

2Q-6

移民交叉を用いた多プロセス並列 PfGA についての検討

赤平俊之[†] 小嶋和徳[†] 伊藤慶明[†] 石龜昌明[†][†] 岩手県立大学ソフトウェア情報学部

1 はじめに

遺伝的アルゴリズム（以下 GA）は多点探索と反復計算により計算コストが高い。この問題を解決するために計算を複数のプロセッサに分割し負荷を軽減する並列分散 GA が考案されている。また、計算機器の低価格化により PC が安価に購入可能となっている。そこで本研究では、安価な PC を効率的に利用するためには PC クラスタを用いた並列化と、計算コストが低い PfGA を利用した並列分散 PfGA を導入し、並列分散 PfGA における効率的な移民手法として、移民個体を他プロセスに定住させず他プロセス内個体との交叉だけに使用する移民交叉の提案と検討を行う。

2 並列分散 PfGA 概要

2.1 並列分散 GA

並列分散 GA は処理を分散・並列化することで GA の処理時間や処理負荷を軽減する手法で、さらに集団同士で個体のやり取り（移民）を行うことで適合度の上昇にもつながる。通常移民は他プロセスへの個体のコピーという形をとる。その際の接続構造をトポロジといい、トポロジにより移民量や移民先が大きく変わり、結果にも大きな差が現れる。例えばプロセスを輪状につなげたリング型トポロジは接続数が少ないとめ大域探索能力に優れ、碁盤の目のようにつなげたメッシュ型トポロジは接続数が多いとめ局所探索能力に優れる。

2.2 PfGA

初期集団数や交叉確率、突然変異確率といったパラメータ設定を必要としない GA であり、集団数も可変で世代ごとに集団から 2 個体を選択し遺伝的処理を行う。選択と淘汰は、親と子の 4 個体の適合度を比較してその大小によって 4 つの場合に分けてそれぞれ異なる処理を行う。

Case1：両子個体が両親個体よりも優れている

（子1, 子2 > 親1, 親2）

・両子個体と適合度の高い親個体を残し個体数+1

A Consideration of Parallel Distributed Parameter free Genetic Algorithm by using Migrant Crossover

[†] AKAHIRA Toshiyuki[†] KOJIMA Kazunori[†] ITO Yoshiaki[†] ISHIGAME MasaakiFaculty of Software and Information Science, Iwate Prefectural University ([†])

Case2：両親個体が両子個体よりも優れている

（親1, 親2 > 子1, 子2）

・適合度の高い親個体を残し個体数+1

Case3：片方の親個体が両子個体よりも優れている

（親1 > 子1, 子2）

・適合度の高い親個体と子個体を残す

Case4：片方の子個体が両親個体よりも優れている

（子1 > 親1, 親2）

・適合度の高い子個体を残し新個体作成

2.3 移民処理

並列分散 PfGA では、1 プロセスにつき 1 集団を置き集団同士で移民を行う。移民方法は [1] を参考にし、親個体より優れた子個体が発生した際にその優れた子個体を移民させる。移民先プロセスは、集団内の個体と移民個体の中からもっとも適合度の低い個体を削除することで集団サイズを維持する。

2.4 問題点の検討

予備実験として同プロセス数で移民を行わない場合、リング型トポロジ、メッシュ型トポロジの 3 種類の比較を行った。その結果、移民を行わなくとも高い性能を発揮し、メッシュ型トポロジではむしろ性能が落ちてしまうという結果となった。これは、移民が拡散することで多様性と PfGA の特徴である大域探索能力が低下するため、接続数が多いほど局所解に陥りやすくなり性能が低下したためである。しかし、適合度の高い個体を移民させることで進化速度が向上することも確認できた。つまり優れた個体の遺伝子を他プロセスに伝え、かつ移民がそのままの形で残らないようにすることでこの問題点の改善が図ると考えられる。

3 移民交叉概要

3.1 処理の流れ

移民を受け取ったプロセスは適合度の低い個体の削除を行わず、移民を集団とは別に保存しておく。そして次に行う交叉では必ず移民を使用して交叉を行う。移民を使用した交叉（以下移民交叉）を行う際、個体数の維持と移民個体が残らないようにするため、適合度による処理内容を変更する。移民を受け取らなかった場合の交叉は通常のものが行われるため、2 種類の交叉が存在することとなる。

3.2 交叉時の処理

変更後の交叉処理は以下のように変更した。

Case1:両子個体を残し、個体数+1

Case2:処理を行わない（移民ではない親個体が残る）

Case3:移民以外で最も適合度の高い個体を残す

Case4:適合度の高い子個体を残す

3.3 実験条件

トポロジ形状はリングとメッシュを使用した。プロセス数は100、試行回数は10回、問題関数はTSP100都市問題、終了条件は1プロセスにつき100万世代とした。また多様性Dは各プロセスの最大適合度個体の遺伝子配列を比較し以下の式で算出した。

$$D = \frac{\sum_{k=1}^L \sum_{j=1}^P \sum_{i=j+1}^P C(g_k^i, g_k^j)}{((P * (P - 1)) / 2) * L} \quad (1)$$

$$C(g_k^i, g_k^j) = \begin{cases} 1 & g_k^i \neq g_k^j \\ 0 & g_k^i = g_k^j \end{cases}$$

g : 遺伝子 k : 遺伝子座 L : 染色体長 P : プロセス数

3.4 実験結果

図1ではリング型トポロジの、図2ではメッシュ型トポロジの移民交叉導入・非導入時の平均適合度

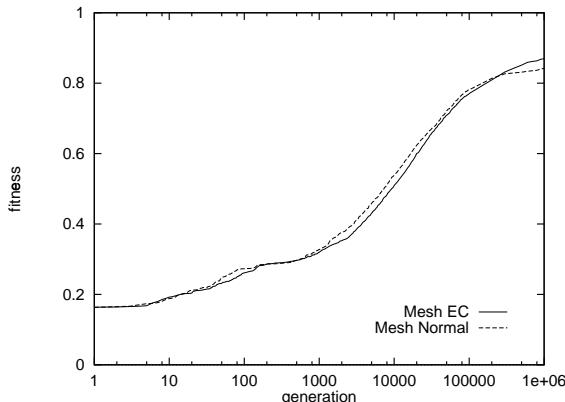


図1：リング適合度比較

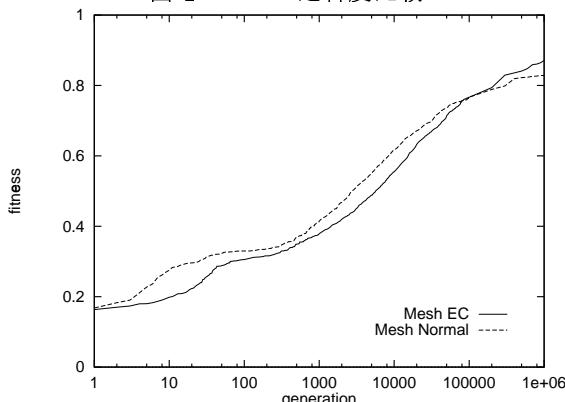


図2：メッシュ適合度比較

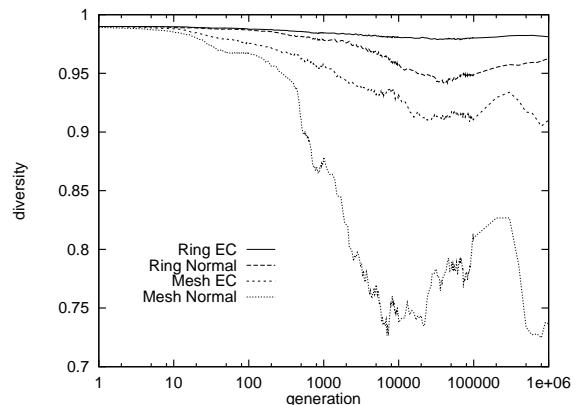


図3：リング・メッシュ多様性比較
を示す。またそれぞれの多様性を図3に示す。

移民交叉の導入によって適合度、多様性ともに大きく上昇している。これらの上昇は、移民個体を残さないことによる多様性の維持と、移民個体の遺伝子を残したことによる進化の促進が有効に働いたためと思われる。特にメッシュ型トポロジの上昇幅が大きいのは、直接移民を受け取らないぶん接続経路の多さが多様性低下につながらず、複数プロセスとの交叉が可能という利点が有効に働いたためと思われる。しかし、優れた移民個体をそのまま利用できないため進化速度は若干遅い結果となっており、この点の改善が必要である。

4まとめ

本研究では、並列分散PfGAに対し移民個体を交叉のみに使用する移民交叉を導入した。その結果、適合度と多様性を上昇させることができた。特に接続経路の多いトポロジの大域探索能力低下という問題点の改善に成功した。

今後は移民交叉の更なる検証・改良とともに、トポロジ形状についても検討していきたい。

参考文献

- [1] 木津左千夫, 澤井秀文, 足立進:可変な局所集団の適応的探索を用いたパラメータフリー遺伝的アルゴリズムとその並列分散処理への拡張, 信学論(D-II), vol.j82-D-II,no.3,pp.512-521,March 1999.
- [2] 菊地雅彦:並列分散遺伝的アルゴリズムにおける多層型トポロジの探索性とパラメータの組み合わせに関する研究 岩手県立大学ソフトウェア情報学部 2008年度博士前期過程論文 (2008)
- [3] 今康徳:PDGAにおける階層コーン型トポロジの探索空間拡大に伴う探索性能の影響に関する考察, 第9回情報科学技術フォーラム (2010)