遺伝子長可変型 G A によるファジィ推論ルールの獲得手法

正員 増田 達也 (大阪工大)

正員 伊藤 彰朗 (日立製作所)

正員 佐藤 幸史 (シャープ)

An Acquiring Method of Fuzzy Reasoning Rules by Genetic Algorithm with Variable Gene Length

Tatsuya Masuda, Member (Osaka Institute of Technology)

Akio Ito, Member (Hitachi, Ltd.)

Koji Sato, Member (Sharp Co.)

Some methods for acquiring fuzzy reasoning rules by standard genetic algorithm have been proposed. These methods use a genetic code which contains locuses corresponding to all consequent selections of fuzzy reasoning rules, so that the length of gene becomes very longer as the number of reasoning rules increases. As the result, it is difficult to identify exactly all reasoning rules and to understand their contents.

In this paper, we propose a new method for acquisition of fuzzy reasoning rules to solve this problem. The genetic algorithm we use for this method has a dynamic adjustable function of the length of gene, so that we can obtain only necessary rules to express the characteristics of a controlled object. The rule acquisition process used by this method closely resembles that by which humans create fuzzy reasoning rules by trial and error. We demonstrate the effectiveness of this method by applying it to an obstacle avoidance problem of mobile robot.

キーワード： 遺伝子長可変型 G A, 遺伝的アルゴリズム, ファジィ推論ルール, 障害物回避問題

1. まえがき

ファジィ推論は専門家が経験的に修得した知識を if-then 形式のファジィ推論ルールにより言語的表現で記述できることや、入出力関係が非線形あるいは複雑である問題に対して良好な結果が得られることから、近年では様々な分野で応用されている。⁽¹⁾しかし、実際にファジィシステムを構築する際には、ファジィ推論ルールの同定やメンバシップ関数の調整は専門家の知識や経験による勘によって試行錯誤的に行われてきた。これらを自動的に行う方法としてニューラルネットワークの学習能力を利用する手法が提案されている。^{(2), (3), (4)}

また、最近では生物の自然淘汰と遺伝機構を模倣したモデルである遺伝的アルゴリズム⁽⁵⁾(以下 G A と略す)を用いた手法がいくつか提案され、その有効性が示されている。^{(6), (7)}しかし、これらの G A を応用した手法では各ファジィ推論ルールの後件部に対応する遺伝子座を全て遺伝子を持つ個体を想定しているため、入力変数およびメンバシップ関数の数が多くなるにつれて同定する推論ルールの数が指数関数的に増加し、遺伝子長が非常に長いものとなる。その結果、推論ルールの同定に多大な時間を要し、またルール数が過剰であるためにその内容把握が困難にな

るといった問題点がある。

そこで本論文では、この問題を克服するために、従来固定であった遺伝子長を可変とし、推論ルールに対応する長さの遺伝子座を必要に応じて逐次追加、あるいは削除することにより遺伝子長を調整し、最終的に必要な推論ルールのみを獲得する手法を新たに提案する。また、本手法を移動ロボットの障害物回避問題に適用して、その有効性を示す。

2. 簡略化したファジィ推論

可変長遺伝子を用いた G A を説明する前に、本手法で用いる簡略化したファジィ推論⁽⁸⁾について述べる。

簡略化したファジィ推論とは前件部をファジィ数で、後件部を実数値で表現する推論法であり、入力変数を x_i ($i = 1, \dots, m$)、出力変数を y_j ($j = 1, \dots, n$) とすると推論ルールは (1) 式で表現される。

Rule: h

if x_1 is A_{1k} and...and x_m is A_{mk} (1)
then y_1 is w_{1h} and...and y_n is w_{nh}

ただし、 h ($= 1, \dots, H$) はルール番号、 A_{ik} ($k = 1, \dots, K_i$) はルール h に関与する入力変数 x_i の k 番目の前件部メンバシップ関数、 w_{jh} は出力変数 y_j に対する

図1 メンバシップ関数の一例

Fig.1. Equilateral triangle membership functions.

ルール h の後件部実数値、 H はルールの数、 K_i は入力変数 x_i に対して用意された前件部メンバシップ関数の数である。また、メンバシップ関数の形状は両端の2つを除いて、頂点が α_{ik} 、幅が $(\alpha_{i,k+1} - \alpha_{i,k-1})$ 、隣りあうメンバシップ関数のメンバシップ値の和が1となる三角型とする。入力変数 x_1 に5つのメンバシップ関数を配置した場合の一例を図1に示す。

このとき、 h 番目の推論ルールの前件部適合度 μ_h は
$$\mu_h = A_{1k}(x_1) \cdot A_{2k}(x_2) \cdots A_{mk}(x_m) \cdots (2)$$
となり、簡略化したファジィ推論の推論結果 y_j^* は次式のようになる。

$$y_j^* = \frac{\sum_{h=1}^H \mu_h \cdot w_{jh}}{\sum_{h=1}^H \mu_h} \cdots (3)$$

3. 遺伝子長可変型GAによる推論ルールの獲得

<3.1> 遺伝子長固定型GAと遺伝子長可変型GA

現在、一般的に用いられているGAでは、遺伝子長が固定されているものが主流をなしている。この遺伝子長固定型GAでは、対象となる問題の最適解が存在すると思われる範囲の候補すべてを個体として表現できる遺伝子長でコーディングを行い、最適解の探索を行っている。しかし、実際には対象となる問題の最適解が存在すると思われる範囲が特定できないため、全ての候補を個体として表現できない場合や、範囲は特定できるが、全ての候補を個体として表現したくない場合がある。このような場合、従来の遺伝子長固定型GAでは十分に対応できないため、試行錯誤により遺伝子長、つまり、探索空間を限定し、最適解の探索を行ってきた。この問題を解決する手段として、遺伝子長を可変とし遺伝子長が各個体毎に異なる集団を構成して最適解を求める手法が提案されている。⁽⁹⁾しかし、この手法では同一世代の集団の各個体が異なる遺伝子長を持つため、従来の遺伝的操作、特に交差をそのまま用いることができなくなる。また、遺伝子長の異なる個体どうしに交差を行うことは、異なる種の間で交差を行うことを意味することになる。

そこで、本論文で提案する遺伝子長可変型GAでは、同一世代の集団内では各個体の遺伝子長は全て同一として最

適解の探索を行う。そして、現世代における集団の遺伝子長では、これ以上の探索は困難であると判断されたときに、遺伝子座を追加することにより遺伝子長を拡張させ、探索空間を広げる。一方、集団内で適応度が最大である個体が、より短い遺伝子長で表現することが可能である、つまり遺伝子に不要な部分が含まれていると判断されたときに、その遺伝子座を削除することにより遺伝子長を縮小させ、探索空間を狭める。以上のような操作を行うことにより、本手法では常に最適な空間で探索を行うことが可能となる。さらに本手法では、同一世代の集団内での各個体はすべて同じ長さの遺伝子を持っているので従来の淘汰、交差、突然変異といった遺伝的操作はそのまま使用することが可能で、これに新たに遺伝子長の拡張あるいは縮小を行う「遺伝子長の調整」操作が加わるだけである。

<3.2> コーディング方法

<3.1>で述べた遺伝子長可変型GAによりファジィ推論ルールの獲得を行う場合、その可変構造のために後件部実数値のみをルール番号の順番に並べる一般的なコーディング法では対応できない。本手法では、必要な推論ルールのみを同定するのだから、現在、個体が持っている推論ルールの後件部だけでなく、前件部も遺伝子情報として併せて記すことができるコーディング法を用いなくてはならない。また、本手法では推論ルールの獲得だけでなくメンバシップ関数の調整も同時に行うものとする。そこで以下に示すようなコーディング方法を用いる。

コーディング方法の概略図を図2に示す。遺伝子はメンバシップ関数の形状を記述する部分と各推論ルールを記述する部分に大別される。

メンバシップ関数の形状記述部分では、メンバシップ関数の形状が次のようにコーディングされる。まず仮に、入力変数 x_i の K_i 個のメンバシップ関数を各頂点の位置が入力範囲の最小値から最大値までの間で等間隔になるように配置する。このときの各メンバシップ関数の頂点の位置を α_{ik} 、その間隔を d_i とする。実際のメンバシップ関数の頂点の位置は、この α_{ik} を基準として(4)式で表される $\Delta\alpha_{ik}$ だけ調整することが可能であるとする。

$$-\frac{d_i}{4} \leq \Delta\alpha_{ik} \leq \frac{d_i}{4} \cdots (4)$$

($k=1, \dots, K_i$)

この調整量 $\Delta\alpha_{ik}$ を入力変数ごとに各メンバシップ関数の番号順に並べたものを遺伝子にコーディングする。ただし、調整量 $\Delta\alpha_{ik}$ を遺伝子にコーディングする際には、対立遺伝子の最小値が $\Delta\alpha_{ik}$ の最小値 $(-d_i/4)$ を、対立遺伝子の最大値が $\Delta\alpha_{ik}$ の最大値 $(d_i/4)$ を指すように調整量 $\Delta\alpha_{ik}$ を正規化する。

このように、メンバシップ関数の調整は、その形状のみとし、各入力変数に対して用意するメンバシップ関数の個数は一定とするため、メンバシップ関数の形状記述部分の遺伝子長は世代を通じて常に一定となる。

一方、推論ルールの記述部分では、各推論ルールが次の

図2 コーディング方法

Fig. 2. Coding.

ようにコーディングされる。

仮に、ある解候補（個体）に（5）式で表される推論ルール h が含まれているとする。

Rule: h

if x_1 is A_{1k} and...and x_m is A_{mk} (5)
then y_1 is w_{1h} and...and y_n is w_{nh}

この推論ルール h に関する前件部メンバシップ関数 A_{ik} の番号 k を入力変数の順に並べ、それに続いて後件部実数値 w_{jh} を出力変数の順に並べる。これを図2に示すように解候補（個体）に含まれている推論ルール分だけ並べたものを遺伝子にコーディングする。ただし、後件部実数値 w_{jh} を遺伝子にコーディングする際には、前述のメンバシップ関数の調整量と同様に、対立遺伝子の最小値が w_{jh} の最小値を、対立遺伝子の最大値が w_{jh} の最大値を指すように w_{jh} を正規化する。推論ルール記述部分の長さは、推論ルールの追加、あるいは削除によって世代を通じて変化する。

このようなコーディング方法を用いると、上述の推論ルール記述部分で、推論ルールの追加や交差・突然変異が行われることにより、前件部が全く同じ推論ルールを複数個含む個体が生成され得るが、このような個体は致死遺伝子として淘汰されるものとする。

＜3.3＞ 遺伝子長の調整法

次に、本手法独自の遺伝的操作である推論ルールの追加、削除を行う遺伝子長の調整法について述べる。

（a）遺伝子長の拡張（推論ルールの追加）

適応度が最大である個体が集団内で占める割合を占有割合と定義する。この占有割合が大きくなるにつれて、交差に関わる2親として全く同じ形質を持つ個体を選択される率が高くなる。その結果、交差により生まれてくる次世代の子も、親と全く同じ形質をもつ個体となる可能性も高くなる。このような交差は、あまり意味を持たず、突然変異以外には新しい個体は生成されにくいため、現在の遺伝子長の集団では、これ以上の学習は困難であると考えられる（これは推論ルールの絶対数が不足している場合に相当す

る）。そこで、この占有割合があるしきい値を越えたとき、全個体に対して推論ルール1個分に相当する長さの遺伝子座を、図3に示すように推論ルール記述部分のランダムな位置に追加することにより遺伝子長を拡張させる。ただし、追加される遺伝子座の位置はランダムにとり、追加された遺伝子座には対立遺伝子の最小値から最大値までの間のランダムな値をセットする。

図3 推論ルール追加の例

Fig. 3. An example of addition of a reasoning rule.

（b）遺伝子長の縮小（推論ルールの削除）

通常、推論ルールの獲得やメンバシップ関数の調整を入力データを用いて行うとき、その入出力データは入力範囲に対して一様で、かつ、十分な量があることが望ましい。しかし、実際に現実の対象から得た入出力データは図4に示すように一様かつ十分ではない場合がある。そのため図4の斜線で示す推論ルールのように、前件部に関する学習用入出力データを1つも持たない推論ルール、いいかえると、全ての学習用入出力データに対して前件部適合度が0、すなわち（6）式を満たす推論ルールが存在することが考えられる。

$$\mu_{hp} = 0 \quad \forall p \quad \text{.....(6)}$$

このような推論ルールは（3）式からもわかるように、学習用入力データに対する推論結果にはなんら関与しない。また、学習用入出力データを1つも持たないために、後件部実数値にはどのような値をとっても良いことになり、適切に同定することが不可能となる。さらに、このような推論ルールを含むファジィ制御器を構成した場合、この推論ルールが、実際の入力データに対する推論結果に悪影響を与える可能性がある。以上の理由から、集団内で適応度が

図4 不要ルールの例

Fig. 4. An example of unnecessary rule.

最大の個体に (6) 式を満たす推論ルールが存在するとき、この推論ルールは不要であると考え、図 5 に示すように、その不要な推論ルールに相当する位置の遺伝子座を削除することにより遺伝子長を縮小させる。また、集団内の他の全ての個体に対しても同位置の遺伝子座を削除することにより遺伝子長を縮小させる。

図 5 推論ルール削除の例

Fig. 5. An example of elimination of unnecessary rule.

<3. 4> アルゴリズム

以上に述べた遺伝子長可変型 GA によるファジィ推論ルールの獲得手法のアルゴリズムをまとめると次のようになる。

(I) パラメータの設定

集団個体数、淘汰率などの各種パラメータの値を設定する。

(II) 初期集団の生成

初期ルール数を 1 個とし、乱数を用いて対立遺伝子の最小値から最大値までのランダムな値を発生させて遺伝子座にセットし、個体を発生させる。これを集団個体数になるまで繰り返す。世代数 $t = 1$ とする。

(III) 適応度の計算

獲得される推論ルール数が少なく、出力二乗誤差の小さい解が望ましいことから、適応度関数 f を (7) 式のように定義する。これより各個体の適応度を計算する。

$$f = \frac{b}{aE + r} \quad \dots\dots(7)$$

ただし、 E : 学習用出力データと推論値の出力二乗誤差、 r : ルール数、 a 、 b : 定数

(IV) 淘汰

集団内で適応度の低い個体を一定割合 (淘汰率) だけ集団から削除する。その他は次世代に残す。ただし、3. 2 節で述べたように前件部が全く同じ推論ルールを複数個含む個体は致死遺伝子として淘汰する。

(V) 交差

淘汰により集団個体数は減少する。そこで生き残った個体の中からランダムに 2 個体を選び一様交差により新たな 1 個体を生成する。これを (IV) により淘汰された個体数分だけ繰り返し、集団個体数を元の数に戻す。

(VI) 突然変異

ある小さな確率 (突然変異率) で、ある遺伝子座の値を別の対立遺伝子に置き換える。

(VII) 遺伝子長の調整

3. 3 節で述べた方法により、遺伝子長の調整の必要があれば遺伝子座を追加、あるいは、削除することにより調整を行う。調整が不要の場合はそのまま (VIII) へ進む。

(VIII) 最良個体の保存

通常、全世代を通して適応度が最大となる個体は、エリート保存法を用いて学習終了時に適応度が最大である個体として得られる。しかし、本手法では遺伝子の追加を行うことにより、 t 世代の全個体の適応度が、追加を行う前の $t-1$ 世代で適応度が最大であった個体の適応度より低くなる可能性がある。そこで、ここでは、現世代までで最大の適応度を示した個体を最良個体として保存する。

(IX) 終了条件の判断

あらかじめ設定した終了条件である打ち切り世代数、あるいは、打ち切り適応度を満たすかどうかを判断する。そして、条件を満たした場合は学習を終了し、さもなければ、世代数を $t = t + 1$ として (III) に戻る。

以上のアルゴリズムをフローチャートに示すと図 6 のようになる。

図 6 アルゴリズムのフローチャート

Fig. 6. Flowchart.

4. 適用例

本手法の適用例として移動ロボットの障害物回避問題を

取り上げる。本例では、移動ロボットの速度は一定とし、方向の制御のみを行うものとする。また、移動障害物は一定速度で一方方向に直進するものとする。入出力変数は図7に示すように、それぞれ

[入力変数]

- 移動ロボットと目標地点の距離 d_r [m]
($0 \leq d_r \leq 24$)
- 移動ロボットと目標地点の角度 θ_r [deg]
($-180 \leq \theta_r \leq 180$)
- 移動ロボットと障害物の距離 d_o [m]
($0 \leq d_o \leq 24$)
- 移動ロボットと障害物の角度 θ_o [deg]
($-180 \leq \theta_o \leq 180$)

[出力変数]

- 移動ロボットのハンドル角 θ_r の変化分 $\Delta \theta_r$ [deg]
($-20 \leq \Delta \theta_r \leq 20$)

とし、メンバシップ関数の数は図8に示すように、各入力変数に対してそれぞれ5個ずつ用意した。また、移動ロボ

図7 入出力変数
Fig. 7. Input/output variables.

図8 あらかじめ用意したメンバシップ関数
Fig. 8. Membership functions prepared in advance.

図9 教示した移動ロボットと障害物の軌跡
Fig. 9. Instructed tracks of mobile robot and the obstacle.

ットのハンドル角 θ_r の初期値は90 [deg] とした。
学習用の入出力データは、図9のように障害物の2種類の移動パターンに対して人間がロボットのハンドル角を実際に操作して、障害物を回避しながらロボットを目標地点まで到達するように制御を行い、それにより得られた入出力変数の時系列データを一定間隔で取り込んだものを用いた。各パラメータの値は以下のように設定して、実験を行った。

- 学習用データの数 : 58個
- 集団個体数 : 100個体
- 淘汰率 : 50%
- 占有割合のしきい値 : 0.5
- 突然変異率 : 10%
- 対立遺伝子 : 0~50の整数値
- 適応度関数の定数 a : 1.0×10^4
- 適応度関数の定数 b : 2.0×10^4
- 学習打ち切り世代数 : 1000世代
- 学習打ち切り適応度 : 1000

GAでは、初期集団の設定により結果が変化するので、本適用例では乱数種を変えて20回試行した。各試行により得られた最大適応度と、そのときの推論ルール数、および学習用入出力データに対する出力二乗誤差を表1に示す。ここでの最大適応度とは、全世代を通して最大となった適応度のことである。さらに、獲得された推論ルールを用いて、実際に障害物を教示したパターンに対して移動ロボットの制御を行った結果の成否を同表に併せて記す。なお、制御の成否の判断は、移動ロボットが障害物に衝突することなく目標地点へ到達できたかどうかで行った。

表1に示すように、20回の試行のうち5回が制御を良好に行えなかったが、これは最大適応度があまり上がらなかったものであり、獲得された推論ルール数の割に出力二乗誤差があまり減少せず、比較的大きな値となっている。

また、各世代での最大適応度の変化を、試行回数で平均したものを図10に示す。同図には比較のために、ルール数をそれぞれ2個、4個、6個、8個、10個に固定して、従来のGAを用い、同様に20回試行したときの平均値も

表1 本手法での20回の試行結果
Table 1. Results of 20 trials.

回数	ルール数	出力二乗誤差	最大適応度	制御の成否
1	7	0.002237	680	○
2	7	0.003368	491	×
3	7	0.001296	1002	○
4	10	0.001783	718	○
5	5	0.003369	516	×
6	8	0.001616	827	○
7	8	0.003509	464	×
8	7	0.003189	514	×
9	8	0.002063	698	○
10	8	0.002231	659	○
11	6	0.002628	619	○
12	12	0.002487	542	○
13	10	0.001961	675	○
14	6	0.002604	624	○
15	9	0.002162	653	○
16	5	0.002782	609	○
17	7	0.002555	614	○
18	7	0.003539	471	×
19	8	0.001965	723	○
20	7	0.002593	607	○
平均	7.6	0.002497	635

図10 最大適応度の変化(20回平均)
Fig.10. Change process of maximum fitness (mean value of 20 trials).

図11 15回目の試行における適応度の変化
Fig.11. Change process of fitness in the 15th trial.

図12 ルール数の変化
Fig.12. Variation of rule number.

併せて示している。図10を見ると、本手法を用いた場合の最大適応度は、遺伝子長を固定した場合に比べて、世代が少ないうちはあまり変わらないが、世代を重ねるごとに、他と比べて高くなっていく。これは、ルール数を2個、4個に固定した場合には、ルール数が少なすぎるために十分な解が得られなかったものと考えられ、また、ルール数を6個、8個、10個に固定した場合には、探索空間は学習開始時から広めであるが、十分な解が得られる前に集団が多様性を失い、打ち切り世代を迎えたものと考えられる。一方、本手法では、ルールの追加・削除によりルール数、すなわち、探索空間が常に最適になるように遺伝子長を調整しているためだけでなく、ルールの追加・削除を繰り返すことにより集団の多様性を維持し続けているために、遺伝子長を固定にしたどの場合よりも高い適応度を示しているものと考えられる。

以下では、表1の成功例の1つである、15回目の試行結果について詳細に述べる。

各世代ごとの適応度の変化を図11に、ルール数の変化を図12に示す。ただし図11の実線は各世代における適応度の最大値を、一方、点線は平均値を表している。これらの図より、世代数が少ないときには、集団のルール数が少ないために推論ルールを1つ追加することにより出力二乗誤差が大幅に減少し、適応度のより高い個体が得られていくが、世代がある程度進むと推論ルールを追加してもあまり出力二乗誤差が減少しないため、推論ルールの追加・削除を繰り返して、より適応度の高い個体を得ようとしている様子がうかがえる。

次に、本手法により調整された前件部メンバーシップ関数の形状を図13に、獲得された推論ルールを表2に示す。なお、図13の点線は、入力変数の入力範囲に対して等間隔に配置した本手法適用開始時のメンバーシップ関数の形状であり、一方、実線は本手法適用終了時の調整されたメンバーシップ関数の形状である。同図より、各メンバーシップ関数は、本手法の適用により微調整が行われていることがわかる。

今回の実験では4つの入力変数に対してそれぞれ5つの前件部メンバーシップ関数をあらかじめ用意しているため、考えられる全ての組み合わせのルール数は $5^4 = 625$ 個となる。これらのルールの中には不要なものも多く含まれており、またこれら全てのルールを同定して、その中味を把握することは非常に困難である。しかし、本手法を用いた場合には、これら625個のルールの中から表2に示すようなわずか9個のルールのみが獲得された。これらの中には、ロボットが前方に接近してきた移動障害物に対して左側に回避しようとするルール6や、ロボットが移動障害物を回避した直後にハンドルを右にきることによりロボットの向きを目標地点に向けようとするルール7、また、目標地点が右前方に近づいてきたときにハンドルを右にきることにより目標地点に近づけようとするルール3など、その内容把握は簡単なものとなっている。

また、図 1 4 にはこれらの 9 個の推論ルールを用いてファジィ制御器を構成し、障害物を教示した移動パターンおよび未教示の移動パターンで動かした場合のロボットの制御結果の一例を示している。同図から、教示したパターンはもちろん、教示しなかった障害物の移動パターンに対しても、移動ロボットは障害物に衝突することなく目的地へうまく到達できていることがわかる。つまり、本手法で獲得された 9 個の推論ルールはルール数が少ないにもかかわらず汎化能力的に優れたファジィ制御器を構成していると言える。

図 1 3 調整されたメンバシップ関数の形状
Fig.13. Form of tuned membership functions.

表 2 獲得された推論ルール
Table 2. Acquired reasoning rules.

ルール番号	前件部				後件部
	d_g [m]	θ_g [deg]	d_o [m]	θ_o [deg]	$\Delta \theta$ [deg]
1	近い	前	遠い	左	2.4
2	かなり近い	前	やや遠い	後	-7.2
3	近い	右前	かなり近い	左	4.0
4	近い	右前	やや遠い	後	4.0
5	やや遠い	左	かなり近い	後	-20.0
6	遠い	左	かなり近い	前	-8.0
7	近い	前	かなり近い	右後	13.6
8	かなり近い	前	近い	右後	18.4
9	やや遠い	左	かなり近い	右後	-20.0

図 1 4 移動ロボットの制御結果
Fig.14. Control result of mobile robot.

5. あとがき

本論文では、従来固定であった遺伝子長を可変とすることにより推論ルールに対応する遺伝子座を逐次追加・削除し、最終的に必要な最小限の推論ルールのみを獲得する手法を新たに提案した。また、本手法を移動ロボットの障害物回避問題に適用することにより、本手法によって得られる適応度の最大値が従来の遺伝子長固定型 GA のものに比べると平均的に高くなっていること、そして、得られた推論ルールは重要で、中味が把握しやすく、かつ汎化能力的にも優れていることを明らかにした。今後は本手法をニューラルネットワークの構造決定など種々の異なった問題に適用していく予定である。

(平成 7 年 1 月 26 日 受付, 同 7 年 5 月 26 日 再受付)

文 献

(1) 山川 烈: 「ファジィ応用ハンドブック」, 工業調査会 (1991)

(2) 堀川 慎一・古橋 武・大熊 繁・内川 嘉樹: 「ニューラルネットワークによる学習型ファジィ制御器」計測自動制御学会論文集, Vol. 27, No. 2, pp. 208-215(1991)

(3) 野村 博義・林 勲・若見 昇: 「デルタルールによるファジィ推論の自動チューニング手法と障害物回避への応用」, 日本ファジィ学会誌, Vol. 4, No. 2, pp. 379-388(1992)

(4) 増田 達也・夜久 正司: 「ユニット生成機能をもつニューラルネットワークによるファジィ推論ルールの獲得手法」, 日本ファジィ学会誌, Vol. 5, No. 2, pp. 348-

357(1993)

- (5) D.E. Goldberg: "Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning", Addison-Wesley(1989)
- (6) 西山 太一・高木 敏幸・中西 祥八郎・ロバート R. イェガー: 「遺伝的アルゴリズムを用いたファジィ推論ルールの自動生成」, 第8回ファジィシステムシンポジウム講演論文集, pp. 237-240(1992)
- (7) 高濱 徹行・宮本 誠司・小倉 久和ほか: 「遺伝アルゴリズムによるファジィ制御規則の学習」, 第8回ファジィシステムシンポジウム講演論文集, pp. 241-244(1992)
- (8) 市橋 秀友・渡辺 俊彦: 「簡略ファジィ推論を用いたファジィモデルによる学習型制御」, 日本ファジィ学会誌, Vol. 2, No3, pp. 429-437(1990)
- (9) 布施 元誠・島田 洋一・服部 進実: 「可変構造遺伝的アルゴリズムによる機能生成とその評価」, 信学技報, AI92-108(1992)

増田 達也 (正員) 1950年8月2日生。1981年3月大

阪大学大学院博士課程単位修得退学(電気工学専攻)。日本学術振興会奨励研究員を経て, 1985年4月大阪大学工学部電気工学科助手。1987年4月大阪工業大学工学部電気工学科講師, 現在同教授。工学博士。ニューラルネットワーク, ファジィ制御, 遺伝的アルゴリズム, 多目的意志決定, システム構造分析などの研究に従事。電子情報通信学会, 計測自動制御学会, システム制御情報学会, 日本ファジィ学会, 日本オペレーションズ・リサーチ学会, IEEE会員。

伊藤 彰朗 (正員) 1971年1月19日生。1995年3月大

阪工業大学大学院修士課程(電気工学専攻)修了。同年4月(株)日立製作所に入社, 現在に至る。在学中, 遺伝的アルゴリズムの理論および応用に関する研究に従事。計測自動制御学会会員。

佐藤 幸史 (正員) 1969年4月24日生。1994年3年大

阪工業大学大学院修士課程(電気工学専攻)修了。同年4月シャープ(株)に入社, 現在に至る。在学中, 遺伝的アルゴリズムの理論および応用に関する研究に従事。平成5年度電気学会論文発表賞受賞。電子情報通信学会, 計測自動制御学会会員。