

# A3-1 シャッフル統合型島モデルを有するファジィ適応型探索並列遺伝的アルゴリズムに関する研究

福井大学大学院工学研究科 知能システム工学専攻

石田 正英 (指導教官：前田 陽一郎 助教授)

## 1 緒言

遺伝的アルゴリズム (GA) は生物進化の過程を模擬した近似最適化手法であり、複数の個体を用いて最適解を探索する確率的な多点探索の一手法である。一般に GA は一定の遺伝的パラメータ (突然変異率、交叉率など) で探索を行うため、特に探索初期、収束期において探索性能が上がらない場合がある。

本研究室ではすでにこの問題の改善手法としてファジィ適応型探索遺伝的アルゴリズム (FASGA: Fuzzy Adaptive Search method for Genetic Algorithm) を提案している [1]。この手法では、探索ステージに伴い最大適応度および平均適応度を基にして遺伝的パラメータをチューニングするファジィルールを記述し、それにより探索ステージに適した効率的な探索を実現できる。

一方、進化における解の高質化を実現する手法として、並列遺伝的アルゴリズム (PGA: Parallel Genetic Algorithm) が提案されている [2-4]。しかしながら、PGA においても GA と同様に移住率が一定なために、探索ステージに応じて必ずしも適切な移住が行われているとは限らないという問題がある。

そこで、本研究室では FASGA と PGA と組み合わせることにより進化の高速化と解の高質化に基づく効率的な探索を行うファジィ適応型探索並列遺伝的アルゴリズム (FASPGA: Fuzzy Adaptive Search method for Parallel Genetic Algorithm) を提案してきた [5, 6]。FASPGA は各集団における交叉率、突然変異率といった遺伝的パラメータに加え、移住率も探索ステージに応じてファジィ推論によりチューニングし、移住個体の決定を行うアルゴリズムである。

本研究では、FASPGA の収束期において、さらに高質な解探索を行うために統合型サブ集団を有するファジィ適応型探索並列遺伝的アルゴリズム (Fuzzy Adaptive Search Method for Parallel Genetic Algorithm with Combined Island Model: C-FASPGA) [7] を提案する。さらに、島内の個体を統合だけでなくシャッフルもさせ、遺伝的パラメータのファジィチューニングにハミング距離を導入した、シャッフル統合型サブ集団を有するファジィ適応型探索並列遺伝的アルゴリズム (SC-FASPGA) を提案する。さらに対象問題としてさまざまな関数近似シミュレーションを行い、本手法の有効性を検証したので、その結果についても報告する。

## 2 SC-FASPGA アルゴリズム

FASPGA では島内の個体数が一定であるため、収束期には個体の多様性が確保できず、最適解が得られないで進化が停滞してしまうという問題があった。収束期においては、適応度の比較的高い個体が存在する島以外の進化が止まり、無駄になってしまうことが考えられる。

ここでは収束期に進化の度合いに応じて適応的に島を統合することで、進化の停滞した島により多様性を与え、より高質な解を高速に求め、さらに島内の複数個体を他の島の個体と入れ替える SC-FASPGA について述べる。

### 2.1 ファジィ推論による遺伝的パラメータの決定

FASPGA では島ごとの突然変異率や交叉率という遺伝的パラメータを 1 世代ごとにファジィルールを用いてチューニ

ングを行うことにより島ごとの探索効率の向上を図るだけでなく、島ごとの移住度に対してもファジィルールによるチューニングを行うことで、全体の探索効率の向上を図ることを目的としている。

C-FASPGA は、これに島モデル間の統合操作を加え、さらに良い解が得られる可能性を高めようとするものである。SC-FASPGA のファジィ推論の前件部は平均適応度  $f_{a_i}$  および遺伝子の多様性  $GD_i$  を用いて表す ( $i$ : 島番号,  $i = 1, 2, \dots, n$ )。後件部には交叉率  $r_{c_i}$ 、突然変異率  $r_{m_i}$ 、集団移住度  $E_i$  を用いる。この点では、FASPGA、C-FASPGA と同様である。図 1 に SC-FASPGA のファジィルールおよびメンバーシップ関数と後件部シングルトンを示す。尚、図 1 における前件部メンバーシップ関数 ( $h_1 \sim h_3, g_1 \sim g_3$ ) は問題に応じて設定される。

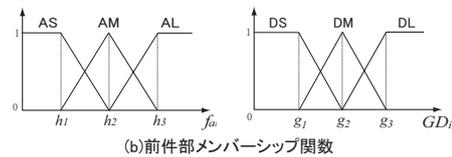
### 2.2 遺伝子の多様性 $GD$

前件部には適応度のほかに、ハミング距離を用いて遺伝子の多様性を表す  $GD$  (Gene Diversity) を用いる。FASPGA [5, 6] では前件部に平均適応度  $f_{a_i}$ 、最大適応度と平均適応度との差 ( $f_{m_i} - f_{a_i}$ ) を用いていたが、より正確な多様性を表現しやすいハミング距離を用いた  $GD$  を採用した。島 (サブ集団) の平均適応度に最も近い遺伝子 ( $d_{ave}$ ) とのハミング距離の総和平均を以下の式で計算する。

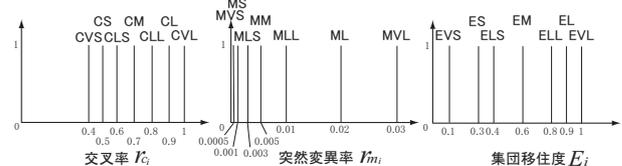
$$GD_i = \frac{\sum_{k=1}^n \{(d_{ave} - d_k) / \text{LengthGenome}\}}{n - 1} \quad (1)$$

	$f_{a_i}$	AS	AM	AL
$GD_i$		CLS	CLL	CVL
DS		MVL EVL	ML EL	MM EM
DM		CS ML EL	CM MLL ELL	CL MS ES
DL		CVS MLL ELL	CLS MLS ELS	CLL MVS EVS

(a) ファジィルール



(b) 前件部メンバーシップ関数



(c) 後件部シングルトン

図 1: SC-FASPGA のファジィルール

## 2.3 移住操作

本研究での移住方法には、ランダムに移住する島を選択することで、集団全体の多様性が維持できる Random Ring を用いた (図 2 参照)。その移住率はファジィルールでチューニングされる。尚、C-FASPGA も同様である。

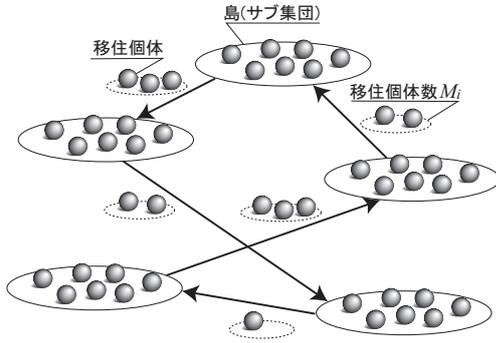


図 2: SC-FASPGA の移住操作 (移住率可変型 Random Ring)

### ● 移住条件

従来の PGA での移住は、移住間隔といわれる一定世代ごとの移住の周期によって一定割合の個体の移住が行われる。これに対し、本研究で提案する手法では、ファジィ推論から得られる集団移住度  $E_i$  に比例して個体数が決まる方式を用いている。本手法の移住条件は式 (2) のとおり、ある一定間隔で移住が行われるが、ファジィ推論により集団移住度が  $E_i = 0$  となれば移住は行われない。

$$\begin{aligned} &IF (Generation \bmod Mig\_Span = 0) \\ &\quad and (E_i \neq 0) \\ &THEN Migration. \end{aligned} \quad (2)$$

$Mig\_Span$  : 移住間隔      $E_i$  : 集団移住度

### ● 移住個体数

一般の PGA では移住率によって移住する個体の数が決まっており、移住率は交叉率や突然変異率の遺伝的パラメータと同様、終了世代まで一定である。この場合、進化の度合いに応じて適切な移住が行われているとは決して言えない。そこで本手法では移住率  $r_{e_i}$  は集団移住度  $E_i$  の値に比例するように設定する (式 (3) 参照)。このようにすることで移住が決定するごとにそのときの進化の度合いに応じて移住率が変化する。また、この式における  $k$  は移住率を正規化するための定数である。さらに移住個体数  $M_i$  は、この移住率  $r_{e_i}$  により式 (4) を用いて決定される。尚、式 (4) の計算結果で  $M_i = 0$  のときは、移住は行われない。

$$r_{e_i} = k \cdot E_i \quad (3)$$

$$M_i = r_{e_i} \cdot P_{initial} \quad (4)$$

$i$  : 島番号 ( $i = 1, 2, \dots, n$ )  
 $E_i$  : 集団移住度      $k$  : 正規化定数  
 $r_{e_i}$  : 移住率      $M_i$  : 移住個体数  
 $P_{initial}$  : 初期サブ集団内の個体数

## 2.4 シャッフルおよび統合操作

本研究で提案するシャッフル操作とは、探索収束期において島の統合操作以外の多様性向上操作として、2島の個体を一旦統合し、この中でシャッフルした後、再度島を2分割し、統合前とは異なる組み合わせの個体をもつ島に変換する操作である。この操作は以下の条件を満たすときのみ行うものとする。すなわち、ある世代の島内平均適応度が最も高いサブ集団の平均適応度  $f_{a_1}$  がある一定値  $Com\_Start$  (統合開始適応度) を越え、かつ、一定の統合間隔  $Com\_Span$  を満たし、さらに、ある世代の島内平均適応度の最も高いサブ集団の遺

伝子の多様性  $GD_{a_1}$  がある一定値  $GD\_Border$  を越えた世代にのみ島同士で個体をシャッフルするものとする。

$$\begin{aligned} &IF (f_{a_1} > Com\_Start) \\ &\quad and (Generation \bmod Com\_Span = 0) \\ &\quad and (GD_{a_1} > GD\_Border) \\ &THEN shuffle  $I_{a_1}$  &  $I_{a_2}$  \end{aligned} \quad (5)$$

$f_{a_1}$  : 平均適応度の最も高いサブ集団の平均適応度  
 $Com\_Start$  : 統合開始適応度      $Com\_Span$  : 統合間隔  
 $GD_{a_1}$  : 平均適応度の最も高いサブ集団の遺伝子の多様性  
 $GD\_Border$  : 遺伝子多様性境界  
 $I_{a_1}, I_{a_2}$  : 全サブ集団の中で1番目および2番目に平均適応度の大きなサブ集団

本研究における統合操作とは、ある世代の  $f_{a_1}$  がある一定値  $Com\_Start$  を越えたとき、かつ、一定の  $Com\_Span$  を満たす世代にのみ行うものとする。最終的に残る島数  $Is\_Limit$  (統合限界島数) に達すると島を統合しないように設定する。統合条件は式 (5) の3番目の条件を  $N \geq Is\_Limit$  に変更したものである。図 3 は、SC-FASPGA での統合の様子を示したものである。 $f_{a_1} > Com\_Start$  により統合が始まり、 $N < Is\_Limit$  で統合が終わる (図 3 は  $N = 3$  の例)。破線部分は、集団全体を表し、矢印の時間間隔は  $Com\_Span$  (統合間隔) を表している。

## 2.5 本手法のアルゴリズムフロー

本研究で提案した SC-FASPGA の処理フローを図 4 に示す。破線の範囲内ではファジィルールにより集団移住度や、交叉率、突然変異率のチューニングを行う。個体評価では全個体の適応度評価を、集団評価では平均適応度  $f_{a_i}$ 、遺伝子の多様性  $GD_i$  の算出を行う。

まず最初に集団評価により  $f_{a_i}, GD_i$  を求め、統合条件に従って統合する。ただし、統合条件下でシャッフル条件の式 (5) を満たす場合は、シャッフル操作を行う。統合もしくはシャッフル操作後は、集団の  $f_{a_i}, GD_i$  が変化するので、次の移住操作のために新たに集団評価を行う。これにより平均適応度  $f_{a_i}$  および遺伝子の多様性  $GD_i$  を入力として、ファジィ推論により集団移住度  $E_i$  が決定される。 $E_i$  に従って移住を行った後、集団の  $f_{a_i}, GD_i$  が変化する場合があるので、再び集団評価を行う。さらに、新たな  $f_{a_i}, GD_i$  を用いて、ファジィ推論により、交叉率  $r_{c_i}$ 、突然変異率  $r_{m_i}$  が決定される。

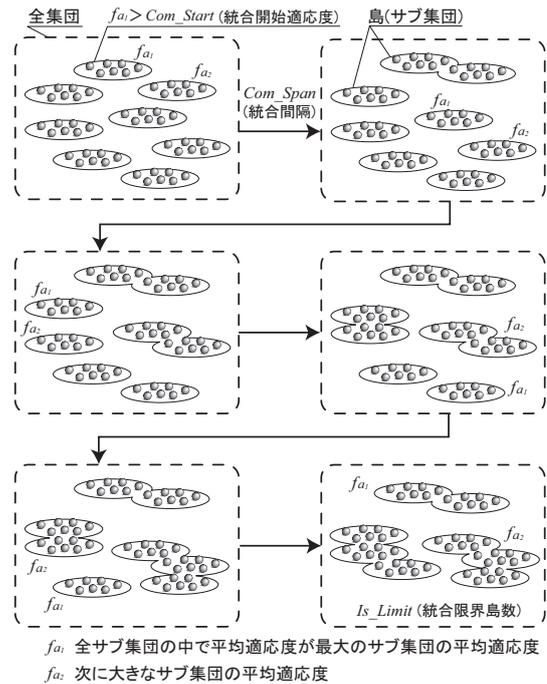


図 3: 統合の様子

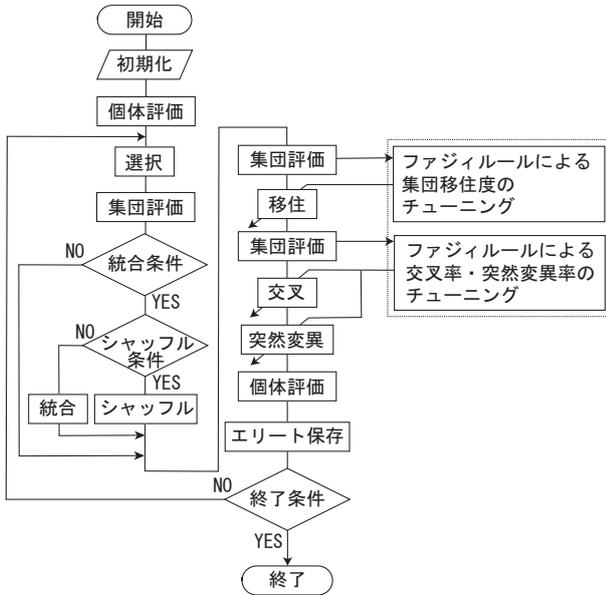


図 4: SC-FASPGA のフローチャート

### 3 シミュレーション

本研究の提案手法である SC-FASPGA の有効性をいくつかの関数近似シミュレーションを行って検証したので、そのシミュレーション結果について報告する。

#### 3.1 シミュレーション条件

今回提案した SC-FASPGA の有効性を Rastrigin 関数を用いて検証した。この関数は、式 (6) で表され、最適解の周辺に格子状に準最適解 (最適値に近い値を持つ局所的最適解) を持つ多峰性関数である。設計変数間に依存関係はないことが知られている [4]。

$$F_{Rastrigin}(x) = 10n + \sum_{i=1}^n (x_i^2 - 10 \cos(2\pi x_i)) \quad (6)$$

$$(-5.12 \leq x_i \leq 5.12)$$

$$\min(F_{Rastrigin}(x)) = F(0, 0, \dots, 0) = 0$$

設定変数とは式 (6) で  $x_i$  に染色体からデコードされた値が代入される。本研究では、正負を反転し最適解が最大値で 0 となるように評価関数を設定して、最適化シミュレーションを行った。

#### 3.2 シミュレーション結果および考察

SC-FASPGA、C-FASPGA、FASPGA、PGA および GA を用いたさまざまな関数における 10 次元、20 次元での最適化シミュレーションの結果を図 5~10 および表 1~?? に示す。

図の横軸は世代数、縦軸は 20 試行学習を行った結果の最大適応度の世代ごとの平均値である。この場合に用いた SC-FASPGA の各パラメータは、 $Is\_Limit = 4$ 、 $Com\_Span = 5$ 、 $Com\_Start = -30$  および  $Com\_Start = -50$  である。図中の SC-FASPGA の後に続く数字はそれぞれ  $Com\_Start = -30$ 、 $Com\_Start = -50$  を示すものとする。

表 1 は 20 試行学習を行った結果の最大適応度の世代ごとの平均値において最適解に到達した場合の世代数を一覧表にしたものである。表は左から 1 列目が手法の種類、2 列目が総個体数 400 で島数 20 (島内の個体数 20) の場合、3 列目が総個体数 400 で島数 10 (島内の個体数 40) の場合および 4 列目が総個体数 800 で島数 20 (島内の個体数 40) の場合の結果を示している。ただし、1000 世代までに最適解が求まらなかった場合は最大適応度の平均値を括弧で示した。GA は島数が

1 なので総個体数 400 および総個体数 800 での結果となっている。

Rastrigin 関数の 10 次元において表 1 をみると  $Com\_Start = -50$  の場合の SC-FASPGA はすべてのケースにおいて他の手法よりも早く最適解が求まることが確認できた。図 5、表 1 で SC-FASPGA50 と PGA を比べてみると 100 世代早く解が求まっていることがわかる。SC-FASPGA の  $Com\_Start = -30$  で解が求まるのが遅いのは、統合開始するタイミングが遅すぎたためであると考えられる。

Rastrigin 関数の 20 次元において  $Com\_Start = -30$  と  $Com\_Start = -50$  の場合の SC-FASPGA を比較してみると  $Com\_Start = -30$  の方が解が求まりやすいことがわかった。C-FASPGA から SC-FASPGA に変更する際に  $Com\_Start$  についても変更する必要があることもわかった。

総個体数が同じでも島数が少ない方が最適解が求まりやすく、島数が同じでも総個体数が多い方が最適解が求まりやすいことがわかった。

表 1: Rastrigin 関数

手法	10 次元		
	総個体数 400, 島数 20	総個体数 400, 島数 10	総個体数 800, 島数 20
SC-FASPGA30	535	838	176
SC-FASPGA50	363	(- 0.049992)	105
C-FASPGA	824	571	106
FASPGA	440	459	182
PGA	463	422	155
GA	791	791	343

手法	20 次元		
	総個体数 400, 島数 20	総個体数 400, 島数 10	総個体数 800, 島数 20
SC-FASPGA30	798	838	471
SC-FASPGA50	829	(- 0.049992)	409
C-FASPGA	(- 0.049992)	(- 0.008901)	583
FASPGA	764	748	355
PGA	850	750	610
GA	(- 0.051794)	(- 0.051794)	514

### 4 結 言

本研究では、FASPGA の収束期において、さらに高質な解探索を行う統合型サブ集団を有するファジィ適応型探索並列遺伝的アルゴリズム (C-FASPGA) および、島内の個体を統合だけでなくシャッフルもさせ、遺伝的パラメータのファジィチューニングにハミング距離を導入した、より効率的な探索を実現するシャッフル統合型サブ集団を有するファジィ適応型探索並列遺伝的アルゴリズム (SC-FASPGA) を提案した。さらに対象問題としてさまざまな関数近似シミュレーションを行い、GA、PGA および FASPGA と比較して、進化の収束期において良質の解をさらに早い世代で得ることができることを確認した。

今回用いたファジィルールでは対象問題ごとにメンバーシップ値を変更していたが、さまざまな関数に柔軟に対応できるファジィルールとサブ集団の効率的な統合手法の検討が今後の課題であると考えられる。

### 参考文献

- 山本哲哉, 前田陽一郎: ファジィ適応型探索 GA の提案と TSP 問題への応用, 第 11 回バイオメディカル・ファジィ・システム学会, pp.103-106 (1998)
- J.Mang and K.Matsuo: A Survey on the Parallel Genetic Algorithms, 計測と制御, Vol.33, No.6, pp.112-117 (1994)
- 三木光範, 廣安和之, 金子美華, 畠中一幸: 環境分散型並列遺伝的アルゴリズム, 電子情報通信学会技術研究報告, Vol.99, No.96, pp.87-94 (1999)
- 三木光範, 廣安和之, 中村康範: 遺伝的アルゴリズムの分散並列化に関する研究 (ランダム移住型による分散遺伝的アルゴリズムの検討), 日本機械学会論文集 (A 編), Vol.66, No.645, pp.112-117 (2000)
- Y.Maeda and T.Tsubouchi: Parallel Genetic Algorithm Used Fuzzy Adaptive Search Method, SICE Annual Conference in Fukui, CD-ROM, pp.2353-2356 (2003)
- 前田陽一郎, 坪内透: 並列遺伝的アルゴリズムのファジィ適応型探索手法, 第 19 回ファジィシステムシンポジウム, pp.469-472 (2003)
- 石田正英, 前田陽一郎, “統合島モデルを有するファジィ適応型探索並列遺伝的アルゴリズム,” 第 21 回ファジィシステムシンポジウム, pp.312-316 (2005)

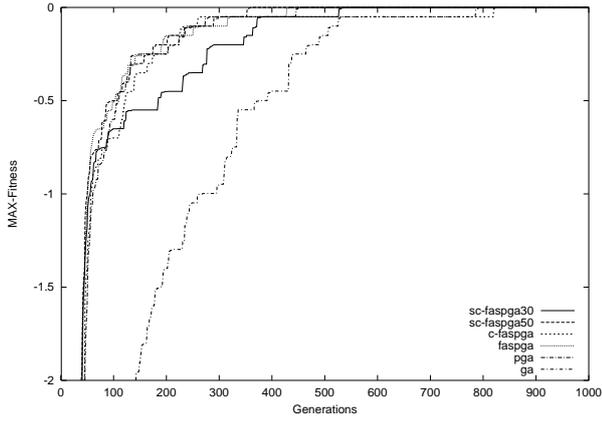


図 5: シミュレーション結果 (1)  
(10 次元, 総個体数 400, 島数 20)

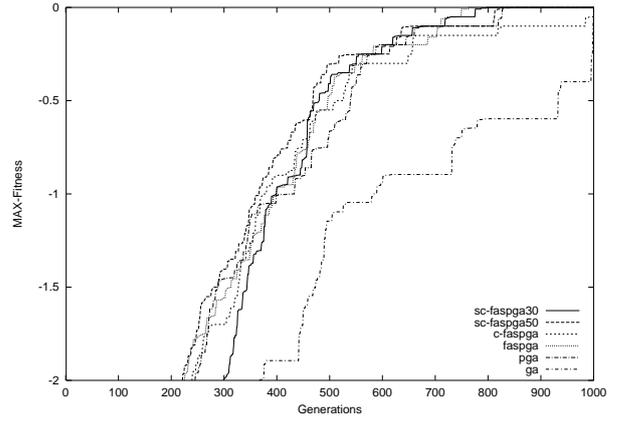


図 8: シミュレーション結果 (4)  
(20 次元, 総個体数 400, 島数 20)

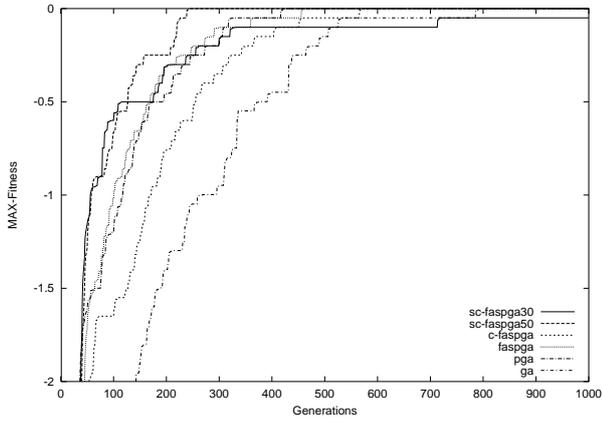


図 6: シミュレーション結果 (2)  
(10 次元, 総個体数 400, 島数 10)

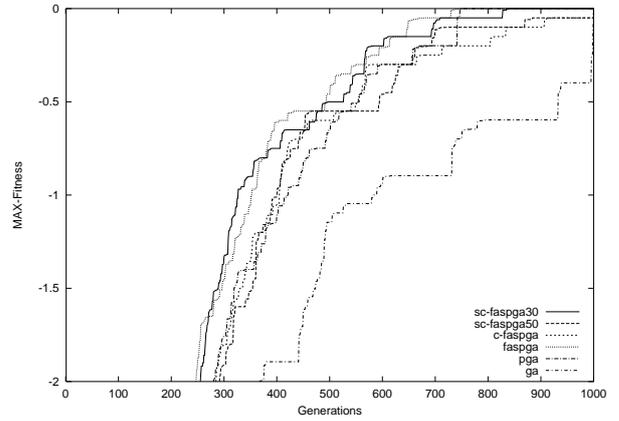


図 9: シミュレーション結果 (5)  
(20 次元, 総個体数 400, 島数 10)

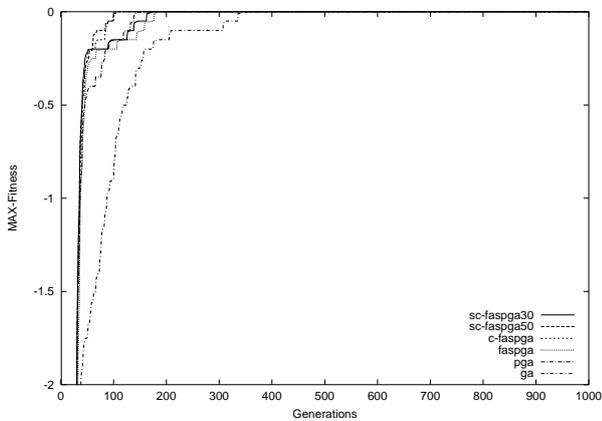


図 7: シミュレーション結果 (3)  
(10 次元, 総個体数 800, 島数 20)

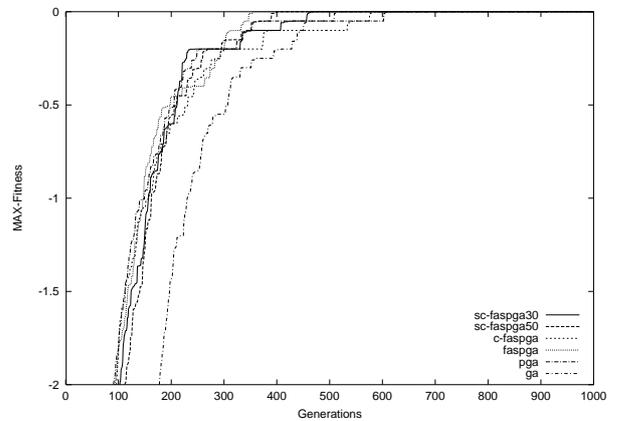


図 10: シミュレーション結果 (6)  
(20 次元, 総個体数 800, 島数 20)