

ナップザック問題へのGAの適用における遺伝的操作の検討

4P-3

謝 孟春 小高 知宏 小倉 久和

福井大学

1 はじめに

ナップザック問題は組み合わせ最適化問題の一つの典型例として知られているが、それはGAの応用が困難な問題とされている。GAはこの問題に対して、交叉、突然変異、選択という基本的な3種の操作を繰り返すことによって、最適解（または近似最適解）を得ようとする。しかしながら、遺伝的操作を行なう際に、いわゆる致死遺伝子を発生する可能性がある。本研究では、致死遺伝子をどのように扱うかを検討する。さらに、致死遺伝子を含むGAのオペレーションはどのように設計するかも検討する。

2 致死遺伝子を用いたGA

ナップザック問題において、致死遺伝子とは、それが表わす荷物の入れ方では重量制限を越えたため、問題の解になり得ない遺伝子であり、これを淘汰するというのはごく自然な考え方である。しかし、一概に致死遺伝子といっても、遺伝子型データに着目すれば、なかには優秀な遺伝子の生成に貢献し得る部分を有するものがいくらか存在する。これらが交叉と突然変異に参加することにより優秀な遺伝子が生成される可能性が十分にある。

2.1 モデルの設計

致死遺伝子を用いたGAのモデルでは、まず非致死遺伝子が住んでいる“此岸”と致死遺伝子が住んでいる“彼岸”という二つの島を作る。次に、“此岸”と“彼岸”で別々に交叉や突然変異など遺伝的操作を行なう。処理の流れは図1のようになる。

2.2 遺伝的操作の設計

2.2.1 基本的な操作

遺伝的操作の役割は広域な探索を持続し、集団の多様性を保ち続けることが中心となる。このために、交叉と突然変異を導入している。

GAでは、交叉は新たな解候補の生成を担当する。そこでは、一様交叉を用いた。まず、二つの個体をラ

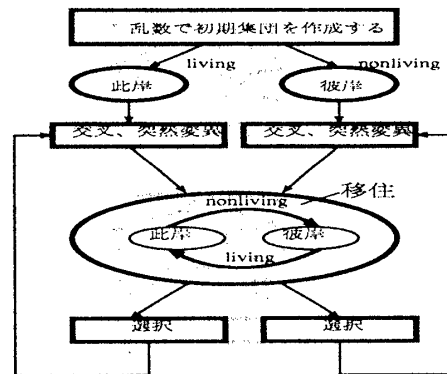


図1: 致死遺伝子を用いたGAの流れ

ンダムに選んでペアを作る。交叉の相手を選ぶ際には、必ず自分自身と違う個体を選択する。次に、あらかじめ個体と同じ長さのマスクを用意しておき、マスクで指定される各ビットの値により、どちらの親の遺伝子を子供に継承するかを決定する。

突然変異は個体中の特定のビットを異なるビットに確率的に変更する操作である。選んだ個体に対して、二つの変異点を選んで、それらで遺伝子を交換する。突然変異を発生した個体が前の個体と同じになることを避けるために、二つの変異点で同じ遺伝子が選ばれた時には、再び変異点を発生させる。

選択は適応度に応じてより環境に適した個体を確率的に選び操作である。二つの島でそれぞれの評価関数を設定し、ルーレット戦略法を用いて、別々に個体を次世代に残す。

2.2.2 移住

基本的な遺伝的操作を行ってから、二つの島の設定した環境に相応しくない個体が出てくるかもしれない。すなわち、“此岸”でいくつかの致死遺伝子が発生し、“彼岸”でいくつかの遺伝子が復活して非致死遺伝子となる。個体の重量をチェックし、“此岸”で発生した致死遺伝子を“彼岸”に移住させ、同じように、“彼岸”で復活した個体を“此岸”に移住させる。二つの島の間の個体を移住することにより、ある情報を向こうに伝え、形質の異なる遺伝子が集団に含

まれるようにすることができる。これによって、遺伝子の情報を十分に利用することができる。

2.3 評価関数の設計

各個体の環境への適応度を評価関数を用いて求める。“彼岸”では、評価関数を次のように設定する。

$$f_c = \sum_{i=1}^n x_i c_i$$

ここで、 x_i は*i*番目の荷物の有無で、 c_i は*i*番目の荷物の価値である。

“彼岸”では、どんな致死遺伝子が優秀なのかという判断は容易ではない。そこで、次の四つの方法を用いることにした。

- 方法1：直線型の重み付けによる評価法

$$f1 = \frac{w_m - w_e}{w_m - w_l} c_e$$

- 方法2：曲線型の重み付けによる評価法

$$f2 = \frac{(w_m - w_e)^2}{w_m - w_l} c_e$$

- 方法3：limit との差の逆数による評価法

$$f3 = \frac{1}{w_e - w_l} c_e$$

- 方法4：“0”評価法

$$f4 = \frac{w_m - w_e}{w_m - w_l} c_d$$

ここで、 $w_e = \sum_{i=1}^n w_i x_i$ 、 $c_e = \sum_{i=1}^n c_i x_i$ 、 $c_d = \sum_{i=1}^n c_i (1 - x_i)$ 。 w_m は遺伝子の最大重量で、 w_l は制限重量で、 x_i と c_i が前と同じである。

方法1では、遺伝子の価値の和だけを用いるのではなく、価値と重量との関係も重視し、なるべく制限重量に近いところの遺伝子の評価値が高くなるようにする。方法2では、重量の重みが大きくなるようにする。遺伝子型の致死遺伝子の特徴は染色体の中に、遺伝子を“1”とする数が多い。よって、方法4では、遺伝子を“0”とする個体により高い適応度を与える。

3 結果・考察

致死遺伝子を用いたGAと、致死遺伝子を全て淘汰したGAによって探索した結果を表1に比較して示す。この表から、致死遺伝子をうまく利用することにより解の精度を上げることが可能であることがわかる。

表 1: 異なる遺伝的操作の比較

設定	荷物の数	25	50	100	150
	厳密解	9923	21381	42993	66138
保留法	厳密解の数	2	0	0	0
	最優良解	9923	21047	40177	59441
	平均適応度	9553	19372	37025	54760
淘汰法	厳密解の数	1	0	0	0
	最優良解	9923	20669	39493	58632
	平均適応度	9425	19155	36707	54602

表 2: 各試行における最適値の分布

	最高値	誤差率	平均値	最低値
方法 1	59378	0.102	57045	54946
方法 2	59441	0.101	57258	55702
方法 3	58074	0.122	55213	51565
方法 4	55117	0.167	52472	50550

“彼岸”で設定した四つの評価関数のどちらが致死遺伝子の評価するのに適当かを実験によって考察し、実験の結果を表2に示す。そこでのパラメータの設定は、荷物数が150個で、各島の初期集団のサイズが150で、打ち切り世代が200世代で、実行回数が100である(ちなみに、厳密解=66138)。

この表から、評価関数によって得られた解が違って、探索結果が評価関数に強く依存することがわかる。評価関数として、曲線の重みを付ける方法2は、他の方法に比べよりよい解が得られることもわかる。“彼岸”では、異なる評価関数によって異なる形質を持っている致死遺伝子を保留する。これらの致死遺伝子是最適解に対して異なって貢献をしていると思われる。

4 おわりに

ここで、致死遺伝子を用いたGAの遺伝的操作を説明し、実験により有効性を示した。さらに、探索結果と評価関数との依存関係も考察した。GAのナップザック問題への適用において、荷物の数が多いほど厳密解を得ることは困難である。局所解にとらわれないようにしながら最適解を探索するためのパラメータの設定や、ビルディングブロックの検出方法や保存方法などが今後の課題である。

参考文献

- [1] 北野 宏明：遺伝的アルゴリズム、産業図書(1993)