

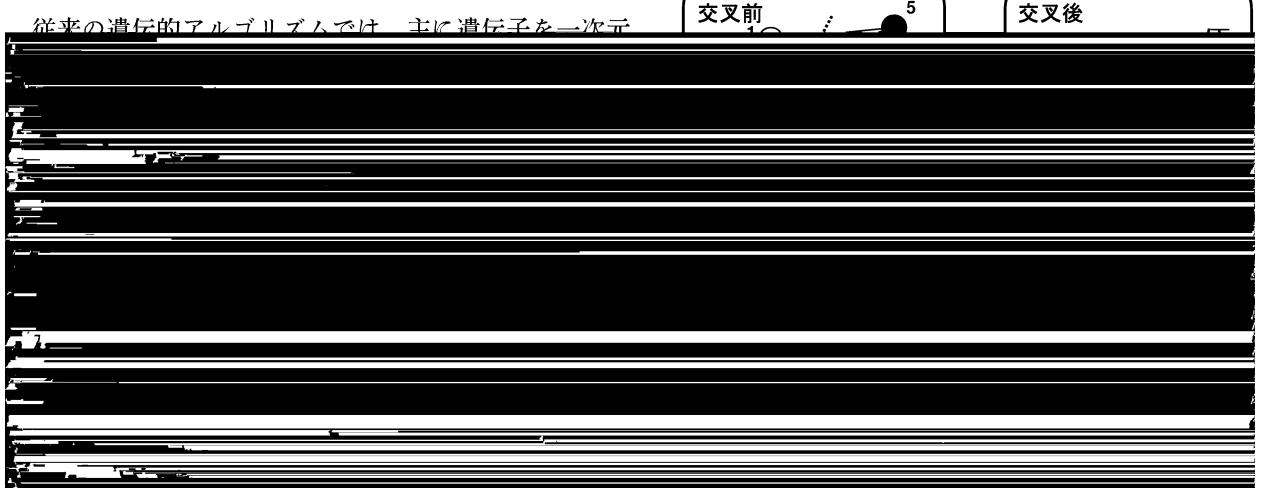
### 3P-3 完全グラフ表現による遺伝的アルゴリズム

井手 一郎, 毛利 隆夫, 田中 英彦

{ ide,mohri,tanaka } @mtl.t.u-tokyo.ac.jp

東京大学工学部\*

#### 1 はじめに



従来の一次元表現した遺伝子をランダムに切断する交  
叉では、特定の(複数の)遺伝子座に評価値をよくする情

図 1: 完全グラフを用いた交叉

伝子長の累乗と染色体数に比例した時間がかかり、全体の  
処理時間に大きな影響を及ぼすことになる。よって、完全  
グラフ交叉は、よい遺伝子を散逸させずに残せるという利  
点がある反面、単純交叉と比較して処理速度は相当遅くな  
るのが欠点である。

なお、以下、完全グラフを用いたこの手法を、「完全グ

ラフ交叉」と呼ぶこととする。  
以上のうな方針で実際にシステムを構築し、性能を  
評価するために、最初に 2通りの簡単な例題について、次  
に具体的な応用問題としてナップザック問題について実験  
を行った。性能を評価するために、1点でランダムに交叉  
する単純交叉、複数点でランダムに交叉する複数点交叉と  
比較した。

なお、遺伝子集団の遺伝子コードの初期値は、平均的な  
動作を見るために、10通りの乱数系列で与えた。以下の  
結果では 10回の実験の平均値を示す。

\*Genetic Algorithm Using Complete Graph Expressions  
Ichiro IDE, Takao MOHRI, Hidehiko TANAKA,  
University of Tokyo, Department of Engineering,  
7-3-1 Hongou, Bunkyo-ku, Tokyo 113, Japan

### 3.1 簡単な例題への適用

次の2つの簡単な例題について実験を行った。

- **例題1**

評価関数は、遺伝子中の1の個数の割合。

$$f = \sum_{i=1}^L \frac{a_i}{L}$$

- **例題2**  
(ただし、Lは遺伝子長、 $a_i$ は各遺伝子(0,1の二値))

パターンマッチング(遺伝子は0,1の二値)。評価関数は、どの程度一致しているかの割合。

評価関数の値が、例題1では遺伝子座に全く依存しないのに対して、例題2では極度に依存している点で、両者の性質は大きく異なる。

結果は、例題1では思ったほどの効果は上がらず、ランダムな複数点交叉と大差ない結果しか得られなかった。これは、評価関数が遺伝子座に依存しないので、完全グラフを用いて結合係数を計算してもあまり意味がないからだと思われる。

次に、例題2では、完全グラフ交叉の立ち上がりが早くなっていて、収束値も若干高くなっている(図3)。これは、評価関数が遺伝子座に依存するので、完全グラフを用いて切断する場所を考えていることが効果を上げているのだと思われる。

ものである。前節の例題で扱ったものには局所的最適解は存在しないが、この問題では多くの局所的最適解が存在する。

ここで用いた物品は、32個で、全解探索で得られた真の最適解は、493であった。

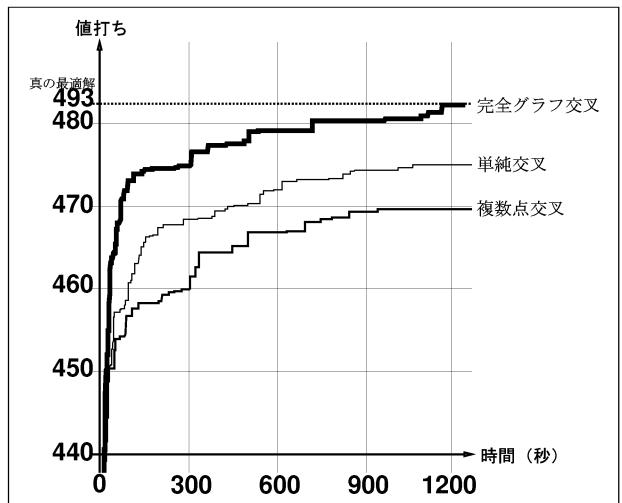


図4: ナップザック問題の実験結果(最良値の推移)

当初は1世代の処理時間が、完全グラフ交叉では単純交叉の約9倍かかっていたので、その段階ではあまり性能がよいとはいえないかった。そこで、結合係数の計算頻度を毎世代から、n世代に1回に下げたところ、ほぼ同等の

### 3.2 ナップザック問題への適用

ナップザック問題とは、「重さ」と「値打ち」をもつ物品がいくつかあり、一定の重さまで収納できるナップザックに、どれだけ値打ちの高いものを詰め込めるか、という

### 参考文献

- [1] 北野 宏明; “遺伝的アルゴリズム”, 1993 産業図書