

ПОСТРОЕНИЕ И ИССЛЕДОВАНИЕ ПАРАЛЛЕЛЬНОГО ГЕНЕТИЧЕСКОГО АЛГОРИТМА ГИЛЬОТИННОГО РАСКРОЯ НА ОСНОВЕ МОДЕЛИ ОСТРОВОВ

Фонотов А.М.

Кафедра АСУ, ДонНТУ.

E-mail: fonotov@mail8.dgtu.donetsk.ua

Abstract

Fonotov A.M. Realization and research of parallel genetic algorithm of guillotine cutting on the basis of model of islands. Article is devoted to a problem of search of optimum maps guillotine cutting wood particle plates in conditions of small-scale furniture manufacture. The parallel genetic algorithm opening is offered in which basis the model of islands is incorporated. On test tasks rational parameters of the suggested method are revealed. Time characteristics of work of algorithm are investigated.

Введение

В сложных оптимизационных задачах, для которых разработаны модели и методы, основанные на теории эволюции, обычно справедливы следующие утверждения:

- особь представляется не двоичной хромосомой, как в классическом ГА, а некоторой сложной структурой (мультихромосомой, массивом, деревом, графом).

- основные временные затраты приходятся на расчет фитнес-функции, формирование или «коррекцию» хромосомы с заданными ограничениями;

- как правило, для таких задач существует некоторое множество локальных экстремумов (ЛЭ).

Задача поиска оптимальных карт раскроя относится к классу NP-трудных задач. В последнее 10 лет для решения задач такого класса все чаще применяют методы, основанные на теории эволюции, к которым относятся и генетические алгоритмы.

1. Постановка проблемы и ее актуальность

Применение параллельного генетического алгоритма (ГА) чаще всего обусловлено следующими факторами: предотвращение преждевременной сходимости ГА, попадания решения в локальный

оптимум, сокращение временных затрат на поиск решения генетическим алгоритмом.

В работах [1, 2, 3, 4] автор исследует последовательный генетический алгоритм гильотинного раскроя (ГАГР). Примерно в 10% тестовых задач в [4] качество найденного решения было значительно хуже, чем в остальных случаях. Проведенные дополнительные исследования и анализ худших случаев показали, что ГАГР попадал в локальный оптимум, что и повлияло на результат. Время поиска решения ГАГР является вторым критерием в работе [4], который подлежит обсуждению.

Избежать преждевременной сходимости ГА можно с помощью:

- внесения разнообразия в генетический материал популяций за счет частоты использования оператора мутации;
- изменение стратегии отбора особей в новую популяцию;
- разделения популяции на подпопуляции, которые будут развиваться параллельно и независимо друг от друга.

Анализ работ по разработке генетических алгоритмов для задач комбинаторной оптимизации показал, что наиболее ресурсоемким является этап оценки значений целевой функции. Данное утверждение подтверждено в работах [4, 5].

Разработка и исследование параллельного генетического алгоритма для решения задачи поиска оптимальных карт раскроя является актуальной задачей. Параллелизация генетического алгоритма позволит сократить время поиска решения и позволит избежать попадания решения в локальный оптимум за счет параллельного развития нескольких популяций.

Целью исследования является минимизация времени поиска и повышение качества решения путем подбора оптимальных параметров параллельного генетического алгоритма гильотинного раскроя.

2. Анализ моделей параллельных генетических алгоритмов

Различают несколько основных моделей параллельных ГА:

- глобальная модель рабочий – хозяин;
- миграционная модель;
- диффузионная модель.

Миграционная модель (модель островов)

Эта наиболее популярная модель, на основе которой разработано множество параллельных генетических алгоритмов для решения задач оптимизации в различных технических областях: проектирование микросхем [7], раскрой стекла [8], тестирование цифровых схем [6], задача коммивояжера [7]. Сущность модели островов состоит в разделении

популяции решений на множество подпопуляций (одна большая разбивается на множество мелких). Эти подпопуляции развиваются независимо друг от друга некоторое число поколений. По достижению заданного времени производится обмен между подпопуляциями.

При этом задается:

- 1) число обмениваемых особей – степень миграции;
- 2) метод отбора особей для миграции;
- 3) схема миграции, которая определяет способ обмена между подпопуляциями.

Выбор особей для миграции может осуществляться несколькими методами, как и подбор родителей:

- a) однородный отбор – случайный выбор особей;
- b) пропорциональный значению ЦФ;
- c) линейное ранжирование.

Различают следующие методы обмена:

- a) обмен по кольцу;
- b) двунаправленный обмен по кольцу;
- c) каждая подпопуляция обменивается с каждой из остальных подпопуляций;
- d) обмен по дереву;
- e) обмен на гиперкубе.

Глобальная модель Рабочий-Хозяин

Наиболее простая, но эффективная для некоторых задач модель параллельного генетического алгоритма. На каждой итерации обмена происходит передача лучших особей из подпопуляций *Рабочий1*, *Рабочий2* и т.д. в подпопуляцию *Хозяин*. Таким образом, в подпопуляции *Хозяин* собираются лучшие решения. Подпопуляция *Хозяин* может быть двух типов:

1. Накапливающая – производит лишь сбор и накопление лучших вариантов решения, которые найдены с помощью подпопуляций *Рабочий*.
2. Прогрессирующая – кроме сбора лучших решений производит поиск и эволюционирует сама.

Диффузионная модель

Основой модели является некоторая регулярная сеточная, реже многомерная структура, в узлах которой расположены особи популяции. Взаимодействие особей возможно только с ближайшими соседями по структуре. Модель такого типа часто называют клеточной. Основными параметрами этой модели являются: размерность структуры $d = 1, 2, 3$, ее топология, порядок отбора особей для скрещивания.

3. Структура параллельного генетического алгоритма гильотинного раскроя

Для реализации параллельного генетического алгоритма гильотинного раскроя (ПГАГР) используется модель островов. Для этого в алгоритм ГАГР [2] были внесены следующие изменения:

- Изменена процедура формирования новой популяции. В нее внесен набор команд, которые позволяют сформировать набор особей, предназначенный для обмена с другими подпопуляциями, принять и внести в новое поколение особей другой подпопуляции.

- Добавлена процедура синхронизации обмена особями между подпопуляциями.

- Внесены изменения в оператор репродукции (отбора особей для кроссинговера). Особи «пришедшие» в подпопуляцию получили возможность принимать участие в операторе кроссинговера.

Блок схема алгоритма работы ПГАГР представлена на рис. 1.

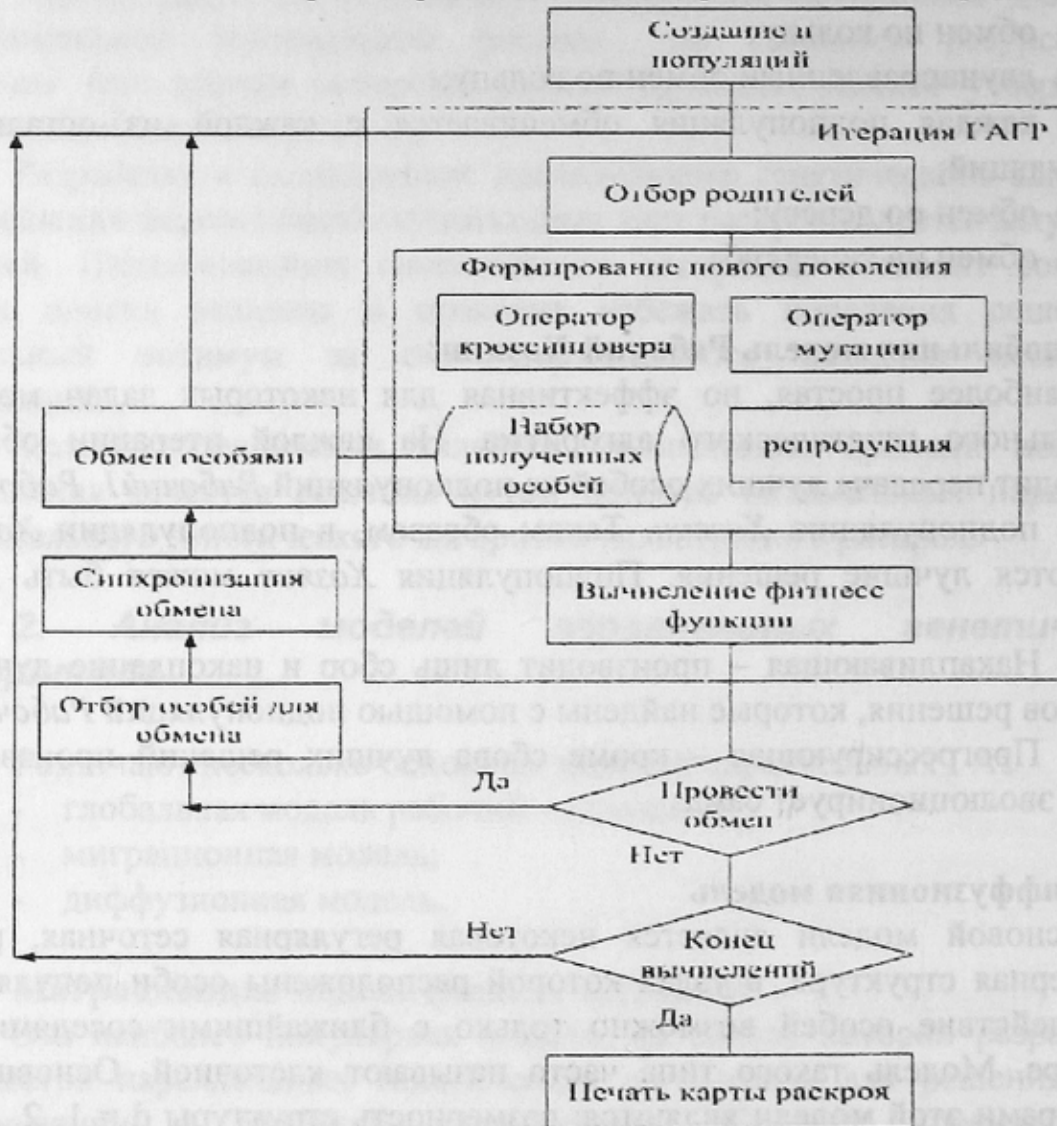


Рисунок 1 - Блок схема алгоритма работы ПГАГР

Количество передаваемых между подпопуляциями особей зависит в первую очередь от выбранной схемы обмена и числа параллельно развивающихся подпопуляций. Это объясняется тем, что от типа схемы обмена зависит число m подпопуляций-соседей, с которыми производится обмен генетическим материалом.

В качестве метода обмена выбран обмен на гиперкубе для модели островов. Исследования этого метода показали, что изменяя выбор вершин гиперкуба можно достичь стабильности получаемых результатов, если перед очередной операцией обмена для каждой подпопуляции производить выбор четырех вершин гиперкуба.

Предложенный алгоритм отбора вершин для каждой подпопуляции приведен на рис. 2.

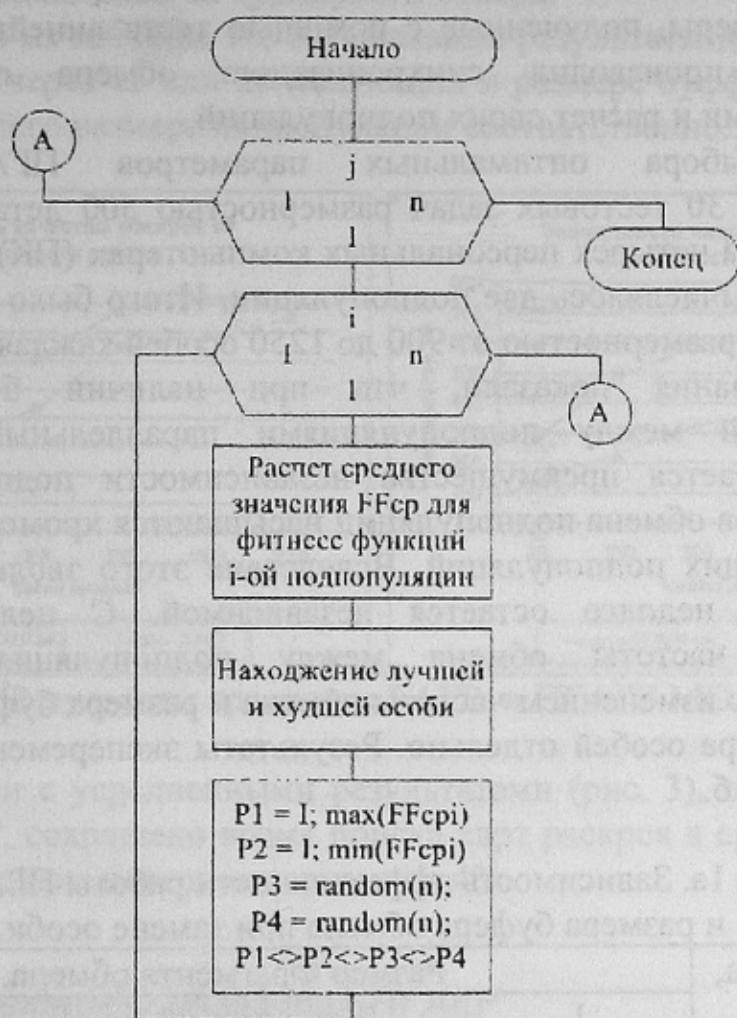


Рисунок 2 - Блок-схема алгоритма отбора вершин.

Для миграции отбиралось n самых пригодных особей. Отобранные особи предназначены для обмена с четырьмя подпопуляциями – соседними вершинами гиперкуба. Исследовано два варианта взаимодействия подпопуляций. В первом варианте мигрирующие особи заменяли особей в подпопуляции соседа. Заменяемая особь выбиралась

одним из равновероятных методов: случайно или заменялась худшая особь в популяции. Таким образом, осуществлялось давление отбора. Во втором, особь для миграции должна была пройти турнирный отбор с понижающим коэффициентом 0.7 для мигрирующей особи.

Для оценки эффективности работы и подбора оптимальных параметров параллельного генетического алгоритма гильотинного раскроя на основе модели островов (ПГАГР-МО), написана программа в среде Delphi 5.0. В качестве главного компьютера для расчетов использовался компьютер со следующей конфигурацией: Intel Pentium 4 1700 МГц, объем ОЗУ - 512 Мбайт DDR-2700. Вычисления производились в операционной системе Windows XP Professional, Service Pack 2. Конфигурация остальных компьютеров чуть слабее: Intel Celeron 2000 МГц, объем ОЗУ - 256 Мбайт DDR-2700. При расчетах использовались тестовые примеры, полученные с помощью теста линейной размерности [1]. Сервер производил синхронизацию обмена особями между подпопуляциями и расчет своих подпопуляций.

Для выбора оптимальных параметров ПГАГР-МО было сгенерировано 30 тестовых задач размерностью 500 деталей. Испытания проводились на четырех персональных компьютерах (ПК). На каждом ПК параллельно вычислялось две подпопуляции. Итого было сформировано 8 подпопуляций размерностью от 900 до 1250 особей каждая.

Исследования показали, что при наличии большого числа взаимодействий между подпопуляциями параллельный генетический алгоритм лишается преимущества независимости подпопуляций. Уже после 10 циклов обмена подпопуляции насыщаются хромосомами из более прогрессирующих подпопуляций. Вследствие этого эволюция отдельных подпопуляций недолго остается независимой. С целью определения эффективной частоты обмена между подпопуляциями проведены эксперименты с изменением частоты обмена и размера буфера, для каждой стратегии отбора особей отдельно. Результаты эксперимента приведены в таблицах 1а и 1б.

Таблица 1а. Зависимость эффективности работы ПГАГР от частоты и размера буфера обмена при замене особи.

Частота обмена, популяций	Размер Фрагмента обмена, %				
	1	2	3	5	10
2	86,00	85,08	86,25	86,19	84,33
3	88,48	83,73	87,40	84,30	84,59
4	88,05	87,09	88,78	88,01	83,34
5	88,51	89,01	88,97	89,81	88,08
10	88,36	89,15	90,79	90,32	87,82
15	90,48	89,30	91,13	90,42	89,44
20	91,13	88,66	89,62	89,99	90,86

Таблица 1б. Зависимость эффективности работы ПГАГР от частоты и размера буфера обмена при турнирном отборе.

Частота обмена, популяций	Размер Фрагмента обмена, %				
	1	2	3	5	10
2	86,7	85,78	88,7	85,7	84,5
3	88,7	85,45	88,9	84,3	85,7
4	87,48	88,47	89,5	87,8	85,4
5	89,2	89,21	90,1	89,7	90
10	89,42	90,1	90,58	90,46	90,1
15	91,7	90,7	91,4	91,1	89,8
20	91,2	90,4	91,65	90,36	90,5

При сравнении данных таблиц 1а и 1б видно, что лучшие результаты показаны при использовании турнирного отбора.

Как видно из таблицы 1б, оптимальные результаты достигаются при частоте обмена через 15 или 20 популяций и размере буфера обмена 1% или 3% от среднего размера подпопуляции соответственно.

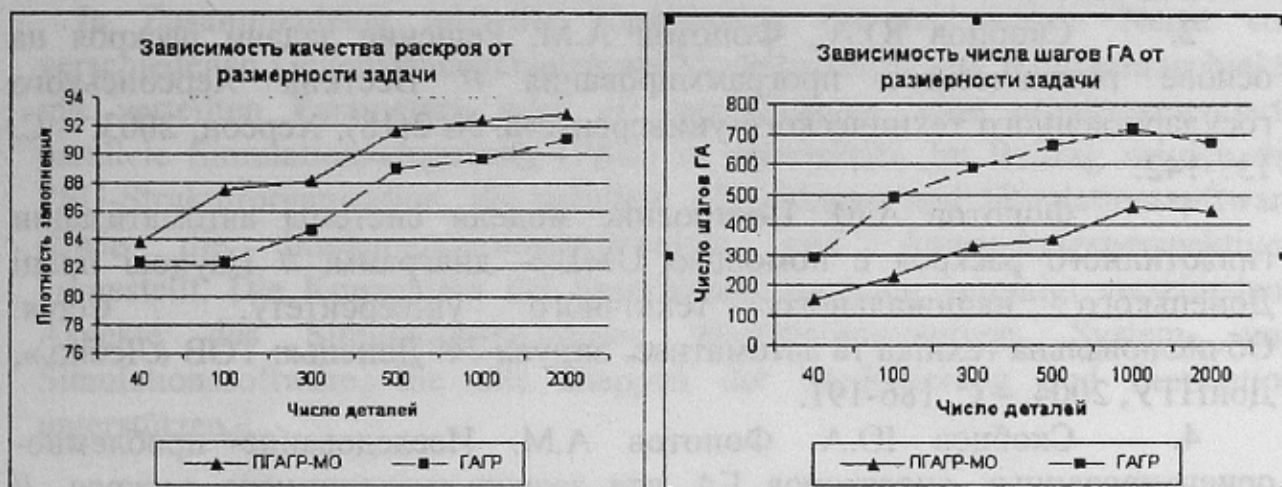


Рисунок 3 - Результаты сравнения ГАГР и ПГАГР-МО.

В сравнении с усредненными результатами (рис. 3), полученными с помощью ГАГР, сокращено время поиска карт раскроя в среднем на 80%, снижен коэффициент потерь материала на 4%.

4. Перспективы развития ПГАГР

В условиях непрерывного производства возникает задача оптимизации карт раскроя в режиме реального времени. Перспективой развития параллельного генетического алгоритма гильотинного раскроя является адаптация его к условиям работы в режиме реального времени. Для решения этой задачи предполагается создание двухуровневого генетического алгоритма на основе модели рабочий хозяйин.

Выводы

1. Проведены обоснование и выбор модели параллельного генетического алгоритма. Выбрана структура параллельного генетического алгоритма гильотинного раскроя. На тестовых задачах выявлены рациональные параметры предложенного метода.

2. Предложен и исследован параллельный генетический алгоритм, позволяющий производить построение карт раскроя в реальном времени работы цеха мебельного производства. Исследованы временные характеристики работы алгоритма. Показано, что предложенный алгоритм построения карт раскроя существенно улучшает характеристики системы автоматизации процесса гильотинного раскроя.

Литература

1. Скобцов Ю.А., Фонотов А.М. Эволюционный подход к решению задачи раскроя листа гильотинным резом. // Наукові праці Донецького національного технічного університету. Серія: Обчислювальна техніка та автоматика, випуск 64: Донецьк: ДонНТУ, 2003. – С. 248-259.
2. Скобцов Ю.А., Фонотов А.М. Решение задачи раскроя на основе генетического программирования // Вестник Херсонського державного технічного університету. № 2(18), Херсон, 2003. – С. 137-142.
3. Фонотов А.М. Построение модели системы автоматизации гильотинного раскроя с помощью UML – диаграмм. // Наукові праці Донецького національного технічного університету. Серія: Обчислювальна техніка та автоматика, випуск 74: Донецьк: ТОВ «Лебідь», ДонНТУ, 2004. – С. 186-191.
4. Скобцов Ю.А. Фонотов А.М. Исследование проблемно-ориентированных операторов ГА для задачи гильотинного раскроя. // Труды конференции Донбасс 2020.
5. А.С. Мухачева, А.В. Чиглинец. // Генетический алгоритм поиска минимума в задачах двумерного гильотинного раскроя, Информационные технологии, №3, 2001, – С. 27-31.
6. Скобцов Ю.А., Иванов Д.Е. Эволюционный подход к функциональному тестированию цифровых схем. // Наукові праці Донецького національного технічного університету. Серія: Обчислювальна техніка та автоматика, випуск 74: Донецьк: ТОВ «Лебідь», ДонНТУ, 2004. – С. 134-139.
7. Курейчик В.М. Генетические алгоритмы. – Таганрог: ТРТУ, 1998, – с. 239.
8. F. Corno, P. Prinetto, M. Rebaudengo, M. Sonza Reorda, Optimizing Area Loss in Flat Glass Cutting, Bottero SpA, Automazione Vetro Piano, Cuneo, Italy.