

TR - A - 0164

温度差つき遺伝的アルゴリズム

高畠 一哉

1993. 3.12

ATR 視聴覚機構研究所

〒619-02 京都府相楽郡精華町光台 2-2 ☎07749-5-1411

**ATR Auditory and Visual Perception Research Laboratories**

2-2, Hikaridai, Seika-cho, Soraku-gun, Kyoto 619-02 Japan

Telephone: +81-7749-5-1411

Facsimile: +81-7749-5-1408

# 温度差つき遺伝的アルゴリズム

高島 一哉

(株) ATR視聴覚機構研究所

〒619-02 京都府相楽郡精華町光台2-2

あらまし 遺伝的アルゴリズムにシミュレーテッドアニーリングの手法を取り入れた“温度差つき遺伝的アルゴリズム”を提案する。本手法では各個体の状態の分布がギブス分布に収束することが保証されており従来の遺伝的アルゴリズムに比べマルコフ連鎖として理論的な解析がやり易い。また各個体に異なる“温度”を与えることにより得られる評価値の良さと局所最適解からの抜け出し易さという相反する要求を満たすことが可能である。数値実験として巡回セールスマン問題を解かせてみた結果を示す。

和文キーワード 遺伝的アルゴリズム, シミュレーテッドアニーリング, マルコフ連鎖, 収束

## Genetic algorithm with differential temperature

Kazuya Takabatake

ATR Auditory and Visual Perception Research Laboratories

2-2 Hikaridai Seika-cho Soraku-gun Kyoto 619-02 Japan

Abstract "Genetic algorithm with differential temperature (GADT)" is a hybrid of genetic algorithm and simulated annealing. In GADT, it is guaranteed that the probability distribution of each individual's state converges to Gibbs distribution. Comparing with conventional genetic algorithms, GADT is easy to be analyzed as Markov chains. GADT can satisfy contradictional requirements "To get good value" and "To escape from local optimum easily" by giving different temperature to each individual. For numerical experiments, GADT was used to solve a travelling-salesman problem and results are shown.

英文 key words genetic algorithm, simulated annealing, Markov chains, convergence

# 1. はじめに

いま例えばゲートアレイIC内でゲート間の総配線長のなるべく小さいゲート配置をしたいという要求があったとする。この場合可能な配置の数はゲート数の増加により指数関数的に増加するためゲート数のごく僅かな場合を除いては可能な配置の全てについて配線長を評価するしらみつぶし探索を行うことは困難である。遺伝的アルゴリズムやシミュレーテッドアニーリングでは確率的な探索を用いることにより実用的な解を実用的な時間内で求める方法である。

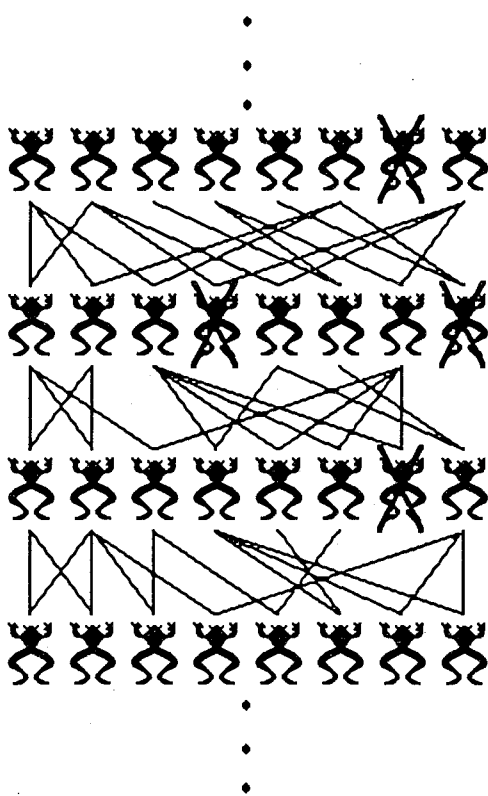


図1 遺伝的アルゴリズム

遺伝的アルゴリズム<sup>[2][5]</sup>は生物の進化を模倣することにより良い評価値を得ようとする確率的な最適値探索法である。上記のゲートアレイの配置問題を例に考えるとまず配置は何らかの符号化によって記号列として表される。各個体はこの記号列（遺伝子）を1つずつ持つ。つまり各個体は配置案を1つずつ持つわけである。世代の変わり目では親の遺伝子から何らかの操作（突然変異、交差など）により子供の遺伝子が作られる。ここで評価値（ゲートアレイ配置問題の場合は例えば総配線長）の良い個体は評

価値の低い個体よりも確率的に多くの子供を次世代に残す。世代が進むと評価値の悪い個体は淘汰されてゆき最終的にはすべての個体が良い評価値を持つようになるであろうというのが遺伝的アルゴリズムの原理である。

遺伝的アルゴリズムは上記のような一見簡単な原理に基づいているがその収束などの理論的解析は困難であり現在のところ非常に単純な場合（個体数が $\infty$ で無性生殖の場合等）の解析結果しか知られていない。

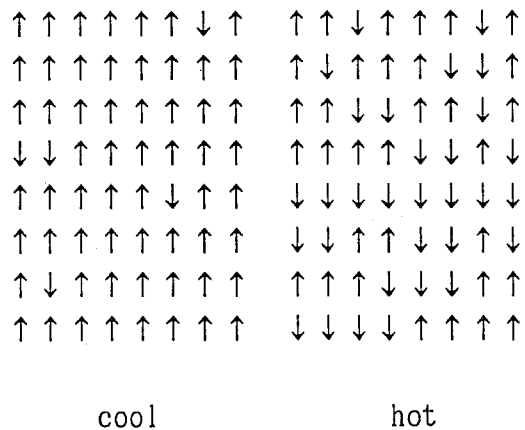


図2 シミュレーテッドアニーリング

一方確率的な最適値探索法として知られているもう1つの方法にシミュレーテッドアニーリング<sup>[1][3]</sup>がある。これは熱統計力学現象の模倣である。磁性体のイジングモデルにおいて各スピンを反転させながら系のエネルギーの小さい状態を見つけるのと同様の原理に基づいている。

シミュレーテッドアニーリングは端的に言えばギブス分布に対して詳細釣り合い条件<sup>[3]</sup>を満たすマルコフ連鎖である。先のゲートアレイ配置問題では配置案 $x$ の総配線長を $E(x)$ とするとギブス分布

$$\pi_x = \frac{e^{-E(x)/T}}{\sum_{x \in S} e^{-E(x)/T}} \quad (1)$$

に対して詳細釣り合い条件

$$\pi_x \Pr(X'=y|X=x) = \pi_y \Pr(X'=x|X=y) \quad (2)$$

( $X, X'$ は現状態, 推移後の状態を表す確率変数) を満たす状態推移を用意しこの状態推移を繰り返し行えばある条件下で系の状態の分布はギブス分布に収束する。温度パラメータ $T$ が小さいギブス分布は $E$ が小さいところで高い値を示す

ので状態推移を繰り返しおこなった後の状態は高い確率で小さいEを持つこととなる。これがシミュレーテッドアニーリングの原理である。

シミュレーテッドアニーリングのギブス分布への収束という性質を遺伝的アルゴリズムに取り入れることにより理論的な解析のし易い方法ができないだろうかというのが本研究の1つの動機である。

本研究では上記の動機より“温度差つき遺伝的アルゴリズム(GADT)”<sup>[4][5]</sup>を提案する。さらに数値実験として巡回セールスマン問題を解かせてみた結果を示す。

## 2. 温度差つき遺伝的アルゴリズム(GADT)

GADTでは個体数は一定である。個体は生まれたり死んだりするというより最初から最後まで存在し、持っている状態が推移してゆくものとする。n個の個体 $i \in I := \{0, \dots, n-1\}$ がそれぞれ状態 $s \in S$ をとるものとする。従って系全体の状態空間は $S^n$ である。 $S^n$ 上の確率変数 $X$ を考えその分布を以下のような $1 \times |S^n|$ ベクトルの形で表す。

$$\pi = (\pi_x) \quad (x \in S^n, \pi_x = \Pr(X=x)) \quad (3)$$

$S^n$ 上の状態推移 $G$ は以下の $|S^n| \times |S^n|$ 推移行列で表わす。

$$G = (g_{xy}) \quad (x, y \in S^n, g_{xy} = \Pr(X'=y|X=x)) \quad (4)$$

以下の条件は詳細釣り合い条件<sup>[6]</sup>と呼ばれる。

$$\forall x, y \in S^n \quad [\pi_x g_{xy} = \pi_y g_{yx}] \quad (5)$$

詳細釣り合い条件が成り立つとき分布 $\pi$ は状態推移 $G$ に関して定常分布つまり $\pi G = \pi$ である。GADTではこの詳細釣り合い条件を用いてギブス分布を定常分布とする状態推移を構成する。

最小値探索をしたい関数(エネルギー関数) $E: S \rightarrow \mathbb{R}$ があるとする。 $x = (x_0, \dots, x_{n-1}) \in S^n$ のとき各個体は各々エネルギー $E(x_0), \dots, E(x_{n-1})$ を持っている。系全体のエネルギーを

$$F(x) := \sum_{i \in I} \frac{E(x_i)}{T_1} \quad (6)$$

で定義する。各個体に与えられる $T_1$ は“温度”と呼ばれ個体が行う状態推移のランダムさを示すものである。高温の個体はエネルギーに関係なく状態推移を行い低温の個体はエネルギーの低くなるような状態推移ばかりを行う傾向を持つ。

GADTではシミュレーテッドアニーリングに見

られるような次の2段階の過程(摂動過程, 受理過程と呼ぶことにする)によって行われる。

摂動過程)ある確率(摂動確率)に従い次状態の候補を選ぶ

受理過程)ある確率(受理確率)で候補を次状態として採用する。採用されなかった場合は現状態を維持する。

系の現状態, 候補, 次状態を表す確率変数を $X, Y, X'$ とする。摂動過程では

$$\Pr(Y=y|X=x) = \Pr(Y=x|X=y) \quad (7)$$

を満たすように候補を選ぶ。受理過程では

$$e^{-F(x)} \Pr(X'=y|X=x, Y=y) \\ = e^{-F(y)} \Pr(X'=x|X=y, Y=x) \quad (8)$$

を満たすように次状態が定められる。候補が次状態に採用されなかった場合次状態は現状態のままである。すなわち $x \neq y$ のとき

$$\Pr(X'=y|X=x, Y=y) + \Pr(X'=x|X=x, Y=y) = 1 \quad (9)$$

である。

式(7)(8)が満たされていれば式(4)の $G$ は詳細釣り合い条件を満たし次式のギブス分布 $\pi = (\pi_x)$ を定常分布とする。

$$\pi_x = \frac{e^{-F(x)}}{\sum_{x \in S^n} e^{-F(x)}} \quad (10)$$

系全体の分布が式(10)であるとき各個体をとる状態の分布を考えてみる。個体 $i$ の状態を表す状態変数を $X_i$ と表す。 $X_i (i \in I)$ は互いに独立な確率変数であり

$$\pi_x = \prod_{i \in I} \Pr(X_i=x_i) \quad (11)$$

ただし

$$\Pr(X_i=x_i) = \frac{\exp\left(-\frac{E(x_i)}{T_1}\right)}{\sum_{x_i \in S} \exp\left(-\frac{E(x_i)}{T_1}\right)} \quad (12)$$

となる。つまり系が定常状態にあるとき各個体の状態の分布はその個体の温度のギブス分布である。低温のギブス分布はエネルギーの低い状態で高い確率を持つので系が定常状態にあるとき最低温の個体の状態を解として取り出せば良い。

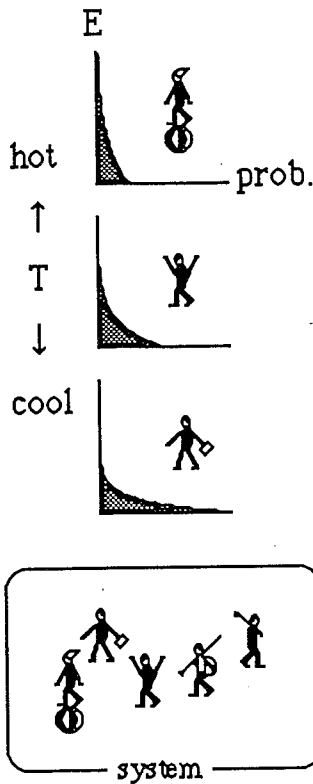


図3 温度差つき遺伝的アルゴリズム

以下に示す突然変異と交差は式(7)(8)を満たすので式(10)のギブス分布を定常分布とする。

### 2.1. 突然変異

突然変異は1個体のみに関与する状態推移である。いま個体*i*の突然変異 $M^i$ を考える。 $M^i$ によって*i*以外の個体の状態は変化しない。個体*i*の現状態, 候補, 次状態を表す確率変数を $X_i, Y_i, X'_i$ とする。式(7)を満たすため候補は

$$\Pr(Y_i=y_i | X_i=x_i) = \Pr(Y_i=x_i | X_i=y_i) \quad (13)$$

を満たすように選ばれる。 $S$ の元が遺伝子のように対立遺伝子の長さ*L*の列 $\in \alpha^L$ で表されるとする。式(13)を満たす候補の選び方はいくらでも考えられる。例えば図4に示す

(A) 乱数で遺伝子座を選ぶ。選ばれた遺伝子座の対立遺伝子を乱数で定める。

(B) 各遺伝子座において乱数によりその遺伝子座の対立遺伝子を定める。

などは式(13)を満たす。

ACTCGAATCT  
↓  
ACTCGAAACT  
(A)

ACTCGAATCT  
↓ ↓ ↓  
AACTCTAATGT  
(B)

図4 突然変異の摂動過程

受理過程では式(8)を満たすように

$$\Pr(X'_i=y_i | Y_i=y_i, X_i=x_i) = \min\{1, \exp\left(\frac{E(x_i) - E(y_i)}{T_i}\right)\} \quad (14)$$

または

$$\Pr(X'_i=y_i | Y_i=y_i, X_i=x_i) = \frac{1}{1 + \exp\left(\frac{E(y_i) - E(x_i)}{T_i}\right)} \quad (15)$$

により候補が採用される。候補が採用されなかった場合は次状態は現状態のままである。

上記の個体*i*の状態推移を系全体に対する状態推移とみて推移行列 $M^i = \{m^i_{xy}\}$  ( $x, y \in S^n$ ) で表すと詳細釣り合い条件が満たされるので $\pi M^i = \pi$ となる。

### 2.2. 交差

交差には2つの個体に関係する。いま個体*i, j*の交差 $C^{ij}$ を考える。 $C^{ij}$ によって*i, j*以外の個体の状態は変化しない。個体*i, j*の現状態, 候補, 次状態を表す確率変数を $X_i, X_j, Y_i, Y_j, X'_i, X'_j$ とする。式(7)を満たすため候補は

$$\Pr(Y_i=y_i, Y_j=y_j | X_i=x_i, X_j=x_j) = \Pr(Y_i=x_i, Y_j=x_j | X_i=y_i, X_j=y_j) \quad (16)$$

を満たすように選ばれる。式(16)を満たす候補の選び方はいくらでも考えられる。例えば図5に示す。

(A) 乱数で遺伝子座を選ぶ。選ばれた遺伝子座で交差を行う。

(B) 各遺伝子座において対立遺伝子の交換

を行うかどうかを乱数で定める。  
 などは式(16)を満たす。

ACTCGAATCT  
 × ×  
 TGACTCGCCA

↓

ACTCTCGCCT  
 TGACGAATCA

(A)

ACTCGAATCT  
 | |  
 TGACTCGCCA

↓

AGTCGAATCT  
 TCACTCACCA

(B)

図5 交差の摂動過程

受理過程では式(8)を満たすように

$$\Pr(X'_i=y_i, X'_j=y_j \mid X_i=x_i, X_j=x_j, Y_i=y_i, Y_j=y_j) = \min\left\{1, \exp\left(-\frac{E(x_i)-E(y_i)}{T_i} - \frac{E(x_j)-E(y_j)}{T_j}\right)\right\} \quad (17)$$

または

$$\Pr(X'_i=y_i, X'_j=y_j \mid X_i=x_i, X_j=x_j, Y_i=y_i, Y_j=y_j) = \frac{1}{1 + \exp\left(\frac{E(y_i)-E(x_i)}{T_i} + \frac{E(y_j)-E(x_j)}{T_j}\right)} \quad (18)$$

により候補が採用される。候補が採用されな

った場合は次状態は現状態のままである。

上記の個体*i, j*の状態推移を系全体に対する状態推移とみて推移行列 $C^{ij} = \{c^{ij}_{xy}\}$  ( $x, y \in S^n$ ) で表すことにすると詳細釣り合い条件が満たされるので $\pi C^{ij} = \pi$ となる。

### 2.3. 収束

GADTでは以上の突然変異と交差を組み合わせる。一般に推移行列 $A_0, \dots, A_{k-1}$ が同一の定常分布*p*を持つときすなわち

$$pA_0 = \dots = pA_{k-1} = p \quad (19)$$

であるとき

$$pA_0A_1 \dots A_{k-1} = p \quad (20)$$

つまりそれらの推移を順次おこなっても*p*を不変とする(図6左)。また

$$p(w_0A_0 + \dots + w_{k-1}A_{k-1}) = p \quad (w_i \geq 0, w_0 + \dots + w_{k-1} = 1) \quad (21)$$

つまりランダムな選択でどの状態推移を行うかを決めてからその状態推移をおこなっても*p*を不変とする(図6右)。突然変異と交差にこれらの組み合わせを用いてギブス分布を変えない状態推移を行う。

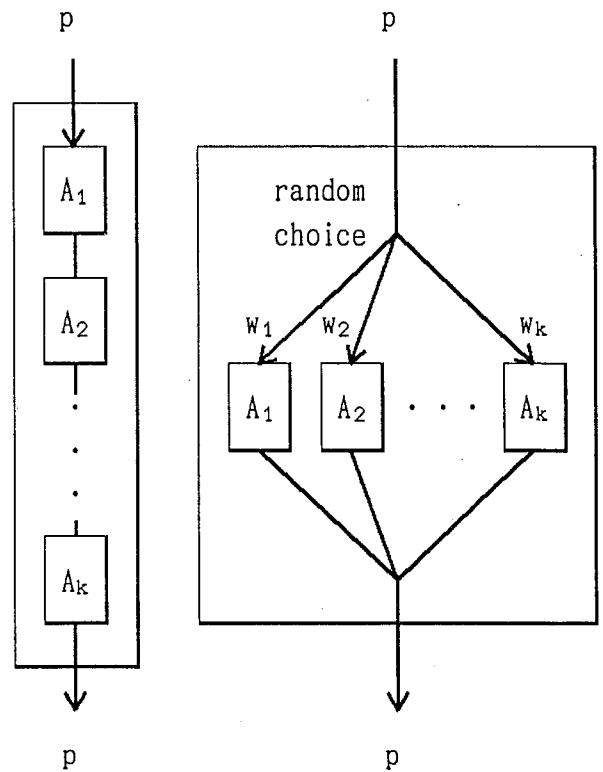


図6 状態推移の組み合わせ

実際にギブス分布に収束する確率過程を構成する最も簡単な方法は式(20)(21)を用いて既約

で非周期な推移行列Gを構成しこの推移Gを繰り返して行く時間的一様なマルコフ連鎖を行う方法である。任意の初期分布pに対し

$$\lim_{t \rightarrow \infty} pG^t = \pi \quad (22)$$

となる。

GADTを逐次計算機で実行する場合には上記の方法で十分である。しかし並列計算機で実行する場合には各個体が独立に突然変異や交差（交差の場合には少なくとも交差する相手とだけ協調して処理を行う必要がある）が行えると都合が良い。以下に示すようにこの場合も収束が保証される。

(定理) ベクトルのノルム ( $L_1$ ノルム) を

$$\|v\| := \sum_{i \in S^n} |v_i| \quad (23)$$

で定義する。分布ベクトル  $\pi = (\pi_x)$  と推移行列  $G = (g_{xy})$  について  $\pi G = \pi$  のとき任意の分布ベクトル p に対し

$$\|(p-\pi)G\| \leq \|p-\pi\| \quad (24)$$

である。等号が成り立つのは

$$\forall y [\forall x [(p_x - \pi_x)g_{xy} \geq 0] \\ \vee \forall x [(p_x - \pi_x)g_{xy} \leq 0]] \quad (25)$$

のときである。■

証明は付録に示す。

$$p_{t+1} = p_t G_t \quad (26)$$

とおく。定理より

$$\|p_{t+1} - \pi\| = \|(p_t - \pi)G_t\| \quad (27)$$

はtに対し非増加となる。いくつかの突然変異と交差の推移行列からなる集合  $\Gamma$  ( $|\Gamma| < \infty$ ) において

$$\exists 1 \pi \forall G \in \Gamma [\pi G_t = \pi] \quad (28)$$

であるとする。  $\Gamma$  の突然変異や交差が独立に起こる系で起こる状態推移を時間順に並べた系列  $G_t$  は定常確率過程となる。  $G_t$  は  $p_t$  を見ながら決められる訳ではないので

$$r_t := \frac{\|(p_t - \pi)G_t\|}{\|p_t - \pi\|} \quad (29)$$

はtによらず一定な確率変数であると考えられ、また式(25)より

$$\Pr(r_t < 1) > 0 \quad (30)$$

であると考えられる。以上より

$$\lim_{t \rightarrow \infty} \|p_t - \pi\| = \|p_0 - \pi\| \prod_{t=0}^{\infty} r_t = 0 \quad (\text{a. s.})$$

$$(\text{a. s. は概収束を示す}) \quad (31)$$

となる。

### 3. 数値実験

GADTを用いて以下の巡回セールスマン問題を解かせてみた。

問題)  $(0,1)^2$  に存在する14個の都市を一巡する最短経路を見つける。

ここでは本方式の性能を評価するのが目的であるため巡回経路の遺伝子への符号化に巧緻なものは用いず単にi番目に訪れる都市の番号  $\alpha \in \{0, \dots, 13\}$  をi番目の遺伝子座の対立遺伝子とした。  $\alpha^{14}$  の元には14都市全部を廻る巡回路を表さないものが多数存在する。

エネルギーEは以下の様に定める。

$$E := (\text{length of tour}) + 2 \sum_{i=0}^{13} |v_i - 1| \quad (32)$$

$v_i$  は巡回路中の都市iの訪問回数である。巡回路が14都市全部を廻るときのみ式(32)右辺第2項(ペナルティ)が0となる。

個体数は10とする。状態推移は図7のように行う。まず2:1の確率で突然変異を行うか交差を行うかを決める。突然変異を行う場合は個体iを無作為に選び2.1に述べた状態推移  $M^1$  を行う。ここでは摂動過程には2.1の(B)の方法を用いた。各遺伝子座について確率0.9で現対立遺伝子を、確率0.1で現対立遺伝子以外から無作為に選んだ対立遺伝子を候補とした。受理過程には式(14)のものを用いた。交差を行う場合には個体i, j ( $i \neq j$ ) を無作為に選び2.2に述べた状態推移  $C^{1j}$  を行う。ここでは摂動過程には2.2の(A)の方法(一点交差)、受理過程には式(17)のものを用いた。

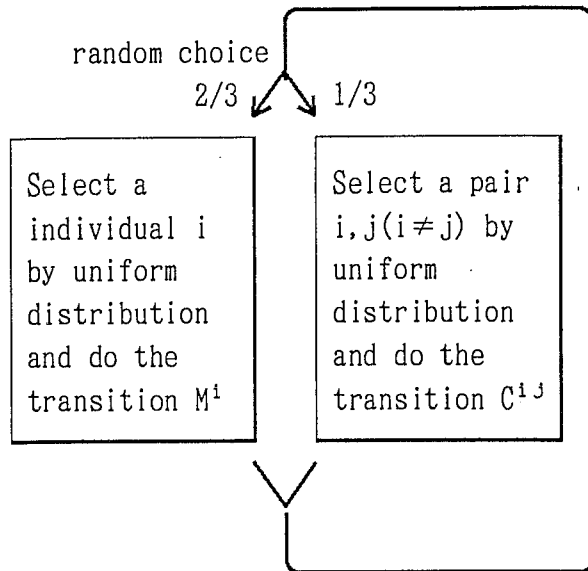


図7 状態推移の操作

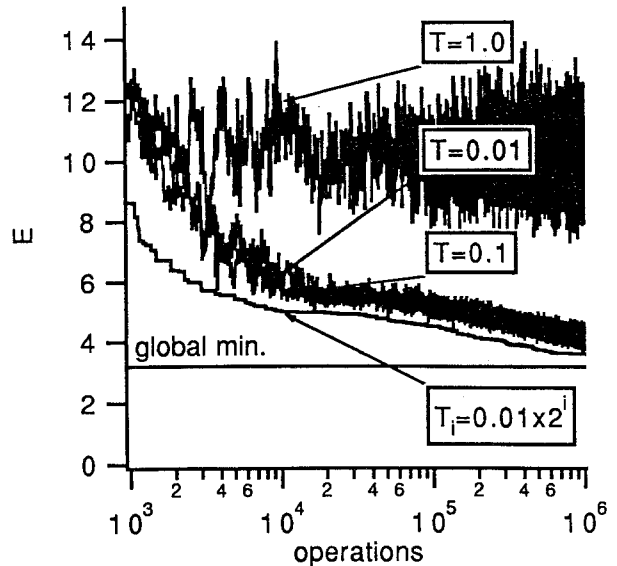


図8 個体0のエネルギー

### 3. 1 温度差の効果

図8に個体*i*の温度を個体毎に変え $T_i = 0.01 \times 2^i$ としたとき及び個体の温度を一様に $T = 0.01, 0.1, 1.0$ としたときの個体0のエネルギーを示す。横軸のoperationは図7のループを廻った回数である。エネルギーは乱数の値を変えておこなった10回の実験の平均である。図9に個体0の状態の変化を示す。図10に $10^6$ operation終了時の全個体の状態を示す。

温度差をつけた方が良い結果が得られている。これは次のように説明できる。低温の個体はエネルギーの低くなるような状態推移ばかりを行うので状態空間内で局所最適解に陥るとなかなかそこから抜け出せない。一方高温の個体はエネルギーに関係なく自由に状態推移を行うので状態空間内で同じ所に長く留まることはない。

図11は $10^6$ operation中の受理された突然変異つまり実際に状態に変化が起こった突然変異の回数、図12は各個体間での実際に変化が起こった交差の回数でありこのことを良く示している。低温の個体と高温の個体が交差することにより低温の個体は局所最適解から抜け出し易くなる。

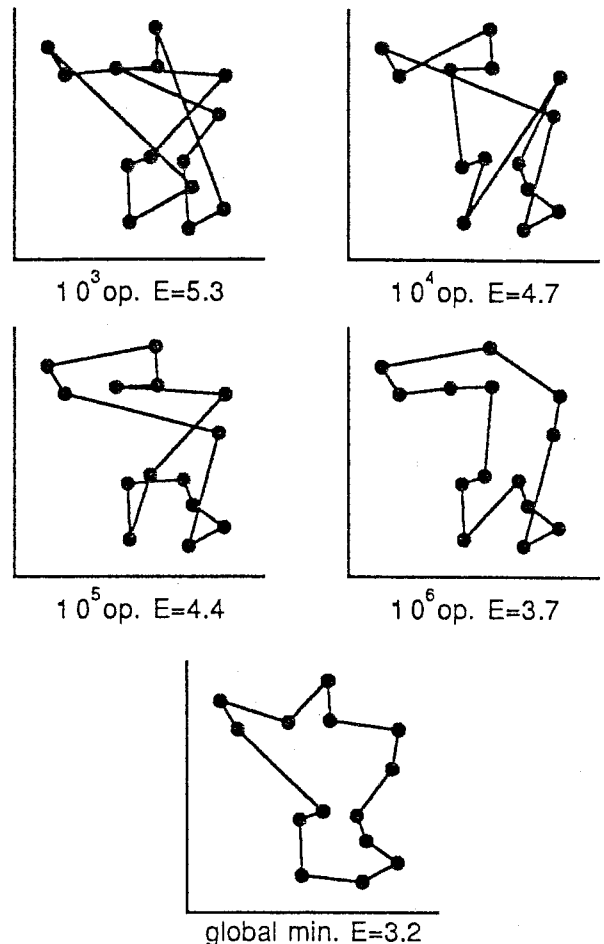


図9 個体0の状態および大域適最小値



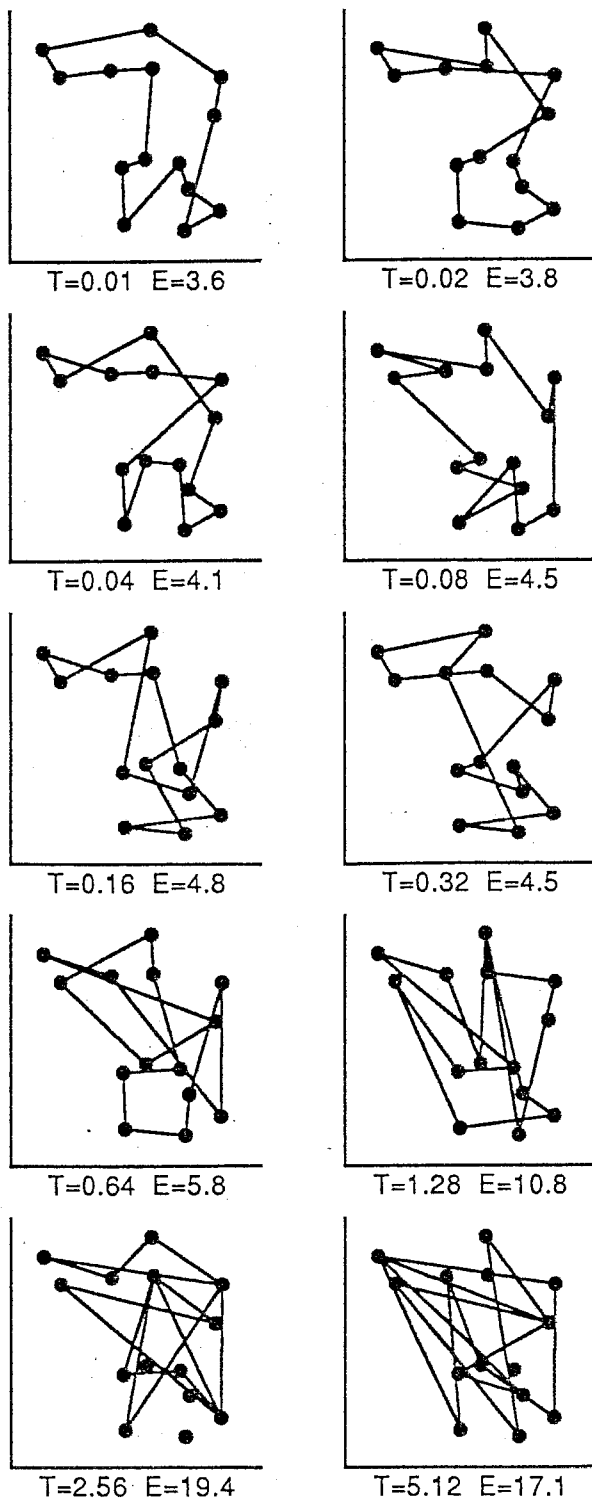


図10 全個体の状態

individual No.	$T_i$	accepted mutations
0	0.01	9
1	0.02	22
2	0.04	22
3	0.08	43
4	0.16	50
5	0.32	86
6	0.64	1191
7	1.28	10245
8	2.56	25537
9	5.12	36527

図11 受理された突然変異の回数

[individual No.]

[0]									
3	[1]								
1	42	[2]							
2	8	374	[3]						
1	4	58	165	[4]					
2	1	16	72	360	[5]				
0	1	9	17	103	228	[6]			
2	1	1	5	9	26	136	[7]		
1	0	1	2	3	5	30	651	[8]	
0	2	0	1	0	3	38	540	2536	[9]

図12 受理された交差の回数

### 3. 2局所的な交差の効果

実験では通常の単一プロセッサの計算機で処理をおこなったが本方式では各個体は通常の遺伝的アルゴリズムに見られるように世代毎に同期して状態推移を行う必要はない。各個体は非同期的に突然変異や交差を行える（もちろん交差の際は交差相手とだけ同期をとる必要がある）。各個体は系全体を見て状態推移をすることはなく交差相手とだけ情報のやりとりを行えばよい。このような処理の局所性は本方式を並列計算機上で行う際に有利である。各個体が任意に交差するのではなく決まった相手としか交差をしないならば局所性はさらに高まる。図12を見ると温度の離れた個体間で交差は起こりにくくなっ

ている。これは温度が離れた2個体において式(7)では低温の個体の候補のエネルギーが支配的な要素となるが高温の個体はエネルギーの高い状態を持っていてこれと交差してもエネルギーの低い候補しか得られないため交差が受理されないのが原因と考えられる。そこで温度の隣合う個体間でのみ交差を行う実験をおこなった。図7において $C^{i,j}$ を行う代わりに個体 $i$ を $0 \leq i \leq 8$ の範囲で無作為に選び状態推移 $C^{i,i+1}$ をおこなった。交差を温度の隣合う個体間でのみ制限しても図13に見られるように結果に大差は見られない。

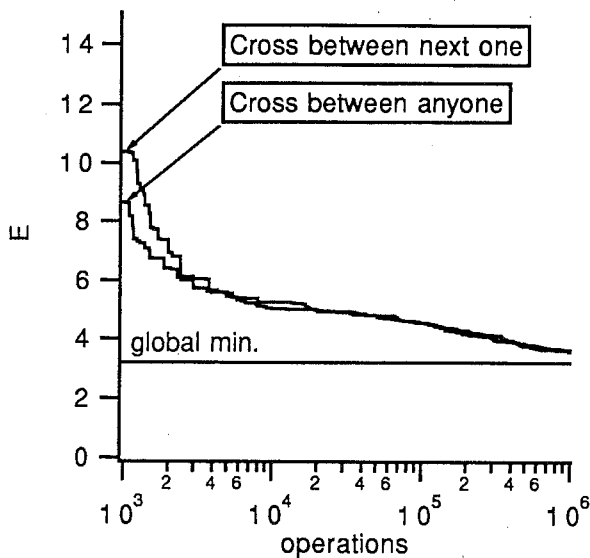


図13 隣合う個体との交差

### 3.3. 他方式との比較

従来の遺伝的アルゴリズム及びシミュレーテッドアニーリング法との比較をおこなった。

比較用の遺伝的アルゴリズムでは個体数は同じく10である。巡回経路の遺伝子への符号化も同じである。次世代を作るために5回ペアが抽出される。式(33)の確率 $P_i$ で個体 $i$ を抽出する(一種のルーレット選択)。

$$P_i = \frac{E_{\max} - E_i}{\sum_{i=0}^9 E_{\max} - E_i} \quad (33)$$

同じことをもう一度繰り返しペアを抽出する。同じ個体がペアになっても良いことにしている。ペアができたら交差と突然変異を行う。ここでの交差と突然変異は本方式の実験に用いたものと同様のものである。違いは受理過程というも

のがなく候補がそのまま次状態となることである。10人の子供ができたらその内1人を抹消し現世代中最も低いエネルギーの個体をコピーする(エリート保存戦略)。以上を繰り返す。1世代=15operation(交差5回+突然変異10回)と数えることにした。

比較用のシミュレーテッドアニーリングは本方式の実験で個体数を1として突然変異のみを行うのと全く同じものである。温度は0.01とし時間によって温度を変えないものとした。

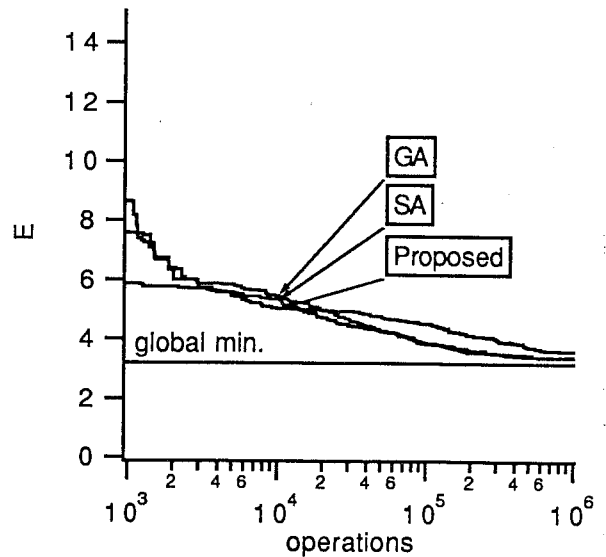


図14 他方式との比較

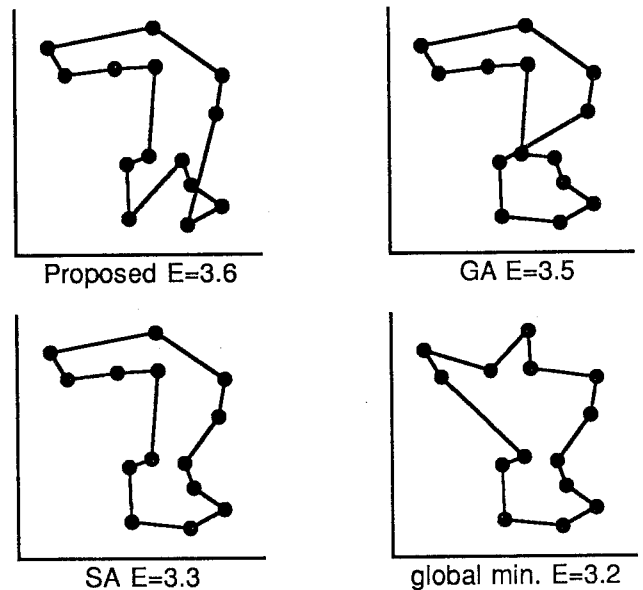


図15 各方式で得られた解

図14においてGAは従来の遺伝的アルゴリズム、

SAはシミュレーテッドアニーリングの結果を示している。図15は $10^6$ operation終了時に得られた各方式の解としらみつぶし探索による真の最適解である。どの方法でも大差ない結果が得られた。

本実験で用いた計算機はDEC 4000 AXPである。用いたプログラムはどれも高速化を意識したものではなかったが上記の実験で $10^6$ operationを行うのにかかった時間(CPU time)は本方式、シミュレーテッドアニーリングでは45秒、遺伝的アルゴリズムでは30秒程度である。ちなみに大域的最適解を求めるためしらみつぶし探索を行うのに5時間(CPU time)かかった。

#### 4. おわりに

遺伝的アルゴリズムにシミュレーテッドアニーリングの手法を取り入れた“温度差つき遺伝的アルゴリズム”(GADT)を提案しその数値実験をおこなった。実験の結果は特に本方式の優位性を示すものではなかった。しかし本方式で用いた各種パラメータはチューニングされていないかなりいい加減に定めたものであり、また突然変異や交差の方式にも多数のバリエーションが考えられるため発展の余地があると思われる。

#### 謝辞

いつも快適な研究環境を与えて下さるATR視聴覚機構研究所の方々に感謝いたします。

#### 文献

- [1] P. J. M. van Laarhoven and E. H. L. Aarts: "Simulated annealing: theory and applications", Kluwer (1987).
- [2] D. E. Goldberg: "Genetic algorithms in search, optimization, and machine learning", Addison Wesley (1989).
- [3] "ニューロコンピューティングの基礎理論", 日本工業技術振興協会ニューロコンピュータ研究部会編, 海文堂 (1990)
- [4] 高畠 一哉: "不公平な遺伝的アルゴリズム", 信学'92秋大, A-172 (1992).
- [5] "特集 遺伝的アルゴリズム", 計測制御, 32, 1 (1993).
- [6] 高畠 一哉: "温度差つき遺伝的アルゴリズム", 計測自動制御学会第11回システム工学部会研究会 (1993).

#### 付録

(定理の証明)

$$\begin{aligned} \|(p-\pi)G\| &= \sum_y \left| \sum_x (p_x - \pi_x) g_{xy} \right| \\ &\leq \sum_y \sum_x |p_x - \pi_x| g_{xy} \\ &= \sum_x |p_x - \pi_x| \end{aligned} \quad (34)$$

等号が成立するのは全ての $y$ について

$$\left| \sum_x (p_x - \pi_x) g_{xy} \right| = \sum_x |p_x - \pi_x| g_{xy} \quad (35)$$

のときであるから式(25)を得る。(証明終わり)