

Decision Models 2018/19

Bagnalasta Matteo - 833349

Biondi Stefano - 839358

Pierri Luca - 846597

Packing Santa's Sleigh

Risoluzione tramite Algoritmo Genetico

Packaging Problems

• Studiati a fondo negli ultimi decenni

- Focus su particolare variante 3D
 - Ordine di inserimento
 - Minimizzazione dello spazio occupato in altezza





1. Preprocessing

Dataset

- File CSV
- Le righe rappresentano i pacchetti
- 3 dimensioni (+1)
 - Dimension1: dimensione x del pacchetto
 - Dimension2: dimensione y del pacchetto
 - Dimension3: dimensione z del pacchetto
 - PresentId: ID del regalo



Preprocessing

• Utilizzo di Pandas per una veloce analisi descrittiva

	Dimension1	Dimension2	Dimension3
count	1000000.000000	1000000.000000	1000000.000000
mean	49.230199	49.260762	51.901871
std	61.875137	61.949176	61.981952
min	2.000000	2.000000	2.000000
25%	7.000000	7.000000	7.000000
50%	24.000000	24.000000	28.000000
75%	61.000000	61.000000	67.000000
max	250.000000	250.000000	250.000000

• Eterogeneità dei pacchetti



```
class Pack:
    def __init__(self, x, y, z, pack_id):
        self.x = x
        self.y = y
        self.z = z
        self.pack_id = pack_id
```

- Conversione delle righe in oggetti Pack
 - Facilità di manipolazione
 - Codice «parlante»
- Ordinamento dei pacchetti per PresentId decrescente





2. Analisi Competizione

Misura d'errore

$$M = 2 \max_{i}(z_i) + \theta(\Gamma)$$
 con $i = 1, ..., N_p$

- N_p = numero di pacchi da inserire
- z_i = coordinata z dell'i-esimo pacco
- $\theta(\Gamma) = \sum_{i=1}^{N_p} |i \Gamma_i|$ con $\Gamma(i)$ ID del regalo nell'i-esima posizione
- Due addendi
 - Contributo di ordini di grandezza differenti



Analisi dei worst cases

• Altezza massima con pacchi impilati l'uno sull'altro

$$s_1 = 2 \cdot \sum_{j=1}^{N_p} \min_{j=1,2,3} Dimension(j) = 65.068.208 \simeq 6.5 \cdot 10^7$$

• Errore sull'ordinamento massimo con pacchi inseriti in ordine inverso

$$s_2 = 2 \cdot \sum_{i=1}^{500.000} (2i - 1) = 2 \cdot 500.000^2 = 5 \cdot 10^{11}$$



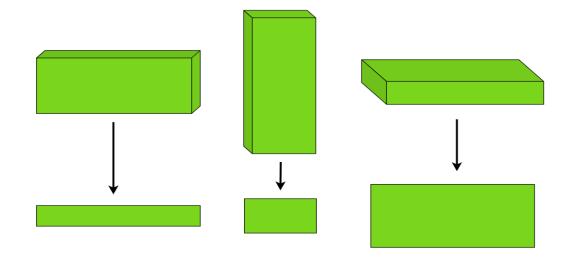


3. Approccio Metodologico

Strutturazione del problema

• Focalizzazione sulla minimizzazione dell'errore dato dall'ordinamento

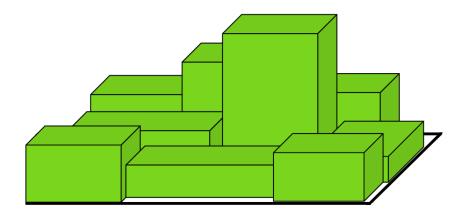
• 3 superfici differenti per ogni pacco





• Livello 1

- Combinazione che minimizza la misura d'errore scelta tra 3^{n₁} combinazioni
- n₁ numero di pacchi da inserire al primo livello



Livello K

- Più complicato
- Inserimento basato sulla configurazione del piano precedente

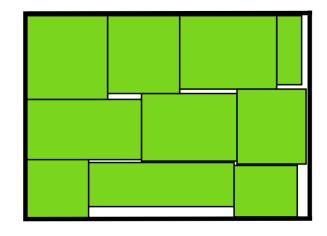
Problema a layer

- Inserimento segue la relazione:

$$id_i > id_j$$
 $\forall i = 1, ..., n_k \ \forall j = 1, ..., n_{k+1} \ \forall k = 1...N_{t-1}$

- N_k = pacchi inseriti al livello k
- N_{k+1} = pacchi inseriti al livello k + 1
- N_t = numero totale dei layer

• Da 3D a 2D





Scelta ed Implementazione del Modello

• Algoritmo Genetico che sceglie quale delle 3^{n;} combinazioni minimizzi

$$FitnessFunction_i = M_i/n_i$$

• Misura di errore finale

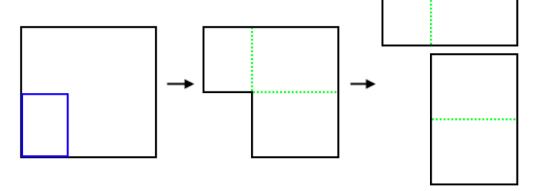
$$M = \sum_{i=1}^{N_t} M_i$$

- N_t = numero totale di Layer utilizzati

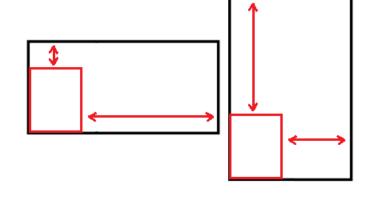


Rettangoli 2D nel singolo Layer

- MaxRectBssf (Maximum Rectangle Best short side fit)
 - Primo rettangolo in basso a sinistra
 - Calcolo dei rettangoli liberi



- Rettangolo successivo in basso a sinistra tale che sia minima la distanza libera



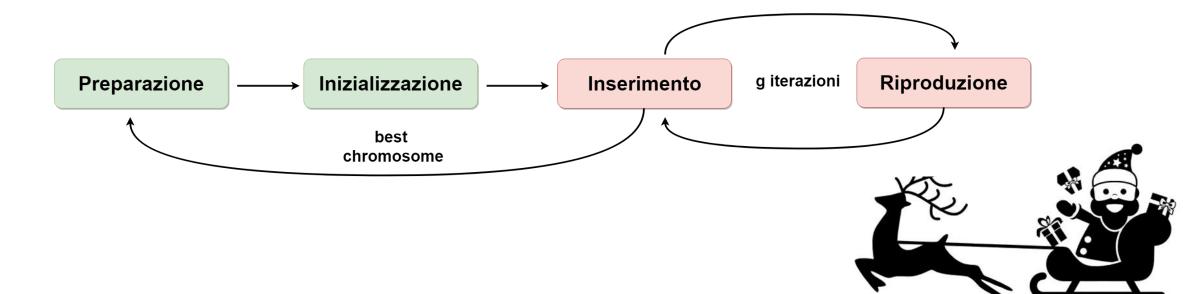


• RectPack modificata per garantire ordinamento

Creazione dell'oggetto Chromosome

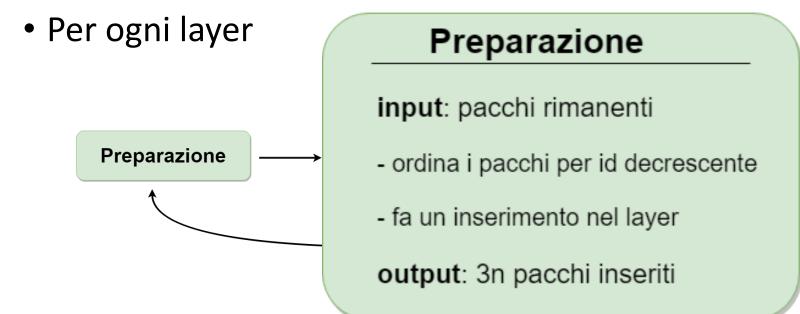
```
class Chromosome:
    def __init__(self, packs, error=0):
        self.packs = packs
        self.error = error
```

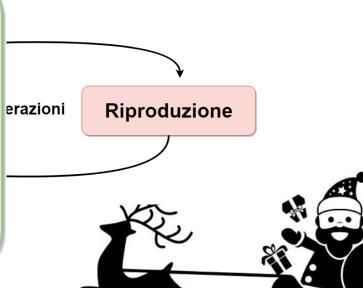
Per ogni layer



Creazione dell'oggetto Chromosome

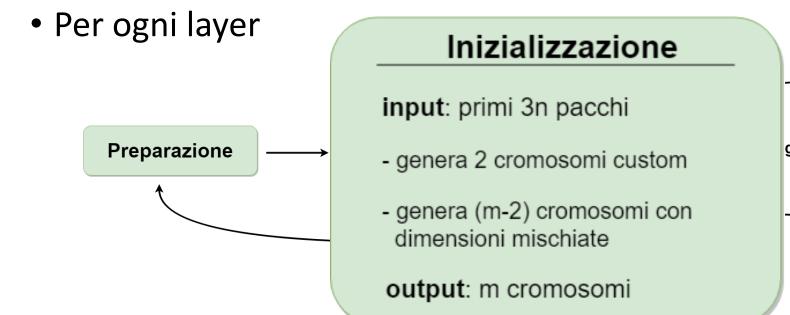
```
class Chromosome:
    def __init__(self, packs, error=0):
        self.packs = packs
        self.error = error
```





Creazione dell'oggetto Chromosome

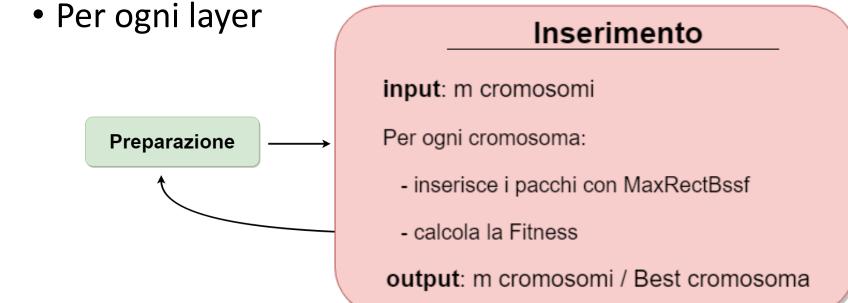
```
class Chromosome:
    def __init__(self, packs, error=0):
        self.packs = packs
        self.error = error
```





Creazione dell'oggetto Chromosome

```
class Chromosome:
    def __init__(self, packs, error=0):
        self.packs = packs
        self.error = error
```





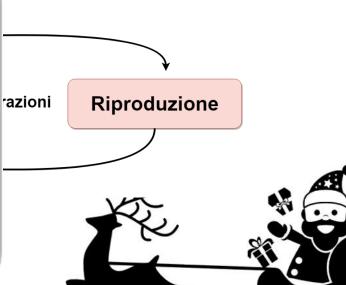
Creazione dell'oggetto Chromosome

```
class Chromosome:
    def __init__(self, packs, error=0):
        self.packs = packs
        self.error = error
```

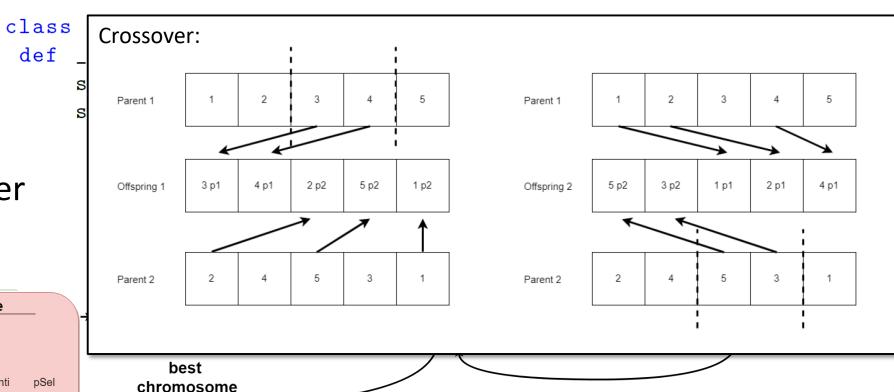
Preparazione

- (m-e) parents dagli (m-e) parents pCross
- mutazione dei figli pMut

output: m cromosomi (nuova popolazione)



Creazione dell'oggetto Chromosome



Per ogni layer

Riproduzione

input: m cromosomi

- e cromosomi elitari sopravvivono
- (m-e) parents dagli (m-e) rimanenti pSe
- (m-e) figli a coppie dagli (m-e) parents pCross
- mutazione dei figli pMut

output: m cromosomi (nuova popolazione)



4. Discussioni e Conclusioni

Risultati

Iterazioni	m	e	pSel	pCross	pMut
3	20	5	0.9	0.6	0.3

• Riempimento senza algoritmo genetico:

Errore Medio	Numero pacchi Medio	Tempo Medio (s)
576×10^3	1329.4	33.8

• Riempimento con algoritmo genetico:

Errore Medio	Numero pacchi Medio	Tempo Medio (s)
244×10^3	867.7	2100.7



Discussione

• Errore medio normalizzato ρ = errore medio / numero medio di pacchi

- Approccio genetico = 281.81
- Approccio non genetico = 433.53

- Best Fitness costante per ogni iterazione
 - Miglioramento in fase di inizializzazione (2° cromosoma custom)
 - Algoritmo genetico non effettivamente migliorativo

Discussione

- Cambiamento parametri di controllo
 - Probabilità Crossover = 0.75
 - Probabilità di Mutazione = 0.4

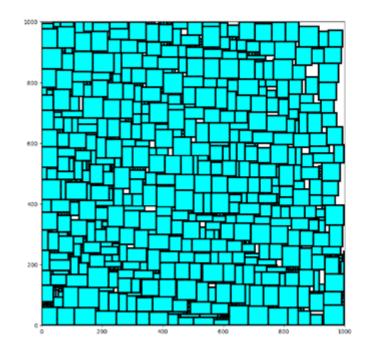
- Numero di Iterazioni = 5, Numero di Cromosomi = 20
- Numero di Iterazioni = 3, Numero di Cromosomi = 30

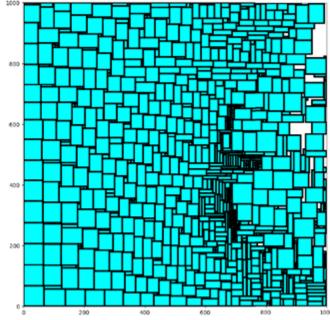
Tuttavia...



Discussione

• Cambio di approccio: riempimento per area





Tuttavia...



Conclusioni

Errore totale

$$\rho_{best} \cdot N_p = 281.81 \cdot 10^6 \simeq 2.8 \cdot 10^8$$

- Possibili Miglioramenti
 - ordinamento per area con tuning del parametro %
 - Tuning dei parametri di controllo
- 2×10^6 < Errore competizione < 5×10^7
 - Riempimento per layer probabilmente troppo grezzo

