

科学研究費助成事業（科学研究費補助金）研究成果報告書

平成24年 6月 7日現在

機関番号：55501

研究種目：若手研究（B）

研究期間：2009～2011

課題番号：21700264

研究課題名（和文） 自己集約型部分空間マイニングに基づく進化的ナース・スケジューリング法の確立

研究課題名（英文） Establishment of Evolutionary Nurse Scheduling Based on Self-aggregated Subspaces Mining.

研究代表者

久保田 良輔（KUBOTA RYOSUKE）

独立行政法人国立高等専門学校機構宇宙部工業高等専門学校・制御情報工学科・助教

研究者番号：50432745

研究成果の概要（和文）：

本研究の目的は、看護師の勤務表作成を最適化問題として解くための新しい進化的計算法を開発することである。具体的には、自己組織化マップを再生に用いた遺伝的アルゴリズムを用いた探索空間の可視化手法を提案し、最適化問題の形状や性質を2次元空間上で視覚的に捉えることが可能となった。また、粒子群最適化法に基づく探索法、分散遺伝的アルゴリズムを用いた探索法について提案し、これらの手法の有効性を確認することができた。

研究成果の概要（英文）：

The purpose of this research is an establishment of a novel evolutionary computing method in order to solve a nurse scheduling problem, which is one of the optimization problems. Concretely, a genetic algorithm with self-organizing map-based selection method was proposed and enables a 2-dimensional visualization of characteristics of the given optimization problem. Furthermore, a particle swarm optimization and a distributed genetic algorithm were modified, and their effectiveness and validities were confirmed.

交付決定額

（金額単位：円）

	直接経費	間接経費	合計
2009年度	1,000,000	300,000	1,300,000
2010年度	600,000	180,000	780,000
2011年度	900,000	270,000	1,170,000
年度			
年度			
総計	2,500,000	750,000	3,250,000

研究分野：総合領域

科研費の分科・細目：情報学、感性情報学・ソフトコンピューティング

キーワード：遺伝的アルゴリズム、自己組織化マップ、粒子群最適化法、分散遺伝的アルゴリズム

1. 研究開始当初の背景

医療の現場では、人の命に係わる業務を行っているため、そのスタッフらには非常に質の高い勤務が要求されている。しかし、24時間切れ目のない活動を求められる病棟看護師の勤務表作成（ナース・スケジューリング）では、看護の質だけでなくスタッフの労働負

荷も十分考慮しなければならないので、多種多様の制約が存在し、それら全ての条件を満たすことは非常に難しい。

ナース・スケジューリングは、大半の病院において各部署の看護師長や作成能力に秀でた熟練のスタッフによって手作業で行われているが、その作業には平均して約7時間

を必要とし、一部のスタッフに対する大きな負担となっているのが現状である。また、日本における病院の数は1万を超えるとも言われており、ナース・スケジューリング作業は毎月約3万部署で発生している。多くの病院や各部署がこのような問題を抱える状況下において、効率的なナース・スケジューリングを自動的に行うことができれば、作成者の負担だけでなく、看護師全体の労働負荷をも軽減することが可能である。

ナース・スケジューリングでは、看護師の数が多く、スケジューリング期間が長くなるに従って探索空間が増大し、制約の種類や数が多いほど目的関数が複雑になるため、一般的な最適化法で解くことは難しく、進化的計算法に代表されるメタヒューリスティックなアプローチが有効と考えられている。しかし、これらのアルゴリズムは汎用的に使用できる反面、多くの制約が存在する場合において、効率良く探索を行うことは極めて困難である。

この問題を解決するため、従来は、与えられた特定の制約を満たすような解の生成法や遺伝的演算法に関して主眼が置かれてきた。しかし、ナース・スケジューリングの制約条件は、病院や部署、勤務形態の違いによって大きく異なるため、従来方法では問題の根本的な解決には至っていない。

2. 研究の目的

本研究では、多くの病院の様々な部署での実用化を念頭に置き、熟練者の知識を柔軟に取り入れることが可能で、効率的に求解可能な進化的計算法を開発し、多種多様な制約条件下において汎用的に適用可能なナース・スケジューリングアルゴリズムの確立を目指す。

3. 研究の方法

本研究では、以下の3つの手法を提案し、その有効性を検証した。

(1) 複雑な目的関数の性質を視覚的に捉えるための可視化機能を備えた遺伝的アルゴリズムを開発した。具体的には、遺伝的アルゴリズムの選択・淘汰法を自己組織化マップに基づいて構築した。自己組織化マップは、データの分布を近似できるという特長を持っており、本研究では評価値付きデータを使用しているため、データの評価値の高さに応じて、局所的に近似精度を変更することができるように、自己組織化マップに改良を加えた。

(2) 与えられた目的関数(最適化問題)を効率よく解くための解法を、粒子群最適化法に基づいて開発した。粒子群最適化法とは、

群知能に基づく探索アルゴリズムの一つであり、鳥や魚など、群れをなす動物の社会的行動を模倣している。粒子群最適化法では、探索空間内の複数の粒子が、自己最良位置と全体最良位置の情報をもとに、自身の次の探索点が決定される。本研究では、次の探索点を決定する際に、各粒子の自己最良位置の混合成分を加味することで、探索の効率化を図った。混合の比率については、それぞれの自己最良位置の評価値に基づいて決定した。

(3) 異なる規模の勤務表を同時に扱うため、様々な遺伝子長の個体集団を同時に扱うことが可能な複数解空間競合型分散遺伝的アルゴリズムを提案した。この手法は、分散遺伝的アルゴリズムの拡張であり、解空間ごとに母集団を用意し、それらを同時に探索させることで次元数の異なる複数解空間の同時探索を可能にしている。提案手法は、複数のサブ母集団を有しており、具体的には、1つのサブ母集団が1つの解空間を探索すると考えることで、各サブ母集団が異なる解空間を同時に探索し、探索途中にサブ母集団間での個体の移動を行う。また、探索初期は少ない解空間を探索し、必要に応じて新たな解空間を探索するサブ母集団を追加することも可能とした。サブ母集団間の個体の移動は、各サブ母集団内の平均評価値に基づいて決定した。

4. 研究成果

3で述べたそれぞれの手法について、以下の成果が得られた。

(1) 自己組織化マップを用いた選択・淘汰法において、マップを画像化して表示することにより、目的関数の性質を明らかにすることが可能となった。提案手法の概念図を図1に示す。

具体的には、マップ上の各ユニットに対応する参照ベクトル間の距離に応じて各ユニットを色付けすることにより、高次元の目的関数の特徴を2次元の白黒濃淡画像で表現した。その結果、単峰性目的関数と多峰性目的関数の差異を濃淡画像から確認することが可能となった。このことから、提案手法を用いることにより、個体集団の多様性を効果的に維持することで、高速な探索を行いつつ、目的関数の性質や特徴を視覚的に捉えることが可能になったと言える。

今後は、記号データなどへも本手法を適用し、その有用性を検証していく。

(2) 自己最良位置の混合成分を考慮した粒子群最適化法を用いることによって、探索の性能が向上した。提案手法の概念図を図2に示す。

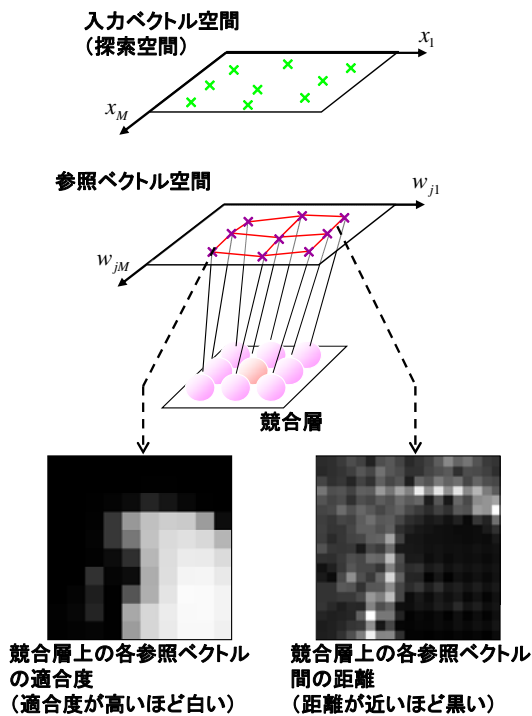


図 1. 自己組織化マップを用いた選択・淘汰法

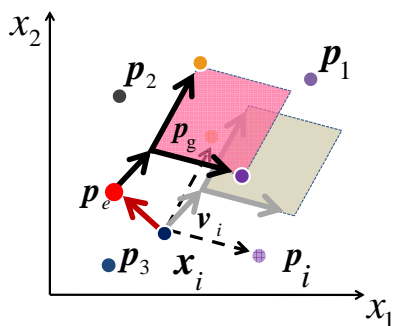


図 2. 自己最良位置の混合成分を考慮した粒子群最適化法

具体的には、4 種類のベンチマーク関数を用いて、提案手法の有効性を検証した。実験の結果、適用するベンチマークによってばらつきはあるものの、自己最良位置の混合成分の情報を共有して次の探索点を決定することにより、従来手法と比較して少ない探索回数で良好な解を探索できることを明らかにすることができた。

今後は、様々な実問題への適用や、記号データへ応用するための拡張などを行っていく。

(3) 複数解空間競合型遺伝的アルゴリズムを用いることによって、遺伝子長の異なる様々な解について、同時に最適化することが可能となった。提案手法の概念図を図 3 に示す。

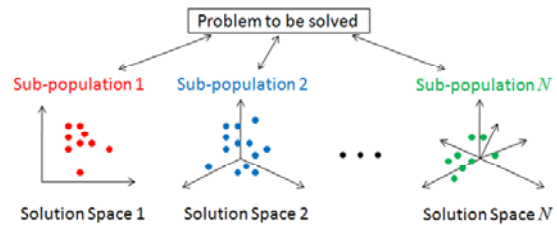


図 3. 複数解空間競合型遺伝的アルゴリズム

具体的には、多項式のフィッティング問題に提案手法を適用し、その基本的な性能を検証した。実験においては、多項式の次数を 3 と 5 とし、目的関数をそれぞれ設定し、探索空間の次元数に応じて、初期個体の数を決定した。その結果、それぞれの目的関数において、安定した探索を行うことが可能となり、また、妥当な解を発見することが可能となった。

5. 主な発表論文等

(研究代表者、研究分担者及び連携研究者には下線)

[雑誌論文] (計 1 件)

- ① S. Ishikawa, H. Misawa, R. Kubota, T. Tokiwa, K. Horio, and T. Yamakawa: "Multi-space Competitive DGA for Model Selection and Its Application to Localization of Multiple Signal Sources," Journal of Advanced Computational Intelligence and Intelligent Informatics, Vol. 15, No. 9, pp. 1320-1328, 2011 査読有。

[学会発表] (計 9 件)

- ① 植田祥明, 久保田良輔: "自己組織化マップに基づく実数値遺伝的アルゴリズムの再生法," 電子情報通信学会スマートインフォメディアシステム研究会, 2011-12-15, 山口大学 (山口)。
- ② 石川秀大, 三澤英明, 久保田良輔, 堀尾恵一: "複数回空間競合型GAにおける探索の安定性の改善," 電子情報通信学会スマートインフォメディアシステム研究会, 2011-12-15, 山口大学 (山口)。

- ③ 植田祥明, 久保田良輔: “自己組織化マップを用いた遺伝的アルゴリズムとその探索過程の可視化,” 平成 23 年度 (第 62 回) 電気・情報関連学会中国支部連合大会, 2011-10-22, 広島工業大学 (広島).
- ④ R. Kubota and Y. Ueda: “Self-Organizing Map-Based Reproduction with Visualization of Search Process in Real-Coded Genetic Algorithm,” The 12th International Symposium on Advanced Intelligent Systems, 2011-9-30, LA VIE D’OR Resort (Suwon, Korea.).
- ⑤ 久保田良輔, 平川将司, 田向権: “自己最良位置の混合成分を考慮した粒子群最適化法,” 電子情報通信学会スマートインフォメディアシステム研究会, 2011-6-9, 石垣市健康福祉センター (沖縄).
- ⑥ 植田祥明, 久保田良輔: “自己組織化マップを用いた遺伝的アルゴリズムの再生法とその探索過程の可視化,” 2011 年電子情報通信学会総合大会, 2011-3-15, 東京都市大学 (東京).
- ⑦ 平川将司, 久保田良輔: “適合度に関する重み付き平均を考慮した粒子群最適化法,” 2011 年電子情報通信学会総合大会, 2011-3-15, 東京都市大学 (東京).
- ⑧ 堀尾恵一, 石川秀大, 三澤秀明, 常盤達司, 久保田良輔, 山川烈: “複数解空間競合型分散GAの提案および信号源推定への適用,” 進化計算シンポジウム 2010, 2010-12-18, レイクサイドホテル久山 (福岡).
- ⑨ K. Horio, S. Ishikawa, H. Misawa, T. Tokiwa, R. Kubota and T. Yamakawa: “Multi-space Competitive DGA and Its Application to Localization of Multiple Signal Sources,” The 2nd World Congress on Nature and Biologically Inspired Computing, 2010-12-17, 北九州市国際会議場 (福岡).

6. 研究組織

(1) 研究代表者

久保田 良輔 (KUBOTA RYOSUKE)

宇部工業高等専門学校・制御情報工学科・
助教

研究者番号: 50432745