

大規模二次計画割り当て問題への LCO の適用

旭川工業高等専門学校 ○伊林 義博, 渡辺 美知子, 古川 正志

工場間の製品移動を最小にするように工場へ設備の割当てを決定する問題は二次計画割り当て問題といわれ、大規模な問題に対して BBM や GA を適用するのは困難である。本研究はこのような問題をシングルスケジューリング問題として LCO を適用する方法を提案し、数値計算でその有効性を検証した。

1.はじめに

本研究は、二次割当て問題(Quadratic Assignment Problem; QAP)の、高精度かつ高速な近似解法を開発し、大規模問題に適用することを目的とする。QAP は、組合せ最適化問題の 1 つであり、LSI の回路配置や配送計画など工学分野に広く応用がある問題である。

これまで、QAP に対しては、分枝限定法(Branch and Bound Method, BBM)や、遺伝的アルゴリズム(Genetic Algorithms, GA)などが用いられてきた。しかし、QAP は大規模になると計算量が爆発的に増加するため、従来の解法で近似解を得るのは非常に困難である。特に BBM では、そのアルゴリズムの特性から、現実問題として解くのが不可能である。

本研究では、一般的な組合せ最適化問題を広く解くために開発した局所クラスタリング組織化法(Local Clustering Organization, LCO)を QAP に適用し、GA と LCO の性能を数値計算実験で比較し、LCO の有効性を示す。さらに、近傍の取り方を変えることによる解の収束の違いを数値計算実験に基づいて報告する。

2. 二次割当て問題(QAP)

2.1. QAP とは

例として工場設備割当て問題を挙げる。

今、4 つの可能な場所 P_1, P_2, \dots, P_n があり、それらに 4 つの生産設備 F_1, F_2, \dots, F_n が割当てられなければならないとする。さらに、場所間の単位当たり輸送費と、設備間における移動量の予測がそれぞれ 2 次元配列によって示される。ここで、設備 1 と 2 のあいだの総移動量は設備 1 から 2 への移動量と 2 から 1 への移動量の和であり、他の設備間の移動量についても同様に決定される。

従って、全体としての費用は次の式(1)で示される。

$$\Pi = \sum_{i=1}^n \sum_{j=i+1}^n f_{ij} d_{\alpha(i)\alpha(j)} \quad (1)$$

ここで、 f_{ij} は設備間の移動量、 $d_{\alpha(i)\alpha(j)}$ は設備 i が割当てられている場所と、設備 j が割当てられている場所間の輸送費である。費用行列の要素は、場所間の距離と、設備間の予測移動量との積で表現される。この費用行列の和 Π が最小になるような割当てを決める組合せ最適化問題を二次割当て問題といいう。

2.2. 従来の解法

QAP の解法として、厳密解法では BBM、及び整数計画法(Integer Programming, IP)、近似解法では進化計算として GA が用いられてきた。

BBM は問題を部分問題に分けてそれぞれの問題の最適解を得ていく手法であるが、大規模問題になると部分問題の分歧数が飛躍的に増大していき、計算時間が膨大になり計算が不可能になる場合が多い。

GA などの進化計算は、QAP においても有効な手段とされている。GA は、割当てられる場所を 1 次元配列としても、その遺伝子に設備を割当てた染色体を任意の個体数分用意する。この染色体群に対して、突然変異(Mutation), 交叉(Cross Over), 逆位(Inversion)などの遺伝演算を与えながら、近似解

を得る手法である。しかし、交叉は局所評価を得ることが不可能なアルゴリズムのため、これを用いた GA では問題が大規模となった場合に解を求めるための計算量が膨大となり、近似解を得るまでに非常に多くの時間を費やすことが問題である。

3. 局所クラスタリング組織化法(LCO)

3.1. LCO とは

LCO は、GA にみられる染色体群において、染色体を唯一とし、それに対してリカッチ学習方程式に基づく学習演算を行う手法である。GA では、染色体全体に対して演算を行っていたのに対し、LCO は局所的な部分の解を学習原理に基づいたクラスタリングで改善しつつ、全体としての解を改善しようとするものである。以下に、 n 個の場所、設備が用意されている QAP に対する LCO のアルゴリズムを示す。

- (1) n 個の場所に対してそれぞれ設備を割当てた集合を染色体とする。
- (2) クラスタリングの基準となる箇所をランダムに決定する。
- (3) 基準からその近傍までのクラスタリングにより最適化する。
- (4) 必要であれば、近傍範囲を変えて(2)へ戻る。ただし、(3)の操作で解が改善されなくなり、それが一定回数続いた場合、それを近似解とし計算を終了する。

ここで、(3)のクラスタリングは問題によって有効な方法が異なる。今回の実験ではクラスタリングの方法による収束の違いを示すとともに、QAP における最も有効な手法を示す。

以下に、今回使用した 3 種類のクラスタリングの手法を説明する。

3.2. 平滑法 (Smoothing Method, SM)

- (1) 場所データ(染色体) N からランダムな場所 N_i を選ぶ。
- (2) N_i の近傍範囲を設定する。ここで、近傍範囲 d_i は、 $1 \leq d_i \leq N-1$ である。
- (3) $t_1 = i$ に設定する。
- (4) $t_2 = t_1 + 1$ に設定する。
- (5) N_{t_1} と N_{t_2} の割当てを交換し、評価計算を行う。
- (6) 評価値が改善された場合反転を採用し、そうでなければ反転を戻す。
- (7) t_2 を増加させ、 $t_2 \leq i + d_i$ まで 5~6 の処理を行う。ただし、 $t_2 > i + d_i$ となったら、(3)へ戻り、 t_1 を増加。
- (8) $t_1 \geq i + d_i$ となったら、クラスタリングを終了する。

3.3. 交換法 (Simple Exchange Method, SEM)

- (1) 場所データ(染色体) N からランダムな場所 N_i を選ぶ。
- (2) N_i の近傍範囲を設定する。ここで、近傍範囲 d_i は、 $1 \leq d_i \leq N/2$ である。
- (3) $t = 1$ に設定する。
- (4) N_t と N_{i+t} の割当てを交換し、評価計算を行う。
- (5) 評価値が改善された場合反転を採用し、そうでなければ反転を戻す。
- (6) N_i と N_{i-t} の割当てを交換し、(5)を行う。
- (7) t を増加させ、 $t \leq d_i$ まで 4~7 の処理を行う。
- (8) $t > d_i$ であればクラスタリングを終了する。

3.4. 逆位交換法 (Inverse Exchange Method, IEM)

- (1) 場所データ(染色体) N からランダムな場所 N_i を選ぶ.
- (2) N_i の近傍範囲を設定する. ここで, 近傍範囲 d_i は, $1 \leq d_i \leq N/2$ である.
- (3) $t = 1$ に設定する.
- (4) $N_{i-t} \sim N_{i+t}$ の割当てを反転させ, 評価計算を行う.
- (5) 評価値が改善された場合反転を採用し, そうでなければ反転を戻す.
- (6) t を増加させ, $t \leq d_i$ まで 4~5 の処理を行う.
- (7) $t > d_i$ となったらクラスタリングを終了する.

3.5. QAP における LCO の高速化

LCO は局所的なクラスタリングにより全体を改良する方法であるが, 問題によっては局所評価を得ることが不可能な場合もあり, 大規模問題になるにつれ実行速度に多大な影響を及ぼす. ここでは, LCO に有効な局所評価を得る方法を以下に示す.

- (1) 交換する対象を選び, それぞれ N_{i1}, N_{i2} とする.
- (2) $i = 0, cost = 0$ に設定する.
- (3) N_{i1}, N_{i2} それぞれから N_i までの評価を $cost$ に足す.
- (4) $i \neq i_1, i_2$ ならば, N_i から N_{i1}, N_{i2} までの評価を $cost$ に足す.
- (5) i を増加させ, $i < N$ まで 3~4 の処理を行う.
- (6) 評価を比較する場合は, 1 において, N_{i1} と N_{i2} の割り当てる交換し, 2~5 までの計算を行いそれぞれ比較する.

この方法は $O(n)$ の計算量であり, 全体の解を得る計算量が $O(n^2)$ であるのに比べて明らかに高速である. また, IEMにおいても, 比較対象を拡張すれば, この評価法を適用可能である.

2.2 節で, 交叉は局所評価を得るのが不可能と上述した. これは, 局所評価法が一対の組合せの並び順によって評価を比較する評価法のため, 一度の操作で染色体全体が変わらうような手法では不可能なためである.

3.6. LCO の近傍の取り方

従来は, 近傍は染色体の並び順で決定したが, 今回, 距離に依る近傍の取り方も実施した. これは与えられた実際の距離から近傍を取る方法である. なお, この方法では, 染色体の並び順は全く無視する. この方法を距離近傍 LCO(Distance Neighborhood LCO, DN-LCO)とする.

4. 数値計算実験

数値計算実験を以下に示す.

4.1. 局所評価法実験

局所評価法を導入することによる LCO の高速化を検証するために数値計算実験を実施した. その結果を図 1 に示す. 遺伝子数は 500, 近傍は 5% 固定で行った. なお, 単位は [msec], 各値は 100 ループあたりの計算時間で, 10 回計測平均値である.

表 1. 全体評価法と局所評価法の比較

	全体評価	局所評価	高速化率
SEM	54567	2252	24.23214
IEM	27501	11596	2.371672
SM	1306607	13127	99.53758

IEM では, 反転操作により複数箇所の交換を行っているため, あまり高速化はされていない. しかし, 1 箇所交換である SEM, SM では, 24~100 倍の高速化が行われている. この方法は評価回数が増えるごとに高速化ができるものなので, 交換回数が多い SM において最も良い高速化率が得られた. 近傍を増やし交換回数が増えると, 更に高速化が実現される.

4.2. QAP 実験

まず, クラスタリングの手法と, 近傍の取り方による収束の違いと近似解の精度を検証する. ここで, SEM-DNSEM 及び ALL は, ランダムに選択することを意味する. また, 1-10, 11-100, 101-1000, 1001-10000, 10001-40000, は世代を意味する. 使用したデータは, 遺伝子数 500, 近傍 2% 固定, 40000 ループである.

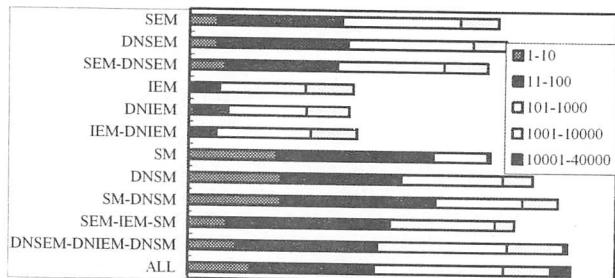


図 2. 世代間の収束率の違い

このグラフは右に長いほどよく改善されたことを表す. 距離近傍は SEM, IEM に対してはあまり効果はないが, SM に対しては非常に有効な手段といえる. これは, 通常の SM が急激に収束するのに対し, 距離近傍 SM の収束度が緩やかであるため, 局所解に陥りにくいためである. また, LCO は 2 種類以上の方法をランダムに採用すると良い解が導かれる. なお, 計算速度は, SEM < IEM < SM である. ALL は 3 種類の平均である.

次に, GA との比較を行う. LCO には局所評価法, ALL, SM-DNSM を用いる. GA の個体数は 20, 突然変異率 0.5, 逆位率 0.5, 40000 世代まで計算を行った.

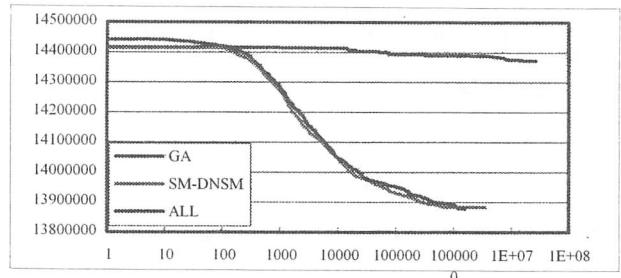


図 2. 時間にによる改善の推移

横軸は時間, 縦軸は評価値である. この図から分かる通り, LCO では, GA よりも 10~100 倍高速で, 改善率が 12~13 倍程度の高精度の解を得ることが分かる.

5. おわりに

数値計算実験により, LCO は QAP に対しても有効な手段だということが示された. 現段階では, 解が良くなつた場合にのみ交換を行っているので, 局所解に陥りやすく準最適解を求めるのが困難である. しかし, IEM のように単体では効果がなくとも, 他の手法との組合せによって効果を発揮する場合もある. 今後は, このような収束率の違いを応用して最適な組合せを見つけるほか, 焼きなまし法などを組み込んで局所解に陥らないような効果的な手法を開発する.

参考文献

- 1) Claude McMillan, Jr.; Mathematical Programming(1970)
- 2) 松村・渡辺・古川; 自己組織化マップ原理による TSP/JSP の最適化 2004 年度精密工学会春季大会学術講演会講演論文集 CD-ROM, 精密工学会(2004)