

並列化遺伝的アルゴリズムによる最適構造設計

藪 忠 司・旭 広 貴*

Optimum Structural Design Using Parallel Genetic Algorithm

Tadashi SO and Hiroki ASAHI

(2000年11月30日受理)

Genetic Algorithm (GA) is widely used as a useful analysis method for complicated optimization problems. To obtain better results using this method, however, many models to be analyzed are generally needed, and it takes much time to compute them for many generations, even by the latest computer systems.

It will be one of the hopeful solutions for this subject to utilize a parallel computer having many processors for reducing computing time. But, the studies in this field have just begun, and more detailed researches are needed.

From this point of view, parallel GA is treated in our study aiming to clarify the basic characteristics of this method, by applying it to the optimum structural design of a truss structure.

This study is just the first stage for the parallel GA, however, and only the pseudo-parallel processes were carried out using one processor.

1. 緒 言

遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithm: 略して GA) は複雑な最適化問題に対する有用な解法として広く用いられている。しかしながら、この手法で精度の高い最適解を得ようとする、一般にランダムに発生させた多数の解析モデルに対して何世代もの計算を行う必要があり、計算時間がかかり過ぎるという難点がある。並列計算機を使って GA を並列化し、計算時間を短縮することはこの問題点に対する有効な解決策のひとつであると思われるが、この方面の研究は始まったばかりであり、更に詳細な研究が必要とされているのが現状であろう¹⁾。

本研究は並列化 GA の基本的な特性を明らかにすることを目的としたものであり、この手法をトラス構造物の最適設計問題に適用して、並列化 GA における各種パラメータの影響、手法の有効性について考察する。ただし本研究で実施したのは、並列化 GA 研究の第一段階としての、一つのプロセッサによる模擬的な並列解析である。

2. GA の概要

与えられた目的関数のある制約条件の下で最小にする最適化 (最小化) 問題に対して、現在までにさまざまな手法が提案されてきている。GA はそのような手法のうちの一つであり、生物進化の特徴を計算機上で実現したアルゴリズムであるといえる。

GA の手順については既に本誌第34号で紹介している²⁾が、改めてその手順を簡単に説明すると、次の通りである。

- 1) 遺伝子操作を加えやすくするために設計変数を二進数で表現し、これを設計変数の数だけつなぎ合わせたものを「染色体」という。また、二進数のそれぞれを「遺伝子」と呼ぶ。GA では乱数を利用して最適解の候補となる多数の染色体をまず発生させる。この染色体がそれぞれのモデル(「個体」と呼ばれる)の特性を表すことになる。
- 2) それぞれの個体の環境への適合度を適合関数の形で定量的に表現する。これが最小化すべき目的関数となる。
- 3) 適合度の大きさに応じて個体の「淘汰」、「再生産」を繰り返させて解の改良を図るとともに、生

* 秋田高専卒業生 (現: 東日本旅客鉄道株)

物進化と同様な「交叉」, 「突然変異」という遺伝子操作も行わせて解の多様化を図る。

GAはこのようにこれまでの最適化手法とは考え方が大きく異なっていて、以下に示す特徴を有している。

- 1) 遺伝子操作は設計変数を二進数にコード化した染色体を用いて行う。
- 2) 設計空間内の一点からの探索ではなく多数の点からの同時探索である。
- 3) 解の評価には目的関数値のみを用い、その微分値などを必要としない。
- 4) 確定的ではなく、確率的な計算手法である。

このような特徴からも明らかのように、GAは与えられた問題が数理的に明確に記述できない場合であっても解くことができ、また多数の点での同時探索法であることから、多峰性の問題に対しても全体の最適解か、それに近い解候補を見出すことができる³⁾といわれている。

次にGAにおける主要なプロセスである「淘汰と再生産」, 「交叉」, 「突然変異」について、本研究で採用した手法を紹介する。

2. 1 淘汰と再生産

各個体の適合度を計算し、適合度の低い個体を除去(淘汰)して、それを適合度の高い個体で置き換える(再生産)。これによって個体群全体における適合度を高くすることができる。

本研究では、「各世代において個体を適合度の高い順(後述する拡張目的関数値の小さい順)に並べ、下位にある全体の1/5の個体を上位1/5の個体で置き換える」という単純な方法で淘汰と再生産を行わせることとした。

2. 2 交 叉

個体の集団の中から二つの個体を任意に複数組選択し、それを交配させることによって親とは異なった個体を生成するのが交叉である。この操作により、適合度の低い個体同士からより適合度の高い個体が生まれる可能性が出てくる。交叉法にはいろいろなタイプがある⁴⁾が、本研究では「ランダムに選んだ二つの個体I, IIの染色体上で交叉点“|”をランダム

に一箇所選び、交叉点以降をそっくり交換して新しい個体I', II'を生成する」一点交叉を用いることとした。これを予め定めた交叉率だけ繰り返して行う。図1に一点交叉の例を示す。

2. 3 突然変異

「突然変異」とは偶発的な染色体の組み替えのことである。すなわち、全ての遺伝子配列の中から突然変異させる箇所をランダムに抽出し、この突然変異点の値を反転(0→1, 1→0)させる。これを定められた突然変異率だけ繰り返す。これにより交叉だけでは生成できない新しい個体を生成して個体群の多様性を図ることができる。ただ突然変異をあまり頻繁に起こすと、全体のバランスが崩れてしまうことになりかねないので、突然変異率は低くするのが一般的である。

3. GAによる最適構造設計

本研究では解析手法として有限要素法を、最適化手法として並列化GAを用い、それらを組み合わせ、二次元トラスモデルの形状最適化(体積最小化)を行う。

GAを適用するに際して、表に現れたモデルの特質(「表現型」といわれる)を染色体構造(「遺伝子型」と表現される)に変換する過程が重要であるが、本研究で対象とした二次元トラスモデルの場合、「表現型」はモデル内における各トラス部材の断面積分分布を意味している。

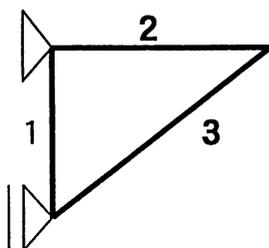
図2の3部材トラスを例にとり、「表現型」を「遺伝子型」に変換する方法を説明すると、各要素の断面積を要素番号順に並べ、それを二進数で表して繋ぎ合わせたものがこのトラス構造の一つの染色体であり、これが「遺伝子型」ということになる。

お互いに遺伝子構造(断面積分布)が異なるこのような染色体が予め定められた個体数だけ存在し、それらが一つの世代の個体集合を形成する。「遺伝子型」を「表現型」に戻すには、染色体を各設計変数に対応する二進数に分離し、そのそれぞれを十進数に戻せばよいことになる。

このような染色体を有する各個体に対して有限要素解析を行い、例えば応力制約条件下でモデル体積を最小化する問題の場合、応力の制約値 σ_c と解析で得られた個体 j の第 i 部材の応力 σ_{ji} ($i=1, \dots, n$)、およびモデル体積 V_j を用いて次のような適合関数(拡張目的関数) f_j の値を個体毎に計算する。こ

二進数		十進数	⇒	二進数		十進数								
1	1	1		0	0	28	⇒	1	1	1		1	1	31
1	0	0		1	1	19		1	0	0		0	0	16

図1 一点交叉の例



要素番号	1	2	3
断面積	5	7	10
断面積の2進化	0101	0111	1010
染色体	010101111010		

図2 3部材トラスにおける染色体

ここで、 n は応力評価点の数である。

$$f_j = V_j + \sum_{i=1}^n [\max \{(\sigma_{ji} - \sigma_c), 0\} \times P] \quad (1)$$

この式は発生応力値が制約値を下回っているときは、適合関数 f_j の値はモデル体積 V_j に等しいが、制約値を上回ると、上回った量に比例してペナルティを課すことを意味している。 P はペナルティの大きさをコントロールするパラメータであり、この値を大きくし過ぎると許容領域を少しはずれた重要な解候補を見落とす可能性があり、また小さくし過ぎると制約条件を破った解が選ばれる可能性がある。

4. 並列化 GA

4.1 並列化 GA の概要

上述したように GA による計算量は膨大であり、特に大規模な問題を解く場合には計算時間がかかり過ぎるという問題点がある。並列処理を行うことによって解析時間を短縮することは、この問題に対する解決策のひとつといえるであろう。

GA の並列化には、全体の個体集団中で個体を並列処理する方法と、複数の個体集団を作ってそれぞれに並列処理を行う方法とがある¹⁾が、本研究では「島モデル」と呼ばれる後者の方法を用いた。

本研究で行ったのは 1 プロセッサによる模倣的な並列処理であるが、島モデルにおいては、通常プロセッサ数と同数の「島」を考える。そして、島毎に個体を発生させて独立に進化させ、適当な頻度と割合で島間の個体群の交換（移住）を行わせる。この手法では複数個に分けた各島内での遺伝操作を平行して行わせることができるため、計算時間の短縮効果が大きいことが期待できる。

GA を並列化することによって、新たに生じる主なパラメータは次の通りである。

- 1) 島の数
- 2) 移住させる割合
- 3) 移住させる頻度
- 4) 島内の個体数

本研究では島モデルをトラス構造物の体積最小化問題に適用して、これらのパラメータが最適解の探索に与える影響を検討した。

4.2 本研究で用いた並列化 GA

本研究で用いた並列化 GA の特徴を列記すると以下の通りである。

- 1) 全個体数を一定（600あるいは200）とし、これを島数で分割して各島の個体数とした。
- 2) 各島内での交叉は単純な一点交叉とし、交叉率を 0.3 とした。
- 3) 突然変異率は 0.01、世代数は 100 に固定した。
- 4) 移住は各島がリング状に連結されていると考えて、隣りの島へ順次移住する方式とした。移住の際には島の個体数に移住率を乗じた数の個体数をランダムに選択し、一定の世代交代毎に一斉に移住させた。
- 5) ただし、各島において最大適合度を持つ個体（エリート個体）は移住対象から外し、必ずその島に残すとともに、各島内での遺伝操作においてもエリート個体は必ず次世代に残すこととした。

5. 並列化 GA による最適構造設計と考察

5.1 解析モデル

並列化 GA の最適化手法としての特徴を考察するために、図 3 に示す 9 部材平面トラス構造物の体積最小化問題を解析した。

初期形状（基準モデル）は縦・横トラス部材の長さが 200 mm で断面積一定（10 mm²）のモデルであり、体積は 19660 mm³ である。ヤング率を 100 GPa とし、このトラスに荷重 $W = -1000$ N を作用させて解析を行い、その結果得られた最大軸応力 200 MPa を、最適化過程における応力の制約値とする。

なお、本来の目的関数はモデル体積であり、これに制約条件に関するペナルティ項を組み込んだ拡張目的関数(1)式が、本研究における適合関数となる。設計変数である各部材の断面積を 1, 2, ..., 15 mm² の 15 段階に変化させて、上記応力制約条件下での体積の最小化を目指す。

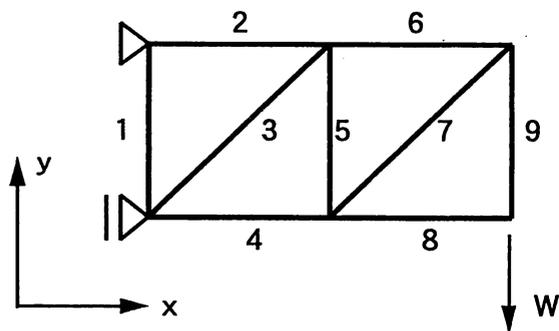


図3 9部材トラスモデル

5.2 最適化後の部材断面積と部材応力

並列化GAおよび通常のGA（並列化GAで島数=1の場合に対応）で得られたトラスの最終断面積と部材応力の値は、いずれの条件の場合も同じ最終値になった。これらは

- ・部材の断面積は整数値をとる
- ・ペナルティパラメータの値が100であって、やや緩い

という条件のもとで到達し得るもっとも真の最適解に近い解であったと思われる。このときの値を基準モデルの値と比較して、表1に示す。なお、部材番号は図3のトラスの部材番号と同じである。

部材8は余剰部材であるため、その断面積は最小レベルとした1mm²まで減り、それでも応力値は0となっているが、この部材以外の各トラス部材の応力値（絶対値で表示）はおおむね制約値に一致しており、ほぼ最適な断面積分布となっていることがわかる。要素3と要素7では応力値が制約値200MPaを若干上回っているが、これは断面積に整数値を使用したことに起因している。すなわち、ペナルティパラメータをP=100という比較的小さい値に設定したため、断面積を1mm²増やすことによるモデル体積の増加よりも制約条件を破ることによるペナルティ量の方が小さく、その結果として表のような最終解に落ち着いたものである。

表1 最適化前後のトラス断面積と部材応力の比較

◆基準モデル									
部材番号	1	2	3	4	5	6	7	8	9
断面積 (mm ²)	10	10	10	10	10	10	10	10	10
応力 (MPa)	100	200	141	100	100	100	141	0	100
体積 (mm ³)	19660								
◆最適化されたモデル									
部材番号	1	2	3	4	5	6	7	8	9
断面積 (mm ²)	5	10	7	5	5	5	7	1	5
応力 (MPa)	200	200	202	200	200	200	202	0	200
体積 (mm ³)	11160								

最適化されたあとのトラス構造の体積はいずれも11160mm³であった。基準としたモデルの体積は19660mm³であるから、43%の体積減少が図られたことになる。

なお、ペナルティパラメータの値を200以上に増やして最適化をおこなうと、要素3と7の断面積が1mm²増えて応力値は177MPaに低下し、すべての要素の応力が制約値以下におさまった。しかしながら、体積は11730mm³となり、上記値よりも5%程度増加した。

5.3 各パラメータの影響

前節で述べたように、本研究で得られたトラスの最終形状は極めて満足すべきものであった。そこで、以下では主に「収束早さ」に注目して各パラメータの影響を比較・検討することにする。

ただし、ここでは「収束」とは「各島のエリート個体の体積が揃い、それ以上変化しなくなる」状態を指すことにする。

変化させたパラメータは

- ・島数（したがって、各島の個体数）
- ・移住率（移住させる個体数/島内の個体数）
- ・移住間隔

であり、変化させた範囲をまとめて表2に示す。なお、染色体長さと交叉確率、突然変異率は一定とし、これらはそれぞれ4ビット、30%、1%とした。

これらのパラメータを組み合わせで行った多数回の最適化解析のうち、代表的なものを図4、5に示す。図4、図5はそれぞれ個体総数が600と200の場合であり、移住率が0.2と0.4の場合について、島数と移住間隔を変化させ、収束するまでの世代数（遺伝的操作の繰り返し回数）を比較したものである。なお、図中の島数1の結果は並列化を行わない通常のGAを用いて最適化した場合である。

これらのグラフから得られる特徴点を取りまとめ

表2 変化させたパラメータの範囲

個体総数	島数	個体数	個体総数	島数	個体数	
200	1	200	600	1	600	
	2	100		2	300	
	4	50		4	150	
	5	40		8	75	
	8	25		10	60	
	10	20		20	30	
移住率		0.1	0.2	0.3	0.4	0.5
移住間隔		1	3	5	7	

て列記すると以下の通りである。

- 1) 特筆すべき点は、図4（個体総数600）の移住率0.4の場合、並列化GAの方が通常のGAより収束が早くなるケースがあるということである。この傾向は島数が8までの範囲で認められる。これらの場合、各島の個体数は並列化しない場合に比べて数分の1に減少しているため、島数と同数のプロセッサを用いて並列処理を行えば、大幅な計算時間短縮が期待できるであろう。
- 2) 個体総数が600でも移住率が0.2の場合や、個体総数が200の場合（図5）にはこのような傾向は見られないが、収束までの世代数がそれほど増加するわけではないので、これらの場合でも並列化により、計算時間は短縮できるであろう。
- 3) 全体として、移住間隔が短いほど早く収束し、移住間隔が長いほど収束が遅くなっている。これは移住間隔が短いほど隣の島との遺伝子の交換が頻繁に行われるわけであり、その結果として最適解に到達する機会が増えるためであろう。
- 4) 島数が増加すると、一般に収束するまでの世代数が増加する傾向がある。本研究の場合、個体総数を一定にしているため、「島数が増える」ということは「ひとつの島あたりの個体数が減る」ということを意味しており、後者の方の影響がむしろ大きいといえるかも知れない。このことは島数が8の場合の図4（個体総数600）と図5（個体総数200）を比較すると、図4の収束世代数の方がむしろ少なくなっていることからうかがうことができる。収束を早めるうえで、ひとつの島あたりの個体数を減らし過ぎるのはマイナス要因であろう。

- 5) 同じ図内で移住率の大きさによる収束性の比較を行うと、全体として移住率が0.4の方が0.2の場合よりも収束性がよいといえるであろう。図4、5には移住率が0.2と0.4の場合しか示されていないが、他の解析結果も含めて比較した場合、移住率が低すぎると収束性が悪く、移住率0.4のときに収束性がもっとも高くなるという傾向が得られた。

今回のパラメータ解析において得られた主な結果は以上のものであった。小規模な、しかもただ一例のモデルから得た結果であるに過ぎないが、「パラメータの選び方によっては並列化で大きな効果が得られそうである」ということを確認できたのは大きな成果であると考えている。

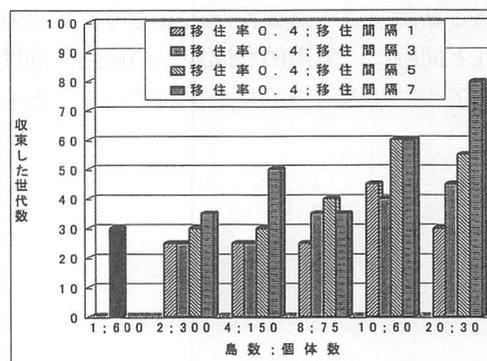
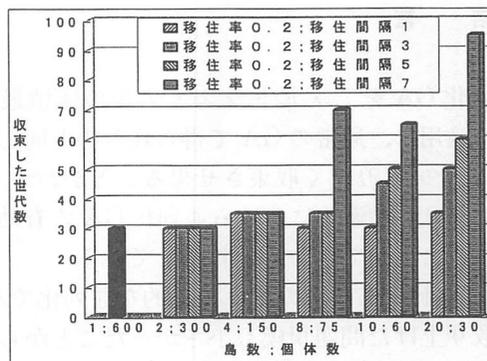


図4 解析結果例（個体総数600の場合）

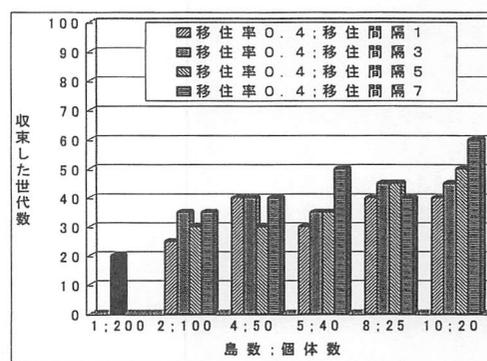
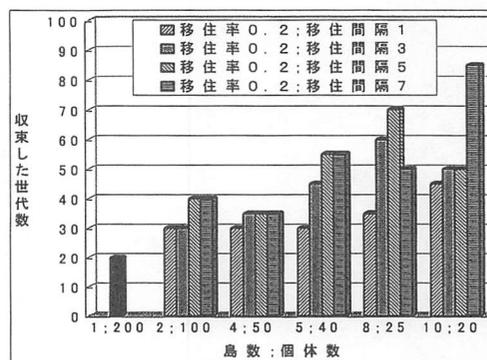


図5 解析結果例（個体総数200の場合）

7. 結 言

並列化 GA を二次元トラスモデルの体積最小化問題に適用し、通常の GA で得られるのと同じ精度を保ちつつ、より早く収束させ得ることがわかった。これにより、最適化における並列化 GA の有効性を確認することができた、と判断している。

ただ、本研究で行ったのは模擬的な並列化であり、また取り上げた問題規模も小さかったことから、今後はより規模の大きな解析を繰り返し行って、汎用性のある結論を導く必要があると考えている。

それと同時に、実際的な問題への適用に向けて、並列化アルゴリズムの改良を重ねていくことも必要

であろう。

文 献

- 1) 谷上克己・中村康範・三木光範, 日本機械学会講演論文集, No. 984-1, 8-25 (1998. 03).
- 2) 藪 忠司・武田稔也, 秋田工業高等専門学校紀要, 第34号, 92 (1998).
- 3) 尾田十八, 日本機械学会講習会「新しい最適化手法とその応用」教材 No. 930-59, 57 (1993).
- 4) 例えば坂和正敏・田中雅博, 「遺伝的アルゴリズム」, 朝倉書店, 25 (1995).