共進化の機構を用いた遺伝的アルゴリズムの提案†

半田 久志*・片井 修**・馬場 則夫***
榎木 哲夫****・小西 忠孝*・馬場 充*

Proposal of a New Genetic Algorithm Utilizing a Mechanism of Co-Evolution†

Hisashi HANDA*, Osamu KATAI**, Norio BABA***,
Tetsuo SAWARAGI****, Tadataka KONISHI* and Mitsuru BABA*

In this paper, we propose a new Genetic Algorithm involving a mechanism of Co-evolution. Our Coevolutionary Genetic Algorithm consists of two Genetic Algorithms (GAs): a traditional GA which searches for the optimal solutions for given problems, and another GA to search for effective schemata in the former GA. Also, we adopt binary coding, partial spaces in genetic space, and rotated partial spaces as the coding method for the individuals in the latter GA, namely, schemata for the former GA. Moreover, we discuss on the effectiveness of coding and fitness evaluation for our Coevolutionary Genetic Algorithm. Several computational results on function optimization problems confirm the effectiveness of our approach.

Key Words: co-evolution, genetic algorithms, schemata exploration

1. はじめに

近年、創発性を有するシステムに関する研究がさかに行われている^{1)~3)}。創発とはミクロレベルでの振舞からマクロレベルにおける秩序が形成され、そして、このような秩序がミクロレベルの振舞に影響を与えるような現象を指している。この創発現象を支える原理・メカニズムを解明、そして利用することにより、従来の人工システムにさらなる頑健性、適応性を与えると考えられる。ところで、遺伝的アルゴリズム(GA)^{4)~7)}はスキーマという形を通して創発的探索を行っている^{8),9)}とされている。本論文では、解レベルとスキーマレベルといった2つの異なる抽象度で並行に探索し、かつ、互いに影響を与え合う「共進化」の機構を用いた新しいGAの提案を行なう^{8),9)}。ここでは、進化型計算による探索における「抽象度」として、個体に含まれる遺伝情報に着目している。すなわち、解レベルの個体とは解空間内において1点を表し

ており、スキーマレベルの個体は解空間内において部分空間を表している。

提案手法はGAにおける集団を2つ内包している：第1の集団は与えられた問題に対してGAを適用して解の探索を行なう。そして、第2の集団は、第1の集団に内在する有用なスキーマを探索するGAを用いて進化を行う。これらのGAはsuperpositionとtranscriptionという2つの遺伝演算子を通して互いに有用な情報を交換することにより効果的な探索を試みる。さらに、本論文では、第2の集団のための符号化法として、バイナリコーディングでのスキーマ表現、部分空間表現、そして、回転を許容した部分空間表現を用い、それぞれについて考察を加える。

ここで、関連する研究について述べる：遺伝的アルゴリズムの研究分野において、共進化の概念を導入した先駆的研究としてHillsの研究が挙げられる¹⁰⁾。彼はソーティングネットワークに対して捕食-非捕食の関係に基づいた共進化のアルゴリズムの検討を行った。Paredisは制約充足問題に対して、共進化を行う遺伝的アルゴリズムの提案を行っている¹¹⁾。また、進化型計算手法において、スキーマ指向で探索を行なうアルゴリズムにはCultural Algorithms (CA) や Stochastic Schemata Exploiter (SSE) といったものが挙げられる^{12)~14)}。とくに、CAは従来型GAの探索にbeliefs空間での探索を利用することにより探索性能の改善を図る。ある特別な方法を用いて部分空間を探索し、それをGAの性能改善に結びつけるという意味でこのCAと本提案手法は類似している。しかしながら、CAが毎世代ごとに現在の集団

† 第25回知能システムシンポジウムで発表(1998・3)

* 岡山大学工学部 岡山市津島中3-1-1

** 京都大学大学院情報学研究科 京都市左京区吉田本町

*** 大阪教育大学教育学部 柏原市旭ヶ丘6-498-1

**** 京都大学大学院工学研究科 京都市左京区吉田本町

* Faculty of Engineering, Okayama University, Okayama

** Graduate School of Informatics, Kyoto University, Kyoto

*** Faculty of Education, Osaka Kyoiku University, Osaka

**** Graduate School of Engineering, Kyoto University, Kyoto

(Received January 29, 1999)

(Revised September 3, 1999)

における beliefs 空間を形成するのに対し、本提案手法は第二の GA が並行してスキーマ空間を探索するという点が特色である。

2. 共進化の概念を用いた遺伝的アルゴリズム

2.1 提案手法の概要

進化型計算手法において、与えられた問題に対する解空間の部分空間はスキーマと呼ばれる。このスキーマの中には有用な遺伝情報からなる解をたくさん保有するものがある。このような有用スキーマはビルディングブロックと呼ばれ、ビルディングブロック仮説に示唆されるように、これを有効に活用することで GA に効果的な探索能力を与えられられる⁵⁾。しかしながら、有用スキーマは、探索終了時に集団に潜在的に内在する個体間の共通情報をもとにして、解析・観測されることが多く、進化過程においてこのスキーマ情報を明示的に取り出し効果的に活用することは困難である。そこで、何らかの特別な方法をもちいて有用スキーマを探索し、その結果得られた有用スキーマを従来型 GA の探索に利用することで性能の改善を図る。

まず、提案手法における共進化の枠組みについて説明を行う。Fig. 1 に描かれているように、共進化型 GA は抽象度がそれぞれ異なるレベルで探索を行う 2 つの GA で構成される：図中のホスト (Host) GA (以下 H-GA と略記) は解レベルで探索を行なう従来型 GA であり、与えられた問題に対して最適解の探索を行なう。そして、パラサイト (Parasite) GA (以下 P-GA と略記) はスキーマレベルで探索を行う。すなわち、H-GA の遺伝子空間内で有用な部分空間の探索を試みる GA である。この共進化型 GA では、H-GA と P-GA の集団間で遺伝情報を伝播するために superposition と transcription という 2 つの遺伝演算子が導入されている。ここで、H-個体と P-個体はそれぞれ H-GA と P-GA の集団に内在する個体を表すものとする。

われわれの共進化型 GA は Fig. 2 に示される手順で計算が行われる：まず、H-GA が 1 世代分だけ進化を行う、つまり、選択、交叉、突然変異、子 H-個体の適応度評価というプロセスを行う。つぎに P-GA の集団に対して、選択、交叉、突然変異という遺伝演算を行う。P-個体は 1 つのスキーマを表現しており、単純にその適応度評価を行えない。そこで、集団内の各 P-個体に対して、(1) H-個体の遺伝情報を用いてあたらしい遺伝情報の生成 (superposition)、(2) 生成された個体の適応度評価、(3) 生成された個体が有用な個体であった場合、H-個体に情報転写 (transcription) を行う。これらの処理を繰り返すことにより提案手法による探索が行われる^(注1)。superposition 演算子は P-個体の適応度評価を行うために用いられ、H-個体の遺伝情報を P-個体が活用するためのものである。われわれの提案手法では、P-個体は H-GA

Fig. 1 A conceptual depiction of coevolutionary GA

```

Procedure Coevolutionary GA
begin
  Evolution of H-GA One Generation;
  Selection in P-GA;
  Crossover in P-GA;
  Mutation in P-GA;
  for each children in P-GA
    begin
      Superposition;
      Fitness Evaluation of Children;
      Transcription;
    end
  end

```

Fig. 2 Pseudo code for our Coevolutionary GA

におけるスキーマ、すなわち、解空間の部分空間を表している。スキーマの評価は部分空間内のすべての解についての平均適応度を用いることが多いが、部分空間が膨大であるときには計算コストが非常に大きくなる。そこで、ランダムにサンプリングされた H-個体を H-GA の遺伝子空間にて部分空間を表現している P-個体に射影することによって、この遺伝演算子は新しい個体を H-GA の遺伝子空間内に生成し、新しくできた遺伝情報を活用して P-個体の適応度を計算する。具体的な演算方法は P-個体のコーディング法に依存するために、2.4 節にてこの遺伝演算子に関する詳細を P-個体のコーディング法とあわせて述べる。そして、transcription 演算子は P-個体に施された superposition 演算によって見出された効果的な遺伝情報を H-個体に伝播するものである。この遺伝演算子については 2.3 節にて詳細を述べる。

以下の小節では、まず、P-GA の適応度計算法について説明を行い、つぎに、P-GA の符号化法とそれに促した superposition 演算子について述べる。

2.2 P-GA の適応度評価

P-GA は H-GA の有用スキーマを探索している。P-GA が探索すべき部分空間 (スキーマ) には次のようなものがあると考えられる：(1) H-GA によってまだ発見されていない部分空間 (スキーマ) または単に (2) ビルディングブロックとなりうるような高い適応度を持つ部分空間。一般的に、スキーマの平均適応度はそのスキーマに属するすべての個体の平均適応度でなくてはならない。しかしながら、スキーマのオーガが小さいときにはすべて個体の適応度を計算することは困難である。それ故、スキーマの平均適応度はそのスキーマに属する個体の中でサンプルされた個体の適応度の平均

(注1) 本提案手法において、P-GA は世代ギャップ¹⁴⁾を 1 としている、すなわち、子個体のみを用いて次世代を形成する。

状態にあると考えられ、積極的にP-GAによる探索結果を伝播することによってH-GAの高原状態からの脱却を試みる。なお、前節の差分法、平均法に関わらず、本節で導入した方法でtranscription演算が行われる。

2.4 P-GAに対するコーディング法

本論文では、H-GAとして実数型GAを用いており、P-GAに対するコーディング法として、“バイナリコーディング上でのスキーマ表現”、“部分空間”、“回転を許容した部分空間表現”を用いている。以下では、これらのコーディング法について述べるとともに、それらに即したsuperposition演算子について述べる。

バイナリコーディング上でのスキーマ表現

ここでは、P-個体をバイナリコーディングで解空間を符号化した時のスキーマで表す。すなわち、P-個体の対立遺伝子は $\{0, 1, *\}$ の三つ組で表現される（“*”はスキーマ表現でよく用いられるdon't careシンボルを表す）。このとき、Fig. 4 (a)に示されるように、あるひとつのP-個体は問題空間内においていくつかの閉領域で表現されると考えられる。このとき、Fig. 4 (b)に示されるように、superposition演算が行なわれる：まず始めに、H-個体の遺伝情報について2進符号化を行なう。このとき、桁が落ちるため符号化がなされなかった遺伝情報については記憶しておく。この符号化されたH-個体（図中H-Indiv'）とP-個体を用い、図中のようにして、つまり、P-個体のdon't careシンボル部分の遺伝情報の上書きを行なう。この上書きされた個体（New Child'）をもとの実数表現に戻してやり（New Child'）、先ほど記憶しておいた桁落ちした情報（Cancellation Digits）を加えることによりsuperposition演算を行なうものとする。この桁落ちした情報を付加するのは以下のような理由からである：仮に何かしらの情報を上書きされた個体に付加しなかった場合、superposition演算によってできる個体はP-GAが用いている符号化法で表現される格子点上に限定されてしまう。すなわち、ここでは、superposition演算によって作られる個体に多様性を持たせるために、上書きされた個体に桁落ちした情報を付加している。

このコーディング法では、もともとの解空間をH-GAが探索し、2進符号化された空間をP-GAが探索する。すなわち、近傍構造が異なる2つの空間における共進化が行なわれる。

部分空間を用いた符号化

本論文では、H-GAとして実数型GAを用いているため、H-個体は実数ベクトルで表現される。ここでは、P-個体としてこのH-個体にいくつかのdon't careシンボルを埋め込んだものを用いる。このようなコーディングを用いたP-個体は、解空間内においてFig. 5 (a)に描かれているような線や平面で表される。この図から分かるように、ここでのP-個体は解空間の部分空間を表現している。このスキーマ表現は各遺伝子座に格納される対立遺伝子を実数にした表現であり、バイナリコーディングにおけるスキーマ表現の単純な拡張と見なすことができる。したがって、バイナリコーディン

Fig. 5 P-Individuals in H-GA's genetic space in (a) and Superposition Operator in (b) in real coding representation

Fig. 6 P-Individuals in H-GA's genetic space in (a) and Superposition Operator in (b) in real coding with rotation

グのときと同様にして、交叉演算を適用することが可能である。しかしながら、このようなコーディングがなされたパラサイト個体にとって、個体に内在するdon't careシンボルの個数が変化するということは、そのパラサイト個体が表現する部分空間の次数が変わることに相当し、問題空間内において及ぼす影響が先ほどのバイナリコーディングとは少し異なることを留意しておく必要がある。またこのコーディングにおけるsuperposition演算はFig. 5 (b)のようにして行なわれる。ここでは、superposition演算はP-個体に欠損している遺伝情報（don't careシンボルで表現されている）をH-個体の遺伝情報で代替することで実現している。

回転を許容した部分空間表現

先ほどの部分空間を用いたコーディング法では、Fig. 5 (a)を見ても明らかなように、問題空間を規定するそれぞれの軸に沿った形をしたスキーマしか表現することができない。先ほどの拡張は単純で実装が容易なものであったが、与えられた問題が必ずしも軸間で独立であるような特性を持つとは限らないので、もう少し拡張を行なう。

ここでは、P-個体はFig. 6 (a)にあるような平面や直線で表現されている。すなわち、P-個体は先ほどの部分空間表現に、2軸間の回転量を付与した表現を用いる。Fig. 6の場合、H-個体は入力2次元である関数に対する個体を表しており、文字列長が2となっている。このとき、P-個体の文字列長は3となる。一般にH-個体の文字列長を l としたとき、P-個体の文字列長は $l(l+1)/2$ となる。また、このコーディング法に対するsuperposition演算を次のように定める：まず、

Fig. 7 Rosenbrock Function (a) and Rastrign Function (b)

Table 1 GA parameters for our experiments

Model	Pop. Size	Mutation Prob.	Crossover Prob.	Selection
SGA 1000	1000	0.1	0.8	Tournament
SGA 200	200	0.1	0.8	Tournament
H-GA	200	0.1	0.8	Tournament
R+C	50	0.01	0.8	Roulette
R+R	50	0.3	0.8	Roulette
R+R-Rotated	50	0.3	0.8	Roulette

Fig. 8 Experimental Results I: Rosenbrock function with 10 dimensions

superpose される H-個体を, P-個体の遺伝情報に記述された回転量に基づいて回転する (H-Indiv')。そして, この回転された H-個体' を, 先ほどの部分空間表現における H-個体に見立てて, 部分空間表現における superposition 演算を行う (New Child')。最後に, 各 2 軸間で逆向きに回転を行い (New Child), 演算を終了する。

3. 計算機シミュレーションによる検討

本論文では, 提案手法の有効性を検証するために, 関数最適化問題に対していくつかの計算機シミュレーションを行

Fig. 9 Experimental Results II: Rastrign function with 10 dimensions

なった。本論文で用いた関数は Rosenbrock 関数と Rastrign 関数であり, Fig. 7 に関数の概観図を示す¹⁵⁾。Table 1 に, 本実験で用いたパラメータを挙げる。表中の SGA, H-GA は, それぞれ実数型 GA と共進化型 GA における H-GA を表している。SGA の個体数を 1000, もしくは, 200 としたのは, 収束性の高い個体数の中で一番探索速度が速かったものの (個体数 1000) と, H-GA と同じ個体数 (個体数 200) で実験を行うためである。また, R+C, R+R, R+R-Rotated は共進化型 GA の P-GA で, 2.4 節にて導入を行ったバイナリコーディング表現, 部分空間表現, そして, 回転を許容した部分空間表現を用いた GA にそれぞれ対応している。本論文では, SGA として多点交叉, 正規分布の確率分布を持つ突然変異, そして, トーナメント戦略を行う実数型 GA を用いた。また, 共進化型 GA について, H-GA は SGA と同じ構成をしており, バイナリコーディング表現の P-GA は多点交叉, 通常の突然変異, そして, ルーレット戦略を行う GA を用い, その他は突然変異として, 正規分布の確率分布を持つ突然変異を行った。そして, ある P-個体を適応度評価する際に superposition 演算を行う回数 n を 10 とした。この数は H-個体のサンプリングを行う回数に相当しており, この回数が多いほど, より確かな部分空間の評価になると考えられる。その一方で, この回数を増やすことによって, P-個体ひとつあたり要する適応度評価回数が増大し, ひいては探索時間の増大につながる。そこで, 本論文では, この回数を経験的に 10 と定めた。そして, Table 1 より, P-GA の突然変異の確率が高く, かつ, 淘汰圧の低いルーレット戦略を用いていることから P-GA では多様性を重視した探索を行うことが考えられる。われわれの共進化型 GA では, P-GA

Fig. 10 Experimental Results III: Dynamic Rosenbrock function with 10 dimensions

が多様な部分空間を保持し, superposition 演算でその部分空間を評価しつつ, H-個体の適応度改善が見込まれるならば transcription 演算で部分空間情報を伝播する. なお, この表中で設定したパラメータの値は, まず SGA についてパラメータチューニングを行い, パラメータチューニングの結果得られた値を H-GA に適用した. そして, P-GA についてパラメータチューニングを行ったものを用いた.

まず, Rosenbrock 関数と Rastrigin 関数に対して適用を行った. Fig. 8 と Fig. 9 に描かれたグラフは適応度評価回数に対する最大適応度の推移を表しており, Fig. 8 は 10 次元の Rosenbrock 関数に適用した結果で, 上段が差分法, 下段が平均法に対する結果を示している. Fig. 9 は 10 次元の Rastrigin 関数に適用した結果で, 同じく, 上段が差分法, 下段が平均法となっている. 各グラフの縦軸は各世代における最大適応度の 20 試行における平均値を表しており, 横軸は適応度評価回数を表している. グラフ中の SGA 1000, SGA 200, R+C, R+R, R+R-Rotated は, Table 1 と同様に, それぞれ, 個体数が 1000 の実数型 GA, 同 200 の実数型 GA, バイナリコーディング表現を用いた共進化型 GA, 部分空間表現を用いた共進化型 GA, 回転を許容した部分空間表現を用いた共進化型 GA を表している. なお, これらの実験結果は 10 回の試行に対する平均を取ったものである. これらのグラフより, 提案手法は, 1000 個体の SGA より速く, そして, 200 個体の SGA より進化の速度が遅いことが分かる. しかしながら, 200 個体の SGA は Rastrigin 関数に対して, 最適解を発見することができなかった. これは, Rastrigin 関数が多峰性関数であり, 200 個体の SGA ではこの関数に対して多様性維持が困難であったと考えられる. R+C もまた,

Fig. 11 Temporal behavior of the variance of the fitness in H-GA (1st ROW), the variance of the fitness in P-GA (2nd ROW), the average value of the variance on each gene locus in the H-GA (3rd ROW), the average value of the variance on each gene locus in the P-GA (4th ROW), and the variance of the distance between superposed individual and H-Indiv applied superposition operators

Rastrigin 関数に対して, 最適解発見ができなかった. これは関数の景観がより複雑になったとき, バイナリコーディングでスキーマを表現しようとしても, 比較的適応度の高い局所解を同時にたくさん表現できるようなスキーマ, すなわち, ビルディングブロックが存在しなかったからではないかと思われる. また, R+R-Rotated は, 探索速度が遅く十分な探索が行われていない. この傾向は平均法のときに顕著であった. これは空間の表現自由度が高すぎたため, 適切なスキーマを表現することがかえって難しくなっているからではないかと考えられる. とくに, 平均法で性能が良くなかったのは, 平均法がスキーマを直接評価していたからだと考えられる. R+R については, 探索速度も速く, かつ, 収束性のよい探索を行うことができた. また, 差分法と平均法とでは, 差分法のほうが全体的に, 探索速度が速かった.

つぎに, ある適応度評価回数以降 (20 万回) に関数の性質が変化するような問題に適用した. 具体的には, 10 次元の Rosenbrock 関数に対して, ランダムに選ばれた 2 軸について平行移動を行うように問題設定を行った. GAs による探索

Fig. 12 Individual distributions from bird's-eye view

が十分に行われていない時、各手法によって進化の程度がまちまちであり比較が困難であるということ、また、どの程度まで進化が進んでいるかの定量的評価が困難であるので、ここでは、環境の変化として GAs が十分に探索を行った後に問題の構造を一部変更するという方法を採用した。したがって、本論文における環境変化への追従性とは、GAs の収束した状態から環境変化後の最適解を発見するか否かによって定義し、そのときの最適性とは、より少ない適応度評価回数に近づきの最適解に到達することによって定義する。Fig. 10 に、その結果を示す。いずれのコーディング法についても、差分法と平均法では平均法のほうが環境変化にすばやく追従していることがわかる。また、差分法の R+C を除いて、単一集団からなる SGA より、提案手法はすばやく環境変化後の最適解に向かっていくことがわかる。Fig. 11 に、この試行における差分法の R+R について、H-GA の適応度の分散（一番上のグラフ）、P-GA の適応度の分散（2 番目）、H-GA のそれぞれの遺伝子座における対立遺伝子の分散の平均値（3 番目）、P-GA のそれぞれの遺伝子座における対立遺伝子の分散の平均値（4 番目）、superposition 演算を受けた H-個体と superposition 演算によってできた個体との距離を探索時にすべて保存しておき、ある一定区間ごとに分けた時の各区間での分散（1 番下）を示す。探索初期においてすべてのグラフ

について分散の値が下がっていることがわかる。そして、適応度評価回数が 1 万回を超えたところから、4 番目のグラフの分散が大きくなる。しかしながら適応度の分散をあらわす 2 番目のグラフは下がりつづけていることと、この付近での平均適応度は 0 に近い適応度であったことから、H-GA の探索が収束し、これ以上の改善の見込みがなくなると、より広い空間を探索しようと個体が拡散していることがわかる。このとき、1 番下のグラフより、superposition 演算を受けた H-個体と superposition 演算によってできた個体との距離の分散に極端な変化が見られないことから、H-GA 集団を中心に徐々に拡散していることが考えられる。また、環境変化後、適応度に関する分散（1 番上、2 番目）は著しく影響を受けているが、4 番目と 1 番下のグラフには環境変化が見受けられなかった。この 4 番目のグラフ（P-GA のそれぞれの遺伝子座における対立遺伝子の分散）が変化しない理由として次のようなものが考えられる：環境変化直後には、P-GA 内に複数の有益なスキーマ情報を表す個体が存在しており、それらの多くは次世代で生き残る。しかしながら、本実験では環境変化が 10 軸中 2 軸のみという一部の情報に対して行ったため、有益であった個体が世代を経て継続的に有益であるということがまれであり、突然変異でできた新たな有益な個体に次々と取って代わっている。また、3 番目のグラフについて

て、環境変化前に比べると、より高い分散の値で落ち着いているが、Fig. 10より最適解に収束しており、Fig. 11・1番上のグラフでも値が落ち着いているので、3番目のグラフにおける環境変化後の分散の値も収束した状態を表す十分低い値であると考ええる。

さらに、提案手法の振舞を調べるために、2次元の Rosenbrock 関数に対する適用結果について解空間を鳥瞰した。最上段左上の鳥瞰図は、初期個体分布を表しており、200個体の SGA、共進化型 GA における H-GA に対して、同一の初期分布を与えた。それぞれの共進化型 GA について、P-GA のコーディング法の特徴がよく出ていることが分かる。Fig. 12で、とくに、平均法の適応度評価回数 6000 回時の鳥瞰図で顕著であるが、バイナリコーディング表現では H-個体の分布が一様ではなく、周期的に個体密度が濃いところが存在する。密度の濃い部分は、解空間のそれぞれの軸について個体を二進符号化したとき、比較的上位のビットが等しい値を示している。すなわち、最適解を含む文字列のなかで、P-GA が獲得した部分文字列、H-GA 集団の分布が影響を受けていると考えられる。そして、部分空間表現では、軸に直交した直線上に H-個体が集まる傾向にあり、これも、P-GA が獲得したスキーマ情報に影響を受けていると考えられる。また、この Rosenbrock 関数は、稜線が 2 次曲線の形をしているが（図中の放物線がその稜線を表す）、回転を許容した部分空間表現では、最適解を含みつつ、この稜線上に集団が分布していることがわかる。

4. む す び

本論文では、共進化の機構を有する新しい遺伝的アルゴリズムの提案を行った。提案手法はスキーマを探索する集団と与えられた解空間を直接探索する集団とが共進化を行い、遺伝情報を交換しつつ探索を推し進めるものである。スキーマの評価方法として、差分法と平均法を導入した。差分法を用いた共進化型 GA では、平均法と比べてより速い探索を行うことができた。一方、平均法は、環境変化への追従が迅速に行われた。また、スキーマのコーディング法として、バイナリコーディング表現、部分空間表現、回転を許容した部分空間表現の導入を行った。本実験で行った鳥瞰図（Fig. 12）より、回転を許容する部分空間表現は、Rosenbrock 関数の特徴を的確に捉えていた。しかしながら、最大適応度推移のグラフより、多次元の関数に対して、探索速度が鈍化していた。これは、問題の次元が増えるにつれ、P-個体の遺伝子長が 2 乗のオーダで長くなり、部分空間の表現自由度が上がりすぎたため、有用な空間を捉えることが困難になってくるのではないかと考えられる。バイナリコーディング表現は、関数の連続性を無視した表現であるので、関数最適化問題には向かないとされているが、本論文でも、多峰性の関数に対して効果的にスキーマを発見することが困難であったようである。部分空間表現は、全般においてよい探索を行うことができた。GA では、多様性維持と探索速度はトレードオフの関係にあ

るが、部分空間表現を用いた共進化型 GA では、環境変化の追従性や、多峰性関数への収束性を調べた実験結果より、このトレードオフ関係を緩和したのではないかと考えられる。

参 考 文 献

- 1) 北村 新三編: 特集「創発システム」, 計測と制御, **35-7** (1996)
- 2) 第 2 回創発システム・シンポジウム資料 (1996)
- 3) 第 3 回創発システム・シンポジウム資料 (1997)
- 4) D. B. Fogel: *Evolutionary Computation*, IEEE Press (1995)
- 5) D. E. Goldberg: *Genetic Algorithm in Search, Optimization, and Machine Learning*, Addison-Wesley (1989)
- 6) Z. Michalewicz: *Genetic Algorithms + Data Structures = Evolution Programs*, Third, Revised and Extended Edition, Springer-Verlag (1996)
- 7) H. P. Schwefel: *Evolution and Optimum Seeking*, John Wiley & Sons, Inc. (1995)
- 8) H. Handa, N. Baba, O. Katai, et. al.: Genetic Algorithm involving Coevolution Mechanism to Search for Effective Genetic Information, Proc. of the 4th ICEC, 709/714 (1997)
- 9) H. Handa, N. Baba, O. Katai and T. Sawaragi: Coevolutionary genetic Algorithm with Effective Exploration and Exploitation of Useful Schemata, Proc. of the 4th ICONIP, 424/427 (1997)
- 10) W. D. Hills: Co-Evolving Parasites Improve Simulated Evolution as an Optimization Procedure, Artificial LIFE II, 313/324 (1992)
- 11) J. Paredis: Co-evolutionary Constraint Satisfaction, Proceedings of Parallel Problem Solving from Nature - PPSN III, 46/55 (1994)
- 12) R. G. Reynolds and C. Chung: A Self-adaptive Approach to Representation Shifts in Cultural Algorithms, Proceedings of the Third IEEE Conference on Evolutionary Computation, 94/99 (1996)
- 13) A. N. Aizawa: Evolving SSE: A Stochastic Schemata Exploiter, Proceedings of the First IEEE Conference on Evolutionary Computation 525/529 (1994)
- 14) 北野 宏明 編: 遺伝的アルゴリズム 2, 産業図書 (1995)
- 15) 小林 重信, 小野 功: 進化型計算に基づくシステム最適化, 計測と制御, **35-7**, 508/513 (1996)

[著 者 紹 介]

半 田 久 志 (正会員)

1996 年大阪教育大学大学院修士課程教育学研究科総合基礎科学専攻修了, 同年京都大学大学院博士後期課程精密工学専攻入学, 98 年同大学院退学, 同年より岡山大学工学部情報工学科助手, 現在に至る。遺伝的アルゴリズムの研究に従事, IEEE の会員。修士 (学術)

片 井 修 (正会員)

1969年3月京都大学工学部機械工学科卒業。同大学院機械工学第二専攻修士・博士課程を経て74年同大学助手(精密工学科)。83年同助教授。94年同教授。96年同大学院工学研究科教授(精密工学専攻)。98年4月京都大学大学院情報学研究科教授(システム科学専攻)。現在に至る。その間、80-81年フランス国INRIA客員研究員。主としてシステムの知能化に関する研究に従事(工学博士)。

馬 場 則 夫 (正会員)

1974年京都大学大学院工学研究科博士課程数理工学専攻修了。同年徳島大学工学部情報工学科助手。講師。助教授を経て。88年同大学知能情報工学科教授。90年大阪教育大学教育学部教養学科情報科学専攻教授。現在に至る。ニューラルネット、ゲーミング、強化学習、GAs、数理計画法、学習オートマトン等の研究に従事。IEEE、INNS、システム制御情報学会、日本シミュレーション&ゲーミング学会等の会員(工学博士)。

榎 木 哲 夫 (正会員)

1983年京都大学大学院工学研究科精密工学専攻修士課程修了。96年同博士課程指導認定退学。同年より京都大学工学部精密工学教室助手。94年同大学院工学研究科精密工学専攻助教授。現在に至る。91-92年米国スタンフォード大学客員研究員。現在、人間-機械共存環境下での協調システムの設計と知的支援に関する研究に従事。計測自動制御学会、日本機械学会、日本ファジィ学会、IEEE各会員(工学博士)。

小 西 忠 孝 (正会員)

1960年京都大学工学部機械工学科卒業。65年同大学院博士課程機械工学専攻修了。同年同大学工学部助教授。82年岡山大学工学部機械工学科教授。89年同情報工学科教授。現在に至る。設計制御、計測工学などの研究に従事。日本機械学会、日本トライボロジー学会などの会員(工学博士)。

馬 場 充 (正会員)

1979年京都大学大学院工学研究科修士課程修了。同年NKKに入社。82年岡山大学工学部助手。90年岡山大学工学部情報工学科助教授。現在に至る。おもに、計測工学、センサ工学の研究に従事。日本機械学会、日本ロボット学会などの会員(工学博士)。

=====