

はじめに

遺伝的アルゴリズムによる最適化

遺伝的アルゴリズムによる 大学生の最適履修時間割推薦

平井 遥斗

富山県立大学 情報システム工学科

2023年6月2日

まえがき

大学生にとって履修登録はその後の学生生活や将来に大きな影響を及ぼす重要な意思決定である。

例えば神戸学院大学経営学部の 2020 年度前期では 1 年次生は共通科目と専門科目で合計 50 科目以上、延べ 200 科目開講クラスからある程度の自由度をもって選択が可能である。

2 年次以上では選択可能な科目が増加することで自由度がさらに高くなる。

一方で卒業要件として必要な講義を確実に履修したり、登校日数を削減したりすることも考えられる。

本研究の目的

本研究では、4 学年の前期・後期それぞれの履修登録機会で個々の学生に対して最適な履修時間割を推薦することを考える。

はじめに

遺伝的アルゴリズムによる最適化

定式化

学生が履修する講義の履修時間割について最適な候補を得るために、問題を整数計画問題として定式化する。

神戸学院大学経営学部の学生が履修可能な講義の集合を S とし、該当年次に履修可能な講義の時間割を次の $t_{s,d,p}$ で表す。

$$t_{s,d,p} = \begin{cases} 1, & \text{講義科目 } s \text{ が曜日 } d \text{ の時限 } p \text{ に開講} \\ 0, & \text{それ以外} \end{cases} \quad (1)$$

例：「入門演習」($s = 1$) は, $t_{1,5,2} = t_{1,5,3} = 1$ である。

本学経営学部の講義科目は共通教育科目と専門教育科目からなるので、これらの集合をそれぞれ $S_a (\subset S), S_m (\subset S)$ とする。

また、共通科目のうち外国語分野科目の集合を $S_{af} (\subset S_a)$ とし、専門科目のうち必修科目、所属コースの選択科目、専門語学科目、法学関連科目の部分集合を、 $S_{mr}, S_{mc}, S_{mf}, S_{ml} (\subset S_m)$ とする。

本論文では意思決定変数を 3 階テンソル X で表し、その各要素を次の $x_{s,d,p}$ で表す。

$$x_{s,d,p} = \begin{cases} 1, & \text{講義科目 } s \text{ が曜日 } d \text{ の時限 } p \text{ に履修する} \\ 0, & \text{それ以外} \end{cases} \quad (2)$$

制約条件

はじめに

遺伝的アルゴリズムによる最適化

神戸学院大学経営学部の履修規則に則った制約条件を定式化する。

1年次では共通科目が半期 12 単位以内, 専門科目が半期 12 単位以内という制約制度が設けられている. ここで, $c_s (s \in S)$ は単位数.

$$\sum_{s \in S_a} c_s \sum_d \sum_p x_{s,d,p} \leq 12 \quad (3) \quad \sum_{s \in S_m} c_s \sum_d \sum_p x_{s,d,p} \leq 12 \quad (4)$$

2年次以上については共通科目と専門科目に関わりなく半期で最大 24 単位まで履修できる.

$$\sum_{s \in S_a} c_s \sum_d \sum_p x_{s,d,p} \leq 24 \quad (5)$$

なお, 1年次生や2年次生については, 大半の学生が可能な限り制限の上限まで履修しようとしているため, 最低限履修したい単位数を L_a, L_m とする.

$$\sum_{s \in S_a} c_s \sum_d \sum_p x_{s,d,p} \geq L_a \quad (6) \quad \sum_{s \in S_m} c_s \sum_d \sum_p x_{s,d,p} \geq L_m \quad (7)$$

制約条件

はじめに

遺伝的アルゴリズムによる最適化

開講していない講義は履修できないので,

$$x_{s,d,p} \leq t_{s,d,p} \quad (s \in S, \forall d, \forall p) \quad (8)$$

また, 同じ名称の科目が複数の曜日時限で開講されていても 1 つしか履修できないため,

$$\sum_d \sum_p x_{s,d,p} \leq 1 \quad (s \in S) \quad (9)$$

また, 単位を取得した講義を表現するために, 次の y_s を導入する.

$$y_s = \begin{cases} 1, & \text{講義科目 } s \text{ の単位を取得済み} \\ 0, & \text{それ以外} \end{cases} \quad (10)$$

すでに単位を取得した講義を再び履修することが出い. 制約条件は次のようになる.

$$y_s + \sum_d \sum_p x_{s,d,p} \leq 1 \quad (s \in S) \quad (11)$$

制約条件

さらに任意の d に対して

$$\sum_s \sum_p x_{s,d,p} > 0 \quad (12)$$

なら曜日 d に登学することを意味する。ここで

$$\gamma_d(\mathbf{X}_d) = \begin{cases} 1, & \text{if } \sum_s \sum_p x_{s,d,p} > 0 \\ 0, & \text{それ以外} \end{cases} \quad G(\mathbf{X}) = \sum_d \gamma_d(\mathbf{X}_d) \quad (13) \quad (14)$$

が登校日数になる。

目的関数

上述した制約条件を満たしつつ、卒業所要単位取得までの不足単位を最小化することを考える。

同時に、投稿日数や空きコマを最小化することも考える。

履修登録によって見込まれる共通科目での卒業単位に対する不足単位数を $Z_a(\mathbf{X})$ とすると、

$$Z_a(\mathbf{X}) = \max\{0, 24 - \sum_{s \in S_a} c_s (y_s + \sum_d \sum_p x_{s,d,p})\} \quad (15)$$

目的関数

はじめに

遺伝的アルゴリズムによる最適化

同様にして専門科目 $Z_a(\mathbf{X})$, 外国語分野 $Z_{af}(\mathbf{X})$, 選択必須 (コア) $Z_{mr}(\mathbf{X})$, 選択必須 (専攻) $Z_{mc}(\mathbf{X})$, 3,4 年の必修科目 $Z_{mc3}(\mathbf{X})$, 専門語科目 $Z_{mf}(\mathbf{X})$ を求める.

また $Z(\mathbf{X})$ を次のように定義する.

$$Z(\mathbf{X}) = Z_a(\mathbf{X}) + Z_m(\mathbf{X}) + Z_{af}(\mathbf{X}) + Z_{mr}(\mathbf{X}) + Z_{mc}(\mathbf{X}) + Z_{mc3}(\mathbf{X}) + Z_{mf}(\mathbf{X}) \quad (16)$$

次に空きコマ数について定式化する. 曜日 d の空きコマ数を $\phi_d(\mathbf{X})$ とする.

この時, 1 週間での空きコマ数の合計は $Q(\mathbf{X})$ となる.

$$Q(\mathbf{X}) = \sum_d \phi_d(\mathbf{X}_d) \quad (17)$$

ここで例えば, できる限り少ない日にまとめたい, 空きコマを減らしたい, などこれらの重みにパラメータを設定すれば学生個人が希望する目的関数を設定できるようになる.

$$\text{minimize} \quad \omega_\zeta Z(\mathbf{X}) + \omega_\gamma G(\mathbf{X}) + \omega_\phi Q(\mathbf{X}) \quad (18)$$

遺伝的アルゴリズムによる最適化

遺伝的アルゴリズムの効率的な運用

考えうるすべての組み合わせを網羅できれば最適な履修時間割を列挙することができる。

しかし、莫大な組み合わせを考えなければならない。

よって、履修可能な講義集合 χ に対して、

$$\chi_i = \begin{cases} 1, \text{ 講義科目 } i \text{ を履修する} \\ 0, \text{ それ以外} \end{cases} \quad (i = 1, \dots, m) \quad (19)$$

の一つを遺伝的アルゴリズムの遺伝子とし、講義集合 χ を染色体として考えればよい。

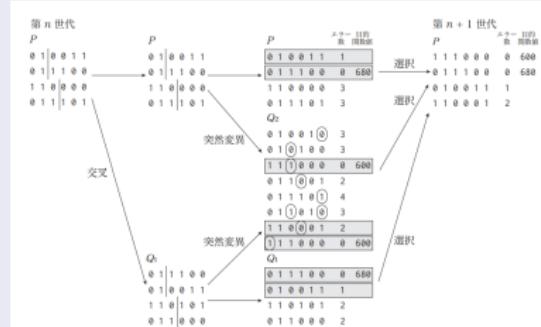


図 1: 交叉と突然変異の例

数値列

はじめに

遺伝的アルゴリズムによる最適化

- 染色体の初期集団 P における個体数は 1024, 遺伝子の確率 0.2 で 1 に設定.

- 遺伝子の突然変異確率を 0.01
- 重み付けパラメータは

$$\omega_\zeta(\text{不足単位}) = 10, \omega_\gamma(\text{登学日数}) = 100, \omega_\phi(\text{空きコマ}) = 80$$

3 年次生を対象に前期の履修時間割候補を作成する.
30 世代まで繰り返した結果, 目的関数値が最小となる遺伝子配列は 24 種類であった.

計算に要した時間は 18 分 26 秒程度であった.

表 1: 生成された 3 年次前期履修登録時間割の例

| | 1 時限 | 2 時限 | 3 時限 | 4 時限 |
|---|----------------|------------|--------------------|-----------|
| 月 | 経営情報論 I | 憲法 | システム分析 I | 情報ネットワーク論 |
| 火 | 経営科学 I | 会社法 I | 国際経営論 I | |
| 水 | マーケティング・リサーチ I | 演習 IA | 経営学特講 III | |
| 木 | | 応用経営情報処理 I | コミュニケーション 英語 II | |

まとめ

10/10

まとめ

本論文では個々の大学生にとって最適な履修時間割の候補を推薦することを目的とした。

今後の課題

本研究では、ランダムに突然変異が起こることを考えた。これにより多様な染色体を生成することができた。しかし、突然変異によって制約違反を起こす染色体も多く生成されたため、時間が多くかかってしまう。

はじめに

遺伝的アルゴリズムによる最適化