



# 工業工程專題

## 以混合基因演算法 在隨機模式下的指派問題最佳化

Stochastic Assignment Optimization  
via Hybrid Genetic Algorithm

第6組  
張國浩 教授  
鄭建澤  
張仲凱  
黃提道

### 1 簡介

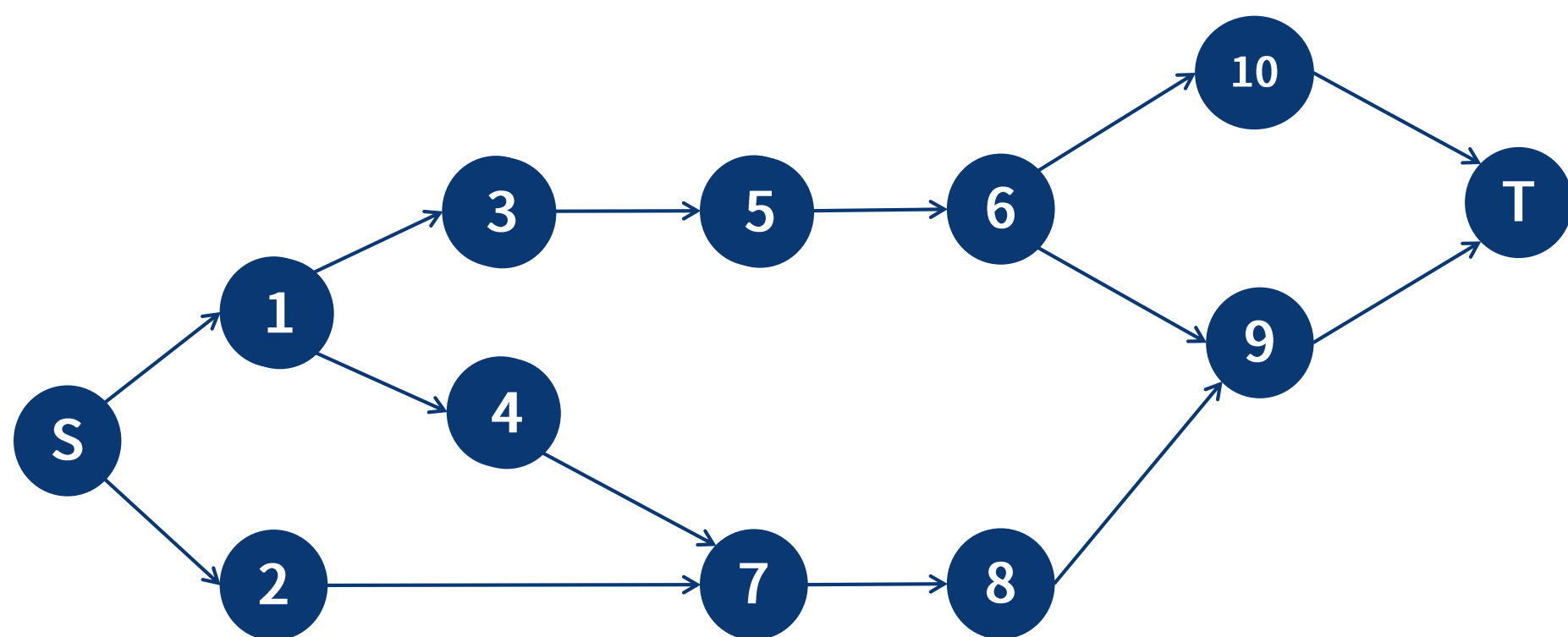
#### 摘要

本研究針對**隨機模式下的非線性且非循環指派問題**進行研究。我們提出一套有效率的 **Hybrid Genetic Algorithm(hGA)** 來解決問題。hGA 與匈牙利演算法(Hungarian Algorithm)要徑法(Critical path Method)、Job-order crossover(JOC) 等結合，大幅減少總加工時間。同時引入了 Critical path based Hungarian Algorithm，以建立品質較好且多樣的初始母代資料，增進求解效率，此外，為增加解在隨機模式下的收斂性及穩定性，本研究亦採用 Sample Average Approximation。

hGA 主要分成兩種不同的搜尋方法，分別為**廣度搜尋和深度搜尋**。前者結合了輪盤選擇法與 JOC；後者則導入關鍵要徑法及匈牙利法。**廣度搜尋用於避免陷入局部最佳解，而深度搜尋用於局部解空間之搜尋**。hGA 會依據求解狀況自主切換搜尋方法以增進求解效率與提升最終解的品質。

#### 問題描述

定義一個10站之製造途程如下，使用 hGA 進行任務指派，該指派問題具備以下特性與挑戰：



#### 特性

- 1-to-1 指派
- 製造途中無逆回路
- 非線性規劃問題
- NP-Hard 問題

#### 挑戰

- 考量實際製造系統之隨機性，實際加工時間存在變異性，難以用數學運算求解
- 製造途程可能相當複雜，難以決定如何指派
- 站與站之間具依賴性，產生的 joint distribution 複雜，只能透過模擬求解

#### 數學模型

$$\text{Minimize } E(ET_n) = E \left[ \max_{v \in P_n} \{ET_v\} + \sum_{i=1}^n C_{in} x_{in} \right]$$

subject to

$$\sum_{i=1}^n x_{ij} = 1, \forall j = 1, 2, \dots, n$$

$$\sum_{j=1}^n x_{ij} = 1, \forall i = 1, 2, \dots, n$$

$$x_{ij} \in \{0, 1\}, \forall i, j = 1, 2, \dots, n$$

where

$n$  : 工作站數量

$ET_n$  : 各站的完成時間

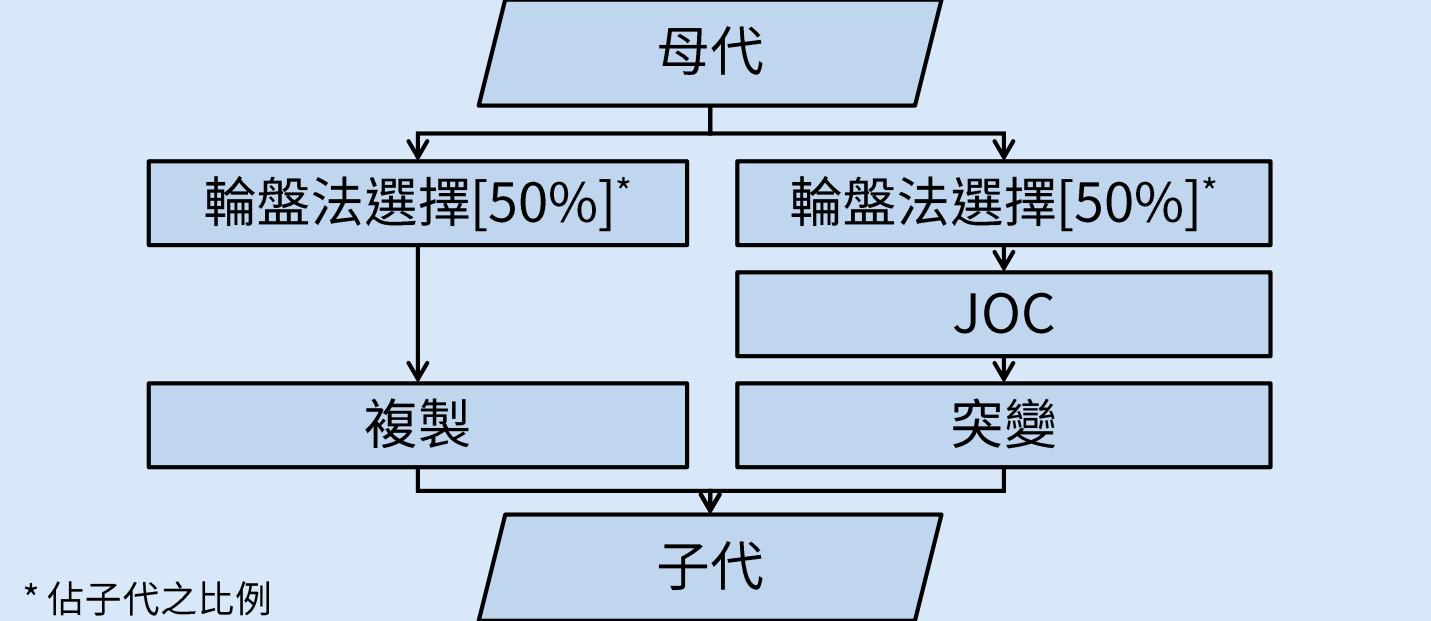
$C_{ij}$  : 工人  $i$  做任務  $j$  的處理時間

$$x_{ij} = \begin{cases} 1, & \text{工人 } i \text{ 做任務 } j \text{ 的處理時間} \\ 0, & \text{其他} \end{cases}$$

$$ET_j = \max_{v \in P_j} \{ET_v\} + \sum_{i=1}^n C_{ij} x_{ij}, j = 1, 2, \dots, n$$

### 2 研究方法

#### 廣度搜尋 Breadth Search



\* 佔子代之比例

#### 突變 Mutation

針對基因突變，以求跳出區域最佳解

第一步：在一條染色體上，任意選擇兩個基因

第二步：調換兩個基因以形成新的染色體

#### Job-order Crossover (JOC)

以各工作站的「重要性」為依據進行指派

第一步：透過 Priority function 求算各工作站之 priority

$$f(task_j) = path(task_j)^2 \times std(task_j)$$

• 各工作站**共有幾條 path 經過**，表示工作之間的**依賴性**

• 每個工作站的**加工時間標準差**(standard deviation)

第二步：先指派工人至 high priority 的工作站

第三步：將尚未排入的工作站，依原先指派的方式排入

第四步：將剩下的位置依序放入

#### 初始解 Initial Population

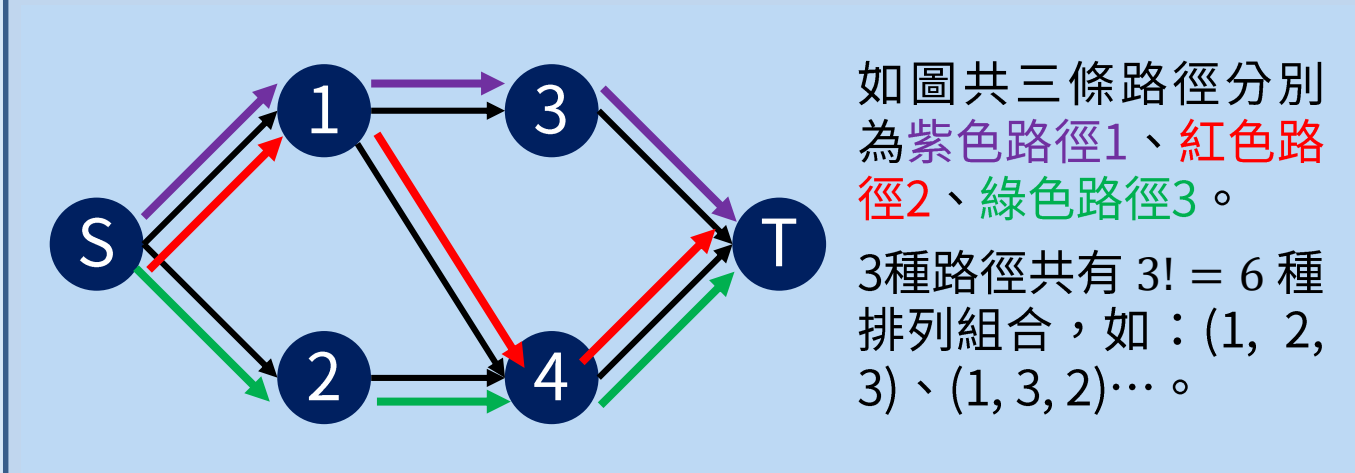
採用 Critical path based Hungarian Algorithm 產生初始母代，只使用表現較佳的 50 條染色體。此外每個 hGA 中間，因為 population size 不同，所以會再次產生初始解以填補缺口。

#### Critical path based Hungarian Algorithm

在確定性模式下以匈牙利演算法求得優質初始解

第一步：找尋一個指派問題的所有路徑

第二步：找出一種可行的路徑編號順序組合

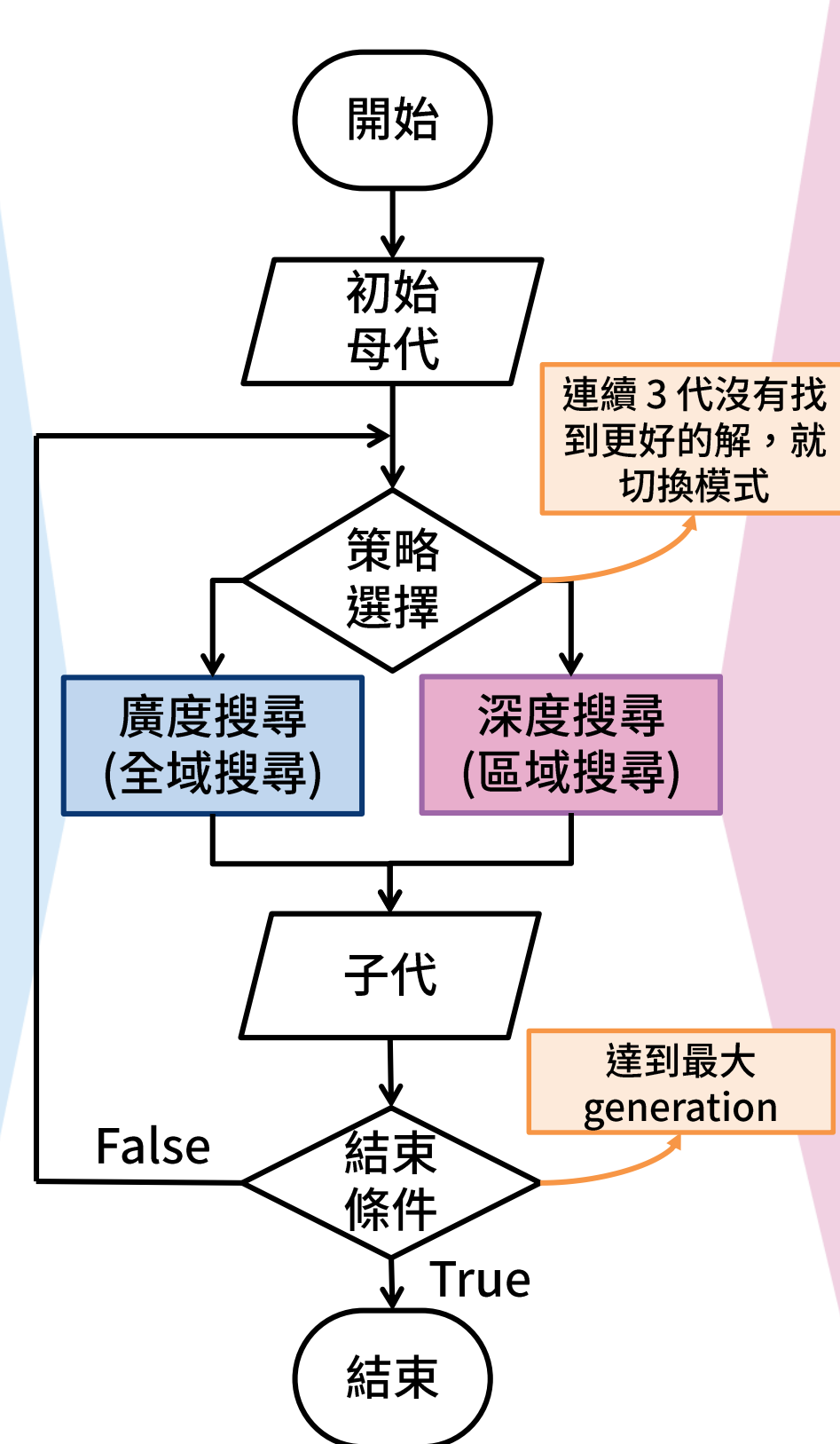


第三步：根據第二步的順序，依序按照匈牙利演算法所得結果填入染色體，成為候選初始解

第四步：重複第二步至第三步，直到所有路徑的排列組合都已被指派

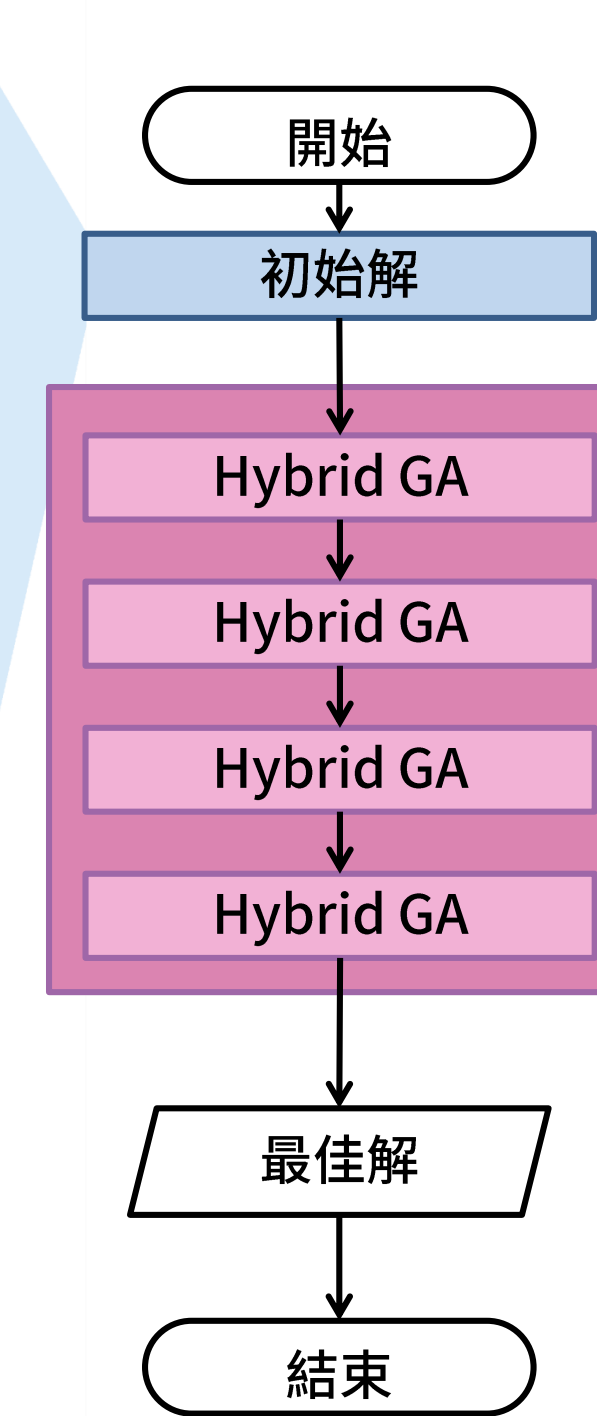
#### 優化方法

使用混和基因演算法  
Hybrid Genetic Algorithm

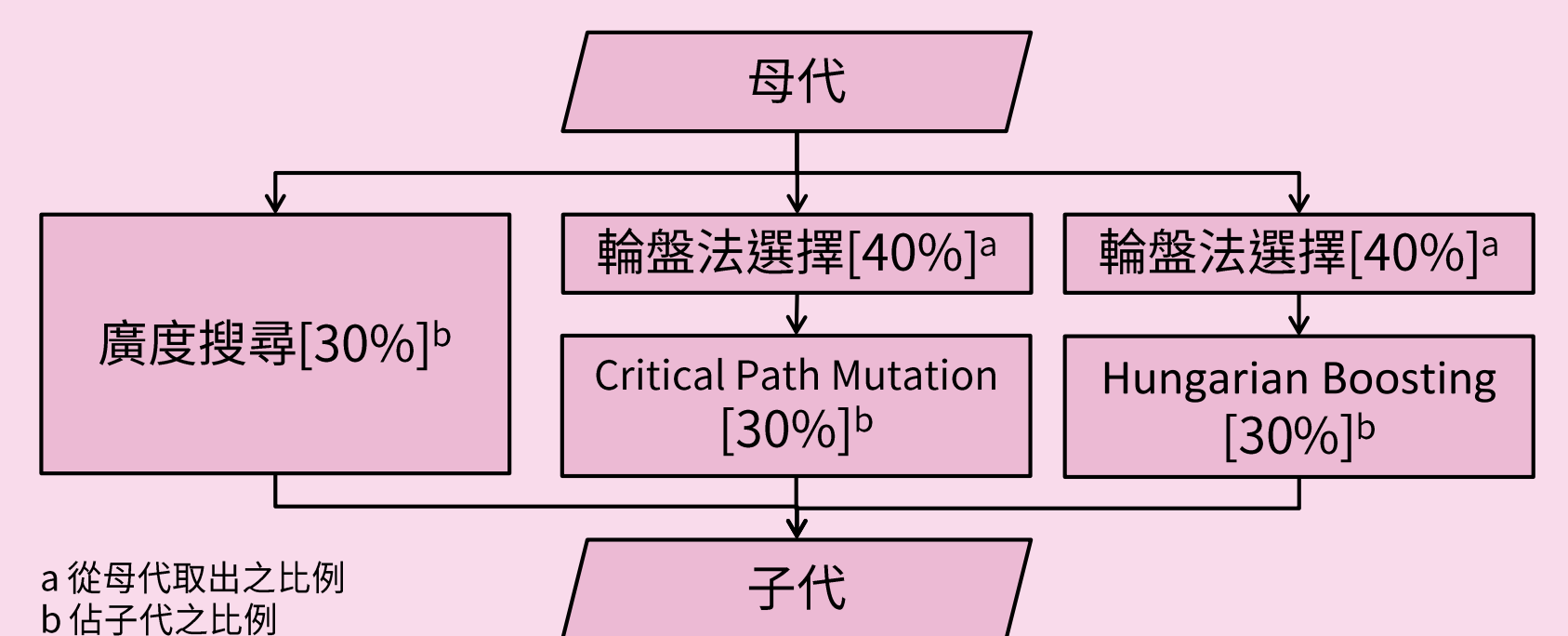


#### 模擬方法

使用 Sample Average Approximation



#### 深度搜尋 Depth Search



a 從母代取出之比例

b 佔子代之比例

#### Critical Path Mutation

針對關鍵路徑上的工作站進行突變，以求有效率地找出區域最佳解

第一步：在一條染色體上，尋找其關鍵路徑

第二步：在其關鍵路徑上隨機挑選數個工作站

第三步：針對第二步挑選的工作站進行突變

#### Hungarian Boosting

針對關鍵路徑進行派工最佳化，以求有效率地找出區域最佳解

第一步：在一條染色體上，尋找其關鍵路徑

第二步：以匈牙利演算法(Hungarian Algorithm)找尋關鍵路徑上的最佳組合

第三步：重複第一步至第二步，直到第一步出現重複的關鍵路徑，或達到10次的上限

#### 求解序列 hGA Sequence

藉由 SAA 的性質，我們透過**疊加多層的 hGA** 增進尋找效率、品質與收斂性，並針對屢次疊加之 hGA 進行參數調整：

- 逐步提升模擬次數 (iteration)：增加解的準確性
- 逐步提升 population 大小：提升解的多樣性

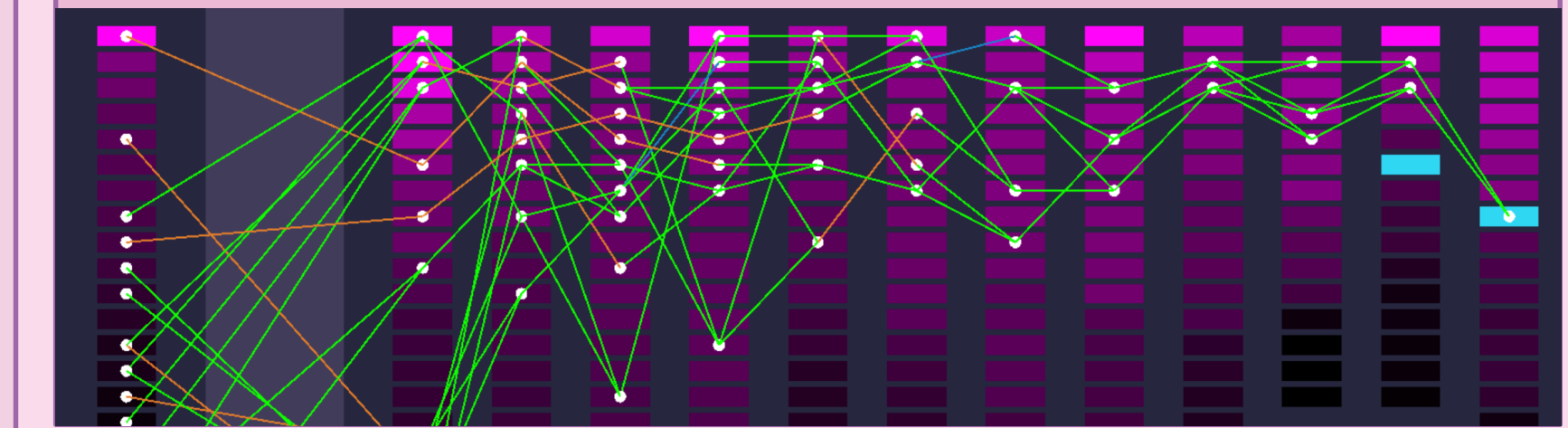
#### 實作方法

我們透過以下系統的實作，得以實現上述功能，

- Simulator**：隨機模擬系統
- CPool**：隨機產生 Cost Table 以進行模擬
- FitnessDB**：紀錄所有染色體的 fitness value
- Tracking System**：記錄染色體的演化方式以供研究參考

#### Tracking System

追蹤各代之間染色體之關聯，並以圖形化方式呈現



### 3 分析與結果

本研究以兩種角度剖析問題：

- 不同站數的製造途程 (tasks)：因應實際狀況製造途程之站別數目不等
- 各站別的加工時間變異 (variance)：因應實際狀況不同工人進行相同站的工作存在差異性

#### Small Variance\*

10 個工作

	平均	標準差	真實OPT <sup>a</sup>	OPT gap ≤ 5% 機率 <sup>b</sup>
Hybrid GA	8.35	0.156	8.240	97.3%
Original GA	8.43	0.248	8.240	85.7%

20 個工作

	平均	標準差	真實OPT <sup>c</sup>	OPT gap ≤ 5% 機率 <sup>c</sup>
Hybrid GA	24.15	0.730	NA	NA
Original GA	31.75	2.751	NA	NA

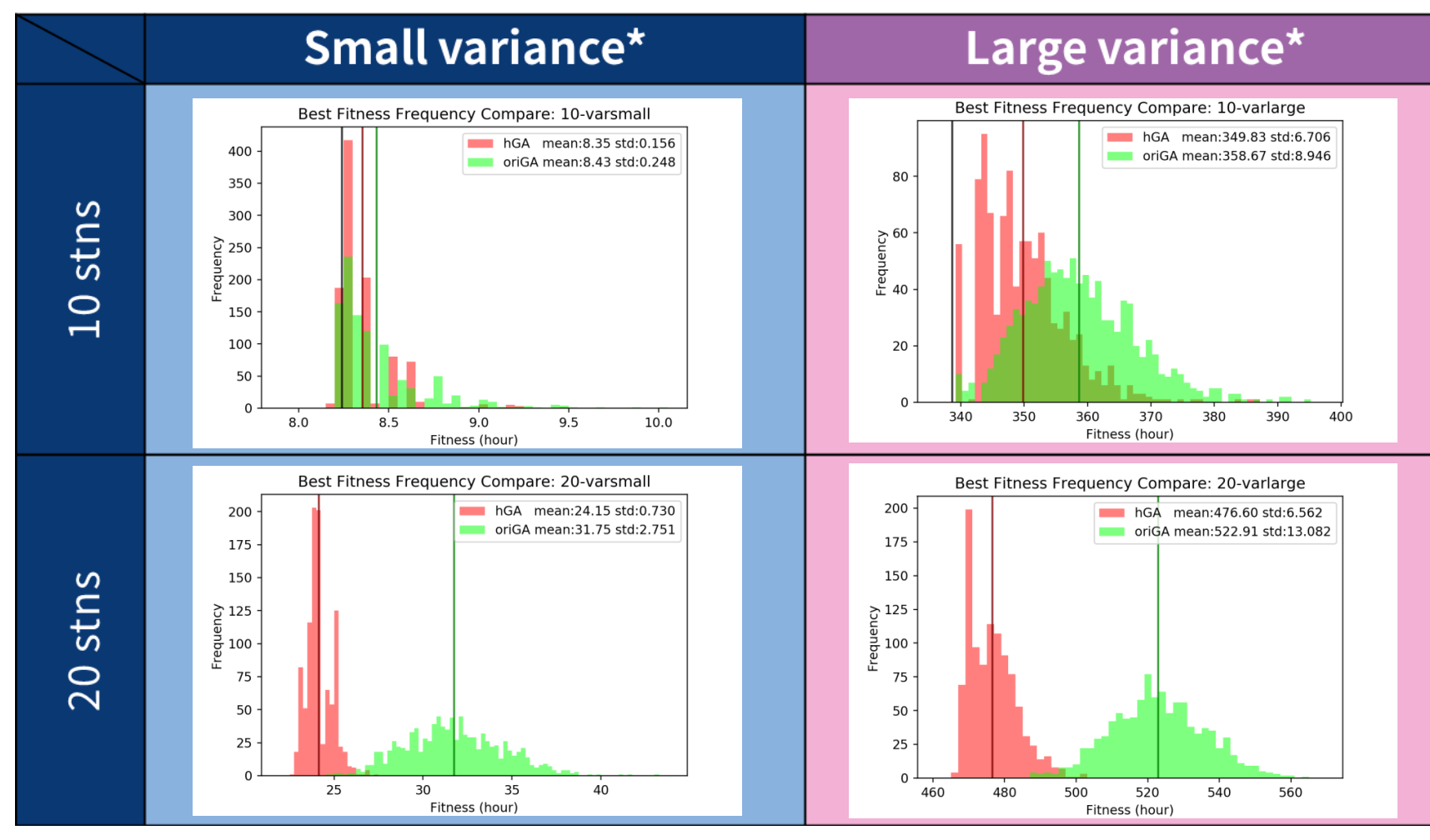
#### Large Variance\*

10 個工作

	平均	標準差	真實OPT <sup>a</sup>	OPT gap ≤ 5% 機率 <sup>b</sup>
Hybrid GA	349.830	6.707	338.666	82.4%
Original GA	359.672	8.946	338.666	32.9%

20 個工作

	平均	標準差	真實OPT <sup>c</sup>	OPT gap ≤ 5% 機率 <sup>c</sup>
Hybrid GA	476.600	6.562	NA	NA
Original GA	522.910	13.082	NA	NA



左方表格整理4種情況之下，使用Hybrid GA跟Original GA各模擬1000次之運算結果。在 95% 信心水準之下，檢定兩獨立母體期望值差異  $\mu_{hGA} - \mu_{OGA}$ ：

$$H_0: \mu_{hGA} - \mu_{OGA} = 0$$

$$H_1: \mu_{hGA} - \mu_{OGA} < 0$$

結果顯示4種情況下檢定之 P-value 皆小於 0.05，顯示

**「不論是何種情況，hGA 求得最佳解期望值皆優於 Original GA」**

\* 本研究設計兩種情境，一種是工作時間平均值都小於 20，另一種都大於 50。假設其工作時間為指數分配，所以其工作時間的變異數為其平均值的平方，故有大、小變異數之分。

a 根據窮舉結果訂定之。本研究所指窮舉法所得之最佳解，是根據經驗挑選確定性下 fitness 較佳的染色體後，再逐一進行 10000 次模擬，取平均之後，所得最短 makespan 為最佳解。

b 指 optimality gap，透過 10000 次模擬得之

c 礙於站數過多，無法窮舉得出真實最佳解

### 4 實證與貢獻

本研究利用 hGA 解決製造途程方面的指派問題，回顧問題描述一節提及的10站之製造途程，得下表：

#### Hybrid GA與窮舉法之結果比較

派工結果	窮舉法	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
		8	7	6	0	1	5	2	4	3	9
	Hybrid GA	8	7	0	9	1	5	2	4	3	6

從圖可以看到，只有三站的指派不同，表現相當不錯。在有限的計算資源下，能夠快速找到一組相對好的指派組合。因此，若推廣到更多站時，推測其亦能有不錯的表現結果。

### 5 結語

本研究提出一套新的 Hybrid GA，設計出新的交配程序，並改善搜尋方法，同時加強初始解的產生方式，以解決此類派工問題。同時，此演算法也能應用在**具有相依性限制(dependency constraints)的派工及資源分配問題**，比如：新生健康檢查、兵役體檢、物流活動、奧運賽事檢錄。

108年度 工業工程專題  
清華大學工業工程與工程管理學系

