

独立成分分析を用いた確率モデル遺伝的アルゴリズムの検討
下坂久司

1 独立成分分析を用いた確率モデル遺伝的アルゴリズム

現在、使用している分散確率モデル遺伝的アルゴリズム (Distributed Probabilistic Model-Building Genetic Algorithm : DPMBGA) は、確率分布のモデル構築の際に、主成分分析 (Principal Component Analysis : PCA) を用い、個体群の分布を変換することにより、設計変数間の依存関係を考慮したモデルの構築を可能にする。これは、PCA が n 設計変数からなる m 組のデータ (行列) の無相関化を行う手法であるためである。

一方で独立成分分析 (Independent Component Analysis : ICA) は、 $n \times m$ の行列 X を、それが従う確率密度関数が互いに独立なデータの $n \times m$ 行列 Z に変換する方法である。

現在、PCA を用い確率分布のモデル構築を行う DPMBGA が良好な結果を示しているため、PCA の代わりに ICA を用いた DPMBGA の検討を行う。

1.1 主成分分析

主成分分析を用い、データを無相関化するアルゴリズムを以下に示す。

1. $n \times m$ の行列 X の共分散行列を S とする。 $S = \{s_{ij}\}$ は次のように表せる。

$$s_{ij} = \frac{1}{m-1} \sum_{k=1}^m x_{ik} x_{jk}$$

2. 行列 S の固有値と固有ベクトルを求める。
3. 各固有ベクトルの値を対応する固有値の平方根で割る。
4. 固有ベクトルを各列に並べた行列を V とする。
5. X を PCA 変換行列 V によって、無相関化した行列を Y とする。

$$Y = V^T X$$

1.2 独立成分分析

独立成分分析を用い、データをそれが従う確率密度関数が互いに独立なデータの $n \times m$ 行列 Z に変換するアルゴリズムを以下に示す。

1. $n \times m$ の行列 X を無相関化した行列を Y とする。

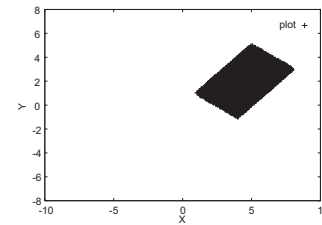
$$Y = AX$$

2. 行列 Y の線形結合行列 bY の尖度を最大もしくは最小となる n 個の b を求める。
3. n 個のベクトル b を各列に並べた行列を B とする。
4. Y を ICA 変換行列 B によって、無相関化した行列を Z とする。

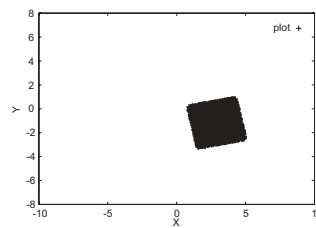
$$Z = B^T Y$$

1.3 PCA と ICA の例

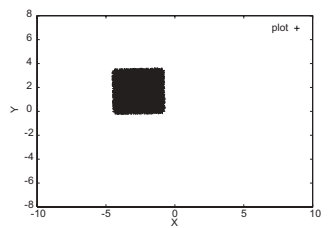
PCA と ICA を適用した例を Fig. 1 に示す。この例は 2 設計変数の 5000 個のデータに、それぞれ PCA と ICA を適用した際の、データ分布の変換された様子を示している。PCA を適用した分布は、無相関な分布となっているが、これは座標系に平行ではない。一方、ICA を適用した分布は座標系に平行したものになっており、分布の独立性が実現されている。



(a) Initial Distribution



(b) PCA Transferred Distribution



(c) ICA Transferred Distribution

Fig. 1 PCA and ICA

2 今後の課題

- ICA を用いた確率モデル遺伝的アルゴリズムの実装
- 制約条件外の個体の引き戻し手法の改良
- MPS シンポジウムのデモ作成