

Title	クラスタリングGAを用いたレンズ設計
Author(s)	玉村, 弘志
Citation	
Issue Date	2007-03
Type	Thesis or Dissertation
Text version	author
URL	http://hdl.handle.net/10119/3578
Rights	
Description	Supervisor:東条 敏, 情報科学研究科, 修士

修 士 論 文

クラスタリング GA を用いたレンズ設計

北陸先端科学技術大学院大学
情報科学研究科情報処理学専攻

玉村 弘志

2007 年 3 月

修 士 論 文

クラスタリングGAを用いたレンズ設計

指導教官 東条敏 教授

審査委員主査 東条敏 教授
審査委員 鳥澤健太郎 助教授
審査委員 島津明 教授

北陸先端科学技術大学院大学
情報科学研究科情報処理学専攻

510065 玉村 弘志

提出年月: 2007 年 2 月

概要

レンズ設計などの実問題では、定式化に基づく探索空間には多くの谷や山を持つ多峰性を持ち、騙し構造を持つ問題として知られている。このような問題に対して、本研究では遺伝的アルゴリズム（GA）を用いて最適化を行う。騙しに対して対処する手法として、高橋の提案したANSと永田のANSを元に複製選択の方法を改良した手法があり、これらは探索空間中の各谷ごとにクラスターを形成する手法である。本研究ではこれらの手法の改良を行った。これらの手法は、個体間の距離を元に複製選択を行っている。このため、探索空間が悪スケールを持つ問題では、谷の中の探索が行われず、隣接する異なる谷の間の探索が行われるために探索効率が低下という問題が発生しているという問題がある。そこで、本研究ではこの問題に対して個体の分布から谷の形状を推定することで、同一の谷にある個体を選択することが可能となるように手法を改良する。具体的には、分散・共分散行列を用いた局所的な個体を分布推定し、個体間の距離を変換することにより、谷の形状に沿った個体選択が行われ、谷を跨った個体選択を抑制する方法を提案する。また、改良した手法では、分散・共分散行列による個体の分布推定を各世代毎に行うが、過去の分散・共分散行列を一定の割合で引き継ぐことで先の個体の分布状況をより正確に推定する。これは、HansenのCMA-ESを参考にしている。そして、個体の位置によって谷の形状が異なることがあることから個体別に分散・共分散行列を保持している。本研究では、以上の手法を用いることで解の精度が向上し、多様な解を得ることを目指す。

この分散・共分散行列を用いて手法の改良の効果を確認するために3つの2次元の関数最適化問題で実験と検証を行った。この3つの関数最適化問題は、それぞれに特徴が異なる関数である。関数1では、参考にした手法でも問題なく各谷に対して個体を分布させることができる問題である。この問題では、手法改良によって性能が低下していないことを確認するための問題である。結果は、ANSより多くのクラスターを形成することができ、解の探索性能についても低下が起きていないことを確認した。

関数2は、楕円状の谷が隣接する問題で谷を跨いだ個体選択が起こりやすい問題である。この問題に対して改良手法を用いた結果は、分散・共分散行列が谷の形状に近い形を示した。その結果、谷を跨いだ個体選択が起こらないことを確認した。また、各谷に対して個体を分布させることができることを確認した。クラスターの個体数についてもANSと比べ個体数が均一化されることが確認できた。

関数3は、各谷が異なる方向の楕円を持つ関数である。この問題の場合も関数2と同様に谷を跨いだ個体選択は起こると考えられる問題である。この問題の結果は、谷が違えば個体が持つ分散・共分散行列の形状も属している谷に合わせて形状が変わることが確認できた。また、クラスターの個体数についてもANSより均一化することが確認できた。

次に、改良した手法とMating List 2とMating List 3を3枚組、4枚組レンズ設計問題に適応した。3枚組レンズ設計問題では、改良した手法が改良前の手法より解の精度が向上した。これは、改良を行うことによって谷の探索効率が向上したためと考えられる。ク

クラスタの数は、改良した手法の方がクラスタの数は減少しているがクラスタの個体数は均一化されている。ANS については、1 点に個体が集中する結果となった。

4 枚組レンズ設計問題では、改良した手法の方が改良前の手法に比べ解の精度が向上した。これは、3 枚組レンズ設計問題と同様に改良を行ったために探索効率が向上したためだと考えられる。また、クラスタの数については、改良前の手法の方が改良した手法よりクラスタの数が多い結果となった。しかし、改良した手法の方がクラスタの個体数が近傍個体数に近い個体数でクラスタが形成されている。このため、クラスタの個体数が 1 というクラスタが減った。同時に個体の分布が、改良後の手法の方が狭くなっている。

実験結果から、本研究の提案手法である分散・共分散行列を用いた個体選択では、解の精度は向上し、解の多様性は減少するが個々のクラスタに対して個体を均一に割り当てることができる手法である。

目次

第 1 章	はじめに	1
1.1	本研究の背景と目的	1
1.2	本論文の構成	2
第 2 章	遺伝的アルゴリズム (GA) と先行研究	3
2.1	GA の概要	3
2.2	先行研究	6
2.2.1	世代交代モデル	6
2.2.2	交叉手法	7
2.2.3	クラスタリング GA	9
第 3 章	分散・共分散行列を用いた個体選択	13
3.1	提案の概要	13
3.2	提案手法	15
3.2.1	個体分布の推定	15
3.2.2	個体間の距離の変換	16
3.2.3	分散・共分散行列の保存	17
第 4 章	評価実験	18
4.1	2 次元関数	18
4.1.1	関数 1	18
4.1.2	関数 2	23
4.1.3	関数 3	29
4.2	レンズ設計問題	34
4.2.1	3 枚組レンズ系	34
4.2.2	4 枚組レンズ系	37
第 5 章	まとめ	41
付 録 A	レンズ設計問題	44
A.1	レンズの概要	44
A.1.1	焦点距離	44

A.1.2	F ナンバー	44
A.1.3	画角	45
A.2	問題設定	46
A.2.1	個体とレンズ系の関係	46
A.2.2	レンズの評価方法	47

第1章 はじめに

1.1 本研究の背景と目的

レンズ設計では、まずレンズの仕様として、焦点距離、画角、画面サイズ、F ナンバー等が決められると、これまでのレンズデータや従来の特許データなどの中から、その仕様に対して近いものを十分に参考にして、最適と思われるレンズタイプを構成し、その基データを作成する。この作成過程には、これまでの経験やノウハウが役に立つことが多い。

基データが決まると、そのデータの持っている基礎能力を、収差係数や固有収差係数を調べることによりおおまかにつかんで、その基データの選択が正しいかどうかを判断する。

その後、収差補正に入る。この収差補正には、Hand methodで行う場合は、各パラメータの変化による各収差の動きをそれぞれ調べて、一つのまとまった表にする。この表に基づいて、各パラメータの変化量の組み合わせにより収差を徐々に補正していく。この方法を丹念に行うことにより、しだいにどのパラメータがどのような働きをしているかがわかってきて、大体の判断ができるようになってくる。

この収差補正を行うもうひとつの方法としてレンズ自動設計を用いる方法がある。このレンズ自動設計は、Hand method で収差補正を行うと膨大な時間と計算を計算機に行わせるためのものである。このため、減衰最小二乗法（DLS 法）などのレンズ自動設計の手法の研究が行われている。

レンズ設計問題とは、レンズの設計仕様である焦点距離、F ナンバー、画角などを満たすように、レンズの枚数、レンズ各面の曲率、面間隔、ガラスの屈折率と分散率などを適切に決定する問題である。現在、レンズ自動設計で主流の最適化手法には、例えば DLS 法と呼ばれる手法がある。DLS 法などの問題点は、特定のレンズ設計を元に局所探索を行っているため、多くの局所解を持つレンズ設計問題では大域的な探索を行わないと局所解に陥ってしまい最適解を探索できないという問題がある。この問題に対して、大域的な探索手法として知られている遺伝的アルゴリズム（GA）を適応した研究として小野の研究がある。また、複数の局所解を一度の探索で得られる GA（クラスタリング GA）を適応した研究に佐々木の研究がある。

レンズ設計などの実問題は、多くの谷や山を持つ多峰性を持ち、騙し構造を持つ問題として知られている。この騙し構造とは、探索空間に複数の大きな大域的谷が存在し、最適解の存在する大域的谷が他の谷に比べて小さい。いわゆる騙し解への収束が高確率とな

り、最適解の発見が困難である適応度景観をいう。この騙し問題に対して従来型の GA を適応した場合に有力な局所解に探索が集中してしまう問題ある。

この多峰性と騙し構造を持つ問題に対して、騙し解への探索の集中を起こらないようにすることと多様な解を得ることを目的とする研究に高橋 [2]、永田 [?] の研究がある。高橋らは、騙し構造に対応するために進化の遅い最適解への探索を許容する個別的な生存選択、改善個体を生成する見込みのない大域的谷にまたがる交叉を行わない個別的な複製選択を持つ世代交代モデルとして ANS モデルを提案している。永田は、騙し構造の中にも大小様々な谷や山が連続するような構造を持つ問題の場合に小さい谷や山に配置された個体を残す改良をした手法である、Mating List 2, Mating List 3 を提案している。Mating List 2 とは、ANS モデルが持つ個別的な生存選択、複製選択に加えて、複製選択で用いられる個体を限定する条件を改良することで、小さい谷に配置された個体を残すことができるようにした手法である。このため Mating List 2 は、ANS に比べ、多様な解を得られる。

Mating List 3 とは、ANS モデルが持つ個別的な生存選択、複製選択、Mating List 2 の小さい谷に対しての個体の配置する特徴に加えて、個体が形成するクラスターの個体数を均一にするために複製選択で用いられる個体候補の条件を改良した手法である。このため Mating List 3 は、Mating List 2 と比べ、多様な解が得られ、解の精度も向上している。

ANS, Mating List 2 と Mating List 3 では、楕円状の谷が複数ある探索空間の場合に個体間の距離にユークリッド距離を用いた個体選択では、隣接する異なる谷の中のある個体を選択することが考えられる。このため、谷の中の探索が行われず、隣接する異なる谷の間の探索が行われるために探索効率が低下という問題が発生していると考ええる。そこで、本研究ではこの問題に対して個体の分布から谷の形状を推定することで同一の谷にある個体を選択することが可能となる手法を提案する。具体的には、分散・共分散行列を用いることによって個体の分布推定を行う。そして、この分散・共分散行列の固有値、固有ベクトルを用いて個体間の距離を変換することにより、谷の形状に沿った個体選択が行われ、谷を跨った個体選択を抑制することが可能になると考える。

本研究では、以上の手法を用いることで解の精度が向上し、先行研究より多様な解を得ることを目指す。

また、本研究では、改良した手法が谷を跨るような個体が行われていないことを確認するために、2次元の関数最適化問題を用いる。そして、実問題への適応としてレンズ設計問題を扱い、Mating List 2, Mating List 3, および改良手法を適応し、実問題におけるそれぞれの手法の有効性について述べる。

1.2 本論文の構成

本稿では、まず2章で遺伝的アルゴリズムについての概要、3章で提案手法について述べる。次に、4章ではレンズ設計問題について、5章では2次元の関数を用いた提案手法の性能確認実験とレンズ設計問題での実験結果について述べ、6章で本研究の考察を述べる。

第2章 遺伝的アルゴリズム (GA) と先行研究

本稿では, 最適化を行う手法として遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithm:GA) を用いている. GA は, 生物進化 (選択淘汰, 突然変異) の原理に着想を得たアルゴリズムで, 大域的探索能力に優れている. 本章では, GA の基本的な知識と先行研究について解説する.

2.1 GA の概要

GA の基本的な流れは, 以下の通りである.

1. 初期集団の生成
個体をランダムに生成し, 初期集団とする.
2. 適応度の評価
各個体の適応度を評価する.
3. 複製選択
集団内から子個体を生成するための親個体を選択する.
4. 交叉
親個体の遺伝子を用いて所定の処理を施し, 子個体の遺伝子とする.
5. 突然変異
生成された子個体の遺伝子の一部をランダムに入れ替える.
6. 生存選択
生成された子個体から集団に戻す個体を選択する.
7. 終了条件を満たすまで手順 2 から繰り返す.

GA のフローチャートは, 図 2.1 のようになる.

個体 (遺伝子)

生物では, 染色体 (chromosome) が遺伝情報を伝える実態として存在している. GA では, この染色体をデータ領域や配列によって構成する. 生物では, 染色体の各位置にどのような遺伝情報が記述されるかが決っており, その位置を遺伝子座と呼んでいる. GA の遺伝子座は, 配列のアドレスに対応する. 一般に生物では, どの遺伝子座が, どういう形態や機能の発現を制御するか等が決っており, 各々の遺伝子座

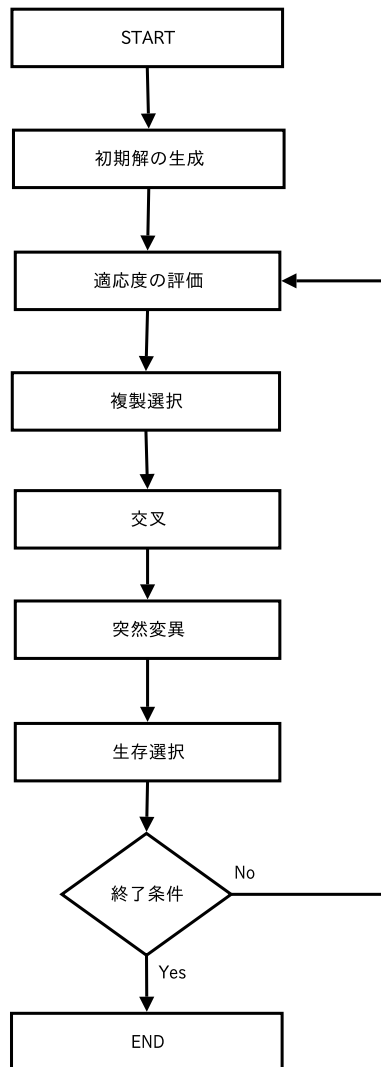


図 2.1: GA の処理の流れ

にどのような塩基配列が存在するかが、その個体の遺伝的特徴を決定する。この各遺伝子座に対して形質を決定する塩基配列で表現されたコードを遺伝子と呼ぶ。

本稿で用いる GA は、遺伝子型空間と表現型空間における位相構造が同じになるように設計されている実数ベクトルをコード化手法とした実数値 GA を用いる。遺伝子型空間と表現型空間の位相が同じであるということは、表現空間において近くにある（似ている性質を持つ）ものは遺伝子型空間においても近くにあるということが言え、遺伝子型空間において近くにあるものは、同様に、表現型空間でも近くにあることが言える。また逆に、表現型空間で遠くにあるものは、遺伝子型空間においても遠くにあるということが言え、遺伝子型空間においても遠くにあるものも同様のことが言える。この位相構造が同じという特徴は、形質遺伝を考える際に、有用であると考えられる。

適応度の評価

適応度の評価とは、GA 空間内の個体が設定された問題の適応の度合いを測るための操作である。

個体の適応度の測り方は、GA が取り扱う問題によって異なる。

複製・生存選択

複製選択は、次世代に残すための子個体を生成するために使われる個体を集団内から選択する処理である。生存選択は、次世代に残す個体を選択するための処理である。

交叉

交叉は、複製選択で選択された親個体を用いて子個体を生成する処理である。この交叉には、様々な手法が提案されている。その中でも基本的な交叉手法として、単純交叉、複数点交叉と一様交叉について簡単に説明する。

単純交叉とは、交叉する位置（交叉位置）を一つ決めてその前と後で、どちらの親の遺伝子型を受け継ぐかを変える方法である。

複数点交叉とは、交叉位置が複数ある方法である。

一様交叉とは、交叉時にマスクをかけてそれによってどちらの親の遺伝子を受け継ぐかを決定する方法である。

これらの交叉手法には、親個体の形質を子個体に残すできないという問題点がある。そのため、数多くの交叉手法が提案されている。

突然変異

突然変異は、交叉によって生成された子個体の遺伝子を一定の確率で変化させる操作である。この突然変異をあまり大きな確率に設定するとランダムサーチと化してしまうが、ある程度の変異は必要である。突然変異がない場合は、初期の遺伝子の組み合わせ以外の空間を探索することができない。そのため、突然変異は集団中の個体の多様性を確保し、できるだけ広い解空間を探索できるようにするために用いられる。

2.2 先行研究

本節では、本研究で参考、用いた手法の詳細について述べる。

2.2.1 世代交代モデル

世代交代モデルには、Simple GA(SGA), CHC, Elitist Recombination(ER), Minimal Generation Gap(MGG) などの様々なモデルがある。本研究では、この中でも交叉手法の UNDX-m と相性が良いと言われている MGG モデルを用いている。本節では、MGG の詳細について述べる。

Minimal Generation Gap ; MGG

MGG は、探索序盤における選択圧をできるだけ下げて初期収束を回避するとともに、探索の後半においても集団内に多種多様な個体を生存させやすくして進化的停滞を抑制することを意図したモデルである。図 2.2 は、MGG モデルの処理手順を图示したものである。

[MGG 処理手順]

1. 初期集団をランダムに生成する。
2. 集団から親個体の 2 個体をランダムに非復元抽出する。
3. 選ばれた 2 個体から子個体を生成する。
4. 親個体と子個体から最良 1 個体およびルーレット選択で選ばれた 1 個体を元の集団に戻す。
5. 終了条件が満たされるまで 2~4 の処理を繰り返す。

MGG における選択は、次のように要約される。

複製選択；適応度を無視して、集団から個体をランダムに非復元抽出する。

生存選択；子個体と親個体の中から最良 1 個体およびルーレット選択により選ばれた 1 個体を次世代に残す。

2.2.2 交叉手法

交叉手法には、一点交叉（単純交叉）、複数点交叉などの様々な手法がある。本稿では、本研究で用いた交叉手法 UNDX-m と UNDX-m の元である UNDX の詳細について述べる。

UNDX

単峰性正規分布交叉（Unimodel Normal Distribution Crossover ; UNDX）は、図 2.3 に示すように、三つの親によって決まる正規乱数を用い二つの子を生成する。基本的には子は二つの親を結ぶ線分の周辺に正規分布に従って生成され、第 3 番目の親は正規分布の標準偏差を決めるために補助的に用いられる。正規分布の標準偏差は、その主軸成分、すなわち両親を結ぶ方向の成分は両親間の距離に比例され、それ

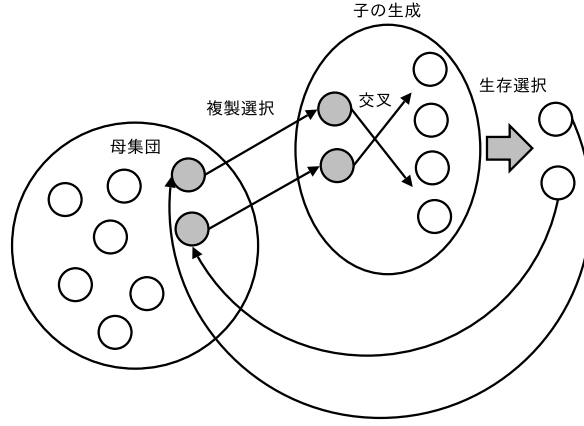


図 2.2: MGG モデル

以外の軸の成分は, 第三の親と両親を結ぶ直線との距離に比例させる. ここで, 主軸以外の標準偏差に $1/\sqrt{n_{param}}$ (n_{param} ; 次元数) をかけることにより, 次元が増加しても両親を結ぶ軸から大きく外れることなく子を生成できるようにしている.

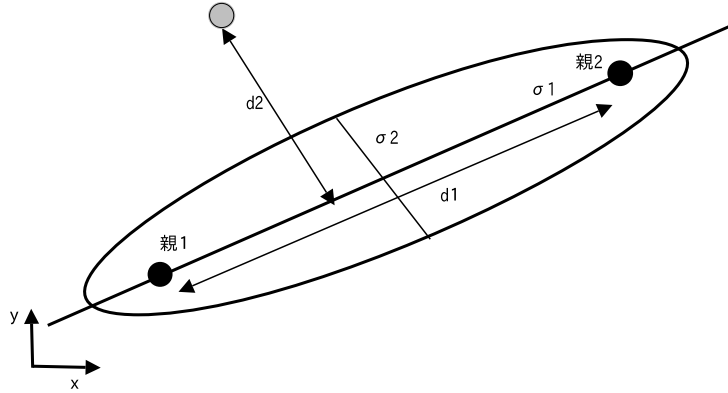


図 2.3: UNDX の個体生成

$$\begin{aligned}
 c_1 &= m + z_1 e_1 + \sum_{k=2}^{n_{param}} z_k e_k, c_2 = m - z_1 e_1 - \sum_{k=2}^{n_{param}} z_k e_k, \\
 m &= (p_1 + p_2)/2, z_1 \sim N(0, \sigma_1^2), z_k \sim N(0, \sigma_2^2) (k = 2, \dots, n_{param}), \\
 \sigma_1 &= \alpha d_1, \sigma_2 = \beta d_2 \sqrt{n_{param}}, \\
 e_1 &= (p_2 - p_1)/|p_2 - p_1|, e_i \perp e_j (i, j = 1, \dots, n_{param}, i \neq j)
 \end{aligned}$$

ここで n_{param} は次元数, p_1, p_2 は両親, c_1, c_2 は子, d_1 は両親間の距離, d_2 は第三の親と両親を結ぶ軸との距離, e_1 は両親を結ぶ軸方向の単位ベクトル, $z_1 \sim N(0, \sigma_1^2)$ と $z_k \sim N(0, \sigma_2^2)$, ($k = 2, \dots, n_{param}$) は正規乱数を表す. α, β はユーザーが与える定

数であり、推奨パラメータは $\alpha = 0.5$, $\beta = 0.35$ である。また、 $e_i (i = 2, \dots, n_{param})$ は e_1 に垂直かつ線形独立な単位ベクトルである。

UNDX は、両親が表現型空間において離れて存在している場合には子を表現空間において広い範囲に生成し、両親が近くに存在している場合には子を両親に近く狭い範囲に生成する。コード化の際にあらかじめ決められた座標軸ではなく、両親を結ぶ軸の周辺に正規分布に従って子を生成することから、両親を結ぶ軸から遠く離れた子を生成する確率は低い。したがって、変数間に依存関係がある関数、すなわち最適解へ続く座標軸に並行でない尾根または谷を持つ関数最適化においても、尾根または谷に沿って子を生成することにより効率よく探索を進められると考えられる。UNDX を用いた GA は、探索の初期の段階では探索空間の広い範囲を探索し、中盤から終盤においては最適解がありそうな部分空間において、生成する子の分布を現在探索している部分空間のランドスケープに適応的に変化させながら、効率的に探索を行う能力を持っていると考えられる。

UNDX-m

UNDX-m は、UNDX に多数 ($m+2$) の親を用いる拡張をした交叉手法である。UNDX では、基本的には2つの親を結ぶ直線の近傍に子を生成する。たとえば、Fig(a) で個体 x^A, x^B, x^C を主探索成分を生成する親候補とすれば、これらから2つが選ばれ、選ばれた個体を結ぶ直線付近に子が生成される。親の選び方によって3通りの交叉を行ったとしても、探索空間上を網目状に覆った形でしか子が生成できない。これに対して、Fig(b) のように x^A, x^B, x^C をすべて用いて主探索成分をより高次元空間上に生成すれば、探索空間をより密に覆うことが可能となる。これが UNDX-m の考え方である。UNDX-m のアルゴリズムは、以下のようになる。

[UNDX-m アルゴリズム]

1. 個体群から $m+1$ 個の親個体 $x^1, \dots, x^{m+1}$ をランダムに選ぶ。
2. これらの親個体の重心を $\vec{p} = \frac{1}{m+1} \sum_i \vec{x}^i$, $\vec{x}^i$ と $\vec{p}$ の差ベクトルを $\vec{d}^i = \vec{x}^i - \vec{p}$ とする。
3. 親個体 $\vec{x}^{m+2}$ を個体群からランダムに選択する。
4. D を $\vec{d}^{m+2} = \vec{x}^{m+2} - \vec{p}$ の $\vec{d}^1, \dots, \vec{d}^m$ に直交する成分の大きさとする。
5. $\vec{e}^1, \dots, \vec{e}^{n-m}$ を $\vec{d}^1, \dots, \text{vecd}^m$ に直交する部分空間（副探索空間と呼ぶ）の正規直交規定とする。
6. 子個体 $\vec{x}^c$ を次式で生成する：
$$\vec{x}^c = \vec{p} + \sum_{i=1}^m \omega_i \vec{d}^i + \sum_{i=1}^{n-m} \nu_i D \vec{e}^i$$

UNDX と UNDX-m の違い

UNDX と UNDX-m の子個体生成の違いは、図 2.4 のようになる。

UNDX は、2 個の親個体同士を結ぶ直線付近に子個体を生成する。UNDX-m は、全親個体の中心から親個体全てを覆う範囲に正規分布に従って子個体を生成する。よって、UNDX-m の方が探索空間を密に覆うことができる。

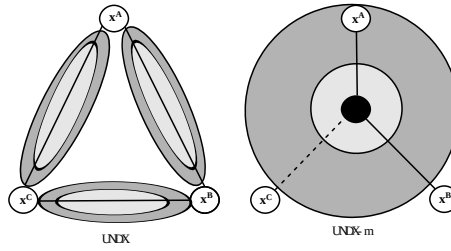


図 2.4: UNDX と UNDX-m の子個体生成の違い

2.2.3 クラスタリング GA

クラスタリング GA とは、個別的な生存選択と複製選択を行うことで探索空間内に分布している個体が複数のクラスタを形成する GA のことである。このクラスタリング GA の中でも本研究では、高橋らが提案した ANS、永田が ANS を元に提案した Mating List 2, Mating List 3 を用いている。また、永田は、クラスタリング GA がクラスタを形成するための要件をまとめている。

[クラスタを形成するための要件]

1. 距離などのパラメータを必要としない
2. 集団の個体は、できるだけ多くのクラスタを形成する
3. 各クラスタは、最小 K 個の個体でクラスタを形成する。
4. 集団の個体は、世代を進めるに従いクラスタに分割される

本研究で、提案する手法も上記の要件を満たすクラスタリング GA となる。以下では、各手法についての詳細を述べる。

適応的近傍探索 (Adaptive Neighboring Search: ANS), Mating List 1

ANS は、複製選択で異なる谷にまたがる交叉が引き起こす進化的停滞を阻止するために、交叉対象を各個体の近傍に位置する K 個の限定している手法である。ここで、K 個体は遺伝子型空間の距離で測って近い順に選ばれた K 個の個体としている。ANS の特徴は、交叉相手を近傍個体に限定することにより自律分散的探索を促し、騙しのある複雑な景観に対し適応的探索を可能としている。

ANS の手順は以下の通りになる。

[ANS 処理手順]

1. L 個体なる集団を生成する。
2. 各個体ごとに K 個体からなる近傍リストを更新する
3. 集団から任意の 1 個体 x^0 を非復元抽出する
4. 個体 x^0 の近傍リストから交叉に必要な個体を選択する

$$List1_i = \{j \in Pop | ord_{ij} \leq K\}$$
5. 選択された個体を用いて交叉を行う

6. 親個体 x^0 と生成された子個体の中から最良個体を選び、親個体と置き換える
7. 終了条件を満たすまで手順 2 から繰り返す

手順 2～4 が複製選択に、手順 5～6 が生存選択に相当する．図 2.5 (a) から (c) は、ANS を用いた個体選択の様子を探索初期から探索終盤までを図示したものである．

また、ANS を用いた探索はどのような個体間の近接関係がある．この個体間の近接関係が探索終盤には図 2-5(c) のような関係となる．図 2-5(c) のような個体間の近接関係をクラスと呼んでいる．図 2-5 のノードは、各個体を表し、矢印は、始点の個体が終点の個体を近接関係であることを表している．

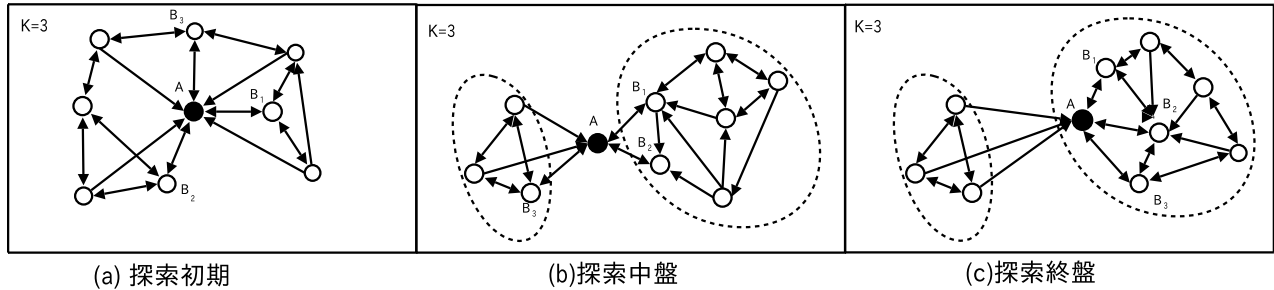


図 2.5: Mating List 1 の近傍個体変化：K=3 の場合

Mating List 2

Mating List 2は、永田がANSを元に提案した手法である。Mating List 2では、手順3の近傍リストを作成する条件を変更している。

$$List2_i = \{j \in Pop | ord_{ij} \leq K, ord_{ji} \leq K\}$$

Mating List2の特徴は、クラスタ内の個体数を最大K個、もしくはK以下の個体数でクラスタを形成する。また、この手法はクラスタを形成するための要件(2)を満たすが、要件(3)を満たすことができない。Mating List2を用いてクラスタを形成状況は図2-3のようになる。

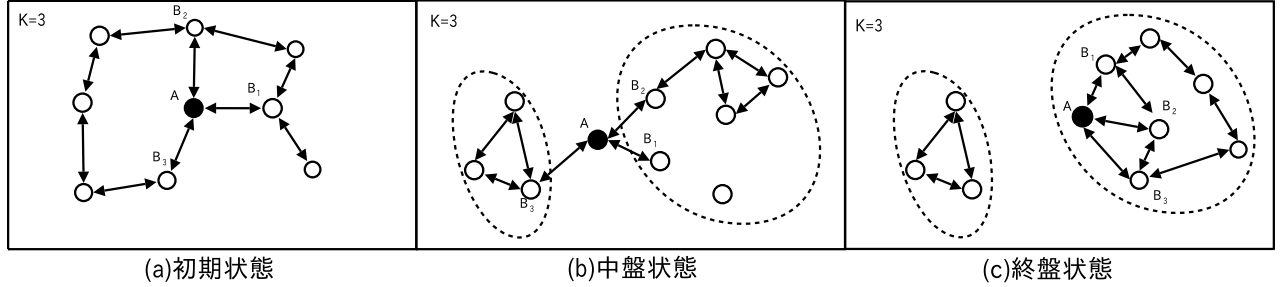


図 2.6: Mating List 2 の近傍個体変化：K=3 の場合

Mating List 3

Mating List 3は、近傍リストを下記の条件で作成する。

$$List3_i = \{j \in Pop | ord_{ji} \leq\}$$

図2.7は、Mating List 3での近傍リストの構造を図示したものである。Mating List 3は、ANSモデルの弱点であったクラスタを形成するための要件(2)と(3)を満たす手法である。このため、Mating List3が最もクラスタを多く形成し、クラスタ内の個体数も均一になり易い手法である。

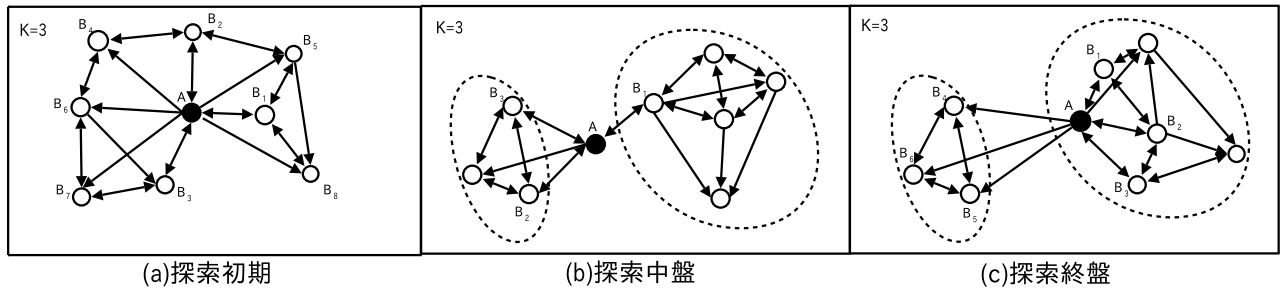


図 2.7: Mating List 3 の近傍個体変化：K=3 の場合

ANS, Mating List 2, Mating List 3 には、ユークリッド距離を用いた個体間の距離を測定しているために、複数の楕円状の谷が隣接する場合に谷の端の個体は谷の中の個体より、隣接するとなりの谷の個体を選択する。例えば、図 2-8 のような状況で起こるものと考えている。図 2-8 では、個体 A から距離が近い順に個体を選択していくと、3 番目に選ばれる個体として隣の谷にいる個体 B_3 がある。もし、 B_3 が交叉の親として用いられた場合には、個体 A と B_3 の間に子個体を生成することになる。結果として、谷の中が探索されないために探索の無駄が発生している。このようなことから、谷を跨いだ個体選択

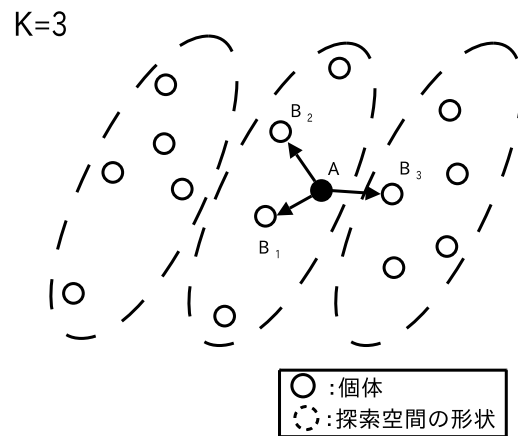


図 2.8: 谷を跨った個体選択

が行われることに問題があると考え。この問題に対して、本研究では分散・共分散行列を用いて個体の分布を推定し、谷の形状にそう個体選択が行われるように手法を改良している。詳細については、3 章で述べる。

第3章 分散・共分散行列を用いた個体選択

本章では，2章の先行研究で述べたクラスタリング GA の問題を改善する手法について述べる．

3.1 提案の概要

本節では，3章で述べたクラスタリング GA の問題点を改良について述べる．先行研究のクラスタリング GA は，個体選択を行う場合に谷を跨いだ個体選択が発生する問題がある．本研究では，この問題に対して個体の分布推定を行うことで谷を跨いだ個体選択を抑制する．また，谷を跨いだ個体選択を抑制するためには，先行研究で用いられていたユークリッド距離を谷の形状に合うように変換する必要がある．詳しくは，次節以降で詳しく述べる．具体的には，図のようになる．また，本研究で開発した GA の処理の流れを図に

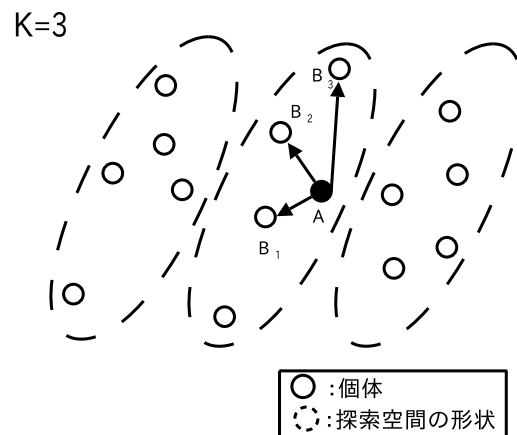


図 3.1: 個体選択の改良

示す．図の処理の中で塗りつぶしてある箇所が今回開発する処理である．また，複製選択用リスト作成処理において個体間の距離を変換している．

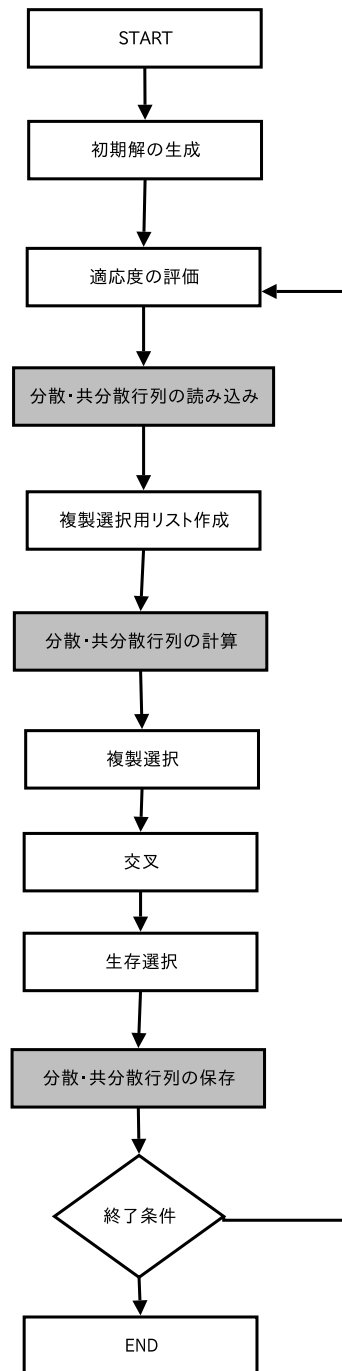


図 3.2: 開発 GA の処理

3.2 提案手法

3.2.1 個体分布の推定

本研究では，Hansen が提案している CMA-ES [?, hansen01] 参考に分散・共分散行列を用いた個体分布の推定を行うことで周辺の個体の分布状況を推定することが可能になると考える．分散・共分散行列とは，式 3.1 のように行列で対角成分に分散を持ち，非対角成分に共分散を持つ行列になる．

$$C = \begin{pmatrix} \sigma_{11} & \cdots & \sigma_{1n} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ \sigma_{n1} & \cdots & \sigma_{nn} \end{pmatrix} \quad (3.1)$$

ベクトルを用いた分散・共分散行列 $C^{(g)}$ は，式 3.3 で表される．

$$\langle \vec{x} \rangle = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \vec{x}_i \quad (3.2)$$

$$C^{(g)} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (\vec{x}_i - \langle \vec{x} \rangle)(\vec{x}_i - \langle \vec{x} \rangle)^T \quad (3.3)$$

この分散・共分散行列 $C^{(g)}$ を固有値 $B^{(g)}$ ，固有ベクトル $D^{(g)}$ に分解する．固有ベクトルは，各固有ベクトルは直交し，個体の分布の方向の単位ベクトルを表している．固有値は，固有ベクトルを固有値分だけ伸ばしたものは元の分布を覆う楕円になる．ここで，楕

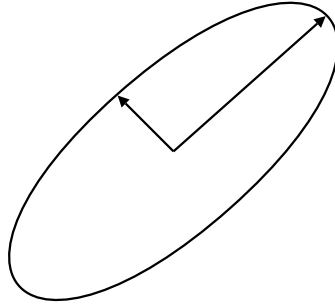


図 3.3: 個体分布推定

円状の分布を推定した分散・共分散行列は，その分布を覆うような行列になる．同心円状の分布では，その分布を覆うような同心円状の分布を表す行列になる．式 3.4，3.5 は，分散・共分散行列と固有値，固有ベクトルの関係である．

$$C^{(g)} = \vec{B}^{(g)} \vec{D}^{(g)} (\vec{B}^{(g)} \vec{D}^{(g)})^T \quad (3.4)$$

$$= \vec{B}^{(g)} (\vec{D}^{(g)})^2 (\vec{B}^{(g)})^T \quad (3.5)$$

$B^{(g)}$: $n \times n$ の対角行列である.

対角行列 $B^{(g)}$ の列は, $C^{(g)}$ の固有ベクトルである.

$D^{(g)}$: $n \times n$ の対称行列である.

対称行列 $D^{(g)}$ の要素 $d_{ii}^{(g)}$ は, $C^{(g)}$ の固有値を平方したものである.

以上のことから個体が楕円状に分布している方向を分散・共分散行列を用いて推定することが可能となる. この分散・共分散行列の固有値, 固有ベクトルを用いた個体間の距離を変換する方法については次節で詳細を述べる.

3.2.2 個体間の距離の変換

本節では, 分散・共分散行列の固有値, 固有ベクトルを用いて楕円状に分布している個体間の距離を変換する方法について述べる. 前節で述べたとおり, 分散・共分散行列の固有値, 固有ベクトルは, 個体の分布の方向を表したものである. このことから, 固有値, 固有ベクトルを用いることで楕円から同心円への変換も可能となる. この変換を行うことで楕円内の個体間の距離は, 1 以下となり, 楕円より外の個体との距離 1 以上になる. 例えば, 図 3.2 のような個体 y と個体 x との間の距離を計ると 1 以下となり, 個体 y と個体 z との距離は 1 以上となる. ユークリッド距離で計った個体間の距離は, 以下の式を

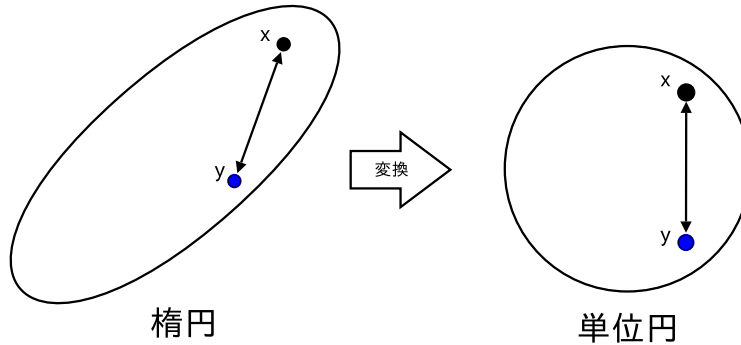


図 3.4: 個体間の距離の変換

用いることで変換される.

$$\begin{aligned}\|\vec{y} - \vec{x}\| &= \|\vec{y} - \vec{x}\|_C \\ &= \|D^{-1}B^T\vec{y} - D^{-1}B^T\vec{x}\| \\ &= \|D^{-1}B^T(\vec{y} - \vec{x})\|\end{aligned}$$

以上のような個体間の距離の変換を行うことで, 先行研究のクラスタリング GA の問題であった谷を跨ぐ個体選択が抑制できると考える.

3.2.3 分散・共分散行列の保存

ここでは、分散・共分散行列の保存についての詳細を述べる。前節で述べたように分散・共分散行列を用いることによって楕円状に分布している個体間でも隣接することとなるクラスタの個体を選ぶことを抑制することができることについて述べた。しかし、これは個体の分布推定に用いた分散・共分散行列が全体から見た時に個体の分布を表している場合である。分散・共分散行列は、世代を経る毎に更新されるがこの更新を行う際に過去の分散・共分散行列を引き継ぐようにすることで、次世代での個体の分布の推定を行っている。世代を進める毎に図??のように分散・共分散行列が表している楕円の形状が変化していくと考えている。分散・共分散行列は、以下の式のようになる。

$$C^{(g)} = \alpha_1 C^{(g)} + (1 - \alpha_1) C^{(g-1)} \quad (3.6)$$

また、分散・共分散行列の保存は、個体が分布している場所によって谷の形状が異なる場合に対応するためである。 α_1 については、4章にて実験の結果から検証を行う。

第4章 評価実験

本章では、3章で提案した分散・共分散行列を用いた個体分布の推定を行うことで谷を跨った複製選択が起こっていないかを2次元関数を用いた実験で検証する。2次元関数を用いた実験では、それぞれ谷の形状と谷の配置を変えた問題を3種類用意した。

また、レンズ設計問題での実験では、先行研究の手法であるANS, Mating List 2, Mating List 3と本研究で提案する分散・共分散行列を組み込んだ手法として、ANS, Mating List 2, Mating List 3で実験を行った。

4.1 2次元関数

本節では、2次元関数を用いた分散・共分散行列を用いた個体分布の推定が行われた結果、谷を跨ぐ複製選択が行われいないことを確認するための実験である。

4.1.1 関数 1

関数 1 は、式 4.1 の通りである。

$$\begin{aligned} f(x, y) = & (4(x-2)^2 + 0.5(y)^2)^{0.1} \\ & + (4(x+2)^2 + 0.5(y)^2)^{0.1} \\ & + (0.5 * (x)^2 + 4 * (y-3)^2)^{0.1} \\ & + (0.5 * (x)^2 + 4 * (y+3)^2)^{0.1} \end{aligned} \quad (4.1)$$

関数 1 は、図 4.1 のような中心の周りに縦長の谷が2個、横長の谷を2個を持つ関数である。図 4.2 は、関数 1 の評価値の等高線である。

関数 1 の実験は、以下の設定で行っている。

- クラスタリング手法：ANS
- 集団サイズ：50
- 子個体生成数：10
- 親数：3

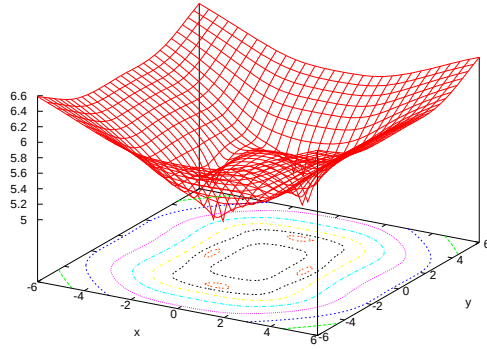


図 4.1: 関数 1 の概観

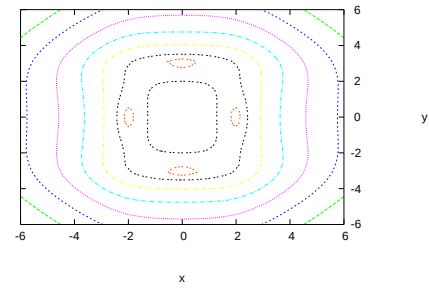


図 4.2: 関数 1 の評価値の等高線

- 探索打ち切り世代数：1000
- 近傍個体数：5
- 分散・共分散行列の継承： $\alpha_1=0.6$, $\alpha_2=0.4$

探索終了後の個体の分布は、図 4.3 のようになる。図 4.3 から個体が各谷に分布されてい

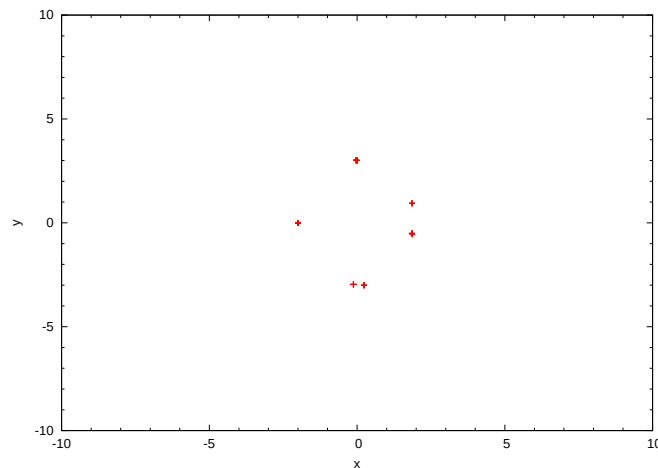


図 4.3: 関数 1 の探索終了後の個体分布（世代数：1000）

ることがわかる。次に、探索序盤、中盤においての分散・共分散行列を用いた複製選択の状況を図 4.4 から図 4.6 のようになる。図中の円は、分散・共分散行列を表し、円の中心の個体が複製選択で最初にランダムで選ばれた個体、×印は、複製選択で用いられる候補の個体である。

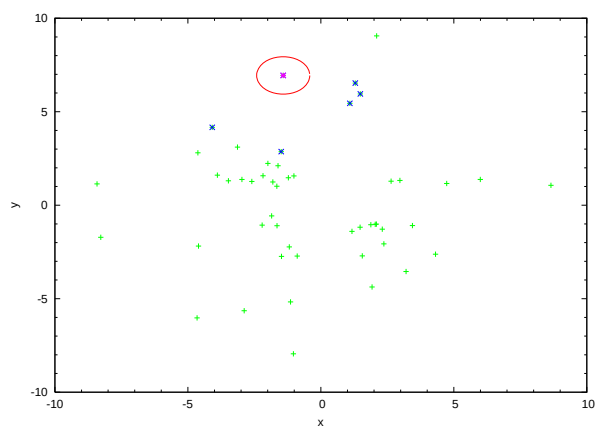


図 4.4: 分散・共分散行列を用いた序盤の複製選択 (世代数: 2)

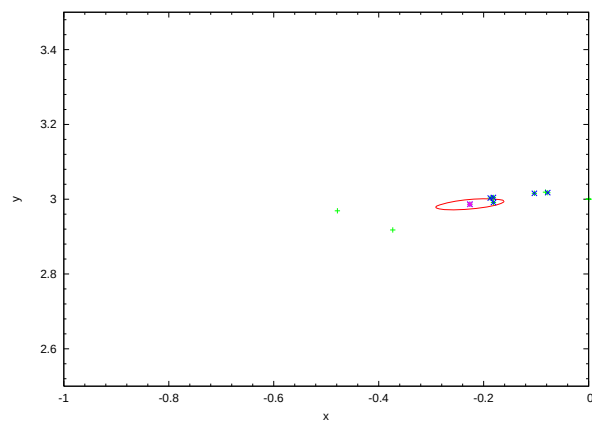


図 4.5: 分散・共分散行列を用いた中盤の複製選択 (世代数: 661)

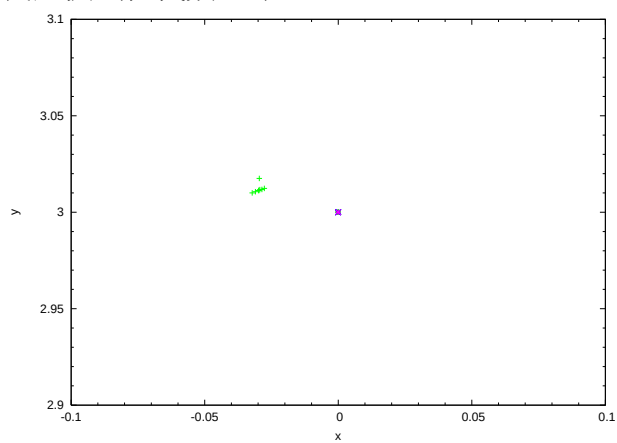


図 4.6: 分散・共分散行列を用いた終盤の複製選択 (世代数: 998)

縦長の谷の複製選択の状況は、図 4.7 から図 4.9 の通りである。図中の円は、分散・共分散行列を表し、円の中心の個体が複製選択で最初にランダムで選ばれた個体、×印は、複製選択で用いられる候補の個体である。

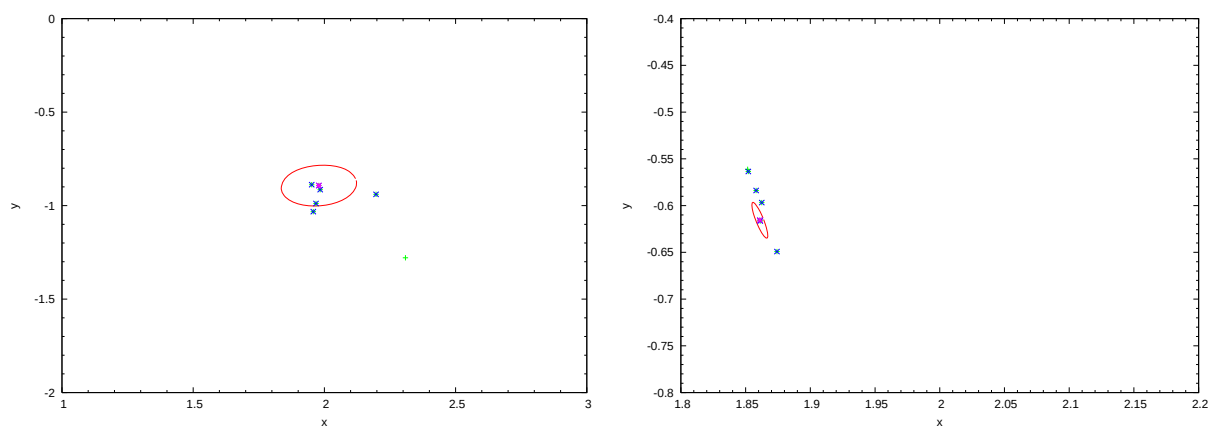


図 4.7: 分散・共分散行列を用いた序盤の複製選択（世代数：105）

図 4.8: 分散・共分散行列を用いた中盤の複製選択（世代数：705）

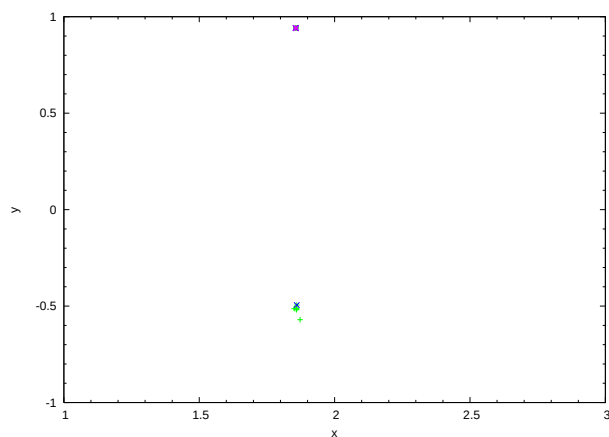


図 4.9: 分散・共分散行列を用いた終盤の複製選択（世代数：1000）

また、Mating List 1 と分散・共分散行列を用いた Mating List 1 のクラスタの数とクラスタの中の個体数についての結果は図 4.10 と図 4.11 の通りである。図 4.10 と 4.11 は、横軸に探索空間内にできたクラスタ、縦軸にクラスタの中の個体数を表している。

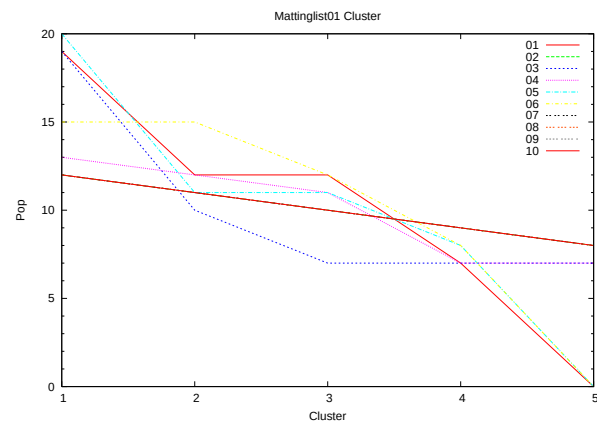
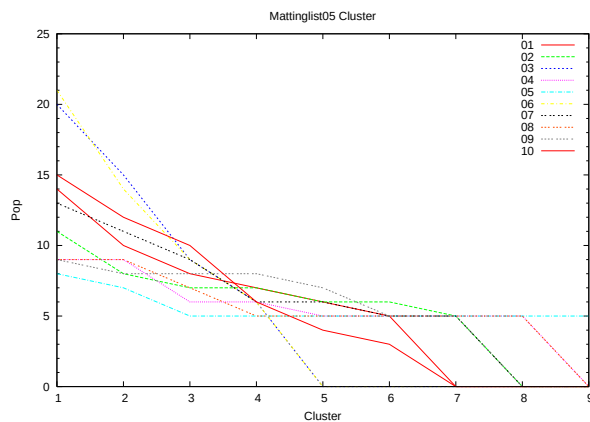


図 4.10: クラスタの数とクラスタ内の個体数 (ANS + 分散・共分散行列) 図 4.11: クラスタの数とクラスタ内の個体数 (ANS)

考察

関数 1 の問題では、分散・共分散行列を用いた複製選択を行った場合に横長の楕円の谷の形状に合うように分散・共分散行列ができていることが図 4.4 と図 4.5 から確認することができた。このことから、ある個体が属しているクラスタだけで複製選択に用いる個体が不足している場合でも同じ谷に属しているクラスタから個体を選択することになる。そのため、谷を跨った複製選択が起きていないことを確認できた。

また、クラスタの数が、試行後に異なるが全試行において ANS に比べ増加している。クラスタ内の個体数についても、ANS より均一になっていることが確認できた。

4.1.2 関数 2

関数 2 で用いた関数は、以下の通りである。

$$\begin{aligned} f(x, y) = & (x(x + y) + y(2x + 3y))^{0.1} \\ & + (((x) * ((x) + (y + 5))) + (y + 5) * (2(x) + 3(y + 5)))^{0.15} \\ & + (((x) * ((x) + (y - 5))) + (y - 5) * (2(x) + 3(y - 5)))^{0.15} \end{aligned} \quad (4.2)$$

関数 2 は、図 4.12 のような概観を持つ関数である。図 4.13 のような斜めに楕円が 3 個、縦に並ぶ関数である。

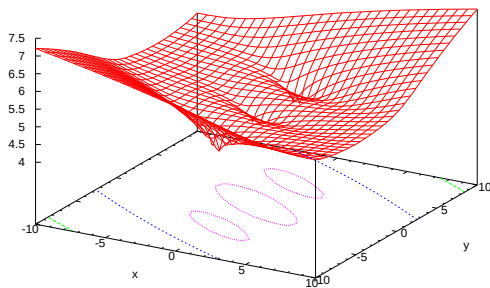


図 4.12: 関数 2 の概観

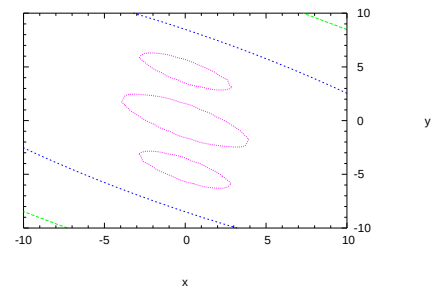


図 4.13: 関数 2 の評価値の等高線

関数 2 の実験は、以下の設定で行っている。

- クラスタリング手法：ANS
- 集団サイズ：50
- 子個体生成数：10
- 親数：3
- 探索打ち切り世代数：1000
- 近傍個体数：5
- 分散・共分散行列の継承： $\alpha_1=0.6$, $\alpha_2=0.4$

探索終了後の個体の分布状況は、図 4.14 のような結果になった。図 4.14 から個体の分布がそれぞれの谷に分布していることがわかる。

次に、探索の序盤、中盤、終盤における複製選択の状況と分散・共分散行列の形状を図 4.15 から図 4.17 に等高線で一番上にある楕円の個体の選択状況と分散・共分散行列を示

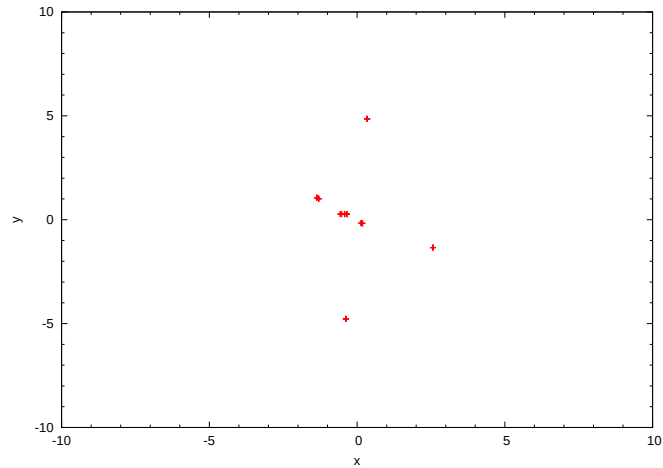


図 4.14: 関数 2 の個体分布図（世代数：1000）

す．図中の円は，分散・共分散行列を表し，円の中心の個体が複製選択で最初にランダムで選ばれた個体，×印は，複製選択で用いられる候補の個体である．

中央に分布している谷の個体の分布状況は，図 4.18 から図 4.20 のような結果になった．図中の円は，分散・共分散行列を表し，円の中心の個体が複製選択で最初にランダムで選ばれた個体，×印は，複製選択で用いられる候補の個体である．

最も下に分布している谷の個体の分布状況は，図 4.21 から図 4.23 のような結果になった．図中の円は，分散・共分散行列を表し，円の中心の個体が複製選択で最初にランダムで選ばれた個体，×印は，複製選択で用いられる候補の個体である．

また，ANS と分散・共分散行列を用いた ANS のクラスタの数とクラスタの中の個体数についての結果は図 4.24 と図 4.25 の通りである．図 4.24 と図 4.25 は，横軸に探索空間内にできたクラスタ，縦軸にクラスタの中の個体数を表している．

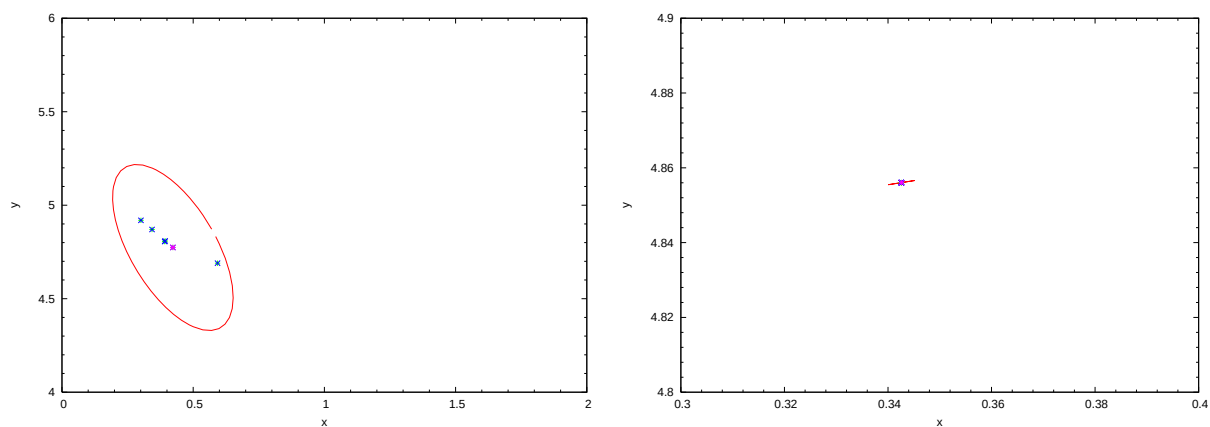


図 4.15: 関数 2 の個体分布図（序盤，世代数：113）

図 4.16: 関数 2 の個体分布図（中盤，世代数：505）

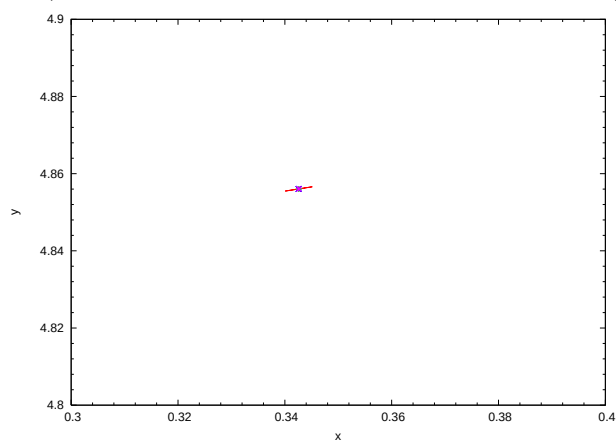


図 4.17: 関数 2 の個体分布図（終盤，世代数：993）

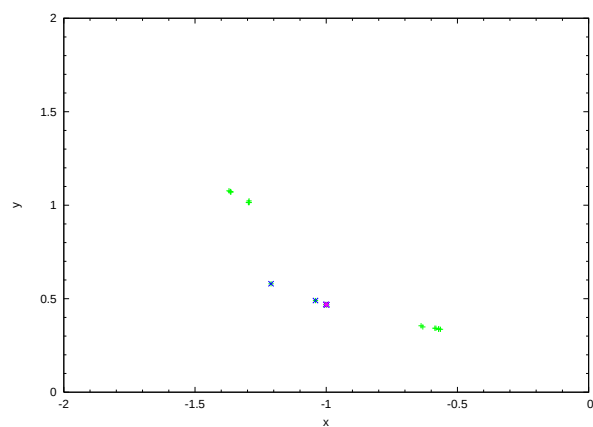
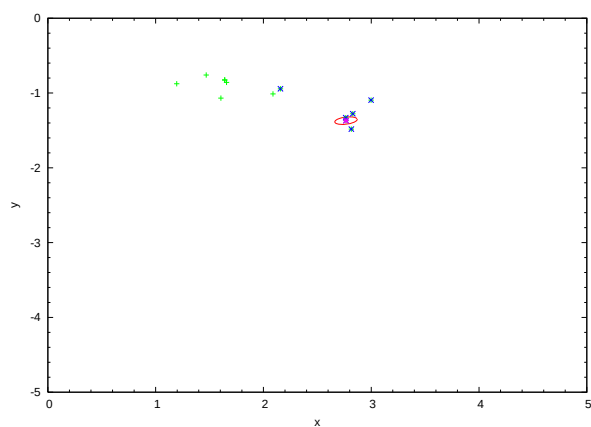


図 4.18: 関数 2 の個体分布図（序盤，世代数：100）
図 4.19: 関数 2 の個体分布図（中盤，世代数：600）

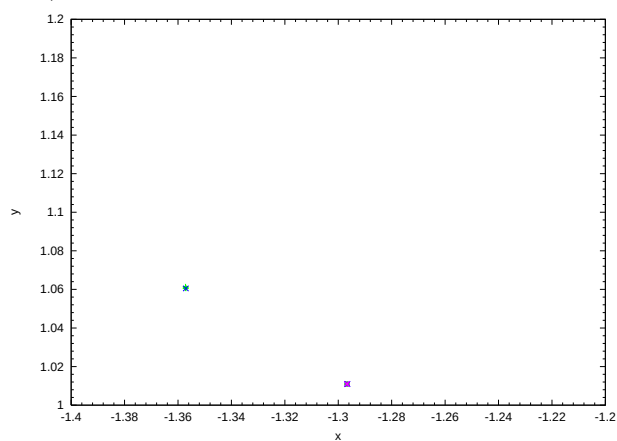


図 4.20: 関数 2 の個体分布図（終盤，世代数：1000）

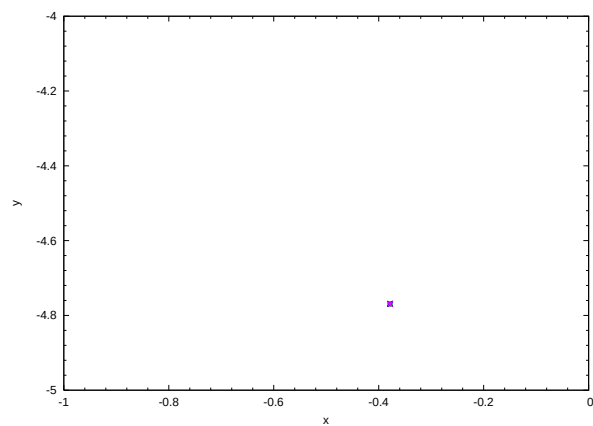
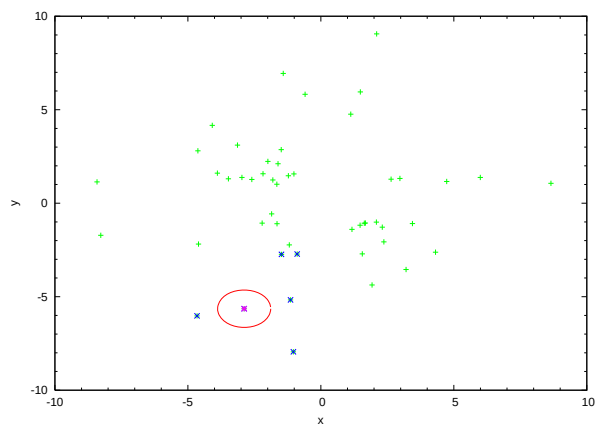


図 4.21: 関数 2 の個体分布図 (序盤, 世代数: 101) 図 4.22: 関数 2 の個体分布図 (中盤, 世代数: 504)

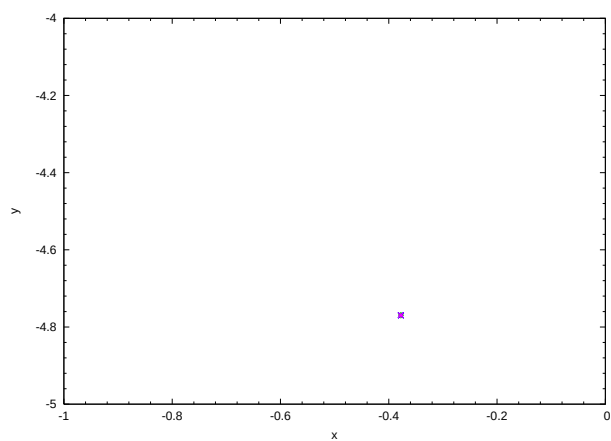


図 4.23: 関数 2 の個体分布図 (終盤, 世代数: 994)

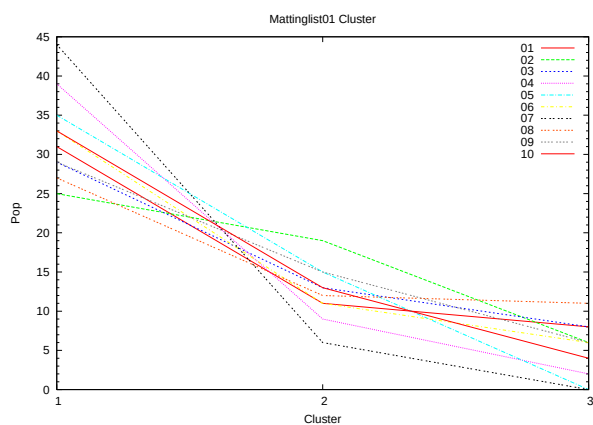
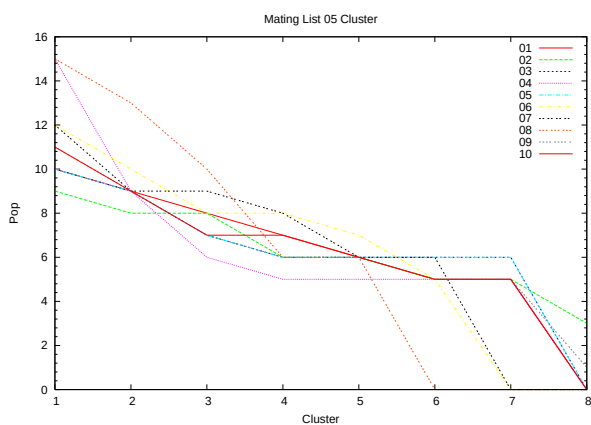


図 4.24: クラスタの数とクラスタ内の個体数 (ANS + 分散・共分散行列) 図 4.25: クラスタの数とクラスタ内の個体数 (ANS)

考察

関数 2 の実験結果から，個体の分布図から個体の複製選択が谷を跨いで起こっていないことを確認した．また，分散・共分散行列の形状についても中央の谷は，個体数が多いために早い段階で形状が谷に一致している．これ以外の谷についても分散・共分散行列の形状が谷の形状に合うことが確認できた．関数 2 のような場合に谷同士の間で個体の複製選択は，高確率で発生するが今回の実験では発生していない．

また，クラスタの数と個体数についても分散・共分散行列を用いた手法の方が，クラスタの数が増加し，個体数も均一になっている．

4.1.3 関数 3

関数 3 は、以下の通りである.

$$\begin{aligned} f(x, y) = & (((x)((x) + (y + 6))) + (y + 6)(2(x) + 3(y + 6)))^{0.1} \\ & + (0.5(x + 2.5)^2 + 4(y - 4)^2)^{0.1} \\ & + (4(x - 5)^2 + 0.5(y + 0.5)^2)^{0.1} \end{aligned} \quad (4.3)$$

関数 3 の概観と評価値の等高線は、図 4.26 と図 4.27 のようになる.

関数 3 は、縦長の楕円の谷と横長の楕円の谷、斜めに長い楕円の谷の 3 個の谷から構成された関数である.

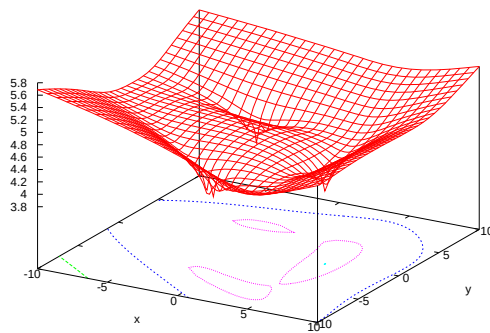


図 4.26: 関数 3 の概観

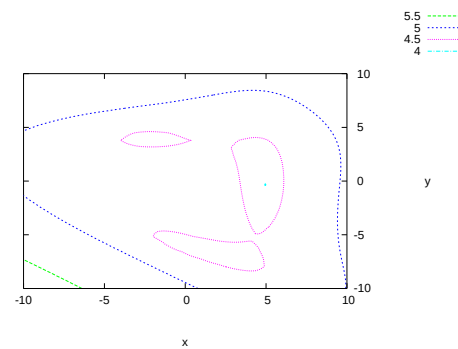


図 4.27: 関数 3 の評価値の等高線

関数 3 の実験は、以下の設定で行っている.

- クラスタリング手法：ANS
- 集団サイズ：50
- 子個体生成数：10
- 親数：3
- 探索打ち切り世代数：1000
- 近傍個体数：5
- 分散・共分散行列の継承： $\alpha_1=0.6$, $\alpha_2=0.4$

探索終了後の個体の分布状況は、図 5.28 のような結果になった.

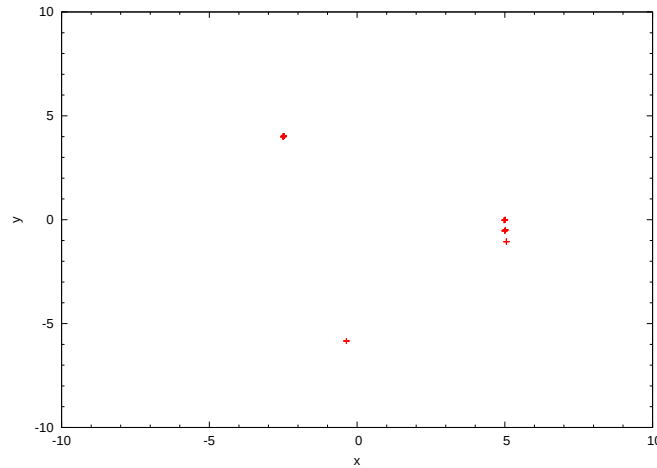


図 4.28: 関数 3 の個体分布図（世代数：1000）

次に，探索の序盤，中盤，終盤における複製選択の状況と分散・共分散行列の形状を図 4.29 から図 4.31 に示す．図中の円は，分散・共分散行列を表し，円の中心の個体が複製選択で最初にランダムで選ばれた個体，×印は，複製選択で用いられる候補の個体である．

次に，右側にある谷についての実験結果は図 4.32 から図 4.34 である．図中の円は，分散・共分散行列を表し，円の中心の個体が複製選択で最初にランダムで選ばれた個体，×印は，複製選択で用いられる候補の個体である．

次に，左下にある谷についての実験結果である．図中の円は，分散・共分散行列を表し，円の中心の個体が複製選択で最初にランダムで選ばれた個体，×印は，複製選択で用いられる候補の個体である．

また，ANS と分散・共分散行列を用いた ANS のクラスタの数とクラスタの中の個体数についての結果は図 4.38, 図 4.39 の通りである．図 5.25, 5.26 は，横軸に探索空間内にできたクラスタ，縦軸にクラスタの中の個体数を表している．

考察

関数 3 の実験結果から，中盤以降の複製選択において属している谷に沿った個体の選択が行われている．このことから，異なる形状の谷が探索空間内にある場合でも個体が属している谷の形状に従った分散・共分散行列ができることを確認した．

また，クラスタの数と個体数についても分散・共分散行列を用いた手法の方が，クラスタの数が増加し，個体数も均一になっている．

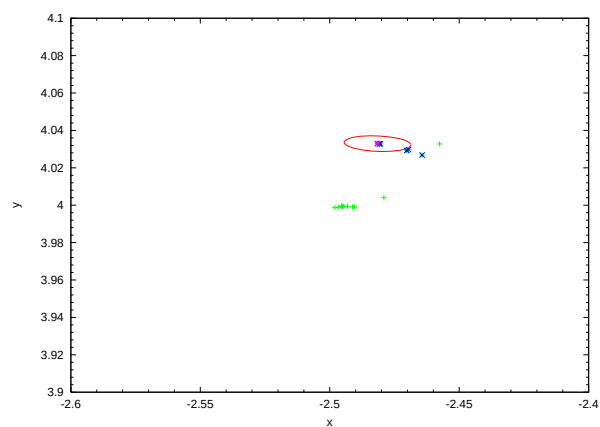
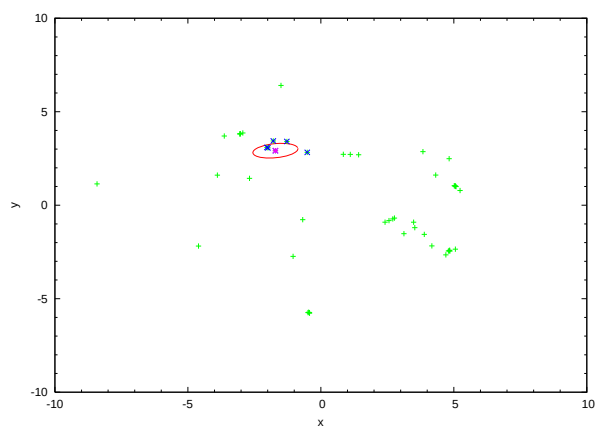


図 4.29: 関数 3 の個体分布図 (序盤, 世代数: 102) 図 4.30: 関数 3 の個体分布図 (中盤, 世代数: 501)

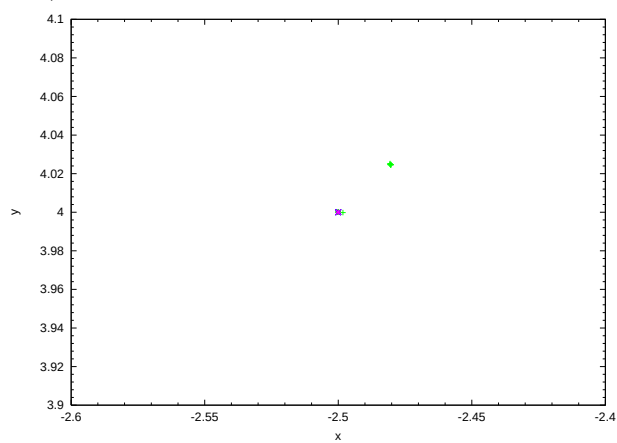


図 4.31: 関数 3 の個体分布図 (終盤, 世代数: 998)

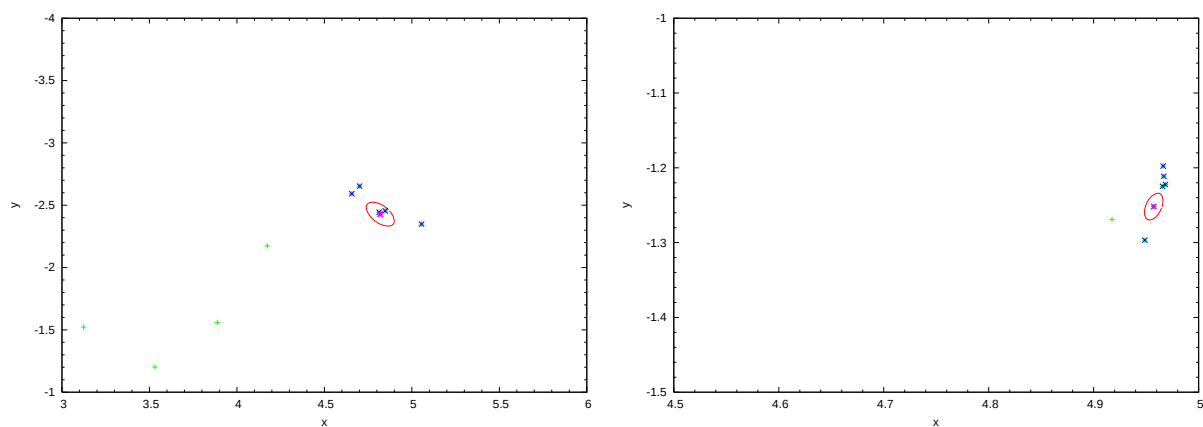


図 4.32: 関数 3 の個体分布図（序盤，世代数：100）
 図 4.33: 関数 3 の個体分布図（中盤，世代数：500）

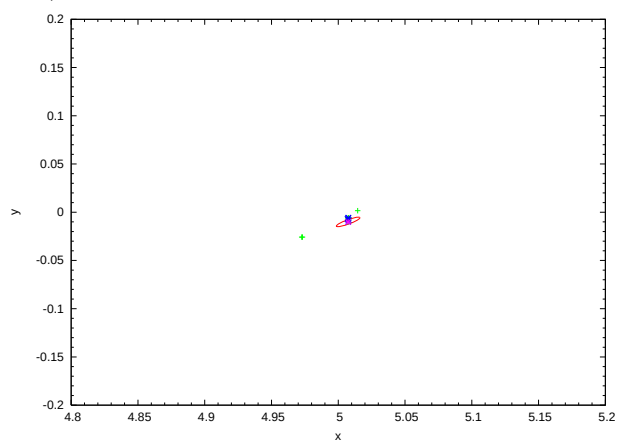


図 4.34: 関数 3 の個体分布図（終盤，世代数：999）

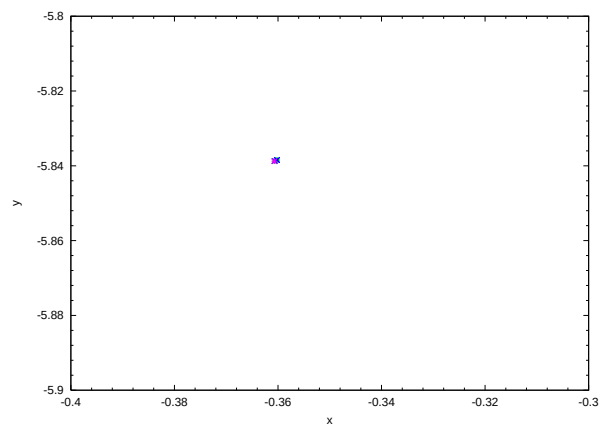
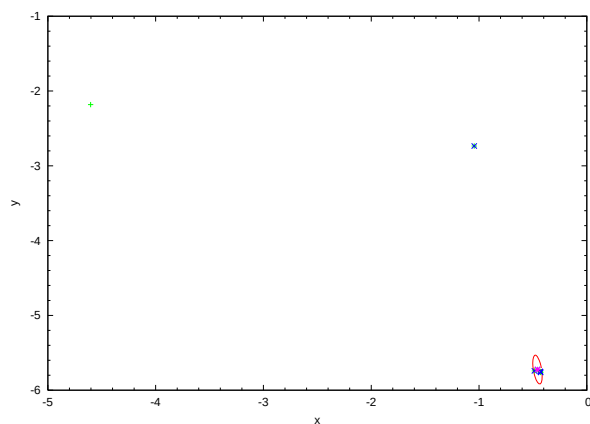


図 4.35: 関数 3 の個体分布図 (序盤, 世代数: 107) 図 4.36: 関数 3 の個体分布図 (中盤, 世代数: 508)

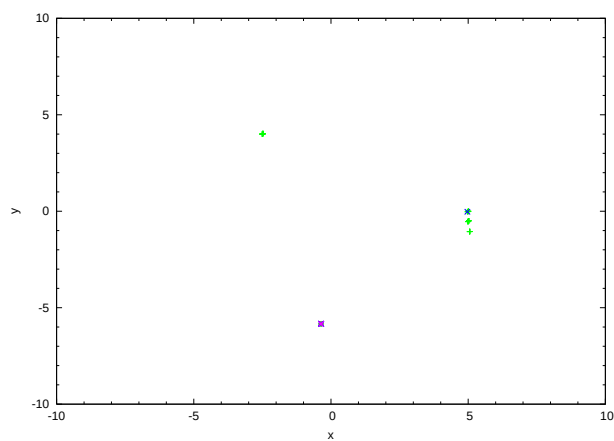


図 4.37: 関数 3 の個体分布図 (終盤, 世代数: 994)

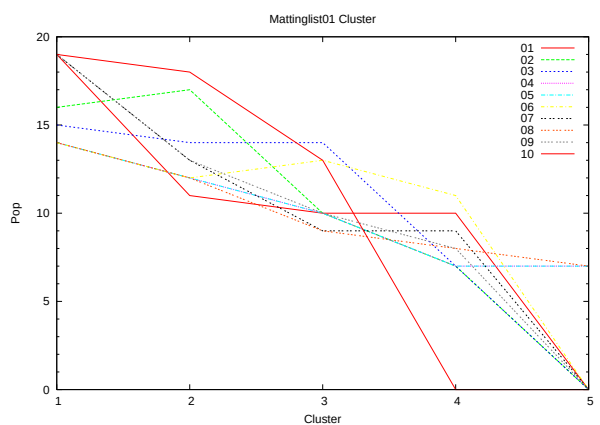
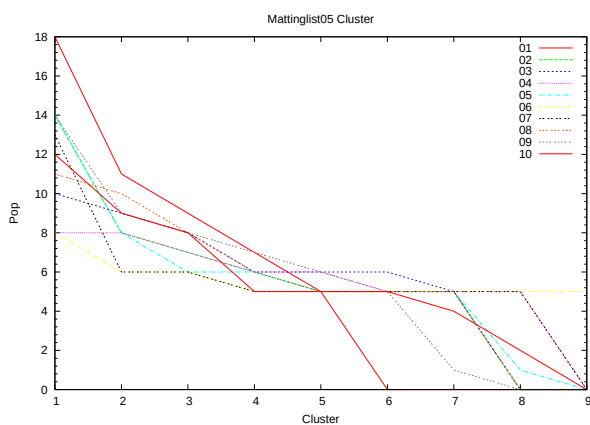


図 4.38: クラスタの数とクラスタ内の個体数 (ANS + 分散・共分散行列) 図 4.39: クラスタの数とクラスタ内の個体数 (ANS)

4.2 レンズ設計問題

本節では、本研究で提案する手法と ANS, Mating List 2, Mating List 3 をレンズ設計問題に適用した実験について述べる。本研究では、3 枚組レンズ系と 4 枚組レンズ系の 2 種類の問題設定で実験を行った。

また、レンズの設計仕様は、佐々木 [8] を参考にした。

4.2.1 3 枚組レンズ系

3 枚組レンズ系の設計仕様は、以下の通りである。

- 焦点距離：100mm
- レンズの枚数（面数）：3 枚（6）
- F 値：2.0
- 画角:2w（半画角：w）：45 °(22.5 °)

GA の設定は、以下の通りである。

- 集団サイズ：300
- 子個体生成数：50
- 親数：3
- 探索打ち切り世代数：20000
- 近傍個体数：10（ANS）, 25（Mating List 2, Mating List 3）
- 試行回数：10
- 評価関数： $F=D+R$ （詳細は、付録を参照）
- 分散・共分散行列の継承（ANS）： $\alpha_1=0.7$, $\alpha_2=0.7$
- 分散・共分散行列の継承（Mating List 2）： $\alpha_1=0.3$, $\alpha_2=0.1$
- 分散・共分散行列の継承（Mating List 3）： $\alpha_1=0.8$, $\alpha_2=0.1$

表 4.1 は、各手法で 10 試行を行った結果の一覧である。個体評価値は、10 試行の中で最も評価値のよい評価値の個体と 10 試行の最良評価値の個体の平均値である。括弧の中は、その値の試行回数を示す。平均評価値は、各試行の個体の平均評価値の中で最もよかった試行の平均評価値と 10 試行の平均値である。

表 4.1: 3 枚組レンズ

手法	個体評価値		平均評価値	
	最良値	平均値	最良値	平均値
ANS	0.51	0.84	2.25	2.60
Mating List 2	0.58	0.92	2.65	4.88
Mating List 3	0.56	1.02	2.43	9.21
ANS + Covariance Matrix	0.39	0.88	0.40	0.91
Mating List 2 + Covariance Matrix	0.37	0.72	2.05	3.52
Mating List 3 + Covariance Matrix	0.49	0.80	2.33	18.96

図 4.40 は、縦軸に平均評価値、横軸に世代数のグラフになる。このグラフから、手法別の収束速度の違いを見ることができる。図 4.41 は、縦軸に個体数、横軸にできたクラスタの数で、手法別のクラスタの数とクラスタ内の個体数のグラフである。このグラフは、あるユークリッド距離で分割してクラスタに分割した結果である。図 4.42 から図 4.47 は、左側に元の手法の探索終了時の個体分布図で、右側が改良した手法の探索終了時点の個体分布図である。赤い点が個体を表す。

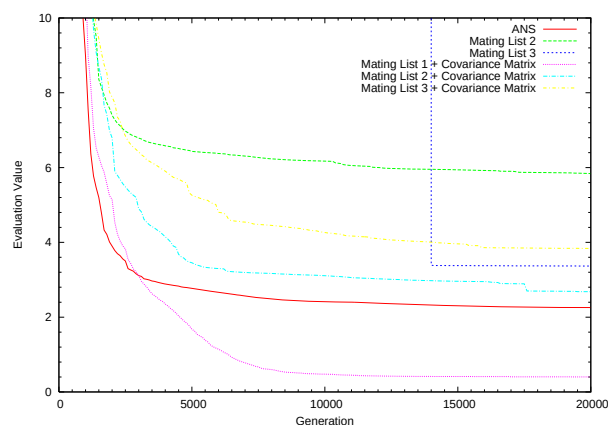


図 4.40: 収束曲線

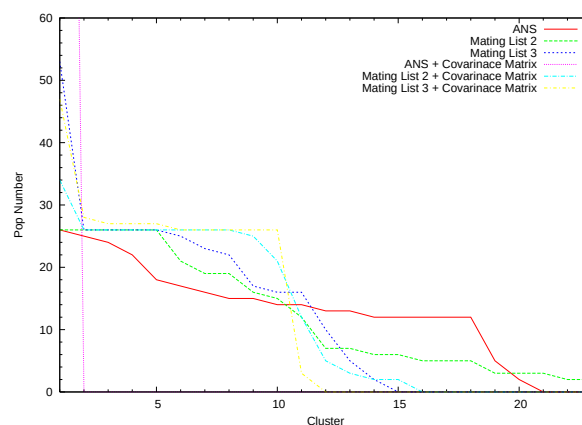


図 4.41: クラスタとクラスタ内の個体数

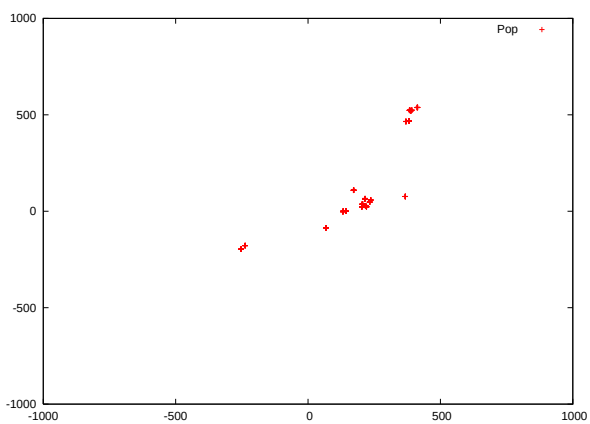


図 4.42: ANS の個体分布図

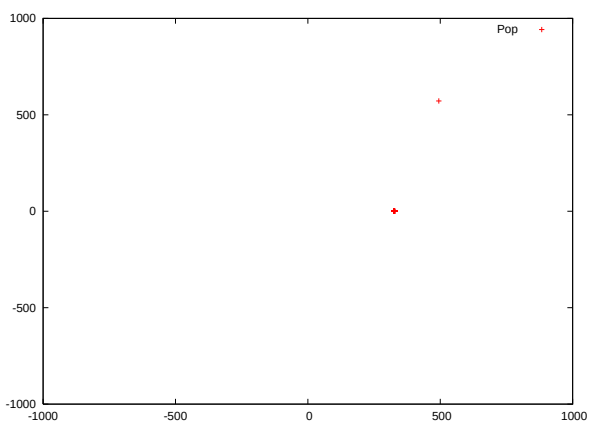


図 4.43: ANS (分散・共分散行列) の個体分布

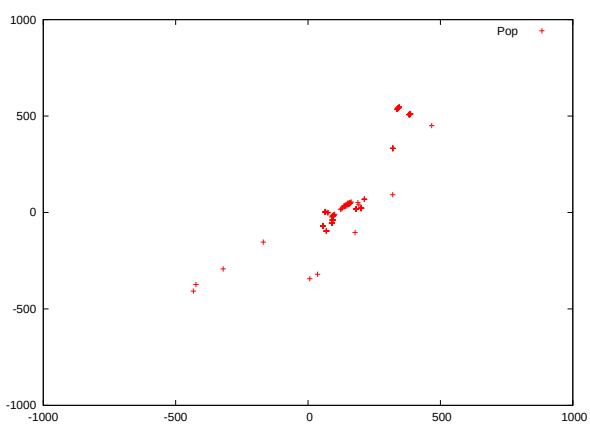


図 4.44: Mating List 2 の個体分布

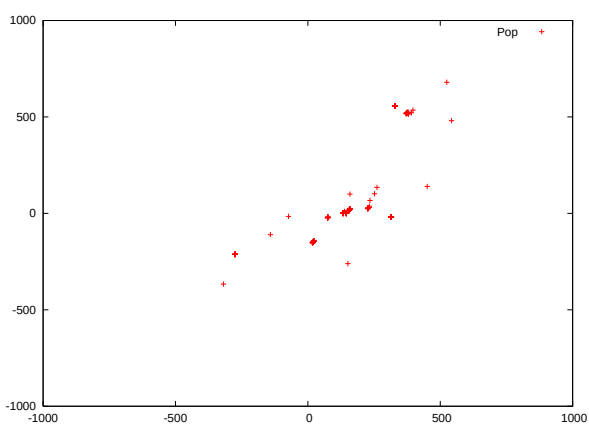


図 4.45: Mating List 2 (分散・共分散行列) の個体分布図

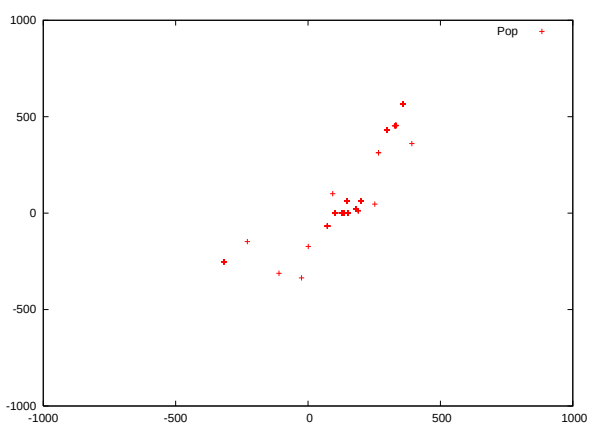


図 4.46: Mating List 3 の個体分布図

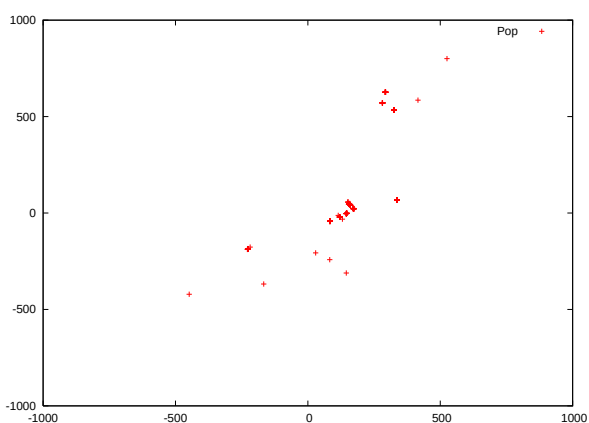


図 4.47: Mating List 3 (分散・共分散行列) の個体分布

考察

3枚組レンズ設計問題では、表 4.1 から改良した手法の方が解の精度があがっている。これは、分散・共分散行列を用いた個体の分布推定を行うことで谷の中が探索効率が向上したためと考えられる。

収束速度に関しては、改良後の方が収束速度が遅い結果となった。これは、表 4.1 の平均評価値から改良後の手法の方が平均評価値を下げるためだと考えられる。

解の多様性は、図 4.42 から図 4.47 の手法別の個体の分布図から改良後の手法の方が低くなっている。しかし、図 4.41 からクラスタの数は、改良後の手法の方が減少しているが、クラスタの個体数は近傍個体数に近くなり、クラスタ毎の個体数の均一性が高くなった。

4.2.2 4枚組レンズ系

4枚組レンズ系の設計仕様は、以下の通りである。

- 焦点距離：100mm
- レンズの枚数（面数）：4枚（8）
- F 値：3.0
- 画角:2w（半画角：w）：38 °(19 °)

GA の設定は、以下の通りである。

- 集団サイズ：300
- 子個体生成数：50
- 親数：3
- 探索打ち切り世代数：20000
- 近傍個体数：10（ANS）, 25（Mating List 2, Mating List 3）
- 試行回数：10
- 評価関数： $F=D+R$ （詳細は、付録を参照）
- 分散・共分散行列の継承（ANS）： $\alpha_1=0.2$, $\alpha_2=0.2$
- 分散・共分散行列の継承（Mating List 2）： $\alpha_1=0.9$, $\alpha_2=0.3$
- 分散・共分散行列の継承（Mating List 3）： $\alpha_1=0.8$, $\alpha_2=0.5$

表 4.2 は、各手法で 10 試行を行った結果の一覧である。個体評価値は、10 試行の中で最も評価値のよい評価値の個体と 10 試行の最良評価値の個体の平均値である。括弧の中は、その値の試行回数を示す。平均評価値は、各試行の個体の平均評価値の中で最もよかった試行の平均評価値と 10 試行の平均値である。

図 4.48 は、縦軸に平均評価値、横軸に世代数のグラフになる。このグラフから、手法別

表 4.2: 4 枚組レンズ

手法	個体評価値		平均評価値	
	最良値	平均値	最良値	平均値
ANS	0.052	0.086	0.206	0.311
Mating List 2	0.043	0.094	2.535	15.732
Mating List 3	0.027	0.069	1.262	3.329
ANS + Covariance Matrix	0.042	0.103	0.046	0.123
Mating List 2 + Covariance Matrix	0.042	0.061	1.481	2.564
Mating List 3 + Covariance Matrix	0.045	0.108	0.083	0.138

の収束速度の違いを見ることができる。

図 4.49 は、縦軸に個体数、横軸にできたクラスタの数で、手法別のクラスタの数とクラスタ内の個体数のグラフである。このグラフは、あるユークリッド距離で分割してクラスタに分割した結果である。

図 4.50 から図 4.55 は、左側に元の手法の探索終了時の個体分布図で、右側が改良した手法の探索終了時点の個体分布図である。赤い点が個体を表す。

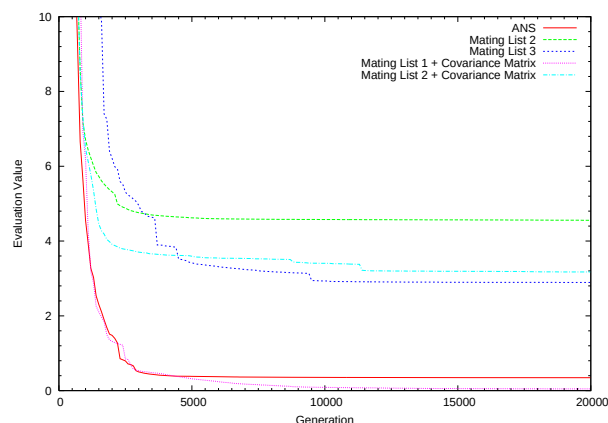


図 4.48: 収束曲線

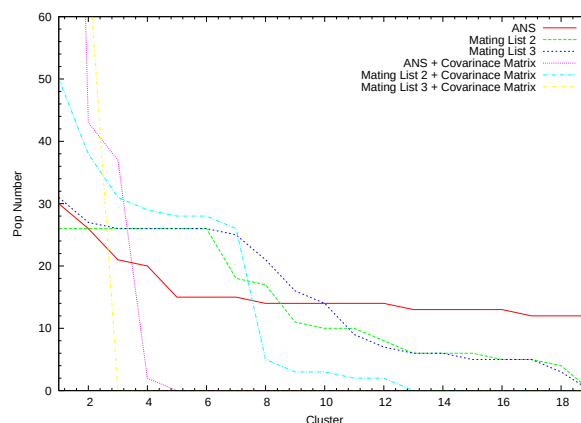


図 4.49: クラスタとクラスタ内の個体数

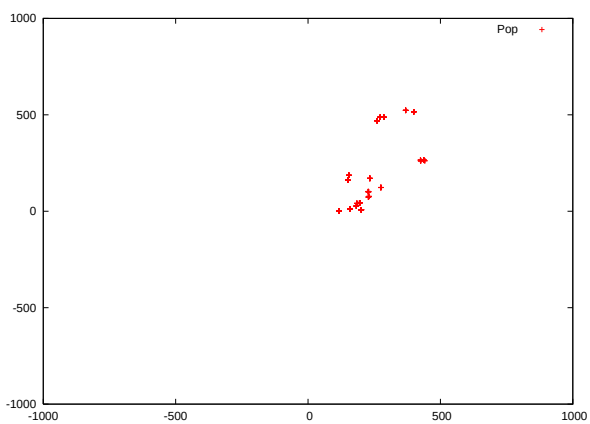


図 4.50: ANS の個体分布図

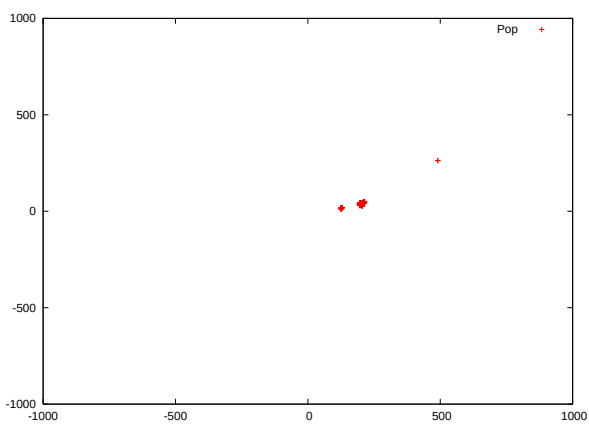


図 4.51: ANS (分散・共分散行列) の個体分布

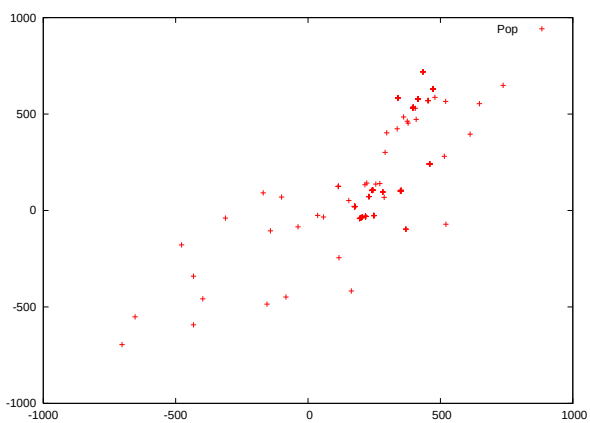


図 4.52: Mating List 2 の個体分布

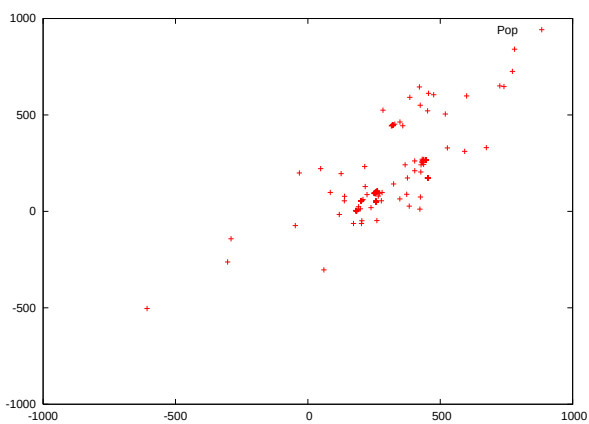


図 4.53: Mating List 2 (分散・共分散行列) の個体分布

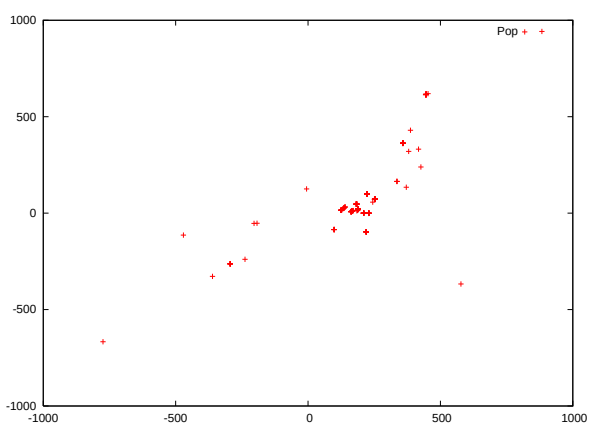


図 4.54: Mating List 3 の個体分布図

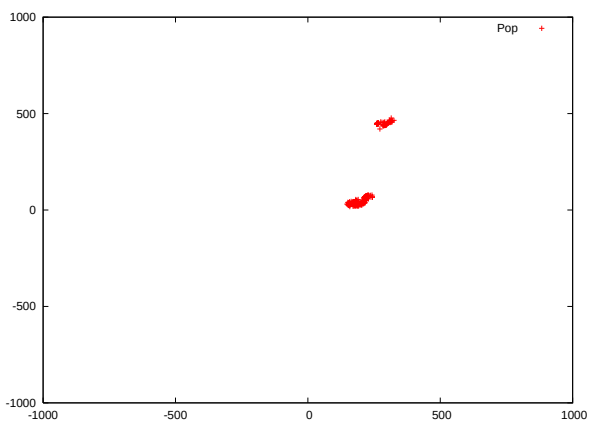


図 4.55: Mating List 3 (分散・共分散行列) の個体分布

考察

4 枚組レンズ設計問題では、表 4.2 の結果から Mating List 3 以外で解の精度が向上した。Mating List 3 において解の精度が向上しなかったのは、図 4.54 と図 4.55 の個体の分布から個体の分布範囲が縮小したためと考えられる。しかしながら、Mating List 3 以外では、提案手法の方が解の精度は向上している。

収束速度に関しては、改良後の方が収束速度が遅い結果となった。これは、表 4.2 の平均評価値から改良後の手法の方が平均評価値を下げるためだと考えられる。

解の多様性については、図 4.49 から改良前の手法の方がクラスタ内の個体数が均一になっている。また、クラスタの数についても、改良前の手法の方が多くなっている。

第5章 まとめ

本研究では，Mating List 2，Mating List 3 のレンズ設計問題への適応と分散・共分散行列を用いた先行研究の手法改良を行った．提案手法の解の精度，多様性，問題点は，以下の通りになると考えられる．

解の精度

提案手法を用いることで解の精度を向上させることができた．これは，谷の形状を推定することで谷の中の探索効率が向上したためと考えられる．

多様性

3 枚組レンズ設計問題では，提案手法を用いることでクラスタ内の個体数が均一になった．これは，提案手法を用いることによって谷を跨った個体選択の発生を抑えることができたためと考えられる．

しかし，4 枚組レンズ設計問題の個体分布の結果から個体の分布が縮小した．

問題点

本提案手法の問題点は，谷の形状を推定するために用いている分散・共分散行列の計算量である．この分散・共分散行列の計算量は，問題の次元数によって指数関数的に増加する．そのため，分散・共分散行列を計算を 10 世代に 1 回などにすることでこの問題を改善することが可能になると考えられる．

また，分散・共分散行列の計算は，個体の分布が 1 点などに集中した場合には計算の無駄になる．このことから，平均評価値などを用いて個体の分布具合を計ることができれば，分散・共分散行列の計算を調整することが可能になると考えられる．

また，本研究では，JSP で有効性が確認されている手法をレンズ設計問題に適応し，その有効性を確認した．

謝辞

本研究を進めるにあたって、熱心な御指導、有益な御助言を賜った東条敏教授には厚くお礼申し上げます。さらに、終始熱心に御指導を賜りました永田裕一助手には大変感謝しております。本研究に際し、有益な御助言を頂きました鳥澤健太郎助教授に感謝いたします。最後になりましたが、本学知識工学講座の皆様に厚く御礼を申し上げます。

参考文献

- [1] Yuichi Nagata, “ Niching Method for Combinatorial Optimization Problems and Application to JSP ”2006 Congress on Evolutionary Computation (CEC-2006), Vancouver, Canada, 2006/07/16 - 2006/07/21 .
- [2] 高橋 治, 木村 周平, 小林 重信, “ 交叉的突然変異による適応的近傍探索 ” 人工知能学会論文誌, Vol. 16, No. 2, pp. 175-184 (2001) .
- [3] 小野 功, 小林 重信, 吉田 幸司, “ 遺伝的アルゴリズムによる光学系の最適化 ” 光学アライアンス, Vol.10, No.4, pp. 26-31 (1997) .
- [4] 喜多 一, 小野 功, 小林 重信, “ 実数値 GA のための正規分布交叉の多数の親を用いた拡張法の提案 ” 計測自動制御学会論文集, Vol.10, No.10, pp. 875-883 (2000) .
- [5] Hansen, N, A. Ostermeier , “ Completely Derandomized Self-Adaptation in Evolution Strategies. ” Evolutionary Computation, 9(2), pp. 159-195 (2001) .
- [6] 高橋 友刀. 「レンズ設計」 東海大学出版会, 1994 .
- [7] 北野 宏明 編. 「遺伝的アルゴリズム」 産業出版, 1993 .
- [8] 佐々木 邦泰 “ 遺伝的アルゴリズムを用いたレンズ設計の自動化 ” 北陸先端科学技術大学院大学 修士論文, 2003.

付 録 A レンズ設計問題

A.1 レンズの概要

A.1.1 焦点距離

レンズ系は, 図 A.1 のように, 通常何枚ものレンズで構成されており, ある程度の厚さを持っているが, 入射させた光線と収束した光線の振る舞いだけを代表させて, 図 A.1 のように, レンズ系全体を, 厚さの無視できる 1 枚のレンズ (薄肉レンズ) で置き換えることができる. この薄肉レンズの位置を主点, その面を主平面と呼ばれている.

主点から焦点までの距離が, 焦点距離である.

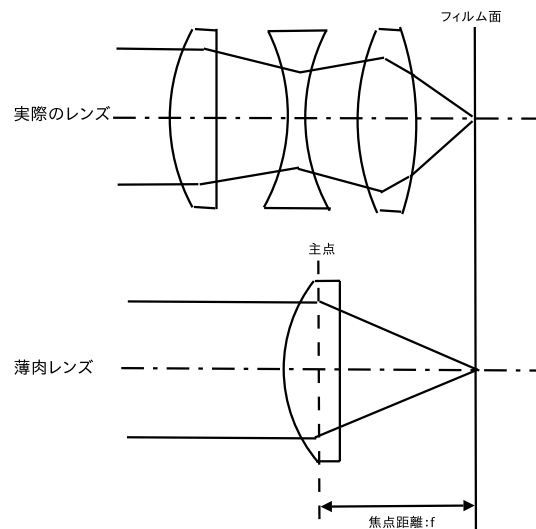


図 A.1: 焦点距離

A.1.2 F ナンバー

F ナンバーまたは F_{no} は, F 値ともいわれ, 主に写真レンズ等の光学系に使われる. これは, レンズの明るさを表す量である. レンズの焦点距離 f を ∞ 遠から入射する光線の有効光束の直径 D で割った値で式 A.1 のように定義される.

$$F = \frac{f'}{D} \quad (\text{A.1})$$

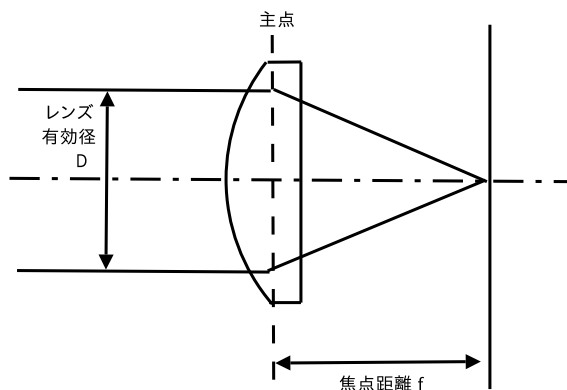


図 A.2: F ナンバー

また, 像の明るさは, 式 A.2 のように F ナンバーの逆数の 2 乗に比例する (.

$$\text{像の明るさ} \propto \frac{1}{F^2} = \left(\frac{D}{f'}\right)^2 \quad (\text{A.2})$$

つまり, F ナンバーが 2 倍になると, 像面照度は 1/4 になる.

一般にカメラレンズ等の絞り環に表示されている F 値の系列と, それぞれの F に対する相対的明るさは, 表 A.1 のようになっている.

表 A.1: F ナンバーと明るさ

F の値	1	1.4	2	2.8	4	5.6	8	11	16	22	32
相対的明るさ	1	1/2	1/4	1/8	1/16	1/32	1/64	1/128	1/256	1/512	1/1024

A.1.3 画角

図 A.3 より入射角 Ω で主平面に入射した斜光束が, 像面上像高 Y' になるとき, 式 A.3 のように定義される.

$$Y' = -f \tan \Omega = f \tan \Omega \quad (\text{A.3})$$

この表現のように Ω を負の値にとると f' は正, Y' も正なので,負の符合が入ることになるが,他の表記の仕方として負の符合を外した表式もある.

$Y' = Y$ を,そのレンズの性能を維持できる最大像高とすると,その像面の範囲を画面

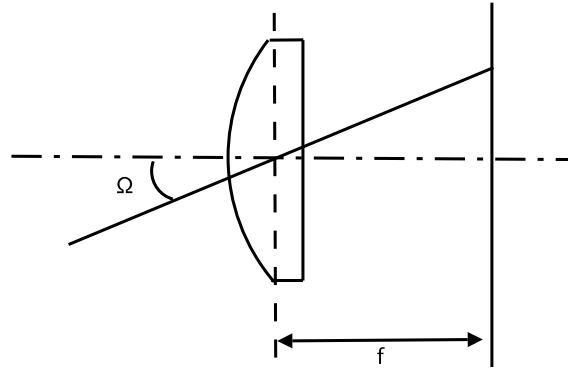


図 A.3: 画角

サイズ, $2|\Omega|_{max}$, $|\Omega|_{max}$ を,そのレンズの画角,半画角と言う.

A.2 問題設定

レンズ系を問題とする際に必要となるパラメータの決め方は, A.1 節で述べた. ここでは,具体的にどのようにして最適化を行うかについて簡単に述べる.

先行研究では,レンズ系の設計仕様として,焦点距離(f), F 値(F),画角($2w$)を所与とし,レンズの曲率(C),面間距離(d)を最適化することでレンズ系を得るという考え方を採用している. ガラスの屈折率(n)やレンズの枚数(N)は予め与えることとする. 絞りの位置は,最大画角の光束における上限と下限の光線が光軸に対して対象になる位置としている. また,最大画角における光束の直径は,最小を $D/2$ とし,絞りを通る最大の幅を直径としている.

A.2.1 個体とレンズ系の関係

実際に GA を用いてレンズ設計を行う場合,レンズ系と染色体の関係は図 A.4 のように定義される.

染色体のコード化として実数ベクトルの表現を用い,遺伝子は曲率(C_i)と面間距離(d_i)を $[-1000,1000]$ の区間で正規化したものを要素とするベクトルで表される. ここで $i = 1, \dots, m$ であり, N は面の数を表すので, $m = 2N$ という関係が成り立つ. また,屈折率自体は固定値なので次元数には関係しない. よって,染色体は,全体で $2N$ 次元ベクトルとなる.

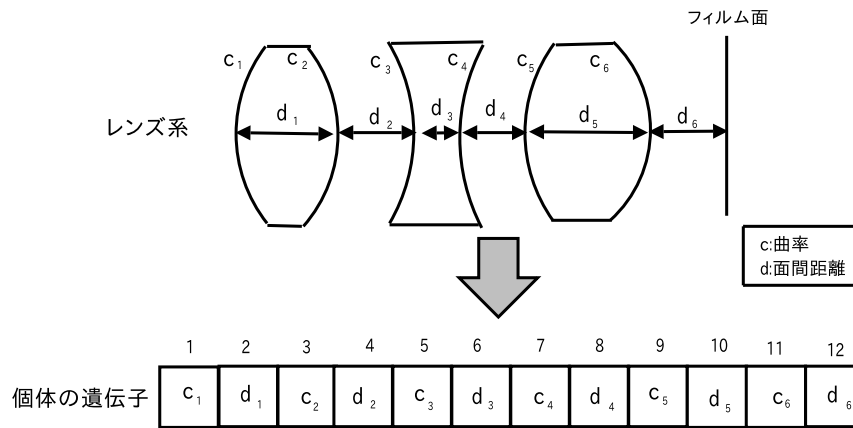


図 A.4: レンズ系と個体の関係

A.2.2 レンズの評価方法

レンズ系の個体の評価方法は、主光線を中心とした合計 11 本の光線 $0^\circ, 0.65^\circ w, w^\circ$ の 3 通りの入射角でレンズ系に通し、作成されたスポットダイアグラムを用いて行う。評価基準としては、歪曲 (Distortion ; D) と解像度 (Resolution ; R) を考え $D+R$ を評価関数としている。この評価関数の値が、小さいレンズ系ほど良いレンズ系としている。

図 A.5 は、レンズ枚数を 3 枚として最適化を行い、そのとき出力されたレンズ系である。右側に丸で囲まれたものが 3 あるが、これが下から $0^\circ, 0.65^\circ w, w^\circ$ におけるスポットダイアグラムである。このそれぞれのスポットダイアグラムに対して、歪曲 (D) と解像度 (R) を考える。

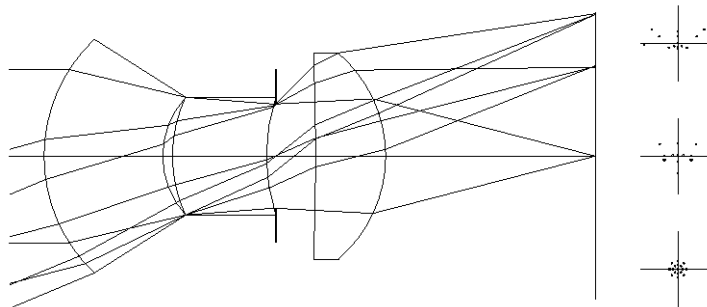


図 A.5: 3 枚組みレンズ系の設計

図 A.6 は、歪曲と解像度の評価方法を図で表したものである。

歪曲とは、像面上における被写体の形の再現性に関する指標であり、値が小さいほど像の歪みが小さい。

解像度とは、像のボケに関する指標であり、値が小さいほどシャープな像が得られる。
歪曲 (D) は、理想的な結像点 (x_{ideal}, y_{ideal}) と主光線が像面で結像する点 (像点) との距離 (dis) で与える。D は、式 A.4 のように定義している。

$$D = \sum_{w \in (0, 0.65w, w)} \sqrt{(x_0 - x_{ideal})^2 + (y_0 - y_{ideal})^2} \quad (A.4)$$

ここで、 (x_{ideal}, y_{ideal}) は理想的な結像点、 (x_0, y_0) は主光線の像点を表すものとする。

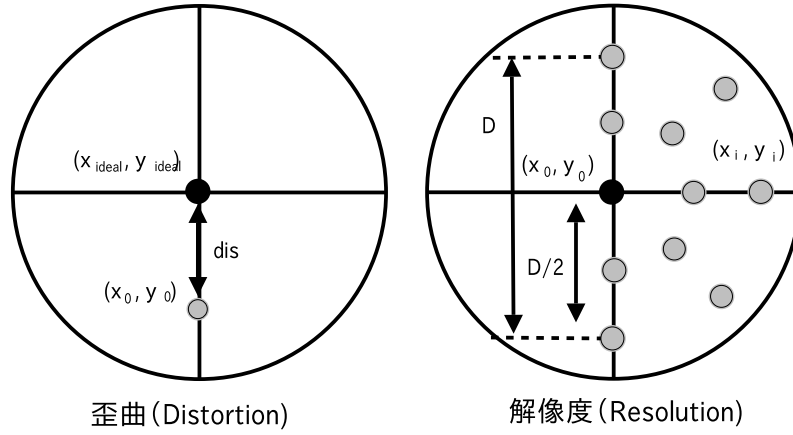


図 A.6: 歪曲と解像度の評価方法

解像度 (R) は、主光線の像点からその他 10 本の光線の散らばり具合を標準偏差で与える。R は、式 A.5 のように定義している。

$$R = \sum_{w \in (0, 0.65w, w)} \sqrt{\sum_{i=1}^{10} [(x_0 - x_i)^2 + (y_0 - y_i)^2] / 10} \quad (A.5)$$

ここで、 (x_i, y_i) は、その他の 10 本の光線の像点を表すものとする。図 A.6 中の D は、歪曲を表しているのではなく、光束の直径を表している。