

# 数学的保証をもつ遺伝的アルゴリズムの改良

宗久研究室 G04MK023 平早哲明

## 1 目的

問題に対して最適な解を探索する手法として遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithm, 以下 GA) がある。GA は適合度以外の情報はほとんど必要とせず, さまざまな最適化問題に利用可能であるが, 欠点として最適解到達が保証されていない点が挙げられる。先行研究の数学的保証をもつ GA[6] はボルツマン分布収束についてあいまいな点がある。その問題点の改善方法を提案する。

## 2 数学的保証をもつ GA の概要

数学的保証をもつ遺伝的アルゴリズムの概要を以下に述べる。

### 2.1 GA のマルコフ連鎖による表現

まず GA をマルコフ連鎖によって表現する。GA の挙動は複雑であるがマルコフ連鎖で表現することで定式化された記述が可能になる。マルコフ連鎖とは現在の時点  $t$  の状態から次の時点  $t+1$  の状態へと遷移するとき, その遷移が時点  $t$  より過去の時点によらないような確率過程である。状態空間を  $0, 1, \dots, n-1$  とし, ある時点  $t$  の状態の分布を,

$${}^t f^{(t)} = \begin{bmatrix} f_0 \\ f_1 \\ \vdots \\ f_{n-1} \end{bmatrix} \quad (1)$$

と表す。また, 状態  $i$  から状態  $j$  に遷移する確率を  $P_{ij}$  とすれば, それを  $(i, j)$  成分とする遷移確率行列が,

$$P = \begin{bmatrix} P_{0,0} & P_{0,1} & \cdots & P_{0,n-1} \\ P_{1,0} & P_{1,1} & \cdots & P_{1,n-1} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ P_{n-1,0} & P_{n-1,1} & \cdots & P_{n-1,n-1} \end{bmatrix} \quad (2)$$

と表せ, 状態遷移はベクトル  $f$  に  $P$  を乗することで表せることになり,

$$f^{(t+1)} = f^{(t)} P \quad (3)$$

と表せる。この状態遷移を GA に対応させる。

GA において集団を構成する個体は世代交代によって親から子へ置き換わる。個体が表す解候補を状態と考えれば, 親から子へ世代交代させる操作は, 親の状態から子への状態遷移と考えられる。また, その状態遷移は「次の状態への遷移が現在の状態のみに依存する」というマルコフ性をもつ

ている。つまり, ある個体をとる状態 (親) が次の状態 (子) へ遷移する場合, 現在の状態 (親) 以外に何ら依存しないということである。よって GA はマルコフ連鎖として記述できると考えられる。個体を  $l$  bit とすると各世代は状態の分布で表現され,

$${}^t f = \begin{bmatrix} f_0 \\ \vdots \\ f_{2^l-1} \end{bmatrix}, \quad (l \text{ は bit 長}) \quad (4)$$

である。遺伝的オペレータによる親  $i$  から子  $j$  の状態遷移確率  $P_{ij}$  は,

$$P_{ij} = P_g P_{i \rightarrow j} \quad (5)$$

で表される。 $P_g$  は親  $i$  から子  $j$  を生成する確率,  $P_{i \rightarrow j}$  は子を次世代に受理する確率である。一般的な GA では生成された子が必ず次世代に残るが ( $P_{i \rightarrow j} = 1$ ), 確率的にすることで親の方が次世代に残る可能性が現れる。このように決めた遷移確率  $P_{ij}$  が  $(i, j)$  成分とする遷移確率行列  $P$  と初期集団の分布  $f^{(0)}$  で世代交代を表すと第  $t$  世代の集団の分布は,

$$f^{(t)} = f^{(0)} P^t \quad (6)$$

である。

### 2.2 受理確率 $P_{i \rightarrow j}$

真の最適値に到達するという保証を付加するために焼きなまし法を GA に適用するアプローチがある [1]。焼きなまし法は以下で述べるボルツマン分布を満たすような状態遷移で, 温度パラメータの操作により局所最適値に留まらない真の最適値に到達する保証をもっている。親  $i$  から子  $j$  の状態遷移確率  $P_{ij}$  をボルツマン分布を満たすように決める。親と子のそれぞれの適合度を考慮して確率的にどちらを次世代に残すか決める。ある 2 つの状態  $i$  と  $j$  でそれぞれの適合度を  $E_i, E_j$  とすれば,  $E_i < E_j$  の時, 確率  $P_{i \rightarrow j}, P_{j \rightarrow i}$  は次式とする。

$$\begin{cases} P_{i \rightarrow j} = \frac{1}{1 + e^{(E_i - E_j)/T}} \end{cases} \quad (7)$$

この確率を用いた世代交代  $f P \cdots P$  の定常分布  $f_i$  は,

$$f_i = C e^{\frac{E_i}{T}} \quad (C \text{ は定数}) \quad (8)$$

で表されるボルツマン分布になる。世代交代による状態遷移がボルツマン分布に従うことで各状態が (8) で決まる確率で出現することになる。つまり最適解の状態もある出現確率で出現することになり, これが最適解到達の保証となる。

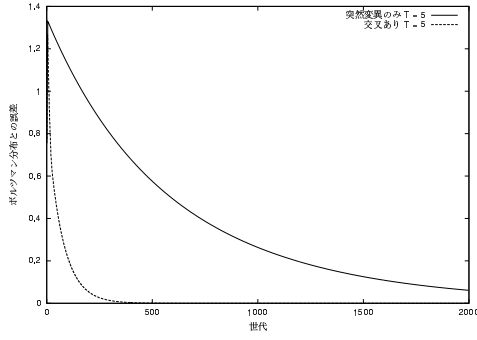


図 1: ボルツマン分布への収束. 縦軸はボルツマン分布との誤差, 横軸は世代を示している. 実線は突然変異のみ, 破線は交叉を加えた結果である.

### 2.3 遺伝的オペレータによる生成とその確率

子の生成は遺伝的オペレータを用いる. まず突然変異を考えると,  $l$ bit 状態では親から  $l$ bit 突然変異して生成される可能性がある子は  $l$  パターンである. つまり,

$$P_{i,j} = \frac{1}{l} \cdot P_{i \rightarrow j} \quad (9)$$

で表される. 次に交叉を考える. 交叉は状態自身のみによっては成されず相手が必要となる.  $l$ bit では全状態を交叉相手として, 交叉点を  $l$  個と考えれば 1 つの親から生成される可能性のある子は  $l \cdot 2^l$  パターンである. つまり, ある  $j$  が生成される確率は  $1/l$  であり,

$$P_{i,j} = \frac{1}{l \cdot 2^l} \cdot P_{i \rightarrow j} \quad (10)$$

と表せる. 突然変異を使った状態遷移確率行列を  $P_m$ , 交叉を使った状態遷移確率行列を  $P_c$  として交互に適用し世代交代を,

$$f^{(N)} = f^{(0)} P_c P_m \cdots P_c P_m \quad (11)$$

と表す. この世代交代がボルツマン分布に従うか実験する. Tight 問題 [2] (だまし問題) に対して実験を行う. 個体は 6bit とし, 適合度は連続した 3bit をそれぞれ (表 1) で決められた値に変換した合計とする. この Tight 問題は表 1 を見ると 000 と 111 が高く, その間が値が低くなっている. 111 が最も高い値だが 111 の周りは値が 0 であり, これが壁になって到達しづらく, 局所最適値である 000 の方へは値が順に高くなっており上って行きやすく設定されている. 最適値は適合度が最も高い状態 (bit がすべて 1 で適合度 60) とする. 突然変異のみの場合と交叉を加えた場合を比較する. 1000 世代実行し各世代でのボルツマン分布との誤差を計測した.

図 2 のように突然変異のみ, 交叉を加えた場合, ともにボル

表 1: 適合度

bit	000	001	010	011	100	101	110	111
値	28	26	22	0	14	0	0	30

ツマン分布へ収束しているのがわかる. 突然変異のみよりも交叉を加えた方が収束が早く効果的であると考えられる. しかし, ここで注意が必要なのは, 交叉が問題なくボルツマン分布に収束しているのは全状態を交叉相手としているため, という点である.

### 2.4 状態数制限のための選択

世代交代  $fP \cdots P$  は交叉と突然変異だけが用いられている.  $fP \cdots P$  を計算することでボルツマン分布を達成し, それによって最適値が出現する保証も得られることになる, しかし実際に扱う状態空間は広く,  $fP \cdots P$  を計算することは困難である. ボルツマン分布に従うことを保持しつつ適用できる選択が必要である. 選択は状態に対して捨てられた状態は値を 0 に, 生き残った状態の値を 0 以外にすることで表現する. 問題はこの捨てられる状態と残される状態をどのような基準で選ぶのかである.

ボルツマン分布に従うという条件を満たしたままどのように選択するかを述べる. そこで On-Off Probability Function[3] を利用する. この確率関数は,

$$P_i(\eta_i) = \frac{1}{a_i} \delta(\eta_i - a_i) + \left(1 - \frac{1}{a_i}\right) \delta(\eta_i) \quad (12)$$

で表される関数であり, 確率変数  $\eta_i$  は  $a_i$ , 0 のどちらかの値を, それぞれ  $1/a_i$ ,  $1 - (1/a_i)$  の確率でとる.

$$\eta_i = \begin{cases} a_i & \cdots P_{\eta_i=a_i} = \frac{1}{a_i} \\ 0 & \cdots P_{\eta_i=0} = 1 - \frac{1}{a_i} \end{cases} \quad (13)$$

$$a_i = \max\left(1, \frac{\epsilon}{f_i}\right) \quad (14)$$

残すか捨てるかは, 各状態がとる割合  $f_i$  に  $\eta_i$  を掛けることで行う.  $a_i$  がかけられた状態は生き残り, 0 がかけられた状態は値が 0 になり捨てられたことを意味する. パラメータ  $\epsilon$  の値によって残す状態数が決まる.  $\epsilon$  が大きければ多数の状態が捨てられ, 逆に小さければあまり捨てられない. その計算は, 行列  $M$  を,

$$M = \begin{bmatrix} \eta_0 & & & 0 \\ & \eta_1 & & \\ & & \ddots & \\ 0 & & & \eta_{2^l-1} \end{bmatrix} \quad (15)$$

と置くと,

$$fMP \cdots MP \quad (16)$$

と表現できる. 選択を適用した世代交代がボルツマン分布を崩していないければよいわけであるが, 確率変数  $\eta_i$  の平均は,

$$\langle\langle \eta_i \rangle\rangle = a_i \cdot \frac{1}{a_i} + 0 \cdot \left(1 - \frac{1}{a_i}\right) = 1 \quad (17)$$

であるから,  $\eta_i$  をかけられた状態の平均は, かけられていない場合と値は同じことになる. つまりこの  $\eta_i$  によって状態を選択された世代交代  $fMP \cdots MP$  の平均は選択を適用していない  $fP \cdots P$  と同じであると考えられる. 行列  $M$  の平均は,

$$\langle\langle M \rangle\rangle = E \quad (18)$$

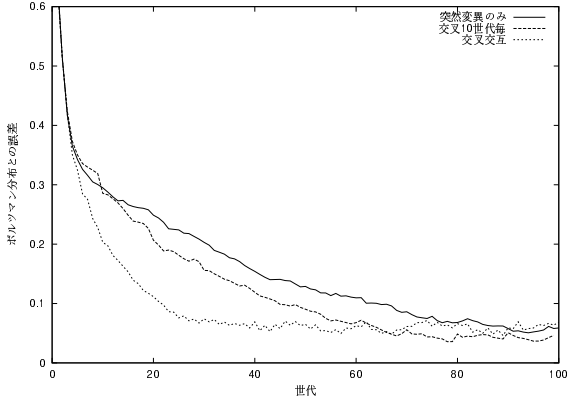


図 2: ボルツマン分布への収束。選択を適用して、交叉を交互にした場合、10 世代置きにした場合。縦軸は存在確率、横軸は状態を示している。実線が突然変異のみ、破線が交叉 10 世代毎、点線が交互に交叉の場合。

となり、世代交代の平均は、各  $M$  が独立なので、

$$\begin{aligned} \langle \langle fMP \dots MP \rangle \rangle &= f \langle \langle M \rangle \rangle P \dots \langle \langle M \rangle \rangle P \\ &= f \cdot E \cdot P \dots \cdot E \cdot P \\ &= fP \dots P \end{aligned} \quad (19)$$

となり、 $M$  を適用しない場合と同じである。 $fP \dots P$  はボルツマン分布に従っているため、選択も含めた世代交代  $fMP \dots MP$  の平均もまたボルツマン分布に従う。よって最適解到達の保証は崩れない。

## 2.5 選択による交叉への影響

選択を適用した場合、各世代で状態数が絞られる。そして生き残った状態に対し突然変異と交叉が実行される。突然変異は状態自身だけに依るため問題ないが、交叉は相手の状態が必要である。各世代で選択により状態が絞られた場合は交叉相手も絞られる。全状態を平等に相手にした場合とは違い、選択により生き残っている状態だけを交叉相手にするためランダム性が保たれなくなると考えられる。同様に 6 ビット Tight 問題に対して、交叉を交互に行った場合、10 世代置きに行った場合で実験してみる。サンプル数 500 で平均をとった。結果は図 2 のようになる。交叉を交互に行った場合、その世代において収束が乱れているのがわかる。突然変異で下がるものの再び交叉で乱れるため結果として一定以上は誤差が減ることがない。10 世代置きにして交叉の影響を減らすと乱れは少なくなる。一般的な通常の GA でもそうであるように、従来型では交叉相手を選ぶ際に相手を適合度に比例して選ぶルーレット選択を使っていた。状態遷移で表現された遺伝的アルゴリズムに適用すれば、交叉相手を相手の存在確率で選ぶことになる。交叉相手を  $k$  とすれば、状態生成確率  $P_g$  は、

$$P_g = f_k \dot{P}_{select} \quad (20)$$

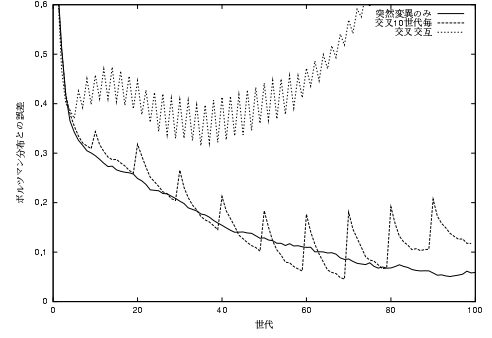


図 3: ボルツマン分布への収束。ルーレット選択交叉を適用して、交叉を交互にした場合、10 世代置きにした場合。縦軸は存在確率、横軸は状態を示している。実線がボルツマン分布、破線が交叉 10 世代毎、点線が交互に交叉の場合。

と表せる。 $P_{select}$  はその世代の状態群が出現する(残されている)確率である。このルーレット選択交叉を適用した世代交代について実際にボルツマン分布への収束を調べてみる。ルーレット選択交叉  $P_{c'}$  を適用した世代交代、

$$f^{(N)} = f^{(0)} MP_{c'} MP_m \dots MP_m MP_{c'} MP_m \quad (21)$$

を計算する。

計算結果はボルツマン分布へ収束しない(図 3)。ルーレット選択交叉を 10 世代置きにすると全体的に下がりはするがやはり交叉の時点で収束は乱れてしまう。ボルツマン分布へ収束することを最適解到達の根拠としているため、従来型に見られるこの問題を解決することが必要と考える。

## 3 解決策

選択を含めた場合の交叉やさらにルーレット選択した場合について収束が妨げられる原因は、状態生成にランダム性が失われるためであった。よってその状態生成確率を操作すればよい。そこでまず、状態生成確率を意図的に偏らせた簡単な遺伝的操作を考えてみる。図 5 のような各遺伝子座で変異する確率が異なる突然変異を設定する。最右の遺伝子座は変異しやすく、他の遺伝子座は変異しにくい。つまり生成される子は 001 に集中する。この突然変異を状態遷移確率で示せば、

$$P_{000,j} = P_{g(000,j)} \cdot P_{000 \rightarrow j} \begin{cases} P_{g(000,100)} = 1/10 \\ P_{g(000,010)} = 1/10 \\ P_{g(000,001)} = 8/10 \end{cases} \quad (22)$$

となる。これを通常のランダムに変異する遺伝子座が決まる  $P_{s_j}$  が 1/3 の場合に補正できれば良いので、

$$P_{000,j} = P_{g(000,j)} \cdot P_{000 \rightarrow j} \cdot \frac{1}{P_{s_j} \cdot 3} \quad (23)$$

遺伝子座	0	1	2	3	4	5
変異率 (%)	20.5	12.0	0.5	41.0	10.0	16.0

とする。これにより 001 への集中が防げると考えられる。実際に偏った突然変異に対して同様の補正を行った実験を行った。6bit で突然変異確率を以下のように設定した。結果 (図略) は偏った突然変異を補正した分布が一様に突然変異させた分布にほぼ一致している。この補正を行うためには個体が生成される確率が明らかでなくてはならない。個体生成確率が明確な別のオペレータを採用することを考える。

### 3.1 分布推定アルゴリズム

最適解探索に解の確率モデルを利用するアルゴリズムがある。交叉のように遺伝子を組み換えるのではなく、優良解から推定された分布を確率モデルに利用することで解を探索する。まず集団から個体を選択し、そこから確率モデルを推定する。推定されたモデルに従って新たな個体を生成する。このアルゴリズムでは個体の生成確率が明らかであり、それにより前述の補正が可能となると考えられる。モデルの構築について今回は個体集団の周辺分布を用いた UMDA(Univariate Marginal Distribution Algorithm) と BMDA(Bivariate Marginal Distribution Algorithm)[9] を取り上げる。

#### 3.1.1 UMDA のモデル構築

UMDA は各遺伝子座における周辺分布を求めそれを基にモデルを作る。遺伝子座  $i$  における遺伝子  $x_i$  の出現確率  $p_i(x)$  を選択された個体群の各遺伝子座について求める。図 7 のようにある集団から 5 つの個体を選んだとすると、遺伝子座 0 における 1 の出現確率  $p_0(1)$  は  $4/5$  と計算される。逆に 0 の出現確率  $p_0(0)$  は  $1/5$  である。各遺伝子座について計算すると、個体  $x$  が生成される確率は、

$$p(x) = \prod_i p_i(x_i) \quad (24)$$

となる。単純に各遺伝子座における 0, 1 の出現確率を求めるだけのため遺伝子間の相互作用は考慮されない。

#### 3.1.2 BMDA のモデル構築

実際の問題において遺伝子間 (変数間) が独立な場合はほとんどない。BMDA では 2 つの遺伝子間の相互作用を考慮したモデルの構築をする。遺伝子座  $i$  における  $p_i$  に加え、2 箇所の遺伝子座  $i, j$  における周辺分布から出現確率  $p_{i,j}$  を求める。それらの出現確率から全ての組合せの 2 箇所の遺伝子座の依存関係を調べる。その依存関係と、 $p_i, p_{i,j}$  を使い確率モデルを構築する。個体  $x$  が生成される確率は、

$$P(x) = \prod_{r \in R} P_r(x_r) \prod_{i \in V-R} p_{i,e(i)}(x_i | x_{e(i)}) \quad (25)$$

となる。 $R$  は代表する遺伝子座の集合、 $V-R$  は代表に相互作用している点の集合を表し、 $e(i)$  は  $i$  に相互作用している遺伝子座を表す。

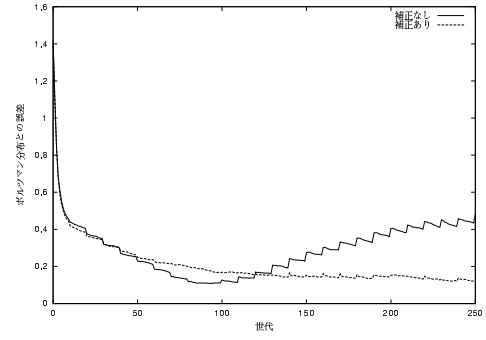


図 4: UMDA 使用のボルツマン分布への収束。縦軸はボルツマン分布との誤差、横軸は世代を示している。破線の方が補正した場合の結果である。

### 3.2 分布推定の適用と補正

上記で示した確率モデルによる状態生成 (以下、分布推定法) を交叉オペレータの代わりに適用する。分布推定法による状態生成確率を  $P_g$  としそれによって生成した個体  $j$  を集団に存在する個体  $i$  から  $P_{i \rightarrow j}$  で遷移させる。状態遷移確率  $P_{i,j}$  を、

$$P_{i,j} = P_g \cdot P_{i \rightarrow j} \quad (26)$$

とし、次に図 5 の例と同じように補正を行う。状態生成を完全にランダムに行った場合に補正するので、個体を  $l$  bit とすると補正は、

$$P_{i,j} = P_g \cdot P_{i \rightarrow j} \cdot \frac{1}{P_g \cdot 2^l} \quad (27)$$

となる。確率モデルによる状態遷移確率を  $P_e$  とすると、

$$f^{(N)} = f^{(0)} MP_e MP_m \cdots MP_m MP_e MP_m \quad (28)$$

と世代交代が表せる。10 世代毎に分布推定法を使用した世代交代について補正しない場合と補正した場合を比較する。実験には分布推定法が得意とするスキーマが離れた問題である quadratic 関数 (loose 問題) を適合度関数とした問題を使用した。quadratic 関数は、

$$f_{quadratic}(x) = \sum_{i=0}^{l/2} f(x_i, x_{i+l/2}) \quad (29)$$

$$f(u, v) = 0.9 - 0.9(u + v) + 1.9x_{uv} \quad (30)$$

で定義される 2 箇所の遺伝子座の相互作用を伴う関数である。サイズは 6bit とし、2 箇所は 3bit 分離された遺伝子座同士とする。例えば遺伝子座 0 と 3, 1 と 4, 2 と 5 というペアで quadratic 関数から値を求める。最適解は全てが 1 の場合である。UMDA を使用した場合と BMDA を使用した場合について、250 世代実行しサンプル数 500 で平均し、各世代でのボルツマン分布との誤差を計測した。各親に対して生成する子は 1 個、10 個の場合を計測した。

図 4 は分布推定に UMDA を使用した結果である。補正なしの場合はある程度まで誤差が減っていくがその後はボルツマン分布から離れていく。補正した場合は大きくボルツマン分布から離れることはない。生成する子が多い方が誤差が少なくなっている。図 5 は BMDA を使用した結果である。同様

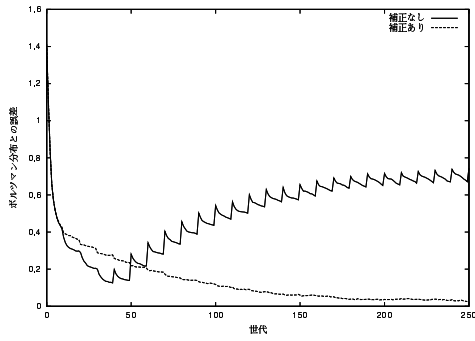


図 5: BMDA 使用のボルツマン分布への収束. 縦軸はボルツマン分布との誤差, 横軸は世代を示している. 破線の方が補正した場合の結果である.

に補正ありとなしでは補正ありの方がボルツマン分布に近づき収束を妨げることはない. このように生成する状態は分布推定法による優良なものが得られ, かつ状態遷移確率をランダムに生成したように操作しボルツマン分布へ収束させることができる.

### 3.3 分布推定を交叉に応用

分布推定を交叉に応用して, 交叉でも同じように補正が可能であるかを考える. 交叉において問題となったのは, 選択によりその世代に存在する状態群が絞られているために交叉相手がランダムにならない点である. その世代の状態群が全状態に対してどのような確率で残っているのかがわかれば, 分布推定法の場合と同様に補正ができると考えられる. つまり,

$$P_g = f_k \cdot P_{select} \quad (31)$$

のうち, その問題の確率  $P_{select}$  が求まれば良い. その世代の状態群は, それ以前の状態遷移と選択の繰り返しに影響しあって決まるので明確にその確率を求めるのは困難である. そこで, その確率を, 分布推定により求めることを考える. 分布推定により, その状態群がどのような確率でその世代に残ったのかが推定できると考えられる. 分布推定にて,  $P_{select}$  を求め, ルーレット選択交叉による生成確率  $P_g$  を,

$$P_g = f_k \cdot P_{select} \cdot \left( \frac{1}{f_k \cdot P_{select}} \cdot \frac{1}{2^l} \right) \quad (32)$$

と補正可能と考えられる.

同様に補正した場合としない場合でボルツマン分布への収束がどうなるか比較する. 集団の分布推定には UMDA を用いた. 結果は図 6. 分布推定法の補正と同様に, 補正なしではある程度まで下がり, その後は誤差が広がっていく. ある状態へ分布が集中していると考えられる. 補正を行うと収束が妨げられることなく下がっていく. ルーレット選択交叉において状態を生成しつつも, 状態遷移確率を補正することでボルツマン分布へ収束させることができる.

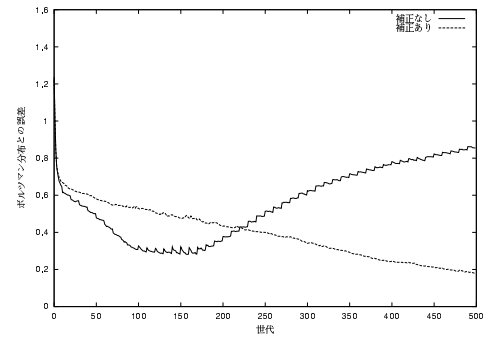


図 6: 交叉使用のボルツマン分布への収束. 縦軸はボルツマン分布との誤差, 横軸は世代を示している. 破線の方が補正した場合の結果である.

## 4 実験及び結果

以上のように提案した手法について大きなサイズの問題について実験を行う. 分布推定法については BMDA の分布推定法を用いたものを loose 問題に対して, 交叉については UMDA の分布推定を使い Tight 問題に対して, それぞれ実験した. 試行回数 10 回で最適解が得られるまでの評価回数を測定した. 各世代の状態数をおよそ 100 ( $\epsilon = 0.01$ ), 世代回数は 10000 回 (評価回数に単純換算して  $10^6$ ) までとした. 温度パラメータは 3 とした. 突然変異は 2bit 突然変異を用いた.

### 4.1 分布推定法の実験

24bit と 48bit 問題に対して行った. 数学的保証のある手法同士, 『分布推定法+補正』と『突然変異のみ』では, 24bit, 48bit, いずれについても『分布推定法+補正』の方が結果が良い. 分布推定法を含めた結果, 探索能力が上がっていることを示す. 補正ありとなしでは, なしの方が最適解獲得までの評価回数は少ない. しかし獲得回数は 8 回に留まっている. 図 7 で示されるように状態数が急激に減り, 多様性を失うことで局所解に落ちてしまい易いためと考えられる. また, 補正なしでは最良値が伸びていることから優良解がきちんと継承されているが, 補正ありでは優良解が淘汰され易く継承されづらい (図 8).

表 2: 24bit

	分布推定法+補正	突然変異のみ
評価回数平均	14148	53098
最適解獲得回数	10	10

表 3: 48bit

	分布推定法+補正	突然変異のみ	分布推定法
評価回数平均	316504.9	-	7816.75
最適解獲得回数	10	0	8

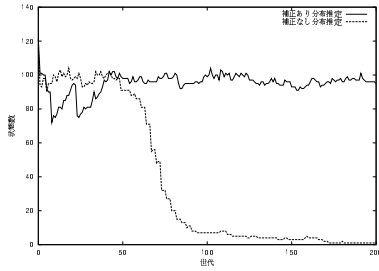


図 7: 状態数の推移の一例。縦軸は状態数，横軸は世代を示している。

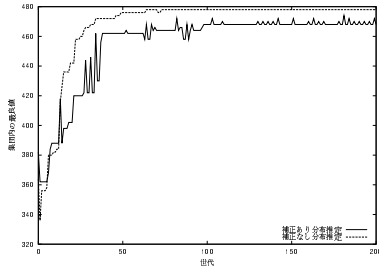


図 8: 世代毎の最良値の推移の一例。縦軸は適合度，横軸は世代を示している。

## 4.2 交叉の実験

24bit と 36bit 問題に対して行った。分布推定法の実験の場合と同様に、数学的保証のある手法同士、『交叉+補正』と『突然変異のみ』では、24bit, 36bit, いずれについても『交叉+補正』の方が結果は良い。補正ありとなしでは、なしの方が最適解獲得までの評価回数少ない。図9で示されるように、分布推定法ほどではないが状態数が減ることは確かである。また、同様に補正ありと補正なしの性能の違いは図10で示されるように、優良解の継承にあると考えられる。

表 4: 24bit

	交叉+補正	突然変異のみ
評価回数平均	67274	174668.3
最適解獲得回数	10	10

表 5: 36bit

	交叉+補正	突然変異のみ	交叉
評価回数平均	417991.5	827217.5	39432.2
最適解獲得回数	10	4	10

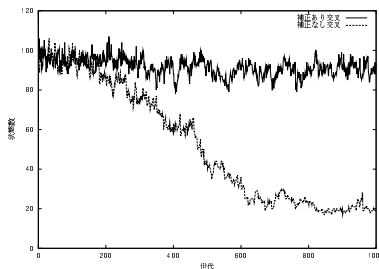


図 9: 状態数の推移の一例。縦軸は状態数，横軸は世代を示している。

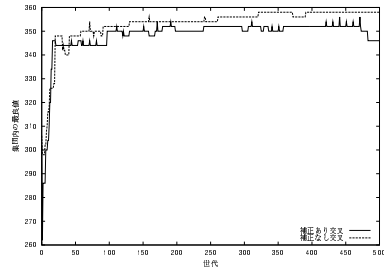


図 10: 世代毎の最良値の推移の一例。縦軸は適合度，横軸は世代を示している。

## 5 考察

補正により、分布推定法と交叉を適用してもボルツマン分布への収束を妨げることなく世代交代が成されるようになる。しかし、補正による状態遷移確率の操作で存在確率が低くなった場合に選択で淘汰され易くなる。従来型は優良解がきちんと継承され高適合度な状態に向かう力が強いが、多様性を失い易く局所解に落ち易い。逆に今回提案した補正手法を使うと、優良解継承の力は弱まるが、多様性の維持には優れている。

## 参考文献

- [1] メラニー・ミッチェル, 遺伝的アルゴリズムの方法, 東京電機大学出版局, 東京, 1997.
- [2] S. W. Mahfoud and D. E. Goldberg, "A genetic algorithm for parallel simulated annealing," Parallel Problem Solving from Nature, 2, R. Männer and B. Manderick, pp.301-310, Elsevier Science Publishers B.V, 1992.
- [3] T. Munehisa and Y. Munehisa, "A New Approach to Stochastic State Selection in Quantum Spin Systems," pp.2759-2760, Journal of the Physical Society of Japan Vol.72 No.11 November, 2003.
- [4] 平早哲明, 澤谷智, 宗久保子, 宗久知男, 遺伝的アルゴリズムにおける新しい選択法 -理論-, pp.45-50, 電子情報通信学会技術研究報告, June, 2004.
- [5] 澤谷智, 平早哲明, 宗久保子, 宗久知男, 遺伝的アルゴリズムにおける新選択法 (2) - De Jong の標準関数による実験 -, pp.51-56, 電子情報通信学会技術研究報告, June, 2004.
- [6] 澤谷智, 数学的保証をもった遺伝的アルゴリズムの構築と応用, 山梨大学修士論文, 2005.
- [7] 西田俊夫, 応用確率論, pp.61-128, 培風館, 東京, 1973.
- [8] 倉橋節也, 勝又勇治, 寺田隆雄, ベイジアン最適化手法と分布推定アルゴリズムの動向, 人工知能学会誌, vol.18, No.5, 2003.
- [9] M. Pelikan and H. Muehlenbein, The Bivariate Marginal Distribution Algorithm, 1999.