実数値GAに効率的な交叉法
重心近傍交叉法(Center Neighborhood Crossover)

三村泰成

遺伝的アルゴリズム (GA) [1] は，生物の進化の過程を模擬した確率論的最適か手法であり，探索性能は，交叉法の設計によって左右されます．ADVENTURE Opt における実数値 GA モジュールでは，著者らが開発した重心近傍交叉法 (Center Neighborhood Crossover: CNX) [2] を用いて，その探索性能を向上させています．

1　実数値 GA

GA を用いた解探索では，探索の初期段階では大域探索が行われ，探索終盤では近傍探索が行われるのが理想です．このような探索を実現するためには適切な形質遺伝が行われるようなコーディング／交叉を設計する必要があります．具体的には，

(a) **コーディング**　表現型が近い個体は遺伝子型も類似させる．

(b) **交叉**　形質の離れた親からは，離れた子が生成され，形質が近い親からは，類似した子が生成される．

という 2 点を満たさねばなりません．上記のことを考慮していない不適切なコーディング／交叉の設計を施した GA を用いた探索は，ランダムサーチと同程度になってしまいます．実際の応用ではこのようなケースも少なくなく，効率的な探索を実現することは困難です．一般的な GA ではバイナリコーディングが用いられ，交叉法としては，1X，2X あるいは UX が用いられます．これらの GA は，組合せ問題などに関しては，適切なスキーマ (意味のあるビットパターン) 保存が行われることが知られており [3]，ある程度は上記の条件を満たすと考えられます．しかしながら，連続変数では，ビット列 (遺伝子型) と実数 (表現型) の間には，なんら相互関係が存在しません．したがって，(a) の条件を満たしているとは言いがたく，1X，2X，UX では (b) を満たすことも難しいと言えます．この欠点を補うためにグレイコーディングが考案されましたが，グレイコーディングも,「遺伝子型が隣接する個体は表現型も隣接している」ことが保証されているだけです．隣接していない個体については，バイナリコーディングと同様であり，なんら問題を解決していません．実装が容易なことから，連続変数に対してもバイナリコーディングが用いられることが多いですが，効率的な探索が行われていないケースも少なくありません．

実数を設計変数として用いる場合,「実数ベクトル空間上の位置」が近い個体は，評価関数の値も近い事がほとんどです．したがって，継承すべき形質は「実数ベクトル空間上の位置」であると考えられ，良好な形質遺伝が行われるためには，

- **コーディング**　実数はできるだけ実数として扱う．
- **交叉**　確率的な揺らぎを持たせた上で，実数ベクトル空間上の位置が近い親からは，近い子を生成させ，離れた親からは離れた子を生成させる．

という条件を満たすようにコーディング／交叉を設計する必要があります．これらの条件を満たすために開発された，代表的な交叉法には以下のようなものがあります．

- **BLX-α(blend crossover)**[4]　2 個の親を囲む各辺が座標軸に平行な超直方体の領域において一様分布にしたがってランダムに 2 つの子を生成する．
- **UNDX (Unimodal Normal Distribution Crossover)**[5]　2 個の親を結んだ直線の中心近傍に正規分布にしたがって，ランダムに 2 つの子を生成する．正規分布の標準偏差は，両親を結ぶ主軸方向の成分は両親間の距離に比例させ，それ以外の軸の成分では，主軸と第 3 の親の距離に比例させる．

- **SPX(Simplex Crossover)[6]**　設計変数が n 個の時，m 個 $(2 \leq m \leq n+1)$ の親が構成する n 次元空間中の多面体の重心を $\vec{O}$ とし，親の位置ベクトルを $\vec{r}_i, (i = 1, ..., m)$ とすると，

$$\vec{Y}_i = (1 - \epsilon)(\vec{r}_i - \vec{O})$$

が構成する多面体内に一様分布にしたがってランダムに子を生成するのが，SPX である．設計変数 n，親の数 m，パラメータ ϵ のとき，SPX$-n-m-\epsilon$ と表記される．

また，交叉法ではないが，実数コーディングに関する研究として，以下のような手法が挙げられます．

- **実数領域適応型遺伝的アルゴリズム** [7]　個体群の平均と分散を用いて，随時，変数の定義域を調整する．

2　重心近傍交叉 (CNX)

ここでは，著者らが開発した CNX について述べます．ADVENTURE Opt でも CNX を用いていますが，その他の交叉法については未実装です．Fig. 1 に設計変数が 2 個 $(n = 2)$ の場合の CNX の概念図を示します．

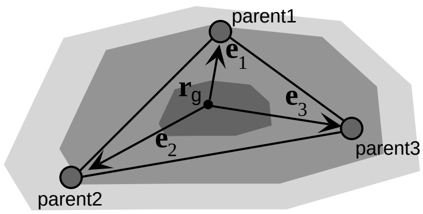

図 1: Overview of CNX(n=2)

CNX では，設計変数が n 個の場合，n 次元空間中に $n+1$ 個の親が形成する多角形の重心近傍に $n+1$ 個の子を生成します．重心の位置ベクトル $\vec{r}_g$ は，

$$\vec{r}_g = \frac{1}{n+1}\sum_{i=1}^{n+1}\vec{r}_i \tag{1}$$

$\vec{r}_i$：親の位置ベクトル
であり，重心から親への方向ベクトル $\vec{e}_i$ は，

$$\vec{e}_i = \frac{\vec{r}_i - \vec{r}_g}{|\vec{r}_i - \vec{r}_g|} \quad , \quad (i = 1, ..., n) \tag{2}$$

となる．式 (1)，式 (2) を用いて，子の位置ベクトル $\vec{r}_{child}$ を，

$$\vec{r}_{child} = \vec{r}_g + \sum_{i=1}^{n+1} t_i \ \vec{e}_i \tag{3}$$

として定義する．ここで t_i は，標準偏差 σ_i，平均 0 の正規分布に従う乱数です．また，σ_i は，

$$\sigma_i = \alpha|\vec{r}_i - \vec{r}_g| \quad , \quad (i = 1, ..., n) \tag{4}$$

と仮定します．ここで α はパラメータです．α の値を調整することで確率的な揺らぎの大きさを調整でき，親の外側にもある程度の確率で子が生成されます．CNX は，設計変数間に依存がある場合にも有効であり，設計変数の数が増加しても容易に実装することができます．$n = 2$ のとき，子は Fig. 2 のような分布に従う確率で生成されます．CNX を使えば，探索の初期段階では，親が離れた位置にあるために，ある程度ランダムな探索が行われ，探索終盤では，親の近傍を探索することになります．$alpha = 1.0,\ 0.5,\ 0.1$ の場合の子の生成した分布を Fig.3, Fig.4, Fig.5 に示します．問題に合わせて，$alpha$ を設定してやる必要がありますが，それさえ決定できれば，非常に汎用的な手法と言えます．また，実際には，親の数は任意に選択できますが，空間的な広がりを考えた場合,「設計変数+1」というものを選択することを著者らは推奨します．

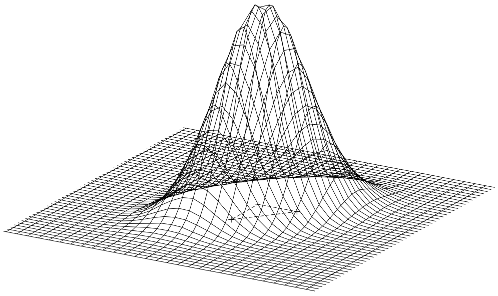

図 2: Probability Distribution of CNX (n = 2)

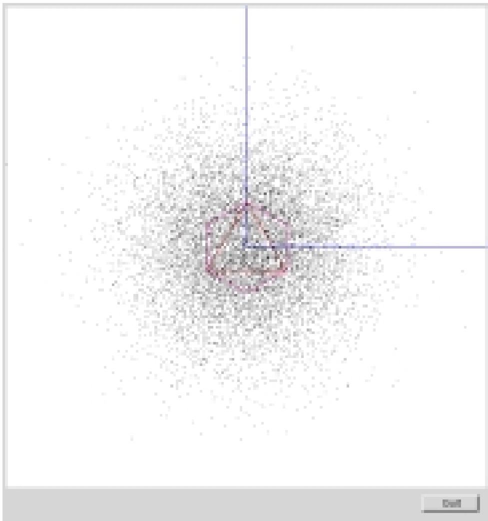

図 3: $\alpha = 1.0$

参考文献

[1] Holland, J. H.: *Adaptation in Natural and Artificial System*, University of Michigan Press, (1975), MIT Press, (1992).

[2] 三村・他２名，機論，67-660，A，(2001)，1289.

[3] 山本公洋，内藤昭三，交叉のスキーマ保存機構に関する考察，電子情報通信学会論文誌，D-II，Vol. J81-D-II，No.12, (1998), 2790-2801.

[4] Eshleman, L. and Schaffer, J. D., *Real-Coded Genetic Algorithms and Interval-Schemata*, Foundations of Genetic Algorithms 2, (1993), 187-202.

[5] Ono, I. and Kobayashi, S., *A Real-coded Genetic Algorithm for Function Optimization Using Unimodal Normal Distribution Crossover*, Proceedings of 7th International Conference on Genetic Algorithms, (1997), 246-253.

[6] Tsutsui, S and Ghosh, A., *A Study on the Effect of Multi-parent Recombination in Real Coded Genetic Algorithms*, Proceedings of the 1998 IEEE ICEC, (1998), 828-833.

[7] 荒川，萩原，実数領域適応型 *(ARRange)* 遺伝的アルゴリズムの開発，機論，63-616，C，(1997)，138-145.

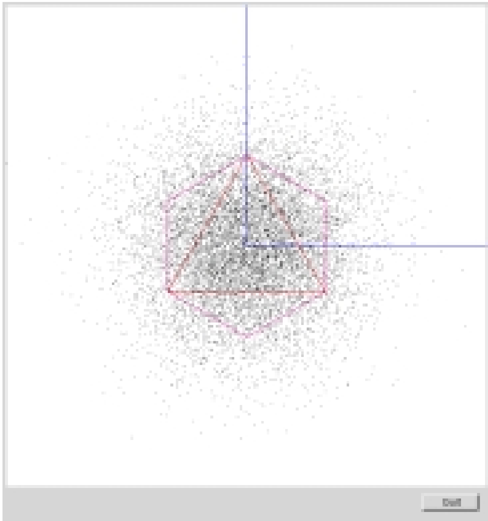

図 4: $\alpha = 0.5$

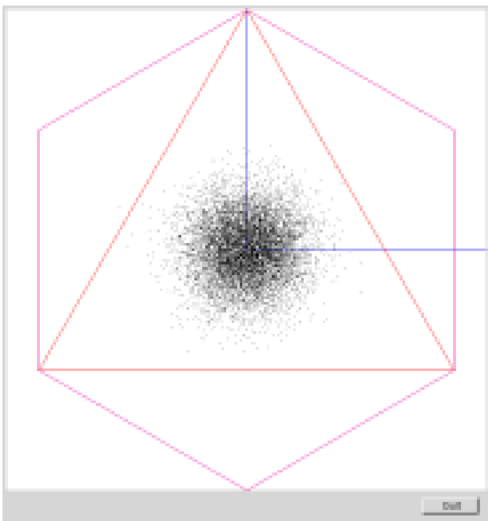

図 5: $\alpha = 0.1$