2Q-3

移住の少ない分散遺伝的アルゴリズムにおける エリート保存方式の検討

佐藤 一法† 吉野 純一† 内田 健†
サレジオ工業高等専門学校†

1. 緒言

分散遺伝的アルゴリズム(DGA : Distributed Genetic Algorithm)[1]は，遺伝的アルゴリズムの母集団を複数の分割母集団(島)に分割した分散モデルである．DGA ではこの島間で移住と呼ばれる個体の交換を必要とする．しかし，DGA を並列計算機に実装する場合，移住は計算ノード間通信を増加させ，並列化効果を低下させる一因となる．この問題を解決するために，エリート個体を階層的なトポロジで移住させる方法[2]や解探索の途中で移住間隔を拡張する方法[3]が検討されている．しかし，移住間隔を拡張する方法では，単純な移住量の低減が解探索を悪化させている[4].

本稿では移住間隔の拡張による解探索悪化の原因の一つとしてエリート保存方式に注目し，エリート保存方式が解探索におよぼす影響を数値実験により明らかにする.

2. 分散遺伝的アルゴリズムのエリート保存

2.1. 移住の少ない分散遺伝的アルゴリズム

分散遺伝的アルゴリズムは概ね以下の処理

1. 初期個体の生成
2. 個体の評価・選択
3. 移住(移住間隔の条件を満足した場合のみ)
4. 交叉・突然変異・エリート保存

から構成され，手順 2～4 を必要世代数だけ繰り返す．移住間隔を拡張する分散遺伝的アルゴリズム[3]では，手順 2～4 を繰り返す途中の世代で移住間隔を拡張する．しかし，単純な移住間隔の拡張は解探索に悪影響をおよぼす[4].

2.2. エリート保存方式

本稿では，移住間隔を拡張したときの解探索悪化の原因としてエリート保存方式に注目し，その違いによる解探索への影響を調べる．本稿では，以下に示すエリート保存方式について検討する．

A study on an elite preservation in a distributed genetic algorithm with reduced migration
† Kazunori SATO, Junichi YOSHINO, Takeshi UCHIDA
Salesian Polytechnic

各エリート保存方式を図 1 に示す．内部保存方式(図 1(a))では，エリート個体を個体の母集団内で保持し，他の遺伝的操作の対象とする．選択操作ではエリート個体を必ず次世代の母集団に残す．一方外部保存方式(図 1(b))では，エリート個体を個体の母集団外で保持し，交叉，突然変異，移住等の対象としない．ただし，選択操作の時のみエリート個体を母集団の他の個体と同様に扱い，次世代の母集団に残す個体の候補とする.

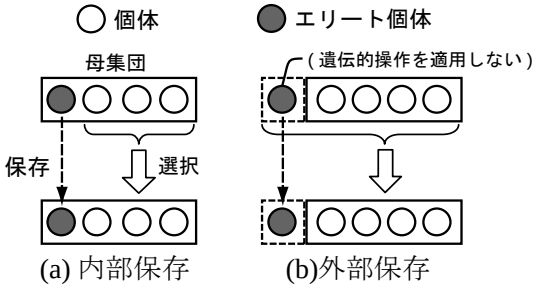


図 1 エリート保存方式

3. 数値実験

3.1. 実験方法

数値実験では表 1 のパラメータを用いて，エリート保存方式が移住間隔を拡張したときの解探索におよぼす影響について調査する．目的関数として式(1)～(3)の関数を用いる．解探索を 10 回試行し，最適解を発見した世代と，各世代の最良個体と最適解の遺伝子間のハミング距離を調べ，各々の平均値を求める.

表 1 DGA のパラメータ

パラメータ名	設定値
個体数	512
分割数(島数)	4
島毎のエリート数	1
遺伝子長	4 変数×10 ビット
突然変異率	1/遺伝子長
移住トポロジ	ランダムリング
移住率	0.5
移住間隔	1, 10, 50
最終世代	50000

Copyright ©2011 Information Processing Society of Japan.
All Rights Reserved.

・Rastrigin 関数

$$f_{rastrigin} = 10n + \sum_{i=1}^{n}\left({x_i}^2 - 10\cos(2\pi x_i)\right) \quad (1)$$

$$(-5.12 \le x_i < 5.12)$$

・Ridge 関数

$$f_{ridge} = \sum_{j=1}^{n}\left(\sum_{i=1}^{j} x_i\right) \quad (2)$$

$$(-64 \le x_i < 64)$$

・Griewank 関数

$$f_{griewank} = 1 + \sum_{i=1}^{n}\frac{x_i^2}{4000} - \prod_{i=1}^{n}\cos\left(\frac{x_i}{\sqrt{i}}\right) \quad (3)$$

$$(-512 \le x < 512)$$

3.2. 移住間隔拡張におけるエリート保存の効果

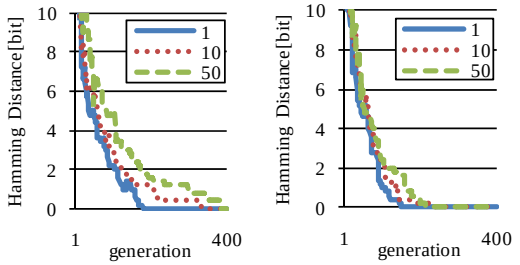
各関数における解探索を図 2～図 4 に示す．各図の横軸は世代，縦軸は最良個体と最適解の遺伝子間のハミング距離，凡例の数値は移住間隔を表している．Rastrigin 関数において移住間隔を拡張した場合，内部保存方式に比べ外部保存方式は解探索の悪化を防いでいることがわかる．一方，Ridge 関数や Griewank 関数において移住間隔を拡張した場合，エリート保存方式による解探索の大きな違いが見られない．

そこで，最適解の発見世代により両方式を比較する． 図 5 に最適解発見世代を示す．同図の縦軸の値は移住間隔 1 のときの最適解発見世代を 1.0 に正規化したものである．Rastrigin 関数同様，Ridge 関数において移住間隔を拡張した場合，内部保存方式に比べ外部保存方式は解探索の悪化を抑制している．一方，Griewank 関数において移住間隔を拡張した場合，両方式とも最適解発見世代が早くなるが，内部保存方式に比べ外部保存方式の方がその傾向が強いことを確認した．

4. 結言

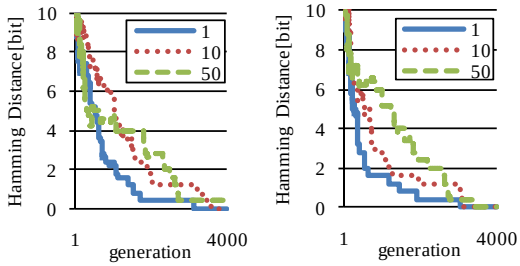
本稿では DGA のエリート保存に注目し，エリート保存方式が移住間隔を拡張した DGA の解探索におよぼす影響を調査した．数値実験の結果，外部保存方式が内部保存方式と比べて，移住間隔の拡張による解探索の悪化が抑えられることを確認した．

今後の課題として，移住間隔を解探索中に拡張した場合にエリート保存が解探索におよぼす影響を調べることが挙げられる．



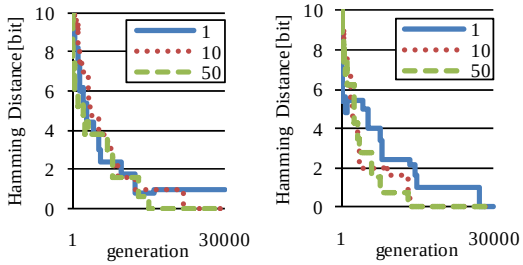
(a) 内部保存　(b)外部保存

図 2　解探索事例 (Rastrigin)



(a) 内部保存　(b)外部保存

図 3　解探索事例 (Ridge)



(a) 内部保存　(b)外部保存

図 4　解探索事例 (Griewank)

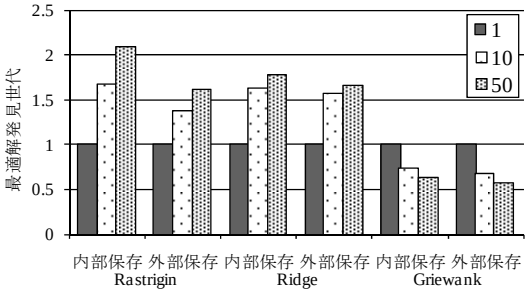


図 5　最適解発見世代の正規化

参考文献

[1] E.Cantu-Paz: A survey of parallel genetic algorithms, IlliGAL Report 97003,1997.

[2] 小嶋和徳：局所と大域の探索を考慮した遺伝的アルゴリズムの収束制御に関する研究, 東北大学大学院, 博士学位論文, 2008.

[3] 濱野賢治, 他: 分散遺伝的アルゴリズムにおける移住低減に関する検討, 第 71 回情報処理学会全国大会, pp.369-370, 2009.

[4] 濱野賢治, 他: 分散遺伝的アルゴリズムにおける移住低減に関する検討, FIT2009(第一分冊), pp.235-238, 2009.

Copyright ©2011 Information Processing Society of Japan.
All Rights Reserved.