

矩形配置法の提案と遺伝的アルゴリズムによる検証

A new 2D strip packing method and verification by GA

又吉光邦^{*1}

Mitsukuni Matayoshi

^{*1} 沖縄国際大学

Okinawa International University

A new method is presented here for solving the two-dimensional rectangle packing problem by use of the Corner-Junction (CJ) method for creation of chromosome structures. This CJ method with Genetic Algorithm (GA) approach (CJ+GA), as originally proposed [Matayoshi 2010], produced a chromosome which was in length three-fold the number of rectangles to be packed. However, in this new and modified proposal, the length of the chromosome has been reduced to that of the number of rectangles to be packed, and yet the outcome provides good performance. It is shown here that some benchmark tests of the two-dimensional strip packing problem can be solved by this GA, which enables 90-degree rotation of the rectangles in the chromosome structure. The experimental results show that use of the proposed chromosome structure produced by the CJ+GA approach provides satisfactory packing of rectangles and significantly enhanced quality in terms of elimination or reduction of gap in comparison to the results of the previous CJ+GA approach.

1. はじめに

2次元の矩形を重なり無く2次元平面上へ可能な限り詰め込む組合せ最適化問題の1つに、2次元ストリップパッキング問題(2D-SPP)がある。現在までに多くのヒューリスティック手法が提案されてきた。[Aşık 2009]のBBFHは、パフォーマンスが優れているものの一つである。ヒューリスティック手法とGAやSA(Simulated Annealing)とのハイブリッド手法は[Hopper 2001]らによって提案された。一方、GAのみによるアプローチで2D-SPP問題を扱ったのは、[Hwang 1994]や[Kröger 1991]がある。前者はSlicing Treeとポーランド記法を使い、後者はグラフ理論のモデルを用いて、染色体と矩形配置を決める。両者とも座標軸の左下を基点として、第一象限に矩形を配置する。

本論文では、[Matayoshi 2010]で提案した全く新しい配置手法(CJ:Corner Junction法)を検証するための新しい染色体モデルを提案し、ベンチマークテストを解いた結果を示す。

2. パッキング

2.1 ストリップパッキング問題

矩形の集合 $N=\{1,2,\dots,n\}$ が与えられ、幅は固定で、高さが可変の2次元のコンテナ(幅 W 、高さ H)に矩形を詰め込む。このとき、各矩形 i はコンテナ上で重ならない。矩形 i は幅 w_i と高さ h_i がある。今、矩形の左下を基点 x,y として表現するとき、2D-SPPは、次を満たす。

$$\text{minimize } H \quad (1)$$

$$\text{subject to } 0 \leq x_i + w_i \leq W \quad i=1, 2, \dots, n. \quad (2)$$

$$0 \leq y_i + h_i \leq H \quad i=1, 2, \dots, n. \quad (3)$$

$$\text{Rectangle } i \text{ never overlaps.} \quad (4)$$

2.2 CJ法(Corner Junction method)

パッキング法として用いるのはCJ法である。CJ法は、矩形の角を接合させて配置する方法で、接合された2つの矩形は上下

左右のいずれかの側面で整列される特徴がある。Figure 1は、11~16のラベルの付いた6つの矩形をコンテナ(右)に配置した例である。コンテナ上に配置された矩形の中にある“•”が、接合される角(Corner)である。図中の中央にある着色された矩形Rは、その四隅に0~3の番号が振られているが、これが接合子(接合遺伝子)である。下のStringは、接合子で連結される矩形を示し、Chromosomeは染色体(配置の設計図)を示す。

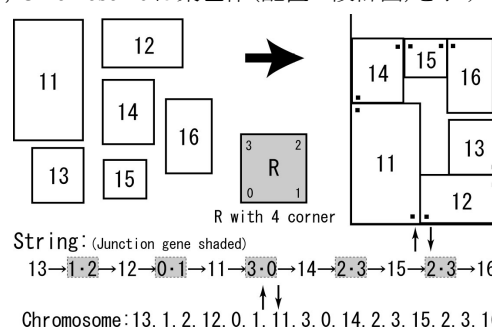


Figure 1 CJ method for packing rectangles, with conjoined corners indicated by dots, and its string showing junction genes.

3. 遺伝的アルゴリズム

3.1 染色体モデル

[Matayoshi 2010]では、Figure 1に示したStringをそのまま染色体として扱い、矩形(矩形遺伝子)とそれを接合する接合子(接合遺伝子)を一本の染色体上に表現した。そのため、詰め込むべき矩形数が多くなると染色体が長くなる性質がある。具体的には、矩形数の3倍の長さになり、それが、計算時間の増大や発見される解の質の低下を招いている可能性がある。

そこで本論文では、Figure 2に示すように矩形遺伝子と接合遺伝子を分離し、それらを別々の染色体、すなわち矩形染色体(Rectangle Chromosome)と接合染色体(Junction Chromosome)に分ける染色体モデルを提案する。染色体を2つに分けたことにより、進化計算のための遺伝子操作が簡略化された。例えば、Figure 1のStringの接合遺伝子を見ると、ある矩形から次の矩形へ接合する場合、隣り合う接合子の値の間には奇数+偶数(Even-Odd)、あるいは偶数+奇数(Odd-Even)ルールがあり、

又吉光邦, 沖縄国際大学産業情報学部産業情報学科,
〒901-2701 沖縄県宜野湾市宜野湾 2-6-1, 098-893-
7468, mataysoi@okiu.ac.jp

突然変異や局所探索で接合遺伝子が操作された場合には、ルールに適合させるため、接合子の変更操作が更に必要となる場合があった。さらに、接合子{0,1,2,3}の組合せは、 $4 \times 4 = 16$ 通りあり、90度回転した矩形の接合子{4,5,6,7}を別に与えた場合、総計 $8 \times 8 = 64$ 通りもある。そのため、適切な接合遺伝子の組合せを見つける問題も派生していた。しかしながら、本論文で提案する Figure 3 の接合遺伝子の組合せを用いると、接合遺伝子は8通りで済み、それは矩形の回転を許した場合でも変わらない。そのため、接合遺伝子の組合せ空間に限って言えば、[Matayoshi 2010]の手法に比べて90度回転を許さない場合の半分、90度回転を許した場合だと1/8の組合せとなる。

Rectangle Chromosome	13	12	11	14	15	16
Junction Chromosome	5	0	3	6	6	

Figure 2. Chromosome model representing packing of Figure 1.

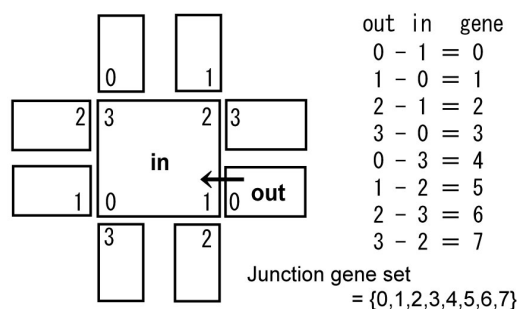


Figure 3. In-Out rectangles with Junction genes (set).

Figure 1を参照しながら、Figure 2の染色体をFigure 3の接合遺伝子の組合せで解読すると、矩形13は接合遺伝子5によって矩形12と接合される(Figure 1の13のout-1と12のin-2)。矩形12は接合遺伝子0によって矩形11に接合される(Figure 1の12のout-0と11のin-1)。以下、同様。ただし染色体の最後尾の遺伝子座にある矩形16は、次に接合する矩形がないので、対応する接合染色体の遺伝子を特に定める必要はない。

以上の染色体モデルを用いることで、矩形染色体と接合染色体それぞれの一本当たりの長さは、詰め込むべき矩形数と同値となる。これは[Matayoshi 2010]の1/3倍である。2つの染色体を合わせても詰め込むべき矩形数の2倍ですむ。

3.2 遺伝操作

本研究で用いたGAの染色体操作は、以下の通りである。

- (a) 選択法: エリート保存戦略。
- (b) 交叉法: CX交叉(循環交叉)。
- (c) 突然変異: 8種(矩形交換, 矩形回転, 矩形交換&回転, 矩形遺伝子挿入(2種), 矩形遺伝子逆位, 接合遺伝子変異, スライド変異)。
- (d) 局所探索: 8種(突然変異の8種を局所探索用に変更)。
- (e) 積極的淘汰: エリート複写。不適格個体初期化。

3.3 進化計算

進化計算は、ランダムに生成された初期個体群からスタートし、選択、交叉、突然変異、局所探索、積極的淘汰を探索終了条件まで繰り返し行う。突然変異、局所探索、および積極的淘汰で選ばれる個体は、個体群の中からランダムに選ばれる。突然変異と積極的淘汰は、エリートの評価値がある一定世代無変化であれば実行される。従って、世代を重ねていない進化の初期段階では、選択、交叉、局所探索を用いて解の探索が行われる。また、突然変異は、エリートを除く確率的に選ばれた個体に施される。局所探索法は、世代毎にランダムに8つある手法

の中から一つ選ばれて実行される。ここで、局所探索法の移動戦略は、即時移動戦略である。

4. 実験結果・まとめ

実験環境は、Turbo Linux 10, AMD Sempron 2600+。開発言語はJava、ただしコードの最適化をしていない。GAの基本パラメータは、実験で統一の値とした。個体群の総数は50。個体群に占める突然変異の個体数を10%、染色体長における突然変異遺伝子数を10%。積極的淘汰はエリート無変化200世代。終了条件は1000世代。実験回数は50回とした。実験に用いたベンチマークテストは、最適解が得られているC1~C4を用いた。次のTable 1に実験結果を示す。実験結果は、[Matayoshi 2010]で問題であった染色体長の解決し、解の質、ならびに探索時間の短縮化に成功したことを示している。

Table 1 Results

Problem (opt.)	Best of CJ+ New GA	gap (%)				time (min)	
		CJ+ New GA	CJ+ GA	GA+ BLF	GA+ BL	CJ+ New GA	CJ+ GA
C1-p1(20)	20	0.00	5.00			0.14	0.6
C1-p2(20)	20	0.00	5.00	4	6	0.26	0.5
C1-p3(20)	20	0.00	0.00			0.15	0.4
C2-p1(15)	16	6.67	6.67			0.96	3.2
C2-p2(15)	16	6.67	6.67	7	10	1.26	2.3
C2-p3(15)	16	6.67	6.67			1.06	3.3
C3-p1(30)	31	3.33	6.67			2.16	6.3
C3-p2(30)	31	3.33	6.67	5	8	2.60	7.0
C3-p3(30)	31	3.33	6.67			2.22	6.0
C4-p1(60)	63	5.00	8.33			28.45	68.5
C4-p2(60)	63	5.00	6.67	3	9	30.79	70.7
C4-p3(60)	63	5.00	8.33			30.19	72.5

1. gap (%) = (best-found - optimum)*100/optimum.
2. The gap (%) of CJ+GA are given in [Matayoshi 2010].
The gap (%) of GA+BLF and GA+BL are given in [Hopper 2001].
3. GA+BLF and GA+BL have used 50 pop. and 1000 generations.
4. The times of CJ+GA are unpublished in [Matayoshi 2010].

参考文献

[Aşık 2009] Aşık, Ö. B. and Özcan, E. : *Bidirectional best-fit heuristic for orthogonal rectangular strip packing*, Annals of Operations Research, Vol. 172, 1, 405-427, 2009.

[Hopper 2001] Hopper, E., and Turton, B. C. H. : *An empirical investigation of meta-heuristic and heuristic algorithms for 2D packing problem*, European Journal of Operational Research, Vol. 128, 34-57, 2001.

[Hwang 1994] Hwang, S. -M., Kao, C. -Y. and Horng, J. -T. : *On solving rectangle bin packing problems using genetic algorithms*, Proceedings of the 1994 IEEE International Conference on Systems, Man, and Cybernetics, 1583-1590, 1994.

[Kröger 1992] Kröger, B., Schwenderling, P., and Vornberger, O. : *Parallel genetic packing of rectangles*, Parallel Problem Solving from Nature, pp. 160-164, 1991.

[Matayoshi 2010] Matayoshi, M. : *Corner Junction: A New Strategy for 2D Strip Packing*, Genetic and Evolutionary Computation Conference (GECCO-2010), Late Breaking Abstract Paper, July 7-11, 2010. (accepted).