

# 適応的重みを有する多目的最適化のための分散遺伝的アルゴリズム

廣 安 知 之<sup>†</sup> 上 浦 二 郎<sup>††</sup>  
三 木 光 範<sup>†</sup> 渡 邊 真 也<sup>††</sup>

分散遺伝的アルゴリズム (DGA) では、母集団は複数のサブ母集団によって構成される。これまでの研究の結果、DGA は単一目的最適化においては母集団を分割しない GA よりも高い解探索能力を有する一方で、多目的最適化においては母集団を分割しない他の進化的手法に劣ることが分かっている。これは、DGA ではサブ母集団内の個体数が少なくなることにより、多目的最適化において重要である多様性の保持を適切に行うことができないためである。このため本論文では、各サブ母集団に異なった重みベクトルを与えることによって、それぞれのサブ母集団内での探索範囲を限定しつつ母集団全体としての多様性の保持を行う多目的最適化に適した DGA のモデルとして、重み適応型遺伝的アルゴリズム (Adaptive Weighted Genetic Algorithm: AWGA) を提案する。AWGA は、近年の研究によって多目的最適化を行う際の有効性が示されている複数の機構を採用している。複数のテスト関数において AWGA を SPEA2, NSGA-II の 2 手法と比較した結果として、AWGA は SPEA2, NSGA-II よりも広範囲に分布する非劣解集合を得ることを示す。

## Multi-objective Distributed Genetic Algorithm with Weight Adaptation

TOMOYUKI HIROYASU,<sup>†</sup> JIRO KAMIURA,<sup>††</sup> MITSUNORI MIKI<sup>†</sup>  
and SHINYA WATANABE<sup>††</sup>

In Distributed Genetic Algorithms (DGAs), a population is divided into sub populations. In previous studies, DGA shows the superior result to the canonical GA in single objective optimizations. However, compared with other evolutionary algorithms, DGA shows an inferior result in multiple objective optimizations. Because the size of the sub populations is small, the diversity of the solutions is an important factor in solving multiple objective optimization problems (MOPs) and cannot be preserved. In this paper, an improved DGA for multiple objective optimization named "Adaptive Weighted Genetic Algorithm (AWGA)" is proposed. In AWGA, each sub-population has a different weight vector and searches for a different region. Therefore, AWGA preserves the diversity of the solutions appropriately. AWGA provides several mechanisms that are effective indicators for solving MOPs in former studies. From comparing the result of AWGA with SPEA2 and NSGA-II using different test problems, AWGA yields more widespread non-dominated solutions than SPEA2 and NSGA-II.

### 1. はじめに

進化的計算法を用いて多目的最適化を行うアプローチは、Shaffer の Vector Evaluated Genetic Algorithm (VEGA)<sup>1)</sup>以降、さかんに研究が行われ、様々なアルゴリズムの提案が行われている<sup>2)~4)</sup>。その中でも Zitzler らの SPEA2<sup>2)</sup>と、Deb らの NSGA-II<sup>3)</sup>は、特に良質な非劣解を得ることができると報告されている。

しかしながら、一般に進化的計算法は多くの反復計

算を必要とするために計算負荷が高いという問題がある。これは SPEA2, NSGA-II についても同様である。

進化的計算法は潜在的に並列処理に適した特徴を持っているため、これまでに進化的計算法の並列化に関する研究が行われてきた<sup>5)</sup>。特に遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithm: GA) の並列モデルは並列処理に適しているだけでなく、解の多様性を維持することが可能であるため、解探索能力に優れるという報告がなされている<sup>6)</sup>。一方で、多目的最適化における並列モデルの研究例は非常に少ない。さらに、母集団を分割したモデルを多目的問題に適用した場合、良質な解を求めることができないことも報告されている<sup>7)</sup>。そのため、並列モデルを多目的問題に適用する場合には、解の探索能力を維持したモデルの開発が望まれる。

<sup>†</sup> 同志社大学工学部  
Faculty of Engineering, Doshisha University

<sup>††</sup> 同志社大学大学院  
Graduate School of Engineering, Doshisha University

本論文では、多目的最適化のための並列遺伝的アルゴリズムとして、重み適応型遺伝的アルゴリズム ( Adaptive Weighted Genetic Algorithm: AWGA ) の提案を行う。AWGA は、Tanese の分散遺伝的アルゴリズム ( Distributed Genetic Algorithm: DGA <sup>8)</sup> を、Kaneko らの環境分散スキーム ( Distriubted Environment Scheme: DES <sup>9)</sup> の考え方をういて拡張したもので、サブ母集団ごとに異なる重みベクトルを持つ。また、AWGA は近年の研究によって多目的最適化を行う際の有効性が示されている複数の機構を採用している。本論文では、複数のテスト関数において AWGA を SPEA2, NSGA-II の 2 手法と比較することで、AWGA の解探索能力を検討する。提案アルゴリズムの並列性の検討については今後の課題である。

## 2. 多目的遺伝的アルゴリズム

### 2.1 多目的最適化問題

最適化問題において目的関数が複数存在する場合、その問題は特に多目的最適化問題 ( Multi-objective Optimization Problems: MOPs ) と呼ばれる。

多目的最適化において求める解は「ある目的関数値を改善するためには、少なくとも他の 1 つの目的関数値を改悪しなければならないような解」となる。この解の概念は、パレート最適解 ( Pareto-optimal solution ) と呼ばれる。しかしながら、定義された状態空間上のパレート最適解を得ることは容易ではなく、パレート最適解には劣るものの、その時点までに探索した他の解には劣らない解を求める。このような解は特に非劣解 ( non-dominated solution ) と呼ばれる。

### 2.2 多目的遺伝的アルゴリズム

進化的計算を用いて多目的最適化を行うアプローチは、進化的多目的最適化 ( Evolutionary Multi-Criterion Optimization: EMO ) と呼ばれる。EMO においてよく用いられる進化的手法に遺伝的アルゴリズム ( Genetic Algorithm: GA <sup>10)</sup> がある。GA は多点探索であり、求める解が複数存在する多目的最適化に適した手法である。最近の研究において、Zitzler らの SPEA2 <sup>2)</sup> と Deb らの NSGA-II <sup>3)</sup> は、特に良質な非劣解を得ることができるとされている。

SPEA2 と NSGA-II は、以下の共通した特徴を持つ。

- (1) 探索により得られた非劣解集合を非劣解アーカイブとして個体とは別に保持する。
- (2) 特別なパラメータを設定することなく個体の混雑度を見積もり、混雑度の高い個体を削除する。

これらの特徴により、探索の途中で得られた非劣解集合を、特定のパラメータに依存することなく適切に

保持することができる。このことは良質な非劣解集合を得るために有効であり、本論文でもこれらの特徴を備えた多目的 GA を提案する。

## 3. 分散遺伝的アルゴリズム

分散遺伝的アルゴリズム ( Distributed Genetic Algorithm: DGA <sup>8)</sup> は、GA の並列化モデルの 1 つとして Tanese によって提案されたものであり、複数のサブ母集団 ( 島 ) の集合によって母集団を構成する。DGA では、各島内は独立して GA を行いながら、数世代に一度、移住と呼ばれる操作によって島間で探索情報の交換を行う。DGA は、単一目的の最適化においては、母集団が 1 つである GA よりも有効な解探索を行うことができる <sup>6)</sup> 一方で、多目的最適化においては良質な非劣解集合を探索することができない <sup>7)</sup>。多目的最適化では広範囲に分布する非劣解集合を同時に探索する必要があるが、DGA は島内の個体数が少ないために、効果的な探索ができないためであると考えられる。島内の個体数の減少による探索能力の低下を回避するためのアプローチとして、各島が探索する領域を限定することが考えられる。本論文で提案する手法では、Kaneko らの環境分散スキーム ( Distributed Environment Scheme: DES <sup>9)</sup> の考え方をういて、各島に異なった重みベクトルを与えることにより、各島が探索する領域を限定する。

## 4. 重み適応型遺伝的アルゴリズム

### 4.1 アルゴリズムの概要

本論文では、多目的最適化のための並列 GA として重み適応型遺伝的アルゴリズム ( Adaptive Weighted Genetic Algorithm: AWGA ) を提案する。

AWGA は、DGA を基礎とし、複数の島の集合によって母集団を構成する。各島をプロセッサに割り当てることによる並列処理が可能であるが、本論文は AWGA の解探索能力の検証を目的とし、並列計算機上への実装は行わない。

AWGA において、各島は異なった重みベクトルを持つ。移住は近い重みベクトルを持つ島間で行う。この際に、重みベクトルとトーナメントサイズが適応的に変化する。

AWGA は、探索過程において得られた非劣解を島ごとに非劣解アーカイブに保持する。また、適合度の高い個体をエリート個体アーカイブに保持する。

AWGA は、佐藤らの研究 <sup>11)</sup> を参考に、子を生成するための親を選ぶための選択である複製選択 ( Selection for Reproduction ) と、次世代に生き残る個体を選ぶ

ための選択である生存選択 (Selection for Survival) の2種類の選択により世代交代を行う。

AWGAの流れを以下に示す。

**Step 1. Initialization** 各島に異なった重みベクトルを割り当てる。各島において個体をランダムに生成し、空のエリート個体と非劣解のアーカイブを作成する。重みベクトルの割当て方法は4.2節で説明する。

**Step 2. Evaluation** Step 1で生成した個体を評価し、エリート個体アーカイブと非劣解アーカイブを更新する。アーカイブの更新方法は4.4節で説明する。

**Step 3. Selection for Reproduction** 複製選択を行い、Mating Poolを作成する。Mating Poolは子を生成するための親と、親によって生成された子を格納する。複製選択の方法は4.6節で説明する。

**Step 4. Neighborhood Migration & Weight Adaptation** あらかじめ設定した移住間隔で世代数が割り切れるとき、各島は重みベクトルの近い島との間で個体の交換を行う。また、この際に重みベクトルとトーナメントサイズが適応的に変化する。移住の方法は4.7節で、適応変化の方法は4.8節で説明する。

**Step 5. Crossover & Mutation** Mating Poolの個体に対して、あらかじめ設定した交叉回数の交叉を行い、生成された子個体に対して突然変異を行う。

**Step 6. Evaluation** Step 5で生成した個体を評価し、アーカイブの更新を行う。

**Step 7. Selection for Survival** 生存選択を行い、次世代の個体群を作成する。また、Mating Poolを破棄する。生存選択の方法は4.9節で説明する。

**Step 8. Terminal Criterion** あらかじめ設定した終了条件を満たした場合に、AWGAを終了する。終了条件を満たさない場合は、世代数に1を加算し、Step 3に戻る。本論文では、評価の回数があらかじめ設定した数を超えた場合を終了条件とした。

#### 4.2 重みの割当て方法

AWGAでは、広範囲に分布する非劣解集合を得ることを目的とした重みベクトルの割当てを行う。

目的関数が $n$ 個存在するとき、重みベクトル $\vec{W}$ は $n-1$ 次元の超平面上に配置される。重みベクトルの要素 $W_i$  ( $i=1, \dots, n$ )を0以上の整数で表すとき、その総和 $\sum_{i=1}^n W_i$ が自然数 $d$ となる重みベクトルの種類の数 $N_n(d)$ は次の再帰式で求められる<sup>4)</sup>。

$$N_2(d) = d + 1$$

$$N_3(d) = \sum_{i=0}^d N_2(i) = \sum_{i=0}^d (i+1) = \frac{(d+1)(d+2)}{2}$$

$$N_4(d) = \sum_{i=0}^d N_3(i) = \sum_{i=0}^d \frac{(i+1)(i+2)}{2}$$

⋮

$$N_n(d) = \sum_{i=0}^d N_{n-1}(i)$$

AWGAでは、島数 $N_{island}$ を超えない範囲で最大の $N_n(k)$ となる $k$ を $d$ として重みベクトルを割り当てた後、 $N_{island} - N_n(k)$ 個の島については $[0, 1)$ の範囲で $n$ 個の一樣乱数を発生させて重みベクトルを割り当てる。すべての重みベクトルは要素の合計が1になるように正規化する。

#### 4.3 適合度の割当て方法

AWGAでは、個体の適合度を個体集団内での相対的な値として割り当てる。重みベクトル $\vec{W} = (W_1, W_2, \dots, W_n)$ を持つ島において、適合度割当ての対象となる個体集団における目的関数 $F_i$  ( $i=1, 2, \dots, n$ )の最小値を $f_i^{min}$ 、最大値を $f_i^{max}$ で表すとき、目的関数値 $\vec{f} = (f_1, f_2, \dots, f_n)$ を持つ個体の適合度 $f_{fit}$ は次式によって算出される。ここで、 $F_i$ が最小化を目的とする場合には、 $-1$ を乗じることでより最大化が目的となるように変換しておく。

$$f_{fit}(x) = \sum_{k=1}^n W_k f'_k(x) \quad (i.e. \quad 1 \leq f_{fit} \leq 2)$$

$$f'_k(x) = 1 + \frac{f_k - f_k^{min}}{f_k^{max} - f_k^{min}}$$

#### 4.4 アーカイブの更新

更新後のエリート個体アーカイブ $P_e^{new}$ は、個体群 $P_p$ 、非劣解アーカイブ $P_{nd}$ 、更新前のエリート個体アーカイブ $P_e$ の中で最も適合度の高いものを保持する。エリート個体アーカイブの更新の手順を手順1に示す。

手順1

- (1)  $P_p, P_{nd}, P_e$ に対して、4.3節の方法に従って適合度の割当てを行う。
- (2)  $P_p, P_{nd}, P_e$ より、最大エリート保存数 $N_e^{max}$ を限度として、適合度の高い個体から順に、重複しない $N_e$  ( $1 \leq N_e \leq N_e^{max}$ )個の個体を抜き出し、新たなエリート個体アーカイブ $P_e^{new}$ とする。

更新された非劣解アーカイブ $P_{nd}^{new}$ は、 $P_p, P_{nd}, P_e^{new}$ に含まれる、非劣解を保持する。非劣解アーカイブの更新の手順を手順2に示す。

## 手順 2

- (1)  $P_p, P_{nd}, P_e^{new}$  から、非劣解  $P_{nd}^{temp}$  を抽出する。
- (2) 非劣解  $P_{nd}^{temp}$  を新たな非劣解アーカイブ  $P_{nd}^{new}$  とする。
- (3)  $P_{nd}^{new}$  の数  $N_{nd}^{new}$  が最大非劣解保存数  $N_{nd}^{max}$  を超える場合、4.5 節の方法によって  $P_{nd}^{new}$  から  $N_{nd}^{new} - N_{nd}^{max}$  個の個体を削減する。

## 4.5 非劣解アーカイブの削減方法

AWGA では、非劣解アーカイブ  $P_{nd}$  の数  $N_{nd}$  が最大非劣解保存数  $N_{nd}^{max}$  を超えた場合、 $N_{deleted}(= N_{nd} - N_{nd}^{max})$  個の個体を  $P_{nd}$  から削減する。以下にその手続きを示す。

- (1)  $P_{nd}$  内の個体群について、各目的関数を基準にして順位を付ける。つまり、 $n$  目的の場合には、 $n$  種類の順位付けがされる。
- (2) それぞれの順位付けの結果、最上位と最下位になった個体は無条件に非劣解アーカイブに残す。
- (3) (2) の個体をのぞいた各個体  $p$  について、(4) から (6) を行い、削除する個体を 1 個体決定する。
- (4) それぞれの順位付け  $j$  ( $j = 1, 2, \dots, n$ ) について、個体  $p$  よりも順位が高く、削除することが決定していない個体群  $P_{no-deleted}^{upper}$  のうちで、最も順位の低い 1 個体  $a$  と、個体  $p$  よりも順位が低く、削除することが決定していない個体群  $P_{no-deleted}^{lower}$  のうちで、最も順位の高い 1 個体  $b$  の 2 個体を選び出し、目的関数  $j$  に関する個体  $p$  の近傍個体  $P_j(p)$  とする。 $P_j(p)$  ( $j = 1, 2, \dots, n$ ) のうち 1 つ以上に含まれる個体を個体  $p$  の近傍個体  $P(p)$  とする。
- (5) 個体  $p$  とその各近傍個体との距離を 4.3 節で求めた  $\bar{f}'$  の空間でのユークリッド距離として計算し、個体  $p$  から最も近い 2 個体  $c, d$  との距離  $D_{(p,c)}, D_{(p,d)}$  を平均した値を個体  $p$  のニッチ度とする。ニッチ度が高いほど、個体  $p$  は他の非劣解から離れていることを示す。
- (6) ニッチ度の最も小さい個体を、 $P_{nd}$  から削除することを決定する。最小のニッチ度を持つ個体が複数存在する場合、それらの個体  $P_m$  のうちで近傍個体との距離が最も短い個体を削除することを決定する。最も近い近傍個体との距離についてまず比較を行い、距離が等しい場合には 2 番目、3 番目と順番に比較を行う。 $P_m$  のうちで近傍個体数が最小である個体の近傍個体数を  $N_m$  としたとき、距離の比較は最大で  $N_m$

回行われる。 $N_m$  回の比較を行ってもなお削除する個体を決定できない場合には、 $P_m$  の中からランダムに選んだ個体を削除することを決定する。

- (7) (6) で削除することを決定した個体  $r$  を近傍として含んでいた個体  $q$  について、(4)、(5) の操作を行い、近傍とニッチ度を再定義する。
- (8)  $P_{nd}$  から削除することを決定した個体群  $P_{deleted}$  の数  $N_{deleted}$  が、アーカイブの削減量  $N_{delete}$  に等しい場合は、 $P_{nd}$  から  $P_{deleted}$  を削減する。 $N_{deleted} < N_{delete}$  の場合は (6) に戻る。

## 4.6 複製選択

個体を  $P_p$ 、非劣解アーカイブを  $P_{nd}$ 、エリート個体アーカイブを  $P_e$ 、トーナメントサイズを  $N_t$  としたとき、以下の手順を 2 回行い、2 個の個体を抽出する。

- (1)  $P_p, P_{nd}, P_e$  からランダムに  $N_t$  個の個体を非復元抽出により選ぶ。
- (2) (1) で選んだ  $N_t$  個の個体のうち、最も適合度の高い個体を Mating Pool にコピーする。

## 4.7 近傍移住

AWGA では、移住は重みベクトルの近い 2 島との間で行われる。手続き 1 に近傍移住の手順を示す。

## 手続き 1

- (1) 手続き 2 を行い、島  $i$  ( $i = 1, 2, \dots, N_{island}$ ) について近傍島  $I(i)$  を定義する。
- (2) すべての島  $i$  について、近傍島  $I(i)$  の中から 2 島をランダムに選ぶ。近傍島が 1 島の場合は、その 1 つの近傍島とその島自身の 2 島とする。
- (3) すべての島  $i$  について、(2) で選んだ 2 島の Mating Pool 内の個体を 1 個体ずつランダムに選び、新たな Mating Pool を作成する。
- (4) 各島の Mating Pool を (3) で作成した新しい Mating Pool によって上書きする。

## 手続き 2

- (1) 各目的関数  $j$  ( $j = 1, 2, \dots, n$ ) に対する重み  $W_j$  を基準にして各島に順位を付ける。
- (2) それぞれの順位付け  $j$  について、各島  $i$  の 1 位上の島  $a$  と 1 位下の島  $b$  が存在する場合には、それらを近傍島  $I_j(i)$  とする。 $I_j(i)$  のうち 1 つ以上に含まれる島を島  $i$  の近傍島  $I(i)$  とする。

## 4.8 重み変化

AWGA では、様々なパレート最適フロントに対応するために、各島に与えられた重みベクトルとトーナメントサイズが適応的に変化する。重み変化は、それぞれの島において各目的関数  $j$  ( $j = 1, 2, \dots, n$ ) に対

して独立して行われる．以下に島  $C$  の目的関数  $j$  に対する重み変化の手順を示す．

- (1) 島  $C$  の目的関数  $j$  に関する重みを  $W_j^C$  としたときに、近傍移住の際に定義した近傍島の中から、 $W_j^A < W_j^C < W_j^B$  となり、かつ最も  $W_j^C$  に近い重みを持つ島  $A, B$  を選ぶ． $A$  あるいは  $B$  の島が近傍内に存在しない場合は、島  $C$  は目的関数  $j$  について重み変化しない．
- (2) 島  $A, B, C$  の最も適合度の高い個体の目的関数  $j$  の値をそれぞれ  $f_j^A, f_j^B, f_j^C$  としたとき、 $f_j^A \leq f_j^C \leq f_j^B$  を満たさない場合は、島  $C$  は目的関数  $j$  について重み変化しない．
- (3)  $W_j^A$  と  $W_j^B$  のうち、 $W_j^C$  との差が大きい方の重みを  $W_j^D$  とし、平均  $W_j^C + \alpha(W_j^D - W_j^C)$ 、標準偏差  $\beta(W_j^D - W_j^C)$  で発生させた正規乱数  $W_{Rand}$  によって  $W_j^C$  を置き換える．ただし  $W_{Rand}$  は、 $W_j^A < W_{Rand} < W_j^B$  とし、この範囲に入らない場合には再度乱数を発生させる．
- (4) 特に、 $f_j^A = f_j^B$  を満たす場合には、島  $C$  が探索している非劣解フロントが非凸型であると判断し、島  $C$  のトーナメントサイズ  $N_t$  が 1 よりも大きいならば、 $N_t$  を 1 減少させる． $f_j^A \neq f_j^B$  の場合には、島  $C$  が探索している非劣解フロントが非凸型ではないと判断し、島  $C$  の  $N_t$  が最初に設定したトーナメントサイズよりも小さいならば、 $N_t$  を 1 増加させる．

#### 4.9 生存選択

Mating Pool からランダムに 2 個体を復元抽出により選び、現世代の個体群のうち、最も適合度の低い 2 個体を置き換えて次世代の個体群を作成する．

### 5. 数値実験

#### 5.1 様々なパレート最適フロントを持つ問題への AWGA の適用

本節では、AWGA が様々なパレート最適フロントに対して有効であることを検証する．ここでは、Zitzler らによって提案されたパレート最適フロントに異なった特徴を持つテスト問題のセットである ZDT1 から ZDT6 を使用する<sup>12)</sup>．ZDT5 以外のすべての問題について 1 つの設計変数を 20 ビットの Gray コードを用いて表現し、表 1 のパラメータを使用して 30 試行の実験を行った．図 1 は、計算終了時に各島が保存していた非劣解アーカイブを 1 つにまとめ、4.5 節の方法で 100 個に削減した非劣解集合を、すべての試行について図示したものである．

図 1 より、AWGA は非劣解フロントに多峰性のあ

表 1 パラメータ  
Table 1 Parameters.

Parameter	Value
population size	50(ZDTx), 100(KUR), 300(KP)
number of islands	10(ZDTx, KUR), 30(KP)
archive size	50(non-dominated solutions) 5(elite solutions)
init. tournament size	5
crossover method	2 points crossover
number of crossovers	5
mutation method	bit flip
mutation rate	1/(chromosome length)
migration interval	10
$\alpha$ (weight change)	0.01
$\beta$ (weight change)	0.01
terminal criterion	50,000(ZDTx), 100,000(KUR) 600,000(KP)

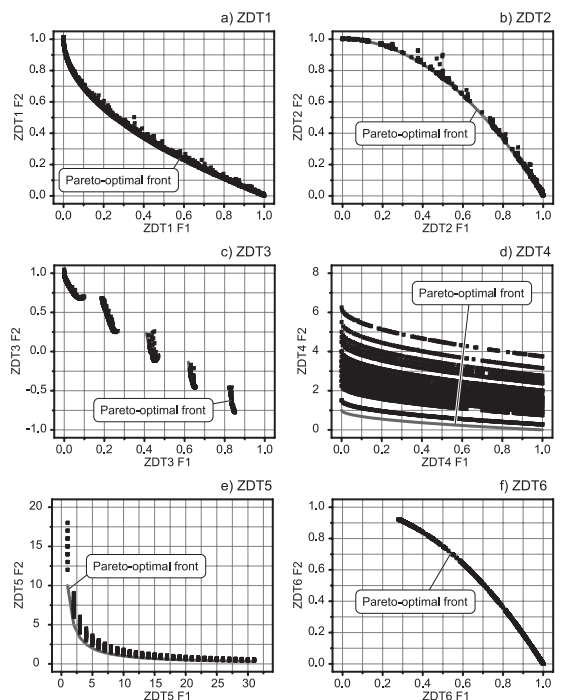


図 1 得られた非劣解集合 (ZDTx)

Fig. 1 Derived non-dominated solutions (ZDTx).

る問題 (ZDT4, ZDT5) 以外では、パレート最適フロントの形状によらずにパレート最適フロント上の解集合を偏りなく得ることができ、また、非劣解フロントに多峰性のある問題でも、試行によってはパレート最適フロントに近い非劣解フロント上の解集合を偏りなく得ることができることが分かる．

これらの結果により、AWGA は様々なパレート最適フロントを持つ問題においても良質な非劣解集合を得ることができるといえる．

5.2 他の手法と AWGA との比較

5.2.1 実験概要

本節では、AWGA を他の進化的手法と比較することにより、AWGA が比較手法と比べてより広い範囲に分布する非劣解集合を得ることを示す。比較手法は SPEA2 と NSGA-II の 2 手法とした。対象問題は連続関数最適化問題の KUR<sup>13)</sup> と、組合せ最適化問題の 750 荷物 3 目的ナップザック問題 (KP750-3<sup>14)</sup>) である。KP750-3 において、制約条件違反の個体には、制約条件を満たすまで 1 つずつランダムに選んだ荷物を減らして再評価することにより引き戻しを行う。

5.2.2 評価手法

多目的最適化手法の比較を行う際には、各手法によって得られた非劣解集合を評価する必要がある。良質な非劣解集合に求められる性質には、性質 1) パレート最適フロントとの距離が小さいこと、性質 2) 広範囲に分布していること、性質 3) 偏りなく均等に分布していること、があげられるが、これらのすべてを定量的に評価することは困難である。本論文では、非劣解集合を図示することによる視覚的な性質 2、性質 3 の評価に加えて、性質 1 を重視しながら、性質 2 についても評価することができる評価手法として、Tan らによって提案された Ratio of Non-dominated Individuals (RNI)<sup>5)</sup> を、2 手法間の比較手法としたものを使用する。以降、これを RNI of Two Sets (RNI-2) と呼ぶ。RNI-2 の手続きを以下に示す。

RNI-2

- (1) 2 手法  $A, B$  によって得られた非劣解集合  $Set_{nd}^A$  と  $Set_{nd}^B$  をまとめ、集合  $Set^{A+B}$  を作成する。
- (2)  $Set^{A+B}$  から非劣解でないものを削除し、非劣解集合  $Set_{nd}^{A+B}$  を作成する。2 手法によって同一の非劣解が得られている場合に限り、非劣解の重複を許す。
- (3)  $Set_{nd}^{A+B}$  のうち、手法  $A$  によって得られた非劣解の割合を  $RNI-2(A, B)$ 、手法  $B$  によって得られた非劣解の割合を  $RNI-2(B, A)$  とする。

図 2 は、RNI-2 を図示したものである。RNI-2( $A, B$ ) の値が大きいくほど、手法  $A$  は手法  $B$  と比べて高精度の、広範囲に分布する非劣解集合を探索できているといえる。本節の実験では、各手法について複数回の試行を行うため、2 手法間のすべての試行の組合せについて RNI-2 を適用する。RNI-2 の値のばらつきを考慮するために、ボックスチャートとヒストグラムを使用して検討を行う。

図 3 は、このボックスチャートとヒストグラムを図示したものである。左のボックスチャートは、下から

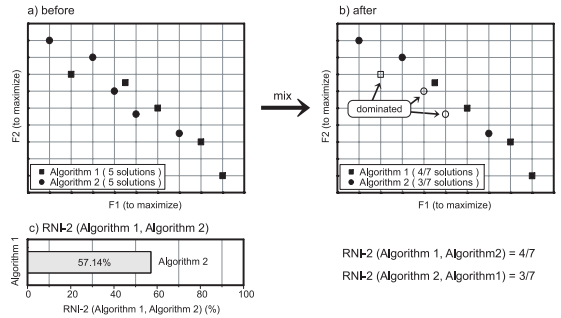


図 2 RNI of two sets.

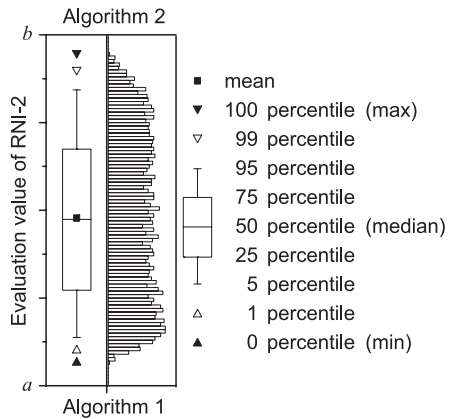


図 3 ボックスチャート：RNI-2 (Algorithm 1, Algorithm 2)

0, 1, 5, 25, 50, 75, 95, 99, 100 (%) の値が含まれる範囲 (percentile) と、平均値 (mean) を示す。下から 0%, 50%, 100% の値とはそれぞれ最小値 (min)、中央値 (median)、最大値 (max) を示す。右のヒストグラムは、0.0 から 1.01 までの範囲を 0.01 の幅のビンに分けたときに、それぞれのビンに入るデータの数を示す。RNI-2 の値は [0, 1] の範囲をとるため、1.00 から 1.01 のビンに含まれるのは 1.00、つまり Algorithm 1 で得られた非劣解集合が Algorithm 2 で得られたすべての非劣解集合を優越する場合のみである。RNI-2( $A, B$ ) の結果が図 3 のようになったとき、RNI-2 の値は 0.1 付近から 0.9 付近まで偏りなく分布していることから、両手法はともに同程度の性能であり、また、試行ごとの性能のばらつきが大きいことが分かる。

5.2.3 実験結果と考察

表 1 のパラメータを使用して 30 試行の実験を行った。図 4 は上から、AWGA, NSGA-II, SPEA2 の各手法によって得られた非劣解集合をすべての試行についてプロットしたものである。左が KUR、右が KP750-3 である。この図より、AWGA は偏りのない、SPEA2、

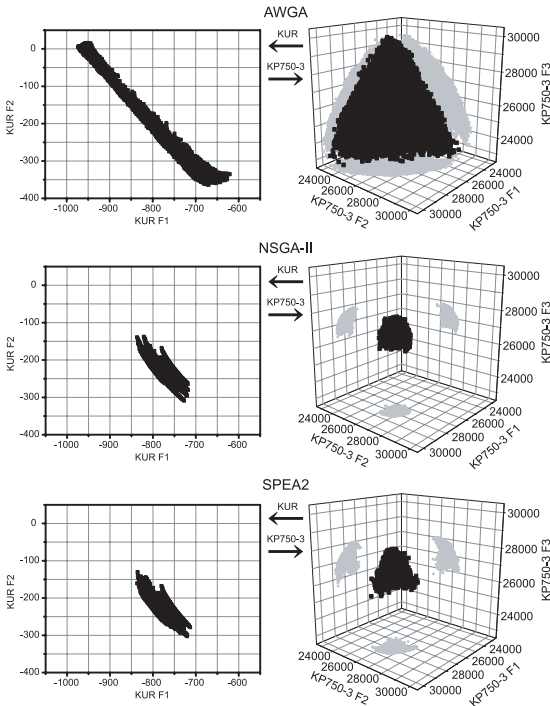


図 4 非劣解集合 (KUR, KP750-3)

Fig. 4 Non-dominated solutions (KUR, KP750-3).

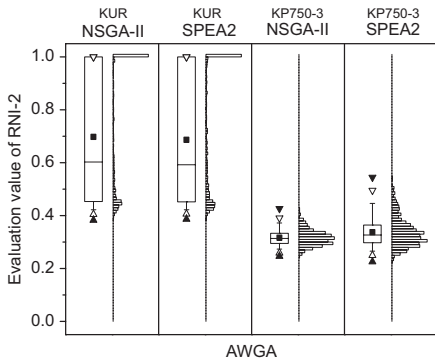


図 5 RNI-2 の結果

Fig. 5 The result of RNI-2.

NSGA-II よりも広い範囲に分布する非劣解集合を得ることができていることが分かる。さらに KUR では精度においても同等以上の結果を示している。

RNI-2の結果を図5に示す。左から、KURのRNI-2 (AWGA, NSGA-II), KURのRNI-2 (AWGA, SPEA2), KP750-3のRNI-2 (AWGA, NSGA-II), KP750-3のRNI-2 (AWGA, SPEA2)である。この図より、AWGAは、KURにおいてはSPEA2, NSGA-IIの両手法に勝るものの、KP750-3では劣ることが分かる。KURにおいて、RNI-2 (AWGA, SPEA2), RNI-2 (AWGA, NSGA-II)の値はほとん

どが [1.0, 1.01) のビンに分布していることが分かる。これにより、AWGAは問題によっては精度においてもSPEA2, NSGA-IIより優れた非劣解集合を得ることができる。しかしながら、KP750-3においては、SPEA2, NSGA-IIの両手法に劣る。AWGAは、広範囲にわたって解探索を行い、また、多様性の維持を考慮した世代交代モデルを行うために、SPEA2, NSGA-IIよりも非劣解フロントを進める力が弱くなる。そのため、非劣解集合の広がりよりも精度が優先される比較手法では非劣解フロントの中央付近を集中的に探索するSPEA2, NSGA-IIに劣る結果になる。

広範囲にわたる精度の良い非劣解フロントを得るためには、次の2つのアプローチが考えられる。

- (1) 非劣解フロントの中央付近を集中的に探索し、非劣解フロントの範囲を広げる。
- (2) 探索初期から広範囲に渡る非劣解フロントを探索しつつ、非劣解フロントの精度をあげる。

SPEA2, NSGA-IIといった従来のEMOのアプローチは前者である。前者のアプローチには、明示的に非劣解フロントを広げる仕組みはなく、非劣解フロントが広がるまでには非常に長い探索が必要となると考えられる。これに対して、AWGAのアプローチは後者である。パレート最適フロントの範囲が狭く、パレート最適フロントに局所性がない場合には、前者が有効となると考えられるが、パレート最適フロントが広範囲に分布する、あるいはパレート最適フロントに局所性が存在するなどの場合には、探索初期から多様性を考慮した探索を行う後者のアプローチが優れていると予想される。しかしながら、非劣解フロントを広げるためには精度を上げるよりも多くの探索を行う必要があると考えられることから、探索の早い段階から広い範囲に分布する非劣解集合を得ることは有効なアプローチであるといえる。

## 6. おわりに

本論文では、多目的最適化のための並列遺伝的アルゴリズムとして重み適応型遺伝的アルゴリズム (Adaptive Weighted Genetic Algorithm: AWGA) を提案した。AWGAは、各島に異なった重みベクトルを割り当てることにより、各島では単一目的の最適化を行いながら、全体では多目的の最適化を行う。AWGAは、近傍移住、重み変化、エリート個体と非劣解のアーカイブ、などの機構を備えている。実験の結果、以下のことが分かった。

- AWGAはトーナメントサイズを適応的に変化させるため、非凸型のパレート最適フロントを持つ

問題に対しても非劣解集合を得ることができる。

- AWGA は広範囲に分布する非劣解集合を探索することができる。

AWGA は解探索範囲が広いため、探索の早い段階においては精度の面で他手法に劣る場合がある。しかしながら、非劣解フロントを広げるためには精度を上げるよりも多くの探索を行う必要があると考えられるため、探索の早い段階から広い範囲に分布する非劣解集合を得ることができる AWGA は有効な多目的最適化アルゴリズムであるといえる。

### 参 考 文 献

- 1) Schaffer, J.D.: Multiple objective optimization with vector evaluated genetic algorithms, *Proc. ICGA '85*, pp.93–100 (1985).
- 2) Zitzler, E., Laumanns, M. and Thiele, L.: SPEA2: Improving the Strength Pareto Evolutionary Algorithm, Technical Report 103, Computer Engineering and Communication Networks Lab (TIK) (2001).
- 3) Deb, K., Agrawal, S., Pratap, A. and Meyarivan, T.: A Fast Elitist Non-Dominated Sorting Genetic Algorithm for Multi-Objective Optimization: NSGA-II, KanGAL report 200001, Indian Institute of Technology (2000).
- 4) Murata, T. and Gen, M.: Cellular Genetic Algorithms for Multi-Objective Optimization, *Proc. 4th AFSS*, pp.538–542 (2000).
- 5) Cantú-Paz, E.: A survey of parallel genetic algorithms, *IlligAL Report*, No.97003 (1997).
- 6) 廣安知之, 三木光範, 上浦二郎: 実験計画法を用いた分散遺伝的アルゴリズムのパラメータ推定, *情報処理学会論文誌：数理モデル化と応用*, Vol.43, No.SIG 10(TOM 7), pp.199–217 (2002).
- 7) Quagliarella, D. and Vicini, A.: Sub-population policies for a parallel multiobjective genetic algorithm with applications to wing design, *Proc. SMC*, pp.3142–3147 (1998).
- 8) Tanese, R.: Distributed Genetic Algorithms, *Proc. ICGA '89*, pp.434–439 (1989).
- 9) Kaneko, M., Hiroyasu, T. and Miki, M.: A Parallel Genetic Algorithm with Distributed Environment Scheme, *Proc. PDPTA*, Vol.2, pp.619–625 (2000).
- 10) Goldberg, D.E.: *Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning*, Addison-Wesley (1989).
- 11) 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*, Vol.12, No.5, pp.734–744 (1997).
- 12) Zitzler, E., Deb, K. and Thiele, L.: Comparison of Multiobjective Evolutionary Algorithms: Empirical Results, *EC*, Vol.8(2), pp.173–195 (2000).
- 13) Kursawe, F.: A Variant of Evolution Strategies for Vector Optimization, *Proc. PPSN I*, Vol.496, pp.193–197 (1991).
- 14) Zitzler, E. and Laumanns, M.: Test Problems for Multiobjective Optimizers, Technical report, Computer Engineering and Communication Networks Lab (TIK) (2001).  
<http://www.tik.ee.ethz.ch/~zitzler/testdata.html>
- 15) Tan, K.C., Lee, T.H. and Khor, E.F.: Incrementing Multi-Objective Evolutionary Algorithms: Performance Studies and Comparisons, *Proc. EMO'01*, pp.111–125 (2001).

(平成 14 年 10 月 31 日受付)

(平成 14 年 11 月 28 日採録)



廣安 知之 (正会員)

1997 年早稲田大学大学院博士課程修了。現在、同志社大学工学部助教授。創発的計算, 進化的計算, 最適設計, 並列処理等の研究に従事。IEEE, 日本機械学会, 超並列計算

研究会等会員。



上浦 二郎

2003 年同志社大学大学院修士課程修了。現在、株式会社村田製作所に勤務。進化的計算, 最適設計に興味を持つ。



三木 光範 (正会員)

1978 年大阪市立大学大学院博士課程修了。現在、同志社大学工学部助教授。進化的計算手法とその並列化および知的なシステムの設計に関する研究に従事。IEEE, 日本機械学会等会員, 超並列計算研究会代表。



渡邊 真也

2003 年同志社大学大学院博士課程修了。現在、独立行政法人産業技術総合研究所に勤務。多目的進化的計算, 最適設計, 並列処理等の研究に従事。