

領域の遺伝を考慮した領域適応型遺伝的アルゴリズムの開発

Development of Adaptive Range Genetic Algorithms Considering Inheritance of Searching Range

荒川 雅生

Masao ARAKAWA

博 (工) 香川大学助教授 工学部信頼性情報システム工学科 (〒761-0396 高松市林町 2217-20)

For several years, adaptive range genetic algorithms have been developed and it turned out to be very efficient in treatment of both discrete variables and continuous variables. That means it is useful tools for mixed variable problem, which was thought most daunting problem in design engineering. In this paper, we will newly develop a new type of Adaptive Range Genetic Algorithms, that will consider inheritance of searching range. We have demonstrated its effectiveness through bench-mark problem and showed its characters.

Key words: Genetic Algorithms, Continuous variables, Design Optimization

1. はじめに

現在、遺伝的アルゴリズム (GA) は非常に幅広い分野で利用されているが、その理由を考えると、

- 1) 多点同時探索である。すなわち、暗黙のうちに並列探索をしているため局所的最適解に陥りにくい。
- 2) 感度情報を利用しない。すなわち、感度が得られない (整数問題、離散変数問題) や得られにくい問題への適用に適している。
- 3) コーディングが容易である。
- 4) 集団として適応度が向上する。
- 5) 最適な、あるいは、満足のいく範囲で準最適解を導きだせる。

などが挙げられよう。GAの利用に適している問題には、よく言われているように、スケジューリング問題があり、そして本質的に離散変数の性質をもった問題に対する組合せ最適問題が上げられる。それ以外では、感度が正確に求められない問題、多峰性が激しく、感度を用いた手法では解が求められない問題などが考えられよう。また、GAは実際の設計問題においては、本数、規格値、材質など様々な整数、離散変数が存在し、その影響で従来からある数理計画法を使った最適化アプローチが困難であ

ったような問題には非常に有効であり、実務設計への応用を可能とするものであった [1]。しかしながら、単純GAが取り扱えるのは基本的には離散変数のみであり、連続変数に対しては多くの情報の欠落を伴うものであった。実際の設計問題には、上記のような離散変数のほかにも連続変数が加わってくることが普通である。このように各種の変数からなる混合最適化に対する有力な解法は存在せず、最適化の研究の中で今後取り扱われなければならない問題として指摘されていた [2]。GAはその有力な候補ではあるものの、連続変数を取り扱いという弱点を抱えていた。連続変数を取り扱うためには、遺伝的アルゴリズムの枠組みを超えた形で連続変数を直接遺伝子として扱い [3, 4]、その親の特徴を残す形で工夫を加えた形をとるか [5]、探索領域を可変にする対応しなかった。[6-8]領域適応型遺伝的アルゴリズムは、単純GAを基調とし、プリプロセス段階で探索領域を可変する方法であり、領域変更は各世代の生き残った個体の情報を基にしていた。[9-11]そのため、他のどの方法よりも迅速に収束し、かつ、精度の良い結果が得られるものであった。しかしながら、領域の可変が過ぎる場合、適切な領域の前後を行き来するような現象が生じたり、行き過ぎてしまつて正解の近傍を求められないよ

うな現象が起きていた。その対策として、さまざまな工夫を講じてきた。近年、ラマルク型の遺伝理論が再度注目を集めるようになった。その中には後天的な遺伝が含まれる。しかしながら、実際に環境に適応して遺伝子の組換えを自らの意思で行うのは困難であろう。そこで、本研究では、遺伝子レベルの話は単純 GA の枠組みをのこし、探索領域が環境への適応を残すラマルク型遺伝の要因であると考え、探索領域の遺伝を考慮することとした。

提示した手法の有効性を数値計算例によって示し、どのような挙動を示すかを明示することを本論文の目的とした。

2. 領域適応型遺伝的アルゴリズム

2.1 提示する方法の概略

本手法では初期世代では従来までの手法と同じである。すなわち、上下限値を設定し、それをビット数にあわせて等分割するものとする。第2世代目からは、前世代における GAs の操作の終了後に生き残った個体の前世代における各設計変数の平均値 μ_i と標準偏差 σ_i を用いて、

$$R(p_i) = \begin{cases} \mu_i - \sqrt{-2\sigma_i^2 \ln \left(\frac{(UB_i - LB_i)C(p_i)}{2^{m_i} - 1} \right)} & \text{for } C(p_i) < 2^{m_i} - 1 \\ \mu_i + \sqrt{-2\sigma_i^2 \ln \left(\frac{(UB_i - LB_i)(C(p_i) - 2^{m_i} + 1)}{2^{m_i} - 1} \right)} & \text{otherwise} \end{cases} \quad (1)$$

としてデコードされるものとする。ここで、 p_i は個体 i の遺伝子を表し、 $R(p_i)$ は p_i を連続変数に変換した際の表現体、 $C(p_i)$ は整数化した際の表現体を表すものとする。なお、本研究では整数化にはグレーコーディングを採用す

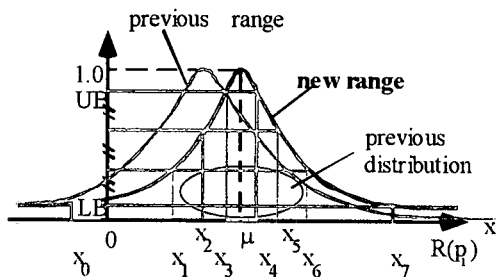


図 1 領域適応型遺伝的アルゴリズム

るものとする。 UB_i , LB_i は図 1 に示すような $[0, 1]$ 区間における上下限値であり、これはシステムパラメータである。

本手法では、領域の行き過ぎの問題点の克服として、以下の操作を加味することとした。

- (1) 最良解の保証
- (2) 外来種突然変異
- (3) 最良解近傍探索
- (4) 領域の保存

それぞれの工夫を入れていった順に沿って、ベンチマーク問題における結果の改良の様子を示す。

2.2 ベンチマーク問題

本研究では以下のベンチマーク問題を利用した。

$$f(x_1, x_2) = 10e^{(-0.01(x_1-10)^2 - 0.01(x_2-15)^2)} \sin(x_1) \quad (2)$$

この問題に対して、1 世代あたり 100 個体、20% 交叉率、突然変異率 0.01/6、1 変数あたり 3 ビット、エリート優先率 10% とした。最初にオリジナルのものの結果、次に最良解の保証、それに、外来種の加味、最適解近傍探索の加味、領域の保存の加味の順に、適応度、

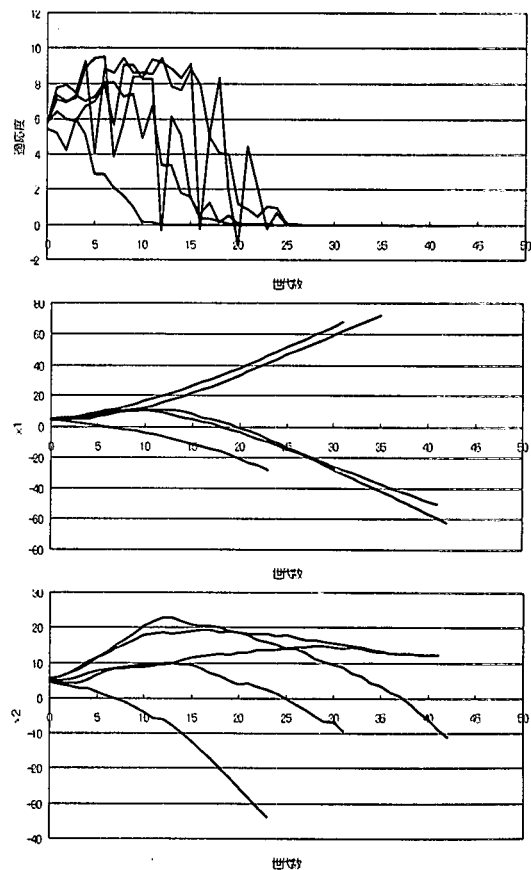


図 2 オリジナルなものの結果

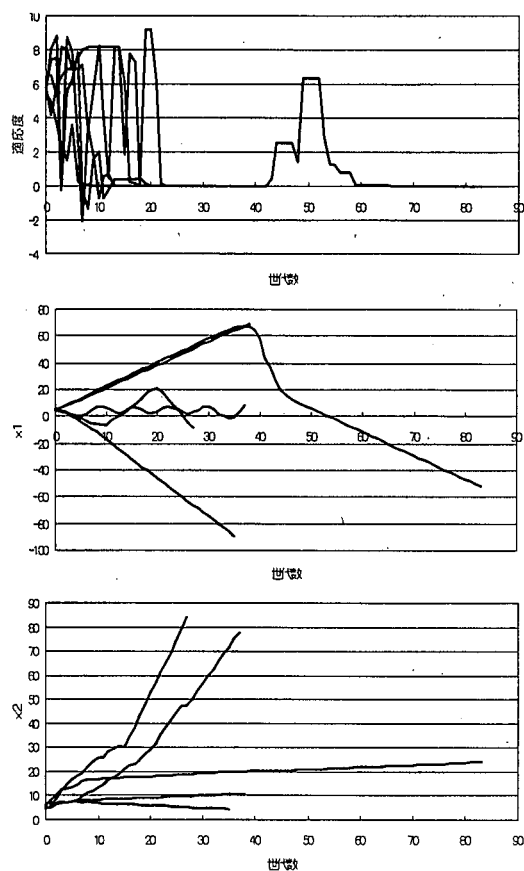


図 3 領域保存結果

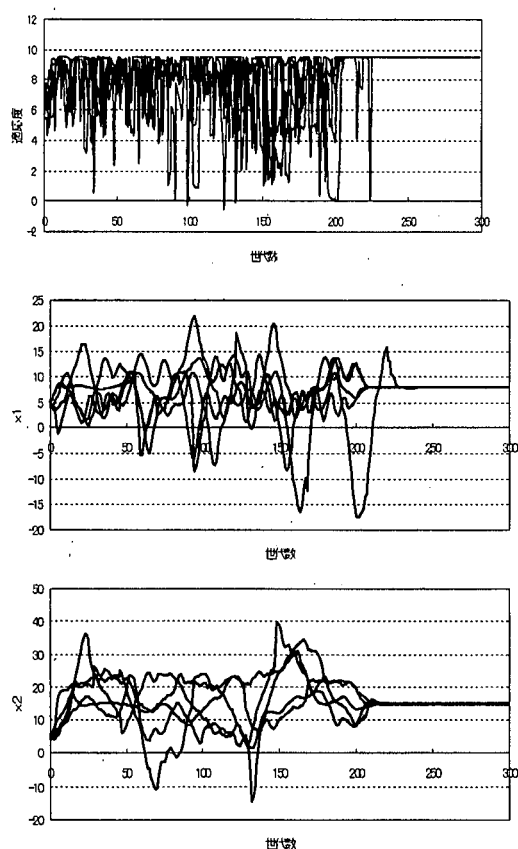


図 4 外来種を加味した結果

を表示するものとする。それぞれ5回の試行を同じ種乱数で行った結果である。図2に示すように、オリジナルなものは、比較的短時間のうちに収束している。しかしながら、正解の周りで収束したのではなく、関数の裾野でほとんど適応度関数値が0のところにとまっている。しかしながら、一旦は良好な解をとおっていることがわかる。これに、領域保存を入れると、図3より、オリジナルなものよりも、多少は収束までに時間がかかるが、やはり、傾向は同じである。ところが、外来種をいれると、図4のようになり、多様性の維持が可能のため、どうにかこうにか正解に行き着いていることがわかる。しかしながら、世代によって探索領域が大幅に変わってしまうため、世代の最良値は大幅な振幅をしてしまうことが確認できる。そこで、最良解近傍の加味をした結果を図5に示す。図4の結果とほぼ同様の結果が得られた。しかしながら、世代を通じた最良解を基に領域を生成しても、その数は基本的には少ないため、期待していた結果を得ることはなかった。ここでは、各世代において同じ遺伝子であれば、表現体も同じであるという仮定を壊していた。これを利用すれば、各世代ごとに発生した世代の探索領域を維持するという仮定を設けてもかまわないことになる。また、通常の突然変異でもかからない限り、全く同じ結果を出すので、世代ごとに再計算もいらなくなる。そこで、探索領域の保存を加味することにした。その結果を図6に示す。この場合、過去に得られた差異良好解を持つ個体は当然変異や外来種突然変異でも起きない限りいきつづけることが可能である。そのため、安定していて、しかも、高速に解を求めることが可能となったことがわかる。

領域適応型遺伝的アルゴリズムの開発は、ここで説明したような手順で開発され、また、それぞれどのような特徴を有するかも明らかになったと考える。

3. 領域保存の重要性

図5、6を比較すると、得られた結果には大きな差は見られないが、解の安定性、そして、領域のオーバーシュートの変動幅は領域を保存することで大幅に押さえ込むことが可能であることが示された。実際に、領域を保存するとは、いくつかの世代にまたがって生存するとい

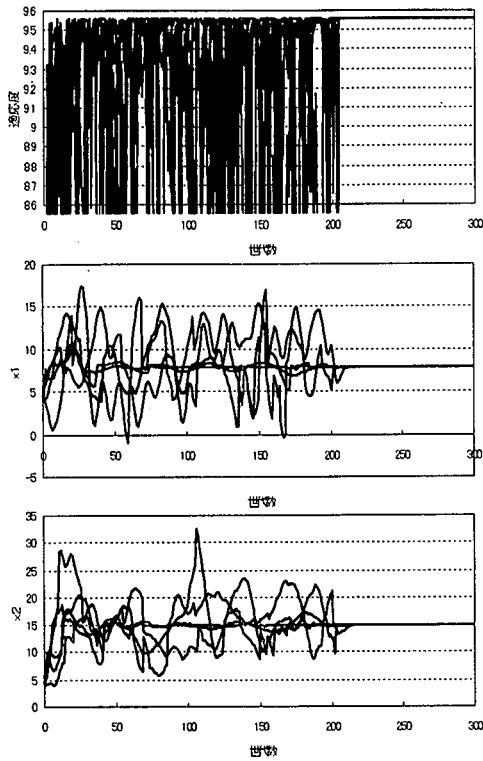


図 5 最良解の近傍を加味した場合

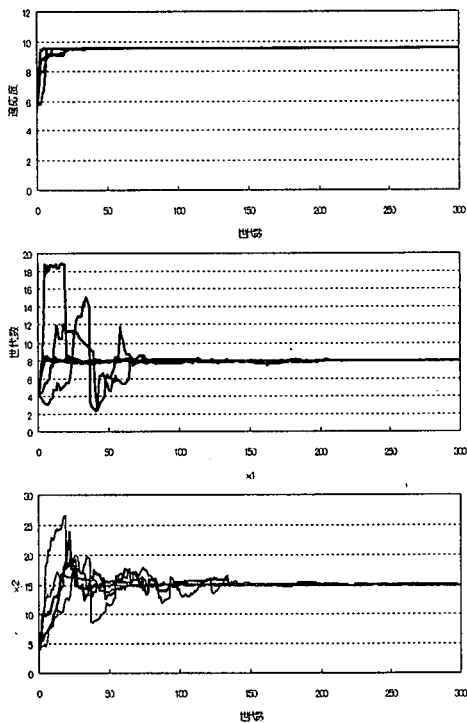


図 6 領域保存を加味

ういみであり、自然界においても十分に考えられる現象である。そこで、領域の保存の有効性を確認するために、オリジナルなものに領域保存だけを施した結果を図 7 に示す。このように、探索を維持できるだけの多様性を持ち、しかも、最終的な工夫までには行かないものの十分に良好な結果を得ていることがわかる。これは、今まで

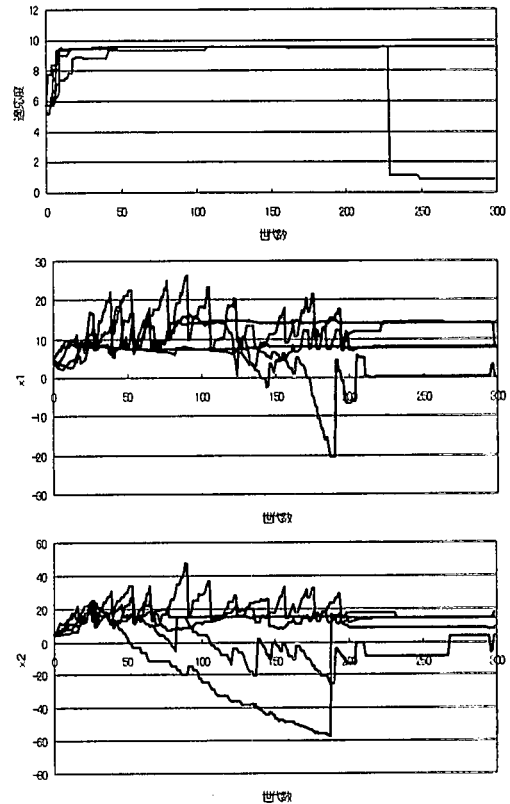


図 7 領域の保存のみ

の工夫が生物界における突然変異としては非常に人為的であったが、この方法を利用することで遺伝的な要素を加える可能性があることを示すには十分な結果であると考えられる。

4. 提示する手法

提示する方法は以下のようなものである。

4. 1 初期探索領域の生成

初期探索領域は、一般に設計前に与えられるものである。この領域の全体を網羅するように以下の手順に従うものとする。

- 1) 単純な上下限分割によるデコーディング
- 2) その平均と標準偏差 (s1) を求める。
- 3) 平均と標準偏差によるデコーディング
- 4) 標準偏差(s2)を求める。
- 5) 標準偏差の補正

$$coef = s1 / s2 \quad (2)$$

補正項は後に発生する全ての領域のいて標準偏差にこの値をかけて利用するものとする。

- 6) ランダムに必要な数の分布の中心を求める。標準偏

差は s_1 を用いる。

4. 2 交叉

交叉は通常の遺伝子の交叉のほかに領域の交叉を行う。すなわち、親が同じ領域を持つ場合は従来どおり、親が異なる領域を持つ場合は、子はそれぞれの親の領域に合わせて2つずつ、合計4つの子を生成する。

4. 3 新領域の発生

人口数の下限を設定し、下限値に満たない領域がある場合、外来種が入ってきたものと考え、死に絶えた全ての領域を含む一定数の個体に対し、その世代における生き残りの平均値、標準偏差値より領域を設定する。外来種が入ってきたということで、新しい領域の個体はすべてランダムに遺伝子を決定するものとする。

5. 数値実験結果

同じベンチマーク問題に対して、提示した手法を用いた場合の結果を図8に示す。また、どの領域がどの世代に発生し、何処まで生き延びたかを示す図を図9に示す。

図8より明確なように、提示した手法では従来までの

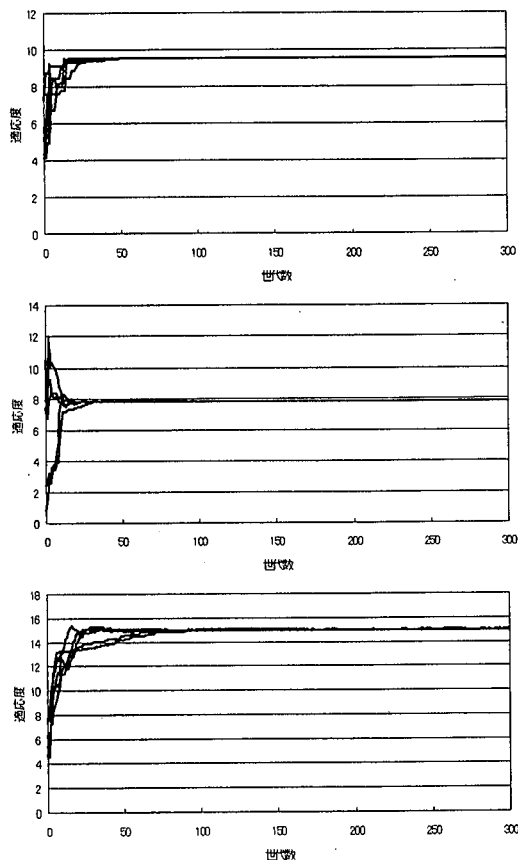


図 8 提示した手法での結果

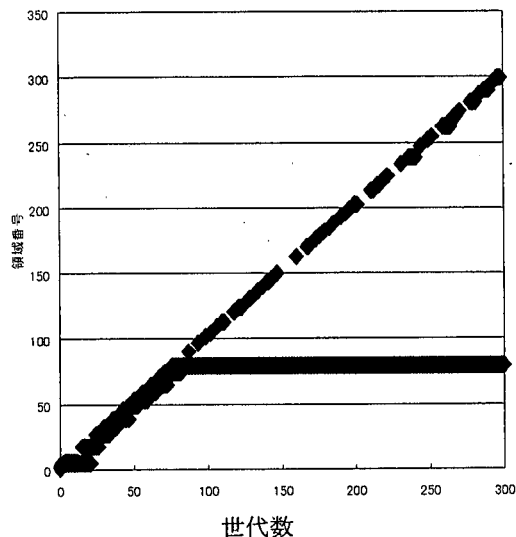


図 9 領域の生存関係

いかなる工夫よりも、早く最適解を求めることができ、しかも、領域の変更もスムーズに行われていることがわかる。図9は第1回目の試行における結果である。横軸に世代、縦軸に領域番号を記す。ほとんどのものが生き残っても高々7、8世代であるのに対して、この問題の探索領域として優れているものは最後まで領域が死に絶えることなく生存を続けることがわかる。上記の結果より、提示した手法は領域適応において非常に有効なものと考えられる。この結果は、ある意味においてはラマルク型の遺伝的アルゴリズムと考えられる。

6. おわりに

本研究では、領域適応型遺伝的アルゴリズムの開発にあたって問題点として挙げられた領域の変動を抑えるための工夫を順を追って紹介した。また、その中から特に領域の保存の重要性について着目した。これは、ラマルク型遺伝理論における後天的な作用による遺伝ではないかと考え、領域の遺伝、すなわち、領域の保存を基調にした新しい領域適応型遺伝的アルゴリズムの開発を行った。提示した手法では従来までの手法と比較してはるかに早く、そして、領域探索時におけるオーバーシュートを起こすことなく、収束していることがわかった。このことは、有効な探索領域を遺伝することの意義を示すものであり、仮説が正しかったことを意味するものと考えられる。今後は離散変数における領域の保存とはどんなものなのかを考え、混合問題への適用を図っていきたい。

参考文献

- [1]古田・杉本,遺伝的アルゴリズムの構造工学への応用, 森北出版, (1997).
- [2]Papalambros, P. Y., Journal of Mechanical Design, 117, Special 50th Anniversary Design Issue, (1995), pp. 55-62.
- [3] 古川, 矢川: 連続探索空間のための遺伝的アルゴリズムとその非線形逆問題への応用, 日本機械学会論文集, Vol. 61, No. 586A, (1995), pp.265-271.
- [4] 小野, 山村, 小林: 変数間の依存関係を考慮した正規分布交叉の提案と性能評価, 1996年度人工知能学会全国大会, (1996), pp. 609-612.
- [5]Schraudolph, N., Belew, R., Dynamic Parameter Encoding for Genetic Algorithms, Machine Learning, 9, (1991), 9-21.
- [6] Mathias, K., Whitley, L.D., Initial Performance Comparisons for the Delta Coding Algorithm, IEEE. Conf. On Evolutionary Computation, Vol.1, (1994), 433-438.
- [7]北野編, 遺伝的アルゴリズム2, 産業図書, 1995, 35-67.
- [8]筒井, 藤本, 個体群探索分岐型遺伝的アルゴリズム fGA (Forking GA) の提案, 人工知能学会誌, 9-5, (1994), 741-747.
- [9] 荒川, 萩原: 実数領域適応型遺伝的アルゴリズムの開発, 日本機械学会論文集, Vol. 63, No.616C, (1997), p.4216-4223
- [10] 荒川, 萩原: 領域適応型遺伝的アルゴリズムの混合変数非線形最適設計への適用, 日本機械学会論文集, Vol. 64-, No. 621C, (1998), p.1626-1635.
- [11] 荒川, 萩原: 領域適応型遺伝的アルゴリズムの開発 (精度および求解性の向上のためのオペレータの提案), 日本機械学会論文集, 65-638C, (1999), 4156-4163.