

# 二倍体遺伝的アルゴリズムにおけるネットワーク荷重の学習

## Learning of the Weights of Network for Diploid Genetic Algorithm

齊藤 竜矩 †

濱上 知樹 †

Tatsunori SAITO Tomoki HAMAGAMI

### 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最適化手法であり、その汎用性の高さから様々な分野で応用、研究がされている。また、動的環境に適した GA として二倍体 GA が提案され、動的組み合わせ最適化問題においてその有効性が確認されている [1][2]。一方、GA を実問題へ応用する場合、連続空間への対応と動的環境への適応が重要になる。そこで、連続空間への対応をはかった二倍体 GA としてネットワーク構造を有する手法が提案されている [3]。文献 [3] の手法は、二倍体 GA を実数値に拡張することで、実問題に近い環境である連続空間における動的環境下での解探索を可能にした。しかしネットワークの結合荷重をあらかじめ設定された値で固定したまま用いているため、解の探索性能が結合荷重に依存してしまうという課題が残されていた。

そこで本稿では、ネットワークの結合荷重を環境の変化に合わせて調節する手法を提案する。従来は固定していた結合荷重の値を、学習により環境の変化に合わせて適応的に調整する。また、本研究では交叉法に自然界の二倍体生物の交叉法である減数分裂を用いる。これらの機構により、動的環境下における解の探索性能の向上が期待できる。

### 2 ネットワーク構造を有する二倍体遺伝的アルゴリズム

GA を現実の問題に応用することを考えた場合、連続空間において動的に変化する環境への対応が重要になる。そこで、二倍体 GA を実数値に拡張するためにネットワーク構造を導入した手法が提案され、連続空間における動的環境下での有効性が確認されている [3]。

#### 2.1 ネットワーク構造

文献 [3] の手法では、二倍体 GA に図 1 に示すネットワーク構造を導入している。各層は二倍体 GA における遺伝子型、仲介型、表現型に対応している。個体の仲介型から表現型への変換をネットワークを介して行うことで、遺伝子型空間から表現型空間への非線形変換を可能にしている。これにより連続空間において変数間に依存関係のある関数の最適化を実現している。

#### 2.2 遺伝子型 (genotype layer)

遺伝子型は図 2 のように実数値で表される。また各遺伝子には二倍体特有である優性または劣性の性質を持たせる。図 2 では優性遺伝子を下線で表した。他の遺伝子は劣性遺伝子である。各遺伝子座はネットワークにおける入力ノードに対応している。

#### 2.3 仲介型 (mediationtype layer)

仲介型は、優性マップから得られる確率分布をもつ。優性マップとは遺伝子の優性、劣性の関係を表した表である。遺伝子型の遺伝子の値、優性劣性の性質から仲介型が決定される。仲介型に確率的要素を持たせることで、一つの仲介型から複数の表現型が発現され、様々な環境に適応できる。

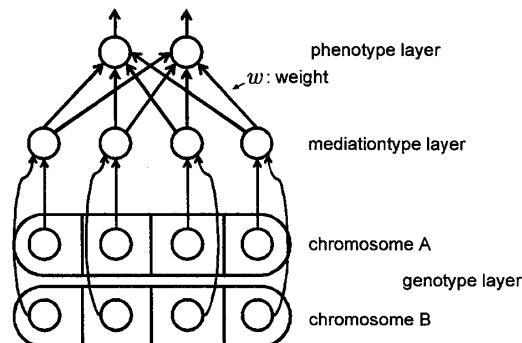


図 1 Diploid GA with a network structure

chromosome A	3.5	4.2	-0.6	9.7
chromosome B	7.5	-6.1	2.1	6.6

図 2 Genotype

#### 2.4 表現型 (phenotype layer)

ネットワークの出力として得られる表現型は、仲介型層におけるノードの出力値と結合荷重の積の総和の値を持つ。ここで、仲介型層のノードの出力は仲介型の確率分布に従って発生する乱数である。得られる出力数は問題の次元数に等しい。

#### 2.5 課題

文献 [3] の手法では、仲介型層と表現型層間の結合荷重を、負の値を含む一様乱数によって決定し、個体の進化中は固定の値としていた。結合荷重の値は遺伝子型空間から写像される表現型空間の領域を決めるパラメータであるため、写像される表現型空間の領域が結合荷重によって変化する。すなわち、GA の性能が結合荷重に依存してしまう。

また、一般に、動的な環境の表現型空間の領域に対し、最適な結合荷重を予め求めておくことは困難である。

### 3 提案手法

前述の課題を解決するために本稿では、結合荷重の値を環境の変化に合わせて適応的に調節する手法を提案する。具体的には各世代ごとに、適応度の高い個体の表現型を基に学習により結合荷重を調整する。これにより適応度の高い個体の周辺に集団を誘導し、より精度よく環境の変化へ追従することが可能になる。

#### 3.1 学習機構

各世代の適応度計算後に結合荷重の学習を行う。提案手法全体の流れを図 3 に示す。学習は以下の手順で行う。

##### 1. 教師個体の選択

集団内から適応度を基に個体を一定数選択し、選択された個体を教師個体とする。教師個体とは、周辺に適応度の高い有望な領域が存在すると考えられる個体である。

† 横浜国立大学大学院工学府

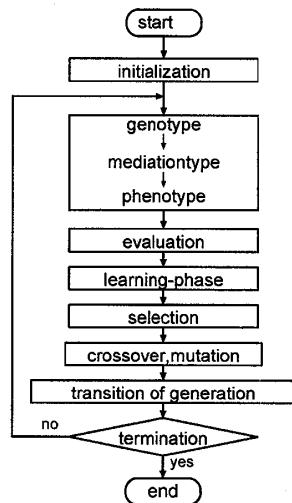


図3 Flow of proposed method

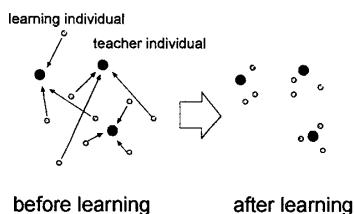


図4 Image of learning

## 2. 学習個体の選択

それぞれの教師個体に対し、学習に用いる個体を選択し、学習個体とする。学習個体は教師個体ごとに重複がないように選択し、集団内の教師個体以外のすべての個体が選択されるようとする。

## 3. 結合荷重の更新

教師個体の出力と学習個体の出力から結合荷重を更新する。

結合荷重の更新にはニューラルネットワークの標準デルタ則を用いる。以下に式を示す。

$$w_{ij} \leftarrow w_{ij} - \epsilon(Pt_j - p_j)m_i \quad (1)$$

ここで  $w_{ij}$  はネットワークの仲介型層の  $i$  番目のノードから表現型層の  $j$  番目のノードをつなぐリンクの結合荷重、 $\epsilon$  は学習率 ( $0 < \epsilon \leq 1$ )、 $Pt_j$  は表現型層の  $j$  番目のノードの教師個体の出力、 $p_j$  は表現型層の  $j$  番目のノードの学習個体の出力、 $m_i$  は仲介型層の  $i$  番目のノードの学習個体の出力である。この処理により、教師個体の周辺に他の個体を誘導する操作を行う。

学習のイメージを図4に示す。

## 3.2 減数分裂

本研究では交叉法に、自然界の二倍体生物の交叉の仕組みを基にした減数分裂 (Meiotic Division) を用いる。

自然界において二倍体である有性生物は生殖を行なう際に減数分裂という特有の過程を経る。そのような特有の段階をもつことは、環境に適応し生存していく上で利点があるためと考えられる [5]。有性生物は、細胞中に父母から染色体を一本ずつ引き継いだ二倍体の染色体を有する。ただし、生殖細胞は減数分裂の過程で父母それぞれから由来する染色体が、細胞内で交叉することでお互いの遺伝子を交換し合い、両方の遺伝子を含む一本の染色体をもつ。そして、交配の過程で異性生物か

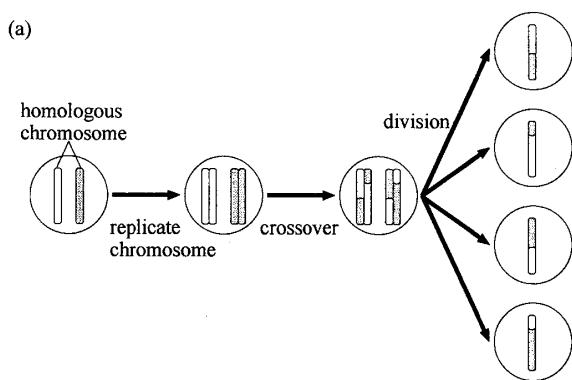


図5 Meiotic Division

らの生殖細胞に含まれる染色体同士が結合し、再び二倍体の染色体をもつ細胞となる。

減数分裂のプロセスは大きく分けて二つの段階からなる。

- まず相同染色体（個体内の二本の染色体）が自分と同じ染色体を複製する。次に同じ染色体同士がペアとなり、ペア間で交叉が行なわれる。交叉が行なわれた後、個体内に含まれる四本の染色体は一本ずつに分裂する。
- 親Aの分裂によって得られた染色体と親Bの分裂によって得られた染色体が組み合わさり、それぞれが子の染色体となる。

交叉法にこのプロセスを用いることにより、より高い環境変化への適応性能が期待できる。提案手法で用いる減数分裂の概略を図5に示す。

## 4 実験

提案手法の有効性を確認するために、ベンチマーク関数を用い、静的環境および動的環境下でシミュレーション実験を行った。

### 4.1 実験条件

提案手法、従来手法の実験パラメータは以下のようにした。

- ・集団サイズ: 100

- ・世代数: 3,000

- ・染色体長: 8

- ・選択方法:

集団の上位 10 個体を次世代に残し、ルーレット選択により選ばれた親個体で交叉を行い 90 個体の子個体を生成し、次世代の集団とした。

- ・交叉: 減数分裂 (相同染色体同士の交叉には、一点交叉、BLX- $\alpha$  ( $\alpha = 0.5$ ) を用いた。)

- ・突然変異: なし

仲介型の確率分布は、図6に示される優性マップから得られる正規分布とした。遺伝子の組み合わせが優性同士の場合、正規分布の平均値  $\mu$  を二つの遺伝子の平均値とした。遺伝子の

	<i>B</i>	<i>b</i>
<i>A</i>	$\mu = \frac{(A+B)}{2}$ $\sigma^2 = (A-B)^2$	$\mu = \begin{cases} A & (P_y) \\ b & (P_r) \end{cases}$ $\sigma^2 = (A-b)^2$
<i>a</i>	$\mu = \begin{cases} a & (P_r) \\ B & (P_y) \end{cases}$ $\sigma^2 = (a-B)^2$	$\mu = a \text{ or } b$ $\sigma^2 = (a-b)^2$

図6 Dominance map

組み合わせが優性・劣性の場合、平均値を確率  $P_y$  で優勢遺伝子の値、確率  $P_r$  で劣性遺伝子の値とし、遺伝子の組み合わせが劣性同士の場合、平均値はランダムでどちらかの遺伝子の値とした。このように優性マップを設定することにより、劣性遺伝子に比べ、優性遺伝子の付近の値が高確率で発現される。図中の  $A, a$  は一本目の染色体の遺伝子の値、 $B, b$  は二本目の染色体の遺伝子の値、大文字は優性遺伝子、小文字は劣性遺伝子、 $P_y$  は優性遺伝子が平均値として選ばれる確率、 $P_r$  は劣性遺伝子が平均値として選ばれる確率 ( $P_y + P_r = 1.0$ )、 $\mu$  は正規分布の平均値、 $\sigma^2$  は正規分布の分散を表す。以下では  $P_y = 0.7$ ,  $P_r = 0.3$  とした。

なお、提案手法における  $\epsilon$  は  $1.0 \times 10^{-8}$  とし、教師個体は集団の適応度上位 10 個体とした。また、学習個体の選択は、各教師個体に対する学習個体の数が同じになるようにし、ランダムに選択した。

#### 4.2 静的環境

以下の 2 次元のベンチマーク関数を用いて実験を行った。

$$f(x, y) = x^2 + y^2 \quad (2)$$

$$f(x, y) = 100(y - x^2)^2 + (1 - x)^2 \quad (3)$$

式(2)は Sphere 関数と呼ばれ最適解は  $(0, 0)$  である。式(3)は Rosenbrock 関数と呼ばれ最適解は  $(1, 1)$  である。共に最適解での適応度は 0 となる。Sphere 関数は変数間に依存関係のない単峰性関数であり、Rosenbrock 関数は変数間に強い依存関係のある単峰性関数である。

#### 4.3 動的環境

Sphere 関数、Rosenbrock 関数をあらかじめ平行移動させ、各世代ごとに原点を中心とした円に沿って回転させる。動的環境での Sphere 関数、Rosenbrock 関数の式を式(4)、式(5)に示す。

$$f(x, y, t) = (x \cos \theta t + y \sin \theta t - r)^2 + (y \cos \theta t - x \sin \theta t)^2 \quad (4)$$

$$\begin{aligned} f(x, y, t) = & 100((y \cos \theta t - x \sin \theta t) - (x \cos \theta t + y \sin \theta t - r)^2)^2 \\ & + (1 - (x \cos \theta t + y \sin \theta t - r))^2 \quad (5) \end{aligned}$$

ここで  $t$  は世代数、 $\theta$  は 1 世代に回転する角度 [rad]、 $r$  は円の半径を表す。実験では  $r = 50$ ,  $\theta = \pi/180$  とした。回転の周期は 360 世代である。また 1 世代目での最適解の座標は Sphere 関数では  $(50, 0)$ 、Rosenbrock 関数では  $(51, 1)$  となっている。

#### 4.4 実験結果

##### 4.4.1 静的環境

静的環境下での提案手法、従来手法のエリート個体の適応度の変化を図 7 に示す。グラフの横軸は世代数を表し、縦軸は適応度を表す。適応度の値が低いほど有効な解を示すため、以降は適応度の値が低いほど適応度が高いと表現する。図中の

with learning は学習あり、without learning は学習無しのときの結果を示す。

結果をみると、提案手法、従来手法共にどちらの関数においてもエリート個体の適応度が最適解の適応度である 0 に近づいており、静的環境下で解の探索ができていることが分かる。また、従来手法に比べ提案手法のほうが収束の速度が速くなっている。しかし、両手法とも探索の途中で適応度の値が一定になり、仲介型の正規分布の分散が 0 になっていることが分かる。

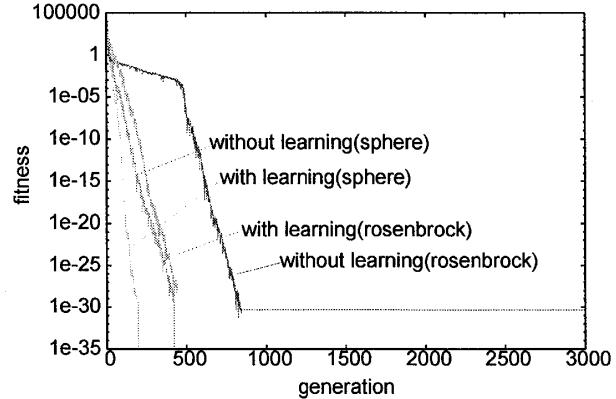


図7 Changes of fitness of elite

##### 4.4.2 動的環境

動的環境下での提案手法、従来手法のエリート個体の適応度の変化を図 8、図 9 に示す。Sphere 関数において、従来手法、提案手法ともに適応度が高くなっており動的環境に追従できていることが分かる。Rosenbrock 関数において、従来手法では適応度が低くなってしまっており環境の変化に追従できていない。一方、提案手法では適応度の低くなっている部分も見られるが、概ね高い適応度を保っており環境の変化に追従できていることが分かる。

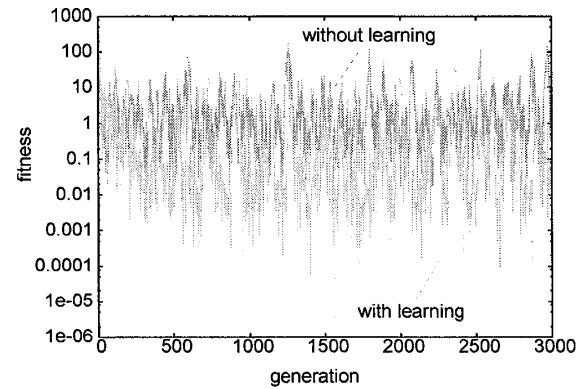


図8 Sphere function : Changes of fitness of elite

次に、エリート個体の適応度のヒストグラムを図 10、図 11 に示す。横軸はエリート個体の適応度を表し、縦軸は適応度毎のエリート個体の度数を表している。また、横軸の値が 20,000 のときの値は、エリート個体の適応度の値が 20,000 以上のときの度数を表している。どちらの関数においても、従来手法に比べ提案手法ではエリート個体の適応度の値が最適解の適応度の値附近 (エリート個体の適応度の値が 1.0 以下) のときの度数が高くなっていることが分かる。すなわち提案手法は従来手法に比べてより正確に環境の変化に追従できているといえる。しかし Rosenbrock 関数では、提案手法においても工

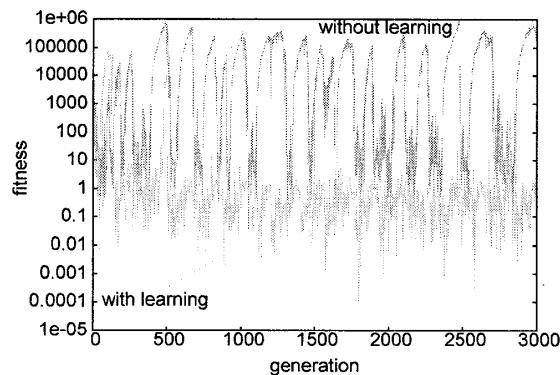


図 9 Rosenbrock function : Changes of fitness of elite

リート個体の適応度の値が 20,000 以上のときの度数が 100 ほどになっており、環境の変化に完全に追従できていないことが分かる。これは Rosenbrock 関数が変数間に強い依存関係を持ち、さらに回転によりその依存関係が動的に変化するためと考えられる。

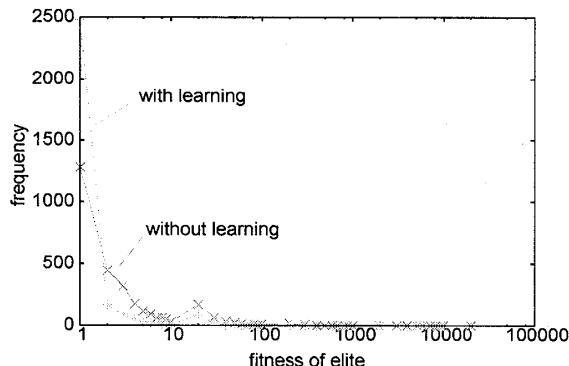


図 10 Sphere function : Histogram of fitness

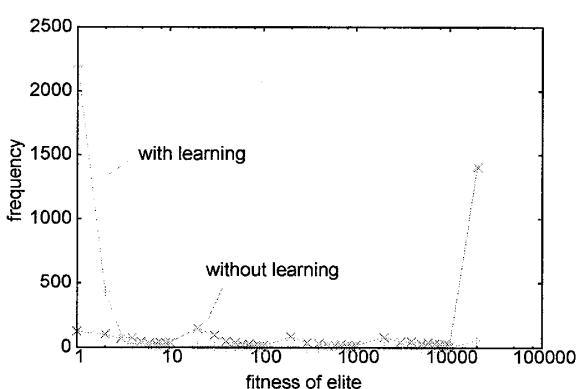


図 11 Rosenbrock function : Histogram of fitness

図 12, 図 13 に各関数において、提案手法、従来手法において、環境の変化のある 1 周期分のエリート個体の軌跡を示す。図中の円は最適解の軌跡である。図より、従来手法に比べ提案手法のほうがエリート個体の軌跡が最適解の軌跡に近いことが分かる。このことからも提案手法が従来手法より正確に環境の変化に追従できているといえる。

以上より、提案手法は教師個体である適応度の高い個体の周

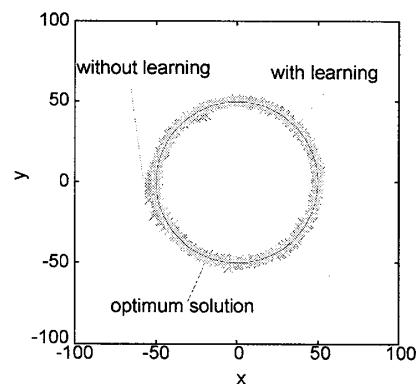


図 12 Sphere function : Locus of elite

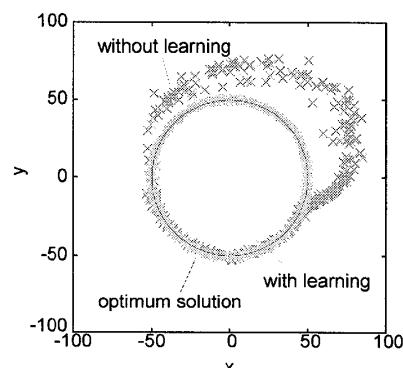


図 13 Rosenbrock function : Locus of elite

辺に集団を誘導することで、従来手法に比べ動的環境への適応能力が向上していることが分かる。しかし Rosenbrock 関数のような複雑な構造をもつ関数については、環境の変化に追従できていない世代があることが分かった。

## 5 おわりに

本稿では、ネットワーク構造を有する二倍体 GA における結合荷重を適応的に調節する手法を提案した。動的な環境下でベンチマーク関数を用いた実験を行い提案手法の有効性を示した。また、交叉法に減数分裂を導入した。

今後は結合荷重の値の変化の考察や、教師個体の選択方法の検討を行っていく予定である。また、今回用いた関数、環境以外での実験を行い提案手法の性質を明らかにしていく。

## 参考文献

- [1] D.E.Goldberg, R.E.Smith : Nonstationary Function Optimization Using Genetic Algorithms with Dominance and Diploidy, Proc.the Second International Conf.on Genetic Algorithms(ICGA87), 59/68(1987)
- [2] 小南 学, 濱上 知樹 : 環境の変化に応じた多様性維持を可能にする二倍体遺伝的アルゴリズム, 電気学会論文誌 C, Vol.128, No.3, 381/387 (2008)
- [3] 川上 昌希, 濱上 知樹 : 動的な変化を伴う連続解空間における二倍体 GA, SSI2009 講演論文集, 512/515 (2009)
- [4] 小野 功, 山村 雅幸, 喜多 一 : 実数値 GA とその応用, 人工知能学会誌 15(2) 259/262 (2000)
- [5] 田中一郎: よくわかる遺伝学-染色体と遺伝子-, サイエンス社 (1999)