

平成 21 年 5 月 27 日現在

研究種目：若手研究 (B)

研究期間：2006～2008

課題番号：18700227

研究課題名 (和文) 進化型計算における統一的進化ダイナミクス理論の研究

研究課題名 (英文) Unification Evolutionary Dynamics Theory of Evolutionary Computation

研究代表者

森 直樹 (MORI NAOKI)

大阪府立大学・工学研究科・准教授

研究者番号：90295717

研究成果の概要：

進化型計算(EC)における進化ダイナミクスを多様性という側面から理解するための理論を構築し、特に、GPに代表される木構造による個体表現を持つ場合にも適用可能な多様性評価手法を提案した。GPについては、これ以外に「簡約化」と呼ばれる bloat の効果を除去して個体の本質的な部分を明らかにする手法も提案した。同手法については、ライブラリを開発して提供している。簡約化により、個体の探索性能と各種多様性評価指標との間に相関があることを統計的に示した。これは世界的に見ても斬新な結果であり、今後のGPの探索ダイナミクスに関する研究に大きく貢献すると考えられる。また、GAとGP双方に共通する累積個体種数という新しい指標を提案し、ECの可能性と限界について新たな知見を得た。

交付額

(金額単位：円)

	直接経費	間接経費	合計
2006年度	1,900,000	0	1,900,000
2007年度	1,000,000	0	1,000,000
2008年度	600,000	180,000	780,000
年度			
年度			
総計	3,500,000	180,000	3,680,000

研究分野：総合領域

科研費の分科・細目：情報学・感性情報学・ソフトコンピューティング

キーワード：遺伝アルゴリズム

## 1. 研究開始当初の背景

研究開始当初は、個体群の多様性をエントロピーとして評価し制御する熱力学的遺伝アルゴリズム(TDGA)を提案しており、動的環境問題や多目的最適化問題への適用を通して遺伝的アルゴリズム(GA)における進化ダイナミクスの重要性について研究してきた。しかしながら遺伝的プログラミング(GP)

については、多様性に関する概念は整備されておらず、bloat と呼ばれる個体の冗長な部分が指数関数的に増加する問題を解決するために、新しい手法および理論が必要とされていた。bloat は GP における探索ダイナミクスを理解する際の大きな障害となっており、これまでにこの問題を解決する本質的な手法はまだない。

## 2. 研究の目的

代表的な進化型計算(EC)である遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithm: 以下 GA) と 遺伝的プログラミング (Genetic Programming: 以下 GP) は汎用的な問題解決手法として期待されているが、両者を統一的に扱う進化ダイナミクス理論についてはほとんど研究がなされていない。そこでこの問題点を解決するために、GA と GP に代表される EC 全般における個体群の進化ダイナミクスを理解するための新たな統一理論の提案を本研究の第一の目的とした。この目的の実現のために、本課題では EC の進化ダイナミクスの核である個体群の状態遷移の理論的解析および個体群における多様性解析について新しい理論の構築を目指す。特に、GP に代表される木構造による個体表現を持つ場合にも適用可能な多様性評価手法の提案に重点を置き、GA と GP 双方に共通する進化ダイナミクスの挙動を明らかにする。

## 3. 研究の方法

以下の方法で研究を進めた。

(1.) まずは GA に限定して個体群の状態遷移を理論的に定式化した。このために、現在申請者が提案中である新指標「一般化突然変異率」および「ねじれ度」について厳密な数学的定義を与えた。以下に具体的な研究内容を記す。

① 単純 GA, 熱力学的 GA, スピングラス型 GA およびベジアン最適化アルゴリズムの 4 手法を用いて、複数の最適化問題を対象に数値実験を実施し、全探索過程の詳細なデータベースを作成する。

② 提案する指標によって進化ダイナミクスの詳細な解析が可能となることを示す。

③ 申請者が既に提案しているエントロピーや累積個体種数に代表される既存の有用な指標についても①のデータを用いて解析し、提案指標との関係を明らかにする。

(2.) GA における多様性解析手法に続いて、GP における同様の手法を提案した。具体的には、新手法として考案した「部分木を基準としたエントロピー評価法」、「ノード変換による木構造の簡略化手法」を理論的に整理し、GP における多様性評価手法を完成させた。

(3.) 個体群の状態遷移理論を「演算子進化型 GA」および「自由近傍型 GA」のフレームワークを用いて拡張した。また、本手法に関しては図 1 に示す GUI ツールを作成し、作成した EC を XML で保存可能とした。

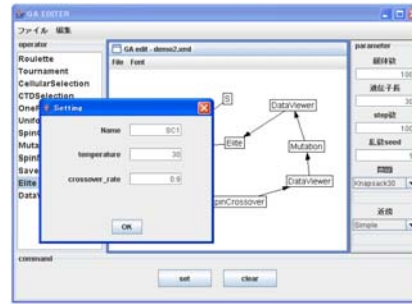


図 1 GUI による EC 作成ツール

(4.) これまで提案されている代表的な GP (TAG-GP, BOA-GP, EDA based GP) における詳細な進化ダイナミクスと多様性との関係について解析をした。

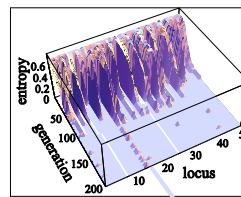


図 2 GA における遺伝子座ごとのエントロピー

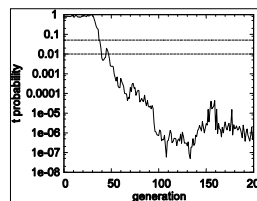


図 3 t 検定による多様性の比較例

図 2 はある探索の遺伝子座毎のエントロピーの世代変化例を示している。申請者はこの指標を選択に用いた TDGA を提案している。同指標は遺伝子型空間における多様性を評価する上で重要である。

図 3 は 2 つの探索のエントロピーの比較例。横軸は世代、縦軸は t 検定における t 値である。5%および 1%の棄却域ラインも併せて示している。

(5.) これまでの成果を EC 全体としての枠組みでまとめた。具体的には Fitness landscape および遺伝演算子の観点から進化ダイナミクスに大きく影響するなどの特徴的な指標について詳細に解析した。

## 4. 研究成果

研究成果としては、まず演算子に基準を置く解析手法を熱力学的遺伝アルゴリズムに拡張し、例題としてナップサック問題、NK 問題およびだまし問題を用いた数値実験から各遺伝演算子の探索時における探索性能への寄与を具体的に示した。この研究により、

遺伝的アルゴリズムにおける代表的な演算子である突然変異と交叉が、どのような場合に最適解を発見しているかを示すことに成功した。

次に、遺伝的プログラミング (GP) において申請者が新手法として考案している簡約化手法を理論的に整備し、算術式型、論理式型、決定木型およびロイヤルツリー問題それぞれの個体に対して、探索後の解析に簡約化が有用であることを示した。

特に、最適化の発見時期と部分木エントロピーとの相関を統計的に示すことに成功した結果が重要である。また、問題の難易度と探索時の部分木エントロピーの挙動に関する特徴を簡約化を適用することによって初めて明示した。図 2, 図 3 に示すように探索性能とエントロピーの相関は簡約化によって初めて明らかになる。本研究は今後の GP 研究における解析手法に対して、新しい方法論を提示した。

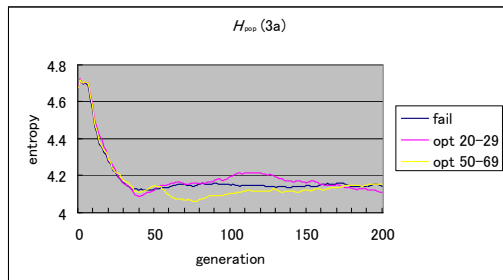


図 4 簡約化がない場合のエントロピー変化

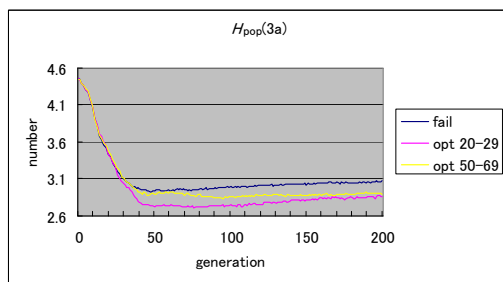


図 5 簡約化した場合のエントロピー変化

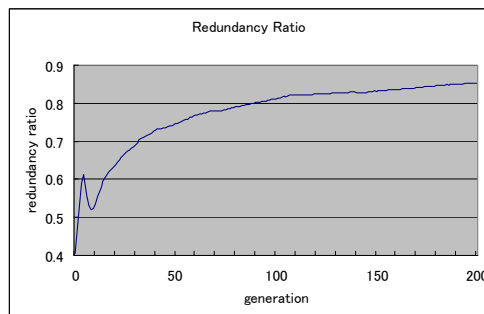


図 6 個体群における冗長な構造の割合

また、個体群における bloat の影響を冗長な構造の割合として定量的に解析し、図 6 に示すように最終世代では個体群の約 85% が冗長な構造であることを示した。

次に、GP の研究者が簡単に本研究の成果を利用できるように GP の個体を簡約化するための汎用ライブラリを開発し、一般に公開した。本ライブラリは、任意のノード関数および誤差レベルにおいて個体を簡約化可能であり、誰でも容易に簡約化を適用できるという点で大きな意味を持つ。本ライブラリを用いた多項式関数同定問題の解析により遺伝的プログラミングの探索ダイナミクスにおける新しい知見を得ている。

最後に、簡約化を用いる GP をデイトレードエージェントの進化という実問題に適用した。これまでの GP による投資戦略の研究はポートフォリオの組合せの探索や時系列予測に関するものがほとんどであり、デイトレードで重要とされている板情報を利用する研究はまったくなされてこなかったが、簡約化を併用する GP により、世界的にも斬新な板情報のみを用いて実際のトレードに近い戦略を得ることに成功した。

## 5. 主な発表論文等

(研究代表者、研究分担者及び連携研究者には下線)

〔雑誌論文〕 (計 3 件)

① 長尾優, 森直樹, 中島義裕, 松本啓之亮, デイトレードエージェントフレームワークを用いた遺伝的プログラミングによる投資戦略の進化, システム制御情報学会論文誌, 21, pp. 400—407, 2008, 査読有

② 森直樹, 遺伝的プログラミングにおける多様性評価手法と個体表現の簡約化, システム制御情報学会論文誌, 52, pp. 368—373, 2008, 査読有

③ N. Mori, R. I. McKay, X. H. Nguyen, D. Essam, S. Takeuchi, A New Method for Simplifying Algebraic Expressions in Genetic Programming called Equivalent Decision Simplification, Journal of Advanced Computational Intelligence and Intelligent Informatics, 13, pp. 237—244, 2008, 査読有

〔学会発表〕 (計 4 件)

① R. I. McKay, J. Shin, T. H. Hoang, X. H. Nguyen, N. Mori, Using Compression to Understand the Distribution of Building Blocks in Genetic Programming Populations,

2007 IEEE Congress on Evolutionary Computation, 2007, Sep. 27, Singapore

② N. Mori, R. I. McKay, X. H. Nguyen, D. Essam, How Different are Genetic Programs? Entropy Methods for Studying Diversity and Complexity in Genetic Programming, 11th Asia-Pacific Workshop on Intelligent and Evolutionary Systems, 2007, Nov. 30, Yokosuka

③ N. Mori, R. I. McKay, X. H. Nguyen, D. Essam, Equivalent Decision Simplification: A New Method for Simplifying Algebraic Expressions in Genetic Programming, 11th Asia-Pacific Workshop on Intelligent and Evolutionary Systems, 2007, Nov. 30, Yokosuka

④ 森直樹, 松本啓之亮, 遺伝的プログラミングにおける簡約化および多様性解析手法の提案, 計測自動制御学会システム・情報部門学術講演会 2007, 2007/11/26, 東京

〔図書〕 (計 1 件)

① 森直樹, Javaで学ぶ遺伝的アルゴリズム, 共立出版, 2007, 305 ページ

## 6. 研究組織

### (1) 研究代表者

森 直樹 (MORI NAOKI)

大阪府立大学・工学研究科・准教授

研究者番号 : 90295717