

OneMax 問題と非対称突然変異の関係について

古賀 仁 信^{†1} 馬 青 蓮^{†2}
坂本 眞 人^{†3} 古谷 博 史^{†3}

遺伝的アルゴリズム (GA) における OneMax 問題 について, その確率論的解析で得られた結果のいくつかを報告する. まず, OneMax 問題は非対称な突然変異率をもつ GA と同等となることを示す. さらに 1 次スキーマ分布を Markov 連鎖として取り扱い, その遷移確率行列の固有値の明示的な形を与える.

On the Relation between OneMax Problem and Asymmetric Mutation

KIMINOBU KOGA,^{†1} QINGLIAN MA,^{†2}
MAKOTO SAKAMOTO^{†3} and HIROSHI FURUTANI^{†3}

We report some results of probabilistic analysis of Onemax problem in Genetic Algorithms(GA). First, we show that Onemax problem is equivalent to the asymmetric mutation model. Second, we treat the distribution of the first order schema in the frame work of Markov chain, and give the explicit form of eigenvalues of the transition probability matrix.

1. はじめに

遺伝的アルゴリズム (GA) において, 集団の個体数をどう設定するか, ということは切実

な問題である. 有限の個体数 N を理論の中にもめるためには, 確率論的枠組みが必要となる. GA への確率論的アプローチの代表的なものに Markov 連鎖理論があり, 集団遺伝学では Wright-Fisher 理論として知られている.

本報告では OneMax 問題を取り上げ, 進化における確率的揺らぎの効果と, その個体数との関連を調べた. 1 次スキーマの頻度分布について数学的解析を行い, その時間的変化の解析的表現を導出した. そのため, OneMax 問題と非対称突然変異モデルの関係を導いた. 非対称突然変異モデルについては, Markov 連鎖理論を用いた広汎な研究が存在し¹⁾, その成果を OneMax 問題に適用した.

2. 理 論

ここでは, Goldberg の Simple Genetic Algorithm (SGA) を進化のモデルとし, OneMax 問題と非対称突然変異モデルの関係を導く. 個体は長さ ℓ の固定長 2 進ビット列 $\langle i(\ell), \dots, i(1) \rangle$ で表し, 第 k ビットの値を $i(k)$ とする. 2 進ビット列と整数 i ($0 \leq i \leq 2^\ell - 1$) を対応させ, 遺伝子型を整数 i で表す. OneMax 関数の適応度 f_i を $f_i = \sum_{k=1}^{\ell} i(k)$ と定義する. 突然変異率を p_m と表す.

遺伝学では, 連鎖の概念が重要であり, GA においても連鎖の有無が計算効率に大きな影響を及ぼす. 交叉と突然変異は, ビット間の連鎖を弱め, 集団を連鎖平衡状態に導く働きがある²⁾. 集団が連鎖平衡にあることを仮定した場合, 1 次スキーマの進化方程式は

$$h_i(t+1) = ah_1(t) + b, \quad (1)$$

となる²⁾. ここで h_1 はビット 1 をもつ 1 次スキーマの相対確率, 係数 a, b は

$$a = (1 - \frac{1}{\ell})(1 - 2p_m), \quad b = \frac{1}{\ell}(1 - 2p_m) + p_m,$$

で与えられる.

非対称突然変異の GA では, ビット $1 \rightarrow 0$ の突然変異率を p_α , $0 \rightarrow 1$ の突然変異率を p_β と表す. 適応度はすべて等しい $f_i = 1$ もとする. 決定論的進化方程式は

$$h_1(t+1) = (1 - p_\alpha)h_1(t) + p_\beta h_0(t) = (1 - p_\alpha - p_\beta)h_1(t) + p_\beta \quad (2)$$

で与えられる. 式 (1) と比較し

$$p_\alpha = p_m, \quad p_\beta = p_m + \frac{1}{\ell}(1 - 2p_m) \quad (3)$$

の対応関係があることが分かる.

集団遺伝学における代表的な確率論的モデルの一つに, Markov モデルを応用した Wright-Fisher モデルがある. ここでは Wright-Fisher モデルを OneMax 問題へ適用する. まず, OneMax 問題における 1 次スキーマの遷移確率行列を求める. 1 次スキーマの進化方程式

^{†1} 宮崎大学工学研究科

Graduate School of Engineering, University of Miyazaki

^{†2} 宮崎大学農学工学総合研究科

Interdisciplinary Graduate School of Agriculture and Engineering, University of Miyazaki

^{†3} 宮崎大学工学部

Faculty of Engineering, University of Miyazaki

(1) において, $h_1(t) \rightarrow y = i/N$ と置き換え, 遷移確率行列

$$Q(j|i) = \binom{N}{j} u(y)^j \{1 - u(y)\}^{N-j}, \quad (4)$$

$$u(y) = ay + b = a \frac{i}{N} + b,$$

を得る. 遷移確率行列 Q の固有値 ν_0, \dots, ν_N は

$$\nu_0 = 1, \quad \nu_1 = a, \quad \nu_k = \prod_{i=0}^{k-1} a(1 - \frac{i}{N}), \quad (5)$$

となり, 2 番目に大きい固有値 $\nu_1 = a$ は N に依存しない.

3. 数値計算

OneMax 問題と非対称突然変異モデルについて数値計算を行って比較した. 選択は適応度比例選択, 交叉は一様交叉を用いた. 交叉率 $p_c = 1$ とし, $\ell = 30$, $p_m = p_\alpha = 0.01$, $p_\beta = 0.0427$, $T = 300$ とした.

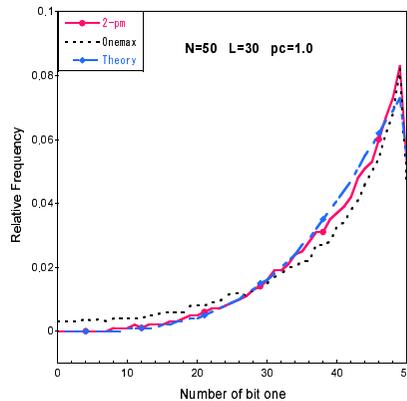


図 1 The distribution of the number of bit one with $p_c = 1$ and $N = 50$.

図 1 は集団サイズ $N = 50$ の場合における, 1 次スキーマ h_1 の分布を示した. 横軸はビット 1 の数であり, 縦軸は h_1 の確率である. $2-p_m$ は非対称突然変異モデルの結果である. Theory は, 遷移確率行列 Q の固有値 $\nu_0 = 1$ に対応する固有ベクトルの値である.

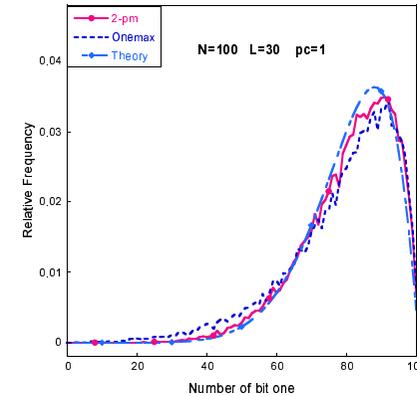


図 2 The distribution of the number of bit one with $p_c = 1$ and $N = 100$.

図 2 は集団サイズ $N = 100$ の場合における, 1 次スキーマ h_1 の分布を示した. いずれの図も, OneMax 問題と非対称突然変異モデルはよく一致しており, 理論値はその結果をよく再現している.

4. おわりに

GA における OneMax 問題を Markov 連鎖として見た場合の性質をいくつか導いた. 集団が連鎖平衡にあるとき, OneMax 問題が非対称突然変異モデルと同等な振る舞いをする事が分かった. 非対称突然変異が, 進化を加速するという報告がいくつかある³⁾. 今後, このことと本研究で得られた成果との関連を調べてみたい.

参考文献

- 1) T. Wai-Yuan: “Stochastic Models with Applications to Genetics, Cancers, AIDS and Other Biomedical Systems”, (World Scientific, New Jersey, 2002)
- 2) H. Furutani: “Schema Analysis of OneMax Problem –Evolution Equation for First Order Schemata”. in Foundations of Genetic Algorithms 7, (Morgan Kaufmann, San Francisco, 2003) 9–26
- 3) B. Doerr, N. Hebbinghaus and F. Neumann: “Speeding up Evolutionary Algorithms through Asymmetric Mutation Operators”, Evolutionary Computation, 15(4), 2006, 401–410