

I-21

GAの高難度最適化問題への応用のための基礎的研究

室蘭工業大学工学部

鹿 沐麗

室蘭工業大学工学部

正会員

杉本 博之

1. まえがき

最適設計分野における、離散関数問題、多峰性問題および組合せ問題の最適設計は非常に困難といわれている。その主な原因は普通の最適設計手法が関数の微係数に依拠性があることだと考えられる、近年、これらの問題について種々の研究が盛んである。最近、非常に注目されている遺伝的アルゴリズム¹⁾はその中の1つである。本研究において、組合せ最適設計の例でその性質を研究し、また、その有効性と効率を向上するために、本研究で提案された遺伝子改良という方法について説明し、その方法の高難度最適化問題への応用の可能性について検討する。

2. 遺伝的アルゴリズムの基本的概念

現在、この地球上に生息している生物は30億年という悠久の時間をかけて進化してきたもの²⁾である。この悠久の進化史を見ると、自然界では、いつも環境に適した能力の高い生物が生き残って、これらの生物の交配、遺伝物質が子に伝えられて、より優れた後代が生成している。このような過程を繰り返し、遺伝と進化によって、ますます形質の良い生物が存続つづける。遺伝的アルゴリズム（以下GA）はこのような生物の遺伝と進化を数理モデルに置き換え、最適設計の手法として利用しようというものである。

GAでは、それぞれの問題によって手順が違うこともあるが、一般に次の手順に従う。

Step 1 【集団の生成】 所定の集団サイズNを与え、ランダム³⁾な遺伝子を持つ線列をN個作成する。それらを、初期世代の集団P(0)とする。

$$P(0) = \{p_1(0), p_2(0), p_3(0), \dots, p_N(0)\}$$

Step 2 【交叉による後代の生成】 ランダムに配偶者を決定し、一対の配偶者に対して確率P_cで交叉を起こさせる。つまり、親の遺伝子はそのままだに伝えられる、あるいは、部分的に伝えられる。生成した新しい線列はP(t+1)とする。

Step 3 【突然変異】 P(t)の各線列に対し、確率P_mで突然変異が起こるかどうかを決定し、突然変異が起これば、線列上の遺伝子の一部分を他の要素に置き換えて、再びP(t)とする。

Step 4 【淘汰】 集団P(t)中の各線列の適応関数F(t)と平均適応関数の比Kによって、淘汰を行い、次の世代に残る線列をN個選択して、P(t+1)とする。

式で表すと、次のようになる。

$$F(t) = \{f_1(t), f_2(t), f_3(t), \dots, f_N(t)\} \quad (1)$$

$$K = \frac{\sum_{i=1}^N \frac{f_i(t)}{f_{avg}}}{\sum_{i=1}^N \frac{f_i(t)}{f_{avg}}} \quad (2)$$

$$f_{avg} = \frac{\sum_{i=1}^N f_i(t)}{N} \quad (3)$$

Step 5 【収束の判定】 収束の判定を行い、所定の条件を満足しなければ、Step 2に帰る。

Basic Research on Application of GA to Optimization Problem with High Difficulties

By Bian-Li LU and Hiroyuki SUGIMOTO

3. 遺伝的オペレータ

GAは交叉、突然変異、淘汰の三つの主な遺伝的オペレータで構成されている。

(1) 交叉 (crossover)

親となる二つの選ばれた線列の間で、遺伝子の一部分を相互に交換することである。交叉の目的はなるべく親の良い形質が破壊されずに、子に伝えることである。しかし、実際に応用する時、親の良い形質を判別することは困難である。

本研究においては、1点交叉と遺伝子交叉の二つの方法を検討した。

・1点交叉 (one-point crossover) : 線列上の一箇所のみを切断し、遺伝子を部分的に交換させる、最も簡単な交叉である。

・遺伝子交叉 (gene crossover) : 本研究で提案した方法である。この方法において、二つの子線列上の各遺伝子は確率的に片親から、あるいは両親から遺伝形質を継承するという交叉である。つまり、以下に示した4つの組合せの中から等しい確率で1つの組合せを選択し、親の遺伝子を受け継ぐということである。

$$\begin{array}{lcl} \text{子線列 } A_i & = & \left\{ \begin{array}{l} \text{親 } A_i \\ \text{親 } B_i \end{array} \right\} \\ \text{子線列 } B_i & = & \left\{ \begin{array}{l} \text{親 } A_i \\ \text{親 } B_i \end{array} \right\} \end{array}$$

ここで小文字の i は、線列上の遺伝子の位置番号である。この方法は完全に両親に相似でない場合から、完全に片親のコピーができるまで、変化に富んだ特徴が引き継がれる。従って、より広い範囲の探索が可能となるし、また、1つの遺伝子が1つの設計変数と対応するというコード化方法にとって、適当な交叉方法だと考えられる。

(2) 突然変異 (mutation)

交叉によって、二つの親線列から子を作っていくのみでは、探索する空間の大きさは有限であるので、限られた範囲の子しか生じない。そのため、子線列上の遺伝子を確率 P_m で、他の遺伝子に変異させることにより、探索の範囲を広げる役割をする。しかし、 P_m はあまりに大きいと、ランダムサーチと同じになるので、一般に0.001 ~ 0.002 とする。無視の場合もある。

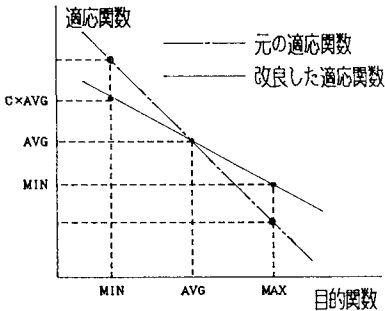
(3) 淘汰 (selection)

各線列の適応関数の値によって、生成された集団中の各子線列を次の世代に残すかどうかを決定する。適応関数は目的関数に対応している。ただし、制約条件がない場合には、目的関数をそのまま使い、制約条件がある場合には、次の外点ペナルティ関数法のペナルティ関数を用いる。それを目的関数とする。

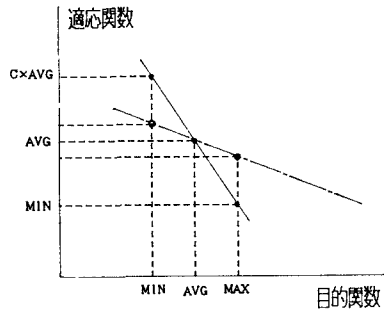
$$\Phi_i(t) = O(\{X(t)\}_i) + \gamma \sum_{j=1}^m \max[g_j(\{X(t)\}_i), 0] \quad (4)$$

ここでは、 t は世代数、 O は目的関数 (以下の計算例では、総鋼重)、 g_j は制約条件である。

GAでは、適応関数の最大化を求めるので、目的関数は何らかの形で変換する必要がある。また、遺伝子



(a)



(b)

図-1 線形適応関数

を表現、あるいは、パラメータをコーディングするのは、完全にランダムに行われるので、一時的に、いくつかの線列の適応関数の値が他の線列より高くなり、次の世代に多く残ることもあるため、すぐ局所解に収束してしまう場合がある。その他、悪線列上に、部分的に良い遺伝子を持つ場合もあるため、最適化の初期では、なるべく集団の多様性を保ち、適当な淘汰率を維持することが重要である。一方、収束に伴って、各線列の適応関数は、適応関数の平均値の付近に分布するようになり、悪線列を淘汰する保証ができなくなるため、ある程度最適化が進んだ後でも、なるべく有効な淘汰を保つことが重要である。そのため、本研究では、図-1に示したように目的関数を変換して適応関数とした。変換は次式で行われる。

$$f_i(t) = -A \times O_i(X) + B \quad (i=1,N) \tag{5}$$

ここで、

$$A = \frac{AVG(C - 1.0)}{AVG - MIN}, \quad B = \frac{AVG(C \times AVG - MIN)}{AVG - MIN} \tag{6}$$

図-1に示すように、適応関数の平均値は目的関数の平均値と等しく、一点鎖線で示される元の適応関数上で、最も高い適応関数の値を平均適応関数の値のC倍に抑えるようにする。適当なCを選択すれば、最適化の初期には、図-1(a)に示すように、適応関数は全体的に平均値に近づくことになり、多くの線列が生き残ることができる。一方、ある程度最適化が進んだ後は、図-1(B)に示すように、良い線列と悪い線列の差を広げる役割をして、有効な淘汰が続けていくことができる。Cは普通1.5とした。

4. コード化と遺伝子改良法

(1) コード化 (coding)

GAにおいてコード化（即ち、パラメータをコーディングする）は、GAの有効性に対して大きい影響がある。これについて、方法はまだ確立されていない。本研究では、2進数と10進数のコード化する方法を採用した。2進数の場合には、いくつかの遺伝子が1つ設計変数と対応する。

$$\{X_1, X_2, \dots, X_k\} = \{1111, 0011, \dots, 0101\}$$

10進数の場合には、1つ遺伝子が1つ設計変数と対応することになる。

$$\{X_1, X_2, \dots, X_k\} = \{15, 3, \dots, 10\}$$

このような一組の遺伝子（即ち、一つの線列）は設計変数の1つの組合せを表す。

(2) 遺伝子改良法

GAは生物の淘汰、交叉、突然変異という遺伝的過程を模倣して、優れた解を搜していくという方法である。GAでは、一般的に、親線列から生成した子線列はすぐランダムに配偶者を選択し、結婚して自分の子を作る。しかし、自然界の多くの生物では、親から生まれた子供たちは必ず生長してから、結婚する。このようなことはGAの参考になると考えられた。

つまり、誕生した子を生長させ、成熟してから結婚させる。この方法を本研究では遺伝子改良法とし、検討した。遺伝子改良法では、親となる二つの線列はある情報

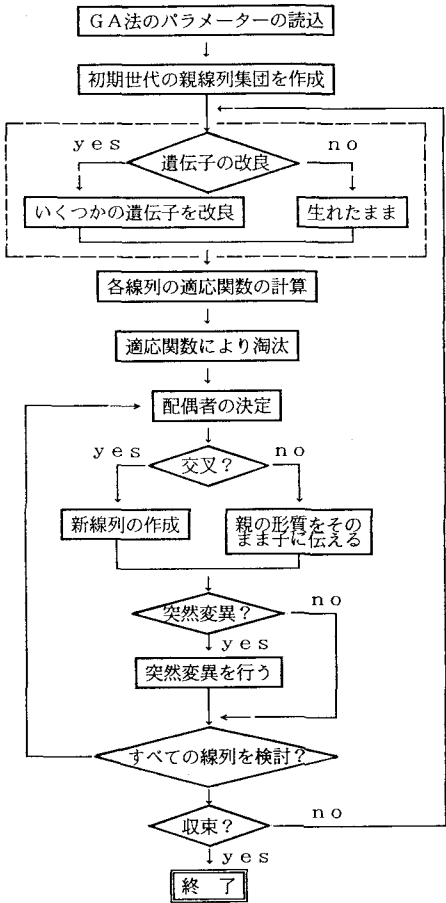


図-3 遺伝子改良法の流れ

によって、まずいくつかの遺伝子を改良させ、それから交叉して子を作る。そうすると、より健康な子線列が生まれることができる。図-3はこの方法の流れ図である。破線で囲まれた部分は、その遺伝子を改良する部分である。この方法については、具体的に次の計算例の中で説明する。

5. 計算例

本研究では、JIS 規格に決められているH型鋼、鋼管の2種類の既製形鋼を離散量として用いる、トラス構造物の組合せ最適設計問題³⁾を、遺伝子改良法と改良しなかった方法で解き、遺伝子改良法の有効性と効率性について検討する。

まず、遺伝子改良法について説明する。この方法は、各線列上の一つ設計変数に対応している遺伝子を確率的に改良するということである。具体的に言えば、3分の1の線列は改良を加えないで生まれたまま交叉し、3分の2の線列は遺伝子改良を行ってから交叉する。遺伝子改良を行う場合は二通りあり、半分に対しては、最悪（許容応力を満足していない）の部材1部材の設計変数の値（ランク）を、許容応力を満足するまで上げ、もう半分に対しては、最良（応力的に余裕があり過ぎる）の部材1部材の設計変数の値を、許容応力ぎりぎりの値まで落とす方法をとっている。

(1) 計算例1 5部材トラス最小重量設計^{2) 3)}

図-4に示すのは5部材5変数トラス問題である。設計変数は各部材の断面積で、応力の制約条件のみを考慮している。用いられる既製形鋼の断面ランクは32とすれば、考えられる組合せの総数は $32^5 = 3355$ 万となる。この例では、2進数でコード化し、1点交叉とし、かつ2つの収束条件を設定している。1つ目は、最大繰返し回数は50とする。2つ目は、集団中の平均目的関数と最小目的関数の差が0.01となった時、収束とする。集団のサイズが40以上の場合には、もう1つの条件がある。集団中の最も良い線列の数が1割になったら、計算を終了する。

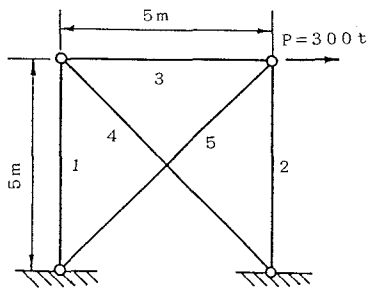


図-4 5部材トラス

表-1、表-2は遺伝子改良法と改良しなかった方法⁵⁾で、鋼管、H型鋼の計算結果である。

表は、集団中の最も良い組合せの結果、各設計変数の結果は断面ランクの値で表し、()内の値は、収束に要した繰返し世代数で、その次の数字は終了時の最も良い線列の数である。

表-1 5部材トラスの結果（鋼管）

	集団 サイズ	断面ランク					目的関数	上下限
		X ₁	X ₂	X ₃	X ₄	X ₅		
改良しない	40	5	10	9	14	12	374400 (50)	3
	60	9	10	5	11	11	347318 (50)	1
	80	5	11	4	9	14	319719 (50)	1
	100	5	11	4	8	13	310202 (50)	1
	120	5	10	5	11	2	337714 (50)	1
遺伝子改良法	6	1	13	1	4	16	281079 (18)	6
	10	1	13	1	4	16	281079 (21)	8
	20	1	13	1	4	16	281079 (24)	10
	40	1	13	1	4	16	281079 (22)	13
	60	1	13	1	4	16	281079 (19)	8
真の最適解		1	13	1	4	16	281079	

表-2 5部材トラスの結果（H型鋼）

	集団 サイズ	断面ランク					目的関数	上下限
		X ₁	X ₂	X ₃	X ₄	X ₅		
改良しない	40	9	12	7	15	10	389857 (50)	1
	60	10	11	6	15	10	397039 (50)	1
	80	5	13	3	11	13	374688 (50)	1
	100	6	13	5	13	12	380683 (50)	1
	120	10	11	7	15	10	390189 (50)	1
遺伝子改良法	6	2	15	2	10	15	340509 (14)	6
	10	2	15	2	10	15	340509 (50)	7
	20	3	13	3	10	13	334767 (50)	6
	40	2	15	2	10	15	340509 (33)	12
	60	3	13	3	10	13	334767 (20)	12
真の最適解		3	13	3	10	13	334767	

結果を見ると、改良しない場合には、真の解よりまだ10%の差がある。集団サイズの数が多くなると若干解が良くなる傾向は見えるが、5変数ぐらいの問題に対して、100以上の集団サイズが必要であるなら、GAの大規模問題への応用は不可能と考えざるを得ない。

一方、遺伝子改良の場合には、まず集団サイズに関係なく真の解²⁾を得ている。その目的関数の収束状況を図-5に示している。これは鋼管の集団サイズは60の場合に、平均目的関数と毎世代に集団中の最も良い線列の目的関数の収束図である。実線は遺伝子改良法の収束状態、破線は改良する前の収束状態である。図に示したように、遺伝子改良法はGAの有効性と効率性を向上させることが明らかになっている。

(2) 計算例2 22部材12変数トラス最小重量設計²⁾

図-6に示すのは、22部材12変数トラスの問題である。荷重は図に示すように、()内の荷重とそうでない荷重の2ケース載荷している。制約条件は応力のみを考慮している。この例では、用いられる既製形鋼の断面ランクは16とし、考えられる組合せ総数は 16^{12} = 約281兆となる。遺伝子改良法による、鋼管とH型钢の結果を表-3、表-4に示した。リンクの関係は表中に示されている。()内は収束に要した繰返し回数で、その次の数字は計算終了時で、最も良い線列の数である。

鋼管、H型钢のそれぞれ6ケースの中、最も良い結果は真の解²⁾より、まだ2%と0.2%の差があるが、各断面のランクの番号を比較して見ると、ほぼ一致している。まだ若干の改良の余地はあるが、ほぼ満足できる結果と考えられる。

表-3 22部材12変数トラスの結果 (鋼管)

設計変数	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	目的関数	C P U
部 材	1	2	5	6	9	12, 13 13, 15	11 16	14	17, 19 20	18	21	22		
ラン ク	上限	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16		
	下限	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1		
集団サイズ	断面ランク番号													
20	4	8	1	5	10	1	4	7	1	8	3	10	519064 (30) 20	4.4s
40	4	7	1	5	1	1	4	7	1	4	1	10	441611 (50) 6	15.1s
60	4	8	1	4	1	1	4	7	1	4	1	10	434886 (47) 6	22.0s
80	4	8	1	5	1	1	4	7	1	4	1	10	445662 (30) 11	18.9s
100	4	1	1	5	1	1	4	7	1	4	1	10	441611 (50) 2	29.4s
120	4	8	1	4	1	1	4	7	1	4	2	10	438115 (50) 3	39.2s
真の最適解	4	8	2	4	1	1	3	7	1	4	1	10	424942	

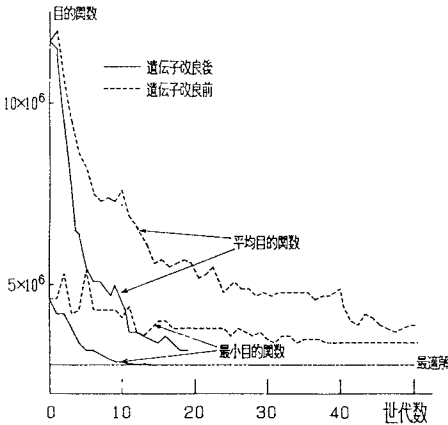


図-5 目的関数の収束図

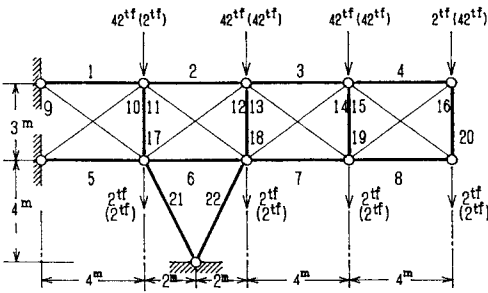


図-6 22部材12変数トラス

表-4 22部材22変数トラスの結果 (H型鋼)

設計変数	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	目的関数	CPU
部 材	1	2	5	6	9	12, 13	11	14	17, 19	18	21	22		
	14	3	8	7		13, 15	16		20					
ラン ク	上限	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16		
	下限	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1		
集団サイズ	断面ランク番号													
20	4	7	2	7	2	1	10	10	2	6	6	12	597379 (50)	4 7.6s
40	4	11	2	7	2	1	10	10	2	9	4	12	633239 (50)	2 15.0s
60	4	7	2	7	2	1	6	11	2	5	3	12	543284 (50)	3 23.6s
80	4	7	2	7	2	1	6	10	2	6	3	12	535071 (50)	7 25.9s
100	4	7	2	7	2	1	8	10	2	5	4	12	570687 (50)	2 37.0s
120	4	7	2	7	4	1	6	10	2	5	3	12	543737 (50)	2 45.0s
真の最適解	4	7	3	7	2	1	5	10	2	5	3	12	532535	

6. まとめ

G A法の最適設計の応用方面について研究した。また、G Aの実用性と効率性を向上させるために、遺伝子改良法を提案した。この方法の性能と有効性について、離散的最適化問題の例により示した。得られた事項を箇条書きにすると、以下のようになる。

- 1) G Aは関数値のみを用い、微係数に依存性がない手法なので、離散的な変数の扱いに適していると考えられる。
- 2) 局所解の複数の組合せによって、より優秀な解の複数を生成し、探索していく方法である。多峰性の問題、局所的解があると予想される問題、あるいは、許容領域が二つ以上の独立した空間に分かれているような問題に対しても、有効な方法と考えられる。
- 3) また、G Aをただ単に应用しただけで、真の解が得られなかったことを示した。そのために、各線列は若干改良した後、交叉させるという遺伝子改良法を採用した。その有効性と効率性は、計算例を通じて示された。

今後、生物遺伝の現象を良く理解し、構造設計を初め、工学の種々の大規模問題への応用に有効なG Aの方法を開発していきたいと考えている。

参考文献

- 1) D.E.Goldberg: Genetic Algorithm In Search, Optimization, And Machine Learning、Addison Wesley Publishing Company、1989.
- 2) 杉本博之: 近似の概念を利用したトラス構造物の離散的最適設計法に関する研究、土木学会論文集、No. 432/I-16、pp.79-88、1991.
- 3) 山本洋敬: 既製形鋼を用いる平面骨組構造物の全応力設計に関する基礎的研究、平成2年度室蘭工業大学工学部卒業論文、1991.
- 4) 中国浙江大学: 遺伝科学、中国農業出版社、1984.
- 5) 鹿 汴麗・杉本博之・山本洋敬: 遺伝的アルゴリズムの応用に関する基礎的研究、第2回システム最適化に関するシンポジウム講演論文集、pp.181-186、1991.
- 6) 森正武: Fortran 77 数値計算 プログラミング、岩波書店、1986.