

Automatic Circuit Design by Multi-Objective Genetic Programming

Yasuyuki YUKI**, Toshiji KATO*, and Kaoru INOUE*

(Received March 21, 2008)

An efficient genetic programming (GP) method which synthesizes circuits automatically for multi-objective problem is proposed. Conventional methods like the weighting method of multiple objective functions find only one solution which is often not enough to balance trade-offs between the functions. The proposed method finds a set of optimal solutions which can be selected for user's choice. The SPEA2 (Strength Pareto Evolutionary Algorithm 2) is used to find possible optimal solutions called Pareto solutions which give no further improvement without violating at least one objective function. Furthermore a parallel computing process using a PC cluster system with MPI is used to reduce its processing time. The DRMOGA (Divided Range Multi-Objective Genetic Algorithm) is used to divide the process to find Pareto solutions systematically by allocating one sub-group for each CPU. The proposed method is applied to one test function and four circuit design examples. The results of the test function example validated basic behaviors of the proposed method which finds a set of Pareto solutions. The results of the circuit design examples validated applicability of the proposed method to practical problems and showed how users can select their best solutions out of the Pareto sets.

Key words : Multi-Objective Genetic Programming, Circuit Design, SPEA2, DRMOGA, MPI

キーワード : 多目的遺伝的プログラミング, 回路設計, SPEA2, DRMOGA, MPI

多目的遺伝的プログラミングを用いた自動回路設計

結城 康之・加藤 利次・井上 馨

1. はじめに

遺伝的アルゴリズムは生命の進化過程を工学的にモデリングした最適化手法であり、遺伝的プログラミングは、これをより構造的な問題を扱えるように拡張した手法である¹⁻³⁾。そのため、遺伝的プログラミングでは回路素子のパラメータだけではなく、回路構造の情報を含む遺伝子を設計し進化させることが可能である。遺伝的プログラミングは様々な工学分野に応用され、電気工学分野では制御系やアナログ回路の設計に

応用されている。

本論文では遺伝的アルゴリズムを回路構造を取り扱えるように拡張した遺伝的プログラミングを用いて、電気電子回路の設計を行う。これに関してすでに、Koza氏らにより様々な回路の設計が行われている^{4, 5)}。これは初期の胚細胞に対する回路を基に徐々に進化させて所望の特性を持つ回路へと進化させていくものである。本論文で用いた手法はこれとは異なり、初期集団の回路をランダムに合成し、それらを基に簡単なトポロジー修正および素子生成操作により所望の特性

** Graduate Student, Department of Electrical Engineering, Doshisha University, Kyoto
Telephone: +81-774-65-6322, Fax: +81-774-65-6812, E-mail: yuuki@kairo.doshisha.ac.jp

* Department of Electrical Engineering, Doshisha University, Kyoto
Telephone: +81-774-65-6322, Fax: +81-774-65-6812, E-mail: tkato@mail.doshisha.ac.jp, kaoinoue@mail.doshisha.ac.jp

を持つ回路へと進化させていくものである^{6, 7)}。

回路の設計において要求される仕様は通常1つではなく、周波数特性、過渡特性、回路規模、コストなど多岐にわたる。これらの要求全てを同時に最適な値にするような回路は存在せず、一般的にトレードオフの関係を持つ。このような目的関数を複数持つ問題は多目的最適化問題 (Multi-Objective Optimization Problem: MOOP) と呼ばれる⁸⁾。目的関数間にトレードオフがあるような場合には、解は単一ではなく複数の解集合となる。従来の多目的最適化問題に対する手法として、複数の目的関数を任意の重み付けにより単一化する重みパラメータ法、任意の目的関数以外の目的関数を制約条件化し、任意目的関数の最適化に集約する制約法などが提案されている³⁾。しかしながら、これは複数もしくは無限にある解集合の中の一つの解しか求めることができず、多目的最適化における目的関数間でのトレードオフをバランスさせた妥協解を得るという意味では不十分である場合が多い。そのため本論文では多目的最適化手法のひとつである SPEA2 (Strength Pareto Evolutionary Algorithm 2) のアルゴリズムをもとに構成した多目的遺伝的プログラミングを用いて回路設計を行う⁹⁾。

また本論文では領域分割型多目的遺伝的アルゴリズム (Divided Range Multi-Objective Genetic Algorithm: DRMOGA) を用いて並列処理を行っている¹⁰⁾。DRMOGA では目的関数空間において近接した個体同士でサブ母集団を形成するため、大域的探索を保ちつつ局所探索も期待できる。そのため並列化による計算時間の短縮を図るとともに、得られる解の精度も向上する。これは MPI を用いた PC クラスタシステムに実装し、1つのサブ母集団を1つの CPU に割り当てるようにして実現している¹¹⁾。そのため CPU 数に応じたスケーラビリティを保った処理時間で実行が可能である。

本論文では実行例として、まず基本的な多目的最適化問題の例としてテスト関数の最小化を行う。次に回路設計例として提案手法を用いた4種類の回路の設計を行い、その有効性を示す。

2. 遺伝的プログラミングにおける回路構造表現法

2.1 遺伝的プログラミング

遺伝的プログラミング (Genetic Programming: GP) は、遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithm: GA) の遺伝子型を構造的な表現 (木構造, グラフ構造) が扱え

るように拡張したものである。GP のアルゴリズムは、遺伝子が木構造で表現される点と、交叉・突然変異等の遺伝的オペレータが木構造を操作するものであるという点を除いては通常の GA と同様であり、選択・交叉・突然変異等の遺伝的オペレータを適用することにより、木構造が少しずつ変化し、選択淘汰により適合度に合わせて最適な木構造を検索し進化する。

2.2 木構造による回路の表現

1つのノードからスタートして、枝分かれを繰り返して、樹木が枝を伸ばすように広がっていくデータ構造を木構造と呼ぶ。GP では、設計対象とする回路の構造の生成規則を符号化した木構造で表す。この木構造の分岐点および端点をノードと呼び、回路の接続点を節点と呼び区別することにする。この木構造の初期状態は、入力および出力の二つの節点のみであるが、これに次の各種回路素子および接続に遺伝的オペレータが適用され、回路が生成される。

今回は回路を合成するプログラムの木構造 (GP の遺伝子型) を、次の4つのカテゴリーのノードを定義した。

- ・トポロジー修正ノード
- ・2端子素子生成ノード
- ・パラメータ算出ノード
- ・3端子素子生成ノード

以下にそれぞれのノードについて述べる。

2.2.1 トポロジー修正ノード

接続情報に関するトポロジー修正ノードは直列 (SER)・並列 (PAR)・左節点接地 (GND1)・右節点接地 (GND2)・左節点 V_{cc} 電源接続 (VCC1)・右節点 V_{cc} 電源接続 (VCC2) の6種類を定義し、それらを図1に示す。これらは二つの節点を引数にとり、節点間に新たな節点や枝をつくる。子ノードにはトポロジー修正ノードまたは素子生成ノードが接続可能であり、これらの組み合わせにより生成される回路の構造が決定する。

1. 直列 (SER)

節点 i と j を引数に取り、その間に新しい節点 k を生成し、左側の子ノードに i と k を、右側の子ノードに k と j を引数として渡す。その結果、 i と j の間に直列な枝が追加される。

2. 並列 (PAR)

節点 i と j を引数に取り、左右それぞれの子ノードに i と j を渡す。その結果、 i と j の間に並列な枝が追加される。

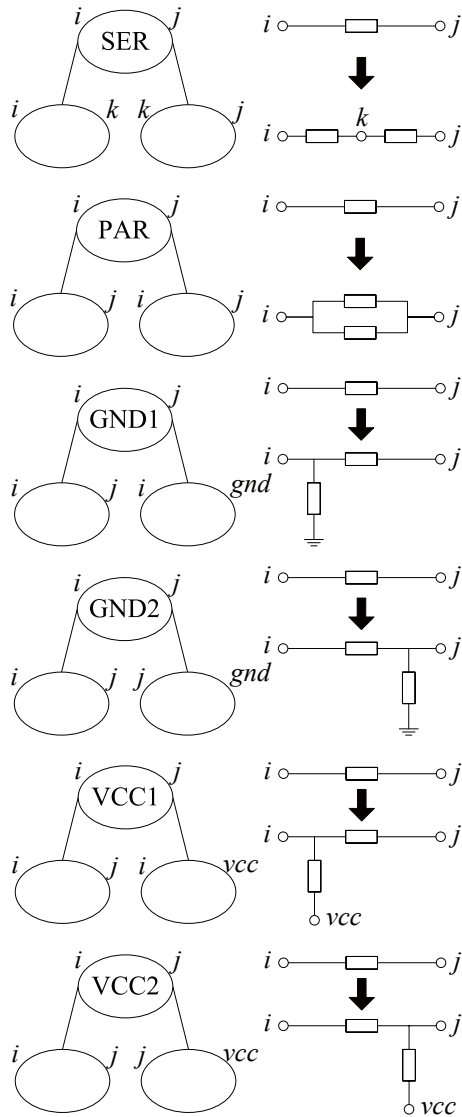


Fig. 1. Topology modification trees.

3. 左節点接地 (GND1)

節点 i と j を引数に取り, 左側の子ノードに i と j を, 右側の子ノードに i と接地点 gnd を引数として渡す. その結果, i と gnd の間に枝が追加される.

4. 右節点接地 (GND2)

節点 i と j を引数に取り, 左側の子ノードに i と j を, 右側の子ノードに j と接地点 gnd を引数として渡す. その結果, j と gnd の間に枝が追加される. $j = gnd$ の場合は, 新しい節点 k を生成し, 左側の子ノードに i と k を, 右側の子ノードに k と gnd を引数として渡す.

5. 左節点 V_{cc} 電源接続 (VCC1)

節点 i と j を引数に取り, 左側の子ノードに i と j を,

右側の子ノードに i と電源節点 vcc を引数として渡す. その結果, i と vcc の間に枝が追加される.

6. 右節点 V_{cc} 電源接続 (VCC2)

節点 i と j を引数に取り, 左側の子ノードに i と j を, 右側の子ノードに j と vcc を引数として渡す. その結果, j と vcc の間に枝が追加される. $j = vcc$ の場合は, 新しい節点 k を生成し, 左側の子ノードに i と k を, 右側の子ノードに k と vcc を引数として渡す.

2.2.2 2端子素子生成ノード

2端子素子生成ノードは, 図2に示すようにトポロジー修正ノードにより決定される二つの節点 i, j を引数に取り, その節点間に抵抗 (R), インダクタ (L), キャパシタ (C) の回路素子を生成する. 子ノードには素子生成ノードにより生成される回路素子のパラメータを決定するパラメータ算出ノードが接続される. また, 節点間を短絡させるノード (SHT), 節点間を切断するノード (CUT) を定義する.

2.2.3 パラメータ算出ノード

パラメータ算出ノードは親ノードである2端子素子生成ノードが生成する素子のパラメータを決定し, 子ノードは持たない. したがってパラメータ算出ノードは木構造の終端ノードとなる. 図2に示すように, パラメータ算出ノードは親ノードである素子生成ノードに対して左右に仮数部を持つ $parameter_1$ と, 指数部を持つ $parameter_2$ に分かれる. 親ノードが生成する素子の値は $parameter = parameter_1 \times parameter_2$ により決定される. $parameter_1$ は次の値からランダムに選ばれる.

$$parameter_1 = \{1.0, 1.2, 1.5, 1.8, 2.2, 2.7, 3.3, 3.9, 4.7, 5.6, 6.8, 8.2\}$$

$parameter_2$ のうち親ノードが R の場合は, 次の値からランダムに選ばれる.

$$parameter_2 = \{10^0, 10^1, 10^2, 10^3, 10^4, 10^5, 10^6\}$$

また親ノードが L, C の場合には, 次の値から選ばれる.

$$parameter_2 = \{10^{-9}, 10^{-8}, 10^{-7}, 10^{-6}, 10^{-5}, 10^{-4}, 10^{-3}, 10^{-2}, 10^{-1}\}$$

短絡 (SHT) および切断 (CUT) については回路素子値を必要としないため, 子ノードにはノードの終端を示すスタブを接続する.

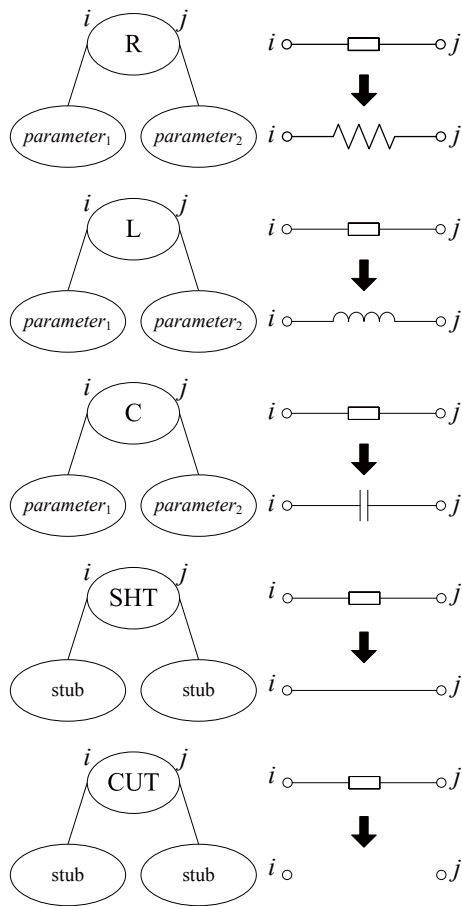


Fig. 2. Element generation and parameter evaluation trees.

2.2.4 3端子素子生成ノード

3端子素子生成ノードは素子生成ノードとトポロジー修正ノードの機能を併せ持ったノードとし、親ノードから与えられる2つの節点*i, j*と新たに生成した節点*k*に3端子素子を接続し、子ノードによってそれらの節点間の接続情報を定義していく。3端子素子が接続された3つの節点間の接続を全て表現するためには3つの枝が必要となるが、二分木において子ノードは2つであるため、2つの枝を選択する必要がある。しかし、親ノードとしてトポロジー修正ノード PAR が接続されることで*i, j*間の情報は定義することが可能であるため、問題となるのは*i, k*間および*k, j*間の接続情報のみとなる。したがって、3端子素子生成ノードでは図3のようにトポロジー修正ノード SER と同様に左側の子ノードに*i, k*、右側の子ノードに*k, j*を引数として渡す。*i, j, k*それぞれの節点にどの端子を割り当てるかは全ての組み合わせからランダムに決定する。木構造とそれにより設計される回路の例を図4に示す。

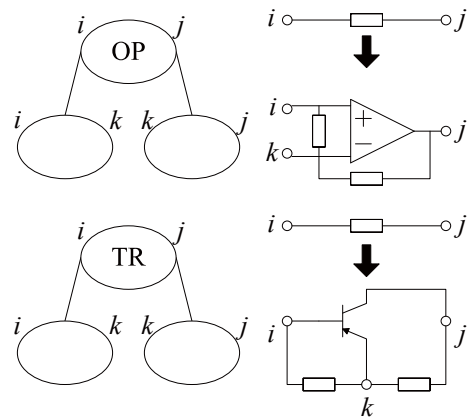


Fig. 3. 3-terminal element generation trees.

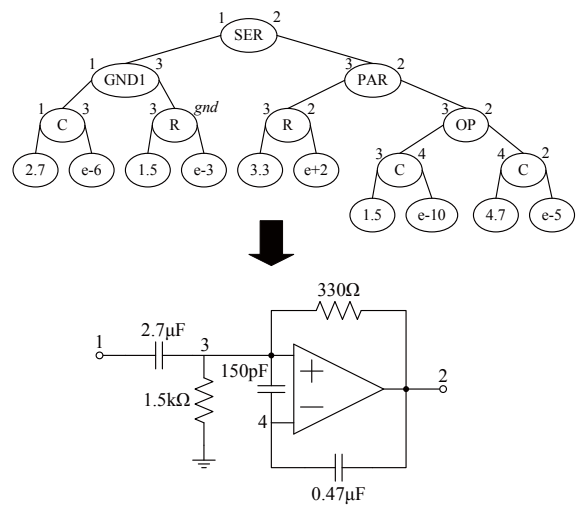


Fig. 4. Example tree structure and its corresponding synthesized circuit.

3. 多目的最適化問題の解

3.1 多目的最適化問題

回路の設計において要求される仕様は通常1つではなく、周波数特性、過渡特性、回路規模、コストなど多岐にわたる。よって回路設計は回路構造および回路素子から導出される複数の目的関数に対する最適化問題である。最適化問題において複数の目的関数を持つような問題を多目的最適化問題 (Multi-Objective Optimization Problem: MOOP) と呼ぶ。多目的最適化問題は *l* 個の制約条件

$$g_i(x) \leq 0 \quad (i = 1, \dots, l) \tag{1}$$

を満足し、*m* 個の目的関数

$$f_i(x) \quad (i = 1, \dots, m) \tag{2}$$

を最小化する解 *x* を求める問題として定式化される。

一般的に目的関数は互いに競合しあっているため、完全最適解を求めることはできない。完全最適解とは、どの目的関数に関しても最適となっている解である。従って最も望ましい最適解ではあるが、現実の多目的最適化問題ではこの完全最適解は存在しない場合が多い。

そのため、多目的最適化では「ある目的関数の値を改善するためには、少なくとも他の1つの目的関数の値を改悪せざるを得ないような解」を求めることになる。このような解はパレート最適解 (Pareto-optimal solution) と呼ばれる。また、パレート最適解には劣るものの、その時点までに探索した他の解には劣らない解は非劣解 (Non-dominated solution) と呼ばれる。多目的最適化の1つの目標は、このパレート最適解 (集合) を導出することである。

3.2 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。 x_i が x_j に優越することを、記号を用いて $x_i \succeq x_j$ と書く。また x_i が x_j に強い意味で優越することを $x_i \succ x_j$ と書く。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。

$$\begin{aligned} x_i \succeq x_j &\Leftrightarrow f_k(x_i) \leq f_k(x_j) \quad (k = 1, \dots, m) \\ x_i \succ x_j &\Leftrightarrow f_k(x_i) < f_k(x_j) \quad (k = 1, \dots, m) \end{aligned}$$

もし x_i が x_j に優越しているならば、 x_i の方が x_j 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によりパレート最適解集合が求められる。2目的最適化問題におけるパレート最適解の概念図を図5に示す。

4. 多目的遺伝的プログラミング

4.1 進化的多目的最適化手法

近年、多目的最適化問題を解決するために多目的最適化に適応したGAの研究が多く行われている。GAは解空間に対して多点同時に探索するという特徴があるため、多目的最適化問題にGAを適用する場合、各目的関数に対してある程度良い値をとる個体を同時に持ちながら探索を進めることができるので、直接的にパレート最適解集合を求めることが可能となる。このような進化的アルゴリズムを用いた多目的最適化の手法は、進化的多目的最適化手法 (Evolutionary Multi-Objective Optimization: EMO) と呼ばれている。

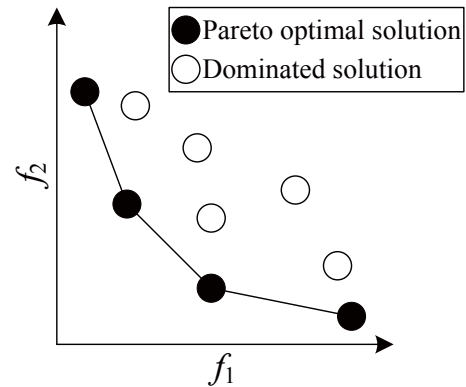


Fig. 5. Pareto optimal solutions.

4.2 多目的遺伝的プログラミングの計算ステップ

進化的多目的最適化手法において個体を木構造に拡張することにより、GPを多目的最適化問題に適応させることが可能である。本論文では個体間の距離を目的関数空間上の距離として取り扱うため、GPとの親和性の高いアルゴリズムであるSPEA2(Strength Pareto Evolutionary Algorithm 2)をもとに構成した多目的GPを用いる。次にこのアルゴリズムの流れを示す。

Step1:初期化 世代数 $t = 0$ とする。初期探索母集団 P_0 および空のアーカイブ母集団 $\bar{P}_0 = \emptyset$ を生成する。

Step2:適合度割当て P_t および \bar{P}_t における個体適合度を計算する。

Step3:環境選択 P_t および \bar{P}_t における全ての非劣個体を \bar{P}_t へコピーし、 \bar{P}_{t+1} とする。ただし、 \bar{P}_{t+1} の個体数がアーカイブ母集団の上限個体数 \bar{N} を上回る場合には、端切りオペレータを用いて \bar{N} に削減する。また、 \bar{P}_{t+1} の個体数が \bar{N} を下回る場合には、 P_t および \bar{P}_t の個体を用いて補充し、個体数を \bar{N} に保つ。

Step4:終了判定 世代数の上限値を T とし、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には、 \bar{P}_{t+1} の非劣個体群が最終的な解として出力され探索は終了する。そうでなければ、Step 5へ進む。

Step5:遺伝子操作 P_{t+1} に対して遺伝的オペレータを実行し、世代数 $t = t + 1$ とし、Step2へ戻る。

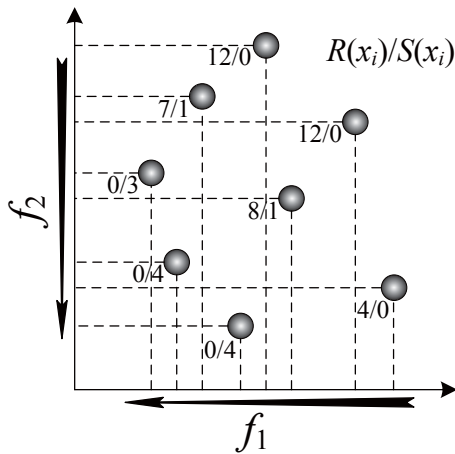


Fig. 6. Fitness assignment scheme.

4.3 適合度割当て

まず P_t および \bar{P}_t の全ての個体において、強度 (Strength) $S(x_i)$ を求める。これは次のように個体 x_i が支配する個体の数として与えられる。

$$S(x_i) = |\{x_j | x_j \in P_t + \bar{P}_t \wedge x_i \succ x_j\}| \quad (3)$$

ここで $|\cdot|$ は集合の要素数を表す。基本適合度 (Raw Fitness) $R(x_i)$ は次のように計算される。

$$R(x_i) = \sum_{x_j \in P_t + \bar{P}_t, x_j \succ x_i} S(x_j) \quad (4)$$

これは基本適合度 $R(x_i)$ が、個体 x_i を支配している個体全ての強度 $S(x_i)$ を足し合わせた値となることを表している。そのため適合度が低いほど優秀な個体となり、個体 x_i が非劣解の場合、 $R(x_i) = 0$ となる。この適合度割当ての様子を図6に示す。

基本適合度による評価のみでは大部分の個体が互いに支配されなくなった場合に評価基準を失うこととなる。そのため、最終的な適合度に対しては次に示す個体間の距離にもとづいた密集度の指標を組み込む。まず個体 x_i, x_j 間の距離 d_{ij} は次のように各目的関数の最大値 f_k^{\max} と最小値 f_k^{\min} の差によって規格化された目的関数空間上での距離を用いる。

$$d_{ij} = \sum_{k=1}^m \frac{|f_k(x_i) - f_k(x_j)|}{f_k^{\max} - f_k^{\min}} \quad (5)$$

そして密集度 (density) $D(x_i)$ には個体 x_i の K 番目の近傍個体との距離 σ_i^K の逆数を用いる。ここで $K = \sqrt{N + \bar{N}}$ とし、切捨てにより整数化している。

$$D(x_i) = \frac{1}{\sigma_i^K + 2} \quad (6)$$

ここで $D(x_i) < 1$ とするため分母に2を加えている。そして $R(x_i)$ と $D(x_i)$ の和が最終的な適合度 $F(x_i)$ となる。

$$F(x_i) = R(x_i) + D(x_i) \quad (7)$$

4.4 環境選択

アーカイブ母集団を更新する過程で行われる選択を環境選択 (Environmental Selection) と呼ぶ。環境選択では、最初のステップとして全ての非劣個体をコピーする。すなわち、アーカイブ母集団 \bar{P}_t と探索母集団 P_t から適合度 $F(x_i) < 1$ となる個体 x_i を \bar{P}_{t+1} へコピーする。

$$\bar{P}_{t+1} = \{x_i | x_i \in P_t + \bar{P}_t \wedge F(x_i) < 1\} \quad (8)$$

次のステップは非劣個体の数とアーカイブ母集団の上限個体数の大小関係により異なる。まず非劣個体の数とアーカイブ母集団の上限個体数が等しい場合 ($|\bar{P}_{t+1}| = \bar{N}$)、環境選択は終了する。次に非劣個体の数がアーカイブ母集団の上限以下の場合 ($|\bar{P}_{t+1}| < \bar{N}$)、前の母集団における最良の $\bar{N} - |\bar{P}_{t+1}|$ 個の個体が新しいアーカイブとしてコピーされる。具体的には、まずアーカイブ母集団と探索母集団の和集合 $P_t + \bar{P}_t$ を生成する。個体集合 $P_t + \bar{P}_t$ に対して適合度の最良値順にソートを行い、ソート個体の $F(x_i) \geq 1$ となる初めの個体 x_i から $\bar{N} - |\bar{P}_{t+1}|$ 個の個体を \bar{P}_{t+1} にコピーすることにより実行される。最後に非劣個体の数がアーカイブ母集団の上限以上の場合 ($|\bar{P}_{t+1}| > \bar{N}$)、母集団の個体を1つずつ削減するアーカイブ端切り手法を $|\bar{P}_{t+1}| = \bar{N}$ となるまで繰り返すことにより、アーカイブ母集団 \bar{P}_{t+1} の個体数を \bar{N} に保っている。

アーカイブ端切り手法では、可能な限り多様なパレート最適個体を保存するため、次に定義される他個体との近接度の大小関係にもとづき、反復の度に全ての $j \in \bar{P}_{t+1}$ において $i \leq_d j$ となる最も近接度の高い個体 i が削除対象として1つ選択される。

$$i \leq_d j \Leftrightarrow \begin{aligned} & 0 < \forall k < |\bar{P}_{t+1}| : \sigma_i^k = \sigma_j^k \quad \vee \\ & 0 < \exists k < |\bar{P}_{t+1}| \\ & : \left[\left(0 < \forall l < k : \sigma_i^l = \sigma_j^l \right) \wedge \sigma_i^k < \sigma_j^k \right] \end{aligned}$$

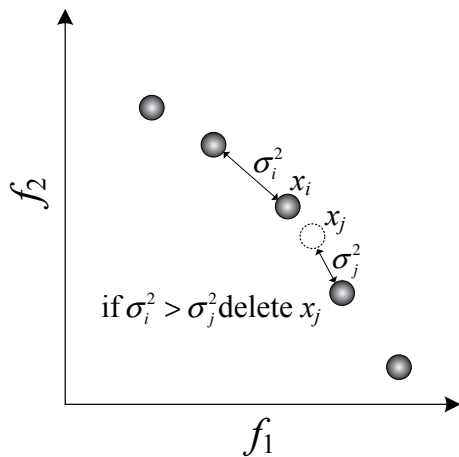


Fig. 7. Archive truncation scheme.

このアーカイブ端切り手法の特徴は、非劣個体群の各目的の端に存在する個体が必ず削減対象とならないことである。また、必ず最も隣り合う距離の最小の個体が削減されるため妥当性がもっとも高いアーカイブの削減方法である。さらに、パラメータを用いない点も利点といえる。このアーカイブ端切り手法の概念図を図7に示す。

4.5 遺伝子操作

4.5.1 メイティング選択

アーカイブ個体群に対して選択手法を用いて交叉に用いる個体を選び出す選択のことをメイティング選択 (Mating Selection) と呼ぶ。メイティング選択にはバイナリトーナメント選択を用いる。トーナメント選択とは、集団の中から個体をおある個対数 (トーナメントサイズ) だけランダムに選び出し、その中で適合度の最も高いものを選択する方法で、バイナリトーナメント選択はトーナメントサイズが2のトーナメント選択である。

4.5.2 交叉

選択された親個体をもとにして、それぞれの部分構造を交換することにより、新しく2つの個体を生成する。GPでは遺伝子構造が木構造であるため、図8のように2つの親個体それぞれの交叉点に応じた部分木同士を入れ替えることで行う。交叉点は選択された親の根と終端ノードを除くノードからランダムに選択される。GAの交叉との大きな違いは、同じ遺伝子を持った個体同士を交叉させても、同じ遺伝子を持った子が必ずしも生まれないという点である。

4.5.3 突然変異

突然変異には、図9に示すようにランダムに突然変異点を選び、突然変異点からの部分木のノードをタイプに応じて値をランダムに変更する方法を用いた。今回は与えられた突然変異率に応じた回数だけこの操作を行う。

5. 領域分割型多目的遺伝的アルゴリズムによるMPI並列処理

5.1 領域分割型多目的遺伝的アルゴリズム

領域分割型多目的遺伝的アルゴリズム (Divided Range Multi-Objective Genetic Algorithm: DR-MOGA) は、分割母集団モデルの一つであるが、各個体をランダムに分割するのではなく、目的関数の値に着目して近接する個体群を一つの分割母集団とし並列処理を行うモデルである。通常の島モデルにより多目的最適化GAを並列処理すると、場合によっては同精度のパレート解集合を求めるためには単一母集団モデルと比較して島モデルの方が必要な個体数が増大し、並列処理を行う方が計算時間が長くなる場合がある。DRMOGAではソート間隔と呼ばれる一定の間隔ごとに全母集団のアーカイブ個体を目的関数に沿った領域に分割し、その領域ごとに多目的最適化GAを行う。各母集団で行う多目的最適化GAに特に制約はなく、GPにも適用可能である。そのため本論文では前章で説明した多目的GPをDRMOGAを用いて並列化する。その流れを分割数を p 、ソート間隔世代数を s とし、次に示す。

Step1 p 個のサブ母集団を生成する。

Step2 各母集団で多目的GPを s 世代行う。

Step3 全母集団のアーカイブ個体を注目する目的関数 f_i の値に従ってソートする。注目する目的関数 f_i はランダムではなくソートが行われるたびに f_1 から f_m まで順に変更する。さらに着目する目的関数 f_i の最大値から目的関数値順に N 個体ずつ選択し、サブ母集団を再編成する。

Step4 各世代ごとに終了判定を行い、条件を満たす場合には終了する。終了判定で条件を満たさない場合は、Step2 戻る。

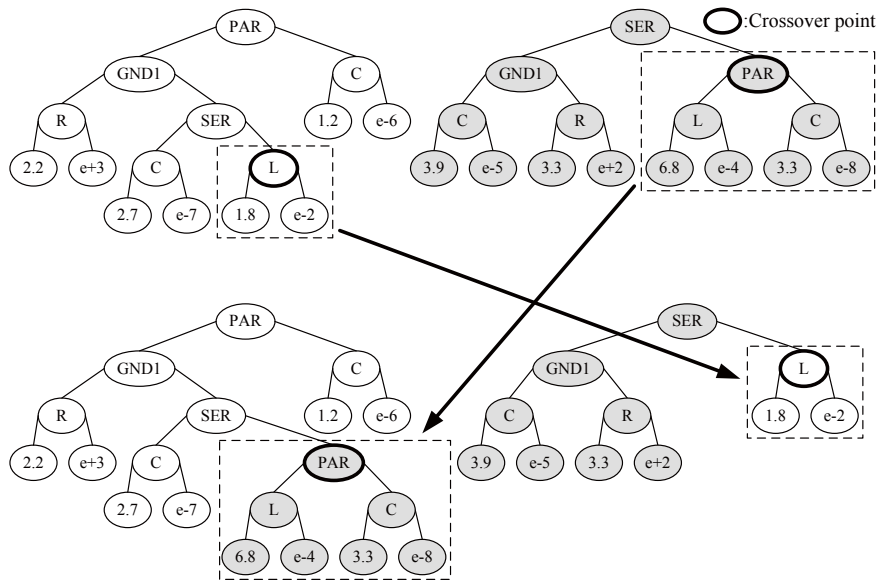


Fig. 8. Crossover.

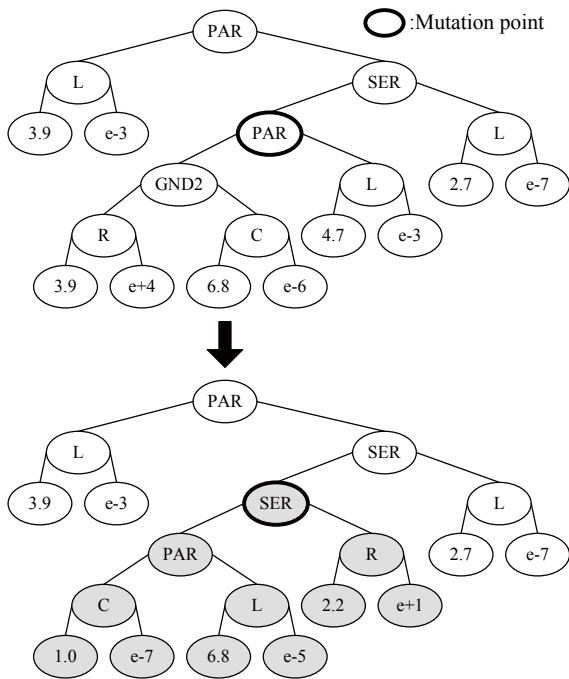


Fig. 9. Mutation.

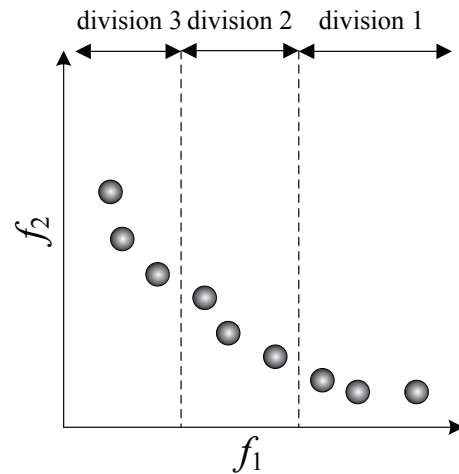


Fig. 10. Division scheme by DRMOGA.

DRMOGAによる領域分割の概念図を図10に示す。分割数 p およびソート間隔世代数 s はあらかじめ決定しておくものとする。これはMPIを用いたPCクラスタシステムに実装し、1つのサブ母集団を1つのCPUに割り当てるようにして実現している。そのためCPU数に応じたスケーラビリティを保った処理時間で実行が可能である。

5.2 MPIを用いたPCクラスタシステム

MPI(Message Passing Interface)とは、分散メモリ環境における並列プログラミングを行う上でのメッセージ通信操作の仕様標準であり、その名の通りメッセージパッシング方式に基づいた仕様である。MPIの仕様に準じた実装ライブラリは、複数存在する。

PCクラスタとは、ネットワークにより接続された複数のPCが、それぞれ同時に処理を行う分散メモリ型並列計算機である。PCクラスタは高性能計算分野で最も注目されている技術の1つである。PCクラスタは一般的に市販されている製品をベースに構築することができるため、コストが非常に抑えられる。

本論文で使用したPCクラスタは、CPUとして

Pentium4 2.4GHz を 16 ノード用いて、それらを Gigabit Ethernet で接続して構成している。またそれぞれのメモリーは 512MB で OS は Debian/GNU Linux である。この PC クラスタの性能を HPL(High Performance Linpack) によりベンチマークテストを行った結果は 35.94GFlops であった。

6. 提案 GP による応用事例

6.1 解析的テスト関数による基本問題

次のテスト関数最小化問題におけるパレート最適解を SPEA2 により探索する。個体 x は 2 つの値を持ちそれぞれの値を $x[1], x[2]$ とする。

$$f_1 = x[1] \quad (9)$$

$$f_2 = x[2] \quad (10)$$

また次のような制約条件を与える。

$$g = (x[1] - 2)^2 + (x[2] - 2)^2 - 4 \quad (11)$$

これは (2,2) を中心とする半径 2 の円を表し、この円を図 11 の実線に示す。

6.1.1 GA パラメータ

DRMOGA による並列処理は行わず、単一母集団により計算を行う。まずアーカイブ母集団個体数 $\bar{N} = 25$ とし、探索母集団個体数 $N = 100$ とした。世代数 $T = 100$ とし、これをもって終了条件とした。交叉率は 90%、突然変異率は 10% とした。

6.1.2 計算結果

得られたパレート最適解を図 11 に示す。それらは制約条件の境界となる円内の左下 90° を中心角とする弧付近に得られている。最適な解はそれらの内より選択される。

6.2 パッシブローパスフィルタ回路の自動設計

パッシブフィルタはインダクタおよびキャパシタ等の受動素子のみで構成されるフィルタ回路である。本節では前章までに述べた手法を用いて、パッシブフィルタの設計を行う。これには高域、低域、帯域通過形の 3 種類があるが、ここでは低域通過形のものをとりあげる。

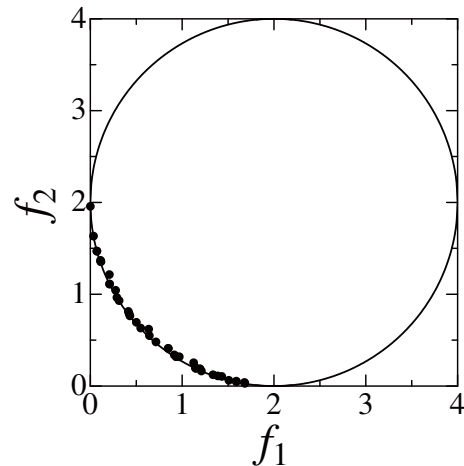


Fig. 11. Pareto optimal solutions of the test function example.

6.2.1 目的関数の設定

設計対象とするローパスフィルタの設計仕様は遮断周波数を 1kHz とし、通過領域での理想ゲインは 0dB、遮断領域では遮断周波数 1kHz から -30dB/oct 以下とする。この設計仕様の様子を図 14 の太実線に示す。

回路設計において、特性が理想的であっても回路規模が大きすぎると理想的な回路とは言えない。これは他の設計例においても同様である。よって個体の木構造により生成される回路の素子数 n を目的関数 f_1 とする。

$$f_1 = n \quad (12)$$

世代を重ね個体が交叉を繰り返していきることにより、個体の木構造の大きさが爆発的に増大する現象が起こることが知られており、この現象はブローと呼んでいる。また木構造が小さすぎる解の増加も同様に探索効率の悪化を招く。そのような問題を防ぐために素子数に対して次のような制約条件を与える。

$$5 \leq n \leq 10 \quad (13)$$

周波数特性は、木構造により設計される回路を汎用回路シミュレーションプログラムである SPICE に対応するネットリストに変換し $R_{in} = 1k\Omega, R_{out} = 1k\Omega$ の抵抗を付加した上で AC 解析を行うことにより得る。フィルタ回路設計の目標は仕様を十分に満足する周波数特性を持つ回路を設計することにある。よって 2 つ目の目的関数 f_2 は次のように計算する。

$$f_2 = \sum_{i=1}^{N_s} |G_i^* - G_i| \quad (14)$$

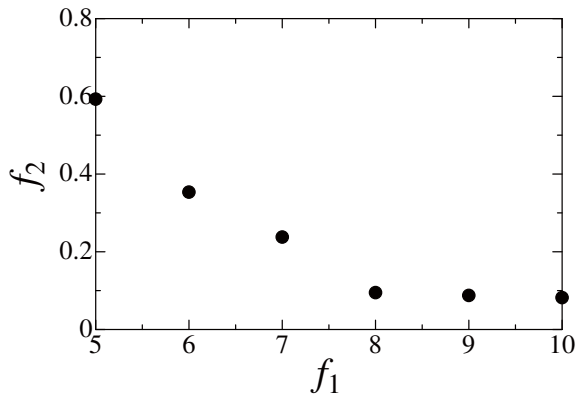


Fig. 12. Pareto optimal solutions of the passive low-pass filter circuit design example.

ここで N_s は周波数サンプル数であり、サンプル周波数点については 1~100kHz を等比的に 100 点とり計算する。 G_i はサンプル周波数点 i における観測ゲイン、 G_i^* は理想ゲインである。なお、SPICE により解析不能、または制約条件を満たさない場合は最悪の適合度として 10^6 を与えた。この操作は他の例についても同様に行う。

6.2.2 GP パラメータ

まず各サブ母集団におけるアーカイブ母集団個体数は 100、探索母集団個体数は 400 とし、分割数は 16 とした。世代数は 200 とし、これをもって終了条件とした。ソート間隔は 10 世代とし、交叉率は 90%、突然変異率は 10% とした。

初期個体の木構造はランダムに生成するが、最初から大きな個体を作っても効果的ではないため、最大で深さ 6 という制限を設けた。初期集団に必要なものは、その後に進化する個体を作り上げる木構造の部品である。

木構造のノードはトポロジー修正ノードに SER・PAR・GND1・GND2、2 端子素子生成ノードに L・C を用い、3 端子素子生成ノードは使用しない。

6.2.3 計算結果

得られたパレート最適個体の分布の様子を図 12 に示す。制約条件を満たす全てのパレート最適個体において f_2 の値は低く抑えられており、ほぼ設計仕様を満足する結果が得られた。 $f_1 = 8$ となる個体で f_2 の値が飽和していることから、これ以上素子数を増やすことのメリットは少ないと判断される。これらのパレート最適個体を持つ木構造によって設計される回路を図 13 に示し、その周波数特性を図 14 および図 15 に示す。

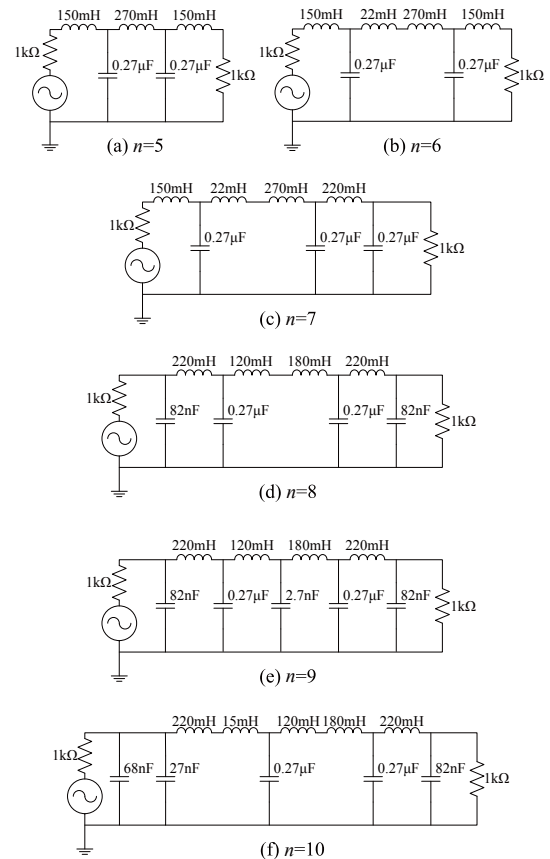


Fig. 13. Passive lowpass filter circuits synthesized by the proposed method.

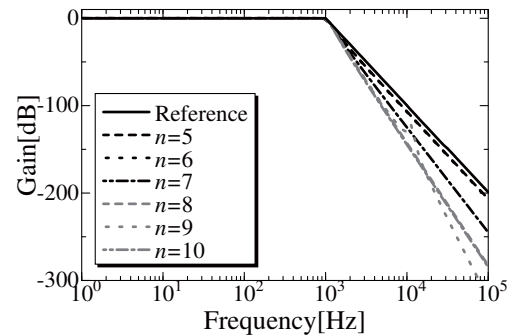


Fig. 14. Frequency characteristics of the synthesized passive lowpass filter circuits (overall).

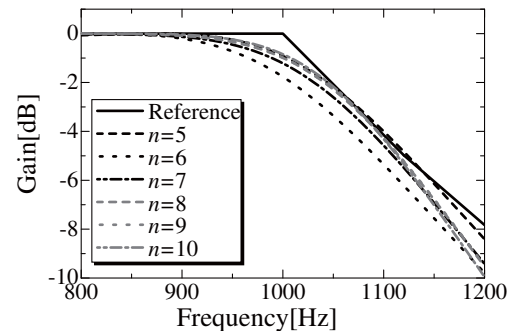


Fig. 15. Frequency characteristics of the synthesized passive lowpass filter circuits (detail).

最も最適な回路は状況に応じて異なるため、回路規模と回路特性のトレードオフの関係、設計仕様の許容範囲などから総合的に判断した上で使用者が選択することとなる。

6.3 アクティブローパスフィルタ回路の自動設計

パッシブフィルタには周波数特性の限界や、インダクタを使用するため大規模になるなどの問題点がある。アクティブフィルタは抵抗、キャパシタ、オペアンプにより構成されるため小規模に実現できるとともに周波数特性にも優れている。本節ではオペアンプを追加し、同手法を用いてアクティブフィルタを設計する。

6.3.1 目的関数の設定

設計仕様は遮断周波数を 1kHz とする。通過領域における理想ゲインは 6dB であり、遮断領域では遮断周波数 1kHz から -30dB/oct 以下とする。またパッシブフィルタと異なり通過領域においてのみ位相値についても仕様を設け、その理想値を 0° とした。設計仕様の様子を図 18 の太実線に示す。

1つ目の目的関数 f_1 は先のパッシブフィルタ回路設計と同じく個体の木構造により生成される回路の素子数 n を目的関数 f_1 として用いる。

$$f_1 = n \quad (15)$$

またパッシブフィルタ設計と同様に素子数 n に対して制約条件を与える。

$$5 \leq n \leq 15 \quad (16)$$

アクティブフィルタ設計においてはパッシブフィルタ設計では無視していた位相特性についても考慮するため、複素電圧を用いて目的関数 f_2 を次のように設定する。

$$f_2 = \sum_{i=1}^n \log_{10} \left(\frac{|\mathbf{V}_i^* - \mathbf{V}_i|}{|\mathbf{V}_i^*|} + 1 \right) \quad (17)$$

ここで \mathbf{V}_i はサンプル周波数点 i における観測複素電圧、 \mathbf{V}_i^* は理想複素電圧である。サンプル周波数点についてはパッシブフィルタと同様に 1~100kHz を等比的に 100 点とり計算する。

6.3.2 GP パラメータ

まず各サブ母集団におけるアーカイブ母集団個体数は 100、探索母集団個体数は 400 とし、分割数は 16 とした。世代数は 200 とし、これをもって終了条件とした。ソート間隔は 10 世代とし、交叉率は 90%、突然変異率は 10% とした。

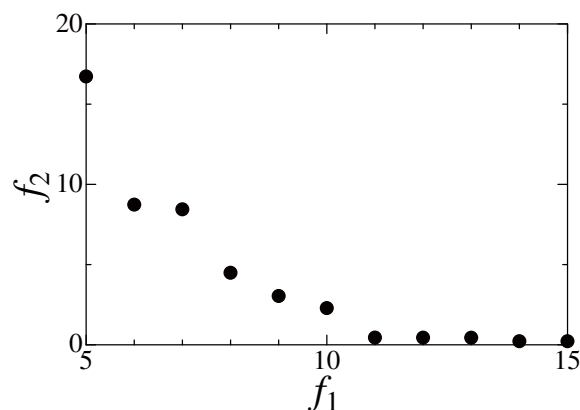


Fig. 16. Pareto optimal solutions of the active low-pass filter circuit design example.

木構造のノードにはトポロジー修正ノードに SER・PAR・GND1・GND2, 2端子素子生成ノードに R・C を用い, 3端子素子生成ノードに OP を使用する。OP により生成されるオペアンプは理想オペアンプとする。

6.3.3 計算結果

パレート最適個体の分布の様子を図 16 に示す。得られたパレート最適個体の木構造によって設計される回路を図 17 に示し、その周波数特性を図 18 に示す。パレート最適個体は $f_1 = 11$ 付近で f_2 の値が 0 に近づき、それらの個体は理想に近い特性が得られている。 $f_1 = 5$ と $f_1 = 6$ のパレート最適個体は f_2 の値に大きな差があり、設計される回路を見ると $f_1 = 5$ となる回路はオペアンプを含んでいない。これは素子数が 5 の場合はオペアンプを用いずに構成する方が良好な特性を得られたためであると考えられる。

6.4 NAND 回路の自動設計

複雑な機能を持った回路は基本的な AND 回路・OR 回路・NOT 回路などの組み合わせによって構成されている。本節では同手法によりトランジスタおよび抵抗を用いて、それらの論理回路の中でもっとも基本的な NAND 回路の設計を行う。AND 回路はすべての入力端子に 1 が入力されたときのみ 1 を出力し、その否定である NAND 回路は、すべての入力端子に 1 が入力されたときのみ 0 を出力する。

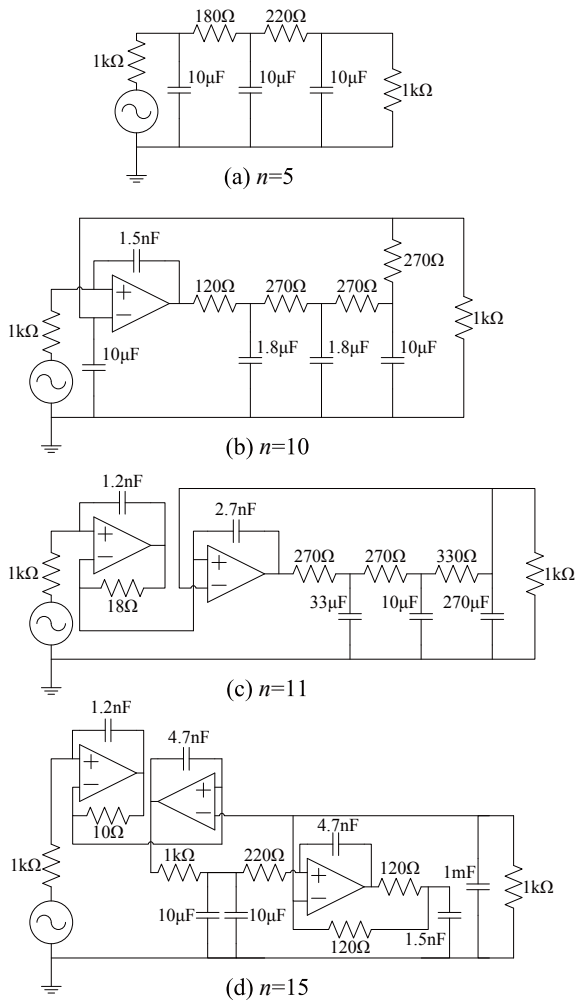


Fig. 17. Active lowpass filter circuits synthesized by the proposed method.

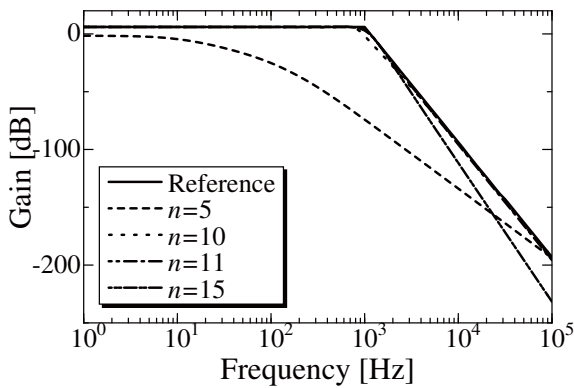


Fig. 18. Frequency characteristics of the synthesized active lowpass filter circuits.

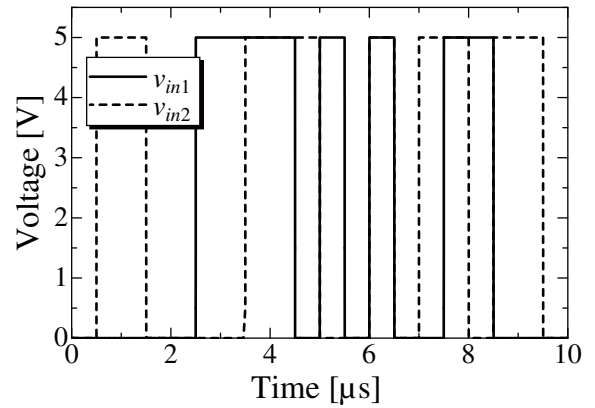


Fig. 19. Test pulse signal for the NAND circuit.

6.4.1 目的関数の設定

設計対象は2入力のNAND回路とし、正論理を用い0Vの電圧出力を0、5Vの電圧出力を1として扱う。使用するトランジスタは2SC1815(NPN)および2SA1015(PNP)の2種類とする。

目的関数 f_1 は個体の木構造により生成される回路の素子数 n を目的関数 f_1 として用いる。

$$f_1 = n \quad (18)$$

また次の制約条件を与える。

$$5 \leq n \leq 15 \quad (19)$$

NAND回路としての特性を調べるため、テスト入力信号として入力抵抗 $R_{in}=1k\Omega$ を付加したパルス電圧源 v_{in1}, v_{in2} を並列に接続したものを用い、出力抵抗 $R_{out}=1k\Omega$ を付加し、SPICEにより時間領域の解析を行う。 v_{in1}, v_{in2} それぞれの電圧波形を図19に示す。その上で目的関数 f_2 は理想電圧 v_{out}^* と観測電圧 v_{out} を用いて次のように設定する。

$$f_2 = \sum_{i=0}^{N_s} |v_{out}^*(iT_s) - v_{out}(iT_s)| \quad (20)$$

ここで N_s はサンプル数、 T_s は刻み幅であり $N_s = 100, T_s = 0.1\mu s$ とした。 $v_{out}^*(iT_s)$ は時刻 iT_s における入力信号をNAND演算した結果であり、その波形を図22の太実線に示す。

6.4.2 GPパラメータ

まず各サブ母集団におけるアーカイブ母集団個体数は100、探索母集団個体数は400とし、分割数は16とした。世代数は200とし、これをもって終了条件とした。ソート間隔は10世代とし、交叉率は90%、突然変異率は10%とした。

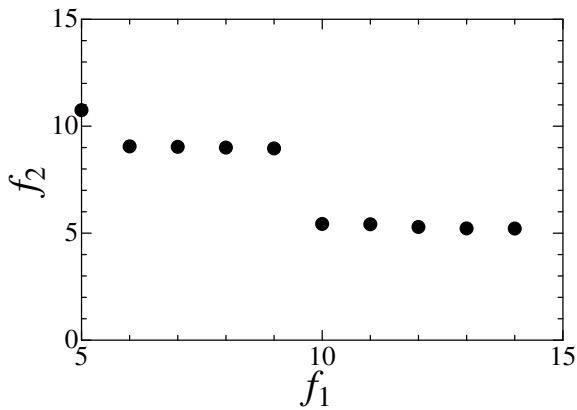


Fig. 20. Pareto optimal solutions of the NAND circuit design example.

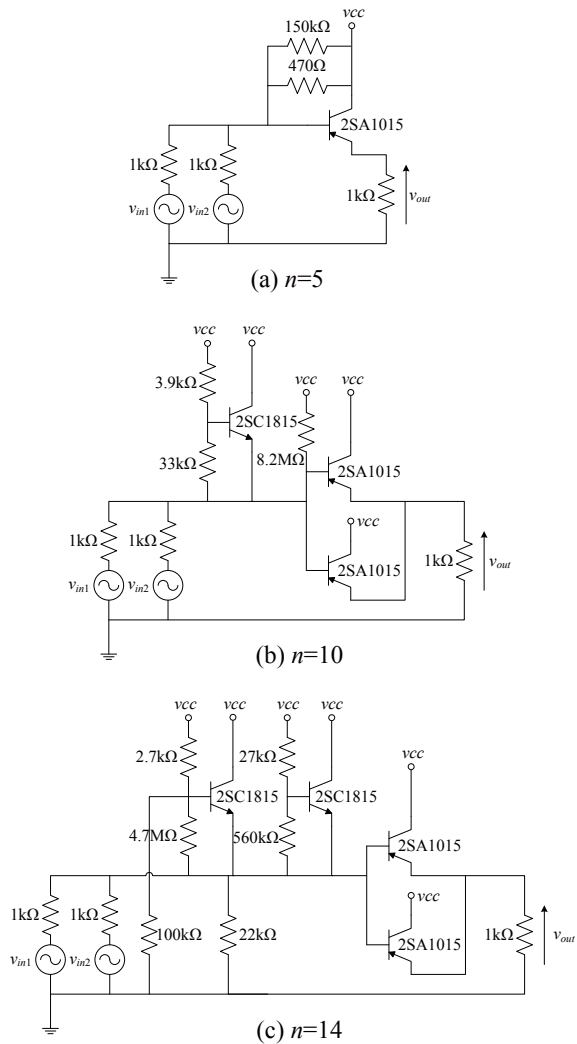


Fig. 21. NAND circuits synthesized by the proposed method.

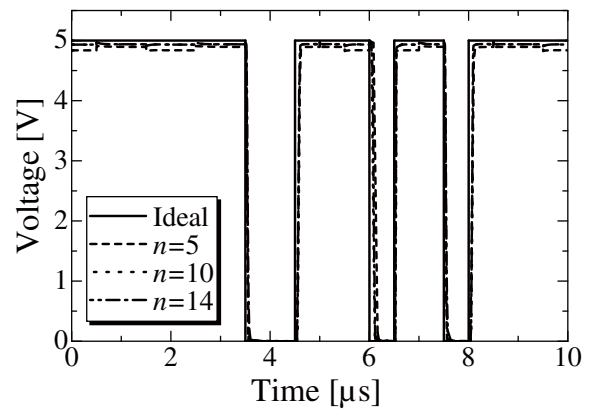


Fig. 22. Time domain characteristics of the synthesized NAND circuits.

木構造のノードにはトポロジー修正ノードに SER・PAR・GND1・GND2・VCC1・VCC2, 2 端子素子生成ノードに R・SHT・CUT を使い, 3 端子素子生成ノードに TR を使用する. ノード VCC1 および VCC2 によって接続される節点 v_{cc} の電圧は 5V とし, TR により生成されるトランジスタには 2SC1815 および 2SA1015 の 2 種類のトランジスタモデルを用いることとする.

6.4.3 計算結果

パレート最適個体の分布の様子を図 20 に示す. 先ほどまでの例と比べると, f_1 の増加に対して f_2 の減少傾向が小さいことが読み取れる. これは対象とした回路が小さい素子数においても構成しやすかったためであると考えられる. これらの得られたパレート最適個体によって設計される回路のうち $n = 5, 10, 14$ のものを図 21 に示し, その時間特性を図 22 に示す.

6.5 増幅回路の自動設計

増幅回路は入力された信号に応じて, より大きな出力エネルギーを得る回路であり, トランジスタ回路において最も基本的な回路である. 本節では同手法を用いて交流電圧を増幅する交流増幅回路の設計を行う.

6.5.1 目的関数の設定

設計仕様として電圧増幅率を 100 倍とし, トランジスタ・抵抗・キャパシタにより構成する. 先ほどと同じく使用するトランジスタは 2SC1815(NPN) および 2SA1015(PNP) の 2 種類とする.

目的関数 f_1 は個体の木構造により生成される回路の素子数 n を目的関数 f_1 として用いる.

$$f_1 = n \tag{21}$$

また次の制約条件を与える.

$$5 \leq n \leq 15 \quad (22)$$

目的関数 f_2 は NAND 回路設計と同様に理想電圧 v_{out}^* と観測電圧 v_{out} の絶対差の総和とする. 入力信号として振幅 5mV, 周波数 1kHz の正弦波電圧 v_{in} を用い, $R_{out} = 1k\Omega$ の抵抗を付加した上で SPICE により時間領域の解析を行う.

$$f_2 = \sum_{i=0}^{N_s} |v_{out}^*(iT_s) - v_{out}(iT_s)| \quad (23)$$

ここで $N_s = 500, T_s = 10\mu s$ とした. また理想電圧 $v_{out}^*(iT_s)$ は次のように与えられる.

$$v_{out}^*(iT_s) = 100v_{in}(iT_s) \quad (24)$$

6.5.2 GP パラメータ

まず各サブ母集団におけるアーカイブ母集団個体数は 100, 探索母集団個体数は 400 とし, 分割数は 16 とした. 世代数は 200 とし, これをもって終了条件とした. ソート間隔は 10 世代とし, 交叉率は 90%, 突然変異率は 10% とした.

木構造のノードにはトポロジー修正ノードに SER・PAR・GND1・GND2・VCC1・VCC2, 2 端子素子生成ノードに R・C・SHT・CUT を用い, 3 端子素子生成ノードに TR を使用する. ノード VCC1 および VCC2 によって接続される節点 v_{cc} の電圧は 12V とし, TR により生成されるトランジスタには先ほどの例と同じく 2SC1815 および 2SA1015 の 2 種類のトランジスタモデルを用いることとする.

6.5.3 計算結果

パレート最適個体の分布の様子を図 23 に示す. $f_1 = 5$ のパレート最適個体の f_2 の値は非常に大きいため, 増幅回路として機能していない. このことより 5 素子数で与えられた設計仕様を満たす増幅回路を構成するのは難しいと判断される. また $f_1 = 10$ となるパレート最適個体から f_2 の値が飽和しており, 実際に回路を一つ選択する場合には素子数が 10 以下の回路から選ぶのが適切である. これらのパレート最適個体によって設計される回路のうち $n = 6, 10, 15$ のものを図 24 に示し, その時間特性を図 25 および図 26 に示す.

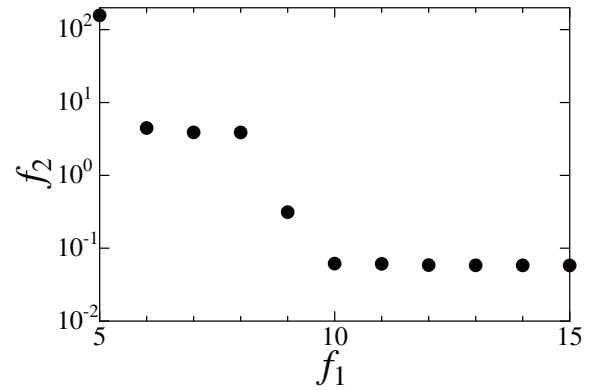


Fig. 23. Pareto optimal solutions of the amplifier circuit design example.

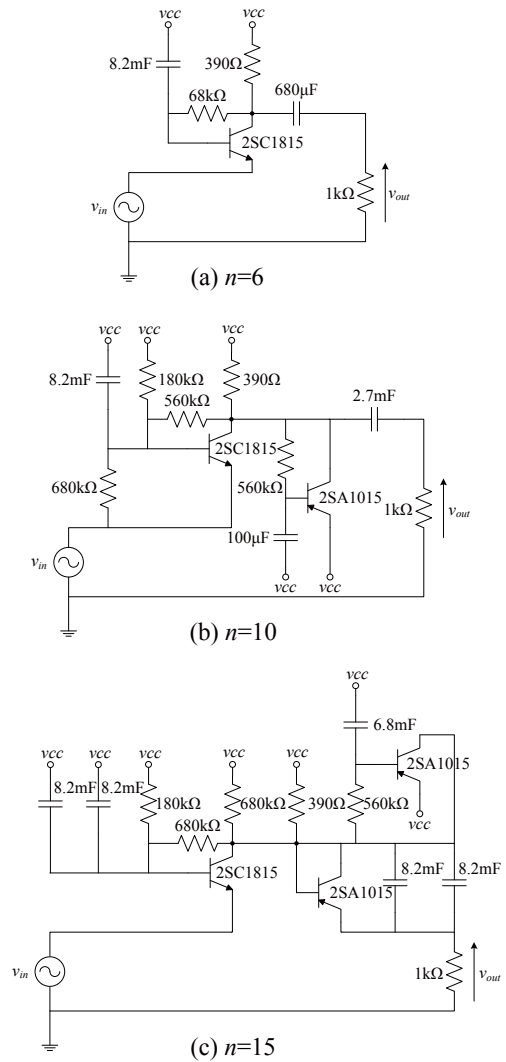


Fig. 24. Amplifier circuits synthesized by the proposed method.

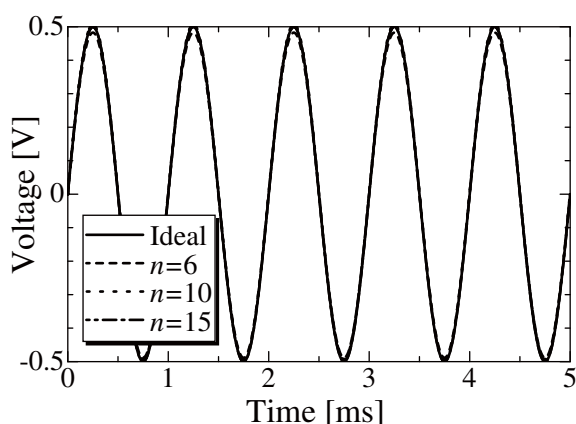


Fig. 25. Time domain characteristics of the synthesized amplifier circuits (overall).

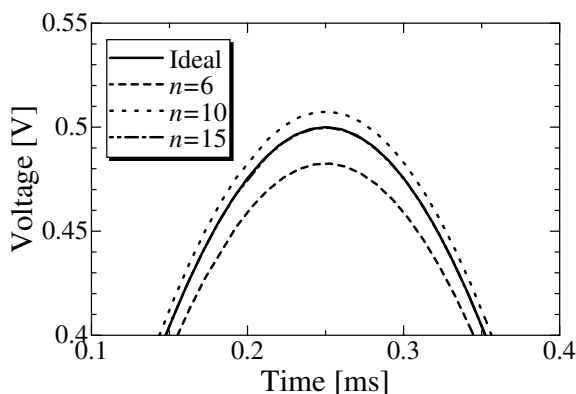


Fig. 26. Time domain characteristics of the synthesized amplifier circuits (detail).

7. おわりに

本論文では多目的遺伝的プログラミングを用いた回路の自動設計手法を提案した。優れた探索性能を持つ多目的最適化手法である SPEA2 をもとに遺伝的プログラミングを再構成することで、従来のように複雑な重みパラメータの設定を行うことなく複数の設計仕様を持つ回路設計への対応が可能となり、探索効率も向上した。同時に制約条件を設けることで、ブロード問題を確実に抑制することも可能となった。また領域分割型多目的遺伝的アルゴリズムを用いた並列処理を施すことで、探索性能を落とすことなく、計算時間を短縮することができた。並列処理における相互の通信負荷は低く、より多くの CPU を持つクラスタシステムを用いることで容易に高速な処理が可能となり、より複雑な回路の設計も可能となる。

提案手法は設計対象とする回路の仕様に依りて遺伝子構造および目的関数を構成することにより、設計仕様が多岐にわたる回路設計に柔軟に対応可能であることを設計例を通じて示した。回路設計者は得られたパレート最適な回路の中から、状況に応じて最適と考えられる回路を選択するだけで良く、負担が軽減される。またパレート最適解の分布の状況から、設計対象回路がどのようなトレードオフの関係を持つか知ることが可能である。

なお本研究は学術フロンティア「人間と生物の賢さの解明と、その応用」研究助成費による。

参考文献

- 1) 伊庭齊志, 遺伝的プログラミング入門, (東京大学出版, 東京, 2001).
- 2) 伊庭齊志, 遺伝的アルゴリズムの基礎 -GA の謎を解く-, (オーム社, 東京, 1994).
- 3) 坂和正敏, 田中雅博, 遺伝的アルゴリズム, (朝倉書店, 東京, 1995).
- 4) J. R. Koza, D. Andre F. H. Bennett III, and M. A. Keane, *Genetic Programming III Darwinian Invention and Problem Solving*, (Morgan Kaufmann Publishers, San Francisco, 1999).
- 5) J. R. Koza, M. A. Keane, M. J. Streeter, W. Mydlowec, J. Yu, and G. Lanza, *Genetic Programming IV Routine Human-Competitive Machine Intelligence*, (Kluwer Academic Publishers, 2003).
- 6) 矢野雄一, 井上馨, 加藤利次, 三木光範, “並列遺伝的プログラミングによるフィルタ回路設計”, 電気学会論文誌 C, **124-C**, 11, 2208–2214, 2004.
- 7) 結城康之, 井上馨, 加藤利次, “遺伝的プログラミングによる 3 端子素子を含む回路の設計”, 平成 18 年度電気関係学会関西支部連合大会, G10-17, 2006.
- 8) K. Deb, *Multi-Objective Optimization Using Evolutionary Algorithms*, (John Wiley & Sons Ltd, 2001).
- 9) E. Zitzler, M. Laumanns, and L. Thiele, “SPEA2: Improving the Strength Pareto Evolutionary Algorithm”, Technical Report 103, Computer Engineering and Networks Laboratory (TIK).
- 10) 廣安知之, 三木光範, 渡邊真也, “領域分散型多目的遺伝的アルゴリズム”, 情報処理学会論文誌「数値モデル化と応用」, **41**, SIG07, 79–89, 2000.
- 11) M. Snir, S. Otto, S. Huss-Lederman, D. Walker, and J. Dongarra. *MPI: the Complete Reference*. (The MIT Press, Boston, 1996).