領域遺伝型遺伝的アルゴリズムの開発*

(複数の局所解を探索するための適応度関数の提示)

荒川 雅生^{*1}, 宮下 朋之^{*2}, 石川 浩^{*1}

Development of Genetic Range Genetic Algorithms (3rd Report, Proposal of Fitness Function to Search Multiple Local Optima)

Masao ARAKAWA^{*3}, Tomoyuki MIYASHITA and Hiroshi ISHIKAWA^{*3} Department Reliability-based Information System Engineering, Kagawa University,
2217-20 Hayashicho Takamatsu-shi, Kagawa, 761-0396 Japan

In some cases of developing a new product, response surface of an objective function is not always single peaked function, and it is often multi-peaked function. In that case, designers would like to have not only global optimum solution but also as many local optimum solutions as possible, so that he or she can select one out of them considering the other conditions that are not taken into account priori to optimization. Although this information is quite useful, it is not that easy to obtain with single trial of optimization. In this study, we will propose a screening of fitness function in genetic algorithms, and give rough search for local optima. Once after they are obtained we will carry out local search to obtain multiple quasi-optimum solutions. In this paper, we demonstrate the effectiveness of the proposed method through a simple benchmark test problem.

Key Words: Design Engineering, Optimization, Genetic Algorithm

1 緒 言

近年、ハードウェア、ソフトウェアの進歩にともない、最適化は部品レベルにおいては実用化の段階に入っている。実際に設計段階に最適化が入ってくると、最適化を通じて得られる結果が設定した条件を満足した上で、目的関数を最適化しているにもかかわらず、実現が困難なものであったり、実用上とても受け入れられないものである場合も出てきている。これには、2つほど理由が考えられる。その一つが、最適化モデルを作る際に、取り扱っている設計問題に対する理解不足から、設定が実は不適切である場合と局所最適解にとらわれてしまった場合と考えられる。受け入れられない解が出た際に、設定を変更して再度最適化を行うことも可能であろうが、実際に何を目的関数として、何を制約条件として、そして、制約条件の許容値をどのように設定すればよいのかを一度の失敗からすぐに正しく設定しなおすことは困難を極めると考えられる。また、多少の微変更のために、改めて最適化をする必要もない場

合も考えられる。さらに、非線形性が強い場合、ほぼ同じ程度の解であり、設計変数が大きく異なるような局所解が沢山存在することも考えられる。そのような場合に、条件を少し変更して改善の設計者が受け入れる解を得る必要があろうが、そのような設定の変更を的確に行うのは、やはり、困難をとまなうものであった。このような問題を解決するには、いくつかの方法が考えるが、その一つに、同じ設定において得られる準最適解を1回の探索過程で可能な限り沢山得ることが考えられる。一般に数値計画法を用いる場合、一つの局所解へ向かって効率よく探索を行うことを目的としているため、その探索過程において他の局所解を通ることは考えにくい。そのようなことを考えると、遺伝的アルゴリズムの利用が考えられるが、この手法も現在のさまざまな効率化の試みによって複数の準最適解を最終的な世代に残すことは困難となっている。さらに、遺伝的アルゴリズムの場合、適応度のわずかな差に反応して適応度の大きいほうに急激に集団が偏ってしまうのが常である。一つの可能性として免疫アルゴリズムの利用が考えられよう。免疫アルゴリズムでは、一旦捕捉された局所解を格納した後に、抗体と設定し、同じ解を求めるのを防ぐことで、多くの局所解を得ようとするものである⁽¹⁻⁶⁾。しかしながら、一般

* 原稿受付 2003 年 10 月 29 日。

^{*1} 正員、香川大学工学部 (☎ 761-0396 高松市林町 2217-20)。^{*2} 正員、茨城大学工学部 (☎ 316-8511 日立市中成沢町 4-12-1)。

E-mail: arakawa@eng.kagawa-u.ac.jp

的には解析回数や設定しなければならないパラメータの数が多く、その影響を受けやすいという問題点を抱えていた。

本研究では、基本的に遺伝的アルゴリズムをベースとする。前述のようにそのままでは、局所解（希望的には大局解）を一つ得るだけであった。そこで、一旦適応度の改良が止まったと判断されたものは保存し、適応度関数を変更することで、次の局所解を捕捉することを目的とした。しかしながら、一旦収束すると、集団の多様性を失うことから、従来までの遺伝的アルゴリズムでは、容易に次の局所解を探索することは困難であった。筆者らが開発中の領域遺伝型遺伝的アルゴリズムでは、一つの世代に複数の探索領域が存在し、さらに、大局的な探索のための領域設定が存在するために、適応度関数が変わっても比較的柔軟に対応することが可能である^(7, 8)。

本論文では、提示する手法の有効性を検討する目的で、多峰性のある問題と、離散変数との混合変数問題に適用し、提示した手法の有効性を検討した。

2 領域遺伝型遺伝的アルゴリズム

2.1 連続変数の領域の表現 領域の設定は、領域の中心となる中心値 μ_i^k とその左右の分布を規定する標準偏差 $\sigma_i^{L,k}$, $\sigma_i^{R,k}$ から構成される。そして、遺伝子型表現としてバイナリビットを用いる。各設計変数のバイナリビット p_i はグレイコーディングにより、いったん整数化 $C(p_i)$ し、それを基に次式により連続変数 $R(p_i)$ に変換される。ビット数が m_i のとき、

$C(p_i) < 2^{m_i-1}$ のとき、

$$R(p_i) = \mu_i^k - \sigma_i^{L,k} \sqrt{-2 \ln \left(LB_i + \frac{(UB_i - LB_i)C(p_i)}{2^{m_i-1} - 1} \right)}$$

それ以外のとき、

$$R(p_i) = \mu_i^k + \sigma_i^{R,k} \sqrt{-2 \ln \left(UB_i - \frac{(UB_i - LB_i)(C(p_i) - 2^{m_i-1})}{2^{m_i-1} - 1} \right)}$$

で表現される。ここに、 UB_i , LB_i はパラメータであり、前者は1に近い値、後者は0に近い値である。この他に、探索領域が広がりすぎること、狭まりすぎることを防ぐ目的で、設計変数ごとに標準偏差値の上下限を設定するものとする。

2.2 離散変数の領域表現 離散変数は全て配列DBに格納されているものとし、その格納位置を指し

示すことで、表現されるものとする。すなわち、バイナリビット p_i はグレイコーディング $C(p_i)$ により、いったん整数化し、それを基に次式に従って離散変数 $R(p_i)$ を表現するものとする。

$$R(p_i) = DB[b_i^k + C(p_i)] \quad (3)$$

ここで、 b_i^k がデータベースの位置を指し示すための表現であり、この値の決定が連続変数における中心値や左右の標準偏差値と同様に重要な役割を持っている。この値の決定方法は以下の通りである。すなわち、 $b_i^k + C(p_i)$ を仮想表現体として、この値に対して、中心値 μ_i^k を与えることで決定する。決定方法は、以下の通りである。

$$b_i^k = \text{Min}(\text{Max}(0, \text{Int}(\mu_i^k - 2^{m_i-1} + 0.5)), \text{upper}_i - 2^{m_i} + 1) \quad (4)$$

である。ただし、データベースは upper_i 個あり、0から数えるものとする。

2.3 領域の遺伝 領域遺伝型遺伝的アルゴリズムでは遺伝子型表現の遺伝の他に、探索領域も遺伝させるものとする。仮に、両親の領域が異なる場合、それぞれの両親の領域ごとに遺伝子の交叉が行われることになり、4つの新しい個体が発生することになる。また、交叉の際に子供に関してのみ、突然変異を突然変異確率に沿って発生させることにする。

2.4 領域の死滅 交叉が終わると、次世代の集団への生き残りが必要になる。基本的にはルーレット戦略を用いるとする。その際のルーレット板の大きさの決定は、初期集団のデータを基に以下のように決定する。

$$fit_i = \text{Max} \left(5.0 + 5.0 \frac{f_i - \text{mean}_{\text{init}}}{\text{max}_{\text{init}} - \text{mean}_{\text{init}}}, \beta \right) \quad (5)$$

ここに、 f_i は個体 i の適応度関数値、 f_i は関数値、 $\text{mean}_{\text{init}}$ は初期世代における平均値、 max_{init} は初期世代における最大値である。 β はシステムパラメータであるが、本研究では、便宜的に1に設定した。これにより、初期世代では最大が1.0、最小が1の大きさをもつルーレット板が構成される。

さて、個体の生き残り後に各探索領域に何個体存在するかを数える。そして、個体数が一定数以上になっていない場合、その探索領域はこれ以上探索を進めても局所的な最適解さえも得ることはできないものと

して、領域の死滅を行うこととする。

2.5 初期領域の生成 遺伝的アルゴリズムでは、設計変数ごとに初期的な探索領域を設定する必要がある。この場合、連続変数の場合は表現体そのもの、離散変数の場合は、仮想表現体の上下限値を予め設定する必要がある。これを $[x_{i,min_int}, x_{i,max_int}]$ とする。後は、連続変数の場合は中心値と左右の標準偏差値を、離散変数の場合は中心値を与えることで、初期領域の設定が可能である。すなわち、 k 番目の初期領域は次のように与えられる。

$$\mu_i^k = x_{i,min_int} + (\gamma + (1-\gamma)Rand(x_{i,max_int} - x_{i,min_int})) \quad (6)$$

$$\sigma_i^{L,k} = \sqrt{\frac{(x_{i,min_int} - \mu_i^k)^2}{2\ln(LB_i)}} \quad (7)$$

$$\sigma_i^{R,k} = \sqrt{\frac{(x_{i,max_int} - \mu_i^k)^2}{2\ln(LB_i)}} \quad (8)$$

このようにすることで、初期的に与えた領域を中心点だけが異なる範囲で全域探索をすることが可能である。 γ は中心値が極端に側面制約条件の端に偏ってしまうことを防ぐためのパラメータであり、本研究では便宜的に0.1に設定した。

2.6 新領域の発生 2.4節で取り扱ったように次世代への選択を行った後に領域が死滅することが考えられる。この場合、その領域に代わる新しい領域の設定が必要である。探索の状況として、次世代への生き残った個体の情報から、平均値 μ_k 、標準偏差 σ_k 、過去の世代で最大の適応度を与えた最良値 $x_{i,best}$ 、そして、探索領域の上下限値(x_{i,min_bound} , x_{i,max_bound})がわかっているものとする。さらに、各変数の側面制約を考慮する。連続変数の場合、離散変数の場合ともにそれぞれ、表現体、仮想表現体の中心値を以下の3つの候補の中からそれぞれ設定した確率で決定すればよい。

$$\mu_i^k = \mu_i \quad (9)$$

$$\mu_i^k = x_{i,best} \quad (10)$$

$$\mu_i^k = x_{i,min} + Rand(x_{i,max} - x_{i,min}) \quad (11)$$

ただし、連続変数の場合、左右の幅を決定する標準偏差 $\sigma^{L,k}$ 、 $\sigma^{R,k}$ が最小値をとっても側面制約を破る可能性があるので、この場合に備えて、

$$s = \sigma_{i,min} \sqrt{-2\ln(LB_i)} \quad (12)$$

として、

$$\mu_i^k = \min(\max(\mu_i^k, x_{i,min_bound} + s), x_{i,max_bound} - s) \quad (13)$$

とする。左右の幅を決定する標準偏差 $\sigma^{L,k}$ 、 $\sigma^{R,k}$ は、

$$\sigma_i^{L,k} = \min \left\{ \begin{array}{l} \sigma_{i,max} \\ \max \left\{ \min \left\{ \sqrt{\frac{(x_{i,min_bound} - \mu_i^k)^2}{2\ln(LB_i)}}, \sigma_i \right\}, \sigma_{i,min} \right\} \end{array} \right\} \quad (14)$$

$$\sigma_i^{R,k} = \min \left\{ \begin{array}{l} \sigma_{i,max} \\ \max \left\{ \min \left\{ \sqrt{\frac{(x_{i,max_bound} - \mu_i^k)^2}{2\ln(LB_i)}}, \sigma_i \right\}, \sigma_{i,min} \right\} \end{array} \right\} \quad (15)$$

で与えられるものとする。

3 提示する方法

3.1 提示する適応度の設定方法 遺伝的アルゴリズムでは、探索の過程で適応度の向上が見られないことがしばしば存在する。そのような状態は多くの場合において局所解であることが期待される。そして、一旦局所解に陥ると適応度の向上は中々起きないのが常である。そこで、一旦局所解に陥った後には、それをデータベースに格納し記録するとともに、以後の探索ではその近傍を探索しないようにすればよい。そのために、以下のようなスクリーニング関数の導入を図る。

$$G(\mathbf{x}) = \sum_{i=1}^K \text{Exp} \left(- \sum_{j=1}^{n_{var}} \left(\frac{x_j - c_j^i}{r_j} \right)^2 \right) \quad (16)$$

これは、 $\mathbf{c} = \{c_j\}$ を中心としたガウス分布関数である。ここでは、変数ごとに r_j という半径を持った楕円形のガウス関数である。この半径は、その局所解を探索するために利用した探索領域を基準に、以下のように設定する。

$$r_j = \frac{\sigma_j}{2} \sqrt{-2\ln(LB_j)} \quad (17)$$

ここで、 σ_j 、 LB_j は探索領域の値である。ガウス分布関数は局所解が得られるたびに更新するものとする。

ガウス分布関数を利用して、

$$S(\mathbf{x}) = \text{Max}\{S_{\min}, 1 - G(\mathbf{x})\} \quad (18)$$

というスクリーニング関数を定義する。これは、ガウス分布関数の一つの分布の最大値が1であり、分布の中心や重なるところでは1を越す可能性があるので、下限値 $S_{\min}$ を設けて適応度関数の正負の逆転を防ぎ、さらに、準最適解として認め得ないものを探索するのを防ぐ目的である。最終的には、適応度関数は、

$$F_i = F_i \times S(\mathbf{x}) \quad (19)$$

として定義するものとする。

3.2 提示するシステム 提示するシステムは2段階から成り立つ。第1段階は、適応度関数として式(19)を利用する。そして、局所最適解の判定としては適応度関数が数世代更新しないことを基準とし、これをシステムパラメータとして設定するものとする。第2段階は詳細な解を求めることと、得られた局所解が本来は局所解でないにもかかわらず、スクリーニング関数のために局所解となってしまっているかどうかを判定するためである。そのため、基本的には局所解探索をすることを目的としている。そして、初期的な探索領域は以下の式に従って決定するものとする。

$$[c_j - 0.5r_j, c_j + 0.5r_j] \quad (20)$$

4 数値計算例

4.1 多峰性問題への適用 数値計算例として以下の式を利用する。

$$f(x_1, x_2) = 10e^{(-0.01(x_1-10)^2 - 0.01(x_2-15)^2)} \sin(x_1) \quad (21)$$

図1に示すように初期的な探索領域は $(x_1, x_2) = [-20, -10], [0, 10]$ とする。(全体の探索領域は $(x_1, x_2) = [-20, 30], [-10, 30]$) どの局所解からもかけ離れている。領域遺伝型遺伝的アルゴリズムの設定は次のようにした。各世代の人口数は100とし、1世代に4つの探索領域があるものとした。36%の交叉率、世代の生き残りに必要な人口数は15個体、新世代の発生にともなって20個体の外来種個体を導入し、10個体の外来種突然変異が発生するもの

Fig.1 Benchmark problem

とした。第1段階では世代打ち切りを1000世代とし、15世代同じ適応度が続いた場合に、局所解と判定することとした。さらに、標準偏差の最大値を3.0とし、最小値を0.0001とした。第2段階では、世代打ち切り数を200世代とし、標準偏差の最大値を0.5とした。また、第2段階ではランダムな領域設定は行わないこととした。図2に適応度関数の変遷と関数値の変遷をしめす。図2を見ると元の関数は上下しているが、適応度関数は徐々に上がっていき、一旦データベースに格納されると突然劣化していることが分かる。そして、適応度関数に変更されることから、次に上がっていても、最初の到達した適応度には至っていない。つまり、他の解を探索していることが分る。そのため、全体としては徐々に適応度が低下しているように見える。関数値のほうを見ると、700世代目くらいから急激に大きくなっている。これは、適応度関数の値が小さくなり、以前に補足した局所解とはほぼ同様の結果を得ていることを物語っている。表1にその結果を示す。図3, 4, 5, 6にそれぞれ最初の局所解が捕捉された後の適応度関数、2個目の局所解が捕捉された後の適応度関数、3個目の局所解が捕捉された後の適応度関数、そして、最終的な適応度関数を示す。表

Fig.2 Process of first level

Table 1 Results

local opt	level 1		level 2		func	exact	
	x1	x2	x1	x2		x1	x2
0	7.856	14.874	7.896	15.002	9.559	7.896	15.000
1	14.207	17.737	14.056	15.000	8.455	14.056	15.000
2	14.252	9.512	14.056	15.005	8.455	14.056	15.000
3	7.908	22.327	7.898	14.999	9.559	7.896	15.000
4	1.724	11.177	1.734	15.003	4.983	1.734	15.000
5	7.908	5.267	7.896	15.011	9.559	7.896	15.000
6	20.277	16.261	20.219	15.011	3.448	20.219	15.000
7	1.724	19.868	1.734	14.990	4.983	1.734	15.000
8	14.148	25.010	14.056	14.997	8.455	14.056	15.000
9	20.570	7.921	20.219	14.997	3.448	7.896	15.000
10	8.069	28.850	7.896	14.992	9.559	7.896	15.000
11	20.523	25.096	20.219	15.001	3.448	20.219	15.000
12	-4.541	14.538	-4.431	15.004	1.197	-4.431	15.000
13	1.239	26.134	1.736	15.002	4.983	1.734	15.000
14	14.036	31.575	14.056	15.000	8.455	14.056	15.000
15	14.061	1.838	14.056	15.003	8.455	14.056	15.000
16	1.266	3.584	1.735	15.000	4.983	1.734	15.000
17	7.629	-1.266	7.896	15.008	9.559	7.896	15.000
18	-4.870	22.581	-4.437	15.000	1.197	-4.431	15.000
19	-4.719	7.017	-4.433	14.990	1.197	-4.431	15.000
20	26.761	15.100	26.382	14.999	0.648	26.387	15.000
21	26.811	6.733	26.387	15.000	0.648	26.387	15.000
22	26.810	22.595	26.384	14.994	0.648	26.387	15.000
23	1.939	32.096	1.735	14.999	4.983	1.734	15.000
24	8.109	14.821	7.896	14.999	9.559	7.896	15.000
25	20.187	0.425	20.219	14.999	3.448	20.219	15.000
26	7.840	15.440	7.895	14.997	9.559	7.896	15.000
27	7.840	15.440	7.896	14.995	9.559	7.896	15.000

Fig. 3 After first local optimum

Fig. 4 After second local optimum

1に示すように、1000世代目までに第1段階（level 1）において28個の局所解を捕捉している。しかしながら、26、27番目は同

Fig. 5 After third local optimum

Fig. 6 Final fitness function

じであり、しかも、これは0番目のものの近傍にある。その後、局所探索をすることにより、6つの局所解を得ている（level 2、関数値funcはこの結果）これは、適応度関数における式（18）の最小値が、元の関数の最適値と比較して小さくなりすぎるものを無視する作用が働いたためと考えられる。その変遷が図3～5に示してある。この場合は、最初に大域的な最適解を捕捉し、それにとまってその近傍の適応度の値が小さくなっている（図3）。次に大きな局所解を補足し、その近傍の適応度を小さくしている（図4）。その次には、2番目に得られた局所解の近辺で、新たに局所解となった局所解を得て、その近傍の適応度を下げて

Fig. 7 Comparison between Immune System

いる。しかしながら、表1を見ると、この解は、元の関数にないものであり、第2段階目では近傍の局所解である2番目に得られた局所解に収束している。このようにして、合計で6つの局所解をかなり高い精度で得ていることが分かる。提示した手法の特徴を示す上で、宮下の提案した免疫システムを利用して同じ問題を解いた場合を示す。免疫システムでは連続変数は取り扱えないので、免疫システムでは、探索領域 $(x_1, x_2) = ([-10, 40], [-20, 50])$ を4096分割したものであり、さらに、解析回数を10000回で打ち切ったものである。提示した手法の場合、第1段階、第2段階を通じて6つの局所解を得るのに43175回の解析回数を必要としている。両者を比較してみると、第1段階の時点では、提示した手法のほうがより広い領域に局所解の候補を探索している。その後、精度よく6つに収束していつていることから、この方法を通じて、定義域内には6つの局所解があることが確認できる。一方、免疫システムでは、局所解の近傍のところで止まっているものが見受けられる。また、厳密には局所解は $x_2 = 15.00$ のところにあるはずであるが、それまでの精度も出ていないことも分る。設定の問題もあるが、提示した手法では、局所解の存在しない部分的な領域から探索を始めている。その不利を考慮に入れた場合、単純な比較が好ましくないとはいえ、解析回数の問題、そして、局所解の精度の問題、局所解であるのか、近傍解であるのかの判定の問題のいずれを見ても提示した手法のほうが今回の比較においては優れていることが分る。

4.2 压力容器 混合設計変数問題のベンチマークとして Sandgren⁽⁹⁻¹⁰⁾ が提示した压力容器問題を取り扱う。この問題は、過去に多くの研究者が取り扱っているが、その変遷(表2)を見る限り、非常に求解が困難なものである。遺伝的アルゴリズムの適用事例^(10, 13)もあるがいずれも良好な結果にいたっていない。シミュレーテッドアニーリング法を使用した Lin⁽¹⁰⁾に至っては、目的関数値を示して入るが、変数値に関しては記していない。全ての適用事例を調べているわけではないが、表2のARGAの結果が大局的最適値と考えられる。一見すると単純ではあるが、大局解にいたるのが困難な問題である。定式化は以下のようにになっている。

Find

R: inner radius (continuous)

L: length of the cylindrical section (continuous)

T_s : thickness of rolled steel plate (discrete)

T_h : thickness of steel plate (discrete)

Table 2 Comparison of the results

	Sandgren Penalty 1990	Qian GA 1993	Kannan ALM 1994	Lin SA 1995	Hsu GA 1995	Lewis RS+NLP 1996	Arakawa ARGA 1999
Ref	(9)	(10)	(11)	(12)	(13)	(14)	(15)
R m	1.212	1.481	1.481	N/A	1.316	0.985	0.9870
L m	2.990	1.132	1.198	N/A	2.587	5.672	5.6227
T_s cm	2.585	2.858	2.858	N/A	2.540	1.905	1.9050
T_h cm	1.588	1.588	1.588	N/A	1.270	0.953	0.9525
g1	1.190	1.000	1.000	N/A	1.000	1.003	1.0000
g2	1.339	1.124	1.124	N/A	1.011	1.014	1.0115
g3	2.247	5.376	5.495	N/A	2.358	1.066	1.0842
g4	1.000	1.000	1.000	N/A	1.203	1.075	1.0000
f \$	8129.8	7238.83	7198.2	7197.7	7021.67	5980.95	5850.38

なお、離散変数は0.125インチすなわち、0.003175cm 刻みで最小のものから19個分だけ離散値として与えている。

Constraints

g_1 : minimum shell wall thickness

$$g_1 = \frac{T_s}{0.0193R} \geq 1 \quad (22)$$

g_2 : minimum head wall thickness

$$g_2 = \frac{T_h}{0.00954R} \geq 1 \quad (23)$$

g_3 : Maximum length

$$g_3 = \frac{6.096}{L} \geq 1 \quad (24)$$

g_4 : minimum volume of tank

$$g_4 = \frac{\pi R^2 L}{-\frac{4}{3}\pi R^3 + 21.24} \geq 1 \quad (25)$$

(ただし、式(25)の分母第2項はインチ単位で1296000が実際のベンチマーク問題の値)

To minimize

$$f = 37981.2T_s RL + 108506.3T_h R^2 + 193207.3T_s^2 L + 1210711T_s^2 R \quad (26)$$

である。ここでは、1インチ当たり0.0254mで換算したものを記している。この問題は制約付問題であり、何らかの方法でペナルティをかけて制約条件を適応度関数の中に入れる必要がある。そこで、適応度関数を次のように決定した。

$$g = \prod_{i=1}^4 (\max(0.1, \min(1, g_i))) \quad (27)$$

$$fit = g \times (10000 - f) \quad (28)$$

また、設定としては次の5つのパターンの比較を行った。基本設定としては、

- 個体数：100
- ビット数：連続変数は5，離散変数は3
- 最小必要個体数：15
- 最小必要個体数：20
- 連続変数の場合：UB=0.9999, LB=0.1
- 局所解判定世代数：15

残りのものの設定は表3の通りである。それぞれ、各レベルにおける標準偏差値の最小値(minstd)と最大値(maxstd)の設定，式(9)，(10)，(11)をとる確率を設定するための母数（順にgenral, local, global），そして，式(27)のペナルティ指数を設定している。5回の異なる種乱数の基で試行した結果を表4に示す。表4に示すように，5回の試行で合計8つの局所解を得ている。表中のAppearとは，5回の試行中何回その局所解が得られたかを示すものであり，Nearとは5回の試行の中で特に第1段階で何回その局所解の近傍にたどり着いたかを示している。この結果を見る限り，表2のLewis以前の結果はいずれも局所解の近傍にも至っていないことが予測される。実際に，LewisはHsuの結果が局所解探索を行えていないことを示しており，Hsuが示した結果の離散値の組み合わせの場合，最適値がR=1316, L=2149で目的関数値が6410.80になることを指摘している。つまり，本来は表4の5番目の結果になるはずである。この結果になることでHs

uの結果も制約条件4が活性になる。遺伝的アルゴリズムにしる，他の方法にしても，ひとつの条件が活性になった後に探索が非常に難しくなっていることをこの結果は物語っていると考えられる。このように，今回利用したベンチマーク問題は，一見簡単そうに見えてなかなか大局解にいたるのが難しい問題であった。このような問題に対しても，5回の試行全てにおいて大局解の近傍を得ている。このことから提示した手法が単に局所解を複数見出すだけではなく，安定して大局解を見出せることも確認された。

GIRAUD-MOREAU⁽¹⁶⁾は，上記の問題に対して付加的に、

$$\begin{aligned} R &\leq 1.778 \\ L &\leq 1.27 \end{aligned} \quad (29)$$

という制約を付加している。この場合，通常の方法では，改めて最適化を行う必要があるが，提示した手法では，表4の結果の7番目を選べば良いことが分る。GIRAUD-MOREAUは遺伝的アルゴリズムや進化論的アルゴリズムによる比較を行っており，変数値の詳細についての記述は無いものの，最適値として目的関数が，7197.73としている。表4の7番目の結果よりも結果が悪いこと，そして，この結果は，制約条件1と4が完全に活性な状態にあることから，GIRAUD-MOREAUの結果も局所解探索も十分に行えていない状態であろうと考えられる。

上記の結果からも提示した手法のように，複数の許容解を精度よく求めることで，多少の設定の変更には，提示した手法で対応できることは示すことができたものと思われる。

5 結 言

本研究では，領域遺伝型遺伝的アルゴリズムを用いて複数の局所解を同時に得るための適応度関数の設定を行った。この手法は手続きとして一定世代数適応度の改善が見られない場合に，それを局所解の候補（近傍）とみて，これを格納する。そして，格納された解の候補の近傍にガウス分布関数を利用したスクリーニング関数を設定し，適宜，適応度関数を変更するものであった。適応度関数の変更後，通常の遺伝的アルゴリズムでは局所解からの脱却が困難であるが，領域遺伝型遺伝的アルゴリズムの場合，比較的スムーズに次の局所解の探索に移行できるため，次々と局所解の候補の探索が可能である。提示した手法は，第2段階として，領域遺伝型遺伝的アルゴリズムにおいて，局所解探索を優先する設定を行い，複数の局所解を得

Table 3 Problem settings

step		1st	2nd
R	minstd	3.000	0.015
	maxstd	24.000	3.000
L	minstd	4.800	0.024
	maxstd	38.400	4.800
general		4/9	3/6
local		1/9	2/6
global		4/9	1/6
t		1	5

Table 4 Results of Pressure vessel Problem

	R m	L m	Ts cm	Th cm	f \$	Appear	Near
1	0.987	5.623	1.905	0.953	5850.38	5	54
2	1.069	4.487	2.064	1.111	6059.72	5	18
3	1.152	3.562	2.223	1.111	6090.53	5	27
4	1.234	2.796	2.381	1.270	6370.78	3	3
5	1.316	2.148	2.540	1.270	6410.09	5	10
6	1.398	1.593	2.699	1.429	6771.60	3	6
7	1.481	1.110	2.858	1.429	6820.41	4	6
8	1.563	0.684	3.016	1.588	7273.51	3	3

るシステムである。この方法は、免疫アルゴリズムにみられる複雑なパラメータの設定が基本的に要らない構造となっている。結果を左右するパラメータは局所解と判定するための世代数であるが、これも、本質的なものではなく、単に、第2段階目における解候補をどの程度絞り込むかという程度のものである。本研究では、数値計算事例を通じて、その有効性の検証を行った。その結果、提示した手法が単に複数の局所解を得るだけではなく、安定的に大局解を得られることも確認された。提示した手法は、遺伝的アルゴリズムを基調としているので、解析回数が多いことは否めない。また、2段階方式を利用しているので、ある意味において理想である1回の最適化で複数の許容解を同時に見出すというわけではない。しかしながら、高い精度で局所解を得ていることで、最適設計を1回実施した後に発生する多少の問題設定には対応できることから、設計者にとっては、意思決定の際の自由度を持つことができ、最適設計の結果を参考にするための有効な情報を与えるものと考えられる。

今後、第1段階で局所解の候補を絞り込んだ後に精度の向上を、他の局所解の候補を探すと同時に進める方法を考えることによって本研究と同様の結論を1回の最適化の課程で見出せるように研究を進めていきたい。

謝 辞

本研究は「香川大学課題研究費」による研究成果の一部であり、ここに関係各位に謝意を表したい。また、多くの有効な助言をいただいた北海学園大学杉本博之教授、甲南大学中山弘隆教授、早稲田大学山川宏教授に感謝申し上げたい。

参考文献

- (1) J.D. Farmer, N.H. Packard, "The Immune System, Adaption, And Machine Learning", *Physica* 22D(1986), 187-204.
- (2) S. Forrest, A.S. Perelson, "Genetic Algorithms and the Immune System", *Proc. 1st Workshop of PPSPN*, 230(1990), 320-325.
- (3) 森一之, 築山誠, 福田豊生, 多様性を持つ免疫的アルゴリズムの提案と負荷割当問題への応用, *電気論 C*, 133-10 (1993), 872-878
- (4) Yoo, J. and Higeki, P., 1999, "Immune Network Simulations in Multicriterion Design", *Structural Optimization*, 18, 23, 85-94.
- (5) 中村秀明, 宮本文穂, 松本剛, 改良型免疫アルゴリズムによる構造設計支援に関する研究, *日本ファジイ学会誌*, 11-6, (1999), 501-512.
- (6) 宮下朋之, 坪田有玄, 山川宏, 免疫エージェントによる最適設計に関する研究, *日本機械学会講演論文集*, No.0001, (2000), 555-556.
- (7) 荒川雅生, 石川浩, "領域の遺伝を考慮した領域適応型遺伝的アルゴリズムの開発", *日本機械学会論文集*, 68-767C, (2002), 3681-3688.
- (8) 荒川雅生, 石川浩, "領域遺伝型遺伝的アルゴリズムの開発(領域の設定方法)", *日本機械学会論文集*, 69-686, 掲載決定
- (9) Sandgren, E., "Nonlinear Integer and Discrete Programming in Mechanical Design Optimization", *Journal of Mechanical Design*, 112-2, (1990), 223-229.
- (10) Qian, Z., Yu, J., Zhou, J., "A Genetic Algorithm for Solving Mixed Discrete Optimization Problems", *DE-Vol. 65-1, Advances in Design Automation*, 1, (1993), 499-503.
- (11) Kannan, B.K. and Kramer, S.N., "An Augmented Lagrange Multiplier Based Method for Mixed Integer Discrete Continuous Optimization and Its Applications to Mechanical Design", *Transactions of ASME, Journal of Mechanical Design*, 116-2, (1994), 405-411.
- (12) Lin, S.-S., Zhang, C., et al., "On Mixed-Discrete Nonlinear Optimization Problems: A Comparative Study", *Engineering Optimization*, 23, (1995), 287-300.
- (13) Hsu, Y.-H., Sun, T.-L. and Leu, L.-H., "A Two-stage Sequential Approximation Method for Non-linear Discrete Variable Optimization", *ASME Design Engineering Technical Conference*, (1995), 197-202.
- (14) Lewis, K. and Mistree, F., "Foraging-Directed Adaptive Linear Programming: An Algorithm for Solving Nonlinear Mixed Discrete/Continuous Design Problems", *Proc. of ASME Design Engineering Technical Conference and Computers in Engineering Conference*, Irvine, 1996, in CD-ROM, 96-DETC/DAC-1601.
- (15) 荒川, 萩原, "領域適応型遺伝的アルゴリズムの開発(精度および求解性の向上のためのオペレータの提案)", *日本機械学会論文集*, 65-638C, (1999), 4156-4163.
- (16) Giraud-Moreau, L., Lafon, P., "A Comparison Of Evolutionary Algorithms for Mechanical Design Components", *Eng. Opt.*, 34, (2002), 307-322.