



# 発見的手法を用いた組合せ最適化問題の 最適解探索における特性検証

指導教員 皆川 勝  
学生氏名 加部 麻衣子

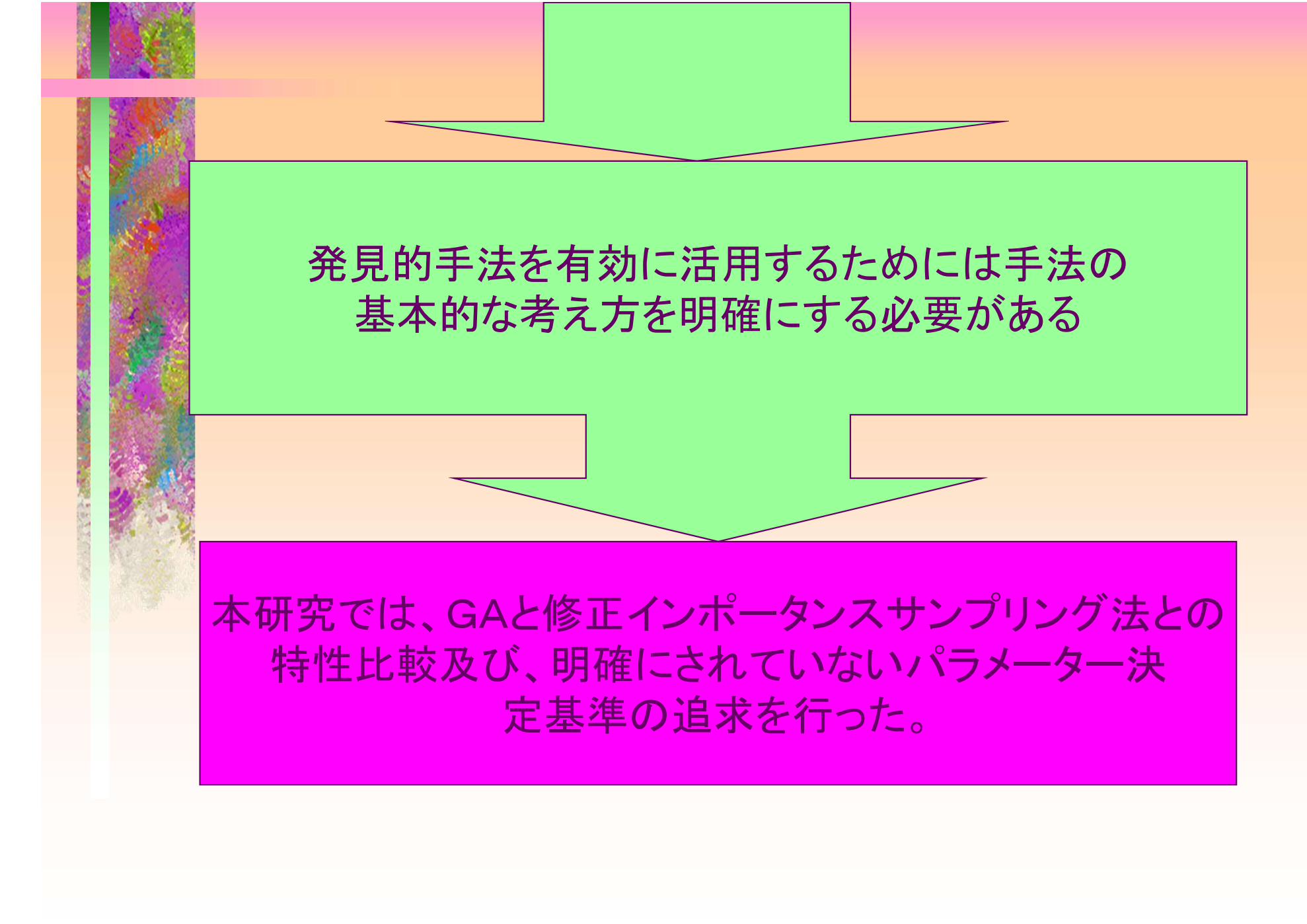
# 1. はじめに

構造物の設計過程をモデル化し、その最適化を数学的な手法で行うことを一般に『構造物の最適化』と呼んでいる。

発見的手法

- ・インポートランスサンプリング法
- ・モンテカルロシミュレーション
- ・遺伝的アルゴリズム
- ・シミュレーテッドアニーリング

個体数や交叉確率などのパラメータの決定基準は現在経験的に決められている。



発見的手法を有効に活用するためには手法の  
基本的な考え方を明確にする必要がある

本研究では、GAと修正インポートランスサンプリング法との  
特性比較及び、明確にされていないパラメーター決  
定基準の追求を行った。

## 2. 手法概要

### 遺伝的アルゴリズム (GA)

生物進化の原理に着想を得たアルゴリズムであり、最適化問題の目的関数を適応度に、解の候補を個体にそれぞれ対応させる。

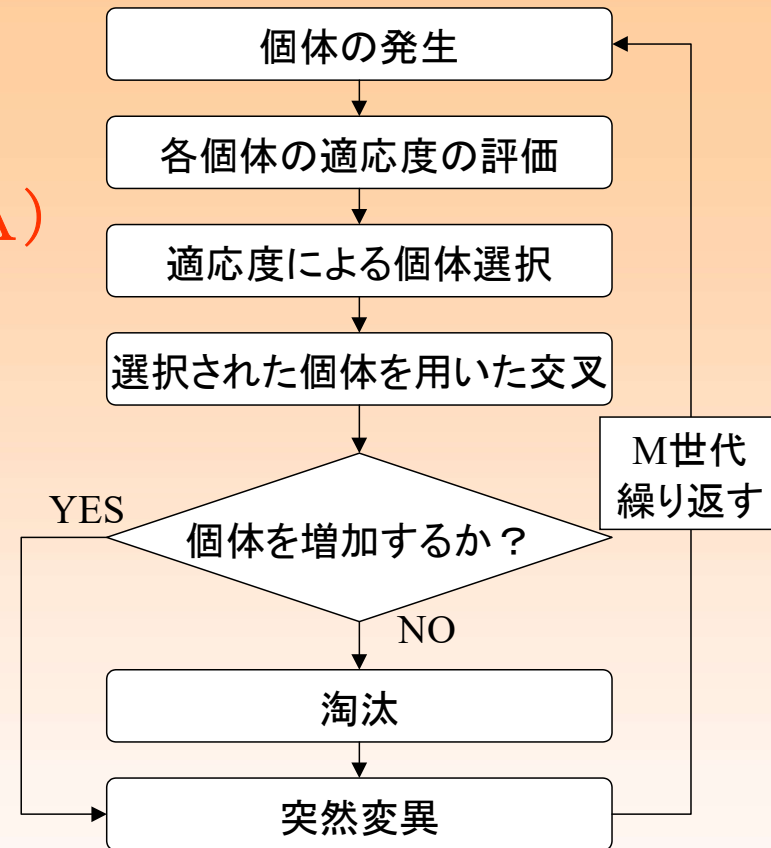


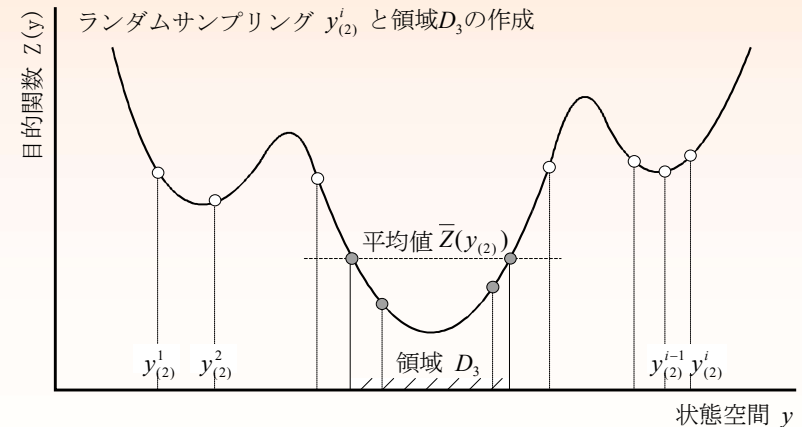
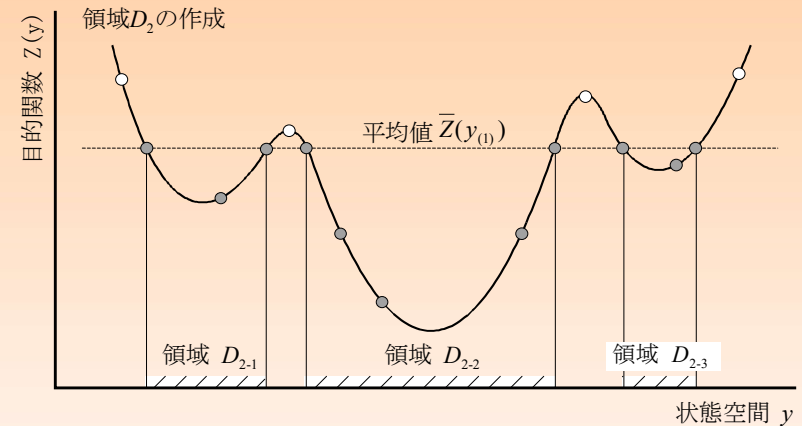
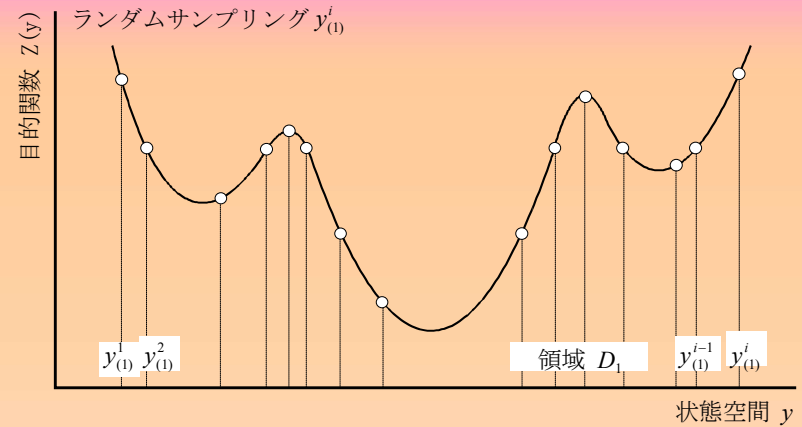
図-1 GAの操作概要

## 修正インポートランスサンプリング法

インポートランスサンプリング法  
破壊の発生する確率の高い領域に  
サンプリング密度関数を設定し、そ  
こにサンプルを集中させることで、  
より少ないサンプル数で精度の良い  
破壊確率を得ようとするもの

+

アダティブサンプリング法  
サンプリング密度関数を破壊領域に  
修正しながら効率的に破壊確率を求  
めていくもの



# 3. 両手法特性比較

## 3-1 解析概要

次の条件下で使用鋼材の最小化を行う

- ・設計変数: 各部材の断面

$$X = \{X_1, X_2, X_3, X_4, X_5\}$$

- ・制約条件: 各部材に作用する応力が許容応力 ( $2100\text{kgf/cm}^2$ )

$$\sigma < 2100 \text{ kgf} / \text{cm}^2$$

$$\sigma = \{\sigma_1, \sigma_2, \sigma_3, \sigma_4, \sigma_5\}$$

- ・目的関数: 部材の総体積

$$V(X) \rightarrow \min_X$$

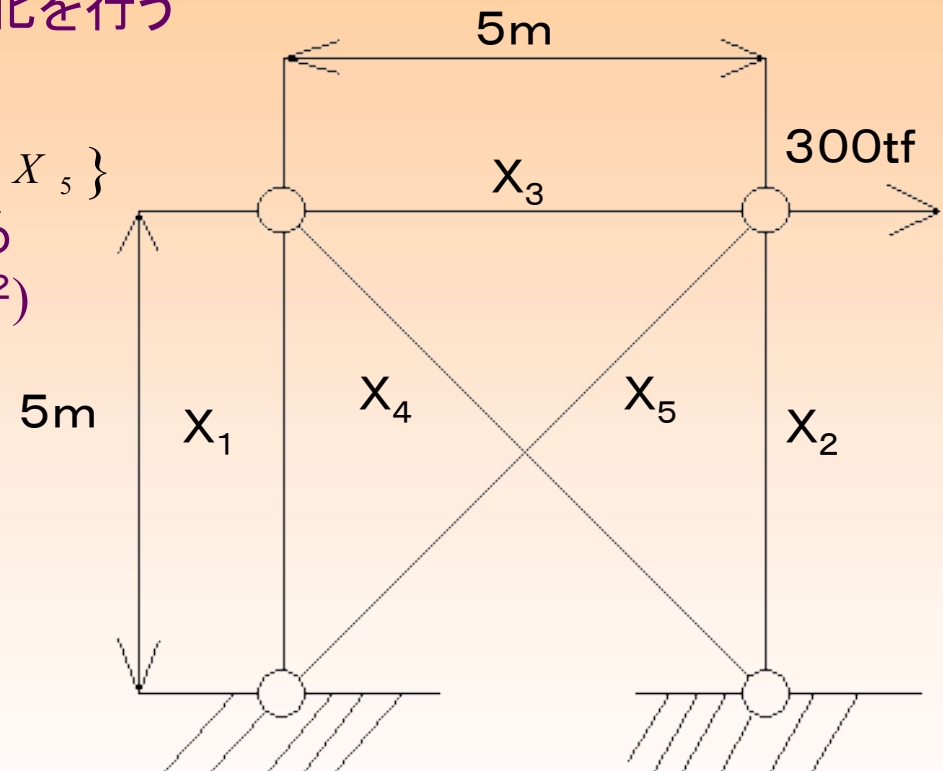


図-2 解析対象 I

## 3-2 解析結果

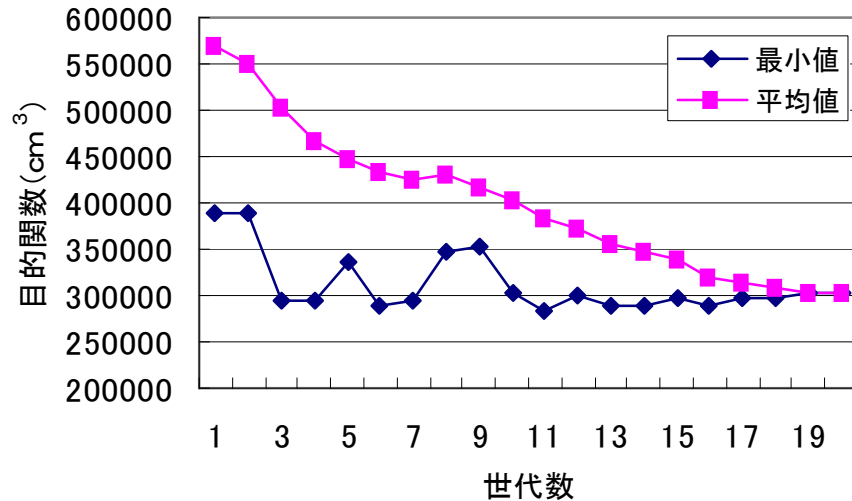


図-3 目的関数の最小値、平均値(遺伝的アルゴリズム)

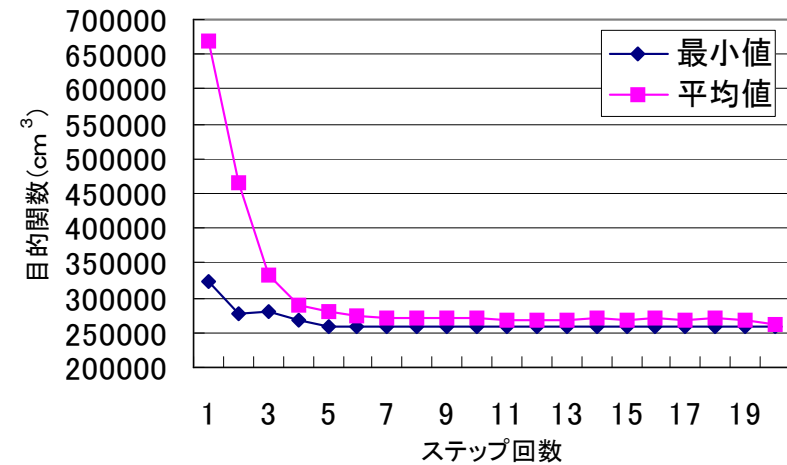


図-4 目的関数の最小値、平均値(修正インポートランス)

$\{X_1, X_2, X_3, X_4, X_5: \text{体積}\}$   
 $= \{7, 12, 3, 4, 13: 287925.1\text{cm}^3\}$

$\{X_1, X_2, X_3, X_4, X_5: \text{体積}\}$   
 $= \{2, 10, 3, 4, 14: 257347.9\text{cm}^3\}$

## 遺伝アルゴリズム法

交叉や突然変異によって最初には存在していなかった新しい、より最適に近い対象が自動的に生成されることを期待するものであるため、すぐには収束せず前ステップよりも大きい値の最小値がみられるところもある。

## 修正インポートانسサンプリング法

最初に与えられた解候補集団の中から、制約条件を満たし、目的関数の評価値の高い解候補集合をつくりだし、その中からサンプリングを行うという手順を繰り返すので、早いうちから最小解に収束している。



## 4. GAにおけるパラメータの影響

### 4-1-1 個体数の影響

個体数: 10~100まで10きざみ  
500, 1000

交叉確率: 0.8

突然変異確率: 0.005

世代数: 30

## 4-1-2 解析結果

$$PS = \frac{V_{\max} - VOL(I)}{V_{MAX} - V_{MIN}}$$

$V_{MAX}$  体積の最大値  
 $V_{MIN}$  体積の最小値  
 $VOL(I)$  選択された固体の体積

個体数	最小値
10	399435.9081
20	539905.4700
30	390019.6322
40	319049.6174
50	306623.9998
60	461355.9081
70	340929.1924
80	359355.6365
90	320283.7281
100	306737.7761
500	286173.2812
1000	275015.1362

表-3

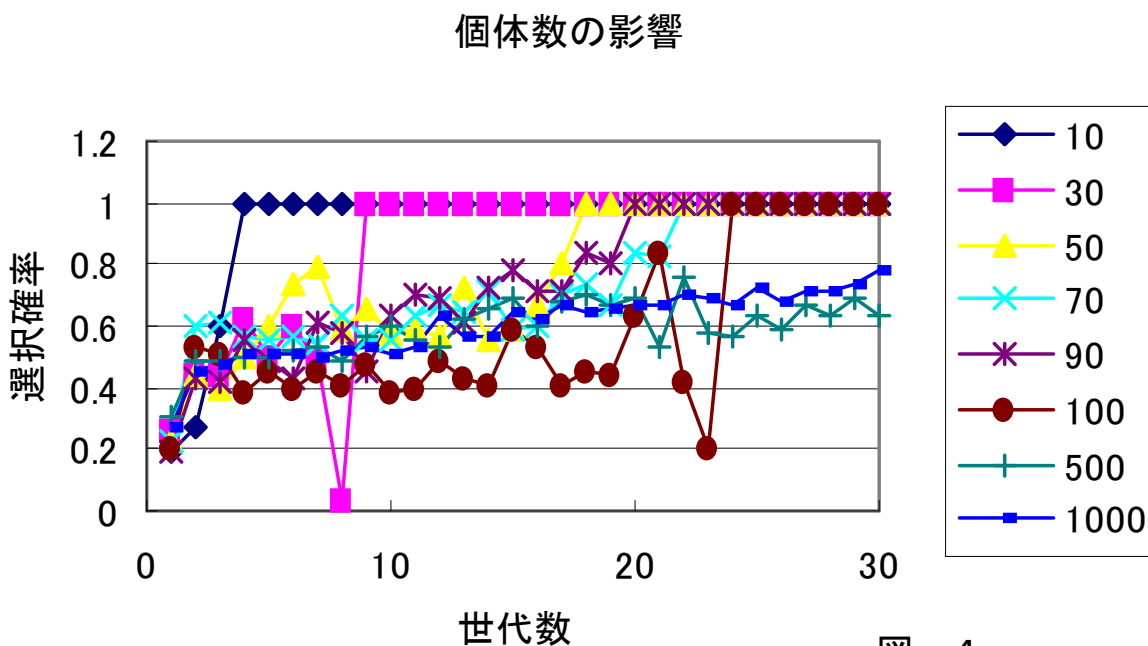


図-4

## 4-2-1 交叉確率、突然変異確率の影響

交叉確率: 0. 1, 0. 2, 0. 3, 0. 5, 0. 8

突然変異確率: 0. 005, 0. 01, 0. 05, 0. 1  
0. 2, 0. 3

個体数: 1000, 5000

世代数: 選択確率 = 1 となるまで

# 4-2-2 解析結果

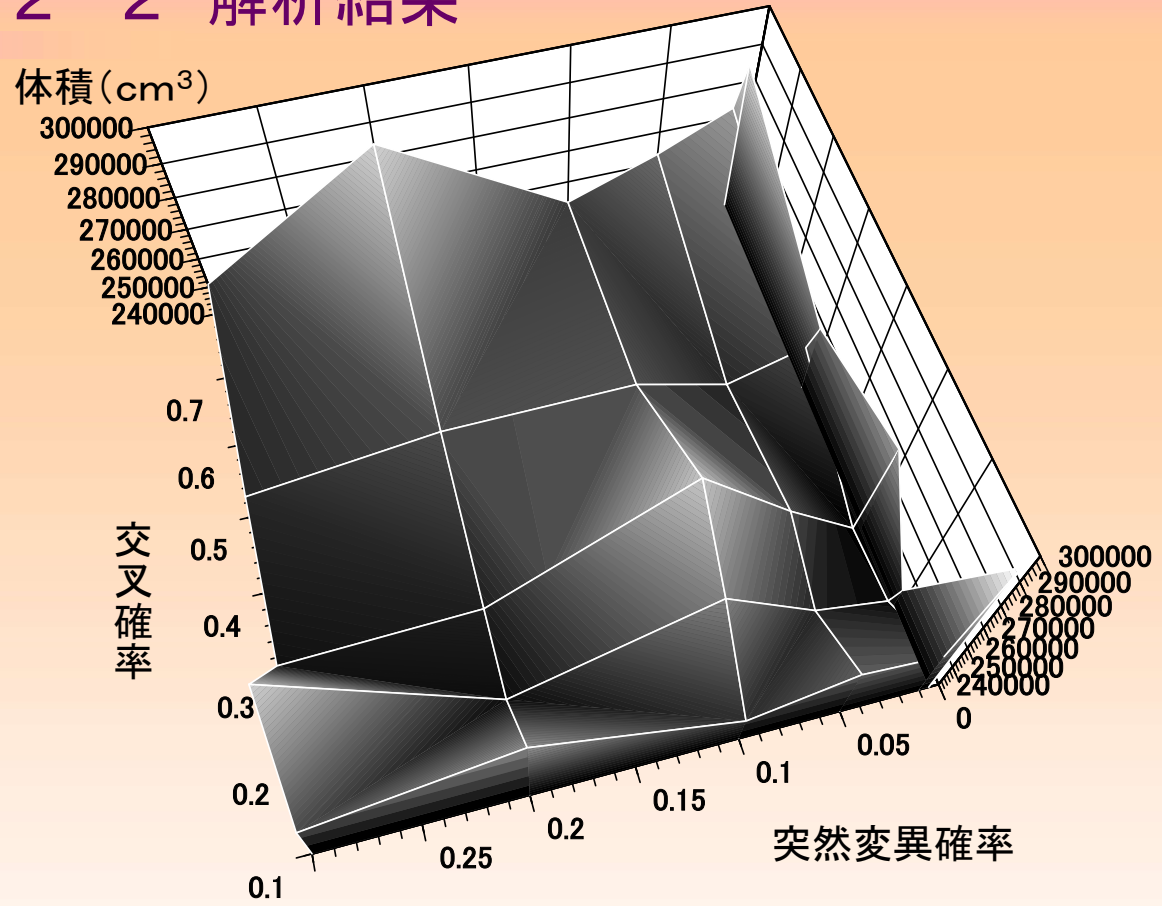


図-5 関係図(個対数1000の場合)

表-1 解析結果(個対数1000の場合)

突然変異確率

	0.005	0.01	0.05	0.1	0.2	0.3
0.1	296900	258437	260874	250887	270644	256624
0.2	247364	243287	248859	267637	243754	283808
0.3	273348	240944	257348	281225	247154	244554
0.5	262663	256459	248859	257348	256624	248859
0.8	285049	272808	262945	253014	283817	250974

最小体積 (cm<sup>3</sup>)

体積 (cm<sup>3</sup>)

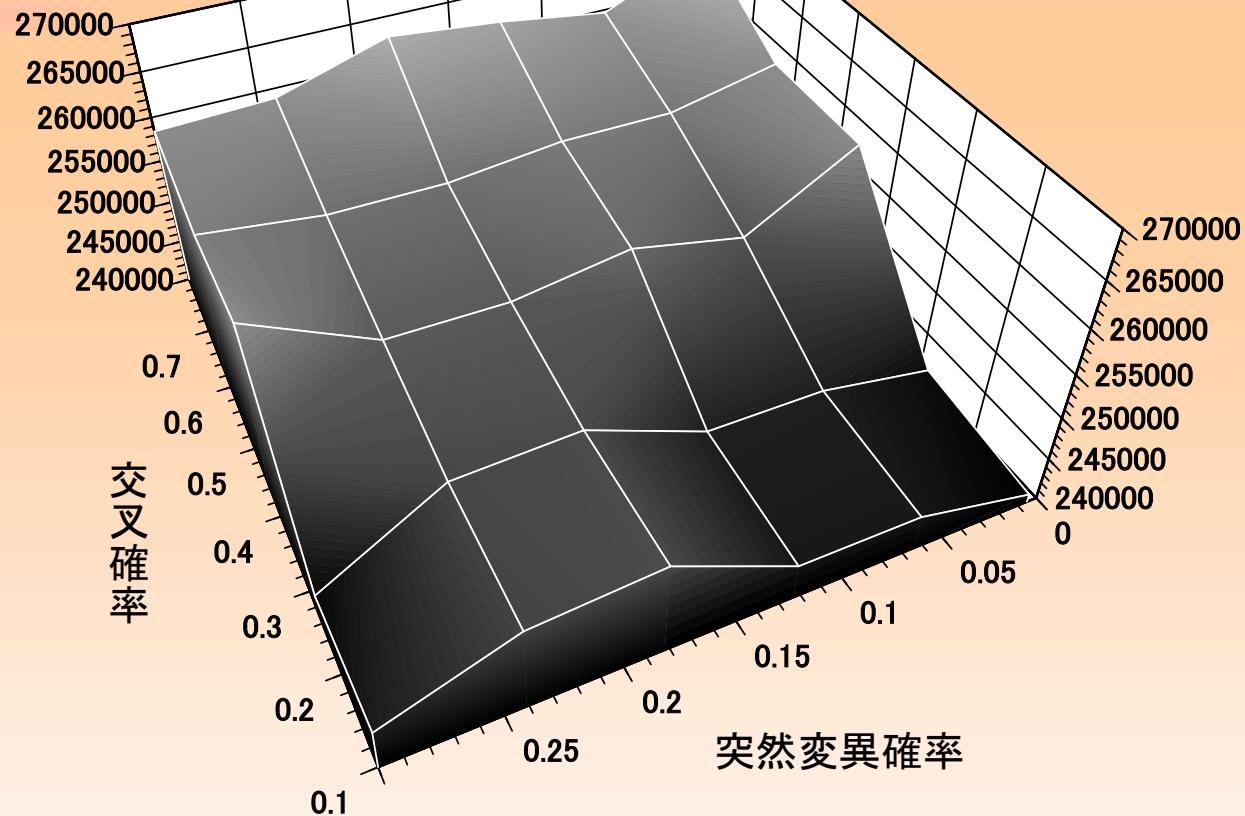


図-6 関係図(個対数5000の場合)

表-2 解析結果(個対数5000の場合)  
突然変異確率

	0.005	0.01	0.05	0.1	0.2	0.3
0.1	240944	240944	243754	240944	250507	244554
0.2	244554	257348	240944	240944	257348	244554
0.3	240944	240944	244554	240944	248764	240944
0.5	262945	262945	249497	262945	253107	262945
0.8	265037	275628	258679	264539	265037	258423

最小体積 (cm<sup>3</sup>)

### 4-2-3 考察

交叉確率・突然変異確率が大きすぎると、それまで存在していた優秀な個体も交叉や突然変異の対象になる確率が高くなり、解集団の精度が悪くなる場合もあると考えられ、交叉確率・突然変異確率は小さい値に設定したほうが、最適解が得られやすいと思われる。

## 4-3-1 17部材トラスでの解析

右に示す17部材トラスを用い解析を行った。

個体数: 1000

交叉確率: 0.1 ~ 0.8

突然変異確率:  
0.005 ~ 0.3

世代数: 選択確率 = 1 となるまで

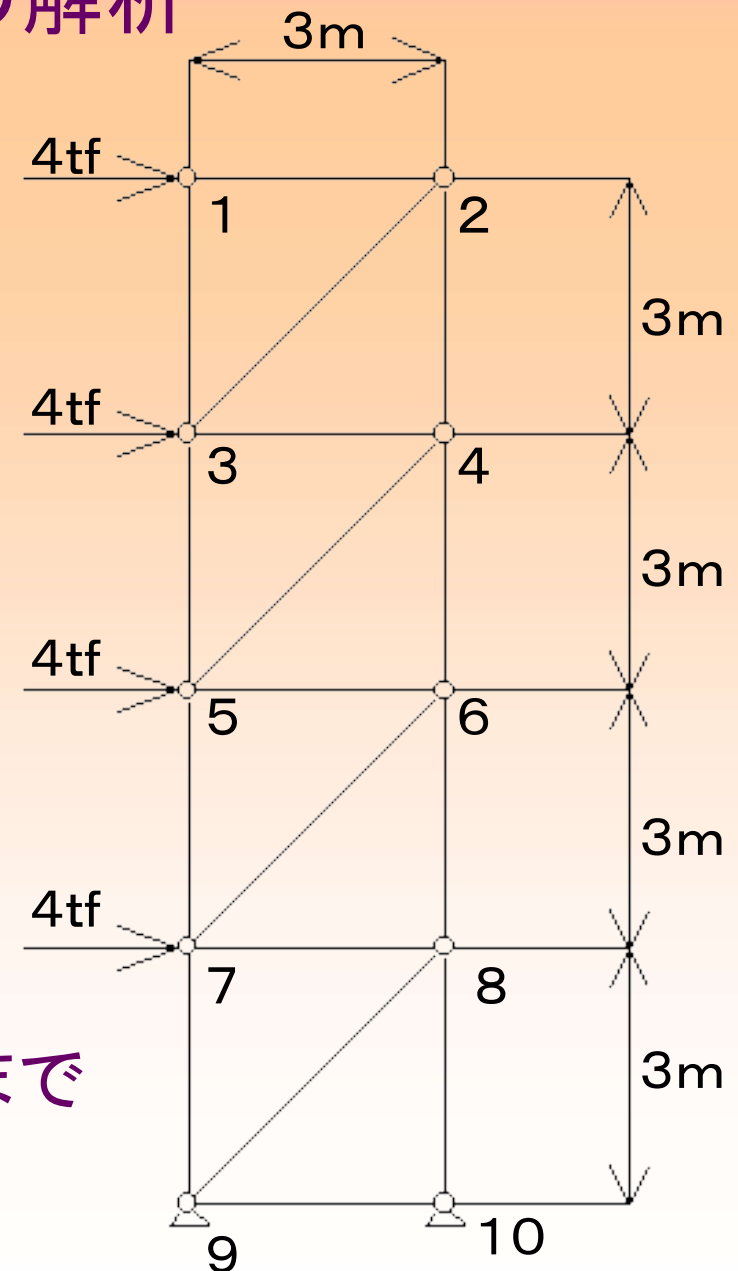


図-8 解析対象Ⅱ

## 4-3-2 解析結果

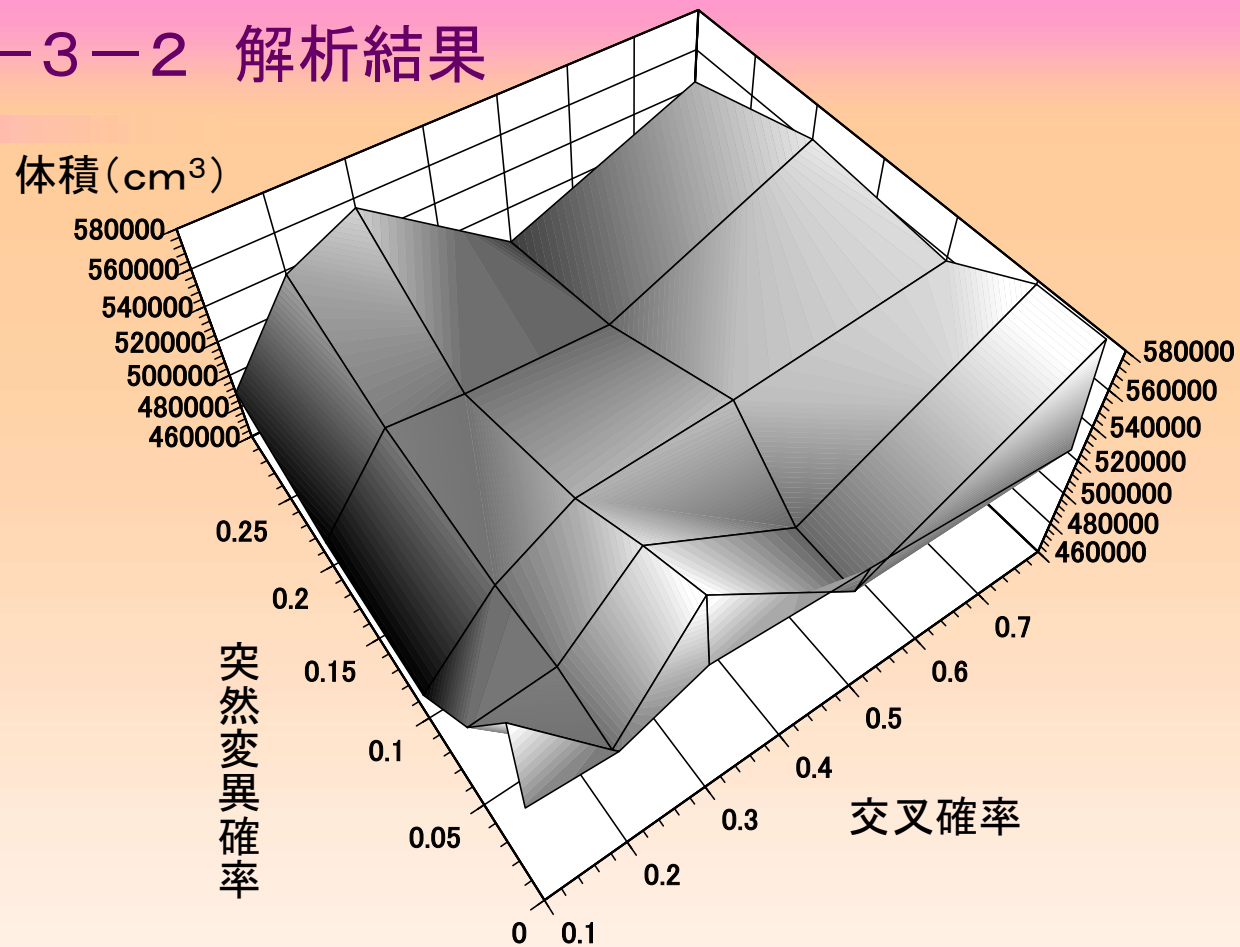


図-7 関係図(解析対象Ⅱ)

表-3 解析対象Ⅱの場合の解析結果  
突然変異確率

	0.005	0.01	0.05	0.1	0.2	0.3
0.1	528750	577479	520179	477788	476463	489081
0.2	524349	518190	523041	519387	523041	537875
0.3	542399	577413	563332	542399	519285	555180
0.5	535132	515440	515440	546885	516058	500272
0.8	522477	578510	578158	557886	562806	542988

最小体積( $\text{cm}^3$ )



## 5. まとめ

これまで遺伝的アルゴリズムのパラメータの決定基準の追求を行ってきたが、結果は個体数は大きく、交叉確率・突然変異確率は交叉や突然変異が起こる範囲で小さい値を採用する、といった漠然とした形でしか得ることができなかった。解析モデルのパターン・個体数を増やし、数多くの解析を行いパラメータの個々の特徴を把握する必要があると思われる。