

混合流水车间调度 HFSP 优化 CPLEX 和 GA 算法 Matlab 实现视频教程配套资料

作者: howarwang

More on: www.iescm.com/wor

目录

混合流水车间调度 HFSP 优化算法设计.....	1
1 混合流水车间调度问题描述.....	1
2 HFSP 问题数学模型.....	1
3 HFSP 小规模问题 CPLEX 优化求解.....	3
3.1 小规模算例数据.....	3
3.2 CPLEX 模型设计.....	4
3.3 CPLEX 优化结果.....	6
4 HFSP 求解 GA 算法 Matlab 实现.....	11
4.1 GA 算法框架.....	11
4.2 编码和解码规则.....	11
4.3 遗传操作选择.....	13
4.4 GA 算法 Matlab 程序.....	13

1 混合流水车间调度问题描述

混合流水车间调度问题 (Hybrid Flow Shop Scheduling Problem, HFSP) 也称为柔性流水车间调度问题 (Flexible Flow Shop Scheduling Problem, FFSP), 因为该问题是在 FSP 基础上增加了柔性, 即在 m 道工序中至少有一道工序的机器数量为两台或多台。HFSP 的其他特征如下:

- (1) 车间要进行 n 个批次或 n 个种类产品的生产;
- (2) 这些批次或种类的产品的工艺路径都是相同的, 都需要经过 m 道工序, 不同的是不同产品在同一道工序上的加工时间可能不同;
- (3) 在 m 道工序中存在至少一道工序的机器数量为两台或多台, 且这些机器性能相同。

优化目标设定为: 最大完工时间最小。

按照车间调度问题的三元组表示法, HFSP 规范标识为: $F(k_1, k_2, \dots, k_m) \parallel C_{\max}$,

2 HFSP 问题数学模型

数学模型的构建目标是将问题形成整数规划模型、混合整数规划模型或线性规划模型, 以便利用一些运筹学软件对其进行小规模问题的优化求解, 进而对比为了求解大规模应用问

题的规则算法或启发式算法的性能。NP 难问题，

令：

$j, j' = 1, \dots, n$ 为作业的索引； job

$h = 1, \dots, k_i$ 为工序 i 中的机器索引，

$i = 1, \dots, m$ 为工序索引

k_i ：为工序 i 中的机器数量，

G_i ：为工序 i 中的机器集合，

C_{ij} ：为工序 i 中开工顺序为 j 的作业的完工时间， n 个在第 i 个工序中，他们开工顺序如何？

M_{hi} ：为机器集合 G_i 中的第 h 个机器。

决策变量：

$$x_{jj'hi} = \begin{cases} 1 & \text{在机器 } M_{hr} \text{ 上作业 } j \text{ 为作业 } j' \text{ 的紧前作业} \\ 0 & \end{cases} \quad j, j' = 0, 1 \dots n,$$

$$x_{0j'hi} = \begin{cases} 1 & \text{作业 } j' \text{ 为机器 } M_{hr} \text{ 上第一个作业} \\ 0 & \end{cases}$$

$$x_{j0hi} = \begin{cases} 1 & \text{作业 } j' \text{ 为机器 } M_{hr} \text{ 上最后一个作业} \\ 0 & \end{cases}$$

Z

HFSP 比较经典的混合整数规划模型（Mixed Integer Programming, MIP）如下：

$$\text{Min } Z \quad (1)$$

Subject to

$$\sum_{j=0}^n \sum_{h=1}^{k_i} x_{jj'hi} = 1 \quad \forall j', i \quad (2)$$

$$\sum_{j'=0}^n \sum_{h=1}^{k_i} x_{jj'hi} = 1 \quad \forall j, i \quad (3)$$

$$\sum_{j=0}^n x_{jj'hi} - \sum_{j'=0}^n x_{j'jhi} = 0 \quad \forall j', h, i \quad (4)$$

$$x_{jjhi} = 0 \quad \forall j, h, i \quad (5)$$

$$C_{ij} + \sum_{h=1}^{k_i} x_{jj'hi} p_{ij'} + \left(\sum_{h=1}^{k_i} x_{jj'hi} - 1 \right) M \leq C_{ij'} \quad \forall j, j', i \quad (6)$$

$$C_{ij} \geq C_{i-1,j} + p_{ij} \quad \forall j, i \quad (7)$$

$$C_{0j} = 0 \quad \forall j \quad (8)$$

$$0 \leq C_{ij} \quad \forall i, j \quad (9)$$

$$C_{mj} \leq Z \quad \forall j \quad (10)$$

$$x_{jj'hi} = 0, 1 \quad \forall j, j', h, i \quad (11)$$

式（2）为任何作业在同一道工序中的所有机器上只能有一个紧前作业的约束；式（3）为任何作业在同一道工序的所有机器上只能作为一个作业的紧前作业的约束；式（4）为任何作业的加工不论是否出现在某台机器上，其紧前作业或紧后作业变量必然相等；式（5）同一个机器上同一个位置的作业之间不存在紧前紧后关系；式（6）当前机器各个顺序作业完工时间之间的约束；式（7）特定作业前后道工序之间完工时间的约束；式（8）为各项作业准备时间为 0 的约束；式（9）为各项作业在各道工序上的完工时间不小于 0 约束；式（10）目标函数与各作业在最后一道工序完工时间之间的约束；式（11）决策变量 0-1 约束。

3 HFSP 小规模问题 CPLEX 优化求解

CPLEX, IBM

尝试利用 CPLEX 对 HFSP 进行小规模问题的优化求解。

3.1 小规模算例数据

这里自行设置算例进行求解，如下两张表给出算例总的的数据，工序最多 10 道，作业最多 50 个，后续实验中从中选取数据进行较小规模的实验。

表 1 工序设备数量表

工序	Proc1	Proc2	Proc3	Proc4	Proc5	Proc6	Proc7	Proc8	Proc9	Proc10
数量	2	3	2	1	2	4	4	3	3	4

表 2 作业工序工时表

	Proc1	Proc2	Proc3	Proc4	Proc5	Proc6	Proc7	Proc8	Proc9	Proc10
J1	61	77	82	17	104	96	33	102	89	79
J2	89	28	29	52	103	98	64	60	35	52
J3	55	103	58	89	5	10	78	86	8	64
J4	66	31	61	60	35	83	103	32	57	57
J5	66	84	62	77	59	60	96	79	7	86
J6	39	51	83	75	95	101	40	80	96	38
J7	80	80	36	77	53	97	54	74	103	87
J8	72	96	92	96	95	99	34	12	68	26
J9	81	18	18	81	24	30	82	33	44	87
J10	27	27	13	52	88	54	65	47	35	62
J11	93	52	96	63	9	34	19	61	75	45
J12	6	102	53	70	73	43	83	35	47	67
J13	56	7	74	90	20	48	28	70	91	52
J14	90	30	10	83	56	5	69	87	22	67

J15	54	92	42	28	105	34	96	65	83	34
J16	76	22	78	100	64	11	66	84	28	80
J17	74	76	12	69	37	94	39	105	100	38
J18	26	9	33	15	87	104	78	38	59	71
J19	11	51	31	41	90	100	7	28	101	69
J20	49	65	64	96	13	31	44	24	65	88
J21	53	96	72	96	96	66	100	80	19	62
J22	46	93	42	62	53	33	89	8	42	58
J23	68	92	45	50	49	91	35	17	6	23
J24	7	50	59	60	40	24	69	26	9	84
J25	43	90	63	101	51	9	97	88	52	5
J26	20	37	29	77	53	71	57	21	96	52
J27	25	35	42	73	26	6	6	36	46	41
J28	17	55	105	80	59	87	63	49	44	80
J29	102	88	97	71	94	97	103	46	29	24
J30	75	93	89	60	85	16	51	56	75	19
J31	57	81	7	79	19	46	61	6	67	7
J32	33	36	46	40	54	81	9	44	46	45
J33	53	57	74	70	22	33	71	30	67	88
J34	101	83	11	56	93	5	44	26	74	49
J35	37	48	25	82	103	24	88	54	103	82
J36	40	71	60	32	67	99	49	68	64	92
J37	87	42	6	9	57	71	18	9	78	20
J38	99	49	91	88	39	21	36	16	34	65
J39	100	104	65	11	9	94	87	15	102	74
J40	24	68	64	60	82	20	16	53	58	99
J41	18	39	32	32	64	61	19	73	85	75
J42	5	45	57	10	14	84	104	101	49	69
J43	14	92	76	36	32	97	40	53	57	28
J44	96	90	16	42	84	77	103	57	100	8
J45	74	17	20	37	98	38	12	70	18	41
J46	65	52	33	8	63	76	76	98	24	86
J47	94	35	84	58	71	93	98	28	63	87
J48	53	91	44	6	54	62	48	44	103	48
J49	97	103	25	26	93	7	93	17	89	100
J50	13	47	17	69	24	8	101	55	101	77

3.2 CPLEX 模型设计

myHFSP.mod 模型文件-数学模型文件

```

int jobQty=...;
int procQty=...;
range jobs=1..jobQty;
range processes=1..procQty;
int machQty[processes]=...; //每个工序机器数量
int maxMach[processes]=...; //设置决策变量为0的起点
int ptimes[jobs][processes]=...; //作业工时数据
int maxMachQ=max(i in processes) machQty[i];
range eachMachQty=1..maxMachQ; //
int bigM=10 * sum(j in jobs,i in processes) ptimes[j][i]; //非常大的数字

```

```

dvar boolean x[0..jobQty][0..jobQty][eachMachQty][processes];
dvar int+ C[0..procQty][0..jobQty];
dvar int+ Z;

minimize Z;

subject to {
  hasPreConstraint://一个作业在某个阶段的全部机器中，必然有一个紧前工序
  forall(j2 in jobs,i in processes)
    sum(j1 in 0..jobQty, h in 1..machQty[i]) x[j1][j2][h][i] ==1;

  notStartMoreJobs://同一台机器不能有两个处于第一位的作业
  forall(i in processes) forall(h in 1..machQty[i])
    sum(j1 in 0..jobQty) x[0][j1][h][i] <=1;

  forall(j2 in jobs,i in processes)
    sum(j1 in 0..jobQty, h in 1..machQty[i]) x[j2][j1][h][i] ==1;
  notFinishMoreJobs://同一台机器不能有两个处于最后一位的作业
  forall(i in processes) forall(h in 1..machQty[i])
    sum(j1 in 0..jobQty) x[j1][0][h][i] <=1;

  forall(j2 in jobs,i in processes)
    forall(h in 1..machQty[i])
      sum(j1 in 0..jobQty) x[j2][j1][h][i] ==sum(j1 in 0..jobQty) x[j1][j2][h][i];
  forall(j2 in jobs,i in processes)
    forall(h in 1..machQty[i])
      x[j2][j2][h][i] ==0;
  finishTimes:
  forall(j1 in 0..jobQty,j2 in jobs,i in processes)
    C[i][j1]+sum(h in 1..machQty[i]) x[j1][j2][h][i]*ptimes[j2][i]
      +bigM*((sum(h in 1..machQty[i]) x[j1][j2][h][i])-1)<=C[i][j2];
  forall(j1 in jobs,i in processes)
    C[i][j1]>=C[i-1][j1]+ptimes[j1][i];
  forall(j in jobs,i in processes)
    C[i][j]<=Z;
  // forall(j1 in 0..jobQty,j2 in jobs,i in processes:i!=2)
  //   forall(h in maxMach[i]..maxMachQ)
  //     x[j1][j2][h][i]==0;
}

execute DISPAY{
  //对每个工序的每台设备上的作业前后安排显示出来，【工序+机器+各个作业】

  var preMachQty=0;
  for(var i=1;i<=procQty;i++){
    if(i>1)
    {
      preMachQty+=machQty[i-1];
    }
    //writeln("the sequence detail of process: "+ i);
    for(var h=1;h<=machQty[i];h++){
      //writeln("    the sequence detail of machine: "+ h);
      for(var j1=0;j1<=jobQty;j1++){
        for(var j2=1;j2<=jobQty;j2++){
          if(x[j1][j2][h][i]==1){
            writeln(j2 + " " + (h+preMachQty) + " " + i+ " " + (C[i][j2]-ptimes[j2][i])+ "
+C[i][j2]+");
          }
        }
      }
    }
  }
}

```

3.3 CPLEX 优化结果

(1) M=3, N=4

数据文件 myHFSP.dat

```
jobQty=4;
procQty=3;
machQty=[2,3,2];
maxMach=[3,3,3];
ptimes=[[61,77,82],
[89,28,29],
[55,103,58],
[66,31,61]];
```

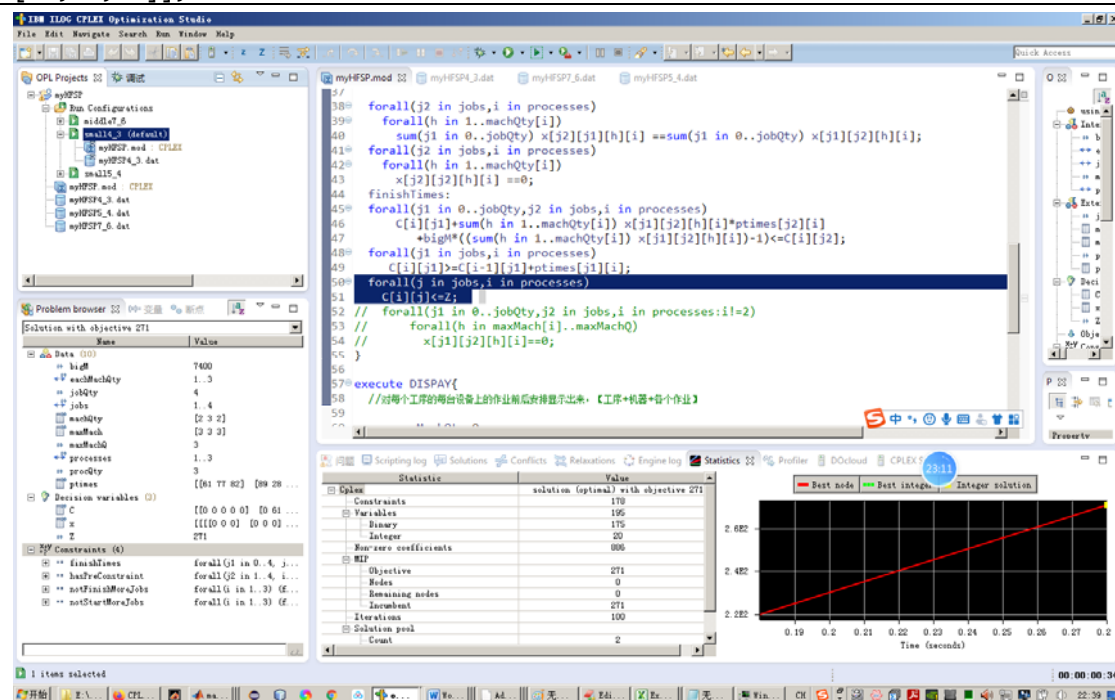


图 1 n=4,m=3 算例模型界面和结果界面

结果，目标函数：271，具体调度方案如表 3。

表 3 n=4,m=3 算例优化详细调度方案

jobId	machId	processId	startTime	endTime
1	1	1	0	61
3	2	1	0	55
4	2	1	55	121
2	2	1	121	210
3	3	2	55	158
2	3	2	210	238
1	4	2	61	138
4	5	2	121	152
4	6	3	152	213
3	6	3	213	271
1	7	3	138	220
2	7	3	238	267

将上述调度方案绘制甘特图，用于检查结果也好，还是易于理解也好。绘图的 Matlab 程序如下：

```
sch=[1 1 1 0 61;
3 2 1 0 55;
4 2 1 55 121;
2 2 1 121 210;
3 3 2 55 158;
2 3 2 210 238;
1 4 2 61 138;
4 5 2 121 152;
4 6 3 152 213;
3 6 3 213 271;
1 7 3 138 220;
2 7 3 238 267];

drawGant(sch);

%根据调度方案绘制甘特图程序
%schedule:1-jobId,2-machId,3-procId,4-startTime,5-endTime
function drawGant(schedule)
    rows=size(schedule,1);
    maxMachId=max(schedule(:,2));
    jobQty=max(schedule(:,1));

    mycolor=rand(jobQty,3);
    figure;
    ylim([0 maxMachId+1]);
    for i=1:rows
        x=schedule(i,4:5);
        y=[schedule(i,2) schedule(i,2)];
        line(x,y,'lineWidth',16,'color',mycolor(schedule(i,1),:));
        procId=schedule(i,3);
        jobId=schedule(i,1);
        txt=[' ' int2str(jobId) ' ' int2str(procId) ' '];
        text(mean(x)-1,y(1),txt);
    end
end
```

绘图结果如下：

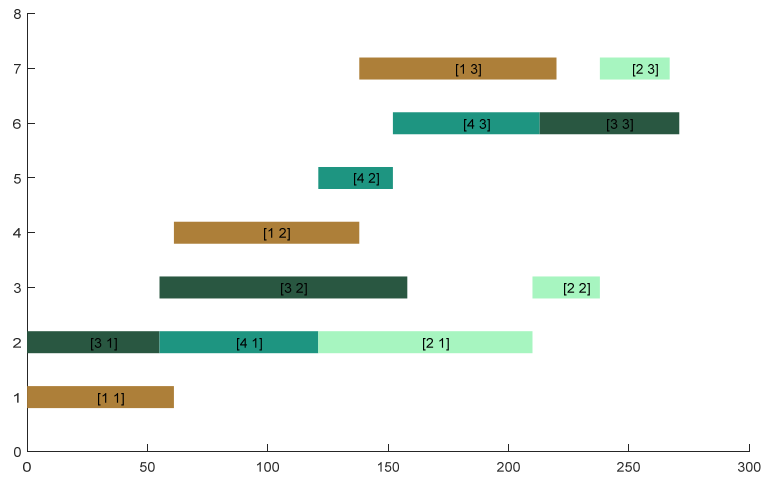


图 2 n=4,m=3 算例调度方案甘特图

(2) M=4, N=5

数据文件

```
jobQty=5;
procQty=4;
machQty=[2,3,2,1];
maxMach=[3,4,3,2];
ptimes=[[61,77,82,17],
[89,28,29,52],
[55,103,58,89],
[66,31,61,60],
[66,84,62,77]
];
```

表 4 M=4, N=5 算例详细调度数据

jobId	machId	processId	startTime	endTime
4	1	1	0	66
2	1	1	66	155
5	2	1	0	66
3	2	1	131	186
1	2	1	66	127
5	3	2	66	150
2	3	2	232	260
3	4	2	186	289
4	5	2	66	97
1	5	2	277	354
4	6	3	97	158
1	6	3	354	436
5	7	3	150	212
3	7	3	289	347
2	7	3	260	289
4	8	4	158	218

3	8	4	347	436
1	8	4	436	453
5	8	4	218	295
2	8	4	295	347

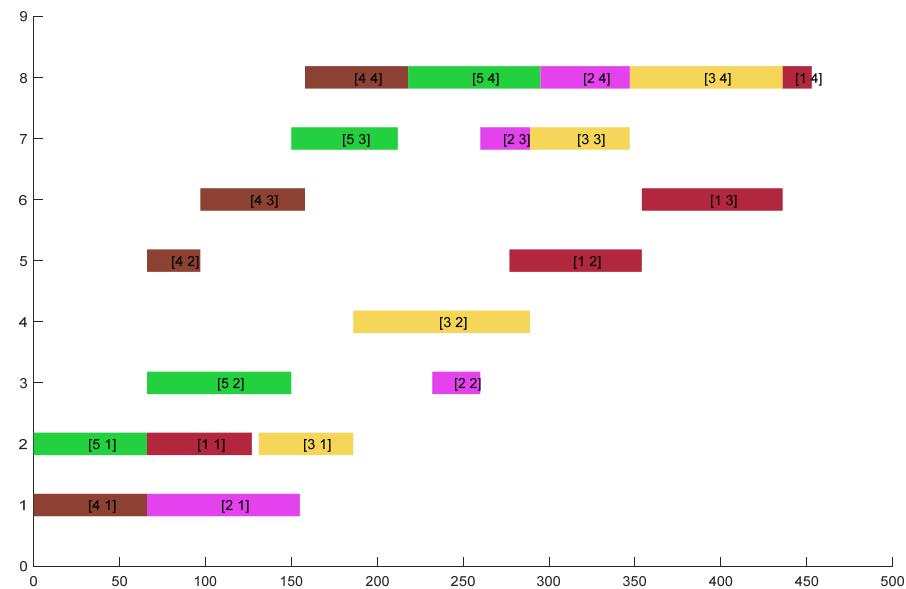
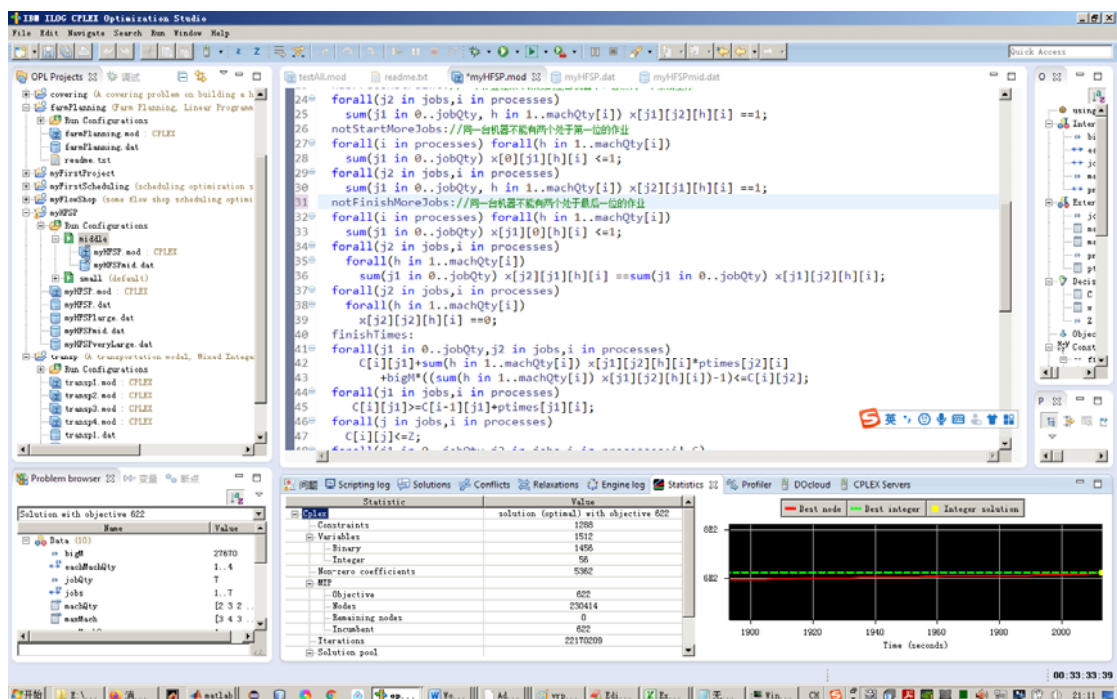


图 3 M=4, N=5 算例调度数据对应甘特图

(3) M=6, N=7



运行 33 分钟，获得目标函数最小值：最早完工时间 Z=622，以及对应的调度方案如下表

jobId	machId	processId	startTime	endTime
6	1	1	0	39
7	1	1	171	251
1	1	1	110	171
5	1	1	39	105
2	2	1	0	89
3	2	1	167	222
4	2	1	286	352
1	3	2	171	248
7	3	2	251	331
6	4	2	64	115
4	4	2	352	383
2	5	2	89	117
5	5	2	117	201
3	5	2	222	325
2	6	3	117	146
5	6	3	211	273
4	6	3	383	444
3	6	3	325	383
6	7	3	115	198
7	7	3	331	367
1	7	3	248	330
2	8	4	146	198
7	8	4	367	444
6	8	4	198	273
3	8	4	518	607
1	8	4	350	367
5	8	4	273	350
4	8	4	444	504
2	9	5	198	301
7	9	5	444	497
3	9	5	607	612
5	9	5	503	562
6	10	5	273	368
4	10	5	504	539
1	10	5	400	504
7	11	6	515	612
3	11	6	612	622
4	12	6	539	622
6	13	6	461	562
5	13	6	562	622
2	14	6	301	399
1	14	6	526	622

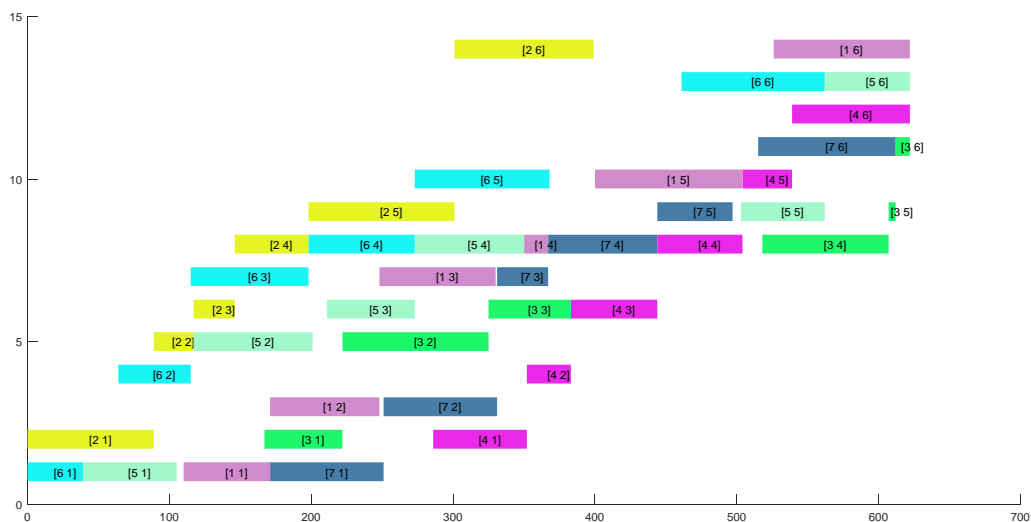


图 4 调度方案甘特图

4 HFSP 求解 GA 算法 Matlab 实现

4.1 GA 算法框架

Step1: 问题参数初始化, 作业数量 n , 工序数量 m , 每个工序机器数量 km , 每个作业工序工时 $p_{times}[n][m]$, 等等;

Step2: 算法参数初始化, 种群数量、变异概率、交叉概率、终止条件

Pop=40,60

Step3: 种群初始化, 如何设计编码规则和解码规则

Step4: 进行选择、交叉、变异操作

选择: 精英保留策略, 先选最好的几个保留到下一代, 然后运用轮盘赌策略从种群中选择剩下的染色体保留到下一代, 直至下代种群达到 pop 数量。

Step5: 输出最终的解

4.2 编码和解码规则

(1) 求解的基本思路

对每个工序的 n 个作业进行排序, 利用优先规则选择最早可用的机器将作业排到对应的机器上。

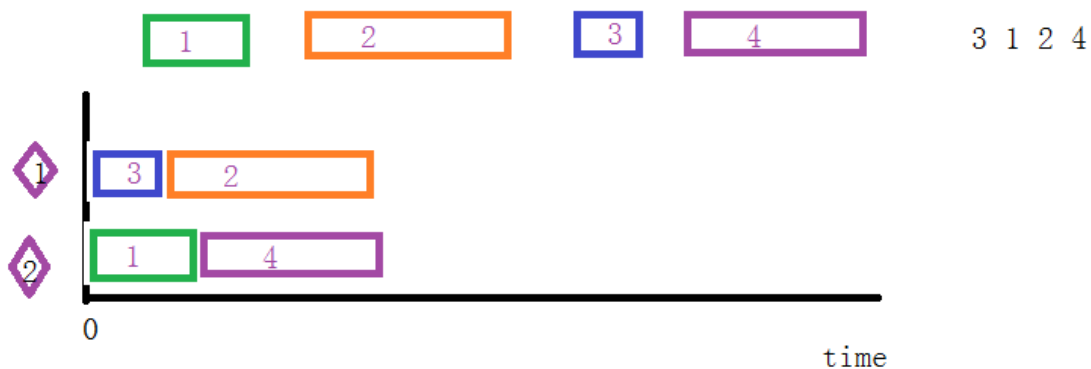


图 5 遗传算法求解 HFSP 基本思路示意图（详细解释不写文字，请看视频）

（2）编码规则

采用基于操作的整数编码方式，具体规则为编码长度只同作业数量 n 和工序数量 m 相关，编码长度就是 $n*m$ ，编码内容是：1,2,..., $n*m$ 之间的整数值。

以 $n=4$ ， $m=3$ 为例进行编码和操作 o_{ji} 之间的对应关系说明。

表？ 示例 GA 算法编码基础对应表

编码值	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
解码 作业	1	2	3	4	1	2	3	4	1	2	3	4
工序	1	1	1	1	2	2	2	2	3	3	3	3

（3）解码规则

解码规则必然同编码规则要相对应，同样以上述示例进行说明。

某个染色体为： 8 3 11 2 6 12 5 1 10 9 4 7

解码步骤：

Step1: 当前染色体 nowChrome, 长度为 $n*m=L$;

Step2: 定义详细调度方案数组 schedule[L][5]

Step2: 令当前工序 $i=1$

Step3: 从 nowChrome 中根据“基础对应表”找出工序 i 的全部作业的编码，保留其在 nowChrome 中顺序，假设为 procSeq，找出对应的作业编码 jobSeq

nowChrome 中的数字小于等于： $m*i$ ---

若 $i=1$ ，procSeq=[3 2 1 4], jobSeq=[3 2 1 4]

若 $i=2$ ，procSeq=[8 6 5 7], jobSeq=[4 2 1 3]

nowChrome 中的数字小于等于 $m*i \rightarrow [8 \ 3 \ 2 \ 6 \ 5 \ 1 \ 4 \ 7]$

再从上述数列中找出大于 $m*(i-1)$ 的数字： $\rightarrow [8 \ 6 \ 5 \ 7]$

将上述（数字-1）对 m 取余并+1， $7\%4+1$

....

Step4: 根据当前工序 i 的作业编码排序 jobSeq，将作业安排到机器上

以 $i=1$ 的 jobSeq[3 2 1 4] 为例说明如何具体调度方案表，

machId	jobId	processId	startTime	endTime

```

%%
function HFSPbyGA()
    [stageMachQty,ptimes]=initProblem20_8();
    machProcesses=getMachProc(stageMachQty);
    [jobQty,procQty]=size(ptimes);
    gaParas=initGA();
    pop=gaParas(1);
    crossRate=gaParas(2);
    muteRate=gaParas(3);
    elitistQty=gaParas(4);
    pLength=jobQty*procQty;
    chromosomes=initChromes(pop,pLength);
    fit=getFitnesses(chromosomes,ptimes,machProcesses);
    %初始化最优解
    [sortFit,sortIdx]=sortrows(fit);
    optFit=sortFit(1);
    optChromosome=chromosomes(sortIdx(1),:);

    maxGeneration=500;
    nowGeneration=0;
    while(maxGeneration>=nowGeneration)
        %进行遗传的迭代操作

        %交叉操作
        crossedChromosomes=crossChromosomes(chromosomes,crossRate);

        %变异操作
        mutedChromosomes=muteChromosomesInsert(crossedChromosomes,muteRate);

        %选择操作
        fit=getFitnesses(mutedChromosomes,ptimes,machProcesses);

        chromosomes=elitistSelection(fit,mutedChromosomes,elitistQty);
        %记录最优的解
        [sortFit,sortIdx]=sortrows(fit);
        if(sortFit(1)<=optFit)
            optFit=sortFit(1)
            optChromosome=mutedChromosomes(sortIdx(1),:);
        end

        nowGeneration=nowGeneration+1;
    end
    %最优结果显示
    optFit
    schedule=getSchedule2(optChromosome,ptimes,machProcesses)

end

%变异操作--插入方法

```

```

function outChromes=muteChromesInsert(chromes, muteRate)
[pop, len]=size(chromes);
for i=1:pop
    nowChrome=chromes(i, :);
    if rand() < muteRate
        points=randperm(len, 2);
        if points(1) < points(2)
            insertChrome=nowChrome(points(1):points(2)-1);
            newChrome=circshift(insertChrome, -1);
            chromosomes(i, points(1):points(2)-1)=newChrome;
        else
            insertChrome=nowChrome(points(2)+1:points(1));
            newChrome=circshift(insertChrome, 1);
            chromosomes(i, points(2)+1:points(1))=newChrome;
        end
    end
    outChromes=chromes;
end
end

```

%交叉操作--两点交叉

```

function outChromes=crossChromes(chromes, crossRate)
pop=size(chromes, 1);
cols=size(chromes, 2);
for i=1:2:pop
    if rand() < crossRate %进行交叉操作
        parent1=chromes(i, :);
        parent2=chromes(i+1, :);
        p=sortrows(randperm(cols, 2)')';
        crossP1=parent1(p(1):p(2));
        crossP2=parent2(p(1):p(2));
        son1=parent1;
        son1(p(1):p(2))=crossP2;
        son2=parent2;
        son2(p(1):p(2))=crossP1;
        %子片段对比
        crossLen=size(crossP1, 2);
        for j=crossLen:-1:1
            midCode=crossP1(j);
            for k=1:size(crossP2, 2)
                if crossP2(k)==midCode
                    crossP1(j)=[];
                    crossP2(k)=[];
                    break;
                end
            end
        end
        %染色体编码置换
        repeatNum=size(crossP1, 2);
        if repeatNum>0

```

```

%对子代1的有效性置换
for j=1:repeatNum
    midCode=crossP2(j);
    if p(1)==1
        for k=p(2)+1:cols
            if son1(k)==midCode
                son1(k)=crossP1(j);
                break;
            end
        end
    else
        if p(2)==cols
            for k=1:p(1)-1
                if son1(k)==midCode
                    son1(k)=crossP1(j);
                    break;
                end
            end
        else
            getIt=0;
            for k=1:p(1)-1
                if son1(k)==midCode
                    son1(k)=crossP1(j);
                    getIt=1;
                    break;
                end
            end
            if getIt==0
                for k=p(2)+1:cols
                    if son1(k)==midCode
                        son1(k)=crossP1(j);
                        break;
                    end
                end
            end
        end
    end
end

%对子代2的有效性置换
for j=1:repeatNum
    midCode=crossP1(j);
    if p(1)==1
        for k=p(2)+1:cols
            if son2(k)==midCode
                son2(k)=crossP2(j);
                break;
            end
        end
    else
        if p(2)==cols
            for k=1:p(1)-1

```



```

        if son2(k)==midCode
            son2(k)=crossP2(j);
            break;
        end
    end
else
    getIt=0;
    for k=1:p(1)-1
        if son2(k)==midCode
            son2(k)=crossP2(j);
            getIt=1;
            break;
        end
    end
end
if getIt==0
    for k=p(2)+1:cols
        if son2(k)==midCode
            son2(k)=crossP2(j);
            break;
        end
    end
end
end
end
end

    end

    end

    chromosomes(i,:)=son1;
    chromosomes(i+1,:)=son2;

end

end
outChromes=chromes;

end

%根据输入的染色体及其适应度进行精英保留策略复制下代种群
function
selectedChromosomes=elitestSelection(fitnessValue,mutedChromosomes,elitistQty)
%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%   selection by elisist retained strategy                                     %
%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
[population, geneLth]=size(mutedChromosomes);
[~, queueIndex]=sort(fitnessValue);
%get the elitest chromosomes
elitist=zeros(elitistQty, geneLth);
for num=1:elitistQty
    elitist(num,:)=mutedChromosomes(queueIndex(num),:);
end

```

```

minFit=min(fitnessValue);
if minFit<0
    fitnessValue=fitnessValue+abs(minFit);
end
maxFit=max(fitnessValue)*1.2;
fitnessValue=maxFit-fitnessValue;
sumFitness=sum(fitnessValue);
accumFitness=zeros(1,population);
accumFitness(1)=fitnessValue(1);
%select chromosomes by roulette method
for i=2:population
    accumFitness(i)=accumFitness(i-1)+fitnessValue(i);
end
selectRate=unifrnd(0,sumFitness,[1 population]);
selectedChromosomes=zeros(population, geneLth);

for i=1:population
    selectNumber=find(selectRate(i)<=accumFitness);
    selectedChromosomes(i,:)=selectedChromosomes(selectNumber(1),:);
end
%integrate the elitists into son chromosomes
selectedChromosomes(1:elitistQty,:)=elitist;
randIdx=randperm(population)';
selectedChromosomes=selectedChromosomes(randIdx,:);
end

%根据当前种群获取全部染色体的适应度
function fitnesses=getFitnesses(chromes,ptimes,machProcesses)
    [pop,~]=size(chromes);
    fitnesses=zeros(pop,1);
    for i=1:pop
        schedule=getSchedule2(chromes(i,:),ptimes,machProcesses);
        cmax=max(schedule(:,5));
        fitnesses(i)=cmax;
    end
end

%Step4的小程序：根据stageMachQty数组生成工序和机器编码之间的二维数组
function machProcesses=getMachProc(stageMachQty)
    procQty=max(size(stageMachQty));
    cols=sum(stageMachQty);
    machProcesses=zeros(2,cols);
    midIdx=1;
    for i=1:procQty
        myMachs=stageMachQty(i);
        for j=1:myMachs
            machProcesses(2,midIdx)=i;
            machProcesses(1,midIdx)=midIdx;
            midIdx=midIdx+1;
        end
    end
end

```

```

end
end

%Step1 问题相关数据初始化
function [stageMachQty,ptimes]=initProblem4_3()
    stageMachQty=[2,3,2];
    ptimes=[61    77    82;89    28    29;55    103    58;66    31    61];
end

```

```

%Step1 问题相关数据初始化
function [stageMachQty,ptimes]=initProblem5_4()
    stageMachQty=[2,3,2,1];
    ptimes=[61    77    82    17
89    28    29    52
55    103    58    89
66    31    61    60
66    84    62    77
];
end

```

```

%Step1 问题相关数据初始化
function [stageMachQty,ptimes]=initProblem7_6()
    stageMachQty=[2    3    2    1    2    4];
    ptimes=[61    77    82    17    104    96
89    28    29    52    103    98
55    103    58    89    5    10
66    31    61    60    35    83
66    84    62    77    59    60
39    51    83    75    95    101
80    80    36    77    53    97
];
end

```

```

%Step1 问题相关数据初始化
function [stageMachQty,ptimes]=initProblem10_8()
    stageMachQty=[2    3    2    1    2    4    4    3];
    ptimes=[61    77    82    17    104    96    33    102
89    28    29    52    103    98    64    60
55    103    58    89    5    10    78    86
66    31    61    60    35    83    103    32
66    84    62    77    59    60    96    79
39    51    83    75    95    101    40    80
80    80    36    77    53    97    54    74
72    96    92    96    95    99    34    12
81    18    18    81    24    30    82    33
27    27    13    52    88    54    65    47];
end

```

```

%Step1 问题相关数据初始化
function [stageMachQty,ptimes]=initProblem20_8()
    stageMachQty=[2    3    2    1    2    4    4    3];
    ptimes=[61    77    82    17    104    96    33    102
89    28    29    52    103    98    64    60
55    103    58    89    5    10    78    86

```

```

66 31 61 60 35 83 103 32
66 84 62 77 59 60 96 79
39 51 83 75 95 101 40 80
80 80 36 77 53 97 54 74
72 96 92 96 95 99 34 12
81 18 18 81 24 30 82 33
27 27 13 52 88 54 65 47
93 52 96 63 9 34 19 61
6 102 53 70 73 43 83 35
56 7 74 90 20 48 28 70
90 30 10 83 56 5 69 87
54 92 42 28 105 34 96 65
76 22 78 100 64 11 66 84
74 76 12 69 37 94 39 105
26 9 33 15 87 104 78 38
11 51 31 41 90 100 7 28
49 65 64 96 13 31 44 24
];
end

%Step2:算法参数初始化
function gaParas=initGA()
    pop=10;
    crossRate=0.6;
    muteRate=0.4;
    elistQty=5;
    gaParas=[pop, crossRate, muteRate, elistQty];
end

%Step3: 种群初始化
function chromes=initChromes(pop, pLength)
    chromes=zeros(pop, pLength);
    for i=1:pop
        chromes(i, :)=randperm(pLength);
    end
end

%根据单一染色体获取其详细的调度方案
% jobId machId processId startTime endTime
function schedule=getSchedule(singleChrome, ptimes, machProcArray)
    [jobQty, procQty]=size(ptimes);
    jobPreEndTime=zeros(1, jobQty);
    machQty=size(machProcArray, 2);
    machPreEndTime=zeros(1, machQty);
    chromeLength=max(size(singleChrome));
    schedule=zeros(chromeLength, 5);
    schIdx=1;
    for i=1:procQty
        %首先获取当前工序的可用机器编码
        nowMachIds=machProcArray(1, machProcArray(2, :)==i);

        midIdx=singleChrome<=jobQty*i;
        midChrome=singleChrome(midIdx);
    end
end

```

```

midIdx=midChrome>jobQty*(i-1);
midChrome=midChrome(midIdx);
jobSeq=mod((midChrome+1), jobQty)+1;
%依次为jobSeq中的作业安排当前的机器及其开工、完工时间
for j=1:jobQty
    %获取这些可用机器中最早可用的机器编码
    nowMachEndTime=machPreEndTime(1, nowMachIds);
    [~, idx]=sortrows(nowMachEndTime');
    earlyMachId=nowMachIds(idx(1));
    %根据可用机器的最早可用时间和当前作业的最早可用时间确定改作业
    %在该到工序上的开工时间，完工时间等信息
    myStartTime=max(machPreEndTime(earlyMachId), jobPreEndTime(jobSeq(j)));
    myEndTime=myStartTime+ptimes(jobSeq(j), i);
    schedule(schIdx, :)=[jobSeq(j), earlyMachId, i, myStartTime, myEndTime];
    %更新作业和机器的可用时间
    machPreEndTime(earlyMachId)=myEndTime;
    jobPreEndTime(jobSeq(j))=myEndTime;
    schIdx=schIdx+1;
end

end
end

%根据单一染色体获取其详细的调度方案
% jobId machId processId startTime endTime
function schedule=getSchedule2(singleChrome, ptimes, machProcArray)
    bigM=1000000;
    [jobQty, procQty]=size(ptimes);
    jobPreEndTime=zeros(1, jobQty);
    machQty=size(machProcArray, 2);

    chromeLength=max(size(singleChrome));
    schedule=zeros(0, 5);

    for i=1:procQty
        %首先获取当前工序的可用机器编码
        nowMachIds=machProcArray(1, machProcArray(2, :)==i);
        nowMachQty=size(nowMachIds, 2);
        midIdx=singleChrome<=jobQty*i;
        midChrome=singleChrome(midIdx);
        midIdx=midChrome>jobQty*(i-1);
        midChrome=midChrome(midIdx);
        jobSeq=mod((midChrome+1), jobQty)+1;
        %依次为jobSeq中的作业安排当前的机器及其开工、完工时间
        for j=1:jobQty
            nowJobId=jobSeq(j);
            %获取这些可用机器中最早可用的机器编码
            nowSchedule=zeros(0, 5);

            %获取当前工序各台机器已经安排的调度方案

```

```

for k=1:nowMachQty
    midMachId=nowMachIds(k);
    midSch=schedule(schedule(:,2)==midMachId,:);
    nowSchedule=[nowSchedule;midSch];
end
%获取当前工序各台机器可用时段
emptySlot=zeros(0,3);
nowSchedule=sortrows(nowSchedule,[2,4]);%先按照机器编码和开工时间升序排序
for k=1:nowMachQty
    midMachId=nowMachIds(k);
    midSch=nowSchedule(nowSchedule(:,2)==midMachId,:);
    myQty=size(midSch,1);
    if(myQty==0)
        midSlot=[midMachId 0 bigM];
        emptySlot=[emptySlot;midSlot];
    else
        preEmptyTime=0;
        for kk=1:myQty
            midSlot=[midMachId preEmptyTime midSch(kk,4)];
            emptySlot=[emptySlot;midSlot];
            preEmptyTime=midSch(kk,5);
        end
        midSlot=[midMachId preEmptyTime bigM];
        emptySlot=[emptySlot;midSlot];
    end
end
%对emptySlot进行排序，按照slot的开始时间升序排序
emptySlot=sortrows(emptySlot,2);
emptyQty=size(emptySlot,1);
%依次判断emptySlot中的空闲间距是否能够放下当前操作
jCanStartTime=jobPreEndTime(nowJobId);
jobPTime=ptimes(nowJobId,i);
for kk=1:emptyQty
    midCanStartTime=max(jCanStartTime,emptySlot(kk,2));
    if (emptySlot(kk,3)-midCanStartTime>=jobPTime)
        myEndTime=midCanStartTime+jobPTime;
        midSch=[nowJobId emptySlot(kk,1) i midCanStartTime myEndTime];
        schedule=[schedule;midSch];
        jobPreEndTime(nowJobId)=myEndTime;
        break;
    end
end
end

end
end

%根据调度方案绘制甘特图程序
%schedule:1-jobId,2-machId,3-procId,4-startTime,5-endTime
function drawGant(schedule)
    rows=size(schedule,1);

```

```

maxMachId=max(schedule(:,2));
jobQty=max(schedule(:,1));

mycolor=rand(jobQty,3);
figure;
ylim([0 maxMachId+1]);
for i=1:rows
    x=schedule(i,4:5);
    y=[schedule(i,2) schedule(i,2)];
    line(x,y,'lineWidth',16,'color',mycolor(schedule(i,1),:));
    procId=schedule(i,3);
    jobId=schedule(i,1);
    txt=['[ ' int2str(jobId) ' ' int2str(procId) ' '];
    text(mean(x)-1,y(1),txt);
end

end

```