C-1

解の遺伝子表現に区間値やファジィ値を用いた区間・ファジィ進化計算手法の提案

Proposal of Interval/Fuzzy Evolutionary Algorithms with Interval/Fuzzy-valued Genotypes

岡田 英彦
Hidehiko Okada

1．はじめに

遺伝的アルゴリズム，進化戦略，差分進化，粒子群最適化などに代表される進化計算手法において，従来，解の遺伝子表現（genotype）は，2 値や実数値などのクリスプな値で構成されていた．また，例えばこれまでに，解の表現形（phenotype）にファジィ数を扱うことが可能なファジィ GA が提案されているが[1]，その genotype は，phenotype のファジィ数を近似表現する実数値で構成されていた．本研究では，genotype に区間値やファジィ値を扱うことが可能な，区間・ファジィ進化計算手法を提案する．

提案手法の適用が有効と期待される対象問題として，関数最適化，ファジィ If-Then ルールの学習，ファジィニューラルネットの学習が挙げられる．関数最適化問題に適用する場合，従来の進化計算手法で用いられる解は，探索空間中の 1 点に該当する．これに対して，本提案手法で用いられる解は，広がりをもった領域に該当している．つまり，解 1 つで 1 点ではなく領域を表現することが可能であり，従来手法の場合よりも少ない個数の解集団で，解の空間を効率よく探索できる可能性があり，特に，探索の初期段階において，有望な領域を効率よく発見できることが期待される．ただしこの効果を得るためには，広がりをもった解の適合度を，適切に評価する方法が必要となる．また，ファジィ If-Then ルールの学習に適用する場合，ルールの If 部や Then 部に含まれるファジィ集合を，genotype の値として直接利用でき，ルールの性能指標値を個体の適合度評価値として用いることで，提案手法によってファジィ If-Then ルールを進化的に学習することが可能と考えられる．一方，これまでに，ユニット間結合強度やユニットしきい値が実数値ではなく区間値やファジィ値に拡張された，区間ニューラルネットやファジィニューラルネットが提案されている[2,3]．さらに，学習用データを用いてこれらのニューラルネットの結合強度としきい値を学習するために，従来のバックプロパゲーションアルゴリズムを拡張した学習手法も提案されている[2,3]．しかし，これらのニューラルネットの教師なし学習法は提案されていなかった．これに対して，近年，進化計算手法を用いたニューラルネットの教師なし学習法が研究されており[4]，ニューロエボリューションと呼ばれている．本研究の提案手法は，文献[2,3]で提案されたニューラルネットの結合強度やしきい値を，genotype の値として直接的に扱うことができ（サンプリングされた実数値の集合によって近似的に扱うのではなく），文献[2,3]で提案されたニューラルネットのニューロエボリューションを 実現できると考えられる．

京都産業大学 コンピュータ理工学部 インテリジェントシステム学科，Department of Intelligent Systems, Faculty of Computer Science and Engineering, Kyoto Sangyo University

2．提案手法

提案手法における解探索プロセスの構成は，従来の進化計算手法と共通であり，解の初期化，適合度評価，子個体の生成などで構成される．著者らは，これらのプロセスにおける処理方法を，区間値やファジィ値で構成される genotype を扱えるように拡張した．

2.1　解の初期化

解の集団サイズを m とし，m 個の解の genotype を $\boldsymbol{x}_1$, $\boldsymbol{x}_2$, …, $\boldsymbol{x}_m$ とする．また，$\boldsymbol{x}_i = (x_{i,1}, x_{i,2}, \ldots, x_{i,n})$ とする．ここで $x_{i,j}$ は，区間値もしくはファジィ値である．簡単化のため，genotype に含まれる区間値はすべて閉区間とする．区間値の場合，$x_{i,j}$ は，その上限と下限（$x_{i,j}^L$ および $x_{i,j}^U$ とする）もしくは中心と幅（$x_{i,j}^c$ および $x_{i,j}^w$ とする）によって表現できる．つまり，$x_{i,j} = [x_{i,j}^L, x_{i,j}^U]$ もしくは $x_{i,j} = (x_{i,j}^c, x_{i,j}^w)$ であり，$x_{i,j}^L = x_{i,j}^c - x_{i,j}^w$，$x_{i,j}^U = x_{i,j}^c + x_{i,j}^w$ である．同様に，簡単化のため，genotype に含まれるファジィ値は対称三角型ファジィ数とする．対称三角型ファジィ数の場合，$x_{i,j}$ は，図 1 のサポート下限 L，サポート上限 U を $x_{i,j}^L$, $x_{i,j}^U$ として，もしくは図 1 の中心 c，幅 w を $x_{i,j}^c$, $x_{i,j}^w$ として用いることにより，区間値の場合と同様に $x_{i,j} = [x_{i,j}^L, x_{i,j}^U]$ もしくは $x_{i,j} = (x_{i,j}^c, x_{i,j}^w)$ と表現できる．

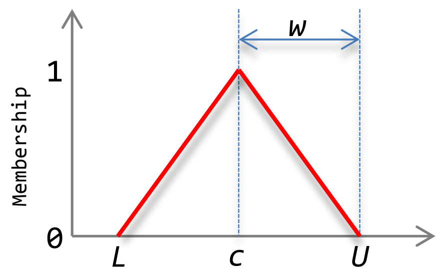

図 1: 対称三角型ファジィ数のメンバーシップ関数

以下，区間値やファジィ値を上下限で表現するモデルを LU モデル，中心・幅で表現するモデルを CW モデルと呼ぶことにする．

LU モデルの場合，$x_{i,j}^L$ および $x_{i,j}^U$ の初期値は，$x_{i,j}^L \leq x_{i,j}^U$ の制約のもとで，乱数を用いて決定される．一方，CW モデルの場合，$x_{i,j}^c$ および $x_{i,j}^w$ の初期値は，$x_{i,j}^w > 0$ の制約のもとで，乱数を用いて決定される．

2.2　適合度評価方法

適合度評価方法は，従来の進化計算手法の場合と同様に，当該手法の適用対象問題に依存する．本稿では，提案手法

を関数最適化，ファジィ If-Then ルールの学習，区間・ファジィニューラルネットの学習に適用する場合の，適合度評価手法を記載する．

関数最適化

関数最適化問題では，関数 F($\boldsymbol{x}$)の最小値（もしくは最大値）を与える $\boldsymbol{x}$ を求める．ここで，$\boldsymbol{x}$ は n 次元実数ベクトル $\boldsymbol{x}=(x_1, x_2, \ldots, x_n)$であり，$x_i$および y は実数である．この関数最適化問題に提案手法を適用する場合，個体の適合度評価方法として 2 通りが考えられる．

第 1 の方法は，区間演算やファジィ演算に基づく方法である．x_i に実数値ではなく区間値やファジィ値を代入し，区間演算やファジィ演算を用いて，区間値ベクトルもしくはファジィ値ベクトル $\boldsymbol{x}$ に対する関数 F($\boldsymbol{x}$)の値を求める．この方法の場合，m 個の解 $\boldsymbol{x}_1, \boldsymbol{x}_2, \ldots, \boldsymbol{x}_m$ に対する関数 F の値 F($\boldsymbol{x}_1$), F($\boldsymbol{x}_2$), …, F($\boldsymbol{x}_m$)も区間値もしくはファジィ値となるため，F($\boldsymbol{x}_1$), F($\boldsymbol{x}_2$), …, F($\boldsymbol{x}_m$)の間の優劣を決定する方法が必要となる．

第 2 の方法は，評価点のサンプリングに基づく方法である．この方法の場合，広がりをもった解 $\boldsymbol{x}_i$ のなかから，評価点を一定数サンプリングし，そのサンプリングされた点に対する F の値を求める．このサンプリングの際，$\boldsymbol{x}_i$ に対するサンプリング候補点のメンバーシップ値を，その候補点の受理確率に利用することで，よりメンバーシップ値の大きい点ほど評価点として選ばれやすくすることができる．また，サンプリングされた評価点の数を s とすると，$\boldsymbol{x}_i$ の評価値は，s 点の F の値の平均値，もしくは $\boldsymbol{x}_i$ に対するメンバーシップ値を用いた加重平均として求めることができる．

ファジィ If-Then ルールの学習

学習対象のファジィ If-Then ルールを，

$$\text{IF } \boldsymbol{x}_r \text{ is } \boldsymbol{A}_r \text{ then } y \text{ is } B_r, \tag{1}$$

とする．ここで，r はルール番号，$\boldsymbol{A}_r = (A_{r,1}, A_{r,2}, \ldots)$，$A_{r,i}$ および B_r はファジィ集合とする．このファジィ If-Then ルールを学習させる場合，$A_{r,i}$ および B_rを genotype の値として用い，提案する進化計算手法を適用して $A_{r,i}$ および B_rをチューニングさせる．個体 1 つがルール集合 1 つに対応している．各個体の評価値は，個体に対応するルール集合をそのルールの対象問題へ適用し，ルールの性能を測定することで決定できる．

区間・ファジィニューラルネットの学習

区間ニューラルネット[2]やファジィニューラルネット[3]の学習に対して，提案する進化計算手法を適用する場合には，genotype に含まれる値はそれらのニューラルネットの結合強度やしきい値である．個体 1 つがニューラルネット 1 つに対応している．各個体の評価値は，個体に対応するニューラルネットを対象問題に適用し，その性能を測定することで決定できる．

2.3 子個体生成方法

提案する進化計算手法においては，子個体の生成方法も，区間値やファジィ値を含む genotype を扱えるように拡張される．本稿では，提案手法の例として，遺伝的アルゴリズム（GA）[5]，進化戦略（ES）[6]，差分進化（DE）[7]，粒子群最適化（PSO）[8]の場合の子個体生成方法を記載する．

ファジィ GA における子個体生成方法

2 つの親個体の genotype を $\boldsymbol{x}_p = (x_{p,1}, x_{p,2}, \ldots, x_{p,n})$および and $\boldsymbol{x}_q = (x_{q,1}, x_{q,2}, \ldots, x_{q,n})$ とする．ただし，$x_{p,j}$および $x_{q,j}$は，LU モデルもしくは CW モデルによって表される区間もしくはファジィ数である．また，この 2 つの親個体から生成される子個体の genotype を $\boldsymbol{x}_r = (x_{r,1}, x_{r,2}, \ldots, x_{r,n})$とする．$x_{r,j}$ も LU モデルもしくは CW モデルによって表される区間もしくはファジィ数である．

CW モデルの場合，$x_{r,j}^c$ は，$x_{p,j}^c$ および $x_{q,j}^c$ を用いたブレンド交叉[9]によって決定する．$x_{r,j}^w$ も同様に，$x_{p,j}^w$ および $x_{q,j}^w$ を用いたブレンド交叉によって決定する．ただし $x_{r,j}^w \geq 0$ でなければならないため，生成された値が $x_{r,j}^w < 0$ の場合は $x_{r,j}^w \leftarrow 0$ とする．

LU モデルの場合，$x_{r,j}^L$ は $x_{p,j}^L$ および $x_{q,j}^L$ を用いて，$x_{r,j}^U$ は $x_{p,j}^U$ および $x_{q,j}^U$ を用いて，それぞれブレンド交叉によって決定する．ただし $x_{r,j}^L \leq x_{r,j}^U$ でなければならないため，生成された値が $x_{r,j}^L > x_{r,j}^U$ の場合は，次のいずれかの方法によって修正する：1) $x_{r,j}^L \leftarrow x_{r,j}^U$, 2) $x_{r,j}^L \rightarrow x_{r,j}^U$, 3) $tmp \leftarrow x_{r,j}^L$, $x_{r,j}^L \leftarrow x_{r,j}^U$, $x_{r,j}^U \leftarrow tmp$, 4) $x_{r,j}^L \leftarrow (x_{r,j}^L + x_{r,j}^U)/2$, $x_{r,j}^U \leftarrow x_{r,j}^L$.

次に，突然変異方法を記載する．genotypee $\boldsymbol{x}_r$ に含まれる要素 $x_{r,j} = (x_{r,j}^c, x_{r,j}^w)$ （もしくは$[x_{r,j}^L, x_{r,j}^U]$）が突然変異対象として選択されたとする．この場合，$x_{r,j}^c$ と $x_{r,j}^w$ の一方もしくは両方（LU モデルの場合は $x_{r,j}^L$ と $x_{r,j}^U$ の一方もしくは両方）を，実数値 GA における突然変異の場合と同様に書き換える．$x_{r,j}^w \geq 0$（LU モデルの場合は $x_{r,j}^L \leq x_{r,j}^U$）の制約を満たすための方法は交叉の場合と同様である．

ファジィ ES における子個体生成方法

親個体と子個体の genotype をそれぞれ $\boldsymbol{x}_p$ および $\boldsymbol{x}_r$ とする．CW モデルの場合，$x_{r,j}^c$ と $x_{r,j}^w$を次式によって決定する．$x_{r,j}^w \geq 0$ の制約を満たす方法は上記と同様である．

$$x_{r,j}^c = x_{p,j}^c + N(0,\delta^2), \tag{2}$$

$$x_{r,j}^w = x_{p,j}^w + N(0,\delta^2), \tag{3}$$

$N(0,\delta^2)$は平均 0，標準偏差δの正規乱数を表す．

LU モデルの場合も同様であり，$x_{r,j}^L$ と $x_{r,j}^U$を次式によって決定する．$x_{r,j}^L \leq x_{r,j}^U$ の制約を満たす方法は上記と同様である．

$$x_{r,j}^L = x_{p,j}^L + N(0,\delta^2), \tag{4}$$

$$x_{r,j}^U = x_{p,j}^U + N(0,\delta^2), \tag{5}$$

ファジィ DE における子個体生成方法

本稿では DE/rand/1 の場合について記載する．親個体の genotype を $\boldsymbol{x}_p$，$\boldsymbol{x}_p$ の donor genotype を $\boldsymbol{x}_a$ および $\boldsymbol{x}_b$，$\boldsymbol{x}_p$ の trial genotype を $\boldsymbol{x}_v$ とする．donor 個体の選択方法は従来の DE と同様である．

CW モデルの場合，$x_{r,j}{}^c$ と $x_{r,j}{}^w$ を次式によって決定する．$x_{r,j}{}^w \geq 0$ の制約を満たす方法は上記と同様である．

$$x_{v,j}{}^c = x_{p,j}{}^c + \mathrm{F}\cdot(x_{a,j}{}^c - x_{b,j}{}^c), \quad (6)$$

$$x_{v,j}{}^w = x_{p,j}{}^w + \mathrm{F}\cdot(x_{a,j}{}^w - x_{b,j}{}^w), \quad (7)$$

LU モデルの場合も同様であり，$x_{r,j}{}^L$ と $x_{r,j}{}^U$ を次式によって決定する．$x_{r,j}{}^L \leq x_{r,j}{}^U$ の制約を満たす方法は上記と同様である．

$$x_{v,j}{}^L = x_{p,j}{}^L + \mathrm{F}\cdot(x_{a,j}{}^L - x_{b,j}{}^L), \quad (8)$$

$$x_{v,j}{}^U = x_{p,j}{}^U + \mathrm{F}\cdot(x_{a,j}{}^U - x_{b,j}{}^U), \quad (9)$$

式(6)-式(9)において，F は従来の DE と同じ scaling factor である．また，$\boldsymbol{x}_r$ の要素 $x_{r,j}$ を，$\boldsymbol{x}_p$ の要素 $x_{p,j}$ と $\boldsymbol{x}_v$ の要素 $x_{v,j}$ を用いて決定する方法は，従来の DE と同様である．また，親個体と trial 個体から次世代の子個体を決める方法も，従来の DE と同様である．

DE/rand/1 以外の DE の場合も，中心と幅（もしくは上限と下限）をわけて，それぞれに従来の DE と同じ方法を適用することで，上記と同様に拡張できる．

ファジィ PSO における子個体生成方法

ある個体の位置ベクトル，移動ベクトル，pbest および gbest をそれぞれ $\boldsymbol{x}_r, \boldsymbol{v}_r, \boldsymbol{x}_p, \boldsymbol{x}_g$ とする．

CW モデルの場合，$x_{r,j}{}^c$ と $x_{r,j}{}^w$ を次式によって決定する．$x_{r,j}{}^w \geq 0$ の制約を満たす方法は上記と同様である．

$$v_{r,j}{}^c = w\cdot v_{r,j}{}^c + c_1\cdot r_1\cdot(x_{p,j}{}^c - x_{r,j}{}^c) + c_2\cdot r_2\cdot(x_{g,j}{}^c - x_{r,j}{}^c), \quad (10)$$

$$v_{r,j}{}^w = w\cdot v_{r,j}{}^w + c_1\cdot r_1\cdot(x_{p,j}{}^w - x_{r,j}{}^w) + c_2\cdot r_2\cdot(x_{g,j}{}^w - x_{r,j}{}^w), \quad (11)$$

LU モデルの場合も同様であり，$x_{r,j}{}^L$ と $x_{r,j}{}^U$ を次式によって決定する．$x_{r,j}{}^L \leq x_{r,j}{}^U$ の制約を満たす方法は上記と同様である．

$$v_{r,j}{}^L = w\cdot v_{r,j}{}^L + c_1\cdot r_1\cdot(x_{p,j}{}^L - x_{r,j}{}^L) + c_2\cdot r_2\cdot(x_{g,j}{}^L - x_{r,j}{}^L), \quad (12)$$

$$v_{r,j}{}^U = w\cdot v_{r,j}{}^U + c_1\cdot r_1\cdot(x_{p,j}{}^U - x_{r,j}{}^U) + c_2\cdot r_2\cdot(x_{g,j}{}^U - x_{r,j}{}^U), \quad (13)$$

定数 w, c_1, c_2 および乱数 r_1, r_2 は従来の PSO と同様である．位置ベクトル $\boldsymbol{x}_r$ は移動ベクトル $\boldsymbol{v}_r$ を用いて次式のように更新される．式(14)-(15)が CW モデルの場合，式(16)-(17)が LU モデルの場合である．$x_{r,j}{}^w \geq 0$ の制約を満たす方法，および，$x_{r,j}{}^L \leq x_{r,j}{}^U$ の制約を満たす方法は上記と同様である．

$$x_{r,j}{}^c = x_{r,j}{}^c + v_{r,j}{}^c, \quad (14)$$

$$x_{r,j}{}^w = x_{r,j}{}^w + v_{r,j}{}^w, \quad (15)$$

$$x_{r,j}{}^L = x_{r,j}{}^L + v_{r,j}{}^L, \quad (16)$$

$$x_{r,j}{}^U = x_{r,j}{}^U + v_{r,j}{}^U, \quad (17)$$

gbest モデルの代わりに lbest モデルを用いる場合は，式(10)-(13)における gbest の値 $x_{g,j}{}^c, x_{g,j}{}^w, x_{g,j}{}^L, x_{g,j}{}^U$ を，対応する lbest の値値 $x_{l,j}{}^c, x_{l,j}{}^w, x_{l,j}{}^L, x_{l,j}{}^U$ に置き換えればよい．

３．評価実験

区間・ファジィニューラルネットの学習問題に提案手法を適用し，有効性を検証している．具体的には，区間ニューラルネットによる教師なし区間関数近似への区間 ES および区間 GA の適用，および，ファジィニューラルネットによる教師なしファジィ関数近似へのファジィ ES の適用を進めている．これらの評価実験については，詳しくは文献[10-12]を参照されたい．

４．まとめ

本稿では，genotype の値として，従来のクリスプな値ではなく，区間値やファジィ値を扱うことが可能な，区間・ファジィ進化計算手法を提案した．この提案手法において，区間値やファジィ値を含む genotype に対して遺伝的操作のプロセスを適用できるよう，個体の初期化方法と適合度評価方法，および，子個体の生成方法を拡張した．本稿では，説明を簡単にするため，genotype に含まれるファジィ値が中心と幅もしくは上限と下限の 2 パラメータで規定可能な対象三角型ファジィ数の場合に限定して拡張方法を記載したが，非対象三角型ファジィ数のように 3 パラメータで規定されるファジィ値の場合や，台形型ファジィ数のように 4 パラメータで規定されるファジィ値の場合でも，それらのパラメータの間で満たされるべき制約条件のもとで，パラメータごとに従来の進化計算手法による子個体生成方法を適用することで，本稿にて記載した方法と同様に子個体を生成可能である．また，本稿では GA，ES，DE，PSO の 4 種類について子生成方法の拡張を記載したが，他の進化計算手法の場合も，本稿にて記載した方法と同様に拡張可能である．

今後は，提案手法を種々の対象問題に適用し，有効性評価を進めてゆく．

参考文献

[1] J.J. Buckley and Y. Hayashi, Fuzzy genetic algorithm and applications, Fuzzy Sets and Systems, 61(2), 129-136, 1994.

[2] H. Ishibuchi, H. Tanaka, and H. Okada, An architecture of neural networks with interval weights and its application to fuzzy regression analysis, Fuzzy Sets and Systems, 57(1), 27-39, 1993.

[3] H. Ishibuchi, H. Tanaka and H. Okada, Fuzzy neural networks with fuzzy weights and fuzzy biases, Proc. of IEEE Int. Conf. on Neural Networks, 1650-1655, 1993.

[4] X. Yao, Evolving artificial neural networks, Proceedings of the IEEE, 87(9), 1423-1447, 1999.
[5] D.E. Goldberg, Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning, Kluwer Academic Publishers, 1989.
[6] H.-P. Schwefel, Evolution and Optimum Seeking: The Sixth Generation, John Wiley & Sons, Inc., 1993.
[7] R. Storn and K. Price, Differential evolution - a simple and efficient heuristic for global optimization over continuous spaces, Journal of Global Optimization, 11, 341-359, 1997.
[8] J. Kennedy and R. Eberhart, Particle swarm optimization, Proceedings of IEEE International Conference on Neural Networks, IV, 1942-1948, 1995.
[9] L.J. Eshelman and J.D. Schaffer, Real-coded genetic algorithms and interval-schemata, in D.L. Whitley (ed), Foundation of Genetic Algorithms 2, 187-202, 1993.
[10] 和田, 山下, 松瀬, 岡田, 区間値遺伝子を用いた区間 ES よるニューロエボリューション, 情報処理学会関西支部 平成 24 年度支部大会, 2012.
[11] 松瀬, 和田, 山下, 岡田, 区間値遺伝子を用いた区間 GA によるニューロエボリューション, 情報処理学会関西支部 平成 24 年度支部大会, 2012.
[12] 山下, 松瀬, 和田, 岡田, ファジィ数遺伝子を用いたファジィ ES によるニューロエボリューション, 情報処理学会関西支部 平成 24 年度支部大会, 2012.