

بهینه‌سازی روش جایگذاری الگوها با در نظر گرفتن چندین دسته الگو و چرخش قطعات

پدرام پیوندی^۱، محمد امانی تهران^۲ و مسعود لطیفی^۳
^۱ دانشجوی دکترا، ^۲ استادیار و ^۳ دانشیار، دانشکده مهندسی نساجی، دانشگاه صنعتی امیرکبیر

چکیده

بهینه‌سازی چیدمان قطعات بریده شده دارای کاربردهای زیادی در صنایع برش ورق فلزی، چوب‌بری، شیشه، چرم، کاغذ، کشتی‌سازی، صنایع فضایی و پوشاک می‌باشد و به دلیل اهمیت کاهش ضایعات، روشهای زیادی برای حل این مشکل ارائه شده است. یکی از بهترین روشها استفاده از الگوریتم ژنتیک می‌باشد. هدف اصلی در این گونه مسائل قرارگیری قطعات با دورریز کمینه و بدون داشتن تداخل بروی سطح می‌باشد.

عوامل زیادی در دستیابی به بهینه‌سازی چیدمان قطعات بریده شده با راندمان بالا مؤثرند که از آن جمله می‌توان به دو عامل مهم تعداد مجموعه قطعات انتخابی و در نظر گرفتن امکان چرخش برای قطعات اشاره کرد.

در این پژوهش به این دو عامل توجه شده است. نتایج نشانگر این است که استفاده از تابع جریمه در تعیین برازندگی کروموزمها و همچنین وجود یک تابع برازندگی متغیر با تعداد تولید نسله‌ها، در دستیابی به بهینه‌سازی با راندمان بالا دارای نقش کلیدی می‌باشد.

در این پژوهش نتیجه حاصل برای بهینه‌سازی یک دسته الگوهای غیر منظم با جمعیت اولیه ۵۰۰ و تعداد تولید نسل ۳۵۰ دارای راندمانی برابر با ۷۳/۹٪ شد و همچنین نتیجه حاصل برای بهینه‌سازی دو دسته الگوهای غیر منظم با جمعیت اولیه ۱۰۰۰ و تعداد تولید نسل ۳۵۰ دارای راندمانی برابر با ۷۱/۶٪ شد.

واژگان کلیدی: برش قطعات، الگو، بهینه‌سازی، الگوریتم ژنتیک، چرخش.

۱ - مقدمه

جایگذاری الگوهای لباس بر روی پارچه به صورتی که باعث کمترین دور ریز در پارچه شود بسیار مورد توجه صنعت پوشاک می‌باشد. در طی بیست سال گذشته شماری از مدل‌های جایگذاری، از مدل‌های نیمه خودکار گرفته تا مدل‌های جایگذاری خودکار رایانه‌ای، ارائه شده‌اند. در روش‌های نیمه خودکار، جایگذاری با بهره از یک ابزار گرافیکی محاوره‌ای انجام می‌گیرد. کاربر می‌تواند با بهره از یک ابزار مناسب ورودی، الگوها را بر روی نمایش‌گر جابجا کرده و یا بچرخاند. در طول روند جایگذاری، نرم‌افزار به گونه‌ی پیوسته خطاهای پدیدآمده مانند روی هم افتادگی را آزمایش کرده و اندازه‌ی دورریز را محاسبه می‌نماید. در بیشتر روش‌های ارائه شده برای جایگذاری، زمان محاسبه بسیار بالا است. در چند سال گذشته شماری از تقریب‌های موفق جایگذاری، با بهره‌گیری از الگوریتم‌های اکتشافی و به سبب توانایی کاربردی آن‌ها در طراحی و تولید رایانه‌ای توسعه داده شده‌اند.

به گونه‌ی کلی، جایگذاری الگوهای دوبعدی به دو دسته جایگذاری الگوهای چهارگوش و نامنظم تقسیم می‌گردد. بیشتر روش‌های جایگذاری گزارش شده در مقاله‌های چند سال گذشته، بر جایگذاری الگوهای چهارگوش تمرکز دارند.

مسئله‌ی مهمی که کنترل جایگذاری را دشوار می‌کند، زمان محاسباتی مورد نیاز برای بدست آوردن پاسخ بهینه است که به گونه‌ی توانی با افزایش شمار الگوها افزایش می‌یابد. مسایل جایگذاری به عنوان مسایل دشوار شناخته شده‌اند و در نتیجه به گونه‌ی دقیق نمی‌توانند در زمان کوتاه پاسخ داده شوند. افزون بر این، محدودیت‌های بسیاری در مسایل واقعی وجود دارد که به طور معمول دشوارند و به سادگی نمی‌توان آن‌ها را به گونه‌ی ریاضی در آورد. به این دلایل، برخی از پژوهشگران تاکنون روش‌های جستجوی اکتشافی گوناگونی را بررسی نموده‌اند که از روش بهینه‌سازی بهره نمی‌گیرد ولی داده‌های اکتشافی بدست آمده از آزمایش‌ها و روش‌های نزدیک بهینه را به کار می‌گیرد. یکی از کاربردی‌ترین روشهای جستجوی اکتشافی که در این تحقیق نیز از آن استفاده شد، الگوریتم ژنتیک می‌باشد.

الگوریتم ژنتیک [۱] متعلق به دسته‌ای از روشهای جستجوی احتمالی می‌باشد که از روی پدیده تکامل در طبیعت الگو برداری شده‌اند. در قدم اول از این روش برای بهینه‌سازی شکل‌ها ساده هندسی استفاده شد [۲، ۳]. در مرحله بعدی سعی در بهینه‌سازی الگوهای غیر منظم

شد [۴]. در کلیه کارهای قبلی شکل ها فقط امکان جابجایی در راستای محور های مختصات را برای دستیابی به چیدمان بهینه داشتند. در این تحقیق سعی در تکمیل کارهای قبلی و همچنین در نظر گرفتن امکان چرخش برای الگوها با هدف دستیابی به چیدمان بهینه، شده است.

۲- طرح مسئله

در شکل (۱) نمونه ای از الگوهای سفارش داده شده، که می تواند یک پیراهن باشد. نشان داده شده است. اگر دو پیراهن مدنظر باشد چیدمان آن در طول پارچه های با عرض ثابت مانند شکل (۲) خواهد بود. که در آن الگوها می توانند بین ۰ تا ۳۶۰ درجه چرخش داشته باشند. در این تحقیق هر الگو به صورت یک شکل چند ضلعی مدل شد و الگوهایی که دارای محیطی منحنی شکل بودند به چند ضلعی تقریب زده شدند.

برای n الگوی داده شده در شکل (۲) هر شکل در حالت اولیه دارای زاویه می باشد اما ممکن است این زاویه در جواب نهایی تا ۳۶۰ درجه تغییر کرده باشد. ساختار جواب نهایی به صورت زیر است:

$$S = [(f_1, x_1, y_1, o_1), (f_2, x_2, y_2, o_2), \dots, (f_n, x_n, y_n, o_n)]$$

که در آن S جواب نهایی و f الگو و X طول و Y عرض از مبدا هر الگو و O میزان چرخش هر الگو می باشد.

۳- روش کار

۱-۳- چندگوش سازی

مرحله مقدماتی دربرگرفته از جایگزینی الگوریتم جایگذاری، تبدیل الگوها و در صورت لزوم صفحه به صورت چندگوش می باشد. چندگوش سازی عبارت از تقریب زدن لبه های خمیده اشکال با خط راست می باشد. به این ترتیب ضمن تبدیل شکل به مجموعه ای از بردار ها، تعداد بردارهای لازم برای مشخص کردن شکل نیز کاهش می یابد.

روش مورد استفاده، روش خطی سازی ناحیه ای (**Piecewise Linear**) می باشد. در این روش فاصله نقاط پشت سر هم محاسبه شده و به جای آن خطی که اولین نقطه را به آخرین نقطه متصل می کند جایگزین می شود به طوری که اختلاف طولی خط جدید و مجموع طول نقاط پیوسته از حد معینی (خطا) بیشتر نشود (شکل ۳). در شکل (۴) نمونه های از چندگوش سازی با روش خطی سازی ناحیه ای با خطاهای مختلف نشان داده شده است.

۲-۳- الگوریتم ژنتیک

الگوریتم ژنتیک یک روش الهام گرفته از طبیعت است که برای بهینه سازی می تواند به کار برده شود. این الگوریتم بر پایه فرآیندهای ژنتیکی ارگانیسم های بیولوژیک عمل می کند که در چندین نسل، جمعیت بر اساس اصول گزینش و زنده ماندن برانده ترین که نخستین بار چارلز داروین آن را مطرح نمود، رشد می کند. با پیروی از این فرآیند، الگوریتم ژنتیک می تواند پاسخی پدید آورده و آن ها را بهبود بخشد. در طبیعت، جانداران برای زنده ماندن با هم رقابت می کنند و آن هایی که از توانایی بالاتری برخوردارند امکان تولیدمثل بیشتری خواهند داشت. به گفته ی دیگر، ژنهایی که دارای توانایی سازگاری و بهینه شدن بالایی هستند، در هر نسل گسترش یافته و گونه ی خود را افزایش می دهند. ترکیب ویژگی های خوب از پدر و مادرهای گوناگون، گاهی می تواند فرزندان با برانده ای بالا پدید آورد که این برانده ای، بسیار بیشتر از برانده ای تک تک پدر و مادرها است.

الگوریتم ژنتیک با جمعیتی از افراد که هر کدام از آن ها بیان گر مناسب بودن پاسخ مسئله است، نمایش داده می شود. افراد دارای برانده ای بالا و در فرآیند تولید مثل با دیگر افراد جمعیت، شانس بیشتری برای تولید دوباره دارند و افراد دارای برانده ای پایین، شانس کمتری برای گزینش در این عمل پیدا می کنند و از این رو از میان می روند. جمعیت تازه، از گزینش بهترین افراد نسل کنونی و جفت گیری آن ها با هم پدید می آید. این نسل تازه، دارای سهم بیشتری از ویژگی های افراد مناسب نسل گذشته است، با این روش، در چندین نسل ویژگی های خوب توسط جمعیت گسترش یافته و با ویژگی های خوب دیگر آمیخته می شود. با این کار بیشترین فضای خوش آتیه از فضای جستجو بررسی می گردد. اگر الگوریتم ژنتیک به خوبی پایه ریزی شده باشد، جمعیت به پاسخ بهینه رسیده و در آن همگرا می شود.

۳-۳- کدگذاری و جمعیت اولیه

ابتدا فاصله نقاط روی محیط هر یک از اشکال نسبت به مرکز شکل محاسبه می‌شود و در نهایت مختصات مرکز شکل نسبت به مختصات اصلی (گوشه چپ بالا) محاسبه می‌شود. اینکار باعث می‌شود که محاسبات چرخش شکل نسبت به مرکز شکل به راحتی صورت گیرد (شکل ۵).

در نهایت مختصات شکل به صورت (q_i, x_i, y_i) نشان داده می‌شود. و می‌توان از یک آرایه سه بعدی برای ذخیره مختصات اشکال استفاده نمود.

جمعیت اولیه با قرار دادن تصادفی الگوها بر روی صفحه ایجاد می‌شود. جایگذاری تصادفی شامل طول و عرض از مبدا و همچنین زاویه الگوها است. در شکل (۶) نمونه ای از یک جایگذاری (کروموزم) از جمعیت اولیه نمایش داده شده است.

۴-۳- تابع برازندگی

در کنار عمل کدگذاری، تابع برازندگی نقش مهمی در اجرای الگوریتم ژنتیک ایفا می‌کند. تحقیقات انجام شده بر روی اثر عوامل دیگر (مانند نحوه و درصد دورگه شدن، اندازه جمعیت و نحوه و درصد جهش) که هیچ یک به اندازه عمل کدگذاری و تابع برازندگی، بحرانی و حساس نیستند.

بطور کلی، تعریف تابع برازندگی با قاعده و مناسب، نیاز تمامی مسائل است و متأسفانه برای بسیاری از آن‌ها، امکان ایجاد چنین توابعی ممکن نیست. معهذاً، در صورت امکان اجرای مطلوب الگوریتم ژنتیک، ساختن تابع‌های برازندگی باید به گونه‌ای انجام شود که از ایجاد نقاط بیشینه محلی زیاد و یا نقطه‌ی بیشینه کلی جدا افتاده و تنها، جلوگیری کند.

قانون کلی در ساختن تابع برازندگی، قابلیت انعکاس مؤثر مقدار واقعی کروموزم (افراد) است. این امر برای بسیاری از مسائل موضوعی واضح است. به عنوان مثال اگر هدف، طراحی یک نازل با بیشترین جریان باشد، تابع برازندگی تعیین کننده‌ی مقدار جریانی است که از درون آن در واحد زمان عبور می‌نماید. محاسبه آن، کار سهل و آسانی نیست ولی مورد و چگونگی محاسبه مشخص بوده و دانش آن در کتب مرجع قابل یافتن است.

مقدار تابع برازندگی کروموزم همیشه یک مقدار مفید برای راهنمایی الگوریتم ژنتیک در فضای جستجو نیست. در بهینه‌سازی ترکیبی که علاوه بر تابع هدف محدودیت‌های زیادی نیز وجود دارند، اغلب نقاط در فضای جستجو، کروموزم‌های بی‌اعتباری را معرفی می‌کنند که دارای مقدار برازندگی صفر هستند. در این حالت برای مؤثر واقع شدن الگوریتم ژنتیک باید به گونه‌ای تابع برازندگی ساخته شود که کروموزم بی‌اعتبار، هدایت کننده‌ی ما به طرف کروموزم‌های معتبر شود. بایستی محل کروموزم‌های معتبر دانسته شود تا نقاط نزدیک به آن‌ها بتوانند مقادیر برازندگی مطلوبی را ایجاد کنند و نقاط دورتر مقادیر برازندگی ضعیفی را بدهند. ولی در صورت نشناختن کروموزم‌های معتبر، این عمل ممکن نیست.

یک روش برای نزدیک شدن به جواب، استفاده از «تابع جریمه» است. این تابع می‌تواند بعنوان معیاری برای غیر معتبر بودن کروموزم بکار رود. تابع جریمه مناسب می‌تواند بعنوان هزینه اعمال محدودیت‌های موجود برای تابع هدف در نظر گرفته شود. به عبارتی، آن تابعی است که بیانگر مقدار هزینه تخصیصی به یک کروموزم بی‌اعتبار است تا آن را به یک کروموزم معتبر و جزو دسته جواب‌های ممکن در فضای جستجو، تبدیل کند.

این تابع از دو قسمت تشکیل یافته است:

الف: تابع هدف

که در آن حداقل کردن مقدار دوریز (ضایعات)، هدف اصلی است و به صورت تابع (۱) تعریف می‌شود.

$$o(s) = \sum_{j=1}^n (x_j \cdot A_j + y_j) \quad (1)$$

x_j و y_j مختصات برداری اشکال (الگوها) و A_j مساحت آنها است. برای هر ترکیبی از اشکال، تابع هدف نسبت به خط منته‌العینه چپ محاسبه می‌گردد. مساحت یک الگو قابل مقایسه با جرم ذرات در سیستم فیزیکی است. ضریب اختصاص داده شده به مساحت لحظه‌ای اشکال در تابع هدف $(x_j \cdot A_j)$ قابل مقایسه با عامل شتاب در ذرات سیستم فیزیکی است. بهنگام کاهش مساحت‌های لحظه‌ای اشکال، کل تابع هدف نیز کاهش می‌یابد. این عمل باعث کشاندن الگوها به سمت کناره چپ می‌گردد و فاصله میانی الگوها را نسبت به هم کاهش می‌دهد.

ب: تابع جریمه

تابع جریمه بر پایه میزان تجاوز از محدوده‌ی فضای معتبر و تعریف شده از جوابهای ممکن، به تابع برازندگی افزوده می‌شود. بگونه‌ای که با طراحی یک تابع جریمه مناسب، الگوریتم ژنتیک برای همگراشدن در یک جواب بهینه فرعی یا حتی جواب بهینه نهایی، آماده می‌شود. تنها محدودیت در نظر گرفته شده، عدم همپوشانی اشکال الگوها برای رسیدن به استقرار بهینه است (تابع ۲).

$$p(s) = \sum_{j=1}^{n-1} \sum_{i=j+1}^n \text{Overlap Area}(ij) \quad (2)$$

در نهایت تابع برازندگی به صورت تابع (۳) تعریف می‌شود.

$$\text{fitness function} = \frac{k}{a.o(s) + b.p(s)} \quad (3)$$

در این تابع k , b , a مقادیر ثابتی هستند که به صورت تجربی تعیین می‌شوند.

۵-۳- تولید نسل جدید

حدود ۱۰٪ از نسل جدید مستقیماً از بهترین کروموزومهای نسل قبلی کپی می‌شوند و حدود ۲۰٪ نیز با استفاده از چرخ رولت [۶] انتخاب می‌گردند. عمل دورگه شدن به وسیله انتخاب یک نقطه به طور تصادفی برای دو کروموزوم و تعویض ژنهای دو کروموزوم از آن نقطه به بعد صورت می‌گیرد که بین ۳۰٪ تا ۴۰٪ کروموزومهای نسل جدید با این روش تولید می‌شوند.

عملگر جهش نیز مختصات چند شکل را در کروموزومی که به صورت تصادفی با روش رولت انتخاب شده است را به صورت اتفاقی تغییر می‌دهد که تعداد شکل‌ها جابه‌جا شده با تعداد نسل تولید شده ارتباط دارد. بین ۲٪ تا ۱۰٪ نسل جدید به وسیله این عملگر تولید می‌شوند. عملگر جابجایی (swap) نیز مکان دو شکل را در کروموزومی که به صورت تصادفی با روش رولت انتخاب شده اند با هم تعویض می‌کند. دو شکل نیز به صورت تصادفی انتخاب می‌شوند. این عملگر بر روی ۱۰٪ جمعیت اعمال می‌شود.

جهش ظاهری (Phenotype mutation) برای بهترین کروموزوم در هر نسل بکار می‌رود. که با اعمال تغییرات کوچکی در طول و عرض مختصات بردارهای اشکال و زاویه آنها، فضای موجود را بیشتر جستجو می‌کند. بعد از هر تغییر، جواب حاصل ارزیابی می‌شود و در صورت رسیدن به شرایط و جواب بهتر، آن حالت حفظ می‌گردد.

این عملگر بر روی هر یک از مختصات بردارها تغییرات لازم را با افزودن و کاستن مقادیر واحد بصورت مرحله به مرحله انجام می‌دهد. اگر مقدار برازندگی بهتر از مقدار اصلی باشد، این تغییر جایگزین مقادیر قبلی شده و تغییرات مختصات ادامه می‌یابد. عملگر جهش ظاهری باعث تسریع در پویای فضای جستجو برای یافتن بهینه نهایی می‌شود اما در عین حال باعث افزایش عملیات محاسباتی لازم نیز می‌شود، به همین دلیل این عملگر بر روی نسلهای پایانی اعمال می‌شود. در شکل (۷) ساختمان برنامه نشان داده شده است.

۴- تجربیات

۱-۴- بررسی تأثیر بزرگی جمعیت نسلها

فرضیات:

- تعداد شکل‌ها ۱۰ عدد.
 - به تمام شکل‌ها امکان چرخش داده شد.
 - تعداد تولید نسل‌ها ۳۵۰.
 - نسل اول از میان ۱۰۰۰۰ کروموزوم تولید شده بصورت تصادفی، انتخاب شد.
 - الف: اجرای برنامه با ۵۰ کروموزوم در هر نسل (شکل ۸).
 - ب: اجرای برنامه با ۳۰۰ کروموزوم در هر نسل (شکل ۹).
 - د: اجرای برنامه با ۵۰۰ کروموزوم در هر نسل (شکل ۱۰).
- همانطور که مشاهده می‌شود عملکرد سیستم بطور زیادی متأثر از تعداد کروموزومها در نسلها می‌باشد و اگر این تعداد از حدی کمتر باشد، سیستم الگوریتم ژنتیک به علت نبود تغییرات کارایی خود را از دست می‌دهد [۷].
- حداقل کروموزومها در نظر گرفته شده در این برنامه ۵۰۰ کروموزوم در نسل می‌باشد. باید به این نکته توجه داشت که کاهش یا افزایش تعداد کروموزومها در نسل به شدت بر روی سرعت اجرای برنامه تأثیر می‌گذارد.

۲-۴- بررسی تغییر در تعداد کروموزمها برای انتخاب در نسل اول

الف: نسل اول از میان ۵۰۰۰۰ کروموزم تولید شده بصورت تصادفی، انتخاب شد (شکل ۱۱).

ب: نسل اول بصورت تصادفی انتخاب شد (شکل ۱۲).

ج: نسل اول از میان ۱۰۰۰۰ کروموزم تولید شده بصورت تصادفی، انتخاب شد (شکل ۱۳).

همانطور که از شکلها مشخص است انتخاب نسل اول از میان ۱۰۰۰۰ کروموزم نتیجه بهتری نسبت به بقیه حالات دارد. اهمیت انتخاب نسل اول در تولید نسلهای کم مشخص می شود و در تولید نسلهای زیاد، در نهایت فرقی بین انتخاب نسل اول به صورت تصادفی یا غیر تصادفی وجود ندارد [۸] (شکل ۱۴).

همانطور که از شکل (۱۱) مشخص است از انتخاب نسل اول از میان تعداد کروموزمهای بسیار زیاد به علت یکنواختی (کروموزمها با برابری بالا و اختلاف کم در میزان برابری) موجب اختلال در عملکرد الگوریتم ژنتیک می شود.

۳-۴- تأثیر ثابت یا متغیر بودن میزان تابع جریمه

الف: میزان جریمه دور بودن از مبداء و جریمه تداخل شکل ها ثابت فرض شد (شکل ۱۵).

ب: میزان جریمه دور بودن از مبداء و جریمه تداخل شکل ها با افزایش تولید نسلها، افزایش یافت (شکل ۱۶).

همانطور که مشخص است افزایش تابع جریمه با توجه به شماره تولید نسل امکان بیشتری برای حذف کروموزمهای ضعیف فراهم می آورد و در شروع نیز امکان وجود تنوع بیشتری را در نسلهای اولیه می دهد.

۴-۴- تأثیر ثابت یا متغیر بودن محدوده اثر عملگرها در نسلها

الف: محدوده اثر عملگرها متغیر

دورگه شدن از ۵۰٪ تا ۳۵٪ جهش از ۱۰٪ تا ۲۰٪ جابجایی شکل ها از ۱۰٪ تا ۲۰٪ جهش پرشی از ۱۰٪ تا ۲۰٪ جهش زاویه ای از ۵٪ تا ۱۵٪ کپی کردن از ۲۵٪ تا ۱۰٪ با افزایش تولید نسلها محدوده اثر عملگرها مطابق درصدهای ذکر شده تغییر می کند. نتیجه آن مانند شکل (۱۶) می باشد.

ب: محدوده اثر عملگرها ثابت

دورگه شدن ۴۰٪ جهش ۲۰٪ جابجایی شکل ها ۱۵٪ جهش پرشی ۱۰٪ جهش زاویه ای ۵٪ کپی کردن ۱۰٪ همانطور که از شکلهای (۱۶) و (۱۷) مشخص است ثابت یا متغیر بودن محدوده اثر عملگرها تأثیر چندانی در نتیجه نهایی ندارد. اما در هر صورت استفاده از محدوده اثر متغیر دارای نتیجه بهتری خواهد بود.

۵-۴- میزان تأثیر عملگرهای دو رگه شدن و جهش

الف: درصد بالای دورگه شدن

دورگه شدن ۹۰٪ جهش ۲٪ جابجایی شکل ها ۱٪ جهش پرشی ۱٪ جهش زاویه ای ۱٪ کپی کردن ۵٪ نتیجه در شکل (۱۸) نشان داده شده است.

ب: درصد بالای جهش

جهش ۸۷٪ دورگه شدن ۵٪ جابجایی شکل ها ۱٪ جهش پرشی ۱٪ جهش زاویه ای ۱٪ کپی کردن ۵٪ در شکل (۱۹) نتیجه نشان داده شده است.

همانطور که از نتایج مشخص است کارایی عملگر جهش از دو رگه شدن بهتر می باشد. نتایج حاصل از مقایسه دو عملگر جهش و دو رگه شدن شامل موارد زیر است [۹]:

- عملگردورگه شدن در جمعیتهاى زیاد باعث بالا رفتن سریع برابری می شود.

- عملگر جهش در جمعیتهاى کم وبا تولید نسل زیاد باعث بالا رفتن سریع برابری می شود.

۶-۴- بهینه سازی چند دسته الگو

الف: (شکل ۲۰ و ۲۱)

- تعداد شکل‌ها ۲۰ عدد.
- به تمام شکل‌ها امکان چرخش داده شد.
- تعداد کروموزم‌ها در هر نسل ۵۰۰ عدد.
- تعداد تولید نسل‌ها ۳۵۰.
- انتخاب نسل اول به صورت تصادفی.

ب: (شکل ۲۲ و ۲۳)

- تعداد شکل‌ها ۲۰ عدد.
- به تمام شکل‌ها امکان چرخش داده شد.
- تعداد کروموزم‌ها در هر نسل ۱۰۰۰ عدد.
- تعداد تولید نسل‌ها ۳۵۰.
- انتخاب نسل اول به صورت تصادفی.

همانطور که از شکل (۲۱) مشخص است نتیجه نهایی حاصل از چیدن دو دسته الگو با جمعیت ۵۰۰ کروموزم در هر نسل دارای تداخل شکل‌ها می‌باشد برای رفع مشکل جمعیت در هر نسل به ۱۰۰۰ کروموزم در هر نسل افزایش یافت که این افزایش همراه با افزایش زمان اجرای برنامه (حدود ۱۵ ساعت) بود و نتیجه (شکل ۲۳) حاصل نشان دهنده کاهش میزان تداخل شکل‌ها است. با افزایش میزان جریمه تداخل در تابع برازندگی مشکل تداخل شکل‌ها بطور کلی برطرف شد (شکل ۲۴).

۵- نتیجه گیری و پیشنهادات

جهت تکمیل کار قبلی [۴] در این تحقیق از تابع جریمه در تعیین میزان برازندگی کمک گرفته شد. نتایج نشان داد که تابع جریمه در مسأله استقرار بهینه الگوها نقش مؤثری دارد. همچنین آزمایشات نشان داد که تابع برازندگی متغیر نسبت به تابع برازندگی ثابت دارای عملکرد بهتری می‌باشد. این امر با نتایج کارهای گذشته [۲] و [۳] نیز همخوانی دارد. در این تحقیق عامل چرخش نیز برای الگوها در نظر گرفته شد تا امکان چیدمان بهتر را برای الگوها فراهم آورد. این عمل در عین حال فضای جستجو را به شدت افزایش می‌دهد. دو عامل تعداد کروموزم‌ها در جمعیت اولیه و تعداد تولید نسل، درپوش فضای جستجو نقش اساسی دارند به گونه ای که با تعداد جمعیت اولیه کم و تعداد تولید نسل زیاد تقریباً به همان جوابی رسیده می‌شود که با تعداد جمعیت اولیه زیاد و تعداد تولید نسل کم حاصل می‌گردد. بنابراین حاصل ضرب این دو فاکتور باید بهینه شود. در این تحقیق برای بهینه چینی یک دسته الگو تعداد ۵۰۰ کروموزم برای هر نسل و تعداد تولید نسل برابر ۳۵۰ بار در نظر گرفته شد. این نتایج پس از بررسی تعداد کروموزم‌ها در نسل و تعداد تولید نسل‌های مختلف حاصل شد. بطور مثال با افزایش تعداد تولید نسل‌ها از ۳۵۰ به ۵۰۰، تغییر قابل توجه‌ای در جواب نهایی حاصل نشد. همچنین نتایج نشان داد که تعیین نسل اول به صورت انتخابی یا تصادفی تأثیر چندانی در نتیجه بهینه چینی یک دسته الگو ندارد. در بهینه چینی دو دسته الگو نتایج حاکی از نیاز به افزایش تعداد جمعیت اولیه بود. در این پژوهش نتیجه حاصل برای بهینه‌سازی یک دسته الگوهای غیر منظم با جمعیت اولیه ۵۰۰ و تعداد تولید نسل ۳۵۰ دارای راندمانی برابر با ۷۳/۹٪ گردید. همچنین نتیجه حاصل برای بهینه سازی دودسته الگوهای غیر منظم با جمعیت اولیه ۱۰۰۰ و تعداد تولید نسل ۳۵۰، دارای راندمانی برابر با ۷۱/۶٪ شد.

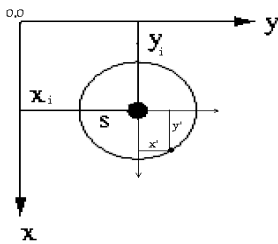
پیشنهاد می‌شود از روش الگوریتم ژنتیک موازی (PGA) [۸] برای بهینه چینی الگوها استفاده شود تا زمان اجرای برنامه که در حال حاضر ۷ ساعت برای چیدن یک دسته الگو و بیش از ۱۵ ساعت برای چیدن دودسته الگو می‌باشد، به میزان قابل قبولی کاهش یابد و همچنین امکان استفاده از عملگرهایی که به زمان و محاسبه زیادی دارند (مانند جهش ظاهری) فراهم شود و امکان افزایش تعداد تولید نسل‌ها تا دستیابی به همگرایی نهایی حاصل شود.

مراجع

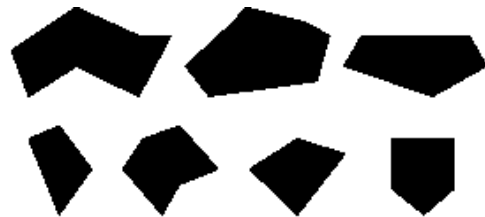
1. Madarasmı, S., "Layout of Garment Patterns for Efficient Fabric Consumption", Department of Computer Engineering, Faculty of Engineering, King Mongkut's University of Technology Thonburi.
۲. اسماعیلی، ص.، "کاهش ضایعات تولیدات پوشاک بهنگام برش پارچه برای الگوهای ساده"، پایان‌نامه کارشناسی ارشد، دانشکده مهندسی نساجی، دانشگاه صنعتی امیرکبیر، ۱۳۷۸.
۳. عزیز، ح.، "بهینه سازی ترتیب استقرار تخته های مختلف قالی بروش ژنتیک روی ماشینهای فرش بافی با ژاکارد راینه‌های"، پایان‌نامه کارشناسی ارشد، دانشکده مهندسی نساجی، دانشگاه صنعتی امیرکبیر، ۱۳۷۹.

۴. جمشیدی. ج.، " کاهش ضایعات تولیدات پوشاک بهنگام برش پارچه برای الگوبا استفاده از الگوریتم ژنتیک"، پایان نامه کارشناسی ارشد، دانشکده مهندسی نساجی، دانشگاه صنعتی امیرکبیر، ۱۳۸۰.

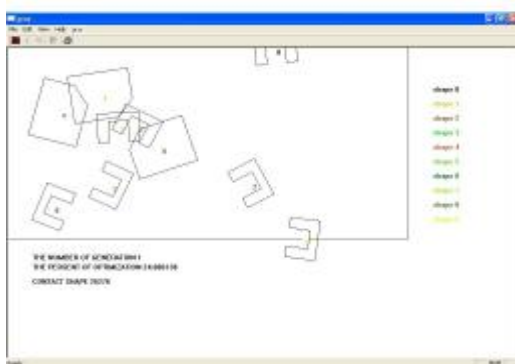
5. Magee. D. R. and Boyle. R. D., "Building Shape Models from Image Sequences using Piecewise Linear Approximation", School of Computer Studies University of Leeds, Leeds LS2 9JT, UK, British Machine Vision Conference.
6. Joshi. S. and Sudit. M., "Procedures for Solving Single Pass Strip Layout Problems", IIE Transactions, vol. 26, no. 1, pp.27-37, 1994.
7. Mauouche. S. and Bounsaythip. C., "OPTIMIZING TEXTILE SHAPE PLACEMENT BY TREE GENETIC ANNEALING", Portland, Oregon, July 21-25 www.vtt.fi/tte/staff/bon/pub/scs96.pdf.
8. Gómez. A. and Fuente. D., "Resolution of strip-packing problems with genetic algorithms", University of Oviedo, Spain, 1999.
9. Luke. S. and Spector. L., "A Revised Comparison of Crossover and Mutation in Genetic Programming", Proceedings of the Third Annual Genetic Programming Conference (GP98), 208-213, 1998.



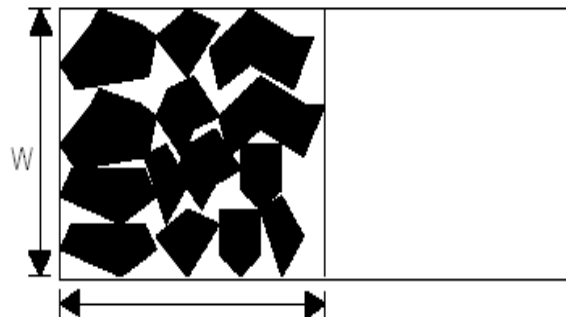
شکل (۵) نحوه کدگذاری.



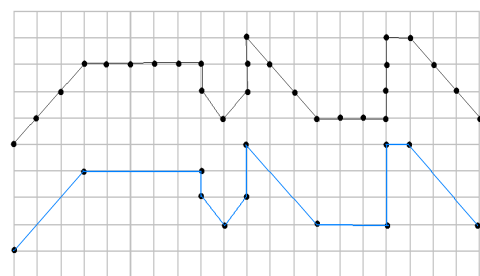
شکل (۱) نمونه ای از الگوهای سفارش داده شده [۱].



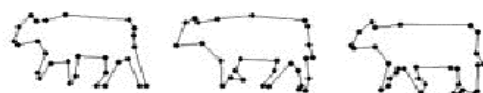
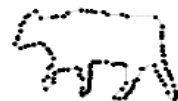
شکل (۶) نمونه ای از یک (کروموزم) از جمعیت اولیه.



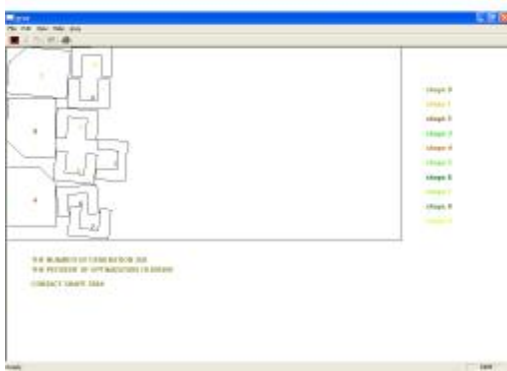
شکل (۲) چیدمان الگوها در عرض ثابت [۱].



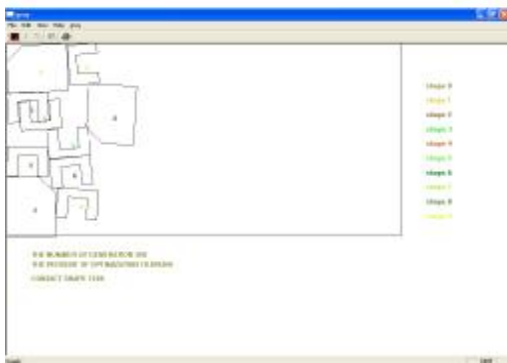
شکل (۳) روش خطی سازی ناحیه ای [۵].



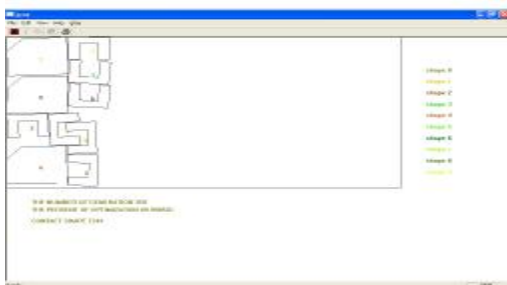
شکل (۴) نمونه هایی از خطی سازی ناحیه ای [۵].



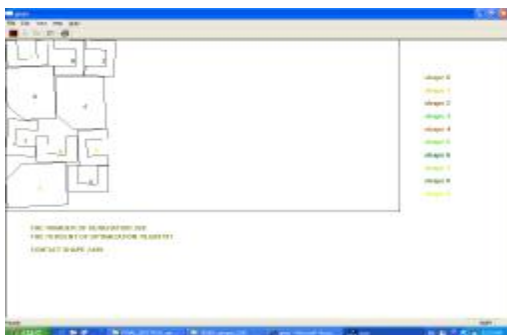
شکل (۸) بهترین کروموزم در نسل سی صدوپنجاهم با ۵۰ کروموزم در هر نسل.



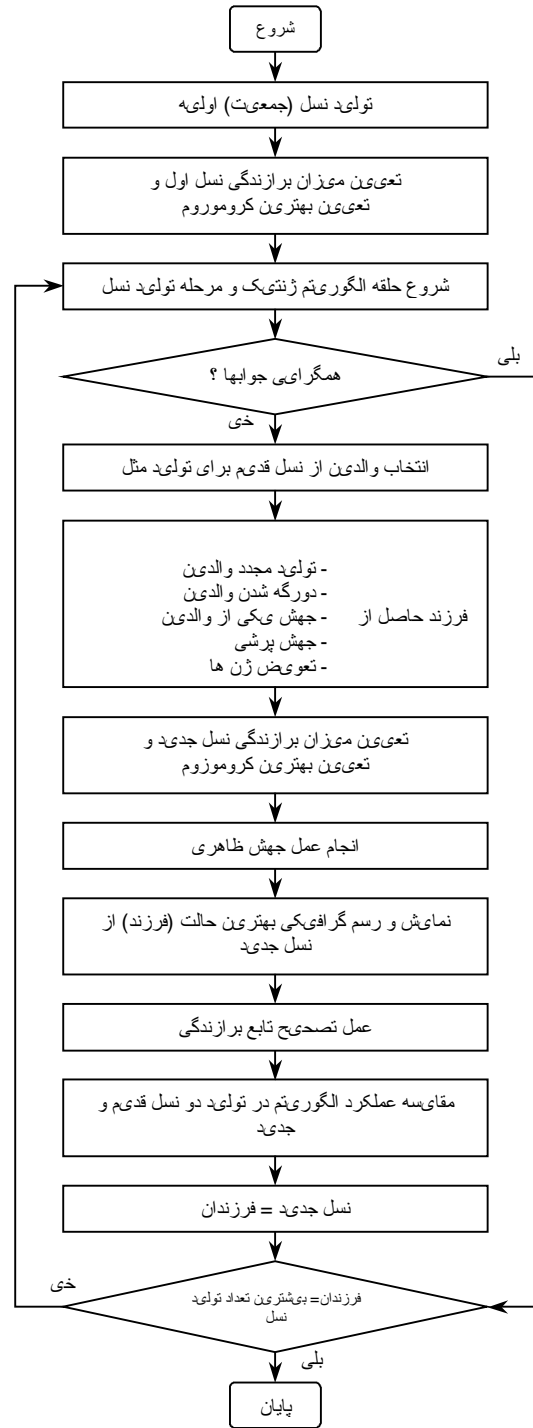
شکل (۹) بهترین کروموزم در نسل سی صدوپنجاهم با ۳۰۰ کروموزم در هر نسل.



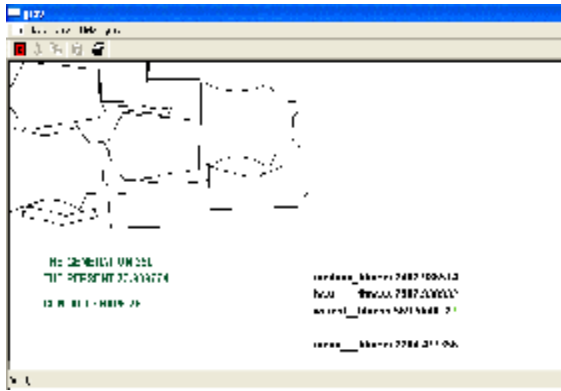
شکل (۱۰) بهترین کروموزم در نسل سی صدوپنجاهم با ۵۰۰ کروموزم در هر نسل.



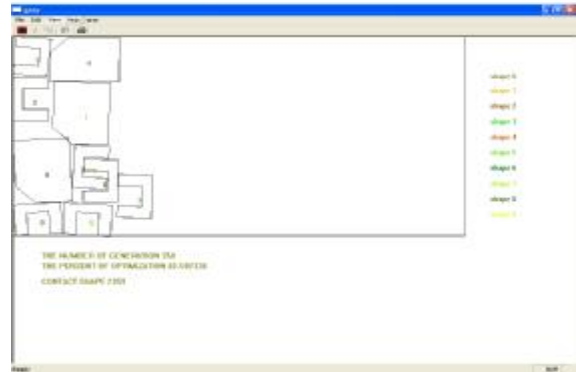
شکل (۱۱) بهترین کروموزم در نسل سی صدوپنجاهم با انتخاب نسل اول از میان ۵۰۰۰۰ کروموزم.



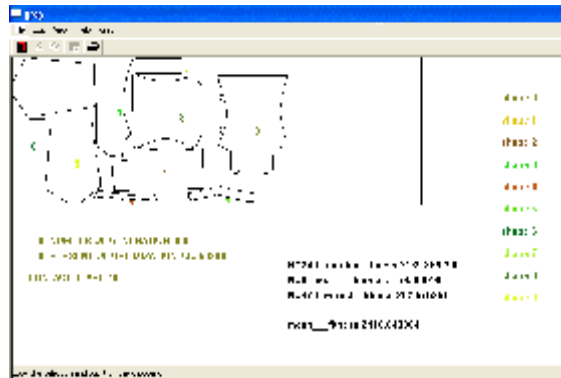
شکل (۷) ساختمان برنامه.



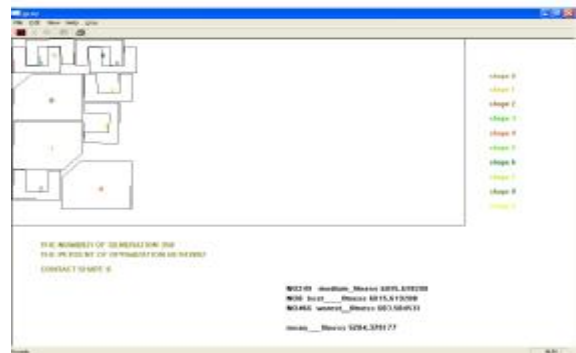
شکل (۱۶) متغیر بودن تابع جرمه (روند افزایشی).



شکل (۱۲) بهترین کروموزم در نسل سیصد و پنجاهم با انتخاب نسل اول تصادفی.



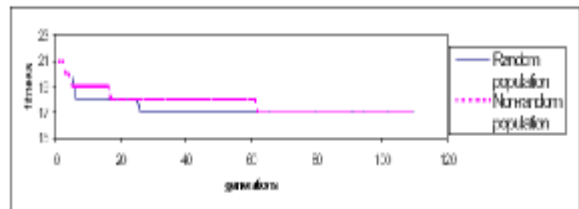
شکل (۱۷) نتیجه نهایی با محدوده اثر ثابت عملگرها.



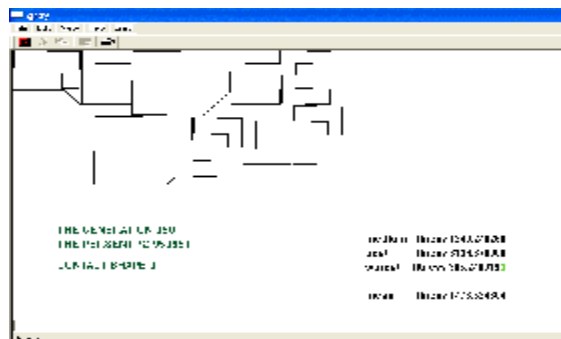
شکل (۱۳) بهترین کروموزم در نسل سیصد و پنجاهم با انتخاب نسل اول از میان ۱۰۰۰۰ کروموزم.



شکل (۱۸) نتیجه نهایی با ۹۰٪ دورگه شدن.



شکل (۱۴) مقایسه نسل اول به صورت تصادفی یا انتخابی [۸].

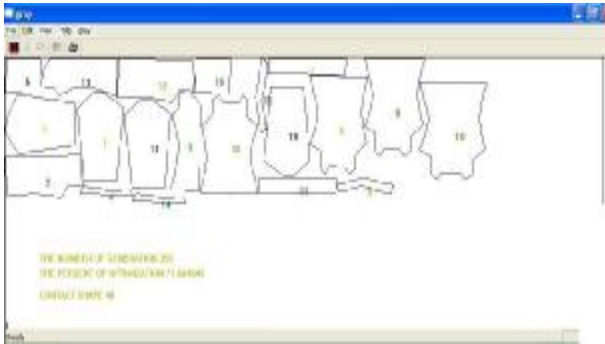


شکل (۱۹) نتیجه نهایی با ۸۹٪ جهش.

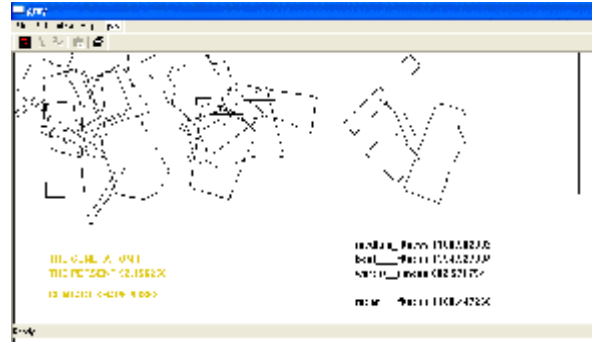


شکل (۱۵) ثابت بودن تابع جرمه.

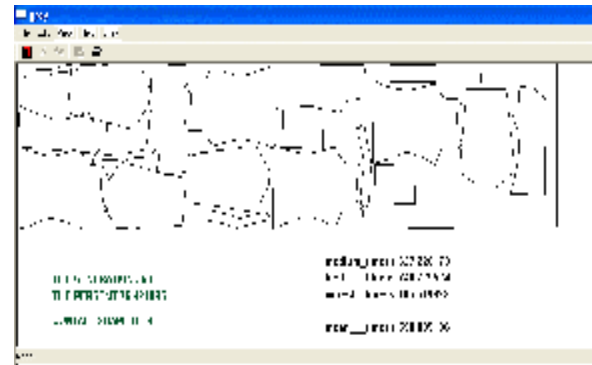
شکل (۲۳) نتیجه نهایی برای دودسته الگو با جمعیت ۱۰۰۰ کروموزوم در هر نسل.



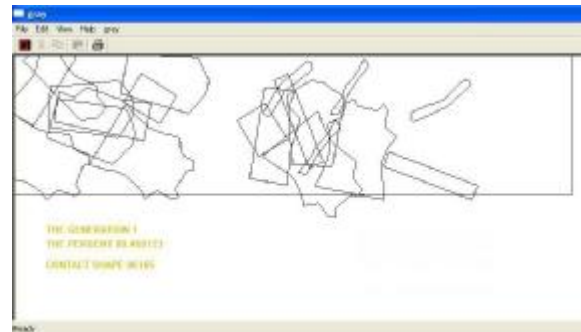
شکل (۲۴) نتیجه نهایی با افزایش میزان جریمه تداخل در تابع برازندگی.



شکل (۲۰) بهترین کروموزوم در نسل اول برای دودسته الگو با جمعیت ۵۰۰ کروموزوم در هر نسل.



شکل (۲۱) نتیجه نهایی برای دودسته الگو با جمعیت ۵۰۰ کروموزوم در هر نسل.



شکل (۲۲) بهترین کروموزوم در نسل اول برای دودسته الگو با جمعیت ۱۰۰۰ کروموزوم در هر نسل.

