

スキーマ GA によって棲み分けを行った島 GA *

藤井公司[†]

芝浦工業大学大学院工学研究科

高橋貞夫[‡]

芝浦工業大学システム工学部

1 はじめに

遺伝的アルゴリズム (以下 GA) は、その特性から現在多くの分野へ応用されている [2]。SGA (Simple-GA) では、多峰性問題において複数の局所解を一度に見つけ出すことは困難である。しかし、取り扱う問題によっては複数の局所解を得たい場合も多い [3]。そこで、個体群に多様性を持たせることで複数の局所解を見つけ出す手法などが提案されている [4]。本研究では、多峰性問題において、複数の局所解をくまなく見つけ出すことを目指す。そのために、探索空間内の有効な部分集合を求めることができる「スキーマ GA」 [1] によって大まかな探索を行い、求めたスキーマごとに、そのスキーマに対応する初期集団を作って通常の GA 探索を実行するという手法を提案する。本研究では、それぞれのスキーマに対応させて生成した個体群を「島」と呼ぶことにする。

2 スキーマ GA とニッチの概念

2.1 スキーマ GA

SGA においては、遺伝子型 (GTYPE) の各遺伝子座は 0 または 1 のビット列である。これに加えて、ドントケア (# で表現する) の遺伝子座が存在するような遺伝子型を考える [1]。これにより、各個体は解空間内の複数の要素と対応する。このような遺伝子型を扱うのがスキーマ GA である。スキーマ GA の個体は、解空間内の部分集合を表現することができる。

参考文献 1 で用いられた“schema-GA”を元に、本研究では次のような「スキーマ GA」を導入し、提案手法で利用する。

- 遺伝的オペレータ (交叉および突然変異) は、通常の GA と同様に行う
- 適応度については、# の遺伝子座をランダムに {0,1} で補完し、評価関数を適用することを数回行い、その平均値あるいは最良値を採用する

2.2 ニッチの概念

SGA では、探索が進むにつれ、個体群はある 1 つの解の候補に収束する。多峰性問題の場合であっても、どれか 1 つの局所解へ収束する。多峰性問題に対して、個体群をそれぞれの局所解近傍に散らばらせることができれば、複数の局所解を求めることができる。その一手法として、生態学の分野で重要な概念とされている「ニッチ」の概念を GA に導入し、解の多様性を維持した探索を実現するというものがある。

具体的には、割り当て関数を用いて、評価関数によって求めた適応度に対して、GA の個体群が棲み分けを行うように淘汰圧をかける手法などがある [4]。本研究では、前述のスキーマ GA にこの手法を組み込み、複数のスキーマを得る。

3 提案手法

本研究では、スキーマ GA に、割り当て関数を用いて集団の多様性を維持する手法を組み込む。スキーマ GA によって、局所解が存在しそうな領域を大まかに求めることができる。さらに、集団の多様性によって、そのような領域を複数求めることができる。

次に、それぞれの領域について、スキーマに基づいた初期集団を生成し、通常の GA を用いた探索を行う。それぞれの領域を「島」とみなし、島ごとに独立して GA を用いた探索を行う。これにより、探索領域全体を対象に初期集団を生成する SGA と比較して、局所的に探索を実行できるため、効率のよい探索が可能になる。なお、現状では、通常の島モデルで行われる移住は行っていない。本手法において、移住を行うかどうかは、今後の検討課題である。大まかな手順をまとめると次のようになる。

1. スキーマ GA によって局所解が存在しそうな領域 (スキーマ) を求める。ただし、割り当て関数を用いて集団の多様性の維持を行い、複数のスキーマを求める。
2. スキーマのうち、ハミング距離が一定値以下のものを削除し、採用する島を決定する。
3. 求めた島ごとに、そのスキーマを元に初期集団を生成する。それぞれの集団を島とみなし、島ごとに独立して GA を行う。

*Island-GA using Initial Population Generated by Schema-GA

[†]Koji Fujii, Graduate School of Engineering, Shibaura-IT

[‡]Sadao Takahashi, Faculty of Systems Engineering, Shibaura-IT

4 計算機実験

4.1 実験の概要

さまざまな関数について、最小値（または最大値）探索を行って実験している。ここでは、次の関数の最小値探索について、その結果を示す。

$$f(x_1, x_2) = \sin^2\left(\frac{\pi}{2}x_1\right) + \cos^2\left(\frac{\pi}{2}x_2\right) \quad (1)$$

ただし、 $0 \leq x_1, x_2 \leq 4.095$

この関数は、表 1 に示すように 6 つの最小値を与える点が存在する。どの点も、最小値 0 を与える。

表 1: 最小値を与える点と対応する遺伝子型

x_1	x_2
0 : 000000000000	1 : 001111101000
0 : 000000000000	3 : 101110111000
2 : 011111010000	1 : 001111101000
2 : 011111010000	3 : 101110111000
4 : 111110100000	1 : 001111101000
4 : 111110100000	3 : 101110111000

なお、コーディングは、 x_1, x_2 それぞれについて、12 ビットのバイナリ列を用意し、バイナリ列が表現できる 0 から 4095 までの整数を 1000 で割ることで x_1, x_2 （表現型）を得るようにしている。

各パラメータを次のように設定した。島ごとに行う GA において、元となるスキーマの固定ビット（# 以外）の部分にも突然変異を許している。これは、スキーマ GA の結果において、有益なスキーマに付随して間違っただけのビットが残ってしまう「ヒッチハイキング」のような雑音を消去することを目的としている。

スキーマ GA 個体数は 30、交叉率は 0.6（2 X）、突然変異率は 0.001 とし、30 世代探索を行う。

島ごとの GA 個体数は 10、交叉率は 0.6（2 X）、突然変異率は 0.001 とし、100 世代探索を行う。

4.2 実験の結果

島ごとの GA で、100 世代終了時の評価値 f が 0.01 よりも小さい場合、最小点近傍に到達したとみなす。この条件で 1000 回実験したところ、生成された島の数の平均は 9.74 で、平均 3.3 個の最小点近傍へ到達できた。

比較のために、島ごとの GA と同じパラメータで、初期集団をランダムに発生させた 10 個の島を生成して実験した。結果は、平均 3.7 個の最小点近傍に到達した。しかし、100 世代終了時の評価値 f が 0.001 以下のもののみ最小点近傍に到達したとみなすと、提案手法は 1.7 個の最小点近傍に到達し、ランダムに初期集団を生成したものは 1.5 個であった。

このことから、提案手法の方がより厳密に最小点の付近に収束していると言える。島ごとの GA について、提案手法と初期集団をランダムに発生させたものの、世代ごとの各個体の評価値 f の平均値（1000 試行）の推移の様子を図 1 に示す。図 1 より、提案手法を用いることによって、収束速度が上がるのと同時に、より最小点に近づいていることが分かる。

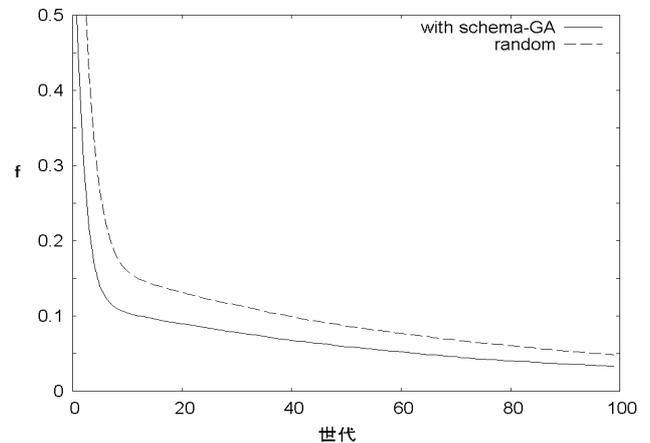


図 1: 提案手法とランダムに初期集団を生成した場合の比較

5 考察と課題

実験結果より、提案手法は多峰性問題に対して優れた性能を持つことを示せた。提案手法は、島ごとの GA においてランダムに初期集団を生成した場合と比較して、見つけた（近傍に収束した）解の個数はほぼ同じだったが、より最小点に近い個体が得られており、有効性を示すことができた。今後の課題は、スキーマ GA において、より確実に複数の局所解それぞれに対応するスキーマを見つけ出し、複数の局所解をくまなく見つけ出せるようにすることであり、パラメータ等を様々な調整し、実験している。

また、より複雑な関数への適用や、局所解ごとの関数値が異なるような一般的な問題についても、実験を進めており、提案手法の有効性を確認している。

参考文献

- [1] 坂無，鈴木，嘉数：“フィルタリング GA による多峰性関数の最適化”，情報処理学会論文誌 Vol.36 No.8(Aug. 1995)
- [2] 電気学会：“遺伝アルゴリズムとニューラルネット”，コロナ社（1999）
- [3] 藤井，高橋：“進化的計算手法を用いた変奏曲作成支援”，情報処理学会第 65 回全国大会 4D-1
- [4] 伊庭齊志：“進化的計算の方法”，東京大学出版会（1999）