(6)ＲＢＦとＳＯＭを用いた制約条件付問題に対する近似最適化
Approximate Optimization of Constrainted Problem Using RBF and SOM

荒川　雅生*，中山　弘隆**，伊藤　則夫***，白木　渡****，
今井　慈郎*****，井面　仁志******，石川　浩*****
Masao Arakawa, Hirotaka Nakayama, Norio Itoh, Wataru Shiraki,
Yoshiro Imai, Hitoshi Inomo, Hiroshi Ishikawa
*工博　香川大学助教授　信頼性情報システム工学科（〒760-8526　高松市幸町１－１）
** 工博　甲南大学理学部教授，*** CAE 代表取締役，**** 工博　香川大学工学部教授
*****　香川大学工学部助教授，****** 教修　香川大学工学部助教授

Genetic Algorithms have been studied and reported their effectiveness in many kinds of fields. As optimizer, they make us free from considering types of design variables and to multi-peaked problem easily. However, their exists some short commings, such as treatment of continuous variables, formulation of fitness function and the number of function calls. In the previous studies, we have been developing Adaptive Range GAs for continuous variable problem, and we have been using RBF (Radial Basis Function) networks as approximation tools in solving large scale constrainted optimization problem. From these results, we have shown the effecitveness to obtain good results, however, it is very difficult to give data within feasible region only by using random numbers for RBF and almost 80% of them are in vain. In order to raise their raito, we introduce SOM (Self-Organizing Map) as classification tools to choose data within feasible region. In this study, we will show the effectiveness of the method through a famous bench mark test problems

Key Words: Genetic Algorithms, Radial Basis Functon Networks, Self Organizing Map, Approximate Optimization

1．緒　言

遺伝的アルゴリズムを設計の最適化器としてとらえた場合，様々な利点が考えられる．その特徴の一つとして離散変数への取り扱いがあげられよう．実際に実務への展開を考えたとき，「特に土木の分野で直面した課題（難題）の一つが離散的な変数の取り扱いであった.」[1] とされていることからも，この特徴は非常に有意義なものであった．本稿では特に取り上げないが，数多くある遺伝的アルゴリズムの利点の裏側には，ほとんどその利点と表裏一体の関係で意外な問題点も多く存在した．一例を挙げると，

（１）本質的に連続変数を取り扱えない．
（２）制約条件の取り扱いが困難である．
（３）解析回数が非常に多い．
（４）さほど次善の解を求められるわけではない．
（５）終盤になると収束性が著しく低下する．

などである．これに対して，筆者らは，領域適応型遺伝的アルゴリズムを開発して，（１），（５）の問題をほぼ解決することができた．さらに，（３）の問題に対して，近似最適化を用いることによって回避することを試みた．その際に，遺伝的アルゴリズムの特徴である多点探索の利点を残すために，関数系によって影響を受けない手法としてＲＢＦネットワークによる近似を行った．その結果，十分に少ない解析回数で比較的良好な結果を得ることができ，提示した手法の有効性が示せた．しかしながら，その結果を照査してみると制約条件の取り扱いに気をつける観点からＲＢＦの学習に用いるデータを許容領域内に入っているデータのみとしていたが，データの発生をランダムに行っていたために約８割の計算結果を無駄にしていることが分かった．もし，何らかの方法で許容領域がどこにあり，さらに最適点の近傍がどこにあるか判断が付けば，その領域内でランダムにデータを与えることで，より効率よく最適解が求められるものと考えられる．そこで，本研究では，分類に優れたＳＯＭを用いることにより，この機能を持たせ，ＲＢＦを用いた近似最適化を行う手法の提示を行い，その有効性の検討を行った．

2．領域適応型遺伝的アルゴリズム

領域適応型遺伝的アルゴリズムは，単純ＧＡと同じ遺伝子の操作と，そのプリプロセスとして集団全体の状況から各世代毎に適切な探索領域を見つけだすものを持った進化

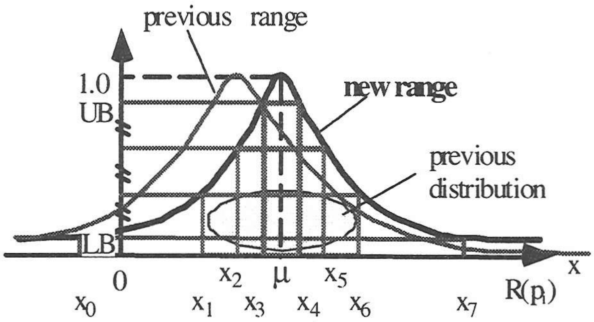


Fig. 1 Illustrative sketch of adaptive range expression of continuous variables

型の遺伝的アルゴリズムである．連続変数の場合の取り扱いの模式を図１に示す．離散変数については参考文献を参照されたい．[2-5] 図１に示すように，一つ前の世代の遺伝操作を終えた後の集団の平均値と標準偏差値から次世代の探索領域を式（１）のように決定する．

$$R(p_i)=\begin{cases}\mu_i-\sqrt{-2\sigma_i^2\ln\left(LB+\dfrac{(UB-LB)C(p_i)}{2^{m_i-1}-1}\right)} & for\, C(p_i)<2^{m_i-1}\\ \mu_i+\sqrt{-2\sigma_i^2\ln\left(LB+\dfrac{(UB-LB)(C(p_i)-2^{m_i-1})}{2^{m_i-1}-1}\right)} & for\, C(p_i)\geq 2^{m_i-1}\end{cases} \quad (1)$$

このように決定することで，世代が進み収束すると探索領域が狭まり，また平均の周りに個体が集中するため収束性がより高まる特徴を有している．図２に収束状況の一例を示すが，単純ＧＡでは探索領域を変更することができず，遺伝子操作だけなので適切な探索領域を見つけることもできず，しかも，精度を上げることもできない．加えて，収束性も悪いのに対して，領域適応型遺伝的アルゴリズムでは，初期的に与えら得た探索領域外に最適解がある場合で

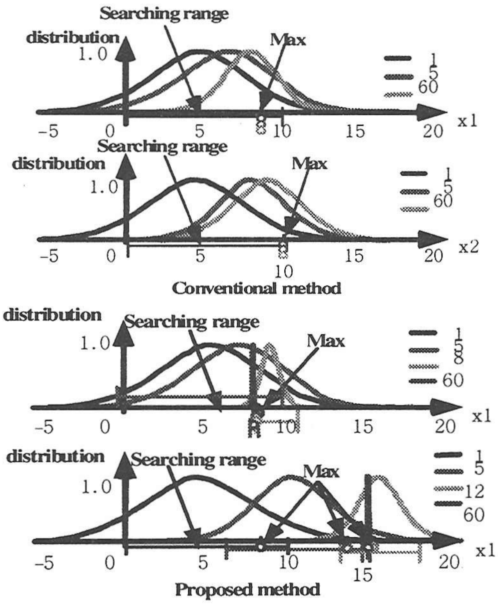
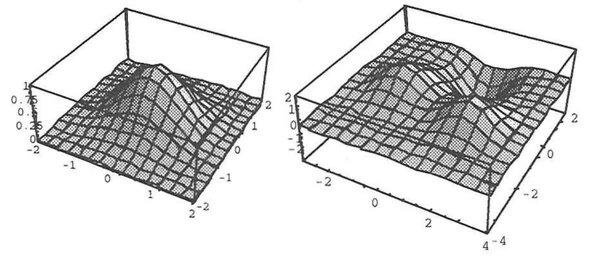


Fig. 2 ARange GAs



(a) Gaussian distribution (b)Response surface

Fig.3 RBF network

も，適切に領域を適応させ，さらに，収束に伴い，探索領域を狭めることによって，精度，収束性ともに向上させていることが見て取れる．

３．ＲＢＦネットワーク

ＲＢＦネットワークは，Ｏｒｒら[6]によって開発されたニューラルネットワークの一種である．このネットワークでは基底関数として，ガウス分布を考えており（図３ａ），その重ね合わせによって応答曲面を生成する（図３ｂ）．すなわち，ネットワークの出力は，

$$y_i(\mathbf{x})=\sum_{j=1}^{m}w_{ij}h(\mathbf{x},\mathbf{c}_j,r_j) \quad (2)$$

ここで，基底関数は

$$h(\boldsymbol{x},\boldsymbol{c},\boldsymbol{r})=\exp\left(-\frac{\|\boldsymbol{x}-\boldsymbol{c}\|^2}{r^2}\right) \quad (3)$$

で与えられる．このとき，$\boldsymbol{c}_j$は基底関数の中心位置であり，$\boldsymbol{r}_j$はその半径である．||*||はノルムを表すものとする．さて，既存のデータを基にネットワークのエネルギを計算する．

$$E_i=\sum_{j=1}^{p}(y_{ij}-y_i(\mathbf{x}_j))^2+\sum_{k=1}^{m}\lambda_{ik}w_{ik} \quad (4)$$

となる．ここでは，出力ｉに関するエネルギの計算をしている．エネルギの第２項目は，各基底の重みに対する重みであり，特定の基底に引っ張られ過ぎるのを防ぐ目的があるほか，学習課程において正則性を保証するための項である．ニューラルネットワークの学習とはＲＢＦネットワークの場合，適切な重みを決定する問題に帰着できる．これは，エネルギの最小化を求めることに他ならない．いま，行列形式に整理して，$A=(H^TH+\Lambda_i)$としたとき，エネルギの最小化は

$$A\boldsymbol{w}_i=H^T\boldsymbol{y}_i \quad (5)$$

として表される．ここで，

$$H=\begin{vmatrix} h(x_1,c_1,r_1) & h(x_1,c_2,r_2) & \cdots & h(x_1,c_m,r_m)\\ h(x_2,c_1,r_1) & h(x_2,c_2,r_2) & & h(x_2,c_m,r_m)\\ & & & \\ h(x_p,c_1,r_1) & h(x_p,c_2,r_2) & \cdots & h(x_p,c_m,r_m)\end{vmatrix},$$

$$\Lambda_i=\begin{vmatrix}\lambda_{i1} & 0\\ 0 & \lambda_{im}\end{vmatrix}$$

である．以上の結果より，

$$A^{-1}=(H^TH+\Lambda)^{-1} \tag{6}$$

を用いて，求めたい重みは，

$$w_i=A^{-1}H^Ty_i \tag{7}$$

で求まる．ＲＢＦネットワークの学習は，A^{-1}を求めることに他ならない．

このように，ＲＢＦネットワークの学習は逆行列を求める問題に帰着できるので非常に学習が早いという性質を有している．さらに，その性能を特徴づけるものとして，追加学習と忘却が存在する．

３．１　追加学習

階層型のニューラルネットワークで最も有名なバックプロパゲーション法の場合，教師信号として新しいデータが追加されると改めてはじめから学習をやり直さなければならない．これに対して，ＲＢＦでは，追加学習側がそれぞれデータの追加，基底関数の追加のために整備されている．

３．１．１　データの追加

いま，新しいデータセットが加わった場合を考える．ここで，

$$H_{p+1}=\begin{bmatrix} H_p \\ h^T_{p+1} \end{bmatrix} \tag{7}$$

とすると，

$$h^T_{p+1}=\{h(\boldsymbol{x}_{p+1},\boldsymbol{c}_1,\boldsymbol{r}_1),h(\boldsymbol{x}_{p+1},\boldsymbol{c}_2,\boldsymbol{r}_2),\dots,h(\boldsymbol{x}_{p+1},\boldsymbol{c}_m,\boldsymbol{r}_m)\} \tag{8}$$

このとき，A^{-1}は

$$A^{-1}_{p+1}=A^{-1}_p-\frac{A^{-1}_p\mathbf{h}_{p+1}\mathbf{h}^T_{p+1}A^{-1}_p}{1+\mathbf{h}_{p+1}A^{-1}_p\mathbf{h}^T_{p+1}} \tag{9}$$

として，簡単に学習結果が計算できる．このようなデータの追加則があることは，最適化の過程において新しく得られたデータを加えながら，ネットワークの精度を向上させていけることを意味しており，あらかじめ必要以上に多くのデータを用意する必要が無いことからも非常に有用である．

３．１．２　基底関数の追加

いま，新しい基底関数が加わった場合を考える．ここで，

$$H_{m+1}=[H_m \quad \mathbf{h}_{m+1}] \tag{10}$$

とすると，

$$h^T_{m+1}=\{h(\boldsymbol{x}_1,\boldsymbol{c}_{m+1},\boldsymbol{r}_{m+1}),h(\boldsymbol{x}_2,\boldsymbol{c}_{m+1},\boldsymbol{r}_{m+1}),\dots,h(\boldsymbol{x}_p,\boldsymbol{c}_{m+1},\boldsymbol{r}_{m+1})\} \tag{11}$$

このとき，A^{-1}は

$$A^{-1}_{m+1}=\begin{bmatrix} A^{-1}_m & 0 \\ 0 & 0 \end{bmatrix}+\frac{1}{1+h^T_{m+1}P_mh_{m+1}}\begin{bmatrix} A^{-1}_mH^T_mh_{m+1} \\ -1 \end{bmatrix}\begin{bmatrix} A^{-1}_mH^T_mh_{m+1} \\ -1 \end{bmatrix}^T \tag{12}$$

として簡単に学習結果が計算できる．最適化の過程において，初期的に与えた基底関数によって形成される応答曲面では精度を向上できない場合，新しい基底関数を追加しながら，より精度の高い応答曲面を形成することは非常に重要なことである．この性質を用いることによって，初期的によそしていなかったところ大局解がある場合にも，応答曲面の近似を追随させることが可能であり，非常に重要な学習要素である．

３．２　忘却

人間の学習の過程で不必要な記憶を忘れていくことは非常に重要な要因のようである．一節では，幼児は非常に多くの言語理解能力があり，その一つ一つを忘れていくことによって，母国語に対する反応を高めていくそうである．実際に近似最適化を考える場合でも，特定のところにデータが偏ってしまったり，全体の傾向を把握する上で不必要になったデータや基底は学習効果を悪くするだけなので，忘却してしまうことが望ましい．

３．２．１　データの忘却

いま，忘却するデータがデータセット内の最後の要素であると考える．このように考えても一般性を失うことはない．

$$H_p=\begin{bmatrix} H_{p-1} \\ h^T_p \end{bmatrix} \tag{13}$$

とすると，

$$h^T_p=\{h(\boldsymbol{x}_p,\boldsymbol{c}_1,\boldsymbol{r}_1),h(\boldsymbol{x}_p,\boldsymbol{c}_2,\boldsymbol{r}_2),\dots,h(\boldsymbol{x}_p,\boldsymbol{c}_m,\boldsymbol{r}_m)\} \tag{14}$$

このとき，A^{-1}は

$$A^{-1}_{p-1}=A^{-1}_p+\frac{A^{-1}_ph_ph^T_pA^{-1}_p}{1-h_pA^{-1}_ph^T_p} \tag{15}$$

として，簡単に学習結果が計算できる．学習データの密度が必要以上に濃くなる場合，他の部分に比べてその部分だけ，過学習の状態になり，全体としての傾向の把握が困難になってしまう．そこで，密度が濃くなった場合，質の高いデータのみ残して，忘却する事が重要である．

３．２．２　基底関数の忘却

いま，忘却する基底関数が基底関数セット内の最後の要素であると考える．このように考えても一般性を失うことはない．中山は基底関数の忘却に対して，新たに以下のような方法を提案している[7]．

$$H_m=[H_{m-1},h_m] \tag{16}$$

とすると，

$$h^T_m=\{h(\boldsymbol{x}_1,\boldsymbol{c}_m,\boldsymbol{r}_m),h(\boldsymbol{x}_2,\boldsymbol{c}_m,\boldsymbol{r}_m),\dots,h(\boldsymbol{x}_p,\boldsymbol{c}_m,\boldsymbol{r}_m)\} \tag{17}$$

このとき，

$$\begin{bmatrix} A^{-1}_{m-1} & 0 \\ 0 & 0 \end{bmatrix}=A^{-1}_{m+1}+\frac{1}{\lambda_m+h^T_mP_{m-1}h_m}\begin{bmatrix} H^+_{m-1}(I_p-P_{m-1})h_m \\ -1 \end{bmatrix}\begin{bmatrix} H^+_{m-1}(I_p-P_{m-1})h_m \\ -1 \end{bmatrix}^T \tag{18}$$

として簡単に学習結果が計算できる．ここで，

$$P_{m-1}=P_m+\frac{P_mh_mh^T_mP_m}{\lambda_m-h^T_mP_mh_m} \tag{19}$$

$$\begin{bmatrix} H^+_{m-1} \\ 0^T \end{bmatrix}=H^+_m-\frac{H^+_mh^*_mh^{*T}_m}{h^{*T}_mh^*_m} \tag{20}$$

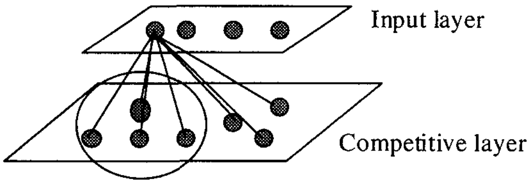


Fig. 4 SOM

であり，H_m^+はMoore-Penroseの一般化逆行列であり，h^*_mはそのm行目のベクトルである[8]．基底関数は応答局面を決めるのに非常に重要な要素である．基底関数の形から考えると，必要以上に密集することは効率的でない．できるだけ効率よく，適切な位置，半径を持った基底を設定することが重要であり，そのためには不必要な基底を忘却することが必要である．

4．SOM

コホーネンの開発したSOM[9,10]は，図3に示すような入力層と競合層の2層から構成され，それぞれの層はn個，m個のユニットを有する．競合層上のj番目のユニットは，式(21)に示す結合重みベクトルを介して入力層上の全てのユニットと結合している．

$$\boldsymbol{m} = (m_1,...,m_m) \tag{21}$$

SOMの学習は以下の手順に従い行われる．式(22)に示す入力ベクトルxとの距離が最も近いものを勝者ユニットと称する．ここでは，単純に距離をかけるのではなく，データ間の次元の問題を考え，さらにデータの重要度を考え，入力データaとユニットbの距離は式(23)のように計算されることとした．

$$\boldsymbol{x} = (x_1,...,x_n) \tag{22}$$

$$dis_{ab} = \sum_{i=1}^{k} w_i \left(\frac{x_{ai} - m_{bi}}{\sigma_i} \right)^2 \tag{23}$$

ここでσ_iは入力データ全体での各データの標準偏差であり，w_iはそのデータの重要度である．各データについてこの距離が最小となるものが勝者ユニット$\boldsymbol{m}_c$である．そして，勝者の近傍Ncに関しても，式(24)にならって，距離を計算し，

$$N_C = \exp\,(dis_{cj} / \sigma) \tag{24}$$

なる近傍の判定式を考える．ここで，dis_{cj}とは勝者ユニット$\boldsymbol{m}_c$と他のユニット$\boldsymbol{m}_j$の距離であり，σは近傍の度合いを表す係数で，学習回数とともに減少していくものとする．最後にSOMの学習は式(25)のように表される．

$$\boldsymbol{m}_i(t+1) = \boldsymbol{m}_i(t) + N_c(t)a(t)[\boldsymbol{x}_j - \boldsymbol{m}_i(t)] \tag{25}$$

5．提示する手法

提示する手法は，RBFを関数近似器，領域適応型遺伝的アルゴリズムを最適化器とし，SOMを探索領域の設定用の判別器として構成される．以下，そのアルゴリズムを箇条書きで述べる．

1）遺伝的アルゴリズムの初期状態として与えられた探索領域内で一定数の設計変数の組み合わせを発生させ，解析し，データセットをもうけ，RBFのデータとして，SOMのデータとして用意する．その際，RBFのデータには許容領域のもののみを格納し，SOMのデータには全てのデータを用意する．その際に，適応度関数に関しては，データ内の最大値が1となるように，最小値が0となるように標準化し，制約条件に関しては，維持していれば1を，破っていては－1をデータとして格納する．
2）SOMの学習を行う．
3）競合層で制約条件に関するものが0以上のもので適応度関数に関するものが1に近いものの周辺にデータセットをm_x個設ける．その他m_r個分制約条件に関するものが0以上のユニットの周辺にデータセットを設ける．
4）RBFで応答局面を作る．
5）領域適応型遺伝的アルゴリズムで近似局面の最適化を図る．（一定回数でうち切る）
6）領域適応型遺伝的アルゴリズムの結果の周辺にデータセットを設ける．ただし，その結果はSOMのデータとして格納する．1）と同じ要領でデータの準備をし，2）へ戻る．

6．数値計算例

数値計算例として図4に示す25部材トラスに適用する．目的関数は質量の最小化とし，表1に示すような設計変数を設定し，各設計変数に引っ張り応力，圧縮応力の制約を設ける．この他に，節点1，2におけるx, y方向の変位制約として，±0.0889m(0.35inch)の変位制約を設ける．荷重条件は，表2のように設定する．数理計画法，CPNによってAdeli & Kamal[11,12]が行った結果と領域適応型遺伝的アルゴリズムによる結果の比較を表3に示す．また，収束の状況を図5に示す．表3，図5に示されるように，領域適応型遺伝的アルゴリズムを用いた場合，計算回数さえ許せば非常によい結果を得ることは可能である．しかしながら，この解析回数は実際の設計に使うにはあまりにも多すぎる．そこで，解析回数として使用可能な範囲と言われる100

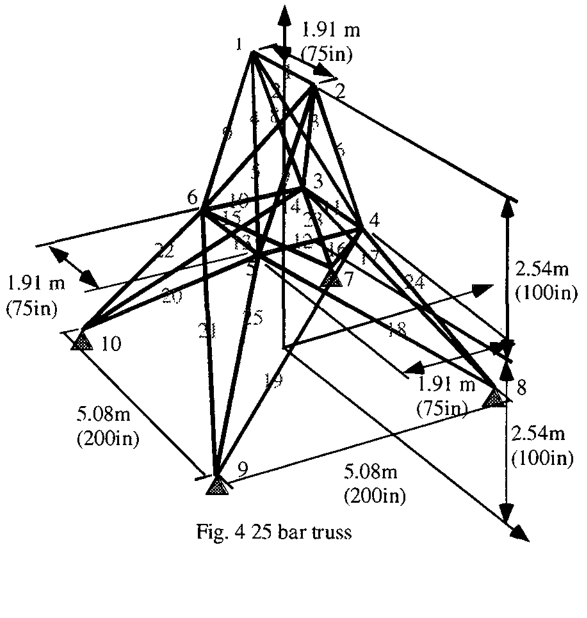


Fig. 4 25 bar truss

Table 1 Design variables and allowable stress

Variable	Member	Compression MPa (ksi)	Tension MPa (ksi)
1	1	241.95 (35.092)	241.32 (35.0)
2	2,3,4,5	79.91 (11.5900	241.32 (35.0)
3	6,7,8,9	119.31 (17.305)	241.32 (35.0)
4	10,11,12,13	241.95 (35.092)	241.32 (35.0)
5	14,15,16,17	46.60 (6.759)	241.32 (35.0)
6	18,19,20,21	47.98 (6.959)	241.32 (35.0)
7	22,23,24,25	76.41 (11.082)	241.32 (35.0)

Table 2 Loading condition

Loading condition	Loading node	Load kN (kips)		
		X	Y	Z
1	1	4.45(1.0)	44.48(10.0)	-22.23(-5.0)
	2	0.0(0.0)	44.48(10.0)	-22.24(-5.0)
	3	2.22(0.5)	0.0(0.0)	0.0(0.0)
	6	2.22(0.5)	0.0(0.0)	0.0(0.0)
2	1	0.0(0.0)	88.96(20.0)	-22.24(-5.0)
	2	0.0(0.0)	-88.96(-20.0)	-22.24(-5.0)

Table 3 Comparison of the optimum results

Variable	Solution , x 10^{-4} m^2		
	Adeli & Kamal (1986)	CPN (Adeli &Park,1989)	ARange GAs
1	0.0645	3.0723	0.064516
2	12.0897	15.2096	12.5502
3	19.1006	16.6406	19.7308
4	0.0645	0.0645	0.064516
5	5.2013	4.4090	4.40811
6	10.8355	10.3592	10.8604
7	16.3213	17.9593	17.0597
Mass (Kg)	247.467	250.1604	247.305
Function call	N/A	N/A	325840

Table 4 Comparison of the results

Variable	Solution , x 10^{-4} m^2		
	Case 1	Case 2	Case 3
1	0.970139	23.1857	1.12559
2	13.4692	11.3811	13.9231
3	18.2822	19.0658	18.0957
4	0.169555	0.070458	0.42926
5	4.50017	3.57744	4.52954
6	11.0218	13.0253	10.2464
7	17.3504	20.1621	16.6062
Mass (Kg)	249.409	273.000	244.550
Function call	925	925	1025
Initial data	42	8	113
Initial basis	40	40	40
Init min data	267.705	372.108	319.019
Final data	139	202	214
Final basis	132	134	128
Fin min data	250.178	268.793	250.526
Constraint coeff	1.002	1.018	0.996

0回前後の回数で近似最適化を行うようにＲＢＦを用いた近似最適化を行った結果を表4に示す[13]．この表に示されるように１０００回という解析回数の制限の割に比較的良好な結果を得ている．しかしながら初期的に許容領域内に数多くの解析結果がない場合，さらに，その中に良好な結果がない場合には思った程良い結果が得られなかった．さ

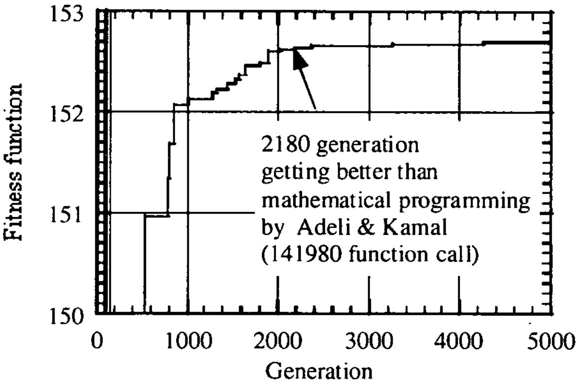


Fig. 5 Process of ARange GAs

らに，最終的にＲＢＦの近似に用いた解析結果を見ると，１０００回の解析のうち，約２０％以下でしかないことが見て取れる．この割合を上げることがより有効にＲＢＦを用いた近似最適化を行う鍵なのではないかと考える．

そこで，以下のような設定で提示した手法を実行した．得られた結果を表５に，最終結果におけるＳＯＭの場合分けの状況を図６に，遺伝的アルゴリズムのける収束の状況を図７に示す．

設定

初期解析数：２００

初期ランダム解析数：１００

ＳＯＭ学習回数：１００

誤差の許容：min(1, 0.8+0.0015*gen)

ＳＯＭ最適値近傍ランダム解析数：１０～１５

ＲＢＦ最適値近傍ランダム解析数：１０～１５

ＳＯＭ全領域ランダム解析数：２５

総解析数：６５０

世代打ち切り：２０００世代

表５の結果より，提示した手法（Case 4）の場合，初期的なデータはCase 1と比較して必ずしもよくない．どちらか

Table 5 Comparison of the results

Variable	Solution, x 10^{-4} m^2	
	Case 1	Case 4
1	0.970139	2589093
2	13.4692	12.7343
3	18.2822	17.6162
4	0.169555	0.264267
5	4.50017	4.13355
6	11.0218	12.2206
7	17.3504	18.198
Mass(Kg)	249.409	252.13
Fucntion call	925	650
Initial data	42	29
Initial basis	40	40
Init min data	267.705	316.8515
Final data	139	192
Final basis	132	288
Fin min data	250.178	251.041
Constraint coeff	1.002	1.0006
RBF estimation	248.315	249.873

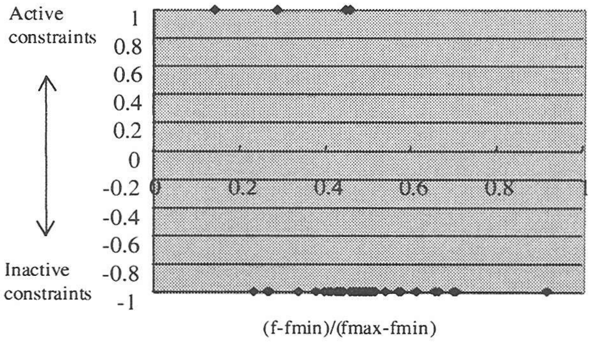


Fig. 6 Classification of feasible region

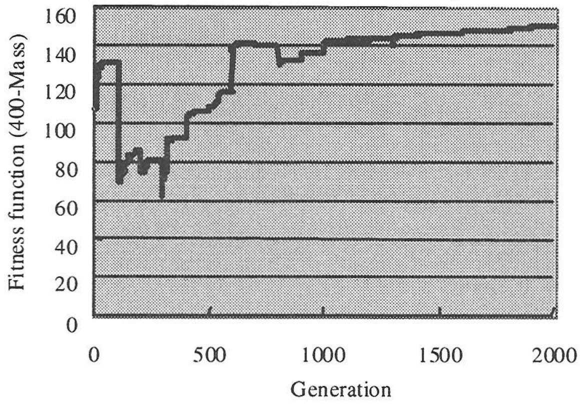


Fig. 7 Convergence

になっており，しかも，得られた解はCase 1とほぼ同等の結果であることが分かるこのことは，ＳＯＭによって，許容領域内にあるか否かの判定が比較的良好に作用したためであると考えられる．実際に，表４のCase1,2の場合と表５のCase 4の設定は，初期的にはほぼ同じ設定である．違いは解析の半数をＳＯＭによる許容領域内判定を行ったか，否かの差である．初期的にどの程度の解析結果が許容領域内にあったかを考えてみると，１０回の試行でＳＯＭを利用しない場合が，最大で４２個，最小で８個，平均で１２．３個であったのに対して，ＳＯＭを利用した場合，最大で３６個，最小で１８個，平均で２４．０個であった．この結果の差において，最初の１００回はＳＯＭの学習結果を用いていないことを考えると如何に有効にＳＯＭの学習が作用したかを物語るものであり，提示した手法が有効であることが確認される．図５の結果より，許容領域内外の場合分けはしっかりとできていることがわかる．この場合，横軸が１に近づくほど目的か数値が小さくなるようになっているが，許容領域内では，０．５弱までした進めないことも理解できる．図６に収束の状況を示すが，データ不足による近似関数の誤差が初期的な段階では大きかったものと考えられる．その後，着実に適応度を更新していっており，５００世代目以降はほぼ順調に結果を改善していっている．８００世代目で評価が落ちたのは，制約条件のしきい値により，制約を破るものの適応度関数の値がよかったデータがはじかれてしまったためと考えられる．遺伝的アルゴリズムの立場から見ると，応答局面が時々刻々変わっていっても，その変化に非常に迅速に対応していることがわかる．

提示した手法の試行はわずか１回であり，その性能の有効性を断言するにはまだ早いものの，我々が意図する方向にそれぞれの手法が作用しているものと考えられる．今後，各種のパラメータの設定を考えることで，その有効性はさらに高まるものと考えられる．

本研究においては，最適解を求めるだけでなく，許容領域全体にわたる近似を行ったが，これを最適解を求めることのみに注力すれば，より解析回数を減らすことが可能かと考える．

７．結言

本研究では，遺伝的アルゴリズムの実用へ向けて解析回数を減らす試みとしてＲＢＦによる近似法を，有効なデータをＲＢＦに供給する方法としてＳＯＭによる場合分けを利用した近似最適化手法の提示を行った．提示した手法では，比較的少ない解析回数で，十分に有効な解を得ることができ，その有効性の一端を確認することができた．

今後は，ＲＢＦ，ＳＯＭともにどのようなパラメータ設定をするとより有効になるのか，どの程度複雑な問題にまで対応できるのかなどを中心に研究を進めていきたい．

最後に，本研究は「南海育英会」による研究成果の一部であり，ここに関係各位に謝意を表したい．また，多くの有効な助言をいただいた北海学園大学杉本博之教授，早稲田大学の山川宏教授に感謝申し上げたい．

参考文献

(1)古田・杉本，遺伝的アルゴリズムの構造工学への応用，森北出版，(1997)．
(2)荒川，萩原，機論，63-616C，(1997)，4216-4223.
(3)荒川，萩原，機論，64-621C，(1998)，1626-1635.
(4)荒川，萩原，日本計算工学会講演論文集，Vol. 3, No. 2, (1998), 577-580.
(5)荒川，萩原，領域適応型遺伝的アルゴリズムの開発（精度および求解性の向上のためのオペレータの提案），機論，掲載決定
(6)Orr, M.J.L., Introduction to Radial Basis Function Networks, http://www.cns.ed.ac.uk/people/mark/intro/intro.html,(1996)
(7)中山，柳内，古川，Additional Learning and Forgetting by RBF Networks and its Application to Design of Support Structures in Tunnel Construction(1998)
(8)Ben Israel, A., Greville T.N.E., Generalized Inverse : Theory and Application, (1976), John Wiley.
(9)徳高，岸田，藤村，自己組織化マップの応用，海文堂,(1999)
(10)G. ザブック，T. コホネン，徳高，田中監訳，金融・経済問題における可視化情報探索,(1999)，シュプリンガー
(11)Arakawa,M., Nakayama, H., Ishikawa,H., "Optimum Design by using Radial Basis Function Network and Adaptive Range Genetic Algorithms",ASME,Proc. DETC' 99,in cd-rom(1999).
(12)Adeli, H., Park, H.S., Neurocomputing for Design Automation, CRC Press, (1989), 97-99.
(13)Adeli, H., Kamal, O., "Efficient Optimization of Space Truss", Computers and Structures, 24-3, (1986),501-511.