

## 近傍培養型遺伝的アルゴリズムによる多目的最適化

渡 邊 真 也<sup>††</sup> 廣 安 知 之<sup>†</sup> 三 木 光 範<sup>†</sup>

本論文では、遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithms :GA) を用いた多目的最適化における新たなアルゴリズムとして近傍培養型遺伝的アルゴリズム (Neighborhood Cultivation GA :NCGA) の提案を行う。本モデルは、これまでに提案されてきたモデルの有効な特徴を全て兼ね備えており、さらに近傍交叉という特徴を有している。提案するこれらのモデルの有効性を検証するために、幾つかのテスト関数を用いて NSGA-II および SPEA2 といった代表的な手法との比較を行った。

### Neighborhood Cultivation Genetic Algorithm for Multi-Objective Optimization Problems

SHINYA WATANABE<sup>††</sup>, TOMOYUKI HIROYASU<sup>†</sup>  
and MITSUNORI MIKI<sup>†</sup>

In this paper, we propose a new genetic algorithm for multi-objective optimization problems. That is called "Neighborhood Cultivation Genetic Algorithm (NCGA)". NCGA includes the mechanisms of other methods such as SPEA2 and NSGA-II. Moreover, NCGA has the mechanism of neighborhood crossover. Because of the neighborhood crossover, the effective search can be performed and good results can be derived. To clarify the characteristics and effectiveness of the proposed method, NCGA is applied for several test functions. In the comparison of NCGA with SPEA2, NSGA-II and MOGA, NCGA derived the good results. Therefore, it is concluded that NCGA is one of good algorithms for multi-objective optimization problems.

#### 1. はじめに

Schaffer らの VEGA<sup>1)</sup> によって始まった進化的多目的最適化に関する研究は、近年ますます盛んに行われるようになり大きな進歩を見せている。特に最近では、進化的多目的最適化に関する初めての国際会議 EMO'01 が開催されるなどこれまでにない盛り上がりを見せている<sup>2)</sup>。この分野では、様々な進化的なアルゴリズムが適用されているが、特に遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithm: GA) を多目的最適化問題に適用した多目的 GA は最も数多く研究されており主要な研究の多くが多目的 GA を用いたものとなっている<sup>3)</sup>。

こういった多目的 GA に対する盛んな研究の背景には、多点探索という特徴を持つ GA が多目的最適化に非常に有効であることがあげられる。すなわち、GA では多目的最適化問題において探索対象となる複数のパレート解を一度の探索によって求めることができる。

一方で、従来までの単一目的 GA を多目的最適化問題へ直接適用することはできず、単一目的 GA の場合には存在しない多様性の保持や個体の適合度の割り当て方法といったメカニズムを導入する必要があるなど解決すべき課題が数多く存在することも研究されている理由としてあげられる。

これまでの数多くの多目的 GA に関する研究により、ここ数年で幾つかの効果的なアルゴリズムが提案され従来までのアルゴリズムに対して良好な結果を得ている。その最も代表的なものとしては、Deb らの NSGA-II<sup>4)</sup>、Zitzler らの提案する SPEA2<sup>5)</sup>、Horn らの NPGA2<sup>6)</sup>、Fonseca らの MOGA<sup>7)</sup> などがあげられる。これらのアルゴリズムでは、探索途中で発見した優良解の保存、適切な適合度割り当て、適切なパレート解候補の削減など探索において重要なスキームが共通して実現されている。

一方、我々は多目的 GA の並列アルゴリズムである DRMOGA を通じて幾つかの多目的 GA における独自のスキームを提案した<sup>8)</sup>。その中で、我々は近傍交叉の提案と近傍交叉の使用による探索効率の向上について幾つかの数値実験を通して検証し、近傍交叉は多目的 GA において非常に有効であることを明らかにし

<sup>†</sup> 同志社大学工学部  
Faculty of Engineering, Doshisia University  
<sup>††</sup> 同志社大学大学院  
Graduate Student, Doshisia University

た。また、多目的 GA における問題点の一つである膨大な計算負荷に対して並列アルゴリズムという手段を提示し、単一目的 GA と多目的 GA における並列アルゴリズムの特徴の違いについても言及した。

そこで本論文では、まずこれまでに提案されてきた代表的な手法を通して多目的最適化問題の探索において実現すべき重要なスキームについて説明する。その上で、これらの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 アルゴリズムである近傍培養型 GA (Neighborhood Cultivation GA: NCGA) を提案する。提案手法に対して Deb の NSGA-II<sup>4)</sup>、Zitzler らの提案する SPEA2<sup>5)</sup> などの代表的な手法との幾つかの代表的なテスト問題を用いた数値実験を行い、解探索性能の検証を行った。

## 2. 多目的最適化問題

### 2.1 多目的最適化問題

多目的最適化問題 (Multiobjective Optimization problems: MOP) は、 $k$  個の互いに競合する目的関数  $\vec{f}(\vec{x})$  を  $m$  個の不等式制約条件のもとで最小化する問題と定式化される<sup>9)</sup>。

$$\begin{cases} \min \vec{f}(\vec{x}) & = (f_1(\vec{x}), f_2(\vec{x}), \dots, f_k(\vec{x}))^T \\ \text{s.t. } \vec{x} \in X & = \{\vec{x} \in R^n \\ & | g_j(\vec{x}) \leq 0 \ (j = 1, \dots, m) \end{cases} \quad (1)$$

上式における  $\vec{x} = (x_1, x_2, \dots, x_n)^T$  は  $n$  次元の決定変数のベクトルで、以下のように目的関数  $\vec{f}(\vec{x})$ 、制約条件  $\vec{g}(\vec{x})$  を形成する変数となっている。

$$\begin{cases} f_i(\vec{x}) = f_i(x_1, x_2, \dots, x_n), i = 1, \dots, k \\ g_j(\vec{x}) = g_j(x_1, x_2, \dots, x_n), j = 1, \dots, m \end{cases} \quad (2)$$

上式は与えられた  $n$  変数  $x_1, x_2, \dots, x_n$  の非線形実数値関数で、 $X$  は実行可能領域 (feasible region) を表す。

多目的最適化問題では、各目的関数がトレードオフの関係にある場合、単一の解を得ることは難しい。そのため、最適解の概念の代わりにパレート最適解の概念が導入されている。

### 2.2 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。多目的最適化問題の最小化の場合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):  $\vec{x}_1, \vec{x}_2 \in R^n$  とする。

$f_i(\vec{x}_1) \leq f_i(\vec{x}_2)$  ( $\forall i = 1, \dots, k$ ) であり、かつ、 $f_i(\vec{x}_1) < f_i(\vec{x}_2)$  ( $\exists i = 1, \dots, k$ ) が成立する時、 $\vec{x}_1$  は  $\vec{x}_2$  に優越するという。

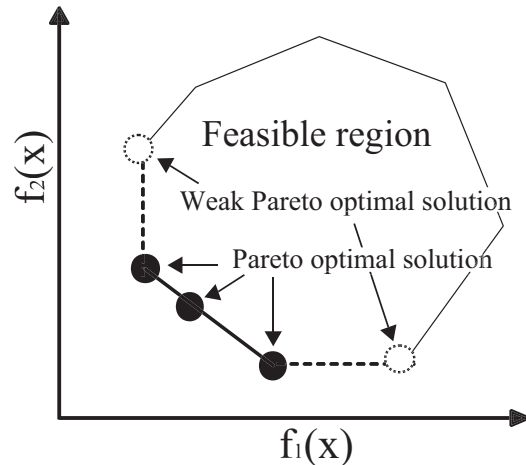


図1 パレート最適解と可能領域

Fig.1 Pareto optimal solution and feasible region

もし、 $\vec{x}_1$  が  $\vec{x}_2$  に優越しているならば、 $\vec{x}_1$  の方が  $\vec{x}_2$  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):  $\vec{x}_0 \in R^n$  とする。

- $\vec{x}_0$  に優越する  $\vec{x} \in R^n$  が存在しないとき、 $\vec{x}_0$  を (強)パレート解 ((strong) Pareto optimal solution) という。
- $f_i(\vec{x}^*) < f_i(\vec{x}_0)$  ( $\forall i = 1, \dots, k$ ) となるような  $\vec{x}^* \in R^n$  が存在しないとき、 $\vec{x}_0$  を弱パレート解 (weak Pareto optimal solution) という。

図1に、2目的 ( $k=2$ ) の場合のパレート最適解の例を示す。図中の黒丸がパレート最適解を、破線で描かれている白丸が弱パレート最適解を示している。

一般に、図中の黒丸で表されるようなパレート最適解集合により形成される面 (図中の太線) をパレートフロントと呼ぶ。多目的最適化では、このパレートフロントを求めることが最も大きな目標の一つとなる。

### 2.3 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<sup>10)</sup>。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。

さらに、多目的最適化問題において GA では個体群を用いて探索が進められるので、一度の探索において図1に示されるような複数存在するパレート解集合を探索することが可能である。そのため、多目的 GA

に関する研究は、近年盛んに行われており数多くのアルゴリズムが提案され成果を上げている<sup>3)~5),8)</sup>。これらの手法は、大別するとパレート解を明示的に扱うパレートのアプローチと非パレートのアプローチの2種類に分けることができるが<sup>3)</sup>、本論文では主にパレートのアプローチに焦点を当て説明する。

Fonseca らの MOGA<sup>7)</sup>, Horn らの NPGA<sup>11)</sup>, Srinivas らの NSGA<sup>12)</sup> に代表されるパレートのアプローチは、多様性を維持することを重点においた研究から発展してきた。しかし、近年では多様性だけでなく精度と解探索の速度を求めるアルゴリズムが開発されている<sup>3)</sup>。

それらの手法に共通する目標は、全てのパレート解もしくはパレートフロントを等間隔に探索することである。そのためには、解の「精度」と「多様性」のトレードオフの関係を持つ2つの事柄をうまく取り扱う必要がある。これらの実現に関して、これまでに提案された代表的なアルゴリズムの中の多目的GAにおける重要なメカニズムや手法について以下にまとめる。

#### a) 探索した優良解の保存

優良解の保存は、単一目的におけるエリート主義 (elitism) に相当する。この手法は、近年提案された数多くのアルゴリズムに取り入れられている<sup>3)</sup>。一般に、この方法は、その探索時点における「どの解にも優越されない解」の集合、すなわちその探索時点でのパレート解集合を保存するためパレート保存と呼ばれる。

パレート保存は、探索個体群とは別にパレート保存個体群を生成することにより実現することができる<sup>4),5),13)</sup>。NSGA-II, SPEA2などの手法では、現世代におけるパレート解だけでなく任意に設定した個体数分を優良個体として保存する方法を用いている<sup>4),5)</sup>。これは、後述するようにパレート保存個体群を次世代の探索個体群として直接活用するためである。

#### b) 保存している優良解の探索への反映

保存している優良個体を探索へ反映させるためには、パレート保存個体を選択へ参加させる必要がある。パレート保存個体の選択への参加は、保存しているパレート個体群を積極的に探索へ活用することにより探索の高速化を実現するものである。NSGA-II, SPEA2などの手法に実装されており、次世代の探索個体を作成する基としてパレート保存個体群を利用している<sup>4),5)</sup>。

#### c) 保存している優良個体の削減

パレート保存個体群の削減は、あらかじめ設定し

た保存個体数を超えてパレート解が存在するとき任意の設定数まで個体を削減することである。この削減では、選択の対象が全て現世代におけるパレート解であるため個体の近接度合い、密集度合いといった多様性に基づく選択を行う必要がある。多様性に基づく選択手法で代表的なのは、シェアリングを利用する方法である<sup>11)</sup>。しかし、シェアリングを用いた選択では、新たなシェアリングに関するパラメータが必要となる上、必ずしも各目的関数軸における最良個体が必ず保存される訳ではない。各目的関数軸における最良個体の損失は、探索領域を狭めることにつながり大域的な探索の弊害になる恐れがある。

一方、シェアリングの持つ問題点を考慮した新たな多様性に関する手法として、SPEA2において用いられている 端切手法 (truncation method)<sup>5)</sup>, NSGA-II において用いられている 混雑度計算 (crowding distance calculation)<sup>4)</sup> などがある。

#### d) 探索個体に対する適合度割り当て

前述のように、多目的GAでは「多様性」を維持しながら「精度」の高い解を探索する必要がある。そのため、各個体間の優越関係と目的関数空間での近接度合いを考慮した適合度割り当てを行う必要がある。これまでに提案されてきた代表的な手法として、NPGA, MOGAなどで用いられているランキングとシェアリングを組み合わせた方法、SPEA2において用いられている独自の適合度割り当て方法、NSGA-IIにおいて用いられている非優越ソートと混雑度計算を組み合わせた方法などがある<sup>4)~6)</sup>。これらは、どの手法も「精度」と「多様性」を考慮した手法であるが、個体間の距離計算、パラメータの有無などの点において、ランキングとシェアリングを用いた方法は劣っていると考えられる。

#### e) 各目的スケールの正規化

個体の各目的関数値によるスケールを正規化しなければ、目的関数空間において測定する個体間の距離などに弊害が生じる恐れがある。これは、扱う目的関数のスケールがほぼ同等の場合には全く問題とならないが、各目的関数のとりうる値のスケールが異なる場合には重要となってくる。この問題に対する有効な方法として、NPGA2において用いられているスケールリング手法がある<sup>6)</sup>。このスケールリングでは、個体群の持つ各目的関数値の最大値と最小値を用いて、各評価終了後 (もしくは適合度割り当て前) に各個体の持つ目的関

数値を基に以下の式に従いスケールリングを行っている．

$$O'_i = \frac{O_i - O_{i,\min}}{O_{i,\max} - O_{i,\min}} \quad (3)$$

尚、式 (3) における  $O_i$  は、目的関数  $i$  における値を意味しており、 $O'_i$  は目的関数値  $O_i$  のスケールリング後の値を意味する．また、 $O_{i,\max}$  および  $O_{i,\min}$  は現個体群中における目的関数  $i$  の最大値、最小値の値を意味している．

### 3. 近傍培養型遺伝的アルゴリズム

前章で示したように、近年の多くの多目的 GA の手法は、同一の目的を達成するために似通ったメカニズムを有している．

しかし、大域的な探索を行う多目的 GA では、探索個体同士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といった問題点が存在する．これを防ぐためには、交叉のためのペア個体を選ぶ際、何らかの個体同士の近接度合いというのを考慮する必要がある．そのため、ある程度探索の方向が一致する個体同士が交叉する近傍交叉を行うことにより効果的な交叉を実現することができる．しかしこれまでの多目的 GA における研究では、この近傍交叉に関する議論はほとんど行われていない．

そこで本研究では、これまでに提案されてきたアルゴリズムの持つメカニズムを有し、かつ上記の問題点である近傍交叉を兼ね備えた新たなアルゴリズムの提案を行う．新たに提案するアルゴリズムは、近傍培養型遺伝的アルゴリズム (Neighborhood Cultivation GA: NCGA) と呼ぶ．

#### 3.1 近傍培養型遺伝的アルゴリズムの概要

提案するアルゴリズム、NCGA では 2.3 節において説明した既存のアルゴリズムの持つメカニズムが考慮されている．

以下に、本モデルの流れを示す．

##### Step1

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．

##### Step2

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．この際、着目する目的関数は毎世代ごとに変更する．また、Step 3, 4 において用いる変数  $i$  を 0 に初期化する．

##### Step3

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．

##### Step4

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を Step3 により選択した 2 個体と入れ替える．変数  $i$  に 2 を加え、 $i$  が個体数と等価になるまで Step3, Step4 を繰り返す．この結果、探索個体群が全て更新される ( $P_{t+1}$ ) ．

##### Step5

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 ( $A_{t+1}$ ) ．この際、アーカイブ更新の方法として SPEA2 における環境選択 (environmental selection) の手法を用いる．

また、SPEA2, NSGA-II などと同様、アーカイブ個体群はあらかじめ設定した個体数  $N$  個分の個体を優良個体として保存している．

##### Step6

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．

このように提案する NCGA は、探索個体群に対して任意の目的関数軸を基準にしたソートを行い、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．ソートされた個体群における隣り合う個体同士は、比較的、目的関数空間における個体間の距離が近いので、隣り合う 2 つの個体を用いて交叉を行うことにより近傍交叉を実現することができる．

ただし、ここでのソートを常に一定の目的関数軸を基準に行うと繰り返し同じペア同士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値を変化
- ・ 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を実行

上記における近傍シャッフルとは、ある一定の範囲内で個体をランダムに並び替えるものである．例えば、100 個体の個体群が対象である場合、各個体は幅最大 10 の範囲で乱数を用いたシャッフルが行われる．そのため、個体ペアは毎世代ごとに変化することになる．さ

一般に、新たに得られた探索個体群を用いて保存している優良個体群を更新する場合、探索個体群と優良個体群の和集合から選択操作を用いて新たな優良個体群を生成する．この選択操作のことを環境選択と呼ぶ．

らに、上記の近傍シャッフルを行うことにより、各個体間の情報交換も活性化されるものと思われる。

また、パレート個体群 ( $A_t$ ) の更新には SPEA2 における適合度割り当ておよび端切手法を用いた環境選択の方法を用いている<sup>5)</sup>。SPEA2 における環境選択の大きな手順を以下に示す。

Step1 探索個体群 ( $P_{t+1}$ ) とアーカイブ個体群 ( $A_t$ ) の和集合  $R_t$  を作成する。

Step2  $R_t$  に対して SPEA2 における適合度割り当てを行う。

Step3 割り当てられた適合度と端切手法を用いて  $R_t$  からアーカイブ個体群の個体数分の個体を選択し、新たなアーカイブ個体群  $A_{t+1}$  を生成する。一方で、SPEA2、NSGA-II などの手法が用いているパレート個体群 ( $A_t$ ) から探索個体群 ( $P_t$ ) を選択するメーティング選択 (mating selection) を行っていない。これは、同じ個体が複数存在すると近傍交叉に悪影響を及ぼす可能性があるからである。そのため、NCGA ではパレート個体群 ( $A_t$ ) のコピーを探索個体群 ( $P_t$ ) として用いている。

提案する NCGA は、佐藤らにより提案された MGG モデル<sup>14)</sup> の概念の一部を取り入れている。MGG モデルは、世代毎の個体の変化を 2 個体のみ限定し個体群の変動をより緩やかに行うという特徴を持っている。NCGA においても、MGG 同様に 2 個体のペア個体を選択し、それを用いて交叉、突然変異、評価を行い、探索個体群へ戻すという操作を行っている。しかし、MGG では 2 個体のペア個体群が更新された時点で 1 世代が終了、その後新たに探索個体群から 2 個体を抽出するという方法を用いているのに対して、NCGA は 2 個体ペアは非復元抽出で選択される上、探索個体群の全ての個体が更新された時点で 1 世代が終了するという世代モデルを用いている。

#### 4. 数値実験

本章では、提案した手法を実際に幾つかの対象問題へ適用し、従来手法との比較を通じて提案手法の探索性能の検討を行う。

本実験で用いた 4 つの手法は、Fonseca らにより提案された MOGA<sup>7)</sup>、Zitzler らに提案された SPEA2<sup>5)</sup>、

SPEA2、NSGA-II では、パレート個体群に対して選択操作を行い探索個体群を生成する。つまり、パレート個体群をそのまま探索個体群として用いない。これは、探索をより優れた個体のみで行うためである。この選択操作は、メーティング操作と呼ばれ、SPEA2、NSGA-II などではバイナリトーナメント選択 (binary tournament selection) が用いられている。

Deb らに提案された NSGA-II<sup>4)</sup>、本研究で提案している NCGA である。

##### 4.1 対象問題

数値実験には、代表的な幾つかの特徴の異なる連続テスト関数<sup>15)</sup> と離散問題として代表的な多目的ナップザック問題<sup>5),16)</sup> を用いた。以下に扱った問題について説明する。

###### 4.1.1 連続テスト関数

本研究では、幾つかの特徴の異なる連続テスト関数を数値実験に用いた。使用した関数は全て 2 目的の最小化問題である。本実験では、Zitzler、Deb らの数値実験において使用された ZDT4 および ZDT6<sup>13)</sup>、さらに Kursawe の数値実験により使用された KUR<sup>17)</sup> の 3 つの問題について実験を行った。

###### ZDT4

この問題は、10 設計変数よりなる 2 目的の多峰性を有する問題である。この問題は、次の ZDT6 と比較して  $x_1$  以外の設計変数値のとり範囲が広い真のパレート解  $x_i = 0.0 (i = 2, \dots, 10)$  を見つけだすことが難しいという特徴を持っている。また、局所的な収束域が多数存在するため、探索能力の違いが得られた解の精度へそのまま反映されやすい問題である。尚、以降の定式部分においてベクトル変数が用いられているが、矢印などのベクトル表記は省略してある。

$$ZDT4: \begin{cases} \min f_1(x) = x_1 \\ \min f_2(x) = g(x) \left[ 1 - \sqrt{\frac{x_1}{g(x)}} \right] \\ \text{s.t.} \\ g(x) = 91 + \sum_{i=2}^{10} [x_i^2 - 10 \cos(4\pi x_i)] \leq 0 \\ x_1 \in [0, 1], x_i \in [-5, 5], i = 2, \dots, 10 \end{cases} \quad (4)$$

###### ZDT6

この問題の特徴は、 $f_1(x)$  と  $x_1$  の間に偏りが存在することである。具体的には、 $f_1(x)$  のある一定範囲の値  $[0.326, 0.7]$  は、 $x_1$  のある微小な範囲  $([0.0, 0.2])$  の値によって決定される。そのため、この  $x_1$  の微小な範囲  $([0.0, 0.2])$  を詳細に探索しなければ  $f_1(x)$  のある一定範囲  $[0.326, 0.7]$  の真のパレート解を一樣に求めることができない。

$$ZDT6: \begin{cases} \min f_1 = 1 - \exp(-4x_1) \sin^6(6\pi x_1) \\ \min f_2 = g(x) \times \left( 1 - \left( \frac{f_1}{g} \right)^2 \right) \\ \text{s.t.} \\ g(x) = 1 + 9 \left( \frac{\sum_{i=2}^N x_i}{N-1} \right)^{0.25} \leq 0 \\ x_i \in [0, 1], i = 1, \dots, 10 \end{cases} \quad (5)$$

## KUR

この問題は、 $f_1(x)$  において隣同士の変数同士の間相互作用を持ち、 $f_2(x)$  において多峰性を有する問題である。また本実験では、この問題を 100 個の設計変数を持つ問題として扱った。そのため、上述の ZDT4、ZDT6 の問題と比べ真のパレート解の探索にはより膨大な計算が必要となり、より探索が困難な問題となっている。

$$KUR: \begin{cases} \min & f_1 = \sum_{i=1}^n (-10 \exp(-0.2 \sqrt{x_i^2 + x_{i+1}^2})) \\ \min & f_2 = \sum_{i=1}^n (|x_i|^{0.8} + 5 \sin(x_i)^3) \\ \text{s.t.} & x_i \in [-5, 5], i = 1, \dots, n, n = 100 \end{cases} \quad (6)$$

### 4.2 離散問題

本実験では、離散テスト問題として複数種類の多目的ナップザック問題を用いた。この問題は、非常にシンプルで実装しやすい反面、問題自体は探索が非常に困難である。また、前節で説明した連続関数の問題と異なり多目的最大化問題として定式化されている。

ここでは、750 荷物の場合における 2 目的、3 目的、4 目的の 3 種類の問題に対して適用を行った。簡単のため、ここでは 750 荷物多目的ナップザック問題を KP750- $m$  と略す ( $m$  は目的の数)。この KP750- $m$  は、目的の数が増加するほど探索する目的関数空間が指数的に増加し、探索すべきパレートフロントも拡大する。そのため、異なる 3 種類の目的の場合について各アルゴリズムを適用することにより、パレートフロントの領域拡大に対する各アルゴリズムの性能を比較することができる。

$$KP750 - m: \begin{cases} \max & f_i(x) = \sum_{j=1}^{750} x_j \cdot p_{(i,j)} \\ \text{s.t.} & g_i(x) = \sum_{j=1}^{750} x_j \cdot w_{(i,j)} \leq W_i \\ & 1 \leq i \leq k, k = 2, 3, 4 \end{cases} \quad (7)$$

上式における  $p_{(i,j)}$  および  $w_{(i,j)}$  は、それぞれ  $i$  番目の評価値を計算する際の  $j$  番目の荷物に付随する利益値と重み値を表している。また、 $W_i$  は  $i$  番目の評価値を計算する際における重み値の総和の制約値 (上限値) である。

尚、KP750- $m$  に関するパラメータは Zitzler らによる文献<sup>5),16)</sup> と同じ値を使用した。

### 4.3 GA の構成・GA パラメータ

各個体の表現には、全ての問題においてビットコーディングを用いた。幾つかの文献では、連続関数の問題に対してビットコーディングではなく実数値コーディングを用いて UNDX といった表現型空間での交叉方法を用いた方が、より良好な値を得られやすいことが

指摘されている<sup>18)</sup>。しかし、本研究では各手法の探索能力の差について議論を行うために、ビットコーディングを用いた。同様の理由により、交叉、突然変異に関しても 1 点交叉、ビット反転を用いた。

また、交叉率、突然変異率は Zitzler や Deb の文献<sup>4),5)</sup> を参考にそれぞれ 1.0、ビット長分の 1 と設定した。各問題におけるビット長は、ナップザック問題に関しては荷物数である 750 ビット、連続関数問題においては 1 変数あたり 20 ビットを用いた。

ナップザック問題において用いた個体数は、文献<sup>5)</sup> を参考に 2 目的の場合には 250 個体、3 目的の場合には 300 個体、4 目的の場合には 400 個体とした。また、終了判定についても同文献を参考として、評価計算回数を条件として用いた。具体的には、2 目的の場合には 500000 回、3 目的の場合には 600000 回、4 目的の場合には 700000 回とした。一方、連続関数テスト問題に対しては文献<sup>4)</sup> を参考に全ての問題において個体数 100、終了世代数 250 世代とした。

### 4.4 得られた解候補の評価方法

探索により得られた解候補に対する評価方法は、適用したモデルの定量的な評価を行う上で必要不可欠である。これまでに、複数の手法で得られた解を比較する方法が提案されている<sup>19)</sup>。

本研究では、優越個体割合、被覆率、各目的関数軸毎の最大値と最小値の平均の 3 つの評価方法を用いた。本実験では、全ての例題に対して 10 試行の実験を行い、これらの評価値の試行平均値をアルゴリズムの評価値として用いた。ただし、本研究では評価すべき解候補は、その探索により得られたどの解にも優越されない解、すなわち探索により得られた全個体集合に対するパレート解集合のみとした。

また、得られた解の評価には、これら 3 つの評価値と得られた解集合の分布図を用いた。本実験では 10 試行を行っている。分布図には、各試行ごとに得られた解集合に対するパレート解を全て 1 つの分布図にまとめて表示している。

優越個体割合、被覆率、各目的関数軸毎の最大値と最小値の平均の評価方法について以下、説明する。

#### 4.4.1 優越個体割合

優越個体割合 (Ratio of Non-dominated Individuals:  $RNI$ ) この手法は、2 つの比較手法により得られた解を以下の手順に従い、その優越度合いの比較を行い、2 つの手法の優越を決定する方法である。

まず、2 つの手法で得られた解集合  $S'$  と  $S''$  の和集合をとり、 $S^U$  とする。次に、 $S^U$  の中よりどの解にも優越されない解のみを選び出し、選ばれた解集合を  $S^P$

とする。そして、 $S^P$  の各手法の割合を  $RNI(S', S'')$  として導き出すというものである。

そのため、この割合は最大値の 100% に近ければ近いほど、もう一方の手法を優越している、すなわちより真の解に近い解が得られているものと判断することができる。

#### 4.4.2 被覆率

パレート解を探索する場合、解個体群が 1 点に集中しては良い解集合とは言えない。そのため、何らかの解の幅広さに関する指標が必要となる。その指標が被覆率 (Cover rate) である。

まず、目的関数  $f_i$  軸において、最大値および最小値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。これらの合計を分割数で除したものを被覆率  $C_i$  とする。

これを、全ての目的関数軸において行い、式 (8) に示されるように各値の平均をとったものを最終的な被覆率  $C$  として得る。尚、式 (8) における  $k$  は目的関数の数を表すものとする。

$$C = \frac{1}{k} \sum_{i=1}^k C_i \quad (8)$$

すべての領域に解が存在している場合、この被覆率は 1.0 となり、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。

尚、本実験では全ての例題に対して分割数を 50 とした。

#### 4.4.3 各目的関数軸ごとの最大値と最小値の平均

得られたパレート解集合における各目的関数軸ごとの最大値と最小値および平均値を求めることにより、得られた解の幅広さについて評価することができる。

### 4.5 結果

#### 4.5.1 連続関数テスト問題

##### ZDT4

この問題は多峰性を有しているため、いかに局所解から抜け出し真のパレート解へ探索を進めていくかが問題となる。この問題は 10 設計変数の内、 $x_1$  以外の設計変数値が 0 の時、真のパレート解が得られるように設計されている。また、 $x_1$  以外の設計変数値が 0 の時、 $f_1 = x_1$ 、 $f_2 = 1 - \sqrt{x_1}$  の関係であることから、 $x_1$  は全ての値においてパレート解であることが分かる。そのため、 $x_1$  の多様性を保持しつつ、いかに  $x_1$  以外の値を 0 へ近づけるかがポイントとなる。

この関数における結果の内、被覆率を図 2 に、各目的関数軸に沿った最大値と最小値のプロット図を図 3、得られた解集合に対するパレート個体を図 4、優越個

体割合を図 5 に示す。尚、優越度比較では図 5 中に示すように、2 つの手法の割合を棒グラフで示している。

図 3 および図 4 から分かるように、NCGA は他の手法と同様に  $f_1$  の広い範囲にほぼ均等に分布しており、他の手法よりもより真のパレート解に近い範囲で探索を行っている様子が分かる。この結果は、各手法の優越度比較にも現れており、NCGA はどの手法よりも良好な結果を示しているのが分かる。

一方、SPEA2 と NSGA-II の比較では NSGA-II の方が良好な結果を示していると言える。図 3 から分かるように、 $f_2$  軸において NSGA-II は NCGA には劣るものより真のパレート解に近い領域に個体が分布している。

対して、MOGA は他の手法と比較して明確に劣っているのが分かる。これは、MOGA では探索中に発見したエリート個体を保存していないことが主な原因であると考えられる。本論文では、掲載していないが MOGA にパレート保存を加えた拡張 MOGA では、SPEA2、NSGA-II とほぼ同等の結果を得ることができた。

##### ZDT6

この関数における結果の内、得られた解集合に対す

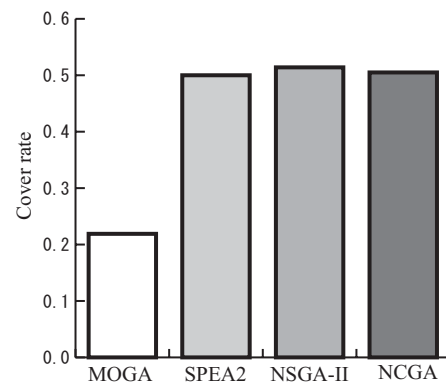


図 2 被覆率 (ZDT4)  
Fig.2 Cover rate of ZDT4

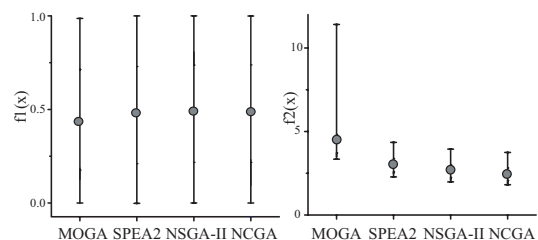


図 3 目的関数値の最大-最小値 (ZDT4)  
Fig.3 Max-min values of ZDT4



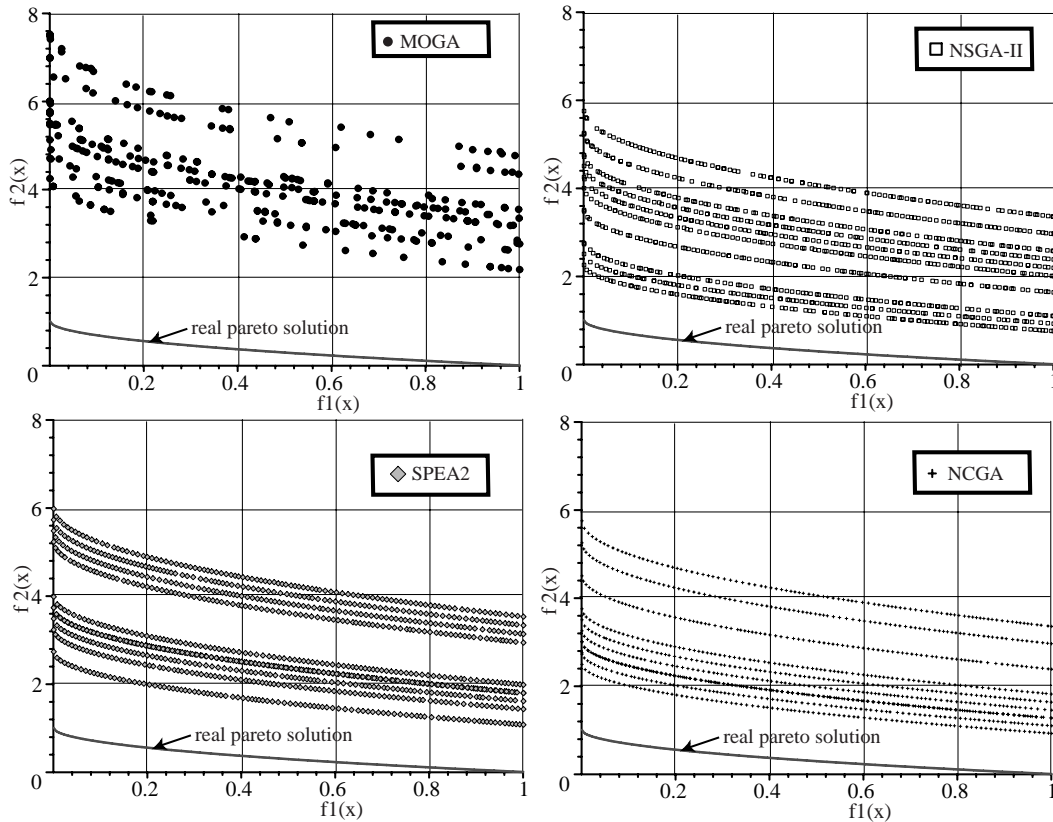


図 4 パレート最適個体群 (ZDT4)  
Fig. 4 Pareto optimum individuals(ZDT4)

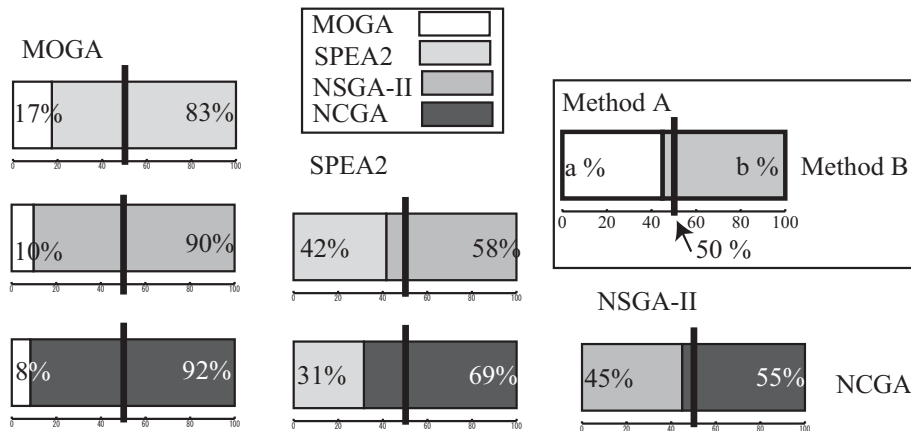


図 5 優越個体割合 (ZDT4)  
Fig. 5 RNI of ZDT4

るパレート個体を図 6 に、優越個体割合を図 7、被覆率を図 8、各目的関数軸に沿った最大値と最小値のプロット図を図 9 に示す。

ZDT6 は、ZDT4 と比べて探索空間が狭く真のパレート解を得やすい問題である。この問題の特徴であ

る  $f_1(x)$  と  $x_1$  の間に偏りに関して見た場合、図 9 よりどの手法においても  $f_1(x)$  の広い範囲において解が得られていることが分かる。

得られた結果の内、図 7 および図 9 から分かるように SPEA2 が他の手法に比べて良好な結果を示してい



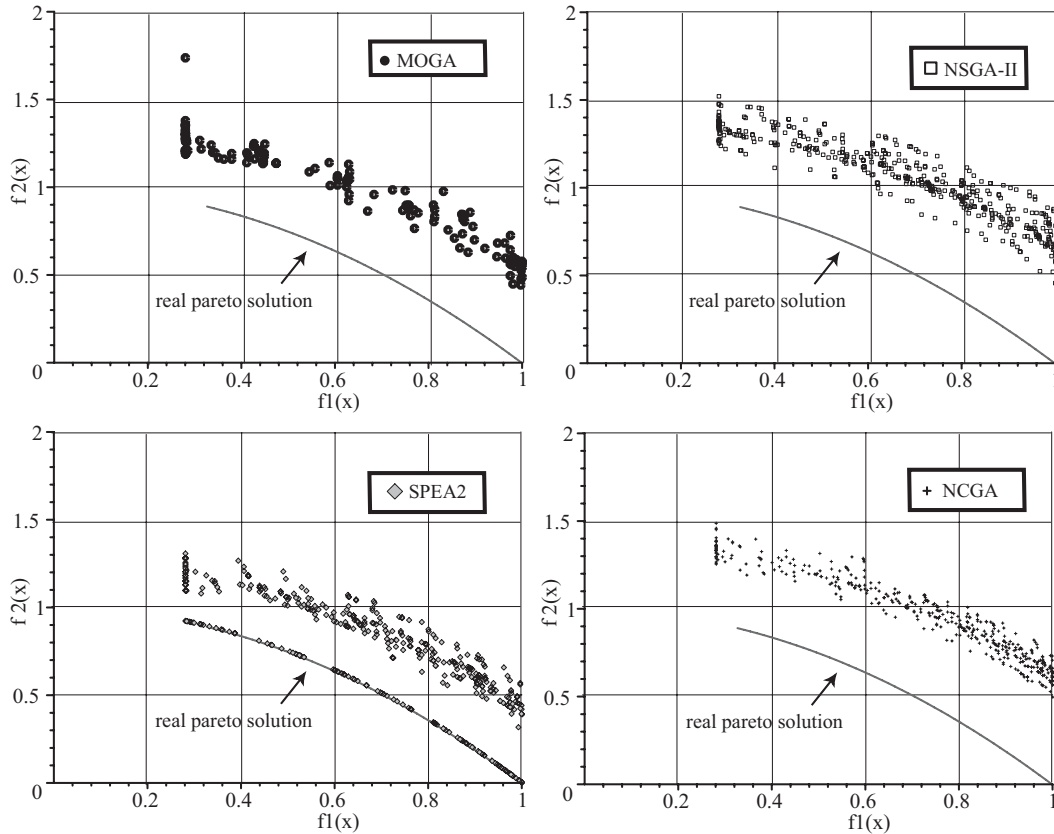


図 6 パレート最適個体群 (ZDT6)  
Fig.6 Pareto optimum individuals(ZDT6)

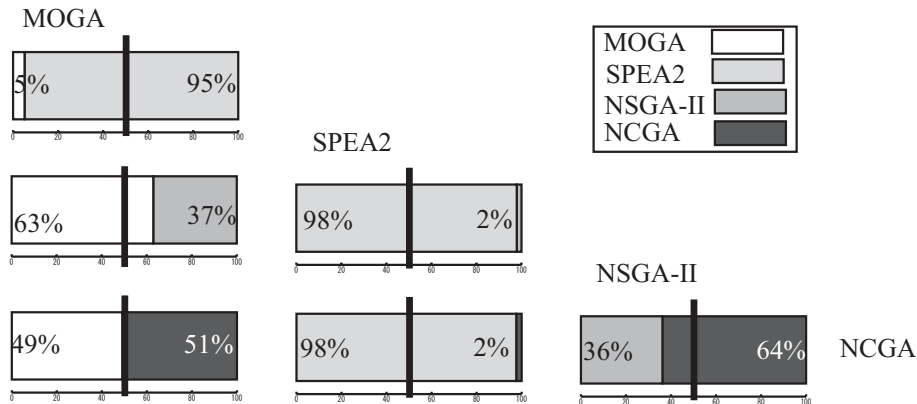


図 7 優越個体割合 (ZDT6)  
Fig.7 RNI of ZDT6

る。これは、次のような理由によるものと考えられる。すなわち、SPEA2は他の手法と比較して真のパレート解付近へ接近しようとする力が非常に強いという特徴を持っている。一方、この例題 ZDT6は ZDT4と比較して局所解なども存在せず、単純な問題であるといえる。そのため、真のパレート解付近へ接近しよう

とする力の強い SPEA2が最も良好な結果を得ることができたと考えられる。

また、同じ選択アルゴリズムを用いている NCGAが SPEA2よりも劣っている理由として、探索個体群の生成方法の違いがあげられる。NCGAと SPEA2共にパレート保存個体群を基に探索個体群を生成して

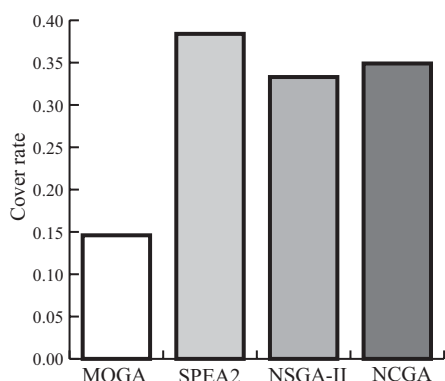


図 8 被覆率 (ZDT6)  
Fig. 8 Cover rate of ZDT6

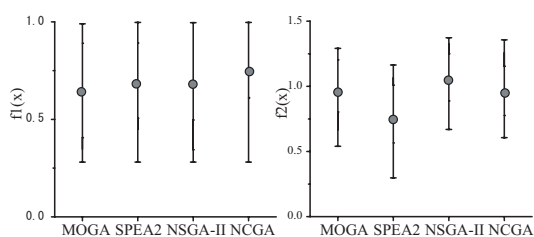


図 9 目的関数値の最大-最小値 (ZDT6)  
Fig. 9 Max-min values of ZDT6

いるが、NCGA では単純にパレート保存個体群を次世代の探索個体群としてそのまま用いているのに対して、SPEA2 ではパレート保存個体群に対してメイトング選択を用いて次世代の探索個体群を生成するという方法を用いている。このように次世代探索個体群の生成において選択圧をかけることにより、探索個体群は精錬され探索性能が向上するものと考えられる。しかし、NCGA では近傍交叉を用いているため個体の重なりが探索効率の悪化に大きく影響する上、このような選択圧をかけることで全体の多様性が失われる可能性も高くなる。そのため、NCGA では SPEA2 で用いられている次世代の探索個体生成方法を用いていない。

NSGA-II も SPEA2 と同様に、パレート個体群を更新した後にメイトング選択を用いて GA オペレータによる探索の強化を行っている。しかし NSGA-II ではメイトング選択における個体の適合度付けを多様性の観点からのみ決定しているため、探索の高速化にはつながっていない。

また、得られた結果より NCGA について見た場合、SPEA2 には劣るものの他の手法よりも良好な結果を示していることが分かる。図 7 から、MOGA が先ほどの問題と異なり NCGA とほぼ同等の性能を示して

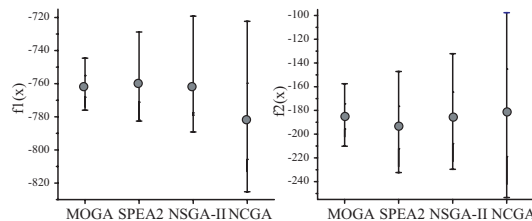


図 10 目的関数値の最大-最小値 (KUR)  
Fig. 10 Max-min values of KUR

いることが分かる。これは、先ほどの ZDT4 のように局所解が多数存在する問題に比べ ZDT6 では、パレート保存の有無が探索の精度という面においてあまり影響しないためであると思われる（一方、図 8 から分かるように解の多様性という点については ZDT4 と同様、MOGA は他の手法に比べ良好な結果を示していないことが分かる）。

#### KUR

この関数における結果の内、各目的関数軸に沿った最大値と最小値のプロット図を図 10 に、得られた解集合に対するパレート個体を図 11、優越個体割合を図 12 に示す。

この問題は、 $f_1(x)$  において隣同士の変数同士の相互作用を持ち、 $f_2(x)$  において多峰性を有する問題である。また、設計変数の数が 100 変数と多いため、10 変数の ZDT4, ZDT6 と比べ探索がより困難な問題であると言える。

図 11, 図 12 の結果から、NCGA は他の手法よりも優位な結果を示しているのが分かる。特に、図 10 から、各目的関数軸において最も広範囲に探索個体が分布しているのが分かる。これは、NCGA における近傍交叉によって広範囲のパレートフロントが効率的に探索されているためであると思われる。すなわち、近傍交叉は解の多様性、精度の両面において効果を期待することができるということである。

また NCGA 以外の手法について見た場合、SPEA2 が NSGA-II に比べて良好な結果を示しているのが分かる。個体分布を示した図 10 からは、NSGA-II の方がむしろ広範囲の探索領域に個体が分布しているにも関わらず、優越度比較においてこのような結果ができるのは、SPEA2 の方がアルゴリズムとして NSGA-II よりも探索効率を優先しているためである。逆に NSGA-II は、アルゴリズムとして多様性の保持に比較的重点が置かれた手法であるため SPEA2 に比べ広範囲に個体が分布しているものと思われる。

#### 4.6 離散問題

##### KP- $m$

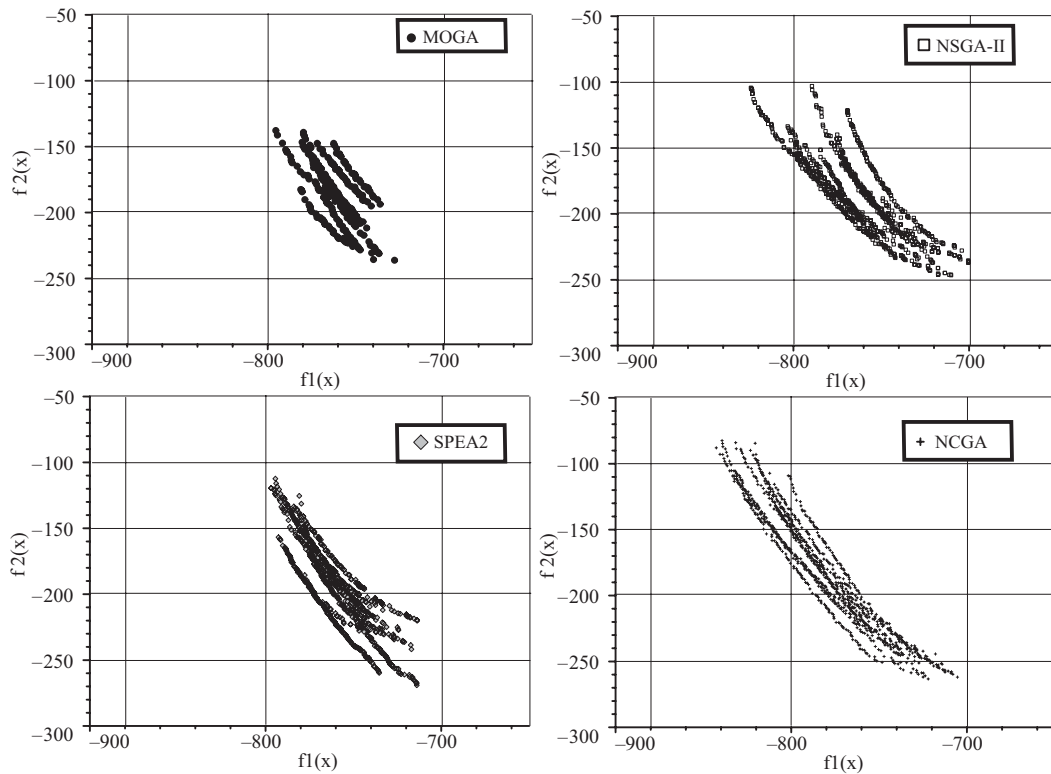


図 11 パレート最適個体群 (KUR)  
Fig. 11 Pareto optimum individuals(KUR)

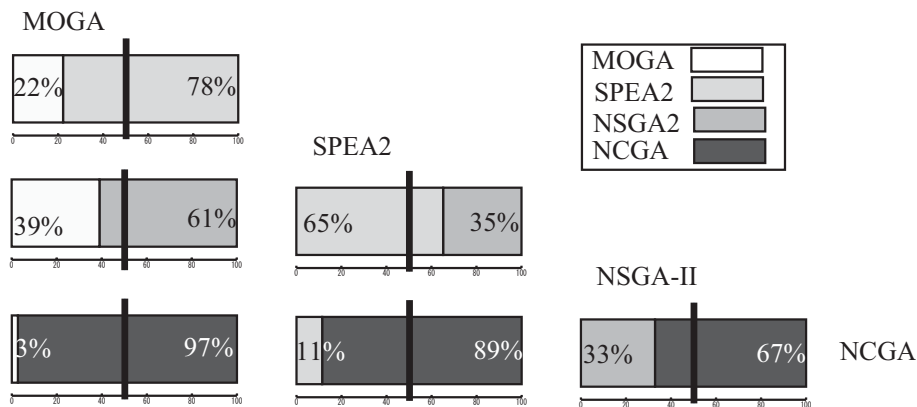


図 12 優越個体割合 (KUR)  
Fig. 12 RNI of KUR

2 目的, 3 目的, 4 目的ナップザック問題に対する結果の内, 2 目的の場合におけるプロット図を図 13 に, また全ての場合における各手法の優越個体割合, 被覆率, 各目的関数軸に沿った最大値と最小値のプロット図をそれぞれ図 14-22 に示す。

本実験において用いた 750 荷物ナップザック問題は, 総組み合わせ数が非常に膨大であり探索が困難な問題

である。また, 前節までの連続関数の例題と異なり多目的最大化問題として定式化される。

まず, ナップザック問題における 2 目的の問題について考察する。図 15 および図 16 から, NCGA はその他の手法と比較してより広範囲に解が分布しているのが分かる。また解の精度についても, 図 13, 図 14 から分かるように, NCGA は NSGA-II, SPEA2 と

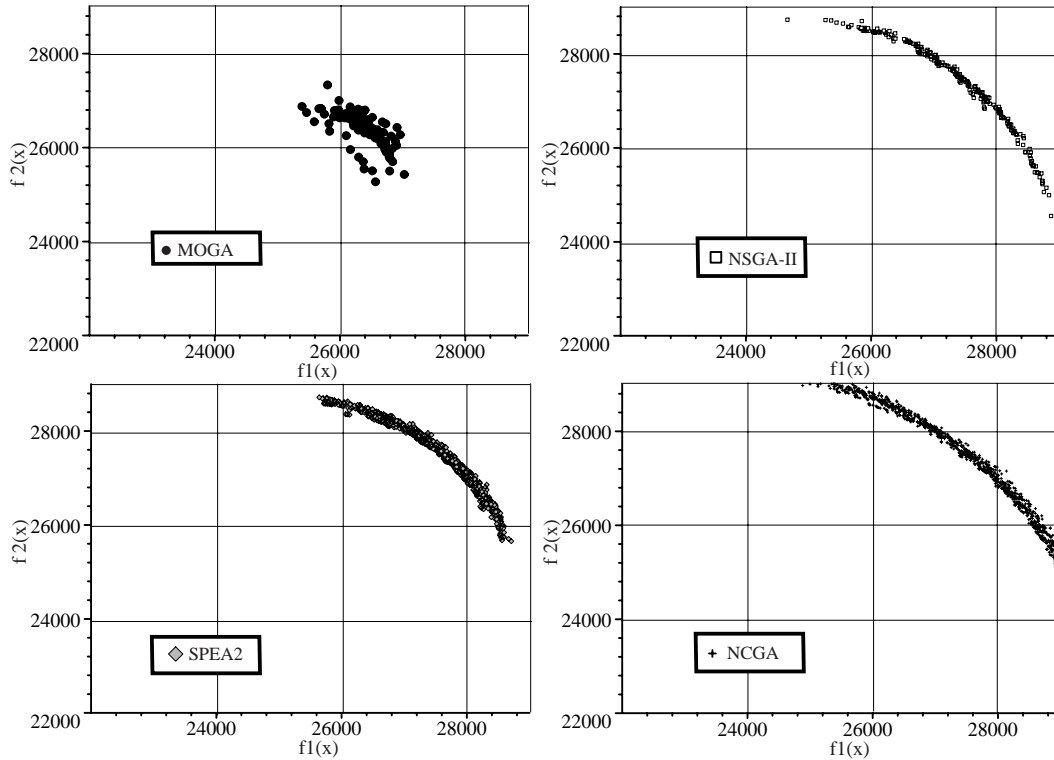


図 13 パレート最適個体群 (KP-2)  
Fig. 13 Pareto optimum individuals(KP-2)

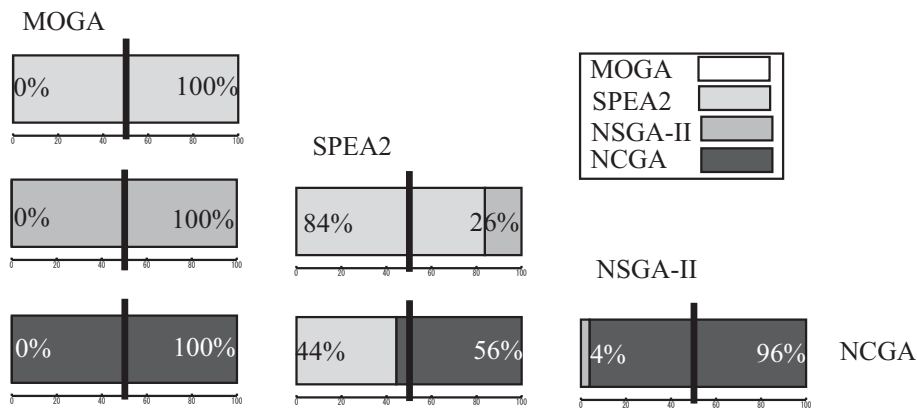


図 14 優越個体割合 (KP-2)  
Fig. 14 RNI of KP-2

同等以上の良好な解を得ているのが分かる。

2 目的の場合では、3 目的、4 目的の場合と比べ目的関数空間が狭く、結果として探索空間が狭いため、真のパレート解付近まで探索が進みやすいと考えられる。今回の結果より、このような問題においては、NCGA の持つ近傍交叉が非常に効果的であると言える。一方、SPEA2 と NSGA-II を比較してみると、NSGA-II の方がより幅広く解分布しているのに対して、SPEA2

は NSGA-II よりも良好な解精度であることが分かる。これは、NSGA-II と SPEA2 のアルゴリズムの特徴の違いによるものであると考えられる。すなわち、NSGA-II の方が多様性の維持に重きがおかれたアルゴリズムであり、SPEA2 の方が精度に重きがおかれたアルゴリズムのため、このような結果が得られたものと思われる。

また、MOGA は他の手法と比較して精度、幅広さ

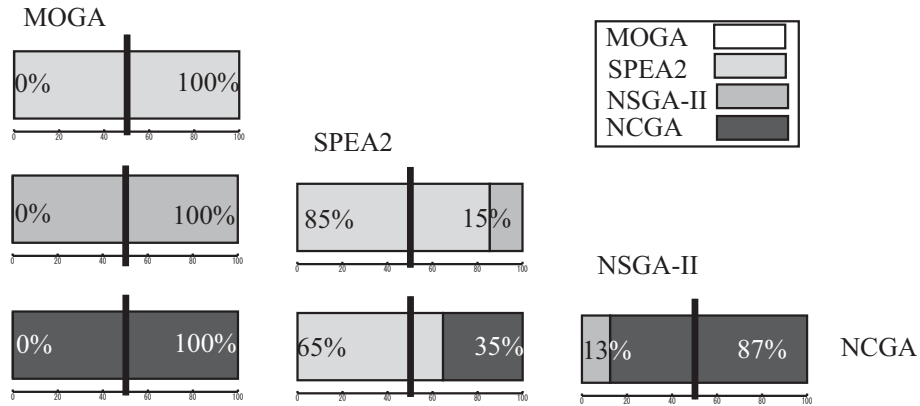


図 17 優越個体割合 (KP-3)  
Fig.17 RNI of KP-3

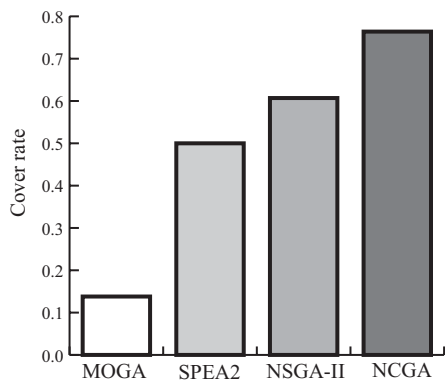


図 15 被覆率 (KP-2)  
Fig.15 Cover rate of KP-2

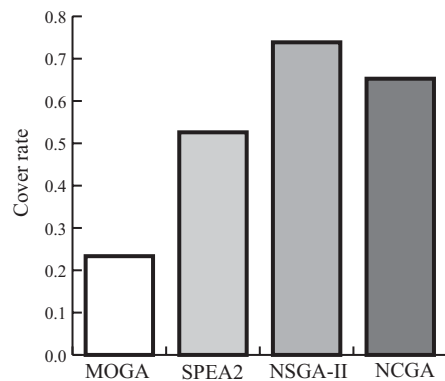


図 18 被覆率 (KP-3)  
Fig.18 Cover rate of KP-3

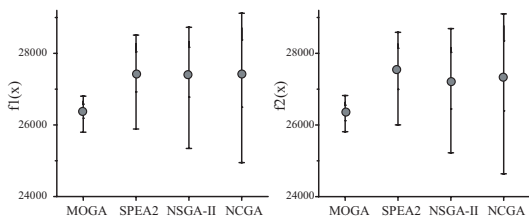


図 16 目的関数値の最大-最小値 (KP-2)  
Fig.16 Max-min values of KP-2

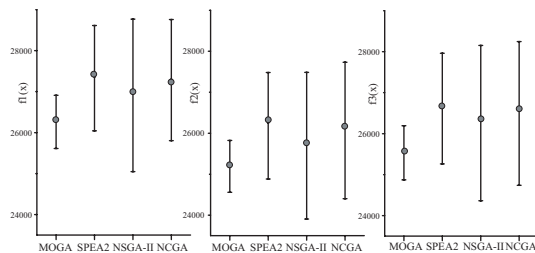


図 19 目的関数値の最大-最小値 (KP-3)  
Fig.19 Max-min values of KP-3

の両面において大きく劣っている。この傾向は後述する 3 目的, 4 目的の場合にも当てはまることから, ナップザック問題においては優良解の保存が非常に重要になってくる問題であると考えられる。これは, ナップザック問題が探索の困難な問題であり良好な解を得るためには効率的な探索が必要であるということを意味している。

次に 3 目的, 4 目的の場合について考察する。図 17, 図 20 より, 2 目的の場合と比較して精度面において

SPEA2 が良好な結果を示しているのが分かる。また, 解の幅広さに関しては, 被覆率を示す図 18, 図 22, および最大値と最小値を示す図 19, 図 21 から NSGA-II が最も幅広い解空間を探索している様子が分かる。しかし, MOGA を除く 3 手法において NSGA-II がその他の手法に比べ精度面において大きく劣っていることから, NSGA-II では幅広く探索しているもののあまり探索が進んでいないことが分かる。SPEA2, NCGA

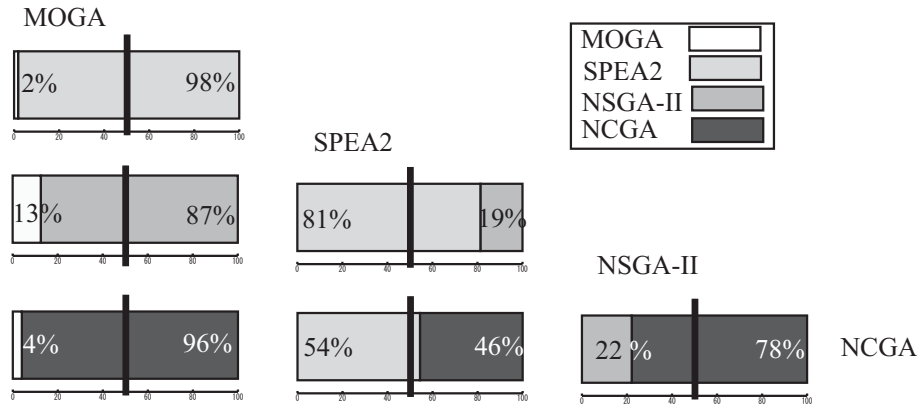


図 20 優越個体割合 (KP-4)  
Fig. 20 RNI of KP-4

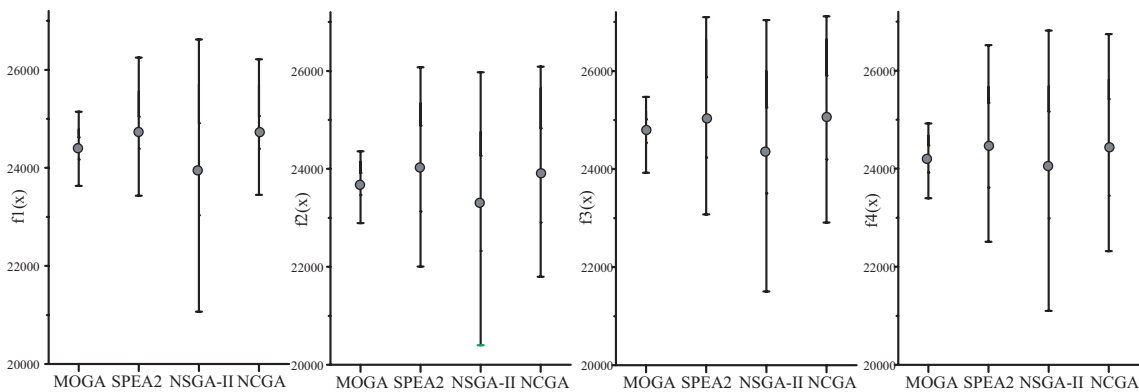


図 21 目的関数値の最大-最小値 (KP-4)  
Fig. 21 Max-min values of KP-4

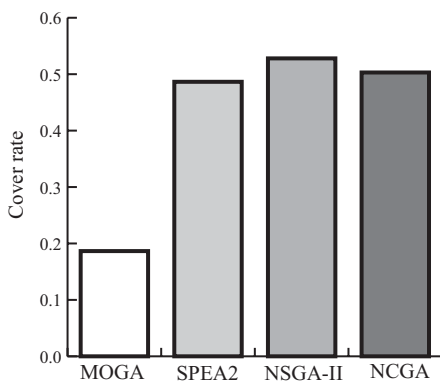


図 22 被覆率 (KP-4)  
Fig. 22 Cover rate of KP-4

では探索の進行方向に個体が集中しているのに対して、NSGA-IIでは個体分布がより広範囲に及んでおり、探索の進行方向に対する個体分布を比較すると圧倒的にNCGA、SPEA2よりも劣っていることが分かる。

一方、NCGAについて見てみると2目的の場合における他の手法に対する優位性は無いものの、最も良好な結果を示したSPEA2とほぼ同等の結果を示していると言える。図17に示されているように3目的の場合における優越度比較ではSPEA2に劣っているものの、4目的の場合にはほぼ同等の性能を示し、図19、図21より両方の問題においてSPEA2以上の多様性を保持していることが分かる。

以上の結果より、3目的、4目的のナップザック問題では多様性を重視する選択を用いている手法ではあまり精度的に良好な値を得ることができていないといえる。これは、対象とする目的関数空間が非常に広いため多様性を重視する選択を用いた場合、個体分布の広がりが大きくなり過ぎ探索が進まないためであると思われる。また、2目的の場合ほどNCGAが良好な結果を示せなかった理由として、NCGAではSPEA2に比べて多様性の維持に重きが置かれたアルゴリズムであるため、このような問題では大きな優位性を示せ

なかったものと思われる。

実験のまとめ

本実験では、3種類の連続テスト関数と3つの多目的ナップザック問題の計6つの例題に対して提案手法である NCGA と NSGA-II, SPEA2, MOGA の4つの手法の適用を試みた。

その結果、NCGA はほとんどの場合において、その他の手法に比べより真のパレート解付近で探索を行っており、他の手法に比べ幅広い範囲のパレート解を得ることができた。また、NSGA-II はその他の手法に比べて得られる解が幅広く多様性の保持において優れていることが明らかとなった。しかし一方で、NCGA および SPEA2 に比べ精度面において大きく劣っているという結果が得られたことから「多様性」に重点を置きすぎたため「精度」を若干犠牲にしていると思われる。また、SPEA2 は相対的に NSGA-II よりも良好な結果が得られたが、NCGA との比較では問題による解品質のばらつきに大きな違いがみられた。NCGA はどのような問題においてもある程度良好な結果が得られるのに対して、SPEA2 では問題によって解の質が大きく異なっていた。これは、SPEA2 は NSGA-II および NCGA と比較して多様性を失いやすい傾向があり、解の多様性が探索に大きく影響を及ぼす問題において良好な解探索が行えないためであると思われる。

## 5. 結 論

本論文では、新たな多目的 GA におけるアルゴリズムとして近傍培養型 GA (Neighborhood Cultivation GA: NCGA) を提案した。本モデルは、これまでに提案されてきたアルゴリズムの探索に有効なメカニズムを考慮し、近傍交叉という独自のメカニズムを取り入れていたものとなっている。

また、提案する手法の解探索性能の検討を行うために、幾つかのテスト関数を用いて Deb の NSGA-II および Zitzler の SPEA2 といった代表的な手法との比較を行った。

テスト関数を用いた数値実験により以下の点が明らかとなった。

- ・ほとんどの関数において、NCGA は他の手法と比較して少なくとも同等の結果を得ることができた。また、問題による解品質のばらつきがほとんど無かった。これらは、NCGA における近傍交叉が多目的 GA の探索において非常に効果的であったためだと考えられる。
- ・パレート保存のスキームを持たない MOGA は、他の3手法に比べ大きく劣っていた。このことよ

り、多目的 GA の探索ではパレート保存のスキームが非常に有効であると思われる。

- ・ NCGA は SPEA2 とほぼ同等の探索性能を持つことが明らかとなった。しかし、NCGA はどのような問題においてもある程度良好な結果が得られるのに対して、SPEA2 では問題によって解の質が大きく異なっていた。これは、SPEA2 は NSGA-II および NCGA と比較して多様性を失いやすい傾向があり、解の多様性が探索に大きく影響を及ぼす問題において良好な解探索が行えないためであると思われる。また、NCGA と NSGA-II の比較では、ほぼ全ての問題において NCGA の方が良好な結果を得た。

以上の点から、NCGA は非常に有効なアルゴリズムであると考えられる。

## 参 考 文 献

- 1) 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.
- 2) First International Conference on Evolutionary Multi-Criterion Optimization. <http://www.tik.ee.ethz.ch/emo/>.
- 3) K. Deb. *Multi-Objective Optimization using Evolutionary Algorithms*. Chichester, UK : Wiley, 2001.
- 4) K. Deb, S. Agrawal, A. Pratab, and T. Meyarivan. A Fast Elitist Non-Dominated Sorting Genetic Algorithm for Multi-Objective Optimization: NSGA-II. In *KanGAL report 200001, Indian Institute of Technology, Kanpur, India*, 2000.
- 5) E. Zitzler, M. Laumanns, and L. Thiele. SPEA2: Improving the Performance of the Strength Pareto Evolutionary Algorithm. In *Technical Report 103, Computer Engineering and Communication Networks Lab (TIK), Swiss Federal Institute of Technology (ETH) Zurich*, 2001.
- 6) M. Erickson, A. Mayer, and J. Horn. The Niche Pareto Genetic Algorithm 2 Applied to the Design of Groundwater Remediation Systems. In *In Eckart Zitzler, Kalyanmoy Deb, Lothar Thiele, Carlos A. Coello Coello and David Corne, editors, First International Conference on Evolutionary Multi-Criterion Optimization, Springer-Verlag. Lecture Notes in Computer Science No. 1993*, pp. 681-695, 2000.



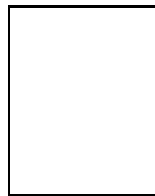
- 7) C.M. Fonseca and P.J. Fleming. Genetic algorithms for multiobjective optimization: Formulation, discussion and generalization. In *Proceedings of the 5th international conference on genetic algorithms*, pp. 416–423, 1993.
- 8) T. Hiroyasu, M. Miki, and S. Watanabe. The New Model of Parallel Genetic Algorithm in Multi-Objective Optimization Problems - Divided Range Multi-Objective Genetic Algorithms. In *IEEE Proceedings of the 2000 Congress on Evolutionary Computation*, pp. 333–340, 2000.
- 9) 坂和他. ソフト最適化. 朝倉書店, 1995.
- 10) D.E. Goldberg. *Genetic Algorithms in search, optimization and machine learning*. Addison-Wesley, 1989.
- 11) J. Horn, N. Nafpliotis, and D. E. Goldberg. A Niche Pareto Genetic Algorithm for Multiobjective Optimization. In *In Proceedings of the First IEEE Conference on Evolutionary Computation, IEEE World Congress on Computational Intelligence*, Vol. 1, pp. 82–87, 1994.
- 12) N. Srinivas and K. Deb. Multiobjective Optimization Using Nondominated Sorting in Genetic Algorithms. *Evolutionary Computation*, Vol. 2, No. 3, pp. 221–248, 1994.
- 13) E. Zitzler, K. Deb, and L. Thiele. Comparison of Multiobjective Evolutionary Algorithms: Empirical Results. In *Evolutionary Computation*, Vol. 8(2), pp. 173–195, 2000.
- 14) H. Satoh, M. Yamamura, and S. Kobayashi. Minimal Generation Gap Model for GAs Considering Both Exploration and Exploitation. In *Proceedings of the 4th International Conference on Fuzzy Logic, Neural Nets and Soft Computing*, pp. 734–744, 1997.
- 15) K. Deb and T. Meyarivan. Constrained Test Problems for Multi-Objective Evolutionary Optimization. *KanGAL report 200005, Indian Institute of Technology, Kanpur, India*, 2000.
- 16) E. Zitzler and L. Thiele. Multiobjective Evolutionary Algorithms: A Comparative Case Study and the Strength Pareto Approach. *IEEE Transactions on Evolutionary Computation*, Vol. 3, No. 4, pp. 257–271, 1999.
- 17) F. Kursawe. A Variant of Evolution Strategies for Vector Optimization. In *PPSN I, volume 496 of Lecture Notes in Computer Science*, pp. 193–197, 1991.
- 18) I. Ono and S. Kobayashi. A Real-coded Genetic Algorithm for Function Optimization Using Unimodal Normal Distributed Crossover.

pp. 246–253, 1997.

- 19) K.C.Tan, T.H.Lee, and E.F.Khor. Increasing Multi-objective Evolutionary Algorithms: Performance Studies and Comparisons. In *First International Conference on Evolutionary Multi-Criterion Optimization*, pp. 111–125, 2001.

(平成 14 年 2 月 4 日受付)

(平成 14 年 5 月 30 日採録)

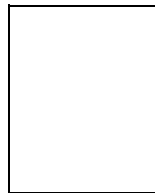


渡邊 真也

1977 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 後期課程在学中 . 進化的計算 , 最適設計 , 並列処理などの研究に従事 .

E-mail: sin@mikilab.doshisha.ac.jp

URL: <http://mikilab.doshisha.ac.jp/~sin/>



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 , 情報処理学会 , 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/>



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 . 進化的計算手法とその並列化および知的なシステム的设计に関する研究に従事 . 著書は「工学問題を解決する適応化・知能化・最適化法」(技報堂出版) など . IEEE , 米国防空宇宙学会 , 情報処理学会 , 人工知能学会 , システム制御情報学会 , 日本機械学会 , 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 .

E-mail: mmiki@mail.doshisha.ac.jp