

階層分散構造 GA における多様性の考察

2K-8

謝 孟春† 馬 火玄‡ 藤原 正敏† 小高 知宏‡ 小倉 久和‡

†福井工業高等専門学校 ‡福井大学

1 はじめに

われわれは遺伝的アルゴリズムにおける一様性と多様性を調和するために、階層分散構造 GA モデルを提案した [1]。しかし、このモデルでは各レベル層の構成や層間の特徴付けについては、まだいくつかの問題が残っている。特に、このモデルを用いた場合に、進化と共に一様性と多様性の変化は明らかではない。本研究では、階層分散構造 GA に対するレベル層の構成方法を改良し、各レベル層の特徴を強調する遺伝的操作を行う。また、このモデルに対する多様性の表現方法も検討する。多様性表現法を用いて、各レベル層および層間の多様性を考察する。

2 改良した階層分散構造 GA

階層分散構造 GA は複数のレベル層で、各レベル層にはいくつかの個体群からなるモデルである。改良した階層分散構造 GA (Improved Hierarchical Distributed Structure Genetic Algorithms, IHDS-GA) は、本来の多層構造を重視して、以下のような改良をした。

(1) ハミング距離による各レベル層の構成

個体のコードの差異をはかる最も基本的な尺度はハミング距離である。ここでは、個体間のハミング距離によって、多様な個体からなる低レベル層と一様な個体からなる高レベル層に分ける。すなわち、低レベル層はハミング距離の大きい個体からなり、さまざまな形質をもつ個体を維持するのが目的である。一方、高レベル層はハミング距離の小さい類似個体からなり、全体的に評価値の高い個体を生成するのが目的である。

個体集団におけるすべての個体を評価値の大きい順で並べ替え、その中に最も評価値の高い

個体を a_t 、真中の個体を a_m とすると、それぞれの個体がこれらとのハミング距離によって式 (1) で定義したレベル層に属する。

$$D_H(x_i, x_j) = \begin{cases} D_H(x_i, a_t) < H_h & \in \text{高レベル層} \\ D_H(x_i, a_m) < H_m & \in \text{中レベル層} \\ otherwise & \in \text{低レベル層} \end{cases} \quad (1)$$

ただし

$$H_h < H_m$$

ここでは、 $D_H(x_i, x_j)$ は個体 x_i と x_j 間のハミング距離で、 H_h と H_m はレベル層に分けるハミング距離の閾値である。

(2) 最良個体の高レベル層への移住

ランダムに発生した個体をハミング距離によって各レベル層に振り分けて、各々の環境で特徴を保つための遺伝的操作が行われるとき、高レベル層における個体が高い評価値をもつ保証はない。ここでは、定めた世代数ごとに現時点までの最良個体を高レベル層に移住させる。趣旨としては、高レベル層では最適解と類似個体を生成させ、最適解に早く収束できるのを期待する。高レベル層における個体のビルディングブロックの構築とその他レベル層における多様な個体がもたらした大域的な探索により与えられた問題にとって真に優れた解を導き出すことにあると思われる。

3 IHDS-GA に対する遺伝的操作

改良した多層分散構造 GA は、各レベル層の特徴を保つために、遺伝的操作を工夫する。

● 低レベル層

低レベル層は多様な個体を維持するため、ハミング距離が定めた閾値より小さい個体間の組み換えを避ける操作を行う。探索途中における遺伝子座の突然変異率を後程述べる多様度に基づいて設定する。つまり、多様度の低い遺伝子座に対して大きな突然変異率を用いる。選択するとき、ルーレット選択を用いて、個体の重複を許さないようにする。

An Investigation on the Diversity of Hierarchical Distributed Genetic Algorithms

Mengchun Xie †, Xuan Ma ‡, Masatoshi Fujiwara †, Tomohiro Odaka ‡, Hisakazu Ogura †

†Fukui National College of Technology

‡Fukui University

- 高レベル層
高レベル層は一様性を重視するため、マスクパターン保護式交叉、突然変異を行う。つまり、高レベル層における個体に対して、収束している遺伝子座の値が破壊されないようにマスクパターンを生成する。そのマスクパターンが保護された遺伝子座以外の遺伝子は交叉、突然変異によって変わる。保護されたマスクパターンの一例を図1に示す。ランキング選択で、個体の重複を許す戦略も用いる。
- 中レベル層
中レベル層は、他の層のような極端的な特徴を強調することと異なって、単純なGAの遺伝的操作を適用する。つまり、一点交叉、反転突然変異及びルーレット選択を用いる。突然変異率は高レベル層と低レベル層の平均値をとる。中立的な個体を生成するのが目的である。

個体1	1	0	0	1	1	0	1	1
個体2	1	1	0	1	0	1	1	0
マスク	*	0	*	*	1	0	*	1

保護された遺伝子座

図1: マスクパターンの生成

4 多様性の表現法

(1) 各レベル層の多様性

各レベル層の個体群の多様性を表現するために、各遺伝子座に対応する遺伝子の収束性に基づいて計算する。

個体長が M の個体 N 個からなるレベル層を考えたとき、そのレベル層の多様性の度合を以下のように定義する。

$$V^l = \frac{1}{M} \sum_{k=1}^M \nu_k^l \quad (2)$$

ただし、

$$\nu_k^l = 1 - \left| 1 - \frac{\theta_k}{N} \right|$$

$$\theta_k^l = \sum_{i=0}^N x_{ik} \quad (x_{ik} = \{0, 1\})$$

θ_k^l はある遺伝子座 k に対応する遺伝子 1 の個数で、 ν_k^l は k 番目遺伝子座の多様度である (ここでは、対立遺伝子は 2 値しか考えない)。

ある遺伝子座に対応する同じ遺伝子の数と多様度の関係を図2に示している。例えば、すべての遺伝子座に対応する遺伝子が全部同じならば ($\theta = 0$ or N)、その遺伝子座の多様度は 0 になる。逆に、対立遺伝子の数が半分ずつであると、多様度は 1 になる。

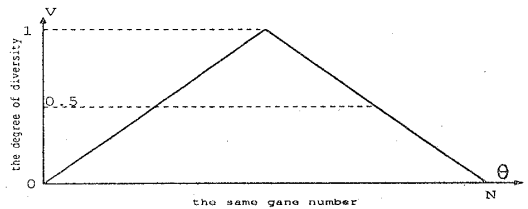


図2: ある遺伝子座に対応する同じ遺伝子の数と多様度

(2) 層間を越えた全体の多様性

全体の多様性を考察するために、レベル層に分けるときの閾値を考慮する。なぜならば、閾値の設定によって、各レベル層に属する個体の類似度が変わる。各レベル層 l の閾値を重み w^l にして、全体の多様性を次のように定義する。

$$V_w = \frac{1}{L} \sum_{l=1}^L V^l * w^l \quad (3)$$

ただし、

$$w^l = H_d^l$$

ここでは、 L はレベル層の数で、 H_d^l はそのレベル層の閾値がもたらした多様度である。

5 おわりに

本研究で提案している改良した階層分散構造GAは、一つの集団では競合になっている一様性と多様性を、異なるレベル層に振り分けることによって、全体としてあるレベル層の個体が最適解に収束していく同時に、他のレベル層における個体が多様性を維持することができる。また、各レベル層における個体の多様度からレベル層の多様性を計ることと、各レベル層の特徴付けによって全体の多様性を観測することは、より正確かつ直接的に多様性を評価できることを示した。

参考文献

[1] 謝孟春, 馬火玄, 藤原正敏, 小高知宏, 小倉久和, “階層分散構造に基づく遺伝的アルゴリズムの一様性と多様性の調和”, 情報処理学会研究報告, Vol.98, No.105 pp.69-74(1998)