

遺传的アルゴリズムにおける淘汰の改良

8D-6

安東宣善 星野力

筑波大学構造工学系

【はじめに】遺传的アルゴリズム(GA)は最近注目されている確率的探索手法の枠組みである[1]。このアルゴリズムは、(1)遺伝子情報として多数の候補(個体)を表現し、(2)各個体の表現型と関数値(評価値)を求め、(3)評価値に比例した確率で集団内からペアを選択し、(4)そのペア間で遺伝子を交叉、突然変異させ、(5)集団サイズがいっぱいになるまで(3)-(4)を繰り返す。その後(2)-(5)を繰り返す。これにより最適な個体が多数を占めることを期待するものである。

遺传的アルゴリズムは、時期の早い収束により、広域な探索を十分行わないまま局所解に陥ってしまう可能性を持っている。何らかの収束の制御が必要。本研究では、「表現型による事前淘汰」[2]を多変数関数に応用し、これが従来の単純GA(sGA)より良い性能をもたらすことを示す。

【表現型による事前淘汰を用いた遺传的アルゴリズム(p_preGA)】表現型による事前淘汰は次のような手順で実行される。生殖時に(1)ランダムに選んだ親2つと、(2)出来た子2つから、(3)親子間のユークリッド距離が最小の親子ペアを2組作り、(4)各組中の評価値の良い方の個体を次世代に残す。これにより、広域な探索を持続し、集団の多様性を保ち続けることが期待できる。

【用いた関数】本実験に用いた関数は、GAの性能比較によく使われる次の3つ。最小値探索を行う。最適解はいずれも $f=0$ 。

$$f_6(x) = 200 + \sum_1^{20} \left\{ x_i^2 - 10 \cos(2\pi x_i) \right\} \quad (-5.12 \leq x_i \leq 5.12)$$

$$f_7(x) = 4189.8289 - \sum_1^{10} x_i \sin(\sqrt{|x_i|}) \quad (-500 \leq x_i \leq 500)$$

$$f_8(x) = \sum_1^{10} \frac{x_i^2}{4000} - \prod_1^{10} \cos\left(\frac{x_i}{\sqrt{i}}\right) + 1 \quad (-600 \leq x_i \leq 600)$$

【実験】集団サイズ100、遺伝子長各変数あたり30ビット(各関数の定義域内の実数に変換)、50,000個体評価まで実行。10回ラン/ケース。p_preGAとsGAとで実行。

【多変数関数での交叉】多変数関数のパラメータの遺伝子の切り方は様々にある。(1)全変数を1つにつないで交叉、(2)各変数を1つの染色体と見て染色体を交叉し、さらに対応する各染色体内で交叉など。様々な交叉で実験した。前者のうち「2点交叉」、後者のうち「染色体群でランダム交叉し、染色体内で1点交叉」の例を図1に示す。

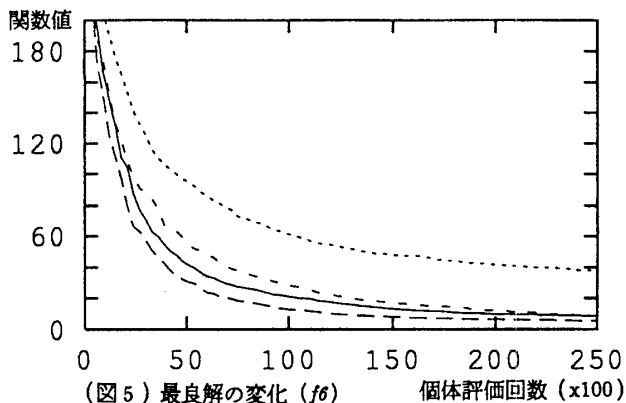
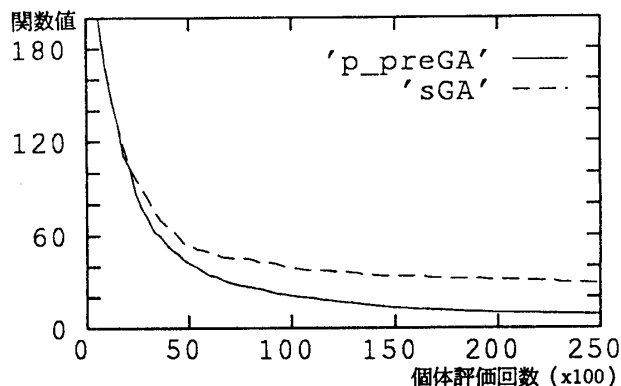
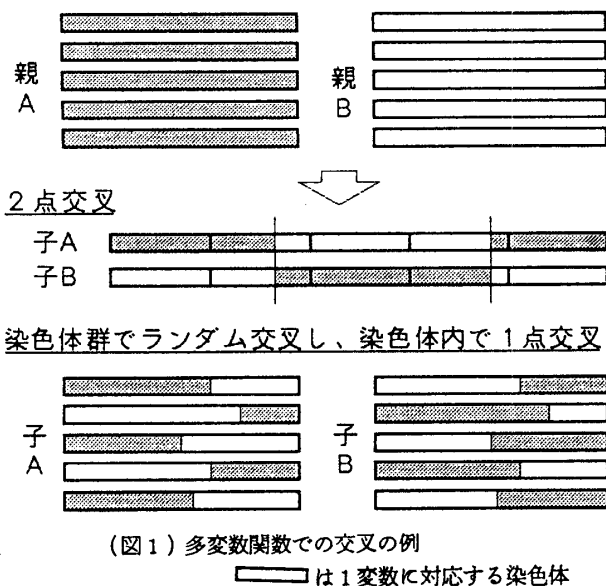
【結果】全染色体を1本につないで2点交叉したとき、 f_6, f_7, f_8 探索のp_preGAとsGAとの比較を、図2、3、4に示した。また、 f_6 でのp_preGAの交叉の比較を図5に示した。いずれのグラフも、100個体評価ごとにおける最良解の変化を示している。また、(1)交叉なし、(2)2点交叉、(3)ランダム交叉、(4)染色体群でランダム交叉し、染色体内は交叉なし(実数コーディングのランダム交叉)、(5)染色体群でランダム交叉し、染色体内で1点交叉、の5ケースにおいて、50,000個体評価後に得られた最良解を表1に示した。

【結論】表現型による事前淘汰を用いるGAは、多変数関数でも有効である。従来の単純GAよりも、得られた解、早さともに優れていた。また、多変数関数の交叉は、染色体群を交叉し、さらに各染色体内で交叉するものが優れていた。

p_preGAの利点は、性能の他にも、(1)交叉率、世代交代率、エリート戦略の有無などのパラメータ調整が不要、(2)適応度のスケールが不要、(3)世代という概念がないため各世代の合計適応度の計算が不要、(4)複数のピークの探索を長く持続するため同一の値を持つ複数のピークの位置(複数の最適解)を得たいときに便利、などが挙げられる。

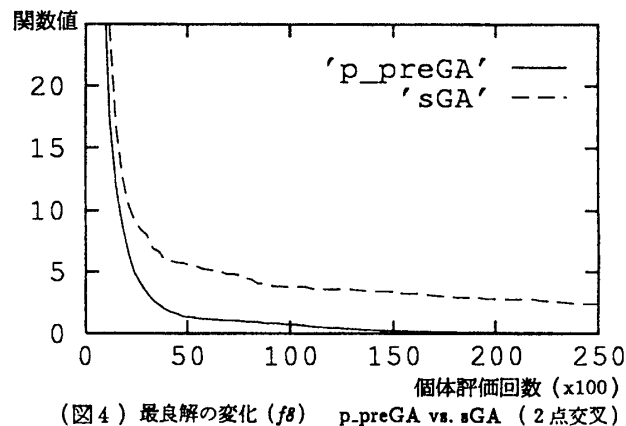
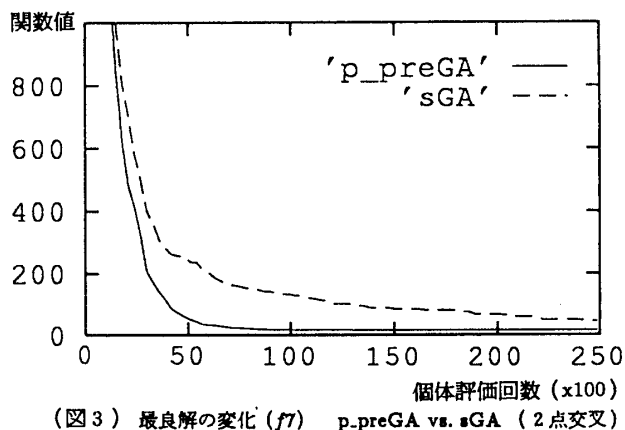
【参考文献】

- [1]D.E. Goldberg, "Genetic Algorithms in Search, Optimization, and Machine Learning", Addison-Wesley, (1989)
 [2]Samir W. Mahfoud, "Crowding and Preselection Revisited", Conf. on Parallel Problem Solving from Nature, (1992)



..... 交叉なし (0.01)
 —— 2点交叉 (0.01)
 - - - 染色体群ランダム交叉 + 染色体内交叉なし (0.01)
 - - - 染色体群ランダム交叉 + 染色体内1点交叉 (0.01)

()内は、ビットあたりの突然変異率 (0.0,0.001,0.005,0.01,0.05のうち最良のもの)



交叉	f_6		f_7		f_8	
	p_preGA	sGA	p_preGA	sGA	p_preGA	sGA
交叉なし	27.0(0.01)	55.1(0.005)	32.59(0.05)	294.89(0.005)	0.12(0.01)	3.95(0.005)
2点交叉	5.6(0.01)	21.5(0.005)	0.28(0.01)	28.60(0.01)	0.04(0.01)	1.72(0.005)
ランダム交叉	37.8(0.0)	28.6(0.001)	0.35(0.005)	93.13(0.01)	0.11(0.001)	1.35(0.001)
染色体群ランダム交叉 + 染色体内交叉なし	3.4(0.01)	16.9(0.005)	3.75(0.01)	29.75(0.01)	0.02(0.01)	1.38(0.001)
染色体群ランダム交叉 + 染色体内1点交叉	2.0(0.01)	19.2(0.005)	0.20(0.01)	47.86(0.01)	0.01(0.01)	1.51(0.001)

(表1) 50,000個体評価後の最良解
 ()内は、ビットあたりの突然変異率 (0.0,0.001,0.005,0.01,0.05のうち最良のもの)