回折トモグラフィの最適化問題のために開発した 高速遺伝的アルゴリズム

正 員 孟 志奇* 非会員 三坂 久義*

Fast Genetic Algorithm for Optimization of Inverse Scattering Problem

Zhi Qi Meng*, Member, Hisayoshi Misaka*, Non-member

As a global optimization method, genetic algorithm (GA) is very convenient for use in optimizing any type of parameters, especially for inverse problems, and many remarkable results have been obtained. One of the problems of GA is how to achieve the evolution towards the global minimum efficiently. This paper examines the conventional operators of GA, and introduces new techniques of mutating and seeding the population.

キーワード：遺伝的アルゴリズム，収束速度，微小突然変異，種まき

Keywords: genetic algorithm, convergence rate, micro-mutation, seeding

1. 背 景

遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithm: GA) は、近年様々な分野において注目されている最適化手法である^{(1)~(7)}。従来、微分を用いる最急降下法やニュートン法など降下法範疇の最適化手法があるが、これらの方法は目的関数が微分不可能な場合、または極小点が複数存在しかつ適切な初期値が不明な場合は適用しにくい欠点がある。一方 GA はこのような問題にも適用できる。このため、局所最小の多い回折トモグラフィの最適化問題に GA を適用した例が数多く報告されている^{(8)~(14)}。

しかし、降下法範疇の手法が適用できる最適化問題の場合、GA はそれらの手法より収束速度が遅い。特に目的関数の計算に時間がかかる場合、収束の速さが重要である。このため、GA の探索効率を更に改善し、収束速度を高める必要がある。GA の収束特性（世代交代に対する適応度の上昇特性）を調べれば、初期段階は最終段階より収束速度がはるかに速いことがわかる。設計等の最適化問題ならば、設計要求を満たした解が現れた時、最適でなくてもアルゴリズムを終了することができる。しかし、回折トモグラフィ問題から帰着された最適化問題においては、真値を求めるために最適化を徹底的に行う必要がある。このため、より高速なアルゴリズムが望ましく、特に GA の最終段階の探索効率を向上させる必要がある。

これまでは、GA の大ざっぱな探索結果を初期値とし、

更に降下法を用いて最適化アルゴリズムを加速する提案もあったが、アルゴリズムが複雑となる一方、手法切り替えのタイミングを決めることも難しいなどの欠点がある。よって、本研究では、GA 従来のオペレータを考察するとともに、最終段階の探索効率を高める新しいオペレータを提案し、高速な GA を目指す。

2. 遺伝的アルゴリズム

GA は、ある範囲内で定義されているベクトル x の関数 $f(x)$ を最大あるいは最小にする x の値を求める最適化・探索アルゴリズムの一種である。GA は生物の進化の過程にヒントを得た比較的単純な基本原理を基にし、計算機内部に設定された仮想生物を進化させることにより、与えられた工学的課題の解を求める。GA は、実際のプログラミングの詳細を規定しない緩やかな枠組みであるため、各種の規則やパラメータの設定方法等、不確定要素が多いことが欠点として指摘されることが多い。しかしながら、むしろ緩やかな枠組みがアルゴリズムの潜在能力を秘めているともいえる。これまでさまざまな処理手法が提案されており、GA のアルゴリズムはバラエティーに富んでいる。ここではまず最も基本的な GA のアルゴリズムとされている単純 GA (Simple Genetic Algorithm; SGA) の処理手順について述べる⁽²⁾。

(1) 初期生物集団の生成。はじめに、個体 (individual) の染色体 (chromosome) を決定する。すなわち、世代交代の際に親の個体から子孫の個体に、どのような内容のデータをどのような形式で伝えるかを決定する。個体は染色体によって規定されており、個体の進化は実質上染色体の進化である。GA は染色体に注目し、「個体」を染色体で表現

*福岡大学

〒814-0180 福岡市城南区七隈 8-19-1

Fukuoka University

8-19-1 Nanakuma, Jonan-ku, Fukuoka 814-0105

する。目で見る事ができる個体の特性を表現型 (phenotype) という。染色体は一般に複数の遺伝子 (gene) から構成され、それぞれの遺伝子の位置が遺伝子座 (locus) と呼ばれる一種の座標によって規定される。個々の個体の染色体の内部的表現を遺伝子型 (genotype) という。遺伝子型を表す記号列としてどのようなものを用いるかは任意であるが、一般的には、0 と 1 の並びであるビット列を用いる方式が良いとされている。

変数 $x = [x_1, x_2, \dots, x_n]$ が連続である場合、関数 $f(x)$ に対し、探索範囲を $x_i^{\min} < x_i < x_i^{\max}, i = 1, 2, \dots, n$ 、探索の許容誤差を ε_i としたとき、変数 x_i を整数 m_i で次のように表示することができる。

$$x_i = x_i^{\min} + m_i \varepsilon_i \dots \dots \dots (1)$$

$$0 \leq m_i \leq (x_i^{\max} - x_i^{\min}) / \varepsilon_i \dots \dots \dots (2)$$

このとき、 x を表現型、 m_i の 2 進数表現を遺伝子型とすることができる。逆に遺伝子座に入った複数遺伝子の列 (染色体) は表現型へ変換されれば、解候補の探索空間の座標 x となる。

ランダムに染色体を複数生成し、生物集団を構成する。勿論、生物集団は探索空間の複数探索点を表している。

(2) 適応度の評価。生物集団のそれぞれの染色体に対して適応度を計算する。適応度は問題の要求に従って定義され、通常最大適応度を持つ染色体が解になる。

(3) 終了条件のチェック。各染色体の適応度が、進化シミュレーションを終了させるための終了条件を満たしているかどうかを調べる。終了条件が満たされない場合は、手順 (4) の淘汰及び増殖の実行処理に移り、進化シミュレーションを続行する。

(4) 淘汰 (selection)。次世代生物の適応度を高めるために、低い適応度の染色体が次世代へ生き残りにくいように自然淘汰の処理を行う。淘汰は置き換えることで行われる。すなわち、同じ染色体は次世代生物の親として何度も選択される。

(5) 交差 (crossover)。確率 p_c (交差率) により、ランダムに選択された 2 つの親染色体の遺伝子を部分的に交換して、新しい染色体を構成する。

(6) 突然変異 (mutation)。各染色体の各遺伝子において、それぞれの 0 と 1 のビットを、確率 p_m (突然変異率) によって反転する。突然変異は現世代生物集団にない遺伝子パターンを生成することができる。しかし、既存の遺伝子パターンもこのオペレータにより破壊されてしまい、よい遺伝子パターンの継承ができなくなる恐れがあるため、通常突然変異率を低く設定する (0.01~0.2 % 程度)。

(7) (2) に戻る。

GA オペレータの遺伝子操作はほとんど計算機の負担にならないため、終了するまで目的関数 $f(x)$ を呼び出した回数 (染色体数×世代交代回数) でアルゴリズムを評価することができる。尚、本研究は生物集団のサイズを一定とするため、終了まで必要とする世代交代回数で GA を評価

する。また、ランダム性が実行において大きな役割を果たすため、異なるランダムなシードを用いた実行では、一般に異なる振舞いとなる。よって、同じ問題に対して複数回実行した平均的な統計値に注目する。

3. 研究内容

GA において、仮想生物の進化は適応度の評価法及び進化環境に左右される。適応度の評価は目的関数によって規定されるが、進化環境の設定には自由度がある。本研究ではまず実験問題 1 を用いて、これまで提案された幾つかの淘汰、交差の手法を考察し、探索効率を向上させるために 2 つ新しいオペレータを提案する。次に、実験問題 2、3 を用いて提案したオペレータのパフォーマンスを再確認する。

実験問題 1 次の関数を最大にする x, y を求める。

$$z = -x^4 + 2.5x^3 + 100x^2 - 30y^2 + 100y + 7000 \dots \dots \dots (3)$$

$$-10 \leq x \leq 12, -10 \leq y \leq 12$$

図 1 は関数 (3) の形を示している。 $x \approx 8.04, y \approx 1.66$ が正解であり、 $x \approx -6.20, y \approx 1.66$ に局所的最大が存在している。式 (3) に基づいて適応度を定義するが、最大値が 1 となるように規格化を行う。また、仮想生物の個体数を 40 とする。

〈3・1〉淘汰手法の考察 淘汰の手法として、3 つの代表的提案がある。

ルーレット法 適応度が大きい個体ほどルーレットの面積が大きくなるように振り分ける。ルーレットを回して、次世代仮想生物の親個体を選択する。このように、適応度の高い個体が生き残る確率が高くなる。

ランキング法 個体を適応度が大きい順にソートし、合格ラインを設定して上位の個体を次世代生物の親個体とする。不足の分も上位の個体から補足。

トーナメント法 ①いくつかの個体を生物集団からランダムに選び出す。②選ばれた個体を適応度の大きい順にソートし、一定の割合で上位の個体を選択する。手順①、②の繰り返しにより、次世代生物の親個体を選出する。

進化は競争淘汰の結果である。競争淘汰が激しいほど進化が速い。ルーレットとトーナメントの環境では、適応度の低い個体でも生き残る可能性があるため、競争淘汰がランキングの環境ほど激しくない。よって、進化を促すには

図 1 式 (3) の関数の 3 次元ビュー

Fig. 1. Three-dimensional view of equation (3).

図 2 最大適応度の進化：ルーレット法、1 点交差を用いた場合

Fig. 2. Evolution of maximum fitness, with roulette selection and one point crossover

ランキング法が有利かと思われる。

一方、進化するには生物の種の多様性が欠かせない。生物の新種を生成することができなければ競争淘汰がいくら激しくても進化ができない。ランキング法は適応度の下位の個体が漏れなく淘汰され、上位の個体が自己繁殖して急速に増える。生物集団のサイズが十分大きくなければ、種の数減少が激しく、進化に不利を与える可能性がある。言い換えれば、ランキング法は探索が局所的最適なところに陥る可能性が他の 2 つの方法より高い。

また、ルーレット法では、生物集団の適応度の差が小さい場合、扇形角度の差も小さく、有限回の選択をするとき、その差をうまく反映できない可能性がある。つまり、適者生存の役割を十分に果たせなくなる。これに対し、トーナメント法は局所的なランキング法であり、適応度の差を細かく反映できる。

例の最適化問題に、まずルーレット法を用いた GA を適用して 30 回の実験を行い、最大適応度の進化の様子を図 2 に示す。1 本の線が 1 回の実験に対応し、適応度が 1 になった時点でアルゴリズムを終了する。交差の手法として 1 点交差（後に説明）を用い、交差率を 0.8、突然変異率を 0.05 とした。正解が見つかるまで平均的に 1404 回の世代交代が必要であった。また、進化は最初は速いが、後期段階に入ると極めて遅くなっていることがわかる。

同様に、ランキング法、トーナメント法を用いた GA を適用し、それぞれ 30 回実験を行い、上記結果との比較を表 1 に示す。実験は世代交代回数を最大 10000 回で制限し、この上限を超えても正解が見つからなかったケースを失敗とする。ランキング法の場合では、30 回実験の内に 11 回も失敗した。他の 2 つの手法と比べて、高い失敗率が注目される。ランキング法のアルゴリズムは、後期の進化が鈍化して探索能率が著しく落ちてしまった。これは過激な競争淘汰により、少ない個体から構成された生物集団に遺伝子の均一化が起り、種の僅少が進化に悪い影響を与えたと考えられる。

また、ルーレット法は前述の理由で細かい探索の場合探索能率が落ちることがあるため、トーナメント法と比べて

表 1 各種淘汰手法のパフォーマンス：一点交差を用いた場合

Table 1. Performance of different selection methods, with one point crossover

selection methods	average alternation number for the optimization
roulette	1404 (failing: 0)
ranking	2145 (failing: 11)
tournament	326 (failing: 0)

必要な世代交代回数が多い。ルーレット法の欠点を改善するために、線形スケールなどの処理が提案されているが、アルゴリズムが更に複雑になるため、ここでは検討しない。よって、トーナメント法は比較的高い探索能率が期待できる。

〈3・2〉交差手法の考察 交差は、2 つの個体（親）の遺伝子を部分交換することにより次世代の新しい個体（子）を構成する操作であり、複数の手法が提案されている。ここでは、1 点交差（One Point Crossover）、2 点交差（Two Points Crossover）、一様交差（Uniform Crossover）と呼ばれる 3 つの代表的な手法について比較を行い、さらに優秀なペアを選択するという拡張を導入する。

1 点交差 この操作はランダムに遺伝子座を選択し、子孫を生成するために 2 つの染色体間で遺伝子座の前と後を交換する。例えば、文字列 11111111 と 00000000 の 2 つの染色体が 4 番目の遺伝子座で交差された場合、この文字列から成る子孫は 11110000 と 00001111 である。交差操作は、2 つの単一染色体（一倍体）生物間の生殖を単純化して模倣したものである。

2 点交差 以下の手順で遺伝子ビットの交差を行う。① 遺伝子の並びである遺伝子型を、1 列の記号列としてではなく、最後の記号と最初の記号が連結されたリング状の遺伝子の並びとして扱う。②このリング上に 2 点の交差位置をランダムに設定し、リングを 2 つのセグメントに分割する。③セグメントを入れ換える。④1 列に戻して子孫の遺伝子の並びを生成する。

一様交差 ある親 A と親 B の遺伝子型から子孫の個体の遺伝子型を作る際、子孫の各遺伝子の各ビットが、あらかじめ決めた確率 p で親 A の対応するビットを継承する。勿論、親 B の対応する遺伝子になる確率が $1 - p$ である。 $p = 0.5$ とする場合が多く、この場合は、子孫の遺伝子型の各遺伝子ビットを、それぞれ 1/2 の確率で親 A あるいは親 B の対応するビットにする。

交差は新しい探索点を決定する重要なオペレータである。遺伝子パターンの組み合わせの更新が大きければ、生物種の補充に有利だが、親のよい遺伝子パターンを継承しにくくなるため、進化に不利な影響を与える可能性もある。1 点交差法は、新しい遺伝子パターンの生成には最も弱い、親の遺伝子パターンを継承するには得意であり、一様交差とは正反対である。例の最適化問題に 3 つの交差手法を用いて、それぞれ 30 回実験を行い（淘汰はルーレット法を用

表 2 各種交差手法のパフォーマンス：ルーレット法を用いた場合

Table 2. Performance of different crossover methods, with roulette selection

crossover methods	average alternation number for the optimization
one point crossover	1404
two points crossover	818
uniform crossover	1060

い、他のパラメータは前例と同じ)、結果を表2に示す。平均的に2点交差の場合は818回、一様交差の場合は1060回の世代交代で目的を達成している。2点交差は新種の作りと親遺伝子パターンの継承の両方を兼ね備えるため、比較的よい結果を得たと考えられる。

一方、交差を行う親としての2つの個体の組み合わせも重要である。普通、親ペアはランダムに選択されるが、優秀な親ペアから更に優秀な子供が生まれる可能性が高いと考えられる。しかし、生物集団の個体数が少ない場合、淘汰により集団内遺伝子パターンの均一化がある程度起こっている可能性が高く、2つの親の個体をともに優秀な個体群から選出すると、交差により新種を作る能率が低下する可能性がある。このため、2点交差を用いたGAに、「2つの親のうち一方は適応度の高い個体を選び、もう一方は全体の中からランダムで選択する」という政策を導入する。このように拡張したGAを例の問題に適用し、30回実験した結果、平均的に201回の世代交代で目的を達成している。

〈3・3〉 微小突然変異オペレータの提案 図2で示したように、生物の進化速度は世代交代に伴い著しく低下してくる。特に後期段階において世代交代の効率をアップさせる必要がある。進化の後期段階では、仮想生物個体群が表している探索点は目的関数の最大点(または最小点)の近傍に集中して適応度の差が微小となる一方、継承進化のため遺伝子のパターンの均一化が進み、種の数が少なくなるため、進化速度が落ちる。遺伝子パターンの種類を補充するために使われている従来の突然変異オペレータにより生成された新しい染色体(探索点)が最大点の近傍より逸脱する可能性が大きく、適応度が低いため、淘汰されてしまう。つまり、従来の突然変異オペレータの新種補充の機能が低下する。そのような状況を改善するために、微小突然変異オペレータ(Micro-mutation)を導入する。このオペレータは、連続な関数に対して、個体の表現型の微小な変化に相当する遺伝子の変異を、高い確率でランダムに染色体に与え、現世代個体と同程度の適応度を持つ新種を生物集団に補充するものである。

今回の実験では、遺伝子の表現型は x, y 、探索範囲は $-10 \leq x \leq 12$, $-10 \leq y \leq 12$ であり、それぞれの許容誤差 $\varepsilon_x, \varepsilon_y$ を共に0.01としている。微小突然変異は、各パラメータに対して、その許容誤差の10倍の範囲以内の変化に相当する遺伝子の変異を染色体に与える。これにより、現在の探索点の近傍に探索重点をおくことができる。尚、

図 3 最大適応度の進化：微小突然変異、ルーレット法、1点交差を用いた場合

Fig. 3. Evolution of maximum fitness, with micro-mutation, roulette selection and one point crossover

従来の突然変異オペレータは局所的最適なところから脱出する時役に立つため、通常のように働いている。

図3は例の最適化問題に微小変異オペレータを導入したGA(ルーレットによる淘汰、1点交差)の30回分の実験の様子を示している。正解を求めるために必要な平均世代交代回数を図2の1404回から583回まで短縮することができた。

〈3・4〉 2次補間法による種まきオペレータの提案 前述のように淘汰は適応度に基づいて行われる。適応度は目的関数に依存する。実際の回折トモグラフィ問題から導入された目的関数はほとんどの場合では複雑であり、その計算には大量の時間がかかる。従来のGAでは、計算した適応度は個体の選択のみに使われる。つまり、適応度では大きさの情報のみが使用されていたが、遺伝子の表現型と関連した変化率(差分)の情報が使われていない。大量の計算時間をかけて得られた情報をもっと有効に利用し、収束を加速する発想から、本研究では2次補間法による種まきオペレータを提案する。

連続な関数の最小(または最大)点近傍では、関数曲面の断面は近似的に2次曲線となる。その曲線上の3点の座標と関数値を用いて、曲線の2次関数を構成することができる(2次補間)。2次曲線関数がわかれば、最小または最大点の座標が求められる。具体的には、遺伝子の表現型 x と適応度 $f(x)$ から構成する関数空間の中で、最優秀の個体が示す探索点A(x_A)、その近くの探索点B(x_B)、及びAB延長線上の点C(x_C)の座標とその適応度を用いて、2次曲線を構成し、構成した2次曲線から求めた最小(または最大)点の座標(表現型)を遺伝子型へ変換し、期待できる優秀な種として生物集団に加える。

生物集団から点A、Bの座標とその適応度の情報を取得することができる。生物集団の中にAB延長線上の点が存在しない場合は、A点に対してB点の対称点をC点($x_C = 2x_A - x_B$)として適応度を計算し、2次曲線を構成する。2次曲線の構成に関する計算は複雑な目的関数の計算と比べるとほとんど時間がかからない。また、生物集団の個体数と比べて、上記推測で構成した次世代への種の

数が充分少なければ（今回は1個のみ）、推測が失敗しても生物集団への悪影響がほとんどないと考えられる。各世代でこの操作を実行すると、世代交代の繰り返しにより、このオペレータは探索空間でいろいろな方向で2次補間による1次元探索を行うことになる。以下このオペレータを種まきと略称する。

単純GAに種まきを導入し、30回分の実験様子を図4に示す。平均28回の世代交代で正解を求めることができた。図2の平均1404回の結果に比べて、種まきオペレータの有効性が明らかである。

図5は、種まきを用いたGAに更に微小突然変異を導入した場合の実験の様子を示す。平均的に21回の世代交代で目的を達成している。微小突然変異の導入によるパフォーマンスの平均的改善率は、単純GAに導入した場合（図3）より少し落ちている。その原因として、種まきと微小突然変異の効果は一部ダブっていると考えられる。

〈3・5〉 微小突然変異と種まきオペレータのパフォーマンスの再考察 実際の回折トモグラフィの最適化問題で生じる（汎）関数は、多くの局所的最大（最小）を有し、図1に示した関数より複雑な振舞いをする場合があるため、より複雑な関数を用いて、今回開発した微小突然変異と種まきオペレータのパフォーマンスを再考察する。下記の実験問題2と3に、単純GA、単純GA+微小突然変異、単純

図4 最大適応度の進化：種まき、ルーレット法、1点交差を用いた場合

Fig. 4. Evolution of maximum fitness, with quadratic interpolation seeding, roulette selection and one point crossover

図5 最大適応度の進化：微小突然変異、種まき、ルーレット法、1点交差を用いた場合

Fig. 5. Evolution of maximum fitness, with micro-mutation, seeding, roulette selection and one point crossover

GA+種まき、単純GA+微小突然変異+種まきという4つのアルゴリズムを適用してそれぞれ200回実験をし、200代目まで各世代において最高適応度の平均値をとり、その進化の様子を比較する。

実験問題2 次の関数を最大にする x, y を求める。

$$z = \exp \left\{ -\left(\frac{x}{2}\right)^2 - \left(\frac{y}{2}\right)^2 \right\} + \cos(x^2 + y^2) \cdots (4)$$

$$-4 \leq x \leq 4, -4 \leq y \leq 4$$

式(4)の関数のグラフを図6に示している。最高適応度の平均値の進化を図7に示す。単純GAの場合と比べて、微小突然変異と種まきオペレータを適用した場合の進化が速く、特に両オペレータ共に適用したGAは非常に高いパフォーマンスを示している。

実験問題3 次の関数を最大にする x, y を求める。

$$z = -x \sin(4x) - y \sin(2y) \cdots \cdots (5)$$

$$0 \leq x \leq 10, 0 \leq y \leq 10$$

この関数のグラフを図8に示している。最高適応度の平均値の進化を図9に示す。単純GAの200回世代交代後の最高適応度の平均値は、微小突然変異、種まきを適用したGAで約150回で得られた。その改善率が前例に及ばなかった原因として、①図8の関数は、局所最大の値より高い関数値を持つ領域が極めて小さいため、最終段階での精密探索より全域最大のラフな所在を把握するまで必要な世代交代の回数が多いことと、②微小突然変異、種まき両オペレータは共に進化の最終段階（最適な解の近傍で精密に探索する段階）でしか能率を発揮できないことが挙げられる。

図6 式(4)の関数の3次元ビュー

Fig. 6. Three-dimensional view of equation (4).

図7 最高適応度の平均値の進化

Fig. 7. Evolution of average of maximum fitness.

図8 式(5)の関数の3次元ビュー

Fig. 8. Three-dimensional view of equation (5).

図9 最高適応度の平均値の進化

Fig. 9. Evolution of average of maximum fitness.

4. まとめ

遺伝的アルゴリズム (GA) の淘汰、交差の手法について、提案されている代表的な手法について簡単な最適化問題を用いて考察した。淘汰はトーナメント法、交差は2点交差法が比較的良好な結果を示した。

更に、進化の後期段階で、最適な解の近傍で精密に探索する時従来のGAの効率が低下することに着目し、連続関数に対して微小突然変異および2次補間法による種まきオペレータを提案した。微小突然変異オペレータは、アルゴリズムの後期段階で従来のGAオペレータが生物集団に新種を補充する役割を十分に果たせない問題を解決する。種まきオペレータは、仮想生物が最適な解に近づいた場合、これまで十分に利用されなかった生物集団の情報を活用して優秀な解を推測し、期待できる種として生物集団にまき、アルゴリズムの収束を加速する。これらのオペレータで従来のGAを拡張し、複数の最適化問題を用いて実験した結果、最適な解の近傍での探索パフォーマンスが大幅に向上され、手法の有効性が確認された。また、これらのオペレータの導入に伴う計算量の増加は少ない。

今後、開発したGAを実際の回折トモグラフィの最適化問題に適用する予定である。

(平成14年1月30日受付, 同14年7月17日再受付)

文 献

- (1) D. E. Goldberg : Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning, Addison-Wesley (1989)
- (2) T. Agui and T. Nagao : Genetic Algorithm, Shokodo, (1993)
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)
- (3) H. Kitano (ed.) : Genetic Algorithm, Sangyotoshyo (1993)
北野宏明 編 : 遺伝的アルゴリズム, 産業図書 (1993)
- (4) H. Iba : Introduction to Genetic Algorithm: Solve GA Riddles, Ohmsha (1994)
伊庭齊志 : 遺伝的アルゴリズムの基礎 : GA の謎を解く, オーム社 (1994)
- (5) J. M. Johnson and Y. Rahmat-Samii : "Genetic Algorithms in Engineering Electromagnetics", *IEEE Antennas Propagat. Mag.*, **39**, No.4, pp.7-25 (1997)
- (6) R. L. Haupt and S. E. Haupt : Practical Genetic Algorithms, John Wiley & Sons (1998)
- (7) C. L. Karr and L. M. Freeman (ed.) : Industrial Applications of Genetic Algorithms, CRC Press (1998)
- (8) E. Michielssen, J. Sajer, S. Ranjithan, and R. Mittra : "Design of Lightweight, Broad-Band Microwave Absorbers Using Genetic Algorithms", *IEEE Trans. Microwave Theo. Tech.*, **41**, No.6/7, pp.1024-1031 (1993)
- (9) E. E. Altshuler and D. S. Linden : "Design of a Loaded Monopole Having Hemispherical Coverage Using a Genetic Algorithm", *IEEE Trans. Antennas Propagat.*, **45**, No.1, pp.1-4 (1997)
- (10) S.-Y. Yang, H.-K. Choi, and J.-W. Ra : "Reconstruction of a Large and High-Contrast Penetrable Object by Using the Genetic and Levenberg-Marquardt Algorithms", *Microwave Opt. Tech. Lett.*, **16**, No.1, pp.17-21 (1997)
- (11) C.-C. Chiu and P.-T. Liu : "Image Reconstruction of a Perfectly Conducting Cylinder by the Genetic Algorithm", *Proc. Inst. Elect. Eng. Microwaves, Antennas Propagation*, **143**, pp.249-253 (1996)
- (12) T. Takenaka, Z. Q. Meng, T. Tanaka, and W. C. Chew : "Local Shape Function Combined with Genetic Algorithm Applied to Inverse Scattering for Strips", *Microwave Opt. Tech. Lett.*, **16**, No.6, pp.337-341 (1997)
- (13) Z. Q. Meng, T. Takenaka, and T. Tanaka : "Image reconstruction of two-dimensional impenetrable objects using genetic algorithm", *J. Electromag. Waves Applications*, **13**, No.1, pp.95-118 (1999)
- (14) Z. Q. Meng, T. Takenaka, and S. He : "A Genetic Algorithm with an Adaptive Chromosome Structure for Reconstruction of Radome Parameters Using a Gaussian Beam", *Microwave Opt. Tech. Lett.*, **25**, No.5, pp.323-327 (2000)

孟 志 奇 (正員) 1994年4月九州大学大学院情報工学専攻博士後期課程入学。96年12月修了、博士(工学)。97年1月長崎大学工学部助手。現在福岡大学工学部電気工学科助教授。ランダム媒質中電磁波の伝搬と散乱、回折トモグラフィ及び最適化法などに興味を持つ。

三 坂 久 義 (非会員) 1997年4月福岡大学工学部電気工学科入学。2001年3月卒業。同年4月同大学大学院電気工学専攻博士課程前期入学、現在に至る。最適化問題に用いる遺伝的アルゴリズムの高速化に興味を持つ。