

# 近傍モデル遺伝的アルゴリズムによる多目的最適化

村川正宏<sup>†</sup> 吉澤修治<sup>†</sup>

本論文では、近傍モデル遺伝的アルゴリズムを用いて、多目的最適化問題におけるパレート最適解集合を直接的に求める手法を提案する。近傍モデル遺伝的アルゴリズムでは、各個体について近傍地域を設定し小集団を形成し、その小集団ごとに遺伝的操作を局所的かつ並列的に行う。このような操作によって、遺伝子型の多様性を保つことができ、特定の目的関数に偏ることのないパレート最適解集合を発見することができる。また、提案手法は容易に並列化が可能であり、本質的に超並列アーキテクチャに適した計算構造を持っている。数値実験の結果、提案手法が従来手法に比べ少ない計算量で均一なパレート最適解集合を求められることを確認した。

## Multiobjective Optimization Using Neighborhood Model Genetic Algorithms

MASAHIRO MURAKAWA<sup>†</sup> and SHUJI YOSHIZAWA<sup>†</sup>

We propose a method of multiobjective optimization using genetic algorithms. The proposed method doesn't reduce the objective vector to a scalar value, but finds a set of Pareto-optimal solutions using neighborhood model genetic algorithms. In the neighborhood model, population members are distributed on grid. The range of genetic interaction is limited to population members in the immediate neighboring nodes. This maintains the diversity of the chromosomes and avoids the premature convergence. Moreover, our method is suited for massively parallel computers. The results of numerical experiments show that the proposed method can find a set of various Pareto-optimal solutions more effectively compared with usual GAs.

### 1. はじめに

最適化は工学においては、きわめて普遍的な問題である。システムの計画、運用などの様々なフェーズに最適化問題が存在する。また、個人および組織の意思決定や行動決定にも最適化は深くかかわる問題である。現在、多くの実用的な最適化問題では、最適化の対象とされるシステムの規模が大きくかつ複雑になり、システムを評価する観点は多岐に及んでいる。そのため、問題を単一目的の最適化ではなく、目的関数が複数個存在する多目的な最適化として取り扱うことが要請されている。

多目的最適化問題が単一目的最適化問題と大きく異なる点は、すべての目的関数を同時に最適（最大または最小）にする解は、ほとんどの場合存在しないということである。つまり、ある目的関数値を改善しようと思えば、他の目的関数値を改悪せざるをえないとい

う、トレードオフの関係が成り立つ場合がほとんどである。そのような場合、いずれかの目的関数については必ず他の解より優れているような解の集合が存在する。このような解は、パレート最適解または非劣解と呼ばれ、多目的最適化問題に対する合理的な解である<sup>1)</sup>。パレート最適解の集合の中から最終的に1つの解を選びだすのは、意思決定者の選好によるので、パレート最適解の集合をあらかじめ求めておき、これらを提示することが数理的計画手法の役割となる。

しかし、従来の線形計画法や非線形計画法では、ほとんどの場合多目的最適化問題に対して、2つ以上の目的関数の重みつき和をとって1つの目的関数にするなどして、その単一目的最適化問題の解を求めることがなされている。その場合、得られる解はパレート最適解の集合ではなく、単一のパレート最適解である。その単一の解は、重み係数などの単一目的化のためのパラメータに大きく依存することになり、目的関数間のトレードオフを考えると不十分な場合が多い。

その問題点を解決するために、近年、遺伝的アルゴリズム（Genetic Algorithm: GA）<sup>2)</sup>を用いて、パレ-

<sup>†</sup> 東京大学大学院工学系研究科

Graduate School of Engineering, University of Tokyo

ト最適解集合を直接的に求める手法がいくつか提案されている<sup>2)~6)</sup>。これらは、GAの持つ「集団による多点探索」という特徴をいかして、複数の目的関数を单一目的化するのではなく、パレート最適解集合を直接かつ効率的に求める手法である。しかし、1つの目的関数に対して極端に良い解ばかりが得られる、集団数の増加とともに計算量が極端に増大する、などの問題点が指摘されている<sup>7)</sup>。また、現実的な大規模な多目的最適化問題に遺伝的アルゴリズムを適用するためには、並列化による高速化が必須となるが、従来手法は並列化に向いたアルゴリズムではない。

そこで本論文では、近傍モデル遺伝的アルゴリズム<sup>8)~10)</sup>によって、少ない計算量で特定の目的関数に偏ることのないパレート最適解集合を求める手法を提案する。この手法では、各個体について隣接地域を設定し小集団を形成し、その小集団ごとに遺伝的操作を局所的に行う。このような操作によって、全体が1つの遺伝子型に急速に統一されてしまうことがなくなり、遺伝子型の多様性を保つことができる。さらに、1個体の計算に1つのプロセッサを割り当てることにより、容易に超並列計算機で実装が可能である。以下まず準備として、2章で多目的最適化問題およびパレート最適解の概念について述べ、3章では従来の遺伝的アルゴリズムを用いた多目的最適化手法を概観する。4章で提案手法の構成法について説明し、5章では数値実験により提案手法の有効性を確認する。最後に6章で本研究のまとめを述べるとともに今後の課題について触れる。

## 2. 多目的最適化問題

### 2.1 多目的最適化問題およびパレート最適解

多目的最適化問題は、複数個の目的関数を同時に最適化する問題で、一般に次のように定義される<sup>1)</sup>。

$$\min_x \{f_1(x), \dots, f_p(x)\} \quad (x \in R^n) \quad (1)$$

$$\text{subject to } x \in F \equiv \{x \mid g_i(x) \leq 0, \forall i = 1, \dots, m\} \quad (2)$$

$x$ は $n$ 次元のベクトルで、各要素は問題の決定変数である。直感的にも分かるように、一般にはすべての $f_k(x)$  ( $k = 1, 2, \dots, p$ )を同時に最小にすることはできず、この問題にはほとんどの場合解が存在しない。しかし、目的関数間に競合的な関係があることが、多目的問題の本質であるので、この多目的最適化問題の合理的な解として、パレート最適解または非劣解と呼ばれるものを考える。

まず、 $p$ 次元ベクトル  $a, b$  間の不等式関係を、

$$a \leq b \iff a_i \leq b_i \ (\forall i = 1, \dots, p)$$

$$\wedge a_i < b_i \ (\exists i = 1, \dots, p) \quad (3)$$

で定義する。ここで、

$$f(x) \equiv (f_1(x), \dots, f_p(x)) \quad (4)$$

とし、 $x^1, x^2 \in F$ としたときに、 $f(x^1) \leq f(x^2)$ ならば、 $x^1$ は $x^2$ に「優越する」という。そこで、 $x^0 \in F$ に優越する  $x \in F$  が存在しないとき、 $x^0$ をパレート最適解もしくは非劣解という。

パレート最適解の例を示すために、2目的最適化問題、

$$\min_x \{f_1(x) = x^2, f_2(x) = (x - 2)^2\} \quad (5)$$

を考える。図1は横軸に $x$ 、縦軸に $f_1, f_2$ の値をプロットしたものである。この問題のパレート最適解に対応する $(f_1, f_2)$ を、図2中の太線部分として示す。 $x = 0$ と $x = 2$ の間にある解すべては、2つの目的関数間でトレードオフが成立しており、パレート最適解である。たとえば、 $x = 0$ という解は、 $f_1$ に関して

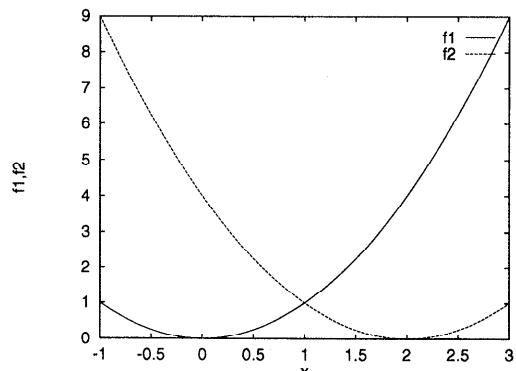


図1 関数  $f_1$  および  $f_2$   
Fig. 1 Functions  $f_1$  and  $f_2$ .

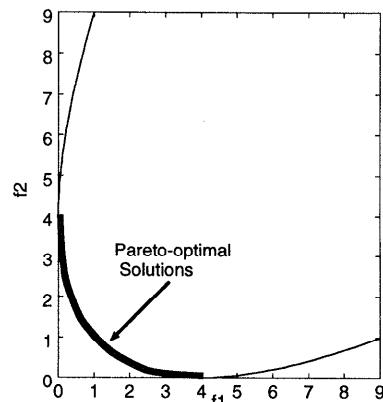


図2 パレート最適解  
Fig. 2 Pareto-optimal solutions.

は最適であるが、 $f_2$  に関しては最適ではない。

## 2.2 多目的最適化問題の従来解法

以下に多目的最適化問題の代表的な解法について述べる。

### 2.2.1 重みパラメータ法

重みパラメータ法は、複数の目的関数の重みつき総和を单一の目的関数として最小化する。つまり、

$$\min_x \sum_{k=1}^p w_k f_k(x) \quad (6)$$

subject to  $x \in F$

$$w_k \geq 0, \quad \sum_{k=1}^p w_k = 1 \quad (7)$$

を解くものである。重みパラメータを与えれば、1つのパレート最適解が得られる。重みパラメータは、目的関数間の相対的重要性を表すものであって、直感的に決めやすいということから、最も一般的な方法として用いられている。

### 2.2.2 目標計画法

目標計画法は、まず各目的関数の理想値  $\hat{f}_k$  を定める。その値を用いて、以下のような单一の目的関数の最小化問題を解く。

$$\min_x \left[ \sum_{k=1}^{k=p} |f_k(x) - \hat{f}_k|^r \right]^{\frac{1}{r}}, \quad 1 \leq r < \infty \quad (8)$$

subject to  $x \in F$

この目的関数は、理想値からのずれを表しているので、リグレット関数と呼ぶこともある。 $r=1$  のときは各  $|f_k(x) - \hat{f}_k|$  に平等な考慮を払い、 $r=\infty$  の場合は、 $\max_k |f_k(x) - \hat{f}_k|$  を最小化することになる。よって、 $r$  はその間の妥協をはかるパラメータである。

### 2.3 従来解法の問題点

上述の方法は、いずれももとの多目的の問題を何らかの工夫により単一目的最適化問題に変換し、その問題を解くことによって1つのパレート最適解を発見しようとするものである。しかし得られる解は、単一目的化のためのパラメータに大きく依存するので、そのパラメータを決めることが難しい問題となる。そのパラメータ決定のために、意思決定者にはあらかじめ問題に対する詳細な知識が要求されることになる。

また、実際の意思決定の場面では、パレート最適解は一般に集合をなしており、そのうちのどの解が最終的な解として望ましいかは、意思決定者の選好や問題の状況に依存する。そこで、多目的最適化問題の解法として、パレート最適解の集合をあらかじめ求めて

おき、その中から意思決定者が選好や状況に応じて最終的な解を選びだすという枠組みが有効である。ひとたびパレート最適解の集合を求めておけば、状況が変わったときや、新たな解が必要とされるときにも即座に対応することができる。

従来の方法でも、パラメータの値を変化させ、繰り返し単一目的の問題を解くことによりパレート最適解集合を得られるが、膨大な計算時間が必要となる。そこで以下では、生物の遺伝と進化を模倣した確率的探索手法である遺伝的アルゴリズムを用いて、パレート最適解の（部分）集合を直接かつ効率的に求めることを考える。

## 3. 遺伝的アルゴリズムを用いた多目的最適化

GA は集団を利用した探索法であり、また、適応度関数がスカラである必然性もなく、ベクトルであってもかまわないことを考えれば、GA を用いて多目的最適化問題のパレート最適解集合を求めるという発想はきわめて自然である。GA と多目的最適化の親和性は GA の草創期から指摘されており、計算機能力の急速な向上によって近年活発に研究されるようになった<sup>7)</sup>。以下では、これまでに提案された代表的な GA に基づく多目的最適化手法の概略と問題点を述べる。

### 3.1 Schaffer の方法

Schaffer<sup>4)</sup>の方法は、Vector Evaluated Genetic Algorithm (VEGA) と呼ばれ、淘汰において、GA の集団を目的関数の数に等しい部分集団に分割する。それぞれの部分集団において、各目的関数値に応じて独立に個体を淘汰し、新たな部分集団を生成する。交叉および突然変異は、新たに生成された部分集団をあわせて1つの集団に戻したものに対して行う。

この方法では、パレート最適解のいくつかを求ることはできるが、単一の目的のみに優れた個体しか生成できない欠点がある。これは、淘汰時に単一の目的しか考慮しないためである。

### 3.2 Goldberg の方法

Goldberg<sup>2)</sup>の方法は、個体の優越関係に基づいてランクを定め、そのランクを利用して淘汰を行う方法である。ランクは以下に示す方法で決定される。

- (1) ランク  $r=1$  とする。
- (2) 集団の中から他に優越されない個体（以下パレート最適個体と呼ぶ）を求め、これらのランクを  $r$  とする。
- (3) 得られたパレート最適個体を集団の中から除き、 $r := r + 1$  とする。
- (4) すべての個体のランクが決定されるまで、(2)

および(3)を繰り返す。

この手法では、集団中のすべての個体に対してその優越関係を調べる必要があるので、計算量が多くなるという問題点がある。また、解の散らばり具合を評価しないために、よく似た解が数多く生成されやすいという欠点もある。

### 3.3 Horn らの方法

Horn ら<sup>5)</sup>の方法は、優越関係に基づく選択を基本として、シェアリングとよばれる手法<sup>2)</sup>を組み合わせている。シェアリングとは、遺伝子型の多様性を維持するための手法で、ある個体に対して、集団中に似ている個体がどれほど存在しているかを表す指標(ニッチ数)を計算し、淘汰の際に本来の評価値に加えてニッチ数も加味するという手法である。ニッチ数については様々な計算方法があるが、一般的にはある個体  $X$  のニッチ数  $n_X$  は、

$$n_X = \sum_{Y \in P} s(d(X, Y)) \quad (9)$$

$$s(d) = \begin{cases} 1 - d/\sigma & 0 \leq d \leq \sigma \text{ のとき} \\ 0 & d > \sigma \text{ のとき} \end{cases} \quad (10)$$

で与えられる。ただし、 $P$  は集団の全個体を表し、 $d(X, Y)$  は、個体  $X$  および  $Y$  の表現型間のユークリッド距離を表す。また、 $\sigma$  はあらかじめ与えられる定数で、この値以上に離れている個体どうしは、まったく似ていない個体と見なされる。

このシェアリングを用いた Horn らのアルゴリズムの概略を述べると、

- (1) 集団からランダムに 2 つの個体(トーナメント個体)および  $t_{dom}$  個の個体(比較集合)を選びだす。 $t_{dom}$  はあらかじめ与えられた定数であり、比較集合は優越関係のテストに用いられる。
- (2) トーナメント個体それぞれにおいて、比較集合に含まれる個体との間で優越関係を調べる。一方のトーナメント個体(Aとする)が比較集合内のすべての個体に優越し、かつ他方の個体がそうでない場合、個体 A を選択する。
- (3) (2)において選択される個体が決定されない場合は、上述のシェアリング手法に基づいて、よりニッチ数の少ない個体を選択する。
- (4) 選択された個体数が、集団の個体数になるまで(1), (2), (3)を繰り返す。

このようなアルゴリズムによって、多様なパレート最適解集合が得られるが、シェアリングを行うたびに、集団中のすべての個体との表現型間の距離を計算する必要があるので、計算量が増大するという欠点がある。

Rendon ら<sup>6)</sup>は、Horn らの手法と無世代モデル GA を組み合わせることによってより均一な分布のパレート最適解が得られることを報告している。ただし、Horn ら Rendon らいずれの手法においても、遺伝的操作の範囲が集団全体に及ぶために、並列計算には適していない。

以上これまで提案された手法を概観したが、パレート最適解を均一には求められないという問題点や、複雑な戦略によって計算量が増加するなどの問題点がある。また、いずれの手法も並列化に適した手法とはいえない。

### 4. 近傍モデル GA による多目的最適化

前章で述べた従来手法の問題点を解決するために、本論文では近傍モデル GA による多目的最適化手法を提案する。近傍モデル GA は、GA の並列化手法として提案された手法で、初期収束の問題を解決する一手法でもある<sup>8)~10)</sup>。

近傍モデル GA の概念図を図 3 に示す。近傍モデル GA が一般的な GA と本質的に異なる点は、集団の中で遺伝的操作が及ぶ範囲にある。一般的な GA では、集団中の個体は、交叉や淘汰の際に、どこに存在する個体かということは区別されることはない。それに対して、近傍モデル GA では、個体は  $n$  次元の格子点上に配置され、各個体とその近傍の一定の数の個体との間で地域的な小集団を形成する。図 3 は、 $n = 2$  で、近傍の個体を 8 個体としたものである。なお、 $n$  次元格子は、対称にするために端をトーラスをなすように互いに結合している。遺伝的操作は、この地域的な小集団ごとに、局所的かつ並列的に行う。その結果、集団中のある個体の適応度が極端に高い場合でも、その影響は小集団の重なりを通して徐々にしか全体に波及

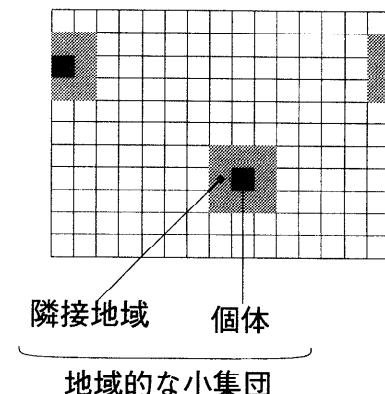


図 3 近傍モデル GA の概念図  
Fig. 3 Concept of neighborhood model GAs.

しない。これにより、集団全体が1つの遺伝子型に急速に統一されてしまうことがなくなり、遺伝子型の多様性を保つことができる。また、1つの個体に1つのプロセッサを割り当てるによって、超並列計算機上へ容易に実装することができる。格子の次元数および近傍の個体数は、並列計算機のプロセッサのトポロジに応じて定められるが、一般的には次元数2、個体数4または8で実装されることが多い<sup>10)</sup>。

そこで本論文では、この近傍モデルGAを多目的最適化問題に適用し、遺伝子型の多様性の維持によって、均一なパレート最適解集合を直接的かつ効率的に求める。

#### 4.1 多目的最適化のための遺伝的操作

本GAでの遺伝的操作は、上述したように局所的なものに変更されている。近傍モデル全体の処理は、選択、交叉、突然変異、置換の繰り返しである。図4にそのフローチャートを示す。なお本論文では、格子の次元数nは2とし、近傍の個体数は8個体とする。

##### 4.1.1 選 択

ランダムに選ばれた格子点に存在する個体と、それ

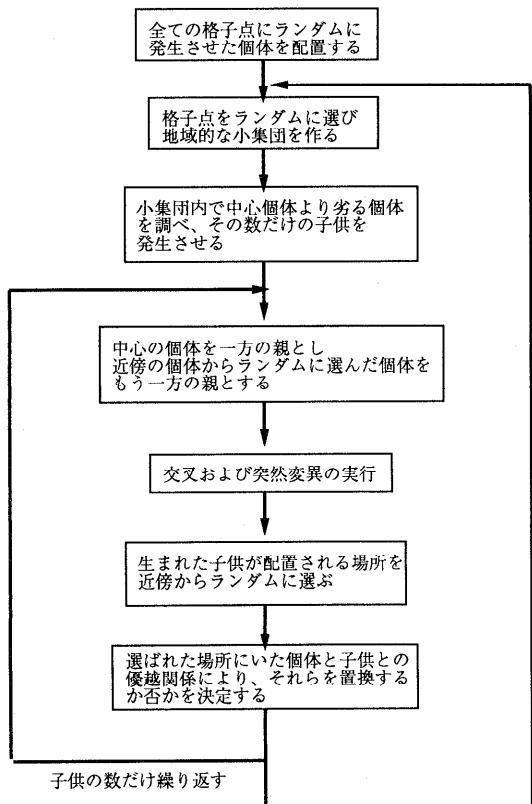


図4 多目的最適化のための近傍モデルGA

Fig. 4 Neighborhood model GA for multiobjective optimization.

を中心とした近傍の8個体からなる、9個の地域的な小集団を一時的に形成する。この小集団の中で、中心個体より劣る個体を調べ、その数だけの子供を発生させる。ただし、すべての近傍の個体が中心個体に優越している場合でも、新しい子供を1つ作る。近傍の8個体に関してのみ優越しているかどうかを調べればよいので、集団中のすべての個体間において優越関係を調べるGoldbergの手法に比べて、計算量が少なくてすむという利点がある。

##### 4.1.2 交叉、突然変異

選択において決められた個数の子供が、交叉によって生成され、その際に突然変異も発生する。交叉における一方の親は中心に存在する個体であり、他方の親は近傍に存在する個体からランダムに選ばれる。交叉の方法および突然変異の方法は、この近傍モデルの規定外であり、問題に即した適切なものを用いることができる。

##### 4.1.3 置 換

交叉によって子供が生成されると、その個体の目的関数の値が計算される。そして、この子供と小集団内からランダムに選ばれた一個体（個体Aとよぶ）との優越関係によって、置換を行うか否かを決定する。もし、子供が個体Aに優越していた場合、子供と個体Aを置換する。逆に、個体Aが子供に優越していた場合は、置換は行わない。そのどちらでもない場合は、シェアリングによって置換を行うか否かを決定する。ただし、Hornらが用いたシェアリングの方法は、集団全体に対してニッチ数の計算を行う必要があり、並列性を損なうために用いることができない。そこで本論文では、局所的なシェアリングの方法を提案する。具体的には、子供および個体Aについて小集団内におけるニッチ数を計算し、その値のより小さい個体が生き残るようにする。Hornらの方法では、シェアリングにおいて集団の全個体数に比例した計算量が発生するが、局所的なシェアリングでは、近傍の小集団の個体数に比例した計算量ですむという利点がある。

## 5. 数 値 実 験

前章で提案した手法の有効性を示すために、2種類の2目的関数最適化問題について数値実験を行った。

### 5.1 問 題 1

実験を行った問題は、2.1節で説明に用いた、

$$\min_x \{f_1(x) = x^2, f_2(x) = (x-2)^2\} \quad (11)$$

$$-10 \leq x \leq 10 \quad (12)$$

である。提案手法の有効性を調べるために、問題1に

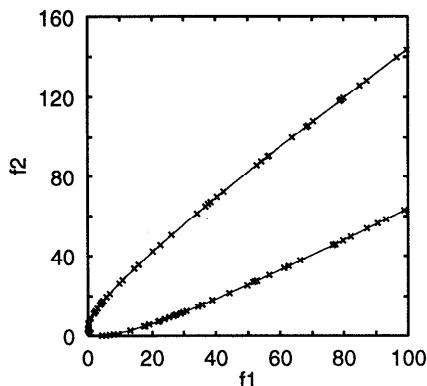


図 5 初期世代における解の分布  
Fig. 5 Initial population for problem 1.

対して、Schaffer の方法、Goldberg の方法、Horn らの方法、提案手法の 4 つの方法を適用し、その結果を比較する。なお、正しく比較をするために、4 つの方法において同一の初期集団を用いる。図 5 に、実験で用いた初期集団における解の分布を示す。長さ 20 の 0, 1 のビット列を GA の染色体とし、 $x$  を表現する。また、交叉方法としては、1 点交叉を用い、突然変異の方法としては、確率  $p_m$  で染色体の各ビットを反転させる。

なお GA のパラメータについては、

- 近傍モデルの格子数 :  $10 \times 10$   
(その他の手法については、個体数  $N$  : 100)
  - 交叉率  $p_c$  : 0.5
  - 突然変異率  $p_m$  : 0.001
  - シェアリング定数  $\sigma$  : 0.2
  - Horn らの方法の比較集合の数  $t_{dom}$  : 8
- とした。

### 5.1.1 実験結果および考察

各手法において、評価関数を 2000 回評価した時点での、集団中の個体の分布を図 6、図 7、図 8、図 9 に示してある。

これらの図より、Schaffer, Goldberg および Horn らの各方法に比べて、提案手法が特定の関数に偏ることのない均一なパレート最適解集合を発見していることが分かる。また、全探索数が  $2^{20}$  であることを考えると、2000 回という回数は、十分少ない計算量といえる。

提案手法が、どれほど均一なパレート最適解集合を発見しているかを定量的に評価するために、本論文では Deb ら<sup>11)</sup>の用いた方法を用いる。まず、パレート最適解の領域  $0 \leq x \leq 2$  を、 $q$  個の大きさの等しい領域に分割する。いま、 $i$  番目の領域において発見さ

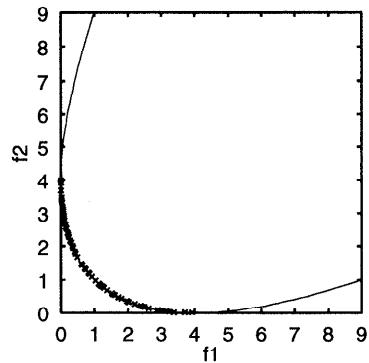


図 6 提案手法によって得られた解  
Fig. 6 Solutions obtained by the proposed method.

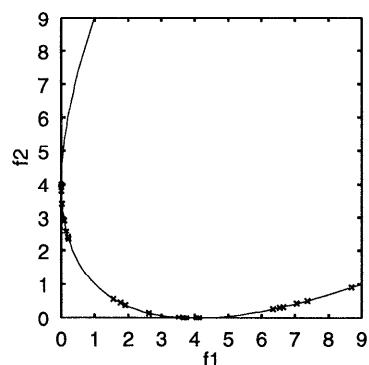


図 7 Schaffer の方法によって得られた解  
Fig. 7 Solutions obtained by Schaffer's method.

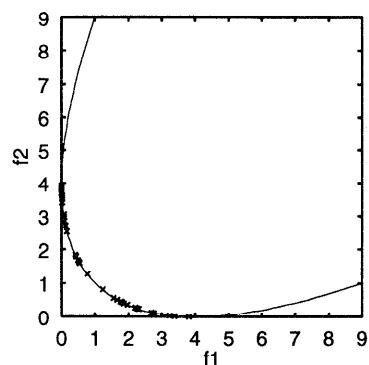


図 8 Goldberg の方法によって得られた解  
Fig. 8 Solutions obtained by Goldberg's method.

れるパレート最適個体の理想的な個数を  $\bar{n}_i$  とすれば、均一な分布を考えると、 $\bar{n}_i = N/q$  となる。また、パレート最適解でない領域を  $q+1$  番目の領域とすれば、その領域に存在する個体の理想的な個数  $\bar{n}_{q+1}$  は 0 となる。そこで、理想的なパレート最適個体の分布からのずれを、以下の指標  $X$  で評価する。

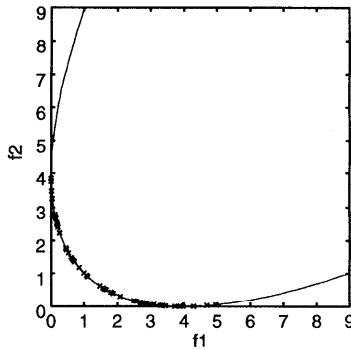


図 9 Horn らの方法によって得られた解  
Fig. 9 Solutions obtained by Horn's method.

$$X = \sqrt{\sum_{i=1}^{q+1} \left( \frac{n_i - \bar{n}_i}{\sigma_i} \right)^2} \quad (13)$$

$$\sigma_i^2 = \bar{n}_i \left( 1 - \frac{\bar{n}_i}{N} \right), \quad i = 1, 2, \dots, q \quad (14)$$

$$\sigma_{q+1}^2 = \sum_{i=1}^q \sigma_i^2 \quad (15)$$

$n_i$  は、ある GA の試行によって得られた、 $i$  番目の領域に存在するパレート最適個体の個数である。この指標  $X$  は、得られたパレート最適個体の分布が、理想的なものであればあるほど小さい値となり、完全に理想的な分布では 0 となる。

GA の世代が進むにつれてこの指標  $X$  がどのように変化するかを、提案手法、Schaffer の方法、Goldberg の方法、Horn らの方法それぞれについてプロットしたものが、図 10 である。 $q = 10$  とし、初期集団を変えた 10 試行の平均値が示してある。なお、それぞれの手法で評価関数を  $N$  回評価した時点で、世代が 1 世代進むものとした。

提案手法では、世代が進むにつれて  $X$  の値は減少し、安定して低い値を保っている。これは、提案手法の、遺伝子型の多様性を維持する能力の高さを示すものである。一方、Schaffer の方法および Goldberg の方法では、初期の世代ではパレート最適解の発見によって  $X$  の値が減少しているものの、世代が進むにつれて遺伝子型の多様性を失い、 $X$  の値が再び増加していることが分かる。シェアリングを用いる提案手法および Horn らの方法では、安定して低い値を保っているが、提案手法のほうがより値が低い。これは、局所的な遺伝的操作とシェアリングを組み合わせることによって、より遺伝子型の多様性が維持されているためである。

次に、提案した局所的なシェアリング手法の有効性

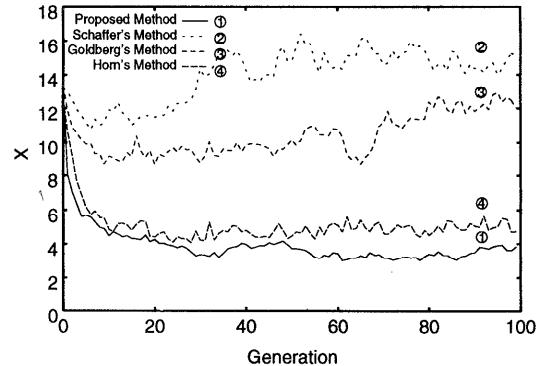


図 10 問題 1 における指標  $X$  の世代による変化  
Fig. 10 Performance measure  $X$  versus generation number for problem 1.

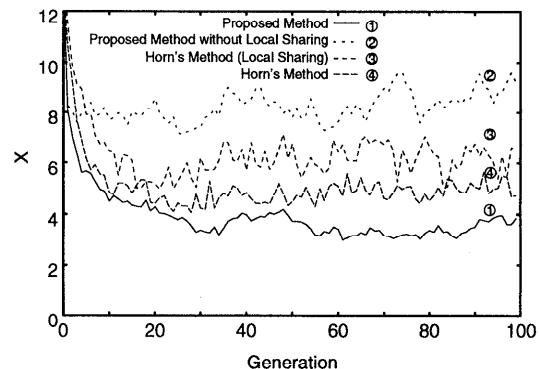


図 11 問題 1 における局所的なシェアリングの有効性  
Fig. 11 Effectiveness of local sharing for problem 1.

を検証するために、比較実験を行った。提案手法、提案手法において局所的なシェアリングを用いなかった場合、Horn らの方法においてシェアリングの計算対象を集団全体ではなく  $t_{dom}$  個の比較集合に限った場合、Horn らの方法、それについて上と同様に指標  $X$  の値をプロットした（図 11）。

提案手法と提案手法で局所的なシェアリングを用いなかった場合を比較すると、局所的なシェアリングを用いた場合  $X$  の値をより低くできていることから、その有効性を確認できる。また、Horn らの方法においてシェアリングの対象を限定し局所的なシェアリングを用いた場合、 $X$  の値が増加し性能が悪化していることが分かる。これは、局所的なシェアリングは全般的なシェアリングの近似であることから、類似した個体を十分に淘汰できなかったためである。しかし、Horn らの全般的なシェアリング手法に比べ提案手法のほうがより性能が良いことから、局所的なシェアリングは局所的な遺伝的操作と組み合わせることによって有効な近似手法になることが分かる。

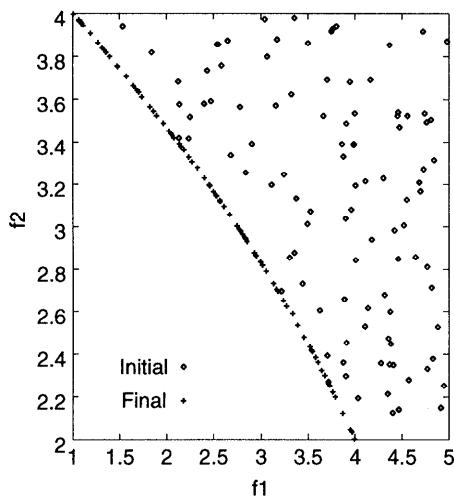


図 12 問題 2 における初期集団の個体の分布および得られた解  
Fig. 12 Initial population and obtained solutions for problem 2.

## 5.2 問題 2

問題 2 は、

$$\min_x \begin{cases} f_1(x) = x_1(1 - x_2) + 5, \\ f_2(x) = 2\sqrt{x_1} \end{cases} \quad (16)$$

$$1 \leq x_1 \leq 4, 1 \leq x_2 \leq 2 \quad (17)$$

である。この問題は、関数空間での実行可能領域が非凸な 2 目的最適化問題である。長さ 20 の 01 のビット列を GA の染色体とし、 $x_1, x_2$  を 10 ビットずつ用いて表現する。その他の GA のパラメータは、問題 1 と同一である。図 12 に初期集団の分布および、提案手法によって得られたパレート最適個体を示す。図 12 より、実行可能領域が非凸の場合においても、問題 1 と同様に提案手法が均一なパレート最適解集合を発見していることが分かる。

次に、提案手法および従来手法における指標  $X$  の値を問題 1 と同様にプロットしたものが図 13 である。なお、指標  $X$  はパレート最適解の領域を 10 個の大きさの等しい領域に分割して計算した。また、局所的なシェアリングの有効性を調べるために比較実験も問題 1 と同様に行い、その結果を図 14 に示した。

いずれの実験結果においても問題 1 と同様の結論がいえ、本論文で提案する方法は、実行可能領域が非凸の場合においても多様なパレート最適解を求めるために効果的であることが分かる。

## 6. 結 論

本論文では、近傍モデル GA を用いて、多目的最適

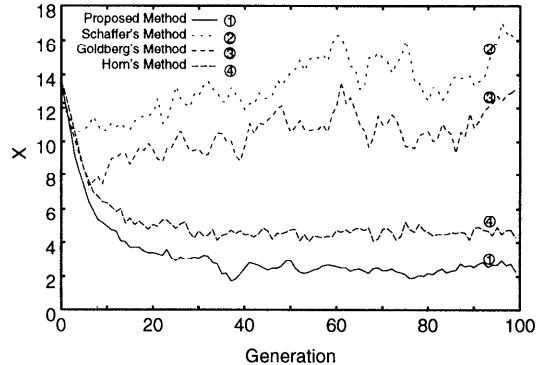


図 13 問題 2 における指標  $X$  の世代による変化  
Fig. 13 Performance measure  $X$  for problem 2 versus generation number.

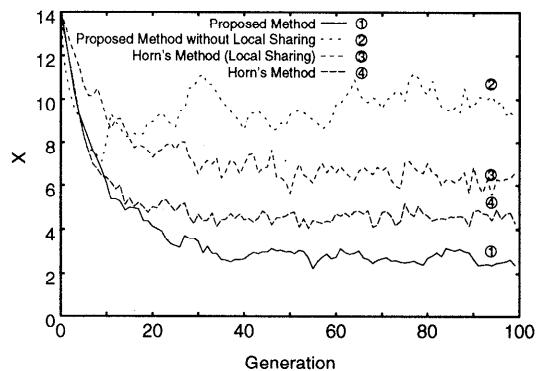


図 14 問題 2 における局所的なシェアリングの有効性  
Fig. 14 Effectiveness of local sharing for problem 2.

化問題のパレート最適解集合を直接求める方法を提案した。2 種類の多目的関数最適化問題に対して数値実験を行った結果、いずれの実験結果でも少ない計算量で従来手法と比べてより均一なパレート最適解集合を得ており、提案手法の有効性が確認された。さらに提案手法は容易に並列化が可能であり、本質的に超並列アーキテクチャに適した計算構造を持っている。

今後の課題として、目的関数の次元数が収束に与える影響の評価、ユーザインターフェースの開発を含めた GA を用いた多目的意志決定法の全体的枠組みの構築、現実規模の複雑な問題に対する提案手法の有効性の評価などがあげられる。また、近傍モデル GA および局所的なシェアリングの有効性の理論的解析も並行して行う必要がある。

なお、この研究は一部分文部省重点領域研究 08279102 によって行われた。

## 参 考 文 献

- 1) 西川、三宮、茨木：最適化、pp.135–173、岩波書

- 店 (1982).
- 2) Goldberg, D.E.: *Genetic Algorithms in Search, Optimization, and Machine Learning*, Addison Wesley (1989).
  - 3) Fonseca, C.M. and Fleming, P.J.: Genetic Algorithms for Multiobjective Optimization, *Proc. 5th International Conference on Genetic Algorithms*, pp.416-423 (1993).
  - 4) Schaffer, J.D.: Multiple Objective Optimization with Vector Evaluated Genetic Algorithms, *Proc. 1st International Conference on Genetic Algorithms and Their Applications*, pp.93-100 (1985).
  - 5) Horn, J., Nafpliotis, N. and Goldberg, D.E.: A Niched Pareto Genetic Algorithm for Multiobjective Optimization, *Proc. 1st IEEE Conference on Evolutionary Computation*, pp.82-97 (1994).
  - 6) Rendon, M.V. and Charre, E.U.: A Non-Generational Genetic Algorithm for Multiobjective Optimization, *Proc. 7th International Conference on Genetic Algorithms*, pp.658-665 (1997).
  - 7) Fonseca, C.M. and Fleming, P.J.: An Overview of Evolutionary Algorithms in Multi-objective Optimization, *Evolutionary Computation*, Vol.3, No.1, pp.1-16 (1995).
  - 8) Muhlenbein, H.: Parallel Genetic Algorithms, Population Genetics and Combinatorial Optimization, *Proc. 3rd International Conference on Genetic Algorithms*, pp.416-421 (1989).
  - 9) 村川正宏, 吉澤修治: 遺伝的アルゴリズムを用いた多目的最適化, 日本神経回路学会第6回全国大会論文集, pp.251-252 (1995).
  - 10) Paz, E.C.: A Summary of Research on Parallel Genetic Algorithms, *IlliGAL Report 97003*, University of Illinois (1997).
  - 11) Deb, K. and Goldberg, D.E.: An Investigation of Niches and Species Formation in Genetic Function Optimization, *Proc. 3rd International Conference on Genetic Algorithms*, pp.42-50 (1989).
- (平成 10 年 3 月 17 日受付)  
(平成 11 年 1 月 8 日採録)



村川 正宏（学生会員）

平成 8 年東京大学大学院工学系研究科修士課程修了。現在同研究科機械情報工学専攻博士課程在学中。遺伝的アルゴリズム、ニューラルネットワーク、強化学習の研究に従事。日本神経回路学会学生会員



吉澤 修治

昭和 39 年東京大学大学院工学系研究科修士課程修了。同年（株）日立製作所中央研究所勤務。昭和 42 年東京大学工学部助手。昭和 46 年工学博士。同年同大学講師。昭和 49 年同助教授。平成 4 年同教授。生体情報工学、非線形力学の研究に従事。日本神経回路学会、計測自動制御学会、日本 ME 学会、電子情報通信学会、IEEE 各会員。