

確率モデル遺伝的アルゴリズムの実装と調査
佐野 正樹

1 はじめに

今後の研究対象である、分散確率モデル遺伝的アルゴリズム (Probabilistic Model-Building Distributed Genetic Algorithm)¹ のプログラム作成を行った。PMBDGA は、確率モデル遺伝的アルゴリズム (確率モデル GA) に、島モデルを適用したモデルである。また、これと関連して、G.R. Harik & F.G. Lobo & D.E. Goldberg (IlliGAL) の compact genetic algorithm (compact GA)¹ の調査を行った。

2 分散確率モデル遺伝的アルゴリズム

確率モデル GA では、GA と同様にランダムに生成された個体群の中から、良好な解が選択される。選ばれた個体の確率分布が推定され、確率モデルが構築される。構築した確率モデルに従い、新しい探索点が生成される。こうして生成された新しい探索点は母集団内の個体と置き換えられる。これを終了条件を満たすまで繰り返す。

分散確率モデル遺伝的アルゴリズム (PMBDGA) は、実数値の確率モデル GA に島モデルを適用したものである。PMBDGA では、確率分布のモデル構築の際に主成分分析 (Principal Component Analysis : PCA) によって個体群の分布を変換することにより、設計変数間の依存関係を考慮して子個体を生成することができる。

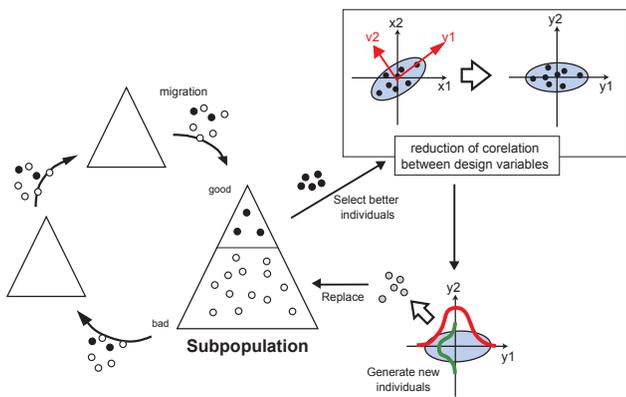


Fig. 1 分散確率遺伝的アルゴリズム

3 Compact Genetic Algorithm

compact GA は、設計変数間の依存関係を考慮しない、ビットストリング型の確率モデル GA である。母

¹下坂が主に研究対象としている GA。

集団は、各ビットの割合を示した 1 つの確率ベクトルによって表現される。オーダ 1 の問題に対しては、トーナメント選択 (サイズ 2)、一様交叉を採用した simple GA と同等の振る舞いをする。

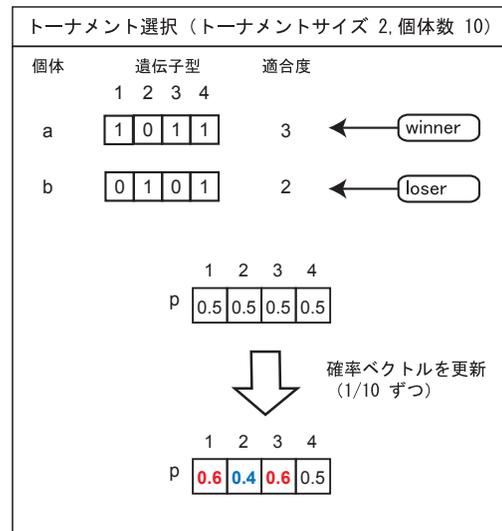


Fig. 2 確率ベクトルの更新

具体的には、次の操作を繰り返す。

1. 確率ベクトル p より、2 つの個体 a, b を生成する。
2. a と b のうち、適合度の高い方を winner, 低い方を loser とする。
3. winner[i], loser[i] を、それぞれの遺伝子座 i のビットとする。winner[i] と loser[i] が異なる場合のみ、次のように確率ベクトルを更新する。winner[i] = '1' なら $p[i] = p[i] + 1/n$, winner[i] == '0' なら $p[i] = p[i] - 1/n$, とする (Fig. 2)
4. p の全ての要素が '1' or '0' になるまで (収束するまで)、2. からの処理を繰り返す。

4 今後の課題

- PMBDGA のプログラムの完成。
- 確率モデル GA に関する

参考文献

1) Georges R. Harik, Fernando G. Lobo, and David E. Goldberg. The compact genetic algorithm. Technical Report 97006, IlliGAL Report, 1997.