

多目的遺伝的アルゴリズムにおける近傍交叉の効果

吉井 健 吾[†] 廣 安 知 之^{††} 三 木 光 範^{††}

本稿は進化的多目的最適化 (Evolutionary Multiobjective Optimization : EMO) における近傍交叉の効果を数値実験を通してまとめたものである。近傍交叉は目的関数空間において近接している個体同士で交叉を行う。全ての個体は目的関数空間において近接している順にソートされた後、母集団のある一定間隔の幅において個体をランダムに入れ替える近傍シャッフルが行われる。この近傍シャッフルは、複数の世代にわたって繰り返し同じペアで交叉が行われることを防ぐために行われる操作である。ここで近傍シャッフルを行う幅はパラメータであり、この近傍シャッフル幅の大きさによって個体間の近傍度合いは変化し、解の探索への影響も変化する。そこで、本研究では代表的な EMO の手法である NSGA-II に近傍交叉を組み込み、テスト関数により近傍シャッフル幅の変化による探索能力の検討を行った。数値実験の結果、メイトング選択としてコピー選択により生成された母集団に近傍交叉を適用するとき、母集団の多様性を維持しながら探索を行うことが可能となることがわかった。そして対象問題によって最適な近傍シャッフル幅が異なって存在し、最適な大きさの近傍シャッフル幅による近傍シャッフルを行ったとき、最も優れたパレート最適解集合が得られることを確認した。

Effectiveness of Neighborhood Crossover in EMO Algorithms

KENGO YOSHII,^{†,‡} TOMOYUKI HIROYASU^{††} and MITSUNORI MIKI^{††}

In this work, the effectiveness of the neighborhood crossover of EMO algorithms is discussed through the numerical experiments. The neighborhood crossover chooses two parents which are close to each other in the objective space. All individuals are sorted with along to their distances and the neighborhood shuffle which changes individuals randomly in certain width of population is carried out. This operation prevents crossing over repeatedly between the same pair of individuals. The width of neighborhood shuffle is the parameter of this operation and this parameter determines the range of the population where individuals are shuffled. Therefore, this parameter affects the quality of the solutions. We implemented the NSGA-II with the neighborhood crossover and examined the effect of the width of neighborhood shuffle. The results of the numerical experiment indicated that the effect of neighborhood crossover can be achieved by applying neighborhood crossover to the search population created through copy selection as mating selection. In addition, we found that the optimal width of neighborhood shuffle differs by the objective problems, and the best pareto optimal solutions are obtained when the neighborhood shuffle is conducted with the optimal width of neighborhood shuffle.

1. はじめに

複数の評価基準が存在し、評価基準が互いにトレードオフの関係にある問題を多目的最適化問題という。多目的最適化問題を解決するには様々な方法が存在するが、本研究ではどの解にも劣らない解の集合であるパレート最適解集合を一度に求める進化的多目的最適化 (Evolutionary Multiobjective Optimization: EMO) を対象としている。EMO の最大の目標は、パレート最適解またはそれに近い多様

性の優れた非劣解集合を発見することである。このようなアプローチは Shaffer の Vector Evaluated Genetic Algorithm (VEGA)¹⁾ 以降、様々なアルゴリズムが提案され、中でも、Deb らの Elitist Non-Dominated Sorting Genetic Algorithm (NSGA-II)²⁾ や Zitzler らの Strength Pareto Evolutionary Algorithm 2 (SPEA2)³⁾ は、適合度の高い個体の保存、多様性に基づいた個体の削減手法など多目的 GA における重要なメカニズムが組み込まれており、特に良好な解を得ることができると報告されている。

一方、我々はこれらの重要なメカニズムを改良し、目的関数空間での距離が近接している個体同士で交叉を行う近傍交叉を取り入れることで、探索能力を向上させてきた^{4),5)}。近傍交叉では目的関数空間において

[†] 同志社大学大学院

Graduate Student of Engineering, Doshisha University

^{††} 同志社大学工学部

Knowledge Engineering Dept., Doshisha University

個体間の距離が近接している順にソートを行い、その後母集団のある一定の幅において、個体をランダムに並び替える近傍シャッフルを行う。この近傍シャッフルを行う幅(近傍シャッフル幅)の大きさはパラメータであり、このパラメータにより個体間の近接度合いが変化し、解の探索性能に大きく影響を与えらる。そこで本研究では、近傍交叉の更なる調査を行うため、近傍交叉を代表的な手法である NSGA-II に組み込み、近傍シャッフル幅が近傍交叉に与える影響を検討する。また、近傍交叉による効果が得られる条件および適切な近傍シャッフル幅の検討も行う。

2. 進化的多目的最適化

複数の評価基準を同時に満たす多目的最適化のアプローチとして、遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithm:GA) が多く用いられている。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り¹⁰⁾、従来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、一度の探索で複数のパレート最適解を求めることが可能である。多目的最適化問題に GA を適用した多目的 GA では、精度が高くかつ目的関数空間に多様なパレート最適解を求めることが探索目標とされている。これらの実現のために、これまでに提案されてきた重要なメカニズムについてまとめる。

a) アーカイブへの保存

アーカイブへのパレート最適解の保存は、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。この操作は、探索個体群とは別にアーカイブを生成し、探索の各段階における優れた個体をアーカイブに保存することによって実現される^{2),3),7)~9)}。

b) 環境選択

アーカイブへ保存する解の選択を環境選択と呼ぶ。アーカイブに保存される個体は一般に適合度の高い個体であるが、非劣解の数がアーカイブサイズを超えた場合には、個体の密集度を考慮して解を選択する。この操作によってアーカイブには目的関数空間において多様な非劣解が保存されることになる。解の密集度を考慮した選択手法には、シェアリングを利用する方法¹¹⁾、NSGA-II において用いられている混雑度距離²⁾、SPEA2 において用いられている端切り手法³⁾ などがある。

c) メイティング選択

アーカイブから次世代の探索個体群を選択するこ

とをメイティング選択と呼ぶ。NSGA-II, SPEA2 などの手法では、アーカイブに保存された適合度の高い個体から探索個体群を生成することによって、探索の高速化を実現している。

d) 適合度割り当て

多目的 GA では目的関数が複数存在するため、単目的 GA のように目的関数値を適合度として適用することはできない。そこで、個体間の優越関係を考慮した適合度割り当て方法が提案されている。代表的な手法には、ランキングを用いた方法¹¹⁾ や優劣個体数に基づいた適合度割り当て方法³⁾、非優越ソート²⁾ などがある。

e) 近傍交叉

目的関数空間において近接している個体同士で交叉を行うことにより探索能力が向上する。近傍交叉の基本は単目的 GA において Goldberg が提案したものであり¹⁰⁾、交叉のペアに設計変数空間において距離が遠い個体を選ばないという考えである。これを多目的 GA に応用し、目的関数空間において近接する個体同士で交叉を行うことにより探索能力の向上を実現している^{4),5)}。

本研究では、これまでに提案されてきた近傍交叉の更なる調査を行う。次章では近傍交叉の概要について述べる。

3. 近傍交叉の多目的 GA への適用

3.1 多目的 GA における近接度合いを考慮した交叉

一般に代表的な多目的 GA の手法では 1 点交叉もしくは多点交叉を行う。しかし交叉ペアとなる個体はランダムに選ばれ、個体間の設計変数空間における距離が大きく離れ効果的な探索ができないという問題点が存在する。これを防ぐためには、交叉のペア個体を選ぶ際、個体同士の近接度合いを何らかの方法により考慮する必要がある。設計変数空間において近接している個体同士で交叉を行うことより、両親個体の近傍に子個体を生成させることができ、多様性の優れた母集団を形成することができる。しかし、離散問題など設計変数空間における距離が定義できない場合も考えられる。一方、一般に連続問題においても、目的関数空間において近接する個体同士は設計変数空間においても近接する可能性が高い。以上のことから、設計変数空間の代わりに目的関数空間において近接している個体同士で交叉を行う近傍交叉に関する様々な研究がなされてきた^{4),5)}。近傍交叉では、交叉する個体同士の近接度合いを調整するために近傍シャッフルという

一般に多目的 GA の探索段階における、他のどの解にも優越されない解のことを非劣解と呼ぶ。

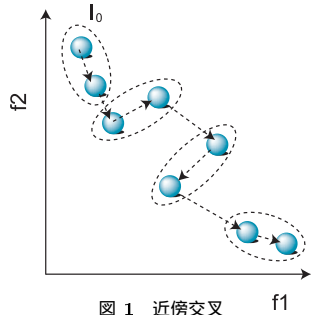


図1 近傍交叉

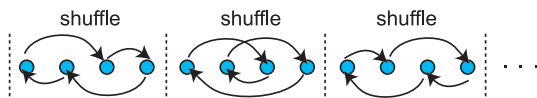


図2 近傍シャッフル

手法を用いる。この手法はまた同じ個体同士で繰り返し交叉が行われることを防ぐ効果を持つ。これまでに研究されてきた近傍交叉では、ある目的関数を基準に母集団をソートした後、母集団サイズの1割の大きさの幅でランダムに個体を交換していた。本研究ではこの近傍シャッフル幅の変化が解の探索能力に与える影響について検討を行う。

3.2 近傍交叉のアルゴリズム

近傍交叉とは目的関数空間での距離が近い個体間で交叉を行うことである。このように明示的に目的関数空間での距離が近い個体間で交叉を行うことにより、探索能力を向上させることができる。近傍交叉のアルゴリズムを以下に示す。

- (1) ある目的関数において最も適合度の高いまたは低い個体を選択し、 I_0 とする。その個体から目的関数空間において最も距離が近い個体を I_1 とし、交叉ペアとする。同様に、個体 I_k から目的関数空間において最も距離が近い個体を I_{k+1} とし、母集団の数まで繰り返し行う。これらの操作により、母集団は近いもの同士でソートされることになる。ここで、始めの個体の選択における目的関数の基準は、世代を目的関数の数で割った余りにより決定する。そのため、毎世代ごとに基準が変化し、交叉を行うペアがより変化しやすくなる。近傍交叉の様子を図1に示す。
- (2) ソート後の探索個体群に対して一定の幅の間隔において近傍シャッフルを行う。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り、繰り返し同じペアで交叉を行うことを防ぐために行う。近傍シャッフルの様子を図2に示す。

近傍交叉において、近傍シャッフルは非常に重要な

操作である。近傍シャッフルを行わないと、毎世代同じペアによる交叉が行われるため、局所解に陥った場合は抜け出せなくなる。従って、適度な大きさの幅において近傍シャッフルを行うことが重要である。この近傍シャッフルを行う幅(近傍シャッフル幅)の大きさはパラメータであり、近傍シャッフル幅率(R_{nsw})により決定される。 R_{nsw} は0~1.0までの実数であり、母集団サイズの割合による近傍シャッフル幅の大きさを示す。例えば、 $R_{nsw} 0.1$ は母集団サイズの1割の幅の大きさで近傍シャッフルを行うことを意味する。 R_{nsw} の大きさにより個体同士の近接度合いは変化し、小さくなるほど近接度合いは増すが、同じペアで繰り返し交叉が行われる可能性も高くなる。次章では、近傍交叉の効果を検査するため、数値実験により近傍シャッフル幅の変化による解探索能力への影響について検討を行う。

4. 近傍交叉の効果

近傍交叉の効果を検査するため、代表的な多目的GAの手法であるNSGA-IIに近傍交叉を組み込み、テスト関数により数値実験を行う。同時に近傍シャッフル幅率(R_{nsw})による近傍交叉への影響についても検討を行う。

4.1 実験方法

本実験における対象問題は、連続問題としてKursaweの数値実験に使用されたKUR¹³⁾および離散問題としてZitzlerらの数値実験により使用された多目的ナップザック問題の2目的750荷物問題(KP750-2)^{3),14)}を取り扱った。

KUR

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

KURは $f_1(x)$ において連続する2変数間の相互作用を持ち、 $f_2(x)$ において多峰性を有する問題である。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い、探索をより困難とさせた。

KP750-n

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

多目的ナップザック問題は、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．
 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 番目の評価値計算を行う際の重み値の総和に対する制約値 (上限値) である．

なお，KP750-2 に関するパラメータは Zitzler らによる文献^{3),14)} と同じ値を使用した．

また得られた非劣解集合を評価する手法は様々存在するが，本研究では以下に示す評価方法を使用する．

- (1) 被覆率 (cover rate: I_{cover})¹⁵⁾
- (2) パレート最適解の幅広さの評価 (Spread)¹⁶⁾
- (3) 優越個体割合 (Ratio of Non-dominated Individuals: RNI)¹⁷⁾

被覆率 (I_{cover}) は得られた非劣解を絶対的に評価する方法であり，目的関数空間におけるパレート最適解領域において，解集合が均一に分布しているかを評価する方法である．被覆率は各目的関数のパレート最適解領域を K 分割したときの，目的関数 i において非劣解が存在している小領域の数 k_i の割合により求められる． N 目的関数の対象問題における被覆率 (I_{cover}) を求める式を，次に示す．

$$I_{cover} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \frac{k_i}{K}$$

上記の式より，被覆率が 1.0 に近いほど，解が全領域に求まっていると評価される．本実験では分割数 K を母集団サイズとした．

パレート最適解の幅広さの評価 (Spread) は，以下の式で計算される．値が大きいくほど幅広いパレート最適解を得ていることがわかる．

$$Spread = \sum_{i=1}^N [\max f_i(x) - \min f_i(x)]$$

優越個体割合 (RNI) は，Tan らによって用いられた手法¹⁷⁾ を 2 つの非劣解集合の比較へと拡張したものである．RNI ではまず，2 つの手法で得られた解集合 X と Y の和集合をとり S^U とする．次に， S^U の中から，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 $I_{RNI(X,Y)}$ として導き出すというものである．このため，この割合は最大値の 100 % に近いほど，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．

なお，本実験に使用したパラメータを表図 1 に示す．それぞれの対象問題において，様々な R_{nsw} の検討を行う．KUR においては母集団サイズが 100 であることから，0.0, 0.05, 0.1, 0.2, 0.25, 0.5, 1.0 の

表 1 パラメータ

対象問題	KUR	KP750-2
母集団サイズ	100	250
次元数	100	
染色体長	20 × 次元数	750
交叉率	1.0	
交叉手法	2 点交叉	
突然変異率	1 / 染色体長	
最大世代数	250	2000

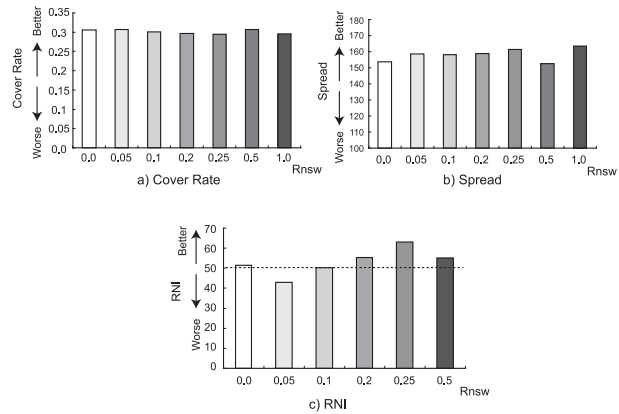


図 3 KUR : I_{cover} , Spread, RNI

R_{nsw} について検討を行う． $R_{nsw} 0.0$ はソート後に近傍シャッフルを実行しないことを意味し， $R_{nsw} 1.0$ はソート後に母集団サイズの幅において近傍シャッフルを行うため，オリジナル NSGA-II と同じになる．また KP750-2 においては母集団サイズが 250 であることから，0.0, 0.02, 0.04, 0.1, 0.2, 0.5, 1.0 の R_{nsw} について検討を行う．

4.2 近傍交叉の効果の検討

KUR における R_{nsw} の変化による I_{cover} , Spread, オリジナル NSGA-II と比較した RNI を図 3 に示す．なお，実験データは 30 回試行の平均値である．

図 3 の I_{cover} の結果から，オリジナル NSGA-II と比較して，近傍交叉の大きな効果は見られない．また， R_{nsw} による近傍交叉への影響も大きな違いはないといえる．Spread の結果からは，近傍交叉はどの R_{nsw} においても NSGA-II よりも性能は悪く，幅広さが失われているといえる．RNI に関しても， $R_{nsw} 0.25$ は比較的良好な結果を得ているものの， R_{nsw} の変化による大きな違いはなく近傍交叉の効果があるとは一概に言えない．

同様に KP750-2 における結果を図 4 に示す．KP750-2 に関して近傍交叉の大きな効果は見られない．よって単純に近傍交叉を導入するだけではその効果は小さく，効果を得るためには条件が存在すると考えられる．次章では近傍交叉による効果を得る

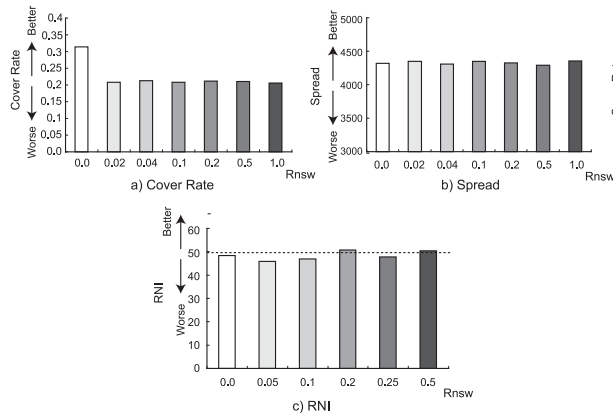


図 4 KP750-2 : Icover, Spread, RNI

条件について検討する。

5. コピー選択の近傍交叉への効果

5.1 コピー選択の検討

4 章では近傍交叉の効果を検査すべく、NSGA-II に近傍交叉を組み込み、様々な近傍シャッフル幅率によりオリジナル NSGA-II と比較を行ったが、特に顕著な違いは見られなかった。そこで近傍交叉が効果を生む条件について考察する。NSGA-II や SPEA2 などの代表的な手法は、アーカイブ個体群から探索個体群を選択するメーティング選択としてトーナメント選択を行っている。これは、より優れた個体を用いた探索による収束の高速化を目的として行われている。しかし、トーナメント選択によりアーカイブ個体群の中から優れた個体は重複して選択される。一方、近傍交叉はまず近接している順にソートを行うため、トーナメント選択により形成された個体群では同じ個体同士が隣り合う可能性は高くなり、同じ個体同士で無駄な交叉が行われる可能性も高くなる。そのため、できるだけ異なる個体からなる母集団が必要となる近傍交叉におけるメーティング選択は、トーナメント選択よりもアーカイブ母集団をそのままコピーするコピー選択の方が効果的であると考えられる。本章では近傍交叉を取り込んだ NSGA-II から、トーナメント選択を行わず、コピー選択により次世代の探索母集団を生成し、近傍交叉を行う場合の比較実験を行う。対象問題およびパラメータは前章と同様である。

KUR における近傍シャッフル幅率 (R_{nsw}) の変化による I_{cover} , Spread, オリジナル NSGA-II と比較した RNI を図 5 に示す。なお、 I_{cover} および Spread にはオリジナル NSGA-II の結果も比較のため載せている。

図 5 の結果から、近傍交叉の大きな効果が確認でき

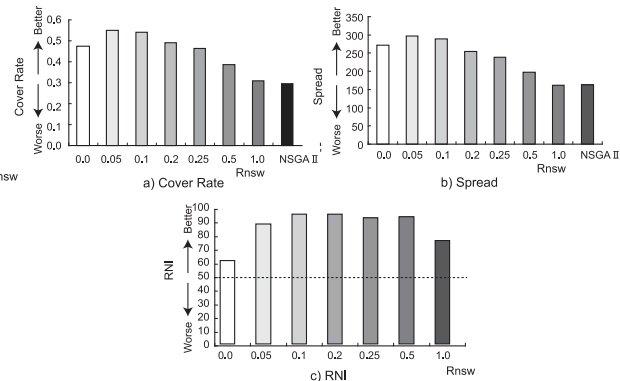


図 5 KUR : Icover, Spread, RNI

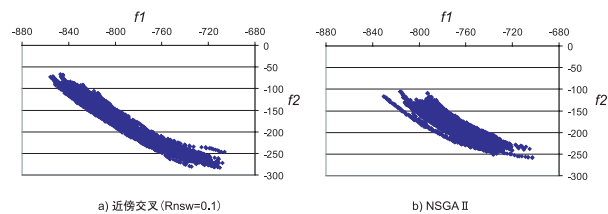


図 6 KUR : プロット図

る。特に、 R_{nsw} が 0.05 から 0.2 のとき、最も幅広いパレート最適解集合が得られている。 R_{nsw} 0.0 のとき、つまり近傍シャッフルを行わないときは、同じペアにより交叉が行われる頻度が増すため、探索に影響が出たと考えられる。オリジナル NSGA-II では、アーカイブ個体群から復元抽出の選択を行い探索個体群を生成させているため、探索個体のパレート最適解に対する収束は早くなるものの、母集団は多様性を失いやすくなり、局所解にも陥りやすい。そのため、KUR のように多峰性のある問題において良好な解を得ることは難しい。しかし、コピー選択により多様性を維持し、近傍交叉を組み込むことにより探索能力を向上させることができる。KUR において NSGA-II と比較した R_{nsw} 0.1 における 30 回試行で得られた全てのパレート最適解集合のプロット図を図 6 に示す。近傍交叉の効果は視覚的にも確認でき、多様性に優れたパレート最適解集合が得られていることが分かる。

同様に KP750-2 の結果を図 7 に示す。

KP750-2 は、非常に幅広いパレート最適フロントを持つ問題であり、パレート最適フロントを形成するパレート最適個体の設計変数値も多様性に富んでいる。そのため、KUR と同様、幅広いパレート最適解を探索するには、母集団の多様性が非常に重要となってくる。結果として、図 7 から多様性の優れた非劣解集合が得られていることが分かり、近傍交叉の有効性が確認できる。図 8 に NSGA-II と比較した KP750-2 における R_{nsw} 0.1 の 30 回試行のプロット

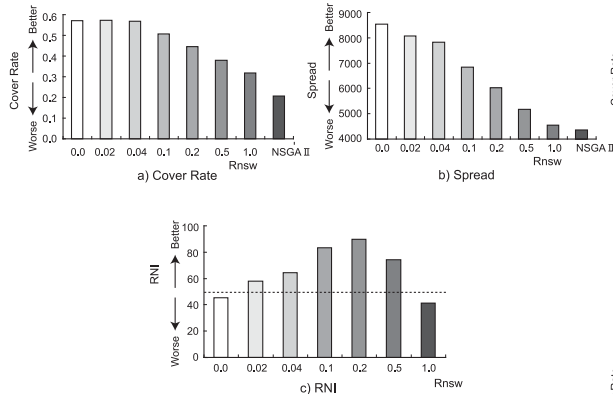


図 7 KP750-2 : Icover, Spread, RNI

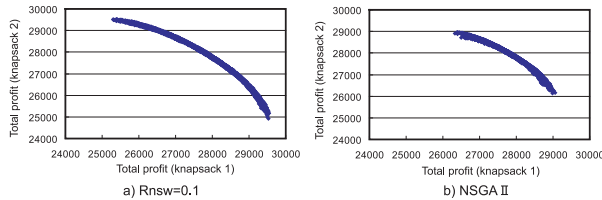


図 8 KP750-2 : プロット図

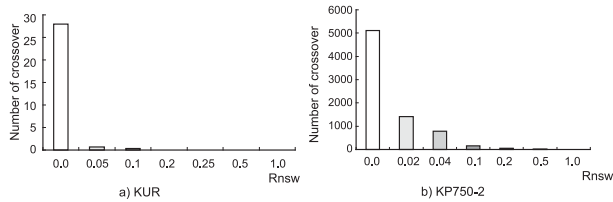


図 9 前世代と同じペアの個体間により交叉が行われた回数

ト図を示す．図 8 から，視覚的にも近傍交叉の効果が確認できる．

以上より，近傍交叉はアーカイブから次世代の探索母集団をコピー選択により生成するとき，効果が得られることが分かった．

5.2 近傍シャッフルの必要性

5.1 節で様々な近傍シャッフル幅率を検討した結果，どちらの対象問題に対しても $R_{n.sw} 0.0$ では RNI が劣っていることがわかる． $R_{n.sw} 0.0$ のとき， I_{cover} および Spread は向上するがシャッフルを行わないため，前世代と同じペアの個体間で交叉が行われる頻度も増し，探索に影響が出たと考えられる．このことを確認するため，図 9 に，各対象問題における前世代と同じペアの個体により交叉が行われた回数を示す．図 9 から，近傍シャッフル幅が小さいほど前世代と同じペアの個体間による交叉が多く行われていることが確認できる．

同じ個体同士の交叉の回避に関する研究は多くな

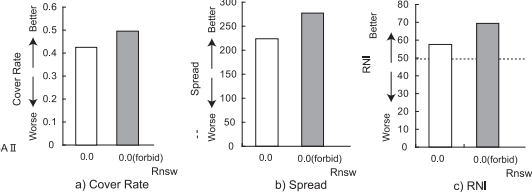


図 10 KUR : 前世代と同じペアによる交叉を機械的に阻止した時の結果

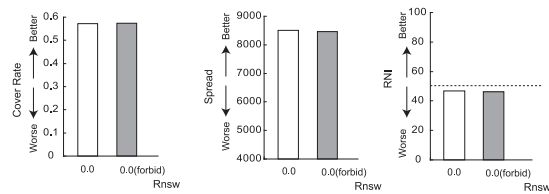


図 11 KP750-2 : 前世代と同じペアによる交叉を機械的に阻止した時の結果

れており^{18),19)}，石淵らの研究では同じ適合度を持つ個体を 1 つだけ残して他は全て母集団から削除することにより性能を向上させることができると報告されている．一方前世代と同じペア同士の交叉の回避に関する研究はなされていないため，このような交叉を機械的に阻止したとき探索にどのような影響が出るかを検討する．KUR および KP750-2 において前世代と同じペアでの交叉を機械的に阻止したときの性能をそれぞれ図 10，図 11 に示す．図 10 および図 11 は $R_{n.sw} 0.0$ で交叉時に前世代と同じペアであると判断された場合片方の親個体をもう片方の親個体と反対の隣り合う個体と交換することにより同じペアでの交叉を機械的に阻止したときの結果である．図 10 から KUR に関しては前世代と同じペアによる交叉を意図的に阻止することにより $R_{n.sw} 0.0$ と比較して性能は改善するが， $R_{n.sw} 0.05$ のときの性能には及ばないことがわかる．これは機械的に阻止してもすぐ近くの個体と交叉ペアになるため，それほど性能は改善しなかったといえる．一方図 11 から KP750-2 に関しては前世代と同じ交叉ペアを意図的に阻止しても性能の違いは見られなかった．このことから，適切な近傍シャッフル幅により近傍シャッフルを行い，ある程度の距離を持った近傍交叉を行うことにより性能を向上させることができると考えられる．よって適切な近傍シャッフル幅による近傍シャッフルは近傍交叉において重要であることがわかった．

5.3 適切な近傍シャッフル幅率

図 5 および図 7 の RNI の結果を見ると， $R_{n.sw} 1.0$ のときもオリジナル NSGA-II と比較して良好な結果を得ていることがわかる．Spread の結果では大きな

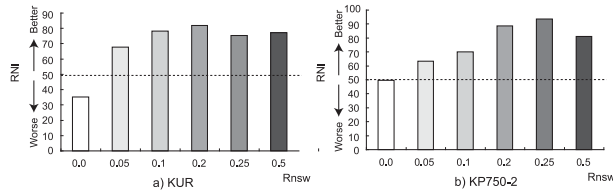
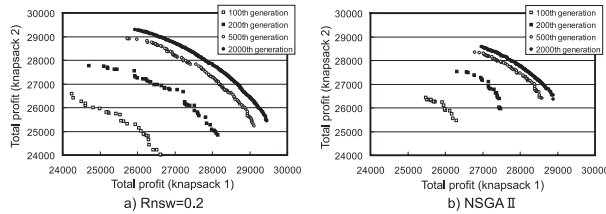
図 12 $R_{nsw} 1.0$ との RNI による比較

図 13 KP750-2: 解の探索過程

違いが見られないことから、RNI において良好な結果は探索の収束度が優れていることが考えられる。すなわち、これらの対象問題においては、トーナメント選択をコピー選択に変更するのみでもよい結果を得ていると言える。そしてコピー選択を行ったうえ、近傍交叉を行うとより探索能力が増し、幅広い多様性の優れた非劣解集合が得られるといえる。適切な R_{nsw} による近傍交叉の効果を確認するため、各対象問題における $R_{nsw} 1.0$ と比較したときの RNI を図 12 に示す。図 12 において $R_{nsw} 0.0$ を除き、全ての R_{nsw} において良好な結果が得られている。また図 12 から、KUR においては $R_{nsw} 0.2$ が、KP750-2 においては $R_{nsw} 0.25$ が適切な近傍シャッフル幅率であることがわかる。このことから対象問題によって最適な近傍シャッフル幅が異なることがわかった。

5.4 コピー選択と近傍交叉、および近傍シャッフルを導入した場合の探索の特徴

適切な近傍シャッフル幅率による近傍交叉の探索過程を見るため、KP750-2 において $R_{nsw} 0.2$ のときの探索過程を図 13 に示す。

オリジナル NSGA-II の探索過程と比較して、収束のスピードは劣るものの、探索の序盤から幅広い多様性の優れた非劣解集合が得られていることが確認できる。これにより近傍交叉により母集団の多様性を維持しながら探索を行い、幅広いパレート最適解を得ることが可能となることが実証された。

6. 終わりに

本論文では、これまで提案されてきた近傍交叉の更なる調査を行うため、近傍シャッフル幅の大きさが解の探索に与える影響について検討を行った。近傍交叉

はメイティング選択としてトーナメント選択により生成された探索母集団に適用してもその効果は小さいことがわかった。これはトーナメント選択により優れた個体が重複して選ばれ、多様性が失われると同時に、同じ個体間で交叉が行われる可能性が高いためである。一方、メイティング選択としてコピー選択により生成された母集団に近傍交叉を適用すると、母集団の多様性を維持しながら探索を行うことが可能となることがわかった。そして対象問題によって最適な近傍シャッフル幅が異なって存在し、最適な大きさの近傍シャッフル幅による近傍シャッフルを行ったとき、最も優れたパレート最適解集合が得られることを確認した。

参考文献

- 1) J. D. Schaffer, "Multiple objective optimization with vector evaluated genetic algorithms.", Proceedings of 1st International Conference on Genetic Algorithms and Their Applications, 93-100, 1985
- 2) K. Deb, S. Agrawal, A. Pratab, and T. Meyarivan, "A Fast Elitist Non-Dominated Sorting Genetic Algorithm for Multi-Objective Optimization: NSGA-II", Evolutionary Multi-Criterion Optimization, Springer. Lecture Notes in Computer Science, Vol 2632, 534-549, 2003
- 3) E. Zitzler, M. Laumanns and L. Thiele, "SPEA2: Improving the Performance of the Strength Pareto Evolutionary Algorithm", Technical Report 103, Computer Engineering and Communication Networks Lab (TIK), Swiss Federal Institute of Technology (ETH) Zurich, 2001
- 4) S. Watanabe, T. Hiroyasu and M. Miki, "Neighborhood Cultivation Genetic Algorithm for Multi-Objective Optimization Problems", Proceedings of the 4th Asia-Pacific Conference on Simulated Evolution And Learning (SEAL-2002), 198-202, 2002
- 5) M. Kim, T. Hiroyasu and M. Miki, "SPEA2+: Improving the Performance of the Strength Pareto Evolutionary Algorithm2", Parallel Problem Solving from Nature - PPSN VIII, 742-751, 2004
- 6) 坂和正敏, "離散システムの最適化", 森北出版, 2000
- 7) T. Murata and H. Ishibuchi, "MOGA: Multi-Objective Genetic Algorithms", Proceedings of the 2nd IEEE International Conference on Evolutionary Computing, 289-294, 1995
- 8) S. Kobayashi, K. Yoshida and M. Asada, "Generating a Set of Pareto Optimal Decision

- Trees by Genetic Algorithms”, Journal of the Japanese Society for Artificial Intelligence, Vol. 11, Number. 5, 725-732, 1996
- 9) E. Zitzler, K. Deb, and L. Thiele, “ Comparison of Multiobjective Evolutionary Algorithms : Empirical Results ”, Evolutionary Computation, Vol. 8(2), 173-195, 2000
- 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 Proceedings of the First IEEE Conference on Evolutionary Computation, IEEE World Congress on Computational Intelligence, Vol. 1, 82-87, 1994
- 12) M. Erickson, A. Mayer, and J. Horn, “ The Niche Pareto Genetic Algorithm 2 Applied to the Design of Groundwater Remediation Systems. ”, First International Conference on Evolutionary Multi-Criterion Optimization, Springer-Verlag. Lecture Notes in Computer Science No. 1993, 681-695, 2000
- 13) F. Kursawe, “ A Variant of Evolution Strategies for Vector Optimization ”, Parallel Problem Solving from Nature - PPSN 1st Workshop, Vol. 496, 193-197, 1991
- 14) E. Zitzler and L. Thiele, “ Multiobjective Evolutionary Algorithms: A Comparative Case Study and the Strength Pareto Approach ”, IEEE Transactions on Evolutionary Computation, Vol. 3, Number. 4, 257-271, 1999
- 15) 比屋根一雄, “ 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, 295-300, 1997
- 16) E. Zitzler, “ Evolutionary Algorithms for Multiobjective Optimization : Methods and Applications ”, Ph.D dissertation, Shaker Verlag, Aachen, 1999
- 17) K. C. Tan, T. H. Lee and E. F. Khor, “ Incrementing Multi-objective Evolutionary Algorithms: Performance Studies and Comparisons ”, First International Conference on Evolutionary Multi-Criterion Optimization, 111-125, 2001
- 18) H. Ishibuchi, K. Narukawa and Y. Nojima, “ An Empirical Study on the Handling of Overlapping Solutions in Evolutionary Multiobjective Optimization ”, Proc. of 2005 Genetic and Evolutionary Computation Conference, 817-824, 2005.
- 19) Y. Nojima, K. Narukawa, S. Kaige and H. Ishibuchi, “ Effects of Removing Overlapping Solutions on the Performance of the NSGA-II Algorithm ”, Proc. of 3rd International Conference on Evolutionary Multi-Criterion Optimization, 341-354, 2005.

(平成 17 年 12 月 07 日受付)

(平成 18 年 6 月 25 日採録)



吉井 健吾 (学生会員)

1982 年生 . 2005 年同志社大学工学部知識工学科卒業 . 同年, 同志社大学大学院工学研究科博士前期課程入学 . 最適設計, 多目的遺伝的アルゴリズム, 並列処理等の研究に従事 .

情報処理学会学生会員 .



廣安 知之 (正会員)

1997 年早稲田大学理工学研究科後期博士課程修了 . 現在, 同志社大学工学部助教授 . 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



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」(技法堂出版)等多数 . IEEE, 米国航空宇宙学会, 情報処理学会, 人工知能学会, 日本機械学会, 計算工学会, 日本航空宇宙学会等会員 . 通産省産業技術審議会委員等歴任 . 超並列計算研究会代表 .