変形フローショップスケジューリング問題における 遺伝アルゴリズムの個体の考察

学生員 飯 間 等 (京都工繊大)

正 員 三 宮 信 夫 (京都工繊大)

A Study on Individual in Genetic Algorithm for a Modified Flowshop Scheduling Problem

Hitoshi Iima, Student Member, Nobuo Sannomiya, Member (Kyoto Institute of Technology)

This paper deals with an optimal production ordering problem for a modified flowshop manufacturing process having several machines and a carrier. The carrier carries a product between the machines and the yards. Through the motion of the carrier, the succeeding part of the process gives an influence on the preceding part. This leads to a complicated constraint of the problem. Further, the objective function is defined for evaluating a constant rate of production as well as the total processing time.

For obtaining a good suboptimal solution, the genetic algorithm (GA) is applied to this problem. GA is a new method to solve combinatorial optimization problems by simulating the process of natural evolution. The individual description and the procedures for carrying out the operations of reproduction, crossover and mutation are shown. Particularly, our attention is paid to the characteristics of individual description and the effects of redundancy and lethal gene in the individual description.

キーワード：遺伝アルゴリズム (GA)，組合せ最適化，フローショップスケジューリング

1. ま え が き

離散型生産計画スケジューリングは、製造工程のシステム化を目指している FMS (Flexible Manufacturing Systems) の構築にあたり、考察しなければならない基本的課題である。この問題はこれまで、実行可能解の改善を目指して、欲張り法などのヒューリスティック法⁽¹⁾やシミュレーション技法⁽²⁾が適用されてきた。一方、最適性の追求は、この問題が NP 完全な問題なので、限定された目的関数や制約条件の場合しか有効な解法を見いだせなかった。しかし、一般に生産システムの目標や制約は多種多様であり、そのような問題に柔軟に対応できる解法が望まれる。

これまで製造工程で基本的な型の一つであるフローショップ型製造工程について種々の検討が行われてき

たが、実際の工場では他の様々な制約が加わるのが普通である。本研究では、2 機械のフローショップ型製造工程に搬送車の運行上の制約を加えた問題を考察する。本問題の計画目標としては、総処理時間の最小化と各製品の生産比率の一定化の二つを設定する。総処理時間の最小化は機械の運転経費や人件費などの製造コストを下げることができ、生産比率の一定化は加工する際に用いる部品の生産量や運搬量の変動を小さくしたり、在庫の低減を図ることができる⁽¹⁾。この問題で総処理時間最小化のみを考慮した場合は、木瀬ら⁽³⁾によって分枝限定法を用いて解かれているが、本問題では目的関数をより一般的に設定しているので、分枝限定法を適用して最適解を得ることは容易ではない。

最近、組合せ最適化問題を解くための方法として、生物学あるいは物理学の知識を応用したものが出現し

ている。そのなかの一つに、生物の進化過程を模擬することによって解を得る遺伝アルゴリズム (Genetic Algorithm: GA) がある⁽⁴⁾⁽⁵⁾。GA は学習システム、生物進化モデルあるいは人工生命の基本アルゴリズムなどにも用いられるが、最適化問題の解の探索法としてみた場合、原理が理解しやすい、複数の探索点を並列にかつ確率的に調べるために大域的最適解を得やすい、目的関数がどのような形に与えられていても適用できるなどの利点がある。GA を個々の問題に適用する場合、個体表現や遺伝演算子の構成に関して、問題固有の知識を利用すると有効なことが多い。その意味で、GA はヒューリスティック法のように全く問題に依存する解法ではないが、問題に柔軟に対応できる要素を含んだ解法であると考えられる。

本研究では、さきに述べたスケジューリング問題に対する GA の構成法を提案する。特に個体表現において 3 種類の遺伝子の並べ方を提案し、計算結果を比較する。また、問題の制約のために生じやすい個体の冗長性や致死遺伝子について検討する。

2. 変形フローショップスケジューリング問題

図 1 に示されるフローショップ型加工工程で、 N 種類の製品 A_i ($i=1, 2, \dots, N$) が機械 1, 2 の順に加工される問題を考える。製品 A_i の生産量は Q_i で、機械 ν ($\nu=1, 2$) における生産時間は $h_{i\nu}$ であるとする。また、各機械の入力側および出力側に容量 1 のバッファ C_ν および B_ν がそれぞれ設けられており、その機械での加工前および加工後の製品はこのバッファに置くことができる。

製品は加工前製品置き場 Y_1 → 機械 1 → 機械 2 → 加工後製品置き場 Y_2 の順に流れていき、この製品の運搬は Y_1 から出発する 1 台の搬送車が行っている。搬送車は一定速度で巡回しているが、各機械に到着した

図 1 加工工程
Fig. 1. A production process.

ときにまだ製品が加工されていない場合には、加工完了までその場で待機するものとする。ただし、搬送車の第 1 周目は機械 1, 第 2 周目は機械 2 へ製品を運んだ後は空のまま動くものとする。搬送車が機械 ν_i から時計周りに回って初めて機械 ν_j に到着するまでの時間 (待ち時間は含まない) は $\delta_{\nu_i\nu_j}$ とする。また、 Y_1 を便宜上機械 0 とする。

このシステムにおいて、各製品の生産比率をなるべく計画目標に近づけ、かつ総生産時間をなるべく短くするには、どのような順序で製品を投入すればよいかという問題を考える。

問題を定式化するために、次の変数を定義する。

i_s : 第 s 番目に生産される製品の番号

$\tau_\nu(s)$: 機械 ν で第 s 番目に生産される製品 A_{i_s} の生産開始時点

$t_\nu(s)$: 機械 ν で第 s 番目に生産される製品 A_{i_s} の生産完了時点

$x_i(k)$: 機械 2 における製品 A_i の k 時点の生産累計

Q : 総生産量 ($=Q_1+Q_2+\dots+Q_N>1$)

T : 総生産時間

($\nu=1, 2; i, i_s=1, 2, \dots, N; k=1, 2, \dots, T; s=1, 2, \dots, Q$)

まず、 $\tau_\nu(s)$ を求める。 $\tau_\nu(s)$ は搬送車の到着時点と第 $(s-1)$ 製品の生産完了時点のうちの大きいほうとなるから、次のように与えられる。

(i) 機械 1 について

$$\tau_1(1) = \delta_{01} \dots \dots \dots (1)$$

$$\tau_1(2) = \max[\delta_{00} + \delta_{01}, t_1(1)] \dots \dots \dots (2)$$

$3 \leq s \leq Q+1$ のとき

$$\tau_1(s) = \max[\tau_2(s-2) + \delta_{21}, t_1(s-1)] \dots \dots \dots (3)$$

なお、 $\tau_1(Q+1)$ は後述の (5) 式で用いる。

(ii) 機械 2 について

$$\tau_2(1) = \tau_1(2) + \delta_{12} \dots \dots \dots (4)$$

$2 \leq s \leq Q$ のとき

$$\tau_2(s) = \max[\tau_1(s+1) + \delta_{12}, t_2(s-1)] \dots \dots \dots (5)$$

(3), (5) 式より、通常のフローショップスケジューリング問題には見られない特徴として、(i) 後工程の影響が前工程に及ぶこと、(ii) 後に投入する製品の影響が前に投入する製品に及ぶことが挙げられる。

次に、 $t_\nu(s)$ は次式で与えられる。

$$t_\nu(s) = \tau_\nu(s) + h_{i_s\nu} \dots \dots \dots (6)$$

このとき、総生産時間は次のようになる。

$$T=t_2(Q) \dots\dots\dots (7)$$

次に、各製品の生産累計を求めるために、次の変数

$$u_i(k)=\begin{cases} 1 & k=t_2(s), i=i_s \text{ のとき} \\ 0 & \text{その他のとき} \end{cases} \dots\dots (8)$$

を導入する。すなわち、 $u_i(k)$ は機械 2 において製品 A_i が k 時点で生産完了したとき 1 の値をとり、それ以外では 0 となる変数である。このとき、 $x_i(k)$ は次式を満足する。

$$x_i(k)=x_i(k-1)+u_i(k) \dots\dots\dots (9)$$

$$x_i(0)=0 \dots\dots\dots (10)$$

$$x_i(k) \leq Q_i \dots\dots\dots (11)$$

$$x_i(T)=Q_i \dots\dots\dots (12)$$

いま生産計画の目標として、各製品ともなるべく時間的に一定の割合で生産することが望ましいと考える。このとき、 k 時点における製品 A_i の生産の目標値は、

$$m_i(k)=Q_i(k/T) \dots\dots\dots (13)$$

となるので、最小にすべき目的関数として次式が得られる。

$$z^1=\sum_{k=1}^T \sum_{i=1}^N [x_i(k)-m_i(k)]^2 \dots\dots\dots (14)$$

一方、総生産時間を最小にするという目標に対して

$$z^2=T \dots\dots\dots (15)$$

が目的関数として与えられる。従って、本問題では z^1 と z^2 の重み付き和：

$$z=\alpha z^1+\beta z^2 \quad (\alpha, \beta \geq 0) \dots\dots\dots (16)$$

を最小にする最適化問題として扱うことにする。

3. 遺伝アルゴリズムの構成法

自然界における生物の進化過程では、ある世代を形成している個体の集合（個体群）の中で環境への適応度の高い個体が多く生き残るように淘汰される。また、交差や突然変異が生じて、良い形質が伝えられて次の世代が形成される。以上が繰り返されて十分経過した世代では適応度の極めて高い個体群ができる。GA は個体を解の候補、適応度を目的関数に置き換えて、上記の手順を模擬することにより準最適解を得る方法である。

基本的な GA では、1 世代中で淘汰、交差および突然変異（これらは遺伝演算子と呼ばれる）を順に適用し、これを t^* 世代繰り返して、 t^* 世代における最も良い個体を準最適解とする。設計者は個体の表現法と遺伝演算子の構成法を考える必要があり、この構成いかんで得られる解の精度が変わってくる。以下、本問題に対する GA の構成法を述べる。特に遺伝子の

並べ方を 3 種類提案し、次章で計算結果を比較する。

〈3・1〉 アルゴリズムの概要 本研究では GA の全体の手順は次の 5 ステップからなる。なお、個体数は世代を通じて一定であるとする。

〔ステップ 1〕 M 個の個体をランダムに生成して、初期個体群を設定する。世代を $t \leftarrow 1$ とする。

〔ステップ 2〕 各個体の適応度を計算して、適応度に依存した規則で個体の淘汰を行う。

〔ステップ 3〕 M 個の個体をランダムに 2 個ずつ組み合わせて、確率 P_c で交差を行い、新しい個体（子）を生成する。子は、その生成に関与した古い個体（親）と置き換わる。

〔ステップ 4〕 M 個の個体の各々について、確率 P_m で突然変異を行う。得られた子を親と置き換える。

〔ステップ 5〕 $t=t^*$ ならば、そのとき得られている適応度が最大の個体を問題の準最適解として計算を終える。否ならば、 $t \leftarrow t+1$ として〔ステップ 2〕へ戻る。

〈3・2〉 個体の表現法 GA では解を個体と呼び、これを遺伝子の配列（染色体）で表現する。本問題の解は Q 個の製品の投入順序列で与えられるので、第 s 番目に投入する製品を A_{is} とすれば、 A_{is} が遺伝子にあたる。また、遺伝子の種類を対立遺伝子、染色体中の位置を遺伝子座という。本研究では、次の 3 種類の個体表現を考える。

(1) 個体表現 1 (Individual Description 1 : D1)

投入順序 $1, 2, \dots, Q$ に従って製品または製品番号を並べた列 $\{A_{i_1}, A_{i_2}, \dots, A_{i_Q}\}$ または $\{i_1, i_2, \dots, i_Q\}$ で表現する。

このような記号列の表現を遺伝子型、それによって定まる個体の性質を表現型という。D1 において遺伝子を投入順に並べているが、遺伝子の並べ方には任意性があるので、次のような代替案を考える。

(2) 個体表現 2 (D2) D1 の前半分を後ろにもってきて、投入順序 $Q/2+1, Q/2+2, \dots, Q, 1, 2, \dots, Q/2$ に従って製品を並べた列 $\{A_{i_{Q/2+1}}, \dots, A_{i_Q}, A_{i_1}, \dots, A_{i_{Q/2}}\}$ で表現する。

(3) 個体表現 3 (D3) 投入順序 $1, 2, \dots, Q$ をランダムに並べ換えて $s_1, s_2, \dots, s_Q$ とする。この順序で製品を並べた列 $\{A_{i_{s_1}}, A_{i_{s_2}}, \dots, A_{i_{s_Q}}\}$ で表現する。

図 2 に $N=3, Q_1=Q_2=Q_3=2$ の場合の例を示す。これらはすべて同じ解を表している。D1 では染色体の両端に投入順序の最初と最後が、D2 では染色体の両端に投入順序の真中がくるようになっている。また、D1 および D2 は遺伝子の前後関係に直接つながりがある。これに対して、D3 はランダムに並べ換え

製品番号	$A_3A_1A_2A_2A_1A_3$	$A_2A_1A_3A_3A_1A_2$
投入順序	1 2 3 4 5 6	4 5 6 1 2 3
	D 1	D 2
製品番号	$A_2A_1A_2A_1A_3A_3$	
投入順序	4 2 3 5 6 1	
	D 3	

図 2 遺伝子の並べ方 ($Q_1=Q_2=Q_3=2$)
Fig. 2. Method for individual description.

ることにより、遺伝子の前後関係を壊した表現例である。本研究ではこれらの3種類の遺伝子の並べ方について比較検討を行う。

〈3・3〉 淘汰規則 淘汰は各個体の適応度を計算し、その値に応じて個体を増殖または死滅させる操作である。適応度は大きいほどよいが、本問題の目的関数は小さいほうがよいので、適応度の表現を次式のように定める。ここで、 f_j および z_j はそれぞれ各世代における個体 p_j ($j=1, 2, \dots, M$) の適応度および目的関数である。

$$f_j = U \min_{1 \leq k \leq M} z_k + \max_{1 \leq k \leq M} z_k - z_j \dots\dots\dots (17)$$

(17)式の右辺第1項および第2項は、 f_j の値が常に正となるように導入された定数である。また、第1項で $U (>0)$ は淘汰圧を調節するパラメータで、値が大きくなるほど悪い個体も生き残るようになる。通常GAではこのようなパラメータは設定せずに適応度の式を大きく変更することで淘汰圧を調節する。しかし、式を変更するよりも、淘汰圧を調節するパラメータを設定する方が取扱いが簡単であり、結果の見通しも容易であると思われる。また、本方式の基本的な考え方は、玉置ら⁽⁶⁾による遺伝アルゴリズムのダイナミクスに関するシミュレーション結果とも対応する。更にこの方式は、著者らの別のスケジューリング問題⁽⁷⁾にも適用してその有効性が確かめられたものである。

(17)式の適応度 f_j を用いて、個体 p_j の淘汰後における個数の期待値 E_j は次式のようになる。

$$E_j = f_j / \bar{f} \dots\dots\dots (18)$$

ここに、 $\bar{f}$ は適応度 f_j の平均値である。すなわち、

$$\bar{f} = \frac{1}{M} \sum_{j=1}^M f_j \dots\dots\dots (19)$$

通常GAでは、(18)式をもとにしてランダムに淘汰を行う。しかし、そのようにするとせっかく作られた良い個体を選ばれずに死んでしまうことがしばしばあり、ランダムに行うメリットはあまりない。そこで、ランダム性は他の遺伝演算子で考慮することにして、ここでは(18)式で得られる E_j を適当に整数化した値 e_j を用いて各個体の個数を増減し、淘汰を行う。

親1	4 2 1 6 5 4 3 2 1	4 2 1 4 1	3 2 1 2 4 6 6
親2	6 4 2 1 2 3 4 2 5	4 1 4 1 2	1 6 4 3 1 2 6
			↓
子1	6 4 2 1 2 3 4 5 1 4	2 1 4 1 2	6 6 4 3 1 2 6
子2	4 2 1 6 5 4 3 2 2 4	1 4 1 2 1 3	1 2 1 3 1 2 6 6
	①	②	③ ④

図 3 交差の例 ($Q=21$)
Fig. 3. Example of crossover operation.

〈3・4〉 交差規則 交差は2個体(親)の情報を何らかの意味で(できれば、最適になるように)受け継いだ新しい2個体(子)を作る操作である。本研究では次のような規則で行う。まず、二人の親の記号列の同じ位置に切れ目をランダムに2箇所入れる。このとき、子1に対する記号列を次のようにして作る。すなわち、まず左の切れ目の左側にある親1の記号列を、親2の記号列に現われる記号の順番に左から並び換えて配列する。次に二つの切れ目の間にある親1の記号列をそのままコピーする。最後に、右の切れ目の右側にある親1の記号列を、親2の記号列に右から現れる順番に右から並び換えて配列する。子2の記号列は親1と親2の立場を入れ換えて同様に作る。

この交差規則は次のような意味をもっている。すなわち、二つの親の良い部分列を組み合わせて良い記号列をもつ子を作ることを目指しているが、親の記号列のどの部分に良い情報が含まれているのかは未知なので、まずランダムに切れ目を2箇所入れる。次に、記号列の両端部にできるだけ良い情報を受け継がせるために、その部分に一方の親の部分列を保存させる。しかし、この操作は記号列の中央部付近では乱れてくるので、二つの切れ目の間には他方の親の部分列を保存させる。つまり、例えば子1の場合には、記号列の両端は親2から、また中央は親1から良い(本当は良いかどうかは不明であるがよいと仮定して)情報を受け継いでいる。

この交差規則の例を図3に示す。同図より、①④付近にある子の遺伝子は親と同じ位置にあるが、②③付近にある子の遺伝子は親とは離れた位置にあることがわかる。従って、この交差規則は染色体の両端部分の形質をよく保存しているといえる。

なお、この方法は巡回セールスマン問題に対する order crossover⁽⁴⁾ を本問題に適用できる形に拡張したものである。本研究の予備的考察⁽⁸⁾により本問題に種々の交差規則を考案して適用を試みたが、その結果この交差規則が有効であることが確かめられた。従って、本研究では交差規則として上に述べた方法を採用する。

〈3・5〉 突然変異規則 突然変異は1個体の一部

1 2 1 3 2 3 $\longrightarrow$ 1 2 2 3 1 3

図 4 突然変異の例 ($Q_1=Q_2=Q_3=2$)
Fig. 4. Example of mutation operation.

分をランダムに変更する操作である。本研究では1個体中の2箇所の遺伝子を交換する。図4に突然変異の例を示す。同図において、左から3番目と5番目のところで突然変異が生じている。

4. 計算例

数値例として、総生産量 $Q=10$ および20の小規模から中規模な事例を、それぞれの総生産量に対して50例ずつ作成した。各事例のパラメータは製品の種類のみを $N=6$ と固定し、その他のパラメータ、すなわち搬送車の移動時間 δ_{uv} 、各製品の生産時間 h_{iv} および各製品の生産量 Q_i はランダムに与えた。また、(16)式に含まれるパラメータを $\alpha=1$ および $\beta=1$ とした。更に、GAパラメータである個体数 M 、世代の終了値 t^* 、淘汰圧 U 、交差確率 P_c および突然変異確率 P_m は予備計算を行って以下のように定めた⁽⁴⁾。

$$M=40, t^*=50, U=0.01, P_c=1, P_m=0.01 \dots\dots\dots (20)$$

まず、目的関数は投入順序列のどの部分に影響されやすいかを調べる。 $Q=10$ の事例50例のそれぞれの最適な投入順序列を列挙法により求めた。この最適順序列に対して、両端の A_{i1}, A_{i2} および A_{i6}, A_{i10} を固定して残りを並び換えてできる投入順序列の目的関数値の集合を X とする。また、最適順序列の真中の A_{i4}, A_{i5}, A_{i6} および A_{i7} を固定して両端を並び換えてできる投入順序列の目的関数値の集合を Y とする。この二つの集合でそれぞれ平均値と分散を求めると表1のようになった。これより、投入順序列の両端の部分列を定めるほうが中央の部分列を定めるよりも良い解が得られやすいことがわかる。これが本問題に固有な解の性質であると考えられ、この性質を生かしてGAの解法を検討することが有用であると思われる。

前章で述べた3種類の遺伝子の並べ方で計算した結果とランダム法を用いて計算した結果を表2に示す。同表の値は50例の平均値である。また、ランダム法の探索回数はGAと同じ2,000 ($=Mt^*$) 回としている。同表より、D1, D2, D3, ランダム法の順に良いことがわかる。いずれにしてもGAはランダム法より良い結果が得られているが、特にD3が悪いのは、遺伝子の前後関係に直接つながりががないために交差規

表 1 投入順序部分列の目的関数値への寄与 ($Q=10$)

Table 1. Dependence of objective value on subsequence.

集合	平均値	分散
X	205.3	518.9
Y	233.8	2388.3

表 2 目的関数値の比較

Table 2. Comparison of objective value.

	$Q=10$	$Q=20$
D1	166.5	328.9
D2	171.4	348.2
D3	174.9	407.4
ランダム法	210.9	614.2

則が有効に働かなかったからであると思われる。D1がD2より良いのは以下のような理由であると思われる。すなわち、D1の染色体の両端には投入順序列の最初と最後の部分が、また、D2の染色体の両端には投入順序列の真中の部分が配列されており、交差によってその部分の形質が保存されやすい。一方、表1に示されているように、本問題は投入順序列の最初と最後に良い部分投入順序列がくれば良い解になりやすい。本研究で用いた交差規則によりD1で表された個体は、投入順序列の最初と最後の部分に存在する良い形質を保存しながら進化したものと考えられる。一方、D2で表された個体は、投入順序列の真中の部分の形質が保存されるが、それが必ずしも良い形質ではなかったので、両者を比べるとD1がD2より良い結果が得られたものと思われる。なお、 $Q=10$ の場合に列挙法で最適解を求めると、目的関数の最適値として166.3を得た。

以上より、遺伝子の並べ方は問題や交差の性質に依存するものであるといえる。従って、問題に応じてそれらの良い組合せを見いだす必要がある。

5. 個体表現における冗長性の検討

組合せ最適化問題では様々な制約条件があるために、GAは個体表現において(複数の遺伝子型が同一の表現型に対応しているという意味での)冗長性が生ずることがある。また、制約条件があるために致死遺伝子が生ずる場合が多い。一般に冗長性や致死遺伝子があると、それらが無い場合に比べてGAの性能が悪くなるといわれているが、その具体的な計算結果はあまり示されていない。そこでそれらの有無によってどのように結果が異なるのかを、本章では冗長性、次

章で致死遺伝子について示し、検討を行う。

本研究で提案した個体表現には冗長性は全くないので、次のような2種類の冗長な要素を入れる。なお、個体表現としてはD1を用いる。また、簡単のため遺伝子 A_i を単に i と表す。

A: 染色体中に c 個の無意味な対立遺伝子 ($N+1$) を適当な位置に入れる。個体から投入順序列を得る場合に、この対立遺伝子 ($N+1$) は全く参照されないものとする。

B: 染色体中に対立遺伝子 i ($i=1, 2, \dots, N$) を c_i 個ずつ追加する。個体から投入順序列を得る場合には、左から順に参照していき、対立遺伝子 i が Q_i 個出現した後の c_i 個は無視するものとする。

冗長な個体表現の例を図5に示す。同図において、(A1)–(A5)および(B1)–(B8)の表現はすべて(C)で与えられる投入順序列を意味しており、それだけ冗長性がある。Aは対立遺伝子 $\{N+1\}$ がどの遺伝子座にあっても常に無意味であるが、Bはあるときには無意味であっても、交差や突然変異の後に意味のある遺伝子に変わる場合がある。例えば(B1)において、一番左にある“2”と左から6番目の“③”が突然変

(A1) 5 2 4 3 1 (A2) 2 5 4 3 1 (A3) 2 4 5 3 1
(A4) 2 4 3 5 1 (A5) 2 4 3 1 5
(B1) 2 4 ④ 3 1 ③ (B2) 2 4 ④ 3 ③ 1 (B3) 2 4 3 ④ 1 ③
(B4) 2 4 3 ④ ③ 1 (B5) 2 4 3 1 ④ ③ (B6) 2 4 3 ③ ④ 1
(B7) 2 4 3 1 ③ ④ (B8) 2 4 3 ③ 1 ④
(C) 2 4 3 1

5 …… 無意味な遺伝子 ③④ …… 無視された遺伝子

図5 冗長な個体表現例
($Q=4, N=4, c=1, c_3=c_4=1$)

Fig.5. Example of redundant individual description.

図6 個体表現に冗長性がある場合の影響
($Q=20$)

Fig.6. Effect of redundancy in individual description.

異によって交換されると“③”は意味のある遺伝子に変わる。また、A, Bの表現法は冗長性だけでなく、染色体の長さが長くなることにも注意されたい。

$Q=20$ の事例50例に対して、それぞれの表現法を用いたGAを適用すると図6の結果が得られた。ここで、 c と c_i の関係は

$$c = \sum_{i=1}^N c_i \dots\dots\dots (21)$$

であり、各 c_i がなるべく同じ値になるようにした(例えば $c=7$ では $c_1=2, c_2=c_3=\dots=c_6=1$)。同図より、Aは c が大きくなっても目的関数値はそれほど悪くはならないことがわかる。このことは、“常に無意味な遺伝子が存在するような冗長性”や染色体の長さは、無意味な遺伝子は単に無視されるだけなのであまり悪い影響を与えないことを示唆している。しかし、Bは c の増加とともに目的関数値は悪くなる。これはある世代では意味のある遺伝子が次の世代では無意味になったりするので、GAがどの個体に進化すればよいのか迷ってしまい、遺伝演算子が有効に機能しなくなるからであると思われる。これより、“意味のある遺伝子に変わりうるような冗長性”は冗長性をなくすための工夫を凝らしたほうがよいことを示唆している。ただしその場合には、個体表現の工夫の結果、GAの他の部分で何らかの制約が生ずる可能性がある。

6. 致死遺伝子の検討

GAを構成した場合に実行不可能な解に対応する遺伝子型が生じる、すなわち生物学的に言えば個体に致死遺伝子が生ずることがあるが、そのときにはその個体の適応度を0にして淘汰で死滅させて、個体群中にはそのような個体を残さないように進化させていく方法をとることが多い。なお、適応度を0にするということは、最適化問題でしばしば用いられるペナルティー関数法を用いているのと同じことである。

致死遺伝子の影響を調べるために次の方法を用いる。淘汰における適応度の計算時に、各個体ごとに確率 P_d で致死遺伝子をもっているものとみなして、その個体の適応度を0にする。以上の方法を用いて、 P_d を変化させて、 $Q=10$ の事例50例を解くと図7のようになった。個体数が $M=40$ の場合は(20)式で与えられる標準的なGAパラメータを用いた場合であるが、 $P_d>0.6$ では解が急激に悪くなり、この場合にはこのようなGAを用いるべきではないことがわかる。また、 $P_d=0.85$ ですべての個体が致死遺伝子をもつことがあり計算不能となった。致死遺伝子をもつ

図 7 致死遺伝子がある場合の影響 ($Q=10$)
Fig. 7. Effect of lethal gene.

個体を生成すると、それだけむだな探索をすることになる。また、それだけ死滅させる個体が多くなり、解の多様性を失うことになる。これを回避する方法の一つは個体数 M を大きくすることである。同図に見られるように、 $M=100$ とすると $P_d < 0.8$ までは（もちろんそれだけ計算時間は多くなっているが）良好な解が得られている。

制約条件の厳しいスケジュール問題の場合には、致死遺伝子が生ずるのはどうしても避けられないことがある。上に述べた結果は、そのような場合でもある程度個体数を大きくすることにより、良い解が見つけれられることを示唆している。

7. む す び

本研究では、変形フローショップスケジューリング問題に対する GA の構成法を提案した。特に個体表現における遺伝子の並べ方を 3 種類提案し、結果を比較した。その結果、遺伝子の並べ方は問題および交差の性質に合ったものを採用するのがよいことがわかった。また、問題に制約がある場合に生じやすい個体表現における冗長性と致死遺伝子について、実験を試みて具体的な計算結果を示した。その結果冗長性や致死遺伝子は GA の性能を落とすことが確認された。現実的な問題では、多くの制約が付加されているのが普通であり、これらの制約を性能を落とさずに構成する方法を考案することが GA の今後の課題の一つといえる。

なお、本論文の数値例は総生産量が 20 以下で 2 機械の場合を扱っている。総生産量や機械の台数がそれ以上の場合には、部分的に本論文の結果と同様の傾向を示すことを確かめた。ただし、3 機械以上の場合について詳細な考察を行うことは今後の課題である。また、本論文で得られた結論のうち GA の個体表現に依存するものについては、同じ個体表現を用いること

ができる問題の場合にも同様な結果が得られることが予想されるが、それを確認することも今後の課題である。

なお、本研究は文部省科学研究費補助金一般研究 C 04650377 の援助のもとで行われたことを付記する。
(平成 5 年 3 月 5 日受付, 同 5 年 5 月 13 日再受付)

文 献

- (1) 小谷：「混合ラインへの投入順序付けの近似解法」, トヨタ技術, 33, No. 1, 31 (昭 58)
- (2) M. Tsukiyama, K. Mori & T. Fukuda: "Dynamic scheduling by using scheduling editor and distributed decision maker", Preprints of 7th IFAC Symp. on Information Control Problems in Manufacturing Technology, Vol. I, p. 584 (1992)
- (3) 木瀬・甲野・塩山・串山：「2 機械自動生産システムの最適スケジューリング」, 機械学論編, 57, No. 537, 1776 (平 3)
- (4) D. E. Goldberg: Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning (1989) Addison-Wesley Publishing Company
- (5) 三宮：「遺伝アルゴリズムによる最適化問題の解法」, 第 36 回システム制御情報学会研究発表講演論文集, p. 9 (平 4)
- (6) 玉置・喜多・西川：「遺伝アルゴリズムのダイナミクスに関する基礎的考察」, 第 2 回自律分散システム全体講演論文集, p. 97 (平 4)
- (7) 飯間・三宮：「遺伝アルゴリズムによる製品投入順序問題の解法」, 計測自動制御学論, 28, No. 11, 1337 (平 4)
- (8) 飯間・三宮：「遺伝アルゴリズムの製品投入順序問題への適用に関する一考察」, 第 31 回計測自動制御学会学術講演会予稿集, p. 293 (平 4)

飯 間 等 (学生員)

昭和 44 年 2 月 8 日生。平成 3 年京都工芸繊維大学工学部電気工学科卒業。同年同大学大学院工学科学研究科電子情報工学専攻入学, 現在に至る。最適化に関する研究に従事。計測自動制御学会, システム制御情報学会会員。

三 宮 信 夫 (正員)

昭和 14 年 8 月 23 日生。42 年京都大学大学院工学研究科電気工学専攻博士課程修了。同年 4 月同大学工学部助手, 46 年同講師, 51 年同助教授。61 年京都工芸繊維大学工学部教授, 現在に至る。システムのモデリングおよび最適化に関する研究に従事。工学博士。計測自動制御学会, システム制御情報学会, 日本水産学会, 日本オペレーションズリサーチ学会会員。