

## 遺伝的アルゴリズムによる工場設置問題の解法

4P-6

鈴木到 岩沢京子 中森眞理雄

東京農工大学 工学部 電子情報工学科情報工学講座

### 1. はじめに

遺伝的アルゴリズム (GA) の最適化問題への適用として多くの改良がなされてきた。ここでは、「個体数が多いほど解の精度はよい」という立場から GA モデルを提案する。個体数が多いとは、多様性を維持することである。そのために、個体の重複は避ける。この場合、計算量が増加することから並列化を行い、その時の通信量・多様性・解の精度について考察する。

### 2. 工場設置問題について

実験には工場設置問題を取りあげる。m 個の工場建設可能地  $F = \{1, 2, \dots, m\}$ ,  $i \in F$  と n 個の消費地  $j = 1, 2, \dots, n$ , 消費地 j の需要量  $b_j$ , 各工場から消費地への輸送単価  $c_{ij}$ , 工場建設費  $f_i$ , 工場 i から消費地 j への輸送量  $x_{ij}$  が与えられたとき、次のように定式化される。

$$\begin{aligned} \text{制約条件} \quad & \sum_{i \in F} x_{ij} = b_j, \quad j = 1, 2, \dots, n \\ & x_{ij} \geq 0, \quad i \in F, j = 1, 2, \dots, n \end{aligned}$$

$$\text{目的関数} \quad Z = \sum_{i \in F} f_i + \sum_{i \in F} \sum_{j=1}^n c_{ij} x_{ij} \rightarrow \text{最小}$$

変数  $y_i$  ( $y_i=1$  ならば工場 i を建設,  $y_i=0$  ならば建設しない) を導入し, 消費地 j へ輸送する工場を  $i = \min\{c_{ij} \mid y_i=1\}$  と定めるとき最適となる。この場合,  $y_i$  の組合せ問題となる。GA では, そのビット列により個体を表現する。 $f_i, c_{ij}, b_j$  を乱数により与え,  $m=100, n=100$  として実験を行った。探索空間は  $2^{100}$  である。

### 3. アルゴリズムと実行結果

逐次型アルゴリズムを次に示す。

(1)初期集団をランダムに生成する。

(2)交叉:すべての個体に対し一点交叉を行う。個体数は, 親・子あわせて一時的に2倍となる。

(3)選択:個体数の10%をエリート戦略, 残りをルーレット選択により選択する。

(4)突然変異:1%の確率で任意のビットの反転を行う。

(2)~(4)を1世代とし, 300世代まで繰り返す。逐次型計算機上で各個体数による解と処理時間の実行結果(10回の平均)を図1に示す。予想どおり, 個体数が多いほど解の精度がよいことが示された。しかし, 処理時間の増加も著しい。

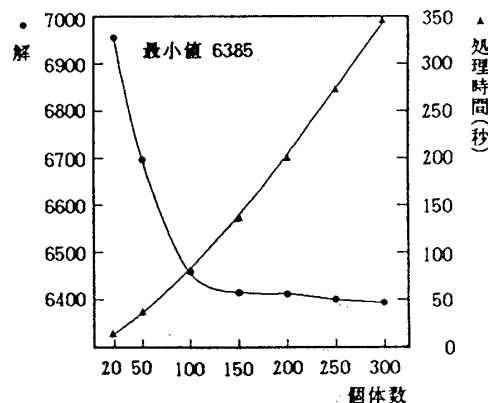


図1 処理時間と解の精度

### 4. GA の並列化の提案

個体の重複を許さないことから個体数の増加による処理時間の増加は避けられない。そこで, 並列化を行う。16個のプロセッサを図2のように結合する。個体集団を16個のサブ集団に分け, 各プロセッサにより独立にGAを実行する。サブ集団内での個体の重複は認めないが, 他のサブ集団までは関知しない。プロセッサ間の個体の通信は以下の通りである。

(1)メインプロセッサ:交叉の前に, 個体が転送されていれば受け取り, それを含めて交叉を行う。

(2)サブプロセッサ:CI(通信間隔)世代毎に個体数のCQ%(通信量)の個体のコピーを次のサブプロセッサへ転送する。また, 16世代毎にサブ集団内の最良の個体1つをメインプロセッサへ送る。

Plant Location Problem Solution using Genetic Algorithm

Itaru SUZUKI Kyoko IWASAWA Mario NAKAMORI

Department of Computer Science, Tokyo

University of Agriculture and Technology

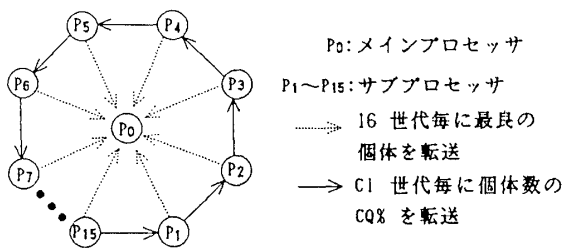


図2 プロセッサの結合

5. 実行結果と考察

サブ集団の個体数を 20 (全体で 320 個体) とし, 300 世代までの並列 GA による実行結果 (10 回の平均) を示す. 各 CI, CQ における解の精度を図 3 に, 300 世代における多様性 (プロセッサ全体において異なる個体数) を図 4 に, 多様性と解の精度の関係を図 5 に示す. 実験には並列計算機 nCUBE を使用した. 各 CI, CQ における処理時間は  $34 \pm 2$  秒であり, 大きな差は現れなかった. 300 世代の多様性は平均 260 である. これは, 単一のプロセッサにより個体数 260 とした場合と同様の探索効率が望めるとみなせば, その場合の速度向上率は 20 倍となる.

結果を総合すると次のことがいえる. 通信の総量が大きくなると多様性が低くなり, その結果, 解の精度も悪くなる. 逆に, 通信の総量が小さい場合, 多様性は保てるが, サブ集団間の個体の交流が少なくなり, 解の精度も悪くなる. したがって, 通信の総量と多様性が適当な場合により精度の解が求まる.

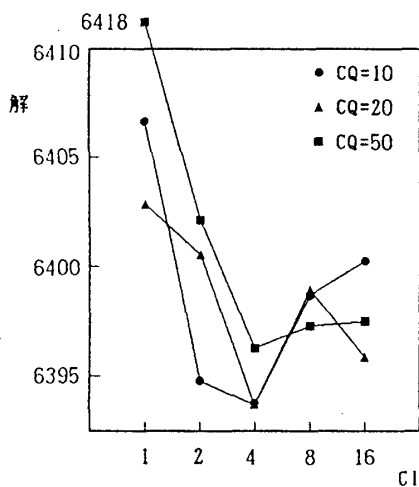


図3 CI, CQ と解の精度

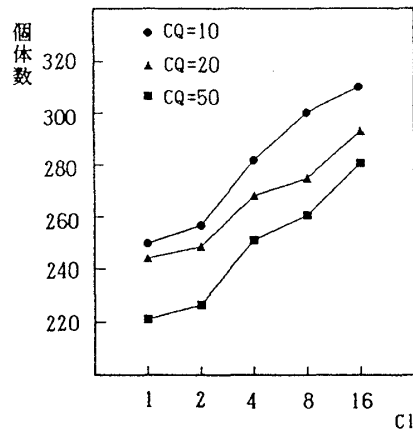


図4 CI, CQ と多様性

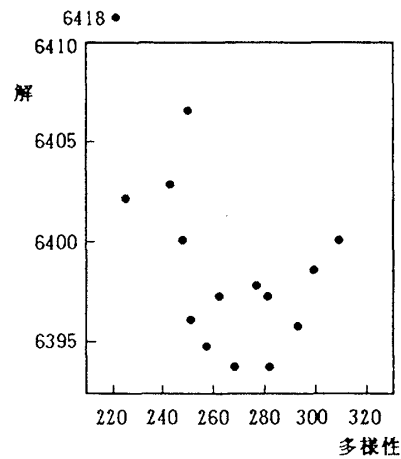


図5 多様性と解の精度

6. おわりに

本論文で提案した並列化は, 個体集団を複数のサブ集団に分割し, 各プロセッサにおいて独立に GA が実行可能であること, 少数の個体数に分割することにより, 個体の重複を調べる計算量が少なくすむことが利点として挙げられる. このモデルにおいて, よい精度の解を求めるには, 通信の総量, つまり, サブ集団間の交流を増やし, なおかつ, 多様性を保ち広い空間を探索することが必要である. このトレードオフの関係にある 2 つの要素を共に維持するような並列 GA のモデルを考案することが今後の課題である.

参考文献

- 北野宏明: " 遺伝的アルゴリズム", 人工知能学会誌 Vol.7 No.1 Jan(1992)
- 茨木俊秀: " 組合せ最適化", 産業図書