

基于遗传算法求解带公差的“一刀切”问题

张维存 秦 荣 康 凯

(河北工业大学经济管理学院 天津 300401)

摘 要 矩形件排样是典型的组合优化问题,在很大程度上影响着企业生产效率。将遗传算法与启发式规则相结合,同时在排样过程中考虑待排样式的公差,求解“一刀切”矩形件排样问题。首先,采用实数基因编码方式,由实数基因值与启发式信息结合确定待排样式的优先权。其次,基于待排样式的最小极限尺寸,采用两步解码方法。第一步为初始填充,将待排样式组合成满足“一刀切”的可行条料,并求解板材利用率最高的条料填充方式;第二步为对第一步剩余空白区的填充,求解不同启发式信息下,空白区利用率最高的待排样式填充方式。再者,基于待排样式的最大极限尺寸和板材尺寸,对最优排样方案进行调整。最后,以 VB6.0 为开发工具将算法实现,并通过实例对比分析证明了算法的有效性。

关键词 “一刀切”排样 矩形件排样 遗传算法 启发式规则 公差

中图分类号 TP301 文献标识码 A DOI:10.3969/j.issn.1000-386x.2015.02.018

GENETIC ALGORITHM-BASED SOLUTION TO GUILLOTINE PROBLEM WITH TOLERANCE

Zhang Weicun Qin Rong Kang Kai

(School of Management, Hebei University of Technology, Tianjin 300401, China)

Abstract Rectangular packing is a typical combinatorial optimisation problem which affects the enterprises productivity to a great extent. In this paper we combine the genetic algorithm with heuristic rules, and meanwhile consider the tolerance of the items in packing process to solve rectangular packing in guillotine problem. First, we use real gene coding mode, the priority of the items is determined based on the combination of real gene value and heuristic information. Secondly, we adopt two steps decoding method according to minimum admissible dimension of the item. The first step is initiative filling, it is to group the items in feasible strips satisfying the guillotine constraint, and to solve strips filling way with highest sheet utility; The second step is the filling of blank regions left in the first step, i. e. to solve the filling means for the items with highest blank region utility in different heuristic information. What's more, the solution is to adjust the optimal packing scheme based on maximal admissible dimension and sheet size of the items. Finally, we implement the algorithm by using VB6.0 as the developing tool, and prove the effectiveness of the algorithm through examples comparison and analysis.

Keywords Guillotine packing Rectangular packing Genetic algorithms Heuristic rules Tolerance

0 引 言

矩形件排样问题广泛存在于制造行业如玻璃、机械、造纸、服装、木材等的实际生产过程中,对于企业经济效益的提高有着重要的影响,是众多学者研究的热点问题之一^[1-3]。“一刀切”问题是指在切割过程中,每一次的切割路径都是贯通整个板材的直线,属于典型的矩形件排样问题。该问题的解决可以有效提高板材的利用率,降低产品的制造成本,提高制造的敏捷性,提高产品的市场反应速度,加强企业的市场竞争力。

“一刀切”排样问题属于典型的矩形件排样问题,而目前矩形件排样问题的研究主要集中在优化方法上。有运用单一算法解决的,如冯琳^[4]等基于蚁群算法有效地解决了矩形件排样问题;戈鹏^[5]等根据现实约束提出了优化二叉树的启发式算法解决“一刀切”排样优化问题;张丽平^[6]等运用布局规则、组合规则和切割规则给出了一种新的启发式算法解决二维下料问题;

隗平平^[7]采用一种新的解码排样算法,对遗传算法进行了并行性的改进,从而增强了算法的搜索效率。也有将不同的算法结合起来一起解决的,如 J. E. Beasley^[8]利用种群进化算法求解非“一刀切”约束的矩形件优化排样问题;曾敏^[9]等将启发式信息和蚁群算法相结合解决大规模多品种小批量的矩形件排版问题;许继影^[10]在启发式算法基础上,提出了基于遗传算法思想的矩形件优化排样算法;陈仕军^[11]等提出将启发式递归与免疫克隆算法相结合的混合优化算法解决“一刀切”排样问题。

已有的研究主要侧重在解决“一刀切”排样优化问题的方法上,而研究排样过程中待排样式的公差的相关文献还没有。各种方法虽然取得了一定的效果,但是也存在一定的不足,如将启发式递归与免疫克隆算法相结合虽然能进行快速高效的搜

收稿日期:2013-07-10。教育部博士点基金项目(20121317110012);河北省高等学校自然科学基金项目(20111125)。张维存,副教授,主研领域:工业工程。秦荣,硕士生。康凯,教授。

索,但是利用率还有待提高,因此解决“一刀切”排样问题的方法还有待进一步改进。同时排样过程中待排样式的公差与板材的利用率甚至是板材的数量都有很大关系,因此在排样过程中考虑待排样式的公差是非常必要的。在排样过程中将待排样式的标准尺寸增加到最大极限尺寸,可以有效减少板材的浪费,有时甚至可以减少切割的次数,大大减少了切割的复杂度;相反的,将待排样式的标准尺寸减少到最小极限尺寸可以很大程度上增加板材的利用率,减少板材的使用数量。

本文将在已有相关研究的基础上,拟运用遗传算法和启发式规则相结合的方法,不仅在解决“一刀切”排样优化问题的方法上进行创新,而且在排样过程中考虑待排样式的公差,提高板材的利用率减少板材的浪费,从而进一步改进“一刀切”排样问题的优化效果。

1 “一刀切”排样优化问题描述

1.1 问题描述

假定可用的板材有 M 种,用 A 表示,待排样式有 N 种,用 B 表示,待排样式的数量用 S 表示。将所有的待排样式排放在不同的板材中,排样的目标是在排样方案满足“一刀切”约束的前提下,求解板材的排样方式及该排样方式的排样数量。同时在排样过程中考虑待排样式的公差,以使得板材的利用率最高。

1.2 假设条件

- 1) 板材和待排样式全是矩形的,没有不规则形状的;
- 2) 所有排在板材内的待排样式不能重叠,更不能超过板材的边界;
- 3) 待排样式的尺寸只要在公差范围内即不超出最大和最小极限尺寸就可以达到使用要求;
- 4) 假设不同待排样式的公差是不相同的,而且同一种待排样式在长度和宽度方向的公差也是不相同的,但是每一个公差的上下偏差是相等的。

1.3 变量描述

M 表示板材的种类; L_i^A 和 W_i^A 表示板材 A_i 的长度和宽度; N 表示待排样式的种类; L_j^B 、 W_j^B 和 S_j 分别表示待排样式 B_j 的标准长度、标准宽度和数量; F_{ij} 表示第 j 种待排样式在第 i 种板材中的利用率; F 表示所有板材的平均利用率; l 表示待排样式在板材中的排放方式, $l=0$ 表示横向排放, $l=1$ 表示竖向排放; c_{ijl} 表示第 j 种待排样式在第 i 种板材进行第 l 种排样方式时所用的板材 i 的数量; a_{ijl} 和 b_{ijl} 分别表示同一待排样式 j 在板材 i 中第 l 种排样方式的数量; 当待排样式在板材中横向排放时, $d_{ijl}=1$, 竖向排放时 $d_{ijl}=0$; θ_{jl} 、 θ_{wl} 分别表示待排样式 B_j 长度和宽度方向上的上下偏差。其中 $i \in [1, M]$, $j \in [1, N]$ 。

1.4 数学模型

目标函数:

$$\max(F) = \frac{\sum_{i=1}^M \sum_{l=1}^2 F_{ij} \times L_i^A \times W_i^A \times c_{ijl}}{\sum_{i=1}^M L_i^A \times W_i^A \times c_{ijl}} \quad (1)$$

约束条件:

$$F_{ij} = \frac{\sum_{j=1}^N \sum_{l=1}^2 L_j^B \times W_j^B \times a_{ijl} \times b_{ijl}}{L_i^A \times W_i^A} \quad (2)$$

$$\sum_{j=1}^N [d_{ijl} \times (L_j^B - \theta_{jl}) + (1 - d_{ijl}) \times (W_j^B - \theta_{wl})] \times a_{ijl} \leq L_i^A \quad (3)$$

$i \in [1, M]$

$$\sum_{j=1}^N [d_{ijl} \times (W_j^B - \theta_{wl}) + (1 - d_{ijl}) \times (L_j^B - \theta_{jl})] \times b_{ijl} \leq W_i^A \quad (4)$$

$i \in [1, M]$

式(1)是目标函数,即所有板材的平均利用率;式(2)表示每一种待排样式在某一种板材上的利用率;式(3)表示排放在板材中的样式在长度方向上达到最小极限尺寸时不能超过板材的长度;式(4)表示在宽度方向上达到最小极限尺寸时不能超过板材的宽度。

2 问题分析

“一刀切”问题排样求解的过程可分为多个阶段。每个阶段均是针对可行板材(满足式(3)和式(4)),将待排样式进行排样优化的过程。该过程中对每个阶段排样方案利用率的提高均有利于对整体利用率的提高。但是只单纯的追求各阶段板材利用率的最大化,就有可能导致最后一块或几块板材的利用率极低,从而影响整体利用率的最大化,因此在排样过程应考虑各阶段利用率的均衡,只有这样才能使排样的整体利用率最高。

整个排样过程存在两个关键的子问题。问题 1:每个阶段如何选定待排样式;问题 2:针对选定的待排样式,如何在板材上进行排放。然而这两个问题是密切相关的,即某阶段选定的待排样式(问题 1)是可行板材上优化排样(问题 2)的基础,而优化排样(问题 2)的结果也决定了下阶段选定待排样式(问题 1)的集合,如图 1 所示。

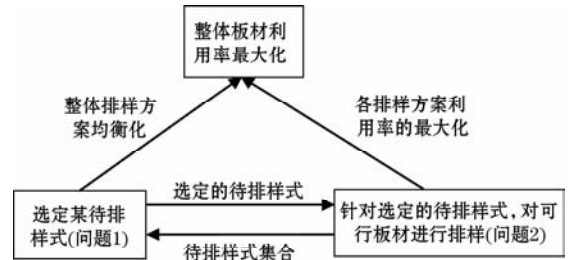


图 1 排样求解过程图

利用遗传算法的并行随机搜索求解机制,将上述两个关键子问题融入其中,并结合启发式信息保持算法的求解效率和效果正是本文算法设计的关键。

3 “一刀切”排样问题的优化算法

3.1 算法过程

本文采用遗传算法与启发式信息相结合的方法求解“一刀切”排样问题,算法整体过程如下(如图 2 所示):

Step1 设置算法参数,如:种群数量、进化代数、交叉率、变异率;输入板材和待排样式的信息,如:板材和待排样式的种类、数量、公差;

Step2 形成初始种群,对遗传染色体种群个体进行实数编码,染色体的长度等于优化过程中待排样式的种类,每个待排样式对应着一个基因,并为每个基因赋予一个 $[0, 1]$ 之间的随机数;

Step3 对新生成的种群个体进行基于启发式信息两步

解码(见 3.2 节),计算染色体的适应度值;

Step4 更新系统运行过程中的最优解;

Step5 判断没有达到终止条件,则选择优秀的染色体进行遗传操作,经过选择、交叉、变异后得到新一代的染色体种群,返回 Step3。如果满足终止条件,则停止,记录最优个体,将其对应的最优排样方案进行调整(见 3.3 节)。

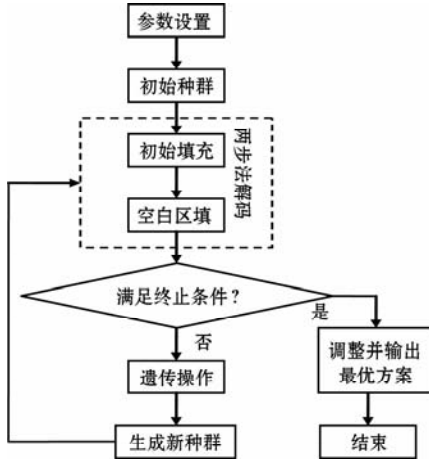


图2 算法过程

3.2 遗传算法关键步骤描述

(1) 编码

对染色体的基因值采用实数编码形式,编码长度为排样过程中待排样式的种类,个体基因值的初始化为 $[0,1]$ 之间的随机数。

(2) 解码过程

解码过程是形成排样方案的优化过程,分为多个阶段,每个阶段均是待排样式中选定可排样式并计算可行板材下最优排样方案的过程。而选定样式在可行板材下的排样又可分两步进行,第一步为初始填充,待排样式在板材中有两种排放方式,横向排放和竖向排放;第二步是在第一步填充所形成的空白区域基础上继续填充。有两种划分方式,用 id 表示, $id=1$ 表示横划分; $id=2$ 表示竖划分。这样的划分方法保证了板材“一刀切”的要求。在两步排样过程中要考虑待排样式的公差,以进一步提高板材的利用率。

种群中的某染色体解码的具体步骤如下:

Step1 计算待排样式的优先权值,方法如式(5),由待排样式的面积、标准长度、标准宽度三者任选其一与染色体的基因值相乘而得。优先权值是选择待排样式进行排样的依据指标。

$$\text{优先权值} = C_3 \begin{pmatrix} \text{待排样式的面积} \\ \text{标准长度} \\ \text{标准宽度} \end{pmatrix} \times \text{染色体的基因值} \quad (5)$$

Step2 选择优先权值最高的待排样式 B_{j_0} , 构建以 B_{j_0} 为基准部的条料,此时令 $l=0$ 。所谓条料是由基准部和若干扩展部共同组成的待排样式的组合,而扩展部是与基准部在长度或宽度上相等或近似相等的待排样式及其组合。

Step3 确定样式 B_{j_0} 在 l 排放方式下所有可以排入的板材组 $A_{j_l} \in A$, 可行条料的尺寸以 A_{j_l} 中的最大长度为界。

以 B_{j_0} 为基准部的可行条料的扩展部选择规则如下(以 $l=0$ 为例):

① 长度或宽度相等或近似(差异度不大于 $\pm 2\%$) 相等的待

排样式作为扩展部,如图3所示。

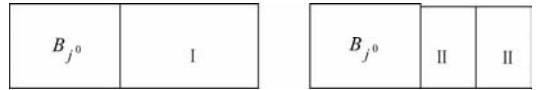


图3 规则1

② 长度或宽度相等或近似相等的一级或二级组合条料作为扩展部,如图4所示。



图4 规则2

如图3所示:左图中的可行条料,待排样式 I 即是以 B_{j_0} 为基准部的扩展部;右图中 B_{j_0} 是可行条料的基准部,两个相同的待排样式 II 的组合为扩展部,此时扩展部称为一级组合。如图4所示:左图中 B_{j_0} 为基准部,一级组合 III、IV 共同构成可行条料的扩展部;右图中两个 V 组成的一级组合是以 VI 为基准部的可行条料的扩展部,两个 V 与 VI 组成的可行条料是以 B_{j_0} 为基准部的可行条料的扩展部,此时 B_{j_0} 的扩展部称为二级组合。为了减少计算的复杂度,条料的生成过程最多进行到二级组合。

可行条料的生成不但减少了排样过程的复杂性,而且在一定程度上保证了板材“一刀切”的要求。

假设可行条料 T_{j_0} 由基准部 B_{j_0} 和 r 个扩展部 $Z_{j_0 s}$ ($s=1,2,\dots,r$) 组成, r 个扩展部中待排样式的种类为 $n_{j_0 t}$, 待排样式 $B_{j_0 t}$ ($t=1,2,\dots,n_{j_0 t}$) 的数量为 $q_{j_0 t}$, 则 T_{j_0} 可以生成的数量 $Q = \min \left\{ \frac{S_{j_0 t}}{q_{j_0 t}} \right\}$ 。每个扩展部的长度 $L_{j_0 s}^k$ 和宽度 $W_{j_0 s}^k$ 均按照扩展部最大的外轮廓计算,如图3左图,扩展部的尺寸即为 I 的尺寸;如图4左图,扩展部的长度取 IV(长度最大的)的长度,宽度为 III、IV 的宽度之和。扩展部长度和宽度的上下偏差分别为 $\theta_{j_0 s, l}$ 和 $\theta_{j_0 s, w}$ 。

Step4 可行条料在长度和宽度方向上的最小尺寸分别用 $L_{j_0}^T$ 、 $W_{j_0}^T$ 表示。

$$L_{j_0}^T = l \times (L_{j_0}^B - \theta_{j_0 l}) + (1-l) \times (W_{j_0}^B - \theta_{j_0 w}) + \sum_{s=1}^r [l \times (L_{j_0 s}^k - \theta_{j_0 s, l}) + (1-l) \times (W_{j_0 s}^k - \theta_{j_0 s, w})] \quad (6)$$

$$W_{j_0}^T = \max \left\{ l \times (W_{j_0}^B - \theta_{j_0 w}) + (1-l) \times (L_{j_0}^B - \theta_{j_0 l}), l \times (W_{j_0 s}^k - \theta_{j_0 s, w}) + (1-l) \times (L_{j_0 s}^k - \theta_{j_0 s, l}) \right\} \quad (7)$$

Step5 根据可行条料的最小极限尺寸选定可以排入的板材 $A_i \in A_{j_l}$, 将可行条料排入板材 A_i , 根据公式 $\min \left\{ \frac{W_{j_0}^T}{W_{j_0}^A}, Q \right\}$ 确定该可行条料在板材内的排放层数,第一步排放完毕后,在所有的可行条料中取利用率最高的即空白区域最小的排样方式 $P_{ij_0 l}$, 作为 B_{j_0} 在原材料 A_i 的第一步排样方案。

Step6 对于 $P_{ij_0 l}$ 中的空白区域,按 $id=1$ 和 $id=2$ 两种划分方式分别填充,填充时分别尝试以下 5 种启发式规则(如表 1 所示),选择可排入空白区域中的最适合的待排样式,以待排样式的最小极限尺寸排入空白区域,使得空白区域尽可能地被填满,计算板材 A_i 的整体利用率,最后选择使板材 A_i 整体利用率最高的待排样式,实行排样方案,即为样式 B_{j_0} 的第二步排样方案,并计算该排样方案的最大切割数量,暂时存储该排样方案的信息,令 $l=l+1$,若 $l>1$,则转入 Step7,否则,转入 Step3。

表 1 空白区域填充过程中选择待排样式的 5 种启发式规则

序号	启发式规则	选取方法
1	基于可选待排样式的面积	面积最大
2	基于可选待排样式填充后空白区域被填充的面积	被填充面积最大
3	基于可选待排样式的宽度	宽度最大
4	基于可选待排样式的长度	长度最大
5	基于可选待排样式还需排放的数量	数量最多

Step7 在所有可排入板材 A_{it} 中,选择板材整体利用率最高的方案 P'_{imax} ,由式(2)计算 P'_{imax} 的板材利用率,并更新待排样式的信息 S_j ,若待排样式集合为空,则转入 Step8,否则转入 Step2。

Step8 根据式(1),计算该染色体下对应待排样式的板材整体利用率,作为该染色体的适应度值。

(3) 遗传操作过程

对种群执行遗传操作的实质是寻找更多的排样方案,进而找到总体最优解。

本文采用轮盘赌的方法选择交叉的个体,然后采用算术交叉的方法,将选中的个体进行单点交叉得到新一代。交叉点的位置由式(8)确定,新一代个体交叉点的实数值由式(9)确定,其中 H^p_t 和 H^q_t 分别代表第 t 代 p 和 q 两个个体交叉处相对应的基因实数值, Rnd 为 $[0,1]$ 上的随机数。

$$\text{交叉点位置} = \text{取整}(\text{染色体长度} \times Rnd) \quad (8)$$

$$\begin{cases} H^{p}_{t+1} = Rnd \times H^p_t + (1 - Rnd) \times H^q_t \\ H^{q}_{t+1} = Rnd \times H^q_t + (1 - Rnd) \times H^p_t \end{cases} \quad (9)$$

然后通过设置变异概率选择出将变异的个体,选出的变异个体采用算术变异的方法进行单点变异,变异点位置的确定方法由式(10)确定,子代个体变异点的实数值由式(11)确定。

$$\text{变异点位置} = \text{取整}(\text{染色体长度} \times Rnd) \quad (10)$$

$$H^{p}_{t+1} = Rnd \times H^p_t \quad (11)$$

3.3 最优排样方案调整

假设最优排样方案中,板材 A_i 在长度和宽度方向上的最小空余长度分别为 σ_1 、 σ_2 ,长度与宽度方向的调整方案一样,具体的调整规则如下:

当 $\sigma_1 > \sum$ [待排样式在板材长度方向上的公差]时,将板材中可行条料的基准部、扩展部和填充到空白区域的待排样式恢复到标准尺寸;

当 $\sigma_1 \leq \sum$ [待排样式在板材长度方向上的公差]时,将板材中可行条料的基准部、扩展部和填充到空白区域的待排样式在板材长度方向上进行长度拓展,使长度方向上填满整个板材。

通过对最优排样方案中待排样式的尺寸拓展,不仅可以减少切割的废料及切割次数,更可以计算每种待排样式在该排样方案中的实际公差尺寸。

4 实例运行结果

本文通过上述的两步遗传算法与启发式规则结合,并在排样过程中考虑待排样式的公差,以 Visual Basic6.0 为开发工具、SQL Server2000 为数据库平台,实现了“一刀切”排样问题的优化。下面利用上述算法对一个实例进行验证。

实例:设定种群大小为 10,进化代数为 10,交叉概率为 0.8,变异概率为 0.2,板材和待排样式的相关数据如表 2 和表 3

所示。

表 2 板材数据表

板材编号	长度(mm)	宽度(mm)
1	2440	1830
2	2440	2000
3	2440	2100
4	2440	2134

表 3 待排样式数据表

编号	长度	宽度	数量	编号	长度	宽度	数量	编号	长度	宽度	数量
1	983	361	100	2	914	476	208	3	983	496	106
4	583	512	264	5	791	563	532	6	972	583	104
7	663	612	30	8	583	502	4	9	891	663	862
10	983	512	684	11	857	583	104	12	1042	583	104
13	983	673	208	14	983	872	104	15	992	983	352
16	937	510	212	17	583	562	564	18	914	583	104
19	2046	484	104	20	2046	584	456	21	983	799	208
22	937	810	104	23	983	876	104	24	983	899	208
25	583	392	862	26	2046	734	100	27	1272	412	168
28	987	487	100	29	1046	983	104				

利用本文的算法,在考虑公差(假设所有待排样式的公差相同)和不考虑公差两种情况下的排样方案与门窗之星(一种玻璃行业广泛应用的软件)得出的排样方案的结果比较如表 4 所示。

表 4 排样方案结果比较

	最优利用率
未考虑公差	95.54%
考虑公差	96.28%
门窗之星	94.61%

图 5 为按照本文的算法得出的一个排样方案,板材的利用率为 99.62%。板材编号为 4,第一阶段填充时,11、17 和 4 号待排样式共同组成可行条料,板材中四种待排样式的信息如表 5 所示,可行条料的最小长度为 2440,恰好与板材的长度相等,最小宽度为 2133,板材在宽度方向上的最小空余长度为 $\sigma_2 = 1$,符合最优排样方案调整的第二个规则,因此,所有待排样式在板材宽度方向上增加的长度均为 0.25。

图 5 排样方案

表 5 待排样式信息

编号	L_j^B	W_j^B	θ_{jt}	θ_{jw}	l
4	583	512	2.5	0.5	1
11	857	583	1	2	0
17	583	562	3	1	1
25	583	392	2	2	0

门窗之星得出的排样方案的利用率不仅低于考虑公差时的利用率,而且低于未考虑公差时的利用率,说明本文在“一刀切”排样问题的方法上的创新是有效的,而且在排样过程中考虑待排样式的公差可以进一步提高板材的利用率。因此,实验证明本文的算法是有效的。

$$p_j = \frac{\sum_{i=1}^m a_i \cdot r_{ij}}{\sum_{i=1}^m a_i \cdot (\sum_{l=1}^n r_{il} - r_{ij})} \quad j = 1, 2, \dots, n$$

$m = 4 \quad n = 5 \quad j = 1, 2, 3, 4, 5$

得到结果: $P_i = \text{ADR} = (0.369, 0.389, 0.2, 0.077, 0.269)$ 根据最大隶属度原则此次地震造成的灾害损失为“大灾”。使用灰色模糊综合方法^[18]对该地震灾害等级划分的结果是一致的,因而该模糊评判方法基本符合定量、准确评价灾情的要求。

5 结 语

本文在改进的具有三种否定模糊集 IFScom* 的基础上,定义了多重 λ - 中介否定集的概念,分析了 λ 区间函数的定义及相关性质。在此基础上给出了一种基于模糊集 IFScom* 的自然灾害等级模糊评判方法,应用于地震自然灾害等级评判的实例中。实例表明使用模糊集 IFScom* 的中介否定理论来表示模糊信息,在模糊知识的“否定”区分、表示推理上更接近实际。最后使用传统的灰色关联理论对实例进行了检验和对比,说明本文的模糊处理方法是合理有效的。

参 考 文 献

- [1] 汪培庄,李洪兴. 知识表示的数学理论[M]. 天津:天津科学技术出版社,1994.
- [2] 翟龙刚,汪民乐,马良. 基于多级模糊评判的导弹快速反应能力评估[J]. 战术导弹技术,2012(6):42-46.
- [3] 李军训,王岳龙,彭苏秦. 基于模糊综合评价法的我国纺织产业集群风险研究[J]. 科技管理研究,2013(5):159-162.
- [4] 刘华丽,卢厚清,李宏伟,等. 模糊综合评判法在边坡稳定性分析中的应用[J]. 解放军理工大学学报:自然科学版,2013,14(1):84-88.
- [5] Gerd Wagner. Web rules need two kinds of negation[C]//F Bry, N Henze, J Maluszynski. Proc. of the 1st international workshop on Principles and Practice of Semantic Web Reasoning, Heidelberg: Springer Verlag, LNCS 2901, 2003:33-50.
- [6] Analyti A, Antoniou G, Damasio C V, et al. Negation and Negative Information in the W3C Resource Description Framework[J]. Annals of Mathematics, Computing & Teleinformatics (AMCT), 2004, 1(2):25-34.
- [7] Wagner G. A database needs two kinds of negation[C]//B Thalheim, J Demetrovics, H-D Gerhardt. Proceeding of 3rd Symposium on Mathematical Fundamentals of Database and Knowledge Bases Systems (MFDBS), Heidelberg: Springer Verlag, 1991:357-371.
- [8] 潘正华. 模糊知识的三种否定及其集合基础[J]. 计算机学报, 2012, 35(7):1421-1428.
- [9] Pan Zhenghua, Zhu Wujia. A new cognition and processing on contradictory knowledge[C]//IEEE- Proceedings of 2006 International Conference on Machine Learning and Cybernetics, 2006, 1(7):1532-1537.
- [10] Pan Zhenghua, Zhang Shengli. Differentiation and Processing on Contradictory Relation and Opposite Relation in Knowledge[C]//Proceedings of IEEE-the 3rd International Conference on Natural Computation (ICNC'07), 2007, 4:334-338.
- [11] Pan Zhenghua. Contradictory Relation and Opposite Relation in Web Knowledge[C]//Proceedings of IEEE-the 2nd International Conference on Semantics, Knowledge and Grid (SKG2007), 2007:157-162.

- [12] Pan Zhenghua. A Logic Description on Different Negation Relation in Knowledge[C]. Lecture Notes on Computer Science, Springer Berlin/Heidelberg, 2008, 5227:815-823.
- [13] 张胜礼,潘正华. 一种改进的具有三种否定的新模糊集及其应用[J]. 计算机工程与应用,2011,47(23):34-38.
- [14] 张胜礼,潘正华. 模糊知识中否定知识处理的一种改进的集合描述[J]. 山东大学学报:理学版,2011(5):37-41.
- [15] 韩祥兰,张刚,刘仰光. 通用模糊综合评判工具的研究与应用[J]. 计算机应用与软件,2010,27(2):188-190.
- [16] 杨仕升. 应用灰色系统理论进行地震灾害等级划分和灾情分析比较[J]. 西北地震学报,1997,19(2):48-56.
- [17] 杨立勋,王鹏. 不同视角下中国通货膨胀率测试比较研究[J]. 经济与管理,2011,25(11):47-53.
- [18] 吴红华. 灾害损失评估的灰色模糊综合方法[J]. 自然灾害学报, 2005, 14(2):115-118.

(上接第75页)

5 结 语

随着数控切割及检测技术的发展,进行精确切割逐渐成为可能。由以上实例的排样效果可以看出,本文将遗传算法与启发式规则相结合,将遗传算法的解码过程分为两步,同时在排样过程中考虑待排样式的公差,不仅在方法上进行了改进,而且基于待排样式的公差在排样过程中开拓了新思路。利用本文的算法解决“一刀切”排样问题是切实可行的,不仅大大提高了板材的利用率,降低了企业的生产成本,而且提高了企业的市场竞争力。

参 考 文 献

- [1] Christoforos Charalambous, Krzysztof Fleszar. A constructive bin-oriented heuristic for the two-dimensional bin packing problem with guillotine cuts [J]. Computers & Operations Research, 2011, 38: 1443-1451.
- [2] Krzysztof Fleszar. Three insertion heuristics and a justification improvement heuristic for two-dimensional bin packing with guillotine cuts [J]. Computers & Operations Research, 2013, 40:463-474.
- [3] Alev Soke, Zafer Bingul. Hybrid genetic algorithm and simulated annealing for two-dimensional non-guillotine rectangular packing problems [J]. Engineering Applications of Artificial Intelligence, 2007, 19:557-567.
- [4] 冯琳,史俊友. 基于蚁群算法的矩形件优化排样问题[J]. 青岛科技大学学报:自然科学版,2011,32(1):90-94.
- [5] 戈鹏,邱庆庆,刘柱胜,等. 一刀切问题的优化二叉树排样[J]. 计算机集成制造系统,2011,17(2):329-337.
- [6] 张丽平,李松. 二维优化排样方法及实现技术[J]. 计算机应用与软件,2009,4(26):106-108.
- [7] 隗平平,刘斌. 基于并行遗传算法的矩形件排样优化[J]. 组合机床与自动化加工技术,2011(3):78-82.
- [8] Beasley J E. A population heuristic for constrained two-dimensional non-guillotine cutting [J]. European Journal of Operational Research, 2004, 156:601-627.
- [9] 曾敏,王乘,刘琼梅. 大规模定制板材排样的多种群蚁群优化算法[J]. 制造业自动化,2011,33(10):59-62.
- [10] 许继影. 矩形件优化排样的混合启发式方法[J]. 计算机工程与应用,2012,48(13):234-239.
- [11] 陈仕军,曹炬. 一种“一刀切”式矩形件优化排样混合算法[J]. 锻压技术,2009,34(4):143-147.