

遺伝的アルゴリズムによる効率的フロンティアの導出[†]

青木 博明

Derivation of an Effective Frontier by Genetic Algorithms

Hiroaki AOKI

1. はじめに

ポートフォリオ選択における課題は、複数の証券への投資がもたらす収益の期待値と標準偏差をいかに予見するかにある。特に、期待値最大化、標準偏差最小化を実現する投資の組合せを探すことがポートフォリオ選択の主な目的の一つである。

一つ一つの証券の収益がある期待値と標準偏差をもつわけであるから、ポートフォリオつまり証券の組合せも当然期待値と標準偏差を持つことになるが、各証券への投資比率の組合せは、対象となる証券が例えば 100 を超える場合でも、莫大な数になる。その中から最適な組合せを網羅的逐次的な方法で見つけ出すことは、現実的とはいえず、より実用的な計算方法を見つけることが課題となる。特に、与えられた標準偏差に対してポートフォリオが生み出す最大の期待値の軌跡を効率的フロンティアと呼び、それをいかに導くが課題となっている。この課題に対して、本稿では遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithms: 以下 GA) を用いた方法を提案し、かつその実際の計算例を示し、またその実用化の可能性について論じている。

他方、ポートフォリオが生み出す効率的フロンティア上からどの点が選択されるか、いかに効用水準が決定されるかは、効率的フロンティアに対する期待効用の無差別曲線の問題、もしくは期待効用の水準が確率的な利得の期待値と標準偏差に対してどのように決定されるか、という問題になるが、これについては本稿では論じない。¹⁾

GA は、自然淘汰による生物の進化の過程をアルゴリズムに採り込むことで、最適解を求める手法で、解析的には解けない問題、逐次的に解くには莫大な計算量を要する問題、いわゆる NP 完全問題などに対して適用されるものである。²⁾ ここでの GA は、解をポートフォリオの期待値と標準偏差の 2 次元とする多目的最適化問題への適用となる。したがって求めようとする解は曲線となって現れる。

すでに、GA を利用してポートフォリオ問題を解く研究として、「遺伝的アルゴリズムによるポートフォリオ選択」森 (1994) があり、GA による解法を呈示して、有益な結論を導いて

いる。本稿では、森 (1994) に対してさらにアルゴリズムにいくつかの工夫を施すことで、より短時間で、最適な近似解を得られるようにし、これによって実用的プログラム作成への道を開いたと考える。

本稿で論じるGAの多目的最適化問題につきまとう課題として、最適解の広がりの問題がある。最適解を一ヶ所に偏らせずに、いかに真の解全体の近傍に万遍なく広がらせるかという問題である。これに対処する方法としては解の間の距離を測るシェアリングの方法などがあるが、本稿ではこれとは違う手法を提案した。³⁾ それは、各世代のパレート解集合とは別に、パレート解を累積したもう一つのパレート解集合を用いる方法である。これは本稿以外の多目的最適化問題においても有効である可能性がある。

2. ポートフォリオと効率的フロンティア

証券の収益は一般に次のように定義される。

$$t \text{ 期の証券の収益} \quad x = (P_t - P_{t-1}) + D_t \quad (1)$$

ここで、 P_t : 証券の t 期の価格、 P_{t-1} : 証券の $t-1$ 期の価格、 D_t : 証券の t 期の配当、とする。

α_i を i 番目の証券に対する、投資額全体に占める投資配分比率とする。空売りはないものとする。よって、 $\alpha_1 + \dots + \alpha_n = 1$, $\alpha_i \geq 0$ ($i = 1, \dots, n$) が満たされなければならない。この n 次元の α_i の組合せをポートフォリオ; α_p とおく。 x_i を、投資額全額を i 番目の証券に投資したときの収益とする。これを確率変数と考え、その期待値を μ_i 、標準偏差を σ_i とする。また、 σ_{ij} を i 番目の証券と j 番目の証券への投資収益の共分散とする。よって、 σ_{ii} は i 番目の証券への投資収益の分散となる。

任意の α_p に対して、次の(2)によってポートフォリオの収益 x_p が定義される。

$$x_p = \alpha_1 x_1 + \dots + \alpha_n x_n \quad \alpha_p = (\alpha_1, \dots, \alpha_n) \quad (2)$$

x_p は確率変数であり、(3)(4)によって、その期待値 $E(x_p)$ と標準偏差 $\sigma(x_p)$ が定義される。

$$E(x_p) = \alpha_1 E(x_1) + \dots + \alpha_n E(x_n) \quad (3)$$

$$\sigma(x_p) = \sqrt{\sum_i \sum_j \alpha_i \alpha_j \sigma_{ij}} \quad (4)$$

ここで求めるべき効率的フロンティアは、与えられた標準偏差のある値に対して、期待値を最大にする点の軌跡として定義される。図1は横軸に標準偏差、縦軸に期待値をとった効率的フロンティアの図である。

ポートフォリオの対象となる証券の個数が大きいとき、この効率的フロンティアを形成する α_p の値を見つけるのに莫大な計算をしなければいけなく⁴⁾、これは NP 完全問題の一つといえる。そこで GA を利用するわけである。

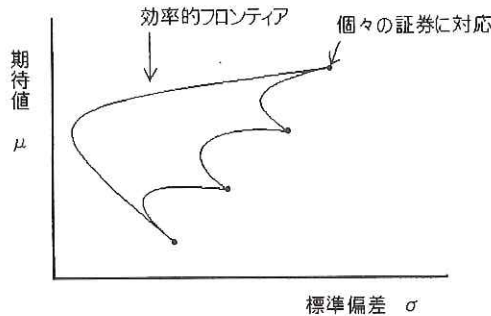


図1 ポートフォリオ 期待値と標準偏差

3. GA アルゴリズム

GA を効率的フロンティアに適用する方法として具体的には次のような手順を踏む。

最初に、複数のポートフォリオを任意に選び、そのうちから期待値と標準偏差に関して優良なもののみを残し、それ以外は排除するというスクリーニングをかける。これで残った遺伝子を親として、互いに交配させ、新しい世代の遺伝子を生み出だす。⁵⁾ そして、この新しい世代の遺伝子に再び同じようなスクリーニングをかけ、以下指定回数に達するまで同じことを繰り返す。

具体的なスクリーニング方法は、ここでは、ポートフォリオ α_p (つまり x_p) を複数含むグループの中で、その α_p 自身以外に、「期待値が大きいか等しい」と「標準偏差が小さいか等しい」の2つの条件を同時に満たすものがない場合、その α_p を「パレート解」もしくは「パレートの非劣解」と呼ぶ (または「パレート解集合」に含まれる、と呼ぶこともある)。ただし、「期待値が等しい」と「標準偏差が等しい」を同時に満たすものが他にあって、その α_p は取り除かないものとする。これを逆にいえば他の任意のポートフォリオに対して、期待値が大きい、または、標準偏差が小さい、ならばその α_p はパレート解として残ることになる。

これを数式で表すと、上でパレート解 x_{p_i} とは、対象となる全ての他の要素に対して次の条件を満たす要素である。

$$E(x_{p_i}) > E(x_{p_j}) \text{ または } \sigma(x_{p_i}) < \sigma(x_{p_j}) \quad \forall j \in \text{対象となるグループ} \quad j \neq i \quad (5)$$

$$(\text{or } E(x_{p_i}) = E(x_{p_j}) \text{ かつ } \sigma(x_{p_i}) = \sigma(x_{p_j}))$$

以下にアルゴリズムの概要を示す。ここでの遺伝子はポートフォリオ α_p を指す。ここでは

累積パレート解集合という概念を導入しているが、これは各世代のパレート解を累積していき、そこからパレート解以外を除いたものである。

<GAアルゴリズム> ー累積パレート解集合を伴うー

- ① ランダムに初期遺伝子群を発生させ、その中からパレート解だけを取り出したものをパレート解集合とし、かつそれを累積パレート解集合とする（初回のみ）。
- ② パレート解集合の中の遺伝子から次世代の親遺伝子となるものをアトランダムに抜き出す。
- ③ 上の②で選ばれた次世代の親遺伝子をもとに次世代遺伝子を発生させる。
- ④ 次世代遺伝子からパレート解の遺伝子だけを取り出し、次世代のパレート解集合とする。
- ⑤ 次世代のパレート解集合の遺伝子をこれまでの累積パレート解集合に単純に加えたものを仮累積パレート解集合とする。
- ⑥ 仮累積パレート解集合の中でパレート解だけを残しそれを累積パレート解集合とする。
- ⑦ 指定回数を超えれば終了、そうでなければ②へ行く。

ここで最後に残った累積パレート解集合が求める効率的フロンティアとなる。一般のGAアルゴリズムでは、上のアルゴリズムから⑤⑥が除かれる。つまり、累積パレート解集合が設けられない。この累積パレート解集合は、2次元の目的変数を持つ効率的フロンティア上の最適解の分布の偏りに対処するための手段である。

累積パレート解集合は、上で述べたように、各世代のパレート解を累積していったものである。新しく生れた世代のパレート解をそれまでの累積パレート解集合に加えてそれを仮累積パレート解集合として、その仮累積パレート解集合からパレート解でないものを除いて、それを新しい累積パレート解集合とする。そして指定回数までこれを繰り返す、最終的に残った累積パレート解集合を効率的フロンティアとする。つまり、このアルゴリズムではパレート解集合が2つ存在することになる。一つは、通常世代ごとのパレート解集合で、他の一つは、世代ごとのパレート解集合を累積したものである。

この累積パレート解集合を設けるヒントとなったのは分析過程における作図からである。作図では、各世代のパレート解集合が世代を追って効率的フロンティアを移動していき（図2-1～図2-4を参照）、この各世代のパレート解集合の軌跡全体の左上外側の点が効率的フロンティアを形成しているらしいことが推測された。よってパレート解集合を累積していき、そのつどそれにパレートのスクリーニングをかけていけば効率が良いのではないかと考えられた。もしも、単一世代のパレート解集合によってのみ効率的フロンティアを形成させようとするれば、パレート解集合がカバーすべき範囲がかなり広がり、遺伝子の数も格段に多くしなければいけなくなり、大きな計算量を要すると予想される。

本稿の分析では、2つの目的変数がトレードオフにある状況で、世代を追うごとに各世代のパレート解集合が、自然と効率的フロンティア上を移動して行ったが、他の多目的最適化問題でもなんらかの工夫を加えることで、パレート解集合が効率的フロンティア上を万遍なく移動するように誘導することができるのではないかと考える。例えばある種のウェイトを変えることで各世代のパレート解集合を一方の目的変数の小さい領域から大きい領域へ誘導するような方法である。このような方法が功を奏せば多目的最適化問題での累積パレート解集合の応用範囲が広がる。

このような累積パレート解集合を利用する方法は、一般的に行われている、解の間の距離・集中度を測って解の適応度を修正するシェアリングの方法とは全く異なる。しかし後で示すように、計算のパフォーマンスから見てかなり有効であり、必要な計算量を減らし短時間で良い結果を出すといえる。

図2-1から図2-4でGAによって導いた効率的フロンティアの例を示す。証券数を45、遺伝子数を30とし、世代数を20、30、45と増やしている、遺伝子の点が広がっていき、累積パレート解が効率的フロンティアを形成していくのが分かる。ただし、ある程度以上いくと、それ以上世代数を増やしても、計算パフォーマンスの改善が小さくなる。これについては5.2でさらに論じている。比較参考の為、図2-4で証券数30、遺伝子数45、世代数45の場合も示している。表1を参照。

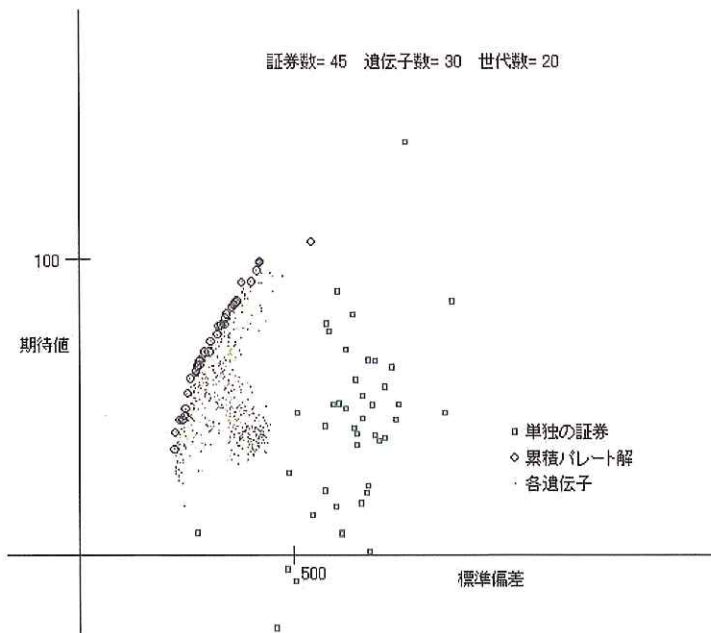


図2-1 GAによって導かれた効率的フロンティア 1

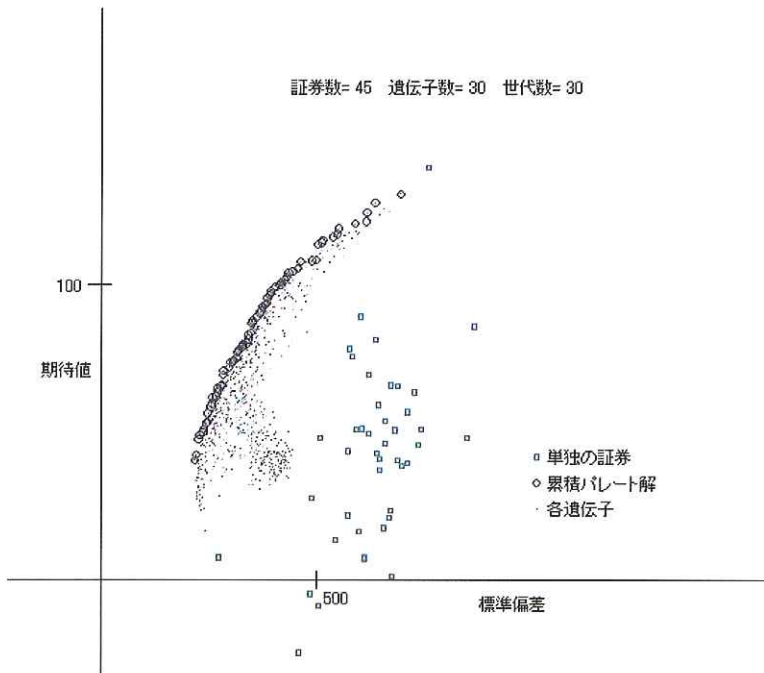


図 2-2 GA によって導かれた効率的フロンティア 2

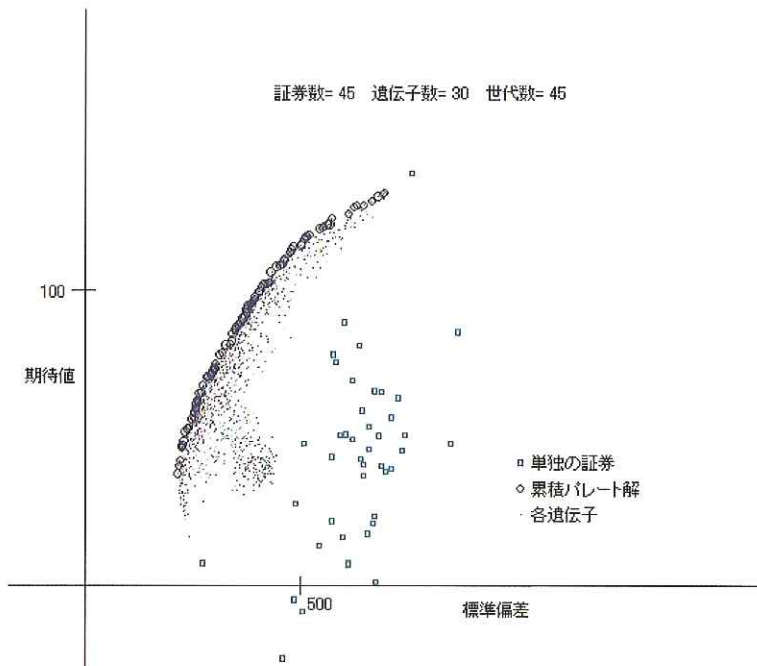


図 2-3 GA によって導かれた効率的フロンティア 3

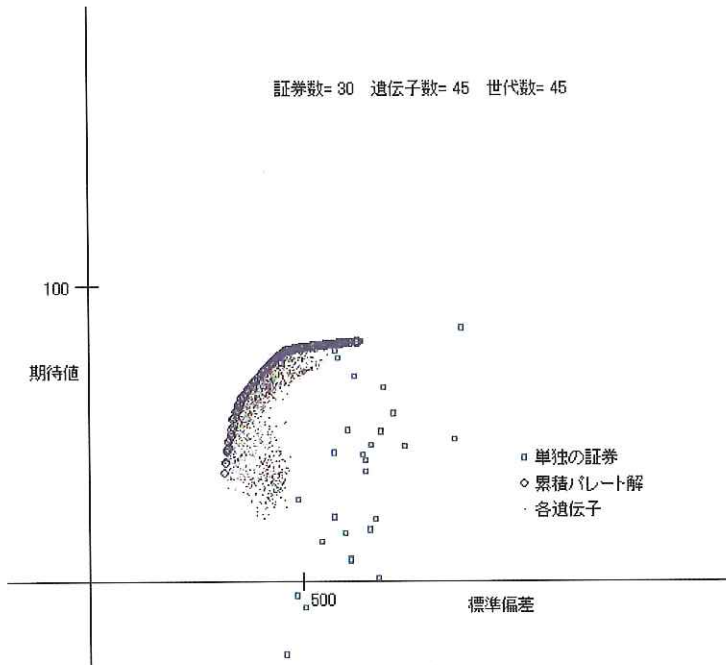


図 2-4 GA によって導かれた効率的フロンティア 4

4. アルゴリズムの修正と拡張

4.1 アルゴリズムの修正

先に述べた<GA アルゴリズム>の内、次世代の遺伝子の発生の部分をさらに詳しく述べると、次のごとくである。

「K個の生き残り遺伝子(ポートフォリオ)の中から、ランダムに2個1組でN組を仮親として選ぶ→N個の仮親の各成分を合計したものを(合計する前に仮親の各成分にパラメータをかけることもできる)、N個の合成親とする→N個の合成親の各成分に乱数をかける→成分の和が1になるように、正規化したものを次世代の遺伝子とする」

また、これを基本として、突然変異を意図したものも含んだ、次のようなアルゴリズム・計算方法の修正バージョンを考えることができる。⁶⁾

<アルゴリズムの修正案>

- C1) 仮親の数を2個に限らず、2個以上にする(実際には仮親を4個1組として計算を試みた)。
- C2) 単独証券の期待値の大きさを反映するような係数パラメータを仮親の成分にかける。
- C3) 単独証券のパレートの有効性を判定し、単独でパレートの劣性なものには低い係数パ

ラメータ, そうでないものには高い係数パラメータをかける。(パレートの劣性=期待値は大きくかつ標準偏差は小さいような単独証券が他に存在する)

C4) 繰り返し回数と期待値による単独証券の順位を反映する乱数パラメータを導入する(突然変異)。

※係数パラメータ; 合成時に仮親の各成分にかけるパラメータ

※乱数パラメータ; 乱数をかける前に合成親の各成分にかけるパラメータ

4.2 導出された効率的フロンティアの優劣の面積による比較¹⁾

最終的に得られた累積パレート解集合の点を効率的フロンティアとすることができる。しかし、図3図4にあるように、ここではさらに効率的フロンティア上の隣合わせの2点を線分で結び、その線分をつなぎ合わせたものの全体をも効率的フロンティアと呼ぶ。2点を結ぶ線分上の任意の点の存在が保証されるわけではないが、その線分の左上に曲線の存在が保証される。⁹⁾ つまり、その線分の点より優れた点が存在することが保証される。その意味でこの線分の呈示は意味を持つ。以下で効率的フロンティアの面積を論じるときは、この線分をつなぎ合わせた方の効率的フロンティアについて述べている。

導出された効率的フロンティアの優劣を比較することで、アルゴリズムの良し悪しを判断するべきである。しかしながら、一般的に効率的フロンティアの優劣を計る指標がない。そこでその優劣を測る指標として、上で述べた線分をつないだ効率的フロンティアの面積を考える。効率的フロンティアの優劣の指標としてはいささか単純であり十分でないが、効率的フロンティアを求めるアルゴリズム・計算方法の優劣を比較する必要がある、ここで仮に設ける。効率的フロンティアはより左上に膨らんでいる方がいいわけであるから、次で定義する面積が大きいほど良いことになる。

最終的に求められた累積パレート解集合の点は期待値の大きい順に並べられているが、それらを線分で結ぶ、ということをした。それが図3(証券数45 遺伝子数30 世代数45) 図4である。図4では3つの効率的フロンティアを描いた。3つの曲線が重なる左上辺りで、左上から順に「証券数45 遺伝子数30 世代数45/証券数45 遺伝子数30 世代数30/証券数45 遺伝子数30 世代数20」に対応している。世代数が増えるほど、左上に張り出しているのが分かる。

指標とする面積として具体的には次を考える。期待値と標準偏差の平面座標上で、もっとも期待値の高い証券の単独の点をA点(導出される効率的フロンティア上でもっとも期待値の高い点)、効率的フロンティア上のもっとも期待値の小さい点をB点(効率的フロンティア上でもっとも標準偏差の低い点でもある)とし、A点から横軸に下ろした垂線とB点から横軸に下ろした垂線、A点とB点を結ぶ線分の効率的フロンティア、これらと横軸に囲まれた面積を考える。面積の絶対値ではなく、各計算方法の間での相対的比較が問題となる。なお、ここでは

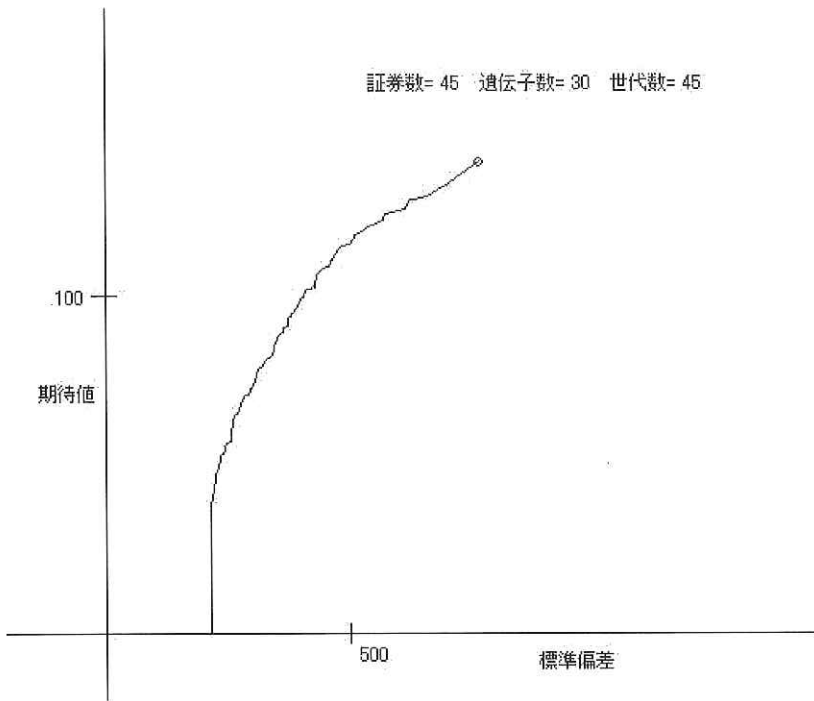


図3 線分によって結ばれた効率的フロンティア

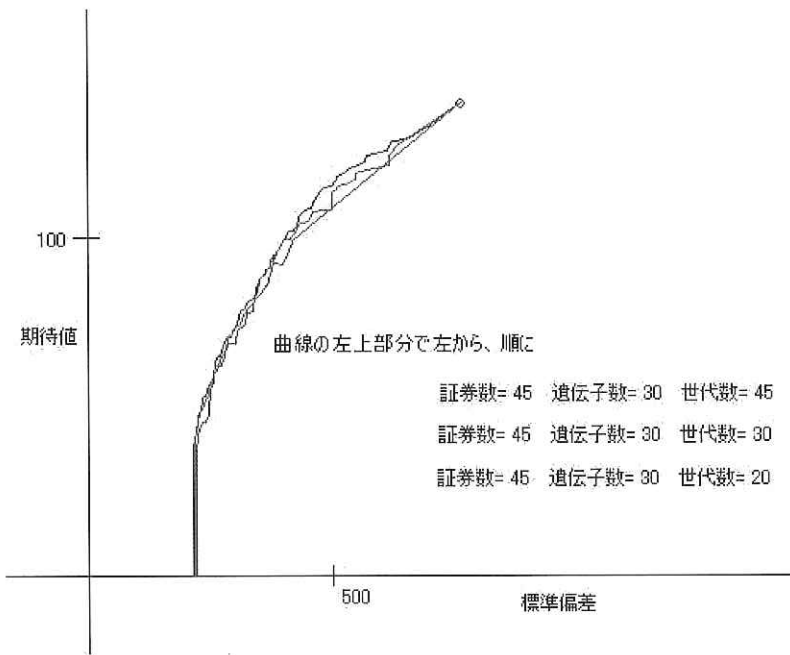


図4 線分によって結ばれた効率的フロンティア 複数

対象となる証券群が異なると、面積で計算方法の優劣を比較することは意味をもたない。⁹⁾

4.3 森(1994)との相違点

ここでは、森(1994)との手法における相違と結果における相違について述べる。まず計算のアルゴリズム・手法における相違点をまとめておく。

- 1) 一番の違いは、すでに述べたように、累積のパレート解集合を設けたという点である。
- 2) 導かれた効率的フロンティア上の点を線分で結び、その面積を求めて効率的フロンティアの優秀性の指標とし、計算方法の優劣を比較できるようにした。
- 3) 次世代の遺伝子の合成において、森(1994)が用いたような投資単位としてのユニットという考え方をいわず、その代わり係数の正規化を行った。つまり係数の合計が1なるような正規化を最後に行う。
- 4) 3)に関連して、次世代の遺伝子の合成においては、二項分布によるのではなく、単純に乱数を利用した。

上の3)について、森(1994)が用いたユニット方式(各銘柄の最小投資単位をひとつの「玉」のようなものとする。森(1994)参照)では、投資係数の有効桁数の設定に無理が生じると考える。例えば、最大一証券当たり100個までのユニットを認めるとしても、係数の有効桁数でいえば0.01でしかない。1000個としても0.001である。¹⁰⁾ また森(1994)では、ユニット方式を使うとき二項分布を利用しているが、正規分布で近似するにしてもその分計算コストがかかり、そのコストを省く意味もある。これらの点を考慮して本稿では係数の正規化方式を採用した。

次、計算結果・計算パフォーマンスにおける森(1994)との相違点をまとめておく。

森(1994)の場合、証券銘柄30、各世代の遺伝子数100で、世代数は1000世代、5000世代での計算を行っている。5000世代の計算は2回行っているが、1回目の計算では1780個のパレート最適解、2回目の計算では1815個のパレート最適解を得ている。計算の所用時間については記述がないが、これでは時間的にもプログラムとしての実用性には遠いといえる。もちろん森(1994)と本稿の計算結果・計算パフォーマンスの優劣をそのまま比較することはできないが、本稿のプログラムでは、森(1994)に較べて世代数が小さくても十分な近似値が出た、といえる。計算時間も短く実用的なプログラムの作成にかなり近づいたといえよう。計算結果は5.で示す。

4.4 プログラムの拡充の方向

本稿において効率的フロンティアを計算したプログラムには、現在のところ次のような機能・

操作性を持たせている。

- 1) 証券数・遺伝子数・繰返し数(世代数)を指定できる。
- 2) いくつかの計算方式を選択でき、また求めたポートフォリオをその計算方式を記述した名前でファイルに保存できる。これによって計算方式の違いによる計算結果・パフォーマンスの比較が可能。
- 3) 2)の計算結果・パフォーマンスを保存したファイルを複数同時に呼び出し、その効率的フロンティアと計算結果・パフォーマンスを表示できる。

さらに、今後プログラムに次のような機能・操作性を追加することも可能だと考えている。これによってより実用的なプログラムに近づけることができるものとする。

- 1) 上場証券から計算の対象としたいものを拾い上げ(もしくは不必要なものを排除する)、それらの証券に対する効率的フロンティアを計算できる。
- 2) 証券数・遺伝子数・繰返し数をプログラム実行中に変更できる。
- 3) 描画された効率的フロンティア上の点をクリックするなど、 α_p の値を表示できる。
- 4) 計算時間・導かれる効率的フロンティアの精確さなどが事前に予想できる。
- 5) 指定された画面領域の拡大・縮小ができる。

5. 計算結果と分析

5.1 GAと逐次的方法による計算結果の比較

ここではGAによって計算した効率的フロンティアの有効性を確認するために、逐次的方法で計算した効率的フロンティアとGAによって計算した効率的フロンティアを同じ座標に描く。¹⁴⁾ 逐次的方法とは各証券の係数がある幅できざみながら、それに対応するポートフォリオを計算していく方法である。逐次的方法では証券の数を多くすると莫大な計算時間を要するので、証券数を6と少なくし、係数のきざみ幅も0.05と少し粗くした。

図5にあるように、面をもって描かれているのが逐次的方法によるポートフォリオで、○で示されているのがGAによる累積パレート解である、少ない遺伝子数と世代数でも、GAは的確に効率的フロンティアを描くことが分かる。

5.2 計算方法と計算結果の比較

次に、現実のデータ¹²⁾を使って証券数、遺伝子数、世代数といったパラメータの違いに応じた、GAによる効率的フロンティアの計算結果・パフォーマンスを見る。発生する乱数は全て同じシードとした。

表1の説明と所見を述べる。¹³⁾ ここでは証券数=30 遺伝子数=30 世代数=45を標準とす

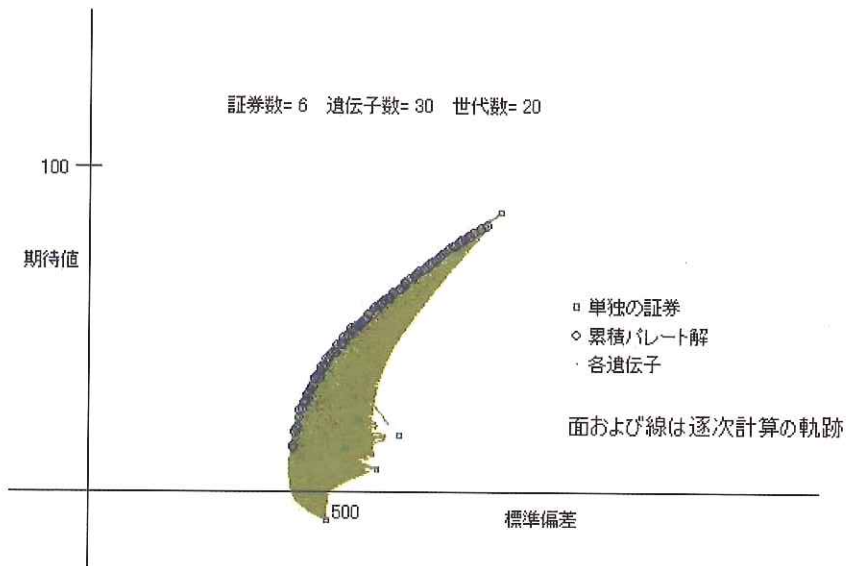


図5 GAと逐次的計算との比較

る。表1の番号1~9で分かることは、遺伝子の数が多くなるほど、本稿で設けた、計算パフォーマンスの指標である効率的フロンティアの面積が必ずしも大きくなるとは限らない、ということである。面積は遺伝子数90でピークを迎えるが、30でも一つのピークを迎える。計算時間は遺伝子数の増加につれて増えている。累積遺伝子数は、遺伝子数90でピークを迎え、120では逆に減る。これは一見矛盾しているようだが、あり得ることである。なお、ここで累積遺伝子数は累積パレート解集合の要素の数であり、計算の過程で生じる内的な変数なので、GAプログラムの利用にはあまり直接的な影響がない。

次に世代数つまり計算回数の増加の影響に着目すると、番号10~15から見て取れるように、世代数が増えるほど面積と時間は確実に増加する。これは当然といえよう。ただし、累積遺伝子数は番号14で若干減る。

番号16~21では、遺伝子数を45と60とおき、世代数を変化させている。遺伝子数30の場合との比較が可能である。

証券数45の場合でも、いくつかの計算を行った。それが番号22~27である。番号26と27を比較すると遺伝子の数は、面積にはまったく影響を与えず、時間にもほとんど影響しないことが読み取れる。なお、ここでは証券の数が異なればフロンティア面積の比較は意味を持たない。

当然ながら、真の効率的フロンティアへの近似の程度(ここではフロンティアの面積を仮の

指標としているが) と計算時間を考慮して、効率の良い遺伝子数、世代数の選択が行わなければならない。上の計算結果から読み取れることは、遺伝子数、世代数を増やすほど、計算時間は確実に増えるが、真の効率的フロンティアへの近似の程度はそれほど改善しないということである。表1の例では、証券数30の場合には、遺伝子数30世代数45でもそれなりの計算パ

表 1 GA による計算結果

	番 号	証券数	遺伝子数	世代数	フロンティア面積	計算時間(秒)	累積遺伝子数
遺伝子の変更 証券数=30	1	30	5	45	39,088	2.6	22
	2	30	10	45	40,162	4.8	28
	3	30	15	45	42,217	4.9	38
	4	30	20	45	42,261	6.0	41
	5	30	30	45	42,963	11.3	63
	6	30	45	45	41,810	13.6	69
	7	30	60	45	42,815	18.1	93
	8	30	90	45	43,226	23.5	114
	9	30	120	45	42,649	27.7	97
世代数の変更	10	30	30	10	38,179	1.3	18
	11	30	30	20	41,219	2.8	36
	12	30	30	30	42,181	5.1	49
	13	30	30	60	43,144	16.3	87
	14	30	30	75	43,159	22.8	86
	15	30	30	100	43,213	33.9	105
遺伝子数=45	16	30	45	10	39,168	1.6	20
	17	30	45	20	41,191	4.0	42
	18	30	45	60	42,396	17.0	83
遺伝子数=60	19	30	60	10	40,153	2.1	26
	20	30	60	20	42,096	5.2	54
	21	30	60	60	42,832	22.9	114
証券数=45	22	45	30	20	56,036	6.2	45
	23	45	30	30	56,853	12.3	80
	24	45	30	45	57,580	23.9	98
	25	45	10	45	56,568	10.0	45
	26	45	45	45	57,075	31.1	130
	27	45	60	45	57,075	31.6	130

※ なお、ここでは証券の数が異なればフロンティア面積の比較は意味を持たない。

パフォーマンスを得ることが分かった。また、どのような証券群を選ぶか、またいくつ選ぶかによって生じる計算パフォーマンスの違いも検討する必要がある。そのためにはより詳細な計算パフォーマンスに関する分析が必要となる。それによって、実際に計算する前に計算時間や近似性を予測することや、さらにフロンティア上の解の性質の解析も可能になると考える。

6. むすびに

本稿では、GAを用いた効率的フロンティアの導出方法とその実用化を論じたわけであるが、結果、GAの小さい世代数においても、十分な計算パフォーマンスを実現できることを示せたといえる。すなわち計算時間の短縮により、実用的なプログラム開発の可能性を示せたと考ええる。これは本稿で考案した遺伝子の累積パレート解集合の導入によって可能になったものといえる。

残念ながら、今回は証券数・遺伝子数・世代数の違いと計算方法の各種の修正による計算結果・パフォーマンスの比較分析や、求めた解の解析が十分に出来なかった。今後これらの分析を行うことで、プログラムの改善に役立てることができ、実用的な効率的フロンティアの導出ツールの開発に結びつけられるのではないかと考える。

現在GAは理学・工学の各方面で実用化がなされている手法であるが、様々な経営・経済問題への応用が待たれる。

† 本稿を執筆するに当たり、阪南大学経営情報学部の筒井茂義教授、野村竜也助教授、熊本学園大学経済学部の加藤康彦氏より貴重な助言を頂いたことを、ここに感謝する。もちろん本稿の内容に関してはひとり筆者である青木博明が責任を負う。

注

- 1) この問題についてはDiamond and Stiglitz (1974), Meyer (1987), Meyer and Rasche (1992), Rothschild and Stiglitz (1970), Tobin (1958), Tobin (1965)を参照。特に, location and scale condition の下では, 期待効用が標準偏差の減少関数になることがMeyer (1987)で証明されている。
- 2) NP完全問題=Non deterministic Polynomial time perfect problem
- 3) シェアリングの方法についてはDeb (2002) 参照。
- 4) 特殊なケースでは, 次元の高い連立方程式を解くことで, 解が得られる。一般的なケースでは, 摂動法を利用できるが, 次元が高くなるとかなり多くの計算過程を要する。津野 (1991), 森 (1994) を参照。
- 5) このGAでは遺伝子のコード化を行っておらず, ポートフォリオの係数から直接, 次世代のポート

フォリオの係数を発生させている。

- 6) 実際にここで挙げたようなアルゴリズムの修正を行って、計算を行ったが、残念ながら特に計算パフォーマンスの改善はなかった。さらに詳細にパラメータなどの変更を行って計算分析すれば、より優れたアルゴリズムの修正が見つかると思う。
- 7) 本稿では Visual Basic ver 6.0 を用いてプログラムを作成した。
- 8) この曲線の存在は直観的にも知れるが、厳密には、標準偏差が期待値の2次関数の平方根として表されることから証明される(2次の項の係数は正で、ある特殊な場合には、曲線は直線に退化する)。したがって、累積パレート解集合の隣合わせの2点だけでなく、任意の2点を結ぶこともできるのだが、その線分は示していない。青木(2002)、津野(1991)、野口(1974)を参照。
- 9) 効率的フロンティアの優劣を比較するより優れた指標が考案されるべきである。例えば平面座標上に基準となる曲線を設定し、それよりも左上にはみ出た面積を考えることもできる。この場合は異なった証券群の下でも面積の比較に意味をもたせることが可能であろう。
- 10) 本稿の分析では、係数の計算には原則バリエーション型の変数を用いたので有効桁数は基本的に15である。ただし、ところどころ四捨五入を行っている。
- 11) 解析的に解ける特殊なケースを捜して、その場合と比較することも有意義だと思うが、ここでは行っていない。
- 12) 期待値と標準偏差を計算した元のデータは、東証第一部証券番号1701~1861の中から企業を選び、その89/01/04~90/11/26の株式の週足データ(100期)とした。全投資額を1万円として、全投資額×(当期株価-前期株価)/前期株価から当期の利益を割り出し、それから期待値と標準偏差を計算した。したがって、本稿で計算されたポートフォリオの利益は、単位は1円、投資額1万円、投資期間1週間におけるものである。
- 13) 計算時間は Visual Basic ver 6.0 でコンパイルせず、基本的にバリエーション型の変数を用いた状況のものである。当然ソフトや環境設定、変数の型によって計算速度は異なる。本稿での計算時間はあくまでも一つの目安であり、計算速度がかなり遅い環境の下でのものといえる。コンパイルや環境の向上、効率よいアルゴリズムの導入などでより速い計算が実現されよう。

参考文献

- 青木博明『テキスト 確率と情報の経済学』三恵社、2002。
- 伊庭齊士『遺伝的アルゴリズムの基礎 -GAの謎を解く-』オーム社、1994。
- 藤林宏 他『Excelで学ぶファイナンス2 証券投資分析』金融財政事情研究会、1995。
- 森泰樹 他「遺伝的アルゴリズムによるポートフォリオ選択」第19回知能システムシンポジウム、1994。
- 津野義道『ポートフォリオ選択論入門』共立出版、1991。
- 野口悠紀雄『情報の経済理論』東洋経済新報社、1974。
- Deb, K. (2002). 'Multi-objective evolutionary algorithms: Introducing bias among pareto-optimal solutions', in (A. Ghosh and S. Tsutsui eds) *Advances in Evolutionary Computing Theory and Applications*, Berlin: Springer-Verlag.
- Diamond, P. and Stiglitz, J. (1974) 'Increase in risk and in risk aversion'. *Journal of Economic*

Theory, vol.8, pp. 225-43.

Meyer, J. (1987). 'Two-moment decision models and expected utility maximization', *American Economic Review*, vol. 77, pp.421-30.

Meyer, J. and Rasche, R. (1992). 'Sufficient conditions for expected utility to imply mean-standard deviation rankings: Empirical evidence concerning the location and scale condition', *ECONOMIC JOURNAL*, vol. 102, pp.91-106.

Rothschild, M. and Stiglitz, J. (1970). 'Increase risk I: A definition', *Journal of Economic Theory*, vol.2, pp.225-43.

Tobin, J. (1958). 'Liquidity preference as behavior toward risk', *Review of Economic Studies*, vol.25, pp. 65-86.

Tobin, J. (1965). 'The theory of portfolio selection', in (F. Hahn and F. Brechling eds) *The Theory of Interest Rates*, MacMillan: London.

[付 記]

本稿は、2001年度阪南大学産業経済研究所助成研究「認知推論機構と人工生命アルゴリズムによる社会複雑性の検討」の成果報告の一部である。

(2003年3月11日 受理)