個体の優劣度に基づいて適応的にパラメータを調整する遺伝的アルゴリズム

八田 浩一　若林 真一　小出 哲士
広島大学工学部
〒739 東広島市鏡山一丁目4番1号

複雑な制約を持つ大規模組合せ問題を解く手法として遺伝的アルゴリズム (*GA*) が知られている．GA の性能は GA を制御するパラメータ値，及びオペレータ適用確率に大きく依存するため，適切な値に調整されることが必要とされる．この問題に対し，これらの値を自動的に調整する適応的遺伝的アルゴリズムが提案されている．著者らは，個体の潜在的な優劣度を示す指標であるエリート度を提案し，GA の探索能力に大きな影響を及ぼす交叉手法などを動的に調整する適応的遺伝的アルゴリズムを提案している．しかし，従来のエリート度は離散値に基づいて定義されており精度の粗い指標となっていた．本稿ではエリート度として連続値を用いた精度の高い指標を提案すると共に，いくつかのベンチマーク問題に適用することにより，提案手法の有効性を実験的に示す．

An Adaptive Genetic Algorithm for Parameter Tuning Based on the Superiority of an Individual

Koichi HATTA　Shin'ichi WAKABAYASHI　Tetsushi KOIDE
Faculty of Engineering, Hiroshima University
4-1, Kagamiyama 1 chome, Higashi-Hiroshima 739, Japan

Genetic algorithms (*GA*) are widely used to solve large-scaled optimization problems with complex constraints. In a GA, setting parameters or operator probabilities to appropriate values is required to enhance the GA performance. The adaptive GA has been proposed for this problem, which automatically tune these values during the GA execution. We proposed a new measure called Elite degree for adaptive crossover operator selection, which can estimate the potential superiority of individuals. However, it had the problem that the Elite degree lacks accuracy since it was defined based on integer values. In this paper, we propose a new definition of the Elite degree based on real values, and applied it to benchmark test problems to show the effectiveness of the proposed method.

1 まえがき

工学における様々な分野において複雑な制約を持つ多くの大規模組合せ最適化問題が知られており，それらをできるだけ短い計算時間で解くことが求められている．これらの問題を問題のサイズに関する多項式時間で厳密解を求めることは困難なため，ヒューリスティック手法の1つとして遺伝的アルゴリズム (GA) が知られている [3]．GA とは生物の遺伝機構から着想をえた確率的探索手法であり，与えられた問題の解空間に対する高い探索能力を持つ．

GA の性能は GA を制御するパラメータ値，及びオペレータ適用確率に大きく依存することが知られており，これらの値の適切な設定が必要になる．従来の GA のパラメータ調整では，人間の経験と，実際に GA を使用する前にベンチマークデータ等を用いて行なう試行実験によって行なっていたが，パラメータ値の調整に多大の時間を要したり，適切なパラメータ値の設定が行なえない，という問題点があった．このため，GA のパラメータ調整を自動的に行なう研究が近年盛んに行なわれている．

De Jong は，標準 GA において特定の分野の問題のいくつかに対して実験的により適切なパラメータ値を提案した．また， Grefenstette は，GA の外部からパラメータ値を自動的に設定する手法として meta-GA [4] を提案した． Schaffer らは総括的な実験により [8]，文献 [4] によって示されたパラメータ値は良いパラメータ値の部分集合であることを示した．しかし，これらの方法は良いパラメータ値を求めるための計算量が非常に大きい，問題のインスタンスごとに適切なパラメータ値は変化するかもしれない，適切なパラメータ値は GA 実行中に変化するかもしれない，という問題点がある．

GA は本質的に，動的で適応的なプロセスであり，GA の実行中にパラメータ値を変化させていくことは自然なアイデアであるため，適応的遺伝的アルゴリズムという手法が提案され，近年，多くの研究がなされている [6]．著者らは，個体の潜在的な優劣の度合を示す指標であるエリート度を提案し，GA の探索能力に大きな影響を及ぼす，交差手法，突然変異手法，選択手法などを適応的に調整する適応的遺伝的アルゴリズムを開発している [5]．ここで提案しているエリート度は個体の履歴に基づいて定義され，従来ある適応度のみに基づいてパラメータを適応的に調整する手法と比較して，より個体の潜在的な優劣の度合いを測ることが可能となり GA の性能の向上が期待できる．

文献 [5] では，エリート度はその個体の祖先の集合にどの位のエリートが含まれるかの割合で定義し，また，与えられた世代の集団の中で高いパフォーマンスを持つ個体をエリートとして，しきい値を用いて離散的に定義している．しかし，離散値による定義では個体の優劣度として精度の粗い指標となっていたので，本稿では連続値を用いた精度の高い指標を提案する．また，提案した指標を用いた交叉手法の適応的な選択手法を提案し，3つのテスト問題に対し提案手法の有効性を示す．

本稿の構成は次のようになっている．まず，2. では適応的遺伝的アルゴリズムについてまとめた後，3. で各個体の各世代における潜在的な優劣の度合を示す指標としてエリート度を提案し，4. でこの指標に基づく交差方法の動的な選択手法を提案する．提案手法の実験による評価を 5. で示し，従来手法との比較を行う．そして，最後に 6. で結論を述べる．

2 適応的遺伝的アルゴリズム

GA は与えられた問題の許容解を表わす個体の集合 (集団) に対して遺伝操作を繰り返し適用し，最適解に近い解を探索していく [3]．各繰り返しを1世代とみなし，各世代では現在の集団中の個体を適応度により評価し，新しい集団を生成する．基本的な遺伝操作としては選択，交叉，突然変異がある．これらの操作を与えられた終了条件を満たすまで繰り返す．

標準的な GA では交叉や突然変異などの遺伝操作はあらかじめ決められた確率で適用される．この適用確率は GA パラメータと呼ばれており，他にも個体数，交叉手法，突然変異，選択方法の種別などの多くの種類がある．これらは GA の性能に大きな影響を与えるため，適切な値を選択することが必要であるが，人手や試行実験によりこれを行なうことは計算時間や精度の面で問題があるため，自動的に行なう手法が提案されている [1]．

適応的遺伝的アルゴリズムは，GA を実際の問題に適用しながら同時に GA パラメータを調整する手法であり，GA 実行中に生成された個体の状態を推定して次の世代

のGAパラメータ値を決定することによりGAパラメータの調整を行なっている．しかし，個体の状態をどのように推定するかについてはまだ決定的なものは知られていない．ある遺伝操作を適用してみて結果が良ければ次世代もその操作を適用するものとしたり，遺伝操作の適用回数を何らかの基準を用いてバランスさせるものなどが多い [9, 1]．

3　エリート度

本稿では個体がどの程度優れているかに着目して適応的にGAパラメータ値を調整することを考える．一般に個体の優劣は適応度により判定される．しかし適応度をそのまま個体の優劣の度合として用いると，計算量的な負荷は少ないものの，問題の種別や世代に依存する問題が生じる．また，現在の適応度は悪くても，その個体が親から良い形質を受けついでいる場合も考えられる．そこで，積木仮説の拡張として適応度の高い先祖を近い世代にもつ個体は高い適応度をもつ可能性が高いと考え [5]，個体の潜在的な良さを表す尺度として以下の2種類のエリート度を提案する．

3.1　離散値を用いたエリート度の定義 [4]

個体がどれくらい良いスキーマを持っているかを予測する尺度として個体がエリートであるか否かの2値に着目して，離散値を用いエリート度を以下のように定義する．まず，初期解の世代を世代 0 とし，現在の世代を $T\ (>0)$ とする．世代 T の集団の i 番目の個体を $x_i^T (0 \leq i \leq Popsize-1,\ Popsize$ は個体数) とし，個体 x_i^T の j 世代前の先祖の集合を $Anc_i^T(j)$ とする．

エリート度を定義するため，まずエリートを定義する．ある個体がある世代においてエリートであるとは，最大化問題においてはその世代の中の個体の適応度の分布を正規分布と仮定して，適応度の平均値を μ，適応度の標準偏差を σ としたときに $\mu+\alpha\times\sigma$ 以上の適応度を持つ個体をエリートとする．ここで α は非負の実数である．このとき，最大化問題に対してエリート度を以下のように定義する．

$$
\begin{aligned}
Elite_i^T(j) \ &= \ \{x_k^{T-j} | x_k^{T-j} \in Anc_i^T(j), \\
&\qquad \mu_{T-j} + \alpha \times \sigma_{T-j} \leq f(x_k^{T-j})\}
\end{aligned}
$$

$$
E_d(T,i) = \frac{\sum_{j=0}^{level\_max} \left\{ \left| Elite_i^T(j) \right| \times \beta^j \right\}}{\sum_{j=0}^{level\_max} \left\{ \left| Anc_i^T(j) \right| \times \beta^j \right\}}
$$

ここで，$Elite_i^T(j)$ は個体 x_i^T に対する世代 $T-j$ でのエリートである先祖の集合，μ_T，σ_T は世代 T の個体の適応度の平均値と標準偏差，$f(x_i^T)$ は世代 T での i 番目の個体の適応度，α はエリート決定係数，$\beta\ (0 \leq \beta \leq 1)$ はエリート影響度係数である．α を大きくするとエリートとみなされる個体数が少なくなり，逆に α を小さくすると多くなる．また，β を変化させて遠い世代の祖先の影響を減少させることができる．最小化問題に対するエリート度の定義も同様に行うことができる．

例1：離散値を用いたエリート度を求める例を示す．図1で節点は個体を表し，枝は個体の親という関係を表す．ハッチの付いた節点はエリートの個体を表す．先祖へたどるレベルの最大範囲 $level\_max$ は3である．このとき世代 T の i 番目の個体 x_i^T のエリート度はその個体から先祖をたどって図1のように計算される．

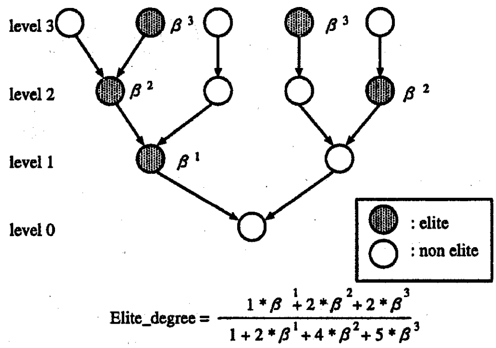

図 1: 離散値に基づくエリート度の計算例

3.2　連続値を用いたエリート度の定義

離散値によるエリート度の定義では，ある個体がエリートであるかどうかを，個体の適応度があからじめ与えられたしきい値α以上の値を持つ場合としている．αの値が大きくなればしきい値が高くなるためエリートと見なさ

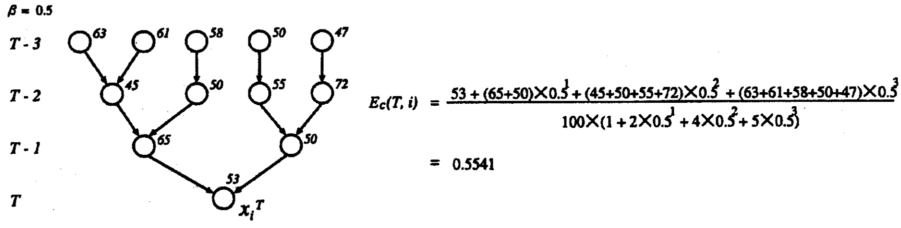

図 2: 連続値に基づくエリート度の計算例

れる個体数が減少し，小さければエリートとなる個体数が増加する．ここで，αの値が0.2などの比較的小さな値であれば，エリートと見なされた個体間において，最も適応度の高い個体と，しきい値付近の適応度の個体は同様にエリートと見なされるため，同じエリートでも実際には優劣度に大きな格差が生じる可能性があるという問題がある．このように，しきい値に基づく離散的な適応度の定義では，ある世代における個体間の優劣度を表すには粗い指標となるので，以下では偏差値を用い，優劣度を連続値とした指標を定義する．

ある世代Tにおける集団P中の個体$x_1, x_2, ..., x_N$に対し，個体がもつ適応度を$f(x_1), f(x_2), ..., f(x_N)$とすると，標準偏差$st_dev^T(x_i)$は次式となる．

$$st\_dev^T(x_i) = \sqrt{\frac{\sum(f^T(x_i) - \bar{f}^T(x))^2}{N-1}}$$

ここで，$\bar{f}(x) = \dfrac{1}{N}\displaystyle\sum_{i=1}^{N} f(x_i)$ である．次に，個体の偏差値$T_dev^T(x_i)$は次のように表される．

$$T\_dev^T(x_i) = \frac{f^T(x_i) - \bar{f}^T(x)}{st\_dev^T(x_i)} \times 10 + 50$$

次に，$T\_dev^T(x_i)$ と個体x_iのレベルjにある祖先の集合$Anc_i^T(j)$ を用い，祖先にさかのぼる世代数を$level_max$，世代間の影響度を表す係数をβとして，個体x_iの連続値を用いたエリート度$E_c(T,i)$を以下のように定義する．

$$E_c(T,i) = \frac{\displaystyle\sum_{j=0}^{level\_max} \sum_{\forall x_k^{T-j} \in Anc_i^T(j)} T\_dev^{T-j}(x_k) \times \beta^j}{100 \cdot \displaystyle\sum_{j=0}^{level\_max} |Anc_i^T(j)| \times \beta^j}$$

ここで，$\forall x_k^{T-j} \in Anc_i^T(j)$ とは，世代Tにおける個体x_iに関する，j世代前における全ての祖先を表す．

例 2： 連続値を用いたエリート度を求める例を示す．図 2 は $level\_max = 3, \beta = 0.5$ としたとき，図に示す家系図をもつ個体x_iのエリート度を求めている．ノードに付随する値は，ノードが属する世代の集団におけるノードの適応度の偏差値を表す．エリート度の定義式より $E_c(T,i) = 0.554$ となる．

4 交叉手法の適応的選択

ここではエリート度に基づく適応的 GA を示す．本手法では，交叉を行う際に選ばれた 2 つの親のエリート度の和の大きさに応じて交叉の種類をアダプティブに変えていく．簡単のため，用いる交叉の種類は 2 点交叉と一様交叉の 2 種類とする．ここで，2 点交叉は一様交叉よりも，スキーマを破壊する性質が弱く，良いスキーマを子に継続しやすいという性質を持っている [10]．このため，2 つの親のエリート度の和を計算した値が大きい場合は 2 点交叉を適用して良いスキーマを保存し，小さい場合は一様交叉を適用して探索範囲を広げる．以下に交叉手法のアダプティブな選択の手法を示す．

交叉時にランダムに集団から抽出した 2 つの個体x_i^T, x_j^Tに対し，離散値を用いたエリート度E_dでは，交叉の種別を以下の次のアルゴリズムにより決定する．

【E_dを用いた交叉方法の適応的選択手法】

$$\begin{aligned}&\textbf{if}\ \ (E_d(T,i)+E_d(T,j)) \geq D_{th})\\ &\qquad \textit{Two-point crossover;}\\ &\textbf{else}\\ &\qquad \textit{Uniform crossover;}\end{aligned}$$

ここで，D_{th}はユーザが予め指定する定数で，$(0 \leq D_{th} \leq 2)$ の範囲を持つ．

一方，連続値を用いたエリート度 E_cでは，交叉の種別を以下のアルゴリズムにより決定する．

【E_cを用いた交叉方法の適応的選択手法】

$$\begin{aligned}&\textbf{if}\ \ (\frac{E_c(T,i)+E_c(T,j)-2E_{min}}{E_{max}-E_{min}} \geq Rand(0,2))\\ &\qquad \textit{Two-point crossover;}\\ &\textbf{else}\\ &\qquad \textit{Uniform crossover;}\end{aligned}$$

ここで，E_{max}, E_{min}は，各々，交叉が行なわれる世代における集団中の個体のエリート度の最大値と最小値を表す。

5 実験

提案した手法を評価するため，離散値を用いたエリート度に基づく適応的手法，連続値を用いたエリート度に基づく適応的手法と，適応的でない手法との比較実験を行なった．

プログラムは基本となるアルゴリズムとして Greffenstette の作成した GENESIS 5.0[4] を使用し，提案した適応的交叉手法を組み込み，ワークステーション上で C 言語を用いて作成した．GENESIS のパラメータ値は個体数を 50，交叉確率を 0.6，世代間ギャップを 1.0，スケーリングウインドウを 5，選択方法をエリート保存選択，コーディングをグレイコーディング，最大個体評価回数 10000 として実験を行った．初期解はランダムに生成した．エリート決定係数は$\alpha = 0.2$，エリート影響度係数は$\beta = 0.5$，しきい値 $D_{th} = 1.5$ とした．

提案手法と従来法の比較は，一般的に使用されるテスト問題である，De Jong Test Suite, NK-Landscape に対して行ない，各データに対して 10 回ずつ GA を実行し最良解と最良解を出力した世代の平均を求めた．最良解とは GA が求めた最も良い解とする．

得られた結果の統計的なテストを行なうために，提案手法と従来法に対し最良解と最良解を出力した世代の平均，及び分散を求め，最良解に差があるかどうかの検定を行なった．検定は 2 群について、F 検定を行った後、有意水準 5 %で等分散とみなされるものについては t 検定を，等分散とみなされないものについては Welch 法を用いた．

5.1 De Jong Test Suite

De Jong により取り上げられ，GA の性能評価に汎用的に使用されてきた関数最小化問題のベンチマークテストである．5 種類の関数があり，(1) 連続性/不連続性，(2) 単峰性/多峰性，(3)2 次関数/2 次でない関数，(4) 低次元/高次元，(5) 決定的/確率的，というような様々な特徴ある関数を対象にしている [7].

提案手法を De Jong Test Suite に適用した実験結果を表 1 に示す．用いた交叉は 2 点交叉と一様交叉である．コーディングは浮動小数点の 2 進表記を用い，各変数のビット長は 10 とした．最小化問題なので，値の小さい解が良い解となる．表中の E_d, E_c, 2-point, Uniform は，各々，離散的なエリート度を用いた適応的手法，連続値を用いたエリート度による適応的手法，2 点交叉のみ，一様交叉のみを表す．検定の結果，最良解に差がみられたものは f2, f4 関数であった．2 関数とも E_cを用いた適応的な手法が最も良い解を出力している．また，残りの 3 つの関数についても，f5 を除き適応的な手法が早い世代で最良解を出力している．f5 に関しては，適応的でない手法は最適解を求めていないので，全ての関数で E_cを用いた適応的な手法が良い結果を得ているといえる．

5.2 NK-Landscape

Kauffman により取り上げられたテスト関数で，0,1 の対立形質をもつ長さ Nの染色体に対し，各遺伝子が適応度に寄与する値は，他の遺伝子座にある k 個の遺伝子の値に基づいて計算される．適応度はランダムもしくは正規分布により生成した 0.0 から 1.0 の値をもつ表から，N 個の遺伝子座についての平均から算出する．K の値により適応度の特性が変化し，K=0 では遺伝子間に相関はなく，ハミング距離と強い関係をもつ単峰性の探索空間を形成する．k=N-1 では，高エピスタシス性のハミング距

表 1: 最良解と最良解を出力した世代

	Solution	Gen.	Variance
	f1		
E_d	7.515×10^{-5}	211	5.147×10^{-24}
E_c	7.515×10^{-5}	137	5.147×10^{-24}
2-point	7.515×10^{-5}	437	5.147×10^{-24}
Uniform	7.515×10^{-5}	202	5.147×10^{-24}
	f2		
E_d	1.879×10^{-3}	362	5.657×10^{-7}
E_c	1.625×10^{-3}	353	1.506×10^{-21}
2-point	2.094×10^{-2}	174	5.028×10^{-4}
Uniform	1.907×10^{-2}	287	1.712×10^{-3}
	f3		
E_d	1.000×10^{-1}	183	0.000×10^{0}
E_c	2.000×10^{-1}	156	4.556×10^{-1}
2-point	0.000×10^{0}	386	0.000×10^{0}
Uniform	0.000×10^{0}	315	0.000×10^{0}
	f4		
E_d	-1.039×10^{0}	259	3.643×10^{-1}
E_c	-1.430×10^{0}	294	5.890×10^{-1}
2-point	-1.119×10^{0}	322	1.080×10^{0}
Uniform	-1.088×10^{0}	307	4.340×10^{-1}
	f5		
E_d	9.980×10^{-1}	109	1.974×10^{-16}
E_c	9.980×10^{-1}	241	1.974×10^{-16}
2-point	3.544×10^{0}	143	1.200×10^{1}
Uniform	5.289×10^{0}	22	8.714×10^{1}

離と関係をもたない多峰性の探索空間となる [2].

提案手法を NK Landscape に適用した実験結果を表 2 に示す．用いた交叉は 2 点交叉と一様交叉である．染色体は 32 ビット長のバイナリストリングとした．最小化問題なので値の小さい解が良い解となる．検定により，最良解に差がみられたものは k=31 と k=10 であった．$k = 10$ では E_cの適応的な手法が良い解を求めた．$k = 10$ では一様交叉のみの手法が良い解を求めている．しかし，この手法は解を出力した世代が他の 3 つの手法に比べ最も遅い．$k = 0$ のエピスタシス性のない関数に関しては，最良解に差が認められなかったが，一様交叉が最も早い世代で解を求めている．これは，$k = 0$ の問題に対しては，一様交叉が 2 点交叉に比べかなり有効な手法であったため，適応的交叉において，2 点交叉の有効性が表れなかったためと考えられる．このため，適した交叉を交叉の対象とする必要があると考えられる．

6 あとがき

本稿では，各個体のある世代における潜在的な優劣の度合を示す新しい指標としてエリート度を提案し，これを用いてアルゴリズムの実行中に交差をアダプティブに選択する手法を示した．今後の課題として，(1) 他のパラメータも含めたパラメータ調整手法の提案，(2) 提案手法の大規模組合せ最適化問題への適用，などが挙げられる．

表 2: 最良解と最良解を出力した世代

	Solution	Gen.	Variance
	n=32, k=31		
E_d	0.2678	42	1.790×10^{-4}
E_c	0.2610	43	1.857×10^{-4}
$2-point$	0.3250	10	7.432×10^{-5}
Uniform	0.2599	69	8.501×10^{-5}
	n=32, k=10		
E_d	0.2919	53	6.932×10^{-4}
E_c	0.2716	42	6.781×10^{-4}
$2-point$	0.2807	65	2.644×10^{-4}
Uniform	0.2747	56	8.953×10^{-5}
	n=32, k=0		
E_d	0.3402	47	7.401×10^{-17}
E_c	0.3402	46	7.401×10^{-17}
$2-point$	0.3402	90	7.401×10^{-17}
Uniform	0.3402	38	7.401×10^{-17}

参考文献

[1] L. Davis: "Adapting operator probabilities in genetic algorithms," Proc. the 3rd International Conference on Genetic Algorithms, pp. 61–69 (1989).

[2] K. A. DeJong, M. A. Potter and W. M. Spears: "Using problem generators to explore the effects of epistasis, " Proc. the 7th International Conference on Genetic Algorithms, pp. 338–345 (1997).

[3] D. E. Goldberg: "Genetic Algorithms in Search, Optimization, and Machine Learning," Addison-Wesley Publishing Company (1989).

[4] J. J. Grefenstette: "Optimization of control parameters for genetic algorithms," IEEE Trans. on Systems, Man, and Cybernetics, Vol.SMC-16, No.1, pp. 122–128 (1986).

[5] K. Hatta, K. Matsuda, S. Wakabayashi and T. Koide: "On-the-fly crossover adaptation of genetic algorithms," Proc. IEEE/IEE Genetic Algorithms in Engineering Systems: Innovations and Applications, pp. 197–202 (1997).

[6] R. Hinterding, Z. Michalewicz and A. E. Eiben: "Adaptation in evolutionary computation: A survey," Proc. the 7th IEEE International Conference on Evolutionary Computation, pp. 65–69 (1997).

[7] 坂和, 田中："遺伝的アルゴリズム，" 朝倉書店 (1995).

[8] J. D. Schaffer, R. A. Caruana, L. J. Eshelman and R. Das: "A study of control parameters affecting online performance of genetic algorithms for function optimization," Proc. the 3rd International Conference on Genetic Algorithms, pp. 51–60 (1989).

[9] W. M. Spears: "Adapting crossover in evolutionary algorithms," Proc. the 4th Evolutionary Programming Conference, pp. 367–384 (1995).

[10] G. Syswerda: "Uniform crossover in genetic algorithms," Proc. the 3rd International Conference on Genetic Algorithms, pp. 2–9 (1989).