

|           |                                                                                    |
|-----------|------------------------------------------------------------------------------------|
| 氏 名       | すずき ひで あき<br>鈴 木 秀 明                                                               |
| 学位(専攻分野)  | 博 士 (情 報 学)                                                                        |
| 学 位 記 番 号 | 論 情 博 第 56 号                                                                       |
| 学位授与の日付   | 平 成 16 年 11 月 24 日                                                                 |
| 学位授与の要件   | 学 位 規 則 第 4 条 第 2 項 該 当                                                            |
| 学位論文題目    | Design Optimization of Artificial Evolutionary Systems<br>(人工進化システムにおけるデザイン最適化の研究) |

|        |                                            |
|--------|--------------------------------------------|
| 論文調査委員 | (主 査)<br>教 授 片 井 修 教 授 松 田 哲 也 教 授 山 本 章 博 |
|--------|--------------------------------------------|

### 論 文 内 容 の 要 旨

本論文は、生物進化に範を求めて計算論的に優れた機能や解を求めようとする研究において、システムの基本デザインを最適に与えるための考え方と方法論について事例に基づいて考察したものであり、全体で7章から構成されている。

第1章は序論であり、本研究の背景および動機と、論文全体の構成を紹介している。第3章と第4章で呈示する SeMar システムの考案に到った経緯を紹介するとともに、進化性の定義と定量化のための尺度（メジャー）を導入した上で、それらを決定する要因について分析している。第5章と第6章で行なわれる進化性に基づくデザインの自動最適化についての基本概念が呈示されている。

第2章は人工進化システムのデザインに関する理論的検討を展開している。前半では人工進化システムが高い進化性を持つための基本デザインに関する10の必要条件を生物との対比から提案しており、それを用いてこれまでに提案された様々な人工進化システムの評価を行なっている。また後半では、遺伝子型空間内に島状に分布した有利な遺伝子型の接続性を調べるための数学的手法を導入し、これを用いた解析によって第1章で導入した進化性尺度の理論的基礎を与えている。

第3章は生物システムと強い類似性を有する新たな人工生命システムとして提案している SeMar (the Sea of Matter) の基本構成とその機械学習問題への適用実験の結果が示されている。ワードの挿入や削除を自由に許す動的なコア、4種類に類別されるデータワード、膜ワードによるコアの区画分け、タンパクワードが主体となって進めるコアの書き換え処理といった SeMar の重要な特徴が呈示されるとともに、機械学習問題を環境に埋め込んで、それを解くプログラムを進化させた例が示されている。

第4章では第3章の SeMar のモデルをさらに発展させて、これを自己複製プログラムの進化に応用している。SeMar の特徴であるコア長の可変性とタンパクワードへの均等なりソース配分により、細胞内のゲノムプログラムの倍数化に成功しており、これにより細胞の複製効率が大幅に増大しうることを確認している。

第5章では進化性尺度に基づくデザイン最適化の例として文字列書き換えシステムが取り上げられている。基本デザインとなる書き換え文法の最適化実験を行ない、計算機により（準）最適な文法の選び出しに成功した例が示されるとともに、第2章で述べた遺伝子型空間内の自己複製遺伝子型の接続性解析の手法を用いて最適化実験によるメジャーの増加が実際に進化性の改善に反映される様子を実験的に明らかにしている。

第6章ではシステムデザイン最適化の第二の例として、遺伝的アルゴリズム（GA）の翻訳機構を取り上げている。一般に、遺伝子型から表現型への翻訳の機構は人工進化システムの進化性を決定付ける一つの大きな要素であるが、ここではこの翻訳の機構を染色体の進化と同時に最適化する手法として“ケミカル GA”というアルゴリズムを提案し、実験を行なっている。このアルゴリズムは従来の染色体に加えて細胞内の小分子集団とそれらの間の化学反応を取り入れ、新たに細胞を淘汰の単位としたところに特徴がある。ベンチマーク問題として実数値パラメータ群上の関数最適化問題を用いてアルゴリズムの有効性を実証するとともに、新たな進化性尺度を用いた適応度地形の時間変化の様子も観測しており、これによりケミカル GA の最適解探索のメカニズムも解明している。

第7章は結論であり、本研究で得られた成果を総括している。

## 論文審査の結果の要旨

本論文は、生物進化に範を求めて計算論的に優れた機能や解を求めようとする研究において、システムの基本デザインを最適に与えるための考え方と方法論について事例に基づいて考察したものであり、得られた主な成果は以下のように要約される。

1. 人工進化システムが高い進化性を持つために基本デザインが満たすべきいくつかの必要条件を生物システムとの対応から提案し、それらに照らしてこれまでに提案された代表的な人工進化システムの客観的評価を行なった。
2. 生物システムと強い類似性を有するプログラム進化システム SeMar を提案し、機械学習問題への適用可能性を明らかにした。
3. SeMar で自己複製プログラムの進化実験を行ない、細胞内のゲノムプログラムの伸長進化により細胞の複製効率が増大しうることを確認した。
4. 進化性を進化ポテンシャルと位置付けて、それを遺伝子型空間内に分布する有利な（自己複製が可能な）遺伝子型の密度で計測することを提案した。
5. 進化性尺度に基づく進化システムデザイン最適化の例として文字列書き換えシステムを取り上げ、基本デザインとなる書き換え文法の最適化実験を行ない、計算機により（準）最適な文法を選び出すことが可能であることを示した。
6. 文字列書き換えシステムにおいて進化性尺度として採用した有利な遺伝子型空間内での密度が、遺伝子型の接続性と強い相関関係を持っていることを確認した。
7. ケミカル GA という最適化アルゴリズムを提案し、ベンチマーク実験により幅広い関数最適化問題に対して高い性能を有することを実証した。
8. ケミカル GA による進化において、2進数—実数の翻訳関係（コード化）が、染色体と小分子集団の共進化を通して最適化されることを確認した。

以上要するに本論文は、人工システムの構築とその最適化について生物学的・進化論的見地から斬新で重要な提言を行っているものであり、その成果は情報学の展開上寄与するところが少なくない。よって、本論文は博士（情報学）の学位論文として価値のあるものと認める。また、平成16年10月28日、実施した論文内容とそれに関連した試問の結果合格と認めた。