

最適化問題における免疫アルゴリズムとウイルス進化論を組み合わせた アルゴリズムの提案

井上 拓也[†] 上手 洋子[†] 西尾 芳文[†]

[†] 徳島大学工学部 〒770-8506 徳島県徳島市南常三島町 2-1

E-mail: †{t-inoue, uwate, nishio}@ee.tokushima-u.ac.jp

あらまし 本論文では、免疫アルゴリズムにウイルス進化論を組み合わせたアルゴリズム (EAI) を新たに提案する。過去に提案されている免疫アルゴリズムは抗体群を更新することで解を探索するアルゴリズムである。一方、ウイルス進化論とは抗原が抗体に感染することで抗体情報の一部が変化することによって効率良く解を探索することができる理論である。本論文では、組み合わせ最適化問題の1つである2次割り当て問題 (QAP) において、提案手法の性能をコンピュータシミュレーションを行い、EAI が効果的な結果を得ることを確認した。

キーワード 免疫アルゴリズム, ウイルス進化論, 2次割り当て問題

Combination of Immune Algorithm and Virus Theory of Evolution for Optimization Problems

Takuya INOUE[†], Yoko UWATE[†], and Yoshifumi NISHIO[†]

[†] Department of Electrical and Electronic Engineering, Tokushima University

2-1 Minami-Josanjima, Tokushimashi, Tokushima, 770-8506, Japan

E-mail: †{t-inoue, uwate, nishio}@ee.tokushima-u.ac.jp

Abstract This paper presents the solving method of Quadratic Assignment Problems (QAPs). This method uses both Artificial Immune System (AIS) and Virus Theory of Evolution (VTE), and we call it Evolutionary Algorithm with Immune and Infection (EAI). EAI has characteristics of both AIS and VTE. We consider that EAI is effective method for QAPs. Thus, we apply EAI to the QAPs and confirm that EAI obtains more effective result than IA. Furthermore, we analyze the reason for obtaining better solution in EAI.

Key words Immune Algorithm, Virus Theory of Evolution, Quadratic Assignment Problem

1. ま え が き

最適化問題とは特定の集合上で定義された集合内の関数の最大または最小値を求める問題である。いくつかの最適化問題においては最適解を求めることが困難であると知られている。例えば、関数の最適化問題 [1], 巡回セールスマン問題 [2], ナップサック問題 [3], 2次割り当て問題 (Quadratic Assignment Problem: QAP) [4],[5] 等が挙げられる。

人工免疫システム (Artificial Immune System: AIS) [6] とは生物が持つ免疫システムを基にしたコンピュータシステムである。AIS は最適化問題, パターン認知, ロボット工学などはじめとする様々な分野 [7]-[9] で応用が可能である。AIS をアルゴリズム化した免疫アルゴリズム (Immune Algorithm: IA) は抗体群を更新することで解を探索するアルゴリズムであり、最適化問題を解く手法として幅広く研究されている [10]-[12]。

しかし、IA では解を求める時間や解の精度に問題点があるため、新たな手法を提案する必要があると我々は考えた。

そこで、我々はウイルス進化論 (Virus Theory of Evolution: VTE)[13]-[15] について注目した。ウイルス進化論が持つ特徴は最適化問題における解の導出時間を小さくし、解の精度を良くする可能性がある。それ故、我々は AIS と VTE のハイブリッド手法である Evolutionary Algorithm with Immune and Infection (EAI) を新たに提案する。EAI の性能を QAP におけるコンピュータシミュレーションを行い、既存手法との性能評価を行った。

2. 2次割り当て問題

2次割り当て問題 (Quadratic Assignment Problem: QAP)[4],[5] とは目的関数が2次式となる割り当て問題である。QAP の定義は n 個要素を持つ2つの行列 (行列 F と行列

D が与えられたとき、式 (1) における $E(P)$ の最小値を求める問題である。

$$E(P) = \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^n f_{ij} d_{p(i)p(j)} \quad (1)$$

f_{ij} は行列 F の i から j までの要素、 $d_{p(i)p(j)}$ は行列 D の i から j までの要素を示す。

QAP は様々な問題に応用できる。一例として、 n 個の施設をどのように配置するのかを決める場合において、 F をそれぞれの施設間の物流量、 D をそれぞれと施設間の距離として、配置コストである $E(P)$ の最小値を求める問題として QAP を例えることができる。ここで、図 (1) のような 4 つの施設を 4 つの地区に配置するときの配置コストを考える。それぞれの施設間の物流量と距離が図 (2) と図 (3) のとき、 F と D はそれぞれ式 (2),(3) となる。 $P(f_2, f_1, f_4, f_3)$ を (d_1, d_2, d_3, d_4) と配置するときの配置コスト $E(P)$ は式 (4) に示すように計算できる。

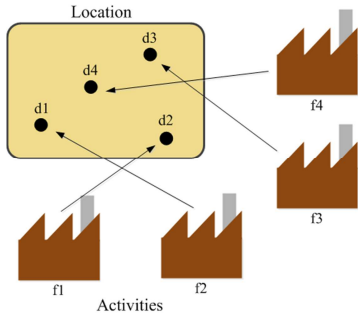


図 1 4 つの施設配置問題例。

$$F = \begin{bmatrix} 0 & 5 & 10 & 2 \\ 5 & 0 & 6 & 3 \\ 10 & 6 & 0 & 4 \\ 2 & 3 & 4 & 0 \end{bmatrix} \quad (2)$$

$$D = \begin{bmatrix} 0 & 21 & 11 & 44 \\ 21 & 0 & 12 & 30 \\ 11 & 12 & 0 & 9 \\ 44 & 30 & 9 & 0 \end{bmatrix} \quad (3)$$

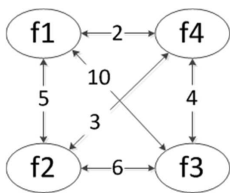


図 2 施設間の物流量。

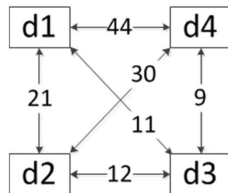


図 3 施設間の距離。

$$\begin{aligned} E(P) &= \sum_{i=1}^4 \sum_{j=1}^4 f_{ij} d_{p(i)p(j)} \\ &= \begin{bmatrix} 0 & 5 & 10 & 2 \\ 5 & 0 & 6 & 3 \\ 10 & 6 & 0 & 4 \\ 2 & 3 & 4 & 0 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 0 & 21 & 30 & 12 \\ 21 & 0 & 44 & 11 \\ 30 & 44 & 0 & 9 \\ 12 & 11 & 9 & 0 \end{bmatrix} \\ &= 1524 \end{aligned} \quad (4)$$

図 (1) のような少ない要素数 n の場合では、組み合わせ数が少ないので容易に最適解を求めることが可能である。しかし、要素数 n が増加するに従い、組み合わせ数が爆発的に増加する。それ故、最適解を求めることが難しくなる。要素数 n の値が大きい場合において、全ての組み合わせを求めて最適解を求めることは現実的に不可能であるので、本研究では群知能アルゴリズムの一種である Evolutionary Algorithm with Immune and Infection (EAI) を用いて QAP の解の導出を行った。

3. ウイルス進化論

自然界において、生物の進化は環境に対して適応度が高いほど多く生き残り、適応度が低いほど次世代に残りにくくなる。そして、適応度が高い遺伝子ほど交配する機会に恵まれるので、次世代にはより適応度が高い遺伝子が産生される確率が高くなる。そのため、世代交代を繰り返すことで遺伝子はより環境に適応していき、生物は進化する。しかしながら、進化には数多くの世代交代が必要となるので、多くの時間が必要となる。

一方、ウイルス進化論 [13] とはウイルスが感染することで進化する理論である。ウイルスが感染することで遺伝情報が大きく変化することとなるので、数少ない世代交代で大幅な遺伝子の変化が可能である。従って、感染させるウイルスが環境に対して適応度の高い情報を持っているのならば、通常の進化よりも格段に早く適応度の高い遺伝子へと進化できることが期待できる。

4. Evolutionary Algorithm with Immune and Infection (EAI)

提案手法である EAI の流れを Step で説明する。Step2 から Step5 までは設定した抗体の更新回数 t_{max} 分だけ繰り返して、解の探索を行う。また、図 4 に EAI のフローチャートを示す。

Step1 初期設定

初期設定としてランダムに選択した順路を U 個用意する。これらそれぞれの順路を抗体と定義する。

Step2 抗体群の評価

抗体群それぞれの評価値は式 (5) で定義する。

$$\phi_v = \frac{1}{E(v)} \quad (5)$$

$E(v)$ はそれぞれの抗体 v に対するコストであり、 ϕ_v はコストが低いほど高い値となる。

抗体の親和度

抗体の親和度は抗体間における類似性を意味する。式 (6) は

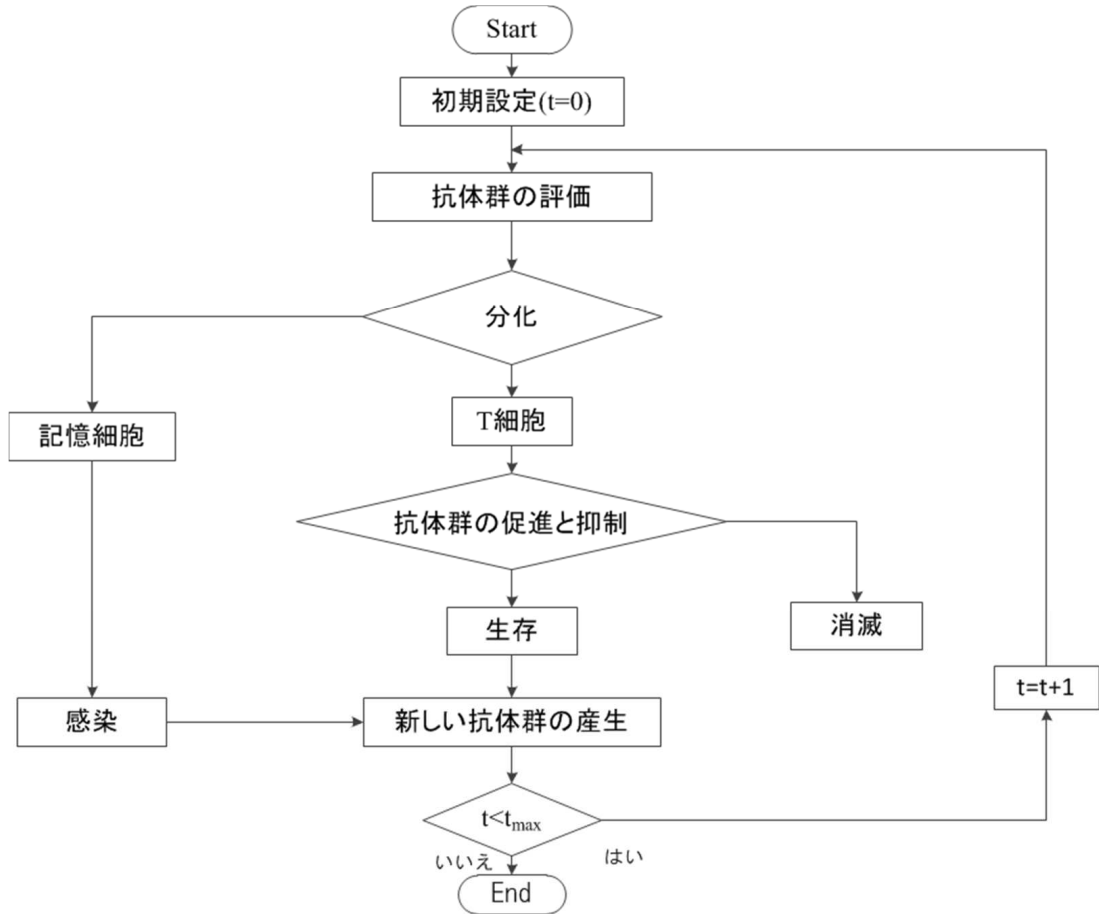


図 4 EAII のフローチャート.

抗体 v , w における抗体の親和度を表している.

$$\Psi_{vw} = \frac{1}{1 + H_{vw}} \quad (6)$$

H_{vw} は抗体 v , w における抗体が持つ情報の類似性を表す値である. もしも, $H_{vw} = 0$ であれば抗体 v , w は全く同じ情報を持ち, H_{vw} の値が大きくなると抗体 v , w はより異なった情報を持つ. それ故, Ψ_{vw} の値が大きいほど抗体 v , w の持つ情報は類似しているといえる.

抗体の濃度

抗体の濃度は式 (7), (8) で定義する. (U は抗体の個数を意味する.)

$$\Theta_v = \frac{1}{U} \sum_{w=1}^U \pi_{vw} \quad (7)$$

$$\pi_{vw} = \begin{cases} 1 & (\Psi_{vw} \geq T_1) \\ 0 & (\Psi_{vw} < T_1) \end{cases} \quad (8)$$

Ψ_{vw} はそれぞれの抗体間の親和度 Ψ_{vw} がしきい値 T_1 を越えたときのみ反映する. それ故, 抗体の濃度 Θ_v は自分以外の抗体との類似性を意味する. 従って, Θ_v の値が大きくなると他の抗体と類似していることを表す. 本研究ではしきい値 T_1 を設定することで, 小さな類似性は類似していないとみなしている. 抗体の濃度が小さな類似性を持つことで値に反映しないように設定している.

Step3 分化

Step3 の分化では Step2 で評価した抗体を記憶細胞と T 細胞に分化させる作業を行う.

記憶細胞

Step2 で求めた抗体の濃度 Θ_v の値がしきい値 T_2 を越えたときに記憶細胞候補 μ へと分化する. もしも, 設定した記憶細胞数の上限に達していない場合, 記憶細胞候補 μ は記憶細胞 m へと分化する. しかし, 設定した記憶細胞数の上限に達している場合, 記憶細胞候補 μ と記憶細胞 m との抗体の濃度 $\Psi_{\mu m}$ を計算する. 最も抗体の濃度 $\Psi_{\mu m}$ が大きい値の評価値 $\phi_{m_{max}}$ と記憶細胞候補 μ の評価値 μ を比べて, 記憶細胞候補 μ の評価値 μ の大きければ, 記憶細胞候補 μ と最も抗体の濃度 $\Psi_{\mu m}$ が大きい値の記憶細胞 m を入れ替える. 抗体の濃度と評価値を用いて記憶細胞への分化を行うことで, 記憶細胞の多様性を守っている.

T 細胞

記憶細胞への分化が終了後, 抗体 v を T 細胞 t に分化させる作業について行う. 抗体 v と T 細胞 t との親和度 Ψ_{vt} を計算する. 親和度 Ψ_{vt} の値がしきい値 T_3 を越えたとき, 抗体 v を T 細胞 t に分化させずに消滅させる. この作業が持つ意味はよく似た抗体を消滅させて, 抗体群の類似性が大きくなるのを防ぐ役割がある. もしも抗体が消滅した場合, ランダムに生成した抗体を作成し, T 細胞 t に分化させて, 新しい抗体を補充する.

Step4 抗体群の産生の促進と抑制

生存と消滅

T細胞 t に分化した抗体群に対して、それぞれの抗体の評価値 ϕ_t を計算する。上位半分評価値を持つ T細胞 t は生存し、それ以外の T細胞 t は消滅させる。

新たな抗体群の産生

生存した T細胞 t に対して、交叉を用いて、新たな抗体を生成する。交叉とは2つの抗体の情報を組み合わせて、新たな抗体を生成する作業である。交叉については図5に示す。交叉によって生成された抗体を消滅した抗体の数だけ補充する。

Step5 感染

記憶細胞からランダムに選び、抗原とする。その抗原を抗体群に図6のように抗原情報の一部を感染させる。抗原情報の一部を感染させることで抗体群の情報の一部は変化する。この一連の流れを感染アルゴリズムと呼ぶ。本研究では抗原の数を変化させてシミュレーションを行った。また、感染度合いを変更させるために感染確率を定義した。

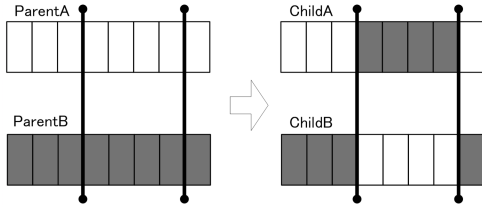


図5 交叉の流れ。

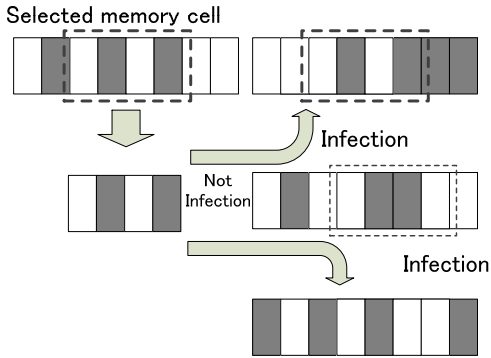


図6 感染アルゴリズムの流れ。

5. シミュレーション

提案手法である EAI と既存手法である IA との性能を比較するために、複数の QAP に対してコンピュータシミュレーションを行った。抗体数 U を 1024, 抗体の更新回数 t_{max} を 4000, シミュレーション回数を 10 回, 記憶細胞数は 20 とした。また、最適解との誤差率である $Error rate$ を式 (9) で定義した。

$$Error\ rate[\%] = \frac{(\text{得られた解}) - (\text{最適解})}{(\text{最適解})} \times 100 \quad (9)$$

$Error rate$ は得られた解が最適解に近いほど小さな値となる。 $Error rate$ が 0% ならば、最適解を得たことを意味する。

表1に EAI と IA の $Error rate$ と演算時間のシミュレーション結果を示す。用いた QAP は 5 種類 [5], 値は 10 回の平均値, 感染確率は 20% とした。IA の t_{max} と U の値は EAI と等しい値を用いた。図1の $Error rate$ の結果においては, EAI は IA よりも良い結果が得られることを確認した。しかし, 演算時間においては必ずしも EAI の方が優れていると言えない。特に had20 においては EAI の方が演算時間の値が大幅に大きくなってしまった。QAP の種類によっては感染アルゴリズムを挿入することで大きく演算時間が増加してしまう可能性があるため, 演算時間の増大を抑えることが必要であると言える。

表1 EAI と IA のシミュレーション結果

QAP type	Size n	Error rate[%]		演算時間 [s]	
		IA	EAI	IA	EAI
tai12a	12	6.15	1.05	217	204
scr12	12	2.58	0.00	201	200
nug20	20	9.51	6.85	327	340
had20	20	2.62	1.07	338	456
nug30	30	14.23	12.42	563	522

次に, nug30 における記憶細胞数を変化させたときの演算時間とコスト $E(P)$ の変化のシミュレーションを行った。図7は記憶細胞数と演算時間の関係, 図8は記憶細胞数とコスト $E(P)$ の関係を示す。記憶細胞数を変化させることで, 感染アルゴリズムで用いる抗原の数も変化する。図7より, 記憶細胞数を増加させることで演算時間は増加する。一方, 図8より記憶細胞数を増加させることでコスト $E(P)$ の値が小さくならなかった。 $E(P)$ の値にばらつきが見られたが, 記憶細胞数が 15 前後で最も良い結果となった。図7, 8の結果から演算時間と $E(P)$ の値より, 記憶細胞数を増加させても必ずしも良い結果が得られるわけではない。記憶細胞数を適切な値に設定することが必要であると言える。

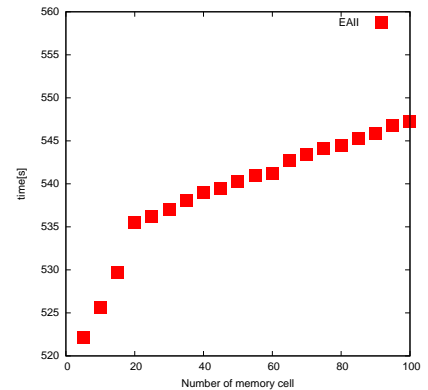


図7 nug30 における記憶細胞数と演算時間の関係。

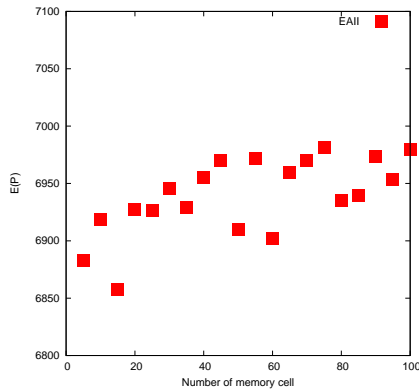


図 8 nug30 における記憶細胞数とコスト $E(P)$ の関係.

6. ま と め

本研究では, AIS と VTE のハイブリッド手法である EAll を新たに提案した. 最適化問題の 1 つである QAP におけるコンピュータシミュレーションにおいて, 提案手法である EAll の有効性が確認できた.

今後の課題としては, 得られる結果のパラメータの依存性やなぜ良い結果が得られたのかの詳細調査を行っていききたい. また, 本研究で用いた QAP よりもよりサイズの大きい QAP に対して, 良い結果が得られるようにアルゴリズムの改良していきたい.

文 献

- [1] M.A. Potter, K.A De Jong, "A Cooperative Coevolutionary Approach to Function Optimization," Proceedings of the International Conference on Evolutionary Computation. The Third Conference on Parallel Problem Solving from Nature: Parallel Problem Solving from Nature, p.249-257, 1994.
- [2] E. L. Lawler, J. K. Lenstra, A. H. G. Rinnooy-Kan and D. B. Shmoys, editors. "The Traveling Salesman Problem," Wiley, 1985.
- [3] D. Pisinger, "Algorithms for Knapsack Problems," PhD thesis, University of Copenhagen, Dept. of Computer Science, 1995.
- [4] E. Lawler, "The Quadratic Assignment Problem," Management Science 9, pp.586-1963.
- [5] R.E. Burkard, S.E. Karisch, F. Rendl, "QAPLIB - A Quadratic Assignment Problem Library," Journal of Global Optimization Volume 10, Issue 4, pp.391-403, 1997.
- [6] de Castro L., Von Zuben F., "Artificial Immune System: Part I - Basic Theory and Applications," Technical Report, TR-DCA, 1999.
- [7] de Castro L., Von Zuben F., "Artificial Immune System: Part II - A Survey of Applications," Technical Report, TR-DCA, 1999.
- [8] S. Garrett, "How Do We Evaluate Artificial Immune Systems?," Evolutionary Computation, vol.13, no.2, pp.145-178, 2005.
- [9] D. Dasgupta, S. Yu, F. Nino, "Recent advances in artificial immune systems," Applied Soft Computing, 11(2), pp.1574-1587, 2011.
- [10] K. Mori and M. Tsukiyama, "Immune algorithm with searching diversity and its application to resource allocation problem," Transactions on JIEE 113-C (10), 1993.
- [11] K. Mori, M. Tsukiyama and T. Fukuda "Application of an immune algorithm to multi-optimization problems," T. IEEE Japan, vol.117-C, no.5, pp.593-598 1997.
- [12] V. Cutello, G. Nicosia, M. Pavone, J. Timmis, "An Immune Algorithm for Protein Structure Prediction on Lattice Models," IEEE Transactions on Evolutionary Computation, vol.11, no.1, pp.101-117, 2007. 86.
- [13] N. Nakayama, A. Kanasugi and K. Kondo, "An Evolutionary Algorithm Based on the Virus Theory of Evolution," Transactions of Information Processing Society of Japan, Vol.40, No.5 p2346-2355, 1999.