

科学研究費助成事業（科学研究費補助金）研究成果報告書

平成24年5月25日現在

機関番号：17601

研究種目：基盤研究（C）

研究期間：2009～2011

課題番号：21500219

研究課題名（和文）マルコフ過程理論を用いた遺伝的アルゴリズムの計算効率予測法の開発

研究課題名（英文）Development of the method for estimating calculation efficiency of Genetic Algorithms by means of Markov process theory

研究代表者

古谷 博史（FURUTANI HIROSHI）

宮崎大学・工学部・教授

研究者番号：80145151

研究成果の概要（和文）：近年、遺伝的アルゴリズム（GA）の有効性は広く認知されるようになったが、その計算過程の理論的研究は、いまだ不十分なままである。本研究では、マルコフ過程理論を用いてGAの働きを数学的に解析した。そのため、GAをスキーマ解析とよばれる部分問題に分解し、計算が収束する時間や最適な解が得られる確率を予測する手法を開発した。またこの方法を用いて、突然変異率や集団中の個体数などの計算パラメータとこれらの量との関係について理論的に調べた。

研究成果の概要（英文）：Recently, it is widely recognized the efficiency of Genetic Algorithms (GAs). However, the theoretical investigation of GA calculation process is still far from satisfactory level. In this study, we carried out mathematical analysis of GA calculation by using Markov process theory. To this end, we divided the GA into sub-problems called schema analysis, and developed methods to estimate the convergence time of GA calculation and probability of obtaining desired solution. We also studied the relations between these quantities and GA parameters such as mutation rate and population size.

交付決定額

（金額単位：円）

	直接経費	間接経費	合計
2009年度	1,400,000	420,000	1,820,000
2010年度	800,000	240,000	1,040,000
2011年度	900,000	270,000	1,170,000
年度			
年度			
総計	3,100,000	930,000	4,030,000

研究分野：総合領域

科研費の分科・細目：情報学、感性情報学・ソフトコンピューティング

キーワード：①進化計算、②マルコフ過程、③計算効率

1. 研究開始当初の背景

遺伝的アルゴリズム(以下 GA と略す)は、自然界の適応過程を説明し、生物の進化のメカニズムを模倣する人工モデルとして提唱された。GA の分野では、応用面の急速な発展が見られたのに対し、理論的な研究の進展

が遅れていた。GA に対する理論的研究は、集団サイズ（候補となる解の個数） N を無限大と仮定した決定論的アプローチが中心であった。しかし近年、個体数 N の有限性に伴う確率的揺らぎの効果が、GA の計算効率に

大きな影響をもたらすことが次第に明らかになった。有限集団の進化を数学的に解析するためには、確率論的枠組みを必要とし、その代表的なものにマルコフ過程理論と拡散理論がある。集団遺伝学では、Wright と Fisher により提案されたマルコフ連鎖理論が用いられ、Wright-Fisher モデルと呼ばれている。しかし、このモデルでは、進化における重要な諸量間の明示的な関係を導くことが困難な場合が多い。そのため、進化過程の拡散方程式が開発され、進化過程を解析的に表現することが可能となった。拡散方程式による解析は、木村資生ら日本人の寄与の大きい分野である。本研究ではこれらの枠組みを GA に適用し、研究を行った。

2. 研究の目的

現実の問題に GA を適用する際、集団サイズの影響が重要であるが、そのための指針を得るためには、有限な個体数のもとでの GA 進化を解析できる確率論的枠組みの構築が必要である。また、交叉率や突然変異率などの計算パラメータは、個体数 N と複雑な関係で計算に影響し合う。本研究では、個体数の有限性をもたらす遺伝的揺動が GA に及ぼす影響について、いくつかの適応度関数を用いて研究した。計算効率の指標として、集団分布が収束するまでの時間（収束時間）、マルコフ過程の定常状態において集団中に最適解が存在する確率（成功確率）に着目した解析手法の開発を行った。

3. 研究の方法

GA にマルコフ連鎖理論を適用した例として、Nix-Vose による研究がある。しかし、彼らの理論はビット長や個体数が増加するとともに、確率遷移行列の次元数が指数関数的に増加し、その取扱が非常に難しくなる。そのため本研究では、GA の進化を 1 次スキーマと呼ばれる部分問題に分割し、スキーマの進化に対してマルコフ過程理論を適用した。そのため、確率遷移行列の次元数は取扱可能な大きさにする。また、その関数形も比較的単純で数学的な解析が比較的容易になった。本研究では、古谷らが提案した成功確率の計算法と、Hunter により提案されたマルコフ過程の収束時間（混合時間）の計算式を用い、最適な解が集団中にはじめて出現する時間の平均値 T について理論的、実験的に研究した。

4. 研究成果

(1) 積型適応度関数（各ビットに関して線形の適応度）を研究対象とし、集団の個体数 N が遺伝的アルゴリズム（GA）の計算効率に与える影響を研究した。遺伝的操作として選択・交叉・突然変異の 3 種類について、GA に

おける各々の役割とそれらの N 依存性について調べた。注目する量としては、平均適応度や最適解の頻度の時間変化、計算が収束した状態でのそれらの値などがある。しかし、確率論的理論においてこれらの量を直接扱うことは非常に難しい。そのため、まず 1 次のスキーマ頻度（各ビットが 0 または 1 の値を取る割合）の N 依存性を研究した。そうして得られた結果を一般の L ビットの個体に拡張していく。この研究の最大の成果は、計算が定常分布に収束した状態において、集団中に最適解が存在する確率を求めるアルゴリズムを開発したことである。この方法では、1 次スキーマの確率分布をマルコフ過程理論を用いて求めた後、集団全体の遺伝子の確率分布を計算することができる。このアルゴリズムにおいてもマルコフ過程理論を一部用いた。通常、固体のビット長が増えると最適解の存在確率は急速に減少することが予想される。しかし、突然変異率を調整すれば、減少の程度は穏やかになり、線形に近い減少率を得ることができることを示した。

(2) GA をモデル化したマルコフ過程が定常分布に収束する時間（世代数）を予測するアルゴリズムを開発した。マルコフ過程理論において J. J. Hunter は、基本行列とよばれる行列を用いて、定常分布に収束する数式を提案した。我々はその数式を GA のマルコフモデルに応用し、収束時間を計算し、数値実験とよい一致が得られることを示した。

(3) 遺伝的アルゴリズム（GA）は、突然変異を導入するとエルゴード的マルコフ連鎖モデルにより記述できることが知られている。このことを利用し、最適解が出現する世代数の平均（平均計算時間） T について研究を行った。そのため次の 3 つの量に着目して進化の解析を行った。

- ① 成功確率 (S) 集団中に最適解が存在する確率
 - ② 最適解生存時間 (a) 集団が最適解を連続して保持し続ける時間（世代数）
 - ③ 混合時間 (T_m : Mixing Time) 集団の分布が定常分布に収束する時間（世代数）
- 積型適応度関数を用いた研究では、平均計算時間 T は $a/S < T < T_m + a/S$ と上限 $T_m + a/S$ と下限 a/S の範囲にあることが明らかになった。従って、平均計算時間 T を短くするためには、 S を大きくし、 a を小さくし、 T_m を小さくすればよいことがわかる。積型適応度関数の GA について、最適解を得るまでの平均計算時間 T の上限と下限を求め、数値実験でも T がこの範囲に収まることを確認した。さらに他の適応度関数についてこれらの量の関係について解析を行った。混合時間 T_m はエルゴード的マルコフ連鎖が定常分布

に収束するまでの時間である。積型適応度関数では、Hunter が提案した混合時間 T_m の計算法を用いて解析的に求めることができ、平均適応度の収束時間とよく一致することを示した。

(4) 遺伝的アルゴリズム (GA) を OneMax Problem とよばれる GA においてこれまでよく研究されてきた問題に適用したときの収束時間の予測法などについて研究した。この研究の中で、GA において交叉が十分に働いた場合、OneMax Problem が非対称突然変異モデルと等価になることを示した。非対称突然変異とは、遺伝子 A が遺伝子 B に突然変異するときの突然変異率 P_1 と遺伝子 B が遺伝子 A に突然変異するときの突然変異率 P_2 が異なる生物の進化モデルである。非対称突然変異モデルについては、集団遺伝学において広汎な数理的研究の蓄積があり、様々な理論的解析が存在する。そこで、本研究ではこれらの結果を OneMax Problem に応用し、GA の進化過程に関する多くの数理的予測を得ることができた。特に、集団が定常解に収束する時間を予測する方法の開発に成功した。また、収束時間の突然変異率や集団の個体数への依存性について解析的表現を得た。

(5) GA では、解を表現する 2 進ビット列のビット長が長くなるに従い、解空間の要素数が急激に増加していく。そのため、本研究ではスキーマとよばれる部分解に着目し、その振る舞いを調べた。その結果、OneMax と非対称突然変異は同じスキーマ進化方程式に従うことが分かった。次にスキーマ進化方程式をマルコフ連鎖モデルにより確率論的進化方程式に変換した。得られたマルコフ連鎖の遷移行列についてはその固有値の解析的表現を導くことができた。マルコフ連鎖の最大固有値は 1 であるが、2 番目に大きい固有値が進化の速度を決定する。その解析的表現から進化速度のパラメータ依存性を知ることができる。こうして得られた理論的結果を数値実験の結果と比較し、両者がよく一致することが分かった。また、こうした固有値を利用した方法以外にもマルコフ連鎖理論を応用した他の収束時間予測法の開発も行った。

5. 主な発表論文等

(研究代表者、研究分担者及び連携研究者には下線)

[雑誌論文] (計 10 件)

- ① 古谷博史、遺伝的アルゴリズムにおける最適解出現分布のマルコフ連鎖による研究、情報処理学会論文誌：数理モデル化

と応用、査読有、Vol.2、2009、54-63.

- ② Y. Zhang, M. Sakamoto, H. Furutani、Effects of string length and mutation rate on success probability of Genetic Algorithm、Proceedings of Fifth International Conference on Natural Computation、査読有、Vol.4、2009、211-216.
- ③ Y. Zhang, M. Sakamoto, H. Furutani、Effect of mutation to the distribution of optimum solution in Genetic Algorithm、Proceedings of Int. Workshop on Natural Computing、査読有、Vol.2、2009、380-387.
- ④ Y. Zhang, Q. Ma, M. Sakamoto, H. Furutani、Effects of population size on the performance of genetic algorithms and role of crossover、International Journal of Artificial Life and Robotics、査読有、Vol.15、2010、239-243.
- ⑤ Q. Ma, Y. Zhang, M. Sakamoto, H. Furutani、Estimation of average hitting time in Genetic Algorithms by Markov chain、The Fifteenth International Symposium on Artificial Life and Robotics、査読有、2010、1-5.
- ⑥ Q. Ma, Y. Zhang, M. Sakamoto, H. Furutani、Analysis of fixation and extinction of schema in Genetic Algorithm、Proceedings of International Congress on Computer Applications and Computational Science、査読有、2010、1-6.
- ⑦ Q. Ma, Y. Zhang, M. Sakamoto, H. Furutani、Study of computational performance of genetic algorithm for 3-satisfiability problem、The Sixteenth International Symposium on Artificial Life and Robotics、査読有、2010、1-5.
- ⑧ 張玉安、馬青蓮、坂本真人、古谷博史、遺伝的アルゴリズムにおける最適解がはじめて出現する世代数の実験的解析、情報処理

学会誌：数理モデル化と応用、
査読有、Vol.4、2011、82-86.

- ⑨ Q. Ma, Y. Zhang, K. Yamamori,
M. Sakamoto, H. Furutani,
Markov chain analysis of Ge-
netic Algorithms for 3-SAT
problem, Proceedings of 7th
International Conference on
Natural Computation、査読有、
2011, 1127-1131.
- ⑩ Q. Ma, Y. Zhang, K. Yamamori
M. Sakamoto and H. Furutani,
Stochastic analysis of One-
Max problem by using Markov
chain, Proceedings of the
17th Int. Symposium on
Artificial Life and
Robotics、査読有、2012,
141-145.

〔学会発表〕（計3件）

- ① 張玉安、馬青蓮、坂本真人、古谷博史、
遺伝的アルゴリズムにおける最適解出現
世代数のマルコフ連鎖による予測、
情報処理学会MPS研究会、2009年12
月17日、東京都.
- ② 古賀仁信、馬青蓮、坂本真人、古谷博史、
OneMax問題と非対称突然変異の関係につ
いて、情報処理学会MPS研究会、2011
年9月16日、室蘭市.
- ③ 古賀仁信、坂本真人、古谷博史、OneMax
問題における収束予測時間の検討、情報
処理学会MPS研究会、2012年3月2日、
指宿市.

6. 研究組織

(1) 研究代表者

古谷 博史 (FURUTANI HIROSHI)

宮崎大学・工学部・教授

研究者番号：80145151

(2) 研究分担者

()

研究者番号：

(3) 連携研究者

()

研究者番号：