

集合フェロモンシステム(APS)：集合フェロモンの機能をモデルとする実数値探索アルゴリズムの一構成法の提案

Aggregation Pheromone System: A Real-parameter Optimization Algorithm using Aggregation Pheromones as the Base Metaphor

筒井 茂義

Shigeyosi Tsutsui

阪南大学

Hannan University.

tsutsui@hannan-u.ac.jp, <http://www.hannan-u.ac.jp/~tsutsui/>

Keywords: Swarm Intelligence, ACO (Ant Colony Optimization), Aggregation Pheromones, Real-Parameter Optimization

Summary

This paper proposes an aggregation pheromone system (APS) for solving real-parameter optimization problems using the collective behavior of individuals which communicate using aggregation pheromones. APS was tested on several test functions used in evolutionary computation. The results showed APS could solve real-parameter optimization problems fairly well. The sensitivity analysis of control parameters of APS is also studied.

1. はじめに

群知能 (Swarm Intelligence) に基づく情報処理方式の一つとして、フェロモンを介したアリの群行動にヒントを得た ACO (Ant Colony Optimization) は、多くの最適化に応用されている。これらには、巡回セールスマン問題 (TSP) [Dorigo 96, 97, Stützle 97, Bullnheimer 99a], スケジューリング問題 [Forsyth 97, Costa 97], 配送計画問題 [Bullnheimer 99b], 通信回線ルーティング問題 [Schoonderwoerd 97] などがある。しかし、ACO は、アリのフェロモン軌跡 (Pheromone Trail) 濃度をノード間の関係のモデルとして用いているため、適用できる問題は、順序問題などの離散的問題である。

本論文では、昆虫などの集合フェロモン (Aggregation Pheromones) の機能をモデルとする実数値探索アルゴリズムとして、集合フェロモンシステム APS (Aggregation Pheromone System) の一構成法の提案を行う[筒井 04]。フェロモンは、昆虫などの生物が仲間と協調行動を行う際に、相互に情報交換する際に排出される化学物質である[Law 71]。ACO で使われているフェロモンのモデルは、アリの歩行経路に排出されるフェロモン軌跡であるが、フェロモンには、この他、仲間へ餌の場所の通知、攻撃対象の通知、安全な場所の通知などに使われるものがある。これらは、集合フェロモン (Aggregation Pheromones) と呼ばれる[Lorenzo Figueiras 98]。

本論文で提案する集合フェロモンシステム APS は、こ

の集合フェロモンの機能をモデルとし、実数値探索問題に適用することを目的としている。以下本稿では、第 2 章において、ACO を簡単に振り返る。第 3 章では、本論文の主題である APS について詳しく述べ、第 4 章において代表的な実数値探索問題を用いて実験を行い、APS の性質を明らかにする。第 5 章では、4 章で得られた結果の考察を行い、併せて今後の検討課題について述べる。最後に第 6 章において、本論文のまとめを行う。

2. ACO の概要

本論文で提案する集合フェロモンシステム APS (Aggregation Pheromone System) は、ACO から多くのヒントを得ているので、本章では、ACO の初期の代表的な論文である[Dorigo 96]をベースに、ACO の概要を述べる。

ACO では、「アリ」のフェロモン軌跡の機能をモデルとする。[Dorigo 96]では、このアルゴリズムを AS (Ant System) と呼び、TSP への適用の研究を行っている。今、 N 都市を考え、各都市に $b_i(t)$ ($i=1, \dots, N$) のアリがいると想定する。ここで、 t は、「ACO サイクル」と呼ばれるものである。アリの総数は、 $m = \sum_{i=1}^N b_i$ である。各アリが各都市を以下のような方法で訪問するものとする。(i) 各アリは、フェロモン軌跡濃度に基づいて確率的に経路を選択する、(ii) 一度行った都市は訪問しないという TSP の規則に従う、(iii) 各アリは、全都市を終わった段階で総経路長に基づいて経路にフェロモンを排出する。

2 つの都市 i, j 間の経路 (エッジ) のサイクル t にお

けるフェロモン軌跡濃度を $\tau_{ij}(t)$ で表す． $\tau_{ij}(0) = c$ ，すなわち，初期状態には，各エッジに同じ濃度 c のフェロモン軌跡があると考える．全てのアリが各都市を訪問し終えたとき，各エッジのフェロモン軌跡濃度は，次式によって更新されると考える．

$$\tau_{ij}(t+1) = \rho \cdot \tau_{ij}(t) + \Delta\tau_{ij} \quad (1)$$

ここで， ρ は「蒸発係数」であり， $(1-\rho)$ は t と $t+1$ の間にフェロモンが蒸発する割合を示している．また， $\Delta\tau_{ij}$ は，エッジ (i, j) に新たに排出されるフェロモン軌跡濃度であり，次式のように m 個のアリのフェロモン排出量の総計である．

$$\Delta\tau_{ij} = \sum_{k=1}^m \Delta\tau_{ij}^k \quad (2)$$

ただし， $\Delta\tau_{ij}^k$ は， k 番目のアリにより，エッジ (i, j) に排出されるフェロモン濃度である．この値は，ツアー長が短いほど大きくなるようにするために，ツアー長の逆数に比例するように設定される．

つぎに，都市間の可視度 (Visibility) η_{ij} が $1/d_{ij}$ で定義される．ここで， d_{ij} はエッジ (i, j) の距離である．このとき， k 番目のアリが，都市 i から都市 j に移動する確率 $p_{ij}^k(t)$ を以下のように定義する．

$$p_{ij}^k(t) = \begin{cases} \frac{[\tau_{ij}(t)]^\alpha \cdot [\eta_{ij}]^\beta}{\sum_{s \in \text{allowed}_k} [\tau_{is}(t)]^\alpha \cdot [\eta_{is}]^\beta} & \text{if } j \in \text{allowed}_k \\ 0 & \text{otherwise} \end{cases} \quad (3)$$

ただし， allowed_k は， k 番目のアリが訪問できる都市(まだ訪問していない都市)のリストであり， α と β はフェロモン軌跡濃度 と可視度 η_{ij} との重要性の度合いを制御するパラメータである．

各アリは，ランダムに各都市に配置され，式 3 に基づいて，各都市を巡回する．すべてのアリが巡回を終了したとき，フェロモン軌跡濃度が式 1 に基づいて更新される．以下， $t+1$ として，条件が満たされるまで ACO サイクルが繰り返される．

3. 集合フェロモンシステム APS

3.1 APS の基本モデル

集合フェロモンの働きについては，多くの昆虫などで観察されている．例えば，スズメバチなどが餌の在りかを仲間に伝える行動や配偶相手を誘うための行動 [Bell 84]，ゴキブリが安全な隠れ場所の在りかを仲間に伝え，仲間を呼び寄せる行動 [Sakuma 93] などが良く知られている．[Ono 95] では，ミツバチが仲間を集めてボール状の状態になり，高温状態を作って襲ってくるスズメバチを退治する行動が報告されている．これらの行動は，いずれも集合フェロモンが介在している．空中に分泌された集合フェロモンは，周囲の仲間に検出され，仲間を呼び寄せる働きをする．

本論文で提案する集合フェロモンシステム APS では，集合フェロモンのこの働きを，実数値探索問題を解くための基礎モデルに用いる．良い関数値を持つ場所 (点)

にいる個体は多くの集合フェロモンを分泌し，逆に，悪い関数値をとる場所にいる個体は少ない集合フェロモンを分泌すると考える．この結果，良い関数値を持つ領域のフェロモン濃度は上昇し，悪い関数値を持つ領域のフェロモン濃度は低下する．これを繰り返すことにより，関数値の良いところに個体を集合させることで問題を解く．

ACO では，好ましいノードの順列を探索することが目的であり，探索過程におけるエッジの重要度の変化をフェロモン軌跡濃度関数 $\tau_{ij}(t)$ の変化で置き換えている．これに対して，APS では n 次元空間で与えられる関数の最適点探索を目的としているので，探索過程における各空間点の重要度の変化を，集合フェロモンの濃度関数 $\tau(t, x)$ の変化に置き換えることを考える．ただし，探索空間を X とし，その要素を $x \in X$ で表している．また， t は，ACO サイクルと同様，APS における各繰り返しであり，APS サイクルと呼ぶ．

2章で見たように，ACO では，短いツアーを形成したアリの TSP 経路に含まれるエッジには高い濃度のフェロモンを，長いツアーを形成したアリの TSP 経路に含まれるエッジには低い濃度のフェロモンを放出し，次サイクルのアリの経路選択にこのフェロモン軌跡濃度を反映させる．すなわち，過去に良好なツアーを形成したエッジが選ばれる確率を高くしていく．この際，実際のアリのフェロモン軌跡で起こっているように，「フェロモンの蒸発」を取り入れ，蒸発係数 ρ を用いてフェロモン軌跡濃度の更新が行われる (式 1)．これにより，探索における集中化と多様化の度合いが制御されている．すなわち，蒸発係数 ρ の値を小さくするほど，現在のサイクルの情報を多く使うことになり集中化の度合いが大きくなる．一方， ρ の値を大きくするほど集中化の度合いが小さくなる．

APS でも ACO のこの考え方を以下のように取り入れる．空間に放出された集合フェロモンは，変質や飛散などにより消滅していく．この割合を ACO と同様に「蒸発係数」と呼び， ρ で表すことにする (本節，式 8 参照)．これにより，探索における集中化と多様化の均衡の度合いを制御する．

各サイクルでは， m 個の個体が集合フェロモン濃度に基づいて，探索空間の点 (場所) に吸引される．自然界において，各個体が集合フェロモンに実際にどのように吸引されるかについては，多くの研究がなされているが (例えば，[Bell 84])，各個体は，集合フェロモン濃度が最も高いところに確定的に吸引されるわけではない．そこで，本研究では，(i)各個体は集合フェロモンの濃度の高いところに吸引されやすい，(ii)しかし，そこにはランダム性が存在する，と考え，各個体は，集合フェロモン濃度に確率的に比例して吸引されるモデルを考える．

初期サイクル($t=0$)では，空間の良さについての情報がないので，ACO と同様，集合フェロモンは探索空間に一樣に分布しているとする．すなわち， $\tau(0, x) = c$ とする．ここで， c は定数であり，またフェロモンの総量は定数値 C であるとする．すなわち，

$$\int_X \tau(0, x) dx = \int_X c dx = C \quad (4)$$

つぎに、集合フェロモン濃度関数 $\tau(t, x)$ を基に探索空間 X の点 x に確率的に吸引される場合に用いる集合フェロモン確率密度関数 $p_\tau(t, x)$ を以下のように定義する。

$$p_\tau(t, x) = \frac{\tau(t, x)}{\int_X \tau(t, x) dx} \quad (5)$$

探索空間 X の点 x に吸引された個体は、 X で定義される関数値 $f(x)$ に基づいて、集合フェロモンを放出する。すなわち、与えられた問題の $f(x)$ が良い値を持つ場所にいる個体は多くのフェロモンを放出し、 $f(x)$ が悪い値を持つ場所にいる個体は少ないフェロモンを放出すると考える。

ここで関数 $f(x)$ の良さに応じてどのように放出フェロモン量を決定するかに関しては、いろいろなモデルを考えることができる。関数値の絶対値をベースにする方法や、個体の関数値の良さの順位（ランク値）をベースにする方法などである。関数値の絶対値をベースにする場合には、集団が収束してきたときに、個体相互間の絶対値としての差が小さくなるので、GA などで行われているスケールリング手法 [Goldberg 89] などの導入が必要となる。ランク値をベースにする方法では、このような問題は発生しない。どちらの方法が自然に近いかは議論の余地があるが、ここではモデル化として考え、その扱い易さの観点からランク値をベースとすることにする。なお、ACO でも、フェロモン軌跡濃度の決定にランク値を用いる方法が研究されている [Bullnheimer 99a]。本研究では、最も良い関数値を持つ個体にはランク値 m を、また、最も悪い関数値を持つ個体にはランク値 1 を割り当てる。

サイクル t において、ランク値 r を持つ個体の位置を $x_{t,r}$ で表すと、この個体は、濃度関数 $\Delta\tau'(x_{t,r}, x)$ で与えられる集合フェロモンを $x_{t,r}$ の周辺に放出するものとする。サイクル t において探索空間 X に放出される総フェロモンの濃度関数は、 m 個の個体が放出するフェロモンの合計として、

$$\Delta\tau(t, x) = \sum_{r=1}^m \Delta\tau'(x_{t,r}, x) \quad (6)$$

で与えられる。ここで、各サイクル t において排出されるフェロモンの総量は、式 4 で定義した初期フェロモン量と同じ一定値 C であると仮定する。すなわち、

$$\int_X \Delta\tau(t, x) dx = C \quad (7)$$

3.3 節で述べるサンプリング法は、この仮定を前提としている。

m 個の個体が集合フェロモンの濃度に応じて確率的に吸引されてそれぞれの場所が決まったとき、システムにおけるフェロモン濃度関数は、ACO における式 1 と同様、以下のように更新されるものとする。

$$\tau(t+1, x) = \rho \cdot \tau(t, x) + \Delta\tau(t, x) \quad (8)$$

ここで、 ρ ($0 \leq \rho < 1$) は式 1 と同様、蒸発係数である。フェロモン濃度が更新された後、各個体はリセットされ、つぎの APS サイクルへと進み、終了条件が満たされるまでこのサイクルが繰り返される。この過程において、探索が有望な領域のフェロモン濃度は増大し、探索終了局面では、多くの個体がこの領域に吸引される。このように、APS ではフェロモン濃度がポジティブフィードバックとなって探索が進む。 ρ により、探索における集中化と多様化の均衡の度合いが制御できることは先に述べた通りである。

3.2 各個体が放出するフェロモンの濃度

3.1 節で述べたように、各個体は各サイクルにおけるランク値 r に基づいて、 $\Delta\tau'(x_{t,r}, x)$ で与えられるフェロモンを放出する。本節では、この $\Delta\tau'(x_{t,r}, x)$ を定義する。

各個体が放出するフェロモン濃度に関して、以下のように考える。まず、(i) $\Delta\tau'(x_{t,r}, x)$ は、ランク値 r の個体の位置 $x_{t,r}$ の周辺に放出し、位置 $x_{t,r}$ での濃度が最も高い、また、先に述べたように、(ii) 高いランク値を持つ個体は、低いランク値を持つ個体よりも多くのフェロモンを放出する、さらに、以下のような協調行動、すなわち、(iii) $\Delta\tau'(x_{t,r}, x)$ は、サイクル t において個体が分布する「方向」に影響を受けた形状にフェロモンを放出すると考える。

本研究では、これらの三つの条件を満たすものとして、 $\Delta\tau'(x_{t,r}, x)$ を以下のように決める。

$$\Delta\tau'(x_{t,r}, x) = Kr^\alpha N(x_{t,r}, \beta^2 \Sigma_t) \quad (9)$$

ここで、 α ($\alpha > 0$) は、ランク値の違いを調節するパラメータである。 Σ_t は、個体の分布状況を示す共分散行列である。 β ($\beta > 0$) は、フェロモンの放出の広がり具合を調節するパラメータである。 $N(x_{t,r}, \beta^2 \Sigma_t)$ は、多変量正規分布である。また、放出されるフェロモンの総量は、各サイクルとも同一値 C であると仮定しているため、 K は、

$$K = \frac{C}{\sum_{i=1}^m i^\alpha} \quad (10)$$

となる。

式 9 で定義される $\Delta\tau'(x_{t,r}, x)$ は、 $x_{t,r}$ において最大値を持ち、ランク値が大きくなるにしたがって、値が大きくなり、また、多変量正規分布により個体の分布を反映しているため、上で述べた 3 つの条件を満たしている。 α が大きい場合には、ランク値が大きい個体よりも多くの割合でフェロモンを放出することになり、集中化の度合いが高まる。逆に、 α が小さい場合には、各個体が放出するフェロモン量は均一化に向かい、多様化の度合いが高まる。また、同様に β が大きくなるにしたがって、より広範囲にフェロモンが放出され、多様化の度合いが高まる。逆に、 β が小さくなるに従って、より狭い範囲にフェロモンが放出され、集中化の度合いが高まる。

式 6, 9, 10 から、サイクル t において探索空間 X に放出される総フェロモンの濃度分布関数 $\Delta\tau(t, x)$ は、最終的に以下のように定義される。

$$\Delta\tau(t,x) = C \sum_{r=1}^m \frac{r^\alpha}{\sum_{a=1}^m a^\alpha} N(x_{t,r}, \beta^2 \Sigma_t) \quad (11)$$

3.3 サンプルング法

本節では、サイクル $t+1$ において、式 8 で得られる集合フェロモン濃度関数 $\tau(t+1,x)$ から、各個体が吸引される方法、すなわち、サンプルング法について述べる。

3.2 節で述べたように、各個体は、フェロモン濃度 $\tau(t+1,x)$ に比例して確率的に各場所に吸引される。フェロモン濃度関数 $\tau(t+1,x)$ から式 5 を用いて確率密度関数 $p_\tau(t,x)$ を得る。まず、式 8 の $\tau(t+1,x)$ は、以下のように変形できる。

$$\begin{aligned} \tau(t+1,x) &= \rho \cdot \tau(t,x) + \Delta\tau(t,x) \\ &= \rho^2 \tau(t-1,x) + \rho \Delta\tau(t-1,x) + \Delta\tau(t,x) \\ &= \Lambda \\ &= \rho^{t+1} \tau(0,x) + \sum_{h=0}^t \rho^h \Delta\tau(t-h,x) \end{aligned} \quad (12)$$

したがって、確率密度関数 $p_\tau(t,x)$ は式 5, 7, 12 から、

$$\begin{aligned} p_\tau(t+1,x) &= \frac{\tau(t+1,x)}{\int_X \tau(t+1,x) dx} \\ &= \frac{\rho^{t+1}}{\sum_{T=0}^{t+1} \rho^T} \cdot \frac{\tau(0,x)}{C} \\ &\quad + \sum_{h=0}^t \frac{\rho^h}{\sum_{T=0}^{t+1} \rho^T} \cdot \frac{\Delta\tau(t-h,x)}{C} \end{aligned} \quad (13)$$

として得られる。

一般に、ある確率密度関数 (pdf) $f(x)$ がサブ確率密度関数 $f_s(x)$ の和として $f(x) = p_1 f_1(x) + p_2 f_2(x) + \dots + p_S f_S(x)$ と分解できるとき、 $f(x)$ のサンプルングは、まず、確率 (p_1, p_2, \dots, p_S) で $f_s(x)$ ($s=1, 2, \dots, S$) を選び、つぎに、選ばれた $f_s(x)$ をサンプルングすることで行える。ここで、 (p_1, p_2, \dots, p_S) は確率分布である。これを使うと、式 13 のサンプルングは以下のように三つのサンプルングに分割して行うことができる。

(1) サイクルサンプルング

式 13 において、 $\tau(0,x)/C$ および $\Delta\tau(t-h,x)/C$ ($h=0, 1, \dots, t$) は、式 7 の条件より、それぞれサブ確率密度関数となっている。したがって、まず、確率 $\rho^h / \sum_{h=0}^{t+1} \rho^h$ ($h=0, 1, \dots, t, t+1$) をもって、 h を選択する。 $h=t+1$ のときは $\tau(0,x)/C$ が選択されたことになり、 $h=0, 1, \dots, t$ の時は $\Delta\tau(t-h,x)/C$ が選択されたことになる。これを「サイクルサンプルング」と呼ぶ。

(2) ランクサンプルング

サイクルサンプルングで選ばれた $\tau(0,x)/C$ または $\Delta\tau(t-h,x)/C$ のサンプルングを行う。 $\tau(0,x)/C$ のサンプルングは、一様サンプルングとして容易に行える。 $\Delta\tau(t-h,x)/C$ のサンプルングはサイクルサンプルングと同様である。 $\Delta\tau(t-h,x)/C$ は、式 11 から、

$$\frac{\Delta\tau(t-h,x)}{C} = \sum_{r=1}^M \frac{r^\alpha}{\sum_{i=1}^m i^\alpha} N(x_{t-h,r}, \beta^2 \Sigma_{t-h}) \quad (14)$$

であるので、サイクルサンプルングと同様、まず、確率 $r^\alpha / \sum_{i=1}^m i^\alpha$ ($r=1, 2, \dots, m$) に基づいてランク r を選択する。これを「ランクサンプルング」と呼ぶ。

(3) Cholesky 分解によるサンプルング

ランクサンプルングの後、 $N(x_{t-h,r}, \beta^2 \Sigma_{t-h})$ のサンプルングを行う必要がある。これは多変量正規分布であるので、このサンプルングには Cholesky 分解 [Schatzman 02] を用いることができる。

以上の三つのサンプルングを組み合わせると式 13 をサンプルングするとき、サイクル t が大きくなると、ベクトル $x_{t-h,r}$ や行列 $\beta^2 \Sigma_{t-h}$ を記憶するためのメモリ量が増大する。蒸発係数 ρ は、 $0 \leq \rho < 1$ であるので、式 13 において t が大きくなると、 ρ^{t+1} あるいは、 ρ^h の h の大きい部分は 0 で近似することができる。そこで、 $x_{t-h,r}$ や $\beta^2 \Sigma_{t-h}$ を記憶する記憶領域は過去 H サイクルまでとする。 $t \geq H$ の場合には、 H サイクル以前のデータを捨てることにし、式 13 に代わって、次式で与えられるものを用いる。

$$p_\tau(t+1,x) = \sum_{h=0}^{H-1} \frac{\rho^h}{\sum_{T=0}^{H-1} \rho^T} \times \frac{\Delta\tau(t-h,x)}{C} \quad (15)$$

各サイクルでは、 m 個の個体をサンプルングするのに、式 13 または 15 が用いられるが、ここで、個体間の衝突や風などの環境から発生する「外乱」(perturbation)を導入する。外乱は進化的計算における突然変異と同様な役割を果たす。外乱の適用率 (以下、外乱率) を P_{rate} で表す。

集合フェロモンシステム APS の全体の流れを図 1 に示す。ここで、サイクルの交代時には、ある一定の最良個体を次サイクルに残す戦略を取り入れている。これは予備的な実験の過程で、高い次元の問題での探索の困難さが明らかになり、これを解決するために導入したものである。GA におけるエリート戦略やジェネレーションギャップ [Goldberg 89]、あるいは ES における $(\lambda+\lambda)$ -ES モデル [Schwefel 95] と同様、現サイクルの個体の一部を次サイクルのフェロモン放出個体の候補として保存する。すなわち、各サイクルにおいて、ベスト e ($e = m \times E_{rate}$) 個の個体は、次のサイクルに残される。

4. 実験

本章では、テスト関数を用いて、APS の評価を行う。

4.1 実験方法

テスト関数には、パラメータ間の依存関係 (リンクエッジ) を有するかおよび多峰性を有するかの観点から、進化的計算の研究でよく使われているものから 4 つの関数、すなわち、Sphere 関数 (F_{Sphere})、Ridge 関数 (F_{Ridge})、Rosenbrock 関数 ($F_{Rosenbrock}$)、および Rastrigin 関数 ($F_{Rastrigin}$) を選んだ (表 1 参照)。

F_{Ridge} は変数間に弱い依存関係を有し、また、 $F_{Rosenbrock}$ は変数間にきわめて強い依存関係を有する。 F_{Sphere} および $F_{Rastrigin}$ は、変数間の依存関係を有しない。 $F_{Rosenbrock}$ 、 F_{Sphere} および F_{Ridge} は単峰性関数であり、 $F_{Rastrigin}$ は多峰性関数である。いずれも最小化問題である。 F_{Sphere} 、 F_{Ridge}

1. APS サイクルを初期化($t = 0$)
2. フェロモン濃度関数を一様分布 $\tau(0, x) = c$ に設定して, m 個の個体を一様サンプリングにより得る
3. この m 個の個体を評価し, ランク値 r を与える(最良個体のランク値: m , 最悪個体のランク値: 1)
4. サイクル t における m 個の個体の分布の共分散行列 Σ_t を得る
5. フェロモン濃度関数 $\tau(t+1, x)$ を式 8 により更新
6. ベスト e ($e = m * E_{\text{elite}}$) 個の個体を次サイクル用に保存し, その他の個体を削除する
7. 式 13 ($t < H$ の場合) または, 式 15 ($t \geq H$ の場合) に基づいて m 個の個体をサンプリングする
8. 得られた m 個の個体の評価する
9. ステップ 6 で保存された e 個の個体とステップ 8 で得られた m 個の個体とから, ベスト m 個の個体を得て, それらにランク値 r を与える
10. APS サイクルを更新 ($t = t+1$)
11. 終了条件を判定し, 条件を満たしておればアルゴリズムを終了する. 満たしていなければステップ 4 へ

図 1 APS の全体の流れ

表 1 テスト関数

| テスト関数 | 探索範囲 | 性質 | |
|---------------------------------------------------------------------------|-----------------|--------|-----|
| | | リンクエッジ | 峰 |
| $F_{\text{Sphere}} = \sum_{i=1}^n x_i^2$ | [-3.12, 7.11] | 無 | 単峰性 |
| $F_{\text{Ridge}} = \sum_{i=1}^n (\sum_{j=1}^n x_j)^2$ | [44, 83] | 弱 | 単峰性 |
| $F_{\text{Rosenbrock}} = \sum_{i=1}^n (100(x_i - x_i^2)^2 + (x_i - 1)^2)$ | [-2.048, 2.047] | 強 | 単峰性 |
| $F_{\text{Rastrigin}} = 10n + \sum_{i=1}^n (x_i^2 - 10 \cos(2\pi x_i))$ | [-3.12, 7.11] | 無 | 多峰性 |

および $F_{\text{Rastrigin}}$ の最適解は $(0, 0, \dots, 0)$ である. これらの関数の定義域は, サンプリングバイアスの影響を避けるために定義域をオリジナルなものから変更している.

用いた関数の変数の次元はいずれも 20 とした ($n=20$). APS の各パラメータの値は以下の通りである: 個体数 $m = 100$, 蒸発係数 $\rho = 0.92$, ランク制御係数 $\alpha = 4$, フェロモン放出幅制御パラメータ $\beta = 0.6$, エリートサイズを決定するパラメータ $E_{\text{rate}} = 0.1$, データ記憶サイクル数 $H = 200$. これらのパラメータは, 変数間に最も強い依存関係を有するという意味で困難な問題である $F_{\text{Rosenbrock}}$ 関数を用いてチューニングを行って得られたものである. またこの関数は, 用いたテスト関数の中で, 蒸発係数 ρ の変動に対して最適解を得るのに最も感度が高い関数である (4.3 節, 図 3 参照). また, 外乱率に関しては, $F_{\text{Rosenbrock}}$ 関数を用いてチューニングを行い, $p_{\text{rate}} = 0.0005$ とし, 小さな外乱 $N(0, \sigma^2)$ ($\sigma = 1$) を用いる.

実験は 20 回行い, 最適解が得られる回数 (#OPT), 最適解を得るのに要した関数評価回数の平均 (MNE: Mean Number of Evaluations) で評価する. 最適解が得られたという判定は, 空間 X で最適解の ± 0.0001 の近傍に値が得られたときとする. $F_{\text{Rastrigin}}$ 関数を除いて, 最大関数評価回数は 500,000 とした. $F_{\text{Rastrigin}}$ 関数の最大評価回数は

2,000,000 とした.

4.2 デフォルトパラメータ値を用いたときの結果

4.1 節で述べたパラメータ値 (以下, デフォルト値と呼ぶ) を用いた APS の性能を, 従来の進化的計算の方法と比較するため, 実数値 GA を取り上げ, その代表的なオペレータであるシプレックス交叉 (SPX) [樋口 01] の結果と比較した. その結果を表 2 に示す. SPX も $F_{\text{Rosenbrock}}$ を用いてチューニングを行った. 集団サイズは 300 とし, 世代交代モデルには MGG [佐藤 97] を用いる. 標準の MGG では, 親個体数が 2 であるが, SPX は, n 次元空間のシプレックスを構成する $n+1$ 個 (本実験では $20+1=21$ 個) の親個体を用いるので, その変更を行っている.

この結果から, F_{Sphere} および F_{Ridge} において APS は, SPX よりも優れた結果を示している (小さい MNE). $F_{\text{Rosenbrock}}$ では, MNE は SPX よりも 1/2 以下である.

多峰性関数の $F_{\text{Rastrigin}}$ では, APS は, SPX とほぼ同等の結果を示した. この結果については, 次節(4)項において考察を行う. $F_{\text{Rosenbrock}}$ の APS と SPX との収束状況の比較を図 2 に示す. APS は, SPX よりも, 高速でかつ安定的な収束状況を示していることが分かる.

表 2 APS と SPX の比較

| Function | F_{Sphere} | F_{Ridge} | $F_{\text{Rosenbrock}}$ | $F_{\text{Rastrigin}}$ |
|----------|---------------------|--------------------|-------------------------|------------------------|
| APS | #OPT | 20/20 | 20/20 | 20/20 |
| | MNE | 79475.0 | 101660.0 | 121760.0 |
| | STD* | 1330.5 | 1765.4 | 8882.3 |
| SPX | #OPT | 20/20 | 20/20 | 20/20 |
| | MNE | 136017.8 | 179078.3 | 265766.3 |
| | STD* | 1200.6 | 2337.1 | 27152.5 |

* STD: 標準偏差

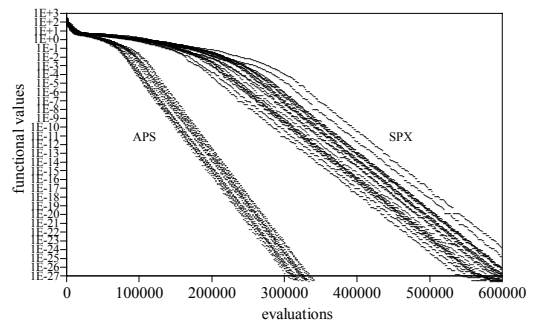


図 2 $F_{\text{Rosenbrock}}$ における収束過程

4.3 パラメータに対する感度解析

ここでは, 各パラメータの性能に対する影響を見るために, デフォルト値から値を変動させた場合の性能の変化を見る. いずれも, 探索における集中化と多様化の均衡の度合いに関係する重要なパラメータである.

(1) 蒸発係数 ρ の感度

蒸発係数 ρ をデフォルト値 0.92 の周辺区間 [0.8, 0.98] において, 0.02 間隔で変更した場合の結果を図 3 に示す. ρ の値が大きくなるにしたがって, 過去に放出されたフェロモンが多く残る F_{Sphere} および F_{Ridge} では ρ が [0.84,

0.86] の範囲で #OPT = 20 を保ちながら MNE が最も小さくなる。これに対して、変数間に強い依存性を有する $F_{Rosenbrock}$ では、 ρ の変動に対して、最適解が得られる範囲が、最も狭くなっている。また、デフォルト値である $\rho=0.92$ のときに、最も小さい MNE となっている。この ρ の値は、 F_{Sphere} および F_{Ridge} に対する最適な ρ の値よりも大きいことが分かる。パラメータに依存性を有しない $F_{Rastrigin}$ では、やはり ρ の値は 0.92 よりも小さい [0.8, 0.86] の値で #OPT = 20 を保ちながら MNE が最小となっている。これらの結果から、変数間の依存関係が強い関数では、 ρ の値が大きい、すなわち、 ρ で制御される多様化の度合いが重要であることが分かる。また、別の見方をすれば、 ρ の値が大きいことは、過去のフェロモン濃度の情報をより用いることを意味しており、変数間の依存関係が強い関数では、過去の探索過程の情報をより用いることが効果的であることも示唆している。

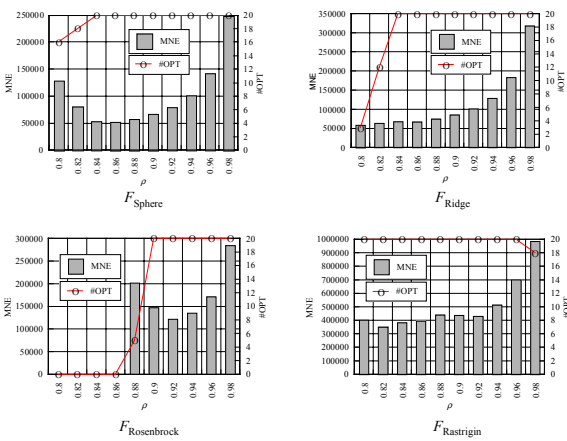


図3 蒸発係数 ρ の影響

(2) ランク制御係数 α の感度

ランク制御係数 α の値の影響を見るために、 α の値を区間 [2, 8] で変化させた場合の結果を図4に示す。ここでは、関数 F_{Sphere} および $F_{Rosenbrock}$ を用いた。 α の値が大きくなるにしたがって、高いランク値を持つ個体がより多くのフェロモンを放出し、集中化の度合いが高まる。この結果、 F_{Sphere} の結果から分かるように、 α の値が大きくなるにしたがって、MNE は小さくなり、探索効率が上がっている。しかしながら、変数間の依存関係が強い関数 $F_{Rosenbrock}$ では、大きな α は逆効果となっている。

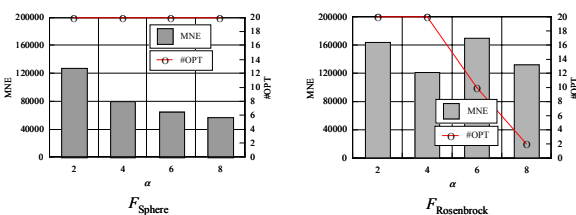


図4 ランク係数 α の影響

(3) フェロモン放出幅制御係数 β の感度

関数 F_{Sphere} および $F_{Rosenbrock}$ を用いて、フェロモン放

出幅制御係数 β の影響を区間 [0.5, 0.7] で変化させた場合の結果を図5に示す。 β の値が大きくなるにしたがって、フェロモンは広範囲に放出され、多様化の度合いが高まり。逆に小さくなるにしたがって、狭い範囲に放出され、集中化の度合いが高まる。変数間に依存関係がない単調な関数 F_{Sphere} では狭い範囲に放出することで集中化が進み、効果的な探索が行われることが分かる。しかし、変数間の依存関係が強い関数 $F_{Rosenbrock}$ では、フェロモンの放出範囲が狭くなると、過剰な集中化により、探索は失敗となっている。また一方、 β が大きくなりフェロモンの放出範囲が拡大し過ぎても、探索効率が低下することが分かる。

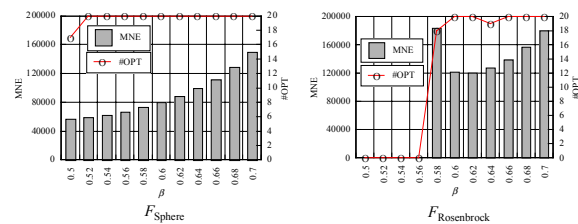


図5 フェロモン放出幅制御係数 β の影響

(4) 外乱に対する感度

この実験では、 $P_{rate} = 0.0005 N(0, \sigma^2)$ ($\sigma=1$) の外乱を適用しているが、この値は、多峰性関数 $F_{Rastrigin}$ を用いてチューニングを行ったものであった。外乱以外は表2のデフォルト値と同じとし、外乱を与えない ($P_{rate}=0$) 場合の結果を、SPXの結果とともに表3に示す (SPXの場合は突然変異率 $M_{rate}=0$)。同表の結果を表2の結果と比較すると、単峰性関数である F_{Sphere} F_{Ridge} および $F_{Rosenbrock}$ では、APS, SPXともに、MNEの値は表2の値とほぼ同等であり、外乱(突然変異)の効果はないと言える。しかし多峰性関数の $F_{Rastrigin}$ 関数では、外乱(突然変異)の効果は明らかである。外乱を与えない場合は、APSは最適解を発見することができなかった (#OPT=0)。SPXの場合は、#OPT=8に減少している。

表3 外乱および突然変異を与えない場合のAPSとSPXの結果

| Function | F_{Sphere} | F_{Ridge} | $F_{Rosenbrock}$ | $F_{Rastrigin}$ |
|----------|--------------|-------------|------------------|-----------------|
| APS | #OPT | 20/20 | 20/20 | 0/20 |
| | MNE | 78200.0 | 100085.0 | 121465.0 |
| | STD* | 1387.8 | 1989.4 | 14123.3 |
| SPX | #OPT | 20/20 | 20/20 | 8/20 |
| | MNE | 135261.8 | 179015.3 | 263514.0 |
| | STD* | 1686.0 | 1682.5 | 27562.8 |

* STD: 標準偏差

図6は、関数 $F_{Rastrigin}$ においてAPSの外乱率 P_{rate} とSPXの突然変異率 M_{rate} を変化させた場合の結果である。両者を比較した場合、APSは、SPXに比較して外乱率の変動に対して感度が高くなっている。

本実験のSPXの世代交代モデルに用いているMGGでは、シプレックスを構成する21個の親個体を集団からランダムに選び、1回の交叉で親個体数の15倍の子個体、すなわち、 $21 \times 15 = 315$ の子個体を生成する。ここで得ら

れた子個体と親個体とを合わせたものからトーナメント法を用いて 21 個体を選択し、元の親個体と交換する。これが 1 世代となる。このように、MGG では、部分的な個体のみが更新され、エリート保存とともに選択法にランダム性が含まれるために、集中化と多様化の均衡に優れているとされている[佐藤 97]。このような視点での APS サイクルの見直しも今後の研究課題であると考えられる。

このような方向の予備的な検討として、APS のサイクルモデルとして、図 1 のモデルと異なり、全体の 90% の個体を保存し、各サイクルで新たにサンプリングする個体を 10% と変形した場合の $F_{\text{Rastrigin}}$ の結果では、 $P_{\text{rate}} = 0.001$ のとき、 $MNE = 188,595.5$ となり、表 2 の結果の 1/2 以下と大きく改善された。

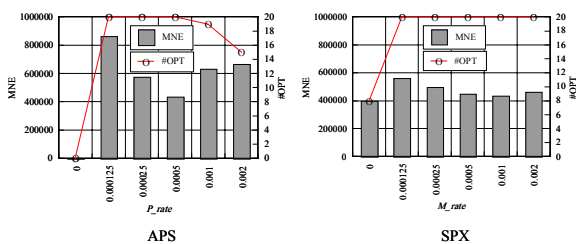


図 6 外乱率と突然変異率の影響

5. 結果の考察と今後の課題

本章では、第 4 章で得られた結果の考察を行い、また、APS の今後に残された研究課題について述べる。

まず、APS は、変数間の依存関係が強い場合も含めて単峰性関数では優れた性質を有していることが明らかになった。一方、多峰性関数では特徴的な優位性は得られなかった。

一般に探索においては、集中化 (Exploitation) と多様化 (Exploration) の均衡を図ることが重要となる。本論文で提案している APS には、蒸発係数 ρ 、ランク制御係数 α 、およびフェロモン放出幅制御係数 β の 3 つのパラメータが集中化と多様化の均衡の度合いの制御をしている。4.3 節(1)~(3)ではこの視点からこれらのパラメータの感度解析を行った。これらのパラメータを適切にチューニングすることによって、APS の探索能力を向上させることができることが明らかになった。

しかし、 $F_{\text{Rastrigin}}$ 関数の結果から分かるように、多峰性関数では、これらのパラメータの調整のみでは、解を得ることができず、外乱の導入による多様性の確保が必要であることが明らかになった (4.3 節(4)項参照)。本実験で用いた外乱は、 $N(0, \sigma^2)$ を用いているが、これは個体の場所 x に微小な変動を与えており、いわば「局所的な空間における多様化」を実現する役割をしていると言える。これに対して、蒸発係数 ρ 、ランク制御係数 α 、およびフェロモン放出幅制御係数 β は、探索空間におけるいわば「大域的な空間における集中化と多様化」の制御をしていると言える。

4.3 節の感度解析では、デフォルト値からの変動の解

析を行ったのみであるが、相互に変動させた場合の解析も必要であり、これらの解析を通して、探索における各パラメータの集中化と多様化の均衡に果たす役割の機能分担が明らかになると考えられる。

4.3 節(4)項では、MGG が多様性を維持している理由をやや詳しく述べた。APS においても APS サイクルモデルを改良することにより同様の効果が期待できる可能性があることは同項でも述べたが、このような、APS サイクルモデルの改良については今後の研究が必要である。

なお、本論文では、実数値 GA として、SPX を取り上げ、APS との比較を行ったが、UNDX [Ono 97]、PCX [Deb 02] などとの比較評価も今後に残されている。また、APS は分布推定アルゴリズム EDAs (estimation of distribution algorithms) [Pelikan 99, Larranaga 02] とモデリングやサンプリングなどの数式上の類似点があり、これらの関係についても、今後考察していく必要がある。

6. むすび

以上本論文では、集合フェロモンの働きをモデルとする新しい実数値探索アルゴリズムとして、集合フェロモンシステム APS (Aggregation Pheromone System) を提案し、テスト関数を用いて評価を行った。

実験の結果、APS は実数値探索アルゴリズムとして、変数間の依存関係が強い場合も含めて単峰性関数では優れた性質を有し、また、多峰性関数では外乱を導入することにより、従来の GA と同等な結果が得られことを確認した。さらに、APS の制御パラメータの感度解析を行い、それらの APS の性能への影響を明らかにした。

今後は、第 5 章で述べたような研究課題について、さらに研究を進め、高性能な APS の実現の研究を行っていく予定である。

謝辞

集合フェロモンに関する有益な情報を提供していただいた、玉川大学農学部昆虫学研究室 小野 正人助教授に深く感謝いたします。本研究の一部は、文部科学省科学研究補助金 (基盤研究 C) 課題番号 16500143 および同志社大学学術フロンティア「知能情報科学とその応用」研究プロジェクトの一環として行われた。

参考文献

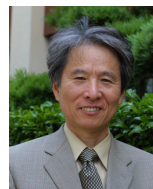
- [Bell 84] Bell, W. J.: *Chemo-orientation in Walking Insects, Chemical Ecology of Insects*, Bell, W. J. and Carde, R. T. Eds, pp. 93-109 (1984).
- [Bullnheimer 99a] Bullnheimer, B., Hartl, R. F., and Strauss, C.: A New Rank Based Version of the Ant System: A Computational Study, *Central European Journal for Operations Research and Economics*, Vol. 7, No. 1, pp. 25-38 (1999).
- [Bullnheimer 99b] Bullnheimer, B., Hartl, R. F., and Strauss, C.: Applying the Ant System to the Vehicle Routing Problem, *Meta-Heuristics: Advances and Trends in*

- Local Search Paradigms for Optimization*, Voss, S., et al (Eds.), Kluwer (1999).
- [Costa 97] Costa, D. and Hertz, A.: Ants Can Colour Graphs. *Journal of the Operational Research Society*, Vol. 48, pp. 295-305 (1997).
- [Deb 02] Deb, K., Anand, A., and Joshi, D.: A Computationally Efficient Evolutionary Algorithm for Real-Parameter Optimization, *Evolutionary Computation*, Vol. 10, No. 4, pp. 371-395 (2002).
- [Dorigo 96] Dorigo M., Maniezzo, V., and Colorni, A.: The Ant System: Optimization by a Colony of Cooperating Agents, *IEEE Trans. on SMC-Part B*, Vol. 26, No. 1, pp. 29-41 (1996).
- [Dorigo 97] Dorigo M. & L.M. Gambardella (1997). Ant Colony System: A Cooperative Learning Approach to the Traveling Salesman Problem. *IEEE Trans. On Evolutionary Computation*, Vol. 1, No. 1, pp. 53-66 (1997).
- [Forsyth 97] Forsyth P. and Wren, A.: An Ant System for Bus Driver Scheduling. *Proc. of the 7th Int. Workshop on Computer-Aided Scheduling of Public Transport* (1997).
- [Goldberg 89] Goldberg, D. E.: *Genetic algorithms in search, optimization and machine learning*. Reading, MA: Addison-Wesley publishing company (1989).
- [Higuchi 00] Higuchi, T., Tsutsui, S., and Yamamura, M.: Theoretical analysis of simplex crossover for real-coded Genetic Algorithms, *Proc. of the PPSN VI*, pp. 365-374 (2000).
- [樋口 01] 樋口, 筒井, 山村: 実数値GAにおけるシンプレクス交叉の提案, *人工知能学論文誌*, Vol. 16, No. 1, pp. 146-155 (2001).
- [Kuntz 97] Kuntz P., Layzell, P., and Snyers, D.: A Colony of Ant-like Agents for Partitioning in VLSI Technology. *Proc. of the 4th European Conf. on Artificial Life*, pp. 417-424, MIT Press (1997).
- [Larranaga 02] Larranaga, P. and Lozano, J. A. (eds): *Estimation of distribution algorithms*, Kluwer Academic Publishers (2002).
- [Law 71] Law, J. H. and Regnier, F. E.: *Annual Review of Biochemistry*, Vol. 40, pp. 533-548 (1971).
- [Lorenzo Figueiras 98] Lorenzo Figueiras, A.N. and Lazzari, C. R.: Aggregation behavior and interspecific responses in three species of Triatomine, *Memórias do Instituto Oswaldo Cruz*. Vol. 93, No. 1, pp. 133-137 (1998).
- [Ono 95] Ono, M., Igarashi, T., Ohno, E., and Sasaki, M.: Unusual thermal defence by a honeybee against mass attack by hornets, *Nature*, Vol. 377, No. 6547, pp.334-336 (1995).
- [Ono 97] Ono, I. and Kobayashi, S.: A Real-Coded Genetic Algorithm for Function Optimization Using the Unimodal Normal Distribution Crossover, *Proc. of the 7th Int. Conf. on Genetic Algorithms*, pp. 246-253, (1997).
- [Pelikan 99] Pelikan, M., Goldberg, D. E., and Lobo, F. G. : A survey of optimization by building and using probabilistic models, *Technical Report IlliGAL Report 99018*, University of Illinois at Urbana-Champaign (1999).
- [Pena 02] Pena, J. M., Lozano, J. A., and Larranaga, P.: Benefit of Data Clustering in Multimodal Function Optimization via EDAs, *Estimation of Distribution Algorithms*, Larranaga, P. and Lozano, J. A. (Eds), Kluwer Academic Publishers, Chap. 10, pp. 211-229 (2002).
- [Sakuma 93] Sakuma, M. and Fukami, H.: Aggregation arrestant pheromone of the German cockroach, *Blattella germanica* (L.) (Dictyoptera: Blattellidae): isolation and structure elucidation of blastellastanoside-A and -B, *Journal of Chem. Ecol.* Vol. 19, pp. 2521-2541 (1993).
- [佐藤 97] 佐藤, 小野, 小林: 遺伝的アルゴリズムにおける世代交代モデルの提案と評価, *人工知能学会誌*, Vol. 12, No. 5, pp. 734-744 (1997).
- [Schwefel 95] Schwefel, H-P.: *Evolution and optimum seeking*, 6-th-Generation Computer Thecnology Series, John Wiley & Sons, Inc., New York (1995).
- [Stützle 97] Stützle, T. and H. Hoos, H.: The MAX-MIN Ant System and local Search for Combinatorial Optimization Problems: Towards Adaptive Tools for Global Optimization, *Proc. of the 2nd Metaheuristics Int. Conf. (MIC-97)* (1997).
- [Schatzman 02] Schatzman, M., Taylor, J., and Schatzman, M.: *Numerical Analysis: A Mathematical Introduction*, Oxford Univ Press (2002).
- [Schoonderwoerd 97] Schoonderwoerd, R., Holland, O., Bruten, J., and L. Rothkrantz, L.: Ant-based Load Balancing in Telecommunications Networks. *Adaptive Behavior*, Vol. 5, No. 2, pp. 169-207 (1997).
- [筒井 04] 筒井: 関数最適化向き探索アルゴリズム集合フェロモンシステムについて, *情報処理学会研究会報告*, Vol. 2004, No. 42, pp. 33-36, 情報処理学会 (2004).
- [Whitley 89] Whitley, D.: The GENITOR Algorithm and Selective Pressure: Why Rank-Based Allocation of Reproductive Trials is Best, *Proc. 3th Int. Conf. on Genetic Algorithms*, pp. 116-121 (1989).

〔担当委員: 栗原 聡〕

2004年7月7日 受理

著者紹介



筒井 茂義 (正会員)

1967年大阪市立大学工学部電気工学科卒業。1969年同大学院工学研究科修士課程修了。同年(株)日立製作所入社, 中央研究所, 1978年同社システム開発研究所勤務。1987年より阪南大学に勤務。現在経営情報学部 経営情報学科, 兼大学院 企業情報研究科 教授。2000年4月 - 2001年3月イリノイ大学 IlliGAL 客員研究員。工学博士。経営情報システム, 進化的計算の基礎の研究に従事。1993年度人工知能学会全国大会優秀論文賞受賞, 1996年度人工知能学会論文賞受賞。人工知能学会, 情報処理学会, システム制御情報学会, IEEE 各会員。