

最良組み合わせ交叉に対する染色体長の影響

The Influence of Chromosome Length on Best Combinatorial Crossover

森 隆史

Takashi MORI

Abstract: This study incorporates a special mechanism in Distributed Genetic Algorithm (DGA), to improve its performance. First, we incorporate Minimal Generation Gap (MGG) in DGA and examine the validity. As a result, the almost same performance for searching solution as the case that MGG is incorporated in single population GA was shown. Therefore, when MGG was incorporated in DGA, it had to be made MGG which specialized in DGA. Then, the Best Combinatorial Crossover (BCX) as special MGG was incorporated in DGA, and the validity was examined. As a result, if the chromosome length was shorter, it was found that BCX in DGA was an effective algorithm. But, if the chromosome length was longer, BCX in DGA was not an effective algorithm.

1 はじめに

近年、最適化問題が多様化、複雑化してきている。そういった問題を解く最適化手法として遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithms : GA) がある。GA は、様々な問題に対し有効な最適化手法の 1 つである。しかしながら、GA には、早熟収束¹による局所解への収束や高い計算負荷といった問題点がある。そのような問題を解決する手法として分散遺伝的アルゴリズム (Distributed Genetic Algorithms : DGA) が提案されている¹⁾。DGA は計算モデルとしても従来の GA と比較して、良好な性能を示すことが報告されている²⁾。

DGA のパラメータに関する研究はすでになされている⁴⁾。そのため、DGA の探索性能をさらに向上させるためには、DGA に特別なメカニズムを組み込む必要があると考えられる。本論文では、特別なメカニズムとして DGA に特化した世代交代モデルを考える。世代交代モデルとは、母集団から複数の個体を選択する複製選択、および次世代に生き残る個体を選択する生存選択を規定するものである³⁾。本論文では、単一母集団 GA において多様性維持に優れた世代交代モデルである Minimal Generation Gap (MGG)³⁾ を DGA に組み込み、検討を行う。その結果をもとに DGA に特化した特殊な MGG について述べ、これを組み込んだ DGA について検討する。

2 Minimal Generation Gap (MGG)³⁾

佐藤らによって提案された世代交代モデルである。MGG における生存選択と複製選択は以下のとおりである。

¹探索序盤において、他の個体と比較して極端に適合度が高い個体が存在した場合、その個体が母集団内に急速に広がる現象。この現象によって、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。

- 複製選択
適合度を無視し、母集団の中からランダムに 2 個体を非復元抽出する。
- 生存選択
複製選択によって選択された 2 個体とその 2 個体から生成された子個体の中から、最良 1 個体とランキングルーレット選択により 1 個体を選択する。

MGG の概念図を Fig. 1 に示す。

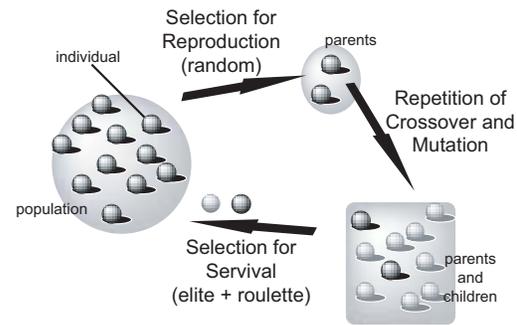


Fig. 1 Minimal Generation Gap (MGG)

MGG では、母集団の初期化を行った後、複製選択、子個体の生成、生存選択を終了条件を満たすまで繰り返す。子個体の生成は、複製選択により選択された個体から、同一の親個体ペアに交叉を適用し、あらかじめ設定された生成個体数だけの子個体を生成する。また、それらに対し、突然変異を適用する。

MGG では、ランダムに選ばれた 2 個体が世代交代の対象となるので、探索序盤での選択圧が下がり、初期収束が起りにくい。探索後半においても、生存選択が最良 1 個体と確率的に 1 個体を選択するため、母集団の多様性が維持され、進化的停滞²を回避することができる。

²母集団の多様性が失われ、それ以上探索が進まなくなる現象。

また、同じ親個体から複数の子個体を生成し、その中から良好な2個体を選択することで、良好な親個体の特徴を確実に子個体に継承すると考えられる。このような良好な親個体の特徴が子個体に継承されることを形質遺伝という³⁾。

3 分散遺伝的アルゴリズム (DGA) への MGG の適用

これまでに分散遺伝的アルゴリズム (DGA) が、単一母集団 GA と比較して良好な計算モデルであることが報告されている²⁾。DGA についてパラメータの検討⁴⁾などの研究はすでになされている。そのため、さらに DGA の解探索性能を向上させるには、特別なメカニズムを導入する必要がある。

そこで、本章では、すでに単一母集団 GA において sGA よりも有効であると報告されている MGG を DGA に適用し (以後、DGA+MGG と称す)、その有効性を検討する。

3.1 実験概要

DGA+MGG と DGA、および単一母集団 GA に MGG を適用した計算モデル (以後、MGG と称す) の解探索性能の違いについて検討を行う。対象問題は、10 次元の連続関数 (Rastrigin 関数, Schwefel 関数, Griewank 関数, Ridge 関数, Rosenbrock 関数) である。実験に使用したパラメータを Table 1 に示す。

Table 1 DGA+MGG の検討に用いたパラメータ

| パラメータ | 値 | | |
|-----------|---------|-------|--------|
| | DGA+MGG | DGA | MGG |
| 総個体数 | | | 100 |
| サブ母集団数 | | 10 | 1 |
| 個体数/サブ母集団 | | 10 | 100 |
| エリート個体数 | - | 1 | - |
| 移住率 | | 0.5 | - |
| 移住間隔 | | 5 | - |
| 生成個体数 | 100 | - | 100 |
| 染色体長 | | | 100 |
| 交叉手法 | 2点交叉 | | |
| 交叉率 | | | 1.0 |
| 突然変異率 | | | 0.01 |
| 選択手法 | - | ルーレット | - |
| 最大評価計算回数 | | | 1.0e+6 |
| 試行回数 | | | 100 |

3.2 結果と考察

DGA+MMG と DGA、および MGG の Rastrigin 関数, Griewank 関数における解探索履歴を Fig. 2 に示す。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. 2(a) より、Rastrigin 関数において、DGA+MGG、および MGG は DGA と比較して

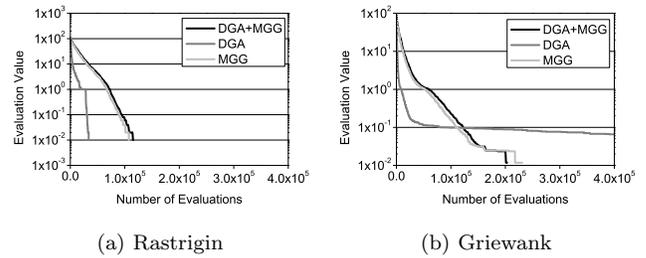


Fig. 2 解探索履歴 (DGA+MGG, DGA, MGG)

最適解を発見するのに多くの評価計算回数を要することが確認できる。Fig. 2(b) より、Griewank 関数では、探索序盤において、DGA は他の2つの手法と比較して良好な解探索性能を示している。しかしながら、探索中盤以降では、DGA+MGG と MGG の方が良好な解探索を行っており、DGA は進化的停滞に陥っている。したがって、DGA+MGG は、最適解を発見するという面で DGA よりも優れているといえる。

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。つまり、並列化できることを除いて MGG を DGA に適用する意味は無いといえる。これは、DGA における解探索性能を向上させる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 では、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、サブ母集団ごとに異なった1つの解に収束させることが重要である。DGA に MGG を適用した場合、各サブ母集団で多様性が維持される。そのため、全てのサブ母集団の個体の分布が類似しており、その解探索の傾向も類似すると考えられる。したがって、全てのサブ母集団は同一の1つの解に収束し、有効に部分解を組み合わせることができない。このようなことから、DGA に MGG を適用する場合、従来の MGG ではなく、DGA に特化した MGG を適用する必要があるといえる。

また、本実験結果から単一母集団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された。

4 最良組み合わせ交叉

DGA では、移住により部分解を組み合わせることで解探索を行う。そこで、効率的に部分解を生成するための交叉法として、最良組み合わせ交叉 (Best Combinatorial Crossover: BCX) を紹介する。

BCX では、1点交叉により生成され得る全ての子個体候補を評価し、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、2つの親個体から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. 3にBCXの概念図を示す．

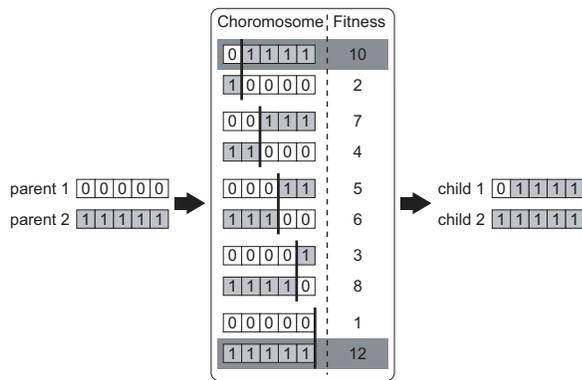


Fig. 3 最良組み合わせ交叉 (BCX)

しかしながら，両親の染色体に共通部分が多い場合，全ビット間で交叉を行っても重複する子個体候補が大量に生成されることになり，無駄な評価を何度も行うことになる．そこでBCXでは，重複する子個体候補は生成しないようにしている．

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．

4.1 DGAにおけるBCXの有効性の検討

DGAにBCXを適用した計算モデル(以後，DGA+BCXと称す)の有効性を検討するため，DGA+BCX，およびDGA+MGGに予備実験より求められた最適なパラメータを適用し，またDGAにも適切なパラメータ⁴⁾を適用し，解探索性能の比較を行った．

4.1.1 実験概要

DGA+BCXとDGA，およびDGA+MGGの解探索性能の比較，および検討を行う．対象問題は，前実験と同様の10次元の連続関数である．実験に使用したパラメータをTable 3に示す．

Table 2 DGA+BCXの検討に用いたパラメータ

| パラメータ | 値 | | |
|-----------|---------|--------|---------|
| | DGA+BCX | DGA | DGA+MGG |
| 総個体数 | 200 | 400 | 200 |
| サブ母集団数 | 20 | 40 | 20 |
| 個体数/サブ母集団 | | | 10 |
| エリート個体数 | | 1 | - |
| 移住率 | | | 0.5 |
| 移住間隔 | | | 5 |
| 生成個体数 | | - | 100 |
| 染色体長 | | | 100 |
| 交叉手法 | BCX | 2点交叉 | |
| 交叉率 | | | 1.0 |
| 突然変異率 | | | 0.01 |
| 選択手法 | ルーレット | トーナメント | - |
| 最大評価計算回数 | | | 1.0e+6 |
| 試行回数 | | | 100 |

4.1.2 結果と考察

DGA+BCXとDGA，およびDGA+MGGの解探索履歴をFig. 4に示す．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．

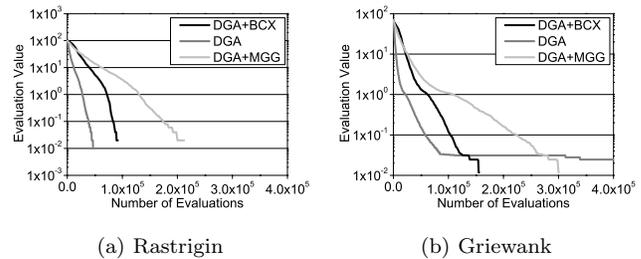


Fig. 4 解探索履歴 (DGA+BCX, DGA, DGA+MGG)

Fig. 4(a)より，Rastrigin関数において，DGAがもっとも少ない評価計算回数で最適解を発見しており，DGA+BCXは，DGA+MGGと比較して，最適解の発見に要する評価計算回数は少ないことが確認できる．また，Fig. 4(b)より，Griewank関数において，探索序盤はDGAが良好な解探索を行っているが，探索中盤以降は，DGA+BCX，およびDGA+MGGが良好な探索を行っており，最適解を発見していることが確認できる．また，DGA+BCXとDGA+MGGを比較するとDGA+BCXの方が少ない評価計算回数で最適解を発見している．このようなことから，DGA+BCXは，DGAやDGA+MGGと比較して良好な計算モデルであるといえる．

5 染色体長がBCXの解探索に与える影響

BCXは，すべての遺伝子間で1点交叉を行い，最良2個体を選択する手法であるため，その解探索性能には，染色体長が深く関わってくると考えられる．

前実験では，10次元の連続関数において，1設計変数の染色体長を10としていた．本章では，染色体長がBCXの解探索に与える影響を検討するために，1設計変数の染色体長を20，および30とし，実験を行った．

6 実験概要

染色体長を長くしたときのDGA+BCXとDGA，およびMGGの解探索性能の比較，および検討を行う．対象問題は，前実験と同様の10次元の連続関数である．実験に使用したパラメータをTable 3に示す．

6.0.3 結果と考察

DGA+BCXとDGA，およびMGGの解探索履歴をFig. 5に示す．グラフの縦軸は関数評価値を，横軸は評

Table 3 染色体長の影響の検討に用いたパラメータ

| パラメータ | 値 | | |
|-----------|----------------|--------|-----|
| | DGA+BCX | DGA | MGG |
| 総個体数 | 200 | 400 | 200 |
| サブ母集団数 | 20 | 40 | 1 |
| 個体数/サブ母集団 | 10 | | |
| エリート個体数 | 1 | - | |
| 移住率 | 0.5 | | |
| 移住間隔 | 5 | | |
| 生成個体数 | - | 100 | |
| 染色体長 | 200,300 | | |
| 交叉手法 | BCX | 2点交叉 | |
| 交叉率 | 1.0 | | |
| 突然変異率 | 0.01 | | |
| 選択手法 | ルーレット | トーナメント | - |
| 最大評価計算回数 | 2.0e+6, 4.0e+6 | | |
| 試行回数 | 100 | | |

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 試行の中央値であり、脚注の括弧内の数値は染色体長を示している。また、3 節の実験より、DGA+MGG と MGG の解探索性能は同等であることが確認されている。

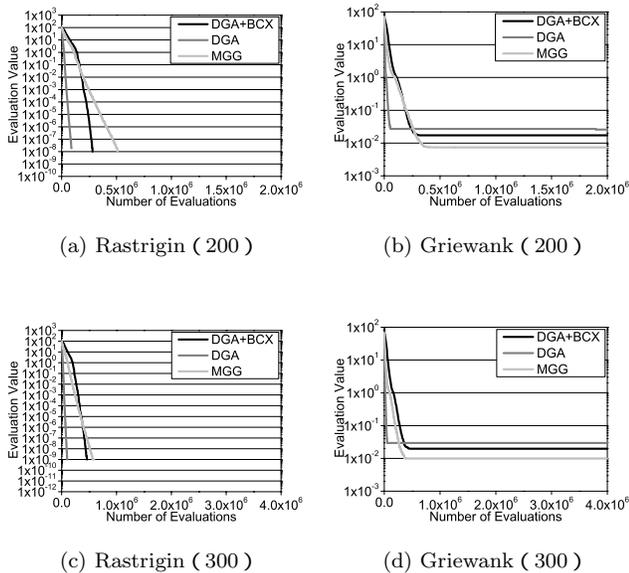


Fig. 5 解探索履歴 (DGA+BCX, DGA, MGG)

Fig. 5(a), および Fig. 5(c) より, Rastrigin 関数において, DGA がもっとも良好な解探索性能を示していることが確認できる。DGA+BCX は, MGG と比較すると良好な解探索性能を示している。したがって, Rastrigin 関数における結果は, 前実験と大きな違いは無いといえる。

Fig. 5(b), および Fig. 5(d) より, Griewank 関数において, 探索序盤は DGA がもっとも良好な解探索を行っていることが確認できる。しかしながら, 最終的に MGG がもっとも最適解に近い値を発見している。DGA+BCX は, DGA と比較すると最適解により近い値を発見してい

るが, MGG には劣っている。前実験では, DGA+BCX がもっとも良好な結果を示していたことから, 染色体長が長くなったことによって, DGA+BCX の解探索性能が他の 2 手法よりも大きく悪化したといえる。したがって, 染色体長を長くする場合, BCX にさらに何らかの工夫を加える必要があると考えられる。

7 まとめ

分散遺伝的アルゴリズム (DGA) に単一母集団 GA において MGG が有効な世代交代モデルであると報告されている Minimal Generation Gap (MGG) を適用した計算モデル (DGA+MGG) について検討を行った。その結果, DGA+MGG と MGG の解探索性能がほぼ同等であることが確認された。この結果をもとに最良組み合わせ交叉 (BCX) を適用した DGA+BCX の解探索性能とその有効性について比較, および検討を行った。

10 次元の連続関数において, 染色体長が短い場合, DGA+BCX は DGA や DGA+MGG と比較して良好な解探索性能を示した。しかしながら, 染色体長を長くすると DGA+BCX では, 大きな解探索性能の劣化が見られた。これは, BCX が全遺伝子間での交叉を行い, 生成されるすべての子個体を評価するという手法であるため, 染色体長が長くなると DGA や MGG と比較して, その影響が大きくなってしまいうためと考えられる。そこで, 染色体長の長い問題を最適化する場合, BCX に何らかの工夫を加える必要があると考えられる。考えられる工夫としては, BCX に 1 点交叉ではなく, 2 点交叉を適用するなどあげられる。

参考文献

- 1) Reiko Tanese. Distributed Genetic Algorithms. Proceedings of the Third International Conference on Genetic Algorithms, pp.434-439, 1989.
- 2) E. Cantú-Paz. A survey of parallel genetic algorithms. *Calculateurs Paralleles, Reseaux et Systems Repartis*, Vol.10, No.2, pp.141-171, 1998.
- 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) 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.SIG10(TOM7), pp.199-217, 2002.