

## B4-1 探索履歴を用いたスキーマ検出型遺伝的アルゴリズムの提案

福井大学 工学部 知能システム工学科 進化ロボット研究室  
筒井優介(指導教員：前田 陽一郎)

### 1. 緒言

遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithm:GA) はダーウィンの進化論に基づき、生物の遺伝による何世代にも渡る選択や交叉、突然変異等の進化過程を模倣した近似最適解を探索するアルゴリズムである。GA は幅広い応用範囲を有し、ランダムな多点探索法であるためさまざまな問題に適用できるという特徴がある。しかしながら、GA の問題点としてパラメータやコーディングに対する一般的な規範がないことや、初期段階や収束段階で解の多様性が上がらずに収束してしまう場合がある。探索性能を向上させるためには交叉や突然変異のパラメータをチューニングすることが有効である一方で、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 [1] や、スキーマ定理を利用して探索効率の向上を試みる手法 [2] がいくつか提案されている。

そこで本研究では、一般的なスキーマ検出方法が平均適応度から導き出されているのに対して、1つ1つの染色体の進化の過程を履歴として数世代前まで保存し、その中から適応度の異なる個体を選択してスキーマを検出する。ここでは適応度の最も高い個体、最も低い個体を比べて遺伝子の排他的論理和をとりスキーマを検出するスキーマ検出型遺伝的アルゴリズム (Exclusive-OR Schema Detection type Genetic Algorithm:XORS-DGA) と、高い個体、低い個体それぞれを別々のグループにわけて良質なスキーマと悪質なスキーマを検出する良悪比較スキーマ検出型遺伝的アルゴリズム (Compared Schema Detection type Genetic Algorithm:COMSD-GA) を提案する。さらに、この2つの手法を組み合わせ、より効率的な探索を実現するスキーマ検出型遺伝的アルゴリズム (Search History based Schema Detection type Genetic Algorithm: SHSD-GA) を提案する。

また本手法の有効性を検証するために、Rastrigin 関数、Rosenbrock 関数を用いた最適化シミュレーションを行い、SGA との比較実験を行ったので、その結果についても報告する。

### 2. スキーマ検出型 GA (SHSD-GA) の提案

本研究では進化の過程を履歴として残す必要があるため、数世代分の個体集団を記録する遺伝子プールを別途用意する。これを履歴プールと呼ぶことにする。SHSD-GA における処理手順を以下に示す。なお、SHSD-GA は XORS-DGA と COMSD-GA を組み合わせた GA である。

- Step1 : 初期集団の生成  
設定された個体数だけランダムに個体を生成する。
- Step2: 保存  
個体集団を履歴プールに保存する。これはスキーマ検出のための履歴情報として扱う。

- Step3 : 評価  
評価関数を用いて、現世代の各個体の適応度をそれぞれ計算する。
- Step4 : ルーレット選択  
Step3 で求めた適応度から、次世代へ生き残る親個体を確率的に選択する。
- Step5 : 交叉  
選択された2つの親個体間で、個体の遺伝子情報の一部を入れ替え新しい個体を生成する。
- Step6 : 比較  
Step2 で保存した過去  $n$  世代の個体集団と現世代の個体集団において同じ個体番号同士で比較する。比較には評価関数で算出される適応度を用い、適応度の最も高い個体、最も低い個体の2個体が選択される。これを全個体に対して繰り返す。
- Step7 : スキーマ検出  
後述する検出手法を用いてそれぞれスキーマ (良質部分遺伝子) を検出する。
- Step8 : スキーマ組換  
Step7 で検出されたスキーマを現世代の個体集団に対して確率的に遺伝子組み換えを行う。
- Step9 : 突然変異  
確率的にある遺伝子座を対立遺伝子に置き換える。
- Step10 : エリート保存  
前世代及び現世代で最も適応度の高い1個体を現世代の最も適応度の低い個体と入れ替える。
- Step11 : 終了判定  
終了条件を満たせば処理を終え、満たしていなければ、Step2 に戻る。

#### 2.1 XORS-DGA

現世代と履歴プールに保存されている個体集団とを比較した後、適応度の最も高い個体、最も低い個体の2個体が選択される。その個体間でビット毎に排他的論理和をとる。適応度が低い個体から高い個体への遺伝子座が0から1の変化をA、1から0の変化をBとし、同じビット番号毎にそれぞれ回数としてカウントする。例えばAが設定された回数以上起こった場合、そのビットは1をスキーマに持つ。AもBも設定以下であればそのビットはスキーマを持たない。これを全個体に対して繰り返す。処理例を図1に示す。

#### 2.2 COMSD-GA

Step6 で選択された適応度の最も高い個体を良質グループ、最も低い個体を悪質グループへと個体のまま保存し、これを全個体に対して繰り返す。さらにグループ毎に個体のビット毎の0または1の個数をカウントする。設定された個数以上で0または1がカウントされた場合、そのビットをスキーマと考える。これを全ビットに対して行う。処理例を図2に示す。

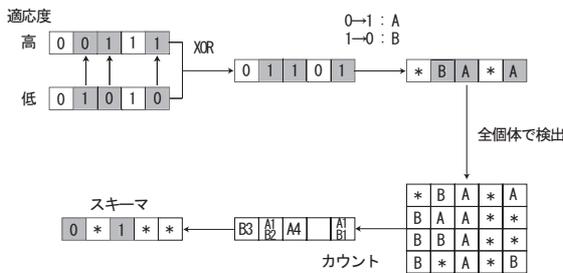


図 1 XORSD-GA におけるスキーマ検出例

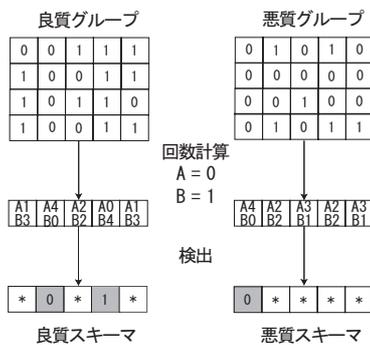


図 2 COMSD-GA におけるスキーマ検出例

### 3. 探索性能評価シミュレーション

本研究の提案手法の有効性を検証するため、Rastrigin 関数、Rosenbrock 関数による最適化シミュレーションにより単純 GA(SGA) と XORSD-GA, COMSD-GA, SHSD-GA の比較を行った。

#### 3.1 実験方法

Rastrigin 関数は最適解の周辺に格子状の準最適解を持つ多峰性関数である。設計変数間に依存関係がないことが知られている。Rosenbrock 関数は単峰性関数である。2つの関数とも大域最適解は0である。

本研究では適応度の正負を反転し、最適解が最大値で0となるように関数を設定して、最適化シミュレーションを行った。設定パラメータを表1に示す。1000世代までの30試行の探索結果における最大適応度の平均値をグラフとして表した。次元数はRastrigin関数で20次元、Rosenbrock関数で10次元とした。

表 1 設定パラメータ

設定パラメータ	SGA	XORSD-GA	COMSD-GA	SHSD-GA
交叉率	0.6	0.6	0.6	0.6
突然変異率	0.01	0.01	0.01	0.01
集団個体数	100	100	100	100
履歴プール(n)		5	10	9
XOR スキーマ判定率		0.3		0.3
COM スキーマ判定率			0.9	0.9
XOR スキーマ組換率		0.1		0.03
良スキーマ組換率			0.01	0.01
悪スキーマ組換率			0.01	0.01

#### 3.2 実験結果および考察

Rastrigin 関数、Rosenbrock 関数のシミュレーション結果を図3、図4に示す。結果より、Rastrigin 関数では

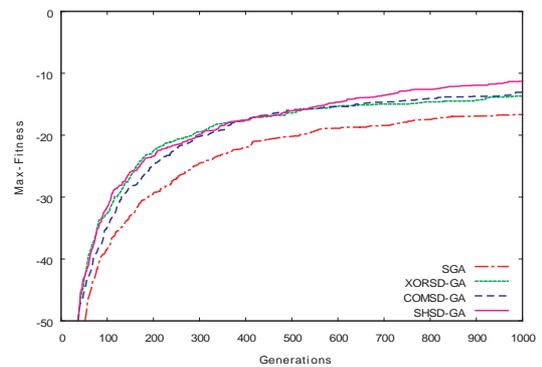


図 3 シミュレーション結果 (Rastrigin 関数)

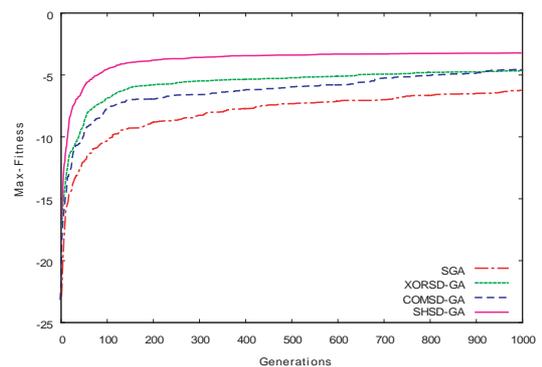


図 4 シミュレーション結果 (Rosenbrock 関数)

SGA よりも提案手法は良い性能を示した。基本的には提案手法はスキーマ保存を行っているためエリート保存と組み合わせるとパラメータの設定によっては多様性維持が難しくなるため、探索初期での初期収束を起こしてしまう場合がある。Rosenbrock 関数では SHSD-GA がかなり良好な結果を示した。これは関数が単峰性であるために、スキーマ検出が良質解探索に有効に働いたためと考えられる。

### 4. 結言

本研究では、GA における探索性能を改善させるため、探索履歴を用いてスキーマを検出する XORSD-GA, COMSD-GA および SHSD-GA を提案した。Rastrigin 関数、Rosenbrock 関数による最適化シミュレーションにより SGA との比較を行った結果、探索初期、収束期のどちらにおいても解探索性能を向上させることができた。特に対象問題が単峰性関数である場合に対してより有効であることも確認できた。

#### 参考文献

- [1] 三木 光範, 廣安 和之, 根上 昌巳, “並列分散遺伝的アルゴリズムにおける移住率のランダム化,” THE SCIENCE AND ENGINEERING DOSHISHA UNIVERSITY, Vol.40, No.2, pp.83-92 (1999)
- [2] 高濱 徹行, “正負のスキーマに基づく遺伝的アルゴリズム,” 情報処理学会全国大会講演論文集, Vol.50, pp.277-288 (1995)