

# 結合演化優勢之基因演算法研究

## A new approach of combining advantages of evolution in genetic algorithm

孫光天<sup>1</sup>, 林怡君<sup>2</sup>, 黃悅民<sup>2\*</sup>

<sup>1</sup>National University of Tainan, Taiwan <sup>2</sup>National Cheng Kung University, Taiwan

[tksun@mail.nutn.edu.tw](mailto:tksun@mail.nutn.edu.tw)

[huang@mail.ncku.edu.tw](mailto:huang@mail.ncku.edu.tw)

### 摘要

*Although genetic algorithms is a search methods based on Darwin's Theory, the reproductive technology of biological evolution is not to be considered. For this reason, we proposed a new approach called "evolutionary genetic algorithm" that improves the efficiency and the quality of the simple genetic algorithm (GA) in constructing parallel tests. The basic principle of this evolutionary genetic algorithm combines two theories. One is that of genetic diversity, which is beneficial to species evolutionary existence. The other is eugenic theory, which can increase the probability of finding better offspring. We take 0-1 knapsack problem as an example to simulate evolution process using different size of populations and generations. Experimental results show that our approach is much better than the simple genetic algorithm in terms of time efficiency and solution quality.*

Keywords: genetic algorithm, 0-1 knapsack problem, genetic diversity, eugenic theory.

基因演算法(genetic algorithm)雖然係以達爾文(Darwinian Theory)為基礎而發展出來的搜尋技術。然而,生物學(biology)專家長期研究有助於大自然界生物演化繁殖之技術,並未被考量於其中。故本研究提出一新的演算方法,稱為"演化式基因演算法"(evolutionary genetic algorithm),其基本概念主要結合二個理論:一個為大自然界中有助於物種(species)繁衍的關鍵因素,即基因多樣性(genetic diversity)之概念;另一個為遺傳學(genetics)中,有助於提高繁殖出較優質子代(offspring)機率的優生學理論(eugenic theory)。我們以 0-1 背包問題(0-1 knapsack problem)為例,進行不同族群大小與代數之模擬,實驗結果顯示,本研究所提出之方法,在時間效率和解答品質上都比傳統基因演算法有效率且結果更佳。實驗證明,本研究所提之演化式基因演算法之效能比傳統基因演算法為佳。

關鍵詞:基因演算法,0-1 背包問題,基因多樣性,優生學理論

### 1. 簡介

基因演算法(genetic algorithm)[9],是以達爾文進化論文基礎所發展出的搜尋策略,由一族群(population)大量解中去尋找最佳解,由於設計方法簡單,容易針對所要解決的問題進行修改,因此已廣泛運用於各領域求最佳解之問題上。[6-7, 13]

雖然基因演算法於一般性的搜尋問題上,已具有不錯的效能[3, 8, 11],但當用於具有多目標(multiple objectives)以及多限制條件(constraints)等...特殊問題求解時,效能上仍受限制。因此,在解決這些特殊問題時,基因演化的運作方式(genetic operators)以及參數的設定(parameters setting)等...都將會是影響搜尋最佳解效能之重要因素。近年來,許多研究學者也致力於相關的研究問題上[2, 10, 15]。

由於基因演算法在全域搜尋時,並不考慮個體間差異性[14],當編碼字串異質性不夠時,將導致基因演算法只能搜尋到整體的區域(local)最佳解(good solutions),而無法搜尋到全域最佳解。此外,若要在一些不錯解中找更佳解,則須集中搜尋這些不錯解附近之空間,以提高獲得最佳解之機率。

因此,一個有效率的搜尋策略,應是要保持群體分佈的多樣性(diversity),並同時能考量到最佳解收斂性,然而此兩特性互相抵觸,因此要如何如何在兩者間取得一平衡的關係,使其能夠在考量收斂性的同時,兼顧到群體的多樣性。在本文將針對這問題,提出一新的演算方法稱為"演化式基因演算法"(evolutionary genetic algorithm),它將修正原本基因演算法(如圖一)運作方式,將基因多樣性與優生學理論加入,使基因演算法更具"演化"的優點。

自然界的生命系統中,存在具有不同的或不相似的特性之個體,該個體變異的程度謂之生物歧異度(bio-diversity)或生物多樣性(polymorphism)[5]。多樣性是生命系統中最基本的特性,天擇(natural selection)並不產生歧異,交配(crossover)、突變(mutation)才是創造多樣性的重

要過程。因此在自然界環環相扣的嚴密系統中，多樣性保證“物競天擇”環境下，使生物在不斷進化中，更容易演化出適合環境之物種[5]。

所以，當兩個親代染色體經由交配後產生兩個子代染色體時，若先檢查新的兩個子代之差異( diversity)以及子代與族群內物種之差異，當差異性大於預設門檻時，才被選入演化族群中，否則淘汰掉，此時，將保證族群內物種多樣性，可更有效的演化出適合環境之物種。

此外，根據優生學理論，例如：種豬(stud)的選育，當選擇兩個較佳的個體(individuals)來進行交配時，將會有更高的機率產生較優良的子代(offspring)[1]。因此，在每一代的演化過程中，選擇較佳的個體來進行交配，將可更有效快速的找到較佳的解。

故本研究將結合上述這兩種理論的優點，改進基因演算法之效率。為驗證本研究提方法之效能，我們選擇一 NP-hard 問題[12]: 0-1 背包問題(0-1 knapsack problem)進行模擬實驗。儘管利用簡單基因演算法就可以有效的求得 0-1 背包問題不錯的答案，但在時間效率以及結果品質上仍有改進空間。因此，本研究結合了基因多樣性和優生學這兩種理論，以進一步改善演化的品質。

實驗結果顯示，結果品質改善率可達 18.43%，執行代數改善率可達 20.66%，驗證了本研究提方法之效能，是遠優於傳統基因演算法。

## 2. 演化式基因演算法

為了證明演化式基因演算法的有效性，我們首先簡單地說明比較以下三種概念之演算方法，分別為基因多樣性、優生學理論、以及結合基因多樣性和優生學理論之演化式基因演算法。

(1) 基因多樣性方法 (Genetic Diversity Method, 簡稱 GDM): 該方法的主要基本概念是在演算過程中，盡量提高每個個體(individual)的差異度。在演算過程中，每個個體將以一維染色體來表示，當個體之間的距離夠大時(ex. 當距離大於預先設定的門檻值)，才會被選入下一代的演化母群中。換言之，此技巧之目的，即是使個體能在演化過程產生最大差異的子代個體集合。

(2) 優生學理論方法(Eugenic Theory Method, 簡稱 ETM): 此演算方法之技巧在於只考慮個體適合度函數值的大小，而不考慮個體之間之距離。當適合度越大(error 值越小)者，則優先保留至下一代的母群中，進行複製、交配、突變。此技巧之應用能夠在演化過程中具較高的機率產生較佳的下一子代。

(3) 演化式基因演算法(Evolutionary Genetic Algorithm, 簡稱 EGA): 演化式演算方法主要結合上述兩項演算方法之技巧，即是同時考慮個體之多樣性以及區域最佳解對有效找尋最佳解之影響。因此，在演化過程的前半段，將以多樣性優先法為優

先考量，盡量提高個體的差異程度，以避免落入區域最佳解，並且盡可能地擴大搜尋的空間；接著，演化後半段即將應用優生學之理論，在不錯的解(candidates)附近找尋最佳解，以此來演化出較佳的下一子代。本研究將大自然之演化特性應用於演化式演算法中，依據這些特性，將其考量於不同階段的演化過程，來提高找尋最佳解之效能。

上述三種演算方法，實際應用之步驟詳細說明如下：

### (1) 多樣性優先法 Genetic Diversity Method (GDM)

多樣性優先法(GDM)，主要原理是參考自然界中個體多樣性，可更適合族群生存的現象；個體之間需維持一定程度的差異(diversity)來面對天擇的挑戰，而不至於瀕臨滅絕的狀態。因此，此演算法將在選擇過程盡量維持個體之多樣性。

為了達到基因多樣性之目的，本研究在選取每一代演化過程，進行完交配運算後所產生的兩子代將進行如下選取動作：

(1) 當兩子代皆不是合理解，則不列入演化母群中；(2) 當兩個子代，一個為合理解，一個為不合理解，則計算合理解的子代與母群中其他解之距離，假如，距離大於預先設定的門檻值，則該子代將被選入演化母群中；(3) 當兩個子代皆為合理解時，首先計算兩子代之間的距離( $d_{12}$ )，若距離小於門檻值( $d_{\theta}$ )，分別計算兩子代個體( $P_1'$  與  $P_2'$ ) 與母群( $P_k$ ) 之最小距離( $d_1^{min}$  與  $d_2^{min}$ )，具較大距離且大於門檻值之子代將被選入下一代的母群中；若兩子代之間的距離大於等於門檻值，則將分別計算兩子代個體與母群個體之最小距離，若距離大於等於門檻值，則將該子代選入下一代母群中。其多樣性優先方法之演算步驟如下：

/\* The selection process of GDM for two offspring

$P_1'$  and  $P_2'$  after the crossover operation of GA \*/

(1) Set the threshold value of distance:  $d_{\theta}$ .

(2) Selecting offspring  $P_1'$  or  $P_2'$

(2.1) if  $P_1'$  and  $P_2'$  are both infeasible

then regenerate two offspring  $P_1'$   
and  $P_2'$

(2.2) if only  $P_1'$  (or  $P_2'$ ) is feasible

then

compute the distance between  $P_1'$  (or  $P_2'$ ) and other solutions  $P_k$  in population  $P$

$d_1^{min} = \min\{\text{distance}(P_1', P_k), \forall P_k \in P\}$

$d_2^{\min} = \min\{\text{distance}(P_2', P_k), \forall P_k \in P\}$   
**if**  $d_1^{\min}$  (or  $d_2^{\min}$ )  $\geq d_\theta$   
     **then** select  $P_1'$  (or  $P_2'$ )  
**else** regenerate offspring  $P_1'$  and  $P_2'$   
 (2.3) **if**  $P_1'$  and  $P_2'$  are both feasible  
     **then**  
         compute the distance  $d_{12}$  between  $P_1'$   
         and  $P_2'$   
         compute the distance  $d_1^{\min}$   
         between  $P_1'$  and other solutions  
          $P_k$  in population  $P$   
         compute the distance  $d_2^{\min}$   
         between  $P_2'$  and other solutions  
          $P_k$  in population  $P$   
     **if**  $d_{12} < d_\theta$   
         **then** **if**  $d_1^{\min} > d_2^{\min}$  and  $d_1^{\min} \geq d_\theta$   
             **then** select  $P_1'$   
             **elseif**  $d_2^{\min} \geq d_1^{\min}$  and  $d_2^{\min} \geq d_\theta$   
                 **then** select  $P_2'$   
             **else** regenerate offspring  $P_1'$   
                 and  $P_2'$   
     **if**  $d_{12} \geq d_\theta$   
         **then**  
             **if**  $d_1^{\min} \geq d_\theta$  **then** select  $P_1'$   
             **if**  $d_2^{\min} \geq d_\theta$  **then** select  $P_2'$   
             **if**  $d_1^{\min} < d_\theta$  and  $d_2^{\min} < d_\theta$  **then**  
                 regenerate offspring  $P_1'$  and  $P_2'$

## (2) 優生學理論方法 Eugenic Theory Method (ETM)

優生學理論方法的主要概念是，將交配後兩個子代，挑其中”品質”較好者進入母群，以期望加入後可產生更好的下一代；然而，掉入區域最佳解的機率也會因此而增加。此方法在交配完後，兩子代選取方式設計如下：(1)若兩子代皆不是合理解，則不列入演化母群中；(2)若一個為合理解，另一個為不合理解，則合理解子代放入母群中；(3)若兩個子代均為合理解時，則以適合度值較高(誤差較小)者選入母群中。其演算方法如下：

/\* The selection process of ETM for two offspring

$P_1'$  and  $P_2'$  after the crossover operation of GA \*/  
**if**  $P_1'$  and  $P_2'$  are both feasible  
     **then** select the smaller of  $P_1'$  and  $P_2'$   
**elseif** only  $P_1'$  (or  $P_2'$ ) is feasible, **then** select  
     the feasible solution  $P_1'$  (or  $P_2'$ )  
**else** regenerate offspring  $P_1'$  and  $P_2'$

## (3) 演化式基因演算法 (Evolutionary Genetic Algorithm, EGA)

演化式基因演算法是結合基因多樣性與優生學理論之優點，在演化初期，我們採用基因多樣性方法，可廣泛搜尋整個問題空間，以避免掉入區域最佳解，因此在演化過程的前半段代數，以多樣性考慮，儘量擴大探索空間，在滿足多樣性搜尋後，則應用優生學理論之概念，選取部份較佳的個體，做小區域密集性搜尋最佳解，而不再考慮多樣性(例如：演化代數設定為 1000 代時，前 200 代採 GDM，後 800 代採 ETM)，此方法不但提高了找到最佳解之效率，也同時時提高了解答之品質。其演算方法如下：

/\* The selection process of EGA for two offspring  
 $P_1'$  and  $P_2'$  after the crossover operation of GA \*/  
 (1) Initially, set *gener\_no* to 1  
 (2) **Repeat**  
     **if** *gener\_no* < 1/2 generation\_number /\*  
         *gener\_no* is the index of generations \*/  
         **then** apply the GDM  
     **else** apply the ETM  
     *gener\_no* = *gener\_no* + 1  
**Until** *gener\_no* = generation\_number

## 3. 效能評估

為驗證本方法之效能，我們選擇 0-1 背包問題 (0-1 knapsack problem) 進行模擬實驗，而 0-1 背包問題為一經典的組合優化問題，已被證明是一個 NP-hard 問題，此問題可簡要說明如下：

有  $n$  個物件，每物件 ( $x_i$ ) 具有其重量 ( $w_i$ ) 及利潤 ( $p_i$ )，如何在一重量容量為  $M$  之背包中 (所有物件重量總和遠超過  $M$ )，放入最多物件，使得利潤

最大；其公式定義為：

$$\begin{aligned} \text{Max } & \sum_{i=1}^n p_i x_i, \text{ 滿足條件} \\ & \sum_{i=1}^n w_i x_i \leq M, \quad x_i \in \{0,1\} \end{aligned} \quad (1)$$

在模擬實驗中，以電腦隨機產生 100 個測試例子 (samples)，容量大小  $M$  產生範圍為 10000~20000(單位)；物件數量 1000 個，每一物件重量  $w_i$  範圍為 1 ~ 1000(單位)；利潤  $p_i$  範圍為 1~1000。分別模擬三種不同族群大小：40、80 與 100，並比較不同代數演化後之結果。

在基因演算法參數設定上，取其平均值，個體距離之門檻值為 5。接著，分別計算不同物件數目 (population size) 分別為 40、80、100 時，於不同代數下(1~500)，簡單基因演算法(SGA)與演化式基因演算法(EGA)之平均誤差值(如表一)。EGA 方法在交配率( $p_c$ )、突變率( $p_m$ )與複製率( $p_r$ )均與傳統基因演算法(SGA)相同( $p_c = 89.95\%$ 、 $p_r = 10\%$ 、 $p_m = 0.05\%$ )，只有在交配後選取進入母群中方式修改(採用演化式基因演算法，如前所述)，在前 10% 代數中，我們以 GDM 增加其多樣性，後面 90% 則採優生學理論以輪盤選取法(roulette selection)，選取較佳子代進入演化；而傳統 SGA 則完全採用輪盤選取法。此外，本實驗設定之距離門檻值( $d_\theta$ )設定為 5，以增加子代多樣性。

### 門檻值( $d_\theta$ )設定方式

門檻值設定，必須考慮族群大小、兩兩基因序列中相異程度，基因序列全長、執行效率等因素，所以，公式定為：

$$\frac{\text{族群大小} \times \text{序列中相異度}}{\text{基因序列全長}} \approx 1 \quad (2)$$

因為不可能以亂數產生理想的均勻分配的子代距離，考慮執行效率，

當距離達到理想距離(最大差異度) 50% 以上，我們就接受，如此，將可快速產生差異性較大之子代。此時，距離門檻值( $d_\theta$ )計算，可由序列中差異個數求得：

$$\begin{aligned} \text{序列相異度} &= \\ & \text{每一序列"1"的個數} \times (1 - \text{重疊比率}) \times 2 \end{aligned} \quad (3)$$

其中，每一序列中"1"的個數我們採平均值預估(大約 30)，代入式(2)中(族群大小=100，序列全長=1000)，可求得重疊比率(大約 0.83)，此時，為考慮執行效率，門檻值定為序列相異度 50%：

$$\text{門檻值}(d_\theta) = \text{序列中相異度} \times 50\% \quad (4)$$

所以，門檻值( $d_\theta$ ) 約為 5 ( $= 30 \times 0.17 \times 2 \times 0.5$ )。

由圖二顯示，當族群大小為 40 時，代數在 250 代以前 SGA 之誤差值比 EGA 小，但是 300 代以後，EGA 之誤差值則小於 SGA。試驗 100 次不同容量的 0-1 背包問題，結果發現，SGA 之平均誤差值為 1.03 大於 EGA 之平均誤差值為 0.88，我們方法(EGA)之品質改善率為 14.6%。

品質改善率公式：

$$\text{品質改善率} = \frac{\text{SGA結果} - \text{EGA結果}}{\text{SGA結果}} \% \quad (5)$$

當代數為 300 代，我們 EGA 方法優於 SGA，EGA 在 300 代之結果為 1.25，SGA 必須演化到 410 代左右，才能達到此結果，此時，EGA 在代數改善率為：20.7%。

代數改善率公式：

$$\begin{aligned} \text{代數改善率} &= \\ & \frac{\text{SGA達到EGA相同結果之代數} - \text{EGA結果優於SGA後之代數}}{\text{SGA達到相同結果之代數}} \% \end{aligned} \quad (6)$$

由圖三顯示，當族群大小為 80 時，代數約 75 代以前 SGA 之誤差值比 EGA 小，約 75~150 間，EGA 之誤差值則逐漸小於 SGA，於 200~350 間，EGA 之誤差值略高於 SGA，但 350 代之後，EGA 之誤差值則又逐漸小於 SGA。試驗 100 次不同容量的 0-1 背包問題，結果發現，SGA 之平均誤差值為 0.51 大於我們所提 EGA 方法(平均誤差值為

0.46)，我們方法(EGA)之品質改善率為 9.8%。當代數為 400 代，我們 EGA 方法優於 SGA，EGA 在 400 代之結果為 1.25，SGA 必須演化到 450 代左右，才能達到此結果，此時，EGA 在代數改善率為：11.1%。

由圖四顯示，當物件個數為 100 時，代數約 250 代以前 SGA 之誤差值比 EGA 小，代數在 250 之後，EGA 之誤差值則逐漸小於 SGA。試驗 100 次不同容量的 0-1 背包問題，結果發現，SGA 之平均誤差值為 0.55 大於我們 EGA 方法(平均誤差值為 0.38)，我們方法(EGA)之品質改善率達 30.9%。當代數為 300 代，我們 EGA 方法優於 SGA，EGA 在 300 代之結果為 1.25，SGA 必須演化到 390 代左右，才能達到此結果，此時，EGA 在代數改善率為：26.8%。

綜整以上所有實驗，我們所提方法在品質改善率平均可達到 18.43%，代數改善率平均達到 20.66%，已可驗證本方法可有效改進基因演算法之品質與效能。

#### 4. 結論與建議

基因演算(SGA)法已廣泛運用於各領域求解上，但對特殊問題(文獻:其他特殊問題)之求解，其效能仍受限制，本研究試圖回溯至其源生概念，將大自然界中有助於生物演化繁殖之技術，卻未曾被運用於演算法當中，將其加入與結合；所以，本研究中，我們先結合基因多樣性以及優生學理論兩概念，提出“演化式基因演算法(EGA)”，以改進傳統基因演算法之品質與效率。為驗證本方法之效能，我們以 0-1 背包問題為例進行模擬實驗，分別模擬三種不同族群大小：40、80 與 100，並比較不同代數演化，實驗結果發現，EGA 在不同大小族群的演化，最後結果，其誤差值皆比 SGA 來的小，結果品質改善率達 18.43%，執行代數改善率達 20.66%。

在實驗過程中，我們也發現一些有趣現象，當族群大小由 80 提高至 100 個個體時，傳統基因演算法(SGA)之結果反而變差(誤差由 0.51 提升至 0.55)，而本研究所提之演化式基因演算法(EGA)則可有效降低誤差，詳細追蹤執行過程，我們發現，當族群大小增加時，雖然增加搜尋空間的可能點，但優良子代複製個數也增加(因複製率維持一樣：10% 族群大小)，反而增加掉入區域最佳解(local minimum)機率；此時，更可顯露出本研究所提方法(EGA)之優點，主要有：

- (1) 基因多樣性可有效降低落入區域最佳解之機率，所以，EGA 運用多樣性特性，分散搜尋空間，雖然演化初期結果較差，但在 300 代之後，均能比 SGA 找到更佳解。
- (2) 當族群大小增加時，可有效降低因複製優良子代個數增加而增加掉入區域最佳解之機率，所以，當族群大小由 80 提升至 100 時，EGA 仍能進一步改善誤差(誤差由 0.46 降至 0.38)。

未來，我們準備將此演算方法用於具有多目標(multiple objectives)及多限制條件(constraints)之問題求解上，以驗證並推廣本技術之價值。

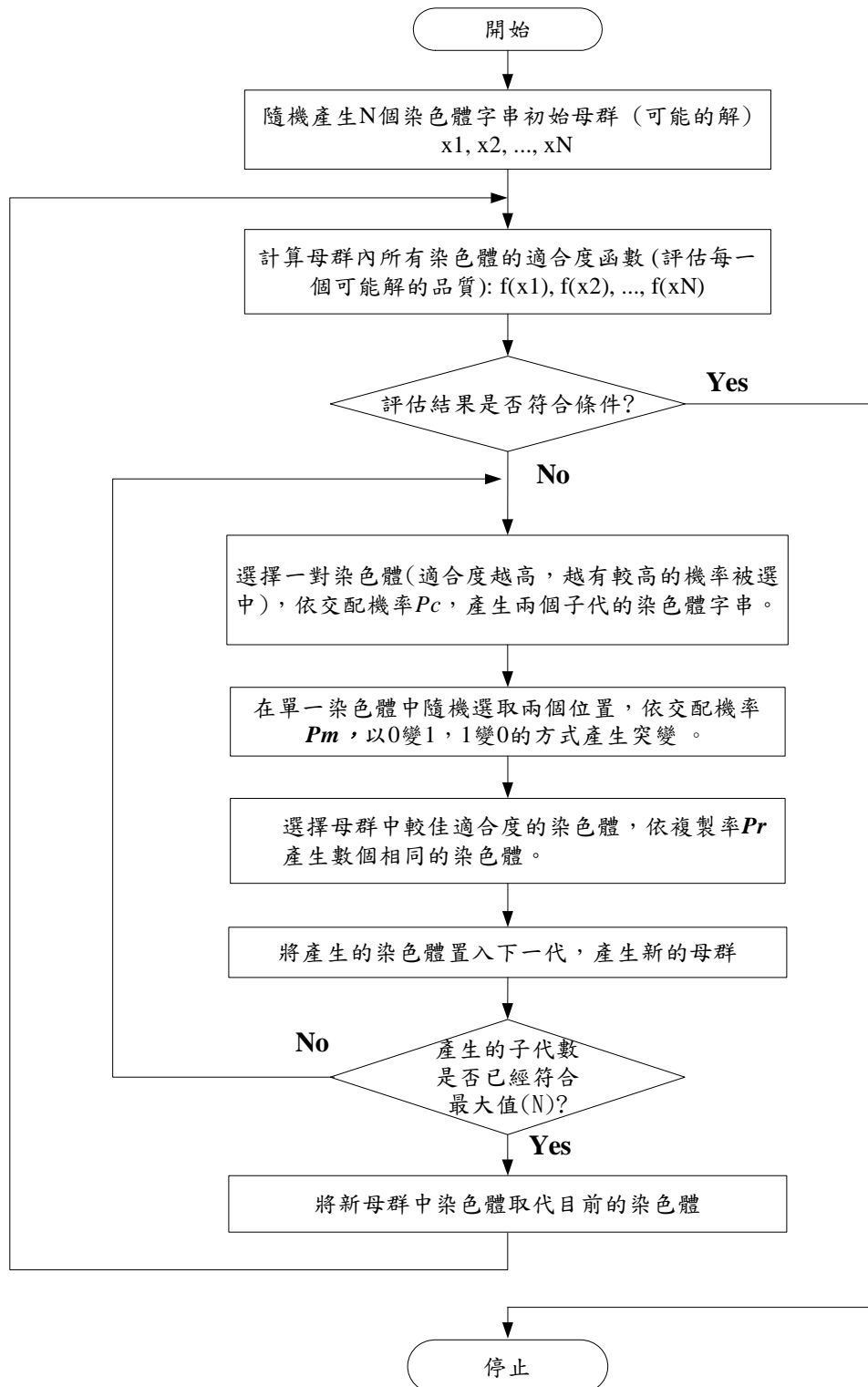
#### Acknowledgments

This research was supported by the National Science Council of Taiwan, ROC, under the grant NSC 93-2520-S-024-004-.

#### 5. 參考文獻

- [1] Barrett, D. and Kurzman, C., “Globalizing social movement theory: The case of eugenics”, *Theory and Society*, 33(5), 487-527, 2004.
- [2] Davis, L., *Handbook of Genetic Algorithms*, New York: Van Nostrand Reinhold, 1991.
- [3] Elaoud, S., Teghem, J., and Bouaziz, B., “Genetic algorithms to solve the cover printing problem”, *Computers & Operations Research*, 34(11), 3346-3361, 2007..
- [4] Fisher, R. A., “Polymorphism and natural-selection”, *Journal of Ecology*, 1958. 46(2), 289-293.

- [5] Fisher, R. A., "The genetic theory of natural selection", Oxford: Oxford University Press, 1930.
- [6] Gen, M. and Cheng, R., "Genetic Algorithms & Engineering Design", Wiley: New York, 1997.
- [7] Goldberg, D. E., "Genetic Algorithms: In Search, Optimization & Machine Learning", Addison-Wesley, Inc., MA, 1989.
- [8] Grefenstette, J. J., "Optimization of control parameters for genetic algorithms", IEEE Trans. Syst., Man Cybern., 16(1), 122-128, 1986.
- [9] Holland, J., "Adaptation in Natural and Artificial System", Univ. of Michigan Press, Ann Arbor, MI, 1975.
- [10] Link, H. and Weuster-Botz, D., "Genetic algorithm for multi-objective experimental optimization. Bioprocess and Biosystems Engineering", 29(5-6), 385-390, 2006..
- [11] Man, K. F., Tang, K. S., and Kwong, S., "Genetic Algorithms: Concepts and Design", Springer, London, 1999.
- [12] Papadimitriou, C. H. and Steiglitz, K., "Combinatorial Optimization: Algorithms and Complexity". Prentice-Hall, Inc., NJ: Englewood Cliffs, 1982.
- [13] Park, J., Choi, H., and Kim, Y., "A genetic algorithm approach to job shop scheduling considering alternative process plans", J. Kor. Inst. Ind. Engrs, 24, 130 - 145, 1998.
- [14] Qi, X. and Palmieri, F., "Theoretical analysis of evolutionary algorithms with an infinite population size in continuous space, Part I: Basic properties of selection and mutation", IEEE Trans on Neural Networks, 5(1): 102~119, 1994.
- [15] Wu, X., Chu C. H., Wang Y., and Yan W., "A genetic algorithm for cellular manufacturing design and layout", European Journal of Operational Research, 181(1), 156-167, 2007.

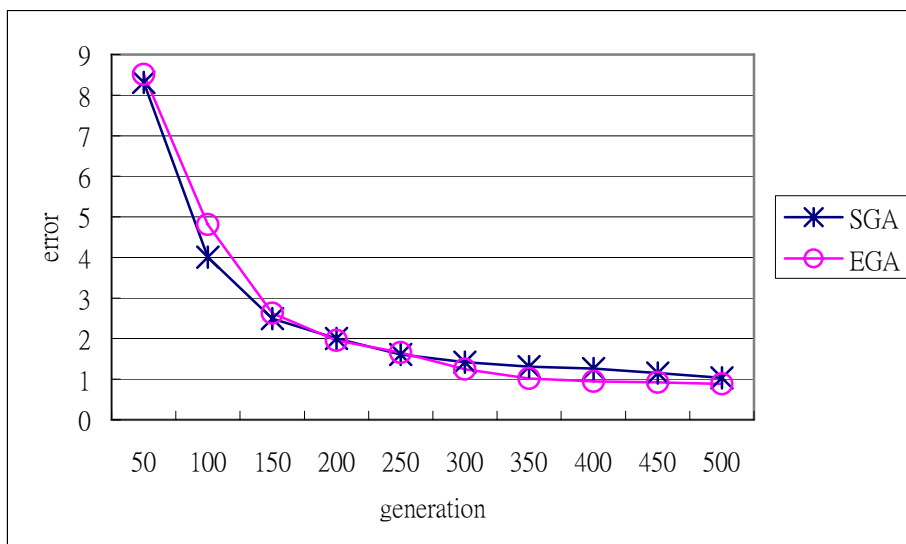


圖一、基因演算法運作流程

表一、SGA 與 EGA 在不同族群大小以及代數下之誤差平均值

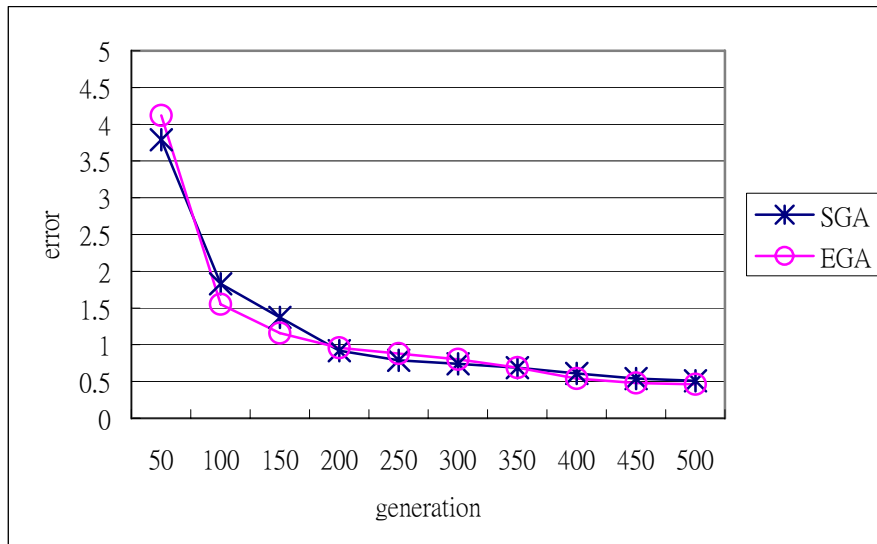
P-Size Generation	40		80		100	
	SGA	EGA	SGA	EGA	SGA	EGA
1	930.91	328.02	572.62	115.34	507.93	113.98
50	8.31	8.51	3.79	4.12	2.77	3.23
100	4.01	4.81	1.83	1.55	1.45	1.49
150	2.49	2.63	1.37	1.16	0.97	1.09
200	2	1.96	0.92	0.96	0.85	0.87
250	1.61	1.66	0.79	0.88	0.76	0.77
300	1.42	1.25	0.74	0.8	0.68	0.63
350	1.31	1.02	0.69	0.69	0.67	0.55
400	1.26	0.95	0.61	0.54	0.62	0.51
450	1.15	0.92	0.54	0.48	0.6	0.45
500	1.03	0.88	0.51	0.46	0.55	0.38

M = 10000 ~ 20000  
 $w_i, p_i = 1 \sim 1000$

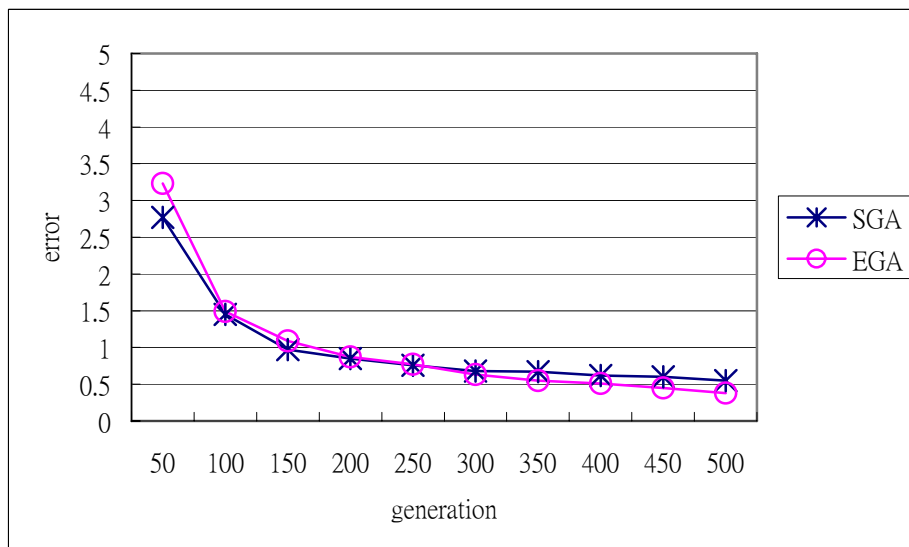


圖二、不同代數在族群大小等於 40 之 SGA 與 EGA 誤差平均值





圖三、不同代數在族群大小等於 80 之 SGA 與 EGA 誤差平均值



圖四、不同代數在族群大小等於 100 之 SGA 與 EGA 誤差值趨勢圖