

# ウィルス進化論を模した遺伝的アルゴリズム

1 M-1

山口 智<sup>†</sup> 盛 安冬<sup>‡</sup> 板倉 秀清<sup>†</sup><sup>†</sup>千葉工業大学 <sup>‡</sup>ハルビン工業大学

## 1 はじめに

遺伝子の進化の過程を模して最適化問題を解く遺伝的アルゴリズムに関する研究が盛んに行なわれている。これらの研究の多くは、適者生存(淘汰)、他の遺伝子との混ぜ合わせ(交叉)、ランダムな遺伝子の変化(突然変異)をもとに遺伝子の進化が進行することで最適化問題を解いている。近年の分子生物学の発展にともない、進化論に関するさまざまな仮説があげられている。中原ら[1]の提唱するウィルス進化論は、進化の過程で遺伝子の変化にウィルスが関与することで、遺伝子が他の遺伝子と融合されると言うものである。ウィルス進化説では、新しく作られる遺伝子は親の遺伝子ばかりでなく他の種族の持つ形質を採り入れることすらある。

この研究では、ウィルス進化論をモデルにした新しい遺伝的アルゴリズムを提案する。従来の遺伝的アルゴリズムが二つの遺伝子を混ぜ合わせることによって新しい遺伝子を生成するのに対して、本稿で提案する方法は、遺伝子プールの中を自由に歩き歩く素子(以下この素子をウィルスと呼ぶ)を用いて新しい遺伝子の生成を行なう。ウィルスは、遺伝子プールの中を動き回りながら遺伝子の一部を自己の持つ遺伝子に書き換え新しい遺伝子を生成する。さらに遺伝子に、増殖、死、突然変異などの生命的概念を導入することによって、ウィルス自身の進化を促す。提案するアルゴリズムは、遺伝子プール内の遺伝子とともにウィルスが進化しながら解の最適化をはかる。

また、ウィルスは最適化問題の解の一部とみることが出来る。これは、ウィルスがスキーマ定理におけるスキーマの一つであると言える。本稿では、シミュレーション実験によりウィルスの進化がスキーマの進化であることを示す。

A Genetic Algorithm Based on Evolutional Theory by Virus  
YAMAGUCHI Satoshi, ITAKURA Hidekiyo  
SHENG Andong  
Chiba Institute of Technology  
2-17-1 Tsudanuma, Narashino-shi, Chiba 275, Japan  
Harbin Institute of Technology

## 2 提案するアルゴリズム

### 2.1 遺伝子プールの形状

提案するアルゴリズムは図1に示すように遺伝子プールは遺伝子を二次元にならべた空間とする。図のマス目の一つ一つが遺伝子プールの持つ遺伝子に対応する。一つの遺伝子は周囲の8個の遺伝子と接している。淘汰は各遺伝子について自己の持つ評価値と周辺の遺伝子の評価値との比較によって行なわれる。周辺の遺伝子の中で最も高い評価値を持つものと自己の評価値を比較して、自己の評価値が小さい場合には、遺伝子を周辺の遺伝子と書き換える。交叉を行なう際には、周囲の遺伝子の中からランダムに一つの遺伝子を選び、その遺伝子と交叉を行なうことにより新しい遺伝子を発生させる。遺伝子プール内の遺伝子はそれぞれ一定の確率に基づいて突然変異を起こすことによってその形状を変える。

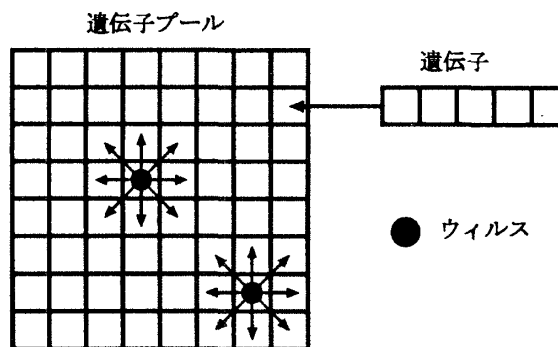


図1: 遺伝子プール

### 2.2 ウィルスのふるまい

図1の●はウィルスの位置と動きを示している。ウィルスは、遺伝子の一部を持ちながら遺伝子プールのマス目の中をランダムに動き回る。また、移動の際にウィルスは自己の持つ遺伝子の一部を遺伝子プール内の位置に対応する遺伝子にコピーする。このような規則のもとで、ウィルスが遺伝子プールの中

を動き回することで遺伝子プールの中に新しい遺伝子が生成される。

さらに、ウイルスは次の以下にあげるような特徴を持つ。

● 死

ウイルスが動き回っている間も遺伝子プールの中の遺伝子は、淘汰と突然変異を行なっている。淘汰によってウイルスが存在する遺伝子が他の遺伝子によって書き換えられた場合その遺伝子は死滅したもとして対応するウイルスも遺伝子プールから削除する。

このようにすることで、遺伝子の評価値を小さくするようなウイルスが遺伝子プールの中から削除される。

● 増殖

遺伝子プールの中で、一定期間の間消去されなかったウイルスがあった場合、そのウイルスは遺伝子の評価値をあげるウイルスとみなして、遺伝子プールの中にそのウイルスと同じウイルスを加える。

● 突然変異

ウイルスが持つ遺伝子の一部も遺伝子プールに属する遺伝子と同様に一定の確率で突然変異をおこす。これにより、遺伝子プールの中に新しいウイルスが生成される。

以上のような進化戦略を用いることによってウイルスは遺伝子プールの中で進化していくようになる。

また、ウイルスが持っている遺伝子の一部は最適化問題の解の一部であり、これはスキーマとみることができる。このような見方をした場合、ウイルスの進化とは、ウイルスの持つ遺伝子の一部がよりよいスキーマになっていくことと見ることができる。

### 3 シミュレーション

前述のアルゴリズムを用いてシミュレーションを行なった。一つの遺伝子が 30 の遺伝子座を持っているものとする。この遺伝子を各 10 桁の 3 個の実数とみなし、これを 1000 で割った値を  $x_1, x_2, x_3$  としたときに次に示す評価値を最大にする遺伝子を

求める。

$$J = \sum_{i=1}^3 x_i^2$$

この問題の最適解はすべての遺伝子座が 1 になるときである。この問題は最適化問題としては簡単であるが、スキーマの良否を見ることが容易でありウイルスの評価が簡単に行なえる。図 2 に各世代ごとの評価値の最大値の変化の様子、表 1 に発生時と 50 世代後のウイルスの比較を示す。表 1 より世代を経ることによりウイルスが評価値の高いスキーマになっていることがわかる。

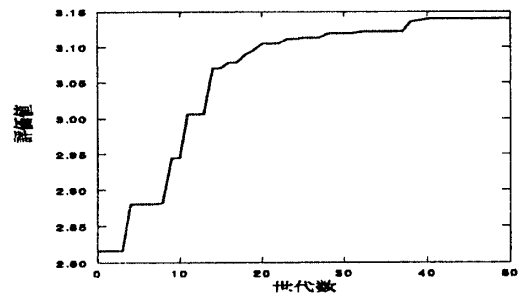


図 2: 世代ごとの評価値

表 1: 世代によるウイルスの変化

第 0 世代 ウィルス 4 個		
0		[22-22]
101101		[18-23]
1000		[15-18]
00		[5-6]
第 50 世代 ウィルス 9 個		
1		[21-21]
11111111		[9-16]
1111111111111111111111111111		[4-29]
1		[7-7]
11		[18-19]
1111111111111111111111111111		[1-29]
11111111111011111		[9-25]
11111111111111111111		[4-24]
1111		[14-17]

### 参考文献

[1] 中原、佐川: ウィルス進化論, 早川書房 (1996)