多代竞争的分组编码遗传算法

为方便处理出行起讫点的成对约束这一条件，考虑到需求服务的节点史称对出现的，可以预见常规的编码方式和遗传操作会产生大量的无效解。因此我们采用分组编码的遗传算法，此算法可以有效的避免算法过程中出现的不合理节点排序[1]。

分组编码的方式能够在不破坏原有可行路径的基础上更加方便的对染色体实施交叉与变异操作，因此可以在整个运算过程中始终保证所有给可行性。在此基础上，本文设计了针对不同世代染色体的竞争机制，优化了种群整体的适应度。多带竞争的遗传算法在省城自带后，并不直接生成子代种群，而是将父代与自带混合，根据适应度从中挑选染色体组成下一代种群。这样，充分保证了种群始终想着更有的方向进化，加快了算法的收敛速度。主要步骤如下：

1. 生成可行解种群。
2. 选择个体组成新种群。
3. 执行交叉操作生成多个子代。
4. 对子代执行变异。
5. 将父代子代混合选择较优异的个体。
6. 若满足终止条件则结束，否则返回（2）。

染色体编码解码解码

考虑到本模型的解是访问乘客点的顺序的集合，在染色体的编码方式上我们选择通过对所有乘客的起讫点进行编号，采用乘客出行起讫点编号作为染色体编码的基本单元。在形成路径时，为分割属于不同车辆的服务点，在每车辆到达的第一个地点编码前加整数1作为标志位，因此，在对地点进行编号是要注意至少从2开始（2，3，…，n）。得到的染色体形式如表所示

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| … | 车辆1 | 车辆2 | 车辆三 | … |
| … | 1 3 6 | 1 2 9 | 1 4 5 | … |

上述路境内的出行点成对出现，一组乘客的起点和终点必然属于同一条车辆路径。并且子路径内的点是有序的，改变这些点的顺序会对接产生改变，而不同车辆路径之间是无序的，改变车辆路径的排列顺序不改变接的值。

同时，对每个节点的编号对应一组属性值，包括节点的时间窗参数、、, 以及节点处载客量的变化值。对于标志位 1，在算法运行中可以作为一个超级节点，时间窗范围为(0,∞) ，载重量变化为 0，且该节点与其他所有节点的距离值为 0。

而解码是编码的逆运算，在进行算法实现的过程中，需要通过解码来计算相

应的目标函数的值，以及解是否满足模型的约束条件。

适应度计算

在自然界进化的进程中，“优胜劣汰”是不变的法则，生物物种对于自然的适

应能力决定了其在自然界中生存的机会。遗传算法采用适应度来度量个体对于环

境的适应能力，个体的适应度越大，就有越大的机会被筛选到下一代。

根据合乘路径优化模型的目标函数以及惩罚函数，可知优化的目的是在乘客

时间延误尽可能小的情况下，最小化系统成本，即：

（）

遗传算子的设计

遗传操作主要包括初始种群生成、选择、交叉和变异。我们按步骤依次进行：

（1）初始种群的生成

①建立一条新的初始路径，分别以编号为1的标志位作为路径的起始和终点；

②从乘客需求点对中选择一对点,尝试将点从第二位开始插入初始路径，若符合时间窗条件和容量限制，则点插入成功。若直至路径的最后一位仍无法插入点，则跳到④。

③若点插入成功，则从点插入位置的后一位开始尝试插入点，若符合约束限制，则点插入成功。

④选择一对新的起讫点对，跳到②。直至所有点对都已尝试插入

后，跳到①。

⑤若所有点都已插入到路径中，则初始种群生成完成。

算法代码如下：

(2)选择算子

①计算法各个染色体的适应；

②计算种群中染色体适应度的总和；

③ 计算种群中各个染色体被选中的概率

④计算种群中各个染色体的累积选中概率

⑤产生一个[0,1]之间的随机数，根据该随机数所处累积概率的区间，选择该区间代表的染色体进入子代。

（3）交叉算子

本文采用基于路径分段的交叉算子，保证在交叉过程中解的可行性。交叉的步骤如下：

1. 选择两条染色体作为父代，分别随机选中两个父代中一段完整的车

辆路径

1. 将选中的片段进行交换，生成两个子代，同时将交换后染色体中出

现重复的点对标记出来

③将重复的点对从非交换路径中删除，根据车辆合乘路径模型，从一条路径中删除点对并不会影响路径的可行性。同时，统计子代染色体中由于交换片段而产生的遗失的点对，重新按照之前的插入步骤插入到染色体中。

采用这样的操作过程，交叉后的子代染色体仍然为可行解，且保留了双亲的大部分优良特性。具体的代码如下：

（4）变异算子

常见的变异操作包括单点变异，换位变异等。在这里，我们采用局部寻优的

方法对染色体进行变异。变异的步骤如下：

1. 机选择待变异染色体中的一条车辆路径
2. 对该路径进行优化，列举出此路径中点对的所有组合形式

③如果所有组合形式中最优的并非当前路径，则将该路径变异为组合中最优的路径

④如果原路径即为所有组合形式中的最优路径，则将原路径分解为点对，插入到原染色体中

变异算子代码如下：