

## 遺伝的プログラミングにおける螺旋交叉戦略\*

中山 茂<sup>†</sup>・前蘭 正宜<sup>†</sup>・小野 智司<sup>†</sup>

## Helical Crossover Strategy in Genetic Programming\*

Shigeru NAKAYAMA<sup>†</sup>, Masaki MAEZONO<sup>†</sup> and Satoshi ONO<sup>†</sup>

## 1. はじめに

量子コンピュータは、物理と情報との劇的な融合により発展し、1990年代半ばにいくつかの量子アルゴリズムが開発された[1]。量子コンピュータは、重ね合わせ状態や干渉効果、もつれ状態などの量子力学的原理を計算に利用している。重ね合わせ状態を用いることにより量子並列が可能となり、干渉効果[2]により解の効率的な探索が可能となり、もつれ状態は量子相関ともいわれ、量子非局所性の性質を持ち、量子転送に利用されている。現在の古典的コンピュータでは、もつれ状態を実現することは困難であるが、重ね合わせ状態や干渉効果は容易に取り入れることができる考え方である。

1996年にNarayananら[3]は、遺伝的アルゴリズム(Genetic Algorithms: GA)[4,5]のより優れた探索法として、量子コンピュータの考え方を導入した量子風遺伝的アルゴリズム(Quantum-inspired Genetic Algorithm: 量子風GA)を提案した。量子風GAと対比するために、ここでは従来のGAを古典的GAとよぶことにし、それに伴い古典的GAの交叉を古典的交叉とよぶことにする。量子風GAは、干渉効果を模擬した干渉交叉とよばれる手法を古典的GAの遺伝的オペレータに組み込んだものである。干渉交叉は、もともと量子力学での多世界解釈での並行宇宙論と関連し、各宇宙には染色体のいくつかの個体があり、古典的GAにより進化するが、各宇宙での古典的交叉のあとに、並行している宇宙同士がお互いに干渉し、宇宙同士間で干渉交叉が引き起こっていると解釈している。

先行研究では、巡回セールスマン問題(Traveling Salesman Problem: TSP)[6]に干渉交叉を適用し、古典的GAと比較して、約2/3の少ない世代数で最短巡回路の探索に成功した例[3]が報告されている。また、免疫

アルゴリズム(Immune Algorithm: IA)に干渉交叉を導入すると抗体間の多様性を維持することができ、101都市のTSPにおいて最適解発見率を約3倍以上に改善できることを確認した[7]。なお、著者らは、Narayananらの干渉交叉を拡張し、DNAの螺旋構造に類似していることから、ここでは螺旋交叉とよぶ。

本速報では、GAやIAにおける螺旋交叉を、木構造の染色体を有する遺伝的プログラミング(Genetic Programming: GP)[8,9]にも適用できる方法を提案する。GPにおける螺旋交叉は、GAやIAにおける螺旋交叉の効果と、従来のGPにおける交叉の双方の効果を含めたものであり、探索効率の改善が期待できる。一方で、GPにおける螺旋交叉は、親個体の選択、配置方法など、四つの調整すべき項目を含んでおり、その適切な設定は対象問題に依存すると思われる。4項目における一般的な設定指針を得るために、GPにおける螺旋交叉を様々な組合せ最適化問題に適用することは重要である。本速報は、GPにおける螺旋交叉が多くの問題に適用されることを期待し、そのアルゴリズムの周知を広く図るものである。

## 2. 遺伝的アルゴリズムにおける干渉交叉と螺旋構造的解釈

Narayananら[3]が提案した干渉交叉は、集団内のすべての個体の中からいくつかの親個体を選び、それらの染色体を並べて斜め右方向に1遺伝子ずつ抽出することで、新しい個体を生成するものである。Fig.1のように、各列は干渉交叉前の個体の遺伝子情報であり、セルの濃淡は干渉交叉後、新たに生成される個体の遺伝子情報を表している。すなわち、干渉交叉によって新しく生成される1番目の個体Child1は、親個体集団中の個体Parent1の遺伝子座1の遺伝子、親個体Parent2の遺伝子座2の遺伝子と、順番に抽出していき、最後に親個体Parent2の遺伝子座10の遺伝子をつなぎ合わせたものとなる。Child2以降の子個体も、開始個体をParent2以降に替え、同様の方法で生成する。

\* 原稿受付 2006年1月18日

<sup>†</sup> 鹿児島大学 工学部 Faculty of Engineering, Kagoshima University; Korimoto 1-21-40, Kagoshima 890-0065, JAPAN**Key Words:** genetic programming, helical crossover, DNA, quantum interference crossover.

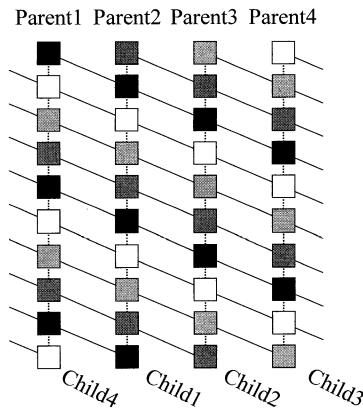


Fig. 1 Interference crossover

著者らは、Narayananらが提案している干渉交叉の詳細な実験を行い、さらにそれを拡張し、DNAの螺旋構造に類似していること (Fig. 2)、および、重ね合わせ状態を用いた他の量子コンピュータアルゴリズムとの混同を避けるため、螺旋交叉とよんでいる。

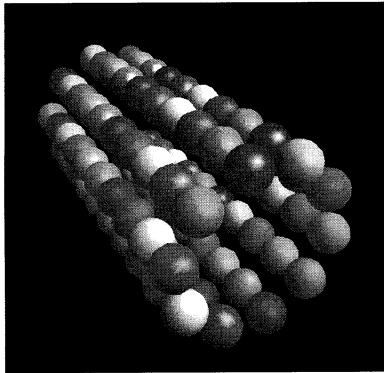


Fig. 2 DNA helical structure-like interpretation of interference crossover

### 3. 遺伝的プログラミングへの螺旋交叉の拡張

GPの染色体は木構造であり、従来の交叉方法としては部分木の交換による方法が一般的である。木構造に対して螺旋交叉を直接適用することは困難と思われたが、染色体を一時的にリスト構造へ変換することで螺旋交叉の適用が可能となることを見いだした。

#### 3.1 木構造染色体のリスト構造への変換

木構造染色体をリスト構造へと変換する手順を以下に示す。まず、1個の末端ノード（葉）を選択する。根から選択した葉までのノードを主幹ノードとし、主幹ノード以外を側枝ノードとする (Fig. 3(a))。つぎに、主幹ノードに側枝ノードが存在する場合は (Fig. 3(b))、主幹ノードと側枝ノード（および以降の部分木を含む）からなるノード（含枝主幹ノードとよぶ）を生成し、新たな主幹ノードとする (Fig. 3(c))。螺旋交叉を適用する際は、GAやIAのように染色体長をそろえるため、最長

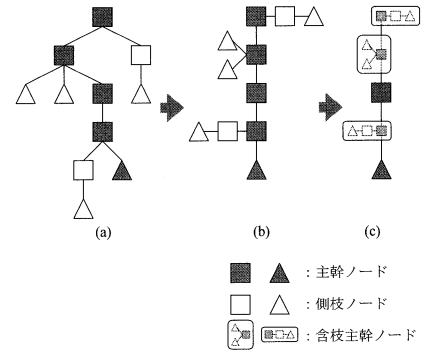


Fig. 3 Translation from tree-structured chromosome into linear chromosome

の染色体を除く染色体に空のダミーノードを挿入する。

#### 3.2 螺旋交叉の処理手順

GPにおける螺旋交叉の手順を以下に、具体例を Fig. 4 に、それぞれ示す。なお、Fig. 4 は、螺旋交叉の手順を理解しやすいよう平面図としている。

- ① 親個体を選択し、一列に配置する (Fig. 4(a))。2個以上の任意の個数の親個体を交叉に用いることができる。
- ② 主幹ノードを決定する。Fig. 4(a) では、灰色で示されたノードが主幹ノードである。
- ③ 親個体を上記の手順にしたがってリスト構造に変換する (Fig. 4(b))。
- ④ 各親個体のノード数が等しくなるようダミーノードを挿入する。
- ⑤ 螺旋交叉を適用し、リスト構造で表現された子個体を得る (Fig. 4(c))。
- ⑥ 子個体をリスト構造から木構造に戻す (Fig. 4(d))。

#### 3.3 各種設定

GPにおける螺旋交叉で設定すべき項目は以下に示す a) から d) の4項目である。a) および b) はGAやIAにおける螺旋交叉と同様に設定が必要な項目であり、c) および d) は螺旋交叉をGPに拡張したことにより生じた項目である。

##### a) 親個体の選択方法

Narayananらは、染色体長と同数の親個体を選択していたが[3]、GA、IA、GPのいずれにおいても、2個体以上の任意の個数の親個体を螺旋交叉に用いることができる。螺旋交叉においても、ルーレット戦略やトーナメント戦略など、古典的GAで利用される様々な選択方式を利用できる。ハミング距離が近い個体群を選択するなど、螺旋交叉において有効な、新たな選択方法も存在すると考える。

##### b) 交叉対象となる親個体の配置方法

GAやIAにおける螺旋交叉と同様に、適応度順に配置する方法や、ランダムに配置する方法を利用できる。また、隣接する個体間のハミング距離が近くなるよう配置を行う方法も有効であると考えられる。

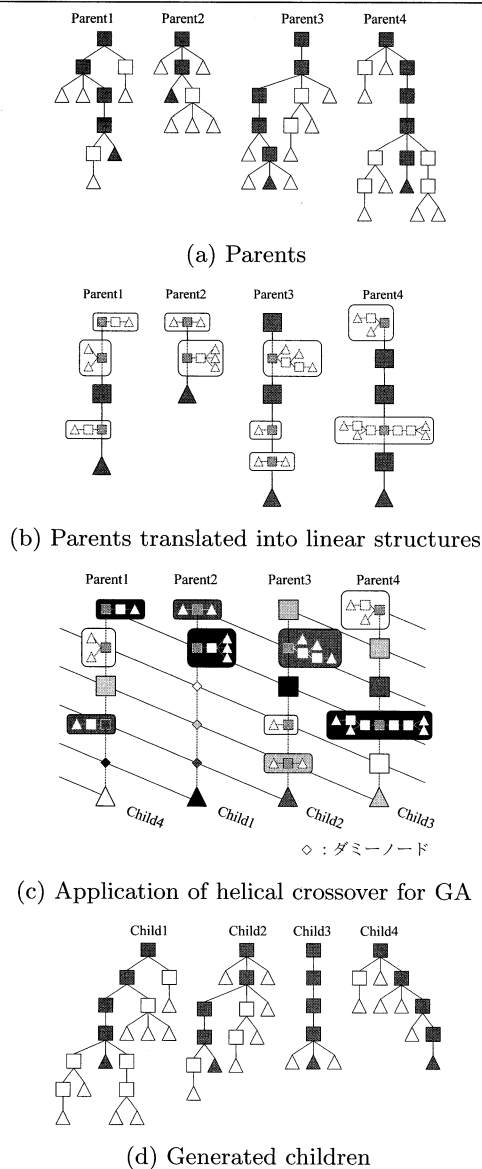


Fig. 4 Helical crossover on GP

## c) 主幹ノードの決定方法

最も深い葉を選択する, ランダムに葉を選択するなどの方法が考えられる. 部分木の良し悪しを推定できる問題 [10] では, よい部分木, すなわちスキーマを含枝主幹ノード内に保存するように, 主幹ノードを決定することが特に重要であり, 効率的な解探索が期待できる.

## d) ダミーノードの挿入位置

葉ノードの手前にダミーノードを挿入することで, 各部分木の深さを保つような交叉を実現でき, ランダムにダミーノードを挿入することで, 部分木の深さを変更するような交叉を実現できる.

典型的な組合せ最適化問題に本方式を適用し, 上記項目の有効な組合せを検討することは, 一般的な組合せ最

適化問題における設定指針を得るために重要であると考ええる.

## 4. おわりに

本速報では, GA や IA における螺旋交叉を, GP へ適用する方法を提案した. GP における螺旋交叉は, 含枝主幹ノード内にスキーマを保持するため, 複数個体のスキーマを合成することでよりよい解候補を生成する従来の交叉の効果と, GA や IA における螺旋交叉としての効果の双方を含む方法である. GP における螺旋交叉は, 部分木交換交叉や兄弟の並べ替え [9] などの従来の遺伝的オペレータよりも, 大域的な探索を行うオペレータであり, 効率的な探索を行うためには両者の併用が有効であると考ええる.

本方式における各調整項目の設計指針を確立するためには, 様々な対象問題における有効な設定を得ることが必要である. 本速報は, GP における螺旋交叉が様々な組合せ最適化問題に適用されることを期待し, 広く周知を図るべく, アルゴリズムのみを提案するものであるが, 今後, 関数同定問題や画像フィルタ自動生成 [10] に適用し, 性能評価を行う予定である.

## 参考文献

- [1] M.A. Nielsen and I.L. Chuang: *Quantum Computation and Quantum Information*, Cambridge Univ. Press (2000)
- [2] 中山: 量子論理ゲートでの平方根ゲートの考察; 日本計算工学会論文集, No. 20040021 (2004)
- [3] A. Narayanan and M. Moore: Quantum-inspired genetic algorithms; *Proc. IEEE International Conference on Evolutionary Computation*, pp. 61-66 (1996)
- [4] D.E. Goldberg: *Genetic Algorithms in Search, Optimization, and Machine Learning*, Addison-Wesley (1989)
- [5] 伊庭: 遺伝的アルゴリズム, 医学出版 (2002)
- [6] 山本, 久保: 巡回セールスマン問題への招待, 朝倉書店 (2001)
- [7] 中山, 飯村, 伊藤: 免疫アルゴリズムにおける量子干渉交叉法の検討; 電子情報通信学会論文誌 D-I, Vol. J-88-D-I, No. 12, pp. 1795-1799 (2005)
- [8] J. Koza: *Genetic Programming, On the Programming of Computers by means of Natural Selection*, MIT Press (1992)
- [9] 伊庭: 遺伝的プログラミング, 東京電機大学出版局 (1996)
- [10] 前蘭, 小野, 中山: 遺伝的プログラミングによる画像フィルタ設計; 電気関係学会第 57 回九州支部連合大会, 10-1P-02 (2004)