

遺伝的アルゴリズムによる非線形方程式の解の広域探索*

5 T-6

山田 進 吉原 郁夫 阿部 健一†
 東北大学工学部電気工学科‡

1 はじめに

非線形方程式

$$f(x) = 0 \quad (x \in \mathbf{R}) \quad (1)$$

の求解法としてよく知られたものに Newton 法がある。Newton 法は

$$x^{(\nu+1)} = x^{(\nu)} - \frac{f(x^{(\nu)})}{f'(x^{(\nu)})} \quad (2)$$

で表される反復法であり、求めようとする解 α が単解で初期近似解 $x^{(0)}$ が α に十分近いならば 2 次収束 ($n \geq 2$) 重根の場合は 1 次収束) することが知られており局所的収束性は優れている。しかし、 $x^{(0)}$ が α から遠い場合には近似解 $x^{(1)}, x^{(2)}, \dots$ の挙動が大きくなったり、時には近似解が周期的に振動することがあるので大域的収束性に関しては問題がある。さらに複数個の解を求める際には初期近似解を適切に決めないと必要とする個数の解が求まらない欠点を持っている。そのため、Newton 法の適切な初期近似解を決めることは大変重要なことである。

そこで、本研究では解の個数がわかる代数方程式に対し遺伝的アルゴリズム (GA) を用い、解の多重度を進化途中で自動的に制御しながら進める求解法を提案し、実際に提案解法を用いて数値実験を行なう。

*A Global Search Method for Solutions of Nonlinear Equations by Genetic Algorithms

†Susumu YAMADA, Ikuro YOSHIHARA and Kenichi ABE

‡Graduate School of Engineering, Tohoku University

2 GA による求解法

2.1 1つの解を求める場合

GA を用いて方程式 (1) の解を求める場合に、解が区間内に 1 つの場合や複数個存在してもそのうちの適当な 1 つを求める場合には、

- 遺伝子は連続変数が扱えるように実数値 x そのものを遺伝子と考える実数遺伝子を用いる。
- 親遺伝子を x_1, x_2 としたときの交叉を

$$g_c(x_1, x_2) = \lambda x_1 + (1 - \lambda)x_2 \quad (3)$$

$$\lambda_{\min} < \lambda < \lambda_{\max}$$

とする。ここで $\lambda_{\min}, \lambda_{\max}$ は子遺伝子の親遺伝子に対する存在範囲を示しており、 $\lambda_{\min} = -0.5, \lambda_{\max} = 1.5$ とするのが一般的である。

- 突然変異は区間内の値を乱数で与える。
- 淘汰の方法として適当に適合度を求めランキング選択で選択する。

とするのが一般的である。また適合度関数として x が解であるとき最大の適合度を与える

$$fitness = \frac{1}{1 + |f(x)|} \quad (4)$$

を用いるのが好ましいとされている [1], [2]。

2.2 複数個の解をすべて求める場合

ここでは、ある区間内に重複度を含めて $m (\geq 2)$ 個の解 $\alpha_1, \dots, \alpha_m$ が存在し、そのすべての解を求める解法について考察する。まず、個体群を m 個のグループに分けそれぞれに前節で説明した 1 つの解を求める場合の解法を用いる場合を考える。このとき解 α_k が単根であるとし、第 i および j 個

ループのある個体 x_i, x_j が共に α_k に近付くとすると、 $f(x_i) = f(x_j) = 0$ となりこの解法の適合度 (4) はどちらも $fitness = 1$ となり最大の評価値となるため、2つのグループで同一の解 α_k を求めてしまう。これを避けるために、あるグループで $f(x_i) = 0$ となる個体 x_i を得たら他のグループでは x_i を取らないようにすることも考えられるが、重解が存在する場合には解の個数がグループ数 m より小さくなり不適解を得ることになる。そこで α が $n (\geq 1)$ 重解であると仮定し、重複度の数だけのグループで α を求めるような評価関数を提案する。このとき $f(x)$ は $P(\alpha_i) \neq 0$ となるある関数 $P(x)$ を用いて

$$f(x) = (x - \alpha)^n P(x) \quad (5)$$

と表せる。このことから $f(x)$ は $x \rightarrow \alpha$ のとき n 次のオーダーで 0 に収束することがわかる。

次に第 i グループのある個体 x_i と第 i グループを除く各グループの代表値 $\hat{x}_1, \dots, \hat{x}_m$ (決め方は後述) の差積

$$g(x_i) = \prod_{j \neq i} (x_i - \hat{x}_j) \quad (6)$$

について考える。まず、ある個体 x_i が n 重解 α に十分近付いたとする。このときグループの代表値から \hat{x}_i を除いた $m-1$ 個の代表値のうち 1 個が α に近付くとすると $g(x_i)$ は 1 次のオーダーで 0 に収束するので

$$F(x_i) = \frac{|f(x_i)|}{|g(x_i)|} \rightarrow \begin{cases} 0 & l \leq n-1 \\ C & l = n \\ \infty & l \geq n+1 \end{cases} \quad (7)$$

を満たす。このとき C は非零の定数である。このことから、第 i グループに属する個体 x_i に対する評価関数として

$$fitness = \frac{1}{1 + F(x_i)} \quad (8)$$

を用いるのがよいと思われる。また、代表値の選び方としては本研究ではランキング上位 5 つの個体から 1 つを等しい確率で選ぶことにする。

3 数値実験

提案解法を評価するため実際に非線形方程式の解を求めてみる。ここではあらかじめ決めてある

区間内に存在する解の個数が重複度を含めてわかっているとする。この時、個体のグループをその個数、各グループの個体数を 100、交叉率 1、突然変異として区間内の値を乱数で 1 世代ごとに 50 個与える。また個体の淘汰の方法としてランキング選択を用いている。

以上の条件で $f(x) = 0$ で重解を持つ $f(x) = (x-3)(x-6)(x-9)^3(x-12)$ の解を 10 回づつ計算し解の誤差の平均と世代数の関係を図 1 に示す。ここでの誤差は

$$Error = \sum_i |f(x_i)| \quad (9)$$

とする。

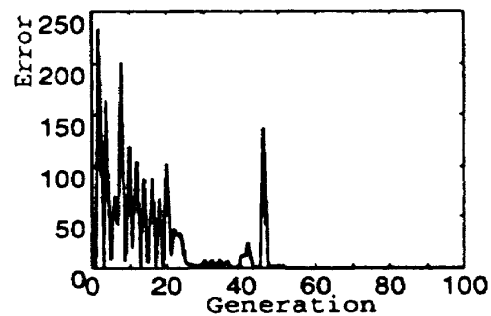


図 1: 誤差と世代数の関係

また得られる数値解は実際に重複度を考慮したものとなっている。このことから我々の提案手法は重解を持つ代数方程式を解の重複度を考慮して解けることがわかる。

今後は複素解を持つ方程式や一般の非線形方程式についての求解法を提案していく予定である。また、GA は並列計算に向いているので並列計算機向きの解法についても提案する予定である。

参考文献

- [1] Goldberg, D., E.;私信
- [2] Goldberg, D., E.; Genetic Algorithms in Search, Optimization, and Machine Learning. Addison-Wesley, 1989.
- [3] 森, 室田, 杉原: 岩波講座 応用数学 [方法 1] 数値解析の基礎, 岩波書店, 1993.