

カリキュラム編成支援システムの開発

The Development of The Curriculum Organization Support System

○竹村学*, 大久保重範**

○Manabu Takemura*, Shigenori Okubo**

*鶴岡工業高等専門学校, **山形大学

*Tsuruoka National College of Technology, **Yamagata University

キーワード : 遺伝的アルゴリズム(genetic algorithm) 組合せ最適化問題(combinatorial optimization problem)

連絡先 : 〒992-8510 山形県米沢市城南4-3-16 山形大学 工学部 機械システム工学科 大久保研究室
大久保重範, Tel.: (0238)26-3245, Fax.: (0238)26-3245, E-mail: sokubo@yz.yamagata-u.ac.jp

1. はじめに

システムの設計や運用の各局面において組合せ最適化問題としてとらえられる問題が多数存在する。これらの問題の多くはNP完全問題と呼ばれ、特殊な問題構造を持つ問題を除いて求解に多くの労力を必要とし、現実的にはヒューリスティックな解法を用いて良好な実行可能解を得ようとする場合が一般的である。

本研究では、組合せ最適化問題に対する解法として有効な方法と考えられる遺伝的アルゴリズムを取り上げ、まず組合せ最適化問題の求解に対する遺伝的アルゴリズムの効果を検討する。具体的には鶴岡高専の時間割の編成問題を取り上げ遺伝的アルゴリズムの構成についての考察を行う。

2. 対象とする問題

本研究で対象とする問題は、鶴岡高専の4学科各5学年のための時間割の編成問題である。常勤

および非常勤約100名で一般教科および専門教科の時間割を編成しているが、現在は担当の教職員が手作業で原案を作成し、各学科に戻して不具合を確認したあとに再度編成作業を行っている状況で、場合によっては数週間を要する作業であることから、作業の効率化をはかることが求められている問題の一つである。

この問題を評価するために次のような条件を満足するスケジュールの編成を行なう必要がある。

- 同一時間帯に同一教員が複数の講義を担当しないこと。
- 連続すべき講義が正しく行なわれていること。
- 講義途中で空時間が発生しないこと。
- 同一時間帯に同一教室が複数の講義で使用されないこと。
- 同一日中に同一講義が開講されていないこと。

の5点である。

本研究では、上記の条件を満たすような時間割を編成するための支援システムの開発を目標とする。

3. 遺伝的アルゴリズム(GA)による構成

3.1 個体の生成と適応度

一般的なGAによる遺伝子型のコーディングと適応度について説明する。

一クラス当りの講義時間数は8時間×5日間で40コマが基本となり、4学科各5学年であることから800コマの時間割を生成しなければならない。今回は1クラス毎に時間割を生成し、それらを結合して初期個体を生成した。この時2コマから4コマまでの連続講義が複数個存在するが、個体の生成に関しては考慮せずに行なっている。1クラス当たり40種類の講義を区別する必要があることから1講義の情報を6ビットで表現し、800コマ分つなげた4800ビットを1個体として生成した。

生成された個体の適応度を計算するために、先に述べた教員の重複、講義の連続性の確保、空き時間、教室の重複、同一日中に同一講義の開講などの条件に対してそれぞれペナルティを設定した。

教員の重複と教室の重複はそれぞれ同一時間帯に1つしか許されないことから、それ以外重複した分をペナルティとして加算する。

講義の連続性については二コマ以上の連続すべき時間数に達しないコマ数をペナルティとして加算した。また、昼休みをまたいだり曜日をまたいだ場合にはまたいだ分のコマ数をペナルティとして加算した。

1週間に40コマ確保しているが、クラスによってはすべてが講義とならない場合もある、その場合には空きコマとしてダミー講義を設定した。ダミー講義に関しては講義の途中に存在した場合にペナルティとして加算することにした。

3.2 選択, 交叉, 突然変異

適応度の値から次世代に生き残るの個体をルーレット選択基準で選択する。適応度がゼロの場合が最適解であるため、各個体の適応度の逆数をルーレットに反映させた。個体の交叉方法は、一点交叉と二点交叉について予備実験を行ない有意差が確認されたことから二点交叉を用いることとした。突然変異率は各世代の全構成要素数の0.01%とした。また、エリート保存戦略により最良個体を保存した。

4. 数値実験の結果

4学科各5学年での数値実験を行なった。この時の実験条件は、世代数50000世代、個体数100個体である。数値実験の結果をFig.1に示す。横軸は世代数、縦軸は適応度を示し、各世代での最良適応度の変化を表したものである。最良適応度は緩やかな減少傾向を示していることがわかる。しかし、50000世代繰り返したが40000世代以降は変化せず、最適な個体は発見できずペナルティ総数で120程度までしか改善されていないことがわかる。

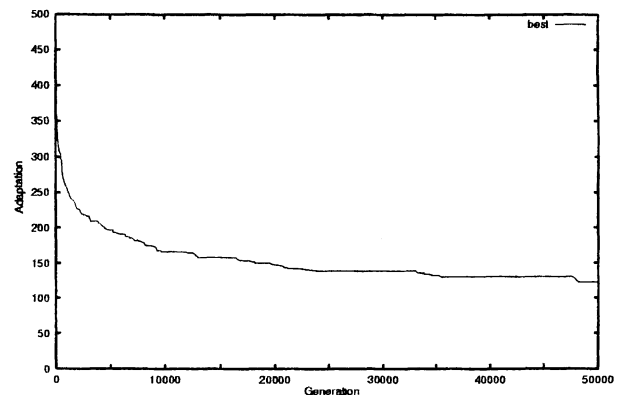


Fig. 1 Result of Original GA

作成された時間割の適応度を形成している各ペナルティの内容を確認すると、空き時間、教員の重複、連続講義の順でのペナルティが多く残って

いることがわかった。これは、それぞれの対象要素の組み合わせ数に比例しているものと考えられる。また、1学科で数値実験を行なった場合にも、同様の結果が得られ、学科を増加させた場合にもペナルティの値が単調増加する要因となっていた。

以上の結果から、現在の個体の生成方法では空き時間と教員の重複の条件をGAの処理のみで改善させることは困難であることがわかった。そこで個体の生成方法に反映できるような情報を得る目的で、ペナルティの解析を行った。

5. ペナルティの解析

ペナルティの内容や分布状況などを解析するために、GAで得られた近似解のデータからペナルティの種類と発生している位置を表示するための表示システムを作成した。表示方法としてHTML形式でデータを再構成し、ブラウザ上で表示することとした。これは規模の大きい表でもスクロールすることによって細部を確認することができるとともに、使用しているオペレーションシステムに左右されることなく表示ができるようにしたものである。

また、時間割を表示する際にはペナルティの発生個所に、それぞれのペナルティごとに色分けして表示することにより全体的な分布を確認することができるようにした。さらに複数のペナルティが同時に発生している場合についても並列表示が行えるようにした。GAの処理途中に生成されるデータを読み込むことによってその時点での状況を確認できる。最終的には講義名、使用教室、教員名がコマごとに表示できるようになっている。

ブラウザ上で時間割を表示してペナルティの種類や分布状況を観察したが、明らかな特徴を発見することはできなかった。しかし、実際のペナルティの情報と発生位置が特定できることから、コマの入れ替えによって容易にペナルティを解消す

ることができる場合が多いことがわかった。そこで、作業者がペナルティ情報を確認しながら講義の入れ替えを手作業で行い、その入れ替え結果をすぐに評価することにより、カリキュラム編成の作業効率の改善に役立つ処理システムの構築を試みた。

6. 講義入れ替えシステムの試作

GAの初期個体の生成の際に1コマごとのデータで構成していることから、ペナルティ表示システムを確認しながら1コマごとの入れ替えを行うシステムを試作した。ペナルティ表示システム上の2つのコマのクラス、曜日、時間のデータを入力することにより、GAより得られた近似解のデータを再構成し各条件を再チェックすることによりペナルティの増減を確認しながら作業を進められることから、担当者でなくても、時間割の編成を行うことが可能である。ペナルティ数にもよるが、150程度のペナルティを持つ時間割りであれば1時間ほどですべてのペナルティを解消できることが確認できた。

また、入れ替えシステムを活用することにより現行の時間割をデータとして入力し、習熟度別講義の時間割を作成したり、新たなカリキュラム上の工夫を検討するシミュレータとしても活用することが可能となった。

7. おわりに

組合せ最適化問題の一つであるカリキュラム編成支援システムに対する遺伝的アルゴリズムの適用を試みた。ペナルティの情報をさらに解析し、その知見を個体生成方法の改良に反映させることによりさらに効率の良い支援システムを構築することができると思われる。

また、今回解析用に作成したペナルティ表示シ

システムと講義入れ替えシステムを活用することにより短時間に効率よく実行可能な時間割を編成することができることを確認することができた。今後は、問題構造の解析を深め、初期個体の生成方法の改良に取り組む予定である。

参考文献

- 1) 北野宏 (編): 遺伝的アルゴリズム, 産業図書(1993)
- 2) 北野宏 (編): 遺伝的アルゴリズム 2, 産業図書(1995)
- 3) 坂和正敏, 田中雅博: 遺伝的アルゴリズム, 朝倉書店(2002)