Badania operacyjne
Projekt

Jakub Kosmydel
Norbert Morawski
Przemysław Węglik
Bartłomiej Wiśniewski

1 czerwca 2023

Spis treści

1 Wstęp

Celem naszego projektu jest znalezienie optymalnych tras linii dla autobusów, aby maksymalizować liczbę pasażerów, przy minimalizacji kosztów. Aby to osiągnąć, wykorzystywane są algorytmy genetyczne - algorytmy przeszukujące przestrzeń rozwiązań, które opierają się na procesie działania mechanizmu dziedziczenia biologicznego.

Pozycje przystanków są ustawione na sztywno w miejscach inspirowanych ich prawdziwą obecnością w Krakowie, a ich popularność jest zależna od gęstości zaludnienia dookoła nich. Stosowanie algorytmów genetycznych pozwoliło na wygenerowanie zestawu najlepszych połączeń autobusowych, które można skonfigurować dla lepszego wykorzystania zasobów oraz zwiększenie korzyści z transportu publicznego dla pasażerów.

2 Opis zagadnienia

2.1 Sformułowanie problemu

Naszym celem w projekcie jest zaprojektowanie sieci linii autobusowych pokrywającej dany obszar miejski, przy danym rozłożeniu przystanków. Linie te, powinny mieć możliwość obsłużenia jak największej liczby pasażerów, tworząc jak najmniej postojów oraz zatrzymując się na jak najmniejszej liczbie przystanków.

2.2 Model matematyczny

2.2.1 Założenia

1. Przystankom przypisujemy ilość punktów w zależności od gęstości zaludnienia w pobliżu.
2. Rozkładamy linie komunikacyjne po mieście tak, by maksymalizować sumę zebranych punktów przez wszystkie linie.
3. Wprowadzamy koszt dla linii: koszt ścieżki w grafie, po której jedzie + koszt utworzenia nowej linii.
4. Linie przebiegające przez jeden przystanek uzyskają więcej punktów niż jedna linia, ale stosujemy prawo malejących przychodów.
5. Maksymalizujemy sumę punktów zebranych przez wszystkie linie.

2.2.2 Dane

1. n - liczba linii
2. m - liczba przystanków

2.2.3 Graf

1. Wierzchołki to istniejące przystanki z przypisanymi punktami, zależącymi od gęstości zaludnienia w pobliżu.
2. $p(j)$ - wartość punktowa przystanku:

- $p(j) = \sum_{i=0}^{n-1} [w_{j,i} \cdot f(d_{j,i})]$ gdzie $w_{j,i}$ to wartość obiektu (np. liczba mieszkańców w pobliżu) a $d_{j,i}$ to odległość tego bloku od przystanku, f – funkcja malejących zysków.
- Funkcja liczona dla danego przystanku j

3. Krawędzie to połączenia między przystankami.
4. Koszt krawędzi to odległości między przystankami.

2.2.4 Szukane

$x_{i,j}$ - czy linia i zatrzymuje się na przystanku j, gdzie:

1. $i \in [0, n-1]$
2. $j \in [0, m-1]$

2.2.5 Hiperparametry

1. α - koszt zatrzymania się na przystanku,
2. β - koszt nowej linii,
3. K - funkcja dopasowania dla długości linii,
4. Δ - koszt nieodwiedzenia przystanku,
5. R - hiperparametr zbiegania.

2.2.6 Funkcja zysku

$$l_j = \sum_{i=0}^{n-1} x_{i,j} \qquad \text{liczba linii zatrzymujących się na przystanku } j$$

$$q_j = \frac{p_j \cdot (1 + \frac{R}{l_j})^{l_j}}{l_j} \qquad \text{ile punktów każda linia uzyskuje z przystanku } j$$

$$\lim_{l_j \to \infty} q_j = \frac{e^R}{l_j} \qquad q_j \text{ jest ograniczone nawet jeśli liczba lini jest bardzo duża}$$

$$fitness_j = \begin{cases} \sum_{i=0}^{n-1} x_{i,j} \cdot (q_j - \alpha) & l_j > 0 \\ -\Delta & l_j = 0 \end{cases} \qquad \text{zysk jednej lini i penalizacja nieodwiedzonych przystanków}$$

$$S_i \qquad \text{długość ścieżki linii } i \text{ w grafie}$$

$$f(x) = \sum_{j=0}^{m-1} cost_j - \sum_{i=0}^{n-1} [K(S_i) - \beta] \qquad \text{funkcja zysku}$$

gdzie

- K – funkcja skalująca długość, która dobrana odpowiednio pozwala uniknąć patologicznych sytuacji linii długości tylko 2 lub bardzo długich linii.

W generacji linii dla Krakowa użyto funkcji $K(s) = T - C\,(s - E)^2$, gdzie parametry przyjęto następująco:

- $T = 20000$ (top, wartość maksymalna funkcji)
- $C = 5$ (cutoff, współczynnik zmniejszania się funkcji)
- $E = 10$ (expected, "wartość oczekiwana", funkcja przyjmuje w $s = E$ maksimum)

Względem oryginalnego modelu zmieniło się:

- Dodano funkcje K

3 Opis algorytmów

Nasz problem rozwiązywaliśmy algorytmami genetycznymi.

3.1 Reprezentacja środowiska

Jak już zostało wspomniane, zajmowaliśmy się problemem optymalizacji istniejącej sieci komunikacyjnej, bez tworzenia nowych połączeń.

3.1.1 Reprezentacja mapy

Mapa z przystankami jest reprezentowana jako ważony graf z biblioteki NetworkX.

3.1.2 Reprezentacja genotypu

Genotyp składa się z listy linii autobusowych:

```
class Genotype:
    def __init__(self, lines: list[Line]):
        self.lines = lines
```

3.1.3 Reprezentacja linii

Linia posiada następujące parametry:

1. id - id linii,
2. stops - przystanki, na których się zatrzymuje,
3. edges - wszystkie krawędzie, przez które linia przejeżdża,
4. edge_color - kolor linii; do reprezentacji graficznej,
5. edge_style - styl krawędzi linii; do reprezentacji graficznej,

```
class Line:
    def __init__(self, stops: list[int], best_paths):
        self.id = Line.get_next_id()
        # ordered list of stops
        self.stops = stops
        # list of edges on shortest paths between successive stops
        self.edges = []
```

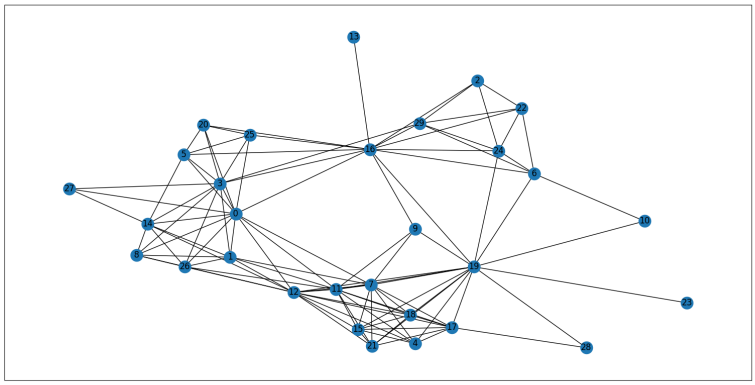
Przystanki są uporządkowanym zbiorem wierzchołków z grafu. Każda linia jest jednoznacznie reprezentowana przez swoje przystanki *stops*. Zbiór krawędzi należących do danej linii *egdes* tworzymy w następujący sposób:

1. Generujemy słownik $best_paths$ zawierający najkrótsze ścieżki od każdego do każdego wierzchołka. Używamy do tego funkcji $all_pairs_shortest_path()$ z biblioteki NetworkX

2. Dla każdej pary kolejnych wierzchołków u i v w zbiorze *stops* do zbioru *edges* dodajemy wszystkie krawędzie leżące na najkrótszej ścieżce między u i v

3.2 Rozwiązanie początkowe

Na początku, chcąc się skupić na realizacji algorytmu, wygenerowaliśmy losowo sieć połączeń. Powstała ona przez wygenerowanie N punktów na płaszczyźnie, a następnie połączeniu ich między sobą z pewnym prawdopodobieństwem. Dawało to całkiem dobre rezultaty:



Rysunek 1: Przykładowa wygenerowana mapa

3.3 Symulacja

Algorytm 1 Symulacja

```
1: function SYMULUJ(liczba_pokoleń, x)
2:     populacja = POPULACJA_POCZĄTKOWA( )
3:     ZAPISZ_POPULACJĘ( )
4:     for i ← 0 to liczba_pokoleń − 1 do
5:         populacja = USUN_NIEDOPUSZCZALNE(populacja)
6:         populacja_dopasowanie = FITNESS(populacja)
7:         populacja = FUNKCJA_PRZETRWANIA(populacja, populacja_dopasowanie)
8:         populacja_nowa = NOWA_POPULACJA(populacja)          ▷ Tutaj zachodzą
   mutacje i krzyżowania
       Co x epok:
9:         ZAPISZ_POPULACJĘ( )
10:    end for
11: end function
```

Powyżej przedstawiony został podstawowy silnik symulacji. W każdej epoce wykonuje on następujące kluczowe czynności:

- Usuwa niedopuszczalne rozwiązania (linie bez przystanków, organizmy bez linii),
- Oblicza funkcję dopasowania,
- Uruchamia funkcję przetrwania, która likwiduje wybrane osobniki,
- Uruchamia funkcję nowej populacji, która dokonuje mutacji i krzyżowań.

Na tym poziomie nie definiujemy, co dana funkcja robi. Zostało to zrobione poniżej.

3.4 Selekcja

Wypróbowaliśmy wielu różnych metod selekcji nowych osobników:

1. n_best_survive(n) - pozostawia daną liczbę n najlepszych osobników,
2. n_best_and_m_random_survive(n, m) - pozostawia n najlepszych osobników, oraz m losowych spośród pozostałych,
3. n_best_and_m_worst_survive(n, m) - pozostawia n najlepszych i m najgorszych osobników,
4. exponentional_survival(n, lambda) - pozostawia n osobników w sposób losowy, ale zależny od uzyskanej wartości $fitness$ i zgodny z rozkładem wykładniczym z parametrem $lambda$,
5. exponentional_survival_with_protection(best_protected, worst_protected, lambda) - działa jak $exponentional\_survival(lambda, n)$, ale gwarantuje przeżycie $best\_protected$ najlepszym i $worst\_protected$ najgorszym osobnikom,

3.5 Mutacja

3.5.1 LineMutator

Tworzy nowe mutacje dla danej linii.
Możliwe mutacje:

1. rotation_to_right - losuje spójny ciąg przystanków w linii i przesuwa je o zadaną (lub losową) liczbę pozycji
2. cycle_rotation - losuje pozycje przystanków w linii i przesuwa obecne na tych pozycjach przystanki o jedną pozycję w ramach wylosowanych pozycji
3. invert - odwraca kolejność przystanków, pomiędzy losowymi indeksami start oraz end,
4. erase_stops - losowo usuwa zadaną liczbę przystanków z linii,
5. add_stops - losowo dodaje zadaną liczbę przystanków, spośród tych, które w linii nie występują
6. replace_stops - losowo zmienia zadaną liczbę przystanków z linii na inne. Nowe przystanki są wybierane z rozkładu jednostajnego lub wykładniczego gdzie przystanki bliższe do obecnego są bardziej prawdopodobne

3.5.2 GenotypeMutator

Możliwe mutacje:

1. erase_line(G) - tworzy nowy genotyp, usuwając losową linię,
2. create_line(G) - tworzy nowy genotyp, dodając losowo wygenerowaną linię,
3. split_line (G) - tworzy nowy genotyp, rozdzielając losową, losową linię dwie różne.
4. merge_lines(G) - tworzy nowy genotyp, łącząc zadaną liczbę losowych linii. W zależności od wartości parametru linie mogą być łączone całościowo lub na poziomie pojedynczych przystanków
5. cycle_stops_shift(G) - tworzy nowy genotyp, ustawiając ciągi przystanków z linii obok siebie i wykonując cycle_rotation na takim ciągu przystanków

3.6 Krzyżowanie

3.6.1 GenotypeCrosser

1. merge_genotypes(G1, G2) - tworzy nowy genotyp poprzez wybranie losowych linii z genotypów G1 i G2
2. cycle_stops_shift(G1, G2) - najpierw wykonuje merge_genotypes(G1, G2), a następnie GenotypeMutator.cycle_stops_shift(G)
3. line_based_merge(G1, G2) - dzieli każdą z linii z G1 i G2 na połowy i jedną z połów każdej linii łączy z połową linii z drugiego genotypu. Z 4 możliwych przypadków połączenia wybiera ten, w którym dystans pomiędzy połączonymi przystankami jest minimalny

3.7 Rozwiązania niedopuszczalne

3.7.1 Sanitizer

1. BasicSanitizer - podstawowy sanitizer usuwający sąsiednie wystąpienia tego samego przystanku, linie o zerowej długości i osobników bez linii

2. RejectingSanitizer(criterium_sanitizer: Sanitizer) - sprawdza czy criterium_sanitizer wprowadziłby jakiekolwiek zmiany w genotypie i jeżeli tak to go usuwa

4 Aplikacja

Aby uruchomić aplikację należy zainstalować interpreter języka Python w wersji co najmniej 3.11. Należy także, przy pomocy programu pip zainstalować wymagane biblioteki poleceniem:

```
pip install -r requirements.txt
```

Aplikacja składa się z 3 modułów:

- main.py – główny moduł aplikacji do uruchamiania eksperymentów,
- grid_search.py – automatyczne wielordzeniowe przeszukiwanie hiperparametrów,
- experiments.ipynb – notatnik Jupyter do szybkiego testowania algorytmu dla grafów losowych lub dla grafu miasta Krakowa.

4.1 Notatnik Jupyter

Najłatwiejszą metodą uruchomienia aplikacji jest notatnik experiments.ipynb. Pozwala on na szybkie uruchomienie algorytmu dla losowego grafu oraz dla grafu miasta Krakowa. Szybkie wyświetlanie wyników umożliwia weryfikację działania programu.

4.2 Głowny moduł

Plik main.py służy jako przykład uruchomienia naszego algorytmu. Zawiera on funkcje run_simulation przyjmującą następujące parametry:

- G: Graph - reprezentacja grafowa miasta,
- all_stops: list[int] - Przystanki w mieście (np. wszystkie wierzchołki w G)
- best_paths - słownik najkrótszych ścieżek pomiędzy każdymi dwoma przystankami w G
- no_of_generations: int - Liczba pokoleń do symulowania
- report_every_n: int - Zapisz/wyświetl wynik co N epok
- report_show: bool - jeżeli Prawda to wyświetl wyniki co N epok, jeżeli Fałsz to zapisz wynik do pliku w katalogu results
- simulation_params: SimulationParams - opcjonalne parametry symulacji

4.2.1 Ustawienie parametrów

Aby ustawić parametry przykładowego uruchomienia należy odszukać zmienną params w funkcji run_simulations. Zapisane są tam wszystkie parametry algorytmu genetycznego.

4.2.2 Uruchomienie

Żeby uruchomić główny moduł w konsoli, należy wykonać (w katalogu głównym):

```
PYTHONPATH="${PYTHONPATH}:$(pwd)/src" python src/main.py
```

Skrypt zapyta nas o wybór miasta:

```
available simulations:
        [0] Random city
        [1] Cracow city
your choice:
```

Po dokonaniu wyboru rozpoczną się obliczenia.

Wyniki Wyniki obliczeń głównego modułu zapisywane są w postaci rysunków w folderze results. W konsoli na bieżąco wyświetlane są statystyki:

```
Epoch:                          2
best fitness function:    -29.275724
no of lines:                   10
longest line:                  16
shortest line:                  2
```

4.3 Poszukiwanie hiperparametrów

Moduł grid_search.py został zaprojektowany jako wielowątkowy moduł uruchamiany z konsoli (w celu np. uruchomienia na zdalnym serwerze) z zapisem parametrów do pliku. Aby go uruchomić należy w terminalu wydać polecenie (głowny katalog projektu):

```
PYTHONPATH="${PYTHONPATH}:$(pwd)/src" python src/grid_search.py
```

Wyniki Wyniki zostaną zapisane w pliku gridsearch.csv w katalogu results. W konsoli wyświetlają się słowniki parametrów aktualnie testowanych.

4.3.1 Ustawianie parametrów

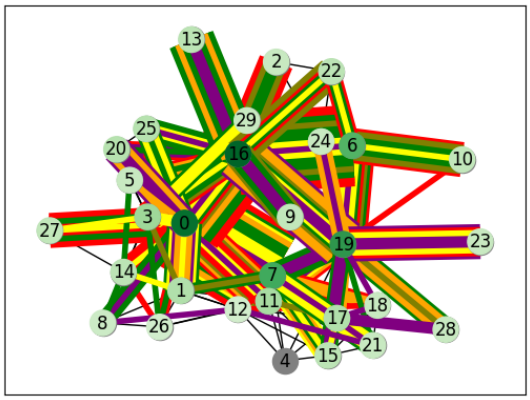
Aby ustawić parametry do sprawdzenia, należy edytować zmienną grid_search_params w pliku grid_search.py. Zawiera ona słownik list. Każdy hiperparametr ma swoją listę, w której zapisane są sprawdzane wartości tego parametru. Trzeba pamiętać że algorytm przeszukiwania sprawdza wszystkie możliwe kombinacje parametrów, więc sprawdzenie dużej przestrzeni może zająć znaczący czas.

Parametry algorytmu można podać również do konstruktora klasy SimulationEngine.

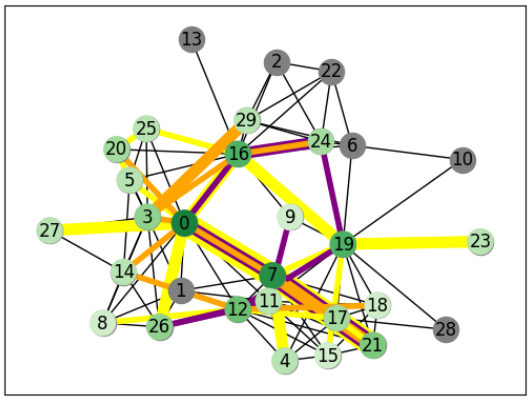
5 Eksperymenty

Na naszym algorytmie przeprowadziliśmy szereg eksperymentów.

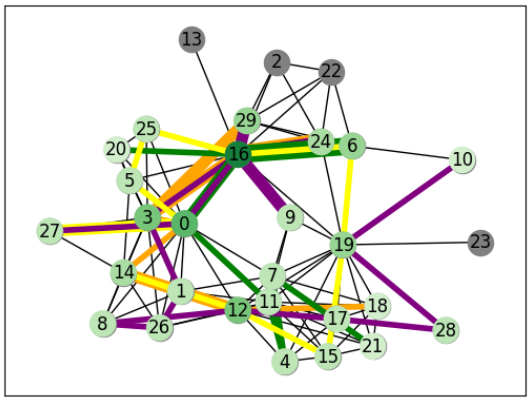
5.1 Eksperymenty proste



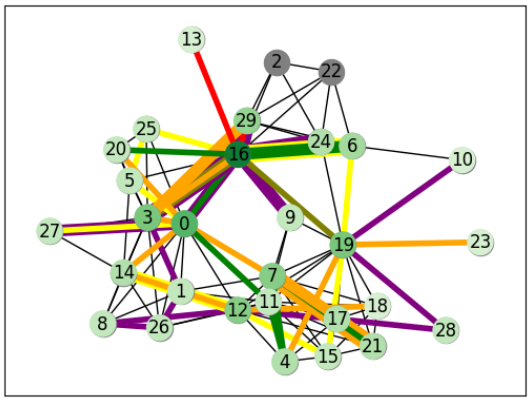
Rysunek 2: Populacja 0
dopasowanie −121.46



Rysunek 3: Populacja 3
dopasowanie 1.71

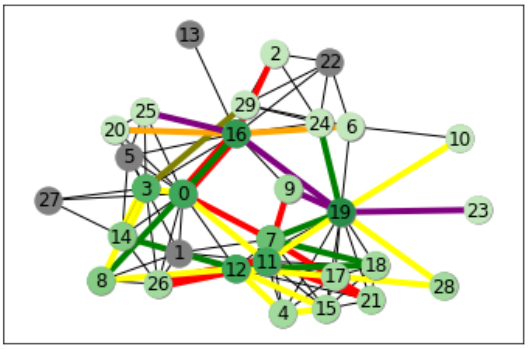


Rysunek 4: Populacja 5
dopasowanie 11.08

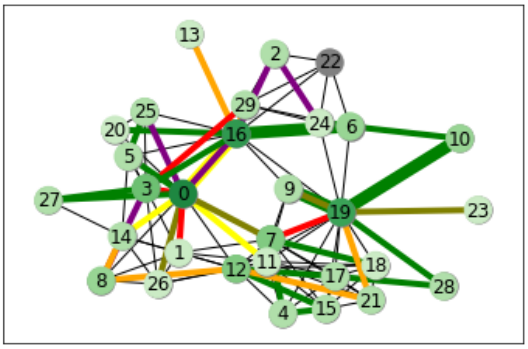


Rysunek 5: Populacja 10
dopasowanie 14.40

Jak widzimy, już po 10 epokach sieć połączeń znacznie się wyklarowała. Funkcja dopasowania wzrosła znacząco od generacji 0 do 10.

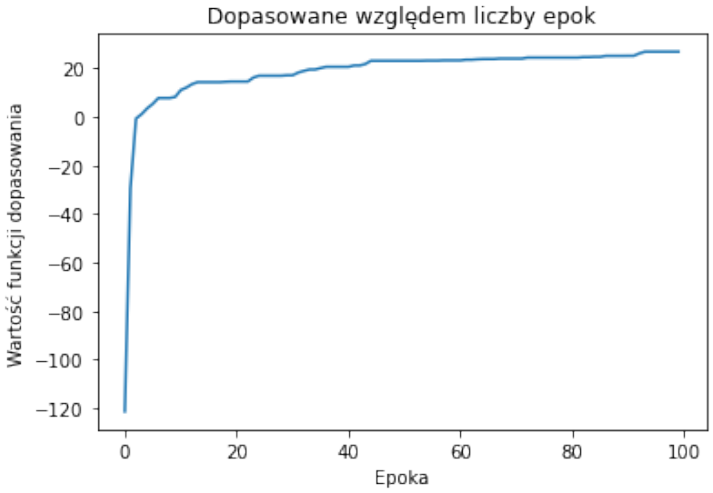


Rysunek 6: Populacja 20
dopasowanie 17.18



Rysunek 7: Populacja 100
dopasowanie 24.64

Sieć pokryła jeszcze więcej przystanków. Tempo wzrostu funkcji dopasowania zmalało.



Rysunek 8: Wykres funkcji dopasowania

Jak widać, rzeczywiście tempo dopasowywania się modelu znacznie spada w późniejszych etapach symulacji.

5.2 Przeszukiwanie siatki hiper-parametrów

Pierwszy eksperyment obejmował wszystkie funkcje przetrwania. Przeszukiwana przestrzeń parametrów:

```
"survival_functions":      [0, 1, 2, 3],
"chance_create_line":      [0.1, 0.8],
"chance_cycle":            [0.1, 0.8],
"chance_erase_line":       [0.1, 0.8],
"chance_invert":           [0.1, 0.8],
"chance_merge":            [0.1, 0.8],
"chance_merge_specimen":   [0.1, 0.8],
"chance_rot_cycle":        [0.1, 0.8],
"chance_rot_right":        [0.1, 0.8],
"chance_split":            [0.1, 0.8],
```

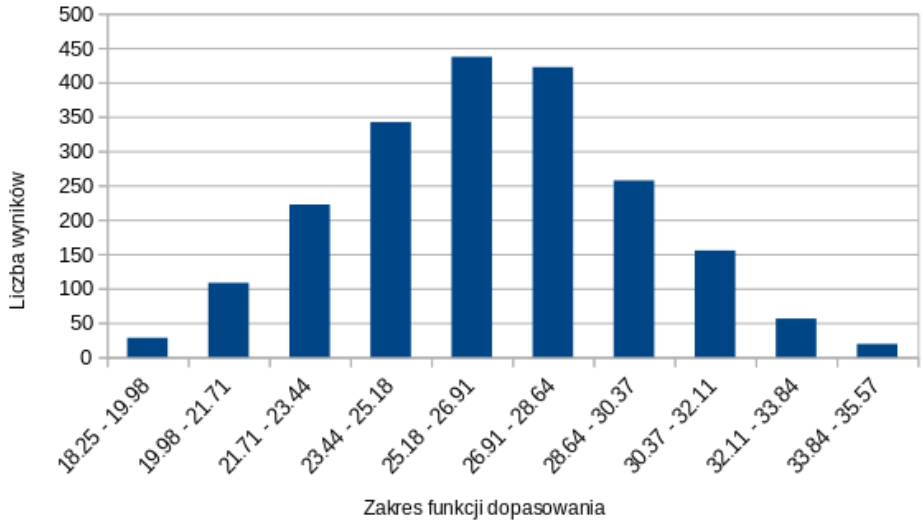
Funkcje przetrwania (opisy funkcji w sekcji 3.4):

0 n_best_survive(N // 4)

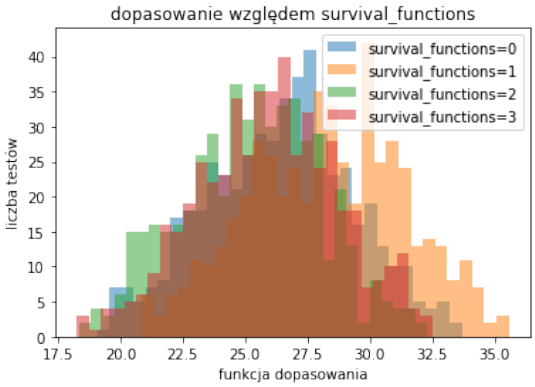
1 n_best_survive(N // 8)

2 n_best_and_m_random_survive(N // 4, N // 10)

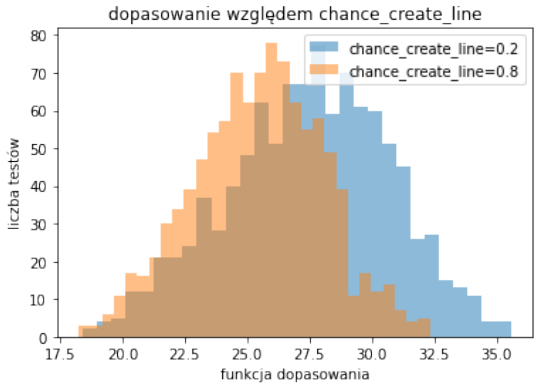
3 n_best_and_m_random_survive(N // 4, N // 20)



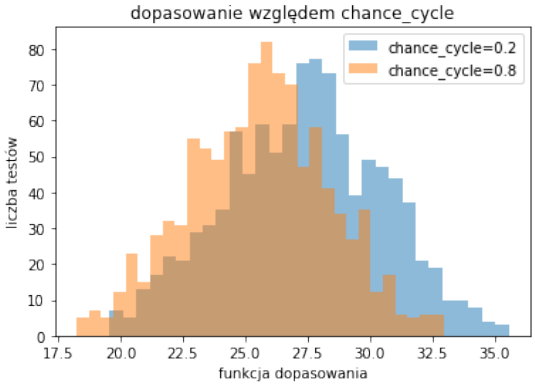
Rysunek 9: Rozkład funkcji dopasowania dla pierwszego przeszukiwania siatki hiper-parametrów



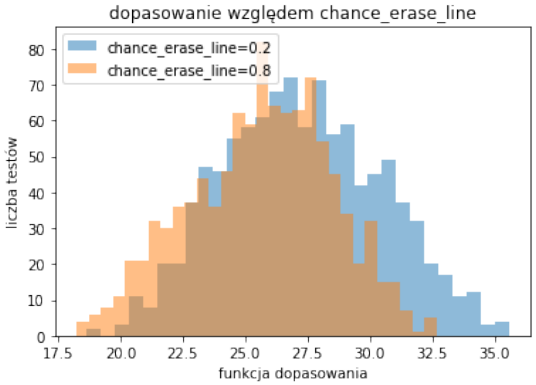
Rysunek 10: Rozkład dopasowania względem hiper-parametru



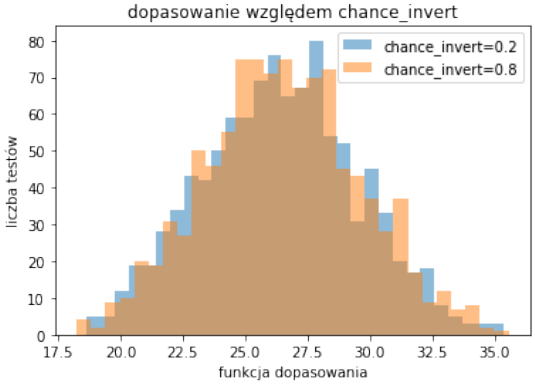
Rysunek 11: Rozkład dopasowania względem hiper-parametru



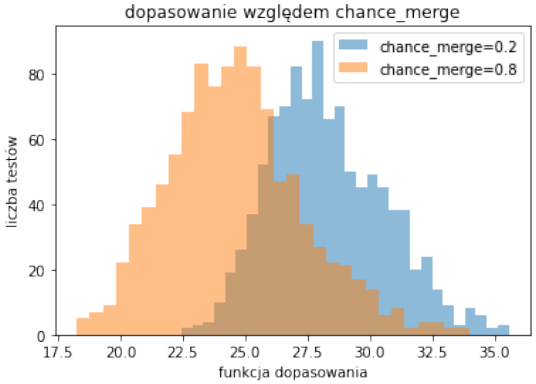
Rysunek 12: Rozkład dopasowania względem hiper-parametru



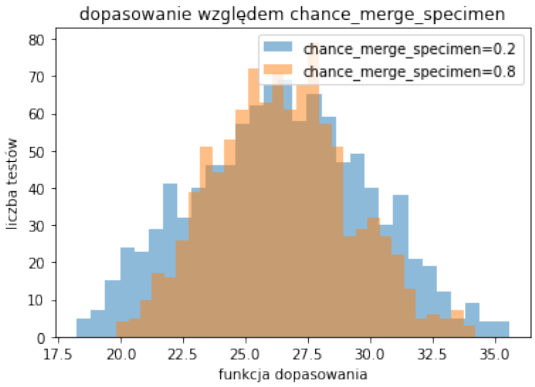
Rysunek 13: Rozkład dopasowania względem hiper-parametru



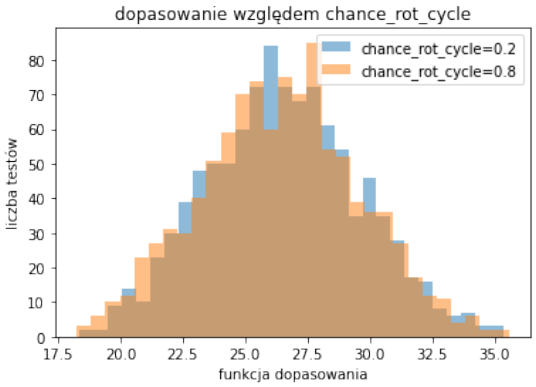
Rysunek 14: Rozkład dopasowania względem hiper-parametru



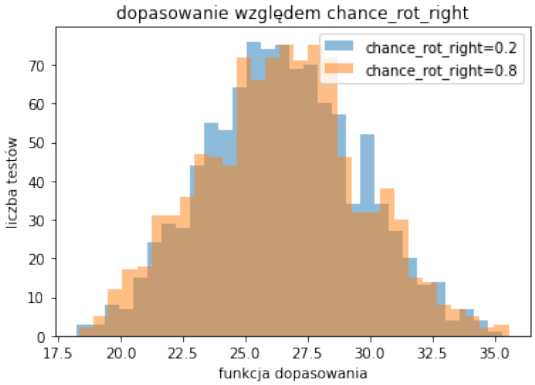
Rysunek 15: Rozkład dopasowania względem hiper-parametru



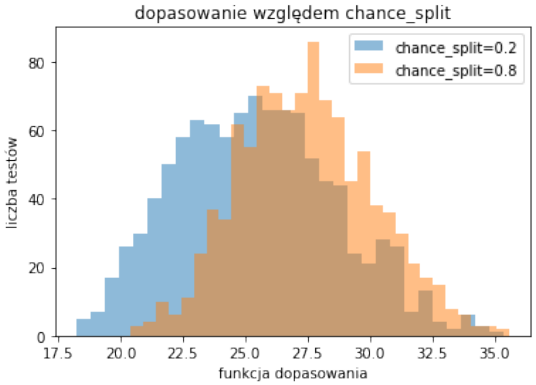
Rysunek 16: Rozkład dopasowania względem hiper-parametru



Rysunek 17: Rozkład dopasowania względem hiper-parametru



Rysunek 18: Rozkład dopasowania względem hiper-parametru



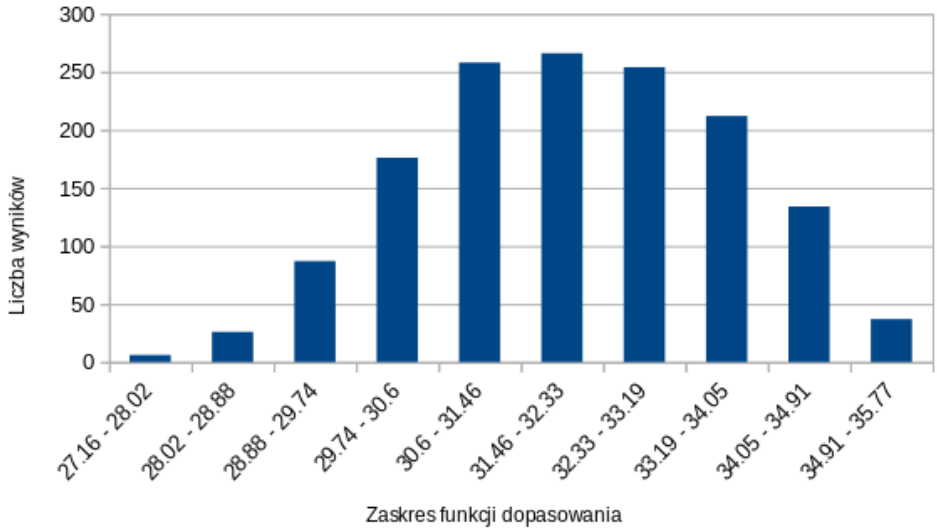
Rysunek 19: Rozkład dopasowania względem hiper-parametru

Jak widać, niektóre rozkłady są lewoskośne, więc dalsze eksperymenty zawęziliśmy do wartości dla tych rozkładów. Jeżeli był to rozkład z parametrem 0.8 to wartości w dalszych eksperymentach to 0.5, 0.75, 0.9; dla parametru o wartości 0.2: 0.1, 0.25, 0.5. Dla rozkładów symetrycznych przyjęliśmy stałą wartość 0.5 (oprócz chance_merge_specimen – tutaj zostawiono duży rozrzut).

Zdecydowanie lepiej radzi sobie funkcja przetrwania 0 od 1 i analogicznie 3 od 2. W poniższym eksperymencie zostały porównane tylko 0 i 1 ale do pozostałych wrócono niżej.

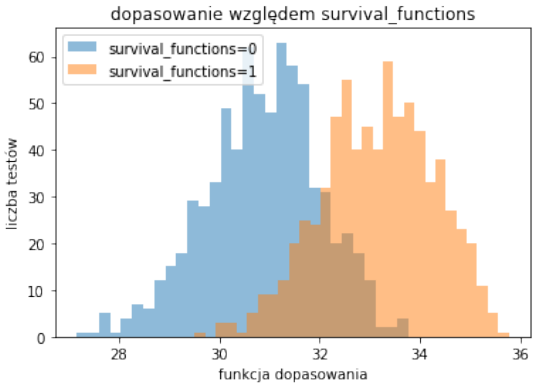
Teraz przestrzeń parametrów wygląda następująco:

```
"survival_functions":      [0, 1],
"chance_create_line":      [0.1, 0.25, 0.5],
"chance_cycle":            [0.1, 0.25, 0.5],
"chance_erase_line":       [0.1, 0.25, 0.5],
"chance_invert":           [0.5],
"chance_merge":            [0.1, 0.25, 0.5],
"chance_merge_specimen":   [0.2, 0.5, 0.8],
"chance_rot_cycle":        [0.5],
"chance_rot_right":        [0.5],
"chance_split":            [0.5, 0.75, 0.9],
```

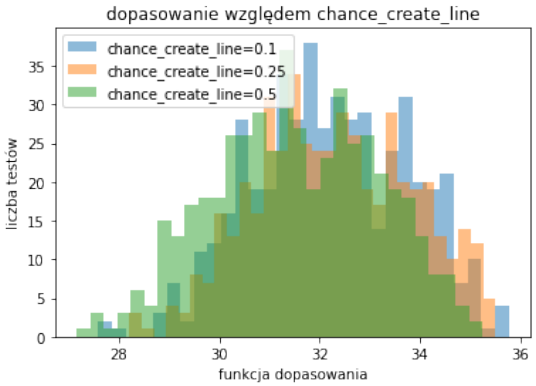


Rysunek 20: Rozkład funkcji dopasowania dla drugiego przeszukiwania siatki hiper-parametrów – zawężona przestrzeń parametrów

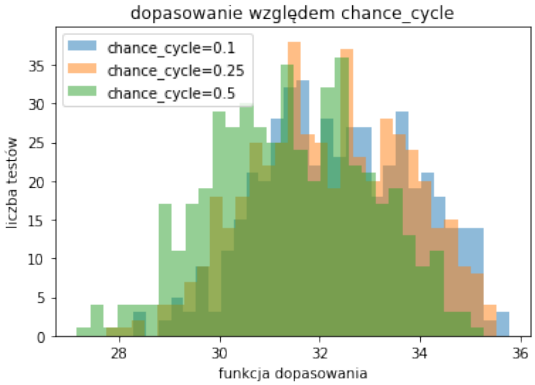
Minimum wzrosło z 18.25 do 27.16, idziemy w dobrą stronę! Ale maksimum wzrosło tylko o 0.2.



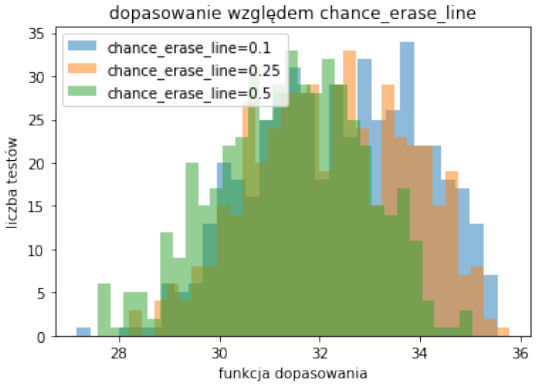
Rysunek 21: Rozkład dopasowania względem hiper-parametru



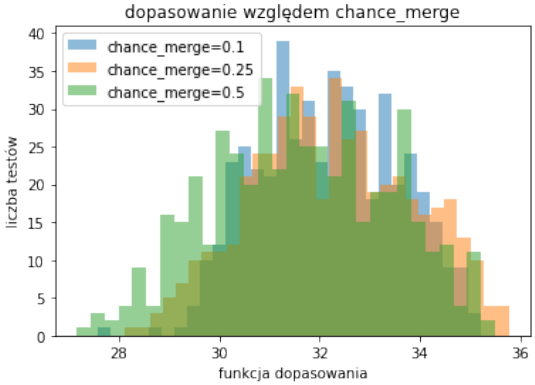
Rysunek 22: Rozkład dopasowania względem hiper-parametru



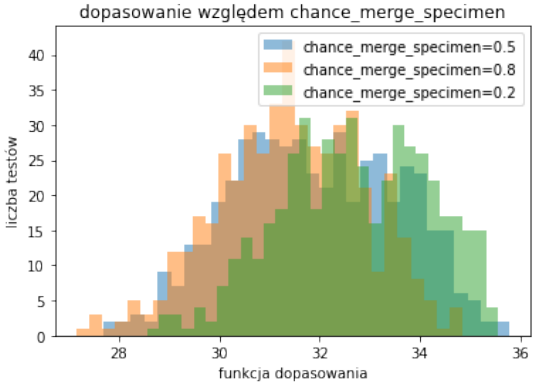
Rysunek 23: Rozkład dopasowania względem hiper-parametru



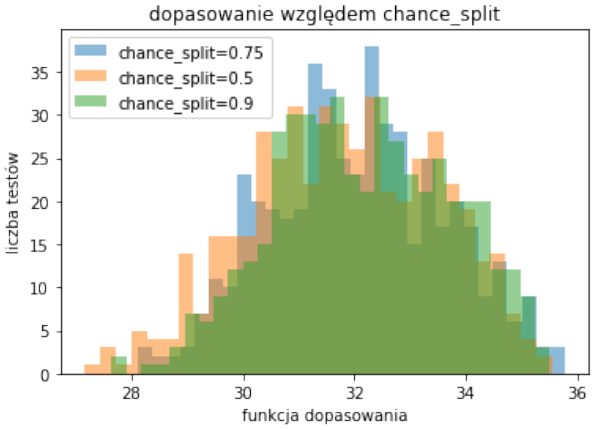
Rysunek 24: Rozkład dopasowania względem hiper-parametru



Rysunek 25: Rozkład dopasowania względem hiper-parametru



Rysunek 26: Rozkład dopasowania względem hiper-parametru



Rysunek 27: Rozkład dopasowania względem hiper-parametru

Najlepsze parametry z wykresów odczytano jako (najbardziej lewoskośny/najwięcej przypadków po prawej/najmniej po lewej):

```
"survival_functions":      [1],
"chance_create_line":      [0.1],
```

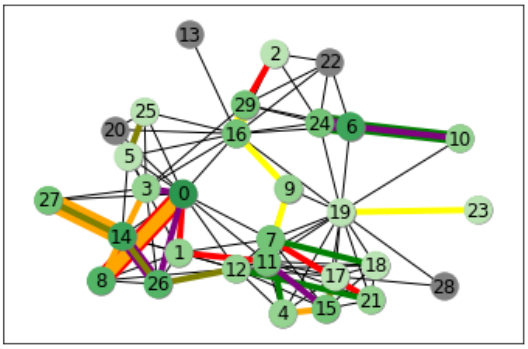
```
"chance_cycle":              [0.1],
"chance_erase_line":         [0.1],
"chance_invert":             [0.5],
"chance_merge":              [0.25],
"chance_merge_specimen":     [0.5],
"chance_rot_cycle":          [0.5],
"chance_rot_right":          [0.5],
"chance_split":              [0.75],
```

Maksymalne dopasowanie (35.77) osiągnięto dla

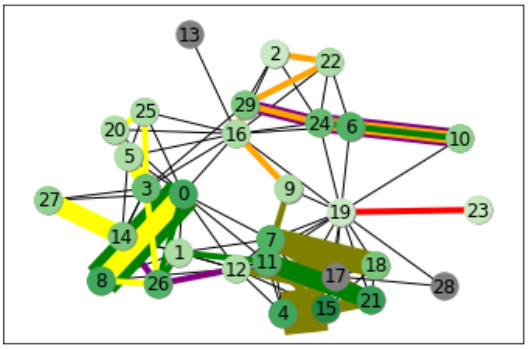
chance_create_line	0.1
chance_cycle	0.1
chance_erase_line	0.25
chance_invert	0.5
chance_merge	0.25
chance_merge_specimen	0.5
chance_rot_cycle	0.5
chance_rot_right	0.5
chance_split	0.75

Jedyna różnica w chance_erase_line. Na wykresie kolor niebieski (= 0.1) i pomarańczowy (= 0.25) prawie się pokrywają.

Dla najlepszych parametrów graf miasta prezentuje się następująco:



Rysunek 28: Epoka 100, dopasowanie 34.90



Rysunek 29: Epoka 1000, dopasowanie 41.96

Nadal widoczne są patologiczne sytuacje. Np. wierzchołki 19 i 23 są połączone tylko między sobą.

5.2.1 Dodatkowe operatory genetyczne

Przetestowaliśmy dodatkowo (poprzednie parametry takie same jak powyżej):

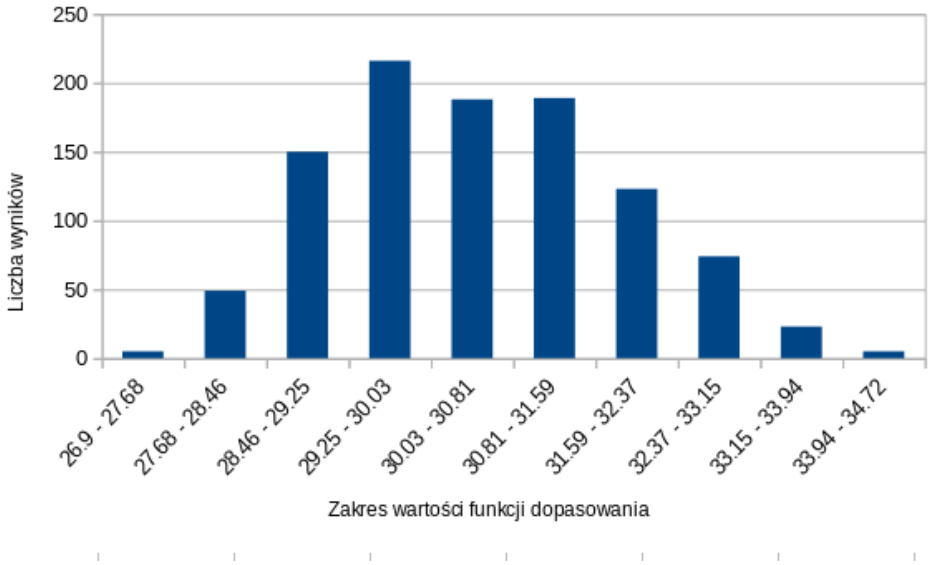
```
"survival_functions":              [1,  4],
"chance_erase_stop":               [0.2,  0.8],
"chance_add_stop":                 [0.2,  0.8],
"chance_add_stop_mix":             [0.2,  0.8],
"chance_replace_stops":            [0.2,  0.8],
"chance_replace_stops_proximity":  [0.2,  0.8],
```

```
"chance_merge_mix":                [0.2,  0.8],
"cycle_stops_shift":               [0.2,  0.8],
"chance_cycle_stops_shift":        [0.2,  0.8],
"chance_line_based_merge":         [0.2,  0.8],
```

Funkcje przetrwania:

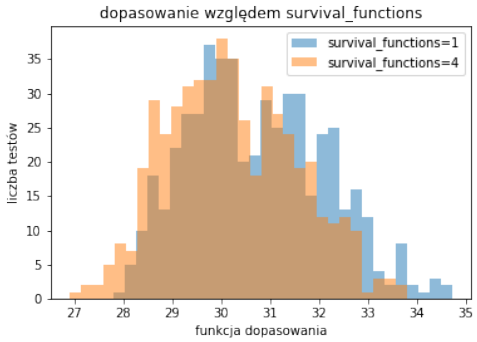
1 n_best_survive(N // 8)

4 n_best_and_m_random_survive(N // 8, N // 20) – połączenie 1 i 3 z poprzednich eksperymentów (najlepsze wyniki)

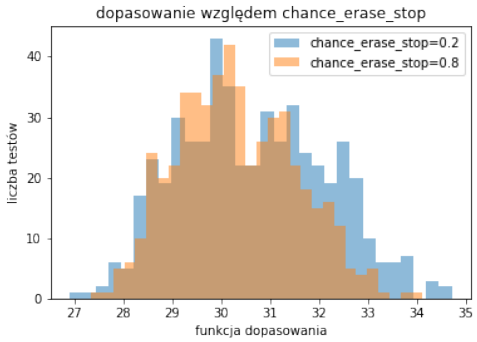


Rysunek 30: Rozkład funkcji dopasowania dla trzeciego przeszukiwania siatki hiper-parametrów – nowe operatory

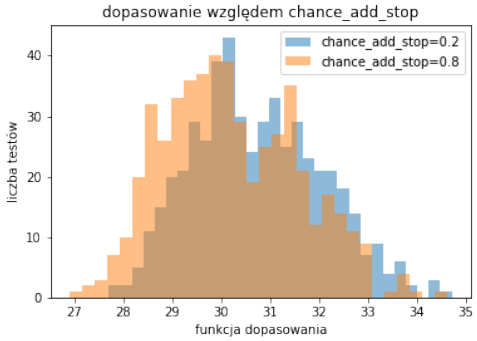
Minimum spadło z 27.16 do 26.90, a maksimum z 35.77 do 34.72.



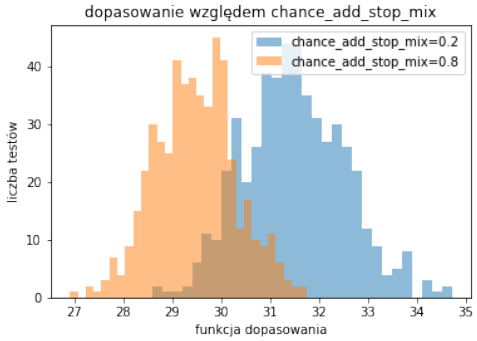
Rysunek 31: Rozkład dopasowania względem hiper-parametru



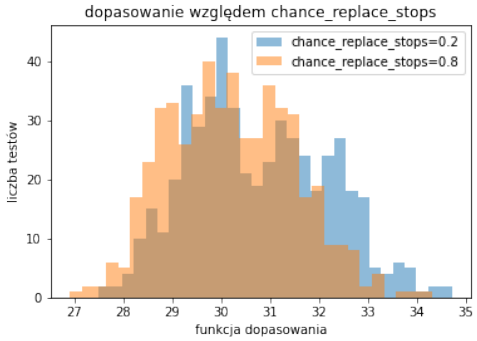
Rysunek 32: Rozkład dopasowania względem hiper-parametru



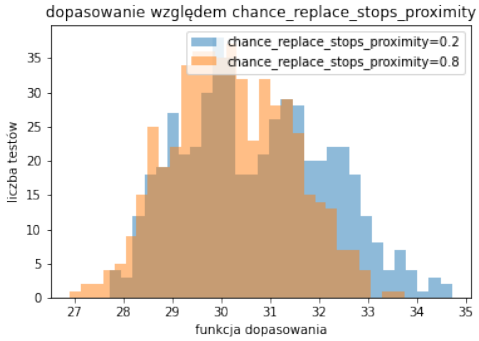
Rysunek 33: Rozkład dopasowania względem hiper-parametru



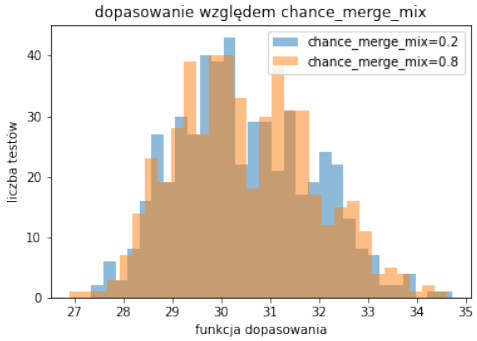
Rysunek 34: Rozkład dopasowania względem hiper-parametru



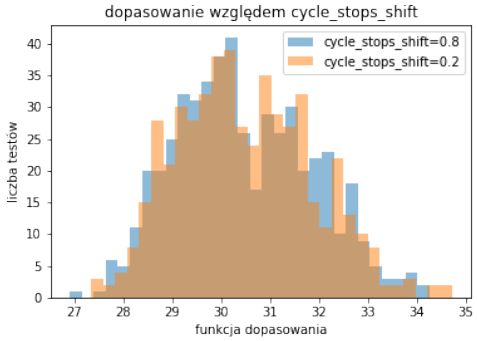
Rysunek 35: Rozkład dopasowania względem hiper-parametru



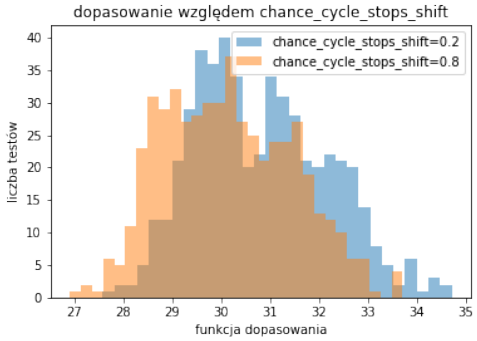
Rysunek 36: Rozkład dopasowania względem hiper-parametru



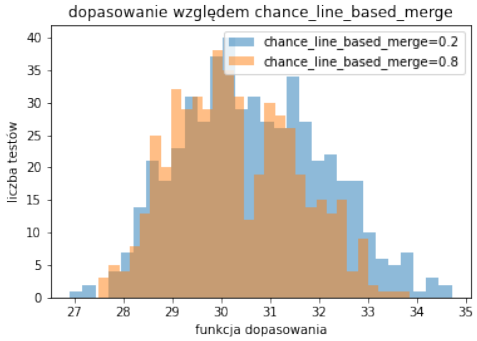
Rysunek 37: Rozkład dopasowania względem hiper-parametru



Rysunek 38: Rozkład dopasowania względem hiper-parametru



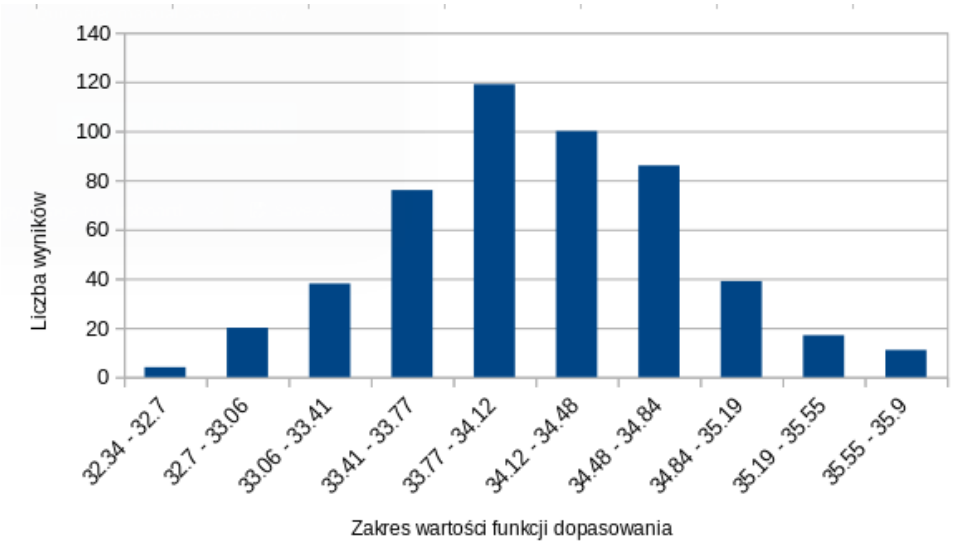
Rysunek 39: Rozkład dopasowania względem hiper-parametru



Rysunek 40: Rozkład dopasowania względem hiper-parametru

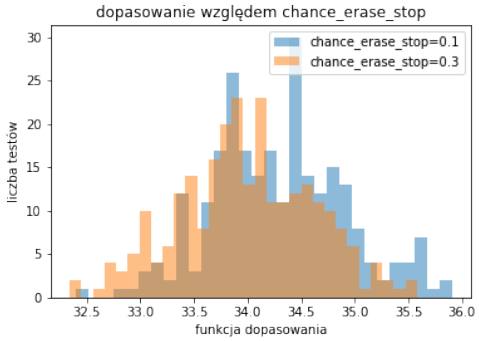
Ponownie zawężony została przestrzeń przeszukiwań parametrów (zgodnie z zasadami z wcześniejszych eksperymentów):

```
"survival_functions"                : [1],
"chance_erase_stop"                 : [0.1, 0.3],
"chance_add_stop"                   : [0.1, 0.3],
"chance_add_stop_mix"               : [0.1, 0.3],
"chance_replace_stops"              : [0.1, 0.3],
"chance_replace_stops_proximity"    : [0.1, 0.3],
"chance_merge_mix"                  : [0.2, 0.8],
"cycle_stops_shift"                 : [0.2, 0.8],
"chance_cycle_stops_shift"          : [0.1, 0.3],
"chance_line_based_merge"           : [0.1, 0.3],
```

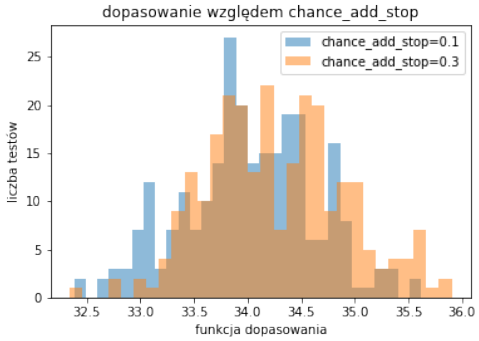


Rysunek 41: Rozkład funkcji dopasowania dla czwartego przeszukiwania siatki hiper-parametrów – nowe operatory

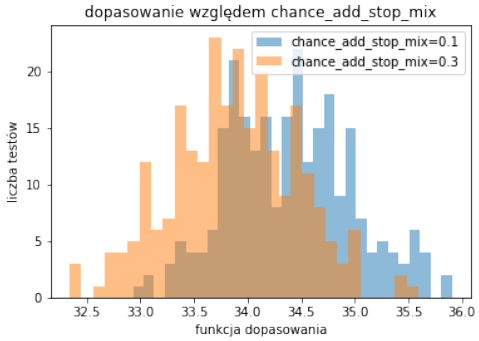
Minimum wzrosło z 32.34 do 26.90, a maksimum z 34.72 do 35.90 (przed implementacją nowych operatorów było to 35.77). Mamy nowy globalnie lepszy wynik.



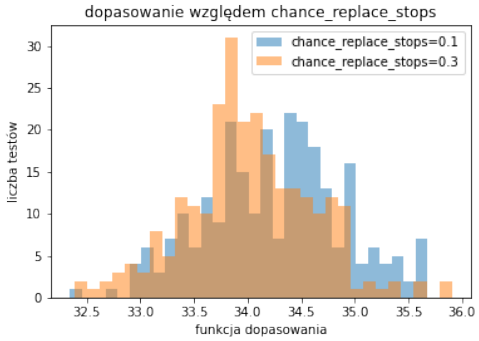
Rysunek 42: Rozkład dopasowania względem hiper-parametru



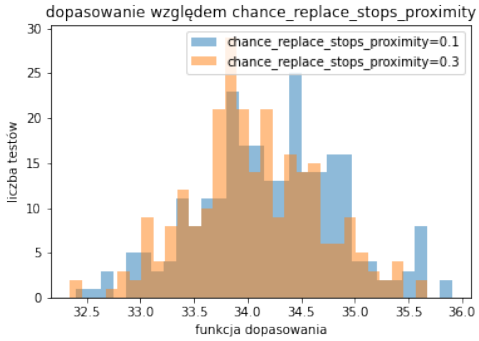
Rysunek 43: Rozkład dopasowania względem hiper-parametru



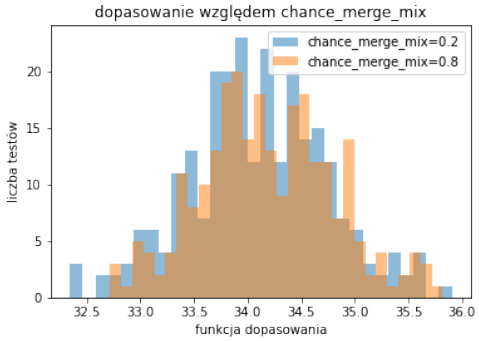
Rysunek 44: Rozkład dopasowania względem hiper-parametru



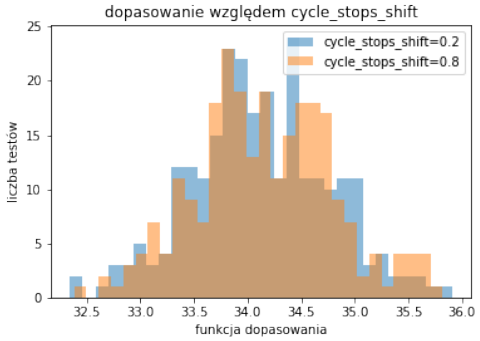
Rysunek 45: Rozkład dopasowania względem hiper-parametru



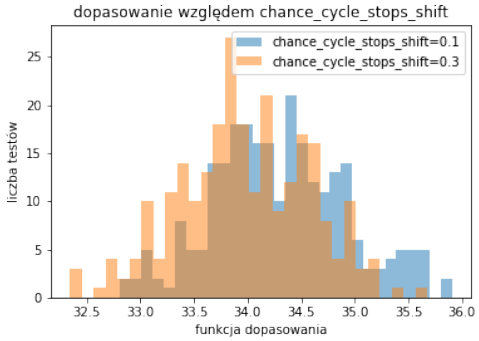
Rysunek 46: Rozkład dopasowania względem hiper-parametru



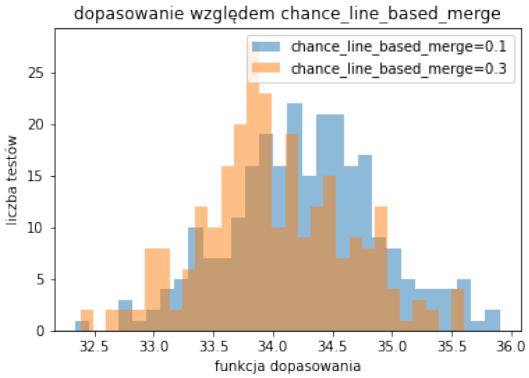
Rysunek 47: Rozkład dopasowania względem hiper-parametru



Rysunek 48: Rozkład dopasowania względem hiper-parametru



Rysunek 49: Rozkład dopasowania względem hiper-parametru



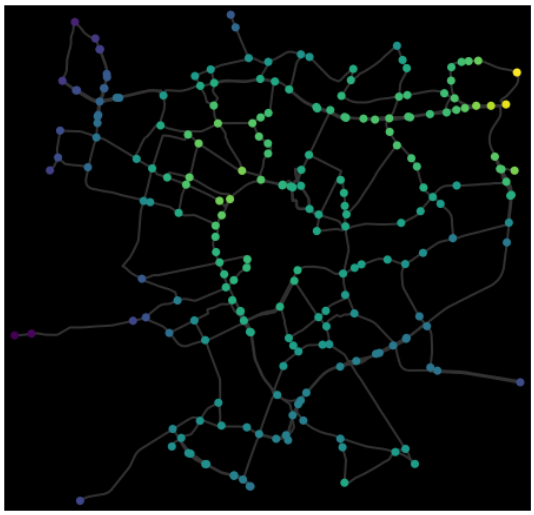
Rysunek 50: Rozkład dopasowania względem hiper-parametru

Teraz całość najlepszych hiperparametrów wygląda następująco:

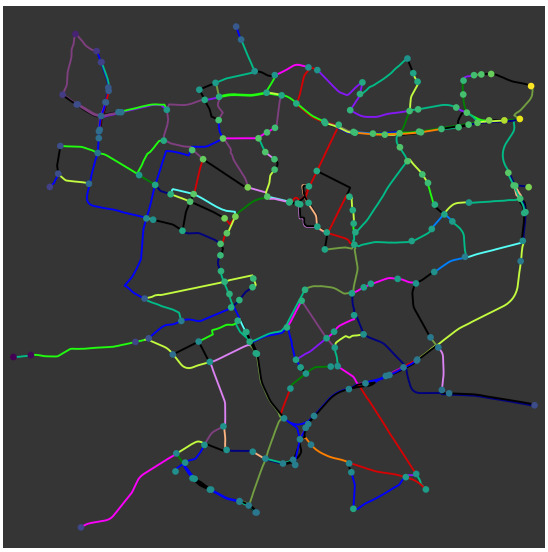
```
"survival_functions"                : [1],
"chance_create_line"                : [0.1],
"chance_cycle"                      : [0.1],
"chance_erase_line"                 : [0.1],
"chance_invert"                     : [0.5],
"chance_merge"                      : [0.25],
"chance_merge_specimen"             : [0.5],
"chance_rot_cycle"                  : [0.5],
"chance_rot_right"                  : [0.5],
"chance_split"                      : [0.75],
"chance_erase_stop"                 : [0.1],
"chance_add_stop"                   : [0.3],
"chance_add_stop_mix"               : [0.1],
"chance_replace_stops"              : [0.1],
"chance_replace_stops_proximity"    : [0.1],
"chance_merge_mix"                  : [0.5], // brak wplywu
"cycle_stops_shift"                 : [0.5], // brak wplywu
"chance_cycle_stops_shift"          : [0.1],
"chance_line_based_merge"           : [0.1],
```

5.3 Eksperymenty z mapą Krakowa

Udało nam się pobrać mapę Krakowa dzięki bibliotece OSMNX (OpenStreetMap NetworkX). Dane o ludności pobrano z msip.krakow.pl. Mapa z nałożoną punktacją wierzchołków (wg modelu) wygląda następująco:



Rysunek 51: Mapa Krakowa z danymi o ludności



Rysunek 52: Wynik algorytmu

Jaśniejszy kolor wierzchołka oznacza wyższą wartość punktową. Po uruchomieniu naszego algorytmu uzyskaliśmy: Ile przystanków ma ile linii:

```
2: 10 (10 linii po 2 przystanki, itd.)
3: 9
5: 8
4: 8,
8: 6,
11: 4,
6: 4,
7: 3,
9: 3,
13: 2,
14: 2,
20: 1,
26: 1,
19: 1,
15: 1
Liczba linii: 63
```

6 Podsumowanie

Problem optymalnego rozplanowania komunikacji miejskiej jest niezwykle skomplikowany. W naszej pracy rozważyliśmy jedynie jego uproszczoną wersję: rozłożenie linii, a i tak trudno jest o jednoznaczne wnioski.

Podczas pracy nad rozwiązaniem wielokrotnie generowaliśmy rozwiązania ekstremalne i niepoprawne np. pokrycie miasta liniami wyłącznie o długości 2 lub jedną linią długości 500. Problemy te wynikały z tego, że algorytm genetyczny próbował znaleźć słaby punkt w naszej funkcji zysku. Jeśli kara za utworzenie nowej linii była zbyt wysoka, optymalnym rozwiązaniem była jedna długa linia. Jeśli kara ta była za niska, a koszt podróży po krawędzi zbyt wysoki, lepsze okazywało się tworzenie setek linii o najkrótszej możliwej długości. Ostatecznie udało nam się tak dobrać funkcję zysku, że powstawały rozwiązania ńaturalne"(zarówno krótkie jak i dłuższe linie).

Kolejnym krokiem w pracy nad rozplanowaniem komunikacji mogłoby być generowanie przykładowych rozkładów jazdy, które musiałby sprostać zmiennemu natężeniu podróżujących jak i ograniczonej liczbie pojazdów. Takie rozwiązanie stanowiłoby już bliski rzeczywistości model komunikacji miejskiej.

7 Bibliografia

1. Python 3.11
2. NetworkX
3. OSMNX
4. Prawo malejących przychodów (Wikipedia)
5. Dane o zaludnieniu (Miejski System Informacji Przestrzennej)

8 Podział pracy

- Jakub Kosmydel - 25%
  - implementacja algorytmu Grid Search do poszukiwania optymalnych hiperparametrów,
  - wizualizacje eksperymentów,
  - dokumentacja.
- Norbert Morawski - 25%
  - przeszukiwanie przestrzeni hiperparametrów z użyciem Grid Search,
  - zaimportowanie rzeczywistych danych przy użyciu OpenStreetMap,
  - eksperymenty z optymalnymi parametrami,
  - dokumentacja.
- Przemysław Węglik - 25%
  - generacja grafów losowych,
  - prace nad architekturą projektu (Simulation Engine),
  - pierwsze eksperymenty.
- Bartłomiej Wiśniewski - 25%

– Stworzenie większości algorytmów mutujących i krzyżujących
– Stworzenie logiki sprowadzającą osobników do obrzaru rozwiązań dozwolonych (Sanitizery)
– Prace nad architekturą projektu (klasy Line i Genotype)
– Prace nad utrzymywaniem kodu (typing, rewizje i śledzenie tasków)