

Evaluation of Genetic Algorithm for Objective Computation Methods

Tomoyuki HIROYASU* Mitsunori MIKI* Shinya WATANABE** Takeshi SAKODA* and Jiro KAMIURA**

(Received December 27, 2001)

In this paper, we discuss the searching ability of several types of multi objective genetic algorithms. We compared the results of Non-Dominated Sorting Genetic Algorithm-II (NSGA-II), Strength Pareto Evolutionary Algorithm-II (SPEA2), Master-Slave model with Local Cultivation model (MSLC) and Multi-Objective Genetic Algorithms with Distributed Environment Scheme (MOGADES). The comparison of each method is discussed through the numerical test functions and the knap sack problems. Consequently, the characteristics and effectiveness of these methods are clarified.

Key words : Multiobjective Optimization, Genetic Algorithm, Parallel Distribution, Master-Slave model with Local Cultivation model, Multiple Objective Genetic Algorithms with Distributed Environment Scheme

キーワード : 多目的最適化, 遺伝的アルゴリズム, 並列分散, 局所的培養型マスタースレーブモデル, 多目的環境分散遺伝的アルゴリズム

多目的遺伝的アルゴリズムにおける各手法の比較

廣安知之・三木光範・渡邊真也・迫田岳志・上浦二郎

1. はじめに

Schaffer らの VEGA¹⁾ 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²⁾. 特に最近, 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³⁾. この分野では, 様々な進化的なアルゴリズムが応用されているが, 特に遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithm, 以下 GA) を多目的に応用した多目的 GA は最も数多く研究されている.

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. 一方で, 単一目的 GA とは異なり多様性の保持や個体の適合度の割り当て方法といった解決すべき課題が数多く存在するので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, 幾つかのオリジナル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. 代表的なものとしては, Fonseca らの MOGA⁶⁾, Srinivas らの NSGA¹⁴⁾, Zitzler らの提案する SPEA¹⁸⁾, Horn らの NPGA⁹⁾ などがあげられる.

特に近年, これらのアルゴリズムはそれぞれお互いの影響を受け, 次々に改良されてきている. これらの改良されたアルゴリズムでは, 独自のスキームを持ち

* Department of Knowledge Engineering and Computer Sciences, Doshisha University, Kyoto

Telephone:+81-774-65-xxxx, Fax:+81-774-65-xxxx, E-mail:xxx@mail.doshisha.ac.jp, xxx@xxx.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:XXX@xxx.doshisha.ac.jp

合わせているものの、幾つかの共通するスキームを備え、非常に類似化してきている。これは、これまでの数多くの研究により、パレート個体の保存、局所的選択、適切な適合度の割り当てといったスキームが多目的 GA において重要であること、またこれらに関して非常に有効な手法が提案され統一化されてきているためである。これらの改良されたアルゴリズムの中でも、その性能が優れているとされるのが NSGA-II⁴⁾、SPEA2¹⁷⁾ である。

一方、上記の手法には無い特徴を幾つか兼ね備えた多目的 GA における手法として局所的培養型マスタースレーブモデル (Master-Slave model with Local Cultivation model, MSLC)⁸⁾、多目的環境分散遺伝的アルゴリズム (Multiple Objective Genetic Algorithms with Distributed Environment Scheme, MOGADES)¹⁹⁾ がある。MSLC は、NSGA-II、SPEA2 と同様にエリート主義に基づくパレートのアプローチの手法であり、MOGADES は、村田らの提案する MOGLS¹²⁾ と同様に重み和を用いた非パレートのアプローチ手法である。この両手法に共通する概念は、並列処理に適した並列アルゴリズムであるという点である。

MSLC は、マスタースレーブモデル¹³⁾ に基づくモデルであり並列効率向上と近傍交叉が実現されている。また、MOGADES は分割母集団モデル (島モデル)¹⁵⁾ に基づくモデルとなっており重みパラメータをそれぞれ変化させて各島へ振り分けるという方法が実現されている。

そこで本研究では、現在最も有効な手法と言われる NSGA-II、SPEA2 に対して MSLC、MOGADES の両手法を比較しこれらの手法の持つ性能について検討を行う。尚、数値実験には本分野における代表的な連続テスト問題、離散テスト問題を用いた。

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²⁾。ベクトル最小化の形式で次のように定式化される。

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

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、

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

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): $\mathbf{x}^1, \mathbf{x}^2 \in R^n$ とする。

- $f_i(\mathbf{x}^1) \leq f_i(\mathbf{x}^2)$ ($\forall i = 1, \dots, k$) の時、 \mathbf{x}^1 は \mathbf{x}^2 に優越するという。
- $f_i(\mathbf{x}^1) < f_i(\mathbf{x}^2)$ ($\forall i = 1, \dots, k$) の時、 \mathbf{x}^1 は \mathbf{x}^2 に強い意味で優越するという。

もし、 \mathbf{x}^1 が \mathbf{x}^2 に優越しているならば、 \mathbf{x}^1 の方が \mathbf{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): $\mathbf{x}^0 \in R^n$ とする。

- \mathbf{x}^0 に強い意味で優越する $x \in R^n$ が存在しないとき、 \mathbf{x}^0 を弱パレート解という。
- \mathbf{x}^0 に優越する $x \in R^n$ が存在しないとき、 \mathbf{x}^0 を (強) パレート解という。

定義により、最適解が存在するときには、それがパレート最適解であり、それ以外のパレート最適解は存在しない。したがって、パレート最適解は多目的最適化問題に対する最も合理的な解 (集合) であるといえる。

3. GA による多目的最適化への応用

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 1 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、一度の探索において複数存在するパレート解集合を探索することができる。また、一般に GA では膨大な数の繰り返し計算が必要となるため計算効率が悪いといわれている。しかし、多目的 GA の場合には一度の探索において複数個の解候補を探索することができるため、単一目的の場合に比べて計算効率が良いといえる。さらに、GA の特徴である対象問題の広さも多目的 GA の利点の一つとしてあげられる。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^{4, 7, 17)}。

一方で、多目的最適化では解の評価が単一目的の場合と異なり一意的に行うことができないという問題点がある。そのため、多目的 GA では個体の適合度割り当てに関して様々な方法が提案、実装されている²⁾。これらの割り当て方法は、次の2つの方法に大別することができる。

- パレートのアプローチ
- 非パレートのアプローチ

パレートのアプローチとは、2章において説明したパレート解の概念を用いて適合度割り当てを行う方法であり、非パレートのアプローチはパレート解の概念を直接的に用いず、各目的関数値に応じて独立に個体を選択してそれぞれの部分個体集合を生成する方法や、各目的を重み和などの方法により単一目的化して評価する方法がある。パレートのアプローチの代表的な手法としては、MOGA, SPEA, NSGA などがあり、非パレートのアプローチの代表的な手法としては VEGA, MOGLS などがあげられる。

本研究では、パレートのアプローチとして NSGA-II, SPEA2, MSLC の3手法を扱い、非パレートのアプローチとしては MOGADES を用いた。以下、各手法について説明する。

3.1 NSGA-II

NSGA-II は、Srinivas らの NSGA(Non-dominated Sorting Genetic Algorithm)¹⁴⁾ にエリート主義を導入したアルゴリズムであり、Deb らによって開発されたものである⁴⁾。NSGA は、Goldberg により提案された非優越ランキングソートとシェアリングを組み合わせた個体の評価方法を用いておりパレートのアプローチに基づく手法の一つである。NSGA-II では、NSGA

と比較して次の3点において改良、変更が行われている。

- エリート主義の導入
- 混雑度 (crowding distance) の導入
- 高速ソートの実現

上記におけるエリート主義とは、探索中に得られる多目的におけるパレート個体の保存を意味している。NSGA-II では、後述する SPEA2, MSLC と同様、パレート保存する個体数は常に一定であり、保存したパレート個体を選択に反映させる方法を用いている。また、混雑度とは従来までのシェアリング⁹⁾に代わる個体のばらつき度合いを評価する方法であり、Fig. 2 に示すように隣接する個体間の距離を適合度とする為、シェアリングと異なりパラメータフリーという特徴を持っている。また、NSGA-II は NSGA 同様、Fig. 1 に示すような Goldberg の非優越ソート¹⁴⁾を用いている。

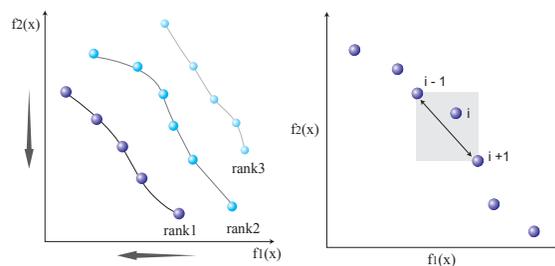


Fig. 1. Ranking Fig. 2. Crowding distance method (NSGA-II).

NSGA-II における一連のアルゴリズムについて各 Step ごとに以下示す。

- step 1: 初期化: N 個の個体をランダムに生成する (パレート保存個体群 P_1 生成)。世代 $t = 1$ とする。
- step 2: 遺伝的操作: 個体群 P_t を用いて選択, 交叉, 突然変異といった遺伝的操作を行い次世代子個体群 Q_{t+1} を作成する。
- step 3: 個体群の統合: 母集団 P_t と Q_t を組み合わせる ($R_t = P_t \cup Q_{t+1}$)。
- step 4: パレート個体保存選択: 母集団 R_t に対して高速非優越ソートおよび混雑度の計算を行い、各個体の適合度割り当てを行う。適合度の上位から順に N 個体を選択し個体群 (パレート保存個体群) P_{t+1} を作成する。

step 5: 終了判定: 世代を $t = t + 1$ とし, 終了判定を行う. 終了条件を満たしている場合は, パレート保存個体群 P_{t+1} を最終解 A として出力. 終了条件を満たしていなければ Step2 へ戻る.

ここで重要となるのが, Step2 における選択 (バイナリトーナメント選択) の際の判断基準 (適合度割り当て) である. NSGA-II ではこの選択において, ニッチ比較操作に基づく選択を行っており, より多様性を重視した選択を行っている.

3.2 SPEA2

SPEA2 は, 99 年に発表された SPEA (Strength Pareto Evolutionary Approach) ¹⁸⁾ を改良した手法である. SPEA では, パレート保存, 保存個体の選択への参加, 独自の適合度の割り当てなどが実現されている. SPEA2 では, SPEA から次の点が改良, 変更されている.

- 改良した適合度割り当てスキームを使用
- パレート保存する個体数は常に一定
- アーカイブ端切手法 (truncation method) を使用

上記の内, アーカイブ端切手法はパレート保存個体を選択する際に用いられる手法であり, 一定数以上のパレート個体を削減する方法である. 目的関数空間での隣り合う個体同士の測定し, Fig. 4 に示すように最も距離の短いものを削減するという方法であり, NSGA-II と同様にシェアリングパラメータといったパラメータは必要としない. SPEA2 では, 多様性保持のための密集度判断には, Fig. 4 に示すような独自の適合度割り当て方法を用いている.

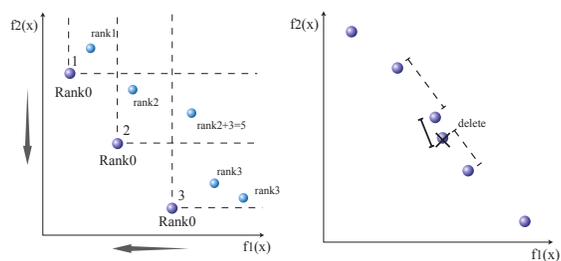


Fig. 3. Ranking method(SPEA2).

Fig. 4. Truncation method.

SPEA2 における一連のアルゴリズムについて各 Step ごとに以下示す.

step 1: 初期化: 初期母集団 P_0 を生成し空のアーカイブ (外部集合) $\overline{P}_0 = \emptyset$ 世代 t を 0 にセットする.

step 2: 適合度割り当て: P_t と \overline{P}_t における個体適合度を計算する.

step 3: パレート個体保存選択: P_t における全ての非優越個体を \overline{P}_t にコピーする. そして \overline{P}_t を \overline{P}_{t+1} にする. もし \overline{P}_{t+1} のサイズが \overline{N} を越えていたならば端切オペレータを用いて \overline{P}_{t+1} を削減する. また, もし \overline{P}_{t+1} のサイズが \overline{N} よりも小さければ, P_t と \overline{P}_t における優越されている個体を用いて \overline{P}_{t+1} を満たす.

step 4: 終了判定: もし $t \geq T$ もしくはその他の終了条件が満たされた場合, \overline{P}_{t+1} の中の非優越個体群の決定ベクトル (設計変数値) の集合 A が吐き出される. 終了.

step 5: 変化: \overline{P}_{t+1} の個体に対して選択, 交叉, 突然変異を行い, 結果を集合 P_{t+1} とする.

3.3 MSLC

MSLC では, これまでに提案されてきた手法の持つスキームと独自のスキームを併せ持つ手法である ⁸⁾.

提案するアルゴリズム, MSLC ではこれまでに提案されてきたアルゴリズムより以下の特徴が取り入れられている.

- パレート保存個体群の利用
- パレート保存個体群の探索への反映
- SPEA2 において用いられている個体の適合度割り当て
- SPEA2 において用いられているパレート個体群の削減方法
- 各目的スケールの等価化

また, 新たな独自のスキームとして以下の事柄についても実装されている.

- 並列性
- 近傍交叉

MSLC は, マスタースレーブ型並列モデルに対応しているため基本的な役割がマスターノードとスレーブノードによって完全に分担されている. 従来のマス

ターノード型並列モデルとの最大の違いは、評価だけでなく交叉、突然変異といった選択以外の遺伝的操作をスレーブノードが行う点である。このことによって、従来までのマスターノード型並列モデルにおけるマスターノードの高負荷を緩和することができる。

具体的には、マスターノードでは現世代の2個体を送り、スレーブノードでは受け取った個体を用いて交叉、突然変異、評価を行った後、2個体をマスターへ返す。

スレーブノードでは主にマスターから受け取った個体を受け取り交叉、突然変異、評価を行い送り返すという繰り返しのみを行うため、以下、マスターノードのアルゴリズムの流れについてのみ示す。

● マスターノード

- step 1: 初期化: N 個の個体をランダムに生成する。世代 $t = 1$ とする。また、生成した個体を全て評価した上で、各スレーブごとに生成、評価した染色体を全スレーブノードから受信して集め、これを探索個体群 (P_t) とする。
- step 2: 個体のソート: P_t を任意の目的関数軸を基準にソートし並び替える。
- step 3: 個体の分配: P_t を順に2個体ずつペアで、非復元抽出し各ノードに配る。
- step 4: 個体の更新: 各ノードから2個体のペアを受け取り、Step3で選んだ2個体のペアと入れ替える。全ての個体が配り終えるまで 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})。
- step 5: パレート個体群の更新: 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})。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 A_{t+1} を最終的な解として出力、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 MSLC は、従来のマスタースレーブ型とその仕組みが大きく異なっている。また、各ノードへ個体ペアを送る前に探索個体群を任意の目的関数軸を基準にソートし並び替えることにより、近傍交叉を実現している。

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環境選択 (Environmental selection) を用いている¹⁷⁾。

3.4 MOGADES

Multi-Objective Genetic Algorithms with Distributed Environment Scheme (MOGADES) は、分散遺伝的アルゴリズム (Distributed Genetic Algorithms : DGA)¹⁵⁾ の各分割母集団 (島) に異なったパラメータを設定する環境分散遺伝的アルゴリズム (Distributed Environment Genetic Algorithms : DEGA)¹⁰⁾ の一つで、各島に異なった重みパラメータを与えることによって複数の目的関数の最適化を行う非パレートのアプローチのアルゴリズム¹⁹⁾ である。

MOGADES の特徴を以下に示す。

重み分散: MOGADES では、各島に異なった重みパラメータを与える。目的数が2の場合、重みは任意の島数に対して均等に分割することが可能であるが、目的数が3以上になると重みを均等に分割可能な島数が限定される。このため、本手法では設定した島数の中で最大限に均等に分割した後、余った島についてはランダムに重みを割り当てる。

近傍移住: MOGADES では、重み付けの近い島との間で移住を行う。移住の度に異なった目的関数 F_a に対する重み ω_a について島をソートし、隣接する2島との間で移住を行う。

重み変化: MOGADES では、探索過程において各島の持つ重みパラメータが変化する。重み変化は、移住の際に行い、隣接する2島との間でエリートの距離を測定し、遠い方の島に重みパラメータを近づける様に行う。

超エリート主義: 各島ごとに探索過程によって得られたパレート個体の集合をパレートアーカイブとして探索個体集合とは別に保持する。各島ごとに重みの線形和の大きい個体の集合をエリートアーカイブとして保持する。概念的には多目的における解 (パレート解)、単一目的における解 (エリート) の双方を保存しているといえる。探索過程において保持されたパレート、エリートのアーカイブは選択操作に参加する。

MOGADES のアルゴリズムは以下ようになる。

- step 1: 初期化, 重み分散: 初期母集団 P_0 を生成し、世代 $t = 1$ とする。各島 i で $P_{i,t}$ を生成する。各島は空のパレートアーカイブ $A_{P_{i,t}}$, エリートアーカイブ $A_{E_{i,t}}$ を作成する。
- step 2: パレート保存: 各島 i で独立して $P_{i,t}$ のうち非優越個体集合を $A_{P_{i,t}}$ にコピーする。
- step 3: 選択: もしも $A_{P_{i,t}}$ における個体数が前もって

与えられたパレート保存数 $N_{A_{P_{i,t}}}$ を越えていた場合、 $A_{P_{i,t}}$ の個体を NSGA-II において用いられているパレート個体群の削減方法で削減する。

- step 4: エリート保存: 重みと目的関数値の線形和の大きい個体の集合を $A_{E_{i,t}}$ にコピーする。
- step 5: 個体の更新:: $P_{i,t} + A_{P_{i,t}} + A_{E_{i,t}}$ を被選択個体群として新たな探索個体群 $P_{i,t+1}$ を作成する。
- step 6: 近傍移住: あらかじめ定めた世代間隔に一度移住操作を行う。このとき、重み変化が行われる。
- step 7: 遺伝子操作: $P_{i,t+1}$ に対して交叉, 突然変異などの遺伝オペレータを適用する。
- step 8: 終了判定: 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 $A_{E_{i,t+1}}$ を最終的な解として出力, 終了。満たさない場合には, 世代 $t = t + 1$ を行い, Step2 へ戻る。

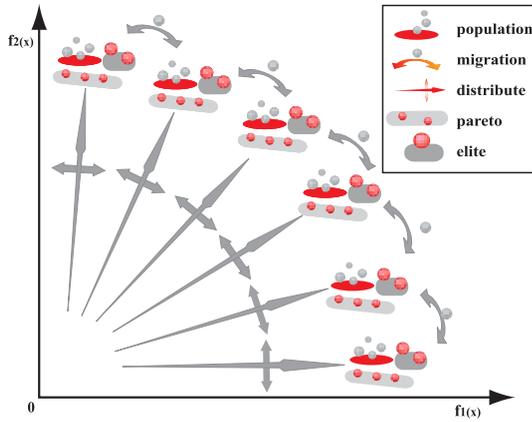


Fig. 5. Multi-Objective Genetic Algorithms with Distributed Environment Scheme.

4. 数値実験

本章では, 3章で説明した手法を実際にいくつかの対象問題へ適用し, 比較検証を行う。

4.1 対象問題

数値実験には, 代表的な幾つの特徴の異なる連続テスト関数⁵⁾と離散問題として代表的な多目的ナップザック問題^{18, 17)}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, 全ての2目的の最小化問題である。数ある連続テスト関数の中より本実験では, Zitzler, Debらによって提案されたZDT4およびZDT6¹⁶⁾, さらにKursaweによって考案されたKUR¹¹⁾の3つの問題について実験を行った。

ZDT4

この問題は, 10設計変数からなる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。

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

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。この問題では, $x_1 = [0.0, 0.2]$ における範囲でしか $f_1(x) = [0.326, 0.7]$ を得ることができない問題となっている。そのため, アルゴリズムがこのような偏りのある問題でも一様な解が得られるかを判定することができる。

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

KUR

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。この問題のパレートフロントは, 連続ではなく凹凸面のような離散である。また, 100変数と設計変数の数が多く真のパレート解の探索には膨大な計算を必要とする。

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

4.2 離散問題

本実験では、離散テスト問題として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難しく NP 困難性を有している。また、先ほどまでの数学的な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。

多目的ナップザック問題では様々な荷物数の問題を想定することができるが、ここでは 750 荷物の場合に限定する。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)。

$$KP750 - m : \begin{cases} \min & f_i(x) = \sum_{i=1}^n x_i \cdot p_{i,j} \\ \text{s.t.} & \\ & g(x) = \sum_{i=1}^n x_i w_{i,j} \leq W_j \\ & p_{i,j} (\text{profit value}) \\ & w_{i,j} (\text{weight value}) \\ & 1 \leq j \leq m, m = 2, 3, 4 \end{cases}$$

本実験では評価の行いやすい 2 目的の多目的ナップザック問題 (KP750-2) の実験を行った。

4.3 GA の構成・GA パラメータ

各個体は、全ての問題においてビットコーディングを用いた。また、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。さらに、交叉方法として 1 点交叉、突然変異の方法としてビット反転を用いた。

本研究では、数値実験としてナップザック問題と主要な連続関数テスト問題に対する適用を行った。ナップザック問題において用いた個体数および終了条件は、文献¹⁷⁾を参考に 2 目的、250 個体、500000 評価計算回数とした。また、連続関数テスト問題に対しては、文献⁴⁾を参考に ZDT4 および ZDT6 では個体数 100、終了世代数 250 世代とし、KUR の場合は終了世代を 1000 世代として数値実験を行った。

また、本数値実験は全ての例題に対して異なる乱数の種を用いて 10 試行を行った。

4.4 得られた解候補の評価方法

得られたパレート解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、進化的多目的最適化の分野においても幾つかの手法が提案されている^{7, 18)}。

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統計値、真の解との誤差の 4 つの評価方法を用いた。また、数値実験における最終的

な解の評価としては、この 4 つの評価項目にパレート解のプロット図を加えた 5 つを用いた。

4.5 優越個体割合

優越個体割合 (The Ratio of Non-dominated Individuals: RNI) 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、比較対照とする 2 つの手法で得られたパレート解 (X' , X'') を足し合わせ、その中よりパレート解を選び出す。その上で、選び出されたパレート解の各手法の割合を $RNI(X', X'')$ 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他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。結果は Fig. 6 の図の様に 2 手法の比較結果を示している。

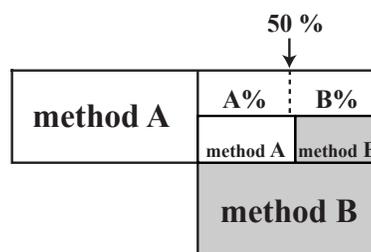


Fig. 6. An example of RNI.

4.6 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いえない。そのため、何らかの解の幅広い分布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、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を被覆率とする。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。本研究では分割数を 50 としている。結果を Fig. 7 の例の様に、各手法の被覆率を棒グラフで示している。

4.7 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 (MMA) を求めるこ

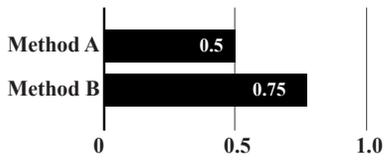


Fig. 7. An example of Cover Rate.

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。結果は Fig. 8 の様に、各目的関数軸ごとの最大値と最小値および平均値のグラフ化を行っている。

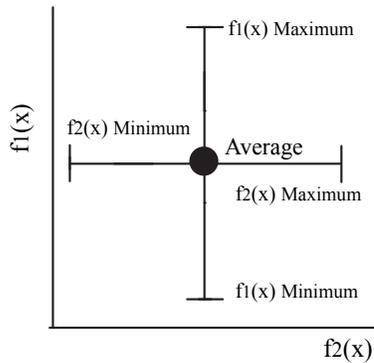


Fig. 8. An example of MMA.

4.8 結果

本数値実験では、3つの連続テスト関数と1つの離散的テスト問題の計4つの例題に対して実験を行った。

また、最終的な解の評価としては、最終的に得られた各手法のパレートプロットに前述した4つの評価項目を加えた5項目より考察を行った。尚、本数値実験では、全ての問題全ての手法に対して異なる乱数の種を用いて10試行の実験を行っている。結果の内、パレートプロットは全試行より得られた解全てを表示しており、その他の4つの評価項目は10試行平均となっている。

4.8.1 連続テスト関数

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 x_1 以外の設計変数値が0の時、 x_1 の全ての値において真のパレート解が得られる。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、パレートプロット図を Fig. 9 にパレート解優越度比較を Fig. 12, 被覆率を Fig. 10, 各目的関数軸に沿った最大値と最小値のプロット図を Fig. 11 に示す。

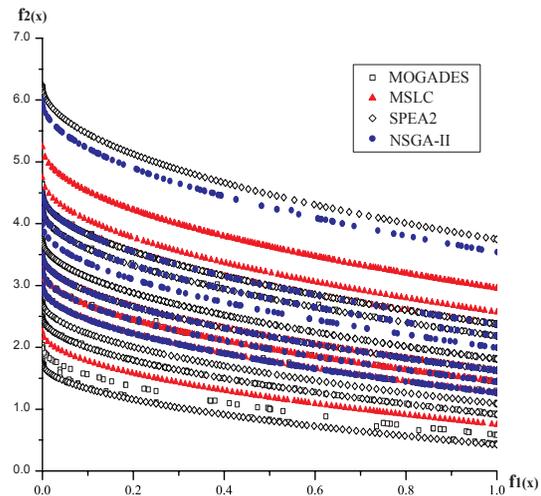


Fig. 9. Pareto optimum individuals(ZDT4).

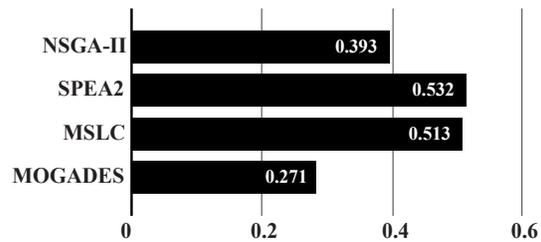


Fig. 10. Cover Rate of ZDT4.

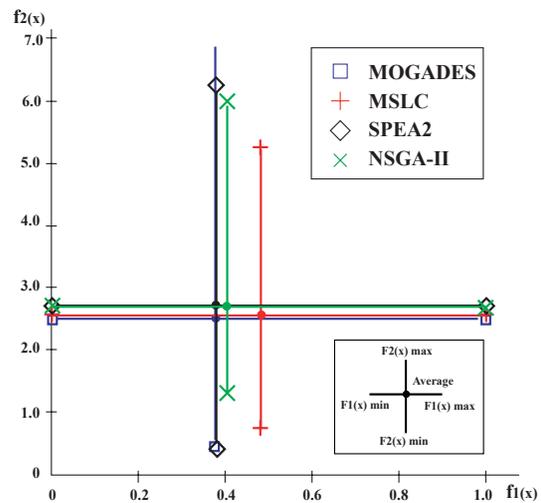


Fig. 11. The Max-Min values of ZDT4.

NSGA-II	51%	49%	54%	46%	33%	67%
SPEA2			52%	48%	36%	64%
MSLC					29%	71%
MOGADES						

Fig. 12. RNI of ZDT4.

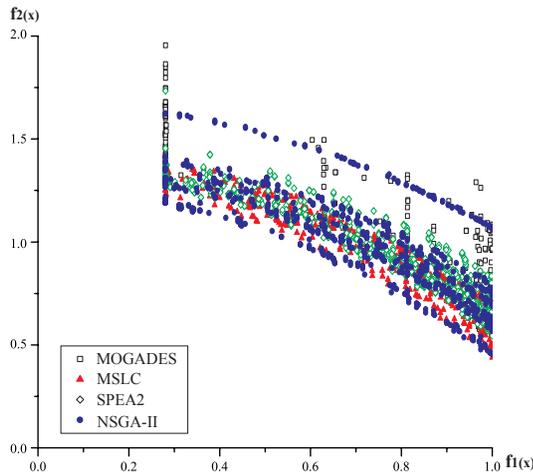


Fig. 13. Pareto optimum individuals(ZDT6).

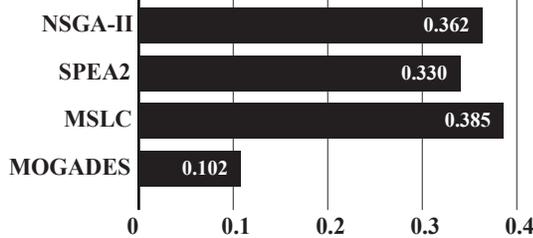


Fig. 14. Cover Rate of ZDT6.

Fig. 9 および Fig. 11 から分かるように、もっとも真の解に近い分布を出している SPEA2 は、局所解から出ていない解も多く存在するので、誤差の平均としては、MOGADES に劣っている。しかし、すべての手法は広い範囲にほぼ均等に分布しており、各手法に大きな差はみられない。

ZDT6

この関数における結果の内、パレートプロット図を Fig. 13 にパレート解優越度比較を Fig. 16, 被覆率を Fig. 14, 各目的関数軸に沿った最大値と最小値のプロット図を Fig. 15 に示す。

ZDT6 は、先ほどの問題と比べて探索空間が狭く真のパレート解を得られやすい問題である。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、Fig. 15 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。

得られた結果から分かるように MOGADES は他の手法に比べて良好な結果を示していない。これは、島ごとに探索が進む MOGADES では、初め多くの島が弱パレート解方向に進んでしまうことが考えられる。MOGADES はそこから重み変化で真のパレート解方向へ進むのだが、MOGADES は他の手法に比べ探索速度が遅いため、250 世代では他の手法と差がでる結

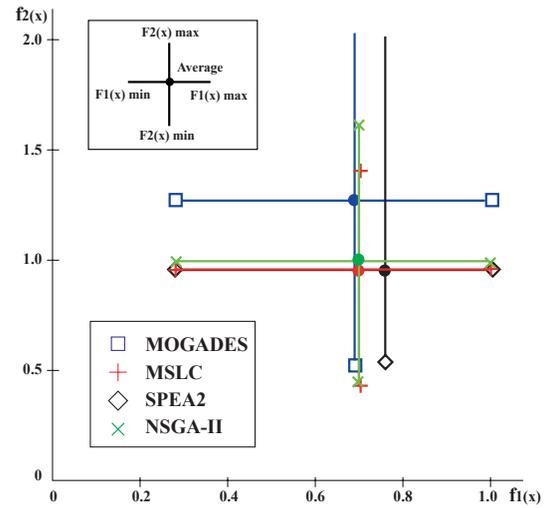


Fig. 15. The Max-Min values of ZDT6.

NSGA-II	56%	44%	46.5%	53.5%	88.5%	11.5%
SPEA2			40%	60%	93%	7%
MSLC					93%	7%
MOGADES						

Fig. 16. RNI of ZDT6 .

果となった。

また、Fig. 13 および Fig. 15 をみれば SPEA2 が真の解にもっとも近い値を出しているものの、Fig. 15 や Fig. 16 から総合的に見ればには MSLC が良い結果を示していることがわかる。

KUR

この関数における結果の内、パレートプロット図を Fig. 17 にパレート解優越度比較を Fig. 19, 各目的関数軸に沿った最大値と最小値のプロット図を Fig. 18 に示す。

この問題は、 $f_1(x)$ において隣同士の変数の相互作用を持ち、 $f_2(x)$ において多峰性を有する問題である。また、100 変数と設計変数の数が多く真のパレート解の探索には膨大な計算を必要とする。今回の論文では終了世代を 1000 世代としたが、どの手法においても真のパレート解まで到達していない。

Fig. 17, Fig. 19 の結果から、MOGADES はパレートのアプローチ手法の NSGA-II, SPEA2 および MSLC よりも幅広さの面では優れた結果を示しているのが分かり、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 MOGADES は各島に異なった重みパラメータを与えられ、各両端

多目的遺伝的アルゴリズムにおける各手法の比較

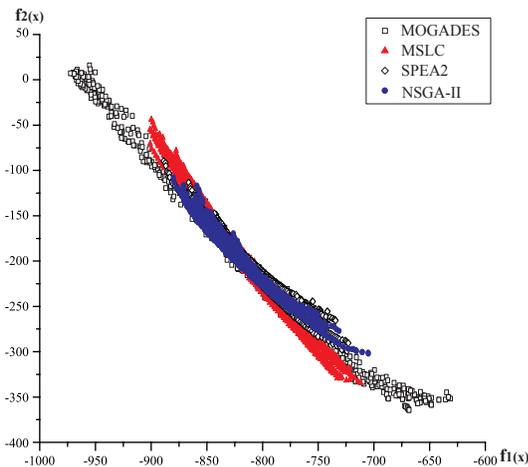


Fig. 17. Pareto optimum individuals(KUR).

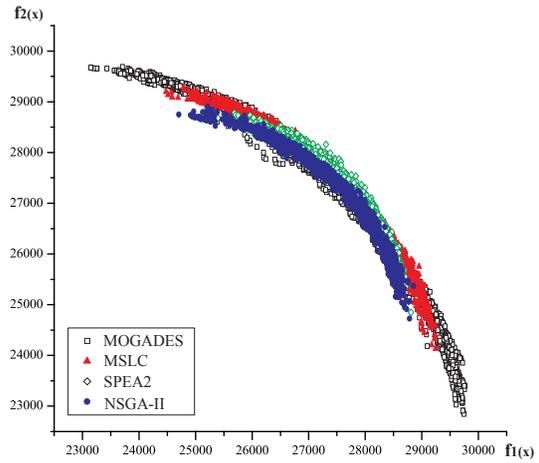


Fig. 20. Pareto optimum individuals(KP750).

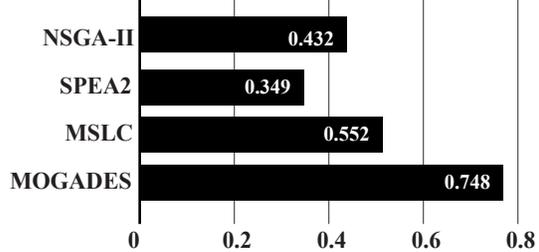


Fig. 21. Cover Rate of KP750.

の島は主に端を探索することにより、パレート解の広がり方がパレートのアプローチ手法よりも優れていることが考えられる。

また、パレートのアプローチの3手法を比較してみると、Fig. 17, Fig. 19の結果から、MSLCは他の手法よりも明確に優位な結果を示しているのが分かる。特に、Fig. 18から、各目的関数軸において広範囲に探索個体が分布しているのが分かる。これは、MSLC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。このことより、近傍交叉は解の多様性、精度の両面において効果があることを確認することができる。

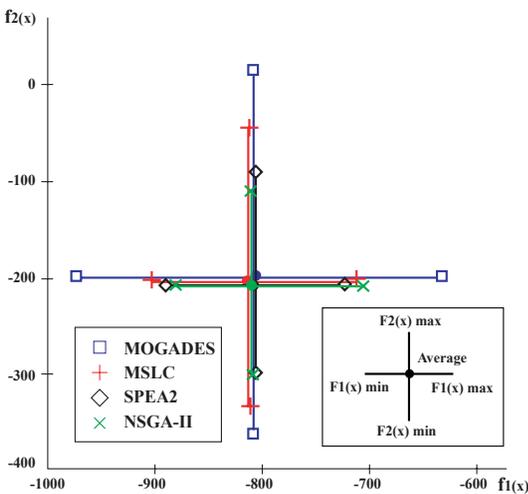


Fig. 18. The Max-Min values of KUR.

NSGA-II	71%	28%	42%	58%	50%	50%
SPEA2			32%	68%	41%	59%
MSLC					55%	45%
MOGADES						

Fig. 19. RNI of KUR.

KP-m

ナップザック問題2目的に対する結果の内、各目的の場合におけるプロット図をそれぞれ Fig. 20, 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, Fig. 21 と, Fig. 22 に示す。また、この問題における各手法の優越度比較についても, Fig. 23 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、先ほどまでの数学的な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。

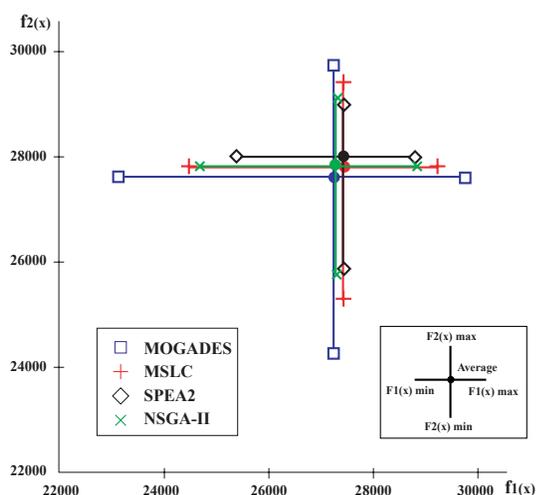


Fig. 22. The Max-Min values of KP750.

NSGA-II	18%	82%	4%	96%	21%	79%
			38%	68%	36%	64%
SPEA2				50%	50%	
MSLC						
MOGADES						

Fig. 23. RNI of KP750.

Fig. 21 および Fig. 22 から，MOGADES 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，Fig. 20, Fig. 23 から分かるように，MOGADES は MSLC および NSGA-II, SPEA2 と同等の解を得ているのが分かる．これは KUR と同様，MOGADES は各島に異なる重みパラメータを与えられ，各両端の島は主に端を探索することによるものである．

また，パレート的アプローチ手法である NSGA-II, SPEA2, MSLC を比べると MSLC は良い結果を示している．このことから，MSLC の持つ近傍交叉が非常に効果的であることが分かる．

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．

5. 結論

本研究では，代表的な多目的 GA の手法である NSGA-II, SPEA2，に対して MSLC, MOGADES の両手法をいくつかの性質の異なる代表的なテスト関数を用いて比較しこれらの手法の持つ性能について検証を行った．

- KUR やナップサック問題といった解の探索が困難であり広範囲の解が得られにくい問題では NSGA-II, SPEA2 と MSLC, MOGADES に明確な探索能力の差が見られた．MOGADES は各島に異なる重みパラメータを与え，広範囲の解を探索するアルゴリズムであるため，どのパレートのアプローチ手法よりも優れている．またパレートのアプローチ手法のなかで MSLC が広範囲のパレート解を探索する事ができた．これは MSLC が近傍交叉を実装しているためである．
- MSLC はすべての問題で良い解の精度を出している．パレート解の広がりという面では MOGADES に劣っているものの，NSGA-II, SPEA2 といったパレートのアプローチ手法よりもパレート解が広がり，良好な解の精度を得ている．最もこれは近傍交叉によってパレートフロント全体の探索が効率よく行われているのが考えられる．
- 非パレートのアプローチである MOGADES は各島に異なる重みパラメータを与え，それぞれの島ごとに探索が進む．問題依存が存在するが，MOGADES は各島に異なる重みパラメータを与えることによって，最適なパラメータを得ることができればどのような問題にも対処できる．

以上の点から MSLC および MOGADES は，NSGA-II, SPEA2 にくらべて有効な多目的最適化手法だといえる．また NSGA-II および SPEA2 にはない並列処理に適した並列アルゴリズムであるという点でも有効である．一般に多目的 GA では，単一目的 GA 以上に計算負荷が高いため，アルゴリズムの探索効率の向上とともに並列性は非常に重要となってくる．

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) Kalyanmoy Deb. *Multi-Objective Optimization using Evolutionary Algorithms*. Chichester, UK : Wiley, 2001.
- 3) First international conference on evolutionary multi-criterion optimization. <http://www.tik.ee.ethz.ch/emo/>.
- 4) K. Deb, S. Agarwal, A. Pratap, 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) K. Deb and T. Meyarivan. Constrained test problems for multi-objective evolutionary optimization. *KanGAL report 200005, Indian Institute of Technology, Kanpur, India*, 2000.
- 6) 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.
- 7) 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.
- 8) T. Hiroyasu, S. Watanabe, and M. Miki. Evolutionary multi-criterion optimization for mobile telecommunication networks optimization. In *EUROGEN 2001 - Evolutionary Methods for Design Optimisation and Control with Applications to Industrial Problems*, 2001.
- 9) J. Horn, N. Nafpliotis, and D. E. Goldberg. A niched pareto genetic algorithm for multiobjective optimization. In *Proceedings of the First IEEE Conference on Evolutionary Computation, IEEE World Congress on Computational Intelligence*, Vol. 1, pp. 82–87, 1994.
- 10) M. Kaneko, T. Hiroyasu, and M. Miki. A parallel genetic algorithm with distributed environment scheme. In *Proceedings of the International Conference on Parallel and Distributed Processing Techniques and Applications Vol.2*, pp. 619–625, 2000.
- 11) F. Lirsawe. A variant of evolution strategies for vector optimization. In *PPSN I, volume 496 of Lecture Notes in Computer Science*, pp. 193–197, 1991.
- 12) 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.
- 13) L. Nang and K. Matsuo. A survey on the parallel genetic algorithms. *J. SICE*, Vol. 33, No. 6, pp. 500–509, 1994.
- 14) N. Srinivas and K. Deb. Multiobjective optimization using nondominated sorting in genetic algorithms. *Evolutionary Computation*, Vol. 2, No. 3, pp. 221–248, 1994.
- 15) R. Tanese. Distributed genetic algorithms. In *Proc.3rd International Conf.Genetic Algorithms*.
- 16) E. Zitzler, K. Deb, and L. Thiele. Comparison of multiobjective evolutionary algorithms: Empirical results. In *Evolutionary Computation*, Vol. 8(2), pp. 173–195, 2000.
- 17) 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.
- 18) 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.
- 19) 上浦二郎, 廣安知之. 環境分散遺伝的アルゴリズムの多目的最適化問題への適用. 日本機械学会第11回 FAN インテリジェント・システム・シンポジウム講演論文集, pp. 239–240, 2001.