

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

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

遺伝的アルゴリズムにおいてビルディングブロックが成長するには、ある意味で集団の一様性を必要とする。しかし、一様性が強くなると探索空間が小さくなり、部分的な最適解、局所解に陥りやすくなる。本研究では、従来のGAと異なり、階層分散構造に基づいて、遺伝的アルゴリズムにおける一様性と多様性の調和を図る。このシステムは、多層構造であり、各層には複数個の個体群がある。それぞれのレベル層における個体群が各々の環境で進化を進めていくなかで、個体群間ではエリート個体の移住によって情報の交換も行う。エリート個体が移住することにより得られた評価は各レベル層の適応度の重みなどによって異なる。この重みは高レベル層では多様性を強調し、低レベル層では一様性を強調する働きをするようにする。本システムは多層構造を採用することによって、大域的な探索と局所的探索に必要な多様性と一様性を調和することができると考えられる。また、組み合わせ最適化問題に対して、本システムを用いた進化過程における一様性と多様性の様子を考察する。

Harmony between Uniformity and Diversity Using Genetic Algorithms of Hierarchical Distributed Structure

Mengchun Xie †, Xuan Ma ‡, Masatoshi Fujiwara †,
Tomohiro Odaka ‡, Hisakazu Ogura †
†Fukui Nation College of Technology, ‡Fukui University

It is necessary to maintain the uniformity of populations in growing of building block using genetic algorithms. However, if the uniformity becomes too strong the search space becomes small. In this paper, we use Hierarchical Distributed Structure Genetic Algorithms to harmonize the uniformity with the diversity. This system uses multi-structure and there are several populations in each layer. The individuals are evolving in respective population and exchange information among the elite each other. The valuation of the elite migrated differs from one level to another. It is decided by the weight and the hamming distance in several layers. The weight emphasizes the diversity in the higher layer and emphasizes the uniformity in lower layer. It can be harmonized the uniformity with diversity which is necessary to search in global and local ranges using the proposed approach. We investigate the uniformity and diversity in the optimal combination problem by the simulation.

1 はじめに

遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithm, GA) は、最適化、適応、学習のための方法論として注目され、さまざまな応用されるようになった [1, 2, 3, 4]。GA における進化は交叉や突然変異や選択といった遺伝的操作による個体を表す染

色体の優れた断片の結合と成長が進化の主役であるビルディングブロック仮説によっていると考えられる。GA では、世代交代を重ねるうちに、ビルディングブロックが個体の部分として発見し、個体集団中に蓄積されて、それらの組合せとして次第に大域的な解が発見されるとい

われている。このため、最適解を高速に見出すためには、集団としての多様性の維持が必要であると考えられている。

一方で、遺伝的操作によりビルディングブロックが成長するには、ある意味で集団の一様性を必要とする。しかし、一様性が強くなると探索空間が小さくなり、部分的な最適解、局所解に陥りやすくなる。このような局所解から脱出のためにも集団の多様性が重要である。しかし、過度な多様性はランダムサーチに近くなるため高速な収束の妨げとなる。進化過程における一様性と多様性のバランスをとるのは、従来のGAにとっては難しい課題である [5, 6, 7]。

本論文では、階層分散構造に基づいて、遺伝的アルゴリズムにおける一様性と多様性の調和を図る。このシステムは多層のレベルからなる多層構造で、各層には複数の個体群がある。それぞれのレベル層における個体群は、各々の環境で進化を進めていくなかで、個体群間でエリート個体に移住することによって情報の交換も行う。エリート個体に移住することにより得られた評価は各レベル層の適応度の重みなどによって異なる。この重みは高レベル層では多様性を強調し、低レベル層では一様性を強調する働きをするようにする。本システムはこのような多層構造を採用することによって、大域的な探索と局所的な探索に必要な多様性と一様性を調和することができると考えられる。まず、2章では階層分散構造を用いた遺伝的アルゴリズムについて述べる。3章では、組合せ最適化問題に対して、階層分散構造を用いたGAのシステムの構成を検討し、個体の評価方法も設定する。4章は進化過程における一様性と多様性を観察するための手法を述べ、シミュレーション実験によって、階層分散構造を用いたGAと従来のGAとを比較する。最後に5章でまとめを行う。

2 階層分散構造を用いたGA

階層分散構造を用いた遺伝的アルゴリズム (Hierarchical Distributed Structure Genetic Algorithms, HDSGA) は、図1に示すような多層構造を用いる [8]。各レベル層における個体群はそれぞれの探索空間に対応している。高レベル層

では、おのおの個体群がそれぞれの環境に相応しく進化をするうちに、各群の間で互いに層内で協調をしていく。この協調は各個体群のエリート個体の移住によって実現する。レベル層が高ければ高いほど、おのおの個体群の間には、移住によってもたらした情報が重視される。これは多様性を十分に与えて、より大域的な探索を目指すことになる。低レベル層では、特定した領域を中心として複数の局所的探索を行うために、一様性を強調し、お互いの情報交換をあまりしない。HDSGAは探索空間の中の大域的探索と局所的な探索が必要な多様性と一様性をいくつかのレベル層に分けて調和する方法と考えられる。

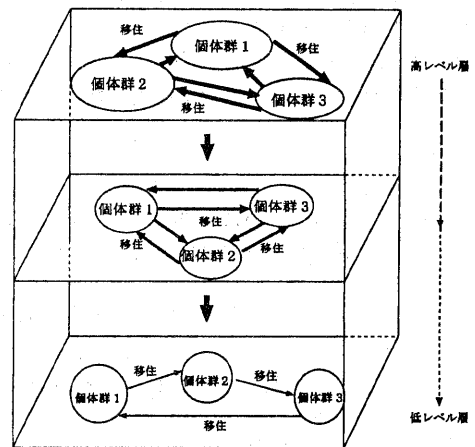


図1: 階層分散構造を用いたGA

3 組合せ問題に対する階層分散構造を用いたGA

3.1 組合せ問題の定義

われわれは、これまで、通常の遺伝的アルゴリズムを用いて、組合せ問題の典型的な例であるナップザック問題に対して、進化過程の様子を分析してきた [9]。ここでは、同じようにナップザック問題を取り上げ、提案した階層分散構造を用いたGAと通常のGAとを比較する。

ナップザック問題は次のように定義できる。

$$V = \sum_{i=1}^N x_i v_i \quad (1)$$

ただし、

$$W = \sum_{i=1}^N w_i x_i \leq W_l$$

すなわち、荷物が N 個あり、各荷物 i ($i = 1, 2, \dots, N$) は重さ w_i と価値 v_i をもつ。そしてナップザックの制限重量の下で、ナップザックに入った荷物の価値の合計を最大にする組合せを求めるという問題である。荷物の状態変数 x_i は 1 のとき、その荷物をナップザックに入っている。0 のとき、入っていないことを示す。

3.2 システムの構成

階層分散構造を用いた GA の処理プロセスは次のような流れで行われる。

Step1: 高レベル層の個体群の形成

あらかじめ定めた個体群数と集団サイズに従って、サイズ N の個体群を P 個、ランダムに生成する。すべての個体群における初期集団のすべての個体が制約条件を満足するようにする。

Step2: 遺伝的操作

それぞれの個体群では、一様交叉と入れ替え突然変異を行う。

Step3: 適応度の評価

各個体が環境に対する適応の度合を適応度という。適応度の高い個体が生き残り、逆に、適応度の低い個体は淘汰される。

Step4: エリート個体の移住

それぞれの個体群では、遺伝的操作の後、エリート個体を他の個体群に移住させる。それはエリート個体の移住により各個体群の間には局所的に協調を求める。

Step5: レベル層の入れ替え

ある定めた世代から、レベル層を入れ替える。これに対応するレベル層の重みも変わる。

Step6: 繰り返し

ステップ2に戻り、終了条件が満たされるまで繰り返す。

3.3 個体の評価

移住してきた個体の評価は他の個体の評価とは区別して行う。

(1) 各レベル層のおのおの個体群における個体

$$f_i^j = V_i = \sum_{i=1}^N x_i v_i \quad (2)$$

各記号の意味は 3.1 節と同じである。

(2) 移住してきた個体

$$f^j(e_m) = (1 + \alpha^j H_{k,m}^j) f^j(e_k) \quad (3)$$

ここでは、 $H_{k,m}^j$ は移住してきた個体が以前に所属した個体群 (k) のエリート個体と現在所属する個体群 (m) のエリート個体とのハミング距離で、 $\alpha_{k,m}^j$ ($\alpha_{k,m}^1 \geq \alpha_{k,m}^2 \dots \geq \alpha_{k,m}^T$) は各レベル層に応じた二つの個体群の適応度距離の重みである。高レベル層では、重みを大きく設定してより流動している個体は付加の評価が多く得られ、個体群の間の協調に働くことができると考えられる。低レベル層では、重みを小さく設定することによって、それぞれの個体群の間が局所的に競合になる。

4 分析手法とシミュレーション実験

4.1 集団の一様性の表現

集団の一様性を観察するために、集団の収束傾向値を用いる。 $\{0,1\}$ からなる個体の集団の t 世代における収束傾向値は以下の式により測定できる [10]。

$$C(t) = \frac{1}{N \times L} \sum_{i=1}^L \left| \sum_{j=1}^N g(t)_{i,j} - \frac{N}{2} \right| + 0.5 \quad (4)$$

ここでは、 L は個体の長さで、 N はある個体群の集団サイズである。 $g(t)_{i,j}$ は t 世代における第 j 個体の i 番目の遺伝子座の遺伝子を表す。 $g(t)_{i,j}$ は '0' または '1' である。

収束傾向値 $C(t)$ ($0.5 \leq C(t) \leq 1$) は、 t 世代の各個体の '0'、'1' からなる遺伝子型の各位置において集団が全体としてどちらに収束している度合いを示している。集団は多様性に富んでい

るとき、 $C(t)$ が小さい。集団がある傾向に収束すると、 $C(t)$ は大きくなる。

4.2 集団の多様性の表現

おのおのの個体群における集団全体の進化の様子を、次のようにして得られる記号列変化で表現する [9]。この記号列 (集団遺伝子と呼ぶ) は長さが N で、その遺伝子座は各個体の遺伝子の同じ位置の遺伝子座に対応する。この集団遺伝子にある記号 (対立遺伝子) は、1, 0, i, o 及び*であり、それぞれの記号は、次のような集団の様子を表している。

- 1…集団の 90%以上が '1' であり、かつ厳密解と一致している遺伝子座
- 0…集団の 90%以上が '0' であり、かつ厳密解と一致している遺伝子座
- i…集団の 90%以上が '1' であり、かつ厳密解と一致していない遺伝子座
- o…集団の 90%以上が '0' であり、かつ厳密解と一致していない遺伝子座
- *… それ以外

集団遺伝子は、各遺伝子座について遺伝子集団の多様性を表現している。集団遺伝子の記号 1, 0 は、その集団がその遺伝子座について厳密解へ収束しつつあることを示し、記号 i, o は、その遺伝子座が厳密解とは異なる局所的な解へ収束しつつあることを示す。記号*は、まだ未収束な様子を示す。*が多く含まれていれば、多くの種類の個体が集団中に存在し、集団の多様性が維持されていることがわかる。*以外の記号が多く含まれていれば、集団中に類似の個体遺伝子が多数存在していることを意味し、一様性が強調されている状態となる。つまり、遺伝子集団が表現できる形質の空間が狭くなり、局所的な探索が行なわれる。

4.3 シミュレーション実験

本論文では、階層分散構造を用いた GA において、多様性と一様性の調和を観察するために、通常の GA と比較してシミュレーションを行った。

実験の条件を表 1 にまとめた。

通常の GA の集団サイズを 50 とした。

階層分散構造を用いた GA は三つのレベル層

表 1: 実験のパラメータと遺伝的操作

共通		
個体長	20	ルーレット選択
世代数	200	エリート保存戦略
交叉率	1.0	一様交叉
突然変異率	0.01	異点交換式変異

に分けて、各レベル層の個体群数を 5、各個体群の集団サイズを 10 とした。

まず、階層分散構造を用いた GA と通常の GA における一様性を図 2 に示す。横軸は世代数で、縦軸は収束傾向値である。ここでは、階層分散構造 GA を用いたシステムでは、それぞれの個体群の集団サイズは非常に少く ($N = 10$)、遺伝的操作によりかなり短い時期に収束する可能性は高い。しかし、図を見ると、高レベル層から低レベル層まで、エリート個体の移住をすべて行った個体群の一様性は低いことがわかった (図の階層分散構造 GA-2)。それは個体の移住により個体群の間における異なる情報が交換でき、一様な個体の集中が阻止されたためである。一方、高レベル層のみ移住を行った個体群では (図の階層分散構造 GA-1)、早い時期に収束してしまった。

通常の GA を用いた場合、一つの集団にはたくさん個体を含んでいるので、一様な個体を生成するまでやや時間がかかったが、ある世代経ってから一定の収束値に近付いてくることが図からもわかった。

次に、同じ実験条件では、階層分散構造 GA-1 と階層分散構造 GA-2 に対する集団遺伝子の様子を表すと次のようになる。

階層分散構造 GA-1

```

0 ==> *****
2 ==> *****0****0****
4 ==> *****1*0**0*0****
6 ==> **1***i*1*0**0*0*11*
8 ==> **10****1*0**00*0o11*
10 ==> **1***i*110100*0o11* 高レベル層
13 ==> 1*100*i*11**00*0o111
16 ==> **100*i1110100*0o111
19 ==> 1*100oi111*100*0o111

```

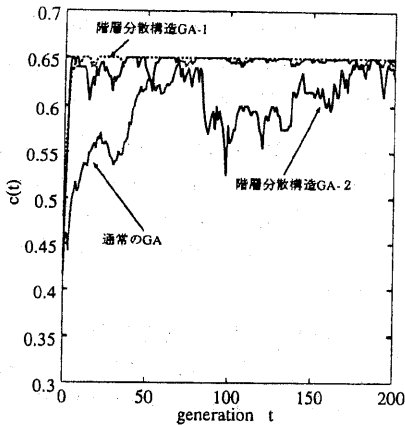


図 2: 階層分散構造を用いた GA と通常の GA における一様性

```

20 ==> 1*100oi111*100*0o111
22 ==> 1*100**111*100*0o111
25 ==> 1**0***1110100*0o111
30 ==> 1*100***110100*0*1*1
35 ==> 1*100**1110100*0*111
40 ==> 1*100*0111010010o111
45 ==> 11100*0111010010*1*1
50 ==> 1110010111010010*111 中レベル層
60 ==> 11100*0111010010*111
70 ==> 11100101110100101111
100 ==> 11100101110100101111 低レベル層
120 ==> 11100101110100101111
...
200 ==> 11100101110100101111

```

階層分散構造 GA-2

```

0 ==> *****0*****
2 ==> **1i0**1***1*0o01***
4 ==> 111i0oi11101*0o011*1
6 ==> 111i0oi1110100o01111
8 ==> 111*0oi111010*o01111
10 ==> 11100oi111010*o01111 高レベル層
13 ==> 11100oi1110*0io01111
16 ==> 11100oi1110*0*o01111
19 ==> 11100oi111010*o01111
22 ==> 11100oi111010io01111
25 ==> 11100oi1*1010io01111

```

```

40 ==> 11100oi111010io01111
41 ==> 11100oi111010io01111
45 ==> 11100oi111010*o01111
50 ==> 11100o*111010**01111 中レベル層
60 ==> 11100oi1110100101111
70 ==> 11100oi11101*0*01111
100 ==> 11100*01o1010io011*1 低レベル層
130 ==> 1*10*101**010io01111
160 ==> 1o1**o0111010io01111
180 ==> 1110io0111010io01111
190 ==> 1*10io0111010io01111
200 ==> 1*10io0111010**011*1

```

階層分散構造 GA-1 の個体群において、高レベル層では*の記号が多いが、低レベル層ではすでに最適解に収束していた。

一方、階層分散構造 GA-2 の個体群において、中レベル層まで、かなり最適解と異なる局所解に収束していたが、しかし、個体群の間のエリート個体の交換によって、終了世代までかなり多様な個体が存在することがわかった。階層分散構造 GA では、下層のレベルでの個体群間の移住は双方向ではないので、ある個体群の一様性が高まる同時に、他の個体群が多様性を保つこともできるという特徴があること実験結果からわかった。

通常の GA と階層分散構造を用いた GA において、世代ごとに*の変化を図 3 に示す。階層分散構造を用いた GA は探索後期にも*が多数存在する個体群とほとんど現れていない個体群とが両方あるので、この手法は一様性と多様性とが局所的に協調・競合することによって、全体として一様性と多様性の調和が期待できると考えられる。

5 まとめ

本論文では、階層分散構造に基づいて遺伝的アルゴリズムにおける一様性と多様性の調和を求めた。階層分散構造を用いた GA では、異質な形質をもった複数の個体群が多様な形質の遺伝子群を生成して競合進化しつつ、一様性を保持しつつ協調進化をはかることによって、結果として全体の一様性と多様性のバランスがよくなる傾向となった。

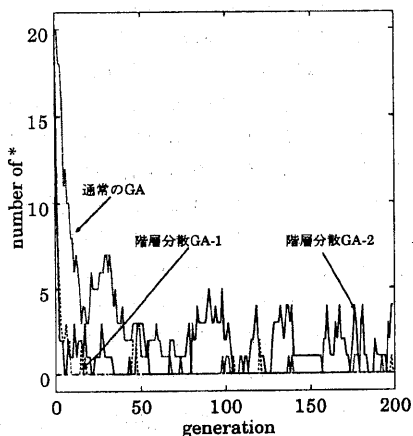


図 3: 階層分散構造を用いた GA と通常の GA における多様性

個体群間の移住された個体は自分自身以上の評価値をもち、この個体と関係する周囲の個体が抑制されたり、あるいは「活性化」されたりする。しかし、移住させる個体の選択や交換時期およびレベル層の入れ替え時点の設定は進化過程における一様性と多様性のバランスには大きく左右するので、今後の課題として検討していく予定である。

参考文献

- [1] Holland, J. H. : "Adaptation in Natural and Artificial Systems", 1, The Univ. Michigan Press(1975), MIT Press(1992)
- [2] Goldberg, D.E : "Genetic Algorithms in Search, Optimization, and Machine Learning", Addison Wesley(1989)
- [3] Davis, L.(ed.) : "Handbook of Genetic Algorithms", Van Nostrand Reinhold(1991)
- [4] 北野 宏明 (編) : 遺伝的アルゴリズム, 産業図書 (1993)
- [5] Rob Craighurst and Worthy Martin, "Enhancing GA performance through

Crossover Prohibitions Based on Ancestry", Proceedings of the 6th International Conference on Genetic Algorithms , pp.130-135(1995)

- [6] Brad L. Miller and David E. Goldberg, "Genetic Algorithms, Selection Schemes, and the Varying Effects of Noise", Evolutionary Computation Vol.4 No.2 pp.113-141(1997)
- [7] 市井, 石井, "遺伝子分布評価に基づく遺伝的アルゴリズムの多様性維持", 計測制御学会論文集, Vol.32 No.1, pp.1242-1250(1996)
- [8] Jinwoo Kim and Bernard P. Zeigler, "Hierarchical Distributed Genetic Algorithms: A Fuzzy Logic Controller Design Application", IEEE EXPERT, No.6 pp.76-85(1996)
- [9] 謝 孟春, 山口 哲司, 小高 知宏, 小倉 久和, "致死遺伝子を用いた遺伝的アルゴリズムにおける進化過程の解析", 電子情報通信学会論文誌, D-II Vol.J79-D-II No.5 pp.870-878(1996)
- [10] 筒井 茂義, "Forking GA : 個体群探索分岐型遺伝的アルゴリズム", 遺伝的アルゴリズム 2, 北野 宏明編, pp35-65, 産業図書 (1995)