

NSGA-II を用いた 2 つの解探索履歴の可視化

西岡 雅史

1 はじめに

多目的最適化の分野において、遺伝的アルゴリズムを用いた多目的 GA は数多く研究されている。多目的 GA にはいくつかのパラメータが存在し、それらは解探索の性能に大きく影響を与えることがわかっている。そこで今回、異なるパラメータによる 2 つの解探索履歴を比較できるアプリケーションを作成する。

2 多目的最適化

多目的最適化問題とは、互いに競合する複数の目的関数のもとで最適解を求める問題のことである。一般に、多目的最適化では 1 つの完全最適解は存在しない。そこで、ある目的関数の値を改善するために、少なくとも他の 1 つの目的関数値を改悪せざるを得ないような解 (パレート最適解) を求めることが重要となる。

多目的最適化では多点探索によりパレート最適解集合を一度に求めることが可能である遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithm: GA) が用いられることが多い。

3 多目的遺伝的アルゴリズム

3.1 遺伝的アルゴリズム

遺伝的アルゴリズムとは、生物が遺伝的操作によって進化していく過程を工学的に模倣した最適化アルゴリズムである。GA において、個体は設計変数の値がコーディングされた染色体を持つ。この個体の集団を母集団と呼び、選択、交叉、突然変異といった遺伝的操作は母集団に対して行われる。Fig. 1 に GA の操作の流れを示した。また、それらの操作について、簡単に説明する。

- 母集団の初期化 (Initialization)
初期母集団を生成するために、ランダムに個体を生成する。
- 評価 (Evaluation)
各個体の持つ染色体から評価値を求める。この評価値をもとに個体の適合度値が決定され、適合度値の高い個体ほど環境に適合していることになる。また、適合度値は選択操作に用いられる。
- 選択 (Selection)
各個体の適合度値によって、それぞれが次世代に残るかどうかを判断し、次世代の母集団を形成する。

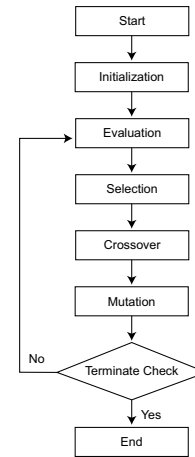


Fig. 1 GA 操作の流れ (出典：自作)

- 交叉 (Crossover)
個体間で染色体情報を交換し、新しい個体が生成される。母集団のうち、何割の個体が交叉するかを交叉率によって定める。
- 突然変異 (Mutation)
突然変異率に従い、染色体の遺伝子を別の遺伝子に置き換える。
- 終了判定 (Terminate Check)
あらかじめ定められた終了条件によって GA を終了させる。

GA を多目的最適化問題に適用した手法が多目的遺伝的アルゴリズム (MultiObjective GA: MOGA) である。本研究では、MOGA の 1 つである NSGA-II を作成した。

3.2 NSGA-II

NSGA-II (Elitist Non-Dominated Sorting Genetic Algorithm) は、2001 年に Deb, Agrawal らによって NSGA の改良アルゴリズムとして提案された。特徴として、非優越解の保存 (アーカイブ個体群) や、混雑度トーナメント選択、混雑距離などがあげられる。

4 NSGA-II Viewer

4.1 概要

本アプリケーション (NSGA-II Viewer) は、2 つの異なるパラメータ設定の多目的 GA の解探索履歴を同時に

表示するアプリケーションである。ユーザは、あらかじめ用意されたアーカイブ母集団のサイズおよび、突然変異率といった2つのパラメータを選択することにより、比較する解探索履歴を選ぶことができる。また、スライダーを動かすことによって、解探索履歴の表示速度は調整可能である。

4.2 目的

多目的 GA において、母集団のサイズや突然変異率といったパラメータは解探索に大きな影響を与える。そこで、異なるパラメータを用いた解探索履歴を同時に表示することによって、視覚的にその影響を確認することが、NSGA-II Viewer 作成にあたっての目的である。

4.3 アプリケーションの構成

NSGA-II Viewer は JAVA の Swing を使って作成した。アプリケーションを構成するクラスを以下に示す。

- Window クラス
- Search クラス
- XYScatterChart クラス
- Parameter クラス
- Speed クラス
- File_Reader クラス

4.4 実行例

NSGA-II Viewer の実行画面を Fig. 2 に示す。



Fig. 2 実行画面 (出典：自作)

Fig. 2 の実行画面では、アプリケーションの機能ごとに線で囲み番号を割り振っている。また、この番号は解探索履歴を表示させるための手順となっている。以下に各機能の詳細を示す。

1. 探索パラメータ

2つの解探索のパラメータを選択するためのリスト。

2. セットボタン

探索パラメータをセットし、初期母集団を表示。

3. スタートボタン

セットされた探索パラメータで解探索を開始。

4. 解探索履歴

2つの解探索の様子を表示。

5. 表示速度スライダー

解探索履歴の表示速度を調整するためのスライダー。

Fig. 3 と Fig. 4 に、Table 1 に示したパラメータでの探索結果を示す。

Table 1 探索パラメータ

パラメータ	Search 1	Search 2
アーカイブ母集団サイズ	50	50
突然変異率	0.005	0.01

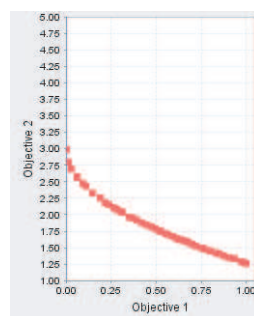


Fig. 3 Search 1(出典：自作)

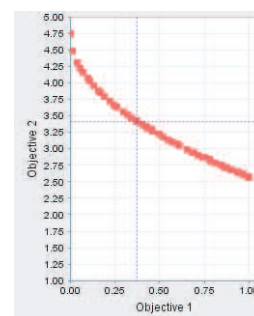


Fig. 4 Search 2(出典：自作)

Fig. 3 と Fig. 4 からわかるように、突然変異率の違いによって解探索の性能は大きく変化する。このように、本アプリケーションでは、パラメータによって解探索の性能が変化することを視覚的に確認することができる。

5 まとめ

多目的遺伝的アルゴリズムの手法の1つである NSGA-II の解探索履歴を可視化するアプリケーションを作成した。これにより、異なるパラメータを用いた解探索の様子を比較することができ、多目的 GA について理解を深める上で、有効であると考えられる。

参考文献

- 1) 渡辺真也, 遺伝的アルゴリズムによる多目的最適化に関する研究, 同志社大学大学院工学研究科知識工学専攻 博士論文, 2001