

NK モデルにおける内挿交叉 dMSXF の大域的解探索性能の検証

井内 征典 † 花田 良子 † 棟安 実治 †

† 関西大学システム理工学部

1 はじめに

組合せ最適化問題を GA で解く際には両親の形質を受け継ぐよう問題固有の構造、性質を利用した内挿交叉の設計が重要であり、これまでに多くの手法が開発してきた。交叉 dMSXF (deterministic Multi-step Crossover Fusion) [1] は近傍探索のメカニズムを利用した、形質遺伝に優れた内挿交叉であり、巡回セールスマン問題やスケジューリング問題において非常に強力な探索性能を有している。また、多くの組合せ最適化問題が帰着される NK モデル [2] のもとでエピスタシスの強さ、すなわちランドスケープの局所的な起伏の激しさに対する局所探索の挙動・性能が解析されている。本研究では NK モデルを用い、代表的な世代交代モデルに dMSXF を適用し、dMSXF の大域的探索性能を検証する。

2 dMSXF

池田らによって提案された dMSXF [1] は親 p_1 から親 p_2 に向けて局所探索を行うことで、両親の形質の受け継ぎ方が多様な子個体群を生成する。dMSXF のアルゴリズムを以下に示す。親 p_1, p_2 から生成される子個体群を $C(p_1, p_2)$ と表す。

【dMSXF のアルゴリズム】

- Step 0** p_1, p_2 を両親、その子個体群 $C(p_1, p_2) = \phi$ とする。
- Step 1** 探索初期点 $x_1 = p_1$, $k=1$ とし、 x_1 を $C(p_1, p_2)$ の要素として加える。
- Step 2** ステップ k における探索点 x_k の近傍個体を μ 個生成し、その集合を $N(x_k)$ とする。ただし、 $N(x_k)$ のすべての近傍解 $y_i (0 < i < \mu)$ はかならず $d(y_i, p_2) < d(x_k, p_2)$ を満たさなければならない。
- Step 3** $N(x_k)$ の中で最も良い解 y を選択する。 $x_{k+1} = y$ とし、 x_{k+1} を $C(p_1, p_2)$ の要素として加える。
- Step 4** $k = k + 1$ とし、 $k = k_{max}$ あるいは x_k が p_2 に等しくなれば終了。そうでなければ Step 2 にもどる。

Step 2 において、暫定解 x_k から生成する近傍の解 y_i を解 x_k よりも p_2 に近い個体に制限し、 x_{k+1} が x_k

よりも劣っていたとしても必ず探索を進めることで解遷移を決定的に行う。

3 NK モデル

NK モデル [2] は、ランドスケープの複雑さをパラメータ調節できる単純かつ柔軟なモデルであり、GA の探索性能を解析するためにしばしば用いられる。

3.1 定義

NK モデルは染色体長 N の $\{0, 1\}$ ベクトルからなり、各遺伝子 x_i は同一染色体上の他の K 個の遺伝子群 $\{x_{i_1}, \dots, x_{i_K}\}$ と相関関係を持つ。各遺伝子 x_i には、 $(K+1)$ 個の $\{0, 1\}$ のビット列が取り得る 2^{K+1} 個のすべての組合せに対して、 $[0, 1]$ の実数値の乱数表が割り当てられており、 x_i の評価関数への寄与 f_i は、遺伝子列 $\{x_i, x_{i_1}, \dots, x_{i_K}\}$ に対応する所与の実数乱数により決定される。全体の評価値は式 (1) に示すように各変数の寄与 f_i の平均であり、本研究では評価値が大きいものほど良いとする。

$$f(x) = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N f_i(x_i, x_{i_1}, \dots, x_{i_K}) \quad (1)$$

NK モデルにおいて、 K は遺伝子間の相関の度合い、すなわちエピスタシスの強さを調節するパラメータである。 K は 1 から $(N-1)$ の間で設定され、 K の値が大きいほどエピスタシスが強く、近傍の解どうしの評価値の相関が小さくなり、評価値ランドスケープの局所的な起伏の激しさ (ruggedness, ぎざぎざの度合い) が増す。

3.2 本研究での設定

一般的な NK モデルでは、乱数表は遺伝子座ごとに独立して用意するため、染色体全体でサイズ $N \times 2^{(K+1)}$ の乱数表が必要となる。本研究では K の値を比較的大きくしているため、乱数表が膨大となる。ここではメモリの制約から簡単のため、すべての遺伝子座は共通した乱数を持つこととし、 N の値によらないサイズ $2^{(K+1)}$ の乱数表を用いる。また、大域的な解探索性能を検証するため、局所的な特徴を残しつつ大域的なランドスケープに変化を持たせたモデルとして、(1) 最適解が一意に定まるモデル、および (2) だまし構造を有するモデルを用いる。(1) のモデルでは乱数表のビット列がすべて 1 のときに、乱数表の中で最も高くなるように 1.0 と設定している。後者の (2) のだましモ

Analysis of global search performance of dMSXF on NK Model

† Masanori IUCHI

† Yoshiko HANADA (hanada@kansai-u.ac.jp)

† Mitsuji MUNEYASU (muneyasu@kansai-u.ac.jp)

Faculty of Engineering Science, Kansai University (†)

3-3-35 Yamate-cho, Suita, Osaka 564-8680 Japan

ルは(1)と同様にビット列がすべて1のときに1.0, それ以外は[0, 1]で実数値乱数を発生させた後にビット列中の0の多いものほど部分的な評価が高くなるよう再割り当てを行う。

4 数値実験

最適解が一意に定まるNKモデル、だまし構造を有するNKモデルの例題を用い、交叉dMSXFを代表的な世代交代モデルに適用したときの大域的解探索性能を検証する。dMSXFにおけるステップ数、近傍生成数は予備実験より $k_{max}=6$, $\mu=8$ とした。母集団サイズ $N_{pop}=30$ とし、終了条件は20世代にわたり同じ最良解が続いたときとした。世代交代モデルとして、交叉を $p_1 \rightarrow p_2$, $p_2 \rightarrow p_3$, ..., $p_{N_{pop}} \rightarrow p_1$ のように適用するCCM-relay (Characteristic Collection Model)[1]およびER (Elitist Recombination)[3]を用いる。ERについては、非復元抽出した各ペアに対して $p_1 \rightarrow p_2$, $p_2 \leftarrow p_1$ のようにdMSXFを両方向に適用することで個体を生成する。

図1に最適解が一意に定まる $N=24$, $K=4$, 12の例題において、CCM-relay, ERそれぞれ50試行したときの収束傾向を示す。図中、横軸は各試行で収束した局所解と大域的最適解とのハミング距離、縦軸は頻度を示す。また、図2に、最良解の推移(50試行平均)を示す。

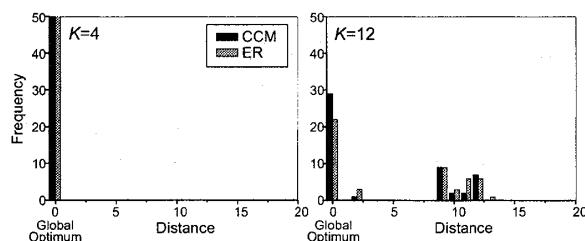


図1: 50 試行の収束の傾向 (最適解が一意のモデル)

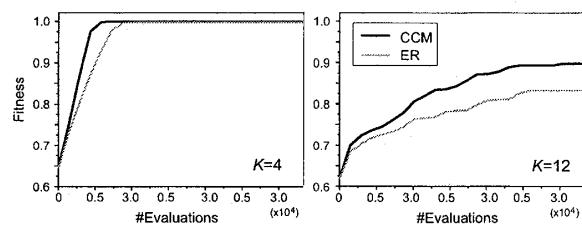


図2: 探索の推移 (最適解が一意のモデル)

図1から、エピスタシスが比較的弱い例題においては、CCM-relay, ERはいずれも100%の確率で大域的最適解を得ているが、エピスタシスが強くなるとCCM-relayはERと比較して大域的最適解に多く

の試行が収束していることがわかる。また、図2よりCCM-relayは収束も早い。これらより、CCM-relayはdMSXFと非常に親和性の高いモデルであることがわかる。

図3にだまし構造を有する $N=24$, $K=2$, 4の例題において、CCM-relay, ERそれぞれ50試行したときの収束傾向を示す。

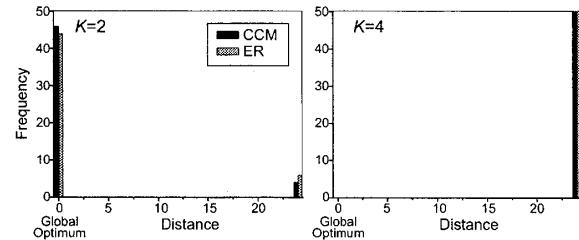


図3: 50 試行の収束の傾向 (だましモデル)

図3から、 $K=2$ においては多くの試行が大域的最適解に収束するが、一方、 $K=4$ においてはすべての試行が有力な局所最適解に収束している。これよりエピスタシスが比較的弱い問題においても、だまし構造がある例題においては、容易に局所解に陥ってしまうことがわかる。

5 まとめ

本研究では、NKモデルを用いて内挿交叉dMSXFを代表的な世代交代モデルに適用し、大域的な解探索性能を検証した。一意の大域的最適解を有する例題においては、CCM-relayはエピスタシスの強さによらず少ない評価計算回数で大域的最適解を多く得られ、dMSXFと非常に親和性の高いモデルであることがわかった。一方、だまし構造を有するモデルにおいてはエピスタシスが弱い例題においても、有力な局所解に陥ってしまうことがわかった。今後の課題として、だまし構造を有するような問題においても、大域的解探索性能が維持可能な世代交代モデルの検討などがあげられる。

参考文献

- [1] Ikeda, K. and Kobayashi, S.: Deterministic Multistep Crossover Fusion: A Handy Crossover for GAs, Proc. of Parallel Problem Solving from Nature, PPSN VII, pp. 162–171 (2002)
- [2] Kauffman, S. A.: *Adaptation on rugged fitness landscapes, Lectures in the Sciences of Complexity*, Vol. 1, Addison Wesley (1989)
- [3] D. Thierens and D. E. Goldberg. Elitist Recombination: an integrated selection recombination GA. Proceedings of the 1st IEEE Conference on Evolutionary Computation, pp. 508-512, 1994.