

領域分割型多目的遺伝的アルゴリズム

廣 安 知 之[†] 三 木 光 範[†] 渡 邊 真 也^{††}

本研究では多目的遺伝的アルゴリズムを並列処理するための分散モデルとして領域分割型多目的遺伝的アルゴリズム (Divided Range Multi-Objective Genetic Algorithm: DRMOGA) を提案する。このモデルは、分割母集団モデルの一つであるが、各個体をランダムに分割するのではなく、目的関数の値に着目して近接する個体群を一つの分割母集団とし並列処理を行うモデルである。本モデルをいくつかの標準問題に適用することにより、その性能を検討した。その結果、以下の 2 点が明かとなった。まず、適用した問題においては、通常の分割母集団モデルと同速度でパレート解を求めることが可能であった。次に、単一母集団モデルで得られるパレート解とほぼ同等の解が求められた。これらの結果より、DRMOGA モデルは分散・並列化により高速に良好なパレート解を求めることのできるモデルであると言える。

Divided Range Multi-Objective Genetic Algorithms

TOMOYUKI HIROYASU,[†] MITSUNORI MIKI[†]
and SHINYA WATANABE^{††}

In this paper, Divided Range Multi-Objective Genetic Algorithm (DRMOGA) is proposed. This is one of the divided population models, but the population is not randomly divided into sub populations. In this model, the population of a GA is sorted with respect to the values of one of the objective functions and divided into sub populations in order. Therefore, the individuals that are close to each other are collected in a sub population. Applying DRMOGA to some test functions, its searching ability is examined. Through the numerical examples, the following points are found. Firstly, the proposed model can find the solutions as fast as a simple divided population model. Secondly, the quality of the solutions that are obtained by the proposed model is as good as that of a single population model. According to these results, it is concluded that the proposed model is an effective distributed and parallel model of multi-objective GA that can derive the good solutions quickly.

1. はじめに

遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithm: GA) 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⁶⁾。これまでの従来の最適化手法においては関数の感度を利用して山登り法に類する手法が用いられてきたため、離散的な問題や準最適解が多く存在するようないわゆる多峰性のある問題において最適解を探索することは困難であった。これに対して 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が探索でき、かつ離散的な問題にも対応できる非常に強力な最適化の方法である。

GA 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いる^{3),5),13)}。GA は多点探索手法である

ために多目的最適化問題におけるパレート最適解集合の探索に非常に有効な手法であると考えられる。それに関する研究は、GA を多目的最適化の一つの方法論として確立したといわれている Schaffer らの VEGA¹²⁾に始まり、パレート最適解集合のフロンティアを陽に取り扱う Goldberg のランクイン法⁶⁾や Fonseca らの MOGA⁴⁾などが代表的である。また、玉置らの並列選択と同時に、得られているパレート最適個体を保存する手法の提案、Murata らの多目的関数にそれぞれ重みを加え单一目的として解を求める方法⁹⁾などの提案も行われている。

このように、遺伝的アルゴリズムは多目的最適化問題においてパレート解を求めるために有効であるが、一方で、複数の目的関数および制約条件の値を繰り返し評価する必要があり、膨大な計算時間が必要となる。

[†] 同志社大学工学部
Faculty of Engineering, Doshisya University
^{††} 同志社大学大学院
Graduate Student, Doshisya University

玉置らはパレートフロントを構成する個体をパレート最適個体と呼んでいる。本研究でもこれらの個体をパレート最適個体と呼ぶ。

このため，並列処理により計算時間を短縮することは重要な課題となる。

単一目的における GA の並列化に関する研究は近年活発に行われ^{10),11)}，適合度関数の値を求める部分の並列化を行うモデルである細粒度モデルや全体の個体をいくつかのサブ母集団に分割しそれぞれのサブ母集団内で GA を行い，数世代に 1 度，解交換を行う分割母集団モデルが代表的である。また，分割母集団モデルは単一母集団モデルと比較して並列化効率が良いだけでなく，解を求めるのに必要な計算量そのものが減少することが知られている²⁾。一方で，多目的最適化 GA の並列化に関する研究はいくつか見られるが^{7),8),17)}，その数は多くない。また，そこで使用されている計算モデルは単一目的における GA の並列化とほぼ同様で，例えば細粒度モデルや⁸⁾，分割母集団モデルである¹⁷⁾。

単一目的における GA の場合，その探索初期段階では，各個体は探索領域全体に広がり大局的探索を行い，探索が進むにつれて，各個体は一つの解に収束し，局所探索を行うという振る舞いを示す。そのため，少ない個体数の場合には初期収束を起こし，個体数が必要以上に多い場合には余分な計算が必要となる。それに対して，多目的における GA では，多くの場合，パレート解集合が探索領域全体に広がっている場合が多いため，探索の初期段階においても，最終段階においても，探索領域全体における大局的探索が必要となる。同時に，各個体は真のパレート解へ近付く必要性があるので，局所探索も必要となる。これにより，個体数は多ければ多いほど，より広い範囲での精度の良いパレート解が求められることになる。すなわち，単一目的の場合と多目的の場合とでは，GA に求められる性能が異なる。

通常の分割母集団モデルを多目的問題に適用した場合，各母集団内の個体数は単一母集団のものと比較すると減少するため，各島で求められるパレート解の質は悪くなる。また，各島内では優越した解であっても，全体の解集合と比較した場合には，優越していないような場合が考えられるため，計算効率も良いとは言えない。そのため，単一母集団モデルである細粒度モデルと分割母集団モデルとを比較すると，同一の精度の解を求めるには，前者のモデルの方が有利となる。一方で，並列計算機上での実装を想定した場合には後者のモデルが有利であると考えられる。すなわち，分割母集団モデルでは通信負荷が低いため，プロセッサ数が多い並列機や PC クラスタのようなネットワーク性能の低い並列計算機には適している。これらの点から，並列計算機を用いて GA を行うには，分割母集団モ

ルで，かつ，単一母集団モデルと同等の解探索能力を持つ，新しいモデルが望まれる。

そこで本研究では，そのような多目的最適化 GA に適した分割母集団モデルとしてパレート解候補を目的関数空間における領域で分割して並列処理を行う領域分割型多目的遺伝的アルゴリズム，(Divided Range Multi-Objective Genetic Algorithm: DRMOGA) を提案する。さらに提案するモデルをいくつかのテスト問題に適用し，その有効性や得られる解の特性を検討し，個体をランダムに分割する通常の分割母集団モデルや単一母集団モデルとの比較を行う。

2. 遺伝的アルゴリズムによる多目的最適化

2.1 多目的最適化問題

最適化問題において複数の目的関数を持つような問題は特に多目的最適化問題 (Multi-Objective Optimization Problems: MOPs) と呼ばれる。多目的最適化問題は以下のように定式化できる。すなわち次式で表せる制約条件

$$g_i(x) \leq 0 \quad (1, 2, \dots, m) \quad (1)$$

を満足し，複数の目的関数 $f_i(x)$ が

$$\min[f_1(x), f_2(x), \dots, f_n(x)] \quad (2)$$

となるような設計変数 $X \in \mathcal{F}$ を求める問題。

ここで \mathcal{F} は制約条件 (1) を満たす X の集合で，可能領域と呼ばれる。

一般に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。そこで多目的最適化問題においては次に示すパレート最適解集合 (Pareto-optimum solutions) の概念が使用される¹⁾。

- (1) 優越： $x^1, x^2 \in \mathcal{F}$ に対してすべての目的関数に対して $f_i(x^1) \leq f_i(x^2)$ が成り立ち，かつ，いくつかの目的関数に対して $f_i(x^1) < f_i(x^2)$ が成り立つとき x^1 は x^2 に優越するという。
- (2) パレート最適解： x^0 に優越する $x^1 \in \mathcal{F}$ が存在しない場合， x^0 は Pareto 最適解であるという。

実問題の設計問題は多目的最適化問題となる場合が多く，通常それらの目的関数はトレードオフの関係にある。それらトレードオフの関係は不明であり，この関係を明らかにすることで，設計はより容易になるものと考えられる。よって，多目的最適化問題においてはこのパレート最適解集合を把握することが一つの目標となる。

2.2 多目的遺伝的アルゴリズムの並列化

遺伝的アルゴリズムは生物の遺伝と進化の方法を模擬した最適化手法で，複数の個体と呼ばれる探索点に

より探索がおこなわれる。これらの個体群が母集団であり、総探索点数が母集団サイズである。新たな探索点は交叉・突然変異といった遺伝的操作によって決定される。また、個々の個体は適合度と呼ばれる目的関数や制約条件の値から決定される値を持つ。各個体は適合度に応じた確率的な手法で選択される。これらの遺伝的操作、交叉、突然変異、評価、選択は順に行われ、この1周期を1世代と呼んでいる。通常、最適解が求めらるまでに何世代も繰り返しが必要である。

すでに述べた通り、多目的最適化問題に対するGAの適用方法は、パレート解を陽に取り扱う方法と扱わない方法に大別できる。パレート解を陽に扱う方法では、なんらかの形でパレート解集合に近い個体に良好な適合度を与える、パレート解集合に近い個体ほど次世代に残りやすく設定する。通常はランク法^{4),6)}と呼ばれる方法が一般的である。現在の世代の中で優越されない個体がランク1である。Goldbergらはランク1である個体を除いた個体の中で優越されない個体をランク2とし、以下同様にランクを定めている。

より良いパレート解とは真のパレート解に近いだけでなく、目的関数空間、もしくは、表現型空間に広く分布していることを言う。そのようなパレート解を求める機構の一つがシェアリングである。このシェアリングでは各個体の適合度を操作することにより、周辺に他の個体が多く存在する個体を選択されにくく、周辺に存在する他の個体が少ない個体を選択されやすくなり、広く分布したパレート解を求める操作である。多目的最適化GAにおいて良好なパレート解を求めるためにこのシェアリングは重要な操作となる。

多目的最適化GAを並列処理する場合に大きく分けて2通りの方法が考えられる。すなわち、各遺伝的操作を並列に処理する方法と、母集団をいくつかに分散し、それらを並列に処理する方法である。

各操作を並列化する研究中で最も多く見られるモデルは適合度を求める部分を並列に処理するものである⁸⁾。これは一般にGAにおいては適合度を求める部分に最も計算時間を必要とするからである。

母集団を分割してそれぞれを並列に処理するモデルは島モデルと呼ばれる。分割されたサブ母集団は島と呼ばれ、各島内で別々に通常のGAを行う。また、あらかじめ設定された世代数ごとに島内でいくつかの個体が選択され、他の島の個体と交換もしくはトーナメントなどにより選択される。この操作が移住である。このモデルでは通信量が小さいので並列処理の効果がある。このモデルにはサブ母集団の生成方法や移住方法などにより様々なモデルが存在する。比屋根⁷⁾は各島

の所有する個体数は同一で、各島の個体は初期にランダムに生成される島モデルを多目的最適化GAに拡張し、Vicini¹⁷⁾は個体数の異なる島による多目的最適化GAの並列処理を行っている。

単一目的の場合には、1点の最適点を求めるために島に分割して1島あたりの個体数が減るために収束が早くなり、かつ、多様性が維持されるというメカニズムが有効に働く。しかしながら、すでに述べている通り、多目的最適化問題においてパレート解集合を求めるためには、できるだけ個体数を多くして広域を探索した方が有利である。上で説明したような島モデルでは、島内の個体がランダムに生成されるために、どうしても各島の個体数が小さくなる。このため、単純に個体を分割するとパレート解を求めるために近傍探索ができないことや計算の無駄が生じるなどといった問題が生じる。

次章で提案するモデルは、個体を分割しそれらを並列に処理する島モデルの一つである。しかしながら、分割の際に目的関数空間における領域を考えることにより、これまでの島モデルでの欠点であった近傍探索の不足と計算に生じる無駄を克服している。

2.3 得られた解候補の評価方法

パレート最適個体の従来の評価方法は2目的、もしくは3目的の問題で得られた個体と真のパレート解を図示する方法が主であり、定量的な評価方法が確立されていない。

本研究では、比屋根⁷⁾が提案している定量的な評価方法のいくつかに着目し、さらに簡略化して利用することとする。

2.3.1 誤差(error)

真のパレート解が既知の場合、各パレート最適個体と真のパレート解とのユークリッド距離の平均は誤差とみなせる。誤差が小さいときパレート最適個体が真のパレート解集合に近いことを示している。ただし、この評価基準は真のパレート解が既知の場合でなければ使用できない。

また、本研究で用いたテスト関数では、多くの場合において、制約条件上がパレート解であるため、さらに簡略化して、例えば $g(x) = 0$ が真のパレート解である場合には

$$Error = \sqrt{\sum_{i=1}^N g(x_i)^2 / N} \quad (3)$$

を誤差としている。ここで N はパレート最適個体数である。

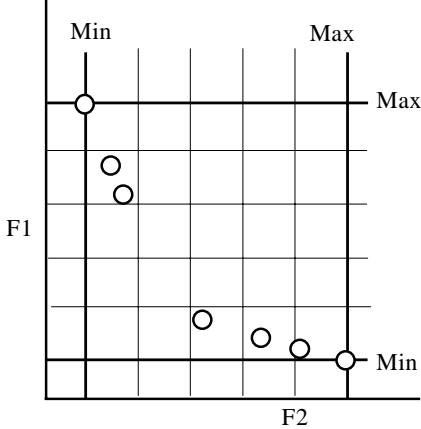


図 1 被覆率 (cover rate)

2.3.2 被覆率 (cover rate)

パレート解を探索する場合、たとえ誤差が 0.0 であつたとしても 1 点に集中していては良い解集合とは言えない。そのため、解のばらつきを示す指標が必要となる。その指標が被覆率である。

まず、図 1 に示すように（図では 2 目的の場合）、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領域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。これらの数値を合計し、領域の数で除したもののが被覆率とする。よってこの被覆率が 1 に近い方がすべての領域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された領域の数を 50 としている。

2.3.3 計算時間もしくは目的関数の計算回数

本数値計算例では次章で説明するようにパレートフロントを構成するパレート最適個体の進展が微少であることを終了条件を使用している。そのため、得られるパレート最適個体の誤差はどのようなモデルを選択してもほとんど変化がない場合が多いものと考えられる。パレート最適個体の誤差に差が生じない場合には、できるだけ短い計算時間もしくは目的関数の値の計算回数ができるだけ少なく解を求めるモデルを評価する。よってこれら計算時間と目的関数の計算回数を指標の一つとして考える。

3. 領域分割型多目的遺伝的アルゴリズム

3.1 DRMOGA の概要

本研究では多目的最適化問題においてパレート解を GA にて求める領域分割型多目的遺伝的アルゴリズム (Divided Range Multi-Objective Genetic Algorithm: DRMOGA) を提案する。本手法で使用するモデルは、提案する手法を並列処理にて行うことを想定したものである。

多目的最適化 GA においては広範囲のパレート解を効率よく求めるためには前節で触れたように、

- (1) 得られたパレート最適個体の近傍探索を行う能力があること、
- (2) パレート最適個体の近傍探索を必要以上に行い計算の無駄を生じないこと、

が求められる。こうしたことを考慮しない通常の島モデルにより多目的最適化 GA を並列処理すると、場合によっては同精度のパレート解集合を求めるためには単一母集団モデルと比較して島モデルの方が必要な個体数が増大し、並列処理を行う方が計算時間が長くなる場合がある。

そこで本研究では次に示すように、得られているパレート最適個体を目的関数に沿って領域で分割し、その領域ごとに多目的最適化 GA を行う手法を提案する。

以下に提案する領域分割型多目的遺伝的アルゴリズムの流れを説明する。下記の流れの中で GA の総個体数を N 、分割数を m とし、目的関数は f_1 から f_L まで L 個存在するものとする。

- ステップ 1

N 個の個体をランダムに生成する。これらの個体が表現する設計変数はすべて制約条件を満足するものとする。

- ステップ 2

得られた個体のうちランク 1（個体の中で優越されない個体、すなわちパレート最適個体）のものだけを選択する。

- ステップ 3

注目する目的関数 f_i の値に従って各個体のソートを行う。本研究では注目する目的関数 f_i はランダムではなく f_1 から f_L まで順に変更することとしている。さらに着目する目的関数の最大値 $f_i(x)$ から目的関数値順に N/m 個の個体を選択し、 m 個のサブ母集団を形成する。

- ステップ 4

サブ母集団ごとに多目的最適化 GA を行う。本研究で行う多目的最適化 GA は次節で詳しく説明する。また、各世代ごとに終了判定を行い、条件を満たす場合には終了する。終了判定で、条件を満たさない場合は、ステップ 5 に進む。

- ステップ 5

各母集団で多目的最適化 GA が k 世代行われたら

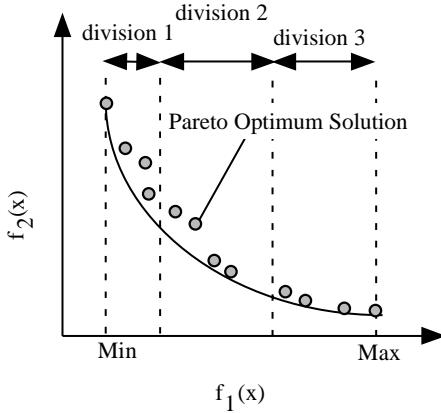


図 2 領域分散型 GA (2 目的)

ステップ 3 にもどる。この世代数をソート間隔と呼ぶ。

本研究では、分割数 m およびソート間隔 k はあらかじめ決定しておくものとする。図 2 には 2 目的の場合に目的関数 f_1 に沿って 3 分割している概念図を示す。

この DRMOGA モデルを、分散メモリ型並列計算機により並列処理を行うことにより、島モデルと同等の処理速度の向上や単一母集団モデルと同等の解の精度を持った解集合を求めることが可能といった効果が期待できる。

3.2 多目的最適化 GA の構成法

DRMOGA での各母集団で行う多目的最適化 GA は様々な手法が考えられる。本研究では以下に示すように多目的最適化 GA を構成する。

3.2.1 個体の表現

通常、GA では 1, 0 からなるビット列に設計変数をコーディングして遺伝的操作を行うが、本研究では、適用する数値計算例の探索空間が実数空間であるために、ビット型ではなくベクトル型の遺伝子を利用する。すなわち、各遺伝子はたとえば、

$$a_1 = \{0.02, 10.03, \dots, 7.52\} \quad (4)$$

といったベクトルで表現でき、各要素は設計変数の値を直接示す。

3.2.2 交叉法

ベクトル型の遺伝子を使用するために、筒井らの手法¹⁵⁾を簡略化した実数交叉を交叉法として採用している。すなわち、設計変数が n 個の場合、個体の集合の中から任意の $n+1$ 個体（親）を抽出し、正規分布を用いて親個体の重心付近に多く発生するような確率で子を生成する。

3.2.3 その他の遺伝子操作

本数値計算例では突然変異は行っていない。先に示

した交叉方法で突然変異と同等の効果が十分に得られると考えられるためである。

また、選択はランク 1 のみを選択する。それらの個体数が一定値を超えた場合、シェアリングにより各個体に適合度を与えるルーレット選択を行う。ここで使用する適合度 f_i^s は次式で与えられる。

$$f_i^s = \frac{1}{m+1} \quad (5)$$

ここで m はシェアリング半径内に含まれる個体の数である。よって $m=0$ の場合、適合度 f_i^s は 1 となり、 m の値が増えるに従って適合度 f_i^s の値は小さくなる。

3.2.4 終了条件

多目的最適化 GA に関する従来の研究で用いられた終了条件は多くの場合が世代数の制限によるものであった。しかしながら、解探索に必要な世代数は問題に依存するのみならず、設定した終了世代が適当な世代数であるかどうかは解が求まった後でなければ判定できず、実用的と言えない。

そこで本研究ではパレートフロントを構成するパレート最適個体がこれ以上進展しないと判断された状態の際に終了としている。

4. 数値計算例

4.1 テスト関数

本研究で提案している領域分割型多目的遺伝的アルゴリズムの有効性を検証し、得られる解集合の特徴を把握するため、以下に示すいくつかのテスト関数に適用した。例題 1 から 3 は玉置らの使用したテスト関数¹⁴⁾である。これらの関数の真のパレート最適解は既知である。例題 4 は Veldhuizen¹⁶⁾ らのテスト関数の一つでパレート最適解を求めるのが非常に困難な問題である。このテスト関数の真のパレート解は求められない。

例題 1

$$f_1(x) = x_1^2 - x_2 \quad (6a)$$

$$f_2(x) = -\frac{1}{2}x_1 - x_2 - 1 \quad (6b)$$

$$g_1(x) = \frac{1}{2}x_1 + x_2 - \frac{13}{2} \leq 0 \quad (6c)$$

$$g_2(x) = \frac{1}{2}x_1 + x_2 - \frac{13}{2} \leq 0 \quad (6d)$$

$$g_3(x) = \frac{1}{2}x_1 + x_2 - \frac{13}{2} \leq 0 \quad (6e)$$

$$g_4(x) = x_1 \geq 0 \quad (6f)$$

$$g_5(x) = x_2 \geq 0 \quad (6g)$$

例題 2

$$\begin{aligned}f_1(x) &= -2x_1 + x_2 & (7a) \\f_2(x) &= x_2 & (7b) \\g_1(x) &= x_1^2 - x_2 \leq 0 & (7c) \\g_2(x) &= x_1 \geq 0 & (7d) \\g_3(x) &= x_2 - 1 \leq 0 & (7e)\end{aligned}$$

例題 3

$$\begin{aligned}f_1(x) &= 2\sqrt{x_1} & (8a) \\f_2(x) &= x_1(1 - x_2) + 5 & (8b) \\g_1(x) &= x_1 - 1 \geq 0 & (8c) \\g_2(x) &= 4 - x_1 \geq 0 & (8d) \\g_3(x) &= x_2 - 1 \geq 0 & (8e) \\g_4(x) &= 2 - x_2 \geq 0 & (8f)\end{aligned}$$

例題 4

$$\begin{aligned}f_1(x) &= \frac{1}{2}(x_1^2 + x_2^2) + \sin(x_1^2 + x_2^2) & (9a) \\f_2(x) &= \frac{(3x_1 - 2x_2 + 4)^2}{8} \\&\quad + \frac{(x_1 - x_2 + 1)^2}{27} + 15 & (9b) \\f_3(x) &= \frac{1}{x_1^2 + x_2^2 + 1} \\&\quad - \frac{11}{10} \exp(-x_1^2 - x_2^2) & (9c) \\g_1(x) &= x_1 \geq -3 & (9d) \\g_2(x) &= x_2 \leq 3 & (9e)\end{aligned}$$

4.2 シミュレーション環境と設定するパラメータ

数値計算例で使用した並列計算機は 1 に示すような PC クラスタである。ネットワークは一般的な FastEthernet および安価な Switching Hub を使用している。

表 1 Cluster system

CPU	Pentium II I (500MHz)*5
Memory	128 Mb
OS	Linux2.2.10
Network	FastEthernet
	TCP/IP
Communication library	MPICH1.1.2

表 2 に本研究で提案する DRMOGA およびそれと比較する単一母集団 (SGA) モデルと通常の島モデル (DGA) において使用したパラメータをまとめて示す。分散モデルの場合、使用するプロセッサ数は分割数 (島数) と等しいとした。

多目的最適化 GA において得られるパレート最適個体の精度に影響するパラメータは使用する個体数とシェアリング半径と考えられる。これらのパラメータは多く

表 2 使用したパラメータ

	SGA	DGA	DRMOGA
Crossover rate		1.0	
Mutation rate		0.0	
Number of islands	—	5	
Migration interval (Sort interval)	—	5	
Migration rate	—	0.1	—

表 3 母集団サイズとシェアリングレンジ

case	population size	sharing range
Case 1	50	25
Case 2	100	50
Case 3	200	100
Case 4	500	250
Case 5	1000	500

の手法で解に大きく影響することが報告されており³⁾、最適な値を求めるることは非常に難しい。そこで、本数値計算例では個体数として 50, 100, 200, 500, 1000 の各値を、また、シェアリングレンジとして、個体数の 1/2 を使用している。シェアリングレンジとはシェアリング半径を決定するサブパラメータであり、パレート最適個体のうちでユークリッド距離の最も離れた 2 個体の距離をシェアリングレンジで分割することによりシェアリング半径を求めている。すなわち、シェアリングレンジが大きくなるとシェアリング半径は小さくなる。

本数値計算例では各例題に対して表 3 に示すような 5 種類の個体数および 2 種類のシェアリングレンジを使用し、計 10 通りのパラメータについて検討を行っている。提案するモデルを DRMOGA モデル、単一母集団モデルを SGA モデル、島モデルを DGA モデルとそれぞれ表記する。

4.3 数値計算結果

以下に各例題の結果を示す。すべての数値計算結果は、10 試行の平均を取ったものである。

例題 1

例題 1 は式 6 で表され、比較的パレート解の求めやすい 2 目的の問題である。

各ケースでの誤差を図 3 に示す。

図 3 からわかるように DRMOGA では個体数が少ない場合も他のモデルよりも良い精度の解が得られる。また、個体数を多くすることによりどのモデルによつても精度の高い解が得られる。これは、前述の終了条件を用いたためと思われる。これらの解の傾向は他の

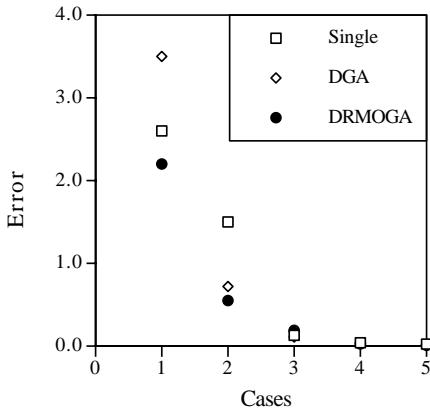


図 3 例題 1 誤差

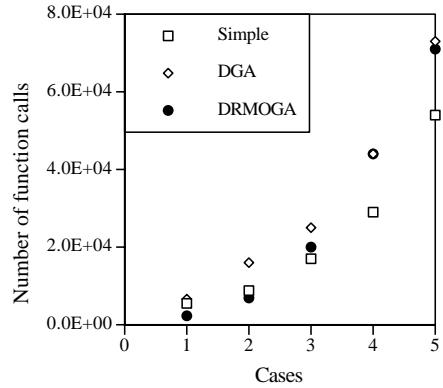


図 5 例題 1 目的関数の計算回数

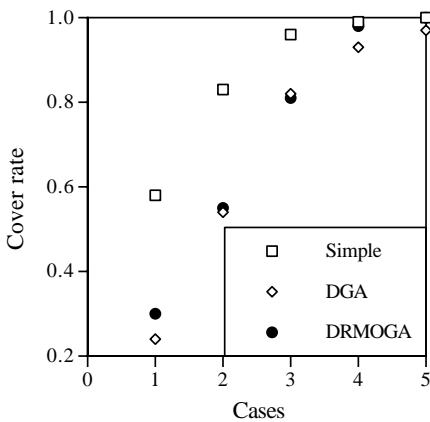


図 4 例題 1 被覆率

例題の結果においても同様であった。

図 4 に各ケースでの被覆率を示す。全体的に解が求められるのは単一個体モデルである。本研究で提案している DRMOGA と DGA のモデルの結果には大差がない。これはこの問題が比較的パレート解集合を求めやすいからであると考えられる。

図 5 に目的関数の計算回数を、図 6 に総計算時間を示しているが、ここでも DGA と DRMOGA のモデルの結果には大きな違いは見られない。DRMOGA のモデルにおいては DGA と比較してソート時間のオーバーヘッドが懸念されるが本数値計算例では大きな差は確認されなかった。この傾向は他の数値計算例でも同様である。

本研究では 5 プロセッサを用いている。十分な実装の検討を行っていないにもかかわらず、特に個体数が多くなる (Case 5 など) と、分割したモデルの場合には単一母集団のモデルと比較して 5 倍以上の速度向上

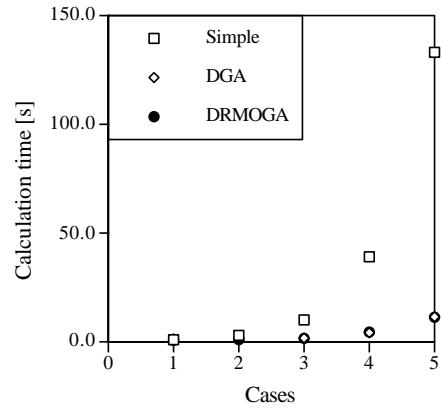


図 6 例題 1 総計算時間

が見られる。これは、分割することにより、各プロセスで担当する個体数が減少するためにシェアリングに要する時間が減少し、ランキングなどをを行うための個体間比較の時間も減少するためであると考えられる。分散化によるこのような速度向上は他の例題においても同様である。これにより、DRMOGA モデルは DGA モデルとほぼ同速度で並列処理が行えると言える。

例題 2

例題 2 は式 7 で表され、例題 1 と比較するとパレート解を求めるのが困難な問題である。ケース 5 における SGA モデル、DGA モデル、DRMOGA モデルによって得られたパレート最適個体を図 7, 8, 9 に示す。実線は真のパレート最適解を示している。図 10 に各ケースでの被覆率を示す。

パレート最適個体の分布からわかるように、島モデルではほとんどパレート解集合が求められていない。また、図 10 からもわかるように SGA モデルにおいても 1.0 に近い被覆率は出でていない。また、DGA モデルにおける被覆率は非常に低い。DRMOGA モデルで

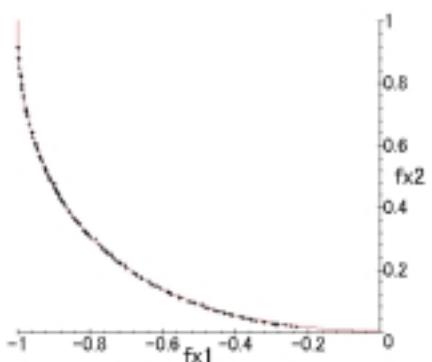


図 7 パレート最適個体(例題 2 , SGA モデル , ケース 5)

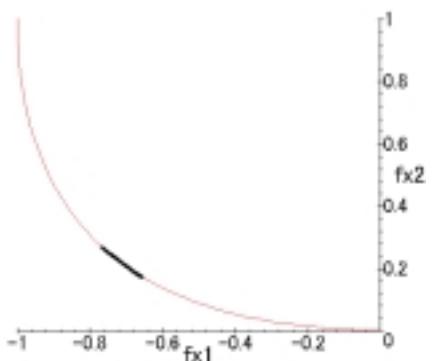


図 8 パレート最適個体(例題 2 , DGA モデル , ケース 5)

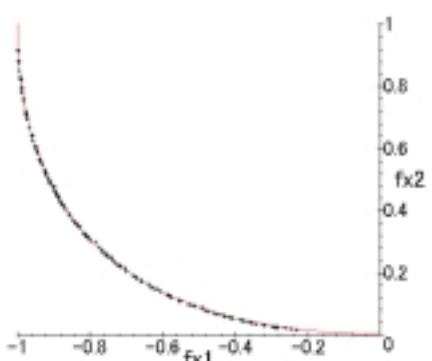


図 9 パレート最適個体(例題 2 , DRMOGA モデル , ケース 5)

も被覆率は良くないが、DGA ほど悪い値とはなっていない。このように DRMOGA モデルではパレート解集合を求めるににくい問題において分散し並列処理する場合に有効なモデルであると考えられる。

目的関数の計算回数を図 11 に示す。ここでも DGA モデルが非常に多くの計算回数を必要としているのに

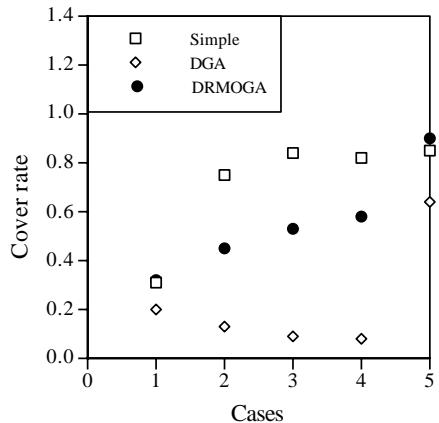


図 10 例題 2 被覆率

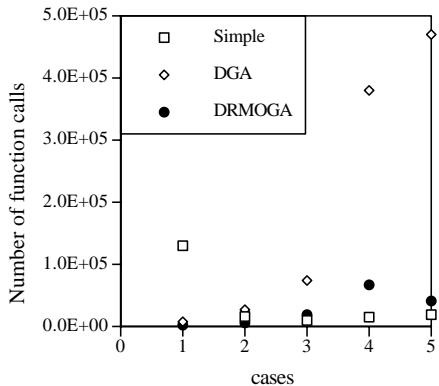


図 11 例題 2 目的関数の計算回数

対して、DRMOGA モデルはほぼ単一母集団モデルと同等の計算回数で解が得られている。

例題 3

例題 3 は式 8 で表され、パレート解集合が凸である問題である。この例題の被覆率の結果を図 12 に示す。

この問題はパレート解集合が比較的求めやすい問題であり、個体数が十分である場合には、どのモデルおよびどのパラメータによっても比較的良好な解が求まる問題である。個体数が少ない場合には単一母集団モデルの結果が良好である。これは例題 1 の結果とまったく同じものである。すなわち、パレート解集合の凸の影響はそれほど見られない。

例題 4

例題 4 は式 9 で示されるもので、非常にパレート解集合を求めるのが困難な 3 目的の問題である。SGA モデル、DGA モデル、DRMOGA モデルによって得られたケース 5 におけるパレート最適個体を図 13, 14, および 15 に示す。

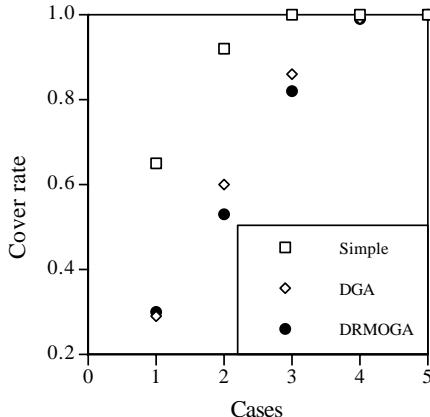


図 12 例題 3 被覆率

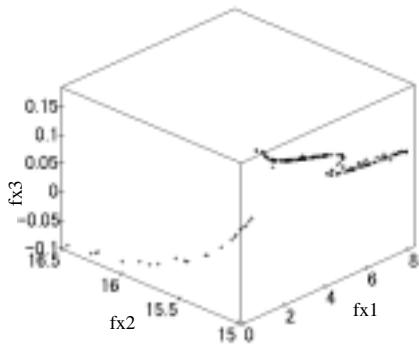


図 13 パレート最適個体 (例題 4 , SGA モデル , ケース 5)

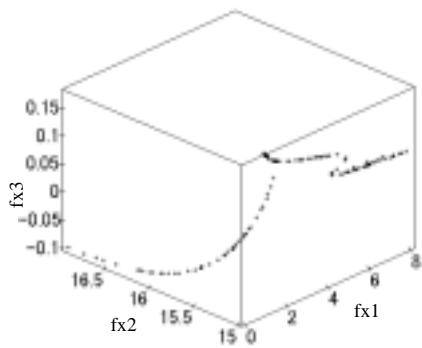


図 15 パレート最適個体 (例題 4 , DRMOGA モデル , ケース 5)

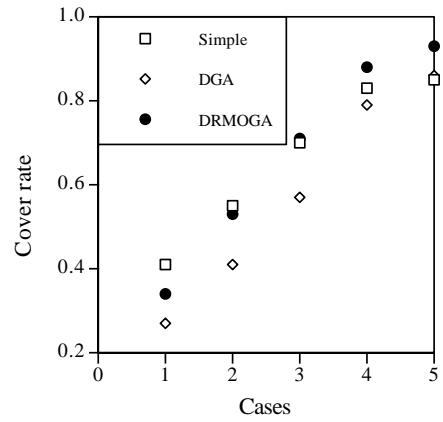


図 16 例題 4 被覆率

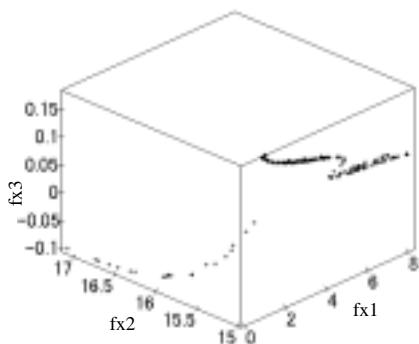


図 14 パレート最適個体 (例題 4 , DGA モデル , ケース 5)

この問題の真のパレート解は未知であるので、パレート最適個体の誤差はわからない。被覆率の結果を図 16 に示す。

本例題は $fx_2 = 15$ から $fx_2 = 17$ にパレート解集合が分布するような問題である。しかしながら、図 13

および図 14 ではほとんどの解が $fx_2 = 15$ 付近に集中している。それに対して図 15 では $fx_2 = 15$ から $fx_2 = 17$ に広くひろがるパレート最適個体が得られているのがわかる。これより、この例題は SGA モデルよりも DRMOGA モデルの方が良好なパレート最適解を与えていていると言える。

さらに、図 16 からも、この問題では SGA モデルよりも DRMOGA モデルの方がより良い解を求めていいると言える。この問題においてはパレート解集合を求めることが困難であるためにパレート解集合全体にわたって近傍探索が必要であり、DRMOGA モデルはそれに適していたものと考えられる。このように、DRMOGA モデルは、分散モデルでありながら、問題によっては SGA モデルよりも良好なパレート解を求めることが可能である。

5. 結 言

本研究では多目的遺伝的アルゴリズムを並列処理する

ための分散モデルとして、得られるパレート最適個体を領域によって分割するモデルを提案し、これによるアルゴリズムを領域分割型多目的遺伝的アルゴリズム (Divided Range Multi-Objective Genetic Algorithms: DRMOGA) と呼び、その性能を検証した。

いくつかのテスト問題に適用したところ以下の点が明かとなった。

- (1) 多目的遺伝的アルゴリズムでは多くの場合、単一目的の場合とは異なり、分散母集団よりも単一母集団モデルによって良好な解が得られるが、DRMOGA モデルによって得られる解はそれと同等、もしくは場合によっては良好である。
- (2) 島モデルと比較した場合、パレート解集合が求めにくい問題に DRMOGA モデルは特に有効である。
- (3) 多目的最適化 GAにおいて、目的関数および制約条件の値の計算とシェアリング処理の際に処理時間を多く必要とする。DRMOGA は分割母集団モデルの一つであるため、1つのサブ母集団の個体数はサブ母集団の数に分割される。DRMOGA ではシェアリングの処理時間が減少するために特に個体数が多い場合に高速化を図ることができる。
- (4) 多目的最適化 GAにおいて個体数が十分に存在する場合、シェアリングを数多く行うことで良好なパレート解が得られる。DRMOGAにおいては注目する目的関数ごとにその値で個体をソートして分割している。着目する目的関数をソート機会ごとに順に変更することにより、シェアリングと同等の効果が得られ、より多くのシェアリングが行われていることとなり、良好なパレート解が求められているものと考えられる。

参考文献

- 1) A. Ben-Tai. Multiple criteria decision making theory and application. In *Proceedings of Economics and Mathematical Systems*, pp. 1–11. Springer-Verlag, 1980.
- 2) E. Cantu-Paz. Topologies, migration rates, and multi-population parallel genetic algorithms. In *Proceedings of the Genetic and Evolutionary Computation Conference (GECCO'99)*, Vol. 1, pp. 91–98, 1999.
- 3) C. A. Coello. An updated survey of evolutionary multiobjective optimization techniques: State of the art and future trends. In *Proceedings of Congress on Evolutionary Computation*, pp. 1–11, 1999.
- 4) C. M. Fonseca and P. J. Fleming. Genetic algorithms for multiobjective optimization: Formulation, discussion and generalization. In *Proceedings of the 5th international conference on genetic algorithms*, pp. 416–423, 1993.
- 5) C. M. Fonseca and P. J. Fleming. An overview of evolutionary algorithms in multi-objective optimization. *Evolutionary Computation*, Vol. 3, No. 6, pp. 1–16, 1994.
- 6) D. E. Goldberg. *Genetic Algorithms in search, optimization and machine learning*. Addison-Wesley, 1989.
- 7) 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.
- 8) B.R. Jones, W.A. Crossley, and A.S. Lyrintzi. Aerodynamic and aeroacoustic optimization of airfoils via a parallel genetic algorithm. In *Proceedings of the 7th AIAA/USAF/NASA/ISSMO Symposium on Multidisciplinary Analysis and Optimization*, pp. 1–11, 1998.
- 9) T. Murata and H. Ishibuchi. Moga: Multi-objective genetic algorithms. In *Proceedings of the 2nd IEEE International Conference on Evolutionary Computing*, pp. 289–294, 1995.
- 10) L. Nang and K. Matsuo. A survey on the parallel genetic algorithms. *J.SICE*, Vol. 33, No. 6, pp. 500–509, 1994.
- 11) H. Sawai and S. Adachi. Parallel distributed processing of a parameter-free ga by using hierarchical migration methods. In *Proceedings of the Genetic and Evolutionary Computation Conference (GECCO'99)*, Vol. 1, pp. 579–586, 1999.
- 12) J. D. Schaffer. Multiple objective optimization with vector evaluated genetic algorithms. In *Proceedings of 1st International Conference on Genetic Algorithms and Their Applications*, pp. 93–100, 1985.
- 13) Tamaki. Mult-objective optimization by genetic algorithms: A review. In *Proceedings of 1996 IEEE International Conference on Evolutionary Computation*, pp. 517–522, 1996.
- 14) 玉置, 森, 荒木. 遺伝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.
- 15) S. Tutui and A. Ghosh. A study on the effect of multi-parent recombination in real coded genetic algorithms. In *Proceedings of the International Conference on Evolutionary Computation*, pp. 828–833, 1998.
- 16) D. A. V. Veldhuizen and G. B. Lamont. Multi-objective evolutionary algorithm test suites. In

Proceedings of the 1999 ACM Symposium on Applied Computing, pp. 351–357, 1999.

- 17) D.Q. Vicini. Sub-population policies for a parallel multiobjective genetic algorithm with applications to wing design. In *Proceedings of International Conference on Systems, Man, and Cybernetics*, pp. 3142–3147, 1998.

(平成 10 年 5 月 1 日受付)

(平成 ? 年 ? 月 ? 日再受付)

(平成 10 年 5 月 31 日採録)

三木 光範（正会員）

1950 年生 . 1978 年大阪市立大学大学院工学研究科博士課程修了 , 工学博士 . 大阪市立工業研究所研究員 , 金沢工業大学助教授を経て 1987 年大阪府立大学工学部航空宇宙工学科

助教授 , 1994 年 同志社大学工学部教授 . オブジェクト指向や進化戦略に基づく最適化のアプローチを並列処理で行う研究に従事 . 米国電子通信学会 , 米国航空宇宙学会 , 情報処理学会 , 人工知能学会 , システム制御情報学会 , 機械学会 , 計算工学会 , 日本航空宇宙学会など会員 . 超並列計算研究会代表 .

廣安 知之（正会員）

1966 年生 . 1997 年早稲田大学理工学研究科後期博士課程修了 . 同年早稲田大学理工学部助手 . 1998 年より同志社大学工学部助手 . 創発的計算 , 進化的計算 , 最適設計 , 並列処理などの研究に従事 . IEEE , 電気情報通信学会 , 計測自動制御学会 , 日本機械学会 , 超並列計算研究会 , 日本計算工学会各会員 .

E-mail: tomo@is.doshisha.ac.jp

URL: <http://www.is.doshisha.ac.jp/~tomo/>

渡邊 真也

1976 年生 . 1999 年同志社大学工学部知識工学科卒 . 現在 , 同志社大学大学院工学研究科知識工学専攻在学中 .