

## 共進化による局所探索手法を用いた分布推定アルゴリズム

田村 謙次<sup>†</sup>鳥居 隆司<sup>‡</sup>中央学院大学<sup>†</sup>椋山女学園大学<sup>‡</sup>

## 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。それに対して近年、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<sup>[2]</sup>。また、二種類の個体群の共進化により効率的に解探索を行う GA も提案されている<sup>[1]</sup>。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、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 は GA のように遺伝的操作を用いるのではなく、親個体の確率的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り、解候補の遺伝子座間の相互関係情報を基に解を生成する手法である。

## 2.2 ウイルス進化型遺伝的アルゴリズム

ウイルス進化型遺伝的アルゴリズム(Virus Evolutionary GA: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<sup>[1]</sup>。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ので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ぬものとする。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、 $\alpha$  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、 $\beta$  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。

$$\left\{ \begin{array}{l} p_v \quad \alpha < |p_h - p_v| < 1 - \beta \\ \quad \quad (0 \leq \alpha < 1, 0 \leq \beta < 1, \alpha + \beta < 1) \cdots (1) \\ \text{Not other} \end{array} \right.$$

Estimation of Distribution Algorithm of exploitation by co-evolution.

<sup>†</sup>Kenji Tamura, Chuo Gakuin University

<sup>‡</sup>Takashi Torii, Sugiyama Jogakuen University

表1. 部分集合和問題の実験結果

	50	100	150	200	250	300
UMDA	15.2	33.3	67.4	135.9	252.7	646.8
提案手法 (式(1)無)	15.9	43.5	60.5	105.5	181.9	330.5
提案手法 (式(1)有)	16.8	48.4	61.5	95.3	143.9	288.7

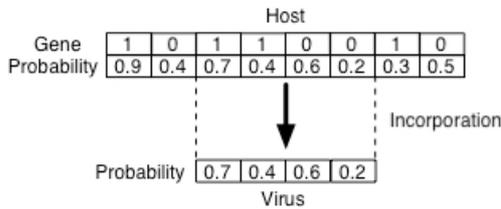


図1. ウイルス取込

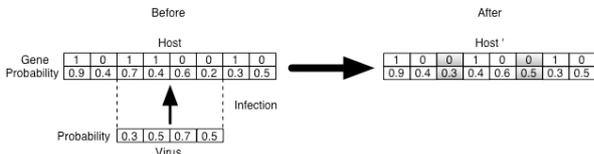


図2. ウイルス感染

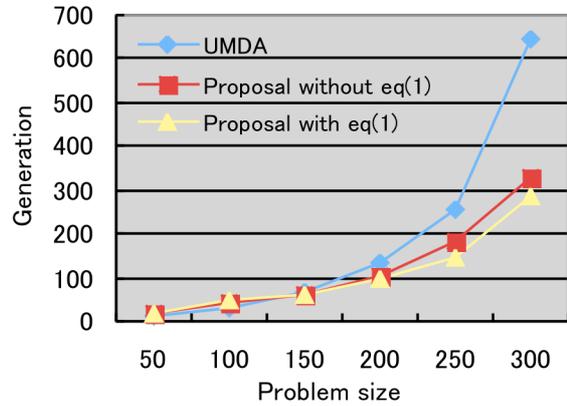


図3. 部分集合和問題の実験結果

#### 4. 実験

本稿では UMDA(手法 1)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手法(手法 2)、および提案手法(手法 3)について部分集合和問題による比較をした。問題の規模は 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で比較した。各パラメータの値は、式(1)における  $\alpha$  および  $\beta$  を 0.15 とし、宿主個体数 100, ウイルス個体数 5, 世代ギャップ 10 とした。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

表 1 は各手法・各問題規模における平均世代数を示しており、図 3 はそれをグラフにしたものを示している。問題規模が 100 までは、手法 1 が提案手法(手法 2 および 3)より早い世代での解探索を実現しているが、150 以上では提案手法の方が良好な結果が得られた。手法 2 と 3 を比較すると、150 までは手法 2 の方が良好であるが、200 以上では手法 3 の方が良好な結果が得られた。

#### 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型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、式(1)を導入することにより、多様性を維持し、生命力の急激な変化を避けるねらいがあったが、適用する問題規模が小さい時には、手法 3 は手法 2 に比べて有効な部分解を伝播する速度が劣ることにより解を発見するまでの世代数が大きくなり、問題規模が大きくなると式(1)が効果的に働くことにより、有効な部分解を生成し、結果的に手法 2 と比べて早い世代での解探索を実現していると考えられる。

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相互作用がある手法への応用などが考えられる。また、式(1)における  $\alpha, \beta$  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イ理論』,日本ファジイ学会誌,vol.10,No.4,pp.629-636(1998)
- [2]T.K.Paul,H.Iba,『Linear and Combinatorial Optimizations by Estimation of Distribution Algorithms』,IPSS Symposium Series, Vol.2003, No.2, Information Processing Society of Japan(2003)