

南 華 大 學

資訊管理學系

碩士論文

應用基因演算法於機台組態配置之研究

A Genetic Algorithm Approach for the Tool Portfolio Planning



研究生：黃意純

指導教授：李翔詣

中華民國 九十八 年 六 月

南 華 大 學

資訊管理學系

碩 士 學 位 論 文

應用基因演算法於機台組態配置之研究

研究生： 黃 意 純

經考試合格特此證明

口試委員： 李 翔 詣

江 育 民

村 志 貴

邱 宏 林

指導教授： 李 翔 詣

系主任(所長)： 

口試日期：中華民國 98 年 06 月 17 日

南華大學資訊管理學系碩士論文著作財產權同意書

立書人：_____黃意純_____之碩士畢業論文

中文題目：應用基因演算法於機台組態配置之研究

英文題目：A Genetic Algorithm Approach for the Tool Portfolio Planning

指導教授： 李翔詣 博士

學生與指導老師就本篇論文內容及資料其著作財產權歸屬如下：

- 共同享有著作權
- 共同享有著作權，學生願「拋棄」著作財產權
- 學生獨自享有著作財產權

學生：_____黃意純_____（請親自簽名）

指導老師：_____李翔詣_____（請親自簽名）

中 華 民 國 98 年 6 月 17 月

南華大學碩士班研究生
論文指導教授推薦函

資訊管理系碩士班 黃意純 君所提之論文
應用基因演算法於機台組態配置之研究
係由本人指導撰述，同意提付審查。

指導教授 李翔詣

98年6月17日

謹以此論文，獻給我最親愛的家人

誌 謝

回想兩年前的現在，我還是一個研究所的新生，如今已經成為畢業生了，兩年的時間一轉眼就過了。回顧這兩年，有歡樂也有淚水，相信這段時間將會是我難忘的回憶。

首先我想感謝我的指導老師—李翔詣老師，因為老師的悉心教導與幫助，讓我可以研究過程中不迷失方向，並且學到很多的專業知識。除了這些之外，與老師相處的兩年間，我也學到很多待人處世以及處理事情的方法，在此對老師表達由衷的謝意。

再來要感謝我們家研究室，畢業的小練哥哥、宣均學姊還有外援育弘學長，因為有你們我的研一生活才能這麼精采，感恩。另外我們家親愛的佳燕、怡伶以及山田，謝謝你們這一年的陪伴，這段期間我們一起認真、一起玩、一起瘋、一起耍笨，回想起來實在很有趣。未來你們要加油，不要惹老師生氣喔，雖然我知道通常你們都不是故意的，哈哈。宣均學姐說我們要把 221 的搞笑精神傳承下去，現在我們這屆就交棒給你們啦，你們要負責發揚光大唷，相信你們一定可以的。還有樓上的伊汝姐，謝謝你這六年來不管是在學業上還是生活上的照顧，讓我有大大的成長，但是人家總說天下沒有不散的筵席，不過別太傷心，我有空一定會回來找你的，誰叫我們是麻吉。

最後我想感謝我的家人，因為有他們不斷的支持與鼓勵，我才能無後顧之憂地完成我的學業。我想跟奶奶說：「阿嬤，我拿到碩士學位了，這兩年讓你擔心了，現在起，你安心讓我孝順你吧。」還有我想跟爸爸說：「謝謝你！這段時間你不僅要照顧奶奶也要照顧媽媽，真的是辛苦了。也因為有你的悉心照顧，我才能順利完成學業，真的謝謝你。」還

有媽媽：「你真的很棒，很堅強也很勇敢，我很以你為榮喔！不過你也要繼續加油，我一定會陪在你身邊的。」最後我想跟兩位哥哥說：「謝謝你們照顧家裡，現在妹妹畢業了，家裡就交給我吧！」。還有毛利，謝謝你總在我壓力大時給我安慰，處處包容我的任性，不管在生活上或是在論文上都給我許多幫助，我真的很感謝這兩年有你的陪伴。

謝謝大家，今後我將會更加努力向前邁進。

黃意純 謹致於南華

中華民國九十八年六月

應用基因演算法於機台組態配置之研究

學生：黃意純

指導教授：李翔詣

南 華 大 學 資 訊 管 理 學 系 碩 士 班

摘 要

半導體產業機台設備非常昂貴，且製程加工的過程也十分繁複，無法以傳統單一生產線的方式進行，所以機台組態配置對於半導體產業而言，是非常重要的且複雜的工作。本論文使用混合式演算法，以線性規劃搭配基因演算法，求取機台組態配置的較佳解。

在本研究中，我們提出二種調整基因演算法之方法，分別為初始染色體種子法與持續染色體種子法，初始染色體種子法是在初始母體中加入種子染色體，持續染色體種子法則是在各個子代中加入種子染色體。我們利用基因演算法易落入區域最佳解之特性，加入一個種子染色體，而此種子染色體則是一組限制機台產能上限的最佳解，以此最佳解誘導在基因演算法求解時往最佳解方向搜尋。

本研究的實驗設計為，比較傳統基因演算法與二種調整後之基因演算法，透過實驗結果證實，初始染色體種子法與持續染色體種子法，在五組數據中平均最佳解皆高於傳統基因演算法，故可證明本研究提出之方法具實用價值。

關鍵字：機台組態配置、基因演算法、線性規劃、靜態產能規劃

A Genetic Algorithm Approach for the Tool Portfolio Planning

Student : Huang, I-Chun

Advisors : Dr. Lee, Hsiang Yi

Department of Information Management
The M.I.M. Program
Nan-Hua University

ABSTRACT

The object of this study is to develop a revised hybrid genetic algorithm for the semiconductor tool portfolio allocation problem. Due to the complicated processes in the semiconductor industry, it is not easy to check and allocate the required tool capacity to each related processes. This may result in failure of capacity check and inefficient allocation of tool capacity. However, as the tool capacity ceiling varies as the tool is used in single process or been used across processes, this problem requires a complex mixed integers programming to solve it. So it is wonder if a hybrid GA along with LP method could be used in the problem and this study proposed a revised GA (Seeded GA) to gain the better solution. And a seed chromosome was proposed in this study. The gene in this GA method represents the status whether a tool is used in a certain process. And the seed chromosome is derived from the optimal solution by performing linear programming to the simplified tool portfolio allocation problem. The simplified problem was designed as tool capacity is fixed as 0.9, which is 90% of the full capacity. The seed chromosome was arranged in the first parent pool. The fitness value is determined by the linear programming of the problem formed by the

chromosome. It is hoped that the seed could lead the evolution process to find some better solution. Two variations were designed: the seed was arranged in the first population pool only or stays in each iteration chromosome pool. Five MPS were used in the experiment and the results showed that Seeded GA could find better solution in very few iteration. However, there is no much difference among these two variations.

Key words: tool portfolio allocation, Genetic algorithm, linear programming, static capacity planning

目錄

書名頁	I
論文口試合格證明	II
博碩士論文著作財產權同意書	III
論文指導教授推薦函	IV
誌謝	V
中文摘要	VI II
英文摘要	IX
目錄	XI
表目錄	XI II
圖目錄	X V
第一章、緒論	1
第一節 研究背景與動機	1
第二節 研究目的	2
第三節 研究流程	3
第四節 研究架構	5
第二章、文獻探討	6

第一節 機台組態規劃.....	6
第二節 基因演算法.....	9
第三章、研究方法.....	18
第一節 介紹基因演算法的參數及運算元.....	19
第二節 基因演算法之方法與流程.....	24
第三節 初始染色體種子法.....	26
第四節 持續染色體種子法.....	28
第四章、實例說明與數據分析.....	30
第一節 實驗環境.....	30
第二節 實驗資料.....	30
第三節 參數設定.....	31
第四節 實驗設計.....	38
第六節 數據分析.....	41
第五章、討論與結論.....	43
參考文獻.....	45

表目錄

表 2-1 輪盤法染色體之適應值與挑選機率.....	10
表 3-1 染色體組合與其適應值.....	21
表 4-1 實驗環境規格.....	30
表 4-2 實驗之產品最低需求(MPS).....	31
表 4-3 第一組 MPS 三種方法之結果.....	32
表 4-4 第二組 MPS 三種方法之結果.....	33
表 4-5 第三組 MPS 三種方法之結果.....	33
表 4-6 第四組 MPS 三種方法之結果.....	33
表 4-7 第五組 MPS 三種方法之結果.....	33
表 4-8 第一組 MPS 三種方法之結果.....	34
表 4-9 第二組 MPS 三種方法之結果.....	34
表 4-10 第三組 MPS 三種方法之結果.....	35
表 4-11 第四組 MPS 三種方法之結果.....	35
表 4-12 第五組 MPS 三種方法之結果.....	35
表 4-13 第一組 MPS 三種方法之結果.....	36
表 4-14 第二組 MPS 三種方法之結果.....	36
表 4-15 第三組 MPS 三種方法之結果.....	37

表 4-16 第四組 MPS 三種方法之結果.....	37
表 4-17 第五組 MPS 三種方法之結果.....	37
表 4-18 第一組 MPS 三種方法之結果(Lingo 最佳解 85,658).....	39
表 4-19 第二組 MPS 三種方法之結果(Lingo 最佳解 85,658).....	39
表 4-20 第三組 MPS 三種方法之結果(Lingo 最佳解 85,592).....	40
表 4-21 第四組 MPS 三種方法之結果(Lingo 最佳解 85,618).....	40
表 4-22 第五組 MPS 三種方法之結果(Lingo 最佳解 85,325).....	40
表 4-23 三種方法之比較.....	42

圖目錄

圖 1-1 研究流程圖.....	4
圖 2-1 使用輪盤法之染色體的挑選機率.....	11
圖 3-1 染色體表示方法.....	20
圖 3-2 基因演算法之流程圖.....	25
圖 3-3 初始染色體種子法之流程圖.....	27
圖 3-4 持續染色體種子法之流程圖.....	29
圖 4-1 實驗資料之參數.....	31
圖 4-2 第三組 MPS 之收斂圖.....	38
圖 4-3 產量分佈圖(三種方法各執行 30 次)(第三組 MPS).....	41
圖 4-4 產量分佈圖(三種方法各執行 30 次)(第五組 MPS).....	41

第一章、緒論

第一節 研究背景與動機

半導體產業的特性為資本密集、技術密集與高波動性，不僅機台設備非常昂貴，產品的技術需求各不相同，且製程加工的過程也十分繁複，無法以傳統單一生產線的方式進行。所以機台組態配置對於半導體產業而言，是非常重要的工作。產能規劃(Capacity Planning)指計算滿足產品需求下所需的生產機台數目(Sohn *et al.*, 2003)[13]，且又因機台昂貴因此在規劃上必須更加仔細。過去產能規劃大多是使用在建廠前，所以範圍較廣，針對機台配置的單位為單一機台，故無法了解各機台的實際使用量狀況，而本研究則是強調機台配置的百分比。

機台的組態配置(Tool Portfolio Allocation)是指，根據產品的需求以及各製程的要求，來決定機台的產能配置比例，即分別配置使用量給不同製程，故上述單一機台配置方法並不適用，且半導體製造業比一般傳統的製造業有著更複雜的生產特性，如：產品種類眾多、加工的步驟繁雜、機器特性不一、可跨製程使用及產品的生產週期時間長等，使得機台的組態配置更不容易執行。

晶圓廠機台組態配置常見的三種方法分別為：靜態產能模型(Static capacity model)、等候模型(Queuing model)及模擬方法(Simulation)(Chou *et al.*, 1999)[15]。靜態產能模型因為其簡單方便，可以簡化問題的複雜性，普遍為大家所使用(Neudorff, 1999; Chou and You, 2001 ; Chou and Wu,

2002)[10,16,17]，通常靜態產能模型會搭配試誤法(Trial-and-Error)作使用。而雖然試誤法可以滿足目前的產品需求，但是此方法耗時費日，而且並不保證配置的結果即為最佳解。再者，因晶圓廠的限制多，如：每道製程使用之機台數不相同；各機台的 move 數也不同；部份機台可作跨製程使用，但須損耗 10%的產能等等，以上因素皆會使試誤法在晶圓廠上的使用變得麻煩且困難。

根據 Neudorff(1999)[10]指出，線性規劃方法應用在機台組態配置方面的研究較為少數。而從練鴻展(2008)[2]提出以混合整數規劃法(Mixed Integer Programming, MIP)求產能規劃最佳的配置中，我們可以發現，雖然混合整數規劃法可以找到最佳解，但是在求解的速度上十分不穩定；並且產能規劃配置的解空間過大，使得線性規劃模式在問題複雜度增高時，相對求解的時間也會以倍數型成長。而套用在實際的工廠上時，因工廠講求的是反應速度要快，所以此方法應用在瞬息萬變、講求時效的工廠中，便顯得不夠實用。

因此本研究嘗試利用啟發式演算法來解最佳化問題，而啟發式演算法中又以基因演算法較具代表性。然而，基因演算法的參數眾多，如何調整參數，使之有效地使用至問題上，使解的品質可以更好，便是一大難題。

第二節 研究目的

使用混合整數規劃(MIP)求解機台組態配置時，會因問題的複雜度使得求解時間不一，而本研究嘗試使用基因演算法求解機台組態配置問

題。然而基因演算法的參數眾多，調整需花費許多時間，因此本研究目的將著重於，探討基因演算法各種參數對求解品質的影響狀況，並比較傳統基因演算法與本研究提出之改良基因演算法-染色體種子法。

本研究使用混合式演算法，以線性規劃搭配基因演算法，求取機台組態配置的較佳解。在本篇研究中，我們考慮目前半導體晶圓代工廠機台設備的產能條件，作一完整性的產能規劃。利用基因演算法確保廠內產能能夠符合產品需求，雖然無法計算出機台組態配置的最佳解，但可在找到各機台配置使用量的較佳解，提供工廠在配置組態上作為意見參考，對實際工廠的幫助較為具體。

第三節 研究流程

本研究的研究流程如圖1-1所示。首先，探討研究背景與動機後，擬定研究目的，之後分兩部份進行文獻探討。第一部分為探討機台組態規劃的相關文獻，第二部份則是探討基因演算法的方法與應用。總結這兩部份，訂出本研究的研究方法。接著就是進行實例說明與數據分析，最後為研究結論。

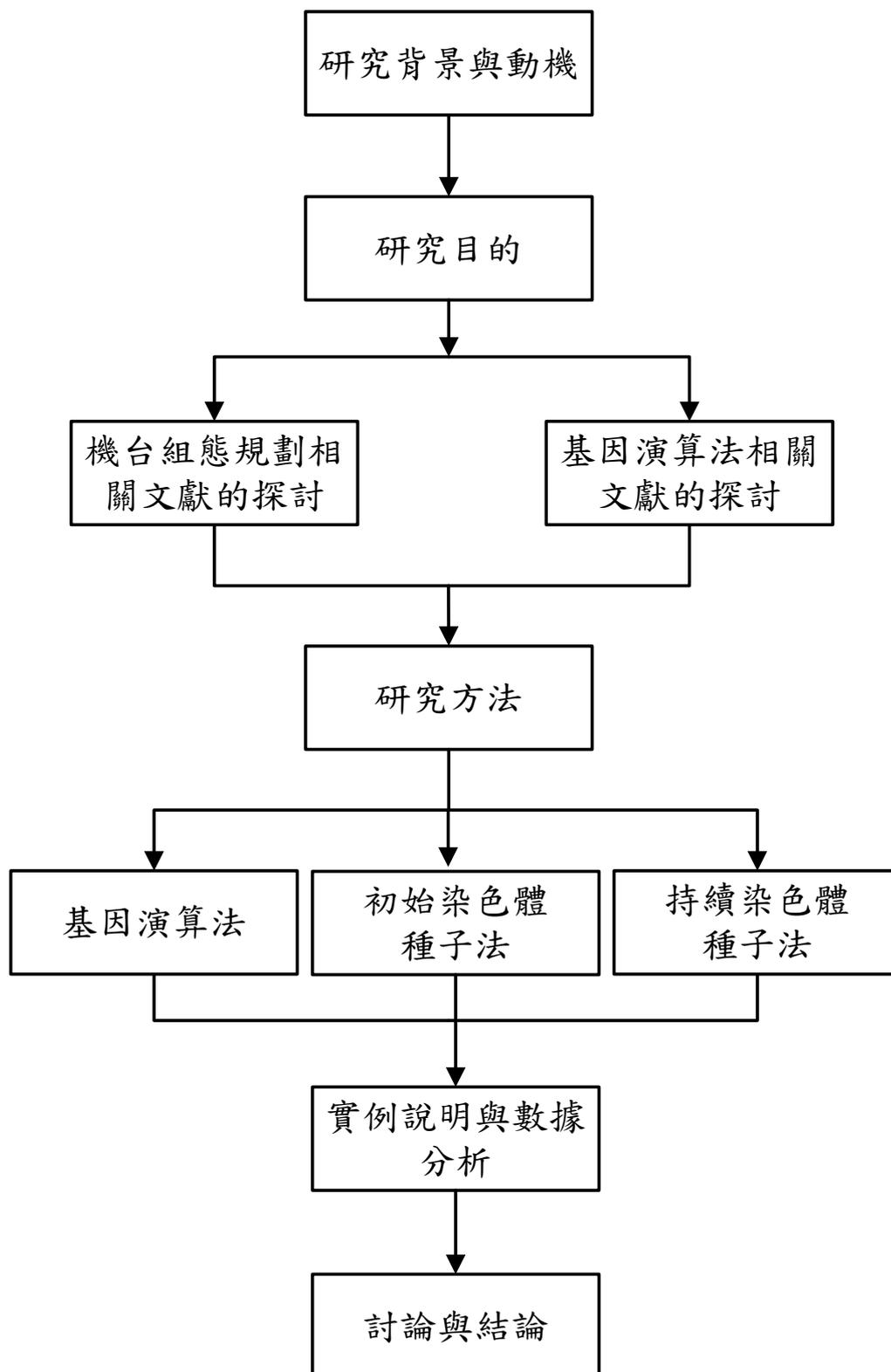


圖 1-1 研究流程圖

第四節 研究架構

本篇論文的架構如下：

第一章、緒論

簡述本研究之研究背景與動機、研究目的，研究流程以及本篇論文的整體架構。

第二章、文獻探討

探討本研究的相關文獻與技術應用，包含機台組態規劃以及基因演算法。

第三章、研究方法

說明本研究之研究架構、研究方法與流程。

第四章、實例說明與數據分析

運用實際廠商真實的上線資料進行實例說明，並比較三個基因演算法之方法。

第五章、討論與結論

根據研究的結果，加總研究內容並整理歸納為結論。

第二章、文獻探討

第一節 機台組態規劃

機台組態規劃是指晶圓廠中製程機台的構造，如數量和型態，與產能規劃緊密相關。而晶圓廠最常使用在產能規劃的方法為模擬、排隊理論以及靜態產能模型，因靜態產能模型容易使用且求解快速，最為多人所應用，以下介紹靜態產能模型的相關應用。

在成本密集的半導體產業中，瞭解以及聯繫製造產能的能力是攸關企業營收或虧損的關鍵因素。1996年 Witte[14]將靜態產能模型使用於 Harris 半導體廠中，藉由靜態產能分析提供一些關於製造產能問題的意見。在 Harris 半導體廠中製造的機台工具都是獨立作業的，因此機台間的產能資料沒有一定的標準，而且很難分享給其他的機台作使用。因此，作者利用靜態產能分析工具，提供一個交換資訊的平台，並找出製造的瓶頸與聯繫公司間的可用產能。

Chou[15]在 1999 年提出一個半導體晶圓廠的機台組態規劃方法，是以靜態產能模型結合等候模型。因為機台組態以生產量、利用率與週期時間作為績效的評量，但靜態產能模型不能提供這些資訊，因此利用開放式的網路等候模型來評估機台的組態。該篇研究主要利用靜態產能模型產生一個初始的機台組態組合，再依等候網路模型提供的資訊來調整機台組態，使產能規劃工程師可以更簡單地求得機台組態的規劃。

Occhino(2000)[11]使用靜態產能模型進行一座實際晶圓廠的產能規

劃，利用 Excel 工作表以及圖表，使輸入的參數可以更簡單明瞭，而輸入的參數如機台的可利用率、機台利用率、機台的數量以及產品組合。得到正確的參數後便可以計算產能，使得貨品的交期時間準確；因為不正確的產能估算，可能會購買太多機台，造成資本上的浪費。半導體廠的機台單價動輒數千萬，正確地估算產能可以使成本有效利用、創造更大利潤。

練鴻展(2008)[2]的研究中，以混合整數規劃方法定義參數。將產品可生產數量(QU)限制為整數，以二元變數表示兩種的機台狀態，一為機台是否使用(BS)，當二元變數為 1 時，代表機台在某道製程中有開啟使用；反之，當二元變數為 0 時，代表機台在某道製程中並未使用。另一種二元變數狀況則是機台是否跨製程使用(BTS)，以限制機台的使用量上限，若其二元變數為 1 的時候，代表機台在兩道製程中以上有使用，此時的機台有跨製程使用，因此機台使用量上限只能為 90%；而當二元變數為 0 時，代表機台只在一道製程中作使用，此時的機台使用量上限則為全部的產能(100%)。

練鴻展根據線性規劃提出下列目標式與限制式：

壹、目標式：求取各產品可生產數量總和的最大化。

$$QT = \sum_{k=1}^N QU_k \quad (2)$$

QT：各產品數量總和。

N：產品種類數量。

貳、限制式，分為以下幾類：生產量須滿足最低需求、機台使用量

範圍限制、決定機台是否共用、機台(共用與否)使用上限、機台資源供應須滿足產能需求。以下將一一說明：

1、生產量須滿足最低需求

各產品的最高生產量(QU)必須滿足主排程生產數量(QL)，最高生產量必須限定為整數。

$$QU_i \geq QL_i \quad (3)$$

2、機台使用量範圍限制

機台使用量範圍限制於 0~1 之間。二元變數(BS_{ij})與機台使用量(S_{ij})對應，目的當機台有使用時，使二元變數為 1；而機台不使用時，使二元變數為 0。i 為製程別、j 為機台編號。

$$0 \leq BS_{ij} - S_{ij} < 1, \quad 0 \leq S_{ij} \leq 1 \quad (4)$$

3、機台使用上限

機台使用上限取決於機台是否跨製程使用，當 BTS 為 0，表示機台單獨使用於一個製程，最高使用量為 1.00；而當 BTS 為 1 時，表示機台使用於兩製程以上，屬於共用機台，必須轉換製程耗費產能，所以最高使用量為 0.90。

$$\sum(S_{ij} * ONS_{ij}) \leq (1 - BTS_j) + 0.9 * BTS_j \quad (5)$$

4、機台產能供應須滿足產能需求

以產能需求來說，是考慮滿足所有產品需求下，每個製程所需要的產能(move 數)，也就是將各產品數量與各產品在製程內所需產能做矩陣運算， $\sum(FS_{ik} * QU_k)$ ，i 為製程別、k 為產品別，運算後即可得到該製程需要多少總產能。

每個機台運作於不同製程時，會因製程特性不同而使產能 (WPH)不同，因此將機台變數(TPS)與製程內可用機台做矩陣運算，即可得到該製程供應之 WPH，而產能配置週期是以小時計算，變數則以 HOUR 表示。另外產能利用率部份，則最高上限設為 95%。

$$0.95 * (\sum(S_{ij} * ONS_{ij} * TPS_{ij}) * HOUR) \geq \sum(FS_{ik} * QU_k) \quad (6)$$

第二節 基因演算法

基因演算法是一種啟發式的演算法，為 John Holland 在 1970 年代所提出，根據生物學家達爾文的物種進化論而發展出的一套演化法則，主要說明物競天擇的自然競爭原則。基因演算法的特性為多點同時搜尋，在廣大的解空間中有效率地尋找最佳解，根據問題所定義的適應值 (Fitness)作為指標依據，再透過基因運算子：選擇、交配及突變，適當調整搜尋的方向及區域，逐漸找到問題最佳解或近似最佳解。

◎ 選擇

在基因演算法中的選擇函數的方法通常有下列幾種：種子挑選法 (Seed selection)、競賽法(Tournament selection)以及輪盤法(Roulette wheel selection)。種子挑選法主要是使用優生學的觀念，有機會從較佳的集合中挑選成為子代(Park *et al.*, 2003)[12]。分兩步驟進行，首先從父代中挑選，若隨機產生的值小於 0.9，則從較佳的集合中挑選；反之，就隨機從母體中挑選。接著隨機從母代中挑選兩條染色體，若隨機產生的值小於設定的機率值(k)，則挑選較合適的染色體；反之，挑選另一條。之後再

將染色體放回母體中，可再被挑選。競賽法則是隨機從母體中挑選染色體，如果隨機值(r)小於參數(k)，則選擇較合適者；反之則挑選另外一條。(Goldberg & Deb,1991)[5]。

輪盤法(Goldgerg, 1989)[6]，其挑選方法為根據個別染色體的適應值佔全體適應值的百分比，來決定被挑選的機率。染色體被挑選的機率與適應值高低有關，簡單來說，適應值愈高則染色體被挑選中的機率愈高。假設 f_i 是第*i*條染色體的適應值，則第*i*條染色體被挑選中的機率 p_i 的公式為：

$$P_i = \frac{f_i}{\sum_{i=1}^n f_i} \quad (7)$$

舉例來說，現在有五條染色體，其適應值如表2-1所示。先隨機產生一個值，若該值落在0~0.19之間，則挑選編號一的染色體；若是落在0.19~0.25間，則是挑第二條染色體；以此類推。重複動作直至子代的個數等於親代個數為止。圖2-1為使用輪盤法計算表2-1中所有染色體的挑選機率。

表 2-1 輪盤法染色體之適應值與挑選機率

染色體編號	1	2	3	4	5
適應值	43	13	78	31	56
挑選機率	0.19	0.06	0.35	0.14	0.25

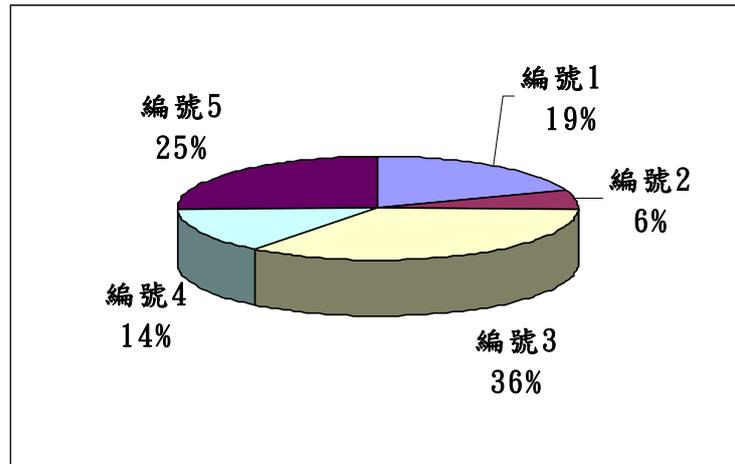
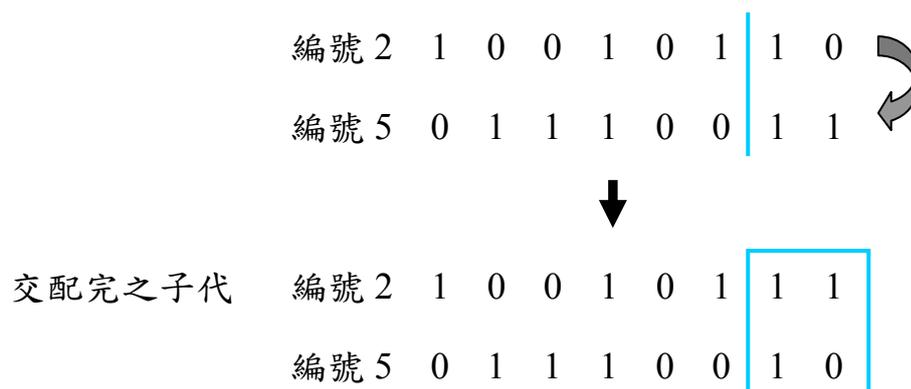


圖 2-1 使用輪盤法之染色體的挑選機率

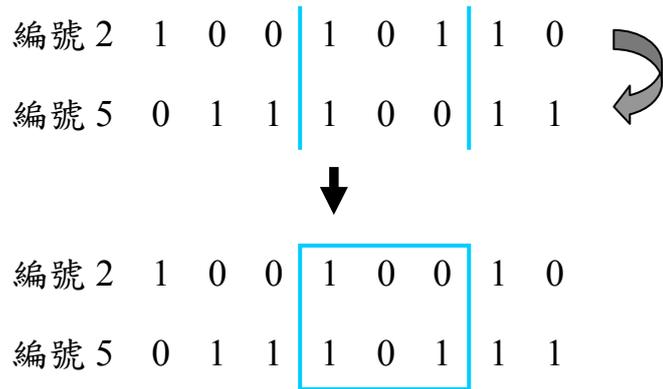
◎ 交配

基因演算法中的交配的方法常見的有單點交配(Single-point crossover)、雙點交配(Double-point crossover)以及均等交配(Uniform crossover)(周鵬程，2002)[1]。

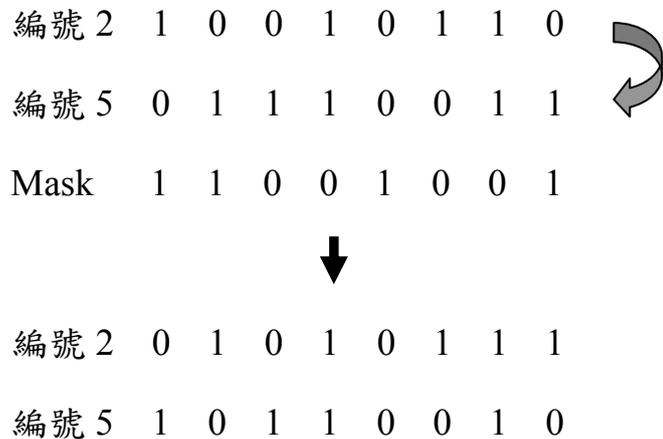
壹、單點交配：將隨機產生的交配點，放入兩條染色體的對應位置中，再把交配點後的基因互相交換。隨機產生 6。



貳、雙點交配：隨機產生兩個交配點，再交換交配點中的基因。交配點為 3 與 6。

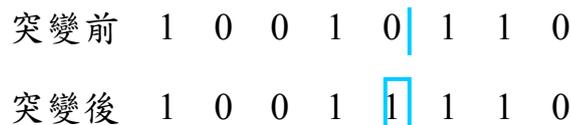


參、均等交配：是產生一組與染色體長度相同的二元亂數(Mask)，
如果基因為 1 則相對應的基因上下交換，為 0 則保留。



◎ 突變

突變則是指將交配之後所產生的子代進行突變，目的在於產生新的染色體，在搜尋時不會落入局部最佳值中。突變方法是在染色體中任選出一個位置的基因，把 0 變成 1，1 變成 0。例如：隨機產生的位置亂數為 5(周鵬程，2002)[1]。



基因演算法流程與步驟如下所示(Mitchell, 1996; Negnevitsky, 2005)[8,9]：

步驟一：將問題表示為固定長度的染色體(基因)，並定義初始母體的大小(N , 染色體數目)、交配率(P_c)以及突變率(P_m)。

步驟二：定義一個適應值函數，作為測量的指標，根據問題的不同，適應值可能為最大值或最小值，而該值決定染色體被挑選的機率高低。

步驟三：隨機產生一組染色體數量為 N 的初始母體：

$$x_1, x_2, \dots, x_N$$

步驟四：計算初始母體中每一條染色體的適應值：

$$f(x_1), f(x_2), \dots, f(x_N)$$

步驟五：從母體中挑選一對染色體作配對，有較佳適應值的染色體被挑中的機率較高。

步驟六：應用基因的運算-選擇、交配與突變，產生一對下一個子代的染色體。

步驟七：將此對染色體放至新的母體中。

步驟八：重複步驟五、六、七的動作，直到新的染色體母體大小等於母體的大小。

步驟九：將新的子代母體取代舊母體，即子代變為親代。

步驟十：回到步驟四，重新計算各染色體的適應值，直到滿足終止條件。

1994年Srinivas et al.[7]提出對基因演算法不同交配方法間差異的探討，如：雙點交配可以改善單點交配的偏差，而單點與雙點交配皆會出現位置上的偏差，均等交配則是在分配上有誤差。進而說明單點交配在

位置上的誤差值較大、分配上的誤差值較小，而均等交配則相反。且在母體的大小方面，均等交配適合小母體，而雙點交配較適合大母體。而基因演算法的控制參數往往是影響演算法的關鍵所在，如母體大小、交配率、突變率，而典型的參數如母體大小普遍設為30~200，交配率為0.5~1.0，突變率則是0.001~0.05。通常在設定參數上常見的有兩種方法，為小母體搭配大的交配率與突變率；大母體則搭配小的交配率與突變率。如：母體大小：100，交配率：0.6，突變率：0.001；母體大小：30，交配率：0.9，突變率：0.01。

Park *et al.*[12]在2003年提出一個混合式的基因演算法來解決零工式生產排程問題，作者加入平行式的基因演算法，防止過早收斂，落入區域最佳解的情況。並且使用多種的交配方法，詳細說明如下：

壹、 Precedence Preservative Crossover(PPX)(Bierwirth *et al.*, 1996)[4]，挑選兩條染色體，分別為親代1與親代2，再隨機產生一條與染色體長度一樣的數字列，裡面只包含數字”1”與”2”。然後依照數字列上的數字，依序從親代中挑選，若該條染色體的基因已挑選，另一條的染色體中的相對基因也要刪除，以此類推，直至數字列上之數字已挑選完畢，再進行重新組合即為子代1的染色體。子代2染色體的產生方法為，將數字列中的”1”與”2”反轉，然後依照子代1的方法選取即可。舉例來說，目前有一隨機產生的數字列，以及兩條親代染色體如下所示：

Random number	1	1	2	2	2	2	1	1	1
親代1	3	2	2	2	3	1	1	1	3
親代2	1	1	3	2	2	1	2	3	3

首先選取數字列的第一個數字”1”，表示選取親代1的第一個基因”3”，放至子代1的染色體中，接著刪除親代2的第一個基因”3”；再選取數字列的第二個數字”1”，表示選取親代1的第二個基因”2”，放至子代1的染色體中，接著刪除親代2的第一個基因”2”；以此類推，直至數字列的數字取完為止。子代2的產生方法將數字列反轉，再依相同方式選取即可。

交配後

子代1	3	2	1	1	2	1	2	3	3
子代2	1	1	3	2	2	2	1	3	3

貳、 Generalized Order Crossover(GOX)(Bierwirth *et al.*, 1995)[3]，加入索引(index)的概念，將從親代中隨機產生的字串列，加到另一條親代中。方法為將親代1隨機產生的字串列以及相對應的索引值，在親代2中刪除，接著把親代2中剩下的基因放至子代1的染色體中，若碰到已刪除的基因則補上親代1隨機產生的字串列，再將剩下的基因補上即可。子代2的產生方法相同，唯一相異點為字串列需從親代2中隨機產生，之後交配步驟一樣。例如：

親代1	3	2	2	<u>2</u>	<u>3</u>	<u>1</u>	<u>1</u>	1	3
index	1	1	2	3	2	1	2	3	3

親代2	1	1	3	<u>2</u>	<u>2</u>	<u>1</u>	<u>2</u>	3	3
index	1	2	1	1	2	3	3	2	3

交配後

子代1	3	2	2	1	2	3	1	1	3
子代2	3	2	2	1	2	3	1	1	3

參、 Generalized Partially Mapped Crossover(GPMX)(Bierwirth,

1996)[4]，一樣加入索引(index)的概念，將從親代中隨機產生的字串列，加到另一條親代中。方法為將親代1隨機產生的字串列以及相對應的索引值，在親代2中刪除，將親代2剩下的基因放至子代1中，接著計算隨機產生字串的位置為何，再把隨機字串插入子代1中的相對應位置即可。子代2也是同樣方法運作。

親代1	3	2	2	<u>2</u>	<u>3</u>	<u>1</u>	<u>1</u>	1	3
index	1	1	2	3	2	1	2	3	3
親代2	1	1	3	<u>2</u>	<u>2</u>	<u>1</u>	<u>2</u>	3	3
index	1	2	1	1	2	3	3	2	3

交配後

子代1	3	2	2	2	3	1	1	1	3
子代2	3	3	1	2	2	1	2	1	3

肆、 一樣有索引(index)的概念，將從親代中隨機產生的字串列，加

到另一條親代中。此方法是先將親代1隨機產生的字串列以及相對應的索引值加到親代2中，之後再將刪除親代2中與字串列相對應的基因，即為子代1。子代2相反即可。

綜合上述，可以發現基因演算法使用於零工式生產排程問題較普遍，許多的改善方法皆已存在，但是在機台組態規劃這方面的研究則相對較少，因此本研究想利用基因演算法，並結合加入種子染色體的方法，解決機台組態的問題。

第三章、研究方法

本研究為使用混合式的基因演算法，以線性規劃結合加入種子染色體後的基因演算法，目的為解決機台組態在配置上的問題。並比較在不同參數設定下，傳統的基因演算法與加入種子染色體後的基因演算法，其求解品質與求解狀況。

過去在求取機台組態配置常使用的方法為線性規劃(Linear Programming)，然而在半導體產業中，當機台跨製程使用時會損耗機台一定比例的產能，但是卻可以支援更多的產品組合，因此機台的跨製程使用與否，便使得機台組態配置不容易執行。

雖然混合整數規劃法(MIP)可以求得問題的最佳解，然而當 MIP 在面對複雜問題時，相對求解的時間也會以倍數型成長。而本研究以基因演算法可在廣大解空間中，利用多點同時搜尋的特性，快速求解。因此本研究引用練鴻展提出的混合整數規劃模型，使用基因演算法，並做了一些的修改，針對整數部份做寬放的動作，取消產品可生產數量(QU)的整數限制，希望在求解時間上能有大幅度的縮減。但是在寬放整數限制後，求解的時間仍稍嫌緩慢，我們進一步地發現，在整數規劃的二元變數部份，因程式需逐一調整機台的組合，所以最佳解幾乎是等同於窮盡搜尋後的結果，故二元變數為導致 MIP 求解速度過慢的原因。

因此本研究在整數規劃的二元變數上作調整，以基因演算法作為求解的工具，將各個機台在各道製程使用與否表示為基因，而一條染色體則代表一組機台組配置組合，一個求解結果。本研究利用基因演算法的

概念，取代整數規劃中的二元變數，使得問題可以較容易求得一個最佳解。而且本研究發現傳統的基因演算法，在演化過程中會受到初始解很大的影響，並且最佳解易落入區域最佳解中，於是我們加入一個修正基因演算法的方法，即利用最佳解易落入區域最佳解中的概念，在基因演算法中的母體加入一條染色體種子，使演算法在演化的過程中，可以往最佳解的方向靠近。

以下第一節介紹基因演算法的參數及運算元，第二節則介紹傳統的基因演算法方法與流程，第三節說明在初始母體中加入種子的基因演算法，第四節則是說明在各個子代中加入種子的基因演算法。

第一節 介紹基因演算法的參數及運算元

基因演算法的參數及運算元包含：染色體編碼、計算適應值、挑選方法、交配方法、突變方法及終止條件。以下將逐一介紹，最後並加入本研究所提出的種子染色體方法。

壹、染色體編碼

本研究的基因為各個機台在各道製程中使用與否，其目的在於取代整數規劃中的兩種二元變數，分別為機台是否使用及機台是否跨製程使用，「0」代表沒有使用，「1」則是代表有使用，而一條染色體的基因組合即代表一個線性規劃的最佳解，為機台組態的配置。因此本研究的基因以二進位表示，利用隨機產生「0」與「1」的方式，代表各個機台在各道製程是否使用，「0」表示機台沒有使用在該道製程，「1」則代表機台在該製程中有使用。

舉例來說，現在工廠中有 2 個產品(Q1、Q2)、2 道製程(製程一、製程二)與 3 個機台(機台 A、機台 B、機台 C)，而染色體表示方式如圖 3-1 所示。若染色體表示為[101 010]，則代表機台 A 在第一道製程中有開啟使用，機台 B 在第一道製程中沒有開啟使用，而機台 C 在第一道製程中有開啟使用；在第二道製程中則是只有機台 B 有作使用，其餘兩部機台則皆無使用，而且三個機台皆沒有作跨製程使用，所以機台使用量的上限為 1.0 (100%)。

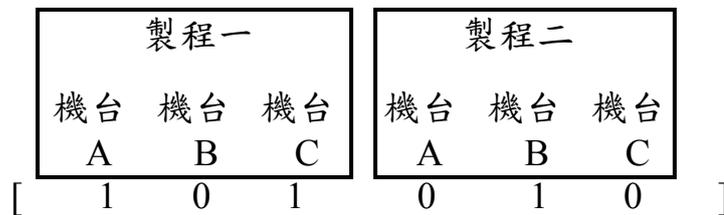


圖 3-1 染色體表示方法

假設另一染色體表示為[101 110]，其代表意義則為，表示機台 A 在製程一與製程二中皆有使用，機台 A 有作跨製程使用的動作，因此機台 A 的使用量上限則為 0.9 (90%)。而機台 B 只使用於製程二，機台 C 則是使用於製程一，兩個機台皆未跨製程使用，所以機台的使用量上限為 1.0 (100%)。

貳、計算適應值

以隨機方式產生母體後，便可進行計算適應值的動作。本研究的問題是以目前的機台數，搭配產品的技術需求，求得符合產品最低需求下，產品產量最大化的機台組態配置，而一條染色體即代表一組機台組態配置。因此本研究基因演算法中的適應值函數，則是利用線性

規劃方式求解機台組態規劃，首先必須輸入產品的最低需求，最佳解則是取其產品可生產數量的最大化。初始母體中的各條染色體將分別計算其適應值並且儲存。以上述的例子：兩個產品、兩道製程及三個機台說明，隨機產生 6 條染色體，分別將各條染色體以適應值函數求解，而其適應值如表 3-1 所示。

表 3-1 染色體組合與其適應值

編號	染色體	適應值(產量)
1	100110	7,357
2	001110	9,793
3	111010	22,000
4	101010	18,006
5	111110	21,353
6	101110	17,172

參、挑選方法

我們引用 1989 年 Goldgerg[6]提出的輪盤法，其挑選方法為依據每條染色體的適應值佔全體適應值的比例大小，作為挑選染色體的機率。染色體被挑選的機率與適應值高低有關，簡單來說，適應值愈高則染色體被挑選中的機率愈高。主要是利用優生學、菁英的概念，希望保留較佳的基因染色體，經挑選後可以交配出更好的子代，或是直接保留成為下一代。

肆、交配方法

1994 年 Srinivas *et al.*[7]提及典型的兩種設定參數的方法，一為

數量較小的母體應該搭配高交配率與高突變率，另一種則是大母體則應搭配小的交配率與突變率。因此本研究設定參數則是參考小母體搭配高交配率與高突變率的方法。

基因演算法的交配方法有許多，如：單點交配、雙點交配、均等交配、Precedence Preservative Crossover (PPX)、Generalized Order Crossover(GOX)及 Generalized Partially Mapped Crossover(GPMX)等等。雖然單點交配方法較簡單，但容易產生偏差，而雙點交配則可以解決此類問題。均等交配則是依照隨機產生的二元亂數來交配，在分配上可能有誤差。另外如 PPX、GOX、GPMX 等交配方法，則是以染色體基因搭配索引交配，交配過程相當複雜，所以不適用於本研究問題上。因此本研究的交配方法則是採用雙點交配，以隨機的方式交換一段的染色體基因。

交配流程為當每條染色體皆計算完適應值後，以輪盤法隨機挑選 2 條染色體，若隨機產生的 r 值小於設定的交配率(crossover)，則將兩條染色體中的一段基因進行交配的動作。反之若隨機產生的 r 值大於設定的交配率，則不進行交配動作，直接將兩條染色體放進子代中。重複執行交配動作直到子代的個數等於母體(親代)的個數為止。

伍、突變方法

突變步驟是在當子代中的染色體全部完成交配動作後才執行，子代的每一條染色體皆需作是否突變之判斷，若隨機產生的機率值 p 小於設定的突變率，則把隨機挑選的染色體基因位置之值作突變之動作，該基因值若為「0」則變成「1」，為「1」就變為「0」。最後將

執行突變後的子代，取代原有的染色體族群變成新的親代，接著便可再進行計算適應值的動作。

陸、終止條件

本研究設定的終止條件有兩項，分別為二個參數值，一為趨勢判斷的參數，判斷最佳的適應值是否有變差趨勢，在此我們將趨勢判斷參數設定為五次，若子代最佳的適應值連續五次愈來愈差，則終止程式。此概念為若最佳的適應值已經愈來愈差，則繼續執行最佳的適應值也將會愈差，於是我們就終止程式的執行。二為設定之迭代數，若程式已完成設定的迭代數，執行完所有的迭代時，則進行終止程式之動作。

柒、種子染色體

本研究利用基因演算法易落入區域最佳解之特性，利用已落入區域最佳解的染色體，當作一個種子，以此種子引導基因演算法往最佳解方向靠近。我們提出二個調整基因演算法之方法，一為在初始母體中加入一條種子染色體之方法，此方法在本研究中稱為初始染色體種子法；另一方法則是在各個子代中皆加入一條種子染色體，本研究稱作持續染色體種子法。以下將以基因演算法、初始染色體種子法，及持續染色體種子法三種名稱，代表本研究之三種方法。

種子染色體產生的方式為，利用線性規劃方法，限制各個機台的產能上限，產生一組最佳解的染色體。然而此組最佳解染色體套

用至本研究之問題時，因為我們限制了機台的產能上限為 0.9，所以此組染色體並非為問題最佳解，但是卻是非常靠近最佳解之近似較佳解。因此本研究期望以此種子染色體誘導基因演算法往最佳解方向前進。

第二節 基因演算法之方法與流程

在基因演算法中，我們需要先定義基因的表示方法，將問題編碼為染色體的形式。再定義一個適應值的計算方式，以染色體的適應值決定染色體被挑選的機率，接著便可進行基因的運算-選擇、交配與突變，根據輪盤法挑選兩條染色體做交配的動作，直至所有親代中的染色體皆被挑選完畢為止，之後每條染色體便進行判斷是否突變，放進下一個子代的族群中，直至所有親代中的染色體皆判斷完畢為止。最後，定義基因演算法終止的條件，如迭代數。圖 3-2 為基因演算法之流程圖。

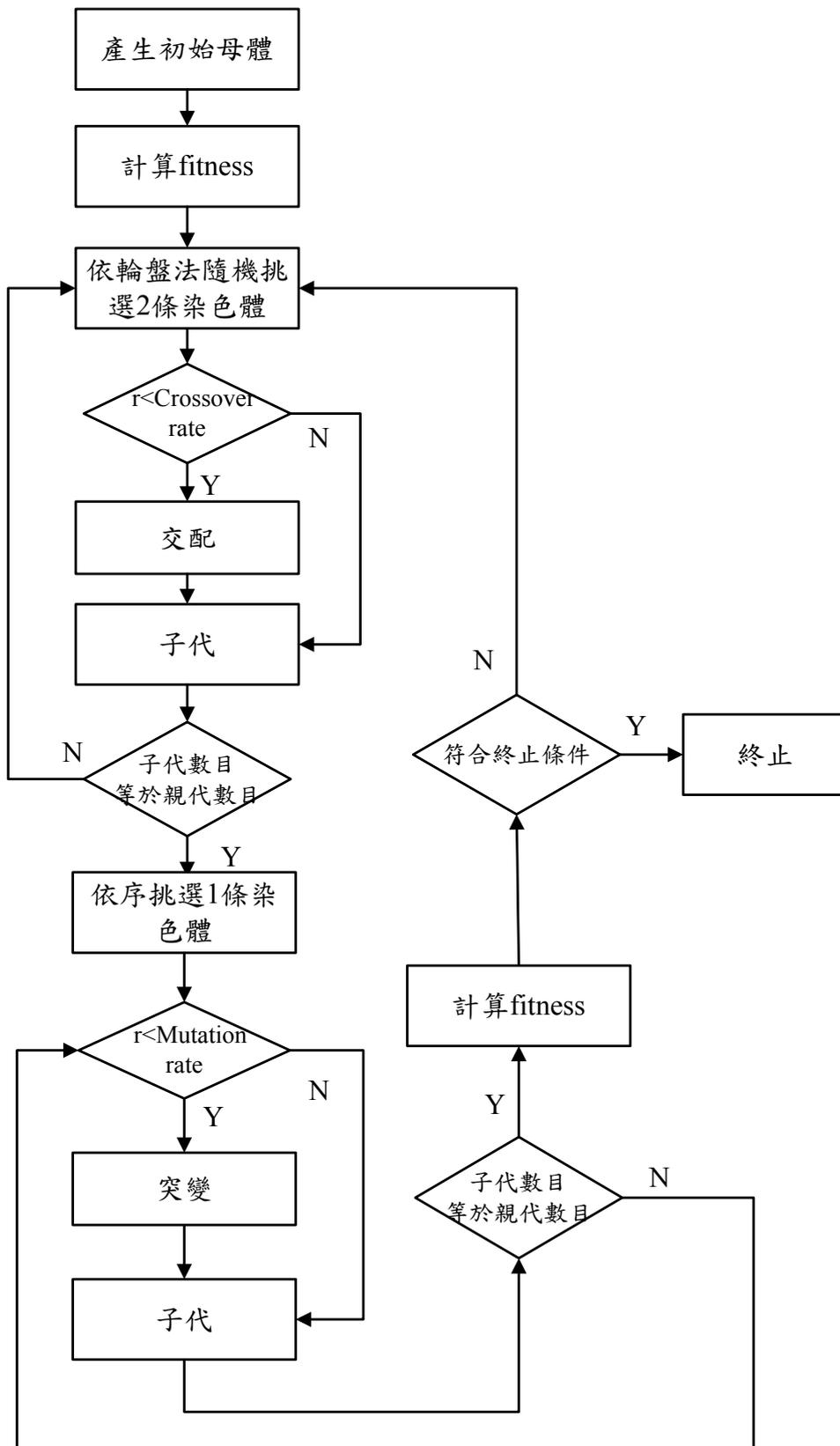


圖 3-2 基因演算法之流程圖

第三節 初始染色體種子法

初始染色體種子法的執行步驟與基因演算法一致，唯一不同點在於，產生初始母體後，直接進行插入種子的步驟，以隨機的方式將一條種子染色體任意取代母體族群中的一條染色體。此概念是產生一組限制機台上限的最佳解組合，此組最佳解為已限制機台產能上限時的最佳解，而非真正問題的最佳解。但是應用至真正問題時，可能因機台的產能限制取消，機台增加產能，而使產品的總產量升高，使基因演算法可以往最佳解方向推進。

以第三章第一節的例子說明，先輸入兩項產品最低需求的產量，分別為 19 與 1,155 個數量，之後限制三個機台的產能上限為 0.9，執行完線性規劃便可以產生一組種子染色體，如 [111 110]，其最佳解的產量為 21,535 個數量。再將此組染色體當作種子染色體加入初始母體中，即可進行計算適應值的步驟。計算完適應值可以發現，原先的種子染色體在有產能限制的線性規劃中，最佳解為 21,535 個數量，但是經過基因演算法演化過後，種子染色體的適應值變為 22,000 個數量，產量明顯增加許多，而初始染色體種子法之流程如圖 3-3 所示。

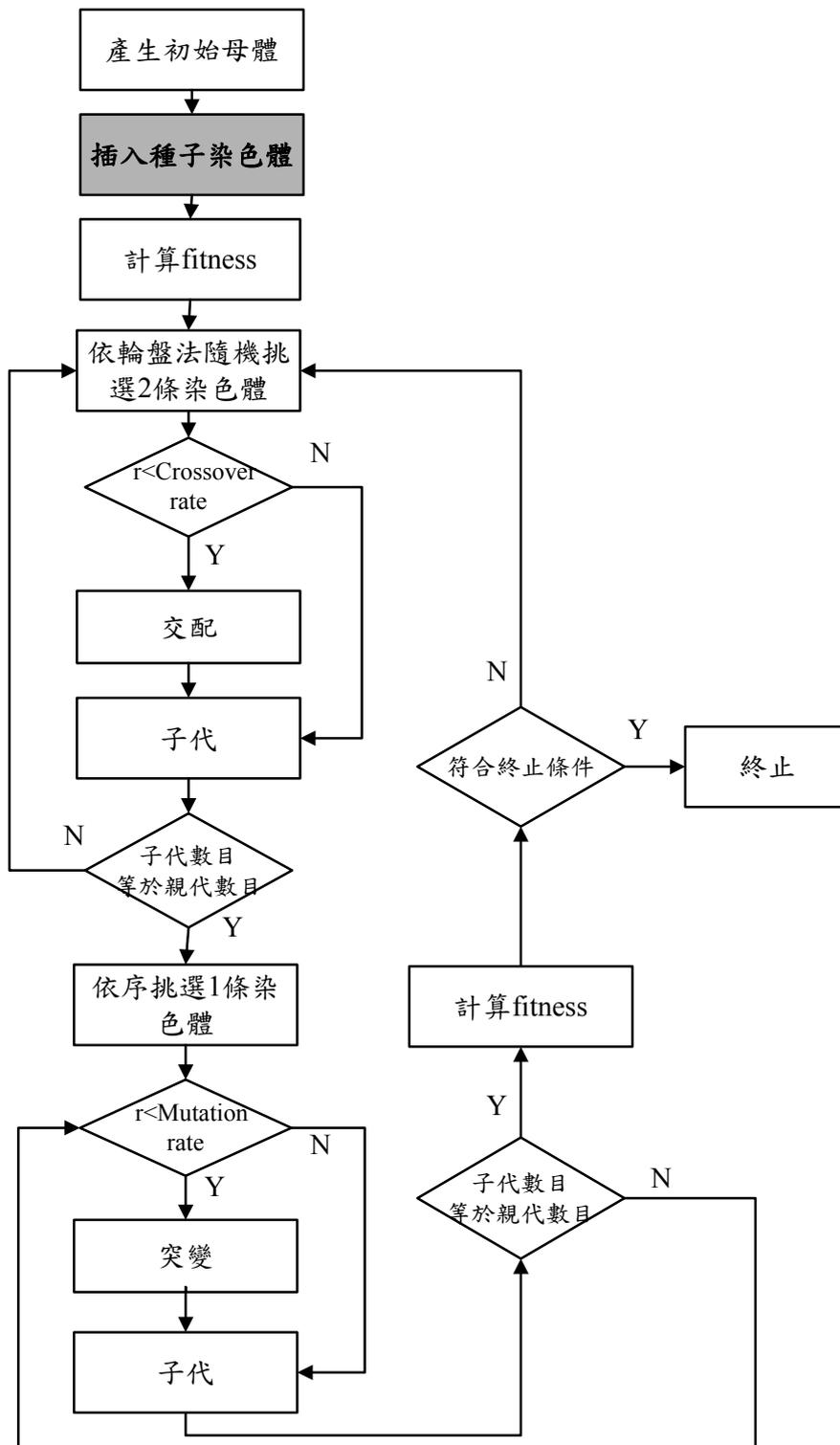


圖 3-3 初始染色體種子法之流程圖

第四節 持續染色體種子法

持續染色體種子法與初始染色體種子法做法一致，唯一不同的差別在於，持續染色體種子法不僅在初始母體中加入一條種子染色體，也在各個子代的母體中加入一條種子染色體。

持續染色體種子法之種子加入方式，與初始染色體種子法相同，相異點為當突變步驟已完成而產生新的子代時，必須再進行一次加入種子染色體的步驟。此想法為初始母體中的種子染色體，可能因基因演算法的交配或突變而消失，故此方法目的為確保每個子代中皆擁有種子染色體，如此一來便可供搜尋最佳解時之參考，而圖 3-4 為持續染色體種子法之流程。



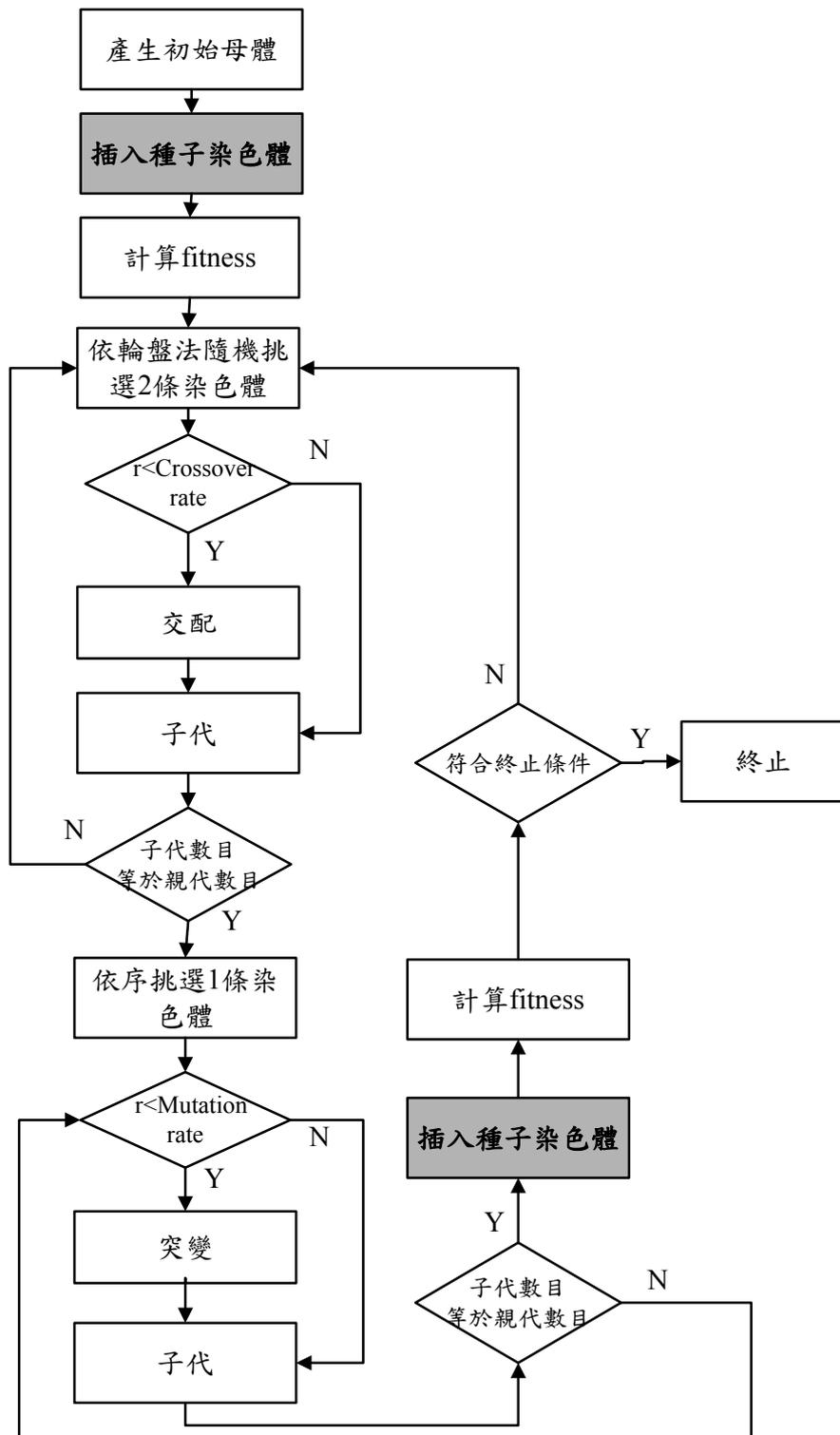


圖 3-4 持續染色體種子法之流程圖

第四章、實例說明與數據分析

根據第三章提出的研究方法，此章節將以實際的資料進行傳統基因演算法、初始染色體種子法、與持續染色體種子法之比較。第一節將介紹實驗的環境；第二節介紹實驗的資料來源；第三節則是介紹實驗之參數設定，如交配率、突變率以及迭代數等；第四節將說明本研究的實驗設計；最後則是實驗的結果部份。

第一節 實驗環境

本研究的模擬程式架構於筆記型電腦(NB)的環境上，其詳細規格如表 4-1 所示。

表 4-1 實驗環境規格

設備	名稱	備註
作業系統	Microsoft Windows XP Professional	
CPU	Intel Core2 1.66 GHz	
RAM	DDR2 400 3GB	
開發工具	Matlab R2007a	
程式語言	Matlab	
實驗資料集檔案格式	Microsoft Office Excel 2003	參數輸入與結果輸出

第二節 實驗資料

本方法使用的實驗資料為某半導體廠的真實資料，此資料中共有 14 種產品，分別為 Q1~Q14。產品生產分為三道程序：曝光(Stepper)、塗光阻(Coater)、顯影(Developer)，本研究只實作曝光的部份。而製程部分共

有八道，為製程一至製程八；機台數全部有 16 台，分別為機台 A~機台 P。

實驗資料的參數需先輸入至 Excel 檔案中，而下圖僅列出部份資料。

Process	EQ	on/ off	Product	Q1	Q2	...	Q14	Tool Qty (26K)	時間/價動 TP (不含720)	Util.(%)
			MPS	19	61	...	8409			
			Max. MPS	19	121	...	8409			
製程一	機台A	1		7	5	...	0	0.36	24636.312	95%
	機台B	1						0.00	31598.748	
		
	機台O	0						0.10	0.000	
	機台P	0						0.25	0.000	
製程二	機台A	1	0	5	...	3	0.54	24636.312	93%	
	機台B	1					0.00	31598.748		
			
	機台O	0					0.00	0.000		
	機台P	1					0.05	34276.608		
...										
製程八	機台A	1	1	6	...	2	0.00	24636.312	90%	
	機台B	0					0.00	0.000		
			
	機台O	1					0.80	38025.612		
	機台P	1					0.60	34276.608		

圖 4-1 實驗資料之參數

實驗的 MPS 共有五組，如表 4-2 所示。

表 4-2 實驗之產品最低需求(MPS)

	Q1	Q2	Q3	Q4	Q5	Q6	Q7	Q8	Q9	Q10	Q11	Q12	Q13	Q14
第一組	19	61	1155	1079	1137	3000	4240	3918	3900	10071	265	16245	8500	8409
第二組	19	61	1155	1079	1137	6000	4240	3918	3900	10071	265	16245	8500	8409
第三組	69	61	1155	1079	1137	3000	4240	3918	3900	10071	265	16245	8500	8409
第四組	19	121	1155	1079	1137	3000	4240	3918	3900	10071	265	16245	8500	8409
第五組	19	600	1155	1079	1137	3000	4240	3918	3900	10071	265	16245	8500	8409

第三節 參數設定

在此節中將介紹基因演算法與實驗資料的參數，基因演算法的參數如：初始母體大小(pop)、交配率(crossover)、突變率(mutation)。另外

在染色體種子法中，需先限制機台的產能上限，不同的產能上限會產生不同的染色體種子，進而導致演算法搜尋的範圍相異，因此以下也將會討論產能上限的設定值。

本研究進行實驗之前，先針對限制機台的產能上限作探討，我們將比較產能上限為 0.9 與 0.8 的差異。下列表格代表兩種染色體種子方法在不同機台產能上限下的最大值、最小值、全距、平均以及標準差，以下列出五組 MPS 以交配率為 0.9、突變率為 0.1，共執行 100 次的迭代數，而表中顯示粗體字灰底部分，則為該方法在兩種機台產能上限下擁有較多的生產量。

以表 4-3 為例說明，初始染色體種子法在 0.8 與 0.9 的機台產能上限下，最大產出分別為 82,389 與 83,368，我們可以發現第一組的 MPS，在機台產能上限為 0.9 時，有較佳的產品產出量。因此我們以下實驗之機台產能上限，皆設定為 0.9。

表 4-3 第一組 MPS 三種方法之結果

	機台產能 上限	Max	Min	Range	Mean	S.D.
初始染色體種子法	0.8	82,389	81,173	1,216	82,006	518.0
持續染色體種子法		82,389	81,791	598	82,205	241.7
初始染色體種子法	0.9	83,368	82,743	625	83,123	290.6
持續染色體種子法		83,970	83,308	662	83,542	260.5

表 4-4 第二組 MPS 三種方法之結果

	機台產能 上限	Max	Min	Range	Mean	S.D.
初始染色體種子法	0.8	83,151	81,791	1,360	82,466	637.7
持續染色體種子法		83,057	82,087	970	82,497	351.4
初始染色體種子法	0.9	84,064	83,366	698	83,708	316.9
持續染色體種子法		83,909	83,223	686	83,587	244.2

表 4-5 第三組 MPS 三種方法之結果

	機台產能 上限	Max	Min	Range	Mean	S.D.
初始染色體種子法	0.8	82,699	81,673	1,026	82,155	393.1
持續染色體種子法		82,960	81,781	1,179	82,340	418.6
初始染色體種子法	0.9	83,313	83,109	204	83,219	108.1
持續染色體種子法		83,874	83,313	561	83,680	224.6

表 4-6 第四組 MPS 三種方法之結果

	機台產能 上限	Max	Min	Range	Mean	S.D.
初始染色體種子法	0.8	82,515	81,426	1,089	81,940	396.3
持續染色體種子法		82,521	81,701	820	82,261	322.6
初始染色體種子法	0.9	83,938	83,169	769	83,441	292.0
持續染色體種子法		83,995	83,166	829	83,577	373.0

表 4-7 第五組 MPS 三種方法之結果

	機台產能 上限	Max	Min	Range	Mean	S.D.
初始染色體種子法	0.8	82,384	80,883	1,501	81,635	566.8
持續染色體種子法		82,645	81,545	1,100	81,999	474.2
初始染色體種子法	0.9	84,400	83,399	1,001	83,749	384.3
持續染色體種子法		83,839	83,076	763	83,330	315.3

接下來本研究針對基因演算法的各項參數作探討，探討不同的交配率、突變率以及迭代數，對於三種方法的差別。

首先我們針對交配率的部份作探討，提出兩種交配率，分別為 0.9 與 0.6，探討不同交配率對三種方法之解的品質是否有影響。

表 4-8 第一組 MPS 三種方法之結果

	Crossover	Max	Min	Range	Mean	S.D.
傳統基因演算法	0.9	81,810	79,746	2,064	80,967	758.1
初始染色體種子法		82,755	82,345	410	82,508	220.7
持續染色體種子法		83,568	83,007	561	83,198	256.0
傳統基因演算法	0.6	82,610	80,006	2,604	81,442	1,021
初始染色體種子法		83,187	82,345	842	82,801	379.9
持續染色體種子法		84,113	82,885	1,228	83,468	441.5

表 4-9 第二組 MPS 三種方法之結果

	Crossover	Max	Min	Range	Mean	S.D.
傳統基因演算法	0.9	82,227	81,078	1,149	81,501	432.9
初始染色體種子法		83,927	82,345	1,582	82,914	607.2
持續染色體種子法		83,906	82,647	1,259	83,109	526.3
傳統基因演算法	0.6	82,026	80,064	1,962	81,307	794.9
初始染色體種子法		83,366	82,445	921	82,787	373.2
持續染色體種子法		83,266	82,719	547	82,968	260.5

表 4-10 第三組 MPS 三種方法之結果

	Crossover	Max	Min	Range	Mean	S.D.
傳統基因演算法	0.9	82,098	80,613	1,485	81,271	620.8
初始染色體種子法		83,344	82,292	1,052	82,708	439.9
持續染色體種子法		83,874	82,719	1,155	83,294	499.8
傳統基因演算法	0.6	83,663	81,119	2,544	81,843	1,032
初始染色體種子法		83,313	82,292	1021	82,551	442.1
持續染色體種子法		83,493	82,594	899	82,961	410.8

表 4-11 第四組 MPS 三種方法之結果

	Crossover	Max	Min	Range	Mean	S.D.
傳統基因演算法	0.9	81,834	79,612	2,222	80,989	917.9
初始染色體種子法		83,334	82,313	1,021	82,772	366.9
持續染色體種子法		83,535	82,456	1,079	83,107	437.1
傳統基因演算法	0.6	81,518	80,600	918	81,196	360
初始染色體種子法		83,334	82,313	1,021	82,800	493.0
持續染色體種子法		83,334	82,471	863	82,993	362.2

表 4-12 第五組 MPS 三種方法之結果

	Crossover	Max	Min	Range	Mean	S.D.
傳統基因演算法	0.9	82,509	80,413	2,096	81,411	1010
初始染色體種子法		83,638	82,156	1,482	82,613	586.5
持續染色體種子法		83,278	82,617	661	81,882	282.3
傳統基因演算法	0.6	82,628	80,522	2,106	81,384	784.5
初始染色體種子法		83,077	82,056	1,021	82,525	460.2
持續染色體種子法		83,358	82,056	1,302	82,660	465.5

由表 4-8 至表 4-12 可以得知，三種方法分別在兩種交配率(0.9 與 0.6)下，其優劣程度相差不遠，因此本研究以下實驗之交配率，則是兩種交配率(0.9 與 0.6)皆有使用。

接著本研究將實驗不同突變率對三種方法的影響，我們設定兩種突變率為 0.01 與 0.005。一樣列出五組 MPS、三種方法，交配率為 0.9 與 0.6，並執行 100 次的迭代數，在不同突變率下的最大值、最小值、全距、平均以及標準差。而表中顯示灰底粗體字部分，則為該方法在兩種突變率下擁有較多的生產量。

以表 4-13 為例，我們可以發現突變率為 0.01 時，三種方法的最大產出分別為 82,294、83,294 與 83,366，最大產出皆比突變率為 0.005 時，有較佳的產品產出量。因此我們以下實驗之機台產能上限，皆設定為 0.01。

表 4-13 第一組 MPS 三種方法之結果

	Mutation	Max	Min	Range	Mean	S.D.
傳統基因演算法	0.01	82,294	80,353	1,941	81,251	695.2
初始染色體種子法		83,294	82,345	949	82,692	289.8
持續染色體種子法		83,366	82,345	1,021	83,125	442.7
傳統基因演算法	0.005	81,731	80,005	1,726	81,029	638.5
初始染色體種子法		83,062	82,345	717	82,613	298.6
持續染色體種子法		83,187	82,345	842	82,930	348.8

表 4-14 第二組 MPS 三種方法之結果

	Mutation	Max	Min	Range	Mean	S.D.
傳統基因演算法	0.01	82,121	80,072	2,049	81,106	864.7
初始染色體種子法		84,467	82,345	2,122	83,207	967.7
持續染色體種子法		83,547	83,007	540	83,297	245.8
傳統基因演算法	0.005	81,413	80,072	1,341	80,657	670.4
初始染色體種子法		83,165	82,345	820	82,897	322.4
持續染色體種子法		83,070	82,805	265	82,970	113.0

表 4-15 第三組 MPS 三種方法之結果

	Mutation	Max	Min	Range	Mean	S.D.
傳統基因演算法	0.01	82,374	80,398	1,976	81,359	780.6
初始染色體種子法		83,745	82,290	1,455	82,829	644.2
持續染色體種子法		83,313	82,831	482	83,122	255.4
傳統基因演算法	0.005	81,568	80,398	1,170	80,916	474.0
初始染色體種子法		83,247	82,292	955	82,799	377.5
持續染色體種子法		83,298	82,678	620	82,954	247.2

表 4-16 第四組 MPS 三種方法之結果

	Mutation	Max	Min	Range	Mean	S.D.
傳統基因演算法	0.01	82,304	79,959	2,345	81,388	914.5
初始染色體種子法		83,521	82,356	1,165	82,897	525
持續染色體種子法		83,996	82,334	1,662	83,126	605.7
傳統基因演算法	0.005	81,059	79,959	1,100	80,600	481.9
初始染色體種子法		82,853	82,313	540	82,535	243.1
持續染色體種子法		82,993	82,334	659	82,778	271.6

表 4-17 第五組 MPS 三種方法之結果

	Mutation	Max	Min	Range	Mean	S.D.
傳統基因演算法	0.01	81,600	80,456	1,144	81,097	497.5
初始染色體種子法		83,638	82,056	1,582	82,815	631.5
持續染色體種子法		83,638	82,719	919	83,085	370.7
傳統基因演算法	0.005	80,867	79,693	1,174	80,312	585.8
初始染色體種子法		82,874	82,056	818	82,586	335.4
持續染色體種子法		82,858	82,056	802	82,532	335.4

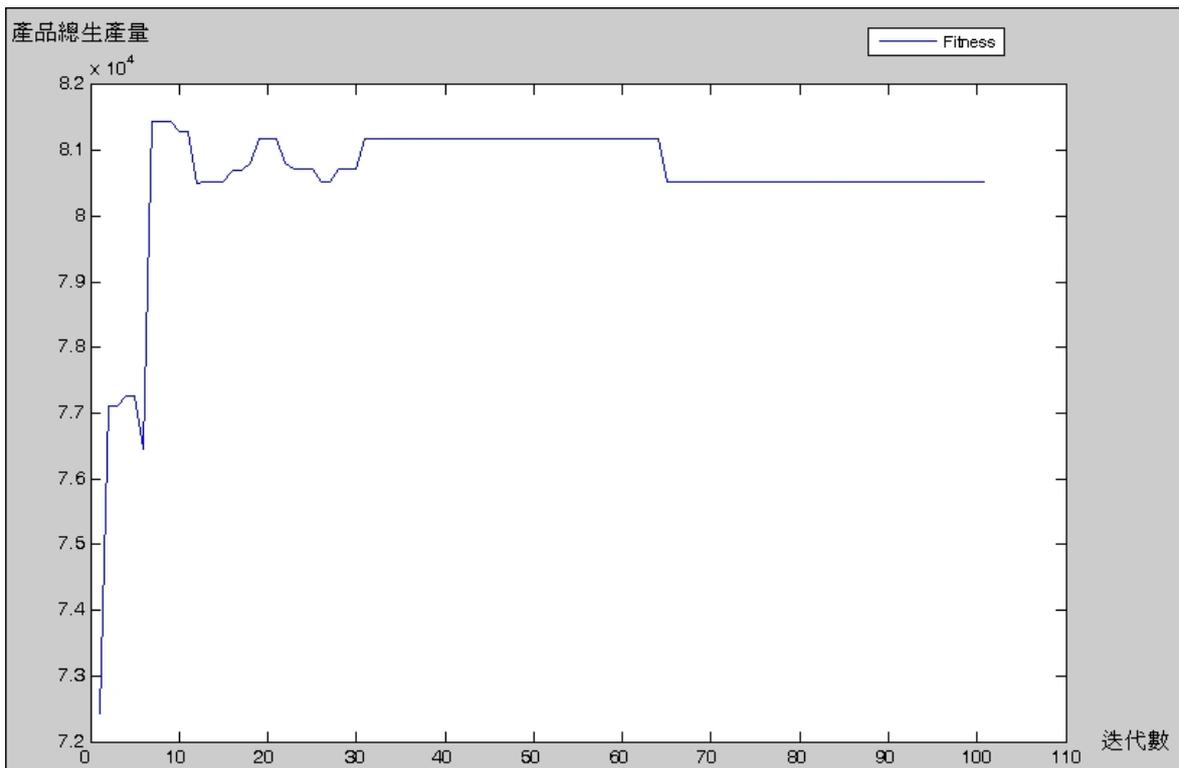


圖 4-2 第三組 MPS 之收斂圖

圖 4-2 為第三組 MPS 的收斂圖，由圖中可以發現 Fitness 在不到 10 代時，就已經找到最佳的 Fitness。而其他組的 MPS，也都在 10 代以內就找到最佳的 Fitness。因此以下實驗的迭代數則設為 10 代。

本研究中的初始母體數量設為 30，共有 30 條染色體，交配率則設有 0.9 與 0.6 兩種，突變率一律設為 0.01，迭代數部份則設為 10 代。實驗資料的參數有三種：產品所需生產的最低需求(MPS)，在本研究中共實驗五組 MPS、產品在製程中所需要的產能(move 數)、以及機台每小時可提供的產能。

第四節 實驗設計

我們設計三種實驗方法，分別為傳統的基因演算法、初始染色體種

子法、與持續染色體種子法，比較在不同交配率下(0.9 與 0.6)，三種方法的求解速度以及解的品質。

依據第二節中的參數設定，每組 MPS 皆以三種方法實驗，分別進行實驗各 30 次。首先以 0.9 的交配率進行實驗，其實驗的順序為：先執行傳統基因演算法，其次進行初始染色體種子法，最後則是進行持續染色體種子法，並且儲存三種實驗方法的結果。之後再修改交配率為 0.6，以同樣方式將五組 MPS 以三種方法進行實驗，並且儲存其實驗結果。

第五節 實驗結果

在此節中，我們將分別呈現五組 MPS，在兩種交配率下三種方法的結果。

表 4-18 第一組 MPS 三種方法之結果(Lingo 最佳解 85,658)

	Crossover	Max	Min	Range	Mean	S.D.
傳統基因演算法	0.9	82,313	80,007	2,306	81,380	638.4
初始染色體種子法		83,868	82,345	1,023	82,688	351.3
持續染色體種子法		83,970	82,345	1,625	82,952	434.8
傳統基因演算法	0.6	82,434	80,544	1,890	81,319	540.5
初始染色體種子法		83,927	82,345	1,582	82,874	454.8
持續染色體種子法		83,884	82,345	1,539	82,961	462.4

表 4-19 第二組 MPS 三種方法之結果(Lingo 最佳解 85,658)

	Crossover	Max	Min	Range	Mean	S.D.
傳統基因演算法	0.9	83,567	78,124	5,443	80,864	1155.3
初始染色體種子法		84,064	82,345	1,719	82,218	494.6
持續染色體種子法		83,909	82,367	1,542	83,035	376.3
傳統基因演算法	0.6	82,450	76,837	5,613	80,632	1384.7
初始染色體種子法		83,758	81,103	2,655	82,335	699.2
持續染色體種子法		83,949	82,130	1,819	82,963	524

表 4-20 第三組 MPS 三種方法之結果(Lingo 最佳解 85,592)

	Crossover	Max	Min	Range	Mean	S.D.
傳統基因演算法	0.9	82,527	79,277	3,250	81,530	723.2
初始染色體種子法		83,313	82,292	1,021	82,723	354
持續染色體種子法		84,684	82,292	2,392	83,075	496.8
傳統基因演算法	0.6	82,303	80,253	2,050	81,152	538
初始染色體種子法		83,692	81,995	1,697	82,912	426.9
持續染色體種子法		83,874	82,292	1,582	82,955	454.1

表 4-21 第四組 MPS 三種方法之結果(Lingo 最佳解 85,618)

	Crossover	Max	Min	Range	Mean	S.D.
傳統基因演算法	0.9	82,082	76,839	5,243	80,729	1499.9
初始染色體種子法		83,938	82,313	1,625	82,817	369.3
持續染色體種子法		83,995	82,335	1,660	82,970	445.1
傳統基因演算法	0.6	81,979	80,154	1,825	81,101	537.9
初始染色體種子法		83,441	82,313	1,128	82,740	332.5
持續染色體種子法		83,451	82,640	811	82,973	231

表 4-22 第五組 MPS 三種方法之結果(Lingo 最佳解 85,325)

	Crossover	Max	Min	Range	Mean	S.D.
傳統基因演算法	0.9	81,921	76,681	5,420	80,593	948
初始染色體種子法		84,400	82,056	2,344	82,751	589.2
持續染色體種子法		83,839	82,056	1,783	82,665	391.4
傳統基因演算法	0.6	82,067	76,741	5,326	80,316	1092.8
初始染色體種子法		83,475	82,358	1,117	82,754	233
持續染色體種子法		83,494	82,070	1,424	82,824	386.3

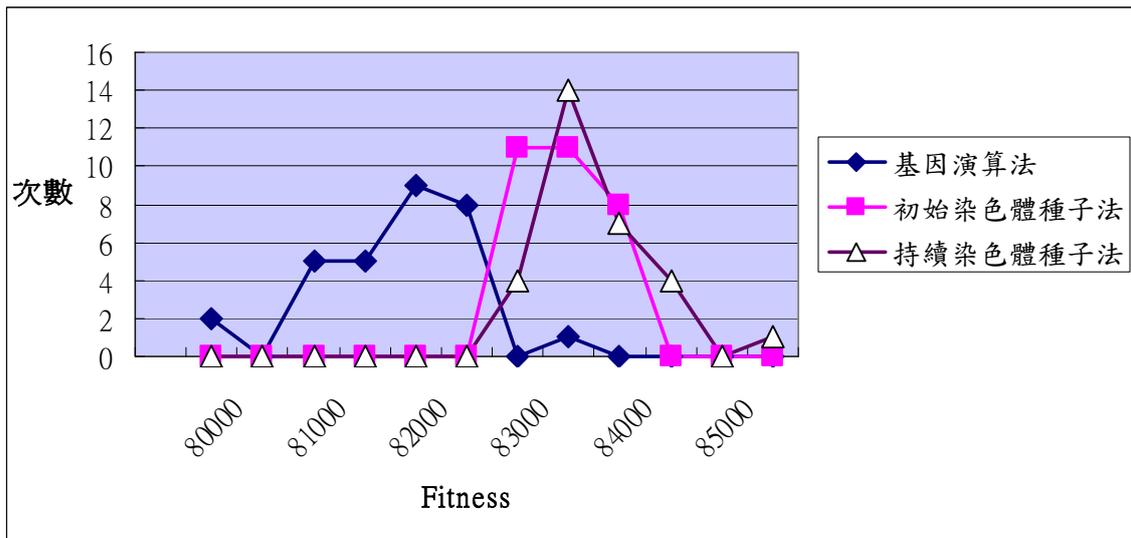


圖4-3 產量分布圖(三種方法各執行30次)(第三組MPS)

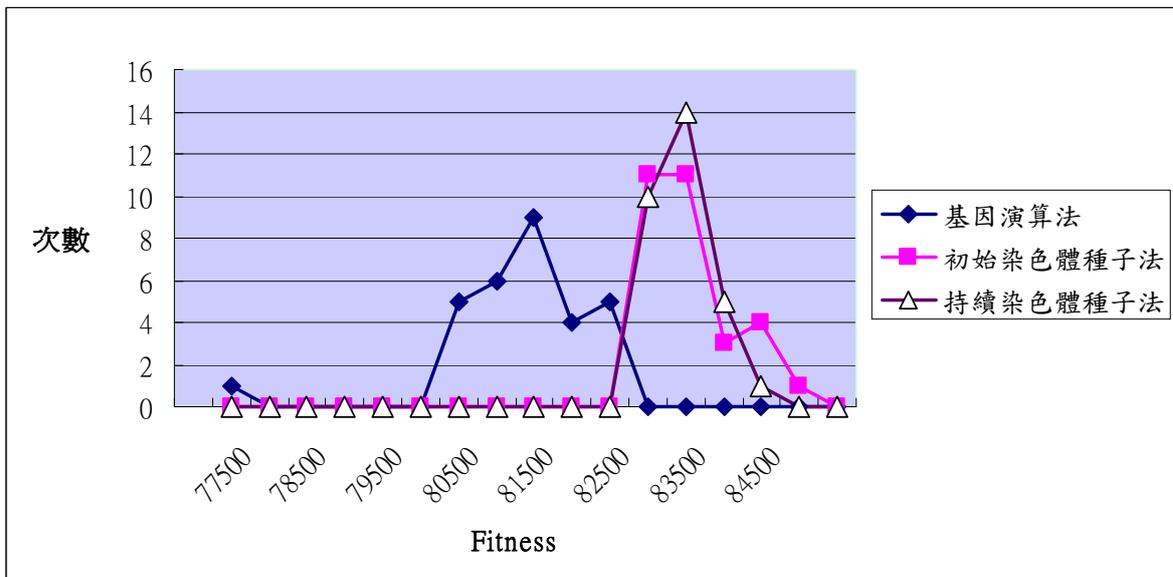


圖 4-4 產量分布圖(三種方法各執行 30 次)(第五組 MPS)

第六節 數據分析

由第五節的實驗結果，我們可以發現在表 4-18 第一組 MPS 中，基因演算法在不同交配率下，其最佳解差異不大。交配率為 0.9 的基因演算

法，其求得之最佳解為 82,313 個，平均為 81,380 個；而交配率為 0.6 的基因演算法，其最佳解則為 82,434 個，平均為 81,319 個，兩者僅相差 121 個數量。而初始染色體種子法，則是當交配率為 0.6 時，最佳解與平均方面皆有較佳的表現。在持續染色體種子法中，交配率為 0.9 較交配率為 0.6 的基因演算法，擁有較佳的最佳解。但是在平均值方面，則是交配率為 0.6 的基因演算法比較佔優勢。

在第二組的 MPS 裡，0.6 的交配率除了在持續染色體種子法中，擁有較佳的最佳解外，其他值皆較劣於 0.9 的交配率。在第三組的產品最低需求組合中，我們可以發現 0.6 交配率的三種方法，其結果皆較優於 0.9 的交配率。而從最後兩組的 MPS 中，可以發現較低與較高的交配率，在最佳解與平均值上皆各佔優勢。

另外，若不考慮交配率差異的問題，從實驗中可得知，初始染色體種子法與持續染色體種子法，皆優於基因演算法，其中我們也可以發現持續染色體種子法又較優於初始染色體種子法，如表 4-8 所示。

表 4-23 三種方法之比較

	第一組 MPS	第二組 MPS	第三組 MPS	第四組 MPS	第五組 MPS
傳統基因演算法	82,434	82,450	82,527	82,095	82,067
初始染色體種子法	83,927	84,064	83,692	83,441	84,400
持續染色體種子法	83,970	83,949	83,874	83,995	83,839

第五章、討論與結論

半導體產業的特性為資本密集、技術密集與高波動性，不僅機台設備非常昂貴，產品的技術需求各不相同，且製程加工的過程也十分繁複，無法以傳統單一生產線的方式進行。所以即時且正確的機台組態配置對於半導體產業而言，是非常重要的工作。

本研究嘗試使用基因演算法求解機台組態配置問題。然而基因演算法的參數眾多，調整需花費許多時間，因此本研究目的將著重於，探討基因演算法各種參數對求解品質的影響狀況，並比較傳統基因演算法與本研究提出之改良基因演算法-染色體種子法。

本研究使用混合式演算法，以線性規劃搭配基因演算法，求取機台組態配置的較佳解。在本篇研究中，我們考慮目前半導體晶圓代工廠機台設備的產能條件，作一完整性的產能規劃。利用基因演算法確保廠內產能能夠符合產品需求，雖然無法計算出機台組態配置的最佳解，但可在較短時間內得到各機台配置使用量的較佳解，提供工廠在配置組態上作為意見參考，對實際工廠的幫助較為具體。

傳統的基因演算法，容易出現快速收斂、落入區域最佳解的情形，而且演算法易受初始解的影響，常常因母體中的可行解較少，而導致求解結果偏離最佳。本研究在親代的母體中增加可行解被挑選的機率，即加入擁有較佳解的種子，誘導程式往最佳解方向前進。但是僅加入一個種子染色體，容易在演化過程中被替換消失，於是我們提出第三個方法，持續染色體種子法，在各個子代中皆加入種子，確保當種子染色體被交

配或突變為不可行解時，仍有較佳之種子染色體可供交配與突變等演化運算過程。

透過實驗結果證實，初始染色體種子法與持續染色體種子法，在五組數據中平均最佳解皆高於基因演算法，故可證明本研究提出之方法具實用價值。

參考文獻

- [1] 周鵬程，遺傳演算法原理與應用-活用 Matlab(修訂版)，全華書局，民國 91 年。
- [2] 練鴻展，機台產能配置輔助系統與實證，碩士論文，南華大學，民國 97 年。
- [3] Bierwirth, C., “A generalized permutation approach to job shop scheduling with genetic algorithms, OR-Spektrum,” in E. Pesch, & S. Vo (Eds.), *Special issue: Applied Local Search*, 17,87-92(1995).
- [4] Bierwirth, C., Mattfeld, D., & Kopfer, H.. “On permutation representations for scheduling problems.”, in H. M. Voigt (Ed.), *Proceedings of Parallel Problem Solving from Nature IV*, Berlin, Germany: Springer,310-318(1996) .
- [5] Goldberg, D. E., & Deb, K. A comparative analysis of selection schemes used in genetic algorithms. In G. Rawlins(Ed.), *Foundations of genetic algorithms*. Morgan Kaufmann (1991).
- [6] Goldberg, D.E.. *Genetic algorithms in search optimization and machine learning*. Addison-Wesley, Reading, MA, USA (1989).
- [7] M. Srinivas and M. P. Lalit, “Genetic Algorithms: A Survey ,” *IEEE Computer*, Vol.27, 18-20 (1994).
- [8] Mitchell, M.. *An Introduction to Genetic Algorithms*. MIT Press, Cambridge, MA (1996).
- [9] Michael Negnevitsky. *Artificial Intelligence: A Guide to Intelligent Systems (Second Edition)*. Addison Wesley, New York (2005).
- [10] Neudorff, J., “Static capacity analysis using Microsoft Visual Basic,” *International Conference on Semiconductor Manufacturing Operational*

- Modeling and Simulation, San Francisco, 207-212 (1999).
- [11] Occhino, T. J., "Capacity Planning Model: The Important Inputs, Formulas, and Benefits," IEEE/SEMI International Semiconductor Manufacturing Symposium, 455-458 (2000).
 - [12] Park, B.J., Choi, H.R., and Kim, H.S., "A hybrid genetic algorithm for the job shop scheduling problems", Computers & Industrial Engineering, Vol.45, 597-613 (2003).
 - [13] Sohn, S.Y., and Moon, H.U., "Cost of Ownership Model for Inspection of Multiple Quality Attributes," IEEE Transactions on Semiconductor Manufacturing, 16(3), 565-571 (2003).
 - [14] Witte, J. D., "Using static capacity modeling techniques," Proceedings of the IEEE/SEMI Advanced Semiconductor Manufacturing Conference, Nov. 31-35 (1996).
 - [15] Yon-Chun Chou, R-C You, C-R Weng, et al., "A Tool Portfolio Planning Methodology for Semiconductor Wafer Fabs," International Symposium on Semiconductor Manufacturing, Oct., Santa Clara, USA, 11-14 (1999).
 - [16] Yon-Chun Chou, and Ren-Chi You, "A Resource Portfolio Planning Methodology for Semiconductor Wafer Manufacturing," International Journal of Advanced Manufacturing Technology, Vol. 18, 12-19 (2001).
 - [17] Yon-Chun Chou, and Chuan-Shun Wu, "Economic Analysis and Optimization of Tool Portfolio in Semiconductor Manufacturing," IEEE Transactions on Semiconductor Manufacturing, November, Vol. 15, No. 4, 447-453 (2002).