

MC-netsを用いた提携構造形成問題の遺伝的アルゴリズム

田川 来夏^{1,a)} 上田 俊^{1,b)}

概要: 提携構造形成 (Coalition Structure Generation, CSG) 問題はあるエージェントの集合を社会的余剰, すなわち, すべての提携 (グループ) における利得の総和が最大化されるようにいくつかの提携に分割する問題である。提携構造形成問題は盛んに研究されており, 動的計画法に基づくアルゴリズムや問題の記述法の持つ構造を利用して混合整数計画問題として定式化したもの, SAT に符号化し STA ソルバを用いる解法といった様々な手法が用いられている。上記の例はすべて最適解 (厳密解) を求める手法である。しかしながら, 提携構造形成問題は NP 困難な問題であり, 問題のサイズが大きくなると最適解を求めるコストは急激に増加する。それを克服する手段のひとつは, 遺伝的アルゴリズムといったヒューリスティックな探索手法を用いることである。遺伝的アルゴリズムは生物の進化メカニズムを模倣して最適解を探索する最適解探索アルゴリズムである。遺伝的アルゴリズムの利点として様々な問題で高速かつ品質の良い解を導くことができる, アルゴリズムが単純だが工夫できる点が多いという点があげられる。そこで本研究では, 遺伝的アルゴリズムの利点に着目し, 提携構造形成問題を解く遺伝的アルゴリズムの開発を行う。

1. はじめに

提携構造形成 (Coalition Structure Generation, CSG) 問題 [3] はあるエージェントの集合を社会的余剰, すなわち, すべての提携 (グループ) における利得の総和が最大化されるようにいくつかの提携に分割する問題である。提携構造形成問題は盛んに研究されており, 動的計画法に基づくアルゴリズムや問題の記述法の持つ構造を利用して混合整数計画問題として定式化したもの, SAT に符号化し STA ソルバを用いる解法といった様々な手法が用いられている。上記の例はすべて最適解 (厳密解) を求める手法である。しかしながら, 提携構造形成問題は NP 困難な問題であり, 問題のサイズが大きくなると最適解を求めるコストは急激に増加する。それを克服する手段のひとつは, 遺伝的アルゴリズムといったヒューリスティックな探索手法を用いることである。遺伝的アルゴリズムは生物の進化メカニズムを模倣して最適解を探索する最適解探索アルゴリズムである。遺伝的アルゴリズムの利点として様々な問題で高速かつ品質の良い解を導くことができる, アルゴリズムが単純だが工夫できる点が多いという点があげられる。そこで本研究では, 遺伝的アルゴリズムの利点に着目し, 提携構造形成問題を解く遺伝的アルゴリズムの開発を行う。本論文の構成をいかに示す。まず初めに第 2 章で, 提携構

造形成問題についての説明を示し, 次に MC-nets についての説明を示す。第 3 章で遺伝的アルゴリズムについての説明を示す。第 4 章で本研究にて行った提携構造の符号化についての説明を示す。第 5 章で開発した遺伝的アルゴリズムの性能の検証結果の説明とその考察を示す。最後に第 6 章で結論と今後の課題を示す。

2. 提携構造形成問題

2.1 提携構造形成問題

エージェントの全体集合を $A = \{a_1, a_2, \dots, a_n\}$ とする。エージェントの部分集合を C とする。提携 S を $S \subseteq A$ とする。また提携は空ではない ($S \neq \emptyset$) とする。 A を提携に分割することで得られる提携の組み合わせを提携構造 CS と呼ぶ。提携構造 CS を $CS = \{S_1, S_2, \dots, S_{|CS|}\}$ とする。特性関数 v は, 提携 S の効用を与えるもので, S から実数への関数として与えられる。 ($v : 2^A \rightarrow \mathbb{R}$) 提携構造 CS の効用 $V(CS)$ は CS に含まれる提携の効用の総和である ($V(CS) = \sum_{S_i \in CS} v(S_i)$) 提携構造形成問題は最大の効用をもたらす提携構造を見つけることを目的とする問題である。

2.2 MC-nets

MC-nets [1] は, ルールの集合を用いて特性関数を簡略に表記する。MC-nets では提携が満たすべきルールの集合 R によって表される。任意のルール $r \in R$ は $(P_r, N_r) \rightarrow v_r$ という形で表される。 P_r, N_r は存在しなければならない

¹ 佐賀大学, Saga University, Saga, 840-8502, Japan
a) 19704010@edu.cc.saga-u.ac.jp
b) sgrueda@cc.saga-u.ac.jp

および存在してはならないエージェントの集合であり、 $P_r \subseteq A, N_r \subseteq A, P_r \cap N_r = \emptyset$ である。 $v_r \in \mathbb{R}$ は、ルール R が満たされた場合の利得を表す。提携 S について $P_r \subseteq S, N_r \cap S = \emptyset$ が成り立つとき、ルール r は提携 S に適用可能であるという。 S に適用可能なルールの全体集合を R_S とするとき S の利得 $v(S)$ は $v(S) = \sum_{R \in R_S} v_r$ で与えられる。

任意の2つのルール r と r' の間の関係は次の4つに分類される。

同提携で両立可能 $P_r \cap P_{r'} \neq \emptyset \wedge P_r \cap N_{r'} = P_{r'} \cap N_r = \emptyset$

両立不可能 $P_r \cap P_{r'} \neq \emptyset \wedge (P_r \cap N_{r'} \neq \emptyset \vee P_{r'} \cap N_r \neq \emptyset)$

他提携で両立可能 $P_r \cap P_{r'} = \emptyset \wedge (P_r \cap N_{r'} \neq \emptyset \vee P_{r'} \cap N_r \neq \emptyset)$

独立 $P_r \cap P_{r'} = \emptyset \wedge P_r \cap N_{r'} = P_{r'} \cap N_r = \emptyset$

3. 遺伝的アルゴリズム

遺伝的アルゴリズム (genetic algorithm, GA) [2] は John Henry Holland により提案された最適解探索アルゴリズムであり、ヒューリスティックアルゴリズムの一つである。生物の進化メカニズムを模倣して最適解を探索するという特徴がある。最適解の探索に効果が見込める特徴のみ取り出し、一部は単純化または変更してモデル化を行う。遺伝的アルゴリズムのモデル化では以下の点に着目する。

- 環境に適応できる個体ほど次世代に自分の遺伝子を残せる。
- 2個体の交叉により子を作る。
- 時々突然変異が起こる。

またモデル化の際には以下のように単純化する。

- すべての個体が一斉に世代交代をする
- 各個体の雌雄は考えない
- 個体群に属する個体の数は変動しない。

遺伝的アルゴリズムでは、問題に対する解を個体の染色体、解の構成要素を遺伝子、各遺伝子の位置を表す番号を遺伝子座として表現し、複数の個体をより環境に適応可能な個体を見つけることで最適解を導いていく。本研究で開発した遺伝的アルゴリズムは、親の選択方法として順位に基づくランキング選択を適用した。

4. 符号化

本研究では提携構造形成問題を遺伝的アルゴリズムを用いて解くにあたり、提携構造のモデル化を行った。

提携構造 $\{\{a, b, d\}\{c, e\}\}$ の時の染色体を図1で示す。染色体は、提携構造を表すものとする。遺伝子座は、エージェントの組み合わせを表すものとする。遺伝子は、1または0で表すものとする。遺伝子が1の時、その遺伝子座に対応するエージェントの組が同じ提携にいるものとする。また遺伝子が0の時、その遺伝子座に対応するエージェン

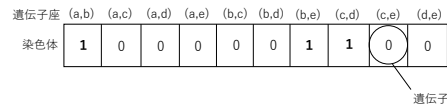


図1 提携構造の符号化

トの組が同じ提携にいないものとする。この提携構造の符号化をもとに遺伝的アルゴリズムの開発を行った。

5. 実験

提携構造形成問題を解く遺伝的アルゴリズムの開発を行うにあたり、開発した遺伝的アルゴリズムの性能の検証を行った。検証にて使用したパラメータは以下のとおりである。

- エージェント数:5
 - ルール数:10
 - 世代交代数:10
 - 世代内個体数:5
 - 突然変異:なし (0)
 - エリート個体:1
 - 初期個体生成時に染色体の遺伝子が1になる確率:20%
- ルールセットを A, B, C, D, E の5つを使いそれぞれ5回ずつ実行し最適解を求めることができたかどうか検証を行った。

5.1 実験結果

検証の結果は表1の通りとなった。今回の実験結果をも

表1 実験結果

ルール	最適解が出た回数	その他の解が出た回数
A	4	1
B	2	3
C	1	4
D	1	4
E	1	4

とに考察を行った。今回の実験結果を見ると最適解を出せているときと出せていない時があるのがわかる。そのため最適解を出せない時の原因を考えた結果

- (1) 局所解に陥っている
- (2) 交叉をしても遺伝子の変化が少ないまたはほぼない状態になっている

のではないかと考える。局所解に陥っている状況を解決す

るための策として、世代内個体数を増やすことと突然変異を導入することが考えられる。これら世代内個体数を増やし突然変異を導入することで遺伝子の多様性が増し、変化が生まれるのではないかと考える。また交叉をしても遺伝子の変化が少ないまたはほぼない状態を解決する策として、世代内個体数を増やすこと、突然変異を導入すること、交叉方法を変えることが考えられる。世代内個体数を増やし、突然変異を導入し、交叉方法を変えることで遺伝子の多様性が増し、変化が生まれるのではないかと考える。

6. おわりに

本論文では、遺伝的アルゴリズムの利点に着目し、提携構造形成問題を解く遺伝的アルゴリズムの開発を行った。また、開発した遺伝的アルゴリズムの性能の検証を行った。今後の課題として、検証していないパラメータの組み合わせでアルゴリズムの実行を検証すること、突然変異や別の交叉方法を実装しアルゴリズムの実行を検証することがあげられる。

参考文献

- [1] Xiaojuan Liao, Miyuki Koshimura, Kazuki Nomoto, Suguru Ueda, Yuko Sakurai, and Makoto Yokoo. Improved wpm encoding for coalition structure generation under mc-nets. *Constraints An Int. J.*, Vol. 24, No. 1, pp. 25–55, 2019.
- [2] 大谷紀子. 進化計算アルゴリズム入門 生物の行動科学から導く最適解. 株式会社 オーム社, 2018.
- [3] Tuomas Sandholm, Kate Larson, Martin Andersson, Onn Shehory, and Fernando Tohm. Coalition structure generation with worst case guarantees. *Artificial Intelligence*, Vol. 111, No. 1, pp. 209 – 238, 1999.