

離散的最適構造設計への 交配個体選択GAの適用に関する一考察

A STUDY OF DISCRETE OPTIMAL STRUCTURAL DESIGN BY THE GENETIC ALGORITHM
WITH SELECTING THE CROSSING STRINGS

千々岩浩巳* 三原徹治** 太田俊昭***

Hiromi CHIJIWA, Tetsuji MIHARA and Toshiaki OHTA

* 第一復建(株) 技術開発室 (〒812 福岡市博多区博多駅南3-5-28)

** 工博 九州共立大学助教授 工学部土木工学科 (〒807 北九州市八幡西区自由ヶ丘1-8)

*** 工博 九州大学教授 工学部建設都市工学科 (〒812-81 福岡市東区箱崎6-10-1)

The genetic algorithm (GA) is a useful solver for the discrete optimum problems. However the satisfactory solution of the discrete optimal structural design problem is not always obtained by the simple GA (SGA). By the other hand, the GA with selecting the crossing strings (scsGA) which reproductive system is different from the one of SGA has obtained the more satisfactory solution than SGA on the simple mathematical discrete optimum problems. In this paper, the scsGA is applied to the discrete optimal structural design problems. To demonstrate the availability of the approach, two design types of truss structure, i.e., the usual discrete minimum weight design and the optimal shape design are performed by the scsGA and SGA as the numerical experiments.

Key Words : discrete optimal structural design, genetic algorithm,
reproductive system.

1. 緒言

構造設計に要求される安全性を満足しながら経済性の指標を最小とする最適構造設計問題において決定される変数(設計変数)が、例えば既製型鋼から選ばれる場合のように離散値として与えられる離散的最適構造設計問題¹⁾は、数学的には組合せ最適化問題の一種と位置づけられる。その最適解は離散値データの組合せ総数が有限なため原理的には列挙法により求められるが、設計変数の数と離散値データ数が増えると有限な組合せ総数が天文学的な数となり、特に構造解析に重たい計算を必要とするため現実的には解けないと判断せざるを得ない場合が多い。この難点の克服を企図して著者らは構造最適化の解特性から列挙法を限定的に用いる方法を試みた^{2~4)}。問題によって顕著な効果が認められることもあったが、大規模な問題への適用性など全般的には列挙法の本質的な難点解消には至らないと結論せざるを得なかった。

列挙法や分枝限定法のような数え上げに基礎をおく方法に対して、遺伝的アルゴリズム(GA)⁵⁾は多様な親世代の形質を選択・淘汰および交配により子世代へ伝達する生殖システムを核として集団全体を進化させ、準最適解を求める手法であり、組合せ最適化問題の有力な解法として近年多くの分野で注目されている。GAの離散

的最適構造設計問題への適用に関する先駆的研究が杉本らにより行われている^{6~8)}。主に最適断面配分問題を対象とした一連の研究では、単純GAによって良好な解が安定的には得られないことを指摘し、その原因を「線列の多様性が余りにランダム過ぎて、良い設計を生成しなかった」と分析している。その上で線列の良質な多様性を確保するため、それぞれの設計問題において発見できるローカルルール⁹⁾を生長オペレータとして導入した方法により工学的に充分と判断される準最適解(あるいは真の最適解)が安定的に得られること確認している。つまり、最適断面配分問題のようなローカルルールの発見が容易な問題では生長オペレータを導入したGAが効果的であることは示されているが、それが困難な場合への対処策は示されておらず、その点に関する検討も必要と思われる。

このような場合、単純GAにおいて線列の多様性を保持するための最も簡便な方法は人口数を大きくすることである。かなり大きな人口数を設定すれば、たとえ線列の多様性の質の向上はなくとも、良好な線列が多く存在する可能性が高くなるため良好な解が得られやすくなる。しかし、解の改良速度は総じて遅くなり、大きな人口数と相まって必要計算量は当然大きくなる。この難点を克服し、効率性を求めるためには単純GAの有する進化環境の設定や生殖システムについても見直すことが必要と

考えられる。そこで著者らは単純GAの生殖システムに着目し、その変更によって線列の多様性の質を向上させ、結果的に単純GAより効率的で最適探索能力が高い一手法を提案し、交配個体選択GAと名付けた⁹⁾。本研究の目的は、この交配個体選択GAの離散的最適構造設計問題への適用性の検討にある。そのため、単純GAおよび交配個体選択GAを概説した後、次世代に伝達される遺伝子の期待値の比較から両手法の相違点を示す。さらに、比較的簡単なトラス構造の最適断面配分問題に両手法を適用し、個体分布の比較、GA的パラメータの影響などから提案法の妥当性を検証する。また、ローカルルールを容易に発見することができない問題のひとつとして部分的最適部材配置問題を設定し、提案法の最適探索能力や計算の効率性について検討を行う。

2. 単純GAおよび交配個体選択GA

(1)対象設計問題

本研究で対象とする設計問題は、要求される安全性を制約として満足しながら経済性の指標を最小化するような離散値として与えられた設計変数の組合せを求める離散的最適設計問題であり次式のように定式化される。

設計変数: X

目的関数: $W(X) \rightarrow \min.$ ----- (1a)

制約条件: $G_j(X) \leq 0 \quad (j = 1..J)$ ----- (1b)

ここに、 X は離散値しかとり得ない設計変数ベクトル、 W は設計変数 X の関数で表される経済性の指標、 G_j は第 j 番目の制約条件式、 J は制約条件式の総数である。

(2)単純GAの解法アルゴリズム

単純GAは適応度比例戦略による選択・淘汰と単純(1点)交叉を用いる点においてGAの最も基本的なアルゴリズムとされている⁹⁾。その解法アルゴリズムは以下に示すように比較的単純で取扱いも容易である。

- ①人口サイズ N_P 、交叉確率 P_c 、突然変異確率 P_m 、進化世代の最大数 N_G の設定。
- ② N_P 個の初期世代線列をランダムに生成: 各線列は設計変数分の離散値データが2進数(0または1)で表され、それぞれ1つの設計に対応する。
- ③評価関数 f_k 値の算出: 生成された線列(設計)を評価するための評価関数の選択も単純GAの重要な要素のひとつであり、種々の方法が提案されている。本研究では、文献6)に示される方法、すなわち式(2)で算定される外点ペナルティ関数値を用いた式(3)に示す評価関数を採用する。

$$\Phi_k = W_k + \gamma \sum_{j=1}^J \max[G_j, 0]_k \quad (k = 1..N_P) \quad \text{----- (2)}$$

$$f_k = \frac{\Phi_0(1 - C_f)}{\Phi_0 - \Phi'} \Phi_k + \frac{\Phi_0(C_f \Phi_0 - \Phi')}{\Phi_0 - \Phi'} \quad (k = 1..N_P) \quad \text{----- (3)}$$

ただし、 Φ_k は k 番目線列の外点ペナルティ関数値、 γ はペナルティ係数、 Φ_0 、 Φ' は各世代におけるペナルティ関数の平均値と最小値、 C_f は平滑化係数である。

- ④適応度比例戦略による選択・淘汰: N_P 個の線列から重複を許して N_P 個の線列をランダムに選択し(交配プールに残し)、他を淘汰する。適応度比例戦略では式(4)に示す各線列の評価関数値の相対比(適応度)に比例する選択確率 P_{sk} を与え、ルーレットゲームにより選択することを基本とするが、様々なヴァリエーションが提案されている。

$$P_{sk} = f_k / \sum_{i=1}^{N_P} f_i \quad \text{----- (4)}$$

本研究では、文献6)に示される2段階法を採用する。つまり、まず各線列毎に式(5)で求められる個数の線列を無条件に交配プールに残し、その後式(6)による選択確率 P_{sk} に対するルーレットゲームにより交配プールに残る線列数を N_P 個とする。

$$N_{CPk} = \text{INT}(f_k / f_{avo}) \quad \text{----- (5)}$$

$$P_{sk} = (f_k - N_{CPk} f_{avo}) / f_{avo} \quad \text{----- (6)}$$

ただし、 $\text{INT}(X)$ は X の小数点以下を切捨てる演算子、 f_{avo} は全 N_P 個の f_k の平均値である。

- ⑤単純交叉による次世代線列の生成: 選択・淘汰オペレーティングにより選択された N_P 個の線列からランダムに2個の線列を抽出し、交叉確率により交叉を行うか否かを判定する。交叉を行う場合には、交叉する線列データ位置を1つランダムに決め、その前後で線列データを交換することにより新たな2個の線列を生成する。同様に生成された全 N_P 個の線列を次世代線列とする。
- ⑥突然変異と繰返し: N_P 個の次世代線列に対して突然変異確率により突然変異の発生を判定する。突然変異を行う場合には、ランダムに決定された1つの線列データ値を $0 \rightarrow 1$ または $1 \rightarrow 0$ に変更する。突然変異オペレーティングが終了し、次世代線列が確定したら③へ戻る。
- ⑦最良解の判定: 以上一連のオペレーティングを N_G 回実行し、全世代において最大の評価関数値を有する線列(設計)を最良解とする。

(3)交配個体選択GA

a)単純GAの問題点

上記単純GAを式(1)で表される離散的最適構造設計問題に適用すると、得られる解が必ずしも良好と判断されない場合も多く、その原因として次のような問題点を指摘することができる。

i)人口数が小さい場合、最適性順位（適応度）の低い個体（ローフィットネス個体）が交配プールに残る確率が小さく、その遺伝子が次世代に引継がれにくい。そのため集団の多様性の低下を招く（収束は早いが得られる解の最適性順位が低いことが多い）。逆に人口数が大きい場合には解の改良速度が総じて遅く、計算効率が問題となる。

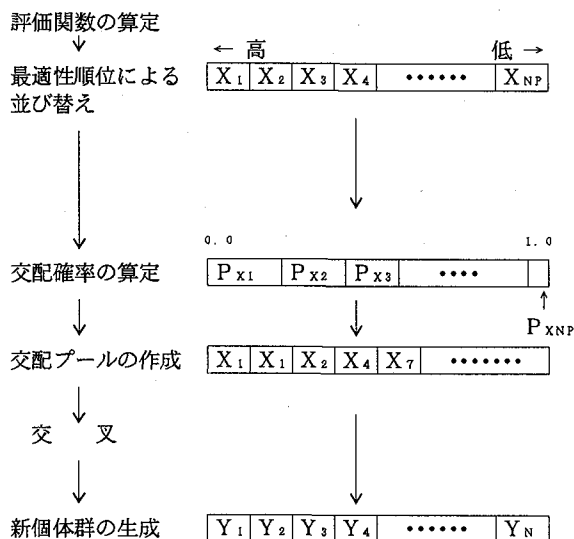
ii)最適性順位の高い個体が交配により消滅することがあり、世代数を重ねることが必ずしも解の改良に直結しない。

b) 解法アルゴリズム

上記問題点を単一集団において解決するための方策は種々提案されている⁵⁾。問題点i)のため、選択・淘汰における適応度比例戦略に代わる戦略に期待値戦略、ランク戦略、トーナメント戦略などがある。これらの戦略と組合せて用いられることが多いエリート保存戦略は問題点ii)の解決に魅力的である。しかし、交配プールを用いた生殖システムにエリート保存戦略を適用するとエリート個体の遺伝子が集団中に急速に拡がる可能性が高く⁶⁾、問題点i)の多様性の低下は解決されない。そこで本研究では、上記問題点が生殖システムに起因すると仮定し、次のように独自の生殖システムを見出した。

まず、問題点i)に関連し、解決策に結びつくと思われる事項を列挙する。

- ・ローフィットネス個体の遺伝子が次世代に引継がれにくいのは、適応度の高い個体（ハイフィットネス個体）と同じルーレット上で競争するためであり、ハイフィットネス個体を除いたルーレットではローフィットネス個体の交配可能性は相対的に大きくなる。
- ・ハイフィットネス個体にはローフィットネス個体に比較して良好な遺伝子が多く含まれる傾向があるとすれば、ハイフィットネス個体の交配回数をより多く設定することによってより良好な解が得られる可能性が高くなる。



(1) 単純GA

これらを交配プールを用いた生殖システムで実現することは容易ではないので、一部のハイフィットネス個体（交配個体と呼ぶ）の群とそれ以外の個体（被交配個体と呼ぶ）の群に各個体を類別し、それぞれの群から選択された1個ずつの個体同士で「確実な」交配を行うこととする。

次に、交配個体は良好な個体であるのでそのまま次世代に引継ぐことにする。この手続きにより問題点ii)も解決される。

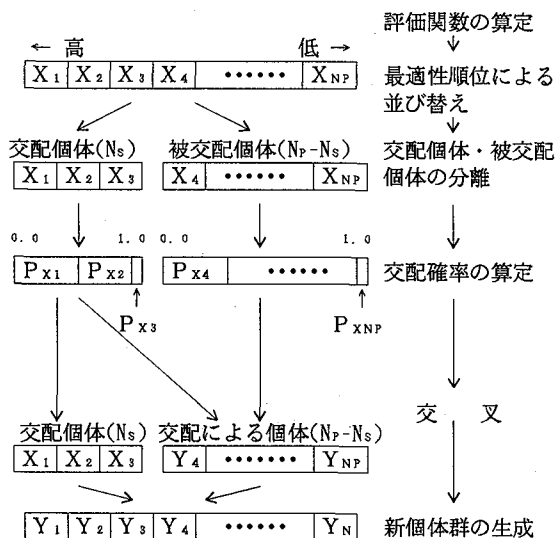
以上の生殖システムを導入したGAの具体的な手順は、単純GAの手順のうち①および④、⑤が以下のように異なる。

①人口サイズ N_P 、交配個体数 N_s 、突然変異確率 P_m 、進化世代の最大数 N_G の設定。

④交配個体の選択と交配選択確率：交配個体選択GAでは、全 N_P 個の線列のうち良好な適応関数値をもつ少数 (N_s 個) の線列を交配個体として選択し、他を被交配個体として類別する。 N_s は全体の20%程度以下とし、交配個体に同じ線列が重複して選択されないよう配慮する。

N_s 個の交配個体および $(N_P - N_s)$ 個の被交配個体のある個体 n は、その適応関数値 f_n に応じた次のような交配選択確率 $P_n = f_n / f_{total}$ を有し、その値は線列の配列（性質）の次世代への伝わりやすさに影響する。ここに f_{total} は N_s 個の交配個体が全 N_P 個の線列の第1～ N_s 番目となるように並替えられているとして次のように算定される。

$$f_{total} = \begin{cases} \sum_{i=1}^{N_s} f_i & (\text{交配個体の場合}) \\ \sum_{i=1+N_s}^{N_P} f_i & (\text{被交配個体の場合}) \end{cases} \quad \text{--- (7)}$$



(2) 交配個体選択GA

図-1 単純GAと交配個体選択GAのアルゴリズム比較

⑤単純交叉による次世代線列の生成：交配選択確率 P_a によるルーレットゲームで交配個体と被交配個体が1個ずつ親線列として選ばれ、これらの中で「確実な」ビット交換がランダムに決定された交叉位置で行われ、子（次世代）線列が形成され、1対の交叉オペレーションが完了する。この交叉オペレーションは子線列の数が $(N_p - N_s)$ 個になるまで繰返され、残る N_s 個については交配個体がそのまま引継がれる。

なお、本手法は交配個体をそのまま次世代へ引継ぐためエリート保存戦略と同様に最良解の更新が早期に停滞する可能性が高いことが予想され、それに対する処置が必要と考えられる。

単純GAと交配個体選択GAのアルゴリズム比較を図-1に示す。

(4)個体 k の遺伝子が次世代に伝達される期待値 R_k
 単純GAと交配個体選択GAの相違点を明確にするひとつの目安として、ある個体 k の遺伝子が次世代に伝達される期待値 R_k について検討する。

単純GAでは適応度比例戦略により交配プールに選ばれた個体に、平等の交叉確率が与えられている。したがって、適応度比例戦略によって個体 k が交配プールに選ばれる期待値が R_k であり、ハイフィットネス個体とローフィットネス個体に関係なく次式の値を持つ。

$$R_k = f_k / f_{av} \tag{8}$$

これに対して交配個体選択GAは交配個体と被交配個体との「確実な」交叉を基礎とした生殖システムであり、交配個体と被交配個体とが異なる交配選択ルーレットを持ち、それぞれの R_k は次式のようになる。

・交配個体 k の場合：

$$R_k = 1 + \frac{f_k}{\sum_{i=1}^{N_s} f_i} (N_p - N_s) \tag{9a}$$

・被交配個体 k の場合：

$$R_k = \frac{f_k}{\sum_{i=1+N_s}^{N_p} f_i} (N_p - N_s) \tag{9b}$$

式(9b)と式(8)の比較により交配個体選択GAでは、ローフィットネス個体が含まれる被交配個体の R_k は単純GAの場合より大きくなることがわかる。つまり、交配個体選択GAではローフィットネス個体が交叉の対象となる確率が相対的に増大し、その結果、交配後の個体の多様性が保たれ、ひいては解の改良される確率も高くなると予想される。

3. トラス構造の最適断面配分問題における数値実験

(1)対象問題
 以上提案した方法の妥当性検証のためには対象数値実験例はある程度組合せ総数が大きく、しかも真の最適解を含む解の最適性順位が明らかになることが望ましい。よって最も基本的な離散的構造最適設計問題でもある図-2に示す10部材トラス（ $P=20.0\text{tf}$ ， $L=100\text{cm}$ ， $H'=4L$ ， $H=2L$ ）の応力制約下の最小重量設計問題を数値実験の対象に選んだ（この種問題は容易にローカルルールを発見することができるため生長オペレータを導入したGA⁶⁾により安定的に良好な解が得られると推察される）。対象構造がトラス構造であるため圧縮部材の設計上の限界値 σ^L は本来細長比の影響を受けるが、ここでは手法の適用性について検討することを目的とするので簡単のため一律 $\sigma^L=-1,412\text{kgf/cm}^2$ に固定した。なお、引張部材については限界値 $\sigma^U=1,700\text{kgf/cm}^2$ とした。また、変位制約も同様の理由で考慮しないこととした。

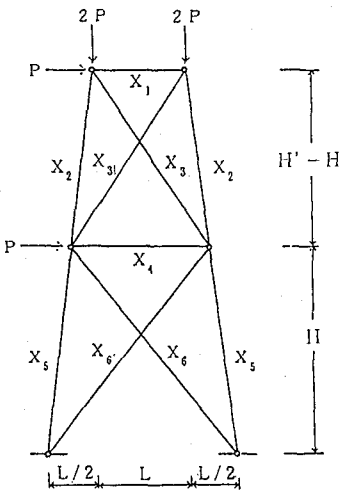


図-2 対象構造

表-1 最適性順位とW値(cm^3)

順位	W 値	順位	W 値	順位	W 値	順位	W 値
[1]	68286.1	[28]	69285.8	[55]	69592.2	[82]	69803.5
[2]	68530.1	[29]	69307.2	[56]	69596.2	[83]	69804.0
[3]	68536.1	[30]	69313.5	[57]	69617.6	[84]	69806.5
[4]	68596.5	[31]	69318.0	[58]	69645.8	[85]	69825.4
[5]	68624.7	[32]	69318.5	[59]	69648.1	[86]	69831.7
[6]	68646.1	[33]	69325.5	[60]	69652.6	[87]	69834.7
[7]	68840.5	[34]	69341.7	[61]	69664.2	[88]	69844.6
[8]	68846.5	[35]	69346.2	[62]	69668.7	[89]	69902.6
[9]	68868.7	[36]	69346.7	[63]	69669.2	[90]	69908.2
[10]	68874.7	[37]	69353.7	[64]	69673.5	[91]	69912.7
[11]	68931.1	[38]	69363.1	[65]	69676.2	[92]	69914.2
[12]	68947.2	[39]	69367.6	[66]	69678.0	[93]	69918.7
[13]	68956.5	[40]	69437.1	[67]	69681.1	[94]	69930.8
[14]	68984.7	[41]	69465.4	[68]	69687.1	[95]	69958.5
[15]	69003.1	[42]	69493.1	[69]	69701.7	[96]	69963.0
[16]	69007.6	[43]	69496.1	[70]	69706.2	[97]	69970.1
[17]	69008.1	[44]	69501.6	[71]	69709.4	[98]	69974.6
[18]	69015.1	[45]	69507.6	[72]	69715.4	[99]	69975.1
[19]	69191.2	[46]	69529.8	[73]	69725.1	[100]	69976.1
[20]	69197.2	[47]	69535.8	[74]	69726.1	[101]	69979.1
[21]	69241.5	[48]	69557.5	[75]	69729.6	[102]	69979.6
[22]	69247.1	[49]	69562.0	[76]	69732.1	[103]	69984.2
[23]	69251.6	[50]	69563.5	[77]	69736.6	[104]	69986.6
[24]	69253.1	[51]	69568.0	[78]	69747.5	[105]	69986.7
[25]	69257.6	[52]	69585.7	[79]	69775.7	[106]	69991.2
[26]	69257.6	[53]	69590.2	[80]	69775.8	[107]	69991.5
[27]	69269.7	[54]	69591.7	[81]	69797.1	[108]	69997.5

設計変数 $X_{1\sim 6}$ は各部材断面積であり、JIS G 3444 から $X_{1\sim 3}$ は $22.72 \sim 58.91 \text{ cm}^2$ の16種類、同様に $X_{4\sim 6}$ は $30.01 \sim 58.91 \text{ cm}^2$ の10種類のうちのいずれかの値をとるとすれば、組合せ総数は $4,096,000 (= 16^3 \times 10^3)$ となりそれらの組合せのうち制約条件をすべて満足し、かつ最小の W 値 ($= \mathbf{a}^T \mathbf{X}$, $\mathbf{a}$ は設計変数ベクトル $\mathbf{X}$ に対応する部材長ベクトル) を有する組合せが最適解である。しかし組合せ総数が大きく、各組合せの実行可能性を検討するための構造解析もかなり重たい計算であるため列挙法によって最適解を求めることは事実上不可能と判断される。

なお、以下の数値実験において線列のコーディングにはグレイコード¹⁰⁾を用い、 $C_r = 1.5$ とした。

(2) 実験結果と考察

a) 可能解の最適性順位

手法の妥当性の検討に可能解の最適性順位を明確にすることは少々手間がかかっても不可欠である。本例の場合、前述のようにすべての可能解の最適性順位を求めることが困難であるので限定的な列挙法²⁾を応用し、最適性順位の高い可能解を一部だけ求めた。探索の上限値を $70,000 \text{ cm}^3$ とし、それ以下の W 値の組合せに対してのみ実行可能性を検討する方法によって得られた最適性順位108位までの可能解を表-1に示す。108位の解と最適解の W 値は2.5%しか変わらず、この間の最適性順位もわずかな差でつけられていることがわかる。

b) 単純GAによる結果

表-2に単純GAによって得られた計算結果を示す。人口数 $N_p = 100 \sim 500$ (100刻み) とし、構造解析回数を

構造解析回数	3,000	6,000	9,000	15,000	30,000
N_p					
100	75128.9	74498.3	73120.3	71070.7	71070.7
200	73671.9	73671.9	73671.9	70075.2	70075.2
300	75366.9	75366.9	73113.2	73061.6	70159.1
400	73651.9	72087.1	72087.1	72087.1	72087.1
500	73347.2	72340.1	71187.1	71187.1	71187.1

$P_c = 0.6, P_m = 0.01$

表-3 交配個体選択GAによる最良解(突然変異発生確率の影響)

N_s	$P_m = 0.01$	$P_m = 0.05$	$P_m = 0.10$	$P_m = 0.15$	$P_m = 0.20$
1	69834.7[87]	72900.8[×]	70228.2[×]	78597.7[×]	78237.7[×]
2	78576.4[×]	78576.4[×]	<1> ← 48	69346.2[35]	68624.7[5]
3	69191.2[19]	79447.7[×]	76539.6[×]	78237.7[×]	<1> ← 40
4	70157.2[×]	78237.7[×]	75539.0[×]	68530.1[2]	<1> ← 33
5	<1> ← 58	74360.1[×]	77690.6[×]	<1> ← 26	<1> ← 9
6	70228.2[×]	69437.1[40]	<1> ← 23	<1> ← 17	<1> ← 27
7	69437.1[40]	72363.7[×]	72884.8[×]	69465.4[41]	<1> ← 50
8	<1> ← 49	<1> ← 52	<1> ← 22	69681.1[67]	<1> ← 46
9	69437.1[40]	70629.2[×]	<1> ← 22	<1> ← 12	<1> ← 11
10	69437.1[40]	69984.2[103]	<1> ← 50	<1> ← 20	<1> ← 17
11	68530.1[2]	68530.1[2]	68530.1[2]	68596.5[4]	<1> ← 26
12	<1> ← 18	69437.1[40]	69844.6[88]	<1> ← 31	<1> ← 27
13	<1> ← 16	<1> ← 13	68624.7[5]	<1> ← 9	<1> ← 11
14	68947.2[12]	69437.1[40]	<1> ← 26	<1> ← 10	<1> ← 18
15	<1> ← 27	<1> ← 18	<1> ← 9	68596.5[4]	<1> ← 25
16	<1> ← 34	70098.2[×]	<1> ← 27	<1> ← 33	<1> ← 15
17	69007.6[16]	69437.1[40]	<1> ← 25	<1> ← 13	<1> ← 55
18	68596.5[4]	68874.7[10]	68530.1[2]	<1> ← 32	68530.1[2]
19	68646.1[6]	<1> ← 19	<1> ← 17	<1> ← 14	<1> ← 22
20	69437.1[40]	<1> ← 14	69346.2[35]	<1> ← 40	<1> ← 23

$N_p = 100, N_g = 60$

表-4 単純GAと交配個体選択GAの個体分布の比較

世代	単純GA ($N_p = 100, P_c = 0.6, P_m = 0.01$)										交配個体選択GA ($N_p = 100, N_s = 16, P_m = 0.1$)									
	I	II	III	IV	V	VI	VII	VIII	IX	X	I	II	III	IV	V	VI	VII	VIII	IX	X
1						1				99						1				99
2										100				1						95
3						1	1			98			2	1	11	1				85
4						1	1	1	1	96			1	5	3	15	2	3		71
5				1	1	1	1	1		95			5	10	7	15	3			60
6				1	1	1	3			96			1	8	17	12	6	1	2	53
7				1	2	1		3		93			2	21	26	4	8			39
8				1	2	3	1	3		90			2	33	18	8	1	2		36
9				1	5	1	1			92			5	40	10	8	4			33
10				1	1	3		1		94			15	45	7	7				26
11				1	1	1	1	1		96			24	44	3	2				27
12				1	4					95			42	38	1	2				17
13				3	2					94			44	25		1	1			29
14				3	2	1				94			48	24	1					26
15				3	1	1	1			93			60	14		1				23
16				3		2	2			97			6	63	8		1			22
17				3						95			5	65	6		2			22
18				2		2	1			92			4	67	6		1			22
19				3		2	2	1		90			6	70	3		1	1		19
20				5		3	1	1		87			11	61	2		1			25
21			2	4	2	1	3	1		87			11	71	5					13
22			7	3		1	2			85			18	59	5					18
23			1	4	6	2	1	1		81			24	53	3		1			19
24				4	9	2	2	1		83			33	46	2		1			18
25				3	5	3	3	1		81			35	36	5					24
26				2	3	4	4	3	1	81			39	36	3		1	1		20
27				3	1	6	3	2	2	83			58	30			1			11
28				2	3	4	2	2	2	84			61	20	1					18
29				3	4	3	4	1	1	82			59	23	2	1				15
30			1	3	4	3	5			82			52	21	8		2			17
40			1	2	3	5	4	1		84										
50			1	3	2	8	2	2	2	80										
60			1	4	1	17	18	9	7	4										
70			2	9	17	18	15	6	4	3										
80			7	22	17	22	7	3	1	4										
90			6	22	26	19	11	4		1										
100			6	30	28	11	8	2		1										

I : ~70,000 VI : 90,000~95,000
 II : 70,000~75,000 VII : 95,000~100,000
 III : 75,000~80,000 $VIII$: 100,000~105,000
 IV : 80,000~85,000 IX : 105,000~110,000
 V : 85,000~90,000 X : 110,000~
 0: 6~15 31~50
 1~5 16~30 51~100

3,000~30,000の5ケースとした。表より次のようなことがわかる。

- ・単純GAでは最適解は得られなかった。
- ・得られた最良解 ($N_p = 200$, 構造解析回数15,000以上の解) は最適解に比べ約2.6%増であり、工学的にはかなり良好な解と判断される。

・しかし上記解は、表-1に示す最適性順位表(上位108位)外の解であり、数多く存在する準最適解の一つにすぎないことがわかる。

- ・単純GAで良好な解を得るためには、多くの構造解析が必要であることがわかる。

c) 交配個体選択GAによる結果と考察

まず、突然変異確率の影響を検討するため、突然変異確率 P_m を0.01, 0.05, 0.10, 0.15, 0.20の5段階に変化させたときの解について検討を行った。結果を表-3に示す。最適解が得られたケースには「<1> ← 最適解が得られた世代数」、それ以外には得られた最良解とその最適性順位([]数字、[×]は109位以下を示す)である。表より、 P_m を大きくすると最適解が得られるケースが多くなることがわかる。比較的大きな P_m によって、最良解の更新が早期に停滞する可能性が抑えられているものと考えられる。

表-5 交配個体選択GAによる最良解(人口数の影響)

N _s	N _p (N _c)				
	20(300)	50(120)	100(60)	150(40)	200(30)
1	87062.3[×]	72621.8[×]	70228.2[×]	70747.3[×]	71285.2[×]
2	73471.8[×]	84618.2[×]	<1>←48	71999.0[×]	69251.6[23]
3	77464.5[×]	70489.6[×]	76539.6[×]	70741.3[×]	69984.2[103]
4	78086.8[×]	68931.1[11]	75539.0[×]	70019.8[×]	<1>←9
5	71773.7[×]	68616.1[6]	77690.6[×]	<1>←21	<1>←7
6		78057.5[×]	<1>←23	<1>←8	69007.6[16]
7		69652.6[60]	72884.8[×]	<1>←40	69007.6[16]
8		68624.7[5]	<1>←22	<1>←22	69318.0[31]
9		69930.8[94]	<1>←22	<1>←25	<1>←12
10		<1>←56	<1>←50	69007.6[16]	<1>←14
11		69437.1[40]	68530.1[2]	<1>←13	<1>←21
12		70020.0[×]	69844.6[88]	<1>←26	<1>←10
13		69007.6[16]	68624.7[5]	<1>←12	69465.4[41]
14		<1>←49	<1>←26	68530.1[2]	<1>←15
15		69251.6[23]	<1>←9	<1>←33	<1>←14
16		69797.1[81]	<1>←27	<1>←36	68530.1[2]
17		<1>←87	<1>←25	<1>←32	<1>←11
18		69437.1[40]	68530.1[2]	<1>←19	<1>←15
19		<1>←60	<1>←17	<1>←16	<1>←29
20		68530.1[2]	69346.2[35]	<1>←5	<1>←12

P_m=0.1

表-6 単純GAによる最良解(P_c, P_mの影響)

N _p	P _c		P _m	
	0.01	0.20	0.01	0.20
N _p 100 (60)	74498.3/57	73375.6/43	72014.2/7	75333.1/49
(N _c) 200 (30)	73671.9/12	75945.2/12	71464.7/3	72396.6/29

表-3に示すN_p=100, N_s=16, P_m=0.1の交配個体選択GAおよびN_p=100, N_c=0.6, P_m=0.01の単純GAにおける各世代の個体分布を表-4に示す。I~Xのランク区分および網掛け区分は表欄外に示すとおりである。

両手法ともN_p=100、同じランダムシードを用いているため第1世代の個体分布は当然一致し、ランクVIにわずか1個で残りはすべてランクXの非許容解である。このようになかなか劣悪な集団から交配個体選択GAでは、第9, 12, 26世代において最多個数ランクがX→Ⅲ→Ⅱ→Iとスムーズに移行し、最良解および集団全体の改良速度が早いことがわかる。一方、単純GAでは第60世代までランクXの個体が依然として大半を占め、集団内最良解の劣化が第2, 9, 11世代などで頻発するなど全般に改良速度が遅い。このように交配個体選択GAは、単純GAに比べて個体が比較的良好なランクへ滑らかにシフトする特色を有するが、第15世代以降でもランクXに20%前後の個体が存在し最良解の局所解への落込みを防止する役割を果たしているようであるなど良質な集団多様性が確保されやすい手法と評価できる。

次に、人口数N_pの影響を明らかにするため、N_p=20, 50, 100, 150, 200の5通りについて計算を行い、その結果を表-3と同様に表-5に示す。このとき全計算回数が同じとなるように計算世代数を決定した。表より本計算例ではN_p=100でほぼ半数が、それ以上であればさらに高い割合で最適解が得られていることがわかる。この結果より人口数はある程度以上(本計算例では100以上)あれば最適解が得られやすいことがわかる。

表-3, 5より交配個体数N_sは全個体数N_pの1~2

割程度で比較的最適解が得られるケースが多いことがわかる。これは、N_sが小さいとある特定の個体の特性を持つ遺伝子が他の個体に強制的に交配されローカルな解に収束しやすくなり、またN_sが大きいとあまり良好でない遺伝子を持つ個体が交配個体となり良好な遺伝子を持つ個体の交配を妨げる確率が高くなることを意味していると考えられる。

ここで、本手法との比較のため単純GAによる解の検討を行う。このときのパラメータには一般的な値(P_m=0.01, P_c=0.6)と極端な値(P_m=0.20, P_c=1.0)の組合せを用いた。極端な値は本手法で用いたパラメータ値と同等な値であり、本手法による結果がGAパラメータ値の影響によるという懸念について検討するためのものである。

N_p=100, 200の場合の最良解とそれが得られた世代数を表-6に示す。いずれのケースも最適性順位108位以内の解は得られなかった。つまり、本手法による結果が単にGAパラメータ値の影響ではなく、提案した交配手法が結果的に良好な遺伝子を単純GAより効率的に次世代に伝達しているということがわかる。

4. トラス構造の部分的最適部材配置問題における数値実験

(1)対象問題

提案手法の有用性を確認するためにはローカルルールを容易に発見することができない問題での数値実験が必要である。その種問題のひとつとして最適部材配置問題が考えられ、先の数値計算例におけるトラス構造の中間部材の高さを変化させる部分的最適部材配置問題を実験対象とする。

目的関数、制約条件および各部材の離散値データリストは3. と同じ条件とし、さらに中間高さHに240cmから170cmまで10cm刻みで8通りのデータを設定し、数値実験を行った。なお最適解を求めることはかなり困難であったが、得られた解の最適性を判断するため3. (2)で述べた方法により最適解(W=67,704cm³)をあらかじめ求めた。

(2)実験結果と考察

まず、比較のため、単純GA(N_p=500, N_c=1,200, P_c=0.6, P_m=0.01, 0.1)による解を最良解が更新された世代ごとに表-7に示す。設定したN_p, N_cは問題規模に対して十分に大きいと考えられる。

最良解の更新速度はかなり低く、最終的に得られた解も最適解より約1.9(P_m=0.1)~2.3%(P_m=0.01)大きな値であった。

次に、N_p=100, 200とした交配個体選択GAによる最良値を表-8に示す。表の()数字は最良解が得られた世

表-7 単純GAによる更新過程

更新回数	P _m	
	0.01	0.10
1	78,018(1)	78,018(1)
2	77,724(2)	77,724(2)
3	76,046(3)	76,406(4)
4	72,765(7)	73,868(8)
5	72,086(20)	73,189(37)
6	71,281(101)	72,155(43)
7	70,800(103)	71,741(47)
8	69,967(208)	70,604(70)
9	69,642(608)	69,906(141)
10	69,253(795)	68,971(147)

N_p=500, P_m=0.6, (○):更新世代数

表-8(a) 交配個体選択GAによる
最良解(N_p=100)

N _s	P _m		
	0.10	0.20	0.30
1	71,091(10)	67,704(4)	72,727(6)
2	69,274(15)	71,091(12)	71,091(8)
3	69,792(7)	69,780(4)	70,685(9)
4	67,816(37)	67,816(13)	69,807(14)
5	68,214(13)	67,704(8)	67,816(13)
6	69,182(12)	69,182(77)	68,246(37)
7	68,214(12)	67,704(8)	68,550(8)
8	67,704(9)	68,825(55)	68,214(76)
9	67,704(73)	67,704(30)	67,816(33)
10	69,182(13)	69,182(10)	68,976(8)
11	68,214(20)	67,816(12)	68,604(19)
12	68,214(60)	68,214(21)	67,704(71)
13	68,571(12)	68,825(17)	68,214(79)
14	69,182(13)	68,214(38)	67,704(64)
15	68,825(17)	69,182(73)	67,816(82)
16	67,736(13)	68,214(78)	67,704(83)
17	67,736(16)	68,445(14)	68,214(83)
18	68,450(23)	68,571(88)	67,736(25)
19	70,328(17)	68,450(80)	69,182(16)
20	68,825(17)	68,214(74)	67,816(29)

代数を示す。N_p=100の場合では最適解が得られるケースは少ないが、最適解が得られない場合でも単純GAよりもはるかに少ない構造解析回数で同程度以上の解が得られている。さらにN_p=200とすると最適解が得られる割合が高くなり、これを含めて約半数のケースで最適解との差が0.2%以内の解が得られている。これらのことからローカルルールを容易に発見することができないこの種問題に対して少なくとも単純GAより有用な手法であることが確認できた。

なお、先の数値実験と同様に良好な解が得られる交配個体数N_sは全人口数N_pの1~2割程度であった。

5. 結 言

本研究では、単純GAの有する生殖システムを見直すことにより提案した交配個体選択GAの離散的最適構造設計への適用性を、次世代に伝達される遺伝子の期待値の比較、最適断面配分問題および部分的最適部材配置問題を対象とした数値実験により検討した。本研究で得られた成果をまとめると以下のようである。

表-8(b) 交配個体選択GAによる
最良解(N_p=200)

N _s	P _m		
	0.10	0.20	0.30
1	71,604(3)	69,771(45)	70,328(31)
2	71,091(5)	73,956(3)	69,182(6)
3	69,182(6)	67,704(33)	68,214(6)
4	69,182(7)	69,182(5)	67,704(15)
5	69,182(4)	67,704(7)	68,214(45)
6	68,214(7)	68,214(5)	67,704(18)
7	68,214(8)	68,214(6)	68,214(8)
8	69,003(98)	67,704(13)	67,704(82)
9	68,825(81)	68,214(55)	67,704(28)
10	69,257(33)	68,450(10)	67,704(9)
11	67,736(64)	68,971(9)	67,704(33)
12	68,246(31)	68,602(8)	67,704(30)
13	67,704(42)	67,704(17)	67,285(12)
14	67,704(15)	67,704(89)	67,816(12)
15	69,413(21)	67,704(16)	67,816(15)
16	67,567(47)	68,214(69)	67,704(22)
17	68,825(57)	67,736(14)	67,704(18)
18	68,825(12)	67,816(75)	67,704(28)
19	68,825(14)	67,816(62)	67,736(25)
20	68,246(41)	68,246(15)	70,838(7)
21	67,816(20)	72,072(7)	67,704(10)
22	67,816(83)	67,723(16)	67,704(65)
23	67,704(20)	67,736(77)	67,736(25)
24	68,109(14)	68,214(14)	67,704(15)
25	68,246(16)	68,825(10)	67,704(16)
26	67,704(15)	67,704(14)	68,444(19)
27	68,246(20)	67,704(44)	67,736(34)
28	67,704(38)	67,736(20)	68,481(14)
29	67,736(19)	67,736(25)	67,704(14)
30	68,445(16)	67,736(17)	69,422(14)
31	67,704(67)	67,816(45)	67,704(29)
32	68,214(62)	68,481(13)	67,816(17)
33	68,571(66)	67,704(19)	67,816(26)
34	67,704(28)	67,704(24)	69,421(11)
35	67,816(15)	67,704(38)	67,816(18)
36	67,704(38)	68,214(63)	67,736(38)
37	67,736(21)	68,214(81)	67,704(27)
38	68,286(11)	68,545(22)	67,704(39)
39	67,736(21)	68,463(15)	67,704(38)
40	67,816(21)	67,704(77)	68,286(21)

(1)ある個体の遺伝子が次世代に伝達される期待値を検討した結果、適応度比例戦略を用いた単純GAでは期待値はその個体の適応度に比例するが、交配個体選択GAではそのような一律な関係になく、特にローフィットネス個体の期待値が適応度比例戦略を用いた場合より大きくなることがわかった。つまり、交配個体選択GAはローフィットネス個体が交叉の対象となる確率が相対的に増大するため、交配後の個体の多様性が保たれ、ひいては解の改良される確率も高くなる性質を有することがわかった。

(2)最適断面配分問題の数値実験より、交配個体選択GAによる解は単純GAによる解より全般に良好であり、収束性にも優れていることがわかった。また、同等のGAパラメータ値における交配個体選択GAと単純GAの実験結果から交配個体選択GAによる解が比較的良好な理由は単にGAパラメータの影響ではなく、提案した交配手法にあると考えられる。

(3)部分的最適部材配置問題の数値実験より、ローカルルールを容易に発見することができないこの種問題に対して交配個体選択GAが少なくとも単純GAより有用な手法であることが確認できた。

(4)数値実験全般から交配個体選択GAを用いる際のGAパラメータについて次のような目安を得ることができた。

a)人口数は100程度以上は必要であるが、収束

性に優れているので計算世代数は比較的少なく済み、全構造解析回数は単純GAより少ない。

b)突然変異確率は0.1~0.2程度と、単純GAの一般的な値より大きくする必要がある。比較的大きなP_mによって、最良解の更新が早期に停滞する可能性が抑えられていると考えられるが、細部については今後検討の必要がある。

c)交配個体数は全個体数の1~2割程度に設定すると良好な解が得られやすい。

参 考 文 献

- 1)山田善一編:構造システムの最適化~理論と応用~, pp. 101-106, 土木学会, 1988. 9.
- 2)三原徹治, 千々岩浩巳:鋼管杭基礎構造の離散的な最小費用設計法に関する一研究, 土木構造・材料論文集, 第9号, pp. 73-81, 1993. 11.
- 3)三原徹治, 千々岩浩巳:解特性に着目した離散的2目的最適塑性設計法に関する一考察, 構造工学論文集, Vol. 40A, pp. 559-568, 1994. 3.
- 4)三原徹治, 千々岩浩巳:単純GAと限定列挙法を組合わ

- せた離散的最小重量設計問題の一解法, 土木学会第49
回年次学術講演会講演概要集第1部, pp. 820-821, 1994.
9.
- 5) 北野宏明編: 遺伝的アルゴリズム, 産業図書出版, 1993.
- 6) 杉本博之, 鹿汴麗, 山本洋敬: 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. 7.
- 7) 杉本博之, 鹿汴麗: 非連続目的関数を有する構造設計へ
のGAの応用について, 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, pp. 105-110, 1993. 12.
- 8) 鹿汴麗, 杉本博之: GAにおけるパラメータの効果に関
する研究, 構造工学論文集, Vol. 41A, pp. 619-626, 1995.
3.
- 9) 千々岩浩巳, 三原徹治, 太田俊昭: GAによる離散的最適
化における淘汰・交配オペレーション方式の影響,
第4回システム最適化に関するシンポジウム講演論文
集, pp. 55-60, 1995. 12.
- 10) 星野力: 遺伝的アルゴリズム[1]その信仰と現実, bit,
Vol. 24, No. 9, 1992.

(1995年9月18日受付)