Neutral Networks を含む適応度景観における遺伝的アルゴリズムの進化ダイナミクス*

片田 喜章[†]・大倉 和博[‡]・上田 完次[§]

Evolutionary Dynamics of Genetic Algorithms in the Fitness Landscape Including Neutral Networks*

Yoshiaki KATADA[†], Kazuhiro OHKURA[‡] and Kanji UEDA[§]

Neutral networks, which are landscapes containing neighboring points of equal fitness, have attracted much research interest in recent years. In this paper, we conduct a series of computer simulations to investigate the effect of an error threshold on the moving speed of a population as well as a variable mutation rate strategy against ruggedness. Two kinds of GA are adopted. One is the simple GA where the mutation rate is constant, and the other is the operon-GA whose effective mutation rate is changing at each locus independently according to the history of the genetic search. The results demonstrate that the moving speed of a population is correlated with the selection pressure as well as the mutation rate. The variable mutation rate strategy is beneficial in the cases of the simplest test function and complex test functions. This tendency becomes clearer with the increase of ruggedness in the test functions.

1. はじめに

従来、遺伝的アルゴリズム (GA) における進化過程の説明は、スキーマ定理・積木仮説を用いてなされてきた [1,2]. この伝統的な考え方にに基づき、GA はランダムに生成された初期集団の多様性を用いて大域探索を行い、世代を通して自然淘汰の影響を受け、しだいにそれを失いながら局所探索へと移行していき、そして最後にはほとんど一点に収束して進化的探索を終える、という説明がなされてきた。とくに、多峰性問題を扱う場合には、局所解に陥らないように大域探索を十分に行うことを目的として、それまでに獲得した遺伝的形質を保存しながら

ら多様性を失う速度をできるだけ小さくするための努力がなされてきた。そのため、GA 研究では、問題ごとに、(1) 探索空間を狭めるために冗長性を排除したコンパクトな遺伝子型-表現型写像の設計、(2) 獲得形質を保存する交叉法の考案、(3) 自然淘汰のかけ方、に注目したものが多かった。

しかし、進化ロボティクスにおけるニューラルコントローラ [3,4] や Evolvable Hardware [5] などに代表される、伝統的な考え方に基づくと GA が有効に働きにくい問題領域の存在も指摘されている。一般に、これらには遺伝子型-表現型写像をコンパクトに設計することが困難で、冗長になるという共通の特徴がある。ここで、人工進化から自然進化に目を向けると、遺伝子型-表現型写像の冗長性は極めて“自然”である。自然進化論では、分子進化の中立説 [6] がこの冗長性に立脚し、永続的に進化する遺伝的機構とその挙動の理論構築を行っている。GA 研究分野でも、これに動機付けられ、問題依存となるコンパクトな遺伝子型-表現型写像を巧みに設計するのではなく、冗長性を含んだまま探索を行う人工進化理論構築への模索が始まっている [3].

遺伝子型-表現型写像の冗長性に基づく neutrality を含む適応度景観の概念は、Harvey [7] によって neutral networks として GA 研究分野に初めて導入された。その定義は以下である。

* 原稿受付 2003 年 6 月 12 日

[†] 神戸大学 大学院 自然科学研究科 Graduate School of Science and Technology, Kobe University; 1-1 Rokkodai-cho, Nada-ku, Kobe city, Hyogo 657-8501, JAPAN

[‡] 神戸大学 工学部 Faculty of Engineering, Kobe University; 1-1 Rokkodai-cho, Nada-ku, Kobe city, Hyogo 657-8501, JAPAN

[§] 東京大学 人工物工学研究センター RACE (Research into Artifacts, Center for Engineering), The University of Tokyo; 4-6-1 Komaba, Meguro-ku, Tokyo 153-8904, JAPAN

Key Words: neutral networks, genetic algorithms, neutrality, ruggedness, phenotype error threshold.

“A neutral network of a fitness landscape is defined as a set of connected points of equivalent fitness, each representing a separate genotype: here connected means that there exists a path of single (neutral) mutations which can traverse the network between any two points on it without affecting fitness.”

近年, これは盛んに議論されるようになってきている [8,9].

neutral networks における進化ダイナミクスは Gould が提唱した断続平衡説 [10] と非常によく似た挙動を示す。すなわち, transition period と equilibrium period に分類することができる (Fig. 1)。equilibrium period では, 遺伝子型空間において個体集団は *dominant phenotype* とよばれる最頻度表現型個体のまわりに分布し, クラスタを形成する (これは Eigen [11] が論じた *quasi-species* に類似する)。そして, equilibrium period は個体集団が適応度のより高い neutral networks へと導く portal を見つけるまで続き, その後, transition period が始まる。この transition period は equilibrium period に比べてその長さが極端に短い [12,13].

equilibrium period の進化過程はスキーマ定理を基本とした従来理論に基づくものと大きく異なっていることが示されている。まず, 個体集団の収束は進化の終わりではなく, 選択と遺伝的摂動のバランスで定まるある大きさのクラスタの形成, つまり永続的進化の始まりである [3], また, スキーマ定理を実証するために設計された Royal Road Functions において, equilibrium period では交叉は有効ではない [12] などの報告がある。

neutral networks 上の個体集団の分布は, 突然変異率に関連して明確な相転移が見られる。低い突然変異率では, 個体集団はそのクラスタを維持することができる。しかし, 突然変異率が高くなるにつれ, いくつかの個体は現在の neutral network から適応度の低いものへと落ち始める。そして突然変異率があるしきい値を越えると, 個体集団は完全に落ちてしまい, ランダム探索を始める。このしきい値は *phenotype error threshold* (以下 error threshold) とよばれ, neutral network ごとにその値は異なることが報告されている [12,14,15]¹。

一般に, 効率的な探索を行う上で error threshold は突然変異率の上限を定めるものである。これが意味することは, 一定突然変異率を採用する場合, すべての neutral network に対し error threshold を越えないように突然変異率をあらかじめかなり低く設定する必要があるということである。しかしながら, ruggedness を含む問題においては, 低い一定突然変異率では個体集団は往々にして局所解に陥ってしまう。この研究領域でしばしば使用される neutrality と ruggedness を調節可能なテスト関数である拡張 NK ランドスケープに関する研究 [14,15]

Fig. 1 Typical evolutionary dynamics on a fitness landscape featuring neutral networks: Instead of being stuck in a local optimum, a population is exploring in the genotype space during the equilibrium period.

において, neutrality を増加させると局所解の数は減少するものの, ruggedness は変化しないということが報告されている。これは neutrality を含む適応度景観であっても ruggedness による困難さを考慮しなければならないことを意味している。error threshold を考慮して低い突然変異率に設定すると ruggedness によって個体集団が局所解に収束しやすくなるという相反する問題を打破する一つの方法として, 可変突然変異率戦略を用いることが考えられる。

本論文では, 一定突然変異率戦略を用いる Simple GA (以下 SGA) [2] および可変突然変異率戦略を用いる Operon GA (以下 OGA) [22–24] を用いて neutral networks を含む適応度景観における GA の進化ダイナミクスの解析およびパフォーマンスの検証を行うことを目的とする。

以下, 2. では, 非常に簡単な neutral networks のみを含む関数を定式化し, GA の進化ダイナミクスの実験的解析を行う。3. では neutrality と ruggedness が混在するテスト関数において, 2. と同様に, ダイナミクスの解析を実験的に行い, 前章で得られた結果との整合性を調査する。4. で本論文のまとめを示す。

2. Balance Beam Function における進化ダイナミクス

neutrality のみを含む適応度景観ではその進化過程の大半を equilibrium period が占めることから, この期間における個体集団の探索効率は移動速度を上げることが重要であると我々は考える。これに基づき, neutral networks 上で移動速度が最大となる条件について考察を行う。

2.1 Balance Beam Function

我々の研究グループが提案している最も簡単な neutral networks を含む関数である *Balance Beam Function* (以下 BBF) [25] の定式化を示す。BBF は適応度の高い neutral network と低い neutral network の二つから成り, neutrality を調節することができる。個体は二つの

¹これらの概念は分子進化に由来する [16–21].

うちどちらかの neutral network にのるため、解析が行いやすいという特徴をもつ。BBF は (1) 式のように定式化される。

$$W = \begin{cases} 1.0 & \text{if } (A \leq \sum_{i=1}^N s_i \leq B) \\ \varepsilon (\ll 1) & \text{otherwise} \end{cases} \quad (1)$$

ここで、 $W, N, s_i \in \{0, 1\}$, ε はそれぞれ適応度、遺伝子長、第 i 番目の遺伝子座の値、微小な正の実数を表す。 A, B ($0 < A < B \leq N$) は正整数であり、これらの値を変化させることによって neutrality を調節する。 $B - A$ の値を $W = 1.0$ を示す neutral network の幅 w と定義する。BBF では、適応度の高い neutral network 上の個体集団の移動速度に注目する。

初期設定として、適応度の高い neutral network 上の任意の 1 点に全個体をおく¹。この状況は transition period 終了直後の個体集団の状況に類似している。本論文では $s_i = 1, i = 1, \dots, d$, かつ $s_i = 0, i = d + 1, \dots, N$ と設定する。ここで $d (A \leq d \leq B)$ は正整数とする。進化の過程において、各個体は遺伝的操作により遺伝子座の値を反転させることで neutral network 上を移動する。この移動距離を第 1 番目の遺伝子座から第 d 番目までの遺伝子座の反転数、つまり 0 の数とする。ただし、この距離は適応度の高い neutral network 上の個体にのみ定義され、低い neutral network 上の個体には定義されないものとする。したがって、個体集団の移動速度は、集団中に最遠距離 d に到達した個体が現れた世代数 (generational GA の場合)、もしくは評価回数 (steady state GA の場合) として測定する。BBF においては、最も速い移動速度を示す突然変異率を最適突然変異率とし、個体集団がすべて低い neutral network に落ちてしまう突然変異率を error threshold とする。

2.2 計算機実験設定

個体数 50、遺伝子長 200 とする。1. で述べた参考文献 [12] の設定に従い、交叉は両 GA ともに用いないものとする。SGA では遺伝的操作として点突然変異のみを用いる。点突然変異率 q を 0.00001 から 0.1 の範囲で変化させる (ただし、変化の幅は $\Delta q = 0.0001$ ($q < 0.001$), 0.001 ($0.001 \leq q \leq 0.01$), 0.01 ($0.01 < q \leq 0.1$) とする)。OGA では遺伝的操作として点突然変異に加えて五つの遺伝的操作を用いる (付録参照)。これらは結合・分割・重複・欠失・逆位とよばれ、各パラメータは参考文献 [22–24] における推奨値を参考に Table 1 のものを使用する。各遺伝子座における値のリスト長は 6 とする。両 GA ともに、選択法としてトーナメント選択を用い、エリート戦略² を付加的に適用する。SGA では弱い選択圧が、OGA

Table 1 Parameters for the experiment

connection rate	0.3
division rate	0.3
duplication rate	0.1
deletion rate	0.05
inversion rate	0.05

では強い選択圧が推奨されていることから、トーナメントサイズを $s = 2, 4, 6$ と変化させる。generational GA を採用し、各試行の最終世代数を 10,000 とする。最遠距離 d を 19 とし、 $(A, B) = (19, 20), (19, 24), (19, 29), (19, 39)$, つまり、 w が最小の場合から比較的大きい場合 ($w = 1, 5, 10, 20$) の適応度景観において独立に 50 試行行う。

2.3 計算機実験結果

Fig. 2 に SGA を適用した場合の最遠距離に到達する平均世代数を示す。各曲線は突然変異率 q に関して下に凸となる。ここで、到達世代数が最小値をとる突然変異率が最適突然変異率 q_o であり、最適突然変異率より高く、かつ、最遠距離に到達せず到達世代数が 10,000 となる突然変異率が error threshold q_{er} である。

エリート戦略を用いない場合、移動速度は q_o を境に大きく変化する。そのうえ、 q_{er} は q_o の近傍に存在する (Fig. 2(a), 2(c))。これは突然変異率を最適突然変異率の近似値に設定した場合、error threshold より大きな値になってしまうリスクも増大することを意味する。エリート戦略を用いた場合、 q_o と q_{er} の差は大きく、曲線全体は突然変異率が高い方向に移動する (Fig. 2(b), 2(d))。

トーナメントサイズが増加すると、 q_o と q_{er} は突然変異率が高い方向に移動し、 $q_o < q < q_{er}$ の場合、移動速度は速くなる (Fig. 2(a), 2(b))。 w が増加すると、 $q_o < q < q_{er}$ の場合、および $w = 20$ を除く $q < q_o$ の場合に移動速度は速くなる (Fig. 2(c), 2(d))。つまり、 w が増加すると個体集団はより自由に neutral network 上を動くことができる結果、移動速度は速くなるが、 w がある値を越えると逆に探索に時間がかかるようになる。

Fig. 3 に OGA を適用した場合の結果を示す。 q_o と q_{er} に関して、SGA と同様の傾向が確認できる。

SGA と OGA を比較した場合 (Fig. 4)、突然変異率に関して次のようにまとめられる。

- $q < q_o$ の場合、OGA による移動速度は SGA のそれよりも速くなる。
- $q \simeq q_o, q > q_{er}$ の場合、移動速度の差はほとんど見られない。
- $q_o < q < q_{er}$ の場合、エリート戦略が移動速度を速くする。SGA による移動速度は OGA のそれよりも速くなる。

¹同様の設定が参考文献 [26, 27] に見られる。

²適応度が最も高い個体からランダムに一つの個体を次世代の親個体として引き継ぐ。

Fig. 2 Average generations to reach the furthest distance in 50 runs by SGA

Fig. 3 Average generations to reach the furthest distance in 50 runs by OGA

2.4 考察

2.3節で得られた結果は q_o と q_{er} が選択圧に関して強い相関があることを示している。強い選択圧を採用した

場合、 q_o と q_{er} はともに高い値となる。また、 $q_o < q < q_{er}$ の場合、エリート戦略を用いる場合では用いない場合よりも移動速度は速くなる。しかしながら、極端なエリー

Fig. 4 Average generations to reach the furthest distance in 50 runs by SGA and OGA ($w=1$)

ト戦略（たとえば、50%の子個体が次世代の親個体として引き継がれる場合など）は、遺伝子型空間の近傍をいく度も探索してしまい移動速度が上がらないことが報告されている [28]。これらは選択時のサンプリングによる揺らぎが影響していると考えられる。Nimwegen ら [12] は適応度が高い neutral network であるほど、選択時のサンプリングによる揺らぎによって適応度が高い個体が消失する可能性が高いことを示している。これらの結果より、選択圧が強いほどサンプリングによる揺らぎが減少し、 q_o と q_{er} がより高い値となると考えることができる。したがって、 $q_o < q < q_{er}$ の場合には、強い選択圧を採用すると、集団の移動速度は速くなる。

3. Terraced NK landscapes における進化ダイナミクス

neutrality と同様に重要な特徴量に ruggedness がある [8]。実問題では neutrality と ruggedness の両方を含んでいる。したがって、本節では neutrality とともに、ruggedness も含む適応度景観をもつ問題を考える。実問題の多くは極めて複雑であり、一般的な進化ダイナミクスについて議論することは困難なため、本論文では Newman らによってこの二つの特徴量を調節できるテスト関数として提案されている Terraced NK Landscape [15] を用いる。そして、2. で得られた結果との整合性を調査する。

3.1 テスト関数

Terraced NK landscape (以下 TNK) は遺伝子長 N 、遺伝子間のエピスタシス数 $K (< N)$ 、neutrality を調節する値 F を景観パラメータとしてもつ。 K が大きくなると ruggedness が増し、 $K = N - 1$ のとき、ruggedness が最大になる。

i 番目の遺伝子座の全体適応度に対する貢献値 v_i は $0 \leq v_i < F, i=1, \dots, N$ の範囲で整数としてランダムに生成される。全体適応度 V は各遺伝子座における貢献値を平均し、 $F-1$ で割る (正規化) ことによって計算される ((2) 式)。

$$V = \frac{1}{N(F-1)} \sum_{i=1}^N v_i \quad (2)$$

ここで、 $F=2$ のとき、neutrality は最大となり、 $F \rightarrow \infty$ のとき、neutrality は 0 となる。

3.2 計算機実験設定

個体数 50、遺伝子長 100 とする。SGA、OGA とも用いる遺伝的操作は 2. と同様とする。両 GA ともに、点突然変異率を Mühlenbein の推奨値 [29] を参考に $q=1/N=0.01$ とする。OGA で用いる遺伝的操作の各パラメータは予備的な実験結果から、Table 2 のもの、および $(g_{con}, g_{div}, g_{dup}, g_{del}, g_{inv}) = (0.3, 0.3, 0.6, 0.3, 0.3)$ ($K \geq 5$, $s=6$, elitism) を使用する。2. と同様の理由により、両 GA とも交叉は用いない。選択法としてトーナメント選択を用いて、エリート戦略を付加的に適用する。トーナメントサイズは 2. の結果より弱い選択圧および強い選択圧としてそれぞれ $s=2, 6$ を用いる。TNK の景観パラメータを $N=100, K=\{0, 5, 15, 25\}, F=2^1$ に設定し、各景観に関し 50 試行を行う。generational GA を採用し、各試行の最終世代数を 3,000 とする。

Table 2 Parameters for the experiment

connection rate	0.3
division rate	0.3
duplication rate	0.2
deletion rate	0.05
inversion rate	0.05

3.3 計算機実験結果

Fig. 5 に (K, s) の各組合せに関して世代数に対する各 GA の最大適応度を示す。

$K=0$ の場合、適応度景観は ruggedness を含まず、各 GA 間で大きな違いは見られない。このことは 2. において BBF で得られた知見に一致する。

¹他の F の値を用いて予備的な実験を行ったが、 $F=2$ の場合と同様の傾向を確認したため、TNK において neutrality が最大となる $F=2$ の結果を示す。

Fig. 5 The maximum fitness

$(K, s) = (5, 2)$ の場合、エリート戦略を用いた SGA は用いないものよりも良いパフォーマンスを示す。この傾向は OGA においても同様である。そして SGA は OGA よりも良いパフォーマンスを示す。 $(K, s) = (5, 6)$ の場合には、OGA は SGA よりも良いパフォーマンスを示す。

トーナメントサイズで比較した場合、 $s = 6$ の場合には $s = 2$ の場合よりも各 GA の適応度が速く増加する傾向がある。

$(K, s) = (15, 2), (25, 2)$ の場合、 $(K, s) = (5, 2)$ の場合と同様に、エリート戦略を用いた GA は用いない GA よりも

良いパフォーマンスを示す。そして、SGAはOGAよりも良いパフォーマンスを示す。一方、 $(K,s)=(15,6),(25,6)$ の場合にはOGAがSGAよりも良いパフォーマンスを示す。 $s=6$ の場合のOGAの結果と $s=2$ の場合のエリート戦略を用いたSGAの結果を比較するとOGAが良いパフォーマンスを示す。このSGAとOGAのパフォーマンスの差は、 K が大きくなるにつれ拡大する。

3.4 考察

TNKにおける進化ダイナミクスは以下のようにまとめられる。

- error threshold の影響

弱い選択圧を採用した場合、Fig. 5(c), 5(e), 5(g)に見られるようにSGAはOGAよりも良いパフォーマンスを示す。これは、エリート戦略を用いない場合、OGAによる実効突然変異率¹がerror thresholdを越えているためであり、エリート戦略を用いた場合、最適突然変異率より大きくerror threshold近傍となっているためだと考えられる。この結果は、BBFで得られた w がより小さい場合の各GAの移動速度(Fig. 4)に関する知見に一致する。

- 可変突然変異率の効果

$K=15,25$ において、 $s=6$ の場合、およびエリート戦略を用いた $s=2$ の場合、SGAは局所解に陥る。一方、 $s=6$ の場合、OGAはより良い解空間を探索し続けることができています。これは、その進化過程において実効突然変異率が変化すること、および強い選択圧によってその値が抑えられる結果であると考えられる。このため、OGAは局所解から抜け出すことが可能であり、error thresholdにも対処できていると考えられる。

4. おわりに

本論文では、neutral networksを含む適応度景観におけるerror thresholdを考慮した低い突然変異率の必要性和 ruggednessによる個体集団の局所解収束という相反する問題に対するアプローチとして、可変突然変異率戦略を用いる遺伝的アルゴリズムを採用することを提案し、Simple GAと可変突然変異率戦略を用いるOperon GAの進化ダイナミクスの解析およびパフォーマンスの検証を行った。得られた結果について次にまとめる。

- neutral network上の個体集団の移動速度に関して最適突然変異率が存在し、かつ、探索を行う上での上限であるerror thresholdが存在する。また、個体集団の移動速度は選択圧と強い相関がある。
- ruggednessを含む適応度景観において、Simple GAは弱い選択圧を、Operon GAは強い選択圧をそれぞれ採用した場合に良いパフォーマンスを示す。

- 適応度景観の ruggedness が大きくなるにつれ、弱い選択圧を採用したSimple GAに対し、強い選択圧を採用したOperon GAは明らかに優位となる。

次のステップとして、本論文で得られた知見をもとに適応度景観にneutral networksを含むような工学的実問題(たとえば、進化ロボティクスにおけるニューラルコントローラなど)に挑む予定である。

参考文献

- [1] J. H. Holland: *Adaptation in Natural and Artificial Systems*, University of Michigan Press (1975)
- [2] D. Goldberg: *Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning*, Addison-Wesley (1989)
- [3] I. Harvey: Artificial evolution for real problems; *Evolutionary Robotics: From Intelligent Robots to Artificial Life (ER'97)* (T. Gomi, ed.), AAI Books (1997)
- [4] T. Smith, P. Husbands and M. O'Shea: Neutral networks in an evolutionary robotics search space; *Proceedings of the 2001 IEEE Congress on Evolutionary Computation: CEC2001*, pp. 136–145, IEEE Press (2001)
- [5] A. Thompson: An evolved circuit, intrinsic in silicon, entwined with physics; *Proceedings of the First International Conference on Evolvable Systems: From Biology to Hardware*, pp. 390–405 (1996)
- [6] M. Kimura: *The Neutral Theory of Molecular Evolution*, Cambridge University Press (1983)
- [7] I. Harvey and A. Thompson: Through the labyrinth evolution finds a way: A silicon ridge; *Proceedings of the First International Conference on Evolvable Systems: From Biology to Hardware*, pp. 406–422 (1996)
- [8] T. Smith, P. Husbands, P. Layzell and M. O'Shea: Fitness landscapes and evolvability; *Evolutionary Computation*, Vol. 10, No. 1, pp. 1–34 (2002)
- [9] M. Ebner, P. Langguth, J. Albert, M. Shackleton and R. Shipman: On neutral networks and evolvability; *Proceedings of the 2001 IEEE Congress on Evolutionary Computation: CEC2001*, pp. 1–8, IEEE Press (2001)
- [10] S. J. Gould and N. Eldredge: Punctuated equilibria: the temp and mode of evolution reconsidered; *Paleobiology*, 3, pp. 115–251 (1977)
- [11] M. Eigen, J. McCaskill and P. Schuster: The molecular quasi-species; *Advances in Chemical Physics*, 75, pp. 149–263 (1989)
- [12] E. Nimwegen, J. Crutchfield and M. Mitchell: Statistical dynamics of the royal road genetic algorithm; *Theoretical Computer Science*, Vol. 229, No. 1, pp. 41–102 (1999)
- [13] L. Barnett: Netcrawling - Optimal evolutionary search with neutral networks; *Proceedings of the 2001 IEEE Congress on Evolutionary Computation: CEC2001*, pp. 30–37, IEEE Press (2001)

¹実効突然変異率とは遺伝子型における遺伝的操作後に反転したビット数を意味する。

- [14] L. Barnett: Tangled Webs: Evolutionary Dynamics on Fitness Landscapes with Neutrality; MSc. dissertation, School of Cognitive and Computing Sciences, Sussex University (1997)
- [15] M. Newman and R. Engelhardt: Effect of neutral selection on the evolution of molecular species; *Proceedings of the Royal Society of London B*, 256, pp. 1333–1338, Morgan Kaufmann (1998)
- [16] P. Schuster, W. Fontana, P. Stadler and I. Hofacker: From sequences to shapes and back: A case study in RNA secondary structures; *Proceedings of the Royal Society of London B*, 255, pp. 279–284 (1994)
- [17] C. V. Forst, C. Reidys and J. Weber: Evolutionary dynamics and optimization: Neutral networks as model-landscapes for RNA secondary-structure folding-landscapes; *Proceedings of the Third European Conference on Artificial Life ECAL95*, pp. 128–147 (1995)
- [18] W. Gruner, R. Giegerich, D. Strothmann, C. Reidys, J. Weber, I. Hofacker, P. Stadler and P. Schuster: Analysis of RNA sequence structure maps by exhaustive enumeration: Neutral networks; *Monatshefte für Chemie*, 127, pp. 355–374 (1996)
- [19] M. Huynen, P. Stadler and W. Fontana: Smoothness within ruggedness: The role of neutrality in adaptation; *Proceedings of the National Academy of Science USA*, 93, pp. 397–401 (1996)
- [20] C. Reidys, P. Stadler and P. Schuster: Generic properties of combinatorial maps - Neutral networks of RNA secondary structures; *Bulletin of Mathematical Biology*, 59, pp. 339–397 (1997)
- [21] A. Babajide, I. Hofacker, M. Sippl and P. Stadler: Neutral networks in protein space: A computational study based on knowledge-based potentials of mean force; *Folding and Design* 2, pp. 261–269 (1997)
- [22] 大倉, 上田: 非定常関数最適化問題のための遺伝的アルゴリズム; システム制御情報学会論文誌, Vol. 8, No. 6, pp. 269–276 (1995)
- [23] 大倉, 上田: 中立突然変異型 GA による騙し問題の最適化; 計測自動制御学会論文集, Vol. 32, No. 10, pp. 1461–1469 (1996)
- [24] K. Ohkura and K. Ueda: Adaptation in dynamic environment by using GA with neutral mutations; *International Journal of Smart Engineering System Design*, Vol. 2, pp. 17–31 (1999)
- [25] Y. Yasuda, K. Ohkura and K. Ueda: The balance beam function: A new test function for the real world problems; *Proceedings of Intelligent Autonomous Vehicles* (2001)
- [26] G. Ochoa and I. Harvey: Recombination and error thresholds in finite populations; *Foundations of Genetic Algorithms 5* (W. Banzhaf and C. Reeves, eds.), pp. 245–264, Morgan Kaufmann (1999)
- [27] G. Ochoa, I. Harvey and H. Buxton: Error thresholds and their relation to optimal mutation rates; *European Conference on Artificial Life*, pp. 54–63 (1999)
- [28] S. Bullock: Will selection for mutational robustness significantly retard evolutionary innovation on neutral networks?; *Proceedings of the Eighth International Conference on Artificial Life* (R. Standish, M. Bedau and H. Abbass, eds.), pp. 192–201, MIT Press (2002)
- [29] H. Mühlenbein: Evolutionary algorithms: Theory and applications; *Technical paper*, cite-seer.nj.nec.com/110687.html (1993)

付 録

OGA の個体表現法とその遺伝的操作

OGA[22–24] では, 表現型に対し冗長な遺伝子型が用いられる. また, 遺伝子型の冗長性を利用した 5 種類の遺伝的操作が用いられている. その他の計算過程は SGA と同じである. 遺伝子型は以下のように定義される.

$$\text{string} = \{\text{operon}_i \mid i = 1, \dots, l\} \quad (\text{A1})$$

$$\text{operon}_i = \{\text{gene}_j \mid j \in O_i\} \quad (\text{A2})$$

$$\text{gene}_j = \{\text{label}_j, x_1, x_2, \dots, x_n\} \quad (\text{A3})$$

ここで, l はストリングに含まれるオペロンの最大添字, O_i は operon_i が含む遺伝子の番号を要素とする集合である. また, S を与えられた問題における全遺伝子の番号の集合として, $\cup O_i = S$, $O_i \cap O_j = \emptyset$, $i \neq j$ とする. 各遺伝子は識別子 label_j と長さ n のリスト $(x_k, k = 1, \dots, n)$ をもち, リスト内の先頭の値 x_1 を活性値, その他 $x_2, \dots, x_n$ を不活性値とする. この遺伝子型に対する表現型は, すべての遺伝子座の活性値からなるものとする.

上記の遺伝子型に対し, 遺伝的操作の一般形を次のように定める. $\exists i, \forall \text{gene}_j \in \text{operon}_i$ に対して,

$$\{\text{label}_j, x_1, \dots, x_n\} \xrightarrow{g} \{\text{label}_j, x'_1, \dots, x'_n\} \quad (\text{A4})$$

すなわち, オペロンに含まれるすべての遺伝子に対して全く同じ変異が施される. まず, 三つの遺伝的操作が重複 g_{dup} , 欠失 g_{del} , 逆位 g_{inv} として定められている:

$$g_{\text{dup}} : \{x_1 = x'_1 = x'_2, x_2 = x'_3, \dots\} \quad (\text{A5})$$

$$g_{\text{del}} : \{x_2 = x'_1, x_3 = x'_2, \dots\} \quad (\text{A6})$$

$$g_{\text{inv}} : \{\exists k \neq 1, x_k = x'_1, x_1 = x'_k\} \quad (\text{A7})$$

g_{dup} は, x_1 を x'_2 に重複させてその他の $x_2, \dots, x_n$ をリストの右へ一つずつずらし, x_n を捨てる. g_{del} は, x_1 を削除し, $x_2, \dots, x_n$ を左へ一つずつずらし, 新しい値 x'_n を右端に挿入する. g_{inv} は x_1 とそれ以外の x_k と交換する. g_{del} の際にリストの右端 x'_n には, ランダムに 0 もしくは 1 が挿入されるものとする. さらに, 各 operon 内の遺伝子座の入れ替えのために, 二つの遺伝的操作が結合 g_{con} , 分割 g_{div} として用意されている:

$$g_{\text{con}} : \text{operon}_i + \text{operon}_j \longrightarrow \text{operon}'_i \quad (\text{A8})$$

$$\begin{aligned}
& (O_i \cup O_j = O'_i) \\
& g_{div} : operon_i \longrightarrow operon'_i + operon'_j \quad (A9) \\
& (O_i = O'_i \cup O'_j, O'_i \cap O'_j = \phi)
\end{aligned}$$

一般によく使用される遺伝的操作である突然変異 g_{mut} と交叉 g_{crs} も定義できる． g_{mut} は遺伝子の持つリストの要素の値を確率的に変更するものとする． g_{crs} は、各遺伝子の識別子でソートして通常の交叉を実行した後、親が持つオペロンに従ってそれぞれ再配置するとする．

なお、OGA で五つの遺伝的操作確率を 0 とすれば、SGA と同一になる．