

優性方向優先探索法を追加した実数値遺伝的アルゴリズムの最適化性能検証

田中 信¹ 倉田 博之² 大橋 健²

現在、実数値遺伝的アルゴリズムは、多くの分野の最適化問題で利用されている。しかし、GA による最適化では、トレードオフとして膨大な反復計算が要求される。そのため勾配を用いるハイブリッド遺伝的アルゴリズムが高い最適化性能を示している。しかし、評価値の勾配が計算できない最適化問題に対して勾配法 GA の適用は困難である。そこで、このような問題を軽減する手法に優性方向優先探索法(Dominant Direction Priority Searching Method, DDP Searching Method)がある。DDP では母集団中の劣性個体から優性個体に向かうベクトルを間接的な評価値空間の勾配方向(優性方向)と仮定して、この方向を優先した局所探索と母集団の交叉を同時に行う。本論文では、数学的ベンチマーク関数と遺伝子発現ネットワークである大腸菌熱ショック応答シミュレーションの最適化問題 DDP Searching Method を用いて、その最適化性能の検証を行った。

Verification of the optimization performance of Real-Coded Genetic Algorithm with Dominant Direction Priority Searching Method

Shin Tanaka¹ Hiroyuki Kurata² Takeshi Ohashi²

Real-Coded GA is used in optimization problems in a lot of fields. But, there is a problem that GA demands a large quantity of computational complexity. Therefore Hybrid Genetic Algorithm (gradient GA) to use a gradient shows high optimization performance. But we cannot apply gradient GA for the optimization problem that it is impossible to calculate a gradient value of fitness function. So Dominant Direction Priority search method (DDP Searching Method) is suggested in order to reduce these problems. In DDP Searching method, we suppose a vector facing a superior gene from an inferior gene in population to be an indirect gradient direction (a dominant direction) And we carry out prior local search of dominant direction and GA crossover simultaneously. In this paper, we inspected the optimization performance in some mathematical benchmark functions and gene regulatory network simulation using DDP Searching Method.

1. はじめに

遺伝的アルゴリズム(Genetic Algorithm, GA)[1]は生物の進化過程を模倣した数値最適化手法である。また、遺伝子を実数値でコーディングした実数値 GA(Real-Coded Genetic Algorithm)[2], [3]は巡回セールスマン問題(TSP)のような数学的な最適化だけではなく、光学レンズの設計や蛋白質の構造解析、生命分子ネットワークシミュレーション解析などの逆問題の解法として注目されている。しかし、遺伝的アルゴリズムでは、世代の繰り返しのより個体群を収束させ探索範囲の絞込みを行うため、最適化完了までに多くの計算回数が必要とされるという問題がある。

そこで、少ない計算反復回数で最適化を実現するためにGAと他の数値計算を融合した手法は Hybrid GA と呼ばれている[4]。その1つに傾斜法をGAの最適化と同時に用いたり、分散遺伝的アルゴリズムなどと融合する手法[5]がある。この傾斜法GAではGAの世代交代の途中で個体の評価値に対する各パラメータの微分値を計算し、勾配を利用して最適解が存在すると予測される方向への探索をGAに追加して、数値計算的に局所解まで個体を移動させることで個体群の収束を促進するため、GAの収束性の向上が示されている。

しかし、複峰性や非連続、各パラメータに対する評価値の勾配が計算できないような最適化問題への適用は困難となる。

そこで本論文では、評価値関数が非連続、または評価値の微分値計算が不可能で傾斜法GAが適用できないような最適化問題において、傾斜法GAと同様な局所最適解の探索をGAに追加し、最適化性能を向上させる手法として「優性方向優先探索法(Dominant Direction Priority Searching Method, DDP)」[6]を用いる。そして、優性方向への探索の意義と、DDPの設定パラメータが最適化能力に与える影響などの検証とその設計の指針を与える。

2. 優性方向優先探索法

DDPは非連続関数や評価値空間の勾配計算が不可能で傾斜法GAが適用できない最適化問題などにおいても、勾配法GAの考え方と同じような優性方向の局所探索を行う手法である。ここでの優性方向とは、母集団から2個体を抽出して、評価値が低い個体(劣性)から評価値が高い個体(優性)を結ぶベクトルの方向であり、このベクトルを評価値空間の勾配方向であると仮定すると、その延長線上にはさらに優性な性質(局所最適解)が存在する可能性が高いと予測される。DDPではこのような優性方向への探索を従来のGAの探索に組み合わせる(図1)。DDPの操作は以下の通りである。

- (1) 母集団から2個体(基準個体(Based-Gene)を選択する。
- (2) 劣性基準個体から優性基準個体へ向かうベクトル(優性方向ベクトル, Dominant Direction Vector, DD-Vector)を計算し、劣性個体を起点にDD-Vectorの長さを延長したベクトルを優性方向延長ベクトル(Extended DD-Vector, EDD-Vector)とする。(延長率, Extended-Ratio>1)
- (3) EDD-Vector上のランダムな位置にm個の新個体(DDP個体)を生成する。(m:DDP個体数)
- (4) 基準個体を母集団に戻す。ただし、m個のDDP個体の中で最も適度の個体が劣性基準個体の適度よりも高い場合は、個体の入れ替えを行う。
- (5) GA 1世代につき、(1)から(4)の操作をDDP頻度(DDP-Frequency)だけ繰り返す。

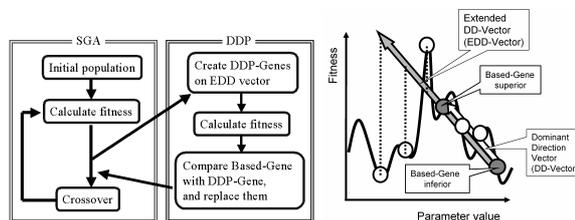


図1: DDP探索アルゴリズム

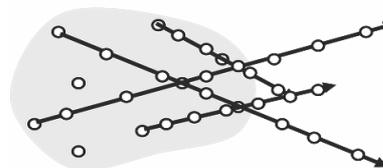


図2: DDP探索の範囲

こうして、評価値空間の勾配が計算できない最適化問題において、DD-Vectorを勾配であると見立てて、優性方向の探索を行う。このため、非連続関数においても勾配を想定することができる。GAにDDP探索を追加したものをGA+DDPと呼ぶようにする。また、(図1)のような複峰性関数での局所最適解を考慮して、優性方向の探索が十分に行えるように、EDD-Vector上に複数個の探索点(DDP個体)を生成する。

GA+DDPのメリットは、評価値の勾配計算を必要とせず優性方向を予測的に探索すること。DDPによる局所探索を優性方向のみに制限し、非優性方向への非効率な探索を考慮しないこと。DDP個体の探索において、その結果が良好でない場合は母集団個体との入れ替えを行わない保険つき局所探索を行うこと。DDPの局所的とGA交叉の大域的な探索が同時に進行することである。

¹九州工業大学院情報工学研究科 情報創成工学専攻
 Program of Creation Informatics, Kyushu Institute of Technology
²九州工業大学情報工学部 生物化学システム工学科
 Department of Biochemical Engineering, Kyushu Institute of Technology

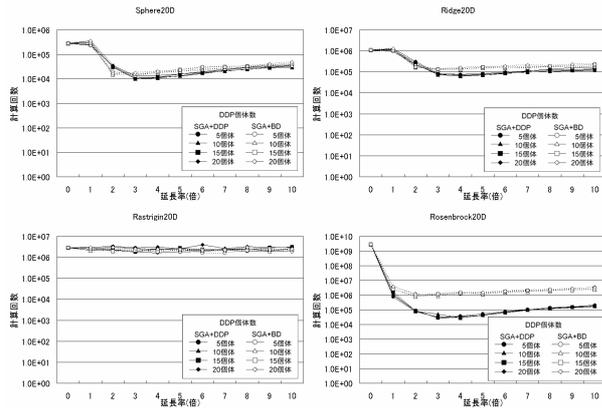


図 3: 延長率と最適化に要する計算回数の比較

このため、GA+DDP 探索では(図 2)のように従来の GA の探索範囲に新たな予測優性方向の探索が追加される。また、DD-Vector の長さは個体群の収束状況で変化するので、最適化の初期では、個体群は広域に分散しているために DDP 個体は広域探索、以降は個体群の収束に合わせて DDP 個体は局所集中探索を行うようになる。

DDP 単独での探索アルゴリズムは、個体群から個体を抽出して、それらを基準に複数個の探索点を新たに生成し、その一部を母集団に還元するという点で、MGG(Minimal Generation Gap)[7]の子個体生成を優性方向のみと制約をつけた手法に類似するといえる。しかし、GA+DDP では、DDP 探索の局所的と GA 交叉の大域的な探索を融合することによる最適化の相乗効果が期待される。

DDP 探索で設定すべきパラメータは、EDD-Vector の延長率、EDD-Vector 上の DDP 個体数、1 世代あたりの DDP 頻度(DDP Frequency)である。また、DDP の探索を優性方向のみではなく、逆方向を含めた両方向に探索を行うものを BD 探索(Bidirectional Search)と呼ぶ。

3. ベンチマーク関数

DDP 探索の効果を検証するために Sphere, Rastrigin, Ridge, Rosenbrock 関数を用いて比較実験を行った。これらのベンチマーク関数は連続関数であり傾斜法 GA の適用が可能である。

DDP 探索では 1 世代あたりに(DDP 個体数×DDP 頻度)の計算負荷が追加される。このため、最適化する関数が連続で勾配計算可能ならば傾斜法 GA を用いた方が明らかに GA+DDP よりも良好な最適化性能を示す。

しかし、DDP 探索では、非連続関数または勾配計算が不可能な実問題の最適化問題を前提としているため、これらのベンチマーク関数の勾配計算が不可能であると仮定すると、勾配法 GA の適用は困難である。そこで、DDP の設定パラメータと最適化性能の関係について調べるために、数学ベンチマーク関数の勾配計算が不可という仮定で検証を行っていく。

4. DDP の最適化性能比較

4-1. 延長率と延長方向について

DDP の特徴の 1 つは、母集団の個体分布から優性方向を予測して、優性方向のみに集中探索を行う点である。そこで、EDD-Vector の延長率を変化させた時の最適化に要する計算回数を測定した。また、SGA+DDP と SGA+BD との比較を(表 1)の条件で行うことで、優性方向のみの探索の効果が示される。

(図 3)は各関数 20 次元における計算回数の比較である。計算回数は DDP 探索の追加分も考慮している。

延長率=0.0 の場合は SGA に等しい。延長率が 1.0 の場合は基準個体間の探索のみを行っている。延長率が 1.0 より大きくなると、DDP の探索が母集団外にまで広がるため、単峰性関数では大域的最適解への探索が促進される。このため、延長率が 2~4 付近

では最適化完了までの計算回数も少ない。しかし、延長率がさらに大きくなると、DDP 個体が配置される密度が低くなり、充分な空間探索が行えなくなる。密度を一定に保つためには、DDP 個体数を増やさなければならないが、その分だけの計算付加がさらに必要となる。

表 1: SGA, SGA+DDP, SGA+BD の設定条件

【SGA, SGA+DDP, SGA+BD】
GA 個体数: 100 個体
交叉法: UNDX[7]
延長率: 0~10
DDP 個体数: 0, 5, 10, 15, 20 個体
DDP 頻度: 1 世代あたりに 10 試行
GA 試行回数: 各 20 試行
関数次元: 2~20 次元

また、DDP は非優性方向への非効率な計算を行わないため、SGA+BD よりも少ない計算回数で最適化が完了している。

Rastrigin 関数において、延長率は計算回数への依存がほとんどない。Rastrigin 関数は関数の次元が高くなるほど準最適解の数も増大する。SGA+DDP, SGA+BD は SGA よりも探索点は多くなるが、GA 個体群は複数の準最適解、または特定の準最適解に収束しやすく、そのため、優勢方向にも偏りが生じてしまい DDP 探索の効果が得られにくい。

Rosenbrock 関数について、SGA+DDP は、SGA や SGA+BD よりも遙かに少ない計算回数で最適化が完了している。また、延長率も 2.0~4.0 付近で良好な結果を示し、以降は計算回数が増大していく傾向がみられる。

実験的に Rastrigin を除く関数では優性方向のみの DDP が良好な結果を示し、関数次元が変化しても、SGA+DDP の延長率は 2.0~5.0 程度の場合が良好な結果を示す傾向がみられた。

4-2. 各 GA 手法との比較(ベンチマーク関数)

比較した GA は SGA, MGG+UNDX, SGA+BD 変異, SGA+DDP 変異, SGA+BD, SGA+DDP である。SGA+DDP(SGA+BD)は DDP 個体を用いることで、DDP 探索が失敗しても母集団の性質は保持される。これに対し、SGA+DDP 変異(SGA+BD 変異)では DDP 個体を用いず、母集団の個性性質を優性方向に突然変異させる。このため、優性方向の探索が失敗した場合は、母集団にその個体が残留する。この両者の結果を比較することで、保険つき局所探索の効果が示される。それぞれの詳しい設定は(表 2)のとおり。(表 3)は、各 GA 手法でそれぞれのベンチマーク関数を最適化したときの計算回数の比較である。SGA の計算回数を基準とした百分率で示している。

Rastrigin 関数では個体群の収束状況が示す優性方向は、必ずしも最適解の方向を向いているとは限らない。そのため、SGA+DDP 変異の方が少ない計算回数で最適化が完了しているが、その差は他の関数と比べて小さい。

単峰性関数(Sphere, Ridge)では、優性方向に最適解が必ず存在するため、DDP を用いた方が計算回数は少ない。また、SGA+DDP では DDP 探索のための計算回数が付加されるため、SGA+DDP 変異の方が良好な結果を示している。

Rosenbrock 関数では、SGA+DDP が良好な結果を示している。Rosenbrock は複峰性であるが変数依存を持つため、個体群の優良個体を起点とする優性方向の探索が効果を示している。また、SGA+DDP において、DDP 個体が仮探索を行うことで、局所最適解への収束性が弱められており、SGA+DDP 変異よりも良好な結果を示したといえる。

DDP (BD) 探索のみで GA 母集団の交叉を行わずに最適化を行なうと Sphere 関数以外の関数を最適化することはできなかった。しかし、GA 母集団の交叉が付加されたものは MGG+UNDX よりも良好な結果を示した場合が多い。これは MGG の局所探索だけではなく、母集団の大域的な交叉を同時に行ったことによる最適化性能の相乗効果ともいえる。

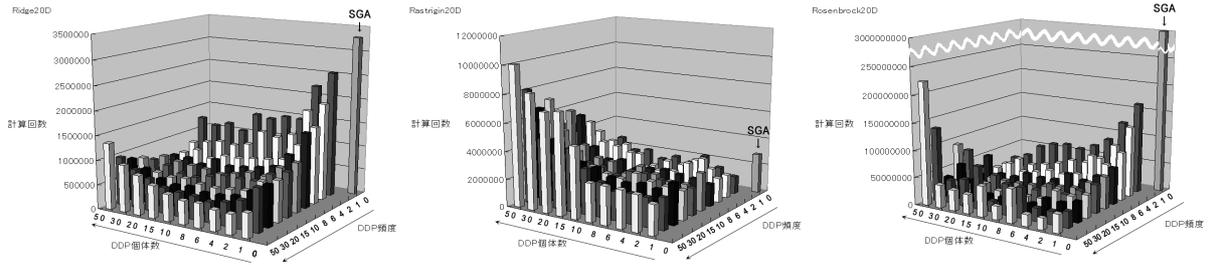


図 5: DDP 個体数と DDP 頻度との各組み合わせでの最適化に要した計算回数

表 2: 各 GA の設定条件

【共通の設定】
GA 個体数: 100 個体
交叉法: UNDX
GA 試行回数: 各 20 試行
関数次元: 2~20 次元
【SGA, SGA+ BD 変異, SGA+DDP 変異】
延長率: 3.0
突然変異率: 0.0~0.5
【SGA+ BD, SGA+DDP】
延長率: 3.0
DDP 個体数: 5, 10, 15, 20 個体
DDP 頻度: 5, 10, 15, 20 試行
【MGG+UNDX】
母集団個体数: 100 個体
子個体数: 100 個体
交叉法: UNDX

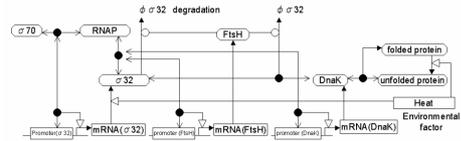


図 6: 大腸菌熱ショック応答の反応モデル(KOHN の図式[10])

表 3: 最適化に要した計算回数の割合(関数: 20 次元)

最適化問題	①	②	③	④	⑤
Sphere	1052.5	10.7	3.7	5.0	3.6
Ridge	16.2	23.4	5.8	11.0	6.8
Rastrigin	89.1	59.1	48.9	73.2	65.5
Rosenbrock	12.1	0.3	0.03	0.03	0.001

SGA の計算回数を基準としたとき、①: MGG+UNDX, ②: SGA+BD 変異, ③: SGA+DDP 変異, ④: SGA+BD, ⑤: SGA+DDP の百分率(%), SGA+BD, SGA+DDP は延長率=3.0: DDP 個体: 10 個体: DDP 頻度: 10, BD, DDP 変異の変異率は最良条件での値

4-3. DDP 個体数, DDP 頻度について

延長率を 3.0 に固定して, DDP 個体数と DDP 頻度の組み合わせにおける計算回数を(表 4)の条件で測定した。

表 4: GA+DDP の設定条件

【GA+DDP】
個体数: 100 個体
交叉: UNDX
GA 個体数: 100 個体
延長率: 3.0
DDP 個体数: 0, 2, 4, 6, 8, 10, 15, 20, 30, 50 個体
DDP 頻度: 0, 2, 4, 6, 8, 10, 15, 20, 30, 50 試行/世代
GA 試行回数: 各 20 試行

(図 5)は, 関数次元 20 次元で, DDP 個体数と DDP 頻度の各組み合わせでの計算回数のグラフである。

Rastrigin 関数では, (図 3)からも SGA+DDP 探索の性能は SGA 単独の場合とほぼ変わらないため, DDP 個体数, DDP 頻度が大きくなるにつれて, DDP 探索の計算負荷が蓄積していく。このため, 最適化に要する計算回数は次第に増大していく。Rastrigin を除く関数については, 関数の次元を変化させても, DDP 個体数と DDP 頻度が 0 から増大させていくと計算回数が減少し, さらに増大させると再び計算回数が増加するという同様の傾向がみられた。今回の実験結果から DDP 個体数が 5~10 個体, DDP 頻度が 5~10 試行の付近では, 著しく最適化性能を阻害する試行はみられず, 全体的にも良好な最適化が行えているといえる。

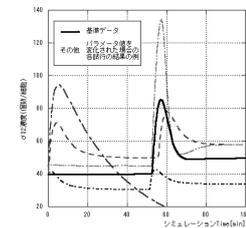


図 7: 蛋白質 $\sigma 32$ の一過性ピーク

5. 遺伝子発現ネットワーク最適化問題

次に, 遺伝子発現ネットワークである大腸菌の熱ショック応答シミュレーションのパラメータ最適化[9]を行う。熱ショック応答とは, 細胞に熱が加わったときに起こる変性蛋白質の凝集・蓄積による細胞死を防ぐ反応である(図 6)。

本シミュレーションは蛋白質(酵素)が生成, 分解される際の転写速度や分解速度, 複合体を形成する際の結合・解離速度などのパラメータ値を入力すると, 各成分濃度の時系列データを出力する(図 7)。最適化では, 本系で特徴的な挙動を示す調整蛋白質 $\sigma 32$ の一過性ピークに注目し, 指定したピーク波形を再現するようなパラメータセットの探索を行う。最適化するパラメータは 9 つの蛋白質結合定数とし, 評価値は $\sigma 32$ を含む 3 種の蛋白質の二乗誤差で行う。

本系はパラメータ間の変数強度の差が大きく, また, シミュレーション精度の関係から評価値空間は細かな凹凸を無数にもつ複雑性評価値空間となる。また, 評価関数の性質上, 評価値空間の勾配を計算することは困難である。

6. 大腸菌の熱ショック応答シミュレーションでの DDP 最適化性能比較

6-1. 延長率と延長方向について

DDP 探索における DD-Vector の延長率と延長方向について, (表 1)と同じ条件で最適化実験を行い最適化に要する計算回数で比較を行った。

(図 8)は延長率, 延長方向と計算回数のグラフである。SGA+DDP は延長率 2~10 の範囲で SGA よりも少ない計算回数で最適化が完了している。特に延長率が 3~5 倍付近は良好な最適化結果を示している。延長率がさらに大きくなると DDP 個体が配置される密度が低下していくため, 十分な空間探索が次第に出来なくなり, 最適化完了までに多くの計算回数が要求される。また, 延長率が 1 倍の場合では, 基準個体間に DDP 個体が生成されるため, 局所の過剰な探索により計算回数が増大し, SGA よりも計算回数は多くなっているが, それを除けば SGA+BD よりも約 1/3 の計算回数で最適化が完了しており, 優性方向への探索の効果が現れている。

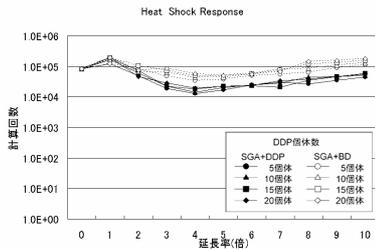


図 8: 延長率,延長方向と計算回数

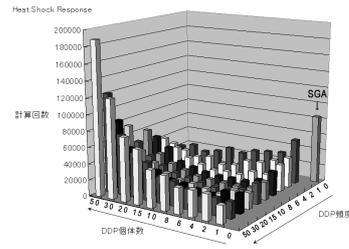


図 10: DDP 個体数, DDP 頻度と計算回数(Heat Shock Response)

6-2. 各 GA 手法との比較(Heat Shock Response)

延長率:4.0, GA の設定を(表 2)と同条件としたときの計算回数の比較が(表 5)である。(表 5)の各項目は(表 3)に等しい。

本系の評価値空間は複峰性で、大域的最適解は探索空間に比べ極めて狭い範囲に存在するため、MGG+UNDX では最適化完了までに多くの計算回数を要している。

一方, DDP を用いたものは, どちらも BD よりも少ない計算回数で最適化が完了している。これは, 優性方向のみに探索範囲を絞ることで余分な計算付加を排除できたためである。また, 突然変異では個体の性質が更新されてしまうが, SGA+DDP(SGA+BD)のように DDP 個体で保険つき局所探索を行うと DDP 探索に失敗しても母集団の性質は維持されるため, SGA+DDP 変異よりも良好な結果を示した。ここでも, DDP(BD)単独で最適化を行った場合は, 最適化が完了する試行が見られなかった。このため, SGA+DDP では, DDP 局所探索と GA 交叉の相乗効果が表れているといえる。

表 5: 最適化に要した計算回数の割合(Heat Shock)

最適化問題	①	②	③	④	⑤
Heat Shock	791.1	90.4	78.5	75.3	26.8

6-3. DDP 個体数と DDP 頻度について

延長率を 4.0 に固定して, DDP 個体数と DDP 頻度を変化させたときの計算回数を(表 4)と同条件で調べた。

(図 10)は DDP 個体数と DDP 頻度の各組み合わせでの計算回数のグラフである。DDP 個体数が 1 から 20, DDP 頻度が 1 から 20 の場合では SGA よりも少ない計算回数で最適化が完了している。DDP 個体数と DDP 頻度が 0 から増えるにつれ, DDP 探索の回数も増加し, 優性方向を探索する効果が現れてくる。しかし, DDP 個体数, DDP 頻度が 20 を越えると, 空間の過剰探索となり, 最適化に要する世代数の減少は停滞する。しかし, DDP 探索に使われる計算付加が次第に増加して蓄積していくため, 最適化完了までの計算回数は増大していく傾向がある。

7. おわりに

本研究では, 非連続または勾配の計算が不可能で傾斜法 GA が困難な関数の最適化問題を前提として, 個体群の分布から, 評価値空間の勾配方向を予測して, その方向に集中的な探索を行う DDP 探索の性能検証を行った。

DDP 探索を GA と融合した GA+DDP のメリットとして以下の点が挙げられる。評価値の勾配計算を必要とせず優性方向を予測的に探索すること。局所探索を優性方向のみに制限し非効率な探索を考慮しないこと。DDP 個体により保険つきの局所探索を行うこと。DDP の局所的と GA 交叉の大域的探索を同時行うことである。Rastrigin 関数を除くベンチマーク関数と実系の大腸菌熱ショック応答シミュレーション最適化問題では, SGA+DDP は良好な結果を示した。これは, 優性方向の効率的な保険つき局所探索と DDP の局所探索と GA 母集団の交叉の相乗効果であるといえる。

DDP 探索で設定すべきパラメータは EDD-Vector の延長率, DDP 個体数, DDP 頻度である。延長率は小さすぎると優性方向の探索が十分行えない。逆に大きすぎると DDP 探索密度が低下してしまう。この密度を一定に保つには DDP 個体数や DDP 頻度を増やさなければならないが, GA1 世代あたりの計算負荷も増大するため非効率である。

延長方向については, Rastrigin 関数を除く最適化問題で, DDP は他手法よりも少ない計算回数で最適化が行われていた。これは, 非優性方向への非効率な探索を排除した結果であり, 優性方向のみの DDP 探索で良好な最適化が行えることを示している。

また, DDP 個体数と DDP 頻度は相互関係があるが, これらの値が共に小さいときは, DDP 探索密度が低いため, 優性方向の探索が十分に行えず, 逆に大きすぎる場合には DDP 探索の計算付加量が増大するため, 最適化完了までに必要な計算回数も増大していく傾向がある。しかし, 本実験結果では, DDP 個体数が 5~10 個体, DDP 頻度が 5~10 試行の付近では, 著しく最適化性能を阻害する試行はみられず, 全体的にも良好な最適化が行えている。

今回の実験では個体群の状況から優性方向予測して, 単純に EDD-Vector 上の線形な位置に DDP 個体を生成した。しかし, DDP 探索の本質は DDP 個体の生成法よりも, 優性方向に局所探索を制限することと保険つき局所探索, さらに GA 交叉との相乗効果である。そのため, DDP 個体の生成時に, 劣性基準個体と EDD-Vector の延長線上の性質を親個体として UNDX のような空間的に広がりを持つ範囲に新個体を生成する手法を用いたり, 単一母集団の SGA ではなく, 幅広い問題への適用性と高い最適化性能が示されている分散遺伝的アルゴリズム(Distributed Genetic Algorithm, DGA)[11]など他の GA 手法に DDP 探索を融合させることで, 更なる最適化性能の向上が期待される。

参考文献

- [1] 北野宏明: 遺伝的アルゴリズムの基礎, 北野宏明 編著, 遺伝的アルゴリズム, pp. 3-41, 産業図書 (1993)
- [2] Davis, L.: Genetic Algorithms in Search, Optimization, and Machine Learning. Van Nostrand Reinhold, New York, 1990.
- [3] Michalewics, Z.: An Experimental Comparison of Binary and Floating Point. *Representations in Genetic Algorithms*, 2, pp.187-202, 1993.
- [4] D, E, Goldberg, and S, Voessner.: Optimizing global-local search hybrids, *Proc. of GECCO*, pp. 220-228, 1999
- [5] Hiroyasu, T., Miki, M., Minami, Y., Tanimura, Y.: Global Optimal-point Search of Hybrid Genetic Algorithms Using Gradient Method. *Proceedings of the 5th Technical Session on Mathematical Modeling and Problem Solving*, pp.57-64, 2000
- [6] Tanaka, Shin., Kurata, Hiroyuki., Ohashi, Takeshi.: Dominant Direction Priority Searching Method for Real-Coded Genetic Algorithm, *PDPTA03 International Conference (2003), Volume 3*, pp.1113-1119
- [7] Ono, I. and Kobayashi, S.: A Real-coded Genetic Algorithm for Function Optimization Using Unimodal Normal Distribution Crossover. *Proc. 7th Int'l Conf. On Genetic Algorithms*, pp.246-253, 1997.
- [8] Sato, H., Ono, I. and Kobayashi, S.: A New Generation Alternation Model of Genetic Algorithms and Its Assessment, *J. of Japanese Society for Artificial Intelligence*, Vol. 12, No. 5, pp. 734-744(1997)
- [9] Kurata, H., H. El-Samad, T.-M. Yi, M. Khammash, J. C. Doyle.: Feedback regulation of the heat shock response in E. coli, *Proceedings of the 40th IEEE Conference on Decision and Control*, pp.837-842, 2001
- [10] Kohn, K.W.: Molecular Interaction Map of the Mammalian Cell Cycle Control and DNA Repair Systems. *Mol. Biol. Cell*, 10, pp.2703-2734, 1999
- [11] 三木光範, 畠中一幸: 並列分散 GA における計算時間の短縮と解の高品質化, 日本機械学会第 3 回最適化シンポジウム講演論文集, pp.59-64.1998