

## Genetic Algorithm の巨視的方程式

日産自動車 (株) 総合研究所 内藤 健

## 1 はじめに

生命と機械を分けるのは'遺伝機構'であるため、Genetic Algorithm (GA) の理論的研究は、生命の作動原理を理解するための一つの起点である。また、GA中のパラメーターの最適化理論ともなり、工学的応用の見地からも意味を持つ。

縮退(Degeneracy)と余剰(Redundancy)の概念[1,2]をもとに、環境と強非線形遺伝オペレーターの相互作用を予測する4変数の常微分方程式を導出した。3つの遺伝オペレーターの活性度、遺伝子長、初期条件、環境等の変化に対して、GAの挙動をある程度予測可能である。また、(1) GAにおける大進化 (2) 交叉オペレーターの役割 (3) Chaos との関係、について述べる。

## 2 最適化問題とSimple Genetic Algorithm

## 2.1 Simple Genetic Algorithm (SGA)

(1) 遺伝子: 固定遺伝子長  $L$  の一次元遺伝子とする。遺伝子  $I$  の遺伝子座  $l$  の値  $e_{I(l)}$  は0か1である。可能な遺伝子のタイプの総数は、 $2^L$  個である。各遺伝子  $I$  は、0と1の間の値の適合度 (fitness value  $f_I$ ) を持つ (2) 集団サイズ: 集団サイズ  $N$  は、一定値とする。

(3) 遺伝オペレーター: SGAは、以下の3つのオペレーターを持っている。一点交叉オペレーター、一点突然変異を使う。[3]複製オペレーターとしては、rank-base type で以下のように行う。まず、各世代の  $N$  個の遺伝子の期待値  $Y(t)$  は、 $Y(t) = \sum_{I=1, N} f_I / N$  である。Replication rate を制御するために、しきい値  $K$  を導入して、fitness value が  $Y(t)N/(2K)$  よりも大きな値の遺伝子を replication する。(4) 初期世代遺伝子群生成: random number generatorにて生成する。

## 2.2 最適化問題

3つのタイプの最適化問題を扱う。

Problem 1はKnapsack問題である。[4] 選択パターン  $I$  の fitness value  $f_I$  は、式 (1) によって与えられる。重さ  $W(l)$ 、価値  $V(l)$  の詳細は文献[5]。総重量制限  $TW = 140$  とした。(  $L = 16$  )

Problem 2は、最適解が容易に見つからないといわれる整数分割問題である。[4] 適合度は式 (2) で与えられる。(  $L = 16$  )

Problem 3は、Problem 1の人工的な修正である。Problem 1の最適種からのHamming distance (HD) [2]が1および2の種のfitness value をゼロとする。最適解に近い選択パターンは全て、適合度が非常に低いため、準大進化(quasi-macroevolution)の環境と呼ぶ。

Problem 4は、遺伝子長  $L = 64$  の長い場合のKnapsack問題で、総重量制限  $TW = 300$  とした。

$$f_I = \sum_{l=1, L} V(l) e_{I(l)}, \text{ if } \sum_{l=1, L} W(l) e_{I(l)} \leq TW, \quad f_I = 0, \text{ if } \sum_{l=1, L} W(l) e_{I(l)} > TW \quad (1)$$

$$f_I = 1 - \left| \sum_{l=1, L} \{V(l) e_{I(l)} - V(l) [1 - e_{I(l)}]\} \right| / \sum_{l=1, L} V(l), \quad V(l) = \sqrt{l} \quad (2)$$

## 3 GAの理論構築の基礎概念と仮定

## 3.1 縮退構造(Degeneracy structure)

(1) Underlying Degeneracy Structure (UDS): まず、遺伝子は、適合度(fitness value), Hamming distance と、同じHDの遺伝子間の構造差異(topology)の3つのclassの情報を持っている。HDとfitness-valueの2軸で張られた平面上における、 $2^L$  個の全ての遺伝子についての頻度分布の曲面形状は、GAの3つの遺伝オペレーターには依存せず、最適化問題の性質を表わしている。また、同じHDかつfitness value で異なるTopologyのもので存在するので縮退している。そこでこの分布を、Underlying Degeneracy Structure (UDS)と呼ぶ。

(2) Time-dependent degeneracy structure (TDS): 各世代における限られた数  $N$  個のHamming distance とfitness-value平面上の頻度分布は、GAの遺伝オペレーターによって時間的に変化する。これを、Time-dependent degeneracy structure (TDS)と呼ぶ。同じ遺伝子の余剰がゆるされる。これは、求めようとしている解である。

(3) Initial degeneracy structure (IDS): 乱数発生により作成された初期世代の  $N$  個の遺伝子の頻度分布を Initial degeneracy structure (IDS) と呼ぶ。

UDS, TDS, IDS の関係の定式化が以下に示される。

### 3.2 基本的な仮定

(1) Topology への非依存性: SGA の挙動は、遺伝子の HD と fitness-value のみに依存し、遺伝子の詳細構造 (Topology) には影響されないということを仮定する。また、最適化問題の差異の進化への影響は、UDS の差異のみによっているとする。

(2) IDS と UDS の関係: IDS と UDS は等しいと仮定する。

(3) 4 群近似: 全ての遺伝子を、HD によって 3 つのグループ [Group A: 最適種 (Best-adapted species), Group B: HD が 1 から  $L_c$  の全ての種, Group C: 残り全ての種] に分ける。さらに、Group B は、Group B1, B2 の 2 つのサブグループに分ける。B1 は、B の fitness-value 方向の頻度分布において、その頻度がピークを持つ時の fitness value の最大 fitness-value を  $f_{B2}$  とすると、 $f_{B2}$  と 1.0 の間の fitness value を持つ種のうちのいずれか 1 つの種とし、残りを B2 とする。なお、ここでは、 $L_c = L/8$  とした。この 4 群近似により、SGA の挙動が予測できるとする。

## 4 SGA の Macroscopic Kinetic Equation

### 4.1 Macroscopic Kinetic Equation

$X_i$  を上記の Group  $i$  ( $i = A, B1, B2, C$ ) の存在確率とする。Crossover においては、まず、Group  $j$  と  $k$  から交叉するペアが選ばれる確率は  $X_j X_k$  であり、ペアの割合は  $\alpha_c$  で、その時、Group  $i$  が生成される割合を  $C_{ijk}$  とすると、 $\sum_{j,k \in \Omega_0} C_{ijk} \alpha_c x_j x_k$  となる。突然変異は、線形効果となる。Replication では、Replication によって増加するものと、消去されるものの候補が、Group  $j$  と  $k$  から選ばれる確率は  $X_j X_k$  で、そこから、Group  $i$  が増加する割合を  $B_{ijk}$  と置くと  $\sum_{j,k \in \Omega_0} B_{ijk} x_j x_k$  となる。 $\Omega_0$  を A, B1, B2, C の集合とすると、存在確率  $X_i$  は、以下の形の方程式を満足する。

$$\frac{dx_i(t)}{dt} = \sum_{j,k \in \Omega_0} C_{ijk} \alpha_c x_j(t) x_k(t) + \sum_{j,k \in \Omega_0} B_{ijk}(F) x_j(t) x_k(t) + \sum_{j \in \Omega_0} M_{ij} \alpha_M x_j(t), \quad (3)$$

$$\sum_{i \in \Omega_0} x_i(t) = 1, \quad 0 \leq x_i(t) \leq 1, \quad \sum_{i \in \Omega_0} C_{ijk} = 0, \quad \sum_{i \in \Omega_0} B_{ijk}(t) = 0, \quad \sum_{i \in \Omega_0} M_{ij} = 0, \\ -1 \leq C_{ijk} \leq 1, \quad -1 \leq B_{ijk}(F) \leq 1, \quad -1 \leq M_{ij} \leq 1, \quad 0 \leq \alpha_c \leq 1, \quad 0 \leq \alpha_M \leq 1,$$

Group B2, C の fitness value  $f$  に対する頻度分布は、 $[f^p (1-f)]^q$  の形 [6] を基準にもつ、以下の bi-modal な分布であると仮定する。

$$F_i(f, t) = \frac{[1 + \omega_i(t)] \beta_i [f^{p_i} (1-f)]^{q_i} / \Phi_i + [1 - \omega_i(t)] (1 - \beta_i) [f^{p_i} (1-f)]^{q_i} / \Phi_i'}{1 - \omega_i(t) + 2 \omega_i(t) \beta_i} \quad (4)$$

$$\omega_i(t) = \Psi_i(t) \varepsilon_i(t) / x_i(t), \quad (i = B2, C)$$

時間変動  $\varepsilon_i(t)$  については、以下に示す。 $\Phi_i, \Phi_i'$  は、Normalized constant である。[5]  $p, q, \beta$  は UDS (IDS) から決まる、頻度分布位置、急峻さ、高さのパラメータである。[5] Group A, B1 の頻度分布は、式 (5) とする。

$$F_A(f) = \delta(f-1), \quad F_{B1}(f) = \delta(f-f_{B1}), \quad f_{B1} = \int_{p_{B2}/(p_{B2}+1)}^1 f F_{B2}(f, 0) df. \quad (5)$$

### 4.2 Crossover coefficient

まず、以下の設定をする。(1) Group B, C をわける Hamming 距離を  $L_c$  とする。(2) 遺伝子の crossover のための cutting point を  $l$  とする。遺伝子座 1 から  $l$  の情報を swap する。(3) crossover する 2 つの遺伝子を  $s1, s2$  と呼び、それぞれ、Group  $j, k$  から選ばれるとする。(4)  $s1, s2$  の Hamming 距離を  $n1, n2$  である。 $n1, n2$  の取り得る範囲は  $n1S < n1 < n1L, n2S < n2 < n2L$  とする。(5)  $s1, s2$  について、crossingpoint の左側において、最適種と同じ値を持つ座数を、 $m1,$

$m_2$ とする。この時、 $s_1, s_2$  のcrossover 後のHamming distance は、それぞれ、 $n_1+m_1-m_2$ ,  $n_2+m_2-m_1$  である。主要Group A,B,C の間の  $C_{ijk}$  は以下の様になる。

$$C_{i,jk} = (C_{i,jk}^* - C_{i,jk}^0) / \sum_{i \in \Omega_0} C_{i,jk}^0 \quad (6)$$

$$C_{i,jk}^* = \sum_{l=1, L} \sum_{(n_1, n_2, m_1, m_2) \in [\Lambda \cap \Omega \cap \Omega_i^*]} C(l, m_1) C(L-l, L-n_1-m_1) C(l, m_2) C(L-l, L-n_2-m_2) \\ + 2 \sum_{l=1, L} \sum_{(n_1, n_2, m_1, m_2) \in [\Lambda \cap \Omega \cap \Omega_i^{**}]} C(l, m_1) C(L-l, L-n_1-m_1) C(l, m_2) C(L-l, L-n_2-m_2)$$

$$C_{i,jk}^0 = \sum_{l=1, L} \sum_{(n_1, n_2, m_1, m_2) \in [\Lambda_i^+ \cap \Lambda \cap \Omega]} C(l, m_1) C(L-l, L-n_1-m_1) C(l, m_2) C(L-l, L-n_2-m_2) \\ + 2 \sum_{l=1, L} \sum_{(n_1, n_2, m_1, m_2) \in [\Lambda_i^{**} \cap \Lambda \cap \Omega]} C(l, m_1) C(L-l, L-n_1-m_1) C(l, m_2) C(L-l, L-n_2-m_2)$$

$$C(l, m) = \frac{l!}{m!(l-m)!}$$

式 (6) の詳細は、Appendix に記す。

なお、A, B1, B2, Cの  $C_{ijk}$  は以下の様に修正される。Group Bの可能な異なる種の数であり、B1とBの存在確率の比  $\delta_1$  は、GAのオペレータが働かない静的な状態では、

$$\delta_1 = 1 / \sum_{l=1, Lc} C(L, l) \quad \text{である。この値を用いて、} L=16 \text{の最終的な} C_{ijk} \text{を表1に示す。}$$

#### 4.3 Mutation coefficient

Mutation coefficient は表2に示す。 $\delta_2 = \delta_1$  である。 $\delta_3$  と  $\delta_4$  は、Group B からCへの拡散確率、Group C からBへの拡散確率である。

$$\delta_3 = [1 - (Lc/L)] C(L, Lc) / \sum_{l=1, Lc} C(L, l), \quad \delta_4 = [1 - (Lc/L)] C(L, Lc) / \sum_{l=1, Lc} C(L, l) \quad (7)$$

#### 4.4 Replication coefficient

##### (a) Critical fitness value

$f_{crit}(t)$  をreplication される遺伝子の最小のfitness value とすると、上記のSGAの場合には、

$$f_{crit}(t) = N Y(t) / (2K) \quad \text{with } Y(t) = \sum_{i=A, B1, B2, C} Y_i(t) x_i(t) \text{ and } Y_i(t) = \int_0^1 f F_i(f, t) df \quad (8)$$

##### (b) Replication coefficient

$\epsilon_i(t)$  を、Group i の  $f_{crit}$  以下の存在確率とすると、それは、

$$\epsilon_i(t) = \int_0^{f_a(t)} F_i(f, t) df \quad \text{with } f_a(t) = \min[f_{crit}(t), 1.0] \quad (9)$$

であり、 $B_{ijk}$  の定義から、その値は、

$$B_{i,jk}(t) = 1 - \epsilon_j(t) \quad (j \neq k \text{ and } i = j), \quad B_{i,jk}(t) = -1 + \epsilon_j(t) \quad (j \neq k \text{ and } i = k), \\ B_{i,jk}(t) = 0 \quad (j = k), \quad B_{i,jk}(t) = 0 \quad (j \neq k, i \neq j, \text{ and } i \neq k) \quad (10)$$

#### 4.5 $\epsilon'_i(t)$ と $\Psi_i(t)$

$$\epsilon'_i(t) = \int_0^{f_a(t)} [f^{p_i} (1-f)^{q_i}] / \Phi_i \quad \text{with } f_a(t) = \min[f_{crit}(t), 1.0] \quad (11)$$

$$\Psi_i(t) = [1 - \epsilon_i(t)] x_i(t) \quad (12)$$

#### 4.6 Initial Probability

## 4.6.1 各Groupの初期存在確率

式(13)で表わされる。

$$\begin{aligned}
 x_{A,t=0} &= CI / 2^L, & x_{B1,t=0} &= \gamma CI \sum_{l=1,L} C(L,l) / 2^L, \\
 x_{B2,t=0} &= (1-\gamma) CI \sum_{l=1,L} C(L,l) / 2^L, \\
 x_{C,t=0} &= 1 - x_{A,t=0} - x_{B,t=0}, & \gamma &= \int_{p_{B2}/(p_{B2}+1)}^1 F_{B2}(f,0) df.
 \end{aligned}
 \tag{13}$$

CIの値は、ここでは1.0とした。CIを1.0以下とした結果は文献[5]を参照。

## 4.6.2 Fitness value に沿った初期頻度分布

Problem 1,2,3の $F_i(f,0)$ を、図1に示す。Problem 1と2の差異は、分布の急峻さであり、Problem 3の特徴は、Group Bのfitness valueがCの平均値よりも低いことである。

## 5 Parametric study

## 5.1 遺伝オペレーターの活性度変化

図2、3、4にProblem 1におけるReplication rate(しきい値 $K$ )、Crossover rate, Mutation rate 変化が与える影響の予測とSGAの結果を示す。(1000世代目)しきい値変化では、最適種の存在確率は $K=400$ 付近で最大であり、Mutation, Crossover rateに対しては、大きな値では広がらないことを、ある程度予測できている。

図5は、図2の $K=450$ における、存在確率の時間推移である。以下の特徴が見られる、(1)初めにGroup B(最適種の回りの多様性)が広がる。(2)準定常状態で存在確率が振動する。

また、Crossoverは、初期世代の存在確率の外乱に対して、進化過程を安定化させる効果を持つことがわかった。[5]

## 5.2 環境変化

## (a) 整数分割問題(Problem 2)

Problem 2のタイプでは、最適解どころか、Group Bすら広がらない。[5]

## (b) 準大進化の環境(Problem 3)

図6には、Problem 3の存在確率の時間推移を示す。最適解が広がることがわかる。特徴的なことは、図5と異なり、Group Bの存在確率が増加しないことである。

## 5.3 遺伝子長バリエーション

図7は、 $L=64$ の場合のProblem 1における存在確率であるが、Group B1(準種)が広がる。

## 6 GAの進化過程に見られる本質的な姿

## 6.1 Crossoverの役割

図8は、Group A, Bが、ある存在確率の状態にあるとき、次の時刻に存在確率がどちらにシフトするかをCrossoverとMutation coefficients(表1、2)のそれぞれから求めたものである。重要なことは、Mutationはほとんどの状態で最適種を減少させるが、Crossoverは、Bが多い場合には、最適種の増加をもたらすことである。つまり、 $dX_A/dt=0$ の曲線の上側を通れば、Crossoverの性質を利用した進化の加速が可能である。図5の小進化では、Crossoverを有効利用しているが、準大進化(図6)に対しては、Crossoverは中立的であることがわかる。

## 6.2 SGAの中のChaos

図9は、Problem 1で、 $K=250, 450$ の場合の準定常状態での存在確率の振動を示す。Kの増加、つまり、Replication rateの増加につれて、Chaosから周期振動へ遷移しており、Chaosの片端で進化は最も進むことがわかる。

## 7 結論

CRAY YMP-1で、SGAの一回のCPUは36.7 secに対して、巨視的方程式は1.1 secであり、'人工直感モデル'として使える可能性がある。

References

1. Edelman, G.M. (1989) Neural Darwinism, Oxford University Press, Oxford.
2. Eigen, M. (1989) Steps toward Life, Oxford University Press, Oxford.
3. Goldberg, D.E. (1989) Genetic Algorithm. Addison-Wesley Publishing Company Inc.
4. 北野編 (1993) 遺伝的アルゴリズム、産業図書
5. Naitoh, K. (1995) Four-Group Equation of Genetic Algorithm, JSME Int. J, Series C, Vol. 38, No.2
6. Smith, M. (1992) Evolutionary Genetics, Oxford University Press, Oxford.

Appendix

$$\Lambda = \left\{ (n_1, n_2) : (n_{1S} \leq n_1 \leq n_{1L}) \text{ and } (n_{2S} \leq n_2 \leq n_{2L}) \right\}$$

$$\Omega = \left\{ (m_1, m_2) : \begin{array}{l} m_1 \leq L - n_1 \text{ and } m_2 \leq L - n_2 \text{ and } m_1 \leq l \text{ and } m_2 \leq l \\ \text{and} \\ m_1 \geq l - k_1 \text{ and } m_2 \geq l - k_2 \end{array} \right\}$$

$$\Omega_A^+ = \left\{ (m_1, m_2) : \begin{array}{l} [(n_1 + m_1 - m_2 = 0) \text{ and } (n_2 + m_2 - m_1 \neq 0)] \\ \text{or} \\ [(n_1 + m_1 - m_2 \neq 0) \text{ and } (n_2 + m_2 - m_1 = 0)] \end{array} \right\}$$

$$\Omega_A^{++} = \left\{ (m_1, m_2) : (n_1 + m_1 - m_2 = 0) \text{ and } (n_2 + m_2 - m_1 = 0) \right\}$$

$$\Omega_B^+ = \left\{ (m_1, m_2) : (1 \leq n_1 + m_1 - m_2 \leq Lc) \text{ and } (1 \leq n_2 + m_2 - m_1 \leq Lc) \right\}$$

$$\Omega_B^+ = \left\{ (m_1, m_2) : \begin{array}{l} [(1 \leq n_1 + m_1 - m_2 \leq Lc) \text{ and } (n_2 + m_2 - m_1 = 0 \text{ or } Lc < n_2 + m_2 - m_1)] \\ \text{or} \\ [(n_1 + m_1 - m_2 = 0 \text{ or } Lc < n_1 + m_1 - m_2) \text{ and } (1 \leq n_2 + m_2 - m_1 \leq Lc)] \end{array} \right\}$$

$$\Omega_C^+ = \left\{ (m_1, m_2) : \begin{array}{l} [(Lc < n_1 + m_1 - m_2 \leq L) \text{ and } (n_2 + m_2 - m_1 \leq Lc)] \\ \text{or} \\ [(n_1 + m_1 - m_2 \leq Lc) \text{ and } (Lc \leq n_2 + m_2 - m_1 \leq L)] \end{array} \right\}$$

$$\Omega_C^{++} = \left\{ (m_1, m_2) : (Lc < n_1 + m_1 - m_2 \leq L) \text{ and } (Lc \leq n_2 + m_2 - m_1 \leq L) \right\}$$

$$\Lambda_A^+ = \left\{ (n_1, n_2) : (n_1 = 0 \text{ and } n_2 \neq 0) \text{ or } (n_1 \neq 0 \text{ and } n_2 = 0) \right\}$$

$$\Lambda_A^{++} = \left\{ (n_1, n_2) : (n_1 = 0 \text{ and } n_2 = 0) \right\}$$

$$\Lambda_B^+ = \left\{ (n_1, n_2) : [(1 \leq n_1 \leq Lc) \text{ and } (n_2 = 0 \text{ or } Lc < n_2)] \text{ or } [(n_1 = 0 \text{ or } Lc < n_1) \text{ and } (1 \leq n_2 \leq Lc)] \right\}$$

$$\Lambda_B^{++} = \left\{ (n_1, n_2) : (1 \leq n_1 \leq Lc) \text{ and } (1 \leq n_2 \leq Lc) \right\}$$

$$\Lambda_C^+ = \left\{ (n_1, n_2) : [(Lc < n_1 \leq L) \text{ and } (n_2 \leq Lc)] \text{ or } [(n_1 \leq Lc) \text{ and } (Lc \leq n_2 \leq L)] \right\}$$

$$\Lambda_C^{++} = \left\{ (n_1, n_2) : (Lc < n_1 \leq L) \text{ and } (Lc \leq n_2 \leq L) \right\}$$

Table 1(a) Crossover coefficients (L = 16 and Lc = 2)

	$\delta x_A$	$\delta x_{B1}$	$\delta x_{B2}$	$\delta x_C$
A x B	$C_{A,AB} = -0.167$	$C_{B1,AB1} = 0.167$	$C_{B2,AB2} = 0.167$	$C_{C,AB} = 0$
A x C	$C_{A,AC} = -0.370$	$C_{B1,AC} = 0.226 \delta_1$	$C_{B2,AC} = 0.226 (1 - \delta_1)$	$C_{C,AC} = 0.144$
B x B	$C_{A,BB} = 0.0419$	$C_{B1,BB} = 0$	$C_{B2,BB} = -0.249$	$C_{C,BB} = 0.207$
C x B	$C_{A,BC} = 2.0 \times 10^{-3}$	$C_{B1,BC} = -0.364$	$C_{B2,BC} = -0.364$	$C_{C,BC} = 0.362$
C x C	$C_{A,CC} = 5.00 \times 10^{-6}$	$C_{B1,CC} = 1.51 \times 10^{-3} \delta_1$	$C_{B2,CC} = 1.51 \times 10^{-3} (1 - \delta_1)$	$C_{C,CC} = -1.510005 \times 10^{-3}$

Table 2 Mutation coefficients

	$\delta x_A$	$\delta x_{B1}$	$\delta x_{B2}$	$\delta x_C$
Mutation of A	$M_{A,A} = -1$	$M_{B1,A} = \delta_1$	$M_{B2,A} = 1 - \delta_1$	$M_{C,A} = 0$
Mutation of B1	$M_{A,B1} = 0$	$M_{B1,B1} = -1$	$M_{B2,B1} = 1 - \delta_1$	$M_{C,B1} = \delta_1$
Mutation of B2	$M_{A,B2} = 0$	$M_{B1,B2} = 0$	$M_{B2,B2} = -\delta_1$	$M_{C,B2} = \delta_1$
Mutation of C	$M_{A,C} = 0$	$M_{B1,C} = \delta_1 \delta_1$	$M_{B2,C} = \delta_1 (1 - \delta_1)$	$M_{C,C} = -\delta_1$

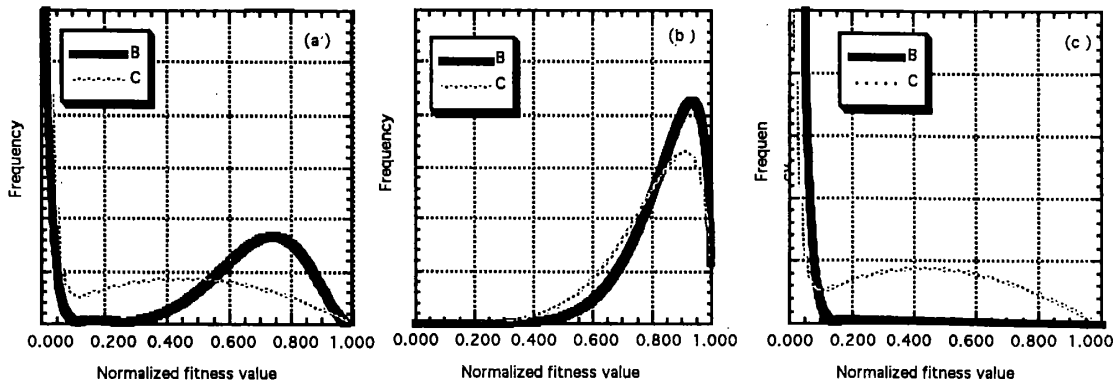


Fig. 1 Environments for Problems 1, 2, and 3  
 (a) UDS for Problem 1. (b) UDS for Problem 2. (c) UDS for Problem 3.

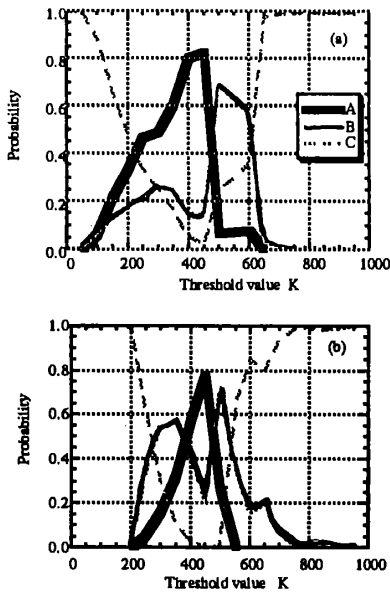


Fig. 2 Appearance probabilities for Problem 1 with  $L = 16$ ,  $N = 1000$ ,  $\alpha c = 0.2$ ,  $\alpha M = 0.05$ , and  $K = 0 - 1000$ .  
 (a) prediction for IC1.  
 (b) experimental result

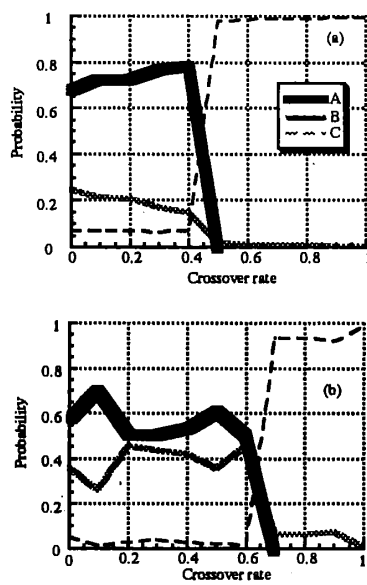


Fig. 3 Appearance probabilities for Problem 1 with  $L = 16$ ,  $N = 1000$ ,  $\alpha c = 0.0 - 1.00$ ,  $\alpha M = 0.05$ , and  $K = 400$ .  
 (a) prediction for IC1.  
 (b) experimental result

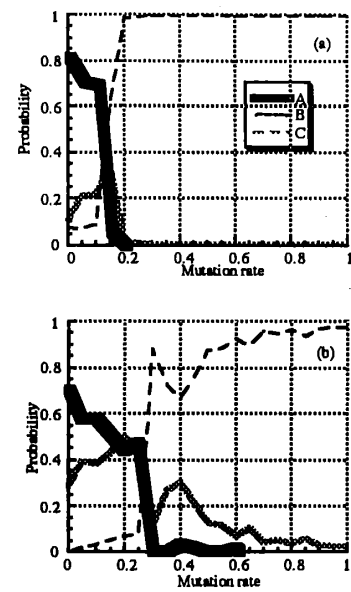


Fig. 4 Appearance probabilities for Problem 1 with  $L = 16$ ,  $N = 1000$ ,  $\alpha c = 0.200$ ,  $\alpha M = 0.00 - 1.0$ , and  $K = 400$ .  
 (a) prediction for IC1.  
 (b) experimental result

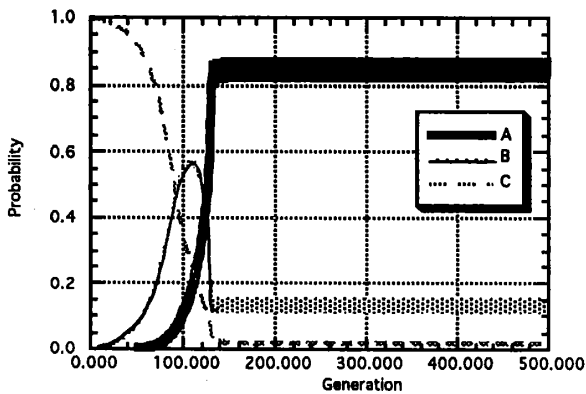


Fig.5 Time-dependent appearance probabilities for Problem 1 with  $L = 16$ ,  $N = 1000$ ,  $\alpha c = 0.2$ ,  $\alpha M = 0.05$ , and  $K = 450$ . (prediction)

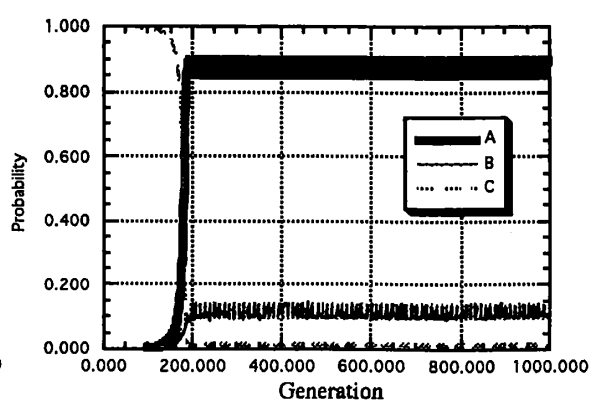


Fig.6 Time-dependent appearance probabilities for Problem 3 with  $L = 16$ ,  $N = 1000$ ,  $\alpha c = 0.2$ ,  $\alpha M = 0.05$ , and  $K = 450$ . (prediction)

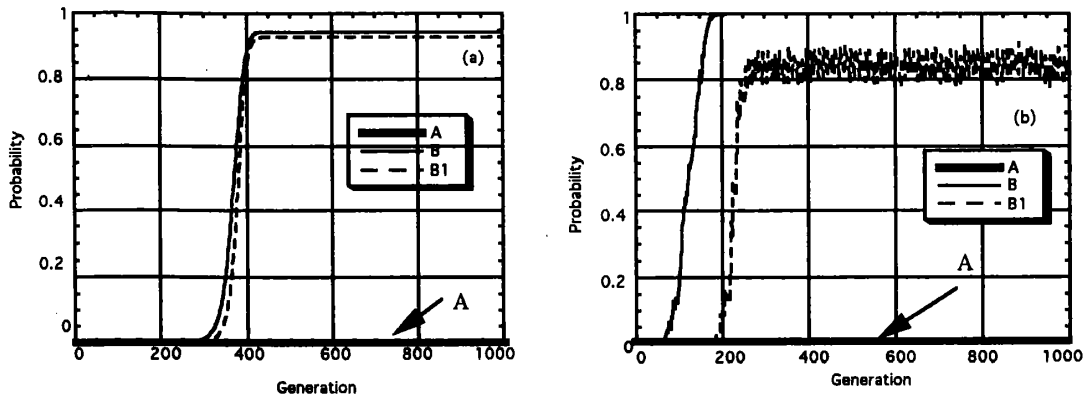


Fig. 7 Time-dependent appearance probabilities for Problem 4 with  $L = 64$ ,  $N = 1000$ ,  $\alpha c = 0.20$ ,  $\alpha M = 0.05$ , and  $K = 450$ . (a) prediction for IC1. (b) experimental result

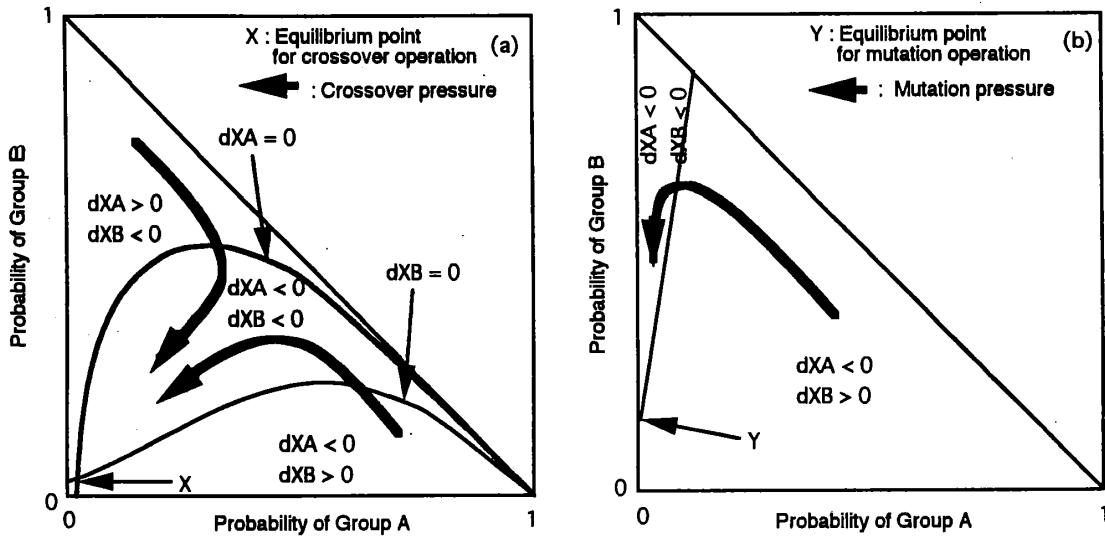


Fig. 8 Crossover and mutation pressures (a) Crossover. (b) Mutation

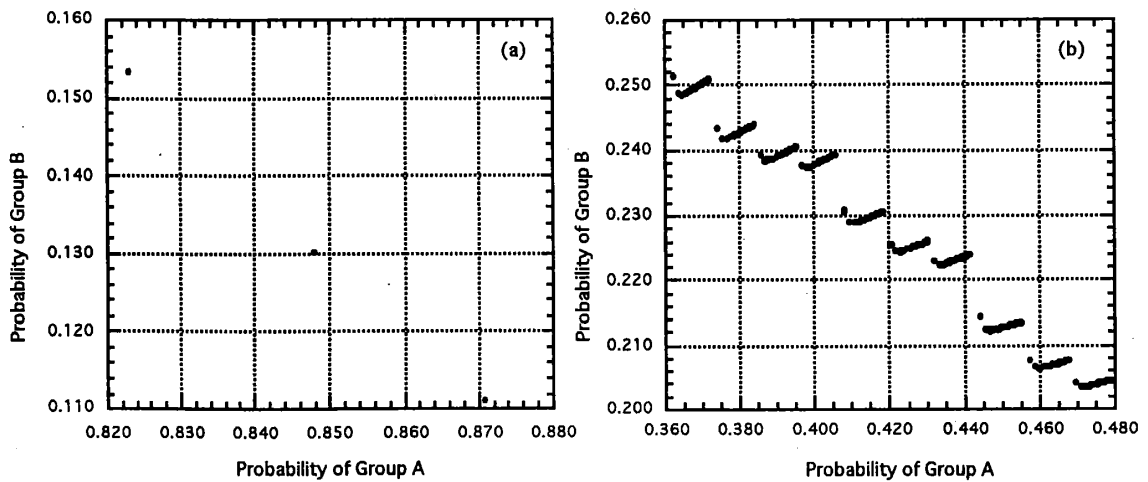


Fig. 9 Periodic oscillation and chaos in the predicted results for Problem 1 with  $L = 16$ ,  $N = 1000$ ,  $\alpha c = 0.200$ , and  $\alpha M = 0.05$ . (a)  $K = 450$ . (b)  $K = 250$