領域分割型多目的遺伝的アルゴリズム

川口　晏璃

July 9, 2021

1.1 本研究の背景

背景

これまで従来の最適化手法においては，関数の感度を利用した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．

目的

本研究では，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．

2.1 多目的最適化問題

多目的最適化問題

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

$$g_i(x) \leq 0 \quad (1, 2, ..., m) \tag{1}$$

を満たし，複数の目的関数 $f_i(x)$ が

$$min[f_1(x), f_2(x), ..., f_n(x)]$$

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.

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．そこで多目的最適化問題においてはパレート最適解集合の概念が使用される．

パレート最適解集合の概念

1. 優越
   - x^1，$x^2 \in \mathcal{F}$ に対して全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 はパレート最適解であるという．

2.3 シェアリング

シェアリング

各個体の適応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し，広く分布したパレート解を求める操作である．

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ひとつである．
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．

2.4 誤差

誤差

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．ただし，この評価基準は真のパレート解が既知でなければならない．
また，本研究で用いたテスト関数では，制約条件上がパレート解であるため，さらに欄略化して，例えば $g(x) = 0$ が真のパレート解である場合には

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

を誤差としている．N はパレート最適個体数である．

2.5 被覆率

パレート解を探索する場合，たとえ誤差が 0.0 であったとしても 1 点に集中していると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．

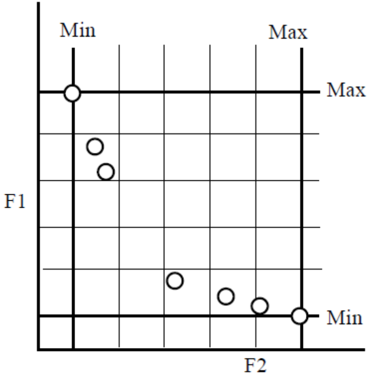

図 1　被覆率 (cover rate)

分割した領域の数は 50

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，広範囲のパレート解を効率よく求めるためには

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．

3.2 DRMOGA の流れ

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．

DRMOGA の流れ

1. N 個の個体をランダムに生成．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．
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．
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．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．
4. サブ母集団ごとに多目的最適化 GA を行う．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．
5. 各母集団で多目的最適化 GA が κ 世代行われたらステップ 3 にもどる．

3.3 多目的最適化 GA の構成法

個体の表現

探索空間が実数空間であるため，ビット型ではなくベクトル型の遺伝子を利用する．

交叉法

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．

その他の遺伝子操作

選択はランキング 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応度を与えルーレット選択を行う．
適応度 f_i^s は，

$$f_i^s = \frac{1}{m+1}$$

と与える．m はシェアリング半径内に含まれる個体の数．

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，いくつかのテスト関数に適用した．

例題 1

$$f_1(x) = x_1^2 - x_2 \quad (6a)$$
$$f_2(x) = -\frac{1}{2}x_i - x_2 - 1 \quad (6b)$$
$$g_1(x) = \frac{1}{2}x_1 + x_2 - \frac{13}{2} \leq 0 \quad (6c)$$
$$g_2(x) = \frac{1}{2}x_1 + x_2 - \frac{13}{2} \leq 0 \quad (6d)$$
$$g_3(x) = \frac{1}{2}x_1 + x_2 - \frac{13}{2} \leq 0 \quad (6e)$$
$$g_4(x) = x_1 \geq 0 \quad (6f)$$
$$g_5(x) = x_2 \geq 0 \quad (6g)$$

例題 2

$$f_1(x) = -2x_1 + x_2 \quad (7a)$$
$$f_2(x) = x_2 \quad (7b)$$
$$g_1(x) = x_1^2 - x_2 \leq 0 \quad (7c)$$
$$g_2(x) = x_1 \geq 0 \quad (7d)$$
$$g_3(x) = x_2 - 1 \leq 0 \quad (7e)$$

例題 3

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

例題 4

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

4.1 テスト関数

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最適な値を求めることは非常に難しいため，各例題に対して表 3 に示すようなパラメータを使用し検討を行っている．

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

提案モデルを DRMOGA モデル，単一母集団モデルを SGA モデル，島モデルを DGA モデルと表記する．

4.1.1 例題 1

DRMOGA モデルと DGA モデルの結果には大差がない．

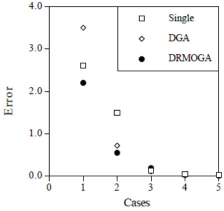

図 3　例題 1　誤差

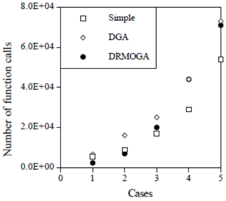

図 5　例題 1　目的関数の計算回数

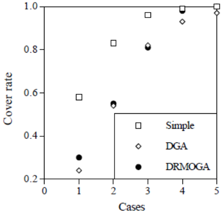

図 4　例題 1　被覆率

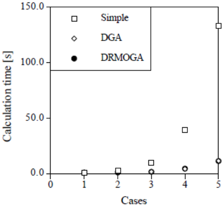

図 6　例題 1　総計算時間

4.1.2 例題 2

被覆率は良くないが，パレート解集合は求められている．

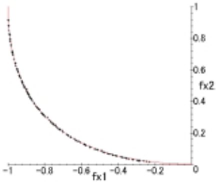

図 7　パレート最適個体（例題 2，SGA モデル，ケース 5）

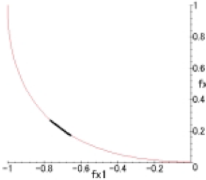

図 8　パレート最適個体（例題 2，DGA モデル，ケース 5）

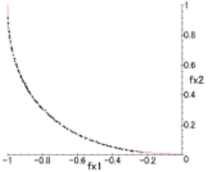

図 9　パレート最適個体（例題 2，DRMOGA モデル，ケース 5）

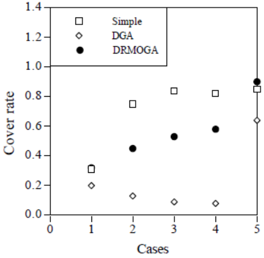

図 10　例題 2　被覆率

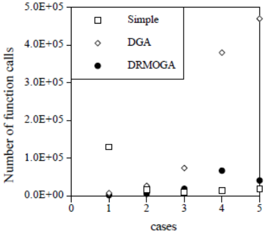

図 11　例題 2　目的関数の計算回数

4.1.3 例題 3

この問題はパレート解集合が凹である問題である． この問題はパレート解集合を比較的求めやすい問題である．
どのモデルでも比較的良好な解が求まる．
例題 1 の結果と同じようになった．すなわち，パレート解集合の凹凸の影響はそれほど見られない．

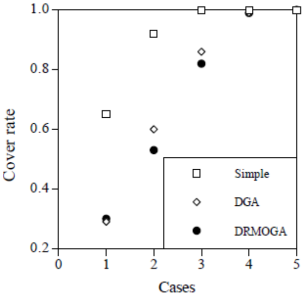

図 12 例題 3 被覆率

4.1.4 例題 4

非常にパレート解集合を求めることが困難な 3 目的の問題．
DRMOGA モデルでは，$fx_2 = 15$ から $fx_2 = 17$ に広くひろがるパレート最適個体を得られている．

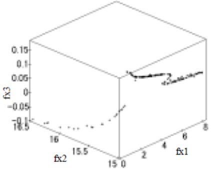

図 13　パレート最適個体（例題 4，SGA モデル，ケース 5）

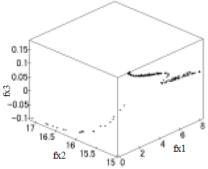

図 14　パレート最適個体（例題 4，DGA モデル，ケース 5）

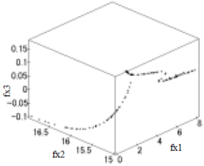

図 15　パレート最適個体（例題 4，DRMOGA モデル，ケース 5）

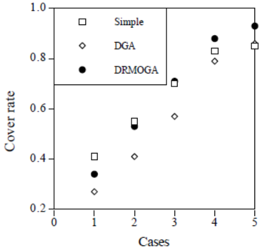

図 16　例題 4　被覆率

5. まとめ

DRMOGA モデルの性能を検証した.

まとめ

- 多目的遺伝的アルゴリズムでは，単一母集団モデルのほうが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，場合によっては良好である.
- 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も DRMOGA モデルは特に有効である.
- DRMOGA モデルではシェアリングの処理時間が減少するために高速化を図ることができる.
- 多目的最適化 GA において個体数が十分に存在する場合，シェアリングを多く行うことで良好なパレート解が得られる.