遺伝子分布評価に基づく遺伝的アルゴリズムの多様性維持†

市川 芳明*・石井 良和*

Retaining Diversity of Genetic Algorithms Based on Allele Distribution

Yoshiaki ICHIKAWA* and Yoshikazu ISHII*

This paper presents methods to retain diversity of the allele distribution in the search of Genetic Algorithms. The purpose of this study is to refine the convergence behaviors of Genetic Algorithms for use in multi-variable optimization. We first evaluate "rariness" of a chromosome using the distribution of alleles in a population. Then the fitness of a chromosome is adjusted with the rareness so that rare chromosomes will be likely to survive. In addition, "mutation width" is introduced to tune the effect of the mutation which can generate rare chromosomes while conserving effective convergence.

Kew Words: Genetic Algorithm, diversity, premature convergence, optimization, control

1. 緒 言

遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithm-略して GA) が、多変数パラメータの組合せ最適化手法として普及しつつある。ミシガン大学の Holland¹⁾ によって提案されて以来、現在では様々な応用例が報告されており²⁾、優れた解説書^{3),4)}も発行されている。

GA は目的関数の数学的性質や制約条件への制限が少なく、比較的自由に広い範囲の問題に対して適用できる。この反面、従来の分枝限定法や勾配法などの最適化手法が適用できる対象には不向きでもあり、目的関数の性質が捉えどころのないものや、数学的取り扱いが困難な問題、また小規模でも多峰性のある最適化問題に効果的に用いられていることが多い。

しかし、比較的問題の性質を選ばないとはいえ、必ずしも GA の応用が容易であるとはいえないのが現状である。その理由のほとんどは、最適化プロセスの途中で局所最適に収束してしまう Premature Convergence (以後早期収束と略す) と呼ばれる現象に起因する。

GA は、変数の種類を遺伝子座に、変数の値をアレル

(遺伝子の離散値)に見立てた染色体(個体)を定義し、一つの個体が多次元変数空間での一点に対応するように定式化するとともに、数十の個体からなる集団を作る。さらに、この集団内における2個体間の交差(一部の遺伝子座におけるアレルを互いに交換し、新しい染色体を生成すること)を導入し、進化の過程を模擬している。この模擬された進化の過程は、多次元の変数空間における複数の探索点をつぎつぎと生成しながら、その探索空間を徐々に最適点近傍に絞ってゆく多変数最適化プロセスである。この手法の重要な課題として、局所最適点に全個体がトラップされてアレルの多様性を失う現象、すなわち早期収束が指摘されている。早期収束が起これば、集団中に含まれるアレルの種類が少なくなるため、2個体間で交換しても異なった染色体は生まれなくなり、探索空間が早期に限定されてしまう。

GA の研究の中では、早くから早期収束の弊害は訴えられており、初期の解説書の中にもこれを防止するための工夫が載せられている。すなわち多様性を評価する指標として損失アレル数⁵⁾が述べられており、多様性の維持方法として類似染色体間で適応度を分かち合う方法 (Sharing⁶⁾) が示されている。また近傍モデル⁷⁾が効果的であるという報告もある。しかし、これらはバイナリイの染色体表現(アレルが1か0である)に限定されているため最近良く用いられている多値の染色体⁸⁾⁻⁹⁾に適用できない。また集団内のアレル分布を評価していないため、

† 第31回計測自動制御学会学術講演会で発表(1992・7)

* (株)日立製作所エネルギー研究所 日立市大みか町7-2-1

* Energy Research Lab., Hitachi, Ltd., Hitachi
(Received July 13, 1993)

(Revised January 25, 1994)

その効果が必ずしも明確ではない。一方、地理的に隔離された2倍体(減数分裂モデル)の整数値染色体に関しては多様性維持効果のあることを定量的に評価した研究がある⁹⁾。

本論文では、通常のGAの枠組の下での整数値染色体表現に関し、集団内遺伝子分布評価に基づく効果的な多様性維持手法を提案する。具体的には以下の点を論じる。

- 遺伝子座ごとの多様性を評価する指標としてアレル分布を表わすアレルヒストグラムを用いる方法を提案し、これに基づいて、個体の希少度を評価する。
- 多様性維持の方法を、アレル分布から見て希少な個体を発生する手段、およびこれを集団内に定着させる手段の2観点から論じる。
- 希少な個体を発生する手段は、従来より多様性維持効果の指摘されている突然変異を用いるが、アレルヒストグラムに基づいてその効果を論じる。
- 希少な個体を集団内に定着させる手段は、適応度の調節によって実現するが、アレルヒストグラムに基づいて評価された希少度を用い、適応度を調節する方法を提案する。

2. GAの概要

ここでは、以下の議論の前提となるGAのアルゴリズムを示す。

2.1 最適化変数の離散化と染色体表現

多変数最適化の対象となる変数 $\{X_1, X_2, \dots, X_i, \dots, X_N\}$ をある値域に正規化し、これを整数に離散化する。これらを配列として格納した $X[i](i=1 \sim N)$ を染色体と呼ぶ。たとえば染色体の各要素に $-10 \sim 10$ までの21通りの整数値を取らせ、この21通りの値をアレル(Alele)と呼ぶ。また、染色体の配列の番号 $(1 \sim N)$ を遺伝子座(Locus)と呼ぶ。つぎに染色体を数十用意して集団(Population)を作り、染色体の一つ一つを個体と呼ぶ。データ表現として簡便な方法は染色体配列の次元を増やして $X[q][i]$ とすることで、集団内の個体数を $Q_{\max}$ とすると、 $q(=1 \sim Q_{\max})$ によって個体をインデックスする。

2.2 アルゴリズム

[ステップ1：初期化]

乱数の種を入力して、集団の初期化を行う。この集団を第0世代とする。また終了条件としての最終世代数を入力する。

[ステップ2：染色体の評価とスケールリング]

各個体 q について、染色体 X から変数を取り出し、これを目的関数により評価し、評価値 $V[q]$ を得る。この評

価関数値に対してスケールリングおよび5章に述べる調節を行い、個体の適応度 $F[q]$ を計算する。

[ステップ3：交差と突然変異]

集団内より2個体 q_1 と q_2 (これらを「親」と呼ぶ)を順次適応度 F に比例した確率で、重複を許して選択(ルーレット選択⁴⁾)し、これらを交差させる。また、交差の後に突然変異を両個体に発生させる。結果として、新たな2個体が生成される。これらを「子供」と呼ぶ。親の集団と同数($Q_{\max}$ 個)の子供の集団が得られるまで本ステップ3を繰り返す。

[ステップ4：世代交代]

まず全ての子供の評価関数値 V を求め、親集団と子供集団を合せた $2 \cdot Q_{\max}$ 個の暫定集団に対するスケールリングを施して適応度 F を再評価する。この中から、ルーレット選択により半数の $Q_{\max}$ 個を選択して、次世代の集団とする(この方法はOverlapping Populationとも呼ばれ、最近では良く用いられている)。このとき、暫定集団内で最大の評価関数値をもつ個体が一個体も選択されていない場合は、一個体のみを優先的に次世代に繰り入れる(Elitism⁴⁾方式)。つぎに世代数をインクリメントして、最終世代数になるまでステップ2から繰り返す。

2.3 交差と突然変異

染色体の交差には、Uniform Crossover⁹⁾を用いている。これは、2個体 q_1, q_2 の遺伝子座、 $X[q_1][i]$ と $X[q_2][i]$ のおおの($i=1 \sim N$)について、ランダムに50%の確率で、互いのアレルを交換するものである。すなわち、期待値としては半数の遺伝子座が交換されることになる。

また突然変異は、染色体 $X[q_1][*]$ と $X[q_2][*]$ の全遺伝子座の値に、区間 $[-Em \sim Em]$ の範囲で発生した整数の乱数を加算する。本アルゴリズムを以下で用いる際には、突然変異の発生確率を1として固定し、変異幅 Em を調節することによって突然変異の効果を増減する。

2.4 染色体の評価とスケールリング

染色体を評価し適応度 F を得るプロセスは複数の段階からなる。まず、任意に定義される評価関数によって評価関数値 V を得、この値をスケールリングして適応度 F とする。ここでは標準的なスケールリング法であるリニアスケールリングを用いる。リニアスケールリングでは、集団(前記ステップ2では親集団、ステップ4では暫定集団)に含まれる全個体の評価関数値の最大値 $V_{\max}$ 、最小値 $V_{\min}$ を求めた後、以下の線形式で V から F に変換する。

$$F[q] = \frac{M - N}{V_{\max} - V_{\min}} V[q] + \frac{N \cdot V_{\max} - M \cdot V_{\min}}{V_{\max} - V_{\min}} \quad (2.1)$$

上式における M, N は定数であり, $V_{\max}$ は M に $V_{\min}$ は N に変換される. この M, N の値の選択は進化の推移に影響するが, ここでは経験的な値として $M=2.0$, $N=1.0$ に設定し, 以後は全てこの値に固定して用いる.

3. 探索空間の多様性

3.1 遺伝的アルゴリズム探索の特徴

GA の特徴は, 変数空間を多点探索すること, 交差というオペレーションをすることである. 前者については, ほかの組合せ探索手法にも見られるが, 交差は GA に限られる. ここで GA の長所を単純な例を用いて要約してみたい. まずつぎのような例題を設定する. 変数は全部で三つあり, 最適点 $\{X1=a, X2=b, X3=c\}$ を仮定する. $X1=a$ 単独あるいは $X2=b$ 単独ではかえって評価は低い, 両者が共に満たされると比較的高い評価が得られ, $X3=c$ は単独でも, ほかと組み合わせても高い評価に寄与するものとする.

初期世代の集団のなかに上記の 3 条件のいずれをも満たす個体が含まれていないと仮定すると, GA の初期ではほぼランダムに変数空間を多点探索する. ここで, $X3=c$ を満たす個体がいくつか生成されたとする. いずれも適応度が平均以上である. すると, ルーレット選択により選ばれる確率が高いので, これらの間で交差が行われて子供が生成されるが, これらの子供は親と同じく $X3=c$ をもつので, $X3=c$ という平面上に個体が増えてゆく. また, これとは別に比較的不利な $X1=a$ という個体を選ばれ $X2=b$ という個体も選ばれて両者が交差して $\{X1=a$ かつ $X2=b\}$ という直線上の子供ができたとする. これは低い確率で起こるので, しばらく待たなければならないはずである. しかし, いったんできてしまうとその高い評価値によって急激に子供を増やし, 同直線上に多くの個体が発生する. この時期には, $X3=c$ という平面上と $\{X1=a$ かつ $X2=b\}$ という直線上の個体数がかなり増えているので, 両者の間での交差確率も上がっている. したがって, わずかな時間内に両者の交点としての最適点に到達する個体が発生してくる.

この例は, GA が単なる多点探索ではなく, 変数を座標軸とした多次元空間において, 平均的な評価の高い部分空間に探索点を集め, これら部分空間相互の共通空間へと徐々に次元を落としながら, 効率的に探索空間を絞ってゆく形式の探索であることを示している. そしてこの特徴は「交差」という, GA だけが用いているオペレータとルーレット選択によってもたらされるものである.

3.2 早期収束の発生と局所最適

前記のシナリオが成功に終わったのは, 比較的不利な形質である $X1=a$ または $X2=b$ を単独にもつ個体が,

相互に交差する機会が来るまで集団内に維持されていたからである. もしルーレット選択を強く働かせると(たとえば前述のリニアスケリングの M の N の差を拡大するなど)不利な個体は次世代の集団の中に選ばれずに, 失われてしまう. 特に, たとえば $\{X1=a(\neq a)\}$ という局所最適平面があったと仮定すると, このような場合の集団内での遺伝子座別のアレルの分布を見ると, ほぼ全個体が局所最適平面である $\{X1=a\}$ に捕らえられて, 交差によってこれから脱出することができない(Fig. 1 右下). このような現象が早期収束である. 早期収束の特徴は, 各遺伝子座について見たときのアレルの多様性が失われていることであり, これによって GA にとって最も重要な「交差」の有効性が損なわれる. 以上の議論から明らかなことは, 全ての個体が 1 点に収束してはいけないということである. 局所最適か大域的最適かの区別はできないことが多いので, 仮に大域的最適点を見つけていたとしても, ある程度の分布の多様性が常に維持されていなければならない(Fig. 1 右上).

Fig. 1 Convergence in a search space

4. 個体の希少度の指標

4.1 アレルヒストグラムで見た多様性

集団内の多様性を評価する尺度として損失アレル数 (Alleles lost) が提案されている³⁾. ただし, アレルが 0 か 1 か 2 通りのみに限定されたバイナリ表現の染色体を想定したものであるため, ここで整数値染色体における損失アレル数に相当する尺度を改めて定義する.

アレルが多値を取るときには, 離散化した全てのアレルの損失を論じるよりも, 遺伝子座の値域をいくつかに分けた区間についてのヒストグラムによって論じるほうが簡便である. 一例としてここでは, $-10 \sim 10$ の値域を $[-10, -8]$, $[-7, -5]$, $\dots$, $[-1, 1]$, $\dots$, $[8, 10]$ のように七つの区間に均等に分けた場合を示す. 各遺伝子座について, この七つの区間に入るアレルの数を数えて

ヒストグラムを作ったものをアレルヒストグラムと呼ぶことにする。アレルヒストグラムはつぎのような配列、 $\text{Histogram}[n][i] (n=1\sim 7, i=1\sim N)$ に表わされる。染色体のデータからアレルヒストグラムを得るのは、わずかな計算量である。

$$\text{Histogram}[n][i] = \sum_{q=1}^{Q_{\max}} \sigma(q, n, i)$$

$$\text{where } \sigma(q, n, i) = \begin{cases} 1 & \text{if } 3n-13 \leq X[q][i] \leq 3n-11 \\ 0 & \text{otherwise} \end{cases} \quad (4.1)$$

このヒストグラムは遺伝子座の多様性を評価するデータとなる。三つの遺伝子座に関するヒストグラムの1例をFig. 2に示した。初期世代では全ての遺伝子座の全ての区間に均等にアレルが存在する。この場合、交差によって全ての遺伝子座の値は任意に組み合わせることができる。しかし、ある遺伝子座*i*のヒストグラムに偏りがでて、ある区間*n*のアレル数がゼロになったとすると、その遺伝子座*i*については、どのように交差したとしても $3n-13\sim 3n-11$ までの値は出現することがない(たとえばFig. 2における遺伝子座2の区間3, 遺伝子座3の区間1と6)。すなわち探索の範囲が限定される。このような意味で、集団の多様性を考えるときには失われたアレルに着目する必要がある。そこで、バイナリ染色体に用いられた損失アレル数を、ヒストグラムを用いてつぎのように整数値染色体に拡張する。

$$\text{遺伝子座の損失アレル数 } \text{AL}[i]$$

$$= \sum_{n=1}^7 \delta(n, i)$$

$$\text{where } \delta(n, i) = \begin{cases} 1 & \text{if } \text{Histogram}[n][i] = 0 \\ 0 & \text{otherwise} \end{cases} \quad (4.2)$$

$$\text{総損失アレル数 } \text{TAL} = \sum_{i=1}^N \text{AL}[i] \quad (4.3)$$

Fig. 2 Allele histogram and alleles lost

4.2 個体の希少度の評価

前記損失アレル数は、ヒストグラムを遺伝子座について集計したものであるが、ヒストグラムを個体について集計すると、個体の希少度の評価値を得ることができる。これを個体のレアネスと呼ぶことにし、以下のように定義する。

個体のレアネス

$$\text{Rareness}[q] = \sum_{i=1}^N \text{Histogram}[n(q, i)][i] \quad (4.4)$$

$$\text{where } 3n(q, i) - 13 \leq X[q][i] \leq 3n(q, i) - 11$$

上式で $n(q, i)$ は $X[q][i]$ が所属する区間の番号であり、個体のレアネスは、その個体のもつアレルが属するヒストグラム値を全遺伝子座にわたってトータルしたものである。したがってこの値が小さいほど希少な個体であることになる。個体の希少度を計算する目的は、GAの制御に用いるためである。GAの過程で多様性が失われてきたことが判明しても、GAが個体の適応度に基づくプロシジャである限り、個体単位のオペレーションに反映させなければ対策ができないからである。この対策について次章で述べる。

5. 多様性維持の方法

5.1 希少な個体の発生

集団全体の多様性を維持するためには、各遺伝子座のアレルが広い範囲にわたって分布していることが望ましい。これは必ずしも一様であることを要求してはいないが、値域中のある区間に一つもない状態は明らかに好ましくない。前出の損失アレル数はこのような区間の発生頻度をモニタするために便利な量であり、GAが早期収束していないかどうかを監視することができる。しかし、アレルの減少を制御して、早期収束に至らないようにするためには、このほかに希少なアレルを増加させる操作が必要になる。ここでは希少なアレルを増加させる操作として、以下の二つのアプローチを検討する。

- (1) 希少な個体を発生する。
- (2) 希少な個体を定着させる。

一度アレルが失われてしまうと、突然変異によって発生するのを待つばかりではない。突然変異の程度は2.3節で述べたように変異幅 E_m によって調節するが、 E_m が小さいと失われたアレルが発生する確率は小さくなる。したがって、希少な個体を発生するためにはある程度大きな E_m による突然変異が必要である。早期収束の抑制という観点から、突然変異が効果的であることは従来より指摘されているが、大きな突然変異確率を用いることは交差オペレーションの効果を損なうことであり、収束挙動改善の観点からはむしろ逆効果であるという意見が多

い。すなわち、突然変異確率は数百分の1程度に押さえ、あくまで隠し味のごとく使うべきであるという見解である(たとえば文献4)の第4章)。この見解と筆者等の主張との違いは、バイナリ染色体と整数値染色体との違いにあるものと考えている。バイナリ染色体では、たとえば八つの遺伝子座を用いて8ビット整数を表現し、一つの変数に対応させる。また、突然変異は遺伝子座のビット反転を意味する。もしこのコーディングにおいて上位ビットに突然変異が起こると、大幅に変数値が変化することになり、その効果は劇的である。これを整数値染色体に当てはめると、突然変異幅 Em を全値域に取ったものにほぼ相当する。このような大きな突然変異幅を用いている限り、突然変異の発生確率をごく小さくせざるを得ないのは当然である。本手法は整数値染色体を用いているために、高い発生確率を用いても突然変異の効果をほぼ連続的に調節できるのである。

5.2 希少な個体の定着

一方、せっかく希少な個体が発生しても、適応度が低いためにすぐに失われてしまっは意味がない。この希少な個体を定着させるためには、その適応度を調節する必要がある。ここでは、レアネスを反映した適応度の調節法を提案する。この方法では2.2節で述べたステップ2において、リニアスケール(2.4節(2.1)式)を施した後の $F[q]$ を $F0[q]$ とおき、次式で $F[q]$ を求める。

$$F[q] = F0[q] / \text{Rareness}[q] \quad (5.1)$$

上記適応度調節法を採用すると、評価関数値が低くても希少な個体は適応度が引き上げられ、救済されることになる。この方法は、突然変異によって発生した希少な個体を定着させる効果とアレルの偏りを押さえる効果をもつ。

従来では染色体間の距離(ハミング距離、ベクトル距離など)を規範として個体の希少性を評価する考え方がある。Sharing法⁹⁾はこの例である。筆者らの提案するレアネスとこの距離規範との違いが明確になる例としてFig. 3を用意した。同図は3変数 $X1 \sim X3$ を遺伝子座とした4個体 a, b, c, d を示している。たとえば染色体 a は遺伝子座 $X1$ の値として-7を、 $X2$ の値として-10を、 $X3$ の値として-8をもった個体である。この中でどの個体が最もありふれているのか(希少性の逆)を考えてみたい。まず距離規範の考え方に則り、一対の染色体の距離を各遺伝子座の値の差の2乗和の平方根(ベクトル距離)で定義し、同図の4個体の相互距離を計算したものをTable 1に示した。同表で、ある個体のほかの3個体からの距離の総和(Total欄)を見ると、個体 c が最もほかからの距離が少なく、ありふれているという結論になる。しかし遺伝子分布を見る限り明らかに個体 b が最もあ

Fig. 3 Illustration for comparing distance and rareness

Table 1 Distances of chromosomes

	a	b	c	d	Total	Rareness
a	0.0	19.8	14.0	26.6	60.4	4
b	19.8	0.0	8.5	16.4	44.7	6
c	14.0	8.5	0.0	14.0	36.5	4
d	26.6	16.4	14.0	0.0	57.0	4

りふれている。なぜならば個体 b のもつアレルはいずれの遺伝子座においてもほかに近い値を共有する個体が存在するからである。すなわち $X1$ では個体 a が、 $X2$ では個体 d が、 $X3$ では個体 c が近傍のアレルをもっている。一方レアネスの尺度を用いると同表に示すように、明確に b がありふれていることを示すことができる。したがってGAの探索プロセスにおける個体の希少性を評価するときには、2個体間の距離だけでは不十分である。遺伝子座ごとにおのおの異なった個体との類似性を比較する必要がある、これを評価できないからである。

一方、(5.1)式における、スケール後の評価値 $F0$ を Rareness で割り算することの意味は、1遺伝子座のみの最適化に単純化して考えるとつぎのように解釈できる。1遺伝子座のみの場合 Rareness $[q]$ はヒストグラム上で個体 q の属する区間の度数であるから、全ての区間の度数がその区間の評価値に比例するような分布が存在すると仮定すると、評価値を度数で割り算した全個体の適応度は同じ値になる。すなわち平衡状態に達する。したがって(5.1)式を用いると1遺伝子座のみの場合では、GAのプロセスが平衡に達したときに、評価値のプロフィールと度数分布のプロフィールが一致した状態になる。評価値の高さに比例した数の個体が集まっている状態は、Fig. 1で論じた理想的な収束状態の一形態である。複数の遺伝子座の場合はこのような単純な解釈はできないが、世代交代の果てに全個体が一点に収束するのではなく、アレルが分布した形態の平衡状態を出現させることができる。

6. 例題による効果の検討

6.1 ニューラルネットの学習

ここではまずGAを用いた例題としてよく用いられるRumelhart型のニューラルネット¹⁰⁾の学習(Fig. 4)を例に取る. 学習すべきニューロンユニットの結合強度 w_i を染色体の遺伝子座に対応させる. 学習の問題は2入力(XOR(排他的論理和, 図中左下の座標上での4点で定義される)であり, 3層, 7ユニットのネットワークに, このパターンを学習させた. 図中の斜線部のユニットは常に1.0を出力する定数ユニットで, 入力層には線形のユニットを, 中間層と出力層にはシグモイド関数ユニットを用いた. 同図のネットワークは図示のように9個の結合があるため, 遺伝子座の総数 N を9とする. GAを適用するときの評価関数は以下のとおりである.

$$V = -\text{Error}$$

where

$$\begin{aligned} \text{Error} = & |0 - y_n(1, 1)| + |1 - y_n(1, 0)| + |1 - y_n(0, 1)| \\ & + |0 - y_n(0, 0)| \end{aligned} \quad (6.1)$$

ここで $y_n(x_1, x_2)$ は入力が x_1, x_2 であるときのネットワークの出力を示す. この例題を選んだ理由の一つは局所最適が存在することである. Fig. 5(a)には $y_n(x_1, x_2)$ を描いたグラフを示した. 同図は典型的な局所最適にはまったネットワークの入出力挙動であり, 上式の4パターンのうち, 三つのみをXORの出力パターンに合せることによって比較的容易に実現できる線形分離可能な入出力マッピングを行っている. このときの評価値は-1.0であるが, この局所最適が早期収束の原因となりやすい. 一方, この局所最適を脱して正しくXORを学習した例をFig. 5(b)に示した.

21個体で集団を構成し($Q_{\max}=21$), 異なった初期値を用いた10回の独立な試行を50世代まで行った. まず集団内での最大の評価値 V (Population-best)の世代変化

Fig. 4 Neural Network and its coding for XOR pattern matching

をFig. 6に示す. 10本の曲線は10回の試行に対応している. 左の列は適応度調節を行わなかった場合, 右の列は行った場合であり, いずれの列も上段, 中段, 下段では突然変異幅 Em を0, 1, 2の順に変えてある. まず, 同じ段で左右を比較すると適応度調節をしたほうが収束が比較的早く, また局所最適からの脱出率も良い(図中 $V=-1$ の水平線が局所最適値, $V=0$ が大域的最適値を示す). また縦に比較すると突然変異幅が大きいほど局所最適からの脱出率は良くなるが, 収束が遅くなる. Fig. 7は総損失アレル数(TAL)について見たもので, 左側よりも右側のほうがTALが低く押えられているとともに, 立ち上がりの勾配が穏やかになっており, 適応度調節の多様性維持効果が見られる. また突然変異幅の大きい下の段のほうが多様性が維持されている.

ここでGAを特徴付ける交差の効果について比較してみたのがFig. 8である. 同図(a)は $Em=1$ かつ適応度調節ありの条件(Fig. 6(e)と同じ条件)で交差をさせなかったもの, すなわち多点のランダムサーチ形式のアルゴリズムでの収束状況を示し, 同図(b)は交差をさせたものである. 明らかに交差することの効果が見られる.

6.2 未知特性制御対象の最適制御

2番目の例として, 動特性未知の対象を制御するための制御器の最適設計を取り扱う. Fig. 9にその構成を示した. 制御対象は倒立振り子であり, 以下の運動方程式に従うが, 制御器設計に用いる情報はフィードバックする

(a) A form of local optimum

(b) A form of global optimum

Fig. 5 Input-output characteristics of a neural network

Fig. 6 Population-best values in XOR pattern matching

Fig. 7 TAL in XOR pattern matching

四つの状態変数に関する，シミュレーションされた制御応答だけである．

$$\begin{aligned} (M+m)\ddot{r} + ml\ddot{\theta} &= u \\ \frac{4}{3}ml^2\ddot{\theta} + ml\ddot{r} - mgl\theta &= 0 \end{aligned} \quad (6.2)$$

シミュレーションの際の定数には $M=m=l=1.0$, g

$=9.8$ を用いた．制御器は図のように四つの状態変数をゲイン $g1 \sim g4$ によってフィードバックするが，これらのゲインを以下の関係によって遺伝子座 $x1 \sim x4$ でコーディングする．

$$gi = 5(10 + xi) \quad (i=1 \cdots 4) \quad (6.3)$$

各遺伝子座 xi の値域は先の例題と同じく $-10 \sim 10$ の整

Fig. 8 Effect of crossover in XOR pattern matching

数とする。したがってゲインの分解能は5.0である。個体数 $Q_{\max}$ を35として10回の独立な試行を行った。評価関数値 V は以下のように算出した。

- (1) サンプリング周期 $\tau=0.1$ 秒で制御対象および制御器を離散化し、初期条件を $\{\theta(0)=0.1 \text{ rad}, \text{ほかの状態変数}=0\}$ とし、最大10秒間(時刻 $t=k\tau$ において $k=0\sim 100$)にわたってシミュレーションする。
- (2) $\theta(k\tau)$ が区間 $[-0.1, 0.1]$ を超えた時点で振子が倒れたとみなし、そのときのサンプル数 k を評価値 V とする。
- (3) $k=100$ まで倒れなかった個体は以下の評価関数で評価する。

$$V=100+\left[\frac{1}{100}\sum_{k=0}^{k=99}\{\theta(k\tau)^2+r(k\tau)^2+0.005u(k\tau)^2\}\right]^{-1} \quad (6.4)$$

初期の頃のフィードバックゲインは不安定であることが多く、すぐに振子を倒してしまうので、制御性能よりも何秒倒さないでいられるかのほうが指標として有効である。倒した時点でシミュレーションを打ち切ってしまうことができるので、計算効率も良い。やがて $k=100$ まで保つようになると、すでに安定領域内のゲインになっていることが期待できる。そこで(6.4)式に示すように、最適制御(LQR)と同じ評価関数を上乗せした形で用いる。

Fig. 10には収束の様子を示した。同図(a)は $Em=1$ のみの場合、同図(b)はさらに適応度調節を併用した場合である。(b)では(a)に比べ収束挙動が改善され、一様に良好な収束を示している、収束した評価値は180であり、最適制御の場合の183に近い。一方、(b)と同じ条件で交差を行わなかった場合を同図(c)に示した。両者を比較すると交差の効果が顕著に現れている。

評価値180に収束したもののから得られた制御応答は

Fig. 9 System Configuration

Fig. 10 Population-best values for optimal control

Fig. 11 Best response at 50th generation

Table 2 Gains obtained with GA

Gains with GA	LQR optimal gains
$g_1=10$	$g_1=8.17$
$g_2=90(85)$	$g_2=83.1$
$g_3=10$	$g_3=10.3$
$g_4=30$	$g_4=28.0$

Fig. 11 に示すように最適制御とほぼ一致している。このときのゲインを比較すると Table 2 のとおりであり、分解能が 5.0 であることを考えると最良の一致を示す。同表で g_2 に関してはカッコ内に 85 が記入してあるのは、集団中に 85 を示す個体もあったという意味である。最適制御のゲイン 83.1 を分解能 5.0 で近似するにはこちらのほうが近い値であるが、ほかのゲインとのバランスで、90 のほうが制御器全体としてわずかに良い評価値を示した。

7. 結 言

GA は、交差オペレーションに最大の特徴があり、これを生かすためには集団内に多様なアレルが維持されている必要がある。この必要性は、必ずしも大規模な問題だけではなく、数十変数程度でも多峰性のある最適化にとっては重要である。特に「設計」のように複数の準最適解にも興味のある問題では、多様性を維持することで GA のメリットが発揮される。そこでここでは、アレル分布ヒストグラムに基づいて多様性を評価し、維持する手法を提案した。また、従来の多くの多様性維持手法が用いている距離規範に基づく方法よりも、より正確かつ直接的に多様性を評価できることを示した。

参 考 文 献

- 1) J. H. Holland: Adaptation in Natural and Artificial Systems, The University of Michigan Press (1975)
- 2) J. D. Shaffer: Proceedings of International Conference on Genetic Algorithms, Morgan Kaufmann (1989)
- 3) L. Davis: Genetic Algorithms and Simulated Annealing, Morgan Kaufmann (1987)
- 4) D. E. Goldberg: Genetic Algorithms in Search, Optim-

ization, and Machine Learning, Addison-Wesley (1989)

- 5) 西川, 玉置: 遺伝アルゴリズムの近傍モデルとそのスケジューリング問題への応用, 第 34 回自動制御連合講演会, 345/346 (1991)
- 6) 河内, 稲吉, 星野: 二倍体遺伝と地理的隔離モデルを用いた遺伝的アルゴリズムによるニューラルネット構造の最適化, 人工知能学会誌, 7-3, 127/135 (1992)
- 7) Y. Ichikawa: Neural Network Application for Direct Feedback Controllers, IEEE Trans on Neural Networks, 3-2, 224/231 (1992)
- 8) 稲川, 荒川, 山川: 2 次元構造物の遺伝的アルゴリズムを用いた最適トポロジーに関する研究, 日本機械学会第 3 回設計工学・システム部門講演会講演論文集, 37/42 (1993)
- 9) L. Davis: Handbook of Genetic Algorithms, Van Nostrand Reinhold (1991)
- 10) D. E. Rumelhart and J. L. McClelland: Parallel Distributed Processing, MIT Press (1986)

[著 者 紹 介]

市 川 芳 明 (正会員)

1979 年, 東京大学工学部卒業, 同年(株)日立製作所エネルギー研究所勤務。以来, 原子力プラント用計測制御システム, 知能ロボット, 公衆回線網管理システムなどの開発に従事。現在, 同研究所主任研究員(工学博士)。

石 井 良 和

1989 年, 東京工業大学理工学研究科制御工学専攻修士課程修了。同年(株)日立製作所エネルギー研究所勤務。遠隔保守ロボット, 公衆通信網, 原子力発電プラントなどの制御システムの研究開発に従事。電子情報通信学会, 日本油空圧学会などの会員。