

遺伝的アルゴリズムの解探索過程の可視化による 遺伝的演算効果の把握と解探索の効率化

山代大輔[†] 吉川大弘[†] 古橋 武[†]

遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithm : GA) の解探索性能は遺伝的演算の方法, およびそれらパラメータに大きく依存している. 遺伝的演算の方法やパラメータが解探索性能に及ぼす効果を知るには, 通常, 評価値の改善効果が指標とされる. 本論文では, GA における解探索過程の可視化手法を提案する. 提案手法では, Self-Organizing Map (SOM) により GA で定義されている個体間の相対距離を可視化することで, GA 全体の探索性能だけでなく, 個体が多様性を保っている様子や遺伝的演算の効果の把握が可能となり, 遺伝的演算方法やそれらのパラメータ設定に対する適切な指針を得ることができる. 本論文では, 基礎的検討として簡単な 2 変数の最適化問題に対して提案手法を適用し, 効率的な解探索を行う遺伝的演算やそれらパラメータを決定する新しい情報が獲得できることを示す. また, 得られた解探索過程情報を用いて, 遺伝的演算やそれらパラメータ設定へとフィードバックすることにより, 解探索の効率化が可能となることを示す.

Grasping the Effects of Genetic Operation and Improvement of Searching Ability through Visualizing Search Process for GA

DAISUKE YAMASHIRO,[†] TOMOHIRO YOSHIKAWA[†]
and TAKESHI FURUHASHI[†]

Performance in searching solutions by GA depends on genetic operators and/or their parameters. For comparison of the performance with some genetic operators and/or parameters, we have usually taken the transitions of fitness values. This paper proposes a visualizing method for GA, which can visualize relative distances among chromosomes in search process and give information of not only the performance but also the effects of the genetic operations such as the diversity of chromosomes. This method uses Self-Organizing Map (SOM) for the visualization. This paper shows that the visualized data enables us to interpret the differences in search processes, and to get new information to determine efficient genetic operators and their parameters.

1. はじめに

組合せ最適化問題の準最適解を実用的な時間内に求められる簡便な手法として遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithm : GA)^{1)~4)} が幅広く用いられている. GA は生物の進化を模倣したアルゴリズムであり, 淘汰, 増殖, 交叉, 突然変異などの遺伝的演算により解探索が進められる. GA の解探索性能は, 遺伝的演算の方法およびそのパラメータである個体数, 突然変異確率, 交叉確率などに大きく依存する. 遺伝的演算の方法やパラメータが解探索性能に及ぼす効果を知るには, 通常, 評価値の改善効果が指標とされる. 適用の対象が簡単な問題であれば, その解空間を直

接グラフィック表示し, 解探索の様子を視覚的に把握することは可能である. しかし, GA を適用する必要がある現実の組合せ最適化問題は多次元であることが多い. たとえば 20 人の看護師スケジューリング問題では, その解は, 看護師 20 人, 日数 30 日の場合で 600 次元の多次元解空間内にあり, その解空間の可視化は容易ではない. このため, 効果的な遺伝的演算やそのパラメータの決定は, 評価値の比較を通した試行錯誤により行われることが多い.

本研究では, GA における適切な遺伝的演算方法やそれらのパラメータ設定に対する指針として, 生成された個体の多様性といった, 用いた遺伝的演算の探索能力に対する評価を目的に, 解探索過程の可視化手法の開発を目指す.

これまで, 高木ら⁵⁾ は, インタラクティブ進化的計算において, 評価値空間のランドスケープを可視化し

[†] 名古屋大学
Nagoya University

てユーザに提示し、評価値の高い個体が集中しているような領域の1点をユーザ自身が選択し、新たな個体を生成することで、解の収束を高速化する手法を提案している。この手法は、GAにおける個体の情報を、SOMを用いて可視化するという点で本研究と類似してはいるが、解空間全体のランドスケープを可視化する点や、探索すべき解の予測による解の収束の高速化を目的としている点など、本研究とは着眼点が異なる。文献5)では、探索過程そのものの把握や遺伝的演算により生成された個体の相対的位置関係の把握などについては触れられておらず、これらのことを行うためにはいくつかの工夫が必要となる。またこの手法は、個体の位置情報を2次元に射影し、評価値の軸と合わせて3次元で可視化を行っているが、評価値の軸が複数必要となる多目的問題での適用が困難であること、多次元の解空間の可視化を行っているが、そもそも多次元な解空間といった把握が不可能なものの可視化を行うため、それらの距離関係が保存されているかどうかの検証も困難であるなどの問題点があるため、本研究の目的としている探索能力の評価は困難である。

本論文で提案する手法は、解候補である個体どうしの相対的位置関係を可視化することで、解探索過程を把握しやすくする。本手法は、多次元の解空間そのものを可視化することは難しいが、個体どうしの相対的な位置関係を可視化することは容易であることに着目している。個体集団の相対的位置関係が見られることで、評価値の優劣からだけでは得られない、解の収束の様子や多様性を保持している様子、交叉・突然変異による新個体の配置と集散の様子などを把握することが可能となり、遺伝的演算の工夫や遺伝的演算のパラメータ値の評価に新たな指標を得ることができる。提案手法では、個体の相対的位置関係の可視化であるため、目的関数の数や評価値とは独立であり、多目的問題への適用でも本質的な違いはない。また、多次元となる個体の距離関数が射影により保存されていることの保証はないが、それらの距離が定義されていれば、少なくとも距離関係が保たれているかの検証は可能である。また、本手法ではSOMへの入力情報が遺伝的演算に関わる数百個体と限定されるため、距離関係の保存も容易となり、探索能力の評価が可能となる。

本論文では、本手法に対する基礎的検討として、簡単な2変数の最適化問題に対して提案手法を適用し、その有効性を示す。個体の多様性維持を目的とした異なる2つの遺伝的演算法に対して、提案手法による可視化結果を用いて多様性維持の効果の比較・検証を行う。本手法では、個体間の距離情報の可視化を行って

おり、距離関係そのものは次元数に依存しないため、入力ベクトルの次元数を2次元から n 次元に拡張を行っても、適用方法や得られる結果に本質的な違いはない。個体の相対的位置関係に加え、遺伝的演算による新個体の生成過程をも視覚的に把握できることで、2つの遺伝的演算法による解探索過程の違いを明確にする。提案手法により得られた情報は、遺伝的演算法やそのパラメータ設定にフィードバックすることが可能となる。本論文では、提案手法により得られた情報をもとに、解探索の効率化を試みる。

以降、2章で提案手法について説明し、3章では本論文で用いる問題設定の概略を示す。4章で実験結果および考察、検証について記す。5章では4章で得られたフィードバック情報をもとに解探索の効率化を行う。最後に6章でまとめと今後の課題を述べる。

2. 提案手法

図1に提案手法による可視化とその結果のフィードバックの概念図を示す。提案手法は、GAにおける個体間の相対距離を定義し、各個体間の位置関係を可視化する。さらに、遺伝的演算により生成された新個体に色情報を付与することで、解の探索過程を視覚的に把握しやすくし、効率的な遺伝的演算法やそれらのパラメータ決定へのフィードバックを可能とするものである。この個体間の相対距離には、遺伝子型における距離と、評価値における距離とが考えられる。ここで、遺伝子型における距離とは、遺伝子間の相違で定義される、たとえばユークリッド距離である。また、評価値における距離とは、看護師スケジューリング問題など、複数の目的関数が存在する多目的最適化問題において、各目的関数の評価値を要素とした多次元ベクトル間の距離である。この各個体間の距離関係を可視化することで、評価値空間内における解探索の様子を視覚的に把握することができる。ただし本論文では、遺伝子型による個体間の相対距離が正しく定義できた

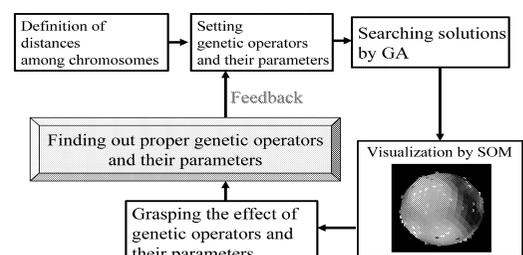


図1 可視化による遺伝的演算へのフィードバック
Fig. 1 Feedback into genetic operators from visualization of search process.

と仮定し、表現型による個体間距離を用いた可視化について検討する。また、個体間の相対距離は、ユークリッド距離を用いることとする。

本論文では、GA の個体どうしの相対的位置関係の可視化に自己組織化マップ (Self Organizing Map : SOM)⁶⁾⁻⁸⁾ を用いる。SOM は、教師なし学習をするニューラルネットワークの 1 つであり、与えられたデータの相対的關係を、自己組織的に 2 次元平面上にマップすることができる。本論文では、用いる SOM について、一般的に用いられている 2 次元空間に射影する SOM よりも高い位相保存性を持つ球面 SOM^{9),10)} を用いることとする。以下に提案手法の流れを示す。

- (Step 1) 各世代の個体を多次元データと見なし、問題・目的に応じて個体間の距離を定義する。
- (Step 2) 遺伝的演算とそのパラメータを設定する。
- (Step 3) 世代ごとに、各個体を入力ベクトルとして球面 SOM に入力し、自己組織化 (クラスタリング) を行うことで可視空間を構築する。
- (Step 4) 世代ごとに生じた交叉、突然変異、エリートなどの情報を色情報として付加し、可視空間へ写像する。

球面 SOM は、回転させることにより 360 度いずれの方向からでも見る事ができる。本論文では、図 4 のように、ある 1 方向を定めて、それを球の表とし、180 度球を回転させた図を裏とし、1 つの可視化結果として 2 つの図を本論文では掲載する。また、それぞれの個体は球面上に四角の点としてプロットする。提案手法では、このプロットされている点に対し色情報を付与する。交叉により発生した新個体は黄色、突然変異によって発生した新個体は青色、交叉と突然変異両方によって発生した新個体は紫色、交叉により発生したエリート個体はシアン、突然変異により発生したエリート個体は橙色、交叉と突然変異両方によって発生したエリート個体は深緑色とする。遺伝的演算を施されなかった個体は赤色で表示する。遺伝的演算が加えられなかった個体と他の色の個体が重なったときは、他の色が優先されて表示される。また、球面 SOM 上で、個体間の背景色が黒色に近いほど個体間の距離が離れていることを、反対に白色に近いほど距離が近いことを示している。個体間の相対距離が近いところには、比較的類似した解が集まっていることを示している。世代が進むにつれて、同じ個体が生成されていく場合には、同一箇所に数個の個体が重なって表示され、SOM 上の点の数は減っていくことになる。SOM を用いた自己組織化により、可視化を行うための付加的な時間が必要となる。1 回 (1 世代) の可視化に要する

時間は、描画に必要な時間を含め数秒～数分である。ただし、提案手法はすべての世代において可視化をする必要はなく、一定の世代ごとや、評価値が大きく変化した世代のみに適用するといった柔軟な適用が可能である。さらに、性能評価を、十分な回数の試行による評価値の推移で比較する方法と比較して、本手法が、1 回もしくは数回程度の試行のみでも、可視化により探索過程における多くの情報が得られることで、全体的な時間コストは抑えられると考えられる。

3. 問題設定

本論文では問題設定として、Schaffer の F1 関数を、目的関数最大化問題として用いる。問題を簡単化するため、入力変数を 2 変数とする。以下に Schaffer の F1 関数を示す。

$$Fitness = 0.5 + \frac{\sin^2 \left(\sqrt{\sum_{i=1}^n x_i^2} \right) - 0.5}{1.0 + 0.0001 \left(\sum_{i=1}^n x_i^2 \right)^2} \quad (1)$$

また、図 2 に Schaffer の F1 関数 (2 変数) における解空間を示す。染色体は、1 変数を 14 ビットで表し、計 28 ビットでコーディングする。各変数を閉区間 $[0, 16384]$ の整数値へデコードし、次式により、対応する実数値へと変換する。

$$x = -81.91 + x' \frac{163.84}{2^{14} - 1} \quad (2)$$

ここで x は、表現型となる実数値、すなわち式 (1) の各変数 x_i の値と対応し、 x' は、各 x_i について、ビットコーディングされている遺伝子型を 2 進数と見なし、それを 10 進数に変換した整数値を示す。変数 x は $-81.91 < x_i < 81.92$ であり、最適解の評価値 (目的関数の最大値) は 1 となる。

SOM の学習率は 0.2、学習回数は 10,000 回、また球面 SOM の格子には正三角形型を用い、球面 SOM

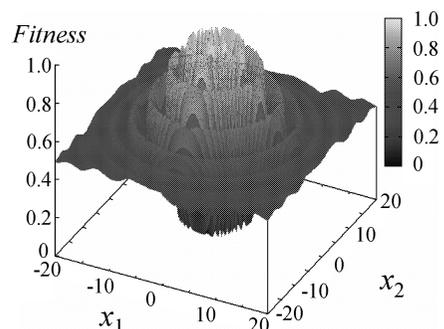


図 2 Schaffer の F1 関数 (2 変数) の解空間
Fig. 2 Visualized solution space in Schffer F1 function.

のユニット数は 642 とした．今回の実験では，表現型による個体間距離の可視化として，デコード化された 2 変数を球面 SOM への入力ベクトルとして用いた．また，球面 SOM の近傍関数としてカーネル関数を用い，近傍半径は，初期値を π とし，学習回数が 1,000 回未満のときは $\pi \rightarrow 0.15$ ，1,000 回以上は 0.15 とした¹⁰⁾．

4. 実験結果と考察

本章では，提案手法による可視化結果を示し，評価値の推移の結果と対比して考察を行う．個体の多様性維持を目的とした 2 種類の遺伝的演算法を示し，提案手法を用いて両者の探索過程の違いを明確にする．

4.1 遺伝的演算

個体の多様性維持に効果的な遺伝的演算（交叉）方法に一樣交叉がある²⁾．本論文では，以下に示すパラメータのもと，交叉に一樣交叉を用いた遺伝的演算法を遺伝的演算 (A) と呼ぶ．遺伝的演算パラメータとして，個体数を 50 個体，交叉率 0.4 の一樣交叉，突然変異確率 0.05，淘汰・増殖率 0.2（ランキング選択）を用いた．一樣交叉は，ランダムに $\{0, 1\}$ を発生させて 28 ビットのマスクパターンを作り，このマスクパターンの 1 の遺伝子座には親 1 の遺伝子を，0 の遺伝子座には親 2 の遺伝子を受け継ぐ子 1 と，その逆の受け継ぎ方をする子 2 を生成させた．突然変異は，選択された個体に対して，ランダムに 1 ビットを反転させる方法を用いた．一方，個体の多様性維持を目的とし，以下の交叉，淘汰・増殖方法を用いる．本論文ではこの方法を遺伝的演算 (B) と呼ぶ．

1. 全個体の中からランダムに 2 個体選択し，交叉（1 点交叉）を行う．
 2. 生成された 2 つの子個体からランダムに 1 個体を選び，保存する．
 3. 1., 2. を（個体数 \times 交叉率/2）回繰り返す．
 4. 保存された子個体と，元の個体集団において評価値の低いものから順に置き換える（淘汰・増殖）．この方法により，以下のような効果が期待できる．
- 1) 評価値の高い個体は，交叉の親個体として選ばれれば，自己の部分列を次世代に広められる可能性が生じるが，個体そのもののコピーではないため，初期収束は起こりにくい．
 - 2) 淘汰される個体でも，親個体となることはできるため，その部分列を次世代に残せる可能性がある（ルーレット選択における有効性）．
 - 3) 交叉により，親個体が死滅しない．同時に，交叉においてエリート保存戦略を無理なく行うことが

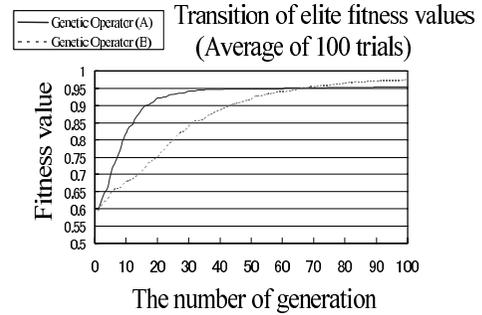


図 3 エリート評価値の推移

Fig. 3 Transition of elite fitness values with genetic operator (A) and (B).

できる．

上述の方法においては，淘汰・増殖率 = 交叉率/2 となる．遺伝的演算 (B) は，多様性維持能力に優れた世代交代モデルとして知られている MGG (Minimal Generation Gap)¹¹⁾ の一種である．また，遺伝的演算のパラメータはすべて遺伝的演算 (A) と同じとした．

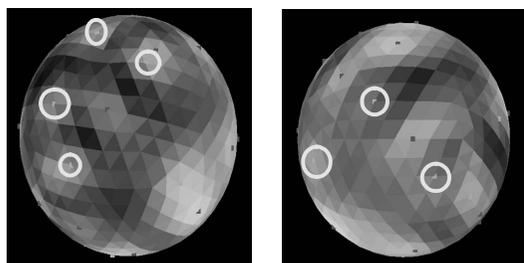
4.2 評価値の推移

図 3 に，遺伝的演算 (A)，(B) により，3 章で述べた問題設定に対して GA を適用した際の，エリート個体の評価値の推移を示す．図は 100 試行における平均値である．

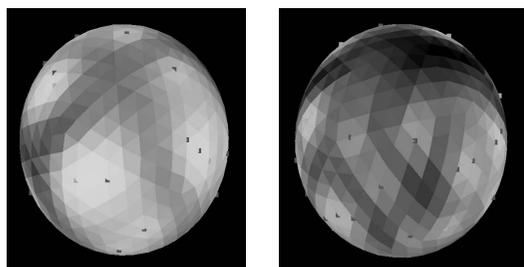
遺伝的演算 (A) と遺伝的演算 (B) それぞれの 100 世代の探索を 1 試行とし，各遺伝的演算 100 試行におけるエリート評価値の平均は遺伝的演算 (B) の方が良く， t 検定により，その差は有意水準 1% で有意であるという結果を得た． t 検定では，分散値により，確率的なばらつきを合わせて比較を行うため，この結果は遺伝的演算 (B) が，平均値だけでなく高頻度で高い性能を示したことを表している．また，図 3 から，

- 1) 遺伝的演算 (A) の評価値は 30 世代付近まで急上昇しているが，それ以降ほとんど変化がみられない．
- 2) 遺伝的演算 (B) の評価値は 100 世代付近まで，緩やかに上昇している．
- 3) 70 世代付近までは遺伝的演算 (A) の性能が優れているが，それ以降は遺伝的演算 (B) の方が優れている．

といった情報を得ることができる．しかし，解の探索の様子，個体の多様性維持の度合い，評価値の改善に貢献した遺伝的演算の種類など，探索過程に関する情報はこの図からは得られない．図の結果から，終了世代など，本実験での条件下で性能比較を行う際，遺伝的演算 (B) の方がこの問題に適しているという情報が得られるだけであり，各演算方法による探索の仕方の違いや，遺伝的演算 (B) の探索性能が優れていた理由



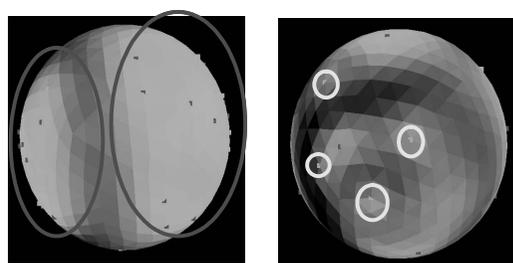
(a) 遺伝的演算 (A) (Genetic operator (A))



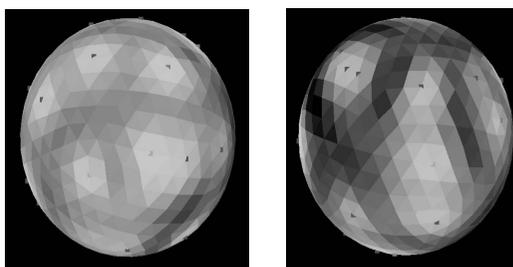
(b) 遺伝的演算 (B) (Genetic operator (B))

図 4 可視化結果 (7 世代目)

Fig. 4 Visualization results at the 7th generation.



(a) 遺伝的演算 (A) (Genetic operator (A))



(b) 遺伝的演算 (B) (Genetic operator (B))

図 5 可視化結果 (14 世代目)

Fig. 5 Visualization results at the 14th generation.

を明確にすることは困難である．そこで，提案手法を適用し，個体の集散状態と新個体生成過程の可視化を行う．

4.3 可視化結果

本節では，各遺伝的演算方法において特徴が明確に表れている世代に注目し，提案手法を用いた可視化結果を示す．

4.3.1 7 世代目

遺伝的演算 (A), (B) により GA を適用した際の 7 世代目について，解探索過程を可視化した結果を図 4 に示す．図 4 (a) の円で囲まれている個体は交叉により生成された新個体 (黄色) を示している．7 世代目においては，図 3 で示されているように，評価値の推移の差異はほとんどない．また図 4 (a), (b) より，遺伝的演算 (A), (B) の個体の分布は，多様性を維持しているという点で類似していること，全体的に個体間の色の濃度が濃く，個体どうしの相対距離が遠いことが分かる．さらに遺伝的演算 (A) においては，交叉により生成された新個体が，全体に広く分布している．7 世代目における遺伝的演算 (A), (B) による探索過程の特徴を以下にまとめる．

- (1) 遺伝的演算 (A), (B) とともに，個体の多様性は維持されている．
- (2) 遺伝的演算 (A) で用いられている一様交叉により生成される新個体は，主に他の個体とは大きく離れた位置に発生し，個体の多様性維持に寄与し

ている．

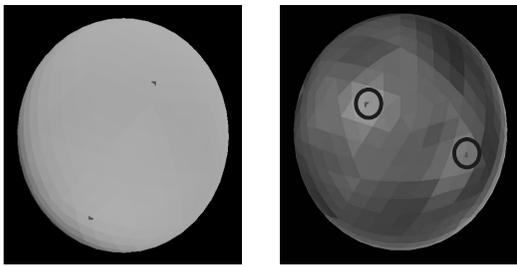
4.3.2 14 世代目

14 世代目における可視化結果を図 5 に示す．図 5 (a) から，2 つの大きな個体集団が形成されていることが分かる．14 世代目では，遺伝的演算 (A) の評価値が遺伝的演算 (B) の評価値を大きく上回っている．遺伝的演算 (A) では，個体が収束し始め，局所探索を積極的に行ったことで，評価値が大幅に向上したのだと考えられる．一方，図 5 (b) から，遺伝的演算 (B) では，7 世代目からの大きな変化は見られないことが分かる．

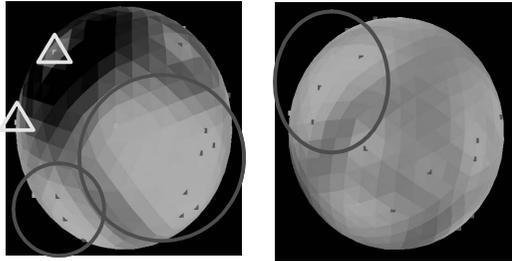
- (1) 遺伝的演算 (A) では，個体の収束と局所改善が始まっている．
- (2) 個体集団が形成され始めても，一様交叉により集団とは離れた位置の探索も行っている．
- (3) 遺伝的演算 (B) には大きな変化は見られない．

4.3.3 41 世代目

41 世代目の可視化結果を図 6 に示す．図 6 (a) から，遺伝的演算 (A) では，収束が始まって約 30 世代後には図の緑色の点 1 点 (エリート) に完全に収束したことが分かる．また，図 3 においても，遺伝的演算 (A) の評価値の変化がほぼなくなっている．一様交叉であっても，同一の親個体からは新個体は生成されないため，遺伝的演算 (A) では，突然変異で評価値の高い個体が生成され，新たな収束先が現れない限り，探索効率も極端に低くなる．なお，図 3 からのみでも，個体が収束しているという推測は可能だが，多様



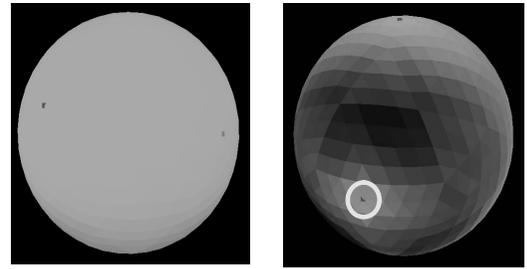
(a) 遺伝的演算 (A) (Genetic operator (A))



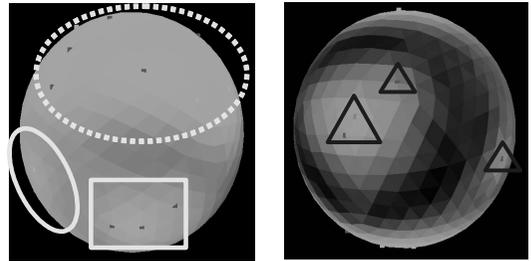
(b) 遺伝的演算 (B) (Genetic operator (B))

図 6 可視化結果 (41 世代目)

Fig. 6 Visualization results at the 41th generation.



(a) 遺伝的演算 (A) (Genetic operator (A))



(b) 遺伝的演算 (B) (Genetic operator (B))

図 7 可視化結果 (89 世代目)

Fig. 7 Visualization results at the 89th generation.

性を保ちながらも評価値の向上が見られないのか、このように完全に収束してしまっているのかを視覚的に把握できる点は、提案手法の利点である。一方図 6 (b) では、数個の個体集団が見られ、個体の収束が緩くではあるが始まっている。ただし、集団内においては、個体が広く分布し、多様性が保たれていることが分かる。さらに、図 5 (a) と類似しているが、交叉は集団内の局所的探索と同時に、集団とは離れた位置の探索も行っていること、突然変異は主に局所的探索を行っていることが付加した色情報より把握できた。

- (1) 遺伝的演算 (A) では、個体がほぼ 1 点に収束し、一様交叉の効果はほぼなくなっている。
- (2) 遺伝的演算 (B) では、この段階から個体集団の形成が始まっている。
- (3) 遺伝的演算 (B) では、多様性維持と集団の収束性のバランスが良く、遺伝的演算の効果が活かされている。またそのことは、評価値の上昇にも表れている。

4.3.4 89 世代目

89 世代目における、可視化結果を図 7 に示す。遺伝的演算 (B) では、この世代においてなお個体が、完全には収束してはいないことが明らかになった。遺伝的演算 (A) は収束が始まって約 30 世代後には完全に緑色の個体 1 点に収束したのに対し、遺伝的演算 (B) では、長い世代にわたって多様性維持の効果があることがその特徴であると考えられる。またさらに、図 3

の評価値の推移において有意な差があったことをあわせ考えると、本論文で示した問題設定については、個体の多様性の維持と、個体の収束とのバランスとが、探索性能の向上につながっていると考えられる。

提案手法における個体の分布と、実際の解空間における個体の分布との比較として、89 世代目における遺伝的演算 (A), (B) の解空間上での個体分布を図 8 に示す。なお実際の解空間は $(-81.91 < x_i < 81.92)$ であるが、中央部での分布状況を分かりやすくするため、 $(-20 < x_i < 20)$ を切り取って表示している。また図 8 (a), (b) は、それぞれ個体の分布が最も分かりやすい角度で表示されている。図 8 (a) から、遺伝的演算 (A) における解空間では、2 つの個体がプロットされていることが分かる。これは図 7 (a) において、円で囲まれた個体 (黒色領域に囲まれた個体) 以外の 3 つの個体については、個体間の距離が近く、実際の解空間ではほぼ 1 点に収束していることを示している。また、図 7 (b) で三角形によって囲まれた (図 7 (b) 右図) 個体は、図 8 (b) で示した解空間外の距離の離れた領域に生成されていることが分かった。また図 7 (b)、図 8 (b) で同じ図形に囲まれている個体群がそれぞれ対応しており、可視空間における個体の分布と実際の解空間における個体の分布について対応がとれていることが確認できた。

4.4 フィードバック情報

本研究の目的は、適切な遺伝的演算法やそれらのパ

ラメータ設定に対する指針を得るために、解探索過程の可視化手法を開発することである。そこで上述の可視化結果から獲得された各遺伝的演算に対する特徴をまとめ、探索性能の低かった遺伝的演算 (A) について、解探索の効率化に必要なフィードバック情報を以下に述べる。

- (1) 遺伝的演算 (A) で用いられている一様交叉は、個体の多様性が少しでも保たれている間は、集団とは離れた解を生成し、全体の多様性を維持する効果は高い。交叉手法一般にいえることだが、集団が 1 点に収束してしまうことで、その効果は消える。
- (2) 遺伝的演算 (B) は、多様性維持の効果が比較的長い世代にわたって継続され、集団が形成され始めた後でも、多様性と収束のバランスが良い。その結果、既存の個体とは離れたところの探索と局所的探索が後半世代まで継続した。

(1) に対する改善点：

- (1') 一様交叉による多様性維持の効果を継続させるため、突然変異に積極的に新個体を生成させる役割を持たせる必要があると考えられる。具体的には、突然変異の確率を高め、また、突然変

異による遺伝子の変化量を増やすことで、この多様性維持の相乗効果が期待できる。

(1') のフィードバック情報を用いて、遺伝的演算 (A) の解探索の効率化を次章で試みる。

5. 解探索の効率化

5.1 遺伝的演算パラメータの改良

4 章で得られた情報より、突然変異演算を次のように変更する。突然変異確率を 0.05 から 0.2 に変更し、さらに選択された個体に対して、ランダムに 1 つの遺伝子のビットを反転させる方法から、ランダムに 3 つのビットを反転させる方法に変更する。遺伝的演算 (A) に上記の変更を加えた方法を遺伝的演算 (A') とし、解探索能力向上の効果を、評価値の推移と可視化手法を用いて比較・検証する。

5.2 評価値の推移

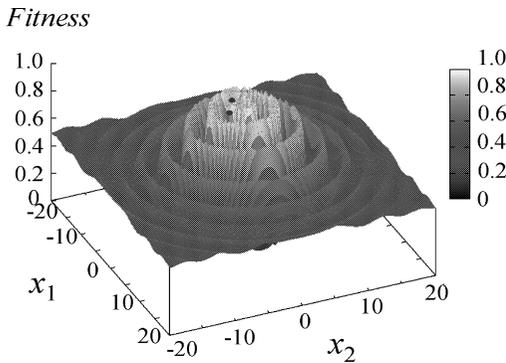
図 9 に、遺伝的演算 (A), (A') におけるエリート個体の評価値の推移を示す。図は 100 試行における平均値である。

図から、遺伝的演算 (A') の評価値が、遺伝的演算 (A) と比較して向上していることが分かる。t 検定により、その差は有意水準 1% で遺伝的演算 (A') の方が良いという結果を得た。本論文で提案した遺伝的演算へのフィードバックにより、交叉による多様性維持の効果が高まり、解の探索性能が向上したと考えられる。

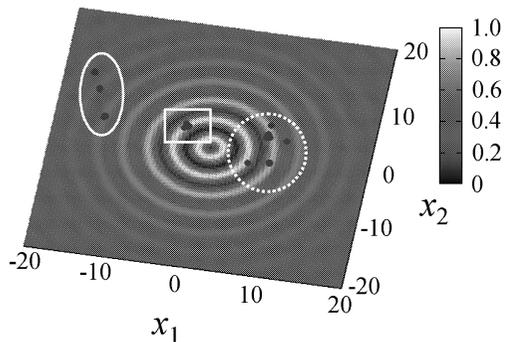
5.3 可視化結果

遺伝的演算 (A') により GA を適用した際の 89 世代目について、解探索過程を可視化した結果を図 10 に示す。

図 7 (b) と同様、集団形成をしながらも、1 点には収束せず、後半世代まで多様性を維持できていることが確認できた。また、用いた突然変異の特徴から、突然変異により生成された新個体 (青色) が既存の個体とは離れたところの探索効果を持ち、相対的な意味で交



(a) 遺伝的演算 (A) (Genetic operator (A))



(b) 遺伝的演算 (B) (Genetic operator (B))

図 8 解空間 (89 世代目)

Fig. 8 Solution space at the 89th generation.

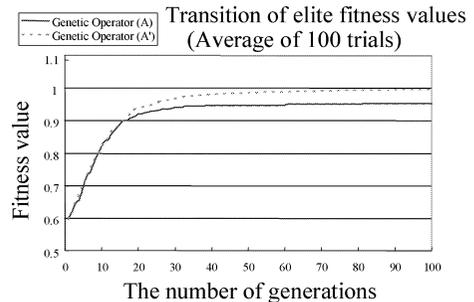


図 9 エリート評価値の推移

Fig. 9 Transition of elite fitness values with genetic operator (A) and (A').

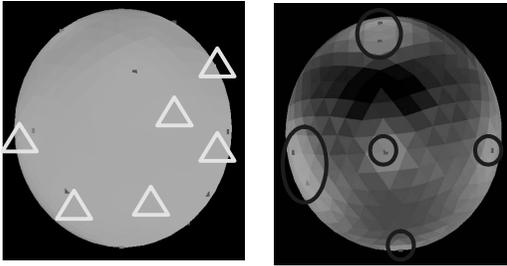


図 10 可視化結果 (89 世代目) (遺伝的演算 (A'))
 Fig. 10 Visualization results at the 89th generation
 (Genetic operator (A')).

又が局所的探索効果があることも視覚的に確認できた。これにより、多様性と収束、そして探索範囲のバランスが改善されたことが、解探索の効率化につながったと考えられる。

6. ま と め

本論文では、GA における適切な遺伝的演算法やそれらのパラメータ設定に対する指針を得ることを目的とし、GA の解探索過程の可視化手法を提案した。提案手法では、個体の生成過程を色情報として可視化結果に付加することで、遺伝的演算法の効果を視覚的に把握できる。個体の多様性維持を目的とする 2 つの遺伝的演算法による探索過程を可視化し、個体の分布の様子および突然変異や交叉による新個体生成の様子を把握することで、それらの探索効果を明らかにした。得られた情報に基づき、遺伝的演算法にフィードバックを行うことで、解探索の効率化が図れることを示した。

今後の課題として、多次元の組合せ最適化問題や異なる遺伝的演算法に対して本可視化手法を適用し、それらの探索効率の改善を図ることがあげられる。その際には、個体間の距離について、可視化を前提としたコーディング方法を含め、適切な定義方法を検討していく必要がある。進化的計算における個体の多様性や収束性のバランスについては、近年特に議論が進められている¹²⁾。本手法を用いることで、それらに対する指針を得ることも、本研究の視野に入れていきたい。また、本手法を用いて、探索の状況を定量化し、探索の段階に応じて進化戦略を動的に切り替える手法の検討も行っていく予定である。さらに、筆者らの進めている看護師スケジューリングシステム¹³⁾ に対しても本手法を適用し、効率的な演算法の検討、個体間の相対距離を反映した勤務表の複数呈示方法の検討などを行っていく予定である。

謝辞 本研究の一部は 21 世紀 COE プログラム「計

算科学フロンティア」の補助金を得て遂行された。

参 考 文 献

- 1) 北野宏明：遺伝的アルゴリズム，朝倉書店 (1995).
- 2) 伊庭斉志：遺伝的アルゴリズムの基礎—GA の謎を解く，pp.79–85，オーム社 (1994).
- 3) 坂和正敏，田中雅博：遺伝的アルゴリズム，日本知能ファジィ学会編，ソフトコンピューティングシリーズ，朝倉書店 (1995).
- 4) Deb, K.: *Multi-Objective Optimization using Evolutionary Algorithms*, John Wiley and Sons, LTD. (2001).
- 5) Hayashida, N. and Takagi, H.: Acceleration of EC Convergence with Landscape Visualization and Human Intervention, *Soft Computing*, Vol.1, No.4, pp.245–256 (2002).
- 6) Ultsch, A., Guimaraes, G., Korus, D. and Li, H.: Knowledge Extraction from Artificial Neural Networks and Applications, *TAT/WTC93*, pp.194–203 (1993).
- 7) Kohonen, T.: *Self-Organizing Maps*, Springer (2000).
- 8) 徳高平蔵，岸田 悟，藤村喜久郎：自己組織化マップの応用—多次元情報の 2 次元可視化，海文堂出版 (1999).
- 9) 漆畑喜代裕，大藪又茂：球面 SOM の作成とその応用，第 17 回ファジィシステムシンポジウム講演論文集，pp.339–342 (2001).
- 10) 中塚大輔，大藪又茂：クラスタリングにおける球面 SOM の有効性，第 19 回ファジィシステムシンポジウム講演論文集，pp.67–70 (2003).
- 11) 佐藤 浩，小野 功，小林重信：遺伝的アルゴリズムにおける世代交代モデルの提案と評価，人工知能学会誌，Vol.12, No.5, pp.734–743 (1996).
- 12) Ishibuchi, H. and Shibata, Y.: Mating Scheme for Controlling the Diversity-Convergence Balance for Multiobjective Optimization, *2004 Genetic and Evolutionary Computation Conference Part 1*, pp.1259–1271 (2004).
- 13) 上野尚樹，古橋 武：看護師長の作成手法を取り入れた看護師勤務表作成支援システム，第 14 回インテリジェントシステムシンポジウム，pp.174–177 (2004).

(平成 17 年 11 月 15 日受付)

(平成 18 年 6 月 6 日再受付)

(平成 18 年 8 月 28 日再々受付)

(平成 18 年 9 月 13 日採録)



山代 大輔 (学生会員)

2005年3月三重大学工学部情報工学科卒業。同年4月名古屋大学大学院工学研究科計算理工学専攻博士前期課程に入学、現在に至る。主として、進化的計算手法、多目的最適

化問題に関する研究に従事。



吉川 大弘

1997年名古屋大学大学院博士後期課程修了。同年カリフォルニア大学バークレー校ソフトコンピューティング研究所客員研究員。1998年三重大学工学部電気電子工学科助手。

2005年名古屋大学大学院工学研究科 COE 特任助教授。2006年10月同研究科助教授。現在に至る。主としてソフトコンピューティングとその応用に関する研究に従事。博士(工学)。日本知能情報ファジィ学会、日本感性工学会、IEEE 各会員。



古橋 武

1985年3月名古屋大学大学院博士課程修了、1990年12月より同大工学部助教授、2001年1月より三重大学工学部情報工学科教授、2004年4月より名古屋大学大学院工学研究

科教授。現在に至る。工学博士。1994年日本ファジィ学会論文賞受賞。主として、ソフトコンピューティングに関する研究に従事。