Sprawozdanie projektu z PRiR

Sebastian Grosfeld Miłosz Mertka

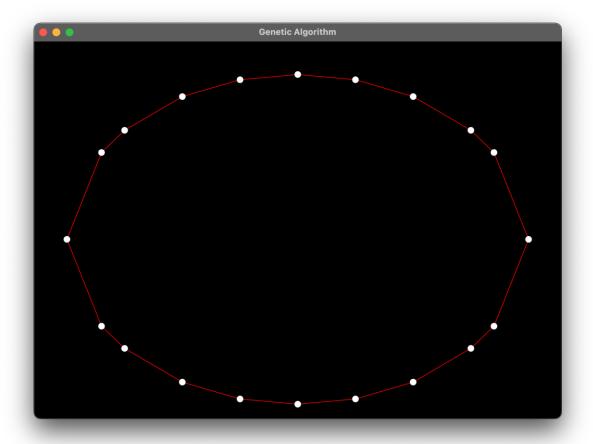
Opis problemu

Projekt wykonany w ramach zajęć obejmuje rozwiązanie problemu komiwojażera w wersji prostej. Dla punktów z podanymi współrzędnymi wyznaczamy optymalną (możliwie jak najkrótszą) trasę obejmującą wszystkie punkty na podstawie kosztu, którym jest sumaryczna odległość przebytej drogi.

Opis programu

Projekt został napisany w języku Java w wersji 22. W celach współpracy między członkami zespołu użyty został systemu kontroli wersji Git oraz funkcja udostępniona w IntelliJ IDEA "Code with me". Część zrównoleglona została napisana przy pomocy puli wątków zarządzanej przez klasę ExecutorService. Program wczytuje dane z pliku tekstowego, który musi zawierać liczbę punktów, które mają być rozważone, oraz same punkty w postaci dwóch współrzędnych x i y jako liczby zmiennoprzecinkowe posiadające przecinek jako separator dziesiętny. Format pliku wynikowego jest taki sam jak wejściowego, z tą różnicą, że posiada punkty w kolejności zgodnej z kolejnością w uzyskanym rozwiązaniu optymalnym.

Po uzyskaniu wyników program przy użyciu JavaFX tworzy wizualizację otrzymanego rozwiązania.



Opis podejścia do problemu

Projekt posiada w implementacji algorytm genetyczny w wersji sekwencyjnej oraz w wersji zrównoleglonej. W części zrównoleglonej korzyść uzyskana występuje w postaci szybszego zbiegu algorytmu do rozwiązania optymalnego dla takich samych parametrów wspólnych jak dla wersji sekwencyjnej.

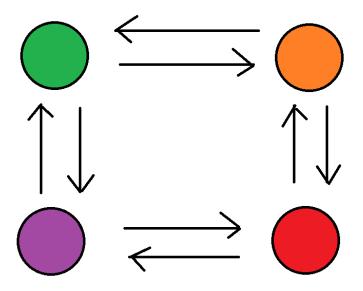
Parametry wspólne:

- rozmiar populacji,
- liczba pokoleń,
- część populacji przeznaczonej do krzyżowania,
- prawdopodobieństwo krzyżowania,
- prawdopodobieństwo mutacji.

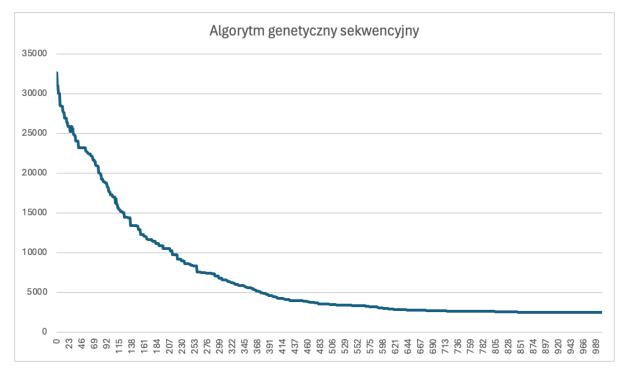
Parametry dodatkowe dla algorytmu zrównoleglonego:

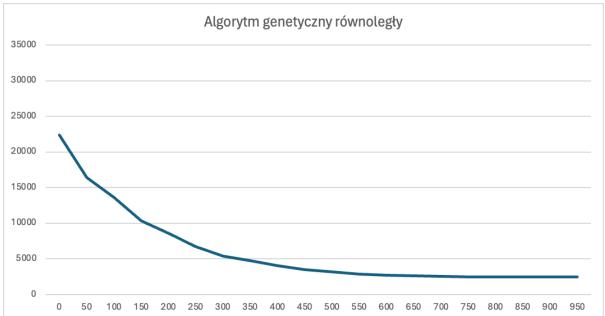
- liczba wysp,
- interwał migracji,
- część populacji przeznaczona do migracji.

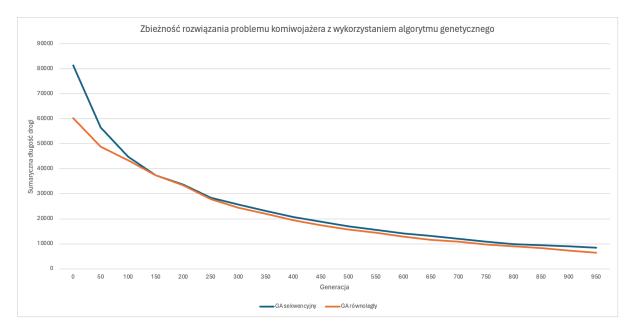
W wersji programu zrównoleglonej zastosowano koncepcję wysp służących do przeszukiwania szerszego spektrum rozwiązań. Wątki wykonują kroki standardowego algorytmu genetycznego w ramach wysp, a następnie wykonuje się synchronizacja i migracja osobników między wyspami według poniższego schematu poglądowego.



Porównanie zbieżności wersji algorytmu:







Na podstawie obserwacji i uzyskanych wykresów można stwierdzić, że równoległy algorytm wyszukuje optymalne rozwiązanie szybciej niż sekwencyjny. Natomiast różnica między wydajnością zbieżności obu implementacji może znacząco różnić się w zależności od złożoności rozpatrywanego problemu oraz dobranych parametrów.

Porównanie czasowe.

Algorytm nie przerywa swojego działania na podstawie różnicy w rozwiązaniach między iteracjami, więc ciężko pod tym względem porównywać szybkość algorytmów. Ze względu na wymaganą synchronizację wątków algorytm równoległy wypada w tym zestawieniu gorzej, ale różnica zmniejsza się wraz z wzrostem liczby punktów.

Liczba punktów	Alg. Sekwencyjny (ms)	Alg. Równoległy (ms)
200	16073	18138
100	4289	7582

Analiza doboru parametrów

	Liamba	Wsp.	P.		liamba	Intonucl	Won	
Populacja		krzyżow ania	ania	P. mutacji	Liczba wysp	Interwał migracji	Wsp. migracji	Wynik
500	1000	0,7	0,7	0,05	5	10	0,2	18834,218
500	1000	0,9	0,7	0,05	5	10	0,2	20907,560
500	1000	0,5	0,7	0,05	5	10	0,2	18124,943
500	1000	0,5	0,9	0,05	5	10	0,2	19224,202
500	1000	0,5	0,5	0,05	5	10	0,2	18019,827
500	1000	0,5	0,65	0,1	5	10	0,2	17469,949
500	1000	0,5	0,65	0,07	5	10	0,2	17967,882
500	1000	0,5	0,65	0,02	5	10	0,2	18623,589
500	1000	0,5	0,65	0,02	3	10	0,2	18808,970
500	1000	0,5	0,65	0,02	1	10	0,2	20985,352
500	1000	0,5	0,65	0,02	5	20	0,2	18170,983
500	1000	0,5	0,65	0,02	5	5	0,2	18484,550
500	1000	0,5	0,65	0,02	5	15	0,2	18141,664
500	1000	0,5	0,65	0,02	5	15	0,5	17507,456
500	1000	0,5	0,65	0,02	5	15	0,1	19001,935
500	1000	0,5	0,65	0,02	5	15	0,4	16778,979

Bazując na wynikach otrzymanych w tabeli powyżej można stwierdzić, że najbardziej wpływowym parametrem algorytmu genetycznego dla rozpatrywanego problemu jest współczynnik krzyżowania i prawdopodobieństwo krzyżowania. Wynika z tego ze najlepszym wyborem, jeśli chodzi o współczynnik krzyżowania jest wartość oscylująca wokół 0,5. Większa wartość pogorszała wynik. W przypadku prawdopodobieństwa krzyżowania optymalna wartość wynosi około 0,65. W podanej tabeli prawdopodobieństwo mutacji miało mały wpływ na wynik, ale sytuacja byłaby inna dla dużych wartości tego parametru, lecz według zaleceń nie powinno się ich w praktyce stosować. Można tez zauważyć ze stosowanie jednej wyspy pogarsza wynik, co jest logiczne, bo w ten sposób zawężamy zakres poszukiwań rozwiązania i tracimy zysk użycia w tym przypadku wielowatkowości. Interwal migracji nie wykazuje znaczącego wpływu na wynik. Współczynnik migracji występuje przy najlepszym rezultacie na poziomie 0,4. Osiąga gorsze wyniki dla małych wartości tego parametru typu 0,1 – 0,2. Uzyskana analiza jest mocno subiektywna, gdyż dla pewności należałoby wykonać setki jak nie tysiące prób optymalizacji

parametrów. Dodatkowo ze względu na elementy losowości uzyskane wyniki niekoniecznie musza być odtwarzalne.

Wnioski

Zrównoleglenie algorytmu genetycznego przejawia się przeszukiwaniem szerszego spektrum rozwiązań, co skutkuje lepszą zbieżnością algorytmu ku optymalnemu rozwiązaniu. Należy jednak zauważyć, że dla mniejszych problemów potencjalny zysk ze zrównoleglenia jest stosunkowo niewielki, dlatego opłacalność stosowania równoległej implementacji algorytmu genetyczne zależy silnie od rozmiaru problemu, który bezpośrednio się przekłada na rozmiar przestrzeni jego rozwiązań.