

廣安 知之[†] 三木 光範[†] 濱崎 雅弘[†] 谷村 勇輔^{††}

[†] 同志社大学工学部 ^{††} 同志社大学大学院

1 はじめに

遺伝的アルゴリズム (以下, GA) のモデルの1つである分散母集団 GA (以下, 分散 GA) は母集団を幾つかのサブ母集団 (島) に分割し, 並行して GA を行うことによって初期収束問題を回避し, 解品質を向上させることができるという利点を持つ. しかし島数や島内の多様性を維持するための移住という新しいオペレータのための設定等, 多くのパラメータ設定を要する複雑なモデルである. 本研究では新しい分散 GA モデルの一つである 2 個体分散遺伝的アルゴリズム (以下, 2 個体 DGA) を提案する. 提案するモデルでは分散 GA における島数と解探索の関係から, より効率の良い探索を実現する事が可能である.

2 分散遺伝的アルゴリズム

分散 GA は並列 GA の一つである. 通常の GA (以下, SGA) では 1 つの母集団で試行を行うが, 並列分散 GA では母集団をいくつかのサブ母集団に分割し, それぞれのプロセッサで並列に試行を行う. サブ母集団内の多様性の維持のためにサブ母集団間では一定間隔で解交換 (移住) が行われる. これにより GA の問題の一つである初期収束が回避され, 1 プロセッサ上においても SGA よりも解探索能力が向上することが確認されている [1].

3 2 個体分散遺伝的アルゴリズム

本研究では新しく 2 個体 DGA を提案する. これは 1 島あたりの個体数を 2 個体とし, GA オペレータのいくつかを 2 個体用に特化したものである. これにより, 少なくとも GA の欠点の一つである複雑なパラメータ設定を減らすことが出来る.

2 個体 DGA におけるオペレータおよびパラメータ設定は一般の分散 GA とは幾つか異なる. 交叉率, 移住率は 2 個体であるためそれぞれ 1.0 と 0.5 に決定する. 選択オペレータは 2 個体であることに注意しなければすぐに多様性を失う. 今回は島内における N 世代

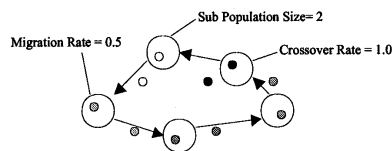


図 1: 2 個体分散 GA

と N+1 世代の優秀な個体をそれぞれ 1 個体選択する手法を用いた*.

4 数値計算

実際に問題に適用して 2 個体 DGA の解探索能力を調べる. 問題として, 次に示すいくつかの連続関数を用いた.

4.1 対象問題

対象問題として異なる性質を持つ 4 つの連続関数を用いた. コーディングはグレイコーディングを用いる. なお総個体数は 240 個体, 終了条件は 5000 世代とした.

F1	200bit 20D Rastrigin
F2	50bit 5D Rosenbrock
F3	100bit 10D Griewank
F4	100bit 10D Ridge

4.2 分散 GA における島数と個体数の関係

分散 GA では SGA には無かった幾つかのパラメータが増加した. 島数もその一つである. 島数は分散 GA の解探索能力に大きな影響を与えるパラメータである. このパラメータも関数依存であり, 一概に最適な個体数・島数は存在しないと考えられている. しかし, F1 ~ F4 の関数をそれぞれ 24, 12, 8, 4 島の分散 GA で解いた結果, ある傾向が見られた.

図 2 は真の解発見率および評価計算回数の点から見た島数ごとの解探索能力を示すグラフである (なお, 比較を目的としているため図中に座標は入れていない). 左のグラフは 20 試行中における真の解発見率を示しており, 高いほど解の信頼性が高いと言える. 右のグラフは真の解を発見したときに要した評価計算回数を示しており, 少ない評価計算回数であるほど効率の良

* これは一見すると CHC と同様の選択方法であるが, 一般の分散 GA におけるエリート保存戦略を 2 個体 DGA 用に適用したものである

Dual Chromosome Distributed Genetic Algorithm

- [†] Tomoyuki HIROYASU (tomo@is.doshisha.ac.jp)
[†] Mitsunori MIKI (mmiki@mail.doshisha.ac.jp)
[†] Masahiro HAMASAKI (tg0012@mail4.doshisha.ac.jp)
^{††} Yusuke TANIMURA (tanisuke@mikilab.doshisha.ac.jp)
 Department of Knowledge Engineering and Computer Science, Doshisha University ([†])
 Graduated School of Knowledge Engineering and Computer Science, Doshisha University (^{††})

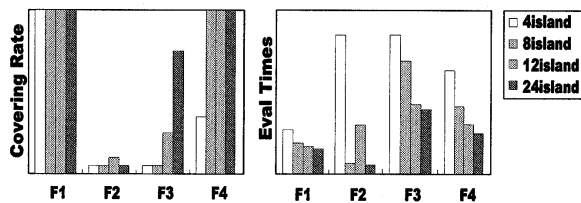


図 2: 島数と最適解発見率

い探索を行っているといえる。グラフから、どの問題においても島数の増加は解発見率を高め、必要な評価計算回数を減らしていることがわかる。つまり島数というパラメータは関数に依存せず、より多い方が良いという傾向が見られた。

4.3 計算結果 1(2 個体 DGA の解探索能力)

2 個体 DGA の性能を検証する。数値計算結果は図 3 のようになった。左のグラフは真の解発見率を示し、右のグラフは真の最適解を発見するのに要した評価計算回数を示す。

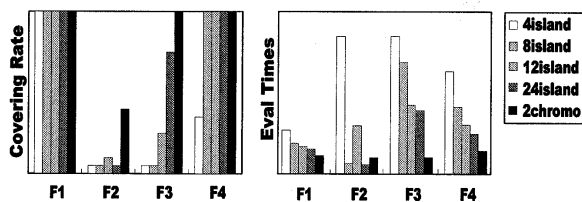


図 3: 2 個体 DGA の解探索能力

真の解発見率、評価計算回数ともに 2 個体 DGA はほぼ最適な結果を出している。特に GA 困難とされている F2(5D Rosenbrock 関数)に関しては、他のモデルと比較して非常に良い結果を出している。

4.4 計算結果 2(解精度と世代の関係)

2 個体 GA における解探索過程を知るために、最適解の世代ごと推移を調べた。F1(20D Rastrigin 関数)における 250 世代までの経過を図 4 に示す。グラフから島数が多いほど初期における解探索能力が低く、2 個体 GA においてはその傾向が特に顕著であることがわかる。しかし計算結果 1 をふまえて考えると、これは多様性の維持によって過剰な初期収束を回避している結果とも考えられる。このような傾向は今回試行に用いた関数全てに言えることであった。

4.5 計算結果 3(多様性の維持)

2 個体の解探索が一般の島モデルと比較して遅いという結果は、より多様性が維持されているためと考えた。これについて検証を行う。GA における個体の多様性を測る手法として、今回は世代における最適解と

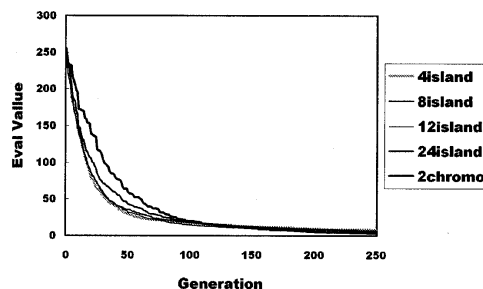


図 4: F1: 解精度と世代

全個体とのハミング距離の平均を用いた。結果を図 5 に示す。

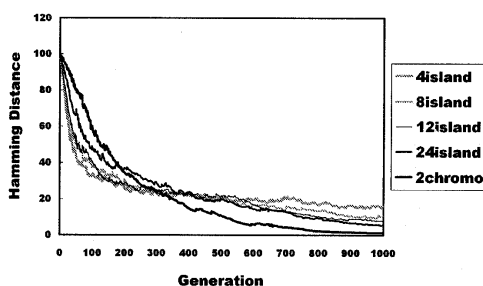


図 5: F1: ハミング距離

島数が多いほど個体数全体と最適解のハミング距離平均の減少は緩やかであり、かつ最終的な収束値は小さい。この傾向も全ての問題において言えることである。このことから、分散 GA は島数の増加によって探索初期における多様性の維持を可能にし、過剰な初期収束現象を回避する事が出来る。同時に島内の少ない個体数が強力な収束を起こして終盤での最適解付近の局所的探索を可能にする。今回提案した 2 個体 DGA はこの特性が極めて強化されたモデルであると言える。

5 結論

本研究では分散 GA のモデルの 1 つである 2 個体 DGA モデルを提案した。2 個体 DGA は分散 GA と比較して解探索能力は向上しており、GA として十分有効なモデルといえる。特に多くの複雑なパラメータ設定を削減できた事は大きな利点であるといえる。

参考文献

- [1] 三木光範・金子美華『分散 GA における解探索能力』(人工知能学会全国大会, 1999)
- [2] 島中一幸『分割母集団 GA における移住間隔の最適化』(日本機械学会, 1999)
- [3] 坂和正敏『遺伝的アルゴリズム』(朝倉書店, 1995)