

血縁淘汰による複数個体採餌モデルの進化

木下和絵[†] 武藤敦子[†]
中村剛士[†] 伊藤英則[†]

ある評価基準のもとで劣った個体を淘汰する性質を持つ遺伝的アルゴリズム (GA) は、一般に利他行動の進化アルゴリズムとして適当ではない。本稿では、類似の性質を持つ個体に対する利他行動の GA による進化を可能にする手法として、個体淘汰時に「包括適応度」を用いる新しいアルゴリズムを提案する。また、利他行動の 1 つとして、同じ餌を好む個体へ信号送信によって餌場情報を伝達する「集団採餌モデル」を新たに構築し、進化実験を行った。その結果、提案する包括適応度の使用によって、集団内に複数の餌の好みが共通する個体群が形成され、各個体群が特有の信号パターンを獲得することで効率的に餌を集める状態への進化が実現することを確認した。

Evolution of a Foraging Model with Multiple Individuals by Kin-selection

KAZUE KINOSHITA,[†] ATSUKO MUTOH,[†] TSUYOSHI NAKAMURA[†]
and HIDENORI ITOH[†]

Genetic Algorithm (GA) weeds out some inferior individuals under one standard of estimation. This property, however, prevents evolution of altruistic behavior. This paper proposes an selection algorithm of GA with new "inclusive fitness". Our algorithm promotes evolution of altruistic behavior to many individuals who have some similar properties. Next, it is constructed a new "group foraging model", which individuals send signal to other individuals who have same taste of foods, as one of the model of altruistic behavior. As a result, some subgroups formed in a group, which consists of individuals who have same taste of food. Each subgroup uses special signal for efficient group foraging work.

1. はじめに

ある種の動物は、近隣に生息する同種個体と協力して集団で採餌活動を行う。このとき、餌を発見した個体が種固有の信号を用いて同種個体を招集することで、効率的な集団採餌が実現する。しかし、このような種内では、招集信号を発信せずに発見した餌を独占する戦略をとる個体は、他個体よりも多くの餌を獲得する。通常、遺伝的アルゴリズム (GA) では個体が子孫を残す確率 (適応度) は個体の獲得利益に比例するため、このような利己的戦略の発生によって招集信号による集団採餌の進化が困難となる。

招集信号の発信は多くの同種個体の適応度を同時に上昇させ、種全体としての勢力を拡大するための行動である。このように、場合によっては自分の適応度の上昇を犠牲にし、多くの他個体の適応度を上げる行動

を利他行動と呼ぶ。GA では、利他行動を行うか否かが遺伝子配列の一部によって決定する場合、利他行動を行う個体は適応度が低いため「利他行動遺伝子」が世代交代によって失われてしまう。

動物生態学では、利他行動は包括適応度という新しい適応度概念を導入した血縁淘汰¹⁾によって進化すると考えられている。個体が自分と遺伝子配列が類似した多数の個体に対して利他行動を行うとき、利他行動によって利得を受けた多数の類似個体の適応度が高まる。その結果、利他行動を行った個体と類似した遺伝子を持つ子孫が生まれる。このように、ある個体の遺伝子が類似個体を媒介として子孫に伝わる機構を血縁淘汰と呼ぶ。血縁淘汰において、自分の遺伝子が子孫に伝わる可能性を包括適応度と呼ぶ。

ここでは、ある共通した目的とそれを達成するための遺伝的特質を持ち、互いに遺伝的類似度の高い個体群を「種」と呼ぶ。単独での適応度が低い個体も、遺伝的に類似した同種個体に対し利他行動を行い、多くの同種個体の適応度を高めている場合は高い包括適応

[†] 名古屋工業大学知能情報システム学科
Department of Intelligence and Computer Science,
Nagoya Institute of Technology

度を得る。GAでの個体選択でも、この包括適応度を用いることで利他行動を行う個体の遺伝子を残すことが可能となる。

文献2), 3) など従来の研究では、血縁淘汰は囚人のディレンマ問題のような利得行列が存在する2人ゲームにおいて、利他的な戦略の発生を合理化する理論として扱われてきた。しかし本稿は、個体レベルの利益獲得ではなく、多くの個体で構成された集団全体の獲得利益が最大となる状態への進化を目的とする。ここでは、新たに複数の異なる種が共存する空間内で、同種個体のみに対し利他行動を行う個体の進化を可能にする包括適応度関数および、GAの世代交代アルゴリズムを提案する。

また、同種個体への利他行動のモデルとして、招集信号を用いた集団採餌の新しいモデルを構築した。文献4) などの一般的な採餌モデルは、個体の採餌効率を最大化する餌嗜好を求める数理モデルとして研究されている。本稿では、この採餌モデルのGAでの進化実験を可能とするために必要な定義を行った。また、1個体の採餌行動を対象とした一般的な採餌モデルを、集団全体の採餌効率の最大化を目的とし、同じ餌嗜好を持つ個体間で招集信号の送受信が行われるモデルへ拡張した。餌嗜好は各個体の遺伝子配列によって決定し、同一の餌嗜好遺伝子を持つ個体群は1つの種として同じ餌を集める。また、各個体は種全体の採餌効率を高める有効な招集信号を送受信できる遺伝子配列を、世代交代によって獲得する。

このモデルは、提案する進化アルゴリズムによって同種個体への信号送信を専門に行う利他的な個体の進化が実現した。さらに、異種個体の採餌行動から影響を受けない新しい包括適応度を定義したことで、各々異なる餌嗜好を持つ個体群が1つの空間で同時に生態活動を行いうる状態への進化が可能となった。

2. 包括適応度の定義

本稿で用いる記号を表1に定義する。なお、表1で定義される「種」とは、集団Aに属する特定の遺伝子列を持つ個体の部分集合 P_i である。なお、本稿の採餌モデルでは「特定の遺伝子列」は餌嗜好を決定する遺伝子列である。

2.1 包括適応度

個体 a_i の包括適応度 e_i は、集団内の全個体 a_1, \dots, a_M の獲得利益 b_1, \dots, b_M および a_i との類

表1 本稿で使用する記号表現
Table 1 Symbolic expression in this paper.

関数	
$\mathbf{X} = (X^1, \dots, X^n), \mathbf{Y} = (Y^1, \dots, Y^n), X^i, Y^i = \{0, 1\}$	
$h(\mathbf{X}, \mathbf{Y})$: ビット列 \mathbf{X}, \mathbf{Y} のハミング距離	
$w(\mathbf{X})$: ビット列 \mathbf{X} の重さ (\mathbf{X} 中の1の個数)	
$\mathbf{X} \oplus \mathbf{Y} = (X^1 \oplus Y^1, \dots, X^n \oplus Y^n)$	\oplus : 排他的論理和
遺伝子, 個体, 種, 集団の表現	
遺伝子 g	$g = \{0, 1\}$
個体 a_i	$a_i = (g_i^1, \dots, g_i^L)$
集団 A (集団サイズ = M)	$A = \{a_1, \dots, a_M\}$
種 P_i	$P_i \subset A$
包括適応度	
個体 a_i の獲得利益	b_i
集団 A の獲得利益	$B_A \propto \sum_{i=1}^M b_i$
個体 a_i, a_j 間の距離 d_{ij}	$d_{ij} = h(a_i, a_j)$
個体 a_i, a_j の類似度 r_{ij}	$r_{ij} = \kappa(d_{ij})$ κ : 類似度関数 $x > y > 0 \rightarrow \kappa(x) \leq \kappa(y)$
個体 a_i の平均距離 d_i^{ave}	$d_i^{ave} = \frac{1}{M} \sum_{j=1}^M d_{ij}$
個体 a_i の包括適応度 e_i	$e_i = \psi(b_1, \dots, b_M, r_{i1}, \dots, r_{iM})$ ψ : 包括適応度関数

似度 r'_{i1}, \dots, r'_{iM} を引数とした関数 ψ で決定する。文献3) では、関数 ψ を式(1)としている。

$$e_i = \psi(b_1, \dots, b_M, r_{i1}, \dots, r_{iM}) = \sum_{j=1}^M r'_{ij} \cdot b_j \tag{1}$$

$$r'_{ij} = \kappa'(d_{ij}) = 1 - \frac{d_{ij}}{d_i^{ave}}$$

式(1)では、 a_i と a_j のハミング距離 d_{ij} が短いほど類似度 r'_{ij} が高くなることより、 a_i と類似度が高い個体が多く利益を獲得することによって e_i が上昇する。また、距離が平均 d_i^{ave} より遠い個体では類似度が負の値になり、この場合は e_i が低下する。

しかし、式(1)では複数の種が存在し、その中から他種とは利益獲得が競合せず、共存可能なくつかの種を同時に進化させることができない。そのため、本稿では自分とハミング距離が近い同種個体が獲得した利益または損失を e_i の増減に反映させ、かつ距離の遠い他種個体は e_i の増減に関与しないものとする、新しい類似度 r_{ij} を関数 κ で以下の定義2.1に定義する。

定義 2.1

$$r_{ij} = \kappa(d_{ij}) = \alpha \frac{d_{ij}}{d_i^{ave}} \quad 0 \leq \alpha \leq 1 \quad \square$$

$\kappa(d_{ij})$ は、個体 a_i に対し、個体 a_j の相対的な距離 $d_{ij}/d_i^{ave} = 0$ のとき最大値1をとり、距離が遠くなるほど0に近い値をとる関数である。新しい関数

n 種類の餌の存在下で、1体の個体が各餌を採取する確率の順位。

実際には $e_i = b_i + \sum_{j=1, j \neq i}^M r'_{ij} \cdot b_j$ と定義されているが、 $r_{ii} = 1$ となる類似度関数を用いた場合、式(1)となる。

$\kappa(d_{ij})$ によって得られる類似度 r_{ij} を、式 (1) の関数 ψ の引数として与えることで、包括適応度 e_i は個体 a_i とのハミング距離が相対的に近い個体のみの獲得利益を反映した値となる。そのため、互いに利益獲得が競合しない複数の種の個体を共存させることが可能となる。

2.2 包括適応度を用いた世代交代アルゴリズム

包括適応度を用いた世代交代アルゴリズムを図 1 に示す。ここでは進化の効率を高めるため、複数の集団 A_1, \dots, A_N を用いる^{(6),(7)}。

図 1 では、各集団の世代交代の際に、通常高い包括適応度を持つ同一集団内の個体を親とする。ただし、このとき包括適応度による本来の進化を妨げない程度の低い確率 X で、集団全体の利益 B_A が上位の他集団 A^* から親を選択する。この操作は、各集団に他集団で進化した個体の遺伝子を取り入れ、次世代に既存個体とはまったく違う遺伝子配列を持つ個体が発生する可能性を高める。このことにより、既存の種と共存可能だが、遺伝子の論理的距離が遠いため、同一集団

内の遺伝的操作では発生しにくい新しい種を生み出し、狭域最小化現象を解消する効果を持たせた⁽⁶⁾。

3. 採餌モデル

採餌モデル^{(4),(5)}は、1 個体が n 種類の餌 F_1, \dots, F_n が存在する空間で、採餌効率最大となる餌をとる数理モデルである。個体は餌を探索し、餌 F_v を発見したとき確率 p_v で処理(採取, 咀嚼, 消化吸収)する。処理できる餌を発見するまでに要する探索時間を T_s とする。また、餌処理には餌の種類と量に応じた処理時間 T_h を要する。各餌の採餌効率は (1 回で発見できる餌量) $\times (T_s + T_h)^{-1}$ である。なお、 p_v は採餌効率がある閾値以上となる餌に関して 1, それ以外は 0 となる。

本稿では、採餌モデルを信号によって発見した餌場に他個体を招集する機能を持つ複数個体モデルに拡張した(図 2 中央)。ここでは、 M 体の餌嗜好が共通する同種個体中いずれか 1 体による、 $p_v = 1$ となる餌 F_v の発見までに探索時間 T_{s1} が費やされる。続いて

- (1) 初期化 長さ L のランダムな $\{0, 1\}$ のビット列を持つ M 体の個体 a_1^i, \dots, a_M^i からなる N 個の集団 A_1, \dots, A_N を生成
- (2) 世代交代

1. 集団の利益 $B_{A_i} (i = 1, \dots, N)$ を求め、利益の高い順に A_1, \dots, A_N をソート (利益が最大の集団を A_1 とする)
 2. for $j := 1$ to M do (最下位集団 A_N の世代交代) $a_j^N := a_j^1$
 3. for $i := 1$ to $N - 1$ do begin (A_1, \dots, A_{N-1} の世代交代)
 - 3.1 全個体 a_1^i, \dots, a_M^i の包括適応度 e_1^i, \dots, e_M^i を求め、 e の高い順にソート (e が最大の個体を a_1^i とする)
 - 3.2 次世代の集団 $A_{new} = \{a_1^{new}, \dots, a_M^{new}\}$ を生成
 - for $j := 1$ to E do $a_j^{new} = a_j^{new} (* E: \text{エリート個体数})$
 - for $j := E + 1$ to M step 2 do begin
 - 3.2.1 親 a_{p1}, a_{p2} を選択
 - 3.2.1.1 親 a_{p1} の選択
集団 A_i 中で包括適応度の高い個体を選択
 - 3.2.1.2 親 a_{p2} の選択
(確率 X で) B_A が上位のある集団 A_x を選択し、その中で包括適応度の高い個体を選択
(確率 $1 - X$ で) 集団 A_i 中で包括適応度の高い個体を選択
 - 3.2.2 親 a_{p1}, a_{p2} に対して遺伝的操作を行い、子 a_{c1}, a_{c2} を生成、 $a_j^{new} = a_{c1}, a_{j+1}^{new} = a_{c2}$ とする
 - 3.3 $A_i = A_{new}$
3. end

- (2) end (以降 (2) を繰り返す)

図 1 包括適応度を用いた世代交代アルゴリズム (実験では $N = 8, X = 1/8$ とした)

Fig. 1 Generation Alternation Algorithm with inclusive fitness (In the following experiments, $N = 8, X = 1/8$).

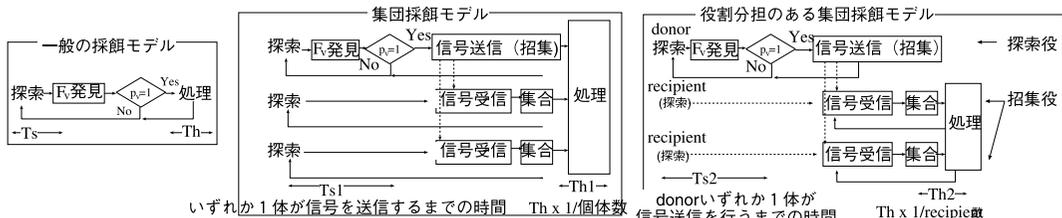


図 2 採餌モデルでの個体の行動
Fig. 2 Behavior of individual in foraging model.

餌の発見者は招集信号を発信する．招集信号を受信した同種個体は信号発信地に集合するが，異種個体はこの信号に招集されない． $p_v = 1$ となる餌が存在する信号発信地に集合した M 体，餌処理時間 $T_{h1} = T_h/M$ を費やして餌を処理し，再び探索を始める．

本稿の採餌モデルでは， M_d 体の探索と信号送信を役割とする個体と， $M - M_d$ 体の探索専門個体の発信する信号に招集され，処理に専念する招集役の個体による役割分担型の集団採餌の進化も可能である（図 2 右）¹．ここで，個体の適応度が処理した餌数に比例するならば，探索役の個体は終始利他行動を行っていることになる．このような利他的な個体を donor と呼び，donor によって利益を受ける招集役のような個体を recipient と呼ぶ²．なお，donor 発生によって採餌効率が上昇する条件を付録 A.1 に示した．

3.1 モデルの定義

本稿の採餌モデルでの餌，個体の遺伝子の記号表現を定義 3.1，定義 3.2 に表す．

定義 3.1

- 餌 $F_v = (F_v^1, \dots, F_v^r)$ $F_v^r \in \{0, 1\}$
- e_v : 一度に発見できる餌数
- λ_v : 単位時間あたりの発見確率
- h_v^i : a_i が単独で餌 e_v 個を処理する時間 □

定義 3.2

- 個体 $a_i = (x_i, s_i, f_i)$
- $x_i = (x_i^1, \dots, x_i^p)$: 行動戦略遺伝子
- $s_i = (s_i^1, \dots, s_i^q)$: 信号遺伝子
- $f_i = (f_i^1, \dots, f_i^r)$: 餌嗜好遺伝子
- $x_i^j, s_i^j, f_i^j \in \{1, 0\}$ □

一般に，採餌モデルでは餌 F_v は 3 つのパラメータ e_v, h_v, λ_v によって特徴付けられる．本稿では e_v, λ_v はすべての餌に関して共通の値 e, λ とし，餌の処理時間 h_v のみに注目した．処理時間は餌 F_v の記号表現と餌嗜好を決定する遺伝子列 f_i の類似度が高い個体ほど短くなる．ここで，個体 a_i が単位時間あたりに処理可能な餌 F_v の数（処理効率）を餌のランク $rank_v^i$ と呼び，定義 3.3 に示す． $rank_v^i$ は個体 a_i が餌 F_v を処理する確率 p_v を 1 とする閾値を決定する．

定義 3.3

$$rank_v^i = C - h(F_v, f_i) \quad C : const(\text{定数})$$

$$p_v = \begin{cases} 1 & rank_v^i > 0 \text{ のとき} \\ 0 & \text{その他} \end{cases} \quad \square$$

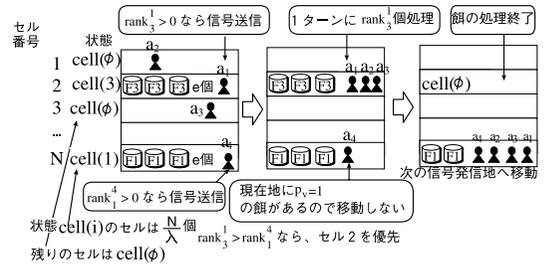


図 3 セルの状態変化
Fig. 3 Change of state of cells.

個体は餌を発見したとき，発見した餌の表現 F_v および自分の餌嗜好遺伝子を用いて，独自の「内部表現」を生成する．内部表現は各個体の餌のランクを表す定義 3.4 のビット列である．

定義 3.4

- 個体 a_i が餌 F_v を発見したとき，内部表現 I_i^v を以下とする $I_i = F_v \oplus f_i$
- $rank_v^i = C - h(F_v, f_i) = C - w(I_i^v)$ □

以上の定義を用いたモデルのコンピュータ上での実現方法を，次の定義 3.5 および図 3 に記す．

定義 3.5

- 有限個の番号付けされたセルが存在し，すべての個体はそのいずれかのセルに存在する．
- 各個体は初期エネルギー E を持つ．
- セルは， $\{cell(1), \dots, cell(n), cell(\emptyset)\}$ のいずれかの状態を持つ．状態 $cell(1), \dots, \text{状態 } cell(n)$ のセルには，初期状態では各々 e 個の餌 F_i が存在し，状態 $cell(\emptyset)$ のセルにはどの餌も存在しない．なお，同一セルに 2 種類以上の餌は存在しない．
- 状態 $cell(1), \dots, \text{状態 } cell(n)$ のセルは各々 λ の確率で存在する．
- 個体は移動したことの無い任意のセルへ，1 ターン³で移動できる．このとき個体のエネルギーは 1 減少する．なお，エネルギーが 0 となった個体は行動不可能となる．
- 個体 a_i は状態 $cell(v)$ のセルに存在し， a_i が餌 F_v に関して $p_v = 1$ のときのみ餌を処理できる．セルに存在する餌数は，同じセルに存在する個体の処理個数分減少する．餌が 0 個まで減少したとき，セルは状態 $cell(\emptyset)$ に転じる．
- 個体 a_i は餌 F_v の処理によって（処理個数 - 処理エネルギー）分のエネルギーを獲得する．処理エネルギーは 1 個あたり $h(F_v, f_i)/C$ とする⁴．

¹ ミツバチの餌集め部隊にも実在する現象で，このような役割分担の発生は集団全体の採餌効率を高める場合がある．
² 呼称は文献 2) を参考とした．

³ 1 ターンは全個体が 1 回行動する単位．
⁴ $rank_v^i > 0$ ならば，（処理個数 - 処理に要するエネルギー）は 0 以下にはならない．

なお、本稿のモデルは集団全体の採餌効率を最大化することを目的とし、集団 A 全体の評価値として一定ターン終了後の全個体の採餌個数合計 B_A を用いる。

3.2 信号生成

個体は定義 3.4 の内部表現 I_v^v より $p_v = 1$ が導かれるとき、次の定義 3.6 を用いて信号 S_s^v を生成し、他の全個体に向けて送信する。このとき、信号発信地のセル番号と発信者の信号遺伝子 s_s が同時に放送される。なお、ここでは信号遺伝子と餌嗜好遺伝子は同じビット数 ($q = r$) とする。

定義 3.6

個体 a_s が餌 F_v を発見した際

信号 $S_s^v = I_s^v \oplus s_s$ を生成、送信 □

ここで信号は全個体へ向けて送信されるが、送信者 a_s と信号遺伝子の類似度が低い受信者 a_r は、この信号を受信しにくいものとした。受信に成功した個体 a_r は、次の定義 3.7 を用いて内部表現 I_r を生成し、信号発信地に存在する餌のランクを推定する。

定義 3.7

個体 a_r が個体 a_s から信号 S_s を受信した際

内部表現 $I_r = S_s \oplus s_r$

推定ランク $rank^r = C - w(I_r)$ □

受信者 a_r が送信者 a_s と同じ信号遺伝子を持つとき、 a_r と a_s の内部表現は一致する。 a_r が a_s と同種であれば、各餌のランクは両者に共通する。このため、同種個体どうしが同じ信号遺伝子を持つとき、種内での正しい情報伝達が実現し、採餌効率が高まる。一方、他種個体と同じ信号遺伝子を持つ個体は、信号情報からランクが高い餌が存在すると推定される場所へ移動しても、推定どおりのランクの餌を得られない。このため、信号情報を利用して採餌効率を高めることができない。

3.3 記憶リスト

個体は探索するセル番号と受信した信号の情報に関して、各自定義 3.8 の「記憶リスト」を持つ。

定義 3.8

個体 a_r に関して

記憶リスト $= ((c_1, L_{c_1}, d_{c_1}), \dots, (c_n, L_{c_n}, d_{c_n}))$

c_i : a_r が未探索のセル番号

(同じセル番号の項は 2 つ以上存在しない)

L_{c_i} : セル c_i にある餌の推定ランク (定義 3.7)

動物が自分と関係ない個体の信号をノイズとして除去するフィルタに相当する。ここでは、受信者 a_r の信号 S_s に対する受信成功確率 $rec(a_r, S_s) = \exp\left(-\frac{h(s_s, s_r)^2}{2}\right)$

$$s_i = s_j \text{ のとき, } A_j = S_{i_v} \oplus s_j = (A_i \oplus s_i) \oplus s_j = A_i$$

$$\therefore s_i \oplus s_j = 0$$

(初期値は 0)

$$L_{c_1} \geq L_{c_2}, \dots, \geq L_{c_n}$$

d_{c_i} : 情報 L_{c_i} の発信者 a_s の相違度 $h(s_s, s_r)$

(初期値は 0) □

記憶リストは個体の探索するセルの優先順位を決定している。個体はセルの移動時および信号の受信時に、定義 3.9 のリストの更新を行う。

定義 3.9

[(1) 移動時]

- リスト先頭のセル c_1 ($\forall i L_{c_1} \geq L_i$) へ移動
- リストの先頭の項を削除

[(2) a_r がセル c_i に存在する個体 a_s からの信号受信時]

- リスト中に $(c_i, *, *)$ が存在しなければ無視
- リスト中に $(c_i, L_{c_i}^{old}, d_{c_i}^{old})$ が存在するとき

(A) a_r が recipient のとき

$d_{c_i}^{new} = h(s_s, s_r)$ を計算

$d_{c_i}^{old} < d_{c_i}^{new}$ ならば新しい情報は無視

$d_{c_i}^{old} \geq d_{c_i}^{new}$ ならばセル c_i の餌の推定ランク

$L_{c_i}^{new} = rank^r = C - w(I_r)$ とし、新しい

項 $(c_i, L_{c_i}^{new}, d_{c_i}^{new})$ を適切な位置に挿入。古

い $(c_i, L_{c_i}^{old}, d_{c_i}^{old})$ を削除。

(B) a_r が donor のとき

リスト中に $(c_i, *, *)$ が存在しなければ無視

リスト中に $(c_i, L_{c_i}^{old}, d_{c_i}^{old})$ が存在するとき、

$(c_i, L_{c_i}^{old}, d_{c_i}^{old})$ をリストの最後尾に移動(移動優先順位を最下位にする)

定義 3.9 のように、donor 個体は信号の受信によって発信地セルは他個体がすでに探索しているという情報を得て、その探索優先順位を下げるものとした。

3.4 例

以上の定義を用いた単純な例題を示す。定義 3.2 の信号遺伝子、餌嗜好遺伝子は、ここに述べた性質を満たす必要で最小なモデルである 4 ビットで表現する。

図 4(左) は、個体 $a_s = (x_s, (1000), (1101))$ が餌 $F_v = (1001)$ を発見した例である。個体 a_s は発見した餌 F_v のランク $C - w(I_s^v) > 0$ であれば信号生成を行い、以降の処理が実行される。

図 4(右) は、送信者と同じ信号遺伝子を持った個体 $a_r = (x_s, (1000), (1110))$ が信号 S_s を受信した例である。このとき、 a_r は送信者と同様に信号発信

3 ビット以下でも採餌モデルとして成立する。ただし同種個体間で共通する遺伝子配列が遺伝子配列全体から見て相対的に短いとき、同種個体は他種と比較して類似度が高いとはいえない。このため、包括適応度に種全体の適応度が反映されにくくなる。

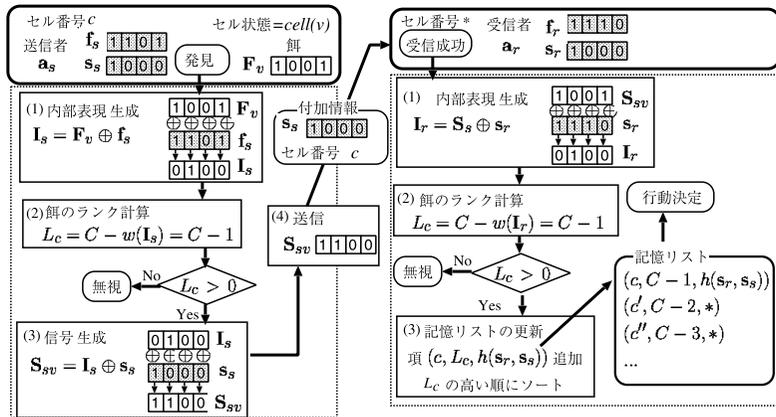


図 4 受信者の誤認識が発生する信号送受信例 (定義 3.2 において $q = r = 4$ のとき)

Fig. 4 Example of sending and receiving of signal with misunderstanding of receiver (In Def 3.2, $q = r = 4$).

地にランク $C - w(I_r) = C - 1$ の餌があると仮定して行動する。しかし a_r は送信者とは餌の嗜好が異なるため、実際は a_r にとっての F_v のランクは $C - h((1001), (1111)) = C - 3$ である。このとき、 a_r の記憶リストには間違った情報 $(c, C - 1, 0)$ (セル番号 c にランク $C - 1$ の餌がある) が追加される。既存のリスト情報 $(c', C - 2, 0)$ が正確ならば、 a_r はセル番号 c' に移動した方がセル番号 c に存在する餌より採餌効率の高い餌を得られる。しかし、 a_r は次の移動場所としてセル番号 c を選択する。

4. 実験

実験では表 2 のパラメータを用いる。ここでも前章と同様に信号遺伝子、餌嗜好遺伝子は 4 ビットとしたモデルを使用する。また、定義 3.2 の個体の行動決定遺伝子 x は 1 ビットとした。 $x_i = (0)$ を持つ個体を donor とし、 $x_i = (1)$ を持つ個体を recipient とする。

3 章で定義した採餌モデルを用い、包括適応度による個体選択の有効性を確認する進化実験を行った。ここでは、個体選択に一般的な適応度を用いた場合と、本稿で提案する包括適応度を用いた場合の 2 種類について比較実験を行った。個体 a_i の一般的な適応度 b_i は、1000 ターンの行動後の個体のエネルギー量とする。また、包括適応度は定義 2.1 より計算する。

餌は表 2 の F_1, F_2, F_3 の 3 種類とした。また、定義 3.3 の定数 $C = 2$ とした。餌 F_1, F_2 は相違度 $h(F_1, F_2) = 1 < C$ となる類似した餌である。一方、

表 2 実験パラメータ

Table 2 Parameter of experiments.

個体数	36 体
定義 3.1	$\lambda = 1/20, e = 200$ $\{F_1, F_2, F_3\} = \{(1111), (1110), (0000)\}$
定義 3.2	$(p, q, r) = (1, 4, 4)$
定義 3.3	$C = 2$

F_3 は他の 2 つの餌との相違度 $h(F_3, F_1) = 4 > C$, $h(F_3, F_2) = 3 > C$ となる他の餌とは類似しない餌である。定義 3.3 より $rank_{\{1,2\}}^i$ と $rank_3^i$ がともに正で、どちらでも採餌可能な個体 a_i は存在しない。

実験の結果、最終的に 3 種類の餌のいずれかと一致する餌嗜好遺伝子を持ち、ある餌 F_v ($v = 1, 2, 3$) について $rank_v^i = C - h(F_v, f_i) = C$ (最大値) となる個体が残った。これらの個体を以降餌嗜好別に、種 P_1, P_2, P_3 ($P_i = \{a_j | f_j = F_i\}$) とする。

4.1 包括適応度を使用する効果

集団全体での処理餌数が最大になる状態に進化した実験では、まず P_1, P_2, P_3 の個体数が増加し、続いて各種内での信号が統一され、最終的に同じ種の個体どうしは正確に情報伝達を行える状態になる。ここで、包括適応度を用いた実験は一般的な適応度を使用した実験と比較して集団全体が高い利益を獲得できる状態へ進化することを確認した (図 5 (左上))。これは、包括適応度使用時は donor, recipient による分業化 (図 5 (右上, 右下)) によって全体の採餌効率を高められるが、一般的な適応度の場合は donor の進化が困難なためと考えられる (図 5 (左下))。

信号が各種 P_i 特有の型に進化する過程では、種内にいくつかの異なる信号遺伝子を持つ小集団 $P_i^j \in P_i$ が発生した。図 6 は種 P_1 内部のこれらの小集団の推

文献 7) では、4 ビット行動決定遺伝子を持つ個体が donor 型と recipient 型の 2 種類へ進化することを確認した。

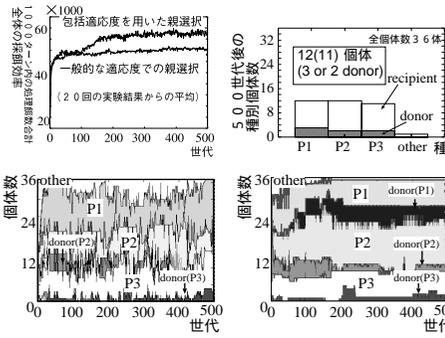


図5 集団全体の獲得利益の推移 (左上), 集団の利益最大の状態 (右上), 一般の適応度での種別個体数の推移 (左下) および包括適応度使用時 (右下)

Fig. 5 The change that acquired profit by whole of a group (unpper left), The state that makes profit of a group maximize (upper right), The change of the number of individuals classified by species: example of general fitness use (lower left), inclusive fitness use (lower right).

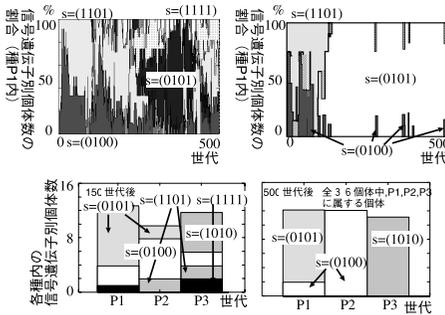


図6 種 P₁ 個体の信号遺伝子型割合の推移: 一般の適応度使用時 (左上), 包括適応度使用時 (右上), 包括適応度使用時の信号遺伝子別個体数 (下) (グラフ中の4ビット符号は信号遺伝子)

Fig. 6 The change of signal-gene type ratio in species P₁: example of general fitness use (upper left), inclusive fitness use (upper left), The number of individuals classified by signal-gene under inclusive fitness use (lower) (4 bits signs in these graphs mean signal-gene).

移および, 最終的獲得した信号遺伝子を表す. 世代交代を重ねると, 他種の信号との関係において最適な信号を用いる小集団 P_i^{*} 以外は淘汰される. 最終的に残る P_i^{*} の信号遺伝子には, 次の性質 4.1 が存在する.

性質 4.1

ある種 P_i について f_i, s_i としたとき,

任意 P_j (j = 1, ..., K) は s_j = f_i ⊕ f_j ⊕ s_i □

餌嗜好の異なる他種の信号を受信した場合, 受信者にとって誤った餌のランクが情報として与えられ, 採餌効率が悪化する危険がある. そのため, 個体は他種の信号を受信しないように進化し, 他種とはなるべく論理的距離の遠い信号遺伝子を獲得することが予想され

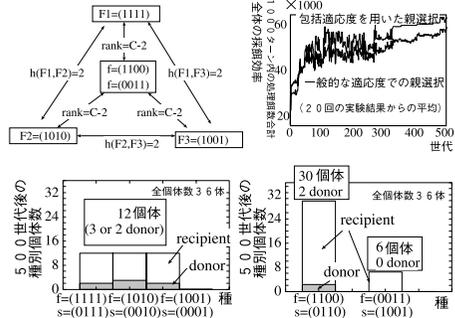


図7 相違度の等しい3種類の餌 (左上), 集団全体の獲得利益の推移 (右上), 500 世代後の種別個体数 (C=2(左下), C=4(右下))

Fig. 7 3 kinds of food with equal difference degree (upper left), The change that acquired profit by whole of a grou (upper right), The number of individuals classified by species after 500 generation: C=2 (lower left), C=4 (lower right).

た. しかし, 全個体が性質 4.1 を持つ場合, 他種の信号を受信した場合も受信者が正しい餌のランク情報を得ることを証明 4.1 に示す.

証明 4.1

$$I_r = S_s^v \oplus s_r = (F_v \oplus f_s \oplus s_s) \oplus s_r$$

a_s, a_r が性質 4.1 を持つとき

$$I_r = F_v \oplus f_s \oplus s_s \oplus (f_s \oplus f_r \oplus s_s) = F_v \oplus f_r$$

$$C - w(I_r) = C - h(F_v, f_r) = rank_v^i \quad \square$$

この実験では, まず種内で他種とは異なり, かつ信号を送信する同種の donor と共通した信号遺伝子を持つ個体が子孫を増やし, 種内の信号が統一されていく. このとき性質 4.1 を持つ個体が発生すれば, その個体は他種の信号も有効に利用できる. この性質はさらに採餌効率を高めるため, 最終的にほとんどの個体が性質 4.1 を獲得したと考えられる.

4.2 その他の餌環境での実験

種内の donor の発生と有効な信号遺伝子の獲得における包括適応度使用の効果は, 別の餌環境でも確認できる. 図 7 は相違度の等しい3種類の餌 {F₁, F₂, F₃} = {(1111), (1010), (1001)} を用いた実験例である (図 7(左上)). ここでも同様に, いずれかの餌と餌嗜好遺伝子が一致し, 性質 4.1 を満たす共通の信号遺伝子を持つ3つの種が発生した (図 7(左下)).

なお, ここでは定義 3.3 で餌の処理確率 p_v = 1 となる条件を C - h(F_v, f_i) > 0 とした. C が大きいとき, 個体は餌嗜好遺伝子の類似度が低い餌も処理できる. C = 2 以下のときは3つの種が出現するが, C > 2 の場合は図 7(左下)に見られるように, すべての餌を処理可能な餌嗜好 f_i = (1100) もしくは f_i = (0011) を持つ個体が集団を独占する. これは,

この条件下ではどの個体も2種類以上の餌を処理可能であるため、3つの種が食い分けによる共存が不可能となるためと考えられる。

5. おわりに

本稿での包括適応度を用いた実験では、同じ種内の信号の統一と donor の発生を観察でき、全体の利益を高める集団の進化における包括適応度の効果を確認できた。ただし、包括適応度は「利他行動遺伝子」が存在し、遺伝子配列の類似した個体に対して利他行動が行われるという前提が成立しないモデルには適用できない。また、個体間に類似度の差が必要となるため、個体の遺伝子配列が短い場合は効果が得られない。このように、包括適応度を用いた世代交代は、生態系モデルの進化アルゴリズムとしては適用できるモデルに制限が多いという問題点がある。ここでは、類似度関数 κ を定義 2.1 とし、同一空間での複数の種の進化を可能にした。今後関数 κ の性質を満たす他の関数について検証すると同時に、包括適応度の効果と限界についてより明確にしていきたい。

また、本稿では最終的に他種の信号も互いに有効利用できる遺伝子配列を持つ個体が進化する現象が現れた。実際の生態系では共通の敵に対する警戒音の共有など互恵的な異種間コミュニケーションのための信号と、同種内のみ信号とが使い分けられている。この使い分け問題は今後の課題として残されている。

参 考 文 献

- 1) Hamilton, W.D.: The genetical evolution of social behavior1, 2, *J. Theor. Biol.* (1964).
- 2) Aoki, K. and Feldman, M.W.: World Social Science Report, Working paper of Santa Fe Institute 98-11-099 (1998).
- 3) Ezequiel, A. Di Paolo: A Little More than Kind and Less than Kin: The Unwarranted Use of Kin Selection in Spatial Model of Communication, *ECAL'99 Proceedings* (Lecture Notes in Artificial Intelligence 1674), pp.504-513, Springer-Verlag (1999).
- 4) 粕谷英一: 行動生態学入門, pp.74-82, 東海大学出版会 (1990).
- 5) 巖佐 庸: 数理生物学入門—生物社会のダイナミクスを探る, HBJ 出版局 (1994).
- 6) 堀井宏祐, 國藤 進, 松澤照男: 島モデル並列遺伝的アルゴリズムにおける多様な部分集団群による協調探索の効果, 第12回人工知能学会全国大会論文集 (1998).
- 7) 木下和絵, 鈴木利和, 犬塚信博, 伊藤英則: 選択-淘汰方法による協調的集団の進化的獲得, 第

8回マルチエージェントと協調計算ワークショップ (1999).

付 録

A.1 donor 発生条件

餌 F_v に対し, M 個体での集団採餌が行われる場合 (図2(中央)) の採餌効率 R_1 を式 (2) に示す.

$$\text{探索時間 } T_{s1} = (1 - (1 - \lambda)^M)^{-1}$$

$$\text{処理時間 } T_{h1} = e(\text{rank}_v \cdot M)^{-1} (= T_h/M)$$

$$R_1 = e(T_{s1} + T_{h1})^{-1} \quad (2)$$

式 (2) では処理できる餌の発見確率を λ , $T_{s1} = (\text{あるターンでいずれか1体が招集信号を送信する確率})^{-1} = (1 - M \text{体すべてが発見できない確率})^{-1} = (1 - (1 - \lambda)^M)^{-1}$ とした。ここで、図2(右)の M 体中 M_d 体が探索と信号送信を行い、その間 $M - M_d$ 体が餌の処理を行う分担作業化が起こった場合の採餌効率 R_2 は式 (3) になる。

$$\text{探索時間 } T_{s2} = (1 - (1 - \lambda)^{M_d})^{-1}$$

$$\text{処理時間 } T_{h2} = e(\text{rank}_v(M - M_d))^{-1}$$

$$R_2 = e(T_{s2} + T_{h2})^{-1} \quad (3)$$

式 (3) において, $T_{s2} = T_{h2}$ のときこのような役割分担が可能となる。この条件を満たす M_d が存在し, かつ $R_1 \leq R_2$ のとき, M_d 体の donor の存在によって集団全体の採餌効率が高まる。図5では, 11~12個体の種内に2~3体の donor が出現した。 $e = 200$, $\lambda = 1/20$, $\text{rank}_v = 2$ を式 (2), 式 (3) に代入すると, $M = 12$ のとき $T_{s2} = T_{h2}$ となる条件は $M_d = 2.1$, $R_1 \leq R_2$ となる条件は $M_d < 2.47$ であり, 実験結果と一致する。図7左下の例では, 餌嗜好遺伝子 $f_i = (1100)$ を持つ個体は, すべての餌に関して $\text{rank}_v = 2$ である。また, 3種類の餌すべてが採餌対象となり, 餌の存在確率は 3λ である。このとき $T_{s2} = T_{h2}$ となる条件は $M_d = 2.0$, $R_1 \leq R_2$ となる条件は $M_d < 4.3$ である。この場合も図7とほぼ一致する。なお, 図7右下の $f_i = (0011)$ の種のように, このパラメータでは個体数9体のとき $R_1 \leq R_2$ となる条件は $M_d < 0.9$ となり, 9体以下の種では donor が存在しない方が採餌効率は良い。

(平成13年1月29日受付)

(平成13年9月12日採録)



木下 和絵

2000年3月名古屋工業大学知能情報システム学科卒業。現在、同大学院電気情報工学専攻博士前期課程在学中。人工生命等に興味を持つ。



武藤 敦子

1998年名古屋工業大学工学部知能情報システム学科卒業。1998年同大学知能情報システム学科文部科学技官。現在に至る。進化学習、人工生命に関する研究に従事。



中村 剛士 (正会員)

1998年名古屋工業大学大学院博士課程修了。現在同大学知能情報システム学科助手。博士(工学)。進化計算、ソフトコンピューティング等に興味を持つ。日本ファジィ学会

会員。



伊藤 英則 (正会員)

1974年名古屋大学大学院工学研究科博士課程電気専攻満了。工学博士号取得。同年日本電信電話公社入社、横須賀研究所勤務。1985年(財)新世代コンピュータ技術開発機構に出身。1989年より名古屋工業大学教授、知能情報システム学科。これまでに数理言語理論とオートマトン、計算機ネットワーク通信OS、知識ベースシステム、人工知能等の研究と開発に従事。電子情報通信学会、日本ファジィ学会、人工知能学会会員。