

# 基于遗传算法的舰船装载方案优化

徐清华, 宋剑

中国人民解放军91976部队, 广州 510430

**摘要** 两栖舰船装载是实施两栖作战的基本保障, 装载方案的优劣直接影响两栖兵力投送效率, 甚至影响两栖作战的进程和成败。为解决两栖舰船装载方案优化问题, 通过构建两栖舰船装载空间描述模型和装载对象描述模型, 运用图论理论引入装载点概念, 制定最优装载点选择规则和装载方案优化目标及约束条件, 运用遗传算法理论解算装载方案的优化模型, 可以实现装载方案的优化, 解决部队两栖舰船科学装载的问题。

**关键词** 装载方案; 两栖舰船; 遗传算法

两栖舰船装载方案是依据两栖作战任务, 在特定登陆地域、登陆时间和登陆顺序条件下, 将两栖车辆科学配载在指定输送舰船上的方案<sup>[1]</sup>。装载方案的优劣将直接影响输送舰船的类型和数量需求, 影响两栖作战兵力输送效率, 甚至影响两栖作战的进程和成败。

## 1 舰船装载方案优化方法

部队在制定两栖舰船装载方案时, 通常采用经验与估算相结合的方法进行, 对装载方案的优劣缺乏有效的评估方法, 也缺乏一套科学装载规则和优化方法, 从而制约了部队大规模兵力输送的军事效能发挥。

两栖舰船装载方案实际上是两栖车辆在两栖舰船上的布列问题, 通常不考虑叠放情况下两栖舰船舱室面积, 利用率最高为目标, 本质上是二维排

样问题, 属于优化组合范畴。二维排样是在一定的约束条件下, 求解出一个布列方案, 可以使不同形状和数量的图形以一个优化的摆放方式放置于排样空间上<sup>[2]</sup>。陈仕军等<sup>[3]</sup>运用快速高效的启发式排放算法对二维排样问题进行研究, 取得较高的排样率, Sato 等<sup>[4]</sup>采用组合优化的思想提出了一种新的方法来解决二维不规则排样问题, 在解决较二维布列问题时体现一定优势, 但对大规模矩形排样效率还有一定局限性。本研究通过引入装载点的概念, 构建舰船装载规则模型和装载方案优化模型, 并运用遗传算法解算装载方案优化模型, 从而达到两栖舰船装载方案优化的目标。

## 2 装载实体描述

### 2.1 舰船装载空间描述

两栖舰船装载空间受设计制约很难确保形状

收稿日期: 2020-04-22; 修回日期: 2020-09-14

作者简介: 徐清华, 副教授, 研究方向为兵种战术, 电子信箱: jane0423@163.com

引用格式: 徐清华, 宋剑. 基于遗传算法的舰船装载方案优化研究[J]. 科技导报, 2020, 38(21): 110-117; doi: 10.3981/j.issn.1000-7857.2020.21.014

的规则,可将闭合装载平面简化为由多条直线段依次连接构成的闭合平面,图1是某型舰船装载舱室的

的平面简化结构图。



图1 某型舰船装载空间平面结构

1) 坐标系构建。

构建直角坐标系,通常将装载舰船首尾方向中轴线平行于X坐标轴,先装载部位与Y轴靠齐(不同舰船装载方法不同,其装载顺序也不一样,但要求先装载部位靠近X轴、Y轴)。

2) 舰船装载空间描述。

设某型舰船有k个装载空间,分别为 $d[1], d[2], \dots, d[k]$ ;每个装载空间 $d[j](j = 1, 2, \dots, k)$ 的装载平面由 $l_j$ 条线段 $a_1, a_2, \dots, a_{l_j}$ 依顺序连接而成,以最接近坐标原点 $O(0,0)$ 的线段的左端点记为连接线的起点 $p_1$ ,按照逆时针方向,依次定义各线段连接点为 $p_2, p_3, \dots, p_{l_j}$ ,则 $sty_{d[j]}$ 表示 $d[j]$ 的舱室类型, $s_{d[j]}$ 表示 $d[j]$ 的可装载面积, $g_{d[j]}$ 表示 $d[j]$ 的最大可装载重量, $h_{d[j]}$ 表示 $d[j]$ 的最大可装载高度, $x_{d[j]p_r}$ 表示 $p_r$ 点横坐标, $y_{d[j]p_r}$ 表示 $p_r$ 点纵坐标, $num_{d[j]p_r}$ 表示 $p_r$ 点编号。

2.2 装载对象描述

为简化被装载对象,通常将被装载对象描述为一密闭的长方体(图2(a))。在计算装载车辆时,在每辆车的长、宽方向上加适当的间隙 $\Delta L, \Delta W$ ,以免相互间发生碰撞(图2(b))。图2中: $H_0$ 表示车辆高度, $L_0$ 表示车辆长度, $W_0$ 表示车辆宽度, $L$ 表示车辆装载长度, $W$ 表示车辆装载宽度,0~5数字表示第0~5装载点。假设某型舰船某个装载空间能够装载n个装备,每个装备的装载属性表示为: $L^j$ 表示装备j装载长度, $W^j$ 表示装备j装载宽度, $H^j$ 表示装备j装载高度, $num_0^j$ 表示装备j的原始编号, $num_r^j$ 表示装备j的装载编号为r(表示装备j第r个装载), $state^j$ 为装备j的装载状态(若 $state^j = 0$ 表

示没有装载,若 $state^j = 1$ 表示已装载)。

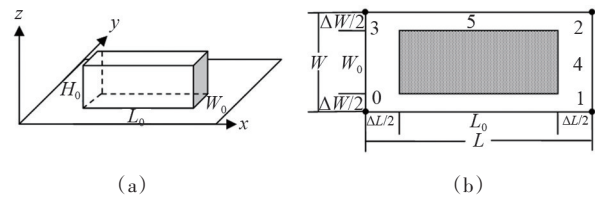


图2 装载装备立体示意图(a)和装载装备平面示意图(b)

3 装载规则建模

3.1 装载点定义

定义装载车辆的4个角为“可装载点”,左下角为第0可装载点,逆时针依次定义为第1、2、3可装载点<sup>[5]</sup>。(1) 首个装备装载点为装载装备第0个可装载点距离坐标原点 $O(0,0)$ 最近距离坐标,通常装载车辆左下角与坐标原点重合(图3(a))。(2) 当选择已放入装备的第1可装载点为装载点时,则装载点的横坐标为该装备的最大横坐标,装载点的纵坐标为该装备的最小纵坐标。当选择装备3的第1可装载点为装载点时,装载点横坐标为装备3最大横坐标,装载点纵坐标为装备3最小纵坐标(图3(b))。(3) 当选择已放入装备的第3可装载点为装载点时,则装载点的横坐标为该装备的最小横坐标,装载点的纵坐标为该装备的最大纵坐标(图3(c)),当选择装备3的第3可装载点为装载点时,装载点横坐标为装备3最小横坐标,装载点纵坐标为装备3最大纵坐标(图3(d))。(4) 当选择已放入装备的第1、2可装载点的延长线投影在某装备上,则该投影点为第5可装载点,装载点的横坐标为该装

备的最大横坐标, 装载点的纵坐标为投影点装备的最大纵坐标(图 3(e))。当装备 3 的第 1、2 可装载点的延长线投影到装备 1 时, 装载点横坐标为装备

3 最大横坐标, 装载点纵坐标为装备 3 最大纵坐标, 如果投影点在 X 轴上, 则该投影点为第 4 可装载点, 投影点纵坐标为 0(图 3(f))。

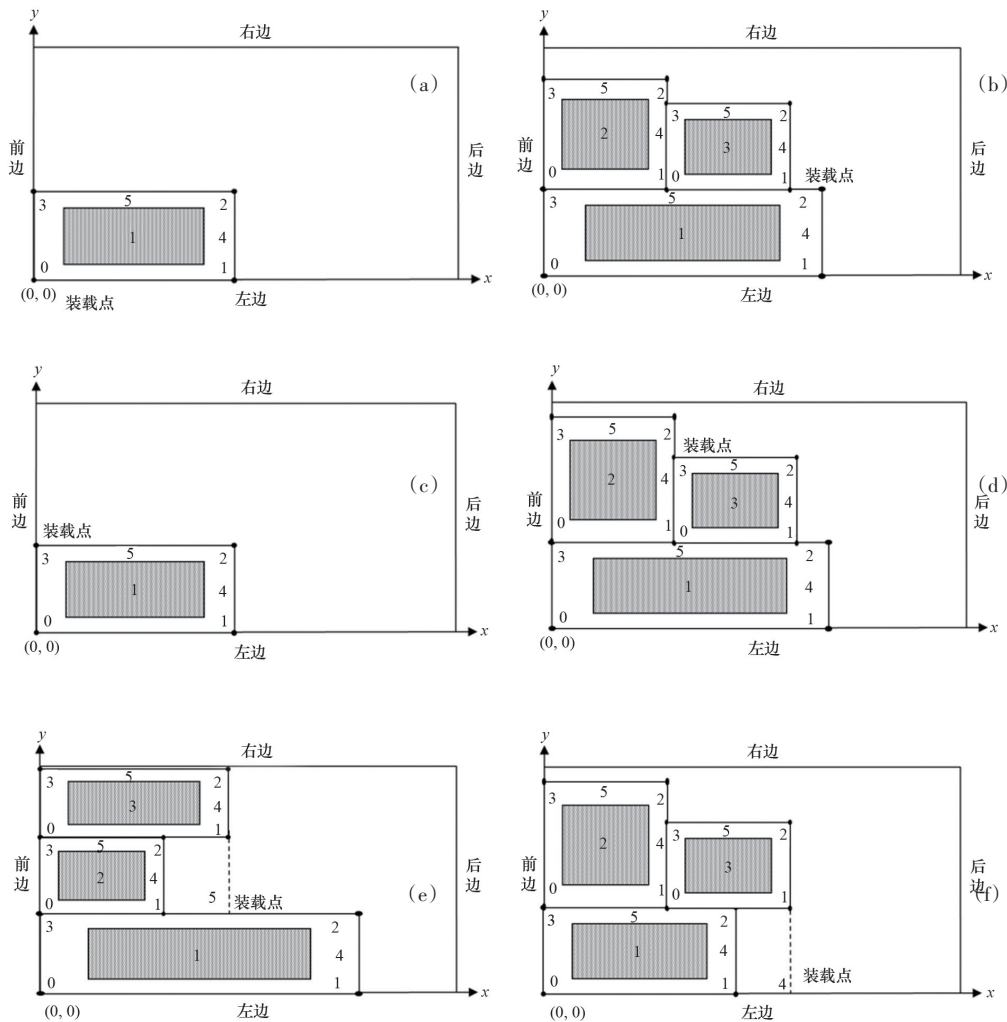


图 3 装载点定义示意

### 3.2 装载点空间长度与空间宽度定义

装载点的空间长度是指装载点向 X 轴正方向投影到最近装备或舱室“后边”边界的距离(图 4(a)); 装载点的空间宽度是指装载点向 Y 轴正方向投影到最近装备或舱室“右边”边界的距离(图 4(b))。

### 3.3 装载规则

随着装入舱室的装备数量的增加, 可选的装载点也将越来越多, 科学制定装载点选择规则是优化装载方案关键。(1) 无论选择任何装载点, 装备与

装备之间不可以叠放;(2) 优先选择纵坐标值大的装载点;(3) 如果装载点的纵坐标值相等, 那么优先选择横坐标值较小的装载点;(4) 如果某装备沿 Y 轴方向可移动, 装载装备尽量移动到接触面大的位置(图 5)。

### 3.4 装载点选择模型构建

装载点选择是在已经被装载装备中序号为 0~5 的 6 个可待选装载点中产生。首先将装载装备的 6 个点进行描述, 以装备第 0 个装载点为原点建立坐标系, 则第 j 个装备可选装载点描述为:  $x_0^j(k)$  表

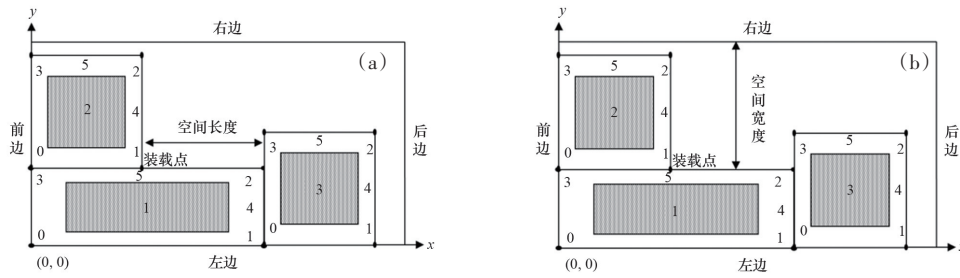


图4 装载空间长度示意(a)和装载空间宽度示意(b)

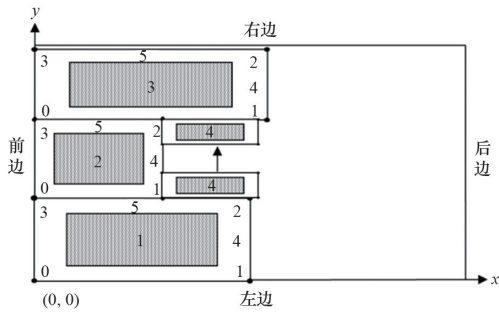


图5 装载规则示意

示装备  $j$  的第  $k$  个装载点的横坐标,  $y_0^j(k)$  表示装备  $j$  的第  $k$  个装载点的纵坐标,  $num_0^j(k)$  表示装备  $j$  的第  $k$  个装载点的原始编号;  $num_r^j(k)$  表示装备  $j$  的第  $k$  个装载点的装载编号为  $r$ ;  $state^j(k)$  表示装备  $j$  的第  $k$  个装载点的使用状态(若  $state^j(k) = 0$  为没有被选用,  $state^j(k) = 1$  表示被选用);  $W^j(k)$  为装备  $j$  的第  $k$  个装载点空间宽度;  $L^j(k)$  为装备  $j$  的第  $k$  个装载点空间长度。

#### 4 基于遗传算法装载方案优化模型构建

制定装载方案需要解决3个问题:(1) 确定装载装备的数量和类型;(2) 确定装备在装载过程中的装载位置;(3) 确定装备在装载过程中的装载顺序。只要以上3个问题都能满足舰船装载要求,表明这个装载方案是可行的,但要实现装载方案的优化,就必须在满足装载约束条件下,提高优化的目标函数值,也称适应值函数,适应值越大,表明装载方案越好,论文采用遗传算法理论解决装载方案的优化问题<sup>[6]</sup>,其装载方案优化解算流程如图6所示。

#### 4.1 问题编码

装载数量和装载顺序在问题编码中实现。首先将待装载装备按照  $1 \sim n$  自然数进行编号。然后对  $1 \sim n$  自然数进行随机排列,则得到一组长为  $n$  的自然数,这组自然数的自然顺序即为装备的装载顺序<sup>[7]</sup>,也就是一个待装载方案,比如  $(4, 2, 3, 1)$  表示装备4第1个装载,装备2第2个装载,装备3第3个装载,装备1第4个装载,共有4个待装载装备。

$num_0^j = j; j = 1, 2, \dots, n, num_0^j$  表示装备  $j$  的原始编号。

$I_0 = \{ num_0^1, num_0^2, \dots, num_0^n \} = \{ 1, 2, \dots, n \}, I_0$  表示装备按照自然数进行排序。

$I = \{ num_r^1, num_r^2, \dots, num_r^n \}, I$  表示将  $1 \sim n$  自然数随机排序(个体编码),  $num_r^j$  表示装备  $j$  的装载编号为  $r$ (表示装备  $j$  第  $r$  个装载)。

#### 4.2 问题解码

解码过程就是确定待装载装备装载空间位置过程。即将待装载装备按照编码中的装载顺序及装载规则放置在装载空间中。解码过程要解决2个问题。(1) 依据装载规则按照装载顺序确定装载点,并记录选择装载点的编号和位置。  $num_r^j(k)$  表示装备  $j$  的第  $k$  个装载点的装载编号为  $r, x_0^j(k)$  表示装备  $j$  的第  $k$  个装载点的横坐标,  $y_0^j(k)$  表示装备  $j$  的第  $k$  个装载点的纵坐标 ( $k = 0, 1, 2, 3, 4, 5$ )。(2) 确定装载点后,判断该装备能否合理装载,如果能够装载,则该装备的装载标志为1,否则为0,并将标志为0的装备待装载顺序排在最后一位。判断待选装备能够合理装载的条件是装载空间长度和装载空间宽度满足要求:如果  $i$  装备的装载长度和宽度小于或等于  $i$  装备在  $j$  装备的第  $k$  个装载点装载空

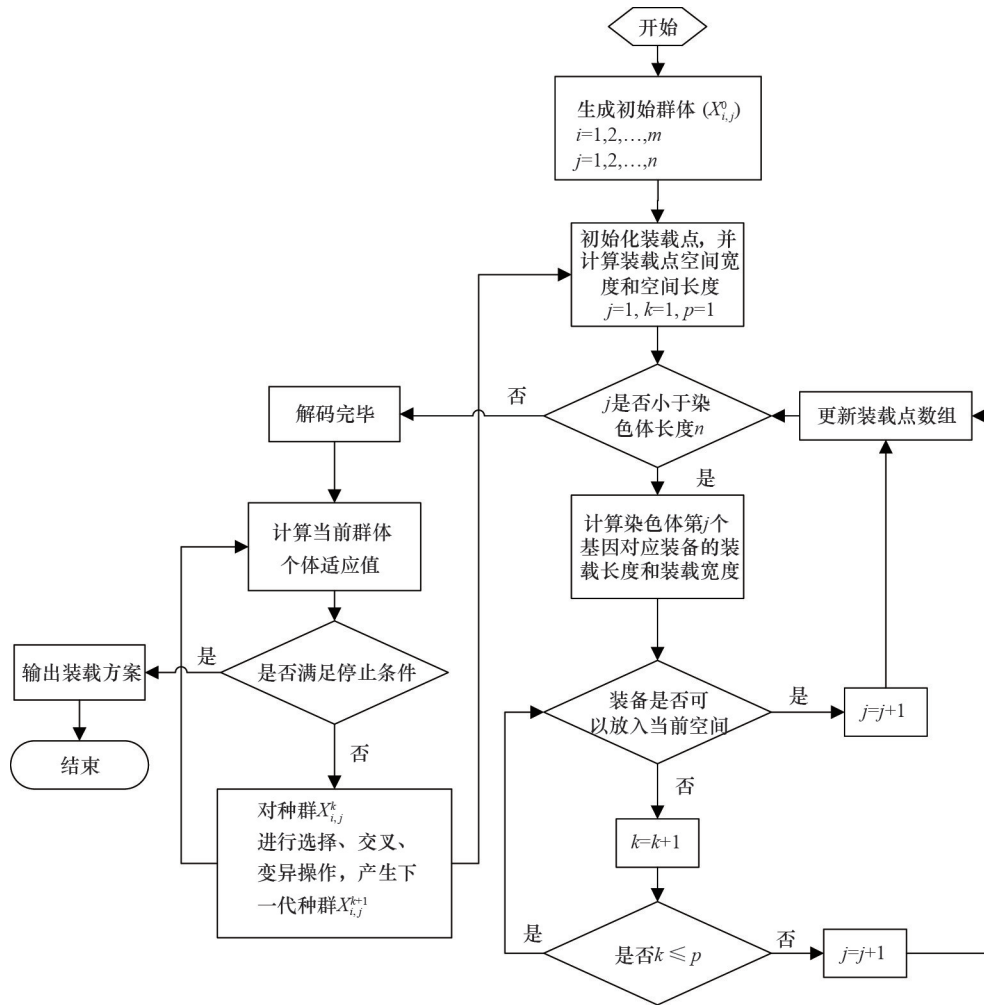


图6 装载方案优化解算流程

间长度和宽度,即  $W^i \leq W^j(k) \ \&\& \ L^i \leq L^j(k)$ , 则  $i$  装备能够合理装载, 并输出  $i$  装备第  $k$  个装载点的横坐标和纵坐标,  $i$  装备的装载状态为 1, 即  $x^i = x_0^j(k), x^i = x_0^j(k), state^i = 1, state^i(k) = 1$ , 否则  $state^i = 0, state^i(k) = 0$ , 并将状态为 0 的装备装载编号置为最后一个装载编号, 即  $num^i = n$ , 其他待装载装备顺序往前移一位。

### 4.3 生成初始群体

初始群体每个染色体的产生通过编码方式产生, 由计算机随机产生  $1 \sim n$  之间的自然数。一个个体(染色体)表示一个待装载方案, 个体长度表示待装载装备的数量, 个体中的基因值表示该装备的装载顺序。

$$P_m^0 = [X_{ij}^0]_{m \times n} = [Prand(i, j, m, n)]_{m \times n} \quad (1)$$

式中,  $P_m^0$  表示初始化装载方案种群,  $m$  为种群数,  $n$  表示个体基因长度, 即待装载装备数量;  $X_{ij}^0$  为第 0 代种群中第  $i$  个个体第  $j$  个基因值, 即第  $i$  个待装载方案中第  $j$  个装备的装载顺序;  $i$  为第  $i$  个个体;  $j$  为第  $j$  个基因;  $Prand(i, j, m, n)$  为第  $i$  个个体中第  $j$  个染色体值。首先产生每行由  $1 \sim n$  随机排列自然数组成的  $m \times n$  矩阵。函数值为矩阵第  $i$  行、第  $j$  列值。

例如, 种群数  $m$  为 5, 个体基因长度  $n$  为 10 的种群初始化可表示为(即 10 个装备有 5 种装载方案)

$$P = \begin{pmatrix} 3 & 4 & 5 & 1 & 6 & 2 & 7 & 9 & 10 & 8 \\ 9 & 2 & 4 & 3 & 8 & 10 & 1 & 5 & 6 & 7 \\ 7 & 9 & 3 & 5 & 2 & 1 & 6 & 10 & 8 & 4 \\ 4 & 9 & 10 & 6 & 5 & 3 & 1 & 8 & 2 & 7 \\ 6 & 8 & 4 & 3 & 1 & 10 & 2 & 5 & 7 & 9 \end{pmatrix}$$

#### 4.4 约束条件设计

舰船装载过程中必须满足一定的装载规则,也就是约束条件。(1) 装备在装载过程中不考虑叠装情况;(2) 装备的摆放方向应平行于舰艏向,不考虑斜放或是横向停放的情况;(3) 每个装备的长、宽方向上加适当的间隙;(4) 装备装载的总重量不能超过舰船最大载重量;(5) 装备装载占用的空间不能超过舰船各舱室最大装载空间;(6) 装备摆放位置要保证舰船稳性要求。

设  $S$  为某船舱的最大可用面积,  $s_j$  为待装载装备  $j$  所需的配载面积,  $G$  为船舱最大装载质量,  $g_i$  为待装载装备  $j$  的重量,  $x_j$  为  $j$  装备横坐标,  $y_j$  为  $j$  装备纵坐标,  $n$  为待装载的装备总数, 待运装备的类型数为  $r$ ,  $n_j$  各型装备的数量,  $N$  为已装入装备的总数量,  $N_j$  为各型已装载装备的数量。

(1) 已装载装备数量

$$N = \sum_{j=1}^r N_j \quad (2)$$

(2) 待装载装备数量

$$n = \sum_{j=1}^r n_j \quad (3)$$

(3) 船舱面积利用率

$$space() = \left( \sum_{i=1}^N s_i \right) / S \quad (4)$$

(4) 船舱载重量利用率

$$weight() = \left( \sum_{i=1}^N g_i \right) / G \quad (5)$$

(5) 舰船稳性

$$stability() = GM(g_i, x_i, y_i, N) \quad (6)$$

舰船装载约束条件

$$\text{s. t.} \begin{cases} \sum_{j=1}^r N_j \leq \sum_{j=1}^r n_j \\ \sum_{j=1}^N s_j \leq \sum_{j=1}^k s_{d[j]} \\ \sum_{j=1}^N g_j \leq G \\ GM(g_j, x_j, y_j, N) > C_{GM} \end{cases} \quad (7)$$

式中,  $s_{d[j]}$  表示装载空间  $d[j]$  的装载面积;  $g_{d[j]}$  表示装载空间  $d[j]$  的装载重量;  $C_{GM}$  为该型船满足稳

性要求的最小值。

#### 4.5 适应值函数的设计

遗传算法在搜索进化过程中一般不需要其他外部信息, 仅用评估函数来评估个体或解的优劣, 并作为以后遗传操作的依据。评估函数又称适应值(fitness)。适应值函数是根据目标函数确定的, 其值总是非负数, 适应值越大说明装载方案越优化<sup>[8]</sup>。

$$fitness = k_1 \times space() + k_2 \times weight() + k_3 \times stability() \quad (8)$$

式中,  $k_1$ 、 $k_2$ 、 $k_3$  为装载空间、装载重量与舰船稳性对装载方案评价目标函数的权重, 3 个值和为 1。

通常在作战舰艇装载过程中, 装载重量对舰艇超载影响非常小, 一般都不需要考虑, 即  $k_2=0$ , 当使用商船装载时, 装载重量也是衡量装载效率的重要指标。

#### 4.6 遗传操作

遗传算法的执行过程中, 每一代有许多不同的染色体(个体)同时存在, 这些染色体中哪个保留, 哪个淘汰是根据它们对环境的适应能力决定的, 适应性强的有更多的机会保留下来, 主要遗传操作有选择、交叉和变异<sup>[9]</sup>。

1) 选择操作。

根据舰艇装载方案选择需要, 根据适应值的大小对群体中个体排序, 再采用轮盘赌选择方法选择复制个体, 同时为了保存优良个体加快算法收敛性, 采用精英保存方法直接将当代种群中最优个体直接复制至下一代<sup>[10]</sup>。设种群大小为  $m$ , 个体  $i$  的适应值为  $f_i$ , 则  $i$  个体被选择的概率为  $p_s$ 。

$$p_s = f_i / \sum_{j=1}^m f_j \quad (9)$$

2) 交叉操作。

由于同一个装备不可能装载两次, 因此同一个体的基因值不可以相等, 采用以下 3 步实现个体的交叉操作: 首先, 在新复制的群体中随机选择 2 个个体(个体  $r_1$ 、 $r_2$ ) 作为交叉操作对象; 其次, 在这 2 个个体中随机选定 2 个交叉点( $\lambda_1$ 、 $\lambda_2$ , 指同一个体 2 个交叉点, 2 个个体交叉点选择相同); 最后, 将选择的整段基因值交叉互换放在个体的最前面, 并将

剩下的基因排在交叉后基因的后面,如果后面出现了与前面相同的基因则直接删除,直至产生2个长度为 $n$ 的新个体。

(1) 选择交叉的2个个体。

$r_1 = \text{int}[\text{rand}(0,1)(m-1)] + 1$  (取 $1 \sim m$ 之间的随机整数, $m$ 为种群数)。

$r_2 = \text{int}[\text{rand}(0,1)(m-1)] + 1$  (取 $1 \sim m$ 之间的随机整数, $m$ 为种群数)。

$$P = \begin{pmatrix} 3 & 4 & 5 & 1 & 6 & 2 & 7 & 9 & 10 & 8 \\ 9 & 2 & \boxed{4} & \boxed{3} & \boxed{8} & \boxed{10} & 1 & 5 & 6 & 7 \\ 7 & 9 & 3 & 5 & 2 & 1 & 6 & 10 & 8 & 4 \\ 4 & 9 & \boxed{10} & \boxed{6} & \boxed{5} & \boxed{3} & 1 & 8 & 2 & 7 \\ 6 & 8 & 4 & 3 & 1 & 10 & 2 & 5 & 7 & 9 \end{pmatrix} \Rightarrow P' = \begin{pmatrix} 3 & 4 & 5 & 1 & 6 & 2 & 7 & 9 & 10 & 8 \\ \boxed{10} & \boxed{6} & \boxed{5} & \boxed{3} & 9 & 2 & 4 & 3 & 8 & 10 & 1 & 5 & 6 & 7 \\ 7 & 9 & 3 & 5 & 2 & 1 & 6 & 10 & 8 & 4 \\ \boxed{4} & \boxed{3} & \boxed{8} & \boxed{10} & 4 & 9 & 10 & 6 & 5 & 3 & 1 & 8 & 2 & 7 \\ 6 & 8 & 4 & 3 & 1 & 10 & 2 & 5 & 7 & 9 \end{pmatrix} \Rightarrow P'' = \begin{pmatrix} 3 & 4 & 5 & 1 & 6 & 2 & 7 & 9 & 10 & 8 \\ 10 & 6 & 5 & 3 & 9 & 2 & 4 & 8 & 1 & 7 \\ 5 & 2 & 1 & 6 & 7 & 9 & 3 & 10 & 8 & 4 \\ 4 & 3 & 8 & 10 & 9 & 6 & 1 & 8 & 2 & 7 \\ 6 & 8 & 4 & 3 & 1 & 10 & 2 & 5 & 7 & 9 \end{pmatrix}$$

图7 交叉操作

3) 变异操作。

染色体变异操作分3步进行:首先,在新复制的群体中随机选取1个个体;其次,在这个个体中

(2) 选定个体交差的开始点后结束点。

$\lambda_1 = \text{int}[\text{rand}(0,1)(n-2)] + 2$  (取 $2 \sim n$ 之间的随机整数, $n$ 为个体长度)。

$\lambda_2 = \lambda + \text{int}[\text{rand}(0,1)(n-\lambda)]$  (取 $\lambda \sim n$ 之间的随机整数, $n$ 为个体长度)。

例如,当 $\gamma_1=2, \gamma_2=4, \lambda_1=3, \lambda_2=6$ 时, $P$ 种群交叉后产生新的种群为 $P''$ (图7)。

随机选择一个变异基因加1操作,并将该数取 $n$ 的余数;最后,在该个体中找出相同基因值基因减1操作。对个体 $X_{ij}^k$ 执行变异操作(图8)。

$$P = \begin{pmatrix} 3 & 4 & 5 & 1 & 6 & 2 & 7 & 9 & 10 & 8 \\ 9 & 2 & 4 & 3 & 8 & 10 & 1 & 5 & 6 & 7 \\ 7 & 9 & 3 & 5 & 2 & 1 & 6 & 10 & 8 & 4 \\ \boxed{4} & 9 & 10 & 6 & 5 & \boxed{3} & 1 & 8 & 2 & 7 \\ 6 & 8 & 4 & 3 & 1 & 10 & 2 & 5 & 7 & 9 \end{pmatrix} \Rightarrow P' = \begin{pmatrix} 3 & 4 & 5 & 1 & 6 & 2 & 7 & 9 & 10 & 8 \\ 9 & 2 & 4 & 3 & 8 & 10 & 1 & 5 & 6 & 7 \\ 5 & 2 & 1 & 6 & 7 & 9 & 3 & 10 & 8 & 4 \\ \boxed{3} & 9 & 10 & 6 & 5 & \boxed{4} & 1 & 8 & 2 & 7 \\ 6 & 8 & 4 & 3 & 1 & 10 & 2 & 5 & 7 & 9 \end{pmatrix}$$

图8 变异操作

(1) 从种群中确定交叉个体序号: $\gamma = \text{int}[\text{rand}(0,1)(m-1)] + 1$  (取 $1 \sim m$ 之间的随机整数, $m$ 为种群数)。

(2) 从个体中确定变异基因序号: $\lambda = \text{int}[\text{rand}(0,1)(n-1)] + 1$  (取 $1 \sim n$ 之间的随机整数, $n$ 为个体长度)。

(3)  $X_{r,\lambda}^k = X_{r,\lambda}^k + 1$ 。

(4) 遍历整个个体基因值,若 $X_{r,\lambda'}^k = X_{r,\lambda}^k + 1$ ,则 $X_{r,\lambda'}^k = X_{r,\lambda'}^k - 1$ 。

例如,当 $\gamma=4, \lambda=6, \lambda'=1$ 时, $P$ 种群变异后产生新的种群为 $P'$ 。

4) 控制参数和停止准则。

控制参数的选取对遗传算法的影响很大,要想得到遗传算法的最优性能,需要经过针对具体问题的多次实验,才能确定最优参数的设置<sup>[1]</sup>。分析装

备装载问题的特性,推荐控制参数取值范围是:群体规模为200,交叉概率 $P_c$ 为0.1~0.8,变异概率 $P_m$ 为0.01~0.2。停止准则采用个体数目边界法。当算法计算的个体数目达到或超过某一边界值后停止算法。

5) 算例。

假设有4种A、B、C、D型号两栖车需要装载在某型舰船的大舱里,大舱长80 m、宽20 m、高8 m、该船最大载重2000 t,两栖车辆性能参数如图9所示,要求所有两栖车辆车头方向与舰首方向平行,每型车辆最多可配置20辆,不考虑车辆叠放。使用遗传算法进行仿真,遗传算法设置参数为:种群大小100、交叉概率0.9、变异概率0.1、仿真迭代次数200、面积权重0.6、载重权重0.3、稳性权重0.1。通过C++工具解算模型结果,得出优化装载方案

为:A型车 20辆、B型车 20辆、C型车 12辆、D型车 8辆,载重使用率0.773、面积使用率0.935,满足舰艇装载配置优化需求(图9)。

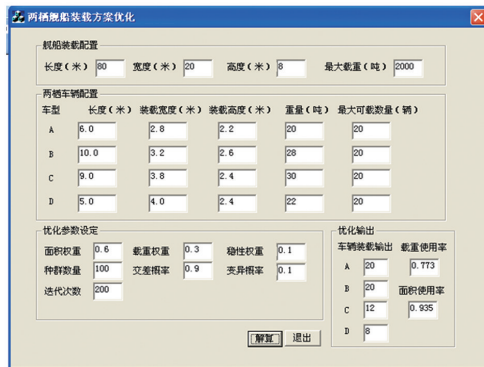


图9 演示界面

## 5 结论

两栖舰船装载方案拟制是两栖作战军事筹划的重要工作,方案的优劣直接影响两栖装备的输送效率。运用图论理论构建两栖舰船装载空间模型、被输送两栖车辆实体模型,从实战要求出发构建装载规则及方案优化模型,并通过遗传算法全局搜索优点解算装载优化模型,为快速生成优化装载方案提供可操作性强的理论方法,该方法的应用解决了部队制定装载方案过程中面临的优化算法问题,对提高部队兵力输送效率具有重要意义。

## Embarkation scheme optimization of amphibious transport ships based on genetic algorithm

XU Qinghua, SONG Jian

No. 91976 of Chinese People's Liberation Army, Guangzhou 510430, China

**Abstract** Amphibious ship loading is the basic guarantee of amphibious operation. Loading scheme directly affects the efficiency of amphibious force delivery and even affects the process and success of amphibious operation. To optimize the embarkation for amphibious transport ships, we establish descriptive models for transport ships loading space and loading objects. Then we apply graph theory introduce the concept of gatehead, make optimal gateheads selection rules, and set up embarkation scheme optimization objectives and constraint conditions. Finally, we use genetic algorithm to work out the embarkation scheme optimization models which realize the embarkation scheme optimization objectives.

**Keywords** embarkation scheme; amphibious transport ships; genetic algorithm ●



(责任编辑 徐丽娇)

## 参考文献 (References)

- [1] 陈兆仁, 刘宝新. 水路军事运输[M]. 天津: 军事交通学院, 2003: 119-120.
- [2] 黄少丽, 杨剑, 侯桂玉, 等. 解决二维下料问题的顺序启发式算法[J]. 计算机工程与应用, 2011, 47(13): 234-237.
- [3] 陈仕军, 曹炬. 矩形件优化排样的一种启发式算法[J]. 计算机工程与应用, 2010, 46(12): 230-231.
- [4] Sato A K, Takimoto R Y, Martins T D C, et al. Translational placement using simulated annealing and collision free region with parallel processing[C]//IEEE/IAS International Conference on Industry Applications. Sao Paulo: IEEE, 2010: 1-6.
- [5] 韦广银, 孔千, 刘中, 等. 基于最优装载点的混合遗传算法在军事装备船舶配载中的应用[J]. 军事交通学院学报, 2009(4): 22-25.
- [6] 单宇哈. 大型水面舰船军用车辆布列和调度方法研究[D]. 哈尔滨: 哈尔滨工程大学, 2019.
- [7] 马康, 高尚. 分布估计算法求解矩形件排样优化问题[J]. 电子设计工程, 2017, 25(2): 49-54.
- [8] 于金, 金乐, 杜海璐. 基于改进遗传算法的集装箱装载优化问题研究[J]. 船海工程, 2008(10): 140-141.
- [9] 徐清华, 李中良, 沈闽峰, 等. 基于遗传算法反舰导弹航路规划研究[J]. 火力与指挥控制, 2008(12): 60-61.
- [10] 李敏强. 遗传算法的基本理论与应用[M]. 北京: 科学出版社, 2003: 175-176.
- [11] 王小平, 曹立明. 遗传算法——理论、应用与软件实现[M]. 西安: 西安交通大学出版社, 2003: 20-23.