

遺伝的アルゴリズムにおける遺伝子構造と 遺伝子操作の評価方法の検討

中島 祥雅* 小高 知宏† 小倉 久和†

A Study of Gene Coding and the Genetic Operations in Genetic Algorithm

Yoshimasa NAKAJIMA, Tomohiro ODAKA, and Hisakazu OGURA

(Received Feb. 28, 1995)

In the genetic algorithm(GA), there are various methods to define gene codings, and the genetic operations are depended on the methods. In many papers the fitness of elite gene was used to evaluate the genetic operations' effects, but there are no established evaluation methods in the point of inheritance of genetic trafts. Here we propose a new evaluation method to watch the inheritance of useful genetic trafts(building blocks) that is essential for evolution in GA. We have studied the genetic trafts in detail to see how the genes are constructed and evolved in evolution and tested the method in applying to a Traveling Salesman Problems.

1 はじめに

遺伝的アルゴリズム (GA) は、離散空間における最適化や知識獲得手法として、あるいは人工生命の進化アルゴリズムとしてなど、さまざまな分野で研究が進められている。しかし、GA において進化がどう進むか、探索がどのように進んでいくかということとはよく分っていない。ビルディングブロックの成長が進化をもたらしていると考えられているが、その詳細はよく分っておらず、わずかにスキーマ定理が存在するのみである。

GA における進化においては、集団としてよりよくなるという一様性と、局所的な解に陥らないための多様性がきわめて重要であることは周知のことである。しかし、これらの特徴が実際の進化の過程の中でどのように現れているかを見ることは困難である。この困難さは、遺伝形質の表現、遺伝子コーディング、交叉・突然変異などの遺伝的操作、発現形式の評価方法など、GA そのものの持つ多様性に起因している。本論文では、対象とする問題の厳密解が得られていることを前提とするが、この進化の様子を表現する1つの方法を提案する。

進化の様子は、遺伝子コーディングや遺伝子操作の方法、あるいは選択淘汰の方法などの遺伝的操作によって大きく変化する。そして、遺伝子集団の一様性と多様性に大きな影響を与えていると思われる。この意味で、遺伝的操作にどのような方法を適用するかということは GA にとって極めて重要な課題であり、実際の研究でもさまざまな方法が提案されてきている。しかし、一般には、遺伝的操作の手法は、対象とする問題ごとに、経験的発見的に、そして試行錯誤的に、決定されており、実際の進化の過程でどのような役割を果たしているかということは調べられていない。本論文で提案する手法は、GA における進化過程の中で遺伝子がどのように振舞うかを観察することにより、それぞれの遺伝的操作の役割を解析することを可能にする。制約された条件下ではあるが、従来のようなエリート個体の振舞いなどの変化だけではなく、遺伝子集団としての進化の特徴を一様性と多様性の観点からより詳細に解析できる。

*大学院情報工学専攻

†工学部情報工学科

本論文では、巡回セールスマン問題 (TSP, Travelling Salesman Problem) を対象に、GA における進化の過程を表現する手法を検討した結果について報告する。第 2 章では改めてビルディングブロックを定義し、GA の進化過程の表現方法について検討する。第 3 章では、計算機シミュレーションにより、TSP に対する GA 適用における遺伝子集団の進化について解析する。第 4 章は考察と課題にあてた。

2 TSP における遺伝子とビルディングブロックの表現

巡回セールスマン問題 TSP は、1 人のセールスマンが N 個の都市を順に巡って元に戻る時、その順路が最短になるような巡回路を求める問題である。より一般的には次のように定義できる。 N 個の節点からなる完全グラフで各辺にコストが定義されているとき、コストを最小にするハミルトングラフ (全ての節点を 1 度だけ通る閉路) を求めることである。この問題は、計算論的には NP 完全問題であり、解を求めるための計算量が N に対して指数関数的に増加するため、逐次的に探索する通常の方法では困難な問題とされている。

本章では、まず、遺伝的アルゴリズムについて簡単な説明を行なう。次いで、この TSP を対象に遺伝子コーディングと遺伝的操作を定義し、遺伝的アルゴリズムの枠組みを示す。そして、進化の様子を記述するためのビルディングブロックの表現を与える。

2.1 遺伝的アルゴリズム

一般に GA では、対象とする問題を表す問題空間における 1 つの解候補を 1 つの個体として表現し、個体の集団の進化をシミュレートすることにより、最適な解を表現する個体を生成する。1 つの個体は 1 つの遺伝子に対応するが、遺伝子の表現形を遺伝子型データあるいは単に遺伝子といい、それに対応する個体の表現形を発現型あるいは形質という。遺伝子は記号列 (ストリング) で表されるが、遺伝子をストリングで表すことを遺伝子コーディングという。形質もさまざまに表現されるが、TSP では順路、つまり巡回する都市の順序を表す。遺伝子のストリングから形質への対応は写像である。本論文ではこの写像は単射と考えるが、一般には単射である必要はない。その場合は異なる遺伝子が同じ形質に対応することがある。これはその形質から見れば遺伝子型が冗長なためである。また、一般には生存条件を満足しない発現型に対応する遺伝子が存在するが、それを致死遺伝子という。TSP では通常ハミルトングラフに対応しない (同じ都市を 2 回以上訪問したり、1 度も訪問しない都市があるような順路など) ストリングの遺伝子を致死遺伝子とする。

発現した形質は評価関数によって優劣が評価される。劣勢な形質をもつ個体は淘汰され、優秀な形質をもつ個体は選択され生き残る。TSP では、順路の長さが評価関数であり、短いほど優秀な形質となる。

GA における進化のシミュレーションは、ストリングとして表された遺伝子の集団 (遺伝子プール) に対して、交叉、突然変異、選択淘汰などの遺伝的操作を行なうことにより、より優秀な形質を発現する遺伝子の出現を期待する。ある遺伝子プールから始めて、交叉、突然変異、選択淘汰の一連の遺伝的操作を行なって新たな遺伝子プールを生成するまでを世代という。世代が進むにつれて遺伝子プール内の集団が進化する。

本論文では、このような遺伝子プールにおける進化の様子を表現する方法を提案している。

2.2 遺伝子コーディングと遺伝的操作

交叉と突然変異の遺伝的操作をどのように行なうかということは、遺伝子コーディングの方法に大きく依存する。ここでは、TSP でしばしば用いられる遺伝子コーディングであるパス表現と順序表

現を対象として、交叉と突然変異の方法について簡単に説明する。

(1) パス表現

TSPにおけるパス表現は、全ての都市に記号（あるいは番号）を割当て、1つの順路に沿って訪問順に都市記号を一行に並べた文字列による表現である。巡回路では最初と最後の都市は同じであるから、最後の都市は省略して、都市数と同じ長さのストリングを遺伝子とする。この遺伝子コーディングでは、発現型はストリングを順路としストリングの最後の都市から最初の都市に戻る巡回路である。もし1つの遺伝子ストリング中に同じ都市記号が2回以上含まれていたり含まれない都市記号があると、その遺伝子は致死遺伝子となる。

パス表現に対して遺伝的操作を定義する。まず2つの親遺伝子から子遺伝子を生成する交叉であるが、ここでは次のようなパス交叉を考える。パス交叉では、交叉の対象となる2つの親遺伝子から次の手続きで子の遺伝子を構成する。まず任意の1都市を選び最初の訪問都市とする。次に、2個の親遺伝子からその都市に隣接する都市を探して次の訪問候補都市とし、その候補都市から距離の近い方の都市を次の訪問都市とする。候補となる都市がなくなった場合は、すべての未訪問都市を候補都市とする。このような作業を繰り返すことにより、新たな子遺伝子を生成する。交叉の際に評価に直接影響する手順が含まれているため、特異な操作となっているが、この操作で得られる子遺伝子は致死とはならない。

path crossover			A	B	C	D	E
parent 1	5 2 4 1 3	A	0	58	145	146	13
parent 2	1 4 3 2 5	B	58	0	41	125	61
	↓	C	145	41	0	58	104
offspring	5 1 3 2 4	D	146	125	58	0	74
		E	13	61	104	74	0

図 1: パス表現・パス交叉

図 1を用いてパス交叉の例を説明する。最初に parent1 の先頭の都市である 5 に着目し、parent1, parent2 の両者において巡回路上で都市 5(=E) の右隣に来る都市を調べ、図 1の右の方に記した都市間の距離一覧より parent1 での 5(=E)~2(=B) と parent2 での 5~1(=A) とで距離の短い方（この場合 E~B=61、E~A=13 なので parent2 の A）を選択し、子遺伝子の 2 番目の記号要素 1 とする。この作業を繰り返すと、子遺伝子 51324 が生成される。

パス表現における突然変異として、本論文では入れ替え法と順序反転法という 2 つの方法を検討する。図 2 に示したように、入れ替え法は、遺伝子ストリング中の任意の 2 つの位置を選び、それらの位置にある記号を入れ替える突然変異である。また、順序反転法は、遺伝子ストリングの順序を反転するもので、巡回路の向きを逆転させることになる。これらの突然変異は、やはり致死遺伝子を生じさせない。

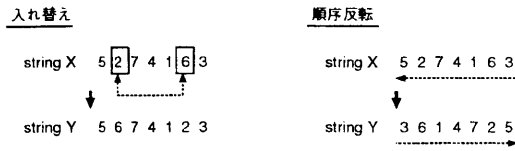


図 2: 突然変異：入れ替えと順序反転

(2) 順序表現

順序表現とは、巡回路上の都市を順に並べ、先頭より順に遺伝子ストリングの要素に変換していく遺伝子コーディング法である。図 3 に、巡回路 A-D-B-E-C-G-F から 1312121 という遺伝子ストリングが作成される例を示す。巡回路の先頭 A は参照列 ABCDEFG の 1 番目であるから、ストリングの最初は 1 とする。次に、巡回路の 2 番目の D は 1 番目の A を除いた参照列 BCDEFG の 3 番目であるから、ストリングの 2 つ目は 3 となる。巡回路の 3 番目の B については、さらに D を除いた参照列 BCEFG と比較して決定すると 1 となる。このような手順を繰り返して遺伝子ストリングが生成される。このコーディングでは、遺伝子の最後は必ず 1 となる。

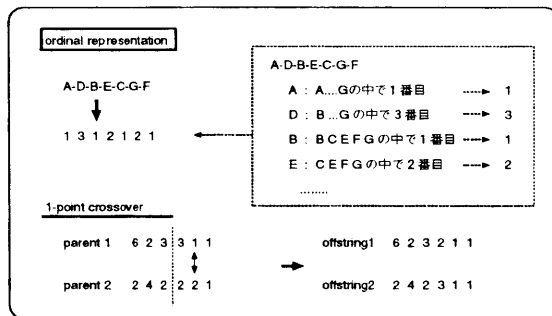


図 3: 順序表現・一点交叉

このコード化手法に対する交叉として、一点交叉を考える。一点交叉は、図 3 に示したように、2 つの親遺伝子のストリングを同じ位置で切断し、互いに入れ替えて 2 つの子遺伝子を生成する方法である。パス表現においては一点交叉では高い確率で子遺伝子は致死となるが、この順序表現では致死遺伝子は発生しない。交叉方法に合わせて提案された遺伝子コーディング法である。

順序表現における突然変異は、ストリングの任意の一文字の書き換えとする。致死遺伝子を発生させないため、ストリングの先頭から i 番目の数字に対しては $N + 1 - i$ 以内の自然数を任意に選んで書き換える。

2.3 ビルディングブロック

(1) TSP におけるビルディングブロック

GA における遺伝子集団の進化はビルディングブロックの成長によると考えられているが、この観点から遺伝子プール内の遺伝子集団を解析するため、本論文では改めて次のような定義を採用する。

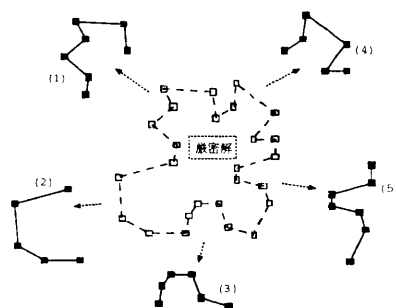


図 4: ビルディングブロックとそのサブツアー

厳密解のサブツアーをビルディングブロックとして定義する。つまり与えられた TSP に対して、なんらかの方法で最短の巡回路である厳密解を求める。サブツアーとはその厳密解の表す巡回路の連続した一部分であるが、それをビルディングブロックとする。図 4 に例を示した。本研究では、基本的には分枝限定法による枝刈りを用いた総当り探索法により厳密解を得ている。あるビルディングブロックが含む都市数をその長さという。

こうして定義されたビルディングブロックは、部分的にすぐれた遺伝情報を担っている。遺伝子集団内に多くのビルディングブロックが出現することにより、それらが交叉によって結合し成長していくことで進化がはかられる。このようなビルディングブロックの遺伝子プール内における振舞や成長の過程を観察・解析することにより、遺伝情報の継承・変化の様子を分析することができる。

(2) ビルディングブロックの多様性

遺伝子集団の成長のための重要な要素として遺伝情報の多様性が挙げられる。多様性は、探索可能な空間を広め、集団が局所解に捕われるのを防ぐ。例えば遺伝子集団中にビルディングブロックが多く出現しても、それらが同種の個体ばかりならば探索空間は狭くなり、遺伝子プール全体の適応度は高くても、やがて成長は頭打ちとなる可能性がある。従って、ビルディングブロックの数だけではなく、その多様性の点でも評価を行う必要がある。ある程度世代が経過した後でも、遺伝子プール内部に局所的なビルディングブロックのみ存在するのではなく、より多種のビルディングブロックが登場している状態が望ましい。

遺伝子の長さは、上に示した 2 つのコーディング方法では、問題の都市数 N と同じである。同じ長さのサブツアーはそれぞれ N 種類存在する。この N 種類のビルディングブロックが遺伝子集団中にそれぞれどの程度分布しているかを調査することになる。

(3) ビルディングブロックの成長

都市数 N の TSP において、ビルディングブロックの大きさは $2 \sim N - 2$ までの $N - 3$ 種類存在することになる。しかし大きなビルディングブロックはより小さいビルディングブロックにより構成されているとも考えられ、小さいビルディングブロックが複数の種類存在する遺伝子プールと、大きなビルディングブロックが少数存在する遺伝子プールは、内部に含んでいる遺伝情報の量という観点からは等価となっている可能性もある。

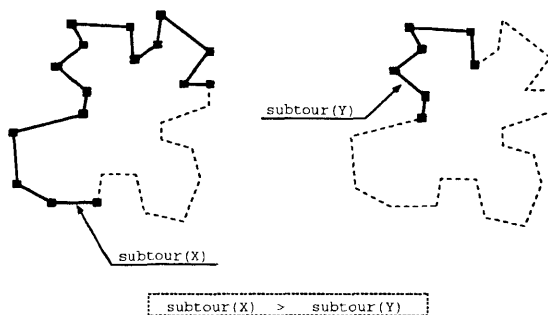


図 5: ビルディングブロックが他のビルディングブロックを包含

交叉によるビルディングブロックの合体や突然変異によるビルディングブロックの伸長をビルディングブロックの成長と考える。遺伝子集団の示すその成長過程において、このような各種のビルディングブロックの発生、消滅、成長を観察することにより、進化のダイナミズムの多様な姿をとらえることができると思う。

3 計算機シミュレーションによる進化過程の解析

2章で述べた内容を、実際に検証するため、計算機を用いたシミュレーション実験を行なった。本章では2.2節で定義した各遺伝子コーディング方法を例に、遺伝子集団の進化過程におけるビルディングブロックがどのような振舞をしているかを解析することにより、遺伝的操作の進化における役割を分析した結果を示す。

3.1 シミュレーションシステムの構成

図6に本試行におけるシステムの構成概要を示す。

システムとしては、初期遺伝子生成、遺伝子集団のチェック、遺伝的操作の過程より構成される。

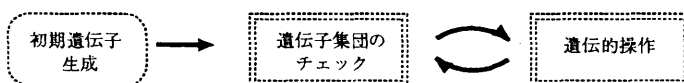


図 6: システム構成

(1) 初期遺伝子生成

初期遺伝子として発現型の遺伝子個体を乱数を用いて生成する。生成する個数は試行により異なるが、各試行毎に示されている遺伝子プールの大きさの数だけ生成する。致死となる遺伝子は生成されない。

(2) 遺伝子集団のチェック

生成された、あるいは各世代毎に遺伝的操作を受けた遺伝子集団に対して、あらかじめ定義したビルディングブロックの個数のカウントを行う。この結果を参照し後述の評価を行っている。

また毎世代のエリート遺伝子を追跡する。さらにエリート保存戦略を行うために、前世代のエリート遺伝子を記憶して、今世代の遺伝子集団中で最も適応度の低い個体との交換を行う。

終了条件は各試行毎に終了世代を指定した。

(3) 遺伝的操作

個体集団を遺伝子型データに変換し、遺伝的操作を行う。遺伝的操作を行った後は、遺伝子は表現型に戻し、再度 (2) の遺伝子集団のチェックを行う。遺伝子コード化の定義方法に依存して、この過程は変化する。

交叉の際は、遺伝子集団中の各遺伝子個体に対して、集団中からランダムに個体を選出しこれらを交叉対とする。これによって、集団中に多く存在する形質は次世代に継承されやすくなることが予想される。また一回の交叉で生成される子遺伝子は1個だけでなので、遺伝子プールの大きさは変化しない。また突然変異を行う場合は、遺伝子集団から確率2%で個体を選出し、その個体に対し定義した突然変異の操作を1回だけ行う。

ビルディングブロックの抽出については、例えば図7のように、都市数が5の場合において厳密解からビルディングブロックを定義するには、長さ2のビルディングブロックを5種類と長さ3のビルディングブロックを5種類取り出して、これら全てをビルディングブロックとして定義する。長さ4については考慮する必要はない。

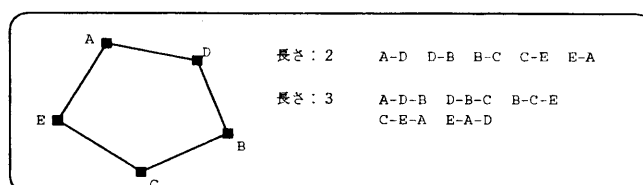


図 7: ビルディングブロックの抽出

ビルディングブロックの長さ毎にそれぞれ分類することにより、プールに出現しているビルディングブロックの種類が判別できるので、遺伝情報の多様性が維持されているかどうかを追跡することができる。また長さ別でのビルディングブロックの出現数によって、最長のビルディングブロックとそれを構成する小さいビルディングブロックの関係、すなわち成長の様子を知ることが可能となる。

3.2 パス表現と順序表現の比較

パス表現と順序表現という異なる遺伝子コーディング間で、ビルディングブロックの世代を越えた継承の点でどのような違いがあるかを分析する。この試行では突然変異を除いたシステムを用いて行った。これは、GAによる探索における最も重要な要素である大域的探索は、突然変異ではなく交叉が大きな役割を占めるであろうと予想されること、また突然変異を設定することにより、突然変異の確率などの変数の増加などの点で複雑な要素が加わってくるので、それを回避するためである。

(1) 順序表現・一点交叉

最初に順序表現・一点交叉に対する試行結果を示す。まず、都市数=10、遺伝子プールサイズ=20とした結果を示す。また終了世代数は30とする。図8は、遺伝子プール内部での長さ2~8のビルディングブロックの世代経過による個体数の変化を示している。

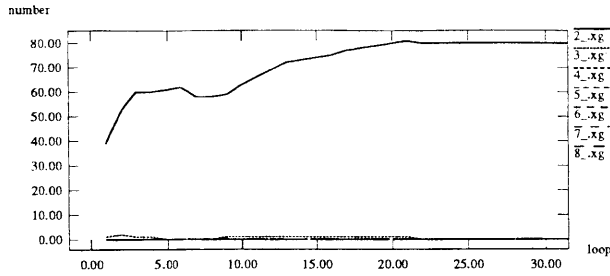


図 8: 長さ 2~8 のビルディングブロックの世代経過による変化

世代数 20 付近までは、長さ 3 のビルディングブロックが出現しているのが読み取れるが、これらはそのうち消滅し、世代数 30 付近で長さ 2 のビルディングブロックしか残っていない。この時のエリート解を図 9 に示す。この結果によればあまり良い解は得られていないといえる。

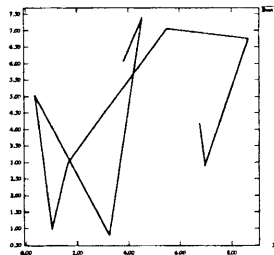


図 9: 世代数 30 での最優秀解

また長さ 3 のビルディングブロックのみに着目し、全 10 種類存在する各ビルディングブロックに対して、その個数の変化を図 10 に示す。図より長さ 3 のビルディングブロックが遺伝子集団中に出現した跡がみられるが、多くとも 1 個ずつしか現われていない。また世代数 2~3 という初期の世代では、何種類かのビルディングブロックが出現しているが、それらのビルディングブロックは 5 世代目付近で消滅し 23 世代目以降は長さ 3 のビルディングブロック自体が遺伝子プールから消えていることが確認できる。

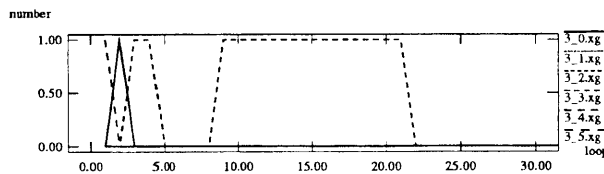


図 10: 長さ 3 のビルディングブロックの世代経過による変化

次に、同じ条件下で都市数 = 15、遺伝子プールサイズ = 50 の場合の結果を示す。終了世代数は 30 としている。図 11 は、遺伝子プール内部での長さ 2~13 のビルディングブロックの世代経過による個数の変化を示している。

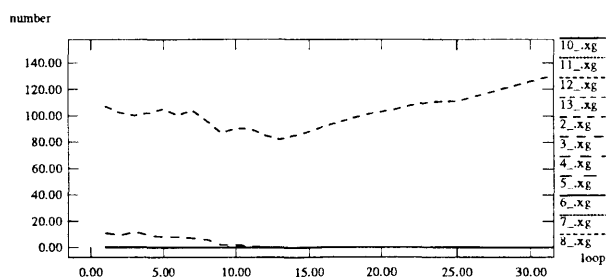


図 11: 長さ 2~13 のビルディングブロックの世代経過による変化

前の条件での試行と同様に、14 世代目から長さ 3 のビルディングブロックが消滅し、世代数 12 以降はプール中には長さ 2 の個体しか存在しない。しかし前試行との違いとして長さ 2 のビルディングブロックの数は、少なくとも世代数 30 までは増加の傾向をたどっていることが確認できる。図 12 は、世代経過による長さ 3 のビルディングブロックの個数の変化である。

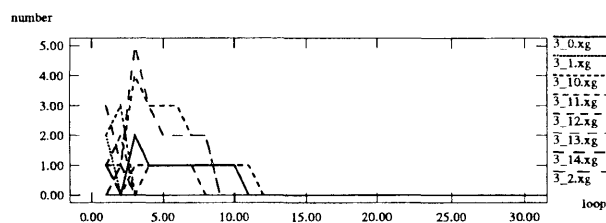


図 12: 長さ 3 のビルディングブロックの世代経過による変化

この試行では都市数 = 15 としているので、長さ毎のビルディングブロックの種類は最大 15 個存在するはずであるが、全てのビルディングブロックが遺伝子集団中に出現することはない。またこの試行においても世代数 3~4 付近までに数種類のビルディングブロックが出現しているが、前回の試行と同様にビルディングブロックはその世代以降は減少の一途をたどっている。次にエリート解に対応する巡回路長の世代経過による変遷を図 13 に示す。

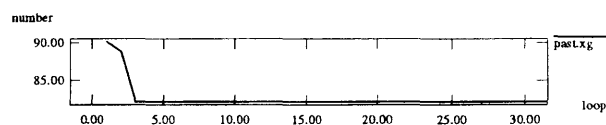


図 13: エリート遺伝子の巡回路長の世代経過による変化

この図から得られる情報はあまりないが、図 12 と比較すると、エリート解の停滞し始めている時期が長さ 3 のビルディングブロックの個数が減少し始めた時期と一致していることが判る。

(2) パス表現・パス交叉

次に、パス表現・パス交叉に対する結果を示す。都市数 = 10、遺伝子プールサイズ = 10 とする。また終了世代数は 30 とする。図 14 は、長さ 2~8 のビルディングブロックの世代経過によるプール内部での個数の変化を示している。またこの試行の際のエリート解の世代経過による変遷を図 15 に示す。

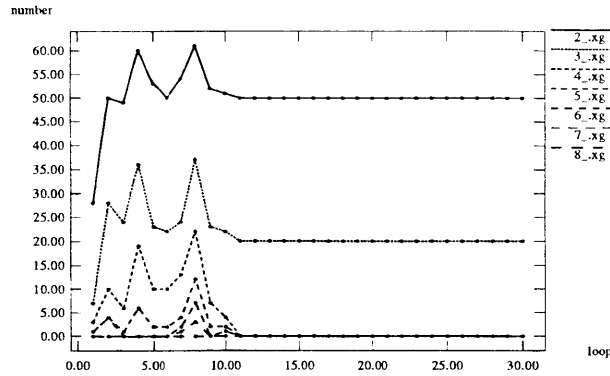


図 14: 長さ 2~8 のビルディングブロックの世代経過による変化

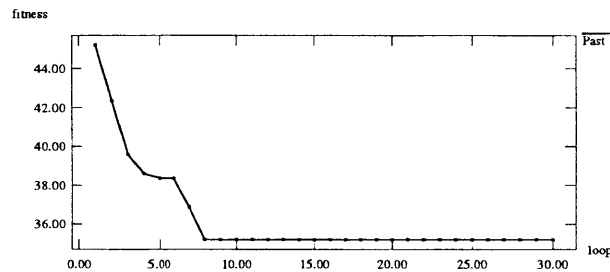


図 15: エリート遺伝子の巡回路長の世代経過による変化

バス表現によるシステムによる試行では、図 14 より、遺伝子プール内に最大で長さ 7 のビルディングブロックが出現しており、探索が有効に行われていることがわかる。特に探索初期の頃にビルディングブロックが激しく増加していることから、大域的探索の点で優れていると考えられる。ビルディングブロック数が世代数 12~13 という早い時期から定常状態になっているという点もこれを示唆している。しかし、世代数 8 で発生した長さ 7 のビルディングブロックはやがて消滅し最終的に最長のビルディングブロックの長さは 3 となってしまった。このことは、成長停滞後の遺伝情報の保持はうまく行われていないことを推測させる。

この長さ 7 のビルディングブロックに関して少し検討する。図 16(a) は世代数 8 で出現した長さ 7 のビルディングブロックを保有する遺伝子で、一方の同図 (b) は世代数 8 におけるエリート遺伝子の状態を示している。また同図 (c) は厳密解を示す。順路長、すなわち適応度で比較すれば、長さ 7 のビルディングブロックを保有する遺伝子よりもエリート遺伝子の方が優れているのだが、厳密解との巡回路としての差を考えれば、長さ 7 のビルディングブロックを持つ遺伝子の方が差が小さいことが判る。これは大きいビルディングブロックが、必ずしもエリート遺伝子内部に存在してその形質を反映しているという訳ではないことを示している。

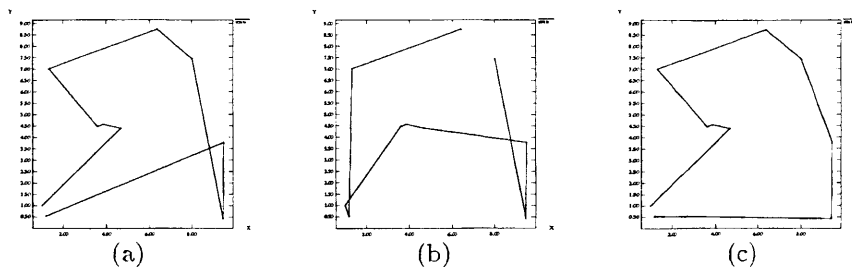


図 16: 長さ 7 のビルディングブロックを持つ遺伝子 a、エリート遺伝子 b、厳密解 c

3.3 パス表現における突然変異の役割

パス表現・パス交叉によるシステムに対して、2.2 節で定義した突然変異を組み合わせた試行を行うことにより、遺伝子集団の進化過程のなかで突然変異が果している役割を分析する。大域的探索に有効な交叉に対して、突然変異は成長停滞後の成長のための有力な手段となると考えられるが、実際にビルディングブロックの個数の変化を観察し突然変異が有効に作用しているかを調査する。

以下の試行では、都市数 = 15、遺伝子プールサイズ = 20、終了世代数は 50 とした。最初に対照実験という意味で、突然変異を加えない場合の試行結果を示す。図 17 は、長さ 3 のビルディングブロックの世代経過による変化を示している。都市数 10 での試行結果とよく似た結果が得られている。

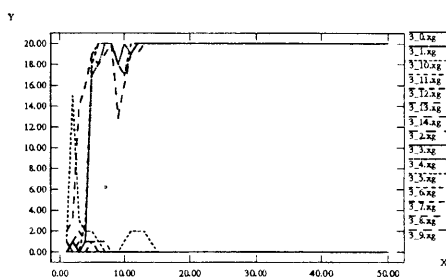


図 17: 長さ 3 のビルディングブロックの世代経過による変化 (突然変異なし)

図 18 は、入れ替え突然変異を適用したときの長さ 3 のビルディングブロックの世代経過による個数の変化を示している。突然変異が加わることにより、図 17 と比べてかなり複雑な変化をとるようになってきており、出現ビルディングブロックの種類も多く保たれているが、グラフ全体が右上がりとなっていることから、特定のビルディングブロックが集団中で多くの個体数を保持していく傾向が見られる。

探索がある程度経過した後、特定のビルディングブロックの個数が一定となりその後定常化するという現象(図 8,10, 14参照)があったが、これは遺伝子プール内部の全ての遺伝子が同じビルディングブロックを保持したからであると考えられ、このことは遺伝情報の多様性の維持の妨げとなっている。突然変異を加えた試行を行うことによって、これらの問題は図 18,19より判るように、回避されることが伺える。また、より多種のビルディングブロックが遺伝子集団中に出現しているところから、突然変異は新たな遺伝子空間の探索にも役立っていると考えられる。

入れ替え、順序反転による突然変異については、図 18,19より結果に差異がみられることが判る。順序反転突然変異による結果では、ビルディングブロック数は多少の波はあるがほぼ一定の範囲に収まっており、特定のビルディングブロックの増加はなく、世代を通じて図の下方(出現ビルディングブロック数1~2付近)の密度が高くなっている。このことから順序反転による突然変異では、世代毎に少数ではあるが常に新たなビルディングブロックの生成が行われていることが判る。パス交叉では、次都市として遺伝子中の右隣の要素を参照しているため、順路反転を行うことによって、その遺伝子中の次都市として参照される情報は全て変化することになる。従って交叉の際に次都市の候補がより多く生成され、新たな遺伝子空間が探索されやすくなる、ということによっている。また順路反転の突然変異では、突然変異の対象となる遺伝子の内部に存在するビルディングブロックが、入れ替えによる突然変異と異なり破壊されないということも大きな要因であろう。これらのことから、パス表現における突然変異としては、入れ替えよりも順路反転を行う方が探索効率の点で優れていると思われる。

本研究における今後の課題について検討する。本論文では、ビルディングブロックの総出現数により遺伝子集団に対する評価を行っている。しかし、ここで説明した表現方法ではどの部分順路が伸長または継承されたのかということがやや掴みにくい。そこでローカルな部分順路について、よりよい表現を工夫する必要があると考える。それによって、ビルディングブロックとして発生、継承されやすい順路、またはその逆について知ることが可能となり、部分順路の価値、継承の優先性などが見えてくるのではないかと考える。

本論文では、TSPを対象にビルディングブロックの定義およびGAのシミュレーションシステムの構築、解析などを行った。TSPの場合、ビルディングブロックの定義が厳密解のサブツアーという形で行うことができたという点で、非常に判りやすい例といえる。その考え方を応用し、ビルディングブロックの定義をうまく行うことができれば、TSP以外の問題に対しても、同様の考え方でビルディングブロック評価を適用することができるのではないかと考えられる。現在われわれは他の組合せ最適化問題に関して検討を進めている。

今回のシミュレーションに用いた順序表現とパス表現という遺伝子コーディング方法においては、遺伝子のストリングから形質への対応は1対1の単射となっている。この遺伝子コーディング方法は、遺伝子と表現型の変換に無駄が少なく、また遺伝子空間での対応も判りやすいため、GAにおいて一般的に用いられている考え方である。しかし、ここで示した試行結果からみれば、遺伝情報の継承の点から、これらのコーディング手法が必ずしも優れた探索能力を持っているとは必ずしも言い切れないということがわかる。探索能力の向上を目指すには、遺伝子コーディング方法自体を遺伝情報の継承という点を強化することを目的として、コード化の定義を行う必要がある。その一つの手段として、遺伝子型データと発現型データの対応を多対1とする冗長コーディングを行うという方法がある。冗長性を遺伝子型に考慮することにより、発現型に影響しない遺伝子の要素が発生し、適応度による選択淘汰の影響を直接的に受けなくなる可能性があると思われ。そこで、発現型に影響しない要素による水面下での探索に期待するというのが、遺伝子に冗長性を組み込むことの意図である。現在われわれは、本論文で示したような進化過程の表現方法を利用して、実験的に遺伝子コードに冗長性を考慮したコード化手法について、以上のような観点から検討を行っている。

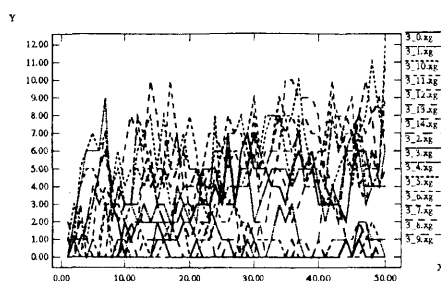


図 18: 長さ 3 のビルディングブロックの世代経過による変化 (入れ替え)

図 19は、順序反転突然変異を用いた場合の長さ 3 のビルディングブロックの世代経過による個数の変化を示している。変化の概形としては、入れ替えの場合とよく似た結果が得られているが、全体的な傾向や密度の分布の点で、図 18と比べてやや異なる点も見られる。

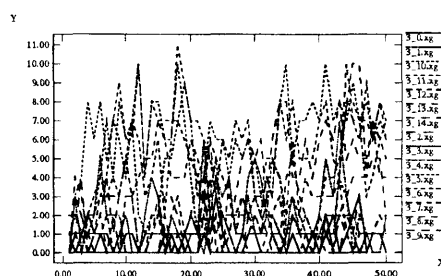


図 19: 長さ 3 のビルディングブロックの世代経過による変化 (順序反転)

4 考察とまとめ

本論文では、GA における遺伝子集団の進化過程を解析するために、遺伝情報としてのビルディングブロックの成長を観察するという観点と手段を提案した。これを利用して、遺伝子の構造に着目することにより、経験的に試行錯誤的に行なわれる遺伝子操作にたいして、探索効率という観点から評価を与えることができる。そして、それを実際に示すために、計算機によるシミュレーションを行ない、いくつかの試行およびそれに対する評価を行った。

シミュレーションによれば、ビルディングブロックの継承の度合から考えれば、パス表現・パス交叉による GA システムは順序表現・一点交叉による結果と比較して、長いビルディングブロックがうまく継承されていたという結果が得られた。このことからパス表現によるシステムは、遺伝情報の継承という観点からみれば優れた側面を持つと考えられる。しかし、ある程度長いビルディングブロックが途中で消滅してしまったという点では、基本的に両者の結果は同じであるとも考えることもできる。これは、これらの試行では突然変異を行っていないため、初期生成の際に発生した遺伝子空間の外の領域が探索されないということや、あるいは選択淘汰を適応度によって行っているため、エリート遺伝子以外の内部に存在するビルディングブロックが淘汰されることが多い、などの影響によるものであろう。この予想は、試行において多数のビルディングブロックが探索途中で減少・消滅し、残った一部のビルディングブロックが増加するという現象によって確認できたと思われる。

参考文献

- [1] 和田健之介:「進化システム論 遺伝的アルゴリズムの基礎 (1)」:Computer Today No.47 pp.49-61 (1991)
- [2] 和田健之介, 和田佳子:「進化システム論 遺伝的アルゴリズムの基礎 (2)」: Computer Today No.48 pp.76-85 (1991)
- [3] 和田健之介, 和田佳子, 田中真一, 石田洋子. 「進化システム論 遺伝的アルゴリズムの基礎 (3)」: Computer Today No.49 pp.76-87 (1991)
- [4] 和田健之介, 田中真一, 和田佳子:「進化システム論 遺伝的アルゴリズムの基礎 (4)」: Computer Today No.50 pp.78-87 (1991)
- [5] 平野広美:「積木問題を遺伝的アルゴリズムで解く」: インターフェース '92.2 pp.108-137 (1992)
- [6] 北野宏明:「遺伝的アルゴリズム」:人工知能学会誌 Vol.7 No.1 pp.26-37 (1992)
- [7] 北野宏明:「人工生命と進化・発生・学習の統合」:数理科学 No.353 pp.24-31 (1992)
- [8] THEMISKY:「鳶はいつかは鷹を生むか?」:bit Vol.23 No.5 pp.818-825 (1991)
- [9] 赤城秀樹:「遺伝アルゴリズムを用いた学習システムの構成」: 福井大学工学部情報工学科 卒業論文 (1992)
- [10] 中島祥雅:「遺伝的アルゴリズムにおける遺伝子コーディングの役割」: 福井大学工学部情報工学科 卒業論文 (1993)
- [11] 北野宏明:「遺伝的アルゴリズム」:産業図書 (1993)
- [12] Whitley, D., Strakweather, T. and Fuguay, D'A.:“Scheduling Problems and Traveling Salesmen”:Proc.3rd.ICGA,pp.133-140 (1989)
- [13] Goldberg, D.E., Deb, K. and Korb,B.:“Don't Worry Be Messy”: ICGA'91 pp.24-30 (1991)
- [14] Nakano,R.:“Conventional Genetic Algorithm for Job Shop Problem”: Proc.4th ICGA pp.474-479 (1991)
- [15] 中島祥雅, 小高知宏, 小倉久和:「GA におけるスキーマの役割と遺伝子コーディングの考察」:電気関係学会北陸支部連合大会講演論文集 p.356 (1993)
- [16] 中島祥雅, 小高知宏, 小倉久和:「GA における遺伝子の構造と操作の評価」: 情報処理学会第 48 回全国大会講演論文集 (2) pp.245-246 (1994)
- [17] 謝孟春, 山口哲司, 小高知宏, 小倉久和:「遺伝的アルゴリズムのナップザック問題への適用における特徴の解析」:福井大学工学部研究報告 第 42 巻第 1 号 pp.39-50 (1994)
- [18] 中島祥雅, 小高知宏, 小倉久和:「GA における遺伝子コーディングに対する評価方法の検討」:電気関係学会北陸支部連合大会講演論文集 p.313 (1994)
- [19] 中島祥雅:「遺伝的アルゴリズムにおける遺伝子の構造と遺伝的操作の評価」: 福井大学大学院工学研究科情報工学専攻 修士論文 (1995)