

分散確率モデル遺伝的アルゴリズムの分散の増幅率に関する検討
下坂久司

1 分散確率モデル遺伝的アルゴリズム

本研究では、確率分布のモデル構築の際に、主成分分析 (Principal Component Analysis:PCA) を用いて個体群の分布を変換する、新しい実数型確率モデル遺伝的アルゴリズムを提案している。PCA 変換を用いることにより、多変量の設計変数間の依存関係を考慮した確率モデルを構築し、新しい個体を生成することができる。これにより、従来の GA では解くことの難しい設計変数に依存関係のある問題も、効果的に解くことができることを期待できる。一方、提案する PMBGA の欠点の一つとして、分布の推定に正規分布を用いることによる、母集団の多様性の喪失が挙げられる。そのため探索が局所解に陥る可能性がある。それを避けるために、本研究では提案した PCA 変換を用いた PMBGA に分散遺伝的アルゴリズムを適用し、島ごとに PMBGA を適用する。このモデルを、分散確率モデル遺伝的アルゴリズム (Distributed PMBGA:DPMBGA) と呼ぶ。

2 分散確率モデル遺伝的アルゴリズムの問題点

従来 DPMBGA では、半数の島で PCA 変換を行わない環境分散モデルが、対象問題に依らないロバストな探索を行う上で良いとされてきた。これは、特に設計変数間に依存関係のない多峰性関数において、PCA が有効に機能せず、逆に PCA 変換を行わないモデルが有効に機能していたためである。PCA 変換が有効に機能しない原因として、次の 2 点が報告されている。

- 母集団の多様性の喪失
- アーカイブ更新頻度の減少

3 数値実験

数値実験では、従来 PCA 変換が有効に機能しないとされてきた Rastrigin 関数に対し、DPMBGA の重要なパラメータである分散の増幅率を変化させることによって、解探索性能がどのように変化するかを検討する。検討には、20 次元の Rastrigin 関数に対して、1.5 から 2.5 まで、0.1 ずつ分散の増幅率 (Amp. of Variance) を変化させ、終了条件 (10000 世代) 内に最適解が発見できた回数を比較する。DPMBGA は 8 島 128 個体であり、全ての島で PCA 変換を行うモデル (with PCA)、全ての

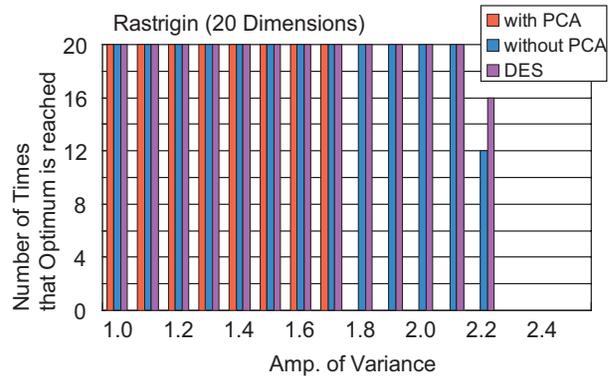


Fig. 1 Number of Times when Optimum is reached. (Rastrigin)

島で PCA 変換を行わないモデル (without PCA)、半数の島で PCA を行うモデル (DES) の 3 つに適用する。

Fig. 1 に結果を示す。PCA ありモデルの結果より、分散の増幅率が 1.7 以下であれば、Rastrigin 関数において PCA ありモデルも良好な解探索性能を示すことがわかる。逆に、PCA なしモデルは、分散の増幅率が 2.2 の場合、解探索性能が減少し、2.3 以上では PCA ありモデルと同様に最適解を一度も発見できない。このことは、分散の増幅率が大きすぎる場合、母集団が収束しないために最適解が発見できていないと考えられる。PCA ありモデルが PCA なしモデルに比べ、低い分散の増幅率で母集団が収束しないのは、アーカイブを用いた DPMBGA では PCA 変換を行う方が多様性が維持されるためだと考えられる。

4 環境分散効果に関する検討

数値実験より、環境分散モデルの効果を検討すると、PCA ありモデルと PCA なしモデルの環境分散は、有効な分散の増幅率の範囲を、どちらか一方のものより広げる効果があると考えられる。本実験では、特に Rastrigin 関数において、PCA ありモデルと比較し、有効な分散の増幅率の上限を PCA なしモデルと同等の範囲に広がるということがわかった。同様の傾向は、Schwefel, Ridge 関数にも見られることがわかっている。一方で Rosenbrock, Griewank 関数に関しては、環境分散による、探索に有効な島数の減少が探索に影響し、同様の結果を得ておらず、今後検討が必要である。