

GA のオブジェクト指向モデリング

Object-oriented modeling of Genetic Algorithm

発表者: 畠山 慧 指導教員: 坪井 一洋

1. はじめに

遺伝的アルゴリズム(以降 GA と略する)は、生物の進化過程を模倣して作られたアルゴリズムである。大域的な探索できるため様々な問題に適用できる。多峰性関数最適化のための実数値 GA や、実数値 GA における非線形関数最適化など、GA の機能を拡張する研究も行われている。しかし、GA にはパラメータやコーディングに対する一般的な規範がないため、プログラムの再利用性は一般に低い。

ところで、現実の世界はさまざまなモノが存在し、それらは互いに関連してある機能を実現している。オブジェクト指向モデリングではこのモノをオブジェクトとして捉える。オブジェクトはその機能を実現するために必要なデータ(属性)と手続き(操作)を一つのまとまりとして定義したものである。

この考え方の利点は、オブジェクト内の細かい仕様や構造を外部から隠蔽できることである。外部からは公開された手続きを利用することでしかデータを操作できないようにすることで、オブジェクト内部の仕様変更が外部に影響しなくなり、他のオブジェクトに対する独立性が高まる。このことによりプログラムの部分的な再利用が容易になる。

そこで、本研究ではオブジェクト指向モデリングによってオブジェクト化し、汎用的な GA ツールを作成することを目的とする。GA をツール化することでプログラム自体の再利用性が高まり、GA を用いた様々な研究に役立つことが期待できる。

2. 分析と設計

2.1 オブジェクト図

GA をオブジェクト指向モデリングに沿ってモデル化するにあたり、まずモデル化したい対象の最小の構成要素を決定する必要がある。オブジェクトはシステムを構成する要素であり、各オブジェクトは一つ以上の機能を持っている。各オブジェクトが独立に機能することで全体として一つのシステムが構成できる。

本研究では初期集団の生成と選択を行う「集団」、適応度の評価をする「個体」、交叉を行う「染色体」、突然変異を起こす「遺伝子」の4つをオブジェクトと見なすことにした。

遺伝子は GA における最小の構成要素である。染色体は遺伝子の集まりであり、個体は自身を特徴付けるものとして染色体を持つ。さらに集団は個体の集まりである。これらをオブジェクトとして見ることで GA 全体のシステムを表現できると考えられる。これらのオブジェクトから作成したオブジェクト図を図 1 に示す。

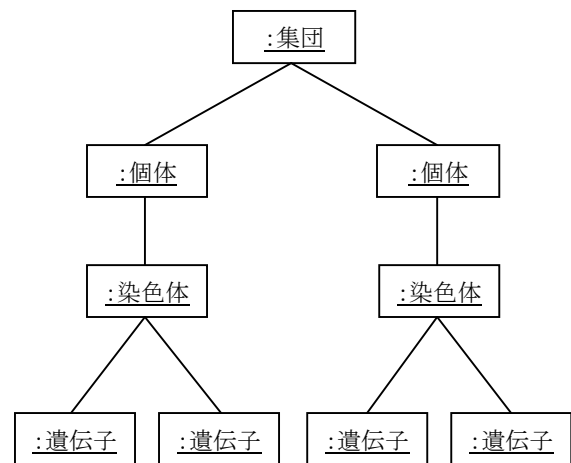


図 1. GA のオブジェクト図の例

2.3 クラス設計

GA のクラスを設計するにあたり、図 1 のオブジェクト図を参考に各クラスの属性と操作を以下(1)~(4)に示す。さらに各クラスの関係を示したクラス図を作成した(図 2)。各クラスは下位のクラスを属性として持つ階層構造となっている。

(1) 遺伝子クラス

遺伝情報を 1 か 0 のデータで表現したものであり、突然変異によって遺伝情報を 0 なら 1 に、1 なら 0 に置き換える。

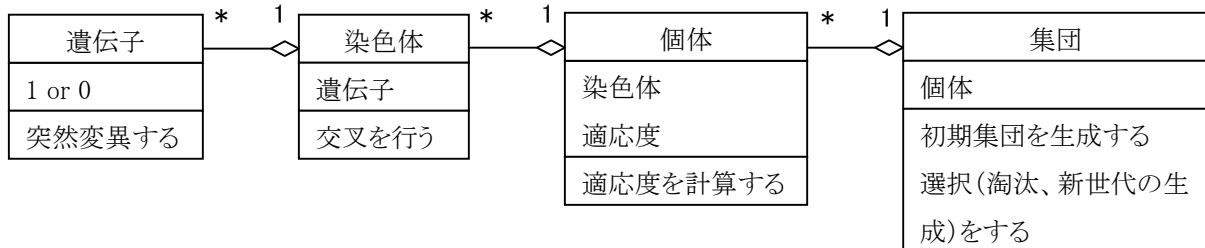


図 2. GA のクラス図

(2) 染色体クラス

遺伝子が集まってできた1つのまとまりを定義したものである。遺伝子は2進数の遺伝情報を属性として持つので、1と0の並びを数値の2進数表現として染色体を表現できる。例えば、4桁の染色体1011が示す値は11となる。また、染色体の行う操作は交叉である。交叉を行うことによって交叉対となる染色体と遺伝子の交換を行い新しい染色体を作る。

(3) 個体クラス

実際の生物にあたるもので、複数の染色体を持つ。属性にはその個体が周囲の環境にどの程度適応できているか判断するための適応度を持つ。操作として自身の持つ適応度の計算を行う。

(4) 集団クラス

個体の集まりを定義したものであり、操作は初期集団の生成、選択(淘汰、新世代の生成)を行うことである。

3. シミュレーション

3.1 問題設定

今回作成したモデルを簡単な例題に応用した。

区間 $[1,0]$ で定義された関数 $f(x)$ に対し、以下に示す1次元ラプラス方程式の境界値問題を考える。

$$\frac{d^2 f(x)}{dx^2} = 0 \quad (1)$$

$$f(0) = f_L, \quad f(1) = f_R \quad (2)$$

この問題の評価関数 z として

$$z = \sum_{i=1}^N |f_{i+1} - 2f_i + f_{i-1}| \quad (3)$$

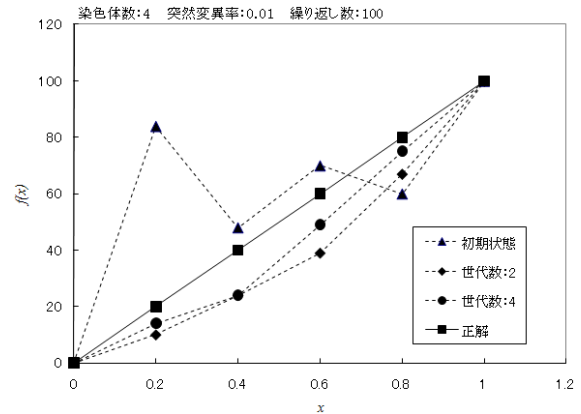
を定義する[1]。未知数 f_i が染色体、 N は1個体の染色体の数に対応する。

ここで、 $f(0) = 0, f(1) = 100$ とすると解の範囲は $0 \leq f(x) \leq 100$ となるので $f(x)$ は0~127までの値をとれば十分である。したがって、未知数 $f_1 \sim f_N$ に対応する各染色体は7つの遺伝子を持つ。

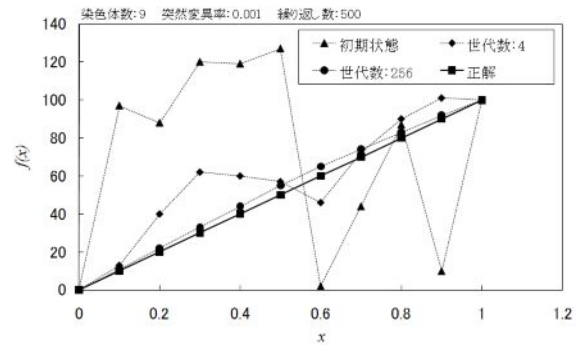
3.2 結果

染色体数を $N=4, 9, 19$ と増やしていったときの計算結果を図3に示す。なお、突然変異率 P は染色体の数に応じてGAによる探索が効率よく行われるように、それぞれ $P=0.01, 0.001, 0.0005$ に設定した。

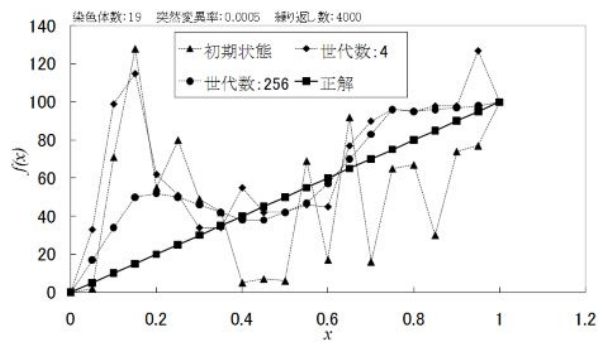
$N=4$ では最終世代目でGAによる解と正解が完全に一致した。 $N=9$ では最終世代でGAによる解が $z=3$ となり、正解と完全には一致しなかったが、GAにより未知数 $f_1 \sim f_N$ が正解へと近づいていく様子が確認できた。 $N=19$ ではある程度までしか探索が進まなかった。これは個体の選択法にエリート保存戦略を使用したため、エリート個体の遺伝子が集団中に急速に広がり、探索が上手く進まなくなったことが原因だと考えられる。今回の同様の結果は、C言語によるGAのプログラムでも報告されており、その意味では同じ結果が得られたことになる。



(a) $N=4$



(b) $N=9$



(c) $N=19$

図3. 世代別に見た解の変化

4. まとめと今後の課題

再利用性の高いGAツールを作成するために、オブジェクト指向モデリングを用い、GAのオブジェクト化を行った。まず、GAの基本操作とオブジェクトの関係について分析し、オブジェクト図を作成した。次に、オブジェクト図を参考に各クラス的设计を行った。そして、作成したモデルでGAの機能を再現できるか確認するために、具体的な問題を設定し計算を行った。それにより、今回作成したGAのオブジェクト指向モデルを検証した。

今後の課題は作成したモデルの汎用性について評価をすることである。

参考文献

[1] 青木悠介:『遺伝的アルゴリズムを応用した偏微分方程式の解法』(茨城大学工学部システム工学科平成19年度卒業論文, 2006)