

# Genotype の値をファジィ数に拡張した 進化計算手法の提案

平成 25 年 4 月 24 日受付

岡田 英彦\*

## 要 旨

従来の進化計算手法では、解の遺伝子表現形 (genotype) の値は真偽値や実数値などであった。本研究では、genotype の値としてファジィ数を扱うことが可能な進化計算手法を提案する。提案手法を用いれば、ファジィニューラルネットの進化的学習、ファジィシステムで用いられるファジィ If-Then ルールの進化的チューニングなどのファジィ最適化問題に対して進化計算手法を適用可能になる。本論文では、進化計算手法のなかでも代表的な手法である遺伝的アルゴリズムおよび進化戦略について、ファジィ数 genotype を扱うための拡張方法を示す。

キーワード：進化計算手法、解の遺伝子表現形、遺伝的アルゴリズム、進化戦略、ファジィ数

## 1. 序 論

進化計算手法とは、生物の進化の過程に着想を得て考案された計算手法の総称であり<sup>[1]</sup>、遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithm: GA)<sup>[2]</sup>や進化戦略 (Evolution Strategy: ES)<sup>[3]</sup>などが挙げられる。従来の進化計算手法の適用対象問題は、組合せ最適化問題、順列最適化問題、実数関数最適化問題などであり、解の遺伝子表現形 (genotype) の値は真偽値や実数値などであった。すなわち、genotype が式 (1) のように  $n$  次元ベクトルで表現される場合、その要素  $x_i$  の値が真偽値や実数値などであった。

$$\mathbf{x} = (x_1, x_2, \dots, x_n) \quad (1)$$

本研究では、この genotype の値としてファジィ数<sup>[4]</sup>を扱うことが可能な進化計算手法を提案する。ファジィ数とはファジィ集合の一種であり、集合に属する値がその集合に属する度合いを表すメンバーシップの値が従来の集合のように  $\{0, 1\}$  の 2 値ではなく、区間  $[0, 1]$  内の実数である。したがって、ファジィ集合を用いれば、ある値がある集合に度合い 1 で「完全に」属することや度合い 0 で「全く」属さないことだけでなく、度合い 0.9 で「かなり」属することや度合い 0.1 で「わずかに」属することなどを表現できる。このファジィ集合は、ファジィ制御やファジィ判別のためのファジィ If-Then ルールなどに用いられてきており、その産業応用例が日本知能情報学会の web サイトに多数紹

---

\* 京都産業大学コンピュータ理工学部

介されている<sup>[5]</sup>。ここで、前記のメンバーシップ値を規定する関数はメンバーシップ関数と呼ばれる。ファジィ数は実数や区間数を拡張した数であり、実数や区間数はファジィ数の一種である。提案手法を用いれば、ファジィニューラルネットの進化的学習や、ファジィシステムで用いられるファジィ If-Then ルールの進化的チューニングなどの、ファジィ最適化問題に対して進化計算手法を適用可能となる。例えば、結合強度の値が実数ではなくファジィ数に拡張されたニューラルネットがこれまでに提案されており<sup>[6]</sup>、そのニューラルネットの学習のために誤差逆伝播法を拡張する方法も提案されていた<sup>[6]</sup>。しかし、教師信号として利用可能な学習用入出力データを事前には得られない場合の学習手法はこれまで提案されていなかった。本研究の提案手法を用いれば、ファジィ数である結合強度の値を genotype の値として用い、学習用データを用いることなく、強化学習の一種としてその値を進化的に学習させることができる。

本論文では、進化計算手法のなかでも代表的な手法である GA および ES について、ファジィ数 genotype を扱うための拡張方法を示す。

## 2. 提案手法

### 2.1 ファジィ数 genotype

提案手法においては、式(1)で表される genotype において  $x_i$  の値はファジィ数である。ファジィ数のメンバーシップ関数が対称三角型の場合(図1)や正規分布型の場合、そのファジィ数の値は2つの実数で規定できる。例えば対称三角型の場合には、サポート集合<sup>[4]</sup>の下限値と上限値(図1の  $L$  および  $U$  の値)、もしくは、中心と幅の値(図1の  $c$  および  $w$  の値)を用いて個々のファジィ数の値を規定できる。本論文では、このような対称三角型ファジィ数を genotype の値として用いる場合について、進化計算手法の拡張方法を示す。

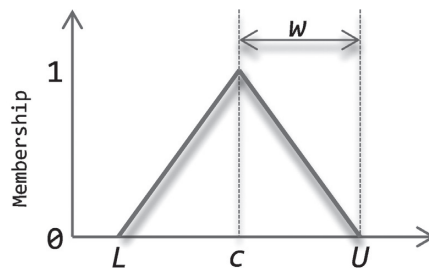


図1 対称三角型ファジィ数のメンバーシップ関数とその実数パラメータ。

### 2.2 進化計算手法における解の進化プロセス

進化計算手法には共通して、

1. 初期化
2. 適合度評価

3. 子個体生成
4. 世代交代
5. 終了判定

のプロセスが含まれ、2~5のサイクルが繰り返し実行される。これらのプロセスのうち、ファジィ数 genotype が扱えるように拡張する必要があるのは、初期化、適合度評価、および子個体生成のプロセスである。初期化と適合度評価のプロセスを拡張する方法は GA と ES の間で共通であるが、子個体生成のプロセスは、ES および GA のそれぞれにおける生成方法に合わせて拡張する。

### 2.3 初期化プロセスの拡張方法

解の集団サイズを  $P$  とする。初期化プロセスでは、 $P$  個の解にそれぞれ対応する genotype の値を初期化する必要がある。

$$\mathbf{X}_j = (X_{j,1}, X_{j,2}, \dots, X_{j,n}), \mathbf{X}_j \in \{\mathbf{X}_1, \mathbf{X}_2, \dots, \mathbf{X}_P\} \quad (2)$$

式(2)において、 $\mathbf{X}_j$  は  $j$  番目の解の genotype を表しており、 $n$  次元ファジィ数ベクトルである。 $\mathbf{X}_j$  の各要素  $X_{j,i}$  はファジィ数であるが、ここではそのメンバーシップ関数が対称三角型であり、

$$X_{j,i} = [x_{j,i}^L, x_{j,i}^U] \quad (3)$$

もしくは、

$$X_{j,i} = (x_{j,i}^c, x_{j,i}^w) \quad (4)$$

と表すことができる。ただし、 $x_{j,i}^L, x_{j,i}^U$  は  $X_{j,i}$  のサポート集合の下限値と上限値であり、 $x_{j,i}^c, x_{j,i}^w$  は  $X_{j,i}$  の中心と幅である。この上・下限値もしくは中心・幅の初期値を、従来の進化計算手法の場合と同様に、乱数を用いて決定する。式(3)の表現を LU モデル、式(4)の表現を CW モデルと呼ぶことにする。LU モデルの場合は、

$$x_{j,i}^L \leq x_{j,i}^U \quad (5)$$

でなければならない。CW モデルの場合は、

$$x_{j,i}^w \geq 0 \quad (6)$$

でなければならない。そこで、LU モデルを用いて  $x_{j,i}^L, x_{j,i}^U$  のための初期値を乱数で求めた結果、式(5)の制約が満たされなかった場合は、式(5)の制約が満たされるように  $x_{j,i}^L, x_{j,i}^U$  の値を修正する。この修正方法としては、

- $x_{j,i}^L$  の値を  $x_{j,i}^U$  に代入する
- $x_{j,i}^U$  の値を  $x_{j,i}^L$  に代入する
- $x_{j,i}^L$  と  $x_{j,i}^U$  の平均値を求め、その平均値を  $x_{j,i}^L$  および  $x_{j,i}^U$  に代入する
- $x_{j,i}^L$  の値と  $x_{j,i}^U$  の値を入れ替える

などが考えられる。一方、CW モデルを用いて  $x_{j,i}^W$  のための初期値を乱数で求めた結果、式(6)の制約が満たされなかった場合は、式(6)の制約が満たされるように  $x_{j,i}^W$  の値を修正する。この修正方法としては、

- $x_{j,i}^W = 0$  とする
- $x_{j,i}^W$  の絶対値を  $x_{j,i}^W$  に代入する

などが考えられる。

## 2.4 適合度評価プロセスの拡張方法

進化計算手法を用いて適用対象問題の最適解を探索する場合、現在の解がその適用対象問題に対してどれだけ適しているかを評価する必要がある。この適合度の評価方法は適用対象問題に応じて異なる。本論文では、適用対象問題がファジィニューラルネットの進化的学習の場合、および、ファジィシステムで用いられるファジィ If-Then ルールの進化的チューニングの場合について、適合度評価方法を示す。

ファジィニューラルネットの進化的学習の場合、genotype に含まれるファジィ数の値はファジィニューラルネットの結合強度の値に対応しており、genotype のインスタンス 1 つがファジィニューラルネット 1 つに対応する。ここで、genotype の  $X_j$  に対応するファジィニューラルネットを  $FNN_j$  と表すことにすると、 $X_j$  の適合度は、 $FNN_j$  の性能を評価することで求められる。例えば、ファジィニューラルネットの適用対象問題がパターン認識問題なら、 $FNN_j$  による認識率を  $X_j$  の適合度として用いることができる。ファジィ If-Then ルールの進化的チューニングの場合、genotype に含まれるファジィ数の値は式(7)で示されるファジィ If-Then ルールの  $A_r$  や  $B_r$  の値に対応しており、genotype のインスタンス 1 つがファジィ If-Then ルールの集合 1 つに対応する。

$$\text{If } x_r \text{ is } A_r \text{ Then } y \text{ is } B_r \quad (7)$$

式(7)において  $r$  はルール番号 ( $r=1,2,\dots$ )、 $A_r=(A_{r,1}, A_{r,2},\dots)$  であり、 $A_{r,k}$  と  $B_r$  はファジィ集合である。この  $A_{r,k}$  と  $B_r$  の値を genotype の値として用いる。ここで、genotype の  $X_j$  に対応するファジィ If-Then ルールの集合を  $FR_j$  と表すことにすると、 $X_j$  の適合度は、ファジィニューラルネットの場合と同様に、 $FR_j$  の性能を評価することで求められる。例えば、ファジィ If-Then ルールの適用対象問題がパター

ン認識問題なら、 $FR_j$  による認識率を  $X_j$  の適合度として用いることができる。

## 2.5 子個体生成プロセスの拡張方法

子個体生成プロセスは進化計算手法ごとに異なるため、本研究における子個体生成プロセスの拡張方法も ES と GA の間で異なっているが、基本的なアイデアは同一である。まず、ES における子個体生成プロセスの拡張方法を示す。

現代の解集団のなかから親として用いる解を選択する方法は従来の ES と同一である。親として選択された解の genotype を  $X_a$  とし、この親から生成する次世代の子の解の genotype を  $X_z$  とする。ここで、

$$X_a = (X_{a,1}, X_{a,2}, \dots, X_{a,n}) \quad (8)$$

$$X_z = (X_{z,1}, X_{z,2}, \dots, X_{z,n}) \quad (9)$$

であり、ベクトルの要素はいずれもファジィ数(ここでは特に対称三角型ファジィ数)である。LU モデルを用いる場合には、 $X_{a,i}$  および  $X_{z,i}$  はいずれもそれらのサポート集合の下限値および上限値を用いて式(3)と同様に表され、

$$X_{a,i} = [x_{a,i}^L, x_{a,i}^U] \quad (10)$$

$$X_{z,i} = [x_{z,i}^L, x_{z,i}^U] \quad (11)$$

である。この  $x_{z,i}^L$ ,  $x_{z,i}^U$  を、以下の式(12)および式(13)によって決定する。

$$x_{z,i}^L = x_{a,i}^L + N(0, \varepsilon) \quad (12)$$

$$x_{z,i}^U = x_{a,i}^U + N(0, \varepsilon) \quad (13)$$

ここで、 $N(0, \varepsilon)$  は平均 0、標準偏差  $\varepsilon$  の正規乱数を表しており、 $\varepsilon$  は非負の実数である。 $\varepsilon$  の値は適用対象問題に合わせて決定される。ただし、 $x_{z,i}^L$ ,  $x_{z,i}^U$  は式(5)と同様に、

$$x_{z,i}^L \leq x_{z,i}^U \quad (14)$$

の制約を満たす必要がある。そこで、式(12)および式(13)を用いて  $x_{z,i}^L$ ,  $x_{z,i}^U$  の値を求めた結果、式(14)の制約が満たされなかった場合は、その制約が満たされるように  $x_{z,i}^L$ ,  $x_{z,i}^U$  の値を修正する。この修正方法としては、2.3 節にて示した方法を用いることができる。

一方、CW モデルを用いる場合には、 $X_{a,i}$  および  $X_{z,i}$  はいずれもそれらの中心および幅の値を用いて式(4)と同様に表され、

$$X_{a,i} = (x_{a,i}^c, x_{a,i}^w) \quad (15)$$

$$X_{z,i} = (x_{z,i}^c, x_{z,i}^w) \quad (16)$$

である。この  $x_{z,i}^c$ ,  $x_{z,i}^w$  を、以下の式(17) および式(18) によって決定する。

$$x_{z,i}^c = x_{a,i}^c + N(0, \varepsilon) \quad (17)$$

$$x_{z,i}^w = x_{a,i}^w + N(0, \varepsilon) \quad (18)$$

$N(0, \varepsilon)$  および  $\varepsilon$  は LU モデルの場合と同一である。ただし、 $x_{z,i}^w$  は式(6)と同様に、

$$x_{z,i}^w \geq 0 \quad (19)$$

の制約を満たす必要がある。そこで、式(18)を用いて  $x_{z,i}^w$  の値を求めた結果、式(19)の制約が満たされなかった場合は、その制約が満たされるように  $x_{z,i}^w$  の値を修正する。この修正方法も、2.3 節にて示した方法を用いることができる。

次に、GA の子個体生成プロセスの拡張方法を示す。現代の解集団のなかから親として用いる解を選択する方法は従来の GA と同一である。親として選択された 2 つの解の genotype を  $\mathbf{X}_a$ ,  $\mathbf{X}_b$  とし、この親から生成する子の解の genotype を  $\mathbf{X}_z$  とする。ここで、 $\mathbf{X}_a$ ,  $\mathbf{X}_z$  は式(8), 式(9)で表される  $n$  次元ファジィ数ベクトルであり、 $\mathbf{X}_b$  も  $\mathbf{X}_a$ ,  $\mathbf{X}_z$  と同様に、

$$\mathbf{X}_b = (X_{b,1}, X_{b,2}, \dots, X_{b,n}) \quad (20)$$

である。LU モデルを用いる場合には、 $X_{a,i}$  および  $X_{z,i}$  は式(10) および式(11)で表され、 $X_{b,i}$  も  $X_{a,i}$ ,  $X_{z,i}$  と同様に、

$$X_{b,i} = [x_{b,i}^l, x_{b,i}^u] \quad (21)$$

である。

$x_{z,i}^l$  の値は、親の値である  $x_{a,i}^l$ ,  $x_{b,i}^l$  をもとに、実数版 GA の交叉手法を用いて決定する。その交叉手法の 1 つとしてブレンド交叉<sup>[7]</sup>が挙げられる。ブレンド交叉を用いる場合、 $x_{z,i}^l$  の値は、式(22)で示される区間のなかからランダムにサンプリングする。

$$\begin{aligned} & [\min(x_{a,i}^l, x_{b,i}^l) - \alpha(\max(x_{a,i}^l, x_{b,i}^l) - \min(x_{a,i}^l, x_{b,i}^l)), \\ & \max(x_{a,i}^l, x_{b,i}^l) + \alpha(\max(x_{a,i}^l, x_{b,i}^l) - \min(x_{a,i}^l, x_{b,i}^l))] \end{aligned} \quad (22)$$

ここで、 $\min(x_{a,i}^l, x_{b,i}^l)$  は  $x_{a,i}^l$ ,  $x_{b,i}^l$  のうち値の小さいほう、 $\max(x_{a,i}^l, x_{b,i}^l)$  は  $x_{a,i}^l$ ,  $x_{b,i}^l$  のうち値の大きいほうをそれぞれ表し、 $\alpha$  は非負の実数である。

$x_{z,i}^u$  の値も  $x_{z,i}^l$  と同様に、親の値である  $x_{a,i}^u$ ,  $x_{b,i}^u$  を用いて、式(23)で示される区間のなかからランダムにサンプリングする。

$$\begin{aligned} & [\min(x_{a,i}^u, x_{b,i}^u) - \alpha(\max(x_{a,i}^u, x_{b,i}^u) - \min(x_{a,i}^u, x_{b,i}^u)), \\ & \max(x_{a,i}^u, x_{b,i}^u) + \alpha(\max(x_{a,i}^u, x_{b,i}^u) - \min(x_{a,i}^u, x_{b,i}^u))] \end{aligned} \quad (23)$$

ただし、ここでも  $x_{z,i}^L$ ,  $x_{z,i}^U$  は ES の場合と同様に式 (14) の制約を満たす必要がある。そこで、式 (22) および式 (23) を用いて  $x_{z,i}^L$ ,  $x_{z,i}^U$  の値を求めた結果、式 (14) の制約が満たされなかった場合は、その制約が満たされるように  $x_{z,i}^L$ ,  $x_{z,i}^U$  の値を修正する。この修正方法は ES の場合と同様である。

一方、CW モデルを用いる場合には、 $X_{a,i}$  および  $X_{z,i}$  は式 (15) および式 (16) で表され、 $X_{b,i}$  も  $X_{a,i}$ ,  $X_{z,i}$  と同様に、

$$X_{b,i} = (x_{b,i}^c, x_{b,i}^w) \quad (24)$$

である。

$x_{z,i}^c$  の値は、親の値である  $x_{a,i}^c$ ,  $x_{b,i}^c$  をもとに、実数版 GA の交叉手法を用いて決定する。先と同様にブレンド交叉を用いる場合、 $x_{z,i}^c$  の値は、式 (25) で示される区間のなかからランダムにサンプリングする。

$$\begin{aligned} & [\min(x_{a,i}^c, x_{b,i}^c) - \alpha(\max(x_{a,i}^c, x_{b,i}^c) - \min(x_{a,i}^c, x_{b,i}^c)), \\ & \max(x_{a,i}^c, x_{b,i}^c) + \alpha(\max(x_{a,i}^c, x_{b,i}^c) - \min(x_{a,i}^c, x_{b,i}^c))] \end{aligned} \quad (25)$$

$x_{z,i}^w$  の値も  $x_{z,i}^c$  と同様に、親の値である  $x_{a,i}^w$ ,  $x_{b,i}^w$  を用いて、式 (26) で示される区間のなかからランダムにサンプリングする。

$$\begin{aligned} & [\min(x_{a,i}^w, x_{b,i}^w) - \alpha(\max(x_{a,i}^w, x_{b,i}^w) - \min(x_{a,i}^w, x_{b,i}^w)), \\ & \max(x_{a,i}^w, x_{b,i}^w) + \alpha(\max(x_{a,i}^w, x_{b,i}^w) - \min(x_{a,i}^w, x_{b,i}^w))] \end{aligned} \quad (26)$$

ただし、ここでも  $x_{z,i}^w$  は ES の場合と同様に式 (19) の制約を満たす必要がある。そこで、式 (26) を用いて  $x_{z,i}^w$  の値を求めた結果、式 (19) の制約が満たされなかった場合は、その制約が満たされるように  $x_{z,i}^w$  の値を修正する。この修正方法は ES の場合と同様である。

### 3. 結 論

本研究では、進化計算手法における genotype の値としてファジィ数を扱うことができるように進化計算手法を拡張する方法を提案した。提案手法の基本的なアイデアは、用いるファジィ数が満たすべき制約のもとでそのファジィ数を規定する実数パラメータのそれぞれに対して実数版の手法を適用すること、および、制約を満たさない値が生成された場合にはその値を適当な方法で修正することである。本論文では ES および GA を対象にプロセスの拡張方法を示したが、差分進化(Differential Evolution: DE)<sup>[8]</sup>や粒子群最適化(Particle Swarm Optimization: PSO)<sup>[9]</sup>など、他の進化計算手法の場合も同様のアイデアに基づいて拡張可能である。また、本論文ではファジィ数のメンバーシップ関数を対称三角型に限定して拡張方法を示したが、他の形状のメンバーシップ関数(例えば台形型)の場合も同様に、そのメンバーシップ関数に必要な制約のもとで、ファジィ数を規定する実数パラメータ(対称三角型の場合の LU や CW に相当するもの)のそれぞれに対して従来の実数版の手法を適用す

ることにより、提案手法における genotype の値として用いることが可能である。

今後の課題として、提案手法の有効性評価が挙げられる。その一環として著者はこれまでに、提案手法であるファジィ拡張版の GA や ES を用いて、ファジィニューラルネットの進化的学習を試みている<sup>[10,11]</sup>。これらの実験の結果、提案手法を用いれば、学習のための入出力データが明示的には与えられなくても解の適合度評価値さえ得られればファジィニューラルネットを進化的に学習させることができ、学習目標であるファジィ入出力関数の近似を精度よく達成できることがわかった。また、LU モデルと CW モデルを比較したところ、CW モデルを用いたほうがより近似精度の高いニューラルネットを得られることもわかった<sup>[12]</sup>。さらに、この原因を調べた結果、LU モデルと CW モデルの間で genotype の値が制約を満たさなかった回数に差があり、CW モデルのほうが LU モデルよりその回数が少ないことがわかった。このように、ファジィニューラルネットの進化的学習においては提案手法の有効性が一部確認されてきたが、他の適用対象問題における有効性の評価は今後の課題である。

## 謝 辞

本研究は京都産業大学特定研究課題 E1207 「ニューロエボリューションのための進化計算手法に関する研究」の一部として実施された。

## 参考文献

- [1] T. Bäck, D. Fogel and Z. Michalewicz, *Handbook of Evolutionary Computation*, Oxford Univ. Press, 1997.
- [2] D. E. Goldberg, *Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning*, Kluwer Academic Publishers, 1989.
- [3] H.-P. Schwefel, *Evolution and Optimum Seeking*, John Wiley & Sons, Inc., 1993.
- [4] 古川, ファジィ最適化の数理, 森北出版, 1999.
- [5] 日本知能情報ファジィ学会, ファジィ応用事例データベース,  
<http://www.j-soft.org/category/example-database/>, last accessed: Apr 5, 2013.
- [6] 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.
- [7] 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.
- [8] 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.
- [9] J. Kennedy and R. Eberhart, Particle swarm optimization, *Proceedings of IEEE International Conference on Neural Networks*, IV, 1942-1948, 1995.
- [10] H. Okada, A. Yamashita, T. Matsuse and T. Wada: Fuzzy-valued evolution strategy for evolving neural networks with fuzzy weights and biases, *Proceedings of the 6th International Conference on Soft Computing and Intelligent Systems and the 13th International Symposium on Advanced Intelligent Systems (SCIS-ISIS 2012)*, 277-280, 2012.



- [11] H. Okada, T. Matsuse and T. Wada : GA with fuzzy-valued genotypes and its application to neuroevolution, *Proceedings of Asia Pacific Symposium of Intelligent and Evolutionary Systems (IES) 2012*, 15-18, 2012.
- [12] H. Okada, Comparison of two interval models for interval-valued genetic algorithm, *Proceedings of The 1st International Conference on Industrial Application Engineering (ICIAE) 2013*, 152-157, 2013.

# Proposal of Fuzzy Evolutionary Algorithms with Fuzzy Valued Genotypes

Hidehiko OKADA

## Abstract

This paper proposes evolutionary algorithms (EAs) that can adopt fuzzy numbers directly as the genotype values. In the proposed methods, each element in a genotype is not a crisp value (such as a real number) but a fuzzy value. EA processes need to be extended for handling the fuzzy-valued genotypes. The basic idea of the proposed methods is to apply the ordinary EA operations to each of the real parameters of the fuzzy numbers under the constraints required for making the fuzzy numbers valid. Expected applications of the proposed EAs are fuzzy optimization problems such as evolutionary learning of neural networks with fuzzy weights and evolutionary tuning of fuzzy if-then rules for fuzzy systems. Section 2 describes the extensions of EA processes including population initialization, fitness evaluation, and reproduction for the evolution strategy (ES) and the genetic algorithm (GA). Readers will find that EAs other than ES and GA, such as the differential evolution or particle swarm optimization, can also be extended similarly. In future work, the author will apply the proposed EAs to the expected optimization problems, evaluate their abilities, and compare them to those of ordinary EAs.

**Keywords :** evolutionary algorithms, fuzzy, genotype, genetic algorithm, evolution strategy