
多目的遺伝的アルゴリズムの高速処理

廣安 知之[†]

同志社大学 工学部[†]

1 はじめに

遺伝的アルゴリズム(Genetic Algorithm: 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¹⁾。多目的最適化問題は、多目的最適化問題は、 k 個の互いに競合する目的関数 $\vec{f}(\vec{x})$ を与えられた m 個の不等式制約条件のもとで最小化または最大化する問題であり、多くの場合、複数の目的関数は互いにトレードオフの関係にあるため、一意に解が求まらず、互いに優越しないパレート解集合を求めることが一つの目標となる。一点探索による手法と異なりGAは多点探索であるため、多目的最適化問題にGAを適用した多目的GAでは一度の試行で複数存在するパレート最適解を求めることが可能である。そのため、これまで多くの手法が提案され、成果をあげてきた。SchafferのVector Evaluated Genetic Algorithm(VEGA)²⁾が、GAを多目的最適化に適用させた第1世代であると言えるならば、パレート解集合を陽に取り扱い、非劣解のアーカイブを有する手法であるDebらのElitist Non-Dominated Sorting Genetic Algorithm(NSGA-II³⁾)やZitzlerらのImproving the Strength Pareto Evolutionary Algorithm (SPEA2⁴⁾)は第2世代であると言える非常に強力な手法である。

さて、近年、多目的遺伝的アルゴリズムの実問題への適用が盛んになってきており、多くの良好な結果が得られている。実問題を最適化問題に定式化する場合、一般的には、複数の基準を基に設計や決定が行われる場合が多いためである。そのため、現在は、実問題において良い解が得られるメカニズムが多目的GAに投入されている世代であると言える。多目的GAが実問題に対して良い解を得るためには、今後、以下のような点を改良していく必要があると考えられ、多くの研究者がこれらの問題に対応している。

- 多変数への対応
- 処理の高速化
- ロバスト性の検討
- 実験との融合
- 局所探索能力の向上
- 可視化および意志決定の問題
- テスト関数の再検討
- 試行終了後のランドスケープの把握
- その他

本稿では、筆者らのグループがここ数年、検討を行ってきた多目的遺伝的アルゴリズムの高速処理について報告する。

2 多目的遺伝的アルゴリズムの高速処理

GAを用いた探索は非常に多くの評価計算回数が必要とすることから、一度の評価に時間を要するような実問題では大きな問題となる。このような問題に対して、3つの対応策が考えられる。

一つめは、これまで以上に強力な手法を構築するものである。探索性能が向上することにより、パレート解を求めるために必要な評価関数の計算が少なくなる。そのため、計算コストが下がることが期待される。

二つめは多目的GAの並列処理である。並列処理のモデルでは、多目的GAの処理操作は複数のノード間で共有されて実行されるという形態を取る。このような研究は数多くなされており、その中でもマスタースレーブモデルは非常によく用いられている。近年、計算機の個々の性能が飛躍的に向上し、PCクラスタをはじめとする並列計算機の利用が非常に簡便になり、またグリッドをはじめとするシステムも実用的になってきている。そのため、GAの並列処理は非常に有効である。

High-speed processing of Multi Objective Genetic Algorithms

[†] Tomoyuki Hiroyasu(tomo@is.doshisha.ac.jp)

Faculty of Engineering, Doshisha University (†)

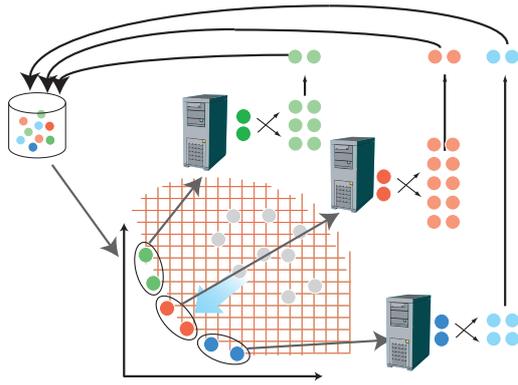


Fig. 1 Basic model of the proposed parallel EMO

最後にあげるのは、使用する個体数や世代数を削減することにより、少ない評価関数の計算で解を求める手法である。この場合、どうしてもGA自体の解探索性能は下がってしまう。そのため、できるだけ解探索性能を下げないメカニズムの導入が必要である。

3 多目的GAの並列処理

多目的GAの並列モデルでは、NSGA-IIやSPEA2などの多目的GAに2つの機能を拡張させている。一つ目は近傍交叉であり、目的関数空間で近接している個体同士で交叉を行う。二つ目は、計算資源の性能に適應した生成子個体数の変化である。ここでは目的関数空間で近接している2個体が交叉ペアとしてスレーブプロセスに送信され、スレーブプロセスは性能に適應して交叉回数を変化させ、交叉回数の数の子個体を生成する。そして一定時間後、マスタープロセスは全てのスレーブプロセスから最良の2個体を受信することにより、世代交代を円滑に行うことが可能となる。提案手法のモデルを図1に示す。

3.1 近傍交叉

一般に代表的な多目的遺伝的アルゴリズムの手法では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および目的関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。そのため、我々は目的関数空間で近接している個体同士で交叉を行う近傍交叉を提案している。近傍交叉を用いることにより、多様性の優れた解集合を得ることができる。

3.2 生成子個体数の変化

一般的な多目的GAでは2個体の親個体から1回の交叉により2個体の子個体を生成するが、提案

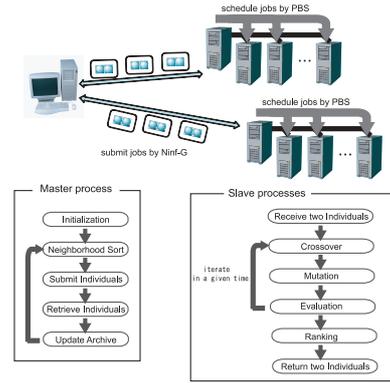


Fig. 2 Execution flow on heterogeneous computational resources

モデルでは計算資源の性能に適應して交叉回数が増加し、生成される子個体の数も変化する。つまり性能の優れた計算資源では多くの子個体を生成し、性能の劣る計算資源では少ない数の子個体を生成することになる。

このアルゴリズムでは、生成子個体数が増加するほど、1世代あたりの評価計算も多くなる。また生成子個体母集団のうち2個体以外は淘汰されるため、精度の高い個体群のみ生き残る仕組みになっている。

3.3 不均質な計算資源などへの対応

GAは、グリッド計算環境など、不均質な計算資源などへの対応も柔軟に行えることが特徴の一つである。ジョブの実行の流れを図2に示す。

クライアントはまず初期母集団を生成し、目的関数空間において近接している順にソートを行う。次にソートされた母集団に対して、隣り合う2個体ずつ各計算資源のマスターからジョブの投入を行う。この際送信するデータは2個体の遺伝子情報である。各スレーブは受信した2個体に対し交叉、突然変異、評価を一定時間の間繰り返す。一定時間後ランキング処理を行って最も良い2個体を選択し、クライアントに送信する。この際クライアントに送信するデータは2個体の遺伝子情報、そして目的関数値になる。これらの処理を全てのスレーブに対して同期通信により行う。各計算資源は一定時間の間、交叉、突然変異、評価を繰り返すことにより、計算資源の性能に適應した生成子個体数の変化を実現している。これにより、全ての計算資源は一定時間後ほぼ同時に処理を終了させることができ、性能の劣る計算資源による遅延を防ぐことができる。なお対象問題の計算負荷と利用する計算資源を

考慮して設定する時間を考慮する必要がある。

4 評価回数の削減メカニズム

評価回数の削減する方法としては、応答局面などの近似を用いる方法や、多目的GAの解探索に用いる個体数を減らす、もしくは世代数を減らす方法などが考えられる。

前者の方法は、対象問題の目的関数値を求める際に、目的関数の近似式を作成し、その近似式に対して多目的GAを行うことで、一度の評価計算にかかる計算コストを削減するというものである。応答曲面近似のモデルとしては、二次多項式モデル、ニューラルネットワークモデル、Krigingモデルなどが存在している。二次多項式モデルは最も単純なモデルであり、近似モデル作成にかかる計算コストが少なく扱いやすいという特徴から、よく用いられる。ニューラルネットワークモデルやKrigingモデルは二次多項式モデルと比べて近似モデル作成にコストはかかるものの、より複雑な目的関数を近似することが可能である。

一方、少数個体で解探索を行う場合、探索過程において個体が集中し、探索個体の解の多様性が失われるという問題点がある。そのような場合には何らかの方法で多様性を維持しながら探索を進める必要がある。次節では、多目的GAを少数個体で行う際に、探索過程で生じる解の多様性の低下を、人工ニューラルネットワーク(Artificial Neural Network:ANN)を利用することにより軽減し、多様性を維持しながら探索を行うことで、少ない評価計算回数で良好な精度を持ったパレート最適解を導出するメカニズムの説明を行う。

4.1 Network Inversionを利用した多様性復元メカニズム

再配置を行う提案メカニズムは、目的関数空間において均等な分布を持つ個体群を目標個体とし、密集した個体群をこの個体群と置き換えることで多様性の復元を行う。しかしながら、目標個体群は目的関数空間に存在しているため、目的関数空間の個体の目的関数値をもとに設計変数値を推定することは困難である。そこで、このような目標個体を導出するには逆解析が必要となる。本研究では、NIの利用により逆解析を行う。

提案メカニズムでは、多目的GAによる探索、クラスタリング、ANNの学習、再配置の4つのプ

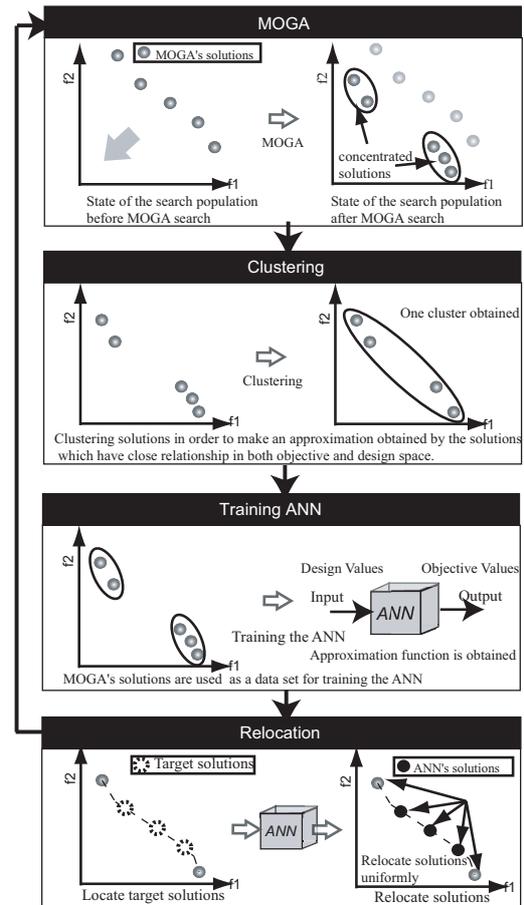


Fig. 3 Concept of proposed mechanism

ロセスから成り立っている。各々の詳細については後述する。この多様性復元メカニズムを利用することにより、多目的GAにより失われた多様性の復元を行う。

さらに提案メカニズムを繰り返し用いることで多様性の維持を実現する。適用のタイミングは2つの条件により決定される。1)アーカイブに含まれる個体が最初に全て非劣解になったとき 2)残り世代に対して均等に多様性復元メカニズムを適用する。提案手法の概念図をFig. 3に示す。

4.2 ANNの学習と再配置

ネットワークインバージョンを用いた再配置メカニズムを述べる。提案する再配置メカニズムのアルゴリズムを以下に示す。

Step2-1: 非劣解集合を求め、非劣解集合を通る直線を補間により求める。

Step2-2: n 個の非劣解集合において両端以外の個体を取り除き、個体間の距離がStep2-1で求めた補間直線上において均等になるように、 $n-2$ 個の目標個体を設定する。

Step2-3: クラスタリングを行った後の個体群を学習データとしてANNで学習し、予測関数を作成する。

(入力：設計変数値，出力：目的関数値)

Step2-4: ネットワークインバージョンを行い、目標個体の目的関数値に対応する設計変数値を取得する。

Step2-5: 得られた設計変数値を元に、真の目的関数で評価計算を行う。

Step2-6: ANNにより得られた個体とアーカイブを合わせ、NSGA-IIのアーカイブ更新メカニズムを適用する。

ネットワークインバージョンによる逆解析

目標個体の設計変数値はネットワークインバージョンを通じて得ることが可能である。ネットワークインバージョンでは、まず近似関数を順関係の目的関数で学習する。この学習データに多目的GAとクラスタリングにより得られた非劣解集合を用いる。そして近似関数を得た後、この関数に目標解の目的関数値を出力値、多目的GAとクラスタリングにより得られた非劣解集合の設計変数値を入力値として設定する。その後、ネットワークの重み値を変化させることなく、入力値に対する目標出力値との誤差が小さくなるように入力値の値を変化を修正する。以上の処理により目標解の設計変数値を決定することが可能である。ここで注意すべき事項として、学習には一度の評価も発生しないことがある。このメカニズムにより、新たに発生する評価はStep2-5の真の目的関数での評価のみとなる。目標解の位置の決定

目標個体の目的関数値の決定方法について述べる。この値の決定には以下の手順を踏む必要がある。まず、補間直線を得る(Step1)。この際用いる補間方法には、予備実験より2次以上の補間に比べ良好な結果を示した線形補間を用いる。次に、目標個体が以下の2つの条件を満たすように設定する。1) 目標解は補間直線上に存在する。2) 目標個体はどの個体も補間直線上において隣

り合う個体と等距離に存在する。3目的以上の問題に対しては位置の設定が難しいため、本論文では2目的問題に焦点を絞る。目標個体の設定スキームをFig. 4に示す。

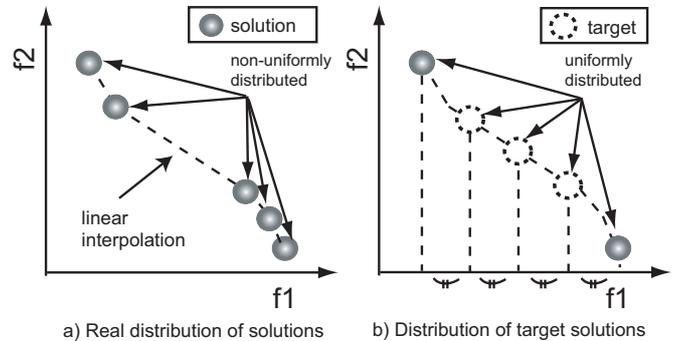


Fig. 4 線形補間

5 おわりに

本稿では、多目的遺伝的アルゴリズムを高速に処理するための手法として、並列処理による方法と、評価回数を削減する手法について説明した。紙面の都合上、実験結果などは割愛してある。並列のモデルを考える際には、逐次モデルと比較して、まず解探索性能が劣らないことを示すことが重要である。並列処理を行った場合に、逐次処理よりも高速に解が得られる保証がない。

今後ますます実問題への適用がなされていくものと考えられるが、多数の目的関数が存在する場合の対応、パレート解集合が得られてからの意志決定問題は今後の大きな課題であり、大きな飛躍が求められる。

参考文献

- 1) D.E. Goldberg. Genetic Algorithms in search, optimization and machine learning. Addison-wensly, 1989.
- 2) J. D. Schaffer. Multiple objective optimization with vector evaluated genetic algorithms, In Proceedings of the 1st International Conference on Genetic Algorithms. pp, 93-100. 1985.
- 3) A. Pratab K. Deb, S. Agrawal and T. Meyarivan. A fast elitist non-dominated sorting genetic algorithm for multi-objective optimization: NSGA-II. Proceedings of the parallel problem solving from nature VI conference. pp. 849-858. 2000.
- 4) M. Laumanns E. Zitzler and L. Thiele. SPEA2: Improving the strength pareto evolutionary algorithm. Technical report 103, Gloriastrasse 35. CH-8092 Zurich. 2001.

- 5) 吉井 健吾, 廣安 知之, 三木 光範 ヘテロ計算環境を想定した多目的遺伝的アルゴリズムの並列モデルの提案およびその検討 情報処理学会論文誌 数理モデル化と応用 (TOM), Vol.48 No.SIG15, pp.103-117, (2007)
- 6) 小林 賢二, 廣安 知之, 三木 光範 ネットワークインバージョンを利用した多目的遺伝的アルゴリズムのための多様性維持メカニズム 情報処理学会論文誌:数理モデル化と応用 (TOM), Vol.1 No.1, pp.27-42, (2008)