

科学研究費助成事業 研究成果報告書

平成 26 年 6 月 13 日現在

機関番号：32505

研究種目：若手研究(B)

研究期間：2011～2013

課題番号：23700273

研究課題名(和文)異なる解探索を行う種による共進化型進化計算に関する研究

研究課題名(英文)The Study of Co-Evolutionary Computation by Species with Different Method of Searching Solution

研究代表者

田村 謙次(Tamura, Kenji)

中央学院大学・商学部・准教授

研究者番号：30367635

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 1,400,000円、(間接経費) 420,000円

研究成果の概要(和文)：案手法を一般的なベンチマーク問題に適用し、従来手法に比べて良好な解を安定的に探索できることを示した。また、応用問題への適用可能性を確認するために局所的な探索と大域的な探索が必要な問題に適用し、その効果を確認した。

さらに、実社会における応用問題であるビデオゲームのエージェントコントロールおよびタンパク質の立体構造推定問題に対しての研究を行った。特に立体構造推定問題においては、問題の特長である局所的な構造と大域的な構造を効果的に探索することにより、良好な解探索を行うことが出来ることを示した。

研究成果の概要(英文)：Proposal method was applied to the general benchmark problem and its result indicates that proposal method can search solutions successfully compared to previous work. Also, I confirmed proposal method's effectiveness by applying the problem which have to search solution locally and globally for practical problem.

Moreover, I studied real world problems, agent control in video game and Protein Structure Prediction based on lattice Hydrophobic-Polar model. Especially, the result shows that proposed method can perform searching solution effectively in Protein Structure Prediction.

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：ハイブリッド 共進化 遺伝的アルゴリズム 分布推定アルゴリズム 進化的計算

1. 研究開始当初の背景

研究の学術的背景

進化的計算手法は、生命の進化をコンピュータ上に模倣することにより、最適化問題の解を実用的な時間で求めることに利用されている。現代社会において、解の導出が求められる課題は、大規模かつ複雑になり、コンピュータのハードウェア的な高速化だけでは実用的な時間内に解を求めることが困難なものが多い。そのような背景において、進化的計算を厳密な解が必要ではない問題においては、実用的な解を求めるための手法として広く用いられている。例えば、カーナビなどの実用的な時間に経路を求める必要がある機器や、航空機などの重力・推力・揚力・抵抗などの多く要素を考慮した設計が必要なもの、あるいはビデオゲームにおけるキャラクターの動的環境に対応した動作生成など、もの作りやエンターテインメントなどの幅広い分野における高速な解導出が必要な問題や大規模な問題に広く利用されている。

進化的計算手法は、広い解空間の中から、最適な解を発見する問題に柔軟に適用可能な手法であるが、大域的な解と局所的な解という相反する解の探索が必要である。大域的な探索を重視すれば、解の候補が存在する空間を重点的に探索することが出来ず、また、局所的な解の探索を重視すれば、より最適な新たな解の発見が行うことが出来ないため、望むような解が得られない。したがって、大域的・局所的探索のバランスを取ることが最も重要な課題の一つである。また、遺伝的アルゴリズム(GA)における課題の一つには、遺伝的操作による解破壊が挙げられ、分布推定アルゴリズム(EDA)では、ベイジアンネットワークを用いた手法などがあるが、遺伝子座間の依存関係の計算量が大きいなどの課題がある。さらに、両手法において局所的探索も課題となっている。

従来の研究においては、部分解を用いた手法には、GAのみでの共進化(N.kubota 98)やEDAのみでの共進化(W.Dong 08)が多く、また、GAとEDAのハイブリット化モデルには、GA集団とEDA集団を別々に進化させ、それらの集団を1つの個体群として扱うモデル(V.Robles 06)が提案されているが、GAとEDAを統一された一つのシステムとして融合させたモデルはまだない。

そこで、本研究では、部分解を持つ個体群を導入することにより、EDAにおいて導出した依存関係をGAにおける部分解の探索と解破壊を防止するために利用する手法を提案した。

2. 研究の目的

本研究は、進化的計算における解の局所的な探索と良質な解の破壊を回避することによる解探索の高精度化・高速化を目的としている。

これまでの進化的計算における遺伝的ア

ルゴリズムは大きく分類すると、交叉や突然変異などの遺伝的操作を主な進化機構とする手法と、解の分布状況から最適な解を推定する手法とがあるが、解の破壊や局所的な探索などの点において欠点がある。そこで、本研究では、遺伝的操作による処理と推定による処理を部分解を利用することにより両手法の長所を活かし、かつ、欠点を補うことで、高精度で高速な解探索を実現することを目指した。

そこで、本研究では以下の点を明らかにすることとした。

(1) 部分解個体群を用いたGAとEDAのハイブリット化：適用問題の解となる集団にはGA、部分解となる集団にはEDAを用いることにより、GAにおいては遺伝的操作による解の進化を行い、EDAにおいては部分解の依存関係の導出を行い、さらに、その依存関係を利用し、GAの遺伝的操作による解の破壊を防止する手法を実装する。

(2) 部分解における依存関係利用：ベイジアンネットワークによる遺伝子座間の依存関係の計算は、多項式時間内での計算が困難なNP困難な場合があることが指摘されている。したがって、計算量が比較的小さい部分解における局所的な依存関係を解全体の依存関係の探索に利用することにより、解探索の効率化を図る。

(3) 依存関係を利用した解破壊の回避：部分解における遺伝子座間の依存関係を解の推定に用いるだけでなく、遺伝子座間の結合率として利用することにより、結合率が高い遺伝子座間における交叉による良質な解の破壊を防ぐ。これは、GAの欠点の1つである解破壊を防ぐ一手法であり、GAとEDAによる進化システムの自然な形での融合が可能となる。

(4) 定性的・定量的解析と応用問題への適用：ベンチマーク問題に提案手法を適用することにより、その有効性を定性的に解析する。問題の規模は小さいものから徐々に大きなものに適用し、だまし問題などの進化的計算が苦手とする問題への適用も行う。さらに、エントロピーなどの統計的な数値の解析を行うことにより、提案手法の適用可能な範囲の確認と実用的な応用問題への適用を行う。

3. 研究の方法

本研究は大きく、以下の(1)~(3)のプロセスを実施した。

(1) プログラム実装

提案手法をC言語による実装。これまで研究を行ってきたEDAにおける部分解集団は、各遺伝子座間の依存関係を考慮しない手法であったため、依存関係を考慮した手法を実装し、さらに、解集団については、結合率を実装する。これは、部分解が持つ推定値により局所的な解を推定し、その値を解となる個体に結合率として学習させることにより、交叉による破壊を防ぐものである。

(2) 最適化問題での実験・解析

代表的な組合せ最適化問題のベンチマーク問題、だまし問題、関数最適化問題などにおいて、最適解の発見確率、計算時間、必要メモリ量、頑健性などを各適用問題の種類・規模について、解探索機能が低いと言われていた手法(BOA など)と比較・解析。

(3) 実用的な応用問題への適用

ベンチマーク問題ではなく、実社会において有用な応用問題への適用。

4. 研究成果

研究成果を「3. 研究の方法」と「5. 主な発表論文等」をもとに報告する。

研究の方法(1)(2)に関しては、発表論文「遺伝的アルゴリズムと局所探索型分布推定アルゴリズムによるハイブリッド手法」(平成24年電気学会全国大会)において、図1のように遺伝子座間の相互関係を表すネットワークは、遺伝子列全体で構築するのではなく、適応度が上位の個体を親集団として、それらをいくつかのグループに分け、グループにおいてランダムに選択した遺伝子座間の関係を構築し、部分的に求めたいいくつかのネットワークをループが生じないように統合し、そのネットワークの関係をjつて次世代の子孫を生成する。GA 集団においては、図2のように選択された親個体に対して、ランダムに選択された部分ネットワークを用いて、依存関係が少ない箇所を確率的に交叉点として選択する。構築されたネットワークは、各遺伝子座の相互依存関係を示したものであるが、必ずしも隣り合ったもの同士で関係を持つのではなく、離れた遺伝子座間で関係を持つこともある。

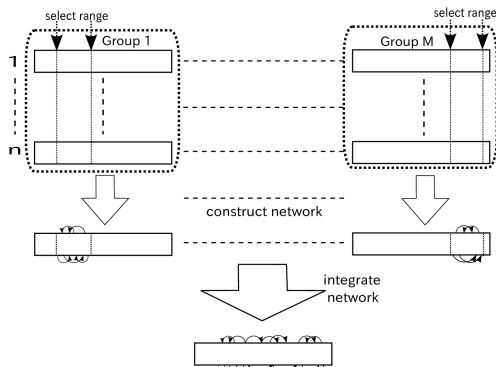


図1. 部分ネットワークの構築

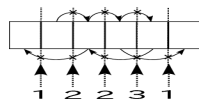


図2. 交叉点の選択

表1は、これらのシステムを典型的なベンチマーク問題である OneMax と Plateau、および、だまし問題である F3cuban1 と F5muh1 における実験結果を示しており、パラメータは各問題において個体数 500、交叉率 0.9、突然変異率 0.01、BOA は切取り (truncate

selection)50%を用い、各30回の試行を行った。ただし、提案手法における個体数は、GA 集団 250、BOA 集団 250 としている。適用問題の規模は、順に 256、198、198、200 とした。表の各数値はおよび各問・システムにおける平均値および分散を示しており、提案手法が一般的なベンチマーク問題において、数値的には大きな差は無いが、他の手法よりも平均的に良好な解を安定的に探索することが出来たことを報告した。

問題	GA	BOA	提案手法
OneMax (256)	253.23 2.3122	255.8 0.1600	256 0
Plateau (198)	63.27 3.1956	65.37 0.5656	66 0
F ³ _{cuban1} (198)	64.15 0.4979	64.76 0.5452	65.62 0.0977
F ⁵ _{muh1} (200)	151.73 10.3289	151.93 5.1122	155.60 2.7567

また、発表論文「Hybrid Algorithm Using Genetic Algorithm and EDA Introducing Partial Search」(ACSE 2012)においては、局所的な探索が必要な F3cuban1 に、大域的な探索が必要な要素を加えたオリジナルの問題(F_{Org})を下式のように設定した。

$$F_{Org}(\vec{x}) = \begin{cases} 1 & \text{if } x_i = 1 \\ \{x_i \mid i \leq 3, 7 \leq i\} & \\ F_{Cuban1}^3(\vec{x}_i) & i = 4 \end{cases}$$

問題規模 200 の結果は、表2のように提案手法の特長が局所的な探索と大域的な探索が必要な問題において効果的を機能することを示し、提案手法の基礎となるシステムがベンチマーク問題に対して、有効性があることを確認した。表2の数値は各システムにおける平均、最大値、最小値、分散、最適解発見回数を示している。

表2. 実験結果2

問題	GA	BOA	提案手法
F _{Org}	157.72	158.90	159.68
	160.0	160.0	160.0
	155.53	157.98	158.38
	1.8189	0.3040	0.3531
	1	1	12

研究の方法(3)に関しては、実社会における応用問題であるビデオゲームのエージェントコントロールおよびタンパク質の立体構造推定問題に対する研究を行った。エージェントコントロールに関しては、発表論文「Development of Ghost Controller for Ms Pac-Man Versus Ghost Team with Grammatical Evolution (IES2012)」および「Grammatical Evolution による Ghost Team 生成と訓練データの検討 (H25 電気学会全国大会)」におい

て、Ms Pac-Man におけるゴーストエージェントを遺伝的アルゴリズムと同様に遺伝子列が線形で表現される GE(Grammatical Evolution)を用いて生成する手法の研究を行い、提案手法を適用するための基礎的なシステムの構築を行った。また、前述のエージェントに関する1つ目の発表論文が雑誌論文としてセレクトされたため、追加実験などを加えた内容を「Development of Ghost Controller for Ms Pac-Man Versus Ghost Team with Grammatical Evolution (Journal of Advanced Computational Intelligence and Intelligent Informatics)」として投稿を行った。

タンパク質の立体構造推定問題に関しては、発表論文「HP Model Protein Folding with Hybrid Algorithm using Genetic Algorithm and Estimation of Distribution Algorithm (ICIEIS2013)」において、実数値を扱う分布推定アルゴリズム(rBOA)で推定された局所的な解のネットワーク構造を遺伝的アルゴリズムでの遺伝的操作に利用することにより、タンパク質の立体構造の特徴である部分的な解構造と大域的な解構造を効率的に探索する手法を提案し、従来手法と比較して効果的な解探索が可能であることを示した。適用問題はタンパク質立体構造推定問題の一つである Hydrophobic-Polar(HP)モデルのHP20,24,25で、パラメータは各問題において個体数500、交叉率0.5、突然変異率0.8、rBOAは切り取り(truncate selection)50%を用い、各25回の試行を行った。ただし、提案手法における個体数は、GA集団250、rBOA集団250としている。表3は実験における最適解の発見回数を示しており、GAだけでは問題規模が大きくなるにつれて最適解を発見する回数が減少するが、提案手法では、GAにおける最適解の発見回数が増加している。提案手法において、HP20でGAにおける発見回数が少ないのは、小規模の問題ではrBOAが先に最適解を発見するので、その時点で探索が終了しているからである。また、提案手法におけるrBOAでの探索は、問題規模が大きくなるにつれて減少し、GAによる発見が増加していることから、提案手法では、rBOAで構築された依存関係をGAが利用することにより、効果的な解探索が行われたと考えることが出来る。

表3．実験結果

問題	GA	提案手法	
		GA	rBOA
HP20	6	2	13
HP24	3	5	2
HP25	2	4	0

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 1件)

1．Kenji Tamura and Takashi Torii, “Development of Ghost Controller for Ms Pac-Man Versus Ghost Team with Grammatical Evolution”, Journal of Advanced Computational Intelligence and Intelligent Informatics, No.6, Vol.17, pp.904-912 (2013)

〔学会発表〕(計 5件)

1．田村謙次, “遺伝的アルゴリズムと局所探索型分布推定アルゴリズムによるハイブリッド手法”,平成24年電気学会全国大会,2012.3.21-23, 広島工業大学

2．田村謙次, “Hybrid Algorithm Using Genetic Algorithm and EDA Introducing Partial Search”, The 7th IASTED International Conference on Advances in Computer Science and Engineering (ACSE 2012), 2012.4.2-4, Phuket, Thailand

3．Kenji Tamura and Takashi Torii, “Development of Ghost Controller for Ms Pac-Man Versus Ghost Team with Grammatical Evolution”, The 16th Asia Pacific Symposium on Intelligent and evolutionary systems (IES2012), 2012.12.12 -14, Kansai Seminar House, Kyoto, Japan

4．田村謙次, 鳥居隆司, “Grammatical EvolutionによるGhost Team生成と訓練データの検討”,平成25年電気学会全国大会,2013.03.20-22, 名古屋大学

5．Kenji Tamura, “HP Model Protein Folding with Hybrid Algorithm using Genetic Algorithm and Estimation of Distribution Algorithm”, The Second International Conference on Informatics Engineering & Information Science (ICIEIS2013), 2013.11.12-14, Kuala Lumpur, Malaysia

〔図書〕(計 件)

〔産業財産権〕

出願状況(計 件)

名称：
発明者：
権利者：
種類：
番号：
出願年月日：
国内外の別：

取得状況(計 件)

名称：

発明者：
権利者：
種類：
番号：
取得年月日：
国内外の別：

〔その他〕
ホームページ等
<https://sites.google.com/site/cguktamura/kaken20112013/>

6. 研究組織

(1) 研究代表者

田村 謙次 (Tamura Kenji)
中央学院大学・商学部・准教授
研究者番号：30367635

(2) 研究分担者

()

研究者番号：

(3) 連携研究者

()

研究者番号：