



段階的ダークエネルギーモデルにおける機械学習を用いた宇宙論パラメータ推定

山田龍聖(福島大学共生システム理工学研究科)

共同研究者 馬場一晴、橋本勇輝

研究背景

現代宇宙論の課題の一つであるハッブルテンション問題

- ・CMBと超新星Ia型データのハッブル定数のずれ
- ・Ly- α データの Λ CDMとの乖離

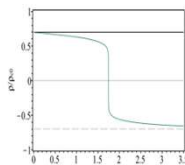
上記二つの問題を解決する代替モデル

→段階的ダークエネルギーモデル(gDEモデル)

特徴：慣性質量密度 < 0 を許容

$$\rho_{\text{intert}} = \gamma \rho_0 \left(\frac{\rho}{\rho_0} \right)^{\lambda-1}$$

ρ_{intert} : 慣性質量密度
 $\lambda < 1, \gamma < 0$



Ö. Akarsu, J. D. Barrow, L. A. Escamilla, and J. A. Vázquez, Phys. Rev. D **101** (2020) 063528

しかし、自由パラメータが高次元かつパラメータ分布が多峰性を持つため、従来のパラメータ推定手法であるMCMCでは局所最適解に陥ってしまう可能性がある。

→計算コストの高いマルチネストサンプリングなどの手法を使う必要がある。

先行研究

マルチネストサンプリングに代わる手法として**遺伝的アルゴリズム**がある。

遺伝的アルゴリズム(GA)

生物の進化を模倣した最適化アルゴリズム

<特徴>

複数の初期値を広範囲に設定し、それぞれの初期値を並列計算することでパラメータ分布に多峰性を持つモデルでも効率的なパラメータ推定が可能であり局所最適解にも陥りにくい。

先行研究では、遺伝的アルゴリズムを用いて、gDEモデルのパラメータ推定を行い、遺伝的アルゴリズムの宇宙論におけるパラメータ推定手法としての有用性を検証した。

R. Medel-Esquivel, I. Gómez-Vargas, A. A. Morales Sánchez, R. García-Salcedo, and J. A. Vázquez, Universe **10** (2023) 11

研究目的と手法

<研究目的>

パラメータの事後確率分布に多峰性を持つgDEモデルのパラメータ推定において、マルチネストサンプリングの事前解析に遺伝的アルゴリズムを使用することでマルチネストサンプリングと遺伝的アルゴリズムの相補性を実証する。

<研究手法>

- ・遺伝的アルゴリズム(GA)
- ・マルチネストサンプリング(Nest)
- ・遺伝的アルゴリズムの事前解析を使用したマルチネストサンプリング

R. Medel-Esquivel, I. Gómez-Vargas, A. A. Morales Sánchez, R. García-Salcedo, and J. A. Vázquez, Universe **10** (2023) 11

手順:

- ①BAO+SNela+宇宙クロノメーターのデータを使用し、3つの手法でgDEモデルの4つのパラメータのうち

$\Omega_{m,0}, h_0, \gamma$ を推定 ($\lambda = -20$ として固定)

- ②得られた推定値と推定時間をそれぞれ比較

SNela : Betoule, M. et al., *Astronomy & Astrophysics* **568**, A22 (2014)

BAO : Aubourg, E. et al., *Physical Review D* **92**, 123516 (2015)

宇宙クロノメーター : Gómez-Valent, A. and Amendola, L., *JCAP* **04** (2018) 051

gDEモデル

状態方程式

$$w = -1 + \gamma \left(\frac{\rho}{\rho_0} \right)^{\lambda-1} \quad \lambda, \gamma: \text{自由パラメータ}$$

DE密度

$$\rho_{DE} = \rho_0 \cdot \text{sgn}(1 - \Psi \ln a) \cdot |1 - \Psi \ln a|^{\frac{1}{1-\lambda}} \quad a: \text{スケールファクター}$$

$$\Psi \equiv -3\gamma(\lambda - 1)$$

赤方偏移

$$z = z_* = e^{-\frac{1}{\Psi}} - 1$$

フリードマン方程式

$$\frac{H^2}{H_0^2} = [\Omega_{r0}(1+z)^{-4} + \Omega_{m0}(1+z)^{-3} + \Omega_{DE0} \cdot \text{sgn}(1 - \Psi \ln a) \cdot |1 - \Psi \ln a|^{\frac{1}{1-\lambda}}]$$

Ö. Akarsu, J. D. Barrow, L. A. Escamilla, and J. A. Vázquez, Phys. Rev. D **101** (2020) 063528

結果と考察

表1: gDEモデルのパラメータ推定値

	GA	Nest	GA+Nest
$\Omega_{m,0}$	0.3246 ± 0.0177	0.3169 ± 0.0181	0.3260 ± 0.0151
h_0	0.6993 ± 0.0118	0.6900 ± 0.0133	0.6926 ± 0.0111
γ	-0.0172 ± 0.0002	-0.0130 ± 0.0049	-0.0172 ± 0.0002
time[min]	2.524	4.170	3.712

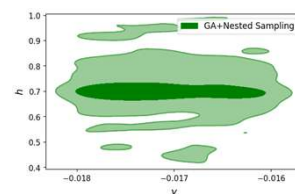
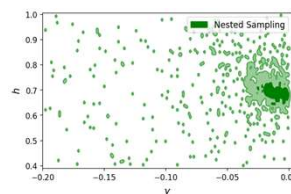


図1: gDEモデルの γ と h_0 の二次元事後プロット。左図はNest、右図はGA+Nest

・3つの手法の各パラメータの推定値は、 1σ 以内の違いではほぼ同じ結果となった。

・マルチネストサンプリング単体でのパラメータ推定に比べ遺伝的アルゴリズム+マルチネストサンプリングは計算時間が約0.9倍となった。

図1から、遺伝的アルゴリズム+マルチネストサンプリングはマルチネストサンプリング単体よりも解の収束性が高い。

→局所最適解に陥っている可能性もある。

結論

マルチネストサンプリングの事前解析に遺伝的アルゴリズムを用いて、gDEモデルのパラメータ推定を行った。その結果、この手法はマルチネストサンプリング単体でのパラメータ推定と比較して約1.1倍計算効率が向上した。しかし、局所最適解に陥っている可能性もあるため、遺伝的アルゴリズムを適用した際に生成されたそれぞれの個体を調べる必要がある。