

遺伝的アルゴリズムによる 多目的最適化に関する研究

杉山 桃香

富山県立大学 電子・情報工学科 情報基盤工学講座 4 年

平成 30 年 7 月 9 日

はじめに

発表の流れ

- 1 多目的 GA の背景
- 2 本研究の位置づけ
- 3 多目的遺伝的アルゴリズム
- 4 提案手法
- 5 まとめ
- 6 デモ

1. 多目的 GA の背景

多目的最適化問題の特徴

多目的最適化問題では単一目的とは異なり、唯一の最適解を得ることが困難

→複数の評価基準がトレードオフの関係にあり、一方を改善すると他方が改悪になるため

パレート最適解

【定義】ある目的関数の値を改善するためには、少なくとも他の目的関数の値を改悪せざるを得ないような解

→解は複数存在する

従来の多目的最適化に対する手法の問題点

複数もしくは無限にあるパレート最適解集合の中のある 1 つの解しか求めることができない

→何らかの形で各評価項目の優先度を決定する必要がある

多目的 GA

各評価項目の優先度を明示的に定義することなく、1 度の探索でパレート最適解集合を探索することが可能

→従来の問題点を解決

2. 本研究の位置づけ

目的

『高実用性を志向した多目的 GA アルゴリズムの提案とその有効性の検証』

- 1 探索効率の優れた多目的 GA アルゴリズムの提案と実装
- 2 問題に対するアルゴリズムの有効性の検証

3. 多目的遺伝的アルゴリズム

【従来の手法】

多目的 GA にはこれまで非常に膨大な数のアルゴリズムが提案されている

実問題を対象とする場合に求められるもの

- 1 探索効率の良いアルゴリズムの適用
- 2 並列処理による計算時間の短縮
- 3 探索効率の良いアルゴリズムと並列処理の組合せ

特に、従来の手法において比較的優れた結果を残してる NSGA2 や SPEA2 は探索効率の良いアルゴリズムである

3. 多目的遺伝的アルゴリズム

従来の問題点

- 1 大域的な探索を行うとき、探索個体どうしの目的関数空間距離が大きく離れ効果的な交叉を行うことができない
- 2 並列計算機上での実装を想定した場合には分割母集団モデルが有利と考えられるが、多目的 GA を並列実装するにはアルゴリズムに変化がないマスタースレーブ型モデルを選ばざるを得ない。

対策

- 1 交叉のためのペア個体を選ぶとき、個体どうしの近傍度合いを何らかの方法で考慮する必要がある
- 2 分割母集団モデルに適した多目的 GA アルゴリズムの開発

4. 提案手法

観点

- 1 多目的の特性を考慮した分割母集団モデルの多目的 GA アルゴリズム
- 2 近接度合いを考慮した交叉を実装した新たな多目的 GA アルゴリズム

明示的に目的関数空間の距離に近い個体間での交叉 (近傍交叉) を行うことにより，探索効率が向上させることができる

これまでに提案されてきた代表的な多目的 GA から探索に効果的なスキームを考察し，それらの探索に重要と思われるスキームに近傍交叉を組み合わせた新たな多目的 GA のアルゴリズムとして近傍培養型 GA (Neighborhood Cultivation GA: NCGA) の提案を行う

多目的 GA アルゴリズムにおける重要なスキーム

共通するメカニズム

- 1 探索した非劣解の保存
- 2 保存している優良解の探索への反映
- 3 アーカイブ個体群の削減
- 4 探索個体に対する適合度割り当て
- 5 各目的スケールの正規化

近傍培養型遺伝的アルゴリズム (NCGA)

探索に重要な効果をもたらすメカニズムがすべて考慮されており、これらのメカニズムに目的関数空間における近傍どうしの個体を用いて交叉する近傍交叉のメカニズムを取り入れたもの

近傍培養型遺伝的アルゴリズムの概要

- 1 初期個体を生成する. 世代 $t = 1$ とする. 各個体の評価を行い, これらの初期個体群をアーカイブ個体群 (A_t) とする.
- 2 アーカイブ個体群 (A_t) を探索個体群 (P_t) にコピーし, P_t を 1 つの目的関数値を基準にソートし並び替える.
- 3 Step2 によりソートされた探索個体群 (P_t) に対して i 番目と $i+1$ 番目の隣り合った 2 個体をペア個体群として選択する.
- 4 選択された 2 個体のペア個体群を用いて交叉, 突然変異, 評価を行い, 新たなペア個体群を生成する. 得られた新たなペア個体群 Step3 により選択した 2 個体と入れ替える.(繰り替えし探索個体群がすべて更新される (P_{t+1}))
- 5 探索個体群 (P_{t+1}) とアーカイブ個体群 (A_t) との比較を行い, アーカイブ個体群を更新する (A_{t+1})
- 6 終了条件を満たすかどうか判定を行う. 終了条件を満たせば終了. 満たさない場合には, 世代 $t = t + 1$ を行い, Step2 へ戻る

近傍培養型遺伝的アルゴリズムの概要

このように提案する NCGA は、探索個体群に対してある 1 つの目的関数を基準としたソートを行い、隣り合う 2 つの個体をペア個体群として選択し、遺伝的操作を行っている。

ただし、ここでのソートを常にある定まった目的関数を基準に行うと繰り返し同じペアどうしでの交叉になる恐れがあるため以下のような方法を用いている。

- ・ 毎世代毎に基準となる目的関数を変化
- ・ ソート後の探索個体群に対して母集団サイズの 1 割程度の幅において近傍シャッフル

このようにして、個体ペアは毎世代ごと変化するようになっている

数値実験

目的

- 1 従来の手法である NSGA-II、SPEA2 との比較
- 2 近傍交叉を行わずに、ランダムに交叉の親個体を選択する non-NCGA との比較

評価方法

- 1 パレート最適フロントに対する近接度合い（精度）
- 2 パレート最適フロント全体に対する幅の広さ
- 3 パレート最適フロント全体に対する隙間のなさ（分散）

問題記述

対象問題

非連続なフロントの形状を持っている非連続パレート問題

使用した関数はすべて 2 目的の最小化問題である個体数 100, 終了世代数 250 世代とした

非連続パレート問題 (F_{discon}):

$$F_{\text{discon}} : \begin{cases} \min & f_1 & = x_1, \\ \min & f_2(x) & = g(x) \times h(f_1, g) \\ & g(x_2, \dots, x_N) = 1 + 10 \frac{\sum_{i=2}^N x_i}{N-1}, \\ & h(f_1, g) = \left(1 - \left(\frac{f_1}{g} \right)^{0.25} - \frac{f_1}{g} \sin(10\pi f_1) \right) \\ s.t. & & x_i \in [0, 1], i = 1, \dots, N \end{cases} \quad (6.2)$$

全ての変数は $[0,1]$ の値をとりパレート最適解は $x_i = 0$ for $i = 2, \dots, N$ かつ $[0,1]$ の範囲における不連続な x_1 の値である。

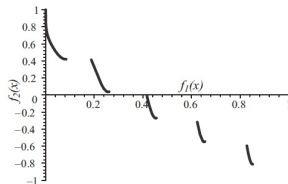
パレート最適解

この問題のパレート最適解は、次式により表される

$$f_1(x_1) = x_1([0, 1])$$

$$f_2(x_i) = 1 - x_1^{0.25} - x_1 \sin(10\pi x_1)$$

この問題のパレート最適解は、次式により表され、図に示すように非連続なフロントの形状を持っている。



結果

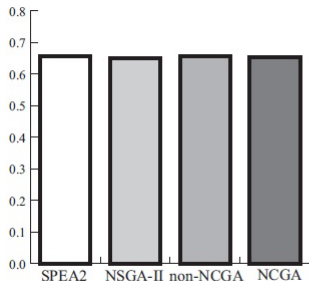
Fdiscon($N = 10$) 設計変数の数が 10 の場合 ($N = 10$) の結果

【幅】

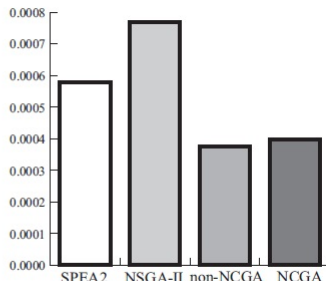
パレート最適解と得られた非劣解との被覆率 $I(\text{cover})$

【精度】

パレート最適解と得られた非劣解との誤差を示す $I(\text{error})$



(a) I_{cover}

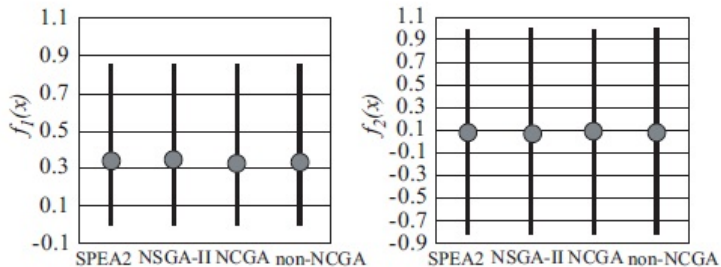


(b) I_{error}

結果

【幅】

各目的関数軸ごとの最大値, 最小値, 平均値を表す I (MMA)



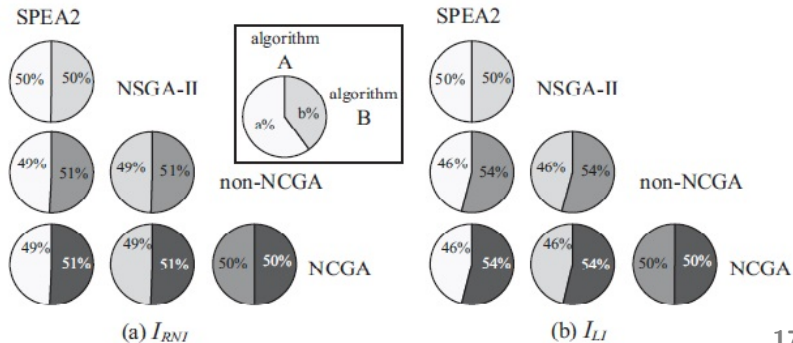
結果

【精度】

2つ以上の非劣解集合の比較を行う

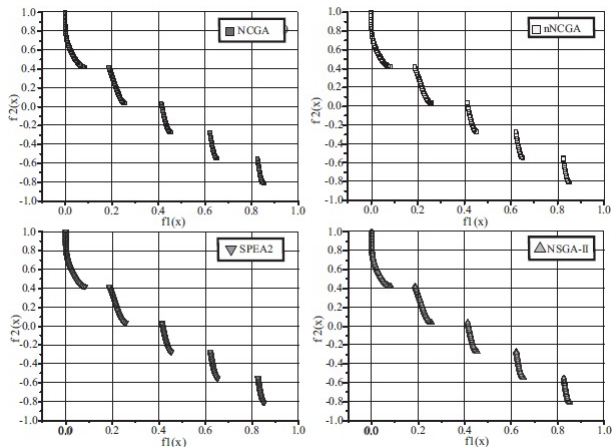
I (RNI) 優越個体割合

I (LI) 複数方向のベクトル軸上における非劣解集合の割合



結果

得られた非劣解に対するプロット図



結果

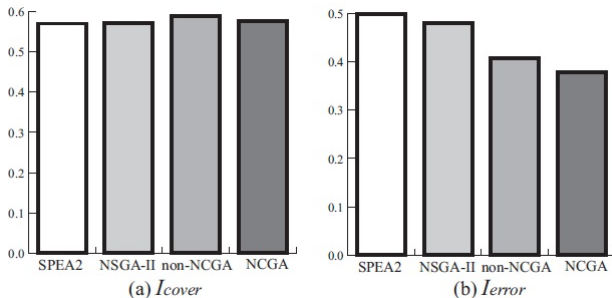
Fdiscon($N = 100$) 設計変数の数が 100 の場合 ($N = 100$) の結果

【幅】

パレート最適解と得られた非劣解との被覆率 $I(\text{cover})$

【精度】

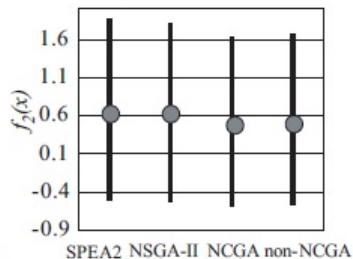
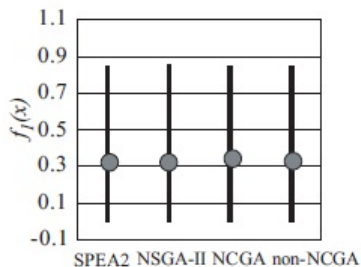
パレート最適解と得られた非劣解との誤差を示す $I(\text{error})$



結果

【幅】

各目的関数軸ごとの最大値, 最小値, 平均値を表す！ (MMA)



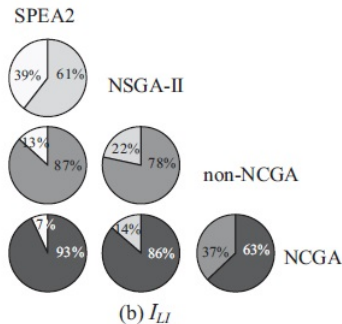
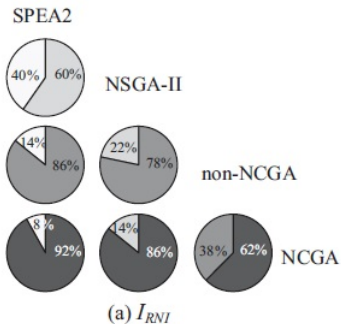
結果

【精度】

2つ以上の非劣解集合の比較を行う

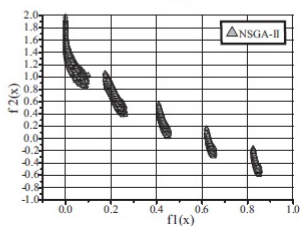
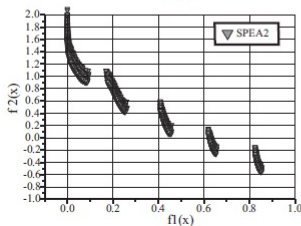
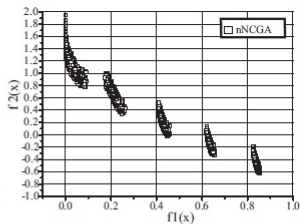
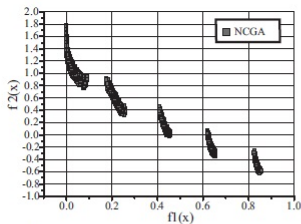
I (RNI) 優越個体割合

I (LI) 複数方向のベクトル軸上における非劣解集合の割合



結果

得られた非劣解に対するプロット図



非連続パレート問題の考察

設計変数の数が 10($N=10$) の問題の考察

- 1 この問題は比較的探索が困難ではないため、全ての手法において良好な結果が得られている
- 2 2つの非劣解集合の比較結果から、NCGAの値が従来手法より勝っているがその差は僅かである(同程度の解の質)

非連続パレート問題の考察

設計変数の数が 100($N=100$) の問題の考察

- 1 誤差および非劣解集合の比較の結果において各手法ごとに差が見られる
- 2 NCGA が他の手法よりも得られた非劣解の誤差が少ない (=NCGA の探索が最もパレート最適フロント付近まで進んでいる)
- 3 NCGA ほどではないものの近傍交叉を用いない non-NCGA においても従来手法より良好な結果が得られている
- 4 解の幅広さについて見た場合, 近似パレート最適フロント図から, 各手法とも大きな差がみられないことが分かる
- 5 各手法の非劣解が, パレート最適フロントに対して垂直方向に幅広い分布を示している (試行によってパレート最適フロントに対する探索の接近度合いが異なっている)

まとめ

設計変数の数が多い場合において、母集団の多様性が非常に影響してくる。

今回の問題において、NCGA, non-NCGAの方がSPEA2, NSGA-2よりも良好な結果を得ることができた

提案手法を用いることにより、長い遺伝子長を用いる問題(設計変数の数が多い場合)において、探索の初期、中盤の段階まで母集団がある一定のビット列に収束すると最適なビットの組み合わせを探索できなくなる問題を防ぐことができた。

→このように、多様な母集団を用いて探索を行う必要のある問題において、パレート最適フロントの大きく異なる個体間の交叉を禁止することにより探索効率を向上させることができるようになった

デモ 1:多目的 GA

【目的】 2つの目的関数の最小化

遺伝子操作

1 選択アルゴリズム NSGA-2

パレートフロントに近い個体をランク付けし、ランクが高い個体を優先的に次世代へ残して行く

2 遺伝子は 0.0~1.0 の間の連続値をとる

【出力】

- ・ 最終世代のハイパーボリュームを出力する
- ・ 各個体の適応度をプロットしたグラフも出力する

デモ 2:spark と Hadoop yarn を用いた並列分散処理

【目的】 テキストデータの行数をカウントし出力する

【出力】

- ・ Mi という文字列が含まれる行
- ・ 23 という文字列が含まれる行
- ・ 23 という文字列から始まる行