

ウイルス進化論に基づく制約充足問題の解法

2E-7

長谷川 和代 松本 美幸 狩野 均 西原 清一
筑波大学 電子・情報工学系

1 はじめに

遺伝的アルゴリズム (GA)[1] は近年、組合せ最適化問題の準最適解を得る方法として注目されている。通常の GA では、探索は交叉と突然変異のみであるのに対し、本手法は新たにウイルス感染による効率的な進化を導入することで探索速度の向上を図る。

本稿では、本手法を部分解列挙型制約充足問題 (CSP)[2] に適用した例を示し、通常の GA と比較検討した結果を示す。

2 研究分野の概要

2.1 通常の GA による制約充足問題の解法

CSP は、論理式の充足可能性問題やグラフ色塗り問題を例に理論的に検討されてきた。ここでは、より一般的な Haralick の定義 [2] を用いる。CSP は、4つ組 (U, L, T, R) で定義される。 $U = \{1 \dots m\}$ は変数の集合、 L は変数のとる値の集合、 $T = \{t_1 \dots t_n\}$ は制約の集合、 $R = \{R_1 \dots R_n\}$ は制約 t_i を満たす部分解 R_i の集合である。図 1 に CSP の例を示す。

$U = \{1, 2, 3, 4\}$, $L = \{a, b, c, d\}$,
 $T = \{t_1, t_2, t_3\}$,
 $t_1 = (1, 2)$, $t_2 = (2, 4)$, $t_3 = (3, 4)$
 $R = \{R_1, R_2, R_3\}$,
 $R_1 = \{(d, c), (a, b)\}$,
 $R_2 = \{(c, a), (d, a)\}$,
 $R_3 = \{(d, a), (a, a)\}$

変数 : $\{1, 2, 3, 4\}$
 解 : $\{(d, c, a, a)\}$

図 1: CSP の例

GA は、生物の進化過程をモデル化した確率的探索アルゴリズムである [1]。このアルゴリズムは探索空間上の状態を個体（染色体）とみなし、交叉と突然変異により新しく生成された個体群から制約違反の少ない個体を選択するというものである [3]。

Solving Constraint Satisfaction Problems

Based on Virus Theory of Evolution

Kazuyo HASEGAWA, Miyuki MATSUMOTO,

Hitoshi KANO, Seiichi NISHIHARA

Institute of Information Sciences and Electronics,

University of Tsukuba

本稿では、CSP と GA の対応 (表 1) 及び個体 k の適応度 F_k の計算は文献 [3] で述べた方法を用いる。

表 1: CSP と GA の対応

CSP	GA
変数 U	遺伝子座
値 L	遺伝子
解候補	染色体

ここで交叉は生物学的には遺伝に対応しており、集団内に予め存在していた遺伝子の組合せを探索しているにすぎない。一方、突然変異は生物進化に対応し、集団に含まれない遺伝子も探索できる可能性がある。しかし、GA の特徴である大域的探索の効率を考えると、両者とも探索を無作為に行なっており、探索速度が遅いという問題がある。

そこで本研究では、2.2 節に示すウイルスによる感染を導入することにより探索の高速化を図った。

2.2 ウイルス進化論

進化はウイルス感染によって起こると考える進化仮説である [4]。ウイルスによって他の生物から選ばれた遺伝子やウイルス自身の遺伝子によって、生物の染色体が変化する。ダーウィン進化論では、進化はランダムな突然変異に起因すると考える。これに対し、自然界でウイルスが意味のある遺伝子のかたまりを運ぶことを認めれば、ダーウィン進化論では十分に説明できない多くの問題点がほぼ解決できる。

3 提案する手法

3.1 本手法の基本戦略

通常の GA の遺伝的操作に「ウイルスによる感染」を導入する。本手法の基本戦略は次の 3 項目である。

- (1) 個体の集団とは別にウイルスの集団を作る。
- (2) ウイルスの遺伝子として CSP の部分解を用いる。
- (3) 個体の決められた遺伝子座にウイルスの遺伝子を書き込む (感染させる)。

3.2 本手法のアルゴリズム

本手法のアルゴリズムを図2に示す。図2において選択はエリート保存戦略、交叉は一様交叉とした。

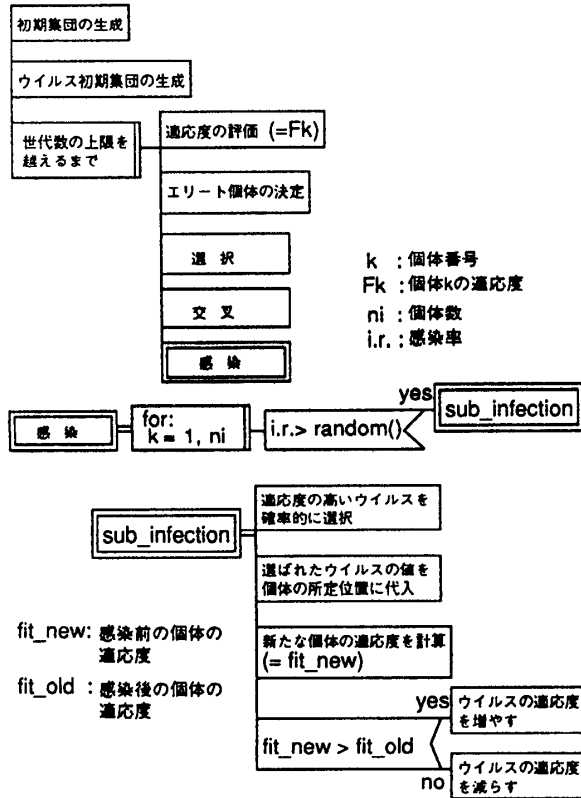


図2: 本手法のアルゴリズム

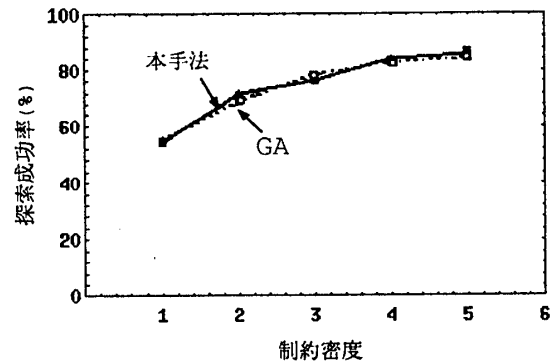
4 評価実験

4.1 評価方法

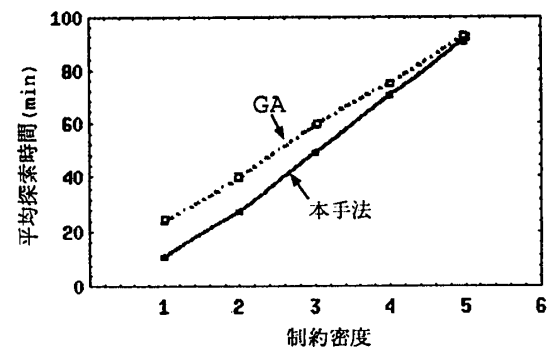
GAと本手法の性能を比較検討するため、1500個のCSPをランダムに発生させ解探索を試みた。ここでは、難問とされている、制約密度 $d(=|T|/|U|)$ が低いCSPを対象とした ($d \leq 5$)。値の数は4、変数の数は50とした。またGAの突然変異率は2%、本手法の感染率は40%、個体数は両者とも500とした。なお、計算機はHP Model 712/60を使用し、プログラムはすべてC言語で記述した。

4.2 実験結果

図3に実験結果を示す。GAと本手法とでは探索成功率はほぼ等しいが、本手法の方が平均探索時間が短く、高速な手法であるといえる。



(a) 探索したCSPのうち解を発見できたものの割合



(b) 解を発見できたCSPについての平均探索時間

図3: 実験結果

5 おわりに

通常のGAに遺伝的操作としてウイルスによる感染を導入したCSPの一般的な解法を提案した。また制約密度の低いCSPに対して、本手法がGAを用いた場合よりも高速であることを実験により確認した。今後は局所探索法とのハイブリッド化を検討する予定である。

最後に、ウイルス進化論についてご教授いただいた山梨医科大学の中原助教授に深く感謝致します。

参考文献

- [1] 北野 宏明: 遺伝的アルゴリズム, 産業図書 (1993).
- [2] R.M.Haralick, Shapiro.L.G.: The Consistent Labeling Problem: Part I, IEEE Tr.PAMI, PAMI-1, No.2, pp.173-184 (1979).
- [3] 松本, 内野, 狩野, 西原: 遺伝的アルゴリズムによる制約充足問題の解法, 情報処理学会人工知能研究会, 情報研報, Vol.95, No.86, pp.33-40 (1995).
- [4] 中原 英臣, 佐川 峻: ウイルス進化論, 泰流社 (1989).