

## 遺伝的アルゴリズムの探索性能向上に関する研究

3M-4 内藤 渉, 高橋 宏幸, 徐 欽志, 志田晃一郎, 藤川 英司, 山田 新一  
武蔵工業大学

### 1. はじめに

遺伝的アルゴリズム(Genetic Algorithm: GA)は, 生物の遺伝現象と自然淘汰の機構を単純化したモデルであり, 最適化問題の解法など広く応用されているが, その有効性を示す理論的考察はあまりなされていない。

本研究では GA の有効性を示す二つの改良方法を提案する。一つは突然変異と交叉関係の操作の発生回数, 発生タイミング等をファジィ分類を用いて有効に働くようにする方法であり, もう一つは各突然変異の貢献度によってその操作の発生確率を自動チューニングする方法である。これらを巡回セールスマン問題(TSP)における最適解探索に適用し考察する。

### 2. 遺伝的アルゴリズム

一般の GA は交叉, 突然変異の二つの操作がランダムなのでパラメータ依存性が非常に高く, また局所解時に染色体の同化が生じ, 解析には扱いにくいといえる。ここで実際に四つの操作 CX(Cycle Crossover), SE(Sub-Exchange mutation), SI(Sub-Inverse mutation), SR(Sub-Rotation mutation)の性能を TSP を用いて評価する。40都市の TSP 問題(都市数  $CN = 40$ , 個体数  $P_{max} = 40$ )で探索したところ, 効果のある順に突然変異 SR, SI, SE, 交叉 CX となった。<sup>[1]</sup>

### 3 改良型 GA: CGA

まず染色体の分類, 操作(交叉・突然変異)の選択にファジィ分類を導入したものである FGA(GA with Fuzzy Classification)を用意する。加えて, 探索貢献度により世代ごとに突然変異(SE, SI, SR)の発生確率を変化させるアルゴリズムを考案した, 貢献度を重要視していることから CGA(GA using Contribution of mutations)とする。世代数  $g$ , 個体数  $p$ , 最良染色体からの違いを表す量として相対距離  $D_i(g, p)$  を用いる。染色体の分類は相対距離  $D_i(g, p)$  を用いて最良染色体との類似性に注目して行う。染色体の分類ではファジィ簡略化推論法によって推論を行なう。

また操作の選択では二つのクラスが均等にわかれている場合は交叉, 二つのクラスの差が大きい場合は突然変異を行なわせる。クラス差  $Df(g)$ , 操作  $Op(g)$  より,  $Df(g)$  を計算する。交叉・突然変異のファジィ推論は染色体の分類と同様, 簡略推論法を用いる。

また3つの突然変異(SE, SI, SR)を効果的に発生させるため, 各オペレータの探索に関する貢献度を用いてその発生確

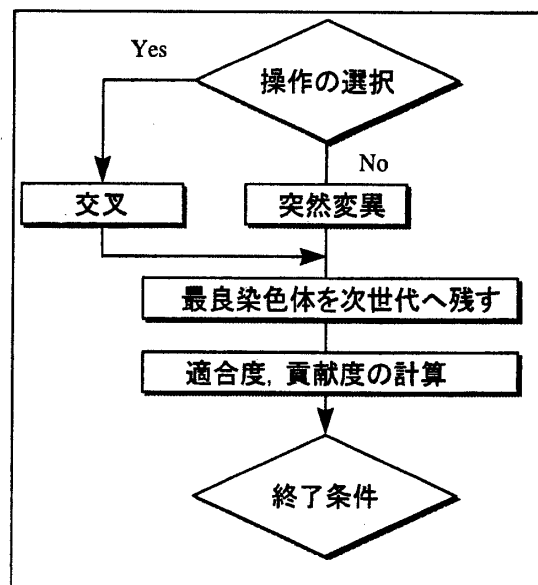


図1 CGA のフローチャート

An Improvement of Genetic Algorithm's Search Capability,

Wataru Naito, Hiroyuki Takahashi, Chin-Chih Hsu, Koichiro Shida, Hideji Fujikawa, and Shin-ichi Yamada  
Musashi Institute of Technology, 1-28-1 Tamadutumi, Setagaya-ku, Tokyo 158, Japan

率を決定する。貢献度は、染色体が各操作によって前世代の最良染色体より適合度  $Fv(g, p, i)$  が高くなったとき探索に貢献したとする。その時の適合度の変化  $\Delta C(g, i)$  を適合度として貢献した操作に加算し  $C(g, i)$  とする。こうして突然変異確率  $PI(g)$  を世代ごとに計算し、

$$PI(g) = \frac{(1 - 3 \times 0.1)(C(g) + \Delta C(g))}{\sum_{i=0}^3 C(g, i) + \Delta C(g, i)}$$

として、適合度の高い突然変異には高い確率を与えるようにする。

#### 4 シミュレーション

MGA(Modified GA)をCGAの比較のため定義する。MGAは交叉・突然変異に一代ずつ要するものである。

##### 4.1 CGAの探索性能

CGAとMGAの違いである各操作の発生確率を探索終了まで一定で行なうか、世代ごとに変化させるかに注目して探索性能の比較を行なう。まずMGAは微小な集団数で探索不可能であったのに対してCGAでは探索可能であった。またある程度集団数が大きくなればどちらのGAも探索可能であるが、例えば  $CN = 200$  のときCGAでは小さい世代で探索できたが、MGAでは最適解近傍までしか探索できなかった。結果としてCGAではどんな大きさの集団数でも最適解まで探索可能であり、最適解までの探索世代は集団数に反比例している。最適解探索までの実行時間は  $P_{\max} = 90$  のときが最も短い結果となった。CGAの探索軌跡は  $P_{\max} = PM$  の変化に応じて図2のようになる。

##### 4.2 CGAの大問題への適用

さらに多くの都市数のTSPをCGAで解く。 $CN = 500$ では道順が  $6.101 \times 10^{1133}$  通り、 $CN = 1000$ では  $2.012 \times 10^{2567}$  通りと膨大になる。前者では  $P_{\max} = 150$  で、後者では  $P_{\max} = 500$  で最適解まで探索可能であった。同様に  $P_{\max}$  の値により、大都市の問題でも解けると考えられる。また各突然変異の発生確率の変動(図3)より世代ごとの発生確率の変化は、その変化の大きさを考えると有効であるといえる。

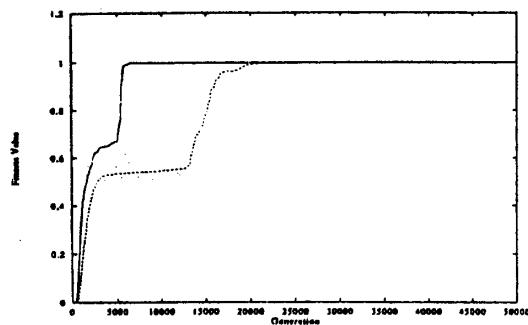


図2 CGAの探索性能

(上:  $PM = 20$ , 下:  $PM = 100$ )

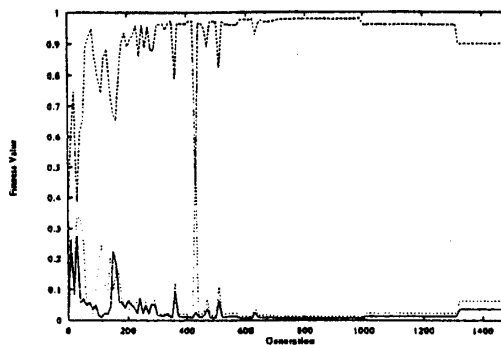


図3 各突然変異の発生確率の変動

(上: SI 中: SR 下: SE)

#### 5. 結論

遺伝的アルゴリズムの探索性能向上のため提案したCGA、MGAと他のGAと比較を行なった。CGAはファジールールなどのパラメータのチューニングの必要がなく、パラメータ依存性を考える必要がない。また個体数の減少に非常に強く、最適解の探索が可能であり、大きな都市のTSPでも速く探索可能であった。

#### 参考文献

- [1]Chin-Chih Hsu, Hiroyuki Takahashi, Koichiro Shida, Hideji Fujikawa, Shin-ichi Yamada, "Eugenic Mutations for Optimum Problems", IECON '95, Vol. 2, pp. 1035 - 10, November, 1995