

# 集合フェロモンシステム(APS)とそのサイクルモデルの性質について

## Aggregation Pheromone System and Its Cycle model

筒井茂義  
Shigeyoshi Tsutsui

阪南大学  
Hannan University

This paper describes and analyzes the aggregation pheromone system (APS) algorithm. Two variants of APS are considered: the existing generational cycle APS and the proposed steady state cycle APS. Both variants of APS are tested on several common unimodal and multimodal problems and their performance on these problems is analyzed with different parameter settings. The results indicate that using a steady-state model improves the performance of APS on both unimodal as well as multimodal problems and that the performance of APS is relatively robust with respect to its parameter settings.

### 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が、巡回セールスマン問題 (TSP) [Dorigo 97] など離散的問題への応用が中心である。

一方、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) の提案を行った [筒井 05]。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、仲間に餌の場所の通知、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。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。

先に提案した APS では、サイクル (GA における世代に相当) ごとに個体の大部分を更新するいわゆる generational モデルを用いた。以下、この APS を APS/G と呼ぶ。進化的計算では、世代交代において集団の一部のみを更新するいわゆる steady-state モデルがある。本稿では、APS のサイクルモデルに steady-state モデルを用いた APS (以下、APS/S と呼ぶ) について述べ、APS/G の結果と比較し、APS/S の性質を明らかにする。

以下本稿では、まず 2 章において、APS の考え方を述べる。つぎに 3 章において APS/G と APS/S について述べる。4 章において代表的な実数値探索問題を用いて APS/G と APS/S の比較実験を行い、その結果を述べる。

## 2. Aggregation Pheromone System (APS)

### 2.1 基本アルゴリズム

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などが知られている。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。集合フェロモンシステム APS 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が解かれる。

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  $\tau_e(t)$  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。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、APS における各繰り返しであり、APS サイクルと呼び、GA における世代に相当する。

### 2.2 集合フェロモン量とその更新

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  $\rho$  を用いてフェロモン軌跡濃度の更新が行われる。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  $\rho$  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、 $\rho$  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、 $\rho$  で表す。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、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 APS では、(i) 各個体は集合フェロモンの濃度の高いとこ

連絡先: 筒井茂義, 阪南大学経営情報学部, 〒580-8502 大阪府松原市天美東 5-4-33, e-mail: tsutsui@hannan-u.ac.jp, URL: <http://www.hannan-u.ac.jp/~tsutsui/>

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.

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,  $\tau(0, x) = c$  である. 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,

$$\int_X \tau(0, x) dx = \int_X c dx = C \quad (1)$$

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.

$$p_\tau(t, x) = \frac{\tau(t, x)}{\int_X \tau(t, x) dx} \quad (2)$$

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. APS では, 各サイクルにおけるランク値をベースとして個体のよさを評価する. すなわち, 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,

$$\Delta\tau(t, x) = \sum_{r=1}^m \Delta\tau'(x_{t,r}, x) \quad (3)$$

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 1 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,

$$\int_X \Delta\tau(t, x) dx = C \quad (4)$$

2.4 節で述べるサンプリング法は, この仮定を前提にしている.

$m$  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 [Dorigo 97] と同様, 以下のように更新されるものとする.

$$\tau(t+1, x) = \rho \cdot \tau(t, x) + \Delta\tau(t, x) \quad (5)$$

ここで,  $\rho$  ( $0 \leq \rho < 1$ ) は, 蒸発係数である.

### 2.3 各個体が放出するフェロモン濃度の定義

2.2 節で述べた  $\Delta\tau'(x_{t,r}, x)$  は, 以下の様に定義される. まず, 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. 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.

$$\Delta\tau'(x_{t,r}, x) = Kr^\alpha N(x_{t,r}, \beta^2 \Sigma_t) \quad (6)$$

ここで,  $\alpha$  ( $\alpha > 0$ ) は, ランク値の違いを調節するパラメータである.  $\Sigma_t$  は, 個体の分布状況を示す共分散行列である.  $\beta$  ( $\beta > 0$ )

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ので,  $K$  は次式で与えられる.

$$K = \frac{C}{\sum_{i=1}^m i^\alpha} \quad (7)$$

式 6 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.  $\alpha$  が大きい場合には, ランク値が大きい個体より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,  $\alpha$  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  $\beta$  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,  $\beta$  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 3, 6, 7 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.

$$\Delta\tau(t, x) = C \sum_{r=1}^m \frac{r^\alpha}{\sum_{a=1}^m a^\alpha} N(x_{t,r}, \beta^2 \Sigma_t) \quad (8)$$

### 2.4 サンプリング法

本節では, サイクル  $t+1$  において, 式 5 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, サンプリング法について述べる.

2.2 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 2 を用いて確率密度関数  $p_\tau(t, x)$  を得る. まず, 式 5 の  $\tau(t+1, x)$  は, 以下のように変形できる.

$$\tau(t+1, x) = \rho^{t+1} \tau(0, x) + \sum_{h=0}^t \rho^h \Delta\tau(t-h, x) \quad (9)$$

したがって, 確率密度関数  $p_\tau(t, x)$  は,

$$p_\tau(t+1, x) = \frac{\rho^{t+1}}{\sum_{T=0}^{t+1} \rho^T} \cdot \frac{\tau(0, x)}{C} + \sum_{h=0}^t \frac{\rho^h}{\sum_{T=0}^{t+1} \rho^T} \cdot \frac{\Delta\tau(t-h, x)}{C} \quad (10)$$

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,  $f(x)$  のサンプリングは, 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  $f_s(x)$  をサンプリ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 10 のサンプリングは容易に行える.

なお,  $\rho$  は,  $0 \leq \rho < 1$  であるので, 式 10 において  $t$  が大きくなると,  $\rho^{t+1}$  あるいは,  $\rho^h$  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 10 に代わって, 次式を用いる.

$$p_\tau(t+1, x) = \sum_{h=0}^{H-1} \frac{\rho^h}{\sum_{T=0}^{H-1} \rho^T} \times \frac{\Delta\tau(t-h, x)}{C} \quad (11)$$

### 3. APSのサイクルモデル

初期サイクル( $t = 0$ )では、フェロモン濃度は一様分布  $\pi(0,x) = c$  に初期化、これに基づいて  $m$  個の個体が生成されるので、結果的に個体はランダムに生成される。つぎに、 $m$  個の個体は評価され、最良個体にはランク値  $m$  を、最悪個体にはランク値  $1$  を割り当てる。個体の分布に基づいた共分散行列が計算され、集合フェロモンの放出量とそれに基づいたフェロモン量の更新が行われる。この更新されたフェロモン量に基づいて、サンプリングが行われ、新しい個体が決められる。これらの個体が、次のサイクルの集団を形成するが、この生成においてつぎの二つのアプローチを用いる。

#### (1) Generational サイクルモデル(APS/G):

Generational サイクルモデルでは、この  $m$  個の個体に前サイクルにいて保存された  $e \times m$  (ただし、 $0 \leq e < 1$ ) 個のベスト個体に加えられ、合計  $(e+1) \times m$  の個体からベスト  $m$  個体を得る。この  $m$  個の個体を次サイクルにおけるフェロモンを放出する集団とする。

#### (2) Steady-state サイクルモデル(APS/G):

Steady-state サイクルモデルでは、前サイクルにおける  $m$  個の個体のうち、 $(1-e) \times m$  個のベスト個体が次サイクル用の個体として常に保存される。ただし、 $0 \leq e < 1$  である。サンプリングされる個体数は  $e \times m$  個のみである。前サイクルにおいて保存された  $(1-e) \times m$  個の個体に、新たに生成された  $e \times m$  の個体に加えられ、このようにして得られた  $m$  個の個体を次サイクルにおけるフェロモンを放出する集団とする。

両モデルとも、 $e$  の値は比較的小さい値とし、本研究では  $e = 0.1$  を用いている。すなわち、Generational サイクルモデルでは90%の個体は、新しくサンプリングされたものであり、前サイクルから10%のエリート個体加わって、次サイクルのフェロモン放出集団となる。これに対して、Steady-state サイクルモデルでは、次サイクルにおけるフェロモン放出集団は、90%の個体が前サイクルから引き継がれたものであり、10%の新個体のみが、新たに次サイクルにおけるフェロモン放出集団に加わる。

## 4. 実験

### 4.1 実験条件

パラメータ間の依存関係(リンケージ)を有するか否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つぎの5つの関数を用いてAPS/G, APS/Sの実験を行った。実数値GAとの比較のためにSPX 交叉[樋口 01]との比較も行った。

$$F_{\text{Ellipsoidal}} = \sum_{i=1}^n ix_i^2, [-3.12, 7.12]$$

$$F_{\text{Ridge}} = \sum_{i=1}^n \left( \sum_{j=1}^i x_j \right)^2, [-44, 84]$$

$$F_{\text{Rosenbrock}} = \sum_{i=2}^n (100(x_1 - x_i)^2 + (x_i - 1)^2), [-2.048, 2.048]$$

$$F_{\text{Rastrigin}} = 10n + \sum_{i=1}^n (x_i^2 - 10 \cos(2\pi x_i)), (-3.12 \leq x_i < 7)$$

$$F_{\text{Schaffer}} = \sum_{i=1}^{n-1} \left( x_i^2 + x_{i+1}^2 \right)^{0.25} \left[ \sin^2 \left( 50 \left( x_i^2 + x_{i+1}^2 \right)^{0.1} \right) \right], [-20, 30]$$

$F_{\text{Ridge}}$  および  $F_{\text{Schaffer}}$  は、変数間に弱い依存関係を有し、また、 $F_{\text{Rosenbrock}}$  は変数間にきわめて強い依存関係を有する。 $F_{\text{Sphere}}$  および  $F_{\text{Rastrigin}}$  は、変数間の依存関係を有しない。 $F_{\text{Ellipsoidal}}$ 、 $F_{\text{Rosenbrock}}$  および  $F_{\text{Ridge}}$  は単峰性関数であり、 $F_{\text{Rastrigin}}$  および  $F_{\text{Schaffer}}$  は多峰性関数である。いずれも最小化問題である。次元数はいずれも20とした( $n = 20$ )。

各実験とも個体数  $m = 100$  と固定した。また、データ記憶サイクル数は  $H = 200$  とした。その他のAPSの各パラメータ値は以下の値を用いた。

- APS/G: 蒸発係数  $\rho = 0.8$ , ランク制御係数  $\alpha = 4$ , フェロモン放出幅制御パラメータ  $\beta = 0.7$ .
- APS/S: 蒸発係数  $\rho = 0.2$ , ランク制御係数  $\alpha = 6$ , フェロモン放出幅制御パラメータ  $\beta = 0.7$  ( $F_{\text{Ellipsoidal}}$ ,  $F_{\text{Rastrigin}}$ ,  $F_{\text{Schaffer}}$ ),  $\beta = 1.0$  ( $F_{\text{Ridge}}$ ,  $F_{\text{Rosenbrock}}$ ).

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  $F_{\text{Rosenbrock}}$  関数をベースにチューニングを行って得られたものである。なお、サンプリングにより得られた値に対して、 $0.0005$  の率で  $N(0, \sigma^2)$  ( $\sigma = 1$ ) の外乱(突然変異)を与えている。

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。いずれの関数も最適解の関数値は0である。そこで、最適解が得られたという判定は、関数値が  $n \times 10^{-6}$  以下になったときとする。 $F_{\text{Rastrigin}}$  および  $F_{\text{Rastrigin}}$  を除いて、最大関数評価回数は500,000とした。 $F_{\text{Rastrigin}}$  および  $F_{\text{Rastrigin}}$  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/G, APS/Sの結果を、SPXの結果とともに表1に示す。

表1 デフォルトパラメータ値における結果

Evolutionary Algorithm	Function	Name	$F_{\text{Ellipsoidal}}$	$F_{\text{Ridge}}$	$F_{\text{Rosenbrock}}$	$F_{\text{Rastrigin}}$	$F_{\text{Schaffer}}$
		Linkage	No	Medium	Strong	No	Weak
	Multimodal	No	No	No	Yes	Yes	
APS/G	#OPT	20/20	20/20	20/20	17/20	8/20	
	MNE	59955.0	71420.0	97640.0	485168.8	594572.5	
	STD	1534.1	1726.8	5161.8	127989.4	484500.6	
	#OPT	20/20	20/20	20/20	20/20	20/20	
	MNE	24933.0	54584.5	74412.0	240759.5	207143.5	
	STD	3341.2	7273.5	36374.5	79902.3	40154.2	
SPX	#OPT	20/20	20/20	20/20	17/20	20/20	
	MNE	113274.8	138175.5	255639.0	406927.9	453569.3	
	STD	1697.1	1362.5	21419.4	42627.2	2090.6	

この結果を見ると明らかにAPS/Sの性能はAPS/Gの性能よりも優れていることが分かる。単純な単峰性関数である  $F_{\text{Ellipsoidal}}$  では、APS/GのMNEが59955.0であるのに対して、APS/SのMNEは24933.0と約1/2の値となっている。同様に多峰性関数である  $F_{\text{Rastrigin}}$  でもAPS/SのMNEの値は、APS/GのMNEの値の約1/2となっている。同じく多峰性関数である  $F_{\text{Schaffer}}$  では、APS/Gの#OPTが8/20、MNEが594572.5に対して、APS/Sでは、#OPTは20/20であり、MNEは207143.5とAPS/Gの約1/3となっている。パラメータ間のリンケージを有する単峰性関数である  $F_{\text{Ridge}}$ 、 $F_{\text{Rosenbrock}}$  関数では、両者の差は前者の関数ほど顕著ではないが、APS/SはAPS/Gよりも優れた値を示している。SPXの比較で見ると、SPX/Gは、単峰性関数ではSPXよりも優れているが、多峰性関数では、悪い結果となっている。一方、APS/Sは、全ての関数で、SPXよりも優れた性能を示している。以上の結果をまとめると、APS/Gは、多峰性関数での性能に問題を有しているのに対して、APS/SはAPS/Gのこの問題を解決できる手法であるといえる。APS/Sでは、優れた個体は保存され、次サイクルで再度フェロモンを放出することができる。多峰性関数では、APS/Sのこの機能が有効に機能していると考えられる。

### 4.3 パラメータの感度解析

ここでは、APSの重要な三つのパラメータ  $\rho$ ,  $\alpha$ ,  $\beta$  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。ここでは、スペースの関係で、パラメータ

間に強いリンケージを有する単峰性関数  $F_{Rosenbrock}$  とパラメータ間に弱い強いリンケージを有する多峰性関数  $F_{Schaffer}$  の二つの関数を取り上げる。

(1) 蒸発係数  $\rho$  の感度

蒸発係数  $\rho$  の変動による MNE と #OPT の変化を図 1 に示す。 $F_{Rosenbrock}$  の  $\rho$  に対する感度を見ると、APS/G における MNE の  $\rho$  の変動に対する変化は、APS/S の場合よりも大きいことが分かる。また、APS/G の #OPT の変化も APS/S よりも大きい。この傾向は、 $F_{Schaffer}$  でも同様である。このように、APS/S は、 $\rho$  の変動に対して APS/G よりもロバストである。これは、APS/S では、多くの個体が次サイクルに転送されるので、サイクルモデル自体が既に「蒸発が少ない」状況になっているためと考えられる。

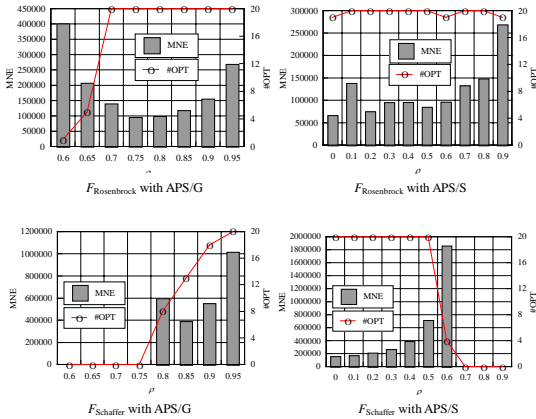


図 1 蒸発係数  $\rho$  の感度

(2) ランク制御係数  $\alpha$  の感度

ランク制御係数  $\alpha$  の値の影響を見るために、 $\alpha$  の値を区間 [2, 8] で変化させた場合の結果を図 2 に示す。 $\alpha$  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、探索における集中化の度合いが高まるが  $\alpha$  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。しかし過度な集中化は、探索を失敗させることが APS/G による  $F_{Rosenbrock}$ 、 $F_{Schaffer}$  の結果から分かる。しかし、APS/S では、この変動に対してロバストであることが分かる。

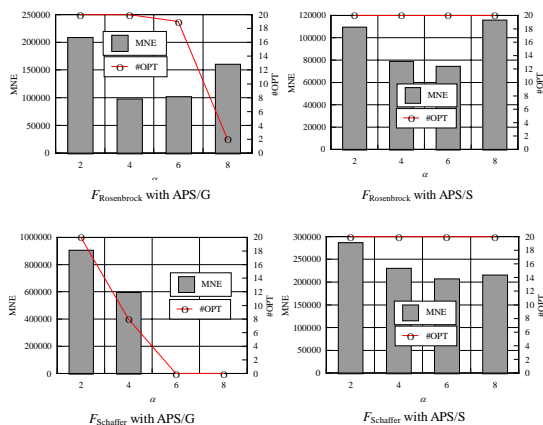


図 2 ランク係数  $\alpha$  の影響

(3) フェロモン放出幅制御係数  $\beta$  の感度

フェロモン放出幅制御係数  $\beta$  の変動による MNE と #OPT の変化を図 3 に示す。 $\beta$  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。 $F_{Rosenbrock}$  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、 $\beta$  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も分かる。これは、APS/G、APS/S ともに共通している。 $F_{Schaffer}$  でも  $\beta$  の変動に対する影響は大きいですが、APS/S では、[0.5, 0.9] の区間では比較的安定した性能を示している。 $\beta$  の変動の影響は、APS/G、APS/S ともに大きいですが、APS/S の方が比較的ロバスト性が高いといえる。

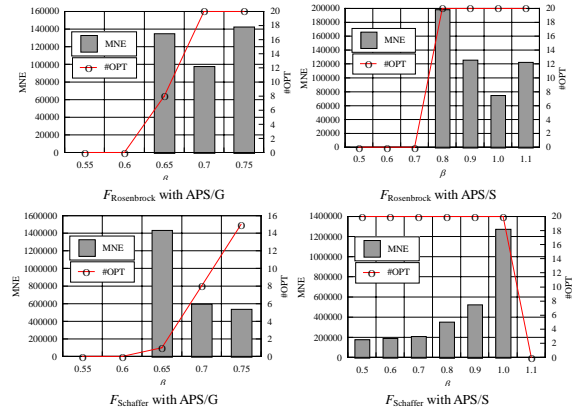


図 3 フェロモン放出幅制御係数  $\beta$  の感度

5. むすび

以上、本稿では、集合フェロモンの機能をモデルとする実数探索アルゴリズム APS を示し、二つサイクルモデルに基づく Generational APS (APS/G) と Steady-state APS (APS/S) について述べた。つぎに実験により、両方式の性能を比較し、APS/S の性能が優れているおよび APS/S が制御パラメータに対してロバストであることを示した。

本稿では、APS/S が APS/G よりも優れていることを示したが、全ての場合において APS/S が APS/G よりも優れているとは限らないことは言うまでもない。APS は EDA (Estimation of Distribution Algorithm) [Larranaga 02, Pelikan 02] への別のアプローチであるとも捉えることができる。特に APS は数学的には混合正規分布を用いてモデリングとサンプリングを行っているため、多重解や多目的解を求める場合に特に有効性を発揮する可能性を持っている。このような問題では、APS/G の方が適している可能性がある。今後、このような研究へ発展させていく予定である。

参考文献

[筒井 05] 筒井: 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, 人工知能学会論文誌, 20(1):76-83, 2005.  
 [樋口 01] 樋口, 筒井, 山村: 実数値GAにおけるシンプлекс交叉の提案, 人工知能学論文誌, 16(1):146-155, 2001.  
 [Dorigo 97] Dorigo M. & L.M. Gambardella: Ant Colony System: A Cooperative Learning Approach to the Traveling Salesman Problem. *IEEE TEC*, 1(1):53-66, 1997.  
 [Larranaga 02] Larranaga, P. and Lozano, J. A. editors: *Estimation of Distribution Algorithms: A New Tool for Evolutionary Computation*, Kluwer, Boston, MA, 2002.  
 [Pelikan 02] Pelikan, M., Goldberg, D. E., and Lobo, F.: A survey of optimization by building and using probabilistic models. *Computational Optimization and Applications*, 21(1):5-20, 2002.