

希望点による研究室配属問題の一解法

原 肇*・砂田 謙二*・玉野 和保*

(平成12年9月28日受理)

A Method of Seminar Assignment by the Selection Points Tendered

Hajime HARA, Kenji SUNADA and Kazuho TAMANO

(Received Sep. 28, 2000)

Abstract

Seminar assignment is a matter of primary concern for students. It is desired that requested seminars are assigned to all students. But there are some cases where a few students' requirements are unable to be well satisfied by the collected data of the year.

A few involuntary students must join the seminars against their wishes.

So optimizing method of the seminar assignment used by Genetic Algorithm (GA) is proposed. Each student offers his major ranks to the three favorite seminars and tenders points from his own points (9 points) for each seminar. The skilful assignment of points tendered of students enlarge fitness which is consists of the part of the points made and the part of the fixed numbers.

This result compares favorably with ordinary assignment. This method makes better use of assignment power of the large number of students.

Key Words: seminar assignment, the genetic algorithm, fitness, the points made, the fixed number, the selection points tendered, own points

1. はじめに

研究室配属は学生にとって大きな問題である。すべての学生が希望通りの研究室に配属されることが望ましいが、その年の配属希望データによっては、満足な解が得られないことがある。多人数教育ということで、各研究室に定員枠を設けることが余儀なくされるため、少人数ではあるが、希望外の研究室に不本意に配属される学生がいることは事実である。本電子工学科としてはこのような事態を極力避けるべき問題ととらえ、毎年、より良い配属方法を検討し、改良・実行している。

今までの問題点としては、まず学生数が多いため、配属先を決める作業は複雑になり、困難で労力の要るものとなる。次に担当教員を中心とした時間をかけた公正な判断にもかかわらず、学生にとっては客観性の乏しいものに思わ

れがちである。

そこで、「組み合わせ最適化」の一手法である遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithm, 以下 GA と略称する。) を用いて、研究室配属の最適化手法を提案した¹⁾²⁾³⁾。今回は電子・光システム工学科で実際に使用された配属データを用いて希望点による配属方法を試みる。そして、本学科が今回、実際に行った配属方法と比較を行った。その結果、この手法が電子・光システム工学科の研究室配属方法へ適用できることの確認ができた。

2. 調査方法及び配属方法

2.1 希望点配属方法

学生に図1に示す希望調査用紙を渡し、第1希望から第3希望までの研究室名を書いてもらう。その時、希望点も同時に書いてもらう。希望点とは、持ち点9点の中から自

* 広島工業大学工学部電子・光システム工学科

研究室配属希望調査用紙		
学生番号()	氏 名 ()	
	研究室名	希望順位
	1	P1 :
	2	P2 :
	3	P3 :

◆自分の希望する研究室名を上から3つ順番に書いて下さい。
空白とか、同一研究室名を重ねて書いてはいけません。
◆希望点数の枠内には合計で9点となるように書いて下さい。
必ずP1+P2+P3=9で、しかもP1≥P2≥P3としてください。

図1 調査用紙

分が希望する度合いによって3研究室に配分する点を言う。学生によっては、1つの研究室を強く希望していれば、持ち点全部を希望点9点として投じるであろう。しか、上位3研究室であればどこでも良い学生はそれぞれに3点ずつ、希望点を分けて投げればよい。

このように希望研究室の順位だけでなく、希望点を付加することにより、学生の意向をより深く反映した調査が期待できる。今回は第1位から第3位までの希望順位と希望点をもとに、担当教員を中心に本学科が決定した結果と、学生の希望点を考慮した配属方法を比較する。前者を従来型配属方法、後者を希望点配属方法と呼ぶことにする。

2.2 優先枠

本学科のルールでは、各研究室を希望する学生のうち各研究室ごとに上位3名は優先的に決定される。また、留年等の理由で再度その研究室を希望する学生も、配属は既得権として優先される。今回はこのような学生が52名だったので、残りの93名について、GAを適用する。

3. 適 応 度

適応度を以下の手順で求める。図2のようにP個の探索遺伝子を用意する。Nは学生番号で、 $z = D(p, n)$ となる。zは研究室番号で1からZまでの値をとるが初期段階ではランダムに選ぶ。次に調査データから図3のようにN人の学生の希望点分布 $T(z, n)$ を作成する。第n番目の学生の場合、縦に第n列を見ると、持ち点9点が3研究室に希望点として配分され、メッシュ（網線）が施されている。第5列では希望点 $T(3, 5)$ は、順位3位であったので0点であってもメッシュをかけておく。

図2において、第p番目の遺伝子の適応度について説明する。適応度は得点要素と定員要素から成り立つ。得点とは、学生がある研究室に配属された場合の希望点を得点と考え、得点要素は、この得点を全学生について総合計したものである。得点要素 $tok(p)$ は次式で表される。

$$tok(p) = \sum_{n=1}^N T\{D(p, n), n\} \tag{1}$$

	1	2	3	4	5	n	N
1	5	1	6	2	10	8	15
2	6	4	12	16	7	7	2
3	6	1	12	16	10	3	7
4	8	9	10	9	3	13	14
5	4	10	2	8	4	5	7
6	2	5	13	6	4	12	9
7	10	11	3	16	6	5	1
8	9	3	7	15	10	1	11
9	16	2	14	12	12	7	8
p	2	15	5	14	6	11	4
P	11	9	3	5	9	16	1

図2 P個の探索遺伝子 $D(p, n)$ の例

	1	2	3	4	5	n	N
1	0	1	4	0	7	2	0
2	6	0	0	0	0	1	9
3	0	2	0	0	0	0	0
4	2	6	3	0	0	0	0
5	1	0	2	3	0	0	0
z	0	0	0	1	2	0	0
Z	0	0	0	5	0	6	0

図3 学生の希望点分布 $T(z, n)$ の例

次に定員要素について説明する。ある研究室に配属される学生数 $S(z)$ は

$$S(z) = \sum_{n=1}^N \delta\{D(p, n) - z\} \tag{2}$$

となる。ただし、

$$\delta(t) = \begin{cases} 1: t = 0 \text{ のとき} \\ 0: t \neq 0 \text{ のとき} \end{cases}$$

である。研究室の定員枠を $W(z)$ とすると定員要素 $tei(p)$ は、配属される学生数と定員枠の差を表す二乗誤差を用い、次式で表す。

$$tei(p) = \sum_{z=1}^Z \{S(z) - W(z)\}^2 \tag{3}$$

そして最後に適応度 $fit(p)$ を、得点要素と定員要素に重み付けした次式で表す。

$$fit(p) = A * tok(p) - B * tei(p) \tag{4}$$

4. GA の概要

(1) 初期集団の生成

初期集団を構成する P 個の遺伝子を用意する。この遺伝子を探索遺伝子と呼ぶ。各遺伝子の長さは N とする。各遺伝子座には 1 から Z までの値が一様乱数で生成される。

(2) 自然淘汰

各個体の適応度 $fit(p)$ に基づき、順位付けを行い、下位の 2 つを淘汰し、あとで生成される子遺伝子のために空けておく。

(3) 交叉

選択された個体の中から、2 つの個体をルーレット選択法により選び、交叉により、子遺伝子を生成する。交叉とは、遺伝子座の内容を部分的に交換することである。

(4) 突然変異

集団が局所解に落ち込んだ時に脱出可能にするため、小さな発生確率で 1 から Z までの乱数を親遺伝子に加える。但し、エリート個体は突然変異の影響を受けないものとする。

(5) 世代交代

世代交代数があらかじめ決められた回数になるまで、(2) から(4)までの操作を繰り返す。

5. シミュレーション

5.1 GA の環境

下記の表 1 に示す GA の環境の中でシミュレーションを行う。また各研究室の定員枠については、優先枠で決まった 52 名も含めて 12 の大部屋の研究室に 11 人枠、4 つの小部屋の研究室に 4 人枠を設ける。

5.2 配属方法とパラメータ

(a) 従来型配属方法

本学科で行ってきた従来の方法である。第 1 希望に配属される学生は少なくなるが、できるだけ第 3 希望までに全員が配属されるように配慮する方法といえる。

表 1 GA の環境

初期集団： P	800個
遺伝子長： N	93
初期値乱数最大値： Z	16
定淘汰モデル	下位の個体を淘汰
親遺伝子選択方法	ルーレット選択法
交叉法	2点交叉
突然変異発生確率	0.1%
突然変異免除	上位5位
世代交代数	150,000回

(b) 希望点配属方法

学生より集めたアンケートには、第 3 希望までの研究室の順位と希望点が記入されている。よって学生個々の希望点で、シミュレーションを行う。

(c) 適応度の係数

式(4)の適応度の係数 A は 1 に固定し、 B を 1, 2.5, 5 と変化させることにより、 $tok(p)$ や $fit(p)$ の変化を探る。

(d) 希望外の得点

学生に対して、第 3 希望までしか調査していないわけであるが、第 4 希望以降は希望外として、得点を 0 点だけでなく、-10 点、-20 点とすることも試みる。

6. 結果

調査データより、学生の第一希望への平均希望点は 7.7 点、第 2 希望は 1.0 点、そして第 3 希望は 0.3 点と極端に第 1 希望を重視するものであることが分かった。

本学科で実施された結果を表 2 に示す。希望点や希望外の得点、それに係数 B などを考慮されずに作られているが、表 3 との比較のため、同じ形式で表現した。定員の範囲については、12 の大部屋は 11 人枠、4 つの小部屋は 4 人枠と設けられているが、直感的に分かりやすくするために、大部屋の人数の範囲で示すことにした。

表 2 従来型配属方法の結果

	B=1	B=2.5	B=5
第 1 希望	93	93	93
第 2 希望	22	22	22
第 3 希望	30	30	30
希望外	0	0	0
得点要素	761	761	761
定員要素	33	33	33
適応度	728	679	596
定員範囲	8~13	8~13	8~13

※希望外は 0 名なので希望外得点は考慮しない。

次に、表 3 に希望点による配属方法の結果を示す。

表 3 希望点配属方法の結果

		B=1	B=2.5	B=5
希望外の得点 0	第 1 希望	101	96	92
	第 2 希望	14	14	15
	第 3 希望	9	9	6
	希望外	21	26	32
	得点要素	857	814	775

希望外の得点 0	定員要素	39	11	3
	適応度	818	787	760
	定員範囲	9~14	10~12	10~11
希望外の得点 - 10	第 1 希望	102	95	89
	第 2 希望	21	22	26
	第 3 希望	22	25	24
	希望外	0	3	6
	得点要素	870	776	705
	定員要素	81	21	5
	適応度	789	724	680
	定員範囲	8~15	9~13	10~12
希望外の得点 - 20	第 1 希望	102	92	88
	第 2 希望	22	27	24
	第 3 希望	21	26	31
	希望外	0	0	2
	得点要素	869	782	707
	定員要素	81	31	11
	適応度	788	705	652
	定員範囲	8~15	9~13	10~11

7. おわりに

本稿で提案した解法の有効性を簡条書きで示す。

- ① 適応度や希望点を考えることにより教員や学生の間配属方法への客観性が生じる。
- ② 希望点配属方法を採用する場合、要素の係数 A, B や希望外の負の得点を調整して、学科あるいは担当者の望む配属方法に近づけることができる。

- ③ 今までは人間が絡む問題ということで、再試行はできないという気持ちが全教員に存在していた。しかし今後は、GA の解を見ながら、より良い解を求めることができる。

最後に、論文内の希望点配属方法の提案は、電子・光システム工学科の総意ではなく、筆者らの独断によるものであり、今なお研究段階のものであることを申し述べておく。

本学科では、成績の考慮、初期段階での希望人数の学生への周知など工夫を凝らしている。筆者らとしては、これらも併せて考えて、実用に価値ある配属方法を今後も研究していきたいと思っている。

謝 辞

論文内のデータは、電子・光システム工学科の協力によるものであることを申し述べ、深く感謝する次第です。また、プログラム、データ作成で協力いただいた本学科学生、菅原潤一君と片山礼子さんに感謝の意を表します。

参 考 文 献

- 1) 原 肇, 砂田謙二, 玉野和保: GA を用いた研究室配属問題の一解法, 平成11年度電気・情報関連学会中国支部連合大会 pp. 375-376 (1999. 10. 23)
- 2) 原 肇, 砂田謙二, 玉野和保: GA を用いた研究室配属問題の一解法, 広島工業大学研究紀要, Vol. 34, (2000) pp. 1-6
- 3) 重富 慎, 砂田謙二, 原 肇: 遺伝的アルゴリズムを用いた研究室配属問題の一解法, 電子情報通信学会2000年総合大会, D-15-12, (2000. 3. 30)