適応度の推論による進化的アルゴリズムの計算時間の短縮

非会員 花 木 康 (名古屋大学)
正 員 橋 山 智 訓 ((財)名古屋産業科学研究所)
正 員 大 熊 繁 (名古屋大学)

Reducing Time of Evolutionary Computation using Fitness Estimation

Hankai Yasushi, Non-member (Nagoya University), Hashiyama Tomonori, Member (Nagoya Industrial Science Research Institute), Okuma Shigeru, Member (Nagoya University)

Evolutionary Computation(EC) techniques have shown their outstanding performance in the engineering fields for solving combinatorial optimization problems. Although the CPU is getting faster, ECs still take much time because they need a lot of iteration. Some acceleration methods were proposed that modified genetic operators such as mutation, recombination and/or their control parameters. Although these modifications show improvement to some extent, ECs still need much time.

In many engineering applications of ECs, fitness evaluation takes most of their time. This paper presents a new approach on the acceleration of ECs by reducing time for fitness evaluation. Reducing time for fitness evaluation will result in acceleration of ECs in time domain. Only one chromosome in the population is actually evaluated in the proposed method. Fitness value for the rest of population are estimated using the fitness database updated by the real evaluation. The time for fitness estimation of whole population can be negligible comparing with the actual evaluation.

The simulation results for designing fuzzy logic controller using Genetic Algorithm(GA) show the effectiveness to accelerate the evolution using the proposed method. Simulation results for De Jong's test functions show that the proposed method is applicable to other problems.

キーワード：進化的計算手法, 遺伝的アルゴリズム, 進化加速, 適応度の推論

1. はじめに

生物の進化過程を工学的に模擬した進化的計算手法 (Evolutionary Computation:EC) は組合せ最適化問題を中心に様々な応用例が報告されている⁽¹⁾。EC は染色体へのコーディング方法や遺伝的操作の違いなどから、遺伝的アルゴリズム (GA)⁽²⁾、進化的プログラミング (EP)⁽³⁾、進化戦略 (ES)⁽⁴⁾等に分類され、それぞれ発展している。EC は繰り返し計算によって解探索を行なうため、一般に膨大な時間を必要とする。解を早い世代で見つけるために様々な手法が提案され、進化の加速手法と呼ばれている。これらは主に遺伝的演算の改良、突然変異や交叉確率のチューニング等、アルゴリズム上の解探索性能の向上を目的としているものが多い⁽⁵⁾。その結果、早い世代での解探索を可能としている。

一方、EC の工学的応用を考えると、その計算時間の大部分が適応度の計算に費やされる場合が多い。Floreano ら⁽⁶⁾は、移動ロボットの行動獲得に EC を応用しているが、壁

づたい行動のような簡単なタスクの獲得でさえ数日から一週間以上時間を必要としている。これは染色体の適応度を計算するために、染色体ごとに実機を動かさなければならないことに起因する。通常、実機を多数準備することはできないので、小数の実機を繰り返し用いて一世代分の適応度を求めなければならないことも時間の増大の要因である。

高木ら⁽⁷⁾は、インタラクティブ EC において、人間への解候補提示インターフェイスの改善のために、適応度予測法を提案している。そこでは、人間への負荷の軽減を主たる目的としており、適応度計算時間の短縮に対する議論はなされていない。

本研究では、適応度計算を簡略化することにより、EC 計算全体としての計算時間の短縮化を試みる。過去に実際に評価された染色体から構成されるデータベースを用いて、新染色体の適応度を推論する。具体的には、実際の評価を受ける染色体数を各世代 1 個にとどめ、他の染色体の適応度はデータベースを用いて推論する。推論は簡単な計算に

よって行なわれ、実際の評価にかかる時間と比較して十分に少ない時間で求められる。この推論された適応度と実際の適応度との誤差が EC の解探索性能を低下させる。しかしながら適応度計算に要する時間の短縮が大きければ、多くの世代数を計算できることとなり、結果として短い時間で解を探索可能であると期待できる。このように本手法が有効であるのは、「評価にかかる時間が計算時間のボトルネックである」問題である。

簡単なファジィ制御器の設計に本手法を適用し実問題への応用の可能性を検証した。ここでは世代を基準とした評価ではなく、時間を基準として評価を行なう。また、EC のベンチマーク問題の一つである De Jong の標準関数⁽¹⁰⁾を用い、本手法の他の問題への適用可能性について検討した。De Jong の標準関数は様々な解曲面を有する 5 種類の関数であり、様々な問題に対する本手法の適用可能性を検討できる。

実問題への EC の適用を考えた場合、評価に膨大な時間を必要とするものが多く、本手法が有効であると考えられる。

2. 評価関数計算の簡略化法

〈2・1〉 システムの概略 本研究では EC のうち GA を用いた。通常 GA を適用する場合、染色体の表現型に対する適応度を必要とする。例えば制御器設計においては、実際の制御性能が適応度となる。このようにシステムを実際に駆動して得られる適応度を実評価による適応度と呼ぶことにする。従来、GA の評価には全て実評価を必要とした。しかし多くの場合、制御対象のダイナミクスにおける時定数のオーダーと、計算機における演算速度のオーダーとは大きな差があり、実環境で必要な時間、すなわち実評価の時間が解を求める上で時間的拘束となる。このような場合、実評価のみを行なう従来方法では、評価系の処理時間の割合が大きくなり、時間領域における進化の進行速度を大きく減退させる要因となる。

本研究では、評価の処理時間の削減を目的として、適応度計算の簡略化法を提案する。適応度の計算を簡略化し、計算機内で実現することにより計算機の演算時間に近いオーダーで適応度を求めることができる。提案システムの概略を図 1 に示す。ただし、図中の n は染色体数を表す。

図 1 左に示すように従来の GA では実評価 (Actual Evaluation) と遺伝的操作 (Genetic Operation) を交互に繰り返すことで解を探索する。多くの場合、毎世代に行なわれる n 回の実評価が計算時間のボトルネックとなる。提案手法では毎世代の実評価数を 1 回とし、残りの $n-1$ 回の染色体の適応度を簡単な推論 (Estimation) で求める。推論には実評価個体から得られた「染色体 - 適応度」のデータベースを用いる。具体的には、新染色体とデータベース中の染色体との類似度をもとに、適応度の推論を行なう。

図 2 に、本システムの解探索過程のイメージ図を示した。図では、5 つのデータベースを基に新染色体の適応度を推

図 1 システムの概略図

論している。ここでは実際の適応度に比べて良い推論値となっている。推論値が実際の適応度と大きく異なる場合は解探索効率を低下させる。実評価と推論値の差が解探索の性能を左右するが、実評価データベースを更新することで、推論値の精度も向上すると期待できる。

また、本研究においては実評価に比べて適応度の推論は無視できる程度の時間と考えられるので、推論精度が悪くとも、その分世代を多く計算できるため解探索時間が結果的に短縮されると期待する。

図 2 システムのイメージ図

〈2・2〉 適応度の推論方法 本手法では、適応度の推論値を推論対象の染色体 $i(i = 1, 2, \dots, n)$ と、データベース中の染色体 $j(j = 1, 2, \dots, m)$ との類似度 $S(i, j)$ の重みづけ線形和により求める。

具体的な推論方法を以下に示す。染色体間の類似度 $S(i, j)$ は、適用する問題に応じて適切に設定する必要がある。この類似度を重みとした重み付け線形和により、染色体 i の適応度 f_i^* を式 (1) のように推論する。

$$f_i^* = \frac{\sum_{j=1}^m f_j \cdot S(i, j)}{\sum_{j=1}^m S(i, j)} \dots\dots\dots (1)$$

図3 データベースの更新

ここで f_j は、データベース中の染色体 j の実評価された適応度であり、 n は染色体集団中の染色体数、 m はデータベース中の染色体数である。

工学的応用例の多くの場合、この推論は実評価と比較して無視できる程少ない時間で計算が可能であり、1 世代に必要なとする時間はほぼ実評価 1 回分となる。

〈2・3〉 実評価データベース 図3に本研究において使用する実評価データベースを示す。データベース中には、 m 個の染色体が実評価による適応度と共に保存される。データベースの更新は以下のように行なう。

解探索を行なう n 個の染色体集団のうち、 $n-1$ 個の染色体の適応度 f_i^* を式(1)を用いて推論する。 f_i^* の値に従ってルーレット選択により、 $n-1$ 個の推論個体の中から1個体を選択する。選択した個体は、次世代で実評価され、適応度 $fitness$ を得る。次に $fitness$ とデータベース中の適応度 $f_j(j=1,2,\dots,m)$ とを比較してデータベースを書き換える。最大値探索問題と考えた場合、条件

$$fitness > \min\{f_j^* : j = 1, 2, \dots, m\} \quad \dots\dots (2)$$

を満たした場合に、データベース内で最小の適応度を持つ染色体を、実評価した染色体で上書きする。ただし、データベースの更新は、(2)式を満たさない場合でもある確率で上書き可能とした。これは、データベースにある程度ばらつきを持たせることで、解探索における極値への収束をおさえるためである。探索初期においては、 m 回の実評価が行なわれるまで、実評価染色体とその適応度は無条件にデータベースに保存する。一方で、実評価を行なったうちで最良染色体は常にエリートとして n 個の探索染色体群中に保存される。

3. ファジィ制御器設計への適用

本節では、提案手法の有効性を確認するために、GAによるファジィ制御器⁽⁸⁾の獲得実験を行なう。従来、GAでファジィ制御器を獲得する場合、プラントの応答から適応度を求める必要があり、適応度が求められるまで遺伝的演算が停止する。この問題は、本手法の前提条件である、「実

評価にかかる時間が計算時間のボトルネックである」ことにあてはまるので、本手法の有効性を検討するための実験対象とした。

〈3・1〉 シミュレーション条件 制御対象を以下に示す。

$$\begin{cases} \dot{x} = Ax + Bu \\ y = Cx \end{cases}$$

$$A = \begin{pmatrix} 0 & 1 \\ -\frac{2}{3} & -\frac{10}{3} \end{pmatrix} \quad B = \begin{pmatrix} 0 \\ \frac{1}{3} \end{pmatrix} \quad \dots (3)$$

$$C = \begin{pmatrix} 1 & 0 \end{pmatrix} \quad x \in \mathbb{R}^2$$

(3)式で表現される制御対象に対して、式(4)のファジィ制御規則からなるファジィ制御器を構成する。

$$\begin{aligned} & \text{If } e_t \text{ is NB and } \Delta e_t \text{ is NB, then } \Delta u_t = X_1 \\ & \text{If } e_t \text{ is NB and } \Delta e_t \text{ is NM, then } \Delta u_t = X_2 \\ & \vdots \\ & \text{If } e_t \text{ is PB and } \Delta e_t \text{ is PB, then } \Delta u_t = X_{49} \end{aligned} \quad (4)$$

ここで、 y_d をプラントの目標値として、時刻 t における誤差 e_t を $e_t = y - y_d$ と定義する。また、 $\Delta e_t = e_t - e_{t-1}$ とし、制御入力を $u_{t+1} = u_t + \Delta u_t$ と計算する。 $NB, \dots, PB$ は区間 $[-1, 1]$ を7等分割する三角型のファジィ集合のラベルを示す。 N は negative, P は positive を示し、 B, M, S はそれぞれ big, medium, small である。 ZO は zero を表す。である。また、 $e_t, \Delta e_t$ はそれぞれ区間 $[-1, 1]$ に規格化して用いた。ファジィ推論は簡略化推論法⁽⁹⁾を用いる。

GAにより、ファジィ制御器の後件部 $X_i(i=1,2,\dots,49)$ の組合せを探索する。ここでは後件部 X_i の候補として、 $\{NB, NM, NS, ZO, PS, PM, PB, \#\}$ の8つのラベルを用意した。ここで、 $\#$ (don't care) は制御ルールが無いことを意味する。本シミュレーションでは、簡略化ファジィ推論を用いるため、後件部定数として、 $NB = -1, NM = -\frac{2}{3}, NS = -\frac{1}{3}, ZO = 0, PS = \frac{1}{3}, PM = \frac{2}{3}, PB = 1$ とした。

GA で用いる染色体は図 4 に示すように、ファジィ制御器の後件部 X_i を直接一次元配列にコーディングした。

図 4 ファジィ制御ルールテーブル

実評価における適応度 $fitness$ は、式 (5) のように、プラントの出力と目標値との誤差を時間積分して求めた。

$$fitness = \int_0^T |e_t| dt = \int_0^T |y - y_d| dt \quad \cdots \cdots (5)$$

ここで、 T はシミュレーション終了時刻を表す。実評価を行なうためのシミュレーションは式 (3) に Runge-Kutta 法を適用することで求めた。本シミュレーションでは、 $T = 40000$ ステップとした。

推論対象の染色体 i 、データベース内の染色体 j がそれぞれファジィ制御規則の後件部 X_k^i, Y_k^j ($k = 1, 2, \dots, 49$) を持つ時、以下の式によって染色体間類似度 $S(i, j)$ を定義する。

$$S(i, j) = \frac{\sum_{k=1}^{49} c_k}{49} \quad \cdots \cdots (6)$$

ただし、

$$c_k = \begin{cases} 1 & X_k^i = Y_k^j, X_k^i = \#, \text{ or } Y_k^j = \# \\ 0 & \text{otherwise} \end{cases} \quad (7)$$

である。

図 5 に c_k の算出例を示した。このように、49 のファジィルールのうち一致するルール数を染色体間の類似度とし、その類似度に応じて式 (1) により、適応度を推論する。シミュレーションは、表 1 に示す 3 つの条件で行った。

表 1 シミュレーション条件

	集団数 n	実評価数
proposed1	100	1
proposed2	20	1
conventional	20	20

conventional は simple GA とした。ここでは、提案手法が GA の計算時間を短縮可能かを検証するために、提案手法 (proposed1, proposed2) のそれぞれと conventional との比較を行うことを目的とする。さらに、集団数 n の違

図 5 適応度の推論方法

いにより提案手法の性能がどのように左右されるかについて、proposed1 と proposed2 との比較を行う。

提案手法において実評価データベース数 m は $m = 20$ 、エリートは 2 個体とした。本シミュレーションでは、実評価に必要とする時間は、推論時間の約 750 倍である。

〈3・2〉シミュレーション結果 図 6 に、エリート染色体の適応度の遷移の様子を示す。ここでは横軸を時間とし、異なる初期条件のもとで 20 回シミュレーションを行なった平均値を示している。図から 実線で示された提案手法 (proposed1, proposed2) は共に、点線で示された conventional よりも速く解探索を行なっていることがわかる。またこの例題においては、proposed1 と proposed2 の比較から集団数が多いほど解探索には有効であることが分かる。

図 7 に横軸を世代とした場合のシミュレーション結果を示す。proposed1 は conventional と比較して、集団数は変わらないものの実評価数が少ないために、世代を基準とした場合の解探索性能が劣る様子が分かる。しかしながら、実問題への応用を考えた場合、図 6 に示す様に短時間で解を探索できることが重要であると考ええる。

また、実評価にかかる時間が大きくなればなるほど、本手法による時間短縮の効果は大きく表れると考えられる。実機を用いた進化計算を考えた場合などには、提案手法により大幅な進化加速が期待できる。

4. De Jong の標準関数への適用

本節では、EC のベンチマーク問題の一つとして用いられている De Jong の標準関数へ本手法を適用することで、本手法の他の問題への適用可能性について検討する。標準関数は様々な解曲面を描く関数であり、最適値を唯一持つ。この最適値を探索することで、提案手法がどのような解曲面に有効であるかが判断できる。

De Jong の標準関数を (8)～(12) 式に示す。ただし式 (10) における $floor$ は小数点以下を切り捨てることを意味する。図 8 にはそれぞれ、水平面を x_1, x_2 、垂直軸を F_i として 3 次元プロットした図を示す。

標準関数が最大値を示す $\mathbf{x}$ を探索するのが目的である。

図 8 De Jong の標準関数

図 6 時間 — 適応度

図 7 世代 — 適応度

maximize $F_i(\mathbf{x})$ ($i = 1, 2, 3, 4, 5$)

$F_1(\mathbf{x}) = -\sum_{j=1}^3 x_j^2,$
 $-5.12 \leq x_j \leq 5.12 \dots\dots\dots (8)$

$F_2(\mathbf{x}) = -100(x_1^2 - x_2^2)^2 - (1 - x_1)^2,$
 $-2.048 \leq x_j \leq 2.048 \dots\dots\dots (9)$

$F_3(\mathbf{x}) = -\sum_{j=1}^5 \text{floor}(x_j),$
 $-5.12 \leq x_j \leq 5.12 \dots\dots\dots (10)$

$F_4(\mathbf{x}) = -\sum_{j=1}^{30} ix_j^4 + \text{Gauss}(0, 1),$
 $-1.28 \leq x_j \leq 1.28 \dots\dots\dots (11)$

$$F_5(\mathbf{x}) = 0.002 - \sum_{k=1}^{25} \frac{1}{k + \sum_{j=1}^2 (x_j - a_{jk})^6},$$

 $-65.356 \leq x_i \leq 65.356 \dots\dots\dots (12)$

本手法は実評価に必要な時間が推論時間に比べて十分に大きい場合を対象としている。この条件のもとでは、解探索に必要な時間が近似的に実評価回数と同じであると考えられるので、本節では実評価回数を基準として計算時間の短縮について検討する。

〈4・1〉 シミュレーション条件 (8)～(12) 式に示した De Jong の標準関数の最大値を求めるために、 x_i を 2 進数表現したものを染色体としてコーディングし、simple GA と提案手法をそれぞれ 30 回シミュレーションを行なった。

標準関数 $F_i(\mathbf{x})$ に対する、実評価による適応度 $fitness_i$ は以下のように与えた。

$$fitness_1 = \frac{F_1(x)}{1 - F_1(x)} \dots\dots\dots (13)$$

$$fitness_2 = \frac{F_2(x)}{1 - F_2(x)} \dots\dots\dots (14)$$

$$fitness_3 = -\frac{F_2(x)}{30} \dots\dots\dots (15)$$

$$fitness_4 = \frac{F_4(x)}{1 - F_4(x)} \dots\dots\dots (16)$$

$$fitness_5 = 1.002 - F_5(x) \dots\dots\dots (17)$$

これにより、それぞれの適応度は 0 ～ 1 に正規化され、標準関数の最適値は適応度 0 に対応する。

推論対象の染色体 i ，データベース内の染色体 j を表すベクトル x_i^E, x_j^D を用いて、以下の式のように染色体間類似度 $S(i, j)$ を定義する。

$$S(i, j) = M - \|x_i^E - x_j^D\| \dots\dots\dots (18)$$

ここで、 M はベクトル x_i のとりうる最大値である。
染色体数 n を 20，データベースの最大数 m を 50 とした。

〈4・2〉 シミュレーション結果 図 9 ～ 13 にそれぞれの関数に対する結果を図示した。ここで、縦軸はエリート個体の適応度の平均、横軸は実評価回数である。先に述べたように横軸を実評価回数にすることで、近似的に時間を基準とした比較が可能であると考えられる。図から $F_1 \sim F_5$ までの全ての関数で本手法が有効であることが確認できる。特に実問題では F_2, F_4, F_5 のような多峰性の解空間である場合が多いと考えられるので、様々な問題に対し、提案手法が適用可能であると考えられる。

また、本論文では GA を用いたが提案手法は他の EC にも容易に適用できる。

5. ま と め

本研究では、時間領域での EC の進化加速を目的として、適応度計算の簡略化手法を提案し、シミュレーションによりその有効性を確認した。その結果、今回のシミュレーションでは計算時間が短縮できることが確認できた。De Jong の標準関数へ提案手法を適用したシミュレーションでは、他の問題へ提案手法が応用可能であることが確認できた。また、本提案手法は他の進化加速手法と相反するものではなく、併用することで更に時間の短縮が期待できる。

今後、データベースの構築法や推論方法、染色体間の類似度の計算などは検討する必要がある。また、実機を用いた進化型計算に適用し、本手法の有用性を検討する予定である。

(平成 11 年 5 月 10 日受付，同 11 年 10 月 12 日再受付)

文 献

(1) 特集：“進化的アルゴリズムとファジイ理論”，日本ファジイ学会誌，

図 9 実評価数 - 適応度 (F1)

図 10 実評価数 - 適応度 (F2)

図 11 実評価数 - 適応度 (F3)

Vol10, No.4, pp.582-646 (1998)
 (2) Goldberg, D.E.: “Genetic algorithms in Search, Optimization and Machine Learning”, Addison-Wesley Publishing Company, (1989)
 (3) Fogel, D.B.: “Evolutionary Computation: Toward a New Philosophy of Machine Learning Intelligence”, IEEE Press, Piscataway, NJ, (1995)
 (4) Salmon, R.: “Increasing Adaptivity through Evolution Strategies”, SAB96, (1996)
 (5) 高木：“遺伝的アルゴリズムとファジイ理論の協調”，日本ファジイ学会誌，Vol10, No.4, pp602-612(1998)

図 12 実評価数 - 適応度 (F4)

図 13 実評価数 - 適応度 (F5)

橋 山 智 訓 (正員) 1967 年生. 1996 年 名古屋大学大学院工学研究科博士課程後期課程電子情報学専攻修了。同年 4 月同助手。1997 年 4 月 (財) 名古屋産業科学研究所主任研究員, 現在に至る。博士 (工学)。主として, 創発型ソフトコンピュータの開発に関する研究に従事。IEEE, 計測自動制御学会, 日本ファジィ学会, 人工知能学会, 認知科学会の各会員。

大 熊 繁 (正員) 1948 年 2 月 16 日生。1972 年名古屋大学大学院修士課程電気工学専攻修了。1974 年ケース・ウエスタン リザーブ大学大学院修士課程システム工学専攻修了。1977 年名古屋大学大学院博士課程電気工学専攻修了。同年, 名古屋大学工学部電気学科助手, 講師。助教授を経て 1990 年同教授, 現在に至る。主としてロボティクス, パワーエレクトロニクス。創発型ソフトコンピュータに関する研究に従事 (工学博士)。1992 年 IEEE IECON Best Paper Award, 1994 年精密工学会論文賞, 1995 年電気学会論文賞をそれぞれ受賞。計測自動制御学会, 日本ロボット学会, システム制御情報学会, 日本機械学会, IEEE の各会員。

- (6) D.Floreano and F.Mondada, "Evolution of homing navigation in a real mobile robot", IEEE Trans. on SMC-B, Vol26 (1996)
- (7) 高木, 大崎, 印具: "インタラクティブ EC 操作者の疲労軽減手法", ISS-98-31, pp.47-52(1998) Ph.D. Thesis, University of Michigan, Ann Arbor, MI., 1975.
- (8) 田中一男: アドバンスドファジィ制御, 共立出版
- (9) 水本雅晴: ファジィ理論とその応用, サイエンス社
- (10) De Jong, K. A., "An Analysis of the Behavior of a Class of Genetic Adaptive Systems",

花 木 康 (非会員) 1975 年 5 月 5 日生. 1998 年 3 月名古屋大学工学部電気学科卒業, 同年 4 月同大学大学院工学研究科博士課程前期課程入学, 現在に至る。主としてソフトコンピューティングに関する研究に従事。