

連立代数方程式の数値解法における初期値探索に関する一考察*

3 G-2

鈴木秀男

東京職業能力開発短大・情報処理†

飯嶋慎一

品川技術専門学校・情報処理‡

1. はじめに

連立代数方程式の数値解法において、ニュートン法を適用する場合、その初期値は根の十分近くに与える必要がある。一般に、複数の解をもつ連立代数方程式において、初期値を根に十分近づけて与えることは非常に難しい。しかし、遺伝的アルゴリズムを利用すれば、比較的簡単に複数の初期値を探索することができるのではないかと考えた。この報告では、初期値を統一的に計算するため遺伝的アルゴリズムを利用した結果について述べる。

2. 連立代数方程式の解法

次のような問題を考える。

[問題]

$x = (x_1, \dots, x_n) \in C^n$ のとき

$$f(x) = \begin{pmatrix} f_1(x) \\ \vdots \\ f_n(x) \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} f_1(x_1, \dots, x_n) \\ \vdots \\ f_n(x_1, \dots, x_n) \end{pmatrix} = 0 \quad (1)$$

の数値解を求める。

式(1)を解くニュートン法は

$$x^{(k+1)} = x^{(k)} - J(x^{(k)})^{-1} f(x^{(k)}) \quad (2)$$

$$J = \left(\frac{\partial f}{\partial x} \right) = \begin{pmatrix} \frac{\partial f_1}{\partial x_1} & \dots & \frac{\partial f_1}{\partial x_n} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ \frac{\partial f_n}{\partial x_1} & \dots & \frac{\partial f_n}{\partial x_n} \end{pmatrix}$$

で与えられる¹⁾。

このとき、 $f_i(x) (1 \leq i \leq n)$ が C^2 級で $J(\alpha)$ が正則ならば、式(1)の解 α の十分近くから出発するニュートン法は α に 2 次収束する。具体的な計算の手順は以下の通りである。

$k = 0, 1, 2, \dots$ のとき

1. $h = (h_1, \dots, h_n)^t$ に関する連立方程式

$$J(x^{(k)})h = -f(x^{(k)})$$

を h について解く。これにより直接 $J(x^{(k)})^{-1}$ を計算しないで済む。

2. $x^{(k+1)} = x^{(k)} + h$ とおく。

3. $k+1$ を新しい k として 1. に戻る。

そして、 ϵ を十分小さな正の数値としたとき、 $|h| \leq \epsilon$ となったら計算を終了する。

一方、式(1)の解を統一的に求めるにはホモトピー

$$H(x, t) = tF(x) + (1-t)G(x), (t: 0 \rightarrow 1)$$

を作り、 $G(x) = 0$ の解から $F(x) = 0$ の解へ連続的に変化させる方法がある⁴⁾。

ニュートン法は比較的単純な計算で近似値を求めることができるが、その初期値の選び方が難しい。一方、ホモトピー法は統一的に近似解を求めることは可能であるがパス追跡に注意を要する。

今回は、ニュートン法を利用し、連立代数方程式を解くことに注目した。ニュートン法で式(1)を解く場合、その計算効率と全ての解の発見には、そこに与える初期値が大きく寄与している。

このことから、遺伝的アルゴリズムによりニュートン法の初期値を探索することとした。

3. アルゴリズム

遺伝的アルゴリズムは、生物の進化に着目したアルゴリズムであり最適化手法の 1 つとされている^{2), 3)}。これにより、式(2)に与える初期値を探索するには以下の手順に従う。

(1) 初期個体の生成

xy 平面上の座標値を遺伝子としてもつ個体を生成する。すなわち、個体の表現情報を座標値としている。

(2) 適応度の決定

各個体が生き残れる(子孫を残せる)可能性を表す情報であり、正の数値である。適応度が高い評価を受けるほど生存確率は高くなる。適応度は、式(1)の関数値のノルムにより決定した。

(3) 選択(親となる個体の決定)

適応度が高い評価を受けた 2 つの個体を親として選択する。各個体の適応度に比例した確率で子孫を残せるようにした場合、個体の選択確率 P_{select_i} は

$$P_{select_i} = \frac{(1.0 - f_i / \Sigma f_i)}{\Sigma (1.0 - f_i / \Sigma f_i)}$$

となる。

(4) 交配(交叉・突然変異)

* A method to search of initial values of systems of algebraic equations

† Hideo Suzuki, Tokyo Polytechnic College, 2-32-1 Ogawa-nishi Kodaira Tokyo 187 Japan

‡ Shin-ichi Iijima, Shinagawa Technical School, 3-31-16 Higashi-shinagawa Shinagawa Tokyo 140 Japan

2つの親を交叉させ遺伝子の組み替えを行ない、新しい個体（子孫）を生成する。さらに、いくつかの個体に対し一定の確率で遺伝子を変化させる突然変異を加える。

(5) 個体の取り除き（間引き）

(4)により生成された個体に対し適応度を求め、評価の低い個体を取り除く。

(2)から(5)を個体数分繰り返す、1回の繰り返すを1世代とした。なお、収束判定は個体の関数値による評価で行なう。

4. 実行例

連立代数方程式

$$\begin{cases} f(x,y) = y^2 + x^2 - 1 \\ g(x,y) = x^4 + 2x^2y^2 + 6x^2y + y^4 - 2y^3 \end{cases}$$

について、遺伝的アルゴリズムによりニュートン法に与える初期値を探索した結果について示す。

表1 収束値と関数値（個体数 500）

x の値	y の値	f(x,y)	g(x,y)
-0.64292	-0.76674	0.00124	0.00244
0.62305	-0.75683	-0.03903	0.02772
-0.34211	0.94180	0.00308	-0.00087
0.34082	0.93887	-0.00236	-0.00556
-0.99019	-0.17508	0.01112	0.00316
0.97818	-0.16707	-0.01526	0.01988

表1および表2より、個体は2つの方程式の交点の近くに収束していることがわかる。しかし、世代数および計算時間は個体数に対応して変化している。

生成する個体数が少ない場合は、親として選択された個体から生成される子孫の遺伝子パターンが少なくなり、求まる交点の数が少なくなる。個体数が多い場合は、子孫の遺伝子パターンが増大し求まる交点の数が多くなると推測される。

また、計算時間に関しては、個体数が少ないと、短い場合もあれば長い場合もありバラツキが大きくなる傾向にある。これに対し個体数が多い場合は、ほぼ一定した値が得られている。

以上の結果より、ニュートン法に与える初期値をより多く求める場合は、個体数を増加させる必要がある。しかし、個体数を増加させた場合、計算時間がかかる傾向にあるため、最適とされる個体数が存在する可能性があると考えられる。

表2 生成する個体数と計算時間

個体数	回数	世代数	時間(秒)	収束点数
10	1	46	0.09	1
	2	111	0.22	1
	3	25	0.05	1
	4	49	0.09	1
50	1	30	0.44	1
	2	30	0.45	1
	3	54	0.77	1
	4	20	0.31	3
100	1	39	2.11	3
	2	29	1.57	1
	3	28	1.53	2
	4	24	1.29	2
200	1	28	7.52	4
	2	28	7.44	4
	3	26	6.87	3
	4	29	7.56	3
300	1	25	19.07	5
	2	24	18.18	4
	3	23	17.64	5
	4	29	22.12	6

参考文献

- 1) 山本 哲朗：数値解析入門，サイエンスライブラリ 現代数学への入門=14，サイエンス社
- 2) 伊庭 斉志：遺伝的アルゴリズムの基礎 -GA の謎を解く-，オーム社
- 3) 北野 宏明：遺伝的アルゴリズム，産業図書
- 4) 小林 英恒，鈴木 秀男：連立代数方程式の解の重複度，京都大学数理解析研究所講究録 787，非線形問題の数値解析，pp.99-112(1992)