

区間係数を伴う整数計画問題の遺伝的アルゴリズムによる一解法

玄 光男 横田 孝雄

足利工業大学 経営工学科

1 はじめに

工業製品の競争力の大きな要素の一つに、信頼性を含めた製品の品質保証がある。この品質の保証とは、企画・設計者の決定した製品の精度、即ち、許容値の範囲内で要求された機能を得ることである。このことは、必然的に部品の信頼度などにも許容値が存在することを示している。

そこで、従来、製品の信頼性を検討する場合、その信頼度を確定値として取り扱ってきたが、これを信頼区間として評価することは、現実的なシステム信頼性の最適設計において要求されることである。

区間の考え方は、確定値では補ないきれない状況のあいまいさを含むものであり、状況のあいまいさを区間として表した区間係数を持つ数理計画モデルを定式化する試みが、最近、数多くなされている [1]-[5]。特に、石淵らは、線形計画問題の目的関数の係数に区間を導入した区間 0-1 計画問題を定式化し、最大化問題と最小化問題のそれぞれに応じた区間の間で順序関係を導入し、制約条件の係数および右辺定数にも区間を導入した問題を解析している [2]。

他方、確率的探索法である遺伝的アルゴリズム (GA) が、組合せ最適化問題の有効な解法の一つとして注目されており [6]-[11]、最近、故障モードを伴うシステム信頼性最適化問題 [12]、[13] などの信頼性最適化問題にも適用されている。

本研究では、この区間係数を伴う非線形整数計画問題として定式化されるシステム信頼性設計の最適化問題を、さらに区間係数を伴わない 2 目的の非線形整数計画問題に変換して、同問題を改良 GA により、非線形目的関数を線形化することなく、すなわち非線形目的関数のまま解く手法を提案する。これにより、決定変数の増加も少なく、容易に最良解を求めることができる。ここで提案する改良 GA は実行可能領域に含まれない染色体に対し、実行不可能な染色体の情報を評価関数に取り込むことで、探索効率を向上できるものである。また、信頼度を区間として評価することは、意思決定者の意思が定量的にシステム信頼性設計に反映できる。さらに、数値実験によってその有効性を検討する。

2 区間係数を伴うシステム信頼性の最適設計問題

従来、確定値として与えられていた目的関数や制約条件の各係数、すなわち、信頼度、コスト、重量などは、経済的変動、技術革新、利用環境などを考慮すると区間データとして扱う必要性がある。

本稿では、区間数を大文字 A, B, \dots で表し、また実数を小文字 a, b, \dots で表す。さらに、区間数 A の左端を a^L 、右端を a^R とすると、 A は次のように表される (図 1 参照)。

$$A = [a^L, a^R] = \{x | a^L \leq x \leq a^R\}$$

ここで、 a^C は区間数 A の中心であり、次式で表される。

$$a^C = (a^L + a^R)/2$$

任意の 2 つの区間数 $A = [a^L, a^R]$ 、 $B = [b^L, b^R]$ に対して、その和と差は次のように定義される。

$$A + B = [a^L + b^L, a^R + b^R]$$

$$A - B = [a^R - b^L, a^L - b^R]$$

さらに、任意の区間 $A = [a^L, a^R]$ と任意の実数 k に対して、次式が成り立つ。

$$kA = Ak = [ka^L, ka^R], \text{ for } k \geq 0$$

$$= [ka^R, ka^L], \text{ for } k < 0$$

この区間数を導入することにより、係数のあいまいさを区間によって表したシステム信頼性の最適設計問題は、次のような n 個の線形な区間制約条件のもとで、非線形な区間信頼度関数を最大にする、いわゆる区間係数を伴う非線形整数計画 (NIP-I) 問題として定式化される。

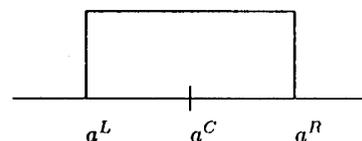


図 1: 区間の中心 a^C 、左端 a^L と右端 a^R

NIP-I:

$$\max R(m, \alpha) = \prod_{t=1}^T \{1 - (1 - R_{t\alpha_t})^{m_t}\} \quad (1)$$

$$\text{s. t. } G_i(m, \alpha) = \sum_{t=1}^T A_{it\alpha_t} m_t \leq B_i, \quad (2)$$

$$i = 1, \dots, n$$

$$m_t \geq 0 : \text{integer}, t = 1, \dots, T$$

$$1 \leq \alpha_t \leq \beta_t : \text{integer}, t = 1, \dots, T \quad (3)$$

ここで、 T はサブシステム数、 m_t 、 α_t と β_t はサブシステム t の冗長ユニット数、設計案とその最大案である。また、 $A_{it\alpha_t}$ および B_i はそれぞれサブシステム t で設計案 α_t を採用したときの資源 i の区間係数、および区間資源量を表す各係数の区間表示であり、それぞれ $A_{it\alpha_t} = [a_{it\alpha_t}^L, a_{it\alpha_t}^R]$ 、および $B_i = [b_i^L, b_i^R]$ である。

3 2 目的の非線形整数計画問題への変換

区間係数を伴う非線形整数計画問題を直接に解くことは、一般には困難であるので、区間係数を伴わない計画問題に変換する必要性がある。

いま、システム信頼度関数 (1) の両辺の対数を取ると、次のようになる。

$$\begin{aligned} Z(m, \alpha) &\equiv \ln R(m, \alpha) \\ &= \sum_{t=1}^T D_{t\alpha_t} \end{aligned} \quad (4)$$

ここで、 $D_{t\alpha_t}$ は目的関数の区間係数で、次式で表される。

$$\begin{aligned} D_{t\alpha_t} &= \ln\{1 - (1 - R_{t\alpha_t})^{m_t}\} \\ &\equiv [d_{t\alpha_t}^L(m_t), d_{t\alpha_t}^R(m_t)] \end{aligned} \quad (5)$$

また、 $D_{t\alpha_t}$ の左・右端は次式で表される。

$$d_{t\alpha_t}^L(m_t) = \ln\{1 - (1 - r_{t\alpha_t}^L)^{m_t}\} \quad (6)$$

$$d_{t\alpha_t}^R(m_t) = \ln\{1 - (1 - r_{t\alpha_t}^R)^{m_t}\} \quad (7)$$

石淵ら [1],[2] によって提案された区間係数とその実行領域の定義および区間順序関係に従う区間最大化/最小化問題は、区間の中心 $z(m, \alpha)^C$ と右端 $z(m, \alpha)^R$ / 左端 $z(m, \alpha)^L$ を最大化/最小化する問題に帰着される。また、区間係数を伴う非線形整数計画 (NIP-I) 問題は、中原ら [3] の定理 1,2 から対数関数の単調増加性により、区間の不等式の成立つ度合い h_i ($0 \leq h_i \leq 1, i=1, \dots, n$) を与えると、区間係数を伴わない 2 目的非線形整数計画 (2NIP) 問題に変換される。

したがって、NIP-I は次のような区間係数を伴わない 2 目的非線形整数計画問題に再定式化される。

2NIP:

$$\max z(m, \alpha)^L = \sum_{t=1}^T d_{t\alpha_t}^L(m_t) \quad (8)$$

$$\max z(m, \alpha)^C = \sum_{t=1}^T \{d_{t\alpha_t}^L(m_t) + d_{t\alpha_t}^R(m_t)\} / 2 \quad (9)$$

$$\text{s. t. } g_i(m, \alpha) = \sum_{t=1}^T a_{it\alpha_t} m_t \leq b_i, \quad (10)$$

$$i = 1, \dots, n$$

$$m_t \geq 0 : \text{integer}, t = 1, \dots, T$$

$$1 \leq \alpha_t \leq \beta_t : \text{integer}, t = 1, \dots, T$$

ここで、目的関数や制約条件の各係数は、次のとおりである。

$$a_{it\alpha_t} \equiv h_i a_{it\alpha_t}^R + (1 - h_i) a_{it\alpha_t}^L$$

$$b_i \equiv (1 - h_i) b_i^R + h_i b_i^L$$

4 遺伝的アルゴリズムによる解法

4.1 遺伝子表現

サブシステム t での設計案 $v_{kt}^{(\sigma)}$ と冗長ユニット数 $v_{kt}^{(m)}$ の 2 種類の変数からなる t 番目の遺伝子を v_{kt} と表現する。また、 T 個からなる遺伝子の集合を一つの染色体 V_k ($k = 1, \dots, \text{pop-size}$) とし、さらに pop-size 個からなる染色体集団を考える。ここで、 pop-size は集団サイズである。

$$v_{kt} = (v_{kt}^{(\sigma)}, v_{kt}^{(m)}) \quad (11)$$

$$V_k = [v_{k1}, v_{k2}, \dots, v_{kT}] \quad (12)$$

4.2 評価関数

4.2.1 従来 GA の評価関数

従来 GA では、システム制約条件を満たさない染色体の評価関数にはペナルティー M を付加する。

$$\text{eval}(V_k) = \begin{cases} w z(m, \alpha)^L + (1 - w) z(m, \alpha)^C; \\ \quad g_i(m, \alpha) \leq b_i, i = 1, \dots, n \\ -M; \text{ otherwise} \end{cases} \quad (13)$$

ここで、 M は正の大きな数であり、また w は重みである ($0 \leq w \leq 1$)。この定義では、解の探索は実行可能領域内での探索であり、実行可能領域が比較的広い小規模な問題ではそれほど問題とはならないが、対象となる問題が大規模な場合には、その実行可能領域が非常に狭いことが多く、解が整数値をとることと併せて、生成された染色体のほとんどが実行不可能な解、すなわち、すべての制約条件を満たさないことになり、良い染色体を生成できないため、探索効率が悪くなる問題点を含んでいる。

4.2.2 改良GAの評価関数

上記の問題点を改善した改良GA [13] が、横田らによって提案されている。これは、制約条件 $i(i=1, \dots, n)$ に対して、次のような尺度

$$d_i = \begin{cases} 0; & g_i(m, \alpha) \leq b_i \\ (g_i(m, \alpha) - b_i)/b_i; & \text{otherwise} \end{cases}$$

を用いる。ここで、 d_i は、 i 番目の制約条件式の左辺が右辺に対して、制約式を満たさない度合いを示す尺度である。これを用いて、評価関数を次のように定義する。

$$eval(V_k) = z_T(m, \alpha) \left(1 - \left(\sum_{i \in I_c} d_i\right)/n_c\right) \quad (14)$$

ここで、各関数と係数は、次式で表される。

$$z_T(m, \alpha) = w z(m, \alpha)^L + (1-w) z(m, \alpha)^C \\ I_c = \{i | g_i(m, \alpha) > b_i, i = 1, 2\}$$

この改良GAは、比較的に実行可能領域に近い実行不可能な染色体の情報を評価関数に取り込むことで、染色体選択の有効性を反映させ、探索効率を向上したのである。

次式により評価関数値が大きい染色体 V^* を求める。

$$V^* = \operatorname{argmax}_{V_k} \{eval(V_k) | k = 1, \dots, pop_size\} \quad (15)$$

$$maxeval = \max \{eval(V_k) | k = 1, \dots, pop_size\} \quad (16)$$

ここで、 argmax の arg は $\operatorname{argument}$ の省略形である。

4.3 計算法

改良GAによって非線形整数計画問題を解く手順を以下に示す。

ステップ1：各種パラメータの設定

集団サイズ pop_size 、交叉の起こる確率 p_C 、突然変異の起こる確率 p_M 、最大世代数 $maxgen$ 、世代数 $gen = 0$ 、初期の評価関数値 $maxeval = 0$ 、さらに、区間不等式の成立つ度合い $h_i(i=1, \dots, n)$ を設定する。

ステップ2：初期の染色体集団の作成

T 個の要素をもつ初期染色体集団

$$V_k = [(v_{k1}^{(\alpha)}, v_{k1}^{(m)}), \dots, (v_{kT}^{(\alpha)}, v_{kT}^{(m)})] \\ k = 1, 2, \dots, pop_size$$

を、次の条件を満足する範囲でランダムに生成する。

$$g_i(m, \alpha) \leq b_i, \quad i = 1, \dots, n \\ 1 \leq m_t \leq m_t^U, \quad t = 1, \dots, T \\ 1 \leq \alpha_t \leq \beta_t, \quad t = 1, \dots, T \quad (17)$$

ここで、 m_t^U は次式で示される。

$$m_t^U = \min_i \left\{ \frac{b_i}{a_{it}^*} \mid i = 1, \dots, n \right\} \\ t = 1, \dots, T$$

$$a_{it}^* = \max_{\alpha_t} \{a_{i\alpha_t} \mid \alpha_t = 1, \dots, \beta_t\} \\ i = 1, \dots, n \quad t = 1, \dots, T$$

これらの制約条件式を満たす染色体が見つからない場合は、実行可能解が存在しないものとして終了する。

ステップ3：評価関数の計算

$gen = gen + 1$ とおき、各染色体に対する評価関数 $eval(V_k)$ を式 (14) で計算する。

ステップ4：遺伝的操作

(1) 交叉

交叉によって生成した染色体の数 $ccnt = 0$ とする。[0,1] の乱数表 $r_k(k=1, 2, \dots, pop_size)$ を作成する。

$r_k < p_C$ になるように V_k を選択する。選択された V_k をペアにし、 $ccnt = ccnt + 2$ とする。交叉を行う要素 pos をランダムに決め、それに対応する要素を交換する。新しく生成した染色体をそれぞれ V'_{ccnt-1}, V'_{ccnt} とする。

(2) 突然変異

突然変異によって生成された染色体の数 $mcnt = 0$ とする。[0,1] の乱数表 $r_k(k=1, 2, \dots, pop_size + n * ccnt)$ を作成する。

$r_k < p_M$ となる要素を選択し、 $mcnt = mcnt + 1$ とする。ただし、同じ染色体内での突然変異の場合には $mcnt$ は増加しない。選択された要素を式 (17) より、

$$1 \leq m_t \leq m_t^U, \quad 1 \leq \alpha_t \leq \beta_t$$

の範囲でランダムに選び、入れ換える。新しく生成された染色体を $V_{ccnt+mcnt}$ とする。

(3) 選択 (エリート選択法)

新しく生成した染色体の評価関数 $eval(V'_l)(l=1, 2, \dots, ccnt + mcnt)$ を計算する。親の染色体 V_k と新しく生成した染色体 V'_l の中から適合度の高い順に pop_size の数だけ選択し、次の世代の V_k とする。ただし、同じ構造の染色体は選ばない。

ステップ5：最良値および信頼区間の計算

式 (15) より集団中の最良値 V^* を求め、そのときの信頼区間、及び評価関数を計算し、それぞれの値を保存する。

$$R(m^*, \alpha^*) = [r(m^*, \alpha^*)^L, r(m^*, \alpha^*)^R] \\ eval(V^*) = z_T(m^*, \alpha^*) \left(1 - \left(\sum_{i \in I_c} d_i\right)/n_c\right) \quad (18)$$

ここで、信頼度の確定値 $r(m^*, \alpha^*)^C$ 及び下限/上限信頼度は次式で求められる。

$$r(m^*, \alpha^*)^L = \exp\left\{\sum_{t=1}^T d_{t\alpha_t}(m_t^*)^L\right\} \quad (19)$$

$$r(m^*, \alpha^*)^R = \exp\left\{\sum_{t=1}^T d_{t\alpha_t}(m_t^*)^R\right\} \quad (20)$$

$$r(m^*, \alpha^*)^C = (r(m^*, \alpha^*)^L + r(m^*, \alpha^*)^R)/2 \quad (21)$$

ステップ6：終了条件の判定

$gen < maxgen$ ならば、ステップ3へもどる。
 $gen = maxgen$ ならば、 $maxeval$ を出力して、終了する。

$$\begin{aligned} m_1^U &= 34, & m_2^U &= 17, & m_3^U &= 24 \\ m_4^U &= 28, & m_5^U &= 42, & m_6^U &= 34 \\ m_7^U &= 18, & m_8^U &= 21, & m_9^U &= 18 \\ m_{10}^U &= 26, & m_{11}^U &= 26, & m_{12}^U &= 24 \\ m_{13}^U &= 28, & m_{14}^U &= 18 \\ 1 \leq \alpha_t \leq \beta_t, & t = 1, 2, \dots, 14 \end{aligned}$$

5 数値実験例

ここでは、区間データを伴うシステム信頼性設計の最適化問題例として、14個のサブシステムから構成され、各サブシステムでは3から4種類の設計案の状況を考えると、次に示すような2種類の線形な区間制約条件のもとで、非線形な区間信頼度関数を最大にする非線形整数計画問題が定式化される。

$$\begin{aligned} \max \quad & R(\mathbf{m}, \boldsymbol{\alpha}) = \prod_{t=1}^{14} \{1 - (1 - R_{t\alpha_t})^{m_t}\} \\ \text{s. t.} \quad & G_1(\mathbf{m}, \boldsymbol{\alpha}) = \sum_{t=1}^{14} C_{t\alpha_t} m_t \leq C_Q \\ & G_2(\mathbf{m}, \boldsymbol{\alpha}) = \sum_{t=1}^{14} W_{t\alpha_t} m_t \leq W_Q \\ & m_t \geq 0 : \text{integer}, t = 1, \dots, 14 \\ & 1 \leq \alpha_t \leq \beta_t : \text{integer}, t = 1, \dots, 14 \\ & \beta_t = 3, t \in \{2, 4, 5, 7, 8, 10, 11, 13\} \\ & \beta_t = 4, t \in \{1, 3, 6, 9, 12, 14\} \end{aligned}$$

ここで、 $R_{t\alpha_t}$ 、 $C_{t\alpha_t}$ および $W_{t\alpha_t}$ はそれぞれサブシステム t で設計案 α_t を採用したときの信頼度、コストおよび重量を表す各係数の区間表示であり、それぞれ $R_{t\alpha_t} = [r_{t\alpha_t}^L, r_{t\alpha_t}^R]$ 、 $C_{t\alpha_t} = [c_{t\alpha_t}^L, c_{t\alpha_t}^R]$ 、 $W_{t\alpha_t} = [w_{t\alpha_t}^L, w_{t\alpha_t}^R]$ で表される。さらに、 C_Q と W_Q はそれぞれ各システム制約の右辺区間定数 $[c_Q^L, c_Q^R]$ と $[w_Q^L, w_Q^R]$ である。これらの各区間データを表1に示す。

まず、この区間データを伴うシステム信頼性の最適設計問題を、区間係数を伴わない2目的の非線形整数計画問題に変換し、これを提案する改良GAにより解き、最適な各サブシステムの冗長ユニット数と設計案の組合せと、そのときの下限/上限信頼度を求める。以下にこの概要を紹介する。

ステップ1：パラメータの設定

集団サイズ $pop_size = 30$ 、交叉確率 $p_C = 0.02$ 、突然変異確率 $p_M = 0.2$ 、最大世代数 $maxgen = 1000$ 、世代数 = 0、初期評価関数値 $maxeval = 0$ 、さらに、区間不等式の成立つ度合い $h_1 = 0.8$ 、 $h_2 = 0.9$ 、重み $w = 0.1$ とする。

ステップ2：初期の染色体集団の作成

T 個の遺伝子をもつ初期の染色体集団として、制約条件式(3),(10)

$$\begin{aligned} g_1(\mathbf{m}, \boldsymbol{\alpha}) &\leq b_1 \\ g_2(\mathbf{m}, \boldsymbol{\alpha}) &\leq b_2 \end{aligned}$$

を満足するような染色体 $V_k = [(v_{k1}^{(\alpha)}, v_{k1}^{(\beta)}), \dots, (v_{kT}^{(\alpha)}, v_{kT}^{(\beta)})]$ をランダムに生成する ($k=1, 2, \dots, pop_size$)。これらの制約条件式を満たす染色体が見つからない場合は、実行可能解が存在しないものとして終了する。

The initialize population is:

$$\begin{aligned} V_1 &= [(1, 10)(1, 5)(3, 1)(1, 4)(3, 9)(2, 14)(3, 1) \\ &\quad (3, 1)(1, 9)(1, 2)(1, 1)(3, 2)(3, 3)(4, 3)] \\ V_2 &= [(4, 6)(1, 5)(2, 1)(2, 7)(3, 2)(4, 6)(2, 3) \\ &\quad (3, 2)(1, 12)(1, 3)(3, 3)(3, 4)(3, 2)(3, 5)] \\ V_3 &= [(1, 7)(3, 2)(2, 3)(2, 3)(3, 4)(1, 13)(2, 2) \\ &\quad (3, 3)(2, 3)(2, 3)(3, 2)(4, 15)(2, 3)(2, 12)] \\ V_4 &= [(1, 8)(3, 3)(3, 3)(2, 3)(2, 16)(4, 4)(3, 1) \\ &\quad (2, 2)(1, 7)(3, 5)(2, 2)(3, 3)(1, 1)(2, 15)] \\ &\quad \dots \\ V_{29} &= [(1, 1)(1, 4)(2, 4)(2, 1)(1, 3)(4, 4)(1, 3) \\ &\quad (3, 3)(1, 1)(2, 4)(2, 5)(1, 4)(3, 2)(1, 7)] \\ V_{30} &= [(1, 3)(3, 1)(4, 1)(1, 1)(2, 1)(1, 1)(3, 5) \\ &\quad (3, 4)(2, 11)(3, 3)(3, 2)(4, 3)(3, 2)(3, 2)] \end{aligned}$$

ステップ3：評価関数の計算

世代数を $gen = gen + 1$ とおき、染色体の適合度を各評価関数 $eval(V_k)$ により求める。

Generation:1

$$\begin{aligned} eval(V_1) &= 0.668479, & eval(V_2) &= 0.880897 \\ eval(V_3) &= 0.954258, & eval(V_4) &= 0.895786 \\ &\dots \\ eval(V_{29}) &= 0.755546, & eval(V_{30}) &= 0.605648 \end{aligned}$$

ステップ4：遺伝的操作

(1) 交叉:

$[0, 1]$ の乱数表 $r_k (k = 1, 2, \dots, pop_size)$ を作成する。

sequence of random numbers

0.395795	0.367382	0.762810	0.748222
0.247322	0.241829	0.719535	0.965178
0.776452	0.728477	0.432478	0.079257
0.150029	0.300821	0.324686	0.032929
0.738762	0.403699	0.195166	0.515183
0.162847	0.941740	0.429579	0.697104
0.097842	0.035585	0.392773	0.594836
0.308329	0.889645		

表 1: システム信頼性の最適化問題の区間係数表

サブシステム t	設計案					
	1			2		
	$[r_{t1}^L, r_{t1}^R]$	$[c_{t1}^L, c_{t1}^R]$	$[w_{t1}^L, w_{t1}^R]$	$[r_{t2}^L, r_{t2}^R]$	$[c_{t2}^L, c_{t2}^R]$	$[w_{t2}^L, w_{t2}^R]$
1	[0.85, 0.95]	[0.8, 1.2]	[2, 4]	[0.90, 0.96]	[0.8, 1.2]	[3, 5]
2	[0.93, 0.98]	[1.5, 2.5]	[7, 9]	[0.91, 0.97]	[0.9, 1.1]	[8, 12]
3	[0.84, 0.86]	[1.4, 2.6]	[5, 9]	[0.86, 0.94]	[2.2, 3.8]	[4, 6]
4	[0.80, 0.86]	[2, 4]	[4, 6]	[0.85, 0.89]	[3, 5]	[5, 7]
5	[0.90, 0.98]	[1, 3]	[3, 5]	[0.89, 0.99]	[0.8, 3.2]	[2, 4]
6	[0.99, 0.99]	[2, 4]	[4, 6]	[0.97, 0.99]	[2, 4]	[3, 5]
7	[0.85, 0.97]	[3, 5]	[5, 9]	[0.86, 0.98]	[3, 5]	[7, 9]
8	[0.80, 0.82]	[2, 4]	[3, 5]	[0.85, 0.95]	[4, 6]	[6, 8]
9	[0.96, 0.98]	[1, 3]	[7, 9]	[0.99, 0.99]	[2, 4]	[8, 10]
10	[0.80, 0.86]	[3, 5]	[5, 7]	[0.80, 0.90]	[3, 5]	[4, 6]
11	[0.90, 0.98]	[2, 4]	[4, 6]	[0.92, 0.98]	[3, 5]	[5, 7]
12	[0.75, 0.83]	[1, 3]	[3, 5]	[0.80, 0.84]	[2, 4]	[4, 6]
13	[0.97, 0.99]	[1, 3]	[4, 6]	[0.99, 0.99]	[2, 4]	[4, 6]
14	[0.85, 0.95]	[3, 5]	[5, 7]	[0.85, 0.97]	[3, 5]	[6, 8]

サブシステム t	設計案					
	3			4		
	$[r_{t3}^L, r_{t3}^R]$	$[c_{t3}^L, c_{t3}^R]$	$[w_{t3}^L, w_{t3}^R]$	$[r_{t4}^L, r_{t4}^R]$	$[c_{t4}^L, c_{t4}^R]$	$[w_{t4}^L, w_{t4}^R]$
1	[0.88, 0.94]	[1, 3]	[1.5, 2.5]	[0.94, 0.96]	[1.8, 2.2]	[4, 6]
2	[0.80, 0.90]	[1.6, 2.4]	[8, 10]	-	-	-
3	[0.85, 0.89]	[1, 1]	[5.5, 6.5]	[0.88, 0.96]	[3, 5]	[3, 5]
4	[0.80, 0.90]	[1, 1]	[3, 5]	-	-	-
5	[0.91, 0.99]	[2, 4]	[4, 6]	-	-	-
6	[0.93, 0.99]	[1, 3]	[4, 6]	[0.94, 0.98]	[1, 3]	[3, 5]
7	[0.90, 0.98]	[4, 6]	[8, 10]	-	-	-
8	[0.88, 0.94]	[5, 7]	[5, 7]	-	-	-
9	[0.93, 0.99]	[3, 5]	[6, 8]	[0.85, 0.97]	[2, 4]	[7, 9]
10	[0.85, 0.95]	[4, 6]	[5, 7]	-	-	-
11	[0.93, 0.99]	[4, 6]	[5, 7]	-	-	-
12	[0.80, 0.90]	[3, 5]	[5, 7]	[0.85, 0.95]	[4, 6]	[6, 8]
13	[0.95, 0.99]	[1, 3]	[5, 7]	-	-	-
14	[0.91, 0.99]	[4, 6]	[5, 7]	[0.99, 0.99]	[5, 7]	[8, 10]

$C_Q = [90, 120]$, $W_Q = [155, 230]$, - : 設計案なし

$r_k < p_C = 0.02$ になる V_k を選択する。この例では交叉確率を 0.02 と設定したので、交叉される染色体が選択されていない。

(2) 突然変異

$[0, 1]$ の乱数表 $r_k (k = 1, 2, \dots, pop_size + n * cnt)$ を作成する。 $r_k < p_M = 0.2$ となる染色体要素を選択すると、次の要素で突然変異が起こったことがわかる。

Mutation
Bit_pos Chrom_num Bit_num Random_num

1	1	1	0.104587
7	1	7	0.179785
21	2	7	0.106449
25	2	11	0.119358
.....			
29	3	1	0.157689
417	30	11	0.179418
419	30	13	0.018036

これにより、30 個 ($mcnt = 30$) の染色体で突然変異が起こったことになり、次のような染色体が生成される。

$$V_1' = [(1, 2)(1, 5)(3, 1)(1, 4)(3, 9)(2, 14)(3, 4)]$$

$$\begin{aligned}
V'_2 &= [(3, 1)(1, 9)(1, 2)(1, 1)(3, 2)(3, 3)(4, 3)] \\
& [(4, 6)(1, 5)(2, 1)(2, 7)(3, 2)(4, 6)(1, 1) \\
& (3, 2)(1, 12)(1, 3)(1, 3)(3, 4)(3, 2)(3, 5)] \\
V'_3 &= [(1, 6)(2, 3)(2, 3)(2, 3)(3, 4)(1, 13)(2, 2) \\
& (3, 5)(2, 3)(1, 1)(2, 4)(4, 15)(2, 2)(2, 12)] \\
& \dots\dots \\
V'_{30} &= [(1, 3)(3, 1)(3, 4)(1, 1)(3, 14)(1, 1)(1, 5) \\
& (3, 4)(2, 11)(3, 3)(1, 2)(4, 3)(1, 3)(3, 2)]
\end{aligned}$$

(3) 選択：新しく生成した染色体の評価関数値を
求める。

fitness function values

$$\begin{aligned}
eval(V'_1) &= 0.661206 \\
eval(V'_2) &= 0.699891 \\
eval(V'_3) &= 0.377437 \\
&\dots \\
eval(V'_{30}) &= 0.644929
\end{aligned}$$

親の染色体と新しく生成した染色体の中から適合
度の高い順に選ぶことにより、次のような次世代
の染色体集団が生成される。

The new population consists of

$$\begin{aligned}
V_1 &= [(1, 10)(1, 5)(3, 1)(1, 4)(3, 9)(2, 14)(3, 1) \\
& (3, 1)(1, 9)(1, 2)(1, 1)(3, 2)(3, 3)(4, 3)] \\
V_2 &= [(4, 6)(1, 5)(2, 1)(2, 7)(3, 2)(4, 6)(2, 3) \\
& (3, 2)(1, 12)(1, 3)(3, 3)(3, 4)(3, 2)(3, 5)] \\
V_3 &= [(1, 7)(3, 2)(2, 3)(2, 3)(3, 4)(1, 13)(2, 2) \\
& (3, 3)(2, 3)(2, 3)(3, 2)(4, 15)(2, 3)(2, 12)] \\
V_4 &= [(1, 8)(3, 3)(3, 3)(2, 3)(2, 16)(4, 4)(3, 1) \\
& (2, 2)(1, 7)(3, 5)(2, 2)(3, 3)(1, 1)(2, 15)] \\
&\dots\dots \\
V_{29} &= [(1, 3)(1, 1)(4, 4)(2, 3)(3, 3)(1, 2)(3, 2) \\
& (2, 5)(3, 2)(2, 2)(2, 1)(3, 14)(2, 4)(4, 1)] \\
V_{30} &= [(1, 3)(3, 1)(4, 1)(1, 1)(2, 1)(1, 1)(3, 5) \\
& (3, 4)(2, 11)(3, 3)(3, 2)(4, 3)(3, 2)(3, 2)]
\end{aligned}$$

ステップ5：最良値および信頼度区間の計算

式(17)よりこの世代の集団中の最良値 V^* を計算
し、そのときの下限信頼度： $r(m^*, \alpha^*)^L$ および上
限信頼度： $r(m^*, \alpha^*)^R$ を式(19),(20) から求めて、
それぞれの値を保存する。

$$\begin{aligned}
V^* &= [(1, 4)(1, 2)(1, 4)(2, 5)(2, 4)(3, 3)(1, 1) \\
& (2, 3)(3, 4)(3, 5)(3, 3)(3, 4)(1, 5)(4, 1)] \\
r(m^*, \alpha^*)^L &= 0.831409 \\
r(m^*, \alpha^*)^R &= 0.959308 \\
r(m^*, \alpha^*)^C &= 0.895359
\end{aligned}$$

ステップ6：終了条件の判定

$gen < maxgen$ なので、ステップ3へもどる。

この問題を提案した手法により 1000 世代まで繰り返
して解いたところ、835 世代における染色体

$$\begin{aligned}
V^* &= [(1, 3)(1, 2)(4, 3)(2, 4)(1, 3)(1, 2)(3, 2) \\
& (2, 3)(2, 2)(3, 3)(3, 2)(4, 4)(3, 2)(4, 2)]
\end{aligned}$$

が最良な近似解として得られ、そのときの評価関数は
0.979400 である。また、下限/上限信頼度は、それぞれ
[0.964098, 0.998102] を得た。

Best Chromosome's Information

Generation : 835
Chromosome : [(1,3)(1,2)(4,3)(2,4)(1,3)(1,2)(3,2)
(2,3)(2,2)(3,3)(3,2)(4,4)(3,2)(4,2)]
Eval(V*) = 0.979400

Subsystem	Design	Units
1	1	3
2	1	2
3	4	3
4	2	4
5	1	3
6	1	2
7	3	2
8	2	3
9	2	2
10	3	3
11	3	2
12	4	4
13	3	2
14	4	2

* Objective Function *
R(m, α) [0.964098, 0.998102]

* Row Information of Systems Constraints *

	G(x)	SK(or -SP)	RHS
G 1	108.2800	8.7200	117.0000
G 2	212.5000	2.5000	215.0000

また、文献 [15] での 0-1 線形計画法で解いた結果と、
本手法によって同一条件で数値実験を行ったものと、一
致した結果が得られた。

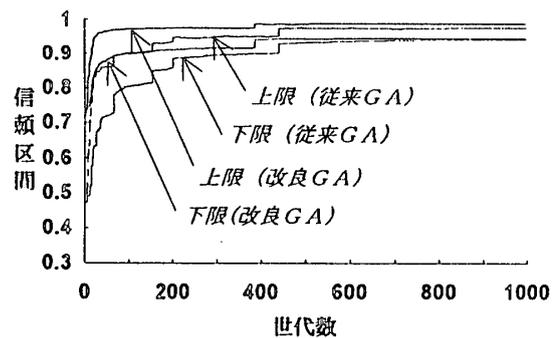


図2：従来のGAと改良GAの比較（重みが $m = 0.1$ 場合）

6 定量的評価

本論文で提案した区間係数を伴い、設計案と冗長ユニット数のような2種類の整数型決定変数をもつ非線形なシステム信頼性の最適設計問題は、区間不等式の成立つ度合い h_i を与えると、区間係数を伴わない2目的の非線形整数計画問題として取り扱える。この問題を改良GAにより、非線形の目的関数を線形化することなく、非線形のまま解くことで、容易に最良解を求められる。以下では、提案した手法の有効性について数値実験により検討する。

6.1 改良GAの評価

前章で取り上げた数値例に対して、集団サイズを30、交叉確率を0.02、突然変異確率を0.2、最大世代数を1000、区間の不等式の成立つ度合いを $h_1 = 0.5$, $h_2 = 0.5$ として、本論文で提案した改良GAを適用した場合と従来GAの場合の結果を比較検討する。図2に改良GAと従来GAの下限/上限信頼度の収束過程を示す(試行回数15回の平均:以下同様)。図2からも分かるように、本論文で提案した改良GAは、実行不可能な染色体の情報を評価関数に取り込むことで、探索効率を向上しているの、従来GAに比べて解への収束が明らかに早いことが分かる。ここでの評価関数値は0.979400である。また、下限/上限信頼度は [0.964098, 0.998102] を得た。これらの結果は従来、確定値として与えられた各サブシステムの信頼度及び制約条件の各係数に対して、表1に示されたそれぞれの区間データの最小値および最大値から評価関数(従来の確定値)と、信頼度の満足領域である区間の下限および上限信頼度を求めている。

重み w の値を変えた場合のそれぞれの収束過程を図3に示す。また、これらの結果を表2に示す。

表2: 重み w を変えた場合の信頼区間

重み w	評価関数値 $eval(V^*)$	信頼区間 $[r(m^*, \alpha^*)^L, r(m^*, \alpha^*)^R]$
0.1	0.979400	[0.964098, 0.998102]
0.4	0.967109	[0.958064, 0.988213]
0.7	0.964606	[0.960786, 0.986256]
1.0	0.973691	[0.950888, 0.996493]

また、組合せ最適化問題に対する近似解法の評価は、その問題の最適解に対する得られた近似解の相対誤差が評価基準となる。最近、坂和ら [11] はGAの評価基準を4種類示しており、本論文でもこれらの評価基準を用いて、より客観的な評価を行った。坂和らが示した4種類の評価基準とは次のようなものである。

評価1: 最悪パフォーマンス最悪値相対評価

GAの1回の試行で期待される近似解の精度。

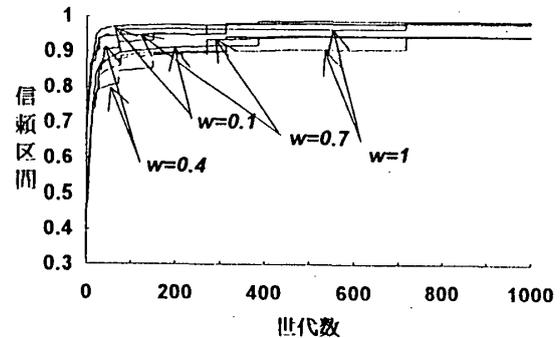


図3: 重み w の値を変えた場合のそれぞれの信頼区間

評価2: 最悪パフォーマンス平均値相対評価
近似解の精度の平均的な保証。

評価3: 平均パフォーマンス最悪値相対評価

評価4: 平均パフォーマンス平均値相対評価

評価3と評価4はGAの平均パフォーマンスにおける最悪値評価と平均値評価を示しており、GAのロバスト性を評価できる。

これらの評価基準により、改良GAの評価を行った。例題に対し、集団サイズを30、交叉確率を0.03、突然変異確率を0.2、区間の不等式の成立つ度合い $h_1 = h_2 = 0.5$ 、最大世代数を2000と設定して、50回の試行を行うものとする。なお、実験で使用したコンピュータはNEC EWS 4800/360である。

この数値実験の結果を表3に示す。

表3: 提案した手法の実験結果

手法	評価基準 (単位: %)			
	評価1	評価2	評価3	評価4
従来手法	2.09586	1.58070	1.22987	0.83648
提案手法	1.16675	0.85536	0.64930	0.41295

表3から、本論文で提案した手法は、すべての評価において従来のGAよりも優れていることが確認され、その有効性が明らかである。

6.2 信頼区間の評価

表2から制約条件の各係数に対して、区間の不等式の成立つ度合い h_i を付加すると、 h_i の大小に対応した評価関数及び下限/上限信頼度が得られた。これらの関係から、係数のあいまいさを区間によって表した、区間係数を伴うシステム信頼性の最適設計問題は、意思決定者が区間不等式の成立つ度合い h_i を選考することで、設計基準に下限信頼度、通常の信頼度(確定値)、および上限信頼度を設けることが可能となった。これは製品の企画・設計者の意思が定量的に信頼性設計に反映

され、信頼度を区間として評価でき、信頼性向上の一要素となり、ここで提案した手法の有効性が明らかとなった。

本論文で提案した改良GAによる区間係数を伴う非線形整数計画問題の解法は、NIP問題を0-1線形計画問題への変換を行わず、変数の増加も表4のように少なく、メモリ要求量もきわめて少なくて済むこと、また、1次導関数や編導関数を求める必要もなく、非線形整数計画問題として解くことができるので、その取扱いが容易である利点がある。

表4: 必要メモリ量の比較

手法	NIP	0-1LP(GUB)
変数の数 m	$T \times 2$ 28	$\sum_{i=1}^T \beta_i \times m_i^U$ 240
制約条件の数 n	n 2	$n + T$ 16
必要メモリ量 $m \times n$	56	3840

7 おわりに

本論文は、サブシステムの信頼度を信頼区間として評価し、この区間係数を伴う非線形整数計画問題として定式化されるシステム信頼性の最適設計問題を、区間係数を伴わない2目的の非線形整数計画問題に変換して、同問題を改良GAにより解くことで、非線形の目的関数を線形化することなく、容易に最良解を求める手法を提案した。その結果、ここで提案した改良GAは、実行可能領域に含まれない染色体に対し、実行不可能な染色体の情報を評価関数に取り込むことで、従来のGAよりも探索効率を向上することができた。また、信頼度を区間データとして評価することは、意思決定者の意思を定量的に信頼性設計に反映でき、信頼性向上の一要素となることを数値実験により確認した。

参考文献

- [1] 石淵久生, 田中英夫: "区間0-1計画問題と製品選択", *J. Oper. Res. Soc. Jap.*, pp.352-369, Vol. 32, No.3 (1989).
- [2] 石淵久生, 田中英夫: "区間係数をもつ線形計画問題の定式化とその解析", 日本経営工学会誌, pp. 320-329, Vol. 40, No. 5 (1989).
- [3] 中原陽三, 佐々木正仁, 井田憲一, 玄光男: "区間係数を伴う0-1線形計画問題の効率的な一解法", 日本経営工学会誌, pp. 345-351, Vol. 42, No. 5 (1991).
- [4] 中原陽三, 玄光男, 井田憲一: "区間係数を伴う混合整数計画問題の並列アルゴリズムとそのUNIXネットワーク上での実現", 日本経営工学会誌, pp. 116-123, Vol. 44, No.2 (1993).
- [5] 岡田真幸, 玄光男: "区間係数をもつ0-1線形計画法によるシステム信頼性の最適化", 日本経営工学会誌, pp. 298-307, Vol. 44, No. 4 (1993).
- [6] Michalewicz, Z.: *Genetic Algorithms + Data Structures = Evolution Programs*, Springer-Verlag, 1992.
- [7] 北野宏明編: 遺伝的アルゴリズム, 産業図書, 1993.
- [8] 玄光男, 横田孝雄, 田口雄章: "遺伝的アルゴリズムによるシステム信頼性の最適設計", 日本ファジィ学会, 第10回ファジィシステムシンポジウム論文集, pp. 181-184, 1994.
- [9] 横田孝雄, 玄光男: "遺伝的アルゴリズムによる非線形整数計画問題の一解法とその信頼性最適化への応用", 日本経営工学会, 平成6年度春季大会予稿集, pp. 255-256, 1994.
- [10] 水沼洋人, 和多田淳三: "遺伝的アルゴリズムに基づくファジィ混合整数計画法とその資源配分問題への応用", 日本ファジィ学会誌, Vol.7, No.1, 1995.
- [11] 坂和正敏, 乾口雅弘, 砂田英昭, 澤田一哉: "改良型遺伝的アルゴリズムによるファジィ多目的組合せ最適化", 日本ファジィ学会誌, Vol. 6, No. 1, pp. 177-186, 1994.
- [12] 横田孝雄, 玄光男, 井田憲一: "故障モードを伴うシステム信頼性最適化問題の遺伝的アルゴリズムによる一解法", 日本ファジィ学会誌, Vol. 7, No. 4, 1995.
- [13] 横田孝雄, 玄光男, 井田憲一, 田口雄章: "改良型遺伝的アルゴリズムによるシステム信頼性設計の最適化", 電子情報通信学会誌, Vol. J78-A, No. 4, 1995.
- [14] 横田孝雄, 玄光男, 李銀秀: "GAによる区間係数を伴う0-1非線形計画問題の一解法", 日本経営工学会, 平成6年度秋季大会予稿集, pp. 195-196, 1994.
- [15] 玄光男, 井田憲一, 李在旭: "GUB構造を伴う0-1線形計画法によるシステムアベイラビリティの最適選択と配分", 電子情報通信学会誌, Vol. J71-D, No. 10, pp.2140-2147, 1988.