

拡張分散遺伝的アルゴリズム -MGG の検討と BCX の導入-

森 隆史

1 はじめに

遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithm : GA) は、探索序盤に他の個体と比較して適合度が極端に高い個体が存在すると、その個体は母集団内に急速に広がり、母集団の多様性が失われ、局所解に陥ってしまうことがある。この現象は、特に早熟収束と呼ばれる。この問題を解決するには、母集団内の多様性の維持が重要である。母集団内の多様性を維持する手法の 1 つに分散遺伝的アルゴリズム (Distributed Genetic Algorithm : DGA)¹⁾ があり、母集団を分割することで母集団内の多様性を維持している。近年、DGA に関して、対象問題に対する有効性の検討やパラメータの検討²⁾ などを中心に様々な研究がなされている。しかしながら、これらは、DGA の解探索性能を本質的に向上させるものではない。DGA の解探索性能を向上させる場合、特別なメカニズムを組み込むことが重要であると考えられる。

本研究では、単一母集団 GA において有効な世代交代モデル¹である Minimal Generation Gap (MGG) の適用を考える。本研究では、DGA に MGG を適用した計算モデルの有効性を検討する。また、その結果をもとに、DGA に特化した MGG の拡張モデルを提案し、その有効性についても検討する。

2 DGA における MGG の有効性の検討

本節では、DGA に MGG を適用し (以後、DGA+MGG と称す)、その有効性について検討する。MGG は、単一母集団 GA において、母集団の多様性維持、および形質遺伝²⁾に優れた世代交代モデルである。1 度の世代交代で更新する個体数を最小にすることで母集団の多様性を維持する。また、同じ親個体から複数の子個体を生成するため、形質遺伝にも優れている。そこで、DGA+MGG と DGA、および MGG の解探索性能の比較を行う。

対象問題は、10 次元の設計変数間に依存関係のない Rastrigin 関数と、依存関係のある Griewank 関数であり、主要な実験パラメータは、個体数 100、DGA+MGG と DGA におけるサブ母集団数を 10、DGA+MGG と MGG における交叉回数を 50 とした。

Fig. 1 に DGA+MGG、DGA、および MGG の解探

索履歴を示す。グラフの縦軸は関数評価値を、横軸は評価計算回数を示しており、対象問題が最小化問題であるため、縦軸の値が小さいほど最適解に近づいている。なお、結果は、100 試行の中央値である。

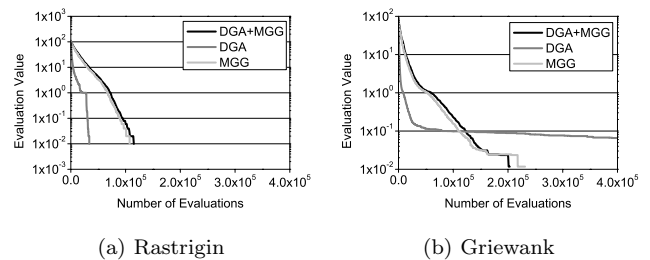


Fig. 1 History of evaluation value

これらの結果から、DGA+MGG は、DGA と比較して最適解を発見するのに多くの評価計算を要する。しかし、Griewank 関数に注目すると、DGA は最適解を発見することができない。

また、DGA+MGG は、評価計算回数が増大するが、DGA では最適解を発見できない問題に有効であるといえる。しかしながら、DGA+MGG と MGG の解探索性能に大きな違いはない。これは、DGA の解探索のメカニズムがうまく反映されていないためと考えられる。DGA は、各サブ母集団で発見された部分解を組み合わせることで解探索を行う。そのためには、各サブ母集団が異なる 1 つの解に収束することが重要となる。MGG を適用すると、各サブ母集団で多様性が維持され、個体の分布が類似することで、解探索の傾向も類似し、同一の 1 つの解に収束すると考えられる。

そのため、有効に部分解を組み合わせられない。このことから、解探索性能の向上を求めた計算モデルとして、MGG を DGA に適用する意味はないといえる。そのため、DGA に MGG を適用する場合、従来の MGG ではなく、DGA の解探索性能が向上する特殊な MGG を適用する必要がある。

なお、これらの結果から、単一母集団 GA において有効な手法が、DGA において必ずしも有効ではないことが確認できた。

3 DGA への特殊な MGG の適用

MGG の形質遺伝のメカニズムに注目し、DGA の特化した特殊な MGG を考案する。本節では、特殊な

¹母集団から複数の個体を選択する複製選択、次世代に生き残る個体を選択する生存選択を規定する³⁾

²親個体の良好な性質を子個体に受け継ぐこと

MGG として最良組み合わせ交叉 (Best Combinatorial Crossover : BCX)⁴⁾ を DGA に適用した計算モデル (以後, DGA+BCX と称す) を提案する。

3.1 最良組み合わせ交叉

三木らによって提案された BCX は, 1 点交叉により生成され得る全ての子個体候補³⁾を評価し, その中から最も適合度の高い 2 個体の子個体として選択する。したがって, 確率的な要因によらず, もっとも適合度の高い子個体の生成が可能となる。そのため, 親個体の持つ染色体のうち, もっとも有効な部分を受け継ぐことができる。Fig. 2 に BCX の概念図を示す。

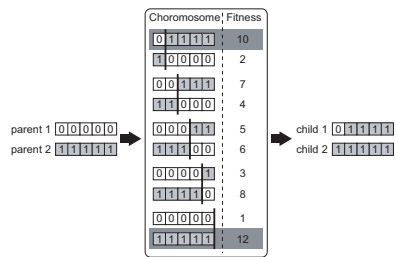


Fig. 2 Best Combinatorial Crossover (BCX)

なお, BCX は, 従来の MGG とは異なり, 全ての個体が世代交代の対象となる。

3.2 DGA+BCX の有効性の検討

本節では, DGA+BCX の有効性を検討するため, DGA との解探索性能の比較を行う。

対象問題は 10 次元の Rastrigin 関数, Schwefel 関数, Griewank 関数, Ridge 関数, Rosenbrock 関数である。

主要な実験パラメータは, DGA+BCX は個体数を 200, サブ母集団数を 20 とし, DGA は個体数を 400, サブ母集団数を 40 とした。なお, これらのパラメータは予備実験²⁾により得られた推奨値である。

Table 1 に最適解を発見するのに要した評価計算回数を示す。なお, 表中の括弧内の値は 100 試行中の最適解発見回数を示す。

Table 1 Number of evaluations

	DGA+BCX	DGA
Rastrigin	97,157 (100/100)	37,776 (100/100)
Schwefel	89,971 (100/100)	32,480 (100/100)
Griewank	214,151 (79/100)	231,848 (29/100)
Ridge	278,854 (100/100)	152,360 (100/100)
Rosenbrock	- (0/100)	44,400 (1/100)

これらの結果から, DGA の方が少ない評価計算回数で最適解を発見することができる。しかし, Griewank 関数の最適解発見回数に注目すると, DGA よりも DGA+BCX の方が多い。

³⁾重複する子個体候補は生成しない

また, DGA+BCX と DGA+MGG の解探索性能の比較を行った結果, 最適解発見回数はほぼ同等であり, 最適解を発見するのに要する評価計算回数は, DGA+BCX の方が少なかった。

このようなことから, DGA に BCX を組み込んだ DGA+BCX は, 非常に有効な手法といえる。

4 結論

本研究では, 本質的な DGA の解探索性能の向上を目的として, DGA+BCX の検討を行った。

まず, DGA に MGG を適用したモデルについて検討を行った。その結果, DGA+MGG は単一母集団での MGG と比較して, 解探索性能が向上しないことが確認された。そのため, DGA に MGG を適用するのは, 解探索性能の向上を求めた計算モデルとして, 意味が無い。また, MGG が単一母集団 GA において有効であることから, 単一母集団 GA において有効な手法が, DGA において必ずしも有効ではないことが確認できた。

このことから, DGA に MGG を適用する場合, DGA の解探索性能を向上させる特殊な MGG を組み込む必要がある。そこで, 特殊な MGG として BCX を適用した DGA+BCX を提案し, DGA, および DGA+MGG との比較, 検討を行った。その結果, DGA+BCX は, 最適解発見回数に関して, DGA よりも多く, DGA+MGG とほぼ同等であった。また, 最適解の発見に要する評価計算回数については, DGA+BCX の方が DGA+MGG よりも少なかった。このようなことから, DGA+BCX は良好な計算モデルであるといえる。今後, 様々なパラメータについて検討を行うことで, さらに DGA+BCX の解探索能力を向上させることが可能であると考えられる。

参考文献

- 1) Reiko Tanese. Distributed Genetic Algorithms. Proceedings of the Third 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) 佐藤浩, 小野功, 小林重信. 遺伝的アルゴリズムにおける世代交代モデルの提案と評価. 人工知能学会誌, Vol. 12, No. 5, pp. 734-743, 1996.
- 4) 三木光範, 廣安知之, 吉田純一, 大向一輝. 分散遺伝的アルゴリズムのための新しい交叉法. 電子情報通信学会技術研究報告, Vol. 100, No. 89, pp.41-48, 2000.