

# 基于区块挖掘与重组的启发式算法求解置换流水线车间调度问题

陈孟辉 曹黔峰 兰彦琦

南昌大学软件学院 南昌 330047

**摘要** 组合优化广泛应用于任务问题,例如旅行推销员问题(Traveling Salesman Problem, TSP)、调度问题等。文中提出基于进化式的区块模型(Evolutionary-Based Block Model, EBBM)来提升优化算法的收敛效果,以避免陷入局部优化困境。区块的主要思想是从染色体中找到关键区块,并使用这些区块来改进进化式算法(Evolutionary Algorithms, EAs)以求解组合优化问题(Combinatorial Optimization Problems, COPs)。区块是一种挖掘染色体中基因对演化影响的信息,包含了对进化有帮助的信息以及阻碍进化的信息,所提方法借助区块信息指引算法的演化方向,通过两种不同信息的相互影响,不仅提高了算法的收敛速度,还提高了算法求解的多样性,从而达到求解稳定性高和求解质量优良的目标。文中提出的区块机制包括构建概率矩阵,通过关联规则生成区块并应用区块来构建人造染色体。由于将区块作为构建人造解的基本单位,因此通过关联规则所挖掘的区块不仅具有多样性,还能按照设定置信度的大小控制演化过程所需的区块信息强度。最后为评估所提算法的求解能力,以置换流水线车间调度问题(Permutation Flow-shop Scheduling Problem, PFSP)为测试的例题,采用平均误差率、最佳误差率以及收敛曲线图探讨算法的求解效果。实验结果表明,通过正反信息所产生的区块机制有助于提高收敛效果,且可避免陷入局部优化问题。

**关键词:** 置换流水线车间调度问题; 关联规则; 区块挖掘与重组; 人造解; 演化式计算

**中图法分类号** TP301.6

## Heuristic Algorithm Based on Block Mining and Recombination for Permutation Flow-shop Scheduling Problem

CHEN Meng-hui, CAO Qian-feng and LAN Yan-qi

School of Software, Nanchang University, Nanchang 330047, China

**Abstract** Combinatorial optimization is widely used in task problems, such as traveling salesman problem (TSP), scheduling problems. In this study, an evolutionary-based block model (EBBM) was proposed to enhance the speed of convergence so as to avoid premature convergence problem. The main idea of blocks is to find key blocks from chromosomes and use these blocks to improve evolutionary algorithms (EAs) to solve combinatorial optimization problems (COPs). Block is a kind of information that explores the effects of individual genes on the evolution of chromosomes, containing information that is helpful for evolution and information that hinders evolution. In this paper, these two different kinds of information are stored and used. The evolution direction of the information providing algorithm, through the influence of two different information, not only improves the convergence speed of the algorithm, but also improves the diversity of the algorithm solution, so as to achieve goals of high stability and good solution quality. The block mechanism proposed includes building a probability matrix, generating blocks by associated rule and applying blocks to construct artificial chromosomes. Since the block is used as the basic unit for constructing the artificial solution in this paper, the blocks mined by the association rules not only have diversity, but also control the block information strength required for the evolution process according to the set confidence level. Finally, in order to confirm the quality of solutions, the proposed approach is experimentally implemented on permutation flow-shop scheduling problem (PFSP). According to the average error rate, the optimal error rate and the convergence curve, the solution effect of the algorithm is discussed, the experimental results show that the block mechanism by positive and negative information is useful to improve the speed of convergence and avoid premature convergence problem. In addition, the results also demonstrate that BBEM is applicable and efficient to the COPs.

**Keywords** Permutation flow-shop scheduling problem, Association rule, Block mining and restructuring, Artificial chromosome, Evolutionary algorithm

基金项目: 国家自然科学基金重大项目(11290141); 国家自然科学基金(11401017, 11671025); 民机项目(MJ-F-2012-04)

This work was supported by the Major Program of the National Natural Science Foundation of China(11290141), National Natural Science Foundation of China(11401017, 11671025) and Fundamental Research of Civil Aircraft(MJ-F-2012-04).

通信作者: 陈孟辉(3022867429@qq.com)

在生产过程中,要求在有限资源内使得整个生产流程在设备、人力、时间与成本相制约的情况下进行有效率的运作,对工作做适当的分配,使效益最大化。如何在生产系统中有效地分配资源,是生产规划研究的重要议题。当排定的工件越多时,求解的难度迅速增加,因此车间调度问题被归类为NP-Hard问题<sup>[1]</sup>。近年来,许多研究倾向以启发式算法来解决各类复杂的NP-Hard问题,如遗传算法(Genetic Algorithm, GA)<sup>[2]</sup>、蚁群最优化(Ant Colony Optimization, ACO)<sup>[3]</sup>、人工免疫算法(Artificial Immune System, AIS)<sup>[4]</sup>、模拟退火(Simulated Annealing, SA)<sup>[5]</sup>以及禁忌搜索(Tabu Search, TS)<sup>[6]</sup>等启发式算法。

遗传算法是一种常见的求解调度问题的演化式算法<sup>[7]</sup>,但由于遗传算法会因交配与选择机制将好的父代基因保留下来而使子代很难有不同的基因产生,易陷入局部最优的困境。估计分配算法<sup>[8]</sup>(Estimation of Distribution Algorithms, EDAs)是一种新兴的优化技术,相比传统的遗传算法,估计分配算法以概率模型的学习与挖掘机制取代原有的交配与突变两大模拟自然演化机制。但传统EDAs对可行解所采集的信息过于单调,同样无法解决局部最优解问题,造成求解效果不佳。

鉴于此,既然有研究假设较好解的空间存在相似的基因结构<sup>[9]</sup>,那么理论上就可以通过从中挖掘特殊的基因结构来解决调度问题求解不佳的问题,本文挖掘基因结构的机制为建立区块(Building Blocks, BBs)。经验证<sup>[9]</sup>,建立区块可以有效地解决调度问题。而在区块挖掘研究中,由于挖掘区块的信息过于单调,只存在连续性的基因区块<sup>[10]</sup>,可能存在多样性不足的问题,因此本文又提出利用关联规则来构建区块。

本文提出基于区块挖掘与重组的启发式算法(Heuristic Algorithm Based on Block Mining and Recombination, HABBMR)来求解流水车间调度问题。期望通过关联规则挖掘出具有高优势的区块并组合出具有竞争优势的人造解(Artificial Chromosome, AC),并借此导入优良的人造解以加快算法的求解效率;改善传统演化算法因交配机制使一连串基因结构被绑住而失去解的多样性,从而造成收敛速度过慢的问题。本文中的区块分为优良信息区块以及劣质信息区块(B-区块),具有优良信息的区块指引着人造解组合方向,而B-区块则用于在组合人造解时降低B-区块中信息被选择的概率。

## 1 研究框架

### 1.1 区块的相关研究

运用挖掘基因结构的方法从具有高适合度函数值的解中构建概率模型并产生新群体(人造解集合),实验结果表明可以增加求解的效率。近年来许多学者提出片段的概念,本文称其为区块,区块具有高度竞争优势,通过区块重组能形成一条具有高度竞争优势的染色体。

Sangkavichitr等<sup>[9]</sup>指出BBs在遗传算法中是一种成功的求解方法,BBs主要是从具有高适合度函数值的解中找出相似的连续基因,而为了避免基因被破坏提出两种基因运算,片段识别与片段组成。经过片段识别获取优势解中存在的有用信息,进而指引搜索方向并获得所期望的解,片段组成是从优

势解中挖掘出具有演化优势的基因片段。Ruiz等<sup>[11]</sup>提出利用区块概念并结合交配机制的混合型算法——HGA\_RMA,用于解决流水车间调度问题。该算法提出4种应用区块的交配方法,分别为SJOX(Similar Job Order Crossover)、SBOX(Similar Block Order Crossover)、SJ2OX(Similar Job 2-Point Order Crossover)以及SB2OX(Similar Block 2-Point Order),SJOX的主要特性是将两条个体相似的连续基因保留下来,不限制其基因结构长度,SBOX的区块基因结构长度至少为2,而SJ2OX和SB2OX与前两者的差别在于将单点交配替换成双点交配。Chang等<sup>[12]</sup>提出利用基于区块的演化式算法(Block-based Evolutionary Algorithm, BBEA)来求解流水车间调度问题,此方法包含区块挖掘与重组机制。区块挖掘是将一条染色体分解为区块集合和非区块集合,而区块根据概率矩阵产生,概率矩阵被定义为基因中的强连结,先选出群体中具有高适合度函数值的染色体,然后将此染色体中的基因记录于概率矩阵中,再通过轮盘赌法选出基因的连结来产生区块。重组的部分是由区块以及非区块的剩余基因来组合出新的解。

由上述研究可知,区块对于求解流水车间调度问题具有较好的效果,然而上述研究对于区块产生方式只考虑了基因的独立信息,并未考虑基因与基因之间的关系对整体适合度函数值的影响。此外,由于区块的产生方式造成区块的多样性不足,易陷入局部最优问题,因此本文尝试以序列样式探索算法挖掘更多有效且多样的区块组合,来避免算法过早陷入局部最优的困境。

### 1.2 关联规则

挖掘基因结构来组合区块是一种具有优势的求解方法<sup>[11-19]</sup>,然而,在挖掘区块的过程中,所产生的区块所包含的基因是连续的。本文中区块增加了不连续的基因组合,因为好的基因组合并不一定是相连的,而相连的基因区块也无法确保好的质量。因此,本文借助关联规则挖掘出更多元的区块,避免区块组合的方式过于单调造成多样性不足的问题。

关联规则<sup>[19]</sup>表现的是两个事务之间的依赖性,假设两个事务或者多个事务之间存有一定的联系,那么其中一个事务就可以以一定概率的形式被另一个事务预知。例如,若购买啤酒的人还会购买尿布,则{啤酒} $\rightarrow$ {尿布}是一个关联规则。Apriori<sup>[20]</sup>算法是关联规则中著名的算法,本研究将此概念套用到调度问题中。在表示 $X \rightarrow Y$ 的关联规则中,存在两个重要的参考指标,分别为支持度与置信度。支持度指的是 $X$ 与 $Y$ 两个项目集同时出现在交易中的概率,置信度指的是在先决条件 $X$ 发生的情况下,由关联规则 $X \rightarrow Y$ 推出 $Y$ 的概率,即在含有 $X$ 的项集中含有 $Y$ 的可能性,而提升度<sup>[21]</sup>用于判断关联强度,若提升度大于1则为强关联,如式(1)~式(3)所示:

$$\text{Support}, s(X \rightarrow Y) = P(XY) \quad (1)$$

$$\text{Confidence}, c(X \rightarrow Y) = P(Y|X) \quad (2)$$

$$\text{Lift}(X \rightarrow Y) = \frac{c(X \rightarrow Y)}{s(Y)} \quad (3)$$

为了使法则成立,存在某些必要的条件,称为最小支持度和最小置信度,当其所挖掘信息的置信度超过最小支持度时,将信息放入频繁项目集。

## 2 问题定义

置换流水车间调度问题是一个典型的生产规划问题,包括  $n$  个待加工的工件与  $m$  个加工机器,每个工件皆须遵守同样的加工顺序。最大完工时间 (makespan 或称  $C_{max}$ ) 被定义为所有工件在机器中都被处理完毕的完工时间的最小化<sup>[22]</sup>, 本文将最小化最大完工时间作为衡量绩效的标准。

PFSP 的  $C_{max}$  数学模型<sup>[23]</sup> 如式(4)~式(8)所示:

$$C(J_1, 1) = p(J_1, 1) \tag{4}$$

$$C(J_i, 1) = C(J_{i-1}, 1) + p(i, 1), i = 2, \dots, n \tag{5}$$

$$C(J_1, j) = C(J_1, j-1) + p(J_1, j), j = 2, \dots, m \tag{6}$$

$$C(J_i, j) = \max\{C(J_{i-1}, j), C(J_i, j-1)\} + p(J_i, j),$$

$$i = 2, \dots, n, j = 2, \dots, m \tag{7}$$

$$C_{max} = C(J_n, m) \tag{8}$$

其中,  $n$  为工件的数目;  $m$  为机器的数目;  $\{J_1, J_2, \dots, J_n\}$  为工件加工顺序;  $p(J_i, j)$  为工件  $i$  在机器  $j$  中的处理时间;  $C(J_i, j)$  为工件  $i$  在机器  $j$  中的完工时间。

## 3 研究方法

本文提出 EBBM 来提升优化算法的收敛效果, EBBM 主要由 4 种机制组成。首先, 通过随机的方式产生初始解, 以增加搜索空间, 提高找到全局最优解的机会。其次, 通过区块的挖掘与竞争机制得到优良信息区块与 B-区块。再次, 借助区块重组机制组合人造解并注入群体, 提高群体内解的质量。然后, 运用两种不同演化策略的区域搜寻法进行群体重组, 一种是单点交换, 另一种是相邻交换法 (mEHBSA)<sup>[24]</sup>。最后, 通过比较种群和产生的后代进行群体选择, 选择具有良好质量的染色体作为新群体进行下一次迭代演化。进化式算法的思想在于借助一组可行解, 通过演化机制让可行解进行演化找到具有更高质量的解。而本文的主要思想是从已知的可行解中, 找出对于演化具有良好和劣质的信息, 这些信息即为本文定义的区块。通过关联规则挖掘区块后, 借助提升度等相关分析留下不重复的区块, 运用这些挖掘所得的区块组合人造解, 并以两种不同的区域搜寻方法交互使用, 使得演化后所得的可行解能具有多样性。

### 3.1 构建区块

本文根据关联规则构建优势区块和 B-区块。以单一机器 5 个工件的排程问题为例, 原先个体中的工件 ( $Job_1$  到  $Job_5$ ) 为单独的基因, 产生的可行解共有 120 种排列组合, 而将工件之间组合出的优势区块 (如  $\{B1\{Job_1, Job_2\}, B2\{Job_3, Job_4\}\}$ ) 与剩下的  $Job_5$  工件进行排列组合, 产生的可行解的排列组合降为 6 种, 大大降低了可行解的维度。为了挖掘具有优势的基因结构, 并将其组合成优势区块, 首先将各世代群体按照适合度函数值升序排序并选出前  $i$  条染色体 (本文设  $i$  为 10), 将前  $i$  条染色体转换为一笔交易记录。累积  $i$  条染色体至父代个体大小 (本文设其为 100) 为止, 并启动挖掘条件计数器进行累积。B-区块则由后  $i$  条染色体构建, 其挖掘和选择机制与优势区块一致。

### 3.2 区块挖掘

区块的组成是依据关联规则进行挖掘的。首先将支持度大于最小支持度的工件放入区块的第 1 个位置, 产生符合最

小区块长度的空白区块, 本文设区块长度为 2。决定区块的第一个工件后, 第二个工件则是从频繁项目集中挑选与第一个工件的合并支持度大于最小支持度的组合, 如图 1 所示, 已被放入区块的工件不再被挑选, 在剩下的  $Job_2 - Job_5$  中进行挑选, 分别计算剩余工件的合并支持度。选择出合并支持度大于最小支持度的工件组成区块。

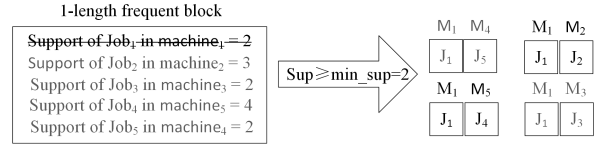


图 1 合并后支持度挖掘工件

Fig. 1 Merge support mining job

本文挖掘出的区块存储至暂存资料库 (Buffer Archive), 如图 2 所示。当所有区块挖掘完毕, 则进入区块选择的步骤。

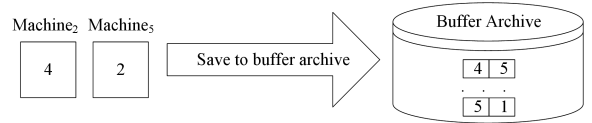


图 2 区块存储至缓存资料库

Fig. 2 Storing blocks into a temporary dataset

### 3.3 区块选择

区块的选择是将资料库中的区块进行挑选与比较, 通过区块间的竞争作用保留优势区块。本文将暂存资料库中的区块进行工件与机器比对, 如果区块之间出现重复的工件或区块之间的机器重复, 则发生重复的区块将以区块的提升度进行比较<sup>[25]</sup>, 提升度大于 1 且数值较大者将拥有强关联而被保留, 其他不满足的区块将被删除。

### 3.4 组合人造解

本文的目标是运用区块来增强生成可行解时的重组性能, 并使用 B-区块来降低错误位置的概率。区块重组是重排混乱的区块从而形成适当的序列。本文提出一个“基于区块的模型” (Block-Based Model, BBM)。BBM 定义为三元组  $(H, S, R)$ , 其中  $H$  是具有固定基因长度的非空块的有限集合, 其可以随着问题的大小而变化,  $S$  是不在区块中的其余作业,  $R$  为组合区块方法。上述模型的示意图如图 3 所示。在  $R1$  中, 染色体 (可行解) 是通过区块优先的选择方式来创建的, 而在  $R2$  中染色体是通过概率矩阵优先的方式创建的, 然后再放入区块。

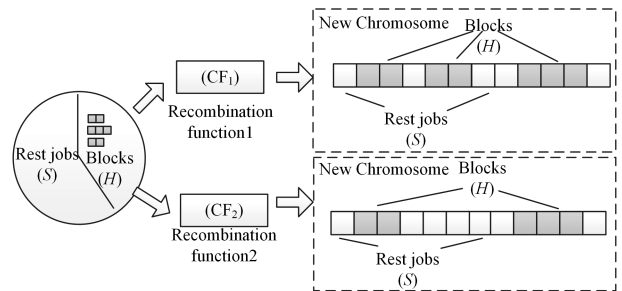


图 3 区块组合人造解的示意图

Fig. 3 Schematic diagram of block-based model for new chromosomes generation

通过 R1 构建可行解时,首先放入区块,然后在使用轮盘赌法填满剩余的位置之前,使用 B-区块来降低 B-区块中包含信息的概率。下面以一个简单的例子进行说明。

如图 4 所示,区块先填满染色体,剩下的位置是 P1, P4, P6 和 P7。根据高适应度函数值染色体构成的概率矩阵来进行选择,假设 P1 中 J2 的概率为 0.4, B-区块中 J2 的概率为 0.3,因此在 P1 中选择 J2 的概率为 0.1。

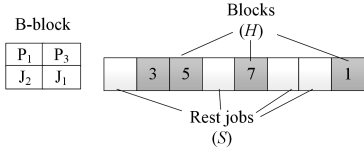


图 4 用 B-区块生成人造解的示意图

Fig. 4 Schematic diagram of B-block generation of artificial chromosome

此外,区块是在染色体不断进化的过程中挖掘的,随着染色体的不断进化,区块的质量将越来越好。因此,本文使用两种不同的策略来组合人造解,在演化初期,区块品质并不佳,故此时组成人造解时不宜过多使用区块,最初 80% 的 AC 是由 R2 所创建而剩余的由 R1 创建。反之演化中后期因为染色体不断进化所产生的区块品质已有相当程度的提高,因此此时宜尽可能使用区块,故此时 R1 的比例将会提高,而 R2 的比例则减少。在组合人造解的过程中 R1 与 R2 使用比例的线性关系,如式(9)、式(10)所示:

$$Number_{R1} = 80 - 60 * (1 - \frac{generationnumber}{totalnumberofgenerations}) \quad (9)$$

$$Number_{R2} = 80 - 60 * \frac{generationnumber}{totalnumberofgenerations} \quad (10)$$

### 3.5 群体重组

#### 3.5.1 单点交换

为了避免陷入局部最优解,单点交换的机制通常被视为一种重要的方法。单点交换是指个体本身发生基因变动的过程,虽然单点交换会破坏演算过程中的稳定性,但可刺激个体中潜在的基因特性,扩大解的搜寻空间。本文随机选择两点将工件以随机的方式做单点交换,直到生成新的可行解,如图 5 所示。

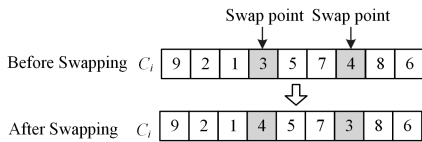


图 5 单点交换

Fig. 5 Swap by one-point

#### 3.5.2 相邻交换法

本文使用相邻交换法对片段进行重组,以增加重组后解的多样性,借此加速演化解的收敛性。如图 6 所示,相邻交换法是将片段内的工件排序,从第一个工件开始以工件两两交换的方式进行变动,直到与原本排序一样时停止交换,并计算每次变动后的适合度函数值,选择拥有最高适合度函数值的排序作为此次变动的结果。本文利用相邻交换法的目的在于

增加寻找最优解的机会。



图 6 相邻交换法

Fig. 6 Neighborhood swapping

### 3.6 留存优势解

由父代个体重组所产生的子代会与此世代原始的父代个体进行筛选。由于进化式算法将适应度函数值高的个体保存为下一代演化的个体,因此易陷入局部最优,故本文在此阶段采用二元竞赛法<sup>[26]</sup>(Binary Tournament Selection),选取相对优势的个体以而非绝对优势的个体以避免演化陷入局部优化。

设 P 表示原始父代个体的解,  $P = \{P_1, P_2, \dots, P_p\}$ , O 表示子代的解,  $O = \{O_1, O_2, \dots, O_p\}$ ,具体流程如下:

Step 1 将原始父代个体 P 以及所产生的子代 O 混合放入选择池中。

Step 2 从选择池中随机挑选两条解,并将具有高适合度函数值的解放入新的父代个体中,而另一条解则放回选择池继续筛选。

Step 3 继续 Step 2,直到新父代个体的大小与原父代个体大小相同为止。

### 3.7 算法复杂度分析

定义变量 N 为产生的初始解个数, t 为演化的总世代数, X 为优势解的数量,其中  $X \leq N, m$  为工件数量。

(1)初始化解:由于此阶段仅进行一次,因此  $T(n) = O(N)$ ;

(2)更新概率矩阵:本文求解流水车间调度问题,对每个优势解需要计算  $m^2 * 2$  次工件与位置的信息,因此每次迭代  $T(n) = O(X * m^2 * 2)$  次。

(3)关联规则区块挖掘:区块长度设定为 2,区块从每个可能的工件中挖掘,因此每次迭代  $T(n) \leq O(m * (m-1))$ 。

(4)组合人造解:产生数量为 N 的人造解,  $T(n) = O(N)$ 。

(5)重组群体: N 为产生的初始解个数,  $T(n) = O(N)$ 。

(6)留存优势解:以二元竞赛法选择 N 个个体,  $T(n) = O(N)$ 。

因此,EBBM 执行 t 个世代的时间复杂度为:

$$T(n) = O(N + t(2Xm^2 + m^2 - m + N + N + N)) = O(m^2)$$

## 4 实验结果

本文选择 Taillard<sup>[27]</sup> 的 flow-shop 基准实例进行测试。实例规模与运行迭代次数如表 1 所列。

表 1 Taillard 例题大小与迭代次数

Table 1 Taillard example size and iteration number

n/m	20/5	20/10	20/20	50/10	50/20	100/5	100/10
Iteration	3 600	10 000	22 500	30 000	45 000	60 000	80 000

通过误差率(ER)来评估解的质量,如式(11)所示,其中观测值是算法最优解的适应度函数值,并且最佳值为所使用实例的已知最佳解,每个实例都独立运行30次。根据运行的ER结果,可以获得30次中最小的ER(MER)和30次ER的平均(AER)。

$$ER(\%) = \frac{\text{observed value} - \text{optimal value}}{\text{optimal value}} \times 100\% \quad (11)$$

表2与表3列出了EBBM与BBEDA<sup>[28]</sup>,LMBBEA<sup>[29]</sup>,BF-TS<sup>[30]</sup>的比较结果。由表2可知,EBBM在各例题的平均MER为0.47%,优于其他算法。此外,无论在复杂度高或低的例题中,EBBM都具有最佳的求解质量。而由表3可知,EBBM的平均AER明显优于其他算法,并且在ta050和ta060例题中更显优势,这表明EBBM在求解时的稳定性高于其他算法。

表2 各算法在Taillard例题中完工时间的MER比较

Table 2 MER evaluation of algorithms criterion on Taillard instance

Instance	n, m	MER/%			
		BBEDA	LMBBEA	BF-TS	EBBM
ta005	20,5	0.00	0.00	0.02	0.00
ta010	20,5	0.00	0.00	0.00	0.00
ta020	20,10	0.25	0.00	0.07	0.00
ta030	20,20	0.05	0.05	0.08	0.00
ta050	50,10	0.85	0.85	0.85	0.85
ta060	50,20	3.79	3.11	3.20	2.92
ta070	100,5	0.00	0.00	0.01	0.00
ta080	100,10	0.00	0.00	0.00	0.00
Average		0.62	0.50	0.53	0.47

表3 各算法在Taillard例题中完工时间的AER比较

Table 3 AER evaluation of algorithms criterion on Taillard instance

Instance	n, m	AER/%			
		BBEDA	LMBBEA	BF-TS	EBBM
ta005	20,5	0.22	0.04	0.18	0.00
ta010	20,5	0.04	0.00	0.15	0.00
ta020	20,10	0.66	0.50	0.50	0.43
ta030	20,20	0.11	0.08	0.08	0.08
ta050	50,10	1.23	1.05	1.06	0.90
ta060	50,20	4.27	3.55	3.26	3.16
ta070	100,5	0.03	0.06	0.03	0.02
ta080	100,10	0.08	0.06	0.11	0.03
Average		0.83	0.67	0.67	0.58

图7—图9给出了各算法之间的收敛速度,而本研究提出的EBBM收敛速度不管是在规模较小的例题或是规模较大的例题中都比其他算法更快。这是因为EBBM同时使用了优质和劣质信息区块,在获取对演化有利的信息之余,还参考了不利演化信息,有效提高了演化的能力。此外,包括连续片段和不连续片段的提取,也可以改善组合人造解的多样性并避免局部优化。因此,EBBM不管是在收敛速度还是在质量上都比所比较的算法好。

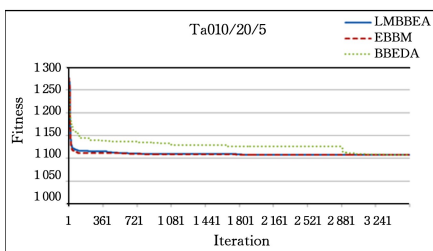


图7 Ta10例题收敛速度的比较

Fig. 7 Comparison of convergence speed of Ta10 examples

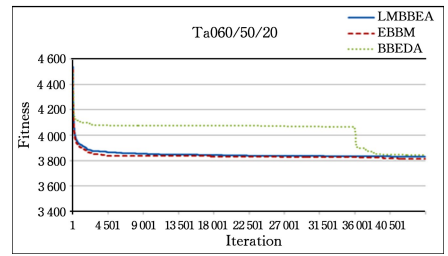


图8 Ta060例题收敛速度的比较

Fig. 8 Comparison of convergence speed of Ta060 examples

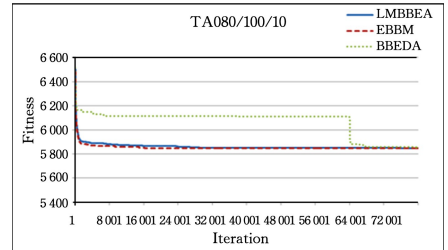


图9 Ta080例题收敛速度的比较

Fig. 9 Comparison of convergence speed of Ta080 examples

**结束语** 本文中,EBBM是为解决COPs而开发的。完整的块模型在本文中被设计为包含好的和坏的信息。因此,EBBM提供了两种不同的区块,一种是用于组合人造染色体的良好信息,另一种是形成不良信息,用于降低在错误位置配置错误作业的概率。另外,区块是由不连续的基因产生的,这可以增强区块的多样性。通过这种方式,可以使每个基因在对的位置获得更好的基因结构。此外,有两种不同的方法来组合产生AC,从而有效地应用区块来产生AC并增强AC的多样性。最后,应用mEHBSA机制提高搜索能力,加快可行解进化的过程。实验结果表明,EBBM的收敛速度与效果都明显优于其他算法。在未来的研究中可应用EBBM来解决其他类型的COPs问题,如旅行推销员问题(TSP)、车辆路由问题(VRP),以证明EBBM对其他COPs的稳健性和有效性。

## 参考文献

- [1] GAREY M R, GRAHAM R L, JOHNSON D S. Some np-complete geometric problems[C]// Proceedings of the 8th Annual ACM Symposium on Theory of Computing. New York: ACM, 1976:10-22.
- [2] CHAN F T S, CHUNG S H, CHAN P L Y. Application of genetic algorithms with dominant genes in a distributed scheduling problem in flexible manufacturing systems[J]. International Journal of Production Research, 2006, 44(3): 523-543.
- [3] DORIGO M, MANIEZZO V, COLONNI A. The ant system: optimization by a colony of cooperating agents[J]. IEEE Transactions on Systems, Man & Cybernetics, Part B: Cybernetics, 1996, 26(1): 1-13.
- [4] DASGUPTA D, JI Z, GONZÁLEZ F A. Artificial immune system research in the last five years[C]// IEEE Congress on Evolutionary Computation. New York: IEEE, 2003: 123-130.
- [5] BUDINICH M. A self-organizing neural network for the traveling salesman problem that is competitive with simulated annealing[J]. Neural Computing, 1996, 8(2): 416-424.
- [6] LIU G Y, HE Y, FANG Y, et al. A novel adaptive search strategy of intensification and diversification in tabu search[C]// Neu-

- ral Networks and Signal Processing. New York: IEEE, 2003; 428-431.
- [7] WALL M B. A genetic algorithm for resource - constrained scheduling[D]. Cambridge: Massachusetts Institute of Technology, 1996.
- [8] HAO X, LIN L, GEN M, et al. Effective estimation of distribution algorithm for stochastic job shop scheduling problem[J]. Procedia Computer Science, 2013, 20: 102-107.
- [9] SANGKAVICHITR C, PRABHAS C. Fragment as a small evidence of the building blocks existence[M]. Berlin: Exploitation of Linkage Learning in Evolutionary Algorithms, 2010: 25-44.
- [10] CHEN M H, CHANG P C, TIWARI A, et al. Bi-variance estimation of distribution model to generate block[R]. Paris World Academy of Science, Engineering & Technology, 2013: 77.
- [11] RUIZ R, MAROTO C, ALCARAZ J. Two new robust genetic algorithms for the flow shop scheduling problem[J]. Omega, 2006, 34(5): 461-476.
- [12] CHANG P C, CHEN S S, FAN C Y. Mining gene structures to inject artificial chromosomes for genetic algorithm in single machine scheduling problems[J]. Applied Soft Computing, 2008, 8(1): 767-777.
- [13] CHEN Y M, CHEN M C, CHANG P C, et al. Extended artificial chromosome genetic algorithm for permutation flow shop scheduling problems[J]. Computers & Industrial Engineering, 2012, 62(2): 536-545.
- [14] PELIKAN M. Bayesian optimization algorithm [M]. Berlin: Springer, 2005; 31-48.
- [15] CHANG P C, WANG Y W, LIU C H. New operators for faster convergence and better solution quality in modified genetic algorithm[C]// Advances in Natural Computation. Springer Berlin Heidelberg. Berlin: Springer, 2005; 983-991.
- [16] CHANG P C, HUANG W H, WU J L, et al. A block mining and re-combination enhanced genetic algorithm for the permutation flow shop scheduling problem[J]. International Journal of Production Economics, 2013, 141(1): 45-55.
- [17] BALUJA S. Population-based incremental learning: a method for integrating genetic search based function optimization and competitive learning[R]. Computer Sciences & Machine Learning, 1994.
- [18] CHANG P C, CHEN M H, TIWARI M K, et al. A block-based evolutionary algorithm for flow-shop scheduling problem[J]. Applied Soft Computing, 2013, 13(12): 4536-4547.
- [19] TAN P N, STEINBACH M, KUMAR V. Introduction to data mining[M]. Addison Wesley, 2006.
- [20] AGRAWAL R, MIELIŃSKIT, SWAMI A. Mining association rules between sets of items in large databases[C]// ACM SIGMOD Record. New York: ACM, 1993; 207-216.
- [21] MCNICHOLAS P D, MURPHY T B, O'REGAN M. Standardizing the lift of an association rule[J]. Computational Statistics & Data Analysis, 2008, 52(10): 4712-4721.
- [22] REZA HEJAZI S, SAGHAFIAN S. Flow shop-scheduling problems with makespan criterion: a review[J]. International Journal of Production Research, 2005, 43(14): 2895-2929.
- [23] REEVES C R. A genetic algorithm for flow shop sequencing [J]. Computers & Operations Research, 1995, 22(1): 5-13.
- [24] LIAN Z, GU X, JIAO B. A similar particle swarm optimization algorithm for permutation flow shop scheduling to minimize makespan [J]. Applied Mathematics & Computation, 2006, 175(1): 773-785.
- [25] SKELLAM J G. Studies in statistical ecology[J]. Spatial Pattern, Biometrika, 1952, 39(3/4): 346-362.
- [26] MILLER B L, GOLDBERG D E. Genetic algorithms, tournament selection, and the effects of noise[J]. Complex Systems, 1995, 9(3): 193-212.
- [27] TAILLARD E. Benchmarks for basic scheduling problems[J]. European Journal of Operational Research, 1993, 64(2): 278-285.
- [28] CHANG P C, CHEN M H. A block based estimation of distribution algorithm using bivariate model for scheduling problems [J]. Soft Computing, 2014, 18(6): 1177-1188.
- [29] HSU C Y, CHANG P C, CHEN M H. A linkage mining in block-based evolutionary algorithm for permutation flowshop scheduling problem[J]. Computers & Industrial Engineering, 2015, 83: 159-171.
- [30] BEN D M, AL F M. A tabu search approach for the flow shop scheduling problem[J]. European Journal of Operational Research, 1998, 109(1): 88-95.



**CHEN Meng-hui**, born in 1981, Ph. D., associate professor. His main research interests include machine learning and combinatorial optimization.