

阿南工業高等専門学校・専攻科 正会員 松保 重之
阿南工業高等専門学校・専攻科 学生員 西丸 範生

1. はじめに

合理的な信頼性解析を行うためには、多数の不規則変数に関する同時確率密度の積分が必要である。しかし、積分の数が増えると、通常の数値計算では精度の良い解を得るのは困難となる。近似解を求める手法としてモンテカルロ法などが用いられるが、通常のモンテカルロ法では積分の数が増えるとやはり非効率である。そこで、本研究では、リヒトマイヤの考案した準乱数と遺伝的アルゴリズム(GA)を援用した効率的な積分法の開発を試みる。そして、本手法の有効性を数値計算例によって示す。

2. 準乱数を用いたモンテカルロ法

ここでは、本研究で援用する準乱数を用いたモンテカルロ法¹⁾について概説する。モンテカルロ法に基づく計算を行う場合、あらゆる角度から見てランダムな性質を兼ね備えている乱数を必要とする。このような通常の乱数を用いたモンテカルロ法では、 N 個の乱数に対し、求めようとする解との誤差が $N^{-1/2}$ でしか収束しないので大変不経済である。しかし、ヘイゼルグローヴが考案した準乱数を用いれば、効率良く近似解を求めることができる。この方法とは、リヒトマイヤの考案した準乱数列 $\xi_n = ([n\alpha_1], [n\alpha_2], \dots, [n\alpha_k])$ (ただし $n=0, 1, \dots$) を用いて、変数ベクトル $\mathbf{x} = (x_1, \dots, x_k)$ の積分値 $I = \int \dots \int f(\mathbf{x}) d\mathbf{x}$ を $I \doteq S(N) = \sum_n C_{Nn} f([n\alpha_1], [n\alpha_2], \dots, [n\alpha_k])$ の形の近似公式で評価するものである。ここで、 k は積分の次元数、記号 $[\cdot]$ はその数値の小数点以下の値、係数 α_k は $0 \sim 1$ の実数で、実験的に定める値である。また、 C_{Nn} は $N \rightarrow \infty$ のとき厳密解 I となるように定める定数である。とくに、簡単な場合として

$$S_1(N) = \frac{1}{2N+1} \sum_{n=-N}^N f([n\alpha_1], [n\alpha_2], \dots, [n\alpha_k])$$

$$S_2(N) = \frac{1}{(N+1)^2} \sum_{n=-N}^N (N+1-|n|) f([n\alpha_1], \dots, [n\alpha_k]) \quad (1)$$

を考えた場合、 $S_1(N)$ の誤差は N^{-1} で収束し、 $S_2(N)$ の誤差は N^{-2} で収束することが証明されており、効率の良い数値積分が可能である。ただし、 α_j ($j=1, \dots, k$) は、近似解 $S(N)$ の誤差を最小にするように数値実験によって求める必要があるが、一般に、これを求めるには、膨大な時間を要する。高次元の積分に関する α_j は求められていないのが実状である。しかし、 α_j は被積分関数の形に関係なく一定であるので、厳密解が分かっている積分に対し一度求めれば、種々の積分に適用可能である。本研究では、 α_j を求めるために GA を用いる。

3. GA

GA では、問題に対する解(表現型と呼ばれる)を、生物の染色体と同様の符号列(遺伝子型と呼ばれ、通常は 1 次元コードで表される)で表し、この符号列に生物進化のアルゴリズムを適用することによって最適化問題等の解決を図っている²⁾。単純 GA では、増殖・淘汰、交差および突然変異の 3 つの基本的な演算から構成される。単純 GA の流れ図を、Fig.1 に示す。以下、簡単にその説明を行う。

①まず、STEP 1で、問題に対する解を符号化する。このような符号化の処理は対象問題によって種々の工夫がなされる。②つぎに、STEP 2で、 N 個の生物個体からなる初期生物集団を乱数を用いて発生さ

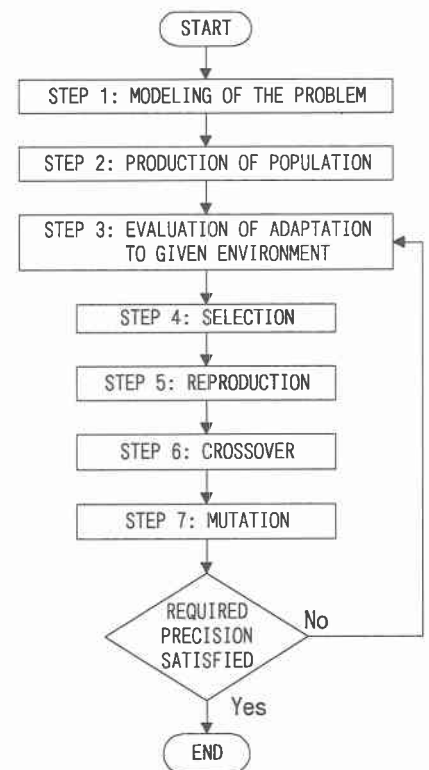


Fig.1 Flow chart of the GA

せる。③STEP 3では、発生させた各生物個体の環境への適応度を評価する。GAを最適化問題に応用する場合には、この適応度が当該最適化問題の目的関数に対応する。④STEP 4とSTEP 5では、淘汰と増殖を行う。具体的には、現世代のN個の個体から重複を許して、N個の次世代の生物個体を乱数を用いて発生させる。ただし、STEP 3で計算した現世代の各生物個体の適応度に比例してN個の個体を発生させる。⑤STEP 6では、発生させた次世代のN個の個体の中から2つの個体の組をM組だけランダムに選択し、それぞれに対して交差と呼ばれる操作を行う。交差を行う確率は、交差率と呼ばれる。交差は、2つの個体の遺伝子型をランダムな位置で部分的に入れ換える操作である。⑥さらに、STEP 7として突然変異と呼ばれる操作を実行する。この突然変異の生起確率は突然変異率と呼ばれ、通常、各個体の遺伝子に相当する各ビットを、突然変異率の生起確率で0を1に、あるいは1を0に変更する操作が行われる。Fig.1では、STEP 7までの一連の基本計算の後に、成された次世代の生物集団が所要の精度を満たしているかどうかを判定し、満たしていなければ、さらに一連の基本計算を行い、満たしていれば計算を終了している。

4.数値計算例

単純 GA を用いて誤差 $|S_2(N)-I|$ が最小となるように α_j を求める。対象とする積分は、1) $I_1 = \int \int \int e^{x_1}e^{x_2} e^{x_3}dx_1dx_2dx_3$, 2) $I_2 = \int \int \int \int \int e^{x_1} e^{x_2} e^{x_3} e^{x_4} e^{x_5} dx_1dx_2dx_3dx_4dx_5$, 3) $I_3 = \int \cdots \int e^{x_1}\cdots e^{x_{10}} dx_1\cdots dx_{10}$, 4) $I_4 = \int \cdots \int x_1\cdots x_{10} dx_1\cdots dx_{10}$ の4つである。これらの積分範囲は、いずれの助変数についても0～1の積分を考える。準乱数を用いたモンテカルロ法の計算の際は、N=1000とした。また、GAの適用においては、個体総数を50、遺伝子のビット長を8、交差の生起確率を0.4、突然変異率を0.02と設定し、世代交代数を200とした。 α_j の最適解の探索に際しては、まず、 α_j に0～1の適当な初期値を与えて計算を行い、 α_1 のみについての最適解を求めその1次近似解を求める。次に、1次近似解 α_1 を用いて α_2 についても最適化を行い、以下同様にして $\alpha_1,\cdots,\alpha_k$ の1次近似解を求める。さらに、同様に各 α_j のみに着目して最適化を行い $\alpha_1,\cdots,\alpha_k$ の2次近似解を求め、収束するまで同様の手順を繰り返す。GAを用いて求めた積分 $I_1,\cdots,I_4$ の α_j の値、それらの値を用いて求めた積分値 $S_2(N)$ 、厳密解I、計算誤差ErrorをTable 1に示す。表の I_1 と I_2 の計算結果では、求めた積分値の誤差は1.0%程度で精度良く求めることができた。 I_3 と I_4 の10重積分の数値計算では若干の誤差はあるものの、従来の計算法ではその値すら求めることができなかった積分値を、工学上意味ある数値として求めることができる可能性を確認できた。

Table 1 Calculation Results

Integration	I_1	I_2	I_3		I_4	
α_j	0.81176471	0.94117647	0.76078431	0.79215686	0.76078431	0.79215686
	0.96475882	0.83529411	0.09803926	0.67843137	0.09803926	0.67843137
	0.47058882	0.09019607	0.96078431	0.88235294	0.96078431	0.88235294
		0.31301950	0.35294118	0.29803922	0.35294118	0.29803922
		0.48627450	0.59215686	0.90196078	0.59215686	0.90196078
$S_2(N)$	5.139144	14.875092	208.334759		0.000756	
I	5.073214	14.978626	224.359246		0.000977	
Error (%)	1.2	0.7	7.1		22.6	

5.あとがき

本研究では、遺伝子型のビット長を8とする等の限られた条件下で計算を行ったが、本手法の有効性がある程度示すことができた。今後、遺伝子型のビット長を改善することにより、より精度の良い係数 α_j を求めることができ、より高次の多重積分も効率よく求めることが可能になるものと思われる。応用例として、離散化点における確率情報を多重積分することによって初通過確率を求める問題等が考えられる。

参考文献 1)津田孝夫：モンテカルロ法とシミュレーション，改訂版，培風館，1987．2)安居院猛、長尾智晴：ジェネティックアルゴリズム，昭晃堂，1993．