

# 遺伝的アルゴリズムによる波形照合

7D-3

吉原 郁夫 江端 智一  
(株)日立製作所 システム開発研究所

## 1. はじめに

生物の進化過程を模擬して考え出された遺伝的アルゴリズム(Genetic Algorithm: GA)は、最適化問題の求解法としても有望視されている。

本報告では、システムの状態監視時の観測データにある特別な波形が現われるか否かを判別するための波形照合の問題を取り扱う。波形の一致・不一致の判別には、観測データの切り出し部分をいろいろ変え、基準パターンとのずれの大きさが最も小さくなる区間を見出す必要がある。ずれの大きさを表す評価関数は、多峰性(多谷性)であり、その最小値探索にGAを用いる。

## 2. 遺伝的アルゴリズムによる波形照合

### 2.1 波形の照合

基準パターン  $s(t)$  は、単位正方形にちょうど納まるように規格化しておく。また、観測データ  $x(t)$  は等間隔の時系列データとして与えられる。

$x(t)$  のある区間  $T = [T_1, T_2]$  に含まれる部分と  $s(t)$  との一致の度合は、 $x(t)$  を単位正方形に納まるよう変換し、 $s(t)$  に重ね合わせたときのずれの大きさを評価する。

$$F(T_1, T_2) = \left[ \int_0^1 |x'(t) - s(t)|^2 dt \right]^{1/2} \quad (1)$$

$$\text{ただし, } x'(t) = a(x((T_2 - T_1)t + T_1) - b) \quad (2)$$

$$a = \frac{1}{\frac{\max_{t \in T} \{x(t)\} - \min_{t \in T} \{x(t)\}}{T_2 - T_1}} \quad (3)$$

$$b = \min_{t \in T} \{x(t)\} \quad (4)$$

$x'(t)$  は、 $x(t)$  がちょうど単位正方形に納まるよう縦横異なる倍率で変換した関数である。ただし、問題に応じてこの倍率には変域(切り出す区間幅の制限)を設ける。

### 2.2 アルゴリズムの要点

切り出し区間は、始点( $T_1$ )と終点( $T_2$ )で表される。 $T_1, T_2$ をそれぞれ二本の染色体とし、それによって形質が決まる個体を考える。二つの染色体は切り出し位置を表すビット列であり、遺伝子形式と表現形式が同一である。

求解手順は、従来のGAと基本的には同じである。即ち、まず設定された人口(個体数)だけの染色体対を用意し初期値とする。次に交差、個体評価、淘汰、突然変異を順次繰り返し、世代を進める。以下特徴的なことのみ記す。

(1) 交差……ランダムに選ばれた2個体の染色体のうち、 $T_1$ を表すもの同士、または $T_2$ を表すもの同士が一点交差を行う。どちらの染色体になるかはランダムに決める。交差した後も親は生きつづけ、子と一時的に共存する。

(2) 個体評価……式(1)に従い、各個体の評価値 $F_i$ を求め、その逆数を適応度 $f_i$ とする。逆数とする理由は、ずれの大きさが小さいほど好ましいという性質を表すためである。

$$f_i = \frac{1}{F_i} \quad (5)$$

Pattern Matching of Time Series using Genetic Algorithm

Ikuo YOSHIHARA, Tomoichi EBATA

Systems Development Laboratory, Hitachi, Ltd.

(3) 淘汰……親子全個体の中からルーレットルールに従い、決められた人口になるまで個体を選択する。選択されなかった個体は死滅する。ただし、最も評価値の良い個体は必ず生き残るものとする。

(4) 突然変異……ランダムに選ばれた個体のいずれかの染色体に強制的に変更を加える。変更値は、乱数で決める。

### 3. パターン照合実験

図1に示す、テスト波形を例に基準パターンの検出実験を行う。同図上側のグラフは、観測データ  $x(t)$  であり、グラフ中の囲みの小さな波形が検出すべき基準パターン  $s(t)$  である。 $x(t)$  は、離散値  $x_1, x_2, \dots, x_{1000}$  として与えられており、区間  $400 \leq T \leq 513$  には基準パターンと全く同じ波形が含まれ、2箇所には類似パターン(騙し)が隠されている。

人口=50, 交差率=80%, 突然変異=10%とし、100世代進化させてみる。図1下側のバーチャートは、各世代の最良個体がどの範囲を検出しているかを示しており、この例では12世代目でほぼ正しい区間を発見していることが分かる。図2は、最良個体の評価値  $F_{opt}$  が世代が進むとともに下がって行く様子を示している。

同一条件で、100回試行したところ、99回は解の近傍まで到達でき(騙しに掛ったのは1回)、到達するに平均19.3世代を要した。また、解を発見できたのは93回であり、発見には平均38.5世代を要した。ただし、 $F_{opt} \leq 0.1$  のとき近傍へ到達、 $F_{opt} \leq 0.02$  のとき解を発見とみなしている。

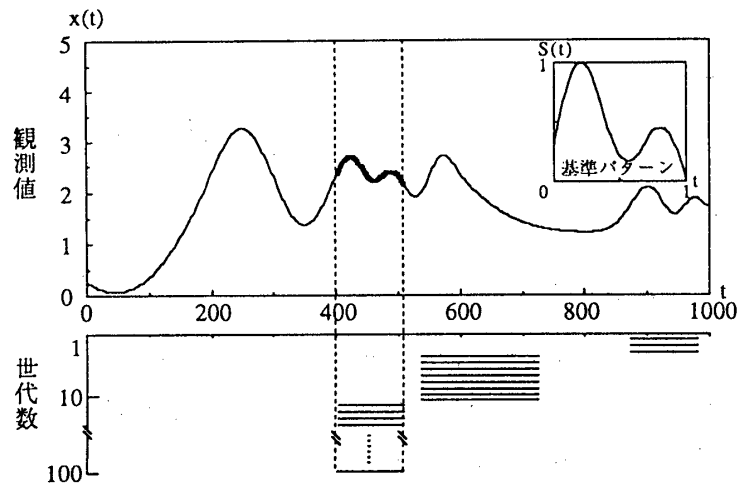


図1 観測データと解の探索

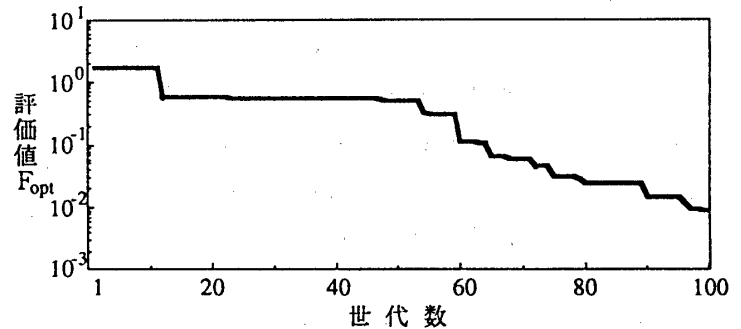


図2 最良個体の評価値

### 4. おわりに

GAを用いて、時系列データの波形照合を行う方法を提案した。

いくつかの事例検討の結果、交差や突然変異を行う際、2本の染色体は同時に操作するよりも、別々に操作する方が効率的であることや、突然変異の起こし方を工夫すると、局所探索を効率化できることを見出した。類似パターンが非常に多く含まれる問題の場合の、大域探索の工夫は今後の課題である。

### <参考文献>

- 1) Goldberg D.E.: Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning, Addison-Wesley, 1989
- 2) 星野 力: 「遺伝的アルゴリズムの基礎と課題」、遺伝的アルゴリズムに関するシンポジウム, 1992.11