

## 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

張 玉安<sup>†1</sup> 馬 青蓮<sup>†2</sup>  
坂本 真人<sup>†2</sup> 古谷 博史<sup>†2</sup>

遺伝的アルゴリズム (GA) の計算過程を理論的に解明するためには、計算時間の研究が重要である。GA はマルコフ連鎖を用いて解析できることが知られている。本研究では、集団が連鎖平衡にあることを仮定し、Hunter により提案された mixing time  $T_m$  の計算式を用い、集団の分布が定常分布に収束する時間を Wright-Fisher モデルを用いて計算した。また、我々は最近成功確率  $S$  の理論的計算法を提案した。ここで  $S$  は定常分布において集団中に少なくとも一つの最適解が存在する確率と定義する。我々は最適解出現世代数の平均値を  $T$  としたとき、 $T \leq T_m + 1/S$  の関係があると予測した。この理論的予測と数値実験を比較した結果について報告する。

### Estimation of the First Appearing Generation of Optimum Solution in Genetic Algorithm by Markov Chains

YU-AN ZHANG,<sup>†1</sup> QINGLING MA,<sup>†2</sup> MAKOTO SAKAMOTO<sup>†2</sup>  
and HIROSHI FURUTANI<sup>†2</sup>

It is important to study the computing time for explaining calculation process of Genetic Algorithm (GA) theoretically. It is usually considered that GA can be analyzed by Markov Chain. In this paper, we assume that the population is in linkage equilibrium, and calculate the time of convergence to stationary distribution by means of Wright-Fisher model, using the formula of mixing time  $T_m$  proposed by Hunter. Recently, the calculation of success probability is proposed theoretically. Here, we define the success probability  $S$  that there is at least one optimum solution in a population in the stationary distribution. We consider the average generation time of optimum solution  $T$ , and propose the prediction method of  $T$  with the relation of  $T \leq T_m + 1/S$ . We compared this theoretical prediction with numerical experiments.

### 1. はじめに

遺伝的アルゴリズム (GA) の理論的研究の中で、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するが、そのため理論は複雑になる。進化の確率論的研究の代表的なものに Markov 過程理論と拡散理論がある。集団遺伝学では Wright や Fisher らによって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<sup>1),2)</sup>。しかしその数学的取り扱いが難しく、具体的な問題を適用するとさまざまな限界があった<sup>1)</sup>。そのため Kimura らは Wright-Fisher モデルの近似として拡散方程式を開発した<sup>3)</sup>。

Asoh らは平らな適応度関数において集団が連鎖平衡にあると仮定し、GA の進化に 1 次スキームを用いて確率論的に記述した<sup>4)</sup>。彼らは多ビット問題である GA を 1 次スキームの問題に分割し、確率的解析を可能にした。その方法を Furutani らは積型適応度関数の問題に適用し、有限な集団サイズ  $N$  における 1 次スキームの進化を調べた<sup>5)</sup>。

Furutani らは 1 次スキームの分布から突然変異の効果を解析した。このとき集団中に少なくとも一つの最適解が存在する確率を成功確率  $S$  と定義した。また 1 次スキームを利用して成功確率を計算するアルゴリズムを提案した<sup>6)</sup>。

He らは進化計算の時間計算量について研究した<sup>7)</sup>。彼らの研究はマルコフ連鎖を用い、takeover time を利用して、 $(1+1)EA$  と  $(N+N)EA$  に適用し、最適解出現時間の計算法を提案した。

本研究では、Furutani らが提案した成功確率  $S$ <sup>6)</sup> の計算方法と Hunter により提案された mixing time (混合時間)  $T_m$  の計算式<sup>8)</sup> を用い、最適解出現世代数の平均値  $T$  を予測する方法を提案する。 $T_m$  はマルコフ連鎖における定常分布への収束の速さを表す指標であり、 $T_m$  と GA の計算パラメータの関係を調べた。さらに  $T_m$  および  $S$  と  $T$  の関係について調べた。

### 2. 積型適応度関数

#### 2.1 数学的表現

本研究では集団の成功確率  $S$  と mixing time  $T_m$  を用いて、最適解の出現する平均世代

<sup>†1</sup> 宮崎大学大学院農学工学総合研究科

Interdisciplinary Graduate School of Agriculture and Engineering, University of Miyazaki

<sup>†2</sup> 宮崎大学工学部

Faculty of Engineering, University of Miyazaki

数 ( $T$ ) について理論的, 実験的に調べる. 適応度として積型適応度関数を用い, 選択は適応度比例選択で行う.

集団を構成する個体は世代ごとにすべて入れ替わるものとし, 集団の個体数  $N$  は世代によらず常に一定とする. 個体の遺伝子型を固定長  $L$  の 2 進ビット列によって表す. したがって, 遺伝子型の総数は  $n = 2^L$  となる. 遺伝子型の番号  $i$  を 2 進ビット列と  $i = \langle i(1), i(2), \dots, i(L-1), i(L) \rangle$  のように対応させる.

世代  $t$  における遺伝子型  $i$  の個体数を  $N_i(t)$  とし

$$N = \sum_{i=0}^{n-1} N_i(t).$$

遺伝子型  $i$  の相対頻度を  $x_i(t) = N_i(t)/N$  と表す.

積型適応度関数を

$$f_i = \prod_{k=1}^L \{1 + i(k)s\}, \quad (s > 0) \quad (1)$$

と定義する. パラメータ  $s$  は選択の強さを表し.  $i(k)$  は第  $k$  ビットにおけるビット値である. 適応度を最大にする最大化問題を考え, すべてのビットが 1 となる  $2^L - 1 = \langle 1, 1, 1, \dots, 1 \rangle$  が最適解となる.

## 2.2 連鎖平衡

連鎖は, 集団内での異なる遺伝子座間の統計的相関を意味し, 遺伝子座間に何らかの相関あるとき, 集団は連鎖不平衡にある. GA で発生させた初期集団は連鎖平衡にあるが, 一般にこの後計算が進行していくにつれ平衡状態からずれていき, 連鎖不平衡になる.

集団が連鎖平衡にあるならば, 相対頻度  $x_i(t)$  は積型になり, 次式で表される.

$$x_i(t) = \prod_{k=1}^L h_{i(k)}(t). \quad (2)$$

ここで  $h_{i(k)}$  は  $k$  番目のビットにおける 1 次スキーマの相対頻度を表す.

## 3. Markov 連鎖

GA の理論的解析では, Markov モデルの一つである Wright-Fisher モデルが重要な役割を担う. 集団の個体数  $N$  は一定とする. 遺伝子 A をもつ個体数を  $N_0$ , 遺伝子 a を持つ個体数を  $N_1$  とすると,  $N_1, N_0 \in \{0, 1, \dots, N\}$  かつ  $N = N_1 + N_0$  となる.

選択のある場合は遺伝子間に適応度の差があり, 遺伝子の適応度を次式で定義する.

$$f_i = \begin{cases} 1 & (i=A) \\ 1+s & (i=a). \end{cases} \quad (3)$$

$s > 0$  とし, ビット 1 が有利な遺伝子である. 突然変異がない場合, 遷移確率  $P(j|i)$  は次式で表される<sup>5)</sup>.

$$P_{ij} = P(j|i) = \binom{N}{j} b^j (1-b)^{N-j} \quad (4)$$

$$b = \frac{(1+s)i}{(1+s)i + N - i}.$$

ここで  $i$  は世代  $t$  における遺伝子 a の数,  $j$  は世代  $t+1$  における遺伝子 a の数とする. 集団が世代  $t$  において  $N_1 = i$  となる確率を  $\mu_i(t)$  とする. 世代  $t$  における分布をベクトルで

$$\mu(t) = (\mu_0(t), \mu_1(t), \dots, \mu_N(t)) \quad (5)$$

と表す.

集団の進化は次式で与えられる

$$\mu_i(t+1) = \sum_{i=0}^N P(j|i) \mu_i(t). \quad (6)$$

また規格化条件から  $0 \leq \mu_i(t) \leq 1$ ,

$$\sum_{i=0}^N \mu_i(t) = 1$$

となる.

進化方程式は

$$\mu(t+1) = \mu(t)P \quad (7)$$

になる. ここで  $P$  は  $P_{ij} (0 \leq i, j \leq N)$  を要素とする  $(N+1) \times (N+1)$  行列である.

突然変異があるときマルコフ連鎖は非周期的になり, 全ての状態がエルゴード (ergodic) 的になる. 突然変異率を  $p_m$  とすると, 遺伝子 a を持つ個体数が  $i$  から  $j$  へ遷移する確率  $P_{ij}$  は

$$P_{i,j} = P(j|i) = \binom{N}{j} (b')^j (1-b')^{N-j} \quad (8)$$

となる. ここで

$$b' = (1-2p_m)b + p_m \quad (9)$$

である．

$p_m > 0$  の場合，マルコフ連鎖は非周期的既約（エルゴード的）マルコフ連鎖になる．エルゴード的マルコフ連鎖では，定常状態の概念は成立せず，それに代わって定常分布  $\pi$  に収束する

$$\pi = \lim_{t \rightarrow \infty} \mu(t). \quad (10)$$

定常分布のすべての成分は

$$\pi_i > 0 \quad (0 \leq i \leq N),$$

となる．また  $\pi$  は初期分布  $\mu(0)$  には依存しない．式 (6) から，定常分布は

$$\pi_j = \sum_{i=0}^N \pi_i P_{i,j} \quad (11)$$

を満たすことが分かる．

#### 4. Mixing Time

マルコフ連鎖において  $T_m$  は定常分布への収束の速さを表す指標としてよく用いられる．本研究では  $T_m$  として Hunter により提案された数式を採用した<sup>8)</sup>．

エルゴード的マルコフ連鎖の場合，極限分布行列  $A$  を

$$A = \lim_{t \rightarrow \infty} P^t = \begin{pmatrix} \pi_0 & \pi_1 & \dots & \pi_N \\ \pi_0 & \pi_1 & \dots & \pi_N \\ \dots & \dots & \dots & \dots \\ \pi_0 & \pi_1 & \dots & \pi_N \end{pmatrix} \quad (12)$$

と定義する<sup>9)</sup>．ここで分布  $\pi_i$  は定常分布  $\pi$  の成分である．

基本 (fundamental) 行列  $Z$  を極限分布行列  $A$  を用いて

$$Z = (I - (P - A))^{-1} \quad (13)$$

と定義する．行列  $Z$  は

$$Z = I + \sum_{n=1}^{\infty} (P^n - A) \quad (14)$$

として計算することもできる．ここで  $I$  は単位行列である．

エルゴード的マルコフ連鎖において，初期状態  $X^{(0)} = i$  から状態  $j$  に初めて到達する時間の平均値を  $m_{ij}$  とする．平均初期到達行列  $M$  を

$$M = (m_{ij}) \quad (15)$$

と定義する．行列  $M$  は，

$$M = (I - Z + E Z_{dg}) D, \quad (16)$$

として計算することができる<sup>9)</sup>．ここで  $E$  はすべての要素が 1 の正方形行列， $D$  は対角成分を  $d_{ii} = 1/\pi_i$  とする対角行列である．すべての  $i$  について  $\pi_i > 0$  となることに注意されたい．また  $Z_{dg}$  は，基本行列  $Z$  の対角要素を要素とする対角行列である

Hunter は  $T_m$  の計算法として，

$$T_m = \sum_{j=0}^N m_{ij} \pi_j \quad (17)$$

を提案した<sup>8)</sup>．この式は，初期状態  $i$  から定常分布に初めて到達する時間の平均値と解釈でき，一般に  $i$  に依存する量である．しかし変形すると

$$T_m = \sum_{k=0}^N Z_{kk} = \text{Tr}\{Z\} \quad (18)$$

となり， $i$  には無関係になる．

#### 5. 成功確率の計算

本論文では成功確率  $S$  を集団中に少なくとも一つは最適解が存在する確率と定義する．成功確率については文献 (6) を参照されたい．

##### 5.1 突然変異のない場合

一般に，進化方程式 (6) を解析的に解くことは非常に難しい．そのため Wright-Fisher モデルに対する近似として拡散方程式を用いることが多い<sup>3)</sup>．突然変異のないとき，我々は固定状態に関心があり， $t \rightarrow \infty$  で固定状態に収束する究極固定確率  $u(p)$  は拡散方程式を解くことにより

$$u(p) = \frac{1 - \exp(-2Nsp)}{1 - \exp(-2Ns)}, \quad (19)$$

で与えられる．ここで  $p$  は  $t = 0$  におけるビット 1 の確率で，通常  $p = 1/2$  とすることが多い．定常状態において，1 次スキーマは固定状態か消滅状態に収束する．集団が最適解を含むためには  $L$  個の 1 次スキーマすべてが固定状態に収束する必要がある．したがって，成功確率は究極固定確率  $u(p)$  とビット長  $L$  により

$$S = u(p)^L \quad (20)$$

と表わされる．

## 5.2 突然変異のある場合

突然変異のある場合，マルコフ連鎖はエルゴード的マルコフ連鎖となり， $t$  を大きくしていくと定常分布に収束する．このときエルゴード的な集団は，すべての可能な配置状態の間を遷移していく．このため，時間さえあればいつかは最適解を含んだ状態に到達することになる．したがって有限な突然変異率  $p_m > 0$  の場合，成功確率を

- (1) 定常分布において，
  - (2) 集団の可能な配置状態の中に最適解が存在する確率，
- と定義する．

いま第 1 ビットから第  $\ell$  ビットまでの長さ  $\ell$  の部分ビット列を考える．この部分列についてそのすべてのビットが 1 の列  $\langle 1, 1, \dots, 1, 1 \rangle$  を  $\ell$  ビット部分最適解，また部分最適解または最適解と呼ぶ．つぎに，集団中に存在する  $\ell$  ビット部分最適解の個数を表す確率変数  $X_\ell$  を定義する． $X_\ell$  は  $\{0, 1, \dots, N\}$  を値にとる．

集団中の長さ  $\ell$  の部分列のうち  $j$  個が部分最適解である確率を  $S_j^{(\ell)}$  と表す

$$S_j^{(\ell)} = \Pr\{X_\ell = j\}. \quad (21)$$

さきに定義した成功確率は

$$S = \sum_{j=1}^N S_j^{(L)}, \quad (22)$$

から計算できる．

選択には積型適応度関数を，交叉には一様交叉を用いた場合，1 次スキーマ分布はすべてのビットで等しいとしてよいであろう．定常分布における 1 次スキーマの分布を表すベクトルを  $\pi$  とする． $\pi_i$  は各ビットにおける 1 ビットの個数が  $i$  となる確率を表す．

以下では， $S_j^{(L)}$  を再帰的に計算していく． $(\ell - 1)$  ビット部分列の最適解の個数を  $i$  としたとき，長さ  $\ell$  の部分列が  $j$  個の最適解をもつ確率を

$$Q_{ij} = \Pr\{X_\ell = j | X_{\ell-1} = i\} \quad (23)$$

とする．遷移確率  $Q_{ij}$  は，第  $\ell$  ビットの 1 次スキーマ分布  $\pi$  を用いて

$$\begin{aligned} j > i \text{ の場合は} \\ Q_{ij} &= 0, \\ j \leq i \text{ の場合は} \end{aligned} \quad (24)$$

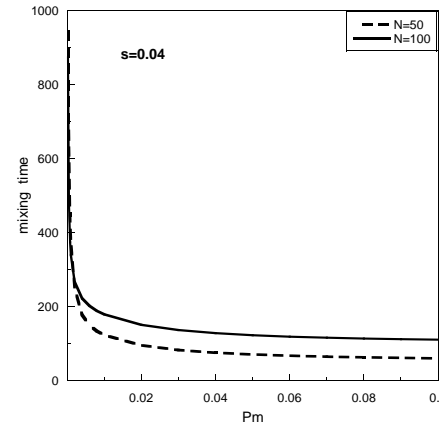


図 1  $T_m$  の  $p_m$  依存性．集団サイズ  $N = 50, 100$ ，選択の強さ  $s = 0.04$ ．

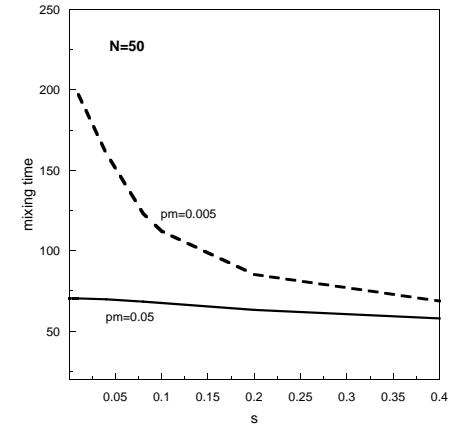


図 2  $T_m$  の選択の強さ  $s$  依存性．集団サイズ  $N = 50$ ．

$$Q_{i,j} = \sum_{m=j}^{N-i+j} \binom{N}{m}^{-1} \binom{i}{j} \binom{N-i}{m-j} \pi_m \quad (25)$$

で与えられる．

$j$  個の  $\ell$  ビット部分最適解をもつ確率  $S_j^{(\ell)}$  は

$$S_j^{(\ell)} = \sum_{i=0}^N S_i^{(\ell-1)} Q_{ij} \quad (26)$$

から計算することができる．初期条件は

$$S_j^{(1)} = \pi_j, \quad (0 \leq j \leq N) \quad (27)$$

とする．

## 6. 最適解出現世代数の予測

最適解出現世代数とは初めて集団中に最適解が出現した世代数であり，その平均値を  $T$  とする．いま  $t = T_m$  となった時，世代数を  $t = 0$  とリセットする．このとき集団は，定常

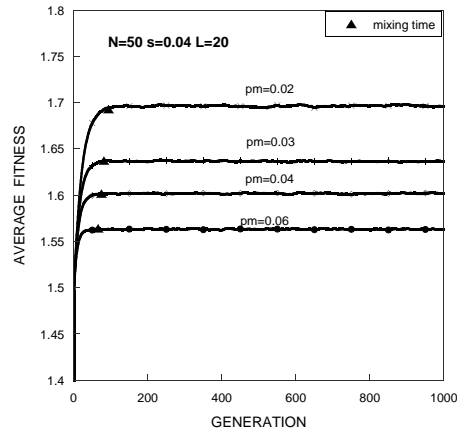


図3 平均適応度  $\bar{f}(t)$  の収束時間と  $T_m$  の関係.  $N = 50, s = 0.04$ .

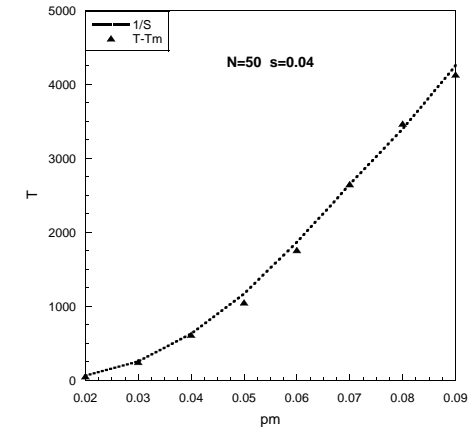


図4 成功確率  $S$  と  $T - T_m$  の関係.  $N = 50, s = 0.04$ .  $\blacktriangle (T - T_m)$ .

分布  $\pi$  になったとしてよいであろう。この状態から再び GA を実行したとする。

$t = 1$  における最適解出現確率は  $S$  であり、不成功確率は  $1 - S$ ,

$t = 2$  における最適解出現確率は  $(1 - S)S$  であり、不成功確率は  $(1 - S)^2$ ,

$t = 3$  における最適解出現確率は  $(1 - S)^2 S$  であり、不成功確率  $(1 - S)^3$ , となる。

一般に  $t$  における最適解出現確率は  $(1 - S)^{t-1} S$  となり、不成功確率は  $(1 - S)^t$  になる。

最適解出現世代数の平均は

$$T = \sum_{t=1}^{\infty} tS(1-S)^{t-1} = S \cdot \frac{1}{S^2} = \frac{1}{S}, \quad (28)$$

となる。実際の計算開始時間を  $t = 0$  とすると、 $t < T_m$  でも最適解は出現するので

$$T \leq T_m + \frac{1}{S} \quad (29)$$

となる。

## 7. 数値計算

実験では、積型適応度関数における集団の成功確率  $S$  および mixing time  $T_m$  と最適解

出現世代数の平均値  $T$  の関係について調べた。選択はルーレット選択、交叉は一様交叉、交叉率  $p_c = 1$  とした。初期集団はビットごとに確率 0.5 で 0 と 1 を生成した。乱数を変化させながら同じ計算を 10000 回実行し、最適解が出現する世代数を記録して、その結果を集計し平均した。

図 1 は、集団サイズ  $N = 50, 100$  の場合について mixing time  $T_m$  の突然変異率  $p_m$  依存性を示したものである。選択の強さを  $s = 0.04$  とした。図のように  $p_m$  が大きくなると  $T_m$  が減少する。 $p_m < 0.001$  の領域で  $T_m$  の  $p_m$  依存性が非常に強いことが分かる。全体の傾向として  $p_m$  を大きくすると依存性が小さくなる。

図 2 は、 $p_m = 0.005$  と  $0.05$  の場合  $T_m$  の選択率  $s$  への依存性を示した。選択率  $s$  を大きくすると  $T_m$  が小さくなる。 $p_m$  が大きいと  $T_m$  の  $s$  への依存性が小さくなる。

図 3 は、平均適応度の時間的変化と  $T_m$  の関係を示した。 $\blacktriangle$  は  $T_m$  の理論値を示し、この図から分かるように平均適応度の収束時間は  $T_m$  とほぼ同じになる。

図 4 は、成功確率の逆数  $1/S$  の数値計算値と  $T - T_m$  の関係を示したものである。ここで  $T$  は数値計算値、 $T_m$  は式 (13) から得る理論値である。図から  $1/S$  と  $T - T_m$  の値はほぼ同じになることが分かる。これは式 (28) の予測と一致している。

図 5 に  $T$  と  $T_m + 1/S$  の関係を示した。 $T_m + 1/S$  は  $T$  のよい上限値となっており、予

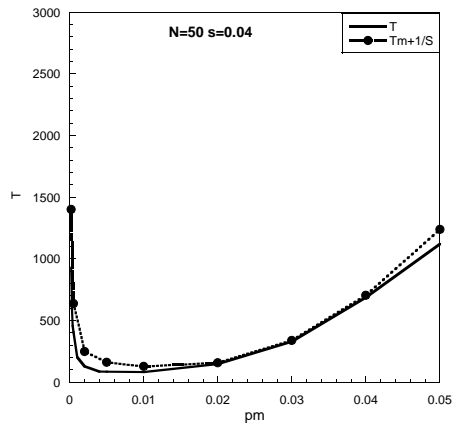


図 5  $T$  と  $T_m + 1/S$  の関係 .

表 1 成功確率の大きい場合において  $T$  と  $T_m + 1/S$  の関係

| $N$ | $s$  | $p_m$ | $S$   | $T$ | $T_m$ | $1/S$ | $T_m + 1/S$ |
|-----|------|-------|-------|-----|-------|-------|-------------|
| 50  | 0.04 | 0.001 | 0.668 | 203 | 380   | 2     | 382         |
|     |      | 0.002 | 0.700 | 129 | 248   | 1     | 249         |
|     |      | 0.004 | 0.551 | 88  | 178   | 2     | 180         |
|     |      | 0.006 | 0.345 | 82  | 149   | 3     | 152         |
|     |      | 0.008 | 0.221 | 82  | 133   | 5     | 138         |
| 100 | 0.02 | 0.001 | 0.720 | 177 | 498   | 1     | 499         |
|     |      | 0.002 | 0.664 | 122 | 358   | 2     | 360         |
|     |      | 0.004 | 0.409 | 110 | 272   | 2     | 274         |
|     |      | 0.006 | 0.158 | 112 | 234   | 6     | 240         |
|     |      | 0.008 | 0.056 | 116 | 211   | 18    | 229         |

測式 (29) が成り立っていることを示している . さらに ,  $0.02 \leq p_m \leq 0.04$  の領域では  $T$  と  $T_m + 1/S$  はほぼ同じ値になる .

図 6(a) は , 突然変異のある ( $p_m = 0.02$ ) 場合における , 最適解出現世代数の分布を示した . ここで  $N = 50$  ,  $s = 0.04$  とした . 最適解は  $t \leq T_m$  の領域でもかなり出現している .

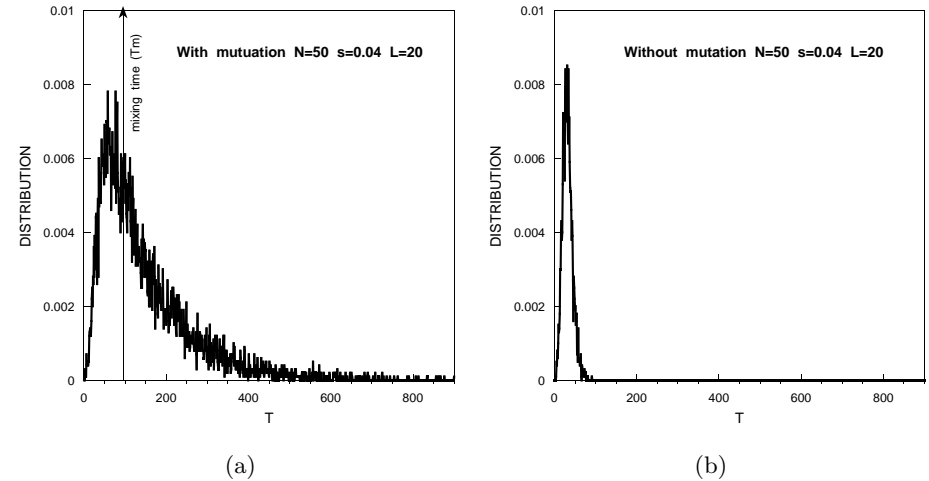


図 6 最適解出現世代数の確率分布 . 集団サイズ  $N = 50$  , 選択の強さ  $s = 0.04$  . (a) 突然変異がある場合  $p_m = 0.02$  . (b) 突然変異がない場合 .

(b) は突然変異のない場合における , 最適解出現世代数の分布を示した .  $p_m = 0$  の計算は  $p_m = 0.02$  の計算に対し , 非常に短い時間で最適解が出現することが分かる .

図 7 は , 突然変異あり ( $p_m = 0.05, 0.005$ ) の場合  $T_m$  の  $N$  依存性を示した . 選択率は  $s = 0.04$  とする .  $N$  が大きくなると  $T_m$  も大きくなる .  $T_m$  は  $N$  にはほぼ比例にする .

表 1 は , 成功確率  $S$  が大きい場合について , 最適解出現世代数の平均値  $T$  と  $T_m + 1/S$  の関係を示した .  $T$  の上限を与える予測式 (29) が成り立っている . このように  $S$  が大きい場合は ,  $T_m$  に比べて  $1/S$  の項は非常に小さい値になり , 予測では無視できる .

図 8 は , 突然変異率  $p_m = 0.05$  , 選択の強さ  $s = 0.04$  の場合 , 最適解出現世代数  $T$  と  $T_m + 1/S$  の関係について調べた . 集団サイズ  $N \leq 100$  の場合  $T_m$  が小さい ,  $S$  も小さい . この場合  $T = T_m + 1/S$  になる . これが式 (28) と一致することが分かる .  $N > 100$  の時  $T_m$  が大きくなる ,  $S$  はまた小さい時  $T < T_m + 1/S$  になる . これが式 (29) と一致することが分かる .

## 8. ま と め

本論文では , マルコフ連鎖により GA の最適解出現世代数の平均値  $T$  を予測する方法について提案した .  $p_m > 0$  の場合 , マルコフ連鎖はエルゴード的となり , 定常分布に収束す

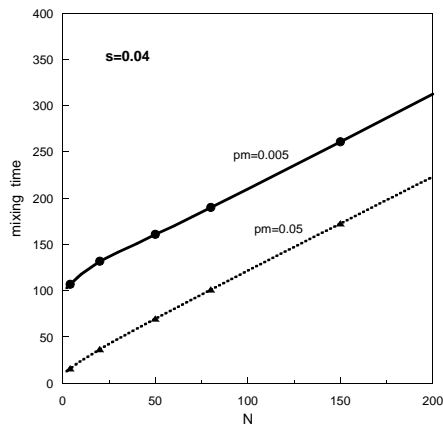


図7  $T_m$  の  $N$  依存性 . 選択の強さ  $s = 0.04$  . 突然変異 : ● ( $p_m = 0.005$ ) , ▲ ( $p_m = 0.05$ ) .

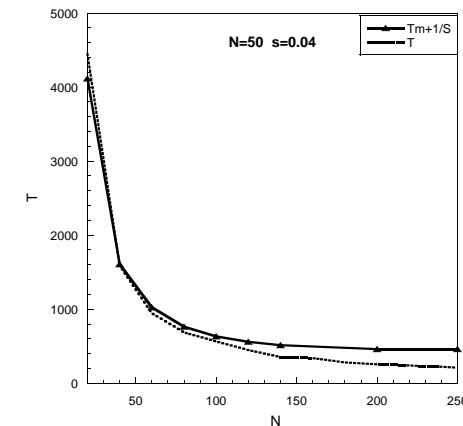


図8  $T$  と  $T_m + 1/S$  の関係 .

る . 定常分布に置いて集団中に少なくとも最適解が一つ存在する確率を成功確率  $S$  と定義した . 定常分布に収束する時間を mixing time  $T_m$  と定義し , Hunter の方法を用いて計算した<sup>8)</sup> . 最適解出現世代数の平均値を  $T$  としたとき

- (1) 一般に  $T \leq T_m + 1/S$  の関係はよく成り立っている .
- (2)  $S$  が小さく  $T_m$  も小さい場合は ,  $T = 1/S$  の関係が成り立つ .

などのことが分かった .

### 参 考 文 献

- 1) Ewens , J. W. J. : *Mathematical Population Genetics*. I. Theoretical Introduction, Second Edition. *Springer-Verlag*, New York (2004) .
- 2) Fisher , R. A. : On the Dominance Ratio. *Proceedings of the Royal Society of Edinburgh*. **42** (1922) 321-341 .
- 3) Crow , J. F. and Kimura , M. : *An Introduction to Population Genetics Theory*. Harper and Row, New York (1970) .
- 4) Asoh , H. and Mühlenbein , H. : On the Mean Convergence Time of Evolutionary Algorithms without Selection and Mutation. *Parallel Problem Solving from Nature, Lecture Notes in Computer Science*, **866**, Springer-Verlag, New York, (1994) 88-97 .
- 5) Furutani , H. : Schema Analysis of Average Fitness in Multiplicative Landscape.

*Proceedings of the Genetic and Evolutionary Computation Conference, GECCO-2003, Lecture Notes in Computer Science*, **2723**, Springer-Verlag, New York, (2003) 934-947 .

- 6) 古谷博史, 張玉安, 坂本真人 : 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 , 印刷予定 (2009) .
- 7) He , J. Sun, G. Z. , Yao , X. : A New Approach for Analyzing Average Time Complexity Of Population-Based Evolutionary Algorithms on Unimodal Problems, *IEEE Transaction System, and Cybernetics-part B: Cybernetics*, Vol. 39, No. 5, October (2009)1092-1106 .
- 8) Hunter , J. J. : Coupling and mixing times in Markov chain, *Linear Algebra and its Applications* , 430 (2009) 2607-2621 .
- 9) Kemeny, J G.and Snell, J. L. : *Finite Markov Chains* , Springer-Verlag New York(1976) .