

共生進化ウイルスを用いた GA の提案とそのスキーマ構築

A Proposal of GA Using Symbiotic Evolutionary Viruses and a consideration Schemes Built by the Viruses

立命館大学 坂倉 義明, 亀井 且有
 Yoshiaki Sakakura, Katsuari Kamei
 Computer Science, Ritsumeikan Univ.

Abstract We proposed an unique Genetic Algorithm (GA), which is using symbiotic evolutionary viruses. Our idea based on the scheme theorem. Also, We showed that the proposed GA gave us better results than SGA (SimpleGA) in optimal search problem. In this paper, We consider schemes built by the viruses. and examine a behavior and a quality of the proposed GA.

1 はじめに

筆者らは、これまで、GA におけるスキーマ定理に着想を得た共生進化ウイルスを用いた GA を提案してきた [1]。本手法は、解候補として表現される個体群および個体の一遺伝子のなり得るウイルス群から構成される。これらの共生関係に基づく進化により、前者は解探索を行い、後者はスキーマの構築および伝播を行う。また、これまで、本手法を様々な関数の最小値探索問題に適用し、SGA (SimpleGA) との比較実験を通して、その挙動・性質を検証してきた。その結果、個体の最良値変化より、ウイルスによる解探索能力の向上を確認した [1]。

本稿では、以前に検証した個体の最良値変化をもとに、ウイルスによるスキーマの構築に関しての考察を行う。

2 提案手法

本手法におけるウイルスによる感染手順と、これを用いた GA の処理手順をそれぞれ Fig. 1-2 に示す。こ

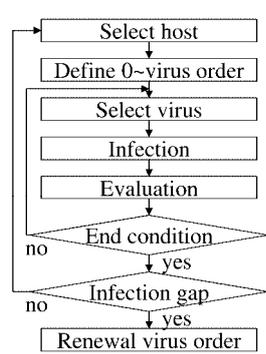


Fig. 1 感染手順

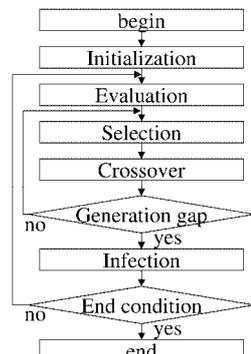


Fig. 2 提案手法の処理

で、ウイルス感染は、ウイルスの持つ遺伝子座の位置情報と遺伝子情報を宿主個体のそれと置き換えることと定

義する。ウイルスは、感染された宿主個体の適応度の変化量に基づき評価値 (virus value) を得る。ウイルス i が宿主個体 j に感染したときの評価値 virus value_{ij} を式 (1) に、ウイルス i の評価値 virus value_i を式 (2) にそれぞれ示す。

$$\text{virus value}_{ij} = \text{fit}_{\text{host}'_j} - \text{fit}_{\text{host}_j} \quad (1)$$

$$\text{virus value}_i = \frac{\sum_{j \in S} \text{virus value}_{ij}}{n} \quad (2)$$

なお、ここでは感染された宿主個体を j 、その集合を S 、集合 S の要素数を n 、個体 j の感染前後の適応度をそれぞれ $\text{fit}_{\text{host}'_j}$ 、 $\text{fit}_{\text{host}_j}$ とする。

さらに、1 世代の感染全試行において感染された宿主個体群の適応度の変化量に基づき、感染 1 試行での感染ウイルス数 (virus order) を決定する。世代 $t+1$ における virus order_{t+1} を式 (3) に示す。なお、virus order に関して、その性質から 1~100 の整数値をとるものとする。

$$\text{virus order}_{t+1} = \begin{cases} \text{virus order}_t + 1 & (\sum_{j \in S} \text{fitdiff}_{jt} > 0) \\ \text{virus order}_t - 1 & (\sum_{j \in S} \text{fitdiff}_{jt} \leq 0) \end{cases} \quad (3)$$

$$\text{fitdiff}_{jt} = \text{fit}_{\text{host}'_j} - \text{fit}_{\text{host}_j} \quad (4)$$

3 数値実験

3.1 関数の最小値探索問題への適用

本稿では、関数の最小値探索問題を通して、SGA (simple GA) と本手法の比較実験を行う。使用する関数は強い単峰性を持つ Sphere 関数を用いる [2][3]。この関数を式 (5) に示す。ここで n は次元数であり、本稿では 10 次

元での実験を行った。

$$f(X) = \sum_{i=1}^n x_i^2 \quad (5)$$

$$-5.11 \leq x_i \leq 5.12$$

GAへの適用について、個体数を100、遺伝子長を100、世代数を1000とした。遺伝演算法として、選択法はルーレット選択、交叉法は2点交叉、交叉率は0.9、突然変異は各遺伝子に独立に行い、突然変異率は0.01とした。なお、これらは試行錯誤的に決定した。また、評価関数は、目的関数の値を0~1の範囲で正規化を行った。提案手法への適用について、上記のパラメータに加え、1世代に感染する個体の数を5とした。

3.2 結果と考察

本実験では、先に示したパラメータを用いて、初期集団を固定した状態で、10試行の実験を行った。その中でよく見られた挙動について考察する。まず、最良値推移をFig. 3に示す。ここで、探索初期において、提案手法はSGAと同様の挙動を示し、探索が進むにつれ、より最適解に近い値を探索している。次に、ウイルスオーダの推移と学習済みのウイルス（対立ウイルスの評価値の差が3倍以上のウイルス）数の推移を、それぞれFig. 4, 5に示す。Fig. 4より、探索初期において、ウイルスオーダは変化量が少なく、探索が進むにつれ急激に増加している。これに加え、Fig. 5より、探索初期段階では、学習済みのウイルスが少なく、探索が進むにつれ増加している。また、最良値が含む最適解と同等のスキーマオーダ推移をFig. 6に示す、ここで、提案手法、SGAともに、オーダに差がみられない。以上より、提案手法は、探索初期段階ではウイルスが十分に学習せず、感染による個体群の適応度の増加も少ないため、解探索において有効な挙動を示さない。よって、探索初期段階では、SGAと同様の挙動を示すと考えられる。そして、探索が進むにつれウイルスの学習が進み、感染による個体群の適応度の増加も多くなり、学習したウイルスにより構成された高オーダのスキーマを伝播させている。よって、探索が進むにつれ、SGAより最適解に近い値を探

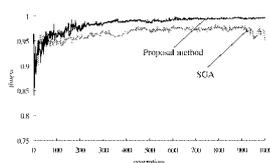


Fig. 3 最良値

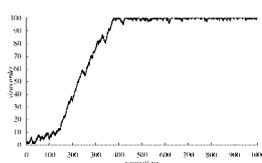


Fig. 4 ウイルスオーダ

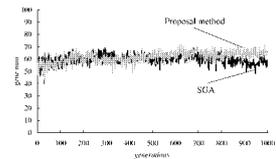
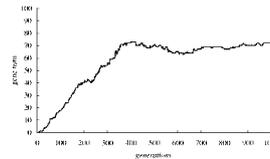


Fig. 5 学習ウイルス数 Fig. 6 スキーマオーダ

索していると考えられる。しかしながら、最良値がもつ最適解を構成するスキーマのオーダは、提案手法、SGAともに差が見られない。これは、ウイルスの評価値の相対性により、重み大きい遺伝子を優先的に学習・伝播しているためだと考えられる。これにより、同じオーダでも、より最適解に近い値を探索すると考えられる。

4 おわりに

本稿では、これまで提案してきた共生進化ウイルスを用いたGAを、関数の最小値探索問題に適用し、SGAとの比較実験を通して、その挙動・性質を検証した。そして、本手法は、探索初期にはSGAと同様の挙動を示し、探索が進むにつれ、ウイルスの学習が進み、ウイルスの学習が進むにつれ、ウイルスオーダが増加し、これにより、SGAに比べ、最適解に近い値を探索していることが確認できた。また、ウイルスの評価値の相対性により、重み大きい遺伝子を優先的に学習・伝播していることが確認できた。今後の課題として、これまでウイルスオーダで制御してきたスキーマ伝播を、優先的に学習したウイルスから順に伝播していけるようなアルゴリズムの改良が挙げられる。また、だまし問題に適用し、その挙動を確認する必要がある。

参考文献

- [1] 坂倉義明 亀井且右: "共生進化ウイルスを用いた進化的計算の提案", 第17回ファジィシステムシンポジウム講演論文集, pp. 94-97 (2001)
- [2] 伊庭 斉志: "遺伝的アルゴリズム -GAの謎を解く-", オーム社 (1994)
- [3] 北野 宏明 編: "遺伝的アルゴリズム", 産業図書 (1993)