	409.36	459.0	– – –	388.91
10×10	E	71.66	72.99	75.48	– – –	71.66
10×10	F	118.57	215.90	300.21	– – –	153.49
10×10	G	2010.50	2075.15	2194.69	– – –	1987.14

Tablica 4.3: Wyniki dla zadań rozmiaru 7×7 i 10×10.

Tabela 4.4 przedstawia wyniki dla pozostałych zadań wygenerowanych w sposób opisany na początku tego rozdziału. Porównano tutaj model klasyczny algorytmu ewolucyjnego z solverami MINOS oraz LINDOGlobal. O ile w przypadku MINOSa nie wiemy czy zwrócona wartość jest optimum globalnym, o tyle solver LINDOGlobal informuje o tym czy znalezione rozwiązanie to optimum lokalne czy globalne. Dodatkowo w przypadku optimum lokalnego podaje on informację o najlepszym obliczonym dolnym ograniczeniu minimalizowanej funkcji.

W przypadku jeśli LINDO zwrócił jedynie optimum lokalne przy wyniku znajduje się litera L, w przypadku jeśli znaleziono optimum globalne, wynik jest oznaczony literą G. W kolumnie *luka* znaje się błąd względny między wartością otrzymaną a optimum globalnym, a więc $luka = \frac{|OPT-\tilde{C}|}{|OPT|}100\%$. W przypadku jeśli optimum globalne nie zostało znalezione, wiemy że w pesymistycznym przypadku znajduje się ono nie dalej niż ograniczenie dolne, tzn. $LB \leqslant OPT$, gdzie LB - ograniczenie dolne wyniku, oraz OPT - optimum lokalne znalezione przez solver. W takim przypadku luka jest obliczana jako błąd względny między znalezionym rozwiązaniem, a dolnym ograniczeniem funkcji, czyli $luka = \frac{|LB-\tilde{C}|}{|LB|}$.

Warto zwrócić uwagę na fakt, że podane dolne ograniczenie może być złej jakości, przez co błąd względny może wydawać się bardzo duży. Sytuacja taka miała miejsce w przypadku funkcji B oraz F, gdzie ograniczenie dolne dla wszystkich zestawów zadań testowych było równe 0, czyli najmniejszemu możliwemu wynikowi w każdym zadaniu transportowym(z założenia wiemy, że koszt nie może być ujemny).

Rozmiar zadania	Funkcja celu	Model klasyczny				MINOS	LindoGlobal		CPLEX	
		min	śr	max	luka		wynik	luka	wynik	luka
15 × 15	Liniowa	54533.80	55062.96	55419.21	1.24	53862.32	53862.32 G	0.00	53862.32 G	0.00
15 × 15	A	621.52	627.98	679.35	40.42	743.05	470.50 L	21.27	–	–
15 × 15	B	10607.71	10657.78	10933.70	–(*)	10581.32	10454.80 L	–(*)	–	–
15 × 15	C	5225274.22	5225274.24	5225274.30	0.00	5225274.19	5225274.19 G	0.00	–	–
15 × 15	D	2187.99	2211.11	2273.07	–(*)	3229.68	2314.41 L	–(*)	–	–
15 × 15	E	1.20	1.20	1.20	–(*)	33.13	1.90 L	–(*)	–	–
15 × 15	F	179.61	180.16	185.35	–(*)	11852.89	59.23 L	–(*)	–	–
15 × 15	G	62185.11	62438.42	63610.24	9.65	57366.75	58546.32 L	2.74	56985.03 G	0.00
30 × 30	Liniowa	17365.25	17479.06	17795.71	4.69	16586.20	16586.20 G	0.00	16586.20 G	0.00
30 × 30	A	1763.86	1795.62	1846.44	27.60	2260.7914	2040.23 L	36.27	–	–
30 × 30	B	2309.83	2323.66	2370.13	–(*)	2699.25	2696.38 L	–(*)	–	–
30 × 30	C	104650.12	104650.40	104651.73	0.00	104650.12	104650.12 G	0.00	–	–
30 × 30	D	2872.53	2986.45	3084.81	–(*)	3805.08	2770.29 L	–(*)	–	–
30 × 30	E	249.70	249.84	256.32	61.33	262.08	285.34 L	66.14	–	–
30 × 30	F	737.98	823.82	1063.14	–(*)	4630.83	384.87 L	–(*)	–	–
30 × 30	G	23533.16	24813.93	26622.49	27.43	19912.58	20117.31 L	3.25	19482.41 G	0.00
20 × 70	Liniowa	102681.39	102980.75	103318.46	4.57	98476.50	98476.50 G	0.00	98476.50 G	0.00
20 × 70	A	1926.42	1997.94	2099.43	50.56	2437.58	1473.70 L	32.98	–	–
20 × 70	B	19294.37	19777.36	20164.15	–(*)	19164.16	18524.19 L	–(*)	–	–
20 × 70	C	3356726.47	3356779.29	3356994.88	0.00	3356719.33	3356719.33 G	0.00	–	–
20 × 70	D	6703.65	6747.31	6823.62	–(*)	8947.35	6245.85 L	–(*)	–	–
20 × 70	E	111.69	113.03	114.37	–(*)	221.51	139.55 L	–(*)	–	–
20 × 70	F	1594.30	1644.51	1697.70	–(*)	40503.51	575.38 L	–(*)	–	–
20 × 70	G	169931.77	172399.15	179244.49	30.61	135150.04	134327.33 L	1.81	131938.45 G	0.00
30 × 60	Liniowa	145468.29	146323.93	146948.53	7.67	135028.71	135028.71 G	0.00	135028.71 G	0.00
30 × 60	A	3532.37	3544.40	3631.18	53.30	4310.14	2336.59 L	29.17	–	–
30 × 60	B	26033.88	26962.21	27024.11	–(*)	26082.37	26775.34 L	–(*)	–	–
30 × 60	C	3283244.35	3283249.33	3283363.39	0.00	3282784.56	3282784.56 G	0.00	–	–
30 × 60	D	11090.32	11172.53	11275.56	–(*)	13799.71	*Timeout*	–(*)	–	–
30 × 60	E	351.38	351.57	351.74	–(*)	526.34	438.39 L	–(*)	–	–
30 × 60	F	2981.06	3498.70	4404.37	–(*)	73724.43	2390.12 L	–(*)	–	–
30 × 60	G	176947.28	180834.11	187061.33	27.54	143907.24	145316.08 L	2.51	141761.66 G	0.00
100 × 100	Liniowa	152120.75	157299.10	163931.16	–	138605.09	*Err*	–	138605.09 G	0.00
100 × 100	A	4162.49	4176.67	4180.39	–	*Err*	*Err*	–	–	–
100 × 100	B	27175.45	27320.57	27993.08	–	*Err*	*Err*	–	–	–
100 × 100	C	1079937.33	1080471.39	1081882.67	–	*Err*	*Err*	–	–	–
100 × 100	D	12308.57	12414.59	12991.94	–	*Err*	*Err*	–	–	–
100 × 100	E	1531.03	1531.32	1532.51	–	*Err*	*Err*	–	–	–
100 × 100	F	– – –	7405.57	– – –		*Err*	*Err*	–	–	–
100 × 100	G	232139.70	235821.75	239278.53	37.20	175472.60	*Err*	–	171871.92 G	0.00

Tablica 4.4: Wyniki. (*) oznacza, że znalezione ograniczenie dolne dla problemu było słabej jakości, tzn. że było równe, lub bardzo bliskie 0. Wynik *Timeout* oznacza, że solver nie znalazł rozwiązania w czasie 8 godzin. Wynik *Err* oznacza, że model był za duży dla solvera.

Jak możemy zauważyć na prezentowanym porównaniu(tabela 4.4) model klasyczny wypada lepiej niż solver MINOS w niemalże każdym teście. Jedyny wyjątek stanowi przypadek liniowej funkcji kosztu, gdzie MINOS zawsze znajdował optimum globalne. W przypadku funkcji B MINOS wypadał nieznacznie lepiej niż średni wynik dla modelu klasycznego, jednak była to z reguły różnica pomijalna(poniżej 1%). Z kolei dla funkcji D oraz F model klasyczny był znacznie lepszy niż MINOS, który w niektórych przypadkach zwrócił nawet kilkukrotnie gorszy wynik(funkcja F). Pozostałe wyniki były raczej zbliżone. Dla funkcji nieliniowych A-G i macierzy 100 × 100 MINOS nie zwrócił żadnego wyniku ze względu na ograniczone zasoby pamięci oferowane przez serwis NEOS.

Dla solvera LINDOGlobal, w wielu przypadkach wynikiem obliczeń było jedynie optimum lokalne(funkcje A,B,D,E,F). W tych przypadkach możemy porównywać odległości od dolnego ograniczenia wyniku wskazanego przez LINDOGlobal. Jest ono jednak w wielu przypadkach bardzo nieprecyzyjne. Mimo wszystko dla większości testów model klasyczny dawał wyniki zbliżone do wynków solvera. Przypadki łatwe, w których zostało znalezione optimum globalne były rozwiązywane przez model klasyczny z akceptowalnym błędem rzędu kilku procent.

Możemy zauważyć, że w przypadku liniowej funkcji kosztu model klasyczny radzi sobie gorzej niż pozostałe

programy, jest to jednak problem bardzo łatwy i znamy dużo lepsze algorytmy, któwe są w stanie w krótkim czasie znaleźć dla niego optimum globalne. W tego typu prostych zadaniach stosowanie algorytmów metaheurystycznych, do których zalicza się opisywany algorytm ewolucyjny raczej mija się z celem. Stosunkowo słabe wyniki w tym przypadku są wynikiem tego, że otrzymywane osobniki nie są wystarczająco zróżnicowane. Z kolei dla dużo trudniejszych, nieliniowych funkcji celu model klasyczny radzi sobie znacznie lepiej. Przede wszystkim prezentuje się dużo lepiej niż pozostałe solvery w porównaniu czasu potrzebnego na znalezienie rozwiązania. Dla algorytmu ewolucyjnego nawet problem rozmiaru 100×100 nie był żadną trudnością i był rozwiązywany w czasie kilkudziesięciu sekund. Pokazuje to główną zaletę algorytmów ewolucyjnych, jaką jest czas znajdowania rozwiązania.

Z uwagi na to, że w wielu przypadkach LINDO nie znalazł optimum globalnego, a ograniczenie dolne było niezadowalającej jakości, zdecydowano się porównać wyniki algorytmu ewolucyjnego z wynikami innych solverów, które również są w stanie optymalizować nieliniową funkcję celu przy liniowych ograniczeniach. Porównanie to znajduje się w tabeli 4.5. Dla zwiększenia czytelności w tabeli pokazano jedynie średni wynik zwracany przez algorytm ewolucyjny. W kolumnach oznaczonych jako % pokazano błąd względny pomiędzy najlepszym wynikiem dla konkretnego testu oraz wynikiem solvera. Takie porównanie daje lepszy obraz tego, jak prezentowany algorytm ewolucyjny wypada na tle innych istniejących rozwiązań.

Rozmiar	Funkcja	Model klasyczny		MINOS		scip		SNOPT		LindoGlobal	
zadania	celu	śr. wynik	%	wynik	%	wynik	%	wynik	%	wynik	%
15 × 15	Liniowa	55062.96	2.2	53862.32	**0.0**	53862.32	**0.0**	53862.32	**0.00**	53862.32	**0.0**
15 × 15	A	627.98	33.4	743.05	57.9	696.75	48.1	743.05	57.9	470.50	**0.0**
15 × 15	B	10657.78	1.9	10581.32	1.2	10630.82	1.7	10510.23	0.5	10454.80	**0.0**
15 × 15	C	5225274.24	**0.0**	5225274.19	**0.0**	5225274.19	**0.0**	5225274.19	**0.0**	5225274.19	**0.0**
15 × 15	D	2211.11	**0.0**	3229.68	46.1	2867.07	29.7	3229.68	46.1	2314.41	4.67
15 × 15	E	1.20	**0.0**	33.13	2660.8	20.41	1600.8	33.50	2691.7	1.90	58.3
15 × 15	F	180.16	204.2	11852.89	19911.6	2646.60	4368.3	10150.31	17037.1	59.23	**0.0**
15 × 15	G	62438.42	8.9	57366.75	**0.0**	57327.80	**0.0**	57366.75	**0.0**	58546.32	2.1
30 × 30	Liniowa	17479.06	5.4	16586.20	**0.0**	16586.20	**0.0**	16586.20	**0.0**	16586.20	**0.0**
30 × 30	A	1795.62	**0.0**	2260.7914	25.9	1888.26	5.15	2295.27	27.8	2040.23	13.6
30 × 30	B	2323.66	**0.0**	2699.25	16.2	2664.35	14.7	2547.94	9.7	2696.38	16.0
30 × 30	C	104650.40	**0.0**	104650.12	**0.0**	104650.12	**0.0**	144947.97	38.5	104650.12	**0.0**
30 × 30	D	2986.45	7.8	3805.08	37.3	3410.94	23.1	3805.08	37.3	2770.29	**0.0**
30 × 30	E	249.84	**0.0**	262.08	4.9	309.33	23.8	262.08	4.9	285.34	14.2
30 × 30	F	823.82	114.0	4630.83	1103.2	957.32	148.7	4171.94	984.0	384.87	**0.0**
30 × 30	G	24813.93	24.6	19912.58	**0.0**	19981.01	0.4	19912.58	**0.0**	20117.31	1.0
20 × 70	Liniowa	102980.75	4.6	98476.50	**0.0**	98476.50	**0.0**	98476.50	**0.0**	98476.50	**0.0**
20 × 70	A	1997.94	35.5	2437.58	65.4	1781.99	20.9	2437.58	65.4	1473.70	**0.0**
20 × 70	B	19777.36	7.26	19164.16	3.9	18763.24	1.8	18438.52	**0.0**	18524.19	0.5
20 × 70	C	3356779.29	**0.0**	3356719.33	**0.0**	3356719.33	**0.0**	7808433.26	132.6	3356719.33	**0.0**
20 × 70	D	6747.31	11.6	8947.35	47.9	6047.94	**0.0**	8947.35	47.9	6245.85	3.27
20 × 70	E	113.03	**0.0**	221.51	96.0	176.21	56.0	221.51	96.0	139.55	23.5
20 × 70	F	1644.51	186.0	40503.51	6939.4	7462.94	1197.0	40939.03	7015.1	575.38	**0.0**
20 × 70	G	172399.15	28.3	135150.04	0.6	135150.0	0.6	135150.0	0.6	134327.33	**0.0**
30 × 60	Liniowa	146323.93	8.3	135028.71	**0.0**	135028.71	**0.0**	135028.71	**0.0**	135028.71	**0.0**
30 × 60	A	3544.40	51.7	4310.14	84.5	3767.46	61.2	4310.14	84.5	2336.59	**0.0**
30 × 60	B	26962.21	7.3	26082.37	3.8	26355.05	4.9	25126.84	**0.0**	26775.34	6.6
30 × 60	C	3283249.33	**0.0**	3282784.56	**0.0**	3282784.56	**0.0**	9640058.72	193.7	3282784.56	**0.0**
30 × 60	D	11172.53	0.8	13799.71	24.5	11081.48	**0.0**	13799.71	24.5	*Timeout*	–
30 × 60	E	351.57	**0.0**	526.34	49.7	1158.46	230.0	526.34	49.7	438.39	24.7
30 × 60	F	3498.70	46.4	73724.43	2984.5	6935.45	190.2	68411.66	2762.3	2390.12	**0.0**
30 × 60	G	180834.11	25.6	143907.24	**0.0**	143953.62	0.1	143907.24	**0.0**	145316.08	0.9
100 × 100	Liniowa	157299.10	13.5	138605.09	**0.0**	138605.09	**0.0**	138605.09	**0.0**	*Err*	–
100 × 100	A	4176.67	**0.0**	*Err*	–	4657.38	11.5	25858.31	519.1	*Err*	–
100 × 100	B	27320.57	**0.0**	*Err*	–	35556.19	30.1	35556.19	30.1	*Err*	–
100 × 100	C	1080471.39	1.3	*Err*	–	1066457.36	**0.0**	15080858.45	1314.1	*Err*	–
100 × 100	D	12414.59	**0.0**	*Err*	–	13910.55	12.1	15844.99	27.6	*Err*	–
100 × 100	E	1531.32	**0.0**	*Err*	–	1741.40	13.7	1657.65	8.2	*Err*	–
100 × 100	F	7405.57	**0.0**	*Err*	–	10064.85	36.0	31191.89	321.2	*Err*	–
100 × 100	G	235821.75	34.3	175472.60	**0.0**	175517.69	**0.0**	175472.60	**0.0**	*Err*	–

Tablica 4.5: Porównanie modelu klasycznego algorytmu ewolucyjnego i innych dostępnych solverów.

Jakość rozwiązań zwracanych przez algorytm ewolucyjny jest zadowalająca. Łatwo zauważyć, że radzi on

sobie najgorzej w zadaniach z liniową funkcją celu oraz z funkcją G, która dodaje do kosztu transportu koszt stały. Powodem tego jest to, że w tych przypadkach wiemy, że rozwiązanie optymalne jest wierzchołkiem przestrzeni dopuszczalnych rozwiązań(przy zadaniu z funkcją liniową[9]), lub przeważają w nim elementy zerowe(funkcja G). W takich przypadkach prezentowany algorytm wypada gorzej, ponieważ używany operator krzyżowania sprawia, że elementów zerowych w rozwiązaniu jest bardzo mało. Operatorem, który wprowadza elementy zerowe do rozwiązania jest operator mutacji i nawet jeśli znaczne zwiększenie prawdopodobieństwa mutacji może poprawić wyniki dla tych przypadków, to algorytm działa wtedy dużo bardziej jak przeszukiwanie losowe. W obu przypadkach, w których algorytm genetyczny wypadał dużo gorzej, pozostałe solvery radziły sobie bardzo dobrze, w szczególności CPLEX, który w każdym z tych przypadków zwrócił optimum globalne.

Warto zwrócić uwagę na fakt, że warianty zadania z funkcją liniową oraz z dodatkowymi kosztami stałymi są dość łatwe i standardowe metody optymalizacji bez problemu sobie z nimi radzą. W takiej sytuacji metody przeszukiwania przestrzeni rozwiązań w postaci algorytmów metaheurystycznych nie będą tak dobre jak dokładne metody optymalizacji, więc ich stosowanie jest zbędne. Metaheurystyki powinny być stosowane przede wszystkim tam, gdzie klasyczne metody nie dają nam zadowalających rezultatów.

W pozostałych zadaniach algorytm wypada bardzo dobrze. Konkurować z nim może tylko solver LINDO, który jednak potrzebuje znacznie więcej czasu, aby wyliczyć optymalne rozwiązanie. Dodatkowo posiada on dość mały limit zmiennych, co nie pozwoliło na obliczenie zadania rozmiaru 100×100. Pozostałe solvery radziły sobie w tych przypadkach gorzej niż algorytm ewolucyjny.

4.2 Model wyspowy algorytmu ewolucyjnego

W tabeli 4.6 zaprezentowano wyniki dla wyspowego modelu algorytmu ewolucyjnego.

Rozmiar zadania	Funkcja celu	Model wyspowy		MINOS		scip		SNOPT		LindoGlobal	
		śr. wynik	%	wynik	%	wynik	%	wynik	%	wynik	%
15 × 15	Liniowa	55624.17	3.27	53862.32	**0.0**	53862.32	**0.0**	53862.32	**0.00**	53862.32	**0.0**
15 × 15	A	632.36	34.4	743.05	57.9	696.75	48.1	743.05	57.9	470.50	**0.0**
15 × 15	B	10588.37	1.2	10581.32	1.2	10630.82	1.7	10510.23	0.5	10454.80	**0.0**
15 × 15	C	5229421.80	**0.0**	5225274.19	**0.0**	5225274.19	**0.0**	5225274.19	**0.0**	5225274.19	**0.0**
15 × 15	D	2320.71	0.2	3229.68	46.1	2867.07	29.7	3229.68	46.1	2314.41	4.67
15 × 15	E	1.29	**0.0**	33.13	2468.2	20.41	1482.2	33.50	2496.9	1.90	47.3
15 × 15	F	162.26	173.9	11852.89	19911.6	2646.60	4368.3	10150.31	17037.1	59.23	**0.0**
15 × 15	G	60949.33	6.2	57366.75	**0.0**	57327.80	**0.0**	57366.75	**0.0**	58546.32	2.1
30 × 30	Liniowa	17298.37	4.3	16586.20	**0.0**	16586.20	**0.0**	16586.20	**0.0**	16586.20	**0.0**
30 × 30	A	1416.35	**0.0**	2260.79	59.6	1888.26	33.3	2295.27	62.1	2040.23	44.0
30 × 30	B	2271.24	**0.0**	2699.25	18.8	2664.35	17.3	2547.94	12.2	2696.38	18.7
30 × 30	C	107383.37	2.6	104650.12	**0.0**	104650.12	**0.0**	144947.97	38.5	104650.12	**0.0**
30 × 30	D	2566.87	**0.0**	3805.08	48.2	3410.94	32.9	3805.08	48.2	2770.29	7.9
30 × 30	E	245.82	**0.0**	262.08	6.6	309.33	25.8	262.08	6.6	285.34	16.1
30 × 30	F	604.63	57.1	4630.83	1103.2	957.32	148.7	4171.94	984.0	384.87	**0.0**
30 × 30	G	23820.57	19.6	19912.58	**0.0**	19981.01	0.4	19912.58	**0.0**	20117.31	1.0
20 × 70	Liniowa	102803.27	4.4	98476.50	**0.0**	98476.50	**0.0**	98476.50	**0.0**	98476.50	**0.0**
20 × 70	A	1706.41	15.8	2437.58	65.4	1781.99	20.9	2437.58	65.4	1473.70	**0.0**
20 × 70	B	20138.18	9.2	19164.16	3.9	18763.24	1.8	18438.52	**0.0**	18524.19	0.5
20 × 70	C	3363917.33	0.2	3356719.33	**0.0**	3356719.33	**0.0**	7808433.26	132.6	3356719.33	**0.0**
20 × 70	D	5780.16	**0.0**	8947.35	54.8	6047.94	4.6	8947.35	54.8	6245.85	8.1
20 × 70	E	165.30	18.5	221.51	58.7	176.21	26.3	221.51	58.7	139.55	**0.0**
20 × 70	F	1961.35	240.9	40503.51	6939.4	7462.94	1197.0	40939.03	7015.1	575.38	**0.0**
20 × 70	G	165520.67	23.2	135150.04	0.6	135150.0	0.6	135150.0	0.6	134327.33	**0.0**
30 × 60	Liniowa	145532.36	7.8	135028.71	**0.0**	135028.71	**0.0**	135028.71	**0.0**	135028.71	**0.0**
30 × 60	A	2991.78	28.0	4310.14	84.5	3767.46	61.2	4310.14	84.5	2336.59	**0.0**
30 × 60	B	28553.81	13.6	26082.37	3.8	26355.05	4.9	25126.84	**0.0**	26775.34	6.6
30 × 60	C	3299166.19	0.5	3282784.56	**0.0**	3282784.56	**0.0**	9640058.72	193.7	3282784.56	**0.0**
30 × 60	D	9461.37	**0.0**	13799.71	45.9	11081.48	17.1	13799.71	45.9	*Timeout*	–
30 × 60	E	341.81	**0.0**	526.34	54.0	1158.46	238.9	526.34	54.0	438.39	28.3
30 × 60	F	3560.92	49.0	73724.43	2984.5	6935.45	190.2	68411.66	2762.3	2390.12	**0.0**
30 × 60	G	165912.53	15.3	143907.24	**0.0**	143953.62	0.1	143907.24	**0.0**	145316.08	0.9
100 × 100	Liniowa	160326.25	15.7	138605.09	**0.0**	138605.09	**0.0**	138605.09	**0.0**	*Err*	–
100 × 100	A	3641.13	**0.0**	*Err*	–	4657.38	27.9	25858.31	610.2	*Err*	–
100 × 100	B	27241.74	**0.0**	*Err*	–	35556.19	30.5	35556.19	30.5	*Err*	–
100 × 100	C	1121317.16	5.1	*Err*	–	1066457.36	**0.0**	15080858.45	1314.1	*Err*	–
100 × 100	D	11626.03	**0.0**	*Err*	–	13910.55	19.7	15844.99	36.3	*Err*	–
100 × 100	E	1597.67	**0.0**	*Err*	–	1741.40	9.0	1657.65	3.8	*Err*	–
100 × 100	F	6792.93	**0.0**	*Err*	–	10064.85	48.2	31191.89	359.2	*Err*	–
100 × 100	G	235512.39	34.2	175472.60	**0.0**	175517.69	**0.0**	175472.60	**0.0**	*Err*	–

Tablica 4.6: Porównanie modelu wyspowego algorytmu ewolucyjnego i innych dostępnych solverów.

Widzimy że prezentuje się on podobnie do modelu klasycznego(tabela 4.7). W większości testowych przypadków wypada on lepiej lub bardzo podobnie do pozostałych solverów. LINDOGlobal znowu wygrywa w przypadku najłatwiejszych z testowanych przypadków. W przypadku modelu rozmiaru 100 × 100 widzimy znaczącą przewagę algorytmu ewolucyjnego nad dwoma pozostałymi(scip oraz SNOPT), które poradziły sobie z tak dużym modelem(w przypadku solvera MINOS ilość pamięci wymagana do rozwiązania zadania przekroczyła limit oferowany przez NEOS).

Podobnie jak w klasycznym modelu najgorzej wypadają zadania z funkcją liniową oraz funkcją z uwzględniającą stały koszt początkowy(G), ze względu na poziom trudności tych zadań.

Modele klasyczny i wyspowy, dały nam zadowalające rezultaty w postaci znajdowanych rozwiązań. W obu przypadkach lepszy okazał się LINDOGlobal, ale tak jak zostało wspomniane wcześniej czas jakiego potrzebował on na znalezienie rozwiązania był dużo dłuższy. Pozostałe solvery wypadły już dużo gorzej.

4.3 Porównanie modelu klasycznego i wyspowego

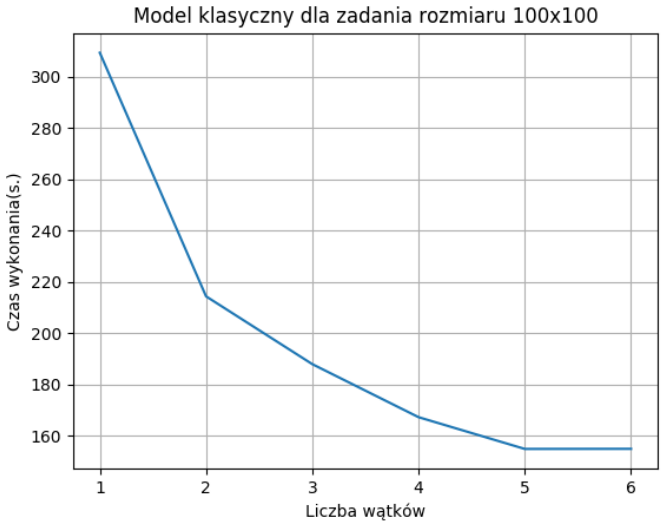
Jak pokazano w poprzednich sekcjach, otrzymywane wyniki są podobnej jakości nie zależnie od użytego modelu zrównoleglenia. Atutem modelu wyspowego jest fakt, że każda z populacji jest niezależna i dzięki temu może przeszukiwać inną część przestrzeni rozwiązań[12], co może skutkować lepszą zbieżnością algorytmu i znajdowaniem rozwiązań bliżej optimum globalnego.

Tabela 4.7 pokazuje porównanie średnich wyników dla obu prezentowanych modeli algorytmu ewolucyjnego. Widzimy, że w znacznej ilości przypadków testowych wersja wyspowa radzi sobie lepiej niż wersja klasyczna. Szczególnie widoczne jest to w przypadku testów z funkcją celu G, gdzie model wyspowy zawsze znalazł rozwiązanie lepsze niż wersja klasyczna. Warto zauważyć, że w przypadku tej funkcji znamy optimum globalne, ponieważ jest ono wyliczane przez solver CPLEX. Jest to wynik tego, że model wyspowy posiada kilka populacji częściowych, które składają się z innych osobników. Dzięki temu każda z populacji może przeszukiwać inną część przestrzeni rozwiązań, co ułatwia znalezienie lepszego rozwiązania. W wyniku tego, że populacje częściowe są co jakiś czas łączone i mieszane, prawdopodobieństwo zatrzymania się algorytmu w optimum lokalnym znacząco spada.

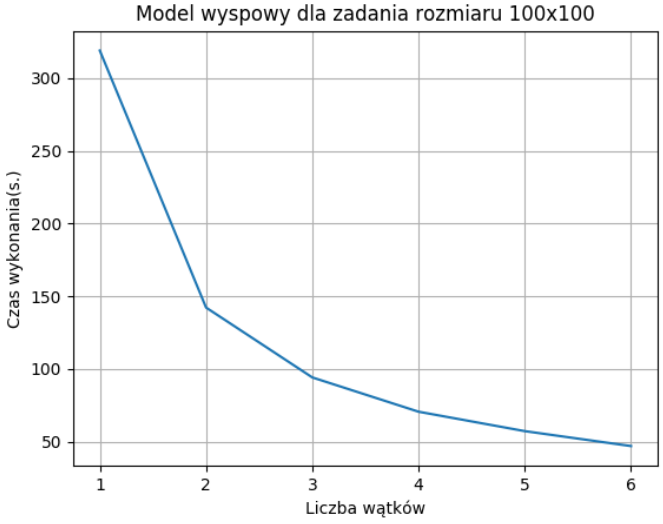
Rozmiar zadania	Funkcja celu	Model klasyczny		Model wyspowy	
		śr. wynik	%	śr. wynik	%
15 × 15	Liniowa	55062.96	**0.0**	55624.17	1.0
15 × 15	A	627.98	**0.0**	632.36	0.7
15 × 15	B	10657.78	0.7	10588.37	**0.0**
15 × 15	C	5225274.24	**0.0**	5229421.80	0.1
15 × 15	D	2211.11	**0.0**	2320.71	5.0
15 × 15	E	1.20	**0.0**	1.29	7.5
15 × 15	F	180.16	11.0	162.26	**0.0**
15 × 15	G	62438.42	2.4	60949.33	**0.0**
30 × 30	Liniowa	17479.06	1.0	17298.37	**0.0**
30 × 30	A	1795.62	26.8	1416.35	**0.0**
30 × 30	B	2323.66	2.3	2271.24	**0.0**
30 × 30	C	104650.40	**0.0**	107383.37	2.6
30 × 30	D	2986.45	16.3	2566.87	**0.0**
30 × 30	E	249.84	1.6	245.82	**0.0**
30 × 30	F	823.82	36.3	604.63	**0.0**
30 × 30	G	24813.93	4.2	23820.57	**0.0**
20 × 70	Liniowa	102980.75	0.2	102803.27	**0.0**
20 × 70	A	1997.94	17.0	1706.41	**0.0**
20 × 70	B	19777.36	**0.0**	20138.18	1.8
20 × 70	C	3356779.29	**0.0**	3363917.33	0.2
20 × 70	D	6747.31	16.7	5780.16	**0.0**
20 × 70	E	113.03	**0.0**	165.30	46.2
20 × 70	F	1644.51	**0.0**	1961.35	19.3
20 × 70	G	172399.15	4.2	165520.67	**0.0**
30 × 60	Liniowa	146323.93	0.5	145532.36	**0.0**
30 × 60	A	3544.40	18.5	2991.78	**0.0**
30 × 60	B	26962.21	**0.0**	28553.81	6.0
30 × 60	C	3283249.33	**0.0**	3299166.19	0.5
30 × 60	D	11172.53	18.1	9461.37	**0.0**
30 × 60	E	351.57	2.9	341.81	**0.0**
30 × 60	F	3498.70	**0.0**	3560.92	1.8
30 × 60	G	180834.11	9.0	165912.53	**0.0**
100 × 100	Liniowa	157299.10	**0.0**	160326.25	2.0
100 × 100	A	4176.67	14.7	3641.13	**0.0**
100 × 100	B	27320.57	0.3	27241.74	**0.0**
100 × 100	C	1080471.39	**0.0**	1121317.16	3.7
100 × 100	D	12414.59	6.8	11626.03	**0.0**
100 × 100	E	1531.32	4.3	1597.67	**0.0**
100 × 100	F	7405.57	9.0	6792.93	**0.0**
100 × 100	G	235821.75	0.1	235512.39	**0.0**

Tablica 4.7: Porównanie modelu klasycznego i modelu wyspowego algorytmu ewolucyjnego.

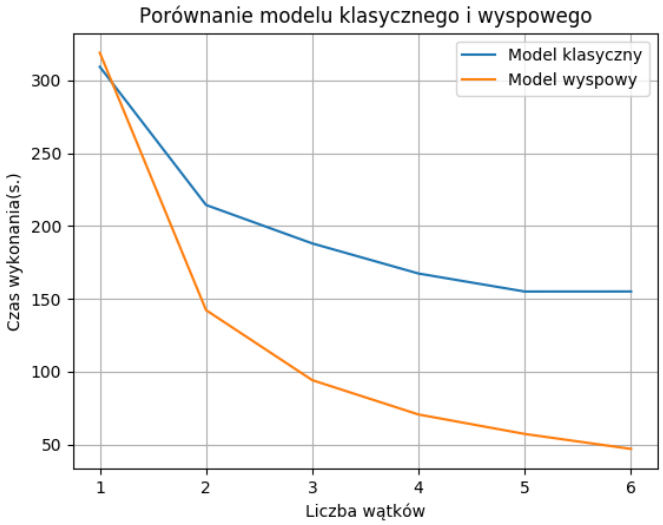
Przyjżyjmy się teraz temu, jaki zysk w postaci skrócenia czasu znalezienia rozwiązania, udało nam się osiągnąć dzięki zastosowanym modelom zrównoleglenia. Wykresy 4.1 oraz 4.2 pokazują jak wygląda zależność czasu wykonania 10000 iteracji algorytmu dla populacji liczącej 400 osobników w przypadku zadania rozmiaru 100 × 100. Na wykresie 4.3 zaprezentowano porównanie obu modeli dla tych samych danych.



Rysunek 4.1: Zaleność czasu wykonania programu od ilości używanych wątków dla modelu klasycznego dla zadania rozmiaru 100×100

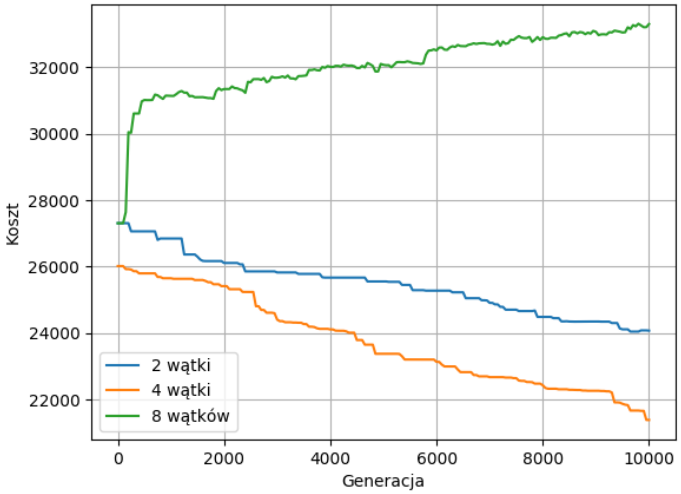


Rysunek 4.2: Zaleność czasu wykonania programu od ilości używanych wątków dla modelu wyspowego dla zadania rozmiaru 100×100



Rysunek 4.3: Porównanie modeli klasycznego i wyspowego pod względem zależności czasu wykonania programu od ilości używanych wątków dla zadania rozmiaru 100×100

Możemy zauważyć, że spadek czasu wykonania jest dużo większy w przypadku modelu wyspowego(wykres 4.3). Wynika to z tego, że rozmiar zadania przydzielanego wątkom jest dużo większy w modelu wyspowym, niż w modelu klasycznym. Wprowadza on jednak dodatkowy warunek, czyli odpowiednio większą populacje. To znaczy, że im więcej wątków angażujemy, tym większa powinna być populacja całkowita, ponieważ jest ona rozdzielana na równe części, na przykład dla populacji 50 osobników uruchomienie 10 wątków nie miałoby sensu z uwagi na to, że każdy działałby na 5 osobnikach. Skutkowałoby to bardzo szybką zbieżnością algorytmu, a co za tym idzie słabej jakości wynikami. Przykład pokazano na wykresie 4.4. Uruchomiono model wyspowy z całkowitą populacją 40 osobników dla 2, 4 i 8 wątków. Wykres przedstawia ewolucje kosztu najlepszego osobnika na przestrzeni 10000 pokoleń.



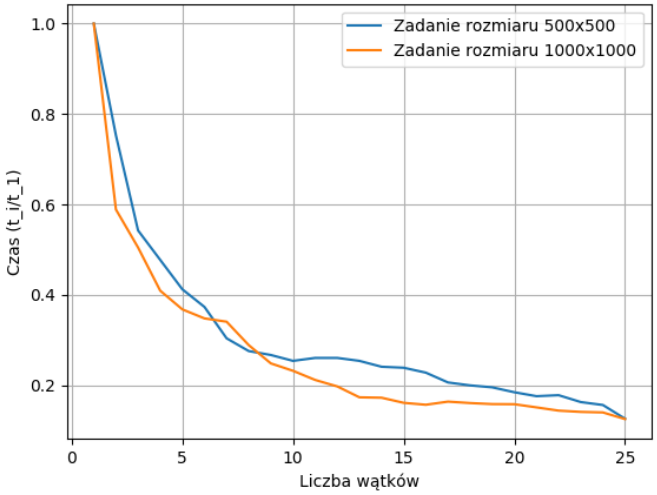
Rysunek 4.4: Ewolucja populacji 40 osobników dla 2, 4 i 8 populacji częściowych.

Widzimy tutaj, że w przypadku zastosowania 8 populacji częściowych koszt zamiast maleć na przestrzeni pokoleń, rośnie. Pokazuje to, że odpowiednio duży rozmiar populacji jest wymagany, aby algorytm ewolucyjny

działał poprawnie.

Używanie dużej ilości wątków w przypadku modelu klasycznego ma sens w przy rozwiązywaniu bardzo dużych zadań. W mniejszych zadaniach dodatkowy narzut w postaci podziału zadań, komunikacji oraz synchronizacji jest większy niż zysk płynący z równoległości, przez co podniesienie ilości używanych wątków ponad określoną liczbę skutkuje zwiększeniem czasu potrzebnego na znalezienie rozwiązania.

W celu lepszego pokazania jak rozmiar zadania wpływa na spadek czasu potrzebnego do zakończenia obliczeń wraz z dodaniem kolejnych wątków wygenerowano dwa dodatkowe zadania rozmiaru 500×500 oraz 1000×1000. Następnie zmierzono czas obliczeń używając od 1 do 25 wątków. W celu lepszego porównania przeskalowano wyniki w taki sposób, żeby oś y określała stosunek czasu obliczeń, do czasu potrzebnego przy użyciu 1 wątku. Rezultat pokazano na wykresie 4.5



Rysunek 4.5: Porównanie czasu dla zadań rozmiaru 500×500 i 1000×1000.

Widzimy że w przypadku większego zadania spadek czasu był większy wraz z dokładaniem kolejnych wątków niż w przypadku mniejszego zadania. Dzieje się tak, ponieważ większe zadania przydzielane poszczególnym wątkom wydłużają czas współbieżnego działania aplikacji, jednocześnie nie zmieniając czasu potrzebnego na synchronizację. Barierą, której nie jesteśmy jednak w stanie przeskoczyć są fragmenty kodu, które nie pozwalają się zrównoleglić oraz dodatkowy czas którego potrzebuje garbage collector Julii na zarządzanie dostępną pamięcią. Wynikiem tego jest wypłaszczenie wykresu w miarę wzrostu wartości na osi x.

Porównując oba modele możemy dojść do wniosku, że algorytm wykorzystujący model wyspowy jest lepszy niż model klasyczny. Większe prawdopodobieństwo na znalezienie dobrego rozwiązania zapewnia nam użycie kilku niezależnych od siebie populacji częściowych. Dodatkowo zysk czasu jaki otrzymujemy przy użyciu dodatkowych wątków jest większy, nawet przy małych rozmiarach zadania. Jedynym minusem jest wymóg w postaci odpowiednio większej populacji dla tego modelu.

Podsumowanie

Celem niniejszej pracy było opracowanie równoległej wersji algorytmu ewolucyjnego, który rozwiązywałby zadanie transportowe z nieliniową funkcją kosztu, oraz przetestowanie go i porównanie z innymi algorytmami służącymi do optymalizacji tego typu zadań. Cel został osiągnięty, a analiza eksperymentalna pokazała, że zaimplementowany algorytm osiąga wyniki lepsze, lub bardzo podobne do tych otrzymywanych przy użyciu innych metod optymalizacji. Udało się to osiągnąć poprzez dostosowanie reprezentacji chromosomu, jak i poszczególnych operatorów w postaci mutacji i krzyżowania do specyfiki zadania transportowego. Dzięki temu użycie operatorów pozwalało na zachowanie ograniczeń zadania. Algorytm działa poprawnie nie zależnie od wybranej funkcji kosztu, w dodatku nie wymaga on tego, żeby używana funkcja była różniczkowalna, co jest wymogiem w przypadku używania innych dostępnych solverów.

Głównym atutem przedstawionego algorytmu jest szybkość z jaką znajdował rozwiązania, co udało się osiągnąć dzięki wprowadzonej równoległości i wykorzystaniu języka Julia, który jest tworzony z myślą o szybkich obliczeniach. Zaprezentowany algorytm ewolucyjny potrzebował jedynie kilkudziesięciu sekund na rozwiązanie dużych zadań, których rozmiar wynosił 100×100, gdzie reszta solverów potrzebowała od kilkudziesięciu minut do nawet ośmiu godzin.

Bibliografia

[1] J. Czyzyk, M. P. Mesnier, J. J. Moré. The neos server. *IEEE Journal on Computational Science and Engineering*, 5(3):68 – 75, 1998.

[2] E. D. Dolan. The neos server 4.0 administrative guide. Technical Memorandum ANL/MCS-TM-250, Mathematics and Computer Science Division, Argonne National Laboratory, 2001.

[3] W. Gropp, J. J. Moré. Optimization environments and the neos server. M. D. Buhman, A. Iserles, redaktorzy, *Approximation Theory and Optimization*, strony 167 – 182. Cambridge University Press, 1997.

[4] G. M. Guisewite, P. M. Pardalos. Minimum concave-cost network flow problems: Applications, complexity, and algorithms. *Annals of Operations Research*, 25(1):75–99, Dec 1990.

[5] S. K. Jeff Bezanson, Alan Edelman, V. B. Shah. Julia: A fresh approach to numerical computing. *SIAM Review*, 59:65–98, 2017.

[6] V. B. S. Jeff Bezanson, Stefan Karpinski, A. Edelman. Julia: A fast dynamic language for technical computing. *ArXiv:1209.5145*, September 2012.

[7] S. J.K. *Linear Programming and Its Applications*. Springer, New York, NY, 1989.

[8] J. S. K. Maciej M. Sysło, Narsingh Deo. *Algorytmy optymalizacji dyskretnej z programami w języku Pascal*. Wydawnictwo Naukowe PWN, 1999.

[9] Z. Michalewicz. *Algorytmy genetyczne + struktury danych = programy ewolucyjne*. WNT, 2003.

[10] N. Saini. Review of selection methods in genetic algorithms. *International Journal of Engineering and Computer Science*, 6(12):22261–22263, Dec. 2017.

[11] S. Schrenk, G. Finke, V.-D. Cung. Two classical transportation problems revisited: Pure constant fixed charges and the paradox. *Mathematical and Computer Modelling*, 54:2306–2315, 11 2011.

[12] 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.

[13] K. Yousefi, A. Afshari, M. Hajiaghaei-Keshteli. Solving the fixed charge transportation problem by new heuristic approach. *Journal of Optimization in Industrial Engineering*, 12:41–52, 04 2019.

Zawartość płyty CD

A.1 Wymagania i instalacja

Opisywany w poprzednich rozdziałach algorytm został zaimplementowany w języku Julia w wersji 1.3. Była testowana na komputerze z zainstalowanym systemem Ubuntu 18.04 w wersji, dla architektury 64-bitowej. Prezentowany pakiet powinien jednak działać na każdym systemie, na którym Julia 1.3 działa poprawnie.

Dodatkowo pakiet wymaga zainstalowanych następujących bibliotek:

- Random
- JSON
- PyPlot
- Distributions
- JuMP(skrypt *optimizers.jl*)

W przypadku, jeśli wymagane biblioteki nie są zainstalowane należy otworzyć *REPL* Julii i przy pomocy modułu *Pkg* dodać wymagane biblioteki poprzez wywołanie funkcji *Pkg.add()*, gdzie w argumencie podajemy nazwę instalowanego pakietu, np:

```
Pkg.add("Distributions")
```

Po zainstalowaniu wyżej wymienionych zależności, biblioteka jest gotowa do użytku. Instrukcja obsługi została zamieszczona w kolejnych sekcjach.

Udostępniony pakiet zawiera zestaw testów jednostkowych, które weryfikują poprawność działania składowych algorytmu. Dodatkowo załączono przykładowy plik konfiguracyjny oraz definicje kilku funkcji kosztu.

W katalogu głównym znajdują się 3 foldery:

- **src** - zawiera implementacje opisywanego algorytmu
- **tests** - zawiera testy jednostkowe
- **examples** - zawiera przykładowe pliki konfiguracyjne

W katalogu **src** znajdują się pliki:

- **chromosom.jl** - zawiera definicje struktury reprezentującej pojedynczego osobnika w populacji. Znajdują się tutaj też wszystkie funkcje operujące na zdefiniowanej strukturze takie jak operatory mutacji, krzyżowania, inicjalizacja, walidacja rozwiązania.
- **population.jl** - zawiera definicje struktury reprezentującej całą populację rozwiązań. Znajdują się tutaj wszystkie główne funkcje operujące na populacji.
- **config.jl** - zawiera definicje struktury pliku konfiguracyjnego. Znajdują się tutaj funkcje odpowiedzialne za zapisywanie i wczytywanie pliku konfiguracyjnego.

- **functions.jl** - w tym pliku znajdują się definicje wszystkich dostępnych funkcji celu. Każda taka funkcja powinna przyjmować jeden argument typu *Array{Float64, 2}*. Zdefiniowano tutaj też słownik, który mapuje nazwy funkcji do ich implementacji. Aby dodać nową funkcje celu, użytkownik powinien zaimplementować ją w tym pliku, a następnie przypisać ją do konkretnej nazwy w słowniku.
- **GeneticNTP.jl** - zawiera definicje całego modułu o nazwie *GeneticNTP*.

Dodatkowo w katalogu głównym znajduje się pliki:

- *run_example.jl* - uruchamia przykładowe zadanie transportowe. Komentarze w pliku opisują krok po kroku jak używać algorytmu korzystając z *REPL* Julii.
- *run.jl* - umożliwia uruchomienie programu dla dowolnego pliku konfiguracyjnego za pomocą polecenia:

```
$ julia run.jl plik_konfiguracyjny ilość_pokoleń nazwa_funkcji_kosztu
```

- *optimizers.jl* - umożliwia optymalizacje zadania transportowego z użyciem solverów **GLPK, Ipopt** i **CPLEX**. Używa biblioteki JuMP w celu uruchomienia sloverów.
- *configToGams.jl* - umożliwia konwersje pliku konfiguracyjnego na plik wejściowy GAMS.

Przykładowe uruchomienie skryptu *run_example.jl*:
[TODO: uruchomienie]
Przykładowe uruchomienie skryptu *optimizers.jl*:

```
piotr@piotr-hp:~$ julia optimizers.jl ./examples/ex_7x7.json GLPK Linear
START
Config loaded.
Using GLPK...
DONE.
Status: OPTIMAL
Result: 1132.0
```

A.2 Pliki konfiguracyjne

Do biblioteki został dodany moduł obsługi plików konfiguracyjnych. Używają one formatu JSON. Moduł pozwala na zapisywanie i wczytywanie całej konfiguracji algorytmu, w skład której wchodzą wektory popytu i podaży, macierz kosztu, oraz wszystkie parametry programu. Definicja poszczególnych parametrów:

- *populationSize* - rozmiar całkowitej populacji. Powinien być dodatnią liczbą całkowitą.
- *eliteProc* - ułamek najlepszych rozwiązań, które zostają przepisane do następnego pokolenia. Wartość powinna znajdować się w przedziale $[0, 1]$. Testy pokazują, że najlepsze rozwiązania są generowane dla wartości parametru w przedziale $[0.1, 0.3]$.
- *mutationProb* - prawdopodobieństwo mutacji. Przyjmuje wartość z zakresu $[0, 1]$. Warto pamiętać o tym, że zalecane prawdopodobieństwo mutacji nie powinno przekraczać kilkanastu procent.
- *mutationRate* - wielkość mutacji, określa stosunek rozmiaru podmacierzy, wybieranej do ponownej inicjalizacji podczas mutacji, do macierzy rozwiązania. Przyjmuje wartości z zakresu $[0, 1]$. Tak jak w przypadku prawdopodobieństwa mutacji, jej wielkość nie powinna przekraczać kilkunastu procent, ponieważ zbyt duża mutacja może niszczyć znalezione rozwiązania.
- *crossoverProb* - prawdopodobieństwo krzyżowania. Przyjmuje wartości z przedziału $[0, 1]$. Zaleca się ustawialnie wartości z przedziału $[0.5, 0.9]$. Należy pamiętać o tym, że suma parametrów eliteProc i crossoverProb nie może być większa niż 1.

- mode - tryb w jakim ma działać algorytm. Przyjmuje wartości *regular*(w przypadku wyboru klasycznego modelu) lub *island*(w przypadku modelu wyspowego).
- *numberOfSeparateGenerations* - liczba naturalna określająca ilość iteracji jakie wykona algorytm pomiędzy rozdzieleniem populacji na mniejsze części, a ponownym jej scaleniem. Dla wyboru modelu klasycznego należy ustawić wartość parametru na 1.

Dodatkowo w pliku konfiguracyjnym określamy wektor popytu, podaży i macierz kosztów:

- *demand* - wektor popytu. Przyjmuje jako wartość listę elementów, które składają się z dwóch pól - i, które określa indeks wektora i val, które określa wartosć wektora w miejscu i - $demand[i] = val$.
- *supply* - wektor podaży. Przyjmuje jako wartość listę elementów, o polach takich samych jak w przypadku wektora popytu. Pojedynczy element opisuje pole wektora $supply[i] = val$.
- *costMatrix* - macierz kosztu, która może być wykorzystywana w funkcji celu. Przyjmuje jako wartość listę elementów, które składają się z trzech pól: s - określa indeks odpowiadający indeksowi wektora podaży, d - określa indeks odpowiadający indeksowi wektora popytu, oraz val - określa wartość macierzy w polu o podanych indeksach $costMatrix[d, s] = val$.

Przykładowy plik konfiguracyjny:

```
{
    "populationSize": 100,
    "eliteProc": 0.3,
    "mutationProb": 0.1,
    "mutationRate": 0.05,
    "crossoverProb": 0.2,
    "mode": "regular",
    "numberOfSeparateGenerations": 1,
    "demand": [
        {
            "val": 1.0,
            "i": 1
        },
        {
            "val": 10.0,
            "i": 2
        }
    ],
    "supply": [
        {
            "val": 1.0,
            "i": 1
        },
        {
            "val": 5.0,
            "i": 2
        },
        {
            "val": 5.0,
            "i": 3
        }
    ],
    "costMatrix": [
        {
```

```
            "val": 1.0,
            "s": 1,
            "d": 1
        },
        {
            "val": 2.0,
            "s": 2,
            "d": 1
        },
        {
            "val": 3.0,
            "s": 3,
            "d": 1
        },
        {
            "val": 10.0,
            "s": 1,
            "d": 2
        },
        {
            "val": 20.0,
            "s": 2,
            "d": 2
        },
        {
            "val": 30.0,
            "s": 3,
            "d": 2
        }
    ]
}
```

A.3 Uruchomienie biblioteki

Przed uruchomieniem biblioteki należy zdefiniować w pliku *functions.jl* funkcję kosztu dla zadania transportowego, lub skorzystać z wcześniej zdefiniowanych funkcji znajdujących się już w tym pliku. Następnie musimy stworzyć plik konfiguracyjny, według opisu znajdującego się w poprzedniej sekcji.

W celu uruchomienia biblioteki możemy używać przygotowanego skryptu znajdującego się w pliku *run.jl*. Uruchamiamy go poprzez wywołanie interpretera julii z argumentami:

1. ścieżka do pliku *run.jl*
2. ścieżka do pliku konfiguracyjnego
3. maksymalna ilość pokoleń
4. nazwa funkcji kosztu

Przykład uruchomienia pliku:

```
piotr@piotr-hp:~/geneticNTP$ julia run.jl ./examples/ex_7x7.json 1000 B
Path: ./examples/ex_7x7.json
Running on 4 threads
==================== CONFIG ====================
```

```
Population Size: 100
Crossover: 70.0%
Mutation: 10.0% / rate: 0.05
Elite: 30.0%
Iterations: 1000
Cost Func: B

Best result in first generation: 660.8
Done in: 0.52914400100708 s
Best result: 265.8226422107641
```

W przypadku, jeśli chcielibyśmy używać biblioteki z poziomu *REPL* Julii musimy wykonać następujące kroki:

1. Włączamy *REPL* Julii.

```
piotr@piotr-hp:~$ julia
                _
    _       _ _(_)_     |  Documentation: https://docs.julialang.org
   (_)     | (_) (_)    |
    _ _   _| |_  __ _   |  Type "?" for help, "]?" for Pkg help.
   | | | | | | |/ _` |  |
   | | |_| | | | (_| |  |  Version 1.3.0 (2019-11-26)
  _/ |\__'_|_|_|\__'_|  |  Official https://julialang.org/ release
 |__/                   |

julia>
```

2. Dołączamy bibliotekę *GeneticNTP*.

```
julia> include("GeneticNTP.jl")
Main.GeneticNTP

julia> using .GeneticNTP
```

3. Uruchamiamy algorytm wywołując funkcję *runEA()*, gdzie w argumentach podajemy ścieżkę do pliku konfiguracyjnego, maksymalną ilość pokoleń oraz nazwę funkcji kosztu z słownika znajdującego się w pliku *functions.jl*

```
julia> c = GeneticNTP.runEA("../examples/ex_7x7.json", 1000, "A")
==================== CONFIG ====================
Population Size: 100
Crossover: 70.0%
Mutation: 10.0% / rate: 0.05
Elite: 30.0%
Iterations: 1000
Cost Func: A

Best result in first generation: 643.0
```

4. Wynikiem jest obiekt *Chromosom*, który w polu *result* posiada macierz rozwiązania, a w polu *cost* koszt znalezionego rozwiązania.

```
julia> c.result
7 x 7 Array{Float64,2}:
```

```
18.0516    0.386976   0.424021   0.285102   0.235168   0.273782   0.34338
0.674536   16.1462    0.463446   0.999492   0.509193   0.40339    0.80372
1.50289    1.54443    14.8906    0.809828   0.317118   0.306721   0.628409
1.90339    1.74331    3.83536    12.4525    0.0        1.31811    1.74737
1.72222    1.47616    1.70419    3.91253    16.5287    0.391483   0.26473
1.75765    1.10214    1.68994    0.975765   1.53068    16.6977    1.24612
1.38773    5.60076    1.99244    0.564831   0.879151   0.608813   14.9663

julia> c.cost
183.0
```