

○渡辺 久晃 (北大院) 嘉数 侑昇 (北大工)

## 要旨

遺伝的アルゴリズムの一般的な枠組みでは、多峰性問題に対して最適解が複数存在してもどれか1つしか探索できない。実際の探索を考えると、得られた解の有効性を確かめるために他の局所解との比較が必要となってくる。そこで、ここでは複数の局所解を同時に探索することを目的とし、スキーマを利用した適応的な探索領域分割手法を提案する。計算機実験によって提案手法の有効性を検討する。

## 1 はじめに

遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithms, GAs) は、最適化問題に高い能力を発揮することが知られているが、これまでに問題点もいくつか指摘され、そのうちの1つに多峰性問題がある。

単純 GA では、初期収束や遺伝的浮動<sup>[1]</sup>のために、簡単な双峰関数の場合でもどちらか一方に収束してしまい、厳密な最適解を見つけることは困難であると言われている。実際の探索を考えると、得られた解の有効性を確かめるために他の局所解との比較が必要となってくる。

この問題に対して、ニッチと種の分化の概念を取り入れた手法<sup>[2]</sup>が提案されているが、探索を行う前にあらかじめ分割範囲を定めなければならないなどの問題がある。

そこで本研究では、適応的に領域分割を行う手法を提案し、計算機実験によってその有効性を確かめる。

## 2 提案手法

本章では提案手法の概説をする。

初期段階では、集団 (POP) が収束するまで最適解を探索する。それから、ある世代で収束判定条件を満たしたとき、スキーマの抽出を行う。スキーマは、その時点での解となるストリングと、そのストリングと類似度が高いストリングをすべて含み、探索空間においてある局所領域を表すものとなる。

次世代以降の POP において、すでに抽出されたスキーマに含まれるストリングが現れた場合はそれを死滅させる。これにより、1度探索した局所領域を再び探索せずに、別の局所解を探索することができる。すなわち、スキーマの抽出は探索領域の分割に相当する。

抽出したスキーマのオーダが大きいと、同じ局所領域を示すスキーマができてやすくなる。そこで、類似度

の高いスキーマがいくつかできた時点で、スキーマの統合を行う。

ただし、ここにおける POP の操作法は、エリート保存およびユニーク化 (重複を許さない選択) を行い、POP のストリングが減った場合は新たに生成したストリングを加える。

以降、スキーマの抽出と統合について説明する。

## 2.1 スキーマ抽出

$N$  を集団サイズ、 $S_i$  を  $i$  番目のストリングとすると、集団 (POP) は、

$$POP = \{S_i \mid i = 1, \dots, N\}, \quad (1)$$

で表される。ストリングは  $\{0, 1\}$  の2値で構成されている。このとき、 $D$  をハミング距離を表す関数、 $F$  を評価関数、 $L$  をストリング長、 $S_{max}$  は最大評価値をもつストリングとして、POP の収束の判定条件を次式のように設定する。

$$\begin{aligned} SUBPOP &= \{S_\lambda \mid S_\lambda \in POP, \lambda \subseteq \{1, \dots, N\}, \\ &D(S_{max}, S_\lambda) / L \leq K_D \\ &F(S_\lambda) / F(S_{max}) \geq K_F\}, \quad (2) \\ |SUBPOP| &\geq 2K_D L. \quad (3) \end{aligned}$$

ここで、 $K_D$  ( $0 < K_D < N/2L$ )、 $K_F$  はしきい値である。

(2)、(3) 式の条件を満たしたとき、SUBPOP のストリングにより、次式にしたがってスキーマを抽出する。

$$H_{n,l} = \begin{cases} 0 & : r_l = 0 \\ 1 & : r_l = |SUBPOP| \\ * (\text{don't care}) & : \text{otherwise,} \end{cases} \quad (4)$$

where  $r_l = \sum_{\lambda \in SUBPOP} S_{\lambda,l}$ .  
ここで、 $S_{\lambda,l}$  は  $\lambda$  番目のストリングの  $l$  番目のビット値、

$H_{n,l}$ は  $n$  番目に抽出するスキーマの  $l$  番目のビット値である。抽出したスキーマは、分割した局所領域を示すものとなる。

## 2.2 スキーマの統合

ある1つのスキーマを基準にスキーマ間のハミング距離(どちらか一方でも\*があるところは0とする)を計算し、

$$HP^i = \{H_\lambda | D_H(H_i, H_\lambda) \leq 1, \lambda \in \{1, \dots, N_H\}\}, (5)$$

$$|HP^i| \geq 5, (6)$$

を満たしたとき、集合  $HP^i$  のスキーマにより統合スキーマを抽出する。ここで、 $HP^i$  は  $i$  番目のスキーマ  $H_i$  を基準にしたときの集合、 $D_H$  はスキーマ間のハミング距離関数、 $N_H$  はスキーマ数である。

統合スキーマ  $UH$  の抽出は次式で行う。

$$UH_i = \begin{cases} 0 & : \text{num}0_i \geq 0.8|HP^i| \\ 1 & : \text{num}1_i \geq 0.8|HP^i| \\ * & : \text{otherwise,} \end{cases} (7)$$

ここで、 $\text{num}0_i$  は  $i$  番目のビットにおいて値が0であるスキーマの数、同様に  $\text{num}1_i$  は値が1であるスキーマ数である。

統合スキーマは、基準スキーマ  $H_i$  と交換し、 $HP^i$  のスキーマは、オーダが統合スキーマより大きく、統合スキーマに含まれるならば消去する。

以降の世代で統合スキーマが基準となる場合は、式(5)において  $D_H = 0$  とする。これにより、オーダの小さいスキーマの誤った統合を避ける効果がある。

また、オーダがあまりにも小さいスキーマができるとすべてのスキーマを統合するため、抽出されたスキーマのオーダ  $O(UH)$  が、

$$O(UH) \leq 0.8L (8)$$

であると、抽出を取り消す。この操作は、POPからスキーマを抽出するときにも同様に行う。

## 3 計算機実験

提案手法の有効性を確認するため、次の関数で実験を行った。

$$F(x) = \sin^6(32\pi x + 1) \sin^{\frac{1}{6}}(4.5\pi x) (9)$$

なお、30ビットの2進数を正規化してコーディングを行い、集団サイズは20、交叉率は60%とし、突然変異は行わない。

提案手法のパラメータを、 $K_D = 0.1$ 、 $K_F = 0.9$  としたときの探索結果を図1に示す。また、 $K_D = 0.3$ 、 $K_F = 0.0$  としたときの探索結果を図2に示す。ここで、黒丸は各スキーマを抽出したときの  $S_{max}$  の位置を表している。白丸はPOPの字符串の位置を表している。これより、複数の局所解が探索されていることが確認される。

実験より、目的とする探索領域の分割を行い、多峰性問題に対して複数の局所解を探索できることが確認できた。

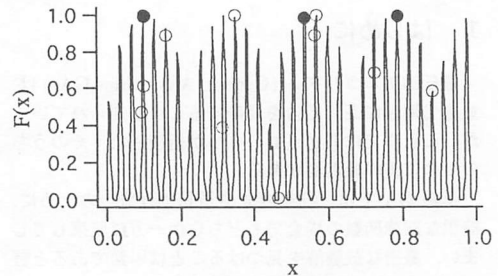


図1: 探索結果1 (generation = 1000)

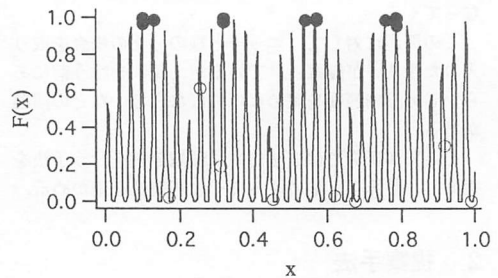


図2: 探索結果2 (generation = 1000)

## 4 おわりに

ここでは、多峰性問題に対して局所解を複数同時に探索するために、スキーマを用いた探索領域分割による手法を提案し、計算機実験によりその有効性を確認した。今後の課題として、実際的な問題への適応評価を行い、有効性を検討する必要がある。

## 参考文献

- [1] J.F. Crow : Basic Concepts in Population, Quantitative, and Evolutionary Genetics, W.H. Freeman and Company (1986).
- [2] D.E. Goldberg, J. Richardson : Genetic Algorithms with Sharing for Multimodal Function Optimization, ICGA'87, pp41-49.