

# 待ち行列型遺伝的アルゴリズムの特徴と応用\*

5 T - 7

北本 朝展†

高木 幹雄†

文部省 学術情報センター§ 東京理科大学¶

## 1 待ち行列型遺伝的アルゴリズム QGA

遺伝的アルゴリズム (GA) は生物の進化過程に触発された確率的探索アルゴリズムである。本論文で提案する「待ち行列型遺伝的アルゴリズム (QGA)」とは待ち行列を基本とした「無世代型」の GA であり、「世代」という概念に基づく伝統的な GA に対し、集団サイズという制約に縛られない設計と非同期的な実行が可能となるなどの利点を持つアルゴリズムである [1]。ここで一般に、GA は以下の 3 個のモジュールから構成されている。

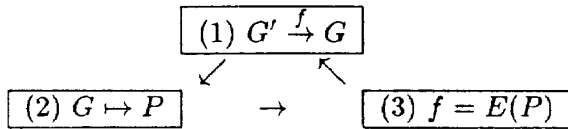


図 1: GA の 3 つのモジュール構成

まず (1) は、各個体の適応度を参考にしつつ、各個体の遺伝子型  $G'$  を新たな遺伝子型  $G$  に置き換える処理である (遺伝的操作モジュール)。次に (2) は、遺伝的操作の対象となる遺伝子型  $G$  から、適応度評価の対象となる表現型  $P$  を生成する処理である (表現型形成モジュール)。最後に (3) は、表現型を評価することによって各個体の適応度を定める処理である (適応度評価モジュール)。以下では上記 3 個のモジュールについて順次説明を行う。

## 2 QGA の特徴

### 2.1 遺伝的操作モジュール

QGA も基本的には図 2 に示すように「選択・交叉・突然変異」という遺伝的操作に基づいている。ただしすべての個体を待ち行列で管理するため、集団サイズという制約は存在しない。

**選択** 選択には「先着順トーナメント選択」との方法を提案する。すなわち、待ち行列の先頭から 2 個体を取り出して両者の適応度を比較し、適応度が

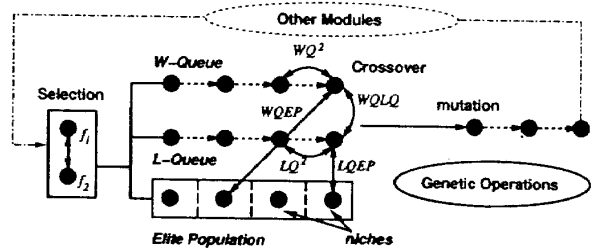


図 2: 遺伝的操作モジュールの模式図

高い方を勝者、もう一方を敗者にするという、適応度の局所的な比較で選択が可能なる方法である。そして、勝者は一定の確率  $r_w$  で 2 個体に増殖させる一方、敗者は一定の確率  $r_l$  で死滅させ、この過程を生き抜いた個体をそれぞれ勝者待ち行列 (W-Queue/WQ) と敗者待ち行列 (L-Queue/LQ) に加える。また  $r_w > r_l$  という設定により個体数を緩やかに増加させ、遺伝子の多様性を保持することを狙う。以下の実験では  $(r_w, r_l) = (0.2, 0.1)$ 。

**エリート個体集団** 「エリート個体集団 (Elite Population/EP)」とは探索の過程で発見された  $N$  個の最良個体 (重複なし) をプールしておく集団であり、これは待ち行列ではなく固定サイズの個体集団として管理する。このような「最良個体集団」を保持するという観点では、QGA は CHC [2] などに類似したアイデアであるとも言える。ただし QGA では、待ち行列に基づく探索個体集団と固定サイズの最良個体集団とを分離することで、遺伝的操作の自由度を獲得している点が異なる。さらに、多峰性の探索空間において複数のニッチ (niche) を探索するために、エリート個体集団を活用して最大  $N$  個のニッチに対応する最良個体を保持する仕組みを設けることを考える。そこでエリート個体集団に新たな個体を加える際には、遺伝子型距離 (表現型距離) が最近隣のエリート個体と比較し、エリート個体よりも適応度が大きい場合のみエリート個体集団を更新することとした。

**交叉** 交叉には以下の 5 種類を提案する - (1)  $WQ^2$ , (2)  $WQLQ$ , (3)  $LQ^2$ , (4)  $WQEP$ , (5)  $LQEP$ 。ここで WQ および LQ は待ち行列の先頭個体から取り出し、EP はエリート個体集団からランダムに個体を選択する。この中で EP 型の交叉は、優秀な遺伝子を定期的に探索個体集団に注入す

\*Characteristics and Applications of Queue-Based Genetic Algorithm

†Asanobu KITAMOTO

‡Mikio TAKAGI

§National Center for Science Information Systems

¶Science University of Tokyo

る役割を果たし、探索を早める効果を持つ。また、「適応度の高い遺伝子をもつ個体のライフサイクルを短縮することで、これらの遺伝子の評価回数を相対的に増加させる」ことを狙い、WQを優先するような交叉確率の設定を用いる。以下の実験では  $(C_1, C_2, C_3, C_4, C_5) = (0.4, 0.0, 0.0, 0.2, 0.4)$ 。

**突然変異** 上記5種類の交叉に対して個々に突然変異率を設定する。基本的な考え方は、WQEP交叉は有望な個体同士の交叉であるから低めの突然変異率を設定、それ以外は高めの突然変異率を設定、というものである。ここで高めの突然変異率を設定するのは、交叉確率などの設定次第でQGAのエリート主義の影響が強くなり過ぎ、高速な初期収束の後に局所解に捕われる危険性があるためである。ただしQGAにおいては、最良個体集団と探索個体集団とが明確に分離され、しかも交叉を通して最良個体集団から探索個体集団に優秀な遺伝子が定期的に供給されるというQGAの仕組みが、高めの突然変異率を許容しているという点に注意する。以下の実験では  $(M_1, M_2, M_3, M_4, M_5) = (0.02, 0.02, 0.02, 0.02, 0.0)$ 。

## 2.2 表現型形成モジュール

このモジュールは後述の「適応度評価モジュール」と密接に関連しており、「適応度評価に人間が関与する」という対話型GAの枠組に基づく場合に特に重要となるモジュールである。なぜなら、「人間が見てわかりやすいように」遺伝子型から表現型を生成し可視化(モデル化)するという、大きな計算コストを要する処理が発生するからである。ただしこの部分の処理は、基本的には各個体に関して独立に実行可能であることを利用すれば、複数のプロセスに処理を分散させる分散型のシステム構成が実現可能である。

## 2.3 適応度評価モジュール

関数最適化問題などの問題をGAで解く場合には、各個体の適応度は表現型の関数として明示的に表せる場合が多い。しかし表現型の評価は必ずしも容易なものではなく、評価方法が自明ではないために「人間との対話的処理」という手助けが必要となる場合がある。このような人間とコンピュータとのインタラクションに基づく対話型GAの枠組が近年注目を集め始めている。このようなシステムを実現するためには、例えば「待ち時間」の問題[1]を解決するために非同期的なアルゴリズムが必要となるなど、伝統的にGAに適用されてきた設計指針

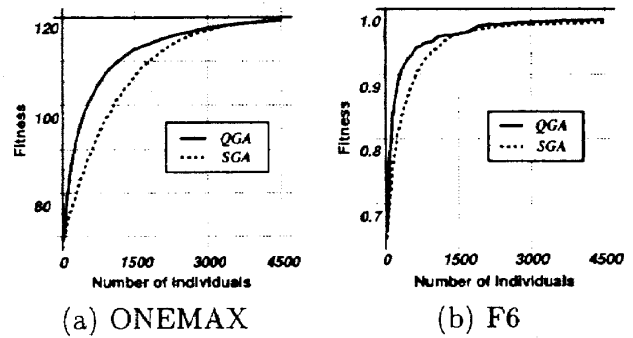


図3: テスト問題での探索性能の比較

とは異なる考え方が要求されることを考慮しなければならない。QGAはこのような問題に対する一つの解決策として使える方法であると考えている。

## 3 QGAの応用

ここでは簡単なテスト問題を用いて、従来型のSimple GAおよびQGAとの比較を行う。SGAのパラメータは、集団サイズ30、一様交叉確率0.8、突然変異率0.005などの標準的な値を用いている。用いたテスト問題は、(a) スtring中の'1'の数を最大化する120ビットのONEMAX問題、(b) 多峰性の関数最適化の例としてサイン関数F6 [2]を用いる。図3にその結果を示す。QGAの方は初期段階に急速な適応度の上昇が見られるが、探索後期の4500個体付近ではほぼ同等の値となっている。この結果は、探索を進めると同時に、QGAのパラメータも適応的に変化させていく方法が必要であることを示唆している。

最後に、著者らはQGAを用いた「画像散策システム」というシステムを提案し、人間とコンピュータとのインタラクションによって画像のブラウジング・検索を進めていくための方法について研究を進めている[1]。集団サイズという制約がなく、非同期的であるというQGAの特徴を活かせる応用分野の一つとして、このような対話型環境への応用に関する研究を今後も発展させていこうと考えている。

## 参考文献

- [1] 北本朝展, 高木幹雄. 待ち行列型遺伝的アルゴリズムを用いた対話的な画像散策法. 人工知能学会誌, Vol. 13, No. 5, 1998. (掲載予定).
- [2] Eshelman, L.J. The CHC Adaptive Search Algorithm: How to Have Safe Search When Engaging in Nontraditional Genetic Recombination. In Rawlins, G.J.E., editor, *Foundations of Genetic Algorithms*, pp. 265-283. Morgan Kaufmann, 1991.