ブレンド交叉を組込んだ実数型交配個体選択 GA の解法特性

九州共立大学工学部　学生員 藤 森 雅 崇
九州共立大学大学院　正会員 三 原 徹 治
九州共立大学大学院　学生員 許　佳　芸
第　一　復　建 ㈱　正会員 千々岩浩巳

1. はじめに

遺伝的アルゴリズム GA は，組合せ最適化問題などの離散的最適化問題の解法として開発されたものである．生物の進化過程を最適化過程と見做し，主に２進数線列を遺伝子として世代交代を繰返すという比較的簡単なアルゴリズムであるため GA の最適化ツールとしての適用性は高い．著者らも交配個体選択GA(scsGA)と名付けた独自の交配オペレーションを有する GA を提案し，その最適解探索能力の高さを検証してきた．一方，GA の枠組みをそのまま連続的最適化問題の解法として利用したいという観点から，遺伝子に２進数線列ではなく実数線列を採用した GA が提案されている．例えば大林らが提案している実数型遺伝子と定率分割交叉 [1)] を scsGA に組込んだ解法もある程度の最適解探索能力を示している [2)]

本研究では，さらなる能力向上を目指し，交叉オペレーションに Esheleman によって考案されたブレンド交叉を導入した場合の解法特性について検討することを目的とする．

2. 実数型遺伝子の交叉オペレーションと突然変異オペレーションの概要

(1) 定率分割交叉

実数型設計変数の実変数値を A part と B part に定率分割したものを遺伝子と見做す．分割比率＝0.65 の場合の一例を表-1 に示す．交叉オペレーションは，交叉対象 2 個体の遺伝子数列間で B part の遺伝子 $X_N B$ をすべて交換するという簡単な方法である．表-2 にその一例を示す．

表-1 定率分割交叉の分割図（分割比率＝0.65）

設計変数	X_1		X_2		･･･	X_N	
遺伝子数列	$X_1 A$	$X_1 B$	$X_2 A$	$X_2 B$		$X_N A$	$X_N B$
変数の値	2.0		1.6		･･･	-1.0	
遺伝子の値	1.30	0.70	1.04	0.56	･･･	-0.65	-0.35

表-2 親 Parent を P1,P2，子 Child を C1,C2 とする交叉例

P1:(2.00, 1.60)⇒[1.30, 0.70, 1.04, 0.56]	=交叉⇒	C1:[1.30, -0.35, 1.04, 0.28]⇒(0.95, 1.32)
P2:(-1.00, 0.80)⇒[-0.65, -0.35, 0.52, 0.28]		C2:[-0.65, 0.70, 0.52, 0.56]⇒(0.05, 1.08)

(2) ブレンド交叉

ブレンド交叉 は Esheleman によって考案された実数型遺伝子の交叉方法であり [3)]，図-1 に示すように親個体の実数ベクトルの各変数の区間 di を両側に αdi だけ拡張した区間から一様乱数 u に従ってランダムに子個体を生成するものである．具体的には， $\mathbf{P}_1 = (p_{11}, p_{12}, \cdots, p_{1n})$， $\mathbf{P}_2 = (p_{21}, p_{22}, \cdots, p_{2n})$ を親個体， $\mathbf{C}_1 = (c_{11}, c_{12}, \cdots, c_{1n})$， $\mathbf{C}_2 = (c_{21}, c_{22}, \cdots, c_{2n})$ を子個体をとすると， c_{1i}, c_{2i} は式(1)により算出される．

$$c_{1i}, c_{2i} = u\left(\min(p_{1i}, p_{2i}) - \alpha d_i \,,\, \max(p_{1i}, p_{2i}) + \alpha d_i\right) \quad (1)$$

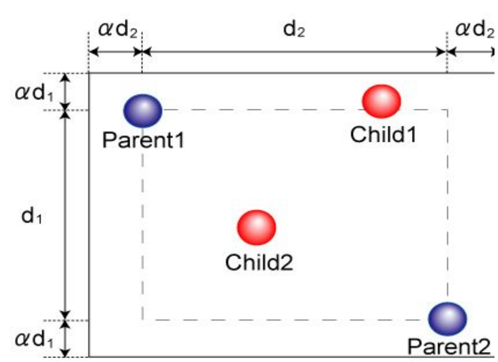

図-1 ブレンド交叉の概念図

(3) 突然変異オペレーション

最適化ツールとして scsGA を用いるので，被交配個体群の個体を対象として突然変異発生確率 P_m により各個体の突然変異発生を判定し，突然変異発生個体のあるひとつの実変数 X_n をランダムに選択し，その値 R_n に一様乱数 $u(-1,1)\beta W_n$ を加算する．ここに， W_n は実変数 X_n の定義された値域幅， β は値域幅変動係数である．

ただし，突然変異後の実変数 X_n の値 R_n がその限界値を越えた場合には， R_n ＝限界値とする．

3. 数値実験による解法特性の検討

(1) ベンチマーク問題

ブレンド交叉を組込んだ実数型 scsGA の解法特性を検討するためのベンチマーク問題として式(2)に示す 2 変数関数の最大化問題 [4)] を選択した．

$$f(x,y) = e^{-2\log(2)\left(\frac{x-0.1}{0.8}\right)^2} \cdot \sin(5\pi x) + e^{-2\log(2)\left(\frac{y-0.1}{0.8}\right)^2} \cdot \sin(5\pi y) \quad (2)$$

実変数 x, y の定義域を $0.0 \leqq x, y \leqq 1.0$ とすると，式(2)は表-3 に示す 9 つのピーク値をもつ．峰①が全域的最適解であるが，その近傍に 8 つの局所解が存在する多峰性問題であり騙し問題と呼ばれる問題のひとつである．

表-3 式(2)のピーク座標とピーク値

峰番号	x	y	$f(x,y)$
①	0.1	0.1	2.000
②	0.5	0.1	1.861
③	0.1	0.5	1.861
④	0.5	0.5	1.721
⑤	0.1	0.9	1.548
⑥	0.9	0.1	1.548
⑦	0.9	0.5	1.408
⑧	0.5	0.9	1.408
⑨	0.9	0.9	1.095

(2) 数値実験パラメータの設定

数値実験では種々のパラメータを設定する必要があるが，scsGA のパラメータである総個体数＝20 と進化世代数＝50 を固定した．また文献 2)の検討結果から定率分割交叉の分割比率＝0.65 とし，文献 3)からブレンド交叉の拡張係数 α ＝0.336 も固定した．

よって，scsGA のパラメータである突然変異発生確率 P_m ＝0.1,0.2,0.3,0.4 と交配個体数 N_S ＝2,3,4 および突然変異オペレーションにおける値域幅変動係数 β ＝0.1,0.2,...,0.6 をパラメタリックに変化させた．

(3) 数値実験結果

数値計算結果を表-4 に示す．表中，□で囲っているのは安定的に最適解が得られた範囲である．

定率分割交叉の□が P_m ＝0.3,0.4，β ＝0.5,0.6 の比較的狭い範囲であるのに対し，ブレンド交叉の□は P_m ＝ 0.2,0.3,0.4，β ＝ 0.4,0.5,0.6 とより広い範囲である．これはブレンド交叉の方が定率分割交叉より他のパラメータ値に対する汎用性に優れていることを意味する．

表-4 数値実験結果

P_m	N_S	定率分割交叉						ブレンド交叉					
0.1	2	④	④	④	③	34	△	③	③	③	15	③	△
	3	③	⑦	④	④	③	△	③	③	③	41	③	15
	4	⑥	⑥	④	③	②	49	②	②	②	28	23	②
0.2	2	⑦	④	④	39	35	39	③	③	③	9	12	9
	3	⑦	⑥	⑦	50	34	38	④	②	④	25	15	48
	4	⑥	⑥	⑥	47	49	③	⑥	②	②	40	24	9
0.3	2	⑦	④	④	41	36	26	11	③	13	8	15	24
	3	⑥	⑦	⑦	④	50	30	③	③	③	13	24	11
	4	⑥	④	⑥	②	36	34	②	②	6	22	31	22
0.4	2	⑦	④	④	36	29	35	③	④	45	19	8	15
	3	⑦	⑦	⑥	③	46	32	8	③	39	23	22	18
	4	⑦	⑥	⑥	47	40	40	②	②	25	14	27	24
	β	0.1	0.2	0.3	0.4	0.5	0.6	0.1	0.2	0.3	0.4	0.5	0.6

数字：　最適解（ $f(x,y) \geqq 1.99$）が得られた世代数，

△：　最適解を指向しているが最適解に程遠い解，

②～⑨：　峰②～⑨を指向している解．

また，定率分割交叉で安定的に最適解が得られている P_m ＝0.3,0.4，β ＝0.5,0.6 の 12 ケースで最適解が得られた世代数を比較すると，全般に定率分割交叉よりブレンド交叉の方が小さいことが観察される（ちなみに，その平均値は定率分割交叉が 36.2 世代，ブレンド交叉が 20.1 世代）．これは scsGA と組合せたときにブレンド交叉の方がより効率的に解探索を行っていることを意味する．

4. おわりに

本研究では，著者らが提案している scsGA にブレンド交叉を組込んだ実数型 scsGA の解法特性を検討するために定率分割交叉を組込んだ場合との比較を行い，ブレンド交叉を組込んだ方が汎用性および効率性に優れていることを数値実験により確認した．

今後は，他のベンチマークテストでの検討を重ねるとともに，離散型遺伝子と実数型遺伝子とを混在させた混合型最適化問題の解法への拡張に関する検討 [5)] も行っていく予定である．

参考文献　1) 大林茂ほか:進化アルゴリズムによる空力最適化 I ,数値流体力学,6(2),pp.59-73,1998. 2) 新垣俊,三原徹治ほか:実数型遺伝子を組込んだ交配個体選択 GA の解法特性に関する基礎的考察,平成 18 年度土木学会西部支部研究発表会,2007. 3) L.J. Eshelman: The CHC Adaptive Search Algorithm: How to Have Safe Search When Engaging in Nontraditional genetic Recombination, *Foundations of Genetic Algorithms*, pp.265–283,1990. 4) 中村秀明ほか:Particle Swarm Optimizationによる多峰性関数の最大値探索,第9回設計工学に関するシンポジウム講演論文集,pp.159-162,2005. 5) 許佳芸,三原徹治ほか:混合型最適化問題用遺伝的アルゴリズムに関する基礎的研究,平成 19 年度土木学会西部支部研究発表会,2008.