

دانشگاه فردوسی شهرد  
دانشکده مهندسی - گروه مهندسی کامپیوتر

پایان نامه کارشناسی ارشد

کرایش نرم افزار

## یک الگوریتم ژنتیک برای بسته بندی دوبعدی به همراه معیار جدید برای ارزیابی کیفیت

نگارنده :

محمد تقی غم شکن

استاد راهنما:

پروفسور محمود نقیب زاده

شهریور ماه ۱۳۹۱

بِسْمِ اللَّهِ الرَّحْمَنِ الرَّحِيمِ

## تعهدنامه

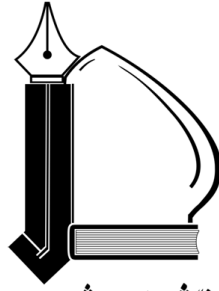
اینجانب محمدتقی غم‌شکن دانشجوی دوره کارشناسی ارشد رشته مهندسی نرم افزار کامپیوتر دانشکده مهندسی دانشگاه فردوسی مشهد نویسنده پایان‌نامه یک الگوریتم ژنتیک نش برای بسته‌بندی دویبعدی به‌همراه معیار جدید برای ارزیابی کیفیت، تحت راهنمایی پروفسور نقیب‌زاده متعهد می‌شوم:

- تحقیقات در این پایان‌نامه توسط اینجانب انجام شده و از صحت و اصالت برخوردار است.
- در استفاده از نتایج پژوهش‌های محققان دیگر به مرجع مورد استفاده استناد شده است.
- مطالب مندرج در پایان‌نامه تاکنون توسط خود و یا فرد دیگری برای دریافت هیچ نوع مدرک یا امتیازی در هیچ جا ارائه نشده است.
- کلیه حقوق معنوی این اثر متعلق به دانشگاه فردوسی مشهد می‌باشد و مقالات مستخرج با نام "دانشگاه فردوسی مشهد" و یا "Ferdowsi University of Mashhad" به چاپ خواهد رسید.
- حقوق معنوی تمام افرادی که در به دست آمدن نتایج اصلی پایان‌نامه تاثیرگذار بوده‌اند در مقالات مستخرج از رساله رعایت شده است.
- در کلیه مراحل انجام این پایان‌نامه، در مواردی که از موجود زنده (یا بافتهای آنها) استفاده شده است ضوابط و اصول اخلاقی رعایت شده است.
- در کلیه مراحل انجام این پایان‌نامه، در مواردی که به حوزه اطلاعات شخصی افراد دسترسی یافته یا استفاده شده است، اصل رازداری، ضوابط و اصول اخلاق انسانی رعایت شده است.

تاریخ  
محمدتقی غم‌شکن

### مالکیت نتایج و حق نشر

- کلیه حقوق معنوی این اثر و محصولات آن (مقالات مستخرج، کتاب، برنامه‌های رایانه‌ای، نرم‌افزارها و تجهیزات ساخته شده) متعلق به دانشگاه فردوسی مشهد می‌باشد. این مطلب باید به نحو مقتضی در تولیدات علمی مربوطه ذکر شود.
- استفاده از اطلاعات و نتایج موجود در پایان‌نامه بدون ذکر مرجع مجاز نمی‌باشد.



دانشگاه فردوسی مشهد  
دانشکده مهندسی - گروه مهندسی کامپیوتر  
پایان نامه کارشناسی ارشد  
کرایش نرم افزار

## یک الگوریتم ژنتیک برای بسته‌بندی دوبعدی به‌مراه معیار جدید برای ارزیابی کیفیت

نگارنده :

محمدتقی غم‌شکن

استاد راهنما:

پروفسور محمود نقیب زاده

شهریور ماه ۱۳۹۱

لعلیم به

پدرم که حالمانه به من آموخت تا چگونه در عرصه زندگی، ایستادگی را تجربه نمایم

مادرم، دریای بی کران فداکاری و عشق، که وجودم برایش همه نچ بود و وجودش برایم همه مهر

و همسرم، پناه محبتگیم و امید بودم

## تقدیر و سپاس

معلمانمقامت زعرش برتر باد همیشه توسن اندیشه ات مظفر باد

بدینوسیده بر خود لازم می دانم که از زحمات بی دریغ دانشمندگرامی، جناب آقای پروفور نقیب زاده که از کوتاهی های بنده چشم

پوشی نموده و راهنمایی های ارزشمند ایشان در تمام دوران تحصیلم و مراحل انجام این این پایان نامه راه گشای من بوده است، تشکر

نمایم.

سپاس بیکران بر مهدی و بهرامی و بهگامی مادر دلوز و مهربانم که سجده می ایستادش گل محبت رادر وجودم پروراند و دلمان گهربارش

نقطه های مهربانی را به من آموخت.

## چکیده

امروزه در اکثر زمینه‌های صنعت نیاز به برش و بسته‌بندی محصولات دیده می‌شود. از برش شیشه و فلزات گرفته تا جاده‌ی تراشه‌های الکترونیکی به روی فضای IC، همگی کاربردهای مسأله بسته‌بندی دوبعدی محسوب می‌شوند. در همه این موارد و غالب موارد دیگر نیاز به بهینگی و کمتر مصرف شدن فضا و مواد مصرفی شرط اول منفعت می‌باشد.

محققان روش‌های متنوعی را برای حل این مسأله پیشنهاد داده‌اند اما با بزرگتر شدن اندازه مسأله و توجه به محدودیت زمان برای بدست آوردن جواب بهینه، روش‌های هیورستیک خودنمایی بیشتری نسبت به سایر روش‌ها می‌کنند. یکی از روش‌هایی که توانسته است در زمان مناسب به جواب قابل قبولی برسد، الگوریتم ژنتیک می‌باشد. برای حل هر مسأله توسط الگوریتم ژنتیک ابتدا باید روشی برای نمایش جواب‌های مسأله، انتخاب کرد. یکی از مهمترین اجزای الگوریتم ژنتیک، تابع کارایی می‌باشد که با محاسبه کارایی جواب‌های مسأله (افراد جمعیت) و بازخورد آن به الگوریتم، نقش مهمی در هدایت صحیح الگوریتم به سمت جواب بهینه ایفا می‌کند.

این تحقیق با تمرکز روی ساختار الگوریتم ژنتیک و سعی در برطرف کردن نقاط ضعف روش‌های مشابه، به نتایج مناسبی رسیده‌است. این روش یک الگوریتم ژنتیک چندجمعیتی می‌باشد که از تنظیمات فازی برای پارامترهای الگوریتم ژنتیک به‌مراه نمایش جدید مناسبی از جواب‌های مسأله (کروموزوم‌ها)، تابع جدید ارزیابی کیفیت بسته‌بندی که پتانسیل کارایی بسته‌بندی را مورد توجه قرار می‌دهد، بهره می‌برد. همچنین از پردازش موازی برای استفاده‌ی حداکثری از توان پردازنده و یک روش جایگذاری ترکیبی جدید استفاده شده است. در ادامه به بررسی تاثیر عملگرهای تکاملی نش پرداخته شده که نتوانست جواب مناسبی بدست آورد و در نسخه نهایی الگوریتم استفاده نشد. در پایان روش پیشنهادی روی پنج مجموعه داده بنچمارک با چندین روش بسته‌بندی ارائه شده در سال‌های اخیر مقایسه شد، که ارزیابی‌های صورت گرفته که این روش کارایی مناسب‌تری دارد نشان

می‌دهد. در مجموع برای بسته‌بندی دوبعدی روی ۱۲۹ نمونه گزارش شده ۴۲ جواب بهینه جدید و ۷۰ نمونه جواب برابر با بهینه موجود (بهترین جواب بدست آمده از روش‌های دیگر)، بدست آمد و برای مساله برش نوار نیز از ۵۶ نمونه گزارش شده ۱۲ جواب بهینه جدید و ۲۴ جواب برابر با بهینه موجود بدست آمد در مسایل با مجوز چرخش مستطیل‌ها نیز از ۲۱ نمونه، سه جواب بهینه جدید و ۱۷ جواب برابر با بهینه موجود بدست آمد.

**کلید واژه‌ها** - بسته‌بندی دوبعدی، الگوریتم ژنتیک، تابع کارایی، الگوریتم موازی.



## فهرست

۱	فصل اول: مقدمه.....
۲	۱-۱- مقدمه.....
۲	۲-۱- تعریف مسأله.....
۳	۱-۲-۱- محاسبه کران بالا.....
۳	۳-۱- انواع دسته بندی.....
۳	۱-۳-۱- قید پذیری.....
۵	۱-۳-۲- نحوه چرخش مستطیل‌های کوچک.....
۵	۳-۳-۱- نحوه برش.....
۶	۳-۴-۱- فضای بسته‌بندی.....
۷	۳-۵-۱- اشکال بسته‌بندی.....
۸	۴-۱- الگوریتم ژنتیک چیست؟.....
۱۰	۱-۴-۱- روش‌های نمایش.....
۱۰	۲-۴-۱- روش‌های انتخاب.....
۱۱	۳-۴-۱- نحوه عملکرد الگوریتم ژنتیک.....
۱۱	۵-۱- الگوریتم ژنتیک نش [Kim09].....
۱۲	۶-۱- تاریخچه و مقدمه‌های بر OpenMP [SOL10].....
۱۴	۷-۱- نگاهی به سایر فصل‌های این رساله.....
۱۵	فصل دوم: مروری بر کارهای گذشته.....
۱۶	۱-۲- مقدمه.....
۱۷	۲-۲- روش‌های سطح گرا.....
۱۷	۱-۲-۲- روش [Cof80] First-Fit-Decreasing-Height.....
۱۸	۱-۲-۲- روش [Mum04] Best-Fit-Decreasing-Height.....
۱۹	۲-۲-۲- روش [Cof80] Next-Fit-Decreasing-Height.....
۱۹	۳-۲-۲- روش [Bak81] Baker's up down.....
۲۰	۳-۲-۲- روش [Bak80] Bottom Left.....
۲۱	۴-۲- روش HGA.....

۲۳	.....روش DP [Lai97]	۱-۴-۲
۲۶	.....MPGA	۲-۵-۲
۲۷	.....رمزگشایی از ترتیب بسته‌بندی مستطیل‌ها	۱-۵-۲
۲۷	.....رمزگشایی از نحوه بسته‌بندی مستطیل‌ها	۲-۵-۲
۲۹	.....جایگذاری مستطیل‌ها	۳-۵-۲
۲۹	.....محاسبه کارایی بسته‌بندی	۴-۵-۲
۳۰	.....عملگرهای تکاملی	۵-۵-۲
۳۰	.....مشکلات عملگر یکنواخت برای روش MPGA	۶-۵-۲
۳۲	.....روش DGA	۶-۶-۲
۳۲	.....تابع کارایی سلسله‌مراتبی	۱-۶-۲
۳۳	.....عملگر تقاطع WAX	۲-۶-۲
۳۵	.....روش [Mat10a]CJ+GA	۷-۲
۳۶	.....روش [Mat10b]CJ+DC	۸-۲
۳۶	.....روش [Alv07] Tabu Search	۹-۲
۳۹	.....روش Rotation-Lowest-Fit-Left-Aligned	۱۰-۲
۴۱	.....فصل سوم: روش پیشنهادی	
۴۲	.....۱-۳-مقدمه	
۴۳	.....۲-۳-روش پیشنهادی	
۴۴	.....۳-۳-بسته‌بندی مقید دوگانه	
۴۵	.....۴-۳-نمایش کروموزوم پیشنهادی و رمزگشایی	
۴۵	.....۱-۴-۳-کدگشایی	
۴۷	.....۵-۳-جایگذاری مستطیل‌ها به روش لایه‌ای بهبود یافته	
۵۰	.....۶-۳-تابع کارایی (برازندگی)	
۵۰	.....۱-۶-۳-تابع کارایی PFF1	
۵۱	.....۲-۶-۳-تابع کارایی PFF2	
۵۱	.....۷-۳-مرتب‌سازی، عملگرهای تکاملی و	
۵۲	.....تقاطع	۱-۷-۳
۵۳	.....جستجوی محلی	۲-۷-۳

۵۳	.....	ابتدا بلندترین با چرخش و کمترین تعداد فضای باقی مانده	۱-۲-۷-۳
۵۵	.....	ابتدا بلندترین با چرخش و کمترین ارتفاع	۲-۲-۷-۳
۵۶	.....	ابتدا بزرگترین با چرخش و پایین چپ	۳-۲-۷-۳
۵۷	.....	ابتدا بزرگترین با چرخش و کمترین فضای خالی باقی مانده	۴-۲-۷-۳
۵۸	.....	جهش جمعیتی (مهاجرت)	۱-۷-۳
۵۸	.....	۸-الگوریتم چند جمعیتی	۳-۸-۱-۷-۳
۵۹	.....	۹-الگوریتم موازی	۳-۹-۱-۷-۳
۶۰	.....	عملگرهای تکاملی نش	۱-۹-۳
۶۳	.....	فصل چهارم: پیاده سازی و ارزیابی	
۶۴	.....	۱-مقدمه	۴-۱-۱-۹-۳
۶۴	.....	۲-پیش فرض ها	۴-۲-۱-۹-۳
۶۵	.....	۱-نگاهی به شبه کد برنامه	۴-۱-۱-۹-۳
۶۶	.....	۲-نحوه انتخاب	۴-۲-۱-۹-۳
۶۶	.....	۳-نحوه ارزیابی	۴-۳-۱-۹-۳
۶۸	.....	داده های ارزیابی	۴-۱-۳-۴
۷۳	.....	روشهای مورد مقایسه	۴-۲-۳-۴
۷۵	.....	۴-پیاده سازی و ارزیابی MPG A	۴-۴-۱-۳-۴
۷۶	.....	۵-تنظیمات متناسب پارامترهای الگوریتم ژنتیک	۴-۵-۱-۳-۴
۷۷	.....	۶-شروع الگوریتم و تولید افراد جمعیت	۴-۶-۱-۳-۴
۸۰	.....	۷-ارزیابی نمایش پیشنهادی	۴-۷-۱-۳-۴
۸۱	.....	۸-تحلیل و ارزیابی تابع کارایی	۴-۸-۱-۳-۴
۸۸	.....	۹-تغییرات و ارزیابی نهایی	۴-۹-۱-۳-۴
۸۸	.....	پیاده سازی عملگرهای تکاملی	۴-۱-۹-۳
۸۹	.....	پیاده سازی چند جمعیتی	۴-۲-۹-۳
۹۰	.....	ارزیابی موازی الگوریتم	۴-۳-۹-۳
۹۱	.....	ارزیابی پیاده سازی ژنتیک نش	۴-۴-۹-۳
۹۳	.....	مقایسه روی داده های برگرفته از تحقیقات گذشته (مجموعه اول)	۴-۵-۹-۳
۹۴	.....	ارزیابی روی داده های تصادفی بزرگ (مجموعه دوم)	۴-۶-۹-۳

۹۶.....	ارزیابی روی داده های بدون فضای خالی (مجموعه سوم)	۷-۹-۴
۹۸.....	ارزیابی روی داده های مقید (مجموعه چهارم)	۸-۹-۴
۱۰۰.....	مقایسه روی مجموعه داده C21 با روشهای اخیر	۹-۹-۴
۱۰۳.....	ارزیابی روی مجموعه داده N (مجموعه پنجم)	۱۰-۹-۴
۱۰۷.....	ارزیابی برش نوار	۱۱-۹-۴
۱۰۷.....	ارزیابی روی مجموعه C21	۱-۱۱-۹-۴
۱۰۸.....	ارزیابی روی مجموعه N	۲-۱۱-۹-۴
۱۱۴.....	ارزیابی با مجوز چرخش ۹۰ درجه	۱۲-۹-۴
۱۱۶.....	مقایسه زمانی روش پیشنهادی	۱۳-۹-۴
۱۲۰.....	فصل پنجم: نتیجه گیری و کارهای آینده	
۱۲۱.....	۱-۵- نتیجه گیری	
۱۲۳.....	۲-۵- کارهای آینده	
۱۲۵.....	فصل ششم: مراجع	

## فهرست شکل‌ها

- شکل ۱-۱- مثالی از بسته‌بندی بدون قید (b)، مقید (c) و قید دوگانه (d) [Bea85]..... ۴
- شکل ۲-۱- بسته‌بندی اریب [Hop01]..... ۵
- شکل ۳-۱- بسته‌بندی (برش) گیوتینی [Hop01]..... ۶
- شکل ۴-۱- بسته‌بندی (برش) غیرگیوتینی [Hop01]..... ۶
- شکل ۵-۱- بسته‌بندی چند بسته‌ای چند سائزی [Hop01]..... ۷
- شکل ۶-۱- بسته‌بندی نواری اشکال نامنظم [Hop01]..... ۸
- شکل ۷-۱- بسته‌بندی چندضلعی‌های مستطیل شکل [Mat11]..... ۸
- شکل ۸-۱- روند اجرای الگوریتم ژنتیک نش [Kim09]..... ۱۲
- شکل ۹-۱-۱- سیستم Fork-Join مورد استفاده در OpenMP [SOL10]..... ۱۳
- شکل ۱-۲- مثالی از روش FFDH [NTE09]..... ۱۸
- شکل ۲-۲- مثالی از روش BFDH..... ۱۸
- شکل ۳-۲- مثالی از روش NFDH [NTE09]..... ۱۹
- شکل ۴-۲- مثالی از روش [Jak96]BL..... ۲۰
- شکل ۵-۲- بسته‌بندی به روش [Hop00a]BLF..... ۲۱
- شکل ۶-۲- مراحل روش [Gon07]HGA..... ۲۲
- شکل ۷-۲- کدگشایی از ترتیب بسته‌بندی مستطیل [Gon07]..... ۲۳
- شکل ۸-۲- مثالی از فرایند DP [Gon07]..... ۲۴
- شکل ۹-۲- دو بسته‌بندی با پتانسیل کارایی مختلف [Gon07]..... ۲۵
- شکل ۱۰-۲- مراحل روش [Gon11]MPGA..... ۲۶
- شکل ۱۱-۲- کدگشایی از ترتیب بسته‌بندی مستطیل‌ها به روش [Gon11] Random key..... ۲۷
- شکل ۱۲-۲- بسته‌بندی ترتیب‌های مختلف به روش [Gon11] BL..... ۲۸
- شکل ۱۳-۲- بسته‌بندی بهینه به روش ترکیبی BL و [Gon11] LB..... ۲۸
- شکل ۱۴-۲- جایگذاری لایه‌ای مستطیل‌ها بصورت افقی [Gon11]..... ۲۹
- شکل ۱۵-۲- جایگذاری لایه‌ای مستطیل‌ها بصورت عمودی [Gon11]..... ۲۹
- شکل ۱۶-۲- عملگر تقاطع یکنواخت دو کروموزوم [Gon11]..... ۳۰
- شکل ۱۷-۲- نقطه ضعف روش MPGA، نحوه کدگشایی کروموزوم اول..... ۳۱

- شکل ۲-۱۸- نقطه ضعف روش MPGA ، بسته‌بندی (کروموزوم اول) به روش BL ..... ۳۱
- شکل ۲-۱۹- نقطه ضعف روش MPGA ، نحوه کدگشایی کروموزوم دوم ..... ۳۱
- شکل ۲-۲۰- نقطه ضعف روش MPGA ، بسته‌بندی (کروموزوم دوم) به روش BL ..... ۳۱
- شکل ۲-۲۱- نقطه ضعف روش MPGA ، عملگر تقاطع یکنواخت با احتمال ۰.۷ ..... ۳۲
- شکل ۲-۲۲- نقطه ضعف روش MPGA ، بسته‌بندی (کروموزوم جدید) به روش BL ..... ۳۲
- شکل ۲-۲۳- دو کروموزوم انتخاب شده جهت انجام عمل تقاطع [Gom07] ..... ۳۳
- شکل ۲-۲۴- فرزند تولید شده توسط روش WAX [Gom07] ..... ۳۴
- شکل ۲-۲۵- فرزند کارا تر از روش WAX ..... ۳۴
- شکل ۲-۲۶- جایگذاری مستطیل‌ها به روش گوشه اتصال [Mat10b] ..... ۳۵
- شکل ۲-۲۷- جایگذاری مستطیل‌ها به روش گوشه اتصال با استفاده از دو کروموزوم [Mat10b] ..... ۳۶
- شکل ۲-۲۸- مثالی از حذف بلاک [Alv07] ..... ۳۷
- شکل ۲-۲۹- مثالی از درج بلاک [Alv07] ..... ۳۸
- شکل ۲-۳۰- روندنمای نحوه جایگذاری روش RLL [Tan05] ..... ۴۰
- شکل ۳-۱- روند کلی الگوریتم ژنتیک مورد استفاده ..... ۴۲
- شکل ۳-۲- نمایش پیشنهاد شده و نحوه کدگشایی از کروموزوم ..... ۴۷
- شکل ۳-۳- بسته بندی NGA (آ) - بسته‌بندی MPGA (ب) ..... ۴۸
- شکل ۳-۴- روند انتقال افراد بین نسل‌های متوالی [Gon11] ..... ۵۲
- شکل ۳-۵- بسته‌بندی مستطیل‌ها تا قبل از ایجاد فضای خالی ..... ۵۳
- شکل ۳-۶- بسته‌بندی مجدد، با استراتژی ابتدا بلندترین و کمترین تعداد فضای خالی باقی مانده ..... ۵۴
- شکل ۳-۷- بسته‌بندی مجدد، با استراتژی ابتدا بلندترین و کمترین ارتفاع باقی مانده ..... ۵۵
- شکل ۳-۸- بسته‌بندی مجدد، با استراتژی ابتدا بزرگترین و پایین چپ ..... ۵۶
- شکل ۳-۹- بسته‌بندی مجدد، با استراتژی ابتدا بزرگترین و کمترین تعداد فضای خالی باقی مانده .. ۵۷
- شکل ۳-۱۰- شمای روش چند جمعیتی ..... ۵۸
- شکل ۳-۱۱- شمای روش موازی ..... ۶۰
- شکل ۳-۱۲- شمای روش ژنتیک نش و محاسبات موازی تودرتو ..... ۶۱
- شکل ۳-۱۳- نمودار عملگرهای نش ..... ۶۲
- شکل ۴-۱- روندنمای کلی تحقیق و ارزیابی ..... ۶۷
- شکل ۴-۲- چهار بسته‌بندی با پتانسیل‌های مختلف و کارایی یکسان ..... ۸۲

## فهرست جدول‌ها

- جدول ۳-۱ - مشخصات و تعداد مستطیل‌های شکل ۳-۳..... ۴۶
- جدول ۳-۲ - ترتیب بسته بندی، نحوه جایگذاری و تعداد مستطیل بسته بندی شده در هر مرحله.. ۴۶
- جدول ۴-۱ - مشخصات سیستم استفاده شده جهت ارزیابی..... ۶۴
- جدول ۴-۲ - مجموعه داده تست اول..... ۶۹
- جدول ۴-۳ - مشخصات کلاس‌های مجموعه نمونه دوم [Fek04]..... ۷۰
- جدول ۴-۴ - مشخصات انواع نمونه‌های مجموعه نمونه دوم [Fek04]..... ۷۰
- جدول ۴-۵ - مجموعه داده تست سوم [Bea04]..... ۷۱
- جدول ۴-۶ - مشخصات روشهای مورد مقایسه..... ۷۴
- جدول ۴-۷ - مقایسه نتایج بدست آمده از پیاده سازی روش MPG..... ۷۶
- جدول ۴-۸ - تنظیمات پارامترهای الگوریتم..... ۷۷
- جدول ۴-۹ - تعداد افراد غیرتصادفی در جمعیت ابتدایی..... ۷۸
- جدول ۴-۱۰ - تاثیر کارایی افراد غیرتصادفی در جمعیت ابتدایی..... ۸۰
- جدول ۴-۱۱ - تاثیر افزودن نمایش پیشنهادی به الگوریتم پایه..... ۸۱
- جدول ۴-۱۲ - نتایج ارزیابی کارایی توابع کارایی مختلف..... ۸۷
- جدول ۴-۱۳ - جدول تغییرات وضعیت ژن‌ها..... ۸۹
- جدول ۴-۱۴ - درصد انحراف از جواب بهینه / کران بالا..... ۹۲
- جدول ۴-۱۵ - ارزیابی روی مجموعه داده اول..... ۹۳
- جدول ۴-۱۶ - ارزیابی روی داده‌های تصادفی بزرگ (درصد انحراف از کران بالا)..... ۹۵
- جدول ۴-۱۷ - ارزیابی روی داده‌های بدون فضای خالی (مجموعه سوم)..... ۹۷
- جدول ۴-۱۸ - ارزیابی روی داده‌های مقید (مجموعه چهارم)..... ۹۹
- جدول ۴-۱۹ - مقایسه تفاضلی روش NGA و روشهای اخیر روی مجموعه C21..... ۱۰۱
- جدول ۴-۲۰ - مقایسه تفاضلی روش NGA و روشهای اخیر روی مجموعه N..... ۱۰۴
- جدول ۴-۲۱ - مقایسه NGA و سایر روشها برای برش نوار روی مجموعه C21..... ۱۰۹
- جدول ۴-۲۲ - مقایسه NGA و سایر روشها برای برش نوار روی مجموعه N..... ۱۱۱
- ادامه جدول ۴-۲۳ مقایسه NGA و سایر روشها برای برش نوار روی مجموعه N..... ۱۱۳

- جدول ۴-۲۴- ارزیابی با مجوز چرخش ۹۰ درجه روی مجموعه اول..... ۱۱۵
- جدول ۴-۲۵- مقایسه زمانی روش NGA و روش HSA روی مجموعه C21..... ۱۱۷
- جدول ۴-۲۶- مقایسه زمانی روش NGA و روش HSA روی مجموعه N..... ۱۱۸



**فهرست علائم و اختصارات**

BL	Bottom Left
LB	Left Bottom
RTPS	Rrctangle Type Packing Sequence
ERS	Empty Rectangular Space
GA	Genetic Algorithm
PFF	Proposed Fitness Function
SA	Simulated Annaling

# فصل اول:

## مقدمه

## ۱-۱- مقدمه

مسئله بسته‌بندی دوبعدی یک مسئله NP-complete است [Fow81]. با توجه به نیاز صنعت به حل مسایل پیچیده توسط رایانه، بر این تلاشیم تا در این رساله به بهبود یکی از مشکلات صنعت که بسته‌بندی دو بعدی است پردازیم.

در این فصل، در بخش ۱-۲ به تعریف مسئله پرداخته می‌شود و در بخش ۱-۳ انواع دسته بندی‌های مطرح در زمینه بسته‌بندی بیان می‌شوند. مروری بر الگوریتم ژنتیک در بخش ۱-۴ بیان می‌شود و در بخش ۱-۵ الگوریتم ژنتیک نش مطرح شده است. در بخش ۱-۶ مقدمه‌ای بر برنامه نویسی Open MP آورده شده است. ساختار سایر فصل‌های تحقیق در بخش ۱-۷ را معرفی می‌کند.

## ۱-۲- تعریف مسئله

در مسئله بسته‌بندی دوبعدی (یا برش دوبعدی) یک مستطیل بزرگ با ابعاد  $(H, W)$  را بوسیله  $n$  نوع از مستطیل‌های کوچکتر با ابعاد  $(h_i, w_i \text{ for } i=1..n)$  پر می‌کنیم - یا برش می‌زنیم - مستطیل‌های کوچک نمی‌توانند همپوشانی داشته باشند و هر نوع مستطیل ارزشی برابر با  $v_i$  دارد که معمولاً برابر با مساحت آن مستطیل است. از آنجایی که در این مسئله ممکن است گوشه‌ای از مستطیل بزرگ بلااستفاده بماند، هدف حداکثر کردن ارزش قرار گرفته در مستطیل بزرگ یا حداقل کردن فضای از دست رفته می‌باشد. یعنی تابع هدف در این مسئله بصورت زیر تعریف می‌شود.

$$\text{Max} \sum_{i=1}^n v_i x_i \quad (1-1)$$

که  $x_i$  تعداد مستطیل نوع  $i$ ام است که در بسته‌بندی استفاده شده است. که این تعداد باید بین یک حداقل  $P_i$  (حداقل تعداد مستطیل‌های نوع  $i$ ام) و حداکثر  $Q_i$  (حداکثر تعداد مستطیل‌های نوع  $i$ ام) باشد.

$$0 \leq P_i \leq x_i \leq Q_i \quad (2-1)$$

### ۱-۲-۱ - محاسبه کران بالای

در این مساله دو نوع داده تست وجود دارد که یک نوع داده‌های بدون فضای خالی هستند که کران بالای آنها برابر با مساحت مستطیل پایه می‌باشد. نوع دوم که بیشتر به مسایل دنیای واقعی نیز هست مساحت مستطیل‌های کوچک مطابق با مستطیل پایه نمی‌باشد و در اکثر موارد بیشتر است. در نتیجه عموماً مقداری از فضای مستطیل پایه ممکن است از دست برود. در نتیجه برای محاسبه کران بالای ارزش (مساحت) قابل استفاده از مستطیل پایه از رابطه زیر استفاده می‌شود. در این رابطه فرض شده است که حداقل‌ها رعایت شده‌اند؛ لذا تعداد  $P_i$  تا از هر نوع مستطیل حتماً در بسته‌بندی وجود دارد. در این رابطه  $x_i$  نشان دهنده تعداد مستطیل‌های نوع  $i$ ام است (به غیر از تعداد مربوط به شروط حداقلی).

$$\begin{aligned} \max \quad & \sum_{i=1}^n v_i x_i + \sum_{i=1}^n v_i P_i \\ \text{subject to} \quad & \sum_{i=1}^n (w_i \cdot h_i) x_i \leq W \cdot H - \sum_{i=1}^n (w_i \cdot h_i) P_i \\ & x_i \leq Q_i - P_i, \quad i = 1, \dots, n, \\ & x_i \geq 0, \quad \text{integer}, \quad i = 1, \dots, n. \end{aligned} \quad (3-1)$$

### ۱-۳-۱ - انواع دسته بندی

این مساله جهات مختلف به صورت زیر دسته‌بندی می‌شود:

#### ۱-۳-۱-۱ - قید پذیری

بر اساس تعریف [Wäs07] بسته به مقادیر  $Q_i$  و  $P_i$ ، این مساله به سه دسته متفاوت تبدیل می‌شود. بدون قید<sup>۱</sup>: در این حالت بسته‌بندی می‌تواند شامل انواع مستطیل‌های مختلف باشد، بعبارتی تعداد مستطیل‌های مختلف بی‌نهایت (تعداد لازم جهت پرکردن بسته) می‌باشد. همچنین محدودیتی در عدم استفاده از برخی از انواع مستطیل‌ها نیست (شکل ۱-۱-۱-b)

<sup>۱</sup> Unconstrain