

並列分散遺伝的アルゴリズムにおける群構造化による探索性能への影響に関する考察

今 康徳† 小嶋 和徳‡ 石亀 昌明‡ 伊藤 慶明‡

† 岩手県立大学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

遺伝的アルゴリズム[1]の並列分散処理[2]において、各部分集団(島)の接続構造(トポロジ)は効率的な移民を行う上で重要な要素となる。また、トポロジの部分集団ごとの各種パラメータは探索性能に大きく影響を与える為、探索性能を高めるには適切なパラメータ設定が必要となる。そこで本研究では、様々なトポロジの島ごとの多様性に注目した調査を行うと共に、異なるパラメータ設定の部分集団群(群島)を複数用意する群構造化を行うことで、探索性能にどのような影響があるか検討を行った。

2. 群構造化トポロジ

群構造化トポロジとは突然変異率、交叉率、移民方向などのパラメータが異なる群島の集まりによってできたトポロジである。これは、役割の違う群島を複数用意することによって、効率的な移民及び探索を行うことを目的としている。この群構造化を行っているトポロジとして、多層リング型トポロジ[3](MLR)がある。これは外円で大域探索を、内円で局所探索を行うことで、探索性能の向上を狙ったトポロジである。本稿では群構造化トポロジとして、さらに大域探索性能を高めた複合リング型トポロジ(CompR; 図1)を提案する。このトポロジは外円に存在する複数の独立したリングに、別々の探索領域を持たせることによって大域探索を行わせている。また、MLRのように外円から内円、内円から中心に向かいエリート個体を移民することによって、中心では局所探索を行っている。

3. 島内・群島内・群島間多様性

多様性とは、様々な種類の個体が集団内に存在しているかを示す評価基準である[4]。本研究では3つの多様性指標を用い、多様性を評価する。

1つは島内の個体間での多様性を示す島内多様性(Diversity in Island, DI), 2つ目は同一群島内の島

間での多様性を示す群島内多様性(Diversity in Archipelago, DA), 3つ目は同一のパラメータ設定と接続構造を持つ群島間での多様性を示す群島間多様性(Diversity between Archipelago, DbA)である。それぞれの算出方法は以下の通り。

① 島内多様性(DI)

1. 島内の個体全ての遺伝子を遺伝子座ごとに比較する。
2. 比較結果が異なる場合に多様性を加算し、その総和を求める。
3. 全ての遺伝子座で1, 2の処理を行う。

② 群島内多様性(DA)

1. 群島内の島同士で個体を比較し、最も類似している個体同士を関連付ける。
2. 関連付けた個体同士で遺伝子座ごとの比較を行う。
3. 比較結果が異なる場合に多様性を加算し、総和を求める。
4. 群島内の全ての島同士で1から3の処理を行う。

③ 群島間多様性(DbA)

1. 群島同士で全個体を比較し、最も類似している個体同士を関連付ける。
2. 関連付けた個体同士で遺伝子座ごとの比較を行う。
3. 比較結果が異なる場合に多様性を加算し、総和を求める。
4. 全ての群島同士で1から3の処理を行う。

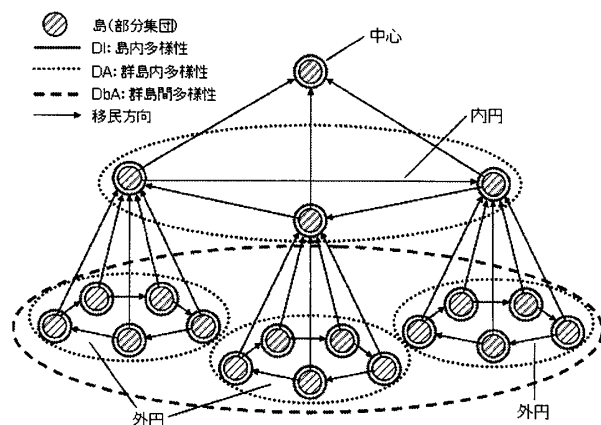


図1 複合リング型と各種多様性指標

Consideration about influence on search performance by crowd structuring on Parallel Distributed Genetic Algorithm

† KON Yasunori, Graduate school of Software and Information Science, Iwate Prefectural University.

‡ KOJIMA Kazunori, ISHIGAME Masaaki, ITO Yoshiaki, Faculty of Software and Information Science, Iwate Prefectural University.

5. 実験, 考察

前述の群構造化トポロジと既存トポロジであるリング型 (ring), メッシュ型 (mesh), トーラス型 (torus) との間で比較実験を行う。

岩手県立大学並列コンピュータシステム Altix 350 (プロセッサ数:16,演算機:Intel Itanium2 1.6GHz) を実験環境とし, 対象問題は TSP30 都市問題, 島数 36, 島サイズ 8, 世代交代数 200,000 世代で行う。結果は試行回数 10 回の平均である。

実験結果を適合度から見ていく。図 2 は各トポロジの各世代での適合度を表したグラフであり, Generation は世代数を, Fitness は適合度を表している。初期探索では torus が最も高く, 次いで mesh, MLR, CompR, ring の順であったが, 最終的な適合度では, CompR が最も高く, 次いで MLR, ring, mesh, torus という結果となった。これは, 群構造化トポロジの場合, 探索前半では大域探索能力が優先されている為, 局所探索能力が低く, 適合度が上がりにくい, 探索後半では, 大域探索の効果が現れ始め, 既存トポロジと比べ最終的な適合度において優位に立ったのだと考えられる。

多様性に注目すると (表 1), 島内多様性 (DI) に関してはいずれのトポロジも, 最終的に一定の値に停滞することとなった。その中でも, 突然変異率を高く設定している CompR (中心) では, 多様性が高くなる傾向があり, 中心では島内に異なる個体が存在しやすいということがわかる。次に群島内多様性 (DA) を見てみると, CompR の内円が, かなり高い値を示しており, 群島内の各島の間での差が大きいことを表わしている。これは, 内円のそれぞれの島に対し, 独立した外円のリングから移民が送られており, その為, 内円群島内の各島の間での差が広がったものと考えられる。最後に CompR の群島間多様性 (DbA) を見ると, 外円リング群ではそれぞれの群島間での移民を行っていない為か, 最終的な値は最大値の 1.0 に近い値を示している。これは, 各群島間の差が広がっており, それぞれの群島が別々の探索範囲を持っていることを意味している。その結果, トポロジ全体として高い広域探索能力を持つことになり, さらに探索後半においてもその高い広域探索能力を維持し続けることができたのだと考えられる。

表 1 200,000 世代時の多様性 (一部)

| | DI | DA | DbA |
|-----------|-------|-------|-------|
| CompR(中心) | 0.635 | | |
| CompR(内円) | 0.325 | 0.668 | |
| CompR(外円) | 0.308 | 0.396 | 0.956 |
| mesh | 0.135 | 0.256 | |

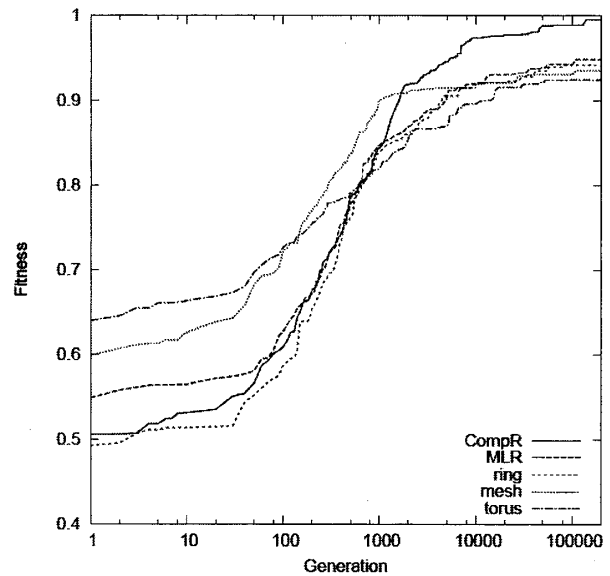


図 2 全トポロジ適合度

6. まとめ

今回の実験により, TSP30 都市問題において, 全ての部分集団が同一のパラメータ設定である既存トポロジと比べ, 群構造化を行ったトポロジの方がパラメータ設定や接続構造により局所探索能力と広域探索能力を両立することができ, その結果, 多様性の変化に富み, かつ最終的な探索性能においても優秀となるということが確認された。

しかし一方で, 初期探索速度においては既存トポロジが優位を示しており, また, これより規模の大きな問題の場合にも, 同様に探索後半における優位を示せるかどうかは未知数である。この問題を群構造化トポロジにおいてどのように改善すればよいのか検討する必要がある。また, 今後は TSP51 都市問題, 101 都市問題やその他の関数問題などにおいても同様のことが言えるのかについて, 引き続き調査を行っていく。

参考文献

- [1]坂和正敏, 田中雅博, “遺伝的アルゴリズム”, 朝倉書店(1995).
- [2]E.Cantú-Paz, Efficient And Accurate Parallel Genetic Algorithms, Kluwer Academic Publishers(2000).
- [3]今康徳, 菊池雅彦, 小嶋和徳, 伊藤慶明, 石亀昌明, “並列分散遺伝的アルゴリズムにおける多層リング型トポロジのパラメータについての考察”, 第 8 回情報科学技術フォーラム, (2009).
- [4]個体群探索分岐型遺伝的アルゴリズム fGA(Forking GA)の提案, 筒井茂義, 藤本好司, 人工知能学会誌 9(5) pp.741-747, (1994)
- [5]University of Heidelberg, Department of Computer Science, Traveling Salesman Problem, <http://www.iwr.uni-heidelberg.de/groups/comopt/software/TSPLIB95>.
- [6]菊池雅彦, 塩田恵美, 小嶋和徳, 伊藤慶明, 石亀昌明, エリート更新時移民による非同期分散遺伝的アルゴリズム, 電気関係学会東北支部連合大会, 1E12, p.169(2006).