

離散問題とリフレッシュ型分散遺伝的アルゴリズム  
勝崎 俊樹

## 1 はじめに

遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithm:GA) は生物が環境に適応して進化していく過程を工学的に模倣したアルゴリズムである<sup>1)</sup>。GA の長所としては、

- 適応できる問題が広い
- 局所解をもつ問題に対しても、比較的良好な解を得ることができる

などが挙げられる。しかし、短所としては、

- 高域な探索は得意だが、局所探索は不得手
- 早熟収束によって局所解に収束してしまう
- パラメータの設定が複雑

などが挙げられる。このような特徴をもつ GA を離散問題に適用していくことが研究目的の 1 つである。他には、GA を離散問題に適用するだけでなく、並列コンピューティングを用いた分散遺伝的アルゴリズムにおける検証や、新しいアルゴリズムの提案なども行う。

## 2 対象問題

本研究室で離散問題に GA を用いる場合、主に対象問題としているのは、離散問題として有名な巡回セールスマン問題とジョブショップスケジューリング問題である。

### 2.1 巡回セールスマン問題 (Traveling Salesman Problem:TSP)

巡回セールスマン問題とは、いくつかの都市を一度ずつ訪問して出発点に戻ってくるときに、移動距離が最短になる経路を求める問題であり、最適化問題の代表例として知られている。都市数が少ないうちは簡単な問題だが、都市数が増えるにしたがって加速度的に難しくなっていくため、都市数が多い場合に最適解を求めることは極めて困難とされる。巡回セールスマン問題について Fig. 1 に示す。

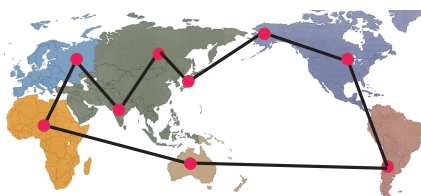


Fig. 1 巡回セールスマン問題

### 2.2 ジョブショップスケジューリング問題 (Job Shop Scheduling Problem:JSP)

ジョブショップスケジューリング問題は、複数の機械で加工される複数のジョブに対して以下のような制約の下、ジョブの終了時刻に関するある目的関数値を最小化するようなスケジュールを求める問題である。

1. 各ジョブに対して加工する機械の順序は予め与えられている
2. 各機械は同時に高々 1 つのジョブしか加工できない

ジョブショップスケジューリング問題について Fig. 2 に示す。

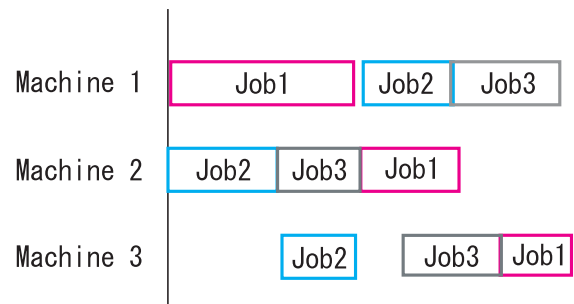


Fig. 2 ジョブショップスケジューリング問題

## 3 離散問題に対する GA アルゴリズムの提案

我々は、第 2 章で説明した TSP, JSP に対してより有効な結果を示すアルゴリズムをいくつか提案している。具体的に例をあげると、大域的交叉型分散遺伝的アルゴリズム (GCDGA) や、リフレッシュ型分散 GA (DGA/R) などがある。今回は、この中から自身が研究している DGA/R について説明する。

### 3.1 リフレッシュ型分散遺伝的アルゴリズム (DGA/R)

リフレッシュ型分散 GA (DGA/R) は DGA と SPGA を組み合わせた手法である。DGA/R では、SPGA と DGA は独立して探索を行い、一定間隔ごとに SPGA で得られた個体を DGA に供給する。その後、SPGA を初期化する。この手法により、DGA で失われた多様性を SPGA によって補うことができると期待できる。具体的な解探索の手順とは次の通りである。

1. DGA と SPGA それぞれ独立して探索を行う。
2. SPGA から、エリート個体を DGA に送り込む。
3. DGA の各島で、DGA のエリート個体と SPGA から送り込まれたエリート個体を一定回数交叉させる。これをエリート交叉と呼ぶ。
4. エリート交叉で得られた子個体を新たな DGA の個体のうち、サブ母集団数の個体を選択し、次の世代の DGA の個体とする。
5. SPGA を初期化する。
6. DGA, SPGA それぞれ次の一定間隔が来るまで独立して探索を行う。

DGA/R の長所としては、少ない個体数での多様性の維持が挙げられる。DGA/R では SPGA によって定期的に新たな個体が生成されるため、少ない個体数でも高い多様性を保ちつづけることができると考えられる。

ただし、DGA/R はまだ研究途中であるために、現在は部分だまし問題を用いて、局所解をもつ問題に対して有効な結果を示すことを確認した段階である。そのため、本発表では部分だまし問題における DGA/R の性能を示す。また、DGA/R の構造については Fig. 3 に示す。

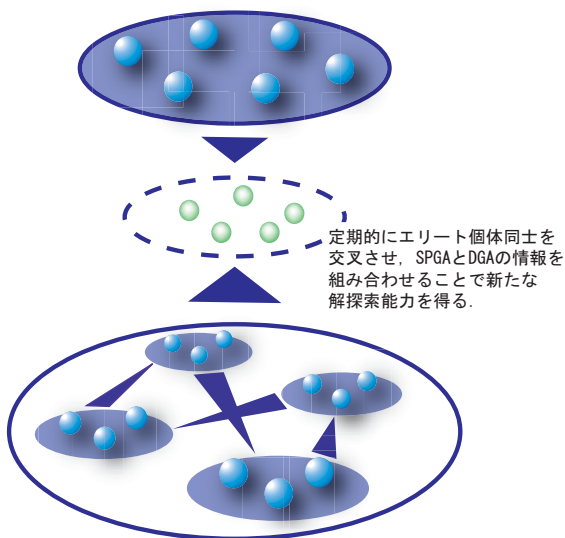


Fig. 3 DGA/R の構造

### 3.2 部分だまし問題

部分だまし問題とは、Onemax 問題を Fig. 4 のように拡張し、Onemax 問題に大きな局所解を持たせたものである。染色体は Fig. 4 に示すように、複数の partition から構成され、各 partition にサブ問題 (subproblem) が適用される。このとき、各サブ問題はビット '1' の数が適合度となる。ただし、サブ母集団内の全てのビット

が '0' の場合のみ、適合度は最大となる。今回は、サブ問題を 4 ビットとしたため、各サブ問題の最大の適合度は 5 である。つまり、全てのビットが '0' のとき、最適解となる。

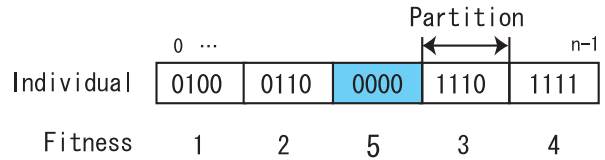


Fig. 4 部分だまし問題

### 3.3 DGA/R の性能

DGA/R の性能を検証するために、部分だまし問題における数値実験を行った。問題のビット長を 1partition につき 4 ビットで 100partition の 400 とし、20 回試行した結果、得られた適合度 (平均値) の履歴を Fig. 5 に示す。なお、用いたパラメータは、総個体数 240, 交叉率 1.0, 突然変異率  $1/L$  ( $L$ : ビット長), 移住率 0.5, 移住間隔は 10, 島数 20, 評価計算回数は  $2 \times 10^6$  とした。また、DGA/R のグループ移住間隔は 50 とした。

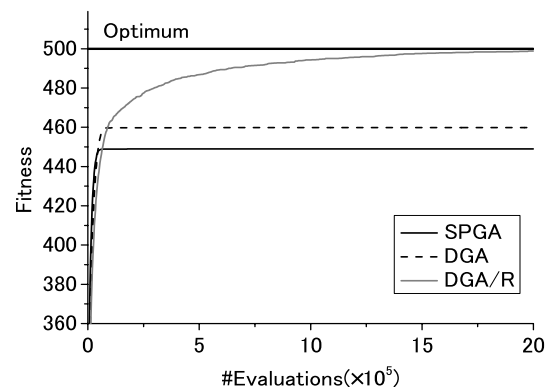


Fig. 5 部分だまし問題の解履歴

Fig. 5 より、SPGA や DGA と比較して、DGA/R は良好な結果を導くことができていることが分かる。

## 4 最後に

我々のグループでは対象問題に GA を適用するだけでなく、GA を用いた新たなアプローチ法などをどんどん提案している。そのため、自分で新しいアルゴリズムを作りたい人や論文を書きたいと思っている人におすすめしたい。

### 参考文献

- 1) 三宮信夫, 喜多 一, 玉置 久, 岩本 貴志, システム制御学会編 遺伝的アルゴリズムと最適化 1998 .
- 2) Harik, G. (1999) Linkage learning via probabilistic modeling in the ECGA