

EKONOMICKO- MATEMATICKÝ OBZOR

Ročník 24 (1988) • číslo 1

© ACADEMIA
NAKLADATELSTVÍ
ČESKOSLOVENSKÉ
AKADEMIE VĚD

Ein adaptives stochastisches Suchverfahren für spezielle Reihenfolgeprobleme

FRANK WERNER

1. Einführung

Verschiedenartige Reihenfolgeprobleme führen auf ein Permutationsproblem der Gestalt

$$(1) \quad \min \{F(p) \mid p = (p_1, p_2, \dots, p_m) \in P_m\},$$

wobei $P_m = P(M)$ die Menge aller Permutationen der Elemente der Menge $M = \{1, \dots, m\}$ und F die Zielfunktion bezeichnet. Zur Problemklasse (1) gehören neben dem Zuordnungs- oder Rundreiseproblem auch mannigfaltige Maschinenbelegungsprobleme, die in dieser Arbeit im Vordergrund stehen. So gehören zum Problemtyp (1) zum Beispiel Ein-Maschinen-Probleme (falls die Lösungsmenge nicht durch zusätzliche Restriktionen eingeschränkt ist) sowie Permutationsflußprobleme (für alle Aufträge ist die gleiche technologische Reihenfolge vorgegeben, und auf allen Maschinen ist die gleiche Bearbeitungsreihenfolge der Aufträge zu wählen). Auch Flußprobleme mit $n \leq 3$ Maschinen, bei denen nur die gleiche technologische Reihenfolge aller Aufträge vorgegeben ist, können als Permutationsprobleme des Typs (1) betrachtet werden. Ein großer Teil der zum Typ (1) zählenden Maschinenbelegungsprobleme gehört zur Klasse NP-hard (vgl. [6]), so daß für diese Probleme verstärkt Näherungsverfahren entwickelt werden.

Beim Rundreise- und Zuordnungsproblem wurden in jüngster Zeit sehr gute Resultate mit einem thermodynamisch motivierten Simulationsverfahren erzielt (vgl. z. B. [2] oder [3]). Andererseits wurden in den letzten Jahren vor allem bei Problemen mit nichtdiskreten Suchräumen verschiedene Evolutionsstrategien erfolgreich genutzt (vgl. [1] oder [10]). In dieser Arbeit wird eine Evolutionsstrategie für Reihenfolgeprobleme des Typs (1) entwickelt, die das Grundprinzip des thermodynamischen Simulationsverfahrens mit berücksichtigt.

Um die Erzeugung von Permutationen bei Iterationsverfahren im Suchverlauf in geeigneter Form zu steuern, ist die Einführung eines geeigneten Abstandsmaßes in der Menge der zulässigen Lösungen zweckmäßig (vgl. Korrelationshypothese der diskreten Optimierung [8]). Beim Rundreise- bzw. Zuordnungsproblem ergibt sich in natürlicher Weise ein Abstandsmaß über die Anzahl der zwischen zwei Lösungen ausgetauschten Kanten bzw. Zuordnungen. So basieren lokale oder stochastische Suchverfahren auf diesen Abstandsmaßen (z. B. k -Austauschverfahren von Lin Kernighan, vgl. [7]). Bei verschiedenen Maschinenbelegungsproblemen erweist sich dagegen der sogenannte Inversionsabstand als geeignet. Bezeichne $P_0(p, i)$ die Position von $i \in M$ in $p \in P_m$ und

$$Z(p, p') = \{(i, j) \in M^2 \mid \text{Po}(p, i) < \text{Po}(p, j) \wedge \text{Po}(p', i) > \text{Po}(p', j)\}.$$

Dann bildet P_m einen metrischen Raum mit dem Abstand $d(p, p') = |Z(p, p')|$ (vgl. [12]), der nachfolgend zugrunde gelegt wird.

In Abschnitt 2 werden zunächst einige aus der Literatur bekannte Suchverfahren für die betrachteten Probleme kurz erläutert. Dann wird in Abschnitt 3 die Anwendung biologischer Evolutionsprinzipien zur Entwicklung von Suchverfahren zur approximativen Lösung von Reihenfolgeproblemen des Typs (1) beschrieben. Die entwickelte Evolutionsstrategie unter Einbeziehung des thermodynamischen Prinzips wird in Abschnitt 4 vorgestellt. Abschließend werden in Abschnitt 5 die Resultate umfangreicher Testrechnungen zu einem speziellen Maschinenbelegungsproblem, dem $[m/n/P/C_{\max}]$ -Permutationsflußproblem, wobei m die Anzahl der Aufträge und n die Anzahl der Maschinen angibt, vorgestellt.

2. Einige Suchverfahren zur näherungsweise Lösung von Reihenfolgeproblemen

Während heuristische Verfahren eine (häufig mit Hilfe von Prioritätsregeln) oder mehrere zulässige Lösungen ohne Zufallsentscheidungen konstruieren, wird die Erzeugung von Lösungen bei stochastischen Suchverfahren durch eine Suchstrategie (Nutzung von Zufallszahlengeneratoren) gesteuert.

Das einfachste und älteste Suchverfahren ist die blinde Suche (Monte-Carlo-Simulation), bei der im nächsten Schritt jede Lösung mit gleicher Wahrscheinlichkeit erzeugt wird. Bezeichne $d_{\text{BS}}(m)$ die Zufallsgröße des Abstandes $d(p, p')$ der im bisherigen Suchverlauf erhaltenen besten Lösung $p \in P_m$ von einer mittels blinder Suche erzeugten Lösung p' , dann wird in [13] gezeigt, daß $d_{\text{BS}}(m) = \binom{m}{4} \cdot (m-1)$. Dabei wird deutlich, daß der mittlere Abstand zwischen bisheriger Bestlösung und nächster zu erzeugender Lösung sehr groß ist und somit die Umgebung der besten Lösung nur unzureichend untersucht wird.

Im Gegensatz dazu nutzen adaptive Verfahren die im bisherigen Suchverlauf gewonnenen Erkenntnisse zur Erzeugung weiterer Lösungen aus. Analog zum Zuordnungsproblem werden auch zur näherungsweise Lösung von Maschinenbelegungsproblemen Verfahren benutzt, bei denen aus der bisherigen besten Lösung weitere Permutationen durch paarweisen Austausch zweier Elemente erzeugt werden (vgl. z. B. [8]).

Definition 1: Der Austausch der Elemente auf den Positionen i und u einer Permutation $p \in P_m$ wird als (i, u) -Austausch in p bezeichnet ($1 \leq i < u \leq m$).

Sei p' die aus $p \in P_m$ durch einen (i, u) -Austausch entstehende Permutation, dann gilt

$$(2) \quad d(p, p') = 2(u - i) - 1.$$

Somit können bei derartigen Austauschverfahren aus $p \in P_m$ nur $\binom{m}{2}$ Permutationen mit einem ungeraden Abstand bis maximal $2m - 3$ ($i = 1, u = m$)

erzeugt werden, wodurch frühzeitige Stagnation in einem lokalen Optimum begünstigt wird. Es gilt die folgende Aussage.

Theorem 1: Sei $d_{AT}(m)$ die Zufallsgröße des Abstandes $d(p, p')$, wobei p' durch einen (i, u) -Austausch aus $p \in P_m$ entsteht. Dann gilt $E(d_{AT}(m)) = (2m - 1)/3$ und $D^2(d_{AT}(m)) = (2m^2 - 2m - 4)/9$.

Beweis: Aus p können jeweils $m - j$ Permutationen durch $(i, i + j)$ -Austausche erzeugt werden ($1 \leq j \leq m - 1$, $i = 1, \dots, m - j$). Folglich erhält man unter Beachtung von (2)

$$\begin{aligned} E(d_{AT}(m)) &= \left[\sum_{j=1}^{m-1} (m-j) \cdot (2j-1) \right] / \binom{m}{2} \\ &= \left[(2m+1) \sum_{j=1}^{m-1} j - m(m-1) - 2 \sum_{j=1}^{m-1} j^2 \right] / \binom{m}{2} \\ &= (2m^3 - 3m^2 + m) / \left[6 \cdot \binom{m}{2} \right] = (2m - 1)/3. \end{aligned}$$

Wegen

$$E(d_{AT}^2(m)) = \left[\sum_{j=1}^{m-1} (m-j) \cdot (2j-1)^2 \right] / \binom{m}{2} = (2m^2 - 2m - 1)/3$$

erhält man

$$D^2(d_{AT}(m)) = E(d_{AT}^2(m)) - [E(d_{AT}(m))]^2 = (2m^2 - 2m - 4)/9. \quad \blacksquare$$

Folgerung 1: Für $m \rightarrow \infty$ erhält man

$$E(d_{AT}(m)) \approx \frac{2}{3} \cdot m$$

und

$$D^2(d_{AT}(m)) \approx \frac{2}{9} \cdot m^2.$$

Wie die Testergebnisse in Abschnitt 5 zeigen, werden bessere Resultate erreicht, wenn in bestimmten Fällen auch Austausche, die zu einer Zielfunktionswertverschlechterung führen, akzeptiert werden (thermodynamisch motivierte Simulation, Verfahren THERMO). Bezeichne p^k die Ausgangspermutation für die k -te Iteration und p' die aus p^k durch einen (i, u) -Austausch entstandene Permutation. Dann wird p^{k+1} wie folgt bestimmt:

$$p^{k+1} := \begin{cases} p' & \text{falls } F(p') < F(p^k) \\ & \text{oder mit Wahrscheinlichkeit } \exp((F(p^k) - F(p'))/t) \\ & \text{falls } F(p') \geq F(p^k) \\ p^k & \text{sonst.} \end{cases}$$

Der Parameter t , der die Bereitschaft steuert, einen (i, u) -Austausch mit Zielfunktionswertverschlechterung zuzulassen, wird jeweils nach einer festzulegenden Anzahl erzeugter Permutationen schrittweise reduziert. Dabei erfolgt ein Abbruch, wenn während eines Zyklus mit konstantem t kein Austausch, der zu einer von Null verschiedenen Zielfunktionswertdifferenz führt, akzeptiert wird.

Häufig werden bei Iterationsverfahren nur die speziellen $(i, i + 1)$ -Austausche berücksichtigt ($1 \leq i \leq m - 1$, vgl. [4]). Bei diesen Nachbarvertauschungen gilt somit stets $d(p, p') = 1$, und daher kommt es bei diesem Vorgehen sehr häufig zu einem frühzeitigen Abbruch in einem lokalen Optimum (vgl. Resultate in Abschnitt 5).

3. Zur Anwendung biologischer Evolutionsprinzipien für das betrachtete Permutationsproblem

Ausgehend von der Hypothese, daß die biologische Evolutionsmethode eine optimale Strategie zur Anpassung der Lebewesen an ihre Umwelt darstellt, werden seit etwa 15 Jahren Prinzipien der biologischen Evolution zur numerischen Lösung mathematischer Optimierungsaufgaben genutzt. Nachfolgend wird die Anwendung biologischer Evolutionsprinzipien zur näherungsweise Lösung des betrachteten Permutationsproblems untersucht. Zunächst wird das Populationskonzept und die Realisierung des diploiden Erbgangs beschrieben. Danach werden geeignete Prinzipien zur Erzeugung von Permutationen vorgestellt und auf ihre Möglichkeiten unter Berücksichtigung des eingeführten Abstandsmaßes $d(p, p')$ untersucht. Abschließend wird die Steuerung der Erzeugung von Permutationen beschrieben.

Bei den weiteren Betrachtungen wird zwischen einer Permutations- und einer Strategipopulation unterschieden. Aufbauend auf den positiven Erfahrungen von Born [1] wird in beiden Populationen das Prinzip der genetischen Last verwirklicht. Im Gegensatz zu anderen Evolutionsstrategien wird im folgenden der diploide Erbgang mit Dominanz und Rezessivität realisiert. Dabei besteht die Permutationspopulation PP aus Permutationssätzen, wobei jeder Satz $P = (p^1, p^2)$ aus zwei Permutationen p^1, p^2 gebildet wird. Die Güte $F(P)$ des Satzes P ergibt sich aus $F(P) = \min \{F(p^1), F(p^2)\}$, und p^1 heißt dominant, falls $F(p^1) \leq F(p^2)$, andernfalls rezessiv. Dies ist eine Form der Realisierung des Prinzips der genetischen Last, bei der diese selbst als variabel betrachtet wird. Durch die Realisierung der Diploide sind somit stets Permutationen unabhängig von ihrem Zielfunktionswert in der Population enthalten. Dadurch können größere Abstände in der Population überwunden werden, wodurch der frühzeitigen Stagnation in einem lokalen Optimum entgegengewirkt wird.

Im weiteren wird $G(PP) = \min \{F(P) \mid P \in PP\}$ als Generationsgüte der Permutationspopulation PP bezeichnet.

Wir kommen zur Beschreibung von Transformationen zur Erzeugung von Permutationen, die aus biologischen Evolutionsprinzipien abgeleitet sind. Das entsprechende Evolutionsprinzip wird nachfolgend stets in Klammern angegeben. Für die weiteren Betrachtungen sei $p = (p_1, p_2, \dots, p_m) \in P_m$. Als elementare Erzeugungsmöglichkeit von Permutationen wird die Verschiebung eines Elements um einige Positionen nach rechts bzw. links genutzt.

Definition 2: Die Verschiebung des Elementes p_i in Position i von p um j Positionen nach rechts ($j \leq m - i$) bzw. links ($j \leq i - 1$) in der Reihenfolge wird als (R, i, j) - bzw. (L, i, j) -Verschiebung bezeichnet (intrachromosomale Translokation

als spezielle Form der Chromosomenmutation). Somit entsteht aus p durch Anwendung einer (R, i, j) -Verschiebung

$$p' = (p_1, \dots, p_{i-1}, p_{i+1}, \dots, p_{i+j}, p_i, p_{i+j+1}, \dots, p_m)$$

bzw. durch Anwendung einer (L, i, j) -Verschiebung

$$p'' = (p_1, \dots, p_{i-j-1}, p_i, p_{i-j}, \dots, p_{i-1}, p_{i+1}, \dots, p_m).$$

Wegen $Z(p, p') = \{(p_i, p_{i+l}) \mid l = 1(1)j\}$ und $Z(p, p'') = \{(p_{i-l}, p_i) \mid l = 1(1)j\}$ erhält man

$$(3) \quad d(p, p') = d(p, p'') = j.$$

Somit ist der maximale Abstand $d(p, p')$, wobei p' durch eine Verschiebung gemäß Definition 2 aus p entsteht, gleich $m - 1$.

Theorem 2: Sei $d_{LV}(m)$ die Zufallsgröße des Abstandes $d(p, p')$, wobei p' durch eine (L, i, j) -Verschiebung aus p entsteht. Dann gilt

$$E(d_{LV}(m)) = (m + 1)/3 \quad \text{und} \quad D^2(d_{LV}(m)) = (m + 1) \cdot (m - 2)/18.$$

Beweis: Aus p können jeweils $m - j$ Permutationen durch (L, i, j) -Verschiebungen erzeugt werden ($1 \leq j \leq m - 1, i = 1, \dots, m - j$). Folglich erhält man unter Beachtung von (3)

$$E(d_{LV}(m)) = \left[\sum_{j=1}^{m-1} j \cdot (m - j) \right] / \binom{m}{2} = (m^3 - m) / \left[6 \cdot \binom{m}{2} \right] = (m + 1)/3.$$

Wegen

$$E(d_{LV}^2(m)) = \left[\sum_{j=1}^{m-1} j^2 \cdot (m - j) \right] / \binom{m}{2} = (m + 1) \cdot m/6$$

folgt

$$D^2(d_{LV}(m)) = (m - 1) \cdot (m + 2)/18. \quad \blacksquare$$

Folgerung 2: Für $m \rightarrow \infty$ erhält man $E(d_{LV}(m)) \approx m/3$ und $D^2(d_{LV}(m)) \approx m^2/18$.

Bemerkung 1: Sei $d_{RV}(m)$ die Zufallsgröße des Abstandes $d(p, p')$, wobei p' durch eine (R, i, j) -Verschiebung aus p erzeugt wird. Offensichtlich gilt dann $d_{RV}(m) = d_{LV}(m)$.

Bemerkung 2: Sei $N_V(p)$ die Menge aller aus p durch eine Verschiebung gemäß Definition 2 erzeugbaren Permutationen. Da durch $(R, i, 1)$ - bzw. $(L, i + 1, 1)$ -Verschiebungen jeweils dieselben Permutationen erzeugt werden, ergibt sich

$$|N_V(p)| = 2 \sum_{i=1}^{m-1} i - (m - 1) = (m - 1)^2.$$

Bei der Erzeugung von Permutationen gemäß Definition 2 wird somit in stärkerem Maße die unmittelbare Nachbarschaft der Ausgangspermutation gegenüber der Ausführung von (i, u) -Austauschen untersucht, denn für große m gilt zum einen $E(d_{LV}(m)) = E(d_{RV}(m)) \approx \frac{1}{2} \cdot E(d_{AT}(m))$, andererseits sind aber fast doppelt so viele Permutationen durch (D, i, j) -Verschiebungen ($D = R$ bzw. $D = L$) erzeugbar als

durch (i, u) -Austausche. Bei dem verwendeten Abstandmaß scheint daher die eingeführte Verschiebung als elementare Variationsmöglichkeit zur Erzeugung von Permutationen besonders geeignet.

In der nachfolgend beschriebenen Evolutionsstrategie werden die durchzuführenden Verschiebungen über einen Verschiebungsparameter v gesteuert. Für $v = k$ werden solange stochastisch bestimmte (D_i, i, j_i) -Verschiebungen ($D_i = L$ bzw. $D_i = R$) ausgeführt, bis $\sum_i j_i \geq k$ gilt. Die folgende Definition stellt eine Verallgemeinerung des erwähnten (i, u) -Austausches dar.

Definition 3: Der wechselseitige Austausch der Elemente p_i, \dots, p_j und p_u, \dots, p_w ($1 \leq i \leq j < u \leq w \leq m$) von p wird als $(i - j, u - w)$ -Blockaustausch bezeichnet (reziproke Translokation als spezielle Form der Chromosomenmutation).

Somit entsteht durch einen $(i - j, u - w)$ -Blockaustausch in p die Permutation $p' = (p_1, \dots, p_{i-1}, p_u, \dots, p_w, p_{j+1}, \dots, p_{u-1}, p_i, \dots, p_j, p_{w+1}, \dots, p_m)$. Falls $i = j$ bzw. $u = w$ gilt, so wird im weiteren $i - j$ durch i bzw. $u - w$ durch u ersetzt. Nachfolgend sind diese Spezialfälle bei der Verwendung des Begriffes $(i - j, u - w)$ -Blockaustausch stets mit eingeschlossen.

Lemma 1: p' entstehe aus p durch einen $(i - j, u - w)$ -Blockaustausch. Dann gilt

$$d(p, p') = (j - i + 1) \cdot (w - j) + (w - u + 1) \cdot (u - j + 1).$$

Beweis: Seien $N_1 = \{p_i, \dots, p_j\}$, $N_2 = \{p_u, \dots, p_w\}$ und $N_3 = \{p_{j+1}, \dots, p_{u-1}\}$, d.h. $|N_1| = j - i + 1$, $|N_2| = w - u + 1$ und $|N_3| = u - j - 1$. Dann ist

$$Z(p, p') = N_1 \times (N_2 \cup N_3) \cup N_2 \times N_3$$

und somit

$$d(p, p') = (j - i + 1) \cdot (w - j) + (w - u + 1) \cdot (u - j - 1). \quad \blacksquare$$

Theorem 3: Sei $N_{\text{BA}}(p)$ die Menge aller aus p durch einen $(i - j, u - w)$ -Blockaustausch erzeugbaren Permutationen. Dann gilt

$$\max \{d(p, p') \mid p' \in N_{\text{BA}}(p)\} = \lfloor m^2/3 \rfloor.$$

Beweis: Offensichtlich wird der maximale Abstand für $i = 1$ und $w = m$ angenommen. Gemäß Lemma 1 erhält man

$$\begin{aligned} d_{\max} &= \max \{d(p, p') \mid p' \in N_{\text{BA}}(p)\} \\ &= \max \{j \cdot (m - j) + (m - u + 1) \cdot (u - j - 1) \mid 1 \leq j < u \leq m\}. \end{aligned}$$

Diese Extremwertaufgabe ohne die Ganzzahligkeitsforderung liefert die Optimallösung $j_N = m/3$, $u_N = 1 + 2m/3$ mit $d_{\max_N} = m^2/3$, d.h. für $m \not\equiv 0 \pmod{3}$ ist die Lösung nicht ganzzahlig. Sei $h = \lfloor (m + 1)/3 \rfloor$, dann erhält man für $j = h$ und $k = 1 + 2h$ den maximalen Abstand

$$d_{\max} = \begin{cases} m^2/3 & \text{falls } m \equiv 0 \pmod{3} \\ m^2/3 - 1/3 = \lfloor m^2/3 \rfloor & \text{falls } m \not\equiv 0 \pmod{3}. \end{cases} \quad \blacksquare$$

Bemerkung 3: Da in $p \binom{m}{2}$ (i, u) -Austausche, jeweils $\binom{m}{3}$ $(i - j, u)$ - sowie $(i, u - w)$ -Blockaustausche ($i \neq j$ bzw. $u \neq w$) sowie $\binom{m}{4}$ $(i - j, u - w)$ -Blockaustausche ($i \neq j$ und $u \neq w$) ausgeführt werden können, die jeweils verschiedene Permutationen liefern, erhält man

$$|N_{\text{BA}}(p)| = \binom{m}{2} + 2 \cdot \binom{m}{3} + \binom{m}{4} = (m^4 + 2m^3 - m^2 - 2m)/24.$$

Definition 4: Die Wiedereinfügung der Elemente p_i, \dots, p_j in umgekehrter Reihenfolge in p wird als (i, j) -Inversion bezeichnet (Inversion als spezielle Chromosomenmutation).

Folglich liefert die Ausführung einer (i, j) -Inversion in p die Permutation $p' = (p_1, \dots, p_{i-1}, p_j, p_{j-1}, \dots, p_{i+1}, p_i, p_{j+1}, \dots, p_m)$. Mit $N = \{p_i, \dots, p_j\}$ erhält man $Z(p, p') = \{(k, l) \in N^2\}$ und somit $d(p, p') = \binom{j-i+1}{2}$. Offensichtlich sind insgesamt $\binom{m}{2}$ Permutationen durch (i, j) -Inversionen aus p erzeugbar.

Theorem 4: Sei $d_{\text{INV}}(m)$ die Zufallsgröße des Abstandes $d(p, p')$, wobei p' durch eine (i, j) -Inversion aus p entsteht. Dann gilt

$$E(d_{\text{INV}}(m)) = (m^2 + 3m + 2)/12 \quad \text{und} \quad D^2(d_{\text{INV}}(m)) = (7m^4 + 18m^3 - 17m^2 - 72m - 44)/720.$$

Beweis: Aus p können jeweils $m - j$ Permutationen durch $(i, i + j)$ -Inversionen mit einem Abstand von $\binom{j+1}{2}$ erzeugt werden ($1 \leq j \leq m - 1, i = 1, \dots, m - j$).

Folglich erhält man

$$\begin{aligned} E(d_{\text{INV}}(m)) &= \left[\sum_{j=1}^{m-1} (m-j) \cdot \binom{j+1}{2} \right] / \binom{m}{2} \\ &= \left[\sum_{j=1}^{m-1} (m-j) \cdot (j^2 + j) \right] / [m \cdot (m-1)] = (m^2 + 3m + 2)/12. \end{aligned}$$

Wegen

$$E(d_{\text{INV}}^2(m)) = \left[\sum_{j=1}^{m-1} (m-j) \cdot \binom{j+1}{2}^2 \right] / \binom{m}{2} = (2m^4 + 8m^3 + 8m^2 - 2m - 4)/120$$

folgt

$$D^2(d_{\text{INV}}(m)) = (7m^4 + 18m^3 - 17m^2 - 72m - 44)/720. \quad \blacksquare$$

Folgerung 3: Für $m \rightarrow \infty$ erhält man $E(d_{\text{INV}}(m)) \approx m^2/12$ und $D^2(d_{\text{INV}}(m)) \approx 7m^4/720$.

Das Crossing-over, das häufig bei Problemen mit nichtdiskreten Suchräumen Anwendung findet, kann bei dem betrachteten Permutationsproblem nicht unmittelbar genutzt werden. Als modifizierte Form dieses Evolutionsprinzips wird abschließend der Begriff der Permutationsrekombination eingeführt.

Definition 5: Sei $B \subseteq M$ mit $0 < |B| = l < m$. Dann bezeichnet

$$\underline{p}(p, B) = (\underline{p}_1, \dots, \underline{p}_{m-1}) \in P(M \setminus B)$$

die aus $p \in P_m$ entstehende Permutation, wenn in p alle $p_s \in B$ gestrichen werden und die Reihenfolge der restlichen Elemente in p beibehalten wird.

Definition 6: Seien $p^1, p^2 \in P_m$ mit $p^q = (p_i^q, \dots, p_m^q)$ und $B^q = \{p_i^q, \dots, p_j^q\}$ ($q = 1, 2; 1 \leq i < j \leq m$). Dann entstehen durch eine (i, j) -Permutationsrekombination zwischen p^1 und p^2 die Permutationen $p^{1'}$ und $p^{2'}$ mit

$$p^{1'} = (\underline{p}_1^1, \dots, \underline{p}_{i-1}^1, p_i^2, \dots, p_j^2, \underline{p}_i^1, \dots, \underline{p}_{m-j+i-1}^1)$$

und

$$p^{2'} = (\underline{p}_1^2, \dots, \underline{p}_{i-1}^2, p_i^1, \dots, p_j^1, \underline{p}_i^2, \dots, \underline{p}_{m-j+i-1}^2),$$

wobei für $j - i < m - 1$ $(\underline{p}_1^q, \dots, \underline{p}_{m-j+i-1}^q) = \underline{p}^q(p^q, B^q) \in P(M \setminus B^q)$ ($q = 1, 2; t = 1$ falls $q = 2$ bzw. $t = 2$ sonst; modifizierte Form der intrachromosomalen Rekombination).

Gemäß Definition 6 entstehen durch (i, j) -Permutationsrekombinationen stets wieder Permutationen aus P_m . Seien $RK_1 = \{p \in P_m \mid \text{Po}(p, h) = \text{Po}(p^{1'}, h) \text{ für alle } h \in B^2\}$ sowie $RK_2 = \{p \in P_m \mid \text{Po}(p, h) = \text{Po}(p^{2'}, h) \text{ für alle } h \in B^1\}$. Aus der Konstruktion von $p^{1'}$ und $p^{2'}$ aus p^1 und p^2 folgt unter Berücksichtigung von $p^1 \in RK_2$ und $p^2 \in RK_1$ sofort

$$d(p^{1'}, p^1) = \min \{d(p, p^1) \mid p \in RK_1\} \leq d(p^2, p^1)$$

und

$$d(p^{2'}, p^2) = \min \{d(p, p^2) \mid p \in RK_2\} \leq d(p^1, p^2).$$

Diese Beziehungen verdeutlichen die Analogie zum Crossing-over bei Problemen mit nichtdiskreten Suchräumen.

Die Anwendung der erwähnten Prinzipien zur Erzeugung von Permutationen wird über die Strategiepopulation gesteuert. Bei den in ihr enthaltenen Strategiesätzen $S = (s^1, s^2)$ mit den Strategievarianten s^1, s^2 wird ebenfalls der diploide Erbgang realisiert. Die einzelnen Komponenten einer Strategievariante $s \in Y \subseteq R^7$ haben folgende Bedeutung, wobei Y das Strategiespektrum darstellt:

- s_1 – Wahrscheinlichkeit (Wkt.) für die Auswahl der dominanten Permutation eines Elternsatzes P ;
- s_2 – Wkt. für die Realisierung einer (i, j) -Inversion;
- s_3, s_4 – der Verschiebungsparameter v wird über die normalverteilte Zufallsgröße $Z \sim N(s_3, s_4)$ bestimmt;
- s_5 – Wkt. für die Realisierung eines Austauschschrittes gemäß Definition 3;
- s_6 – Wkt., daß bei Realisierung eines Austauschschrittes dieser als spezieller (i, u) -Austausch durchgeführt wird;
- s_7 – Wkt. für die Durchführung einer (i, j) -Permutationsrekombination zwischen beiden Permutationen des aktuellen Satzes.

Nach der Bildung eines neuen Strategiesatzes werden dann die einzelnen Komponenten einer Mutation unterworfen, indem zu jeder Komponente die Realisierung

einer normalverteilten Zufallsgröße $Z_i \sim N(0, \sigma_i)$ addiert wird ($i = 1(1)7$), wobei $s \in Y$ zu gewährleisten ist. Dabei sind die Parameter σ_i für die einzelnen Komponenten während des Suchprozesses konstant. Wird aus einer Permutation p^{i^q} der Elternsatzes p^q mittels Strategievariante s^q die Permutation p^{nq} erzeugt, so ergibt sich die Güte von s^q wie folgt ($q = 1, 2$):

$$g(s^q) = \begin{cases} (F(p^q) - F(p^{nq})) / |F(p^q)| & \text{falls } F(p^q) \neq 0 \\ F(p^q) - F(p^{nq}) & \text{sonst.} \end{cases}$$

Dabei heißt s^1 dominant und s^2 rezessiv, falls $g(s^1) \geq g(s^2)$. Ferner wird $g(S) = \max \{g(s^1), g(s^2)\}$ als Güte des Strategiesatzes S bezeichnet.

Um zu gewährleisten, daß Strategiesätze, die zu Beginn des Suchprozesses eine hohe Güte erreichten (große Zielfunktionswertverbesserung), nicht im gesamten Suchverlauf in der Population verbleiben, wird das Prinzip Sterblichkeit berücksichtigt (Vorgabe eines Höchstalters für Strategiesätze).

4. Eine Evolutionsstrategie für das betrachtete Permutationsproblem

In diesem Abschnitt wird die unter Nutzung der in Abschnitt 3 beschriebenen Prinzipien entwickelte Evolutionsstrategie vorgestellt. Wie bereits erwähnt, wird das Grundprinzip des thermodynamischen Simulationsverfahrens, Permutationen mit schlechterem Zielfunktionswert für den weiteren Suchprozeß zu akzeptieren, in modifizierter Form als Selektion 2. Art berücksichtigt, indem ein Permutationsatz gegebenenfalls durch einen Satz schlechterer Güte ersetzt werden kann, während bei Selektion 1. Art dies nicht möglich ist.

Für die Beschreibung des Algorithmus EVOL werden folgende Bezeichnungen eingeführt:

- PP^k, SP^k – Populationen der k -ten Generation ($k \geq 0$);
- zahl – Anzahl der je Generation zu erzeugenden Permutations- und Strategiesätze;
- itherm – Parameter zur Festlegung der Selektionsart (itherm = i : Selektion i -ter Art, $i = 1, 2$);
- $a1, a2, i0, amax, amin, zgen, zred$ – Parameter zur Steuerung der Selektion 2. Art;
- maxalt – vorgegebenes Höchstalter eines Strategiesatzes;
- kmax – vorgegebene Maximalzahl zu erzeugender Generationen;
- lv – Hilfsparameter: Die letzte Verbesserung der Generationsgüte wurde in Generation lv erreicht;
- abb – Abbruchparameter: Es erfolgt Abbruch, wenn bei der Erzeugung der letzten abb Generationen keine Verbesserung der Generationsgüte erzielt wurde;
- $A(^kS)$ – Alter des Strategiesatzes kS der k -ten Generation;
- maxtime – vorgegebene maximale Rechenzeit;
- time – verbrauchte Rechenzeit.

Der Algorithmus läuft dann wie folgt ab:

SCHRITT 0: Wertzuweisungen an alle Verfahrensparameter;

Bildung der Startpopulationen PP^0 und SP^0 ; $k := 1$; $itherm := 1$;

SCHRITT 1: Erzeugung von PP^k und SP^k (k -te Generation)

S 1a: $PP^k := PP^{k-1}$; $SP^k := SP^{k-1}$;

S 1b: Überprüfung von SP^k auf Strategiesätze mit Höchstalter $\forall^k S \in SP^k$ mit $A(^k S) = \max$ setze $g(^k S) := -\infty$; $a := 1$;

S 1c: Bildung des a -ten neuen Strategie- und Permutationssatzes;

Auswahl von zwei verschiedenen Elternsätzen $^{k-1}S^i, ^{k-1}S^j \in SP^{k-1}$ und Bildung eines neuen Strategiesatzes S^{neu} ;

Auswahl von zwei verschiedenen Elternsätzen $^{k-1}P^c, ^{k-1}P^d \in PP^{k-1}$ und Bildung eines neuen Permutationssatzes P^{neu} mittels S^{neu} ;

S 1d: Selektion in SP^k

Berechnung von $g(S^{neu})$;

$S := \begin{cases} ^k S^i & \text{falls } g(^k S^i) \leq g(^k S^j) \\ ^k S^j & \text{sonst;} \end{cases}$

Falls $g(S^{neu}) \geq g(S) \rightarrow$ ersetze S in SP^k durch S^{neu} ;

S 1e: Selektion 1. bzw. 2. Art in PP^k

Berechnung von $F(P^{neu})$;

$P := \begin{cases} ^k P^c & \text{falls } F(^k P^c) \geq F(^k P^d) \\ ^k P^d & \text{sonst;} \end{cases}$

Falls $F(P^{neu}) \leq F(P) \rightarrow$ ersetze P in PP^k durch P^{neu} und gehe zu S 1f;

Falls $itherm = 1 \rightarrow$ gehe zu S 1f;

Ersetze P in PP^k durch P^{neu} mit Wkt. $\exp((F(P) - F(P^{neu}))/t)$;

S 1f: Falls $a < \text{zahl} \rightarrow$ gehe mit $a := a + 1$ zu S 1c;

Bestimmung von $G(PP^k)$; Falls $G(PP^k) < G(PP^{k-1}) \rightarrow lv := k$;

SCHRITT 2: Abbruchtest

S 2a: Falls $\text{time} \geq \text{maxtime}$ oder $k = \text{kmax}$ oder $k - lv = \text{abb} \rightarrow \text{STOP!}$

(die dominante Permutation des Satzes mit der besten Güte ist Näherungslösung);

S 2b: Festlegung der Selektionsart und Steuerung der Selektion 2. Art

Falls $itherm = 1 \rightarrow$ gehe zu S 2c;

$z := z + 1$; Falls $z < \text{zred} \rightarrow$ gehe zu S 2d;

Falls $k - lv > \text{zgen}$ und $iv = 0 \rightarrow t := t \cdot a 2$;

Falls $k - lv < \text{zgen}$ und $iv = 1 \rightarrow t := t \cdot a 1$;

Falls $t > \text{amax} \rightarrow iv := 1$; Falls $t < \text{amin} \rightarrow \text{itherm} := 1$;

$z := 0$; gehe zu S 2d;

S 2c: Überprüfung auf Wechsel zu Selektion 2. Art

Falls $k - lv < \text{zgen} \rightarrow$ gehe zu S 2d;

$itherm := 2$; $z := 0$; $iv := 0$; $t := t0$;

S 2d: $k := k + 1$; gehe zu SCHRITT 1.

Außerdem wird in Algorithmus EVOL standardmäßig von einer zu wählenden Generation $k=0$ an das Isolationsprinzip berücksichtigt, d. h. die Populationen werden in Teilpopulationen aufgespalten (die genaue Beschreibung sowie die standardmäßigen Wertzuweisungen an alle Verfahrensparameter sind [12] zu entnehmen).

In dem Algorithmus EVOL wird mit Selektion 1. Art begonnen. Falls über zogen Generationen keine Verbesserung der Generationsgüte erreicht wurde, erfolgt ein Wechsel auf Selektion 2. Art, wobei der bei THERMO verwendete Parameter t den Anfangswert t_0 besitzt. Nach jeweils z red Generationen wird t durch Multiplikation mit $a_2 > 1$ vergrößert, falls nach dem Übergang zu Selektion 2. Art noch keine Verbesserung der Generationsgüte erreicht wurde und t einen vorgegebenen Maximalwert $amax$ noch nicht überschritten hat ($iv = 0$). Ist einer der beiden Fälle eingetreten, so wird analog zu THERMO alle z red Generationen der aktuelle Wert von t durch Multiplikation mit $a_1 < 1$ reduziert. Wird t kleiner als ein vorgegebener Minimalwert $amin$, erfolgt wieder Übergang zu Selektion 1. Art. Die Realisierung der Selektion 2. Art trägt dazu bei, daß sich der Abstand zwischen den dominanten Permutationen der Sätze im Durchschnitt vergrößert, wodurch bei eintretender Stagnation ein Überspringen lokaler Optima begünstigt werden kann.

Die im Schritt S 1c realisierte Bildung eines Permutationssatzes $P^{neu} = (p^{n1}, p^{n2})$ mit den Eltern $P^1 := k^{-1}P^c$ und $P^2 := k^{-1}P^d$ mittels $S^{neu} = (s^{n1}, s^{n2})$ wird wie folgt durchgeführt:

- 1) Wähle als p^{nq} mit Wkt. s_1^{nq} die dominante Permutation des Satzes P^q , andernfalls die rezessive Permutation von P^q (jeweils $q = 1, 2$);
- 2) Realisierung einer (i, j) -Inversion in p^{nq} mit Wkt. s_2^{nq} (bei Ausführung einer (i, j) -Inversion werden die Komponentenabschnitte stochastisch ermittelt, und die entstehende Permutation wird bei allen Transformationen stets wieder mit p^{nq} bezeichnet);
- 3) Realisierung von (D, i, j) -Verschiebungen
 - a) Ermittlung des Wertes k_q des Verschiebungsparameters v gemäß $k_q := \lfloor |z_q| \rfloor$, wobei z_q eine Realisierung der normalverteilten Zufallsgröße $Z_q \sim N(s_3^{nq}, s_4^{nq})$ ist;
 - b) Realisierung von stochastisch bestimmten (D, i, j) -Verschiebungen in p^{nq} mit $v = k_q$;
- 4) Durchführung eines Austauschschrittes in p^{nq} mit Wkt. s_5^{nq} (bei Ausführung eines Austauschschrittes in p^{nq} wird dieser mit Wkt. s_6^{nq} als spezieller (i, u) -Austausch vollzogen, andernfalls als allgemeiner $(i - j, u - w)$ -Blockaustausch, wobei die Komponentenabschnitte stochastisch bestimmt werden);
- 5) Realisierung einer (i, j) -Permutationsrekombination zwischen p^{n1} und p^{n2} mit Wkt. s_7^{n1} (im Falle der Ausführung stochastische Bestimmung der Komponentenabschnitte).

Bemerkung 4: Wegen der Endlichkeit des Abstandes zweier Permutationen, der Realisierung der Diploidie und der Auswahl einer rezessiven Permutation mit

positiver Wahrscheinlichkeit ist jede Permutation im Suchverlauf mit positiver Wahrscheinlichkeit erreichbar und somit die vorgestellte Evolutionsstrategie eine globale Suchstrategie, d. h. für $k \rightarrow \infty$ gilt $P(\lim_{k \rightarrow \infty} G(PP^k) = F(p^*)) = 1$, wobei p^* die Optimallösung bezeichnet.

5. Testergebnisse zum $[m/n/P/C_{\max}]$ -Permutationsflußproblem

Die entwickelte Evolutionsstrategie EVOL wurde anhand einer umfangreichen Sammlung von Beispielen zu einem speziellen Maschinenbelegungsproblem, dem $[m/n/P/C_{\max}]$ -Permutationsflußproblem getestet und mit stochastischen und heuristischen Methoden aus der Literatur verglichen. Für alle betrachteten Algorithmen wurden FORTRAN-Implementierungen für die Rechenanlage EC 1040 erarbeitet. Neben der in [12] beschriebenen Standardvariante EVOL-st, bei der all in Abschnitt 3 erwähnten Prinzipien zur Erzeugung von Permutationen genutzt werden, fanden folgende weitere Versionen von EVOL Berücksichtigung:

EVOL-a: wie EVOL-st, aber ohne Berücksichtigung von (i, j) -Inversionen und (i, j) -Permutationsrekombinationen;

EVOL-b: wie EVOL-a, aber ohne Berücksichtigung von $(i - j, u - w)$ -Blockaustauschen;

EVOL-fix: es wird nur eine stochastisch bestimmte (D, i, j) -Verschiebung zur Erzeugung von Permutationen ausgeführt (Spezialfall fester Strategieparameter, Verschiebungsparameter $v = 1$), und es wird nur mit den dominanten Permutationen der Sätze operiert (dies entspricht der Realisierung des haploiden Erbgangs).

PP^0 wird dabei jeweils mittels blinder Suche bestimmt. Zwar könnten spezielle Konstruktionsverfahren zur Ermittlung von PP^0 herangezogen werden (z. B. liefert

das Verfahren von Roeck [9] die worst case Abschätzung $C_{\max}^H/C_{\max}^* \leq \left\lceil \frac{n}{2} \right\rceil$, wobei

C_{\max}^H den Zielfunktionswert der heuristischen Lösung und C_{\max}^* den optimalen Zielfunktionswert bezeichnen), aber die Rechnungen zeigen, daß bei zufälliger Erzeugung von PP^0 häufig die Strategieanpassung im Suchverlauf günstiger verläuft. Bei den Austauschverfahren wurde jedes Element mit der gleichen Wahrscheinlichkeit für einen Austausch ausgewählt. Dabei wurden folgende Varianten berücksichtigt:

THERMO 1: Algorithmus THERMO mit einer Rechnung (Erzeugung von $z = \min \{10m, 600\}$ Permutationen im ersten Zyklus mit konstantem t , nach jedem Zyklus wird t verringert (Multiplikation mit $\sqrt{(2)/2}$), und der aktuelle Wert von z wird mit 1,1 multipliziert);

THERMO 10: Algorithmus THERMO mit 10 Rechnungen (wie THERMO 1, aber im ersten Zyklus werden $z = 2m$ Permutationen erzeugt);

THERMO 0: Durchschnittswerte der einzelnen Rechnungen von THERMO 10.

Der Algorithmus BS (Blinde Suche) bricht in Abhängigkeit von der Anzahl der erreichten Lösungsverbesserungen ab. Bei den Varianten von THERMO endet

die Rechnung, wenn innerhalb eines Zyklus kein Austausch akzeptiert wurde oder 15 Zyklen ausgeführt wurden (vgl. [12]).

Zwei heuristische Methoden aus [4] wurden ebenfalls in die Testrechnungen mit einbezogen. Algorithmus RA erzeugt eine Permutation über die Optimallösung eines 2-Maschinen-Problems mit den Bearbeitungszeiten

$$T_{i1} = \sum_{j=1}^n (n - j + 1) \cdot t_{ij}, \quad T_{i2} = \sum_{j=1}^n j \cdot t_{ij} \quad (i = 1(1)m; j = 1, 2).$$

Ausgehend von der mit RA erhaltenen Lösung erzeugt das lokale Suchverfahren RAES innerhalb eines Zyklus alle $m - 1$ möglichen Permutationen durch Vertauschen von zwei benachbarten Elementen. Die Permutation mit dem besten Zielfunktionswert wird als Ausgangspermutation für den nächsten Zyklus verwendet, wobei der Abbruch erfolgt, wenn innerhalb eines Zyklus keine Verbesserung erzielt wurde.

Zur Testung der Algorithmen wurden Beispiele mit $15 \leq m \leq 110$ und $4 \leq n \leq 40$ verwendet. Bezeichnen p die mit dem entsprechenden Näherungsverfahren erhaltene Lösung und p^* die optimale oder beste bekannte Lösung, dann wurden folgende Kriterien zur Beurteilung der einzelnen Verfahren herangezogen:

$r = 100 \cdot (F(p) - F(p^*)) / F(p^*)$	– relativer Fehler;
$c = r^2$	– Konsistenz;
r_{\max}, r_{\min}	– maximaler bzw. minimaler relativer Fehler;
z	– Anzahl der erzeugten Lösungen

(die arithmetischen Mittelwerte sind durch einen Strich gekennzeichnet, z. B. \bar{r}).

In Tabelle 1 sind die Resultate von 50 Beispielen zum $[m/n/P/C_{\max}]$ -Maschinenbelegungsproblem zusammengestellt. Zunächst ist ersichtlich, daß die verschiedenen Versionen von EVOL die insgesamt besten Resultate liefern. Aus Tabelle 1 geht hervor, daß EVOL das einzige Verfahren ist, bei dem der durchschnittliche relative Fehler unter 1% liegt. Die Varianten von THERMO belegen die Zweckmäßigkeit des Zulassens von Austauschen mit Zielfunktionswertverschlechterung. Allerdings erweist sich THERMO 1 gegenüber THERMO 10 als überlegen, wenn sowohl die Güte der erhaltenen Näherungslösung als auch die Anzahl der erzeugten Permutationen berücksichtigt werden. Insbesondere mit wachsendem m wird THERMO 10 zunehmend uneffektiver. Gleichzeitig wird aus Tabelle 1 deutlich, dass die blinde Suche sowie das heuristische Verfahren RA unbefriedigende Resultate liefern. Die mit dem lokalen Suchverfahren RAES erhaltenen Ergebnisse bekräftigen, daß die erhaltenen Näherungslösungen keine ausreichende Güte besitzen, wenn nur Vertauschungen benachbarter Elemente betrachtet werden. Gegenüber der mit Algorithmus RA erhaltenen Lösung wird durch Anwendung des Verfahrens RAES im Durchschnitt deutlich weniger als 50% der möglichen Zielfunktionswertverbesserung erreicht. Etwas schwieriger erscheint die Einschätzung der einzelnen Varianten von EVOL. Es zeigt sich, daß zwischen den einzelnen Varianten keine wesentlichen Unterschiede vorkommen.

Tabelle 1
Ergebnisse zum $[m/n/P/C_{\max}]$ -Problem

Lösungs- verfahren	(a)		(b)		(c)		(d)	
	\bar{r} [%]	r_{\max} [%]	\bar{r} [%]	r_{\max} [%]	\bar{r} [%]	r_{\max} [%]	\bar{r} [%]	r_{\max} [%]
	\bar{c}	\bar{z}	\bar{c}	\bar{z}	\bar{c}	\bar{z}	\bar{c}	\bar{z}
EVOL-st	0,55	1,84	0,48	1,75	0,51	1,84	0,44	1,08
	0,55	— ^{a)}	0,48	—	0,49	—	0,31	—
EVOL-a	0,44	2,12	0,53	2,12	0,36	1,04	0,33	0,99
	0,47	—	0,64	—	0,29	—	0,24	—
EVOL-b	0,49	2,28	0,54	1,77	0,22	0,84	0,25	1,35
	0,56	—	0,53	—	0,14	—	0,20	—
EVOL-fix	0,54	3,12	0,97	3,12	0,30	1,00	0,48	1,60
	0,87	—	1,65	—	0,21	—	0,48	—
THERMO 1	1,42	5,02	2,09	5,02	0,65	2,63	0,72	2,74
	3,66	10886	6,45	4652	0,99	13471	1,23	16042
THERMO 10	1,52	4,79	2,17	4,79	0,62	1,32	0,84	1,97
	3,38	23896	6,01	7930	0,57	32713	1,03	39519
THERMO 0	3,15	7,46	4,53	7,46	1,82	4,30	1,85	3,19
	12,47	2390	23,23	793	4,38	3271	4,06	3952
BS	11,76	16,65	12,27	15,72	10,02	14,02	10,47	16,65
	147,30	537	156,39	559	112,10	555	120,84	512
RA	9,53	15,82	11,00	14,69	7,67	13,35	7,43	14,48
	102,81	1	127,66	1	71,60	1	68,99	1
RAES	5,25	9,69	6,38	9,36	4,15	8,54	4,27	9,69
	33,54	478	44,91	159	23,28	631	26,25	767

^{a)} Die Maximalzahl zu erzeugender Permutationen ist bei jeder Variante von EVOL gleich 24000.

Köpfe von Spalten:

- (a) Durchschnittswerte für 50 stochastisch erzeugte Beispiele zum $[m/n/P/C_{\max}]$ -Problem.
- (b) Durchschnittswerte für alle Beispiele von (a) mit $m \leq 30$ (18 Beispiele).
- (c) Durchschnittswerte für alle Beispiele von (a) mit $n \leq 8$ (15 Beispiele).
- (d) Durchschnittswerte für alle Beispiele von (a) mit $m \geq 60$ (20 Beispiele).

Tabelle 2

Ergebnisse der Verfahren EVOL und THERMO bei 10 Beispielen und 5 Rechnungen je Beispiel mit unterschiedlichen Startlösungen

Beispiele (<i>m</i> , <i>n</i>)	EVOL-st		EVOL-a		EVOL-b		THERMO 1	
	r_{\min} [%] \bar{r} [%]	r_{\max} [%] \bar{c}						
(16, 16)	0,0 0,64	1,86 0,85	0,0 0,85	1,59 1,13	0,0 1,72	3,25 4,19	1,70 2,59	3,95 7,73
(18, 32)	0,14 0,54	1,17 0,41	0,34 0,57	0,97 0,37	0,14 0,48	1,03 0,32	0,55 1,62	2,79 3,46
(20, 10)	0,40 1,21	2,02 1,99	0,20 1,74	2,42 3,63	1,62 2,02	2,42 4,15	2,11 2,81	3,21 8,14
(20, 30)	0,55 0,68	0,99 0,50	0,33 0,84	1,54 0,89	0,0 0,77	1,43 0,81	1,76 2,51	3,51 6,89
(25, 30)	0,70 0,97	1,59 1,07	0,60 1,19	1,79 1,62	0,40 1,21	7,69 1,67	0,89 1,51	2,09 2,53
(30, 10)	0,69 1,02	1,47 1,11	0,59 2,00	2,85 3,36	1,18 1,57	2,06 2,56	1,86 2,73	3,83 7,91
(30, 25)	0,70 1,39	2,11 2,16	0,70 1,39	2,21 2,20	1,31 1,63	2,21 2,80	2,41 3,71	3,71 8,70
(40, 14)	0,78 0,99	1,23 1,01	0,09 1,19	2,65 2,14	0,68 1,26	2,28 1,92	1,00 2,13	2,92 1,92
(50, 11)	0,19 0,59	1,91 0,79	0,19 0,54	1,67 0,62	0,19 0,99	1,79 1,25	2,11 2,81	3,21 8,14
(65, 9)	0,08 0,17	0,55 0,07	0,08 0,65	0,95 0,52	0,08 0,25	0,82 0,15	0,42 1,19	2,74 2,09
Durchschnittswerte für alle Beispiele								
\bar{r}_{\min} [%]	0,42		0,31		0,56		1,41	
\bar{r}_{\max} [%]	1,49		1,86		1,90		3,18	
\bar{r} [%]	0,82		1,10		1,19		2,23	
\bar{c}	1,00		1,65		1,98		5,82	

Zur Beurteilung der Versionen von EVOL dienen auch die in Tabelle 2 enthaltenen Resultate. Dabei wurden bezüglich der Versionen EVOL-st, EVOL-a und EVOL-b sowie THERMO 1 für 10 Beispiele jeweils 5 Rechnungen mit verschiedenen Startlösungen durchgeführt. Insgesamt kann eingeschätzt werden, daß insbesondere bei kleinem m alle bzw. die Mehrzahl der vorgeschlagenen Prinzipien berücksichtigt werden sollten (vgl. Beispiele von Spalte (a) in Tabelle 1 oder Beispiele mit $m \leq 20$ in Tabelle 2). Die Anwendung aller vorgeschlagenen Prinzipien erscheint nicht erforderlich, wenn Probleme mit kleiner Maschinenanzahl n vorliegen. In diesem Fall liefern bereits die Versionen EVOL-b oder auch EVOL-fix ausgezeichnete Ergebnisse. Die Variante EVOL-a erweist sich insgesamt als sehr günstig.

Zusammengefaßt kann eingeschätzt werden, daß die vorgestellte Evolutionsstrategie ein ausgezeichnetes Näherungsverfahren für das betrachtete Reihenfolgeproblem darstellt.

6. Abschließende Bemerkungen

Die durchgeführten Untersuchungen bestätigen, daß es zur approximativen Lösung der in dieser Arbeit betrachteten diskreten Optimierungsprobleme kein universelles Suchverfahren gibt und dieses auch nicht zu erwarten ist. Die konkrete Auswahl eines zu benutzenden Verfahrens hängt im allgemeinen von mehreren Faktoren ab, so zum Beispiel von der Genauigkeit der Eingangsdaten, der erwünschten Güte der Lösung oder den verfügbaren rechentechnischen Ressourcen. Die mit EVOL gesammelten Erfahrungen lassen für die Entwicklung von Suchverfahren, bei denen die Güte der Näherungslösung gegenüber dem Aufwand (Anzahl der zu erzeugenden Lösungen) im Vordergrund steht, folgende allgemeine Schlußfolgerungen zu:

1) Neben den häufig benutzten Zweier austauschen ist die Berücksichtigung weiterer Prinzipien zu empfehlen, um vorzeitige Stagnation in einem lokalen Optimum zu vermeiden. Zur Einschätzung der mit diesen Prinzipien verbundenen Möglichkeiten sowie zur Erstellung geeigneter Steuerung für den Suchprozess ist die Einführung eines geeigneten Abstandsmaßes in der Menge der zulässigen Lösungen zweckmäßig, wobei sich der betrachtete Inversionsabstand für Maschinenbelegungsprobleme als günstig erweist.

2) Die Arbeit mit einer Punktmengenfolge (Population), die Realisierung des diploiden Erbgangs (es verbleiben Permutationen unabhängig von ihrem Zielfunktionswert in der Population) oder der Übergang von Permutationen zu solchen mit schlechterem Zielfunktionswert wirken sich günstig hinsichtlich der Überspringung lokaler Optima aus und sollten daher in einer geeigneten Form berücksichtigt werden.

3) Insbesondere sind solche Varianten wie EVOL-b oder EVOL-fix (es werden nur Verschiebungen berücksichtigt) auch zur näherungsweise Lösung von Problemen der Gestalt $\min \{F(p) \mid p \in X \subseteq P_m\}$ geeignet, da durch geringfügige Modifikationen gewährleistet werden kann, daß stets zulässige Lösungen entstehen und somit kein gesonderter Zulässigkeitstest erforderlich ist.

4) Aufgrund der Allgemeinheit der in EVOL verwendeten Prinzipien liefern die durchgeführten Untersuchungen auch wichtige Hinweise für die Entwicklung leistungsfähiger Suchverfahren zur Lösung anderer diskreter Optimierungsprobleme.

Literatur

- [1] Born, J.: Evolutionsstrategien zur numerischen Lösung von Adaptionsaufgaben. Dissertation A. HU Berlin 1978.
- [2] Burkard, R. E., Rendl, F.: A Thermodynamically Motivated Simulation Procedure for Combinatorial Optimization Problems. Bericht 83 — 12. TU Graz, Institut für Mathematik 1983.
- [3] Cerny, V.: A Thermodynamical Approach to the Travelling Salesman Problem: An Efficient Simulation Algorithm. Report. Comenius University, Bratislava, Institute of Physics and Biophysics 1982.
- [4] Dannenbring, D. G.: An Evaluation of Flow Shop Sequencing Heuristics. *Management Sci.* 23, 1977, 1174—1182.
- [5] Lenstra, J. K.: Sequencing by Enumerative Methods. *Mathematical Centre Tracts*, 1977.
- [6] Lenstra, J. K., Rinnooy Kan, A. H. G., Brucker, P.: Complexity of Machine Scheduling Problems. *Annals of Discrete Mathematics 1, Studies in Integer Programming*, 1977, 343—362.
- [7] Lin, S., Kernighan, B. W.: An Effective Heuristic Algorithm for the Travelling Salesman Problem. *Operations Research* 21, 1973, 488—516.
- [8] Petersohn, U.: Adaptive stochastische Methoden in der diskreten Optimierung. Dissertation A. TU Dresden 1975.
- [9] Roeck, H., Schmidt, G.: Machine Aggregation Heuristics in Shopscheduling. in: R. Henn et al. (eds.): *Methods of Operations Research 45*. Koenigstein/Ts.: Athenaem 1982, 303 bis 314.
- [10] Schwefel, H. P.: Numerische Optimierung von Computer-Modellen mittels der Evolutionsstrategie. *Interdisziplinäre Systems Research* 26. Basel u. Stuttgart 1977.
- [11] Seiffart, E.: Zur Entwicklung der Reihenfolgeoptimierung in den letzten 20 Jahren in der DDR (Maschinenbelegung). *Mitteilungen der Mathematischen Gesellschaft der DDR*, 1982, Heft 1/2, 116—134.
- [12] Werner, F.: Zur Lösung spezieller Reihenfolgeprobleme. Dissertation A. TH Magdeburg 1984.
- [13] Werner, F.: Zu einigen Nachbarschaftsgraphen für die Entwicklung geeigneter Iterationsverfahren zur näherungsweise Lösung eines speziellen Permutationsproblems. *Wiss. Zeitschrift TH Magdeburg* (im Druck).

27. April 1987.

Dr. Frank Werner, Technische Universität Otto von Guericke, Sektion Mathematik, Magdeburg, DDR.

Summary

AN ADAPTIVE RANDOM SEARCH PROCESS FOR A SPECIAL RANKING PROBLEM

Frank Werner

Various machine scheduling problems, where the set of solutions is given by the set of permutations of m elements, belong to the class of NP-hard problems (cf. [6]). Therefore, the construction of efficient approximation methods is necessary.

In this paper we present an adaptive stochastic search procedure for the considered problem which is based on the application of biological evolution principles. The evolution strategy of this paper includes the known thermodynamical strategy.

Finally, the computational results on a special machine scheduling problem, the $[m/n/P/C_{\max}]$ permutation flow shop problem, are presented.

Resumé

O JEDNOM ADAPTIVNÍM NÁHODNÉM VYHLEDÁVÁNÍ PRO SPECIÁLNÍ SEKVENČNÍ PROBLÉM

Frank Werner

Rozmanité sekvenční problémy, u nichž množina přípustných řešení je dána množinou všech permutací m prvků, patří do třídy tzv. NP-složitých problémů (viz [6]). Je proto nezbytné vytvořit pro jejich řešení efektivní aproximační metody.

V práci se pro řešení uvažovaného problému prezentuje jeden vhodný adaptivní náhodný vyhledávací postup, založený na aplikaci biologických vývojových principů. Vyvinutá evoluční strategie zahrnuje známou thermodynamickou strategii.

V závěru článku jsou uvedeny výsledky výpočtů získaných při řešení jednoho problému rozmístění strojů, který je problémem proudu $[m/n/P/C_{\max}]$ -permutací.