## 研究略歴

## 新美 礼彦

遺伝的プログラミングに関する研究を行ってきた。遺伝的プログラミングは、遺伝的アルゴリズムと同様の進化的学習であるが、遺伝的アルゴリズムに比べて構造表現が取り扱いやすいという利点がある。遺 伝的プログラミングでは、関数ノードと終端ノードにより構造を表している。

研究では、データマイニングや知識発見への応用と人工生命への適用を扱った。

決定木構築法と遺伝的プログラミングを組み合わせることにより、決定木学習の効率改善を提案した。 また、Apriori Algorithm による相関ルール抽出法と組み合わせることにより、相関ルールから分類ルー ルを再構築する手法を提案した。

遺伝的プログラミングをデータマイニングに適用するときの問題点として、定義ノードの増加が挙げられる。データベースの記述属性が増えることによる定義ノードの増加する。また、連続値属性の取り扱いによっては、探索領域が膨大になってしまい、学習速度の低下が考えられる。これらの問題に対して、遺伝的操作による枝狩りや連続値属性の適応操作を遺伝的操作として組み込む手法を提案した。

関数ノード表現の違いによる学習速度の変化を検討するため、通常の if-then ルール記述の他、決定木表現、論理関数表現 (AND, OR, NOT) など、それぞれの関数ノード表現により学習の変化を研究した。同一の意味を複数の表現で行えるようにすることは、進化計算では、学習に悪影響をおよぼす恐れがあるが、 ルールサイズの縮小が期待できる。

出力結果の汎化性能を向上させるために、ブートストラップ法と組み合わせて学習を行う手法を提案した。(共同研究) ブートストラップ法を組み合わせることにより、反復学習により計算時間は増加するが、 遺伝的プログラミングの過学習を避けることが可能となる。

それぞれの提案手法の有効性を検証するために、UCI Machine Learning Repository を用いた評価実験、 高血圧発症診断データや髄膜脳炎データベースを用いた医療の知識発見に関する実験、アミノ酸配列デー タを用いたデータ解析などを行った。医療データを用いたものやアミノ酸配列解析では結果を専門家に評 価してもらっている。

遺伝的プログラミングの応用事例の研究のため、人工生命問題に取り組んだ。(共同研究)遺伝的プログ ラミングを用いた人工生命の動きのプログラミングを進化させる研究を行った。適用事例として蜂の採蜜 行動シミュレーション、パックマン問題の解法を対象とした。