

# 発展する相互作用ネットワークと遺伝子の相関に基づく 適応的差分進化による連続最適化問題の解法

岩崎 丈徳<sup>†</sup> 穴田 一<sup>‡</sup>

東京都市大学大学院<sup>†</sup> 東京都市大学大学院<sup>‡</sup>

## 1. はじめに

ニューラルネットワークの学習やエネルギーシステムの構築、新幹線の形状設計など、多くの工学分野や産業分野の問題が連続最適化問題を解くことに帰着できる。しかし、高次元や複雑な曲面、微分不可能な問題など、ほとんどの問題が現実的な時間内で厳密解を求めることが困難である。そのような問題に対する最適化アルゴリズムに生物の進化や群れ行動を模倣した進化計算 (Evolutionary Computation, EC) と呼ばれる近似解法の枠組みが存在する。その EC の 1 つに比較的単純で優れた探索性能を持つ差分進化 (Differential Evolution, DE) [1] と呼ばれる手法があるが、この手法の探索性能はハイパラメータの設定に依存してしまう。そのため、パラメータ調整を動的に行う適応的差分進化が提案されているが、多峰性関数における探索性能が低い。

そこで本研究では、適応的差分進化の中でも J. Zhang らによって提案された JADE [2] と呼ばれる代表的な手法に個体間の相互作用構造を表す発展する相互作用ネットワークを取り入れ、遺伝子の相関を考慮することで局所解に陥りにくくした適応的差分進化を提案し、その有効性を確認した。

## 2. 提案手法

JADE の課題として、多峰性関数における探索性能の低さがある。これは、変異ベクトル  $v_i$  の生成方法に問題があるからだと思われる。JADE の変異ベクトル  $v_i$  の生成は Current-to- $p$ best と呼ばれる方法で行われるが、この方法では全個体の中から上位個体  $x_{pbest}$  を選択し、この  $x_{pbest}$  を用いて変異ベクトル  $v_i$  を生成しているため、全個体が  $x_{pbest}$  に引っ張られてしまい、局所解に陥りやす

くなっている。そこで、我々はこれまでの研究で、個体間に潜在リンクを張り、その潜在リンクの重みを個体同士の評価値の差に基づき世代毎に更新し、潜在リンクを類似度によって定義された確率で実リンクにし、その実リンクの重みを使用したルーレット選択で個体  $x_{rbest}$  を決定する。これにより上位個体以外の個体も選択されるようにして局所解に陥りにくくした。ところが、変数間の依存関係が強い問題や個体群が最適解から遠い場合に楕円形状の分布が現れることがあり、相関の強い遺伝子同士を同時に次世代へ継承させる必要がある。そこで本研究では高濱ら[3]によって提案された相関係数に基づく交叉を導入し、相関の強い遺伝子同士を同時にトライアルベクトル  $u_i$  へ継承させることで効率的な探索を行うようにした。尚、我々のこれまでの手法[4]ではロジスティック曲線に従った確率で実リンクを決定し、一様交叉によりトライアルベクトルを生成している。以下に提案手法のアルゴリズムの手順を示す。

### STEP1 初期個体群の生成

$n$ 次元解空間上の実数値ベクトルで表される初期個体  $x_i = (x_{i1}, x_{i2}, \dots, x_{in})$  を、 $j$ 次元目の決定変数  $x_{ij}$  を探索範囲内の一様乱数によって決定して  $m$ 個体生成し、重み 0 の潜在リンクを全個体間に張る。

### STEP2 変異ベクトルの生成 (突然変異)

現世代の個体  $x_i$  と個体  $x_j$  との間に張られた潜在リンクの重み  $w_{ij}$  を以下の式(1)で更新する。

$$w_{ij}(t+1) = \rho \cdot \text{rand}(0, 1) \cdot w_{ij}(t) + \eta \cdot \text{rand}(0, 1) \cdot \frac{f(x_i) - f(x_j)}{\sigma_f} \quad (1)$$

ここで、 $w_{ij}$  は個体  $x_i$  と個体  $x_j$  に張られた潜在リンクの重み、 $\rho$  は重みの残存率、 $\eta$  は重みの学習率、 $f(x_i)$  は個体  $x_i$  の評価値、 $\sigma_f$  は評価値の標準偏差である。その後、重み  $w_{ij}$  の潜在リンクを以下の式(2)の類似度によって定義された確率  $p$  で実リンクにするかを決定する。

An Algorithm for Continuous Optimization Problem using Adaptive Differential Evolution with Evolving Interaction Network and Genetic Correlation

<sup>†</sup> Takenori Iwasaki, Graduated School of Tokyo City University  
<sup>‡</sup> Hajime Anada, Graduated School of Tokyo City University

$$p = \frac{S_{ij} - \min(S_{ij})}{\max(S_{ij}) - \min(S_{ij})} \quad (2)$$

$$S_{ij} = \frac{1}{\text{distance}(x_i, x_j)}$$

ここで、 $S_{ij}$ は個体 $x_i$ と個体 $x_j$ の類似度でユークリッド距離の逆数で定義される。  $p$ は類似度を正規化することで定義されていて、個体同士の距離が近ければ近いほど実リンクになりやすい。そして、実リンクの重み $w_{ij}$ を使用し、以下の式(3)で定義される個体 $x_i$ が個体 $x_j$ を選択する確率 $P_{ij}$ を用いて個体 $x_{r_{best}}$ を選択する。

$$P_{ij} = \frac{w_{ij}}{\sum w_{ij}} \quad (3)$$

その後、この個体 $x_{r_{best}}$ と全個体群からランダムに選択された個体 $x_{r_2}, x_{r_3}$ に基づき、以下の式(4)を用いて変異ベクトル $v_i$ を生成する。

$$v_i = x_i + F_i(x_{r_{best}} - x_i) + F_i(x_{r_1} - x_{r_2}) \quad (4)$$

$$F_i \sim \text{Cauchy}(\mu_F, \sigma_F)$$

ここで、 $F_i$ は個体 $i$ のスケールリングファクタで、コーシー分布に基づき生成される。  $\mu_F$ はスケールリングファクタの平均値、  $\sigma_F$ はスケールリングファクタの標準偏差である。

### STEP3 トライアルベクトルの生成 (交叉)

高濱ら[3]が提案した相関係数に基づく交叉を用いてSTEP2で生成した変異ベクトル $v_i$ と現世代の個体 $x_i$ を混合し、 トライアルベクトル $u_i = (u_{i1}, u_{i2}, \dots, u_{im})$ を生成する。以下にその交叉のアルゴリズムの手順を示す。

**STEP3.1** 各次元 $j$ に対して、0または1の値をとる $flag_j$ を用意する。  $flag_j$ が0をとる場合は個体 $x_{ij}$ を、  $flag_j$ が1をとる場合は変異ベクトル $v_{ij}$ をトライアルベクトル $u_{ij}$ へ継承する。また、  $1 \sim D$ 次元の範囲内で生成した整数乱数である $j_{rand}$ 次元目における $flag_{j_{rand}}$ を1とする。  $flag_{j_{rand}}$ を1とすることで変異ベクトルの $j_{rand}$ 次元目の値は必ず交叉させる。

**STEP3.2** 各次元 $j$ に対して、以下の式(5)のように $flag_j$ を0または1とする。

$$flag_j = \begin{cases} 1, & \text{if } \rho_{j_{rand},j} > \rho^{th} \text{ or } \text{rand}(0,1) \leq CR_i \\ 0, & \text{otherwise} \end{cases} \quad (5)$$

$$\rho^{th} = \bar{\rho} + S_r \sigma_\rho$$

$$CR_i \sim \text{Norm}(\mu_{CR}, \sigma_{CR})$$

ここで、 $\rho_{j_{rand},j}$ は $j_{rand}$ 次元目と $j$ 次元目の相関係数の絶対値で相関の強さとなる。  $\rho^{th}$ は、相関が強いかどうかを判断する閾値で式(5)の下に示した式で定義される。  $\bar{\rho}$ は相関係数の絶対値 $\rho$ の平均値で、  $\sigma_\rho$ は $\rho$ の標準偏差、  $S_r$ はアルゴリズムパラメータである。  $CR_i$ は個体 $i$ の交叉率で、正規分布に基づき生成される。  $\mu_{CR}$ は交叉率の平均値、

$\sigma_{CR}$ は交叉率の標準偏差である。

**STEP3.3**  $j$ 次元目に対する最も相関の強い次元である $\tau_j^{strong}$ 次元目の $flag_{\tau_j^{strong}}$ が空で、かつ

$\rho_{j,\tau_j^{strong}} > \rho^{th}$ ならば、  $flag_{\tau_j^{strong}} = flag_j$ とする。

そして、STEP3.2～STEP3.3を全次元について繰り返す。

**STEP3.4** 各次元 $j$ に対して、以下の式(6)のように $flag_j$ が0をとる場合は個体 $x_{ij}$ を、  $flag_j$ が1をとる場合は変異ベクトル $v_{ij}$ をトライアルベクトル $u_{ij}$ へ継承する。

$$u_{ij} = \begin{cases} v_{ij}, & \text{if } flag_j == 1 \\ x_{ij}, & \text{otherwise } (flag_j == 0) \end{cases} \quad (6)$$

### STEP4 トライアルベクトルとの比較 (生存選択)

STEP3で生成したトライアルベクトル $u_i$ と現世代の個体 $x_i$ の評価値を比較し、 トライアルベクトルが現世代の個体より良ければトライアルベクトルを次世代の個体として置き換える。以下がその更新式である。

$$x_i(t+1) = \begin{cases} u_i(t), & \text{if } f(u_i) < f(x_i) \\ x_i(t), & \text{otherwise} \end{cases} \quad (7)$$

ここで、 $u_i(t)$ が採用された場合を更新成功とする。また、更新成功した際、個体 $x_i$ における $F_i, F_i^2, CR_i$ のパラメータを $S_F, S_{F^2}, S_{CR}$ に加算する。

### STEP5 $\mu_F, \mu_{CR}$ の更新

$\mu_F, \mu_{CR}$ を以下の更新式によって更新する。

$$\mu_F(t+1) = (1-c)\mu_F(t) + cS_{F^2}/S_F \quad (8)$$

$$\mu_{CR}(t+1) = (1-c)\mu_{CR}(t) + cS_{CR}/S_N \quad (9)$$

ここで、 $S_F, S_{F^2}, S_{CR}$ は更新成功時の $F_i, F_i^2, CR_i$ の和、  $S_N$ は更新に成功した回数、  $c$ は $[0,1]$ の学習率である。

STEP1の後、以上のSTEP2～STEP5を規定世代数繰り返す。

結果と考察は発表で述べる。

### 参考文献

- [1] R. Storn, K. Price, "Differential Evolution – A simple and efficient adaptive scheme for global optimization over continuous spaces", J. Global Optimiz., Vol.11, No.4, pp.341-359 (1997).
- [2] J. Zhang, A. C. Sanderson, "JADE: Adaptive Differential Evolution With Optional External Archive", IEEE Tran. Evol. Comput., Vol.13, No.5, pp.945-958 (2009).
- [3] 高濱徹行, 阪井節子, "差分進化における相関係数に基づく遺伝子のグループ化とグループ単位の交叉の提案", 情報処理学会研究報告, Vol.2018-MPS-120, No.8 (2018).
- [4] 岩崎丈徳, 穴田一, "発展する相互作用ネットワークを取り入れた適応的差分進化による連続最適化問題の解法", 情報処理学会研究報告, Vol.2022-MPS-141, No.20 (2022).