

多目的遺伝的アルゴリズムにおける多段階探索交叉の有効性の検証

谷 拓夢[†] 花田 良子[†] 棟安 実治[†][†] 関西大学システム理工学部

1 はじめに

多目的遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithm: GA) において, パレート解集合の精度と多様性を向上させるため, これまで主に解の選択操作の改善に重点を置いた手法が多数提案されている. 本研究は GA の主探索オペレータである交叉に着目し, 単一目的の組合せ最適化問題において強力な探索性能を有する多段階探索交叉 dMSXF (deter-ministic Multi-step Crossover Fusion) [1] を多目的最適化問題に適用する. NK モデルを拡張した多目的 NK モデル [2] を用い, 多目的 GA の一手法である NSGA-II[3] に順ずる手法における交叉手法として dMSXF を採用し, その有効性を検証する.

2 dMSXF

多段階探索交叉 dMSXF[1] は親 p_1 から親 p_2 に向けて局所探索を行うことで, 両親の形質の受け継ぎ方が多様な子個体群を生成する. dMSXF のアルゴリズムを以下に示す. 親 p_1, p_2 から生成される子個体群を $C(p_1, p_2)$ と表す.

【dMSXF のアルゴリズム】

- Step 0 p_1, p_2 を両親, その子個体群 $C(p_1, p_2) = \phi$ とする.
- Step 1 探索初期点 $x_1 = p_1$, $k=1$ とし, x_1 を $C(p_1, p_2)$ の要素として加える.
- Step 2 ステップ k における探索点 x_k の近傍個体を μ 個生成し, その集合を $N(x_k)$ とする. ただし, $N(x_k)$ のすべての近傍解 $y_i (0 < i < \mu)$ はかならず $d(y_i, p_2) < d(x_k, p_2)$ を満たさなければならない.
- Step 3 $N(x_k)$ の中で最も良い解 y を選択する. $x_{k+1} = y$ とし, x_{k+1} を $C(p_1, p_2)$ の要素として加える.
- Step 4 $k = k + 1$ とし, $k = k_{max}$ あるいは x_k が p_2 に等しくなれば終了. そうでなければ, Step 2 にもどる.

dMSXF を多目的最適化問題に適用するにあたり, Step 2 における最も良い解は非劣個体とする. 非劣個体とはどの解にも優越されない解のことである. 複数存在する場合は, その中からランダムに選ぶ.

Analysis of the effectiveness of dMSXF on Multi-Objective Genetic Algorithm

[†] Takumi TANI

[†] Yoshiko HANADA (hanada@kansai-u.ac.jp)

[†] Mitsuji MUNEYASU (muneyasu@kansai-u.ac.jp)

Faculty of Engineering Science, Kansai University ([†])
3-3-35 Yamate-cho, Suita, Osaka 564-8680 Japan

3 多目的遺伝的アルゴリズム

以下に, 多目的 GA の手順および複製選択, 生存選択について説明する.

【多目的 GA の手順】

- Step 0 世代 $t = 0$ とし, サイズ N_{pop} の母集団 P_0 を生成する.
- Step 1 $t > 0$ であれば $P'_t = P_{t-1} \cup P_t$ とする. P'_t から, 非優越ソートに基づくランキングと混雑度距離に基づき, N_{pop} 個体を選択し, その集合を P_t とする.
- Step 2 終了判定を行う.
- Step 3 P_t から N_{pop} の親のペアを選び (複製選択), 各ペアに対して, 遺伝的操作 (交叉) を行う. 各親個体のペアについて生成された子個体群から 1 個体選択し (生存選択), 次世代の個体集団 P_{t+1} を得る.
- Step 4 $t = t + 1$ とし, Step 1 にもどる.

Step 1 における混雑度距離に基づく選択は, 多様性をより向上させるために適用する.

3.1 複製選択

P_t からの子個体生成のための親の選択は非復元抽出によって行う. 親のペアは $P_t \in (p_1, p_2, \dots, p_{N_{pop}})$ をランダムな順に並び替え, $p_1 \rightarrow p_2, p_2 \rightarrow p_3, \dots, p_{N_{pop}} \rightarrow p_1$ のように N_{pop} ペア生成する.

3.2 生存選択

子個体群 $C(p_1, p_2) = \{x_1 (= p_1), x_2, \dots, x_{k_{max}}\}$ から, 収束性を向上させるために非劣個体を 1 個体選ぶ. 非劣個体が複数あった場合はランダムに 1 個体選ぶ.

4 多目的 NK モデル

多目的 NK モデル [2] は NK モデルを多目的最適化に拡張したものである. NK モデルはランドスケープの複雑さをパラメータ調節できる単純かつ柔軟なモデルであり, GA の探索性能を解析するためにしばしば用いられる.

4.1 定義

多目的 NK モデルは M 目的問題である場合, 染色体長 N の $\{0, 1\}$ ベクトルからなり, i 番目 ($i = 1, \dots, M$) の評価関数において, 各遺伝子 x_j は同一染色体上の他の K_i 個の遺伝子群 $\{x_{j_1}, \dots, x_{j_{K_i}}\}$ と相関関係を持つ. 各遺伝子 x_j には, $(K_i + 1)$ 個の $\{0, 1\}$ のビット列が取り得る 2^{K_i+1} 個のすべての組合せに対して, $[0, 1)$ の実数値の乱数表が割り当てられており, x_j の i 番目の評

価関数への寄与 $f_{i,j}$ は、遺伝子列 $\{x_j, x_{j_1}, \dots, x_{j_{K_i}}\}$ に対応する所与の実数乱数により決定される．全体の評価値は式 (1) に示すように各変数の寄与 $f_{i,j}$ の平均であり、本研究では評価値が小さいものほど良いとする．

$$f_i(x) = \frac{1}{N} \sum_{j=1}^N f_{i,j}(x_j, x_{j_1}, \dots, x_{j_{K_i}}) \quad (1)$$

多目的 NK モデルにおいて、 K_i は遺伝子間の相関の度合い、すなわちエピスタシスの強さを調節するパラメータである． K_i は 1 から $(N-1)$ の間で設定され、 K_i の値が大きいくほどエピスタシスが強く、近傍の解どうしの評価値の相関が小さくなり、評価値ランドスケープの局所的な起伏の激しさ (ruggedness, ぎざぎざの度合い) が増す．

4.2 本研究での設定

一般的に乱数表は遺伝子座ごとに独立して用意するため、 M 目的 NK モデルでは染色体全体でサイズは $M \times N \times 2^{(K_i+1)}$ となり乱数表が膨大となる．ここではメモリの制約から簡単のため、すべての遺伝子座は共通した乱数を持つこととし、目的関数ごとに N の値によらないサイズ $M \times 2^{(K_i+1)}$ の乱数表を用いる．

5 数値実験

多目的 NK モデルの K_i を変化させ、dMSXF と一様交叉 (Uniform Crossover:UX) を比較する．手法の有効性の検証には hypervolume[4] を用い、基準点は $(1,1,\dots,1)$ とする．母集団サイズを $N_{pop} = 100$ 、また各親のペアから生成される子個体数を 20 に設定し、dMSXF においては予備実験の結果により、 $(k_{max}, \mu) = (5, 4), (10, 2)$ とした．解分布を検証するため 2 目的の多目的 NK モデルを用いた．真のパレート最適解集合を得るため、比較的小さい例題として、遺伝子長 $N = 30$ 、5 種の K_i の組合せについて、それぞれ 50 試行ずつ行った．終了判定の条件として、hypervolume 値が 50 世代変化がない場合、または最大世代数 500 に到達した場合とした．表 1 にそれぞれの K_i のモデルで得られた UX および dMSXF の結果を示す．また、 $(K_1, K_2) = (16, 12)$ で得られた目的関数空間における解分布の 1 試行の例を図 1 に示す．

表 1 より、すべての K_i の組み合わせのモデルで UX よりも dMSXF のほうが良い解集合を得られていることがわかる．また K_i が大きい場合では k_{max} を大きくするほど良い解集合が得られるということがわかった．ただし、図 1 より真のパレート最適解は部分的にしか得られていない．これについては dMSXF における局所探索における選択においてより収束性を考慮した手法を検討する必要がある．

表 1: UX と dMSXF における hypervolume の比較

	UX	dMSXF	
		(5, 4)	(10, 2)
$K_i = \{16, 12\}$	0.577067	0.584634	0.588139
$K_i = \{12, 8\}$	0.560936	0.562273	0.563698
$K_i = \{8, 4\}$	0.575345	0.564769	0.580161
$K_i = \{6, 4\}$	0.559030	0.558521	0.559247
$K_i = \{4, 2\}$	0.393874	0.394196	0.394125

dMSXF (k_{max}, μ)

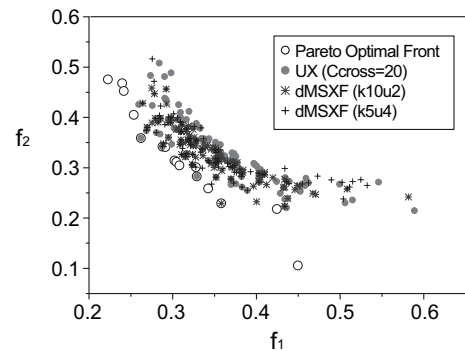


図 1: $N = 30, (K_1, K_2) = (16, 12)$ での解分布の例

6 まとめ

本研究では、多目的 NK モデルを用いて多目的 GA における dMSXF の有効性を検証した．dMSXF は多目的最適化においても、良いパレート解集合を得られる交叉方法として有効であることがわかった．今後の課題として、 N をさらに大きくし、 N と K の組み合わせでの検証や生存選択における選択基準においても検討する必要があると考えられる．

参考文献

- [1] Ikeda, K. and Kobayashi, S.: Deterministic Multistep Crossover Fusion: A Handy Crossover for GAs, Proc. of Parallel Problem Solving from Nature, PPSN VII, pp. 162–171 (2002)
- [2] Aquirre, H.E. and Tanaka, K.: Insights on Properties of Multiobjective MNK-Landscapes, IEEE Congress on Evolutionary Computation (CEC'2004), Vol.1, pp.196-203(2004)
- [3] Deb, K., Agrawal, S., Pratap, A. and Meyarivan, T.: A Fast Elitist Non-dominated sorting genetic algorithm for multi-objective Optimisation: NSGA-II, Parallel Problem Solving from Nature, Lecture Notes in Computer Science, Vol.1917, pp.849-858 (2000).
- [4] Zitzler, E. and Thiele, L.: Multiobjective evolutionary algorithms: a comparative case study and the strength Pareto approach, IEEE Trans. Evolutionary Computation, Vol.3, No.4, pp257-271(1999)