

廣安 知之[†] 三木 光範[†] 渡邊 真也^{††}[†] 同志社大学工学部 ^{††} 同志社大学大学院

1 序論

近年，遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithm, 以下 GA) の持つ「集団による探索 (多点探索)」を行うという特徴に注目し，直接的に解集合を求めることを目的とした多目的 GA に関する研究が報告されその有効性が検証されている [1, 2, 3]．いくつかの多目的 GA に対して目的関数が増加した場合には必要となる個体数が指数的に増加する場合があるなどの問題点がある．これに対しては，多目的 GA の並列化が考えられるが，島モデルなどによる方法では得られる解の精度や多様性に問題が残る．

本研究では多目的問題におけるそれらの問題点に対し，新たな分散型並列 GA における手法を提案しその有効性について検証を行う．

2 領域分散型 GA の提案

本研究では，新たな並列分散型手法として領域分散型 GA を提案する．

本手法では，得られたパレート解集合を任意の目的関数を基にその関数における最大値順にソートし，分割数に従って各分割領域における個体数が平等になるように個体をソート順に各プロセッサに振り分けていく．分割数 3 の場合について図 1 に示す．

図 1 に示すように，本手法では分割された領域がそれぞれ異なるパレート解空間を探索するため分割領域毎に探索領域が重なることがない．従来までの GA における分散型手法の代表的なものとして島モデルが挙げられる [3]．島モデルでは，各個体を基本的にはランダムに各島へ分配していたが，提案する手法では各分割領域がそれぞれ異なるパレート解空間を独立で探索する点において従来の島モデルと異なっている．その意味で，本手法は多目的に特化した分散並列アルゴリズムであると言える．

本提案手法を用いることにより，全体を考慮した重なりのない，より効率的な探索を期待することができ

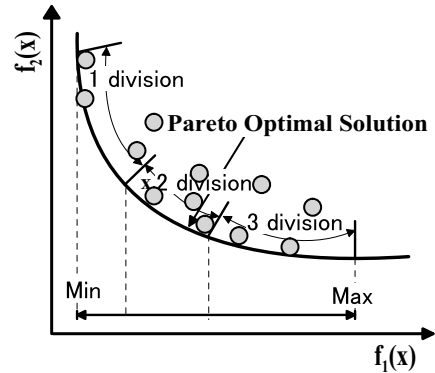


図 1: 領域分散型 GA

る．また，この手法を用いることにより近傍個体同士のみでの交叉が実現されるため，このことによる探索効率の向上も考えられる．

本研究では，提案する基本的な手法に対し次の 2 つの拡張的な手法について考察を行った．

- 一つの関数のみに注目して領域分割を行う．
- 全ての関数を考慮して領域分割を行う．

提案する基本的な手法は，任意の世代毎，乱れた個体を再度ソートし分配し直している．上記の内前者は，分配し直す際，毎回ある一つの目的関数のみを基準としているのに対し，後者は，再分配のたびに異なる目的関数を基準にしてソート・分配を行っている．以下では，前者の方法を DR1 (Divided Range Method)，後者を DR2 として扱うものとする．

3 数値計算

本研究では，幾つかのテスト関数について提案するアルゴリズムの有効性を検討した．ここでは，用いた例題の内，玉置の例題 [1] を以下に示す．

目的関数

$$f_1 = x_1^2 - x_2 \quad (1)$$

$$f_2 = -\frac{1}{2}x_1 + -x_2 - 1 \quad (2)$$

制約条件

$$0 \geq \frac{1}{6}x_1 + x_2 - 6.5 \quad (3)$$

$$0 \geq \frac{1}{2}x_1 + x_2 - 7.5 \quad (4)$$

Divided Range Method of Distributed Genetic Algorithms in Multiobjective Optimization Problems

[†] Tomoyuki HIROYASU (tomo@is.doshisha.ac.jp)

^{††} Mitsunori MIKI (mmiki@mail.doshisha.ac.jp)

^{†††} Shinya WATANABE (sin@mikilab.doshisha.ac.jp)

Department of Knowledge Engineering and Computer Science, Doshisha University ([†])

Graduated School of Engineering, Doshisha University (^{††})

* 出典: 第 59 情報処理学会全国大会 講演論文集 (分冊 2) p.149-150,1999

$$0 \geq 5x_1 + x_2 - 30 \quad (5)$$

$$0 \geq -x_1 \quad (6)$$

$$0 \geq -x_2 \quad (7)$$

また、本研究では提案する手法の比較対照として次の4つの場合について数値実験を行った。

- 母集団を分割しないSGA (SGA)
- 従来の島モデル分散GA (DGA)
- 提案する手法 (DR1)
- 提案する手法 (DR2)

本研究で提案する手法は、用いる個体数によりその効果が異なると思われる。特に、用いる個体数が少ない場合には、個体を幾つかに分割するよりも個体全てを用いて探索する方がより効果があるように思われる。

そこで、用いる総個体数の上限に関して2つの場合に分け、個体数とそれぞれの手法の関係について実験を行った。具体的には、用いる総個体数50の場合と200の場合について実験を行った。

なお、実験に用いた多目的GAにおける選択手法として、エリート個体保存戦略にシェアリングを加えたものを用いた。また、用いた遺伝的パラメータとしては、交叉率1.0、突然変異率0.0とした。さらに分割手法に関して、分割数(プロセッサ数)は5個、移住間隔(再構築間隔)を5世代、移住率0.1と設定した。初期条件として、表1における場合の初期個体数を50個、表2における場合の初期個体数を100個とした。実験結果を、表1、表2に示す。また、RD2における総個体数50個体及び200個体の場合の得られたパレート解分布図を図2、図3に示す。

得られた結果より、次のことが言える。

表1: 総個体数50の時の結果

	error	cover rate	function call	generation	calculation time [sec]
SGA	0.91	0.54	3.1E+03	75	0.46
DGA	3.21	0.17	1.0E+03	21	0.26
DR1	2.99	0.15	1.2E+03	26	0.36
DR2	1.08	0.20	1.6E+03	53	0.52

表2: 総個体数200の時の結果

	error	cover rate	function call	generation	calculation time [sec]
SGA	0.32	0.92	1.2E+04	71	4.62
DGA	0.23	0.84	2.0E+04	166	1.50
DR1	0.52	0.77	1.5E+04	152	2.17
DR2	0.15	0.88	1.3E+04	59	1.31

個体数が少ない場合には、計算時間の観点からも個体を分散させるメリットはなく、得られた解もSGAに比べどの手法も明らかに劣っているのが分かる。しかし、個体数がある程度ある場合には、提案する手法の内、DR2が非常に良好な値を示しているのが分かる。他の手法が、相対的にSGAに劣っているのに対し、RD2ではSGAと変わらない良好な結果が得られている。これは、各分割領域の個体を一定間隔毎に異なる目的関数を基準としてソートすることにより、効率的な個体の循環が行われているためだと考えられる。

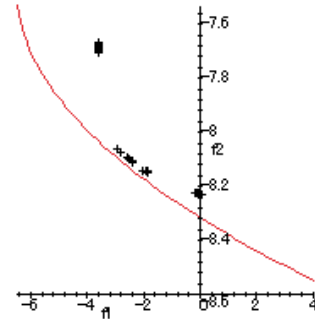


図2: 総個体数50個体の場合におけるパレート解

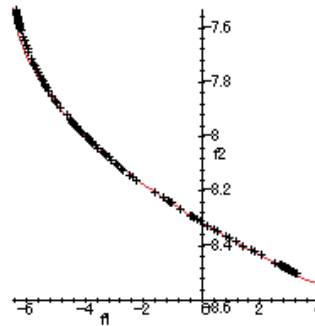


図3: 総個体数200個体の場合におけるパレート解

4 結言

本研究では、多目的GAにおける新たな並列分散手法、領域分散型GAの提案、その有効性の検証について行った。この結果、用いる個体数が極端に少なすぎる場合を除いて、その効果を確認する事ができた。特に、提案する手法が目的数の多い多目的GAに非常に適していることが分かった。今後の課題としては、本手法の実用的な例題への適用が考えられる。

参考文献

- [1] 玉置, 森, 荒木, 計測自動制御学会論文集, Vol.31, No.8, pp.1185-1192(1995)
- [2] 坂和, 田中, 遺伝的アルゴリズム, 朝倉書店, pp104-113(1995)
- [3] 比屋根, 第9回自律分散シンポジウム, 計測自動制御学会, P295~300(1997)