数理解析研究所講究録
899巻 1995年 167-173

2次元取合せ問題に対する遺伝アルゴリズムの適用

鳥取大学工学部　平山克己（ Katsumi　Hirayama）
鳥取大学工学部　河合　一（ Hajime　Kawai　）

1．まえがき

複数の図形を2次元領域に適当な制約のもとに配置したいという要求は、様々な場面で発生する。ＶＬＳＩのレイアウト、建築や都市計画のレイアウト、布地・ガラス・鉄などの効率的裁断などはすべてこのような配置問題の一種である。[1)]

これまで、オペレーションズ・リサーチ（ＯＲ）の分野では、組合せ問題に対して様々な最適化手法が提案されてきた。しかし、要素数が非常に多い実問題を求解する際には、従来の最適化手法では多大な計算時間がかかり実時間内で答えを求めることは実際には不可能であった。しかし、今日の計算機の目覚ましい発達により、要素数が非常に多い組合せ問題に対して、最適解ではなくともある程度良質な解を求めることが望まれるようになってきた。

このような状況の中で、近似解法によって非常に難しい問題の近似解を求めるアプローチが生まれた。最近の代表的な近似解法としては、ニューラル・コンピューティング、シミュレーティド・アニーリング、遺伝アルゴリズムなどが挙げられる。

本研究では配置問題に対して「生物の進化の法則」を模倣した優れたアルゴリズムである遺伝アルゴリズムを適用し、取合せ問題への新しいアプローチを試みる。また、数値実験を行うことにより、その有効性を検証する。

取合せ問題に遺伝アルゴリズムを適用した例としては、3次元箱詰問題に関する研究[2)]として川上らによって報告されている。本研究はこの研究の2次元の場合であり、基本的には同様の考えにより、遺伝ｱﾙｺﾞﾘｽﾞﾑを適用している。

但し、本研究ではこの3次元箱詰問題では考慮されていなかった板の向きを９０度回転した場合についても考慮し、より一般的なアプローチをめざしている。９０度回転を許した場合、組合せ数は元の問題の組合せ数に2の（板枚数）乗倍した大きさになり、複雑になる。そこで本研究では、板の縦横を遺伝子により決定することにより、板枚数が増加した場合でも、探索範囲をある程度限定しながら探索する方法を提案し、４章の数値実験ではＣＡＳＥ３でその有効性を示す。

2．遺伝アルゴリズムの概要

遺伝アルゴリズムは、1960年代にアメリカのホーランドによって基本的な考え方が提唱されたアルゴリズムである。この章では遺伝ｱﾙｺﾞﾘｽﾞﾑの概要について説明する。

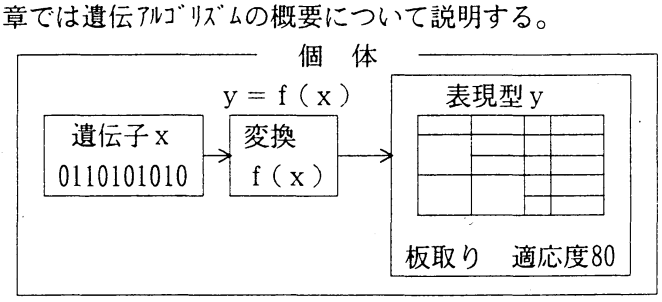

図1　板取り問題のコーディングの例

遺伝アルゴリズムは図１に示すような遺伝子と呼ばれる数字もしくは文字列からなり、その複数の数字列を最適化問題であればある解候補に変換する。この変換は一般的にｺｰﾃﾞｨﾝｸﾞと呼ばれる。

また、遺伝子を何らかの解に変換したものを表現型と呼び、これらの遺伝子と表現型が１対１対応、もしくは、１対多対応するようにコーディングしたものを個体と呼ぶ。各個体はそれぞれの表現型から適応度と呼ばれる評価関数値を計算することができる。

遺伝アルゴリズムは図２のように、まず、複数の個体からなる初期個体群と呼ばれる初期解を生成する。

この初期解はランダムに生成しても、他の手法により生成しても良い。これらの初期個体から交叉、突然変異等の遺伝子演算と呼ばれる演算をすることにより、次の世代の個体を生成する。ここで、図２では交叉は一点交叉、突然変異は一点逆位の例を示している。この他にも様々な交叉、突然変異の方法が提案されており、問題に適した遺伝子演算を用いることができる。

ｔ世代に生成された個体と元の個体は淘汰され、適応度の高い個体だけがｔ＋１世代に生き残る。淘汰もまたルーレット方式、エリート保存方式等様々な淘汰の方法が提案されている。淘汰も問題に適した方法を用いなければならないが、本研究のように、最適な個体（解）を見つけることが問題の目的である場合はエリート保存方式が有効であると考えこの方式を採用した。

この処理を規定の世代数だけ繰返すことにより、より良い個体（解）だけが次世代に継承される。

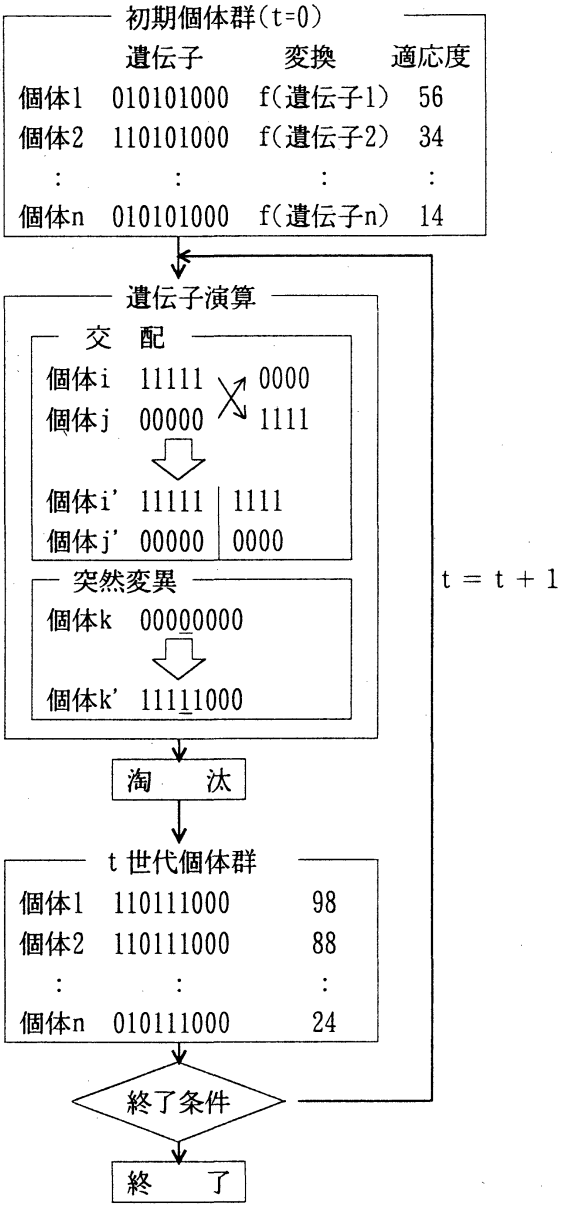

図２　遺伝アルゴリズムの概要

３．二次元板取り問題への遺伝ｱﾙｺﾞﾘｽﾞﾑの適用

問題の記述を以下に行う。

入物となる大板の寸法：$D_B=(W,L)$　　板群の個数　：n

板群の各子板の寸法　：$D_{Bj}=(w_j,l_j)$　(j=1、2、・・n)

ここで、入物となる大板を一つの隅が原点に当るようにX,Y座標内に設定する。

また、

m

また、

$$\text{面積率（＝適応度）} \quad : R=\{\sum_{j=1}^{m}(w_j \cdot l_j)/(W \cdot L)\}$$

選択された板の枚数　：m　とする。

ここで、W、Lは大板の幅、長さ、　w_j、l_jは子板の幅、長さを表す。

本研究の目的はこの面積率を最大にする様な子板の選択順と子板の配置位置を決定することである。

(1)子板選択方法

板の選択にはグリーディアルゴリズム[3)]を採用する。これは、最適化問題を解くとき、計算の各段階で最も利益の大きい部分解を選びながら計算を進め、それらの部分解を合わせたものを最終的に解にする技法のことである。この手法はある金額を何種類かの紙幣と硬貨で用意するときのように、おそらく種々の状況下で我々が無意識のうちに用いている素朴なアルゴリズムである。したがって、人間の考え方によく似ており、板取合せ問題においては大きな板から先に積めていく方法である。この考え方を用いて次の評価関数Qを最大とするような子板を選択する。

$$B^* = \{ B_j \mid \max Q_j \}$$

$$Q_j = e_1 \cdot f_1(w_j, l_j) + e_2 \cdot f_2(w_j, l_j) \qquad (1)$$

$$(j=1, 2, \cdots m)$$

ここで、B_jは板群の中のj番目の板、f_1、f_2は

1)大板形状との非相似度：$f_1(w_j, l_j)=(w_j/W)^2+(l_j/L)^2$

2)板の大きさの度合　　：$f_2(w_j, l_j)=(w_j \cdot l_j)/(W \cdot L)^2$

e_1、e_2は重み付けパラメータであり、e_1がe_2よりも大きい場合、f_1の非相似度項が子板選択に強く影響し、大板と非相似形の子板が選択されやすくなる。逆に、e_1がe_2小さい場合、f_2の項が子板選択に強く影響し、面積の大きい子板が選択されやすくなる。

(2)配置位置選択方法

子板が1つ配置される度に新しい配置位置候補の集合を次の手続により更新する。例えば、配置位置(X, Y)にk番目の子板、巾w_k、長さl_kが配置されたとする。この時、k-1番目の配置位置候補の集合に2点$(X+w_k, Y)$、$(X, Y+l_k)$を追加し、(X, Y)を削除する。したがって、k番目の配置位置候補の集合の要素数はk個となり、1番目の板の配置位置候補は{(0, 0)}である。

配置位置候補の中から配置位置を選択する関数は

$$(x^*, y^*) = \{(x_k, y_k) \mid \min P_k \}$$

$$P_k = e_3 \cdot x_k^2 + e_4 \cdot y_k^2 \quad (k=1, 2, \cdots m) \qquad (2)$$

とする。そして、配置位置候補の集合の全要素についてPを求め、最もPを最小にするような配置位置(x_k, y_k)を選択する。

選択された配置位置(x_k, y_k)に、(1)式の板選択関数により選択された子板が配置可能かどうかを調べ、配置可能であれば配置し、その配置位置候補を配置位置候補集合の要素から削除する。また、板群の中から選択子板を削除する。選択された配置位置に選択された子板が配置不可能であれば、子板選択の操作を再帰的に繰り返し、配置可能な子板を(1)式の板選択関数により探索する。板群におけるすべての子板が配置不可能であれば、他の配置候補点を(2)式の配置位置選択関数により再帰的に探索する。

また、e_3、e_4は重み付けパラメータであり、e_3がe_4より大きい場合、X軸方向よりの配置位置候補の中から配置位置選択関数の値が小さいものを選ぶ傾向が強く表れる。逆に、e_3がe_4より小さい場合、

Y軸方向よりの配置位置候補の中から配置位置選択関数の値が小さいものを選ぶ傾向が強く表れる。

このように重み付けパラメータの値が変化することによって、選択される子板の配置順と配置位置が変化し、最終的に取合せ結果も変化する。

そこで、これらe_1～e_4の４つのパラメータを遺伝アルゴリズムを用いてチューニングすることにより面積率を最大とするような子板の配置順と配置位置を求める。この時、e_1～e_4はそれぞれ、４ビットの二進数(0-1)で表す。それらをつなげた形で１本のストリングを表現し、図３のＳような１６ビットの二進数で表される。

また、本研究では、図４のような子板を９０度回転さすことによって、子板の幅、長さを入換えることを許した場合を考える。９０度回転を許さない場合を４章のＣＡＳＥ１で数値実験を行うことにより、e_1～e_4のパラメータチューニングを遺伝アルゴリズムによって行った場合の評価を行う。

S_p =	e_1	e_2	e_3	e_4
個体1	0101	1010	1010	0100
個体2	1010	0010	0100	1100
:			:	
個体n	0010	1100	1000	0101

ここで、ｐは個体番号(p=1,2･･･ｎ)

図３　ﾊﾟﾗﾒｰﾀのｺｰﾃﾞｨﾝｸﾞ

S_p =	e_1 e_2 e_3 e_4		123･･･i･･m
個体1	1011010101001 00		010･･･0･･0
個体2	0100010010011 00		011･･･1･･1
:	:	+	:
個体n	0101100100001 01		110･･･0･･0

ﾊﾟﾗﾒｰﾀ決定する部分　縦横を決定する部分

$$i=\begin{cases}0;\text{板は入力ﾃﾞｰﾀ通りの}w_i,l_i\text{で配置}\\ 1;\text{板を９０度回転して}w_i=l_i,\ w_i=l_i\text{として配置}\end{cases}$$

図４　ﾊﾟﾗﾒｰﾀ＋縦横決定のためのｺｰﾃﾞｨﾝｸﾞ

次に、９０回転を許した場合についてＣＡＳＥ２、３で考える。ＣＡＳＥ２では子板の縦横の選択は子板選択関数Ｑだけで行い、ＣＡＳＥ３では、先に述べたe_1～e_4の他にｉ番目に配置される子板の縦横を0-1の二進数で表し、次のように遺伝子Ｓにつけ加え、子板の縦横を遺伝子によって選択する方法を提案した。

ＣＡＳＥ１、２、３では同じデータを用いた。また、遺伝アルゴリズムの交叉はＰＭＸ法、突然変位は逆位、淘汰はエリート保存戦略を用いた。但し、ＣＡＳＥ３の子板の縦横を選択する遺伝子とパラメーターチューニングを行う遺伝子の交叉や突然変異は独立して行うようにした。

4．数値実験

本研究では、グリーディアルゴリズムのパラメーターチューニングに遺伝アルゴリズムを適用した次の３ケースについて、人間が実際に大板から生成したデータを用いてシミュレーションにより実験を行った。

ＣＡＳＥ１

入力データの９０度回転を許さず、ｸﾞﾘｰﾃﾞｨｱﾙｺﾞﾘｽﾞﾑ+　遺伝アルゴリズムを用いた板取り

ＣＡＳＥ２

入力データの９０度回転を許し、縦横両方のデータを用意して板選択評価関数Ｂを求めるｸﾞﾘｰﾃﾞｨｱﾙｺﾞﾘｽﾞﾑ+遺伝アルゴリズムを用いた板取り

ＣＡＳＥ３

入力データの９０度回転を許し、ｸﾞﾘｰﾃﾞｨｱﾙｺﾞﾘｽﾞﾑ＋遺伝子により縦横の板の配置を決定する遺伝アルゴリズムを用いた板取り

5．実験結果

以下に各ＣＡＳＥの取合せ結果（各世代における最も適応度の高かった個体の取合せ結果）を示す。

ＣＡＳＥ１

９０度回転を許さないデータでは0世代目で面積率94.8%、50世代目で面積率99.0%となった。板取合せ結果を図５，６に示す。また、入力ﾃﾞｰﾀの縦横を全て入換えて計算した結果を図７に示す。この時、解の改善は見られなかった。

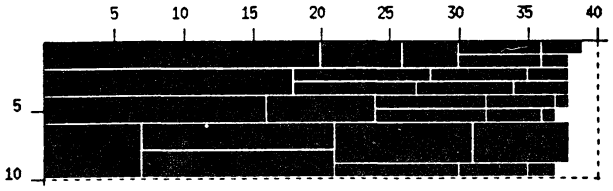

図５　ＣＡＳＥ１の0世代目の取合せ結果

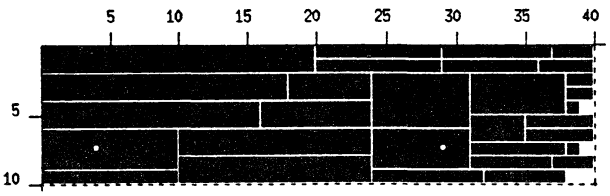

図６　ＣＡＳＥ１の50世代目の取合せ結果

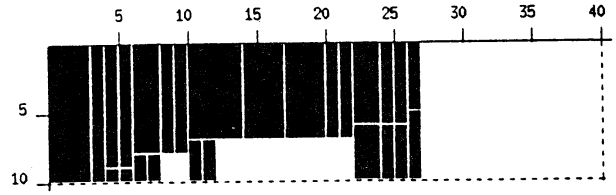

図７　ＣＡＳＥ１の縦横を入れ替えた取合せ結果

ＣＡＳＥ２

0世代目で面積率41.0%，6世代目で面積率73.0%，21世代目で面積率90.0%となったが、21世代目から解の改善は見られなかった。板取合せ結果を図８～１０に示す。

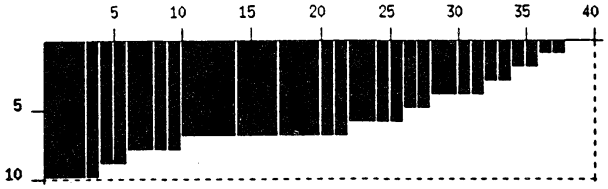

図８　ＣＡＳＥ２の0世代目の取合せ結果

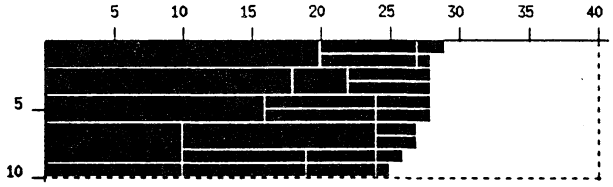

図９　ＣＡＳＥ２の6世代目の取合せ結果

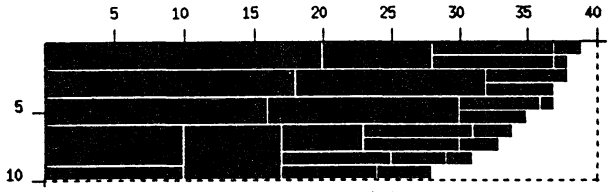

図10　ＣＡＳＥ２の21世代目の取合せ結果

ＣＡＳＥ３

0世代で面積率97.0%から15世代で100%と改善された。0，9，15世代の取合せ結果を図11～13に示す。

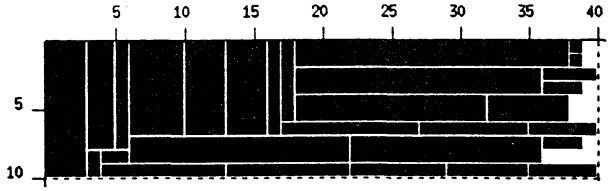

図11　ＣＡＳＥ３の0世代目の取合せ結果

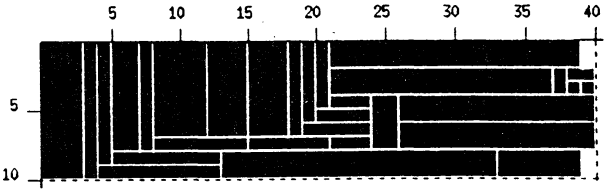

図12　ＣＡＳＥ３の9世代目の取合せ結果

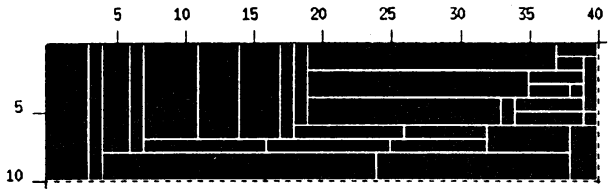

図13　ＣＡＳＥ３の15世代目の取合せ結果

データ２での、各ＣＡＳＥの世代の推移による適応度の変化の様子を図 18に示す。

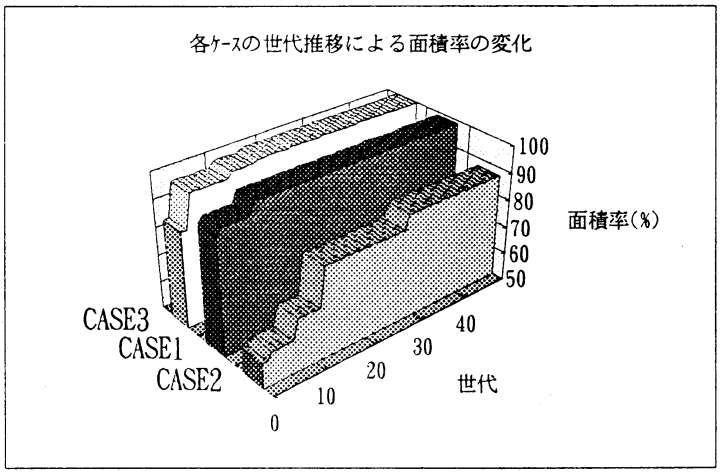

図14　データ２の世代おける面積率の推移

６．考　察

ＣＡＳＥ１では図３～５が示すように、90度回転を許さない場合、90回転が許された場合に最適解（面積率100%）が求められるデータでさえも最適解を求めることができないことがある。これは解の探索範囲の広さから考えても当然いえることであるが、縦横を入換えたダミーのデータを用意した場合、解の探索範囲（組合せ数）はただ単に２倍では済まず、子板数の指数関数に比例して増加するからでである。

ＣＡＳＥ２では図６～８が示すように、毎回板を選択する時、縦横同様な向きの板を選択する傾向がある。これは各板に対して縦向き、横向き両方の板選択関数の評価値を持っており、その評価値の大きい板から選択するからであると考えられる。その結果、遺伝アルゴリズムによる重み付けパラメータの値が縦横を選択する自由度を逆に失っていると考えられる。また、ＣＡＳＥ２のように縦横２枚の子板があると想定した場合、板選択関数により子板が一枚選択されると子板は一度に２枚減ることになる。また、板選択関数は再帰的であるため、板が選択される前と後では配置可能な板の数は大きく減少する。これでは効率的な探索が行えるとはいいがたい。なぜなら、最初の探索範囲は無闇に広いが板選択関数によって板が選択されていく度に次の板を選択できる数は指数的に減少していくからである。

ＣＡＳＥ３では予想以上の結果が得られた。この理由として、板選択関数よりも、縦横を決定する遺伝アルゴリズムによる探索能力の強靭さが上げられる。また、９０度回転を許した場合、ＣＡＳＥ２のアルゴリズムが縦横の選択の自由度を失っているのに対して、遺伝子により縦横を決定するＣＡＳＥ３は一見自由度を狭められていると考えられるが、むしろ遺伝アルゴリズムの探索能力によって自由度を広げていると考えられる。その増加した自由度を板選択関数がうまく吸収し、今回の結果が

ら得られていると考えられる。

7．あとがき

本研究では90度回転を許した２次元板取り問題に対し遺伝ｱﾙｺﾞﾘｽﾞﾑを用いた有効な手法を提案できた。今後、他の組合せ問題に対しても遺伝ｱﾙｺﾞﾘｽﾞﾑを用いてｱﾌﾟﾛｰﾁしていきたい。

参考文献

1)北野宏明：遺伝ｱﾙｺﾞﾘｽﾞﾑ、産業図書(株)、pp165～166
2)川上　敬、皆川雅章、嘉数　侑昇：「３次元箱詰問題に関する研究-ｼﾞｪﾈﾃｨｯｸｱﾙｺﾞﾘｽﾞﾑによるｱﾌﾟﾛｰﾁ-」
3)上中秀介、藤井　弘、加藤直樹：「２次元板取り問題における２つのｱﾙｺﾞﾘｽﾞﾑのｼﾐｭﾚｰｼｮﾝによる性能評価」