

改善集団と改悪集団による進化的停滞を回避する 遺伝的アルゴリズムと時間枠つき配送計画問題への適用

村田 裕章[†] 越野 亮^{††} 白山 政敏^{††}
林 貴宏^{†††} 木村 春彦[†]

遺伝的アルゴリズム (GA) は、進化のメカニズムに注目した最適化手法である。GA ではつねに解を改善するように個体を進化させるため、解が改善できない状態 (進化的停滞) に陥ってしまい、最適解を得ることが難しいという問題がある。この問題を解消する 1 つの方法として、集団内の多様性を維持する方法があるが、その反面収束が遅くなってしまいう問題がある。そこで、本研究では、解を改善する改善集団と解を改悪する改悪集団を用いることによって、解をつねに改善するのではなく、悪くすることによって進化的停滞を回避し、さらに収束速度が低減されない GA を提案する。また、提案手法を時間枠つき配送計画問題に適用した結果、従来の GA や世代交代モデルである Minimal Generation Gap (MGG)、2 個体分散遺伝的アルゴリズム (Dual Individual Distributed Genetic Algorithm: Dual DGA) に比べて、良い精度の解が得られたことを示す。

Genetic Algorithm with Improving Population and Corrupting Population to Avoid Evolutionary Stagnation, Application of Vehicle Routing Problem with Time Windows

HIROAKI MURATA,[†] MAKOTO KOSHINO,^{††} MASATOSHI SHIRAYAMA,^{††}
TAKAHIRO HAYASHI^{†††} and HARUHIKO KIMURA[†]

Genetic Algorithms (GA) are optimization methods inspired by evolutionary mechanisms. GA fall into states which can't improve solutions (evolutionary stagnation) because individuals are always evaluated in order to improve. GA have a difficulty problem to obtain the optimal solutions. As a way in order to dissolve this problem, the diversity maintenance of population, however, the problem occurs, which convergence speed becomes slow. This paper proposes a novel GA to avoid evolutionary stagnation by corrupting the solutions and also convergence speed doesn't become slow, by using improving population which improves the solutions, and corrupting population which corrupts the solutions. This paper also shows that good results compared with traditional GA, Minimal Generation Gap (MGG) as generation alternation and Dual Individual Distributed Genetic Algorithm (Dual DGA) on vehicle routing problems with time windows.

1. はじめに

遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithms: GA)¹⁾ は、生物の進化プロセスから着想された最適化手法であり、複数の解を同時に保持し、それらを集団として改善していくところに特徴を持つ。集団に対し、交叉および突然変異の操作を行い、集団中の様々な解 (個

体と呼ぶ) を改善することによって、探索を行うアルゴリズムである。これまでに、関数最適化問題や組合せ最適化問題などの多くの分野に応用されている¹⁾。単純遺伝的アルゴリズム (Simple GA: SGA) は、単峰性問題の最適解を求めることには適しているが、集団のなかで適応度の高い個体の選択と交叉を繰り返すことで解を求めるため、局所解を多く持つ場合には最適解を求めることは、困難である¹⁾。これは、探索の終盤において、問題空間上の近い位置に存在する個体 (似ている個体) が集団内に多く存在するためであり、集団の多様性が低下するためである。一般に GA による探索では、探索の進行にともなって個体の多様性が徐々に低下していく傾向にあり、特に探索の終盤

[†] 金沢大学

Kanazawa University

^{††} 石川工業高等専門学校

Ishikawa National College of Technology

^{†††} 電気通信大学

The University of Electro-Communications

においては多様性はかなり低くなる現象が見られる。多様性が十分に維持できない場合には、GAは優れた解を見つけ出せない、あるいは初期収束 (premature convergence) などの現象によって探索が停滞する (進化的停滞と呼ばれる) などの諸問題が生じやすくなる。この問題を解消する方法として、問題空間上において、離れた位置にある個体を集団内に残す、つまり、多様性を維持する方法があり、GAにおける重要な課題の1つである。しかし、多様性を維持しようとする、解の収束速度が遅くなり、集団の多様性維持と解の収束速度はトレードオフの関係になることが多い。

そこで、本研究ではGAにおいて多様性維持の方法として、2種類の集団を用いる遺伝的アルゴリズム (2 Population-Genetic Algorithm: 2P-GA) を提案する。良い解を求めるように進化する改善集団と悪い解を求めるように進化する改悪集団を用いることで、似ている個体が集団内の大半を占めることを防止する。また、性能評価実験として、最近注目されている時間枠つき配送計画問題²⁾に適用し、従来のGA³⁾や世代交代モデルであるMinimal Generation Gap (MGG)⁴⁾、2個体分散遺伝的アルゴリズム (Dual Individual Distributed Genetic Algorithm: Dual DGA)⁵⁾と比べて、高精度の解が得られたことを示す。

2. 提案手法

遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithms: GA)¹⁾は、生物の進化プロセスから着想された最適化手法であり、複数の解 (個体と呼ぶ) を同時に保持し、それらの集団の中で適応度の高い個体の選択と交叉を繰り返し行うことで、より適応度の高い個体を得ている。このようにGAではつねに解を改善するように個体を進化させるため、解が改善できない状態 (進化的停滞) に陥ってしまい、最適解を得ることが難しいという問題がある。この問題を解消する1つの方法として、集団内の多様性を維持する方法^{4),5)}があるが、その反面収束が遅くなってしまふという問題がある。

本研究では、集団内の多様性を維持するために、2種類の集団を用いる遺伝的アルゴリズム (2 Population-Genetic Algorithm: 2P-GA) を提案する。2種類の集団とは、適応度の高い良い解を求めるように進化する集団 (以下、改善集団と呼ぶ) と適応度の低い悪い解を求めるように進化する集団 (以下、改悪集団と呼ぶ) のことを意味する。それぞれ、異なった方向に進化するため、集団の多様性が維持されると考えられる。また、改善集団中の個体 (改善個体) と改悪集団中の個体 (改悪個体) を親に持つ子個体を生成することで、

さらに多様性が生まれると考えられる。2P-GAでは、多様性を維持しつつも、収束が早く、かつより良い解を得るために、以下のことを行う必要がある。

- (1) 改善個体の選択・交叉
- (2) 改悪個体の選択・交叉
- (3) 改善個体と改悪個体の交叉

(1)はGAで良い解を見つけるために必要である。(2)は改悪個体をより適応度の低い個体にするために必要である。これにより改善個体からより離れた個体を生成できる。(3)では、より似ていない個体を生成するためであり、これにより、探索点の移動を実現している。

これら3つのことを効率的に行うために、2P-GAでは、適応度に負の値を導入し、改悪個体は負の適応度を持つようにする。さらに、適応度に関するすべての計算を適応度の絶対値を用いるように変更する。このようにすることで、従来の世代交代モデルを変更することなく、上記の3つのことを行うことができ、容易に2種類の集団を用いるように変更することが可能になる。2P-GAでは、2種類の集団を管理するために改悪個体が集団に占める割合をつねに監視し、パラメータとして与えられた上限存在割合 P_{max} と下限存在割合 P_{min} の間に収まるように改悪個体を調節する。具体的には以下のような操作を行うことによって、2種類の集団を用いるようにGAを変更することができる。

- (1) 基準となる適応度 (基準適応度) の設定

初期集団の適応度 \star から基準適応度を定める。その際、初期集団の最大適応度を F_{max} 、最小適応度を F_{min} とすると、基準適応度 F_s は以下の式で求めるようにする。

$$F_s = F_{min} + \frac{(F_{max} - F_{min})(P_{max} + P_{min})}{2} \quad (1)$$

- (2) 新しい適応度の算出

個体の適応度を求める際に、従来の方法で求めた適応度の値から基準適応度を引くことで適応度の低い個体に負の値を与えるようにする。

- (3) 適応度の絶対値を用いて計算する

負の適応度が存在する2P-GAにおいても、従来のGAと同様に計算を行うために、個体の適応度を用いるすべての計算において、適応度

\star なお、初期集団においては基準適応度が決まっていないため、従来の適応度計算によって得られた適応度を用いる。

の絶対値を用いるようにする。これにより、改善個体はより適応度の高い個体に進化し、改悪個体はより適応度の低い個体に進化することになる。また、改善個体と改悪個体の交叉も容易に行えるようになる。

(4) 基準適応度の変更

1種類の集団のみにならないように、改悪個体の存在割合が上限値を超えた場合、もしくは下限値を下回った場合に、基準適応度を変更する。変更方法は、初期に基準適応度を求めた式とまったく同じ式を用いる。

変更点(1), (2), (3)は、改悪個体を表す負の適応度を導入するための処理である。変更点(4)は1種類の集団のみならないように行う処理である。2P-GAは、改善個体と改悪個体が交叉を行うことで、探索点を移動させ、より良い解を得ようとするアルゴリズムである。したがって、集団内が1種類の個体のみになると、2P-GAの利点が発揮されない。そのため、変更点(4)を行うことで、集団内につねに2種類の個体が存在するようにする。また、変更された基準適応度は次の世代から用いることで、計算コストの増加は無視できるほど小さくすることができる^{*}。また、後述するが、改善個体と改悪個体の基準適応度を変更することによって、改悪個体数を変動させ、大域的探索と局所的探索を繰り返すことができる。

3. 関連研究

3.1 世代交代モデル

GAにおいて、多様性を維持する方法として世代交代モデルがある。世代交代モデルには、子を生成する親を選択する複製選択と次世代に生き残る個体を選択する生存選択があり、それらの組合せによって様々なモデルが提案されており、その中の1つとして佐藤らが提案したMinimal Generation Gap (MGG)⁴⁾がある。MGGは、探索初期における選択圧をできるだけ下げ、初期収束を回避するとともに、探索の後半においても集団内に多種多様な個体を生存させやすくする。MGGは進化的停滞を回避することを意図したモデルであり、そのために、世代間での個体分布の差異を最小にするように個体の選択を行う。MGGでは、複製選択時には、個体の適応度を無視し、非復元抽出でランダムに選択し、生存選択時には、子個体と親個体を合わせた家族の中から最良の1個体と、ルーレッ

ト選択により選ばれた1個体の合計2個体を次世代に残すようにしている。

3.2 2個体分散遺伝的アルゴリズム

2P-GAの特徴の1つとして、集団を改善集団と改悪集団に分けることがあげられる。このように集団を分割するようなアプローチとして分散遺伝的アルゴリズム(Distributed Genetic Algorithms: DGA)^{6),7)}がある。DGAは、GAにおいて計算負荷や初期値依存性が高いという問題を解消するために、集団を複数のサブ集団(島)に分割し、各島に対して独立に遺伝的操作を行う手法である。また、一定世代(移住間隔)ごとに各島間で個体の交換(移住)を行っており、従来の単一集団で遺伝的操作を行った場合と比較して、より適応度の高い解の発見が可能である^{6),7)}。また、DGAにおいて、島の数を増やすことによって解探索能力が向上する傾向にあり⁵⁾、島内の個体数を最小の2個体に設定し、島の数を最大にした2個体分散遺伝的アルゴリズム(Dual Individual Distributed Genetic Algorithm: Dual DGA)が提案されている⁵⁾。Dual DGAでは、島内の個体数が極端に少ないために、通常の遺伝的操作では島内の多様性が急速に失われると考えられ、遺伝的操作に多様性を維持する工夫が施されている。Dual DGAでは、まず個体の母集団をランダムに、2個体ずつの島に分割する。そして各島において、次の操作を世代ごとに繰り返す。

- (1) 1つ前の移住から移住間隔だけ経過した場合に移住を行う。まず、2つの個体のうち、ランダムに一方を選択し、そのコピーを他の島に送る。そして適応度の低い個体は、他の島から送られてきた個体に置き換えられる。また、移住トポロジは移住のたびにすべての島がランダムな順番の1つのリングを形成し、隣の島が移住先になる。また移住方向は1方向とする。
- (2) 2つの個体を交叉させ、新しい子個体を生成する。この段階では親個体も残っているので、合計4個体が島内に存在している。
- (3) 生成された子個体に対して突然変異を行う。
- (4) 個体の適応度を計算する。
- (5) 2つの親個体と2つの子個体から、それぞれ適応度の高い方の個体を選び、次世代の2個体とする。このとき、移住個体は選択されないとする。

このような遺伝的操作を行うことで、移住によって適応度の高い個体がなくなることを防ぎ、適応度の高い親個体と子個体が次世代に残ることにより多様性を維持できるようになる。Dual DGAでは従来の分散

^{*} なお、筆者が作成したプログラムは従来のGAと同適度の計算速度を実現している。

GA と比較して、設定するパラメータが減少している。島内の個体数を 2 としているために、総個体数を決定すれば島数は一意に決まる。また、交叉を行うペアは 1 通りしかなく、移住率は 0.5 に決まる。そのため、Dual DGA では設定すべきパラメータは総個体数と移住間隔のみになる。

Dual DGA では良い解を求めるように進化する個体を複数の集団に分けることで探索を行っている。これに対して、2P-GA では進化方向の異なる改善集団と改悪集団に分けて探索を行っており、進化方向の異なる集団に分ける点が Dual DGA と 2P-GA で異なる点である

3.3 免疫的分業問題最適化手法

2P-GA と同様に、解を一時的に悪くすることによってより良い解を得ようとする手法として當間⁸⁾らによる、免疫的分業問題最適化手法がある。この手法は近年、脳神経系、遺伝適応系と並ぶ第 3 の生体システムとして、注目されている免疫システム^{9)~14)}を分業問題に適応した手法であり、免疫系と抗原間に見られる共進化現象をモデルとしている。免疫的分業問題最適化手法は、(1) 免疫エージェント間の相互作用を基本動作とする分割・統合処理と (2) 抗原エージェントが免疫エージェントと相互作用を行う逃避処理、という 2 種類のエージェントによる共進化現象に基づく探索を動作原理としている。また、免疫的分業問題最適化手法は、GA などの複数の解を用いて探索を行う多点同時探索手法ではなく、1 つの解のみを用いる一点探索手法である。文献 8) では、分業巡回セールスマン問題 (N -th agent's Travelling Salesman Problem: n -TSP) に免疫的分業問題最適化手法を適用しており、つねに解を良くする GA に比べ、初期値依存性が低く、平均的に良い解を短時間で得られたことを示している。また、分割処理はある巡回路を 2 つの巡回路に分割する処理、統合処理はある 2 つの巡回路を 1 つの巡回路に統合する処理、逃避処理はある都市を別の巡回路に含まれるように変更する処理として定義されている。

しかし、後述するが、本研究で性能評価実験に用いる時間枠つき配送計画問題 (Vehicle Routing Problem with Time Windows: VRPTW)^{2),15)}は n -TSP と違い、積載量制約と時間枠制約があり、 n -TSP に 1 人のセールスマンが巡回できる都市数の制限 (積載量制限に相当する) や訪問する都市に時間指定が設けられた (時間枠制約に相当する) ような問題である。そのため、都市を別の巡回路に含まれるように変更する逃避処理を行った場合、それらの制約を破る可能性

が高く、実行不可能解が生成されることが多くなる。また、分割・統合処理は個体の初期化時もしくは局所探索法に含まれるために意味をなさなくなる。そのため、免疫的分業問題最適化手法を時間枠つき配送計画問題に適用しても、本来の性能を発揮できず、個体の初期値に依存した著しく悪い解しか求まらないと考えられる。これは、配送計画問題 (n -TSP に積載量制約を加えたような問題) で行った予備実験において、免疫的分業問題最適化手法は、初期値依存性が高く、良い解を見つけることができなかつたことから推測され、配送計画問題にさらに時間枠制約が追加された時間枠つき配送計画問題では、免疫的分業問題最適化手法は良い解を求めることが非常に困難であると予想される。以上のような理由によって、本研究では免疫的分業問題最適化手法を比較対象として扱わないこととする。

4. 性能評価実験

4.1 時間枠つき配送計画問題とは

提案手法の有効性を確認するために、近年注目されている時間枠つき配送計画問題 (Vehicle Routing Problem with Time Windows: VRPTW)^{2),15)}に 2P-GA を適用し、性能評価実験を行った。VRPTW は配送計画問題 (Vehicle Routing Problem: VRP) を拡張した問題である。VRP は出発点 (デポと呼ばれる) から地理的に分散した複数の顧客へ荷物を配送する場合に、配送コストが最小となる経路を求める問題である。VRPTW は VRP において、各顧客に配送しなければならない時間帯が設定され (時間枠制約)、配送車には積載量制限 (積載量制約) が設定された問題であり、分業巡回セールスマン問題にビンパッキング問題 (積載量制約のため) や、スケジューリング問題 (時間枠制約のため) などが導入された問題と考えることができ、大変重要ではあるが、困難な問題である。

なお、VRPTW では GA に局所探索法を組み合わせ用いられることが多く、高速に動作する (1,0)-opt¹⁶⁾を局所探索法として用いる。また、個体の初期化には周期的構築/改善法 (periodic construction / improvement method)¹⁶⁾を用いる。周期的構築/改善法は構築法と局所探索法から構成され、本研究では構築法には貪欲ランダム化構築法¹⁶⁾と局所探索法には (1,0)-opt を用いた。貪欲ランダム化構築法とは、あるランダム要素を含んだルールを用いて実行可能解を生成する方法であり、ランダムに解を生成する場合と違い、実行不可能解が生成される可能性はなく良い

解が得られることが多い手法である。(1,0)-opt とは、ある巡回路に新たに顧客を挿入する方法である*。

4.2 実験方法

性能評価実験では VRPTW において一般的なベンチマーク問題である Solomon が作成した問題¹⁵⁾ を用いた。Solomon の問題は、顧客数は 100 であり、ランダム構造として、R1 (12 間), R2 (11 間), クラスタ構造として、C1 (9 間), C2 (8 間), ランダムとクラスタを組み合わせた構造として、RC1 (8 間), RC2 (8 間) の 6 つのタイプに分類されており、全問題の合計数は 56 である。比較対象としては、従来の研究である Tan らの結果³⁾ (GA[Tan 2001]) と独自で開発した SGA, Minimal Generation Gap (MGG)⁴⁾, 2 個体分散遺伝的アルゴリズム (Dual DGA)⁵⁾ とした。なお、個体の初期化には周期的構築/改善法を用い、局所探索法には (1,0)-opt を用いた。使用したパラメータを表 1 に示す。交叉確率については、Dual DGA と同様に 1 を採用した。交叉方法は PMX¹⁾, 世代交代モデルは、ルーレット選択を用い、Tan ら³⁾ の実験と同様に 1000 世代まで実験を行った。ここで、SGA や MGG, 2P-GA では、1 世代につき 1 回の交叉が行われるが、Dual DGA では鳥の数 (50 回) だけ交叉が行われるため、他の手法と比較して進化が速いように見える。そのため、本研究において Dual DGA では 1 世代につき、1 つの鳥でしか交叉を行わないように変更した。さらに、50 世代ごとにすべての鳥が交叉で

きるように、交叉する鳥を順番に選択するようにした。つまり、本研究の 50 世代が通常の Dua DGA での 1 世代に相当することになる。実験環境は、PentiumIV 3.2 GHz, 512 M RAM の計算機を用いた。なお、Tan ら³⁾ は PentiumII 266 MMX, 32 M RAM の計算機で実験を行っている。

4.3 実験結果

実験結果を表 2 に示す。表の値は、各手法で求めた経路の総距離 (TD), 使用した配送車の台数 (NV), 経路の評価値 (総距離 × 配送車の台数), 計算時間 (秒) を問題のクラスごとに平均した値を示している。

まず、経路の評価値について見てみると、2P-GA は他の手法より良く、特に MGG と比較すると約 14%良くなっている。次に、計算時間について見てみると、2P-GA は SGA や MGG とほぼ同じ計算時間であるが、Dual DGA と比較すると 2P-GA は約 3 倍の時間を要していることが分かる。これは、Dual DGA ではあらかじめ交叉時の親が決まっておらず複製選択を行わなくてもよいために、Dual DGA の計算時間が短くなったと考えられる**。また、GA[Tan 2001] は他の手法と比較すると多くの時間を要しているが、これは実験環境の違い (CPU 速度やメモリ量の違い) が大きな要因であると考えられる。

次に、図 1 に集団内における個体の適応度の標準偏差の推移を、図 2 に集団内の最良解の推移を、図 3 に 2P-GA における改悪個体数の推移をそれぞれ示す。

まず、図 1 において、初期集団において個体の多様性がないことが分かる。これは、個体をランダムに初期化するのではなく、貪欲ランダム化構築法と局所探索法である (1,0)-opt を組み合わせた周期的構築/改善法を用いたためだと考えられる。周期的構築/改善法では貪欲ランダム化構築法で求められた解を (1,0)-opt で改良する。貪欲ランダム化構築法で、ランダム要素

表 1 実験に使用したパラメータ
Table 1 Parameter on experiments.

集団サイズ	100
交叉確率 P_c	1.0
突然変異確率 P_m	0.02
改悪個体数の上限割合 P_{max}	0.5
改悪個体数の下限割合 P_{min}	0.05
移住間隔	250

表 2 VRPTW における実験結果
Table 2 Experimental results on VRPTW.

	GA[Tan 2001] ³⁾				SGA				MGG				Dual DGA				2P-GA			
	TD	NV	評価値	時間	TD	NV	評価値	時間	TD	NV	評価値	時間	TD	NV	評価値	時間	TD	NV	評価値	時間
C1	861	10	8606	556	913	11	10143	127	907	11	9973	125	900	11	9784	41	875	11	9330	120
C2	623	3	2049	1073	705	4	2902	173	763	6	4557	183	770	6	4623	63	651	4	2604	168
R1	1315	14	19390	507	1273	14	18820	153	1281	14	18471	150	1271	14	18329	43	1280	14	17955	144
R2	1093	6	6279	851	1076	5	5049	212	1013	7	7591	214	1050	7	7156	67	1022	4	4048	206
RC1	1513	15	22412	432	1498	14	21108	157	1484	14	21456	161	1480	14	21016	40	1465	14	20981	154
RC2	1282	7	9283	835	1234	5	6567	246	1179	7	8833	239	1232	7	8407	64	1202	5	5481	227
平均	1123	9	11592	709	1122	9	11023	177	1108	10	12030	178	1121	10	11769	53	1090	9	10295	169

* (1,0)-opt を繰り返し実行することで、免疫的分業最適化手法における統合処理と同等の処理を行うことができる。

** なお、本研究では 1 世代に 1 つの鳥でしか交叉を行わないように Dual DGA を変更しているため、通常の Dual DGA で考えると、単純に 50 倍 (鳥の数) の時間を要すると考えられる。

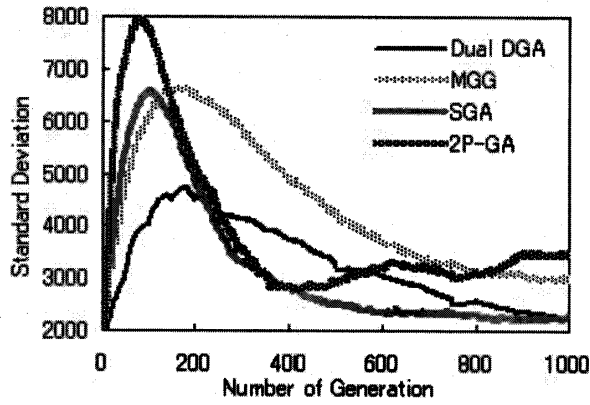


図1 標準偏差の推移

Fig. 1 Progress of standard deviation.

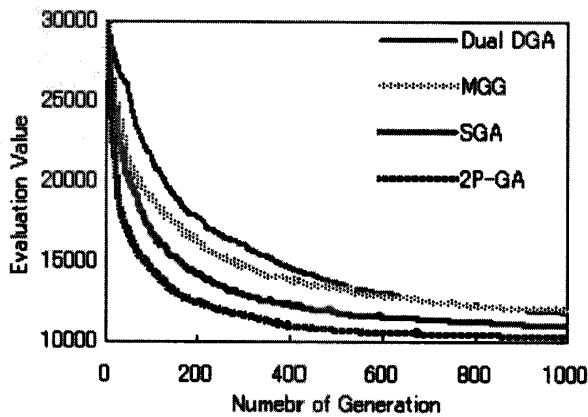


図2 評価値の推移

Fig. 2 Progress of evaluation value.

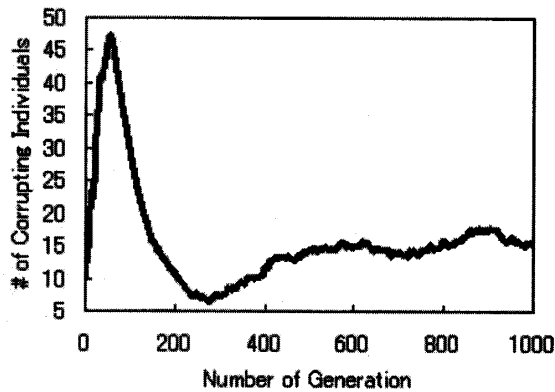


図3 改悪個体数の推移

Fig. 3 Progress of the number of corrupting individuals.

を含んだ解を構築し、(1,0)-opt で解を改良するため、ランダムに生成された解と比べると、良い解が生成できるが、多様な個体は生成されない。このため、初期集団では個体の多様性が失われていると考えられる。全体的に見ると、2P-GA は SGA と比べると、標準偏差は大きくなっており多様性を維持できていることが分かる。Dual DGA や MGG と比較すると、2P-GA の標準偏差は大きくなっていて時期と小さくなっていて時期があり、2P-GA において集団内の多様性が大

きく変化していることが分かる。また、探索の後半では標準偏差が周期的に変化し始めている様子が分かる。標準偏差が小さいときは、集団内の探索点が近い個体が多く含まれることを意味するため、このような時期は、2P-GA はある探索点付近を重点的に探索していると考えられる。これに対し、標準偏差が大きいときは、集団内に探索点が遠い個体が多く含まれることを意味するため、このような時期は、2P-GA は探索空間を大域的に探索しているといえる。したがって、2P-GA では、ある探索点を重点的に探索する時期（局所的探索時期）と探索空間を大域的に探索している時期（大域的探索時期）を繰り返しながら進化することで、大域的探索を行い良い探索点を見つけ、その後見つけた探索点の周りを重点的に探索していると考えられる。

これに対して、Dual DGA や MGG の標準偏差を見てみると、探索の初期では一度大きくなっているが、それ以降は徐々に小さくなっていく様子が分かる。これは、探索領域を徐々に狭めていき、解が局所解に陥らないように探索を行っているためであり、進化的停滞を回避するための基本的な姿勢が 2P-GA と大きく異なることが分かる。

次に、図 2 に示した集団内の最良値の推移について見てみると、多様性を維持できている Dual DGA や MGG は SGA と比較すると、つねに悪い解しか見つけられていないことが分かり、多様性の維持と収束速度がトレードオフになっていることが分かる。しかし、少なくとも SGA よりも多様性を維持できている 2P-GA はつねに SGA より良い解を見つけており、多様性を維持しながらも解の収束速度が失われずに、速くなっていることが分かる。このように、多様性を維持しながらも、収束速度を速めることができた要因としては、探索の初期で他の手法よりも大域的に探索でき、さらにつねに重点的に探索を行う探索点を移動させることができるためだと考えられる。探索の初期では、図 1 に示したように、2P-GA は他の手法と比較して標準偏差が大きくなっていることから、問題空間上に多様な個体が存在し、大域的に探索し良い解を見つめることができたと考えられる。また、探索の後半では周期的に標準偏差の大きさが変化していることから、局所的探索時期と大域的探索時期を繰り返しながら探索していると考えられる。

2P-GA において、標準偏差が周期的に変化した要因としては、図 3 に示した改悪個体数の変化が考えられる。改悪個体は解の悪い方に進化するため、改悪個体数の増加は局所解から遠ざかる方向に進化する個体の増加を意味し、局所的探索から大域的探索に移行す

ることができる。そのため、2P-GAの標準偏差と改悪個体数の推移が似ていると考えられる。また、図3では平均化されているため分かりにくいですが、平均する前の各問題の改悪個体数の変化を見てみると、改悪個体数が減少し始める、100世代目、600世代目、900世代目付近では改悪個体数が上限存在割合を超えたために基準適応度が更新され、改悪個体数が増加し始める、400世代目、800世代目付近では、改悪個体数が下限存在割合を下回ったために再び基準適応度が更新された問題が多く、このように、改悪個体数を管理することで、個体の多様性を管理することができ、局所探索と大域的探索を切り替え効率的に探索を行えると考えられる。

5. まとめ

本研究では、遺伝的アルゴリズムにおいて、集団内の多様性を保持する手法として2種類の集団を用いる遺伝的アルゴリズム(2 Population-Genetic Algorithm: 2P-GA)を提案した。2P-GAは、より良い解を求めるように進化する改善集団と、より悪い解を求めるように進化する改悪集団を用いる手法であり、改悪個体数を管理することで、探索空間を大域的に探索する時期と、ある探索点に注目しその周りを重点的に探索する時期を周期的に繰り返し、多様性を保持しつつも収束速度を上げられると考えられる。そして、時間枠つき配送計画問題を用いた性能評価実験において、従来のGAやSGA, MGG, Dual DGAに比べて2P-GAはより精度の良い解を見つけられたことを示した。

また、2P-GAは、実装方法も非常に単純であり、基準適応度 F_s の変更のタイミングをうまくすることで、計算コストを低く抑えることができることから、多くの問題に適用可能であると考えられる。

参考文献

- 1) Goldberg, D.: *Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning*, Addison Wesley Publishing Company Inc, New York (1989).
- 2) Cordeau, J.-F., Desautiers, G., Desrosier, J., Solomon, M.M. and Soumis, F.: VRP with Time Windows, *The Vehicle Routing Problem, SIAM Monographs on Discrete Mathematics and Applications*, Vol.9, Philadelphia, PA, pp.157-193 (2002).
- 3) Tan, K.C., Lee, L.H., Zhu, Q.L. and Ou, K.: Heuristic methods for vehicle routing problem with time windows, *Artificial Intelligence in*

- Engineering*, Vol.15, No.3, pp.281-295 (2001).
- 4) 佐藤 浩, 小野 功, 小林重信: 遺伝的アルゴリズムにおける世代交代モデルの提案と評価, *人工知能学会誌*, Vol.12, No.5, pp.734-744 (1997).
- 5) 廣安知之, 三木光範, 佐野正樹, 谷村勇輔, 濱崎雅弘: 2個体分散遺伝的アルゴリズム, *計測自動制御学会論文集*, Vol.38, No.11, pp.990-995 (2002).
- 6) Tanse, R.: Distributed genetic algorithms, *Proc. 3th International Conference on Genetic Algorithms*, pp.434-439 (1989).
- 7) Mühlenbein, H: Parallel Genetic Algorithms, Population Genetics and Combinatorial Optimization, *Proc. 3rd International Conference on Genetic Algorithms*, pp.416-421 (1989).
- 8) 當間愛晃, 遠藤聡志, 山田孝治, 宮城隼夫: 免疫細胞間共同作用および抗原との共進化現象を用いた免疫的分業問題最適化手法の提案と評価, *日本ファジィ学会誌*, Vol.14, No.6, pp.64-76 (2002).
- 9) Dasgupta, D.: *Artificial Immune Systems and Their Applications*, Springer (1999).
- 10) Forrest, S. and Perelson, A.A.: Genetic algorithm and the Immune system, *Proc. 1st Workshop on Parallel Problem Solving from Nature*, Dortmund, Federal Republic of Germany (1990).
- 11) 白井靖浩, 渡邊裕司, 石黒章夫, 内川嘉樹: 免疫情報処理機構に基づく行動調停システムの創発的進化, *電気学会論文誌C分冊*, Vol.118-C, No.10, pp.1465-1472 (1998).
- 12) 石田好輝: 免疫型システムとその応用—免疫系に学んだ知能システム, コロナ社 (1998).
- 13) 森 一之, 築山 誠, 福田豊生: 免疫アルゴリズムによる多峰性関数最適化, *T. IEE Japan*, Vol.117-C, No.5 (1997).
- 14) 當間愛晃, 遠藤聡志, 山田孝治: 二種類の記憶機構を導入した適応的免疫アルゴリズムの提案と評価, *人工知能学会誌*, Vol.15, No.6, pp.1097-1106 (2000).
- 15) Solomon, M.M.: Algorithms for the vehicle routing and scheduling problems with time window constraints, *Operations Research*, Vol.35, No.2, pp.254-256 (1987).
- 16) 久保幹雄, 松井知己, 田村明久: 応用数理計画ハンドブック, 16章, 朝倉書店 (2002).

(平成 17 年 3 月 29 日受付)

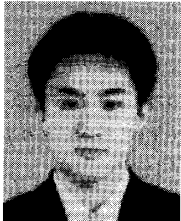
(平成 17 年 5 月 23 日再受付)

(平成 17 年 6 月 15 日採録)



村田 裕章 (学生会員)

平成 16 年石川工業高等専門学校電子情報工学科卒業。平成 18 年同専攻科電子機械工学専攻修了。同年金沢大学大学院博士前期課程入学，現在に至る。ヒューリスティックスに興味がある。人工知能学会，電子情報通信学会各会員。



越野 亮 (正会員)

平成 12 年金沢大学工学部電気情報工学科卒業。平成 14 年同大学院博士前期課程修了。同年富士通 (株) 入社，平成 15 年石川工業高等専門学校電子情報工学科助手，平成 16 年金沢大学大学院博士後期課程数理情報科学専攻修了。博士 (工学)。平成 18 年石川工業高等専門学校電子情報工学科講師，現在に至る。この間，人工知能や最適化の研究に従事。IEEE, ACM, AAAI, 電子情報通信学会，ロボット学会，人工知能学会各会員。



白山 政敏

昭和 43 年富山大学工学部生産機械卒業。昭和 45 年同大学院工学研究科修士課程生産機械工学専攻修了。工学博士。昭和 58 年富山工業高等専門学校機械工学科助教授。平成元年石川工業高等専門学校電子情報工学科教授。現在に至る。その間，ニューラルネットワークや遺伝的プログラミングによる視覚移動ロボット制御に関する研究に従事。人工知能学会，日本知識情報ファジィ学会，精密工学会，日本機械学会各会員。



林 貴宏

平成 10 年金沢大学工学部電気情報工学科卒業。平成 12 年同大学院自然科学研究科博士前期課程修了。平成 15 年同大学院自然科学研究科博士後期課程修了。博士 (工学)。平成 13 年石川工業高等専門学校電子情報工学科助手を経て，平成 15 年電気通信大学電気通信学部情報工学科助手，現在に至る。人工知能，マルチメディア情報検索の研究に従事。IEEE, 電子情報通信学会，人工知能学会，日本ソフトウェア科学会各会員。



木村春彦 (正会員)

昭和 49 年東京電機大学工学部応用理化学科卒業。昭和 54 年東北大学大学院工学研究科情報工学専攻博士課程修了。工学博士。同年富士通 (株) 入社。昭和 55 年金沢女子短期大学講師。昭和 59 年金沢大学経済学部助教授。現在，同大学工学部情報システム工学科教授。この間，最適コード変換，プロダクションシステムの高速化の研究に従事。人工知能学会会員。