

M3 部品集団を保持する GA について

平井聡一郎

新潟大学大学院自然科学研究科

元木達也

新潟大学工学部

1 はじめに

通常、遺伝的アルゴリズム (GA: Genetic Algorithm) では1つの集団内で個体同士の交叉・突然変異などの遺伝的オペレータが適用され、進化が進んでいく。例外として複数の集団を生成し、並列的に進化を行う島モデル GA などがあるが、これは複数の集団が同様に進化をしていくものであった。しかし、Simoes と Costa[1] は解候補の集団の他に gene segment pool と呼ばれる部品集団を保持することで通常の GA よりも優れた結果を出せることがあると報告している。

本研究では Simoes と Costa[1] の部品集団を保持するという考え方を参考にし、また彼らのモデルの疑問点を解消することによって Donor-Recipient モデルを考案した。このモデルは進化の中心となる Recipient 集団と、Recipient 集団の進化がうまく進むように補佐をする Donor 集団の2つを考え、進化させるというモデルである。本研究では、この Donor-Recipient モデルの有効性・特徴を把握し、考察する。

2 transformation モデル

Simoes と Costa[1] はバクテリアが環境の中に出来た部品を取り込む transformation と呼ばれる操作を通して進化しているのに目を付け、それを模倣した進化計算モデルを考案した。そして、この transformation モデルを最適なパラメータで使用すると1点交叉や一様交叉を用いたものより優れた結果がでると報告した [2]。transformation モデルは通常の解候補の集団の他に Gene segment pool と呼ばれる集団を用いる。transformation 操作では、まず解候補の個体の中から遺伝子座をランダムに選び、その場所から先を gene segment pool からランダムに選択された遺伝子列 (ビット列) に書き換える (図 1)。Gene segment pool は前世代の個体から取り出させた遺伝子の一部分を集めた集団で、毎世代 30% はランダムに生成し直す。残りの 70% は旧集団の個体から固定長の遺伝子情報をランダムに取り出して保存する。

3 Donor - Recipient モデル

transformation 操作においては、Gene segment pool に蓄えられた遺伝子の位置情報が無視されてい

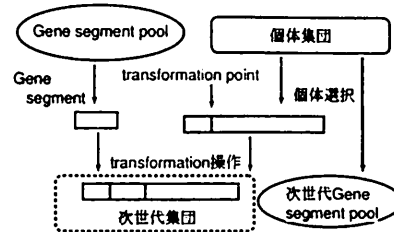


図 1: transformation 操作と世代交替

る。この事を考え、遺伝子の位置を考えた Donor-Recipient モデル (DR モデル) を考案してみた。DR モデルでは、解候補の集団であり遺伝子を受け取る集団を Recipient 集団とし、Recipient 集団の進化を補佐し、遺伝子を供給するパーツの集団を Donor 集団として、同時に進化を行う。交叉は、Donor 個体に Recipient 個体の情報を上書きすることにより行う。DR モデルは次の点で transformation モデルと異なる。

- 各パーツ (Donor) 個体は解候補 (Recipient) 個体のどの部分に組み込まれるか固定されている。
- パーツ集団内でも遺伝子操作を行う。

実験 3.1 DR モデルの特徴・性能を確かめるための実験を行った。Recipient 個体の染色体の左側部分、中央部分、右側部分のパーツを供給する3つの Donor 集団を考える。個体の遺伝子長は問題によって変わるが、Donor 個体の遺伝子長は Recipient 個体の3分の1程度に設定した。関数最適化問題では Recipient 個体は1次元 21 ビット、それぞれの Donor 個体は9ビットとした。交叉では Recipient 個体を1個体、それぞれの Donor 集団から Donor 個体を1個体ずつ合計3個体を選択する。そして Donor 個体が Recipient 個体の担当する遺伝子座を上書きし、子を1個体生成する。この操作を選択された Donor 個体それぞれで行い、子を3つ生成し、生成した子の中で一番良い適応度を持つ個体を次世代の Recipient 個体として残すものとした。また、Donor 集団はそれぞれの Donor 集団内で交叉・突然変異が行われ、次世代へと進化していく。Donor 個体は Recipient 個体とは異なる評価方法が必要となるが、評価方法はそれぞれの Donor 集団1つずつを組み合わせて個体を作り上げ、その適応度で評価を行っ

た。

具体的な実験は関数最適化問題とナップサック問題に対して行い、エリート戦略を用いたGAとtransformationモデルとの比較を行った。図2は10次元Schwefel関数を最小化する問題、図3は10次元Griewangk関数を最小化する問題、図4はナップサック問題での実験結果である。

考察 DRモデルは問題を幾つかに分割し、各々を最適化するという探索になるので、図2のSchwefel関数のように分離可能な問題にはうまく動作する。しかし図3、図4を見ると、一般的にはDRモデルは中盤からの進捗が停滞するという傾向が見られる。これは中盤からはDonor集団とRecipient集団の両方から良い個体を選ばなければならない、また2つの集団のどちらか一方でも収束してしまうと適応度が改善されにくくなるためだと考えられる。個体の変化が3分の1と固定されていて変化箇所が決まってしまうためだとも考えられるので、これらの問題点を改善する必要がある。

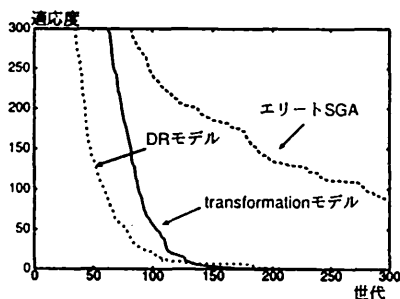


図 2: 10次元 Schwefel 関数

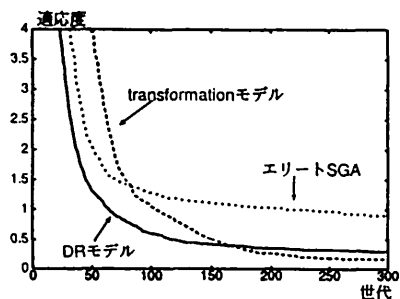


図 3: 10次元 Griewangk 関数

4 Donor-Recipientモデルの改善

本報告では transformation モデルを参考にした Donor-Recipient モデルの紹介と実験結果を載せた。

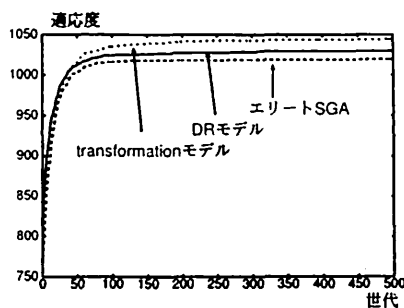


図 4: ナップサック問題

その後、Donor 集団の遺伝子位置を3節のように3ヶ所と固定せず、Donor 個体それぞれごとに位置情報を持たせて実験を行っている。これにより遺伝子の変化箇所が固定されないため、中盤からの進捗が改善されると考えられる。

transformation モデルの特徴は t 世代の遺伝子情報と t+1 世代目の個体、の合わせて2世代分の情報を使って進化を行っている事である。また Gene segment の取り出し方の幅広さのため部品集団の多様性が保たれている事が利点だと思われる。このような特徴・利点を DR モデルに組み込んでいきたいと考えている。

また、transformation モデルは gene segment pool の世代交替の際、どのように集団から segment を取り出しているのかが不明確であるので、そこも考えていきたい。このようなところをを解消しつつ優れた点を考察し、自分のモデルとの比較、そして特徴・有効性などを検証していきたいと考えている。

参考文献

- [1] Anabela Simoes, Ernesto Costa, "On Biologically Inspired Genetic Operators: Transformation in the Standard Genetic Algorithm", *Proceedings of the genetic and Evolutionary Computation Conference*, 2001, pp.584-591
- [2] Anabela Simoes, Ernesto Costa, "Parametric Study to Enhance Genetic Algorithm's Performance when Using Transformation", *Proceeding of the genetic and Evolutionary Computation Conference*, 2002, p.697
<http://eden.dei.uc.pt/~ernesto/EvoCo/papers/2002/Gecco02.par.pdf>