

遺传的アルゴリズムによる複雑ネットワークの解法の基礎的検討 A Basic Discussion on A Solution for Complex Networks by Genetic Algorithms

廣安 知之*

三木 光範†

佐藤 史隆‡

鈴木 泰博§

Tomoyuki Hiroyasu

Mitsunori Miki

Fumitaka Sato

Yasuhiro Suzuki

1. はじめに

近年、複雑ネットワークに非常に注目が集まっている。複雑ネットワークは、たんぱく質の相互作用、インターネットやワールド・ワイド・ウェブ、エイズ（感染のメカニズム）、生態系や細胞の生化学（自然の安定性）、ガンや精神病（遺伝子ネットワーク）など、いたるところに存在し、重要性が高い。しかしながら、複雑ネットワークの構造や特性については分かっていないことが多い[1]。複雑ネットワークの構成を知ることは、システムの全体的な特性や挙動を理解するための第一歩となり、非常に重要である。本研究では最適化手法の1つである遺传的アルゴリズム（Genetic Algorithms : GA）を用いて、離散組み合わせ最適化問題として複雑ネットワークの構成を解くことを目的とする。

2. 複雑ネットワーク

複雑ネットワークとは、多数の要素からなるひとまとまりの集団（系）で、各要素が他の要素と絶えず相互作用する結果、全体として見れば、部分の総和以上の独自の振る舞いを示すネットワークの総称である[2]。

2.1 ネットワークの概要

ネットワークは、図1に示すように、中継点である各点のノード（Node）と、それらをつなぎ合わせることで、つまりリンク（Link）させることにより構成される。また、ノード間の距離であるパス長（Path Length）は、あるノードから他のノードに届くまで、いくつのノードを経由していくか、渡っていくリンクの数により表される。

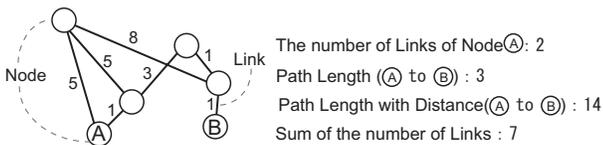


図1: The example of network composition

本研究では、より実問題に近い問題を想定した、各ノード間の距離を考慮する問題モデルについて扱う。なお、この問題モデルにおいては、平均最短パス長ではなく、より少ない移動距離で到達できるような最短移動距離となるネットワーク構成の構築を目的としている。

2.2 問題モデル

本研究では、各ノード間の距離を考慮する問題モデルを扱い、平均最短移動距離 D を最小化することを目的とする。式(1)に平均最短移動距離 D の定義式を示す。式中、ノード数を n 、また、ノード i からノード j までの最短移動距離を D_{ij} と表す。また、本問題ではノード数、総リンク数を固定することを制約条件とする。

$$D = \frac{1}{n(n-1)} \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^n (D_{ij})(i \neq j) \quad (1)$$

本問題モデルでは、任意のノードを基準としたとき、他のノードに到達するために、より少ない移動距離で到達できるような効率の良いネットワーク構成の構築を目的とする。ネットワーク構成の総数は、ノード数を n 、総リンク数を m とするとき、すべてのノード間の組み合わせが、 $n(n-1)/2$ 通りあるため、 $n(n-1)/2 C_m$ となる。よって本問題モデルは、 $n(n-1)/2 C_m$ の中から、最適な組み合わせを選ぶ離散組み合わせ最適化問題となる。

3. 遺传的アルゴリズム

遺传的アルゴリズム（Genetic Algorithms : GA）は生物の進化のメカニズムを模倣した最適化手法である[3]。自然界では、環境に適合できない生物は死滅していくが、環境に適合した個体は生き残り、子孫を増やしていく。GAは、この自然界のメカニズムをモデル化し、与えられた環境に最もよく適合したもの、すなわち目的関数に対して最適値を与えるような解を計算機上で求めようとする最適化手法である。遺传的オペレータ（選択、交叉、突然変異）を繰り返すことにより、最適化を行う。

3.1 コーディング

GAによる複雑ネットワーク問題の最適化を行うためには、まず各ノードのリンクの関係を染色体にコーディングする必要がある。本研究では、各ノード間におけるリンクの関係を、つながっていない場合に0、つながっている場合に1という{0, 1}のビットからなる遺伝子によって個体を構成するコーディング方法を用いる。ノード数を n とすると、ノード間の関係は $n(n-1)/2$ 通りあるため、この方法を用いると遺伝子長は $n(n-1)/2$ となる。

ノード数6、総リンク数5の問題において、このコーディング法を用いた場合の例を図2に示す。図2の左に示すような構成のネットワークから、各ノード間のリンクの関係表を作成することができる。作成した関係表より遺伝子型を作成する。

*同志社大学工学部助教授

†同志社大学工学部教授

‡同志社大学大学院工学研究科知識工学専攻修士前期課程

§東京医科歯科大学助手

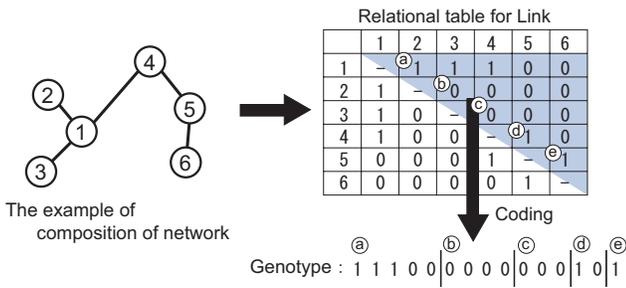


図 2: Coding

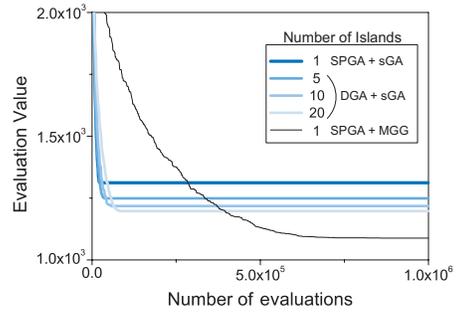


図 4: History of the Evaluation Value

4. 数値実験

本研究では、分散 GA に世代交代モデル sGA を適用した場合（以降、場合により DGA+sGA と称す）、単一母集団 GA に世代交代モデル sGA を適用した場合（以降、場合により SPGA+sGA と称す）、および単一母集団 GA に世代交代モデル MGG を適用した場合（以降、場合により SPGA+MGG と称す）の性能比較実験を行う。また、本実験では、TSPLIB95 に収録されている bayg29 の 29 の都市配置を複雑ネットワーク問題として扱う。

4.1 実験結果

各対象問題における探索終了時（最大評価計算回数）の評価値（平均最短移動距離）を図 3 に示す。図 4 に、個体数 400 における DGA+sGA, SPGA+sGA および SPGA+MGG の解探索履歴を示す。図 5 に、個体数 400・サブ母集団数 20・移住間隔 5・世代交代モデル sGA を適用した場合、および個体数 400・サブ母集団数 1・世代交代モデル MGG を適用した場合の解探索終了時のネットワークの構成図を示す。ここに示す構成図は各試行で得られた結果の代表的な一例である。

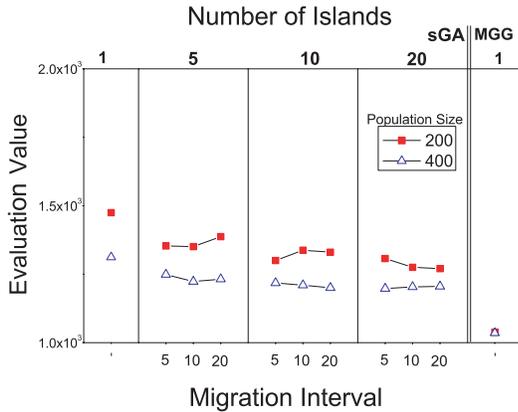
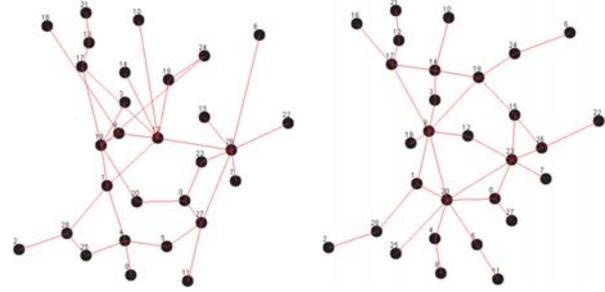


図 3: Result of the Evaluation Value

図 3 より、世代交代モデルに sGA を適用した場合（DGA+sGA, および SPGA+sGA）、サブ母集団数が多いほど解探索性能が優れていることが確認できる。一方、世代交代モデルに MGG を適用した場合（SPGA+MGG）、最も優れた解探索性能を示している。



(a) DGA+sGA (b) SPGA+MGG

図 5: Network composition

また、個体数が 400 の場合に優れた解探索性能を示している。これは、個体数増加による多様性向上の影響であると考えられる。図 4 より、MGG を適用した場合では、sGA と比較して、多様性の維持が図れたことにより、早熟収束せず、良好な解探索性能を示した。

5. まとめ

本研究では、複雑ネットワークの特性や挙動を理解するために、遺伝的アルゴリズムを用いて、効率の良いネットワーク構成の最適化を行うことを目的とした。多様性を維持した探索を実現するための手法には、分散 GA の分散効果や世代交代モデルとして MGG を採用することが考えられ、これらの手法を用いて数値実験を行った。その結果、分散 GA の分散効果による多様性の維持は効果がなく、世代交代モデルに MGG を用いた場合は多様性の維持が図れ、良好な結果を示した。

今後は、より大規模なネットワーク構成の最適化を行い、さらにネットワークの特性を理解することを今後の課題とする。

参考文献

- [1] A.-L. Barabási, *Linked: The New Science of Network Perseus Books*, NHK 出版, 2002.
- [2] Nicolis, G. and Prigogine, I, *Exploring complexity*, R. Piper GmbH and Co. KG Verlag, 1989.
- [3] D.E. Goldberg. *Genetic Algorithms in Search Optimization and Machine Learning*, Addison-Wesley, 1989.