

Sharing, Terminal Condition and Evaluation Methods of Distributed Genetic Algorithms in Multiobjective Optimization Problems

Tomoyuki HIROYASU*, Mitsunori MIKI*, Shinya WATANABE**, and Kazuyuki HATANAKA**

(Received October 29, 1999)

In this paper, sharing, terminal condition and evaluation methods of distributed genetic algorithms in multiobjective optimization problems are discussed. These three topics are very important for the genetic algorithms in the multiobjective optimization problems. At first, it is shown that the sharing is necessary to perform not only in each sub population but also in the total population. Then the new model of distributed genetic algorithm is introduced. This is the distributed genetic algorithm with the total sharing. In this model, although this is one of the models of the distributed genetic algorithms, the sharing is performed in the total population. In the former studies, the terminal condition and the evaluation methods have not been fully discussed. In this paper, we suggest the reasonable terminal condition and the evaluation methods of the solutions. The terminal condition is decided by the movement of the Pareto front. The evaluation methods are based on the quantity indexes and those can be used in the multi dimensions of the objective functions.

Key words : multiobjective optimization problems, distributed genetic algorithms, pareto optimal solution, total sharing, termination criterion

キーワード : 多目的最適化, 分散遺伝的アルゴリズム, パレート最適解, 全体シェアリング, 終了条件

多目的分散遺伝的アルゴリズムにおけるシェアリング, 収束判定, 及び解の評価手法の検討

廣安知之・三木光範・渡邊真也・畠中一幸

1. 序 論

近年のコンピュータ性能の向上に伴う情報化の波を受け, 社会的なニーズもより多様なもの, 複雑なものへと変化しつつある. そのため問題も「単一目的」から「多目的」へと移行している. 本来多くの問題において, その評価基準は唯一とは限らない. 例えば, ある製品を購入する場合, その製品の機能, 価格, 外見, 大きさなどその製品の評価基準は複数に及ぶ. しかも,

通常それぞれの評価基準が最適の製品は存在せず, 一般に各評価基準は何らかの形で互いに相反するトレードオフの関係にある. このような複数の評価基準が存在し, かつ複数の評価基準が互いにトレードオフの関係にある問題より最適解を探し出すものを多目的最適化問題と呼ぶ. 故に, 一般には多目的最適化問題において, 解は複数個及び無限個の集合として存在する.

従来の多目的最適化問題に対する手法として, 複数

* Department of Knowledge Engineering and Computer Sciences, Doshisha University, Kyoto
Telephone:+81-774-65-6638, Fax:+81-774-65-6780, E-mail:tomo@is.doshisha.ac.jp, mmiki@mail.doshisha.ac.jp

** Graduate Student, Department of Knowledge Engineering and Computer Sciences, Doshisha University, Kyoto
Telephone:+81-774-65-6716, Fax:+81-774-65-6716, E-mail:sin@mikilab, ts0705@mail4.doshisha.ac.jp

の目的関数を任意の重み付けにより単一化する重みパラメータ法, 任意の目的関数以外の目的関数を制約条件化し任意の目的関数の最適化に集約する ϵ 制約法などが提案されている¹²⁾. しかしながら, これらは複数もしくは無限にある解集合の中のある一つの解しか求めることができず, 多目的最適化における目的関数間でのトレードオフをバランスさせた妥協解を得るという意味では不十分である場合が多い.

そこで近年, 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¹⁻⁴⁾.

GA を用いた多目的最適化では, 競合する複数の関数における多目的性を直接扱うため, 一度の探索においてパレート解集合を求めることが可能となる. その際, 解の精度と伴に多様性という観点が非常に重要になってくる. この多様性の保持に関して Horn らが提案したシェアリング (Sharing) が, 非常に有効であることが幾つかの論文により明らかになっている^{3,4)}.

しかし, GA の多目的への応用に当たっては未だ実験段階を出ておらず, 特に得られた解集合の定量的な評価方法, 終了条件などにおいてはその有効な手段は未だ発表されていない.

一方, GA において個体数を分割して行う分散 GA により, より少ない計算量で解の精度が向上する事が報告されている⁷⁾. これは解の多様性保持に関して分散させた場合の方が良いこと, 分散された母集団内における収束性の速さに起因するものと思われる. これらの結果は多目的最適化問題においても同様の結果が得られると考えられ, 特に多目的 GA では, 多様性という観点が重要となるため分散化は非常に有効であると思われる. しかし, 分散 GA を多目的最適化に応用している例はきわめて少ない.

本研究では, 分散型 GA における新たなシェアリング手法, 全体シェアリングの提案及びその有効性を検証する. この新たに提案する手法を用いることにより, パレート解における精度の改善, 計算効率の向上が実現されている. また, 多目的 GA における新たな終了条件, パレート解評価方法についても提案を行い, その有効性を検証するために実際のアルゴリズムへの適用を行っている. さらに, 得られたパレート解に対する新たな評価方法も提案し実際に得られたパレート解に対する適用を行っている.

2. GA による多目的最適化への応用

2.1 多目的最適化

多目的最適化 (Multiobjective Optimization Problems, MOPs) とは「複数個の互いに競合する目的関数を与えられた制約条件の中で何らかの意味で最小化する問題」と定義される. 目的関数が互いに競合しあっているため, 与えられた複数の目的関数に対して完全最適解を求めることはできない. そのため, 多目的最適化では「ある目的関数の値を改善するためには, 少なくとも他の 1 つ目的関数の値を改悪せざるをえないような解」を求めていく. 多目的最適化では, このような解集合をパレート最適解 (Pareto optimal solution) と呼んでいる. 故に, 多目的最適化の 1 つの目標は, このパレート最適解 (集合) を導出することであると言える.

2.1.1 多目的最適化問題の定義

一般に多目的最適化問題は, k 個の互いに競合する目的関数

$$f_i(x_1, x_2, \dots, x_n) \quad (i = 1, 2, \dots, k) \quad (1)$$

を, m 個の不等式制約条件

$$g_j(x_1, x_2, \dots, x_n) \leq 0 \quad (j = 1, 2, \dots, m) \quad (2)$$

のもとで最小化するという問題として定式化される. 多目的最適化問題では, 一般に全ての目的関数 $f_i(x)$ を同時に最小化する事はできない. 実問題においては, 目的関数間にトレードオフの関係が存在する場合が多い.

2.1.2 パレート最適解

パレート最適解は, 多目的最適化問題における解の優越関係により定義される. 多目的最適化問題における解の優越関係の定義を以下に示す.

定義 (優越関係): $x^1, x^2 \in \mathfrak{S}$ とする.

a $f_k(x^1) \leq f_k(x^2)$ ($\forall k = 1, \dots, p$) の時, x^1 は x^2 に優越するという.

b $f_k(x^1) < f_k(x^2)$ ($\forall k = 1, \dots, p$) の時, x^1 は x^2 に強い意味で優越するという.

もし, x^1 が x^2 に優越しているならば, x^1 の方が x^2 より良い解である. 従って, 他のいかなる解にも優越されない解を選ぶことが合理的な方法であるといえる. 次にこの優越関係に基づくパレート解の定義について以下に示す.

定義 (パレート解): $x^0 \in \mathfrak{S}$ とする.

- a x^0 に強い意味で優越する $x \in \mathcal{S}$ が存在しないとき, x^0 を弱パレート解という.
- b x^0 に優越する $x \in \mathcal{S}$ が存在しないとき, x^0 を(強)パレート解という.

目的関数が二つ ($p = 2$) の場合におけるパレート最適解の例を Fig. 1 に示す. 図中, 実線がパレート最適解を, 破線が弱パレート最適解をそれぞれ示している.

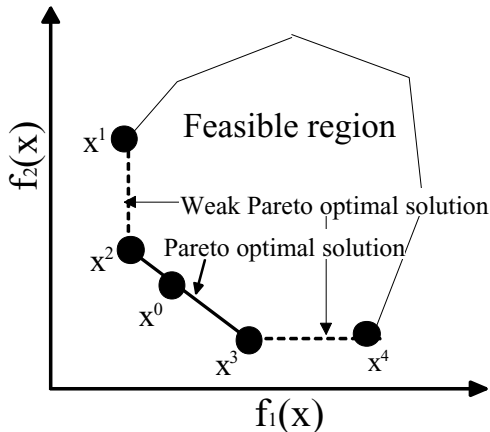


Fig. 1. Pareto optimal solution.

2.2 多目的遺伝的アルゴリズム

GA は自然界における生物の遺伝と進化をモデル化した, 最適化手法である⁶⁾. 従来までの一点探索による手法と異なり, GA は多点探索であるため多峰性のある問題においても最適解を探索でき, かつ離散的な問題にも対応できる非常に強力な最適化ツールの一つである.

このように, GA では個体群を用いて探索が進められるので, 探索の各段階で, 個体評価における多目的性を直接扱うことが可能である. すなわち, それぞれの目的関数に対してある程度良い値をとる個体を同時に持ちながら探索を進めることができ, Fig. 1 に示されるようなパレート最適解集合を直接求めることが可能となる.

2.2.1 GA によるパレート解生成法

多目的最適問題における GA では, 設計領域内に遺伝子を生成し, 交叉により新たな遺伝子を発生させなんらかの方法で選択することにより, 各個体を真のパレート最適解集合に近付ける. それぞれの世代において優越している個体によって決定できる曲面を解のフロンティアと呼ぶ. 概念としては, 世代が進むに従い個体の作り出すフロンティアは真のパレート曲線(最適解集合)に近づいていくものとして捉えることができる.

GA を多目的最適化問題に対して適用する場合, パレート最適解を適切に評価し, 次世代に残していくことがキーポイントとなる. 従来の「一つの最適解」を求める単目的の場合と異なり, 多目的では, 他の解に劣っていない解(パレート解)全てが解候補となるため, 単純に単目的における適合度をそのまま適応させることはできない. その点に関して, 従来

- おおのこの目的関数について独立に選択演算を行う(非パレートのアプローチ)
- 解の優越関係に基づいて選択演算を行う(パレートのアプローチ)

という2つ考え方に基づいて, 種々の方法が提案されている. 非パレートのアプローチには, J.D.Schaffer の VEGA (Vector Evaluated GA) がある⁹⁾. この研究は, GA の持つ多点探索という特徴に注目し多目的最適化へ応用した初めての例である. また, パレートのアプローチとしては代表的な手法としてランキング法が挙げられる. 本発表では, より多様なパレート解(特に, 各目的関数のバランスを考慮するようなパレート最適解)が得られやすいランキング法を用いた. また, 解の多様性をより重要視するためシェアリングという手法も組み合わせて用いている. 以下, ランキング法とシェアリングについて説明する.

・ランキング法

GA では, 個体の各目的関数を各世代内で相対的に評価し, 個体に順番をつけることが可能である.

パレートランキングによる方法とは, 上記における GA の特徴を生かし, 解の優越関係に基づいて定められるランクとして適応度関数を作り, これにより選択を行うという手法であり, Goldberg, Fonseca らによる方法がある^{3,6)}. ここでは, 明確に個体間の区別が行える Fonseca によるランキング法を説明する³⁾. Fonseca らのランキング法では, 個体 X_i が n_i 個の個体に優越されているとき, X_i のランク $r(X_i)$ を

$$r(X_i) = 1 + n_i \quad (3)$$

のように定めることにしている. この手続きによるランキング例を Fig. 2 に示す.

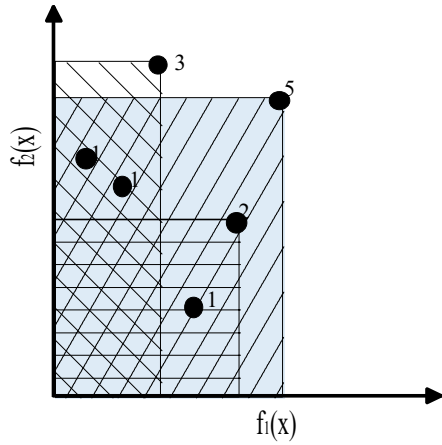


Fig. 2. Ranking method.

このランキング法を用いた選択手法としては、ランクの値を適合度に変換し用いるルーレット選択、各世代でパレート最適個体（ランク 1 の個体）のみ残すパレート最適個体保存選択などがある。

・シェアリング

多目的最適化問題に対し GA を適用する際の重要な点は、解をパレート最適解集合上により広範囲にかつ均等に分布するような解を求めることである。その一つの有効的な方法として Horn らによって提案されたシェアリングがある⁴⁾。以下に、シェアリングの概念を適応度に反映させる手法について述べる。

まず、各個体についてその個体の近傍の混み具合をあらかじめ与えられた関数に従ってニッチ数として計算する。ここではニッチ数 m_{x_i} を

$$m_{x_i} = \sum_{j=1}^N s(d(x_i, x_j)) \quad (4)$$

と定義しておく。 $d(x_i, x_j)$ は個体 i, j 間の距離で、その定義としては幾つかの方法が提案されている。シェアリングの適用に関し、表現空間で行うことを提案しているもの⁴⁾、目的関数空間で行うことを提案しているもの³⁾があるが、本研究では、個体 i と j の表現型でのユークリッド距離を用いるものとする。

また、 $s(d)$ はシェアリング関数と呼ばれ、例えば近傍を定めるパラメータ（シェアリング半径） $\sigma > 0$ を与え次式を用いる。

$$s(d) = \max\left(1 - \frac{d}{\sigma}, 0\right) \quad (5)$$

このようにして算出したニッチ数 m_{x_i} でその個体の

適合度 $g(i)$ を割り、それを新たな適合度 $g_s(i)$ とする：

$$g_s(i) = \frac{g(i)}{m_{x_i}} = \frac{g(i)}{\sum_j s(d(x_i, x_j))} \quad (6)$$

上式により再計算された適合度は、個体間の集中度合いも考慮に入れているため、この適合度を用いた選択を行うことにより個体が均一に分散された状態で次世代に受け継がれるものと考えられる。

本研究におけるシェアリングは、個体数の膨張を防ぐ目的で用いられている。故に、シェアリングは毎世代行うのではなく、個体数がある一定数（limit population size）を越えた段階でのみシェアリングが適用されるものとした。具体的には、シェアリングを用いて計算した適合度より、ルーレット選択を用いて任意の選択個体数（choice population size）を選択するというものである。Fig. 3 に 2 次元空間におけるシェアリングの概念図を示す。

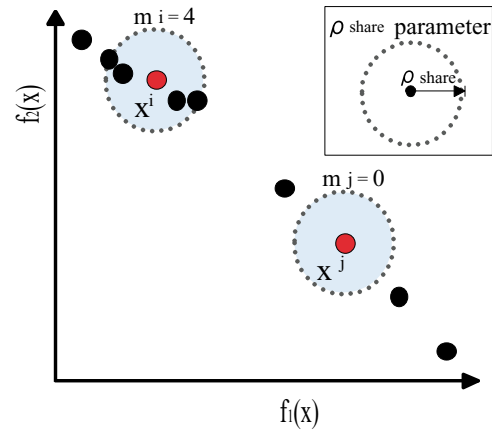


Fig. 3. Sharing.

3. 多次元空間でのパレート 解評価手法

多目的最適化 GA では、得られたパレート解に対する定量的な性能評価方法が確立されていない。研究例の多くは、得られたパレート解をそのまま視覚化することにより、解の評価を行っていた。これに対し、比屋根はパレート最適解の定量的な評価方法として注目すべき幾つかの手法を提案している²⁾。それによると、基本となるパレート解の評価基準として個体数、絶対精度、被覆率、多様性の 4 種類を提案している。各評価項目はそれぞれ、

- 個体数：得られたパレート最適個体の数
- 精度：真のパレート解との誤差
- 被覆率：真のパレート解集合に対する広がり
- 多様性：得られたパレート最適個体のばらつき

を意味している．これらの4つの評価項目は，パレート解の性質を測る上で，適切なものであると考えられる．しかし，これらの評価基準に対する評価方法の内幾つかは，真の解が既知であること，目的関数が2目的までに制限されていることなどの問題点を含んでいる．但し精度に関しては，真のパレート解との誤差を測定する必要があるため，真のパレート解が既知であることが絶対条件である．

そこで本研究では新たに，比屋根の提案する4つの評価項目の内，精度，被覆率，多様性に対して目的関数の数に依存しない定量的評価方法を提案する．提案する評価手法は，簡便なものであるが，パレート解空間の次元に捕らわれず対応できるよう考慮してある．以下，提案する各評価項目における概略，手法について述べる．

a 精度

最も正確な精度を計測するためには，得られた解と（真のパレート解における）最近接点とのユークリッド距離を用いて測定する必要がある．しかし3目的以上の場合，得られた解に対する最近接点を計算することが困難となる．そこで，本研究では，以下のような簡易的な精度測定法を用いた．

得られた個体 k を $x^k \cong (x_i^k, \dots, x_m^k)$ とし，真のパレート解が $f(x_1, \dots, x_m) = C$ で表されるものとする．そこで簡易誤差 $e(x^k)$ として，

$$e(x^k) = C - f(x_i^k, \dots, x_m^k) \quad (7)$$

とする．また，パレート最適解集合の精度 E は誤差の平均値で表されるものとする．

$$E = \frac{1}{N} \sum_{k=1}^N e(x^k) \quad (8)$$

b 被覆率

例えば，パレート最適解の一点のみが探索された場合，解の精度は，非常に良くなるが，パレート解集合として十分とはいえない．そのため，精度とは異なる横幅の広さを示す指標が必要であるといえる．被覆率とは，いかに真のパレート解隙間無く詳細に求めているかを評価する基準である．

まず各目的関数値の最大と最小を用い，各目的関数を軸に，最小値と最大値の間を任意数に分割し，分割された領域をどれだけカバーしているかを評価値として用いた．具体的な定式を以下に示す．

ある目的関数 f_k における被覆率 C_k は，

$$C_k = \frac{N_k}{N} \quad (9)$$

により求められる．なお，上式における N は分割数， N_k はパレート解を含む小領域の数を意味する．また，パレート最適解集合の被覆率 C は各目的関数毎における被覆率 C_k の平均により表される．

$$C = \frac{1}{N} \sum_{k=1}^N C_k \quad (10)$$

故に，被覆率の最大値は1，最小値は0となり，最大値1に近いほど良い解であるといえる．被覆率の評価方法に関する概念図を Fig. 4 に示す．

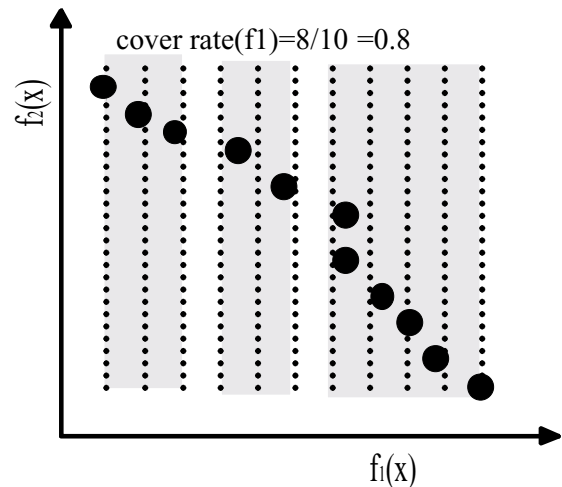


Fig. 4. Cover rate.

c 多様性

多様性とは，解がいかに均一に分布しているかを示す評価基準である．具体的な評価としては，各個体ごとに，任意距離内における個体の数を調べ，この範囲内における個体数の平均，分散，標準偏差を計算することにより個体同士のばらつき度合いを得た．多様性の評価方法に関する概念図を Fig. 5 に示す．

本研究では，各個体の任意の範囲内に含まれる個体数の平均 (mean) を標準偏差 (standard deviation: s) で割ることにより得られる変動計数の値を多様性のパラメータとして用いている．

$$V = \frac{s}{mean} \quad (11)$$

変動計数は，0以上の値をとり，0に近いほど平均の割りに標準偏差が低い，つまりパレート解集合が均等に分布している解集合が得られていると判断することができる．

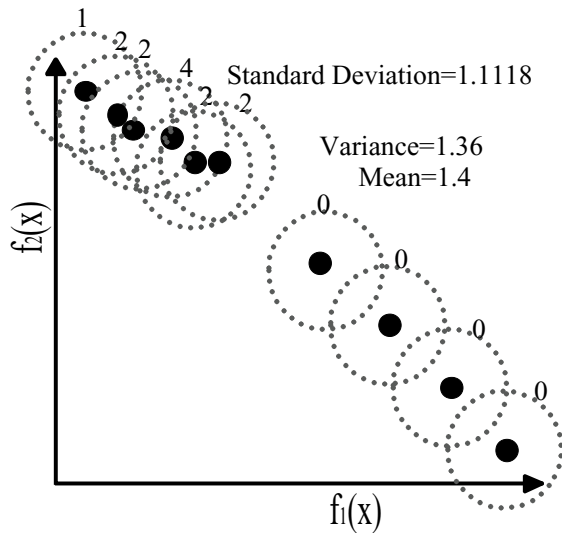


Fig. 5. Diversity (various rate).

4. 新たな終了条件の提案

従来までの多目的 GA に関する研究のほとんどが、あらかじめ設定された特定の世代, 計算回数, 計算時間を越えた段階で終了するという終了条件を用いていた。しかしながら単目的, 多目的に関わらず, 探索の終了条件としてこれらの終了条件を用いるのは好ましくない。その最大の理由は, 終了条件に探索の収束状況が反映されない点にある。また, 個体数, 交叉率, 突然変異, 移住率などのパラメータにより探索能力, 探索の性質が大きく異なるため明示的に従来の終了条件パラメータを定めることができない点も挙げられる。

そこで, 従来の世代, 計算回数, 計算時間とは異なる, アルゴリズムの探索状況より, 終了を判断する新たな終了条件を提案する。この提案する手法では, 明示的にパレート解の探索状況を扱っているため, より正確な手法の比較が行えるものと思われる。提案する終了条件を以下に記す。

任意の世代 N におけるパレート最適個体群 (ランク 1 個体) を P_N , 世代 N から任意世代後の $N + T$ 世代におけるパレート最適個体群を P_{N+T} とする。この両者のパレート最適個体群を足し合わせ, その中よりパレート最適個体を抽出する。その上で, P_N 全体の内, 何個体が抽出されたのかその割合を計測し, 一定以上の割合で P_N がランク 1 として抽出されていたならば, その時点により探索を終了する。

この終了条件における P_N が抽出される割合は, 探索の進行状況を示す一つの指標であるといえる。故に, この提案する終了条件は, パレート個体の作り出すフロンティアの形成状況に基づく方法といえる。本

研究では, この終了判定に用いる任意の割合を終了パラメータ (Termination parameter) として設定している。提案する終了条件の概念図を Fig. 6 に示す。

また, 本研究では精度面での終了制御を行うため, 許容誤差パラメータ ε を導入して必要以上の探索を防止している。この場合の定義を以下に示す。

定義 (優越関係): $x^1, x^2 \in \Gamma$

$f(x^1) < f(x^2) + \varepsilon$ の時, x^2 は x^1 に優越していないものとする。

つまり, 個体の比較における目的関数の差が許容誤差範囲に収まっている場合, その個体は, 許容誤差内においてより良い値を持つ個体が存在しても, 優越されていないと判断するように若干の幅を持たせている。こうすることにより, 誤差パラメータにより探索の進行を間断的に把握する事ができるため, パラメータ設定者の期待する探索を過不足なく行うことができる。

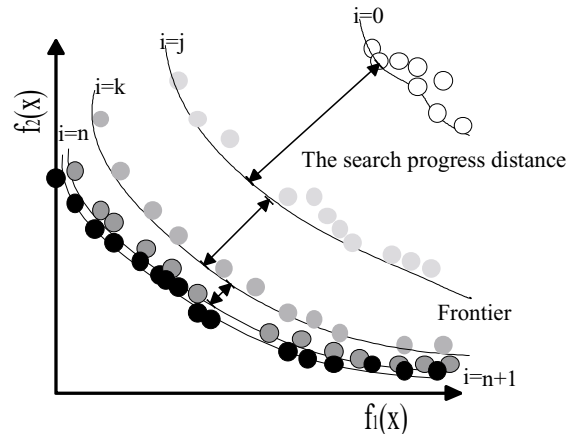


Fig. 6. Termination criterion.

5. 全体シェアリングの提案

5.1 GA の分散化

Cohon¹⁰, Tanese¹¹) により GA の並列分散化が提案されて以来, その分野に関する研究が盛んに行われている。その背景として並列化分散化による 2 つの効果も挙げられる。これは, 台数効果による高速化と母集団分割による個体の初期収束の解決である。

GA における並列化手法としては, 2 つに大別できる。即ち評価部の並列化と個体数分割による並列化である。前者による手法は, 主に評価関数の計算負荷が高い問題に対し, 単純に評価関数の計算負荷を分散させたものである (micro-grained GA)。後者は島モデル (island model) に代表される手法で, 島と呼ばれる幾つかの独立したサブ集団について並列に計算を行い, 定期的または非定期的な島間における個体の交換

を行うというものである．島モデルに関する研究は，Tanese⁵⁾以来，非常に多く行われており，多くの成果が報告されている⁷⁾．さらにそれらの報告の多くは，単なる計算時間の短縮だけでなく，解品質の向上を指摘している．これは，並列化による効果では無く分散化による効果に他ならない．

このアプローチは特に，分散 GA (Distributed GA: DGA) と呼ばれている．DGA では，島モデルにおける個体分散の概念を取り入れているため，初期個体における収束を防ぎ，個体全体による多様性の保持を実現できるものと考えられる．

5.2 全体シェアリング

母集団を島モデルに分散させることにより，初期収束が回避できる，解の多様性が保持されやすくなるといった分散の効果に関して幾つかの研究によりその有効性が確認されている．しかし，母集団を分散させることによるデメリットとして次の事柄が考えられる．

- 1 計算効率の悪化
- 2 個体の成長遅延
- 3 パラメータ設定の難化

これらの問題点は，シェアリングと深く関連があり，シェアリングが効果的に行われていないため生じていると思われる．そこで本研究では，シェアリングの問題を解決すべく，非定期的に全島全体からシェアリングを行う全体シェアリングを提案する．この手法は GA の並列への拡張を視野に入れたものであり，並列化した際における本手法の有効性を重視したものである．

5.2.1 全体シェアリングのアルゴリズム

全体シェアリングとは，非定期的に母集団全体を一カ所に集計し，母集団全体を用いてシェアリングを行うという単純な手法である．全体シェアリングにおける概念図を Fig. 7 に示す．

全体シェアリングは，Fig. 7 に示されるように，各島における個体数の総計がその開始条件となる．総個体数が開始条件を越えた段階で各島は，母集団全体を一カ所に集める．その上で，まず母集団全体より全個体を用いた比較を行いランク 1 の個体 (パレート解) のみを選択する (第一段階の選択) ．選択されたパレート解の内，重複している，もしくはほぼ同値であると判断された個体を削減する (第二段階の選択) ．最後に，残った個体を用いて任意のシェアリングパラメータを用いてシェアリングを用いたルーレット選択を行

う (第三段階の選択) ．このように三段階の選択を行った後，各島に対しほぼ平等の個体数になるようにランダムに振り分け，従来の分散 GA の動作に戻り一連の動作終了となる．ここで，全体シェアリングによる効果，利点として挙げられるものを以下に列挙する．

- 計算効率の向上
- 並列化に対応
- 島間における個体数，探索能力の是正
- 移住の必要性減少
- パラメータ設定の影響力減少

上記に共通した事項として，独立した島の意味合いが薄れ，より各サブ母集団が一つとして探索を行っていることが挙げられる．これは，各島が独立して探索を行っているにも関わらず，各島の個体が全体としての解を意識していることを意味している．このように，全体シェアリングを行うことにより分散 GA における問題点であった全体的な視野を各島，各個体に与えることが期待され，より効率的な探索が実現されるものと考えられる．

6. 数値実験

本章では，実際に例題を解くことによりシェアリングの効果，分散の効果，提案する手法の有効性について検討を行う．また，例題を解くにあたり用いたアルゴリズムについても概説を行う．

6.1 例題

本研究では，提案した手法の有効性を検討するため，以下に示すような単純な関数による n 次元の多目的最適化 (最小化) 問題を検討する．

目的関数

$$\begin{aligned} f_1 &= -x_1 \\ f_2 &= -x_2 \\ &\vdots \\ f_{n-1} &= x_{n-1} \\ f_n &= x_n \end{aligned} \tag{12}$$

制約条件

$$\begin{aligned} g_j &= -x_j (j = 1, 2, \dots, n) \\ g_{n+k} &= x_k - 6 (k = 1, 2, \dots, n) \\ g_{2n+1} &= 1 - x_1 \times x_2 \times \dots \times x_n + 1 \end{aligned} \tag{13}$$

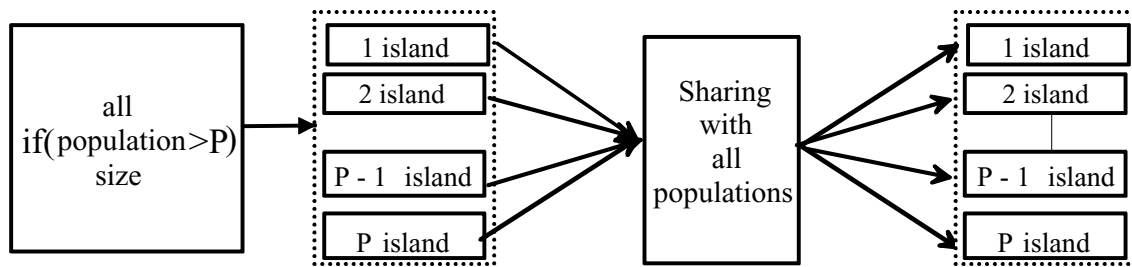


Fig. 7. Sharing with all population in DGA.

これまでの多目的 GA に関する研究で用いられてきた例題の多くは、2次元の問題に限定されている^{1,2)}。しかしながら、多目的最適化問題において次元を2次元に限定することは、限られた多目的最適化問題を対象としていることになり、広義の多目的最適化問題を対象にしているとは言い難い。そのため、本研究では、3次元($n = 3$)の問題を対象として実験を行っている。

また、すでに述べているようにアルゴリズムの性能を正確に評価するためには、真のパレート解の存在が不可欠である。それに対し、今回用いた例題では、次元数の増加に対しても容易に真のパレート最適解集合が得られるという特徴を有している。Fig. 8 及び Fig. 9 に2次元の場合、3次元の場合におけるパレート最適解集合を示す。

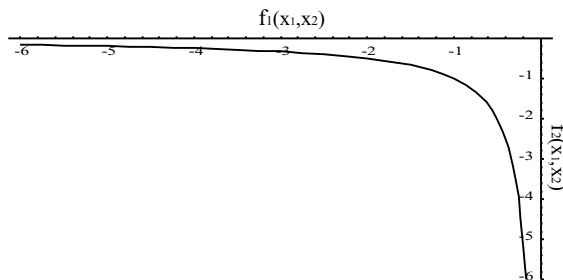


Fig. 8. Pareto optimum solution($n = 2$)

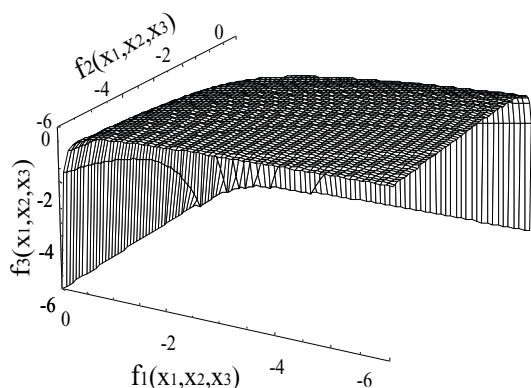


Fig. 9. Pareto optimum solution($n = 3$)

6.2 アルゴリズムの構成

本研究において用いるアルゴリズムは、島モデルにおける分散遺伝的アルゴリズムを基本としている。今

回用いたアルゴリズムにおける特徴を以下に示す。

- 遺伝子としてビット型ではなく、ベクトル型を利用している。
- 交叉方法として、重心を用いた正規分布交叉を採用している。
- 突然変異を用いない。
- 選択手法として、パレート最適個体保存選択を採用している。
- 個体数膨張の防止として、シェアリングを用いている。
- 終了条件として、新たに提案したフロンティアを考慮した条件を用いている。

上記に示すように交叉方法として、従来のSGAにおける一点交叉、多様交叉ではなく、実数値を用いた三村の提案する重心を用いた正規分布交叉を採用している⁸⁾。さらにこの交叉方法によって生成された子個体 C が制約条件を満たしていない場合には、次式により代替個体 C^* を得るようにした。

$$\vec{C}^* = \vec{P}_1 + \alpha \cdot \vec{P}_1 \vec{C} \quad (14)$$

上式は、子個体の親個体への接近を意味している。上式における α は、代替個体がどの程度現在の子個体から親個体に近づいた位置に置かれるかを表すパラメータであり、本研究では $\alpha = 0.5$ と設定した。代替個体が、制約条件を満たすまで、上式は繰り返され、制約条件内に入った段階で代替個体は真の子個体となる。 $\alpha = 0.5$ 、設計変数2におけるこの操作の概念図を Fig. 10 に示す。

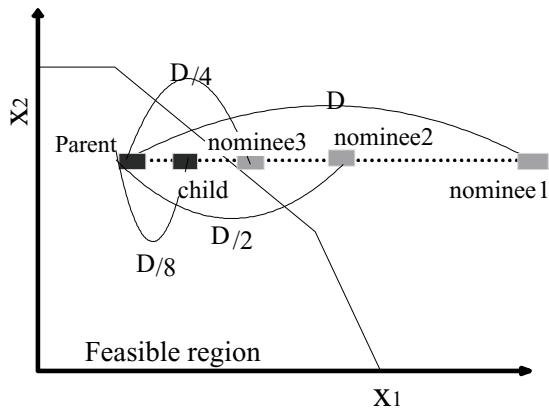


Fig. 10. Operation of replacing child into the constraints.

さらに本研究におけるアルゴリズムでは、4章にて提案したパレート解の作り出すフロンティアの変化に基づく新たな終了条件を適用している。この終了条件では、現在の世代におけるパレート最適個体群とどれだけ離れた(前世代の)パレート最適個体群を比較するのか、その世代間隔が重要になってくる。今回は特にシェアリングに注目し、N回目のシェアリング終了後の個体とN+1回目のシェアリング直前の個体を比較するようにした。

6.3 GAのパラメータ設定

数値実験には、単一母集団遺伝的アルゴリズム(CGA)と、母集団を十島に分割したDGA(島モデル)の大きく分けて2種類のGAを用いている。SGA, DGAに共通するパラメータをTable 1に示す。ただし、Table 1における初期個体数(initial population size)は、初期総個体数を意味するものであり、全ての実験条件において乱数で与えた同一の初期値を用いているものとする。また、DGA特有のパラメータについてTable 2に示す。

Table 1. GA parameter setting.

Parameter	Value
initial population size	1000
crossover rate	1
mutation rate	0
limit last generation	200

Table 2. Parameter setting for DGA.

DGA Parameter	Value
migration interval	5
migration rate	0.1
island number	10

さらに、SGA, DGA共通の終了条件に関するパラメータをTable 3に示す。本研究では、Table 3に示し

た終了条件において終了しない場合、200世代になった時点で強制的に終了させるという手法を用いている。これは、解の無限探索に対する強制的な防止策である。なお、本実験で使用したマシン環境は、CPU: Pentium 400MHz, Memory: 128MBytes, OS: Linux 2.0.36である。また、全ての実験結果は10回試行の平均値を用いている。

Table 3. Parameter setting for termination criterion.

Termination Criterion Parameter	Value
Termination Parameter	0.98
Tolerance	0.0001

6.4 実験結果及び考察

6.4.1 シェアリングの効果

まず、シェアリングのパラメータによる影響について調べる。本研究における、シェアリングに関するパラメータは、シェアリング開始個体数(limit population size), シェアリングレンジ(sharing range), シェアリング選択個体数(choice population size)の3つである。これらの3つのパラメータは、互いに密接に関わり合っており、結果に対し少なからず影響を与えるものと考えられる。そこで、CGAを用いて何種類かのパラメータによる結果比較を行い、パラメータの持つ特徴、傾向について考察を行う。シェアリングの効果に関する実験条件をTable 4に示し、結果をTable 5に示す。

Table 4. Experiment condition in CGA.

Case	limit population size	sharing range	choice population size
1	6000	100	5000
2	6000	4000	5000
3	10000	100	5000
4	10000	4000	5000
5	10000	100	8000
6	10000	8000	8000

Table 5より、シェアリング半径が結果に対し大きな意味を持っていることが分かる。各評価項目について見た場合、シェアリング範囲の広い方がパレート解の評価値全般において良い結果を出している。これは、シェアリング半径の広いシェアリングでは、全体的なばらつきを考慮した個体数保持が行えるためであると考えられる。

Table 5. Result to the example in CGA.

Case	number of solutions	accuracy	cover rate	diversity	generations	Calculation time[sec]	function call
1	5000	0.014773	0.99	0.2754	12.3	640.92359	44459.5
2	5000	0.016671	1	0.3785	14.9	916.6307	57443.8
3	5000	0.010062	1	0.2857	27.4	2624.9196	158529
4	5000	0.011333	1	0.2926	37.2	4048.9504	225971
5	8000	0.010977	0.99	0.2622	12.2	1516.2988	62285.2
6	8000	0.013082	1	0.397	16.1	2528.2454	93411.6

次に用いる個体数による計算回数・計算時間の違いについて考察する．結果より，シェアリング開始個体数が良い結果を示していることが分かる．本研究で用いたアルゴリズムでは，比較的早い世代においてある程度探索が終了する．そのため，探索に必要な個体数は Case1, 2 における 6000 個体で十分であるといえる．

しかし，個体数を多く用いて探索を行った方が，より精度の良い個体が得られていることが分かる．これは，精度を上げるためにはある程度，局所的に個体が存在している必要があるためである．

また結果より，シェアリング開始個体数とシェアリング選択個体数の差は少ないほど計算回数，計算時間が短いことが分かる．特に計算回数においては大きな開きが認められる（Case3, Case5 の比較）．これは，シェアリングによる選択（間引き）による影響はより少ない方がよいことを意味している．

6.4.2 分散の効果

母集団を分割した場合（DGA）の効果について調べる．CGA の場合と同様，DGA においても，シェアリングの効果は結果に大きく影響することが考えられる．そのため，幾つかのパラメータ設定による場合を実験し，それらの結果と CGA における結果を比較することにより DGA の特徴について考察を行う．

分散の効果に関する実験条件を Table 6 に示す．また，結果を Table 7 に示す．尚，Table 6 に示したパラメータは分割された 1 母集団辺りのものである．

Table 6. Experiment condition in DGA.

Case	limit population size	sharing range	choice population size
1	600	100	500
2	600	500	500
3	1000	100	500
4	1000	100	600
5	1000	100	800
6	1000	800	800

尚，Table 7 における Case3 は，10 試行全てにおいて

て終了条件を満たせず，200 世代にて強制的に終了を行った．終了条件を満たせなかった理由としては，2 点考えられる．すなわち，シェアリング開始個体数とシェアリング選択個体数の差が大きすぎることで，シェアリング開始個体数（個体数の上限）が比較的大きいことである．

結果より，CGA と比較した DGA の特徴として計算回数的大幅な短縮が挙げられる．これは，一島辺りの個体数が少ないため実現されたと考えられる．つまり，一島辺り個体数が少ないため全個体間の距離，位置関係を調べる必要のあるシェアリング，ランク付けなどの操作が短時間でできるためである．

逆に計算回数，終了世代では若干増加の傾向があることが分かる．これは，分散させたことによる計算効率の悪化が原因であると思われる．基本的に，十分な探索が行われていない個体群（島）を集めた場合より一つの個体群により十分探索した場合の方が有利であると考えられるため，個体を分散させた DGA では計算効率は，CGA に比べ多少悪くなる傾向がある．

パレート解評価項目に関しては，CGA と比べ大きく異なる項目は無い．しかし，多様性，精度について若干異なっている．多様性について見た場合，全体的に CGA に比べ良好な値を示している．これは，解を分散させることにより，解の収束性を島数に分散できるからである．

また，3 つのシェアリングパラメータによる影響について見た場合，CGA の場合とほぼ同様の傾向があることがわかる．故に，シェアリングパラメータによる影響は，CGA, DGA に関わらず普遍的な傾向があるものと思われる．

6.4.3 全体シェアリングの効果

分散の効果として，より少ない計算時間により結果を得られることが分かった．しかし，母集団を分散させることにより計算効率は悪化する傾向にあり，目的関数などの評価関数にある程度時間を要するような場合，DGA はあまり有効的とは言えない．

Table 7. Result to the example in DGA.

Case	number of solutions	accuracy	cover rate	diversity	generations	Calculation time[sec]	function call
1	4613.2	0.016085	1	0.2745	14.8	105.87386	63522.2
2	4551.2	0.016002	1	0.3298	16.7	126.15989	73218.4
3	4915.6	0.008843	1	0.243	200	2112.8243	1378704
4	5546.8	0.01444	1	0.2642	14.9	153.13716	76706.1
5	7418.3	0.012779	1	0.2469	15.2	257.42779	97704.6
6	7302.7	0.012517	1	0.3242	17.6	323.45895	117496

Table 8. Result to the example in DGA with new sharing method.

Case	number of solutions	accuracy	cover rate	diversity	generations	Calculation time[sec]	function call
1	5000	0.014659	0.99	0.2581	12	735.02431	48558.8
2	5000	0.015601	1	0.3581	12.8	849.60091	52581.4
3	5000	0.009678	1	0.275	36	3735.1935	230683
4	5000	0.012121	1	0.2928	32.8	3695.0529	208678
5	8000	0.011114	1	0.2477	12	1847.7396	70637.3
6	8000	0.011943	0.99	0.3813	13.4	2235.3621	81831.7

ここでは、DGA に全体的な視野を取り入れた全体シェアリングについてその有効性を検証する。全体シェアリングの効果に関するシェアリングパラメータは、CGA におけるパラメータ Table 4 と同一のものを用いた。また、結果について Table 8 に示す。

尚、全体シェアリングを用いる DGA では移住を行っていない。これは各島ごとに独立した個体群がシェアリング時に一か所に集められ、混ぜ合わされて分配されるため、各島ごとの個体交換を行う移住の必要性が無いためである。

結果より、従来の DGA に比べ計算効率が大幅に向上しているのが分かる。これは全体シェアリングが、単なる島内でのシェアリングに比べより全体的な視野に基づいてシェアリング選択を行っているためである。つまり全体シェアリングでは、解集合を島毎に分割しているにも関わらず各個体は全体を意識した探索を実現している。そのため無駄を極力削減することができ、計算効率が向上するのである。

また、パレート解評価値について見た場合には CGA、従来の DGA と比較して大きな違いはなく、精度について見た場合には僅かながら最も良好な値を示している。これは個体を分散させ幾つかの島で独立に成長させ、増加しすぎた個体に対し全体を用いたシェアリング選択を行うによる効果であると思われる。しかし、多様性について見た場合、CGA よりは優れているも

の、従来の DGA と比べ僅かに改善されているのが分かる。これは、全体シェアリングが分散の効果を弱める特徴があるためである。

さらに、計算時間について見た場合、従来の DGA における計算時間短縮という特徴は完全に失われているのがわかる。これは、シェアリング時において全個体を用いた計算を行っているためである。また、シェアリング時における個体の集中、分配といった作業も計算時間の増加の一因である。

以上より全体シェアリングは、DGA の欠点であった計算効率、パレート解の精度を改善した手法であると言える。しかしながら、個体間選択(シェアリング、ランク付け)に時間がかかるため、特に評価関数の計算に膨大な時間が掛かるような場合、有効な手法であるといえる。

7. 結 論

本論文では、個体群の多様性を保持する上で有効なシェアリングの特徴に注目し、分散遺伝的アルゴリズムにおける新たなシェアリング手法として、全体シェアリングの提案を行い良好な結果を得た。また多目的 GA に関する新たな手法として終了条件、得られた解の評価手法の提案を行い、その有効性を実証するため利用した。

新たに提案する終了条件は、従来の多くの手法が終了条件として世代や計算回数、計算時間に基づくもの

を用いていたのに対し解の探索状況に基づく画期的なものである。特にこの終了条件を用いることにより、各手法における計算回数、計算時間といった視点からの明確な比較を行うことができた。

提案する解の評価方法は、多次元空間にも対応できる汎用性の高い手法である。提案する解の評価手法を適用することにより視覚によるあいまいな比較ではなく定量的な評価値による厳密な比較を行うことができた。

数値実験としては、シェアリングにおけるパラメータの影響、多目的最適化 GA の分散化による影響、そして提案する全体シェアリングを用いた分散遺伝的アルゴリズムの有効性について検証を行った。得られた結論を箇条書きで示す。

1) シェアリングパラメータによる影響。

- シェアリング半径が広いほど早く、かつ少ない計算回数で各評価項目において良好な解が得られた。
- シェアリングによる影響はより小さい方が良好な計算効率を示した。

2) GA の分散化 (DGA) による影響。

- 計算時間が短縮された。
- 計算効率が悪化した。
- シェアリングパラメータによる影響は増大する傾向にあった。

3) 全体シェアリングにおける影響。

- (DGA と比較して) 計算効率が改善した。
- 精度が向上した。
- (DGA と比較して) 計算時間が増大した。

今後の課題としては、提案手法の並列化への適用が挙げられる。本手法は、並列化を意識したアルゴリズムになっているため、並列化への適用が可能である。そのため、実際に本手法を並列へ適用しその有効性を検証する必要がある。

参 考 文 献

1) 玉置 久, 森 正勝, 荒木 光彦, “ 遺伝的アルゴリズムを用いたパレート最適解集合の生成法,” 計測自動制御学会論文集, Vol.31, No.8, pp.1185~1192(1995) .

2) 比屋根 一雄, “ 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 回自律分散シンポジウム, 計測自動制御学会, pp.295~300(1997) .

3) C.M.Fonseca and P.J.Fleming, “Genetic algorithms for multiobjective optimizations,” Proc.of 1st Int.Conf.on Genetic Algorithms and Their Applications, pp.93-100(1985) .

4) J.Horn,N.Nafpliotis and D.E. Goldberg, “A niched Pareto genetic algorithm for multiobjective optimization,” Proceedings of the First IEEE Conference on Evolutionary Computation, pp.82-87(1994) .

5) R.Tanese, “Distributed Genetic Algorithms,” Proc.3rd International Conf.Genetic Algorithms, pp.434-439(1989) .

6) D.E.Goldberg, *Genetic Algorithms in Search, Optimization, and Machine Learning*, (Addison Wesley, 1989), pp.197-201.

7) M.Miki, “Parallel Genetic Algorithm with Parameter-Free Approach,” Proc.of ICES 98, Vol.1, pp.582-587(1998) .

8) 三村 泰成, 廣安 知之, 三木 光, “ 実数コーディングを用いた遺伝的アルゴリズムのトラス構造物への適用,” 計算工学会講演論文集, Vol4, pp.457-460(1999) .

9) J.D.Schaffer, “Multiple objective optimization with vector evaluated genetic algorithms,” Proc.of 1st International Conference on Genetic Algorithms and Their Application, pp.93-100(1995).

10) J.P. Cohoon, S.U. Hegde, W.N. Martin and D.Richards, “Punctuated Equilibria:A Parallel Genetic Algorithms,” Proceedings of the Second International Conference on Genetic Algorithms, pp.148-154(1987).

11) R.Tanese, “Parallel Genetic Algorithms for a Hypercube,” Proceedings of the Second International Conference on Genetic Algorithms, pp.177-183(1987).

12) 三宮 信夫, 喜多 一, 玉置 久, 岩本 貴司, “ 遺伝的アルゴリズムと最適化”, (朝倉書店, 東京, 1998), pp.103-111 .

