

粒子線治療装置スケジュールへの GA の適用

—治療順スケジュール—

浅見廣愛*, 佐藤裕幸*, 青山功*, 坂本豪信**, 土谷昌晴**

*三菱電機(株)情報技術総合研究所, **三菱電機(株)通信機製作所

粒子線治療装置スケジューリングシステムの治療順スケジュールにGAを適用する。このスケジュールにより、加速器の運転、粒子線の各治療室への振分け、治療室毎の患者の順番が決定される。最適化条件は、総治療時間の最小化、患者の希望治療時間帯からのずれの最小化など、制約条件は、治療可能な治療室への患者の割り当てなどである。集団の多様性の維持のために選択や淘汰を工夫し、解の探索範囲を広くするために突然変異の操作に修正を加えることで選られる解の質を向上させた。本手法の評価実験を行なった結果、simple GA に比べて安定して良質な結果を得ることができ、また最適解に対して 9割程度の質の解を 1分程度で立案できた。

A Genetic Algorithm for Particle Treatment Facilities Scheduling Problem: A Treatment Order Schedule

Hiroai Asami*, Hiroyuki Sato*, Isao Aoyama*, Hidenobu Sakamoto**, Masaharu Tsuchiya**

* Mitsubishi Electric Corp. Information Technology R&D Center

** Mitsubishi Electric Corp. Communication Systems Center

We apply a genetic algorithm(GA) to a treatment order schedule of a Particle Treatment Facilities Scheduling System. The system decides accelerator operation plan, treatment room using plan and patients order. The objectives of the problem are minimizing of total treatment time, satisfaction of request time of patients, etc. Conditions are assignment to treatment rooms in which patient can be treated, etc. We expand method of selection and mutation of GA to keep variety of population and to search larger space. The measurement results show that the expanded method could plan about 90% better schedule compared with optimal solution in about one minute.

1 はじめに

粒子線治療装置スケジューリングシステムは、癌治療等に用いられる非常に高価な粒子線治療装置の稼働率を最大限に向上させることを目的に、患者の治療計画に沿った治療装置の効率的な運転スケジュールを自動立案するシステムである[1]。

治療スケジュールの規模は 100 治療/日 × 数ヶ月と大規模であり、全ての治療の治療日時、使用治療室、使用加速器を 1 度に求めることは長時間を要し実用的でないと考えられる。そこで、本システムでは実用的な時間内にスケジュールを立案するために、全ての治療の治療日の決定(治療日スケジュール[2])と、詳細なスケジュールが必

要な期間の各日の治療順の決定(治療順スケジュール[3])との 2 段階の立案を行う。

本稿では、2段階の立案のうち、治療順スケジュールの立案への遺伝的アルゴリズム(GA)の適用手法について報告する。

2 制約条件及び最適化条件

治療順スケジュールでは、治療日スケジュールによって決定された治療毎の治療日のデータを受け取り、各日の加速器毎の粒子種、エネルギー強度、ビームコースの切り替え順及び各治療室毎の患者の順番を決定する。以下に、治療順スケジュールの制約条件、最適化条件を示す。制約条件とは必ず守らなければならない条件であり、最適化条件とは満たさ

とより評価の高くなる条件である。

◆ 制約条件

1. 患者は治療可能な（対応ポートの存在する）治療室に割り当てる。

◆ 最適化条件

1. 1日の総治療時間を最小にする（加速器、治療室等の治療装置を効率的に運用する）。
2. できるだけ、患者の希望する治療時間帯へ割付ける。
3. 1日に複数回治療を受ける患者が連続照射指定されている場合は、それらの治療の間隔を最小にする。

粒子種、エネルギー等の切り替えには時間を要するため、これらの時間が少ない方が効率的な運用となる。また、治療室の使用の際には患者の入れ替え時間や準備時間等が必要であり、各治療室を均等に使用した方がより効率的になる。

3 治療順スケジュールへのGAの適用

3.1 基本手法

◆ コーディング

治療順スケジュールの立案においては、治療装置の効率的な運用と、患者の希望を両立させなければならない。また、治療期間内の複数の治療日のスケジュールを順次立案していく必要があるため、1治療日にかけられる立案時間も限られている。これらの制約を満たしてスケジュールを立案することは非常に困難である。

そこで、治療順スケジュールにある程度の質の解を高速に求めることができるGAを適用することにした。そのために、一つの治療を1単位と考え、1日に行われるすべての治療に $1, 2, \dots, n$ (n は治療の数)と便宜上の治療番号を割り振る（治療順をあらわすものではない）。これらの治療番号を割付の優先順位を表す順序で一列に並べたものを1個体とする（図1）。

各個体を解（加速器のスケジュール及び治療

個体	遺伝子:	02	03	07	01	04
粒子種:	炭素	陽子	ヘリウム	陽子	ヘリウム		
エネルギー:	190	250	210	190	210		
ポート:	垂直	水平	水平	垂直	水平		
.....

加速器のスケジュール（加速器2台）

	9:00	10:00	11:00
加速器①	02			
加速器②	03	01	07 04	

■ ビーム照射時間
□ 粒子種切替時間
○ ビーム強度切替時間

治療室のスケジュール（治療室3室）

	9:00	10:00	11:00
治療室A 対応ポート : 水平	03		07	
治療室B 対応ポート : 垂直	02	01		
治療室C 対応ポート : 水平、垂直			04	

■ 治療室使用時間

図1 個体から解への変換

室のスケジュール）に変換するには、その遺伝子を順次先頭から取り出し、その時点で最適になるような加速器、治療室に前詰めに割り当てる。この割り当ての際に最適とする条件は以下のものである。

- ① その時点で治療が最も早く始められる治療可能な加速器、治療室に割り付ける。
- ② ①の条件を満足する加速器が複数存在する場合、粒子種、エネルギー、ビームコースの変更の必要なない加速器に優先的に割り付ける。
- ③ ①の条件を満足する治療室が複数存在する場合、複数のポートを持つ治療室が混まないようにするために、より少ないポートを持つ治療室に優先的に割り振る。
- ④ ③の条件を満足する治療室が複数存在する場合、各治療室が均等に使用されるように割り付ける。

例えば、図1の治療04の場合、加速器①に割

り付けると治療07の直後に治療開始となるが、加速器②に割り付けると治療01と粒子種が異なるため、01に粒子切替時間を加算した時刻に治療開始となり、加速器①のほうが早い。このため、治療04は加速器①に割り当てられることになる。

治療室の場合、治療04は対応ポートを考慮して治療室AかCに割り当てられる。Aに割り当てた場合、治療07に患者の入れ替えや治療準備時間を加算した時刻に治療開始になるが、Cに割り当てた場合、治療07の直後に治療開始となる。このため、治療04は治療室Cに割り当てられる。

各個体の適応度計算は、以上のように解に変換した結果から算出する。

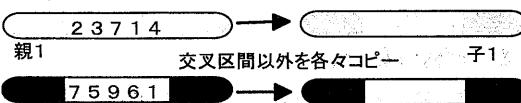
次に交叉、突然変異について述べる。

◆ 交叉

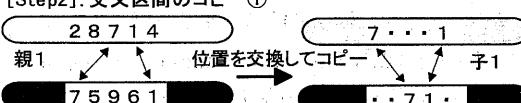
各個体に対し、単純に2点交叉等を行うと、1つの個体上である治療番号が喪失したり同一の治療番号が2つ存在するようになり、致死遺伝子が生じてしまう。そのため、交叉の前後で治療番号が各々1個になるように、以下のような交叉を2個体間で行う[4]（図2）。

[Step1] 交叉点を2個所決め、その2点間を除いて子の染色体にコピーする。

[Step1]: 交叉区間以外のコピー



[Step2]: 交叉区間のコピー①



[Step3]: 交叉区間のコピー②

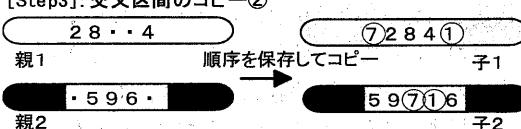


図2 2個体間の交叉

[Step2] 交叉対象区間に両親間で等しい遺伝子（重複している遺伝子）があれば位置を交換して子にコピーする。

[Step3] 交叉対象区間の中で親の未使用遺伝子（重複していない遺伝子）の順序を保存して、対応する子の未決定部分へコピーする。

Step2の遺伝子の位置の交換は、実際の解においては、ある治療の（大体の）治療時刻を交換していることになる。また、Step3での遺伝子の順序の保存は、治療の順序を保存していることになる。したがって、Step2では患者の希望時間帯に着目した最適化、Step3では治療装置の運用の効率に着目した最適化に対応している。

◆ 突然変異

突然変異も致死遺伝子の発生を防ぐため、1個体内の適当な2個所の遺伝子を入れ替えることとする。

3.2 より良い解を得るために拡張手法

上記の手法は基本的なGAの適用（simple GA）であるが、これではあまり良い解（良いスケジュール）を得ることができない。なぜなら、各個体間の多様性がすぐになくなってしまうため、局所解に陥りやすいからである。この問題を解消し、より良い解を得るようにするためにGAに次のような手法を拡張することにした。なお、1と2の手法はMGG（Minimal Generation Gap）[5]と呼ばれるGAの一手法で使われているものである。

◆ 拡張点

1. 選択を非復元抽出で行なう。
2. 淘汰を次のように行なう。
 - ① 個体の入れ替えは親の個体2つと、新しくできた子の個体2つの合計4つの個体の中でしか行わないこととする。
 - ② 4つのうちで最良の個体を必ず残す。
 - ③ 残りの3つの中でルーレット選択を行い、選ばれたものを残す。
3. 交叉率によって交叉が行われなかった場合、必ず突然変異が行われるものとする。

4. 遺伝的操作によって新しい子個体が作られた際、親と遺伝子が全く同じであればその子個体を破棄し、再び子個体を作り直す。
5. 遺伝的操作として次のような、あるスキーマの中に遺伝子を割り込ませるような操作(割り込み)を加えることにする。
 - ① ある遺伝子を選択し、その遺伝子の移動先の位置を決定する。
 - ② 遺伝子を移動先に移す。
 - ③ 元の位置と移動先の位置の間にある遺伝子をすべて1つずつずらす。

simple GA では個体の選択の際、ルーレット選択を用いて復元抽出で選択を行うことが多い。そのため、著しくよい個体が生じるとその個体が他の個体を即座に制圧し、個体が单一化する（多様性が保たれない）。こうした一つの解による制圧を緩やかにするために1~4の手法に拡張する。

また、simple GA では淘汰の際、最悪の個体と新しく生じた個体を交換することが多い。そのため、評価値が悪くてもよいスキーマを持った解が失われやすく、失われたスキーマが再度生じることも困難である。すなわち、個体の集団がある程度進化して局所解にとらわれると、それ以外の領域を探査することが困難である。この問題を解消するためにも2の手法に拡張する。

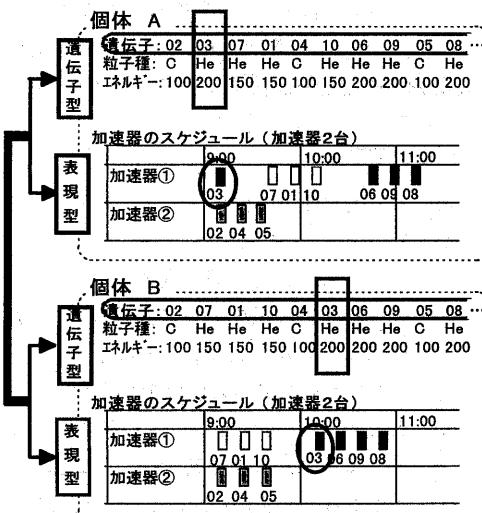


図3 表現型と遺伝子型

また、図3にあるように実際の解（表現型）では非常に似ているが、遺伝子の上（遺伝子型）では、交叉と突然変異の遺伝的操作だけで個体Aから個体Bに変換することが難しい（確率的に発生しない）ということがよくある。このため、5の手法に拡張することにより、あるスキーマの中に遺伝子を割り込ませるような操作を導入する。

4 性能評価

以上のように拡張したGAを使って治療順スケジュールを立案した際の性能を評価するための評価実験を行った。その際次のようなテストデータを用いた。

● 加速器 2台

粒子種 3種、エネルギー 4種、粒子種切替時間 3時間、エネルギー切替時間 30分、ビームコース切替時間 3分

● 治療室 8室

対応ポート 4種類、準備時間 15分、照射時間 4分、後片づけ時間 2分、入れ替え時間 3分

● 患者数 25名（照射数 50照射）

患者あたりの照射数 1~4

なお、この問題の最適解は総治療時間（最初の治療開始から最後の治療終了までの時間）が474分になることが分かっている。

評価実験はUNIX W/S (PA-8000, 160MHz)上で行った。

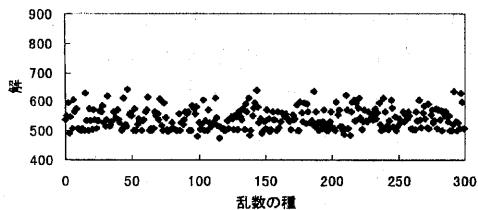
◆ 解質の安定性

評価実験の一例として、個体数 100、交叉率 50%、突然変異率 80%として乱数の種を0~299まで変化させた場合の解の分布図を図4に示す。図4の(a)は拡張GA、(b)はsimple GAの分布である。拡張GAでは割り込みの操作は30%の確率で行ない、simple GAでは選択をルーレット選択、淘汰を最悪個体と新生個体の交換をしている。

なお、ここで言う解とはスケジュール立案して得られた結果の治療開始から治療終了までの時間を指す。また、収束条件として1000世代最良解が更新されない場合に収束したと判断する。

また、図4の分布の各々の平均、標準偏差、収

(a)拡張 GA



(b) simple GA

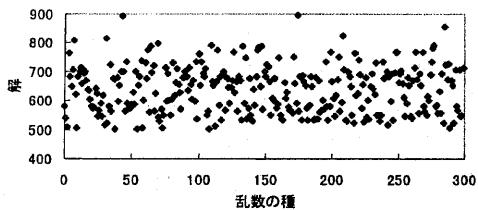


図4 乱数の種を変化させた時の解分布

表1 乱数の種を変化させた場合

	解の平均(分)	解の標準偏差	世代数の平均
拡張GA	540	34.8	2780
simple GA	637	80.9	477

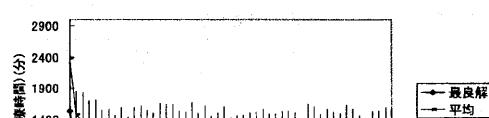
束するまでの世代数の平均を表1に示す。拡張GAのほうがsimple GAの場合に比べて解のばらつき（標準偏差）が3分の1に抑えられている。解の平均もsimple GAでは最適解に対して1.34倍（74%の質）であるが、拡張GAでは1.14倍（88%の質）であり、より最適解に近い。以上のことより、本拡張手法により安定して良い解が得られるようになったと言える。しかし、拡張GAではsimple GAに比べ収束する世代数が5倍ほど大きい。これは拡張GAでは多様性を持たせるようにするためによい個体による淘汰を抑えているので、収束する速度がsimple GAに比べ遅いためと思われる。拡張GAのほうがsimple GAよりも行なう処理が多いため、実際の計算時間はsimple GA:5秒程度、拡張GA:1分程度である。

上記と同様の評価を交叉率、突然変異率等の変化に対しても行なったが、表1と同じような結果が得られた。

◆ 集団の多様性

GAの集団の多様性を表す一つの指標として解の質のばらつき（標準偏差）を考え、これを図5

(a)拡張 GA



(b) simple GA

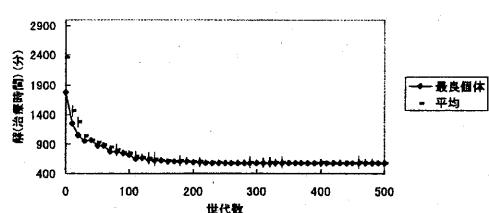


図5 世代毎の最良解（質）の推移

に示す。図5は図4の条件で乱数の種が0の場合の世代毎の最良解、全ての解の平均値の推移である。(a)が拡張GAの推移、(b)がsimple GAの推移である。平均の上下にある縦の線は標準偏差を表している。なお、図5の(a)と(b)では計算世代数のスケールが大きく異なっているが、比較のためそのまま表示した。

(a)の拡張GAのほうが(b)のsimple GAの場合に比べて個体の標準偏差が大きく、多様性が保たれていると推測できる。世代が進んでも標準偏差の値は常にある程度の値が維持されている。

5 考察

拡張GAの評価実験の結果を以下にまとめる。

- 集団の多様性を保つようにすることにより、パラメータや乱数の種にあまり影響されることなく、最適解に対して9割程度の解が得られた。
- 計算世代数はsimple GAよりも5倍程度大きく、計算時間は1分程度である。

解の質は最適解に対して9割程度である。これを更に最適解に近づけるには3.2の拡張手法で挙げたように、

- ① 多様性が十分保つようにする
 - ② 局所解からの脱出を容易にする
- の2点を更に工夫する必要がある。以下では、こ

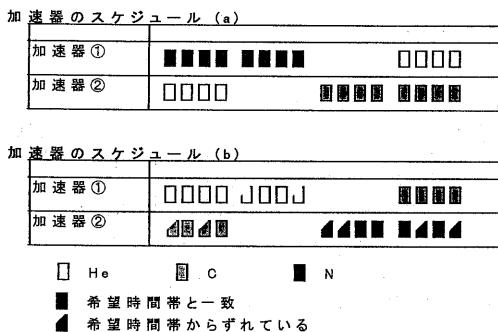


図6 最適解と局所解

れに関連する問題について考察する。

図6 のように、加速器：2台、粒子種：3種で、照射の数が粒子種毎にはほぼ等しい場合を考える。この時、患者の治療希望時間帯が設定されているものとする。図6 では1つの四角形が1つの照射を表し、四角形の濃淡で粒子の種類を、希望時間帯と一致しているか否かを四角形の形で表している。総治療時間を最も短くするには図6 の(a)と(b)の様に粒子種の切り替え回数を少なくしたほうが良いが、患者の治療希望時間帯まで考慮すると(a)の様に希望時間帯からのずれのないものが良い解になる。したがって、図6 の(a)を最適解、(b)を局所解とみなすことができる。

ここで、最適解(a)と局所解(b)を区別するために、各個体の1番目の遺伝子と2番目の遺伝子でグループ分けすることにする。加速器への照射の割付の際には染色体上の1番目の遺伝子が加速器①の最初に、2番目の遺伝子が加速器②の最初に必ず割り付けられるため、この様なグループ分けで(a)と(b)を区別できる。

この様なグループ分けをGAでの各個体に対して行なうと、実験の結果、初期の段階で殆ど全ての個体が同じグループに収束してしまうことが分かった。特に、最適解にうまく近づかない場合は図6 の(b)のような局所解に陥っている場合が多くあった。現在の手法では局所解(b)から抜け出して最適解(a)に行き着くのはかなり困難であり、何らかの工夫をする必要がある。

その工夫の一つとして、個体の多様性を保つために個体をその性質により複数のクラスタに分

け、各クラスタ内の個体を平均化するように世代交代を行うという方式が提案されている[6]。1番目の遺伝子と2番目の遺伝子でグループ分けし、それをクラスタとすることで、解の質が更に向上去ることが期待される。

6まとめ

粒子線治療装置スケジューリングシステムにおける、治療順スケジュールへのGAの適用手法についての提案を行った。これにより、最適な結果に対して1.1倍(約9割)程度のスケジュールを1分程度で立案することができた。

また、本手法によって得られたスケジュール結果は更に工夫を加えることで質が良くなる可能性がある。今後更に改良を加えることにより本手法の性能を向上させていく予定である。

7参考文献

- [1] 佐藤裕幸、青山功、浅見廣愛、中島克人、坂本豪信、土谷昌晴、管靖則：粒子線治療装置スケジューリングシステム－システム概要－、情報処理学会第56回全国大会、4W-01, 1998-3.
- [2] 青山功、佐藤裕幸、浅見廣愛、坂本豪信、土谷昌晴：粒子線治療装置スケジューリングシステム－治療日スケジュール－、情報処理学会第56回全国大会、4W-02, 1998-3.
- [3] 浅見廣愛、佐藤裕幸、青山功、坂本豪信、土谷昌晴：粒子線治療装置スケジューリングシステム－治療順スケジュール－、情報処理学会第56回全国大会、4W-03, 1998-3.
- [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株式会社、1995.
- [5] 佐藤浩、小野功、小林重信：遺伝的アルゴリズムにおける世代交代モデルの提案と評価、人工知能学会誌、Vol.12, No.5, pp.734-742, 1997.
- [6] 平野広美：クラスタ平均化法を組み込んだ遺伝的アルゴリズムによるジョブショップスケジューリング問題の解法、人工知能学会誌、Vol.10, No.5, pp.769-777, 1995.