

連鎖探索型遺伝的アルゴリズムによる 多峰性関数の最適化

中村秀明 (知能情報システム工学科)
藤原 充 (日立システムエンジニアリング株式会社)
鄭 勝仁 (理工学研究科システム工学専攻)
宮本文穂 (知能情報システム工学科)

Aprication of Genetic Algorithm-based Relay Search Method to Multi-optimization Problem

Hideaki NAKAMURA (Computer Science and Systems Engineering)
Mitsuru FUJIWARA (Hitachi System Engineering)
Katuji TEI (Graduate School of Science and Engineering)
Ayaho MIYAMOTO (Computer Science and Systems Engineering)

Genetic Algorithms (GAs) based on multi-point search method and crossover operation are one of the useful search procedures for combinatorial optimization problems and also applied to many kinds of practical optimization. However, in general, the GAs have a tendency to go down rapidly of the diversity of the population in the process of searching. In this study, in order to consider the application to optimal design problems in structures, Genetic Algorithm with Relay Search Method, RS-GA, is developed in this study. Some results of numerical examples are presented so as to demonstrate the suitability of this RS-GA.

Key Words : *genetic algorithm(GA), optimization, relay search method, multi-optimization problem, diversity*

1. はじめに

今日、様々な種類の最適化問題に対して、その問題の性質に応じた解法が種々考案されている。例えば、複数の離散的パラメータを持つ最適化問題の解法としては、分枝限定法を拡張した離散型非線型計画法が考案され¹⁾、また連続関数で表現できるシステムの最適化問題には、微分情報を利用した最急傾斜法などが考案、実用化されている。しかし、このような解法では、制約条件が多い場合には問題の定式化が困難となる。そこで近年、これらの問題を解決する最適化手法として、生物進化プロセスを数値モデルとした遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithm: 以下 GA) が考案されている²⁾。

GA は、最適化において勾配情報を用いず、評価関数 (目的関数) のみに依存して解探索を行う数値計算技法である。したがって、これまでに考案された最適化手法では困難であった微分不可能な目的関数や複雑な制約条件を有する問題に対しても、厳密な問題の定式化を行うことなく有効な解探索が可能

である。さらに、比較的高速な求解処理を実現することが期待できる。このような特徴を有する GA もいくつかの注意すべき点が存在する。例えば、最適解が複数存在する問題に GA を適用する場合には、概ね 1 つの解しか探索し得ない単純 GA では不十分であると思われる。一般に複数の設計可能解を有すると思われる設計問題に、単純 GA をそのまま適用するには限界がある。そこで、本研究では、このような多次元解空間に多峰性が認められる最適化問題に威力を発揮できるよう GA の改良を行い、複数の解候補の導出が行える連鎖探索型 GA (Relay-Search-GA) を提案している。

本論文では、まず本研究で提案している連鎖探索型 GA (Relay-Search-GA: 以下 RS-GA) を、その基となる単純 GA (Simple-GA: 以下 S-GA) と共に解説し、さらに、RS-GA の解探索特性を明らかにするために 2 次元の多峰性関数を用いた数値シミュレーションを行っている。なおその際に、比較として S-GA と、シェアリング法を用いた GA³⁾ (Sharing-GA: 以下 Sh-GA) による結果を併記している。

2. 遺伝的アルゴリズム (GA)

GA は、生物の遺伝と進化のメカニズムを工学的にモデル化したものであり、生物の進化過程における遺伝的操作、すなわち、個体の遺伝子の選択、交叉、突然変異を模倣した最適化・探索手法である。GA は、複数探索点を用いて解の探索を行うため、局所的な最適解に捕らわれにくく、最適性の優れた解を発見する可能性を持つ。しかしながら GA パラメータ（個体数、遺伝子配列の長さ、選択・淘汰および交叉戦略といった GA 戦略など）に標準的なパラメータを設定した単純 GA では、解の探索が不十分な時点で、集団の多様性が喪失する現象がしばしば生じる。この現象は、一般に初期収束と呼ばれ、探索の初期段階で他の解に比べ優れた解が生成された場合、その解が集団中に多数残り、同一の遺伝子型の個体との間で交叉が行われやすくなり、解集団の多様性が急速に失われる現象である。この問題を解決するため、集団の多様性維持を目的とした手法がいくつか提案されている。個体の多様性維持を目的に、Goldberg はシェアリング法を提案している³⁾。本研究では、シェアリング法とは異なる考え方で、多様性の維持をはかりながら複数の（準）最適解を探索する GA (RS-GA) を提案している。

そこで、以下に基本的な単純 GA (S-GA) と、本研究で提案する GA (RS-GA) についてその特徴を概説する。

(1) 単純 GA (S-GA)⁴⁾

a) GA の概要

GA は、生物進化のメカニズムを模倣した解探索アルゴリズムである。生物の進化過程では、ある世代を形成している個体の集合の中でより優れた、環境に対する適応性の高い個体ほど高い確率で遺伝情報が次世代へ伝えられ、その遺伝情報を持った個体が数多く生き残るように自然淘汰が行われる。その際、個体は、複数の個体に対して交叉により遺伝子の組換えが起こり、また個体遺伝子の突然変異が発生する過程を経て、個体集団は次世代へ引き継がれていく。以上のような遺伝的プロセスを各世代で繰り返し、充分世代が経過したとき、極めて環境に対し適応性の高い個体集団が形成される。すなわち、単純 GA は、こういった生物の基礎的な情報遺伝と進化のメカニズムを数理モデル化したアルゴリズムである。

単純 GA では、進化過程において複数の探索点が相互協力的に解を探索していくため、比較的短時間で解が収束し、解探索を終了する。しかし、個体数や遺伝子配列の長さ (String 長)、選択・交叉戦略

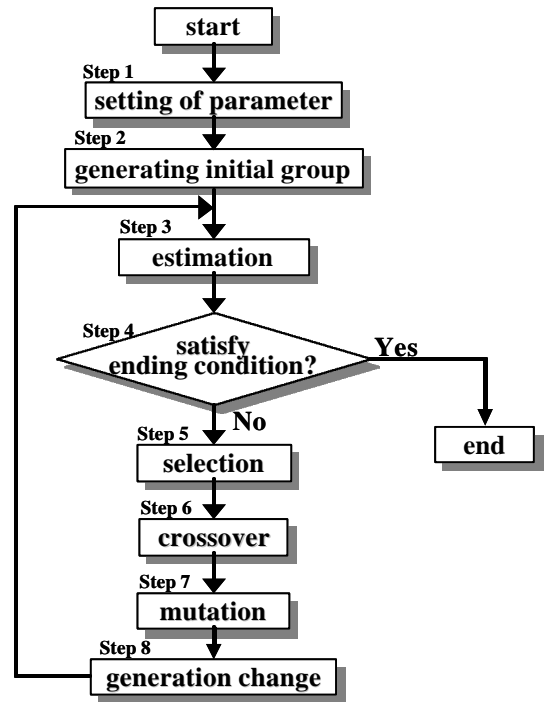


Fig.1 Flowchart of the S-GA

および突然変異などの GA パラメータ、さらに最適化問題に合った遺伝子コーディングなどは一意には決まらず、GA ユーザーに依存する要素は多く、問題を解くための一般的な方法は確立されていないのが現状である。

b) S-GA の処理手順

Fig.1 に S-GA のフローチャートを示す。

Step 1: S-GA パラメータの設定

最終世代、集団サイズ、交叉確率、突然変異確率といった GA 戦略のパラメータを決定する。

Step 2: 初期集団の生成

ランダムに個体を発生し、初期集団を生成する。本処理で生成された個体集団は 0 世代とする。

Step 3: 適応度の評価

集団内の各個体の適応度を評価する。GA 戦略にエリート保存を適用する場合、集団内で最大適応度の個体をその世代のエリート個体として、Step 5 以降での GA 戦略で優先的に扱われる。

Step 4: 終了判定

終了世代に達したならば計算を終了する。そうでないなら次へ進む。

Step 5: 選択

適応度の高さに応じて個体を集団より抽出し、それを親個体として交叉プールに入れる。これを交叉プール中の個体数が選択個体数に達するまで繰り返す。

Step 6: 交叉

交叉プールより親個体を 2 個体抽出し、交叉確

率に応じてそれらを交叉させて子個体を生成する。交叉しないときは、親個体をそのまま次世代とする場合もある。

Step 7:突然変異

子個体の集団において、ある遺伝子座の遺伝子を突然変異確率に応じ対立遺伝子に置き換える。

Step 8:世代交代

Step 7 で生成された集団（次世代集団）を前の集団（旧世代集団）と入れ換える。エリト個体を集団に含め、世代を更新し Step 3へ戻る。

(2)連鎖探索型 GA (RS-GA)

a)概要

本研究では、Sh-GA と同様に解の複数探索が可能な手法として、新たに連鎖探索型 GA (Relay-Search-GA: RS-GA) を提案している。RS-GA を一言で説明すると、基本的には、一つの極値解収束を処理単位とする S-GA を複数回にわたり連続実行することで、複数の（準）最適解を得ようとする解探索アルゴリズムと言える。本手法の特徴は、S-GA を繰り返すと言った簡単なアルゴリズムの採用および有効解を抽出するために考案した解探索の分散化手法にある。以下では、RS-GA の特徴と処理手順について詳しく述べる。

b)RS-GA における"Family"と"Family エリト"

RS-GA は、一つの極値解への収束事象を処理単位とする S-GA を複数回連続実行させて、複数の（準）最適解を得ようと考案した解探索アルゴリズムである。このことから、RS-GA において1つの処理単位である S-GA には、「初期収束を回避しながら早期に極大値を探索できる性能」が求められ、さらに、「その操作を複数回繰り返すことで の基本性能を損なわない」ことが同時に重要となる。

は S-GA における GA 戦略の採用および GA パラメータの調整操作が鍵を握ると考えられる。また、については、一度発見された（準）最適解がその後の RS-GA 操作で幾度となく再探索されないようアルゴリズムに工夫が必要である。

そこで、本研究で提案する RS-GA では、一つの極値解への収束事象を処理単位とする S-GA を "Family" と称し、さらにその "Family" 毎に探索される（準）最適解を "Family エリト" と定義し、かつそれを探索アルゴリズムに活用することで、一度探索された（準）最適解およびその類似解を "Family" が更新される間を通じて探索されないように工夫している。

Fig.2 は、変数が一つであるシステムの最適化問題（4つの極大値探索問題）を例に、RS-GA の複数

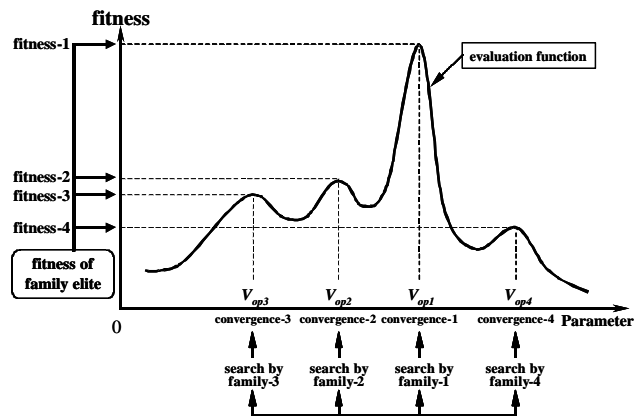


Fig.2 Concept of plural solution search by RS-GA

解の探索概念を示した図である。同図を用いて RS-GA の解探索概念を説明する。まず、「Family-1」（RS-GA において第 1 回目の S-GA）により（準）最適解 (V_{op1}) が探索される。この解は、RS-GA の手法論上、すなわち第 1 回目の S-GA により得られた解であり、もっとも適応度の高い解が発見される場合が多い。続いて、「Family-2」（RS-GA において第 2 回目の S-GA；以下同様）により V_{op1} を除いた（準）最適解 (V_{op2}) が探索される。その際、 V_{op1} およびその類似解を探索しないように、「Family-2」での S-GA では V_{op1} に依存した淘汰圧力を加える操作を行っている。同様に、「Family-3」では、基本的に以上の操作を繰り返すが、淘汰圧力を加える操作に V_{op1} だけでなく V_{op2} を活用する。最後に、「Family-4」では同様な操作を繰り返す。同図の例を踏まえて、このことを一般的に表現すると『「Family-(i) (i ≥ 2)」での S-GA では、「Family-(i-1)」以前に探索済みの（準）最適解集合を全て淘汰圧力を加える操作に活用することで、重複した（準）最適解およびその類似解の探索を抑制する一方、さらなる（準）最適解を探索する』となる。さらにこのことは、「Family」と「Family エリト」が個体の多様性を、Sh-GA とは異なる様式で RS-GA の終了期まで維持し続ける機能を生みだしていると評価できる。その結果、GA で一般的に懸念される局所的な解探索が回避され、全域探索をした結果と等価な探索効果が RS-GA により可能になる。

c) "Family エリト" と適応度の抑制手法

RS-GA では、「Family エリト」により類似解の生成を抑制している。ここでは、探索個体の抑制操作法について簡単に説明する。

いま、説明を簡略化するために、個体抑制対象の「Family エリト」が1個存在している場合の「Family-2」における探索過程での抑制操作を例に

用いる。この場合，“Familyエリ - ト”に依存した個体の抑制手法は，“Familyエリ - ト(V_{opl})”と“Family-2”での探索個体との類似程度に基づく。一般に，2個体間の類似度の測定には，ハミング距離や情報エントロピ - などの指標が用いられるが，RS-GAでは前者を用いる。ハミング距離（以下「距離」） d は，2個体間が100%一致していると「 $d=0$ 」となり，100%一致していなければ「 $d=（個体ストリング長）$ 」といった値を示す。Fig.3は，集団サイズが6，個体ストリング長が7bitからなる探索個体集団の例を示している。同図では，適応度の抑制条件として，距離 d が2以下の時に適応度を抑制させることを示している。そのため，適応度に適応度抑制値が加算された「修正適応度」を有することになる個体は，適応度抑制の範囲外にある個体の適応度と順位が入れ換わる。このような操作が“Family-2”の間に逐次実行されるので，適応度を修正された個体は淘汰圧力を受け，その結果，次期の“Familyエリ - ト”個体(V_{opl})として探索されなくなる。さらに，“Family”が更新され続けると“Familyエリ - ト”が順次抽出されると同時に，それらは各“Family”における抑制個体として組み込まれ，解探索域の分散化（探索解の多様化傾向）に大きく貢献することになる。

実際，個体間の類似度に応じた適応度抑制値の算定方法には，種々の考え方がある。また，RS-GAの探索時間は，その設定の仕方に影響を受ける。本研究では，式(1)および式(2)で定義された式を用いて修正適応度と適応度抑制値を算定した。

$$f' = f \times g_p(d) \tag{1}$$

$$g_p(d) = \left(\frac{d(p, q)}{d_0} \right)^a \tag{2}$$

ここで， f ：適応度， f' ：修正適応度， $g_p(d)$ ：個体 p の適応度抑制値， $d(p, q)$ ：個体 p と q のハミング距離， d_0 ：距離に基づく適応度抑制のしきい値， a ：抑制パワ - （通常は，1をとる）を表す。

なお，上述したように“Familyエリ - ト”は“Family”の更新回数に比例して増加する。そのため，“Family”が更新されるほど当該“Family”における探索個体は，自身の抑制対象である多くの“Familyエリ - ト”との類似度を全て測定することが必要になり，その結果，計算時間が増加する傾向にある。

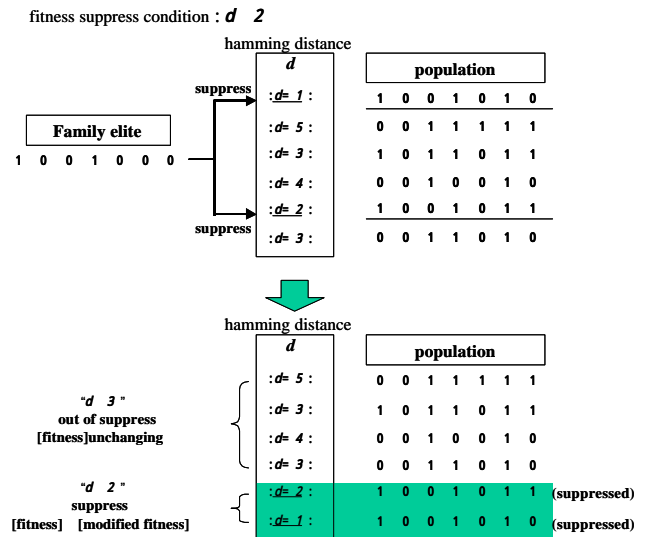


Fig.3 Concept of suppression

d)RS-GA の処理手順

Fig.4 に RS-GA の処理手順についてのフロー - チャ - トを示す。

Step 1:RS-GA パラメ - タの設定

単位 Family の世代数，集団サイズ，交叉確率，突然変異確率，そして繰返し回数（総 Family 数）といった GA 戦略のパラメ - タを決定する。

Step 2:初期集団の生成

ランダムに個体を発生し，初期集団を生成する。なお本処理で生成された個体集団は 0 世代とする。

Step 3:抑制値の計算

これまでに確定した“Family エリ - ト”と当該 Family 中の各個体との距離を測定し，それに基づき各個体の抑制値を計算する。

Step 4:修正適応度の計算

集団内の個体の適応度を計算する。さらにその適応度に個体それぞれの抑制値を乗じて修正適応度を計算する。

Step 5:修正適応度の評価

Step 4 で求めた修正適応度を再評価する。任意 Family においてエリ - ト保存をするなら集団内で最大の修正適応度の個体をエリ - ト個体とする。

Step 6:終了判定

終了世代に達したならば計算を終了し，Step 11 へ進む。そうでないなら Step 7 へ進む。

Step 7:選択

適応度の高さに応じて個体を集団より抽出し，それを親個体として交叉プ - ルに入れる。これ

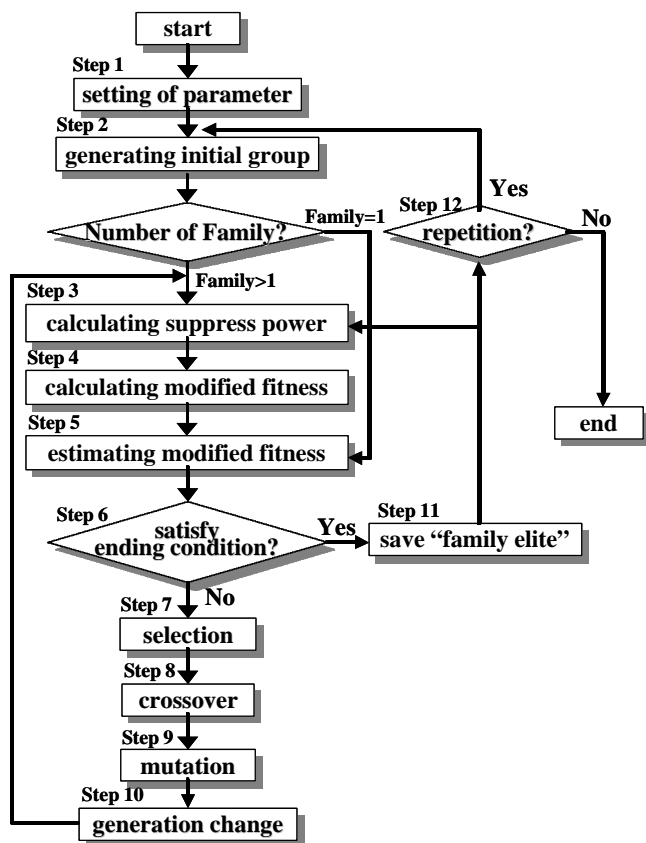


Fig.4 Flowchart of the RS-GA

を交叉プール中の選択個体数に達するまで繰り返す。

Step 8:交叉

交叉プールより親個体を2個体抽出して、交叉確率に応じてそれらを交叉させて、子個体を生成する。交叉しないときは、親個体をそのまま子個体とする。

Step 9:突然変異

子個体の集団において、ある遺伝子座の遺伝子を突然変異確率に応じて他の対立遺伝子に置き換える。

Step 10:世代交代

Step 9で生成された集団(次世代集団)を前の集団(旧世代集団)と入れ換える。エリート個体を集団に含め、世代を更新しStep 3へ戻る。

Step 11: “Family エリート” の保存

各任意 “Family” で得られた最終的なエリートをこれ以降の探索解の適応度抑制値として利用するため “Family エリート” として記憶する。

Step 12:繰り返し条件判定

繰り返し回数をこなしたなら計算を終了する。そうでないなら Step 2へ進む。

Table 1 Conditions of calculation

	S-GA,Sh-GA	RS-GA
population size	30 individuals	30 individuals/family
maximum generation	200 generations	10 family 20 generations/family
genotype	binary	
string length	10 bit	
crossover rate	20%	
mutation rate	1%	
selection	rank strategy	
crossover operation	shuffling crossover	
mutation operation	random 1 bit reverse	

3. 提案 GA (RS-GA) の性能検証

本研究で提案するGA (RS-GA) の性能を検証するため、次式で定義される多峰性関数 $F1(x)$, $F2(x)$ を対象に極大値探索のシミュレーションを行い、S-GAおよびSh-GAとの比較を行った。

$$F1(x) = \sin^6(5\pi x) \quad \{x|0 \leq x \leq 1.0\} \quad (3)$$

$$F2(x) = \exp[-2\log(2)\{(x-0.1)/0.8\}^2] \sin^6(5\pi x) \quad \{x|0 \leq x \leq 1.0\} \quad (4)$$

ここで、関数 $F1(x)$ は x の値が $0.0 \sim 1.0$ の間に高さが等しい5つのピークをもつ等周期関数であり、関数 $F2(x)$ は高さが異なる5つのピークをもつ等周期関数である。

(1)GA戦略パラメータ

Table 1 にシミュレーション上の GA 戦略パラメータの設定条件を示す。本シミュレーションでは、RS-GA を含む3種類の GA の解探索特性を比較するため、可能な限り基礎的な GA 戦略パラメータの設定条件を統一するように配慮している。終了条件は、S-GA および Sh-GA については、200 世代で終了とした。一方、RS-GA では、単位 Family を 20 世代で終了した、計 10Family の探索としている。

(2)検証結果と考察

ここでは、それぞれのGAの解探索特性について考察を行う。

a)S-GAの解探索特性

Fig.5 に、探索終了時の結果を図示する。また、Table 2 に、その際得られた収束解を示す。図中の印は、それぞれ関数 $F1$, $F2$ に対して最終世代ま

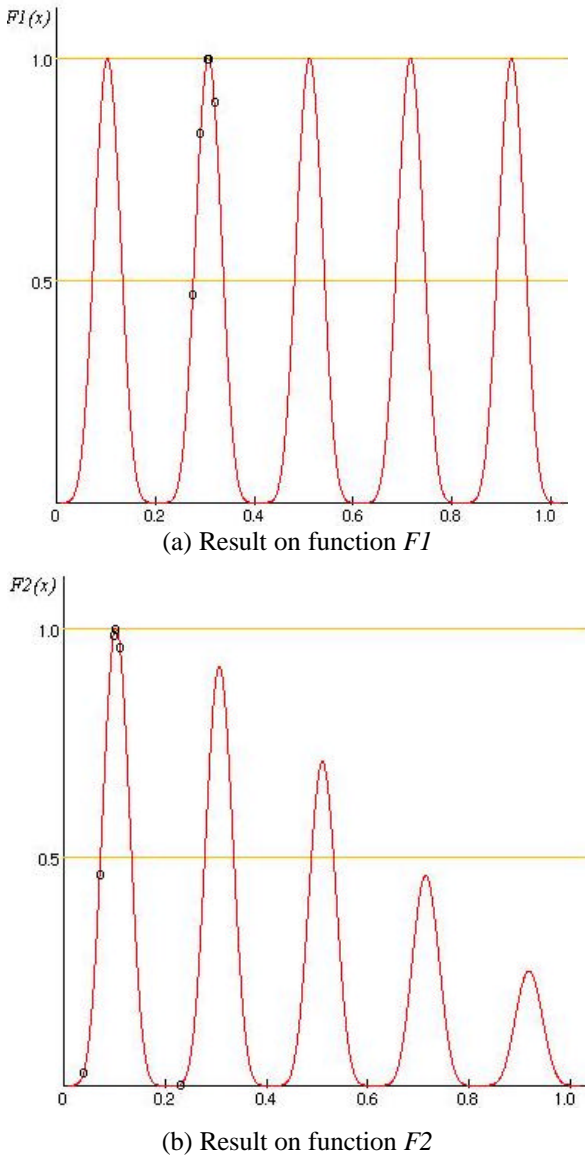


Fig.5 Results of S-GA after 200 generation

Table 2 Results of S-GA after 200 generation

(a)Result of function $F1$

x	F1(x)
0.3001	0.999998

(b)Result of function $F2$

x	F2(x)
0.0997	0.999999

で進化した個体をプロットしたものである。

S-GA では、関数 $F1$ に関しては、5つの最適解を有する関数であるにもかかわらず、大部分の個体は、同表に示す最適解に収束しているのがわかる (Fig.5(a)参照)。これは、S-GA を再試行させると、他の最適解を探索することが予想できるものの、S-GA の性質上、二つ以上の最適解を同時に探索することはないと考えられる。一方、ピーク値の異なる

極大値を有する関数 $F2$ に関しては、唯一の最適解 (最も適応度の高いピーク) に収束していることがわかる (Fig.5(b)参照)。S-GA では、適応度の高い個体ほど次世代の個体集合に自身の遺伝子情報を反映させられる確率が高い。このため、関数 $F1$ は、5つの最適解がすべて同一の適応度 ($F1=1.0$) を示すことから、最適解を探索する際にどの最適解を探索するのかが、S-GA が有す確率性に依存すると言える。一方、関数 $F2$ の場合は、先の確率性よりも適応度情報が優先するため、個体が局所解にトラップされない限り、ほぼ高い確率で最大ピーク解 (最も大きい最適解) に収束すると考えられる。実際、多数回行った本シミュレーション結果から、ほぼ全試行回数とも最大ピーク解に収束する結果を得ている。

なお、収束していない個体については、突然変異の影響を受けているものと考えられる。

b) Sh-GA の解探索特性

次に、Sh-GA について考察する。Fig.6 に、探索終了時の結果を図示する。

また、Table 3 に、その際得られた全個体の収束解を示す。図中の印は、それぞれ関数 $F1$ 、 $F2$ に対して Sh-GA によって最終世代までに進化した個体をプロットしたものである。

Sh-GA では、Fig.6 に示すように、個体が分散的にある解へ収束している様子がわかる。これは、S-GA に導入したシェアリング操作が個体相互の距離間保持に効果的に作用しているためと考えられる。この個体の分散性は、解探索の開始～終了期間も同様に保持している。このことから、シェアリング法は解の全域探索性の尺度である個体の多様性維持にきわめて有効に機能することが、本シミュレーション結果においても確認されたと言える。

次に、解の探索精度について考察する。Table 3 (本シミュレーション結果) によると、関数 $F1$ および $F2$ とも最適解とほぼ等価な (準) 最適解の全数探索に成功しているのがわかる。

しかし、Sh-GA を用いて高精度の解探索を行うには、世代モデルを含めた総合的な Sh-GA 戦略パラメータ (基礎的な GA 戦略およびシェアリング関数など) の調整作業がきわめて重要となる。つまり、高性能の Sh-GA には繁雑さの伴う Sh-GA 戦略パラメータの調整が不可欠と言える。

c) RS-GA の解探索特性

Fig.7に関数 $F1$ 、 $F2$ についてRS-GAで解探索を行った結果を示す。図中の印は、各Familyで選択されたFamilyエリート、印は最終Familyの個体である。Table 4に各Familyで得られたFamilyエリートを示す。

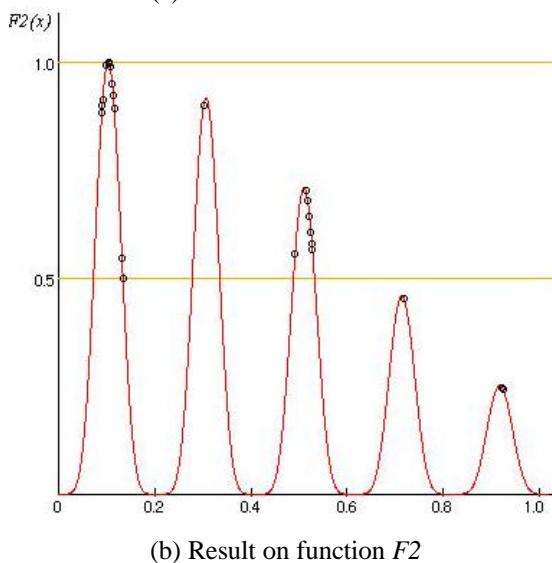
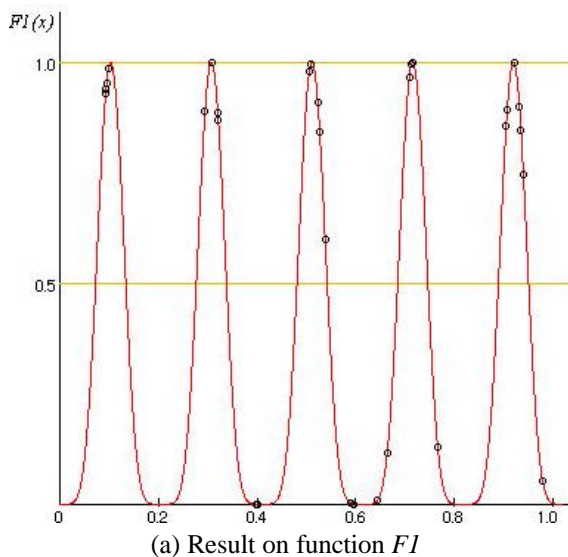


Fig.6 Results of Sh-GA after 200 generation

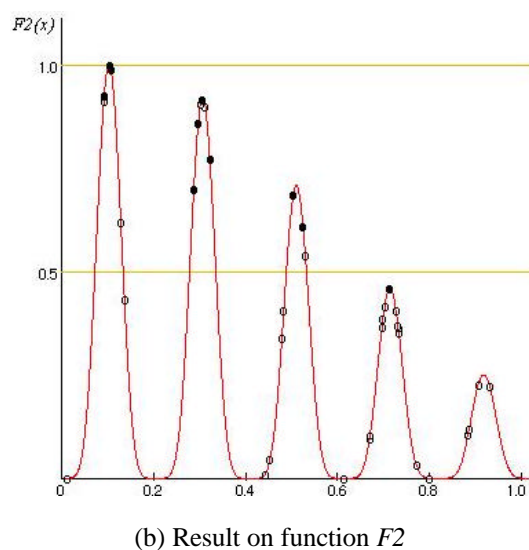
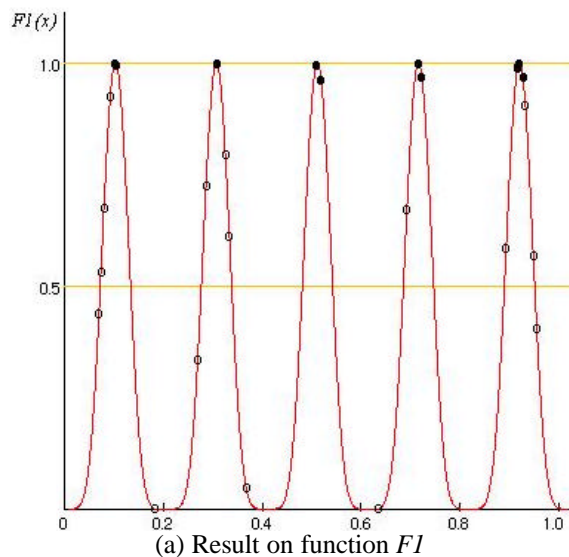


Fig.7 Results of RS-GA after 10 families

Table 3 Results of Sh-GA after 200 generation

(a)Results of function $F1$

ID.No	x	F1(x)
1	0.3001	0.999994
2	0.6989	0.999108
3	0.9013	0.998859
4	0.6979	0.996817
5	0.4976	0.995530
6	0.0958	0.986979
7	0.4946	0.978682
8	0.6931	0.964683
9	0.0919	0.952281
10	0.0909	0.940425
11	0.0909	0.940425
12	0.0899	0.927375
13	0.5112	0.910505
14	0.9120	0.898413
15	0.8876	0.891060
16	0.2874	0.888113
17	0.3128	0.885134
18	0.3138	0.868034
19	0.8856	0.856609
20	0.9150	0.846657
21	0.5152	0.842668
22	0.9198	0.744214
23	0.5259	0.600276
24	0.7498	0.128189
25	0.6491	0.114146
26	0.9580	0.053424
27	0.6305	0.009558
28	0.5767	0.002092
29	0.5836	0.000277
30	0.3891	0.000025

(b)Results of function $F2$

ID.No	x	F1(x)
1	0.3001	0.999994
2	0.6989	0.999108
3	0.9013	0.998859
4	0.6979	0.996817
5	0.4976	0.995530
6	0.0958	0.986979
7	0.4946	0.978682
8	0.6931	0.964683
9	0.0919	0.952281
10	0.0909	0.940425
11	0.0909	0.940425
12	0.0899	0.927375
13	0.5112	0.910505
14	0.9120	0.898413
15	0.8876	0.891060
16	0.2874	0.888113
17	0.3128	0.885134
18	0.3138	0.868034
19	0.8856	0.856609
20	0.9150	0.846657
21	0.5152	0.842668
22	0.9198	0.744214
23	0.5259	0.600276
24	0.7498	0.128189
25	0.6491	0.114146
26	0.9580	0.053424
27	0.6305	0.009558
28	0.5767	0.002092
29	0.5836	0.000277
30	0.3891	0.000025

Table 4 Results of RS-GA after 10 families

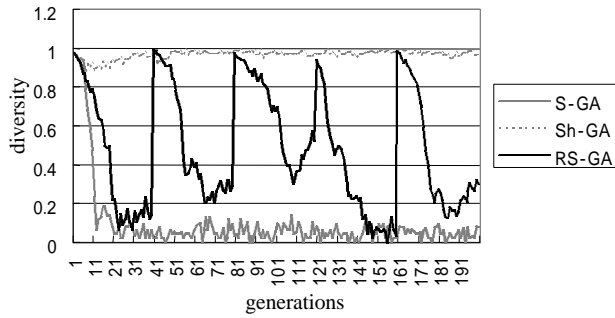
(a)Results of function $F1$

Family	x	F1(x)
1	0.0997	0.999913
2	0.9003	0.999980
3	0.3001	0.999998
4	0.6999	0.999848
5	0.9071	0.967489
6	0.1026	0.995056
7	0.4976	0.994633
8	0.5073	0.963560
9	0.7067	0.970210
10	0.8974	0.992935

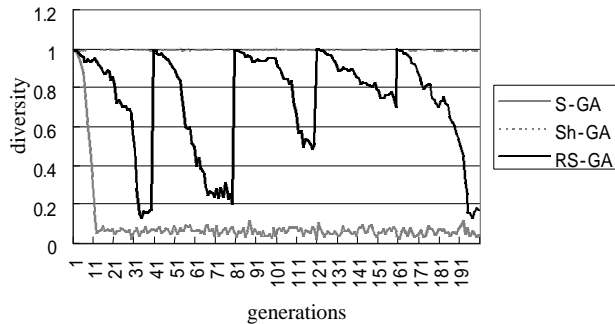
(b)Results of function $F2$

Family	x	F1(x)
1	0.0997	0.999913
2	0.9003	0.999980
3	0.3001	0.999998
4	0.6999	0.999848
5	0.9071	0.967489
6	0.1026	0.995056
7	0.4976	0.994633
8	0.5073	0.963560
9	0.7067	0.970210
10	0.8974	0.992935

Fig.7(a)および Table 4(a)からわかるように、関数 $F1$ に関しては、5つの準最適解を探索している。一方、関数 $F2$ については、Fig.7(b)および Table 4(b)からわかるように、最小ピ - ク解の探索は行えなかったものの、それ以外の4つの準最適解を探索することに成功している。最小ピ - ク解の探索が行えなかった最大の理由としては、最小ピ - ク解の適応度がきわめて小さいことが影響していると考えられる。



(1) 30 individuals



(2) 100 individuals

Fig.8 Transition of diversity

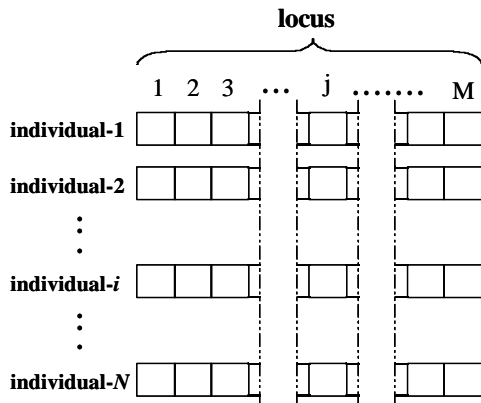


Fig.9 Concept of deriving mean of entropy

すなわち，関数 $F2$ では，最小ピク個体の適応度が絶対的に低いため，解の探索段階で最適解ではないものの最小ピクの適応度よりは高い適応度を有す個体と共存することができず，その結果，GA 操作の過程で最小ピク個体が淘汰される確率が極めて高くなったと言える．

このような現象は，Sh-GA の検証の際にも確認されている．しかし，先述したように，Sh-GA の場合は，Sh-GA 戦略パラメータの調整をうまく行うことで，最小ピク解の探索に成功している．このことから，RS-GA においても，修正適応度計算で用いた抑制値などの操作パラメータを調整することで，この種の問題に対応できる可能性はあるものの，本研究ではそのことを具体的に検証できておらず，今後の課題としたい．

d) 集団の多様性

RS-GA の解探索過程における個体の多様性について理解するために，関数 $F1$ の解探索時の多様度の推移について考察する．Fig.8 は，RS-GA の多様度の推移を示している．なお，同図には比較のために S-GA，Sh-GA の結果も同時に示している．

多様度は，個体間のハミング距離や情報エントロピ - の概念⁵⁾を応用して算出することが考えられる．そこで，本研究では，後者の情報エントロピ - の考え方を採用している．

情報エントロピ - とは，物理学において扱われていたエントロピ - の概念を“情報量”の視点から捕らえ直したエントロピ - 理論のことをいい，現在のその理論体系には Shannon(Claude Elwood Shannon,US)の業績が先駆けであるといわれている．以下に情報エントロピ - の概念を簡単に説明する．

今，事象集合 $X = \{x_1, x_2, \dots, x_n\}$ とその生起確率 $p = \{p_1, p_2, \dots, p_n\}$ からなる完全事象系に対する情報エントロピ - $H(p)$ を考えると， $H(p)$ は

$$H(p) = \sum (-p_k \log p_k) \tag{5}$$

と定義される．すなわち式(5)は， $H(p)$ が系のもつ不確定さや複雑さの量を表すと同時に，系の持つある種の情報量も表している．このことから，事象の情報空間に対してエントロピ - の概念を導入すると，事象が生起“する”，“しない”といった明確な情報だけではなく，“どの程度生起するのか”といったあいまいで抽象的な事象情報までもが数量化されることが理解できる^{6),7)}．

本研究では，以上で説明した情報エントロピ - の概念を用いて，多様度を計算しているが，具体的には以下の考え方に従っている．

今，単位ストリング中に M 個の遺伝子座を持つ個体が N 個あり集団を構成している．その集団を対象に多様度（平均情報エントロピ - ）を考える（Fig.9 参照）．なお，一般に遺伝子座には，（特定）遺伝子とその対立遺伝子が出現しうるが，ここでは，遺伝子に 2 進数を用いる場合を例に解説する（したがって，対立遺伝子は“0”と“1”）．

以上の条件において，個体の j 番目遺伝子座の情報エントロピ - $H_j(N)$ は次式で表される．

$$H_j(N) = \sum_{i=1}^2 (-p_{ij} \log_2 p_{ij}) \tag{6}$$

ここで、 p_{ij} は集団がもつ j 番目の遺伝子座の各対立遺伝子の出現確率を表し、次式で定義される。

$$p_{ij} = \frac{(\text{遺伝子座}j\text{に出現した}0\text{または}1\text{の総数})}{N} \quad (7)$$

したがって、次式のように個体集団の多様度である平均情報エントロピーは、式(8)で求められる各遺伝子座の情報エントロピーの総和平均により求められる。

$$H(N) = \frac{1}{M} \sum_{j=1}^M H_j(N) \quad (8)$$

Fig.8 は、各種 GA の多様度について、個体集団サイズを 30 個体 (同図(a))、100 個体 (同図(b)) の場合について結果を比較している。同図(a)、(b) から個体数が 30 および 100 個体のときの両シミュレーションにおいて、S-GA は早い世代で多様性が失われているのがわかる。それに比べ、多様性の維持操作を施した Sh-GA は、常に高い多様性を保っている事がわかる。また、Sh-GA において 30 個体に比べ 100 個体のときの多様度が高いのは、より多くの個体によって広域解探索を行っているためと考えられる。一方、RS-GA においては、単位 Family が収束した段階で繰り返し新たに初期集団を発生させているため、同図からわかるように、特徴ある多様性の推移が認められる。同図から、RS-GA は Sh-GA ほどの高多様性は期待できないものの、単位 Family が S-GA 並の多様度を有しているのがわかった。したがって、単位 Family による解探索を連続的に繰り返し行う RS-GA は、解探索期間を通じて総合的に多様度を維持する性質があると考えられる。さらに、この多様度維持などは、“Family”数を増やすほど、多様性維持、すなわち解の全域探索性が保証されると言える。

4. まとめ

本研究では、設計問題への適用を念頭に、複数の準最適解が探索可能な連鎖探索型GA(Relay-Search-GA:RS-GA)の提案を行った。RS-GAは、単純GAをベースにしており、比較的簡単なアルゴリズムで複数の準最適解が探索可能である。本研究では、2次元の多峰性関数に関する数値シミュレーションから、RS-GAの解探索特性について検討を行った。

以下に本研究で得られた知見を要約する。

単純 GA を連続的に実行させることで、複数の解探索が可能な RS-GA の提案を行った。RS-GA は、一般に広く用いられている単純 GA を僅かに改良することで、単純 GA で懸念される初期収束を緩和することで、大域的な複数の解探索が可能である。

RS-GA の解探索特性を把握するため、2次元の多峰性関数を例に性能検証を行った。その結果、単純 GA では、概ね 1 つの近似最適解に収束したものの、RS-GA では、Sh-GA と同様に複数の近似最適解をほぼ全て探索することができた。解の探索精度は、集団サイズが大きいほど高くなるが、集団サイズが大きくなれば計算時間も増加する。個体の抑制関数は、ハミング距離に対するしきい値や抑制パワーなどの RS-GA 特有のパラメータにより決まるため、問題に応じた適切なチューニングが必要である。

“Family エリート”は“Family”の更新回数ごとに求まる。そのため、“Family”が更新するほど抑制対象の“Family エリート”との類似度を全て測定する必要があり、その結果、計算時間が増加する。

参考文献

- 1) 石川信隆, 千々岩浩巳, 田中孝昌, 香月智: 離散型非線形計画法による鋼管杭基礎の最適設計, 構造工学における数値解析法シンポジウム論文集, 第 12 巻, pp.115-120, 1988.7.
- 2) 奈良宏一, 佐藤泰司: システム工学の数理手法, コロナ社, 1996.1.
- 3) D.E.Goldberg: Algorithms in Search, Optimization, and Machine Learning, Addison-wesley, 1989
- 4) 北野宏明: 遺伝的アルゴリズム, 産業図書, 1993.6.
- 5) 森 一之, 築山 誠, 福田豊生: 多様性をもつ免疫的アルゴリズムの提案と負荷割当て問題への応用, 電学論, Vol.113-C, No.10, pp872-878, 1993.
- 6) 大矢雅則: エントロピー - その様々な顔つき, 数理科学, No.294, 1987.12.
- 7) 田村進一: 情報工学基礎論, 電子情報工学講座17, 培風館, 1992.1.

(1999. 8. 30受理)