

A-006

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

A study on a distributed genetic algorithm with reduced migration

濱野 賢治† 内田 健† 吉野 純一†
Kenji HAMANO Takeshi UCHIDA Junichi YOSHINO

1. はじめに

分散遺伝的アルゴリズム[1](島モデル)を並列計算機上に実装する場合、分割された母集団(島)を計算ノードに割当て、移住を計算ノード間通信として実現する。そのため、優れた解探索のために高頻度の移住を必要とする問題を対象とした解探索においては、計算ノード間通信の増大が並列化の効果を低減することが危惧される。一方、並列化の効果を優先するために移住間隔を安易に上げた場合、対象とする問題によっては最適解の発見頻度や最適解への収束が悪化する[2]。

分散遺伝的アルゴリズムの並列実装においては、計算ノードに複数の島を階層的に割当て、計算ノード間通信を削減した並列モデルが提案されている[3]。本研究では、計算ノード間通信を削減することを目的に、分散遺伝的アルゴリズムにおける移住を直接削減する新たな分散遺伝的アルゴリズムを検討している。筆者らは過去に、解探索途中での移住間隔の拡張が解探索に与える影響を検討した[4]。その結果、解探索の初期に発生する母集団の急な収束後に移住間隔を上げた場合、移住間隔を上げない場合と同等の解探索を確認できた。しかし、そこでは移住間隔を上げるタイミングやその条件について十分検討していない。

そこで、本報告では分散遺伝的アルゴリズムにおいて移住間隔を拡張するタイミングを決めるための指標として母集団の多様性を定義し、この指標を用いた移住間隔の拡張手法を提案する。さらに、本手法による移住間隔の拡張が解探索におよぼす影響を検討するためにいくつかのテスト関数に対する数値実験を行い、解探索の途中での移住間隔拡張に対し母集団の分割数(島数)が解探索におよぼす影響について検討する。

2. 移住低減手法

2.1 分散遺伝的アルゴリズム

分散遺伝的アルゴリズムは、母集団を複数のサブ母集団(島)に分割し、各島に対して独立に遺伝的アルゴリズムを適用する分散処理手法である。単一母集団の遺伝的アルゴリズムと比べ、分散遺伝的アルゴリズムの各島の個体は少ないため、解探索の初期における多様性の維持が大切であると考えられている。そのため、各島の多様性の維持を目的に島と島の間で個体を交換(移住)する。

本稿で用いる分散遺伝的アルゴリズムの概要を図1に示す。図1の処理は、一般的な遺伝的アルゴリズムと同様に交叉、突然変異の遺伝的操作を基本とする。選択操作ではルーレット方式による次世代個体の選択の他にエリート戦略を併用している。さらに、一定の世代が経過すると移住を実施する。この移住を行う間隔(移住間隔)、個体の移住先を決定する移住トポロジ、移住する個体数を決定する移

住率が、優れた解探索のために重要なパラメータとなっている。また、移住個体の選択方法、移住してきた個体の受入れ方法も移住を構成する重要な要素である。本稿では、移住トポロジとしてランダムリングを、移住する個体の選択にはエリート戦略を、移住個体の受入れにはルーレット方式とエリート戦略を併用している。

この節の後半では、この分散遺伝的アルゴリズムにおいて移住操作を削減する方法について検討する。特に本稿では、移住間隔を上げることによって直接移住を削減する方法について検討する。

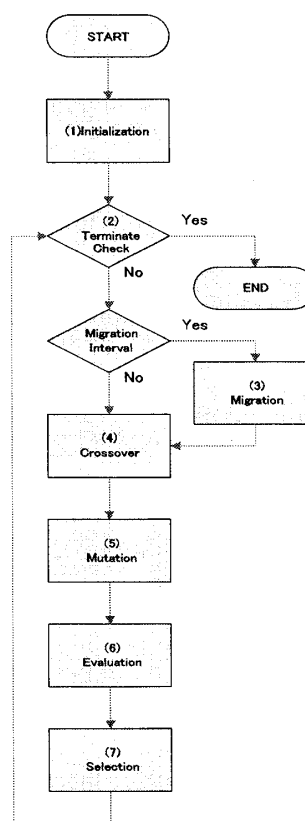


図1. 分散遺伝的アルゴリズム

2.2 移住間隔の拡張手法

優れた解探索を得るために移住間隔を短くする必要がある最適化問題に対して、安易に移住間隔の長い分散遺伝的アルゴリズムを適用することができない[2,4]。このような問題に対しては、解探索の初期において短い移住間隔を適用し、解探索の途中で移住間隔を上げることが有効であると考えている。移住間隔の拡張する場合、解探索においてどの時点で拡張するかが、解探索の質を維持するうえで重要である。

† サレジオ工業高等専門学校, Salesian Polytechnic

過去の研究[4]において、解探索の初期に起こる母集団の最良個体への収束(初期収束)の前後で移住間隔を拡張する数値実験を行った。その結果、初期収束後に移住間隔を拡張した場合、移住間隔を一定とした場合と同等の解探索を示した。ここでは、母集団の多様性を定義し、この多様性を指標にした移住間隔の拡張手法を提案する。

今、世代 j での母集団を $P(j)$ とすると、母集団 $P(j)$ の多様性 $v(j)$ を

$$v(j) = \frac{\sum_{g \in P(j)} \{-g_{\max}(j)\} d_H(g_{\max}(j), g)}{|P(j) - \{g_{\max}(j)\}|} \quad (1)$$

で定義する。ここで、 $g_{\max}(j)$ は世代 j における最良個体で、テスト関数値 $f(\cdot)$ によって

$$g_{\max}(j) = \max_{g \in P(j)} f(g) \quad (2)$$

と定義される。また、 $d_H(g_1, g_2)$ は個体 g_1 と個体 g_2 のハミング距離を意味する。

式(1)は最良個体とその他の個体とのハミング距離の平均値を意味する。これを母集団の多様性として用いる根拠は解探索の初期における各個体と最適解とのハミング距離の分布にもとづく。表1に3つのテスト関数(Griewank, Rastrigin, Ridge)の解探索における各個体と最適解のハミング距離の分散と中央値、さらに最適値と最良個体のハミング距離 Hamm を示す。同表より、解探索の初期において最適値と最良個体のハミング距離と中央値とがほぼ等しくなっていることがわかる。すなわち、最良個体から他の個体のハミング距離によって母集団の多様性を代用できる。

表1. 解探索初期の母集団における個体の分布

(a) Griewank 関数

世代	中央値	分散	Hamm
1	275	71	275
50	263	59	263
100	246	9	246
200	216	23	216
400	246	9	246
100	150	21	150

(b) Rastrigin 関数

世代	中央値	分散	Hamm
1	300	160	322
50	297	61	305
100	291	73	288
200	288	15	287
400	284	14	283
1000	245	8	243

(c) Ridge 関数

世代	中央値	分散	Hamm
1	298	166	289
40	296	101	295
80	284	24	288
120	287	7	293
200	285	8	283
1000	237	16	238

次に、母集団の多様性を使った初期収束の判定について考える。初期収束の直後を判定するために、一定のサンプリング間隔 δ で母集団の多様性の変化を記録し、その変化が緩やかになったことを次式で判定する(図2参照)。ここで、 ε は 1.0 以下の閾値で適当な値を与える必要がある。

$$0 \leq \frac{v(i) - v(i - \delta)}{v(i + 1) - v(1)} \leq \varepsilon \quad (3)$$

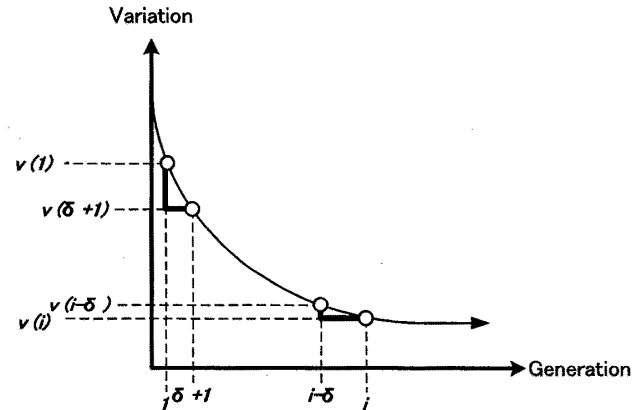


図2. 解探索における初期収束判定の概念図

3. 数値実験

ここでは、提案手法による移住間隔の拡張が解探索に与える影響を調べる。提案手法の有効性を確認するために、3つのテスト関数において母集団分割数を変更したときの影響を数値実験により確認する。

3.1 テスト関数

本稿で用いるテスト関数を式(4)~(6)に示す。これらは、いずれも 30 次元 ($n = 30$) であり、最適値として 0 をとる。これらの関数は本来連続関数であるが、遺伝的アルゴリズムにおいて変数値を遺伝子として符号化するために各変数 x_i の定義域を 20 ビットのグレイ符号として表現する。

Griewank 関数

$$1 + \sum_{i=1}^n \frac{x_i^2}{4000} - \prod_{i=1}^n \left(\cos \left(\frac{x_i}{\sqrt{i}} \right) \right) \quad (4)$$

$(-512 < x_i \leq 512), \quad n = 30$

Rastrigin 関数

$$10n + \sum_{i=1}^n (x_i^2 - 10 \cos(2\pi x_i)) \quad (5)$$

$(-5.12 < x_i \leq 5.12), \quad n = 30$

Ridge 関数

$$\sum_{i=1}^n (\sum_{j=1}^i x_j)^2 \quad (6)$$

$(-64 < x_i \leq 64), \quad n = 30$

3.2 実験方法

数値実験では、各テスト関数に対して解探索の途中で移住間隔を 1 世代から 50 世代に変更し、最良個体のテスト関数値および式(1)で与えられる母集団の多様性を調べる。ここで、数値実験の最大世代数を Griewank 関数で 15000 世代、Rastrigin 関数と Ridge 関数で 50000 世代とする。

以上を、島数 8, 64, 256 の 3 通りについて各 5 回ずつ試行する。分散遺伝的アルゴリズムのその他のパラメータを表 2 のように設定する。

表 2. 分散遺伝的アルゴリズムの各種パラメータ

パラメータ名	設定値
個体数	512
島数	8, 64, 256
遺伝子長	30×20 ビット
交叉方法	一点交叉
交叉率	1.0
突然変異率	1/遺伝子長
移住率	0.5
エリート数	1
選択方法	ルーレット方式

移住間隔を拡張するタイミングを決定するにあたり、本稿では表 3 のサンプリング間隔 δ と閾値 ε を用いる。これらの値は、各テスト関数の解探索を少しだけ事前に実施し、経験的に決定されたものである。

表 3. 各テスト関数のサンプリング間隔と閾値

島数	Griewank		Rastrigin		Ridge	
	δ	ε	δ	ε	δ	ε
8	10	1/10	10	1/10	5	1/10
64	10	1/10	10	1/10	70	1/100
256	10	1/10	100	1/20	500	1/2

3.3 移住間隔の拡張タイミング

図 3 (a)~(i)に各テスト関数の解探索における多様性の推移を示す。各図は横軸に世代数を、縦軸に母集団の多様性を示し、5 回の試行における多様性の推移をプロットしたものである。図中の凡例には、“試行数：移住間隔を変更した世代数”を示し、移住間隔を変更した地点にマーカー△を配置している。

表 3 のサンプリング間隔と閾値による移住間隔の拡張タイミングは、概ね初期収束後に位置することが確認できる。この傾向は、3 つのテスト関数に共通している。ただし、島数が大きくなるにつれ移住間隔を変更した世代にバラツキが目立つことがわかる。

3.4 解探索への影響

図 4(a)~(i)に各テスト関数の解探索における最良個体のテスト関数値の世代経過を示す。各図は横軸に世代数を、縦軸にテスト関数値を示し、5 回の試行結果の平均値をプロットしたものである。図中の凡例“-”は移住間隔を 1 世代に固定したもの、”1-50”は解探索の途中で移住間隔を 1 世代から 50 世代に変更したものを示す。さらに、表 4(a)~(c)に、各テスト関数の解探索において移住間隔を 1 世代に固定した場合と途中で 1 世代から 50 世代に拡張した場合の最終世代における最良個体と最適値とのハミング距離の差をビット数で示す。

これらの結果より、Rastrigin 関数については途中で移住間隔を拡張した場合の方が最適解への収束が早く、他の 2 つの関数については概ね同等か遅くなる傾向にある。特に Griewank 関数の島数 64 の場合に収束が遅くなる傾向が顕著であるが、この傾向は島数に依存するものではないと思われる。

表 4. 最終世代における最良個体の比較

(a) Griewank

試行数	島 8	島 64	島 256
1	1	91	10
2	12	78	-25
3	10	92	48
4	36	111	20
5	22	72	10

(b) Rastrigin

試行数	島 8	島 64	島 256
1	-86	-24	-59
2	-61	-49	-55
3	-37	-20	-49
4	-38	-95	-31
5	-33	-41	-47

(c) Ridge

試行数	島 8	島 64	島 256
1	64	-19	24
2	67	-2	28
3	39	17	27
4	42	-21	56
5	50	5	15

4. おわりに

本報告では、分散遺伝的アルゴリズムの移住低減を目的として、3 つのテスト関数に対し、解探索の途中で移住間隔を拡張する方法について検討した。今回提案した移住間隔の拡張手法は、母集団の多様性に着目し、適切なサンプリング間隔と閾値を設定することで、解探索における初期収束の直後を判定できることがわかった。ただし、サンプリング間隔と閾値の設定は島数に依存するが、テスト関数の種類には依存していない。一方、移住間隔の拡張が解探索に与える影響は、テスト関数の種類に依存するが、島数には依存していないことがわかった。

今後の課題としては、本手法の移住率への依存性、サンプリング間隔と閾値の簡易決定方法の開発などがあげられる。

参考文献

- [1] R. Tanese: Distributed genetic algorithms, Proc. of the 3rd international conference on genetic algorithms, pp.434-439, 1989.
- [2] 廣安知之, 三木光範, 上浦二郎: 実験計画法を用いた分散遺伝的アルゴリズムのパラメータ推定, 情報処理学会論文誌:数理モデル化と応用, vol.43, no. SIG 10(TOM 7), pp.199-217, 2002.
- [3] 谷村勇輔: クラスタおよび広域計算環境における並列分散遺伝的アルゴリズム, 同志社大学博士論文, 2004.
- [4] 濱野賢治, 内田健, 吉野純一: 分散遺伝的アルゴリズムにおける移住低減手法に関する検討, 情報処理学会全国大会講演集, pp.1-369-1-370, 2009.
- [5] 内田健: 分散遺伝的アルゴリズムの収束特性に関する一考察, サレジオ工業高等専門学校研究紀要 No. 32, pp.23-26, 2006.

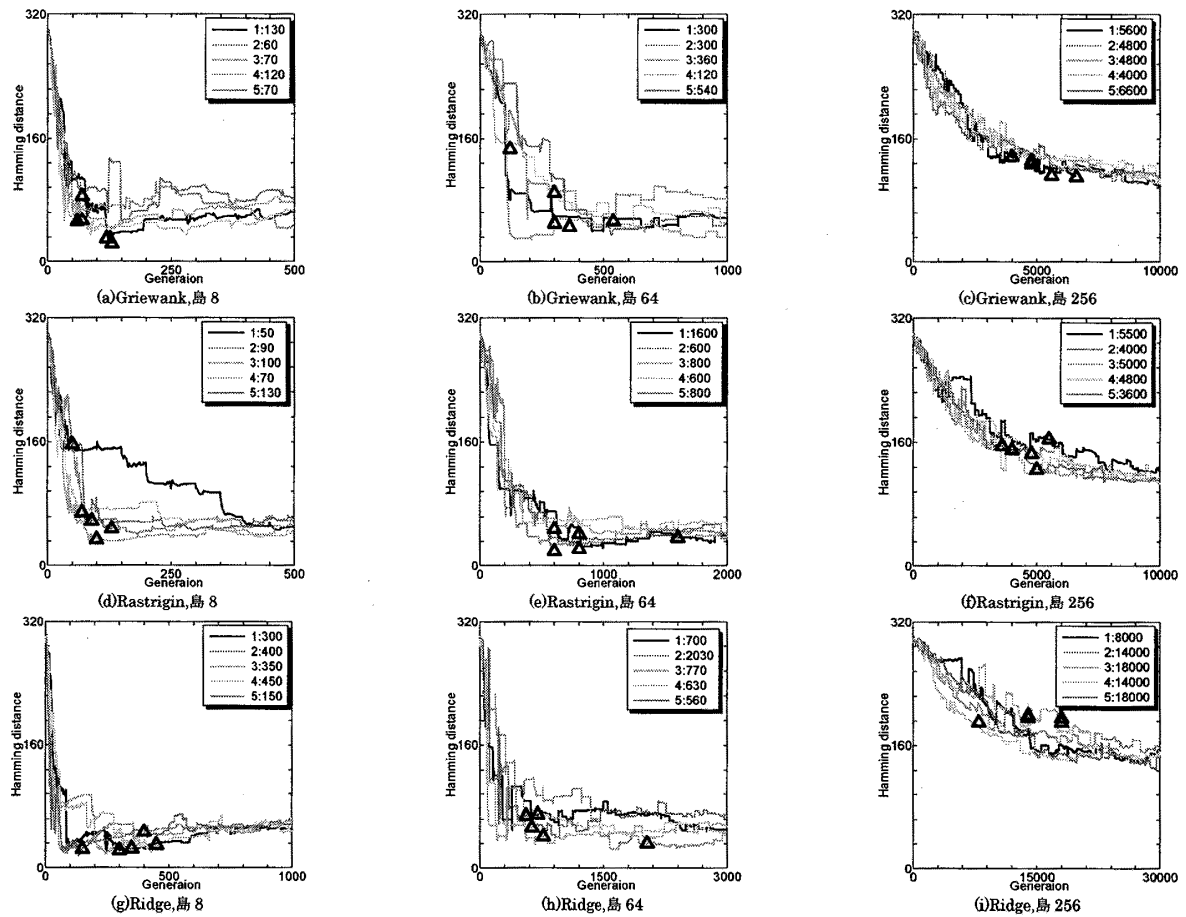


図 3. 移住間隔を拡張するタイミング

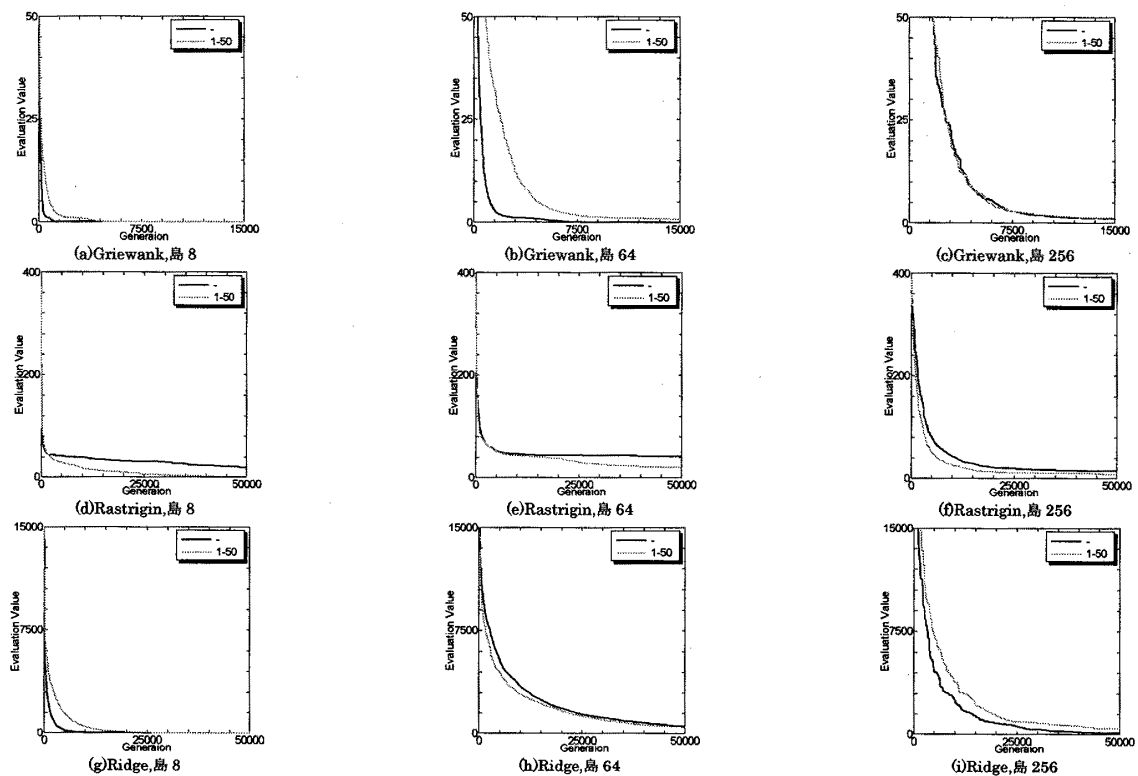


図 4. 各関数の島数が解探索に及ぼす影響(5 回試行の平均値)