

# 遺伝的アルゴリズムにおける最良組合せ交叉

吉田 純一<sup>†</sup>, 三木 光範<sup>††</sup>, 廣安 知之<sup>††</sup>, 坂田 善宣<sup>‡</sup>

<sup>†</sup> 同志社大学大学院    <sup>††</sup> 同志社大学工学部    <sup>‡</sup> 同志社大学工学部 (学)

遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithms :GA) による探索において, 交叉は非常に重要な役割を果たす. 本論文では, 2つの親個体から 1点交叉 (1X) によって生み出さるすべての個体のうち, 最も適合度の高い個体を子個体とする最良組み合わせ交叉 (BCX) を提案する. 提案する交叉法を 4つの代表的なテスト関数に適用した結果, 良好な性能を示した. また, 1X と BCX を用いる GA の探索領域の違いに注目し, それぞれの探索メカニズムの違いについて検討を行うことで BCX の有効性を示す.

## Best Combinatorial Crossover in Genetic Algorithms

Jun-ichi YOSHIDA<sup>†</sup>, Mitsunori MIKI<sup>††</sup>, Tomoyuki HIROYASU<sup>††</sup>, and Yoshinobu SAKATA<sup>‡</sup>

<sup>†</sup> Graduate School of Engineering, Doshisha University

<sup>††</sup> Knowledge Engineering Dept., Doshisha University

<sup>‡</sup> Undergraduate student, Doshisha University

Crossover plays very important role in Genetic Algorithms (GA). In this paper, we propose Best Combinatorial Crossover (BCX), which generates all possible children from parent individuals using 1-point crossover (1X), and selects two of the best children. The proposed crossover operator is evaluated with four standard test functions, and is shows good performance. The differences of the search mechanisms between GAs using 1X and BCX are clarified from the point of their global and local search abilities.

### 1 はじめに

遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithms : GA) は生物の進化を模倣した確率的な最適化アルゴリズムである<sup>1)</sup>. 一般に, GA による解探索に用いられる2つのオペレータは交叉と突然変異である. なかでも交叉は GA の探索における中心的なオペレータであると考えられてきた. これは, 交叉によって親個体のもつ形質を組み合わせることで, より適合度の高い個体が生まれ, これを繰り返すことで最適解に近づくという「ビルディングブロック仮説」に基づくものである.

効率よく探索を進めるためには親個体のもつ良好なスキーマを破壊することなく, うまく組み合わせることが重要であるが, 従来の交叉法では必ずしもそのメカニズムがうまく働いているとはいえない<sup>2)</sup>. そこで本論文では, 1点交叉を基にして, 2つの親個体から生成され得るもっとも良好な (適合度の高い) 個体を生み出すことのできる最良組み合わせ交叉 (Best Combinatorial Crossover: BCX) を提案する.

### 2 最良組合せ交叉

本論文で提案する最良組み合わせ交叉 (BCX) のねらいは, 両親のもつ形質を最大限に利用して適合度の高い個体を確実に生成することにある. BCX ではまず, 親個体から 1点交叉によって生成される全ての子個体を評価する. 本論文ではこのプロセスで生成される個体に親個体を加えたものを候補個体と呼ぶことにする. 候補個体のうち適合度が最も高い2個体を子として採用する. したがって, 確率的な要因に左右されることなく適合度の高い個体を生成することが可能であり, 両親の持つスキーマのうち最も有効なものを組み合わせることができる. BCX の候補個体には親個体も含まれるため, 交叉による適合度の改悪はない.

BCX のメカニズムを分かりやすくするために, 親個体が 11111 と 00000 の場合の BCX の例を図 1 に示す. 図のように, すべての個体を評価するために交叉点を 1ビットずつシフトさせて 1点交叉を行い, そこで生成される子のなかで適合度の高い2個体を子とする.

このとき, 親個体の染色体に共通部分がある場合に全てのビット間で交叉を行うと, 同じ個体が

複数生成され冗長である．そこで，BCX ではあらかじめ両親の染色体を検査し，交叉点を限定することによって同一個体が複数個生成されるのを禁止している．

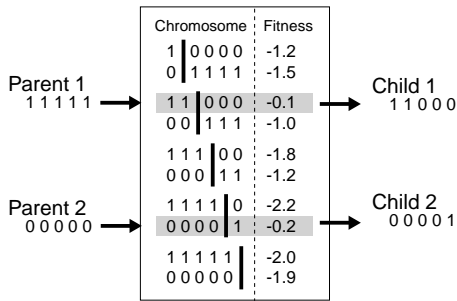


図 1: 最良組合せ交叉 (BCX)

## 2.1 対象問題

本論文で対象にする関数は Rastrigin, Schwefel, Griewank, Ridge の 4 つの代表的なテスト関数である<sup>3)</sup>．これらの関数のうち，Rastrigin 関数および Schwefel 関数は設計変数間に依存関係はない．Griewank 関数は設計変数間に中程度の依存関係を有する．Ridge 関数は，設計変数間に強い依存関係を有する．いずれも大域的最適解は 0 である．

本論文における数値実験では，染色体のビット長  $L$  を 100 bit (1 設計変数 10 bit) とした．また，選択オペレータはルーレット選択であり，エリート保存戦略を用いた．

## 2.2 BCX の適用

BCX を前節で述べた 4 つのテスト関数に適用し，解探索能力を検討する．単一母集団の GA (Single Population GA: SPGA) と島モデルの分散 GA (Distributed GA: DGA)<sup>4)</sup> において BCX と 1X を用いて数値実験を行った．分散 GA は，GA の並列分散モデルのひとつである．複数のサブ母集団を持ち，各サブ母集団ごとに独立に遺伝的操作を行い一定期間ごとに異なるサブ母集団間で移住と呼ばれる個体の交換を行う．この結果としてすべての個体が一つのサブ母集団を形成するよりも多様性が大きくなり，より効率的な探索を進めることが可能である<sup>5)</sup>．

本研究で用いたパラメータは以下の通りである．母集団サイズは 400，交叉率は 1.0，突然変異率は  $1/L$ ，並列分散 GA のサブ母集団数は 8，移住間隔は 5 世代，移住率は 0.5 とした．2000 世代における適合度と評価計算回数を表 1 に示す．2000 世代までに最適解を発見できた場合は最適解発見世代 (#) を示している．なお，表 1 の値はすべて 20

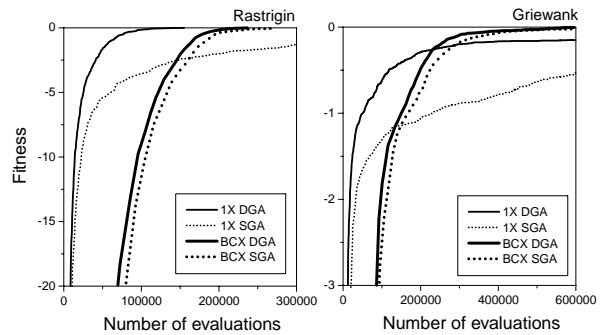


図 2: 評価計算回数と適合度の推移 (Rastrigin / Griewank)

試行の平均値である．表に示すように，SPGA で 1X を用いた場合にはすべての関数で最適解を得ることができなかったのに対し，BCX ではすべての関数で最適解が得られた．DGA においても，1X では Griewank 関数と Ridge 関数で最適解は得られなかったが，BCX ではすべての関数で最適解が得られた．

世代数と評価計算回数に注目すると，BCX では非常に少ない世代数で最適解を発見しているにもかかわらず，評価計算回数が大きい．これは 1 回の交叉につき候補個体の数だけ子を生成し，評価計算を行っているためである．評価計算回数で比較した場合にも DGA の Rastrigin 関数と Schwefel 関数以外では BCX の方が少ない評価計算回数で最適解を得ていることが分かる．

評価計算回数と適合度の関連に注目するために，Rastrigin 関数と Griewank 関数における評価計算回数に対する適合度の推移を図 2 に示す．探索の序盤では 1X の方が良好な性能を示すが，Griewank 関数では中盤以降に停滞してしまう．一方 BCX では，母集団内の多様性が大きいときには候補個体の数が多くなるために序盤の立ち上がりは遅いものの，後半では局所解に陥ることなく最適解を発見することができる．

## 3 BCX の解探索能力

前節で述べたように，BCX は 1X と比較して非常に高い解探索能力を持つ．本節では，なぜ BCX が高い解探索能力を持つのかという点について検討を行う．

### 3.1 探索領域の違い

BCX では 100 bit の染色体を用いる場合，1 回の交叉で最大 200 個体を生成し評価する．この評価計算回数は通常の 1X の 100 世代分に相当する．

表 1: 2000 世代における適合度と評価計算回数 (#は最適解発見世代)

	DGA		SPGA	
	1X	BCX	1X	BCX
<b>Rastrigin</b>	# 426 (171,228)	# 38 (251,528)	-0.13309 (739,521)	# 36 (276,927)
<b>Schwefel</b>	# 444 (178,568)	# 36 (237,778)	-0.11786 (649,001)	# 36 (266,200)
<b>Griewank</b>	-0.14975 (800,000)	# 137 (794,261)	-0.52858 (800,000)	# 121 (685,535)
<b>Ridge</b>	-0.39375 (800,000)	# 125 (731,049)	-62.875 (800,000)	# 165 (990,496)

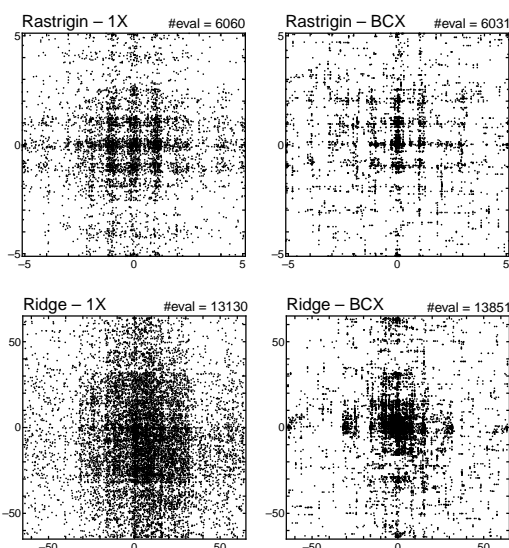


図 3: BCX と 1X の探索領域の違い (Rastrigin / Ridge)

したがって、評価計算回数が同じ場合の BCX と 1X の性能を比較する必要がある。1X と BCX の探索領域を比較するために、個体数 500 の SPGA において 2 変数のテスト関数を用いて実験を行った。その他のパラメータは 2.2 節と同様である。評価計算回数をほぼ一定にした場合の 1X と BCX の探索領域を図 3 に示す。

BCX の方は最適解付近を重点的に探索しているのに対して、1X では広範囲な領域を探索しており効率が悪い。比較的簡単に最適解が求められる Rastrigin 関数では 1X と BCX の差は少ないが、Ridge 関数においてこの差は顕著である。このため、評価計算回数は同程度でも探索結果に表 1 に示すような差が生じる。

BCX は 2 つの親個体から複数の個体を生成し、その中で最も適合度の高い 2 個体を選択する。すなわち、BCX の動きには次の 2 つの側面がある。

- ・両親から生み出し得るすべての個体の評価
- ・候補個体からの最良個体の選択

次節では、それぞれが GA の解探索性能に与える影響を検討する。

### 3.2 候補個体の数の影響

BCX では、1 点交叉によって生成され得るすべての個体を候補個体として評価しそれをもとに子個体を選択している。特に母集団内の多様性が高い探索の序盤には生成される候補個体の数多く、これが大域的な探索を可能にしている。

このように複数の候補個体を生成することが BCX の高い解探索能力の一因であることは明らかである。ここでは候補個体の数が解探索能力に及ぼす影響を検討する。2.1 節の関数に対する実験の結果を図 4 に示す。パラメータは 2.2 節と同様である。

いずれの関数でも、ある程度までは候補個体の数を増やした方が高い性能を示している。Rastrigin 関数の場合、候補個体が 10 以上の場合には序盤の計算コストが大きくなるため効率が悪い。一方、Griewank 関数では BCX が最終的に最も計算コストが小さくなった。このことから、通常の 1X を 1 回だけ行うよりは同じ親個体が複数回交叉して (候補個体を生成して) その中で優れた個体を選ぶという戦略の方が有効であるといえる。GA にとって解きやすい問題では BCX のように、可能な限りすべての候補個体を生成するのは計算コストが高すぎる。しかしながら、実問題を対象にする場合には、設計変数間に依存関係のない単純な問題は少ないため、BCX の方がよりロバスト性が高いといえる。

### 3.3 候補個体からの最良個体の選択

BCX では、候補個体に親個体も含むため交叉による適合度の改悪はない。しかしながら、一般に改悪を認めないアルゴリズムは局所解に陥りやすいと考えられる。そこで、本節では、1 点交叉において親個体と子個体の 4 個体から子個体を選択し

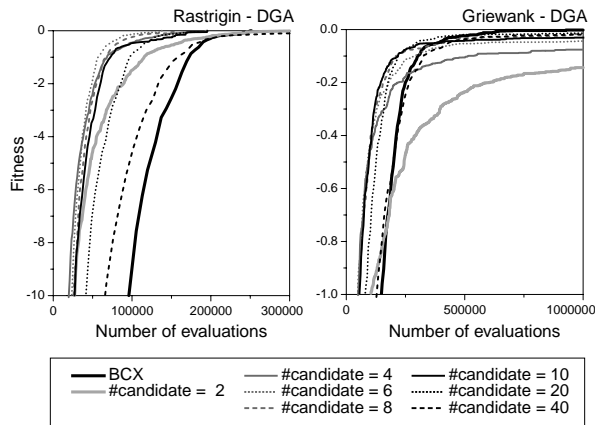


図 4: 候補個体の影響 ( Rastrigin / Griewank )

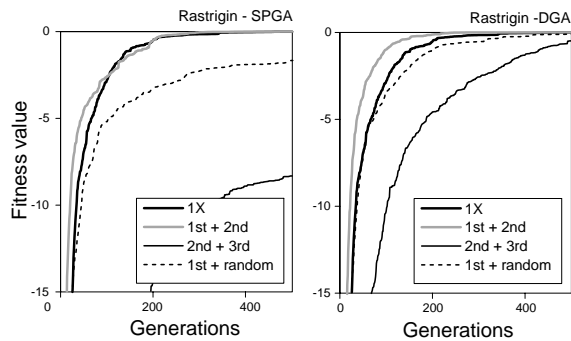


図 5: 親子間の選択による影響

た場合の影響について検討する。4 個体のうち上位 2 個体を採用する場合、2 位と 3 位を採用する場合、最良個体とランダムに選んだ 1 個体を採用する場合の 3 通りについて 2.1 節のテスト関数でその影響を比較する。

図 5 に示すように、上位 2 個体を採用する場合が SPGA, DGA のいずれにおいても良好な性能を示した。DGA で性能が特に良いのは DGA の解探索メカニズムが SPGA とは異なるためである<sup>6)</sup>。この結果は Thierens<sup>7)</sup> の研究結果を支持するものである。彼は、親と子と比較し良いものが次の世代の母集団に加わる Elitist Recombination ( ER ) モデルという世代交代モデルを提案した。

親子間の生存競争による改悪の禁止は、山登り法や傾斜法のように 1 点の情報をもとに行う探索とは異質のものである。このため、改悪を禁止しても大域的な探索能力が失われるわけではない。

#### 4 BCX の拡張

BCX は交叉オペレータでありながら、個体の評価と選択を含んでいる。したがって、ルーレット

選択などの選択オペレータを用いなくとも解探索を行うことが可能である。この場合、BCX は一種の世代交代モデルとしての役割を担うことになる。BCX を世代交代モデルとして見た場合には、山村らが提案する MGG ( Minimal Generation Gap ) モデル<sup>8)</sup> によく似たものになる。MGG は母集団内からランダムに親個体を選び、複数の子を生成して最良個体ともう 1 個体を子として採用するという世代交代モデルである。

#### 5 おわりに

単一母集団の GA と分散 GA において、本論文で提案した最良組合せ交叉 ( BCX ) を代表的なテスト関数に適用した結果、良好な性能を示した。また、BCX による解探索メカニズムについても検討を行った。

#### 謝辞

なお、本研究の遂行に当たり、平成 10 - 11 年度文部省科学研究費補助金 ( 基盤研究 C ) 「適応的分散遺伝的アルゴリズムに基づく構造システムの最適化」( 課題番号: 10650104 ) に関わる研究費を用いた。ここに記して謝意を表す。

#### 参考文献

- 1) D.E.Goldberg. *Genetic Algorithms in Search Optimization and Machine Learning*. Addison-Wesley, 1989.
- 2) Annie S. Wu, Robert K. Lindsay, and Rick L. Riololo. Empirical observation on the roles of crossover and mutation. *Proc. 7th International Conference on Genetic Algorithms*, pp. P.362-369, 1997.
- 3) D. Whitley, K. Mathias, S. Rana, and J. Dzubera. Building better test functions. *International Conference on Genetic Algorithms*, 1995.
- 4) Reiko Tanese. Distributed genetic algorithms. *Proc. 3rd International Conference on Genetic Algorithms*, pp. P.434-439, 1989.
- 5) 三木光範, 廣安知之, 畠中一幸, 吉田純一. 並列分散遺伝的アルゴリズムの有効性. 日本計算工学会論文集 2000 年号, 2000. Paper No.20000038.
- 6) 三木, 廣安, 吉田, 大向. 並列分散遺伝的アルゴリズムにおける最適な交叉スキーム. 数理モデルと問題解決シンポジウム論文集, pp. 49-56, 2000.
- 7) Dirk Thierens. Selection schemes, elitist recombination, and selection intensity. *Proceedings of the 7th International Conference on Genetic Algorithms*, pp. 152-159, 1997.
- 8) H. Satoh, M. Yamamura, and S. Kobayashi. Minimal generation gap model for gas considering both exploration and exploitation. *Proceeding of IIZUKA '96*, pp. 494-497, 1996.

出典：

情報処理学会研究報告 Vol.2000, No.85

ISSN 0919-6072, pp. 41-42

(2000年9月第31回MPS研究会講演論文)

問い合わせ先：

同志社大学工学部/同志社大学大学院工学研究科

知的システムデザイン研究室

(<http://mikilab.doshisha.ac.jp>)