

~交叉と選択方法の改良による解探索の研究~

情報論理工学研究室 奥野 裕太 共同研究者 今村 光良 瀬渡 昭良 馬場 亮輔

1. 序論

組み合わせ最適化問題を解く方法の1つとして、遺伝アルゴリズム²⁾による解法がある。遺伝アルゴリズムとは進化計算によって問題に対する最適な解を求める手法の1つで、生物の進化における遺伝のメカニズムに似た操作を取り入れたアルゴリズムのことである。組み合わせ最適化問題の1つとして、NQueen問題³⁾がある。本研究では遺伝アルゴリズムを用いて、NQueen問題の全解探索にあたる。しかし、NQueen問題は解が複数存在する多峰性問題であるため、最適解を1つ求めるのに長けている遺伝アルゴリズムは解くにはあまり適していないと思われる。そこで本研究ではNQueen問題のような多峰性問題にも適合できるように、遺伝アルゴリズムを改良する。

2. 研究内容

本研究では、NQueen問題の全解探索を行うプログラムを作成し、最適解を効率良く得るため交叉と選択方法¹⁾を改良する。交叉のアルゴリズムとして、「一点交叉」、「二点交叉」、「多点交叉」、「一様交叉」などが挙げられる²⁾が、今回「多点交叉」は「二点交叉」、「一様交叉」よりも良い結果が得られることは少ないのでは省く。また選択方法として「ルーレット選択」、「トーナメント選択」、「エリート選択」などが挙げられる²⁾。本研究では、最適となる交叉方法および選択方法の組み合わせを調査する。

本研究ではOS(WindowsXPPro),CPU(InterCorei5 2.27GHz),RAM(3.42GB)のPC上で全解探索プログラムを実行する。

3. 結果・考察

各選択方法/交叉方法で発見できた解の個数の平均(試行回数100回)を表1に示す。

表1より解の発見数が最も多いのはエリート選択であることが示される。ルーレット選択はランダム性が高く、安定して解を出すことができなかった。またトーナメント選択はトーナメント数によって結果が変わることが判明したため本研究には適さないと判断した。

表1: 各選択方法/交叉方法での解の発見数 (N=8)

	一点交叉	二点交叉	一様交叉
ルーレット	63.1	4.3	49.7
トーナメント	8.9	1.9	6.8
エリート	69.7	65.2	72.5

表2: 単純遺伝アルゴリズムと改良遺伝アルゴリズムの比較(N=8)

	初期集団数	世代数	解の個数	処理時間[ms]
改良前	100	1000	1.1	4132.4
改良後	100	1000	72.2	5851.7

よって、本研究ではエリート選択を改良し、局所解に陥ることを避けつつ、安定して解を出す遺伝アルゴリズムを作成した。

エリート選択の改良について、まず考えなければならぬのは先述したように局所解を避けることである。これを避けるために、解が一定の数値重複した場合突然変異が起こる確率が上がるようにしたプログラムを利用した。また競合数が高いものが選ばれてしまうこともあるのを避けるため許容範囲を設定し競合数が高いものはエリートとして選ばれないようにした。さらにエリートとして取る個体数を設定できるようにした。

また表1よりエリート選択を用いた時の解の発見数が最も多いのは一様交叉であることが示される。従って、遺伝アルゴリズムを用いたNQueen問題の解法において、交叉方法は一様交叉を用いるのが最適であると言える。一様交叉が最適となるのは競合数0の個体という最適解を探索することが目的だからではないかと思われる。

本研究では、競合数の許容範囲を変化させながらプログラムを実行し、最適な許容範囲の値を求めた。本研究により得られた性能向上結果を表2に示す。なお交叉・選択方法以外については最適なオペレーティングを用いた。表2から、改良遺伝アルゴリズムを用いることにより発見できる解の個数は大幅に上昇した一方、処理時間の増加が示された。

4. 結論

本研究で、NQueen問題に対し最適な交叉と選択方法は「一様交叉」と「エリート選択」であることが示された、しかしながら、処理時間の増加が問題となった。また今回の試行回数では全ての解がでないことから、もっと良い交叉・選択方法があるか研究する必要がある。

参考文献

- 棟朝雅晴: 遺伝的アルゴリズム—その理論と先端的手法, 森北出版(2006)
- 伊庭斉志: 遺伝的アルゴリズムの基礎—GAの謎を解く—, オーム社(1994)
- N. ヴィルト: 遺伝的アルゴリズム, 近代科学社(1990)