中立説を考慮した遺伝的アルゴリズムと
その梯子型ネットワーク形成への適用[†]

磯 川 悌次郎*・松 井 伸 之*・西 村 治 彦**

A Genetic Algorithm Inspired by the Neutral Theory
and Its Application to the Formation of Ladder-Network[†]

Teijiro ISOKAWA*, Nobuyuki MATSUI* and Haruhiko NISHIMURA**

Genetic Algorithm is well-known as the optimizing algorithm taken after evolutionary strategy, and widely used for engineering problems that occur when designing a system by its self-organizing phenomenon. It is based on Neo-Darwinism, that is, the theory that individuals with advantageous characters to the given environment increase and individuals with disadvantageous ones decrease when mutation occurs in genetic characters in a population. In Genetic Algorithm, there is a premise that all the genetic characters in an organism have some meanings of adaptation. In the natural organisms, however, there are a number of neutral mutations, which is neither advantageous nor disadvantageous to their adaptation. This fact suggests that there is a new possibility of genetic mechanism in designing evolutionary systems. This is the framework motivated by the neutral theory of molecular evolution, which is different from the conventional design based on Neo-Darwinian Genetic Algorithm. In the neutral theory, some genetic characters in an individual are not positively possessed under selection pressure (not by orthogenesis), but allowed to be fixed by chance, remaining neutral to selection pressure (by random genetic drift). This leads to the supplement of redundancy to genetic information which represents an individual, and the appearance of the diversity of genetic information in a population. In this paper, in order to investigate the above point concretely, we adopt the Ladder-Network as a simple model which makes permutation of information. When we evaluate the fitness by using only the degree of correspondence between target alignment and output one, the factor of the number of steps in the network becomes the neutral character which does not directly affect the fitness.

Key Words: ladder-network, genetic algorithm, neutral theory, random genetic drift

1. はじめに

近年、自然進化を模した最適化の計算アルゴリズムとして遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithm; GA) が知られており^{1), 2)}、自己組織化によるシステム設計などの工学的応用に広く用いられると共に種々の拡張の試みがなされてきた^{3), 4)}。

この GA は、個体群の遺伝形質に突然変異が生じた際、与えられた環境での生存に不利な形質を持つものが消滅 (減少) し、有利な形質を持つものが生き残る (増加する) というネ

オ・ダーウィニズム型の考えに基づくものである⁵⁾。ここでは、生物の持つ形質には必ず何らかの適応的意味があるものという前提が存在するが、実際の生物世界では、有利でも不利でもない中立な突然変異が多く生じているのが事実である。

この事実は、われわれが進化システムを設計するときに、どのような遺伝機構を採用するかに関して新たな可能性を示唆してくれる。すなわち、ネオ・ダーウィニズム的な GA による従来の標準的な設計とは違う、分子進化の中立説⁶⁾に動機づけられた枠組みの設定である。

中立説では、個体群の中に一つの遺伝形質が選択圧によって積極的に保有されるに至る (定向進化) のではなく、選択圧に中立なまま偶然に固定されること (遺伝的浮動) が許される。これは、個体を表現する遺伝情報に冗長性を持たせることであり、同程度の適応度を持つ異なる構造の個体が、自然選択により共生することが可能となる。これにより集団中の遺伝的多様性の維持が行われる。そして、このような多様性の維持は、形質を取り巻く環境が動的に変動した場合にそ

[†] 1998 年度 SICE 関西支部シンポジウムで発表 (1998・10)

* 姫路工業大学 工学部 情報工学科 姫路市書写 2167

** 兵庫教育大学 情報科学研究室 兵庫県加東郡社町下久米 942-1

* Department of Computer Engineering, Faculty of Engineering, Himeji Institute of Technology, Himeji

** Studies of Information Science, Hyogo University of Education, Yashiro-cho, Hyogo

(Received February 1, 1999)

(Revised July 26, 1999)

Fig. 1 An Example of Ladder-Network and its permutation between input and output arrays

産み出すものと期待される。しかし、これまでの工学的な効率化の観点からは冗長性が重要視されることは少なく、それゆえに中立突然変異の影響についてはほとんど検討されていない。

著者らはこの点に着目し、入力情報の順列を置換する梯子型ネットワークの形成問題を例にその検討を進めてきた⁷⁾⁸⁾。本論文ではこれまでに明らかとなった内容と結果について報告する。

2. 梯子型ネットワーク

Fig. 1 に梯子型ネットワークの一例を示す。このネットワークは、以下に示す規則に従い、入力情報の変換を行う。

規則 1 入力情報のそれぞれの要素は、ネットワーク入力端（各縦棒の端点）から入力される。

規則 2 それぞれの要素は、縦棒に従い出力端方向へ進むが、横棒（梯子）に出会った時には必ずそれに従い横方向へ進む。

規則 3 梯子上を進み終えた要素は、縦棒に従い再度出力端方向に進む。

これらの規則をすべての要素に出力端に到達するまで適用することにより、入力情報の順列置換が完了する。Fig. 1 では、例として、(ABCD) という順列が (DBAC) という順列に置換される場合を示している。こうして得られる出力情報は挿入される梯子の数および位置に応じて変化を受けるという性質があるので、規則 1~3 はいわゆる“あみだくじ”としても広く知られてきた。2つの縦棒を結ぶ梯子は、その2つの縦棒を通ってきた要素を局所的に入れ替えるが、そのような状況が複数関与した場合には、出力情報に大局的な変化を及ぼさない場合も存在しうる。Fig. 2 はその最も簡単な例である。このような冗長性が入出力関係とネットワーク構造の

Fig. 2 An example of equivalence of the output arrays when steps are inserted or deleted

間に1対多の対応関係を許すことになる。

今、与えられた入出力関係に対してその変換を満たすネットワークを構築するという問題を設定し、その解法としてGAを用いることを考える。この場合、解候補としてのネットワーク構造は多数存在し、そのうちの1つが遺伝的浮動によって固定される中立的な選択の可能性が生じる。具体的には、要求される入出力関係の実現の度合いで適応度を評価する場合、ネットワーク上の梯子数は適応度に直接影響を与えない中立的な機能形質ということになる。すなわち、突然変異による複数の梯子の欠失または挿入がネットワークの出力列に全く影響を与えないという遺伝子の同義的置換が存在する。

3. 探索アルゴリズムと評価法

Fig. 3 に、本研究で用いたGAの流れ図を示す。このアルゴリズムは、求める解の候補（個体）を多数用意し、それらについて評価関数を用い次世代に残す個体を決定し、遺伝的操作を加え、これらの操作を候補のいずれかが要求される評価値になるまで繰り返す、というものである。現象の把握を容易にするために、ここでは遺伝的操作としては交叉を省き突然変異のみを用いる。

また、選択方法は、個体群の中から適応度の高い上位20%を残し、残りを削除するという高適応度抜粋方式（エリート方式）を用いる。その減少分は、残された個体を複製することにより補完される。

つぎに、表現型である梯子型ネットワークを遺伝子型にコード化する方法を説明する。コード化する方法は、Fig. 4 に示すように、

- ネットワークを格子状に区切る。
- 各格子に対して、格子内の梯子の有無により1または0の値を付与する。
- 格子を一次元配列に並べ替える。

ことで、遺伝子型と表現型は1対1に対応させることにする。ここで、(a)において、偶数列の格子列は奇数列の格子列より半格子分だけ出力端側に移動した形でネットワークを区切る。これは、ネットワークの横棒と縦棒が交差した状態は存在しないためである。つぎに、格子の一次元配列化に対して

Fig. 3 The flow of genetic algorithm used in this paper

Fig. 4 The encoding manner of genotype of the Ladder Network

は、Fig. 4(b) の点線部で示されるように、奇数列格子と半格子分ずれた偶数列格子を同列とみなしている。

つぎに適応度に関する評価関数を定義する必要があるが、そのために必要な順列間の距離の定義を行う。集合 $\{x_1, \dots, x_n\}$ に対して、その全要素を用いた順列 $X_\alpha = (x_{\alpha 1}, \dots, x_{\alpha n})$ と $X_\beta = (x_{\beta 1}, \dots, x_{\beta n})$ を考える。ここで、 $x_{\alpha i}, x_{\beta i} \in \{x_1, \dots, x_n\}$ である。これを用い、距離をつぎのように定義する。

$$distance(X_\alpha, X_\beta) = \sum_i |Pos(X_\alpha, x_i) - Pos(X_\beta, x_i)| \quad (1)$$

ここで、 $Pos(X, x_i)$ は、ベクトル $X = (x_1, \dots, x_n)$ における x_i の位置を与える関数である。この定義により、2つの順列 X_α と X_β が完全に一致している場合は $distance(X_\alpha, X_\beta)$ の値は0となり、異なっている場合は、その異なる度合いに応じた正の値になる。

例として、 $X_\alpha = (ABCD)$ という順列と $X_\beta = (DBAC)$ という順列の間の距離を計算する。式 (1) を用いることにより、

$$distance(X_\alpha, X_\beta) = |1 - 3| + |2 - 2| + |3 - 4| + |4 - 1|$$

Fig. 5 An environmental condition changing tasks every M generations

$$= 2 + 0 + 1 + 3 \\ = 6$$

と計算できる。

この距離関数を用いて評価関数を以下のように定義する。

$$fitness(i) = distance(X_i, X_T) + c \cdot a(i)/N \quad (2)$$

ここで、 X_i と X_T はそれぞれ、個体 i の出力順列と要求される目的出力順列であり、 $a(i)$ は個体 i に含まれる梯子数、 N は総格子数 (= 最大可能梯子数) である。また、 c は定数係数である。この $fitness$ の定義において、値が0に近い個体ほどより適応度が高い個体ということになっている。また、式 (2) において $c = 0$ とした場合、梯子本数という形質は適応度に直接的には影響を与えないので、この形質は自然選択の選択圧に対して中立となる。

4. 環境条件の設定

前節までに記述したモデル設定により、与えられた入出力関係を満たすネットワークを構成する問題に対して、ネットワーク群を用意し、その中でネットワーク同士の競合を行わせることにより解を得ることが可能となった。変動する環境に対するネットワーク群の適応性を観察するために、環境による要求に非定常な変化を導入する。具体的には、Fig. 5 に示すように、ネットワーク群に対して一定期間 (M 世代) ごとに、要求する入出力関係 (タスク) を更新することによって上記の環境変化を実現する。

5. 梯子型ネットワーク形成過程の解析

この節では、上に示した条件設定を用いて計算機シミュレーションを行った結果について検討する。シミュレーションの共通条件としては Table 1 に示すとおりである。

5.1 梯子本数の遷移

まず、探索アルゴリズムが機能していない (Fig. 3 における Evaluate, Select, Duplicate を実行せず、Mutate のみを実行する場合と、機能している (Evaluate, Select, Duplicate, Mutate すべてを実行する場合) の梯子本数の変化の違いに

(a)

(b)

Fig. 6 Transition of the number of steps ((a): without selection operation, (b): with selection operation and not suppressing on the number of steps)

ついて調べることにする。Fig. 6(a) は自然選択を行わない場合であり、Fig. 6(b) は、梯子本数が中立な形 ($c = 0$) で自然選択を行った場合である。各個体の梯子本数の初期条件としては、個体群に対して 20 と 80 の 2 条件を設定している。また図中の縦軸の梯子本数は、各個体に含まれる梯子本数の全個体平均である。

Fig. 6(a) の場合は、突然変異の確率 (0.005) による拡散現象のために、20 本と 80 本のどちらの初期状態に対してもほぼ 50 本という同じ値 (ネットワークに含まれる全格子数の半分) に収束する。これに対し、Fig. 6(b) では、梯子本数という形質が自然選択の直接的な影響を受けていないにもかかわらず、約 40 本から 70 本という比較的大きな幅でゆらいている。これは、ネットワークが $M = 1000$ 世代ごとの様々なタスクに対する適応を維持しようとする際の遺伝的浮動と選択圧の競合の存在を示している。

Table 1 Common conditions for computer simulations

1 ネットワーク中の格子数	100 (10 行 10 列)
1 タスクにおける探索期間	1000
タスク数	40
個体数 (ネットワーク数)	100
突然変異率	0.005

(a)

(b)

Fig. 7 Evolutions of the number of steps and fitness ((a): without suppression on the number of steps, (b): with suppression on the number of steps)

5.2 中立要素の有無と適応度への影響

つぎに、ネットワークに遺伝的に中立な要素が含まれている、または含まれていないという 2 つの場合における結果の比較を行う。fitness の値が 0 に近いほど適応度が高くなるので、式 (2) において $c > 0$ とおいた場合は、要求された入出力関係を満たす度合いと共に梯子本数が少ないほど適応度が高くなることになる。これを、梯子本数が抑制されている、梯子本数抑制 (with suppression) の場合と呼ぶ。一方、 $c = 0$ の場合は、梯子本数が適応度に影響を与えない、すなわち、梯子本数という要素は選択圧に対して中立であるため、梯子本数が抑制されていない、梯子本数非抑制 (without suppression) の場合を表している。

本シミュレーションでは梯子本数抑制の場合の c の値として $c = 1$ を採用するが、その理由は以下のとおりである。式 (2) において、 $distance(\mathbf{X}_i, \mathbf{X}_T)$ の最小変位 $> c \cdot a(i)/N$ が成立する c の範囲は、 $0 < c < 2$ であり、この範囲内であれば、次世代に残る個体群に違いは生じない。さらに、 $0 < c \cdot a(i)/N < 1$ の関係が成り立つことにより、 $fitness(i)$ の整数部分が要求された入出力関係との距離を表し、小数部分が個体の含む梯子本数を示すことになる。これにより梯子本数非抑制の場合の結果との比較が容易となる。

Fig. 7 は梯子本数に対する抑制の有無による適応度 (図中左縦軸) と梯子本数 (図中右縦軸) の変化を示したもので

ある。Fig. 7(a) は、梯子本数非抑制の場合であり、Fig. 7(b) は、梯子本数抑制の場合である。なお、各個体の初期梯子本数は 20 であり、結果における適応度と梯子本数は共に最も適応度の高い個体に対するものを提示している。

どちらの場合においても、1000 世代ごとのタスク変化の直後では、*fitness* の値が高くなる、つまり適応度が悪くなる現象が観察される。しかし、その後の変化は、梯子本数非抑制の場合は、多くの場合において 0 になる、あるいは 0 に近くなるのに対し、梯子本数抑制の場合には、*fitness* の値が高いまま、つまり適応度が悪いままの状態が続くことが多い。与えられたタスクに対応できている場合は $distance(\mathbf{X}_i, \mathbf{X}_T)$ が 0 になるので、 $0 \leq fitness(i) = c \cdot a(i)/N \leq 1$ (ただし、 $c = 0$ または 1) であれば、入出力関係を完全に満足するネットワークが探索できている。そこで、この条件に合うタスク数を比較すると、Fig. 7(a) の梯子本数非抑制の場合は 40 タスク中 27 タスク対応できているのに対し、Fig. 7(b) の梯子本数抑制の場合は 8 タスクであり、3 倍以上の差が生じている。これは、梯子本数に対する選択圧が遺伝的浮動を抑えることにより、ネットワークの自己適応能力が失われているためである。

さらに、この Fig. 7 において梯子本数の変化に着目する。梯子本数抑制の場合においては、*fitness* の値の変化がない時には梯子本数も同様に変化しないという傾向を持つが、梯子本数非抑制の場合では、梯子本数は適応度の変化と無関係に常に数本のオーダーでゆらいている。このことより、梯子本数抑制の場合には、個体群中の個体の種類（解となるネットワーク）がほぼ 1 種類に固定されている、言い換えれば、個体の多様性が失われているということがわかる。一方、梯子本数非抑制の場合には、同じ入出力関係を満足するネットワークが複数存在している、すなわち、多様性が保持されているということがわかる。

前述の達成タスク数に対する比較を通して両者の性能比較を行うために、タスク数 (=40) は固定して、初期条件（初期個体群・タスクの種類・タスクの順序）が異なった設定でシミュレーションを行い、適応度に関して Fig. 8(a) のようなヒストグラムを得た。これは 20 種類の初期条件に対して Fig. 7 と同様の過程を調べた結果から得られたものである。横軸は各タスクでの最も適応度の高い個体の *fitness* の値であり、縦軸はその平均度数である。平均とは 20 種類の過程に対するものである。また、式 (2) において $c = 1$ とした場合に現れる小数点以下の値は切り捨てることで整数化している。

この Fig. 8(a) より、梯子本数非抑制の場合では、ほとんどの *fitness* に対する度数は、*fitness* の値が 0 または 2 に集中している。一方、梯子本数抑制の場合には、どの *fitness* の値に対しても同じような度数で分布している。この結果についても、同様に与えられたタスクに完全に対応できた場合の平均度数（*fitness* が 0 のときの度数）を比較すると、非抑制の場合は 26.75、抑制の場合は 4.95 であり、5 倍以上の差がある。これにより、梯子本数非抑制の場合のほうが、より

(a)

(b)

Fig. 8 Histogram of fitness value ((a):mutation rate is 0.005, (b):mutation rate is 0.01)

与えられた入出力関係を満足するネットワークを探索する能力があることがわかる。

同様の実験を突然変異率を 0.01 とした場合について行い、それより得たヒストグラムを Fig. 8(b) に示す。突然変異率が増加したことで、より解を得やすくなったことにより、梯子本数に対する抑制の有無にかかわらず両者とも *fitness* が 0 の場合の度数が増加した。しかしながら、度数分布の基本的な傾向は Fig. 8(a) の場合と変わらず、梯子本数の抑制を行っている場合の性能は、抑制を行わない場合を上回ることではない。

5.3 ネットワークの構造変化

前節に挙げた結果は、梯子本数に対する抑制の有無による個体群の適応能力の変化を“梯子本数”の側面から観察したものである。この適応能力の変化は、中立要素の導入が自然選択のプロセスに影響を与えるために起こるものと考えられる。そして、これをより明確にするために、この適応能力の変化を、“ネットワーク構造変化の度合い”という側面からより詳細に検討する。

ここで、ネットワークの構造変化を表す尺度として *difference* を導入する。*difference* の定義はつぎのと

Fig.9 Changes of the network structure and the fitness around 30000th generation

おりである。

$$\text{difference} = \frac{H}{N} \quad (3)$$

ここで H は、 t 世代目と $(t-1)$ 世代目の最も適応度の高い個体間の遺伝子型における Hamming 距離である。この difference の値は 0~1 の範囲で変化し、1 に近いほどネットワーク構造が前の世代より変化していることになる。

この difference を用いて、タスクが切り替わる前後におけるネットワーク構造の変化をより詳細に観察した結果を Fig. 9 に示す。これは、Fig. 7 における典型例であり、30000 世代目 (30 番目のタスクから 31 番目に切り替わる世代) を中心とした部分を表している。

この図の 30000~30030 世代の変化より、梯子本数非抑制の場合はネットワークの構造の変化に対する制限が緩やかになるために、より適応度の高いネットワークが見つかる可能性が高くなり、結果として解となる (与えられた入出力関係を完全に満足する) ネットワークが探索できていることを示している。その上、30050~30100 世代の difference の変化より、解となるネットワークが探索できた後も、この入出力関係を満足しながらもネットワークの構造が変化していることがわかる。この結果は、梯子本数非抑制の場合において、同じ適応度の値を持ちながらも異なる構造を持つ個体の存在を示しており、個体群が多様性を保持していることを示している。これは、Fig. 7 からも見出された結果であるが、 difference を導入することによりより明確にできる。

最後に、Fig. 7 の結果より difference の分布を計算した結果を Fig. 10 に示す。ここで、縦軸は difference にその生起頻度を乗じたものである。ただし、総頻度は世代数の 40000 となる。全体的には、梯子本数非抑制の場合において、 $\text{difference} \times \text{frequency}$ が difference が大きい部分 (0.05 から 0.2) に存在しているのに対し、梯子本数抑制の場合は、同じ領域においてはほとんど存在しない。これは、抑制がない場合において大きい difference が多く存在していることを示し、これはより大きいネットワークの構造変化の自由度が個体群に与えられている、ということを示している。

Fig.10 Difference $\times$ Frequency against Difference

ネットワークの構造変化の自由度の比較を行うために、この $\text{difference} \times \text{frequency}$ を合計した結果を、Table 2 に示す。

Table 2 Comparison of the degree of permission against the change of the structure of network

without suppression	249.1
with suppression	77.3

この値はネットワークの構造変化の自由度の度合いを示しており、多いほうが自由度が高いことがわかる。また、この自由度は個体群の適応能力の高さ、すなわち様々なタスクに対するロバスト性の発現機構を制御するパラメータであるとも解釈される。

6. ま と め

本論文では、中立説に動機づけられた遺伝的アルゴリズムを提案し、その性能評価を梯子型ネットワークの形成問題を用いることにより行った。

与えられた入出力関係を満足するネットワークを探索するという問題において、この入出力関係の満足する度合いのみを適応度導入した場合、ネットワーク構造自体は適応度に影響を与えず、それゆえに、この要素は遺伝的に中立である。この構造を表す指標としてネットワークに含まれる梯子本数を取り上げ、これの適応度に対する導入の有無が、中立な要素の導入の有無になるように適応度関数の設計を行った。これを用い、与えられた入出力関係を満足するようなネットワークを探索する問題が課された時に、ネットワークの梯子本数が抑制される場合とされない場合において、適応能力の違いおよびネットワーク構造の変化についての検討を行った。

これにより、梯子本数に対する抑制がない場合は抑制される場合よりも自己適応能力が高い、という結果が得られた。これを与えられた入出力関係を満足するタスクの数という点で比較すると、大きな差があることが示された。また、この適応能力の差を明確にするために、ネットワーク構造の変化に着目し、その変化を記述する尺度量を定義することにより

定量的な比較を行った。

これらの結果より、遺伝的アルゴリズムを用いて構成されるシステムに遺伝的に中立な要素を導入することがそのシステムの自己適応能力を高めることを確認した。

本論文では梯子型ネットワーク形成問題という単純な問題において、遺伝的に中立な要素が、ネットワークの自己適応能力、すなわちロバスト性にどのような影響を与えるのかについて検討を行ってきた。今後の課題としては、遺伝子型に関するミクロな分析を通してロバスト性獲得の状況を明確にしてゆくこと、また工学的応用についても視野に入れ、より現実的なモデル、たとえば、耐故障性を持つ回路の設計問題に対する応用などに適用を試みるなどが挙げられる。

参 考 文 献

- 1) J.H.Holland : Adaptation in natural and artificial systems, University of Michigan Press (1975)
- 2) D.E.Goldberg : Genetic Algorithms in Search, Optimization, and Machine Learning, Addison-Wesley (1992)
- 3) W.D.Hillis : Co-Evolving Parasites Improve Simulated Evolution as an Optimization Procedure, in C.G.Langton et al(eds), Artificial Life II, Addison-Wesley, 313/324 (1992)
- 4) 玉置 久, 喜多 一, 岩本 貴司 : 遺伝アルゴリズム—V GA の拡張, システム/制御/情報, 40-2, 69/76 (1996)
- 5) S.A.Kaufmann : The Origins of Order, Oxford University Press (1993)
- 6) M.Kimura : The Neutral Theory of Molecular Evolution, Cambridge University Press (1983)
- 7) N.Matsui, T.Isokawa, H.Nishimura and R.Nagura : Self-Adaptability in Dynamic Formation of Ladder-Network by Genetic Algorithm, Proceedings of the 15th IASTED International Conference, 205/208 (1997)
- 8) 磯川 梯次郎, 松井 伸之, 西村 治彦 : 遺伝的アルゴリズムによる梯子型ネットワーク形成とそのロバスト性, 計測自動制御学会関西支部シンポジウム, 151/153 (1998)

[著 者 紹 介]

磯 川 梯次郎 (学生会員)

1999年姫路工業大学大学院工学研究科修士課程修了(電気系工学専攻), 現在同大学院工学研究科博士課程に在学中。生体の情報処理機構を基盤とした自律適応システムに関する研究に従事。電子情報通信学会, IEEE の学生会員。

松 井 伸 之 (正会員)

1980年京都大学大学院博士課程修了(原子核工学専攻)。近畿大学理工学部勤務を経て, 93年姫路工業大学工学部情報工学科助教授, 98年10月同教授, 現在に至る。主としてニューロコンピューティングなどの知能情報処理システムの研究に従事。日本物理学会, 電子情報通信学会, システム制御情報学会, ENNSなどの各会員(工学博士)。

西 村 治 彦

1985年神戸大学大学院博士課程修了(物質科学専攻)。89年広島大学医学部(医療情報学)助手。90年兵庫教育大学(情報科学)助教授, 99年6月同教授, 現在に至る。これまでカオスとニューラルネットワーク, セルオートマトン, 複雑系の科学などの研究に従事。日本神経回路学会, 電子情報通信学会, システム制御情報学会などの各会員(学術博士)。