

ジョブショップスケジューリングへのウイルス進化型遺伝的アルゴリズムの適用

齊藤 進

ウイルス進化論を用いた遺伝的アルゴリズムを Muth&Thompson の 3 つの問題に適用した。このアルゴリズムは単一の個体にウイルスを攻撃させ、個体を改善させるものである。この際、このウイルスを変異させ、また改善を行った有効なウイルスを保存し、更新させる。一定の確率で保存したウイルスを攻撃させた。この攻撃にいくつかのモデルを用い、局所解の脱出や、無用な感染を抑え速やかな解を探索させることを試みた。その中のいくつかのモデルでは 3 つの問題とも最適解を得ることができた。

Application of a Virus Evolutional Genetic Algorithm for Job-Shop Scheduling Susumu Saito

A virus evolutional genetic algorithm is applied to solve Muth&Thompson 's job-shop scheduling problems. Single chromosome is attacked by a virus and the virus is muted. The superior viruses are stored and renewed. The stored viruses attack in a certain rate. In this attack, some models are used to escape from local minima and to search the solution by avoid the useless attack. Some models among them can obtain the optimum solution.

1. はじめに

組み合わせ問題には種々の手法が試みられており、遺伝的アルゴリズムはその中の一つの手法としてよく用いられている。遺伝的アルゴリズムはダーウィンの進化論によるものであるが、本研究においてはこれまでウイルス進化論を用いた遺伝的アルゴリズムを発表[1]してきた。これは組み合わせを表す単一の個体にたくさんのウイルスを発生させ、その攻撃により個体を改善させ、またウイルスを変化させるとするものである。本報告においては単一の個体をウイルスに攻撃させ、攻撃が有効であるウイルスを保存し、かつ更新した。この保存したウイルスを行っての割合で攻撃させる方法とした。この手法をジョブショップスケジューリング問題であり、求めるべき厳密な最適解があらかじめわかっている Muth&Thompson の 3 つの問題に適用し、改良することでその有用性を検証することを試みる。

2. ウィルス進化論

ウイルス進化論とは 1971 年に中原英臣と佐川峻[2]によって考え出された進化論である。この進化論では、進化はウイルス感染によって引き起こされるものだとしている。この理論はダーウィンの進化論と違い、ウイルスの強い感染力による短い時間に全体的に起こる水平進化とする。

3. ウィルス進化論型遺伝的アルゴリズム

通常のウイルス進化論は多数の個体を発生させ、交叉、突然変異により個体を改善する。ここではウイルス進化論の水平進化の考えにより、単一の個体をウイルスにより攻撃させ、ウイルスを変異させて改善を行う。図 1 はそのアルゴリズムの簡単な流れを示す。この流れを基本とし、5. に示すいくつかの感染処理のモデルを実行した。

個体の作成

図 2 に示すように機械×仕事の数だけの長さの遺伝子を持つ個体を 1 つ作成する。この場合 job は仕事の種類、num はその仕事の順番、fix は埋め込み場所を示す。6 機械、6 仕事の場合は 36 個の組み合わせたものになる。

ウィルスの作成

本研究でのウィルスは、表 2 に示すような個体の攻撃場所を指定する遺伝子 (job 及び num) と、埋め込み場所を指定する遺伝子 (fix) の 3 つの遺伝子で構成されている。

表1 ウイルスの遺伝子構造

job	num	fix
6	3	2

ウイルスの攻撃および感染

ウイルスまたは保存されたウイルスを一定の割合で攻撃させる。

ウイルスの job、num が共に一致する個体遺伝子の job を取り出し、fix で指定された場所にその遺伝子を埋め込む。その後 num を設定し直す。図2は表2に示すウイルスを攻撃させた場合の感染処理を示す。この感染は5. に示すいくつかのモデルを用いる。

ウイルスの突然変異

ウイルスの各遺伝子をランダムに変化させる。

有効なウイルスの保存

個体が改善の数値が高かったウイルスを一定数（ここでは5個）保存し、その有効度に応じてランクをつける。ウイルスの攻撃に一定の割合（ここでは0.5）でこのランクの高いウイルスを用いる。また攻撃で個体を改善しないウイルスはランクを下げ、別のウイルスに更新する。

個体の評価

個体の評価値が厳密最適解に達したら終了処理を行い、不十分の場合ウイルスの感染処理に戻る。

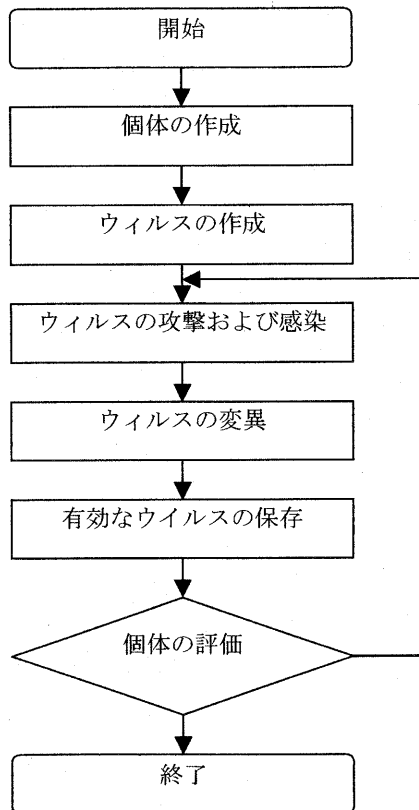


図1：ウイルス進化論型遺伝的アルゴリズムのフローチャート

job	6	1	5	6	3	4	5	2	6	1	1	...
num	1	1	1	2	1	1	2	1	3	2	3	...
fix	1	2	3	4	5							

感染前

↓

job	6	5	1	5	6	3	4	5	2	1	1	...
num	1	2	1	1	3	1	1	2	1	2	3	...
fix	1	2	3	4	5							

感染後

図2 ウイルスの感染処理

4. Muth&Thompson 問題

ジョブショップスケジューリング問題を解く上でのパフォーマンスを見るため、本研究では代表的なテスト用の問題であり、それぞれ各仕事における機械の使用順序、その使用時間、最適解があらかじめわかっている Muth&Thompson の3つの問題を使用する。

表2：最適解

6機械	10機械	5機械
6仕事	10仕事	20仕事
55	930	1165

5. 感染処理の各モデル

ウイルスの攻撃に対し、感染を認める場合と感染させない処理をするが、この各モデルについて

て述べる。各モデルとも試行世代を50万世代と500万世代で10回繰り返しデータを得た。

モデル1 局所解不脱出型

まず、評価値を悪くする感染をまったく認めないモデルでのシミュレーションを行う。このモデルでは、余裕率（現在の評価値よりある割合以内の悪い評価値を感染させ局所解の脱出を試みるが、その割合）、許可率（評価値が悪くする感染を認める割合）の2パラメータを0にすることによって局所解に入り込むと脱出不可能になるモデルである。

モデル2 余裕率・許可率変動型

このモデルでは、卒業生による研究で良いとされるパラメータの値を採用してシミュレーションを行う。余裕率を評価値によって8%から1%に、許可率を1%から8%に変動させる構造になっている。

モデル3 余裕率緩和モデル

モデル3より余裕率の制限を緩和し、局所解に陥る危険を大幅に減少させたモデルである。場合により余裕率を大きくとる分だけ許可率を厳しくする必要がある。

モデル4 遺伝子の繋がり重視モデル

本プログラムでは遺伝子を1つのみ取り出し、埋め込む処理を行っているが、評価値が良くなるときのみ隣り合う複数の遺伝子を取り出し、埋め込む処理を行うように手を加えたモデルである。

モデル5 遺伝子埋め込み場所制限モデル

評価値によりウィルスの攻撃場所と遺伝子の埋め込み場所の距離に制限を加えるモデルである。この処理により、無用の感染を減少させることができると推測される。

モデル6 収束値引き戻しモデル

このモデルでは、試行世代の後半に起こりやすい、収束値から離れた解空間を一定以上の世代の間探索してしまう場合に、強制的に最良の個体遺伝子に書き換える処理を行うモデルである。これは効果が大きい場合もあるが、深い局所解に戻され、局所解から脱出しにくくなる場合もある。

6. 各モデルの結果

6機械6仕事の場合、モデル1を除いてほぼ1秒以内に最適解を求めることができる。ここでは10機械10仕事と5機械20仕事について述べる。

表3に10機械10仕事について50万世代（50万回のウイルス攻撃）各モデルを10回試行した結果を示す。いくつかのモデルでは最適解が得られている。また表に500万世代の結果を示す。ここではモデル1, 2を除いて最適解を得ることができた。

表3：10機械10仕事（試行世代50万世代）

モデル	1	2	3	4	5
余裕率	0%	8%→1%	20%→5%	20%→5%	20%→5%
許可率	0%	1%→8%	8%→1%	8%→1%	8%→1%
平均値	1151.4	987.0	966.6	958.1	956.5
最小値	1003	951	937	937	937
標準偏差	65.83	29.91	18.51	23.61	17.73
モデル	6	4+5	4+6	5+6	4+5+6
余裕率	20%→5%	20%→5%	20%→5%	20%→5%	20%→5%
許可率	8%→1%	8%→1%	8%→1%	8%→1%	8%→1%
平均値	958.4	956.6	956.6	958.7	956.7
最小値	937	937	930	930	937
標準偏差	17.73	14.82	19.76	22.70	15.68

表4：10機械10仕事（試行世代500万世代）

モデル	2	3	4	5	6	4+5	4+6	5+6	4+5+6
平均値	962.6	933.9	935.7	936.2	936.8	935.0	943.8	943.6	955.6
最小値	937	930	930	930	930	930	930	930	930
標準偏差	19.98	3.48	6.46	6.65	6.84	5.48	13.59	14.51	21.89

表5：5機械20仕事（試行世代50万世代）

モデル	1	2	3	4	5
余裕率	0%	8%→1%	8%→4%	8%→4%	8%→4%
許可率	0%	1%→8%	8%→1%	8%→1%	8%→1%
平均値	1387.44	1191.7	1181.0	1180.8	1180.7
最小値	1239	1178	1171	1178	1165
標準偏差	65.95	20.08	6.90	2.57	7.73
モデル	6	4+5	4+6	5+6	4+5+6
余裕率	8%→4%	8%→4%	8%→4%	8%→4%	8%→4%
許可率	8%→1%	8%→1%	8%→1%	8%→1%	8%→1%
平均値	1181.6	1188.9	1182.2	1185.3	1185.2
最小値	1178	1173	1178	1178	1165
標準偏差	4.53	16.38	5.45	13.45	14.85

表5は50万世代での5機械20仕事での10回試行の結果である。やはりいくつかのモデルで最適解が得られている。表3と比べ標準偏差が小さく10機械10仕事より解を求めることがやや容易と考えられる。また500世代の結果ではモデル1を除きすべてのモデルで最適解を求めることができた。

7. 結論

50万世代の結果では、モデル4・5・6とも、モデル3の平均値を下回っていることから、いずれのモデルも処理の効果が上がっているといえる。また、複合モデルの中には厳密な最適解である930を導くことが可能になったものもあることから、複合モデルも有効であると推測できる。500万世代での結果では、改良を施したすべてのモデルにおいて厳密な最適解930を導いている。しかし、各パラメータはシミュレーションの所要時間の関係上、50万世代で最適になるように設定されているものを流用しており、また複合モデルになるに従ってパラメータの相互作用が増大するため、各パラメータをさらに微調整する必要があるため、値が適していない可能性も否定できない。

5機械20仕事については、モデル5とモデル4+5+6の複合モデルでは、50万世代でも厳密な最適解である1165を導き出すことが可能になった。また、500万世代においても他のモデルに比べ平均値が大きく下がり、厳密な最適解も50%の割合で導いており、この問題に適していることが分かった。

この問題は仕事数が20に対して遺伝子長が100であるため、距離による制限が特に有効に働いたと推測される。

謝辞

本研究は本学部の櫻井 由樹の卒業研究として纏められたものであり、研究に協力された同君に謝意を表す。

参考文献

- [1] 齊藤、佐古 日本オペレーションズ・リサーチ学会秋季研究発表会、1987
- [2] 中原、佐川 ウイルス臣下論、早川書房 1996