

多目的最適化のための分散遺伝的アルゴリズムにおける 広域ランドスケープ形成スキーム

廣安 知之 (tomo@mikilab.doshisha.ac.jp), 三木 光範, 渡邊 真也
同志社大学 工学部

本研究では, 多目的最適化におけるパレート最適解集合を分散遺伝的アルゴリズムにより求めるスキームの提案を行う. 得られる解集合の品質はその精度だけでなく同時にできるだけ広域でかつ多様性を維持していることが望まれる. そこで, 提案するスキームでは分散遺伝的アルゴリズムによりパレート最適解を求める戦略に加えて個体全体にシェアリングをかけることにより広い範囲でのランドスケープの形成を可能とする. 本研究では目的関数の数に依存しない簡便な解集合の評価方法および容易に拡張可能な多目的最適化問題の提案も同時に行っている. 提案されるスキームは数値計算例によりその有効性を検討している.

A Scheme of Forming Wide Area Landscape by Distributed Genetic Algorithms in Multiobjective Optimization Problems

Tomoyuki HIROYASU, Mitsunori MIKI, and Shinaya WATANABE

This paper introduces a new scheme of forming wide area landscape by distributed genetic algorithms in multiobjective optimization problems. The Pareto optimum solutions is derived by distributed genetic algorithms and the sharing is performed within the total population at the same time. The proposed scheme is examined and discussed through numerical examples.

Key Words: Distributed Genetic Algorithms, Multiobjective Optimization Problems, Sharing

1. はじめに

ある目的関数の値を制約条件内で最小もしくは最大化するような設計変数を探索する問題は最適化問題と呼ばれる. このような最適化問題の中でも目的関数を複数持つような問題は多目的最適化問題(Multiobjective Optimization Problems: MOPs)と呼ばれる. 通常, 目的関数間にトレードオフがあるため解は単一ではなく解集合となりその集合はパレート最適解集合と呼ばれている. 多目的最適化問題においては, このパレート解集合を得ることは多目的最適化問題の一つの目標であると言える.

遺伝的アルゴリズム(Genetic Algorithms: GAs)は生物の遺伝と進化を模擬した確率的探索手法の一つである. この遺伝的アルゴリズムによる多目的最適化問題に関連する研究は近年盛んに行われて

おり, それらの研究成果は Fonseca と Fleming によってまとめられている[1,2].

分散遺伝的アルゴリズム(Distributed Genetic Algorithms: DGAs)は遺伝的アルゴリズムにおける全個体をサブ集団に分割しこれらを島と呼ぶ. 分割された母集団である島内で通常の GAs を行い, 移住間隔と呼ばれるパラメータで決定される世代ごとに移住率と呼ばれるパラメータを基に島内で個体を選択し他の島へ移動させる. この操作を移住と呼ぶ. 単一の母集団 GAs と比較して DGAs では島内の個体数が少ないため早期に収束するが, 島ごとに異なったところでの収束が行われるために全体としては解の多様性が維持される. このため少ない個体数と少ない計算量で良い解が得られる.

MOPs においても DGAs は良い結果が期待できる. しかしながら DGAs による MOPs の研究は比

屋根の研究[3]など以外にはほとんど行われていない。

そこで本研究では逐次型の処理の中で DGAs を行い多目的最適化問題におけるパレート最適解集合を探索するスキームを提案する。特に、解の精度だけでなく多様性も維持するために、全個体に対してシェアリングを行っている。これによりより広いランドスケープの形成が期待できる。提案したスキームは4目的関数の多目的最適化問題によってその有効性を検討する。

2. 遺伝的アルゴリズムによる多目的最適化

2.1 パレート最適解

設計変数 x^0 が任意の $x \in F$ に対して $f_k(x^0) \leq f_k(x)$ を満足するならば x^0 は最適解であると言える。しかしながら、目的関数の間にはトレードオフの関係があるために一意の解が求まらないのが通常である。そこで MOPs においてはパレート最適解集合 (Pareto-optimum solutions) の概念が使用される [7]。

$x^0, x^* \in F, \forall k=1, \dots, p$ において $f_k(x^0) \leq f_k(x^*)$ であるような場合、 x^0 は x^* に対して優越するという。また、 x^0 に優越する $x \in F, x^0 \neq x$ が存在しないとき x^0 はパレート最適解であるという。

2.2 ランキング法とシェアリング

GAs の MOPs への適用は Schaffer による the Vector Evaluated Genetic Algorithms (VEGA) [9] であろう。これに対して、MOPs における GAs ではランキング法と呼ばれる方法により選択することで解のフロンティアをパレート最適解集合に近付けるのが一般的である [4]。まず全個体のすべてのランキングを $r=1$ とする。続いて他の個体に優越している個体を取り除き残った個体のランキングを $r=r+1$ とする。総ての個体のランキングが決定するまでこの操作を繰り返す。

このランキングに基づき適合度値を設定してルーレット選択などで選択を行う。

解の多様性の維持と個体数の増大を防ぐためにはシェアリングと呼ばれる操作が必要となる。

一般にシェアリング関数 $s(d)$ は i と j との2つの個体の距離 $d(x_i, x_j)$ により次のように定義される。

$$s(d) = \max \left\{ 0, 1 - \frac{d}{\sigma_{share}} \right\} \dots \dots \dots (1)$$

ここで σ_{share} は解のシェアリングパラメータである。このシェアリング関数により適合度値が決定され、ルーレット選択などにより確率的に選択される。よって、通常シェアリングを伴うランキング選択では非常に近い個体同士でも選択される可能性があるが、本研究でのスキームはシェアリングパラメータ内では1つの個体のみを強制的に残すようにしている。これは確実に個体をフロンティアに配置したいためである。本研究では解のシェアリングパラメータは目的関数空間内における2個体の最大距離を算出し、シェアリングレンジというパラメータを導入しこのパラメータで分割することにより求めている。この操作によりシェアリングの後の個体数はおおよそシェアリングレンジの値となる。

2.3 アルゴリズムおよび解の品質の評価方法

本研究ではアルゴリズムおよび解の品質を以下に示す4つの指標を基に総合的に評価することとする。

個体数

得られたランク1の個体数はMOPsのアルゴリズムの重要な評価指標の一つであろう。十分な数のランク1の個体数を探索できないアルゴリズムは性能が低いと考えることができる。設計者が解の関係を把握できないからである。一方で必要以上に多くの解がある場合も計算コストの面で問題がある。

解の精度

真のパレート最適解集合が明らかな場合には次式により解の精度 A を求めることができる。

$$A = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^N (d_i)^2}{N}} \dots \dots \dots (2)$$

ここで d は真のパレート最適解集合までの各個体の距離であり、 N は求められた個体数である。こ

の指標を使用する際には真のパレート解が明らかである必要がある。

カバー率

図1に示すように、各目的関数の最大値および最小値を検索しその間をあらかじめ決めておいた分割数で分割する。それぞれの分割された間隔の中に解が存在する場合は1, 存在しない場合には0とする。カバー率は総ての合計の間隔数に対する平均とする。よってこのカバー率が1に近い方がすべての間隔に解が存在していることになり解が集中することなく全体に解が行きわたっていることがわかる。本研究の数値計算例では分割数を50としている。この指標は目的関数の数は増大しても対応できる簡便な指標である。

多様性

計算コストなどの面から理想的にはできるだけ少ない個体数でパレート最適解集合を表現したい。そこで余分な解を示す指標として多様性を挙げる。ここで多様性とは次のように求められる。まず、あらかじめ多様性を測定する距離を決定しておき、すべての個体に対して、その距離内にある近傍の個体数を求める。その個体数に対して分散を求めてこの値を多様性としている。よってこの値が1に近い方が多様性が高いと言える。

4. 全体シェアリングによる分散遺伝的アルゴリズム

本研究では、DGAsに基づく新しいスキームを提案する。

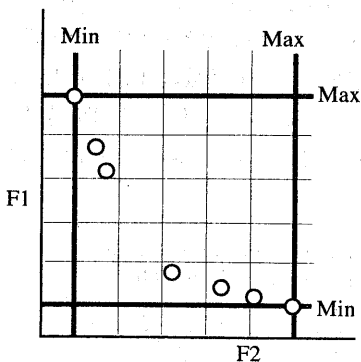


図1: カバー率

本スキームはパレート最適解集合の精度だけでなく、遺伝的アルゴリズムの構築するランドスケープをより広域で形成するために分散遺伝的アルゴリズムと全体へのシェアリングを併用する。大まかなスキームの流れを図2に示す。

本スキームでは全体の個体をいくつかの島に分割し、DGAsのアルゴリズムに従って遺伝的オペレーションおよび移住を繰り返し、解のフロンティアを更新する。解のフロンティアの個体数が一定の閾値を超えた時点で、分割されていた個体を集合させ、全体に対してシェアリングを行う。その後、島への分割を行い、収束条件を満足するまでこの操作を繰り返す。

本スキームは分散での効果と全体へのシェアリングの効果の良い部分を抽出した方法であり全体シェアリングによる分散遺伝的アルゴリズムと呼ぶこととする。島内でシェアリングを行うと個体数のばらつきが生じるため島内でのシェアリング

```

begin
  (initialization)
  determine
    the number of islands M
    the population size in one island N
    the number of sharing p
  divide population into islands
  k = 0

  (generation k)
  while convergence condition do
    i = 0

    (in ith island)
    while i < M do
      evaluation
      crossover
      mutation
      sharing (OPTIONAL)
    end

    (migration)
    if migration condition then
      begin
        migration
      end

    (sharing)
    if sharing condition then
      begin
        gather population from islands
        sharing
        divide population into islands
      end
    end

  end
end
  
```

図2: 全体シェアリングによる分散遺伝的アルゴリズム

は基本的には行わないものとするが数値計算例において示している通り場合によって島内においてもシェアリングを行う。

本スキームには以下に示す利点が考えられる。まず、本スキームにおいて効率的なシェアリングを行うことが期待できる。これにより解集合は高い多様性を維持し広域のランドスケープが生成されるものと考えられる。次に、島内のみでシェアリングを行うと島ごとに解の個体数ばらつきが生じるために、本研究では行っていないが、並列処理を行った場合には負荷に片寄りが生じる。さらに、分割した個体を集合させシェアリング後に再分割する操作は移住の効果があるものと考えられ、場合によってはDGAsの部分の移住が省略できる。最後に、島内でシェアリングを行う場合と比較して全個体の情報を取り扱えるためにシェアリングパラメータの設定が容易である。

5. 数値計算例

5.1 適用する関数問題

本研究では提案した手法の有効性を検討するために以下に示すような簡単な関数によるn次元の多目的最適化問題(MOPs)を検討する。ここでの目標は正確でかつ多様なパレート解集合を探索することにある。

目的関数

$$f_i = -x_i \quad (i = 1, 2, \dots, n) \dots\dots\dots (3)$$

制約条件

$$g_j = -x_j \quad (j = 1, 2, \dots, n) \dots\dots\dots (4)$$

$$g_{n+k} = x_k - 6 \quad (k = 1, 2, \dots, n) \dots\dots\dots (5)$$

$$g_{2n+1} = 1 - x_1 \cdot x_2 \cdot \dots \cdot x_n \dots\dots\dots (6)$$

ここで適用する MOPs は非常に簡単な関数では

表 1: パラメータ

| parameter | value |
|-------------------------|-------|
| initial population size | 1000 |
| crossover rate | 1.0 |
| mutation rate | 0.0 |
| migration rate | 0.1 |
| migration interval | 0.2 |
| island number | 10 |

あるが容易に目的関数の次元数を拡張できることに特徴がある。本研究では4次元の問題を対象としている。使用したDGAsのパラメータの値を表1に示す。

5.3 分散化の影響

表2に分散遺伝的アルゴリズム (DGAs, 島モデル) と単一母集団遺伝的アルゴリズム (CGAs) の結果を示す。DGAsにおいて島数は10であり、両者ともに初期総個体数が1000、目的関数が1000回計算された時点で計算を終了している。また、表2の結果は10試行の平均である。シェアリングはCGAsでは個体数が2500を超えた際にシェアリングレンジを80で開始する。DGAsでは島内の個体数が250を超えた際にシェアリングレンジ50で行う。

この結果からも明らかのように、DGAsはCGAsに対して計算時間が極めて短い。これはCGAsではシェアリングが全個体に対して行われるのに対して、DGAsでは島ごとにシェアリングが行われるためである。

一方、パレート最適解集合の品質は、DGAsは多様性ではCGAsと比較してそれほど良くないが、精度およびカバー率は比較的良好な値と言える。今回は終了条件を目的関数の計算回数としたためこのような結果となったが、例えば計算時間を終了条件とした場合にはDGAsはCGAsに対してより多

表 2: 分散の効果

| | number of solutions | accuracy | cover ratio | diversity | generations | calculation time [sec] |
|------------|---------------------|----------|-------------|-----------|-------------|------------------------|
| 1 island | 1980 | 0.191 | 0.856 | 2.46 | 6 | 194.9 |
| 10 islands | 2690 | 0.196 | 0.853 | 3.10 | 6 | 34.3 |

くの繰り返し計算が可能であるため、より精度の高い解が得られることが期待される。

5. 4 全体シェアリングの影響

前節では島モデルにより人工を分散することでより精度が高く、かつ、カバー率の高いパレート解が得られることが確認された。しかしながら、そこではCGAsに対して多様性は幾分低いものとなった。多様性が低いということは解がある部分に集中して存在しているということを示す。これまでに述べた通り、MOPsにおいてはパレート最適解集合の精度だけでなく、多様性の高い解であることも重要である。そこで、提案した分散遺伝的アルゴリズムを行いさらに適度に全体母集団に対してシェアリングを行う方法が有効であると考えられる。

表3および表4に提案した手法による結果をDGAsのものと並記して示す。表3の結果は、終了条件を前節と同じく目的関数の回数で制限したものでありここでは2000回としている。表4は終了条件を計算時間としたものでここでは100秒としている。どちらの結果も10回の試行の平均である。

全体シェアリングは総個体数が2500を超えた時点でシェアリングレンジ80にて行っている。

表3から分かる通り全体シェアリングによるDGAsは精度、カバー率、多様性ともDGAsと比較

して良い値を示している。これにより全体シェアリングの効果表れていることがわかる。一方、全体の個体にシェアリングを行っているため計算時間は多くかかっている。

そのため、全体シェアリングによるDGAsは収束条件をシェアリングに必要な時間に対して短い計算時間とすると結果は不利なものとなる。その結果が表4である。DGAsと比較し、世代数および計算回数は1/3である。

よって本研究で提案している全体シェアリングによる分散遺伝的アルゴリズムの手法は、目的関数などの評価関数の計算時間が短時間のものよりもある程度計算時間を要するものの方が効果的であるといえる。すなわち、関数などの最適化問題よりも構造設計などのような実際的な問題における最適化問題に対して有効であると言える。

5. 5 全体シェアリングと島内シェアリングの影響

全体シェアリングによるDGAsのアルゴリズムにおいては、目的関数などの計算時間が短時間で終了する問題においては、シェアリングに要する時間の割合が高くなってしまいうため計算時間の面で判断すると不利な場合がある。これを解消する方法の一つとして、島内においてもシェアリングを行う方法が考えられる。この方法により、シェアリングの要する時間の割合を全体に対して

表3: DGAs および全体シェアリングによる DGAs (計算回数)

| | number of solutions | accuracy | cover ratio | diversity | generations | calculation time [sec] |
|------------------|---------------------|----------|-------------|-----------|-------------|------------------------|
| DGA | 3888 | 0.171 | 0.855 | 4.11 | 8.7 | 91.0 |
| DGA with sharing | 3079 | 0.153 | 0.855 | 3.10 | 10.1 | 563.1 |

表4: DGAs および全体シェアリングによる DGAs (計算時間数)

| | number of solutions | accuracy | cover ratio | diversity | generations | function call |
|------------------|---------------------|----------|-------------|-----------|-------------|---------------|
| DGA | 3422 | 0.182 | 0.856 | 3.65 | 7.8 | 18998 |
| DGA with sharing | 1581 | 0.226 | 0.847 | 2.15 | 3.0 | 4985 |

表5: ハイブリッド型シェアリング

| | number of solutions | accuracy | cover ratio | diversity | generations | calculation time [sec] |
|------------------|---------------------|----------|-------------|-----------|-------------|------------------------|
| DGA | 3888 | 0.171 | 0.855 | 4.11 | 8.7 | 91.0 |
| DGA with sharing | 3079 | 0.153 | 0.855 | 3.10 | 10.1 | 563.1 |
| Hybrid sharing | 2922 | 0.183 | 0.858 | 2.43 | 10.0 | 275.5 |

軽減できることが期待される。一方で、島内でシェアリングを行う場合には、各島での個体数が異なってくるため、並列処理を行ったような場合には同期待ちなどの問題が生じることが考えられる。ここではこのようなシェアリングの方法をハイブリッド型シェアリングによる DGAs と呼ぶこととする。

ハイブリッド型シェアリングによる DGAs の結果を付加したものを表5に示す。ここでも結果は10回試行の平均を示している。

表5からもわかる通り、期待された通りハイブリッド型シェアリングによる DGAs は全体シェアリングによる DGAs と比較して計算時間は短くなっている。同時に解の多様性は向上しており島内および全体へのシェアリングの効果がうまく出ていることが明らかである。一方で解の精度は高くない。これは全体シェアリングによる DGAs および DGAs に対して個体数の数がシェアリングによって削減されているため少ないためである。よって、計算時間を考慮してハイブリッド型シェアリングによる DGAs により多目的最適化問題を解決する場合にはシェアリングのパラメータを調整する必要があるものと考えられる。

6. 結言

- 1) 遺伝的アルゴリズムによる多目的最適化のアルゴリズムの性能評価および解の品質の評価の指標を新たに示した。この指標は目的関数が増大しても適応できる簡便な指標である。
- 2) 多目的最適化問題において広域ランドスケープを形成するような分散遺伝的アルゴリズムの新しいスキームを提示した。そこでは分散

遺伝的アルゴリズムによりパレート最適集合を求め全体の個体に対してシェアリングを行うことにより解集合の多様性を維持する。このスキームは全体シェアリングによる分散遺伝的アルゴリズムと呼んだ。

- 3) 提示したスキームは数値計算例によりその有効性を検討した。これまで行われている多目的遺伝的アルゴリズムの計算例は目的関数が2目的のみ存在するような問題であったが、本研究での例題は、任意にその目的関数の数を増加させることが可能である。数値計算例では4目的の場合について検討した。

参考文献

- [1] C. M. Fonseca and P. J. Fleming, Genetic algorithms for multiobjective optimization: Formulation, discussion and generalization, Proc. of the 5th international conference on genetic algorithms, pp.416-423, (1993)
- [2] C. M. Fonseca and P. J. Fleming An overview of evolutionary algorithms in multiobjective optimization, Evolutionary Computation 3(1), pp.1-16, (1995)
- [3] 比屋根, 並列遺伝的アルゴリズムによる多目的最適化問題のパレート最適解集合の生成法と定量的評価法, 第9回自律分散システムシンポジウム, pp. 295-300, (1997)
- [4] J. D. Schaffer, Multiple objective optimization with vector evaluated genetic algorithms, Proc. of 1st International Conference on Genetic Algorithms and Their Applications, pp. 93-100, (1985)
- [5] D. E. Goldberg, Genetic Algorithms in search, optimization and machine learning, Addison-Wesley, (1989)