

学位論文題名

Designing Genetic Algorithm Based on
Exploration and Exploitation of Gene Linkage

(リンケージの同定と利用に基づく遺伝的アルゴリズムの設計)

学位論文内容の要旨

遺伝的アルゴリズムはブラックボックス最適化を実現できるアルゴリズムであると期待されている。ブラックボックス最適化は問題に関する予備知識なしに行なう最適化であり、従来であれば高度な専門知識によってなされた最適化アルゴリズムの設計や調節を必要としない。遺伝的アルゴリズムにおいて、適応度の高い部分解はビルディングブロックと呼ばれ、ビルディングブロックの保持および交換の成否が遺伝的アルゴリズムの成功の鍵を握っている。単純遺伝的アルゴリズムを用いて効果的にビルディングブロックを交換するためには、互いに関連する遺伝子座がストリング上で密に符号化されている必要がある。そうでないとき、交叉はビルディングブロックを破壊する。しかし、ビルディングブロック破壊を防ぐ密な符号化は、問題に関する事前知識を必要とするため、現実の問題においてはしばしば困難である。

以上の問題を解決するために、問題に関する知識によらず、自動的に問題構造を検出する試みが行なわれてきた。同一のビルディングブロックを構成するような遺伝子座間の依存関係はリンケージと呼ばれることから、これらの手法はリンケージ同定と呼ばれる。

本論文ではリンケージの同定とリンケージ情報の利用を行なう遺伝的アルゴリズムの実現に必要な以下の2つの手法を提案した。

1. 適応度差分に基づく分布推定を導入したリンケージ同定手法
2. 複雑に重複するビルディングブロックを交換するための交叉手法

提案したリンケージ同定手法は、Dependency Detection for Distribution Derived from fitness Differences (D5) と呼ばれ、適応度差分により分類された個体の分布推定を用いてリンケージを検出する。D5 は、既存のリンケージ手法である摂動法 (PM) と分布推定アルゴリズム (EDA) の両方の特長を持つ。

EDA は、それぞれのビルディングブロックの適応度全体に対する寄与が異なる問題に対して、寄与の小さいビルディングブロックに関わるリンケージを検出することが困難である。PM は、そのような問題に対してもリンケージを検出できるものの、一般的に必要とされる計算コストが大きい。この新たなアイデアにより、EDA 困難な問題に対して、PM よりも少ない計算機コストでリンケージ同定を可能にした。

さらに、複雑に重複するビルディングブロックを交換する手法として Context Dependent Crossover (CDC) と呼ばれる交叉を提案した。一般的な問題においては、ビルディングブロックは完全分離可能な部分列ではなく、互いに幾つかの要素を共有する重複構造を取ると考えられる。

しかしながら、ビルディングブロック重複を持つ問題に関する交換手法はほとんど研究されてこなかった。提案した CDC は、この問題クラスに関して、現実的に使用可能な交叉手法としては、初のものである。

提案したリンケージ同定手法と交叉手法を遺伝的アルゴリズムに組み込み、リンケージの同定と利用に基づく遺伝的アルゴリズムを設計した。この遺伝的アルゴリズムにおいては、リンケージ同定は D5 により行なわれ、得られたリンケージ情報に基づいたビルディングブロック交換が CDC によってなされる。より広い問題クラスに対してリンケージ同定が可能な D5 と、より複雑なビルディングブロック重複に対して交叉を行なう CDC によって、従来よりも広範囲の問題に適応可能な遺伝的アルゴリズムを実現した。

さらに、ネットワーク設計問題とグラフ着色問題を用いて、設計した遺伝的アルゴリズムの実問題における性能を評価した。特に、ネットワーク設計問題に対して、従来の単純遺伝的アルゴリズムや重複を考慮しないリンケージ同定遺伝的アルゴリズムと比較して高い性能を発揮することが確認された。

本論文は 8 章から構成される。第 1 章では、本論文の目的、および本論文の基礎となる概念であるブラックボックス最適化、遺伝的アルゴリズム、ビルディングブロック、加法的分解可能関数について述べる。第 2 章では、既存のリンケージ同定手法について述べ、その問題点を議論する。第 3 章では、本論文で提案した新たなリンケージ同定手法である D5 について、その概念、アルゴリズム、メカニズムを述べ、数値実験によってリンケージ同定の性能を示す。第 4 章では、D5 の計算コストの理論的な見積もりのために、個体群サイズ決定を行ない、適切なリンケージ同定を行なうための個体数を計算する。また、数値実験により、理論値と実験値を比較する。第 5 章では、実数値ベクトルに対して D5 を拡張する。第 6 章では、重複するビルディングブロックを持つ問題に対する交叉の困難さについて述べ、そのような問題に対する交叉手法である CDC を提案する。数値実験によって CDC の性能を示す。第 7 章では、D5 と CDC を用いた遺伝的アルゴリズムの適用例として、ネットワーク設計問題とグラフ着色問題に対する結果を示す。最後に、第 8 章で結論と今後の課題について述べる。

学位論文審査の要旨

主査	教授	赤間	清
副査	教授	古川	正志
副査	教授	高井	昌彰
副査	教授	水田	正弘
副査	助教授	棟朝	雅晴

学位論文題名

Designing Genetic Algorithm Based on Exploration and Exploitation of Gene Linkage

(リンケージの同定と利用に基づく遺伝的アルゴリズムの設計)

近年の計算機性能の大幅な向上を背景として、最適化アルゴリズム研究の焦点は、従来の限定された問題クラス毎に特化したアルゴリズムの設計から、幅広いクラスの問題を解くことのできるアルゴリズムの設計へと移行しつつある。遺伝的アルゴリズムはそのようなアルゴリズムのひとつであり、実用上の観点からも注目を集めてきた。

遺伝的アルゴリズムにおいて、適応度の高い部分解はビルディングブロックと呼ばれ、その破壊を防ぎつつ効率的に交叉を行うためには、互いに関連する遺伝子がストリング上で密に符号化されている必要がある。しかし、それには問題に関する事前知識を必要とするため、現実の問題において密な符号化を保証することはしばしば困難である。これを解決するため、リンケージと呼ばれる同一のビルディングブロックを構成する遺伝子座間の依存関係を問題に関する知識を使わずに検出する、リンケージ同定と呼ばれる手法が開発されてきた。本論文は、より効率的に問題構造を同定するためのリンケージ同定手法、および得られたリンケージをもとにした効果的な交叉手法について提案している。

前者については、適応度差分に基づいて分類された個体の分布を推定するリンケージ同定手法を提案した。事前に問題構造が不明な一般的な問題に対してリンケージを検出する手法として、遺伝子集団内の分布を推定する確率モデル構築型の遺伝的アルゴリズム、および遺伝子の摂動による適応度の変化量をもとに検出を行う摂動法によるリンケージ同定手法が主なアプローチとしてあげられる。本論文で提案された手法はそれら既存の手法の核となるメカニズムを組み合わせたものであり、摂動により得られた適応度差分の分布からモデルを構築する手法である。それにより、全体の適応度への寄与度合いに格差がある複数のビルディングブロックを持つ問題に対しても正確にリンケージが同定できるとともに、計算量のオーダーを従来手法よりも削減することができる。結果として提案

手法により、従来はリンケージ同定が困難であった問題に対して、従来手法よりも少ない計算コストで正しいリンケージを検出することが可能となった。

後者については、ビルディングブロックどうしが互いに重複する問題を解くことのできる交叉手法を提案した。このような問題では、リンケージ同定や事前知識により問題構造がわかっていたとしても、適切なビルディングブロック交換はしばしば困難である。実際の多くの問題は単純なビルディングブロックへの分割が困難であるにも関わらず、そのような問題に対する交叉手法はほとんど研究されてこなかった。提案手法においては、実際に交叉が行われる個体ペアの遺伝子を検査し、ビルディングブロックが破壊されるかどうかを個別に判断することで、従来手法よりも効果的な交叉を実現することができる。本研究で提案した交叉手法は、ビルディングブロックどうしの重複が複雑な場合にも適用できる、最初の実用的なアルゴリズムであるといえる。

これら提案されたリンケージ同定手法および重複するビルディングブロックの交換手法を遺伝的アルゴリズムに組み込むことで、少ない計算コストでリンケージ情報を正しく同定するとともに、複雑なリンケージ情報を活用した効果的なビルディングブロック交換を行うことができ、結果として従来よりも幅広い問題に対して効率的な最適化を行なうことが可能となった。本論文においては、複雑に重複するリンケージ構造を有するテスト問題、および様々な制約条件を有するネットワーク設計問題に提案手法を適用し、その有効性を確認している。

これを要するに、著者は、広範囲の問題に適用可能な遺伝的アルゴリズムの開発に関して新知見を得たものであり、最適化アルゴリズムの発展に貢献するところ大なるものがある。よって著者は、北海道大学博士(情報科学)の学位を授与される資格があるものと認める。