

差分進化における相関係数に基づく遺伝子のグループ化とグループ単位の交叉の提案

高濱 徹行^{1,a)} 阪井 節子^{2,b)}

概要: 最適化が困難な変数間依存性の強い問題に出現する特徴的な分布として、細い楕円形状の分布がある。このような場合に優れた子個体を生成するには、楕円形状の長軸に沿って変数を同時に変更する必要がある。また、同様の分布は、変数分離型の問題において探索点集合が最適解から離れている場合にも出現する。差分進化における2項交叉は、各変数(遺伝子)について同じ確率で交叉を行うかどうかを決定しているため、特定の遺伝子を同時に交叉することは困難である。本研究では、このような形状を検出するために探索点の相関係数を利用する方法を提案する。探索点の分布から相関行列を求め、相関の強い遺伝子をグループ化し、グループ単位で遺伝子を同時に交叉する(あるいは、交叉しない)。本手法を差分進化の代表的な手法であるJADEに導入し、幾つかのベンチマーク問題を最適化し、性能を比較することにより、本手法の効果を調べる。

A Crossover Operation Based on Groups of Genes Obtained Using Correlation Coefficients for Differential Evolution

TETSUYUKI TAKAHAMA^{1,a)} SETSUKO SAKAI^{2,b)}

Abstract: When problems with strong dependency among decision variables are optimized, a characteristic distribution, which is a thin elliptical distribution, may appear. In order to generate good children, it is necessary to change the variables (genes) simultaneously along the long axis of the elliptical distribution. A similar distribution also may appear when the search points are far from the optimal solution even in problems with independent variables. Since binomial crossover in differential evolution determines whether each gene is crossed or not with the same probability, it is difficult to change some genes simultaneously. In this study, we propose a crossover operation which uses correlation coefficients of search points in order to detect such distribution. The strongly correlated genes are grouped and the genes in each group are crossed (or not crossed) simultaneously. The proposed method is introduced into JADE, which is a representative differential evolution with adaptive parameter control. The nature of the method is investigated by solving several benchmark problems.

1. はじめに

進化的計算などの集団的最適化手法では、良好な探索点の分布から様々な情報を得ることができる。最適化が困難な問題に変数間依存関係の強い問題がある。このような問題を最適化する場合に、特徴的な分布として、図1のよう

に傾いた細い楕円形状の分布が出現することがある。このような場合に優れた子個体を生成するには、楕円形状の長軸に沿って変数を同時に最適解に近づくように変更する必要がある。また、同様の分布は、変数分離型の問題において探索点集合が最適解から離れている場合にも出現する。この場合にも、変数を同時に変更することにより効率的に最適解の方向へ移動できると考えられる。

本研究では、このような形状を検出するために変数間の相関係数を利用することを考える。相関係数の大きさによって変数(遺伝子)をグループ化し、グループ単位で交叉

¹ 広島市立大学
Hiroshima City University
² 広島修道大学
Hiroshima Shudo University
a) takahama@hiroshima-cu.ac.jp
b) setuko@shudo-u.ac.jp

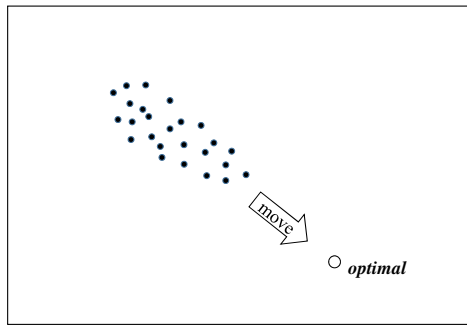


図 1 探索点集団の最適解への移動

することにより、相関の強い遺伝子を同時に交叉する（あるいは、交叉しない）ことを実現する。これにより、変数間依存性の強い問題や最適解から離れた場所に分布している探索点を効率的に最適解方向に移動させることが期待できる。

差分進化 (Differential Evolution, DE)[1], [2] における交叉として、2項交叉 (binomial crossover, BX) がある。2項交叉では、ランダムに選択された遺伝子を必ず交叉する遺伝子とし、それ以外の遺伝子は交叉率 CR で交叉させる。各遺伝子について同じ確率で交叉を行うかどうかを決定しているため、特定の遺伝子を同時に交叉することは困難である。本研究では、探索点の分布から相関行列を求め、相関の強い遺伝子をグループ化し、グループ単位で遺伝子を同時に交叉する（あるいは、交叉しない）交叉 GBX (grouping-based binomial crossover) を提案する。BX と同様に必ず交叉する遺伝子をランダムに選択する。必ず交叉する遺伝子と相関が強い遺伝子は同じグループとし、すべて交叉する。それ以外の遺伝子については、その遺伝子と最も相関が強い遺伝子がまだグループに属していなければ同じグループとし、交叉率 CR によりグループ単位で交叉するかどうかを決める。

DE の代表的手法の一つにアルゴリズムパラメータを適応的に調整する JADE[3] が提案されている。本研究では、JADE に GBX を導入する。幾つかのベンチマーク問題を最適化し、JADE と性能を比較することにより、本手法の効果を調べる。

本論文の構成は次の通りである。2. で関連研究を紹介する。3. で DE および JADE について簡潔に説明する。4. で、本手法のアルゴリズムを説明する。5. で実験結果を述べる。6. はまとめである。

2. 関連研究

変数間の依存関係を同定することは、探索プロセスにおいて非常に重要な問題であり、リンケージ同定と呼ばれている。リンケージ同定のため研究として、遺伝的アルゴリズムを対象に LINC (Linkage Identification by Nonlinearity Check)[4]、粒子群最適化を対象にリンケージの強さを示すリンケージ行列の学習 [5] が、差分進化を対象にリンケ

ージ行列の学習 [6] が提案されている。これらの研究では同様の考え方が採用されているため、LINC について説明する。 i 番目の変数と j 番目の変数間のリンケージの強さを得るために、 i 番目の変数のみを摂動したときの関数値の変化 Δf_i 、 j 番目の変数のみを摂動したとき変化 Δf_j 、両方の変数を摂動したときの変化 $\Delta f_{ij} (i < j)$ を以下のように求める。

$$\Delta f_i = f(\dots, x'_i, \dots, x_j, \dots) - f(\dots, x_i, \dots, x_j, \dots) \quad (1)$$

$$\Delta f_j = f(\dots, x_i, \dots, x'_j, \dots) - f(\dots, x_i, \dots, x_j, \dots) \quad (2)$$

$$\Delta f_{ij} = f(\dots, x'_i, \dots, x'_j, \dots) - f(\dots, x_i, \dots, x_j, \dots) \quad (3)$$

もし i 番目の変数と j 番目の変数が独立ならば、以下の式が成立する。

$$\Delta f_{ij} = \Delta f_i + \Delta f_j \quad (4)$$

逆に、この条件が成立しなければ、 i 番目の変数と j 番目の変数間にリンケージがあると考えられる。リンケージの強さ e_{ij} は以下のように定義できる。

$$e_{ij} = |\Delta f_{ij} - (\Delta f_i + \Delta f_j)| \quad (5)$$

LINC では $O(D^2)$ 回の関数評価が必要となる。したがって、目的関数の計算コストが高い場合、何度もリンケージ同定を行うことは非常に困難である。しかし、巨視的な関数景観と微視的な関数景観が大きく異なる問題も多い。このような問題ではリンケージ同定を繰り返す必要があるため、関数評価回数の観点から適当ではないと考えられる。これに対して、本研究では相関行列を用いており、余分な関数評価を必要としないため、提案手法はこのような問題にも適用することができる。

3. 差分進化と JADE

3.1 差分進化

差分進化 (DE) は Storn and Price[1], [2] によって提案された進化的アルゴリズムである。DE は確率的な直接探索法であり、解集団を用いた多点探索を行う。DE には幾つかの形式が提案されており、DE/best/1/bin や DE/rand/1/exp などがよく知られている。これらは、DE/base/num/cross という記法で表現される。“base” は基本ベクトルとなる親の選択方法を指定する。例えば、DE/rand/num/cross は基本ベクトルのための親を集団からランダムに選択し、DE/best/num/cross は集団の最良個体を選択する。“num” は基本ベクトルを変異させるための差分ベクトルの個数を指定する。“cross” は子を生成するために使用する交叉方法を指定する。例えば、DE/base/num/bin は2項交叉 (BX) を使い、DE/base/num/exp は、指数関数的に減少する確率で遺伝子を交換する交叉 (exponential crossover) を用いる。

3.2 アルゴリズム

DE/rand/1/bin のアルゴリズムは以下のように記述できる [7].

Step0 初期化. N 個の初期個体 \mathbf{x}_i を探索空間内に生成し, 初期集団 $\{\mathbf{x}_i \mid i = 1, 2, \dots, N\}$ を構成する.

Step1 終了判定. 終了条件を満足すれば, アルゴリズムは終了する. 終了条件としては, 最大の繰り返し回数や関数評価回数をを用いることが多い.

Step2 突然変異. 各個体 (target vector) \mathbf{x}_i に対して, 3 個体 $\mathbf{x}_{r1}, \mathbf{x}_{r2}, \mathbf{x}_{r3}$ を \mathbf{x}_i および互いに重複しないようにランダムに選択する. 基本ベクトル \mathbf{x}_{r1} および差分ベクトル $\mathbf{x}_{r2} - \mathbf{x}_{r3}$ から変異ベクトル (mutant vector) \mathbf{m} を以下のように生成する.

$$\mathbf{m} = \mathbf{x}_{r1} + F(\mathbf{x}_{r2} - \mathbf{x}_{r3}) \quad (6)$$

ここで, F はスケールパラメータである.

Step3 交叉. 変異ベクトル \mathbf{m} と親 \mathbf{x}_i を交叉し, 子ベクトル (trial vector) $\mathbf{x}_i^{\text{child}}$ を生成する. 必ず交叉する点 j_{rand} を全ての次元 $[1, D]$ からランダムに選択する. 子ベクトル $\mathbf{x}_i^{\text{child}}$ の j_{rand} 番目の要素は \mathbf{m} の j_{rand} 番目の要素から継承し, それ以外の次元は, 交叉パラメータ CR の確率で, \mathbf{m} の要素から継承する. 残りの部分は, 親 \mathbf{x}_i から継承する. 図 2 に BX のアルゴリズムを示す.

実際の処理では, Step2 と Step3 は一まとまりの処理で実現される.

Step4 生存者選択. 子ベクトルを評価する. 子 $\mathbf{x}_i^{\text{child}}$ が親よりも良ければ子が生存者となり, 親を子で置換する.

Step5 Step1 に戻る.

```
binomial crossover DE/./bin
j_rand=randint(1,D);
for(j=1; j ≤ D; j++) {
  if(j == j_rand || u(0,1) < CR) x_j^child=m_j;
  else x_j^child=x_ij;
}
```

図 2 The binomial crossover operation, where randint(1,D) generates an integer randomly from $[1, D]$ and $u(l,r)$ is a uniform random number generator in $[l, r]$.

3.3 JADE

JADE では, スケールファクターの平均値 μ_F と交叉率の平均値 μ_{CR} によって良好なパラメータ値の確率分布を表現し, 成功した時のパラメータ値を用いて適応的に平均値を更新する. 初期値は, $\mu_F = \mu_{CR} = 0.5$ である. 各個体 \mathbf{x}_i のために, 異なるスケールファクター F_i と交叉率 CR_i が次式に従って独立に生成される.

$$F_i \sim C(\mu_F, \sigma_F) \quad (7)$$

$$CR_i \sim N(\mu_{CR}, \sigma_{CR}^2) \quad (8)$$

ここで, $C(\mu_F, \sigma_F)$ は位置パラメータ μ_F , 尺度パラメータ $\sigma_F = 0.1$ の Cauchy 分布に基づく確率分布である. $N(\mu_{CR}, \sigma_{CR}^2)$ は平均 μ_{CR} , 標準偏差 $\sigma_{CR} = 0.1$ の正規分布に基づく確率分布である. CR_i は区間 $[0, 1]$ となるように切り捨てられる. F_i は負の値あるいは 0 の場合は再生成され, それ以外の場合は 1 以下となるように切り捨てられる. μ_F と μ_{CR} は, 安定した学習を実現するために, 指数移動平均を用いて更新される.

$$\mu_F = (1 - c)\mu_F + cS_{F^2}/S_F \quad (9)$$

$$\mu_{CR} = (1 - c)\mu_{CR} + cS_{CR}/S_N \quad (10)$$

ここで, S_N は親より良い子が生成された (成功した) 回数, S_F, S_{F^2}, S_{CR} はそれぞれ成功時の F_i, F_i^2, CR_i の和である. すなわち, μ_{CR} は成功時の単純な算術平均により更新される. これに対して, μ_F は多様性を保持するために, 大きな値を重視した重み付き平均によって更新される. 定数 c は値を更新する際に使用される区間 $(0, 1]$ の重みであり, 推奨値は 0.1 である.

JADE では “current-to-pbest” と呼ばれる突然変異戦略が提案され, 親と上位個体の内分点が基本ベクトルとなる. 変異ベクトルは次式で生成される.

$$\mathbf{m}_i = \mathbf{x}_i + F_i(\mathbf{x}_{pbest} - \mathbf{x}_i) + F_i(\mathbf{x}_{r2} - \mathbf{x}_{r3}) \quad (11)$$

ここで, \mathbf{x}_{pbest} は上位 100p% 個体からランダムに選択された個体であり, p の推奨値は 0.05 である.

JADE ではアーカイブを使用する方法も提案されているが, 本研究ではアーカイブを使用しないため, 説明は省略する.

4. 提案手法

4.1 相関に基づく 2 項交叉

BX では, 突然変異ベクトルの要素が子個体に継承される確率を交叉確率 CR で指定するため, 全ての要素について同じ確率で子個体に継承されることになる. しかし, 変数間の依存関係が強い問題においては, 依存関係が強い要素を同時に継承しなければ優良な子個体を生成することは困難であると考えられる. このため本研究では, 変数間の相関関係に基づき, 相関の強い要素を同時に継承できる交叉を提案する.

2 変数間の相関の強さを測る指標として相関係数がある. これを n 変数間に拡張したものが相関行列であり, その要素は相関係数である. 個体群 $\{\mathbf{x}_i \mid \mathbf{x}_i = (x_{ij}), j = 1, 2, \dots, n, i = 1, 2, \dots, N\}$ とし, 相関行列 $R = (r_{kj})$ を定義する. 第 k 次元の変数 x_k と第 j 次元の変数 x_j の相関係数 r_{kj} は, 以下のように求めることができる.

$$r_{kj} = \frac{\frac{1}{N} \sum_{i=1}^N (x_{ik} - \bar{x}_k)(x_{ij} - \bar{x}_j)}{\sigma_k \sigma_j} \quad (12)$$

$$\sigma_j = \sqrt{\frac{1}{N} \sum_{i=1}^N (x_{ij} - \bar{x}_j)^2} \quad (13)$$

$$\bar{x}_j = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N x_{ij} \quad (14)$$

変数間の依存関係としては、相関係数が1の時は正の相関があり、-1の時は負の相関があるが、要素の継承という観点からはいずれも強い相関があると判断できる。このため、相関係数の絶対値 ρ_{kj} を相関の強さと考える。

$$\rho_{kj} = |r_{kj}| \quad (15)$$

本研究では、 ρ_{kj} の平均値 $\bar{\rho}$ と標準偏差 σ_ρ を用いて変数間の依存関係が強いかどうかを判定する。

$$\bar{\rho} = \frac{2}{D(D-1)} \sum_{k=1}^D \sum_{j<k} \rho_{kj} \quad (16)$$

$$\sigma_\rho = \sqrt{\frac{2}{D(D-1)} \sum_{k=1}^D \sum_{j<k} (\rho_{kj} - \bar{\rho})^2} \quad (17)$$

このために、アルゴリズムパラメータ S_r を導入し、以下の条件式が満足されれば依存関係が強いと判断する。

$$\rho_{kj} > \rho^{strong}, \rho^{strong} = \bar{\rho} + S_r \sigma_\rho \quad (18)$$

ただし、 ρ^{strong} は閾値である。 $S_r=0$ ならば、平均値 $\bar{\rho}$ より大きければ依存関係が強いと判断されることになる。

遺伝子のグループについては、次のように構成し、同じグループの遺伝子は同時に交叉する（あるいは交叉しない）。2項交叉と同様に必ず交叉させる遺伝子 j_{rand} をランダムに選択し、この遺伝子と強い依存関係にある遺伝子と同じグループとする。これ以外の遺伝子については、その遺伝子と最も相関が強い遺伝子がまだ他のグループに属していなければ同じグループとし、交叉率 CR により交叉するかどうかを決める。ある遺伝子座（変数 x_k ）に対して最も相関が強い遺伝子座（変数 $x_{m_{\rho_k}}$ ）は以下のように決定する。

$$m_{\rho_k} = \arg \max_{j \neq k} \rho_{kj} \quad (19)$$

GBX のアルゴリズムは以下の通りである。

Step0 各次元のフラグ c_j を -1 に初期化する。

Step1 開始次元 j_{rand} をランダムに選択する。フラグを 1 とし、交叉する次元とする。 $j = j_{rand}$ とする。

Step2 各次元 j について調べる。グループに所属済み ($c_j \neq -1$) の次元はスキップする。 j_{rand} との相関の強さが $\rho_{j_{rand},j} > \rho^{strong}$ を満足すれば、 j_{rand} と同じグループ ($c_j = 1$) とする。それ以外の場合は、確率 CR_i で $c_j = 1$ 、確率 $1 - CR_i$ で $c_j = 0$ とする。さらに、最も相関の強い次元 m_{ρ_j} のフラグが -1、かつ、

$\rho_{j,m_{\rho_j}} > \rho^{strong}$ ならば、同じグループ ($c_{m_{\rho_j}} = c_j$) とする。全ての次元を調べるまで次の次元へ進む。

Step3 各次元 j について、 $c_j = 1$ の次元は変異ベクトル m_j から、 $c_j = 0$ の次元はベクトル x_{ij} から遺伝子を継承する。

4.2 アルゴリズム

提案手法のアルゴリズムは以下の通りである。

Step0 パラメータの初期化

スケールングファクターの平均値 $\mu_F = 0.5$ 、交叉率の平均値 $\mu_{CR} = 0.5$ とする。パラメータ生成時の標準偏差を $\sigma_F = 0.1$ 、 $\sigma_{CR} = 0.1$ とする。

Step1 個体の初期化

初期集団 $P = \{\mathbf{x}_i | i = 1, 2, \dots, N\}$ を探索空間内でランダムに生成する。 N は集団サイズである。

Step2 終了条件

関数評価回数が最大評価回数 FE_{max} を超えれば、アルゴリズムは終了する。

Step3 各世代における初期化

成功時のパラメータ値を保持するリスト S を空にする。集団 P から相関係数 r_{kj} 、相関の強さ ρ_{kj} 、閾値 $\rho^{strong} = \bar{\rho} + S_r \sigma_\rho$ 、最も相関の強い遺伝子座 m_{ρ_k} を求める。ただし、 $k, j \in \{1, 2, \dots, D\}$ である。

Step4 DE 操作

交叉率 CR_i を正規分布 $N(\mu_{CR}, \sigma_{CR}^2)$ で生成する。スケールングファクター F_i を Cauchy 分布 $C(\mu_F, \sigma_F)$ に基づき生成する。パラメータを F_i 、 CR_i として DE/current-to-pbest/GBX 操作を実行し、子 \mathbf{x}_i^{child} を生成する。子が親より良ければ、成功と判断し、子を生存者として選択し、成功時のパラメータ値 (F_i, CR_i) をリスト S に追加する。成功でなければ、親 \mathbf{x}_i を生存者とする。

Step5 パラメータの更新

μ_F と μ_{CR} を S に基づいて更新する。

Step6 Step2 へ戻る。

提案手法の擬似コードを図3に示す。‘+’で始まる行は、JADE に対する変更点を示している。

5. 実験

5.1 テスト問題

表1に、テスト問題の関数定義とその初期化領域を示す[3]。なお、 D は次元数を表している。

次元数 $D = 30$ に設定し、個体数 $N = 100$ 、最大関数評価回数は文献[3]に基づいて決定した。ただし、 f_5 については収束後に探索し続けている状態であったため、評価回数を $\frac{1}{2}$ にしている。各関数について50回の試行を行い、結果を比較する。各関数に対して、各試行における最良値の平均値と標準偏差を調べる。JADE は少数回の失敗試行

```
JADE/current-to-pbest/1/CBX()
{
  μF=μCR=0.5;
  σF = σCR=0.1;
  // Initialize a population
  P=N individuals generated randomly in search space;
  FE=FE+N;
  for(t=1; FE < FEmax; t++) {
    S=0;
    + (rkj)=Correlation matrix of P is obtained by Eq.(12);
    + (ρkj) is obtained by Eq.(15);
    + ρstrong=ρ̄+Srσρ and mρk are obtained by Eqs.(16)–(19);
    for(i=1; i ≤ N; i++) {
      CRi = μCR + N(0, σCR2);
      if(CRi < 0) CRi=0;
      else if(CRi > 1) CRi=1;
      do {
        Fi=μF + C(0, σF);
      } while(Fi ≤ 0);
      if(Fi > 1) Fi = 1;
      xpbest = Randomly selected from top 100p% in P;
      xr1 = Randomly selected from P(r1 ∉ {i});
      xr2 = Randomly selected from P(r2 ∉ {i, r1});
      mi = xi+Fi(xpbest - xi)+Fi(xr1 - xr2);
    + xichild=GBX between xi and mi;
      FE=FE+1;
  // Survivor selection
    if(f(xichild) < f(xi)) {
      zi = xichild;
      S = S ∪ {(Fi, CRi)}; // a success case is added
    }
    else zi = xi;
  }
  P = {zi};
  if(|S| > 0) {
    μF = (1 - c)μF + c∑Fi∈S Fi2/∑Fi∈S Fi;
    μCR = (1 - c)μCR + c∑CRi∈S CRi/|S|;
  }
}
```

図 3 The algorithm of proposed method

が発生することがあり、平均値が不安定になるため、中央値も調べ最良の中央値を太字で示した。さらに、Wilcoxon signed rank test を行い、JADE に対して有意に優れていた場合に +、有意に劣っていた場合に -、有意差がない場合に = を付与した。なお、有意水準 5% の場合は +、-、有意水準 1% の場合は ++、-- で表現している。

5.2 実験結果

実験結果を表 2 に示す。提案手法では、 $S_r=1.5$ のときが最良の結果となっており、 $f_1, f_2, f_3, f_4, f_5, f_6, f_8, f_{10}, f_{12}, f_{13}$ の 10 関数で JADE よりも有意に優れているが、 f_9 で有意に劣っている。 $S_r=1$ のときも同じ 10 関数で JADE よりも有意に優れているが、 f_7 と f_9 で有意に劣っている。 $S_r=0.5$ のときは、9 関数で有意に優れており、3 関数で有意に劣っている。 $S_r=0$ のときは、8 関数で有意に優れており、3 関数で有意に劣っている。

中央値については、 f_{11} の結果はすべて同じであるため、それ以外の関数について比較する。 $S_r=0$ のとき $f_1, f_2, f_6,$

表 1 Test functions of dimension D. These are sphere, Schwefel 2.22, Schwefel 1.2, Schwefel 2.21, Rosenbrock, step, noisy quartic, Schwefel 2.26, Rastrigin, Ackley, Griewank, and two penalized functions, respectively[8]

Test functions	Bound constraints
$f_1(\mathbf{x}) = \sum_{i=1}^D x_i^2$	$[-100, 100]^D$
$f_2(\mathbf{x}) = \sum_{i=1}^D x_i + \prod_{i=1}^D x_i $	$[-10, 10]^D$
$f_3(\mathbf{x}) = \sum_{i=1}^D \left(\sum_{j=1}^i x_j \right)^2$	$[-100, 100]^D$
$f_4(\mathbf{x}) = \max_i \{ x_i \}$	$[-100, 100]^D$
$f_5(\mathbf{x}) = \sum_{i=1}^{D-1} [100(x_{i+1} - x_i^2)^2 + (x_i - 1)^2]$	$[-30, 30]^D$
$f_6(\mathbf{x}) = \sum_{i=1}^D [x_i + 0.5]^2$	$[-100, 100]^D$
$f_7(\mathbf{x}) = \sum_{i=1}^D ix_i^4 + rand[0, 1)$	$[-1.28, 1.28]^D$
$f_8(\mathbf{x}) = \sum_{i=1}^D -x_i \sin \sqrt{ x_i }$ $+ D \cdot 418.98288727243369$	$[-500, 500]^D$
$f_9(\mathbf{x}) = \sum_{i=1}^D [x_i^2 - 10 \cos(2\pi x_i) + 10]$	$[-5.12, 5.12]^D$
$f_{10}(\mathbf{x}) = -20 \exp \left(-0.2 \sqrt{\frac{1}{D} \sum_{i=1}^D x_i^2} \right)$ $- \exp \left(\frac{1}{D} \sum_{i=1}^D \cos(2\pi x_i) \right) + 20 + e$	$[-32, 32]^D$
$f_{11}(x) = \frac{1}{4000} \sum_{i=1}^D x_i^2 - \prod_{i=1}^D \cos \left(\frac{x_i}{\sqrt{i}} \right) + 1$	$[-600, 600]^D$
$f_{12}(x) = \frac{\pi}{D} [10 \sin^2(\pi y_1) + \sum_{i=1}^{D-1} (y_i - 1)^2$ $\{1 + 10 \sin^2(\pi y_{i+1})\} + (y_D - 1)^2]$ $+ \sum_{i=1}^D u(x_i, 10, 100, 4)$ where $y_i = 1 + \frac{1}{4}(x_i + 1)$ and $u(x_i, a, k, m) =$ $\begin{cases} k(x_i - a)^m & x_i > a \\ 0 & -a \leq x_i \leq a \\ k(-x_i - a)^m & x_i < -a \end{cases}$	$[-50, 50]^D$
$f_{13}(x) = 0.1[\sin^2(3\pi x_1) + \sum_{i=1}^{D-1} (x_i - 1)^2$ $\{1 + \sin^2(3\pi x_{i+1})\} + (x_D - 1)^2$ $\{1 + \sin^2(2\pi x_D)\}] + \sum_{i=1}^D u(x_i, 5, 100, 4)$	$[-50, 50]^D$

f_{10}, f_{12}, f_{13} の 6 関数で最良の結果となった。 $S_r=1.5$ のとき f_3, f_4, f_5 の 3 関数で最良の結果となり、 $S_r=1$ のとき f_6, f_8 の 2 関数で最良の結果となり、 $S_r=0.5$ のときは f_6 で最良の結果となっている。JADE は f_7, f_9 の 2 関数で最良の結果となっている。

安定的に JADE より優れているのは $S_r=1.5$ のときであるが中央値はやや劣っている。中央値としては $S_r=0$ のときが最良であるが安定性は劣っている。安定性と中央値を考慮すると $S_r=1$ のときが良好であると考えられる。

6. おわりに

本研究では、相関係数に基づいて遺伝子をグループ化し、

表 2 Results with changing S_r

	FE_{\max}	JADE	Proposed $S_r=0$	Proposed $S_r=0.5$	Proposed $S_r=1$	Proposed $S_r=1.5$
f_1	150,000	1.40e-59 ± 9.74e-59 1.57e-65	1.73e-72 ± 5.68e-72 2.69e-73 (++)	3.64e-70 ± 1.17e-69 2.21e-71 (++)	1.45e-65 ± 7.65e-65 2.16e-68 (++)	4.31e-64 ± 1.83e-63 1.75e-67 (++)
f_2	200,000	6.81e-25 ± 4.71e-24 2.16e-39	8.95e-51 ± 2.31e-50 2.75e-51 (++)	1.26e-46 ± 4.68e-46 7.44e-49 (++)	4.22e-38 ± 2.96e-37 4.79e-46 (++)	9.08e-35 ± 5.40e-34 4.05e-42 (+)
f_3	500,000	1.59e-62 ± 5.33e-62 1.09e-63	4.27e-61 ± 2.52e-60 8.54e-64 (=)	7.24e-64 ± 2.31e-63 1.51e-66 (++)	3.49e-65 ± 1.68e-64 1.64e-67 (++)	8.24e-64 ± 5.49e-63 1.72e-68 (++)
f_4	500,000	9.43e-24 ± 2.71e-23 2.04e-25	1.37e-25 ± 4.68e-25 6.39e-27 (++)	5.45e-27 ± 1.25e-26 9.72e-28 (++)	1.84e-26 ± 5.69e-26 6.10e-28 (++)	1.17e-26 ± 6.42e-26 2.24e-28 (++)
f_5	150,000	3.19e-01 ± 1.08e+00 2.54e-09	4.78e-01 ± 1.30e+00 2.54e-15 (++)	3.19e-01 ± 1.08e+00 1.10e-15 (++)	1.59e-01 ± 7.81e-01 3.11e-16 (++)	2.39e-01 ± 9.47e-01 2.25e-16 (++)
f_6	10,000	3.06e+00 ± 1.05e+00 3.00e+00	1.60e-01 ± 3.67e-01 0.00e+00 (++)	6.00e-02 ± 2.37e-01 0.00e+00 (++)	5.40e-01 ± 6.70e-01 0.00e+00 (++)	1.06e+00 ± 9.25e-01 1.00e+00 (++)
f_7	300,000	6.36e-04 ± 3.08e-04 5.78e-04	9.13e-04 ± 4.04e-04 8.44e-04 (--)	7.97e-04 ± 3.13e-04 7.07e-04 (-)	7.70e-04 ± 3.17e-04 7.17e-04 (-)	6.84e-04 ± 3.20e-04 6.22e-04 (=)
f_8	100,000	2.37e+00 ± 1.66e+01 2.96e-05	7.78e+02 ± 7.18e+02 5.33e+02 (--)	9.80e+00 ± 3.21e+01 2.17e-04 (--)	7.11e+00 ± 2.81e+01 1.68e-07 (++)	7.11e+00 ± 2.81e+01 4.49e-07 (++)
f_9	100,000	9.96e-05 ± 5.06e-05 9.05e-05	6.69e+01 ± 8.13e+00 6.74e+01 (--)	3.99e+01 ± 3.91e+00 3.99e+01 (--)	1.76e+01 ± 2.00e+00 1.74e+01 (--)	1.37e+00 ± 7.74e-01 1.15e+00 (--)
f_{10}	50,000	9.90e-10 ± 7.21e-10 8.51e-10	3.73e-02 ± 1.82e-01 5.50e-12 (++)	2.97e-11 ± 2.23e-11 2.40e-11 (++)	9.48e-11 ± 5.74e-11 8.19e-11 (++)	2.81e-10 ± 2.10e-10 2.28e-10 (++)
f_{11}	50,000	4.19e-11 ± 2.89e-10 0.00e+00	2.56e-03 ± 5.86e-03 0.00e+00 (=)	7.88e-04 ± 2.93e-03 0.00e+00 (=)	3.45e-04 ± 1.71e-03 0.00e+00 (=)	2.96e-04 ± 1.45e-03 0.00e+00 (=)
f_{12}	50,000	1.57e-17 ± 4.10e-17 3.45e-18	6.22e-03 ± 2.46e-02 2.06e-23 (++)	4.36e-22 ± 7.01e-22 1.75e-22 (++)	2.07e-03 ± 1.45e-02 4.73e-21 (++)	2.07e-03 ± 1.45e-02 5.87e-20 (++)
f_{13}	50,000	1.83e-16 ± 5.82e-16 1.90e-17	1.14e-21 ± 2.75e-21 3.10e-22 (++)	1.62e-20 ± 2.55e-20 6.12e-21 (++)	1.74e-19 ± 2.93e-19 6.71e-20 (++)	3.02e-18 ± 4.95e-18 9.50e-19 (++)
+			8	9	10	10
=			2	1	1	2
-			3	3	2	1

グループ単位で遺伝子を交叉させる交叉 GBX を提案した。DE の代表的手法である JADE に GBX を導入し、様々な関数を最適化し、多くの関数で JADE よりも優れた性能が得られることを示した。

GBX は従来の交叉よりも収束速度を速める傾向があり、問題によっては早期収束を起こしてしまう。この問題に対処するため、従来の交叉である BX と GBX を確率的に併用する方法や併用時の適切な比率を動的に調整する方法について検討する予定である。また、GBX 単独でも十分に多様性が維持できるように、閾値 ρ^{strong} の設定を平均値に基づいて行うだけでなく、相関係数の絶対的な値も考慮する方法について検討する予定である。また、GBX は 2 つのベクトルを組み合わせる仕組みを有するアルゴリズム。例えば Particle Swarm Optimization などに応用可能であると考えられるため、DE 以外のアルゴリズムへの導入を検討したいと考えている。

謝辞

本研究は、JSPS 科研費 26350443, 17K00311 の助成を受けて行われた。

参考文献

[1] Storn, R. and Price, K.: Minimizing the Real Functions of the ICEC'96 Contest by Differential Evolution, *Proc. of the International Conference on Evolutionary Computation*, pp. 842–844 (1996).

[2] Storn, R. and Price, K.: Differential Evolution – A Simple and Efficient Heuristic for Global Optimization over Continuous Spaces, *Journal of Global Optimization*, Vol. 11, pp. 341–359 (1997).

[3] Zhang, J. and Sanderson, A. C.: JADE: Adaptive Differential Evolution With Optional External Archive, *IEEE Transactions on Evolutionary Computation*, Vol. 13, No. 5, pp. 945–958 (2009).

[4] Munetomo, M. and Goldberg, D. E.: A genetic algorithm using linkage identification by nonlinearity check, *Proc. of the 1999 IEEE International Conference on Systems, Man, and Cybernetics*, Vol. 1, pp. 595–600 (online), DOI: 10.1109/ICSMC.1999.814159 (1999).

[5] Devicharan, D. and Mohan, C. K.: Particle swarm optimization with adaptive linkage learning, *Proceedings of the 2004 Congress on Evolutionary Computation*, Vol. 1, pp. 530–535 (online), DOI: 10.1109/CEC.2004.1330902 (2004).

[6] Cai, Y. and Wang, J.: Differential evolution with hybrid linkage crossover, *Information Sciences*, Vol. 320, pp. 244–287 (2015).

[7] Takahama, T., Sakai, S. and Iwane, N.: Solving Nonlinear Constrained Optimization Problems by the ϵ Constrained Differential Evolution, *Proc. of the 2006 IEEE Conference on Systems, Man, and Cybernetics*, pp. 2322–2327 (2006).

[8] Yao, X., Liu, Y., Liang, K.-H. and Lin, G.: Fast Evolutionary Algorithms, *Advances in Evolutionary Computing: Theory and Applications* (Ghosh, A. and Tsutsui, S., eds.), Springer-Verlag New York, Inc., New York, NY, USA, pp. 45–94 (2003).