

適応度景観における中立度と凸凹度の推定

片田 喜章 (摂南大学)

Estimating the Degree of Neutrality and Ruggedness in Fitness Landscapes

Katada Yoshiaki (Setsunan University)

The shape of fitness landscapes is an important key for evolutionary optimization to predict the performance of evolutionary algorithms (EAs) and to tune EA parameters. In these decades, the features of a fitness landscape has been proposed and recognized as an important factor in the genetic search. However, the research progress has been slow in the evolutionary computation community. Our research group proposed the method to estimate the features of a fitness landscape, ruggedness and neutrality. This paper introduced our proposed method for estimating the degree of neutrality in fitness landscapes. Several computer simulations were conducted with not only a test problem but also an evolutionary robotics problem in order to investigate the validity of the proposed approach. The results suggest to us that this approach is a reliable method for estimating the degree of neutrality on real-world problems. Some issues for landscape analysis are described briefly in the last part of this paper.

キーワード：進化的最適化，適応度景観，景観分析，特徴量，中立度，凸凹度

Keywords: evolutionary optimization, fitness landscapes, landscape analysis, features of landscapes, neutrality, ruggedness

1. はじめに

進化を山登りと捉える—このときの山の形状・起伏を表すものが適応度景観 (fitness landscape) である。この概念は進化における選択と変異の動きを視覚化するために集団遺伝学者 Wright⁽¹⁾ によって初めて導入された。進化論的計算では適応度景観は適応度関数そのものであり、解くべき問題の易しさ/難しさに直結する。数学的には、設計変数 (遺伝子座の遺伝子) とそれらに対する適応度で定義される多次元空間で表現される。例えば、2 つの設計変数によって構成される探索空間に適応度を表す軸を高さ方向にとったものが 3 次元の適応度景観であり、われわれが視覚的に「山」と捉えられるものである。適応度景観上の 1 点は、ある個体の遺伝子型とその適応度を表す。ここで、遺伝的操作は適応度景観における点の移動を意味し、選択はその点群の固定および消失を意味する。そして、進化過程は適応度景観における点群 (個体群) の推移として捉えられる。進化論的計算の実行中に得られる遺伝子型-適応度の集合は、いわば適応度景観という名の山に残された進化の足跡であり、遺伝的操作を適用し評価することはこの一步に相当する。

適応度景観の形状を調べる目的は、i) 得られた進化論的計算の解探索に関する性能を説明する、ii) 進化論的計算を適用する場合の問題の困難さを定量化し、有効な進化論的計算を選定する (パラメータ調整を含む)、ことにある。しかしながら、適応度景観の全体形状の正確な測定は、探索空間の全探索によってのみ可能となる。さらに同じ適応度

景観上でも、進化の歩幅および足跡のつき方は採用する進化論的計算によって異なる。そこで問題の困難さは景観の概形によって議論されてきた。初期の進化論的計算の理論的研究では、問題の困難さはだまし (deception)・多峰性 (multimodality)・isolation など適応度景観の形状を表す抽象的な用語に基づいて議論された。しかし、これらが進化論的計算の最適化問題を解く性能に与える影響については未だ多くの議論がなされており、それらに対する反証も挙げられている。

近年、進化論的計算が解くべき問題の困難さを適応度景観から説明しようとする試みは、適応度景観の特徴量を測定することで行われている。これらの研究の大部分は凸凹 (ruggedness)/エピスタシス (epistasis) をもとになされている⁽²⁾⁻⁽⁶⁾ (なお、エピスタシスとは、遺伝子座間の相互作用を意味する)。凸凹の度合いを推定する統計的手法としては、ある個体 (親個体) とその近傍個体 (遺伝子空間で距離が近い/突然変異体/子個体) の適応度の相関に基づくものが多い⁽²⁾⁻⁽⁶⁾。例えば、ある遺伝子型とその近傍の遺伝子型の適応度の相関が小さいということは、適応度景観上の近傍点で相関が小さい、つまり、凸凹の度合いが大きいことを表す。一般的に、凸凹の度合いが大きくなると問題は進化論的計算にとってより困難になり、ついには景観上の近傍点で何ら相関がなくなり、進化論的計算はランダム探索と同等となってしまうことが知られている。もう一つの特徴量として近年注目されているものに中立性 (neutrality)⁽⁷⁾⁻⁽¹⁵⁾ がある。これは 3 次元空間における山の、起

伏のない平坦な部分に相当する．進化型ロボットにおけるニューラルコントローラ⁽¹⁶⁾⁻⁽¹⁸⁾や進化型ハードウェア⁽¹⁹⁾などに代表される問題領域においては，その遺伝子型-表現型写像または表現型-適応度写像に含まれる冗長性が中立性として適応度景観に現れることが報告されている．中立性の度合いを推定する統計的手法としては，中立性の度合いを全世代における親個体と子個体の適応度が等しい確率として定義し定量化する方法⁽¹³⁾，進化論的計算を実行し得られた遺伝子型データから中立性の度合いを推定する方法⁽²⁰⁾が提案されている．

中立度の推定法に関して，上述の文献(13)の測定は直感的にうまくいくように思われるが，適応度を直接比較するため，“等しい”とみなす差 ε ： $(|f - f'| \leq \varepsilon, f, f'$ は親とその子の適応度)を実験者が決定する必要がある．しかし，この測定法は ε の値に対し非常に敏感であることがVassilevら⁽¹¹⁾によって示されている．とくに，適応度を実数値で評価する問題やノイズが含まれる実問題ではこの ε の設定が結果に大きく影響を与えてしまう．本稿では，筆者らの研究グループで提案している，凸凹と中立性の度合いを推定する方法⁽²⁰⁾を紹介し，それを進化型ロボット⁽²¹⁾に適用した事例について報告する．最後に，適応度景観分析の最近の動向について触れる．

2. 適応度景観の特徴量推定法

本節では，適応度景観の特徴量を推定する方法について述べる．推定する特徴量は凸凹度と中立度であり，凸凹度はSmithらの測定法⁽¹³⁾を用いて，中立度は我々の研究グループが提案している測定法⁽²⁰⁾である遺伝距離を用いてそれぞれ推定する．中立度の推定において，Smithらの方法による凸凹度を使用することから，さきに凸凹度の推定について説明する．

2.1 凸凹度の測定法 実問題の適応度景観における凸凹度は適応度景観の相関に基づいて推定される⁽²⁾．そこで，凸凹度の指標として，適応度景観の相関をスカラー量で表すことができるSmithらの方法⁽¹³⁾を用いる．

適応度 k の親個体から生まれる子個体の平均適応度⁽¹³⁾は以下のように定義される．

$$\bar{f}(k) = \frac{\sum_{g \in G(k)} f(g)}{|G(k)|} \dots\dots\dots (1)$$

ここで， $G(k)$ は全世代にわたって適応度 k の親から生まれる子の遺伝子集合， g は子の遺伝子， $f(g)$ は子の適応度である． k に対する \bar{f} の傾き (r) は中立度の影響を受けず，凸凹度が増加すると r は減少し，遺伝子座間に関連(エピスタシス)がないときには $r \simeq 1.0$ に，最大に関連があるときには $r \simeq 0.0$ になることが知られている⁽¹³⁾．

2.2 中立度の測定法

2.2.1 遺伝距離 「遺伝距離」は元々，集団遺伝学において，集団間もしくは種間の遺伝子の違いを推定するために用いられている⁽²²⁾⁽²³⁾．文献⁽²⁴⁾ではこれをGA

に適用できるように拡張し，その特徴を調べている．詳細については文献⁽²⁰⁾⁽²⁴⁾を参照されたい．

遺伝距離を計算する際に用いる二つの集団について， t 世代での個体集団と $t+1$ 世代での個体集団を考える．そして，世代間の遺伝距離 $D_{t,t+1}$ を求め， T 世代までの総和をGAにおける遺伝距離として以下のように計算する．

$$D(T) = \sum_{t=1}^{T-1} D_{t,t+1} \dots\dots\dots (2)$$

添え字を用いた式表現の明瞭化のために， t 世代での個体集団を集団 X とよび， $t+1$ 世代での個体集団を集団 Y とよぶことにすると，(2)式の $D_{t,t+1}$ は，つぎのように与えられる．

$$D_{X,Y} = -\log_e \frac{J_{XY}}{\sqrt{J_X J_Y}} \dots\dots\dots (3)$$

ここで， $J_X = \sum_{i=1}^N j_{xi}/N$ ， $J_Y = \sum_{i=1}^N j_{yi}/N$ ， $J_{XY} = \sum_{i=1}^N j_{xyi}/N$ であり(N : 遺伝子長)， j_{xi}, j_{yi}, j_{xyi} はそれぞれつぎのように与えられる．まず，集団 X における第 i 番目の遺伝子座の対立遺伝子 l の頻度を $x_{il} = n_{il}/M$ ($i = 1, \dots, N$, M : 個体数， n_{il} : 集団内の対立遺伝子 $l \in \{0, 1\}$ の数*)とする．同様に集団 Y における y_{il} を考え， $j_{xi} = x_{i0}^2 + x_{i1}^2$ ， $j_{yi} = y_{i0}^2 + y_{i1}^2$ ， $j_{xyi} = x_{i0}y_{i0} + x_{i1}y_{i1}$ とする．ここで， j_{xi} は集団 X から任意に選んだ二個体における第 i 番目の遺伝子座の対立遺伝子が等しい確率であり， j_{yi} は集団 Y のそれである． j_{xyi} は集団 X と Y のそれぞれから任意に一個体ずつ選んだ二個体における第 i 番目の遺伝子座の対立遺伝子が等しい確率である．

2.2.2 遺伝距離の特性 文献(24)では，遺伝距離の特性を調べている．その特性を以下にまとめる．

突然変異率が十分に小さいという条件の下で，

- (1) 中立性を含む適応度景観において，遺伝距離は世代数に対し，ほぼ線形的に増加し続ける．
- (2) 遺伝距離は中立度が大きいほど増加する．
- (3) 遺伝距離は凸凹度が大きいほど減少する．
- (4) 遺伝距離は集団の個体数が多いほど減少する．

(1)(2)は，その世代数(T)に対する傾き(α)が中立度の指標として使えることを示している．しかし，(3)のため凸凹度の影響も考慮しなければならない．これらを考慮して，適応度景観における中立度の推定法を文献⁽²⁴⁾において提案した．以下にその詳細を示す．

2.2.3 中立度の測定手順 実問題で適応度景観の中立度を推定する手順を以下に示す．

- i) 実問題における遺伝距離の世代数に対する推移を調べ，中立性が含まれることを確認する．
- ii) 実問題における各試行から点 (r, α) を計算する．
- iii) テスト関数で凸凹度と中立度を変更し， $r-\alpha$ 曲線群を得る．

* l の要素数はバイナリコーディングを用いた遺伝的アルゴリズム(GA)⁽²⁵⁾⁽²⁶⁾の対立遺伝子数に対応している．

iv) 得られた r - α 曲線群を用いて、実問題で得られた点 (r, α) がどの曲線に近いかを判別し、中立度の推定・比較を間接的に行う。

手順 iii)iv) を行うのは、2・2・2 節でも確認したように、遺伝距離は中立度と凸凹度の両方に依存するためである。つまり、テスト関数で得られる r - α 曲線群を等中立度曲線群として捉え、実問題で得られる点 (r, α) が (r, α) 図上のどこに位置するかを視覚的に判断する(どの曲線に近いかを調べる)ことによって中立度を推定する。このテスト関数として中立性と凸凹の二つの適応度景観の特徴量を調節でき、中立ネットワークに関する研究領域で多く利用される NK $_q$ ランドスケープ⁽⁹⁾(以下 NK $_q$ とよぶ) および NK $_q$ よりも大きい中立度を扱えるように拡張した NK $_q$ -p(3 節参照)を用いて計算機実験を行う。この二つのランドスケープの景観パラメータは、手順 iii) において手順 iv) を行えるように決定する。ここで、2・2・2 節で述べた GA における遺伝距離の特性より、遺伝距離を計算して適応度景観間の特徴量を比較するためには、テスト関数と実問題で GA のパラメータ設定(突然変異率・個体数・トーナメントサイズ)を等しく設定する必要がある。

3. 中立性を含む拡張 NK ランドスケープにおける遺伝距離の特性

本節では NK $_q$ および NK $_q$ -p に簡単 GA(SGA) を適用して、得られる遺伝子型データから遺伝距離を計算すると共に、実問題への適用を考慮して、従来手法を用いて推定された凸凹度との関係を考察する。

3.1 テスト関数 NK $_q$ は遺伝子長 N 、遺伝子間のエピスタシス数 $K (< N)$ 、中立度を調節する値 F (2 以上の自然数)を景観パラメータとしてもつ。 K が大きくなると凸凹度が増し、 $K = N - 1$ のとき、凸凹度が最大になる。

i 番目の遺伝子座の適応度に対する貢献値 v_i は $0 \leq v_i < F$, $i = 1, \dots, N$ の範囲で整数としてランダムに生成される。適応度 V は各遺伝子座における貢献値を平均し、 $F - 1$ で割る(正規化)ことによって計算される。

$$V = \frac{1}{N(F-1)} \sum_{i=1}^N v_i \dots\dots\dots (4)$$

ここで、 $F = 2$ のとき、中立度は最大となり、 $F \rightarrow \infty$ のとき、中立度は 0 となる。

NK $_q$ -p は、NK $_q$ ($F = 2$ に固定)を拡張したものであり、(4) 式の各遺伝子座における貢献値 v_i を確率 P で 0 にすることで、NK $_q$ で設定できる最大の中立度($F = 2$ のとき)よりも大きい中立度を扱えるようになる(中立度を含む拡張 NK ランドスケープとして同様に提案されている NK $_p$ ランドスケープ⁽⁸⁾の中立度導入法を参考にした)。

3.2 計算機実験設定 2 節で述べた特徴量推定を行うため、SGA では交叉は用いないものとし、点突然変異のみを遺伝的操作として用いる。また、2・2・2 節で述べた

GA において遺伝距離を求める際の条件より、十分小さい突然変異率として $q = 0.008$ に設定する。個体数を 50 とし、選択法としてトーナメント選択を用いる。SGA では弱い選択圧が推奨されていることからトーナメントサイズを 2 とする。generational GA を採用し、各試行の最終世代数を 2,000 とする。NK $_q$, NK $_q$ -p の景観パラメータを $N = 20$, $K \in \{0, 2, 6, 12, 19\}$, $F \in \{2, 3, 4\}$, $P \in \{0.9, 0.99\}$ (ただし、 P を用いる際は $F = 2$) に設定し、各景観に関し独立に 50 試行を行う。(1) 式における k に対する \bar{f} の傾き (r) および世代数 (T) に対する (3) 式の傾き (α) は最小二乗法を用いて計算する。

3.3 計算機実験結果

3.3.1 凸凹度の推定 図 1 に $F = 2$ に関する NK $_q$ における r を最小二乗法を用いて表した結果を示す。2・1 節で述べたように、 r は、 K が増加する(凸凹度が増加する)と、その値は減少することが確認できる⁽¹³⁾。また、結果は省略するが F の値(中立度)の影響を受けない。

3.3.2 凸凹度に対する遺伝距離の特性 (K, F) または (K, P) の各組合せに対する r と α の関係を図 2 に示す。 K に対応する相関値 r に関して、 F の減少または P

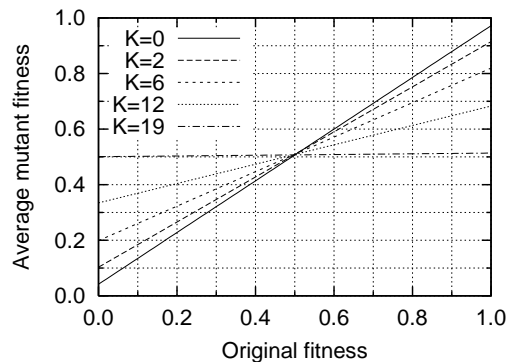


図 1 親個体の適応度に対する子個体の平均適応度 (NK $_q$: $N = 20$, $F = 2$)

Fig. 1. Expected offspring fitness value over all parent fitness values in NK $_q$ for $N = 20$ and $F = 2$

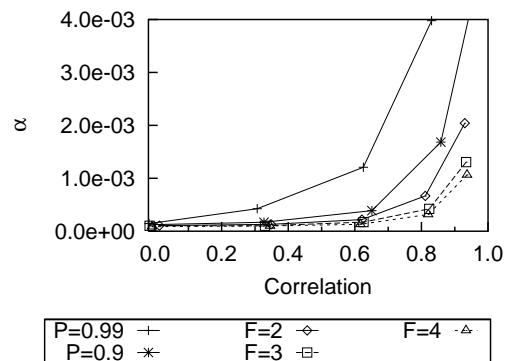


図 2 (r, α) 点群

Fig. 2. α as a function of the correlation (r)

の増加に伴い, α が増加していることがわかる (2・2・2 節で述べた GA における遺伝距離の特性 (2)). また, 適応度景観の相関 r が大きくなると α が増加していることがわかる (特性 (3)). 以上の結果より, 2・2・3 節で述べたように, NK_q および NK_{q-p} において, F, P が一定, つまり, 中立度が一定である (r, α) 点群は図 2 に見られるような曲線を形成し, 中立度の各値に対し $r-\alpha$ 曲線群が得られる.

4. 進化ロボティクスにおける中立度と凸凹度の推定

本節では, 工学的実問題であるニューラルコントローラを用いた自律エージェントによる対象物運動パターン識別問題を扱う. 中間ノード数を変化させた場合の各適応度景観に SGA を適用して, 2 節で示した各特徴量の測定法に基づいて, 適応度景観に中立性が含まれることを調べ, 3 節で得られた結果をもとに, 中立度および凸凹度の推定および比較を行う.

4.1 計算機実験設定

4.1.1 タスクと適応度関数 図 3 に自律エージェントによる運動パターン識別問題⁽²⁷⁾の概略を示す. エージェントは近接センサ及び水平方向に移動するためのモータをもち, 近接センサは対象物を感知するとその距離に応じた値を 0.0 から 1.0 の間の実数値を出力する. 対象物は水平方向の長周期運動 (LP) もしくは短周期運動 (SP) を伴いながら, 環境の上方より垂直方向に等速で落下する. エージェントは, この振動周期を識別し環境の下方で水平方向に移動することで, LP を捕獲し (catch), SP を回避する (avoid) ことを目的とする. 落下開始位置が水平方向に異なる試行を各周期毎に 8 回行い, つぎの適応度関数を用いてエージェントの適応度を計算する:

$$Fitness = 1000 \sum_{i=1}^{trials} \frac{P_i}{trials} \dots\dots\dots (5)$$

ここで, $trials (= 16)$ は各個体に対する試行数であり,

$$P_i = \begin{cases} 1 - d_i, & (LP) \\ d_i, & (SP) \end{cases} \quad d_i = \begin{cases} 1, & hd_i > 60 \\ hd_i/60, & hd_i \leq 60 \end{cases}$$

とする. ただし, hd_i は最終的な落下対象物とエージェントの水平距離である. なお, LP の場合には落下地点に近いとき, SP の場合には落下地点より遠いときに高い適応度を示す.

4.1.2 コントローラ エージェントのコントローラとして, 中間層・出力層が完全相互結合された Pulsed Neural Networks:PNN⁽²⁸⁾を用いる. 入力ノード数を 7(近接センサ), 出力ノード数を 2(モータの水平方向速度)とし, 中間ノード数を $N_h = \{0, 1, 5, 10, 15\}$ と変化させる. ここで N_h を変化させることの本質は, 一般に中間ノード数の設定は問題に対するコントローラの性能に大きく影響を与えることが知られており, また, 適応度景観の形状に影響を与えることが予想されるためである. PNN で用いられる他のパラメータは文献 (27) の設定に従う.

4.1.3 遺伝的アルゴリズムの設定 PNN の結合荷重・しきい値を変数とし, 各変数に 10 ビットを用いてバイナリコーディングを行った SGA を用いる. このとき, N_h の各値に対する遺伝子長は $L = \{200, 330, 1050, 2400, 4250\}$ となる. 3 節と同様の理由により, 遺伝的操作として点突然変異のみを用いる. 点突然変異率は 2 節で述べた遺伝距離を GA に用いる際の条件に従い, 各コントローラ共通の $q = 1/L_{N_h=15}^*$ を用いる. 選択法はトーナメント選択 (トーナメントサイズ:2) を用い, 個体数を 50, 世代数を 6,000 とし, 独立に 10 試行行う.

NK_{q,q-p} の景観パラメータは, 2・2・3 節の手順 iii) において手順 iv) を行えるように予備的な実験を行い, 決定する. 本実験では, 3・1 節と同じ設定とする. NK_{q,q-p} に用いる SGA は PNN に用いる場合と同じパラメータ設定とする. ここで, 手順 iv) を行う意味を本設定で説明すると, PNN の各適応度間の特徴量を直接比較すると, 4・2 節で述べるように, 中立度の増減を判断できない事例が存在するためである.

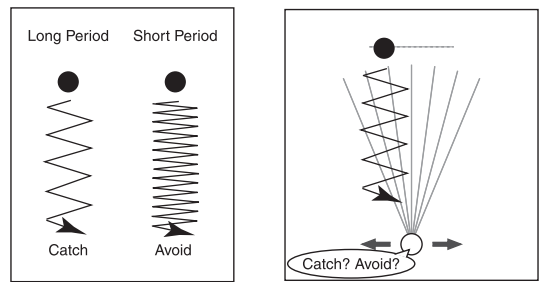


図 3 運動パターン識別問題の実験環境

Fig. 3. Experimental setup for the discrimination of the motion patterns. Two kinds of period used in the discrimination experiments (left) and the agent in the arena with its array of the proximity sensors (right).

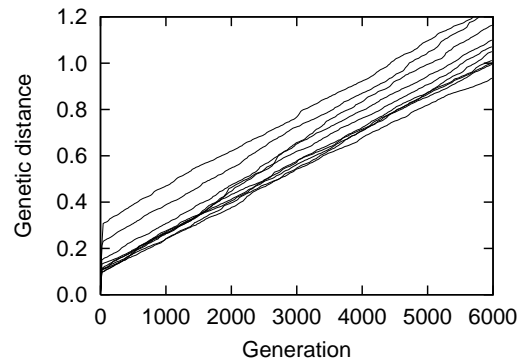


図 4 世代数に対する遺伝距離の推移 ($N_h = 15$)
Fig. 4. Genetic distances at each generation for $N_h = 15$ in 10 runs

* $q = 1/L$ が最小になる $N_h = 15$ の場合に設定する.

4.2 計算機実験結果 図 4 に PNN の $N_h = 15$ における 10 試行分の遺伝距離の推移を示す。全試行とも、世代数に対しほぼ線形に増加し続けていることから、2・2・2 節で述べた GA における遺伝距離の特性 (1) より、本問題の PNN の適応度景観は中立性を含むことがわかる。他の N_h に関しても同様の結果が得られている。以降、10 試行分のデータを用いて、最小二乗法により α を計算した結果を示す。

図 5,6 に PNN の各 N_h に対する適応度景観の特徴量をそれぞれ示す。本実験では、 $N_h = 15$ の場合を除いて、 N_h が増加すると適応度景観の相関は増加する、つまり凸凹度は減少する傾向にある (図 5)。一方、 N_h が増加すると α も増加していることがわかる (図 6)。 $N_h = 0 \rightarrow 1$ の変化を比較すると相関はそれほど変わらないが、 α は大きく増加している。また、 $N_h = 10 \rightarrow 15$ を比較すると相関は減少しているにもかかわらず、 α は増加している。これらは遺伝距離の特性 (2)(3) および 3 節の結果より、中立度が増加することによって起こると推測される。 $N_h = 1 \rightarrow 5$ 、 $N_h = 5 \rightarrow 10$ では r と α が共に増加しているため、これらを直接比較するだけでは中立度の増減は判断できない。

そこで、実験設定で述べたように、NKq,q-p において得られる r - α 曲線群を用いて、PNN の各適応度景観で得られた (r, α) がどの曲線に近いかを判別し、中立度の推定・

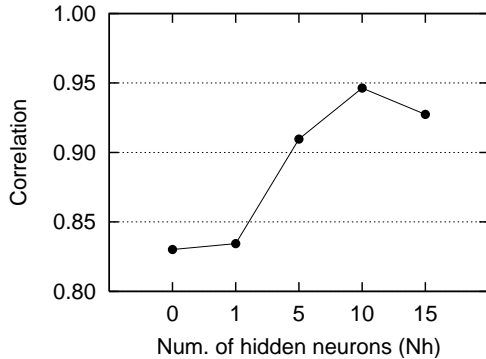


図 5 各 N_h に対する相関 r
Fig. 5. Correlation (r) for each N_h

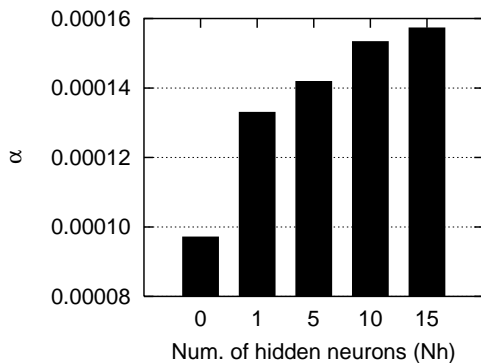


図 6 各 N_h に対する α
Fig. 6. α for each N_h

比較を行う (図 7)。 $N_h = 0, 1$ の場合の (r, α) は $P = 0.99$ と $P = 0.9$ の曲線間に位置し、 $N_h = 1$ の方が $P = 0.99$ の曲線に近い。また、 $N_h = 5, 15$ の場合の (r, α) は $P = 0.9$ の曲線上に位置し、 $N_h = 10$ の場合の (r, α) は $P = 0.9$ と $F = 2$ の曲線間に位置している。このことから、中立度が小さい方から順に $N_h = 10 \rightarrow \{5, 15\} \rightarrow 0 \rightarrow 1$ と変化していることがわかる。 $N_h = 0 \rightarrow 1$ 、 $N_h = 10 \rightarrow 15$ を比較した場合、中立度が増加していることがわかる。これは α を直接比較したときに得られた上述の予測と一致する。また、中立度の増減が直接比較で判断できなかった $N_h = 1 \rightarrow 5$ 、 $N_h = 5 \rightarrow 10$ では、NKq,q-p との比較によって、相対的に中立度が減少していることがわかる。

図 8 に PNN の各適応度景観での SGAs のパフォーマンスを示す。 $N_h = 1$ の場合を除いて、探索空間が小さい方がより速く良好な解を見つけていることがわかる。 $N_h = 1$ に関しては、凸凹度に基づいた考察だけでは $N_h = 0$ の場合に比べてパフォーマンスが劣る理由が説明できないが、図 7 より中立度が一番大きくなっていることから適応度景観において平坦な部分が広くなり、解探索の効率が悪くなっていると推測できる。

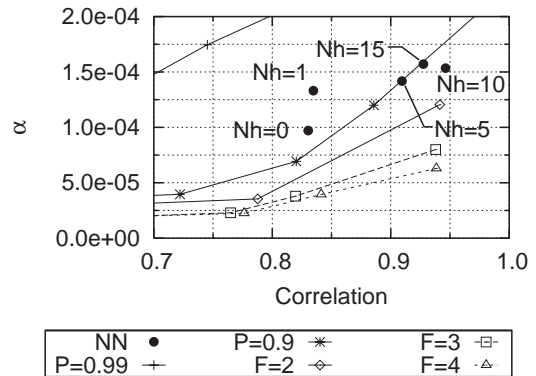


図 7 各 N_h および NKq,NKq-p における相関 r に対する α

Fig. 7. α as a function of the correlation (r) for each N_h , NKq and NKq-p

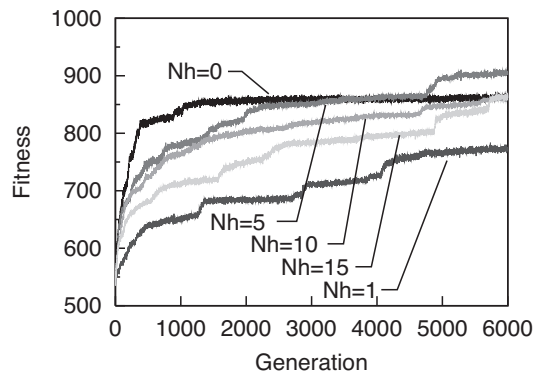


図 8 世代数に対する最大適応度の推移
Fig. 8. Maximum fitness at each generation

5. おわりに

本稿では、凸凹と中立性の度合いを推定する方法を紹介し、それを進化型ロボットに適用した事例について報告した。ここで、はじめに述べた適応度景観の形状を調べる目的という観点から本稿での報告をまとめてみる。目的 i) に関して、一般的に各特徴量の推定量と得られる進化論的計算の解探索性能との関係は未だわかっていない部分が多い。本稿でも前節の最後での記述からもわかるように、推測に基づく部分があり、完全には説明しきれていない。これは関連研究においても同様である。目的 ii) に関しては、4 節の結果をもとにパラメータを決定した拡張型 GA を同じ問題に適用し良い探索性能が得られていることを文献 (29) で報告している。しかしながら、多くの問題に適用し有効性を検証したわけではなく、このアプローチの可能性の一端を確認したに過ぎない。関連研究においても、測定された特徴量に基づいて進化論的計算を選定したり、パラメータを調整する方法論は確立されていない。

また、本稿で紹介した方法ではバイナリー GA の適用を前提としていた。特徴量を推定する研究はバイナリー GA を適用する場合を想定した事例が多く、実数値関数最適化を扱う実数値型進化計算ではそれほど多くないように思われる。実数値関数で探索性能に影響を与えると頻りに議論される変数間依存関係や多峰性・悪スケール性は適応度景観の形状に関連する要因である、もしくは形状そのものを表していると考えられる。これらを統合するような適応度景観の分析法・特徴量の提案が期待される。

適応度景観に関する研究は進化論的計算の理論として重要な部分を成すと考えられるが、研究領域全体で見ても多くの研究が活発になされているとはいいいない。本稿執筆時で編集段階ではあるが、散在する研究成果を書籍 (英語) としてまとめ、適応度景観についての知識を多面的に提供しようという動きもある。

文 献

- (1) S. Wright: "The Role of Mutation, Inbreeding, Crossbreeding and Selection in Evolution", Proceedings of the Sixth International Congress on Genetics (D. Jones, ed.), Vol.1, pp. 356-366 (1932)
- (2) E. D. Weinberger: "Correlated and uncorrelated fitness landscapes and how to tell the difference", Biological Cybernetics, 63, pp. 325-336 (1990)
- (3) B. Manderick, M. Weger and P. Spiessens: "The genetic algorithm and the structure of the fitness landscape", Proceedings of the Fourth International Conference on Genetic Algorithms (R. Belew and B. Booker, eds), pp. 143-150, Morgan Kaufmann (1991)
- (4) W. Hordijk: "A measure of landscapes", Evolutionary Computation, Vol. 4, No. 4, pp. 335-360 (1994)
- (5) T. Jones and S. Forrest: "Fitness distance correlation as a measure of problem difficulty for genetic algorithms", Proceedings of the Sixth International Conference on Genetic Algorithms (L. Eshelman, ed.), pp. 184-192, Morgan Kaufmann (1995)
- (6) P. F. Stadler: "Landscapes and their correlation functions", Journal of Mathematical Chemistry, 20, pp. 1-45 (1996)
- (7) I. Harvey and A. Thompson: "Through the labyrinth evolution finds a way: A silicon ridge", Proceedings of the First International Conference on Evolvable Systems: From Biology to Hardware, pp. 406-422 (1996)
- (8) L. Barnett: "Tangled webs: Evolutionary dynamics on fitness landscapes with neutrality", MSc. dissertation, School of Cognitive and Computing Sciences, Sussex University (1997)
- (9) M. Newman and R. Engelhardt: "Effect of neutral selection on the evolution of molecular species", Proceedings of the Royal Society of London B, 256, pp. 1333-1338, Morgan Kaufmann (1998)
- (10) E. Nimwegen, J. Crutchfield and M. Mitchell: "Statistical dynamics of the royal road genetic algorithm", Theoretical Computer Science, Vol. 229, No. 1, pp. 41-102 (1999)
- (11) V. K. Vassilev, T. C. Fogarty and J. F. Miller: "Information characteristics and the structure of landscapes", Evolutionary Computation, 8(1), pp. 31-60 (2000)
- (12) M. Ebner, P. Langguth, J. Albert, M. Shackleton and R. Shipman: "On neutral networks and evolvability", Proceedings of the 2001 IEEE Congress on Evolutionary Computation: CEC2001, pp. 1-8, IEEE Press (2001)
- (13) T. Smith, P. Husbands, P. Layzell and M. O'Shea: "Fitness landscapes and evolvability", Evolutionary Computation, Vol. 10, No. 1, pp. 1-34 (2002)
- (14) F. Rothlauf and D. Goldberg: "Redundant representations in evolutionary computation", Evolutionary Computation, Vol. 11, No. 4, pp. 381-415 (2003)
- (15) 片田, 大倉, 上田: Neutral Networks を含む適応度景観における遺伝的アルゴリズムの進化ダイナミクス, システム制御情報学会論文誌, Vol. 17, No. 5, pp. 187-195 (2004)
- (16) I. Harvey: "Artificial evolution for real problems", Evolutionary Robotics: From Intelligent Robots to Artificial Life (ER'97) (T. Gomi, ed.), AAI Books (1997)
- (17) T. Smith, P. Husbands and M. O'Shea: "Neutral networks in an evolutionary robotics search space", Proceedings of the 2001 IEEE Congress on Evolutionary Computation: CEC2001, pp. 136-145, IEEE Press (2001)
- (18) T. Smith: "The evolvability of artificial neural networks for robot control", PhD dissertation, School of Biological Sciences, University of Sussex, UK (2002)
- (19) A. Thompson: "An evolved circuit, intrinsic in silicon, entwined with physics", Proceedings of the First International Conference on Evolvable Systems: From Biology to Hardware, pp. 390-405 (1996)
- (20) 片田, 大倉: 根井の標準遺伝距離を用いた適応度景観に含まれる neutrality の推定-進化ロボティクスへの適用, システム制御情報学会論文誌, Vol. 18, No. 8, pp. 284-291, (2005)
- (21) S. Nolfi and D. Floreano: Evolutionary robotics: The biology, intelligence, and technology of self-organizing machines, MIT Press, (2000)
- (22) M. Nei: "Genetic distance between populations", The American Naturalist, Vol. 106, pp. 283-292 (1972)
- (23) 根井正利: 分子進化遺伝学; 培風館, (1990)
- (24) 片田, 大倉: 根井の標準遺伝距離を用いた neutrality を含む適応度景観をもつ問題での GA の進化ダイナミクス解析, システム制御情報学会論文誌, Vol. 19, No. 2, pp. 43-50 (2006)
- (25) J. H. Holland: Adaptation in Natural and Artificial Systems, University of Michigan Press (1975)
- (26) D. Goldberg: Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning, Addison-Wesley (1989)
- (27) Y. Katada, K. Ohkura and K. Ueda: "Artificial evolution of pulsed neural networks on the motion pattern classification system", Proceedings of 2003 IEEE International Symposium on Computational Intelligence in Robotics and Automation (CIRA), pp. 318-323 (2003)
- (28) W. Maass, and C. M. Bishop: Pulsed Neural Networks, MIT press (1998)
- (29) 片田, 大倉: ニュートラルネットワークを含む適応度景観における遺伝的アルゴリズムの進化ダイナミクス-進化ロボティクスでの検証, システム制御情報学会論文誌, Vol. 21, No. 2, pp. 31-39 (2008)