

# 遺伝的アルゴリズムによるスケジューリング問題の解法

## 2 T - 3

真下 正行\*

西野 順二\*

小高 知宏\*

小倉 久和\*

( \*福井大学工学部)

### 1 はじめに

本研究では、GA（遺伝的アルゴリズム）による単純スケジューリング問題の解法を検討した。一般的なシンプルGA（SGA）では、問題固有の特徴を遺伝子コーディングに組み込むことが困難である。ここでは、問題の特徴を遺伝子コーディングとともに各遺伝的オペレータに組み込めるGAであるMCGAを提案する。

### 2 MCGA

#### 2.1 単純スケジューリング問題

ここでは、単純スケジューリング問題を対象としている。スケジュール表が用意されているとき、与えられた条件を満たすように実際のスケジュールを埋めていく、スケジュール表を完成させるといった配置問題である。

山村らはナーススケジューリング問題に対して共存型GA（CGA）[1]を提案している。このGAをもとに単純スケジューリング問題にのために改良する。これをMCGA（改良CGA）とよぶことにする。

#### 2.2 MCGA

MCGAでは、1個の遺伝子から複数の子遺伝子を生成する無性遺伝を用いている。遺伝子プールから親となる遺伝子を1つ選び出し、その1つの遺伝子に対して遺伝的操作をし、それを子遺伝子とする。この操作を繰り返し、必要な子遺伝子を用意し、淘汰によって遺伝子プールのサイズにして、それを次世代とする。これを繰り返し進化させるものである。

MCGAでは遺伝子表現は、スケジュール表を2次元配列のような形で表すことにしており、さらに、その配列の列ごと、または行ごとにまとめて扱う。これをコドンと呼ぶことにする。遺伝子はこのコドンの集まりからなる。

繁殖は、組み替え・突然変異によって行う。無性遺伝であるので、組み替えはコドン同士でおこなう。遺伝子の中のコドンを2つ選び出し、通常のGAのように交叉を行い、もとの位置に戻す。

Simple scheduling using genetic algorithm  
Masayuki Mashimo\* Junji Nishino\*  
Tomohiro Odaka\* Hisakazu Ogura\*  
\*Faculty of Engineering, Fukui University

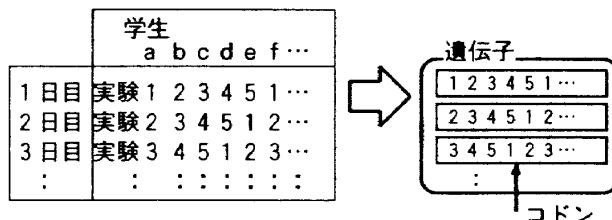


図1：遺伝子コーディング

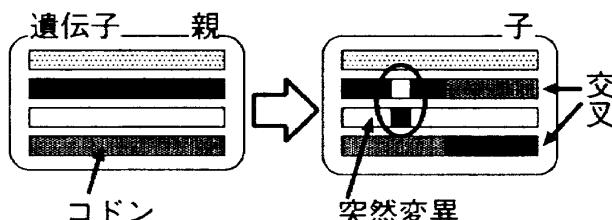


図2：遺伝的オペレータ

### 3 MCGA の適用

#### 3.1 学生実験のスケジューリング

例として、学生実験の学生の割り当てを決める問題を取り上げる。学生は、決められた回数で、決められた全ての実験をしなければならないが、学生1人ずつについて実験を行う順番（スケジュール）を決めるものである。

スケジュール決定のルールは次のようなものである。

1. N回（N日）でN種類の実験を全て行なう。
2. 1度行なった実験は、繰り返さない。
3. 各実験グループの人数が揃う方が良い。
4. グループのメンバは、以前に同じグループで実験を行なった事がないメンバになる方が良い。

これらの条件をもつとも良く満たすスケジュールを求めるものである。

学生を20人、実験を5種類、5回で全ての実験を行なうものとする。

#### 3.2 MCGA の設計

1回分のスケジュールをコドンとして扱い、コドンの各要素には、実験番号がはいる。このコドンN本で、遺伝子を構成する。

初期遺伝子は、条件1の同じ実験を繰り返さないように生成する。

遺伝子の評価には、条件を満たしていないとき、その条件に応じたペナルティを加算していく方法をとる。条件1は先に説明したようにし、遺伝子コーディングで満たされている。条件2のグループの人数の制約は各グループに対して（割り当てられた人数一定員）の2乗をペナルティにする。条件3は、各々のスケジュールを調べ、これが満たされない点ごとにペナルティを加算する。全ての条件を満たす解があるとその遺伝子のペナルティは0になる。

組み替え、突然変異は、つねに条件1を満たすようとする。

子を残すことのできる親は、評価値によるルーレット戦略で選ぶ。評価値はペナルティを用いているので、 $\frac{1}{\sqrt{\text{ペナルティ}}}$  をルーレットにする。

コドン同士の組み替えには、重みつき一様交叉を用いる。組み換えをするコドンの選択は、コドンのペナルティのルーレットによる。ペナルティの大きいもの、条件を満たしていない箇所が多い程選ばれやすくなる。

突然変異は、ある個人の実験の順序を並び換えるものとした。全てのコドンの共通する位置の要素を、入れ替えるものである。これも、同じ実験を繰り返さないという条件を破ることは無い。

淘汰にも、ルーレット戦略を用いる。但し、同じ個体を繰り返し選ばないようすることで多様性を維持する。

#### 4 シミュレーション

実験を5種類、人数を20人、各実験の定員を4人とし、全ての実験を行なうものとする。遺伝子プールを50とし、増殖で200の遺伝子を作り淘汰でもとの大きさに戻す。また、打ち切り世代を1000とする。ここでは、MCGAとSGAを比較する。SGAの遺伝子コーディングも2次元配列で表し、縦の列ごとにひとまとめにしている。交叉では、遺伝子プールから2個体を選びだし、このまとまりごとに入れ替わる組み換えをする。突然変異では、まとまりの中でならべ換える方法をとっている。交叉確率、突然変異確率を変え、繰り返しシミュレーションした。

図3,4にそれそれのもっとも良い結果が得られたときのエリートと集団平均のペナルティの世代変化を示す。

#### 5 考察とまとめ

図3のMCGAと図4のSGAを比較すると、最悪のものと、平均に大きな違いが見られる。MCGAでは、最悪のものも、平均も高いペナルティを維持しているが、SGAでは、最良のものの変化にあわせて小さくなっている。1000世代目ぐらいの遺伝子プールを調べると、

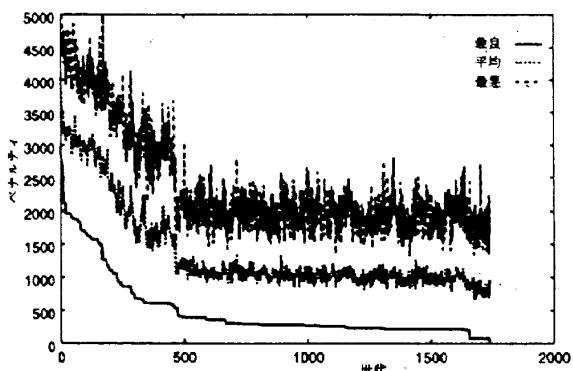


図3: MCGA の遺伝子のペナルティの世代変化

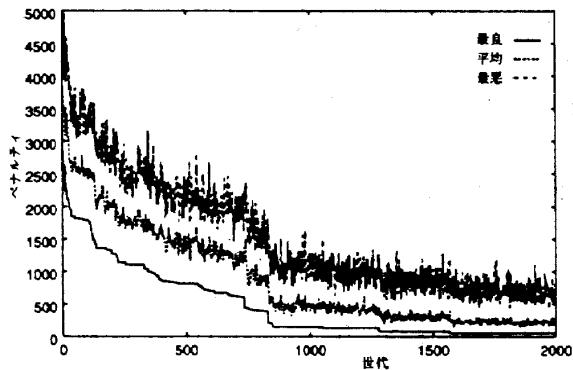


図4: SGA の遺伝子のペナルティの世代変化

SGAでは、同じペナルティを持つ遺伝子が多く存在していた。しかし、それらの遺伝子は、少しずつ違うものではあるが非常によく似たものが多い。MCGAでは、多様な遺伝子が存在している。SGAは、多様性が十分でないといえる。これは、突然変異確率などを調整しても改善されなかった。

乱数を変え、繰り返しシミュレーションを行った結果、MCGAでは10回の試行のうち2, 3回について全ての条件を満たす解が得られている。SGAでは、全ての条件を満たす解は得られていないがほとんどの条件を満たす解が、MCGAで同じ程度の解を得るより早く得られている。時間をかければ、MCGAの方が優れた解を得ることができる。

計算時間はSGAの方が約1.13倍速いことを考慮しても、MCGAの方が有効な手法であるといえる。

#### 参考文献

- [1] 北野宏明 編著、「遺伝的アルゴリズム2」(産業図書、1995)
- [2] 北野宏明 編著、「遺伝的アルゴリズム」(産業図書、1993)
- [3] 坂和正敏、田中雅博 著、日本ファジィ学会 編、「遺伝的アルゴリズム」(朝倉書店、1995)