

遺伝子重複に基づく進化的計算法：関数最適化への適用

足立 進[†] 澤井 秀文^{††}

本論文では、大野乾により 1970 年代に提案された遺伝子重複説にヒントを得た進化的計算法 (Gene Duplicated GA: GDGA) を提案する。この計算法は、与えられた問題を部分問題に分割し合成する、いわゆる、“divide and conquer 法” の、GA をベースにした実現法である。局所集団を進化させるベースとなる GA としては、先に提案したパラメータフリー GA (PfGA) と、定常状態 GA (SSGA) の 2 つを比較検討する。各個体はそれまで獲得した部分解を連結し、各局所集団間を移民することにより、より迅速かつ効率的に所望の解を得ることが可能になる。提案した進化的計算法の性能を評価するために、最近提案されている関数最適化ベンチマーク問題を用い、最適解に対する探索能力と収束性能などの比較を行い、遺伝子重複に基づく進化的計算法の有効性を示す。

Evolutionary Computation Inspired by Gene Duplication: Application to Functional Optimization

SUSUMU ADACHI[†] and HIDEFUMI SAWAI^{††}

In this paper, we propose an evolutionary computation method, called Gene Duplicated GA (GDGA), which is based on the gene duplication theory proposed by Susumu Ohno in the 1970's. This computation method is able to solve a given problem by dividing and conquering it based on GAs. As the basic GAs that evolve sub-populations, we compare the Parameter-free GA (PfGA) developed by the authors with the steady-state GA. Individuals in sub-populations become it possible to obtain the globally optimal solution promptly and efficiently by connecting partial solutions and migrating them among sub-populations. The search ability to the globally optimal solution and the convergence performance etc. are compared to evaluate the proposed evolutionary computation methods by using the function optimization benchmark problems recently proposed. As a result, the effectiveness of the evolutionary computation methods based on the gene duplication is confirmed.

1. ま え が き

1859 年、*Charles Darwin* が生物の遺伝と進化について「種の起源」を著し¹⁾、それからヒントを得て、*John Holland* によって 1960 年代に提案された遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithm: GA)²⁾ は、これまで関数最適化、組合せ最適化問題、機械におけるパラメータの最適設計などの多くの分野に応用されてきた³⁾。最近、遺伝的アルゴリズムは他のスキームと発展的に統合され、Evolutionary Computation (EC) という分野を形成している⁵⁾。

本論文では、大野乾が 1970 年代に提案した遺伝子

重複説⁴⁾にヒントを得た、新しい進化的計算法について述べる。大野による遺伝子重複説は、ウイルス、植物、動物などを含めたあらゆる生物の進化の過程では、それまでの蓄積されてきた遺伝子の断片をコピーしたり再利用したりすることにより、より高次の生物への進化を促進させる効果があると主張している。これを大野は、「一創造、百盗作」という簡潔な言葉で表現している⁴⁾。この遺伝子重複は、同一染色体の染色分体間の不等交換、減数分裂過程での相同染色体間の不等交叉、DNA の部分的な繰返し複製などによって起こるとしている。我々は、これらの遺伝子重複機構からヒントを得て、多次元実数値関数最適化問題に対して実現可能な 4 つの遺伝子重複モデル (連鎖型、伸長型、結合型、拡張結合型) を考案する。

遺伝子重複は遺伝子長の異なる個体に対しても適用できる遺伝的オペレータであり、多次元の関数最適化問題を解く場合に、その効果を発揮できるものである。その適用方法は、まず変数を部分次元ごとに遺伝子に

[†] 独立行政法人通信総合研究所関西先端研究センター
Kansai Advanced Research Center, Communications
Research Laboratory

^{††} 独立行政法人通信総合研究所けいはんな情報通信融合研究センター
Keihanna Human Info-Communication Research Center,
Communications Research Laboratory

コーディングし、部分空間における適応度関数を設定し、GAを働かせることにより(準)最適解を求める。この(準)最適解に対応する遺伝子を持つ個体を連結することにより、より高次元の空間における最適化問題を解く。この求解プロセスを、異なる遺伝子長を持つ個体が局所集団間を移民することにより実現する¹³⁾。

本論文の目的は、遺伝子重複の方法と関数の性質との関係を明らかにするとともに、遺伝子重複の効果と局所集団を進化させるベースとなるGAの性質との関係を明らかにすることである。遺伝子重複の方法としては、上記の4つのタイプを比較し、関数型としては単峰性(unimodal)か多峰性(multimodal)か、対称(symmetric)か非対称(asymmetric)か、変数分離可能(separable)か不可能(inseparable)かを考える。また、局所集団を進化させるベースとなるGAとしては多くの可能性があるが、特に集団の大きさ(あるいは多様性)と遺伝子重複の効果との関係に注目する。さらに、遺伝子重複の高い効果を期待するため、標準的ではあるが性能が比較的高くない単純GAの代わりに、少数個体ベースで性能の優れたPfGA^{11),12)}と、多数個体ベースで一般的に性能が高い典型的なGAとされている定常状態GA(SSGA⁹⁾)とを比較検討する。これらを比較して得られた実験結果から、提案する遺伝子重複に基づく進化的計算法において、遺伝子重複のタイプと、解くべき関数の性質との関係や、個体集団における多様性との定性的な関係が明らかになるものと考えられる。提案した進化的計算法の性能を評価するために、上記の関数型の一般的な場合を考慮して、最近提案されている関数最適化ベンチマーク問題^{5),7)}を用い、最適解への成功確率や収束性能などの探索能力の比較検討を行う。

2. 遺伝子重複説に基づく EC

本章では、遺伝子重複説に基づくECの4種類の重複方法を提案する。タイプAは遺伝子連鎖型であり、各次元ごとの遺伝子を持つ個体を一挙に連結する。タイプBは遺伝子伸長型であり、繰返しによってより長い遺伝子を作る。タイプCは遺伝子結合型であり、長さ*i*の遺伝子と長さ*j*の遺伝子を連結して、長さ*i+j*の遺伝子を作る。これを*i*と*j*のすべての組合せで行う。タイプDは遺伝子拡張結合型であり、タイプCが遺伝子座を考慮していないのに対し、遺伝子座を考慮してタイプCを拡張したものである。以上の4つのタイプにおいては、長さ*i*の遺伝子を持つ個体はPfGAまたはSSGAにより進化させ、適当なタイミングで連結、伸長、または結合させる。これによ

り長さ*k*の個体が生じたとすると、それに応じた集団に“移民”させる。移民先では移民個体数だけ個体数が増加するので、悪い方から同数だけ淘汰して、集団サイズを元に戻す。

本論文ではこのように、個体の遺伝子長が固定ではなく可変であり、短い遺伝子が連結(重複)することにより、より長い遺伝子を持つ個体が生じる点が従来法とは異なる特徴となっている。次に図を用いながら、各タイプの詳細について説明する。

2.1 遺伝子連鎖型: Type A

N 次元の目的関数 $f(x_1, x_2, \dots, x_N)$ に対し、1変数 x_i ($i = 1, 2, \dots, N$) を l -bit に Gray coding した遺伝子 $[x_i]$ を発生させ、局所集団 S'_i の初期個体とし、進化させる。ただし、適応度の評価には $f(a_1, \dots, a_{i-1}, x_i, a_{i+1}, \dots, a_N)$ を用いる。 a_i ($i = 1, \dots, N$) は定数(たとえば、すべて0に設定する)である。また、 N 個の全変数を Nl -bit に Gray coding した遺伝子 $[[x_1] \dots [x_N]]$ を発生させ、 S' の初期個体とし、同様に進化させる。適応度の評価は $f(x_1, x_2, \dots, x_N)$ を用いる。各局所集団 S'_i ($i = 1, \dots, N$)、および S' における一定世代の進化が終了した時点で、 S'_1, S'_2, \dots, S'_N から最良子個体を選び、遺伝子配列を結合させて新しい個体 $[[x_1] \dots [x_N]]$ を生成し、移民レート R で S' へ移民させる(PfGAベースの場合)。または上位 P 個を S' へ移民させる(SSGAベースの場合、以下のタイプB~Dについても同様)。また、 S' では個体数を元に戻すため同数の最悪個体を淘汰する(図1参照)。

2.2 遺伝子伸長型: Type B

i 個の変数 x_1, x_2, \dots, x_i ($i = 1, 2, \dots, N$) を $i \times l$ -bit に Gray coding した遺伝子 $[[x_1][x_2] \dots [x_i]]$ を発生させ、局所集団 S'_i の初期個体とし、進化させる。ただし適応度の評価には $f(x_1, x_2, \dots, x_i, a_{i+1}, \dots, a_N)$ を用いる。各局所集団 S'_i の進化が一定世代終了した時点で、 S'_i における最良子個体から遺伝子 $[[x_1][x_2] \dots [x_i][x_{i+1}]]$ を生成する。ただし、 $[x_{i+1}] = [x_i]$ である。

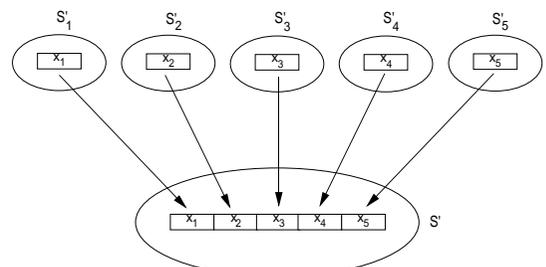


図1 $N = 5$ のときの遺伝子連鎖型(タイプA)における遺伝子重複法

Fig. 1 Gene duplication method in type A for $N = 5$.

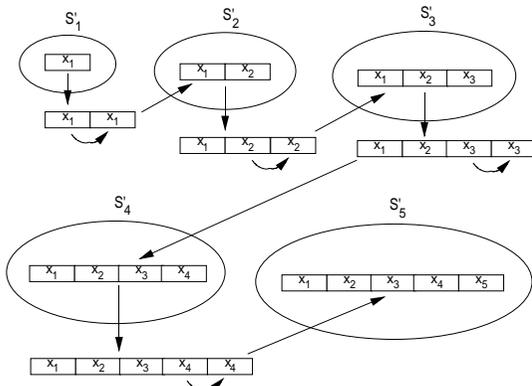


図2 $N = 5$ のときの遺伝子伸長型 (タイプ B) における遺伝子重複法

Fig.2 Gene duplication method in type B for $N = 5$.

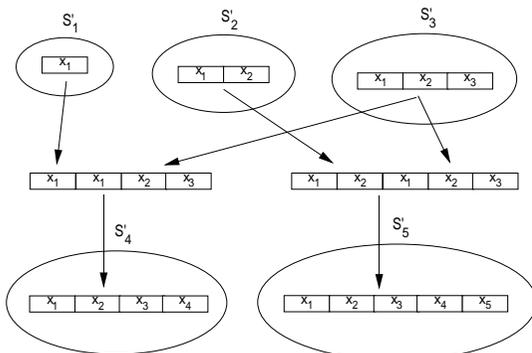


図3 $N = 5$ のときの遺伝子結合型 (タイプ C) における遺伝子重複法

Fig.3 Gene duplication method in type C for $N = 5$.

この新しい個体を移民レート R で S'_{i+1} へ移民させ、 S'_{i+1} では最悪個体を淘汰する (図2 参照)。

2.3 遺伝子結合型：Type C

Type B に対し、移民方法を変更したものを考える。各局所集団の進化が一定世代終了した時点で、 S'_i と S'_j における最良子個体を組み合わせ、 S'_{i+j} ($i + j \leq N$) へ移民レート R で移民させる。 S'_{i+j} では最悪個体を淘汰する (図3 参照)。

2.4 遺伝子拡張結合型：Type D

図4に示すように、1変数 x_i ($i = 1, 2, \dots, N$) を Gray coding した遺伝子 $[x_i]$ を発生させ、局所集団 S'_i の初期個体とする。次に、連続する2変数 x_i, x_{i+1} を Gray coding した遺伝子 $[x_i][x_{i+1}]$ を発生させ、局所集団 S'_i ($i = N + 1, N + 2, \dots, 2N - 1$) の初期個体とする。ただしこれらの集団では適応度は $f(a_1, \dots, a_{i-1}, x_i, x_{i+1}, a_{i+2}, \dots, a_N)$ で求めるものとする。同様にして、連続する変数の数を増やし

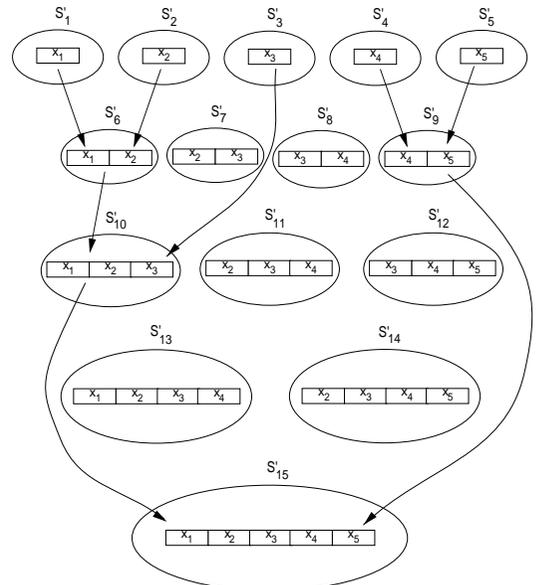


図4 $N = 5$ のときの遺伝子拡張結合型 (タイプ D) における遺伝子重複法

Fig.4 Gene duplication method in type D for $N = 5$.

ていき、 N 変数までの遺伝子を発生させ、局所集団 S'_i ($i = 1, 2, \dots, N(N + 1)/2$) の初期個体として進化させる。各局所集団 S'_i における一定世代の進化が終了した時点で、移民レート R で S'_i と S'_j の最良子個体を結合し、 S'_k への移民を行う。ただし、遺伝子結合の条件としては、2つの遺伝子座は連続していなければならない。また、移民先 S'_k については、 S'_i 、および S'_j における個体の遺伝子長をそれぞれ n_{il} 、および n_{jl} とすると、 S'_k における個体の遺伝子長は $(n_i + n_j)l$ でなければならない。

以上が4つの重複方法の詳細である。また、アルゴリズム全体では、各集団で、交叉・突然変異・選択、集団間では、重複・移民の順で処理を行う。

3. 実験

実験シミュレーションには、上下限付き関数最適化 (最小値探索) 問題を用いた^{5),7)}。表1に、一般のベンチマーク問題でよく用いられる関数と、関数 (1), (2) に対し、各々、最小値をとる x_i の値を一樣乱数 r を用いてランダムにシフトさせた関数 (3), (4) を含めた9関数を示す。これらの関数は、一般の関数型を構成するように、単峰性 (unimodal) が多峰性 (multi-modal) か、変数 x_i に対して対称 (symmetric) が非対称 (asymmetric) か、変数分離可能 (separable) が不可能 (inseparable) かの8つの場合に分類したものである。なお、表1の (1) Sphere model (Sp), (6)

表 1 テスト関数
Table 1 Test functions.

(1) Sphere model (Sp): unimodal, symmetric, separable $f(\mathbf{x}) = \sum_{i=1}^n (x_i - 1)^2$ $-5 \leq x_i \leq 5$ (24 bit), $VTR = 10^{-6}$
(2) Schwefel's Double Sum (Ds): unimodal, symmetric, inseparable $f(\mathbf{x}) = \sum_{i=1}^n (\sum_{j=1}^i x_j)^2$ $-65.536 \leq x_i \leq 65.536$ (27 bit), $VTR = 10^{-4}$
(3) Random Sphere model (Rs): unimodal, asymmetric, separable $f(\mathbf{x}) = \sum_{i=1}^n (x_i - r_i)^2$ $-5 \leq x_i \leq 5$ (24 bit), $VTR = 10^{-6}$
(4) Random Double Sum (Rd): unimodal, asymmetric, inseparable $f(\mathbf{x}) = \sum_{i=1}^n [\sum_{j=1}^i (x_j - r_j)]^2$ $-65.536 \leq x_i \leq 65.536$ (27 bit), $VTR = 10^{-4}$
(5) Generalized Rastrigin's function (Ra): multimodal, symmetric, separable $f(\mathbf{x}) = 10n + \sum_{i=1}^n [x_i^2 - 10 \cos(2\pi x_i)]$ $-5.12 \leq x_i \leq 5.12$ (24 bit), $VTR = 10^{-2}$
(6) Griewank's Function (Gr): multimodal, symmetric, inseparable $f(\mathbf{x}) = \frac{1}{d} \sum_{i=1}^n (x_i - 100)^2 - \prod_{i=1}^n \cos(\frac{x_i - 100}{\sqrt{i}}) + 1$ $d = 4000, -600 \leq x_i \leq 600$ (31 bit), $VTR = 10^{-4}$
(7) Michalewicz' Function (Mi): multimodal, asymmetric, separable $f(\mathbf{x}) = -\sum_{i=1}^n \sin(x_i) \sin^{2m}(\frac{ix^2}{\pi})$ $m = 10, 0 \leq x_i \leq \pi$ (22 bit) $VTR = -4.687(n = 5), -9.66(n = 10)$
(8) Shekel's foxholes (Sh): multimodal, asymmetric, inseparable $f(\mathbf{x}) = -\sum_{i=1}^m \frac{1}{\sum_{j=1}^n (x_j - a_{ij})^2 + c_i}$ $m = 30, 0 \leq x_i \leq 10$ (24 bit), $VTR = -9$
(9) Generalized Langerman's Function (La): multimodal, asymmetric, inseparable $f(\mathbf{x}) = -\sum_{i=1}^m c_i \exp[-\frac{1}{\pi} \sum_{j=1}^n (x_j - a_{ij})^2] \times \cos[\pi \sum_{j=1}^n (x_j - a_{ij})^2]$ $m = 5, 0 \leq x_i \leq 10$ (24 bit), $VTR = -1.4$

Griewank's function (Gr), (7) Michalewicz' function (Mi), (8) Shekel's foxholes (Sh), (9) Generalized Langerman's function (La) の 5 関数は第 1 回 ICEO⁷⁾ で用いられた関数である .

遺伝子型は、各変数 x_i の定義域に応じて表 1 に示した bit 数に Gray coding したものをを用いた . これは、変数 x_i の量子化精度を 10^{-6} としたことによる .

ベースとなる GA は、PfGA および SSGA を用いた . PfGA は多点交叉、突然変異、および個体の適応度の大小に応じて 1~3 個の個体を選択するアルゴリズムである¹¹⁾ . また、SSGA に用いた遺伝的パラメータは、局所集団数が 100、突然変異率が 0.05 である .

交叉については多点交叉を行い、最悪個体を 2 個ずつ淘汰する “delete least fit” 戦略⁶⁾ を用いた .

遺伝子を連結して他の局所集団へ移民するタイミングは、1 世代ごとに行い、1 回の試行における終了条件は、局所集団あたり 10,000 回 (10 次元 Sh と La に対しては 100,000 回) の評価とした . したがって、各局所集団間で評価回数と同じでも、評価に要する計算負荷は大きく異なり、たとえばタイプ B、C の場合、局所集団 S'_N (N : 次元数、タイプ A の場合は S' 、タイプ D の場合は $S'_{N(N+1)/2}$) 以外の集団 $\{S'_i\}$ ではこの計算負荷はきわめて小さい . また、タイプ間で局所集団数や各局所集団における遺伝子長が異なるため、単純に計算した全体の評価回数や計算負荷は異なるが、全体的な計算負荷は局所集団 S'_N で大部分を占める . また、局所集団の並列処理を前提にし、移民の頻度による違いを無視すれば、局所集団 S'_N の処理に最も時間を要するため、処理スピードはすべてのタイプで等しい .

計算は、各関数について独立に 300 回の試行を行い、成功確率、平均評価回数の統計量を求めた . この成功確率、平均評価回数はアルゴリズムの性能を評価する指標⁷⁾ である . ここで、表中に示す VTR (Value To Reach) に到達した試行を成功と見なし、この回数と全試行回数との比を成功確率 (Success Rate) と呼ぶ . また、平均評価回数 (ENES: Expected Number of Evaluation per Success) とは、1 成功あたりの VTR に達するまでの評価回数を平均化したものである .

これらの量を、PfGA をベースとした遺伝子重複 GA では、異なる遺伝子重複 (移民) レート (0~1.0) に対して、SSGA をベースとした遺伝子重複 GA では、異なる移民個体数 (0~50) に対して求めた . また、関数の次元を変化させた場合についても実験を行った . このときの移民レートは、PfGA ベースでは 1.0、SSGA ベースでは移民個体数 10 である . ただし、この場合の ENES は成功確率が 100% のものについてのみ評価を行った .

4. 実験結果

紙数の関係から、ベースとなる GA の性能が良かった方の実験結果についてのみグラフを示す .

4.1 テスト関数と遺伝子重複タイプとの関係

実験の結果、重複の効果がすべてのタイプで現れた関数 (a)、ある特定のタイプのみで効果が現れた関数 (b)、移民による集団の多様性の効果が現れた関数 (c) に分類して述べる .

(a) 重複効果がすべてのタイプで現れた関数

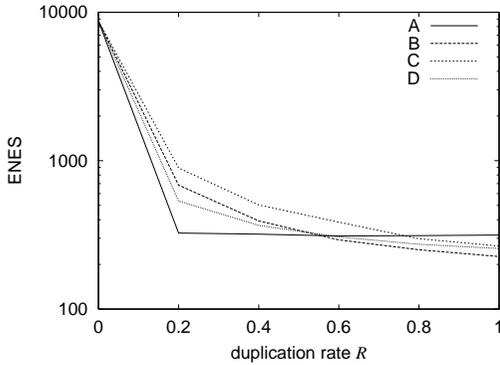


図 5 10次元 Sp に対する ENES と移民レート R との関係 (PfGA ベース)

Fig. 5 ENES as a function of R for 10-d Sp (PfGA-based).

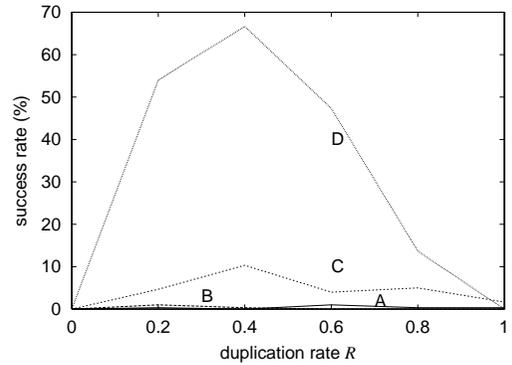


図 7 5次元 Rd に対する成功確率と移民レート R との関係 (PfGA ベース)

Fig. 7 Success rates as a function of R for 5-d Rd (PfGA-based).

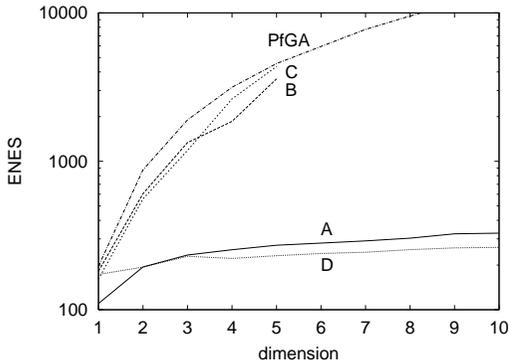


図 6 R_s に対する ENES の次元依存性 (PfGA ベース)

Fig. 6 ENES as a function of dimension for R_s (PfGA-based).

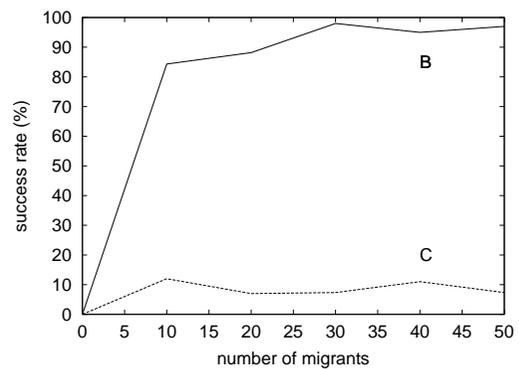


図 8 5次元 Gr に対する成功確率と移民個体数との関係 (SSGA ベース)

Fig. 8 Success rates as a function of the number of migrants for 5-d Gr (SSGA-based).

Sp , Ds , Ra は、すべてのタイプで著しく重複の効果が現れた。10次元 Sp に対しての結果を図 5 に示す。これは PfGA ベースの場合の ENES を、移民レートの関数としてプロットしたものである。移民レート 0 は、重複がない場合の結果である。成功確率はすべてのタイプで 100%であった。また、SSGA ベースの場合も同様にすべてのタイプで重複の効果が現れ、成功確率も 100%となった。 Ds , Ra に対しての結果も、定性的には同様の結果となった。

(b) 重複の効果が特定のタイプで現れた関数

R_s , Mi に対しては、タイプ A, D で重複の効果が現れたが、B, C ではほとんど効果はなかった。図 6 に ENES の次元依存性を示す。これは PfGA ベースであるが、SSGA ベースの場合もタイプ A, D のみ効果が見られた。また、成功確率はすべてのタイプで 100%であった。 Mi に対しても同様の結果となった。

Rd は、タイプ C, D で重複の効果が現れた。図 7 は

PfGA ベースの場合の結果であるが、タイプ D では成功確率が急増し、移民レートが 0.4 のとき、66.7%にも達した。このように成功確率が極大値をとるのがこの場合の特徴である。

Gr は、タイプ B, C で重複の効果が現れた。図 8 は SSGA ベースの場合の 5次元の成功確率を示しているが、タイプ B では移民個体数 30 で成功確率が 98%に達した。PfGA ベースの場合も同様にタイプ B, C で効果が現れた。ただし、10次元の Gr に対してはタイプ B, C, D で効果が現れた。

(c) 移民による集団の多様性の効果が現れた関数

La では、多数個体をベースとした場合に、移民による集団の多様性の効果が現れた。図 9, 図 10 に SSGA をベースとした場合の、5次元 La に対しての成功確率と ENES を図示する。成功確率はほぼ一定であるが、SSGA を用い移民によって多様性を増大させた結

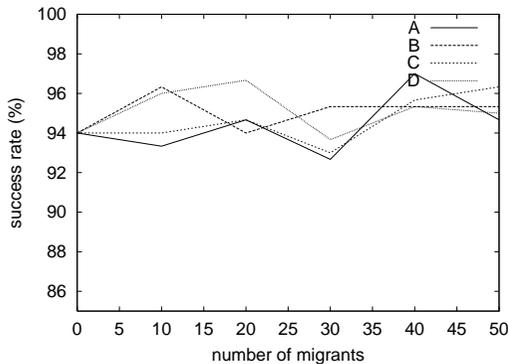


図9 5次元Laに対する成功確率と移民個体数との関係(SSGAベース)

Fig.9 Success rates as a function of the number of migrants for 5-d La (SSGA-based).

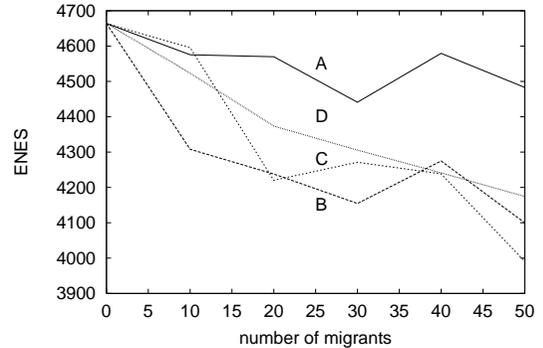


図10 5次元Laに対するENESと移民個体数との関係(SSGAベース)

Fig.10 ENES as a function of the number of migrants for 5-d La (SSGA-based).

表2 PfGAとSSGAをベースとした遺伝子重複GAの比較結果と最良戦略

Table 2 Comparative results between Gene Duplicated GAs based on PfGA and SSGA, and the best strategy.

function	feature			GD-PfGA				GD-SSGA				Best strategy	
	uni	sym	sepa	best	succ	ENES	rate	best	succ	ENES	rate	type	base
Sp5				B	100%	173	1	B	100%	747	10	B	PfGA
Sp10				B	100%	226	1	B	100%	857	10		
Ds5			x	C	100%	233	1	B	100%	1091	10	C	PfGA
Ds10				C	100%	300	1	D	100%	1338	10		
Rs5		x		D	100%	227	1	D	100%	986	10	D	PfGA
Rs10				D	100%	240	1	D	100%	1039	10		
Rd5		x	x	D	66.7%	7815	0.4	-	0%	-	-	D	PfGA
Rd10				-	0%	-	-	-	0%	-	-		
Ra5	x			B	100%	196	1	B	100%	730	30	B	PfGA
Ra10				B	100%	208	1	B	100%	842	10		
Gr5	x		x	B	74.3%	1875	0.2	B	98%	4485	30	B	SSGA
Gr10				D	67.3%	3240	0.4	D	7.3%	7026	10		
Mi5	x	x		D	100%	362	1	D	100%	760	10	D	PfGA
Mi10				D	100%	898	1	D	100%	1453	10		
Sh5	x	x	x	B	9%	4876	1	C	1.3%	4606	10	C	PfGA
Sh10				C	2%	5880	0.2	-	0%	-	-		
La5	x	x	x	C	38%	3859	0.2	C	97%	3990	50	C	SSGA
La10				C	9%	47579	0.8	C	54.7%	58248	40		

果, タイプ B, C, D について, ENES が減少する傾向が見られた.

4.2 ベース比較

PfGAをベースとした場合(GD-PfGA)と,SSGAをベースとした場合(GD-SSGA)との比較を行う.表2は全9関数の5,10次元に対し,GD-PfGAとGD-SSGAにおける最良のタイプ,そのときの成功確率,ENESおよび移民レートを列挙したものである.ただしここでいう最良のタイプとは,成功確率が最大値をとる重複方法を指し,成功確率がいずれのタイプでも100%の場合,あるいはいずれのタイプでもあまり差がない場合はENESが最も小さいものとするこ

とにする.また右端は,これらの結果を考慮したときの最良戦略である.

各関数ごとに最良のタイプは,GD-PfGA,GD-SSGAともほぼ同じである.収束性能については,ENESの比較からGD-PfGAの方が全体的に優れている.また,Gr,Laに対する成功確率の比較から,多峰性で変数分離不可能な関数に対しては,GD-SSGAの方が向いているといえる.

4.3 ICEO'96に参加した他のアルゴリズムとの比較について

ICEOに参加した他のアルゴリズム⁷⁾との比較結果を,5次元版について表3に示す.ただし,参加した8

表3 第1回ICEOでの結果⁷⁾
Table 3 Results in the 1st ICEO⁷⁾.

ENES BV RT	Bilchev and Parmee ⁸⁾	Li and Smith ⁹⁾	Storn and Price ¹⁰⁾	PfGA ¹¹⁾	GD-PfGA	GD-SSGA
Sphere	20	243	736	4,067	173	723
Model	3.88e-15	0.0	-	0.0	0.0	0.0
(Sp)	2	12.7	4.67	0.91	2.39	71.26
Griewank's function	41	21,141	5,765	6,785	1367	2537
(Gr)	7.99e-6	1.69e-5	-	4.66e-7	3.65e-10	3.65e-10
	2	3.1	1.79	0.90	2.35	70.76
Shekel's foxholes	74	6,318	76,210	1,619	456	3632
(Sh)	-10.327	-10.403	-	-10.40	-10.404	-10.396
	2	0.25	0.80	0.33	2.40	41.47
Michalewicz' function	120	6,804	1,877	5,131	240	786
(Mi)	-4.6876	-4.687	-	-4.688	-4.68766	-4.68766
	2	1.28	1.11	0.90	3.54	79.24
Langerman's function	176	4,131	5,308	5,274	2,330	3,460
(La)	-1.499	-1.499	-	-1.499	-1.499	-1.499
	2	1.62	1.35	0.43	2.12	52.83

つのアルゴリズムのうち、上位3位のみを示す。各欄は、上段から ENES, BV (Best Value), RT (Relative Time) の値である。ここで、BV は試行中に到達した最良値、RT は適応度(関数値)の評価を除いたアルゴリズム自体を実行するための相対時間である。ICEO では、20 試行において ENES の小さいほど良いという尺度で比較している。もし、PfGA, GD-PfGA, GD-SSGA が仮想的に参加した場合、GD-PfGA は 2 位、GD-SSGA は 3 位、PfGA は 4 位に入る。また BV の値を比較すると、ICEO に参加した上位のアルゴリズムよりも改良されている。PfGA は RT の値が小さくコンパクトな割には比較的性能が良いことが特徴である。GDGA では RT が増加しているが、ENES が著しく減少していることが分かる。特に PfGA ベースの GDGA での効果が顕著である。

5. 考察

5.1 ベースとなる GA に関して

ベースとなる GA については、表 2 から分かるように、関数の極小値の数に応じて個体数を選択するのが良い。すなわち、単峰性関数、あるいは少数の極小値を持つ関数では、収束の速さを重視して少数個体の GA (ここでは PfGA) を、また、多峰性関数では成功確率を上げるために多数個体の GA (ここでは SSGA) を用いるのがより良い戦略であるといえる。

5.2 遺伝子重複のタイプに関して

最良の重複方法は、4 章の実験結果で述べたとおり、ベースとなる GA にはあまり依存しなかった。個々の重複方法については、対称性のある関数では基本的に

どのタイプでも重複の効果が現れ、対称性のない関数であっても変数分離可能ならば、タイプ A, D で重複の効果が現れる。また、非対称、変数分離不可能な関数に対しては、単峰性ならばタイプ D、多峰性ならばタイプ C を用いるのがより良い戦略である。

5.3 移民レートに関して

単峰性関数に対しては、PfGA ベースの GDGA では移民レートはなるべく大きい方が ENES が小さく、収束性能が良く、逆に SSGA ベースの GDGA では移民個体数は小さい方が良いことが、表 2 と図 5 から分かる。多峰性関数に対しては、その関数自体によっても異なるが、ベースとなる GA にあまり依存せず、移民レートは一般に大きい方が性能が良い。この理由は、多峰性関数に対しては移民個体数が多いほど、系全体の多様性が増すためである。

5.4 次元依存性に関して

図 6 にみられるように、重複の効果が現れた場合には、次元の増加に対して ENES はほとんど増加することなくほぼ一定であるという顕著な効果が得られた。

6. むすび

本論文では、大野乾により 1970 年代に提案された遺伝子重複説にヒントを得た進化的計算法 (Gene Duplicated GA: GDGA) を提案した。局所集団を進化させるベースとなる GA としては、パラメータフリー GA (PfGA) と、定常状態 GA (SSGA) の 2 つを比較検討した。また遺伝子の重複方法については、4 つのタイプを提案した。提案した進化的計算法の性能を評価するために、最近提案されている関数最適化ベン

チマーク問題を用い、最適解に到達する成功確率と収束性能などの比較を行い、遺伝子重複にヒントを得た進化的計算法の有効性を検討した。

その結果、関数の特徴である単峰/多峰性、対称/非対称性、変数分離可能/不可能性を組み合わせた関数に対して、遺伝子重複の効果が現れ、ベースとなる GA にほとんど依存せず、各関数ごとに適切な遺伝子重複のタイプが対応すること、概してベースとなる GA は SSGA よりも PfGA が優れていること、多峰性、非対称性、変数分離不可能性を同時に持つ関数に対しては、遺伝子重複による成功確率の向上は望めないが、SSGA のような多数個体ベースの GA を用い、移民個体数の増加による多様性の増大によって、収束性能の向上が期待できることが確認できた。

本論文では、取り上げた関数の性質が既知の場合に、どの遺伝子重複のタイプが有効であるかを議論したものであったが、一般には関数のこのような性質が未知の場合も考えられる。その場合には、適用する戦略(有効な遺伝子重複タイプ)自体を適応的に決定する次のようなメタレベルの進化アルゴリズムが考えられる。

- (1) 初期化: 初期戦略として、遺伝子重複タイプ A ~ D を等確率で始める。
- (2) 適応的な戦略の決定: 「なんらかの規準」に従って有望な戦略を決定する。
- (3) 適応戦略の適用: (2) の決定に従って、適応戦略(遺伝子重複タイプ)を適用する。
- (4) 終了条件: ある終了条件(たとえば一定の評価回数)を満たしたら終了。そうでなければ(2)へ戻る。

となる。またこれとは別に、ベースとなる GA についても適応的に選択するような工夫が必要であると考えられる。これらのアルゴリズムの詳細とその適用結果については、今後、別途報告したい。

参 考 文 献

- 1) Darwin, C.: *On the Origin of Species by Means of Natural Selection or the Preservation of Favoured Races in the Struggle for Life*, London, John Murray (1859).
- 2) Holland, J.H.: *Adaptation in Natural and Artificial System*, The University of Michigan Press (1975).
- 3) Goldberg, D.E.: *Genetic Algorithms in Search, Optimization, and Machine Learning*, Addison Wesley (1989).
- 4) Ohno, S.: *Evolution by Gene Duplication*, Springer-Verlag (1970).
- 5) Baeck, T., Fogel, D. and Michalewicz, Z.

(Eds.): *Handbook of Evolutionary Computation*, Oxford University Press, New York (1997).

- 6) Syswerda, G.: *A Study of Reproduction in Generational and Steady-State Genetic Algorithms*, *Foundation of Genetic Algorithms*, pp.94-101, Morgan Kaufmann (1991).
- 7) The Organising Committee (Bersini, H., Dorigo, M., Langerman, S., Seront, G. and Gambardella, L.): Results of the First International Contest on Evolutionary Optimization (1st ICEO), *1996 IEEE International Conference on Evolutionary Computation (ICEC '96)*, pp.611-615 (1996).
- 8) Bilchev, G. and Parmee, I.: Inductive Search, *1996 IEEE International Conference on Evolutionary Computation (ICEC '96)*, pp.832-836 (1996).
- 9) Li, D-G. and Smith, C.: A New Global Optimization Algorithm based on Latin Square Theory, *1996 IEEE International Conference on Evolutionary Computation (ICEC '96)*, pp.628-630 (1996).
- 10) Storn, R. and Price, K.: Minimizing the Real Functions of the ICEC '96 Contest by Differential Evolution, *1996 IEEE International Conference on Evolutionary Computation (ICEC '96)*, pp.842-844 (1996).
- 11) 木津, 澤井, 足立: 可変な局所集団の適応的探索を用いたパラメータフリー遺伝的アルゴリズムとその並列分散処理への拡張, *電子情報通信学会論文誌*, Vol.J82-D-II, No.3, pp.512-521 (1999).
- 12) 足立進, 澤井秀文: 並列分散パラメータフリー遺伝的アルゴリズムにおける移民選択法の効果, *電子情報通信学会論文誌*, Vol.J83-D-I, No.8, pp.834-843 (2000).
- 13) Sawai, H. and Adachi, S.: Genetic Algorithm Inspired by Gene Duplication, *Proc. 1999 Congress on Evolutionary Computation (CEC99)*, Washington D.C., Vol.1, pp.480-487 (1999).

(平成 12 年 7 月 27 日受付)

(平成 13 年 9 月 12 日採録)

**足立 進**

平成 5 年広島大学工学部電気工学科卒業，平成 7 年同大学院修士課程修了，平成 10 年同大学院博士課程を経て，現在，通信総合研究所関西先端研究センター脳機能グループ所

属．並列計算，セルラーオートマトン等の研究に従事．在学中，量子物性等の研究に従事．平成 13 年神戸大学博士（工学），電子情報通信学会，計測自動制御学会の各会員．

**澤井 秀文（正会員）**

昭和 52 年慶應義塾大学工学部電気工学科卒業．昭和 57 年同大学院博士課程終了．昭和 58 年（株）リコー入社，音声認識の研究開発に従事．昭和 63 年～平成 3 年国際電気

通信基礎技術研究所（ATR）自動翻訳電話研究所主任研究員，神経回路網（特に TDNN）を用いた音声認識の研究に従事．この間，平成元年～2 年にかけて米国カーネギーメロン大学コンピュータサイエンス学科客員研究員．平成 7 年 10 月通信総合研究所入所，現在，けいはんな情報通信融合研究センター研究主管，平成 11 年 4 月より神戸大学大学院自然科学研究科教授（併任），工学博士．本学会誌編集委員（平成 3 年～7 年），本学会論文誌査読委員（平成 7 年～），ICSLP '94，WCCI '94，ICGA '95，NNSP '96，ALIFE-V '96，GECCO-'99～'01 等の国際会議のプログラム委員/運営委員，京都賞選考委員等を歴任．電子情報通信学会，人工知能学会，日本神経回路学会，人工生命研究会，IEEE Speech Processing Society，Neural Network Council の各会員．生物の進化機構に学ぶ情報処理パラダイムの研究に従事．