

論理型遺伝的プログラミングによる多様解の獲得

Acquiring Multiple Solutions Using Logic-Based Genetic Programming

谷口 憲*1 寺野 隆雄*2
Ken Taniguchi Takao Terano

*1*2 筑波大学大学院ビジネス科学研究科

Graduate School of Systems Management, University of Tsukuba

Design and analysis of collaborative and/or competitive behaviors of multiagent systems has been discussed in the literature. To study such multiagent systems, we often want to simultaneously acquire multiple solutions, which are used as strategic control rules to reach a given goal. To cope with the issues, we employ genetic programming frameworks. Logic-Based Genetic Programming (LBGP) is one of the recent GP techniques. Using the intrinsic mechanism of backtracking in logic programming, LBGP has shown both (1) higher performance even in the smaller sizes of populations, and (2) population diversity of individual programs with both active structures (or exons) and inactive structures (or introns). In this paper, introducing the Tabu search mechanisms in Operations Research, we extend LBGP in order to acquire multiple solutions without local or premature convergence. In the proposed method, one individual program in LBGP is corresponding to the group of heterogeneous agents with various action rules, therefore, we are able to obtain plural agent groups satisfying a given multimodal objective or goal.

1. はじめに

エージェント集団による問題解決では、目標を達成するための各エージェントの行動を制御する多様なプログラムを複数同時に獲得したい場合が多い。遺伝的プログラミング (GP; Genetic Programming) [Koza 92] はエージェント集団による問題解決のための有効な手段の 1 つであり、進化過程において既に構築されたプログラム構造を再利用しながら解を求めめる。しかし、従来の多くの GP では、複数の多様解を持つような問題に対しては、有効な進化戦略を持ち合わせていない。

本研究では染色体表現や多様性維持の観点から論理プログラミングの GP への適用に着目している [O'Neill 01, Ross 01]。我々の提案する LBGP (Logic-Based Genetic Programming) では、冗長性を保つ遺伝子表現と Prolog の持つバックトラック機能を利用し、少数の個体群でも多様性を維持しながら効率的に解を得られる。本論文では、この枠組みにタブー探索を適用した多様解の獲得機能を加えることで、局所解への収束を回避して新たな解候補の探索を促す手法を提案する。

2. LBGP の基本的な考え方

2.1 個体の染色体表現とエージェントとの対応づけ

標準的な GA で用いられる固定長染色体 (文字列) に比べて、GP で扱う可変長染色体 (プログラム) は記述性に優れ、条件分岐や繰り返しなど高度の記述が可能である。しかし、一般に GP の遺伝操作は破壊性が強いことから、探索が良い解を得にくい状態に陥り易い。この影響を緩和するため、LBGP では既に淘汰された無効な部分構造も再利用しながら集団の多様性を維持する新たな枠組みを導入した。具体的には、可変長染色体をホーン節によって表現することで遺伝子の冗長な定義を許し、Prolog のバックトラック機能を利用してそのような冗長なホーン節を確率的に有効化させる。以下では、この有効化の遺伝操作をエクソン化と呼ぶ。また、適合度評価の対象となる

有効なホーン節、対象とならない無効なホーン節をそれぞれエクソン節、イントロン節と呼ぶ。

LBGP の染色体表現には、Messy GA [Goldberg 89] の多重定義の考え方を論理プログラミングに基づいて導入した。すなわち、遺伝子座に相当するホーン節の位置関係を利用して、部分木の多重定義を扱う。同一の頭部を持つホーン節が複数存在する場合、上位に記述されている節から選択されるため、ホーン節の位置関係は節選択の優先度に相当する。通常、多重定義されたホーン節が存在する場合は最上位に記述されたエクソン節が選択されるが、論理プログラミングによって実装することで、バックトラックによるそれ以外のイントロン節の再利用が可能となる。

また、個体とエージェントの対応づけについては、各エージェントが別々のプログラムを参照しながら動作する Heterogeneous モデルに基づく設計とした。例えば、個体番号が 1 の個体に属するエージェントのうち、エージェント ID が agent1 であるエージェントについて考える。このエージェントの行動制御プログラムが図 1 のような木構造である場合、これに対応するホーン節は次のように記述される。ここで、図中のノード記号の右上に記載されている数字はノード番号を示す。

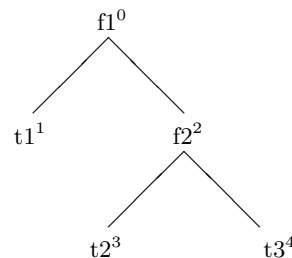


図 1: ホーン節に対応する LBGP の木構造

```

function(tree(1/agent1,0),f1) :-
    terminal(tree(1/agent1,1),t1),
    function(tree(1/agent1,2),f2).

function(tree(1/agent1,2),f2) :-

```

連絡先: 筑波大学大学院ビジネス科学研究科 寺野研究室,
〒 112-0012 東京都文京区大塚 3-29-1,
Tel: 03-3942-6855, Fax: 03-3942-6829,
Email: {taniguti,terano}@gssm.otsuka.tsukuba.ac.jp

```
terminal(tree(1/agent1,3),t2),
terminal(tree(1/agent1,4),t3).
```

```
terminal(tree(1/agent1,1),t1).
terminal(tree(1/agent1,3),t2).
terminal(tree(1/agent1,4),t3).
```

述語 function/2 は非終端 (関数) ノードを表現するのに用い、第 2 引数に非終端ノード (f1,f2 は記号例) を記述する。また、述語 terminal/2 は終端ノードを表現するのに用い、同様に第 2 引数に終端ノード (t1,t2,t3 は記号例) を記述する。個体番号、エージェント ID、ノード番号は、述語 function/2, terminal/2 の第 1 引数において、tree(個体番号/エージェント ID, ノード番号) の項形式で表現される。

2.2 世代交代モデルと遺伝操作

GA においては、個体の選択法を工夫することにより集団の多様性を維持する様々な世代交代モデルが提案されている。世代交代モデルの設計では、遺伝操作のための親個体を選択する複製選択と遺伝操作後に次世代に残す個体を選択する生存選択の具体的方策を決定する。本研究では、多様性維持に関する強化策の 1 つとして、標準的な GP の世代交代モデルにおける選択法を改善して LBGP に適用する。GA の研究における代表的な世代交代モデルのうち、集団サイズが小さくても頑健な挙動を示す MGG (Minimal Generation Gap) [佐藤 97] と後述のタブー探索手法とのハイブリッドの際に親和性が良いと考えられる ER (Elitist Recombination) の 2 つに関して LBGP への適用を試みる。以下に、LBGP で扱う遺伝操作について概説する。

2.21 部分木交叉：概念的には標準的な GP において使われている交叉である。2 つの親個体それぞれについて交叉点とするノードを任意に選び、その交叉点より下位の部分木を交換して 2 つの子個体を生成する。LBGP における部分木交叉は、交叉点のノードを本体に持つように形成した”操作後に有効となるホーン節”を”頭部が同一のものとのホーン節”よりも上位に追加 (assert) することで実現する。

2.22 突然変異：親個体において任意にノードを選び、新たにランダムに生成した部分木でそのノードより下位の部分木を置き換える。LBGP における突然変異は、ランダムに生成した部分木がそのノードを根とするように本体を形成した”操作後に有効となるホーン節”を、”頭部が同一のものとのホーン節”より上位に追加 (assert) することで実現する。

2.23 エクソン化：部分木交叉または突然変異の操作で発生したイントロン節、すなわち同一の頭部を持つホーン節群の中で最上位に位置していないホーン節を再利用した新たな木構造を確率的に再生する。例えば、図 2 は Tree 1 と Tree 2 の部分木交叉によって生成された Tree 1' においてイントロンとなっている終端ノード t1-4 が、Tree 1' と Tree 3 との部分木交叉によって生成された Tree 3' の一部となったときにエクソンとして再生される様子を表している。エージェントの適合度を評価する際にはエクソン節、すなわち最上位のホーン節のみが対象となる。エクソン化では、バックトラックによってイントロンに相当するノードを含むホーン節群を再構成してこれらを新たに上位節として追加することでエクソン節を再生し、再度適合度評価の対象にする。再生された木構造は既に有益な部分構造を保持している可能性があるため、後の進化過程にて

より良い解に発展することが期待できる。

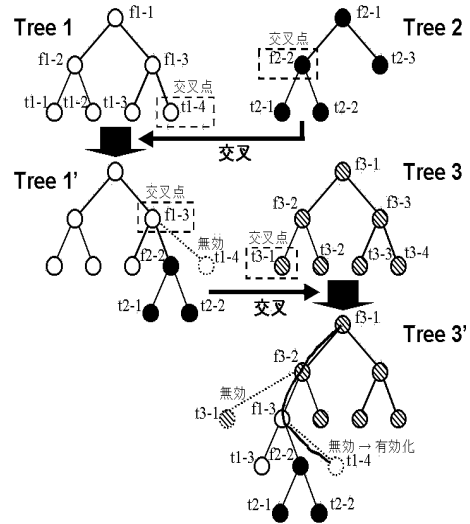


図 2: エクソン化の例

2.24 1 点交叉：LBGP では、より広域な探索空間を視野に入れることができるよう木構造を 1 次元配列化した染色体表現 (以下、スタックカウナリストと呼ぶ) を使用した 1 点交叉を導入した [Tokui 99]。これは GA の 1 点交叉と似た遺伝操作で、部分木の範囲を越えて遺伝子 (ノード) を交換できるため、木構造を部分木交叉よりも大きく変化させることができる。LBGP のスタックカウナリストは Prefix 形式の考え方に基づき、各ノード記号とスタックに対するプッシュとポップの回数の差 (スタックカウント) を保持した [ノード記号/スタックカウント, . . .] のようなリスト構造とした。例えば、図 1 の木構造は [f1/-1, t1/1, f2/-1, t2/1, t3/1] と表現する。

1 点交叉は、スタックカウナリストの先頭からのスタックカウントの合計値が等しい点を交叉点として、その点より後ろのサブリストどうしを交換することによって行う。ただし、1 点交叉によってイントロンとなった部分構造についてはエクソン化の対象外とした。

3. タブー探索の LBGP への適用

3.1 提案手法の概要とアルゴリズム

記号的表現が向いている対象分野のプログラム生成の枠組みにおいて、汎用的な多様探索能力を持たせることは GP の適用範囲拡大の観点から非常に重要である。そこで、我々は LBGP にタブー探索を適用した多様解の獲得機能を加えることで、局所解への収束を回避しながら新たな解候補の探索を促す手法を提案する。本手法では、タブーリストを用いて既に発見した解候補に類似した個体の複製選択を避けることでより広い解領域の探索を促す [Kurahashi 00]。タブーリストとは発見した解候補の記憶リストであり、タブーリストに存在する木構造と複製選択の候補となる木構造を比較し、類似していればその候補は選択しないように制御する。タブー探索を取り入れた LBGP のアルゴリズムは次の通りである (図 3 参照)。

Step1 初期化

可能な関数記号と終端記号を用いてランダムな木構造を保持する初期集団を生成し、適応度評価を行う。ここで、木構造は各エージェントの行動制御プログラムであり、複数のエージェントが 1 つの個体を構成する。終了条件が満たされていない場合、以下の手順を進める。

Step2 複製選択

集団からランダムに 2 個体抽出した親個体の中から、それぞれエージェントを 1 つずつ選択する (MGG, ER 共通)。ただし、この選択には次の制約がある。

- 選択する 2 つのエージェントは Restricted Breeding の考え方に従って同一 ID のエージェントとする。
- 選択するエージェントの木構造はタブーリストに格納されている木構造と類似していない。

Step3 遺伝操作

次のいずれかの遺伝操作を確率的に行う。

- 部分木交叉
- 1 点交叉
- 突然変異
- 再生
 - 選択されたエージェントに関するイントロン節が存在する場合、エクソン化
 - 上記以外、最良個体の突然変異

Step4 生存選択

遺伝操作により生成された子エージェントとその親エージェントを含むサブ集団の適合度を求め、

- MGG の場合
 - その集団から最良のエージェントを 1 つ、ルーレット選択により選ばれたエージェントを 1 つ、次世代に残す。
- ER の場合
 - その集団から最良のエージェントを 2 つ次世代に残す。

Step5 終了判定

終了条件を満たしていれば終了し、満たしていなければ次の手順に進む。

Step6 タブーリストの更新

新しい集団から最良個体を選び、タブーリストの更新手続きを行う。

Step7 繰り返し

Step2 に戻る。

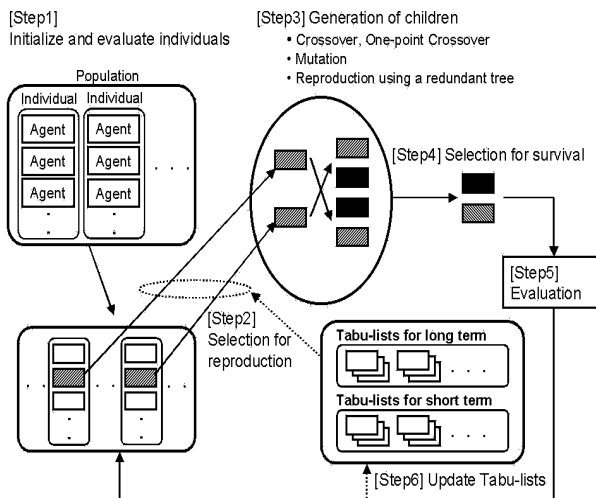


図 3: LBGP の概念図

3.2 タブーリスト

発見した解候補を記憶するタブーリストには長期タブーリストと短期タブーリストの 2 種類がある。それぞれのタブーリストはエージェント別のタブーリストで構成され、エージェントごとに独立に更新手続きが行われる。タブーリストの役割について以下に示す。なお、長期タブーリストと短期タブーリストのサイズをそれぞれ lt , st で表す。これは、エージェント別のタブーリストに格納するエージェントの数を意味し、パラメータ値として設定される。

• 長期タブーリスト

過去の探索で適合度が最良の個体 (個体を構成するエージェント群に相当) が登録される。ただし、同一個体は重複して登録されない。過去の優れた個体を保存する役割、個体群の多様性を維持する役割を持つ。

• 短期タブーリスト

st 世代前からの各世代の最良個体が登録され、同一個体の重複も許される。登録された個体によって、 st 世代間のみ類似個体を選択しないよう制御し、局所解への収束を回避する役割を持つ。

3.3 タブーリストを用いた複製選択

局所解への収束を避けるため、エージェントの複製選択では長期タブーリストと短期タブーリストを使用して類似のエージェントを選択しないように制御する (前述の Step2 の制約の 1 つ)。具体的には、両タブーリストを構成するエージェント別のタブーリストを使用して、該当するエージェントのタブーリスト内のどのエージェントともある定められた距離 D より大きいことを条件として複製選択を行う。

ここで、エージェント間の距離の計測には、前述のスタックカウントリストを用いる。2 つのスタックカウントリストにおけるノード記号の並びの違いを定量的に表す必要があるため、スペルチェックや DNA 解析などで文字列間の距離を計測する際に利用されている Levenshtein 距離の考え方を導入する。しかし、その計測方法のままでは、記号の相違が発生する位置については考慮されていないため、例えば根に近い位置でのノード記号の相違は木構造間の意味的な違いに大きな影響を与える、といったことを表現できない。この位置を考慮した距離の乖離を計測するため、我々は 1 次元配列化した木構造のより左の位置でノード記号の相違が発生するほど値が大きくなるよう補正した”重みつき Levenshtein 距離” ld を定義した。この距離 ld がパラメータ値として定めた距離 D より大きければ、複製選択の候補エージェントとなる。

4. 実験と考察

提案手法の有効性を確かめるため、エージェント間の協調が必要なタイルワールドの問題を設定して実験を行い、その結果を考察した。架空の 2 次元格子上のタイルワールドに置かれた餌を複数のエージェントが上下左右に移動しながら捕食し、全体としてできるだけ多くの餌を捕食することを目的とした。しかし、各エージェントには限られたエネルギーしか与えないため、互いに重複した経路を極力たどらない効率の良い探索が求められる。今回の実験では 8×8 マスのフィールドの中に、5 つのエージェント、18 個の餌、5 個の障害物を配置した。エージェントはタイルワールド上の中央のセル (5, 4) からスタートし、エネルギーがある限り餌を探し回る。適合度 F は次式のように計算され、小さいほど良い。

$$F = R + C \times P$$

ここで、 R は食べ残した餌の数、 C は障害物への衝突回数、 P は障害物の衝突に対するペナルティ値を意味する。使用した GP パラメータを表 1 に示す。実験結果として、タイルワールドの初期状態と 244 世代目の採食状態を図 4 に、世代交代モデルと重みつき Levenshtein 距離の組合せごとの適合度の推移を図 5 に示す。図 4 には、タブー探索によって、244 世代目において 5 つのエージェントそれぞれが分散して採食した状態が示されている。

表 1: GP パラメータ (タイルワールドの問題)

終端記号	turnright,turnleft,moveforward
非終端記号	if_food_ahead/2,do2/2,do3/3
集団サイズ	15
エージェント数	5
世代交代モデル	MGG あるいは ER
木の最大の深さ (初期集団)	6
木の最大の深さ (交叉後)	17
木の最大の深さ (突然変異後)	4
部分木交叉確率 (非終端)	0.3
部分木交叉確率 (任意)	0.2
1 点交叉確率	0.3
突然変異確率	0.1
再生確率	0.1
長期タブーリスト長	3
短期タブーリスト長	1

[タイルワールドの初期状態]

```
11000001
00100001
00118111
0081s100
00081880
00001100
00000110
00000001
```

s: スタート地点
 0: 餌がない地点
 1: 餌がある地点
 8: 障害物がある地点
 e: 採食済みの地点
 x: 障害物衝突地点
 -: 通過地点

[244 世代目における採食状態]

```
適応度: 0.2456
採食率: 17/18 x 100 = 94.44(%)
障害物衝突回数: 1
```

```
ee--000e
00e----e
00eeeee
008ese--
0008e880
0000e100
000--ee-
0000000e
```

```
[ Agent = a ] [ Agent = d ]
ee--0001 11000001
001-0001 00100001
001e8111 00118111
008es100 0081s100
00081880 0008e880
00001100 0000e100
00000110 00--ee-
00000001 0000000e

[ Agent = b ] [ Agent = e ]
11--0001 11000001
00e----e 00100001
00ee11e 00118111
0081se-- 008e100
00081880 00081880
00001100 00001100
00000110 00000110
00000001 00000001

[ Agent = c ]
110000-e
00100--e
00118ee1
0081se--
00081880
00001100
00000110
```

図 4: 初期状態と 244 世代目の採食状態 (タイルワールドの問題)

この問題は各エージェントの行動を制御するプログラムに相当する (準) 最適解を同時に求める多峰性問題とみなせる。図 5 より、MGG より ER のほうが (さらに、この問題では重みつき Levenshtein 距離の値を増加させるにつれて)、適合度の向上に結びつく傾向にあることがわかる。これは、MGG では生存選択にてルーレット選択で選ばれた個体 (またはエージェント) も次世代に残すため、(準) 最適解の近傍より離れた位置で、類似の木構造を選択させないための圧力が働くことが多くなることによると考えられる。しかし、そのような生存選択は、MGG のほうが ER よりも多様性維持に優れている理由となっているため、タブーリストによる選択圧力の抑制効果とトレードオフの関係にある。この点に関し、LBGP には通常の GP にはないエクソソンの機構を備えているため、世代交代モデルに依存せずにある程度多様性を維持できると考えられる。

5. おわりに

本研究では、GP にてエージェント集団の協調による問題解決を図る枠組みをより強化するという立場から、ホーン節による可変長染色体表現、バックトラック機能を利用した冗長節の再利用、世代交代モデル (MGG, ER) の導入、スタックカウントリストの導入、重みつき Levenshtein 距離を利用したタ

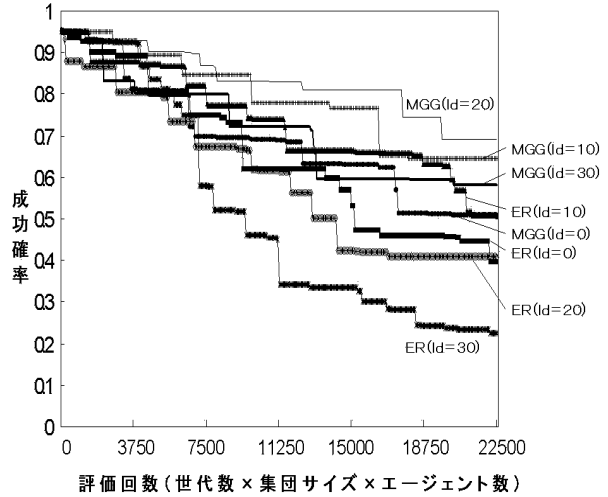


図 5: 生殖確率別の適合度の推移 (タイルワールドの問題)

ブー探索, といった機能を備えた LBGP のシミュレータを実装した。本論文では特にタブー探索に焦点を当て、その有効性を示した。今後は、エージェント間の協調の形態がより複雑な場合や多目的最適化問題などに対しても本手法を適用、評価するとともに、LBGP の理論的な解析を行う予定である。

参考文献

[Goldberg 89] Goldberg, D. E., Korb, B., and Deb, K.: Messy genetic algorithms: Motivation, analysis, and first results, *Complex Systems*, Vol. 3, pp. 493–530 (1989)

[Koza 92] Koza, J. R.: *Genetic Programming: On the Programming of Computers by Means of Natural Selection*, MIT Press (1992)

[Kurahashi 00] Kurahashi, S. and Terano, T.: A Genetic Algorithm with Tabu Search for Multimodal and Multi-objective Function Optimization, in *Proc. of Genetic and Evolutionary Computation Conference (GECCO-2000)*, pp. 291–298 (2000)

[O'Neill 01] O'Neill, M. and Ryan, C.: Grammatical Evolution, *IEEE Transaction on Evolutionary Computation*, Vol. 5, No. 4, pp. 349–358 (2001)

[Ross 01] Ross, B. J.: Logic-based Genetic Programming with Definite Clause Translation Grammars, *New Generation Computing*, Vol. 19, pp. 313–337 (2001)

[佐藤 97] 佐藤 浩, 小野 功, 小林 重信: 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)

[Tokui 99] Tokui, N. and Iba, H.: Empirical and Statistical Analysis of Genetic Programming with Linear Genome, in *Proc. 1999 IEEE International Conference on Systems, Man and Cybernetics (SMC-1999)*, IEEE Press (1999)