

遺伝的アルゴリズムにおける世代交代モデルの提案と評価

A New Generation Alternation Model of Genetic Algorithms and Its Assessment

佐藤 浩^{*,†} 小野 功^{*} 小林 重信^{*}
Hiroshi Sato Isao Ono Shigenobu Kobayashi

* 東京工業大学大学院総合理工学研究科
Graduate School of Interdisciplinary Science and Engineering, Tokyo Institute of Technology, Yokohama 226, Japan.

1996年8月26日 受理

Keywords: genetic algorithms, generation alternation models, early convergence, evolutionary stagnation, fitness distribution.

Summary

When Genetic Algorithms (GAs) are applied to optimization problems, characteristic preserving in designing coding/crossover and diversity maintaining in designing generation alternation are important. Generation alternation models are independent of problems, while coding/crossover depends on problems. We discuss generation alternation models in this paper. Simple GA is one of the well-known generation alternation models, however it has two problems. One is early convergence in the first stage of search and the other is evolutionary stagnation in the last stage of it. Many improvements and new models have been presented to overcome the above problems. In this paper, we propose a new generation alternation model called minimal generation gap (MGG) which has all advantages of conventional models.

As generation alternation models use only information of fitness, alternation of generations can be regarded as a transformation of fitness distributions. We propose a new method of assessing generation alternation models. We measure the ability of avoiding the early convergence and suppressing the evolutionary stagnation by the dynamics of the best value and variance of fitness distributions. From the results of some experiments, we found that MGG is the most desirable model which can avoid the early convergence and suppress the evolutionary stagnation.

We also show the efficiency of MGG by applying it to benchmarks in different two domains: function optimization and traveling salesman problems. In the both domains, MGG showed higher performance than the other conventional models especially under small population size.

1. はじめに

遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithms, 以下 GA) の一般的な枠組みは概念的なものに過ぎないので、解くべき問題が与えられたとき、解を遺伝子型としてどのようにコード化するか、交叉や突然変異のオペレータとして何を採用するか、世代交代をどのように行わせるかなどについて、適切な決定を行わなければ

ならない [Davis 90].

コード化/交叉においては形質遺伝 (Characteristic Preserving) が、世代交代においては多様性維持 (Diversity Maintaining) が、それぞれ重要とされる。ここで、形質遺伝とは親が持つ解の構成要素 (building blocks と呼ばれる) を子に適切に継承させることをいい、多様性維持とは世代交代を通じて集団の中に多様かつ適切な building blocks を蓄積し、維持することをいう。

形質遺伝に劣ったコード化/交叉を採用すると、多

† 現在、大阪府立大学総合科学部

多様性維持に優れた世代交代モデルを持ってきても、高い性能を期待することはできない。一方、形質遺伝に優れたコード化/交叉を採用しても、多様性維持に劣った世代交代モデルの下では、高い性能を期待することはできない。GA の潜在能力をフルに引き出すためには、形質遺伝に優れたコード化/交叉の設計および多様性維持に優れた世代交代モデルの設計が不可欠である [Gordon 93, 山村 94]。

形質は問題によって異なることから、コード化/交叉の設計は問題依存性とならざるを得ない。これに対し、多様性は世代内または世代間での適応度の分布に基づいて議論する限りにおいて問題には依存しないので、世代交代モデルは問題とは独立に設計することが可能である。

本論文の目的は、多様性維持の基本は世代交代モデルにあるとの立場から、世代交代モデルの在り方およびその評価の方法について考察し、新しい世代交代モデルの提案とその評価を行うことにある。

本論文は「遺伝的アルゴリズムにおける世代交代モデルの提案と評価」と題し、6 章からなる。1 章は序論である。2 章「世代交代モデルに関する考察」では、いくつかの代表的な世代交代モデルの構成と特徴について考察し、各モデルの優れた特徴を併せ持つ新しい世代交代モデルを提案する。3 章「世代交代モデルの評価方法」では、選択のみの GA を対象として最適解への収束速度を評価基準とする従来の方法の問題点を指摘した上で、適応度の最良値と適応度の分散の時間的変化によって世代交代モデルを評価する方法を提案する。4 章「世代交代モデルの実験による評価」では、関数最適化および組み合わせ最適化をベンチマークとする比較実験によって新しい評価方法の妥当性を確認するとともに、この評価方法の下で提案する世代交代モデルが好ましい挙動を示すことを明らかにする。5 章「考察」では、前章での実験結果を踏まえて、提案した世代交代モデルが高い性能を示す理由について考察し、さらに集団サイズとの関係やコード化/交叉との関係にも言及する。6 章は結論で、本論文の研究成果を取りまとめた上で、今後の課題について述べる。

2. 世代交代モデルに関する考察

本章では、世代交代モデルの一般的な枠組みを示し、既存のモデルをこの枠組みの下で分類、整理することにより、従来の世代交代モデルの構成と特徴を示す。また、これらのモデルの特徴を併せ持つ新しい世代交代モデルとして Minimal Generation Gap (MGG) を

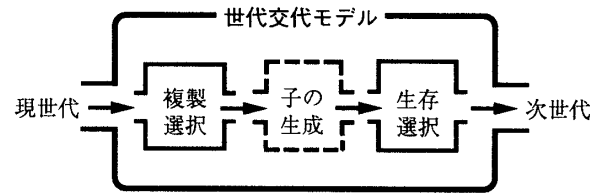


図1 世代交代モデルの概念図

提案する。

2・1 世代交代モデルの一般的な枠組み

本論文では、[Eshelman 90] を参考に、世代交代の一般的な枠組みを次のように設定する。

procedure 世代交代

```

begin
   $t = 0$ ;
  初期の個体集団  $P(t)$  をランダムに生成し、
  各個体を評価する;
  while 終了条件が満たされない do
    begin
       $t = t + 1$ ;
      個体の複製のために、 $P(t-1)$  より親集合  $C(t)$ 
      を選択する;
       $C(t)$  より子個体集合  $C'(t)$  を生成し、評価する;
       $P(t-1)$  と  $C'(t)$  より生存する個体を選択し、
       $P(t)$  とする;
    end
  end.
  
```

上記の手順には、2 種類の選択、すなわち複製選択 (Selection for Reproduction) と生存選択 (Selection for Survival) が含まれる。複製選択は子を生成する親を選ぶための選択であり、生存選択は次世代に生き残る個体を選ぶための選択である。図1 は上記の手順を図式的に示したものである。図1 における子の生成とは、交叉または突然変異によって新しい個体を生成し、その適応度を評価することをいう。子の生成にはコード化/交叉設計が関わるが、世代交代モデルは子の生成には関与しないことに注意されたい。世代交代モデルの設計とは、複製選択と生存選択の具体的方策を決定することをいう。

本論文では、個体の適応度に関する情報だけに基いて世代交代を行うモデルに限定して、議論を進める。世代交代の際に、遺伝子型の近い個体同士の交配を禁じたり、集団内に位相構造を設定して交配を近傍内の

個体に制限するなどの工夫によって、多様性の維持を図る方法が数多く提案されているが、これらは選択において適応度以外の情報を用いているので、本論文で扱う世代交代モデルの範囲外にあることから、比較対象には含めないものとする。

2・2 既存の世代交代モデルの構成と特徴

世代交代モデルの代表例として、以下に示す Simple GA (SGA) があるが、これは [Holland 75] の Rd プランの実現例として知られる。

Simple GA (SGA) [Goldberg 89]

- (複製選択) 適応度に比例した選択確率を用いたルーレットによって、集団から個体を復元抽出する。
- (生存選択) 無条件で、親集団と子集団の入れ換えを行う。

SGA には、高い選択圧下での早すぎる収束 (premature convergence under high selection pressure) および低い選択圧下での停滞 (stagnation under low selection pressure) という問題がある [Baker 87, Whitley 89]。すなわち、SGA のように適応度を用いたルーレット選択では、探索の初期に突出した適応度の個体が存在すると、その個体への過剰な選択圧がかかり、探索が進まないうちにその個体に収束してしまう現象が観察され、これは初期収束 (Early Convergence) と呼ばれる。一方、探索が進んで個体間の適応度に差がなくなってきたとき、選択圧がかかりにくくなるために、最適解の方向に探索が進まない現象が観察され、これをここでは進化的停滞 (Evolutionary Stagnation) と呼ぶことにする。さらに、SGA では、無条件で親は子に置き換えられるので、適応度の高い親でも生き残ることができないために、集団から良い解が失われてしまうことが少なくない [Eshelman 90]。

SGA のこのような問題点を克服するために、これまでに SGA に対するさまざまな改良および新しい世代交代モデルの提案がなされてきた。以下に、代表的な世代交代モデルを示す。なお、これらのモデルは本論文における評価実験の比較対象としても取り上げる。

Iterated Genetic Search (IGS) [Ackley 87]

- (複製選択) 適応度を無視して、集団から個体をランダムに非復元抽出する。
- (生存選択) 親集団から平均適応度以下の個体をランダムに選び、生成された子個体と入れ換える。

Steady State (SS) [Syswerda 89]

- (複製選択) ランキング選択を用いて、集団から個体を復元抽出する。
- (生存選択) 親集団から最悪個体を選び、生成され

た子個体と入れ換える。

CHC [Eshelman 90]

- (複製選択) 適応度を無視して、集団から個体をランダムに非復元抽出する。
- (生存選択) 親集団と子集団を合わせた 2 世代の中より、適応度の高い順に集団サイズ分の個体を次世代に残す。

Elitist Recombination (ER) [Thierens 94]

- (複製選択) 適応度を無視して、集団から個体をランダムに非復元抽出する。
- (生存選択) 各家族、すなわち親 2 個体と子 2 個体の中から最良 2 個体を次世代に残す。

これらのモデルでは、SGA の問題点を克服するために、多様性維持の観点から、次のような改善が図られている。

(1) 適応度の序数的利用：上記のモデルは、SGA のように適応度を直接用いることはしないで、個体の優先順序を決めるために使っている。すなわち、すべてのモデルに共通して、適応度を基数的ではなく、序数的に用いている。なお、SS 以外のモデルでは複製選択時に適応度を無視してランダムに非復元抽出しており、選択圧は生存選択時にだけかかるのに対し、SS では複製選択と生存選択の両方において選択圧がかかるので、SS は他に比べて選択圧が高いモデルといえる。

(2) 世代交代の連続化：世代交代の連続化とは、子を生じた親個体にも生存の機会を与える戦略をいい、これは集団から良い解が失われてしまうことを抑制する効果がある。この戦略はすべてのモデルで採用されている。IGS、SS では親は無条件で残るのに対し、ER、CHC では子との競争に勝った親のみが生存を許される。

(3) 世代交代の限定化：世代交代の対象を集団の部分に限定することにより、進化レベルが異なる個体が共存することが可能になる。これにより、進化レベルが類似する個体群からは作り出せない新奇な個体を生成することが期待できる。SS と IGS においてこの戦略が採用されている。

(4) 生存選択の局所化：ER では生存選択の範囲を家族 (親個体と子個体) に局所化することにより、1 つの個体が集団内に急速に広まることを抑制している。従来のモデルは、SGA の欠点を克服するために、さまざまな工夫がなされているが、上記の 4 つの観点からみて、完璧といえるモデルは存在しない。言い換えれば、世代交代モデルにはまだ改良の余地があるといえる。

表1 既存の世代交代モデルおよび MGG の構成

モデル	複製時の選択	生存時の選択
SGA	ルーレットにより復元抽出する	無条件で親集団と子集団を入れ換える
SS	ランキングにより復元抽出する	親集団の最悪個体と子個体を入れ換える
CHC	ランダムに非復元抽出する	2世代の中より最良個体から順に集団サイズ分を残す
IGS	ランダムに非復元抽出する	親集団の適応度の低い個体と子個体を入れ換える
ER	ランダムに非復元抽出する	各家族の中から最良2個体ずつを残す
MGG	ランダムに非復元抽出する	家族の中から最良1個体とルーレットにより1個体を残す

表2 既存の世代交代モデルおよび MGG の特徴

モデル	適応度の 使い方	世代交代 の連続化	世代交代 の限定化	生存選択 の局所化
SGA	基数的	離散的	全体的	なし
SS	序数的	連続的	部分的	なし
CHC	序数的	連続的	全体的	なし
IGS	序数的	連続的	部分的	なし
ER	序数的	連続的	全体的	あり
MGG	主に序数的	連続的	部分的	あり

2・3 Minimal Generation Gap モデルの提案

本節では、前節で議論した4つの観点からみて好ましいと思われる世代交代モデルとして、Minimal Generation Gap (MGG) と呼ぶ新しいモデルを提案する。MGG は、探索序盤における選択圧をできるだけ下げ、初期収束を回避するとともに、探索の後半においても集団内に多種多様な個体を生存させやすくして進化的停滞を抑制することを意図したモデルであり、そのためには世代間での個体分布の差異を最小化することが望ましいとの考えに基づく。MGG の手順を以下に示す。

procedure Minimal Generation Gap (MGG)

```

begin
   $t = 0$ ;
  初期の個体集団  $P(t)$  をランダムに生成し、
  各個体を評価する;
  while 終了条件が満たされない do
    begin
       $t = t + 1$ ;
       $P(t-1)$  よりランダム非復元抽出により2個体
       $C(t)$  を選択し、
       $P(t-1) = P(t-1) - C(t)$  とする;
       $C(t)$  より子個体集合  $C'(t)$  を生成し、評価する;
       $C(t)$  と  $C'(t)$  より最良1個体と確率的に選んだ
      1個体を  $P(t-1)$  に加え、 $P(t)$  とする;
    end
  end.

```

MGG における選択は次のように要約される。

Minimal Generation Gap (MGG)

(複製選択) 適応度を無視して、集団から個体をランダムに非復元抽出する。

(生存選択) 家族の中から、最良1個体およびルーレット選択により選ばれた1個体を次世代に残す。

既存の世代交代モデルおよび MGG の構成と特徴を要約したものを表1と表2に示す。世代交代の限定化という観点では、MGG は SS と IGS に類似しているが、

SS では最悪2個体を、IGS では平均以下の2個体を、それぞれ世代交代の対象としているのに対し、MGG ではランダムに選ばれた2個体が世代交代の対象とされるので、MGG は初期収束が起こりにくいと予想される。また、生存選択の範囲という観点では、MGG は ER に類似しているが、ER では最良2個体を次世代に残すのに対し、MGG では最良選択とルーレット選択を組み合わせることにより、適応度分布の分散をできるだけ維持できるよう配慮されている。

3. 世代交代モデルの評価方法

本章では、世代交代モデルの評価方法について議論する。まず、従来の世代交代モデルの評価基準について考察し、その問題点を指摘する。個体の適応度に関する情報だけに基づいて世代交代を行うという本論文の立場から、世代交代とは適応度分布の変換の過程であると捉え、適応度分布の最良値と分散に基づく世代交代モデルの新しい評価方法を提案する。

3・1 従来の評価方法とその問題点

従来の世代交代モデルの評価では、選択のみの GA を対象として、集団が最適解に収束する時間的変化を調べ、最適解への収束速度が速い世代交代モデルが好ましいとする評価方法が主であった [Goldberg 92, Syswerda 90]。選択のみの GA では、交叉や突然変異による子の生成の影響が排除されるために、遺伝子型に依存することなく、適応度に基づく選択の効果を適応度分布の時間的変化によって観察できる利点がある。

[Syswerda 90] と同じ方法によって、本論文が評価対

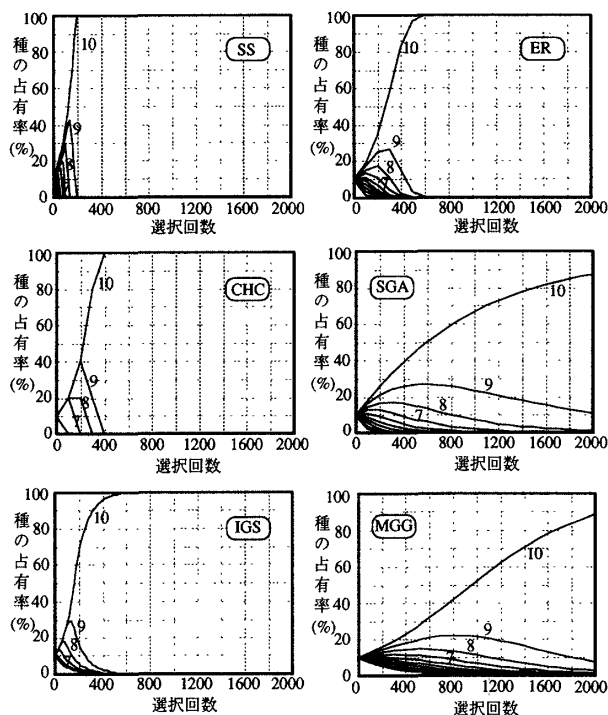


図2 各世代交代モデルにおける種の占有率の時間的変化：選択のみの場合の従来の評価方法

象としている6つの世代交代モデル (SGA, SS, CHC, IGS, ER, MGG) の挙動を調べてみる。すなわち、それぞれ1から10までの整数値を適応度を持つ10種の個体を考え、各種が10個体ずつ存在するサイズ100の初期集団に対して、各モデルによる世代交代を行わせて、適応度分布の時間的変化を追跡する。図2はそうようにして得られた各種の集団に対する占有率の時間的変化を示したものである。図2の横軸は選択回数、縦軸は種の占有率を表す。

集団が最適解に収束する速さを評価尺度とする従来の評価方法に従えば、SSがもっとも好ましいモデルであり、CHC, IGS, ERがこれに続く好ましいモデルとされる。MGGはSGAと同様に好ましくないモデルと評価されることになる。なお、SGAが収束に遅れをとっているのは進化的停滞が生じているためである。MGGは集団の多様性を維持するように考慮されているので、本実験に関する限り、他のモデルと比べて最適解への収束が遅くなるのは予想されるとおりである。

上記の実験では、初期集団に最適解が含まれ、また種の数(10種)に比べて集団サイズ(100)が大きめに取られていることから、初期収束が起こりにくい状況設定となっている。実際問題では、集団サイズに比べて種の数が多い場合を扱う必要があり、また最適解が初期集団に含まれないことが想定され、交叉などによって最適解が発見されるのを待たなければ

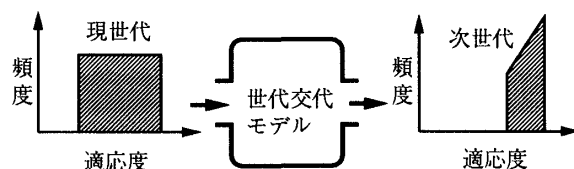


図3 世代交代モデルによる適応度分布の変換

ならないために、集団内の最良個体に素早く収束することは初期収束の原因にもなりかねず、むしろ好ましくないともいえる。したがって、世代交代モデルの評価方法について見直す必要があると判断される。

3・2 新しい評価方法の提案

個体の適応度に関する情報だけに基づいて世代交代を行うモデルに限定して議論するという本論文の立場に立てば、図3に示すように、世代交代とは適応度分布の変換過程であると捉えることができる。したがって、世代交代モデルを評価するにあたっては、当該モデルが適応度分布を時間的にどのように変化させていくのかを把握することが重要である。

適応度分布を評価する代表値として、最良値、最悪値、平均、分散などが考えられる。従来、GAの性能評価においては最良値または平均の時間的変化を調べるのが一般的であったが、世代交代モデルの評価においては適応度の平均ではなく、分散の時間的変化を調べる方が好ましいといえる。また、最適化を目的とするからには、同時に最良値の時間的変化も評価すべきであろう。

以上の議論から、本論文では、適応度分布の最良値と分散の時間的変化を追跡することにより世代交代モデルを評価する方法を提案する。この方法によれば、世代交代モデルの挙動は、(世代, 最良値, 分散) でつくられる3次元空間内の軌跡として表すことができる。この軌跡の(最良値, 世代)平面への射影は、GAの off-line performance に相当する。本評価方法では、世代の進行とともに、分散の大きさを維持しながら、最良値を更新するような世代交代モデルが望ましいと判断される。分散の大きさが維持されていれば、初期収束を抑制することが期待できる。進化的停滞が生じ、最適解の方向を見失ってしまうと、分散の大きさが維持されても、最良値を更新できなくなる可能性が高くなる。したがって、上記の評価規範は、初期収束を回避し、進化的停滞を抑制することが期待される世代交代モデルを設計する上でも有用な指針になると思われる。

新しい評価方法のもとで、3・1節で行った実験を再評価することにする。この場合、最良値である最適解

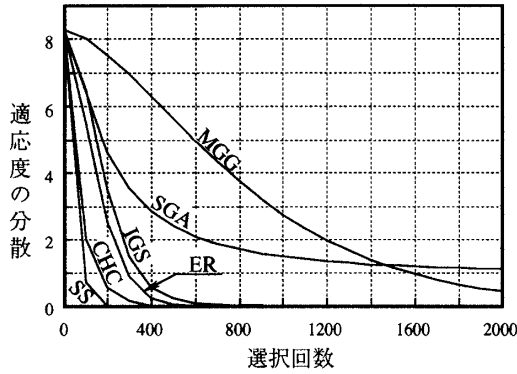


図4 各世代交代モデルにおける適応度の分散の時間的変化：
選択のみの場合の本論文で提案する評価方法

が初期集団に含まれるので、適応度の分散の時間的変化を調べることで、評価を行う。図4に各世代交代モデルの挙動を示す。この図の横軸は選択回数、縦軸は適応度の分散を表す。なお、時間軸を世代ではなく選択回数としたのは、世代交代モデルの違いによる影響をなくすためである。SSとCHCは探索序盤において分散を急速に下げている、これは選択圧が強いことを意味しており、これら2つのモデルは初期収束を起こしやすいことが予想される。SGAが探索序盤で意外と高い分散を維持できたのは初期集団において適応度が一様に分布していたためと考えられる。SGAが中盤以降でも分散を維持しているのは進化的停滞が生じているためとみられる。

MGGは全モデルの中で序盤から中盤までもっとも高い分散を維持しながら、進化的停滞を生じることなく最適解にゆっくりと収束していく様子が観察され、もっとも好ましい挙動を示しているといえる。

4. 世代交代モデルの実験による評価

4.1 実験の目的及びテスト問題

前章では交叉を排除した選択だけのGAについて世代交代モデルの比較評価を行い、MGGが初期収束の回避と進化的停滞の抑制に関して好ましい挙動を示すことを確認したが、本章では交叉を含むGAの一般的な枠組みのもとでのMGGの挙動を明らかにすることを目的に、ベンチマークによる性能比較の実験を行う。

1章で述べたように、GAの性能をフルに引き出すためには、形質遺伝に優れたコード化/交叉および多様性維持に優れた世代交代モデルの適切な組み合わせが必要である。コード化/交叉は問題に依存して選択しなければならないので、実問題を対象に世代交代モデルの性能評価を行うためには、問題領域を限定する必要

がある。そこで、本実験では、関数最適化および組み合わせ最適化の2つの領域の中から、Rosenbrock関数およびランダム配置100都市TSPをテスト問題として選択した。

性質のまったく異なる2つの問題領域において提案する世代交代モデルMGGの有用性を示すことができれば、実用上役に立つ知見が得られるものと期待される。

4.2 Rosenbrock関数による性能評価

Rosenbrock関数は次式で表される。

$$f(x) = 100(x_1^2 - x_2)^2 + (1 - x_1)^2 \quad (1)$$

この関数は谷が急峻かつ鋭く曲がっているために、適切なコード化/交叉を選択しないと、十分な性能が得られないことが知られている。

実際、バイナリ表現/一様交叉やグレイ表現/一様交叉ではランダムサーチ程度の性能しか得られない。また、[Eshelman 92]の実数ベクトル表現/BLX- α を用いても、谷を大きく踏み外してしまう確率が高く、無駄な探索が多いことが知られている。最近、[Ono 96b]によって提案された実数ベクトル表現/NDX (Normal Distribution Crossover) は関数最適化においてきわめて高い性能を示すことが確認されていることから、本実験ではコード化/交叉として実数ベクトル表現/NDXを採用する。なお、参考のために、NDXの要点を付録に示す。

さて、実験は各世代交代モデルごとに、集団サイズを20, 50, 100と3通り変えて、各ケースについて20回の試行を行い、その平均を取った上で、適応度の(最良値, 分散)の時間的変化を軌跡として図に示し、性能評価を行うこととした。なお、時間は個体の選択回数で表すことにする。

本実験によって得られた各世代交代モデルについての適応度の(最良値, 分散)の時間的変化を図5に示す。Rosenbrock関数の値域は非常に大きいことから最良値と分散は対数軸で表している。

図5より、集団サイズが100の場合、SGAを除く5つのモデルが最良値の軸の左端(最適ラインと呼ぶ)に達しているが、SS, CHC, IGSの3つは多様性を失っており、辛うじて最適ラインに到達したといえる。一方、MGGとERは多様性を維持しつつ、余裕をもって最適ラインに到達している。集団サイズが100の場合、ERはMGGに比べ約2倍の早さで最適ラインに達しているが、集団サイズが50になるとERでは最適ラインに到達できないことに注意されたい。

集団サイズが20になると、MGGでも最適ラインに

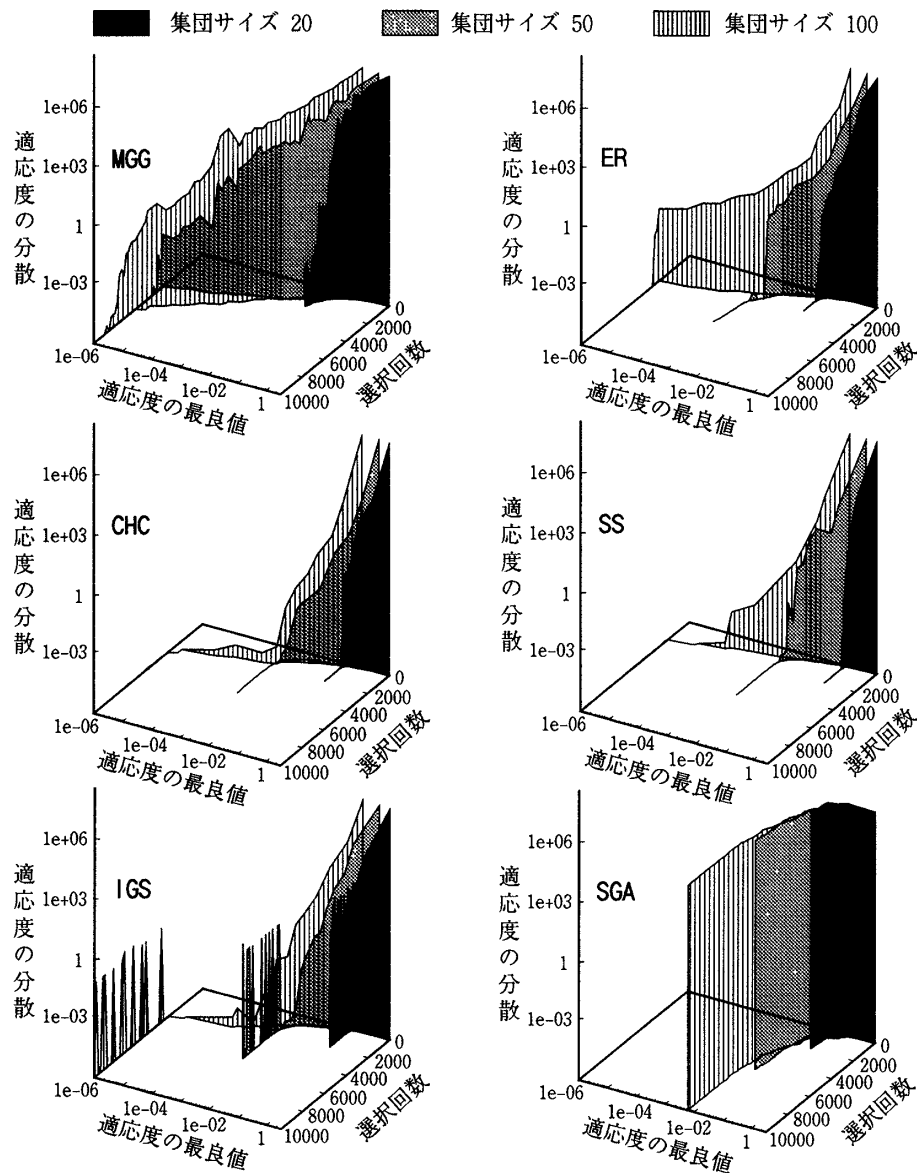


図5 各世代交代モデルにおける適応度の最良値および分散の時間的変化：
実数ベクトル表現/NDX を Rosenbrock 関数に適用した場合

到達できないが、他のモデルに比べて、より最適ラインに近いところまで到達しており、MGG は集団サイズが小さくても頑健な挙動を示すことがわかる。

SGA と IGS は集団サイズの大きさの違わずに高い分散を維持しているが、そのことが最良値の改善に貢献していないことは明らかで、SGA と IGS における高い分散は多様性によるものではなく、進化的停滞によるものであると推定される。

4・3 ランダム配置 100 都市 TSP による評価実験

ランダム配置 TSP は GA の性能評価実験によく使われている。対称 TSP において形質遺伝性に優れた

コード化/交叉として、パス表現/OX [Davis 85], パス表現/SXX [山村 92], パス表現/EXX [前川 95] などが知られるが、本実験ではパス表現/OX を採用する。

実験の条件および方法は関数最適化の場合と同じとし、集団サイズは 20, 50, 200 の 3 通りを設定して、実験を行った。結果を図 6 に示す。図 6 より、集団サイズが 200 の場合、最適ラインに到達しているのは MGG だけで、IGS と ER が MGG に次ぐ性能を示している。SGA では集団サイズを大きくしても性能はほとんど改善されない。SS も SGA 以外の他のモデルに比べて性能は低い水準に留まっているが、これは高い選択圧により、多様性が失われたためと思われる。

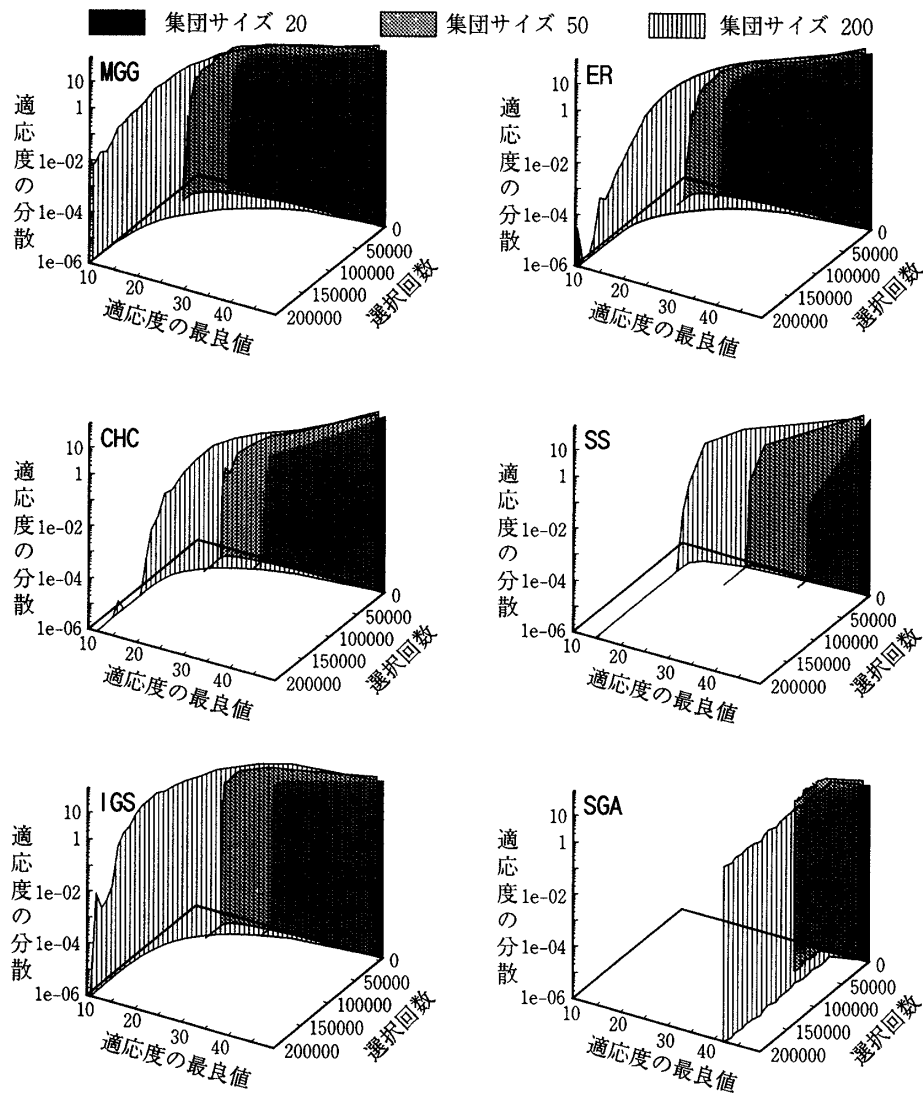


図6 各世代交代モデルにおける適応度の最良値および分散の時間的変化：
パス表現/OXをランダム100都市TSPに適用した場合

関数最適化の場合と同じく、MGGは集団サイズが小さくても頑健な挙動を示しているが、これは世代が進んでも多様性が維持されているためと考えられる。

5. 考 察

前章での2つのベンチマークによる評価実験の結果より、MGGがもっとも高い性能を示し、ERがMGGに次ぐ性能を示すことが明らかとなった。本章では、世代交代モデルの間に著しい性能の格差が生じるのはなぜか、MGGが高い性能を示すのはなぜかなどについて、さまざまな角度から考察する。

(1) 生存選択の局所化の効果

ベンチマークで良い性能を示したMGGとERに共通するのは、生存のための競争を各家族（親子間）に

局所化していることにある。ERでは家族の中から最良2個体を次世代に残すのに対し、MGGでは最良1個体とルーレット選択で選ばれた1個体を次世代に残すので、MGGの方がより多様性維持に効果があると考えられる。家族内競争と同じ効果は、トーナメント選択や近傍モデルにおける競争の局所化によっても実現可能であり、多様性の維持に効果があると報告されている [De Jong 95, Tanese 89]。

(2) 無条件生存のマイナス効果

SGAとIGSは探索の終盤まで適応度分布の分散を大きく保持しているにもかかわらず、最良値の改善は頭打ちとなっている。これは生成された子個体が、適応度の大小とは無関係に、無条件で次世代への生存を許されるためである。無条件の生存により、適応度の非常に劣る個体が集団に加わると、分散は大きくなるが、

分布自体に広がりが生じるのではなく、多様性は維持されていないことに注意されたい。この現象は、図5のIGSの挙動において観察されるように、分散の時間的変動が大きいことにより把握することができる。

(3) 集団サイズとの関係

集団サイズを大きくすると、多様性が維持されやすくなり、どの世代交代モデルも性能は確実に改善される。しかし、図6のSGAの挙動のように、問題によっては集団サイズを大きくしただけでは多様性を維持できない場合もあり、世代交代モデルの選択には十分な配慮が必要である。集団サイズを大きくしないで、目標とする性能を達成することができれば、計算資源の節約につながり、その便益は小さくない。その意味で、MGGは有用なモデルといえる。

(4) MGGとERの違い

MGGとERは類似しているところがあるが、両者の違いは、第1に、上記(1)で述べたように、ERでは家族の中から最良2個体を次世代に残すのに対し、MGGでは最良1個体とルーレット選択で選ばれた1個体を次世代に残すこと、第2にERでは世代交代が集団全体、すなわちすべての個体は生存選択という洗礼を受けるのに対して、MGGでは世代交代において1家族が入れ替わるだけであることにある。MGGがERに比べて、多様性に優れている所以は上記の違いに求められる。

(5) コード化/交叉と世代交代モデルの関係

4章の実験では、形質遺伝に優れたコード化/交叉を選択した上で、世代交代モデルの評価を行ったが、予備実験では、関数最適化については形質遺伝に劣るバイナリ表現/一様交叉を選択した場合、多様性維持に優れた世代交代モデルを採用しても性能は低いレベルに留まっていることを確認している。TSPについても形質遺伝に劣るパス表現/PMXを選択した場合、同じことを確認している。反対に、図6のSGAのように、多様性維持に劣る世代交代モデルを選択すると、優れたコード化/交叉の潜在的能力を引き出せずに低い性能レベルに留まってしまう場合がある。

(6) その他の多様性維持の工夫について

遺伝子型の近い個体同士の交配の禁止 この工夫は、類似した両親から交叉によって得られる子のバリエーションは一般的に少ない、という事実から考案されたものである[Eshelman 90]。しかし、TSPにおけるサブツアー交換交叉[山村 92]のように、両親がある程度類似している方が、交叉によってつくられる子のバリエーションが多くなる場合もある。すなわち、近親交配の抑制が有効か否かは、

コード化/交叉に依存する。コード化/交叉は問題依存的であることから、近親交配の抑制は、本研究が目的とする「問題に依存しない形での設計」の範疇外にあると考えられる。

表現型間の距離による交配率の変化 この工夫は、多様性維持というよりは、むしろ棲み分けが必要とされる問題に対する工夫として考案されたものである[Goldberg 89]。すなわち、棲み分けは、多峰性関数最適化、多目的最適化、変動する環境下での最適化などにおいて必要とされるものであり、やはり問題依存的と思われる。

以上述べたように、本論文では「遺伝子型の近い交代同士の交配の禁止」および「表現型の距離による交配率の変化」は問題依存的な工夫であるとの考えから、本論文の対象外としたが、多様性維持の工夫という観点からは重要であり、また効果があるものと考えられる。

6. おわりに

本論文では、GAによって良質な解を得るためには、適切なコード化/交叉に加えて、多様性維持に優れた世代交代モデルが不可欠であるとの立場から、既存の世代交代モデルおよびその評価方法についての考察を行い、既存モデルの優れた特徴を併せ持つMGGと呼ぶ新しい世代交代モデルを提案するとともに、新しい評価方法の提案を行い、ベンチマークによりMGGの有用性を明らかにした。

MGGは既存のモデルに比べて多様性の維持に優れていることから、より小さい集団サイズであっても高い性能を期待することができる。実問題では、問題サイズに対して十分大きな集団サイズを設定できることは稀であり、多様性の維持に優れた世代交代モデルが必要とされる。その意味で、MGGはより大規模かつ困難な問題にGAを適用する際の世代交代モデルとして有用と思われる。実際、組み合わせ最適化問題でもっとも難しいクラスの1つであるジョブショップスケジューリング問題においてMGGの有用性が確認されている[Ono 96a]。

本論文ではMGGの性能を他モデルとの比較実験によって明らかにしたが、MGGの基本的な挙動を説明するためには理論的な解析も必要であり、MGGの理論解析の結果は別の論文の中で明らかにする予定である。

◇ 参 考 文 献 ◇

- [Ackley 87] Ackley, D.H.: An Empirical Study of Bit Vector Function Optimization, Genetic Algorithms and Simulated Annealing, pp.170-204 (1987)
- [Baker 87] Baker, J.E.: Reducing Bias and Inefficiency in the Selection Algorithm, Proceedings of the Second International Conference on Genetic Algorithms, pp.14-21 (1987)
- [Davis 85] Davis, L.: Applying adaptive algorithms to epistatic domains, Proceedings of the 9th International Joint Conference on Artificial Intelligence, pp.162-164 (1985)
- [Davis 90] Davis, L.: Handbook of Genetic Algorithms, Van Nostrand Reinhold (1990)
- [De Jong 95] De Jong, K.A. and Sarma, J.: On Decentralizing Selection Algorithms, Proceedings of 6th International Conference on Genetic Algorithms, pp.17-23 (1995)
- [Eshelman 90] Eshelman, L.J.: The CHC Adaptive Search Algorithm: How to Have Safe Search When Engaging in Nontraditional genetic Recombination, Foundations of Genetic Algorithms, pp.265-283 (1990)
- [Eshelman 92] Eshelman, L.J. and Schaffer, J.E.: Real-Coded Genetic Algorithms and Interval-Schemata, Foundations of Genetic Algorithms, pp.187-202 (1992)
- [Goldberg 89] Goldberg, D.E.: Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning, Addison-Wesley (1989)
- [Goldberg 92] Goldberg, D.E. and Deb, K.: A Comparative Analysis of Selection Schemes Used in Genetic Algorithms, Foundations of Genetic Algorithms, pp.69-93 (1992)
- [Gordon 93] Gordon, V.S. and Whitley, D.: Serial and Parallel Genetic Algorithms as Function Optimizers, Proceedings of the Fifth International Conference on Genetic Algorithms, pp.177-183 (1993)
- [Holland 75] Holland, J.H.: Adaptation in Natural and Artificial Systems, Univ. Michigan Press (1975); MIT Press (1992)
- [前川 95] 前川, 玉置, 喜多, 西川: 遺伝的アルゴリズムによる巡回セールスマン問題の一解法, 計測自動制御学会論文集, vol.31, No.5, pp.598-605 (1995)
- [Ono 96a] Ono, I., Yamamura, M. and Kobayashi, S.: A Genetic Algorithm for Job-shop Scheduling Problems Using Job-based Order Crossover, Proceedings of 1996 IEEE International Conference on Evolutionary Computation, pp.547-552 (1996)
- [Ono 96b] Ono, I., Yamamura, M. and Kobayashi, S.: A Genetic Algorithm with Characteristic Preservation for Function Optimization, Proceedings of 4th International Conference on Soft Computing, pp.511-514 (1996)
- [Syswerda 89] Syswerda, G.: Uniform Crossover in Genetic Algorithms, Proceedings of the Third International Conference on Genetic Algorithms, pp.2-9 (1989)
- [Syswerda 90] Syswerda, G.: A Study of Reproduction in Generational and Steady-State Genetic Algorithms, Foundations of Genetic Algorithms, pp.94-101 (1990)
- [Tanese 89] Tanese, R.: Distributed Genetic Algorithms, Proceedings of the Third International Conference on Genetic Algorithms, pp.434-439 (1989)
- [Thierens 94] Thierens, D. and Goldberg, D.E.: Elitist Recombination: an integrated selection recombination GA, Proceedings of the First IEEE Conference on Evo-

- lutionary Computation, pp.508-512 (1994)
- [Whitley 89] Whitley, D.: The GENITOR Algorithm and Selection Pressure: Why Rank-Based Allocation of Reproductive Trials is Best, Proceedings of the Third International Conference of Genetic Algorithms, pp.116-121 (1989)
- [山村 92] 山村, 小野, 小林: 形質の遺伝を重視した遺伝的アルゴリズムに基づく巡回セールスマン問題の解法, 人工知能学会誌, Vol.7, No.6, pp.117-127 (1992)
- [山村 94] 山村, 小林: 遺伝的アルゴリズムの工学的応用, 人工知能学会誌, Vol.9, No.4, pp.506-511 (1994)

〔査読者: 榎木哲夫〕

◇ 付 録 ◇

実数ベクトル表現/正規分布交叉 [Ono 96b]

関数最適化における形質は位置であり, 両親を結ぶ軸の近傍の領域の子個体が両親の形質を適切に遺伝していると考えられる.

正規分布交叉 (Normal Distribution Crossover: NDX) では, コード化として形質である位置を表現するのに適した実数ベクトルを採用する. NDX は, 図 A.1 に示すように, 3つの親個体によって決まる正規乱数を用いて2つの子個体を生成する. 正規分布の標準偏差は, その主軸成分, すなわち両親を結ぶ軸の成分は両親間の距離に比例させ, それ以外の軸の成分は, 第3の親個体と両親を結ぶ軸との距離に比例させる. ここで, 第3の親個体の形質の影響を抑えるために, 主軸以外の標準偏差を $1/\sqrt{n}$ 倍している.

$$\vec{C}_1 = \vec{P}_1 + N(0, \sigma_1^2) \vec{e}_1 + N(0, \sigma_2^2) \sum_{k=2}^n \vec{e}_k$$

$$\vec{C}_2 = \vec{P}_2 - N(0, \sigma_1^2) \vec{e}_1 - N(0, \sigma_2^2) \sum_{k=2}^n \vec{e}_k$$

$$\sigma_1 = \alpha d_1, \quad \sigma_2 = \alpha d_2 / \sqrt{n}$$

$$\vec{e}_1 = (\vec{P}_2 - \vec{P}_1) / |\vec{P}_2 - \vec{P}_1|$$

$$\vec{e}_1 \perp \vec{e}_2, \quad (i \neq j), \quad (i, j = 1, \dots, n)$$

ここで, n は次元数, \vec{P}_1, \vec{P}_2 は親個体, \vec{C}_1, \vec{C}_2 は子個体, d_1 は両親間の距離, d_2 は第3の親個体と両親を結ぶ軸との距離を表し, N は, 平均値 μ , 標準偏差 σ の正規分布に従う乱数を

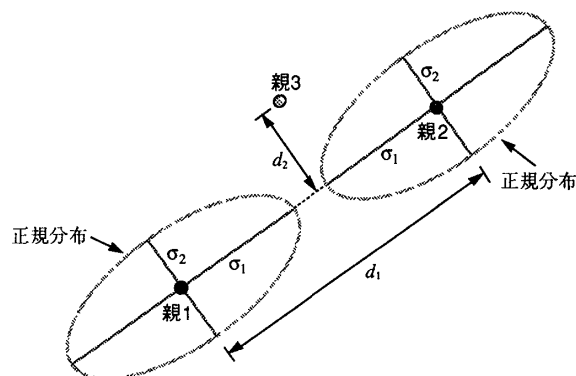


図 A.1 NDX (2 変数の場合)

表す。また、 α はユーザが与える定数である。

NDX は、親個体が表現型空間において離れて存在している場合には子個体を表現型空間において広い範囲に生成し、親個体が近くに存在している場合には子個体を両親に近い狭い範囲に生成する。両親を結ぶ軸の周辺に正規分布に従って子個体を生成することから、両親を結ぶ軸から遠く離れた領域に子個体を生成する確率が低く形質遺伝性に優れていると考えられる。変数間に依存関係がある関数、特に最適解へ続く座標軸に対して平行でない谷（最小化の場合）が存在する関数の最適化においても、谷に沿って子個体を生成することが可能であり、効率良く探索を進められると考えられる。

——著 者 紹 介——



佐藤 浩(正会員)

1992 年慶應義塾大学理工学部物理科卒業。1994 年東京工業大学大学院総合理工学研究科修士課程知能科学専攻修了。1997 年、同大学院博士課程修了。工学博士。現在、大阪府立大学総合科学部数理・情報科学科助手。人工知能、進化型計算の研究に従事。
<satoh@fe.dis.titech.ac.jp>

小野 功(学生会員)は、前掲 (Vol.12, No.1, p.110) 参照。

小林 重信(正会員)は、前掲 (Vol.12, No.1, p.89) 参照。