

論 文 要 旨

論 文 題 目

A Study on Hybridized Evolutionary Computing for Scheduling and Network Design Problems

Evolutionary algorithms (EAs) are meta-heuristics inspired by computer modeling of natural evolution mechanism, capable of exploring different regions of the search space concurrently. We examine optimal scheduling and network design problems in combinatorial optimization by using hybridized evolutionary algorithms. According to the complexity theory such problems are characterized as NP-hard.

A summary of background and the work presented here is given in the introductory chapter. A quick overview of the fundamental concepts and notations used in this thesis is given in Chapter 2.

In Chapter 3, we introduce an evolutionary scheduling scheme for the job shop-scheduling problem (JSSP) in which a simple genetic algorithm (GA) is reinforced by three heuristics and executed independently for each of the heuristics. The suitability of this algorithm is evaluated using well-known benchmark data for the JSSP. Results show that the solution quality is suitable. However, the simulations also show that performance of the proposed scheme based on each of the heuristics is problem instance dependent. Since none of the heuristics is uniformly superior to the others. The next chapter proposes an enhancement of the EA that takes advantage of all the positive qualities of the three heuristics concurrently.

A hybridized evolutionary scheduling strategy based on a genetized-knowledge genetic algorithm (gkGA) is presented in Chapter 4. The idea behind the gkGA is that unlike the ordinary genetic algorithm, knowledge of the heuristics that are to be used are also encoded as genes alongside the genetic strings, referred to as chromosomes. To evaluate the performance of the gkGA, it is used to treat the JSSP. Furthermore, to investigate the flexibility of adapting the gkGA approach for other combinatorial optimization problems, it is also applied to the multiprocessor scheduling problem. Experimental evaluation for both sets of problems showed that the performance of the gkGA approach is comparable to or even better than some of the conventional methods.

Chapter 5 introduces a graph theoretical hybridized genetic algorithm for the design of survivable two-connected network topologies at a minimum cost such that the shortest cycle to which each edge belongs to does not exceed a given number of hops (ring constraints). We present a solution representation technique in which the reliability and ring constraints are easily encoded and thus checking of the constraints is not necessary. A crossover operator that ensures solutions generated through genetic evolution are all feasible (and thus no repair mechanism required) is developed. This chapter ends by extending EAs application to network design problems with higher connectivity demands.

Finally a comparison of results and discussions about future work that conclude this thesis is given in Chapter 6.

氏 名 Beatrice M. Ombuki

2001 年 2 月 19 日

琉球大学大学院
理工学研究科長 殿

論文審査委員

主査 氏名 仲尾 善勝
副査 氏名 Mohammad Reza Asharif
副査 氏名 宮城 隼夫
副査 氏名 名嘉村 盛和



学位(博士)論文審査及び最終試験の終了報告書

学位(博士)の申請に対し、学位論文の審査及び最終試験を終了したので、下記のとおり報告します。

記

申請者	専攻名 総合知能工学専攻	氏名 Beatrice M. Ombuki	学籍番号 XXXXXXXXXX
指導教官名	仲尾 善勝		
成績評価	学位論文 合格 不合格	最終試験 合格 不合格	
論文題目	A Study on Hybridized Evolutionary Computing for Scheduling and Network Design Problems		
<p>審査要旨 (2000 字以内)</p> <p>本研究では、進化計算のハイブリッド化について検証し、組合わせ最適化問題の中の代表的 2 分野である、スケジューリング問題とネットワーク構成問題に適用している。</p> <p>ヒューリスティックス（探索に関する発見的知識）と遺伝アルゴリズムのハイブリッド化では、従来法のハイブリッド遺伝アルゴリズムの概念を発展させ、ヒューリスティックス自体も遺伝子で表現し、進化させる手法を開発している。すなわち、進化プログラム設計者が、複数のヒューリスティックスを遺伝子で表現し、染色体に埋め込むと、進化計算により入力データに適應するヒューリスティックスが最終的に高い確率で生き残ることになる。あるいは、複数のヒューリスティックスがある重みで結び付いた染色体を進化生成させることも可能である。提案手法はハイブリッド遺伝アルゴリズムが適用可能なほとんど全ての問題に適用可能である。</p>			

提案手法をジョブショップスケジューリング問題とマルチプロセッサスケジューリング問題に適用している。ジョブショップスケジューリング問題では、スケジューリング中に発生するデッドロック状況を解消するために複数の発見的知識が利用できる。それらを遺伝子化して染色体に埋め込んでいる。マルチプロセッサスケジューリング問題では、タスクの割当て順序を決定するために複数の発見的知識が使われるので、それらが遺伝子化されている。

インターネットから入手できるベンチマーク問題を解くことによって提案手法の性能評価を行っている。提案手法は従来法に比べて格段に良質の近似解を生成することを示している。また、従来法に比べて、近似解の質が入力データに依存しないような性質があることも示している。計算時間は単純なハイブリッド遺伝アルゴリズムに比べて、数パーセント以内の増加に抑えられている。

ネットワーク構成問題では、グラフ理論の知識と遺伝アルゴリズムをハイブリッド化することに成功している。構成するネットワークは、いわゆるバックボーンネットワークに対応するもので、制約として低コスト性と信頼性があげられる。信頼性をはかる標準的な指標として通常連結性が用いられてきているが、本研究では、連結性の他に制限リング構造というあらたな制約をいれることで、より実際的な信頼性の指標化をはかっている。扱っているネットワーク構成問題はコストと信頼性の多目的最適化問題として定式化できるが、ここでは、信頼性を制約条件として表現することで、コスト最小の通常の最適化問題として解くことに成功している。本論文では、実際例として制限リング制約付き2辺連結ネットワーク構成を扱っているが、2点連結へ修正することも容易に行える。また、3辺連結(3点連結)への拡張も困難ではない。

進化計算における染色体生成、交叉、突然変異においては、実行不可能染色体を生成しないように、グラフ理論で知られている種々の定理(例えば、2連結性条件)が埋め込まれている。また、計算時間、メモリ空間を低く抑えるために深さ優先探索を組込んだ交叉演算を提案している。

計算機実験の結果として、提案手法は問題サイズがそれほど大きくなければ、厳密解からの誤差が数パーセント以内の良質の近似解を生成することを示している。当然のことながら、問題サイズが大きくなるにつれて近似解の質が悪化するが、実用規模では十分な品質が得られている。この結果は従来遺伝アルゴリズムによる結果と比較して優れたものとなっている。

以上のように、本論文は博士の学位論文に値するとして合格と認める。また、最終試験の結果、上記のものは専門分野及び関連分野の十分な知識を有することが判明したので、最終試験も合格とする。