

ウイルス進化論に基づく進化型アルゴリズム

中谷直司[†] 金杉昭徳[†] 近藤邦雄[†]

遺伝的アルゴリズムはダーウィンの進化論に基づいた最適解探索手法であるが、その一方でダーウィンの進化論以外にも多くの進化論が提案されている。ウイルス進化論はその1つであり、生物はウイルスの感染により進化するという考えに基づいている。本論文ではこのウイルス感染による進化という点に着目し、ウイルス進化論に基づく新しい進化型アルゴリズムを提案する。提案するアルゴリズムでは、ウイルスを単体の生物ではなく遺伝子を運ぶ生物器官の1つとしてとらえたとともに、交叉を用いずウイルス感染を唯一の探索操作としている。また、このウイルス感染はいくつかの遺伝子が急速に集団全体に拡散、進化することを意味しており、提案手法は遺伝的アルゴリズムよりも短時間で解の探索が可能となる。提案手法の有用性を確認するため計算機実験を行い、提案手法と遺伝的アルゴリズムとを比較した。その結果、提案手法は計算時間が短かく、収束も速く、また、最適解を得る確率も高いということが確認された。

An Evolutionary Algorithm Based on the Virus Theory of Evolution

NAOSHI NAKAYA,[†] AKINORI KANASUGI[†] and KUNIO KONDO[†]

Genetic algorithm is a method to search optimum solution based on Darwinism. On the other hand the evolution theories are not only Darwinism but also a lot of theories. The virus theory of evolution is one of these theories. This theory is based on the idea that a virus evolves life. This paper proposes a novel evolutionary algorithm based on the virus theory of evolution. In this algorithm, we think that a virus is the organ to carry genes and we define infection with a virus as one and only search operator. An infection operator spread out the piece of genes into a population quickly. Therefore the calculation time of our proposed algorithm is shorter than the time of genetic algorithm. We have made computer experiments using proposed algorithm. In these experiments, we have compared the proposed algorithm with a genetic algorithm. The results show the efficiencies of proposed algorithm.

1. まえがき

遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithm: GA)^{1),2)} はダーウィンの進化論に基づいた最適解探索手法である。その一方で進化論はダーウィンの進化論だけではなく、ほかにも多くの進化論が提案されている。ウイルス進化論³⁾ はその中の1つであり、生物はウイルスにより進化するという考えに基づいている。本論文ではウイルス進化論に基づく新しい進化型アルゴリズムを提案する。

現在までにウイルス進化論に基づく手法は、いくつか提案されている^{4)~6)}。しかし、これらの手法ではウイルスを生物のように扱っているのに対し、本研究ではウイルスを生物としてはとらえない。したがって、

ウイルス自体は集団を作らず、適応度を持たず、進化もしない。すなわち、本研究では、ウイルスを遺伝子を運ぶ生物器官の1つとしてとらえ、その機能は染色体の一部遺伝子を単純に置き換えるものとする。また、従来手法がGAに何らかの形でウイルスの感染を組み合わせたものであるのに対し、提案手法はGAとは異なる新しい進化型アルゴリズムである。

提案手法では、まず個体集団はGAの集団と同じものとする。また交叉は用いず、個体集団はウイルスの感染により進化する。感染は、まず適応度に応じて選択された1つの染色体上に、遺伝子座を2つランダムに選択する。それら2つの遺伝子座に挟まれた遺伝子をウイルスとし、そのウイルスを他の染色体に感染させる。言い換えるならば、適応度の高い染色体の持つ遺伝子の一部を集団全体に拡散させることになるが、必ずしも集団は改善されるとは限らないため、局所最適解に陥ることなく最適解を得ることが可能となる。

[†] 埼玉大学工学部

Faculty of Engineering, Saitama University

突然変異は感染時のエラーとして振る舞い、感染時に置き換えられた遺伝子の一部を他の遺伝子に書き換えることにより実現する。以上の選択、感染、突然変異の操作を繰り返すことで、最適解を得ることが可能となる。この提案手法は、ウイルスの感染により集団全体へ遺伝子断片を急速に拡散可能であることから、局所探索能力が向上し、また遺伝子操作の処理の軽さから、その計算時間はGAに比べ短くなるという特長を有する。

提案手法の有用性を確認するため計算機実験を行い、同一問題において提案手法とGAを比較した。その結果、提案手法の計算時間はGAのものよりも短かく、ナップザック問題において53.1%、巡回セールスマン問題において37.9%の減少が認められた。また、収束も速く、最適解を得る確率も提案手法の方が高いことが分かった。以上のように、提案手法は従来のGAに比べ高い有用性を持つことが確認された。

2. ウイルス進化論

本章では、まずウイルス進化論の一般的特徴について述べ、次に提案手法の概要について述べる。

GAは最適解探索手法の1つであり、初期条件に依存せず局所最適解を避け最適解を探索可能という特長を持つ。しかし、最適解を得るまでの計算時間は長いという欠点があり、これはGAがダーウィンの進化論に基づくことによるものと考えられる。すなわちダーウィンの進化論において、ある個体に生じた性質が個体集団全体に波及するのに多くの世代が必要なように、GAにおいても集団全体がある解に収束するには時間を必要とするということである。一方、進化論はダーウィンの進化論だけではなく、多くの進化論が提案されている。ウイルス進化論はその中の1つであり、生物はウイルスの感染により進化するという考えに基づいている。このことによりウイルス進化論においては、ある個体に生じた性質が個体集団全体に波及するのに世代を重ねる必要はなく、ウイルスの爆発的な感染力によって個体から個体へ遺伝子断片が急速に拡散し、進化することが可能となる。したがって、この点に着目し、ウイルス進化論に基づく新しいアルゴリズムを構築すれば、計算時間の短縮が期待できる。

ウイルス進化論に基づく手法は、今日までにいくつか提案されている^{4)~6)}。しかし、これらの手法では、ウイルス感染の目的が本論文のそれとは大きく異なっている。文献4)の手法は、制約充足問題の部分解をウイルスとしてウイルス集団を形成し、通常のGAに加えウイルスによる感染を導入することで、探索能力

の向上をねらったものである。このとき、各ウイルスに適応度を持たせて、探索に有効なウイルスを確率的に感染させることで解の収束を高めている。また、文献5), 6)の手法もGAにウイルスの感染をプラスしたものであるが、この手法ではウイルスは感染により適応度が改善されるときのみ感染を許される。すなわち、ウイルスの感染は局所探索を意味する。したがって、探索能力を向上させるためウイルス自体の進化が必要である。

このように、これら従来の手法においてはウイルスは生物のように扱われ、またウイルスの感染はGAと組み合わせた探索能力の向上が目的となっている。しかし、ウイルス進化論においてはウイルスは生命体ではなく、個体から個体へ遺伝子断片を運ぶ生物器官の1つと考えられている。すなわち、ウイルスは単に染色体の一部遺伝子を置き換える機能を持つ生物の一部にすぎず、ウイルス自体が単独で集団を作ったり、進化することはない。そこで、提案するアルゴリズムではこの発想に基づき、ウイルスは集団を作らず、適応度を持たず、また進化もしない。そして、単細胞生物はウイルスの感染で進化しているというウイルス進化論の主張を受け、ウイルスの感染を唯一の探索操作とし、世代を重ねることで進化する従来のGAとの組合せではない、新しい進化的アルゴリズムを提案する。

3. ウイルス進化的アルゴリズムの提案

ここではウイルス進化論に基づく新しいアルゴリズムを提案する。以下では、これを「ウイルス進化的アルゴリズム (Virus Evolutionary Algorithm: VEA)」と呼ぶこととする。

3.1 アルゴリズム

提案するVEAはGAと同様に、与えられた問題の解を表す多数の染色体により個体集団を生成し、その集団に対し遺伝子操作を繰り返すことによって集団を進化させ、最適解を探索するアルゴリズムである。したがって、全体の処理手順は次のとおりになる。

- (1) 集団をランダムに生成する。
- (2) 適応度に応じて染色体を1つ選択する。
- (3) ウイルスを感染させる。
 - (a) ステップ2で選ばれた染色体上の遺伝子座を2つランダムに選択する。
 - (b) 2点に挟まれた遺伝子をウイルスとして取り出す。
 - (c) ウイルスを他の染色体に感染させる。
 - (d) ステップ(c)で置き換えられた遺伝子に対し、突然変異を起こす。

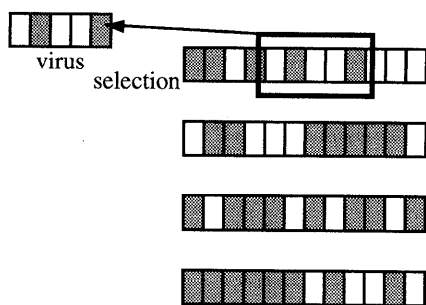


図 1 選択の例

Fig. 1 Example of a selection.

(4) ステップ (2), (3) を繰り返す。

以下では, 上記の手順について順に説明する。

(1) 集団 (population)

VEA において集団は GA の集団と同じものを意味し, 集団サイズ M でランダムに生成されるものとする。

(2) 選択 (selection)

選択は適応度に応じて染色体を 1 つだけ選択する。選択方法には GA で用いられるルーレット戦略や, トーナメント戦略などが考えられ, 問題に応じて適当な戦略を用いる。また, この染色体は探索を担うウイルスの基になる重要なものであるため (図 1), 最大適応度を持つ染色体を選択する戦略も有効である。

(3) 感染 (infection)

交叉は VEA では用いず, 集団は感染によってのみ進化する。感染は次の手順で行われる。

(a) 選択によって選ばれた染色体上の遺伝子座を $g_0 \cdots g_{N-1}$ とし, その中から 2 点をランダムに選択する。

(b) それらを選択した順に g_i, g_j とし, $i \leq j$ のときは g_i から g_j までの遺伝子を取り出しウイルスとする。また $i > j$ のときは, ウイルスは g_0 から g_j までと, g_i から g_{N-1} までの 2 つの断片で構成されるものとする (図 2)。

(c) そして, ウイルスを感染率 p_i で, 他の染色体に感染させる。感染は各染色体の遺伝子をウイルスの持つ遺伝子に, それぞれの遺伝子座ごとに置き換えることで実現する (図 3)。

以上の操作は, いくつかの遺伝子が集団全体に急速に拡散することを意味する。このとき, ウイルスの基になった染色体を適応度に応じて選択しているため, 集団全体は確率的に適応度が高くなると期待される。しかし, ウイルス自体はランダムに生成されているため, ウイルスとして取り出された遺伝子の

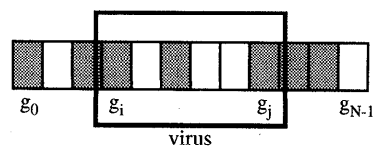
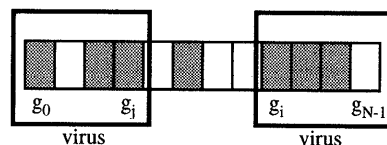
(a) $i \leq j$ (b) $i > j$

図 2 ウイルスの取り出しの例

Fig. 2 Example of making a virus.

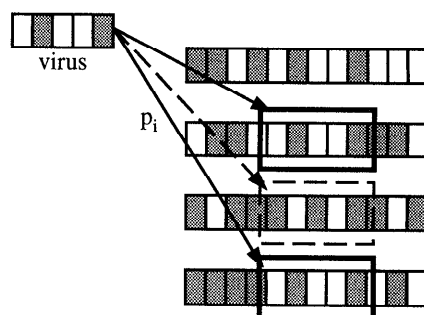


図 3 感染の例

Fig. 3 Example of infections.

持つ情報が, 必ずしも適応度を高める要素であるとは限らない。すなわち, 集団全体としては必ずしも良くなるとは限らず, ときには悪くなることも考えられる。したがって, このアルゴリズムは GA と同様に局所最適解からの脱出が可能となり, 最適解を探し出すことができる。

(d) 突然変異 (mutation)

突然変異は感染時のエラーとして振る舞うとする。すなわち, ウイルスが感染するとき遺伝子にコピーミスが起こったと考え, ウイルス感染により置き換えられた遺伝子を突然変異率 p_{mv} で, 他の遺伝子に書き換えることで実現する (図 4)。これはウイルス進化論においてウイルスの持つ遺伝子が, 宿主の遺伝子に比べ急速に変化することを表すものである。なお, 感染により同じ情報が集団の広範囲に一度に波及する VEA においては, 突然変異は集団の多様性を維持するために重要な要素である。

(4) サイクル (cycle)

以上の選択, 感染, 突然変異の一連の操作をここではサイクルと呼ぶことにする。これは GA におけ

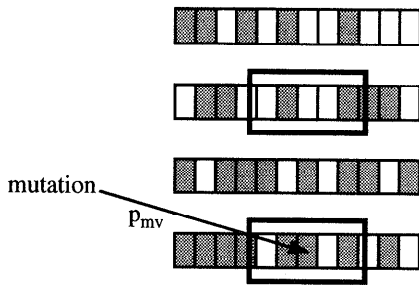


図 4 突然変異の例

Fig. 4 Example of mutations.

る世代にあたるものであるが、VEA では GA のように親集団から子集団が生成されるのではなく、集団そのものが遺伝子操作により変化している。したがって、世代という言葉は適当ではないため、遺伝子操作の繰返し単位をここではサイクルとする。このサイクルを繰り返すことで探索が進み、最終的に最適解を得ることが可能となる。

3.2 計算時間の短縮

VEA は、その操作が従来の GA に比べ軽いため、計算時間が短いという特長を持つ。この理由としては、次の 3 つが考えられる。

- (1) 選択操作が、VEA ではサイクルごとに 1 回なのに対し、GA では世代ごとに M 回になり VEA の方が操作回数が少ない。
- (2) 交叉、感染、突然変異での操作の対象となる遺伝子の個数は、染色体長を N として、VEA がサイクルごとに平均 $(N+1)M/2$ なのに対し、GA では世代ごとに NM となり、VEA の方が少なく短時間での処理が可能である。
- (3) VEA が集団を直接操作しているのに対し、GA では基本的に親集団から子集団を生成し、その子集団を新たな親集団にするといった操作が必要であり、VEA の方が有利となる。

以上の理由から、VEA の計算時間は GA に比べ短縮される。

3.3 集団の多様性と初期収束

VEA は感染という「いくつかの遺伝子を集団全体に急速に拡散させる」遺伝子操作により探索を行うため、GA よりも集団の多様性が低くおさえられ初期収束に陥りやすいと考えがちである。しかし、VEA は GA とは異なる新しい進化型アルゴリズムであるため、その振舞いも根本的に GA とは異なり多様性の維持は重要ではないと考えられる。

ここで、多様性が完全に失われ同一の個体で集団が占められた場合を仮定してみる。GA の場合、交叉に

よっては新しい解を生成することはできないため、探索は突然変異によるのみ行われることになる。しかし突然変異による探索も、それによって生じた個体の適応度が適当な値を持たなければ、次の選択のときに淘汰され個体集団はまったく変わらないということが起こりうる。したがって、GA の場合ある程度の多様性を維持し続けなければ、初期収束に陥る可能性を持っており、また失われた多様性を回復させることは難しい。一方、VEA の場合も、感染によっては新しい解を生成することはできないため、探索は突然変異によるのみ行われることになるのは同様である。しかし、VEA の場合、突然変異によって生じた個体の適応度の値は重要ではなく、たとえ 0 であったとしても問題にならない。なぜなら、VEA には淘汰にあたる操作が存在しないため、突然変異によって生じた個体は確実に次の個体集団に受け継がれ、すなわち、新たに生じた遺伝子の多様性は失われることはないからである。したがって、VEA の場合は多様性が完全に失われた状態からも、サイクルを重ねることで確実に新たな多様性を生じることになる。

また、VEA では突然変異を感染時のエラーとして振る舞うものとし、突然変異を感染により置き換えられた遺伝子にのみ限定して起こしている。このことは、感染が多様性を失わせると同時に、突然変異による確実な多様性の発生を約束するものであることを意味している。以上のように VEA は、選択（淘汰）、感染、突然変異という GA とは異なる遺伝子操作のバランスの上に構成された、新しい進化型アルゴリズムであり、GA とはその振舞いも根本的に異なっている。

4. 計算機実験

提案手法の有用性を確認するため計算機実験を行った。実験においては、VEA と GA で同じ問題を解くことで両者を比較している。対象とする問題は、典型的な組合せ問題として知られる、ナップザック問題と巡回セールスマン問題とする。

4.1 ナップザック問題

ナップザック問題は次のようなものとする。荷物が N 個あり、各荷物 i ($i=1, \dots, N$) は重量 w_i と価値 v_i を持ち、そしてナップザックの容量を c とする。このとき、ナップザックの容量内で価値を最大にする荷物の組合せを求め、なお、荷物の状態を示す変数 x_i を導入し、その値は荷物 i がナップザックに入っているときは 1、入っていないときは 0 とする。

4.1.1 実験条件

ここでは実験条件について述べる。まず、VEA と

GA の両方に共通する条件は次のとおりである。

コーディング： 染色体は x_i を 1 ~ N まで順に並べたものとする。

適応度： 適応度 f は次式で定義する。

$$f = \max \left[0, \sum_{i=1}^N v_i x_i - \alpha \max \left\{ 0, \sum_{i=1}^N w_i x_i - c \right\} \right] \quad (1)$$

初期集団： 初期集団は集団サイズ M でランダムに生成する。

次に、GA における条件は次のとおりである。

選択： ルーレット戦略とエリート保存戦略を用い、エリート保存数は 1 とする。

交叉： 1 点交叉および 2 点交叉を用い、交叉率は p_c とする。

突然変異： 突然変異率は p_{mg} とする。

GA の構成には上記のような基本的なもの以外にも様々な構成が考えられるが、どのような構成が望ましいかは問題に依存し、また、構成の善し悪しの決定は経験によらざるをえない。そこで、本実験では経験による影響の回避を目的に、基本的な GA の構成を用いて実験を行うこととした。なお、交叉については提案手法における感染が 2 点交叉の遺伝子操作に近いことから、両者を比較するため 2 点交叉についても実験を行うものとする。

最後に、VEA における条件は次のとおりである。

選択： 最大適応度の染色体を選択する。

感染： 感染率は p_i とする。

突然変異： 突然変異率は p_{mv} とする。

なお上記の VEA における条件では、エリート保存戦略を用いてはいないが、実際には最大適応度を持つ染色体は次のサイクルにそのまま継承される。これは、VEA では選択された染色体が、感染や突然変異によって変更されることがいっさいないからである。したがって、上記の条件下では、エリート保存戦略を用いる必要はない。

以上の条件下で、VEA と GA の比較実験を行う。

4.1.2 実験結果と考察

実験は荷物の個数が異なる次の 2 つのモデルについて行った。

モデル 1 荷物の個数を 24 とし、集団サイズ (M) を 50、染色体長 (N) を 24 とする。

また、適応度の式 (1) において $\alpha = 100$ とする。

モデル 2 荷物の個数を 100 とし、集団サイズ (M) を 1000、染色体長 (N) を 100 とする。

また、適応度の式 (1) において $\alpha = 2000$ とする。

表 1 実験パラメータ

Table 1 Experimental parameters.

遺伝的アルゴリズム		
世代数	T_g	500
交叉率	p_c	0.95
突然変異率	p_{mg}	0.01
提案手法		
サイクル数	T_c	500
感染率	p_i	0.95
突然変異率	p_{mv}	0.10

表 2 交叉率、感染率と適応度の関係

Table 2 Relationships between crossover rate, infection rate and fitness.

交叉率・感染率	最大適応度	
	遺伝的アルゴリズム	提案手法
0.75	189.6	190.1
0.80	189.5	189.6
0.85	189.6	189.9
0.90	189.5	190.2
0.95	189.9	190.5

表 3 突然変異率と適応度の関係

Table 3 Relationships between mutation rate and fitness.

突然変異率	最大適応度	
	遺伝的アルゴリズム	提案手法
0.01	190.2	184.6
0.03	190.1	187.8
0.05	189.9	189.8
0.10	189.7	191.0
0.15	188.1	190.8

上記の集団サイズ、染色体長は GA、VEA に共通とし、その他の実験パラメータは表 1 に示す。ここで GA の交叉率、突然変異率、VEA の感染率、突然変異率は次のように決定した。パラメータの決定にはモデル 1 を用い、GA の交叉は 1 点交叉とした。まず突然変異率を 0.05 と固定し、交叉率、感染率を変えそれぞれ実験を 10 回行い、その平均として表 2 のような結果を得た。これらの結果から交叉率、感染率を 0.95 とした。次に交叉率、感染率を 0.95 と固定し、突然変異率を変え同様に実験を行い、その平均として表 3 のような結果を得た。これらの結果から GA の突然変異率を 0.01、VEA の突然変異率を 0.10 とした。なお、この突然変異率の差は、各アルゴリズムにおいて突然変異での操作対象とする遺伝子が異なり、突然変異の探索過程における意味も違うことに起因すると考えられる。

実験結果を表 4、表 5 に示す。実験はそれぞれのアルゴリズムおよび交叉について 10 回行い、その平均を算出した。なお、表 4、表 5 は最終結果であり、最大適応度は 500 世代もしくは 500 サイクル後の値で

表 4 ナップザック問題の実験結果 (モデル 1)

Table 4 Experimental results of knapsack problem (model 1).

	最大適応度		
	遺伝的アルゴリズム		提案手法
	1 点交叉	2 点交叉	
1st	191	191	191
2nd	191	190	191
3rd	190	189	191
4th	191	191	191
5th	190	191	191
6th	190	191	191
7th	191	191	191
8th	188	191	191
9th	190	191	191
10th	190	191	191
平均	190.2	190.7	191.0
平均計算時間 (s)	7.99		3.75

表 5 ナップザック問題の実験結果 (モデル 2)

Table 5 Experimental results of knapsack problem (model 2).

	最大適応度		
	遺伝的アルゴリズム		提案手法
	1 点交叉	2 点交叉	
1st	4457	4506	4639
2nd	4471	4493	4646
3rd	4486	4555	4639
4th	4511	4526	4637
5th	4547	4538	4651
6th	4484	4515	4643
7th	4536	4509	4642
8th	4436	4517	4645
9th	4525	4503	4641
10th	4479	4551	4649
平均	4493.2	4521.3	4643.2
平均計算時間 (s)	1192		352

ある。また、計算時間は HP-9000/755 ワークステーションで要した時間である。GA では交叉の違いにより探索能力に差が見られ、どちらのモデルにおいても 2 点交叉の結果の方が優れている。しかし、VEA との比較においては交叉の違いによる本質的な差は認められないため、以下では特に断りのない限り GA では 2 点交叉の結果を対象として、計算時間、収束速度、最適解を得る確率について考察する。

(1) 計算時間

表 4, 表 5 から分かるように、VEA の計算時間は GA のものよりも短く、その減少率はモデル 1 で 53.1%, モデル 2 で 70.5% となり、VEA の有用性が認められる。なお、この減少率の差は主に選択回数によるものと考えられる。すなわち、GA では世代ごとに M 回と集団サイズに比例して計算時間が増すが、VEA では集団サイズとは無関係に

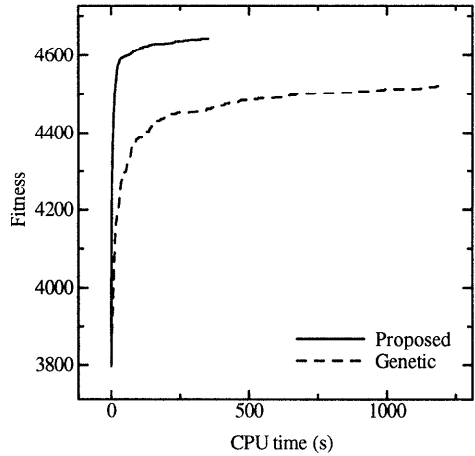


図 5 計算時間と適応度の関係 (モデル 2)

Fig. 5 Relationships between CPU time and fitness (model 2).

ねに 1 回であり計算時間が変化しないことによる。また、図 5 に示すモデル 2 の計算時間と適応度の関係からも明らかなように、VEA は GA に比べ短い時間で同様の探索が可能になっている。なお、この図でいう適応度は、各 10 回の実験における適応度の最大値を世代またはサイクルごとに平均したものである。これらの結果はモデル 1 においても同様の傾向を示す。

(2) 収束速度

図 6 に GA における世代数と適応度の関係を、図 7 に VEA におけるサイクル数と適応度の関係を、それぞれモデル 1 について示す。これらの図で示す適応度は、各 10 回の実験での適応度の最大値、平均値、最小値を世代またはサイクルごとに平均したものである。初期世代またはサイクルの最大値の変化から若干であるが VEA の方が GA よりも収束が速い、すなわち、短いサイクルで最適解に近づくことが分かる。なお、モデル 2 においても同様の傾向が認められる。

(3) 最適解を得る確率

モデル 1 では全探索により、最適解の適応度が 191 であることが確認されている。GA では、この最適解を 1 点交叉では 10 回中 4 回、2 点交叉では 10 回中 8 回しか得られなかったが、VEA では 10 回すべてで最適解を得ることができ、その確率は上がっている。また、モデル 2 では最適解の適応度は不明だが、欲張り法⁷⁾を用いて得られた近似解の適応度は 4617 となっている。VEA では 10 回すべてでこの値を上回る結果を得ているが、GA では交叉にかかわらずこの値を上回ることではできなかった。以上

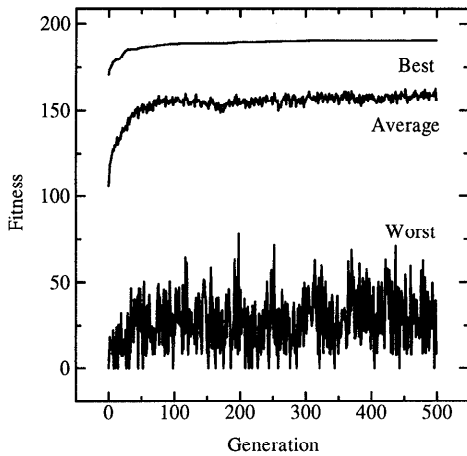


図 6 世代と適応度の関係 (モデル 1)

Fig. 6 Relationships between generation and fitness (model 1).

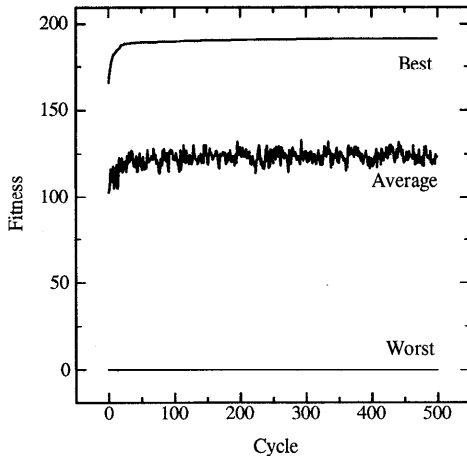


図 7 サイクルと適応度の関係 (モデル 1)

Fig. 7 Relationships between cycle and fitness (model 1).

の結果は、VEAの方が局所探索性に優れていることに起因すると思われる。

なお、図6、図7において、GAでは最小値もある程度の値を持っているのに対し、VEAでは最小値がほとんどのサイクルで0、すなわち、ナップザックの許容量を超える解になっている。これは、GAではナップザックの許容量を超える解は淘汰され次世代には生き残れないのに対し、VEAでは淘汰にあたる操作は存在しないため、いつまでも集団に存在し続けることに原因があると考えられる。

4.2 巡回セールスマン問題

次に巡回セールスマン問題についても同様に比較実験を行う。巡回セールスマン問題は次のようなものとする。都市数を N とし、都市には1から N までの番号

がつけられているものとする。また、都市 i, j 間の距離を d_{ij} ($= d_{ji}$) とする。都市の訪問順序を $(1 \dots N)$ の置換 $(t_1 \dots t_N)$ で表したとき、式(2)を最小にする訪問順序を求める。ただし、 $t_{N+1} = t_1$ とする。

$$d_{total} = \sum_{i=1}^N d_{t_i, t_{i+1}} \quad (2)$$

この問題を解くにあたっては、都市の訪問順序を染色体とすることが一般的である。その場合、染色体が順列であるという条件を満足させるために、コーディングか遺伝子操作に何らかの工夫が必要となり、多くの手法が提案されている^{1),7)}。そして、それらの手法を探索能力で比較した場合、巡回路に含まれる枝や部分巡回路に着目した交叉を用いた方が、有効であることは知られている。しかし、本実験では元々の遺伝子操作が異なる2つの手法の比較を目的としているため、GAの交叉という遺伝子操作への工夫をもって、順列という条件を満足させる手法を用いることは、まったく同様の遺伝子操作をVEAの感染として定義できない以上、比較実験としては不適當である。そこで、Grefenstetteら⁸⁾による方法を用いてコーディングへの工夫を行うことにする。この工夫により、遺伝子型と表現型が1対1に対応づけられ、GAおよびVEAでの通常の遺伝子操作の適用が可能になる。

4.2.1 実験条件

ここでは巡回セールスマン問題の実験条件について述べる。まず、コーディングと適応度は次のとおりである。

コーディング：都市の訪問順序を $(t_1 \dots t_N)$ とし、また都市を適当な順序で並べたリスト W (定数) を用意する。そして、 i 番目に訪問する都市を、未訪問都市のリスト $W - \{t_1, \dots, t_{i-1}\}$ の何番目であるかを表し、これを遺伝子 l_i とし、リスト $L = (l_1 \dots l_N)$ を染色体とする。

適応度：適応度 f は次式で定義する。

$$f = \frac{N}{\sum_{i=1}^N d_{t_i, t_{i+1}}} \quad (3)$$

これ以外の初期集団、選択、交叉、感染、突然変異などの実験条件は、ナップザック問題のものと同じとする。

4.2.2 実験結果と考察

実験は都市数とその配置が異なる次の2つのモデルについて行った。

モデル1 各都市を円上に配置し都市数は24とする。
また、集団サイズ (M) を50、染色体長 (N) を24とする。

モデル2 各都市をランダムに配置し都市数は51と

表 6 巡回セールスマン問題の実験結果 (モデル 1)
Table 6 Experimental results of traveling salesman problem (model 1).

	最短巡回距離		
	遺伝的アルゴリズム		提案手法
	1点交叉	2点交叉	
1st	56.1	36.4	31.3
2nd	47.1	45.2	51.2
3rd	31.3	56.4	49.6
4th	55.7	46.9	31.3
5th	56.7	57.6	31.3
6th	58.1	31.3	31.3
7th	48.7	42.8	31.3
8th	53.8	56.8	31.3
9th	44.9	38.6	54.7
10th	53.3	47.6	33.8
平均	50.6	46.0	37.7
平均計算時間 (s)	11.62		7.22

表 7 巡回セールスマン問題の実験結果 (モデル 2)
Table 7 Experimental results of traveling salesman problem (model 2).

	最短巡回距離		
	遺伝的アルゴリズム		提案手法
	1点交叉	2点交叉	
1st	230.7	222.2	180.8
2nd	225.3	208.3	165.9
3rd	239.8	211.4	164.5
4th	232.9	226.8	182.9
5th	230.0	216.2	182.0
6th	219.6	219.7	152.9
7th	225.2	227.4	158.9
8th	225.4	224.0	161.6
9th	237.7	232.9	175.2
10th	231.0	222.0	149.4
平均	229.8	221.1	167.4
平均計算時間 (s)	1184		457

する。

また、集団サイズ (M) を 1000、染色体長 (N) を 51 とする。

上記の集団サイズ、染色体長は GA、VEA に共通とし、その他の実験パラメータはナップザック問題で用いたものと同じ表 1 に示すものを用いる。また、実験結果を表 6、表 7 に示す。この場合も、実験はそれぞれのアルゴリズムについて 10 回行い、その平均を算出した。実験に用いた計算機は、ナップザック問題で用いた計算機と同じものである。なお、ナップザック問題の場合と同様に、以下では特に断りのない限り GA は 2 点交叉の結果を対象として考察する。

(1) 計算時間

表 6、表 7 から分かるように、VEA の計算時間は GA のものよりも短い。その減少率はモデル 1 で 37.9%、モデル 2 で 61.4% となり、ナップザック問

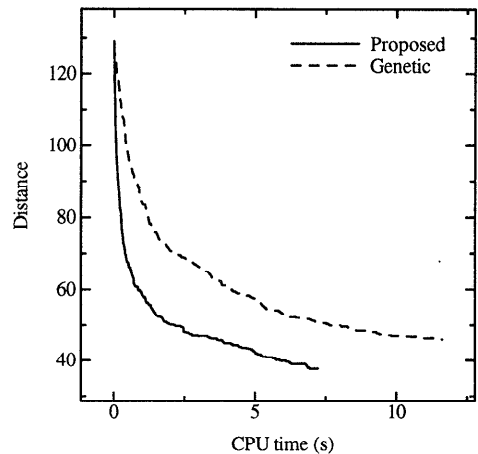


図 8 計算時間と巡回距離の関係 (モデル 1)

Fig. 8 Relationships between CPU time and distance (model 1).

題と同様に VEA の有用性が認められる。また、図 8 にモデル 1 の計算時間と巡回距離の関係を示す。この図でいう巡回距離も、各 10 回の実験での巡回距離の最短値を世代またはサイクルごとに平均したものである。なお、モデル 2 においても同様の傾向を示す。

(2) 収束速度

図 9、図 10 にモデル 2 の世代またはサイクルと巡回距離の関係を示す。これらの図の初期段階での最短値の変化から、GA よりも VEA の方が収束が速く、また、その収束した値から、VEA の方が探索能力が高いことが分かる。この収束と探索能力の差は、VEA が行う感染という遺伝子操作が、ある 1 つの解が持つ情報を集団全体に広く拡散させるという操作のために、GA よりも集団全体がある 1 つの解の周辺に集中しやすくなり、その結果として局所探索能力が高くなっていることに原因があると思われる。なお、モデル 1 においても同様の傾向が認められる。

(3) 最適解を得る確率

モデル 1 では都市を円上に配置したため最短巡回路は明らかであり、その距離は 31.3 であることが分かっている。GA では、どちらの交叉においても最適解を 10 回中 1 回しか得られなかったが、VEA では 6 回得ることができ、その確率はここでも上がっている。これは VEA の方が局所探索性に優れていることと同時に、局所最適解に陥る確率も低いことを示している。このことから、VEA では局所探索と広域探索の両方の探索がうまく機能しているとも考えられる。また、モデル 2 の最短巡回路は図 11

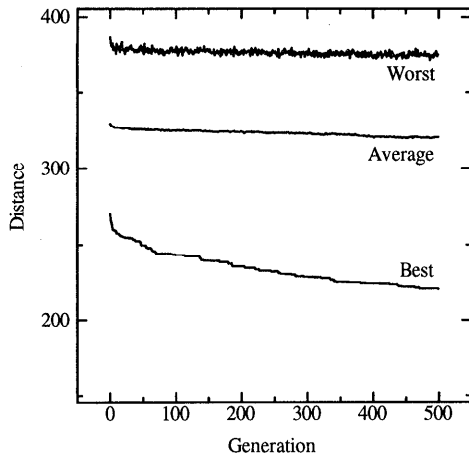


図9 世代と巡回距離の関係 (モデル 2)

Fig. 9 Relationships between generation and distance (model 2).

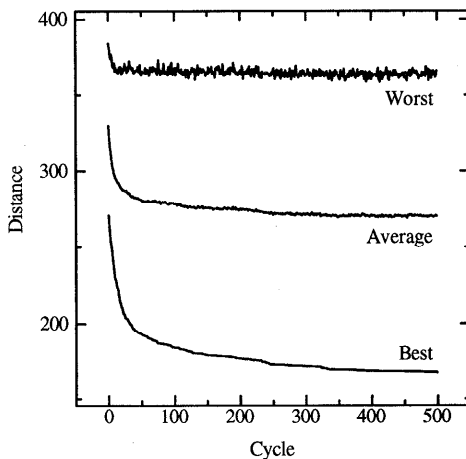


図10 サイクルと巡回距離の関係 (モデル 2)

Fig. 10 Relationships between cycle and distance (model 2).

に示すもので、その距離は 86.0 であることが分かっている。この場合 GA および VEA のどちらにおいても最適解を得ることはできなかった。これは今回の実験において同条件での比較を優先して採用した、Grefenstette らによるコーディング法を用いたの GA および VEA の構成では、探索能力が元々あまり高くないことに原因があると思われる。しかし、GA (2 点交叉) では平均最短巡回距離が 221.1 と、最適解に対して 257% の結果しか得られなかったが、VEA では平均最短巡回距離は 167.4 と最適解の 195% まで探索を進めることができ、VEA の方が GA より探索能力に優れているといえる。

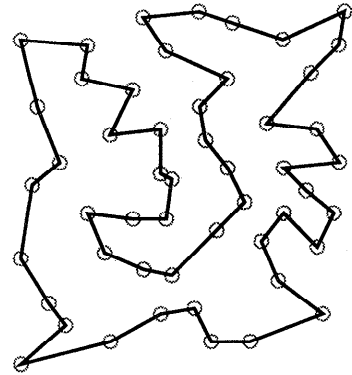


図11 巡回セールスマン問題の例 (モデル 2)

Fig. 11 Example of traveling salesman problem (model 2).

4.3 考 察

実験全体を通して、GA に対して VEA は以下の特長を有することが確認された。

- (1) 計算時間が減少する。
- (2) 収束速度が上昇する。
- (3) 最適解を得る確率が高くなる。

なお、巡回セールスマン問題 (モデル 1) とナップザック問題 (モデル 1) はともに、集団サイズが 50、染色体長が 24、世代およびサイクル数が 500 とまったく同じであるのに、計算時間の減少率に差を生じている。これは、それぞれの問題でのデコーディング時間の差によるものと考えられる。すなわち、すでに述べたように VEA の遺伝子操作は GA のものよりも軽く、この部分では VEA の計算時間は確かに短縮される。しかし、遺伝子型から表現型に変換し適応度を求めるというデコーディング処理は、手法によらず共通であり当然のことながら計算時間もまったく同じになる。そして VEA や GA 全体は、このデコーディング処理と遺伝子操作で構成されており、このことから遺伝子操作における計算時間の比が、そのまま全体の計算時間の比にはならないことは明らかである。つまり、デコーディング処理と遺伝子操作の計算時間の比において、デコーディング処理の割合が大きくなればなるほど計算時間の比は 1 に近づく。本実験の場合、ナップザック問題のデコーディングよりも、巡回セールスマン問題のデコーディングの方が処理が重いことが、計算時間の減少率の差によって現れていると考えられる。

5. む す び

本論文ではウイルス進化論に基づく新しい進化型アルゴリズムを提案した。このアルゴリズムではウイル

スを遺伝子を運ぶ生物器官の1つととらえ、ウイルスの感染による遺伝子操作を、GAと組み合わせて探索能力の向上を目的とするものではなく、唯一の探索操作とした点が、GAや従来のウイルス進化論に基づく手法とは大きく異なっている。また、ウイルスの感染により集団全体へ遺伝子断片を急速に拡散可能であることから、局所探索能力が向上し、さらに遺伝子操作の処理の軽さから、その計算時間はGAに比べ短くなるという利点がある。

提案手法の有用性を確認するため、組合せ問題を解くことにより、提案手法とGAを比較する計算機実験を行った。その結果、GAに比べ提案手法では次のことが確認された。

- (1) 計算時間が減少する。
- (2) 収束速度が上昇する。
- (3) 最適解を得る確率が高くなる。

参 考 文 献

- 1) 北野宏明: 遺伝的アルゴリズム, 産業図書 (1993).
- 2) Lawrence, D.: *Handbook of Genetic Algorithms*, Van Nostrand Reinhold (1991).
- 3) 中原英臣, 佐川 峻: ウイルス進化論, 泰流社 (1989).
- 4) 狩野 均, 長谷川和代, 松本美幸, 西原清一: ウイルス進化論に基づく制約充足問題の解法, 計測制御学会第30回知能システムシンポジウム, pp.75-80 (1996).
- 5) Kubota, N., Fukuda, T. and Shimojima, K.: Virus-Evolutionary Genetic Algorithm for Self-Organizing Manufacturing System, *Computer & Industrial Engineering Journal*, 30-4, pp.1015-1026 (1996).
- 6) 下島康嗣, 久保田直行, 福田敏男: ウイルス進化論に基づく学習型ファジィコントローラ, 日本機会学会論文集 (C編), 63-608, pp.1261-1268 (1997).
- 7) 玉置 久, 喜多 一, 岩本貴司, 三宮信夫: 遺伝アルゴリズム—1, 2, 3, システム制御情報学会

誌, Vol.39, No.6, 8, 10, pp.295-302, 400-407, 431-438 (1995).

- 8) Grefenstette, J., Gopal, R., Rosmaita, B. and VanGucht, D.: Genetic Algorithms for the Traveling Salesman Problem, *Proc. 1st Int. Conf. on Genetic Algorithms and Their Applications*, pp.160-168 (1985).

(平成10年6月1日受付)

(平成11年2月8日採録)



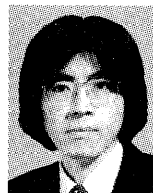
中谷 直司

1994年埼玉大学工学部電子工学科卒業。1996年同大学院修士課程修了。現在、同大学院博士課程在学中。集積回路設計手法、遺伝的アルゴリズムの研究に従事。



金杉 昭徳 (正会員)

1983年埼玉大学工学部電子工学科卒業。1985年同大学院修士課程修了。同年(株)富士通研究所厚木研究所入所。1990年埼玉大学工学部助手。非線形回路解析、集積回路設計手法、遺伝的アルゴリズムの研究に従事。工学博士。電子情報通信学会, 人工知能学会, エレクトロニクス実装学会各会員。



近藤 邦雄 (正会員)

1979年名古屋工業大学第2部機械工学科卒業。名古屋大学教養部図学教室, 1988年東京工芸大学電子工学科講師を経て, 1989年埼玉大学工学部情報工学科助教授。コンピュータグラフィックス, ユーザインタフェース, 形状モデリング, 感性と知識を基にした画像処理の研究に従事。工学博士。日本図学会等会員。