

免疫機能による遺伝的アルゴリズムの 初期収束回避の一手法

6N-5

江端 智一 吉原 郁夫
(株)日立製作所 システム開発研究所

1 はじめに

前回の報告で、遺伝的アルゴリズム (GA) の評価関数を、動的に変化させて高速に収束させる手法¹⁾を提案した。しかし、局所解に陥り易い「初期収束」の問題は依然として残っていた。

今回、生物が持つ免疫機能に着目し、この仕組みをGAに組み込むことで、「初期収束」の弊害を回避する手法を提案する。

2 提案手法

2.1 生物の免疫機能

免疫とは、体内で抗原を排除する機能である²⁾。自己組織以外の抗原を認識すると、Bリンパ細胞は様々な種類の抗体を生成するために活性化し、抗原の排除に成功した抗体は記憶細胞として記憶して、同じ抗原の再侵入に備える。また、Tリンパ細胞は発生後に胸腺で検査を受け、自己組織を攻撃しかねないものは排除される。

2.2 免疫機能の人工モデル

上記2つの細胞の機能を模擬した、免疫記憶モデルを考える。これらは、初期収束によって得られた解を登録し、同じ解の再探索を防ぐことで、大域的探索を行なわせるものである。

(Step 1) N世代以上最良個体が更新されない時、その個体を初期収束の情報を持つ記憶個体として登録する。

(Step 2) 記憶個体と各個体の染色体を比較し、同一の染色体と判断した時には、その個体を破壊して、新しい個体を発生させる。

このStep2の手法として、2つのモデルを提案する。

免疫記憶モデル (B型)

記憶個体を無作為に個体に衝突させる。同一染色体の場合は記憶個体が増殖していく。

n世代目において、獲得した k_{max} 個の記憶個体の染色体を $b[k].chromo$ 、その個数を $b[k].count$ 、 i_{max} 個の個体それぞれの染色体を $c[i].chromo$ とする。擬似言語でアルゴリズムを示す。

An Avoidance of Initial Convergence in Genetic Algorithm using Immunity Mechanism
Tomoichi EBATA, Ikuo YOSHIHARA
Systems Development Lab., Hitachi Ltd.

```

for k=1 to  $k_{max}$ 
   $b[k].count \leftarrow 1$      $i \leftarrow rand(i_{max})$ 
  while  $b[k].count > 0$ 
    if  $mask(b[k].chromo) = mask(c[i].chromo)$ 
       $c[i].chromo \leftarrow rand(c_{max})$ 
       $b[k].count \leftarrow b[k].count + 2$ 
    else
       $b[k].count \leftarrow b[k].count - 1$ 
    end
  end
end
    
```

ただし、 $rand(x)$ は x を最大とする乱数を出力し、 $mask(x)$ は記号ストリング x の指定されたビットを取り出す関数である。また +2、-1 は記憶個体の増減を示している (図1)。

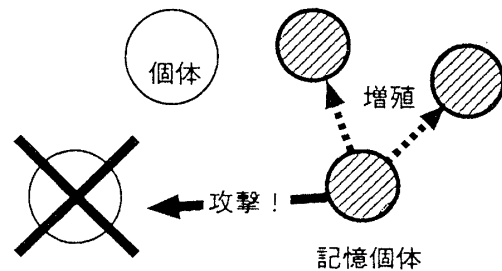


図1 免疫記憶モデル (B型)

免疫記憶モデル (T型)

登録した記憶個体と全個体の染色体を比較する。同一染色体の場合は、その個体を除去する (図2)。

```

for i=1 to  $i_{max}$ 
   $k \leftarrow 1$ 
  while  $k \leq k_{max}$ 
    if  $mask(b[k].chromo) = mask(c[i].chromo)$ 
       $c[i].chromo \leftarrow rand(c_{max})$ 
    else
       $k \leftarrow k + 1$ 
    end
  end
end
    
```

3 多峰性関数の最大値探索

図3に示す関数の最大値探索を例に、GAに免疫機能を導入する効果を述べる。

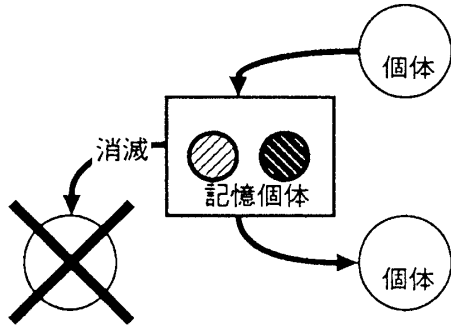


図2 免疫記憶モデル (T型)

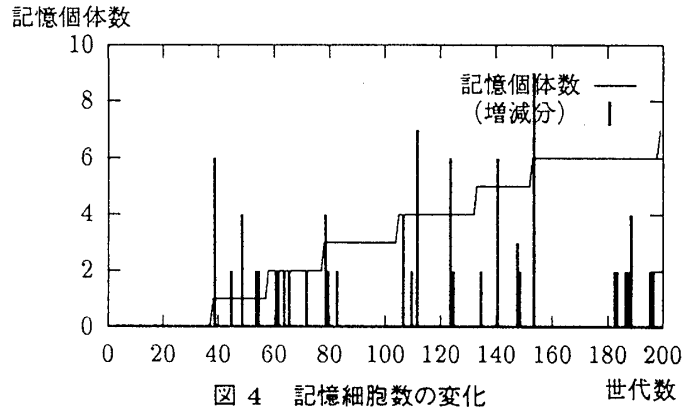


図4 記憶細胞数の変化

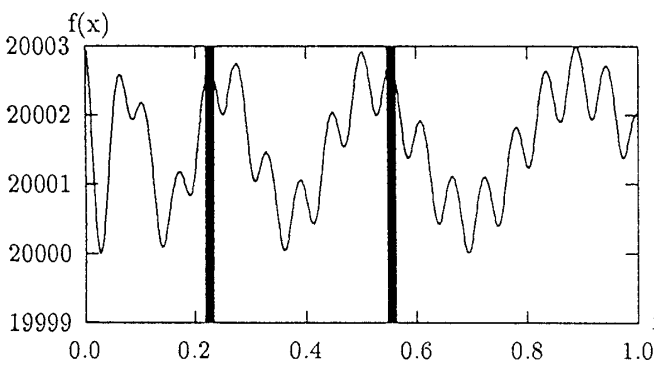


図3 多峰性関数

個体数 20、交差率 80[%]とする。染色体は 32 ビットのバイナリ列で構成され、交差は 1 点交差法、突然変異は無作為に選んだ位置でビットの反転を施す。また、エリート保存を行なう。なお、20 世代の間、最も優秀な個体が更新されなかった場合、その個体を記憶個体として登録する。

B 型、T 型の両方で、染色体の上位 10 ビットを比較して個体を消滅させることとする。図 3 の黒い帯の部分が初期収束によって探索が完了したと見なされ、記憶細胞によって監視されている領域である。領域幅は、比較するビット数 (10) によって決まる ($1/2^{10} \approx 0.001$)。

4 実験結果

図 4 に B 型の免疫機能によって記憶個体が獲得され、監視領域に入り込んだ個体を排除するために、記憶個体が増減している様子を示す。T 型には記憶個体の増減はないが、獲得されていく様子はほぼ同じである。

前回筆者らが提案した、動的に個体の評価を変える手法 (提案 1)¹⁾と、今回提案する B 型、T 型、及びその併用法で実験を行なった。それぞれの手法に対して 1000 回実験を行ない、200 世代までに最適解に至ることのできた割合を図 5 に示す。図 5 の点線及び実線は、それぞれ突然変異なし及び突然変異率 10% の単純 GA による成功率を表している。また、各手法の項目の下に示す数値は従来法を 1 とした時の実行時間である。

従来手法では、最適値探索の成功率が 3~5 割程度だった。免疫機能を付加したことによって計算時間は 1 割程度の増えているが、8~9 割の探索に成功し、併用法ではさらに 5~10% 向上する。監視領域に入った個体は、消滅後、乱数によって再生されるが従来手法の突然変異による効果も十分に望めることが分かった。

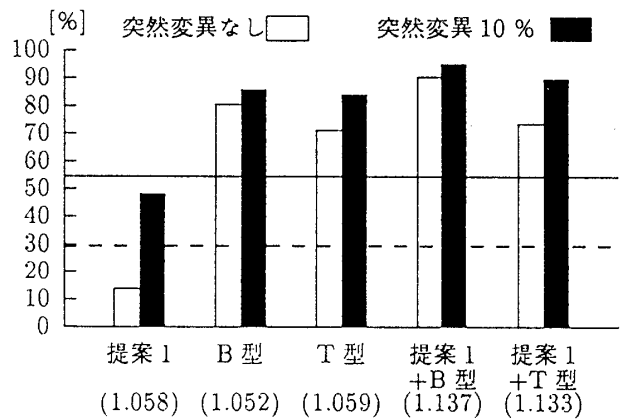


図5 最適値探索成功率

5 おわりに

GA では初期収束が問題となっている。そこで局所解からの脱出する手法として免疫記憶モデル (B 型) 及び (T 型) を提案した。提案手法では、局所解に陥ることは容認し、そこからの脱出機構を導入することにより、大域探索能力を向上させるものである。多次元問題や局所解が多く存在する問題では、免疫処理の負荷が大きくなるため、この点に関しては現在検討中である。

6 参考文献

- 1) 江端、吉原: 遺伝的アルゴリズムの個体評価法に関する一提案, 情処第 46 回全大 2-281(1933)
- 2) 利根川: 「免疫系の分子群」, 別冊日経サイエンス—科学が変えた 20 年 pp 114-123(1991)