

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のものが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看做する。

(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 α_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。 Ω_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。

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

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

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。 Φ_i, Φ_i' は、Normalized constant である。[5] p, q, β 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。

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

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

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

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

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 δ_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。 δ_3 と δ_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

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

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

であり、 B_{ijk} の定義から、その値は、

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

4.5 $\varepsilon'_i(t)$ と $\Psi_i(t)$

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

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

4.6 Initial Probability

4.6.1 各Groupの初期存在確率

式(13)で表わされる。

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

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、最適種が存在確率は $K=400$ 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

$$\begin{aligned}
\Lambda &= \{ (n_1, n_2): (n_{1S} \leq n_1 \leq n_{1L}) \text{ and } (n_{2S} \leq n_2 \leq n_{2L}) \} \\
\Omega &= \{ (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} \} \\
\Omega_A^+ &= \{ (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} \} \\
\Omega_A^{++} &= \{ (m_1, m_2): (n_1 + m_1 - m_2 = 0) \text{ and } (n_2 + m_2 - m_1 = 0) \} \\
\Omega_B^+ &= \{ (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) \} \\
\Omega_B^+ &= \{ (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} \} \\
\Omega_C^+ &= \{ (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} \} \\
\Omega_C^{++} &= \{ (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) \} \\
\Lambda_A^+ &= \{ (n_1, n_2): (n_1 = 0 \text{ and } n_2 \neq 0) \text{ or } (n_1 \neq 0 \text{ and } n_2 = 0) \} \\
\Lambda_A^{++} &= \{ (n_1, n_2): (n_1 = 0 \text{ and } n_2 = 0) \} \\
\Lambda_B^+ &= \{ (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)] \} \\
\Lambda_B^{++} &= \{ (n_1, n_2): (1 \leq n_1 \leq Lc) \text{ and } (1 \leq n_2 \leq Lc) \} \\
\Lambda_C^+ &= \{ (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)] \} \\
\Lambda_C^{++} &= \{ (n_1, n_2): (Lc < n_1 \leq L) \text{ and } (Lc \leq n_2 \leq L) \}
\end{aligned}$$

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

	δx_A	δx_{B1}	δx_{B2}	δx_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

	δx_A	δx_{B1}	δx_{B2}	δx_C
Mutation of A	$M_{A,A} = -1$	$M_{B1,A} = \delta_3$	$M_{B2,A} = 1 - \delta_3$	$M_{C,A} = 0$
Mutation of B1	$M_{A,B1} = 0$	$M_{B1,B1} = -1$	$M_{B2,B1} = 1 - \delta_3$	$M_{C,B1} = \delta_3$
Mutation of B2	$M_{A,B2} = 0$	$M_{B1,B2} = 0$	$M_{B2,B2} = -\delta_3$	$M_{C,B2} = \delta_3$
Mutation of C	$M_{A,C} = 0$	$M_{B1,C} = \delta_3 \delta_4$	$M_{B2,C} = \delta_4 (1 - \delta_3)$	$M_{C,C} = -\delta_4$

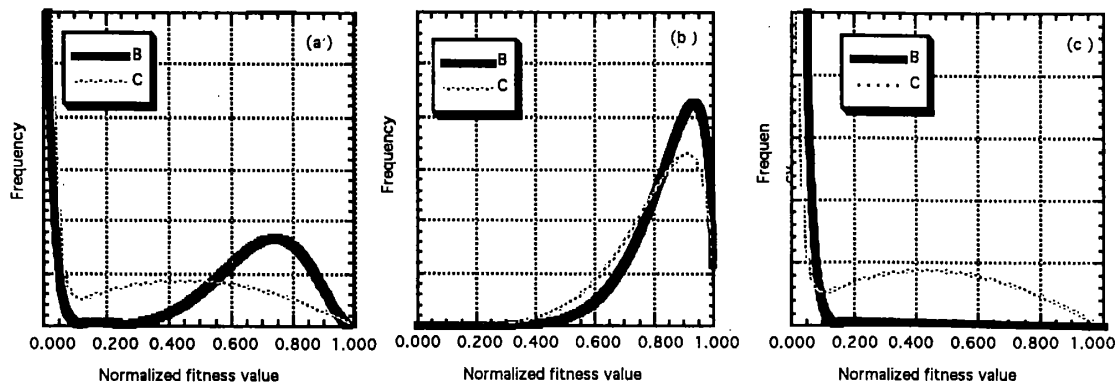
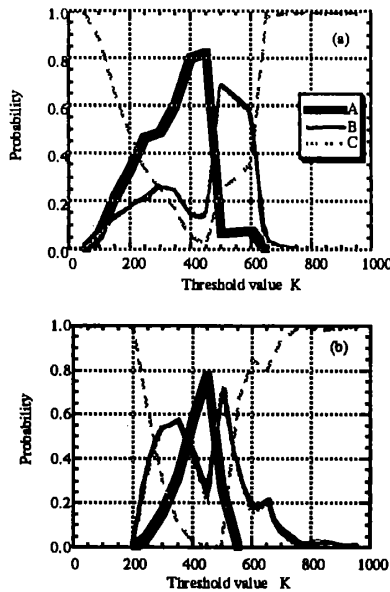
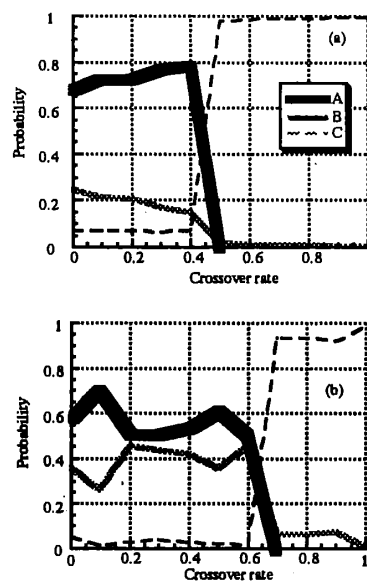
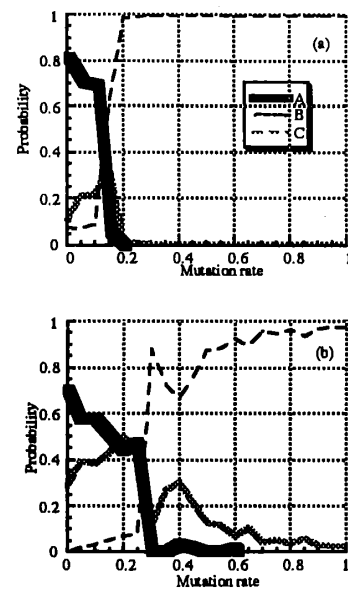
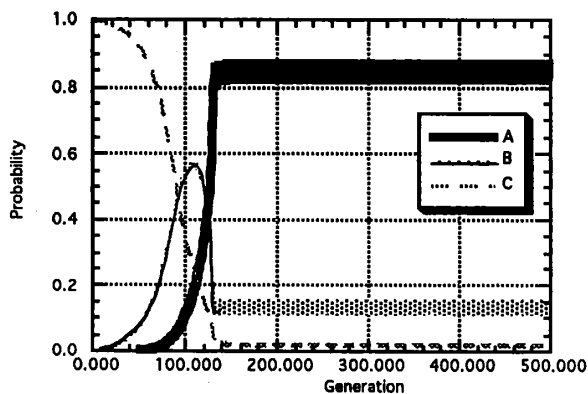
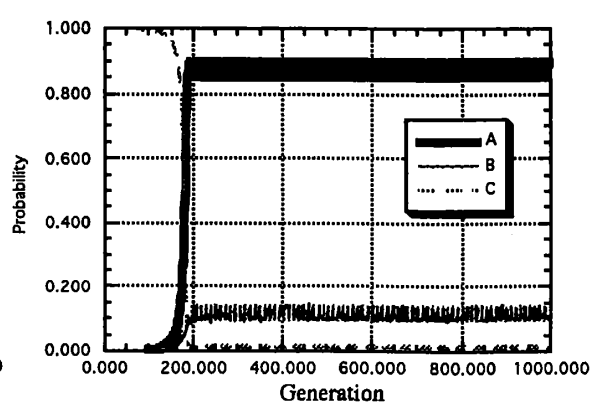


Fig. 1 Environments for Problems 1, 2, and 3

(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 resultFig. 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 resultFig. 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 resultFig.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)

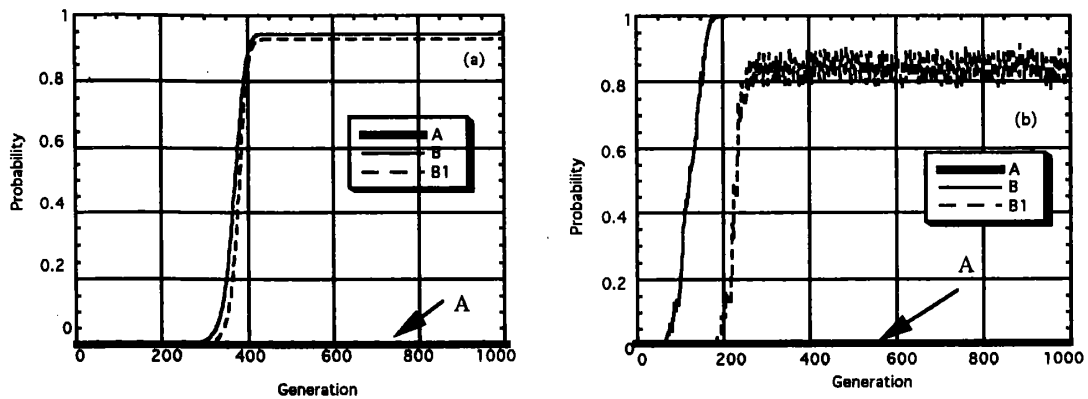


Fig. 7 Time-dependent appearance probabilities for Problem 4 with $L = 64$, $N = 1000$, $\alpha c = 0.20$, $\alpha M = 0.05$, and $K = 450$. (a) prediction for IC1. (b) experimental result

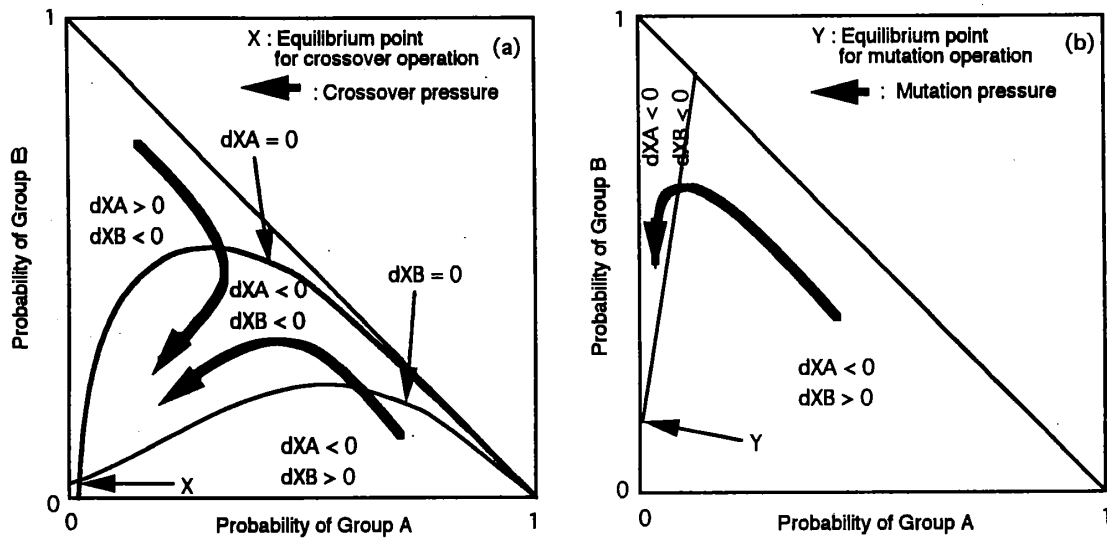


Fig. 8 Crossover and mutation pressures (a) Crossover. (b) Mutation

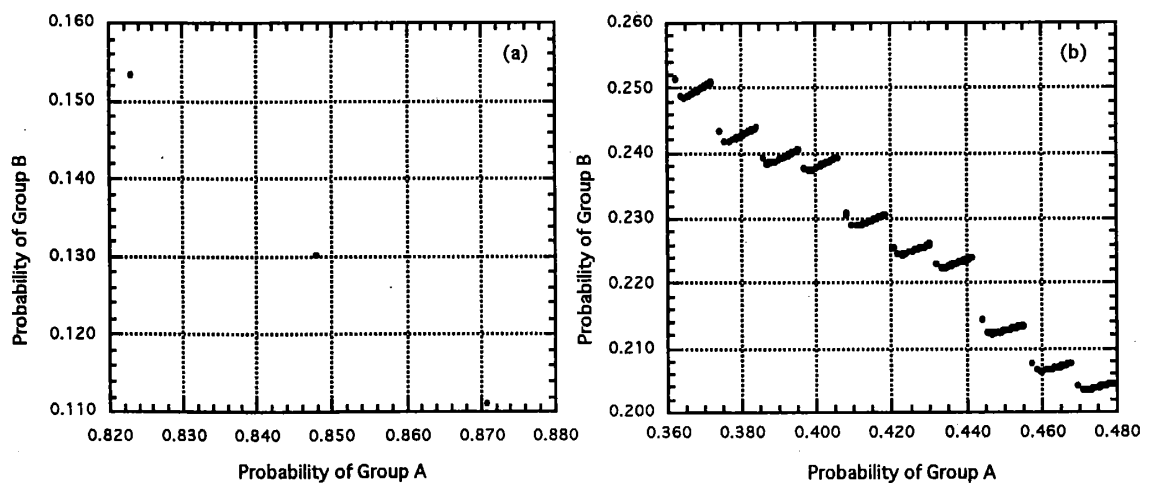


Fig. 9 Periodic oscillation and chaos in the predicted results for Problem 1 with $L = 16$, $N = 1000$, $\alpha c = 0.200$, and $\alpha M = 0.05$. (a) $K = 450$. (b) $K = 250$