武漢理工大學

数学建模暑期培训论文

第 5 题

基于 NSGA-II 算法的插板式编码多目标优化生产调度模型

第 10 组

姓名	方向
刘子川	编程
程宇	建模
祁成	写作

2025 年 5 月 30 日

摘要

控制高压油管的压力变化对减小燃油量偏差，提高生产计划效率具有重要意义。本文建立了兼顾全局一体化的多目标优化调度模型，采用插板编码的 **NSGA-II 算法**对模型进行求解，并从帕累托前沿解中求得最短工艺生产时间。

针对炼钢、连铸、热轧工艺过程特点，列举模型的约束条件。对于转炉、连铸机与热轧机而言其各炉次、浇次、轧制单元的生产量**存在上下限**。在炼钢过程中每炉次只可使用同种钢材，在连铸过程中每浇次最多可**生产两种型号**的钢坯。对每个轧制单元而言，需存在一定比例的热棍材与主体材，且在轧制顺序上的相邻钢坯硬度、宽度和厚度需保证**单调增长**且不能大幅度变化。

针对问题二，基于问题一整理归纳特点，建立炼钢、连铸、热轧一体化生产多目标优化模型。首先为使得转炉、连铸机和热轧机的闲置产能最低，本节将其各炉次、浇次、轧制单元的空闲产能分别求和并作为**多目标优化**中的目标函数。之后分别根据各炼钢、连铸、热轧的工艺特点，列举每个生产过程中的约束条件。在设计**插板式编码**作为编码方式后，采用 **NSGA-II** 算法求解该多目标优化的**帕累托前沿**，并在帕累托前沿中选择生产时间最低的解作为最终生产方案。

针对一体化调度问题，基于其归纳的特点及约束，建立炼钢、连铸、热轧一体化生产多目标优化模型。首先为使得转炉、连铸机和热轧机的闲置产能最低，本节将其各炉次、浇次、轧制单元的空闲产能分别求和并作为**多目标优化**中的目标函数。之后分别根据各炼钢、连铸、热轧的工艺特点，列举每个生产过程中的约束条件。在设计**插板式编码**作为编码方式后，采用 **NSGA-II 算法**求解该多目标优化的**帕累托前沿**，并在帕累托前沿中选择生产时间最低的解作为最终生产方案。

文中以某钢铁联合企业为研究对象进行仿真测试。仿真过程中 NSGA-II 算法在 CPU Intel T5800 1.6GHz, 2GB 内存环境下进行多次实验。结果表明设置轧制单元个数为 13 个时，经快速非支配排叙最终得到**非支配解有 11 个**最优解，求得在满足约束条件下完成前十个订单的**最短时间为 36580min**。最后本文调整插板个数并做出灵敏度分析，分析结果表示 NSGA-II 算法具有**较强稳定性**。

本文的优点为：1. 本文多维度考虑生产效率对全局的依赖，并在符合严苛的工艺约束条件下全局求得单元计划排列顺序，利用帕累托前沿解大幅缩短工艺生产时间。2. 针对智能算法求解方面，使用 NSGA-II 算法并巧妙采用插板式编码方式对多目标优化求解，兼顾局部搜索与全局搜索能力。

关键词： NSGA-II 算法　插板式编码　帕累托前沿解　多目标优化调度模型

目录

1 问题重述

1.1 问题背景

随着我国经济发展进入新常态，钢铁行业发展环境发生了深刻变化。2015 年，我国钢铁消费与产量双双进入峰值弧顶区并呈下降态势，钢铁主业从微利经营进入整体亏损，行业发展进入“严冬”期。钢铁行业要落实中央经济工作会议精神，着力推进供给侧结构性改革，扎实完成《国务院关于钢铁行业化解过剩产能实现脱困发展的意见》的各项部署和要求。在化解产能过剩的同时，也将注重产业结构优化和升级，做好规范企业动态管理、智能制造试点示范、钢结构建筑推广应用等重点工作，引领钢铁工业提高综合竞争力。

炼钢、连铸和热轧作为钢铁生产的关键工序，工序之间不仅仅是物流与信息流的交换，还存在能量平衡和时间平衡。炼钢一连铸一热轧一体化生产计划编制是通过多个模块、多个模型互相协作来完成，整个生产计划编制过程按照一定的时间长度周期性进行。在每一个计划编制周期内，具体编制流程如图 1 所示。面向订单组织生产管理思想以及炼钢、连铸和热轧一体化排程使各工序的物流控制以及计划之间具有很好的继承性，可以最大限度地减少物料在工序间的停留时间，缩短制造周期和交货周期，还可以减少温降和能量损失、节约能源、降低生产成本。

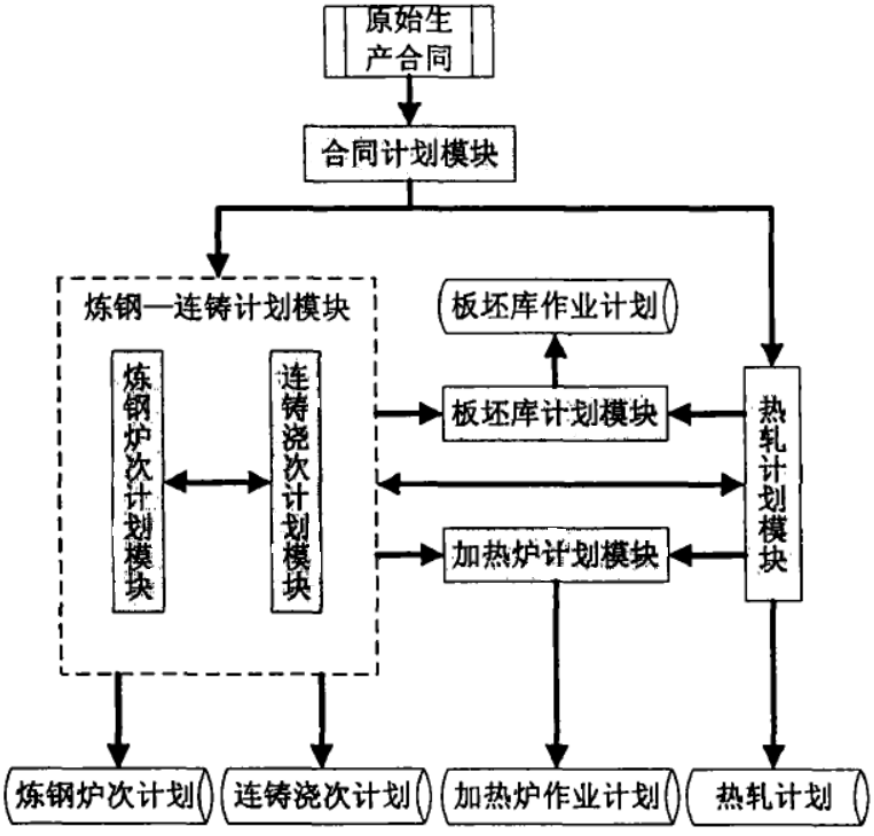


图 **1**　一体化计划编制流程

1.2 问题概述

围绕某钢厂生产数据附件和条件要求，研究炼钢、连铸和热轧一体化生产的调度方案，依次提出以下问题:

特点：说明炼钢、连铸、热轧一体化生产组织、工艺过程特点。

模型：建立炼钢、连铸、热轧一体化生产计划数学模型。

仿真：利用附件 1 中某钢厂的实际生产数据，仿真验证前面所建模型。

2 模型假设

(1) 假设各工序间的成品的物流时间非常短暂，可以忽略不考虑。

(2) 假设每次连铸、热轧的准备时间相同，不会随着工作次数变化而发生变化。

(3) 假设浇铸、热轧每块刚材的所需时间相同，不会因为钢材的型号类型不同而发生变化。

(4) 不考虑制作过程中能量损失，即忽略炼钢、连铸和热轧过程中的材料温度下降。

3 符号说明

符号	说明
c_i, l_i, w_i, t_i, h_i	板坯属性
$c_i', l_i', w_i', t_i', h_i'$	卷钢属性
$Molten_i, Bar_i, Strip_i$	单份钢水、单份板坯、单份卷钢
$Heat_j, Cast_k, Roll_j$	单个炉次、浇次、热轧单元计划
f_1, f_2, f_3	各计划空闲连铸机容量之和
$[n_{alter}]$	变化次数的许用阈值
$[\Delta w]$	板坯宽度的许用变化量
t_{Cast}, t_{Roll}	一次浇铸、轧制操作需要的准备时间
t_{bar}, t_{Strip}	浇铸、轧制一份刚卷需要的时间

注：表中未说明的符号以首次出现处为准

4 炼钢、连铸、热轧一体化生产组织、工艺过程特点

钢铁生产是一个高温、高能耗、物流量巨大的加工过程，整个生产流程工艺复杂，工序很多，各工序的工艺约束和生产调度目标也不尽相同[1, 2]。高效实用的钢铁生产调度必须建立在对钢铁生产流程的充分了解基础之上，特别是必须充分考虑到近年来钢铁生产技术的两大飞跃：连铸与热送热装轧制对于生产调度技术的影响[1, 3, 4]。

一个典型的钢铁企业的生产流程如图 2 所示，可分为三大部分：炼铁区域（Iron Making）、主炼钢区域（Primary Steelmaking）和精整加工区域。其中主练钢包括炼钢、连铸、热轧等工序。

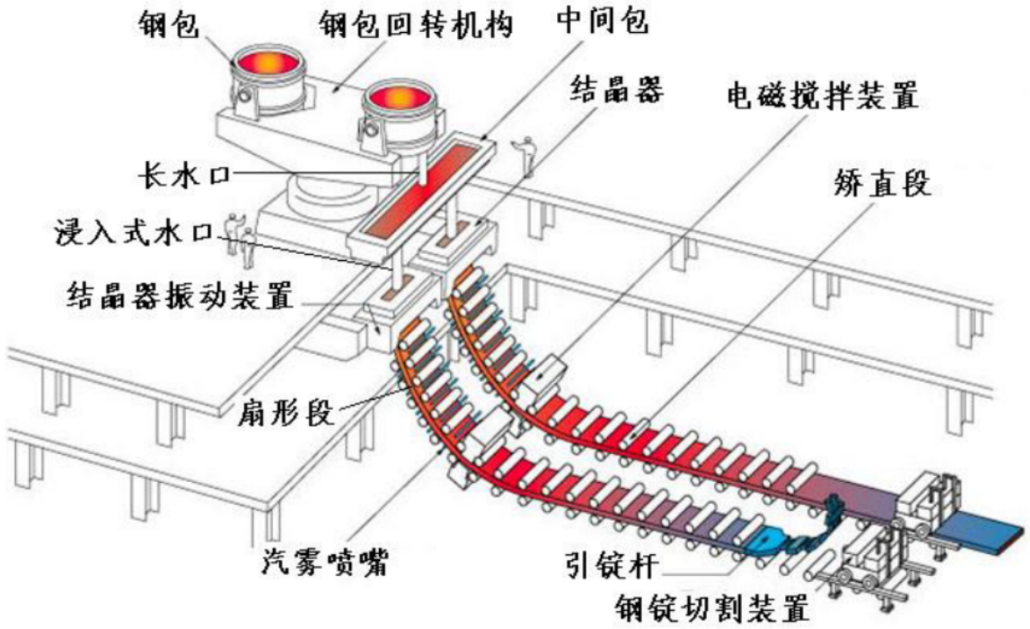


图 **2**　钢铁生产工艺示意图

4.1 基本物流要素和流动体系表示

定义物流传递过程中的主物流等价概念：单份钢水 $Molten_i$、单份板坯 Bar_i、单份卷钢 $Strip_i$，三者是不同表现形式的同一物质；同样可定义工序概念：单个炉次 $Heat_j$、单个浇次 $Cast_k$、单个热轧单元计划 $Roll_j$，三者是同一物质的不同量度。

定义一个单元计划包含的所有板坯的集合为 Bar，单个板坯记为 Bar_i，每个板坯具有属性: 钢种 c_i、长度 l_i、宽度 w_i、厚度 t_i、硬度 h_i。

定义单个卷钢为 $Strip_i$，每个卷钢由板坯经过物理变化得到，视为板坯的变形体，具有与板坯完全相似属性: 钢种 c_i'、长度 l_i'、宽度 w_i'、厚度 t_i'、硬度 h_i'。

不考虑加工过程中物质传递损失，则三种主物流与三种工序的关系为

$$\begin{cases} Heat_j = \sum_{i=1}^{n_{Molten}} Molten_i, \\ Cast_k = \sum_{i=1}^{n_{Bar}} Bar_i, \\ Roll_j = \sum_{i=1}^{n_{Strip}} Strip_i. \end{cases} \tag{1}$$

其中假设多个炉次对应于一个浇次，一个浇次对应于一个热轧单元计划。则有 $Roll_j = Cast_j = \sum_{u=1}^{n_{heat}} Heat_u = \sum_{u=1}^{n_{heat}} Heat_u = \sum_{j=1}^{n_{Heat}} \sum_{i=1}^{n_{Molten}} Molten_{ij}$. 因此因此，总物流表示为

$$F = \sum_{j=1}^{n_{Roll}} Roll_j = \sum_{j=1}^{n_{Cast}} Cast_j = \sum_{k=1}^{n_{Roll}} \sum_{u=1}^{n_{Heat}} Heat_u = \sum_{h=1}^{n_{Roll}} \sum_{j=1}^{n_{Heat}} \sum_{i=1}^{n_{Molten}} Molten_{ijh}.$$

4.2 炼钢、连铸生产动态调度特点

钢铁企业中典型的生产线一般为多座转炉、多台连铸机和一台热轧机顺序生产，如图 3 所示。由于转炉和连铸机都是批量加工的设备，炼钢一连铸生产调度属于一类带有批量约束的并行多机的调度问题[2]。

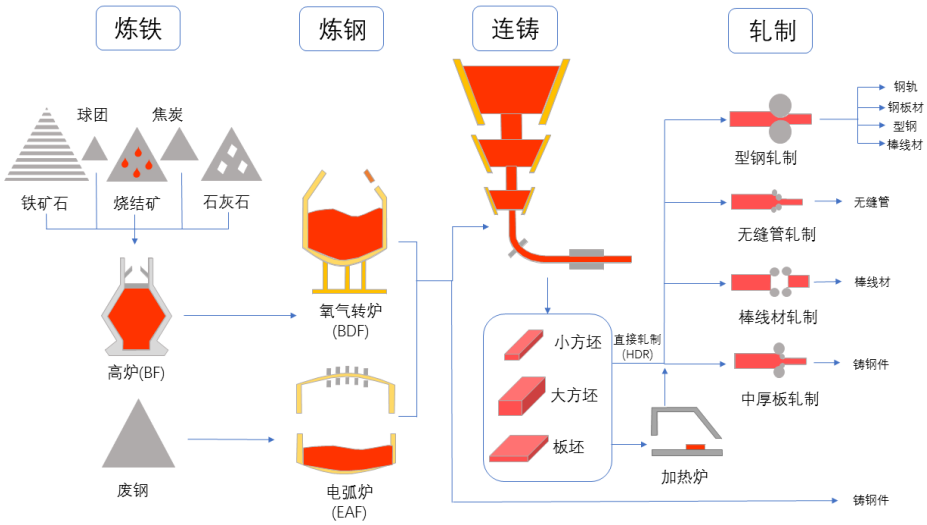


图 3　炼钢、连铸生产流程示意图

文[3] 中提到由于高炉持续不断地向下游工序提供铁水，所以在炼钢一连铸生产中不会出现工件随机到达或到达时间不确定的情况。炼钢一连铸生产动态调度要求根据出现的动态事件，对原有的生产计划进行调整，使得在满足工艺约束的前提下调整后的调度方案在某一指标上达到最优[3]。

本文研究的加工时间可控的炼钢-连铸调度问题具有以下**约束条件**：

(1) 同一生产设备在同一时段只能加工一个炉次；

(2) 相邻炉次之间，后一炉次必须等待前一炉次加工完成后才能开始加工；

(3) 相邻浇次之间，后一阶段的加工开始时刻晚于前一阶段加工完成和设备间运输完成；

(4) 同一炉次内，后一阶段的加工开始时刻晚于前一阶段加工完成和设备间运输完成；

(5) 存在不同程度的扰动，各个炉次在不同生产阶段的加工时间可以在一定范围内调整。

4.3 热轧生产计划编制问题特点

如图 4 所示，精轧机组一般由 6—7 个机架组成连轧，在精轧加工过程中要用到两类轧辊：工作辊和支撑辊，其中工作辊直接和板坯接触，支撑辊对工作辊起到支撑作用[5]。每一个机架上的工作辊和支撑辊由于高温高速轧制，轧辊磨损很大。轧辊磨损到一定程度，**每轧制一定数量的板坯后需要更换轧辊**。为了降低生产成本每个轧制单元轧制的带钢总长度在小于给定的可以轧制的最大带钢轧制长度的前提下要尽可能大[5]。

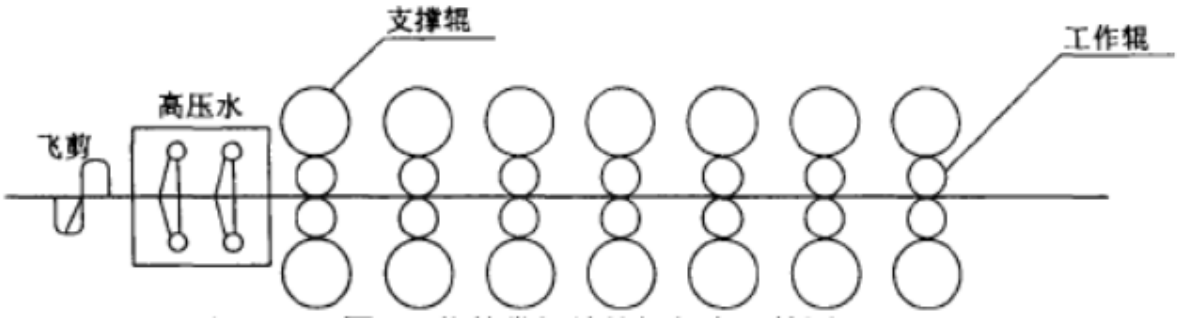


图 **4**　热轧带钢精轧机组布置简图

每个轧制单元由两部分组成：烫辊材和主体材在轧制单元的初始阶段为了使轧辊型达到热平衡和稳定，安排轧制烫辊材。烫辊材在轧制单元中所占比例很小，一般安排硬度较低的带钢。紧跟在烫辊材之后的是主体材，生产合同绝大多数都是在主体材阶段轧制完成。

在编制热轧批量计划时必须遵守如下**工艺约束**：

对于批量计划：烫辊材的宽度递增变化，主体材的宽度递减变化。如图 5 所示，一个完整的的轧制单元的带钢宽度具有“双梯形结构”[6]。

对于烫辊材部分：烫辊材长度有一定限制；烫辊材宽度渐增变化，变化范围有限制轧制的带钢硬度不能太大；硬度变化幅度要小，变化尽量平滑; 厚度变化幅度要小，最好是非减方向变化。

对于主体材部分：主体材总长度有一定限制；主体材宽度非增方向变化，跳跃幅度要小；宽度、厚度、硬度不允许同时跳跃；厚度变化要平稳，不能反复跳跃，同时最好是非减方向变化；硬度变化要平稳，渐近递增或渐近递减均可，只是不能反复跳跃；当

三者发生冲突时，优先级为硬度 → 厚度 → 宽度。

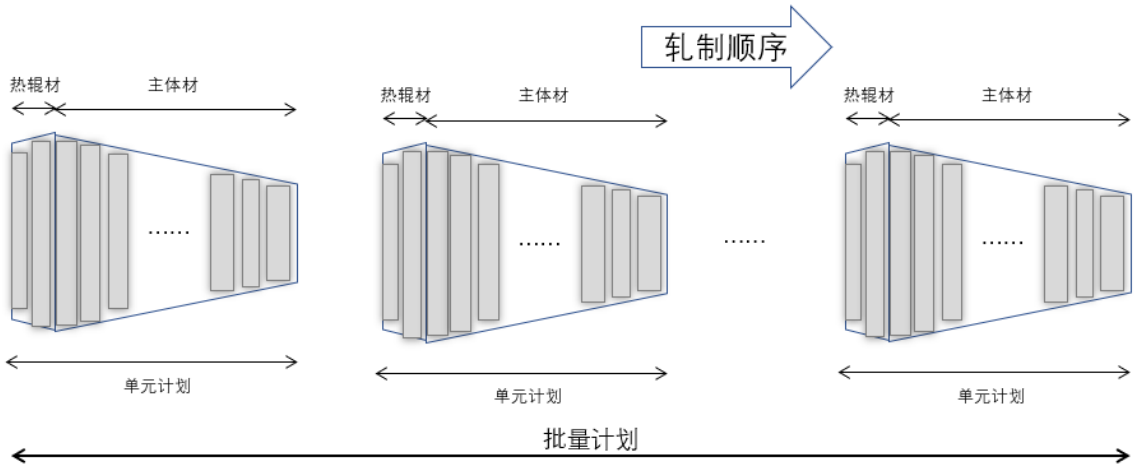


图 **5**　热轧批量计划示意图

根据上述分析, 热轧批量计划编制的目标选取应满足：在保证产品交货期的前提下，保证产品硬度方面的跳跃最小；保证产品厚度方面的跳跃最小；保证产品宽度方面的跳跃最小。

5 一体化调度问题模型的建立与求解

5.1 问题描述与分析

问题二要求建立炼钢、连铸、热轧一体化生产计划数学模型。整理文献资料可知[1, 2, 3]，炼钢、连铸、热轧的工艺特点，一体化调度的主要目标在于优化各设备使用率的同时尽可能降低生产时间，即该一体化调度模型为多目标组合优化模型。

从提高各设备使用率的角度出发，我们将规划各炉次、浇次及轧制单元的生产清单以最大限度的降低设备的闲置产能。由于炼钢、连铸与热轧工艺为顺承关系，本文优先每个规划轧制单元的生产计划，再由此计划逆推各浇次及各炉次的生产清单。其中各轧制单元需存在一定比例的热棍材与主体材，且相邻的轧制板之间的硬度、宽度与厚度的变化不能跳跃式变化。且每个浇次最多可生产两种类型的板材，每个炉次只能生产同种类型的钢水。

当各设备使用率达到最优时，我们认为生产中的非必要能量损耗将降至最低。本文以各设备的闲置产能为多目标优化中的目标函数，通过 $NSGA-II$ 算法求解其对应的帕累托前沿，并在帕累托前沿中选取总生产时间最小的解作为最终方案。

5.2 生产优化目标

5.2.1 产能目标函数

为降低生产成本，我们将尽可能降低每次生产时的闲置产能。炼钢阶段将优化组炉的空闲炉容量，对每炉次钢水，尽可能降低该炉次的空闲炉容量，即

$$minf_1 = \sum_{v=1}^{n_{heat}}(V_1 - \sum_{u=1}^{n_{Molten}} Molten_u), \tag{2}$$

其中 V_1 表示转炉最大容量，n_{Heat} 表示总炉次，n_{Molten} 表示炉次 v 加工的钢水份数，$Molten_u$ 表示炉次 v 加工的单份钢水的重量。即 f_1 表示每炉次的空闲炉容量之和。同理在连铸阶段时，有

$$minf_2 = \sum_{v=1}^{n_{cast}}(V_2 - \sum_{u=1}^{n_{Bar}} Bar_u), \tag{3}$$

其中 V_2 表示连铸机最大容量，n_{cast} 表示总浇次，n_{Bar} 表示浇次 v 加工的钢坯份数，Bar_u 表示浇次 v 加工的第 u 份钢坯的重量。即 f_2 表示每浇次的空闲连铸机容量之和。同理在热轧阶段时，有

$$minf_3 = \sum_{v=1}^{n_{Roll}}(V_3 - \sum_{u=1}^{n_{Strip}} Strip_u), \tag{4}$$

其中 V_3 表示热轧机最大轧制长度，n_{Roll} 表示总轧制单元数，n_{Strip} 表示浇次 v 加工的钢卷份数，$Strip_u$ 表示轧制单元 v 加工的第 u 份钢卷的厚度。即 f_3 表示每个轧制单元的空闲轧制长度之和。空闲产能优化实意图如图 6 所示

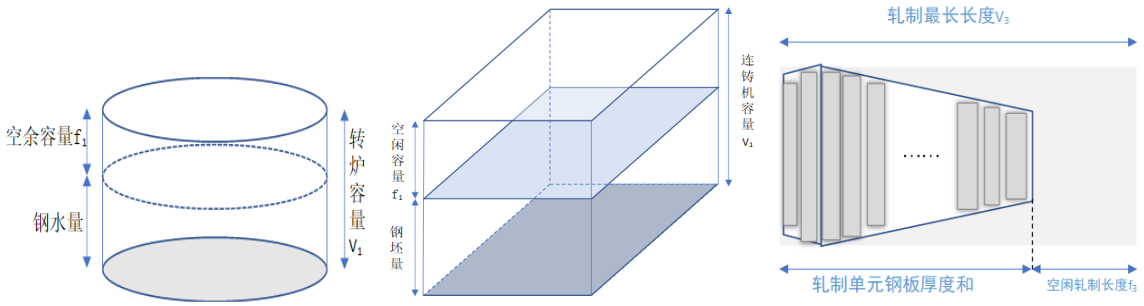


图 **6**　空闲产能示意图

即产能优化目标可表示为

$$min\begin{cases} f_1 = \sum_{v=1}^{n_{heat}}(V_1 - \sum_{u=1}^{n_{Molten}} Molten_u), \\ f_2 = \sum_{v=1}^{n_{cast}}(V_2 - \sum_{u=1}^{n_{Bar}} Bar_u), \\ f_3 = \sum_{v=1}^{n_{Roll}}(V_3 - \sum_{u=1}^{n_{Strip}} Strip_u). \end{cases} \tag{5}$$

5.2.2 时间目标函数

为最大限度的减少物料在工序间的停留时间，本文将在产能目标函数达到最优的情况下尽使得热轧时间与浇铸时间达到之和为最小值。由附件 1 可知，共有两台连铸机，即连铸机工作总时间 T_{cast} 可表示为

$$T_{Cast} = \frac{1}{2}\sum_{i=1}^{n_{Cast}}(n_{Bar} \times t_{Bar} + t_{Cast}),$$

其中 t_{Cast} 表示一次浇铸操作需要的准备时间，t_{bar} 表示浇铸每块钢坯需要的时间。同理热轧机的工作总时间 T_{roll} 可表示为

$$T_{Roll} = \sum_{i=1}^{n_{Roll}}(n_{Strip} \times t_{Strip} + t_{Roll}),$$

其中 t_{Roll} 表示一次轧制需要的准备时间，t_{Strip} 表示轧制一份刚卷需要的时间。由于转炉总数未知，且一般炼钢厂转炉数量较多，我们将不把炼钢总时间归入时间目标函数，即时间目标函数 T 可表示为

$$minT = T_{Cast} + T_{Roll}. \tag{6}$$

本文将优先计算使得产能目标函数最优时的帕累托解平面，然后在解平面中选择时间目标函数最优解作为最终生产方案。

5.3 工艺约束条件

根据工序划分，有组炉约束、组浇约束和热轧单元约束三大约束条件，并存在时间网络约束如下图所示

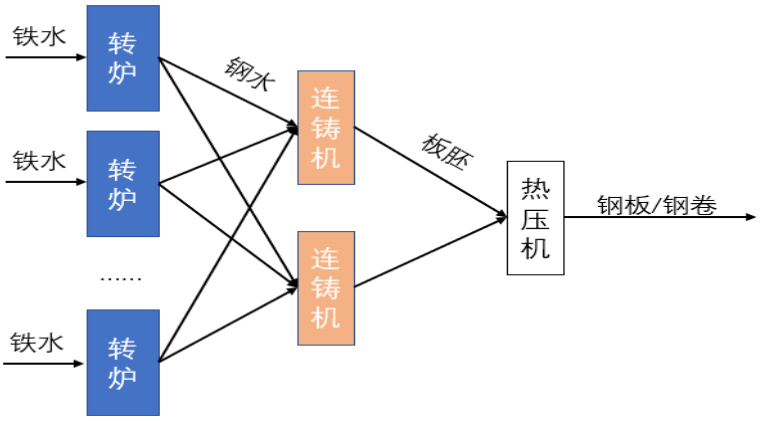


图 7　工序时间约束网络

5.3.1 组炉约束

各个工序的生产工艺约束对于炼钢工序的炉次计划，组成同一炉次的合同必须满足：(1) 钢级相同;(2) 板坯宽度相同;(3) 轧制宽度 ≤ 板坯宽度 ≤ 轧制宽度 +100mm;(4) 厚度相同;(65)95% 炉容量 ≤ 板坯总重量 ≤100% 炉容量。

一个炉次中，**组炉约束**描述如下：

$$\begin{cases} c_i = c_0, \\ t_i = t_0, \\ w_i = w_0 \geq 140, \\ w_i' \leq w_i \leq w_i' + 100, \\ 95\% \cdot \sum_{u=1}^{n_{Heat}} Heat_u \leq \sum_{i=1}^{n_{Bar}} Bar_i \leq \sum_{u=1}^{n_{Heat}} Heat_u. \end{cases} \tag{7}$$

5.3.2 组浇约束

多个炉次构成一个浇次。组成同一浇次的炉次之间必须满足如下条件:(1) 钢级的要求, 不同炉次之间的钢级存在的关系如表1所示:

表 1　炉次间的钢级关系

炉次[1]	C_1	C_2	C_3	C_4
C_1	0	1	2	3
C_2	1	0	3	2
C_3	2	3	0	3
C_4	3	2	3	0

[1] C_i 是第 i 个炉次对应的钢级;0-钢级完全相同可直接连浇;1—钢级相近不用隔板, 可直接连浇;2—用隔板进行质量分离连浇;3-不能连浇。

(2) 炉次之间的板坯厚度一致。根据国家标准《连铸工程设计规范》GB 50580-2010，板坯厚度不宜小于 $140mm$;(3) 板坯的宽度变化不允许超过一定次数;(4) 如果不同宽度的炉次组成同一浇次, 一般是按宽度非增顺序排列, 而且变化不能太大。

对浇次 $Cast_k$ 中的任意板坯 Bar_j 和 ΔBar_j，**组浇约束**描述如下：

$$\begin{cases} w_{j+1} \leq w_j, \\ |\Delta w_j| \leq [\Delta w], \\ \sum\limits_{j=1}^{n_w-1} [\dfrac{|\Delta w_j|}{[|\Delta w_j|]}] \leq [n_{alter}], \end{cases} \tag{8}$$

其中，$[n_{alter}]$ 是变化次数的许用阈值，$[\Delta w]$ 是板坯宽度的许用变化量。

5.3.3 热轧单元约束

工程上对于板坯具有的某一属性 (宽度、厚度、硬度)，需要满足属性值不超过许用属性值，且在轧制单元计划中，相邻两板坯的属性变化量不得超过许用属性变化量。则对单元计划中第 i 块板坯的属性 x_i 有

$$0 \leq \Delta x_i = x_i - x_{i+1} \leq [\Delta x]. \tag{9}$$

考虑到工作压辊更换成本与属性变化正相关，需要限制板坯属性变化总量

$$\sum_{i}^{n-1} \Delta x_i \leq X_0,$$

同时，属性变化不能反向跳跃，即

$$\Delta x_i \cdot \Delta x_{i+1} \geq 0.$$

最后，板坯的硬度、厚度、宽度三种属性具有递减的优先级，为简化模型，限制相邻板坯之间只有一个属性变化，即

$$[\frac{|\Delta w_j|}{[|\Delta w_j|]}] + [\frac{|\Delta t_j|}{[|\Delta t_j|]}] + [\frac{|\Delta h_j|}{[|\Delta h_j|]}] \leq 1. \tag{10}$$

加以板坯总长度限制，可以得到热轧单元总约束为：

$$\begin{cases} \Delta t_j \cdot \Delta t_{j+1} \geq 0, \\ \Delta h_j \cdot \Delta h_{j+1} \geq 0, \\ \sum_{j=1}^{n} Roll_j \leq B_0, \\ \sum_{j}^{n-1} \Delta w_i \leq W_0, \\ \sum_{j}^{n-1} \Delta t_i \leq T_0, \\ 0 \leq \Delta t_j = t_j - t_{j+1} \leq [\Delta t], \\ 0 \leq \Delta w_j = w_j - w_{j+1} \leq [\Delta w], \\ [\frac{|\Delta w_j|}{[|\Delta w_j|]}] + [\frac{|\Delta t_j|}{[|\Delta t_j|]}] + [\frac{|\Delta h_j|}{[|\Delta h_j|]}] \leq 1. \end{cases} \tag{11}$$

5.4 炼钢——连铸——热轧动态协调算法

5.4.1 插板式编码

由于该问题中仿真样本较大，传统顺寻编码方式将使得决策变量体量过大，难以有效执行交叉，变异等操作。本文设计插板式编码以大幅度降低编码体量，即当轧制单元的数量确定为 n 时，订单中的板坯种类总数为 m，即轧制各个轧制清单可编码为

$$X = \begin{bmatrix} x_{1,1} & x_{1,2} & \cdots & x_{1,n-1} \\ x_{2,1} & x_{2,2} & \cdots & x_{2,n-1} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ x_{m,1} & x_{m,2} & \cdots & x_{m,n-1} \end{bmatrix},$$

其中第 $i(i \in [1,m])$ 行的编码 $x_{i,j}(j \in [i,n-1])$ 表示在第 i 种板坯订单中放入 $n-1$ 个分割线，其中 $x_{i,j} \in [0,N_i]$ 且有 $x_{i,j} \leqslant x_{i,j+1}$，$N_i$ 表示第 i 种板坯的生产总数。第 $j(1<j<n-1)$ 个轧制单元中包含了 $x_{i,j+1}-x_{i,j}$ 个 i 种板坯；且首个轧制单元含有 $x_{i,1}$ 个板坯 i，第 n 个轧制单元包含了 $N_i - x_{i,n-1}$ 个板坯 i。该编码方式可由图 8 表示

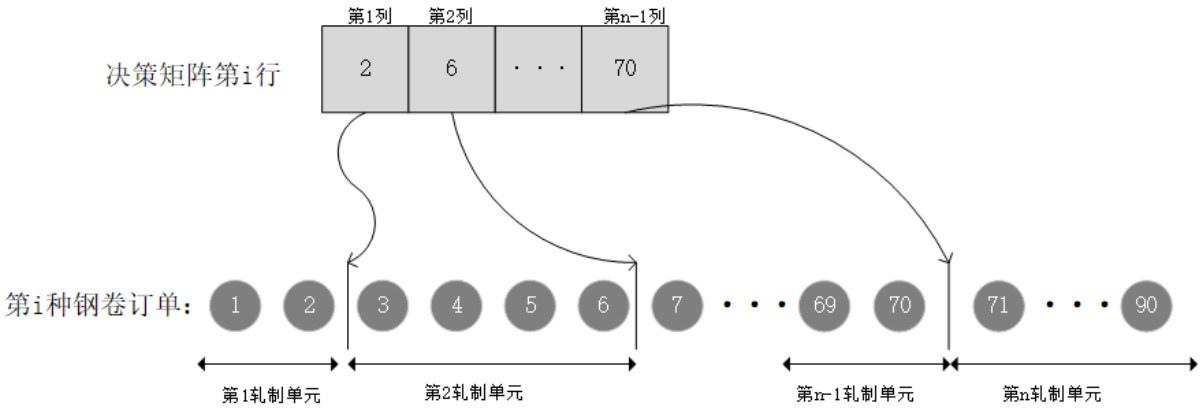


图 **8**　插板式编码示意图

5.4.2 NSGA-II 算法

NSGA-II 算法是经典群智能多目标优化算法，其基于遗传算法与快速非支配排序，可高速有效的多目标优化的帕累托前沿。设定种群染色体数量为 p，搜索代数为 G，变异概率为 p_m，$f_1(X)$、$f_2(X)$ 和 $f_3(X)$ 分别为决策 X 分别表示染色体 X 所对应的转炉、连铸机于热压机的闲置产能。$T(X)$ 为染色体 X 对应的总流程消耗时间，其算法流程图如 9 所示。

step1: 种群初始化

首先随机生成 p 个满足所有约束条件的解作为初始化种群，即对于随机生成的第 $q(1 \leqslant q \leqslant p)$ 个染色体 X_q 有

$$x_{q,i,j} = floor(rand(0, N_i + 1)),$$

其中 $x_{q,i,j}$ 表示 X_q 中的第 i 行第 j 列的编码因子，$rand(0, N_i + 1)$ 表示 0 到 $N_i + 1$ 之间的一个随机数，$floor$ 表示向下取整函数，即 $x_{q,i,j}$ 为 0 到 N_i 之间的一个随机整数。将生成后个体的编码因子按行降序排列，即

$$[x_{q,i,1}, x_{q,i,2}, \cdots, x_{q,i,n-1}] \leftarrow sort([x_{q,i,1}, x_{q,i,2}, \cdots, x_{q,i,n-1}]),$$

若所得的 X_q 满足所有约束条件，即将 X_q 保存至初始种群，生成下一个解 X_{q+1}；否则即重复生成 X_q 直到其满足所有约束条件。

step2: 交叉变异操作

本文采用中间数交叉来执行隔板的交叉操作，即对个体 X_a 与个体 X_b 执行交叉操作，生成个体 X_c，具体操作为

$$x_{c,i,j} = x_{a,i,j} + floor((x_{b,i,j} - x_{a,i,j}) \times rand(0, 1)),$$

即交叉生成的基因 $x_{c,i,j}$ 将取自两个对应的父代基因 $x_{a,i,j}$ 与 $x_{b,i,j}$ 的之间的一个随机整数，将第 k 代中的所有个体两两配对进行交叉操作。之后对于第 k 代的任意一个个体 X_q 将有 p_m 的概率执行变异操作如下

$$x_{q,i,j}(k) = floor(rand(0, N_i + 1)),$$

即将 $x_{q,i,j}(k)$ 随机变化为另一个 0 到 N_i 间的一个随机整数。将第 k 交叉变异生成的新染色体与第 k 代的原染色体混合生成染色体集合 $\{X\}_k$。

step3: 快速非支配排序

若解 X_a 与 X_b 满足 $\forall v \in \{1,2,3\}: f_v(X_a) \leqslant f_v(X_a) \wedge \exists v \in \{1,2,3\}: f_v(X_a) < f_v(X_a)$，则定义解 X_a 支配解 X_b。若解 X_q 不被任何解支配，则称解 X_q 为非支配解。定义染色体集合 $\{X\}_k$ 中所有非支配解为第 1 非支配层 $\{X\}_k(1)$。剔除 $\{X\}_k$ 中的第 $1 \sim i$ 支配层，定义 $\{X\}_k$ 中剩余的解中的非支配解为第 $i+1$ 非支配层 $\{X\}_k(i+1)$。对于第 i 支配层中的解 $X_q \in \{X\}_k(i)$，其拥挤度 $C(X_q)$ 可计算如下

$$C(X_q) = \sum_{v\in\{1,2,3\}} \frac{f_v(X_{q+1}) - f_v(X_{q-1})}{f_{v,max}\{X\}_k(i) - f_{v,min}\{X\}_k(i)},$$

其中 $f_{v,max}\{X\}_k(i)$ 与 $f_{v,min}\{X\}_k(i)$ 分别是第 i 支配层中 f_v 的最大值与最小值。$f_v(X_{q+1})$ 与 $f_v(X_{q-1})$ 分别是第 i 支配层中解的 f_v 值升序排列后 $f_v(X_q)$ 的前一个与后一个值。当 $f_v(X_q)$ 即既为为 f_v 的最大值或最小值时使得 $C(X_q)$ 值趋近于无穷。即将 $\{X\}_k$ 按照支配层编号升序排序，之后将每个支配层中的个体按照拥挤度 $C(X_q)$ 降序排列，最终选择序列中的前 p 个个体放入下一次迭代。

step4: 循环迭代寻优与选解

循环迭代 G 次后输出第 G 代中的第 1 非支配层 $\{X\}_G(1)$，将其作为算法求得的帕累托前沿。并选择帕累托前沿解中锻造时间最小的解作为最佳生产计划。

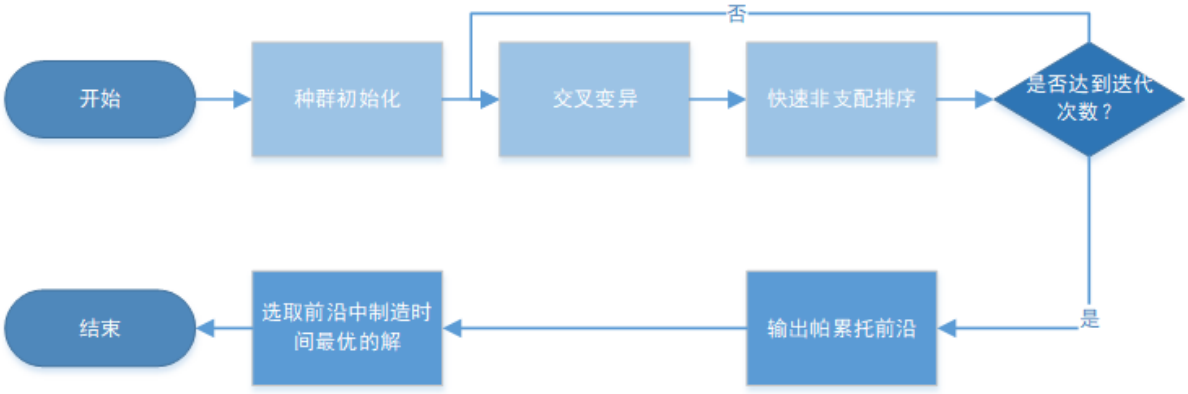


图 **9** **NSGA-II** 算法流程图

6 仿真实验与结果及分析

6.1 实验数据及参数设置

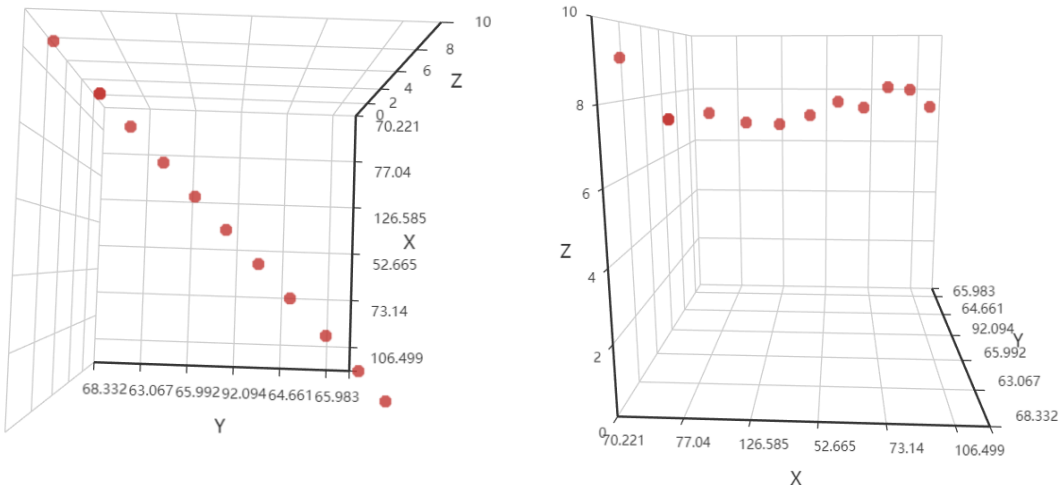
本文以某钢铁联合企业为研究对象进行测试，系统使用 Python 编程实现算法。仿真过程中 NSGA-II 算法参数设置每个种群大小为 200，交叉概率为 50%，变异概率为 80%在 CPU Intel T5800 1.6GHz，2GB 内存环境下进行多次实验，具体设置参数如表 2 所示：

表 **2**　实验参数设置表

参数名称	参数值	参数名称	参数值
交叉率	0.5	变异率	0.8
迭代次数	500	种群大小	200
惩罚值	10000	突变领域	10
边界拥挤距离	inf	订单数目	10
连铸设置时间	20min	热轧设置时间	10min
轧制一块板胚时间	2min	浇铸一块板胚时间	5min

6.2 实验结果

在充分满足各阶段生产工艺约束的条件下，该算法能在 10min 内完成得到 13 个轧制单元计划、63 个炉次计划和 7 个浇次计划，经快速非支配排叙后最终得到的 Pareto 非支配解有 11 个最优解，如图 10 所示



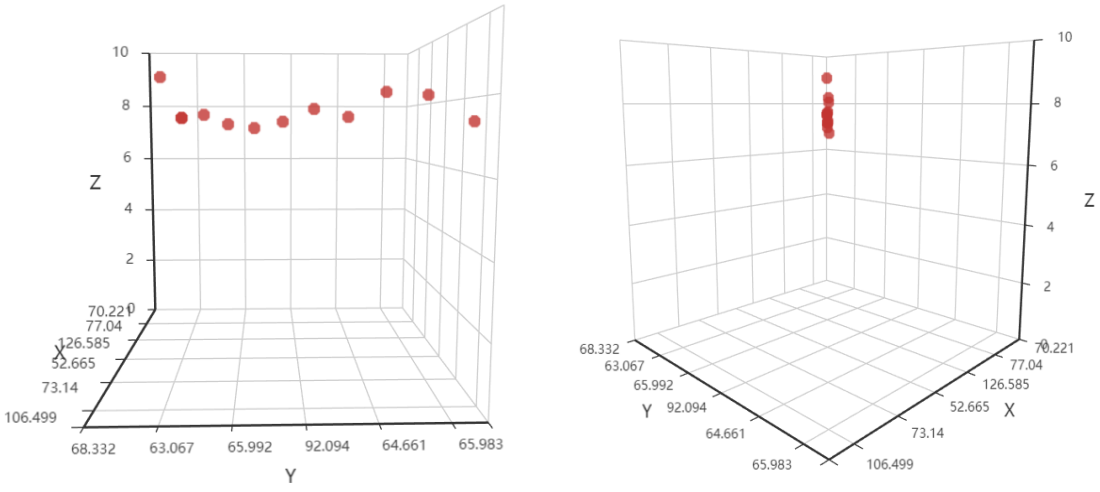


图 **10**　三维 **Pareto** 最优解散点各平面分布（缩放比例 **1**：**100**）

从三维图面上可以看出，这 11 个 Pareto 解满足互不支配关系（即任意两个样本点，至少存在一轴优于另一样本点）。对于炼钢、连铸、热轧三者利用率而言，均为最优解。本文选取时间最短的一个样本点进行计算，求得满足上述约束下完成前十个订单的最短时间为 36580min，其对应的插板方式如表 3 所示

表 **3**　求得最短时间热轧单元计划插板方式

订单号 / 套餐个数	001	002	003	…	009	010
轧制单元 1	43	11	54	…	12	29
轧制单元 2	52	30	109	…	32	62
轧制单元 3	145	88	147	…	47	100
轧制单元 4	236	101	198	…	61	116
…	…	…	…	…	…	…
轧制单元 9	558	167	508	…	113	350
轧制单元 10	609	188	593	…	113	362
轧制单元 11	626	191	648	…	113	362
轧制单元 12	629	193	656	…	114	336

表中纵列为插板位置所在方式，即共有 12+1 个轧制单元，每个轧制单元中对应订单板胚个数为横列差值求和，所得数据满足实际组炉组浇工艺约束。

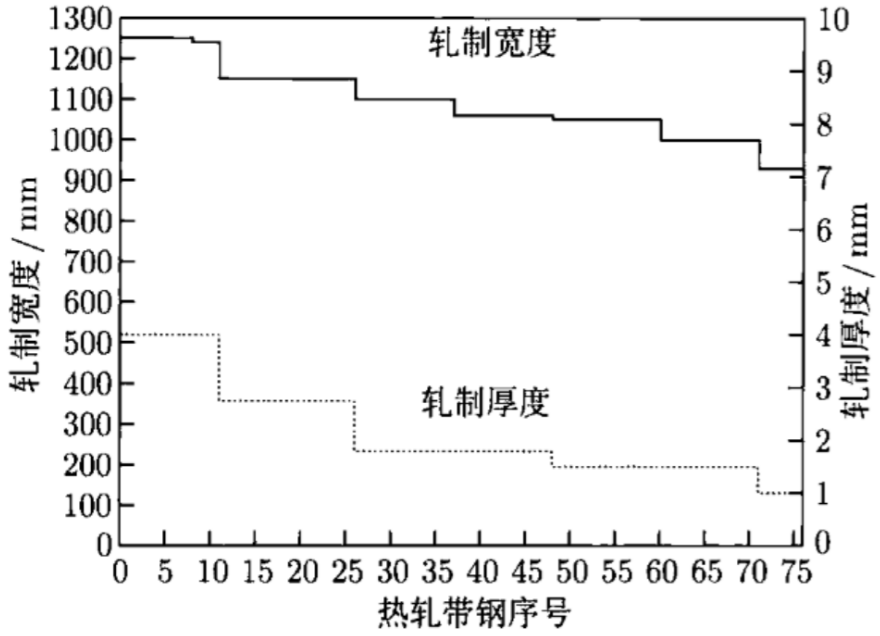
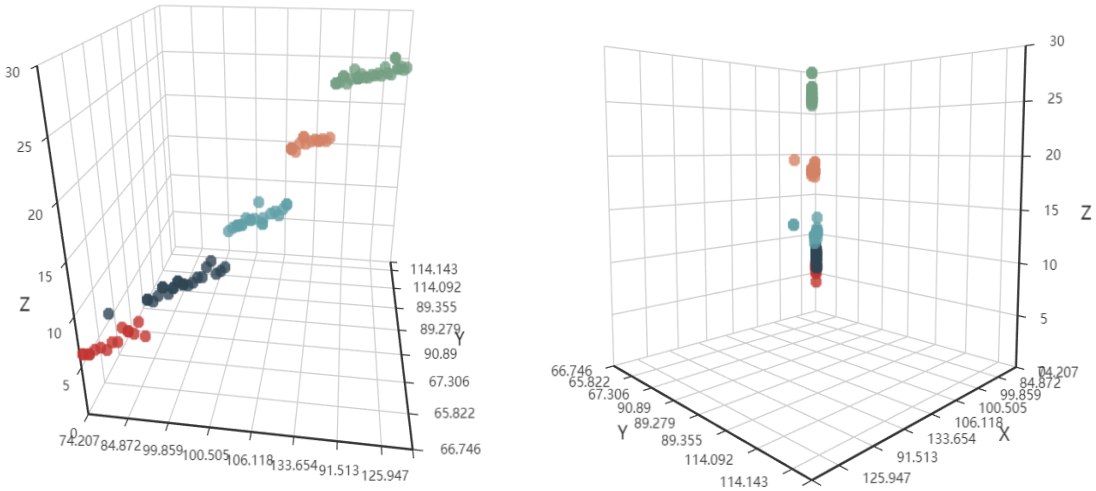


图 **11**　某一轧制单元宽度和厚度变化

图 11 所表示的某轧制单元计划主体材轧制宽度和厚度的变化情况，满足轧制生产工艺约束。仿真实例计算结果检验了模型和算法的合理性、可行性和有效性。

7 灵敏度分析

改变一体化调度系统插板个数，使其满足在约束范围内上下波动 5%。观察在固定生产订单总数的情况下，非劣解的个数和位置是否发生改变，并求出对应情况下最短生产时间。下图表示插板个数分别为 11、12、13、14 和 15 时候对应 Pareto 最优解分布情况。



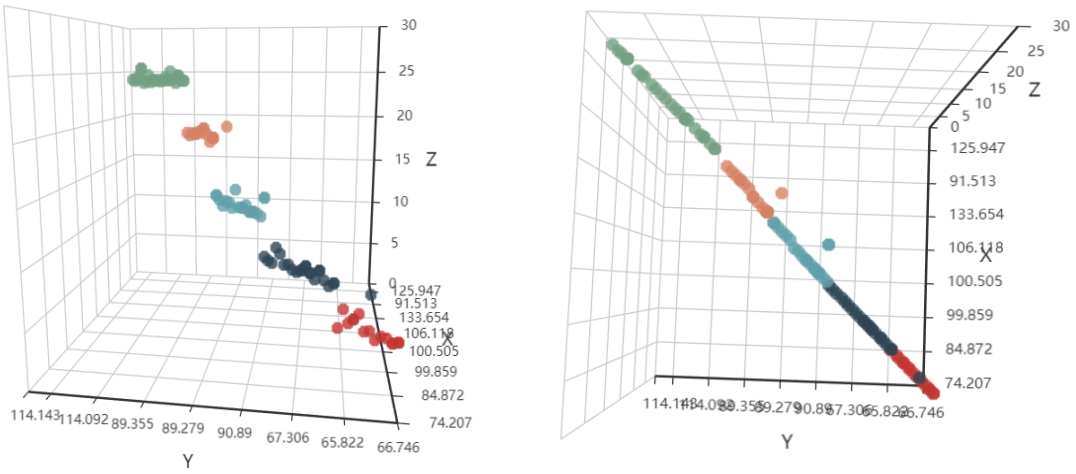


图 **12**　改变插板个数对非劣解的影响（缩放比例 **1**：**100**）

据图 12 分析可知，变化插插板个数在波动 5% 时，帕累托前沿解集空间位置发生改变，但其分布并没发生较大变动，说明 NSGA-II 算法具有较强的抗干扰能力，在隔板参数发生改变情况下不会影响非劣解的稳定。图 13 是改变参数情况下最短生产时间的变化规律，表明在隔板参数为 12 情况下求得在工序间的停留最短时间，并且隔板数目对帕累托前沿解中锻造最短时间的影响较大。

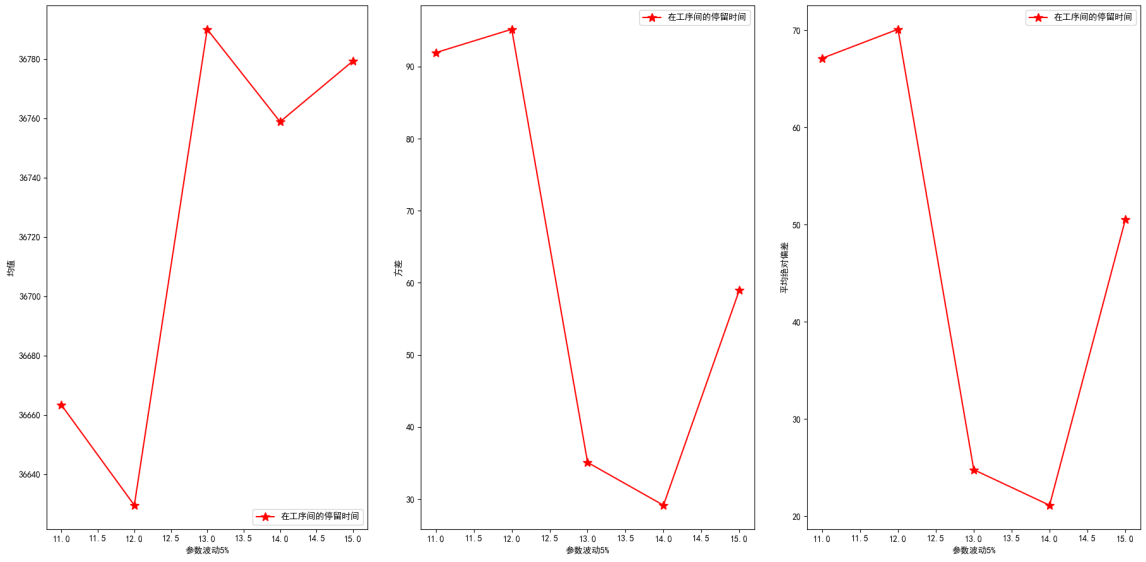


图 **13**　隔板参数变化时灵敏度分析

8 模型评价

8.1 模型的优点

1. 在一体化模型的搭建中，本文多维度考虑了生产效率对全局的依赖，并在符合严苛的工艺约束条件下全局求解单元计划排列顺序。
2. 针对智能算法求解方面，使用 NSGA-II 算法并巧妙采用插板式编码方式对多目标优化求解，兼顾局部搜索与全局搜索能力。
3. 选择帕累托前沿解中锻造时间最小的解作为最佳生产计划，求得在工序间的停留最短时间，缩短了制造周期和交货周期。

8.2 模型的缺点

1. 未能考减少温降和能量损失对钢铁生产计划的影响；
2. 由于约束条件严苛，NSGA-II 算法需要规模较大的种群数寻找满足条件的最优解，从而影响其搜索能力。

参考文献

[1] 李文兵, 毕英杰, 纪扬, 等. 基于生产流程的炼钢-连铸-热轧仿真系统 [J]. 冶金自动化, 2005, 29(3): 37-42.

[2] Funakawa Y, Shiozaki T, Tomita K, et al. Development of high strength hot-rolled sheet steel consisting of ferrite and nanometer-sized carbides[J]. ISIJ international, 2014, 44(11): 1945-1951.

[3] 张春生, 李铁克. 炼钢与热轧调度方案动态协调方法研究 [J]. 冶金自动化, 2016 (5): 19-25.

[4] 朱宝琳, 于海斌. 炼钢—连铸—热轧生产调度模型及算法研究 [J]. 计算机集成制造系统, 2003, 9(1): 33-36.

[5] 李耀华, 胡国奋, 王伟, 等. 炼钢-连铸-热轧一体化生产计划编制方法研究 [J]. 控制工程, 2005, 12(6): 549-552.

[6] 李铁克, 苏志雄. 炼钢连铸生产调度问题的两阶段遗传算法 [J]. 中国管理科学, 2009, 17(5): 68-74.

附录 A NSGA-II 仿真实验代码

```
# -*- coding: utf-8 -*-
"""Untitled0.ipynb

Automatically generated by Colaboratory.

Original file is located at
    https://colab.research.google.com/drive/1l1aQ3-BhBtZA9jlKpqy1K5GYrnIznm6r
"""

import pandas as pd
import numpy as np
import random



data = pd.read_excel('/content/drive/My
    Drive/competitions/CMCM/demo5/data.xls')
data.head()

#coding:utf-8
#Importing required modules
import math
import random
import numpy as np
import pandas as pd
from tqdm.notebook import tqdm
import matplotlib.pyplot as plt
plt.rcParams['font.sans-serif']=['SimHei'] #用来正常显示中文标签
plt.rcParams['axes.unicode_minus']=True #用来正常显示负号

def missing_data(data):
    total = data.isnull().sum()
    percent = (data.isnull().sum()/data.isnull().count()*100)
```

```
    tt = pd.concat([total, percent], axis=1, keys=['Total', 'Percent'])
    types = []
    for col in data.columns:
        dtype = str(data[col].dtype)
        types.append(dtype)
    tt['Types'] = types
    return(np.transpose(tt))


def unique_values(data):
    total = data.count()
    tt = pd.DataFrame(total)
    tt.columns = ['Total']
    uniques = []
    for col in data.columns:
        unique = data[col].nunique()
        uniques.append(unique)
    tt['Uniques'] = uniques
    return(np.transpose(tt))


def most_frequent_values(data):
    total = data.count()
    tt = pd.DataFrame(total)
    tt.columns = ['Total']
    items = []
    vals = []
    for col in data.columns:
        itm = data[col].value_counts().index[0]
        val = data[col].value_counts().values[0]
        items.append(itm)
        vals.append(val)
    tt['Most frequent item'] = items
    tt['Frequence'] = vals
    tt['Percent from total'] = np.round(vals / total * 100, 3)
```

```
    return(np.transpose(tt))


def plot_count(feature, title, df, size=1, num=20):
    f, ax = plt.subplots(1,1, figsize=(4*size,4))
    total = float(len(df))
    g = sns.countplot(df[feature], order =
        df[feature].value_counts().index[:num], palette='Set3')
    g.set_title("Number and percentage of {}".format(title),
        fontproperties=font)
    if(size > 2):
        plt.xticks(rotation=90, size=8)
    for p in ax.patches:
        height = p.get_height()
        ax.text(p.get_x()+p.get_width()/2.,
               height + 3,
               '{:1.2f}%'.format(100*height/total),
               ha="center", fontproperties=font)
    plt.show()

unique_values(data)

dingdan = pd.read_excel('/content/drive/My
    Drive/competitions/CMCM/demo5/data_un.xlsx')
del dingdan['Unnamed: 0']
del dingdan['虚拟板坯号']
del dingdan['钢卷ID号']

dingdan.head(5)

class Loader(object):
  def __init__(self, id, num, water_w, board_w, W, D, H, is_Q, is_Tang,
      gangzhong):
    self.id = id # 订单号
    self.num = num # 板胚个数
```

```
99      self.water_w = water_w # 钢水重量
100     self.board_w = board_w # 钢板重量
101     self.W = W # 宽度
102     self.D = D # 厚度
103     self.H = H # 硬度
104     self.is_Tanggun = (is_Q!=2 and is_Tang==1) # 是否为烫辊材
105     self.gangzhong = gangzhong # 钢种
106
107 loaders = []
108 # num_loader = len(dingdan)
109 num_loader = 10
110 for i in range(num_loader):
111   l = Loader(dingdan.loc[i]['订单号'], dingdan.loc[i]['数目'],
        dingdan.loc[i]['钢水重量'],
112           dingdan.loc[i]['板坯重量'], dingdan.loc[i]['坯料宽度'],
              dingdan.loc[i]['坯料厚度'],
113           dingdan.loc[i]['板坯硬度'], dingdan.loc[i]['表面质量'],
              dingdan.loc[i]['是否可为烫辊材'], dingdan.loc[i]['冶炼牌号'])
114   loaders.append(l)
115
116 ! pip install pyecharts
117
118
119
120 #Function to carry out NSGA-II's fast non dominated sort
121 #函数执行NSGA-II的快速非支配排序,将所有的个体都分层
122 '''
123 1.np=0 sp=infinite
124 2.对所有个体进行非支配判断，若p支配q，则将q加入到sp中，并将q的层级提升一级。
125   若q支配p，将p加入sq中，并将p的层级提升一级。
126 3.对种群当前分层序号k进行初始化，令k=1
127 4.找出种群中np=0的个体，将其从种群中移除，将其加入到分层集合fk中，该集合就是层级为0个体
128 5.判断fk是否为空，若不为空，将fk中所有的个体sp中对应的个体层级减去1，且k=k+1,跳到2;
129   若为空，则表明得到了所有非支配集合，程序结束
130 '''
```

```
"""基于序列和拥挤距离,这里找到任意两个个体p,q"""
from matplotlib import pyplot as plt
from mpl_toolkits.mplot3d import Axes3D

def fast_non_dominated_sort(values1, values2, values3):
    S=[[] for i in range(0,len(values1))]
    # 种群中所有个体的sp进行初始化 这里的len(value1)=pop_size
    front = [[]]
    # 分层集合,二维列表中包含第n个层中,有那些个体
    n=[0 for i in range(0,len(values1))]
    rank = [0 for i in range(0, len(values1))]
    # 评级

    for p in range(0,len(values1)):
        S[p]=[]
        n[p]=0
        # 寻找第p个个体和其他个体的支配关系
        # 将第p个个体的sp和np初始化
        for q in range(0, len(values1)):
            #step2:p > q 即如果p支配q,则
            if ((values1[p]>values1[q] and values2[p]>values2[q] and
                values3[p]>values3[q])
              or (values1[p]>=values1[q] and values2[p]>values2[q] and
                values3[p]>=values3[q])
              or (values1[p]>values1[q] and values2[p]>=values2[q] and
                values3[p]>=values3[q])
              or (values1[p]>=values1[q] and values2[p]>=values2[q] and
                values3[p]>values3[q])):
            #支配判定条件:当且仅当,对于任取i属于{1,2},都有fi(p)>fi(q),符合支配.
            #或者当且仅当对于任意i属于{1,2},有fi(p)>=fi(q),且至少存在一个j使得fj(p)>fj(q
                if q not in S[p]:
                    # 同时如果q不属于sp将其添加到sp中
                    S[p].append(q)
            # 如果q支配p
            elif ((values1[q]>values1[p] and values2[q]>values2[p] and
```

```
            values3[q]>values3[p])
        or (values1[q]>=values1[p] and values2[q]>values2[p] and
            values3[q]>=values3[p])
        or (values1[q]>values1[p] and values2[q]>=values2[p] and
            values3[q]>=values3[p])
        or (values1[q]>=values1[p] and values2[q]>=values2[p] and
            values3[q]>values3[p])):
            # 则将np+1
            n[p] = n[p] + 1
    if n[p]==0:
        # 找出种群中np=0的个体
        rank[p] = 0
        # 将其从pt中移去
        if p not in front[0]:
            # 如果p不在第0层中
            # 将其追加到第0层中
            front[0].append(p)
i = 0
while(front[i] != []):
    # 如果分层集合为不为空,
    Q=[]
    for p in front[i]:
        for q in S[p]:
            n[q] =n[q] - 1
            # 则将fk中所有给对应的个体np-1
            if(n[q]==0):
                # 如果nq==0
                rank[q]=i+1
                if q not in Q:
                    Q.append(q)
    i = i+1
    # 并且k+1
    front.append(Q)
del front[len(front)-1]
return front
```

```
193     # 返回将所有个体分层后的结果
194
195
196 #Function to find index of list
197 #查找列表指定元素的索引
198 def index_of(a,list):
199     for i in range(0,len(list)):
200         if list[i] == a:
201             return i
202     return -1
203
204
205 #Function to sort by values
206 # 函数根据指定的值列表排序
207 '''list1=[1,2,3,4,5,6,7,8,9]
208    value=[1,5,6,7]
209    sort_list=[1,5,6,7]
210 '''
211 def sort_by_values(list1, values):
212     sorted_list = []
213     while(len(sorted_list)!=len(list1)):
214         # 当结果长度不等于初始长度时，继续循环
215         if values.index(min(values)) in list1:
216             # 标定值中最小值在目标列表中时
217             sorted_list.append(values.index(min(values)))
218         #     将标定值的最小值的索引追加到结果列表后面
219         values[values.index(min(values))] = math.inf
220     #      将标定值的最小值置为无穷小,即删除原来的最小值,移向下一个
221     #     infinited
222     return sorted_list
223
224
225 #Function to calculate crowding distance
226 #计算拥挤距离的函数
227 '''
```

```
1.I[1]=I[l]=inf, I[i]=0 将边界的两个个体拥挤度设为无穷。
2.I=sort(I,m), 基于目标函数m对种群排序
3.I[i]=I[i]+(Im[i+1]-Im[i-1])/(fmax-fmin)
'''
def crowding_distance(values1, values2, values3, front):
    distance = [0 for i in range(0,len(front))]
    # 初始化个体间的拥挤距离
    sorted1 = sort_by_values(front, values1[:])
    sorted2 = sort_by_values(front, values2[:])
    sorted3 = sort_by_values(front, values3[:])

    # 基于目标函数1和目标函数2对已经划分好层级的种群排序
    distance[0] = 4444444444444444
    distance[len(front) - 1] = 4444444444444444
    for k in range(1,len(front)-1):
        distance[k] = distance[k]+ (values1[sorted1[k+1]] -
            values1[sorted1[k-1]])/(max(values1)-min(values1))
    for k in range(1,len(front)-1):
        distance[k] = distance[k]+ (values2[sorted2[k+1]] -
            values2[sorted2[k-1]])/(max(values2)-min(values2))
    for k in range(1,len(front)-1):
        distance[k] = distance[k]+ (values3[sorted3[k+1]] -
            values3[sorted3[k-1]])/(max(values3)-min(values3))
    return distance
    # 返回拥挤距离



class NSGA(object):
  def __init__(self, loaders, partition_num=None, max_num=20,
      pop_size=10, c_rate=0.5, m_rate=0.8):
    self.partition_num = partition_num #隔板数
    self.max_num = max_num   #迭代次数
    self.loaders = loaders   # 订单们
    self.pop_size = pop_size   # 种群数目
```

```
259     self.c_rate = c_rate   # 交换率
260     self.m_rate = m_rate   # 突变率
261     pass
262 
263   def encode(self): # 初始化编码，问题的解
264     gens = []
265     if self.partition_num!=None:
266       for x in range(self.partition_num): # 隔板的每一个基因
267         gen = []
268         for l in self.loaders:
269           gen.append(random.randint(0,l.num-1)) # 初始化每一个隔板的位置
270         gens.append(gen)
271     gens = np.sort(gens, axis = 0) # 按列排叙。列为单个订单的插板
272     return np.array(gens)
273 
274   def creat_pop(self, size):
275     pop = []
276     for i in range(size):
277       pop.append(self.encode()) # 加入种群
278     return pop
279 
280   def cross(self, parent1, parent2):
281     """交叉p1,p2的部分基因片段"""
282     # if np.random.rand() > self.c_rate:
283     #     return parent1
284     newGene = np.zeros((parent1.shape[0], parent1.shape[1]), dtype =
          np.int)
285     for i in range(parent1.shape[1]): # 交叉，这里待优化
286       for j in range(parent1.shape[0]):
287         # if parent2[j][i]>=parent1[j][i]:
288         #   newGene[j][i] = random.randint(parent1[j][i], parent2[j][i])
              # 取两个父代中间的随机数
289         # else:
290         #   newGene[j][i] = random.randint(parent2[j][i], parent1[j][i])
              # 取两个父代中间的随机数
```

```
291
292         if np.random.rand() > self.c_rate:
293           newGene[j][i] = parent1[j][i] # 取两个父代中间的随机数
294         else:
295           newGene[j][i] = parent2[j][i] # 取两个父代中间的随机数
296     newGene = np.sort(newGene, axis = 0) # 按列排叙。列为单个订单的插板
297     return newGene
298
299   def mutate(self, gene):
300     """突变"""
301     if np.random.rand() > self.m_rate:
302         return gene
303     newGene = gene.copy()
304     lingyu = 10 # 领域，在小范围变化
305     for i in range(gene.shape[1]): # 交叉，这里待优化
306       for j in range(gene.shape[0]):
307         if np.random.rand()>0.8:
308           newGene[j][i] = newGene[j][i] + random.randint(0,lingyu) if
                newGene[j][i]+lingyu<self.loaders[i].num else newGene[j][i]
309         elif np.random.rand()<0.2:
310           newGene[j][i] = newGene[j][i] - random.randint(0,lingyu) if
                newGene[j][i]-lingyu>0 else newGene[j][i]
311         # if np.random.rand()>0.8:
312         #   newGene[j][i] = random.randint(0,self.loaders[i].num-1)
313     return newGene
314
315   def get_fitness(self, pop):
316     d = [] # 适应度记录数组
317     for i in range(pop.shape[0]):
318         gens = pop[i] # 取其中一条基因（编码解，个体）
319         f1,f2,f3 = self.get_fun1(gens), self.get_fun2(gens),
              self.get_fun3(gens) # 计算此基因优劣（距离长短）
320         d.append((f1,f2,f3))
321     return d
322
```

```
def get_fun1(self, gens):
  V1_max = 200 # 容积
  f1 = 0 #### ? ? ? ? ?
  for i in range(self.partition_num):
    if i==0:
      taocan = gens[i]
    elif i==self.partition_num-1:
      taocan1 = np.array([x.num for x in loaders])
      taocan2 = gens[i]
      taocan = taocan1-taocan2
    else:
      taocan1 = gens[i]
      taocan2 = gens[i-1]
      taocan = taocan1-taocan2
    sum_V1 = 0
    for indx, loader in enumerate(loaders):
      sum_V1 = sum_V1 + loader.water_w * taocan[indx]
    f1 = f1 + V1_max*(int(sum_V1/V1_max)+1)-sum_V1
  return -f1

def get_fun2(self, gens):
  V2_max = 2550 # 容积
  f2 = 0 #### ? ? ? ? ?
  for i in range(self.partition_num):
    if i==0:
      taocan = gens[i]
    elif i==self.partition_num-1:
      taocan1 = np.array([x.num for x in loaders])
      taocan2 = gens[i]
      taocan = taocan1-taocan2
    else:
      taocan1 = gens[i]
      taocan2 = gens[i-1]
      taocan = taocan1-taocan2
    sum_V2 = 0
```

```
358     for indx, loader in enumerate(loaders):
359       sum_V2 = sum_V2 + loader.board_w * taocan[indx]
360     f2 = f2 + V2_max*(int(sum_V2/V2_max)+1)-sum_V2
361   return -f2
362
363 def get_fun3(self, gens):
364   V3_max = 60000 # 容积
365   V3_min = 40000
366   C = 500
367   f3 = 0 #### ? ? ? ? ?
368   for i in range(self.partition_num):
369     if i==0:
370       taocan = gens[i]
371     elif i==self.partition_num-1:
372       taocan1 = np.array([x.num for x in loaders])
373       taocan2 = gens[i]
374       taocan = taocan1-taocan2
375     else:
376       taocan1 = gens[i]
377       taocan2 = gens[i-1]
378       taocan = taocan1-taocan2
379     sum_V3 = 0
380     for indx, loader in enumerate(loaders):
381       sum_V3=sum_V3+loader.D * taocan[indx]
382     # print(sum_V3, V3_max-sum_V3)
383     f3 = f3 + abs(V3_max-sum_V3) #+ abs(min(V3_max-sum_V3,0)*C) +
          abs(min(sum_V3-V3_min,0)*C) # 负的罚函数
384     # f3 = f3 + V3_max-sum_V3 + abs(min(V3_max-sum_V3,0)*C) # +
          abs(min(sum_V3-V3_min,0)*C) # 负的罚函数
385   return -f3
386
387 def evolution(self):
388   self.pop = self.creat_pop(self.pop_size)
389   for num in tqdm(range(self.max_num)):
390     function1_values = [self.get_fun1(x)for x in self.pop]
```

```
391     function2_values = [self.get_fun2(x)for x in self.pop]
392     function3_values = [self.get_fun3(x)for x in self.pop]
393
394     self.F = 0.5+np.random.rand()
395
396     # 生成两个函数值列表，构成一个种群
397     non_dominated_sorted_solution =
            fast_non_dominated_sort(function1_values[:],function2_values[:],function3_val
398     # 种群之间进行快速非支配性排序，得到非支配性排序集合
399     # print("The best front for Generation number ",num, " is")
400     # for valuez in non_dominated_sorted_solution[0]:
401     #     print(self.pop[valuez],end=" ")
402     # print("\n")
403     crowding_distance_values=[]
404     # 计算非支配集合中每个个体的拥挤度
405     for i in range(0,len(non_dominated_sorted_solution)):
406         crowding_distance_values.append(crowding_distance(function1_values[:],functi
407                 ,function3_values[:],non_dominated_sorted_solution[i][:]))
408     # print(crowding_distance_values)
409     # 变异
410     for i in range(self.pop_size):
411       self.pop[i] = self.mutate(self.pop[i])
412
413     solution2 = self.pop
414     #生成了子代
415     while(len(solution2)!=2*self.pop_size):
416         a1 = random.randint(0,self.pop_size-1)
417         b1 = random.randint(0,self.pop_size-1)
418         # 选择
419         solution2.append(self.cross(self.pop[a1],self.pop[b1]))
420
421     function1_values2 = [self.get_fun1(x)for x in solution2]
422     function2_values2 = [self.get_fun2(x)for x in solution2]
423     function3_values2 = [self.get_fun3(x)for x in solution2]
424
```

```
425     non_dominated_sorted_solution2 =
            fast_non_dominated_sort(function1_values2[:],function2_values2[:],function3_v
426     # print('************',non_dominated_sorted_solution2)
427     # 将两个目标函数得到的两个种群值value,再进行排序 得到2*pop_size解
428     crowding_distance_values2=[]
429     for i in range(0,len(non_dominated_sorted_solution2)):
430         crowding_distance_values2.append(crowding_distance(function1_values2[:],func
431     # 计算子代的个体间的距离值
432     new_solution= []
433     for i in range(0,len(non_dominated_sorted_solution2)):
434         non_dominated_sorted_solution2_1 =
                [index_of(non_dominated_sorted_solution2[i][j],non_dominated_sorted_solut
                ) for j in range(0,len(non_dominated_sorted_solution2[i]))]
435         #排序
436         front22 = sort_by_values(non_dominated_sorted_solution2_1[:],
                crowding_distance_values2[i][:])
437         front = [non_dominated_sorted_solution2[i][front22[j]] for j in
                range(0,len(non_dominated_sorted_solution2[i]))]
438         front.reverse()
439         for value in front:
440             new_solution.append(value)
441             if(len(new_solution)==self.pop_size):
442                 break
443         if (len(new_solution) == self.pop_size):
444             break
445     self.pop = [solution2[i] for i in new_solution]
446
447
448 function1_values = [self.get_fun1(x)for x in self.pop]
449 function2_values = [self.get_fun2(x)for x in self.pop]
450 function3_values = [self.get_fun3(x)for x in self.pop]
451 non_dominated_sorted_solution =
        fast_non_dominated_sort(function1_values[:],function2_values[:],function3_valu
452
453 best = []
```

```
454     for valuez in non_dominated_sorted_solution[0]:
455         best.append(self.pop[valuez])
456     # 帕解
457     function1_values = [-self.get_fun1(x)for x in best]
458     function2_values = [-self.get_fun2(x)for x in best]
459     function3_values = [-self.get_fun3(x)for x in best]
460 
461     fig = plt.figure()
462     ax1 = plt.axes(projection='3d')
463     ax1.scatter3D(function1_values,function2_values,function3_values,
        cmap='Blues') #绘制散点图
464     plt.show()
465     return function1_values, function2_values, function3_values
466 
467 partition_num_max =
    int(sum(dingdan.loc[:num_loader]['坯料厚度']*dingdan.loc[:num_loader]['数目'])/400
468 partition_num_min =
    int(sum(dingdan.loc[:num_loader]['坯料厚度']*dingdan.loc[:num_loader]['数目'])/600
469 partition_num_min,partition_num_max
470 
471 nsga = NSGA(loaders, partition_num=12, pop_size=100, max_num=500)
472 x = nsga.encode()
473 nsga.get_fun1(x),nsga.get_fun2(x),nsga.get_fun3(x)
474 
475 function1_values, function2_values, function3_values = nsga.evolution()
476 
477 #归一化
478 f1 = [(x -
    min(function1_values))/(max(function1_values)-min(function1_values))
    for x in function1_values]
479 f2 = [(x -
    min(function2_values))/(max(function2_values)-min(function2_values))
    for x in function2_values]
480 f3 = [(x -
    min(function3_values))/(max(function3_values)-min(function3_values))
```

```
    for x in function3_values]
#放缩
# f1 = [x/10 for x in function1_values]
# f2 = [x/100 for x in function2_values]
# f3 = [x/1000 for x in function3_values]
# f1 = function1_values
# f2 = function2_values
# f3 = function3_values

import os,random
from pyecharts import options as opts
from pyecharts.charts import Scatter3D
filename = "scatter-3d.html"
data = []
for i in range(len(function1_values)):
  data.append((f1[i], f2[i], f3[i]))
scatter = (
    Scatter3D()
    .add("",data,
        xaxis3d_opts=opts.Axis3DOpts(
            name="Fun(1)",
            type_="value",
            # textstyle_opts=opts.TextStyleOpts(color="#fff"),
        ),
        yaxis3d_opts=opts.Axis3DOpts(
            name="Fun(2)",
            type_="value",
            # textstyle_opts=opts.TextStyleOpts(color="#fff"),
        ),
        zaxis3d_opts=opts.Axis3DOpts(
            name="Fun(3)",
            type_="value",
            # textstyle_opts=opts.TextStyleOpts(color="#fff"),
        ),
        # grid3d_opts=opts.Grid3DOpts(width=100, height=100, depth=100),
```

```
  )
    .set_global_opts(
        title_opts=opts.TitleOpts(title="Best Pareto Scatter"),
    )
    .render(filename)
)
os.system(filename)

len(data)

for i in tqdm(range(100)):
  x1 = nsga.encode()
  print(nsga.get_fun3(x1))

function3_values
```