

## МОДИФІКАЦІЯ ГЕНЕТИЧНОГО АЛГОРИТМУ ДЛЯ ГЕНЕРАЦІЇ СЕКЦІЙ РОЗКРІЙНИХ СХЕМ

О.З. КОЛИСКО

Київський національний університет технологій та дизайну

*У роботі розглядається модифікація генетичного алгоритму, який дає можливість будувати складові розкрійних схем – секції поєднання методик перебору та градієнтного спуску. Всі отримані секції є раціональними, тобто задовольняють нормативні вимоги використання матеріалів*

Сучасний період розвитку виробничих технологічних процесів характеризується оптимізацією етапів життєвого циклу продукції, що обумовлено динамічною зміною асортименту та номенклатури при досить жорстких вимогах до собівартості виробів. В цих умовах актуальним є розв'язання оптимізаційних задач розкрою. Задачу розкрою рулону розбито на дві підзадачі: формування секцій, формування розкрійних схем з отриманих секцій з урахуванням комплектності та виробничого плану. В процесі формування секцій процент використання матеріалу має задовольняти задані вимоги. Модифікований генетичний алгоритм дозволить скоротити час на генерування секцій і, як наслідок, на отримання раціональних розкрійних схем.

### **Об'єкти та методи дослідження**

Розкрійні схеми для рулонних матеріалів складаються з секцій – відрізків рулону різної довжини. Об'єктом дослідження є секція що складається з щільно розміщених деталей з комплекту. Секції відрізняються набором, розміщенням та кількістю деталей. Як окремий випадок розглядається заповнення схеми однаковими деталями. Рішення задачі базується на стандартних схемах метаевристичних методів, методах динамічного програмування, дослідженнях та результатах відомих постановок і методів розв'язання задач розкрою, системного і логічного аналізу.

### **Постановка завдання**

Маємо комплект деталей виробу, що складається з  $p$  різних деталей. Треба створити множину різних секцій з цих деталей, де для кожної окремої секції виконуються такі умови: кількість деталей в ній не перевищує потребу в цьому виді деталей, процент використання матеріалу задовольняє нормативи галузі. В результаті генерування множини допустимих секцій ми отримуємо матрицю  $B(t, p)$ , де  $t$  – кількість згенерованих секцій,  $p$  – кількість деталей у комплекті. Тоді елемент матриці  $B_{ij}, i = 1, 2, \dots, t; j = 1, 2, \dots, p$  – це кількість  $j$ -тих деталей в  $i$ -й секції. Процент використання матеріалу в секції визначаємо як

$$Vids_i = Snet_i / Sbrut_i \cdot 100,$$

де  $Sbrut_i$  – площа бруто секції, а  $Snet_i = \sum_{j=1}^p B_{ij} \cdot |S_{det}^j|$  – корисна площа усіх деталей.

### **Результати та їх обговорення**

Задача оптимізації проектування комбінованих розкрійних схем рулонних матеріалів з урахуванням технологічних аспектів є мультимодальною і багатовимірною, тобто містить багато параметрів і належить до задач пошуку оптимальних або субоптимальних рішень. Для таких задач не

існує жодного універсального методу, який би уможлилював достатньо швидко знайти абсолютно точне рішення. Для розв'язку поставленої задачі запропоновано взяти модифікований щодо конкретних умов генетичний алгоритм. Генетичний алгоритм як комбінація переборного і градієнтного методів дозволяє отримати хоча б наближене рішення, точність якого зростатиме при збільшенні часу розрахунку [1–2].

Структура генетичного алгоритму така:

```

ПОЧАТОК /*генетичний алгоритм*/
1. Створення початкової популяції.
Оцінити цільову функцію для кожної особини.
останов := FALSE
ДОКИ НЕ останов ВІКОНАТИ
ПОЧАТОК /*створення популяції нового покоління*/
ПОВТОРИТИ (розмір_популяції/2) РАЗ
ПОЧАТОК /* цикл розмноження */
2. Обираємо дві особини /* процедура відбору предків SELECT*/
3. Схрещуємо особини і отримуємо нащадків/* процедура схрещення CROSSOVER*/
4. Мутація та оцінка пристосованості /* процедура мутації MUTATION*/
5. Додавання нащадків у популяцію.
КІНЕЦЬ /*циклу розмноження*/
6. Обрати розмірність популяції /* процедура витіснення REDUCTION*/
ЯКЩО виконана умова закінчення обробки популяції ТО останов := TRUE
КІНЕЦЬ /* створення нових популяцій*/
КІНЕЦЬ /* генетичного алгоритму*/.

```

Особливості його реалізації в нашому випадку такі:

1). Пропонується розглядати секцію як особину, що кодується двома хромосомами. Перша хромосома задає набір деталей, з яких складається секція, друга визначає метод укладки (кількість деталей кожного виду) в секцію. Хромосоми являють собою вектори, довжина яких дорівнює кількості деталей, що передбачається розкласти в секції, наприклад числом різновидів деталей в комплекті. Кількість рядів визначаємо залежно від розмірів деталі та матеріалу за формулою  $R_{ji} = SH \div Sh_j$ , де  $SH$  – ширина матеріалу, а  $Sh_j$  – ширина  $j$ -ї деталі. При цьому враховуємо лінійні ефекти від щільного суміщення деталей в ряду за алгоритмом, наведеним в табл.1.

Таблиця 1. Кодування особин

Номер секції ( $i$ )	1-а хромосома (визначає кількість рядів $j$ -тої деталі в $i$ -тій секції) $R_{ji}$	2-а хромосома (визначає кількість $j$ -тої деталі в ряду $i$ -тої секції) $D_{ji}$
1	{5,0,0,0,0}	{1,0,0,0,0}
2	{5,0,0,0,0}	{3,0,0,0,0}
3	{0,0,17,0,0}	{0,0,1,0,0}
4	{2,0,8,0,0}	{3,0,4,0,0}

У табл. 1 наведено приклади кодування особин популяції. Перша особина являє собою секцію що складається з одної першої в комплекті деталі, укладеної в 5 рядів. Друга – теж з першої деталі, але

укладеної по 3 в ряду. Третя – з 17-ти рядів 3-ї деталі. В четвертій особині маємо 2 ряди першої деталі, укладені по 3 в ряд, та 8 рядів третьої деталі, укладених по 4 в ряд. Таким чином кодуємо всю популяцію і визначаємо відсоток використання площі для кожної особини. Відсортуємо отримані особини за спаданням проценту використання.

2). Створюємо початкову популяцію секцій, утворених з однакових деталей. Обраховуємо відсоток використання площі. Розмір вихідної популяції визначаємо залежно від конкретних умов – кількості різних деталей в комплекті. Генерація нових популяцій забезпечує переборну частину пошуку.

3). Процедура відбору предків для розмноження *SELECT* може відбуватися за різними принципами: випадковим чином, *inbreeding* – коли схрещують найбільш близькі особини, *outbreeding* – коли предки максимально віддалені, селективним – вибирання особин, у яких процент використання площі (критерій якості) є не меншим за середнє значення в популяції.

4). Процедура *CROSSOVER*. Обрані при селекції пари підлягають операції схрещення. У нашому випадку кожна хромосома  $R_i$ , що визначає кількість рядів, підлягає діленню навпіл (кожен елемент вектора ділиться на 2). Можемо отримати різні генетичні набори для розмноження: в разі непарності чисел-генів розглядатимемо не тільки цілочислову частку від ділення на 2 -  $(r_{ij} \text{ div } 2)$ , а ще й варіант, коли  $(r_{ij} \text{ div } 2)+1$ . Отримуємо комбінації для нащадків (від одного до 4-х для кожної пари батьків). В цій процедурі змінюється хромосома  $R_i$ .

5). Процедура *MUTATION* – частина алгоритму, що імітує градієнтний спуск, тому що мутація іде в напрямку поліпшення особини. Мутація отриманих нащадків полягає в такому: спочатку обраховуємо кількість деталей меншої ширини, які можна розташувати в рядах над рядами більших за шириною деталей; враховуємо лінійні ефекти від щільного суміщення деталей в ряду, тобто відбуваються зміни в хромосомі  $D_i$ ; враховуємо лінійний ефект від суміщення новоутворених рядів; обчислюємо процент використання площі для отриманих особин.

6). Розширення популяції відбувається додаванням нових особин в попередню популяцію, тобто нове покоління створюється з сукупності нащадків та предків.

7). Процедура *REDUCTION* – створення нової популяції. Тут бажано застосувати принцип елітизму, коли в наступне покоління включають кращі особини з попереднього покоління. Використання такої стратегії розширення популяції не дає можливості загубити кращі рішення. Сортуємо отриману популяцію за спаданням коефіцієнта використання і з відсортованої популяції відкидаємо особини за такими критеріями: збереження початкового розміру популяції (в разі пошуку оптимального рішення), за значенням коефіцієнта використання площі (генеруємо раціональні секції). Також необхідно провести перевірку на нетотожність особин щоб уникнути клонування.

Умовою закінчення процесу і виходу з програми можуть бути як процент використання площі, що не повинен бути меншим за нормативний для усіх особин популяції (у випадку незмінного розміру популяції), так і розмір згенерованої популяції, що залежить від вихідних даних кожної конкретної задачі і попередньо задається користувачем. Розглянемо приклад генерації раціональних секцій комплексу з п'яти різних деталей, що розкладається на матеріали шириною 1500 мм. У табл. 2 показано початкову популяцію, що складається з 12 секцій.

Таблиця 2. Вихідна популяція

Номер секції	Хромосома 1	Хромосома 2	Процент використання	Ширина, мм
1	9 0 0 0 0	1 0 0 0 0	91,6667	1440
2	9 0 0 0 0	2 0 0 0 0	91,6667	1440
3	9 0 0 0 0	3 0 0 0 0	91,667	1440
4	0 4 0 0 0	0 1 0 0 0	74,667	1280
5	0 4 0 0 0	0 2 0 0 0	74,667	1280
6	0 4 0 0 0	0 3 0 0 0	74,667	1280
7	0 0 6 0 0	0 0 1 0 0	87,500	1380
8	0 0 6 0 0	0 0 2 0 0	87,500	1380
9	0 0 0 12 0	0 0 0 1 0	90,000	1440
10	0 0 0 12 0	0 0 0 2 0	90,000	1440
11	0 0 0 0 21	0 0 0 0 1	87,500	1470
12	0 0 0 0 21	0 0 0 0 2	87,500	1470

Після першого циклу розмноження отримаємо популяцію з 19 особин з процентом використання площі, не меншим ніж 75%, решта особин виключена з подальшого розгляду. Після другого циклу популяція становитиме вже 36 варіантів секцій з процентом використання 75% і більше. Приклади окремих особин популяції після другого циклу наведені в табл. 3.

Таблиця 3. Популяція після першого циклу генерації

Номер секції	Хромосома 1	Хромосома 2	Процент використання	Ширина, мм
1	5 0 5 0 0	1 0 2 0 0	89,8148	1490
2	5 1 0 3 0	2 3 0 9 0	89,1556	1480
3	4 0 0 3 6	3 0 0 13 18	87,4047	1420
4	2 0 2 3 5	1 0 2 4 6	87,1296	1490
5	3 3 0 0 0	3 4 0 0 0	82,4074	1440
6	0 2 0 6 0	0 3 0 9 0	80,5533	1360

### **Висновки**

Запропоновано використовувати модифікацію генетичного алгоритму для генерації секцій розкрійних схем рулонних матеріалів в умовах багатомономенклатурного швидко переналаджуваного виробництва. Представлена розробка після незначних змін може з успіхом використовуватися для розв'язання подібних задач для інших типів деталей.

### **ЛІТЕРАТУРА**

1. Редько В.Г. Эволюционная кибернетика. – М.: Наука, 2001.
2. Мухачева Э.А., Мухачева А.С., Чиглинцев А.В. Генетический алгоритм блочной структуры в задачах двумерной упаковки // Информационные технологии. Машиностроение. 1999, № 11, с. 13–18.

Надійшла 19.12.2008