

多目的最適化問題におけるユーザーの嗜好領域探索手法の検討

A Study of User's Preference Area Search in Multi-objective Optimization Problems

岸上利裕 吉川大弘
Toshihiro Kishigami Tomohiro Yoshikawa

名古屋大学大学院工学研究科
Graduate School of Engineering, Nagoya University

A lot of researches on MOGA (Multi-Objective Genetic Algorithm), in which Genetic Algorithm is applied to MOPs (Multi-objective Optimization Problems), are actively reported. And it has been increased to apply MOGA to engineering design fields. In previous studies, the analysis methods of Pareto solutions have been reported. The aim of these methods, however, is to analyze solutions, and the feedback of the analysis results into the search is little focused. This paper proposes the search method using reference lines to user's preference direction which is defined by the user's attention based on visualization results of the pre-search.

1. はじめに

近年、進化計算手法の一つである遺伝的アルゴリズムを、多目的最適化問題 (Multi-objective Optimization Problems: MOPs) に適用した多目的遺伝的アルゴリズム (Multi-Objective Genetic Algorithm: MOGA) の研究が盛んに報告されている。MOPs とは、複数の目的関数を最大化、もしくは最小化する問題のことである。多くの場合で、これらの目的関数はトレードオフの関係にあり、同時に最適化をすることができない。そのため MOPs では、他の解に優越されない解 (パレート解) の探索を行うこととなる。MOGA ではこれまで 2 目的、もしくは 3 目的に適用することが一般的であり、その範疇では Deb らの提案した NSGA-II[Deb 02] が高い探索性能を示すことが知られている。しかし NSGA-II では、4 目的以上の最適化問題である多数目的最適化問題 (Many-objective Optimization Problems: MaOPs) に対して、特に収束性の面で問題があることが知られている [廣安 09]。この問題に対し Deb らは、reference line の概念を用いた NSGA-III[Deb 13] により、MaOPs での収束性の低下を抑える機構を提案した。

また、著者らはこれまで、“可視化”を用いたパレート解の解析を、様々なアプローチによって行ってきた [山代 07, 石黒 09]。しかしこれらの研究はパレート解の解析にとどまっており、また他の研究でも、解析結果を探索にフィードバックするものは少ない。得られたパレート解の性能がユーザの求める結果となっていれば問題はないが、実際には、ユーザの満足のいく結果ではない状況も考えられる。そこで本稿では、ユーザの注目した領域に対し、NSGA-III で用いられている “reference line” の概念を用いることによる、ユーザの嗜好方向探索手法を提案する。本稿では、多目的実数ナップサック問題 [平野 12] に提案手法を適用し、その有効性を示す。

2. 提案手法

本稿で提案する手法は、可視化解析結果により得られた知見を基にした、ユーザの嗜好方向の探索を目的とする。提案手法は、ユーザが注目 (選択) した領域に reference point を設定して、原点とそれら reference point を結ぶ方向を reference

line として探索を行う。基本的なアルゴリズムは NSGA-III 同様、NSGA-II に対し reference line の概念を導入したものである。本提案手法の特徴となる具体的な演算方法を以下に示す。

2.1 reference point の選択

提案手法では、一定世代数の探索により得られたパレート解に対し可視化解析を行い、ユーザが個体、あるいは領域を選択することで、reference point を設定する。その後、2.4 に示す原点とこれら reference point を結ぶ reference line によりさらに探索を行うことで、選択した解や領域の周辺探索、あるいはその嗜好方向に収束性の高い解を探索する。reference point の選択方法としては、以下の 2 通りの方法が考えられる。

- 評価値空間の可視化結果や、個体の評価値などの情報を用いて、ユーザが個体を任意の数だけ直接的に選択し、それらの個体の評価値を reference point とする。
- 評価値空間の可視化結果に基づいてユーザが任意の領域を選択し、その領域内に含まれる個体からランダムに選ばれた N_r 個の個体の評価値を reference point とする。

2.2 次世代個体群選択方法

提案手法では、次世代に残す個体を選ぶ基準として、reference line の近傍に存在する個体とし、また、探索が進むにつれて、すべての reference line の近傍個体数ができる限り同数となっていく選択を行う。次世代個体群の選択手順を以下に示す。

Step1: すべての個体に対して、最も近い reference line を近傍ラインと定義する。また、各 reference line について、そのラインを近傍ラインとする個体を近傍個体と定義する。

Step2: reference line をランダムに選ぶ

Step3: 選ばれた reference line の近傍個体の中で、式 (1) で求められる inverted PBI (Penalty-based Boundary Intersectoin) 距離 [Zhang 07, Sato 14] (図 1) が最も大きい個体を次世代個体群に選択し、近傍個体から外す。

Step4: まだ選ばれていない reference line をランダムに選び、Step3 に戻る。すべての reference line が選ばれた場合は、その選択情報をクリアして Step2 に戻る。

Step5: 次世代個体群が集団個体数となるまで Step2 から Step4 を繰り返す。

$$\text{inverted PBI 距離} = d_1 - \theta d_2 \quad (1)$$

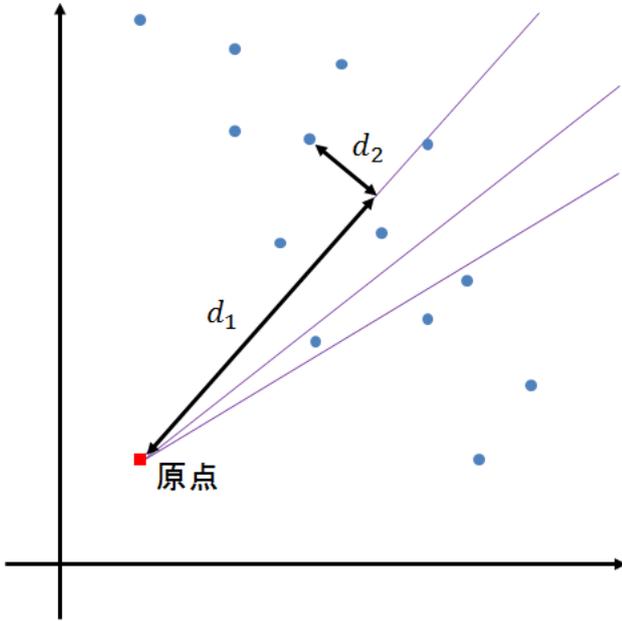


図 1: inverted PBI 距離

2.3 親個体選択方法

交叉における親個体の選択では、各 reference line の近傍個体の中からトーナメント選択により親個体を選択し、二つの reference line 間で交叉を行う。親個体の選択手順を以下に示す。

Step1: 2.2 と同様に、近傍ライン、近傍個体を求める。

Step2: reference line をランダムに選ぶ。

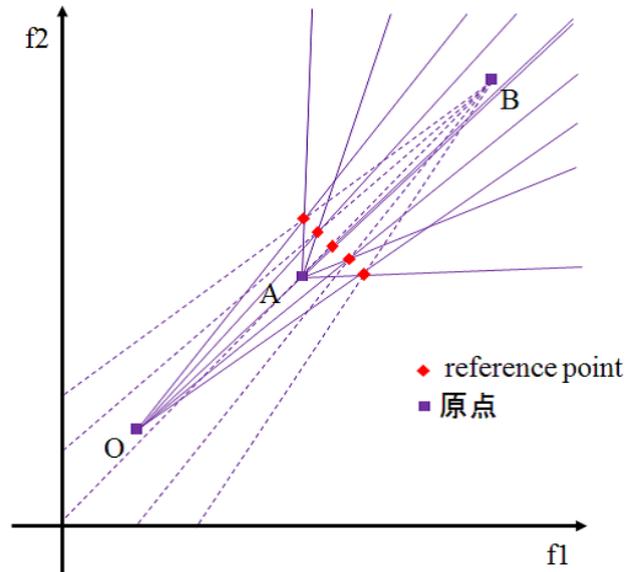
Step3: 選ばれた reference line の近傍個体の数により、以下に示す処理を行う。

- 近傍個体が 2 個以上の場合
近傍個体からランダムに 2 個体を選び、トーナメント選択により、式 (1) で求められる inverted PBI 距離が大きい方を親個体とする。
- 近傍個体が 1 個の場合
その個体を親個体とする。
- 近傍個体が 0 個の場合
全個体の中で、その reference line に最も近い個体を親個体とする。

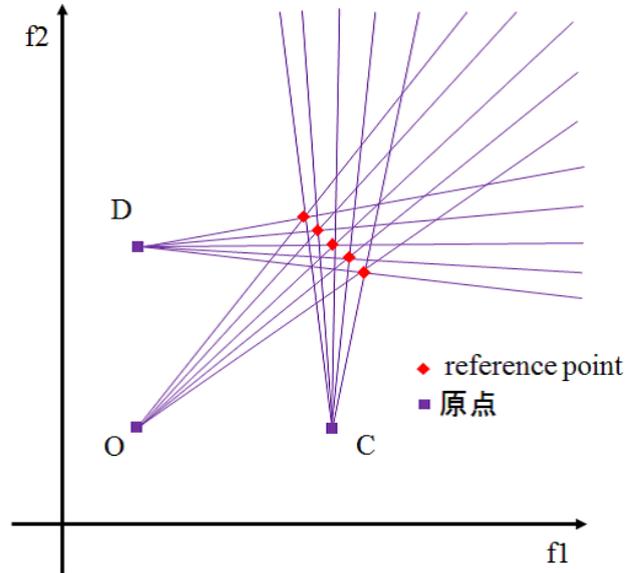
Step4: Step2, Step3 を再度行い、もう一方の親個体を選ぶ。親個体が重複した場合には、異なる親個体を選択されるまで Step2, Step3 により親個体を選択する。

2.4 原点の移動

reference line の原点は、基本的には、全世代含めた探索個体群の各評価値の最悪値とする。ただし提案手法では、reference line の原点をユーザの嗜好に合わせて任意に移動させることで、追加探索において求める解の性質を決めることが可能である。



(a) 探索個体の広がりを調整

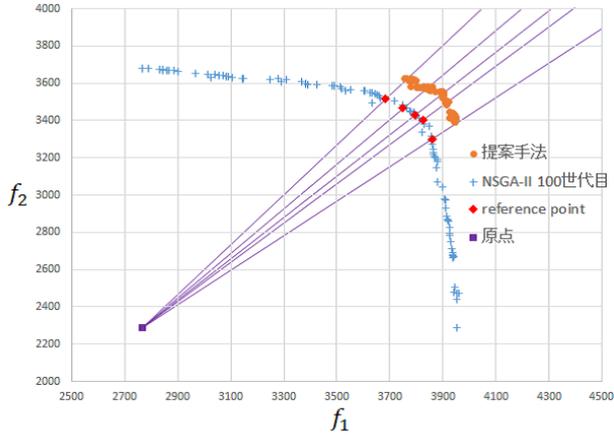


(b) 重視する目的関数を調整

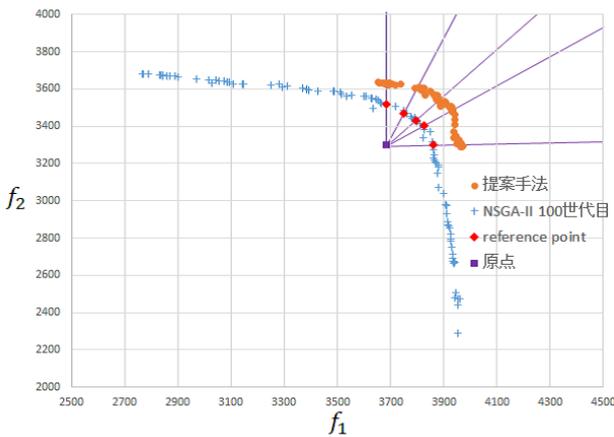
図 2: 原点の移動

図 2 に、原点の移動の例を示す。図 2 は、目的関数 f_1 と f_2 の最大化の例であり、原点 O は、上述した基本となる原点である。図 2(a) の A 点は、reference point における各評価値の最悪値をとったものであり、例えば原点を A 点に移動することで、reference line の幅が広がり、ユーザの選択した嗜好領域から広がった範囲での解を獲得することが可能となる。逆に原

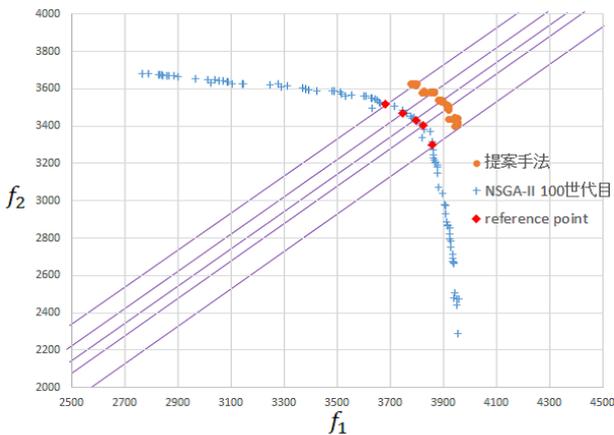
点を O 点から遠ざけたり、図 2(a) の B 点のように、reference point の逆側に置くことで、reference line の幅が狭まり、嗜好領域の幅を変えず、あるいは 1 点に収束する形で解の探索が行える。またそれにより、解の収束性を重視した探索を行うことができる。



(a) 全個体の最悪値



(b) reference point の最悪値



(c) 無限遠方 (-100,000, -100,000)

図 3: 原点の移動の効果

また実問題では、得られた一部のパレート解において、大部分の目的関数に対する評価値は満たされているが、ある特定の目的関数の収束性を高めたい場合など多い。そのような場合には、図 2(b) の C 点や D 点に原点を移動させることで、ユーザの求める方向に探索を進めることが可能となる。例えば D 点を原点とすれば、 f_2 の値はある程度維持したまま、 f_1 の値を最大化する方向に探索を行うことになる。

3. 実験

3.1 実験条件

実験に用いるベンチマーク関数として、多目的実数ナップサック問題 [平野 12] を用いて提案手法に対する検討を行う。

3.2 原点の移動の効果

2.4 で示した、原点の移動の効果について検証する。図 3 に、(a) 全世代含めた探索個体群の各評価値 (f_1, f_2) の最悪値 (図 2 O 点)、(b) reference point における各評価値の最悪値 (図 2 A 点)、(c) 無限遠方 ($(f_1, f_2) = (-100, 000, -100, 000)$) をそれぞれ原点として、提案手法により得られた探索個体群を示す。近傍ラインに対応する reference point からの距離の平均、幅 (端となるパレート解の距離) を表 1 に示す。表の値は、それぞれ 30 試行の平均とその標準偏差である。

表 1: パレート解の収束性と多様性 (2 目的)

	rp からの距離	標準偏差	幅	標準偏差
(a)	136.8	12.8	303.8	46.8
(b)	106.2	11.1	447.8	25.0
(c)	140.8	14.2	276.9	25.0

図 3 及び表 1 から、図 3(b) のように原点を reference point に近づけることで、嗜好領域から広がった領域を探索できていることがわかる。一方で図 3(c) のように原点を遠ざけることで、reference line の幅が狭まり、狭い領域を探索していること、またそれにより収束性がやや向上していることがわかる。

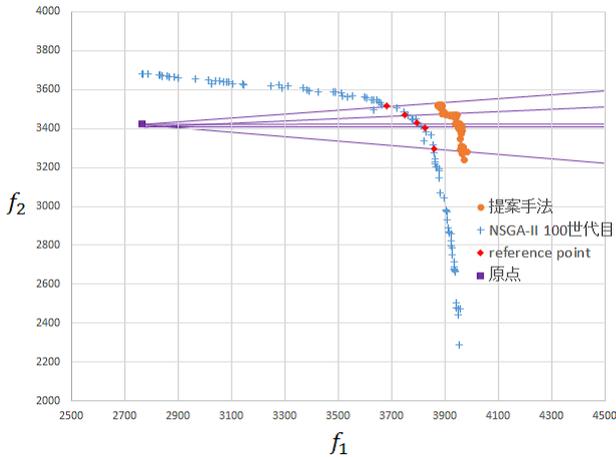
図 4 に、2.4 で述べた、 f_1 を重視する方向に原点を移動させた (図 2 D 点) ときに得られた探索個体群を示す。また、図 4 において、パレート解の重心と reference point の重心との差を、各目的関数ごとに表したものを表 2 に示す。意図した通り、 f_2 の値をある程度維持したまま、 f_1 の値が大きく改善されていることがわかる。

表 2: パレート解の重心と reference point の重心との差 (2 目的)

f_1	f_2
168.2	16.7

4. おわりに

本稿では、得られたパレート解において、ユーザが注目した領域に存在する個体に対し、reference line の概念を用いることで、ユーザが収束性を向上させたい方向に集中的に探索を進める手法を提案した。提案手法では、ユーザが注目した領域内の個体を reference point とし、原点と各 reference point とを結ぶ方向を reference line として探索を行う。実験により、原点をユーザの嗜好に合わせて移動させることにより、探索領域

図 4: f_1 優先探索

の広さや、特定の目的関数の重視度合いを調整できることを示した。今後は、より多い目的数での効果の確認、嗜好領域設定後の reference point、及びその数についての決定方法に対する検討を行うとともに、実問題に対する提案手法の適用を行っていく予定である。

5. 謝辞

本研究は、HPCI 戦略プログラム分野 4 次世代ものづくり研究開発課題 4「多目的設計探索による設計手法の革新に関する研究開発」[url] の研究の一環として遂行された。

参考文献

- [Deb 02] Deb, K.: *A Fast and Elitist Multiobjective Genetic Algorithm : NSGA-II* (2002)
- [Deb 13] Deb, K. and Jain, H.: An evolutionary many-objective optimization algorithm using reference-point based non-dominated sorting approach, part I: Solving problems with box constraints (2013)
- [Sato 14] Sato, H.: Inverted PBI in MOEA/D and its impact on the search performance on multi and many-objective optimization, in *Proceedings of the 2014 conference on Genetic and evolutionary computation*, pp. 645–652ACM (2014)
- [url] <http://www.ciss.iis.u-tokyo.ac.jp/supercomputer/about/>.
- [Zhang 07] Zhang, Q. and Li, H.: MOEA/D: A multi-objective evolutionary algorithm based on decomposition, *IEEE Transactions on Evolutionary Computation*, Vol. 11, No. 6, pp. 712–731 (2007)
- [山代 07] 山代 大輔, 吉川 大弘, 古橋 武: 遺伝的アルゴリズムの解探索過程の可視化による遺伝的演算効果の把握と解探索の効率化, *情報処理学会論文誌:数理モデル化と応用*, Vol. 48, No. SIG2 (TOM16), pp. 69–77 (2007)

[石黒 09] 石黒 英敬, 吉川 大弘, 古橋 武: 遺伝的アルゴリズムにおける遺伝子-評価値関係の可視化と遺伝的演算へのフィードバック, *日本知能情報ファジィ学会誌*, Vol. 21, No. 3, pp. 327–337 (2009)

[平野 12] 平野 博之, 吉川 大弘: 多数目的最適化における PSO を用いた 2 段階探索法の提案, *進化計算学会論文誌*, Vol. 3, No. 3, pp. 163–172 (2012)

[廣安 09] 廣安 知之, 石田 裕幸, 三木 光範, 横内 久猛: 多数目的最適化における進化的探索の問題点, *同志社大学理工学研究報告*, Vol. 50, No. 1, pp. 24–33 (2009)