

## 原著論文

# ファジィ適応型探索並列遺伝的アルゴリズム およびその改良手法†

李 強 \*1・前田 陽一郎 \*2

遺伝的アルゴリズム(GA)は適用範囲の非常に広い、生物の遺伝メカニズム(ネオダーウィニズム)を模倣した学習アルゴリズムである。一般にGAはランダム要素を含んだ探索手法のため、いくつかの問題を含んでいる。中でも、交叉率や突然変異率などの遺伝的パラメータが一定であるため、GAにおける探索性能は初期や収束期において常に最適であるとは限らない。このため、我々はすでに進化の高速化と解の高質化に基づく効率的な探索を行うファジィ適応型探索並列遺伝的アルゴリズムを提案している。しかしながら、この手法ではファジィルールの入力部に最大適応度と平均適応度のみを用いているため、進化における探索ステージを把握する精度が良くない場合があると考えられる。さらに、テスト関数の次元が増えるとともに探索性能が悪くなるといった問題がある。そこで、本研究では高次元関数の最適化問題にも良い性能を持つ改良手法を提案する。また、提案手法の性能を検証する比較シミュレーションを行ったので、その結果についても報告する。

キーワード：遺伝的アルゴリズム、ファジィ推論、多様性、進化履歴

## 1. はじめに

遺伝的アルゴリズム(GA: Genetic Algorithm)は生物進化の過程を模倣した近似最適化手法であり、複数の個体を用いて最適解を探索する確率的な多点探索の一手法である[1]–[3]。組合せ最適化、非線形最適化など種々の最適化問題の解法として注目されている。しかしながら、一般的にGAはランダム要素を含んだ探索手法のため、いくつかの問題が存在する。例えば、通常一定の遺伝的パラメータ(突然変異率、交叉率など)で探索を行うため、特に探索初期、収束期において探索性能が最適であるとは限らない。初期収束で局所解に陥りやすいのもこの問題の一つである。

このため、GAの探索性能を向上させるために種々の方法が提案されている。中でも適応型GAは多くの提案がなされてきた[4]–[7]。適応型GAとはファジィ論理などの技術を用いて、パラメータを自動的に調整しつつ解を探索する手法である。さらにMaximal Hyper Rectangle(MHR)を用いて、GAの探索能力を向上する手法も提案されている[8]。この手法は定期的に探索されていない探索区間中の個体を集団で入れ

替えることによって、初期収束現象を避けられると報告している。また、新しい確率モデルGA(PMBGA)である、分散確率モデル遺伝的アルゴリズム(DPMBGA)も提案されている[9]–[10]。DPMBGAでは、主成分分析(PCA)により、設計変数の相関を考慮して子個体を生成し、島モデルの採用により、多様性の維持を図っている。その他に、GAの短所を改善するための手法として他の手法と組み合わせて欠点を補うハイブリッド手法についても広く研究されている[11]。

一方、進化における解の高質化を実現するため、並列遺伝的アルゴリズム(PGA: Parallel Genetic Algorithm)が提案されている[12]–[15]。PGAは並列処理による高速化と局所解の全集団への伝播を避け、良好な解を得るという利点がある。しかしながら、サブ集団(島)間の移住の際に、移住操作の必要性に関係なく個体の移住を行うため、並列処理による効果が得られるとは限らないという問題があった。この問題に対する解決策として、移住率をランダム化する手法[16]、島ごとの交叉率や突然変異率の遺伝的パラメータを互いに異なる値を用いて最適なパラメータの設定を容易にする手法[17]、適応度の分布を観測し、集団内の個体の多様性が減少した場合にのみ個体交換を実行することで高速な探索を行う手法[18]、遺伝的オペレータを互いに協調的かつ競合的な立場に置くGAモデル[19]などが提案されている。

筆者らはGAの探索性能向上を目的とした研究を続けており、すでにファジィ適応型探索遺伝的アルゴリ

† Fuzzy Adaptive Search Method for Parallel Genetic Algorithm and Its Improved Methods  
Qiang LI and Yoichiro MAEDA

\*1 スズキ株式会社

Suzuki Motor Corporation

\*2 福井大学大学院 工学研究科 知能システム工学専攻

Dept. of Human and Artificial Intelligent Systems, Graduate School of Engineering, University of Fukui

ズム (FASGA : Fuzzy Adaptive Search method for Genetic Algorithm) を提案している [20]–[22]. この手法では, 遺伝的パラメータを最大適応度および平均適応度を基に探索ステージに伴いチューニングするファジィルールを記述し, それにより探索ステージに適した効率的な探索を実現できる. 本手法はさまざまな例題によりその進化の高速化性能が確認されている.

さらに, FASGAとPGAを組み合わせることにより, 進化の高速化と解の高質化に基づく効率的な探索を行うファジィ適応型探索並列遺伝的アルゴリズム (FASPGA : Fuzzy Adaptive Search method for Parallel Genetic Algorithm) も提案している [23]–[26]. FASPGAは各集団における交叉率, 突然変異率といった遺伝的パラメータに加え, 移住率も探索ステージに応じてファジィルールによりチューニングし, かつ移住の決定を非同期的に行うアルゴリズムである. このため, 各島の交叉率, 突然変異率などの遺伝的パラメータや移住操作のとき用いる移住率を動的に変化させ, 必要なときのみ移住を行わせることでより効率的な探索が可能となる.

しかしながら, FASPGAは最大適応度および平均適応度といった表現型パラメータによる適応度分布しか考慮していなかったため, 各島の進化レベルを必ずしも精度良く把握できていたとは言えなかった. また, テスト関数の次元数が増えるとともに性能が悪くなるという問題もあった. そこで本研究では, 多様性尺度に基づくファジィ適応型探索並列遺伝的アルゴリズム (DM-FASPGA) を改良手法として提案する. この手法は様々な多様性尺度パラメータを導入して, 探索の効率化を図っている. ここではいくつかの多様性尺度を検討し, 互いに比較シミュレーションを行う.

さらに進化履歴に基づいて個々の島の進化状態を把握し, 島間の進化度合を比較した上で遺伝的パラメータをチューニングする, 進化履歴に基づくファジィ適応型探索並列遺伝的アルゴリズム (EH-FASPGA) ももう一つの改良手法として提案する. そして, 提案手法の有効性を検証するため, 様々なテスト関数を用いてシミュレーションを行ったので, その結果について報告する.

## 2. ファジィ適応型探索並列遺伝的アルゴリズム (FASPGA)

まず本研究における改良手法のベースとなるファジィ適応型探索並列遺伝的アルゴリズム (FASPGA) について説明する. FASPGAでは各サブ集団ごとの突然変異率や交叉率という遺伝的パラメータを1世代ごとにファジィルールを用いてチューニングを行う. これ

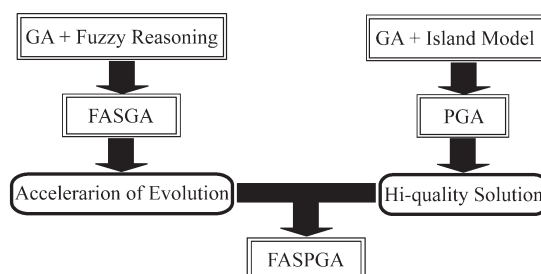


図1 FASPGAの提案

により各集団ごとの探索効率の向上を図るだけでなく, 集団ごとの移住率に対してもファジィルールによるチューニングを行うことで, 集団全体の探索効率の向上を図ることを目的としている. これによりFASPGAは探索の高速化と解の高質化の両方を実現できる手法となっている (図1 参照).

### 2.1 FASPGAの処理手順

まずはじめに, 集団全体を  $n$  個のサブ集団に分割し, 各サブ集団ごとに初期化により個体をランダムに発生させ, それぞれの個体の適応度  $f$  を計算する. ここで, それぞれの集団 ( $i=1, 2, \dots, n$ ) における最大適応度  $f_{mi}$  と平均適応度  $f_{ai}$  が求められるのでファジィ推論に必要な各集団における平均適応度  $f_{ai}$  および最大適応度と平均適応度の差 ( $f_{mi} - f_{ai}$ ) を計算し, これにより進化の度合い (探索ステージ) を推定し, そのときの状態に応じた交叉率  $r_{ci}$  と突然変異率  $r_{mi}$  をファジィルールにより推論する.

また, 各集団の個体は選択を実行した後, ファジィ推論によりその集団の移住率  $e_i$  を求めて移住を実行する. この推論には交叉率, 突然変異率の決定と同じく,  $f_{ai}$  および ( $f_{mi} - f_{ai}$ ) を用いて進化の度合いを推定し, 探索ステージに応じた集団移住率  $e_i$  を決定する. この値によって集団内の移住する個体の個数を決め, Random Ring方式によりサブ集団内の適応度の高い個体を他のサブ集団内の適応度の低い個体と置き換える. この操作は初期収束などの原因で進化が進まずに停滞してしまった集団に新たな優秀個体を注入することによって進化を促進させることを狙ったものである.

その後ファジィルールによる交叉率  $r_{ci}$  や突然変異率  $r_{mi}$  を用いて交叉や突然変異を実行する. そして, もし終了条件を満たすならそこで探索を終了し, 満たさないなら再び適応度の計算をし, 同じ処理を繰り返す.

## 2.2 FASPGAにおける遺伝的パラメータの決定

FASPGAのファジィ推論の前件部はFASGAと同じく平均適応度  $f_{ai}$  および最大適応度と平均適応度との差 ( $f_{mi} - f_{ai}$ ) を用いて表すが、後件部には交叉率  $r_{ci}$  と突然変異率  $r_{mi}$  以外に新たに集団移住度  $e_i$  と呼ばれるパラメータを加える。図2にFASPGAのファジィルールおよびメンバーシップ関数と後件部シングルトンを示す。

## 2.3 FASPGAにおける移住操作

一般に、PGAでは移住の際に移住条件や移住率といったパラメータの設定が必要となり、パラメータの設定によって探索性能が下がることも報告されている。FASPGAでは、この移住率をファジィ推論でチューニングすることにより、効率的な移住方法を実現するようにした。図3にFASPGAにおける移住の概

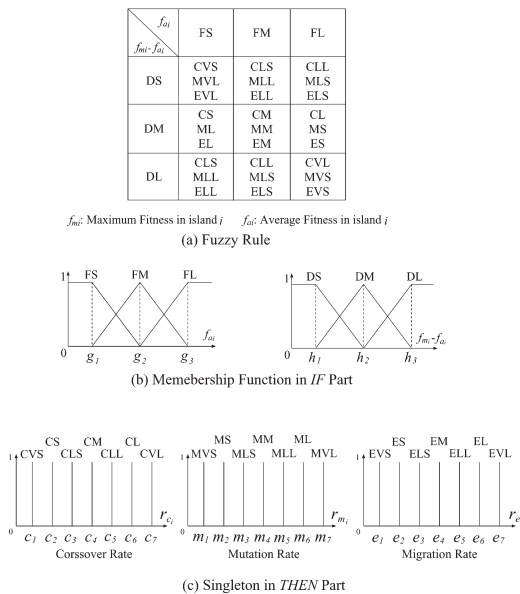


図2 FASPGAのファジィルール

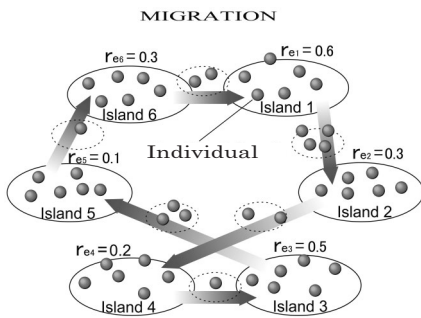


図3 移住の概念図

念図を示す。本研究では移住方式としてRandom Ringを採用した。移住率によって移住する個体の数が決定するが、一般のPGAでは移住率は交叉率や突然変異率の遺伝的パラメータと同様、終了世代まで一定である。これでは進化の度合い(探索ステージ)に応じて適切な移住が行われているとは決して言えない。そこで本手法では集団移住率  $r_{ei}$  をファジィ推論でチューニングする。このようにすることで進化の度合いに応じて移住率が変化する。移住個体の選択方法としてはPGAで一般的なルーレット選択を用いる。

尚、個体選択確率は、式(1)のように移住元の集団における移住個体のルーレット選択は適応度が高い個体が選ばれる確率が高くなるように設定する。また式(2)のように、移住する先の集団内では個体数を合わせるために、移住個体の選択とは逆に適応度の悪いほうから淘汰する確率が高くなるようなルーレット選択を行う。

移住元集団の個体選択確率：

$$\frac{f_i}{\sum_{i=0}^p f_i}, \quad (1)$$

移住先集団の個体淘汰確率：

$$\frac{f_m - f_j}{\sum_{j=0}^p (f_m - f_j)}, \quad (2)$$

( $p$ : サブ集団の個体数)

## 2.4 FASPGAの改良手法

より早い速度で高質解を得るという目的で、FASPGAが提案された。しかしながら、FASPGAのファジィルールへの入力情報に適応度という表現型のみを用いており、集団全体の平均適応度と最大適応度のみにより進化の度合いを正確に把握するのは非常に困難であることがわかってきた。このためFASPGAがいつも正確な探索進化状態を把握して遺伝的パラメータをチューニングできているとは限らなかった。そこで、この問題を解決するために個体の多様性と進化履歴に注目した新たな2つの手法を提案したので、以下の章でこれらについて説明する。

## 3. 多様性測度に基づくFASPGA (DM-FASPGA)

FASPGAのファジィルールの入力には最大適応度と平均適応度の差と平均適応度という2つパラメータを用いた。しかしながら、これらの値では概略の探索状態しか把握することができなかった。より精度良く探索状態を把握するためには新たなパラメータが必要と

なる．そこで，集団中の個体の多様性を測るパラメータを導入して，探索状態を精度良く推定する手法を提案する．以下，本手法を多様性測度に基づくFASPGA (DM-FASPGA: Diversity Measure based Fuzzy Adaptive Search method for Parallel Genetic Algorithm)と呼ぶ．

### 3.1 ささまざまな多様性測度

集団の多様性測度については，これまでもいくつかの研究者らが提案している[7]–[18]．本研究では，ファジィルールに遺伝子型と表現型のパラメータを用いて，集団の多様性を各島ごとに精度良く測ることを考える．

GAにおけるハミング距離は個体と個体の間の異なるビット数を表す．本手法はこのハミング距離を用いて，個体間の距離を測る．ハミング距離は長いほど，個体間の差異が大きいと考えられる．例えば，式(3)は平均適応度を持つ個体と集団の個体とのハミング距離の平均値を求める式である．

$$HD = \frac{\sum_{k=1}^n d(I_{aver}, I_k)}{n-1} \quad (3)$$

ここで， $I_{aver}$ は最も平均適応度に近い適応度を持つ個体， $I_k$ は島内の $k$ 番目の個体を示す． $d(I_{aver}, I_k)$ は個体 $I_{aver}$ と個体 $I_k$ とのハミング距離である． $n$ は島内の個体の数を示す． $HD$ の値の範囲は0から染色体の長さまでである．この式によって， $HD$ の値が低くなると，島内の個体が集中し， $HD$ の値が高くなると，島内の個体が発散していることが分かる．言い換えれば， $HD$ の値が低くなると，島内の個体の多様性が減っており，逆に $HD$ の値が高くなると，島内の個体の多様性が増えていることを表す．本研究では式(3)以外に以下に示した3つの変形式も用いた．

$$HD II = \frac{\sum_{k=1}^n d(I_{best}, I_k)}{n-1} \quad (4)$$

$$HD III = \frac{HD - \min\{d(I_{aver}, I_k)\}}{\max\{d(I_{aver}, I_k)\} - \min\{d(I_{aver}, I_k)\}} \quad (5)$$

$$HD IV = \frac{HD II - \min\{d(I_{best}, I_k)\}}{\max\{d(I_{best}, I_k)\} - \min\{d(I_{best}, I_k)\}} \quad (6)$$

ここで， $I_{best}$ は最大適応度を持つ個体を示す．数式(3)の $HD$ は島内全ての個体が平均適応度に近い個体に対する平均ハミング距離を示している．数式(4)の $HD II$ は島内全ての個体と最大適応度の個体に対する平均ハミング距離を示している．数式(5)と数式(6)は $HD$ と $HD II$ を正規化したものである．正規化すると，

$HD III$ と $HD IV$ の値の変化範囲は $[0, 1]$ となり，シミュレーションを行う前にファジィルールを設定する際，最適化する関数の変数のビット長に応じてメンバーシップ関数の台集合を改めて設定する必要がなくなる．

すでに紹介した手法FASPGAには以下の2つの表現型パラメータ( $AF$ と $DF$ )が使われている．

$$AF = f_{I_{aver}} \quad (7)$$

$$DF = f_{I_{best}} - f_{I_{aver}} \quad (8)$$

ここで， $f_{I_{best}}$ と $f_{I_{aver}}$ は最良個体の適応度と平均適応度を示す． $DF$ は $HD$ と同様に集団の多様性を測ることができる． $DF$ の値が低くなると，島内の個体の多様性が減っており，逆に $DF$ の値が高くなると，多様性が増えていることを示す．しかしながら， $HD$ と比べ $DF$ の方は適応度関数に依存する．

さらに以下のような $DF$ の変形式を提案する．

$$DF II = f_{I_{aver}} - f_{I_{min}} \quad (9)$$

$$DF III = \frac{\sum_{k=1}^n (f_{I_{aver}} - f_{I_k})}{n-1} \quad (10)$$

$$DF IV = \frac{\sum_{k=1}^n (f_{I_{best}} - f_{I_k})}{n-1} \quad (11)$$

ここで， $f_{I_k}$ は島内の $k$ 番目の個体の適応度を示す．数式(8)の $DF$ は島内の平均適応度と最大適応度の差で，数式(9)の $DF II$ では島内の平均適応度と最小適応度の差であり，いずれも島内個体の適応度のばらつき程度を示す．この2つの数式は島内の最大と最小適応度のみしか用いていないため，島内全個体のばらつき程度を統計的に示す平均値として数式(10)と数式(11)を提案した．

最後に，相対多様性を測るパラメータ $RD$ を式(12)に示す．

$$RD = \frac{f_{I_{aver}}}{f_{I_{best}}} \quad (12)$$

$RD$ の値の変化区間は $[0, 1]$ である． $RD$ の値は0に近づくとき，島内の個体が発散して，多様性が増え，逆に1に近づくとき，島内の個体が集中して，多様性が減っていることを示す．

### 3.2 シミュレーション及び考察

前節で紹介したパラメータに基づいて，ファジィルールの入力としてたくさんの組み合わせが得られる(表1参照)．これらの中で最も良い組み合わせを決定



表1 ファジィルールの入力(DM-FASPGA)

Simulation Mark	Inputs of Fuzzy Rule	
PP1	<i>AF</i>	<i>DF</i>
PP2	<i>AF</i>	<i>DF II</i>
PP3	<i>AF</i>	<i>DF III</i>
PP4	<i>AF</i>	<i>DF IV</i>
PG1	<i>RD</i>	<i>HD</i>
PG2	<i>RD</i>	<i>HD II</i>
PG3	<i>RD</i>	<i>HD III</i>
PG4	<i>RD</i>	<i>HD IV</i>
PG5	<i>AF</i>	<i>HD</i>

するために、テスト関数(式(13)-(16))を用いて比較する予備シミュレーションを行った。その結果によって、表1における組み合わせPP2とPG3が最も良い性能を示すことが分かった。次に、PP2とPG3を用いたDM-FASPGA, FASPGA, 並列GA(PGA)の比較シミュレーションを行った。

統計的信頼性を上げるために、全てのシミュレーションは10回実行し、平均を取った。シミュレーションの終了条件は1000世代とし、個体はBinary Codingを用いた。テスト関数はRastrigin関数, Rosenbrock関数, Griewank関数とRidge関数という4つの関数を用いた(式(13)-(16)参照)。次元数は20と40とした。これらの関数の特徴を表2に示す。シミュレーションにおける各パラメータの設定は表3に示している。

$$\begin{aligned}
 F_{\text{Rastrigin}}(x) &= 10n + \sum_{i=1}^n (x_i^2 - 10 \cos(2\pi x_i)) \\
 &\quad (-5.12 \leq x_i < 5.12) \\
 \min(F(x)) &= F(0, 0, \dots, 0) = 0
 \end{aligned} \quad (13)$$

$$\begin{aligned}
 F_{\text{Rosenbrock}}(x) &= \sum_{i=1}^{n-1} (100(x_{i+1} - x_i^2)^2 + (1 - x_i)^2) \\
 &\quad (-2.048 \leq x_i < 2.048) \\
 \min(F(x)) &= F(1, 1, \dots, 1) = 0
 \end{aligned} \quad (14)$$

$$\begin{aligned}
 F_{\text{Griewank}}(x) &= 1 + \sum_{i=1}^n \frac{x_i^2}{4000} - \prod_{i=1}^n \left( \cos\left(\frac{x_i}{\sqrt{i}}\right) \right) \\
 &\quad (-512 \leq x_i < 512) \\
 \min(F(x)) &= F(0, 0, \dots, 0) = 0
 \end{aligned} \quad (15)$$

$$F_{\text{Ridge}}(x) = \sum_{i=1}^n \left( \sum_{j=1}^i x_j \right)^2 \quad (16)$$

表2 テスト関数の特徴

Function	Dependence between design parameters	Peak
Rastrigin	independent	multiple
Rosenbrock	dependent	single
Griewank	dependent	multiple
Ridge	strongly dependent	single

表3 パラメータの設定

	DM-FASPGA EH-FASPGA	PGA
Generations	1000	
Chromosome Length	200	
Total Population Size	500/1000	
Island Number	10/20	
Selection Method	Roulette Wheel	
Crossover Rate	Tuned	0.6
Mutation Rate	by	1/200
Migration Rate	Fuzzy Rule	0.5
Migration Interval	1	5
Function Dimensions	20/40	

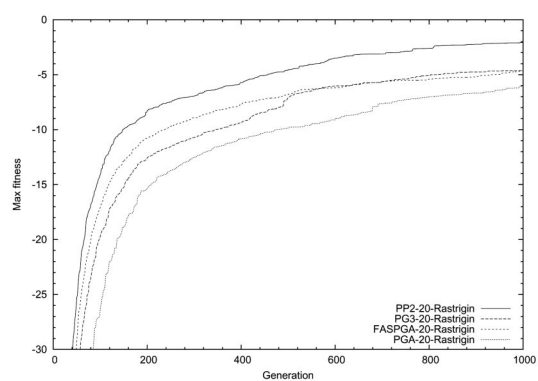
表4 ファジィ推論メンバーシップ関数の設定

Parameters		Ras.	Rosen.	Grie.	Ridge
FASPGA PP2 EH-FASPGA	$g_1$	-333.5	-8443.5	-413.2	-249084.0
	$g_2$	-185.3	-4690.9	-217.5	-138381.0
	$g_3$	-37.1	-938.2	-43.5	-27676.0
	$h_1$	13.1	720.5	22.0	123213.0
	$h_2$	65.6	3602.7	110.0	616063.5
PG3	$h_3$	118.1	6484.8	198.0	110.8917.0
	$g_1$	0.1			
	$g_2$	0.5			
	$g_3$	0.9			
	$h_1$	0.1			
	$h_2$	0.5			
	$h_3$	0.9			

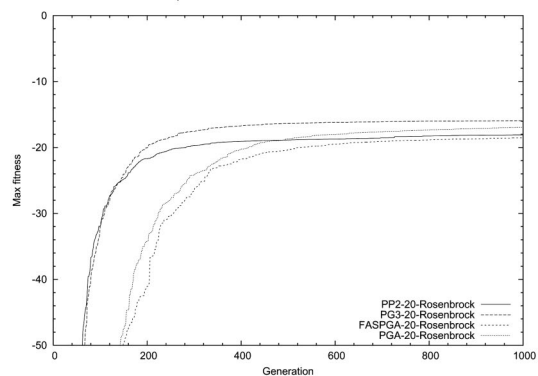
$$\begin{aligned}
 &(-64 \leq x_i < 64) \\
 \min(F(x)) &= F(0, 0, \dots, 0) = 0
 \end{aligned}$$

シミュレーション結果を図4と図5に示す。全てのテスト関数は結果を見やすくするため最適解0を求める最大化問題とした。シミュレーション結果より、FASPGAはテスト関数の次元が増えるとともに性能が悪くなることが分かった。特に単峰性を持つ関数ではかなり悪化している。これに対して、DM-FASPGAのPP2は多峰性を持つRastrigin関数に最も良い性能を示したが、次元数が増えると性能が悪くなる傾向があった。原因としては、PP2は表現型パラメータを用いるため、適応度の変化には敏感であるためと考えられる。Rastrigin関数のような最適解付近の適応度の変化が激しい関数には効果的であるが、関数の次元が増えると、最適解付近の適応度の変化が緩やかになり、PP2の効果が出ないためと考えられる。

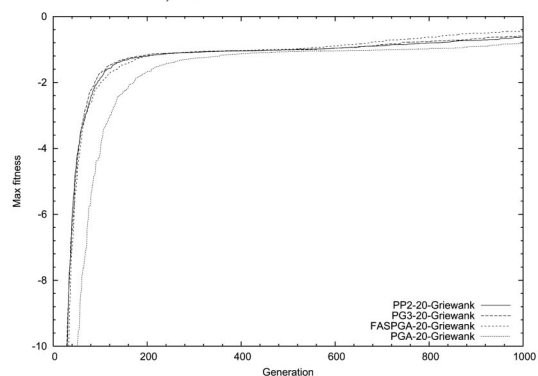
一方、DM-FASPGAのPG3は単峰性を持つRosen-



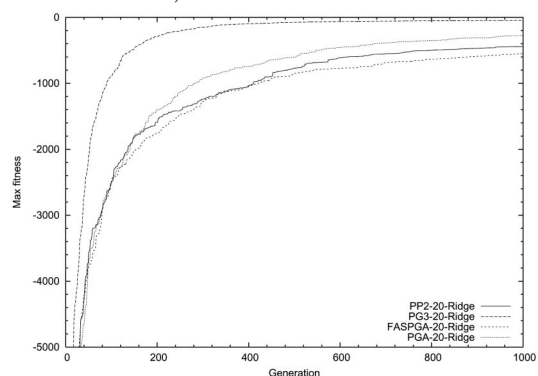
a) Rastrigin Function



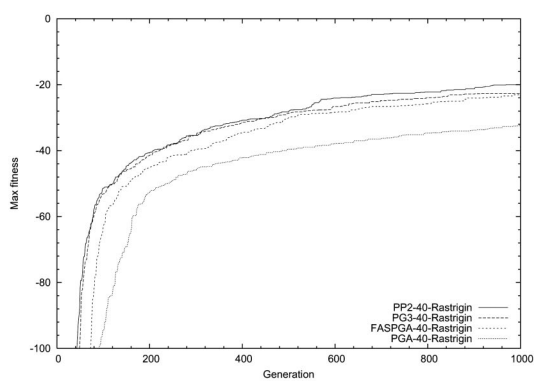
b) Rosenbrock Function



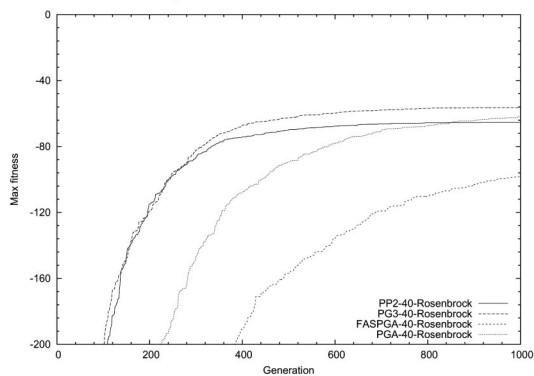
c) Griewank Function



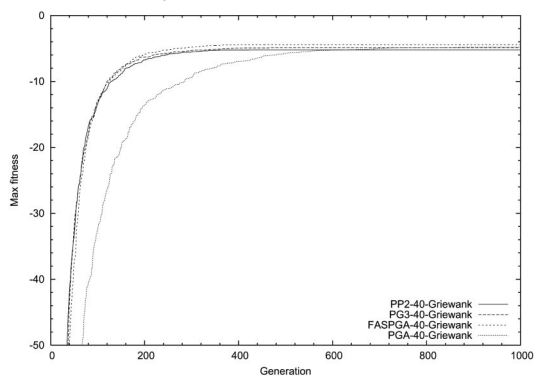
d) Ridge Function



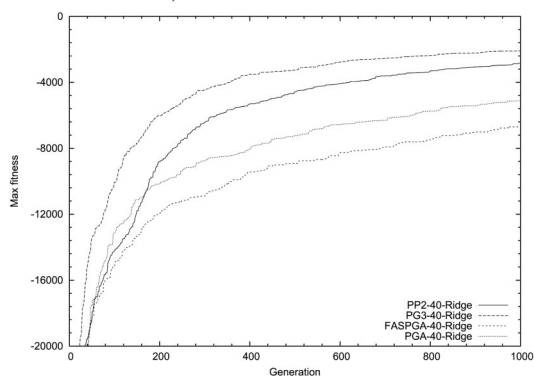
a) Rastrigin Function



b) Rosenbrock Function



c) Griewank Function



d) Ridge Function

図4 DM-FASPGAのシミュレーション結果(20次元)

図5 DM-FASPGAのシミュレーション結果(40次元)

brockとRidge関数に最も良い性能を示すことが分かった。これはPG3は遺伝子型パラメータを用いるため、たとえRosenbrockとRidge関数のような最適解付近の適応度の変化が緩やかな関数でも、遺伝子上の変化(ハミング距離)を利用して、探索が進むためと考えられる。また、関数の次元数が増えても、比較的良い性能を示した。

#### 4. 進化履歴に基づく FASPGA (EH-FASPGA)

FASPGAはファジィルールによって、遺伝的パラメータをチューニングしている。しかしながら、ファジィルールはある時点での状態のみでパラメータ値を決定するため、誤ったパラメータ制御を行ってしまう可能性があり、局所解に陥ることがある。さらに、探索が一旦局所解に収束すると、自ら局所解から脱出する力がほとんどない。この問題を解決するため、進化履歴に基づくFASPGA(EH-FASPGA: Evolution History based Fuzzy Adaptive Search method for Parallel Genetic Algorithm)を提案する。

EH-FASPGAは、まずファジィルールで遺伝的パラメータを大まかにチューニングし、さらに進化履歴情報を利用して、遺伝的パラメータを修正する。ここではまず提案した進化履歴関数を説明し、他の手法との比較シミュレーションを行ったので、その結果についても報告する。

##### 4.1 進化履歴関数

本研究では、EH-FASPGAの進化履歴関数として式(17)を定義した。

$$H = \frac{\sum_{n=0}^3 \lambda^{n+1} (f_n - f_{n+1})}{\sum_{n=0}^3 \lambda^{n+1}}, \quad (17)$$

ここで、 $f_n$  ( $n=0, 1, 2, 3, 4$ )は前  $n$  世代での平均適応度で、 $\lambda$ は定数である。 $H$ が進化の度合を示す。 $H$ の値が正の場合は進化が進んでおり、逆に  $H$ の値が正でない場合は進化が止まっていることを示す。EH-FASPGAでは  $H$ の値により、遺伝的パラメータを修正する。

##### 4.2 遺伝的パラメータの修正

EH-FASPGAでは進化履歴関数により遺伝的パラメータが修正される。EH-FASPGAのアルゴリズムフローを図6に示す。大まかな処理の流れはFASPGAと同じであるため、ここでは異なる部分だけを説明する。まず、EH-FASPGAでは進化履歴関数を用いて毎世代の進化度合を計算する。そして、遺伝的パラメータ

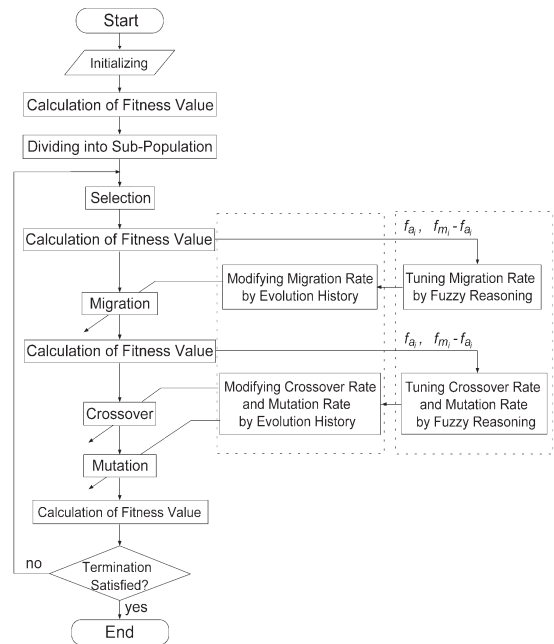


図6 EH-FASPGAのアルゴリズムフロー

タがファジィルールによって決定された後、進化度合によってさらに以下のように遺伝的パラメータを修正する。最後に、この修正した遺伝的パラメータでFASPGAと同様に交叉、突然変異と移住操作を行う。

```

if(H <= 0.0){
    Drcrossover = Drcrossover - d1;
    Drmutation = Drmutation * d2;
    Drmigration = Drmigration - d3;
}
else{
    Drcrossover = Drcrossover + d4;
    Drmutation = Drmutation / d5;
    Drmigration = Drmigration + d6;
}

```

ここで、 $D_{r_{crossover}}$  は毎世代の交叉率の修正量  $\Delta r_c$  を示す。同様に、 $D_{r_{mutation}}$  と  $D_{r_{migration}}$  は  $\Delta r_m$  と  $\Delta r_e$  を示す。 $d_1$  から  $d_6$  までの値は定数であるが、遺伝的パラメータの修正量  $D(\Delta r_c, \Delta r_m \text{ と } \Delta r_e)$  の値は世代毎に変わる。よって、遺伝的パラメータは以下のように修正値  $D$  を加えて修正される。ここでは、遺伝的パラメータの調節は表5に設定した範囲内で行うものとした。

```

rcrossover = rcrossover + Drcrossover;
rmutation = rmutation * Drmutation;
rmigration = rmigration + Drmigration;

```

表5 遺伝的パラメータの調節範囲

Parameter	Range
Crossover Rate	[0.1,0.9]
Mutation Rate	[0.000625, 0.04]
Migration Rate	[0.1,0.9]

### 4.3 シミュレーション及び考察

提案手法EH-FASPGAの有効性を検証するために、FASPGAと並列GA(PGA)との比較シミュレーションを行った。これに先だち、EH-FASPGAのパラメータ $\lambda$ と $d_1-d_6$ を確定する予備シミュレーションを行った。この結果、 $\lambda=0.8$ 、 $d_1=d_3=d_4=d_6=0.01$ 、 $d_2=d_5=1.1$ とした。他のシミュレーション条件やパラメータ設定はDM-FASPGAと同じである。

シミュレーション結果を図7と図8に示した。シミュレーション結果より、EH-FASPGAはほとんどのテスト関数に対して最も良い性能を示した。また、EH-FASPGAはテスト関数の次元数が増えても良い性能を示している。特に、FASPGAが良い結果を出せなかった単峰性を持つ関数にも非常に良い性能を示している(図7b), d)と図8b), d))。これにより、提案したEH-FASPGAにおいて進化履歴に基づいて、遺伝的パラメータを修正することが有効であることが示された。これは、EH-FASPGAが進化の度合を検出し、進化が止まっている時などに強制的に遺伝的パラメータを修正して、進化をさせるためと考えられる。RosenbrockとRidge関数は単峰性であるが、最適解付近の適応度はほとんど同じであり、PGAやFASPGAに対しては最適解へ収束する力が弱くなって、進化が止まりやすいためである。RastriginやGriewank関数は多峰性であり、最適解周辺は多くの局所解があるため、進化は局所解に陥りやすい。この場合、EH-FASPGAは突然変異率を高くし、交叉率と移住率を低くし、局所解から脱出する力を加えて進化をさせることができたものと考えられる。

## 5. 提案手法の比較

DM-FASPGAとEH-FASPGAの検証シミュレーションの結果により、提案手法はそれぞれFASPGAを改良して良い性能を示すことが確認された。DM-FASPGAとEH-FASPGAを比較すると、それぞれに向けた関数と特徴があることが分かった。DM-FASPGAでは集団内個体の多様性の変化に注目し、ファジィルールによって適度な多様性を維持しながら、遺伝的パラメータを適切に制御する。本論文では集団の多様性を測るため、表現型と遺伝子型という2種類のパラメータを

用いた。この2種類のパラメータはそれぞれの関数に有効性を持っている。もともとGAは多峰性問題の探索に向けた手法ではあるが、表現型パラメータではRastrigin関数のような最適解付近の適応度の変化が激しい複雑な多峰性関数には適応度で精度良く集団の多様性を測ることができるため、良い効果を示したと思われる。

一方、Ridge関数のような最適解付近の適応度の変化が緩やかな関数には、適応度で集団の多様性を測るのは難しくなる。遺伝子型パラメータでは遺伝子上の変化(ハミング距離)を利用しているため、Ridge関数に対しても集団の多様性を測ることが出来る。そこで、DM-FASPGAでは、事前に最適化する関数の特徴をあらかじめ知っている必要がある。そして、関数の特徴によって、多峰性ならPP2、単峰性ならPG3を選択すればよい。また、EH-FASPGAは事前に最適化する関数の特徴を知る必要がない点で優れている。ただDM-FASPGAと比較した場合、いつも最も良い性能を示すとは限らない。そこで、最適化する関数の特徴が事前に明確な場合には、DM-FASPGAを、そうでない場合にはEH-FASPGAを適用するのが良いと考えられる。

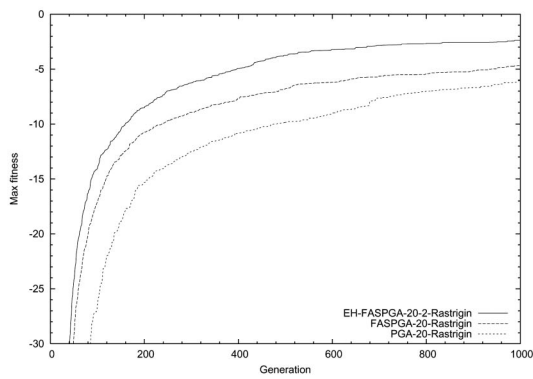
## 6. おわりに

本研究では、FASPGAの性能を改善するため、多様性測度に基づくファジィ適応型探索並列遺伝的アルゴリズム(DM-FASPGA)と進化履歴に基づくファジィ適応型探索並列遺伝的アルゴリズム(EH-FASPGA)を提案した。さらに、PGAおよびFASPGAのさまざまなテスト関数の次元を変化させたシミュレーションを行い、提案手法の有効性を検証し、それぞれの性能比較を行った。

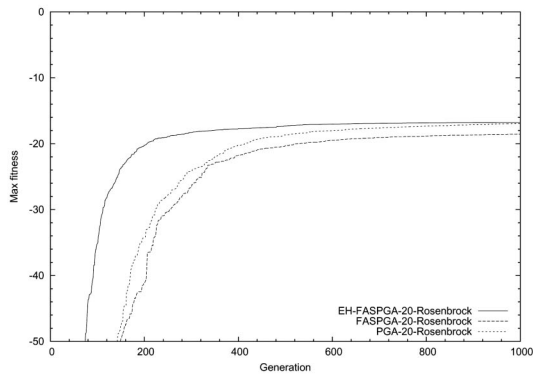
DM-FASPGAとEH-FASPGAはPGAやFASPGAと比較して、より良い性能を示した。その上、最適化する関数の次元が増えても性能がそれほど悪化することがなかった。但し、今回テスト用に使用した最適化関数は最大40次元であったが、今後は80~100次元程度の高次元関数についても性能評価を行う必要があると考えている。また、シミュレーション結果により、最適化する関数の特徴が事前に明確な場合にはDM-FASPGAを用い、そうでない場合にはEH-FASPGAを用いると良いことも分かった。

今後の研究としては、最適化する関数の特徴に関わらず良い結果が得られる手法を提案すると同時に、制約条件付のテスト問題に対しても適用できる手法も検討したいと考えている。

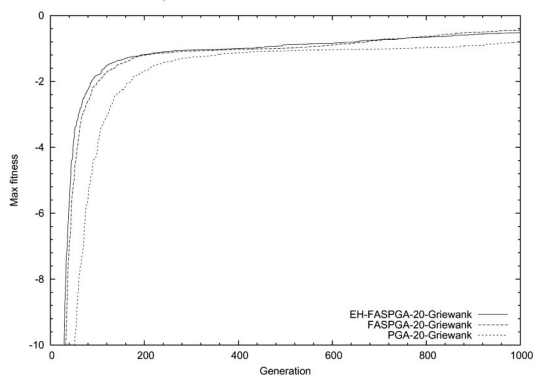




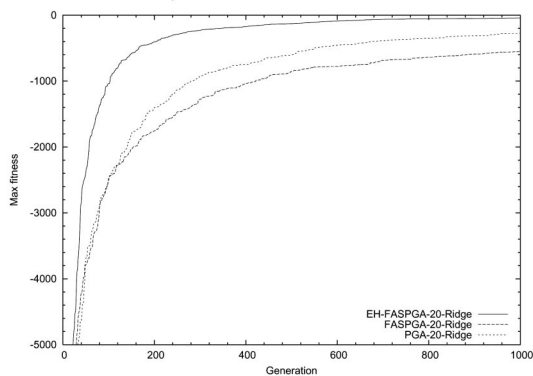
a) Rastrigin Function



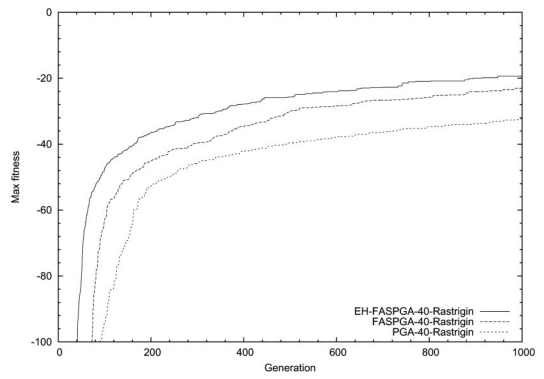
b) Rosenbrock Function



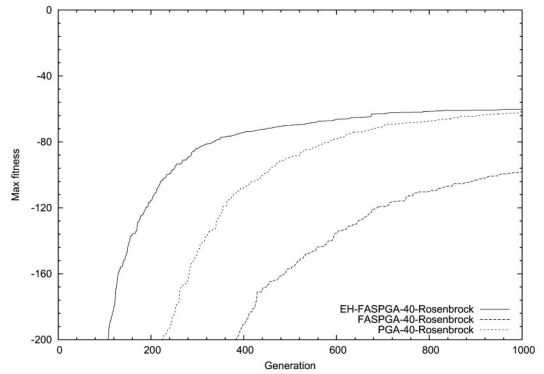
c) Griewank Function



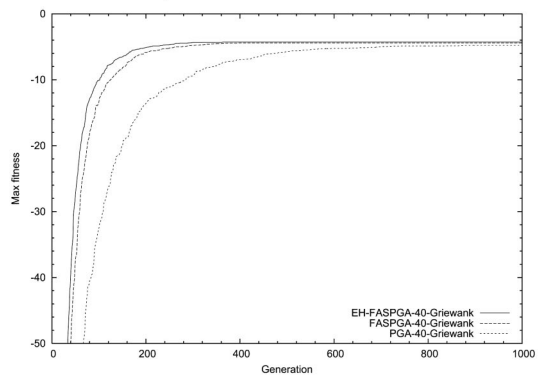
d) Ridge Function



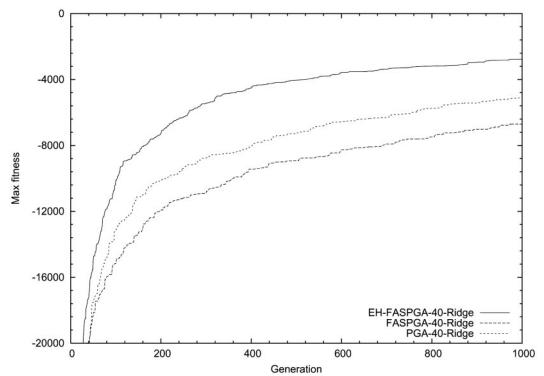
a) Rastrigin Function



b) Rosenbrock Function



c) Griewank Function



d) Ridge Function

図7 EH-FASPGAのシミュレーション結果(20次元)

図8 EH-FASPGAのシミュレーション結果(40次元)

参 考 文 献

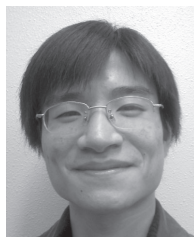
- [1] Holland, J.H.: *Adaptation in Natural and Artificial System*, University of Michigan Press (1992)
- [2] Goldberg, D.E.: *Genetic Algorithms in Search, Optimization, and Machine Learning*, Addison - Wesley Publishing Company (1989)
- [3] 北野宏明: 遺伝的アルゴリズム, 産業図書 (1993)
- [4] Xu, H.Y. and Vukovich, G.: "A Fuzzy Genetic Algorithm with Effective Search and Optimization," *International Journal Conference on Neural Networks (IJCNN '93)*, pp.2967-2970 (1993)
- [5] Lee, M.A. and Takagi, H.: "Dynamic Control of Genetic Algorithms using Fuzzy Logic Techniques," *Proc. of 5th International Conference on Genetic Algorithms (ICGA93)*, pp.76-83 (1993)
- [6] Herrera, F. and Lozano, M.: "Adaptive Genetic Algorithms Based on Fuzzy Techniques," *Proc. of Sixth International Conference on Information Processing and Management of Uncertainty in Knowledge Based System (IPMU96)*, pp.775-780 (1996)
- [7] Subbu, R. and Bonissone, P.: "A Retrospective View of Fuzzy Control of Evolutionary Algorithm Resources," *Proc. FUZZ - IEEE 2003*, pp.143-148 (2003)
- [8] Zhang, C. and Rasheed, K.: "Improving GA Search Reliability Using Maximal Hyper-Rectangle Analysis," *Proc. of the Genetic and Evolutionary Computation Conference (GECCO '05)* (2005)
- [9] 廣安知之, 三木光範, 下坂久司, 佐野正樹, 筒井茂義: "分散確率モデル遺伝的アルゴリズム," *情報処理学会論文誌: 数理モデル化と応用*, Vol.45, No.SIG2 (TOM10), pp.56-65 (2004)
- [10] 下坂久司, 平井聡, 廣安知之, 三木光範: "分散確率モデル遺伝的アルゴリズムにおける解探索メカニズムとパラメータの検討," *情報処理学会論文誌: 数理モデル化と応用*, Vol.48, No.SIG2 (TOM16), pp.114-124 (2007)
- [11] Kim, D. H., Abraham, A. and Cho, J. H.: "A Hybrid Genetic Algorithm and Bacterial Foraging Approach for Global Optimization," *International Journal of Information Sciences*, 177, pp.3918-3937 (2007)
- [12] Tanese, R.: "Distributed Genetic Algorithms," *Proc. of 3rd International Conference on Genetic Algorithms*, pp.434-439 (1989)
- [13] Starkweather, T., Whitley, D. and Mathisa, K.: "Optimization Using Distributed Genetic Algorithms," *Parallel Problem Solving from Nature*, Springer Verlag (1991)
- [14] Nang, J. and Matsuo, K.: "A Survey on the Parallel Genetic Algorithms," *Journal of the Society of Instrument and Control Engineering*, Vol.33, No.6, pp.500-509 (1994)
- [15] Cantú-Paz, E.: "A Survey on the Parallel Genetic Algorithms," *IlligAL Report No.97003* (1997)
- [16] 三木光範, 廣安和之, 中村康範: "遺伝的アルゴリズムの分散並列化に関する研究(ランダム移住型による分散遺伝的アルゴリズムの検討)," *日本機械学会論文集 (A 編)*, Vol.66, No.645, pp.112-117 (2000)
- [17] 三木光範, 廣安和之, 金子美華, 畠中一幸: "環境分散型並列遺伝的アルゴリズム," *電子情報通信学会技術研究報告*, Vol.99, No.96, pp.87-94 (1999)
- [18] 棟朝雅晴, 高井昌彰, 佐藤義治: "集団分割型非同期並列遺伝的アルゴリズムにおける個体交換アルゴリズムの改良と評価," *情報処理学会論文誌*, Vol.35, pp.1815-1827 (1994)
- [19] エルナンアギレ, 田中清, 杉村立夫: "協調的な遺伝子オペレータを用いた改良 GA の性能検討," *電子情報通信学会技術研究報告*, AI, 人工知能と知識処理, pp.25-32 (2001)
- [20] 前田陽一郎: "ファジィルールによる GA の探索能力改善手法," 第6回インテリジェントシステム・シンポジウム, pp.27-30 (1996)
- [21] Maeda, Y.: "Fuzzy Adaptive Search Method for Genetic Programming," *International Journal of Advanced Computational Intelligence*, Vol.3, No.2, pp.131-135 (1999)
- [22] 前田陽一郎: "ファジィチューニングによる動的学習パラメータを有する適応型 Q-Learning," 第16回ファジィシステムシンポジウム, pp.551-554 (2000)
- [23] 前田陽一郎, 坪内透: "並列遺伝的アルゴリズムのファジィ適応型探索手法," 第19回ファジィシステムシンポジウム, pp.469-472 (2003)
- [24] 李強, 前田陽一郎: "Adaptive Search Method for Parallel Genetic Algorithms Used Fuzzy Reasoning," 第22回日本ロボット学会学術講演会, CD-ROM, 2B15 (2004)
- [25] Li, Q. and Maeda, Y.: "Parallel Genetic Algorithms with Adaptive Migration Rate Tuned by Fuzzy Reasoning," *Proc. of the Fourth International Symposium on Human and Artificial Intelligence Systems: From Control to Autonomy (HART 2004)*, pp.259-264 (2004)
- [26] Maeda, Y. and Li, Q.: "Parallel Genetic Algorithm with Adaptive Genetic Parameters Tuned by Fuzzy Reasoning," *International Journal of Innovating Computing, Information and Control*, Vol.1, No.1, pp.95-107 (2005)

(2008年11月19日 受付)  
(2009年4月1日 採録)

[問い合わせ先]

〒910-8507 福井県福井市文京3-9-1  
福井大学大学院 工学研究科 知能システム工学専攻  
前田 陽一郎  
TEL: 0776-27-8050  
FAX: 0776-27-8050  
E-mail: maeda@ir.his.u-fukui.ac.jp

## 著者紹介



李 強 [非会員]

2003年中国南昌航空大学卒業。2006年福井大学大学院工学研究科システム設計工学専攻博士前期課程修了。2009年同専攻博士後期課程修了。博士(工学)。同年、スズキ(株)入社。現在に至る。進化的最適化手法の1つである遺伝的アルゴリズムに興味を持つ。



前田 陽一郎 [正会員]

1981年大阪大学基礎工学部機械工学科卒業。1983年同大学院基礎工学研究科修士課程修了。同年、三菱電機(株)入社。中央研究所、応用機器研究所、産業システム研究所を経て、1989年から1992年まで通産省技術研究組合国際ファジィ工学研究所(LIFE)へ出向。1995年より大阪電気通信大学工学部経営工学科を経て、総合情報学部情報工学科助教授。博士(工学)。1999年から2000年までカナダ・ブリティッシュコロンビア大学(UBC)客員研究員。2002年福井大学工学部知能システム工学科助教授。2007年同大学院工学研究科知能システム工学専攻教授。現在に至る。主として、ソフトコンピューティング手法による自律ロボットの知能化研究、および人とロボットの双方向インタラクションに関する人間共生システム研究に従事。計測自動制御学会、日本ロボット学会、人工知能学会、日本感性工学会などの会員。

## Fuzzy Adaptive Search Method for Parallel Genetic Algorithm and Its Improved Methods by

Qiang LI and Yoichiro MAEDA

### Abstract :

Genetic Algorithm (GA) has been successfully applied in wide scope, and is a learning algorithm to mimic the biological mechanism of inheritance (neo-Darwinism). In general, because GA is an exploration method including stochastic search, there were a number of issues. Specially, the search ability of ordinary GA is not always optimal in the early and final stage of search, because of fixed genetic parameters, i.e., crossover rate, mutation rate and so on. Therefore, we have already proposed the fuzzy adaptive search method for parallel genetic algorithm based on the acceleration of evolution and high quality solutions. However, there are some cases when it is not enough accuracy to describe the stage of evolution, because the best fitness and average fitness were adopted as inputs of fuzzy rules. Moreover, worse performance was shown in the test function with high dimensions. Therefore, in this research we propose the improvement methods that have a good performance in the optimization problem of high-dimensional function. And the comparison simulations are executed to verify the efficiency of proposed methods. The results of simulations are also reported.

**Keywords :** Genetic Algorithm, Fuzzy Reasoning, Diversity, Evolution History

Contact Address : **Yoichiro MAEDA**

*Dept. of Human and Artificial Intelligent Systems, Graduate School of Engineering, University of Fukui  
3-9-1, Bunkyo, Fukui-shi, Fukui 910-8507, JAPAN*

TEL : 0776-27-8050

FAX : 0776-27-8050

E-mail : maeda@ir.his.u-fukui.ac.jp