第３回システム最適化に関するシンポジウム講演論文集　1993年12月

(16) 遺伝的アルゴリズムとその応用アルゴリズム (一パーティショニング問題の解法について)

Genetic Algorithm and Its Advanced Algorithm (On Solving Method of A Kind of Partitioning Problem)

石田良平*　　杉山吉彦**
Ryohei ISHIDA and Yoshihiko SUGIYAMA

The present paper describes genetic algorithm and its advanced algorithm. The advanced algorithm is called constructive algorithm. The constructive algorithm is applied to the strongest column design problem subjected to axial compressive force. The problem is reduced to that to obtain a discretized bending rigidity distribution and, further, to a kind of partitioning problem. Two types of chromosomes are introduced in the constructive algorithm. One is called the main chromosome and the other the subchromosome. The condition of constraint is always satisfied with the gene on *the main chromosome*. The subchromosome controls the transformation of the genes on the main chromosome. The genetic algorithm is applied only to the subchromosome.

Key Words: Genetic Algorithms Optimal Design, Buckling, Finite Element Method, Strongest Column, Constructive Algorithm

1. まえがき

遺伝的アルゴリズム（ＧＡｓ）[1]は、生物進化にヒントを得たシステムの最適化アルゴリズムの一つとして、近年急速に注目され、構造設計への応用もなされてきている[2-4]。遺伝的アルゴリズムでは、システムの特性を染色体上の遺伝子にコーディングし、その染色体の集団によって多点探索を行う。このことから、システムパラメータによって生成される目的関数空間が多峰性を有していても、大域的最適システムパラメータが得られやすいという長所を持つ。しかし、適用する問題の種類やコーディングの方法によっては、長所を十分に生かすことができない場合がある。したがって、パラメータをどのようにコーディングするかが探索成功の鍵になっている[5,6]。

パラメータの染色体へのコーディングに関する一つの興味深い例として、Partitioning Problemへの応用が考えられる。PartitioningProblemとは、簡単にいえば、N個のオブジェクトを、ある条件を満足するように、K個のグループに分割する問題である。ＧＡｓのこの種の問題への適用は、Jones,D.R and Beltramo,M.A[7]によってなされている。彼らは、３種類のコーディング方法について検討し、'Greedy Adding heuristic'を併用する方法が効果的であることを述べている。

本報では、遺伝的アルゴリズムのパーティショニング問題への適用について概観し、類似したある種の問題を解くための、遺伝的アルゴリズムをベースにしたアルゴリズムについて述べる。このアルゴリズムの特

＊　工博　大阪府立大学助手　工学部航空宇宙工学科
＊＊　工博　大阪府立大学教授　工学部航空宇宙工学科

徴は、特殊な問題を解くためのものであるにもかかわらず、特に工夫を必要としない点である。本アルゴリズムの適用例として、軸圧縮荷重を受ける柱の座屈荷重を最大にするための剛性分布および形状の離散的設計問題を扱う。座屈加重の解析には、有限要素法を用いる。この種の最適設計問題は、従来から連続的な形状最適化問題[8-10]として扱われているが、離散的設計問題として定式化する場合は、天文学的数字の形状候補の中から最適形状を選択する問題であり、重量が一定であるというような制約条件のもとでは、一種のパーティショニング問題として定式化される。本アルゴリズムによって、わずかな繰り返しによって、天文学的数字の形状候補の組み合わせの中から、最適あるいは準最適な離散的形状が容易に得られることを示す。

2．パーティショニング問題

今、N個の実数列x_i (i=1,2,3,•••,N)をK個のパーティションで分割することを考える。条件として、各グループの中の数の和が、すべてのグループにわたってほぼ均一になるようにする。Jones,D.R and Beltramo,M.A[7]は、この問題を、遺伝的アルゴリズムで解くための３種類の方法について述べている。第１の方法として、i番目の要素がx_iに割り当てられたグループ番号となるようなN個の文字列としてパーティションを表すものである。第２の方法として、パーティションをN個のオブジェクトとそれらを分割するK-1個の隔壁の順列として表すもので、第３の方法は、第２の方法にGreedy Adding heuristicという方法を併用するものである。

第３の方法は、まず、N個のオブジェクトの順列を作成し、N個のうちの最初のK個のオブジェクトを用いてK個のグループを初期化し、その後、残りのオブジェクトを、それが順列中の現れる順番にグループに加える。その際、常に最良の目的関数値が得られるようにする、というものである。

これらの方法を用いた例題から、第１および第２の方法では、交叉の際に問題が生ずることを述べている。第３の方法によれば、これらの問題は全く生じない。一方、Greedy Adding heuristicでは、他の方法に比べて目的関数に関する知識を必要とするとも述べられている。

3．ある種のパーティショニング問題としての軸圧縮加重を受ける柱の設計

ここでは、軸圧縮加重を受ける柱の座屈強度を最大にするための軸方向剛性分布を離散的に求める問題について考える。座屈強度解析には、有限要素法を用いるものとする。

3.1 ＦＥＭを用いた座屈解析　まず、軸圧縮荷重による柱の曲げ座屈の有限要素解析について、簡単にまとめておく。

剛性方程式は、仮想仕事の原理とCastiglianoの定理から

$$\{q\}=[k]\{u\} \tag{1}$$

となる。

ここで、$\{q\}$は、はり要素の節点内力ベクトル、$\{u\}$は節点変位ベクトル、$[k]$は剛性マトリックスである。

また、軸圧縮力Pのなす仕事から、Castiglianoの定理より、

$$\{P\}=[k_G]\{u\} \tag{2}$$

を得る。ここで、$\{P\}$は節点外力ベクトル、$[k_G]$は初期応力マトリックスである。

本報では、最も簡単な場合として、はりのたわみ曲線が軸方向の３次曲線として表されるものとする。この場合、節点内力ベクトルおよび節点外力ベクトルは、要素両端のせん断力と曲げモーメントを成分とする４次元ベクトル、節点変位ベクトルは、要素両端のたわみおよびたわみ角を成分とする４次元ベクトルとな

る。また、各要素の剛性および初期応力マトリックスは、それぞれ、次式で表されるような[4 × 4]のマトリックスとなる。

$$[k]_i = \frac{(EI)_0}{l^3} r_i \begin{bmatrix} 12 & 6 & -12 & 6 \\ & 4 & -6 & 2 \\ & sym. & 12 & -6 \\ & & & 4 \end{bmatrix}, \qquad (3)$$

$$[k_G]_i = \frac{P}{l} \begin{bmatrix} \frac{6}{5} & \frac{1}{10} & -\frac{6}{5} & \frac{1}{10} \\ & \frac{2}{15} & -\frac{1}{10} & -\frac{1}{30} \\ & sym. & \frac{6}{5} & -\frac{1}{10} \\ & & & \frac{2}{15} \end{bmatrix} \qquad (4)$$

ここで、lは要素の長さであり、$(EI)_0$は一様柱の剛性である。

式(3)でr_iを剛性比と呼び、一様断面を持つ柱の剛性に対する各要素の剛性の比率を表している。

各要素のマトリックス方程式を用いて、全体のつりあい方程式を構成し、これが節点変位に関して自明な解を持たない条件は、$|[K]-[K_G]|=0$で与えられる。このとき、固有値を、$\lambda = Pl^2/(EI)_0$ で定義すれば、座屈荷重は特性方程式の最小固有値を用いて求められる。さらに、$l=L/N$（N:要素数、L:柱の長さ、l:要素長さ）を用いれば、座屈荷重P_{cr}は、$P_{cr}=N^2\lambda(EI)_0/L^2$ から計算することができる。ここで、$N^2\lambda$は変断面はりの固有値に相当し、剛性比r_iの関数である。

3.2 耐座屈設計　柱の耐座屈設計を、両端の支持条件に対する座屈荷重を最大にするような剛性分布を求める問題として扱う。ここでは、FEMと機能生成アルゴリズムを用いて離散的な最適剛性分布を求めるものとする。

まず、制約条件を規定する。このため、剛性比r_iを$r_i=r_{min}+m_i\Delta r$, $(i=1,2,\cdots,N)$で表す。この式で、r_{min}は最小剛性比であり、m_iは整数値、Δrは増分パラメータである。以上のパラメータを用いれば、制約条件は、

$$\sum_{i=1}^{N} r_i = N \qquad (5)$$

あるいは、

$$\sum_{i=1}^{N} m_i = \frac{N(1-r_{min})}{\Delta r} = M \qquad (6)$$

となる。

したがって、いま考えている離散的剛性分布を求める問題は、Mを一定に保ちながら、整数m_iの最適分布を求めるという問題になる。さて、このとき、M個のΔrをN個の有限要素に分布させるとき、考えられる剛性分布の組み合わせの総数は、$(M+N-1)!/\{M!(N-1)!\}=C(M+N-1,M)$で与えられる。いま、パラメータ$N, r_{min}$および$\Delta r$を、それぞれ、16、0.1および0.05とすれば、パラメータΔrの総数は、式(6)より、M=288となる。このとき、考えられる剛性分布は、問題に対称性がなければ、$303!/(288!\times15!)\fallingdotseq 8.96\times10^{24}$通りになる。もし、すべての考えられる剛性分布を計算して、その中から最良のものを見いだすとすれば、一つの剛性分布に対する座屈荷重の計算に10^{-9}秒しか要しないとしても、2.8×10^9年の計算時間が必要である。

この問題は、一種のパーティショニング問題と考えられる。すなわち、「M個のΔrをN個の箱の中に、条

件を満足するようにいれなさい」。上に述べたパーティショニング問題と、この問題の異なる点は、この問題ではM個のオブジェクトΔrが、すべて同じであるということである。この違いは、本質的な違いであるともいえる。

3．遺伝的アルゴリズムに基づく新しいアルゴリズム

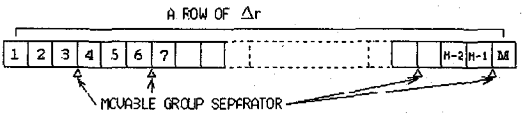

図1　本定式化の基本概念

この問題を遺伝的アルゴリズムを用いて解くためには、パーティショニング問題に対するアプローチ同様問題点がある。いま、初期世代中の個体集団を形成するものとする。これは、次のようにして行なえばよい。まず、要素数分だけの乱数を生成し、要素番号と生成順番とを対応させる。乱数の総和を求め、総和に対する各乱数の比率を求め、それをM倍し、各要素のm_iとする。過不足は最終要素で調整する。これをすべての個体に対して行なうことによって、初期集団を形成できる。しかし、次のような問題が起こる。交叉や突然変位といった操作によって、Mを常に一定に保つという条件が、すぐに崩れる。Mが一定に保たれた個体がこれらの操作によって生成されるのは、むしろ偶然であるといってもよい。そのため、新しいアルゴリズムに導入が検討されるべきである。

さて、この問題は次のようにとらえることもできる。すなわち、「M個のΔrの列の中に、条件を満足するように、$N-1$個の区切りをいれなさい」（図１）。この問題を解くために、遺伝的アルゴリズムを応用した次のようなアルゴリズムを提案し、これを機能生成アルゴリズムと呼んでいる[11)]。

新しいアルゴリズム：**機能生成アルゴリズム**

1)制約条件にしたがって、初期機能分布を一つだけ任意に生成する。これを主染色体とする。

2)上で定義した一つの主染色体の他に、副染色体を複数個用意し、主染色体と合わせて集団を形成する。副染色体には、後に述べるような一定の規則で、主染色体上の遺伝子の移動に関する情報をコーディングする。

3)各世代の集団内で副染色体の情報に従って主染色体上の遺伝子を移動させ、与えられた条件に対する適合度の評価を順次行う。主染色体の評価を上げた場合、世代内で主染色体の情報を更新する。

4)副染色体に対してのみ、遺伝的アルゴリズムにおける進化過程を適用する。

5)ただし、3)で、副染色体が、移動可能な遺伝子を持たない主染色体上の遺伝子座からの移動を指定する場合がある。このような副染色体は「何もできない」ので、これを評価不能として集団から外し、不足する副染色体を次の世代でランダムに補充する。また、主染色体の更新は、評価を上げた場合のみ行なう。

ここで、副染色体のコーディングについて、簡単に述べておく。nビットを移動元に、残りのnビットを移動先に、それぞれ、対応させ、2nビットで副染色体をコーディングする。さらに1ビット(n+1ビット目に配置)を加え、2n+1ビットで副染色体を記述する。このとき、全移動パターンは、見かけ上、2^{2n+1}パターンになる。付加された1ビットは移動方向を表すものとする。つまり、先頭と末尾のそれぞれnビットで主染色体上の二つの遺伝子座を指定し、中央の1ビットで移動方向を表す。例えば、n=4として、副染色体(0010 1 1011)は2番目から11番目への移動を表し、(1001 0 1111)は15番目から9番目への移動を表す。

これらの副染色体の中には、移動先と移動元に同じ遺伝子座を指定する副染色体（例えば、n=4の場合、(0010 0 0010)や(1011 1 1011)など）が存在する。これらの副染色体は、いわば「何もしない」。これらは「何もできない」副染色体と区別されなければならない。

そこで、付加的な条件として、「何もしない」副染色体に対しては、その時点の最大評価値を与えるものとする。これらの「何もしない」副染色体は集団内で高い評価値を持つため、進化過程で増殖する（はずで

ある）。
6)「何もしない」副染色体に対しては、それが現われた時点の最大評価値を与える。
7)世代内で副染色体の一定割合以上が「何もしない」場合、主染色体上に最適な遺伝子分布が生成されたものとする。

以上のアルゴリズムによって、主染色体上に最適なm_iの分布が生成される（はずである）。

4．数値計算例

さて、具体的に問題を設定する。FEMの要素数N=16とし、Δr=0.05およびr_{min}=0.1とする。このとき、M=288となる。この場合、考えられる剛性分布の組み合わせの総数は、すでに述べたように、8.96×10^{24}通りである。

副染色体のコーディングとして、第３章に述べたアルゴリズムにしたがって、次のようにコーディングする。16個の要素の要素番号（0-15）をバイナリー形式で表す場合、(n=)4ビットを必要とする。したがって、副染色体は、(2n+1=)9ビットで構成され、このとき生成される剛性移動のパターンは全部で、見かけ上、512種類であり、そのうち32種類が「何もしない」移動パターンである。

数値計算では、まず、一様乱数を用いて主染色体上の初期遺伝子分布（初期剛性分布）を生成した。乱数発生のための種を、数値計算開始（プログラムがロードされた）時刻によって定めた。同様にして、副染色体上の遺伝子も一様乱数を用いて生成した。なお、副染色体集団の個体数を50とした。また、増殖率、交叉率、突然変異率を、それぞれ、20%,40%,20%とし、最大50世代までとして計算を行った。また、収束判定条件として、「何もしない」副染色体の数が世代内で46以上に達した場合、最適解が得られたものとして探索を終了した。

柱の両端支持条件としては、1)固定/自由(C/F)および2)固定/単純支持(C/S)の２種類を想定した。これら２種類の支持条件には、対称性がないので、考えられる剛性分布の総数は、すでに述べたとおりである。

図２に、両端の支持条件がC/Fの場合の「何もしない」副染色体の数(Nbで表す）の世代ごとの変化を示す。同じく、図３に両端の支持条件がC/S、の場合の変化を示す。これらの図からわかるように、世代を経るごとに、「何もしない」副染色体が増加していることがわかる。C/Fの場合27代目、C/Sの場合25代目で探索は終了した。

表１に、C／Fの場合の各要素の剛性を、m_iによって示す。実際の剛性は$(m_i+2)(EI)_0/20$である。この表

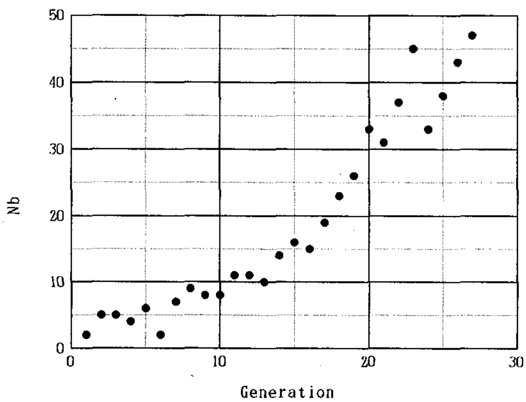

図 2　「何もしない」副染色体の数(C/F)

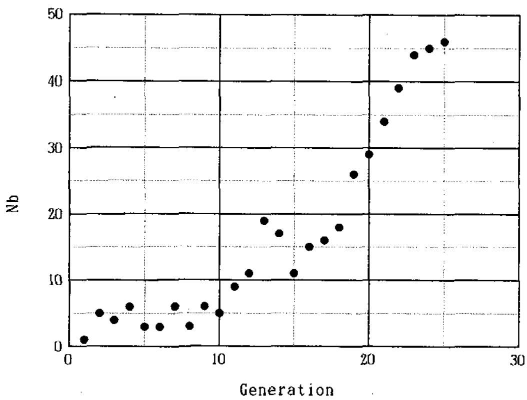

図 3　「何もしない」副染色体の数(C/S)

表1　機能生成アルゴリズムによる最適剛性探索結果(C/F)

Element No.	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	Eigenvalue
Initial	2	25	18	23	11	8	20	31	8	9	17	27	26	16	29	18	1.48563
Final	28	28	27	27	26	24	23	21	19	17	15	13	10	7	3	0	2.98906
Exact	28	28	27	26	26	24	23	21	20	17	15	13	10	7	3	0	2.98907
Uniform	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	2.46740

* Clamped End　　　　Free End *

は、初期剛性分布(Initial)、探索結果(Final)、一様剛性(Uniform)および厳密値(Exact)の場合の剛性分布と固有値を示している。

この表からわかるように、初期剛性分布がかなりランダムに生成されているにも関わらず、得られた探索結果は厳密値に近いことがわかる。また、結果は、一様剛性の場合に比較して、C/Fの場合、約1．21倍になっている。この結果から、与えられた支持条件件に対する耐座屈設計になっていることがわかる。なお、C／Sの場合の結果は、紙面の都合上省略するが、一様剛性の場合の約1．20倍になっている。

5．結言

ここでは、パーティショニング問題について概観し、ある種のパーティショニング問題に対して有効な、遺伝的アルゴリズムに基づく新しいアルゴリズムについて述べた。このアルゴリズムを、軸圧縮加重を受ける柱の離散的耐座屈最適設計問題に適用した。その結果、このアルゴリズムによって、天文学的数字にのぼる考えられる剛性分布の中から、きわめて効率的に最適設計をおこなうことができることがわかった。

なお、ここでは、はり要素の剛性を移動させた場合について検討したが、文献8)-10)では、一定重量の基での最強設計について述べられている。剛性を移動させることに関する物理的解釈は、困難であるが、結果から次の二つの解釈が可能である。まず、ヤング率が一定の場合は、変断面柱の最適設計であり、断面積が一様の場合は、ヤング率の分布の最適化（不均質柱）ということである。

参考文献

1) Goldberg,D.E., Genetic Algorithms in Search, Optimization, and Machine Learning, ADDISON-WESLEY PUB.Co.,Inc. (1989)
2) 文献1)のpp.136-137
3) 杉本,ＧＡの工業設計への応用に向けて,数理科学,No.353,pp.45-50 (1992)
4) 杉本,鹿,山本,離散的構造最適設計のためのＧＡの信頼性向上に関する研究,土木学会論文集,No.471,I-24,pp.67-76 (1993)
5) 和田,遺伝的アルゴリズムと機械の進化,数理科学,No.328,pp.47-51 (1990)
6) 星野,遺伝的アルゴリズム[１]-その信仰と現実,bit,Vol.24,No.9,pp.945-955 (1992),同[２]-だまし問題、人工生命,bit,Vol.24,No.10,pp.1094-1104 (1992)
7) Jones,D.R. and Beltramo,M.A,. Solving Partitioning Problems with Genetic Algorithms, pp.442-449 (1992)
8) Keller,J.B., The Shape of the Strongest Column, Arch. Rational Mech. Anal., Vol.5, pp.275-285 (1960)
9) Tadjbakhsh,I. and Keller,J.B., Strongest Columns and Isoperimetric Inequalities for Eigenvalues, J. Appl. Mech., Vol.29, pp.159-164 (1962)
10) Olhoff,N. and Rasmussen,S.H, On Single and Bimodal Optimum Buckling Loads of Clamped Columns, Int. J. Solids and Struct., Vol.13, pp.605-614 (1977)
11) 石田・杉山,機能生成アルゴリズムの提案と柱の耐座屈設計,日本機械学会論文集A編,Vol.59,No.566,（掲載予定）(1993)