

論 文

動的環境に対処するための遺伝的アルゴリズムの制御方法

林 貴宏^{†,††} 木村 春彦^{††} 広瀬 貞樹^{†††}

Control Methods of Genetic Algorithms under Changing Environments

Takahiro HAYASHI^{†,††}, Haruhiko KIMURA^{††}, and Sadaki HIROSE^{†††}

あらまし 遺伝的アルゴリズム (GA) は、解の表現形式や評価方式に制約がないため広範囲な分野に適用可能であるが、静的環境を前提としたアルゴリズムであるため、適用可能な問題のクラスが限定されるという問題点がある。本論文では、この問題点を解消するために、動的環境型の問題に対処するための GA の制御方法を提案する。動的環境型の問題では、刻一刻と最適解が変化するため、その時々状況に応じて探索方針を変更していく機構が必要になる。このような機構の実現のために、遺伝子座の表現型に与える影響力と探索規模との関連に着目し、影響力の異なるそれぞれの遺伝子座に対し、対立遺伝子の遺伝子頻度を適切に制御することで探索規模の制御を行うことを考える。更に、特定の遺伝子座の影響力が、他の遺伝子座の値にも依存する場合を想定し、グループ化された複数の遺伝子座群を単位として遺伝子パターン頻度を制御することで探索規模を制御する方法を提案する。また、この制御機構を取り入れた新しいタイプの GA として、ブロック型遺伝的アルゴリズム (BGA) を提案する。更に、シミュレーション実験により従来手法との性能比較を行い、BGA の有効性を検証する。

キーワード 遺伝的アルゴリズム, 動的環境, 環境変動検知, 探索規模, 遺伝子間の相互作用

1. ま え が き

遺伝的アルゴリズム (GA) [1] は、生物の進化プロセスから着想された多点探索に基づく最適化手法である。解の表現形式や評価方式に制約がないため広範囲な分野に適用可能であり、これまでに多くの成果を挙げた [2], [3] が、いったん個体の適応度を計算する方式を決めると、実行中には変更が加えられないことから、変動しない探索空間 (静的環境) を前提とした最適化手法であると考えられる。しかし、現実世界には、環境変動要因を含む問題が多く存在するので、静的環境を前提としていることは実用上大きな制約となると考えられる。本論文では、この制約を解消するために、変動する探索空間 (動的環境) を扱うことがで

きる GA を提案する。

これまでに GA を動的環境に適応しようとした研究が報告されている [4]~[9]。従来研究では集団に多様性をもたせることで動的環境に対処しようとしたものが多い。集団に多様性を発生させる方法として、Grefenstette は集団の一部を毎世代ランダムに作り変える方法 [4]。Cobb は環境変動などによって最良個体の適応度が減少したときに一時的に高い突然変異率を適用する方法を提案している [5]。また、森らは遺伝子列の多様性を評価する項を適応度関数に追加し、解の探索と同時に多様性維持を行う方法を提案している [8], [9]。

集団の多様性は遺伝子型空間と表現型空間の二つの空間において定義できる。遺伝子型空間における多様性の評価にはハミング距離 [10], [11], 損失アレル [12], 情報エントロピー [13] などが使われ、表現型空間における多様性の評価には表現型値の分散値 [10] などが使われる。しかし、これら二つの空間における多様性は必ずしも対応しておらず、遺伝子型空間において多様性があると評価されても、表現型空間の多様性には反映されない場合があり、また、その逆の場合もあり得る。これは、すべての遺伝子座が表現型に対し必ず

[†] 石川工業高等専門学校電子情報工学科, 石川県
Department of Electronics and Information Engineering,
Ishikawa National College of Technology, Ishikawa-ken, 920-
0392 Japan

^{††} 金沢大学大学院自然科学研究科, 金沢市
Graduate School of Natural Science and Technology,
Kanazawa University, Kanazawa-shi, 920-8667 Japan

^{†††} 富山大学工学部知能情報工学科, 富山市
Faculty of Engineering, Toyama University, Toyama-shi,
930-8555 Japan

しも均質的な影響力をもっていないことに起因すると考えられる。環境変動に対応するためには表現型空間の多様性が重要とされる。しかし、GAが直接操作するのは遺伝子列（遺伝子型）であるため、表現型空間の多様性を直接コントロールすることは難しい。そのため、従来研究には遺伝子型空間における多様性維持により表現型空間での多様性発生を期待するものが多かった。しかし、二つの空間における多様性が必ずしも対応していないことから、表現型空間においてどの程度個体がばらつくかは実際に実行してみないとわからないといった問題がある。また、動的環境であっても環境が安定している状態が続く場合も考えられる。環境変動に対する追従性ばかりを意識して遺伝子型空間における多様性維持を重視しすぎると、有効なスキーマが形成されにくくなり局所探索性が低下するなどの問題点もある[14]。

本研究は、表現型空間における多様性（探索スケールと呼ぶ）を明示的に制御することで、環境追従性、局所探索性の向上を図り、動的環境における様々なシチュエーションに対処することを目標とする。探索スケールの明示的な制御を実現するためには、各遺伝子座の遺伝子が獲得形質にどの程度寄与するか（遺伝子座が表現型に与える影響力）を考慮することが不可欠と考える。そこで、本論文では、遺伝子座が表現型に与える影響力に着目し、環境の状態に応じて多様性制御する遺伝子座を適切に絞り込むことで探索スケールを明示的に制御するGAを提案する。また、探索スケール制御によって動的環境の各シーンで効果的な探索が行われることを確認するために行ったシミュレーション実験について述べる。

2. 動的環境におけるGAの制御方針

2.1 制御方針

本論文では、動的環境における効果的な探索を、環境変動が生じた場合速やかに環境に追従し、環境が変動せずに安定している場合局所的な探索に重点を置き解の質の向上を図るような探索と考える。しかし、環境追従性と局所探索性を同時に向上させることは困難である。なぜなら、環境追従性の向上には、探索空間の全域規模で個体を分散させる必要があるのに対し、局所探索性の向上には、探索空間の部分空間に限定して個体を分散させる必要があり、個体を分散させる規模が異なるからである。そこで本研究では、時点時点で環境変化の規模を検知し、状況に応じて探索スケール

を明示的に制御していきながら探索を進めることで動的環境における効果的な探索を実現することを考える。

探索スケールを制御するために、遺伝子座が表現型に与える影響力に着目する。大域的な探索スケールが必要なときは、影響力の大きな遺伝子座において、局所的な探索スケールが必要なときは、影響力の小さな遺伝子座において、また、中程度の探索スケールが必要なときは、影響力が中程度の遺伝子座において多様性制御を行いそれぞれの探索スケールを実現することを考える。

2.2 遺伝子座間の相互作用がある場合の制御

ところで、ある遺伝子座の表現型に与える影響力が、他の遺伝子座の値にも依存する（エピスタシスがある）場合がある[15],[16]。どの遺伝子座間で相互作用が生じるかは問題によって異なり、他の多くの遺伝子座に対し影響を与える遺伝子座もあれば、全く影響を与えない遺伝子座もある。このような場合遺伝子座を単位とした多様性制御では希望する探索スケールを実現できない場合がある。エピスタシスモデルとしてNKモデル[17],[18]が知られている。このモデルでは N 個の遺伝子座において、各遺伝子座が他の K 個の遺伝子座の影響を受けると仮定し、 K の変化による適応度ランドスケープの変化に関する考察を行っている。NKモデルではこれら K 個の遺伝子座のお互いの依存関係の有無について特に決められていない。本論文ではNKモデルの条件を制限し、自分自身を含め依存関係にある $K+1$ 個の遺伝子座は、お互いに影響を及ぼし合うがそれらの以外の遺伝子座に対し影響を与えない場合を想定する。このとき依存関係にある遺伝子座群があればこれらをグループ化する（本論文ではグループ化された遺伝子座群をブロックと呼ぶ）。このとき各ブロックは表現型に対し独立に影響を及ぼすため、各ブロックの影響力がわかれば、どのブロックで多様性を発生させれば希望の探索スケールを実現できるか推測できるため、探索スケールの制御が可能になる。ただし、ブロックの影響力が段階的に分類されるように遺伝子座がグループ化されていれば探索スケールが制御できるので、必ずしもブロックは依存関係にある遺伝子座群のみで構成されている必要はない。一般的に、ブロックはGAの実行前には発見できないのでテスト実行などの前処理によって同定することにする。

2.3 関連研究との比較

提案手法の特徴は、主に環境追従性と局所探索性の

向上の性能向上を図る点にある。これらの2点について従来研究との比較を行う。

これまでに環境追従性を向上させるために遺伝子型空間における多様性維持を行う手法が提案されている [8], [9]。この手法では GA の適応度評価の段階で、解の評価と同時に遺伝子型空間における多様性の評価を行い、解の質の向上と集団の多様性維持の双方を図っている。多様性を評価するための指標値としては情報エントロピーを用いているが、集団のエントロピーを遺伝子座ごとのエントロピーの総和として定義している点が特徴である。この方法では多数の遺伝子座の中のどの遺伝子座でも遺伝子が異なれば異なる種と考えることになる。また、遺伝子座の違いによる影響力の違いを考慮していないため、多様性維持によって表現型空間において適切な探索スケールが発生するかどうかは実行してみないとわからないといった問題点がある。一方、提案手法では遺伝子座による影響力の違いを考慮し、多様性制御を行う遺伝子座を状況によって変化させるため探索スケールの明示的な制御が可能である。

局所探索性を向上させるための方法として、優れた個体群に共通するスキーマ（共有スキーマ）を発見し、新しい世代を作る際にこれら共有スキーマを含む個体群をランダムで生成する手法 [19] などが提案されている。この手法では、共有スキーマにおいて値が決まっていない位置に対応する遺伝子がランダムで作成されるため、局所解付近で多様性が発生し、局所解（最適解）が得られる確率が向上する。一方、提案方式は局所探索の性能向上が必要な状況では、影響力の小さな遺伝子座において多様性制御を行うため、結果として局所解付近で多様性が生じる。このことから、局所探索の性能向上に関してその基本的な考え方は共有スキーマを用いる方法とあまり差がないと考えられる。しかし、提案手法は多様性制御を行う遺伝子座を変えることで局所探索に限らず様々な規模の探索を一般的に扱える点が利点となる。

3. ブロック型遺伝的アルゴリズム (BGA)

本章では、動的環境への対処を目的とした GA として、ブロック型遺伝的アルゴリズム (Block Genetic Algorithm: BGA) を提案する。BGA が対象とする問題は、バイナリーコーディングのように、各遺伝子座の表現型に与える影響力が環境によらず一定であるようなコーディング方法をとっている問題である。つ

まり、各遺伝子座の影響力が環境に依存して変化するような場合は取り扱わない。

BGA では、最初に、前処理によって遺伝子座の影響力を同定し、更に影響力によって各遺伝子座をグループ分け（ブロック同定）する。その後、同定されたブロックを用いて、探索スケール制御による動的環境への適応処理を行う。

3.1 前処理

探索スケール制御を実現するためには、遺伝子座をその影響力に応じてグループ分けしておく必要がある。しかし、遺伝子座の影響力はコーディング規則などの静的情報のみではわからない場合が多い。特に、エピスタシスが存在する場合、静的情報のみで影響力を解析することはほとんど不可能である。そこで GA をテスト実行して得られる動的情報を用いて影響力を解析する。本論文ではこのプロセスを前処理と呼ぶことにする。前処理では交叉時及び実行終了時に以下に示す処理を行うことで影響力に応じた遺伝子座のグループ分けを実現する。

[交叉時]

交叉によって子個体が生成された時点で、親子個体間で次式で定義される適応度差 d_f を計算する。

$$d_f = \left\lceil R \cdot \frac{|f_p - f_o|}{F_{max} - F_{min}} \right\rceil \quad (1)$$

ここで、 $[x]$ は x を下回らない最小の整数を表す。 R はブロック数（制御したい探索スケールの段階数）、 f_p は親個体の適応度、 f_o は子個体の適応度、 F_{max} 、 F_{min} は現在までに得られた最大適応度及び最小適応度である。 d_f は $0 \sim R-1$ の範囲の整数値をとる。

次に、親個体の遺伝子列 $p_1 p_2 \cdots p_L$ と子個体の遺伝子列 $o_1 o_2 \cdots o_L$ から差分遺伝子列 $d_1 d_2 \cdots d_L$ を以下の式に従い求める。

$$d_i (1 \leq i \leq L) = \begin{cases} 0 & (p_i = o_i \text{ のとき}) \\ 1 & (p_i \neq o_i \text{ のとき}) \end{cases} \quad (2)$$

差分遺伝子列とは親子個体間で遺伝子の値が異なる遺伝子座の情報を表す文字列である。遺伝子列がビット列で与えられている場合、差分遺伝子列は親個体と子個体の遺伝子列を各ビット位置において XOR 演算を行った結果に等しくなる。

親子個体間の適応度差と差分遺伝子列が求まったら、適応度差の大きさによって差分遺伝子列を R 種類に分けて記憶していく。

[テスト実行終了時]

テスト実行終了（一定世代経過）時，記憶されている各段階の差分遺伝子列の集合を解析し，1の値を多くとる位置を順に L/R 個調べる（ L は遺伝子列の長さ）．この L/R 個の遺伝子座が該当する適応度差を発生させる最も大きな要因と判断し，これらの遺伝子座群をグループ化しブロックとする．

前処理では各段階の影響をもった遺伝子座を同定するために，親子個体間で様々な適応度差を生じさせる必要がある．そこで，前処理では単純 GA ではなく，遺伝子型空間での多様性維持を行うシェアリング法 [10], [11] などを用いた方が様々な適応度をもった個体が生じる可能性があり効果的である．

3.2 動的環境への適応処理

前処理によってブロック同定が終了すると，次は，実際に動的環境への適応処理を行う．具体的な手順としては，従来の GA サイクルに加えて，各サイクルの最初に，(1) 各時点での環境変化状況を把握し，適切な探索スケールを決定する処理を行う．次に，目標の探索スケールになるように，個体の適応度評価や突然変異処理を工夫することで，(2) ブロックの影響を考慮した多様性制御を行う．また，エピスタシスに対処するために，(3) ブロック交叉と呼ばれる特別な交叉処理を行う．以下に (1)~(3) の各処理の詳細について述べる．

(1) 環境変化状況の把握と探索スケールの決定

目標とする探索スケールは，環境変動の発生を検知したとき，進化的停滞を検知したとき，局所解収束を検知したときに決定される．これら 3 種類の状態は次式で定義される指標値 r を用いることで検知できる．

$$r = \frac{g_{max}(t) - g_{max}(t-1)}{G_{max}(t) - G_{min}(t)} \quad (3)$$

ここで， $g_{max}(t), g_{max}(t-1)$ はそれぞれ世代 t 及び $t-1$ における最良個体の適応度， G_{max}, G_{min} はそれぞれ世代 t までに得られた最大及び最小適応度である．

r の値によって以下の三つの場合に分けて探索スケールを決定する．

(i) $r < 0$ のとき

一般に環境変動が発生すると集団の最良個体の適応度が低下するため $r < 0$ となる．このとき r の絶対値の大きさに応じて探索スケールを N 段階のいずれかに設定する（ r の絶対値が大きい程探索スケールが大きくなるように設定する）．

(ii) $r = 0$ のとき

集団の状態が局所収束の状態か進化的停滞の状態にある場合，解の改善が行われないので $r = 0$ となる．一定期間以上 $r = 0$ の状態が続くとこれらの状態に陥っている可能性がある．

局所収束は，集団が局所解に集中し表現型空間において多様性を失っている状態である．そのため，局所解から抜け出すために個体の存在する範囲を拡大する必要がある．そこで，探索スケールを現在よりも 1 段階大きく設定する．

進化的停滞は，表現型空間において多様性はあるが個体間で適応度に差がほとんどない状態である．この状態は，個体間に選択圧の差が生じずランダムサーチ程度の性能しかでないことが知られている [1]．そのため，有効なスキーマの獲得を促進させるため探索範囲を狭める必要がある．そこで，探索スケールを現在よりも 1 段階小さく設定する．

局所収束の状態と進化的停滞の状態の違いは表現型空間における多様性と考えられる．よって，表現型値の分散値等を調べることで両者の区別が可能である．

(iii) $r > 0$ のとき

解の改善が行われた場合 $r > 0$ となる．このときは探索スケールを変化しない．

(2) ブロックの影響を考慮した多様性制御

目標となる探索スケールが決定された後，その探索スケールを実現するため以下の手順に従って多様性制御を行う．

step 1.

制御したい探索スケールに対応した影響力をもったブロックの一つを選ぶ．例えば，広域的な探索スケールが必要な場合は影響力の大きなブロックを選択し，狭域的な探索スケールが必要な場合は影響力の小さなブロックを選択する．

step 2.

選ばれたブロック内での多様性を以下の (i), (ii) により発生させる．

(i) ブロック内の遺伝子座に対して突然変異率を制御し意図的に多様性を発生させる．ブロック内で遺伝子パターン i をもつ個体の，ブロック内の遺伝子座の突然変異確率 $p'_m(i)$ を次式のように設定する．

$$p'_m(i) = M(i) \cdot p_m \quad (4)$$

ここで， $M(i)$ は同一ブロックにおいて同じ遺伝子パターン i をもつ個体の数， p_m は通常の突然変異確率

である。

(ii) 選ばれたブロック内の多様性指標値を求め個体の適応度評価に採り入れる。個体の適応度は次式で定義される。

$$f = a_1 f_1 + a_2 f_2 \quad (5)$$

ここで、 f_1 は目的関数の値、 f_2 は多様性指標値である。 a_1 、 a_2 は f_1 、 f_2 のバランスをとるための係数である。選ばれたブロック内で遺伝子パターン i をもつ個体の多様性指標値 $f_2(i)$ は次式で定義される。

$$f_2(i) = \frac{1}{M(i)} \quad (6)$$

ここで、 $M(i)$ は同一ブロックにおいて遺伝子パターン i をもつ個体の数である。同じパターンをもつ個体が少ないほど f_2 は大きくなることになる。

(3) ブロック交叉

GAにおいて、交叉は親個体の形質の一部を子個体へ伝えるための重要な操作である。BGAにおいては、ブロック内の遺伝子はエピスタシスを考慮しているため相互に関連し合う可能性がある。交叉によってブロック内のパターンを破壊すれば、GAの効率的な動作に必要とされる形質保存がうまく作用しない可能性がある。そこで、BGAでは、ブロック単位で遺伝子の交換を行うブロック交叉と呼ばれる交叉方法を用いる。ブロック交叉ではマスクビット列と呼ばれるビット列を用いる。マスクビット列の長さはブロック数と同じ値である。マスクビット列は、交叉対象となる親個体のペアごとにランダムに作成される。このビット列の各ビット位置は各ブロックに対応しており、1の値をとるブロックが遺伝子の交換の対象となる。具体例として図1において、親個体 P_1 及び P_2 から子個体 C_1 及び C_2 が生成される様子を説明する。各遺

伝子座は1～3のいずれかのブロックに属しており、マスクビット列として010が与えられているとする。このとき遺伝子交換の対象となるブロックは、マスクビット列で1の値をとる位置に対応するブロック2である。そこで、 P_1 と P_2 のブロック2に属する遺伝子座の遺伝子を交換し、 C_1 及び C_2 が得られる。ブロック交叉によってブロック内の形質は損なわれずに次の世代に受け継がれる。

4. シミュレーション実験

本章では提案手法の有効性を検証するため2種類のシミュレーション実験を行った結果について示す。

4.1 実験1

実験1として、遺伝子座の影響力を考慮した場合としない場合において、多様性制御によってどの程度探索スケールがばらつくか測定する。

4.1.1 実験1の手順

実験では、(i) 多様性制御を行う遺伝子座を影響力の比較的大きな遺伝子座に限定した場合、(ii) 多様性制御を行う遺伝子座を影響力の比較的小きな遺伝子座に限定した場合、(iii) 多様性制御を行う遺伝子座を特に限定しない場合の三つの場合に分けて、それぞれ表現型空間においてどの程度の探索スケールが発生するかを測定する。

実験では10ビットのバイナリーコーディングされた遺伝子列をもつ個体を20個体用いる。(i)では10ビットのうち上位5ビットをランダムで決め、下位5ビットは0とする。(ii)では上位5ビットを0とし、下位5ビットをランダムで決める。(iii)は10ビットのうち任意の五つはランダムで決め、残りは0とする。この操作を(i)、(ii)、(iii)の各場合において乱数のシードを変えながら20000回行い、集団の情報エントロピー（遺伝子型空間における多様性）とそのときの探索スケール（表現型空間における多様性）の関係を測定する。

情報エントロピー H は次式で定義される。

$$H = - \sum_{j=1}^M p_j \log p_j \quad (7)$$

ここで M は遺伝子列が取り得るパターンの総数 ($M = 2^{10} = 1024$)、 p_j は遺伝子列パターン j が集団に占める割合である。

探索スケール D は表現型空間における個体の散らばり具合（標本標準偏差）を表し以下の式で定義する。

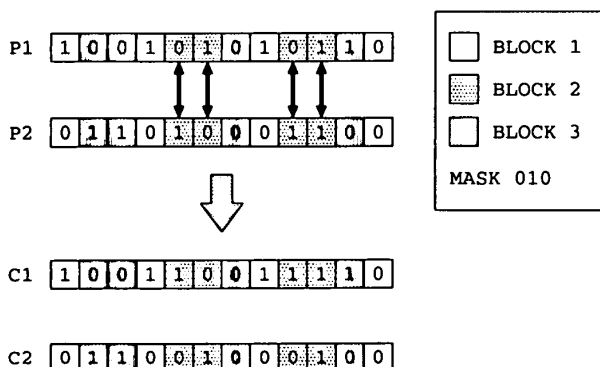


図1 ブロック交叉
Fig. 1 Block crossover.

$$D = \sqrt{\frac{1}{N} \sum_{i=1}^N (x_i - \bar{x})^2} \quad (8)$$

ここで N は遺伝子列の数 ($N = 20$), x_i は遺伝子列 i の表現型 ($0 \leq x_i \leq 1023$), \bar{x} は表現型の標本平均である。

情報エントロピー H と探索スケール D の関係として, H を一定範囲ごとに区切っていき, 各範囲に含まれるサンプルの D の平均 D_μ を求める。また, 各範囲に含まれるサンプルがどの程度ばらつくかを示すために D の標準偏差 D_σ を求める。

4.1.2 実験結果

実験の結果得られた H と D_μ 及び D_σ の関係を図 2 に示す。

図から探索スケールの平均値 D_μ は, (i) の場合は大きく, (ii) の場合は小さく, (iii) はその中間程度であることがわかる。しかし, (i) と (ii) は D_μ に対する D_σ の割合が小さく, 乱数のシードの違いによるばらつきが小さく探索スケールが安定していることがわかる。一方で (iii) は D_μ に対して D_σ が大きく乱数のシードの違いによるばらつきが大きい。このことから (i) や (ii) のように遺伝子座の影響力を考慮した場合は安定した探索スケールが実現できることがわかる。

4.2 実験 2

実験 2 として, 関数の形が時間とともに変化する動的な関数最適化問題を取り上げ, 実際に BGA を適用して BGA の性能を評価する。

4.2.1 実験 2 の手順

用いる関数は DeJong の F5 関数 [1] を改良したものであり, 以下の式で定義される。

$$F_1(x) = 1 - \left[1 + \sum_{j=1}^3 \frac{500}{500j + (x - a_j)^6} \right]^{-1} \quad (9)$$

式中の $a_j (1 \leq j \leq 3)$ は, 探索空間における三つの局所解の位置の座標であり任意に設定できる。関数の形状を図 3 に示す。ただし, 局所解の位置は時間とともに変化するの図で示した形状は一例である。この関数の最大値は 1, 最小値は 0 である。関数の定義域は $-51.2 \leq x < 51.2$ であり, a_j の値もこの範囲に設定する。実験では, 局所解の位置を一定時間ごとにランダムに変化させる。

最初に, BGA の前処理によって適切なブロックが

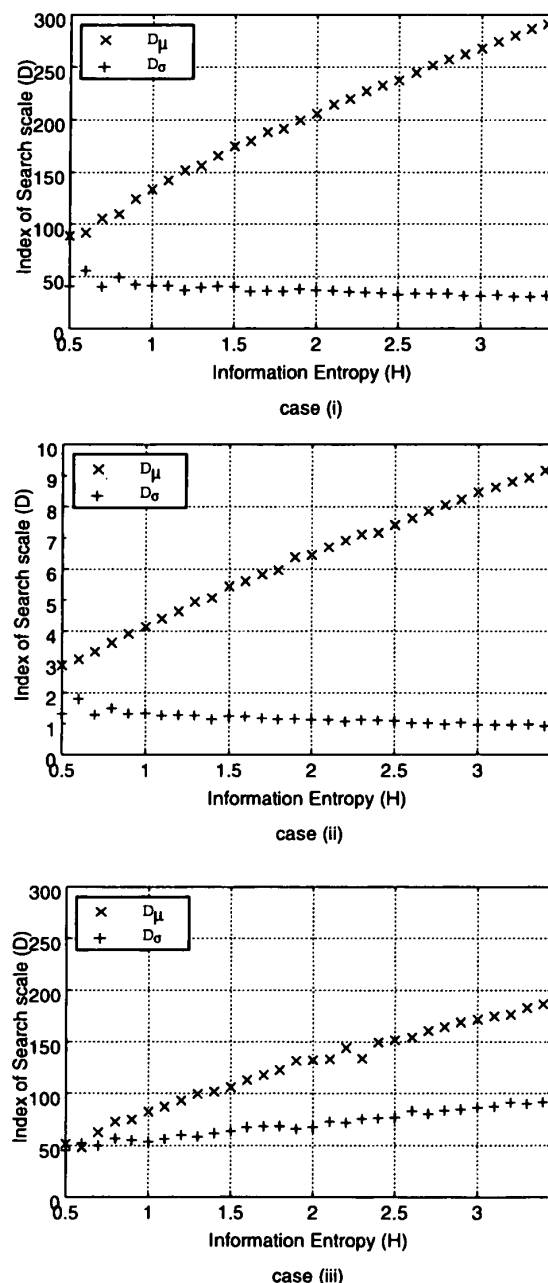


図 2 情報エントロピーと探索スケールの関係
Fig.2 Relations between information entropy and search-scale.

得られているか検証する。次に, BGA を用いたときの適応度変化を測定し環境追従性, 局所探索性に関する性能を検証する。その際, 単純 GA (SGA), シェアリング法を用いた場合と比較する。最後に, BGA の探索スケール制御が効果的に行われていることを実証するために, ブロックごとの情報エントロピーを測定する。

4.2.2 BGA の前処理の結果

本実験では, 遺伝子列を 2 進数として解釈するため前処理を行わなくても各遺伝子座の影響力は事前に判

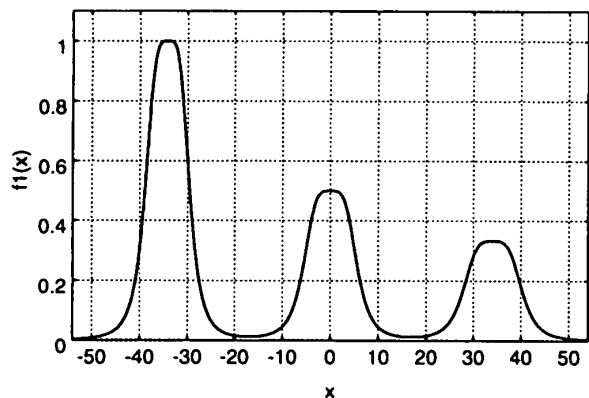


図3 シミュレーションで用いる関数の形状
Fig. 3 Form of the function used in the simulations.

表1 テスト実行で用いるパラメータ

Table 1 GA parameters used in the pre-process.

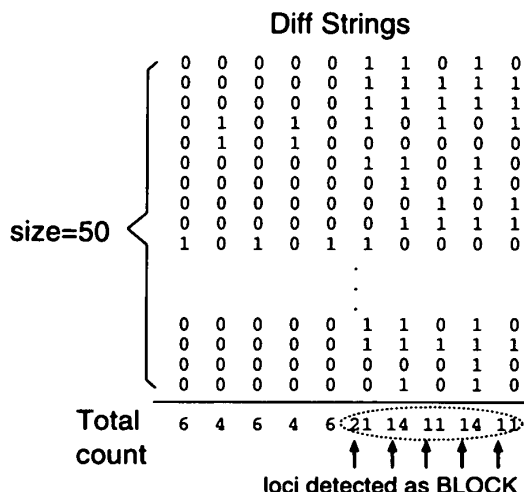
Population Size	32
Generation	100
Chromosome Length	10
Block Size	2
Crossover Rate	0.8
Mutation Rate	0.01
Selection Strategy	Roulette
Crossover Strategy	Simple

断できる（上位ビットほど影響力が大きく、下位ビットほど影響力が小さくなることは明らかである）。しかし、一般的に GA で解きたい問題は、遺伝子列を 2 進数として解釈するとは限らず、遺伝子座の影響を事前に判断できないことがあるため、影響力の同定には前処理が必要になる。ここでは、実験の手順に一般性をもたせるために 3.1 で示した前処理を行い、影響力が正しく同定されるかどうかを確認することにする。

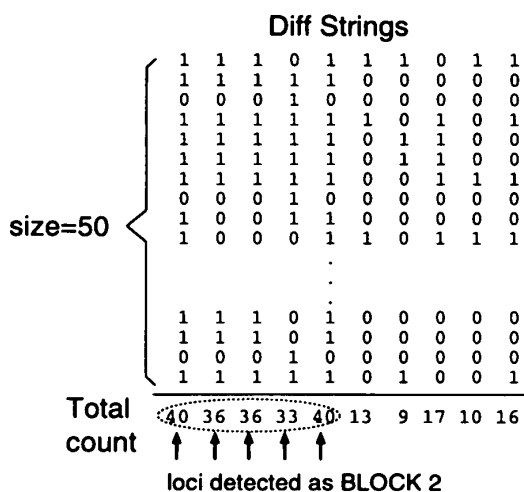
前処理で用いた GA のパラメータを表 1 に示す。本実験で分類するブロック数は 2 とした。つまり、各遺伝子座の影響を二つのランクに分類することにする。また、前処理ではシェアリング法を用いた (3.1 参照)。シェアリング法における適応度の計算方式は次式で定義される。

$$F_{s,i} = \frac{F_i}{\sum_{j=1}^N sh(d_{i,j})} \quad (10)$$

ここで、 $F_{s,i}$ は個体 i の適応度、 F_i は個体 i の目的関数値、 $d_{i,j}$ は個体 i と個体 j のハミング距離、 N は個体数である。 $sh(d_{i,j})$ は割当関数と呼ばれ次式で定義される。



(a) $d_f=0$



(b) $d_f=1$

図4 BGA の前処理の結果

Fig. 4 Result of pre-process of BGA.

$$sh(d_{i,j}) = \begin{cases} 1 - \left[\frac{d_{i,j}}{\sigma_{share}} \right]^\alpha & d < \sigma_{share} \\ 0 & otherwise \end{cases} \quad (11)$$

σ_{share} と α は定数であり、本実験では $\sigma_{share} = 6, \alpha = 0.01$ に設定した。ブロックの同定のために記憶しておく差分遺伝子列の数は適応度差 d_f の値ごとに最大 50 とし、50 を超える場合古いデータから削除していくものとする。

以上の条件で前処理を行った結果得られたブロックを図 4 に示す。適応度差 $d_f = 0$ の差分遺伝子列の集合において 1 を多くとるビット位置を上位から五つ選び出すと下位 5 ビットが選ばれた (図 4(a))、一方、 $d_f = 1$ の差分遺伝子列の集合からも同様に五つの遺伝子座を選び出すと上位 5 ビットが選ばれた (図 4(b))。 $d_f = 0$ のときに選ばれたビット位置に対応する遺伝子

表 2 シミュレーションで用いるパラメータ
Table 2 GA parameters used in the simulation.

	SGA	Sharing	BGA
Population Size	32		
Generation	300		
Chromosome Length	10		
Number of Blocks	-		2
Crossover Rate	0.8		
Mutation Rate	0.3	0.01	
Selection Strategy	Roulette		
Crossover Strategy	Simple		Block

座群（ブロック 1 とする）は影響力が小さく、 $d_f = 1$ のときに選ばれたビット位置に対応する遺伝子座群（ブロック 2 とする）は影響力が大きいことを表している。本実験では遺伝子のコーディング方法としてバイナリーコーディングを用いているが、バイナリーコーディングにおいては上位ビットほど表現型に与える影響力が大きくなることは直観的にも明らかであり、この結果は妥当であると考えられる。

4.2.3 各種 GA の比較実験の結果

次に、SGA、シェアリング法、BGA の比較実験の結果について述べる。実験で用いた各 GA のパラメータを表 2 に示す。SGA では突然変異率を高く設定 (0.3/bit) した。また、シェアリング法では割当関数のパラメータ (σ_{share} と α) は前処理と同様の値を用いた。BGA は前処理によって同定された二つのブロック情報を利用する。また、局所解の変更（環境変動）のタイミングは 100 世代ごととした。

以上の条件で SGA、シェアリング法、BGA を実行した結果得られた目的関数値の推移を図 5 に示す。

環境変動前 (100 世代以前) では、SGA、シェアリング法、BGA で多少の時間的なずれはあるものの最適解 ($F1 = 1$) を得ることができている。100 世代及び 200 世代が経過して、環境変動が生じたときに、SGA、シェアリング法、BGA のいずれも適応度の減少が認められるが、その後の追従性に関しては、BGA が最も速かった。SGA は環境変動後は突然変異のみでしか解の改善が行われなかった。実験では突然変異率を高く設定したため結果として 2 回の環境変動の後で最適解付近の解が得られたが時間がかかっている。シェアリング法は比較的良好な追従性を示したが、最適解付近の解が得られてからの解の改善がなかなか進まず、最適解を得るまでに時間がかかっている。これは、シェアリング法は BGA に比べて、探索規模が大きく局所探索の性能において劣ることが原因であると

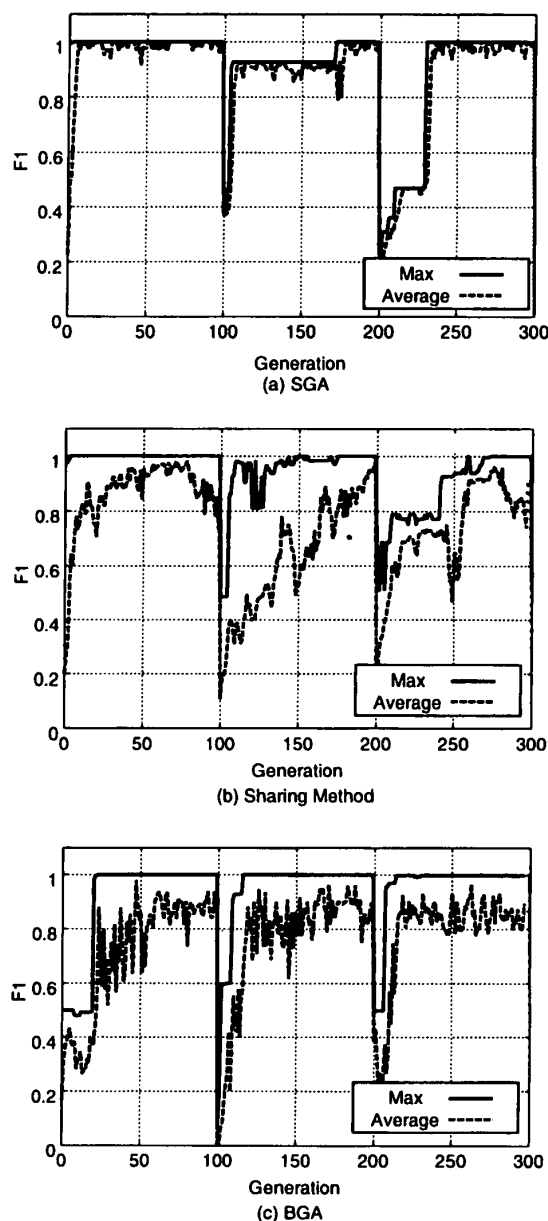


図 5 目的関数値 ($F1$) の推移
Fig. 5 Changes of objective function values ($F1$).

考えられる。BGA は、時点時点での集団の状態変化を検知するため、環境変動が生じ適応度低下が発生したときは、はじめ影響力の大きなブロック内で多様性維持を図り環境に追従するが、その後、影響力の小さなブロック内での多様性維持によって探索範囲を絞り込み解の質の向上を図っている。これにより、環境変動後の、最適解獲得までの時間が短縮できたと考えられる。

4.2.4 ブロックの多様性評価実験の結果

次に、ブロック内での多様性の推移を調べた。多様性の評価方法として情報エントロピーを用いた。ブロック内の情報エントロピーは次式で定義される。

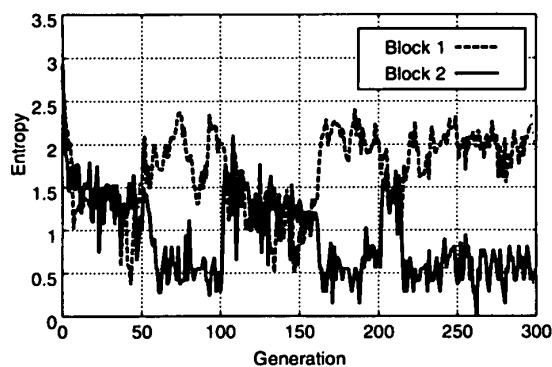


図6 各ブロックの情報エントロピー
Fig.6 Entropy changes in BGA.

$$H_i = - \sum_{j=1}^{M_i} p_{i,j} \log p_{i,j} \quad (12)$$

ここで、 H_i はブロック i の情報エントロピー、 M_i はブロック i が取り得る遺伝子パターンの総数、 $p_{i,j}$ はブロック i における遺伝子パターン j の割合である。

二つのブロックにおける情報エントロピーの推移を図6に示す。図で破線はブロック1、実線はブロック2の情報エントロピーである。BGAの動作直後は、ブロック2で多様性維持を図るが、初期集団はランダムで遺伝子列が生成されるため、ブロック1、2ともに情報エントロピーは比較的大きい。世代50あたりで、多様性をもたせるブロックがブロック2からブロック1へと切り換が起きており、ブロック1での情報エントロピーが増大している。これは、大域的な探索が終わり、局所探索に切り換わったことを表している。100世代経過後、ブロック2の情報エントロピーが増大し、逆に、ブロック1は減少している。これは、環境変動を認識し、変動に対処するために、より影響力が大きいブロック2での多様性維持を図ったからと考えられる。その後、ブロック2での情報エントロピーが減少し、ブロック1での情報エントロピーが増大しており、局所探索に切り換わったと考えられる。200世代後も同様のことが起きていることから、環境の状態に応じた探索スケール制御が効果的に行われていることがわかる。

5. むすび

単純GAは、基本的に静的環境型の問題に対する最適アルゴリズムである。動的環境に適用したとしても環境変動には追従できなくなり効果的な探索は期待できない。動的環境型の問題では時間によって最適解

が変化するため、環境を認知し、状況に応じて探索方針を変更していく機構が必要になると考えられる。本論文で提案したBGAは、遺伝子座の表現型に与える影響力に着目し、一連の遺伝子座群(ブロック)単位で遺伝子パターン頻度を制御することでこの機構を実現している。また、BGAは環境変動への追従だけでなく局所探索の効率化も図っているためシェアリング法などの従来の多様性維持手法よりも実用的である。

現時点でのBGAの問題点として前処理が必要なこと、ブロックを一度固定すると探索終了まで変更しないことが挙げられる。これらは、各ブロックの影響力が環境に依存しないことを前提とした手法であることを意味している。つまり各遺伝子の意味が時間とともに変化し、それに伴い表現型に与える影響力も変化していくような場合は対処できない。このことは対処可能な問題のタイプを限定していることに他ならない。今後の課題としてこの問題点を解決するために、最適解探索と同時にブロック同定を行っていき、時点時点で最適なブロック構成を得ることができる方法を模索していきたい。

文 献

- [1] D.E. Goldberg, Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning, Addison-Wesley, 1989.
- [2] 北野宏明, 遺伝的アルゴリズム 1~4, 産業図書, 1993~2000.
- [3] C.L.Karr and L.M.Freeman, Industrial Applications of Genetic Algorithms, CRC Press, 1999.
- [4] J.J. Grefenstette, "Genetic algorithms for changing environments," Proc. 2nd Parallel Problem Solving from Nature, pp.137-144, 1992.
- [5] H.G. Cobb, "An investigation into the use of hypermutation as an adaptive operator in genetic algorithms having continuous, time-dependent nonstationary environments," NRL Memorandum Report 6760, 1990.
- [6] H.G. Cobb and J.J. Grefenstette, "Genetic algorithms for tracking changing environments," Proc. Int. Conf. Genetic Algorithms, pp.523-529, 1993.
- [7] S.W. Mahfoud, "Crowding and Preselection Revisited," Proc. 2nd Conf. Parallel Problem Solving from Nature, pp.27-34, 1992.
- [8] 森 直樹, 喜多 一, 西川禎一, "熱力学的選択ルールによる動的環境への適応," システム制御情報学会論文誌, vol.12, no.4, pp.240-249, 1999.
- [9] N. Mori, S. Imanishi, H. Kita, and Y. Nishikawa, "Adaptation to changing environments by means of the memory based thermodynamical genetic algorithm," Proc. 7th Int. Conf. Genetic Algorithms, pp.299-306, 1997.

- [10] K. Deb and D.E. Goldberg, "An investigation of niche and species formation," Proc. 3rd Int. Conf. Genetic Algorithms, pp.42-50, 1989.
- [11] D.E. Goldberg and J. Richardson, "Genetic Algorithms with sharing for multimodal function optimization," Proc. 2nd Int. Conf. Genetic Algorithm, pp.1-8, 1987.
- [12] L. Davis, Genetic Algorithms and Simulated Annealing, Morgan Kaufmann, 1987.
- [13] 森 一之, 築山 誠, 福田豊生, "多様性を持つ免疫的アルゴリズムの提案と負荷割当て問題への応用," 電学論 (C), vol.113, no.10, pp.872-878, 1993.
- [14] 渡部広一, 河岡 司, "多様性を段階的に回復する遺伝的アルゴリズムの提案と評価," 人工知能誌, vol.14, no.4, pp.689-699, 1999.
- [15] 伊庭齊志, 進化論的計算の方法, 7章, pp.117-130, 東京大学出版会, 1999.
- [16] D.S. ファルコナー, 量的遺伝学入門, 田中嘉成, 野村哲朗 (共訳), 2章, pp.45-76, 蒼樹書房, 1993.
- [17] S.A. Kauffman, "Adaptation on rugged fitness landscapes," in Lectures in the Sciences of Complexity, ed. D. Stein, Addison-Wesley, 1989.
- [18] S.A. Kauffman, The Origins of Order: Self-Organization and Selection in Evolution, Oxford University Press, 1993.
- [19] 相沢彰子, "スキーマ処理に基づく集団型探索アルゴリズムの構成," 信学論 (D-II), vol.J78-D-II, no.1, pp.94-104, Jan. 1995

(平成 13 年 5 月 30 日受付, 10 月 5 日再受付)



広瀬 貞樹 (正員)

昭 49 富山大・工・電子卒. 昭 51 東北
大大学院工学研究科修士課程了. 昭 55 同
博士課程了. 工博. 昭 59 神奈川大・工助
教授, 平 1 富山大・工助教授, 平 10 同知
能情報工学科教授, 現在に至る. その間,
オートマトン・形式言語理論, アルゴリズム
解析, 計算の複雑さの理論などの研究に従事. 情報処理学会
会員.



林 貴宏 (学生員)

平 10 金沢大・工・電気・情報卒. 平 12
同大大学院自然科学研究科電子情報シス
テム専攻前期博士課程了. 同年同数理情報
科学専攻後期博士課程入学. 平 13 石川高専
電子情報工学科助手. 現在に至る. その間,
人工知能, 進化計算に関する研究に従事.

IEEE, 人工知能学会各会員.



木村 春彦 (正員)

昭 49 東京電機大・工・応用理化卒. 昭
54 東北大大学院情報工学専攻博士課程了.
工博. 同年, 富士通 (株) 入社. 昭 55 金
沢女子短大講師. 昭 56 同短大助教授, 昭
59 金沢大・経助教授, 平 4 同大・工・電
気・情報工助教授, 平 11 同情報システム
工教授, 平 13 金沢大大学院自然科学研究科教授, 現在に至る.
その間, 最適コード変換, 推論の高速化の研究に従事. 情報処
理学会, 人工知能学会各会員.