

巡回セールスマン問題に対する 遺伝的分割統治アルゴリズムの適用

横澤 健悟 (沼田 一道助教授, 池辺 淑子助手)

1. はじめに

巡回セールスマン問題 (Traveling Salesman Problem:TSP) は, 訪問対象となるすべての都市を 1 回ずつ訪問して出発した都市に戻る巡回路の中で距離, 時間等にもとづく移動費用が最小になるものを求める問題である。

この問題は, 組合せ最適化問題の中でも難しい問題の一つであるとされ, 分枝限定法などを用いた厳密解法の研究が盛んに行われている。しかし, 都市数が増加すると, 訪問順序の個数が爆発的に増加するため, 現実的な計算時間による厳密解を求めることは事実上困難になる。そのため実用的な計算時間内に準最適解を求める効率的な探索法 (近似解法) に関する研究もまた重要である。本研究では, 最近の近似解法の枠組みの 1 つである遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithm:GA) [2][4] に注目する。中でも, GA に分割統治 (Divide And Conquer:DAC) [3] の概念を導入した遺伝的分割統治アルゴリズム (Evolutionary Divide And Conquer:EDAC) [1] を TSP に適用し, 特に大規模問題に対する性能を数値実験により評価する。

2. 巡回セールスマン問題

2. 1 問題の定式化

本研究において対象とされる TSP では, 任意の都市間に道が 1 本存在し, 各都市間の移動費用はユークリッド距離で与えられるとする。

n : 都市数

S_n : 全巡回路の集合

$\sigma(i)$: 順列 σ において i 番目に訪問する都市 ($i=1, \dots, n, n+1$). $\sigma(n+1)=\sigma(1)$.

C_{ij} : 都市 i, j 間の移動費用 ($C_{ij}=C_{ji}$, $i, j=1, \dots, n$, $i \neq j$)

このとき巡回セールスマン問題 (TSP) は, 以下のように定式化される。

$\min \sum_{i=1}^n C_{\sigma(i)\sigma(i+1)} \quad (1)$	→ A
$\text{subject to } \sigma \in S_n \quad (2)$	→ B

3. 巡回セールスマン問題に即した遺伝的アルゴリズム (TSP-GA)

3. 1 TSP に適用する際の GA の基礎用語 ([4])

- | | |
|--------|------------------------------|
| 1. 個体 | : 巡回路を表し,
総移動費用を与える”生物” |
| 2. 集団 | : 個体の集合 |
| 3. 遺伝子 | : 巡回する都市を表す
遺伝的情報の最小単位 |
| 4. 染色体 | : 個体を巡回路に対応させる情報。
遺伝子の集合体 |

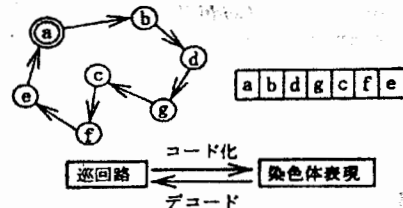


図1. 染色体表現に基づく巡回路 ([4])

3. 2 TSP-GAの処理手順

- step1: 初期集団の生成 (N 個の個体をランダムに生成, 探索世代 $t \leftarrow 1$)
- step2: 個体の評価 (各個体に対し適応度 $f_i = \frac{\sum_{i=1}^N C_i / N}{C_i}$ を算出) (C_i : 個体 i の巡回路長)
- step3: 選択処理 (ルーレット選択, エリート保存戦略に基づいた個体の選択)
- step4: 交叉処理 (2 染色体間の遺伝子の組み替え)
- step5: 突然変異処理 (微小確率で遺伝子値を反転)
- step6: 終了判定 ($t = t^*$ (探索終了世代) ならば, その時点で得られた適応度が最大の個体を問題の準最適解とし終了する. そうでなければ $t \leftarrow t+1$ とし step2 (次世代) へ)

4. 巡回セールスマン問題に即した遺伝的分割統治アルゴリズム(TSP-EDAC)

4. 1 TSP-EDACの処理手順

TSP-EDACでは, 染色体(領域分割染色体)から巡回路を導出する. 各個体に対する巡回路を求める手順を以下に示す

- step1: 問題領域の分割(4.2)
- step2: 末端分割領域ごとに厳密な最短巡回路を導出
- step3: 分割領域の結合に伴う修正操作を経て, 結合領域における準最適巡回路の生成(4.3)

4. 2 領域分割(divide)

ここでは(領域分割)染色体にもとづく問題領域の分割を行う. 領域分割開始時には, 問題領域(図3)を分割対象とし, 2つの分割領域を生成する. 以後, 各分割領域が領域分割終了条件を満たすまで繰り返す. 染色体は, $(q \times q)$ 形式で表される. 遺伝子値は0-1ビット値とし, 領域分割方向(0: 水平方向, 1: 垂直方向)を表す. 分割対象領域を (L, R, B, T) とした場合, 中心座標に対応する遺伝子値 $gene(L, R, B, T)$ が分割方向を決定する. 領域分割は, 全ての分割領域内都市数があらかじめ設定された上限 (P_{max}) を下回るまで繰り返される. 領域分割によって生成された(分割)領域を末端分割領域と呼ぶ. なお境界線上の都市は双方の領域に存在するものとする. $n=17, P_{max}=7$ のもとで領域分割染色体から得られる領域分割の様子を以下に示す(図3, 図5~8).

S : 分割領域, T : 末端領域, P : 分割領域内都市数, P_{max} : 分割領域内都市数の上限

```

0. begin
1.  $i \leftarrow 0; j \leftarrow 0; S_{ij} \leftarrow$  問題領域  $P_{ij} \leftarrow n; k_i \leftarrow 1;$ 
2.  $h_i \leftarrow 0; i \leftarrow i+1; j \leftarrow 0; k_i \leftarrow 0;$ 
3.  $k \leftarrow 0;$ 
4. while( $k < k_i - 1$ )
5.   if( $P_{i-1, k} > P_{max}$ )
6.     分割領域  $S_{i, 2k}, S_{i, 2k+1}$  の生成;  $k_i \leftarrow k_i + 2;$ 
7.   else
8.     末端分割領域  $T_{i-1, h_i} \leftarrow S_{i-1, k}; h_i \leftarrow h_i + 1;$ 
9.      $k \leftarrow k + 1;$ 
10.  if( $k_i \neq 0$ ) goto 2;
11. end
    
```

図2. 領域分割(divide)

(0, height) (width, height)

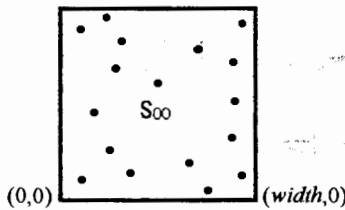


図3. 問題領域

((L,R,B,T)=(0,width,0,height))

0	1	0	1	0
0	0	1	1	0
1	0*2	1*1	0*3	1
0	1	1	0	1
1	0	0	1	1

図4. (領域分割)染色体 ($q=5$)

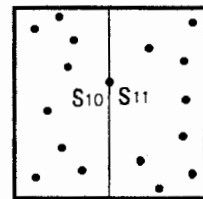


図5. 領域分割 1 (*1)

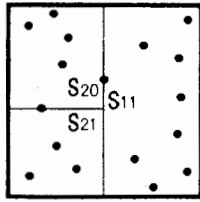


図6. 領域分割 2 (*2)

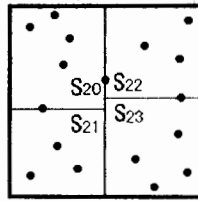


図7. 領域分割 3 (*3)

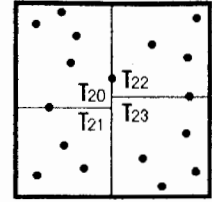


図8. 領域分割終了後 ($P_{max} = 7$)

4. 3 領域結合に基づく巡回路の生成 (conquer)

ここでは末端領域の最短巡回路を個別に求めた上で領域結合を繰り返し、問題領域の準最短巡回路を生成する。領域結合時には境界線上の都市を基準とした巡回路の修正を行う。都市 a を基準とした場合の修正パターン(4種)を図14に示す。(この時、巡回路長が最短となるものを選択する。)領域結合による準最短巡回路生成の様子を以下に示す(図10~13)。

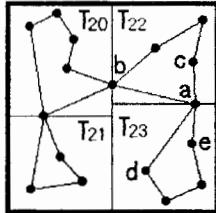


図10. 末端分割領域毎の巡回路

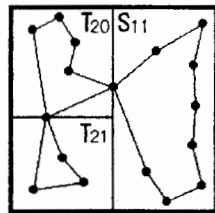


図11. 結合領域 S_{11} の生成

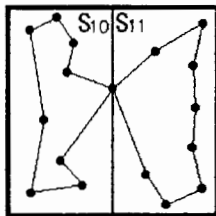


図12. 結合領域 S_{10} の生成

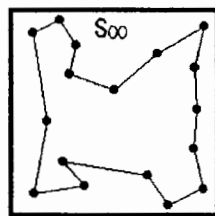


図13. 結合領域 S_{00} の生成 (準最短巡回路)

```

0. begin
1. while(i > 1)
2.    $l \leftarrow l-1; i \leftarrow i-1; k \leftarrow k-1;$ 
3.   while( $k \geq 0$ )
4.     if( $P_{i,k} < P_{max}$ )
5.        $T_{i,l}$  の最短巡回路生成;  $l \leftarrow l-1;$ 
6.     if( $P_{i,k-1} < P_{max}$ )
7.        $T_{i,l}$  の最短巡回路生成;  $l \leftarrow l-1;$ 
8.      $S_{i,k}, S_{i,k-1}$  の領域結合;  $k \leftarrow k-2;$ 
9.   end

```

図9. 領域結合 (conquer)

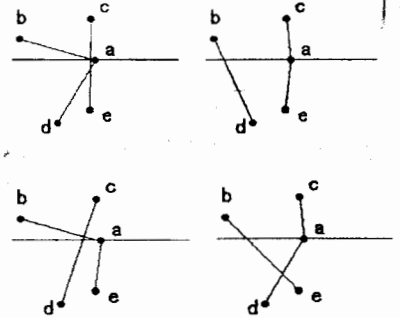


図14. 修正操作(領域 T_{22}, T_{23} 結合時)

4. 4 染色体に対する遺伝的操作

4. 4. 1 交叉処理(2点交叉)

EDACでの交叉処理では親染色体間の連続した行要素または列要素の交換を行う。

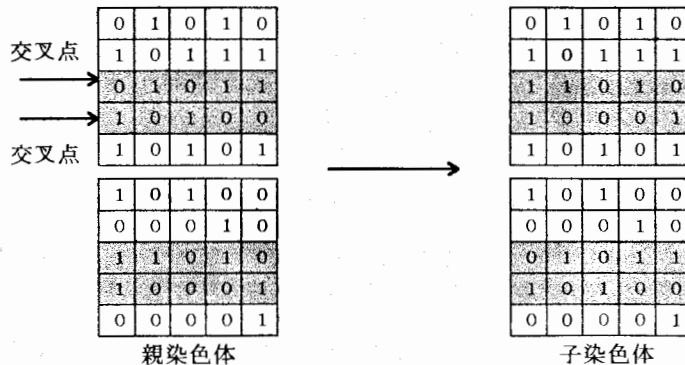


図15. 交叉処理(行要素の遺伝子交換が行われた場合)

4. 4. 2 突然変異処理(多点突然変異)

染色体上の各遺伝子に対し、微少確率でビット値を反転させる。

5. 数値実験および結果

5. 1 実験方法

TSPLIBにある都市数が51, 76, 101の問題について数値実験を行った。各問題についてEDACによる探索とGAのみによる探索について10回の実験で得られた準最適解の精度と演算時間の平均に基づいて比較を行う。表1の最適解との差は $(\text{semiopt}-\text{opt})/\text{opt} \times 100$ であり、 opt , semiopt はそれぞれ各問題の最適解, 準最適解である。使用したプログラム言語はC言語, 使用計算機はSUN社のSPARCstation-5である。次の設定のもとで実験を行った。

- ・ 集団サイズ(N) = 50 (EDAC), 100 (GAのみ)
- ・ 交叉率(P_c) = 0.70 (EDAC), 0.70 (GAのみ)
- ・ 突然変異率(P_m) = 0.30 (EDAC), 0.03 (GAのみ)
- ・ 探索世代数(T) = 10 (EDAC), 4000 (GAのみ)

5. 2 実験結果

都市数	51		76		101	
	演算時間(秒)	最適解との差(%)	演算時間(秒)	最適解との差(%)	演算時間(秒)	最適解との差(%)
EDAC	45.36	15.456	90.61	12.723	108.50	13.272
GA	405.54	37.213	787.71	133.054	1296.83	222.635

解の精度に関してEDACにおいて良い結果が得られた。演算時間についてGAと比較においても少ない時間でより良い結果が得られた。

6. おわりに

本研究では、TSPにおいてEDACによる探索とGAのみによる探索との比較を行った。実験結果からEDACにおいては、都市数が増加しても最適解との差は、GAと比較して良い結果が得られている。EDACは問題領域(元問題)の分割により部分問題の良質解が元問題の解の質を改善するような大規模問題においてその力を発揮している。GAでは巡回路を染色体としているが都市座標を考慮して染色体を生成し、進化させていないので効率的な探索ができず、都市数が増加するに従って演算時間、大きく影響を及ぼす。EDACにおいて染色体は問題領域の分割方向を決定するので、分割されたそれぞれの末端分割領域において最短巡回路を生成することによって都市座標を考慮した効率的な探索になっていると思われる。

7. 参考文献

- [1] Christine L.Valenzuela, Antonia J.Jones : Evolutionary Divide and Conquer(I), A Novel Genetic Approach to the TSP, (1994).
- [2] 北野宏明 : 遺伝的アルゴリズム, 産業図書, (1994).
- [3] 塚崎勇人 : 輸送制約付き施設配置問題に対する遺伝的分割統治アルゴリズムの提案, 経営工学論資料, (1995).
- [4] 吉田学 : 巡回セールスマン問題に対する遺伝的アルゴリズムの適用, 卒業論文, (1995).