大域的最適化のためのメタ最適化問題と 遺伝的アルゴリズムによる解法

相 吉 英太郎*・三 室 徳 晃*

A Meta-Optimization Problem for Global Optimization and Its Solution by the Genetic Algorithm

Eitaro AIYOSHI* and Noriaki MIMURO*

This paper describes the application of the Genetic Algorithm for finding the best initial starting point in order to search the global solution by means of a local optimization algorithm.

The optimization by means of currently used algorithms such gradient methods presents two phases of task. The first task is to select an optimization method that is suitable for application to the problem. The second is to choose the parameters initializing the selected algorithm, e. g., the initial starting points and/or parameters in termination rules, in order to obtain the best computational performance. Often the choice of these parameters can have impact on the computational results. The problem of optimizing the parameter of an optimization algorithm represents metalevel optimization.

In this paper, the problems requiring the starting point which can lead a local optimization routine to the global optimum are considered as metalevel optimization problems, and the Genetic Algorithm as a meta-algorithm is applied to the meta-problems. The several experimental results indicate that the Genetic Algorithm has effectiveness as a meta-algorithm for global optimization.

Key Words: genetic algorithm, local optimization, global optimization, metalevel optimization

1. はじめに

ある問題を解くためのアルゴリズムを実行した結果得られる解は、そのアルゴリズムの実行開始時に、人為的に選ばれる初期設定パラメータに依存するのが一般的である。たとえば最適化問題を解く非線形計画法のアルゴリズムでは、初期試行点や終了判定定数などを、アルゴリズムの初期設定パラメータとみなすことができる。特に、複数の局所的最適解をもつ関数の最適化アルゴリズムとして、勾配がゼロとなる点を探索するいわゆる局所的最適化アルゴリズムを適用する場合には、初期試行点の違いによって異なった局所的最適解が算出される。この場合、初期試行点に依存して求まる局所的最適解の目

的関数値をあらためてこの初期試行点に関する関数とみなすと、この関数は初期試行点の選択の仕方をアルゴリズムの実行結果をもとに評価する、いわばメタレベルの目的関数といえることができる。そして、このメタレベル目的関数を最小化するような初期試行点が選択されれば、この初期試行点のもとで実行した局所的最適化アルゴリズムによって大域的最適解を得ることが可能である。

本論文では、あるアルゴリズムを実行して得られる解を、そのアルゴリズムを規定する初期設定パラメータの関数とみなし、かつこのアルゴリズムを実行したときにもっとも望ましい状態の解が得られるような最良の初期設定パラメータを選択するアルゴリズムを「メタアルゴリズム、このメタアルゴリズムにより指定された初期設定パラメータの下で実行されるアルゴリズムを「オブジェクトアルゴリズム」とよぶことにする。本論文では、局所的最適化アルゴリズムの実行により大域的最適点を求める最良の初期試行点を求めるアルゴリズムをオブジ

* 慶應義塾大学理工学部 横浜市港北区日吉 3-14-1

* Faculty of Science and Technology, Keio University, Yokohama

(Received September 25, 1991)

(Revised March 9, 1992)

ェクトアルゴリズムとメタアルゴリズムの関係の一形態とみなし、このメタアルゴリズムとして遺伝的アルゴリズム^{3),4)}の適用を提案する。特に、局所的最適化アルゴリズムによる大域的最適解追求のための初期試行点探索過程を、遺伝的アルゴリズムというメタアルゴリズムによるオブジェクトアルゴリズムの「進化」という概念でとらえていることを強調しておく。

2. メタ最適化問題の定式化

まず、解くべき問題は最適化問題とし、この問題を解くためのオブジェクトアルゴリズムは通常最適化アルゴリズムとし、そのアルゴリズムにとってもっとも望ましい初期設定パラメータを選ぶメタ最適化問題を考える。このような問題を定式化するには、つぎのことを認識しなければならない。

(1) あるオブジェクトアルゴリズムを実行した結果得られる解を、そのアルゴリズムの実行開始時に設定したパラメータの関数とみなす。

(2) オブジェクトアルゴリズムの初期設定パラメータに対する評価、つまりメタ最適化問題の目的関数の値は、そのアルゴリズムを実行して得た解に対するメタレベルの評価基準の値とする。

(3) メタ問題を解くメタアルゴリズムでは、(2)の目的関数値をあらためて初期設定パラメータの関数とみなして、これを最適化する。

以上のようなメタ最適化問題の概念を用いて、局所最適化アルゴリズムによる大域的最適解追求のための初期試行点発見問題を定式化する。そのために、まず解きたい最適化問題は無制約の最適化問題

$$\min_x f(x) \quad (1)$$

とする。ここで x は任意の実数値を要素とするベクトル変数とする。そして、これに適用する局所最適化アルゴリズムを A とする。アルゴリズム A には、それを規定する各種の初期設定パラメータが含まれている。たとえば、最適化アルゴリズムが降下法のように試行点を逐次的に更新するいわゆる逐次解法の場合、初期設定パラメータは初期試行点や終了判定定数などがある。このアルゴリズムの実行結果はこれらの初期設定パラメータすべてに依存するが、大域的最適性の追求というメタレベルの目的に大きな影響を与えるパラメータは初期試行点であるため、以下では初期試行点以外のパラメータは固定されているものとし、初期試行点 x^i のみの依存性を明記するために、アルゴリズムを

$$A(x^i) \quad (2)$$

と書くことにする。そしてこのアルゴリズムを適用して

得た実行解 x^s を x^i の写像とみなした場合には

$$x^s = A(x^i) \quad (3)$$

と表現することにする。また、このアルゴリズム A に対する初期試行点の選択に関するメタレベルの評価は、目的関数値 $f(x^s)$ の大域的最適性であることを考慮して、このアルゴリズムを初期試行点 x^i のもとで実行して得た解 x^s が与える目的関数値 $f(x^s)$ によって行うものとする。このとき局所最適化アルゴリズムによって大域的最適点を得られる最良の初期試行点を見いだすメタ最適化問題は、

$$\begin{cases} \min_{x^i} f(x^s) \\ \text{subj. to } x^s = A(x^i) \end{cases} \quad (4)$$

または

$$\min_{x^i} f(A[x^i]) \quad (4')$$

と定式化することができる。

アルゴリズムにとって最良の初期試行点を選択する場合とは異なるが、これと共通の問題意識は、文献^{3),4)}のメタ遺伝的アルゴリズムにもみられる。この場合、 A が遺伝的アルゴリズムであり、このアルゴリズムを規定するパラメータである個体数、crossover などの確率の最良の値をみいだすメタアルゴリズムとして、さらに遺伝的アルゴリズムを使用するというものである。一方文献⁵⁾では、アニーリング法の温度パラメータの最良の調整法について考察している。この温度パラメータを調整する問題は、イテレーション経過とともに変化するダイナミックなパラメータの最適化問題であり、このダイナミックスを表わす確率微分方程式を制約条件として考慮する点で構造的には問題(4)とは異なっている。しかし、アニーリング法というアルゴリズムの性能を支配する温度パラメータをさらに、収束性の良さを評価基準として最適にスケジュールするという問題意識はやはりメタ最適化の問題意識である。

3. 大域的最適点を与える初期点発見問題と遺伝的アルゴリズム

問題(4)において、関数 f は複数の局所最適解をもつ連続微分可能な関数で $R^n \rightarrow R^1$ とし、また写像 $A: R^n \rightarrow R^n$ を与えるアルゴリズムとして共役勾配法や準ニュートン法など、比較的効率的に非線形関数の局所最適解が得られるいわゆる局所最適化アルゴリズムを考える。そのアルゴリズムの実行により求まる局所最適点 x^s は初期点 x^i のみに依存する。したがって f の大域的最適点 x^0 をアルゴリズム A によって求めるには、問題(4)(または(4'))を解き、この結果得られる最良の初期点からアルゴリズム A を実行すればよい。

ところで、関数 f が解析的に数式表現されていても、 A はアルゴリズムの実行によって決まる写像であるため、解析的に表現することすらできず、また連続性や微分可能性などの解析的な性質すら議論することも容易ではない。したがって、 f と A の合成関数である $f(A[x'])$ も x' に関する解析的な性質を得ることはきわめて困難である。特にここで考察しているような、大域的最適点を得るための最良な初期点発見問題の場合、 A と f の合成関数は初期点 x' に関して不連続で、かつ断片的な定値関数である。このような特異な関数の最適化には、有力な非解析的最適化手法の一つとして近年注目されている遺伝的アルゴリズムの適用がもっとも適切であると考えられる。

遺伝的アルゴリズムは生物の遺伝・進化のプロセスのアナロジーとして提案された手法である^{1),2)}。まず、ある生物種の個体群に対応した集合 $Z = \{z^1, \dots, z^M\}$ を考える。個体 z^i はベクトル量とし、その次元数を N とする。またその要素 z_j^i は $\{0, 1\}$ の2値とする。このため、 z^i は N 長さをもつビット列で、生物の染色体に相当するものとみなすことができる。アルゴリズムのイテレーションを特に“世代”とよんで t で表わす。第 t 世代の個体群

$$Z(t) = \{z^1(t), \dots, z^M(t)\}$$

が与えられており、各個体 $z^i(t)$, $i=1, \dots, M$ に対して、ある関数値 $v(z^i(t))$, $i=1, \dots, M$ が計算されるものとする。遺伝的アルゴリズムの本質的操作は以下のように特徴づけられる。なお、関数 v は生物学的に個体の環境への適応度を表わすものであり、その値は個体の適応度とよばれる。

1) 個体群 $Z(t)$ の中から親個体として2個体をランダムに選択し、これを $z^i(t)$, $z^j(t)$ とおく。

2) 親個体 $z^i(t)$, $z^j(t)$ の遺伝子に対し、生殖に相当する crossover, 突然変異に相当する inversion や mutation などの遺伝的オペレータを施し、子個体 $z^k(t)$ を生成する。また、 $z^k(t)$ の適応度 $v(z^k(t))$ を計算する。

3) 個体群 $Z(t)$ の中で適応度がもっとも不良の個体を選び、これと $z^k(t)$ を入れ換え、新世代 $t+1$ の個体群 $Z(t+1)$ を形成する。

遺伝的アルゴリズムは、第0世代 ($t=0$) の個体群 $Z(0) = \{z^1(0), \dots, z^M(0)\}$ をランダムに選択し、それらの適応度 $v(z^i(0))$, $i=1, \dots, M$ を計算することから始め、ある終了条件を満たすまで、上の基本操作を繰り返す手法である。なお、2)の親個体の選択のしかた、3)の個体群からの個体の取り除き方、あるいは2)の遺伝的オペレータについては様々なバリエーションが考えられている^{1),2)}。特に、旧世代の個体群からの個体の取り除き方には、ランダムに選んで除く方式、適応度の低いもの程高

確率で取り除く方式もあるが、ここでは適応度のもっとも低いものを確定的に削除する方式を採用した。この採用した方式で、旧世代から最悪個体を除いても、その後さらに適応度の悪い子個体が個体群に加わって新世代を形成する場合があります、不良個体を許容するという意味での多様性が失われることはない。

ところで、大域的最適点を与える初期点発見問題(4) (または(4'))の決定変数 x' の値域は、 n 次元 Euclid 空間 R^n の全領域であるのに対し、遺伝的アルゴリズムで解く問題の変数は $\{0, 1\}$ の2値である。そこで、問題(4)に遺伝的アルゴリズムを適用するため、 R^n 空間の適当な領域 X 上の点 x の成分 x_l と、 N 次元ビット列空間の点 z_l を対応づける関数を考える。

もし領域 X が超立方体状の領域で、

$$X = \{x | 0 \leq x_l \leq c_l, l=1, \dots, n\} \quad (5)$$

で与えられているならば、ある適当な正整数 N と、 c_l に対応した正数 C_l を考えることにより、上限 c_l は、

$$c_l = C_l(2^{N-1} + 2^{N-2} + \dots + 2^1 + 2^0), l=1, \dots, n \quad (6)$$

と表わすことができる。ここで

$$x_l = C_l \sum_{i=1}^N z_{li} 2^{N-i} = h_l(z_l), l=1, \dots, n \quad (7)$$

とおけば、変数 x_l の区間 $[0, c_l]$ を適当な粗さで離散化し、この区間の 2^N 個の x_l の値を、変数 z_l の $(0, \dots, 0)$ から $(1, \dots, 1)$ までのビット列に対応づけたことになる。ここで、アルゴリズム A によって f の大域的最適点を与えるような初期点は、(5)式の超立方体領域の内部にあり、前記のビット列に対応した離散点の一つであると仮定すれば変換式

$$\begin{aligned} x' &= (x'_1, \dots, x'_n)^T = (h_1(z_1), \dots, h_n(z_n))^T \\ &= h(z_1, \dots, z_n) \end{aligned} \quad (8)$$

により、問題(4)は

$$\min_{\{z_l\}} f\{A[h(z_1, \dots, z_n)]\} \quad (9)$$

と書き換えることができる。

ところで、(8)式で与えられる x' は、領域 X のうちの離散点であり、問題(9)と問題(4')は完全に等価ではないが、 A と f の合成関数が x' に関して断片的に定値関数となるという性質上、最良の初期試行点を与える x' は一般にある領域を形成するので、適当な細かさの離散化であれば、前述の仮定は一般的に成立するとみなして差し支えない。このように、メタレベルの最適化の解が、必ずある大きさをもった集合を形成するという性質により、メタレベルの探索空間の離散化と量子化を可能にし、さらにはこの量子化された空間で遺伝的アルゴリズム適用の道を与えていることを強調しておく。

以上により、 n 種の N 次元ビット列 $z_1, \dots, z_n$ (ただし、 $z_l = (z_{l1}, \dots, z_{lN})^T$, $l=1, \dots, n$) が与えられれば、変換

式(8)により対応する初期点 x^l が与えられ、この点からアルゴリズム A を実行することにより、その収束点として問題(1)の局所的最適点 $x^s = A[h(z_1, \dots, z_n)]$ が与えられる。このときの関数 f の値 $f(A[h(z_1, \dots, z_n)])$ が問題(9)の目的関数値となる。ところで遺伝的アルゴリズムでは、 $z_l, l=1, \dots, n$ それぞれがある生物種の個体に対応するから、合成変換 $(z_1, \dots, z_n)$ はこれら n 種の生物種の個体 1 個ずつからなる合成個体 (異生物種 1 個ずつからなる社会) とみなすことができる。この場合、遺伝的オペレータについては、たとえば crossover などは、同一生物種間で行い、また突然変異などは、各生物種ごとに独立して行うものとする。また、適応度 v は合成個体 $(z_1, \dots, z_n)$ に対して定義されているものとし、

$$v(z_1, \dots, z_n) = f(A[h(z_1, \dots, z_n)]) \quad (10)$$

とおくことにする。

問題(9)を解くための以上のような遺伝的アルゴリズムの流れはつぎようになる。

〈大域的最適化のための遺伝的アルゴリズム〉

step 1. 第 0 世代の n 種の生物種の個体群

$$Z_1(0) = \{z_1^1(0), \dots, z_1^M(0)\}$$

⋮

$$Z_n(0) = \{z_n^1(0), \dots, z_n^M(0)\},$$

ただし

$$z_l^m(0) = (z_l^{m1}(0), \dots, z_l^{mN}(0)), m=1, \dots, M, l=1, \dots, n$$

をランダムに選択し、すべての個体に対し変換式

$$\bar{x}_l^m(0) = C_l \sum_{i=1}^N z_l^{mi}(0) 2^{N-i}, m=1, \dots, M, l=1, \dots, n$$

により、 $\bar{x}_l^m(0)$ を計算し、

$$\bar{x}^m(0) = (\bar{x}_1^m(0), \dots, \bar{x}_n^m(0))^T, m=1, \dots, M$$

とおき、この M 個の点をそれぞれ初期試行点とした局所的最適化アルゴリズム A を実行し、得られた収束点(局所的最適点)をそれぞれ $x^{om}(0), m=1, \dots, M$ とする。また、対応した局所的最小値 $f(x^{om}(0)), m=1, \dots, M$ を計算し、これらを合成個体 $(z_1^m(0), \dots, z_n^m(0)), m=1, \dots, M$ それぞれの適応度とし、

$$v(z_1^m(0), \dots, z_n^m(0)) = f(x^{om}(0))$$

とおき、 $t=0$ とおく。

step 2. あらかじめ与えておいた世代上限数 T に対して $t > T$ を満たすか、合成個体の中で最良の適応度(最小の v の値)を与える合成個体数の割合があらかじめ設定された比率 r 以上になったら計算を終了し、どちらでもないときは step 3. へいく(本論文では、つねに $T=100, r=1.0$ とした。)

step 3. M 個の合成個体 $(z_1^m(t), \dots, z_n^m(t)), m=1, \dots, M$ からランダムに、二つの合成個体

$$(z_1^l(t), \dots, z_n^l(t)), (z_1^k(t), \dots, z_n^k(t))$$

を選択し、これらに以下のようにして遺伝的オペレータを施し、合成個体 $(z_1^l(t), \dots, z_n^k(t))$ を生成する。

(3-1) 二つの合成個体において同じ生物種の個体どうし、つまり $z_i^l(t), z_i^k(t)$ に対して確率 P_c で crossover (交叉) を適用し、生ずる二つの子孫の中から一つをランダムに選び、それを $z_i^l(t)$ とする。これをすべての生物種 $l=1, \dots, n$ に関して繰り返し、 n 個の子孫 $z_i^l(t), l=1, \dots, n$ を生成する。ここでは、one-point crossover を用いている。

(3-2) ある確率 P_i で n 個の子孫 $z_i^l(t), l=1, \dots, n$ それぞれに inversion (逆転) を適用し、それらを新たな $z_i^l(t), l=1, \dots, n$ とする。

(3-3) ある確率 P_m で n 個の子孫 $z_i^l(t), l=1, \dots, n$ それぞれの各要素に mutation (突然変異) を適用し、それを再び $z_i^l(t), l=1, \dots, n$ とする。

step 4. 生成した合成個体に対し、変換式

$$\bar{x}_l^k(t) = C_l \sum_{i=1}^N z_i^{kl}(t) 2^{N-i}, l=1, \dots, n$$

により、 $\bar{x}_l^k(t), l=1, \dots, n$ を計算し、

$$\bar{x}^k(t) = (\bar{x}_1^k(t), \dots, \bar{x}_n^k(t))^T$$

とおき、この点を初期試行点とした局所的最適化アルゴリズム A を実行し、得られた収束点(局所的最適点)を $x^{ok}(t)$ とする。また対応した局所的最小値 $f(x^{ok}(t))$ を計算し、合成個体 $(z_1^k(t), \dots, z_n^k(t))$ の適応度として

$$v(z_1^k(t), \dots, z_n^k(t)) = f(x^{ok}(t))$$

とおく。

step 5. M 個の合成個体 $(z_1^m(t), \dots, z_n^m(t)), m=1, \dots, M$ の中で、適応度が最悪(v の値が最大)の合成個体 $(z_1^k(t), \dots, z_n^k(t))$ を選び、各生物種 l ごとに個体群 $Z_l(t)$ の中から $z_l^k(t)$ を除き、新たに $z_l^k(t)$ をつけ加えた個体群を形成し、 $Z_l(t+1)$ とおく。これをすべての生物種 $l=1, \dots, n$ に関して繰り返した後、 $t=t+1$ とし、step 2. へいく。

4. ほかの大域的最適化法との関連

大域的最適化法には、これまで数多くの解法が提案されている^{6)~8)}。これらを大別すると、(1) 領域切除法、(2) 修正降下法、(3) 微分方程式法、(4) 発見的・統計的手法、という名称で大別することができよう。(1) は目的関数の定義域をいくつかの小領域に分割し、大域的最適解が存在し得ない領域を切除し、最適解が存在し得る残りの領域をさらに細分化していく手法で文献 9) に詳しい解説がされている。また(2) は局所的降下法によって大域的最適点が探索できるよう、それに様々な工夫と修正ルールを施した手法で、たとえば局所的最適解

付近への落ち込みが判断できた時点で、その場所からの脱出が可能なようにペナルティ項を目的関数に付加するトンネリング手法¹⁰⁾や、充填関数法¹¹⁾などがある。(3)は目的関数の停留点が漸近安定であるような微分方程式を生成し、これを解くことによって停留点の一つである大域的最適点を探索しようとする手法で、やはり文献9)で考察されている。さらに(4)はいくつかのサンプル点をランダムにとり、それらの点から得られる情報を用い、発見的手法や統計的手法あるいはクラスタリング手法などにより目的関数の形状を大まかに推定し、それによって大域的最適点が存在する可能性が高い新たなサンプル点を生成していく手法であるが、関数の形状把握の仕方やサンプル点の生成ルールには様々なものがある(たとえば文献6)~8))。

本論で言及しているように、大域的最適化のためにメタ最適化の概念を導入するというのは、過去の大域的最適化の研究にはない。しかし、本論文で提案したメタ最適化アルゴリズムとしての遺伝的アルゴリズムを、前記の4種の手法のどれかにあえて分類しようとするれば、(4)のクラスに属する手法ともいえる。しかしながら、本手法のメタレベルで逐次生成される初期試行点をサンプル点とみなしたとしても、それらの点での情報による目的関数の形状把握作業というものは行わず、また大域的最適点を与える可能性の高い領域につぎのサンプル点を生成するという作爲的機能も存在しない。むしろ本手法は、メタレベルで生成される新初期試行点が、cross-over や mutation といった遺伝的オペレータにより無作為に生成されるより syntactic なアルゴリズムという点で、むしろランダム探索法といえるものであり、このため解空間のできるだけ広い領域にわたって探索できるという特徴を有している。一方、遺伝的アルゴリズムは、先見の情報をもとにしてよりよい解を逐次みいだすことができるという逐次改良性の性質もある程度兼ね備えている。この性質を利用すれば、変換式(7)を経由して、大域的最適化問題に直接遺伝的アルゴリズムを適用することも考えられるが、このようなアプローチでは、大域的最適点という一般的には唯一点であるきわめて狭い領域に、遺伝的アルゴリズムの個体を絞り込まなくてはならないため、相当の計算時間を要すると考えられる。これに対して、局所的最適化アルゴリズムが大域的最適点に停留するような初期点を発見するというメタレベルの問題では、その解がある程度大きな広がりをもった領域を形成するため、比較的少ない更新回数でこの領域内に遺伝的アルゴリズムの個体が落ち込む可能性が大きく、この点で遺伝的アルゴリズムの計算時間の大幅な短縮が可能である。このことが、メタレベルにおいて遺伝的ア

ルゴリズムを用いた大きな動機でもある。また、生物の遺伝・進化と遺伝的アルゴリズムの間のアナロジーをあえて本論文におけるメタ最適化の概念に展開すれば、生物個体の遺伝情報である $\{0, 1\}$ のビット列から変換式(7)によって初期点を生成することは、生物個体の発現(誕生)を表わし、この初期点を出発点とする局所的最適化のルーチンは、生物個体誕生後のダイナミックな生存活動を表わすものといえる。このようなメタレベルを想定した2段構造のアルゴリズム形態は、今後の情報処理方式の展開に新しい試みと可能性を提供するものと考えている。

一方、本手法の計算効率についていえば、メタレベルにおける遺伝的アルゴリズムの一回の世代更新のたびに、新しい個体より生成した初期試行点から降下法を実行するという作業が存在するため、必ずしも効率的な計算手法とはいえない。しかし、大域的最適化のためには、計算効率性や計算速度はある程度犠牲にされるべきものであり、多少計算時間を要しても、確実に大域的最適点が探索できることや、多種多様な形の関数に対して汎用性があること、さらにはアルゴリズムの構造自体が簡素で、ユーザにとってそのアルゴリズムのメカニズムが理解しやすいことなどが要求される。これらの点では、本手法のほうがほかのいずれの大域的最適化法と比較しても優れているものと思われる。

5. 計算結果

大域的最適化のための初期点発見のメタアルゴリズムとして、遺伝的アルゴリズムの有用性を確認するために、大域的最適化のためのテスト関数として代表的な Shekel 関数(文献12)参照)に対して、3章の計算手順を適用した結果を示す。なお、この関数の具体的な形と設定したパラメータ、および大域的最適点とその目的関数値はつぎのとおりである。

$$f(x) = - \sum_{i=1}^m \frac{1}{(x - a_i)^T (x - a_i) + b_i}$$

$$x = (x_1, \dots, x_n)^T, \quad 0 \leq x_i \leq 10, \quad i = 1, \dots, n$$

$$a_i = (a_{i1}, \dots, a_{in})^T, \quad b_i > 0, \quad i = 1, \dots, m$$

$$n = 8, \quad m = 5, \quad a_{ij}, b_i: \text{Table 1 参照}$$

Table 1 The parameters of Shekel' s function

	a_{ij}								b_i
	$j=1$	$j=2$	$j=3$	$j=4$	$j=5$	$j=6$	$j=7$	$j=8$	
$i=1$	4.0	4.0	4.0	4.0	4.0	4.0	4.0	4.0	0.1
$i=2$	1.0	1.0	1.0	1.0	1.0	1.0	1.0	1.0	0.2
$i=3$	8.0	8.0	8.0	8.0	8.0	8.0	8.0	8.0	0.2
$i=4$	6.0	6.0	6.0	6.0	6.0	6.0	6.0	6.0	0.4
$i=5$	3.0	7.0	3.0	7.0	3.0	7.0	3.0	7.0	0.4

探索法との比較結果も示してある。この2種のランダム探索法はいずれも、まず初めに M 個の初期試行点(個体群に相当)を用意しておき、各イテレーションでランダムに発生させた1個の新点を加えた $M+1$ 個の試行点の中で、それらを初期試行点として準ニュートン法を実行させた結果、最大の局所最小値を与えるものを削除してつぎのイテレーションへ進むという手法で、いわばメタレベルの部分を中心にランダムに実行する手法である。ただし遺伝的アルゴリズムでは、最悪の適応度の(最大の局所最小値を与える)子孫でも次世代の個体群に加わる可能性があるのに対し、ランダム法では、新たに発生させた新初期試行点が最大の局所最小値を与える場合、この点はただちに削除されることに注意されたい。2種のランダム法のうち、手法Aは問題(4)(または(4'))に対して x -空間で直接ランダム法を適用した場合であり、手法Bは(7),(8)式を用いて変換した問題(9)に対してビット列空間でランダム法を適用した場合である。遺伝的アルゴリズムを用いた場合とランダム法A, Bとを比較すると、(P_c, P_i, P_m)を適切に選べば、A, B いずれに対しても $M \geq 5$ なる個体数のときに、遺伝的アルゴリズムのほうの平均収束世代数が小さくなり、 $M=10$ では15%から20%ぐらい収束性が良いことが確認される。またその標準偏差も、個体数が多い場合に、遺伝的

アルゴリズムのほうがより小さいことがわかる。

ところでFig. 1は、 $M=10, P_c=0.70, P_i=0.30, P_m=0.10$ の場合の遺伝的アルゴリズムにおける世代ごとの適応度(ビット列から発現する初期試行点を与える局所最小値)の収束する様子を示したものである。世代ごとにそのときの個体群の中で、最良の適応度(best fitness), 最悪の適応度(worst fitness), すべての個体の適応度の平均(mean fitness)を示してある。ただしこれらの値は50回の計算試行における各世代ごとのデータの平均値である。個体群を構成する全個体がある世代で最良の適応度を与えても、その直後には遺伝的オペレータにより、悪い適応度の子孫が生成され、次世代の個体群に加えられ、しかもこの現象が50回の計算試行の平均によってならされている。このため、約20世代以降、最悪適応度がつねに不規則に存在し続け、また最良適応度と平均適応度がわずかながらつねに乖離し続けていることに注意されたい。

以上の結果より、大域的最適化のための最良の初期点を発見するメタアルゴリズムとして遺伝的アルゴリズムを使用することは、遺伝的オペレータの確率を適切に選べば、ランダム法よりある程度有効な手法であることが確認された。

Table 2 Convergence corresponding to the genetic parameters and comparison with random search methods

M	Meta-Optimization by GA					Random Search A		Random Search B	
	P_c	P_i	P_m	Mean of Generations	Standard Deviation	Mean of Iterations	Standard Deviation	Mean of Iterations	Standard Deviation
2	0.90	0.10	0.30	5.18	3.73	4.08	3.75	3.92	3.55
	0.95	0.10	0.30	5.18	3.73				
	0.95	0.20	0.30	5.34	4.71				
3	0.90	0.00	0.30	6.90	4.37	5.70	5.01	6.36	4.57
	0.80	0.00	0.30	7.04	4.58				
	0.85	0.00	0.30	7.04	4.55				
4	0.95	0.20	0.20	8.52	5.28	8.60	6.35	8.96	6.61
	0.95	0.30	0.20	8.94	6.30				
	0.90	0.20	0.20	9.14	5.35				
5	0.65	0.20	0.30	9.88	5.64	10.42	7.03	11.06	7.25
	0.60	0.20	0.20	10.16	6.25				
	0.80	0.00	0.30	10.18	5.32				
6	0.90	0.30	0.30	11.84	6.07	12.32	6.87	13.16	7.88
	0.60	0.10	0.20	11.92	6.34				
	0.75	0.30	0.30	12.14	6.42				
7	0.75	0.30	0.20	14.30	8.76	14.96	8.88	15.04	8.45
	0.95	0.20	0.30	14.50	6.31				
	0.85	0.30	0.20	14.62	8.01				
8	0.85	0.10	0.20	14.94	7.09	16.72	8.84	17.44	9.41
	0.80	0.10	0.20	15.08	7.36				
	0.95	0.10	0.20	15.26	6.42				
9	0.75	0.30	0.20	16.18	5.69	18.92	9.80	19.58	9.14
	0.85	0.30	0.20	16.72	5.95				
	0.75	0.20	0.20	16.90	6.96				
10	0.70	0.30	0.10	18.26	7.06	21.19	10.45	22.30	10.66
	0.75	0.30	0.10	18.30	7.17				
	0.75	0.10	0.10	18.40	6.72

Fig. 1 Convergent process

6. おわりに

一つの計算アルゴリズムを最良な初期状態のもとで実行するよう、その最良な初期状態を探索するという、ある種のメタアルゴリズムの概念を導入し、この考え方を多峰性関数の大域的最適化に適用した。さらにこのようなメタアルゴリズムとして遺伝的アルゴリズムがランダム探索法より有効であることを確認した。

遺伝的アルゴリズムは、遺伝・進化のアナロジーとして近年注目され始めているアルゴリズムであるが、この手法自体効率性の点など必ずしも万能な手法とはいえない。したがって本論文で提案したような、在来計算手法とのいわば適切なハイブリッド化によって、遺伝的アルゴリズムと在来計算手法が互いにそれらの欠点を補完しあった計算システムの構築が最も望まれるものと思われる。

参 考 文 献

- 1) D. E. Goldberg: Genetic Algorithms in Search, Optimization, and Machine Learning, Addison-Wesley (1989)
- 2) L. Davis: Handbook of Genetic Algorithms, Van Nostrand Reinhold (1991)
- 3) J. J. Grefenstette: Optimization of Control Parameters for Genetic Algorithms, IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics, SMC-16-1, 122/128 (1986)
- 4) K. Shahookar and P. Mazumder: A Genetic Approach to Standard Cell Placement Using Meta-Genetic Parameter Optimization, IEEE Transactions on Computer-Aided Design, CAD-9-5, 500/511 (1990)
- 5) 船橋, 松葉: ニューロコンピューティングの最適化問題への応用, 第3回計測自動制御学会システム工学部研究会資料, 11/18 (1989)
- 6) L. C. W. Dixon and G. P. Szego (ed.): Towards Global Optimization, North-Holland/American Elsevier (1975)
- 7) L. C. W. Dixon and G. P. Szego (ed.): Towards Global

Optimization 2, North-Holland (1978)

- 8) F. Archetti and F. Schoen: A Survey on the Global Optimization Problem: General Theory and Computational Approaches, Annals of Operations Research, 1-1~4, 87/110 (1984)
- 9) A. Törn and A. Žilinskas: Global Optimization, Lecture Notes in Computer Science 350, Springer-Verlag (1987)
- 10) A. V. Levy and A. Montalvo: The Tunneling Algorithm for the Global Minimization of Functions, SIAM J. on Scientific and Statistical Computing, 6-1, 15/29 (1985)
- 11) R. P. Ge and Y. F. Qin: A Class of Filled Functions for Finding Global Minimizers of a Function of Several Variables, J. of Optimization Theory and Applications, 54-2, 241/252 (1987)
- 12) E. M. L. Beale and J. J. H. Forrest: Global Optimization as Extension of Integer Programming, in Towards Global Optimization 2, 131/149 North-Holland (1978)

[著 者 紹 介]

相 吉 英太郎 (正会員)

1975 年, 慶應義塾大学工学部計測工学科卒業。同大学大学院修士課程を経て, 80 年博士課程修了(工学博士)。慶應義塾大学理工学部助手, 専任講師を経て, 89 年同助教授。最適化の理論と計算手法に関する研究に従事。昭和 63 年度計測自動制御学会論文賞受賞。

三 室 徳 晃

1991 年, 慶應義塾大学理工学部計測工学科卒業。同年同大学院修士課程入学。現在在学中。遺伝的アルゴリズムとその応用に関する研究に従事。