

Design of Genetic Algorithms based on The Neutral Theory

(中立説に基づく遺伝的アルゴリズムの設計に関する研究)

学位論文内容の要旨

本論文は、進化的探索手法として知られる伝統的遺伝的アルゴリズム持つ弱点を克服しさらなる探索能力を付与することを目的として行った研究結果をまとめたものであり、新たにオペロンGAが提案され、その有効性が種々の実験を通して検証されている。

ホーランドにより提案された遺伝的アルゴリズムは、ネオダーウィニズムに基づくいくつかの生物学的知見を人工システムに組み込んで、生物進化が本質的に持つ適応性を人工システムに付加しようとしたものであり、とくにこれの直接的応用分野である解探索問題研究領域では進化的探索手法のクラスを構成する。しかし、遺伝的アルゴリズムを探索手法と考えた場合、それ自体頑強な手法ではあるが、しばしばGA困難と呼ばれているクラスの問題に対し無力であることが知られている。一般に進化的探索では、探索すべき問題空間そのものは環境そのものであり、あらかじめその性質を議論することはできない。すなわち、具体的探索問題の持つ性質を議論することが不可能であり、そこにGA-困難性の存在を予見することは不可能となる。従来提案された多くのGAファミリでは本問題への対処は困難である。これはひいては進化的探索手法による探索結果の信頼性の議論にも直接結び付く。よって、いかなる場合にも導出された解のある程度の信頼性を保証するよういわばロバストなアルゴリズムの導出が待たれているのが現状である。

従来のGAファミリの持つ上述の脆弱性は、遺伝的アルゴリズムは元来有限個からなる探索点集団を扱うため、ネオダーウィニズムに基づいて設計されると、それが主張する、進化集団中には十分な多様性が常に存在する、という仮定が成り立たない、すなわち“未熟な収束”状態になることが往々にしておこり、探索が意図せず終了してしまう悪い性質を本質的に抱えていることに起因する。この問題を解決しようと、従来、数多く遺伝的アルゴリズムの拡張法が提案されてきたが、それらにおいてもネオダーウィニズムの枠組みから外れないよう拡張が施されている。そのため、主たる遺伝的操作であると考えられている交叉法の工夫や、選択圧を緩めるような工夫がなされるものの、計算世代が進むに従って多様性を失い続けるという本質的弱点を克服できていないと思われる。

このような問題認識に基づき、本論文ではネオダーウィニズムの基本的アイデアである自然選択万能主義、すなわち、“全ての遺伝子型内の情報は表現型に何らかの影響を与え、その値は自然選択によって集団に定まる”という制約を取り除いて、“表現型は遺伝子型内の一部の情報によって構築され、結果として、表現型に発現しないその他の情報は自然選択に関与しない”とした分子進化の中立説に基づく考え方を導入する。

そのため、通常、遺伝的アルゴリズムでは構造を持たないバイナリ・ストリングとして構成される遺伝子型を、構造を持つものとして再構成し、表現型は活性化した遺伝子型の一部の情報を使って計算されるものとする。

本論文で提案する遺伝子型構造の設計はそのアナロジイを大腸菌K-12の(1)代謝機構を制御する隠密遺伝子の活性/不活性機構の存在と(2)特定の遺伝子座クラスタ、すなわち、オペロンに対して起きる遺伝的変異の存在、という二つの分子生物学的知見に求める。これに従うと、遺伝子型内情報のうち、表現型に現れて目的関数に評価されるのは遺伝子型の一部に過ぎず、現れないほとんどの部分は目的関数に対して常に中立となり、多様性の保持が容易になる。さらには、目的関数から隠れた部分が進化過程で自己組織化される結果、問題の特徴を捕えた適切な遺伝的

変異を生成するための構造が獲得されることが期待される。

以上、本論文では、ホーランドの遺伝的アルゴリズムを最適化ツールとして使用する場合、探索点集団が多様性を失うに従って、ネオダーウィニズムが仮定している条件を満足しなくなるため、十分な探索が行われなくなることを指摘し、その解決策の一つとして、中立説に従った遺伝的アルゴリズムの設計法があると主張している。さらに、その具体的方法論を大腸菌K-12の代謝をつかさどる遺伝子構造に動機付けられた遺伝子型、表現型および遺伝的操作の設計法を提案している。

本論文は以下の8章から構成されている。

第1章では序論として、本研究の背景・目的、本論文の構成・概要について述べている。

第2章では、標準的遺伝的アルゴリズムを解説し、GA困難であるとされる問題の諸性質について議論している。また、それらに対する他の研究アプローチをまとめている。

第3章では、本論文で必要となる生物学に由来することがらを紹介している。ひとつは、進化型計算でしばしば引用される進化論とその進化パターンであり、もう一つは、提案手法の動機づけとなった大腸菌K-12の代謝を司る遺伝子構造とその分子生物学的知識である。

第4章では、本論文で提案する拡張遺伝的アルゴリズムをオペロンGAと名付け、その設計原理と遺伝的アルゴリズムで基本となるバイナリ超空間での設計詳細を述べている。また、単純遺伝的アルゴリズムと比較して、その特徴をまとめている。

第5章では、GA-困難と呼ばれる問題の特性とそれに対する他の拡張遺伝的アルゴリズム研究を簡単にまとめた後、オペロンGAをこれに適用した計算機実験結果を示している。取り上げたGA-困難な問題は、その代表的な問題である非定常関数問題、騙し関数問題、超多峰性関数問題、ロングパス問題である。非定常関数問題では、オペロンの挙動と各遺伝子座の突然変異率の関係が詳しく調査され、問題に適したオペロン構造と不活性値を獲得して隠密遺伝子機構を創発するため、定方向性進化パターンを示して最適化に成功する、と解析している。騙し問題では、探索点集団は自律的に収束・拡散を繰り返し、断続平衡進化パターンを生み出していることが観測され、これが中立説のいう”進化の緩急理論”に相当する振舞いであると解析している。超多峰性問題では、この問題を困難にしている主因の遺伝的浮動の影響を探索能力を低下させずに抑えるために、集団分割選択法を提案し、その有効性を確認している。ロングパス問題では、オペロンGAの示す適応的探索が有効であることを計算機実験より実証している。

第7章では、さらに複雑な非定常関数最適化問題に対するオペロンGAを用いた問題解決器の設計とその計算機実験例を示している。ここで、遺伝子型に表現型の固着機能を付与し、活性/不活性を確率的学習オートマトンを用いて制御することを提案している。

第8章では、オペロンGAをいくつかの応用問題に適用した例を示している。まず、ジョブショップスケジューリング問題を取り上げ、それぞれに適した遺伝子型と成熟関数を用いた表現型の生成法を示している。代表的なベンチマーク問題を用いて計算機実験を行い、他の研究結果と比較することによって、優れた最適化能力を持つことを示している。また、戦略獲得問題の例として囚人のジレンマ問題を取り上げ、これに対しても優れた戦略の獲得に成功することを示している。

第9章では、本研究の結論として得られた結果を総括している。

学位論文審査の要旨

主査	教授	嘉数	侑昇
副査	教授	大内	東
副査	教授	新保	勝
副査	教授	下澤	楯夫

学位論文題名

Design of Genetic Algorithms based on The Neutral Theory

(中立説に基づく遺伝的アルゴリズムの設計に関する研究)

近年、対象問題の複雑性を念頭においた探索手法のひとつとして、生物進化メタファを使った進化的計算論が盛んに議論されている。これは従来相反すると思われてきた二つの性質、すなわち、優れた探索能力と頑健性を同時に兼ね備えており、他のアプローチでは困難であった種々の問題領域に対する有望なツールとなる期待が大きいことを示すものである。このパラダイムにおいてJ. Hollandによる遺伝的アルゴリズム(GA)は、その方法論の抽象レベルの高さに由来して汎用的な問題解決器として工学諸問題へ広く適用可能であることから一大勢力を形成している。しかし、GAの挙動解析が進むに従い、GA困難性と総称される遺伝的探索の限界が顕在化する対象問題特徴からの分析を通して、基本的枠組みの探索能力・頑健性ともに限界が明らかになりつつある。しかし、現状ではGA困難性それぞれに対し個別に方法の拡張が検討・提案されているが、問題特徴依存性を強めてしまうため、進化的計算論本来の目的からは適切なアプローチとは言い難い。

本論文は、これらの問題認識に立脚し、GA困難性を生む根本的原因である早期収束の問題に対して何らかの対応策を与えることがこのパラダイムの目的に沿った解決策となりうるという一例を与えている。有限個の探索点集団を扱うGAの基本構造からすると、大域探索から局所探索への緩やかなシフトという探索戦略では早期収束の問題を避けることは困難であるため、断続平衡進化を説明できる中立説を新たな枠組みとして採用することを提案している。さらに、集団の収束を要しない効率的な遺伝的探索機構を構築するために、細菌のDNA内オペロンの発現調節機構に基づいた遺伝機構の構築を行い、探索手法としての能力を向上させるGA拡張のための設計論を展開している。すなわち、この論文の主要な成果は次の点に要約される。

1. GAを一探索手法として捕らえて議論を行い、パフォーマンスが探索空間特徴に大きく依存してしまう問題は、それが採用している進化メタファであるneo-Darwinismが原因となって探索点集団が早期収束するためであることを指摘し、新たな進化メタファとして中立説を採用することを提案している。

2. この基盤としてオペロンGAと呼ばれる新しいGAを設計している。その特徴は、(a)表現型に対し冗長度の大きい遺伝子型、(b)細菌の遺伝子調節機構に動機づけられた新しい遺伝機構、(c)遺伝的浮動の不要部分を排除する分散型エリート戦略、にある。

3. 非定常性、騙し、超多峰性、ロングパスなどのいわゆるGA困難性を含んだ問題に対して、オペロンGAを適用して計算機実験を行い、優れた最適化能力を示すことを確認している。また、基本的動作に関して考察を深め、各遺伝子座における突然変異率の自律的制御とオペロンの自己組織化作用に基づくビルディングブロックの効果的獲得によって、集団進化方向および多様性の自律的チューニングが実現されていることを確認している。

4. 遺伝子型内の自己組織化作用を利用して、オペロンGAに生まれる定方向性進化の性質をさらに促進するために確率的学習オートマトンの埋め込むことを提案し、最適化が一層困難な非定常最適化問題へも適用可能であることを確認している。

5. 性質の異なる各種応用問題に対して行った計算機実験を通して、提案手法は汎用性に富み、かつ高い最適化能力、計算処理の高速性を持つことを明らかにし、その工学的有用性を確かめている。

6. 本研究で得られた知見を総括し、新たに設計した遺伝機構により、探索点集団の収束を期待する交叉を使わずに積木仮説に基づく効率的な遺伝的探索が可能であり、また、進化的手法に何らかの補助的な機構を付加せずとも、多様性の制御は創発される自律的調節機能によりなされることに言及し、本研究の結論としてまとめている。また、提案手法が対象問題特徴に依存しないパフォーマンスを示すことから進化的計算における汎用問題解決器としての潜在能力の高さにも言及して。

これを要するに本論文は、進化的計算手法において問題空間の複雑性に関わり無く、探索能力と頑健性を兼ね備える拡張GAのための設計法を提案したものであり、種々の実験結果を通して多くの新知見を得ており、計算機工学、情報工学の進歩に寄与するところ大である。よって著者は、北海道大学博士(工学)の学位を授与される資格あるものと認める。