計算知能 (COMPUTATIONAL INTELLIGENCE)

第9回、10回 プログラミング演習

教員: 谷口彰

第9回、10回プログラミング演習

■ 遺伝的アルゴリズムと粒子群最適化法について、 実際にプログラミングを行いレポートにまとめなさい。





問題(遺伝的アルゴリズム)

【問題】

遺伝的アルゴリズムを使用し、下記の関数の最大化及び最小化を実現しなさい。

ただし、 x_1 、 x_2 、 x_3 の取り得る値は $0\sim15$ とし、それぞれの遺伝子型は 4 ビットのビット列で表現すること。

選択、交叉、突然変異のパラメータは各自の自由とする。

群の個体数は 100 とし、100 世代まで進化させた際の、1~100 世代における最良解の y 値をグラフで示しなさい。選択、交叉、突然変異のパラメータも記載すること。

$$y = 2x_1^2 - 3x_2^2 - 4x_1 + 5x_2 + x_3$$

追加問題 (粒子群最適化法)

【追加問題】

上記の最適化問題を、粒子群最適化法を用いて解きなさい。

各パラメータは各自の自由とする。

粒子の数は 100 とし、100 回目まで更新させた際の、 $1\sim100$ 世代における最良解の y

値をグラフで示しなさい。パラメータも記載すること。

レポート提出

- 提出期限
 - **予定:12月16日**(林先生の指示に従うこと)
- 提出方法
 - ファイル名:「学籍番号」
 - ファイル形式:.pdf
 - 1ページ目に学籍番号と氏名を記載
- 提出先
 - 林先生の指示に従うこと
 - <u>lin@dlut.edu.cn</u>
- レポートには、以下を含める事
 - ソースコード
 - ソースコードの説明
 - 実行結果(パラメータ、グラフ)
 - 考察

評価項目

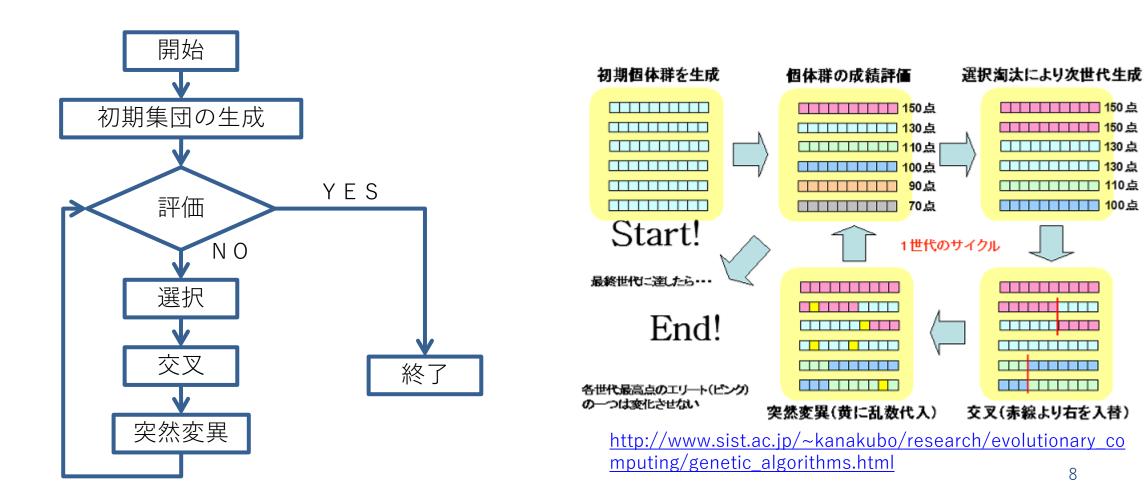
■ 基本項目:

- ソースコードでは,**適切なコメント,適切な変数名,適切なインデンション**などが実現されていること
- ソースコードの説明では、**遺伝的アルゴリズムに従ってソースコードの 関数の機能と定義が説明**されていること
- 計算機実験の結果として**探索の過程**を示し,**それに対する考察**を加えていること
- パラメータ値の**設定に応じて動作や探索性能がどのように影響されるか**, 考察を加えていること
- プログラミング言語:
 - C言語 or Python

遺伝的アルゴリズムの復習

遺伝的アルゴリズム(GA)

■ 生物の進化過程をモデル化した最適化手法の一つ

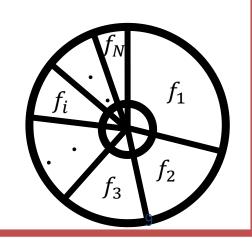


選択

「適応度の高い生命が次の世代により多くの子孫を残す」

- エリート保存戦略 集団の中で最も適応度の高い生命を無条件でそのまま次世代に残す
- ルーレット選択 各個体の適応度とその統計を求めて、適応度の統計に対する 各生命の割合を統計確率として生命を選択する

$$p_i = \mathbf{w} \left(\frac{f_i}{\sum_{k=1}^N f_k} \right)$$



3つの遺伝的操作の実現方法(1/3)

■ 選択方法:ルーレット選択 2N個体の適応度 f_i $(i=1,\cdots,N)$ を取得し、その総和 $F=\sum_i^N f_i$ を計算 子個体を生成するために選択する親個体を個体集合P(t)の中から1つ 選ぶにあたり、i番目の個体は確率 f_i/F で選ばれるように確率的に決める上記をN回、独立に繰り返し、2N個体からなる集合P'(t)を生成する

この選択方法は、適応度に比例した確率に従って選択される子個体が決まることから、適応度比例選択あるいはルーレット選択と呼ばれる

交叉

- 選ばれた2つの生命の遺伝子をランダムな位置で部分的に入れ替える
- 1点交叉

ランダムに選んだ親2つに対し、ランダムに選んだ交叉点の前後で 遺伝子を入れ替える

■ 2点交叉

2点の交叉位置をランダムに選択し、各部分を入れ替える

3つの遺伝的操作の実現方法(2/3)

■ 交叉方法:1点交叉

個体集合P'(t)の中からランダムに2個体ずつペアとして、全N/2ペア作成する。各ペアに対して、交叉確率 p_c で交叉を実行する。

交叉を行う場合には、長さNの記号列中にあるN-1箇所の区切りから等確率で1箇所を選び、交叉点とする。

すなわち、交叉点の前後でペア間の記号列を交換する。

先頭から3文字目の直後を交叉点に選んだ場合の例:

1011001

0000111



1010111

0001001

突然変異

■ 一定の確率で染色体の一部をランダムに操作する

遺伝子型: 10010110 突然変異 10110110

■ 他の遺伝子に置き換えることにより、交叉だけでは生成できない子を 生成できるため、集団の多様性を維持する働きがある

3つの遺伝的操作の実現方法(3/3)

■ 突然変異方法:ビット反転 個体集合P''(t)中の全M個体に対して、各遺伝子座の遺伝子の値を 突然変異確率 p_m でビット反転させる。

先頭から4文字目を反転させた例:

1 0 1 1 0 0 1



1010001

プログラミングのヒント

問題(遺伝的アルゴリズム)

【問題】

遺伝的アルゴリズムを使用し、下記の関数の最大化及び最小化を実現しなさい。

ただし、 x_1 、 x_2 、 x_3 の取り得る値は $0\sim15$ とし、それぞれの遺伝子型は 4 ビットのビット列で表現すること。

選択、交叉、突然変異のパラメータは各自の自由とする。

群の個体数は 100 とし、100 世代まで進化させた際の、1~100 世代における最良解の y 値をグラフで示しなさい。選択、交叉、突然変異のパラメータも記載すること。

$$y = 2x_1^2 - 3x_2^2 - 4x_1 + 5x_2 + x_3$$

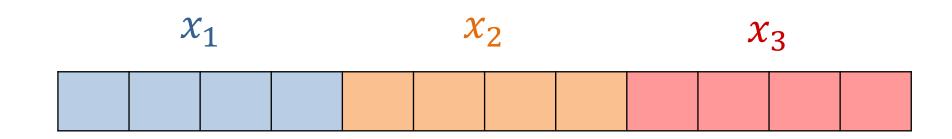
今回の問題における適応度・表現型・遺伝子型

■ 適応度:

- 目的関数 $y=2x_1^2-3x_2^2-4x_1+5x_2+x_3$ の最大化又は最小化
- 個体の表現型:
 - 決定変数 $x = (x_1, x_2, x_3)$ $x_i \in \{0, 1, ..., 15\}$
 - 各変数 x_i は、0-15の値なので、4ビットで表現できる
 - つまり、遺伝子型は、4ビット×3変数=12ビット
- 個体の遺伝子型:
 - $s = (s_0, s_1, s_2, \dots, s_{10}, s_{11}) \qquad s_i \in \{0, 1\}$
 - この12ビットの遺伝子配列に選択、交叉、突然変異の遺伝子操作を行う

個体の表現はどのように実装する?

- \blacksquare rand関数などを使って、 x_i に $0\sim15$ の値を設定
- n個体数生成
- 選択方法はルーレット選択を使用する
- 交叉箇所を決める(毎回同じでも良い、各 x_i の中央など)
- 突然変異の割合を決める(毎回どこか一か所で01反転するなど)



ルーレット選択はどのように実装する?

- ルーレット選択
 - 各個体の適応度とその統計を求めて、適応度の統計に対する各生命の割合を統計確率として生命を選択する

$$p_i = \mathbf{w} \left(\frac{f_i}{\sum_{k=1}^N f_k} \right)$$



- $y = 2x_1^2 3x_2^2 4x_1 + 5x_2 + x_3 \leftarrow$ 負の数になる場合がある
- そのままではルーレット選択が困難

解決策 (最大化)

■ 考え方の例

最悪適応度の-100を0とする 選択確率 最悪適応度: -100 → 0 0/350 他の個体: -50 → 50 50/350 0 → 100 100/350 100 → 200 200/350

解決策(最小化)

■ 考え方の例

最悪適応度の100を0とする

選択確率

他の個体: -100 → -200 -200/-450 -50 → -150 -150/-450 合計:1 0 → -100 → 0 0/-450

第10回の内容

実行・考察のヒント

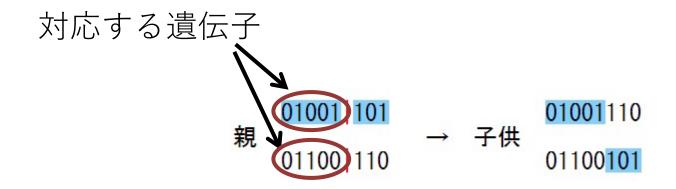
選択について

■ 選択における確率を適応度に比例させるのではなく、適応度の2乗に比例させると、進化の進み方はどう変わるか?逆に適応度の平方根(ルート)に比例させると、どう変わるか

■ 個体群の収束を抑制する、逆に、促進する、には、適応度の 差をどのように調整すべきか

交叉について

■ 交叉が有効に働くのは、遺伝子型(対応する遺伝子どうしの 関係)がどのような性質を持っているときだと考えられるか



突然変異について

- 突然変異の確率をゼロにすると、どういった問題が生じると 考えられるか?
- 突然変異の確率を50%にすると、どういった問題が生じると 考えられるか?

粒子群最適化法の復習

粒子群最適化法(1/8)

■ 昆虫の大群や魚群において、一匹が良さそうな経路を発見すると (すなわち、食料を発見したとか安全であるという場合)、群れの残りは どこにいても素早くそれにならうことができる

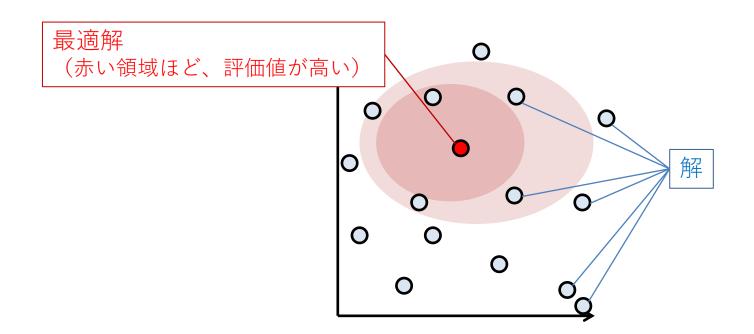


多次元空間において、位置と速度を持つ粒子群でモデル化

複数の粒子(点)で探索を行う、多点探索手法

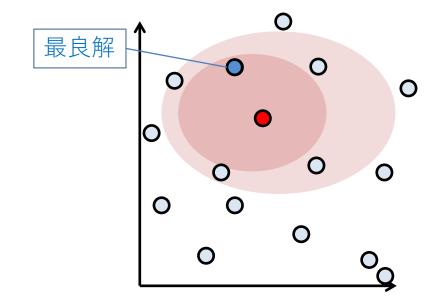
粒子群最適化法(2/8)

- 群(解集団)に含まれる複数個の探索個体が、群で情報を 共有しながら最良値を探索
- 1. 解空間に群(解集団)をランダムに配置



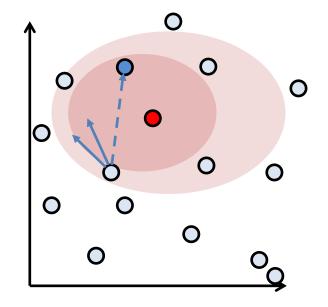
粒子群最適化法(3/8)

- 群(解集団)に含まれる複数個の探索個体が、群で情報を 共有しながら最良値を探索
- 2. 解集団の適応度を評価し、最良解を決定 (最良解の適応度が十分であれば、探索を終了)



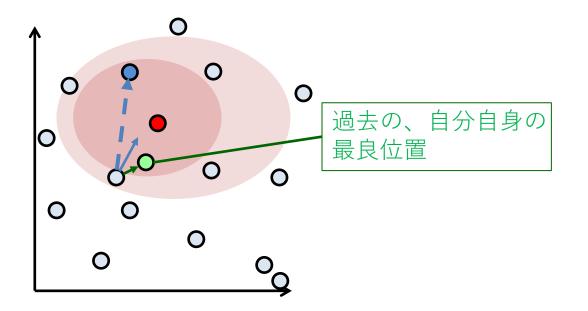
粒子群最適化法(4/8)

- 群(解集団)に含まれる複数個の探索個体が、群で情報を 共有しながら最良値を探索
- 3. 最良解の適応度が十分でなければ探索を実施 (それぞれのランダムな移動量と最良解の位置を考慮して決定)



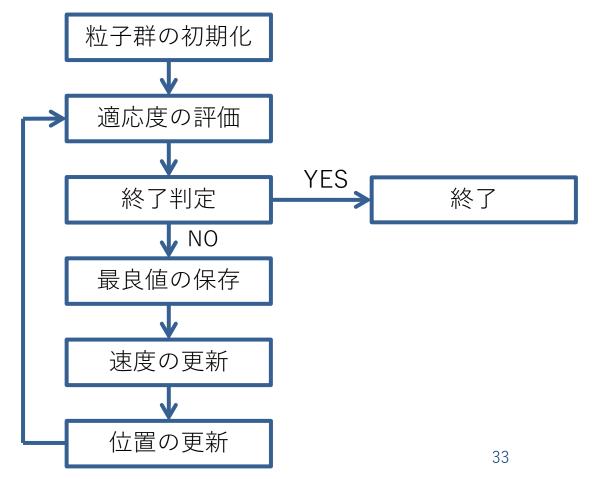
粒子群最適化法(5/8)

- 群(解集団)に含まれる複数個の探索個体が、群で情報を 共有しながら最良値を探索
- 4. 2回目の探索以降は自分自身の最良位置なども考慮して 移動量を決定



粒子群最適化法(6/8)

■ 群(解集団)に含まれる複数個の探索個体が、群で情報を 共有しながら最良値を探索



粒子群最適化法(7/8)

- 群(解集団)に含まれる複数個の探索個体が、群で情報を 共有しながら最良値を探索
- 位置と速度を持った粒子群としてモデル化される 位置 x:解の現在位置(値)、速度 v:解の移動量
- 各粒子が最良値に移動するため、収束性が高い

粒子群最適化法の更新式

(1)
$$v \leftarrow wv + c_1 r_1 (G_{best} - x) + c_2 r_2 (P_{best} - x)$$

(2) $x \leftarrow x + v$

w: 慣性定数

*r*₁, *r*₂: [0, 1]の一様乱数

P_{hest}: 各探索個体の最良位置

x: 探索個体の位置

v: 探索個体の速度

 G_{hest} : 個体群全体での最良位置

 c_1, c_2 : 学習係数