

分散遺伝的アルゴリズムにおける移住低減手法の検討

濱野 賢治[†] 内田 健[†] 吉野 純一[†]サレジオ工業高等専門学校[†]

1. はじめに

遺伝的アルゴリズム [1] では、母集団の各個体に対して目的関数を計算しなければならないため、計算コストが高い手法といわれている。そのため遺伝的アルゴリズムの並列モデルについて数多くの研究がなされ、その一つとして個体の母集団を複数の島に分割し、各島に対して遺伝的操作を独立に適用する分散遺伝的アルゴリズムが提案されている [2]。

しかし、分散遺伝的アルゴリズムでは、母集団を島に分割することにより各島の個体数が減少する。そのため、各島の個体の多様性を維持する目的で、島の間で個体を交換する必要がある。分散遺伝的アルゴリズムを並列計算機上に実装する場合、この個体の移住操作は、計算ノード間の通信として実現される。優れた解探索のために高頻度の移住必要とされる場合、並列実装された分散遺伝的アルゴリズムでは通信の頻発を招き、並列化の効果の低減が危惧されている [3]。

そこで、分散遺伝的アルゴリズムの移住低減を目的に、解探索の途中で移住間隔を拡張する方法を検討する。本稿では特に、テスト関数に対する簡単な数値実験により、移住間隔の拡張が解探索に与える影響について検討する。

2. 移住低減の検討

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、遺伝的アルゴリズムにおける母集団を複数の島に分割し、島毎に遺伝的操作を分散手法である。単一母集団を対象とする遺伝的アルゴリズムとは異なり、各島の個体の多様性を確保するための移住操作が必要となる。

移住操作では、どの島からどの島へ(移住トポロジ)、島の個体のうちいくつの個体(移住率)を、どのくらいの世代間隔(移住間隔)で、個体を移動させるかが解探索に大きく影響する。過去の調査では、優れた解探索のために移住間隔を短くする必要のある問題が数多く存在する一方で、移住間隔を長くする必要のある問題も確認されている [6]。本稿では、優れた解探索のために移住間隔を短くする必要のある問題を対象とする。

2.2 移住低減手法

解探索の途中で移住間隔を広げることができれば、移住を低減することが可能となる。我々は、過去に二個体分散遺伝的アルゴリズム [4] に対し、解探索中の移住間隔の拡張を検討した [5]。さらに、この移住低減手法を一般的な分散遺伝的アルゴリズムに適用することを検討し [6]、最良個体の適応度によって移住間隔を拡張した結果、移住間隔を固定したものと同等の解探索が可能であることを確認した [7]。文献 [7] では移住間隔を変更するタイミングを初期収束後の適当な世代数に設定したが、移住間隔を拡張するタイミングについては十分検討していない。

そこで、本稿では最良個体の適応度に注目し、移住間隔の変更タイミングを初期収束の前後にいくつか設定する。さらに、移住間隔を変更するタイミングによって解探索にどのような影響を与えるか検討する。

3. 数値実験

ここでは、解探索中の移住間隔の拡張が解探索に与える影響を検討するために、3 つのテスト関数に対する数値実験の結果を示す。数値実験に用いる分散遺伝的アルゴリズムでは、テスト関数値の良い個体を移住させ、移住先の島ではエリート戦略のもとルーレットにより次世代の個体を選択している。なお、移住トポロジとしてランダムリングを採用する。

3.1 実験方法

本稿で用いるテスト関数を式 (1)~式 (3) 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。

Griewank 関数

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

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

Rastrigin 関数

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

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

Ridge 関数

$$\sum_{i=1}^n \left(\sum_{j=1}^i x_j \right)^2 \quad (3)$$

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

数値実験では、解探索中に移住間隔を 1 から 10 世代に変更し、最良個体のテスト関数値と最良個体に対する各個体のハミング距離の平均値を、最大 10000 世代まで観測する。なお、移住間隔を拡張するタイミングとして、Griewank 関数では 50, 150, 250, 350 世代、Rastrigin 関数では 500, 1500, 2500, 3500 世代、Ridge 関数では 500, 1000, 1500, 2000 世代を採用し、分散遺伝的アルゴリズムの他のパラメータを表 1 のように設定する。

表 1. 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
遺伝子長	30×20bit
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

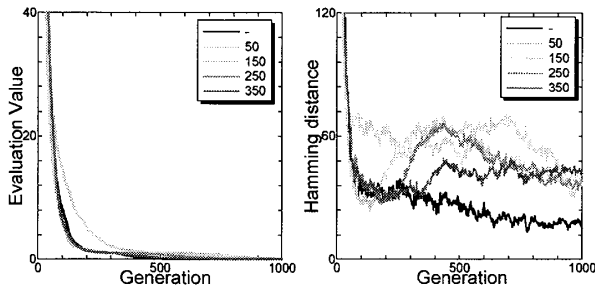
3.2 実験結果

各テスト関数における解探索を図 1~図 3 に示す。各図の (a) は、横軸に世代数、縦軸に最良個体のテスト関数値をプロットしたもので、解探索の世代経過を表している。各図の (b) は、横軸に世代数、縦軸にハミング距離をプロットしたもので、母集団の多様性の世代経過を示している。各図凡例の数値は移住間隔を変更した世代数を表し、“-” は移住間隔を 1 世代に固定したことを意味する。さらに、10000 世代での最良個体と最適解の遺伝子とのハミング距離を表 2 に示す。なお、結果はすべて 5 回試行の平均である。

数値実験の結果より、今回用いた 3 つのテスト関数に関して解探索中に移住間隔を拡張したものでは、移住間隔を固定したものにくらべると、

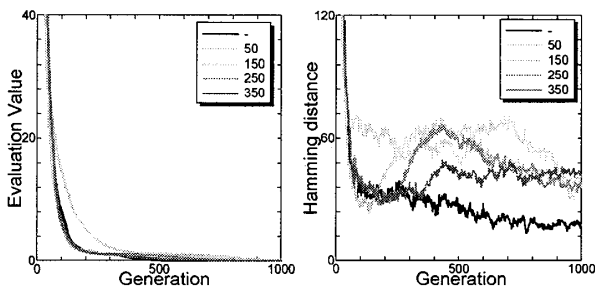
- 解収束が同等もしくは若干遅くなる。今回の実験では最適解を発見していないので表 2 の尺度で比較すると、Griewank 関数と Ridge 関数で同等の、Rastrigin 関数で遅い解収束が見られる。
- 各関数とも移住間隔拡張後に母集団の多様性が回復している。Griewank 関数では 20 程度、Rastrigin 関数では 40 程度、Ridge 関数では 40 程度、最適個体と各個体とのハミング距離の平均が増えている。

などの特徴が確認できる。



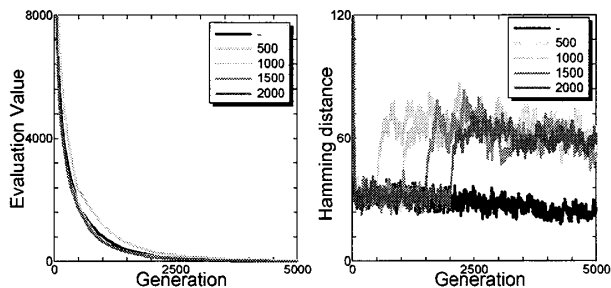
(a) 最良個体の関数値 (b) ハミング距離

図 1. Griewank 関数における解探索



(a) 最良個体の関数値 (b) ハミング距離

図 2. Rastrigin 関数における解探索



(a) 最良個体の関数値 (b) ハミング距離

図 3. Ridge 関数における解探索

表 2. 最良個体と最適解の遺伝子とのハミング距離

変更世代	距離	変更世代	距離	変更世代	距離
-	12	-	7	-	147
50	15	500	27	500	176
150	5	1500	20	1000	171
250	9	2500	20	1500	171
350	15	3500	16	2000	166

(a) Griewank

(b) Rastrigin

(c) Ridge

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、解探索中の移住間隔拡張について検討した。最良個体のテスト関数値によって移住間隔を変更するタイミングを決定する簡単な数値実験の結果、初期収束の前後で移住間隔を拡張するものは移住間隔を固定したものと同程度の解収束を持つことがわかった。さらに、移住間隔を拡張することで母集団の多様性が回復することも確認できた。以上の結果より、解探索中の移住間隔を拡張することは、移住間隔を固定したものにくらべ、同程度の世代で最適解を発見でき、さらに最適解の発見頻度を向上することが期待される。

今後の課題として、移住間隔の変化量や移住率、島数などの他のパラメータの影響について検討することが挙げられる。

参考文献

- [1] D.E. Goldberg: Genetic algorithms in search, optimization and machine learning, Addison Wesley, 1989.
- [2] R. Tanese: Distributed genetic algorithms, Proc. of the 3rd international conference on genetic algorithms, pp.434-439, 1989.
- [3] 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, 第 32 号, pp. 23-26, 2006.
- [4] 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.
- [5] 松尾遼, 内田健: 2 個体分散遺伝的アルゴリズムにおける移住低減に関する一考察, サレジオ工業高等専門学校研究紀要, 第 33 号, pp. 73-78, 2007.
- [6] 能見文喬, 内田健: 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 13 回高専シンポジウム, p. 203, 2008.
- [7] 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の検討, 八王子産学連携機構第 8 回研究成果発表講演会要旨集, pp. 176-177, 2008.