

可変島遺伝的アルゴリズム

十文字 拓間[†], Goutam Chakraborty[‡], 馬淵 浩司[‡], 松原 雅文[‡]

[†]岩手県立大学大学院 ソフトウェア情報学研究科, [‡]岩手県立大学 ソフトウェア情報学部

1. はじめに

最適化手法の1つである遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithm, 以下GA)^[1]は, 広範囲の問題に対し適用が可能であり, その多くは他手法と比較し優れた性能を示すことで知られている。しかし, 大規模かつ複雑な問題をGAで解決しようとする場合, GAはいくつかの欠点を抱える。主な欠点として, 膨大な反復計算による計算負荷の高さ, 早期収束の発生, 特定の問題に対し最適であるパラメータ値の設定をすることが困難である点が挙げられる。これらの問題を解決するためにこれまで多くの手法が提案されているが, これらは長所を持つ反面, 短所も有している。その結果, 従来のGA手法では上述した欠点全てを同時に解決することはできない。

これらの欠点を解決するため, 本研究では新たな可変島遺伝的アルゴリズム (Variable Island Genetic Algorithm, 以下VIGA) を提案する。VIGAは並列分散島モデルを基盤とし, 遺伝的操作に必要最小限の2個体を各島の個体数とする。また, 独自に導入したResizing operationによって, 各島の収束状況あるいは探索領域から島の数を増減する。VIGAではパラメータ設定が一切必要ない。さらに, 常時少ない個体数で探索が行われるため計算負荷も低く, アルゴリズムが単純であるため高い実用性を有している。

2. 可変島遺伝的アルゴリズム

VIGAはFigure 1に示す流れによって処理が行われる。初期生成では, 2個体を有する島が1つ生成される。これらの個体そのまま親個体となるため選択手法を考慮する必要はない。一点交叉を行い, 生成された子個体の一方に突然変異を与える。突然変異は任意に選択された1遺伝子座の値を反転させる。親個体, 子個体のそれぞれで高い適合度を持つ個体を次世代の集団とする。

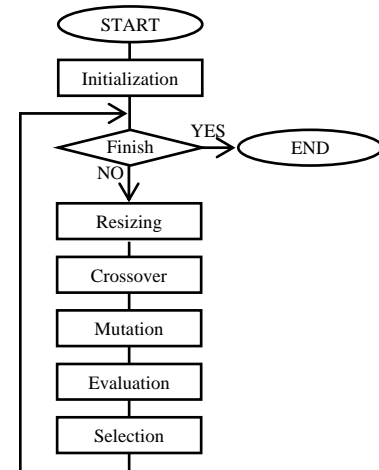


Figure 1: Flow-chart of VIGA

VIGAの最も特徴的な操作である Resizing operation では, 以下の順で, 毎世代, 島の増加, 削除, 移住の3つの処理が独立して行われる。

1. 母集団内で最も高い適合度を持つ個体が存在する島において, 島内の2個体が同一個体となっている, すなわち島が収束状態にある場合, その島内の1個体に突然変異を与える。また, 母集団内から任意に選択した個体に突然変異を与えたものと, 新たに生成した個体からなる島を1つ追加する。これら2つの島によって局所探索と大域探索がバランス良く行われる。
2. 収束状態にある全ての島を対象に, その島内にある個体が他の島にも存在している場合, それらの島は全て削除する。これにより同一の解空間を探索する島がなくなり, 効率的な探索を行うことができる。
3. 島の増加が行われなかった場合, 移住を行う。移住ではランダムリングを形成し, 任意に選択された個体を移住先の島内で適合度の低い個体に上書きする。

VIGA内の操作はいずれも単純であり, Resizing operation のみの導入によって構築できることから, 汎用性の高い手法であると言える。

Variable Island Genetic Algorithm

[†] Takuma Jumonji, Graduate school of Software and Information Science, Iwate Prefectural University

[‡] Goutam Chakraborty, Hiroshi Mabuchi, Masafumi Matsuhara, Faculty of Software and Information Science, Iwate Prefectural University

3. 比較実験および考察

VIGA の性能を評価するため、既存手法の代表として 2 個体分散 GA (DuDGA)^[2]、およびパラメータフリーGA (PfGA)^[3]を比較対象とし、9つの関数を用いて実験を行う。これらの関数は、単峰性か多峰性か、対称か非対称か、変数分離可能か不可能かの 3 つの問題特性に注目して選出したものである。なお、DuDGA および VIGA はいずれも 1 台のコンピュータ内で構築した仮想並列環境で処理を行う。いずれの関数も 10 次元とし、1 変数あたりの遺伝子列長を 24 ビットとする。総評価回数が 2,000,000 回に達した時点で終了とし、これを 100 回試行したときの最良値 (BE)、各試行における最良解の平均値 (AV) とそれらの標準偏差 (SD) を結果として Table 1 に示す。BE 欄の () 内の値は最適解を発見した回数を表し、この値が 100、即ち全試行で最適解を発見した場合は AV 欄の () 内に発見した評価回数の平均を示す。また、F₈ における VIGA を基準とした実計算時間 (Intel^R Celeron^R M CPU 1.5[GHz]のコンピュータを使用) の比を Table 2 に示す。

Table 1: Result of fitness

		DuDGA	PfGA	VIGA
F ₁	BE	0 (100)	0 (100)	0 (100)
	AV	(150000)	(44000)	(42000)
	SD	0	0	0
F ₂	BE	0 (1)	1.1642E-10	0 (51)
	AV	4.8568E-09	9.9186E-10	7.0431E-11
	SD	1.0208E-08	1.5156E-09	1.1909E-10
F ₃	BE	0 (100)	0 (28)	0 (91)
	AV	(682000)	4.0578E-12	7.9114E-15
	SD	0	1.2477E-11	5.4700E-14
F ₄	BE	0 (100)	0 (5)	0 (92)
	AV	(881000)	1.8910E-11	4.6194E-13
	SD	0	1.5366E-11	1.5868E-12
F ₅	BE	0 (100)	0 (100)	0 (100)
	AV	(262000)	(67000)	(120000)
	SD	0	0	0
F ₆	BE	0 (8)	0 (7)	0 (12)
	AV	0.03214001	0.02516955	0.02740382
	SD	0.02723331	0.01606323	0.01901621
F ₇	BE	0 (88)	0 (6)	0 (95)
	AV	1.18438335	1.1950E-10	2.0664E-12
	SD	3.21315147	9.3967E-11	9.0071E-12
F ₈	BE	0.00167829	0.00019093	4.1061E-06
	AV	4.69445063	0.09125891	0.96648922
	SD	1.36877189	0.05818628	1.45974009
F ₉	BE	1.5495E-08	1.9949E-17	5.8163E-15
	AV	7.5352494	2.9020554	2.7363067
	SD	7.7026060	8.6325654	6.6951393

Table 2: Result of rate of computation time

	SGA	DuDGA	PfGA	VIGA
Rate	2.04	1.02	1.02	1

Table 1 の結果より、既存手法の中でも性能の良いと言われる DuDGA や PfGA においても、問題の特性により性能が左右される傾向が見られる。一方、VIGA では、いくつかの関数で最も良い結果を示し、またそれ以外の関数においても十分な性能を発揮している。この結果から、VIGA は問題の特性によらず安定して性能を発揮することのできる手法であると言える。VIGA では、増減操作内で行われる島追加操作によって局所的探索を行う島と大域的探索を行う島が同時に生成されるため、バランスの良い探索が行われていると考えることができる。次に、Table 2 の結果より、計算負荷が低いことで知られる DuDGA や PfGA と比較し同程度の計算負荷で処理が行われていることがわかる。このことから、VIGA の計算負荷は十分低いとすることができる。

4. まとめ

本稿では、実用的な遺伝的アルゴリズム手法の開発を目的とし、設定不要、低計算負荷、単純な構造、既存手法と同程度またはそれ以上の探索性能を特徴とする手法として、可変島遺伝的アルゴリズムを提案した。本手法は、島数を島の収束状況などによって自動的に調整し、大域的かつ局所的探索をバランス良く行うという特徴を有する。実験結果から、本手法は他手法と比較し優れた探索性能を有し、また問題の特性によらず安定した探索を行えることが分かった。今後は、TSP のような事前に問題特性を把握することが困難な問題、かつ特殊な遺伝的操作を必要とする問題を対象とし、本手法の実用性かつ有効性を示す予定である。

参考文献

- [1]. David E. Goldberg, Genetic algorithms in Search, Optimization and Machine learning, Addison-Wesley, 1989.
- [2]. 廣安知之, 三木光範, 佐野正樹, 谷村勇輔, 濱崎雅弘, 2個体分散遺伝的アルゴリズム, 計測自動制御学会論文集, Vol.38, No.11, pp.990-995, 2002.
- [3]. 澤井秀文, 木津左千夫, 遠藤哲郎, パラメータフリー遺伝的アルゴリズムと定常状態遺伝的アルゴリズムとの性能比較, 電子情報通信学会論文誌D-II, Vol.J81-D-II, No.5, pp.1455-1459, 1998.