

## 正負のスキーマに基づく遺伝的アルゴリズム

6Q-2

高濱徹行  
福井大学工学部

## 1. はじめに

遺伝的アルゴリズム (GA) は、遺伝的操作を通じて評価値の高いスキーマを増加させるという考え方に基づくアルゴリズムであり、その汎用性のために非常に広範囲の分野で利用されるようになってきている。しかし、GAには、以下のような問題点がある。

- ①基本的には遠方探索であり近傍探索モードを持たないため、個体集団がある程度収束した時に擬似的に近傍探索に近い動作を行うことになり収束が遅い
- ②最適解を探索する際に初期に多様性が失われ局所解に陥ったり、一度局所解に陥るとそこから抜け出すことが困難である

これらの問題に対処するために、本研究では、正負スキーマ型GA (PNGA, Positive and Negative schema based Genetic Algorithms) を提案する。PNGAは以下のような特徴を持つ。

- ①評価値の高いスキーマ (正のスキーマ) に基づく近傍探索モードを持つ
- ②評価値の低いスキーマ (負のスキーマ) を考慮するため多様性を維持しやすい
- ③局所解に陥ったことを検出し、そこから脱出することが可能

## 2. PNGA

## 2.1 基本思想

PNGAでは、個体集団を以下の3つの部分に分離する。

- ①正個体部 (PI, Positive Individuals)  
評価値の高いスキーマ (正のスキーマ) を有する個体の集合。適応度が平均適応度に比べてかなり良い個体の集合とする。
- ②負個体部 (NI, Negative Individuals)  
評価値の低いスキーマ (負のスキーマ) を有する個体の集合。適応度が平均適応度に比べてかなり悪い個体の集合とする。
- ③中間個体部 (II, Intermediate Individuals)

Positive and Negative Schema Based Genetic Algorithms  
Tetsuyuki TAKAHAMA  
Faculty of Engineering, Fukui University

正個体部と負個体部に属さない個体の集合。

正・負スキーマの傾向を示す指標として、以下のような正スキーマベクトル (PS) と負スキーマベクトル (NS) を導入する。

$$PS=(ps_i), NS=(ns_i)$$

ただし、 $ps_i$  は PI 中、 $ns_i$  は NI 中で第  $i$  ビットが1の個体の割合である

正個体部では、PS の傾向に沿う方向あるいは NS の傾向と逆の方向に突然変異を行うことにより山登り、すなわち、近傍探索を行い収束を早める。負個体部では、PS の傾向と逆の方向あるいは NS の傾向に沿う方向に突然変異を行うことにより山を下り、悪い解を探索することにより多様性を維持するとともに、局所解から脱出する際のキートする。中間個体部では標準的なGAにより遠方探索を行う。

PS の全要素が 0 あるいは 1 になれば、PI の個体が全て同じ局所解に収束したことが検出できるので、以下の方法で局所解から脱出する。

## ①局所解の個体の排除

局所解の個体を削除する。さらに、局所解と異なるスキーマを導入するために局所解のストリングを反転させたものを追加する。

## ②異なる山の山登り

NI 中の個体を基準にして、局所解から離れた個体を追加する。NI 中の個体で局所解と一致するビットを 0.5 の確率で反転する。

## 2.2 アルゴリズム

PNGAでは、以下のようなアルゴリズムを採用している。

```

program PNGA;
  t:=0;
  Initialize P(t);      初期集団の生成
  repeat
    t:=t+1;
    Pnsplit P(t);      正負スキーマの分離
    Generation P(t);  一世代の処理
  until t>=G;
procedure Pnsplit P(t);
  μ:=適応度の平均;
  σ:=適応度の標準偏差;
  PI(t):={個体|適応度>μ+σ or 適応度上位σp};
  NI(t):={個体|適応度<μ-σ or 適応度下位σn};

```

```

II(t):=P(t)-PI(t)-NI(t);
for i in 1..L do begin
  PSi:=第 i ビットが 1 の個体の割合(in PI);
  NSi:=第 i ビットが 1 の個体の割合(in NI);
end

```

PS が収束していれば、  
局所解の個体の排除、異なる山の山登り

中間個体部の多様性を維持するために、適応度が平均値から標準偏差以上離れた個体は正/負個体部に入れる。しかし、問題によってほとんどが中間個体となってしまうことを防ぐため、パラメータ  $\sigma_p/\sigma_n$  の割合で個体を正/負個体部に属すると判定する。(通常  $\sigma_p=\sigma_n=1/3$ )

```

procedure Generation P(t);
  ClimbUp PI(t);      山登り
  SGA II(t);          単純GA
  ClimbDown NI(t);   山下り

```

```

procedure ClimbUp pop;
for all s in pop do begin
  PSi(1-PSi) の確率で si を 1(0) にするか、
  NSi(1-NSi) の確率で si を 0(1) にすること
  により適応度が増加すれば、個体を置換
end

```

PS<sub>i</sub>(NS<sub>i</sub>) は第 i ビットが 1 であることが望ましい(望ましくない)率を表現しているので、この率に応じた山登りを行う。ClimbDown も同様の手続きであるが、評価値が悪くなる方向に山下りを行う。

### 2. 3 最大化問題

PNGA を、GA 容易問題と GA 困難問題に適應する[相澤 94]。GA 容易問題としては、

$$f(x)=\text{count}(x)$$

の最大化とする。ただし、count(x) はストリング x 中の 1 の数である。

GA 困難問題としては、

$$f(x)=\begin{cases} a(c-\text{count}(x))/c & (\text{count}(x)<c) \\ b(\text{count}(x)-c)/(L-c) & (\text{count}(x)\geq c) \end{cases}$$

の最大化とする。ただし、L はストリング長であり、a, b, c は、 $a < b$ ,  $0 < c < L$  の整数である。

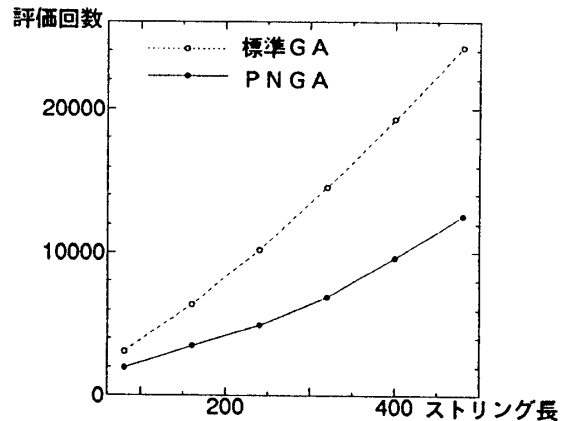
### 3. 実験結果

PNGA を標準 GA と比較する。標準 GA のパラメータは、個体数 100、交叉率 0.6、突然変異率 0.001、一点交叉、エリート保存戦略とした。PNGA については、 $\sigma_p=\sigma_n=0.33$  とし、その他は標準 GA に準じたものを採用した。

#### 3. 1 GA 容易問題について

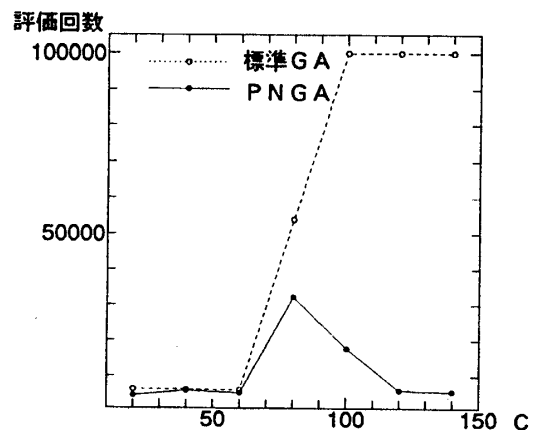
ストリング長 L を 80, 160, ..., 480 と変化させ、100 回の実験を行った場合の結果を示す。

なお、試行回数は適応度を計算した回数である。



#### 3. 2 GA 困難問題について

a=59, b=60 で、c を 20, 40, ..., 140 と変化させ、100 回の実験を行った場合の結果を示す。なお、最適解である b に到達しない割合が高くなると試行回数は上限値 10000 に近づくことになる。



### 4. 終わりに

PNGA は、近傍探索モードを持つため、標準 GA と比較して収束が早く、局所解にも陥りにくいことを示した。今後、

(1) 正のスキーマと負のスキーマが最適化にそれぞれどのように寄与しているか

(2)  $\sigma_p, \sigma_n$  の変化によって PNGA の動作がどのような影響を受けるか

等を調べる予定である。

#### 参考文献

- [相澤 94] 相澤彰子: "スキーマ貪欲な集団型探索アルゴリズムの構成", 情報処理学会全国大会第 2 分冊, pp. 225-226 (1994)
- [筒井 94] 筒井 隆: "個体群探索分岐型遺伝的アルゴリズム fGA (Forking GA) の提案", 人工知能学会論文誌, Vol. 9, No. 5, pp. 741-747 (1994)