

一种基于并行交叉遗传算法的二维不规则排样问题求解

王静静 瞿少成 李科林

(华中师范大学物理科学与技术学院电子信息工程系 湖北 武汉 430079)

摘要 针对现代加工制造行业中广泛存在的二维不规则排样问题,提出一种基于并行交叉遗传算法的二维不规则排样问题求解方法。模拟两个独立岛屿的生物杂交进化过程,构建两个种群并行进化,并利用其中一个种群每次进化的最优解指导另一个种群的进化过程,提高算法的收敛速度和全局寻优能力。通过 ESICUP 提供的基准测试用例,对该方法进行有效性和稳定性的测试。实验结果表明,该方法可以有效求解二维不规则排样问题,提高板材的利用率,具有一定的推广价值。

关键词 二维不规则排样 并行交叉遗传算法 排样优化

中图分类号 TP311

文献标志码 A

DOI:10.3969/j.issn.1000-386x.2020.07.031

A TWO-DIMENSIONAL IRREGULAR LAYOUT PROBLEM SOLVING BASED ON PARALLEL CROSS GENETIC ALGORITHM

Wang Jingjing Qu Shaocheng Li Kelin

(Department of Electronics and Information Engineering, College of Physical Science and Technology, Central China Normal University, Wuhan 430079, Hubei, China)

Abstract Aiming at the problem of two-dimensional irregular layout in the modern processing and manufacturing industry, we propose a method of two-dimensional irregular layout problem solving based on parallel cross genetic algorithm. It simulated the evolutionary process of biological hybridization of two independent islands, and constructed two populations for parallel evolution. The optimal solution of each evolution of one population was used to guide the evolution process of the other population, so as to improve the convergence speed and global optimization ability of the algorithm. Finally, the validity and stability of our method was tested through the benchmark test cases provided by ESICUP. The experimental results show that our method can effectively solve the two-dimensional irregular layout problem and improve the utilization rate of the plate, which has certain promotion value.

Keywords Two-dimensional irregular layout Parallel crossover genetic algorithm Layout optimization

0 引言

二维不规则排样问题是指在给定的原材料板材空间上,合理放置若干不规则零件,使得零件之间互不重叠且板材利用率最大。该问题在服装裁剪^[1]、印刷包装^[2]、钣金零件加工^[3]、玻璃切割^[4]等行业应用广泛,是实际工业生产加工中的关键环节。同时,该问题可以归为一类复杂的 NP 完全问题^[5],因此,长期以来受

到国内外众多学者的关注。

二维不规则排样问题涉及运筹学、几何数学等众多学科,属于典型的组合优化问题。近年来,二维不规则排样问题常采用启发式算法或智能优化算法求解。文献[6]提出了一种多目标启发式进化算法求解考虑批量问题的二维矩形件排样问题,文献[7]提出了一种基于重心临界多边形的启发式排样算法。可以看出,启发式算法实现简单,能够快速给出求解方案,但难以取得全局最优解。因此,目前常采用模拟退

火算法、遗传算法等智能优化算法解决排样优化问题。

遗传算法通过模拟自然进化过程搜索最优解,全局搜索能力优秀,适合大规模空间求解复杂问题^[8],将其应用到排样问题的求解上可以取得较好的排样效果。文献[9]结合遗传算法和最低水平线算法求解矩形件排样问题,但其寻优能力有待进一步改进。文献[10]利用基于排挤机制的小生境遗传算法求解排样顺序优化问题,但是算法效率有待提高。

针对以上问题,本文提出了一种基于并行交叉遗传算法的排样优化算法。结合排样问题的特点,模拟了两个独立岛上的生物杂交进化过程,构造了一个包含零件排放顺序和旋转角度的初始编码序列,分别按照随机和零件面积降序的方式生成排样初始种群。主过程的交叉操作采用与从过程进化产生的最优个体杂交的方式,提高算法的收敛速度和寻优能力,从而优化二维不规则排样问题的求解。

1 问题描述和数学模型

二维不规则多边形排样问题的具体描述为:在生产过程中,根据相应的工艺需求,将若干不规则零件互不重叠地放置在给定的宽度固定、长度不限的矩形板材内部,各个零件可以被旋转一定的角度,使得排样后原材料的利用率最高。

约束条件:

$$R_i \cap R_j = \emptyset (i \neq j) \quad (1)$$

$$R_i \in R \quad (2)$$

$$O_i \in O \quad (3)$$

目标函数:

$$\min L = \max \{x \mid (x, y) \in R_i \quad 1 \leq i \leq n\} - \min \{x \mid (x, y) \in R_i \quad 1 \leq i \leq n\} \quad (4)$$

$$\max \rho = \frac{\sum_{i=1}^n S_i}{W \times L} \quad (5)$$

式(1)保证各个零件之间不能重叠;式(2)保证排放后所有不规则零件都位于板材内部;式(3)中 O 为零件对应旋转的角度。

图1为一组二维不规则零件排样结果。假设原材料矩形 R 的宽度为 W ,需排放 n 个二维不规则零件 $\{R_1, R_2, \dots, R_n\}$, S_i 表示第 i 个零件的面积, L 为排样的最短长度, ρ 表示原材料利用率。

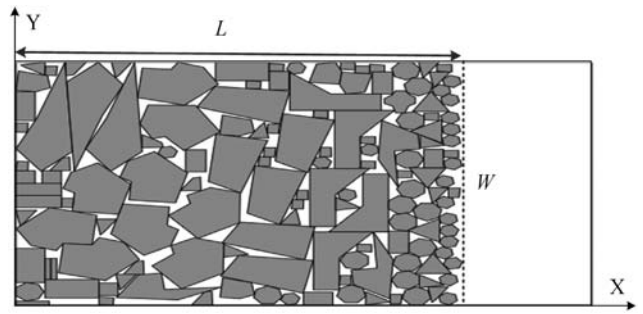


图1 二维不规则零件排样结果

2 算法设计

传统遗传算法常采用随机的方式生成初始种群,但这种方法产生的个体不一定是优秀的,且在排样问题的高维解空间进行随机搜索的效率较低,导致收敛速度变慢。此外,进化过程中的交叉操作几乎都是在大规模离散空间中随机进行的,这种搜索方式在进化初期能保证解的多样性,但在进化后期,种群中就会出现大量相似个体,容易收敛于局部极值,出现早熟现象。因此,本文基于并行交叉遗传算法求解二维不规则排样问题。

2.1 个体编码方式及构造初始种群

2.1.1 个体编码方式

本文基于对象的数据结构索引对个体进行编码,对于包含 n 个待排放零件的排样问题,可行解是由 n 个对象组成的序列,序列中每个零件对象都包含排放顺序和旋转角度两个变量。

将待排放的 n 个零件按照排放顺序编号,构成了一个整数序列 $\{X_1, X_2, \dots, X_n\}$, X_i 为第 i 个排放入板材的多边形零件编号, O_i 为第 i 个零件排放时相应的旋转角度, $1 \leq X_i \leq n$ 。每个可行解序列可以表示为: $\{(X_1, O_1), (X_2, O_2), \dots, (X_n, O_n)\}$, 其中 (X_i, O_i) 表示编号为 X_i 的零件旋转 O_i 度后排放。3 个不规则零件排样后的一个可行解为 $X = \{(1, 0), (3, 90), (2, 180)\}$, 其中零件的排放顺序为 1、3、2。编号为 1 的零件旋转 0° 排放,编号为 3 的零件旋转 90° 后排放,编号为 2 的零件旋转 180° 排放。

2.1.2 构造初始种群

在遗传算法中,初始种群的质量对算法的收敛速度和寻优能力影响较大。随机生成初始种群的方式可以保证个体的多样性,在排样问题中,这种方法产生的初始解中零件的排放顺序和旋转角度都是随机的。当零件数量较多时,解空间的规模会比较大,搜索范围很广,很难在一定时间内搜索到最优解,求解效率大大降低。

为了获得高质量的初始种群,通过构造两个独立岛上的进化过程 A 和 B,本文提出了一种并行交叉遗传算法。主过程 A 的初始种群通过随机生成的方式构造,从过程 B 的初始种群则通过借鉴手工排样的经验,按照零件的面积从大到小排序生成,可以取得更好的排样效果。

2.2 个体定位策略及适应度计算

2.2.1 个体定位策略

计算个体适应度之前,需要在板材上为待排放的多边形零件选择一个合适的排放位置。这一过程常常涉及到很多复杂的几何计算,如计算多边形之间的最佳靠接位置、重叠判断等。

在早期研究中,文献[11]采用 BL 准则定位零件位置,该算法实现简单,被广泛应用于排样问题的求解,但其容易造成空腔的浪费,且定位位置不一定是最优解。针对 BL 定位策略存在的问题,本文使用临界多边形(NFP)^[12]判定零件之间的位置关系,同时结合 BL 定位原则,尽量选择 NFP 最左、最下方的顶点排放零件,可以解决 BL 算法定位位置不合理的问题。基于 NFP 和 BL 准则的定位策略步骤描述如下:

Step1 初始化排样种群,获得零件排样序列。

Step2 对于排样序列中的零件 $A(X_i, O_i)$,将其按照角度 O_i 旋转后,构造零件与原材料板材 B 的 NFP_{AB} 。

Step3 在 NFP_{AB} 选择最左、最下的顶点作为零件 A 的排放位置。

Step4 若零件序列中还存在待排放的零件,减去原材料 B 中的已排放的零件 A,作为剩下的板材区域 B 放置待排放零件,转到 Step 2; 否则,结束零件排放过程。

2.2.2 适应度计算

在求解二维不规则排样问题时,追求的目标就是使得原材料板材的利用率最大化。为了使适应度函数能够更好地反映排样方案的优劣,且尽可能使计算简单,本文定义适应度函数如下:

$$F(X_i) = \text{Sum} / (W \times L_{\max}(X_i)) \quad (6)$$

式中: X_i 表示某一可行解; Sum 表示所有多边形零件的面积之和($\text{Sum} = \sum_1^n S_i$, S_i 是多边形零件 i 的面积); W 表示原材料板材的固定宽度; $L_{\max}(X_i)$ 表示可行解 X_i 按照基于临界多边形的 BL 定位策略排放后,所有零件构成的外部轮廓的最大长度,即已经使用的原材料板材的长度,如图 2 所示。

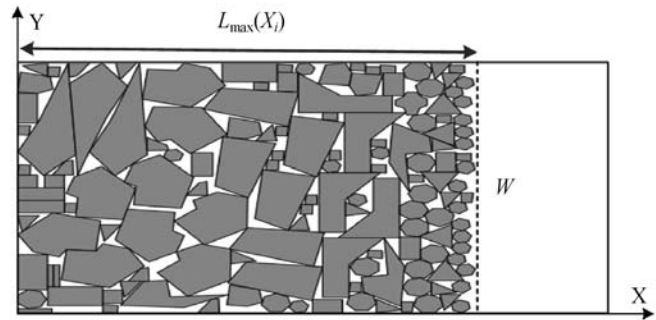


图2 最小的原材料板材长度

适应度函数值 $F(X_i)$ 表示可行解 X_i 对应的板材利用率, $F(X_i)$ 越大,其对应可行解序列的质量越好。

2.3 并行交叉遗传算法的进化过程

2.3.1 选择操作

种群经过交叉和变异之后,一部分个体将被挑选出来产生下一代群体,这个过程即为选择操作。选择过程中,通常基于个体的适应度进行优胜劣汰操作,适应度高的个体更容易进入下一代,适应度低的个体则被淘汰,这样有利于优良基因的扩展。

目前常用的选择方法有轮盘赌法、随机遍历选择法及锦标赛选择法等。本文基于保留最佳个体策略,采用轮盘赌法对执行交叉操作的两个父代个体进行选择,步骤如下:

Step1 保留父代中适应度函数值最大的个体至下一代,并在父代中将其移除。

Step2 计算当代种群中每一个个体的适应度函数值以及被选中的概率 $P(X_i) = F(X_i) / \sum_{i=1}^n F(X_i)$ 。其中: X_i 表示当代种群中的第 i 个个体; $F(X_i)$ 表示第 i 个个体的适应度函数值; $P(X_i)$ 表示第 i 个个体被选中的概率。

Step3 随机生成一个在 $[0, 1]$ 之间的随机数 R ,如果个体 X_i 满足 $\sum_{j=1}^i P(X_j) \leq R \leq \sum_{j=1}^{i+1} P(X_j)$, 那么就被选择为父代个体,参与后续交叉、变异操作,产生下一代种群的新个体。

Step4 重复 Step3,直至新的种群构建完成。

2.3.2 交叉操作

常用的交叉操作有循环交叉法、部分匹配法、次序交叉法等方法。本文提出的并行交叉遗传算法采用顺序循环交叉法,即随机生成两个处于 $[1, n]$ 之间的不同正整数作为交叉点位置 Bit1 和 Bit2,保持两个父代染色体 Bit1 和 Bit2 之间的基因不变,其余基因按照另一条染色体上的基因位置顺序选取基因进行填充,且跳过已经出现的基因。这种交叉方法每次可产生两个子代染色体,其交叉过程如图 3 所示。

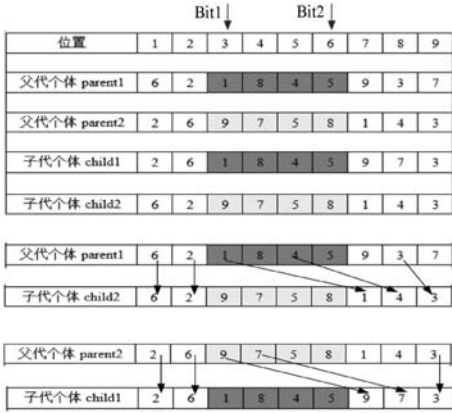


图 3 交叉操作

2.3.3 变异操作

根据二维不规则排样问题的具体情况和特点,我们选择交换变异法进行变异操作。在执行变异操作时,需要通过变异概率 p_m 与在 $[0,1]$ 内生成的随机数 p 的大小进行对比,来确定是否需要进行变异操作。当 $p_m > p$ 时执行变异操作;否则,不执行变异操作。

交换变异需要在 $[1, n]$ 之间随机生成两个不同的正整数作为变异的位置 Bit1 和 Bit2,其中 $0 \leq \text{Bit1} < \text{Bit2} \leq n$ 。通过交换位置 Bit1 和 Bit2 上的基因来产生变异的新个体,变异操作过程如图 4 所示。

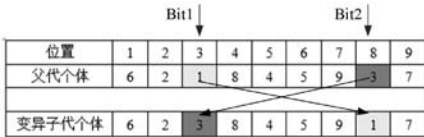


图 4 交换变异

2.4 基于并行交叉遗传算法的排样优化算法

本文基于并行交叉遗传算法求解二维不规则排样优化问题,其主要思想是模拟两个独立岛上的生物杂交进化过程。

首先,建立两个进化过程 A 和 B。主过程 A 的初始种群是随机生成的,从过程 B 的初始种群按照零件面积从大到小排序生成。此外,A 的每次进化都通过与 B 每次进化产生的最优个体进行杂交产生新的子代。在进化过程中,主过程 A 初始种群的随机性保证了种群的多样性,搜索解空间时包含了更多可能性;从过程 B 的初始种群借鉴了人工排样的先验知识,本身就是局部较优解,通过杂交可以为主过程的进化指导方向。这种模拟两个独立岛屿进化杂交的并行交叉遗传算法加快了全局收敛速度,在短时间内就可以搜索到更优解。

结合基于临界多边形的 BL 定位策略和并行交叉遗传算法的分析,本文提出的基于并行交叉遗传算法的二维不规则排样优化算法,步骤如下:

Step1 随机生成主过程 A 的初始排样种群,按面积降序生成从过程 B 的初始种群(种群大小均为 N),

分别产生 N 个个体。

Step2 分别对种群 A、B 中的个体采用基于临界多边形的 BL 定位策略排放零件,计算所有个体的适应度函数,并按照适应度函数值的大小降序排列,保存种群 B 中的最优个体。

Step3 对两个种群中的个体执行选择、交叉、变异操作后,分别产生 N 个新的个体。其中,将 Step2 中保存下来的种群 B 中的最优个体作为种群 A 执行交叉操作时的一个父代。

Step4 对 Step3 中产生的新个体继续执行 Step 2。同时,种群 A 和种群 B 分别保存最好的 N 个个体。

Step5 判断算法是否满足终止条件。若不满足,两种群分别将 Step4 中各自保存的个体作为新种群,继续执行 Step3;否则,输出当前种群 A 的最好个体,算法结束。

并行交叉遗传算法的流程图如图 5 所示。

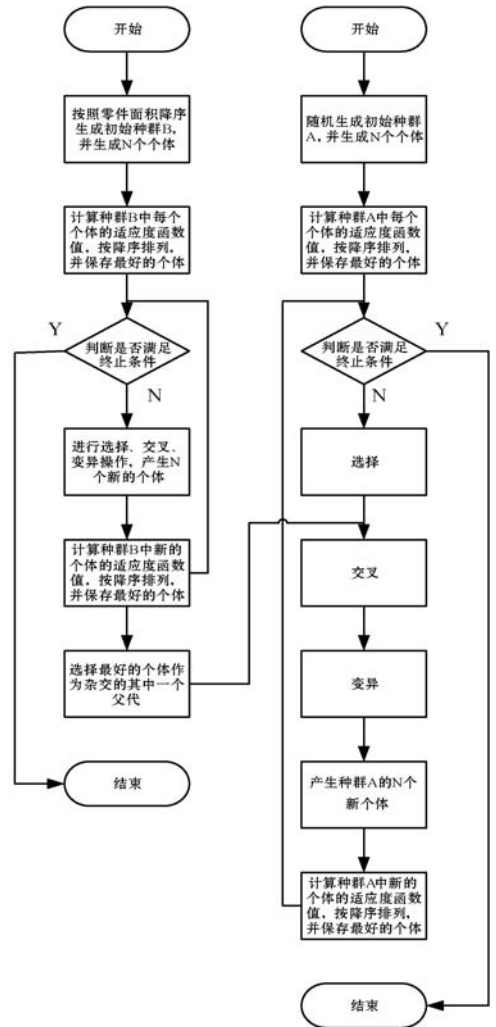


图 5 并行交叉遗传算法

3 实验

为了验证算法的可行性和有效性,采用 Java 语言

实现了本文的排样优化算法,并基于 ESICUP 提供的几个基准用例测试了算法性能。

实验统一采用原材料板材的利用率 ρ 作为主要比较参数,其计算公式如下:

$$\rho = \frac{\sum_{i=1}^n s_i}{W \times L} \quad (7)$$

表 1 为并行交叉遗传算法的相关配置参数。实验时对于每个测试用例都进行了 10 次实验,并从板材的最优利用率和平均利用率两方面将本文算法的实验结果与 TOPOS^[13] 算法和传统遗传算法的结果进行了比较。采用传统遗传算法求解排样问题的实验数据来源于文献[14]。详细的实验结果对比见表 2 和表 3。

表 1 并行交叉遗传算法的相关参数

参数	参数值
种群 A 大小 P	40
种群 B 大小 P	40
交叉概率	0.6
选择概率	0.3
变异概率	0.1
算法终止条件	进化 40 代

表 2 算法实验结果

问题实例	TOPOS 算法	传统遗传算法		并行交叉遗传算法	
	最优利用率/%	最优利用率/%	平均利用率/%	最优利用率/%	平均利用率/%
MARQUES	\	79.66	77.63	83.34	81.85
JAKOBS1	\	69.96	65.35	79.65	76.15
SHAPES0	59.77	53.72	52.80	59.55	57.98
SHAPES1	65.40	59.10	57.82	64.31	62.85
BLAZI	74.74	70.77	68.72	74.94	74.43
TROUSERS	82.76	\	\	85.14	83.67
SHIRTS	81.27	\	\	84.12	82.83

表 3 算法比较

问题实例	最优长度提升比/%		平均长度提升比/%
	并行交叉遗传算法 VS “TOPOS”算法	并行交叉遗传算法 VS 传统遗传算法	并行交叉遗传算法 VS 传统遗传算法
MARQUES	\	3.68	4.22
JAKOBS1	\	9.69	10.80
SHAPES0	-0.22	5.83	5.18
SHAPES1	-1.09	5.21	5.03
BLAZI	0.20	4.17	5.71
TROUSERS	2.38	\	\
SHIRTS	2.85	\	\

观察表 2 和表 3 可以发现,在求解二维不规则排样问题时,本文采用的并行交叉遗传算法结果均优于传统遗传算法。与 TOPOS 算法相比,本文算法的排样效果明显更优,尤其是 SHIRTS 用例,原材料利用率明显提高。

上述测试用例的排样效果图见图 6。由于 SHAPES0、SHAPES1 用例包含较多凹度较大的凹多边形的零件,排放时容易形成空洞和凹槽区域,且基于单一 BL 定位规则排放时,这种区域难以得到很好的利用。因此,本文算法对这两个用例的排样效果变差。对于 MARQUES 和 TROUSERS 这种以凸多边形为主的用例,本文排样策略与遗传算法相结合后,可以获得较高的原材料利用率。

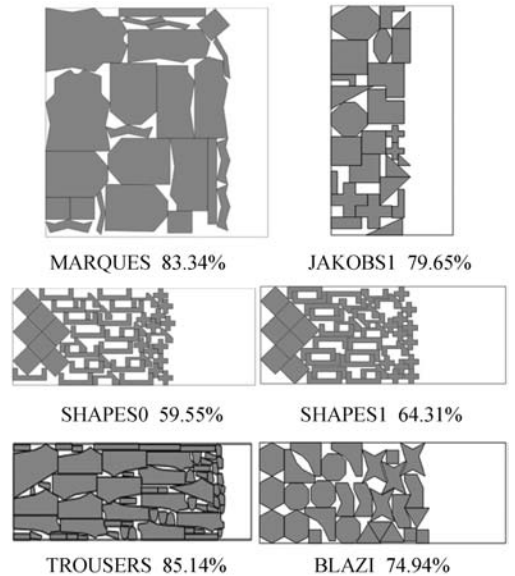


图 6 基于并行交叉遗传算法的排样结果

此外,排样结果中最优利用率和平均利用率的值比较接近,说明并行交叉遗传算法在有限的进化代数下比较稳定。因此,本文提出的排样优化算法具有很强的实用性,可以有效解决实际加工生产中的二维不规则排样问题。

图 7 为 MARQUES 测试用例的最优解进化收敛曲线,可以看出种群经过较少的进化次数就趋于收敛,说明并行交叉遗传算法具有较快的全局收敛速度。

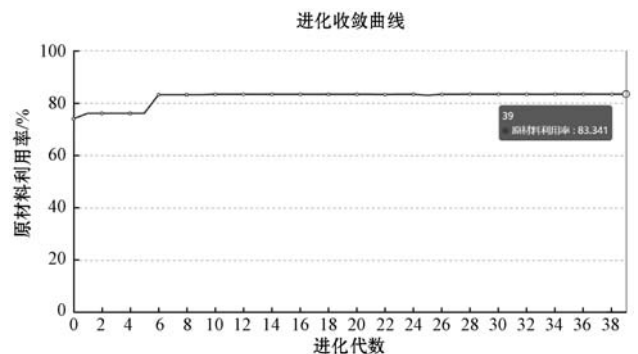


图 7 MARQUES 最优解进化收敛曲线图

另外,随着进化代数的递增,曲线逐渐趋于稳定值,表明本文算法稳定可行。其中,曲线的平稳部分表示算法暂时处于局部最优状态,出现阶梯跳变则表示在解空间内搜索到了更优解。

4 结 语

针对工业生产加工中广泛存在的二维不规则排样问题,本文提出了一种基于并行交叉遗传算法的排样优化算法。根据排样问题的特点,基于零件的排放顺序及排样旋转角度对个体进行了编码,并通过随机和按零件面积降序的方式生成了两个进化过程的初始种群,提高了算法的搜索效率。通过模拟两个独立岛上的生物杂交进化过程,改进了遗传算法中主进化过程的交叉策略,提高了全局寻优能力。对 ESICUP 提供的基准用例测试结果表明,该算法可以有效处理二维不规则排样问题,是一个可行且排样性能较好的排样优化方法。

参 考 文 献

- [1] 徐立楠. 计算机辅助排样在服装设计裁剪中的应用[J]. 无线互联科技, 2017(19): 145-146.
- [2] 姚芳, 罗家祥, 胡跃明. 二维板材组包排样问题的离散差分进化算法求解[J]. 计算机辅助设计与图形学学报, 2012, 24(3): 406-413.
- [3] 王红涛, 廖敏. 基于网络的钣金件展开排样系统设计[J]. 机械设计与制造, 2011(5): 36-38.
- [4] 谢森, 田社平. 一种基于二叉树结构的玻璃切割排样方法[J]. 微型电脑应用, 2009, 25(3): 52-55.
- [5] Dyckhoff H. A typology of cutting and packing problems [J]. European Journal of Operational Research, 1990, 44(2): 145-159.
- [6] 郑明月, 刘林, 阚方, 等. 结合批量问题的多目标矩形件优化排样[J]. 计算机工程与应用, 2014, 50(22): 260-264.
- [7] 汤德佑, 周子琳. 基于临界多边形的不规则件启发式排样算法[J]. 计算机应用, 2016, 36(9): 2540-2544.
- [8] 冯智莉, 易国洪, 李普山, 等. 并行化遗传算法研究综述[J]. 计算机应用与软件, 2018, 35(11): 1-7, 80.
- [9] 罗强, 李世红, 袁跃兰, 等. 基于复合评价因子的改进遗传算法求解矩形件排样问题[J]. 锻压技术, 2018, 43(2): 172-181.
- [10] 刘海明, 周炯, 吴忻生. 应用临界多边形方法与小生境遗传算法求解不规则排样问题[J]. 小型微型计算机系统, 2016, 37(5): 1002-1007.
- [11] Baker B S, Coffman E G, Rivest R L. Orthogonal packings in two dimensions[J]. SIAM Journal on Computing, 1980, 9(4): 846-855.
- [12] 郭瑞峰, 叶艳. 改进的临界多边形生成算法[J]. 电子科技, 2014, 27(10): 107-110.
- [13] José F O, Gomes A M, Ferreira J S. TOPOS—A new constructive algorithm for nesting problems[J]. Operations Research-Spektrum, 2000, 22(2): 263-284.
- [14] 孙佳正. 基于不完整临界多边形的二维排样问题的研究[D]. 上海: 华东师范大学, 2018.
-
- (上接第 187 页)
- [14] Xin L, Yang D L, Chen Y Z, et al. Traffic flow characteristic analysis at intersections from multi-layer spectral clustering of motion patterns using raw vehicle trajectory [C]// 2011 14th International IEEE Conference on Intelligent Transportation Systems (ITSC), Washington, DC, USA. IEEE Press, 2011: 513-519.
- [15] Luxburg U V. A tutorial on spectral clustering[J]. Statistics and computing, 2007, 17(4): 395-416.
- [16] Paparrizos J, Gravano L. Fast and accurate time-series clustering[J]. ACM Transactions on Database Systems (TODS), 2017, 42(2): 1-49.
- [17] Rosenberg A, Hirschberg J. V-measure: A conditional entropy-based external cluster evaluation measure [C]// Proceedings of the 2007 joint conference on empirical methods in natural language processing and computational natural language learning (EMNLP-CoNLL), Prague, Czech Republic, ACM Press, 2007.
- [18] Müller M. Information retrieval for music and motion[M]. Heidelberg: Springer, 2007.
- [19] Huang D, Wang C D, Lai J H. Locally weighted ensemble clustering[J]. IEEE Transactions on Cybernetics, 2018, 48(5): 1460-1473.
- [20] Liu H F, Wu J J, Liu T L, et al. Spectral ensemble clustering via weighted k-means: Theoretical and practical evidence[J]. IEEE Transactions on Knowledge and Data Engineering, 2017, 29(5): 1129-1143.
- [21] Beeferman D, Berger A. Agglomerative clustering of a search engine query log [C]// ACM SIGKDD Conference on Knowledge Discovery and Data Mining, Boston, MA, 2000, ACM Press, 2000: 407-416.
- [22] Marzal A, Vidal E. Computation of normalized edit distance and applications[J]. IEEE Transactions on Pattern Analysis & Machine Intelligence, 1993, 15(9): 926-932.