遺伝的共生アルゴリズム

平澤 宏太郎*・石川 靖剛*

胡 敬焄*・村田 純一*

Genetic Symbiosis Algorithm

Kotaro HIRASAWA*, Yasutaka ISHIKAWA*,
Jinglu HU* and Junichi MURATA*

Genetic algorithm with sharing (D.E. Goldberg and J. Richardson, 1987) shows that it can restrain from individuals converging to the global minimum and maintain the diversity of the individuals. However, there is room for improvement in the sharing method. In this paper, a new genetic algorithm named Genetic Symbiosis Algorithm (GSA) is proposed to overcome the problems of the conventional method. GSA is based on the symbiosis concept found widely in ecosystems. Simulation studies show that GSA can produce a great variety number of individuals that have each special characteristics.

Key Words: genetic algorithm, symbiosis parameter, fuzzy inference, RasID (random search with intensification and diversification)

1. はじめに

最適化手法の一つである通常の遺伝的アルゴリズム (GA) では、世代交代における各個体の選択指標 (適応度) は各個体自身の遺伝子情報からのみ与えられる。従って、個体集合は探索過程において、各遺伝子の優劣によってのみ淘汰が行われる。この方式は、最適解の近傍での探索を重点的に行うという意味では有益であるが、初期収束などの問題も生じる。また、多峰性の関数の最適化において、単に最適解だけを求めれば良いというのではなく、出来る限り多くの局所最適解を求めたい場合や多目的最適化においては、個体集合の多様性を維持したいというケースもある。

こういった観点から、Goldberg と Richardson はニッチを形成するために、適応度のシェアリング (sharing)^{1) 2)} という方法を提案している。これは、ある個体からある一定の距離 σ_{share} 以内に他の個体が存在すれば、その適応度を減少させる方式である。従って、表現型 (または遺伝子型) 空間で個体密度が高い領域では適応度が下がり、淘汰されやすくなる。これにより、個体分布の最適解周辺への集中を抑制し、多様性の維持を可能としている。しかしこの手法には、いくつかの改善すべき問題点が残されている。

シェアリングでは具体的に、個体 i, j の表現型 (または遺伝子型) x_i, x_j 間に距離 $d(x_i, x_j)$ を導入し、この距離に応じて適応度を割り引くシェアリング関数 $s(d)$ を (1) 式 (Fig. 1 参照) のように設定している。この $s(d)$ を用いて、個体 i の適応度 f_i を (2) 式のように変換することで、もしある個体から距離 σ_{share} 以内に他の個体が存在しなければ個体 i の適応度は変化しないが ($f_i^s = f_i$)、距離 σ_{share} 以内に存在する個体が多くなると適応度が低下していく。

$$s(d) = \max \left\{ 0, \left(1 - \frac{d}{\sigma_{share}} \right) \right\} \quad (1)$$

$$f_i^s = \frac{f_i}{\sum_{j=1}^N s(d(x_i, x_j))} \quad (2)$$

N : 個体数

この方法では、近傍の大きさを調整するパラメータ σ_{share} は (1), (2) 式や Fig. 1 から分かるように、適応度関数、個体間距離、選択演算子、そして望ましい個体集合の多様性に依存するため、試行錯誤的な調整を行う必要がある。また σ_{share} は、個体集合の大きさ N に強く依存する事にも注意

Fig. 1 Sharing function

* 九州大学大学院システム情報科学研究科
福岡市東区箱崎 6-10-1

* Graduate School of Information Science and Electrical Eng.,
Kyushu Univ., 6-10-1, Hakozaki, Higashi-ku, Fukuoka
(Received December 28, 1998)
(Revised July 1, 1999)

しなければならない。以上の問題点に加え、シェアリングは個体分布の最適解周辺への集中を抑制するという機能しか持たず、どのように個体群を分散させるかといった点までは考慮されていない。

このような問題点の解決のために、種の多様性がうまく維持されている現実の生態系に目を向けてみる。生物は居住場所や食物などが時間的に変化する環境に適応しながら、その居住環境を獲得している。このような環境はニッチ (niche, 生態学的地位) と呼ばれており、特定のニッチにおける資源の有限性からそのニッチを占め得る種の個体数は制限されている。そのため個体数が増加すると、各個体の残すことの出来る子孫の数は減少してしまう。その結果、多様な種がそれぞれの独自のニッチを獲得し、共存している。

そこで本論文では、このような現実の生態系における多様性の維持を実現しているであろう共生現象に着目し、生態系における個体間や種間の相互関係 (搾取・競争・双利など) を考慮して、適応度を適応的に修正する遺伝的共生アルゴリズム (GSA) を提案する。

提案手法のシェアリングとの主な相違点は、ある特定個体が別の特定個体から何らかの共生的影響を受けることで、その個体の適応度を新たに調整・修正する点である。この個体間の影響を表す共生パラメータを「個体群を最適解の周辺に広く分布させたい」「局所最適解が多数得られるような個体群の分布を求めたい」あるいは「適応度が急変する近傍の個体を求めたい」等の目標が実現されるように学習する点が特徴である。このように、GSA では学習によってパラメータを決定するので、シェアリングのようなパラメータの試行錯誤的な調整を必要としない。

本論文では、GSA の構成、個体間の相互作用を表す共生パラメータの意義や学習法についての詳細を述べた後、コンピュータシミュレーションによって GSA の有用性を実証し、シェアリングとの比較・検討を行う。

2. GSA の構成及び適応度関数

GSA の基本構成を Fig. 2 に示す。

Fig. 2 Structure of GSA

GSA の基本的な構造は、共生パラメータを活用する点を除けば、遺伝的アルゴリズム (GA) と同じである。GSA の主な特徴は、個体の多様化処理 (交叉・突然変異) を行った後、再生成された個体間の相互関係を表す共生パラメータを計算により求め、この共生パラメータを用いて選択の指標である適応度を (3) 式のように補正することである。

$$f^s(x_j) \leftarrow \left(1 + \sum_{i=1}^N \theta_{ij}\right) f(x_j) \quad (3)$$

N : 個体数

x_j : j 番目の個体 (表現型または遺伝子型)

$f(x_j)$: 個体 j の補正前の適応度

$f^s(x_j)$: 個体 j の補正後の適応度

θ_{ij} : 個体 i から個体 j への共生パラメータ

遺伝子の優劣のみを表す $f(x_j)$ を、個体間の相互作用を表す共生パラメータ θ_{ij} で補正した適応度 $f^s(x_j)$ を新しい選択・淘汰の指標とする。

目標とする個体分布になるようにこの共生パラメータを学習することで、個体の多様性を維持し、シェアリングの問題点であるパラメータの試行錯誤的調整と個体分布を自由に制御できない点を改善することが可能となる。また、実現したい個体分布にするためには、個体間にどのような相互関係が必要なのかという点についても、共生パラメータの学習の結果から明らかになる。

3. 共生パラメータ

3.1 共生パラメータの導入

本節では、個体間の相互関係を表す共生パラメータについて述べる。個体間の相互作用は、(3) 式の共生パラメータ θ_{ij} の正負・大小の関係によって表される。共生パラメータが正であるならば、適応度がより良い値に修正されるので、他の個体から良い影響を受けることになり、また負であるなら、悪い影響を受けることになる。そしてその値の大小は、受ける影響の度合の大小を表すことになる。以上の点を考慮すると、共生パラメータの物理的な意味は、生態系の共生関係の言葉を活用し、Table 1 のように整理することが出来る。

この共生パラメータによって個体群の多様性の維持を実現するのだが、個体群を目標の分布に分散させるためには距離の概念が必要となる。つまり、個体同士の違いとして、「個体を構成する遺伝子の要素の違い」と「個体の適応度の違い」

Table 1 Relation between symbiosis parameters in GSA and symbiosis relations in ecosystems

relation	θ_{ij}	θ_{ji}	
competition	-	-	x_i and x_j compete each other
exploitation	-	+	x_i exploits x_j
benefiting	+	+	x_i and x_j benefit each other
one way damage	-	0	x_i damages x_j
one way benefit	+	0	x_i benefits x_j
neutral	0	0	x_i and x_j do not influence each other

の二つが考えられるので、それぞれの違いの大きさを計る尺度として、距離の概念を用いることが有効である。この距離の概念は、シェアリング法では表現型や遺伝子型空間上で定義されているが、本論文では適応度にも定義することにする。

そこで本論文では、(4) 式の個体間距離 r_{ij} と (5) 式の個体の適応度の差 e_{ij} により、共生パラメータを決定するものとする。

$$r_{ij} = \sqrt{\sum_{m \in M} (x_{im} - x_{jm})^2} \quad (4)$$

$$e_{ij} = f(x_i) - f(x_j) \quad (5)$$

M : 個体の要素番号 m の集合

なお、(4) (5) 式は実数型コードを想定しているが、 r_{ij} , e_{ij} は離散型コードにおいても定義できる。従って、本論文では実数型コードをベースに GSA を展開しているが、考え方は離散型コードを利用したシステムにも活用できる。

シェアリングにおいては、個体同士がある距離より近づいたら個体を分散させる操作が行われているが、上述のように GSA では個体間の距離だけでなく、適応度の差を同時に導入することで、適応度による個体関係も考慮することが特徴である。つまり、個体同士が近ければ及ばし合う影響が大きいとか、弱肉競争のように、適応度の高い個体が適応度の低い個体を搾取し、生き残っていくことなどといったことが考慮されるのである。

3.2 共生パラメータの計算

共生パラメータ θ_{ij} を r_{ij} と e_{ij} を利用したファジィ推論により求めるのであるが、本論文では、一旦媒介変数 β_{ij} を介して、(6) 式と Fig. 3 のように θ_{ij} を計算することとした。

媒介変数 β_{ij} を利用する理由は、(3) 式の $f^s(x_j)$ が増加修正によって最大 2 倍、減少修正によって 0 以上（符号の逆転なし）となる事を補償するためである。具体的には、 $\theta_{ij} = 0$ も実現容易な非線形関数として、シグモイド関数を連結させた (6) 式の関数を利用した。

$$\theta_{ij} = \frac{1}{N} \left\{ \frac{1}{1 + e^{-\phi_{ij}(\beta_{ij} - \beta_{ij}^1)}} - \frac{1}{1 + e^{+\phi_{ij}(\beta_{ij} - \beta_{ij}^2)}} \right\} \quad (6)$$

Fig. 3 $\theta_{ij} - \beta_{ij}$ function

3.3 ファジィ推論による媒介変数 β_{ij} 計算法

媒介変数 β_{ij} は、 r_{ij} , e_{ij} を入力とするファジィ推論により求めることにした。 r_{ij} , e_{ij} から、媒介変数 β_{ij} をファジィ推論する規則を (7) 式に示す。また、各規則の前件部及び後件部のメンバーシップ関数を (8), (9) 式で与える。

$$\text{If } (r_{ij}, e_{ij}) \text{ is } f_{req}(r_{ij}, e_{ij}) \mapsto \beta_{ij} \text{ is } f_{\beta q}(\beta_{ij}) \quad (7) \quad q \in Q$$

$$f_{req}(r_{ij}, e_{ij}) = e^{-\left\{ \frac{(r_{ij} - \mu_{rq})^2}{2\sigma_{rq}^2} + \frac{(e_{ij} - \mu_{eq})^2}{2\sigma_{eq}^2} \right\}} \quad (8)$$

$$f_{\beta q}(\beta_{ij}) = e^{-\left\{ \frac{(\beta_{ij} - \mu_{\beta q})^2}{2\sigma_{\beta q}^2} \right\}} \quad (9)$$

q, Q : 規則番号及びその集合 ($q \in Q$)

μ_* , σ_* : メンバーシップ関数の平均及びばらつき

上記のファジィルール及びメンバーシップ関数から、入力値 (r_{ij} , e_{ij}) に対する出力値 β_{ij} が重心法によって (10) 式として得られる。

$$\beta_{ij} = \frac{\sum_{q \in Q} f_{req}(r_{ij}, e_{ij}) \mu_{\beta q} \sigma_{\beta q}}{\sum_{q \in Q} f_{req}(r_{ij}, e_{ij}) \sigma_{\beta q}} \quad (10)$$

(10) 式から媒介変数 β_{ij} は、前件部のファジィパラメータ μ_{rq} , σ_{rq} , μ_{eq} , σ_{eq} と後件部のファジィパラメータ $\mu_{\beta q}$, $\sigma_{\beta q}$ により決まることがわかる。

なお、後述するように、個体分布が目標の分布となるようにファジィパラメータを学習するのであるが、これら全てのファジィパラメータを学習する必要はない。まず、前件部メンバーシップ関数における個体間距離に関するパラメータ μ_{rq} , σ_{rq} は、与えられた問題に対する解探索可能領域が一般には既知であるので、事前に与えることが可能である。また、適応度の差に関するパラメータ μ_{eq} , σ_{eq} については、問題が未知である場合、 $|e_{ij}|$ の最大値が分からないと決定できないが、与えられた問題に対してまず、通常の遺伝的アルゴリズムを用いて数回最適点探索を行って、適応度の最も悪かったものと最も良かったものとの差を求めることで、 μ_{eq} と σ_{eq} のパラメータを事前に推定することが出来る。

従って、 β_{ij} の決定に大きな影響を与えると考えられる $\mu_{\beta q}$, $\sigma_{\beta q}$ を学習するファジィパラメータとする。

3.4 RasID による $\mu_{\beta q}$, $\sigma_{\beta q}$ の学習

$\mu_{\beta q}$, $\sigma_{\beta q}$ の学習は GSA の実行プロセスの中で RasID (Random Search with Intensification and Diversification) ^{3) 4)} を用いて行う。RasID とはランダム探索の一種で、目的関数の勾配情報を用いず、パラメータ探索の成功・不成功情報を活用し、探索の集中化と多様化を統一した枠組みで取り扱う最適化手法である。

基本的アイデアは、探索点近傍に改善解がある可能性が高い時には、その近傍を重点的に集中探索し、探索点がローカルミニマムに陥り近傍に改善解が存在しそうでない時には大

きい探索幅で広領域を多様に探索する、ということを繰り返して大域的な最適解を求めることである。

上記のランダム探索を行なう確率密度関数を、集中化と多様化が可能となるように過去の探索の成功・不成功情報により適応的に修正している点の特徴である。過去の探索成功・不成功情報によって間接的に勾配情報を活用しており、直接的な微分計算が不要である。

従って、微分計算が不要な分、計算時間も速く、またローカルミニマムからの脱出が可能である。これによりパラメータの探索をきめ細かく行い、評価指標の改善を行う。

さて、この RasID を用いて $\mu_{\beta q}$, $\sigma_{\beta q}$ の学習を行うのだが、この RasID の最小化すべき評価指標を (11) 式の L のように定める。

$$L = k_{m_f} m_f(\mathbf{x}) + k_{\sigma_f} (\sigma_f(\mathbf{x}) - \sigma_f^o(\mathbf{x}))^2 + k_{m_r} (m_r - m_r^o)^2 + k_{\sigma_r} (\sigma_r - \sigma_r^o)^2 \quad (11)$$

$$m_f(\mathbf{x}) = \frac{1}{N} \sum_{j=1}^N f(\mathbf{x}_j) \quad (12)$$

$$\sigma_f(\mathbf{x}) = \sqrt{\frac{1}{N} \sum_{j=1}^N (f(\mathbf{x}_j) - m_f(\mathbf{x}))^2} \quad (13)$$

$$r_{ij} = \sqrt{\sum_{m \in M} (x_{im} - x_{jm})^2} \quad (14)$$

$$m_r = \frac{1}{N(N-1)} \sum_{i=1}^N \sum_{j=1}^N r_{ij} \quad (i \neq j) \quad (15)$$

$$\sigma_r = \sqrt{\frac{1}{N(N-1)} \sum_{i=1}^N \sum_{j=1}^N (r_{ij} - m_r)^2} \quad (i \neq j) \quad (16)$$

$m_f(\mathbf{x})$, $\sigma_f(\mathbf{x})$: 適応度の平均及びばらつき
 m_r , σ_r : 個体間距離の平均及びばらつき
 k_* , σ^o : 重み係数及び目標値

(11) 式の第1項目を最小化することで最適点探索を行うことが可能となり、第2項目を最小化することで個体の適応度のばらつきの指定、つまり個体分布の適応度軸のばらつきを制御することが可能となり、第3, 4項目を最小化することで個体間距離のばらつきの指定、つまり個体分布の表現型(遺伝子型)空間軸のばらつきを制御することが可能となる。

つまり、個体群の分布の目標値を設定して、(11) 式を最小化する $\mu_{\beta q}$, $\sigma_{\beta q}$ を求めると、個体群の目標分布を実現できる β_{ij} , θ_{ij} を決定することが出来る。このような共生パラメータを求める事で、多様な解(個体)の組合せを探索することが可能となる。また重み係数 k_* により、重視する項目を指定することも可能となる。

必要世代 GSA を実行すると (11) 式の評価指標が求まるので、このプロセスを必要回数 RasID で学習することにより、最適なファジィパラメータ $\mu_{\beta q}$, $\sigma_{\beta q}$ が求まることになる。

4. シミュレーション

4.1 シミュレーション条件

各個体の遺伝子の優劣を表す適応度関数は (17) 式の $f(x, y)$ で与える (Fig. 4 参照)。

$$f(x, y) = -10 \exp \left\{ -5 \left((x-1)^2 + (y+1)^2 \right) \right\} - 3 \exp \left\{ -\frac{(x+3)^2 + (y+3)^2}{16} \right\} - 4 \frac{\sin \left(2\sqrt{(x-3)^2 + (y-3)^2} \right)}{2\sqrt{(x-3)^2 + (y-3)^2}} \quad (17)$$

また適応度関数に (17) 式のような関数を選択した理由は、工学的には、最適点周辺が急峻になっているため、探索空間の少しのずれで適応度が一気に悪くなってしまうような場合に、最適点周辺の解を探索し、適応度が急峻に変化しない安定な準最適解を見つけることが重要となる場合があるが、このような解探索を実現するためである。

そしてこの問題の探索空間を考慮し、Fig. 5 のような前件部メンバーシップ関数を設定した。それぞれのメンバーシップ関数(ファジィ規則)の言語表現的分類を Table 2 に示す。

GSA の GA 的な操作における各パラメータについては、個体数を 20、世代数を 700、突然変異率を 0.1 とした。選択淘汰については、エリート選択と適応度比例を組み合わせた方式を用い、交叉については遺伝子が実数型であることから、Michalewicz の実数コード GA⁵⁾ の交叉方式を用いた。

また (6) 式のパラメータ ϕ_{ij} , β_{ij}^1 , β_{ij}^2 をそれぞれ 4, 1, -1 とした。そして RasID の各パラメータは適切に設定し、学習回数を 700 としてシミュレーションを行った。

Fig. 4 Fitness function $f(x, y)$

Table 2 Fuzzy rules of antecedent part

		difference of fitness between individuals e_{ij}		
		-	0	+
distance between individuals r_{ij}	near	Rule(1)	Rule(2)	Rule(3)
	intermediate	Rule(4)	Rule(5)	Rule(6)
	far	Rule(7)

Fig. 5 Membership function of antecedent part

4.2 シミュレーション結果および考察

RasIDによって学習するパラメータ $\mu_{\beta q}$, $\sigma_{\beta q}$ の初期値はそれぞれ 0, 0.25 とし, (11) 式における目標値 $*^o$ や各項の重み係数 k_* の組合せを変えることによって, 様々なパターンの個体分布を実現した. 以下では4つの場合におけるシミュレーション結果を図と表により示し, それぞれの場合における考察を行った.

《SIMULATION 1》

シミュレーション1においてはまず, Table 3に示す通り, (11) 式の係数設定で, 適応度関数値の平均 $m_f(x)$ を強調し, その他の評価を軽視することで, 最適点探索のみを目指した.

Fig. 6とTable 3からわかるように, 最適点探索が実現できている. また, Table 4から, $\mu_{\beta q}$, $\sigma_{\beta q}$ には全く変化がないことがわかる. これは, 最適点探索においては個体間の共生関係を全く必要としない, 通常の遺伝的アルゴリズムのみが実行されていることを示している.

《SIMULATION 2》

シミュレーション2においてはTable 5に示すように, 最適点を探索しつつその周辺の個体群の探索空間軸のばらつきをなるべく小さくした状態で, 適応度のばらつきを強調し, 個体群を適応度軸に沿ってばらつかせることを目指した.

Fig. 7とTable 5からわかるように, 最適点周辺でいくつかの個体が適応度軸に沿ってばらつき, 評価指標 L も目標値に近い値に収束していることがわかる.

また, Table 6の学習後の後件部メンバーシップ関数の平均 $\mu_{\beta q}$ 及びばらつき $\sigma_{\beta q}$ の値を見てみると, ルール【2】に顕著な結果が出ている. 適応度に差のない個体同士が集まってくると, 適応度に差のある場合と比較して, 適応度が悪くなり(競争関係), 淘汰されやすくなっているのが分かる.

《SIMULATION 3》

シミュレーション3においてはTable 7に示すように, 個体群の探索空間軸のばらつきをかなり強調し, その目標値も大きく設定することで, 個体群を探索空間上にばらつかせることを目指した.

Fig. 8とTable 7からわかるように, 最適点周辺の探索というよりも, 探索空間上のばらつきに対する目標値を満たすような準最適解周辺に個体が広く分布しているのが分かる. また, 評価指標 L も目標値にある程度近い値に収束していることも分かる.

Table 8の学習後の後件部メンバーシップ関数の平均 $\mu_{\beta q}$ 及びばらつき $\sigma_{\beta q}$ の値を調べてみると, ルール【2】、【5】、【7】に大きな特徴が出ている. 個体群が探索空間上に広く分布する際には, 個体同士が近いとか遠いとかに関わらず適応度をお互いに悪くし合うことで, 適応度関数全体を均一平面化する傾向にあることが分かる.

《SIMULATION 4》

シミュレーション4においてはTable 9に示すように, 個体群の探索空間軸と適応度軸のばらつきを同時に強調し, その目標値もある程度大きな値に設定することで, 多様な個体群を生成することを目指した.

Fig. 9とTable 9からもわかるように, 最適点の探索だけでなく, その周辺の準最適解も同時に求まっている. ばらつきに対する目標値を満たすような準最適解周辺に個体が広く分布しているのが分かる. また, 評価指標 L も目標値にある程度近づいていることが分かる.

また, Table 10の学習後の後件部メンバーシップ関数の平均 $\mu_{\beta q}$ 及びばらつき $\sigma_{\beta q}$ の値を調べてみると, 近傍にいる個体同士は協力し合って適応度を良くしているが, やや離れた個体とは競争関係になっている. つまりそれぞれ別々の局所最適解に陥った個体は, それぞれの局所近傍にいるもの同士で協力し合って各個体の適応度を良くするが, 離れた個体同士は競争することで, 複数の局所最適解を実現する個体群が得られている.

《 SIMULATON 1 》

Table.3 Coefficient of the criterion function L

weighting factor		target value		result	
k_{m_f}	1000	m_f	minimize	m_f	-10.894105
k_{σ_f}	10	σ_f^o	10^{-5}	σ_f	0.000003
k_{m_r}	10	m_r^o	10^{-5}	m_r	0.000065
k_{σ_r}	10	σ_r^o	10^{-5}	σ_r	0.000032

Table.4 The center and deviation of membership function of consequent part after training

Fuzzy rule	mean $\mu_{\beta q}$	variance $\sigma_{\beta q}$
[1] (near · -)	0.001388	0.255235
[2] (near · 0)	0.002491	0.251168
[3] (near · +)	0.001460	0.249508
[4] (intermediate · -)	-0.001291	0.250539
[5] (intermediate · 0)	-0.001834	0.250991
[6] (intermediate · +)	-0.000999	0.250348
[7] (far)	-0.000401	0.250038

Fig.6 Distribution of individuals at final generation

《 SIMULATION 2 》

Table.5 Coefficient of the criterion function L

weighting factor		target value		result	
k_{m_f}	10	m_f	minimize	m_f	-10.397708
k_{σ_f}	10000	σ_f^o	1.0	σ_f	1.000795
k_{m_r}	1000	m_r^o	0.1	m_r	0.067146
k_{σ_r}	1000	σ_r^o	0.1	σ_r	0.120027

Table.6 The center and deviation of membership function of consequent part after training

Fuzzy rule	mean $\mu_{\beta q}$	variance $\sigma_{\beta q}$
[1] (near · -)	-0.047130	0.275998
[2] (near · 0)	-0.300837	0.260794
[3] (near · +)	-0.009018	0.223756
[4] (intermediate · -)	0.211030	0.527670
[5] (intermediate · 0)	-0.140472	0.054345
[6] (intermediate · +)	-0.114538	0.345032
[7] (far)	-0.219738	0.031203

Fig.7 Distribution of individuals at final generation

《 SIMULATON 3 》

Table.7 Coefficient of the criterion function L

weighting factor		target value		result	
k_{m_f}	10	m_f	minimize	m_f	-2.842299
k_{σ_f}	10	σ_f^o	1.0	σ_f	0.350712
k_{m_r}	10000	m_r^o	3.0	m_r	3.095753
k_{σ_r}	10000	σ_r^o	3.0	σ_r	2.951319

Table.8 The center and deviation of membership function of consequent part after training

Fuzzy rule	mean $\mu_{\beta q}$	variance $\sigma_{\beta q}$
[1] (near · -)	-0.028415	0.298480
[2] (near · 0)	-0.315088	0.323999
[3] (near · +)	-0.008651	0.398304
[4] (intermediate · -)	-0.008546	0.413259
[5] (intermediate · 0)	-0.486272	0.233405
[6] (intermediate · +)	0.259722	0.019474
[7] (far)	-0.313902	1.083304

Fig.8 Distribution of individuals at final generation

《 SIMULATION 4 》

Table.9 Coefficient of criterion function L

weighting factor		target value		result	
k_{m_f}	10	m_f	minimize	m_f	-4.203658
k_{σ_f}	1000	σ_f^o	2.0	σ_f	1.773235
k_{m_r}	100	m_r^o	2.0	m_r	1.855616
k_{σ_r}	100	σ_r^o	2.0	σ_r	2.468755

Table.10 The center and deviation of membership function of consequent part after training

Fuzzy rule	mean $\mu_{\beta q}$	variance $\sigma_{\beta q}$
[1] (near · -)	0.757199	0.373670
[2] (near · 0)	0.111815	0.912818
[3] (near · +)	0.209287	0.190382
[4] (intermediate · -)	-0.148088	0.512913
[5] (intermediate · 0)	-0.014045	0.260255
[6] (intermediate · +)	-0.161821	0.332497
[7] (far)	0.286892	0.275058

Fig.9 Distribution of individuals at final generation

4.3 シェアリングとの比較・検討

ここでは、従来のシェアリング手法を用いた場合のシミュレーション結果を基に、提案手法との比較・検討を行う。

適応度関数については前節と同じ (17) 式の $f(x, y)$ を与え、遺伝的操作の方法 (交叉・突然変異・個体の選択法) や個体数、世代数といった条件についても、前節のシミュレーションと全く同じ値を与えた。 σ_{share} を変化させたシミュレーション結果を Fig. 10 に示す。

これらの結果から、 σ_{share} が大きくなるに従って、各個体が広く分布するようになる。しかし、シェアリング手法においては、適応度についての分布を考慮していないため、GSAのように個体の適応度のばらつきと個体間の距離のばらつきを同時にきめ細かく制御することが困難である。

5. 結 論

本論文では、生態系の共生現象に着目し、遺伝的アルゴリズムにおいて多様な解を求める遺伝的共生アルゴリズム (Genetic Symbiosis Algorithm -GSA-) を提案した。GSAでは、各個体間の共生関係により各個体の適応度を修正することが特徴であるが、この共生関係を学習することにより、個体群の分布を目標分布に近づけることが比較的容易に実現できる。

実数型の非線形最適化問題に GSA を適用したところ、探索空間及び適応度軸上に適切に個体を分布させるなど、従来法よりもより柔軟な解を求めることが可能となることを明らかにした。また、目標分布を実現するためには、共生パラメータのファジィ推論ルールがどのようなルールになるのかなどの共生に関する内部の論理が、学習の課程を通して明らかになるのも GSA の特徴の一つである。

参 考 文 献

- 1) D.E. Goldberg and J. Richardson : Genetic algorithms with sharing for multimodal function optimization, Proceedings of the Second International Conference on Genetic Algorithms, 41-49, 260 (1987)
- 2) 三宮, 喜多, 玉置, 岩本 (システム制御情報学会編) : 遺伝的アルゴリズムと最適化, 朝倉書店 (1998)
- 3) Jingle Hu, Kotaro Hirasawa and Junichi Murata : RasID—A Random Search Method for Neural Networks Training—, Journal of Advanced Computational Intelligence, 2-4, 134/141 (1998)
- 4) 平澤, 東郷, 胡, 大林, 邵, 村田 : ニューラルネットワークの適応的ランダム探索最適化手法—RasID—, 計測自動制御学会論文集, 34-9, 1088/1096 (1998)
- 5) Z. Michalewicz : Genetic Algorithms + Data Structures = Evolution Programs, Second, extended edition, Springer (1994)

Fig. 10 Distribution of individuals using sharing method

[著者紹介]

平 澤 宏太郎 (正会員)

1964年九州大学工学部電気工学科卒業。66年同大学大学院工学研究科修士課程電気工学専攻修了。同年(株)日立製作所入社 日立研究所勤務。89年8月同研究所副所長。91年8月同大みか工場主管技師長。92年12月九州大学工学部教授。96年5月同大学院システム情報科学研究科教授。現在に至る。計測自動制御学会、電気学会、情報処理学会、IEEEの各会員。工学博士。

石 川 靖 剛 (学生会員)

1998年九州大学工学部電気工学科卒業。同年、同大学大学院システム情報科学研究科修士課程入学。現在、電気電子システム工学専攻在学中。計測自動制御学会の学生会員。

胡 敬 炉 (正会員)

1985年中国中山大学大学院修士修了。同年、同大学電子工学科助手。88年同講師。93年来日。97年九州工業大学情報工学研究科博士後期課程修了。同年九州大学ベンチャービジネスラボラトリ非常勤研究員を経て、同大学システム情報科学研究科助手。現在に至る。計測自動制御学会、電気学会の各会員。情報工学博士。

村 田 純 一 (正会員)

1986年九州大学大学院工学研究科博士後期課程電気工学専攻修了。同年、同大学工学部助手。88年同大学工学部助教授。96年同大学システム情報科学研究科助教授。現在に至る。計測自動制御学会、電気学会、システム制御情報学会、IEEEの各会員。工学博士。