

遺伝的アルゴリズムの個体評価法に関する一提案

7 D-2

江端 智一 吉原 郁夫
(株)日立製作所 システム開発研究所

1 はじめに

「ある関数 $f(x)$ が最大となる x を見つける」と言う最適値探索問題に対して、遺伝的アルゴリズム(GA)は有効である。しかし、準最適解と最適解の差が僅小であるような非線形な多峰性関数では、真の最適解の発見が困難であることが多い。

本研究では、個体の評価方法に着目して、常に各個体に十分な評価の差が生じるようにさせ、少ない世代で最適解を探索する手法を提案する。

2 提案手法

2.1 アルゴリズム

個体の形質情報を記号ストリングの形で表現した遺伝子列によって表現される値 x_i ($i = 0, 1, \dots, i_{\max} - 1$) を、その個体の形質と見なす。また、これらの値 x_i を関数 $f(x)$ に各々入力して得られた値を y_i とする。

複数の乱数から初期化した遺伝子列を発生させた後、以下の手順を繰り返して関数 $f(x)$ の最大値探索を行なう。なおこの繰り返し回数を世代数と呼ぶ。

(Step 1) 交叉

(Step 2) 突然変異

(Step 3) 個体評価

A Proposal of Individual Evaluation in Genetic Algorithm

Tomoichi EBATA, Ikuo YOSHIHARA
Systems Development Lab., Hitachi Ltd.

適応度関数を以下に示すように設定して、個々の個体の適応度を調べる。

$$z(y_i) = y_i \quad (1)$$

(Step 4) 増殖淘汰

式(1)より得られた適応度から、 i 番目の個体が次の世代に発生する確率 p を次の式より算出する。

$$p(y_i) = \frac{z(y_i)}{\sum_{i=0}^{i_{\max}-1} z(y_i)} \quad (2)$$

各世代の個体総数が一定になるように、 i 番目の個体と同じ遺伝子列を上記の確率 $p(y_i)$ で次の世代 $t+1$ に発生させる。

2.2 提案する個体の評価方法

世代 $k-1$ におけるある値 $\alpha_{\min}^{k-1}, \alpha_{\max}^{k-1}$ を用いて、 y_i を規格化し、定数 β, γ を用いて、適応度関数を以下に示すように設定する。

$$z(y_i) = \beta \exp\left(\gamma \frac{y_i - \alpha_{\min}^{k-1}}{\alpha_{\max}^{k-1} - \alpha_{\min}^{k-1}}\right) \quad (3)$$

ここで $\alpha_{\min}^{k-1}, \alpha_{\max}^{k-1}$ の設定方法として、次の2つの手法を提案する。

(提案1)

$$\alpha_{\min}^k = \min(\alpha_{\min}^{k-1}, \min_i(y_i))$$

$$\alpha_{\max}^k = \max(\alpha_{\max}^{k-1}, \max_i(y_i))$$

(提案2)

$$\alpha_{\min}^k = \max(\alpha_{\min}^{k-1}, \min_i(y_i))$$

$$\alpha_{\max}^k = \max(\alpha_{\max}^{k-1}, \max_i(y_i))$$

このように、 $\alpha_{\min}^{k-1}, \alpha_{\max}^{k-1}$ を下限、上限として設定して、関数の値を常に適当な値に規格化して、その値を、入力値に対して指数的に増大する適応度関数に入力するので、優れた個体には高い適応度が与えられる。適応度関数の一例を図1に示す。

3 最大値探索結果

図2に示す関数の最大値探索を前述の手法を用いて行なう。この関数の左側の頂点の高さは、右側より0.001だけ高い。個体数20、交叉率80[%]とする。遺伝子列は32ビットのバイナリ列で構成され、交叉は1点交叉法、突然変異は1つの遺伝子列に対して無作為な位置で1ビットの反転を施す。なお、最も優秀な個体1個を保存する。

実験はそれぞれの手法に対して100回行ない、結果を表1に示す。表1の平均最大値は、200世代後の最も優秀な個体による関数の値(ただし100回の平均値)と最大値(1.000)の差を示している。発見回数は、100回の実験で、全個体が左側の峰に移ることのできた回数を示し、平均世代では、その平均世代数を示している。

突然変異なしでは、(従来法)の方が左峰の発見回数が多くなるが、(提案1)及び(提案2)の方が早い世代に発見している。また突然変異10[%]では、どの手法もほとんど左峰を発見することができる。しかし、その発見した世代、及び最大値への収束は(提案2)が優れていることが分かる。

4 おわりに

本提案法では、個々の個体の相対的な値を強い非線形を含む適応度関数に入力することによって、常に各個体の評価に十分な差を与えることが可能となる。特に既存の個体の中から、優秀な個体が発生した場合には、高い評価が与えられることになるため、従来より個体の局所的な収束が高速となる。また、個体間で相対的な評価を用いているので関数の値のスケールに

依存することなく、個体の評価を行なうことができる。

しかし、その副作用として、局所解からの脱出が困難となることが多くなるので、個体数や突然変異率を増やしたり、あるいは作為的な大域的探索手法と併用することが必要であると思われる。

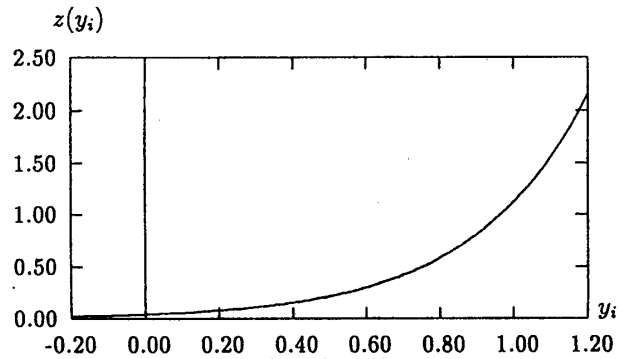


図1: 適応度関数

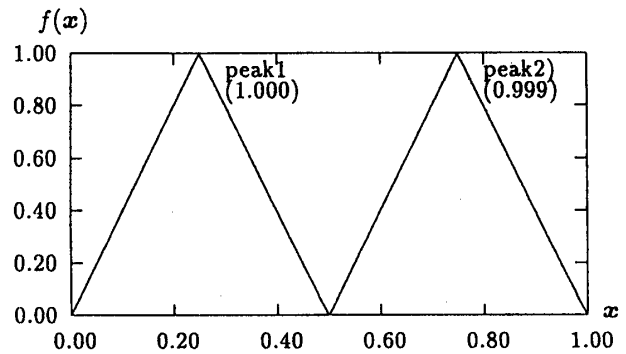


図2: だまし関数

表1: 実験結果

突然変異	アルゴリズム	平均最大値	発見回数	平均世代
なし	従来法	0.055184	68	20.51
	提案1	0.034572	59	11.52
	提案2	0.045280	53	5.81
10%	従来法	0.000660	99	46.68
	提案1	0.000085	100	37.72
	提案2	0.000001	100	16.11