

発見的探索手法への階乗進数表現の適用

渡瀬 一紀

論文の内容の要旨

従来、組織的に解くことが難しいと思われていた問題に対しても、コンピュータの計算能力を利用したさまざまな発見的な探索方法が開発されてきている。遺伝的アルゴリズムと呼ばれる、生物の進化を模した探索方法もそのような方法のひとつである。遺伝的アルゴリズムを使って近似解を求めようとする場合には、解候補を染色体と呼ばれる形式で表現する必要がある。解こうとする問題によって染色体表現は異なってくるが、従来は遺伝子として0と1を使うものや、順列を使う方法などが多く研究されてきた。しかし、染色体表現によっては探索能力に差が見られることも多く、どのような染色体表現を採用するかは重要な問題である。

本研究では、階乗進数を使って染色体を表現する方法を提案している。 n 桁の階乗進数を使って $n!$ 個の数を表現することができる。したがって、まず階乗進数表現と順列を対応させることが考えられる。さらに、階乗進数を要素間の結合を表すものと解釈することもできる。このため階乗進数表現を集合分割問題へ適用することも可能である。階乗進数は順列と一対一に対応し、また交叉による致死遺伝子を抑制することも可能である。また、ある種の順序制約を容易に表現できる。また、集合分割問題においては、群の数を固定することなく探索を行うことも、逆に群の数を固定して探索を行うこともできる。このように階乗進数による染色体表現は、好ましいいくつかの性質を備えているので、階乗進数表現の有効性を評価することを本研究の目的とした。

本研究ではまず、解が順列として表現できる巡回セールスマン問題やフローショップスケジューリング問題などに適用して、階乗進数表現の有効性を検討した。特にフローショップスケジューリング問題において、従来の方法に比べて高い探索能力を持つことを、数値実験を通して明らかにした。

また本研究では、集合分割の応用として、分割表からの規則抽出を試みた。説明変数や階級の数が多くなると、作成し得る分割表の数は膨大なものとなる。そこで本研究では、分割表の探索に遺伝的アルゴリズムを利用したが、様々な分割表を表現する方法として階乗進数表現を使った。そして古典的な問題であるあやめの識別問題に適用し、有効な少数の規則を抽出することができた。

さらに、多変数でありかつあいまいな回答を含む減価償却方法選択問題へ適用し、提案方法の有効性について検討した。ここでは説明変数として26変数が設定されている。すべての変数を含む分割表を考えることは現実的ではないので、変数増減法を使って分割表の選択を行った。このような減価償却方法選択問題へ適用した場合にも、会計的知見と一致する少数の規則を得ることができた。

以上