

遺伝的アルゴリズムの交通制御への 適用性について

山口大学工学部 正 員 久井 守
山口大学大学院 学生員 〇高橋昌之

1. はじめに

本研究は、遺伝的アルゴリズム (GA) が交通制御へ適用できるかどうか検討したものである。具体的には、スループット (TB) 幅を最大にする平等オフセットが、GA により求めることができるかどうかを検討する。

7 信号 6 リンクからなる系統制御路線を対象とし、GA によって平等オフセットを求め、別途 TB 法により求めた平等オフセットと比較する。計算条件として与えるのは、信号周期 (T)、系統速度 (V)、現示率 (π)、リンク長 (D) である。

2. 遺伝的アルゴリズム (GA)¹⁾

GA は、生物進化 (選択淘汰、突然変異) の原理に着想を得たアルゴリズムであり、確率的探索、学習または最適化の一手法と考えることができる。オフセット最適化に適用するために、同時式オフセットは 0、交互式オフセットは 1 として、0 と 1 の 6 つの文字列でオフセットパターンを表す。GA の処理手順は以下になる。

① 初期集団の生成：決められた個体数の染色体をランダムに生成し、0 または 1 の文字列に変換する。

② 適応度の評価：この文字列について適応度関数 $f(r)$ を計算し、各文字列の適応度の評価を行う。適応度関数は表-1 の TB 幅を用いる。

③ 選択 (淘汰)：各文字列の適応度に応じて生存確率が大きくなるようにスケールリングを行い選択 (淘汰) する。つまり環境に適さない遺伝子は、次世代

表-1 適応度関数

適応度関数 $f(r) = g_0 - \max(x_k + y_k)$ $0 \leq \tau_k \leq 0.5$ の場合 $\tau_k = 0$ のとき $x_k = -\tau_k + \frac{g_0 - g_k}{2}$ $y_k = \tau_k + \frac{g_0 - g_k}{2}$ $\tau_k = 0.5$ のとき $x_k = 0.5 - \tau_k + \frac{g_0 - g_k}{2}$ $y_k = \tau_k - 0.5 + \frac{g_0 - g_k}{2}$ $0.5 \leq \tau_k \leq 1.0$ の場合 $\tau_k = 0$ のとき $x_k = 1 - \tau_k + \frac{g_0 - g_k}{2}$ $y_k = \tau_k - 1 + \frac{g_0 - g_k}{2}$ $\tau_k = 0.5$ のとき $x_k = 0.5 - \tau_k + \frac{g_0 - g_k}{2}$ $y_k = \tau_k - 0.5 + \frac{g_0 - g_k}{2}$ x_k : TB を下から狭める量 y_k : TB を上から狭める量 τ_k : リンク k の時間距離 $\tau_k = D_k / V_k T$ r_k : k 番目信号の絶対オフセット g_0 : 0 番目信号の青時間 g_k : k 番目信号の青時間

に子孫を残さない機構になる。

④ 交叉：文字列の中から親となる文字列を 2 つ選び、その一部分を交換することにより、新しい 2 つの文字列を生成する。交叉には単純交叉 (1 点交叉) と複数点交叉 (2 点交叉など) があり、本研究では 1 点交叉および 2 点交叉を用いる。2 点交叉の交叉方法を図-1 に示す。例えば、親 1、親 2 を左

から2番
目と4番
目で切断
する。そ
れにより
親1と親
2とも左
側、中央、
右側部分
の3つに

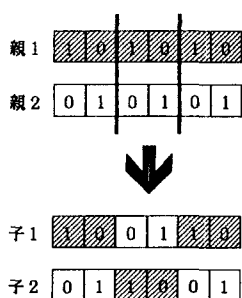


図-1 2点交叉

それぞれの中央部分を交換することによって、子1, 子2を生成する。

⑤突然変異：ある確率で文字列に対して突然変異を起こさせ、文字列の一部分を変化させる。これは初期集団の限られた範囲でしか探索をしないため局所解に陥る可能性があり、これを避けるために突然変異を起こす。

以上の方法で計算を行い、計算停止基準を満足したら計算を終了する。停止基準は、集団サイズ(N)の適応度の平均値が3世代連続して同じ値を繰り返した場合、または世代数が100に達した場合とする。

3. 計算結果

GAによる7信号路線の計算結果を表-2に示す。この表における正解率は、TB法により求めたオフセットパターンを正解として求めた。計算条件は、モデル1, 3, 5が1点交叉、モデル2, 4, 6が2点交叉で行い、モデル1, 2は集団サイズ $N=50$ 、モデル3, 4は $N=60$ 、モデル5, 6は $N=100$ である。道路条件は3組、信号周期は50~120秒の10秒刻みの8組で、計24通りについて計算を行った。また本研究では交叉確率 $P_c=0.7$ とし、突然変異の確率 $P_m=0.005$ として行った。

表-2から、モデル5および6の正解率が85.3%と他のモデルよりも高い

表-2 各モデルの正解率

モデル名	交叉	集団サイズ	正解	正解率
モデル1	1点	50	15	62.5
モデル2	2点	50	14	58.3
モデル3	1点	60	14	58.3
モデル4	2点	60	18	75.0
モデル5	1点	100	20	83.3
モデル6	2点	100	20	83.3

正解率を得ている。これは、集団サイズが他のモデルより多く、文字列のバリエーションが豊富にあるためと考えられる。つまり集団サイズの小さいモデルにおいては、初期集団の範囲において局所解に陥り易い傾向があると思われる。

つぎに計算終了時の世代数については、最も収束の速いモデルはモデル1で、世代数は平均26.8世代であった。最も遅いモデルはモデル6で、31.3世代であった。どのモデルにおいても1点交叉より2点交叉の方が数世代多くなっており、このことから7信号路線においては、1点交叉の方が有効であると思われる。しかしモデル3と4を比較すると、モデル4の方が正解率が約17%優れており、全体的にみると一概にどの交叉を用いればよいかはいえない。

4. まとめ

本研究は、GAにより平等オフセットが求められるかどうかを検討したが、必ずしも満足すべき結果が得られたとはいいがたい。さらに精度を向上する必要があると思われる。さらに今後の課題として、7信号路線だけでなく、さらに信号数の多い路線に適用できるようにすることが必要である。

参考文献

- 1) 北野宏明：遺伝的アルゴリズム, 産業図書, pp.3~16, 1993.