

戦略的淘汰を用いた遺伝的アルゴリズムGAUSS-IIについて

5E-2

筒井 茂 義
 阪南大学商学部経営情報学科

藤本 好 司
 シャープ(株)情報システム研究所

1. はじめに

近年、生物の環境適応における進化過程にヒントを得た遺伝的アルゴリズム(GA)が注目されており、最適化探索、学習問題等への適用の研究が行われている。筆者らは先に新しい遺伝的アルゴリズムGAUSS (Genetic Algorithm Using Strategic Selection)を提案した[1]。本稿では、同アルゴリズムを改良した新しいアルゴリズムGAUSS-IIについて報告する。なお、従来のGAUSSを本稿ではGAUSS-Iと呼ぶことにする。

2. GAUSS-IIの概要

遺伝的アルゴリズムの性能向上には種々の手法があるが、GAUSS-Iでは、現世代個体群を次世代個体群生成候補としてそのまま保存し、また、ハミング距離に基づく類似度を基準に淘汰を行うことによって個体群の多様性の維持と収束特性の確保のバランスを図る方式をとった[1]。しかし、この方式では、ハミング距離の計算量が個体数Nに対して $O(N^2)$ となる問題があった。GAUSS-IIでは、この計算量が $O(N)$ となり、高速化が図られる。現在の予備実験の結果では、探索効率の向上も観測されている。以下、GAUSS-IIを図1に示し、その要点を説明する。

(1) 親子共存モデル

GAUSS-Iと同様、現個体群は原則として次世代個体群生成の候補として保存される。このアプローチは、他のGAでもみられる[2],[3]。

(2) 2段階淘汰

GAUSS-IIではつぎの2段階からなる淘汰オペレーションを行う。

【淘汰1】 交差のためにN/2個のペアをランダムに作成後、両者の類似度を相対ハミング距離D(0~1.0)によって決定し、確率 D^α (α :ハミング係数)によって交差を行うかどうかを決定する。交差しないと決定された場合は、両個体の評価値を比較する。評価値の低い方の個体は現個体保存部から消去し同時にその個体のコピーに対して通常の突然変異よりも高い率をとる選択的突然変異を起こして新個体群に加える。また、高い方の評価値を持つ個体はそのまま現個体保存部に残される(図2(a))。一方、交差すると判定された場合は、交差した個体が新個体部にコピーされる(図2(b))。

【淘汰2】 現世代個体保存部、選択的突然変異による新個体部および選択的交差による新個体部が評価される。その後、(1)Best法、または(2)トーナメント方式によりN個の個体を選択し、次世代個体群とする。

(3) 交差と突然変異

(2)で述べたように交差の時点で淘汰1のオペレーションが行われる。また、突然変異には、通常突然変異 P_m と P_m よりも高い率をとる選択的突然変異 P'_m とがある($P'_m > P_m$)。

(4) リポリューション

個体群の多様性が失われ、かつ、進化が進まなくなったことが検出された場合 $N \times \gamma$ 個(γ :リポリューション係数)の個体を新たに生成した新個体と入れ替える。

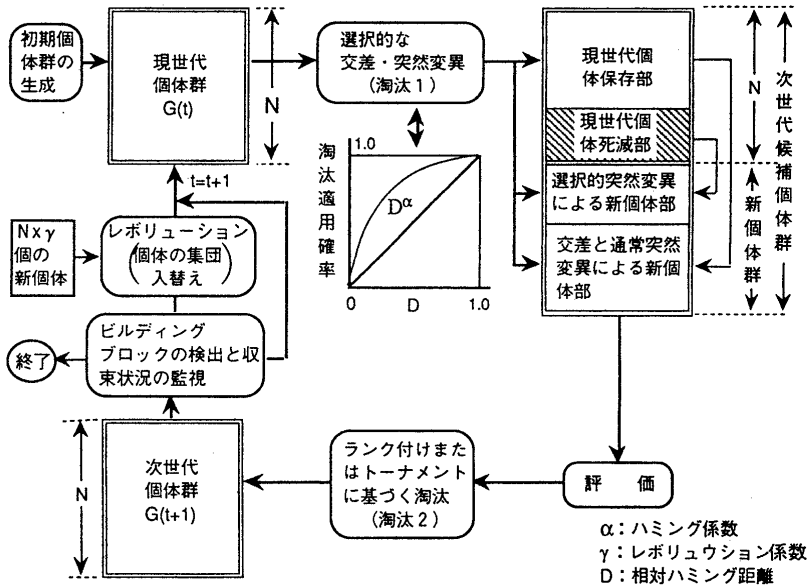


図1. GAUSS-IIの基本サイクル

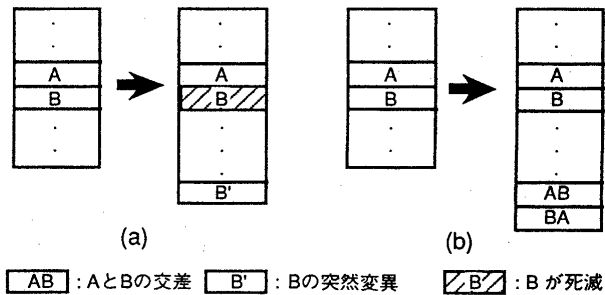


図2. 選択的交差と突然変異

以上の方式により、GAUSS-IIでは、以下のような効果が期待できる。

- 1)各オペレーションの計算量は、 $O(N)$ (淘汰2においてBest法の場合は $O(N \log N)$) となり、高速化される。
- 2)評価値の高い個体はいつも保存される。
- 3)類似の個体が淘汰1により相互排除されるため多様性が維持できる。
- 4)収束が進むに連れて類似度が小さくなると選択的突然変異の適用頻度が自動的に高くなる。この結果、多様性が維持でき、かつ、収束時における探索効率の向上が期待できる。
- 5)リボルーションにより、局所解からの脱出が期待できる。

表1 GAUSS-IIの実験結果

テスト関数	ビット長	最大Tria数	GAUSS II		GENESIS	
			最適解への収束頻度	最適値の平均	最適解への収束頻度	最適値の平均
f_1	30	2,000	30/30	0.0 (1,244)	27/30	0.00363
f_2	24	3,000	30/30	0.0(11,280)	30/30	0.0(15,412)
f_d	30	40,000	30/30	0.0 (23,245)	0/30	13.07
f_T	195	200,000	28/30	0.5936	0/30	5.694

* 1 : () は最適解に収束した時のTria数の平均
 * 2 : 関数 f_T は最大値を求める関数であるが、300-関数値として0を最適値としている

3. 実験結果

De Jongのテスト関数 f_1, f_2 , Goldbergの30ビットのfull deceptive関数(loose) f_d [4]およびRastrigin関数関数

$$f_T = \sum_{i=1}^{15} \{x_i^2 + 50(1 - \cos 2\pi x_i)\}$$

についての結果を、標準的なGAであるGENESIS[5]を実行して得られた結果と比較して示す。この実験の結果、ほぼ期待した効果が得られた。なお、個体数および通常突然変異率は、いずれの場合もそれぞれ50、0.006に固定している。また、交差オペレータとして、2点交差を使用している。

4. SBモデルの提案

図3はGAUSS-IIで用いている収束状況検出法である。同図のHは個体群の収束状況を示している。正しい解のストリングをhで表すと、Hは次のいずれかである。

ケース1 : $h \subset H$ --- Hは正しいストリングである

ケース2 : $h \not\subset H$ --- Hは間違っしたストリングである

ケース1のときには確定ビット(*でないビット)を固定し*の位置の値の探索に縮体(Shrink)すれば探索空間を小さくすることができる。一方、ケース2のときにはHと同じ個体を排除(Block)して探索すべきである。SBモデルはSモード(縮体モード)とBモード(排除モード)とを図4に示すように直列または並列に実行することによりGA困難な問題にアプローチしようとするものである。現在、複雑な実問題を用いて検討している。

5. むすび

予備的な実験の結果、計算速度および収束特性に関してほぼ期待した効果が確認できた。今後、各オペレーションの効果の相互関係を分析し、また、実用的問題を対象にして解析と評価を進めていく予定である。

参考文献

[1]筒井, 藤本 : " 戦略的淘汰を適用したジェネティックアルゴリズム GAUSSの提案", 情報研報Vol.92, No.3, 1991.1.16.
 [2]Eshelman, L. J. "The CHC Adaptive Search Algorithm: How to Have Safe Search When Engaging Nontraditional Genetic Recombination," Foundations of Genetic Algorithms, Morgan Kaufman Pub. pp.265-283(1991).
 [3]Whitley, D. , et al. "GENITOR : A different genetic algorithm," Proc. of the Rocky Mountain Conf. on AI, Denver, pp. 118-130 (1988).
 [4]Goldberg D.E., et al. : "Messy Genetic Algorithms: Motivation, Analysis, and First Results," Complex Systems Vol.3, pp.493-530(1989).
 [5]Grefenstette, J.J. : "GENESIS : A system for using genetic search procedures," Proc. of the 1984 Conf. on Intelligent Systems and Machines, pp. 161-165.

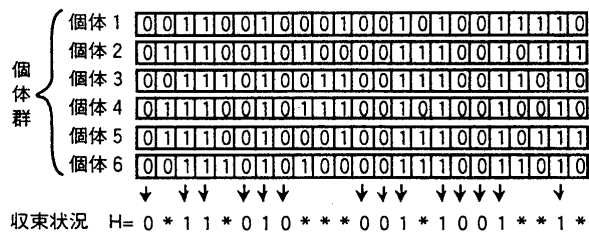


図3 個体群の収束判定

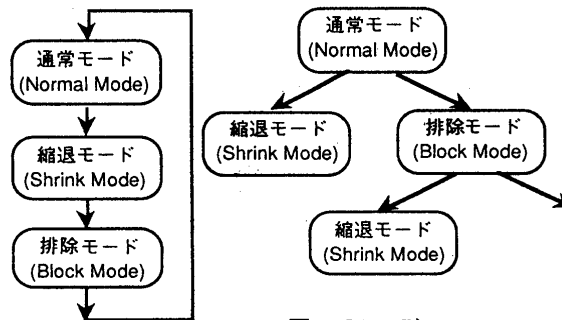


図4 SBモデル