

人工生命による生態進化モデルと
その応用に関する研究

2010年

武藤敦子

目次

第1章 序論	1
1.1 研究の背景	1
1.1.1 人工生命の先天的情報	3
1.1.2 人工生命の後天的情報	4
1.1.3 人工生命の生物学的応用	6
1.1.4 人工生命の工学的応用	8
1.2 研究の目的	12
1.3 研究の内容	13
第2章 多出力二分決定グラフの APPLY 交叉を用いた食物連鎖モデル	15
2.1 はじめに	15
2.2 BDD と APPLY 演算	16
2.2.1 BDD	16
2.2.2 APPLY 演算	17
2.3 n -BDD を用いた遺伝子表現	19
2.3.1 多出力二分決定グラフ (n -BDD)	19
2.3.2 n -BDD の遺伝的操作	19
2.4 APPLY 交叉の提案	20
2.4.1 APPLY 交叉の効果	21
2.5 生態系モデル	24
2.5.1 生態系モデルの概要	24
2.5.2 APPLY 交叉を用いた交配の導入	25
2.6 実験	26
2.6.1 実験環境	26
2.6.2 結果と評価	27

2.7	おわりに	30
第3章	多出力二分決定グラフのFlexible APPLY 交叉を用いた生態分化モデル	33
3.1	はじめに	34
3.2	生態分化モデル	35
3.2.1	エージェントの定義	35
3.2.2	エージェントの生成	35
3.2.3	生殖隔離	36
3.2.4	エージェントの知覚と行動	36
3.2.5	エージェントの内部状態	36
3.2.6	エージェントの死滅	37
3.2.7	生態進化メカニズム	37
3.2.8	生態分化メカニズム	37
3.3	Flexible APPLY 交叉の提案	38
3.3.1	占有率	39
3.3.2	Flexible APPLY 交叉	39
3.3.3	Flexible APPLY 交叉の効果	40
3.3.4	実験結果	41
3.4	実験	42
3.4.1	エージェントの適温帯	43
3.4.2	エージェントの食糧	43
3.4.3	行動戦略	44
3.4.4	エネルギー変化量	44
3.4.5	実験結果	45
3.4.6	環境順応値と行動戦略	47
3.4.7	生殖隔離の影響	48
3.4.8	Flexible APPLY 交叉の効果	50
3.5	おわりに	51
第4章	同調遺伝子とミームを用いた性選択モデルによる循環型流行の発現	53
4.1	はじめに	53
4.2	エージェントモデル	55

4.2.1	エージェントの定義	55
4.2.2	同調遺伝子	55
4.2.3	形質の派手さの定義	57
4.2.4	エージェントの行動	57
4.3	実験	60
4.3.1	実験環境	60
4.3.2	実験結果	61
4.3.3	考察	62
4.4	おわりに	68
第5章	同調・差別化欲求を持つエージェントモデルによる多種循環型流行の発現	69
5.1	はじめに	69
5.2	エージェントモデル	70
5.2.1	エージェントの定義	70
5.2.2	同調化欲求遺伝子	71
5.2.3	形質の派手さの定義	72
5.2.4	エージェントの行動	72
5.3	実験	76
5.3.1	環境	76
5.3.2	結果	77
5.3.3	考察	78
5.3.4	カタジロクロシトドの流行現象	80
5.3.5	従来モデルとの比較	80
5.3.6	参照集団数を変化させた実験	81
5.4	おわりに	82
第6章	動的多段交叉を用いた実数値遺伝的アルゴリズムの効率化	85
6.1	はじめに	85
6.2	多段交叉による局所探索	86
6.2.1	探索履歴の利用	86
6.2.2	多段交叉	86
6.2.3	多段交叉を用いた世代交代モデル	88

6.2.4	多段交叉を用いた MGG の挙動	89
6.3	動的多段交叉	92
6.4	実験	93
6.4.1	テスト関数を用いた実験	93
6.4.2	実験結果と考察	93
6.4.3	実問題を用いた実験	94
6.4.4	実験結果と考察	99
6.5	おわりに	99
第 7 章 結論		103
付 録 A シンプレクス交叉 (SPX)		107
付 録 B SRM 制御パラメータ最適化問題		108
B.1	適応度計算	108
付 録 C ロトカボルテラ (Lotka-Volterra) 系		110
付 録 D 関数最適化問題		111
謝辞		116
参考文献		119
研究業績		133

目 次

1.1	人工生命研究	2
1.2	自然科学と人工生命の研究アプローチ	2
1.3	群れ行動シミュレーションの様子 (赤:捕食者,黒:被捕食者)	3
1.4	n -BDD($n=4$) の例	4
1.5	文化伝播シミュレーションの様子	5
1.6	獲得した歌オートマトンの例	5
1.7	種分化	7
1.8	世代交代モデルの概念図	9
2.1	BDD のグラフ表現 (a) とデータ構造 (b)	17
2.2	$h(= f \circ g)$ のアルゴリズム	18
2.3	n -BDD の例 ($n = 4$)	19
2.4	n -BDD の遺伝的操作	20
2.5	APPLY 交叉の例	21
2.6	肉食エージェントの固定された戦略	22
2.7	適応度平均の推移	23
2.8	平均節点数の推移	23
2.9	草食エージェントの BDD の推移 (例)	25
2.10	エージェントを扱う 1 ステップの流れ	27
2.11	シミュレーションの様子 (59×59)	28
2.12	エージェント別個体数推移	29
2.13	エージェント別個体数推移 (安定期間)	30
2.14	100 回のシミュレーション中の最長安定期間のステップ数分布	31
2.15	絶滅までのステップ数の分布	31

3.1	環境順応値と行動戦略によるエネルギー蓄積量の概念図	38
3.2	Flexible APPLY 交叉の例	40
3.3	目標とする n -BDD ($n=22$)	41
3.4	世代毎の平均適応度の推移	42
3.5	時間毎の平均適応度の推移	43
3.6	気温の知覚	44
3.7	実験のスナップショット (左) と発現した行動パターン (右)	46
3.8	安定期におけるエリア毎の個体数推移および気温変化	47
3.9	行動戦略 st_{stay} を採るエージェントの n -BDD の一例	48
3.10	行動戦略 $st_{migrate}$ を採るエージェントの n -BDD の一例	49
3.11	安定期における行動戦略 st_{stay} , $st_{migrate}$ を採るエージェントの環境順 応値 b_i の分布	49
3.12	安定期における行動戦略 st_{stay} , $st_{migrate}$ を採るエージェントの環境順 応値 b_i の分布 (生殖隔離なし)	50
4.1	提案エージェントモデル	56
4.2	エージェントの行動モデル	58
4.3	模倣対象となるオス a_k の選定 (a) とオス a_j およびメス a_i の模倣行動 (b) .	60
4.4	実験 (1) における嗜好別メスエージェント平均生存割合	62
4.5	実験 (3) における嗜好別メスエージェント平均生存割合	63
4.6	実験 (4) における嗜好別メスエージェント平均生存割合	63
4.7	実験 (1) における嗜好別メスエージェント生存割合*	64
4.8	実験 (1) におけるメスエージェント嗜好遺伝子生存割合*	65
4.9	実験 (1) におけるメスエージェント嗜好ミーム生存割合*	65
4.10	実験 (1) における非同調エージェント生存割合*	66
4.11	実験 (1) におけるメスの嗜好およびオスの形質の平均値	67
4.12	実験 (2) におけるメスの嗜好およびオスの形質の平均値	67
5.1	エージェントの 1 ステップの行動モデル	73
5.2	嗜好別メスエージェント生存割合	77
5.3	同調化欲求遺伝子の平均値	78
5.4	「クレイズ」および「ブーム」発生回数の平均値	81

6.1	SPX を用いた多段交叉の例	88
6.2	世代交代の流れ	89
6.3	100 世代毎の平均成功回数および平均失敗回数 (Schwefel 1.2 関数) . . .	90
6.4	100 世代毎の平均成功回数および平均失敗回数 (Rastrigin 関数)	91
6.5	平均適応度の推移 (Schwefel 1.2 関数)	95
6.6	100 世代毎の段数選択回数の推移 (Schwefel 1.2 関数)	95
6.7	平均適応度の推移 (Rosenbrock 関数)	96
6.8	100 世代毎の段数選択回数の推移 (Rosenbrock 関数)	96
6.9	平均適応度の推移 (Griewank 関数)	97
6.10	100 世代毎の段数選択回数の推移 (Griewank 関数)	97
6.11	平均適応度の推移 (Rastrigin 関数)	98
6.12	100 世代毎の段数選択回数の推移 (Rastrigin 関数)	98
6.13	平均適応度の推移	100
6.14	10 世代毎の段数選択回数の推移	100
C.1	ロトカボルテラ系の個体数変動の例	110
D.1	Schwefel 1.2 関数	112
D.2	Rosenbrock 関数	113
D.3	Griewank 関数	114
D.4	Schwefel 関数	114
D.5	Rastrigin 関数	115

表 目 次

1.1	代表的な世代交代モデルの構成	10
1.2	代表的な世代交代モデルの特徴	10
1.3	交叉オペレータの比較	11
2.1	入力ビット列の割り当てと意味	26
2.2	エージェントが選択できる行動	28
2.3	肉食動物又は草食動物絶滅までの平均ステップ数	29
3.1	エージェント a_i の知覚情報	45
3.2	エージェント a_i の行動	45
4.1	実験の組合せと結果	61
4.2	多数派に安定した嗜好の内訳	68
5.1	「クレイズ」および「ブーム」回数の 20 試行の平均値と標準偏差	80
6.1	実験パラメータ	94
6.2	最適解獲得平均計算時間 (単位:sec)	94
6.3	実験パラメータ	99
6.4	最適解獲得平均計算時間 (単位:sec)	101
B.1	制御パラメータの探索範囲と間隔	108
D.1	テスト関数の特徴	115

第1章

序論

1.1 研究の背景

生命に関わる諸現象を工学的手法で再現し解明しようとする生物学的研究，あるいは生命的な振る舞いにヒントを得た工学的研究が様々な分野で展開されている．このような研究アプローチは人工生命を用いて行なわれる．

人工生命研究は，一見して生命のように見えるものを工学的手法を用いて創造する試みであり，1987年に第1回人工生命国際会議において Christopher Langton が提唱した概念である [1][2][3][4]．人工生命は，もともと生物の進化のメカニズムのモデルとして，集団遺伝学や進化生物学など，生物・進化に関連する学問分野（これらを総称して，以下，生物学分野）での利用を目的としていた．一方で，Holland[5]によって遺伝的アルゴリズムの手法が定式化されてからは，工学的応用を目的とした組合せ最適化問題や各種の最大値探索問題などへの人工生命手法の適用が盛んになっている．それらの手法は総称して進化的計算と呼ばれ，代表的な手法として，遺伝的アルゴリズム [5]，進化戦略 [6]，進化的プログラミング [7]，遺伝的プログラミング [8] があり，最適化，学習，解析などの応用をされている．

以上をまとめると，人工生命研究は，図 1.1 に示すように生物システムを模倣する進化シミュレータとしての生物学的応用と，進化的計算を用いた最大値探索問題に代表される生物モデルの工学的応用に大別することができる [9]．

人工生命の生物学的応用研究の位置付けは難しく，確立された研究方法というものがない．従来の典型的な自然科学では，具体的な現象やデータを観察し，そこから一般性を持つ仮説，法則，理論を推論する方法や，反対に，仮説，法則，理論を立て，実験や観察を行なうことにより妥当性を裏付けていく方法が用いられる（図 1.2(a)）．

2 第1章 序論

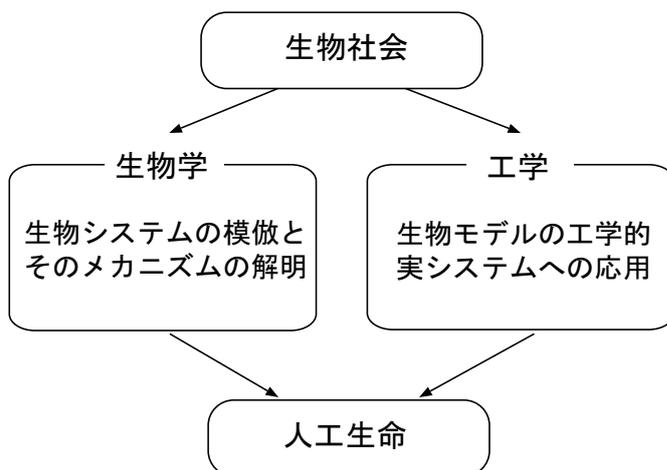


図 1.1: 人工生命研究 .

一方で、典型的な人工生命モデルは、具体的な現象やデータとのつながりは必ずしも強く維持せずに、何らかの仮説や法則を制約として概念レベルにおいて人工生命モデルを構成する [10] .そして、計算機の中で時間発展させ、興味深い創発現象を起こし得た時に、その挙動を従来の仮説や法則の中に位置付けながら解釈する .その解釈の中で、あるいは元の人工生命モデルのレベルで、実際の現象やデータとの比較が可能な場合もある .

本研究では、人工生命の生物学的応用を図 1.2(b) に示すような研究アプローチで行う .特に本論文で行う部分は、人工生命モデルを計算機上で構成するための人工生命手法の提案と、実際にそれらの手法を用いた人工生命モデルの構成である .人工生命モデルは仮説・法則や具体的な現象・データ等を参照して作成し、計算機上での進化

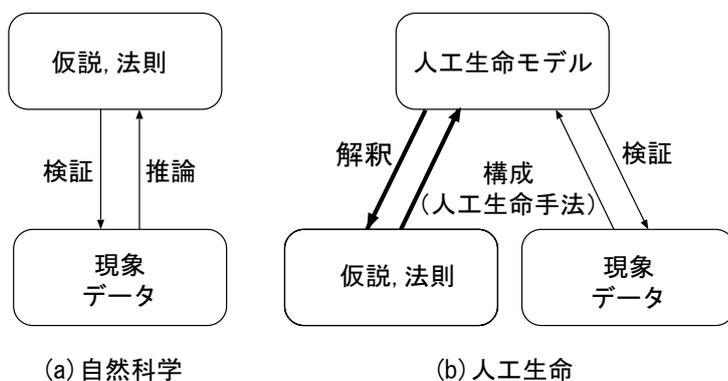


図 1.2: 自然科学と人工生命の研究アプローチ .

により創発した人工生命体の挙動を元の仮説・法則や現象・データと比較しながら解釈または検証する。

1.1.1 人工生命の先天的情報

地球上に存在する生命体が先天的に保持する情報として遺伝情報がある。人工生命体の遺伝子表現としては、ビット列によるもの [11][12][13][14][15]，オートマトンを用いたもの [16][17]，木構造で表現するもの [18][19][20][21][22][23] など様々な表現方法が存在する。

例えば，人工生命体の遺伝子を群れ行動決定のためのパラメータとしてビット列で表現した研究がある [24][25][26][27][28]。これは，ある限られた範囲のフィールド上において群れ行動をするエージェント集団を存在させたシミュレーションモデルである（図 1.3）。群れエージェント集団は遺伝子として群れ行動決定のためのパラメータを持ち，適応度評価値を群れエージェントが全滅するまでの期間とすることで，群れエージェント集団が捕食エージェントから逃れて長く生存し続けるためのパラメータを自然淘汰により獲得する。



図 1.3: 群れ行動シミュレーションの様子（赤：捕食者，黒：被捕食者）。

また，人工生命体が先天的に持つ行動戦略を遺伝的プログラミングを応用した多出力二分決定グラフ (n -output Binary Decision Diagram ; n -BDD) で遺伝子表現した研

究がある [18][19][20][21][22][23] . 1978 年に Akers[29] によって考案された BDD は論理関数の表現方法の一つであり, その記憶効率や処理速度に優れることから LSI や CAD の分野を中心に, 様々な分野に応用されている. BDD の出力値を 0 か 1 の 2 通りから n 通りに拡張したものが n -BDD (図 1.4) である [20] . n -BDD の変数を用いてエージェントの知覚情報を表現し, n -BDD の出力, 即ち定数節点をエージェントの n 種類の行動に対応させることで, 自律エージェントの行動戦略を表現できる. これを遺伝的プログラミング技法によって進化させることでエージェントの行動戦略の最適化を行うことができる. 詳細については本研究の第 2 章において述べる.

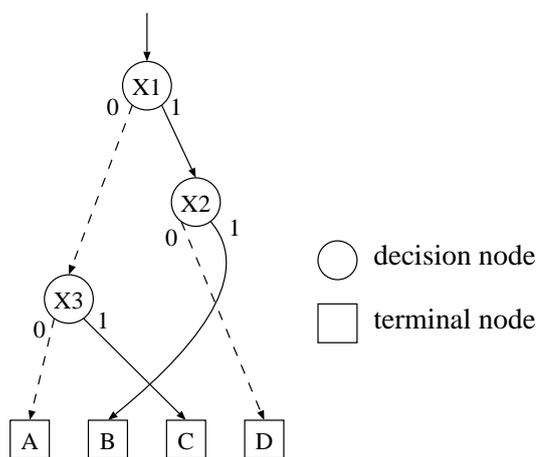


図 1.4: n -BDD($n=4$) の例 .

1.1.2 人工生命の後天的情報

地球上には, 先天的情報である遺伝子に加え生まれた後に学習や模倣により獲得する後天的情報を持つ生命体が存在する [30] . 近年, 後天的に獲得した情報を文化伝達子 (ミーム) として表現する研究が盛んに行なわれている [31][32] . ミームとは, R.Dawkins[33] により提唱された, 模倣・教示・学習等によって後天的に獲得する文化伝達子の概念である. 人工生命体のミーム表現としては, 1.1.1 節において述べた遺伝子表現と同じように様々な表現方法が考えられる.

例えば, 文化嗜好を経験によって後天的に獲得するミームとして定義することで, 文化嗜好を人工生命体に蓄積し伝播させるモデルがある [34][35][36] . 図 1.5 は, 文化伝播シミュレーションのスナップショットであり, 赤で示す A というオブジェクトを嗜

好するエージェントと青で示すBというオブジェクトを嗜好するエージェントが地域毎に密集して存在し文化を伝播している様子が分かる。

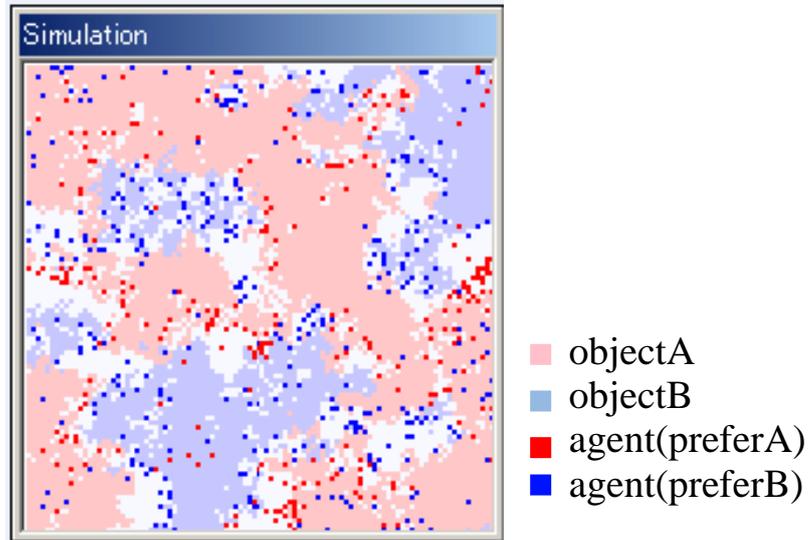


図 1.5: 文化伝播シミュレーションの様子。

また、性淘汰の環境下における鳥の求愛の歌表現を後天的情報としてオートマトンを用いて表現した研究がある [30]。図 1.6 は、後天的に獲得した歌オートマトンの一例であり、後天的情報である歌表現が学習により複雑に変化していることが分かる。

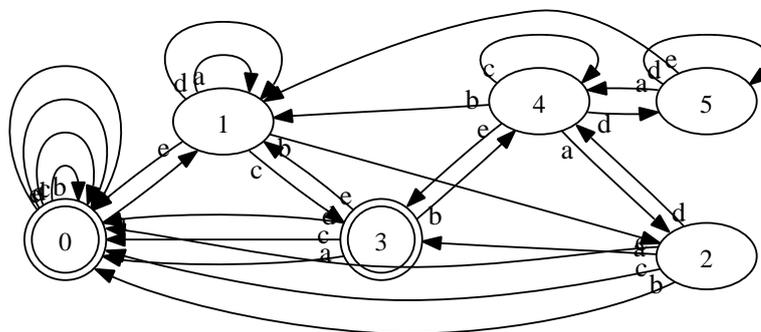


図 1.6: 獲得した歌オートマトンの例。

1.1.3 人工生命の生物学的応用

人工生命の生物学的応用として、本研究では未だ明らかとなっていない生命体の諸現象について新たな進化モデルを提案し、実際に計算機上で構成した人工生命体の挙動を確認することでそのメカニズムを探る。人工生命の構成には、先に述べた先天的情報である遺伝子および後天的情報であるミーム等の人工生命表現を、構成するモデルによって組み合わせて用い、さらに必要に応じて人工生命手法（進化演算子）を定義する。

本研究では、生命体の生態進化に関わる現象として主に二つを取り上げる。一つは生物多様性を引き起こす要因となっている「種分化」、一つは異性をめぐる競争を通じて起きる進化である「性選択（性淘汰）」である。どちらも、進化生物学における重要な理論であり多くの生物学者が興味を抱いている研究分野である。

種分化

自然界に存在する生命体は進化の過程で様々な生態を発現し、その種類も多様化している。種の多様性を引き起こす生態の分化がどのようなメカニズムで生じるのかを解明することは重要である [37]。種分化とは新しい生物学的種が誕生する進化プロセスの一つであり、種分化しつつある集団がどの程度母集団から地理的に隔離されているかで、以下のように3分類できる。図 1.7 にそれぞれの特徴を示す。

- (1) 異所的種分化
- (2) 側所的種分化
- (3) 同所的種分化

一般的に種分化の多くが地理的隔離のある「異所的種分化」であると考えられているが [38]、部分的に地理的隔離のない「側所的種分化」の確認例もいくつか存在する。近年では地理的隔離の全くない「同所的種分化」を示す事例研究が報告され注目を集めている [39][40]。人工生命分野において同所的種分化を扱ったものには、性淘汰のみで起こりうることを示したもの [41][42] や、相互作用による表現型の分化が遺伝型の進化を促す様子を表現した研究 [43] などが報告されているがその数は事例研究と同様に少ないため、さらなる研究報告が求められている。

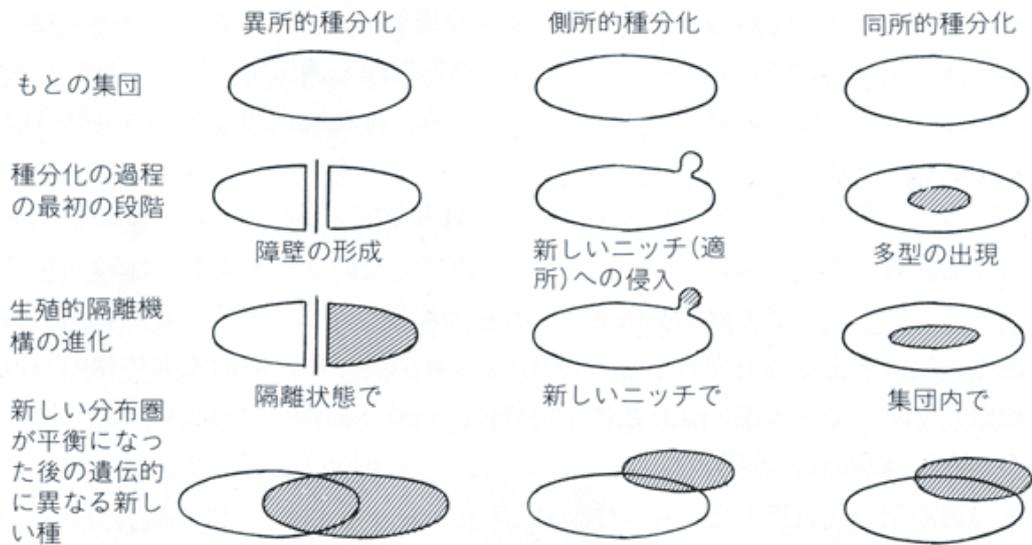


図 1.7: 種分化 .

性選択（性淘汰）

生態には、クジャクのオスの羽のように生物が生存する上で過度に派手で不利であると考えられる現象が見られる。Darwin はこのような現象を性選択（性淘汰）と定義することで説明した [44][45]。性選択には、異性による選り好み（配偶者選択）が存在する。配偶者選択にどのようなメカニズムが働いているかを示す理論モデルは大きく二種類に分けられる。一つはランナウェイ説のように、メスの選好の基準が生存上の有利さとは無関係な場合、もう一つはハンディキャップ説のように生存上の有利さに繋がる形質を選好の基準にしている場合である。ある形質や信号がランナウェイによって発達したのか、ハンディキャップによるものなのかは判断が難しい場合が多く、個々の事例に関してさらなる研究報告が求められている [46]。

人工生命分野において性選択を扱ったものには、オスを形質遺伝子、メスを嗜好遺伝子で構成し計算機上で進化実験を行った研究 [47] がある。また、性選択の過程にはアズマヤドリのアズマヤのようにオスがメスを引きつけるために後天的に装飾するという現象がみられる [48]。このような生物は、配偶者選択において先天的な身体的特徴に加え後天的な嗜好対象オブジェクト（ミーム）[49][50][51][52] を参照していると考えられる。

1.1.4 人工生命の工学的応用

人工生命の工学的応用として進化的計算の中で最も代表的な手法に遺伝的アルゴリズムがある。遺伝的アルゴリズムの工学的応用としては、超 LSI のパターン配置、スケジューリング、ニューラルネットワークの構成、広域ネットワークのルーティング、画像やデザインなど広範な問題がある。必ずしも常に最良の解が得られるとは限らないが、コンピュータのパワーがあれば、他の方法より効率良くかなり良好な解を得ることができる [3]。遺伝的アルゴリズムを適用するとよいと考えられる代表的な工学的問題として、巡回セールスマン問題やナップザック問題などに代表される組合せ最適化問題がある。巡回セールスマン問題とは、与えられた複数の都市の全てを、各都市をそれぞれ 1 回だけ訪問するという条件のもとで巡回する際の経路長を最小にする問題であり、ナップザック問題とは、大きさが異なる複数の荷物を容量の決まった袋にちょうどよく詰め込む問題である [53]。

しかし、これらの問題は計算理論の検証のための問題という意味合いが濃く、実際の工学的問題を考えた時、実問題の多くはシミュレータを用いた評価を伴うため計算負荷が高く、試行錯誤的な探索手法である遺伝的アルゴリズムを用いることでさらに計算時間がかかるという問題点がある。

遺伝的アルゴリズムの計算負荷を解消することを目的とし、探索履歴を用いた交叉を分散遺伝的アルゴリズムに適用する研究がある [54][55][56]。ここでは、生成された個体のシミュレーションを伴う評価に探索履歴との類似度を用いた適応度予測を用いることで評価計算コストを削減し、対象問題による交叉回数の制限のない複数回交叉手法を実現した。しかしながら、実問題を遺伝的アルゴリズムに適用する際には遺伝子表現に実数値を用いる方が効率的であり、実数値遺伝的アルゴリズムが近年では主流となっている。よって、本研究では、実数値遺伝的アルゴリズムにおける探索の効率化を目的とした新たな探索手法を考える [57]。

世代交代モデルの設計

進化的計算において、よりよい個体を次世代に生み出すための多くの拡張手法が提案されている [58][59][60][61][62][63][64][65]。よりよい個体を次世代に生み出すためには、適切な世代交代モデルおよび交叉の設計が不可欠である。

遺伝的アルゴリズムにおける世代交代モデルの代表例として、Simple Genetic Al-

gorithm(SGA)がある．今までに，多様性の観点からSGAに対して改善を行った Iterated Genetic Search(IGS), Steady State(SS), CHC, Elite Recombination(ER), Minimal Generation Gap(MGG)などが提案されている [66]．これらのモデルには，「世代交代の連続化」を目的として子を生成した親個体にも生存の機会を与える戦略が採用されている．IGS, SSでは親は無条件で残るのに対し，CHC, ER, MGGでは，子との競争に勝った親のみが生存を許される戦略である．世代交代の一般的な枠組みとして，図 1.8 に示すような 2 種類の選択，すなわち複製選択 (Reproduction selection) と生存選択 (Survival selection) があり，CHC, ER, MGG のいずれも複製選択はランダムに非復元抽出であるが，生存選択がそれぞれ異なる．CHC の生存選択は，親子 2 世代の中から適応度 (fitness) の高い順に集団サイズ分の個体を次世代に残すという方法，ER は各家族 (親 2 個体，子 2 個体) の中から最良 2 個体を次世代に残すという方法，MGG は ER を発展させたもので，各家族の中から最良 1 個体とルーレット選択により選ばれた 1 個体を次世代に残すという方法である．それぞれの方法は問題により向き不向きがあるとされている．それぞれの世代交代モデルの構成を表 1.1 に，特徴を表 1.2 に示す．

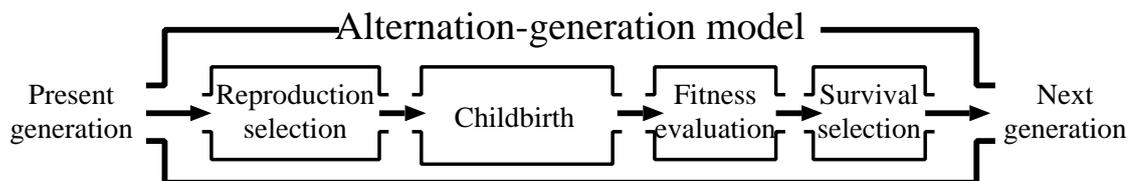


図 1.8: 世代交代モデルの概念図．

これらの世代交代モデルでは，SGA がその構造がシンプルであることを理由に多用されていたが，近年では多峰性の形状を持つ問題に対して性能の良い MGG が一般的に多く用いられている．本研究では，第 6 章において以下に示す MGG を多親用に拡張したモデル [67] を用いることとした．

「MGG を多親用に拡張したモデル」

- (1) 個体集団から一定数の親個体をランダムに選ぶ．
- (2) 交叉によって一定数の子個体を生成する．

表 1.1: 代表的な世代交代モデルの構成 .

モデル	複製時の選択	生存時の選択
SGA	ルーレットにより復元抽出	無条件で親集団と子集団を入れ換え
SS	ランキングにより復元抽出	親集団の最悪個体と子個体を入れ換え
CHC	ランダムに非復元抽出	2世代より最良個体から順に集団サイズ分を残す
IGS	ランダムに非復元抽出	親集団の適応度の低い個体と子個体を入れ換え
ER	ランダムに非復元抽出	各家族から最良2個体ずつを残す
MGG	ランダムに非復元抽出	家族から最良1個体とルーレットにより1個体を残す

表 1.2: 代表的な世代交代モデルの特徴 .

モデル	適応度の使い方	世代交代の連続化	世代交代の限定化	生存選択の局所化
SGA	基数的	離散的	全体的	なし
SS	序数的	連続的	部分的	なし
CHC	序数的	連続的	全体的	なし
IGS	序数的	連続的	部分的	なし
ER	序数的	連続的	全体的	あり
MGG	主に序数的	連続的	部分的	あり

(3) (1)の親個体からランダムに2個体を非復元抽出する .

(4) (3)の2個体と(2)の子個体の中から最良個体および適応度のランキングによるルーレット選択で選んだ1個体を選び, 個体集団に戻す .

交叉オペレータの設計

喜多らは遺伝的アルゴリズムを構成する選択・世代交代モデル, 交叉などの遺伝演算子の設計に関して「機能分担仮説」[68]「統計量の遺伝」[69]と呼ばれる考え方を提案している . これは, 遺伝演算子それぞれの担うべき機能を明確にし, その機能を考慮した設計指針に基づいて遺伝演算子を設計するべきであるという考え方である . 喜多らが提案する設計指針をよく満たしている実数値遺伝的アルゴリズムの交叉手法の代表

的なものに，Unimodal Normal Distribution Crossover(UNDX)[70][71]，UNDX-m[68]，Simplex Crossover(SPX)[72]がある．

表 1.3: 交叉オペレータの比較．

	形質遺伝	変数間 依存	座標軸方 向へ依存	スケール への依存	統計量 遺伝	子個体分布
バイナリ	×	×	?	?	×	?
UNDX				×		正規分布
UNDX- <i>m</i>						正規分布
SPX						一様

これらの実数値遺伝的アルゴリズムにおける代表的な 3 種類の交叉演算子およびバイナリー遺伝的アルゴリズムの交叉演算子を比較をしたものが表 1.3 である [72]．機能分担仮説および統計量の遺伝は，遺伝的アルゴリズムの設計の自由度をコントロールするための一つの仮説に過ぎないが，本研究ではこれらを有効な設計指針であると考え，ここで述べた必要条件を全て満たす SPX を第 6 章での実数値遺伝的アルゴリズムにおいて用いることとした．なお，SPX の詳細は付録 A に示す．

また，本研究ではいくつか存在する遺伝的アルゴリズムの工学的応用例 [68][73] の中でも特に，シミュレーションを伴うために評価値計算に時間のかかる実問題に焦点を当てる．具体的には，次に示すメカトロニクスおよびパワーエレクトロニクスの分野における実問題を取り上げる．

工学的応用問題

メカトロニクスやパワーエレクトロニクスの分野では，各種設計パラメータの試行錯誤的で煩雑な決定作業を軽減するために，遺伝的アルゴリズムの最適化能力に着目した自律パラメータ設計に関する研究が報告されている [74][75][76]．その中で，構造設計段階で形状寸法が定められた Switched Reluctance Motor (SRM) に対し，その最大出力性能と対応する最適制御パラメータを遺伝的アルゴリズムを用いて探索する研究が行なわれている [77][78]．探索に遺伝的アルゴリズムを適用することで他手法と比較して大幅な計算時間削減を実現しているが，出力性能評価のための反復計算を伴う特性計算によって 1 回の適応度計算に時間がかかるため，依然として計算時間削減の余地が残っている．遺伝子表現，適応度関数等，詳細については付録 B にて述べる．

以上に述べた世代交代モデルおよび交叉オペレータの設計指針に基づき，本研究では，実数値遺伝的アルゴリズムの効率化のための新たな進化オペレータを提案し，SRM制御パラメータ最適化問題に適用し評価する．

1.2 研究の目的

今日，人工生命研究の目的は二つに大別することができる [9][79]．一つは，生物を分析，模倣することによって，生命の本質を理解する，あるいは生物システムの挙動や進化のメカニズムを解明することである．もう一つは，生物システムをモデル化し，そのモデルに基づいた工学的な実際のシステムを構築することである [9][80]．本論文の第2章から第5章までの人工生命は前者を目的とし，本論文の第6章は後者を目的としている．

人工生命の生物学的応用として，本研究では実在する各種生命体の生態現象，具体的には，食物連鎖，種分化，性選択についてモデル化を行い，計算機上で人工生命体の実在する生命体の諸現象を進化により創発する様子を確認する．そうすることで，生命の誕生，生態分化，生態進化システムなどのメカニズムを明らかにすることが最大の目的である．ここで，1.1節において述べたように実在する生命体の挙動を正確に再現することが人工生命の目的ではないことに注意したい．さらに，各種人工生命体の構成のための計算手法を提案することで人工生命研究・生物学研究への工学的一助となることを目指す．

人工生命の工学的応用として代表的なものが進化的計算である．進化的計算は，その膨大な計算負荷などの問題のために実用化は難しいとされていた．しかし，近年の計算機の処理能力の向上やコストの軽減などの理由で計算量の問題は解消されつつあるため，アルゴリズム上の探索効率を上げることで工学的応用に耐えうる進化的計算手法の提案を目指す．

第2章では，より現実に近い安定した人工生命モデルの生成が目的である．不安定な環境の中で自己適応していくシステムの研究として，微妙なバランスの上に成り立っている生態系の計算機シミュレーションがある．生態系のシミュレーションではより現実に近くかつ単純でシミュレートが容易なモデルを構築し，生物の諸現象を計算機上で調べることが課題となる．ここでは，生命体が世代交代をしていく上で欠かすことの出来ない生殖活動に着目し，交配を導入することでより現実に近いモデルを生成

する．これにより長く安定したシミュレーションを確保することが目的である．

第3章では，種の多様性を引き起こす生態の分化がどのようなメカニズムで生じるのかを解明することが目的である．自然界に存在する生命体は進化の過程で様々な生態を発現し，その種類も多様化している．ここでは，同所的種分化がどのようなプロセスで発生したかを明らかにする．

第4章，第5章では，性選択が存在する環境下での遺伝子とミームが及ぼす相互作用について解明することが目的である．それぞれの章において，人工生命体に同調性・非同調性の特徴を付け，その特徴によって異なる行動を行なうことで，配偶者選択における嗜好の遷移に与える影響を明らかにする．

第6章では，進化的計算手法の工学的応用，特に計算負荷の高いシミュレーションを伴う実問題への適用が目的である．遺伝的アルゴリズムを用いた探索において，探索局面は常に動的に変化をする．よって，探索過程を常に評価してそれにあった戦略を用いて探索をすすめることは重要だと考える．ここでは，探索過程を考慮に入れた実数値遺伝的アルゴリズムを提案しアルゴリズム上の探索効率を上げることで工学的応用に耐えうる計算手法の実現を目指す．

1.3 研究の内容

本研究は，全体の構成として大きく2つに分けられる．第2章から第5章は，人工生命の生物学的応用についての研究である．特に，第2章および第3章の前半では，人工生命を計算機上に実装するために必要となる計算手法を提案し，それらの章の後半および第4章，第5章において，人工生命を用いた各種生態進化モデルを計算機上で構成した結果について考察を行う．第6章は，人工生命の工学的応用についての研究である．ここでは，実数値遺伝的アルゴリズムの効率化を行う交叉手法を提案し，計算機上に実装した結果について述べる．

始めに，第2章では，人工生命を表現するための手段として多出力二分決定グラフ (n -output Binary Decision Diagram; n -BDD) の交叉手法を提案する．被食，捕食関係のある多種類の人工生命体を n -BDD を用いて計算機上に存在させ，不安定な環境の中で自然淘汰による進化を繰り返し自己適応させる人工生命モデルを提案する．ここでは，エージェントが環境の中で他のエージェントと相互に干渉しながら生態系全体で安定した食物連鎖関係を創発することを示す．

第3章では、変数順序の違う n -BDD 同士の交叉を可能とした交叉手法を提案する。この交叉手法を用いて、身体的特徴差を持つ各々の人工生命体が、環境変化に順応して異なる生命体に分化していく様子を計算機上で表現する。本システムにより、似た遺伝子を持った人工生命体がわずかな身体的特徴差（環境順応値）により、異なった方向へ互いに進化（分化）していくことを明らかにする。

第4章では、実在する一部の動物に見られる配偶者選択におけるメスの嗜好の流行現象がメスの嗜好ミームおよび同調性・非同調性に関与していると考え、遺伝子とミームをあわせもつ人工生命体の進化モデルに同調遺伝子を加えたモデルを提案する。同調遺伝子により模倣行動または独創行動を行い、世代交代により進化することで、配偶者選択における嗜好の循環型流行の発現を確認する。

第5章では、第4章の同調遺伝子に代わり同調・差別化欲求の強さを表す遺伝子を新たに定義し、さらに同調化行動および差別化行動を行うエージェントモデルを提案し、計算機シミュレーションを行う。実験において、オスを好むメスの嗜好に2種類の循環型流行の発現を確認する。また、同調・差別化欲求の存在がこれらの流行現象に与える影響について考察する。

第6章では、実数値遺伝的アルゴリズムにおいて、限られた生成子個体数での効率的な探索を行うモデルを目指し動的多段交叉を提案する。動的多段交叉は、評価値の良い個体を用いて交叉を段階的に行うことで進化を促し、その段数を探索過程に応じて動的に変化させる交叉法である。動的多段交叉を代表的な世代交代モデルに適用することで、最良個体の進化を促しつつ集団の多様性を維持できるモデルを実現したことを示す。

最後に、第7章において、本論文を総括し、今後の研究の展望について述べる。

第2章

多出力二分決定グラフのAPPLY交叉を用いた食物連鎖モデル

本章では、多出力二分決定グラフ (n -output Binary Decision Diagram ; n -BDD) を用いた生態系モデルにおいて利用可能な交配方法を提案する。 n -BDD は、人工生命の行動戦略の表現に適しているが、遺伝子操作に交叉の機能が存在しない。そこで、 n -BDD の交叉方法として BDD の二項論理演算を拡張した APPLY 交叉を定義し用いる。APPLY 交叉は両親の行動戦略を確率的に均等に継承できることに特徴があり、エージェントの交配に用いることに適していると考えられる。簡単な競合問題を用いて APPLY 交叉の有効性を確認し、さらに、被食、捕食関係のある多種類の人工生命体を存在させ交配による世代交代を繰り返すことで、他の個体と相互に干渉しながら生態系全体で安定した食物連鎖関係が創発した。

2.1 はじめに

生命的な振る舞いにヒントを得た手法の研究あるいは生命に関わる諸現象を工学的手法で再現し解明しようとする研究が様々な分野で展開されている。不安定な環境の中で自己適応していくシステムの研究として、微妙なバランスの上に成り立っている生態系のシミュレーションはその中の一つである。

Holland によって最初に考案された生態系モデル Echo は、全ての生態系に共通の一般的な性質の獲得のために、生態系を可能な限り単純化している [5][81][82]。高階らは、個々の生命体を独立のプログラムで記述した生態系のシミュレーションを行った [83][84]。我々は、自然界に存在する生命体を 3 種類に単純化した生態系において、被食者、捕食者の行動戦略を n -BDD を用いて表現し、シミュレートする研究を行ってき

た [19][20] . n -BDD は文献 [19][20] が示すように入力情報に対して行動を一つに決定する問題に適しており，生態系シミュレーションの実現のために有用である．

生態系の計算機シミュレーションではより現実に近くかつ単純でシミュレートが容易なモデルを構築し，生物の諸現象を計算機上で調べることが課題となる．本章は，生命体が世代交代をしていく上で欠かすことの出来ない生殖活動に着目し，交配を導入することでより現実に近いモデルを生成する．これにより長く安定したシミュレーションを確保することが目的である．

有性生殖における交配には，交配相手の選択とその交配方法の2点が重要となり，これらに関しては今までに以下に示すような様々なモデルが提案されている．交配相手の選択に関しては，よく似た個体のみを交配相手とするモデル [85] や，逆に似た個体同士の交配 (近親婚) を禁じたモデル [86] や，交配タグの一致した個体だけが相手となるモデル [5] などがある．また，Hillis は初期集団を2次元格子状に配置させ，空間において近傍の個体同士だけが交配を行うモデルを提案した [87]．生態系モデル Echo における交配は，各エージェントが持っている染色体を2点交叉で組み合わせる2匹の子を形成しており，Hillis は二倍体染色体を用いたより実世界に近い交配方法を提案している．

本研究では，この中から n -BDD を用いた生態系モデル [19] において利用可能な交配方法を利用し拡張する．交配相手の選択には，[5][85] のモデルで提案された異種間の交配を禁止する手法を採用し，また [87] において提案された空間的に制限された相手との交配をさらに拡張し，その中から評価値の高いエージェントと交配することとした．交配方法は BDD の二項論理演算 [88] を拡張した APPLY 交叉を定義し用いる．APPLY 交叉は n -BDD のグラフ構造を利用しながら両親の行動戦略を確率的に均等に継承できることに特徴があり， n -BDD を用いた本モデルにおけるエージェントの交配に用いることに適していると考えられる．

2.2 BDD と APPLY 演算

2.2.1 BDD

1978 年に Akers [29] によって考案された BDD は論理関数の表現方法の一つであり，その記憶効率や処理速度の面での優秀さから LSI や CAD の分野を中心に，様々な分野に応用されている．

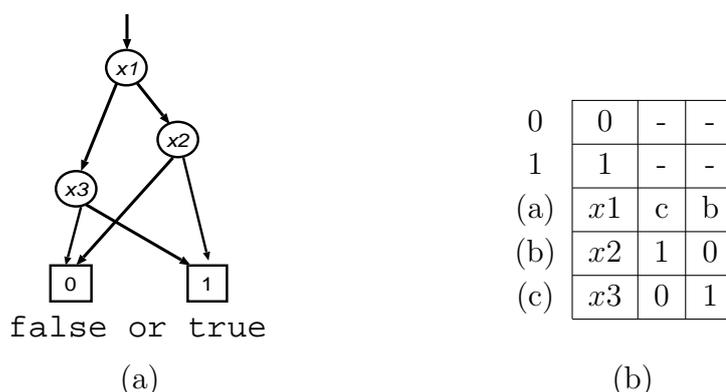


図 2.1: BDD のグラフ表現 (a) とデータ構造 (b) .

図 2.1(a) に BDD の一例を示す．図 2.1(a) の丸で表される節点は変数節点である．変数節点は 0 枝と 1 枝の 2 種類の枝を持つ．BDD の変数節点を持つ変数の値を 1 つに定めることで，1 つの定数節点に対応させることができる．すなわち，根の節点から始めて変数節点に書かれた変数の値が 0 の時は 0 枝をたどり，1 のときは 1 枝をたどる．こうして最終的にたどり着く四角で表される節点に書かれた値が出力値である．四角で表される定数節点は 0 か 1 の 2 通りの値を持ち，これによって BDD は論理関数を表現する．

BDD の節点は変数記号（または定数値），0 枝につながる節点ラベル，1 枝につながる節点ラベルの 3 つの属性を組にして持ち，この組の集合を保持し，その内 1 つを根節点（BDD f に対し， $f.top$ と表記）として指定することで 1 つの BDD を表すことができる．本論文では，BDD f に対し， $f.top$ の節点の 0 枝，1 枝に続くグラフを f_0 ， f_1 と書くことにする．つまり，

$$f.top = (x_i, f_0, f_1) \quad (2.1)$$

と定義される． f_0 ， f_1 は 0 枝，1 枝につづくサブグラフだが，そのサブグラフが表現する論理式と同一視する．図 2.1(b) に BDD をこの表現で表した例を示す．

根節点から葉への順に現われる変数の順序（変数順位）を一定にすることで，BDD に関する計算効率が良くなる．本研究においても与えられた変数順位に従うこととする．

2.2.2 APPLY 演算

APPLY 演算は Bryant[88] が考案した BDD のための二項論理演算の計算手続きであり，二つの論理関数 f ， g の BDD に対し二項論理演算（AND, OR など）の結果を表す

BDD を生成する．二項論理演算 (\circ) は次のように定義される．

$$f \circ g(x_1, x_2, \dots, x_k) = f(x_1, x_2, \dots, x_k) \circ g(x_1, x_2, \dots, x_k) \quad (2.2)$$

この二項論理演算は Shannon の展開式により次のように表される．

$$f \circ g(x_1, \dots, x_i, \dots, x_k) = \begin{cases} f(x_1, \dots, x_{i-1}, 0, x_{i+1}, \dots, x_k) \\ \quad \circ g(x_1, \dots, x_{i-1}, 0, x_{i+1}, \dots, x_k); \text{ if } x_i = 0 \\ f(x_1, \dots, x_{i-1}, 1, x_{i+1}, \dots, x_k) \\ \quad \circ g(x_1, \dots, x_{i-1}, 1, x_{i+1}, \dots, x_k); \text{ if } x_i = 1 \end{cases} \quad (2.3)$$

ここで図 2.1 で与えたデータ構造によって BDD が表現されるとする．式 (2.3) において， $f.top = (x_i, f_0, f_1)$ ならば $f(x_0, \dots, x_{i-1}, 0, x_{i+1}, \dots, x_k) = f_0$ ， $f(x_0, \dots, x_{i-1}, 1, x_{i+1}, \dots, x_k) = f_1$ である．

したがって，BDD の上位の変数から順に展開して，それぞれの部分グラフ同士の演算を再帰的に実行し，定数値に関する自明な演算になったところで，再帰を打ち切ることで結果を得ることができる．この方法で $h(= f \circ g)$ を求めるアルゴリズムを図 2.2 に示す．

- (1) f, g のいずれかが定数のとき，演算子 \circ に応じ， $f \circ g$ を求める．
- (2) $f.top$ と $g.top$ の順位が同じとき，

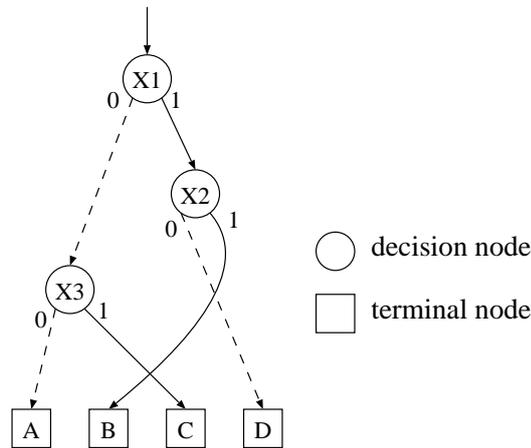
$$h_0 \leftarrow f_0 \circ g_0, h_1 \leftarrow f_1 \circ g_1$$
 if $h_0 = h_1$ then $h \leftarrow h_0$ else $h \leftarrow (f.top, h_0, h_1)$
- (3) $f.top$ が $g.top$ より上位のとき，

$$h_0 \leftarrow f_0 \circ g, h_1 \leftarrow f_1 \circ g$$
- (4) $f.top$ が $g.top$ より下位のとき，

$$h_0 \leftarrow f \circ g_0, h_1 \leftarrow f \circ g_0$$

図 2.2: $h(= f \circ g)$ のアルゴリズム．

このアルゴリズムでは，生成される各 BDD の変数順位が保存されることに注意する．

図 2.3: n -BDD の例 ($n = 4$) .

2.3 n -BDD を用いた遺伝子表現

2.3.1 多出力二分決定グラフ (n -BDD)

2.2.1 節で述べた BDD の出力値を 0 か 1 の 2 通りから n 通りに拡張した n -BDD を提案してきた [19] . n -BDD は定数節点として 0, 1 のみでなく適当な有限集合から値をとることを許す . これによって論理変数を入力とし , 一般の有限集合を出力の値域とする関数を表現できる . n -BDD の例を図 2.3 に示す . 丸で示されるのが変数節点 , 四角で示されるのが定数節点である .

n -BDD の変数 x_i, \dots, x_k によって , あるエージェントの知覚情報を表現し , n -BDD の出力 , 即ち定数節点をエージェントの n 種類の行動に対応させることで , 自律エージェントの行動の仕方を表現できる . これを遺伝的プログラミング手法によって進化させることでエージェントの行動戦略の最適化に用いることができる . 文献 [20] では生態系モデルを用いた実験において n -BDD を用いた行動最適化は有限オートマトンやクラシファイア・システムより良い結果を得ている .

2.3.2 n -BDD の遺伝的操作

n -BDD を遺伝的プログラミング手法に用いるにあたり 3 つの遺伝的操作 [19] を図 2.4 に示す . これらは変数順位を保存するよう定義されている .

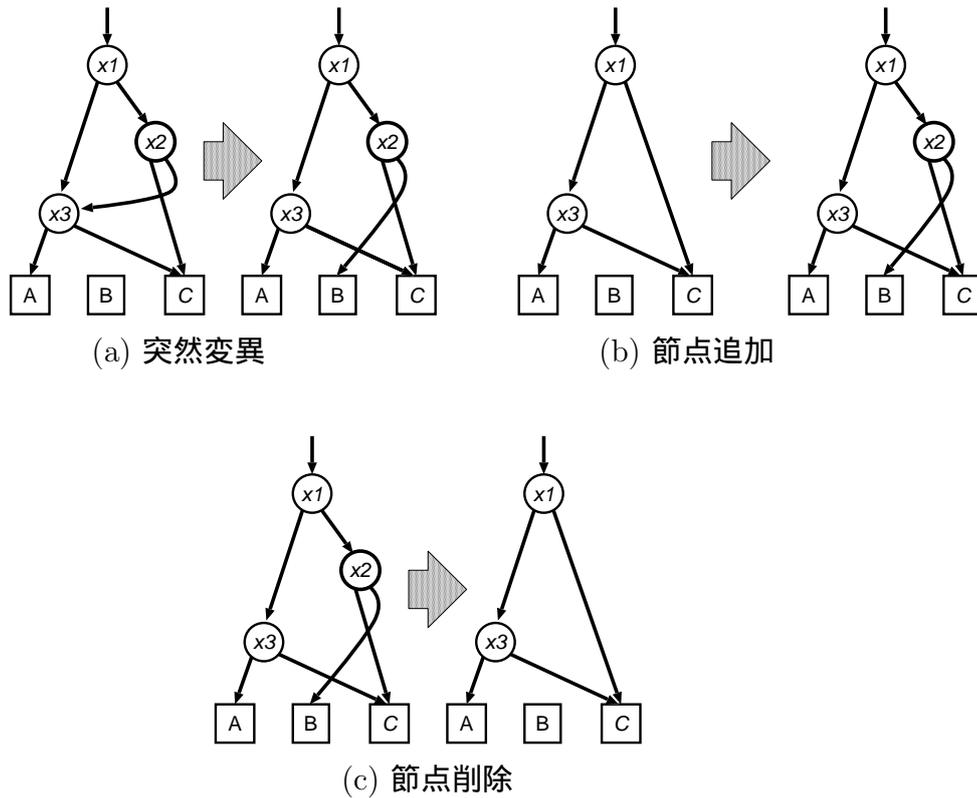


図 2.4: n -BDD の遺伝的操作 .

2.4 APPLY 交叉の提案

遺伝的アルゴリズムの交叉として、一点交叉、一樣交叉などが用いられる。また n -BDD と同様のグラフ構造を持つ遺伝的プログラミングでは部分構造の置換が用いられる。 n -BDD は木構造ではないためこれをそのまま使うことはできない。ここでは、2 つの n -BDD の関数としての振る舞いを混ぜ合わせるために、 n -BDD に対して拡張した APPLY 演算を用いて交叉を提案する。BDD の APPLY 演算には任意の二項論理演算子を利用できるが、この手続きをそのまま n -BDD に用いることで、 n -BDD の値域である有限集合の上の任意の二項演算を計算することが可能となる。 n -BDD を使って自律エージェントの行動を表現し、2 つの行動の混ぜ合わせとなる行動を得るために、本研究では次の確率的な演算 \star を定義する。演算 \star は2 つの値のどちらかを 50% の確率で返すものである。

$$a_1 \star a_2 = a_1 \text{ または } a_2 \quad (a_1, a_2 \in A) \tag{2.4}$$

ここで、 A は n -BDD の値域、即ち、行動の有限集合である。演算 \star は、図 2.2 のアルゴリズムにおいて演算 \circ として用いる。ここで \star の演算が実際に行われるのはアルゴリズムの (1) においてであるが、この際 \star は BDD を構築する際に確率的に働くのであって、2 つの値の計算に際し、毎回結果が変わる訳ではない。つまり、APPLY 演算によって新しい n -BDD を確率的に作るが、できた n -BDD に確率的要素はない。

演算 \star を用いた $f \star g$ を f と g の交叉と定義する。この交叉の結果は f と g の要素を確率的に均等に受け継ぐ。また、前述の BDD の APPLY に演算 \star を組み合わせた交叉を APPLY 交叉と呼ぶこととする。APPLY 交叉の例を図 2.5 に示す。

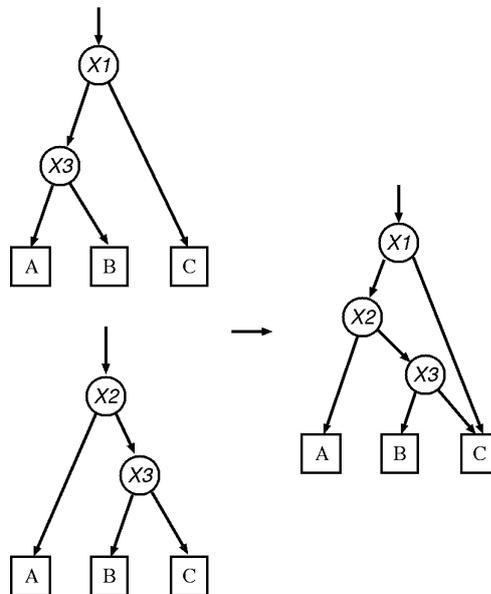


図 2.5: APPLY 交叉の例。

2.4.1 APPLY 交叉の効果

前節で定義した APPLY 交叉の有効性を確かめるため、簡単な競合問題を用いた比較実験を示す。実験方法については次章で述べる生態系モデルを用いた。実験課題の詳細を次に述べる。

APPLY 交叉の評価実験

20 マス \times 20 マスのフィールド上で、固定された肉食エージェント 1 個体に対し、草食エージェント 1 個体の行動戦略の最適化実験である。肉食エージェントの行動戦略

を図 2.6 に示す．草食エージェントの行動戦略は提案手法を用い，肉食エージェントの補食を逃れ続けたステップ数を適応度として，進化学習により最適化する．

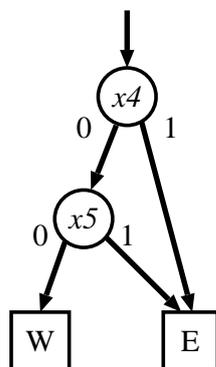


図 2.6: 肉食エージェントの固定された戦略．

固定された戦略により，肉食エージェントは，視界に草食エージェントがない限り，ランダムに 8 近傍に移動し続け，草食エージェントが視界に入った場合はこれの補食を試みる．さらに，ここでの肉食エージェントは無限のエネルギーを持つこととする．

知覚情報，行動は表 2.1，表 2.2 の通りで，1 世代の集団を草食エージェント 30 個体から構成し，5 個体エリート戦略を用いた．

次に，比較のための BDD の一点交叉を定義する．

BDD の一点交叉

遺伝的アルゴリズムの一点交叉に対応する BDD(n -BDD) 上の交叉を定義する．BDD は入力変数に対して 1 つの出力をとるので， k 個の入力の 2^k 個のパターン $00\dots 0$ から $11\dots 1$ に対する 2^k 個の出力を並べたものを遺伝子（展開された遺伝子）とみるならば，この上で通常の一点交叉をすることができる．2 つの BDD に対応する展開された遺伝子をランダム交叉点で一点交叉した後，既約 BDD を構築する方法を BDD の一点交叉と呼ぶ．

また，ここで定義した一点交叉は，既約化された BDD を再び展開するという手法をとっており本来の BDD の利点であるグラフ表現における処理効率向上が損なわれる為，本モデルには不向きであるが参考の為に定義し比較している．

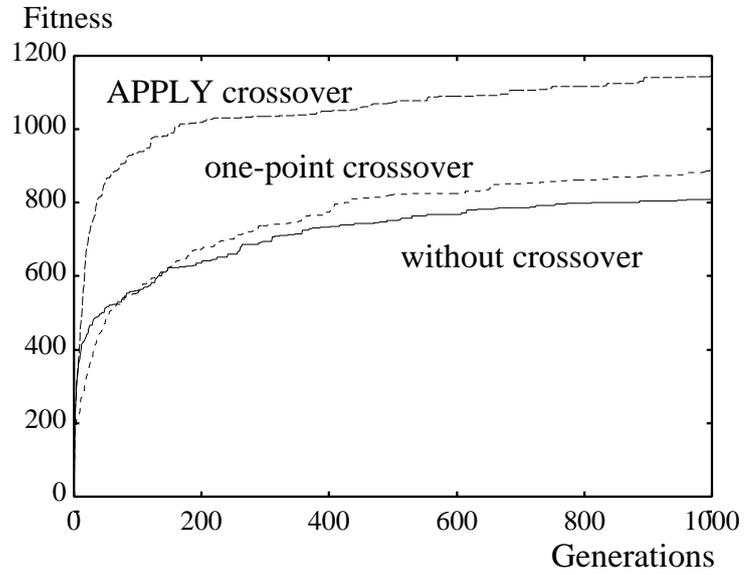


図 2.7: 適応度平均の推移 .

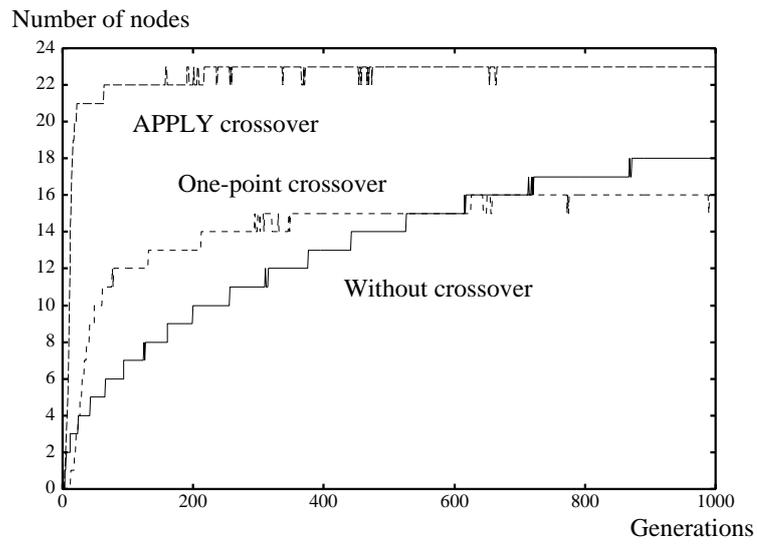


図 2.8: 平均節点数の推移 .

実験結果

図 2.7 に、APPLY 交叉及び一点交叉を導入したものとししないものの 100 回の実験における各世代毎の適応度の平均値の推移を示す。一点交叉を導入することによる適応度の上昇は約 10%にとどまったが、APPLY 交叉を導入することにより約 40%高い適応度の値を得た。

また、図 2.8 は各 BDD の平均節点数の推移を示す。 n 個、 m 個の各々節点を持つ n -BDD に APPLY 交叉を施した場合、 n -BDD の節点数は最大 $n \cdot m$ 個となる。実験でも交叉を導入したものはしないものより平均節点数の値が大きい。しかし、本アルゴリズムでは BDD の既約化を行っている為、平均節点数の値は収束しており、爆発的な増加とはなっていない。

図 2.9 にエージェントの n -BDD が世代を追って進化する様子を、交叉を導入したものとししないものについて典型的な実行例をもとに示す。交叉を導入した方が世代を追って BDD が早く複雑化していることが分かる。

2.5 生態系モデル

自然界に存在する生命体を 3 種類に単純化し、 n -BDD を用いてその進化と食物連鎖の様子を観察する森脇ら [19][20] のモデルに従い、本節では 2.4 節で提案した APPLY 交叉を用いて、エージェント同士の交配が行われる生態系モデルを提案する。

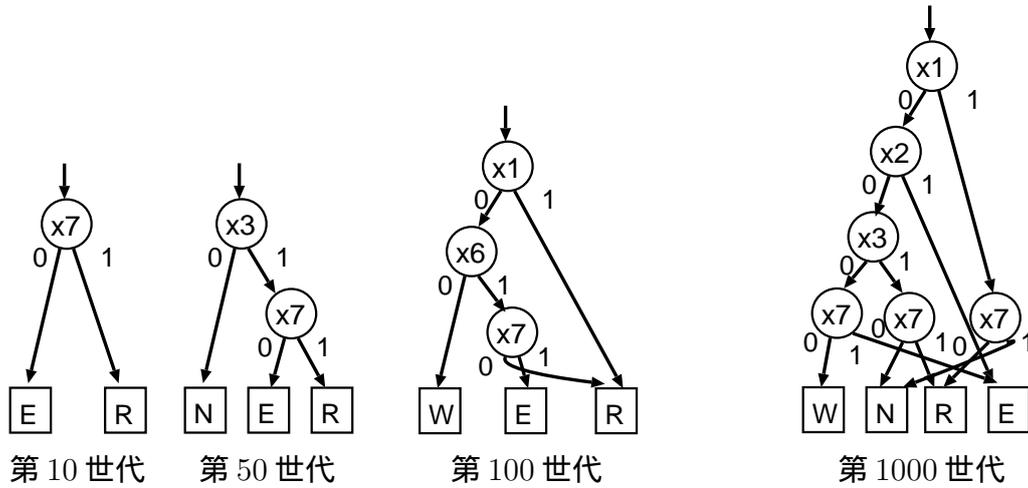
2.5.1 生態系モデルの概要

3 種類のエージェント（肉食エージェント、草食エージェント、植物エージェント）がそれぞれ複数存在する環境の中で世代交代を繰り返し、食物連鎖関係を起こさせる。

各動物エージェントは環境からの知覚情報を入力として得て、出力としてそのエージェントの行動を返す。これらを各々 n -BDD の入力、出力として動物エージェントの行動を n -BDD で表現する。

動物エージェントはエネルギー値を持っており、肉食エージェントは草食エージェントを、草食エージェントは植物エージェントを食べることにより各々のエネルギーを増加させる。エネルギーがある一定値を越えると生殖活動を行う。エネルギーが 0 になるとエージェントは餓死し、その周辺に一定個数の植物エージェントが発生する。

交叉なし



交叉あり

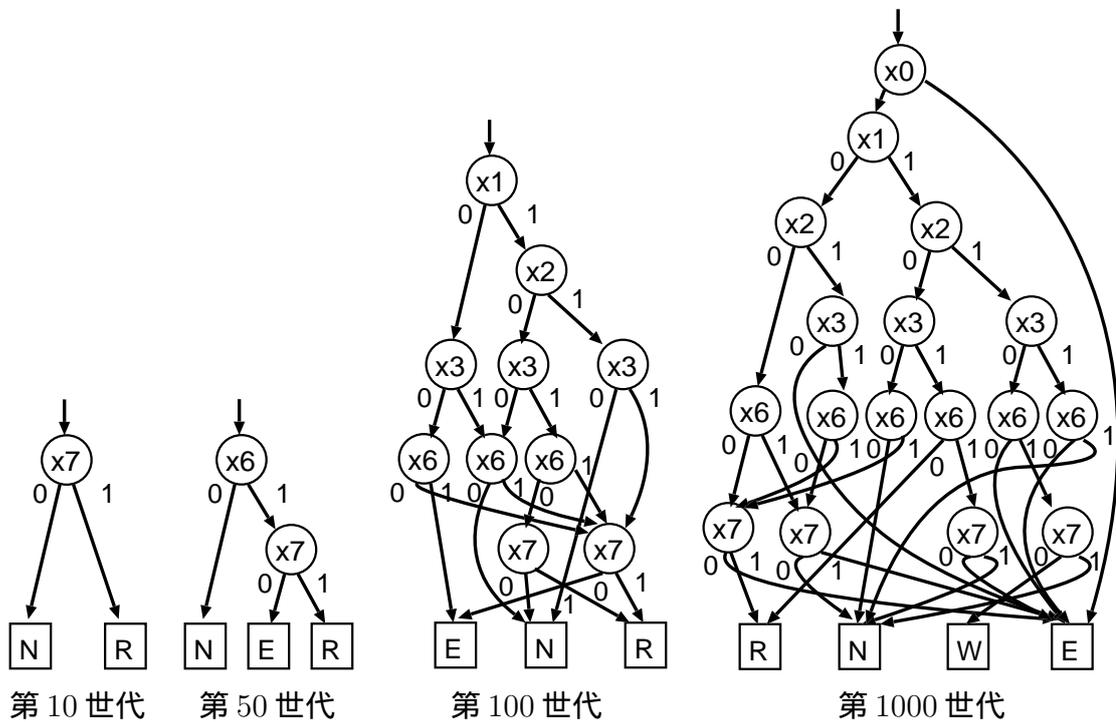


図 2.9: 草食エージェントの BDD の推移 (例) .

2.5.2 APPLY 交叉を用いた交配の導入

森脇ら [19][20] のモデルでは、無性生殖のみを導入した。即ち、エネルギー値が高く生殖可能になると分裂し、その後図 2.4 の 3 つの遺伝的操作のいずれかを施す。これに

対し本研究では、APPLY 交叉を用いて2つの親エージェントが交配し、子エージェントが生殖されるモデルを提案する。

生態系モデルにおいてエネルギー値が定められた値に達したエージェント（母親と呼ぶ）は、交配を行うために相手を探す。交配相手（父親と呼ぶ）は近傍の仲間（同種エージェント）の内、最高のエネルギー値をもつものとする。交配相手が見つかりと交配、即ち、APPLY 交叉をし、生まれた子供には母親のエネルギー値を分け与える。父親のエネルギー値は変化しないものとする。交配相手が見つからなかった場合は動物は無性生殖により子供を生成する。図 2.10 に各エージェントを扱う1ステップの手順を示す。1ステップとは、エージェントが知覚情報の入力と行動の出力を各1回行う時間である。

2.6 実験

2.6.1 実験環境

150マス×150マスのフィールド上で、肉食エージェントと草食エージェント複数個体を相互干渉させ行動戦略を自己適応させる実験を前節までに提案したモデルを用いて行う。実験に用いた肉食エージェントと草食エージェントの知覚情報を表 2.1 に、またそれらの5種類の行動を表 2.2 に示す。交配相手は近傍5マス×5マスのフィールド内の仲間から選ばれるものとする。

表 2.1: 入力ビット列の割り当てと意味。

x_0	自分が空腹
x_1	自分が満腹
x_2	肉食エージェントが自分の視界の遠くに存在
x_3	肉食エージェントが自分の視界の近くに存在
x_4	草食エージェントが自分の視界の遠くに存在
x_5	草食エージェントが自分の視界の近くに存在
x_6	植物エージェントが自分の視界の遠くに存在
x_7	植物エージェントが自分の視界の近くに存在

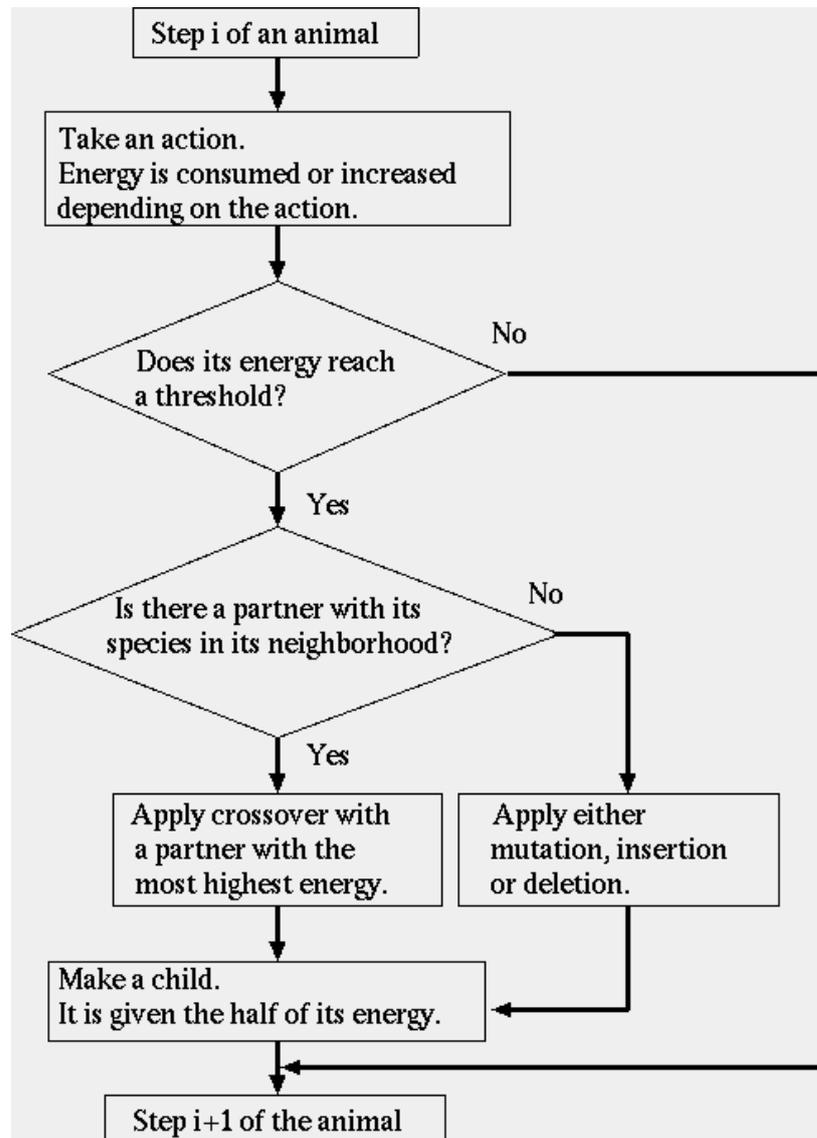


図 2.10: エージェントを扱う 1 ステップの流れ .

2.6.2 結果と評価

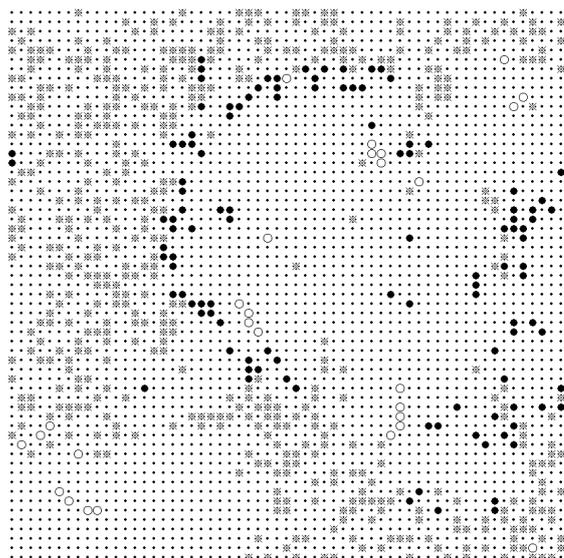
シミュレーションの様子を図 2.11 に示す . シミュレーションを行った結果 , 動物エージェントの個体数推移の一結果を図 2.12 に示す . 交配を用いないモデル [20] の結果と同様 , 草食動物の個体数の変化を表す曲線が肉食動物の変化の曲線を追いかける変動をしていることが確認できる . この内 , 比較的安定している 20000 ステップ ~ 24000 ステップの間の個体数の推移を拡大したものを図 2.13(a) に示す . 個体数が周期的に繰り返

表 2.2: エージェントが選択できる行動 .

walk (W)	ランダムに 8 近傍に移動する
runaway (R)	肉食エージェントから遠ざかる方向へ移動する
eat (E)	食物の方向へ移動して食べる
do-nothing (N)	動かない
approach (A)	仲間に接近する

各行動の詳細は [20] と同じ

返されているのが分かる . また , 捕食者-被食者の個体群モデルを表す Lotka-Volterra 方程式 [89] を仮定すると食物連鎖関係が成立した生態系で横軸に捕食者数 , 縦軸に被食者数をとったとき渦巻状のグラフが現れることが分かっている (詳細は付録 C) . 森脇らのモデル [20] と同様に図 2.13(b) に渦巻状の様子を確認することができる . そこで , 個体数の推移を解析し安定した周期が 1000 ステップ以上続く時 , これを安定期間とみなし , 交配を導入しないモデルと比較する .



○ herbivore
● carnivore
✱ plant

図 2.11: シミュレーションの様子 (59 × 59) .

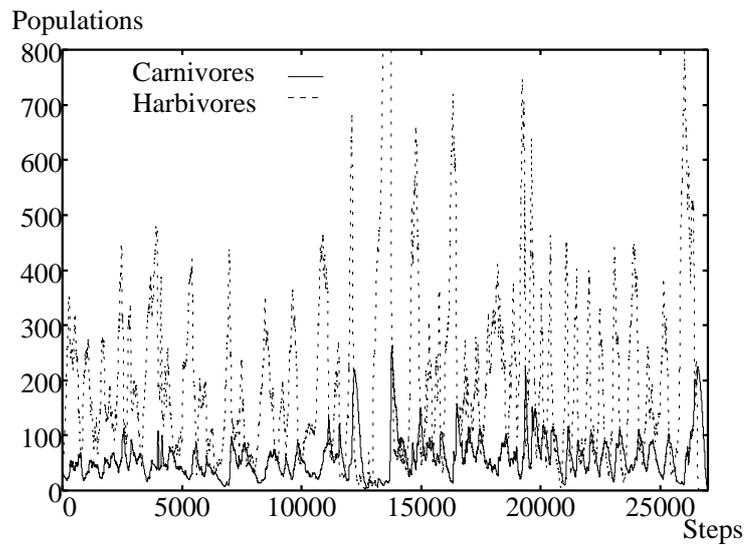


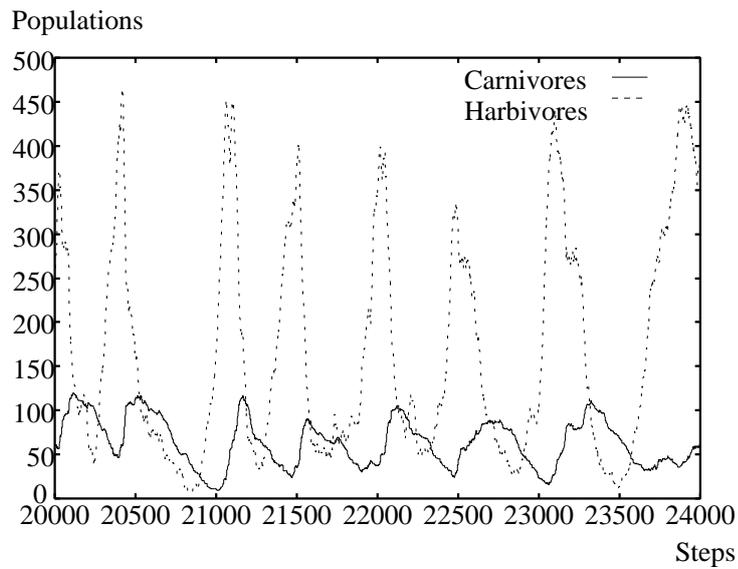
図 2.12: エージェント別個体数推移 .

実験結果が確率により左右されやすいため常に安定した食物連鎖を得られるわけではない．そこで，肉食エージェントと草食エージェントのどちらかが絶滅するまでのシミュレーションを 100 回行う．図 2.14 に 1000 ステップ以上の安定期間が現われたシミュレーション試行の度数分布を示す．横軸は，そのシミュレーションのステップ数を示し，縦軸は 100 回のシミュレーション中の回数を示す．交配なしのモデルに比べて，比較的安定した状態が長く続いていることが分かる．

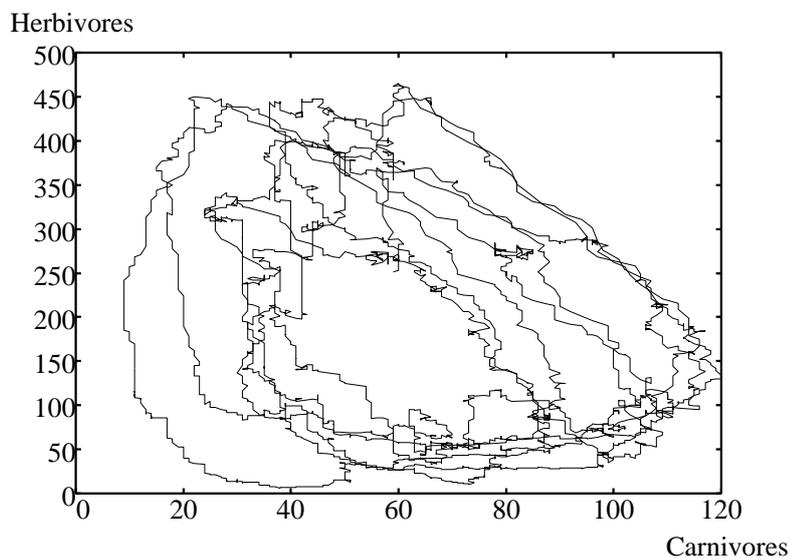
また，表 2.3 にシミュレーションが続いたステップ数の平均値を交配を導入しないモデルと比較する．交配を導入した場合の方がより長く食物連鎖が続いていることが分かる．また図 2.15 に，シミュレーションの続いたステップ数の分布を示す．縦軸は，100 回のシミュレーション中，各ステップ数以上続いた回数を示す．交配なしのモデルでは，数 100 ステップまでにほとんどのシミュレーションが終わっているのに対し，交配ありでは 30%以上が 10000 ステップを，10%以上が 30000 ステップを越えて続いている．

表 2.3: 肉食動物又は草食動物絶滅までの平均ステップ数 .

	交配なし	交配あり
ステップ	2200 ±3600	10300 ±10800



(a)



(b)

図 2.13: エージェント別個体数推移 (安定期間) .

2.7 おわりに

本章では, n BDD を用いた生態系モデルにおいて 2 個体間の交配を提案し, 計算機上でシミュレーションを行った. エージェントの交配には BDD の APPLY 演算を拡張した APPLY 交叉を用いた. APPLY 交叉は n -BDD のグラフ構造を利用しながら両親の

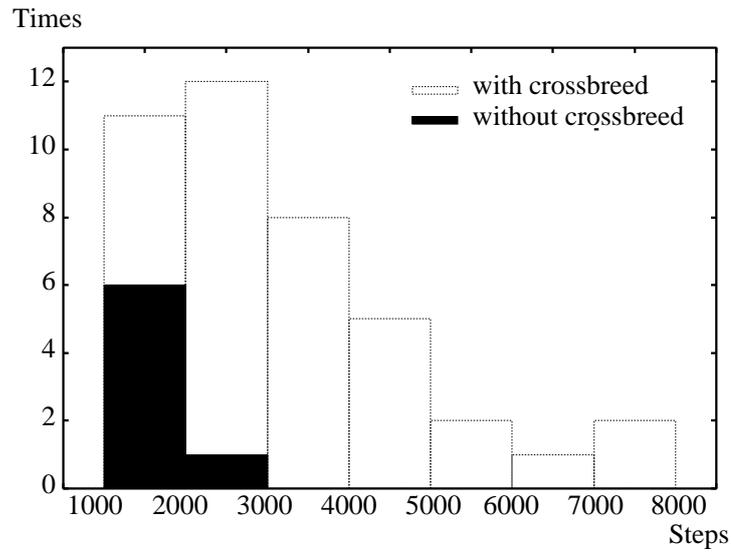


図 2.14: 100 回のシミュレーション中の最長安定期間のステップ数分布 .

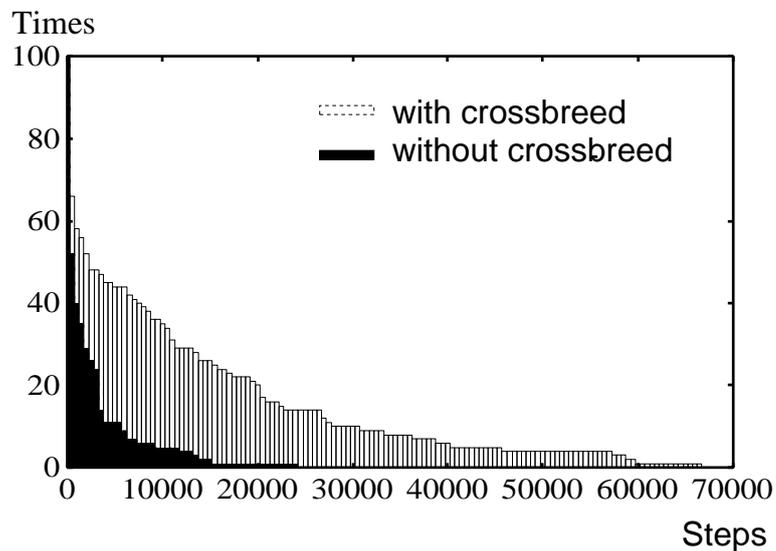


図 2.15: 絶滅までのステップ数の分布 .

行動戦略を均等に継承できることに特徴があり，エージェントの交配に用いることに適していると考えられる．まず，簡単な競合問題を用いて APPLY 交叉の有効性を確認した．一点交叉を導入することによる適応度の上昇は約 10%にとどまったが，APPLY 交叉を導入することにより約 40%高い適応度の値を得た．また， n -BDD に APPLY 交叉を施した場合に節点数の増加が懸念されたが，本アルゴリズムでは BDD の既約化

を行っている為、平均節点数の値は爆発的な増加とはならなかった。

そして、APPLY 交叉を用いることで、食物連鎖モデルに2エージェントの交配を導入することが可能となった。本手法の交配は、高いエネルギー値を持つエージェントのみが交配でき、かつ高いエネルギー値を持つエージェントが交配相手として選ばれるため、良い戦略を持つエージェントの遺伝子がより多く受け継がれると考えられる。これによって交配を通したエージェントの淘汰がよく機能することが期待できる。2.5節の生態系モデルのシミュレーション実験において交叉を持たない従来モデルよりも長く食物連鎖が続くことが確認されたことは、この理由によると考える。また、交配の導入は、無性生殖のみのモデルで多く見られたシミュレーションの初期段階における絶滅を激減させているが、これはエージェントがより早く周りの環境に適応した戦略を獲得していることと予想され、安定した生態系シミュレーションを構築する上で一つの好材料となった。

第3章

多出力二分決定グラフのFlexible APPLY 交叉を用いた生態分化モデル

本章では、生態形質の違いと生殖隔離により発生する同所的種分化モデルを提案する。多出力二分決定グラフ (n -output Binary Decision Diagram ; n -BDD) は、人工生命の行動戦略の表現に適しているが、 n -BDD の交叉手法である APPLY 交叉では交叉を行う2つのエージェントの変数順序を一致させる必要があったため、全個体の変数順序を事前に同一に固定しなければならなかった。変数順序は各エージェントが行動決定時に参照する知覚情報の優先順序を表す。一般的に、生命体が行動の判断基準としてどの知覚情報を優先するかは個々の生命体によって異なると我々は仮定する。個々の生命体が自らの持つ形質や環境に基づいて知覚情報の優先順位を世代交代時に進化させることができれば同所的種分化をモデル化する上で有用であると考えられる。よって、全てのエージェントの変数順序を一致させる必要がある従来の APPLY 交叉を改良し、変数順序の異なる n -BDD の交叉を可能とする Flexible APPLY 交叉を定義した。変数順序の異なる個体が混在する簡単な問題を用いて Flexible APPLY 交叉の有効性を評価したところ、問題に適した変数順序が動的に再構築されることで、早く最適解を得ることを確認した。さらに、Flexible APPLY 交叉を用いることで、疑似生命体における変数順序の異なる2エージェントの交配が可能となり、疑似生命体が世代交代を通して環境に順応し生態形質に見合った行動戦略を獲得することで同所的種分化が発生した。

3.1 はじめに

生命体の生命維持行動の解明，遺伝と生態進化の関係の解析などを目的とする人工生命研究が様々な分野で展開されている．不安定な環境の中で自己適応していくシステムとして，生態系をシミュレートする研究は重要である．

Holland によって最初に考案された生態系モデル Echo は，全ての生態系に共通の一般的な性質の獲得のために，生態系を可能な限り単純化している [82]．森脇らは，自然界に存在する生命体を 3 種類に単純化した生態系において，被食者，捕食者の行動戦略を n -BDD を用いて表現する研究を行ってきた [20][90]． n -BDD は文献 [20] が示すように入力情報に対して行動を 1 つに決定する問題に適しており，生態系シミュレーションの実現のために有用である．

自然界に存在する生命体は進化の過程で様々な生態を発現し，その種類も多様化している．種の多様性を引き起こす生態の分化がどのようなメカニズムで生じるのかを解明することは重要であり，多くの研究者が興味を抱いている研究分野の一つである [37]．一般的に生態の分化の多くが地理的隔離のある異所的種分化であると考えられているが [38]，近年では地理的隔離のない同所的種分化を示す事例研究が報告され注目を集めている [39][40]．人工生命分野において同所的種分化を扱ったものには，性淘汰のみで起こりうることを示したものの [41] や，相互作用による表現型の分化が遺伝型の進化を促す様子表現した研究 [43] などが報告されているがその数は事例研究と同様に少ない．本論文では，文献 [37][91] で報告されたような「生態形質の違いと生殖隔離により発生する同所的種分化」を計算機上でモデル化し実験を行うことで，同所的種分化がどのようなプロセスで発生したかを明らかにすることを目的とする．

本研究では，エージェントの行動戦略の表現方法として n -BDD を採用する． n -BDD の交叉手法である APPLY 交叉 [23][92] では交叉を行う 2 つのエージェントの変数順序を一致させる必要があったため，全個体の変数順序を事前に同一に固定しなければならなかった．変数順序は各エージェントが行動決定時に参照する知覚情報の優先順位を表す．一般的に，生命体が様々な知覚情報の中から何を重要視するか，すなわち，行動の判断基準としてどの知覚情報を優先するかは個々の生命体によって異なるかと仮定する．個々の生命体が自らの持つ性質や環境に基づいて知覚情報の優先順位を世代交代時に進化させることができれば先に述べた同所的種分化をモデル化する上で有用であると考えられる．よって，全てのエージェントの変数順序を一致させる必要がある従来の

APPLY 交叉を改良し, 変数順序の異なる n -BDD の交叉を可能とする Flexible APPLY 交叉を定義し, 生態分化モデルに利用する.

3.2 生態分化モデル

生物が自身の生態形質に見合う行動戦略を獲得することで発生する生態分化のモデル化を行う. 提案モデルは, 次節のエージェントの定義で表現可能な全ての生物を想定して作成した.

3.2.1 エージェントの定義

エージェントは遺伝要素として生態形質に相当する環境順応値 [93][94][95] と行動戦略を持ち, それらはエージェントが環境により順応していくように自律進化する. エージェント a_i (i は識別子) を環境順応値 b_i ($0 \leq b_i \leq 1$) と行動戦略 st_i より, 式 (3.1) と定義する.

$$a_i(b_i, st_i) \quad (3.1)$$

3.2.2 エージェントの生成

エージェントはエネルギーが一定値に達すると交配可能となる. 親エージェント a_j および a_k の生殖活動による子エージェント a_i の生成は式 (3.2) で定義される.

$$a_i(b_i, st_i) = c(a_j(b_j, st_j), a_k(b_k, st_k)) \quad (3.2)$$

ここで c は交叉関数を表し, 式 (3.3) で定義される.

$$\begin{aligned} c(a_j(b_j, st_j), a_k(b_k, st_k)) = \\ a_i(mb(cb(b_j, b_k)), ms(cs(st_j, st_k))) \end{aligned} \quad (3.3)$$

ここで, cb および cs はそれぞれ環境順応値および行動戦略の交叉関数である. また, mb および ms はそれぞれ環境順応値および行動戦略の突然変異関数である. 本稿では, 環境順応値および行動戦略の遺伝子表現をそれぞれ 32 ビットのバイナリおよび n -BDD とし, 交叉関数にはそれぞれ一点交叉および 3.3 節にて提案する Flexible APPLY 交叉を用いる. 行動戦略の具体的表現については 3.4.3 節にて述べる.

3.2.3 生殖隔離

同所的種分化を引き起こす要因の一つとして考えられている生殖隔離を，特徴の異なるエージェント間の交叉を制限することで表現する．生殖隔離により，エージェント a_i と a_j は式 (3.4) の条件を満たすときに限り交叉できるものとする．

$$gd(a_i(b_i, -), a_j(b_j, -)) < K \quad (3.4)$$

ここで， gd はエージェント間の遺伝子距離関数であり，環境順応値のハミング距離とする． K は隔離定数である．

3.2.4 エージェントの知覚と行動

エージェントは自身の持つエネルギーと外部情報を知覚する．外部からの情報には，視界内の情報と気温 $tmpr$ がある．エージェントはそれらの情報をもとに行動戦略 st_i を用いて行動を決定する．エージェントは有限個の行動集合 ACT から 1 つの行動 act_i を決定する．行動戦略 st_i は時刻 t におけるエージェントのエネルギー値 $en_i(t)$ と外部情報 $ex_i(t)$ から行動 act_i^t を決定する関数であり，式 (3.5) とする．

$$act_i^t = st_i(en_i(t), ex_i(t)) \quad (3.5)$$

3.2.5 エージェントの内部状態

エージェントは act_i^t を行動し，その行動に伴いエネルギー値 $en_i(t)$ を更新する．すなわち，環境順応値 b_i を持つエージェントが行動 act_i^t を行ったときのエネルギー変化量を $d_{act_i^t}(b_i)$ ，初期エネルギー値を e_0 としたとき，エージェント a_i のエネルギー値 en_i を，式 (3.6) とする．

$$\begin{cases} en_i(t+1) = en_i(t) + d_{act_i^t}(b_i) \\ en_i(0) = e_0 \end{cases} \quad (3.6)$$

また，生存しているエージェント a_i はエネルギー値が式 (3.7) を満たすときを空腹状態 (Hungry)，式 (3.8) を満たすときを満腹状態 (Full) とする．エージェントはこれらの条件のもとで，後述する表 3.2 に示す行動を遺伝的に獲得する．

$$en_i(t) < e_1 \quad (3.7)$$

$$en_i(t) > e_2 \quad (3.8)$$

3.2.6 エージェントの死滅

エージェント a_i の生存可能時間，生存可能内部エネルギー値，生存可能気温をそれぞれ T_0 ， e_3 ， D とすると，以下のいずれかの条件を満たすときエージェント a_i は死滅する．

$$t \geq T_0 \quad (3.9)$$

$$en_i(t) \leq e_3 \quad (3.10)$$

$$tmpr > D \quad (3.11)$$

3.2.7 生態進化メカニズム

ここで，前節までに定義したエージェントを仮想的に存在させた場合の生態進化のメカニズムについて考える．エージェント a_i のエネルギー値 $en_i(t)$ は，式 (3.6) よりエージェントの持つ環境順応値と実行した各行動によって変動する．また，エージェントの生死はエネルギー値により決定されるため (式 (3.10))，エネルギーをより多く蓄積する環境順応値 b と行動戦略 st の組み合わせを持つエージェントの生き残る確率が高い．よって，環境に適した遺伝子の組み合わせを持つ個体は多く生き残り，交配により子孫を残すことができる．すなわち，世代交代を重ねることで自然淘汰によって進化が起こる．

3.2.8 生態分化メカニズム

生態が進化するに従い複数種の生態に分化をしていくメカニズムについて考える．前術の通り，エネルギーをより多く蓄積する環境順応値 b と行動戦略 st の組み合わせを持つエージェントは生き残る確率が高い．よって，エージェント a_i の 1 世代におけるエネルギー蓄積量 gr_i を，環境順応値 b_i と行動戦略 st_i から蓄積エネルギー関数 f より，式 (3.12) と表現することができる．

$$gr_i = f(b_i, st_i) \quad (3.12)$$

図 3.1 は，2 つのある行動戦略 st_l, st_m を採るエージェントの環境順応値 b による 1 世代のエネルギー蓄積量 gr を示した概念図である．行動戦略 st_l, st_m において，

$$f(st_l, b) = f(st_m, b) \quad (3.13)$$

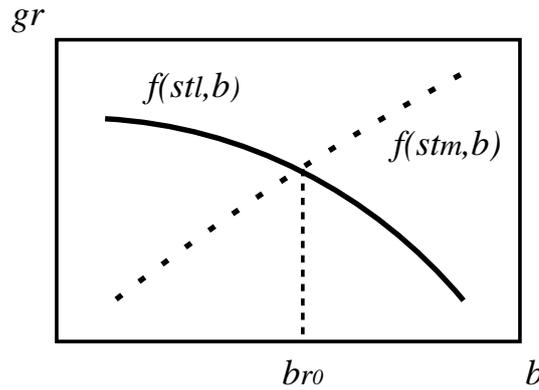


図 3.1: 環境順応値と行動戦略によるエネルギー蓄積量の概念図 .

$$\frac{\partial f(st_l, b)}{\partial b} \cdot \frac{\partial f(st_m, b)}{\partial b} < 0 \quad (3.14)$$

を満たす環境順応値を $b = br_0$ とすると、以下の式が成り立つ .

$$f(st_l, b) > f(st_m, b) \quad ; \text{if } b < br_0 \quad (3.15)$$

$$f(st_l, b) < f(st_m, b) \quad ; \text{if } b > br_0 \quad (3.16)$$

式 (3.15) の時には行動戦略 st_m を採るより行動戦略 st_l を採る方がエネルギー蓄積量が多いため、行動戦略 st_l を採る個体が多く生き残り、式 (3.16) では逆の状態となる。すなわち、自然淘汰により環境順応値が $b < br_0$ であるエージェントは行動戦略 st_l を、 $b > br_0$ であるエージェントは行動戦略 st_m を採るように生態が分化すると予想される。環境順応値 br_0 を境として生態が分化することより本稿では br_0 を生態分岐点と呼ぶ。さらに世代交代を重ね、 gr が大きくなるように自然淘汰が働くことで、エージェントの持つ環境順応値 b が br_0 から両極に離れていくように進化すると考える。本節において考える生態分化メカニズムが実験においてどのように作用するかは 3.4.6 節において考察したい。

3.3 Flexible APPLY 交叉の提案

従来の APPLY 交叉では、異なる変数順序を持つ n -BDD どうしは交叉することができない。そこで、変数順序の異なる n -BDD どうしが交叉することを可能とした Flexible APPLY 交叉を提案し、その効果を検証する [96] .

3.3.1 占有率

Flexible APPLY 交叉は、交叉対象である 2 つの n -BDD が持つ変数の重要度を数値化しそれを元に変数順序を統一させて並び替えることで行う。そのために変数 x_k の占有率 P_{x_k} を定義し、交叉に用いる。

n -BDD の節点はそれぞれ評価される頻度が異なっている。根節点は必ず評価されるが、下位の節点になるに従い、評価される割合は少なくなる。そこで、各節点が評価される頻度を節点の重みと考え、各節点にラベル付けされた論理変数が等確率で真偽を返すと仮定すると、節点の重みは根節点が 1、その他の節点は親節点の重みの $\frac{1}{2}$ を 2 つの下位節点へ伝播させることで求めることができる。

n -BDD に含まれる任意の論理変数 x_k に対して x_k の占有率 P_{x_k} を以下の式で定義する。

$$P_{x_k} = \sum_{S \in Nodes(x_k)} w(S) \quad (3.17)$$

ただし、 $Nodes(x_k)$ は論理変数 x_k でラベル付けされたノードの集合を示す。ここで、 $w(S)$ は節点 S の重みを返す関数であり、以下の式で定義される。

$$w(S) = \begin{cases} 1 & (S \text{ が根節点}) \\ \sum_{T \in Parents(S)} \frac{1}{2} w(T) & \\ \text{(それ以外)} & \end{cases} \quad (3.18)$$

ただし、 $Parents(S)$ は節点 S の親節点の集合を示す。このようにして同じ変数の節点の重みの和を占有率と定義することで、Flexible APPLY 交叉における変数順序の再構築に利用する。

3.3.2 Flexible APPLY 交叉

二つの n -BDD f と g の Flexible APPLY 交叉は以下の手続きに従う。

- (1) f, g それぞれの変数毎の占有率 (possession rate) を求める
- (2) 変数ごとに f と g の占有率の和を求める
- (3) 求めた占有率を降順でソートしたものを新たな変数順序とし、 f, g をそれぞれ再構築 (restructuring) する
- (4) 再構築した f, g を APPLY 交叉し $f \circ g$ を求める

図 3.2 に f と g に変数順序の再構築の例を示す．なお，再構築の前後における n -BDD は論理的に等価である．

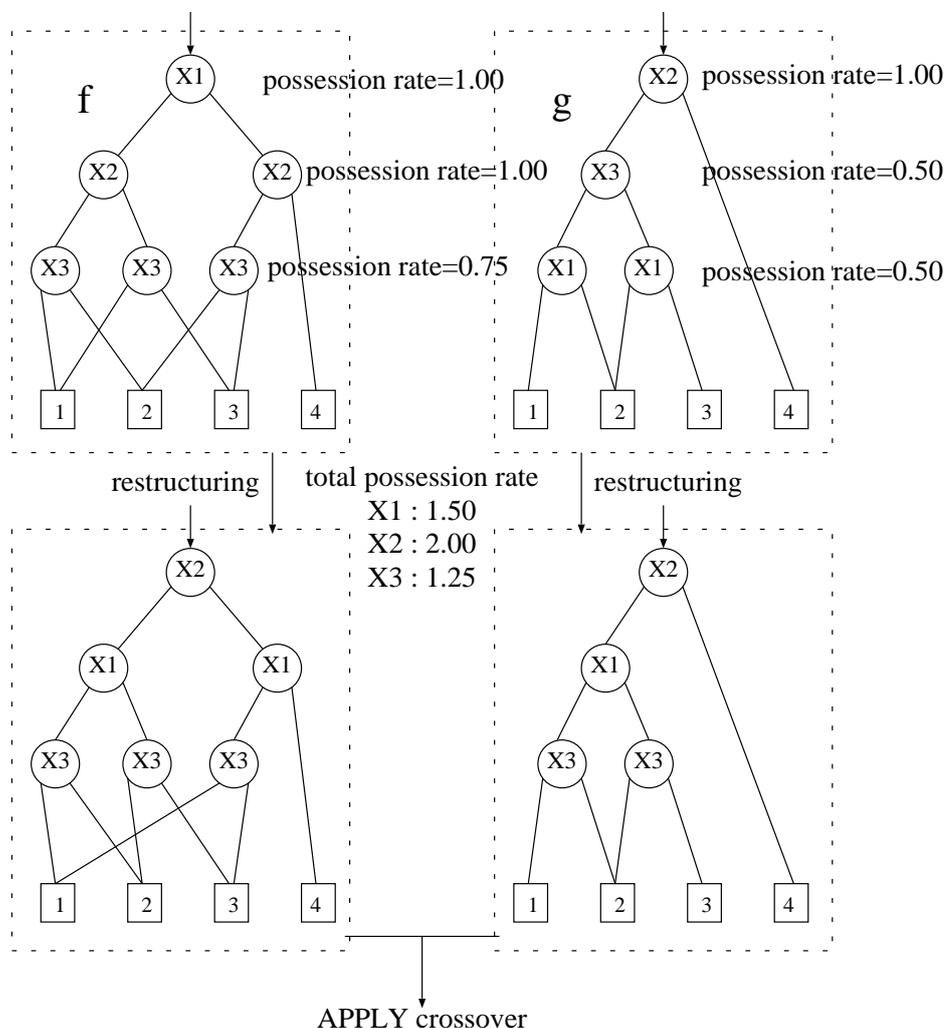


図 3.2: Flexible APPLY 交叉の例．

3.3.3 Flexible APPLY 交叉の効果

前節で定義した Flexible APPLY 交叉の有効性を確かめるため，遺伝的アルゴリズムを用いた比較実験を行う．

各個体は論理変数 X_0, \dots, X_8 を入力とし， $0, \dots, 21$ の出力値を持つ n -BDD ($n = 22$) とした．適応度は各個体の入出力値と事前に指定した目標とする n -BDD (図 3.3 参照) の入出力値が一致した数とする (最大適応度は $2^9 = 512$)．1 世代あたりの個体数を 100

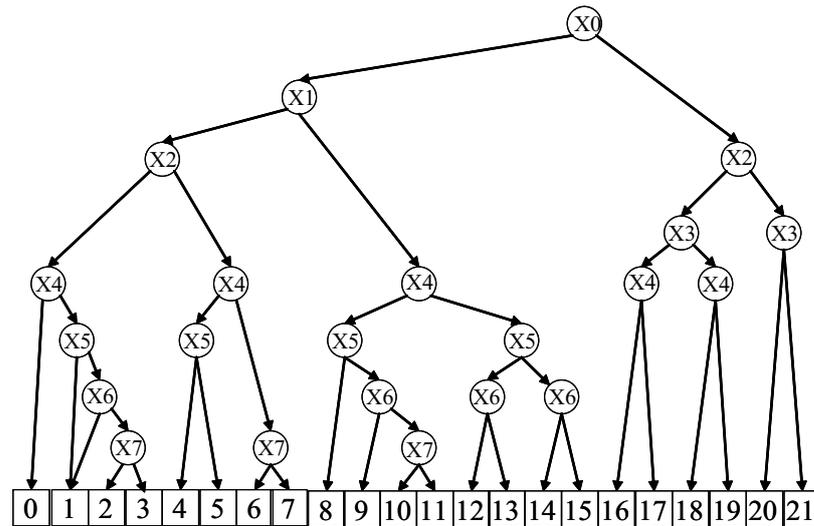


図 3.3: 目標とする n -BDD ($n=22$) .

とし、1回の交叉により生成される子個体数は1である。世代交代は上位30個体のエリート戦略を用いて次に示す3通りの交叉方法を用いて各10回の比較実験を行った。

- (1) Flexible APPLY 交叉 (case1)
- (2) 良い変数順序で固定した APPLY 交叉 (case2)
- (3) 悪い変数順序で固定した APPLY 交叉 (case3)

ここで、case2の良い変数順序とは X_0, \dots, X_8 を昇順に並べた順序、case3の悪い変数順序とは X_0, \dots, X_8 を降順に並べた順序である。

3.3.4 実験結果

図 3.4 に、世代毎の平均適応度の推移を示す。変数順序を良い順序であらかじめ固定した case2 の適応度上昇が最も早く、変数順序を悪い順序で固定した case3 の適応度上昇が最も低い。提案手法である Flexible APPLY 交叉を用いて変数順序を動的に変化させた case1 については、実験の序盤では case2 より適応度上昇が低いものの、最終的には case2 とほぼ同時期に最適解を得ていることが分かる。図 3.5 に、時間毎の平均適応度の推移を示す。提案手法である case1 は良い順序で固定した case2 より最適解

計算機は Intel PentiumIII 1133MHz/256MB, OS は Solaris 8, プログラミング言語は C++ を使用した。

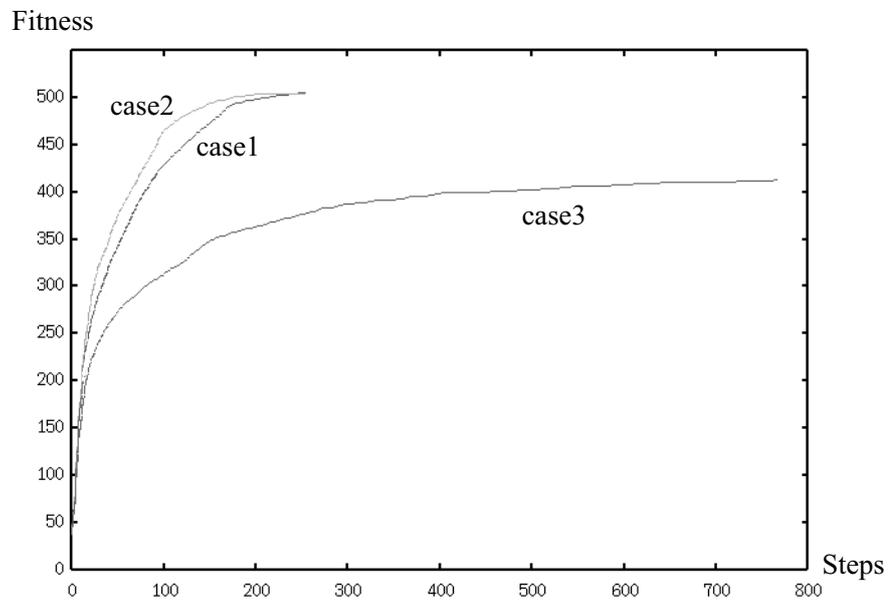


図 3.4: 世代毎の平均適応度の推移 .

を得るまでに 1.3 倍近くの時間を要しているものの悪い順序で固定した case3 と比べると明らかに早く最適解を得ていることが分かる . これらの結果より , 事前に予備実験などで効率的な変数順序を設定しておく必要のあった従来手法と比べて , 提案手法は効果的であると言える .

3.4 実験

提案した生態分化モデルの検証を行うために , 異半球にある 2 つのエリアにおける実験を行う . 各エリアは同経度上に位置し , 間に赤道を存在させたため図 3.8 のように気温 $tmpr$ が交互に周期的に変化する環境とした . 単位時間を 1 ステップとし , エージェントは 1 ステップ毎に行動を行う .

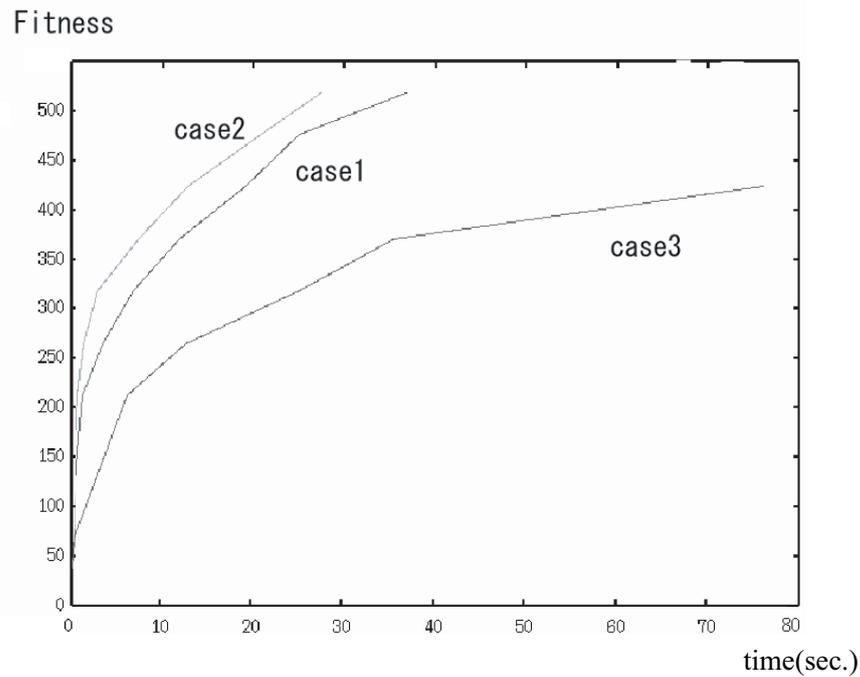


図 3.5: 時間毎の平均適応度の推移 .

3.4.1 エージェントの適温帯

エージェントは図3.6に示すように気温 $tmpr$ が式(3.19)を満たすときを「暑い(Hot)」, 式(3.20)を満たすときを「寒い(Cold)」と知覚する .

$$tmpr \geq D - d \quad (3.19)$$

$$tmpr \leq F_0 + d' \quad (3.20)$$

また, これらの式を満たさないときを「心地よい(Comfortable)」と感じる適温とする . エージェントは, 暑い状態から適温に変化することを「涼しくなる(Cool)」, 寒い状態から適温に変化することを「温かくなる(Warm)」と知覚する .

3.4.2 エージェントの食糧

各エリア内には, エージェントの他にエージェントにエネルギーを提供する食糧となる植物が存在する . 植物は気温 $tmpr$ に基づき成育する . 植物の成育可能下限気温を F_0 , 成育可能上限気温を F_1 とすると, 以下の条件を満たす環境で成育する .

表 3.1: エージェント a_i の知覚情報 .

X_1	Full
X_2	Hungry
X_3	Plant is visible by a_i
X_4	Other agent is visible by a_i
X_5	Cold
X_6	Warm
X_7	Cool

表 3.2: エージェント a_i の行動 .

N	do not move.
E	move to a plant, and eat it if reached.
A	approach the same kind of animal.
C	cross with the same kind of animal.
M	migrate to another island.

$$\begin{cases} d_N(b_i) = -|G_0 - |G_1| \cdot b_i| & ; \text{if Cold} \\ d_N(b_i) = -|G_2| & ; \text{else} \end{cases} \quad (3.23)$$

$$d_E(b_i) = |G_3| \quad (3.24)$$

$$d_A(b_i) = -|G_4| \quad (3.25)$$

$$d_C(b_i) = -|G_5| \quad (3.26)$$

$$d_M(b_i) = -|G_6 + |G_7| \cdot b_i| \quad (3.27)$$

これらの式より，エージェントは行動 E を行ったときのみエネルギーが増加する．また，環境順応値 b_i は正数を取り，行動 N を行ったときの環境順応値 b_i が大きいほどエネルギー消費が小さく，行動 M を行ったときの環境順応値 b_i が小さいほどエネルギー消費が小さくなることとした (式 (3.23)(3.27)) .

3.4.5 実験結果

各エリアの初期個体数を 150，環境順応値の初期値を中間値である 0.5，行動戦略の初期値をランダムに生成した n -BDD として実験を行った．図 3.7(左) に実験のスナッ

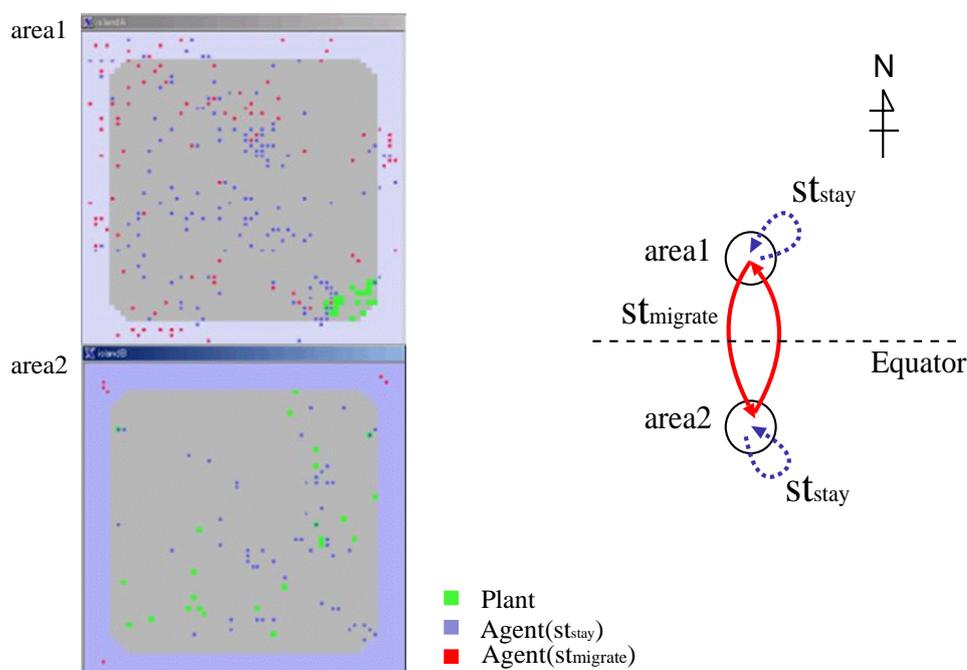


図 3.7: 実験のスナップショット (左) と発現した行動パターン (右) .

ブショットを示す．実験では，安定期において図 3.7(右) に示すような動きをする 2 つの行動戦略 st_{stay} , $st_{migrate}$ を採るエージェントが多く見られた．行動戦略 st_{stay} を採るエージェントは同一エリアに常に留まり，植物が存在する期間はエリア内のみ移動により植物を食べてエネルギーを蓄積し，存在しない期間は動かずエネルギー消費を抑える．また，行動戦略 $st_{migrate}$ を採るエージェントは植物の存在するエリア間を，エネルギー消費してでも常に求めて渡り行動をとり，植物を食べることによりエネルギーを蓄積する．

気温変化の 1 周期である 256 ステップを 1 年とした場合，個体数が安定している約 300 年からのエリア毎の個体数推移および気温変化を図 3.8 に示す．各エリアにおいて，気温が低下するに従い同エリアの個体数が減少しもう一方のエリアの個体数が増加していることが分かる．また，気温の最も低下する時期も同エリアにおいて生存している個体がいることが分かる．これらのことから，図 3.7(右) に示すような動きをする 2 つの行動戦略 st_{stay} , $st_{migrate}$ を採るエージェントの存在が示唆される．

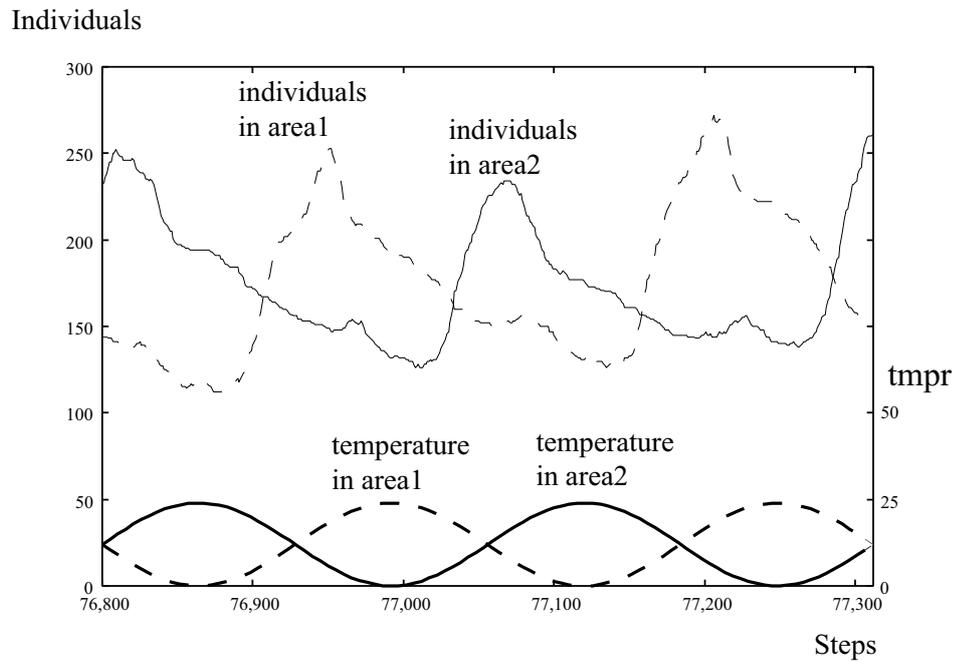


図 3.8: 安定期におけるエリア毎の個体数推移および気温変化。

3.4.6 環境順応値と行動戦略

本実験において多く見られた2つの行動戦略 st_{stay} , $st_{migrate}$ について, 3.2.8 節にて述べた生態分化メカニズムと比較して検討する. 戦略 st_{stay} および $st_{migrate}$ を採るエージェントの n -BDD の一例をそれぞれ図 3.9, 図 3.10 に示す. 図中の0枝および1枝にラベル付けされた数値 (%) はそれぞれの枝が選択された確率を示しており, 定数節点に付帯する数値 (%) はそれぞれの行動が選択された確率を示している. なお, これらの n -BDD において選択された確率が 2%未満となるようなパスは省略されている.

図 3.9, 図 3.10 より, 行動戦略 st_{stay} および $st_{migrate}$ に共通して選択された確率の高い行動は E の「食べる」であった. 式 (3.24) よりエージェントは行動 E を行ったときのみエネルギーが増加するため, 妥当な結果であると考えられる. 一方で, 選択された確率が行動戦略 st_{stay} および $st_{migrate}$ で明確に異なる行動が存在した. 行動戦略 st_{stay} では行動 N を選択する確率が高いため, 式 (3.23) より環境順応値 b_i が大きい個体ほどエネルギー蓄積量が大きくなることが分かる. 行動戦略 $st_{migrate}$ では行動 M を選択する確率が高いため, 式 (3.27) より環境順応値 b_i が小さい個体ほどエネルギー蓄積量が大きくなることが分かる. これらのことより, 行動戦略 st_{stay} , $st_{migrate}$ は, 3.2.8 節に

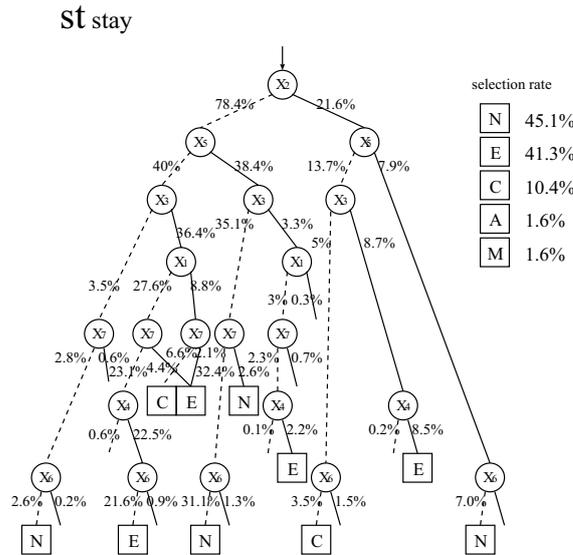


図 3.9: 行動戦略 st_{stay} を採るエージェントの n -BDD の一例 .

て仮定した 2 つの行動戦略 st_m, st_l に置き換えて考えることができる .

図 3.11 に , 安定期における 2 つの行動戦略 $st_{stay}, st_{migrate}$ を採るエージェントの環境順応値 b_i の分布を示す . 環境順応値 b_i ($0 \leq b_i \leq 1$) によって , 実線で示す行動戦略 st_{stay} と破線で示す行動戦略 $st_{migrate}$ の 2 つの行動戦略を採る個体が自然淘汰により多く生き残ったことが分かる . 図 3.11 より , 3.2.8 節で述べた生態分岐点は本実験においては 2 線の交点である $br_0 = 0.55$ 付近と考えられ , 環境順応値が $br_0 < 0.55$ であるエージェントは行動戦略 $st_{migrate}$ を , 環境順応値が $br_0 > 0.55$ であるエージェントは行動戦略 st_{stay} を採るように生態が分化したと考えることができる .

3.4.7 生殖隔離の影響

次に , 3.2.3 節にて定義した生殖隔離の効果について検証する . 図 3.12 に生殖隔離を行わない場合の安定期における 2 つの行動戦略 $st_{stay}, st_{migrate}$ を採るエージェントの環境順応値 b_i の分布を示す . 本分布図からも生態分岐点を $br_0 = 0.55$ 付近と考えることで 2 つの行動戦略を採る生態に分化した様子が分かる . 一方で , それぞれの戦略を採るエージェントの環境順応値の平均値 (点線) は生殖隔離を行った図 3.11 の方が離れていることが見てとれる . すなわち , 生殖隔離を行うことでより生態分化が促進されたと言える . なお , 進化により獲得した交配に関わる戦略の違いにより生殖隔離が起

St migrate

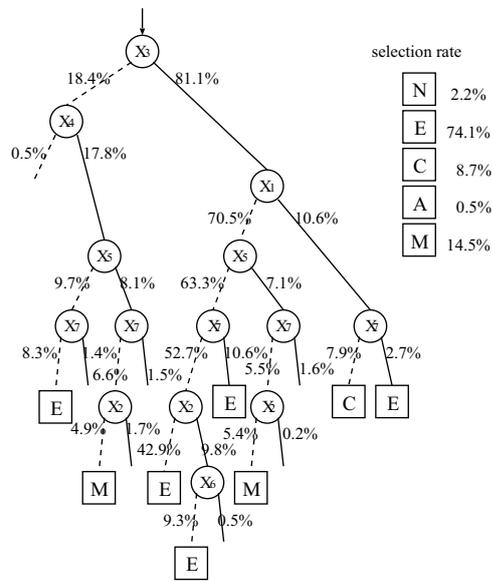


図 3.10: 行動戦略 $st_{migrate}$ を採るエージェントの n -BDD の一例 .

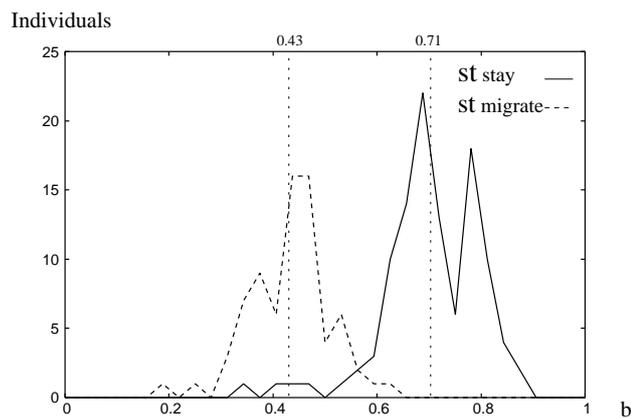


図 3.11: 安定期における行動戦略 st_{stay} , $st_{migrate}$ を採るエージェントの環境順応値 b_i の分布 .

きる可能性も考えられるが、本実験においては、図 3.9、図 3.10 よりどちらの行動戦略においても「植物が存在し満腹で気温が下降していない」ときに交配行動が行われるため戦略の違いによる生殖隔離は発生しないものとする。

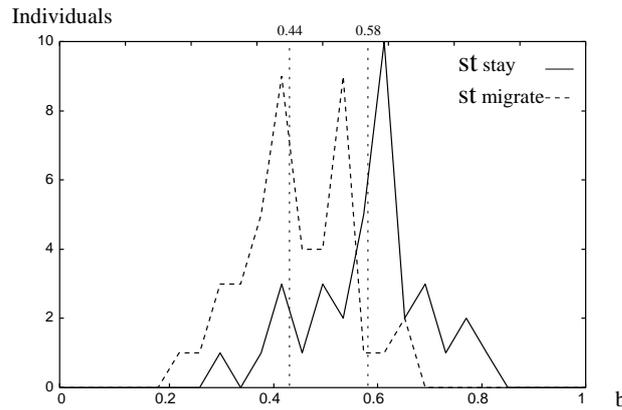


図 3.12: 安定期における行動戦略 st_{stay} , $st_{migrate}$ を採るエージェントの環境順応値 b_i の分布 (生殖隔離なし) .

3.4.8 Flexible APPLY 交叉の効果

最後に、エージェントが Flexible APPLY 交叉によって獲得した n -BDD について考察する。まず、それぞれの行動戦略における変数順序について考察する。図 3.9, 図 3.10 より、共通して変数順序が高かったのは X_3 と X_5 であり、「植物の存在」と「寒さ」はこの環境下で重要な変数だといえる。その一方で、これらの n -BDD において変数順序が明確に異なる変数も存在する。図 3.9 の行動戦略では、 X_2 の変数順序が高いことから st_{stay} を採るエージェントは「空腹であるかどうか」により行動を変化させると言える。図 3.10 の行動戦略からは X_4 の変数順序が高いことから $st_{migrate}$ を採るエージェントは「仲間に対して敏感」であるといえる。 $st_{migrate}$ を採るエージェントは特徴的な行動として M の「渡り」を選択する確率が st_{stay} と比べて高い。そして、「渡り」は主に「寒い、気温が下降していない」ときに行われている。それに対し st_{stay} を採るエージェントは「渡り」を行わず、寒いときは N の「動かない」を選択することが極めて多い。この 2 種類の n -BDD の間には、このような戦略の違いが発現している。また、どちらにも共通した戦略として、交叉をする条件は「気温が下降していない、かつ、植物がある」ときであることがわかる。これは、子を産むことによるエネルギー消費が大きいことからできるだけエネルギー消費を抑えられる環境を選択しているからだと思われる。以上のことより、Flexible APPLY 交叉を用いることで各エージェントが自身の持つ生態形質や環境に応じた変数順序と行動戦略を世代交代を通して獲得するように進化するモデルが実現できたと言える。

3.5 おわりに

本章では、人工生命体が自身の持つ生態形質や環境に順応して生態を進化・分化させるモデルを提案し計算期上実装した。エージェントの行動戦略には n -BDD を採用し、 n -BDD の交叉演算子として変数順序の異なる個体どうしの交叉を可能とした Flexible APPLY 交叉を提案し実装した。Flexible APPLY 交叉を用いることで、人工生命体における変数順序の異なる 2 エージェントの交配が可能となり、生命体が進化の過程において与えられた環境から生命を維持するために必要な行動戦略として採るべき判断条件とその優先順位を動的に獲得するメカニズムが与えられた。

具体的には、2 つの地域の食糧存在が期間的な周期を持ち交互になる場合に、実際の鳥類に見られる「渡り鳥」「留鳥」の行動を観察することができた。エージェントは自らが持つ環境順応値が低い場合には「渡り鳥」、高い場合には「留鳥」のような行動をとるように進化をした。実際の鳥類の例では、渡りを行うウグイスの翼長は行わないウグイスのそれより長いという研究報告 [97] もあり、本モデルにおける環境順応値をウグイスの翼長と置き換えて考えることもできる。

今後は、生存寿命、出生率、食糧量、温度変化、蓄積・消費エネルギーなどの条件をきめ細かに設定して実験を実施する必要があるが、同所的種分化に関する事例研究の報告は僅かであり実際の数値データとの比較が困難であることが課題としてあげられる。

第4章

同調遺伝子とミームを用いた性選択モデルによる循環型流行の発現

本章では、動物の配偶者選択におけるメスの嗜好の流行現象がメスの嗜好ミームおよび同調性・非同調性に関与していると考え、遺伝子とミームをあわせもつ人工生命体（エージェント）の進化モデルに、同調遺伝子を加えたモデルを提案する。本システムにより、配偶者選択における嗜好の循環型流行の発現を確認する。さらに、同調性・非同調性が嗜好の変遷に与える影響について考察を行う。

4.1 はじめに

生態には、クジャクのオスの羽のように、生物が生存する上で過度に派手で不利であると考えられる現象が見られる。Darwin はこのような現象を性選択と定義することで説明した [44][45]。性選択の過程にはアズマヤドリのアズマヤのようにオスがメスを引きつけるために後天的に装飾するという現象がみられる [48]。このような生物は、配偶者選択において、先天的な身体的特徴に加え後天的な嗜好対象オブジェクトを参照していると考えられる。近年では、メスの嗜好の後天的な学習を考慮に入れた性選択モデルの解析が頻繁に行われている [49][50][51][52]。

一般的に、嗜好には流行があると言われている。流行とは、社会に特定の思考などが浸透・普及していく過程を表し、時代ごとに異なる流行が発生する要因として、同調行動が挙げられる。同調行動により、集団に斉一性がもたらされ、多数派が形成される [98]。ただし、同調行動によって常に多数派が集団全てを占めるとは限らない。Latane らは、Dynamic Social Impact Theory を用いたシミュレーション実験によって、他者と同調する個体で構成された集団内においても少数派が存在可能であることを示した

[99][100]．さらに，現実社会においても多数派が社会を完全に統合することはなく，少数派が残存し多様性を保持するとし，実際の個人を対象にした実験でも同様の現象を確認した [101]．また，俵らは周囲個体と同調しながら配偶者選択を行うシミュレーションモデルを提案し，多数派同調が集団内の多数派の変遷を促進させることを示した [102]．

他方，Simmel は，「他者との同調（同調行動）」のみではなく，「他者からの差別化（非同調行動）」という排反欲求が拮抗することで流行が発生するとした [103]．非同調行動によって多様性を保持することが可能となり，同調行動により流行が発生すると考えられる．Fujii らは，これら同調行動と非同調行動のいずれかを集団内の個体に行わせたシミュレーション実験を行い，流行の発生には多くの非同調個体が必要であることを示した [104]．中井は，個体の行動戦略として，同調化欲求と差別化欲求という矛盾した欲求を導入したモデルを提案し，流行が周期的に発生する循環型流行の発現を確認した [105]．

前述のように，嗜好には流行があると考えられているが，動物の配偶者選択においては近年までオスの装飾を進化させる要因は時間を経ても常に一定である，すなわちメスの嗜好には流行がないと考えられていた．しかしながら，Chaine らの近年の研究によりメスの好むオスの装飾が時間毎に変化する生物が存在することが分かっている [106]．本章では，一部の生物に見られるメスの嗜好の流行現象が配偶者選択における嗜好ミームおよび同調性・非同調性の存在に関与していると考え，計算機シミュレーションにより検証する．

これまでに，先天的な身体的特徴を遺伝子で表現し，後天的な嗜好対象オブジェクトをミームで表現することで，遺伝子とミームをあわせもつ人工生命体（エージェント）の進化モデルを提案し [34][35]，性選択が存在する環境下での遺伝子とミームが及ぼす相互作用について解明してきた [107]．本章では，このエージェントモデルに，同調遺伝子を加えたモデルを提案し，エージェントの同調性・非同調性が配偶者選択における嗜好の遷移に与える影響について考察する．

4.2 エージェントモデル

4.2.1 エージェントの定義

文献 [107] では, Lerena のモデル [47] に対してミーム [33][34][35] の概念を加えることにより, 遺伝子とミームの双方を持つエージェントモデルを提案している. エージェント a_i は, 性別 sex_i , 年齢 age_i , 遺伝子 $gene_i$, ミームプール $meme\ pools_i$ で構成される.

$$a_i(sex_i, age_i, gene_i, meme\ pools_i). \quad (4.1)$$

ただし,

$$gene_i = (g_i^{trait}, g_i^{pref}), \quad (4.2)$$

$$meme\ pools_i = (m_i^{trait}, m_i^{pref}). \quad (4.3)$$

このように, このモデルでは, 遺伝子とミームプールは, それぞれ, 形質 (*trait*) と嗜好 (*pref*) で構成される. g_i^{trait} , m_i^{trait} はエージェントがオス ($sex_i = \text{male}$) の場合に表出される「形質」である. すなわち, g_i^{trait} は羽の色などを表現する先天的獲得形質であり, m_i^{trait} は, 産卵に適した巣などの後天的獲得形質である. これらの形質は, それぞれ, 形質遺伝子と形質ミームによって規定される. また, g_i^{pref} , m_i^{pref} はエージェントがメス ($sex_i = \text{female}$) の場合に表出される「嗜好」である. すなわち, g_i^{pref} は形質遺伝子を評価する嗜好遺伝子であり, m_i^{pref} は形質ミームを評価する嗜好ミームである. 本章では, ミームを形質ミームと嗜好ミームに大別することにより表現する.

以上をまとめると, 文献 [107] のエージェントモデルはつぎのように表現できる.

$$a_i(sex_i, age_i, (g_i^{trait}, g_i^{pref}), (m_i^{trait}, m_i^{pref})). \quad (4.4)$$

4.2.2 同調遺伝子

前節までのモデルに同調遺伝子 G^{tconf} , G^{pconf} およびエネルギー $energy_i$ の概念を加える.

図 4.1 に提案するエージェントモデルを示す. まず, 遺伝子 g_i^{trait} , g_i^{pref} を以下のよう

$$g_i^{trait} = (G_i^t, G_i^{tconf}), \quad (4.5)$$

$$g_i^{pref} = (G_i^p, G_i^{pconf}). \quad (4.6)$$

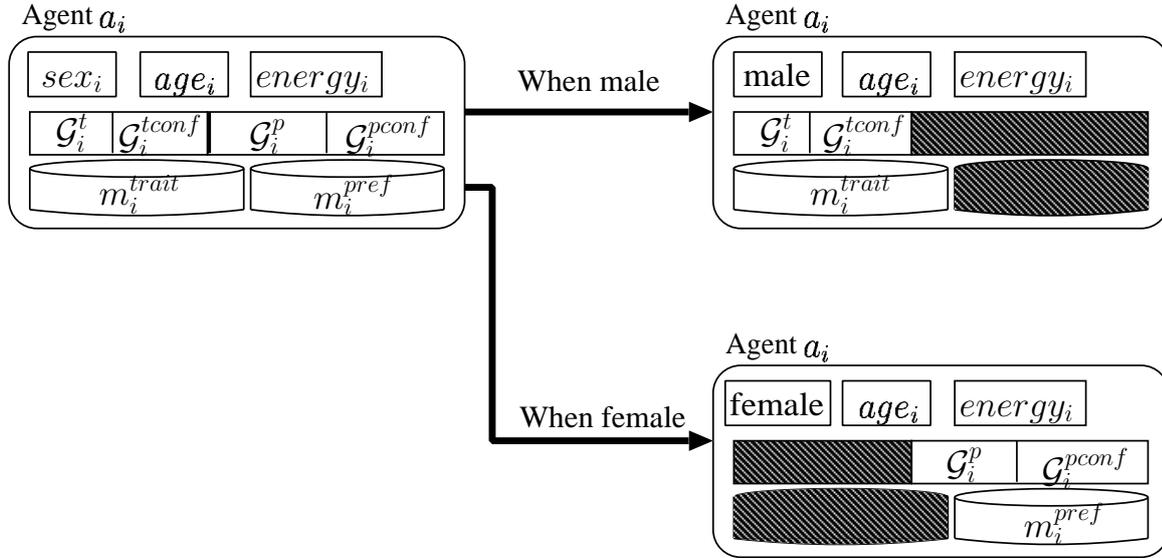


図 4.1: 提案エージェントモデル.

ここで、 G_i^{tconf} と G_i^{pconf} は、エージェント a_i が同調的であるかどうかを決定する遺伝要素（同調遺伝子）である。 G_i^{tconf} 、 G_i^{pconf} は1ビットとし、ビット情報が1の場合は同調エージェント、0の場合は非同調エージェントと定義する。 G_i^{tconf} 、 G_i^{pconf} の2つが同時に表出されることはない。

つぎに、 $energy_i$ をモデルに導入する。 $energy_i$ によってオスが行動する際のハンディを表現する。派手な形質を持つオスほど、外敵に見つかりやすくなるため行動に必要なコストは大きくなる。そこで本稿では、 $energy_i$ を形質的ハンディに伴い減少させることとする。以上より、エージェント a_i は、つぎのように定義される。

$$a_i(\text{sex}_i, \text{age}_i, \text{energy}_i, \text{gene}_i, \text{memepools}_i) = a_i(\text{sex}_i, \text{age}_i, \text{energy}_i, ((G_i^t, G_i^{tconf}), (G_i^p, G_i^{pconf})), (m_i^{\text{trait}}, m_i^{\text{pref}})). \quad (4.7)$$

本研究における「同調」は[103]の定義に基づいており、社会学習における「同調伝達」[108]とは区別する。

4.2.3 形質の派手さの定義

本研究では、形質を表すビット列に1が多い個体ほど派手な個体とする。ビット列に含まれる1の個数をカウントする関数 $cf()$ を用いて形質を表現する。すなわち、 $cf(\mathcal{G}_j^t)$ は形質 \mathcal{G}_j^t のビット列に含まれる1の個数を表す。本稿では、 $cf()$ を用いて行動に必要な $energy$ を決定する。

4.2.4 エージェントの行動

エージェント a_i は、自らが同調エージェントであるか、非同調エージェントであるかによって異なる行動をとる。行動は以下の順に行われ、1回の反復を1ステップとする。

- (1) 配偶者選択
- (2) 交配
- (3) 模倣行動/独創行動

エージェントの行動モデルの概略を図 4.2 に示す。まず、メスがオスの形質を参照することで配偶者選択 (*mate choice*) を行い、交配対象のオスを選択する。つぎに、選択されたオスは、メスと交配 (*mating*) する。その後、同調エージェントは模倣行動 (*imitation*) を、非同調エージェントは独創行動 (*creation*) を行う。1ステップ経過すると、エージェントは $1[age]$ 年齢をとり、 $L_m[age]$ 生存したオス、 $L_f[age]$ 生存したメスは集団から排除される。

以下に、各行動について説明する。

配偶者選択 (*mate choice*)

メス a_i は、集団から N 個体のオスをランダムに選び、その中から交配対象となるオス a_j を決定する。評価には、自らの嗜好 \mathcal{G}_i^p 、 m_i^{pref} および、評価対象となるオス a_j の形質 \mathcal{G}_j^t 、 m_j^{trait} を用いる。評価関数 $P_{i,j}$ を以下に示す。

$$P_{i,j} = w_1 H(\mathcal{G}_i^p, \mathcal{G}_j^t) + w_2 H(m_i^{pref}, m_j^{trait}). \quad (4.8)$$

ただし、 $H(A, B)$ は2つのビット列 A, B のハミング距離を求める関数、 w_1, w_2 は荷重パラメータである。メス a_i の嗜好とオス a_j の形質が近づくほど、ハミング距離は短

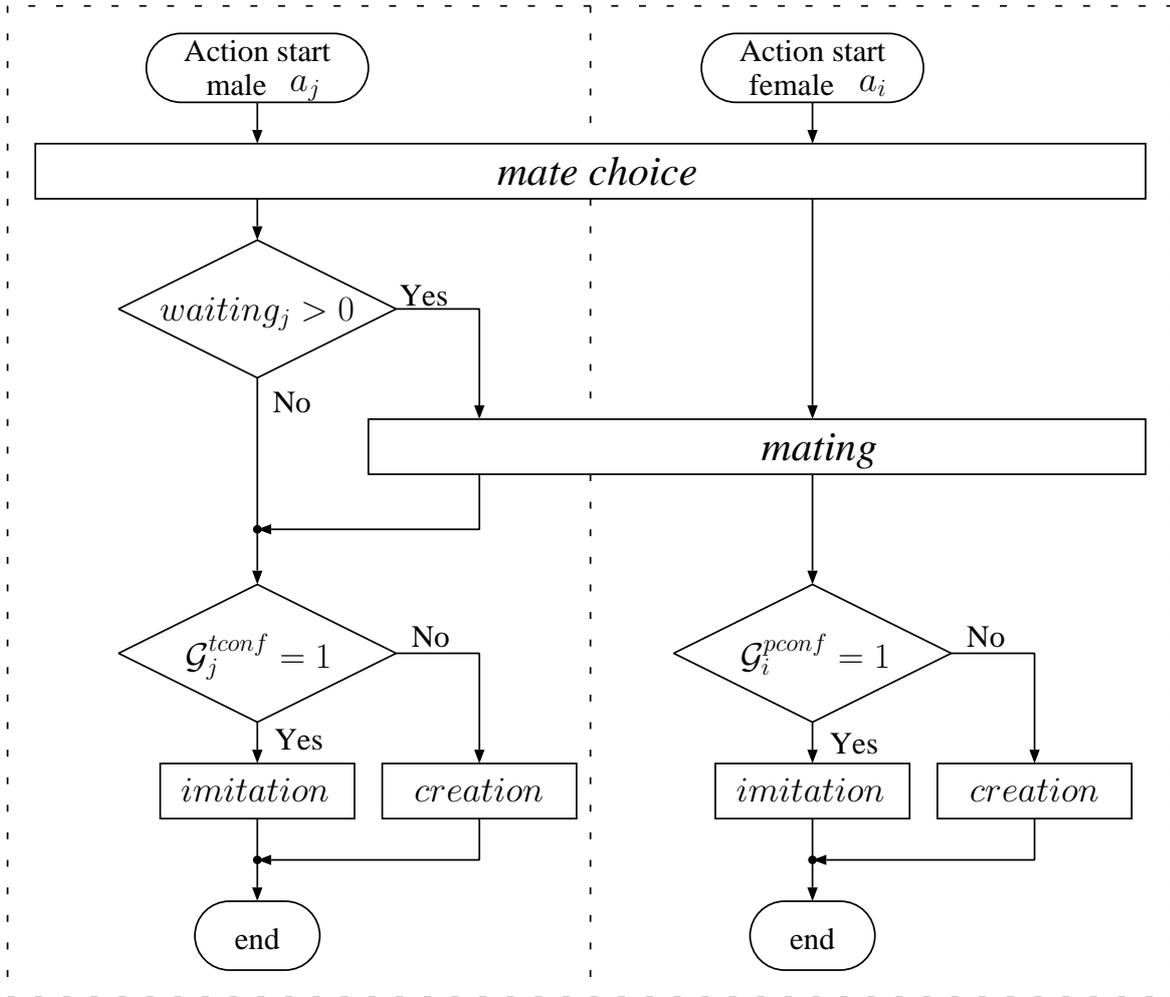


図 4.2: エージェントの行動モデル.

くなる．そこで，メス a_i は， $P_{i,j}$ が最小となるオス a_j を選択することとする．配偶者選択後，メス a_i は，選択したオス a_j の交配のための待ち行列 $waiting_j$ に加えられる．

交配 (*mating*)

メス a_i は，オス a_j を選択した後，交配により子個体 a_l を生成する．子個体 a_l は以下のように定義される．

$$a_l(\text{sex}_l, 0, \text{energy}_{DV}, (g_l^{\text{trait}}, g_l^{\text{pref}}), (m_{DV}^{\text{trait}}, m_{DV}^{\text{pref}})). \quad (4.9)$$

ただし，

$$(g_l^{\text{trait}}, g_l^{\text{pref}}) = (\text{mut}(\text{cr}(g_i^{\text{trait}}, g_j^{\text{trait}})), \text{mut}(\text{cr}(g_i^{\text{pref}}, g_j^{\text{pref}}))). \quad (4.10)$$

子個体 a_l の性別 sex_l はランダムに決定される．年齢 age_l は 0 とする． $energy_l$ にはエネルギーの初期値 $energy_{DV}$ を与える．遺伝子 $(g_l^{trait}, g_l^{pref})$ は，式 (4.10) の遺伝的操作によって決定される．ここで， $mut(A)$ はビット列 A の各ビットを確率 γ で反転させる突然変異関数であり， $cr(A, B)$ は 2 つのビット列 A, B の各ビットをランダムに選択する交配関数である．ミーム $(m_l^{trait}, m_l^{pref})$ は親個体からは遺伝せず，初期値 $(m_{DV}^{trait}, m_{DV}^{pref})$ を与える．

また，オス a_j が交配するために必要なエネルギー C_j^{crs} は，以下のように定義される．

$$C_j^{crs} = \alpha^{crs}(cf(\mathcal{G}_j^t) + cf(m_j^{trait})) + 1. \quad (4.11)$$

派手な形質であるほど交配には大きなコストがかかるので，派手な形質は子個体を生成するにあたって不利に働くことになる．

メス a_i は 1 ステップ中 1 回に交配が制限されているがオス a_j には交配の時間的制限がないため，エネルギーが 0 以上であれば待ち行列 $waiting_j$ 中のメスと， $P_{i,j}$ の値の小さな順に繰り返し交配する．生物においては交配にかかるコストはオスとメスで差があるのが一般的であるが，本モデルでは同調遺伝子の効果を分かりやすくするため同コストとして単純化した．よって，1 回の交配でメスも同様にエネルギーが減少する．

模倣行動 (*imitation*)

模倣行動とは，同調エージェント a_i (オスの場合 $\mathcal{G}_i^{tconf} = 1$ ，メスの場合 $\mathcal{G}_i^{pconf} = 1$) がオス a_k のミーム m_k^{trait} を真似る行動である．図 4.3 に模倣の方法について示す．模倣対象は，集団から M 個体のオスをランダムに選び，その中で最も交配回数の多いオスとする．すなわち，メスから多く選ばれている後天的獲得形質を参照することで，オス a_i は自らのミーム m_i^{trait} を修正し，メスは嗜好 m_i^{pref} を修正する．

a_i が模倣対象 a_k のミームを 1 ビット模倣するために必要なエネルギー C_i^{imt} は，以下の式で決定される．

$$C_i^{imt} = \begin{cases} \alpha^{imt}(cf(\mathcal{G}_i^t) + cf(m_i^{trait})) + 1 & (if \text{ } sex_i = \text{male}) \\ \alpha^{imt}(cf(\mathcal{G}_i^p) + cf(m_i^{pref})) + 1 & (if \text{ } sex_i = \text{female}) \end{cases}. \quad (4.12)$$

模倣されるビットはランダムに決定され，エネルギーが 0 以上であれば，模倣行動は繰り返し行われる． C_i^{imt} は，エージェント a_i が派手であるほど大きなコストを要求するため，派手であるほど模倣できるビット数は少なくなる．

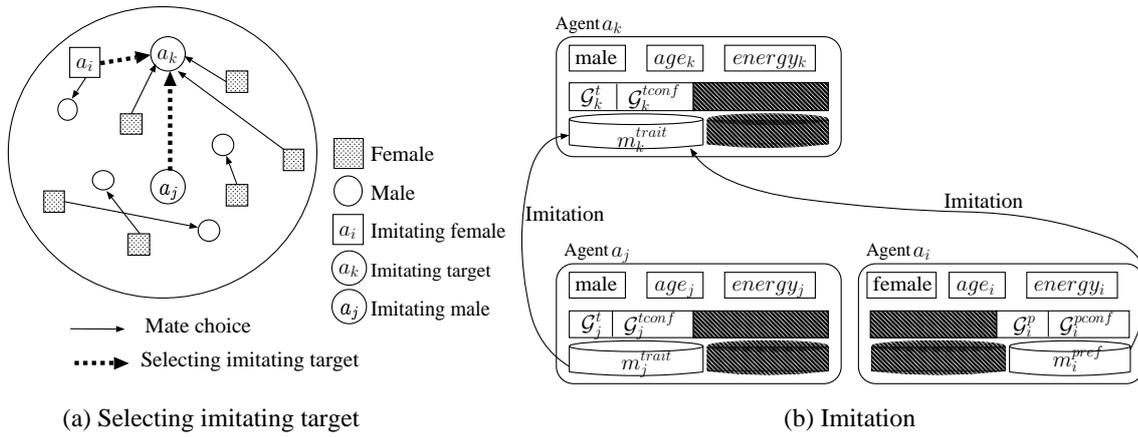


図 4.3: 模倣対象となるオス a_k の選定 (a) とオス a_j およびメス a_i の模倣行動 (b) .

独創行動 (creation)

独創行動とは，自らのミームを自由に変化させる行動であり，非同調エージェント a_i (オスの場合 $\mathcal{G}_i^{tconf} = 0$, メスの場合 $\mathcal{G}_i^{pconf} = 0$) がとる行動である．1回の独創行動によって，ミーム中の1ビットがランダムに選択され反転する．したがって，独創行動はエージェントにとって有利に働く場合と不利に働く場合がある．

a_i がミームを1ビット変化させるために必要なエネルギー C_i^{crt} は，以下の式で決定される．

$$C_i^{crt} = \begin{cases} \alpha^{crt}(cf(\mathcal{G}_i^t) + cf(m_i^{trait})) + 1 & (if\ sex_i = male) \\ \alpha^{crt}(cf(\mathcal{G}_i^p) + cf(m_i^{pref})) + 1 & (if\ sex_i = female) \end{cases} \quad (4.13)$$

エネルギーが0以上であれば，独創行動は繰り返し行われる．したがって，模倣行動と同様にエージェント a_i が派手であるほど独創できるビット数が少なくなる．

4.3 実験

4.3.1 実験環境

オスエージェントとメスエージェントがそれぞれ複数存在する環境の中で配偶者選択を行い世代交代を繰り返す実験を前章にて提案したモデルを用いて行う．エージェントの生存ステップを $L_m = L_f = 5[age]$, 初期個体数を500とした． \mathcal{G}^t , \mathcal{G}^p , m^{trait} , m^{pref} のサイズは，それぞれ10ビットとした． g^{trait} , g^{pref} の初期値はランダムに決定し，

表 4.1: 実験の組合せと結果 .

実験	オス	メス	平均転換数*
(1)	同調/非同調	同調/非同調	5.35 ± 2.29
(2)	同調のみ	同調/非同調	5.25 ± 2.23
(3)	非同調のみ	同調/非同調	2.55 ± 1.60
(4)	同調/非同調	同調のみ	0.00 ± 0.00
(5)	同調のみ	同調のみ	0.00 ± 0.00
(6)	非同調のみ	同調のみ	0.00 ± 0.00
(7)	同調/非同調	非同調のみ	1.70 ± 1.85
(8)	同調のみ	非同調のみ	1.75 ± 1.34
(9)	非同調のみ	非同調のみ	1.25 ± 1.09

(*20 回実験の平均値 \pm 標準偏差)

m^{trait} , m^{pref} の初期値は中央値である $cf(m_{DV}^{trait}) = cf(m_{DV}^{pref}) = 5$ となるようにした . 配偶者選択時および模倣時の参照集団数は $N = M = 40$ 個体とした . $energy_{DV} = 100$ とし , 1 ステップ終了と共に 100 加算されるものとした . その他の各パラメータは , $\alpha^{crs} = 3.5$, $\alpha^{imt} = 2.0$, $\alpha^{crt} = 4.0$, $w_1 = w_2 = 0.5$, $\gamma = 0.005$ とした .

同調・非同調エージェントの有無によってメスエージェントの嗜好の遷移にどのような影響があるかを調べるために , 同調・非同調エージェントの組から考えられる組合せについて実験を行う . 本実験では , $cf(G^p) + cf(m^{pref}) > 10$ であるエージェントを派手嗜好 , そうでないエージェントを地味嗜好とし , ステップ毎に派手嗜好と地味嗜好を持つメスエージェントの生存割合を調べた .

4.3.2 実験結果

表 4.1 に各 20 回行った実験の組合せと結果を示す . 実験では , エージェントの半数以上を占める嗜好を多数派 , それ以外を少数派としたときの多数派と少数派の入れ替わりに着目した . 具体的には , ある嗜好が多数派 , 少数派となる状態が 500 ステップ以上継続したときをそれぞれ普及期 , 沈黙期としたときの , 普及期と沈黙期の転換数を調べた . 実験の結果 , メスの非同調エージェントの存在している実験 (1)(2)(3)(7)(8)(9) において普及期と沈黙期の転換が起きた . また , メスに同調・非同調エージェントが共存している実験 (1)(2)(3) においてさらに転換数は多く , 特にオスに同調エージェントが存在する実験 (1)(2) において頻繁に転換を確認した .

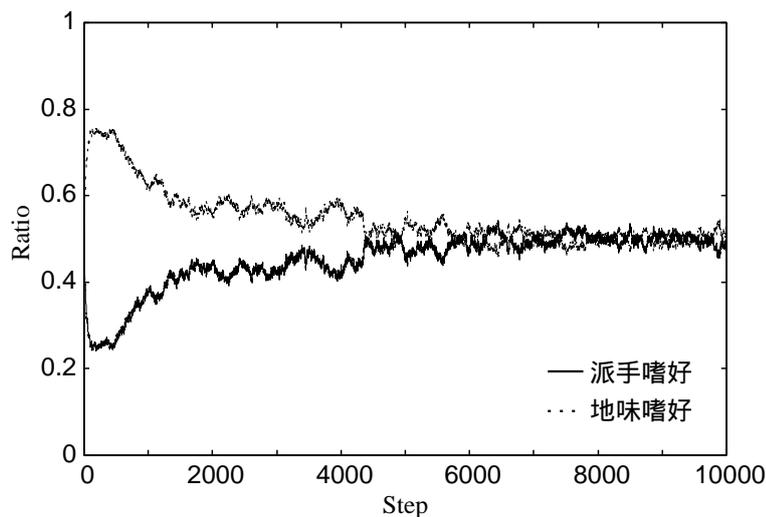


図 4.4: 実験 (1) における嗜好別メスエージェント平均生存割合 .

図 4.4, 図 4.5, 図 4.6 に, 実験 (1), 実験 (3), 実験 (4) のメスの嗜好の推移の平均値をそれぞれ示す. 横軸はステップ, 実線は派手嗜好 ($cf(\mathcal{G}^p) + cf(m^{pref}) > 10$), 破線は地味嗜好 ($cf(\mathcal{G}^p) + cf(m^{pref}) \leq 10$) のメスエージェントの生存割合を示している. 実験 (1) においては 2 つの嗜好が均衡する様子が見られ, 実験 (2) においても同様の結果となった. 一方で, 実験 (3) においては地味嗜好が全体の約 6 割を占める状態に安定し, 実験 (7)(8)(9) においても同様の結果となった. 実験 (4) においては地味嗜好が常に全体の約 8 割を占め, 実験 (5)(6) も同様の結果となった. 図 4.7 に実験 (1) においてよく見られたメスの嗜好の遷移の一例を示す. 2 つの異なる嗜好が多数派と少数派を繰り返す様子が確認できる.

4.3.3 考察

実験の結果より, メスに同調・非同調エージェントが共存し, オスに同調エージェントが存在する場合に, 2 つの異なる嗜好が交互に多数派と少数派を繰り返す様子が頻繁に確認できた. この様子は, 池内が定義している「循環型流行」(ほぼ同一の様式がある程度周期的に普及と沈黙を繰り返す現象)[109]の様子に近似している.

提案モデルにおいて循環型流行現象が発現する過程として, まず, 子孫を残すのに不利な派手嗜好を持つエージェントが増加するのは, 1) 非同調のメスが独創行動することで派手嗜好が発生する, 2) 非同調のメスが派手なオスを配偶者選択し, さらに,

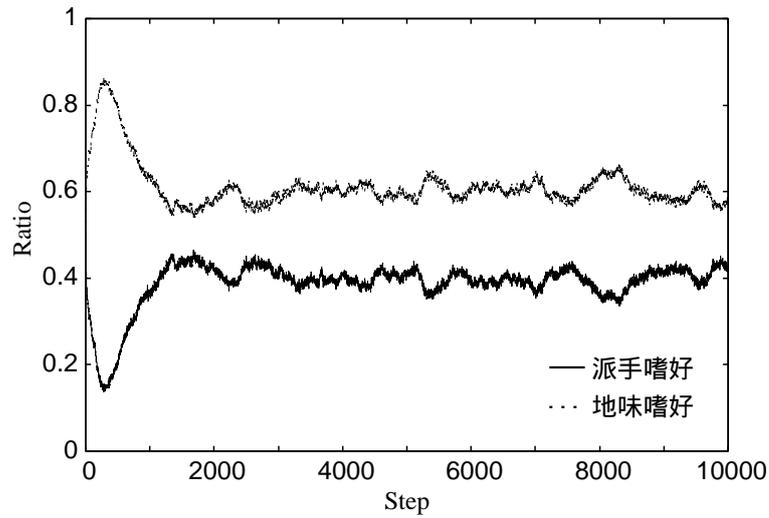


図 4.5: 実験 (3) における嗜好別メスエージェント平均生存割合 .

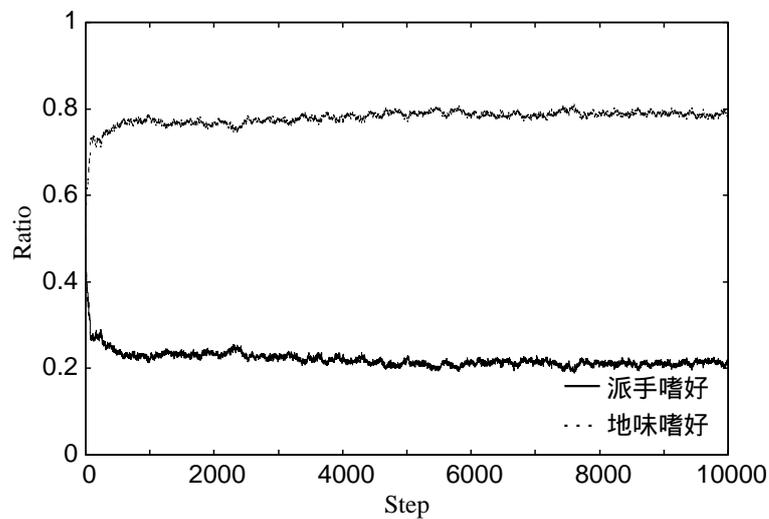


図 4.6: 実験 (4) における嗜好別メスエージェント平均生存割合 .

3) 同調のメスが派手嗜好を模倣する，作用が働くことによる．

また，多数派を占めた派手嗜好のエージェントが再び減少し少数派となるのは，1) 非同調のメスが独創行動することで地味嗜好が発生する，2) 派手になるほど子孫を残すのが不利になるために派手嗜好の増加メカニズムが働かなくなる，理由による．

以上のことから，提案モデルでは少数派の発生の引き金となる非同調のメスと少数派の増加を促す同調のメスが共存している環境において循環型流行現象が発現しやすい

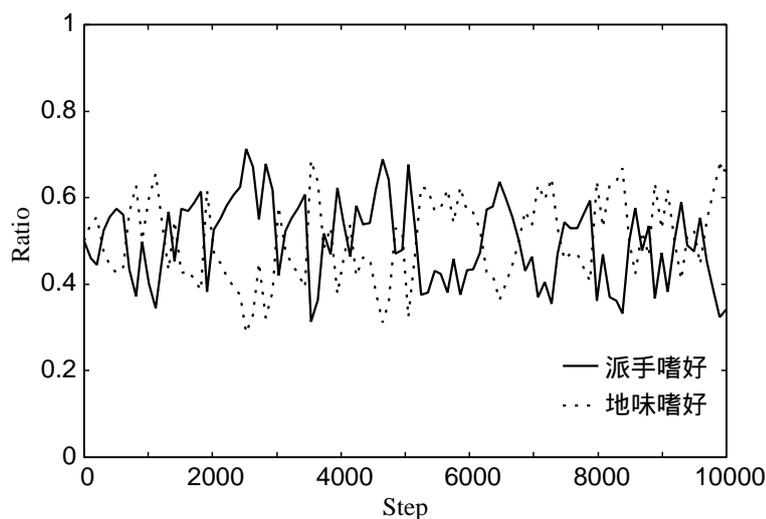


図 4.7: 実験 (1) における嗜好別メスエージェント生存割合* .
(*結果は3次スプラインでスムージングしてある.)

いものと考えられ、実験結果の一部と整合する。同じく同調のメスと非同調のメスが共存している実験 (3) については、オスが非同調エージェントのみのため、非同調のメスによる嗜好の変化のダイナミズムを追従できないため、結果的に循環型流行現象が頻繁に見られなかったと思われる。

つぎに、実験 (1) における嗜好の遷移を遺伝子とミームに分けて詳細を考察する。図 4.8, 図 4.9 にメスの嗜好遺伝子、嗜好ミームの遷移を示す。グラフは、それぞれ $cf(G^p) > 5$, $cf(m^{pref}) > 5$ であるエージェントを派手嗜好、そうでないエージェントを地味嗜好としたときの、ステップ毎の派手嗜好と地味嗜好を持つメスエージェントの生存割合である。図 4.8 より嗜好遺伝子は地味な形質を持つオスを好む傾向へと進化していることが見てとれる。これは、地味なオスは派手なオスに比べて交配にかかる消費エネルギーが少ないために多くのメスと交配できるためだと考えられる。さらに、実験開始直後には、地味なオスが急増したために派手嗜好のメスが交配しにくくなり、その数は急速に減少している。他方、嗜好ミームは、図 4.9 が示すように派手を好む傾向を示すものの値に変動がある。これは、地味嗜好を持つメスは派手嗜好を持つメスに比べて模倣行動にかかる消費エネルギーが少ないために模倣行動を起こしやすくなり結果的に派手嗜好のミームが増加するが、非同調エージェントの独創行動によりその値は安定しないためだと考えられる。

図 4.10 に実験 (1) における非同調エージェント数の遷移を示す。メスの非同調エー

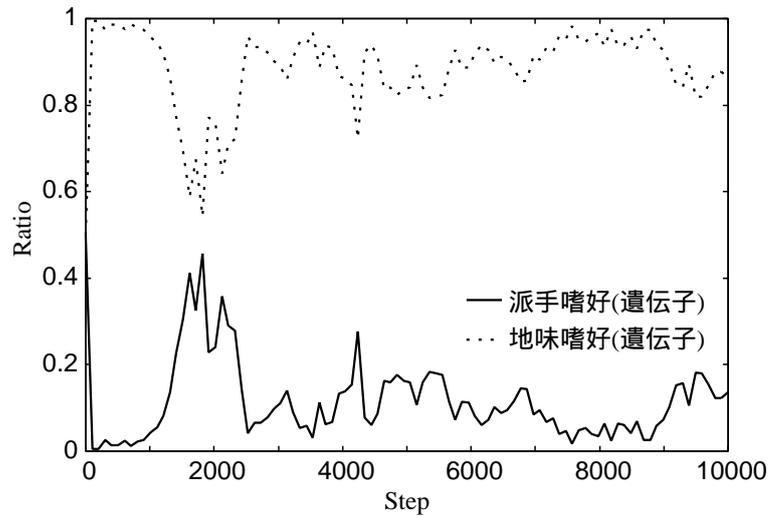


図 4.8: 実験 (1) におけるメスエージェント嗜好遺伝子生存割合*。
(*結果は 3 次スプラインでスムージングしてある。)

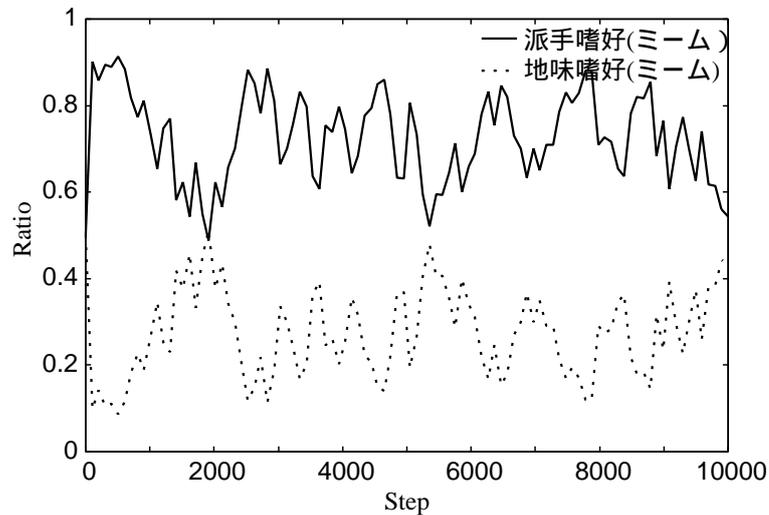


図 4.9: 実験 (1) におけるメスエージェント嗜好ミーム生存割合*。
(*結果は 3 次スプラインでスムージングしてある。)

ジェントは、常に全体の 10% から 50% 存在し、少なからずメスの嗜好の変化に影響をもたらすと考える。オスの非同調エージェントは配偶者選択の権利がないためにメスの非同調エージェントより生存割合が少ないが、これらのオスの非同調エージェントが存在することでメスの非同調エージェントによってもたらされた嗜好の変化に柔軟に対応できると考えられる。なお、世代交代時に性別がランダムに決定されるにも関

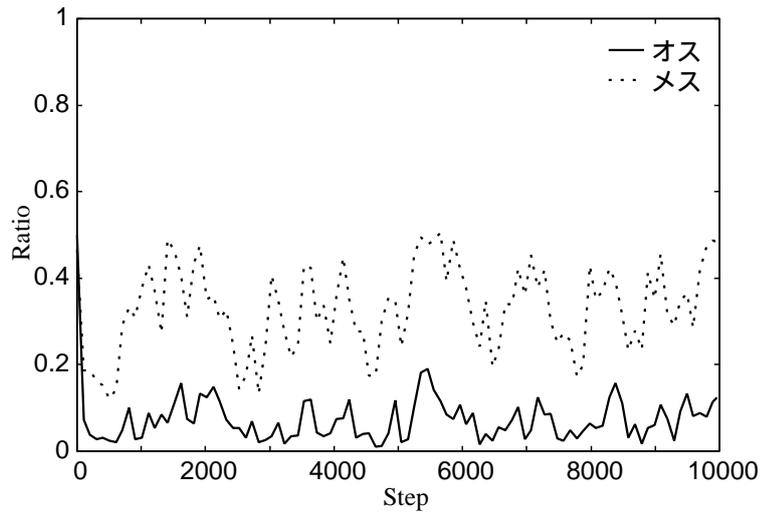


図 4.10: 実験 (1) における非同調エージェント生存割合*。
(*結果は3次スプラインでスムージングしてある。)

ならず継続してこのような性差が生じるのは、性別によって表出されない同調遺伝子 (4.2.2 節にて定義) が存在しているためだと考えられるが、詳細については別紙にて述べたい。また、メスの同調エージェント同士は嗜好が近似するが、交配対象集団がエージェントによって異なりさらにオスには交配の時間的制限がないため、メスの同調エージェントが競争にさらされることは少なく、その数は減少しない。

図 4.11, 図 4.12 に実験 (1), (2) のときのメスの嗜好 ($cf(G^p) + cf(m^{pref})$) およびオスの形質 ($cf(G^t) + cf(m^{trait})$) の 20 回実験の平均値の推移をそれぞれ示す。オスが同調エージェントのみの実験 (2) ではメスの嗜好とオスの形質の平均値に差が生じているが、実験 (1) ではオスの非同調エージェントが存在することによって、オスの集団は、より正確にメスの嗜好に沿った形質を獲得できていることが見てとれる。

最後に、普及期と沈黙期の転換が全く起きなかった実験 (4)(5)(6) について詳細を考察する。表 4.2 に、各実験の組合せと 20 回の実験中多数派に安定した嗜好の内訳を示す。実験 (6) においては全て地味嗜好に安定したが、実験 (4)(5) では一部の実験において派手嗜好に安定した様子が見られた。派手な嗜好や形質は不利に働く本モデルでは、地味嗜好に安定しやすいことが予想されるにもかかわらずメスが同調エージェントのみでオスに同調エージェントが存在する実験 (4)(5) において派手嗜好が多数派に安定した結果が一部に見られた。この原因として、ランダムに設定される初期値によ

初期収束時を除き、交配できないメスの割合は各ステップ平均 1.5 % 程度。

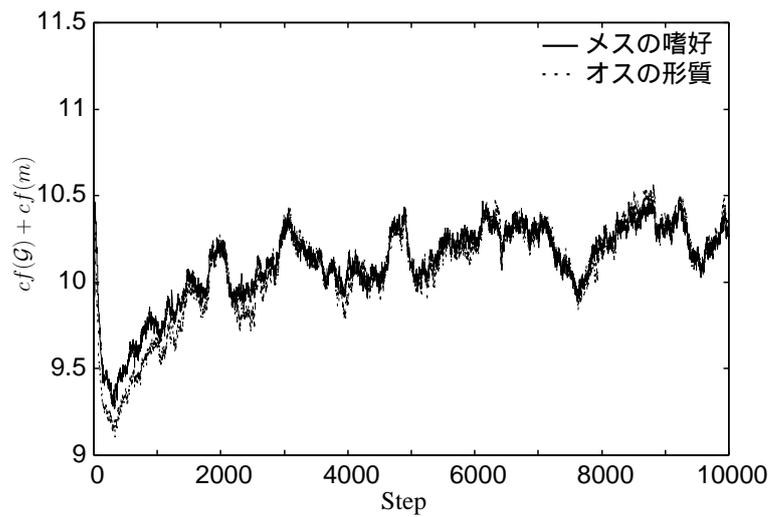


図 4.11: 実験 (1) におけるメスの嗜好およびオスの形質の平均値 .

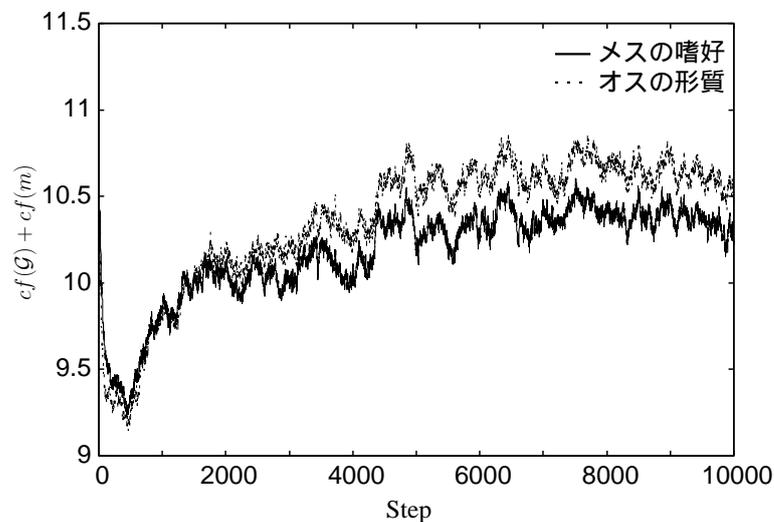


図 4.12: 実験 (2) におけるメスの嗜好およびオスの形質の平均値 .

り発生した派手嗜好または派手形質が同調エージェントに多く模倣されることで派手嗜好が増加し、メスが同調エージェントのみであるために多数派に安定したものと考えられる。初期値によっては派手嗜好が流行し得る様子は性選択の多くの基礎的モデル [44] において述べられている結果に整合するが、遺伝子に加えミームと同調遺伝子を加えた本モデルにおいて同結果が得られたことは、生存に不利と考えられる派手な形質が発達する現象に対する議論への一つの解釈を提供するものとする。これらに

表 4.2: 多数派に安定した嗜好の内訳 .

実験	オス	メス	派手/地味嗜好*
(4)	同調/非同調	同調のみ	4/16
(5)	同調のみ	同調のみ	2/18
(6)	非同調のみ	同調のみ	0/20

(*20回実験中の多数派に安定した派手/地味嗜好の実験数.)

については詳細な分析を含め別紙において論述したい .

4.4 おわりに

本章では、遺伝子とミームを持つ性選択モデルに、同調遺伝子を導入したモデルを新たに提案した . エージェントの持つ遺伝子とミームはそれぞれ配偶者選択の決定要素となる形質と嗜好で構成され、同調行動として模倣行動を、非同調行動として独創行動を行うことでミームを書き換えることとした . 提案モデルを用いて実験を行った結果、同調・非同調エージェントのメスと、同調エージェントのオスが共存することで、配偶者選択における嗜好の循環型流行に似た現象の発現を多く確認した .

本章では、このような現象が見られる過程として、非同調のメスの独創行動による少数派の嗜好の発生が引き金となり、同調のメスによる模倣行動によって少数派が多数派に入れ替わる作用によるものと説明したが、本モデルにおける非同調個体の独創行動や配偶者選択時および模倣時の参照集団選定はランダム性を有するため循環型流行現象が必ずしも安定的には観察できない . しかしながら、そもそも一般的に流行の変化とは不安定であるため、本モデルにおいても循環型流行現象の発現にランダム要素が関わることについては問題ないと考える .

一方で、配偶者選択においてメスの嗜好に流行を持つ生物の事例研究は極めて少なくモデルの検証には大きな困難が予想される . このために、実世界における性選択を含めた様々な流行現象についての実データを収集していくことが望まれる . また、実世界における性選択は本モデルのようにシンプルではなく、繁殖におけるオスとメスの役割の非対称性をはじめ様々な要因が考えられる . 本章で得られた知見を元にさらに実世界に即したモデルへと拡張する必要がある .

第5章

同調・差別化欲求を持つエージェントモデルによる多種循環型流行の発現

本章では、動物の配偶者選択におけるメスの嗜好の流行現象がメスとオスの同調・差別化欲求の存在に関与していると考え、これらの欲求の強さを先天的な遺伝子として表現したエージェントモデルを提案し、計算機シミュレーションによりその挙動を観察する。実験の結果、オスを好むメスの嗜好に2種類の循環型流行の発現を確認した。また、同調・差別化欲求の存在がこれらの流行現象に与える影響について考察した。

5.1 はじめに

流行とは社会に特定の思考などが浸透・普及していく過程を表し、時代ごとに異なる流行が発生する要因として、同調化欲求と差別化欲求という相反する欲求の存在が挙げられる [110]。動物の世界においても、模倣、群れ、あるいは縄張り、単独行動など、同調化欲求や差別化欲求の存在を示唆する振舞いが多く観察されている。

一般的に、嗜好には流行があると考えられている。動物の配偶者選択においては近年までオスの装飾を進化させる要因は時間を経ても常に一定である、すなわちメスの嗜好には流行がないと考えられていたが、Chaineらの研究によりメスの好むオスの装飾が年毎に変化するカタジロクロシトドという鳥が存在することが分かった [106]。しかしながら、その理由は明らかになっていない。我々は、このような一部の鳥に見られるメスの嗜好の流行現象が配偶者選択における同調・差別化欲求の存在に関与していると考え、計算機シミュレーションにより検証する。

同調行動とは周囲と似た行動をとることであり、同調行動により集団に斉一性がもたらされ、多数派が形成される [98]。ただし、同調行動によって常に多数派が集団全

てを占めるとは限らない。Simmel は、「他者との同調（同調行動）」のみではなく、「他者からの差別（非同調行動）」という排反欲求が拮抗することで流行が発生するとした [103]。非同調行動によって多様性を保持することが可能となり、同調行動により流行が発生すると考えられる。Fujii らは、これら同調行動と非同調行動のいずれかを集団内の個体に行わせたシミュレーション実験を行い、流行の発生には多くの非同調個体が必要であることを示した [104]。

石井は、同調化欲求と差別化欲求を各個人に設定することで個体の行動戦略を記述した [111]。中井は、各個人に設定された行動戦略を、同調化欲求と差別化欲求に基づく評価値（満足度）が高い周囲個体より模倣することで後天的に変更させるモデルを提案し、流行が周期的に発生する循環型流行現象の発現を確認したが、各個人の価値観にあたる満足度関数の画一化による不自然性を問題点として挙げている [105][112]。本章では、これら2つの欲求の強さを個々により異なる価値観として遺伝子表現し、その結果として同調化欲求と差別化欲求に基づく行動戦略が世代交代により進化するモデルを提案する。

依らは周囲個体と同調しながら配偶者選択を行うシミュレーションモデルを提案し、多数派同調が集団内の多数派の変遷を促進させることを示した [102]。本研究ではこれまでに、先天的な身体的特徴を遺伝子で表現し、後天的な嗜好対象オブジェクトをミームで表現することで、遺伝子とミームをあわせもつ人工生命体（エージェント）の進化モデルを提案し [34][107]、同調遺伝子を加えた配偶者選択モデルにおいて、エージェントの同調性・非同調性が配偶者選択における嗜好の遷移に与える影響について考察してきた [113][114]。本章では、このモデルに対し各エージェントに異なる価値観として同調化欲求および差別化欲求の強さを表す遺伝子を加えたモデルを提案する。これにより、同調化欲求および差別化欲求を併せ持つエージェントの配偶者選択における挙動を計算機上にて観察することが可能となり、エージェントが世代交代により環境に適応することで進化し流行現象が発現する様子を考察する。

5.2 エージェントモデル

5.2.1 エージェントの定義

Lerena の性選択モデル [47] にミーム [34][33] の概念を加えたエージェントモデルが提案されている [107]。エージェント a_i は、性別 sex_i 、年齢 age_i 、エネルギー $energy_i$ 、

遺伝子 $gene_i$, ミームプール $meme\ pools_i$ で構成される .

$$a_i(sex_i, age_i, energy_i, gene_i, meme\ pools_i). \quad (5.1)$$

ただし ,

$$gene_i = (g_i^{trait}, g_i^{pref}), \quad (5.2)$$

$$meme\ pools_i = (m_i^{trait}, m_i^{pref}). \quad (5.3)$$

このように , このモデルでは , 遺伝子とミームプールは , それぞれ , 形質 ($trait$) と嗜好 ($pref$) で構成される . g_i^{trait} , m_i^{trait} はエージェントがオス ($sex_i = male$) の場合に表出される「形質」である . すなわち , g_i^{trait} は羽の色などを表現する先天的獲得形質であり , m_i^{trait} は , 産卵に適した巣などの後天的獲得形質である . これらの形質は , それぞれ , ビット列で表された形質遺伝子と形質ミームによって規定される . また , g_i^{pref} , m_i^{pref} はエージェントがメス ($sex_i = female$) の場合に表出される「嗜好」である . すなわち , g_i^{pref} は形質遺伝子を評価する嗜好遺伝子であり , m_i^{pref} は形質ミームを評価する嗜好ミームである .

5.2.2 同調化欲求遺伝子

以上のモデルに同調性・非同調性の概念を加えた前章のモデル [114] では , 遺伝子 g_i^{trait} , g_i^{pref} を以下のように定義した .

$$g_i^{trait} = (\mathcal{G}_i^t, \mathcal{G}_i^{tconf}), \quad (5.4)$$

$$g_i^{pref} = (\mathcal{G}_i^p, \mathcal{G}_i^{pconf}). \quad (5.5)$$

ここで , \mathcal{G}_i^t は形質遺伝子を表し , \mathcal{G}_i^p は嗜好遺伝子を表す . \mathcal{G}_i^{tconf} および \mathcal{G}_i^{pconf} は , エージェント a_i が同調的であるかどうかを決定する遺伝要素 (同調遺伝子) であり , 各エージェントは同調遺伝子により同調エージェントもしくは非同調エージェントに決定された .

しかしながら , このモデルにはエージェントが生まれながらにして同調か非同調のどちらかに決定される不自然な点が存在した . 本稿では式 (5.4) , 式 (5.5) を以下の式へ変更することで同調化欲求と差別化欲求を併せ持つエージェントを定義する [115] .

$$g_i^{trait} = (\mathcal{G}_i^t, \mathcal{G}_i^{tclv}), \quad (5.6)$$

$$g_i^{pref} = (\mathcal{G}_i^p, \mathcal{G}_i^{pclv}). \quad (5.7)$$

エージェント a_i の同調化欲求遺伝子 \mathcal{G}_i^{tclv} , \mathcal{G}_i^{pclv} は 0 から 1 の実数値をとり, 0 に近いほど差別化欲求が強く, 1 に近いほど同調化欲求が強いエージェントと定義する. 以上をまとめると, 提案するエージェントモデルは式 (5.1) (5.2) (5.3) (5.6) (5.7) を用いてつぎのように表現できる.

$$a_i(\text{sex}_i, \text{age}_i, \text{energy}_i, \text{gene}_i, \text{memepools}_i) = a_i(\text{sex}_i, \text{age}_i, \text{energy}_i, ((\mathcal{G}_i^t, \mathcal{G}_i^{tclv}), (\mathcal{G}_i^p, \mathcal{G}_i^{pclv})), (m_i^{\text{trait}}, m_i^{\text{pref}})). \quad (5.8)$$

本稿では, 式 (5.8) を用いてエージェントを表現することで, 個々のエージェントの持つ同調化欲求および差別化欲求の強さを先天的な遺伝子として表現した.

5.2.3 形質の派手さの定義

本研究では, 形質を表すビット列に含まれる 1 の個数をカウントする関数 $cf()$ を用いて形質を表現する. すなわち, $cf(\mathcal{G}_j^t)$ は形質 \mathcal{G}_j^t のビット列に含まれる 1 の個数を表す. なお, 1 の個数が全ビット長の半数を越えるときを形質 a (派手), 半数以下のときを形質 b (地味) と呼ぶ. 本稿では, $cf()$ を用いて行動に必要なエネルギーを決定する. 派手な形質を持つエージェントほど, 外敵に見つかりやすくなるため行動に必要なエネルギーは大きくなる.

5.2.4 エージェントの行動

エージェントの行動は以下の順に行われる.

- (1) 配偶者選択
- (2) 交配
- (3) 学習行動決定
- (4) 学習行動 (同調化行動 / 差別化行動)

エージェントの行動モデルの概略を図 5.1 に示す. まず, メスがオスの形質を参照することで配偶者選択を行い, 交配対象のオスを選択する. 選択されたオスはメスと交配する. つぎに, エージェントは学習行動として同調化行動または差別化行動のいずれかを決定し, 実行する. 学習行動とは, ミームを後天的に書き換える操作である. 1 ステップ内に以上の 4 つの行動を行うものとする. 1 ステップ経過するとエージェントは

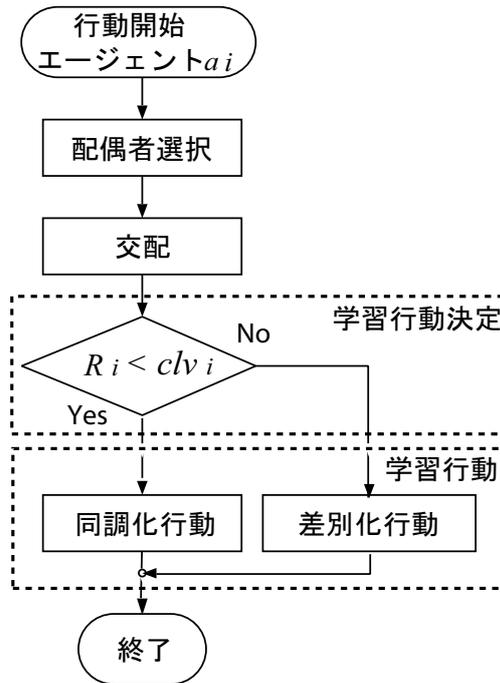


図 5.1: エージェントの 1 ステップの行動モデル .

1[age] 年齢をとり, $L_m[age]$ 生存したオスと $L_f[age]$ 生存したメスは集団から排除される . エージェントの持つエネルギーは各行動により消費されるが 1 ステップ経過後に回復される . 以下に, 各行動について説明する .

配偶者選択

メス a_i は, 集団から L 個体のオスをランダムに選び, その中から交配対象となるオス a_j を決定する . 評価には, 自らの嗜好 G_i^p , m_i^{pref} および, 評価対象となるオス a_j の形質 G_j^t , m_j^{trait} を用いる . 評価関数 $P_{i,j}$ を以下に示す .

$$P_{i,j} = w_1 H(G_i^p, G_j^t) + w_2 H(m_i^{pref}, m_j^{trait}). \quad (5.9)$$

ただし, $H(A, B)$ は 2 つのビット列 A, B のハミング距離を求める関数, w_1, w_2 は荷重パラメータである . メス a_i の嗜好とオス a_j の形質が近づくほど, ハミング距離は短くなる . そこで, メス a_i は, $P_{i,j}$ が最小となるオス a_j を選択することとする . 配偶者選択後, メス a_i は, 選択したオス a_j の交配のための待ち行列 $waiting_j$ に加えられる .

交配

メス a_i は、オス a_j を選択した後、交配により子個体 a_l を生成する。子個体 a_l は以下のように定義される。

$$a_l(\text{sex}_l, 0, \text{energy}_{DV}, ((\mathcal{G}_l^t, \mathcal{G}_l^{\text{tclv}}), (\mathcal{G}_l^p, \mathcal{G}_l^{\text{pclv}})), (m_{DV}^{\text{trait}}, m_{DV}^{\text{pref}})). \quad (5.10)$$

ただし、

$$(\mathcal{G}_l^t, \mathcal{G}_l^{\text{tclv}}) = (\text{mutb}(\text{crb}(\mathcal{G}_i^t, \mathcal{G}_j^t)), \text{mutr}(\text{crr}(\mathcal{G}_i^{\text{tclv}}, \mathcal{G}_j^{\text{tclv}}))). \quad (5.11)$$

$$(\mathcal{G}_l^p, \mathcal{G}_l^{\text{pclv}}) = (\text{mutb}(\text{crb}(\mathcal{G}_i^p, \mathcal{G}_j^p)), \text{mutr}(\text{crr}(\mathcal{G}_i^{\text{pclv}}, \mathcal{G}_j^{\text{pclv}}))). \quad (5.12)$$

子個体 a_l の性別 sex_l はランダムに決定される。年齢 age_l は0とする。 energy_l にはエネルギーの初期値 energy_{DV} を与える。遺伝子 $(g_l^{\text{trait}}, g_l^{\text{pref}})$ は、式 (5.11)(5.12) の遺伝的操作によって決定される。ここで、 $\text{mutb}(A)$ はビット列 A の各ビットを確率 γ で反転させる突然変異関数であり、 $\text{mutr}(A)$ は実数値 A を確率 γ で境界突然変異させる関数である。 $\text{crb}(A, B)$ は2つのビット列 A, B の各ビットをランダムに選択する交叉関数であり、 $\text{crr}(A, B)$ は2つの実数値 A, B をブレンド交叉 [116] させる関数である。ミーム $(m_l^{\text{trait}}, m_l^{\text{pref}})$ は親個体からは遺伝せず、初期値 $(m_{DV}^{\text{trait}}, m_{DV}^{\text{pref}})$ を与える。

また、オス a_j が交配するために必要なエネルギー C_j^{crs} は、以下のように定義される。

$$C_j^{\text{crs}} = \alpha^{\text{crs}}(\text{cf}(\mathcal{G}_j^t) + \text{cf}(m_j^{\text{trait}})) + 1. \quad (5.13)$$

派手な形質であるほど交配には大きなコストがかかるので、派手な形質は子個体を生成するにあたって不利に働くことになる。

メス a_i は1ステップ中1回に交配が制限されているがオス a_j には交配の時間的制限がないため、エネルギーが0以上であれば待ち行列 waiting_j 中のメスと、 $P_{i,j}$ の値の小さな順に繰り返し交配する。生物においては交配にかかるコストはオスとメスで差があるのが一般的であるが、本モデルでは同調化欲求遺伝子の効果を分かりやすくするため同コストとして単純化した。よって、1回の交配でメスも同様にエネルギーが減少する。

学習行動決定

エージェントは交配により子個体を生成した後、つぎに行う学習行動を決定する。学習行動は同調化行動または差別化行動のどちらかを選択する。まず、エージェント a_i

は，集団から M 個体の同性のエージェントをランダムに参照し，局所普及率 R_i を以下の式により知覚する．

$$R_i = \max(\text{num}(a), \text{num}(b))/M. \quad (5.14)$$

ここで， $\text{num}(a)$ は， M 個体の参照集団内での形質（嗜好） a であるエージェントの個体数を示す．本モデルで定義するエージェントは a または b の形質（嗜好）を持つため（5.2.3 節参照），局所普及率 R_i は， $0.5 \leq R_i \leq 1$ の値をとる．

前述のように，本稿では同調化欲求と差別化欲求がともに内在する動物を仮定している．提案モデルでは，エージェントにとって局所普及率が高いと感じるならば差別化欲求が働き，そうでないならば同調化欲求が働くようなメカニズムを持たせる．エージェントにとって高いと感じる局所普及率を，本稿では分岐値と呼ばれる数値で定義する．エージェント a_i の分岐値 clv_i は 2.2 節にて定義した同調化欲求遺伝子を用いて以下のように算出される．

$$clv_i = \frac{G_i^{clv} + 1}{2}. \quad (0.5 \leq clv_i \leq 1) \quad (5.15)$$

なお，式 (5.15) はエージェント a_i がオスの場合の計算式であり，メスの場合も同様に算出する．エージェント a_i は，自らの分岐値 clv_i と知覚した局所普及率 R_i により学習行動を決定する．具体的には， $R_i < clv_i$ ，すなわちエージェントにとって局所普及率が高いと感じないならば同調化行動を， $R_i \geq clv_i$ ，すなわちエージェントにとって局所普及率が高いと感じるならば差別化行動をとることとする．

同調化行動

同調化行動とは，局所普及率がエージェントにとって高いと感じることなく同調化欲求が働くとき（本稿では，局所普及率 R_i がエージェント a_i の持つ分岐値 clv_i より小さいとき），エージェント a_i がオス a_k のミーム m_k^{trait} を模倣する行動である．模倣する対象は，集団から N 個体のオスをランダムに選び，その中で最も交配回数の多いオスとする．すなわち，メスから多く選ばれている後天的獲得形質を参照することで，オス a_i は自らのミーム m_i^{trait} を修正し，メスは嗜好 m_i^{pref} を修正する．

a_i が模倣対象 a_k のミームの 1 ビットをランダムに選択して模倣するために必要なエネルギー C_i^{imt} は，以下の式で決定される．

$$C_i^{imt} = \alpha^{imt}(cf(G_i^t) + cf(m_i^{trait})) + 1. \quad (5.16)$$

式 (5.16) はエージェント a_i がオスの場合の計算式であり、メスの場合も同様に算出する。エネルギーが 0 以上であれば、同調化行動は繰り返し行われる、すなわち複数のビットが模倣される。 C_i^{imt} は、エージェント a_i が派手であるほど大きなコストを要求するため、派手であるほど変更できるビット数は少なくなる。なお、模倣されるビットは模倣するビットとの差違に関らずランダムに決定されるため、結果として模倣による変化のない場合も生じる。

差別化行動

差別化行動とは、局所普及率がエージェントにとって高いと感じ差別化欲求が生じたとき（普及率 R_i がエージェント a_i の持つ分岐値 clv_i 以上のとき）、エージェント a_i がオス a_k のミーム m_k^{trait} を反対模倣 [117] する行動である。反対模倣する対象は、2.4.4 節と同様に集団から N 個体のオスをランダムに選び、その中で最も交配回数の多いオスとする。すなわち、メスから多く選ばれている後天的獲得形質を参照し、そのビットの反転を模倣することで、オス a_i は自らのミーム m_i^{trait} を修正し、メスは嗜好 m_i^{pref} を修正する。

a_i がミームの 1 ビットをランダムに選択して反対模倣するために必要なエネルギー C_i^{crt} は、以下の式で決定される。

$$C_i^{crt} = \alpha^{crt}(cf(G_i^t) + cf(m_i^{trait})) + 1. \quad (5.17)$$

式 (5.17) はエージェント a_i がオスの場合の計算式であり、メスの場合も同様に算出する。また、エネルギーが 0 以上であれば、差別化行動は繰り返し行われる。したがって、同調化行動と同様にエージェント a_i が派手であるほど変更できるビット数が少なくなる。なお、2.4.4 節と同様に反対模倣されるビットはランダムに決定されるため、結果として反対模倣による変化のない場合も生じる。

5.3 実験

5.3.1 環境

オスエージェントとメスエージェントがそれぞれ複数存在する環境の中で配偶者選択を行い世代交代を繰り返す実験を前章にて提案したモデルを用いて行う。各種パラメータは文献 [114] と同様に設定した。エージェントの生存ステップを $L_m = L_f = 5[age]$,

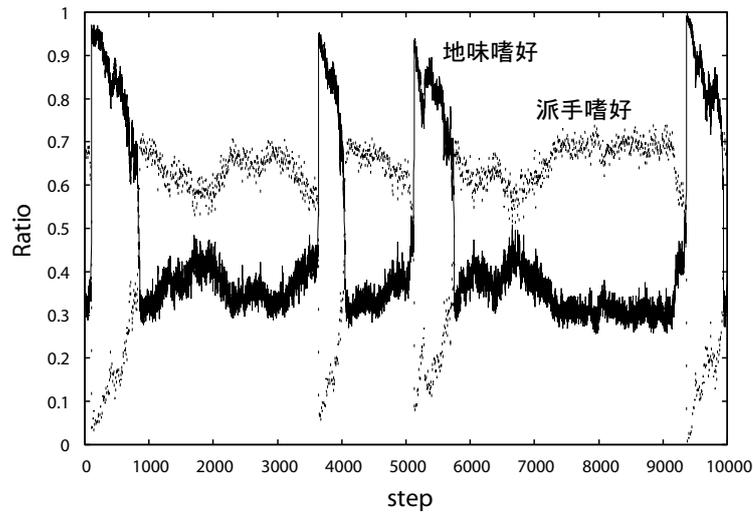


図 5.2: 嗜好別メスエージェント生存割合 .

オスエージェントとメスエージェントの初期個体数を各 500 とした . $G^t, G^p, m^{trait}, m^{pref}$ のサイズは , それぞれ 10 ビットとした . g^{trait}, g^{pref} の初期値はランダムに決定し , m^{trait}, m^{pref} の初期値は中央値である $cf(m_{DV}^{trait}) = cf(m_{DV}^{pref}) = 5$ となるようにした . 配偶者選択時および学習行動時の参照集団数は $L = N = 40$ 個体とした . 提案モデルに固有のパラメータである学習行動決定時の参照集団数は $M = 40$ とした . $energy_{DV} = 100$ とし , 1 ステップ終了と共に 100 加算されるものとした . その他の各パラメータは , $\alpha^{crs} = 3.5, \alpha^{imt} = 2.0, \alpha^{crt} = 4.0, w_1 = w_2 = 0.5, \gamma = 0.005$ とした .

本実験では , 5.2.3 節の定義に基づき , $cf(G^p) + cf(m^{pref}) > 10$ であるエージェントを派手嗜好 , そうでないエージェントを地味嗜好とし , ステップ毎に派手嗜好と地味嗜好を持つメスエージェントの生存割合を調べた .

5.3.2 結果

実験では , メスエージェントの半数以上を占める嗜好を多数派 , それ以外を少数派としたときの多数派と少数派の入れ替わりに着目した . 10,000 ステップのシミュレーション実験を 20 試行した結果 , 全ての試行において多数派と少数派の入れ替わりが頻繁に発生した . 図 5.2 に実験においてよく見られたメスの嗜好の遷移の一例を示す . 横軸はステップ , 実線は地味嗜好 ($cf(G^p) + cf(m^{pref}) \leq 10$) , 破線は派手嗜好 ($cf(G^p) + cf(m^{pref}) > 10$) のメスエージェントの生存割合である . 2 つの異なる嗜好が多数派と少数派を交互に繰り返す様子が確認できる .

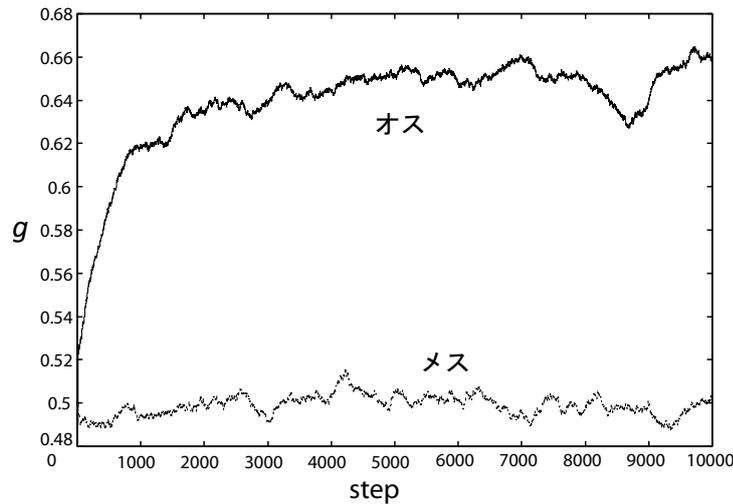


図 5.3: 同調化欲求遺伝子の平均値 .

また, 図 5.3 にオスエージェントとメスエージェントの各同調化欲求遺伝子 G^{tclv} , G^{pclv} の 20 試行の平均値を世代毎に示す. 横軸はステップ, 実線はオスエージェントの同調化欲求遺伝子 G^{tclv} , 破線はメスエージェントの同調化欲求遺伝子 G^{pclv} の平均値である. メスの同調化欲求遺伝子 G^{pclv} が 10,000 ステップを通して 0.5 付近で変化しない一方で, オスの同調化欲求遺伝子 G^{tclv} は実験開始直後より上昇し 2,000 ステップを越えた時点より 0.62 から 0.67 の間に安定していることが分かる.

5.3.3 考察

図 5.2 の様子は, 池内が定義している循環型流行 (ほぼ同一の様式がある程度周期的に普及と沈黙を繰り返す現象) [109] に近似している. 提案モデルにおいて嗜好 a と嗜好 b の循環型流行現象が発現する過程には, 以下の繰り返しが作用するものと考えられる.

- (i) 嗜好 a が同調化行動により増加することで嗜好 a の局所普及率が上昇しやすくなる.
- (ii) 局所普及率が自らの持つ分岐値を上回ったエージェントが差別化行動をとることで, 嗜好 b のエージェントが発生する.
- (iii) 嗜好 b のメスが形質 b のオスを配偶者選択することで, 周囲のメスの同調化行動により嗜好 b が増加する.

図 5.3 において、オスの同調化欲求遺伝子がメスと比較して高い値となる理由としては、本モデルでは配偶者選択の権利がメスにあることが挙げられる。メスに人気のある形質を模倣したオスの方がメスに選ばれやすいため、差別化欲求の強いオスすなわち同調化欲求遺伝子の低いオスは淘汰されやすい。一方で、メスの同調化欲求遺伝子がオスと比べて高くなることは、1) メスの同調化行動によりオスへの人気が集まると交配できないメスが発生する、2) メスには配偶者選択の権利があるため、差別化行動をしても交配に成功する、理由が考えられる。

本結果より、循環型流行の発現する過程 (ii) において流行の転換が起きるきっかけとなる差別化行動を行うエージェントは同調化欲求遺伝子の値の低いメスである可能性が高いことが分かる。

さらに、メスエージェントが派手嗜好であるか地味嗜好であるかによってその推移の様子に違いが見られた。図 5.2 に示す結果からも分かるように、地味嗜好は派手嗜好より多数派になったときの生存割合は多くなるがその期間は短く、派手嗜好は地味嗜好より多数派になったときの生存割合は多くないがその期間は長い。この現象は、20 試行全てにおいて確認された。

このように嗜好の違いによって流行の推移の様子に違いが見られる理由としては、エージェントが各行動をとるためのコストの違いが挙げられる。地味嗜好のエージェントは派手嗜好のエージェントに比べて各行動にかかるコストが小さく子孫を残しやすいため個体数が増加しやすく、各エージェントの知覚する局所普及率が高くなるためにエージェントは差別化行動をとりやすくなる。その結果として、差別化行動により流行の入れ替わりが起こりやすいと考えられる。一方で、派手嗜好は地味嗜好に比べて各行動に大きなコストがかかり子孫を残しにくいいため個体数が増加しにくく、各エージェントの知覚する局所普及率が高ならないためにエージェントは差別化行動をとりにくくなる。その結果として、形質（嗜好）が均一化し安定すると考えられる。

また、本実験により確認した地味嗜好のメスエージェントの急激な増加と減少の様子は、クレイズ（広範囲に及ぶ熱狂的な流行現象）[118] の現象に近似している。また、派手嗜好のメスエージェントの安定的な流行の様子は、ブーム（比較的持続性のある流行）[119] の現象に近いと言える。

表 5.1: 「クレイズ」および「ブーム」回数の 20 試行の平均値と標準偏差 .

		「クレイズ」	「ブーム」
提案モデル	派手嗜好	0.00 ± 0.00	1.25 ± 0.57
	地味嗜好	2.60 ± 1.39	0.00 ± 0.00
従来モデル	派手嗜好	0.00 ± 0.00	0.00 ± 0.00
	地味嗜好	0.00 ± 0.00	0.20 ± 0.04

5.3.4 カタジロクロシトドの流行現象

Chaine らの事例報告 [106] によれば, メスの嗜好に流行のあるカタジロクロシトドは, 身体の小さいオスの方が大きいオスよりその形質の流行時の交配成功数が多く, さらに流行する期間が短い. 大きな身体を持つことは小さな身体を持つことより生存に不利である (行動にかかるコストが高い) と仮定するならば, 大きな身体は本モデルにおける派手形質, 小さな身体は地味形質と考えることができ, 本実験により確認された「地味嗜好の流行時の生存割合が高くかつその期間が短い」現象や, 「派手嗜好の流行時の生存割合が低くかつその期間が長い」現象がカタジロクロシトドに見られるメスの嗜好の流行現象の一部と整合する.

5.3.5 従来モデルとの比較

提案モデルにおいて確認された 2 種類の循環型流行について, 生まれながらに同調エージェントか非同調エージェントに決定されていた従来モデル [114] の実験結果との比較を行う.

ここでは, 各実験の安定期 において対象とする形質 (嗜好) を持つエージェントの生存割合の推移によって以下のように「クレイズ」および「ブーム」を定義する.

「クレイズ」:

1,000 ステップ以内に, 生存割合が 50% 以下から 90% 以上へ増加し再び 50% 以下へ減少する.

「ブーム」:

生存割合が 50% 以下から 50% 以上へ増加し, 50% 以上の状態が 1,500 ステップ以上継続し再び 50% 以下へ減少する.

安定期とは, 図 5.3 より同調化欲求遺伝子が安定する 2,000 ステップ以降とする

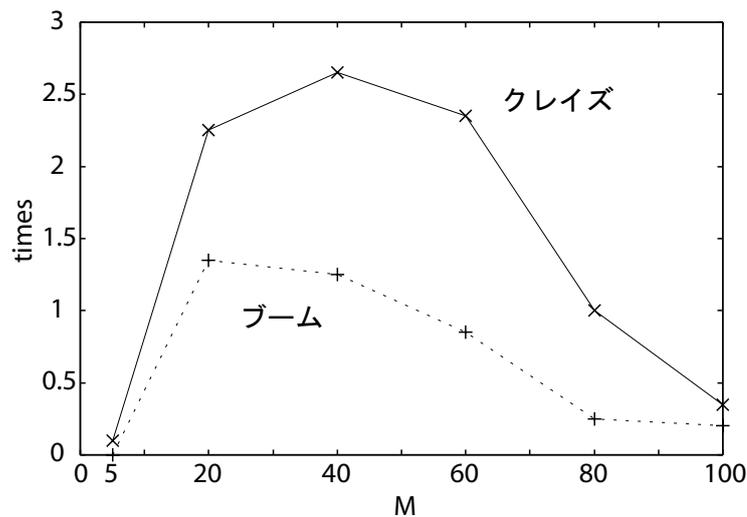


図 5.4: 「クライズ」および「ブーム」発生回数の平均値。

表 5.1 に 20 試行の実験において上記の定義に基づき計測した「クライズ」および「ブーム」の回数の平均値と標準偏差を嗜好毎に示す。提案モデルでは、地味嗜好において「クライズ」、派手嗜好において「ブーム」が多数回起きたのに対し、従来モデルでは地味嗜好において「ブーム」が数回起きたのみであった。従来モデルには差別化行動のみを常に行う非同調エージェントが存在するために「クライズ」のような急激な多数派の拡大や「ブーム」のような持続性のある流行が起こりにくいと考えられる。

本結果より、提案モデルは配偶者選択におけるメスの嗜好に複数種の流行現象が発現するモデルであると言える。

5.3.6 参照集団数を変化させた実験

つぎに、提案モデルに固有のパラメータである学習行動決定時の参照集団数 M が流行の遷移にどのような作用をもたらすかを実験により調べる。参照集団数 M を $5 \leq M \leq 100$ の間で変化させたそれぞれの実験について、前節で定義した「クライズ」および「ブーム」の発生回数を調べた。図 5.4 に、地味嗜好における「クライズ」および派手嗜好における「ブーム」の発生回数の 20 試行の平均値を示す。横軸は参照集団数 M 、実線は「クライズ」、破線は「ブーム」である。実験の結果、 $M = 5$ では「クライズ」および「ブーム」はほとんど確認されなかったが、参照集団数を大きくするに従いその回数は増加し、「クライズ」においては $M = 40$ のときに、「ブーム」においては $M = 20$ のときに最も頻繁に確認された。

「クレイズ」が起きるには同調化行動により急速に多数派が増加し、差別化行動により多数派と少数派が入れ替わる必要がある。参照集団数が小さくなるにつれて局所普及率の平均値が高くなるために差別化行動が起こりやすく同調化行動が起こりにくくなり、反対に参照集団数が大きくなるにつれて局所普及率の平均値が低くなるために差別化行動が起こりにくく同調化行動が起こりやすくなることが予想される。図5.4の結果からも、学習行動決定時の参照集団数は「クレイズ」および「ブーム」の発生回数に關与することが示唆される。

5.4 おわりに

本章では、遺伝子とミームを持つ配偶者選択モデルに、個々のエージェントの価値観に相当する同調化欲求遺伝子を導入したモデルを新たに提案した。同調化欲求遺伝子により一部の動物が持つと考えられる同調化欲求および差別化欲求を併せ持つエージェントを表現した。さらに、エージェントは自らの持つ同調化欲求遺伝子と環境から知覚した局所普及率により同調化行動または差別化行動を行うようモデル化した。

提案モデルを用いて実験を行った結果、2種類の循環型流行の発現を確認した。各行動にかかるコストが高い嗜好には安定したブームのような流行現象が、コストの低い嗜好においては急激に普及し衰退するクレイズのような流行現象が多く確認された。また、循環型流行が発現するには差別化行動を行うメスエージェントの存在が重要であることを明らかにした。

今後は、本モデルが対象としているメスの嗜好に流行のある実世界の動物について詳しく本実験結果を照合する必要がある。しかしながら、配偶者選択においてメスの嗜好に流行のある動物の事例研究は極めて少なくモデルの検証には大きな困難が予想される。このために、実世界における配偶者選択を含めた様々な流行現象についてのデータを収集することが望まれる。また、実世界における配偶者選択は本モデルのように単純ではなく、繁殖におけるオスとメスの役割の非対称性をはじめ様々な要因が考えられる。本章で得られた知見を元に、より実世界に即したモデルへと改良する必要がある。

また、本モデルにおいて発現したコストの差による2種類の循環型流行の様子は、一般的な社会の流行現象にあてはめて考えることができる[120]。例えば、コストのかかる商品は多くの人が手に入れることができないため適度な差別化欲求が保たれ、クレ

イズが起こりにくいとの仮説をたてることもできる。また、5.3.6節の結果からは、個人の持つ情報空間の違いとクレイズの起こりやすさの関係について議論することも可能である。今後は、提案モデルを一般的な社会モデルへ拡張したい。

第6章

動的多段交叉を用いた実数値遺伝的アルゴリズムの効率化

遺伝的アルゴリズムを用いた探索において、探索局面は常に動的に変化をする。よって、探索過程を常に評価してそれにあった戦略を用いて探索をすすめることは重要だと考える。本章では、探索過程を考慮に入れた実数値遺伝的アルゴリズムを提案する。ここでは、実数値遺伝的アルゴリズムにおいて、限られた生成子個体数での効率的な探索を行うモデルを目指し動的多段交叉を提案する。動的多段交叉は、評価値の良い個体を積極的に用いて交叉を段階的に行うことで進化を促し、探索過程に応じてその段数を動的に変化させる交叉法である。動的多段交叉を代表的な世代交代モデルと組み合わせることで、局所探索を強める働きを助長しながらも、集団の多様性を維持できるモデルを実現した。ベンチマーク問題として関数最適化問題、実問題における評価実験として Switched Reluctance Motor 制御パラメータ最適化問題に提案手法を適用し、効果を確認した。

6.1 はじめに

遺伝的アルゴリズムは、広範な問題に適用できるという利点を持つ反面、多数の探索点に対して評価計算を反復して行うため、計算コストが高いという欠点がある。効率的な解の探索を実現するためには、交叉オペレータが重要な役割を担う。これまでに効果的な交叉を行うための手法について研究してきた [23][80][92][51]。一方で、実数値遺伝的アルゴリズムは複雑な問題にも対応できる大域的最適化手法として知られているが、問題が高次元になるほど膨大な計算量が必要となり実用化が難しい。実数値遺伝的アルゴリズムにおける代表的な交叉手法 [68][70][71][72] では、子個体は親個

体によって定められた領域内に生成される。生成する子個体数を増やすことはより良い個体を生み出しやすくするが、問題が高次元になるほど膨大な計算量が必要となる。そこで、限られた生成子個体数での効率的な探索が望まれている。

実数値遺伝的アルゴリズムの工学的応用を考えた時、その計算時間の大部分が適応度計算に費やされる場合が少なからず存在する。適応度計算負荷の高い実問題においては、無意味な評価計算は最適解獲得時間の膨大な増加につながるため、できる限り避けたい。そこで、本章では、探索過程を考慮に入れた動的な多段交叉を提案し世代交代モデル Minimal Generation Gap(MGG)[66] に適用することで、限られた生成子個体数で効率的な探索を行うモデルの実現を目指す。また、関数最適化問題および工学的応用問題を用いた実験を行い、その結果について報告する。

6.2 多段交叉による局所探索

6.2.1 探索履歴の利用

遺伝的アルゴリズムによる探索において、過去の探索履歴を利用する方法がいくつか提案されている。探索履歴を用いた不確実関数最適化 [121] や適応度推定による計算時間短縮 [55][56][57][122] などである。これらの従来研究において効果が確認されている「空間的に近い個体の適応度値は近い値をとる」という前提を本章においても採用する。本章では、この前提を用いることにより交叉による子個体生成を段階的に行うことで局所的な探索を行う。

6.2.2 多段交叉

実数値遺伝的アルゴリズムにおける UNDX[70][71], UNDX- m [68], SPX[67][72] 等の代表的な交叉手法では、子個体の生成領域は親個体の位置に基づいて決定されるという特徴がある(図 6.1(a))。これらの手法は、関数最適化のための交叉の設計指針(1.1.4節にて記述)を満たした交叉手法である。しかしながら、実数値遺伝的アルゴリズムには、一般的に1組の親から生み出される子個体数が膨大であるために計算負荷が多いという問題点が依然として存在する。1回の交叉により生成される子個体の数は計算時間の問題により限界が生じるため、限られた子個体生成数でより適応度値の高い個体が生成されることが望まれる。本章では、実数値遺伝的アルゴリズムにおいて一組

の親個体からより良い個体を効率的に探索することを目標として、これらの代表的な交叉に適用可能な新たな交叉法を提案する。

図 6.1(a) は SPX による交叉の例である (SPX の具体的な方法は付録 A に記述)。親個体を二重丸で示し、そこから張られたシンプレクス内に丸で示した子個体を生成する。図は、親 3 個体、子 24 個体の例である。一方で、図 6.1(b) は、図 6.1(a) と同じ親個体数、子個体数により、3 段階で多段交叉を行う例である。まず第 1 段階では、二重丸で示す親から従来の SPX のように子個体生成領域内に子個体を一定数生成する (図は 12 個体)。次に、第 1 段階で生成された子個体の評価を行い、その評価値の高い子個体を事前に設定したエリート率で一定数選択し、第 2 段階の親とする (図では太丸で示す 3 個体)。そして、第 2 段階の親から 2 回目の交叉を行い、一定数の子個体を生成する (図は 6 個体)。このような操作を決められた回数 $D(\geq 2)$ になるまで繰り返す (図は第 3 段階)。最後に、これらの交叉によって生まれた子個体から次世代への生存選択を行う。1 回の交叉を段階的に分割して行うため、これらの一連の交叉をまとめて多段交叉と呼び、その時の交叉の回数 D を段数と呼ぶ。なお、従来の交叉法では 1 組の親個体から 1 回の交叉で全ての子個体を生成するため、段数 $D = 1$ である。また、本論文では 1.1.4 節にて述べた理由により多段交叉を SPX に適用したが、多段交叉は 1 組の親個体から限られた領域内に多数の子個体を生成する UNDX[70][71]、UNDX- m [68] などの他の様々な交叉法に組込むことが可能である。

段数毎の子個体生成数

段数毎の子個体生成数の設定法は一意ではないが、本稿では d 段目の子個体生成数 C_d を以下の式とすることで、1 組の親からの生成子個体数を多段交叉の段数 $D(\geq 2)$ に関わらず常に一定の数 m になるように設定した。例えば、式 (6.1) に基づいて段数毎の子個体生成数を設定している図 6.1(b) の例では、段数毎の子個体生成数は $C_1 = 12$ 、 $C_2 = C_3 = 6$ であり、合計子個体数は、図 6.1(a) で示す従来手法と同じ $m = 24$ となる。

文献 [123][124] および文献 [125] の交叉は、交叉を連続して行うという点で本手法と似ているが、前者は分散遺伝的アルゴリズム [126] のための手法であり、後者は遺伝的局所探索 [127][128] のための手法であり本手法とは異なる。

$$C_d = \begin{cases} \frac{1}{2}m & (d = 1) \\ \frac{1}{2}C_{d-1} & (d = 2, \dots, D - 1) \\ C_{d-1} & (d = D) \end{cases} \quad (6.1)$$

このように、多段交叉は、従来ならば一様に子個体を生成するところを、段階的に親を優秀な個体に変えて交叉を行うため、前段階で評価値が高い領域を重点的に探索する。よって、従来手法に比べると局所性の高い交叉手法となる。

段数毎の親個体数

一般的にSPXなどの交叉を行う際の親個体数は(次元数+1)個が最適であるとされている[72]。多段交叉においても、1段目の親個体数は従来手法と同じく(次元数+1)個に設定している。2段目以降の親個体は前段階で生成された子個体を評価した結果に基づいた上位数個体(エリート個体と呼ぶ)とする。次段目の親個体数、すなわちエリート個体数は事前に定めたエリート率によって決定する。なお、交叉を実行するためには複数の親個体が必要なため、最低親個体数は2とした。図6.1(b)は、分かりやすく図式化した例であるため、親個体数は3に固定している。

6.2.3 多段交叉を用いた世代交代モデル

提案した多段交叉を既存の世代交代モデルへ適用する。本研究では、多様性維持に優れ、実数値遺伝的アルゴリズムにおいて一般的に広く使用されている1.1.4節にて紹

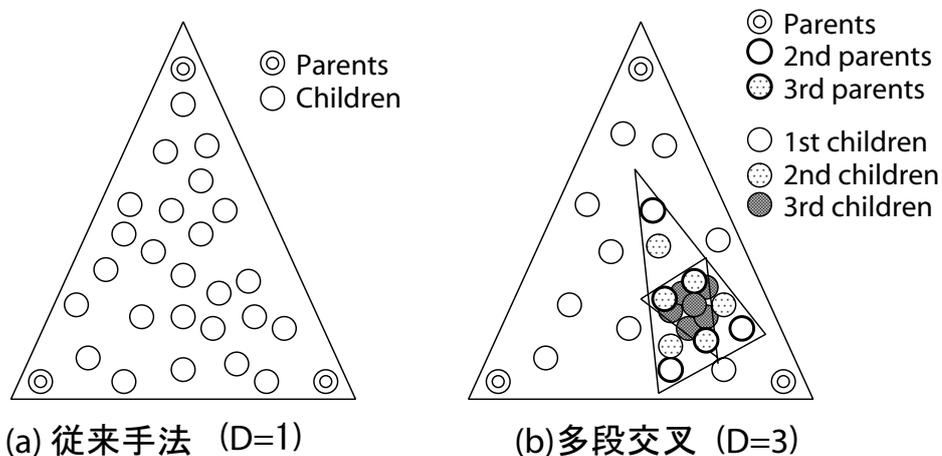


図 6.1: SPX を用いた多段交叉の例。

介した世代交代モデル Minimal Generation Gap(MGG)[66] を用いる。

MGG は、生存選択において最良個体とルーレット選択個体を選ぶことで多様性を維持しながらの探索を実現している一方、最適解への収束速度が遅いという問題点がある。多段交叉を用いることで、多様性を維持しながら局所性を強め、最適解への収束を促進するモデルの実現を目指す。

MGG の交叉部に提案手法である多段交叉を組み込んだ世代交代の流れを図 6.2 に示す。従来の世代交代モデルのながれに沿って親個体を複製選択 (Reproduction selection) した後、多段交叉を指定した段数になるまで繰り返す。次の生存選択 (Survival selection) では、最良個体の選出を全子个体集団から行い、MGG の大きな特徴であるルーレット選択個体の選出を 1 段目の交叉による生成子个体から行う。多段交叉の 2 段目以降の子个体集団はエリート個体付近に生成されるため偏りが生じている。よって、ルーレット選択によって従来手法と同程度の多様性を保つには、子个体生成領域に一樣に子个体が生成されている 1 段目の子个体集団からルーレット選択を行う必要がある。

6.2.4 多段交叉を用いた MGG の挙動

本節では、前節で提案した多段交叉を用いた MGG の振舞いについて考察する。多段交叉を用いた世代交代モデル MGG には以下の二つの問題点が懸念される。

- (1) 局所探索の失敗
- (2) 交叉処理計算量の増加

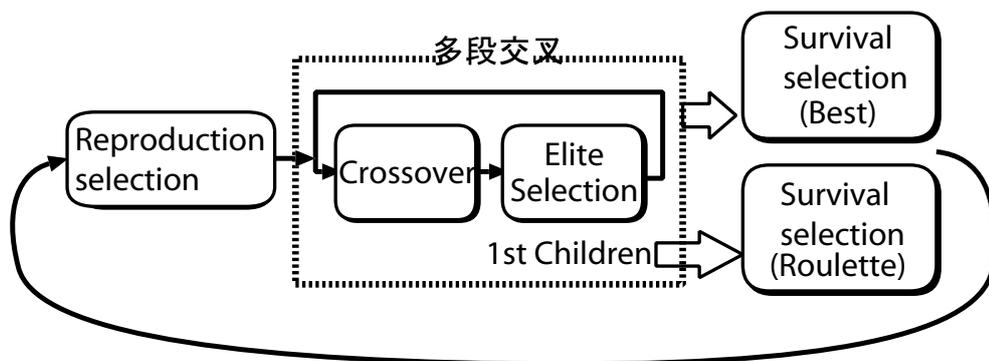


図 6.2: 世代交代の流れ。

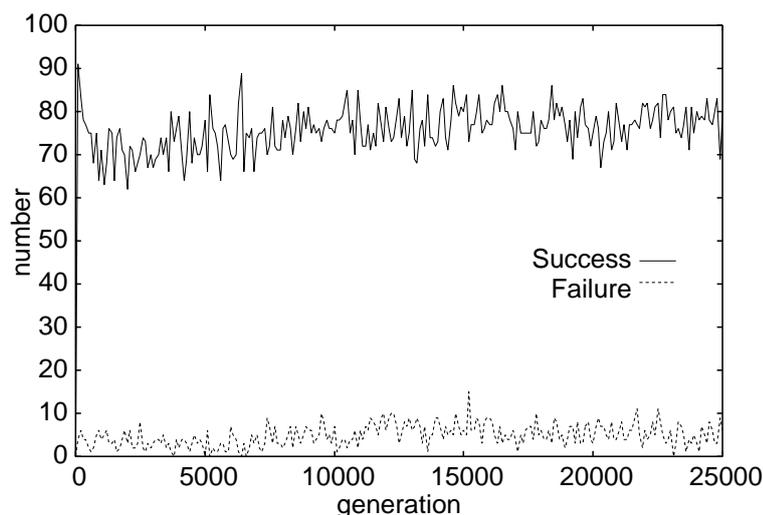


図 6.3: 100 世代毎の平均成功回数および平均失敗回数 (Schwefel 1.2 関数)。

多段交叉は交叉を複数段階に分け探索範囲を限定していくという特徴を持つ。探索範囲の限定にはランダムに生成された限られた個体数の子個体集団から選ばれたエリート個体を用いるため限定された探索範囲から必ずしも優良個体が生成されるとは限らない。多段交叉を用いない従来手法の方が優良な個体が生成される場合も考えられる。この場合が問題点 (1) の局所探索の失敗する場合である。

問題点 (1) の起きる頻度を簡単な実験によって調査した。実験では、単峰性の形状を持つ Schwefel's 1.2 関数 (付録 D, 式 (D.4)) および多峰性の形状を持つ Rastrigin 関数 (付録 D, 式 (D.5)) を用いて 10 回の実験を実行した。実験パラメータは 6.4 節の実験で用いる表 6.1 に準拠する。従来手法である段数 $D = 1$ の交叉および提案手法である多段交叉 ($D = 2$) を用いて遺伝的アルゴリズムを実行した際の、各世代における最大適応度値 V_D を調べた。従来手法を用いた場合と提案手法を用いた場合の各世代の最大適応度値は V_1, V_2 であり、各世代毎に V_1 および V_2 の値を比較し、 $V_2 > V_1$ であった時を「提案手法は成功」とし、 $V_1 > V_2$ であった時を「提案手法は失敗」とする。ただし、 $V_1 = V_2$ である時はカウントしない。図 6.3 および図 6.4 は各関数における 100 世代毎の平均成功回数および平均失敗回数である。実線は平均成功回数を、破線は平均失敗回数を示す。本実験により、 $V_1 > V_2$ である時、すなわち提案手法が失敗した時は、先に挙げた多段交叉の問題点 (1) の「局所探索の失敗」が起きた時と考えることができる。

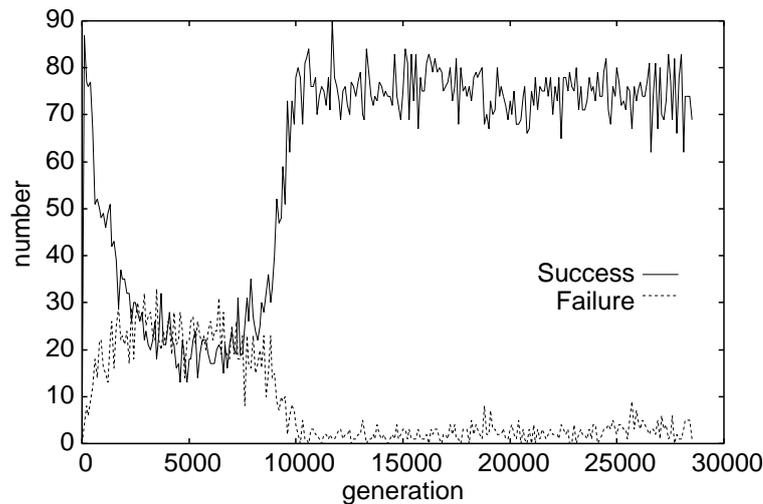


図 6.4: 100 世代毎の平均成功回数および平均失敗回数 (Rastrigin 関数)。

図 6.3 に示すように，Schwefel's 1.2 関数を用いた実験では，全ての探索区間を通して，成功した確率（以後，成功率）が約 60～90%，失敗した確率（以後，失敗率）が約 0～10%を維持した．しかしながら，図 6.4 に示すように，Rastrigin 関数を用いた実験では，世代によって，成功回数と失敗回数に変化が見られた．探索を開始した直後には成功率が約 80%，失敗率が約 10%であったが，間もなく成功回数が減少し，失敗回数が増加していき，約 5,000 世代の間，成功率，失敗率ともに約 10～30%を維持した．その後，成功回数が増加し，失敗回数が減少していき，約 10,000 世代以降は成功率が約 60～90%，失敗率が約 0～10%を維持した．Rastrigin 関数の形状は図 D.5 に示すように大域的には単峰性である多峰性関数である．Rastrigin 関数の探索個体の挙動を調べると，約 10,000 世代までは多峰性の部分を主に探索しており，約 10,000 世代からは最適解近くの一つの単峰性の山を主に探索していることが分かっている．つまり，多段交叉は約 10,000 世代までの多峰性の部分の探索においては提案手法が失敗する回数が多くなり，約 10,000 世代以降の単峰性の部分の探索においては提案手法が成功する回数が多くなっている．これらの 2 つの関数を用いた実験結果より，先に述べた多段交叉の問題点 (1) は多峰性部分の探索時に多く見られることが分かった．

問題点 (2) については，従来手法では 1 回の交叉により子個体が生成されることを提案手法では複数回繰り返すために 1 回の交叉における処理時間が増加し，総計算時間が長くなることである．段数が多くなるほど問題点 (2) は懸念されるため，より効果的で適切な段数設定をする必要がある．

多段交叉に懸念されるこれらの2つの問題点をふまえて、次節において多段交叉を探索過程に基づいて段数を変化させることのできる動的多段交叉へ拡張する。

6.3 動的多段交叉

前節において、多段交叉に懸念される2つの問題点を指摘した。1つは多峰性部分の探索時における局所探索の失敗、1つは交叉処理の繰り返しによる計算時間増大である。これらの問題点を回避するために、我々は、探索過程に基づいて多段交叉の段数を変化させることが可能な動的多段交叉を提案する [129][130][131]。

ここで用いる世代交代モデルはMGGとする。MGGでは1世代につき1組の交叉が行われるため、提案手法では1世代すなわち1回の多段交叉が実行される度にその結果に基づいて次の多段交叉の段数を変化させる。世代 g の段数を D_g としたとき、前世代の段数が多段交叉（すなわち $D_{g-1} \geq 2$ ）の場合、その多段交叉の最終段目の交叉によりどれだけ適応度が上昇したかの指標を改善度 I として設け、 I の値により次世代の段数 D_g を決定する（式(6.2)）。具体的には、前世代の改善度 I_{g-1} が0より小さい、すなわち最終段目の交叉によって子個体が改悪したならば、次世代の段数を1減らす。改善度 I_{g-1} が閾値 $k(> 0)$ 以上、すなわち最終段目の交叉によって子個体の改善が閾値以上見られるならば段数を1増やす。前世代が従来手法による交叉（すなわち $D_{g-1} = 1$ ）の場合は、任意の世代毎（実験では30世代毎）に段数を1増やすことで定期的に多段交叉を実行する機会を与えた。

$$D_g = \begin{cases} D_{g-1} - 1 & (I_{g-1} < 0) \\ D_{g-1} & (0 \leq I_{g-1} < k) \\ D_{g-1} + 1 & (k \leq I_{g-1}) \end{cases} \quad (6.2)$$

本研究では最大化問題を想定して改善度 I は以下の式とした。ただし、 V_{D_g} は世代 g の交叉における D_g 段目の交叉により生成された子個体集団中の最高適応度である。なお、 $V_{D_g} = 0$ の時は V_{D_g} を計算機イプシロン値とした。改善度 I は世代 g の段数による交叉によってどれだけ適応度が上昇したかを示す指標となる。

$$I_g = \frac{V_{D_g} - V_{D_{g-1}}}{|V_{D_g}|} \quad (6.3)$$

改善度によって前世代の多段交叉の働きを調べることが可能となり、その値により次世代の段数に影響を与えることで、前節で述べた多段交叉の問題点(1)の「局所探

索の失敗」を回避することに役立つと考えられる。閾値 k は交叉処理計算量の増加率を目安として事前に設定する。多段交叉を用いることで、交叉処理計算量は最大で段数倍となるため、 $k = 0.5$ とすることで、交叉処理計算量の増加以上の効果が多段交叉より得られた時にのみ、段数を増やすようにし、多段交叉の問題点 (2) の「交叉処理計算量の増加」を抑制する。

6.4 実験

6.4.1 テスト関数を用いた実験

本節では、遺伝的アルゴリズムの性能評価のためのベンチマーク問題である付録 D において紹介した Schwefel 1.2 関数、Rosenbrock 関数、Griewank 関数、Rastrigin 関数の 4 つのテスト関数を用いて動的多段交叉の評価実験を行う。前節で設定した改善度 I は最大化問題を想定しているため、ここでは、これらの関数値に -1 を乗ずることで関数の最大値を求める問題とした。

6.4.2 実験結果と考察

実験パラメータとして、表 6.1 を用いた。提案する動的多段交叉および多段交叉の段数を 1 から 4 でそれぞれ固定させた実験を各 10 回行った。全ての関数が全ての場合において最適解を獲得することができた。表 6.2 に最適解獲得までの平均計算時間を示す。動的多段交叉を用いることで従来手法である段数 $D = 1$ に比べ最適解を獲得するための計算時間が約 50 ~ 70% 短縮されていることが分かる。また、多段交叉の段数を 1 から 4 でそれぞれ固定させた結果と比較しても、動的多段交叉がほぼ最良の結果を出していることが分かる。さらに、関数によって最適な段数に違いが見られることより、全ての関数において従来手法を含め、段数を固定することは得策とは言えないことが分かった。

図 6.5 から図 6.12 に、各関数についての平均適応度推移と動的多段交叉の段数毎の 100 世代あたりの選択回数の推移の平均を示す。全ての関数に共通して段数 2 が最も多く選択され、段数 5 以上は選択されなかった。表 6.2 の結果においても、段数 2 に固定した多段交叉の結果が最も良好であり、段数が 4 以上になると最適解獲得までの計算時間が大幅に増加していることより、動的多段交叉が適した段数を選択しているの

表 6.1: 実験パラメータ.

Parameter	Value
Dimension	30
Population Size	1,000
Number of Parent	31
Number of Children	100
Elite rate	0.2
Crossover Method	SPX

表 6.2: 最適解獲得平均計算時間 (単位:sec) .

	固定した段数 D				動的多段交叉
	1	2	3	4	
Schwefel 1.2	144.7	90.4	106.9	145.6	93.7
Rosenbrock	150.5	103.3	128.7	>300	103.7
Griewank	149.4	92.8	96.0	127.1	92.8
Rastrigin	214.1	107.4	103.2	112.3	105.8

ではないかと予想できる。単峰性関数である Schwefel 1.2 関数および Rosenbrock 関数では、探索の序盤においては段数 3 や段数 4 も選択されているが、探索が進むに従いその数は減少しその後探索終了まで段数 2 が約 90%以上を占めた。また、前節の実験においても図 6.4 に示されたように、多段交叉は局所探索の指向が強いために多峰性の領域の探索には不向きであると考えられる。しかしながら、動的多段交叉を用いた本実験において、Rastrigin 関数などの多峰性の強い関数において提案手法の結果が良かった理由について、探索の序盤に段数 1 が多く選択され、最適解付近の探索に移行した 10,000 世代以降は段数 2 または段数 3 が多く選択されている様子より、動的多段交叉が効果的に働いたのではないかと予想される。

6.4.3 実問題を用いた実験

次に、提案手法を SRM 制御パラメータ最適化問題 (1.1.4 節) へ適用することで実問題への適用の可能性について評価を行う。

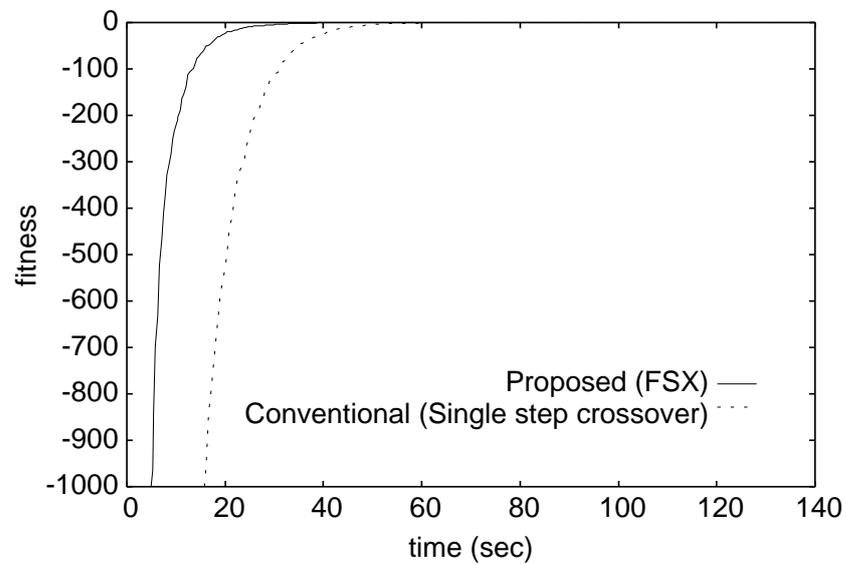


図 6.5: 平均適応度の推移 (Schwefel 1.2 関数) .

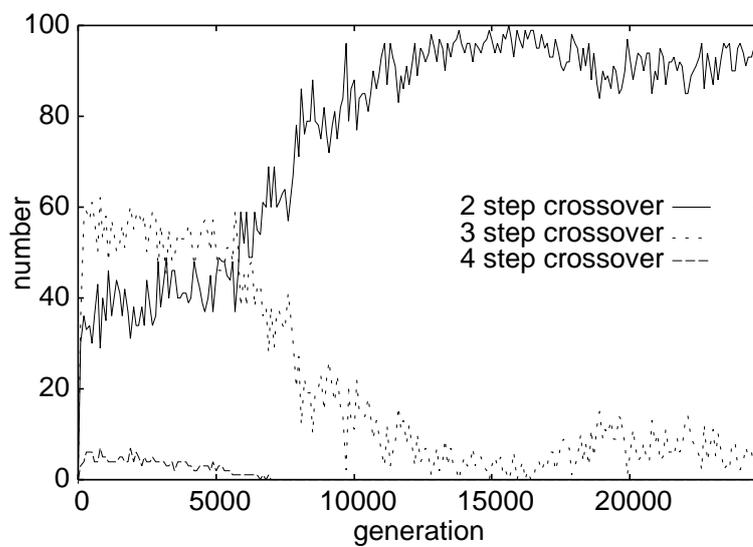


図 6.6: 100 世代毎の段数選択回数の推移 (Schwefel 1.2 関数) .

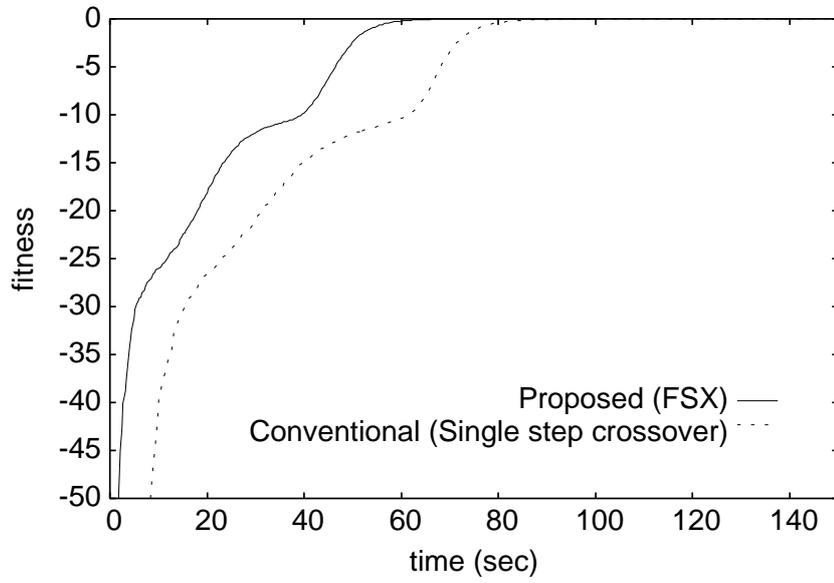


図 6.7: 平均適応度の推移 (Rosenbrock 関数) .

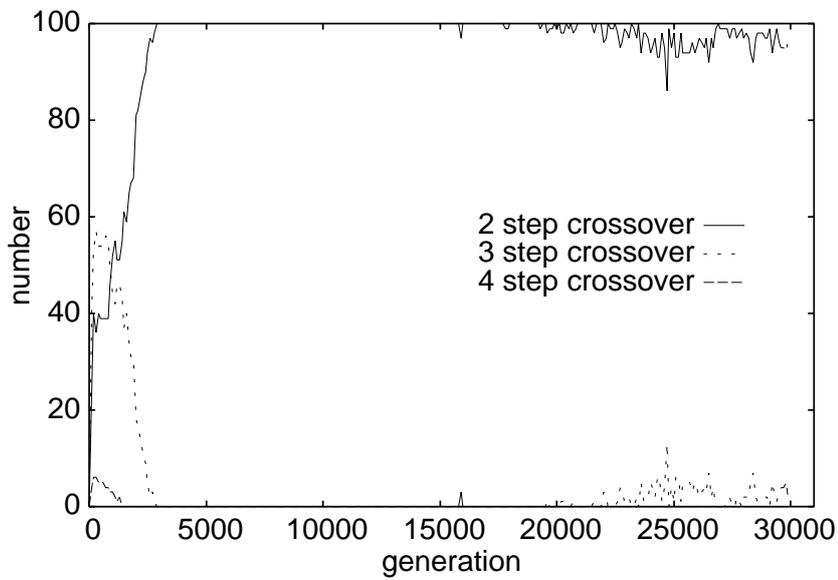


図 6.8: 100 世代毎の段数選択回数の推移 (Rosenbrock 関数) .

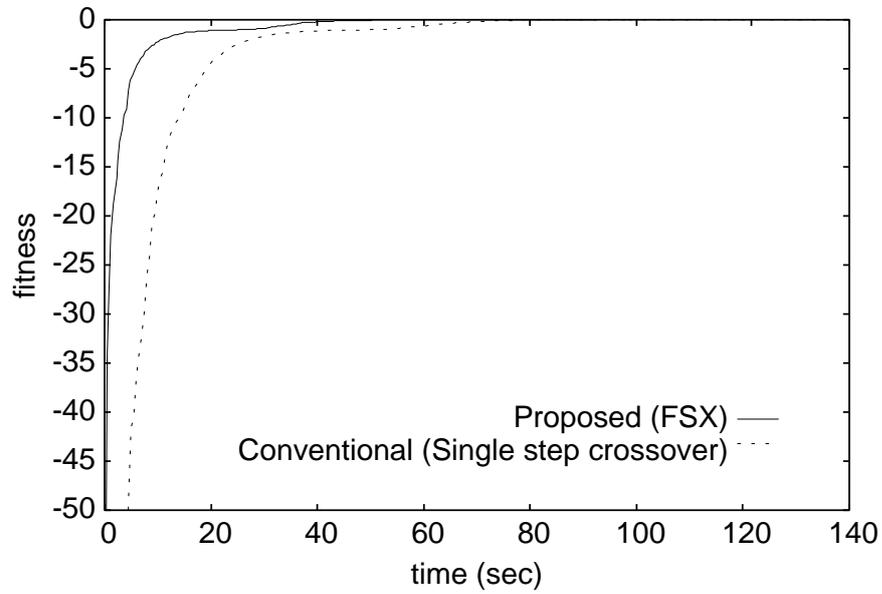


図 6.9: 平均適応度の推移 (Griewank 関数) .

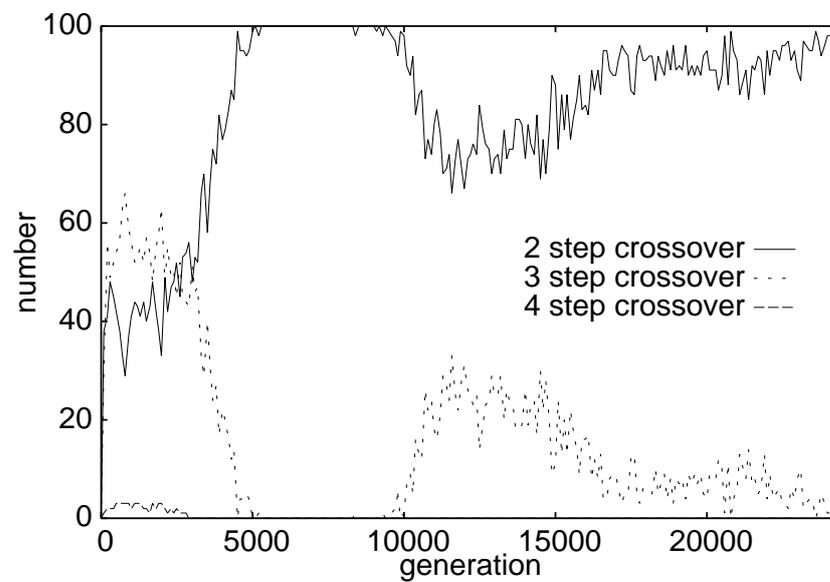


図 6.10: 100 世代毎の段数選択回数推移 (Griewank 関数) .

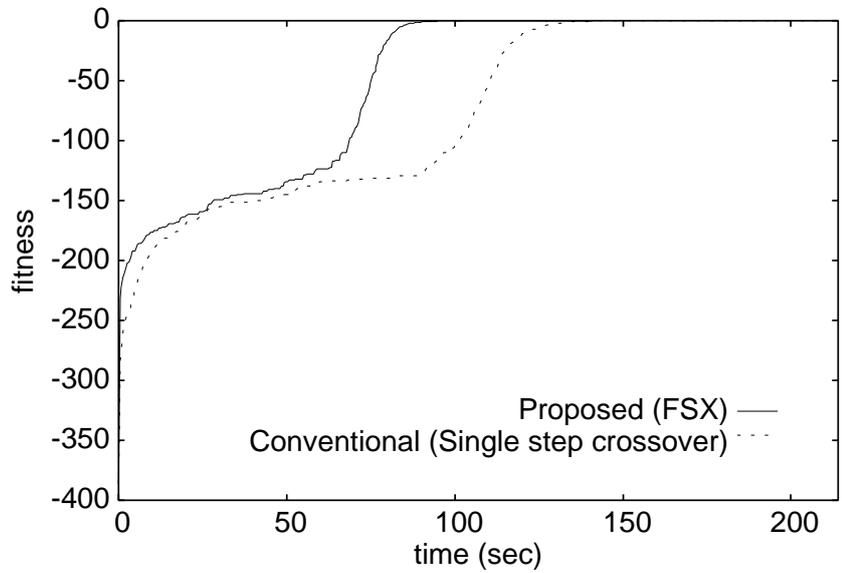


図 6.11: 平均適応度の推移 (Rastrigin 関数) .

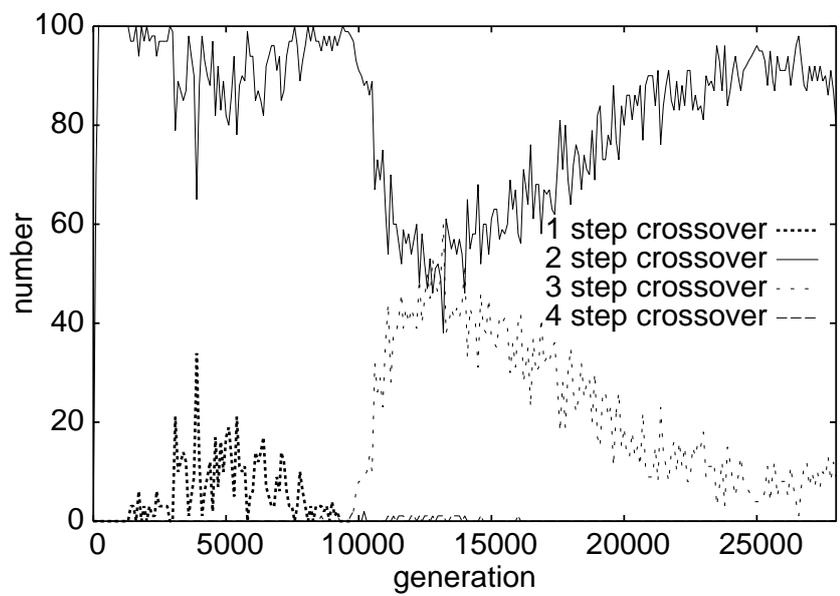


図 6.12: 100 世代毎の段数選択回数の推移 (Rastrigin 関数) .

表 6.3: 実験パラメータ.

Parameter	Value
Dimension	3
Population Size	100
Number of Parents	4
Number of Children	40
Elite rate	0.2
Crossover Method	SPX

6.4.4 実験結果と考察

本実験で用いた実験パラメータを表 6.3 に示す．段数 D が 1 である従来手法および段数 D を 2 から 4 でそれぞれ固定させた実験および提案する動的多段交叉での実験をそれぞれ 10 回行った．最適解は 1.711504 である．全ての場合について，最適解を獲得することができた．表 6.4 に最適解獲得までの平均計算時間結果を示す．動的多段交叉を用いることで従来手法 ($D = 1$) に比べ最適解を短い計算時間で獲得できた．段数を 2 から 4 に固定した多段交叉と比べても動的多段交叉がほぼ最良の結果を出していることが分かる．また，図 6.13 に平均適応度の推移を，図 6.14 に 10 世代毎の段数の選択回数の推移を示す．段数 1 は探索初期にのみ選択されており，段数 2 は探索中盤から多く選択されるようになる．一方で，段数 3 は中盤からは選択されなくなり，段数 4 は全期間を通して一度も選択されない結果となった．図 6.14 に見られる段数の選択回数の推移を示すグラフの形状は，前節の Rastrigin 関数の最適化の実験結果（図 6.12）と類似している．本問題においては，約 400 世代から最適解付近の単峰性の部分を探索していることが分かっている．本問題も Rastrigin 関数と同様に多段交叉が苦手としている多峰性の部分の探索では従来手法が多く選択され，単峰性の部分の探索では多段交叉が選択されていることが分かる．この結果は，動的多段交叉が効果的に働いていることを示している．

6.5 おわりに

本章では実数値遺伝的アルゴリズムの効率化を目的とし，段階的に交叉を行う多段交叉およびその段数を探索過程を考慮して変化させる動的多段交叉を提案し，世代交

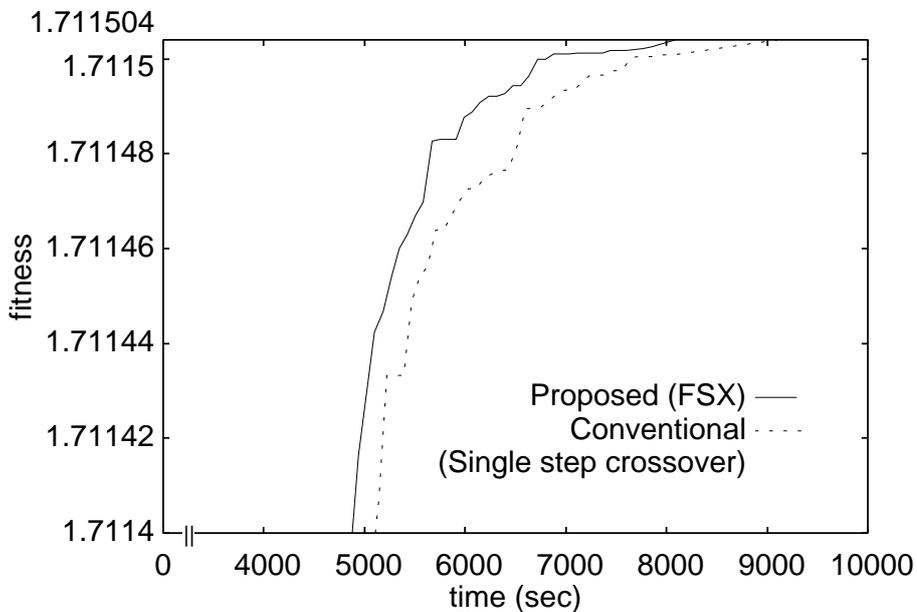


図 6.13: 平均適応度の推移 .

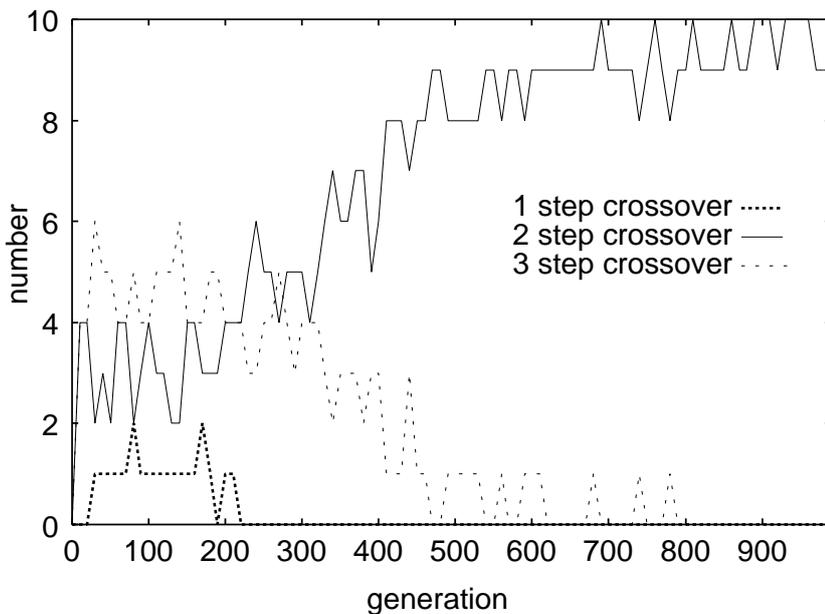


図 6.14: 10 世代毎の段数選択回数の推移 .

表 6.4: 最適解獲得平均計算時間 (単位:sec) .

	固定した段数 D				動的多段交叉
	1	2	3	4	
SRM	9,100	8,018	8,125	>10,000	8,086

代モデル MGG に適用した．本手法を用いてベンチマーク問題である様々な性質を持つ関数最適化問題および実問題による評価実験を行った結果，全ての実験において動的な多段交叉が従来手法より早く最適解を獲得できた．さらに動的な多段交叉により選択された段数の推移を調べたところ，問題の性質により異なった振舞いをする事が確認できた．具体的には，単峰性部分を探索している時には段数が多くなり，多峰性部分を探索している時には段数が少なくなる様子が見られた．これらの結果より，動的な多段交叉が探索部分に応じて段数を使い分けていることが分かる．今後の課題としては，段数を動的に変化させるための評価値である改善度の妥当性の調査と段数 1 から多段交叉への移行条件を考える必要がある．また，今回は交叉手法に SPX，世代交代モデルに多親用 MGG を用いたが，本手法は，その他様々な既存の手法に組み合わせることが可能である．例えば，本手法は個体の位置情報を用いて重点的に探索を行う手法であるがゆえに，複製選択を近傍に限定する手法 [61] と組み合わせることでより効果が期待できるし，分散遺伝的アルゴリズム [126] への適用も考えられる．

現在，memetic algorithms [132] や遺伝的局所探索 [127] を用いる研究では，大域的探索と局所的探索の割合について議論されているが，そのバランスをとるのは難しい [133]．本章で提案した動的な多段交叉は遺伝的アルゴリズムの大域的探索と多段交叉の局所的探索を探索過程を考慮してバランスをとりながら行うものである．今後，動的な多段交叉とこれらのハイブリッド手法と比較をする必要がある．

また，ベンチマーク問題による精度検証や実問題を用いた評価実験の結果より，本手法は様々な解空間を持つ問題に対して利用可能であることが分かった．しかしながら，進化的計算の工学的応用を考えた時，その解空間は未知であり，本研究で示した問題以外の全ての問題に対しても本手法が有効であるとは言い難い．これは進化的計算の全般的な問題点でもあり，本研究における実験にて提案手法の有効性が確認できたことは，他の未知の問題の早期解決のために少なからず期待ができるものと考えられる．

第7章

結論

人工生命は、計算機を用いて生命システムを模倣することで生命体の生命維持行動や生態現象のメカニズムを明らかにする手法として、また、各種探索問題などへの最適化手法として、多岐に渡り用いられている。

本論文では、様々な生命体の振る舞いをボトムアップ的に計算機上で実現することで進化の過程をシミュレートし、生物の進化、種の分化、生態現象のメカニズムについて考察を行った。また、人工生命の工学分野での実用化を目的とし効率的な探索を可能とする手法について述べた。

第1章では、人工生命の応用分野である生物学分野と工学分野について研究の背景を紹介し、それぞれの応用分野における研究の目的について述べた。

第2章では、被食、捕食関係のある多種類の人工生命体を同フィールド上に存在させ、不安定な環境の中で進化および淘汰を繰り返し自己適応させる人工生命モデルを提案した。エージェントの行動戦略には n -BDD を採用し、 n -BDD の交叉演算子として BDD の APPLY 演算を拡張した APPLY 交叉を提案し用いた。ここでは、環境の中で他の個体と相互に干渉させながら生態系全体で安定した食物連鎖関係を創発した。

第3章では、人工生命体が自身の持つ生態形質や環境に順応して生態を進化・分化させるモデルを提案し計算機上に実装した。エージェントの行動戦略には n -BDD を採用し、 n -BDD の交叉演算子として変数順序の異なる個体どうしの交叉を可能とした Flexible APPLY 交叉を提案し実装した。Flexible APPLY 交叉を用いることで、人工生命体における変数順序の異なる 2 エージェントの交配が可能となり、生命体が進化の過程において与えられた環境から生命を維持するために必要な行動戦略として採るべき判断条件とその優先順位を動的に獲得するメカニズムが与えられた。

第4章では、遺伝子とミームを持つ性選択モデルに、同調遺伝子を導入したモデル

を提案した．エージェントの持つ遺伝子とミームはそれぞれ配偶者選択の決定要素となる形質と嗜好で構成され，同調行動として模倣行動を，非同調行動として独創行動を行うことでミームを書き換えることとした．実験の結果，同調・非同調エージェントのメスト，同調エージェントのオスが共存することで，配偶者選択における嗜好の循環型流行に似た現象の発現を多く確認した．

第5章では，遺伝子とミームを持つ配偶者選択モデルに，個々のエージェントの価値観に相当する同調化欲求遺伝子を導入したモデルを新たに提案した．同調化欲求遺伝子により一部の動物が持つと考えられる同調化欲求および差別化欲求を併せ持つエージェントを表現した．さらに，エージェントは自らの持つ同調化欲求遺伝子と環境から知覚した局所普及率により同調化行動または差別化行動を行うようモデル化した．実験を行った結果，2種類の循環型流行の発現を確認した．各行動にかかるエネルギーが高い嗜好には安定したブームのような流行現象が，かかるエネルギーの低い嗜好においては急激に普及し衰退するクレイズのような流行現象が多く確認された．

第6章では，実数値遺伝的アルゴリズムにおいて，限られた生成子個体数での効率的な探索を行うモデルを目指し動的多段交叉を提案した．動的多段交叉は，エリート個体を用いて交叉を段階的に行うことで進化を促し，その段数を探索過程に応じて動的に変化させる交叉法である．動的多段交叉を代表的な世代交代モデルに適用することで，最良個体の進化を促しつつ集団の多様性を維持できるモデルを実現した．様々な性質を持つ関数最適化問題および実問題による評価実験を行った結果，全ての実験において従来手法より早く最適解を獲得できたことを確認した．

以上をまとめると，本研究では人工生命の生物学的応用として，まず人工生命手法である n -BDD の APPLY 交叉と Flexible APPLY 交叉を提案した．さらに，これらの手法を用いていくつかの人工生命モデルを提案した．交配による進化モデルを肉食・草食動物の振舞いに，同所的種分化モデルを渡り鳥と留鳥の振舞いに，性選択モデルをカタジロクロシトドの振舞いに具体化することで，計算機上での人工生命体の挙動を実際の現象やデータと比較・検証することができた．これらの具体例は，地球上に存在する数多くの生命体の振舞いの一部に過ぎないが，提案した人工生命体の表現方法や進化モデルは他の生命体にも応用可能である．本研究を通し，今後未だ解明されていない数多くの生命現象のメカニズム解明の一助となることを期待する．

人工生命の工学的応用を考えたとき，各種探索問題では実際の評価に膨大な時間を必要とするものが多い．実評価に必要とする時間が大きい問題になるほど，本研究に

よる探索効率化の効果が大きくでると考えられる．一方で，実問題ではその解空間は未知であり，本研究で示した問題以外の全ての問題に対しても提案手法が有効であるとは言い難い．これは進化的計算手法の全般的な問題点でもあり，本研究においてベンチマーク問題で提案手法の有効性が確認できたことは，他の未知の問題の早期解決のために少なからず期待ができるものと考えられる．また，本研究にて提案した手法は，これまでに提案されている様々な世代交代モデルや遺伝的手法などと相反するものではなく，その構造が単純であるがゆえに他手法と組み合わせて使用することが容易であり，それにより今後さらなる効果が期待できる．

また，第4章にて紹介した文化伝達子（ミーム）を用いた進化モデルについては，文化伝播・流行モデルとして社会学分野に応用も可能であり，また，生命体の心の状態を同調化欲求遺伝子として表現した第5章の進化モデルについては心理学分野とも関連する．今後は，人工生命の生物学的応用と工学的応用に加え，社会的応用や心理学的応用への可能性についても議論していきたい[120][134]．このように，人工生命を様々な応用分野に適用していくことで，さらに影響を与え合いながら相互に発展していくことを願う．

現在，地球は都市化に伴う公害や環境問題，地球温暖化など様々な問題に直面している．また，なんらかの原因で，地球上に存在する生命体には絶滅の危機に瀕しているものも少なくない．それらの原因を探るためにも，計算機上で仮想空間を再現することのできる人工生命は，人間を含めた地球上の生命体が生存していくために欠かせない重要な手段になると考える．

付 録 A

シンプレクス交叉 (SPX)

SPX は親個体によって張られる単体に相似な単体内に一様分布に従って子個体を生成する。以下に、 n 次元のSPXのアルゴリズムを示す。

- (1) $(n + 1)$ 個の親を x^0, \dots, x^n とする
- (2) 親の重心を $g = (1/(n + 1)) \sum_i x^i$ とする
- (3) $c^0 = o, p^0 = g + \alpha(x^0 - g)$ とする
- (4) c^k, p^k を $k = 1, \dots, n$ について次式で求める

$$p^k = g + \alpha(x^k - g) \quad (\text{A.1})$$

$$c^k = r_{k-1}(p^{k-1} - p^k + c^{k-1}) \quad (\text{A.2})$$

α は正の定数であり、 r_k は区間 $[0, 1]$ 内の一様乱数 $u(0, 1)$ から以下の式で変換された乱数である

$$r_k = (u(0, 1))^{\frac{1}{k+1}} \quad (\text{A.3})$$

- (5) 子 x^c を次式で得る

$$x^c = p^n + c^n \quad (\text{A.4})$$

α の値の推奨値は $\alpha = \sqrt{n + 2}$ である。

付録B

SRM制御パラメータ最適化問題

本問題は、電源仕様の制約の下、指定された回転数とトルクを低損失・低速度脈動で実現する Switched Reluctance Motor(SRM) の最適制御パラメータを探索する問題である。探索対象とする制御パラメータは、SRMの電圧制御パラメータであるパルス幅変調時間指令 T^* 、順電圧印加開始角 θ_0 、逆電圧印加開始角 θ_c である。各パラメータの探索範囲および間隔を表 B.1 に示す。

表 B.1: 制御パラメータの探索範囲と間隔。

	探索範囲	間隔
パルス幅変調時間指令 $T^*[\mu sec]$	0.00~42.5	0.18
順電圧印加開始角 $\theta_0[deg]$	22.50~28.10	0.09
逆電圧印加開始角 $\theta_c[deg]$	37.50~43.10	0.09

設計変数間には依存関係があり、大域的に単峰性、最適値付近に多数の局所解が存在する多峰性の解空間を持つ。本問題の最高適応度値は 1.711504 である。

B.1 適応度計算

本問題の適応度は、次式で与えられる。

$$F(T^*, \theta_0, \theta_c) = \frac{(\tau/I^2)}{(\tau/I^2)_{max}} + \frac{(\omega_{rip})_{min}}{(\omega_{rip})} \quad (B.1)$$

ここで、 τ は平均トルク、 I は巻線電流実効値、 $(\tau/I^2)_{max}$ 、 $(\omega_{rip})_{min}$ はそれぞれ現世代数までの最大トルク/アンペア²比、最小速度脈動率である。これより適応度が正に大きいほど優秀な個体とされる。適応度計算は、生成された制御パラメータの組み合

わせ $(T^*, \theta_0, \theta_c)$ をもとに, SRM の性能評価ツール [77] により算出された瞬時電流波形 $i(\theta)$, 瞬時トルク波形 $\tau(\theta)$ から, τ, I, ω_{rip} を算出して行っている. τ, I, ω_{rip} の算出手法など, 詳細については文献 [77][78] を参照されたい.

付録C

ロトカボルテラ (Lotka-Volterra) 系

Lotka-Volterra が提唱したモデルは以下のとおりである [89] . a, b, c, d をともに正の定数とし , $N_1(t)$ を t における被食者の数 , $N_2(t)$ を t における捕食者の数としたとき

$$dN_1(t)/dt = aN_1(t) - bN_1(t)N_2(t) \quad (\text{C.1})$$

$$dN_2(t)/dt = cN_2(t) - dN_1(t)N_2(t) \quad (\text{C.2})$$

という関係が成り立つ . 式 (C.1) の右辺第 1 項は被食者の増加 , 第 2 項は捕食者との遭遇による死亡 , 式 (C.2) の右辺第 1 項は捕食者の自然死亡 , 第 2 項は被食者を捕食することによる増加を表している . これをまとめたのが図 C.1 である . 上記の式が成り立つ環境では , この図のような個体数の変化が周期的に現れる [135] .

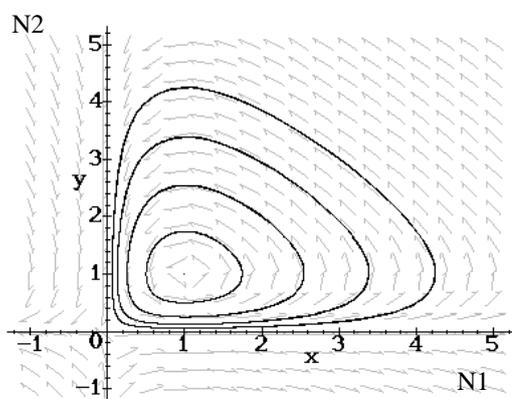


図 C.1: ロトカボルテラ系の個体数変動の例 .

付録D

関数最適化問題

一般に，最適化問題は，「目的関数

$$f(x_1, x_2, \dots, x_n) \tag{D.1}$$

を制約条件

$$(x_1, x_2, \dots, x_n) \in S \subset X \tag{D.2}$$

のもとで最小にする解を求めよ」と定式化されている．ここで $f(x_1, x_2, \dots, x_n)$ は，基本空間 X の変数 $x = (x_1, x_2, \dots, x_n) \in X$ のすべての有限な値に対して定義される実数値関数である．また， S は，決定変数 x に対する基本空間 X の部分集合で，制約条件を満たす x の集合を表し，実行可能領域という．さらに，すべての制約条件を満たす x を実行可能解といい，目的関数を最小にするような実行可能解を最適解という．ここでは，このような最適化問題を簡単に

$$\left. \begin{array}{l} \min_x f(x) \\ \text{Subject to } x \in S \subset X \end{array} \right\} \tag{D.3}$$

と書き表すことにする．最大化問題に対しては，目的関数に (-1) を掛けて最小化問題に変換できるので，最適化手法では，最小化問題のみを取り扱うことにしても一般性を損なうことはない． X あるいは S が離散集合のような組合せ的構造をしているとき，式 (D.3) は組合せ最適化問題といい，厳密な最適解を求めることが困難であり，高度な近似アルゴリズムの出現が望まれてきている [136]．

したがって，遺伝的アルゴリズムの最適化手法としての期待は，式 (D.3) が大規模で多峰性を有する場合や，実行可能領域が離散集合である場合などへの高速近似解法にあると言える．ここでは，このような場合の中でも主として，次のような組合せ最適化問題を取り上げ，従来手法と提案手法との比較検討に用いることとする．

本論文では、第6章における評価のための標準関数として、Schwefel 1.2 関数、Rosenbrock 関数、Griewank 関数、Schwefel 関数、Rastrigin 関数を用いる。これらの関数は遺伝的アルゴリズムのベンチマークテストや他手法との定量的評価手段としてしばしば用いられる [137]。以下に各関数の定義と探索の定義域を示す [137]。表 D.1 は各関数の特徴をまとめたものである。

Schwefel 1.2 関数 式 (D.4) で表され、設計変数間の依存関係が強い。すべての設計変数の値が 0 のとき最小値 0 をとる。図 D.1 に関数の形状を示す。

$$f_{Schwefel1.2}(x_1, \dots, x_n) = \sum_{i=1}^n \left(\sum_{j=1}^i x_j \right)^2 \quad (D.4)$$

$$(-64 < x_i \leq 64)$$

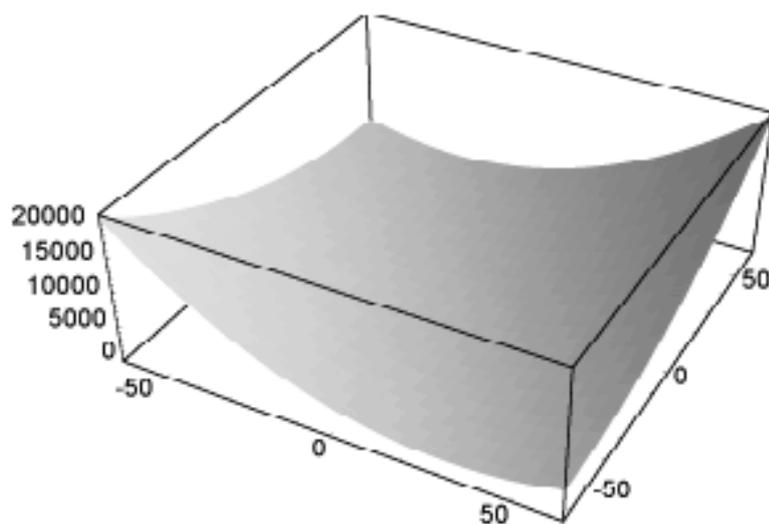


図 D.1: Schwefel 1.2 関数。

Rosenbrock 関数 式 (D.5) で表される関数で、設計変数間の依存関係が強い。すべての設計変数の値が 0 のとき最小値 0 をとる。図 D.2 に関数の形状を示す。

$$f_{Rosenbrock}(x_1, \dots, x_n) = \sum_{i=1}^{n-1} [100(x_{i+1} - x_i^2)^2 + (1 - x_i)^2] \quad (D.5)$$

$$(-2.048 < x_i \leq 2.048).$$

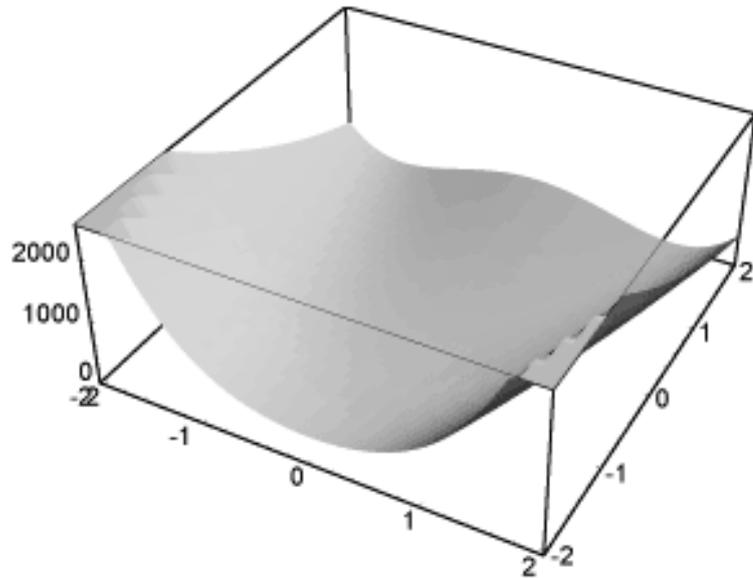


図 D.2: Rosenbrock 関数 .

Griewank 関数 式 (D.6) で表され, 大域的には単峰性で設計変数間の依存関係が弱く, 局所的には多峰性で設計変数間の依存関係が強い. すべての設計変数の値が 0 のとき最小値 0 をとる. 図 D.3 に関数の形状を示す.

$$f_{Griewank}(x_1, \dots, x_n) = 1 + \sum_{i=1}^n \frac{x_i^2}{4000} - \prod_{i=1}^n \left(\cos\left(\frac{x_i}{\sqrt{i}}\right) \right) \quad (D.6)$$

$$(-512 < x_i \leq 512)$$

Schwefel 関数 式 (D.7) で表され, 設計変数間に依存関係がない. すべての設計変数の値が 421 のとき最小値 $418.98276403 \times$ 設計変数の数をとる. 本論文では, 式 (D.7) から $418.98276403 \times$ 設計変数の数を減算することにより最小値が 0 となるように調整した関数を Schwefel 関数として用いた. 図 D.4 に関数の形状を示す.

$$f_{Schwefel}(x_1, \dots, x_n) = \sum_{i=1}^n -x_i \sin(\sqrt{|x_i|}) \quad (D.7)$$

$$(-512 < x_i \leq 512)$$

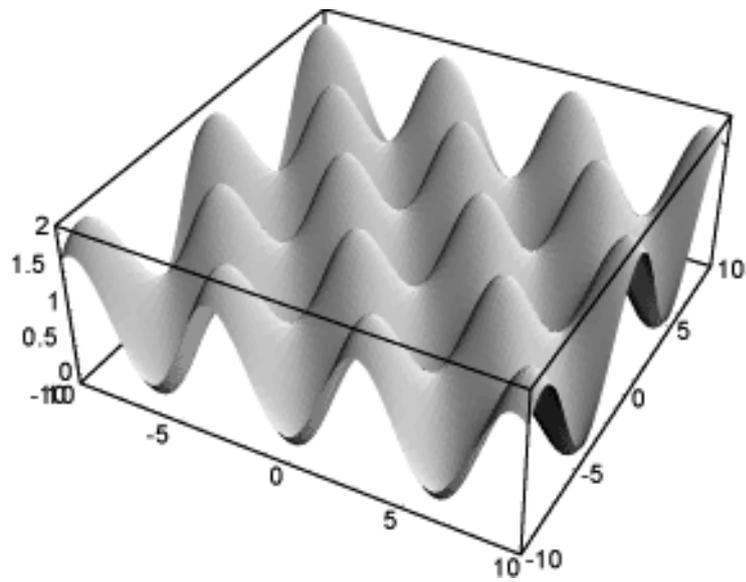


図 D.3: Griewank 関数 .

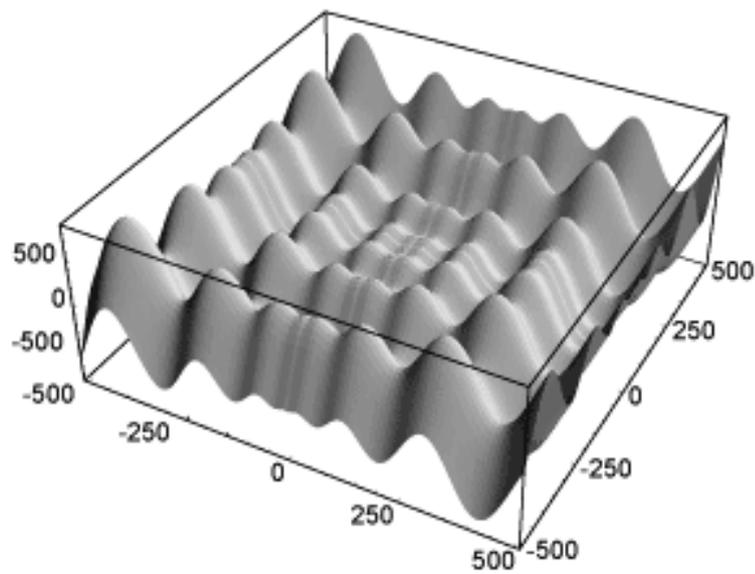


図 D.4: Schwefel 関数 .

Rastrigin 関数 式 (D.8) で表される関数で、設計変数間に依存関係がない。すべての設計変数の値が 0 のとき最小値 0 をとり、その周辺に格子状に複数の準最適解

表 D.1: テスト関数の特徴 .

function name	modality	epistasis
Schwefel 1.2	unimodal	high
Rosenbrock	unimodal	high
Griewank	multimodal	medium
Schwefel	multimodal	nothing
Rastrigin	multimodal	nothing

を持つ . 図 D.5 に関数の形状を示す .

$$f_{Rastrigin}(x_1, \dots, x_n) = 10n + \sum_{i=1}^n (x_i^2 - 10\cos(2\pi x_i)) \quad (\text{D.8})$$

$$(-5.12 < x_i \leq 5.12)$$

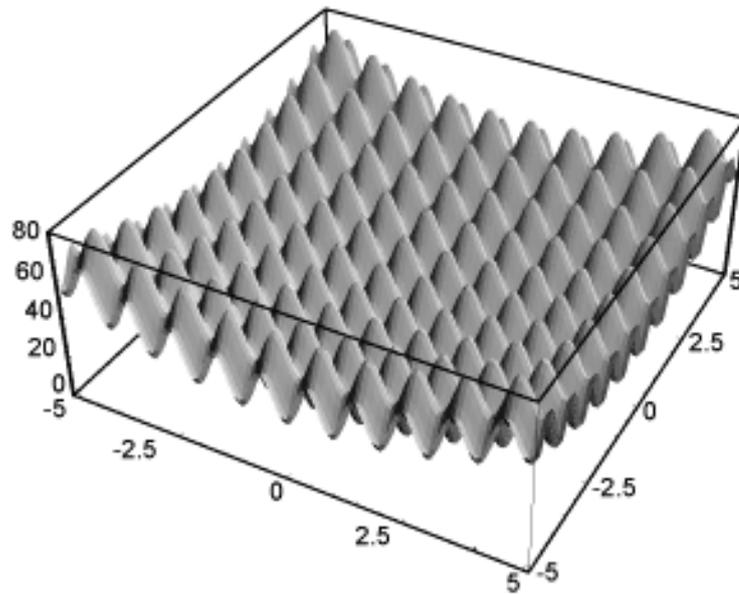


図 D.5: Rastrigin 関数 .

謝辞

本研究は、著者が名古屋工業大学工学部知能情報システム学科在学中および同大学在職中に、同大学大学院工学研究科情報工学専攻 伊藤英則教授の指導のもとに行なったものである。

伊藤英則教授には、本研究の機会を与えていただき、また、本研究の遂行に関して終始適切なお指導をいただいた。先生からは研究室配属の当初より現在に至るまで、様々な相談にのっていただき、常に大きな支えとなっていた。先生のご指導なくしては本論文は完成しなかった。ここに心より感謝の意を表する。

高橋直久教授には、副査として本論文の内容に対して異なる視点からの大変有益なお助言をいただいた。先生のご指導がなければ現在の論文にはならなかった。ここに深く感謝の意を表する。

犬塚信博教授には、副査として本論文の内容に対して大変有益なお助言をいただいた。先生からは著者の在学中より研究への取り組み方など、研究活動を行う上での基礎について多くのことを教えていただいた。特に、第2章については先生のご指導がなければ完成しなかった。ここに深く感謝の意を表する。

加藤昇平准教授には、副査として本論文の細部にわたりご指導をいただいた。また、本研究に関して、常日頃より多くの大変有益なお助言をいただいた。先生のご指導がなければ本論文の研究成果はなかった。ここに深く感謝の意を表する。

中村剛士准教授には、常日頃より多くの大変有益なお助言をいただいた。先生からは研究活動に関する様々な相談にのっていただき、本研究を進めるにあたっての心強い支えとなっていた。ここに深く感謝の意を表する。

中京大学情報理工学部機械情報工学科 加納政芳講師には、本研究を進めるにあたり適切なお助言をいただいた。特に、第4章、第5章については先生のご指導がなければ完成しなかった。ここに深く感謝の意を表する。

松井信行研究室の方々には、Switched Reluctance Motor に関する実験資料を提供し

ていただくとともに有益なご助言をいただいた．ここに感謝の意を表する．

また，本研究に関して熱心にご討論いただいた伊藤英則研究室の方々，特に，沢田高政氏，大星多聞氏，徳原信哉氏に深く感謝する．

最後に，著者が本研究をすすめるにあたり常に暖かく見守り続けてくれた家族に感謝する．

参考文献

- [1] C.G.Langton: *Artificial Life*, Addison Wesley (1989).
- [2] 人工生命研究会: 人工生命-情報と生命とCGの交差点, 共立出版 (1994).
- [3] 服部桂: 人工生命の世界, オーム社 (1994).
- [4] 星野力: 人工生命の夢を悩み, 裳華房 (1994).
- [5] Holland, J. H.: *Adaptation in natural and artificial systems*, University of Michigan Press (1975).
- [6] Rechenberg, I.: *Evolutionsstrategie: Optimierung Technischer Systeme nach Prinzipien der biologischen Evolution*, Stuttgart: Frommann-Holzboog (1973).
- [7] Fogel, L. J., Owens, A. J. and Walsh, M. J.: *Artificial Intelligence Through Simulated Evolution*, John Wiley & Sons (1967).
- [8] Koza, J. R.: *Genetic Programming*, MIT Press (1991).
- [9] 柴田嵩徳, 福田敏男: 近未来の人工生命, 時事通信社 (1994).
- [10] 有田隆也: 人工生命モデルによる構成的研究の方法論, 人工知能学会誌, Vol. 24, No. 2, pp. 253-259 (2009).
- [11] 木下和絵, 鈴木利和, 犬塚信博, 伊藤英則: 選択-淘汰方法による協調的集団の進化的獲得, 第8回マルチエージェントと協調計算ワークショップ (1999).
- [12] 木下和絵, 武藤敦子, 中村剛士, 伊藤英則: 血縁淘汰による「種」の分化と利他行動の獲得, 情報処理学会研究報告「知能と複雑系」, No. 122, pp. 1-6 (2000).

- [13] Kinoshita, K., Mutoh, A., Nakamura, T., Inuzuka, N. and Itoh, H.: Evolution of a Foraging Model with Many Individuals by Kin-selection, *2nd Asia-Pacific Conference on IAT, Intelligent Agent Technology, World Scientific*, pp. 235–239 (2001).
- [14] 木下和絵, 武藤敦子, 中村剛士, 伊藤英則: 血縁淘汰による複数個体採餌モデルの進化, *情報処理学会論文誌*, Vol. 42, No. 11, pp. 2672–2680 (2001).
- [15] Kinoshita, K., Mutoh, A., Nakamura, T. and Itoh, H.: Evolution of Foraging Model with Migration and KinSelection, *IASTED International Conference ARTIFICIAL AND COMPUTATIONAL INTELLIGENCE*, pp. 294–299 (2002).
- [16] Naing, T. T., Mutoh, A., Inuzuka, N. and Itoh, H.: A framework in Which Rational Agents Yield Communal Profit, *2nd Asia-Pacific Conference on Genetic Algorithms and Applications*, pp. 350–358 (2000).
- [17] Naing, T. T., He, L., Mutoh, A., Nakamura, T. and Itoh, H.: EVOLUTIONARY BEHAVIORS OF COMPETITIVE AGENTS IN DILEMMA SITUATION, *2nd Asia-Pacific Conference on IAT, Intelligent Agent Technology*, pp. 170–179 (2001).
- [18] Moriwaki, K., Inuzuka, N., Yamada, M., Itoh, K., Seki, H. and Itoh, H.: Self adaptation of Agent's Behavior using GA with n -BDD, *5th IEEE International Workshop on Robot and Human Communication, Tsukuba Japan*, pp. 96–101 (1996).
- [19] Moriwaki, K., Inuzuka, N., Yamada, M., Seki, H. and Itoh, H.: A Genetic Method for Evolutionary Agents in a Competitive Environment, *Soft Computing in Engineering Design and Manufacturing*, pp. 153–162 (1997).
- [20] 森脇康介, 横井大祐, 犬塚信博, 伊藤英則: 遺伝的プログラミング技法を用いた多出力二分決定グラフの進化—食物連鎖におけるマルチエージェントの進化シミュレーション—, *人工知能学会論文誌*, Vol. 14, No. 3, pp. 477–484 (1999).
- [21] Mutoh, A., Oono, S., Moriwaki, K., Nakamura, T., Inuzuka, N. and Itoh, H.: A Crossover for an Evolutionary Method Using an Extended Binary Decision

- Diagram, *Proc. 7th European Congress on Intelligent Techniques and Soft Computing, Germany, on CD-ROM* (1999).
- [22] 武藤敦子, 犬塚信博, 伊藤英則: 多出力二分決定グラフの APPLY 交叉を用いた交配モデルの提案, 第 20 回システム工学部会研究会「人工生命の新しい潮流」, pp. 29–34 (2001).
- [23] 武藤敦子, 大野典, 森脇康介, 犬塚信博, 伊藤英則: 多出力二分決定グラフの APPLY 交叉を用いた食物連鎖モデル, 電気学会論文誌 C 電子情報システム部門誌, Vol. 121, No. 2, pp. 423–429 (2001).
- [24] 大星多聞, 武藤敦子, 加藤昇平, 伊藤英則: 外敵遭遇時における魚群の行動特性-進化計算を用いた群行動のシミュレーションモデル-, 第 53 回形の科学シンポジウム予稿, 形の科学会誌, Vol. 17, No. 1, pp. 40–41 (2002).
- [25] Oboshi, T., Mutoh, A., Kato, S. and Itoh, H.: A Simulation Study on the Fish Schooling for Escape from Predator, *Journal of Forma*, Vol. 18, pp. 119–131 (2003).
- [26] 大星多聞, 武藤敦子, 中村剛士, 加藤昇平, 伊藤英則: 外敵からの回避を考慮した群行動のシミュレーション, 情報処理学会第 64 回全国大会論文集, Vol. 2, pp. 179–180 (2002).
- [27] Oboshi, T., Mutoh, A., Kato, S. and Itoh, H.: Effectiveness of strays on ability of fish school to escape from predator, *7th Asia-Pacific Conference on Complex Systems*, pp. 217–227 (2004).
- [28] Oboshi, T., Mutoh, A., Kato, S. and Itoh, H.: Collective or Scattering: Evolving Schooling Behaviors to Escape from Predator, *The 8th International Conference on the Simulation and Synthesis of Living Systems, Artificial Life VIII*, pp. 386–389 (2002).
- [29] Akers, S. B.: Binary Decision Diagrams, *IEEE Trans. Comput.*, pp. 509–516 (1978).

- [30] 秦愛, 武藤敦子, 加藤昇平, 伊藤英則: 鳥の歌獲得のための後天的形質を考慮した進化エージェントモデル, 情報処理学会第 69 回全国大会論文集 (大会奨励賞授賞論文), Vol. 2, pp. 501–502 (2007).
- [31] 森智彦, 有田隆也: 遺伝子とミームの共進化に関する複雑系アプローチ, 第 30 回知能システムシンポジウム資料, pp. 25–30 (2003).
- [32] 徳原信哉, 武藤敦子, 加藤昇平, 伊藤英則: 遺伝子とミームを用いた性選択モデルの一提案, 情報処理学会第 67 回全国大会論文集, Vol. 2, pp. 345–346 (2005).
- [33] Dawkins, R.: *The Selfish Gene*, Oxford University Press (1989).
- [34] 水野雄介, 加藤昇平, 武藤敦子, 伊藤英則: ミームによる文化形成, 伝達のシミュレーション, 情報処理学会第 65 回全国大会論文集, Vol. 2, pp. 371–372 (2003).
- [35] Mizuno, Y., Mutoh, A., Kato, S. and Itoh, H.: A Behavioral Model Based on Meme and Qualia for Multi-agent Social Behavior, *19th International Conference on Advanced Information Networking and Applications*, Vol. 2, pp. 181–184 (2005).
- [36] 武藤敦子, 山田憲明, 加藤昇平, 中村剛士, 伊藤英則: 知識蓄積による技術文化嗜好の進化・伝播モデルの提案, 第 1 回国際シンポジウム「日本の技術革新-経験蓄積と知識基盤化-」論文集, pp. 23–24 (2006).
- [37] Dieckmann, U. and Doebeli, M.: On the origin of species by sympatric speciation, *Nature*, Vol. 400, pp. 354–357 (1999).
- [38] 河田雅圭: 種分化機構の解明と生物多様性進化, 日本進化学会ニュース, Vol. 3, No. 2, pp. 14–18 (2003).
- [39] Savolainen, V. and et al.: Sympatric speciation in palms on an oceanic island, *Nature*, Vol. 441, pp. 210–213 (2006).
- [40] Barluenga, M., Stolting, K. N., Salzburger, W., Muschick, M. and Meyer, A.: Sympatric speciation in Nicaraguan crater lake cichlid fish, *Nature*, Vol. 439, pp. 719–723 (2006).

- [41] Kawata, M. and Yoshimura, J.: Speciation by sexual selection in hybridizing populations without viability selection, *Evolutionary Ecology Research*, Vol. 2, pp. 897–909 (2000).
- [42] Clement, R.: Visualizing Speciation in Artificial Cichlid Fish, *Artificial Life*, Vol. 12, No. 2, pp. 243–257 (2006).
- [43] Kaneko, K. and Yomo, T.: Sympatric Speciation from Interaction-induced Phenotype Differentiation, *Artificial Life VII*, pp. 113–121 (2000).
- [44] Kirkpatrick, M.: Sexual Selection and the Evolution of Female Choice, *Evolution*, Vol. 36, pp. 1–12 (1982).
- [45] Collins, R. J. and Jefferson, D. R.: The Evolution of Sexual Selection and Female Choice, *Proc. of the First European Conference on Artificial Life*, pp. 327–336 (1992).
- [46] 長谷川真理子, 河田雅圭, 辻和希, 田中嘉成, 佐々木顕, 長谷川寿一: 行動・生態の進化 (シリーズ進化学 (6)), 岩波書店 (2006).
- [47] Lerena, P.: Sexual Preferences: Dimension and Complexity, *Proceedings of the Sixth International Conference of The Society for Adaptive Behavior*, pp. 395–404 (2000).
- [48] Uy, J. A. C. and Borgia, G.: SEXUAL SELECTION DRIVES RAPID DIVERGENCE IN BOWERBIRD DISPLAY TRAITS, *Evolution*, pp. 273–278 (2000).
- [49] Ihara, Y., Aoki, K. and Feldman, M. W.: Runaway sexual selection with paternal transmission of the male trait and gene-culture determination of the female preference, *Theoretical Population Biology*, Vol. 63, pp. 53–62 (2003).
- [50] 武藤敦子: 学習に基づいた配偶者選択モデルの提案と生態系シミュレーションへの実装, 人間行動進化学研究会第3回研究発表会資料, p. 14 (2001).
- [51] Mutoh, A., Nakamura, T. and Itoh, H.: An Evolutionary Method of an Extended Binary Decision Diagram using Fitness Prediction, *International Conference on*

- Parallel and Distributed Processing Techniques and Applications(PDPTA 2001)*, pp. 1265–1270 (2001).
- [52] 武藤敦子, 中村剛士, 伊藤英則: 生態系シミュレーションにおける学習に基づいた配偶者選択モデルの提案, 情報処理学会第 64 回全国大会論文集, Vol. 2, pp. 183–184 (2002).
- [53] 安居院猛, 長尾智晴: ジェネティックアルゴリズム, 昭晃堂 (1996).
- [54] 武藤敦子, 中村剛士, 加藤昇平, 伊藤英則: 遺伝的アルゴリズムにおける適応度予測を用いた交叉手法の一提案, 情報処理学会第 65 回全国大会論文集, Vol. 2, pp. 125–126 (2003).
- [55] Mutoh, A., Nakamura, T. and Itoh, H.: A Proposal of an Efficient Crossover using Fitness Prediction and its Application to the Distributed Genetic Algorithm, *The 16th Australian Joint Conference on Artificial Intelligence(AI 2003)*, *Advances in Artificial Intelligence, LNAI 2903*, pp. 112–124 (2003).
- [56] Mutoh, A., Nakamura, T. and Itoh, H.: Reducing execution time on Genetic Algorithm in real-world applications using Fitness Prediction -Parameter Optimization of SRM Control-, *The 2003 IEEE Congress on Evolutionary Computation(CEC 2003)*, pp. 552–559 (2003).
- [57] Mutoh, A., Nakamura, T., Kato, S. and Itoh, H.: Efficient Alternative Fitness Evaluation Method for Real-coded Genetic Algorithms, *5th International Conference on Recent Advances in Soft Computing(RASC 2004)*, pp. 294–299 (2004).
- [58] Takahashi, O., Kita, H. and Kobayashi, S.: A Distance Dependent Alternation Model on Real-Coded Genetic Algorithms, *IEEE International Conference on Systems, Man and Cybernetics*, pp. 619–624 (1999).
- [59] 高橋治, 小林重信: 距離情報を活用する世代交代モデルを用いた実数値 GA による高次多峰関数の最適化, 第 27 回知能システムシンポジウム, pp. 1390–144 (2000).

- [60] Takahashi, O., Kimura, S. and Kobayashi, S.: An Adaptive Neighboring Search Using Crossover-Like Mutation For Multimodal Function Optimization, *IEEE International Conference on Systems, Man and Cybernetics*, pp. 261–267 (2001).
- [61] 高橋治, 木村周平, 小林重信: 交叉的突然変異による適応的近傍探索 -騙しのある多峰性関数の最適化-, *人工知能学会誌*, Vol. 16, No. 2, pp. 175–184 (2001).
- [62] Tamura, K., Mutoh, A., Nakamura, T. and Itoh, H.: Linear Genetic Programming with Virus Individuals, *2nd International Conference on Software Engineering, Artificial Intelligence, Networking & Parallel/Distributed Computing(SNPD'01)*, pp. 936–941 (2001).
- [63] Tamura, K., Mutoh, A., Kato, S. and Itoh, H.: Genetic Algorithm Adopting Selective Virus Infection, *IASTED International Conference ARTIFICIAL AND COMPUTATIONAL INTELLIGENCE*, pp. 289–293 (2002).
- [64] 田村謙次, 武藤敦子, 中村剛士, 伊藤英則: 線形表現を用いたウイルス進化型遺伝的プログラミング, *電気学会論文誌C電子情報システム部門誌*, Vol. 126, No. 7, pp. 913–918 (2006).
- [65] 田村謙次, 鳥居隆司, 武藤敦子, 中村剛士, 加藤昇平, 伊藤英則: ウイルス進化型遺伝的アルゴリズムにおける感染手法による個体進化の相違に関する一考察, *日本知能情報ファジィ学会誌*, Vol. 20, No. 25, pp. 791–799 (2008).
- [66] 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).
- [67] 樋口隆英, 筒井茂義, 山村雅幸: 実数値 GA におけるシンプレクス交叉の提案, *人工知能学会誌*, Vol. 16, No. 1, pp. 147–155 (2001).
- [68] Kita, H., Ono, I. and Kobayashi, S.: Multi-parental Extension of the Unimodal Normal Distribution Crossover for Real-coded Genetic Algorithms, *Proceedings of the Congress on Evolutionary Computation*, pp. 1581–1588 (1999).
- [69] 喜多一, 小野功, 小林重信: 実数値 GA における交叉の設計指針について, 第42回システム制御情報学会研究発表講演会, pp. 9–10 (1998).

- [70] Ono, I. and Kobayashi, S.: A Real-Coded Genetic Algorithms for Function Optimization Using Unimodal Normal Distribution Crossover, *Proceedings of the 7th International Conference on Genetic Algorithms*, pp. 246–253 (1997).
- [71] 小野功, 佐藤浩, 小林重信: 単峰性正規分布交叉 UNDX を用いた実数値 GA による関数最適化, *人工知能学会誌*, Vol. 14, No. 6, pp. 1146–1155 (1999).
- [72] Higuchi, T., Tsutsui, S. and Yamamura, M.: Theoretical Analysis of Simplex Crossover for Real-Coded Genetic Algorithms, *Proceedings of the 4th conference on Parallel Problem Solving from Nature 6*, pp. 365–374 (2000).
- [73] 小野功, 山村雅幸, 喜多一: 実数値 GA とその応用, *人工知能学会誌*, Vol. 15, No. 2, pp. 259–266 (2000).
- [74] K.S.Tang, K.F.Man and D.W.Gu: Structured Genetic Algorithm for Robust H_∞ Control Systems Design, *IEEE Trans. on Industrial Electronics*, Vol. 43, No. 5, pp. 575–582 (1996).
- [75] K.Ito, M.Iwasaki and Matsui, N.: GA-Based Practical Compensator Design for a Motion Control System, *IEEE Trans. on Mechatronics*, Vol. 6, No. 2, pp. 143–148 (2001).
- [76] 伊藤和晃, 岩崎誠, 松井信行: 既約分解表現に 2 自由度位置決め GA による自立設計, *電気学会論文誌産業応用部門誌*, Vol. 124, No. 1, pp. 69–76 (2002).
- [77] 雪吹晋吾, 小坂卓, 松井信行: 非線形運転特性解析と GA による SRM の最適制御パラメータ探索, 平 13 電気学会回転機研究会資料 RM01-51, pp. 13–18 (2001).
- [78] 加納善明, 雪吹晋吾, 小坂卓, 松井信行: SRM のコンピュータ援用設計用簡易運転特性評価法, *電気学会論文誌産業応用部門誌*, Vol. 123, No. 12, pp. 1422–1429 (2002).
- [79] 佐野千遥: 人工知能と人工生命, 日刊工業新聞社 (1994).
- [80] 武藤敦子, 中村剛士, 加藤昇平, 伊藤英則: 出生前淘汰による遺伝的アルゴリズムの効率化, *情報処理学会研究報告「数理モデル化と問題解決」*, No. 41, pp. 13–16 (2002).

- [81] Holland, J. H.: Properties of the Bucket Brigade, *Proceedings of an International Conference on Genetic Algorithms and their Applications, Carnegie-Mellon University, Pittsburg*, pp. 1–7 (1985).
- [82] Holland, J. H.: Escaping brittleness: The possibilities of general-purpose learning algorithms applied to parallel rule-based systems, *Machine learning: An artificial intelligence approach*, Vol. 2 (1986).
- [83] Takashina, T. and Watanabe, S.: Study of self adaptive behavior in quasi-ecosystem, *Proc. 3rd Parallel Computing Workshop, Kawasaki Japan* (1994).
- [84] Takashina, T., Yoriki, K. and Watanabe, S.: Strategical Diversity and Self Adaptive Behavior in Quasi-Ecosystem, 第6回並列人工知能研究会, SIG-PPAI-9403 (1995).
- [85] Deb, K. and Goldberg, D. E.: An investigation of niche and species formation in genetic function optimization, *Proceedings of the 3rd International Conference on Genetic Algorithms*, pp. 42–50 (1989).
- [86] Eshelman, L. J.: The CHC adaptive search algorithm: How to have safe search when engaging in nontraditional genetic recombination, *Foundations of Genetic Algorithms*, pp. 265–283 (1991).
- [87] Hillis, W. D.: Co-Evolving Parasites Improve Simulated Evolution as an Optimization Procedure, *ARTIFICIAL LIFE II, Santa Fe Institute*, pp. 313–324 (1990).
- [88] Bryant, R. E.: Graph-Based Algorithms for Boolean Function Manipulation, *IEEE Trans. Comput.*, pp. 677–691 (1986).
- [89] Haberman, R.: *Mathematical Models : Population Dynamics*, PRENTICE. (1977).
- [90] 高見敦司, 武藤敦子, 中村剛士, 伊藤英則: 季節変化を伴う食物連鎖シミュレーションにおける生存戦略の発現, *情報処理学会第62回全国大会論文集*, Vol. 2, pp. 43–44 (2001).

- [91] Coyne, J. A. and Orr, H. A.: *SPECIATION*, Sinauer Associates (2004).
- [92] Mutoh, A., Oono, S., Moriwaki, K., Nakamura, T., Inuzuka, N. and Itoh, H.: An Evolutionary Method Using Crossover in a Food Chain Simulation, *Lecture Notes in Artificial Intelligence*, Vol. 1674, pp. 89–93 (1999).
- [93] Sawada, T., Mutoh, A., Kato, S. and Itoh, H.: A Model of Biological Differentiation in Adaptogenesis to the Environment, *Proceedings of the Eighth International Conference on Artificial Life*, pp. 93–96 (2002).
- [94] 沢田高政, 武藤敦子, 加藤昇平, 伊藤英則: 環境順応進化における生態の分化モデルの一提案, 人工知能学会第16回全国大会論文集, 3AI-08, on CD-ROM (2002).
- [95] 沢田高政, 武藤敦子, 加藤昇平, 伊藤英則: 大域的環境変動に順応して進化する人工生命体のモデルとその解析, 人工知能学会第18回全国大会論文集, 2H4-02, on CD-ROM (2004).
- [96] 武藤敦子, 沢田高政, 加藤昇平, 伊藤英則: 多出力二分決定グラフのFlexible APPLY 交叉を用いた生態分化モデル, 日本知能情報ファジィ学会誌, Vol. 21, No. 2, pp. 236–246 (2009).
- [97] 梶田学: 日本列島で繁殖するウグイス *Cettia diphone* に見られる翼形地理変異, 日本鳥学会 2006 年度大会講演要旨集 (2006).
- [98] Asch, S.: Effects of Group Pressure upon the Modification and Distortion of Judgements, *Leadership and Men*, pp. 177–190 (1951).
- [99] Latane, B. and Wolf, S.: The Social Impact of Majorities and Minorities, *Psychological Review*, Vol. 88, pp. 438–453 (1981).
- [100] Nowak, A., Szamrej, J. and Latane, B.: From Private Attitude to Public Opinion: A Dynamic Theory of Social Impact, *Psychological Review*, Vol. 97, pp. 362–376 (1990).
- [101] Latane, B. and L’Herrou, T.: Spatial Clustering in the Conformity Game: Dynamic Social Impact in Electronic Groups, *Journal of Personality and Social Psychology*, Vol. 70, pp. 1218–1230 (1996).

- [102] 俵啓介, 有田隆也: 性選択における多数派同調バイアスに関する人工生命モデル, 第30回知能システムシンポジウム, pp. 31–36 (2003).
- [103] Simmel, G.: *On Individuality and Social Forms* (1971).
- [104] S. Fujii, Z. W. and Nakamori, Y.: Analysis for Fashion Emergence by Agent-based Simulation, *The Second International Workshop on Agent-based Approaches in Economic and Social Complex System* (2002).
- [105] 中井豊: 人工社会における循環型流行現象のシミュレーション実験, 理論と方法, Vol. 15, No. 2, pp. 345–358 (2000).
- [106] Chaine, A. and Lyon, B.: Adaptive Plasticity in Female Mate Choice Dampens Sexual Selection on Male Ornaments in the Lark Bunting, *The Weekly Journal of the American Association for the Advancement of Science*, Vol. 319, No. 5862, pp. 459–462 (2008).
- [107] Tokuhara, S., Mutoh, A., Kato, S. and Itoh, H.: A Sexual Selection Model with Genes and Memes, *Proc. of the 7th International Conference on Artificial Evolution(EA 2005), on CD-ROM* (2005).
- [108] Lipo, C. P., O'Brien, M. J., Collard, M. and Shennan, S. J.: Mapping Our Ancestors: Phylogenetic Approaches in Anthropology and Prehistory, *Transaction Publishers*, (2005).
- [109] 池内一: 心理学 II, 培風館 (1968).
- [110] Simmel, G.: Fashion, Vol. 62, No. 6, pp. 541–558 (1957).
- [111] 石井健一: 世論過程の閾値モデル-沈黙の螺旋状過程のフォーマライゼーション-, 理論と方法, Vol. 2, No. 1, pp. 15–28 (1987).
- [112] 中井豊: 人工社会における社会情報の伝達因子と循環型流行現象の関係, 社会情報学研究, Vol. 5, pp. 69–79 (2001).

- [113] 大星多聞, 徳原信哉, 武藤敦子, 加藤昇平, 加納政芳, 伊藤英則: 同調・非同調エージェントモデルによる流行発生シミュレーション, 第23回東海ファジィ研究会, pp. 11–17 (2007).
- [114] 武藤敦子, 徳原信哉, 加納政芳, 大星多聞, 加藤昇平, 伊藤英則: 同調遺伝子とミームを用いた性選択モデルにおける循環型流行の発現, 人工知能学会論文誌, Vol. 24, No. 2, pp. 214–222 (2007).
- [115] 武藤敦子, 加藤昇平, 伊藤英則: 同調・差別化欲求を持つエージェントモデルによる多種循環型流行の発現, 日本知能情報ファジィ学会誌, Vol. 21, No. 6, pp. 1035–1043 (2009).
- [116] Eshelman, L. J. and Schaffer, J. D.: Real-Coded Genetic Algorithms and Interval-Schemata, *Foundations of Genetic Algorithms*, Vol. 2, pp. 187–202 (1993).
- [117] 横山滋: 模倣の社会学, 丸善ライブラリー (1991).
- [118] 斎藤定良: 流行, Vol. 4, 現在社会心理学, 大衆現象の心理, 中山書店 (1959).
- [119] 中島純一: メディアと流行の心理, 金子書房 (1998).
- [120] 青木一善, 武藤敦子, 加藤昇平, 伊藤英則: 集団コミュニケーションにおける意見同調の効果, 人工知能学会第23回全国大会論文集, 2G2-4, on CD-ROM (2009).
- [121] 喜多一, 佐野泰仁: GAによる不確実な適応度関数の最適化, 人工知能学会誌, Vol. 18, No. 5, pp. 510–516 (2003).
- [122] 花木康, 橋山智訓, 大熊繁: 適応度の推論による進化的アルゴリズムの計算時間の短縮, 電気学会論文誌C電子情報システム部門誌, Vol. 120, No. 1, pp. 123–129 (2000).
- [123] 水田伯典, 三木光範, 廣安友之: 集中多段交叉を用いた並列分散遺伝的アルゴリズムによる離散的最適化問題の解法, 情報処理学会論文誌「数理モデル化と応用」, Vol. 41, No. 3, pp. 9–12 (2002).

- [124] 三木光範, 廣安友之, 勝崎俊樹, 水田伯典: 離散最適化のための大域的交叉メカニズムを持つ分散遺伝的アルゴリズム, 日本計算工学会論文集 (2004).
- [125] Yamada, T. and Ryohei, N.: Scheduling by Generic Local Search with Multi-Step Crossover, *Proceedings of the 4th conference on Parallel Problem Solving from Nature 4*, pp. 960–969 (1996).
- [126] Tanase, R.: Distributed genetic algorithms, *Proceedings of the 3rd International Conference on Genetic Algorithms, Control and Instrumentation*, pp. 434–439 (1989).
- [127] Ulder, B., Pesch, E., van Laarhoven, P., Bandelt, H. J. and Aarts, E.: Genetic Local Search Algorithm for the Traveling Salesman Problem, *Proc. of 1st PPSN*, pp. 109–116 (1994).
- [128] 片山謙吾, 成久洋之: 大規模な最大多様性問題に対する遺伝的局所探索, 情報処理学会論文誌「数理モデル化と応用」, Vol. 45, No. 2, pp. 99–109 (2004).
- [129] Mutoh, A., Kato, S. and Itoh, H.: Efficient Real-coded Genetic Algorithms with Flexible-Step Crossover, *The 2005 IEEE Congress on Evolutionary Computation(CEC 2005)*, pp. 1470–1476 (2005).
- [130] 武藤敦子, 加藤昇平, 伊藤英則: 探索過程を考慮に入れた動的多段交叉の提案, 情報処理学会第 67 回全国大会論文集, Vol. 2, pp. 91–92 (2005).
- [131] Mutoh, A., Tanahashi, F., Kato, S., Nakamura, T. and Itoh, H.: Efficient Real-coded Genetic Algorithms with Flexible-Step Crossover, 電気学会論文誌 C 電子情報システム部門誌, Vol. 126, No. 5, pp. 654–650 (2006).
- [132] Moscato, P.: Memetic Algorithms: A Short Introduction, *New Ideas in Optimization*, ch. 14, pp. 219–234 (1999).
- [133] Ishibuchi, H., Yoshida, T. and Murata, T.: Balance between Genetic Search and Local Search in Hybrid Evolutionary Multi-Criterion Optimization Algorithms, *Proc. of 2002 Genetic and Evolutionary Computation Conference*, pp. 1301–1308 (2002).

- [134] 田中克典, 武藤敦子, 加藤昇平, 伊藤英則: 社会的インパクト理論に基づく人工社会における社会空間が少数派に与える影響, 第7回情報学ワークショップ (WiNF2009) 論文集, on CD-ROM (大会奨励賞授賞論文) (2009).
- [135] 山影進, 服部正太: コンピュータのなかの人工社会マルチエージェントシミュレーションモデルと複雑系, 共立出版 (2002).
- [136] 坂和正敏, 田中雅博: 遺伝的アルゴリズム, 朝倉書店 (1995).
- [137] 廣安友之, 三木光範, 上浦: 実験計画法を用いた分散遺伝的アルゴリズムのパラメータ推定, 情報処理学会論文誌「数理モデル化と応用」, Vol. 43, No. 10, pp. 199–217 (2002).

研究業績

学術論文

1. 舟橋 達志, 岩月 由布子, 武藤 敦子, 山田 雅之, 伊藤 英則, “ルールベースを用いた編物デザイン支援システム”, 情報処理学会論文誌 第 39 卷 8 号, pp. 91–98, 1998 .
2. Lisong Wang , Lifeng He , Atsuko Mutoh , Tsuyoshi Nakamura and Hidenori Itoh , “Fuzzy reasoning for image compression using adaptive triangular plane patches” , Fuzzy sets and systems International Journal of Soft Computing and Intelligence, Vol.103, No.2, pp. 277–284 , 1999 .
3. Lisong Wang , Lifeng He , Tsuyoshi Nakamura, Atsuko Mutoh and Hidenori Itoh , “Calligraphy Generation Using Deformable Contours” , IEICE trans. on Information and Systems, Vol.82-D, No.6, pp. 1066–1073 , 1999 .
4. 武藤 敦子, 大野 典, 森脇 康介, 犬塚 信博, 伊藤 英則, “多出力二分決定グラフの APPLY 交叉を用いた食物連鎖モデル”, 電気学会論文誌 C 電子情報システム部門誌 , 121 巻 2 号 , pp. 423–429 , 2001 .
5. 木下 和絵, 武藤 敦子, 中村 剛士, 伊藤 英則, “血縁淘汰による複数個体採餌モデルの進化”, 情報処理学会論文誌, 第 42 巻 11 号, pp. 2672–2680 , 2001 .
6. Tamon Oboshi, Atsuko Mutoh, Shohei Kato and Hidenori Itoh, “A Simulation Study on the Fish Schooling for Escape from Predator”, Journal of Forma, Vol. 18, pp. 119–131 , 2003 .
7. Atsuko Mutoh, Fumiki Tanahashi, Shohei Kato and Hidenori Itoh, “Efficient Real-coded Genetic Algorithms with Flexible-Step Crossover”, 電気学会論文誌 C 電子情報システム部門誌 , 126 巻 5 号 , pp. 654–650 , 2006 .

8. 田村 謙次, 武藤 敦子, 中村 剛士, 伊藤 英則, “線形表現を用いたウイルス進化型遺伝的プログラミング”, 電気学会論文誌C電子情報システム部門誌, 126 巻7号, pp. 913-918, 2006.
9. 田村 謙次, 鳥居 隆司, 武藤 敦子, 中村 剛士, 加藤 昇平, 伊藤 英則, “ウイルス進化型遺伝的アルゴリズムにおける感染手法による個体進化の相違に関する一考察”, 日本知能情報ファジィ学会誌, Vol. 20, No. 5, pp. 791-799, 2008.
10. 武藤 敦子, 徳原 信哉, 加納 政芳, 大星 多聞, 加藤 昇平, 伊藤 英則, “同調遺伝子とミームを用いた性選択モデルにおける循環型流行の発現”, 人工知能学会論文誌, 第24巻2号, pp. 214-222, 2009.
11. 武藤 敦子, 沢田 高政, 加藤 昇平, 伊藤 英則, “多出力二分決定グラフの Flexible APPLY 交叉を用いた生態分化モデル”, 日本知能情報ファジィ学会誌, Vol. 21, No.2, pp.236-246, 2009.
12. Hideki Hashizume, Atsuko Mutoh, Shohei Kato, Tsutomu Kunitachi and Hidenori Itoh, “Emergence of Cross-Generational Migration behavior in Multiagent Simulation”, Journal of Advanced Computational Intelligence and Intelligent Informatics, Vol.13 No.3, 2009.
13. 武藤 敦子, 加藤 昇平, 伊藤 英則, “同調・差別化欲求を持つエージェントモデルによる多種循環型流行の発現”, 日本知能情報ファジィ学会誌, Vol. 21, No.6, pp. 1035-1043, 2009.

国際会議

1. Tatsushi Funahashi, Atsuko Mutoh, Chiemi Kamakura, Masayuki Yamada and Hidenori Itoh, “The Supporting System for Knitting Design and Visualization of the Complete Knitting Image”, SIGNAL IMAGE PROCESSING (SIP'98), pp. 500-504, 1998.
2. Junji Mano, Lifeng He, Tsuyoshi Nakamura, Hiroshi Enowaki, Atsuko Mutoh and Hidenori Itoh, “ A Method to Generate Writing-Brush-Style Japanese Hiragana Character Calligraphy”, International Conference on Multimedia Computing and Systems (IEEE Multimedia Systems '99), pp. 787-791, 1999.
3. Atsuko Mutoh, Satoru Oono, Kousuke Moriwaki, Tsuyoshi Nakamura, Nobuhiro

- Inuzuka and Hidenori Itoh, "A Crossover for an Evolutionary Method Using an Extended Binary Decision Diagram", Proc. 7th European Congress on Intelligent Techniques and Soft Computing (EUFIT '99), Germany, on CD-ROM, 1999.
4. Atsuko Mutoh, Satoru Oono, Kousuke Moriwaki, Tsuyoshi Nakamura, Nobuhiro Inuzuka and Hidenori Itoh, "An Evolutionary Method Using Crossover in a Food Chain Simulation", Proc. 5th European Conference on Artificial Life (ECAL'99), LNAI 1674, pp. 89–93, Springer, 1999.
 5. Tin Tin Naing, Atsuko Mutoh, Nobuhiro Inuzuka and Hidenori Itoh, "A framework in Which Rational Agents Yield Communal Profit", 2nd Asia-Pacific Conference on Genetic Algorithms and Applications, pp. 350–358, 2000.
 6. Atsuko Mutoh, Tsuyoshi Nakamura and Hidenori Itoh, "An Evolutionary Method of an Extended Binary Decision Diagram using Fitness Prediction", International Conference on Parallel and Distributed Processing Techniques and Applications (PDPTA 2001), pp. 1265–1270, 2001.
 7. Kenji Tamura, Atsuko Mutoh, Tsuyoshi Nakamura, Mitsuo Kondo and Hidenori Itoh, "Proposal of Mental Health Diagnosis with Agent", 2nd International Conference on Software Engineering, Artificial Intelligence, Networking & Parallel/Distributed Computing (SNPD'01), pp. 294–298, 2001.
 8. Kenji Tamura, Atsuko Mutoh, Tsuyoshi Nakamura and Hidenori Itoh, "Linear Genetic Programming with Virus Individuals", 2nd International Conference on Software Engineering, Artificial Intelligence, Networking & Parallel/Distributed Computing (SNPD'01), pp. 936–941, 2001.
 9. Tin Tin Naing, Lifeng He, Atsuko Mutoh, Tsuyoshi Nakamura and Hidenori Itoh, "EVOLUTIONARY BEHAVIORS OF COMPETITIVE AGENTS IN DILEMMA SITUATION", 2nd Asia-Pacific Conference on IAT, Intelligent Agent Technology, World Scientific, pp. 170–179, 2001.
 10. Kazue Kinoshita, Atsuko Mutoh, Tsuyoshi Nakamura, Nobuhiro Inuzuka and Hidenori Itoh, "Evolution of a Foraging Model with Many Individuals by Kin-selection", 2nd Asia-Pacific Conference on IAT, Intelligent Agent Technology, World Scientific, pp. 235–239, 2001.
 11. Kenji Tamura, Atsuko Mutoh, Shohei Kato and Hidenori Itoh, "Genetic Algorithm

- Adopting Selective Virus Infection”, IASTED International Conference ARTIFICIAL AND COMPUTATIONAL INTELLIGENCE, pp. 289–293, 2002.
12. Kazue Kinoshita, Atsuko Mutoh, Tsuyoshi Nakamura and Hidenori Itoh, “Evolution of Foraging Model with Migration and KinSelection”, IASTED International Conference ARTIFICIAL AND COMPUTATIONAL INTELLIGENCE, pp. 294–299, 2002.
 13. Tamon Oboshi, Atsuko Mutoh, Shohei Kato and Hidenori Itoh, “AN EVOLUTIONALY METHOD OF ESCAPE FROM PREDATOR FOR SCHOOLING BEHAVIOR”, 4th Asia-Pacific Conference on Simulated Evolution And Learning, vol.2, pp. 541–545, 2002.
 14. Takamasa Sawada, Atsuko Mutoh, Shohei Kato and Hidenori Itoh, “A Model of Biological Differentiation in Adaptogenesis to the Environment”, The 8th International Conference on the Simulation and Synthesis of Living Systems, Artificial Life VIII, pp. 93–96, 2002.
 15. Tamon Oboshi, Atsuko Mutoh, Shohei Kato and Hidenori Itoh, “Collective or Scattering: Evolving Schooling Behaviors to Escape from Predator”, The 8th International Conference on the Simulation and Synthesis of Living Systems, Artificial Life VIII, pp. 386–389, 2002.
 16. Atsuko Mutoh, Tsuyoshi Nakamura, Shohei Kato and Hidenori Itoh, “A Proposal of an Efficient Crossover using Fitness Prediction and its Application”, The 16th Australian Joint Conference on Artificial Intelligence(AI 2003), Advances in Artificial Intelligence, LNAI 2903, pp. 112–124, Springer, 2003.
 17. Atsuko Mutoh, Tsuyoshi Nakamura, Shohei Kato and Hidenori Itoh, “Reducing execution time on Genetic Algorithm in real-world applications using Fitness Prediction on –Parameter Optimization of SRM Control–”, The 2003 IEEE Congress on Evolutionary Computation(CEC 2003), pp. 552–559, 2003.
 18. Tamon Oboshi, Atsuko Mutoh, Shohei Kato and Hidenori Itoh, “Effectiveness of strays on ability of fish school to escape from predator”, 7th Asia-Pacific Conference on Complex Systems, pp. 217–227, 2004.
 19. Atsuko Mutoh, Tsuyoshi Nakamura, Shohei Kato and Hidenori Itoh, “Efficient Alternative Fitness Evaluation Method for Real-coded Genetic Algorithms”, 5th

- International Conference on Recent Advances in Soft Computing(RASC 2004), pp.294-299, 2004.
20. Yusuke Mizuno, Atsuko Mutoh, Shohei Kato and Hidenori Itoh, “A Behavioral Model Based on Meme and Qualia for Multi-agent Social Behavior”, 19th International Conference on Advanced Information Networking and Applications, Vol. 2, pp. 181–184, 2005.
 21. Atsuko Mutoh, Shohei Kato and Hidenori Itoh, “Efficient Real-coded Genetic Algorithms with Flexible-Step Crossover”, The 2005 IEEE Congress on Evolutionary Computation(CEC 2005), pp. 1470–1476, 2005.
 22. Shinya Tokuhara, Atsuko Mutoh, Shohei Kato and Hidenori Itoh, “A Sexual Selection Model with Genes and Memes”, 7th International Conference on Artificial Evolution(EA 2005), on CD-ROM, 2005.
 23. Hideki Hashizume, Atsuko Mutoh, Shohei Kato, Hidenori Itoh and Tsutomu Kunitachi, “Multi-agent Simulations of Adaptive Behavior with Temperature-sensing Agents”, IEEE SMC International Conference on Distributed Human-Machine Systems 2008, PP.109-114, 2008.
 24. Hideki Hashizume, Atsuko Mutoh, Shohei Kato, Hidenori Itoh and Tsutomu Kunitachi, “Adaptive Behavior toward Global Climate Change : the Artificial Butterfly”, Joint 4th International Conference on Soft Computing and Intelligent Systems and 9th International Symposium on advanced Intelligent Systems, pp.513-518, 2008.
 25. Yukinori Suzuki, Atsuko Mutoh, Shohei Kato, Tsutomu Kunitachi and Hidenori Itoh, “From Parasitism To Symbiosis”, Joint 4th International Conference on Soft Computing and Intelligent Systems and 9th International Symposium on advanced Intelligent Systems, pp. 523-528, 2008.
 26. Hideki Hashizume, Atsuko Mutoh, Shohei Kato, Hidenori Itoh and Tsutomu Kunitachi, “Evolution of Migration Behavior with Multi-Agent Simulation”, 10th Pacific Rim International Conference on Artificial Intelligence, Lecture Notes in Artificial Intelligence 5351, pp. 658-667, 2008.

国内発表（査読付き）

1. 武藤 敦子, 山田 憲明, 加藤 昇平, 中村 剛士, 伊藤 英則, “知識蓄積による技術文化嗜好の進化・伝播モデルの提案”, 第1回国際シンポジウム「日本の技術革新-経験蓄積と知識基盤化-」論文集, pp.23-24, 2006.
2. 武藤 敦子, 加藤 昇平, 伊藤 英則, “同調・差別化欲求を持つエージェントモデルによる多種循環型流行の発現”, 第25回ファジィシステムシンポジウム講演論文集, G-R09, on CD-ROM, 2009. (大会優秀論文発表賞授賞論文)

国内発表

1. 武藤 敦子, 犬塚 信博, 伊藤 英則, “多出力二分決定グラフのAPPLY交叉を用いた交配モデルの提案”, 第20回システム工学部会研究会報告「人工生命の新しい潮流」, pp. 29-34, 2000.
2. 木下 和絵, 武藤 敦子, 中村 剛士, 伊藤 英則, “血縁淘汰による「種」の分化と利他行動の獲得”, 情報処理学会研究報告「知能と複雑系」, No.122, pp.1-6, 2000.
3. 高見 敦司, 武藤 敦子, 中村 剛士, 伊藤 英則, “季節変化を伴う食物連鎖シミュレーションにおける生存戦略の発現”, 情報処理学会第62回全国大会論文集(2), pp. 43-44, 2001.
4. 武藤 敦子, 中村 剛士, 伊藤 英則, “適応度評価を導入した拡張二分決定グラフの進化手法”, 情報処理学会研究報告「数理モデル化と問題解決」, No.35, pp.5-8, 2001.
5. 武藤 敦子, “学習に基づいた配偶者選択モデルの提案と生態系シミュレーションへの実装”, 人間行動進化学研究会第3回研究発表会資料, pp. 14, 2001.
6. 大星 多聞, 武藤 敦子, 中村 剛士, 加藤 昇平, 伊藤 英則, “外敵からの回避を考慮した群行動のシミュレーション”, 情報処理学会第64回全国大会論文集(2), pp. 179-180, 2002.
7. 武藤 敦子, 中村 剛士, 伊藤 英則, “生態系シミュレーションにおける学習に基づいた配偶者選択モデルの提案”, 情報処理学会第64回全国大会論文集(2), pp. 183-184, 2002.
8. 沢田 高政, 武藤 敦子, 加藤 昇平, 伊藤 英則, “環境順応進化における生態の分

- 化モデルの一提案”，人工知能学会第16回全国大会論文集, 3AI-08, on CD-ROM, 2002.
9. 大星 多聞, 武藤 敦子, 加藤 昇平, 伊藤 英則, “外敵遭遇時における魚群の行動特性-進化計算を用いた群行動のシミュレーションモデル”, 第53回形の科学シンポジウム予稿, 形の科学会誌, 第17巻, 第1号, pp. 40-41, 2002.
 10. 武藤 敦子, 中村 剛士, 加藤 昇平, 伊藤 英則, “出生前淘汰による遺伝的アルゴリズムの効率化”, 情報処理学会研究報告「数理モデル化と問題解決」, No.41, pp.13-16, 2002.
 11. 武藤 敦子, 中村 剛士, 加藤 昇平, 伊藤 英則, “遺伝的アルゴリズムにおける適応度予測を用いた交叉手法の一提案”, 情報処理学会第65回全国大会論文集(2), pp. 125-126, 2003.
 12. 水野 雄介, 加藤 昇平, 武藤 敦子, 伊藤 英則, “ミームによる文化形成, 伝達のシミュレーション”, 情報処理学会第65回全国大会論文集(2), pp. 371-372, 2003.
 13. 沢田 高政, 武藤 敦子, 加藤 昇平, 伊藤 英則, “大域的環境変動に順応して進化する人工生命体のモデルとその解析”, 人工知能学会第18回全国大会論文集, 2H4-02, on CD-ROM, 2004.
 14. 徳原 信哉, 武藤 敦子, 加藤 昇平, 伊藤 英則, “遺伝子とミームを用いた性選択モデルの一提案”, 情報処理学会第67回全国大会論文集(2), pp. 345-346, 2005.
 15. 武藤 敦子, 加藤 昇平, 伊藤 英則, “探索過程を考慮に入れた動的多段交叉の提案”, 情報処理学会第67回全国大会論文集(2), pp. 91-92, 2005.
 16. 小坂 勇士, 武藤 敦子, 加藤 昇平, 伊藤 英則, “ワクチンを考慮したウイルス感染エージェントモデルの提案”, 第5回情報科学技術フォーラム講演論文集, F-022, 2006
 17. 秦 愛, 武藤 敦子, 加藤 昇平, 伊藤 英則, “鳥の歌獲得のための後天的形質を考慮した進化エージェントモデル”, 情報処理学会第69回全国大会論文集(2), pp. 501-502, 2007. (大会奨励賞授賞論文)
 18. 大星 多聞, 徳原 信哉, 武藤 敦子, 加藤 昇平, 加納 政芳, 伊藤 英則, “同調・非同調エージェントモデルによる流行発生シミュレーション”, 第23回東海ファジィ研究会, pp. 11-17, 2007.
 19. 島 一将, 武藤 敦子, 加藤 昇平, 伊藤 英則, “先天的な脳機能局在性を考慮した認知機構のモデル化”, 情報処理学会第71回全国大会論文集(2), pp. 355-356, 2009.

20. 青木 一喜, 武藤 敦子, 加藤 昇平, 伊藤 英則, “集団コミュニケーションにおける意見同調の効果”, 人工知能学会第 23 回全国大会論文集, 2G2-4, on CD-ROM, 2009.
21. 田中克典, 武藤敦子, 加藤昇平, 伊藤英則, “社会的インパクト理論に基づく人工社会における社会空間が少数派に与える影響”, 第 7 回情報学ワークショップ (WiNF2009) 論文集, on CD-ROM, 2009. (大会奨励賞授賞論文)

表彰

1. 第 25 回ファジィシステムシンポジウム 日本知能情報ファジィ学会 20 周年記念企画 査読あり論文セッション優秀論文発表賞
2. 第 7 回情報学ワークショップ (WiNF2009) 奨励賞