

中立性を含む動的環境モデルにおける GA の進化ダイナミクス Evolutionary Dynamics of GAs in a Simple Model with Dynamical Environment and Neutrality

片田 喜章^{1*}
Yoshiaki KATADA¹

¹ 摂南大学
¹ Setsunan University

Abstract: Biological organisms have various mechanisms of coping with the dynamical environments in which they live. Recent papers in computational biology show that individuals reside in deferent regions of neutral networks according to environmental variation. This work investigated evolutionary dynamics of GAs in dynamical environments with neutrality using a simple model. The evolutionary dynamics observed were consistent with those observed in the experiments of biological evolution, confirming that the genotype distributions change depending on the rates of environmental variation as well as mutation.

1 はじめに

分子進化の中立説 (neutral theory) は集団遺伝学者・木村資生により提唱された [1]. 中立性 (neutrality) は遺伝子型-表現型写像もしくは表現型-適応度写像に多くの冗長性を含むことで現れる. これに基づき, 表現型に現れない遺伝子メカニズムを生物がうまく利用し進化的な時間スケールで環境変動に適応している可能性が報告されている.

進化計算の分野においても, Harvey[2] によって中立ネットワーク (neutral networks)[2, 3, 4] という概念が導入されたことが契機となり, 中立性に関連するさまざまな成果が報告されている. それらの中心は, つぎの2つに分類される. (a) 1つは, 表現型-適応度写像における冗長性に基づくもので, 進化ロボティクス (ER) における神経回路網コントローラ [5, 6] や進化型ハードウェア (EHW)[7, 8] などに代表される, 問題自体に中立ネットワークが含まれる場合において, 進化ダイナミクスを解析したり [9, 10, 11, 12], 適応度景観の中立部分の特徴量化するという研究である [13, 14, 15]. (b) もう1つは, 従来, 冗長性を排しコンパクトに設計することが良いとされてきた遺伝子型-表現型写像, つまり, 個体表現に上述の考え方をもとに意図的に冗長性を導入し, 遺伝的アルゴリズム (GA) の解探索能力を高めようという研究である [16, 17, 18, 19].

(a) において, 中立性に基づいて動的な環境下で進

化計算が示すダイナミクスや有効な遺伝的操作について研究した報告は著者の知る限り存在しない. (b) において, 中立性の話題とは独立に, 動的な環境において進化計算に倍数体をモデル化した個体表現が導入され, 以前有益であった遺伝子種のある種の”記憶”として遺伝子型に保持するという研究が盛んに行われている [20, 21]. しかしながら, 倍数体表現の特徴は明らかに情報の冗長性 (遺伝子型-表現型写像の冗長性) にあり, 中立性という立場からこれらを検証した例はないように思われる.

同様に (b) に分類されると思われる遺伝的プログラミング (GP) においても進化の結果得られる解に多くのイントロンや機能的に冗長な部分が含まれており, 近年では GP の研究者が盛んに中立性の重要性を強調している [22, 23, 24].

計算生物学において, Meyersら [25] は周期的に入れ替わる2つの環境における進化を一遺伝子座に機能的に同等な対立遺伝子が複数存在するモデルおよび1つのアミノ酸モデルを用いて解析している. ここでは, 環境の変動周期によって, 個体集団が中立ネットワーク内の異なる領域に分布することを計算機実験によって確かめている. 環境変動がまれなときには, 集団はそれぞれの環境で高い適応度を示す中立ネットワークの中心付近に位置し, 突然変異によって適応度を下げることのないように備える (図 1(a)). この状態は “genetic robustness” とよばれている. 環境変動が大きくなると, 集団は中立ネットワークの端に移動し, 変動後の新しい環境に適応できる表現型をすばやく獲得できるように備える (図 1(b)). この状態を “genetic potential” と

*連絡先: 摂南大学理工学部電気電子工学科
〒 572-8508 大阪府寝屋川市池田中町 17-8
E-mail: katada@ele.setsunan.ac.jp

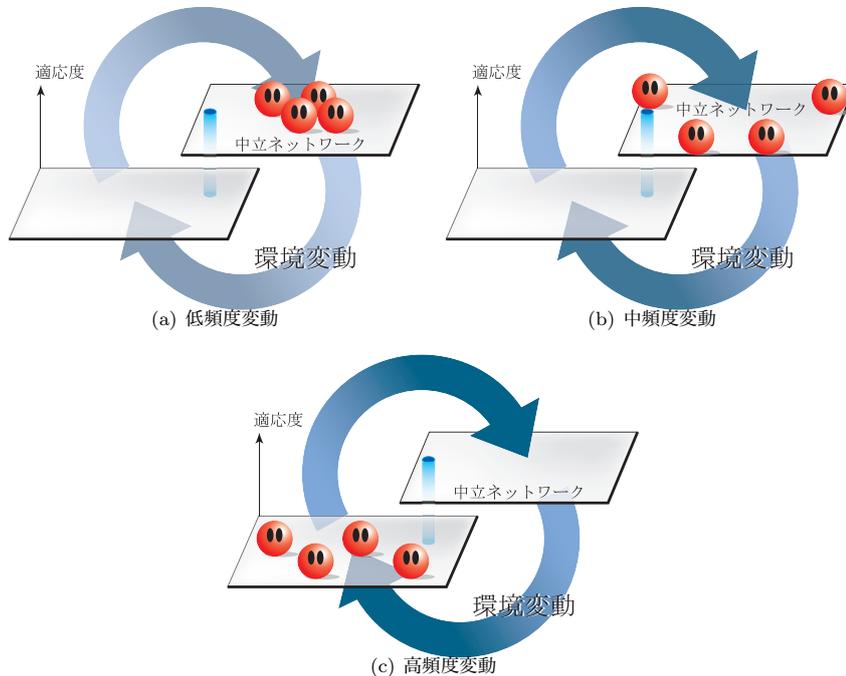


図 1: 環境変動率による個体分布の概念図

いう。環境変動が非常に大きくなると、2つの環境で中間的な適応度を示す表現型に定位する(図 1(c))。この状態を“organismal flexibility”という。この知見をもとに Yu[26] は環境変動下でのプール関数合成において GP の進化ダイナミクスを考察している。変動周期が短いと GP の木構造の長さが大きくなり、1つの遺伝子型における実効突然変異率が高くなり、変動周期が長いと木の長さが小さくなり、実効突然変異率が低くなることを確かめている。文献 [26] では、環境の変動周期が短くなると実効突然変異率が高くなる、つまり表現型が変わりやすくなることをもって、中立ネットワークの端に個体が分布していると述べている。しかし、GP では中立ネットワークを定義することはその個体表現から難しく、中立ネットワークにおける位置の概念が必要となる上述の生物学との対応を直接的に議論することはできない。しかしながら、環境変動に対応できる表現型をすばやく獲得するような突然変異を備えるという観点からは同じアナロジーが成り立つ。

これらの知見をもとに、進化計算(とくに表現型-適応度写像が冗長になる GA)においても中立ネットワークを構成することから、動的な環境で同じようなダイナミクスが観察されるのではないかと、という着想に至った。また、遺伝子型-表現型写像が冗長になる場合(倍数体を用いる場合も含む)では、GP 同様に中立ネットワークを定義するのは困難だが、実効突然変異率は可変となるため、GP の例で見たようなダイナミクスが

観察されると予想される。

本稿では、表現型-適応度写像に冗長性が存在する場合(上述の (a))に着目し、周期的に入れ替わる2つの環境をもつ簡単なテスト問題をつくり、環境変動と突然変異によって現れる GA の進化ダイナミクスを解析する。以下、第 2 節では中立ネットワークについて述べる。第 3 節では本研究で使用するテスト関数を示す。第 4 節では計算機実験の結果を示し、第 5 節において考察を行う。

2 中立ネットワーク

参考文献 [4] において我々の研究グループでは、中立ネットワークを集合として定式化した。以下にそれを示す。

2.1 冗長遺伝子型-表現型写像によって生じる中立ネットワーク

本研究で扱う遺伝子型は、固定長でバイナリコーディングされていると仮定する。したがって、2つの異なる遺伝子型 $(x^g, y^g \in \Phi_g, x^g \neq y^g, \Phi_g$ は全遺伝子型集合)の遺伝距離はハミング距離を用いて $H(x^g, y^g)$ と表される。ここで、バイナリコーディングを用いる場合

に取り得る遺伝距離の最小値は1であることから、本研究では $H(x^g, y^g) = 1$ を最小の変異とする。

これらを考慮して、遺伝子型-表現型写像が冗長である、つまり、遺伝子型-表現型写像 f_g が全射でありかつ単射でないときについて説明する。まず、つぎのような条件を満たす、ある遺伝子型の集合 $\{x_i^g\}_{i=0}^n \subset \Phi_g$ (n は集合の要素数であり、任意の自然数をとる) を考える:

1. $x^g = x_0^g, z^g = x_n^g,$
2. $f_g(x_i^g) = f_g(x^g),$
3. $H(x_i^g, x_{i+1}^g) = 1,$

このような $\{x_i^g\}_{i=0}^n$ が存在するとき、 x^g と z^g は連結されているといい、 $x^g \sim z^g$ と表す。したがって、任意の遺伝子型 z^g を含む中立ネットワークは次のように表される。

$$\Phi'_g(z^g) = \{x^g \in \Phi_g | x^g \sim z^g\}. \quad (1)$$

2.2 冗長表現型-適応度写像によって生じる中立ネットワーク

2.1 と同様の考え方で、表現型-適応度写像が冗長である、つまり、表現型-適応度写像 f_p が全射でありかつ単射でないときについて説明する。つぎのような条件を満たす集合 $\{x_i^g\}_{i=0}^n \subset \Phi_g$ を考える:

1. $x^g = x_0^g, z^g = x_n^g,$
2. $(f_p \circ f_g)(x_i^g) = (f_p \circ f_g)(x^g),$
3. $H(x_i^g, x_{i+1}^g) = 1,$

ここで、 f_g が全単射であるとき (つまり、冗長性を含まない) と全射でありかつ単射でないときがあり得るが、どちらの場合も f_p が全射でありかつ単射でないとき、 $f_p \circ f_g$ は全射でありかつ単射でない。このような $\{x_i^g\}_{i=0}^n$ が存在するとき、 x^g と z^g は連結されているといい、 $x^g \sim z^g$ と表す。したがって、任意の遺伝子型 z^g を含む中立ネットワークは

$$\Phi_g^*(z^g) = \{x^g \in \Phi_g | x^g \sim z^g\}. \quad (2)$$

のように表される。

3 中立性を含む動的環境の簡易モデル

本節で述べる設定は、はじめに述べた生物学で得られている知見 [25] と GA で得られるダイナミクスと

表 1: 遺伝子型集合

Genotype (g_i)	ID (i)	Nickname
1011	0	NN1-c
1111	1	NN1-e1
1101	2	NN1-e2
1001	3	NN1-e3
1010	4	NN1-e4
0011	5	NN1-e5
1110	6	INV-1
1000	7	INV-2
0111	8	INV-3
0001	9	INV-4
0100	10	NN2-c
0110	11	NN2-e1
0010	12	NN2-e2
0000	13	NN2-e3
0101	14	NN2-e4
1100	15	NN2-e5

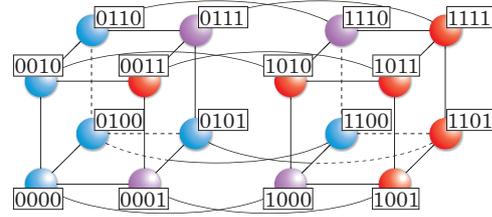


図 2: 遺伝子型空間

の比較を目的に行っている。解析を容易にするために4ビットの遺伝子型を用いる。参考文献 [25] を参考に、遺伝子型集合を表 1, 図 2 のように定義し、適応度関数をつぎのように定義する。

$$w_A(g_i) = \begin{cases} 1 + s & (0 \leq i \leq 5) \\ 1 + ks & (6 \leq i \leq 9) \\ 1 & (10 \leq i \leq 15) \end{cases} \quad (3)$$

$$w_B(g_i) = \begin{cases} 1 & (0 \leq i \leq 5) \\ 1 + ks & (6 \leq i \leq 9) \\ 1 + s & (10 \leq i \leq 15) \end{cases} \quad (4)$$

ここで、 w_A および w_B は環境 E_A および E_B における適応度関数である。 s および k はこれらの環境において特定の遺伝子型に与えられる高い適応度および中間の適応度の値を調整するパラメータであり (ただし、 $s > 0, 0 \leq k \leq 1$)、本研究では文献 [25] に従い、 $s = 1, k = 0.5$ とする。

本適応度関数では各遺伝子型に対し適応度が直接計算されるため、表現型はない。したがって、第2節で述べた写像 f_g は全単射であると仮定し、写像 $f_p \circ f_g$ を考える。中立ネットワークの定義より、 $i = 0, \dots, 5$ の個体群および $i = 10, \dots, 15$ の個体群は w_A, w_B の両環境で中立ネットワークを形成する(表1中に NN1, NN2 と表す)。(3)(4)式からわかるように、これらの中立ネットワークは各々の環境で最も高い適応度と最も低い適応度を示す。また、各々の中立ネットワークにおいて、1ビットの突然変異ではその中立ネットワーク以外に変異しない遺伝子型を中立ネットワークの中心に位置していると考え(表1中の NN1-c, NN2-c)、1ビットの突然変異でその中立ネットワーク以外に変異する遺伝子型をネットワークの端に位置していると考え(表1中の NN1-e, NN2-e)。なお、中立ネットワークの中心に位置する遺伝子型はそれぞれの中立ネットワークで1つだけ存在する。その他の個体 ($i = 6, \dots, 9$) はすべて中間の適応度を示すが、中立ネットワークは形成しない。

4 計算機実験

第3節で定義したテスト問題において GA を適用する。個体数を 10、遺伝子長を 4 とする。はじめに述べたように、本研究は中立性を含む環境の簡易モデルにおける突然変異と環境変動によって現れる GA の進化ダイナミクスを解析することを目的としていることから、遺伝的操作として点突然変異のみを用いる。点突然変異率を $q \in \{0.025, 0.05, 0.1, 0.2, 0.25, 0.3, 0.4, 0.5\}$ とする。選択法としてルーレット選択を用いる。各試行の最終世代数を 2,000 とする。環境の変動周期を λ とし、1 から 1000 の範囲で変化させる(ただし、変化の幅は $\Delta\lambda = 1$ ($\lambda \leq 20$), 10 ($20 < \lambda \leq 100$), 100 ($100 < \lambda \leq 1000$) とする)。初期環境を E_A とし、 λ 世代毎に $E_A \rightarrow E_B \rightarrow E_A \rightarrow \dots$ のように環境を交互に変更する。独立に 50 試行を行い、それぞれの結果の平均を以下に示す。

図3に $q = 0.025$ に関して $\lambda = \{1, 10, 100\}$ の場合の世代数に対する、高い適応度 ($f = 1 + s$)・中間の適応度 ($f = 1 + ks$)・低い適応度 ($f = 1$) をもつ個体の割合 (50 試行の平均) を示す(世代数に対し同じパターンを繰り返すため、 $\lambda = 1, 10$ のときは初期 100 世代、 $\lambda = 100$ のときは初期 400 世代のみを示す)。どの変動周期に対しても、集団は新しい環境に適応し高い適応度を示す個体を生成している。しかし、すべての個体が最も高い適応度に収束することはない。

集団における各個体の割合は、環境の変動周期によって異なっている。非常に短い変動周期の場合 ($\lambda = 1$, 図3(a)), 高い適応度を持つ個体が集団の半数以上を占

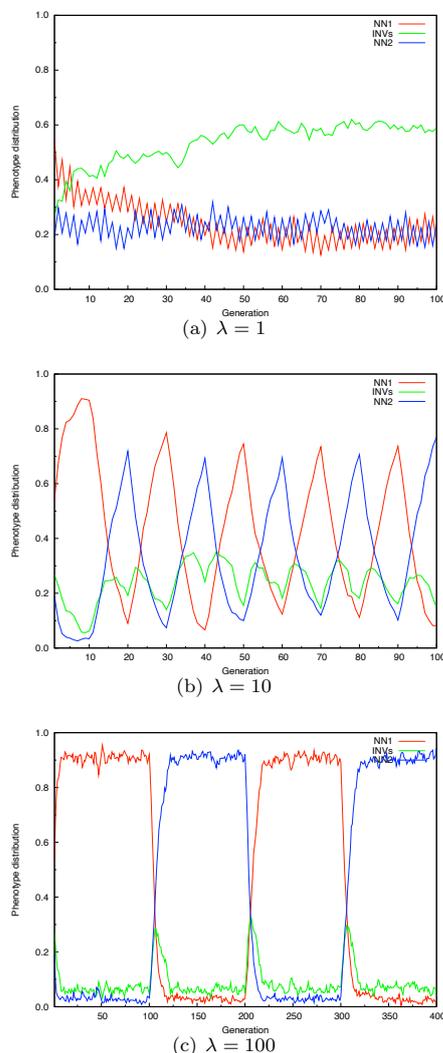


図3: 世代数に対する個体分布の推移 ($q = 0.025$)

めることはない。一方、中間の適応度をもつ個体は高い適応度をもつ個体よりも多く存在する(約 50-55%)。これはあまりに変動が速いため、環境に適応する時間がなかったと考えられる。しかし、高い適応度と低い適応度をもつ個体が少なく、中間の適応度をもつ個体が多いことから、速い変動に対しより速く適応する(高い適応度をもつ個体を創出しやすくする)ことを進化が支持した結果とも考えられる。この中間の適応度をもつ個体ははじめに述べた organismal flexibility であると考えられる。

変動周期が少し長くなると ($\lambda = 10$, 図3(b)), 高い適応度をもつ個体が占める割合が増加する。一方、中間の適応度をもつ個体の割合は減少する。変動周期が長くなり ($\lambda = 50$, 図3(c)), 集団がその環境に対して

十分に適応する時間が与えられると、高い適応度をもつ個体が占める割合はさらに増加する。それに伴い、中間の適応度をもつ個体の割合はさらに減少し非常に小さくなる。ここで、図3は3種類の適応度をもつ個体の割合を示しているだけなので、高い適応度をもつ個体群の内訳、つまり、各個体が中立ネットワークのどこに位置するか（「中心」か「端」か）はわからない。そこで、表1および図2で示した各遺伝子型の集団における割合をつぎに示す。

図4, 5に各 q に関して環境変動周期 λ に対する各遺伝子型の割合を示す。遺伝子型の割合はもう一方の環境に変更される直前の世代における値を、その環境に変更される回数分および試行回数分で平均したものを示している。また、中立ネットワークの中心を表す遺伝子型の割合を太線で、端を表す遺伝子型の割合を細線で示している。横軸は対数をとり片対数グラフとして表している。

$0.025 \leq q \leq 0.1$ では(図4(a)-4(f))、変動周期が長い場合には環境 $E_A \cdot E_B$ ともに高い適応度を示す中立ネットワークの中心に位置する遺伝子型の割合が他の遺伝子型に対し最も大きくなっている。また、中立ネットワークの端に位置する遺伝子型もそれに次ぐ割合で存在している。変動周期が短くなると中立ネットワークの端に位置する遺伝子型の割合が最も大きくなる。この現象を示す λ の範囲は q が大きくなるにつれ減少する。変動周期が非常に短くなる(おおよそ $1 \leq \lambda \leq 3$)と、中間の適応度を示す遺伝子型の割合が最も大きくなる。これは図3(a)で観察された現象と同じである。

$0.2 \leq q \leq 0.4$ では(図4(g)-4(h), 図5(a)-5(f))、変動周期が長い場合には、上述の高い適応度を示す中立ネットワークの中心に位置する遺伝子型および端に位置する遺伝子型の順で割合が大きいがそれぞれの値はほぼ0.1以下となっている。変動周期が短い場合($\lambda = 1$)には、中立ネットワークの端に位置する遺伝子型の割合が最も大きくなるような現象は観察されず、高い適応度と中間の適応度を示す遺伝子型の割合が低い適応度を示す遺伝子型の割合に比べ若干大きいかほぼ等しい割合で分布している。

$q = 0.5$ では、個体分布に関して明確な傾向は見られずランダムに存在することがわかる(図5(g)-5(h))。

5 考察

本節で行う考察のために、はじめに述べた環境変動によって現れる個体の分布状態(図1)をより明確に以下のように定義する。genetic robustness: 環境変動がまれで、それぞれの環境で高い適応度を示す中立ネットワークの中心に位置する遺伝子型の割合が最も大きい状態。genetic potential: 環境変動が大きくなり、それ

ぞれの環境で高い適応度を示す中立ネットワークの端に位置する遺伝子型の割合が最も大きい状態。organismal flexibility: 環境変動が非常に大きくなり、それぞれの環境で中間的な適応度を示す遺伝子型の割合が最も大きい状態。

これにより図4の結果から、突然変異率が低い場合、各個体の分布状態は環境の変動周期が大きくなるにつれてorganismal flexibility \rightarrow genetic potential \rightarrow genetic robustness ($q \leq 0.1$)、organismal flexibility \rightarrow genetic robustness ($q \geq 0.2$)のように相転移が起こっていることがわかる。Meyersら[25]は突然変異率が減少すると、genetic robustnessの状態に到達するのにより時間がかかり、結果として変動周期のより広い範囲でgenetic potentialを示すようになると述べている。これを図4(a)-4(f)で確認すると、 $q = 0.025$ の場合 $6 \leq \lambda \leq 20$ において、 $q = 0.05$ の場合 $5 \leq \lambda \leq 10$ において、 $q = 0.1$ の場合 $3 \leq \lambda \leq 5$ においてgenetic potentialを示しており、同じ結果が得られている。Meyersらは突然変異率が高い場合のorganismal flexibilityについては触れていないが、本研究で得られた結果では突然変異率が高い場合にはorganismal flexibilityは現れない。

突然変異率が非常に高い場合には変動周期が大きい場合でも個体分布に関して明確な傾向は見られない。選択の効果では個体を高い適応度を示す中立ネットワークに保持できなくなり集団は適応度の低い方へ完全に落ちてしまう“エラーによる崩壊[27]”と呼ばれる現象を示していると考えられる。

Meyersらは、環境変動に対する適応方法として遺伝子座における突然変異率が変化することが重要であるという意見に対して、表現型突然変異率もしくは一遺伝子型における実効突然変異率が変化するのであれば、遺伝子座における突然変異が変化する必要はないと述べている。これはつぎのように考えられる。実効突然変異率が小さい場合には、環境変動(ある程度の)速さに適応するには、環境が変わったときに表現型をすばやく変えることができる(異なる適応度をすばやく獲得する)ことが重要であり、そのためには中立ネットワークの中心に位置するよりも端に位置した方がよい。一方、実効突然変異率が高い場合には、中立ネットワークの中心に位置していても異なる表現型にすばやく変わることが可能であるため、中立ネットワークの端に位置することの優位性は薄れる。

6 むすび

本研究では中立性を含む環境モデルにおける環境変動と突然変異によって現れるGAの進化ダイナミクスの解析を行った。得られた結果について以下にまとめる。

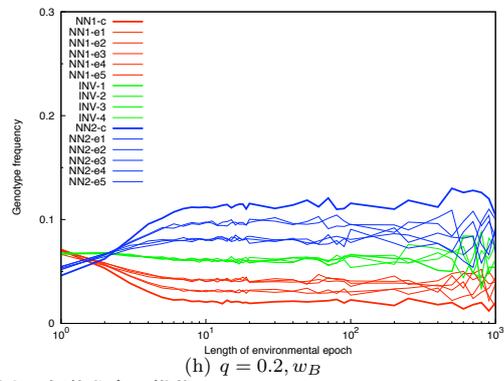
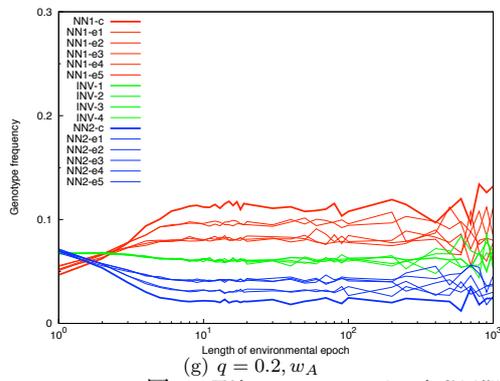
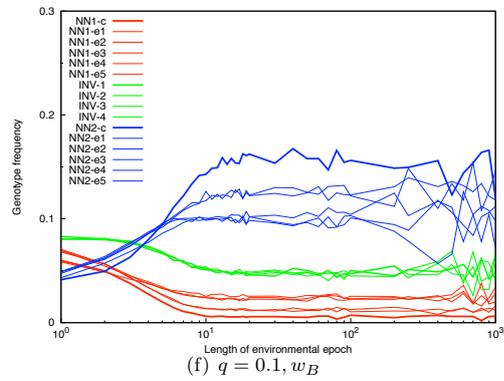
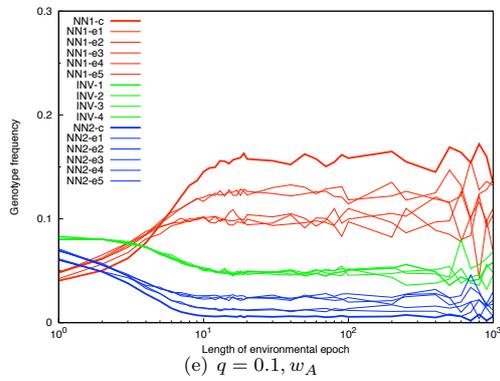
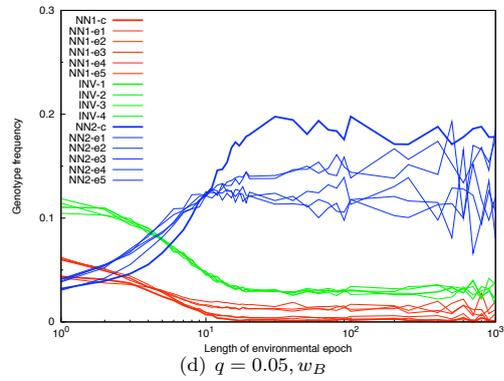
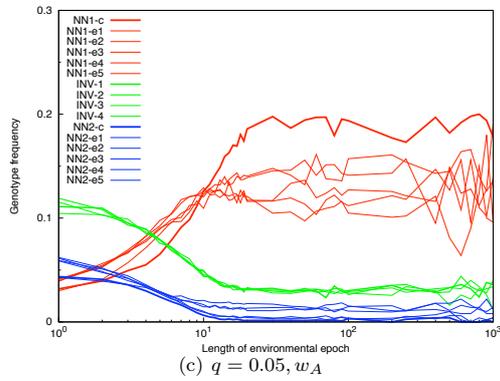
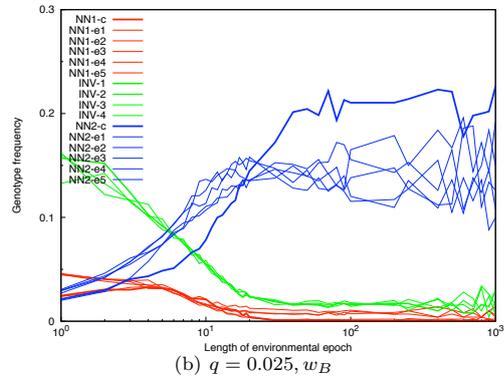
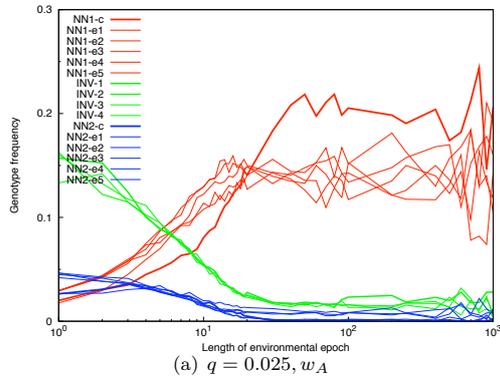
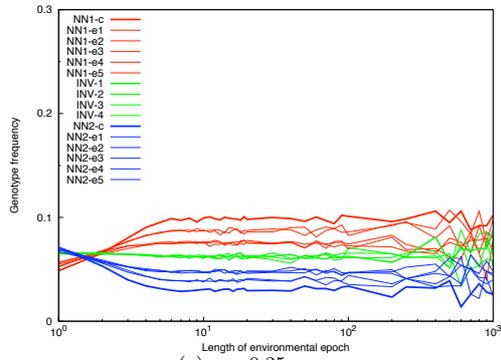
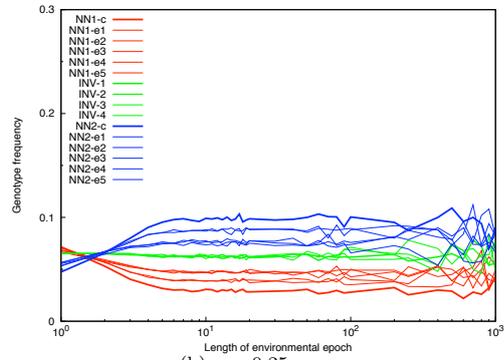


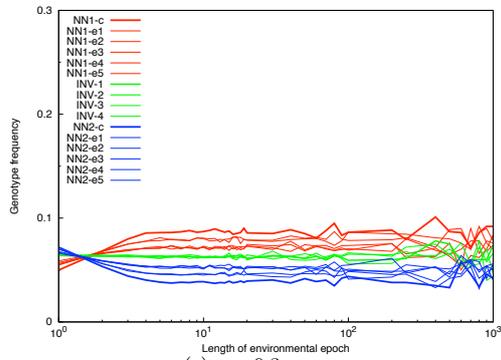
図 4: 環境 w_A, w_B における変動周期に対する個体分布の推移 ($0.025 \leq q \leq 0.2$)



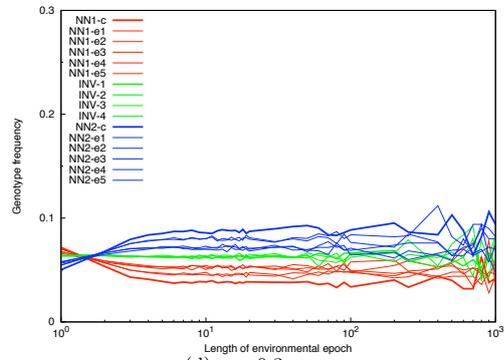
(a) $q = 0.25, w_A$



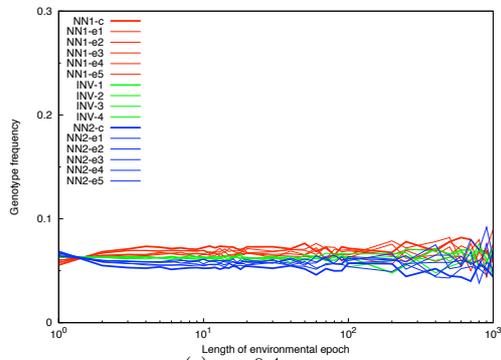
(b) $q = 0.25, w_B$



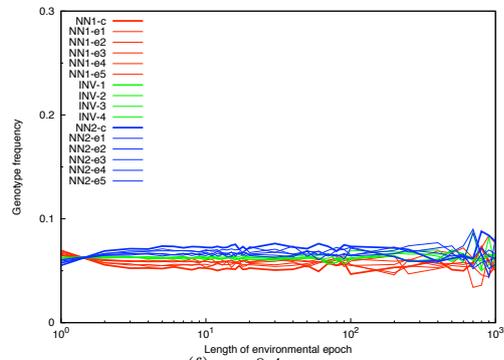
(c) $q = 0.3, w_A$



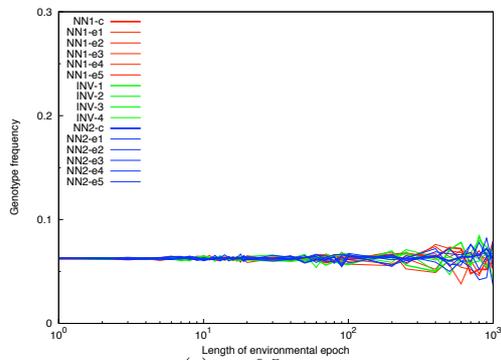
(d) $q = 0.3, w_B$



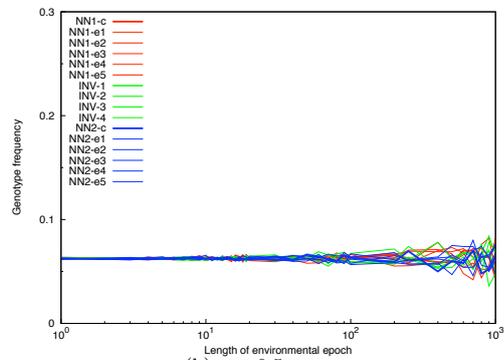
(e) $q = 0.4, w_A$



(f) $q = 0.4, w_B$



(g) $q = 0.5, w_A$



(h) $q = 0.5, w_B$

図 5: 環境 w_A, w_B における変動周期に対する個体分布の推移 ($0.25 \leq q \leq 0.5$)

- 計算生物学において得られている知見と同様に、環境の変動周期によって個体集団の分布に相転移が見られる。とくに、突然変異率が小さい場合は同じダイナミクスが観察された。
- 変動周期が長い場合には高い適応度を示す中立ネットワークの中心に位置する個体が集団中で最も多くなる。
- 変動周期が短くなると、中立ネットワークの端に位置する個体が最も多くなる。
- 変動周期が非常に短い場合には中間の適応度を示す個体が最も多くなる。

本稿では、個体数は非常に小さい値を採用した。また、適応度関数(3)(4)式のパラメータも一定の値を用いていた。これらを変更することで選択圧を変えてダイナミクスを観察したい。また、本研究で用いた環境モデルは非常に簡単なため、解析的なアプローチが可能であると考えられる。

進化計算の研究分野では、直接的に環境変動を取り扱う問題だけでなく、協調型共進化のパートナー選択や競争型共進化の対戦相手選択の影響など実質的に環境変動と見なせる状況は多く存在するように思われる。今後、本研究で得られた知見に基づいて、直接的に環境変動を扱う問題だけでなく環境変動と見なせる問題についても調べていきたい。

謝辞

本研究は科研費(22700241)の助成を受けたものである。

参考文献

- [1] Kimura, M.: *The Neutral Theory of Molecular Evolution*, Cambridge University Press (1983)
- [2] Harvey, I. Thompson, A.: Through the Labyrinth Evolution Finds A Way: A Silicon Ridge; *Proceedings of the First International Conference on Evolvable Systems: From Biology to Hardware*, pp. 406–422 (1996)
- [3] Verel, S.: Fitness Landscapes and Graphs: Multimodularity, Ruggedness and Neutrality, *Proceedings of the 11th Annual Conference Companion on Genetic and Evolutionary Computation Conference*, Tutorial, p3593–3655 (2009)

- [4] 片田, 大倉: 中立性と凸凹を含む適応度景観の中立ネットワークに基づく構造解析, *人工知能学会論文誌*, Vol.25, No.2, pp. 332–339 (2010)
- [5] Harvey, I.: Artificial Evolution for Real Problems, *Evolutionary Robotics: From Intelligent Robots to Artificial Life (ER'97)* (T. Gomi, ed.), AAI Books (1997)
- [6] Smith, T., Husbands, P. and O'Shea, M.: Neutral Networks in an Evolutionary Robotics Search Space; *Proceedings of the 2001 IEEE Congress on Evolutionary Computation: CEC2001*, pp. 136–145, IEEE Press (2001)
- [7] Thompson, A.: An Evolved Circuit, Intrinsic in Silicon, Entwined with Physics; *Proceedings of the First International Conference on Evolvable Systems: From Biology to Hardware*, pp. 390–405 (1996)
- [8] Vassilev, V. K., Fogarty, T. C., Miller, J. F.: Information Characteristics and the Structure of Landscapes; *Evolutionary Computation*, 8(1), pp. 31–60 (2000)
- [9] Barnett, L.: Tangled Webs: Evolutionary Dynamics on Fitness Landscapes with Neutrality; MSc. dissertation, School of Cognitive and Computing Sciences, Sussex University (1997)
- [10] Newman, M., Engelhardt, R.: Effect of Neutral Selection on the Evolution of Molecular Species; *Proceedings of the Royal Society of London B*, 256, pp. 1333–1338, Morgan Kaufmann (1998)
- [11] Nimwegen, E., Crutchfield, J., Mitchell, M.: Statistical Dynamics of the Royal Road Genetic Algorithm; *Theoretical Computer Science*, Vol. 229, No. 1, pp. 41–102 (1999)
- [12] 片田, 大倉, 上田: Neutral Networksを含む適応度景観における遺伝的アルゴリズムの進化ダイナミクス; *システム制御情報学会論文誌*, Vol. 17, No. 5, pp. 187–195 (2004)
- [13] Smith, T., Husbands, P., Layzell, P., O'Shea, M.: Fitness Landscapes and Evolvability; *Evolutionary Computation*, Vol. 10, No. 1, pp. 1–34 (2002)
- [14] 片田, 大倉: 根井の標準遺伝距離を用いた適応度景観に含まれる neutrality の推定-進化ロボティクスへの適用; *システム制御情報学会論文誌*, Vol. 18, No. 8, pp. 284–291 (2005)

- [15] 片田, 大倉: 根井の標準遺伝距離を用いた neutrality を含む適応度景観をもつ問題での GA の進化ダイナミクス解析; システム制御情報学会論文誌, Vol. 19, No. 2, pp. 43–50, (2006)
- [16] 大倉, 上田: 中立突然変異型 GA による騙し問題の最適化, 計測自動制御学会論文集, Vol. 32, No. 10, pp. 1461–1469 (1996)
- [17] Ebner, M., Langguth, P., Albert, J., Shackleton, M., Shipman, R.: On Neutral Networks and Evolvability, *Proceedings of the 2001 IEEE Congress on Evolutionary Computation: CEC2001*, IEEE Press pp. 1–8 (2001)
- [18] Knowles, J. D., Watson, R. A.: On the Utility of Redundant Encodings in Mutation-based Evolutionary Search. *Proceedings of Parallel Problem Solving from Nature - PPSN VII, Seventh International Conference*, LNCS 2439, pp. 88–98 (2002)
- [19] Rothlauf, F., Goldberg, D.: Redundant Representations in Evolutionary Computation; *Evolutionary Computation*, Vol. 11, No. 4, pp. 381–415 (2003)
- [20] Goldberg, D.: *Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning*, Addison-Wesley (1989)
- [21] Branke, J.: *Evolutionary Optimization in Dynamic Environments*, Kluwer Academic Publishers (2001)
- [22] Yu, T., Miller, J.F.: Through the Interaction of Neutral and Adaptive Mutations, Evolutionary Search Finds a Way, *Artificial Life*, Vol. 12, No. 4, pp. 525–551 (2006)
- [23] Miller, J.F.: Cartesian Genetic Programming, *Proceedings of the 11th Annual Conference on Genetic and Evolutionary Computation Conference*, Tutorial, pp. 3489–3512 (2009)
- [24] Vanneschi, L.: Fitness Landscapes and Problem Fardness in Genetic Programming, *Proceedings of the 11th Annual Conference on Genetic and Evolutionary Computation Conference*, Tutorial, pp. 3657–3684 (2009)
- [25] Meyers, L.A., Ancel, F.D., Lachmann, M.: Evolution of Genetic Potential, *Computational Biology*, 1(3), pp. 236–243 (2005)
- [26] Yu, T.: Program Evolvability under Environmental Variations and Neutrality, *Proc. ECAL 2007*, LNAI 4648, pp. 835–844 (2007)
- [27] Kauffman, S.: *At Home in the Universe: The Search for Laws of Self-organization and Complexity*, Oxford University Press (1995)