

2次元取合せ問題に対する遺伝アルゴリズムの適用

平山 克己*・河合 一

*社会開発工学専攻・社会開発システム工学科

(1994年8月29日受理)

A Genetic Algorithm for Solving 2-Dimensional Packing Problem

by

Kastumi HIRAYAMA¹⁾, Hajime KAWAI²⁾

¹⁾Course in Engineering of Social Development

²⁾Department of Social Systems Engineering

(Received August 29, 1994)

This paper describes a new approach to solve the two dimensional packing problem which is known as NP-complete (Non-deterministic Polynomial) problem of two dimensional geometry. We propose an approach applying Genetic Algorithms in order to guide a search process effectively and obtain a near-optimal allocation. Genetic Algorithms are search algorithms based on the mechanics of survival and randomized information exchange. Packing method is controlled by evaluation functions which describe the selecting a box and space allocation. Genetic operators are applied to bit strings and combined the weighted coefficients of evaluation items.

Key words : Genetic Algorithms, Bin-Packing Problem

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。』

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、シミュレーテッド・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、組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、遺伝アルゴリズムを適用している。

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)乗倍した大きくなり、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CASE 3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ゴリズムの概要について説明する。

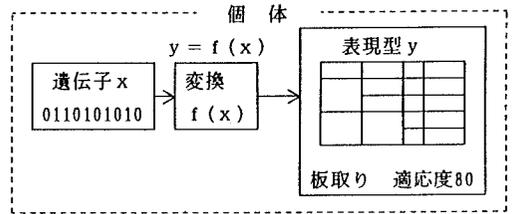


図1 板取り問題のコーディングの例

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ディングと呼ばれる。

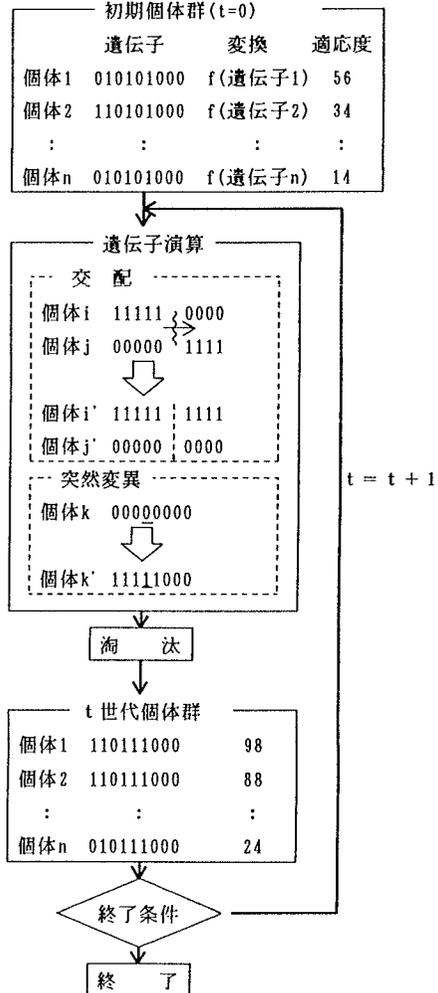


図2 遺伝アルゴリズムの概要

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

3. 二次元板取り問題への遺伝アルゴリズムの適用

問題の記述を以下に行う。

入物となる大板の寸法： $D_n=(W, L)$

板群の個数： n

板群の各小板の寸法： $D_{n_j}=(w_j, l_j)$ ($j=1, 2, \dots, n$)

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、

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

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 は小板の幅、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小板の選択順と小板の配置位置を決定することである。

(1) 小板選択方法

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。この考え方をういて次の評価関数Qを最大とするような小板を選択する。

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

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

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

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 より大きい場合、 f_1 の非相似度項が小板選択に強く影響し、大板と非相似形の小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 の項が小板選択に強く影響し、面積の大きい小板が選択されやすくなる。

(2) 配置位置選択方法

小板が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番目の小板、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

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

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

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小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、板群の中から選択小板を削除する。選択された配置位置に選択された小板が配置不可能であれば、小板選択の操作を再帰的に繰り返し、配置可能な小板を(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小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、選択される小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、本研究では、これら $e_1 \sim e_4$ 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小板の配置順と配置位置を求める。この時、 $e_1 \sim e_4$ 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、次のSのような16ビットの二進数で表される。

$S_p = e_1 e_2 e_3 e_4$
 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)

また、本研究では、小板を90度回転させることによって、小板の幅、長さをいれか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5章のCASE1で数値実験を行うことにより、 $e_1 \sim e_4$ 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。

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

$S_p = e_1 e_2 e_3 e_4 \quad 123 \dots i \dots m$
 個体1 101101010100100 010...0..0
 個体2 010001001001100 011...1..1
 : : :
 個体n 010110010000101 110...0..0

n:幅決定する部分 縦横を決定する部分

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

CASE1、2、3で用い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の小板の縦横を選択する遺伝子とパラメータ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、一様乱数により生成したデータ1と人間が実際に大板から生成したデータ2の2種類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、グリーディアルゴリズム+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を求めるグリーディアルゴリズム+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、グリーディアルゴリズム+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

実験データ

<データ1>

幅	長	枚	幅	長	枚
1	4	2	3	6	3
2	5	1	4	3	1
3	4	3	1	4	3
2	3	3	6	5	1
5	6	3	5	2	2
6	5	2	2	1	1
3	4	1	1	2	3
6	3	3	4	1	3
1	2	3	1	4	1
4	3	3	2	1	3
3	2	3	5	6	2
6	1	3	4	5	2
1	6	2	1	4	1
2	3	3	4	1	3
3	6	1	1	2	3
4	3	3	計		71

<データ2>

幅	長	枚
7	4	1
7	3	2
10	3	1
14	2	2
16	2	1
18	2	1
20	2	1
4	2	1
6	2	1
8	2	1
1	1	2
2	1	2
3	1	2
4	1	2
5	1	2
6	1	2
7	1	2
8	1	2
9	1	2
10	1	1
計		31

<遺伝アルゴリズムのn:パラメータ>

個体数 ; 20

世代数 ; 50

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。

(1)データ1を用いてシミュレーションを行った場合
CASE 1

0世代目で面積率100%となった。板取合せ結果を図3に示す。

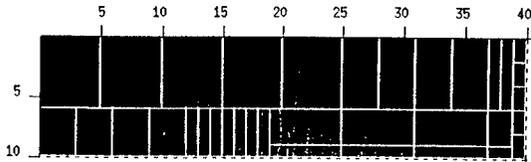


図3 CASE 1の取合せ結果

CASE 2

0世代目で面積率92.5%, 10世代目で面積率95.5%, 50世代目で面積率98.5%となった。板取合せ結果を図4~6に示す。

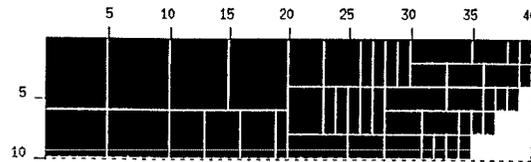


図4 CASE 2の0世代目の取合せ結果

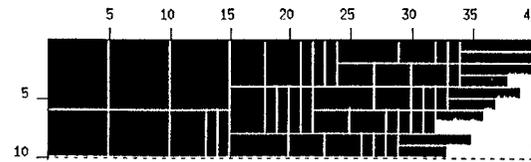


図5 CASE 2の10世代目の取合せ結果

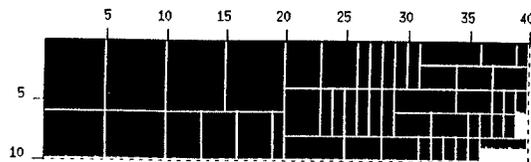


図6 CASE 2の50世代目の取合せ結果

CASE 3

0世代目で面積率99.5%, 1世代目で面積率100%となった。0.1世代目の板取合せ結果を図7, 8に示す。

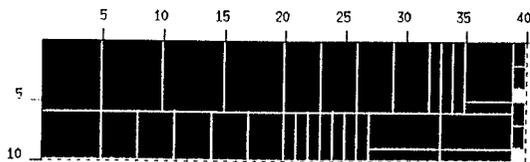


図7 CASE 3の0世代目の取合せ結果

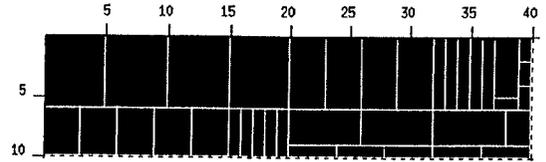


図8 CASE 2の0.1世代目の取合せ結果

(2)データ2を用いてシミュレーションを行った場合

CASE 1

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9, 10に示す。また、入力データの縦横を入れ替えて計算した結果を図11に示す。この場合0世代目から解の改善は見られなかった。

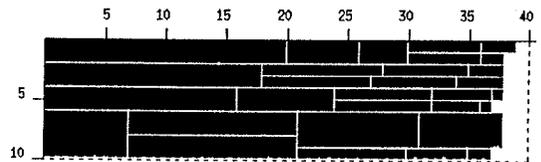


図9 CASE 1の0世代目の取合せ結果

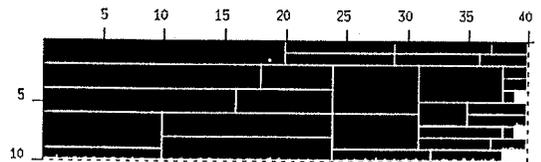


図10 CASE 1の50世代目の取合せ結果

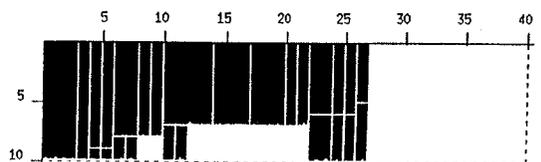


図11 CASE 1の縦横を入れ替えた取合せ結果

CASE 2

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12~14に示す。

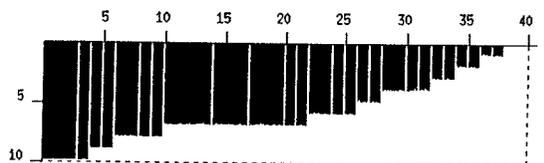


図12 CASE 2の0世代目の取合せ結果

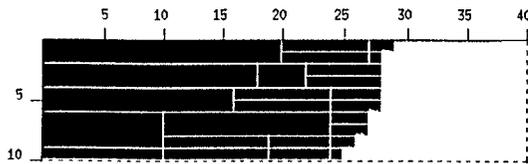


図13 CASE 2の6世代目の取合せ結果

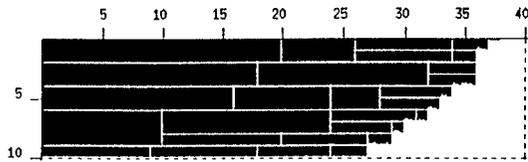


図14 CASE 2の21世代目の取合せ結果

CASE 3

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15~17に示す。

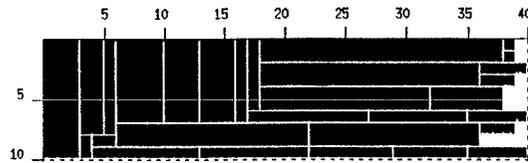


図15 CASE 3の0世代目の取合せ結果

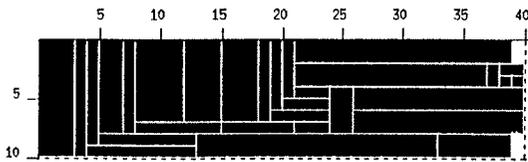


図16 CASE 3の9世代目の取合せ結果

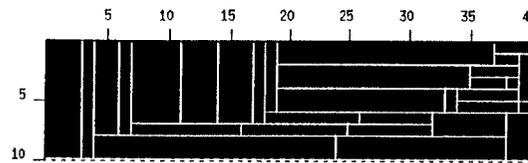


図17 CASE 3の15世代目の取合せ結果

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。

各ケースの世代推移による面積率の変化

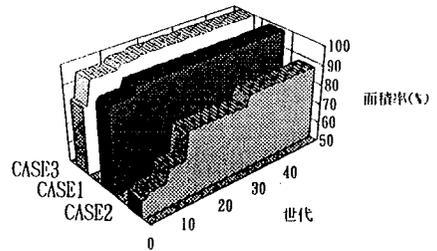


図18 データ2の世代における面積率の推移

6. 考察

実験結果から、CASE 3の90度回転を遺伝アルゴリズムの遺伝子により決定するアルゴリズムの有効性が検証できた。

CASE 1のグリディアルゴリズムと遺伝アルゴリズムだけでは、板の90度回転を許していないが、データ1では問題なく面積率を100%にすることができた。これは入物である大板面積に対して、投入する板の総面積が十分ある場合には有効であるが、データ2のように大板の面積に対して投入する板の総面積が同じであるパズルのような問題の場合、90度回転を許されないアルゴリズムでは、図11のように良い結果が得られないということが判る。

CASE 2ではデータ1の場合、まずまずの結果が得られたと思う。今回の実験では世代数を50までとしたが、もう少し世代数を増やせば面積率100%になる可能性は大きい。しかし、CASE 1よりも悪い結果が得た原因としては、90度回転を許したため、解の探索範囲が広がり板選択関数だけでは効率的な探索が行えなかったことを図4~6が示していると考えられる。

また、データ2では、図12~14が示すように、毎回板を選択する時、縦横同じ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ため遺伝アルゴリズムによる重み付けパラメータの値に対して縦横を選択する自由度を逆に失っていると考えられる。

CASE 3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、CASE 2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、今回の結果か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ゴリズ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ゴリズムを用いてアプローチしていきたい。

参考文献

- 1)北野宏明:遺伝アルゴリズム、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-遺伝的アルゴリズムによるアプローチ-」
- 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つのアルゴリズムのシミュレーションによる性能評価」

