

多目的最適化問題における個体群構造の違いによる解性能の評価

野田 徹^{†1} 廣安 知之^{†2} 三木 光範^{†3}
吉見 真聡^{†3} 横内 久猛^{†2}

遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithm:GA) の並列モデルの一つとしてセルラー GA があり、解の多様性を維持しながら解探索を行うことが可能であることが知られている。本研究では、単一目的最適化手法のセルラー GA を多目的遺伝的アルゴリズムに拡張し適用した。提案手法の解探索能力を検討するために、多目的遺伝的アルゴリズムの代表的な手法の一つである NSGA-II との比較を行った。その結果、解探索が比較的容易な問題においては、ネットワーク構造を有するセルラー GA が解探索能力に優れ、解探索が困難な問題においては、NSGA-II が解探索に優れることが明らかとなった。

Evaluation of solution set in multi-objective optimization problem between different individual's networks.

TORU NODA,^{†1} TOMOYUKI HIROYASU,^{†2}
MITSUNORI MIKI,^{†2} MASATO YOSHIMI^{†2}
and HISATAKE YOKOUCHI ^{†2}

Cellular GA is one of parallel models of Genetic Algorithms (GAs). Cellular GA can search an optimization point with high diversity of solutions. In this paper, cellular model is applied into multi-objective GA and the results of cellular GA model are compared with those of NSGA-II. According to the results, it was described that cellular GA has a high searching ability for functions whose optimal point relatively easy to be found. On the other hand, for functions whose optimal points are rather difficult founds, NSGA-II has higher searching ability compared to cellular GA.

1. はじめに

遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithm:GA) の並列モデルの一つとして、セルラー GA がある。セルラー GA は 2 次元に個体を配置することで近傍を定義し、その近傍関係に従った個体群を持つ。選択は個体毎に近傍の個体間で実行され、交叉においても近傍の個体間で行なわれる。なお、突然変異においては単純 GA と同じである。セルラー GA におけるグリッドモデルを図 1 に示す。

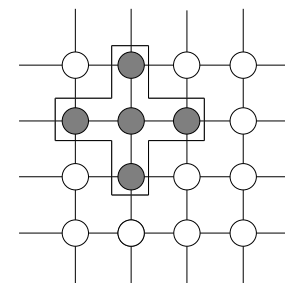


図 1 Cellular GA のグリッドモデル
Fig.1 Grid structure of Cellular GA

セルラー GA は選択が局所的にしか行われなため、選択圧が単純 GA に比べて低くなる。その結果、広い空間を探索していることが報告されている¹⁾。本稿では、多目的最適化問題において、広い空間を探索すると探索結果にどのような影響があるかについて知るために、セルラー GA の概念を多目的遺伝的アルゴリズムに取り入れて検証を行った。

2. 多目的最適化

2.1 多目的最適化問題

多目的最適化問題とは、複数の評価基準が存在する中で同時にこれらの評価基準を考慮し

^{†1} 同志社大学大学院工学研究科
Graduate School of Engineering, Doshisha University

^{†2} 同志社大学生命医科学部
Faculty of Life and Medical Sciences, Doshisha University

^{†3} 同志社大学理工学部
Faculty of Science and Engineering, Doshisha University

ながら最適化を行う問題であり、「複数個の互いに競合する目的関数を与えられた制約条件の中で、何らかの意味で最小化（最大化）する問題」と定義されている²⁾つまり、決定変数 x についての p 個の目的関数 $f_k(x) (k = 1, 2, \dots, p)$ を $X \in F$ の範囲でなるべく小さく（大きく）する問題として以下のように定式化することが可能である³⁾

$$\begin{cases} \min f_i(x_1, x_2, \dots, x_n) & (i = 1, 2, \dots, k) \\ \text{subject to} \\ g_i(x_1, x_2, \dots, x_n) < 0 \end{cases} \quad (1)$$

ここでは制約条件 X を満たす F の集合で、可能領域と呼ばれる。一般に目的関数にはトレードオフの関係が存在することが多いため、一意に解を求められないことが多い。そこで多目的最適化問題では、以下に示すパレート最適化集合 (Pareto-optimal solution) の概念が使用されている。

(1) 優越関係

$x_1, x_2 \in F$ に対して、 $f_k(x_1) < f_k(x_2) (\forall k = 1, \dots, p)$ かつ $f_k(x_1) < f_k(x_2) (\exists k = 1, \dots, p)$ となると、 x_1 は x_2 に「優越する」という⁴⁾

(2) 最適パレート解

ある x_0 に優越する $x \in F$ が存在しないとき、 x_0 は「パレート最適解」(または「非劣解 (noninferior solution) 」) である⁴⁾

一般にパレート最適解は複数存在することが多く、多目的最適化問題では得られた解集合がパレート最適化集合にどれだけ近いかを表す精度、解集合が特定の領域に偏ることなく、均一に分布しているかどうかを表す均一性、解集合がどれだけ広い領域に分布しているかを表す幅広さの3つの要素に優れていることが望ましい。

2.2 多目的遺伝的アルゴリズム

多目的最適化の分野では、様々な進化計算手法が用いられているが、中でも最も多く研究されているのはGAを多目的最適化に適応した多目的GAである⁵⁾⁻¹⁰⁾ 現在代表的な多目的GAの手法として、DebらのNSGA-II⁸⁾ やZitzlerらのSPEA2⁹⁾ が挙げられる。これらの手法では、探索を行う探索母集団と優良個体を保存するためのアーカイブ母集団を入れ替えや、多様性に優れた解の選択など、多目的最適化において重要なメカニズムを組み込むことで、優れた探索性能を実現している。

3. 多目的GAにおけるセルラーGAモデルの提案

セルラーGAは、母集団の各個体に近傍個体を定義した個体群構造を有し、交叉処理は近傍個体間に制限される。このように交叉の相手を制限することで解の多様性が維持され、大域探索を行うことが報告されている¹⁾ 提案手法のアルゴリズムについて以下に示す。

Step1: 個体群を初期化し、各個体について近傍個体を定義する。

Step2: 全ての個体で近傍の個体と交叉を行い、子個体を生成する。

Step3: 子個体に対して突然変異を行う。

Step4: 子個体の適応度値を計算する。

Step5: 次世代の個体の選択を行う。選択は交叉・突然変異によって生成した子個体と親個体の比較によって行い、子個体が親個体を優越している場合は子個体を、優越しない場合はそのまま親個体を次世代に残す。なお、個体群構造については親個体のものを維持する。

Step6: Step2~Step5を終了世代まで繰り返す。

本稿では、提案アルゴリズムの個体群構造のトポロジとして以下の2つを適用した。

● グリッド構造

多目的GAにおける個体群構造を2次元のグリッド構造とした。グリッド構造では、個体毎のエッジ数が一意に決まる。

● ランダムネットワーク構造

多目的GAにおける個体群構造をランダムネットワーク構造とした。ランダムネットワーク構造では、個体毎のエッジ数をパラメータとして与える。

4. 数値実験

4.1 実験概要

提案した2つの個体群構造の解性能への影響を検証する為に、数値実験を行う。また、探索結果の性能比較を行う為に、多目的GAの一般的な手法であるNSGA-IIとの比較も行う。対象問題として、ZDT2, ZDT4, KURを用いる。ZDT2は単峰性で非凸型のパレートフロントを有する問題、ZDT4は多峰性で凸型のパレートフロントを有する問題、KURは多峰性を有する問題である。なお個体群構造にランダムネットワーク構造を用いた場合は、グリッド構造を用いた場合と同じ条件にするために近傍個体数を4とした。それぞれの個体群構造で実験を行った際に使用したパラメータを表1に示す。

表 1 実験で用いたパラメータ
Table 1 the parameter used in the experiment

個体数	100
設計変数長	20
交叉手法	2点交叉
交叉率	1.0
突然変異率	1/染色体長
終了世代数	200
選択手法 ^{*1}	混雑度トーナメント選択
トーナメントサイズ ^{*1}	2

探索結果の評価は、精度、均一性、幅広さで行った。精度は得られた非劣解のパレート最適フロントに対する誤差のユークリッド距離の平均である GD (Generational Distance) で表した。均一性と幅広さは、各目的関数に対する最大値と最小値の間を任意に分割し、分割された領域をどれだけカバーできているかを表す被覆率によって表した。

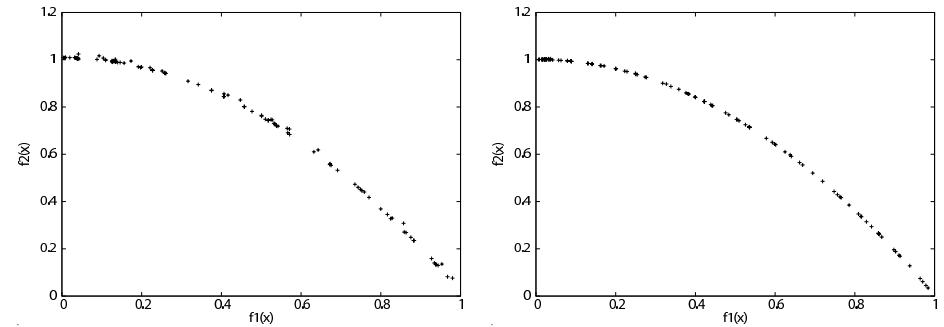
4.2 実験結果

グリッド構造とランダムネットワーク構造で ZDT2, ZDT4 及び KUR を解いた際の探索結果の違いについて検証する。テスト関数 ZDT2, ZDT4, KUR において、2種類の個体群構造と NSGA-II で行った際の解集合を図 2, 図 3, 図 4 に示す。なお、ここでは探索によって得た解集合の特徴を示す為に、各手法での代表的な探索結果についてのみ示している。

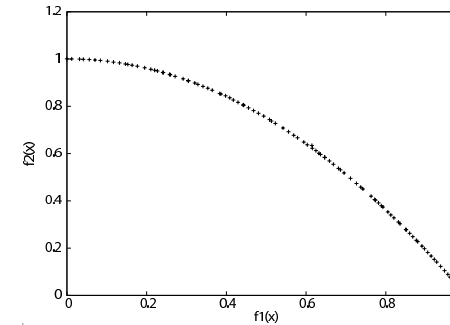
次にテスト関数 ZDT2, ZDT4, KUR において、各手法を用いた 30 回試行の探索結果の被覆率と GD の中央値・平均値・偏差を表 2, 表 3, 表 4 に示す。KUR は探索が非常に難しい問題であり、最適パレート解が分からない問題である。そのため、SPEA2⁹⁾ を 1 万世代実行した結果を疑似最適パレート解として利用し、GD を求めている。

表 2 より ZDT2 では個体群をグリッド構造に配置しても、ランダムネットワーク構造に配置しても被覆率、精度が変わらないことが分かる。しかし、表 3 よりテスト関数 ZDT4 ではグリッド構造を用いた場合とランダムネットワーク構造を用いた場合で、精度に差が見られることがわかる。これは図 3 から視覚的に違いが見て取れる。しかし、被覆率については、両者に違いは見られなかった。また、表 2, 表 3 からテスト関数 ZDT2 と ZDT4 においては、NSGA-II が 3 手法の中で被覆率が最も良いことが分かった。セルラー GA の

*1 NSGA-II のみで用いたパラメータ。



(a) 個体群構造にグリッド構造を用いた場合の解集合 (b) 個体群構造にランダムネットワーク構造を用いた場合の解集合

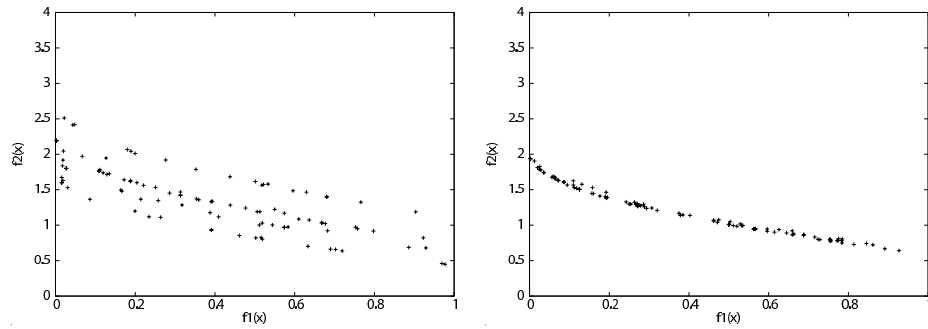


(c) NSGA-II を用いた場合の解集合

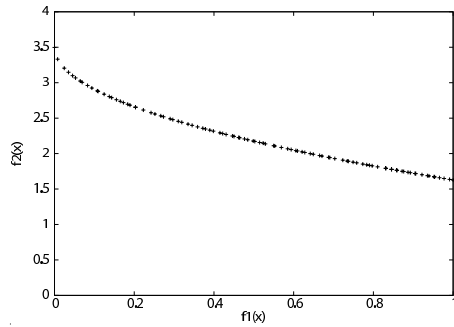
図 2 ZDT2 において各手法を用いた場合の解集合
Fig. 2 Solution set of optimization in ZDT2.

表 2 ZDT2 における被覆率と GD
Table 2 Cover rate and GD of solution set in ZDT2

	グリッド構造	ランダムネットワーク構造	NSGA-II
被覆率 (median)	0.5050000	0.5300000	0.7600000
被覆率 (average)	0.5143333	0.526	0.7596666
被覆率 (deviation)	0.0363715	0.0337737	0.0179784
GD(median)	0.2156485	0.2110868	0.2262566
GD(average)	0.2161680	0.2133894	0.2266661
GD(deviation)	0.0159284	0.0150512	0.0040425



(a) 個体群構造にグリッド構造を用いた場合の解集合 (b) 個体群構造にランダムネットワーク構造を用いた場合の解集合

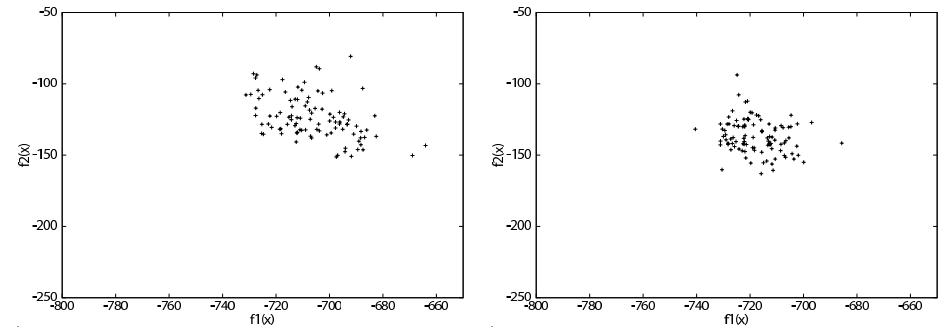


(c) NSGA-II を用いた場合の解集合

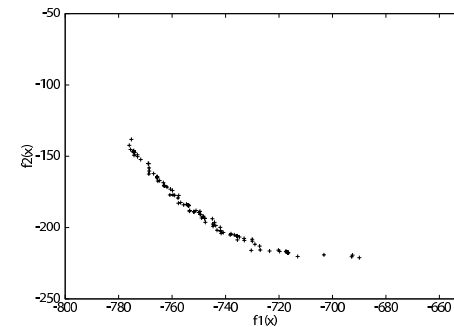
図 3 ZDT4 において各手法を用いた場合の解集合
Fig. 3 Solution set of optimization in ZDT4.

表 3 ZDT4 における被覆率と GD
Table 3 Cover rate and GD of solution set in ZDT4

	グリッド構造	ランダムネットワーク構造	NSGA-II
被覆率 (median)	0.5350000	0.5400000	0.7500000
被覆率 (average)	0.5361666	0.5458333	0.7443333
被覆率 (deviation)	0.0304325	0.0280501	0.0554637
GD (median)	0.5394111	0.3313906	1.6076250
GD (average)	0.5799164	0.4087193	1.7082764
GD (deviation)	0.2289556	0.2488419	0.7272945



(a) 個体群構造にグリッド構造を用いた場合の解集合 (b) 個体群構造にランダムネットワーク構造を用いた場合の解集合



(c) NSGA-II を用いた場合の解集合

図 4 KUR において各手法を用いた場合の解集合
Fig. 4 Solution set of optimization in KUR.

表 4 KUR における被覆率と GD
Table 4 Cover rate and GD of solution set in KUR

	グリッド構造	ランダムネットワーク構造	NSGA-II
被覆率 (median)	0.5600000	0.5400000	0.5550000
被覆率 (average)	0.5543333	0.5433333	0.5615000
被覆率 (deviation)	0.0283941	0.04015249	0.0341113
GD (median)	158.5990123	132.138788552	82.9726105
GD (average)	157.4368678	132.7924696	85.3532912
GD (deviation)	9.0633732	8.9678926556	8.3030350

概念を利用した手法では、被覆率を上げるためのメカニズムが入っていないため、被覆率が NSGA-II に劣ったと考えられる。

表 4 から、ZDT4 よりも探索が難しい KUR において個体群構造がグリッド構造の場合とランダムネットワーク構造の場合では、個体群にランダムネットワーク構造を用いた方が GD の値が小さく、精度が良いことが分かる。また、NSGA-II を用いた場合、被覆率が最も大きく GD の値が最も小さいので、NSGA-II が精度、均一性、幅広さ全てで優れていることが分かる。図 4 においても視覚的に NSGA-II が最も良い探索結果が得られていることが分かる。つまり KUR のように最適パレート解を探索することが非常に難しい問題では、NSGA-II が優れていることが分かる。

5. 終わりに

本稿では、多目的最適化問題の個体群構造にセルラー GA のようなグリッド構造やランダムネットワーク構造を用い、遺伝的操作に制約をつけることで解性能にどのような影響があるかについての評価を行った。その結果、個体群構造にグリッド構造を用いた場合と、ランダムネットワーク構造を用いた場合では、ランダムネットワーク構造した場合の方が優れた性能を示していることが分かった。また NSGA-II との比較によって ZDT2 や ZDT4 などの比較的最適パレート解が探索しやすい問題では、ランダムネットワーク構造の方が良い結果が得ることが分かった。しかし KUR のように、最適パレート解が探索しやすい問題では NSGA-II が優れた性能を示すことが分かった。

参 考 文 献

- 1) Bernard Manderick and Piet Spiessens. Fine-grained parallel genetic algorithms. In Proc. of 3rd ICGA'89, pages 428-433, 1989.
- 2) 坂和正敏: 離散システムの最適化, 森北出版 (2000).
- 3) 坂和正敏, 石井博昭, 西崎一郎: ソフト最適化, 日本ファジィ学会編ソフトコンピューティングシリーズ第 2 巻, 朝倉書店 (1995).
- 4) 三宮信夫, 喜多一, 玉置久, 岩本貴司: 遺伝的アルゴリズムと最適化システム制御情報学会編, 朝倉書店 (1998).
- 5) D. E. Goldberg: Genetic Algorithms in search, optimization and machine learning, Addison-Wesley (1989).
- 6) C. M. Fonseca and P. J. Fleming: Genetic algorithms for multiobjective optimization: Formulation, discussion and generalization, Proc. 5th international conference

- on genetic algorithms, pp.416-423 (1993).
- 7) E. Zitzler and L. Thiele: Multiobjective Evolutionary Algorithms: A Comparative Case Study and the Strength Pareto Approach, IEEE Transactions on Evolutionary Computation, Vol. 3, No. 4, pp.257-271 (1999).
- 8) K. Deb, S. Agarwal, A. Pratap and T. Meyarivan: A Fast Elitist Non-Dominated Sorting Genetic Algorithm for Multi-Objective Optimization: NSGA-II, KanGAL report 200001, Indian Institute of Technology, Kanpur, India (2000).
- 9) E. Zitzler, M. Laumanns and L. Thiele: SPEA2: Improving the Performance of the Strength Pareto Evolutionary Algorithm, Technical Report 103, Computer Engineering and Communication Networks Lab (TIK), Swiss Federal Institute of Technology (ETH) Zurich (2001).
- 10) K. Deb: Multi-Objective Optimization using Evolutionary Algorithms, Chichester (2001).