

遺伝的アルゴリズムを用いたマイケルソン干渉計の自動調整

非会員 野 里 博 和 非会員 捧 俊 道
正 員 村 川 正 宏 正 員 板 谷 太 郎
非会員 樋 口 哲 也 非会員 古 谷 立 美

電 気 学 会 論 文 誌 C

(電子・情報・システム部門誌)

平成 15 年 1 月号 抜 刷

IEEJ Trans. EIS, Vol. 123, No. 1, 2003

遺伝的アルゴリズムを用いたマイケルソン干渉計の自動調整

非会員 野里 博和* 非会員 捧 俊道*
 正員 村川 正宏** 正員 板谷 太郎**
 非会員 樋口 哲也** 非会員 古谷 立美*

Automatic Adjustments of a Michelson Interferometer Using Genetic Algorithms

Hirokazu Nosato*, Non-member, Toshimichi Sasage*, Non-member, Masahiro Murakawa**, Member,
 Taro Itatani**, Member, Tetsuya Higuchi**, Non-member, Tatsumi Furuya*, Non-member

This paper describes automatic adjustment of a michelson interferometer using genetic algorithms. The michelson interferometer consists of optical components (such as mirrors, lens, and prisms) that must be physically positioned with micron-meter precision to obtain optimal performance. Therefore, it is very difficult to use an interferometer outside for environmental measurement such as air pollution, because outside use causes mis-alignment of optical components.

In order to overcome this problem, we propose automatic adjustment method using genetic algorithms that realize the optimal and quick alignment of optical components of interferometer. We also develop new compact mirror holder that allows portable and on-site use of interferometer. We confirmed the advantage of this system by the comparison with conventional adjustment algorithms. The proposed interferometer including the new compact mirror holders has been successfully adjusted by genetic algorithm in three minutes. The quick adjustment time indicates the possibility that the system can be used for on-site measurement.

キーワード：遺伝的アルゴリズム，マイケルソン干渉計，自動調整，分光化学分析

Keywords: Genetic Algorithm, Michelson Interferometer, Automatic Alignment, Spectroscopic Analysis

1. はじめに

近年，分光技術の進歩により，従来は分析が困難であった極微量の化学物質の分析が可能になり，ダイオキシンや大気汚染等，環境問題への適用が実用化段階に入りつつある。分光化学分析装置として最も一般的に使用されているのはマイケルソン干渉計であり，FTIR(Fourier-Transform InfraRed Spectroscopy)等の構成要素⁽¹⁾⁽²⁾として環境汚染物質や微量化学分析に用いられている。現状の分析装置は実験室内での使用が主であるが，最近はオンサイトでの使用，つまり分析装置を現場に持ち出して使用する形態の重要性が増大している。

しかしながら，マイケルソン干渉計をオンサイトで使用しようとする場合，次の2つの問題がある。第一は自動調整の問題である。干渉計による正確な測定を行うためには，干渉計を構成するミラーやプリズムをミクロン単位で位置調整する必要があるが，その位置調整なしでは最適な測定性能を発揮することができない。現在，マイケルソン干渉計は，設置時には手動での調整，測定時には自動調整機構が実現されてはいるものの，その自動調整のレベルでは，現場への移動時に生じうる大きな位置のずれに対応することができない。このため，現在のマイケルソン干渉計は，必ず決められた設置環境条件下でしか使用できず，これではオンサイトでの使用は望めない。

第二は小型化の問題である。干渉計の調整においては，ミラーの傾斜角度，回転角度，位置の3つのパラメータを調整する必要がある。ミラーを保持するホルダの機構設計は調整を容易にするために，各パラメータごとに独立した調整機構を用いるので，小型化，軽量化を行いにくい。しかし，調整が可能でありさえすれば，必ずしもパラメータごとの調整機構を用意せずに機構設計の簡単化を図れる可能性がある。

*東邦大学 情報科学科

〒274-8510 千葉県船橋市三山2-2-1

Department of Information Science, Toho University,
 2-2-2 Miyama, Funabashi, Chiba 274-8510

**産業技術総合研究所

〒305-8568 茨城県つくば市梅園1-1-1

National Institute of Advanced Industrial Science and
 Technology.

1-1-1 Umezono, Tsukuba, Ibaraki 305-8568

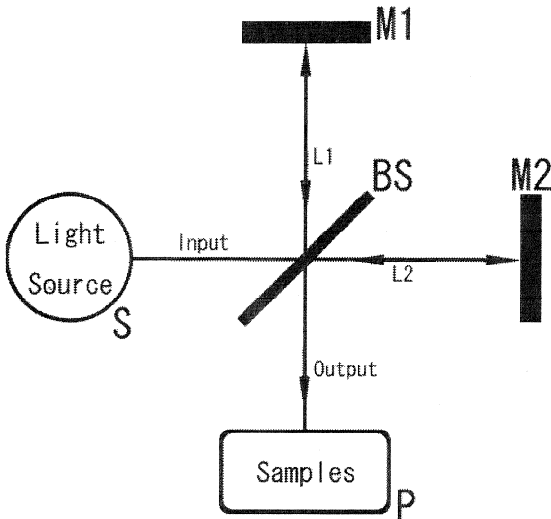


図1 マイケルソン干渉計
Fig. 1. The michelson interferometer.

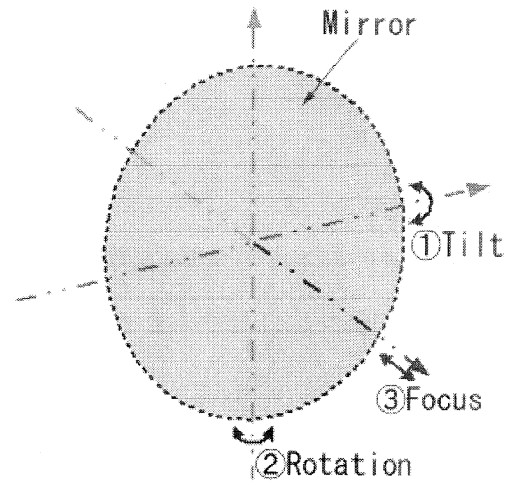


図2 ミラーの調整軸
Fig. 2. Mirror axes.

本論文ではこれらの問題点を解決するために、人工知能の遺伝的アルゴリズム⁽³⁾を用いた自動調整機構と、それに基づく小型ホルダから成る新しいマイケルソン干渉計の構成方式を提案する。具体的には、第一に遺伝的アルゴリズムを用いたロバストな自動調整アルゴリズムの研究開発、第二に測定現場での迅速な調整を可能とする干渉光測定系の研究開発、第三に小型化してもパラメータ調整を遺伝的アルゴリズムで補えるミラーホルダの研究開発を行い、従来の調整手法やホルダとの比較実験を通じ、オンサイト使用のための新しいマイケルソン干渉計の実用化の見通しを得た。

以下、2章では従来のマイケルソン干渉計とその問題点、3章ではその解決のために提案した、遺伝的アルゴリズムを用いた干渉計システムについて述べる。4章では、遺伝的アルゴリズムとの性能比較で用いる従来の探索手法について述べる。5章では開発した干渉計システムの概要と、これを用いた性能実証実験の結果を述べる。6章では本研究の成果をまとめ、今後の展望について述べる。

2. マイケルソン干渉計とその問題点

本章では、まず従来のマイケルソン干渉計の構造を説明した後、マイケルソン干渉計の調整とその問題点について述べる。

〈2・1〉 マイケルソン干渉計の構造 マイケルソン干渉計は、図1に示すように、光源(S)、ビームスプリッタ(BS)、固定ミラー(M1)、移動ミラー(M2)からなっている。M1とM2には平面ミラーが最も一般的に使われている。

干渉計内を進む光は、まず光源(S)からBSに入射する。BSは入射光を反射光と透過光に2分割し、透過光は光軸に沿って平行に動く移動ミラー(M2)へ、反射光は固定ミラー(M1)へ導かれる。おのおのの光は各ミラーで反射さ

れた後、再びBSに戻り、合流し試料室(P)に出力される。この時、BSで合流した2つの光は互いに重なって干渉光となる⁽⁴⁾。この干渉光を利用し、分光化学分析では、化学物質の種類や含有量の分析を行っている。

〈2・2〉 マイケルソン干渉計の調整とその問題点 マイケルソン干渉計は、BSで2つの光の位置が完全に一致しないと、分光化学分析に使用可能な干渉光を得ることが出来ない。BSで光の位置を完全に一致させるためには、ミラーの位置や角度を1つずつ手動調整していく必要がある。

しかしながら、干渉計のミラーは、図2に示すような傾斜角度(①:Tilt)、回転角度(②:Rotation)、位置(③:Focus)の3つの複雑な調整軸をもち、その調整精度には μm 精度が求められるため、調整には専門的な知識を必要とする。現在、マイケルソン干渉計は、設置時には専門の職人の手によって調整され、また、測定時では自動調整システム⁽⁵⁾によりミラーの調整軸の微調整が行われている。

この調整の難しさに加え、従来のマイケルソン干渉計は、オンサイトでの使用を考えた場合、次の2つの問題点がある。

(1) 大幅なずれの調整が困難

従来のマイケルソン干渉計の自動調整法では、移動や温度変化にともなうミラーの大幅なずれを調整することが困難である。なぜならば、調整軸が大幅にずれた場合、フィードバック制御が収束しなくなるからである。そのため、従来の自動調整方法は、必ず装置に明記されている設置環境条件下でしか使用できない⁽⁵⁾。

(2) 小型化が困難

従来のミラーホルダの構造を図3の(a)及び(b)に示す。ホルダの調節軸の支点(Fulcrum)を固定し、回転角度と傾斜角度の2つの軸の調整を行うために、

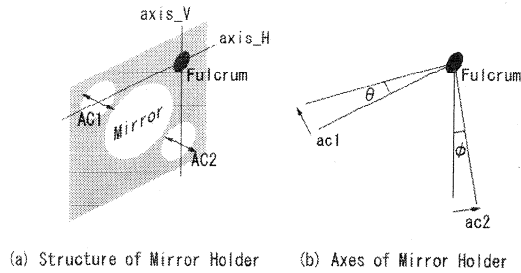


図3 従来の独立構造のミラーホルダ

Fig. 3. Independent structure of conventional mirror holder.

調節機構 AC1, AC2 を独立に設けている。もう一つの調整軸であるミラーの位置の制御のために、さらに位置調節ステージを必要とする。このため、そのステージまでを含めたミラーホルダの小型化は従来のミラーホルダでは難しい。

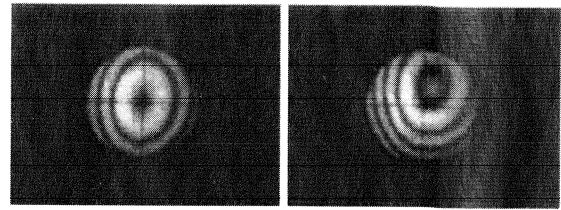
3. 遺伝的アルゴリズムを用いたマイケルソン干渉計の調整

遺伝的アルゴリズムは確率的探索手法の1つであり、複数の解候補を並列的に探索することが可能な手法である。まず、解候補である個体(染色体)の集団を考え、その集団に生物の進化のしくみを模倣した操作を行うことにより、より良い解を得ようとする。解の良しあしを決める基準は、適応度関数と呼ばれる評価関数であり、その設計により、解の収束性、収束速度、得られる解の精度等が大幅に左右され、GA適用の成否を実質的に決定する。

本研究の場合、干渉光計測、適応度計算、遺伝的操作、ミラー移動の4段階を1世代として、これを何世代も繰り返すことで、干渉計の最適調整を実現する。一般にGAの実用では、計測が1世代中に含まれるとその計測時間が律速段階となってGAの適用自体を困難にしかねない。本研究の目的である干渉計のオンサイト使用では迅速なGA処理が必須であるため、本研究のGA設計においてはまず高速な測定系の実現を第一の要諦とした。第二に、測定に続く適応度計算において、わずかなずれにも応答し、高精度の調整を実現する適応度関数の設計を行った。遺伝的操作については、局所解を回避するための多様性の維持、および解の収束性にすぐれたMGGモデル⁽⁶⁾⁽⁷⁾を用いた。

以下、本章では、本研究のGA設計の特徴である干渉光測定系の高速化、および適応度関数設計について述べたあと、遺伝的操作について述べる。最後に、遺伝的アルゴリズムによる調整を前提として初めて可能な従属構造を持つ小型ミラーホルダの開発について述べる。

(3.1) 干渉光計測系の高速化 一般的に干渉光の評価は、干渉縞をCCDカメラ等により画像として取り込んだあと、画像処理によって理想的な縞模様からのずれを計算することで行っているため、最低でもミリ秒単位の処理



(a) 最適調整時の干渉縞 (b) ずれているときの干渉縞

図4 干渉縞

Fig. 4. Interference fringes.

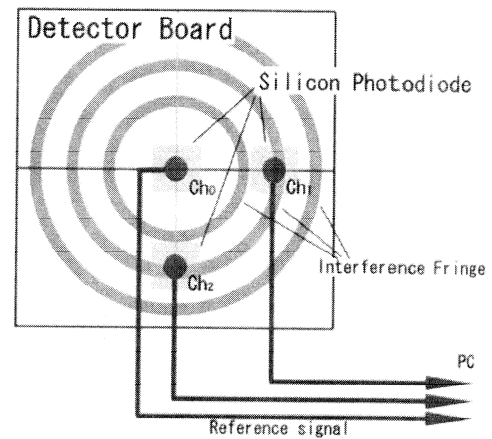


図5 干渉光測定ボード

Fig. 5. Detector board for fitness.

時間を必要とする。そこで本研究では、専用の干渉光測定ボードを設計し、干渉光計測系の高速化を図った。以下、このボードの設計方針と構成を述べる。

干渉縞がうまく調整されている状態は、図4(a)のように、同心円の中心が光軸上に一致しており、きれいな同心円になっている。一方、図4(b)のように中心がずれていたり、干渉縞が見えない時には、干渉計の調整は大きくずれている。我々は、同心円の縞模様(干渉縞)の干渉光を3点検出する方式をとり、図5に示すように、中心(Ch0)、水平方向(Ch1)、垂直方向(Ch2)にそれぞれシリコンフォトディテクタを配置した干渉光測定ボードを開発した。これにより、3点の光強度を計測し、これらに基づいて適応度計算を行うため、干渉光の評価、それに続く適応度計算の計算量が低減され、GAプロセス全体の高速化が可能になった。

(3.2) 適応度計算 適応度関数の設計では次の3つの目的の実現を図った。

- (1) 中心を最も暗くする。
- (2) 同心円の中心を光軸と一致させる。
- (3) わずかな光の差を適応度計算に反映する。

設計した適応度関数を、次に示す。

$$Fitness = \frac{\alpha}{Ch_0} - \beta \log(1 + |Ch_1 - Ch_2|) \dots (1)$$

このとき Ch_0, Ch_1, Ch_2 は検出器の各フォトディテクタの出力値で、 α, β は定数である。

式 (1) の第 1 項は、目的 (1) を反映するものであり、中心を暗く導いていく。 Ch_0 は、どんなに暗くても 0 を出力しないことを予備実験で確認している。また、第 2 項は、目的 (2) を反映するものであり、 Ch_1 と Ch_2 の出力値の差を小さくする方向に導くことにより、同心円の中心を光軸に一致させる。また、目的 (3) は、第 1 項の除算および第 2 項の \log を用いることにより実現され、わずかな光の差も増幅する。

〈3・3〉 遺伝的アルゴリズム 図 6 に本論文で提案する遺伝的アルゴリズムを用いた自動調整方法のフローチャートを示す。これに従い、遺伝的アルゴリズムの各処理の特長について述べる。

(1) GA 染色体のコード化

染色体は三つの遺伝子からなり、それぞれの遺伝子は固定ミラー (M1) を調整するホルダ調節機構である 3 つの駆動素子 (ピエゾアクチュエーター) の変位に対応している。一つの遺伝子は、整数で表現され、それぞれの駆動素子が初期位置からどれだけ動いたかを表す。

(2) 選択

選択においては、集団からランダムに二つの親個体を選び、これら個体に対して遺伝的操作を行う。なお、初期集団は、 N_p 個の染色体をランダムに生成する。具体的には、初期個体それぞれにおいて $-L$ から L の範囲で、発生させた一様乱数を遺伝子とする。ここで、 L はあらかじめ定めた 3 つの駆動素子の探索範囲である。

(3) 交叉

交叉は選択によって選ばれた親個体 A, B から子個体 A', B' を作る操作である。本研究では、交叉には一般的な一様交叉方法を用いる。つまり、三つの遺伝子個々において、確率 P_c で A と B の遺伝子を入れ替えて、A', B' を作る。

(4) 突然変異

突然変異は、交叉後の各染色体に発生し、染色体の一部分を書き換える。本研究では、正規乱数型突然変異⁽⁸⁾を用いる、その方法は、交叉によって得られた子個体の遺伝子を $A_j (j = 1, 2, 3)$ とする。そのとき、突然変異により

$$A'_j = A_j + \sigma N(0, 1) \dots\dots\dots (2)$$

に従って、新しい遺伝子 $A'_j (j = 1, 2, 3)$ が発生する。なお、 $N(1, 0)$ は、平均 0、分散 1 の正規乱数を表し、 σ は定数とする。なお、この突然変異が発生する確率は P_m とする。

(5) 置換

子個体 A', B' の適応度計算が完了した後、置換の操作が行われる。その方法としては、親個体 A, B

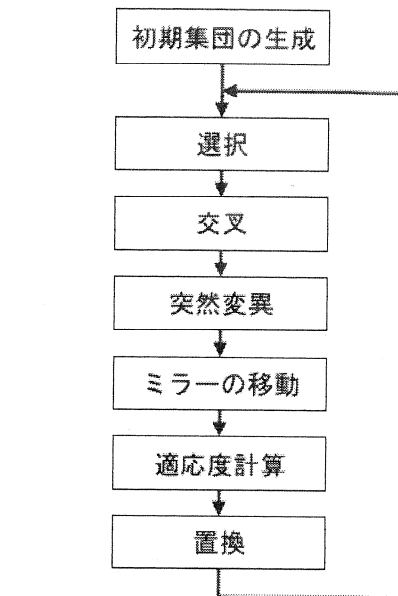


図 6 遺伝的アルゴリズムによる調整フローチャート

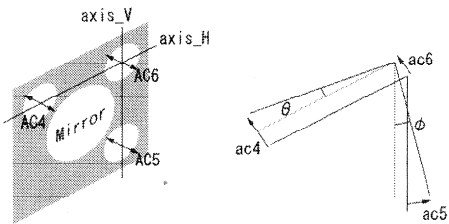
Fig. 6. Flowchart of alignment based on GA.

と子個体 A', B' の 4 個体のうち、適応度が高い上位二つの個体を選び、親個体を置換する。文献⁽⁶⁾⁽⁷⁾で提案されている MGG モデルでは、上位二つの個体ではなく、最良の 1 個体と確率的に選んだ 1 個体を選ばれるが、本論文では簡略化のために、上位二つの個体を選ぶ。

以上説明した、選択、交叉、突然変異、適応度計算、置換の操作を順に繰り返すことにより、適応度 (Fitness) を最大化し、徐々に最適なミラー位置が発見されることが期待される。探索は、適応度計算を G 回行った時点で打ち切る。

〈3・4〉 小型ミラーホルダ 先に述べたように従来のミラーホルダは、位置調節ステージを別個に設置するため、小型化が困難である。そこで、図 7 (a), (b) に示すように、位置調節ステージの代わりに 3 つの調節機構 (AC4, AC5, AC6) を同時に動かすことで、位置調節を代行させ、小型化を図る新しいホルダの機構設計を行った。従来の回転角度調整機構、傾斜角度調整機構に加え、もう一つの調整機構が加わるわけであるが、このような機構設計とすることで、従来は独立に制御できたこれら 3 つの調整パラメータが相互に依存することになる。つまり、AC6 により支点が動くため、回転角度や傾斜角度は、支点の位置との関係により決定しなければならない。このように複雑な従属関係を持つミラーホルダを手動調整や従来の自動調整方法では取り扱うことができない。

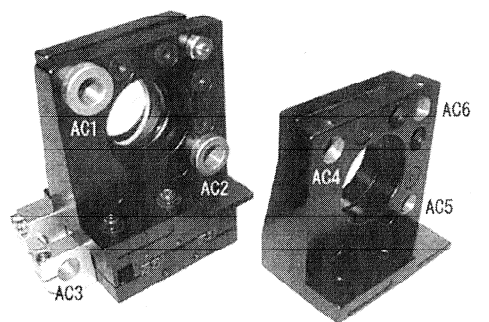
しかしながら、遺伝的アルゴリズムは相互に従属性のあるパラメータ群の最適値を求めることができるので、このような新しい小型ミラーホルダの実現が可能になった。



(a) Structure of Mirror Holder (b) Axes of Mirror Holder

図7 従属構造のミラーホルダ

Fig. 7. Dependent structure of mirror holder.



(a) Mirror Holder (b) Developed Mirror Holder

図8 ミラーホルダ

Fig. 8. Mirror holder.

図8に、従来のミラーホルダ(左)と開発した小型ミラーホルダ(右)を示す。我々が開発した小型の自動調整用ミラーホルダ(b)は、位置、傾斜角度、回転角度の3軸を調整できる調整機構を1つのホルダに組み込んだものである。そのため、従来のホルダ(a)のように下側に位置調節ステージが必要なく、小型化されている。

4. GA 以外の探索手法

本章では、遺伝的アルゴリズムの有効性を検証するために、比較対象とする2種類の探索手法、山登り法とランダムスタート山登り法について説明する。

山登り法は、最も単純な探索手法で、この結果とGAの結果を比較することによってGAの多点探索が有効に働いているかどうか評価できる。しかしながら、山登り法は、初期位置に探索結果が強く依存してしまい、ランダムに初期集団を設定するGAと初期段階で大きな違いがあり、GAの遺伝的操作の有効性の評価ができない。そこで、本研究では、探索手法の有効性を検証するために、初期位置をGAと同様にランダムで決定する、ランダムスタート山登り法(Random Start Point Hill Climbing: RSHC)との比較実験も行った。なお、これら手法におけるミラーの各軸の調節変位 A_i は遺伝的アルゴリズムにおける遺伝子に相当する。

〈4・1〉 山登り法の手順 調整実験で用いる山登り法の手順を以下に述べる。

- (1) 現在位置での適応度 F_{00} を式(1)により求める。
- (2) $S := \sigma N(0, 1)$ を求め、 $i := 1, 2, 3$ について順番に

$$B_{i1} := A_i + S$$

ミラーの駆動素子 i を B_{i1} に移動させる
評価の値を F_{i1} に保存

ミラーの駆動素子 i を A_i に移動させる

$$B_{i2} := A_i - S$$

ミラーの駆動素子 i を B_{i2} に移動させる
適応度の値を F_{i2} に保存

ミラーの駆動素子 i を A_i に移動させる

- (3) F_{ij} ($i = 1, 2, 3, j = 1, 2$) と F_{00} 中の最大値 F_{mn} を選ぶ

- (4) ミラーの駆動素子 i を B_{mn} に移動させる
($m = n = 0$ の場合は行わない)

- (5) (1) に戻る

- (6) 一定回数 (H_{max} 回) 繰り返したら停止

この山登り法とGAの結果を比較することにより、GAの多点探索が有効に働いているかどうか評価できる。

〈4・2〉 ランダムスタート山登り法の手順 以下に行う調整実験で用いるRSHCの手順を下記に述べる。

- (1) 初期値 A_i ($i = 1, 2, 3$) を $-L$ から L の範囲でランダムに生成する。

- (2) ミラーの駆動素子 1, 2, 3 を A_1, A_2, A_3 にそれぞれ移動させる

- (3) 現在位置での適応度 F_{00} を式(1)により求める。

- (4) $S := \sigma N(0, 1)$ を求め、 $i := 1, 2, 3$ について順番に

$$B_{i1} := A_i + S$$

ミラーの駆動素子 i を B_{i1} に移動させる
適応度の値を F_{i1} に保存

ミラーの駆動素子 i を A_i に移動させる

$$B_{i2} := A_i - S$$

ミラーの駆動素子 i を B_{i2} に移動させる
適応度の値を F_{i2} に保存

ミラーの駆動素子 i を A_i に移動させる

- (5) F_{ij} ($i = 1, 2, 3, j = 1, 2$) と F_{00} 中の最大値 F_{mn} を選ぶ

- (6) ミラーの駆動素子 i を B_{mn} に移動させる
($m = n = 0$ の場合は行わない)

- (7) (3) に戻る

- (8) 一定回数 (H_{max} 回) 繰り返したら停止

このRSHCとGAの結果を比較することによって、GAの遺伝的操作の有効性を検証できる。また、山登り法の結果と比較することで、初期位置への依存性が明らかになる。

5. マイケルソン干渉計の調整実験

〈5・1〉 実験システム 本研究では、図9に示すマイケルソン干渉計自動調整システムを使用し、それを用いて実験を行った。図10にシステム全体を示す。システムは、光

源, 干渉計, 検出器, 制御用 PC, 駆動素子コントローラ, 駆動素子, ミラーホルダからなる。

光源は, JDS Uniphase 製 He-Ne GasLaser で波長は 633nm である。検出器には TeXas Instruments 社製のシリコンフォトダイオード TSL252 を使用し, そのノイズレベルは $0.001V_{rms}$ である。干渉計部内の光学部品は, シグマ光機製のものを使用した。固定ミラーは, 調整用の駆動素子が組みこまれており, それら駆動素子は, Tokin 製のピエゾアクチュエーターを用いた。駆動素子コントローラには, エコー電子製の EAP-15013 を用いた。

また, 予備実験としてホルダの位置再現性を $(3 \cdot 2)$ の式 (1) により適応度計算した結果を図 11 に示す。この予備実験では, ホルダの 1 軸 (図 8:AC1) を初期位置から $+500steps \rightarrow -500steps$ と移動し, 初期位置に戻したときの式 (1) の値を測定した。1 往復させた時を 1 試行とし, 100 試行を行った。その結果, 平均して 5.1% の適応度計算値の変動を確認した。この原因として, 繰り返し動かした際の位置ずれが

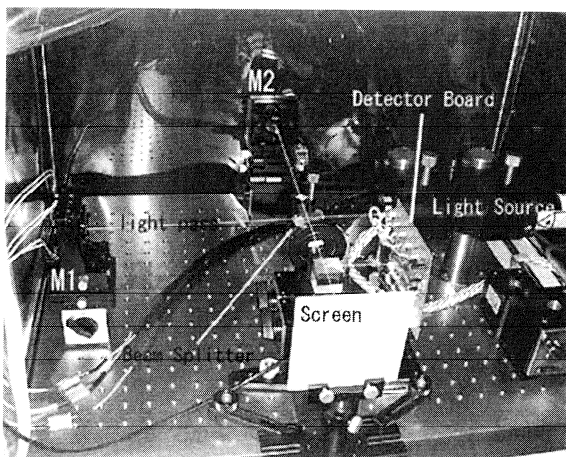


図 9 実験に使用したマイケルソン干渉計自動調整システム

Fig. 9. Michelson interferometer system for development.

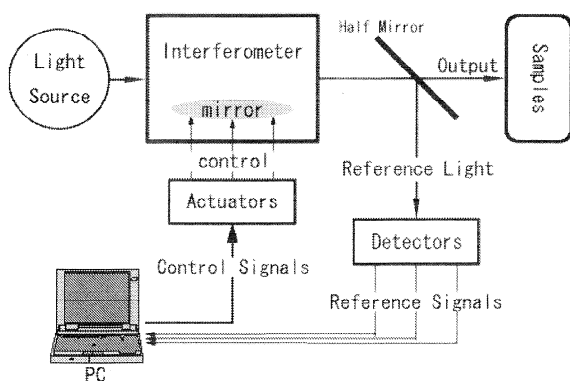


図 10 マイケルソン干渉計自動調整システム

Fig. 10. Evolvable michelson interferometer.

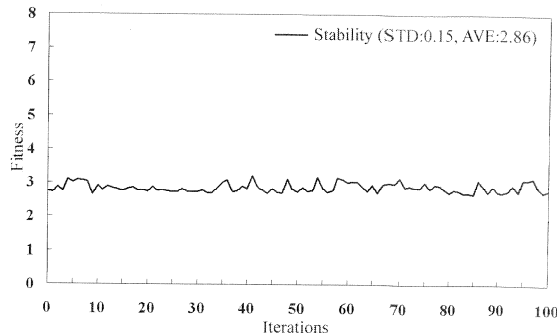


図 11 位置再現性の様子

Fig. 11. Stability of fitness versus iterations.

適応度計算に影響していると考えられる。

本論文では, 以上のシステムを用いて次の 2 種類の調整実験を行った。(1) 従来のミラーホルダを用いた調整実験, (2) 開発した小型ミラーホルダを用いた調整実験。いずれの実験においても, 調整前の初期位置は, 職人が粗調整した位置を用い, その状態から, 提案したアルゴリズムによって, 自動調整が可能かどうかを検証する。また, GA と比較検討するために, 山登り法, および RSHC を用いて, 調整実験を行った。

実験で用いたパラメータは, $N_p = 10$, $L = 1094step$, $P_c = 0.5$, $P_m = 0.5$, $\sigma = 25step$, $\alpha = 20$, $\beta = -15$, $G = 610$, $H_{max} = 10$ である。これらの値は, 予備実験によって決定した。なお, 山登り法と RSHC は, 1 試行あたりの探索初期個体数を GA と同一にするために, N_p 回試行した中で最良結果を 1 試行結果とした。また, これにより, GA と山登り法, および RSHC の適応度計算回数は同一になっている。

〈5・2〉 実験 1: 従来のホルダでの調整実験 従来のミラーホルダを用いて調整実験を行った。表 1 に実験結果を示す。この表より, GA の結果が他の 2 手法と比較して最も良い性能を示していることがわかる。GA と山登り法の比較によって, GA の多点探索が有効に機能し, ノイズの影響を受けずに探索が行われていることがわかる。また, 山登り法は, GA や RSHC と比べると, 収束性能が極端に悪いので, 初期位置に調整結果が強く影響されている。

図 12 に調整中の収束の様子を示す。収束の様子からも, 山登り法が機能していないことがわかる。これは, 山登り法が初期位置に大きく依存しているために, 初期位置付近

表 1 実験 1 の調整結果 (試行数:10)

Table 1. Alignment results for the experiment 1.

Fitness	AVE	MAX	MIN	STD
GA	7.46	7.89	6.80	0.30
Hill Climbing	5.23	6.80	3.16	1.42
RSHC	6.88	7.77	5.09	0.79

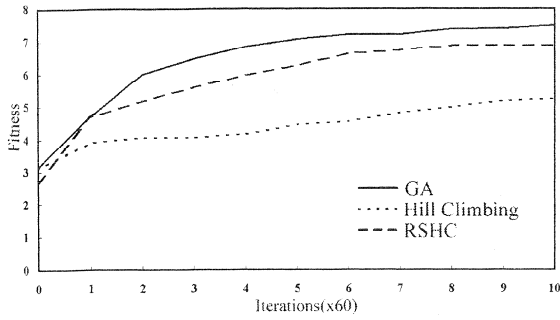


図 12 実験 1 の収束の様子 (10 試行の平均)

Fig. 12. Fitness versus iterations for the experiment 1.

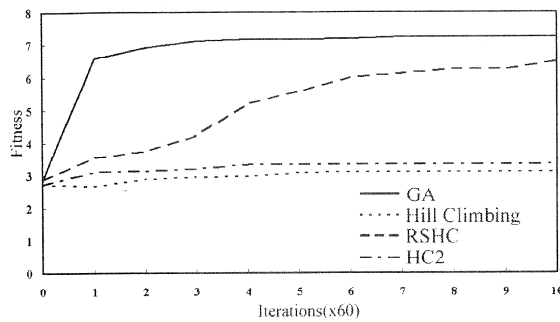


図 13 実験 2 の収束の様子 (10 試行の平均)

Fig. 13. Fitness versus iterations for the experiment 2.

の局所解から抜け出せないでいることを示している。したがって、干渉計の調整においては、局所解が存在しているため、初期位置に依存せずに探索することが有効である。また、2分経過時点のGAの性能(適応度計算回数70回程度)を見ると、他の2手法の性能を十分上回っており、その有効性が確認できる。

〈5・3〉 実験 2: 開発した小型ホルダでの調整実験 開発した小型ミラーホルダを用いて調整実験を行った。この実験では、使用するホルダの軸間に従属性があることから、4章で述べたGA以外の2つの探索手法に加えて、3軸を同時に移動させる山登り法(HC2)も用いた。この方法は、〈4・1〉の手順(2),(3)を〈3・3〉の(4)に代えることで、GAと同じように3軸を同時に移動させて調整する。

表2および図13に実験2の10試行の実験結果を示す。この表より、GAの結果が他の3手法と比較して安定した最も良い性能を示していることがわかる。GAとHC2を比較すると、平均値、ばらつきともにGAが優れており、GAの交叉や多点探索が有効に機能していることがわかる。さらにGAは、ホルダの調整軸が従属性をもち、調整の難易度が高くなったにもかかわらず、実験1と同じような調整結果が得られた。これにより、GAの調整性能が軸の従属性に左右されず安定していることがわかる。またGAは、

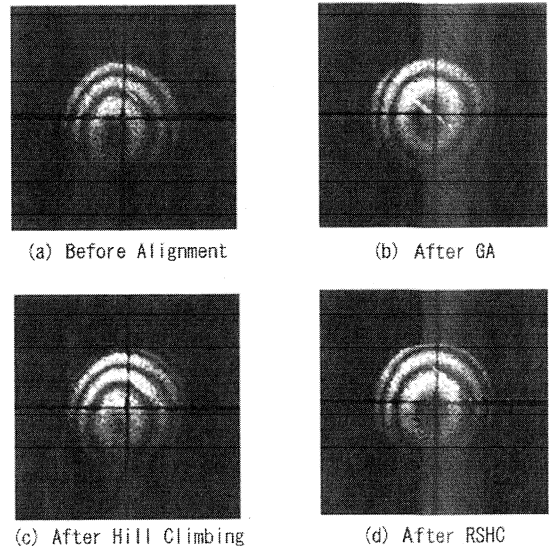


図 14 実験 2 の調整前の干渉縞と調整後の干渉縞

Fig. 14. Interference fringes for the experiment 2.

他の3手法に比べてばらつきが少ないため、ノイズの影響を受けずに探索を行えたことがわかる。

図13に示された調整中の収束の様子から、山登り法とRSHCは性能が実験1と比較して、大きく低下していることがわかる。これは、ホルダの構造を従属的にした影響により、1つのホルダ調整パラメータが2つ以上の調整軸に関係してしまうため、多点探索であるGA以外の手法では調整が困難になっていることを示している。

また、調整実験結果が、実際の干渉縞の調整を行えているかどうかを検証するために、調整前の干渉縞と各手法による調整終了後の干渉縞の様子を比較する。図14に実験2における干渉縞の様子を示す。(a)は調整前の初期位置で、(b),(c),(d)はそれぞれGA調整後、山登り法調整後、RSHC法調整後である。また、図中の十字線は光軸の座標を示し、その交点が光軸中心になる。この結果から、GAだけが、目的である①中心を暗く、②同心円の中心が光軸中心と一致するという2つを満たしている。山登り法では、干渉縞の中心は明るく、中心もずれている。また、RSHC法では、中心は暗くなっているが、同心円の中心はずれてしまっている。以上の結果から、GAが有効に機能しており、〈3・2〉で述べた適応度計算の式が目的を満たす設計であることを実証した。

表 2 実験 2 の調整結果 (試行数:10)

Table 2. Alignment results for the experiment 2.

Fitness	AVE	MAX	MIN	STD
GA	7.24	7.41	6.87	0.17
Hill Climbing	3.09	4.59	2.45	0.73
RSHC	6.47	6.92	5.81	0.34
HC2	3.33	7.14	2.51	1.62

6. おわりに

本論文では、遺伝的アルゴリズムを用いたマイケルソン干渉計の自動調整方式と、新規に開発した自動調整用の小型ミラーホルダについて述べた。本提案手法により自動調整可能なマイケルソン干渉計システムを実現し、実験の結果、職人によってのみ行っていた、マイケルソン干渉計設置時などの大きなずれの調整を、3分程度という実用的な時間で達成した。また、山登り法およびランダムスタート山登り法と比較することによりその有効性も確認した。これにより、近年需要が増大している微量有害物質のオンサイト計測実用化への見通しが得られた。

今後の課題としては、本システムを FTIR 等の分光分析機器に組み込み、実環境での性能評価試験を行うことが第一にあげられる。その場合は、必要な調整範囲と、それに応じた GA の個体数や突然変異の大きさを調べる必要がある。また第二に、調整時間をより短縮するために、実数値空間上で効率的な探索ができるとされている実数値 GA の各種交叉方法⁽⁹⁾の適用を検討したい。実環境でのオンサイト計測では、調整時間をできるだけ短縮し、迅速に計測を開始できることが望ましい。本研究では提案方式の有効性の検証を主目的としたために、交叉方法としては一般的な一様交叉を用いたが、実用化段階では、探索時間を少しでも短縮することが重要な課題となる。

本論文で提案した手法は、マイケルソン干渉計の調整のみならず、様々な光学部品の位置調整に用いることができる。自動調整が可能なフェムト秒レーザーシステム⁽¹⁰⁾や、光ファイバの調芯システム⁽¹¹⁾などへの適用も我々は検討を開始している。我々の調整方式が、従来の光学システムの設計指針である、再調整をさけるために、堅固で重く、設置したら動かさないという概念をかえ、再調整を前提とすることで、柔軟、軽量で、持ち運びも可能にする、という新しい光学システムの設計指針を与えることが期待される。(平成 14 年 1 月 31 日受付, 同 14 年 8 月 15 日再受付)

文 献

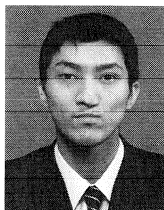
(1) 南 茂夫・合志陽一(編): 分光技術ハンドブック, 朝倉書店, 東京 (1990)
 (2) 日本化学会(編): 分光 I, 丸善, 第 4 版 実験科学講座 6, 東京 (1998)
 (3) D. E. Goldberg: "Genetic algorithms in search, optimization", and machine learning, Addison Wesley (1989)
 (4) 菅 滋正・櫛田孝司(編): 分光測定, 丸善, 丸善実験物理学講座 8, 東京 (1999)
 (5) T. Nagoshi and S. Nishizawa: "Maintenance and Performance Factors of Spectroscopic Instruments II. Spectrophotometric Factors and Performances of Infrared Spectroscopic Instruments", *J. SPS Japan*, Vol. 49, No. 2, pp. 90-104 (2000-2)(in Japanese)
 名越利之・西澤誠治: 「分光関連機器のメンテナンスと精度要因 II. 赤外分光装置の測光精度要因と性能達成」, *分光研究*, 49, 2, pp.90-104 (2000-2)

(6) H. Satoh, M. Yamamura, and S. Kobayashi: "Minimal Generation Gap Model for GAs Considering Both Exploration and Exploitation", *proc. 4th International Conference on Soft Computing (IIZUKA96)*, pp. 494-497 (1997)
 (7) H. Sato, I. Ono, and S. Kobayashi: "A New Generation Alternation Model of Genetic Algorithms and Its Assessment", *T. JSAI*, Vol. 12, No. 5, pp. 734-744 (1997-5)(in Japanese)
 佐藤 浩・小野 功・小林重信: 「遺伝的アルゴリズムにおける世代交代モデルの提案と評価」, *人工知能学会誌*, 12, 5, pp. 734-744 (1997-5)
 (8) H. P. Schwefel: "Evolution and Optimum Seeking", John Wiley & Sons (1995)
 (9) I. Ono, M. Yamamura, and H. Kita: "Real-Coded Genetic Algorithms and Their Applications", *T. JSAI*, Vol. 15, No. 2, pp. 259-266 (2000-2)(in Japanese)
 小野 功・山村雅幸・喜多 一: 「実数値 GA とその応用」, *人工知能学会誌*, 15, 2, pp. 259-266 (2000-2)
 (10) M. Murakawa, T. Itatani, Y. Kasai, H. Kikkawa, and T. Higuchi: "An Evolvable Laser System for Generating Femtosecond Pulses", *Proc. the Genetic and Evolutionary Computation Conference (GECCO2000)*, pp. 636-642 (2000)
 (11) M. Murakawa, Y. Noda, and T. Higuchi: "An Automatic Fiber Alignment System Using Genetic Algorithms", *T. IEICE*, Vol. J84-D-I, No. 6, pp.878-887 (2001-6)(in Japanese)
 村川正宏・野田芳弘・樋口哲也: 「遺伝的アルゴリズムを用いた光ファイバの自動調芯システム」, *電子情報通信学論誌*, J84-D-I, 6, pp. 878-887 (2001-6)

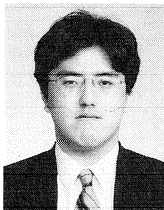
野里博和 (非会員) 1975 年生。2000 年 東邦大学大学院理学研究科博士前期課程修了。現在同研究科情報科学専攻博士後期課程在学中。遺伝的アルゴリズム、進化型光学システムの研究に従事。



捧俊道 (非会員) 1978 年生。2001 年 東邦大学理学部情報科学科卒業。現在同研究科情報科学専攻博士前期課程在学中。遺伝的アルゴリズム、進化型光学システムの研究に従事。



村川正宏 (正員) 1972 年生。1999 年 東京大学大学院工学系研究科機械情報工学専攻博士課程修了。同年電子技術総合研究所入所。遺伝的アルゴリズム、進化型ハードウェア、ニューラルネットワークの研究に従事。博士(工学)。電気学会, 日本神経回路学会各会員。第 2 回進化システム国際会議 BestPaperAward, 平成 12 年度つくば奨励賞若手研究者部門, 電気学会電子・情報・システム部門ミレニアム最優秀論文賞受賞



板谷 太郎 (正員) 1965年生。1990年東京大学工学部電気工学科卒業。1992年同大学院修士課程修了。同年電子技術総合研究所に入所。高速デバイス技術, レーザー制御技術に関する研究に従事。電気学会, 電子情報通信学会, レーザー学会, 応用物理学会, OSA, IEEEの各会員。平成10年 科学技術庁注目発明賞を受賞



樋口 哲也 (非会員) 1955年生。1982年慶応大学大学院工学研究科博士課程了。工博。1983年電子技術総合研究所入所。1990~1991年カーネギーメロン大客員研究員。筑波大学連携大学院教授兼任。進化型ハードウェア, 遺伝的アルゴリズムの研究に従事。第25回市村学術賞受賞, 電気学会ミレニウム論文賞等。現在, 産業技術総合研究所次世代半導体研究センター回路システムグループ長 (MIRAI



プロジェクト)

古谷 立美 (非会員) 1947年生。1973年成蹊大学大学院電気工学専攻修了。同年電子技術総合研究所入所。1994年東邦大学情報科学科教授。現在に至る。生物の原理を応用した情報処理に興味を持っている。

