

進捗報告

1 今週やったこと

- 論文読んでまとめた
- 5 クラス識別を組み合わせたモデルの構築

2 CMA-ES に基づく適応度景観推定型進化型計算の提案

2.1 導入

進化型計算 Evolutionary Computation:EC

利点：汎用性高い

欠点：適応度評価に時間がかかる

→目的：評価回数の削減

2.2 遺伝的アルゴリズム

解を個体で表現

個体表現

- 遺伝子の記号列
- 位置：遺伝子座
- 候補：対立遺伝子
- 長さ：遺伝子長

選択

- 優れた解近傍の探索の重点化
- 適応度で次世代の個体を決定

探索と多様性（初期収束問題）のトレードオフ

- ルーレット戦略
適応度に比例して選択
- トーナメント戦略
トーナメントサイズ分ランダム抽出し、最良個体を選択
- エリート保存戦略
最も適応度の高い個体を変更せずに残す

交叉 親の染色体から子を生成

- 一点交叉
- 多点交叉
- 一様交叉

突然変異 ランダムな遺伝子座を対立遺伝子に置換
多様性と解の保存のトレードオフ

2.2.1 単純遺伝的アルゴリズム SGA

- 初期化
- ランダム生成
- エリート個体選択
- 選択（ルーレット戦略）、交叉（2つの親から2つの子）、突然変異、エリート個体と入れ替え
- 終了条件

2.3 進化戦略

個体の実数ベクトル

交叉ではなく、正規分布による摂動

利点：遺伝子型から表現型への変換が不要

μ が親、 λ が子

(μ, λ) -ES 次世代は子個体群から μ 個選択世代交代する多点探索

$(\mu + \lambda)$ -ES 次世代は親+子から μ 個選択エリート保存する多点探索

- $(1+1)$ -ES
山登り法
- $(1+\lambda)$ -ES
1点のみ保持、周辺探索
- $(\mu+1)$ -ES
新しい解は1つだけ、連続世代

2.3.1 CMA-ES

多変量正規分布の母数（平均ベクトル・共分散行列）を効果的に更新

利点：変数の相互作用に強い

1. 初期化
2. サンプルング
3. 子個体生成
 $N(m, \sigma^2 C)$
4. 平均ベクトルを加重平均に更新
5. 進化パスで大域ステップサイズを更新
分散の大きさは適応的に変化、共分散と分離
6. 進化パスで共分散行列を更新
(進化パス：平均の移動量、共分散行列：上位 μ 個体を利用)
7. 終了条件

2.4 適応度景観推定型進化型計算 (Fitness Landscape Learning Evolutionary Computation: FLLEC)

個体の適応度計算 (Fitness function) は時間がかかる適応度を推定するサロゲート（代理）モデルで短縮

- 世代基準適用法
一定世代経過で、全ての個体の適応度を評価し、モデルを更新
- 個体基準適用法
常に一部を選んで適応度を評価し、一定世代ごとにモデルを更新

2.4.1 Rank Space Estimation モデル:RSE

比較指標となる適用度ではなく、1 対比較を予測するモデル. 学習が容易. ここでは SVM を使用

2.4.2 Air GA

RSE を利用. 連続値への拡張

1. 初期化
2. 初期ランダム個体生成 適応度計算

3. 交叉、突然変異

4. 適応度評価して保存、エリート個体保存

5. 保存した遺伝子・適応度で、一定世代ごとに SVM を再学習

6. エリート個体 + SVM でトーナメント選択した個体

7. 終了条件

2.5 提案手法

CMA - ES + RSE モデル

改善: 分布中心の更新時の評価回数を RSE で削減・(SVM で判定→誤識別、SVM で大まかに判定→全体の評価数削減)

データのスケールリング 分布の偏りを一様分布に変換して効率的に探索

- シグモイド関数
- 共分散行列 C の利用（逆行列）

3 モデルの構築

5 クラス識別を組み合わせたモデルの構築. 今週は完成しなかった.

4 考察

モデルを簡潔に書けるライブラリを導入しようと格闘したがうまくいかなかった. 一旦あきらめて、モデルの完成を目指す.

5 今後の予定

- モデルの完成と実験