

تخصیص پهلوگیر در بنادر کانتینری با استفاده از الگوریتم ژنتیک

عباس بابازاده (استادیار)

دانشکده مهندسی عمران، دانشگاه تهران

سیدرضا سیدعلیرزاده گنجی (کارشناس ارشد)

دانشگاه آزاد اسلامی، واحد علوم و تحقیقات تهران

استفاده‌ی بهینه از پهلوگیرها به منزله‌ی یکی از فاکتورهای کلیدی در افزایش بهره‌وری ترمینال‌های کانتینری محسوب می‌شود. تخصیص پهلوگیر در یک بندر کانتینری عبارت است از تخصیص پهلوگیر مناسب به کشتی‌های ورودی به بندر به طوری که کل زمان صرف‌شده‌ی کشتی‌ها در بندر (از زمان ورود تا زمان اتمام عملیات تخلیه و بارگیری) کمینه شود. در ادبیات حمل و نقل، مسئله‌ی اخیر غالباً به صورت مدل‌های برنامه‌ریزی صحیح مختلط فرمول‌بندی شده است. روش‌های بهینه‌سازی مانند روش شاخه و کرانه، کارایی لازم برای حل این نوع مسائل را ندارند و به خصوص در مسائل با ابعاد بزرگ از نظر زمان حل استفاده نمی‌شوند. در این شرایط، استفاده از روش‌های جستجوی پیشرفته همچون الگوریتم ژنتیک راهگشا است. در این نوشتار روش حلی بر اساس الگوریتم ژنتیک برای مسئله پیشنهاد می‌شود و نتایج آن در دو مسئله‌ی آزمایشی، یکی در ابعاد کوچک و دیگری در ابعاد واقعی ارائه می‌شوند. همچنین، در مثال با ابعاد کوچک، پاسخ‌های به دست آمده از روش پیشنهادی با پاسخ‌های روش شاخه و کرانه مقایسه می‌شوند.

ababazadeh@ut.ac.ir
ralizadeh.95@yahoo.co.uk

واژگان کلیدی: بنادر کانتینری، مسئله‌ی تخصیص پهلوگیر، الگوریتم ژنتیک.

مقدمه

ژنتیک حل کردند. ایمای و همکاران نیز نتایج حل مدل ارائه شده با الگوریتم ژنتیک را ارائه دادند.^[۱،۲]

هر چند مدل‌های تخصیص پهلوگیر بر اساس تحقیق پژوهشگران^[۳] از نظر ناحیه‌ی امکان‌پذیری (نه از نظر تابع هدف) متفاوتند، الگوریتم ژنتیک مشابهی برای حل آنها استفاده شده است. در این الگوریتم، هر کروموزوم شامل تعدادی بخش است که با عدد صفر از یکدیگر جدا شده‌اند. تعداد این بخش‌ها با تعداد پهلوگیرها برابر و هر بخش ترتیبی از اعداد صحیح است که شماره‌ی کشتی‌های ورودی به یک پهلوگیر و نیز ترتیب ورود آنها را تعیین می‌کند.

بر این اساس، طول هر کروموزوم برابر تعداد کشتی‌ها به علاوه‌ی تعداد پهلوگیرها منهای یک ژن است. تابع برازندگی استفاده شده در این الگوریتم به صورت زیر است:

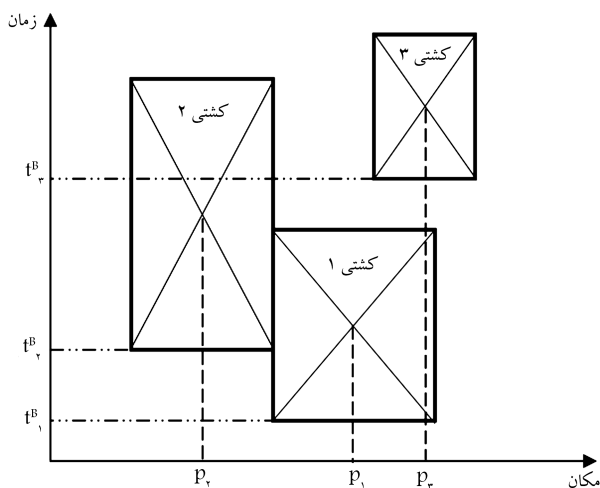
$$Fitness = (\lambda + \exp(Z))^{-1}$$

که در آن Z تابع هدف مسئله (کل زمان صرف‌شده‌ی کشتی‌ها در اسکله) است. عملگر ترکیب استفاده شده در تحقیقات ایمای و نیشیمورا^[۳] شامل انتخاب تصادفی یک جفت کروموزوم از نسل فعلی و سپس ترکیب آنها برای تولید دو کروموزوم جدید است. این ترکیب با تولید دو نقطه‌ی برش تصادفی روی طول دو کروموزوم و سپس تعویض ژن‌های میانی آنها انجام می‌شود. عملگر جهش استفاده شده نیز به صورت

مدیریت بنادر کانتینری که با هدف افزایش بهره‌وری این نوع بنادر انجام می‌شود، یکی از مسائل پیچیده در مهندسی حمل‌ونقل است.^[۱] زمان انتظار و سرویس‌گیری کشتی‌ها از مهم‌ترین شاخص‌های ارزیابی بهره‌وری یک بندر کانتینری است، به طوری که کاهش هر یک از این زمان‌ها موجب افزایش بهره‌وری بندر می‌شود. در نتیجه، تخصیص مناسب پهلوگیر به کشتی‌های ورودی بندر یکی از روش‌های مدیریتی بنادر کانتینری است.

در ادبیات حمل‌ونقل، مسئله‌ی تخصیص پهلوگیر در بنادر کانتینری به دو صورت گسسته و پیوسته فرمول‌بندی شده است. در مسائل گسسته، طول اسکله به چند پهلوگیر تقسیم می‌شود و کشتی‌ها فقط در آنها پهلوگیری می‌کنند. اما در حالت پیوسته، کشتی‌ها به صورت مفید از تمام نقاط اسکله برای پهلوگیری استفاده می‌کنند. ایمای و همکاران مسئله‌ی تخصیص پهلوگیر را به صورت گسسته در نظر گرفتند و یک مدل برنامه‌ریزی خطی صحیح مختلط برای آن ارائه دادند که تابع هدف آن کمینه‌سازی کل زمان صرف‌شده‌ی کشتی‌ها در اسکله است.^[۲] همچنین، آنها مدل پیشنهادی خود را با استفاده از نوعی روش زیرگردیان حل کردند. برخی دیگر از محققان با لحاظ کردن محدودیت عمق، مسئله‌ی تخصیص پهلوگیر گسسته را به صورت یک مدل برنامه‌ریزی غیرخطی صحیح فرمول‌بندی و با استفاده از الگوریتم

تاریخ: دریافت ۱۳۸۶/۴/۳۰، داوری ۱۳۸۶/۹/۱۹، پذیرش ۱۳۸۷/۲/۱۶.



شکل ۱. نمایش هندسی کشتی‌ها در فضای مکان (اسکله) و زمان (شروع عملیات تخلیه و بارگیری).

p_i (با دقت متر) و t_i^B (با دقت ثانیه) متغیرهای صحیح تصمیم‌گیری در مدل هستند.

این تذکر لازم است که M_i مختصه نقطه‌ی در طول اسکله با کمترین مدت زمان حمل کانتینرهای هر کشتی i از محل جرثقیل تا محل انبار کانتینری آن کشتی است. واضح است که M_i (با فرض معلوم بودن محل انبارهای کانتینری) به نحوه‌ی تخصیص تریلر و جرثقیل به کشتی‌ها وابسته است. هر چند در این نوشتار تریلرها و جرثقیل‌های تخصیص یافته به هر کشتی ثابت فرض می‌شوند، مسئله‌ی تخصیص هم‌زمان پهلوگیر، تریلر و جرثقیل در حکم مسئله‌ی عمومی‌تر در مدیریت بندر کانتینری مطرح است.

الف) فرضیات مدل

برای بیان آسان‌تر مدل تخصیص ارائه شده فرض می‌شود که:

- هیچ‌گونه تأخیری در رسیدن کشتی‌ها به بندر وجود ندارد؛
- زمان تخلیه و بارگیری هر کشتی متناسب با فاصله‌ی موقعیت پهلوگیری کشتی در مقایسه با بهترین موقعیتی که می‌تواند پهلو بگیرد، به صورت خطی و با شیب $\alpha_i \geq 0$ افزایش می‌یابد. بدین ترتیب زمان تخلیه و بارگیری یک کشتی را می‌توان به صورت رابطه‌ی زیر بیان کرد:^[۹]

$$C_i = CM_i + |p_i - M_i| \alpha_i,$$

که در آن CM_i مدت زمان تخلیه و بارگیری کشتی i در بهترین موقعیت پهلوگیری (بهترین مدت زمان تخلیه و بارگیری) است. این تذکر لازم است که مقدار α_i به چگونگی عملکرد تجهیزات داخلی بندر وابسته است؛

- حداقل فاصله‌ی مورد نیاز میان کشتی‌ها برای لنگراندازی در طول کشتی‌ها در نظر گرفته می‌شود؛

- زمان تلف شده در هنگام پهلوگیری کشتی‌ها در مدت زمان تخلیه و بارگیری کشتی‌ها در نظر گرفته می‌شود.

تعویض تصادفی دو زن از هر کروموزوم است. تعداد تکرار این الگوریتم ژنتیک (تولید نسل) برابر با ۱۰۰۰ در نظر گرفته شده و هیچ‌گونه اطلاعاتی در مورد جمعیت اولیه و نخبه‌گرایی در تحقیقات ایشان^[۳،۴] ارائه نشده است.

لیم مسئله‌ی تخصیص پهلوگیرها را برای اولین بار به صورت پیوسته و با تابع هدف کمینه‌سازی بیشترین فضای استفاده شده‌ی اسکله در هر زمان و فرض پهلوگیری کشتی‌ها به محض رسیدن به بندر بررسی کرد.^[۵] گوان و همکاران مسئله‌ی اخیر را با تابع هدف کمینه‌سازی کل زمان صرف شده‌ی کشتی‌ها در اسکله فرمول‌بندی کردند.^[۶] پارک و کیم مسئله‌ی تخصیص پیوسته را به صورت یک مدل برنامه‌ریزی غیرخطی صحیح مختلط، با تابع هدف کمینه‌سازی هزینه‌های ناشی از تأخیر در اعزام کشتی‌ها و پهلوگیری کشتی‌ها در موقعیت‌های غیر بهینه، فرمول‌بندی و از روش گرم و سرد سازی شبیه‌سازی شده برای حل آن استفاده کردند.^[۷] کیم و مون^[۸] مدل عرضه شده در تحقیقات پارک و لیم^[۶] را بار دیگر با روش زیرگردایان حل کردند. اخیراً ایمای و همکاران یک مدل غیرخطی صحیح مختلط برای مسئله‌ی تخصیص پهلوگیر پیوسته ارائه کرده‌اند.^[۹] در این مدل مدت زمان تخلیه و بارگیری کشتی‌ها به جای مقداری ثابت به صورت تابعی از موقعیت کشتی‌ها در پهلوگیر در نظر گرفته شده است. همچنین، آنان یک روش حل تکراری برای مدل خود پیشنهاد کرده‌اند که در آن طول اسکله به تعدادی پهلوگیر تقسیم و بدین ترتیب یک مسئله‌ی تخصیص گسسته حاصل می‌شود. سپس، این مسئله با روش ایمای و همکاران^[۴] حل و بر اساس نتایج آن طول پهلوگیرها برای تکرار بعدی با یک روش ابتکاری تصحیح می‌شود. روش حل تکرار می‌شود تا وقتی که تفاوت طول پهلوگیرها در دو تکرار متوالی ناچیز شود. هدف از این نوشتار ارائه‌ی روشی مبتنی بر الگوریتم ژنتیک برای حل مستقیم مدل ایمای و همکاران^[۹] است.

ادامه‌ی نوشتار به شرح زیر تنظیم شده است: بخش اول، فرمول‌بندی ریاضی مسئله‌ی تخصیص پهلوگیر پیوسته؛ بخش دوم، بیان روش حل پیشنهادی در جزئیات؛ بخش سوم، ارائه‌ی نتایج حل مدل برای دو مثال با ابعاد کوچک و بزرگ و تحلیل نتایج؛ و بخش نهایی، نتیجه‌گیری.

فرمول‌بندی مسئله‌ی تخصیص پهلوگیر

فضای اشغال شده کشتی‌ها در یک اسکله را می‌توان به صورت یک فضای دو بعدی زمان و مکان نشان داد. شکل ۱ چنین نمایشی را برای ۳ کشتی در یک اسکله‌ی مفروض نشان می‌دهد.^[۸] در این شکل هر کشتی در مختصات دکارتی به صورت یک مستطیل نمایش داده شده است، به طوری که طول مستطیل برابر با طول کشتی و ارتفاع آن مدت زمان تخلیه و بارگیری را نشان می‌دهد. نمادهای استفاده شده در مدل ریاضی مسئله عبارتند از:

$V = \{i = 1, \dots, T\}$: مجموعه‌ی شماره کشتی‌ها؛

A_i : زمان رسیدن کشتی i ؛

L_i : طول کشتی i ؛

Q : طول اسکله؛

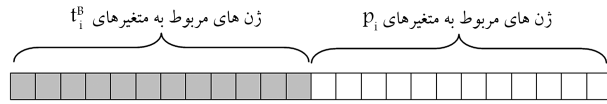
M_i : مختصه بهترین موقعیت پهلوگیری کشتی i ($L_i/2 \leq M_i \leq Q - L_i/2$)؛

C_i : مدت زمان تخلیه و بارگیری کشتی i ؛

p_i : موقعیت کشتی i در اسکله؛

t_i^B : زمان شروع عملیات تخلیه و بارگیری کشتی i ؛

$t_i^F (= t_i^B + C_i)$: زمان تکمیل عملیات تخلیه و بارگیری کشتی i ؛



شکل ۲. چگونگی تعریف یک کروموزوم در روش حل پیشنهادی.

تکرار الگوریتم نامیده می‌شود. تعداد تکرارهای الگوریتم ژنتیک استفاده شده در این نوشتار ۱۵۰۰ در نظر گرفته شده است.

الف) جمعیت اولیه

برای الگوریتم‌های ابتکاری از جمله ژنتیک ایجاد جمعیت، پاسخ‌های اولیه اهمیت خاصی دارد، زیرا تعریف درست پاسخ‌های اولیه موجب افزایش سرعت حل مسئله خواهد شد. با توجه به ماهیت مسئله مورد نظر این نوشتار و برای جلوگیری از طولانی شدن طول کروموزوم‌های تولید شده و در نتیجه افزایش زمان اجرا، کروموزوم‌ها به صورت ترتیبی از اعداد صحیح تعریف می‌شوند. چگونگی تعریف یک کروموزوم برای مسئله $T=12$ کشتی در شکل ۲ نشان داده شده است. همان‌طور که در این شکل مشاهده می‌شود، زن‌های موجود در نیمه‌ی راست کروموزوم به مقادیر موقعیت کشتی‌ها p_i و زن‌های موجود در نیمه‌ی چپ آن نیز به زمان شروع عملیات تخلیه و بارگیری کشتی‌ها t_i^B اختصاص دارند.

در روش حل پیشنهادی، جمعیت نسل اولیه شامل ۱۰۰ کروموزوم است که هر یک از آنها به‌طور تصادفی (با استفاده از عملگر انتخاب چرخ رولت) در بازه‌ی محدودیت‌های ۵، ۶، ۷ و ۱۰ تولید می‌شوند. همچنین، برای هر یک از این پاسخ‌ها مدت زمان‌های تخلیه و بارگیری C_i از رابطه‌ی ۹، زمان‌های تکمیل عملیات تخلیه و بارگیری t_i^F از رابطه‌ی ۸ و تابع هدف Z از رابطه‌ی ۱ محاسبه می‌شوند.

ب) تابع برازندگی

پس از تولید پاسخ‌های تصادفی و به دست آوردن متغیرهای وابسته، محدودیت‌های ۲، ۳ و ۴ که عدم اشتراک کشتی‌ها در ابعاد زمان و مکان را دیکته می‌کنند بررسی می‌شوند. هر پاسخ که در این محدودیت‌ها صدق کند مستقیماً و در غیر این صورت پس از اضافه شدن یک جریمه‌ی γ به مقدار تابع هدف Z مربوط به آن پذیرفته خواهد شد. مجموع تابع هدف و جریمه‌ی مربوط به هر پاسخ تابع برازندگی آن پاسخ نامیده می‌شود. با تعریف مناسب بخش جریمه در تابع برازندگی می‌توان پاسخ‌های امکان‌ناپذیر را به تدریج از جمعیت نسل‌های آینده حذف کرد.

با توجه به اینکه مسئله‌ی تخصیص در فضای دکارتی مکان و زمان مطرح می‌شود، برای اعمال بخش جریمه در تابع برازندگی از مساحت قسمت‌های مشترک کشتی‌ها در ابعاد زمان و مکان استفاده می‌شود. رابطه‌ی ۱۲ بیانگر این مطلب برای دو کشتی مفروض i و j است:

$$\gamma_{ij} = (A_{ij} \times B_{ij})^{0.5} \quad (12)$$

که در آن:

$$A_{ij} := \max \left(\frac{L_i + L_j}{2} - |p_i - p_j|, 0 \right),$$

$$B_{ij} := \max \left(\frac{C_i + C_j}{2} - \left| \frac{t_i^B + t_i^F}{2} - \frac{t_j^B + t_j^F}{2} \right|, 0 \right),$$

به ترتیب طول و بازه‌ی زمانی مشترک کشتی‌های i و j هستند و γ_{ij} نیز مقدار جریمه‌ی اشتراک آن دو کشتی است که از حاصل ضرب دو کمیت مشترک اخیر در

ب) مدل ریاضی

مسئله‌ی تخصیص پهلوگیر پیوسته با مدل برنامه‌ریزی غیرخطی صحیح مختلط زیر تعریف می‌شود: [۹]

$$\text{Min } Z = \sum_{i \in V} (t_i^F - A_i) \quad (1)$$

$$\text{s.t. } |p_i - p_j| \delta_{ij}^p \geq \frac{L_i + L_j}{2} \delta_{ij}^p \quad \forall i, j (\neq i) \in V, \quad (2)$$

$$\left| \frac{t_i^B + t_i^F}{2} - \frac{t_j^B + t_j^F}{2} \right| \delta_{ij}^t \geq \frac{C_i + C_j}{2} \delta_{ij}^t \quad \forall i, j (\neq i) \in V, \quad (3)$$

$$\delta_{ij}^p + \delta_{ij}^t \geq 1 \quad \forall i, j (\neq i) \in V, \quad (4)$$

$$p_i - \frac{L_i}{2} \geq 0 \quad \forall i \in V, \quad (5)$$

$$p_i + \frac{L_i}{2} \leq Q \quad \forall i \in V, \quad (6)$$

$$t_i^B \geq A_i \quad \forall i \in V, \quad (7)$$

$$t_i^F = t_i^B + C_i \quad \forall i \in V, \quad (8)$$

$$C_i = C_{M_i} + |p_i - M_i| \alpha_i \quad \forall i \in V, \quad (9)$$

$$p_i, t_i^B \geq 0 \quad \text{و عدد صحیح} \quad \forall i \in V, \quad (10)$$

$$\delta_{ij}^p, \delta_{ij}^t \in \{0, 1\} \quad \forall i, j (\neq i) \in V. \quad (11)$$

که در آن اگر محدودیت عدم اشتراک در بُعد مکان برای کشتی‌های i و j اعمال شود، δ_{ij}^p برابر با یک و در غیر این صورت برابر با صفر است و اگر محدودیت عدم اشتراک در بُعد زمان برای کشتی‌های i و j اعمال شود، δ_{ij}^t برابر با یک و در غیر این صورت برابر با صفر است.

تابع هدف ۱ نشان دهنده‌ی مجموع زمان‌های صرف شده‌ی کشتی‌ها در اسکله است که به صورت جمع فاصله‌های زمانی بین ورود و خروج کشتی‌ها مطرح می‌شود. محدودیت‌های ۲ و ۳ نیز به ترتیب نشان دهنده‌ی محدودیت‌های عدم اشتراک در بُعد زمان و مکان برای کشتی‌ها هستند. محدودیت ۴ نشان دهنده‌ی این مطلب است که بایستی یکی از محدودیت‌های عدم اشتراک مکان و یا زمان برقرار باشد. محدودیت‌های ۵ و ۶ اطمینان می‌دهند که هر کشتی باید در طول اسکله پهلوگیری کند و محدودیت ۷ نیز مجاب می‌کند که کشتی‌ها باید بعد از زمان رسیدن به بندر پهلوگیری کنند.

روش حل

برای حل مسائل غیرخطی صحیح روش‌های مختلفی مانند روش شاخه و کرانه وجود دارند، ولی این روش‌ها برای مسائل با ابعاد بزرگ کارایی خود را از دست می‌دهند. به این دلیل، اخیراً تمرکز بیشتری روی استفاده از الگوریتم‌های جستجو برای حل این نوع مسائل شده است. الگوریتم ژنتیک، یک الگوریتم جستجوی پیشرفته است که با ایده‌گرفتن از قاعده‌ی تکثیر جمعیت اصلح داروینی و بر اساس فرآیند طبیعی ژنتیکی، جمعیتی شامل پاسخ‌های نسل فعلی را به جمعیتی شامل پاسخ‌های بهتر تبدیل می‌کند. در این روش، هر پاسخ یک کروموزوم نامیده می‌شود. هر کروموزوم به صورت رشته‌ی بی‌ارزش‌ها تعریف می‌شود و هر زن اغلب یک عدد صفر، یک یا عدد صحیح است. به علاوه، هر بار تولید جمعیت نسل بعدی از جمعیت فعلی یک

فضای دکارتی مکان و زمان به دست می آید. استفاده از توان 0.5 در رابطه ی ۱۲ بر اساس تجربه از اجراهای مختلف است. بیشینه ی خطای ممکن یک پاسخ زمانی رخ می دهد که دو کشتی روی هم قرار گیرند یا:

$$\gamma_{ij}^{\max} = (A'_{ij} \times B'_{ij})^{0.5}, \quad (13)$$

که در آن:

$$A'_{ij} := \frac{L_i + L_j}{2},$$

$$B'_{ij} := \frac{C_i + C_j}{2},$$

به ترتیب بیشینه ی طول و بازه ی زمانی مشترک کشتی های i و j ; و γ_{ij}^{\max} جریمه ی بیشینه ی اشتراک آن دو کشتی است.

مقدار جریمه ی γ_{ij} را می توان با تقسیم رابطه ی ۱۲ بر رابطه ی ۱۳ در بازه ی $[0, \infty)$ مقیاس کرد. از طرفی، برای هر کشتی i ، از روابط ۷ و ۸ داریم: $t_i^F - A_i \geq C_i$ که با توجه به رابطه ی ۹ تضمین می کند: $t_i^F - A_i \geq CM_i$. جایگزینی رابطه ی اخیر در رابطه ی ۱ نتیجه می دهد: $Z \geq \sum_{i \in V} CM_i$ و در نتیجه می توان نوشت:

$$\bar{Z} = \left(Z - \sum_{i \in V} CM_i \right) / \sum_{i \in V} CM_i \geq 0$$

واضح است که تغییرات \bar{Z} هم جهت با تغییرات Z ولی ملایم تر و در بازه ی $(0, \infty)$ صورت می گیرد. با استفاده از این خصوصیت تابع نمایی که $1 \geq 1 / \exp(x) \geq 0$ برای هر $x \leq 0$ ، تابع هدف Z را نیز می توان به صورت $1 / \exp(\bar{Z})$ در بازه ی $[0, \infty)$ مقیاس کرد. بر این اساس، تابع برازندگی پیشنهادی این نوشتار به صورت زیر تعریف می شود:

$$Fitness = \left(\exp \left(\left(Z - \sum_{i \in V} CM_i \right) / \sum_{i \in V} CM_i \right) \right)^{-1} - \left(\sum_{i, j (\neq i) \in V} \gamma_{ij} / \sum_{i, j (\neq i) \in V} \gamma_{ij}^{\max} \right).$$

تابع برازندگی بالا برای هر پاسخ تولید شده از دو قسمت تشکیل شده است که قسمت اول متناظر با مقدار تابع هدف و قسمت دوم متناظر با جریمه ی امکان ناپذیری آن پاسخ است. قسمت اول تابع برازندگی موجب می شود که با کاهش تابع هدف مقدار تابع ارزیابی افزایش یابد و قسمت دوم نیز موجب می شود که با افزایش میزان انحراف از محدودیت های عدم اشتراک در ابعاد مکان و زمان، از مقدار تابع برازندگی کاسته شود. از آنجا که این دو قسمت به ترتیب در بازه های $[0, 1]$ و $[0, \infty)$ مقیاس شده اند، تغییرات تابع ارزیابی در بازه ی $[0, 1]$ خواهد بود. بنا بر دانش نویسندگان، تابع برازندگی ۱۴ نوآوری اصلی این نوشتار محسوب می شود.

ج) عملگر ترکیب

عملگر ترکیب یکی از عملگرهای مورد استفاده در الگوریتم ژنتیک برای تولید پاسخ های نسل بعد از روی پاسخ های نسل فعلی است. در هر بار اعمال این عملگر، یک جفت از کروموزوم های نسل فعلی (پدر و مادر) به طور تصادفی انتخاب و با ترکیب تصادفی آنها یک جفت کروموزوم جدید (فرزندان اول و دوم) تولید می شود. نحوه ی ترکیب کروموزوم های پدر و مادر در روش حل این نوشتار بدین صورت است که با تولید بدون محدودیت دو عدد تصادفی صحیح در بازه ی $[0, 2T]$ و $[0, \infty)$ به عنوان دو

نقطه ی برش در طول کروموزوم، ژن های متناظر پدر و مادر که روی این نقاط برش با بین آنها قرار دارند (ژن های میانی)، پس از تولید عدد تصادفی اعشاری $\lambda \in [0, 1]$ به صورت زیر با هم ترکیب می شوند (هر سه عدد تصادفی دارای توزیع یکنواخت فرض می شوند):

$$child1 = [\lambda parent1 + (1 - \lambda)parent2] + 1,$$

$$child2 = [\lambda parent2 + (1 - \lambda)parent1] + 1,$$

که در آنها $parent1$ و $parent2$ به ترتیب ژن های پدر و مادر، $child1$ و $child2$ به ترتیب ژن های نظیر فرزندان اول و دوم هستند، و علامت $[x]$ به معنی بزرگ ترین عدد صحیح کوچک تر از x است. روشن است که اگر $parent1$ و $parent2$ متعلق به مجموعه ی امکان پذیری کوژ مربوط به محدودیت های ۵، ۶، ۷ و ۱۰ باشند، آنگاه $child1$ و $child2$ نیز در این مجموعه خواهند بود (زیرا اگر x ترکیب خطی دو عدد صحیح y و z باشد، $y \leq z - 1$ باشد، $y \leq |x|$ ، و سپس $z \leq |x| + 1$ ، پس از تولید ژن های میانی، سایر ژن های فرزندان اول و دوم به ترتیب مشابه ژن های پدر و مادر تعیین می شوند. بدین ترتیب، روابط ۵، ۶، ۷ و ۱۰ برای کروموزوم های جدید برقرار خواهند بود. نویسندگان، در جستجوی محدود، عملگر ترکیب اخیر را در مراجع نیافتند.

تعداد دفعات اعمال عملگر ترکیب در هر تکرار از الگوریتم ژنتیک این نوشتار باید به حدی باشد که تعداد فرزندان تولید شده در آن تکرار به ۹۰ درصد جمعیت نسل فعلی برسد.

د) عملگر جهش

عملگر جهش یکی دیگر از عملگرهای استفاده شده در الگوریتم ژنتیک برای تولید پاسخ های نسل بعدی است. در هر بار اعمال این عملگر، یکی از ژن های موجود در جمعیت کروموزوم های نسل فعلی به طور تصادفی انتخاب و با تغییر تصادفی آن (جهش) یک کروموزوم جدید تولید می شود. نحوه ی جهش هر ژن در روش حل این نوشتار بدین صورت است که اگر ژن مورد نظر مربوط به متغیرهای p_i باشد یک عدد تصادفی صحیح در بازه ی $[0, 5L_i]$ و $[0, 5L_i]$ و اگر مربوط به متغیرهای t_i^B باشد یک عدد تصادفی صحیح در بازه ی $[A_i, M]$ ، که M یک عدد به قدر کافی بزرگ است، جایگزین مقدار قبلی آن ژن می شود. در این صورت هر کروموزوم جدید در شرایط ۵، ۶، ۷ و ۱۰ صدق خواهد کرد.

تعداد دفعات اعمال عملگر جهش در هر تکرار از الگوریتم ژنتیک این نوشتار بالغ بر ۹۰ درصد جمعیت نسل فعلی است.

ه) نخبه گرایی

در هر تکرار الگوریتم ژنتیک، به جز تکرار آخر، کروموزوم های جدید تولید شده با دو عملگر ترکیب و جهش به همراه کروموزوم های جمعیت نسل قبل به ترتیب کاهش تابع برازندگی نوشته می شوند. به این ترتیب کروموزوم های برتر در بالای فهرست قرار می گیرند. آنگاه جمعیتی به اندازه ی جمعیت اولیه، یعنی ۱۰۰ کروموزوم، از کروموزوم های برتر به منزله ی جمعیت نسل بعدی انتخاب می شوند.

پس از آخرین تکرار الگوریتم، ابتدا مجموعه ی کروموزوم های با کمترین جریمه ی امکان ناپذیری $\sum \gamma_{ij} / \sum \gamma_{ij}^{\max}$ (یعنی قسمت دوم تابع برازندگی) از میان کروموزوم های تولید شده در آن تکرار و کروموزوم های نسل قبل تعیین می شود. سپس، یک کروموزوم از مجموعه ی اخیر که دارای بیشترین مقدار تابع ارزیابی است

جدول ۲. ورودی های مسئله ی ۳۰ کشتی.

شماره ی کشتی	زمان رسیدن	طول کشتی (متر)	بهترین موقعیت پهلوگیری (متر)	بهترین مدت تخلیه و بارگیری (ساعت)
۱	۶:۰۰:۰۰	۱۵۰	۵۸۳	۵
۲	۶:۳۰:۰۰	۲۰۰	۱۱۶۷	۷
۳	۷:۰۰:۰۰	۲۵۰	۱۷۵۰	۹
۴	۷:۳۰:۰۰	۱۵۰	۲۳۳۳	۵
۵	۸:۰۰:۰۰	۲۰۰	۲۹۱۷	۷
۶	۸:۳۰:۰۰	۲۵۰	۵۸۳	۹
۷	۹:۰۰:۰۰	۱۵۰	۱۱۶۷	۵
۸	۹:۳۰:۰۰	۲۰۰	۱۷۵۰	۷
۹	۱۰:۰۰:۰۰	۲۵۰	۲۳۳۳	۹
۱۰	۱۰:۳۰:۰۰	۱۵۰	۲۹۱۷	۵
۱۱	۱۱:۰۰:۰۰	۲۰۰	۵۸۳	۷
۱۲	۱۱:۳۰:۰۰	۲۵۰	۱۱۶۷	۹
۱۳	۱۲:۰۰:۰۰	۱۵۰	۱۷۵۰	۵
۱۴	۱۲:۳۰:۰۰	۲۰۰	۲۳۳۳	۷
۱۵	۱۳:۰۰:۰۰	۲۵۰	۲۹۱۷	۹
۱۶	۱۳:۳۰:۰۰	۱۵۰	۵۸۳	۵
۱۷	۱۴:۰۰:۰۰	۲۰۰	۱۱۶۷	۷
۱۸	۱۴:۳۰:۰۰	۲۵۰	۱۷۵۰	۹
۱۹	۱۵:۰۰:۰۰	۱۵۰	۲۳۳۳	۵
۲۰	۱۵:۳۰:۰۰	۲۰۰	۲۹۱۷	۷
۲۱	۱۶:۰۰:۰۰	۲۵۰	۵۸۳	۹
۲۲	۱۶:۳۰:۰۰	۱۵۰	۱۱۶۷	۵
۲۳	۱۷:۰۰:۰۰	۲۰۰	۱۷۵۰	۷
۲۴	۱۷:۳۰:۰۰	۲۵۰	۲۳۳۳	۹
۲۵	۱۸:۰۰:۰۰	۱۵۰	۲۹۱۷	۵
۲۶	۱۸:۳۰:۰۰	۲۰۰	۵۸۳	۷
۲۷	۱۹:۰۰:۰۰	۲۵۰	۱۱۶۷	۹
۲۸	۱۹:۳۰:۰۰	۱۵۰	۱۷۵۰	۵
۲۹	۲۰:۰۰:۰۰	۲۰۰	۲۳۳۳	۷
۳۰	۲۰:۳۰:۰۰	۲۵۰	۲۹۱۷	۹

در روز) به دست آورد. همچنین، جدول ۱ اختلاف های مطلق و نسبی توابع هدف به دست آمده از دو روش اخیر را نشان می دهد. همان طور که در این جدول ملاحظه می شود، حداکثر اختلاف نسبی توابع هدف در دو روش اخیر کمتر از ۰/۵ درصد است.

در مثال با ابعاد بزرگ، تعداد ۳۰ کشتی در روز با فواصل زمانی ثابت و برابر با ۳۰ دقیقه وارد بندر می شوند (در بنادر کانتینری ایران معمولاً کمتر از ۱۰ کشتی در یک روز پهلو می گیرند). اطلاعات مربوط به زمان رسیدن، طول، مختصه ی بهترین موقعیت پهلوگیری و بهترین مدت زمان تخلیه و بارگیری هر کشتی در جدول ۲ آورده

برای پاسخ مسئله گزارش می شود. بدین ترتیب، پاسخ به دست آمده دارای کمترین انحراف از محدودیت های امکان پذیری مسئله خواهد بود. واضح است که این پاسخ در صورتی امکان پذیر است که جریمه ی امکان ناپذیری آن صفر شود.

نتایج عددی

در این بخش، نتایج اجرای الگوریتم ژنتیک پیشنهادی برای یک مثال با ابعاد کوچک و یک مثال با ابعاد بزرگ ارائه می شود. این روش حل به صورت یک برنامه ی رایانه یی در محیط نرم افزار^[۱۰] MATLAB نوشته و در یک PENTIUM IV با سرعت ۲/۸GHz اجرا می شود. این تذکر لازم است که همه ی پاسخ های ارائه شده دارای جریمه ی امکان ناپذیری برابر صفر هستند.

در مثال با ابعاد کوچک، تعداد $T=3$ کشتی در روز وارد اسکله یی با طول مشخص می شوند. طول های این سه کشتی به ترتیب ۱۵۰، ۲۰۰ و ۲۵۰ متر، زمان های ورود آنها به ترتیب ساعات ۶، ۷ و ۸، بهترین موقعیت پهلوگیری آنها در فواصل ۰/۲۵، ۰/۰۵ و ۰/۷۵ طول اسکله و بهترین مدت زمان های تخلیه و بارگیری آنها (در بهترین موقعیت پهلوگیری) به ترتیب ۵، ۷ و ۹ ساعت هستند. مقادیر تابع هدف Z (کل زمان صرف شده ی کشتی ها در اسکله بر حسب ساعت) حاصل از الگوریتم ژنتیک برای تعداد ۱۴ طول اسکله ی مختلف در محدوده ی ۲۵۰ تا ۹۰۰ متر در جدول ۱ آورده شده اند. برای نشان دادن قابلیت روش پیشنهادی در رسیدن به پاسخ بهینه ی مسئله، توابع هدف به دست آمده از نرم افزار لینگو^[۱۱] LINGO نیز در جدول ۱ آورده شده اند. نرم افزار لینگو با بهره گیری از روش بهینه سازی شاخه و کرانه قادر است پاسخ بهینه ی مسئله را برای ابعاد کوچک آن (حداکثر ۵ کشتی

جدول ۱. نتایج ژنتیک و لینگو برای مسئله ی ۳ کشتی.

طول اسکله (متر)	تابع هدف (ساعت)		اختلاف تابع هدف (لینگو-ژنتیک)	درصد اختلاف تابع هدف لینگو/لینگو - ژنتیک) × ۱۰۰
	لینگو	ژنتیک		
۲۵۰	۳۵,۵۰۰۰	۳۵,۵۰۸۳	۰,۰۰۸۳	۰,۰۲
۳۰۰	۳۵,۲۵۰۰	۳۵,۲۵۰۰	۰,۰۰۰۰	۰,۰۰
۳۵۰	۲۸,۰۰۰۰	۲۸,۰۰۸۳	۰,۰۰۸۳	۰,۰۳
۴۰۰	۲۷,۷۵۰۰	۲۷,۸۵۰۰	۰,۱۰۰۰	۰,۳۶
۴۵۰	۲۵,۲۴۹۳	۲۵,۲۵۴۴	۰,۰۰۵۱	۰,۰۲
۵۰۰	۲۵,۵۰۰۰	۲۵,۵۰۰۰	۰,۰۰۰۰	۰,۰۰
۵۵۰	۲۵,۱۵۹۸	۲۵,۱۶۴۴	۰,۰۰۴۶	۰,۰۲
۶۰۰	۲۱,۷۵۰۰	۲۱,۷۵۰۰	۰,۰۰۰۰	۰,۰۰
۶۵۰	۲۱,۵۰۰۰	۲۱,۵۰۰۰	۰,۰۰۰۰	۰,۰۰
۷۰۰	۲۱,۲۵۰۰	۲۱,۲۵۰۰	۰,۰۰۰۰	۰,۰۰
۷۵۰	۲۱,۱۹۰۰	۲۱,۱۹۰۰	۰,۰۰۰۰	۰,۰۰
۸۰۰	۲۱,۱۲۵۰	۲۱,۱۲۵۰	۰,۰۰۰۰	۰,۰۰
۸۵۰	۲۱,۰۶۵۰	۲۱,۰۶۵۰	۰,۰۰۰۰	۰,۰۰
۹۰۰	۲۱,۰۰۰۰	۲۱,۰۰۰۰	۰,۰۰۰۰	۰,۰۰

در طول اسکله‌ی ۳۵۰۰ متر با کاهش حدود ۱۴ ساعت (۳۵٪)، به مقدار ۲۵۸٫۲ ساعت می‌رسد. در حد فاصل طول‌های ۳۵۰۰ تا ۶۰۰۰ متر تابع هدف تغییراتی نسبتاً ملایم دارد و در نهایت در طول ۶۰۰۰ متر با کاهش حدود ۲۳ ساعت (۹٪) به کمترین مقدار خود در حدود ۲۳۵ ساعت می‌رسد. برای طول اسکله‌های بیشتر از ۶۰۰۰ متر مقدار تابع هدف در مقدار کمیته‌ی خود ثابت باقی می‌ماند.

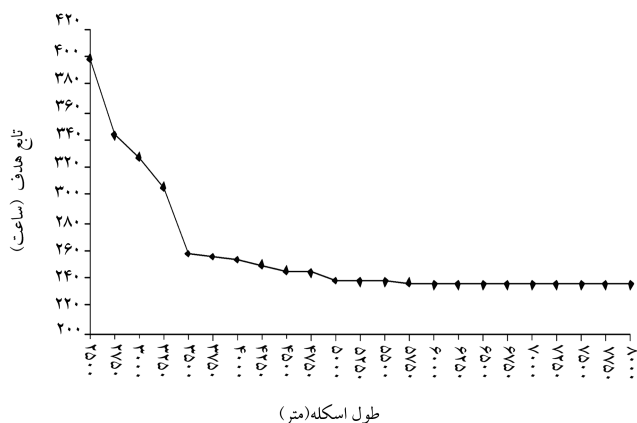
شکل ۴ تغییرات تابع هدف مسئله‌ی ۳۰ کشتی را برای طول اسکله‌ی ۳۵۰۰ متر در مقابل مقادیر مختلف α نشان می‌دهد. در این شکل ملاحظه می‌شود که مقدار تابع هدف برای $\alpha = 0.02$ حدود ۴۰۴٫۳ ساعت است که با کاهش α به طور خطی با ضریب تعیین $R^2 = 0.99$ کاهش می‌یابد و نکته‌ی جالب آن است که با کاهش α از ۰٫۰۲۵ به ۰٫۰۰۵ مقدار تابع هدف با حدود ۲۳ ساعت کاهش (۹٪) به نزدیک ۲۳۵ ساعت می‌رسد. این مقدار کاهش را، با توجه به شکل ۳، می‌توان با افزایش دادن طول اسکله از ۳۵۰۰ متر به ۶۰۰۰ متر (در مقدار ثابت $\alpha = 0.005$) نیز به دست آورد. به عبارت ساده‌تر، کاهش ضریب افزایش مدت زمان‌های تخلیه و بارگیری نسبت به فاصله از بهترین نقاط پهلوگیری، به میزان ۰٫۰۲۵ ساعت بر متر معادل با افزایش طول اسکله به میزان ۲۵۰۰ متر است. این نتیجه روشن می‌کند که مکان‌یابی مناسب انبارهای کانتینری یا زمان‌بندی صحیح ابزارهای تخلیه و بارگیری می‌تواند بهره‌وری بندر کانتینری این مثال را بدون صرف هزینه‌های ساخت و توسعه‌ی اسکله افزایش دهند. بدیهی است که افزایش طول اسکله و افزایش بهره‌وری تجهیزات تخلیه و بارگیری، هر یک هزینه‌های ویژه‌ی خود را دارند. این که کدام یک از این روش‌ها برای کاهش تابع هدف مقرون به صرفه

شده‌اند. جدول ۳ نتایج حل مسئله‌ی اخیر را با الگوریتم ژنتیک پیشنهادی برای $\alpha = 0.005$ (برای هر کشتی i) و طول اسکله‌ی ۳۵۰۰ متر نشان می‌دهد. این خروجی‌ها شامل مدت زمان تخلیه و بارگیری، زمان شروع عملیات تخلیه و بارگیری، و مختصات موقعیت پهلوگیری هر کشتی هستند.

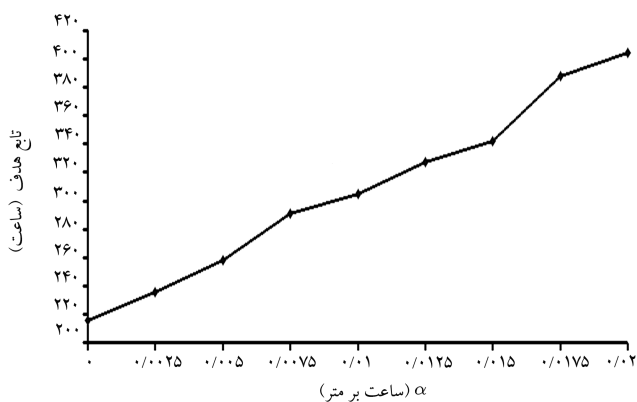
شکل ۳ تغییرات تابع هدف را در مقابل طول اسکله برای مسئله‌ی ۳۰ کشتی با $\alpha = 0.005$ نشان می‌دهد. همان‌طور که در این شکل ملاحظه می‌شود، مقدار تابع هدف برای طول اسکله‌ی ۲۵۰ متر حدود ۳۹۸٫۴ ساعت است. در حدفاصل طول‌های ۲۵۰ تا ۳۵۰۰ متر تغییرات تابع هدف کاملاً چشمگیر است به طوری که

جدول ۳. خروجی‌های مسئله‌ی ۳۰ کشتی برای $\alpha = 0.005$ ساعت بر متر و طول اسکله‌ی ۳۵۰۰ متر.

شماره‌ی کشتی	مدت تخلیه و بارگیری (ساعت)	زمان شروع تخلیه و بارگیری	موقعیت پهلوگیری (متر)
۱	۵٫۰۰۵	۶ : ۰۱ : ۰۰	۵۸۴
۲	۷٫۵۰۰	۶ : ۳۲ : ۰۰	۱۲۶۷
۳	۱۰٫۰۳۵	۷ : ۰۲ : ۰۰	۱۵۴۳
۴	۵٫۵۳۰	۷ : ۳۴ : ۰۰	۲۲۲۷
۵	۷٫۰۰۵	۸ : ۰۴ : ۰۰	۲۹۱۶
۶	۱۰٫۰۲۰	۸ : ۳۲ : ۰۰	۳۷۹
۷	۹٫۹۴۰	۹ : ۰۱ : ۰۰	۱۷۹
۸	۷٫۱۳۰	۹ : ۳۴ : ۰۰	۱۷۷۶
۹	۹٫۵۰۵	۱۰ : ۰۰ : ۰۰	۲۴۳۴
۱۰	۷٫۳۲۰	۱۰ : ۳۱ : ۰۰	۳۳۸۱
۱۱	۷٫۹۳۵	۱۱ : ۰۰ : ۰۰	۷۷۰
۱۲	۹٫۶۲۵	۱۱ : ۳۰ : ۰۰	۱۰۴۲
۱۳	۶٫۰۷۰	۱۲ : ۰۲ : ۰۰	۱۹۶۴
۱۴	۸٫۶۹۵	۱۲ : ۳۱ : ۰۰	۲۶۷۲
۱۵	۹٫۲۸۰	۱۵ : ۰۶ : ۰۰	۲۹۷۳
۱۶	۵٫۰۳۰	۱۳ : ۳۱ : ۰۰	۵۸۹
۱۷	۷٫۵۱۰	۱۴ : ۰۴ : ۰۰	۱۲۶۹
۱۸	۹٫۰۸۵	۲۴ : ۱۱ : ۰۰	۱۷۳۳
۱۹	۵٫۴۹۵	۱۵ : ۰۲ : ۰۰	۲۲۳۴
۲۰	۸٫۴۲۰	۱۵ : ۳۴ : ۰۰	۳۲۰۱
۲۱	۹٫۹۷۰	۱۸ : ۳۴ : ۰۰	۳۸۹
۲۲	۶٫۴۳۵	۱۷ : ۰۸ : ۰۰	۱۴۵۴
۲۳	۷٫۰۳۵	۱۷ : ۰۷ : ۰۰	۱۷۵۷
۲۴	۹٫۵۵۰	۱۹ : ۳۲ : ۰۰	۲۴۴۳
۲۵	۷٫۳۲۰	۱۸ : ۰۱ : ۰۰	۳۳۸۱
۲۶	۷٫۱۶۰	۱۸ : ۵۸ : ۰۰	۶۱۵
۲۷	۹٫۰۰۵	۲۱ : ۳۸ : ۰۰	۱۱۶۶
۲۸	۵٫۹۲۵	۱۹ : ۳۰ : ۰۰	۱۹۳۵
۲۹	۷٫۶۱۵	۲۰ : ۳۴ : ۰۰	۲۲۱۰
۳۰	۱۰٫۰۰۰	۲۱ : ۱۳ : ۰۰	۲۷۱۷



شکل ۳. تغییرات تابع هدف مسئله‌ی ۳۰ کشتی در مقابل طول اسکله.



شکل ۴. تغییرات تابع هدف مسئله‌ی ۳۰ کشتی در مقابل افزایش α .

نتیجه گیری

در این نوشتار روشی بر اساس الگوریتم ژنتیک برای حل مستقیم مسئله تخصیص پهلوگیر پیوسته در بنادر کانتینری ارائه شده است. این روش ابتدا برای یک مثال با ابعاد کوچک آزمایش و نشان داده شد که اختلاف توابع هدف به دست آمده از روش پیشنهادی با مقادیر بهینه‌ی آنها (که با روش شاخه و کرانه تعیین شدند) کمتر از ۵٪ درصد هستند. پس از آن مسئله‌ی با ابعاد بزرگ با روش الگوریتم ژنتیک پیشنهادی حل و نتایج آن ارائه شد. برای این مسئله، تحلیل حساسیت مقدار تابع هدف با دو پارامتر مؤثر در کارایی بنادر کانتینری یعنی طول اسکله و ضریب افزایش مدت زمان تخلیه و بارگیری (مقایسه با فاصله از بهترین موقعیت پهلوگیری) صورت گرفت. نتایج این دو تحلیل حساسیت نشان داد که تأثیر افزایش ۲۵۰ متر طول اسکله در افزایش بهره‌وری بندر کانتینری این مثال معادل با ۲۵٪ ساعت بر متر کاهش در ضریب افزایش مدت زمان‌های تخلیه و بارگیری است. بر اساس این نتایج محدود، مکان‌یابی مناسب انبارهای کانتینری و نیز اتوماسیون فرآیند تخلیه و بارگیری (زمان‌بندی هم‌زمان جرثقیل‌ها و تریلرها، استفاده از سیستم‌های چند تریلری و غیره) می‌توانند همچون گزینه‌هایی ارزان‌قیمت در مقایسه با گزینه‌های ساخت و توسعه، در افزایش بهره‌وری بنادر کانتینری مطرح شوند.

است، یا چه ترکیبی از آن دو بهترین است، بستگی به هزینه‌های این دو روش به طور نسبی دارد. بدین ترتیب، یک نکته‌ی مهم در این تصمیم‌گیری، هزینه‌های نسبی این دو روش و ارزش صرفه‌جویی (با هزینه‌های تأخیر) کشتی‌ها در اسکله است. هزینه‌ی تأخیر کشتی‌ها و احتمالاً بخش عمده‌ی هزینه‌ی تجهیزات تخلیه و بارگیری به ارزش خارجی و هزینه‌ی ساخت اسکله اساساً به واحد پول محلی است.

در اینجا، توضیح چند نکته در مورد نتایج ارائه شده لازم است: اول آنکه زمان‌های رسیدن، طول کشتی‌ها، بهترین موقعیت‌های پهلوگیری و بهترین مدت زمان‌های تخلیه و بارگیری کشتی‌ها در دو مثال بالا دارای روندی خاص هستند. ولی به دلیل برخی نامعینگی‌های موجود در دنیای واقعی، این کمیت‌ها طبیعتی تصادفی دارند. از این رو بهتر بود که هر یک از آنها به‌طور تصادفی در بازه‌ی قابل قبول خود تولید می‌شدند. دیگر آنکه تابع هدف گزارش شده برای هر مسئله، مربوط به ۱ بار اجرای الگوریتم است. ولی با توجه به ماهیت تصادفی الگوریتم ژنتیک بهتر بود که متوسط تابع هدف (یا نتایج مناسب دیگر) برای تعداد کافی اجرا (مثلاً ۱۰ اجرا) گزارش شود. نویسندگان نتایج متفاوتی را در اجراهای مختلف مشاهده کرده‌اند. در انتها لازم به ذکر است که مدت زمان حل مسئله (زمان CPU) در مثال با ابعاد کوچک بین ۱/۵ تا ۲ ثانیه و در مثال با ابعاد بزرگ نزدیک به ۶ دقیقه بوده است.

منابع

- Zhang, C.; Liu, J.; Wan, Y. W.; Murty, K.G. and Linn, R.J., "Storage space allocation in container terminals", *Transportation Research, part B*, **37**, pp. 883-903 (2003).
- Imai, A.; Nishimura, E. and Papadimitriou, S., "The dynamic berth allocation problem for a container port", *Transportation Research, part B*, **35**, pp. 401-417 (2001).
- Nishimura, E.; Imai, A. and Papadimitriou, S., "Berth allocation planning in the public berth system by genetic algorithms", *European Journal of Operational Research*, **131**, pp. 282-292 (2001).
- Imai, A.; Nishimura, E. and Papadimitriou, S., "Berth allocation with service priority", *Transportation Research, part B*, **37**, pp. 437-457 (2003).
- Lim, A., "The berth planning problem", *Operations Research Letters*, **22**, pp. 105-110 (1998).
- Guan, Y.; Xia, W.Q.; Cheung, R.K. and Li, C. L., "A multiprocessor task scheduling model for berth allocation: Heuristic and worst-case analysis", *Operations Research Letters*, **30**, pp. 343-350 (2002).
- Park, K.T. and Kim, K.H., "Berth scheduling for container terminals by using a sub-gradient optimization technique", *Journal of the Operational Research Society*, **53**, pp. 1054-1062 (2002).
- Kim, K.H., and Moon, K.C., "Berth scheduling by simulated annealing, transportation research", part B, **37**, pp. 541-560 (2003).
- Imai, A.; Nishimura, E., and Papadimitriou, S., "Berth allocation in a container port: Transportation Research" Using a continuous location space approach, part B, **39**, pp. 199-221 (2005).
- MATLAB software, version 7.0 for Windows, Math Works Inc. (2004).
- LINGO software, version 8.0 for Windows, Lindo Systems Inc. (2003).

