

# ウイルス進化論に基づく遺伝アルゴリズムを用いた Linear Ordering Problem の解法

1155072 山端 桂祐 【坂本研究室】

## Genetic Algorithms Considering Virus Infection for Linear Ordering Problem

1155072 Keisuke YAMAHATA 【Sakamoto Lab.】

### 1 はじめに

Linear Ordering Problem とは個人の選好をまとめて一つの選好を構成する方法やスケジューリング問題などに応用のある NP 困難な最適化問題である [1]. また要素の数の階乗数の可能解が存在する. この問題は NP 困難であることが証明されており, 明確な解法は現在判明していない.

そこで本研究では, 近似解を探索する遺伝アルゴリズムにウイルス進化論 [2] を適用した解法を提案し, その実験結果を報告する.

### 2 Linear Ordering Problem

Linear Ordering Problem とは与えられた正方行列の列と行を同じ順序で並べ替え, 対角要素の右上に位置する要素の総和を最大にする問題である. 順序の先頭および末尾にある要素ほど解に与える影響が大きいという特徴がある.

表 1 Linear Ordering Problem の一例

	A	B	C	D		D	B	A	C
A	1	5	14	8	D	12	13	16	9
B	6	2	15	10	B	10	2	6	15
C	3	11	4	7	A	8	5	1	14
D	16	13	9	12	C	7	11	3	4

表 1 の左は与えられた正方行列であり, 右上要素の総和は 59 である. この正方行列の行と列を [D, B, A, C] と並べ替えることにより, 総和を 73 とすることができる. 本研究ではこの右上要素の総和を適応度とする.

### 3 遺伝アルゴリズム

遺伝アルゴリズム (以下 GA と記す) とは, 文字列で表される個体 (以下染色体と記す) 集団に対し, 選択, 交叉, 突然変異などの遺伝的操作を繰り返し適用することによって, 解を改善し近似解を探索する近似アルゴリズムである [3]. この遺伝的操作を 1 回繰り返す動作を 1 世代とする.

本研究での選択は染色体集団からランダムに染色体数の 10% の染色体を選びだし, その中で最も適応度が高

い染色体をウイルス感染源とする. また交叉は行わず代わりに感染を行う. 感染は一定の確率で部分一致交叉を利用して他の染色体にウイルス感染の特徴を引き継がせる戦略 (以下 v-GA) を実装した.

一般的な交叉は, ランダムに選択された染色体同士で実行されて新たな染色体を 2 つ生成するが, 本研究では片方の染色体が確実にある程度優秀なウイルス感染源なので, ランダムに選んだ 2 種類の染色体による交叉よりも優秀な染色体が生まれやすいと考えられる. しかし, ウイルス感染源が固定されるため特定の染色体に収束しやすいというデメリットもある.

本研究では与えられた列数の順序を染色体とする.

### 4 予備実験

v-GA を使用する上で感染源のどの部分の特徴を引き継がせるかを考察するウイルス感染場所, またその動作を行う確率の感染確率, 引き継がせる大きさのウイルス感染範囲の 3 点について予備実験を行った.

予備実験では最適解が分かっているサイズが 50, 75, 100, 150 の 4 種類の正方行列 [4] をサイズ 50 は 3 種類, 他サイズは 5 種類使用した. またそれぞれの方法の有用性を検証するため, 実験を行う際には seed 値 5 つについてデータをとり, その平均値を使用した. 予備実験の結果の一例として表 2 にサイズ 50 の行列についてのウイルス感染場所とウイルス感染確率についての結果を記す. また表の値は最適解を 100 とした場合の値である.

表 2 ウイルス感染の場所と感染確率について

確率 (%)	75	80	85	90	95	100
先頭	97.2	97.7	97.7	97.7	97.7	98.3
末尾	99.4	99.5	99.6	99.3	99.6	99.6
ランダム	99.2	99.1	99.3	98.7	99.2	99.4

他のデータでも表 2 のような傾向が見られた. 感染場所は染色体の先頭よりも染色体の末尾を感染させる方法が良い結果となり, ランダムでも染色体の末尾を感染させる方法に近い結果が得られた. 感染確率はある程度高い方が良い結果が出やすいという結論となった. 本問題では染色体の先頭もしくは末尾の要素が適応度に与

える影響が大きいとされているが、先頭よりも末尾の方が重要であると考えられる。

感染範囲についての予備実験をした結果、染色体の20%から80%をウイルス感染させるパラメータが良い解を得ることが確認できた。

予備実験の結果をより反映するために、本実験ではv-GAを使用する際は感染場所を染色体の末端から20%から80%の染色体をランダムに選択するものとし、ウイルス感染確率を80%とした。感染範囲をランダムにすることによってウイルス進化論のデメリットである染色体集団が収束がしにくくなると考えられたのでこの戦略を採用した。

## 5 他の手法との比較

予備実験の結果を元に、一般的に使われているGA(以下s-GAと記す)と染色体集団がある一定まで収束したときに突然変異確率をあげるという戦術である多様性を考慮したGA(以下d-GAと記す)との比較を行った。s-GAは動作が軽いので短時間で良い結果を出しやすく、d-GAは世代が進んでも解の改善が続きやすいという特徴を持つ。比較方法として、それぞれの手法の有用性を検証するための同世代数での比較と、実用的な時間で結果が出せるかを検証するための計算時間を限定した比較を行った。

また本実験では正方行列のサイズが44, 50, 56, 75, 100, 150, 200, 250の8種類の大きさのサイズで36個のデータを使用し、予備実験と同様にseed値5つについてデータをとり、その平均値を小数点以下を四捨五入したものを使用することとし、比較実験を行った。

表3と表4にサイズ44の小さなデータとサイズ150の大きなデータでの他の2つの手法との同世代数での比較した結果を示す。

表3 サイズ44の世代別比較

世代	1000	2000	3000
s-GA	146,315	146,574	146,664
d-GA	146,310	146,529	146,557
v-GA	146,243	146,250	146,257

表4 サイズ150の世代別比較

世代	1000	2000	3000
s-GA	70,136	71,937	72,491
d-GA	70,570	72,048	72,495
v-GA	72,507	72,847	73,046

サイズが44や50などの小さなデータではv-GAは他の手法よりも良い結果を求めることはほとんど出来なかった。1000世代以降は他の手法ほど解の改善がされず、他の手法よりも早い段階で収束が始まっていると考えられる。このことより早い段階で染色体集団が局所解に陥り、解の改善が行われる可能性がほとんど失われてしまったと考えられる。

サイズが150や200など大きなデータでは表4のようにウイルス感染を考慮したGAは早い段階から他の手法よりも良い結果を出し、その後も解の改善が続いている結果となった。サイズが56を超えるデータにおいて世代別の比較によってこのような結果が確認できたことから、他の2つの手法よりもウイルス進化論に基づくGAの方が優れた戦略であると言える。

次に表5と表6でサイズ44とサイズ150での他の2つの手法との同時間での結果を比較したものを示す。

表5 サイズ44の時間別比較

時間(秒)	60	300	600
s-GA	146,517	146,693	146,733
d-GA	144,487	146,533	146,604
v-GA	146,244	146,275	146,552

表6 サイズ150の時間別比較

時間(秒)	60	300	600
s-GA	56,425	68,245	70,867
d-GA	53,635	65,807	69,739
v-GA	62,922	71,697	72,720

時間別で比較した結果も世代別で比較をした結果と同じ傾向の結果が得られた。表5ではv-GAは60秒以降の改善がほとんどない。時間が進む程他の手法に差をつけられる同様の傾向が小さなデータ8種類のほぼ全てで確認できた。

サイズが大きいものについては他の手法よりも非常に良い結果を得ることができた。サイズが最も大きい250のデータではv-GAが他の2種の手法よりも1割以上も良い結果を出していた。

## 6 まとめ

Linear Ordering Problemにウイルス進化論に基づくGAを適用する場合は、ウイルス感染場所は染色体の先頭よりも末尾がよく、感染確率は高く設定した方が良い結果になった。また、データサイズが小さいものについては収束を起こしやすく、より良い解を求めることは難しいが、データサイズが大きいものに関しては他の遺伝アルゴリズムよりも最適解に近い値を求めることができると判明した。

## 参考文献

- [1] 鮭川矩義, 山本芳嗣, 張理遠, 線形順序付け問題に対するラグランジュ緩和と釘付けテスト, 日本オペレーションズ・リサーチ学会, 2011年秋季研究発表, No.2-D-2, 2011.
- [2] 田村謙次, 鳥居隆司, 武藤敦子, 中村剛士, 加藤昇平, 伊東英則, “ウイルス進化型遺伝的アルゴリズムにおける感染手法による個体進化の相違に関する一考察”, 日本知能情報フアジ学会誌, Vol.20, No.5, pp.791-799, 2008.
- [3] 棟朝雅晴, 遺伝アルゴリズム, 森北出版, 2008.
- [4] Linear Ordering Problem, <http://www.opticom.es/lolib/>, 2009.