

## 解と評価基準の共進化系を用いた進化計算の実問題への適用

坪川 雄平† 鈴木 麗璽†† 有田 隆也††

†名古屋大学情報文化学部 ††名古屋大学大学院情報科学研究科

### 1 はじめに

競合型共進化アルゴリズムは、一方の個体の適応度に関する利益が他個体の不利益になる競合的な集団間関係に基づく進化的計算手法である。Hillis は数列を複数の比較器を用いてソートするソーティングネットワークの集団とその入力データの集団で構成されるホスト・パラサイト共進化型 GA を提案し、従来より少ない数の比較器からなる完全なネットワークを獲得できることを示した [1]。以来、特に、集団間での選択圧の自動調整を主眼においた改良などが提案されてきた [2]。これらの手法の利点の一つは、解評価のための可能な入力データが膨大で完全な評価が実質的に不可能であっても、有限の入力データの集団を次第に進化させることで有用な解を探索可能な点である。そのため、従来研究のほとんどは、このようなやや特殊な問題を主な対象としていた。

一方、佐藤らは、解集団と評価基準の集団からなる共進化系を用いて一般的な最適化問題にも適用可能なことを示した [3]。関数最適化問題を題材にし、変数値の集団と関数の出力値の良し悪しを二値で評価する閾値の集団の共進化系を用い、相手集団の集団の平均適応度が低い場合には自集団の進化を一時的に止める Stop and Go を導入した。多峰性関数やベンチマーク問題に適用した結果、従来悪い影響のみが指摘されていた勾配の喪失 (集団間の進化速度が開いて集団内の個体の適応度差が全く無くなること) が、むしろ、局所最適を脱出するのに有用であることが示唆された。しかし、組み合わせ最適化などのより複雑な実問題に対する有用性については更なる検討が必要であった。

そこで、本研究では、テニスサークルにおいて、チーム間で性別・学年・能力が均等になるようにメンバーを割り振るチーム編成問題を設定し、佐藤らの方法に基づく競合型共進化アルゴリズムを実問題へ適用し、実問題における機能性と特徴について検討を行った。

### 2 チーム編成問題

サークルの合宿など、多様な特徴を持ったメンバーをチーム間でできるだけ均等になるように割り振る状況は、日常生活の様々な場面で遭遇するが、集団が大規模になるほど、可能な解が膨大になると同時に制約も複雑になり、探索が難しくなる。本研究では、テニスサークルの合宿での練習時のチーム編成を想定し、チーム間で人数・性別・学年・能力が均等になるようにメンバーを割り振るチーム編成問題を以下のとおりに定義した。

$H$  人のメンバーを  $M$  組のチームに振り分けることを考える。各メンバーは、その特徴として、1) 性別  $\in \{0$  (男性),  $1$  (女性) $\}$ , 2) 学年  $\in \{0$  (B1), ...,  $5$  (M2) $\}$ , 3) テニスの能力  $\in \{0$  (初心者), ...,  $4$  (熟達者) $\}$  を持つものとする。

ここで、各チームのメンバー数が一様であり、かつ、各特徴の特徴値のチーム間での頻度分布が一様であるほどよいものとして、チーム編成の評価値  $E$  を次のように定義する。

$$E = W_0 \frac{1}{V_m + 1} + \sum_{i=1}^3 W_i \frac{1}{MAX_i} \sum_{j=0}^{MAX_i} \frac{1}{V_{i,j} + 1} \quad (1)$$

ここで、 $V_m$  はチーム間のメンバー数の分散、 $V_{i,j}$  は特徴  $i$  の特徴値  $j$  に関する頻度のチーム間での分散とする。 $MAX_i$  は各特徴  $i$  における取りうる値の最大値である。また、 $W_0$  はメンバー数分散の評価、 $W_i$  ( $i = 1, 2, 3$ ) は各特徴の評価に関する重みを決めるパラメータとする。

### 3 共進化アルゴリズム

前節の問題を最適化する競合型共進化アルゴリズムを佐藤らのモデル [3] にならい、次のように構築した。前節の問題の解からなる集団と、その良し悪しを評価する評価基準の集団の共進化を考える。解集団の各個体は、 $H$  個の整数値 ( $0 \sim M - 1$ ) からなる遺伝子列を持ち、各遺伝子は各メンバーが所属するチーム番号を表すものとする。一方、評価基準集団の各個体は、一つの実数値を遺伝子として持ち、解に対する評価の閾値を表すものとする。具体的には、次のアルゴリズムを構築した。

1. 初期集団の作成：各集団  $N$  個体からなる 2 集団を作成する。初期集団の個体として、解集団については各遺伝子にランダムな値 ( $0 \sim M - 1$ ) を割り振った個体を用い、評価基準集団については初期の解集団における適応度の分布を評価基準の集団の遺伝子の値の分布に用いている。また両集団は後述する Go 状態にあるものとする。
2. 適応度評価：解集団の各個体の適応度を、その個体の評価値より小さい評価基準の数とする。評価基準集団の個体の適応度は、自身の値よりも小さい解集団の個体の評価値の数とする。一方の適応度が高いほど他方の適応度を下げることになるため、競合的な集団間関係であると言える。
3. Stop and Go：各集団はそれぞれ Stop または Go の 2 種類の状態のいずれかをとる。Go は通常の状態であり、Stop は進化を一切止めた状態である。相手集団の平均適応度が閾値  $\theta_G$  を超えると Go 状態になり、逆にそれが閾値  $\theta_S$  を下回ると Stop 状態になるものとする。これにより、両集団の適応度差が開きすぎた場合には一方が他方の適応進化を待ち、進化の歩調が合うことが期待できる。特に、評価基準集団は常に値が高いほど優位で進化が容易なため、適度な勾配の喪失を保って解集団の進化を促進することが期待される。
4. 遺伝的操作：Go 状態の集団に対してのみ、以下の遺伝的操作を行う。まず、適応度に比例した割

Coevolution of solution and criteria for solving real-world problems

† Yuhei Tsubokawa, †† Reiji Suzuki and †† Takaya Arita  
School of Informatics and Sciences, Nagoya University, (†)  
Graduate School of Information Science, Nagoya University  
(††)

合で親個体を選ぶ、確率的に普遍的なサンプリング (Stochastic Universal Sampling) に基づいて親個体を  $N$  個体選択する。次に、解集団については、それらをランダムにペアを組ませ、交叉率  $p_c$  で 2 点交叉を行う。また、各遺伝子に対して確率  $p_m$  でランダムな値に置き換える突然変異を行う。一方、評価基準集団については、交叉は行わず、各個体の遺伝子に対して標準偏差  $\sigma$  の正規分布から生成した値を加えるものとする。

5. 繰り返し: 2 から 4 の操作を規定の世代数  $G_{last}$  に至るまで繰り返す。

#### 4 評価と考察

本研究では、本アルゴリズムを特徴づけるパラメータである  $\theta_S$ ,  $\theta_G$ ,  $\sigma$  が、チーム編成問題における探索過程と性能に与える基本的影響について調べた。パラメータ設定として、 $\theta = \theta_S = \theta_G$  として  $\theta = 0 \sim 26$  の範囲で 2 刻み、 $\sigma = 0.005 \sim 1.505$  の範囲で 0.05 刻み、 $H=90$ ,  $M=4$ ,  $G_{last}=10000$ ,  $N=50$ ,  $p_m=0.01$ ,  $p_c=0.5$ ,  $W_0=1.5$ ,  $W_1=W_2=W_3=1.0$  を用いた。

今回の実験では、 $\theta, \sigma$  が適切な条件では最適解 (2.896) が求まることが確認された。そこで、最適解に至るまでの評価値の増加速度も考慮して、初期世代から各世代までの全個体での最良個体の評価値に関する、世代を通した平均値 (最良評価値平均) を求めた。図 1 は  $\theta, \sigma$  の各条件での最良評価値平均の 10 試行平均である。まず、 $\theta=12$ ,  $\sigma=0.055$  のとき、最良評価値平均が最大となるピークがあることがわかる。この条件では、どの試行においても比較的素早く最適解に到達することが確認された。

$\sigma$  の影響に関しては、 $\sigma$  が小さすぎると解集団の進化が速すぎて勾配の喪失が頻繁に生じ評価基準が進化せず、性能が極端に悪かった。逆に  $\sigma$  が大きすぎると評価基準の進化が速すぎて評価基準が進化しなかった。 $\sigma$  がその中間の場合に高い評価値が得られ、今回は、 $\sigma=0.055$  という比較的小さな値の場合に最もうまく調整されたと考えられる。

$\theta$  の影響に関しては、 $\theta$  が大きくなるにつれて相手集団の平均適応度が小さくなくても自集団が進化を止めやすいため、歩調を合わせた進化が生じやすく、結果として高い評価値に至る傾向があった。図 1 で  $\theta$  が大きくなるほど評価値の高い  $\sigma$  の範囲が広がるのは、頻繁な Stop and Go によって、進化速度のギャップが抑えられるためであると考えられる。しかし、 $\theta$  が大きすぎる場合、具体的には、個体数の半数 (今回は 25) にごく近くなると、両集団が同時に進化を止める結果に陥ってしまう場合が頻繁に生じるため、最良評価値平均は急激に小さくなる傾向があった。評価値のピークである  $\theta = 12$ ,  $\sigma = 0.055$  付近の右側では緩やかに評価値が減少しているのは、多くの試行ではピークの条件よりも素早く最適解が得られたが、残りのわずかな試行でこのような進化のデッドロックが生じ、試行全体での平均評価値が下がった結果であった。

図 2 は、最良評価値平均のピークである  $\theta = 12$ ,  $\sigma = 0.055$  の条件での、典型的な試行での進化の過程を示したものである。赤は解候補の評価値の最大値、緑は解集団の平均適応度、青は評価基準の平均適応度である。同図から、評価基準の平均適応度が高い状態で評価基準が相手集団の進化を待つ状態が続く傾向があることが

分かる。その後、解集団が評価基準を上回る適応度を得て急激に適応度が増加し、同時に解候補の評価値の最大値も増加する状況が生じ、再び評価基準の進化が止まる状態が繰り返されている。このような段階的な進化が、評価値が素早く最適値に至る過程を促進していることが推測される。

また、先行研究である佐藤らのベンチマーク問題の一つである Rastrigin 関数を対象とした実験 [3] では  $\theta$  が大きいほど性能が良かった。今回の結果はそれに沿うものであるが、特により実際的な問題においては  $\theta$  は大きすぎると逆に進化を停滞させてしまう場合が生じうることを示唆していると言える。

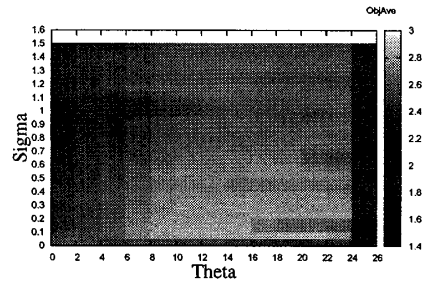


図 1: 最良評価値平均

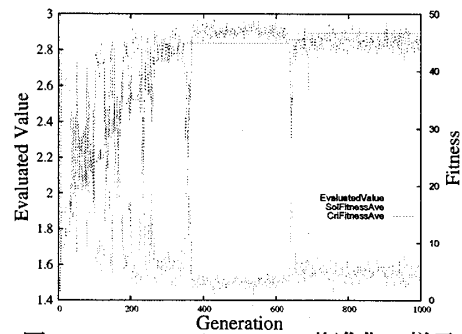


図 2:  $\sigma=0.055$ ,  $\theta=12$  での共進化の様子

#### 5 おわりに

本研究では、実問題の一つとして設定したチーム編成問題を、佐藤ら [3] の方法に基づく競合型共進化アルゴリズムで探索を行った。その結果、競合型共進化アルゴリズムは、適切なパラメータを設定することで、実問題へも適用しうることがわかった。

今後の課題としては、より制約の強いパラメータ設定や、まだ実装していない制約条件 (複数のチーム編成でメンバー間の重複を避けるなど) を組み込みんだより実用的な条件での評価が考えられる。

#### 参考文献

- [1] Hillis, W. D.: "Co-Evolving Parasites Improve Simulated Evolution as an Optimization Procedure", *Artificial Life II* (1992).
- [2] 佐藤竜也, 有田隆也, "競合型共進化における多様性維持手法による適応度こう配の提供の効果", *電子情報通信学会論文誌*, Vol. J92-D, No. 7, pp.1015-1025 (2009).
- [3] Sato, T. and Arita, T.: "Competitive Coevolutionary Algorithms can Solve Function Optimization Problems", *Artificial Life and Robotics*, Vol. 14, No. 3, pp. 440-443 (2009).