

遺伝的アルゴリズムによるクラス編成問題の一解法[†]

3M-3

奥山美雪 正道寺勉 伊原征治郎

日本工業大学 工学部 システム工学科

1. はじめに

本研究では、ある集団を各自の希望に添っていくつかのクラスに編成するという問題（ここでは、この種の問題をクラス編成問題と呼ぶことにする）に対し、遺伝的アルゴリズム（Genetic Algorithms, 以下 GA）^[1-4]を適用したものである。

クラス編成問題は実社会においてしばしば直面する。例えば、新入社員の配属先の決定や、大学における研究室の配属、小・中・高等学校における必修クラブの割り振り、大学における体育の実技種目の選択などに当てはまり、多方面にわたって存在していると考えられる。しかしながら、現在のところ、上で示した問題は人手を使って解かれている場合が多く、矛盾を起こす結果になる場合も考えられる。

一方、コンピュータを用いて解く場合でも、集団の人数がある程度増加すると、その計算量は膨大なものになり、分枝限定法などの最適解を求める手法では、現実的な時間内に解を得る事が大変困難になってくる。そのため、本研究では、最適解を求めるよりは高速で、しかも最適解に近い解を求めるために GA を用いた方法について述べる。

2. 問題設定

本研究における「クラス編成問題」を次のように定義する。

- ・ある集団をいくつかのクラスに編成する。
- ・その際、各自に第1希望から第n希望までの希望調査を行ない、その希望に基づいて編成を行なう。
- ・各自は必ずどこかのクラスに属さねばならず、複数のクラスに同時に属する事はできない。
- ・各クラスには定員があり、この定員を越える事も割る事もできない。

以上の条件を満たす候補のうち、できるだけ全体の満足度が高くなるような編成を行なう事が「クラス編成問題」のねらいである。

3. GA の適用

GA を適用するに当たっては、その遺伝子の表現方法が非常に重要である。

本研究では、必ず定員を満たさなければならないという条件を最優先している。

まず始めに、遺伝子の基本的な表現は遺伝子長が集団の人数に相当し、各遺伝子座にクラス番号を入れる。これによって、集団の各人が必ず1つのクラスに配属される解が得られる。

しかし、これだけでは「必ず定員を満たす」という条件に当てはまらない場合が出てくるため、それを回避する方法として、図1のような基準遺伝子を作成する。

これは、クラス番号を定員分用意したものであり、最優先事項である定員を満たすという条件に合致している。この基準遺伝子と、1～Nまでの整数をランダムに生成した親遺伝子候補を比べ、

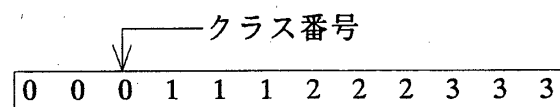


図1 集団の人数 12 人、クラス数 4 の場合の基準遺伝子

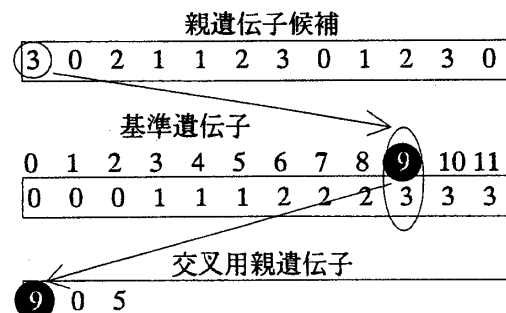


図2 親遺伝子の書き換え

[†] A Study on Class Organization Problem Utilizing Genetic Algorithms, Miyuki Okuyama, Tsutomu Shohdohji and Seijiroh Ihara, Department of Systems Engineering, Faculty of Engineering, Nippon Institute of Technology

クラス番号と同じ箇所の位置を入れて、その位置を保存し交叉用の親遺伝子とする。その際、選んだ基準遺伝子は取り除き、重なって選択する事はないように工夫する(図2)。

このようにして用意された親遺伝子を用いる事で、定員を満たすという条件に合った組合せの中から、解を求める事ができる。

4. 交叉方法

本研究では交叉方法に2点交叉を用いている。

親遺伝子候補のグループからランダムに2つの親を選択し、交叉確率によってその2つの遺伝子を交叉させる。一度選択した親遺伝子候補を再び選択する事を禁じてはいない。

単純な2点交叉法では本研究の場合、集団の人数と遺伝子長が等しいため、集団の人数が増えるとともに遺伝子長も長くなってしまふ。そうすると、定点の2点交叉法では、交叉される部分とされない部分がはっきりと分かれてしまい、交叉されない部分での改良がまったく見込めなくなってしまう。これは、問題のサイズが小さい場合はさほど重要ではないが、サイズが大きくなるにつれて最適解との適合の度合いが離れていってしまう。

そのため本研究では、交叉させる際に、交叉点を可変にし、ブロックごとでほぼまんべんなく交叉の対象としている(図3)。この方法を用いる事によって、集団の人数が増えても、ごく限られた部分しか交叉が行なわれないという事態を回避する事ができる(この方法を以下、ブロック法と呼ぶことにする)。

また、このようにブロックごとの交叉を実行する場合でも、そのブロック長の取り方によって結果はかなり変化する。そのために、本研究では集団のサイズに応じたブロック長の取り方についても考慮した。

5. 突然変異

本研究では、突然変異は作成された子遺伝子の中で最も全体の解を悪くしているものと、次に悪いもののクラス番号を交換するという方法を採用している。このとき交換して得られた解が改良された場合のみ、突然変異によって作成された子遺伝子を採用しており、元の解より悪くなった場合には採用しない、という戦略をとっている。

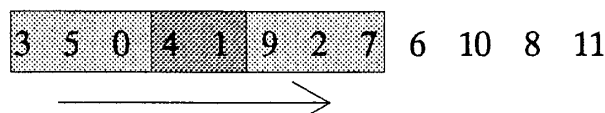


図3 交叉位置の移動

表1 各解法での結果比較

使用した解法	2点交叉法	ブロック法(6)	ブロック法(15)	最適解
最小コスト	107	37	33	26

6. 実験結果

数値実験は、パーソナルコンピュータ(IBM社製 PC750 P-90)とC言語(Turbo C)を用いて実行した。ここでは、数値実験例として次のような問題に対して適用した結果について報告する。

数値実験のモデルとして集団の数を20、クラス数を5、定員を4とした問題を設定し、各希望は第5希望まで記入したものを使用した。この時の2点交叉法とブロック法とを比較した結果を表1に示す。なお、表中の最適解は分枝限定法によって求めたものである。

表1からも分かるように、2点交叉法とブロック法の間には明確な違いが確認できる。

7. おわりに

本研究では、クラス編成問題について遺伝的アルゴリズムの適用を試み、問題の性質に即した交叉方法を提案した。本手法は従来の2点交叉法より優れている事が分かったが、ブロックの取り方などについても課題は多い。

今後は、全体をあらかじめ一定数のブロックに分割し、その中での近似解を後からつなげる方法や、非常に良い組合せになった部分のみをマスクして保存する方法などを試みる予定である。

参考文献

- [1] Goldberg, D. E., *Genetic Algorithms, in Search, Optimization & Machine Learning*, Addison-Wesley Publishing Company, Inc., 1989.
- [2] 北野宏明編:「遺伝的アルゴリズム」, 産業図書, 1993.
- [3] 北野弘明編:「遺伝的アルゴリズム2」, 産業図書, 1995.
- [4] 平野広美:「応用事例でわかる遺伝的アルゴリズムプログラミング」, パーソナルメディア, 1995.