

推定値の類似度を考慮した共進化による分布推定アルゴリズム

Estimation of Distribution Algorithm of exploitation by co-evolution

田村 謙次[†] 鳥居 隆司[‡]
中央学院大学[†] 椋山女学園大学[‡]

1. はじめに

遺伝的アルゴリズム(Genetic Algorithm:GA)は、生物の進化を模倣した確率的探索手法であり、主に交叉や突然変異などの遺伝的操作により解を探索するアルゴリズムである。また、進化論にはさまざまな説があり、その中の一つにウイルス進化論がある。ウイルス進化型遺伝的アルゴリズム(Virus Evolutionary GA:VE-GA)はウイルス進化論を模倣した手法で、二種類の個体群の共進化により効率的に解探索を実現している^[1]。それらに対して近年、分布推定アルゴリズム (Estimation of Distribution Algorithm:EDA)が盛んに研究されている^[2]。EDAはGAのような交叉や突然変異によって子孫となる遺伝子列を生成するのではなく、各遺伝子座の同時確率分布により子個体の生成を行う手法であるが、局所的な探索が行えないという問題点がある。そこで、本稿では、EDAの一手法である一変量周辺分布アルゴリズム(Univariate Marginal Distribution Algorithm:UMDA)において、二種類の個体群を用いることにより局所探索を行う共進化型分布推定アルゴリズムを提案し、さらに感染が行われる遺伝子における推定値の類似度を比較して感染の可否を決定することにより、多様性を保持し、解適応度の大幅な変化が生じないようにする手法を提案し、その評価を行った。

2. 従来手法

2.1 分布推定アルゴリズム

EDA^[2]はGAのように交叉や突然変異による遺伝的操作を用いるのではなく、親個体を持つ遺伝子列から抽出した確率的な情報から子孫を生成することにより、ビルディングブロックの破壊を防ぐ手法の一つである。基本的なアルゴリズムは一般的なGAにおける交叉や突然変異により子孫の生成が行われる処理部分が、親個体の遺伝子座間の相互関係情報(同時確率分布)による子孫生成に置き換わったものとなる。

2.2 ウイルス進化型遺伝的アルゴリズム

VE-GAでは宿主個体群とウイルス個体群という二種類の個体群が互いに相互作用する共進化により解の探索を行う^[1]。宿主は適用する問題における解候補を遺伝子列とし、ウイルスは部分解を遺伝子列とする。部分解は対象とする問題の解の一部のみを表現しているため適用問題の解としては成立しない。ウイルスは感染・取込操作により局所探索を行い、その結果として発見されたビルディングブロックを感染により宿主個体群に高速に伝播させる。一方、宿主個体は一般的なGAと同様に交叉により大域的な探索を行う。すなわち、宿主はより良い解候補の探索を行い、ウイルスは宿主の適応度を向上させる部分解の探索を行う。また、ウイルスは適応度と生命力を持ち、生命力が0以下になると自身の遺伝子列を取り替える。

3. 共進化型分布推定アルゴリズム

従来のVE-GAにおいてウイルスは遺伝的操作により、宿主から取り込んだ遺伝子列を保持し、それを宿主間に感染させることにより共進化を行う。しかし、遺伝子を直接変化させる感染操作による解探索は、EDAの遺伝的操作を用いずに解探索を行うという特質と異なる立場となってしまう。そこで、ウイルスは遺伝子列を持つのではなく、宿主の遺伝子列が推定された値を持つことにより、局所的な推定を行う個体とする。したがって、宿主個体は遺伝子列だけでなく、自身が生成された推定値も保持し、ウイルスはその推定値を取り込む(図1)。感染操作においては、感染される宿主とウイルスが持つ推定値を比較し、式(1)の条件を満たす時にはウイルスの推定値により推定された遺伝子を宿主が持つものとし、宿主の持つ推定値もウイルスの同じ値にする(図2)。ただし、条件を満たされない場合は感染操作は行われないものとする。式(1)は宿主が持つ推定値 p_h とウイルスが持つ推定値 p_v の差の絶対値を求め、その差が小さい場合、すなわち、推定される遺伝子座の値が同じになる確率が高い場合、 α による制約により感染を行わず、多様性が損なわれないようにする。また、逆に差が大きい場合には、 β による制約により宿主の解を大幅に変更しないように感染を行わないものとする。これらをウイルスの視点から考えると、宿主の多様性が損なわれることにより、自身の進化や適応度の向上が望めない環境になることを防ぎ、解破壊を回避することで、自身の生命力を減らすリスクを避けることとなる。すなわち、ウイルスは一定の類似度範囲内にある遺伝子座のみに感染操作を行うことにより自身の適応度の上昇に適した行動をしていると携えることができる。

$$\begin{cases} p_v & \alpha < |p_h - p_v| < 1 - \beta \\ & (0 \leq \alpha < 1, 0 \leq \beta < 1, \alpha + \beta < 1) \cdots (1) \\ \text{Not other} \end{cases}$$

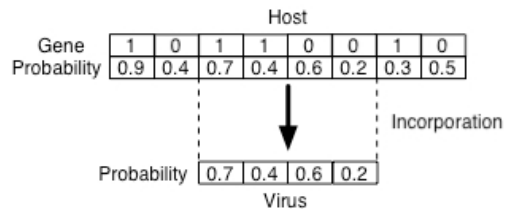


図1. ウイルス取込

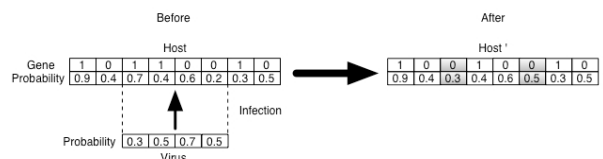


図2. ウイルス感染

[†]Kenji Tamura, Chuo Gakuin University

[‡]Takashi Torii, Sugiyama Jogakuen University

表1. 実験結果

| | OneMax | | | | | 部分集合和 | | | | | |
|--------|--------|------|-------|--------|---------|-------|------|------|-------|-------|-------|
| | 30 | 50 | 75 | 100 | 125 | 50 | 100 | 150 | 200 | 250 | 300 |
| UMDA | 22.0 | 88.5 | 452.2 | 3611.0 | 26428.6 | 15.2 | 33.3 | 67.4 | 135.9 | 252.7 | 646.8 |
| 提案手法 1 | 24.6 | 96.8 | 422.7 | 2110.6 | 17001.8 | 15.9 | 43.5 | 60.5 | 105.5 | 181.9 | 330.5 |
| 提案手法 2 | 23.7 | 89.5 | 515.1 | 3167.2 | 20042.2 | 16.8 | 48.4 | 61.5 | 95.3 | 143.9 | 288.7 |

4. 実験

本稿では UMDA と提案手法において式(1)の条件を用いずに常に感染操作を行う提案手法 1、および式(1)を用いた提案手法 2 において、OneMax 問題と部分集合和問題による比較実験を行った。問題の規模は、OneMax 問題は 30, 50, 75, 100, 125, 部分集合和問題は、50, 100, 150, 200, 250, 300 とし、各規模において 60 回の試行を行い、解が発見されるまでの世代数を比較した。式(1)における α および β を 0.15 とし、評価回数は各手法で同等となるようにした。また、推定値はラプラス訂正を用いて算出するものとする。

4. 1 実験結果と考察

表 1 は各手法・各問題規模における解発見までの平均世代数を示しており、図 3,4 はそれぞれ OneMax 問題と部分集合和問題の結果を示している。両問題において問題規模が小さい場合には UMDA、大きい場合には提案手法の方が良好な結果が得られた。また、提案手法である手法 1 と手法 2 とを比較した場合、問題の規模が小さい場合には、OneMax 問題においては手法 2、部分集合和問題では手法 1 の方が良好な結果となっているが、問題規模が大きい場合には、逆に、OneMax 問題においては手法 1、部分集合和問題においては手法 2 の方が良好な結果となった。

規模が小さく局所的な探索があまり必要でない比較的簡単な問題においては、提案手法は UMDA と比較して、無駄な探索が生じていると考えられる。また、手法 1, 2 における各問題と規模の実験結果の優位性に関する相違は、適用問題の性質と規模における性質が原因と考えられる。

OneMax 問題は遺伝子座間の相互作用がないので、問題規模が小さい場合には、ウイルス遺伝子列に適応度を向上させる遺伝子とそうでないものが含まれる場合、好ましくない遺伝子も宿主個体間に広まり、その影響が相対的に大きく、規模が大きい場合には、解の発見までより多くの評価回数が必要となるため EDA による進化により、そのような遺伝子が淘汰されて手法 1 が優位になると考えられる。部分集合和問題においては遺伝子座間に相互作用があるので、好ましくない遺伝子が含まれていた場合にでも、その影響を受ける可能性は低いが、規模が大きい場合には多様性が維持しやすい手法 2 が優位になると考えられる。

5. まとめ

本稿では、推定値を考慮する感染手法を導入した共進化的分布推定アルゴリズムを提案し、UMDA との比較において、適用する問題の規模が大きくなると提案手法の方が良好な結果が得られたことを報告した。また、適用問題に遺伝子座間の相互作用があることや問題規模の違いにより、式(1)が有効に作用する場合とそうでない場合があり、UMDA と比較して提案手法が有効に働く規模が大きい問

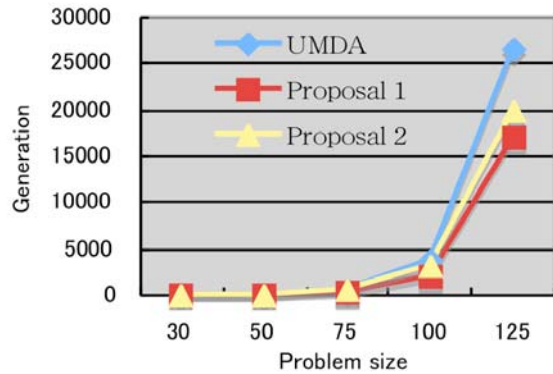


図3. OneMax問題の実験結果

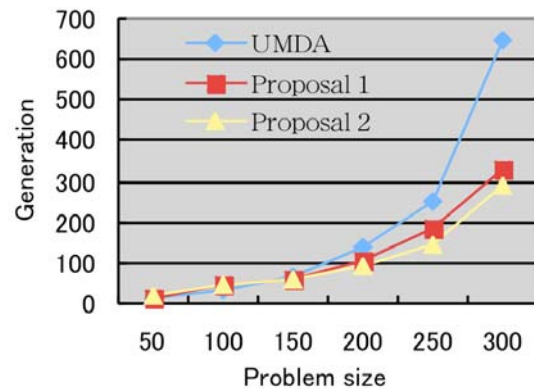


図4. 部分集合和問題の実験結果

題においては、相互作用がない問題では手法 1、相互作用がある問題においては手法 2 の方が早い世代での解探索を行うことができることがわかった。

今後の課題としては、他の EDA 手法との比較や遺伝子座間に強い相互作用がある問題への適用などが考えられる。また、式(1)における α, β の値の違いによる性能比較や、他の EDA 手法における局所探索手法へ応用が考えられる。

6. 謝辞

本研究の一部は財団法人人工知能研究振興財団人工知能研究助成事業の補助を受けて行った。

7. 参考文献

- [1]久保田直行, 福田敏男, 『ウイルス進化とファジィ理論』, 日本ファジィ学会誌, vol.10, No.4, pp.629-636(1998)
- [2]T.K.Paul, H.Iba, 『Linear and Combinatorial Optimizations by Estimation of Distribution Algorithms』, IPSJ Symposium Series, Vol.2003, No.2, Information Processing Society of Japan(2003)