

# 個体とウイルスの共生進化にもとづいて積木探索および保持を行う遺伝的アルゴリズムに関する研究

坂倉 義明

確率的探索手法の新たなアプローチとして、遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithms : GA) が提案されて以来、その探索メカニズムの解析、数理的手法の導入や並列分散化、様々な実問題への適用など、幅広い研究が行われてきた。このような GA では、求めたい解を個体として表現し、それらに対する選択・交叉・突然変異の遺伝演算を通して解探索を行う。近年の GA における理論研究では、良質な個体の形質をできる限り探索過程において破壊されないようにすることや、良質な個体からそれに含まれる優良な部分構造を獲得しようとする研究が盛んに行われている。本研究においても、このようなことに留意し、GA の探索能力の向上を目指している。また、このような理論研究を通して様々な手法が提案されており、そのアプローチも多様である。本研究で提案する手法は、それら中において、共進化アプローチとして分類することができる。

本論文では、まず、GA の演算手順とその探索メカニズムについて説明する。また、GA が苦手とするだまし問題について、その問題特性を述べる。そして、だまし問題が GA による探索を困難とする理由を、GA の遺伝演算と探索メカニズムの観点から議論する。次に、近年盛んに研究されているスキーマを考慮した GA について紹介し、それらと本研究の関わりについて述べる。そして、共生進化ウイルスを用いた GA を提案する。特に、提案手法におけるウイルスの選択と評価は、その取り扱いが非常に難しいので、様々な視点からウイルスの選択および評価法を示して比較実験を行い、それぞれの挙動を検証する。さらに、この比較実験を通して、シグモイド関数を用いた選択とウイルスの独立評価が、最も有効なウイルス選択および評価法の組合せであることを検証する。最後に、これを幾つかの特徴的な形状をもつ関数の最小値探索問題に適用する。そして、単純 GA (simple GA) との比較実験および類似手法である coevolutionary GA (cGA) との比較考察を通して、個体の解探索およびウイルスにより探索・保持される積木について議論し、提案手法の有効性を示す。