

最良組み合わせ交叉における個体数の影響

森 隆史

1 今回までの課題

染色体長が長い場合における最良組み合わせ交叉 (Best Combinatorial Crossover : BCX) の解探索性能の調査を行った。また、全個体から、複数の子個体を生成し、ある程度確率的に次世代の個体を選択する計算モデルについて検討を行った。

2 BCX に対する染色体長の影響

BCX は、1 点交叉によって生成される全ての個体を評価し、その中から最良の 2 個体を選択する手法であるため、染色体長による影響を大きく受けると考えられる。そこで、染色体長を長くし、解探索性能の検討を行った。対象問題は、Rastrigin 関数、Schwefel 関数、Griewank 関数、Ridge 関数、Rosenbrock 関数である。

DGA の各サブ母集団に BCX を適用したモデル (DGA+BCX) は、通常の DGA と比較すると、多くの試行で最適解を発見できることが確認できた。しかしながら、MGG と比較するとその数は、非常に少なかった。また、最適解の発見に要する評価計算回数が、多すぎるために最適解を発見できないこともあり、あまり良好な結果を示さなかった。

3 世代交代の限定化による影響

多くの実験で BCX と MGG は、全く異なる解探索性能を示した。この違いの原因を考察するため、全個体ペアから複数の子個体を生成し、最良 1 個体とランキングルーレット選択により 1 個体を次世代の個体として選択する計算モデル (以後、MGG(all) と称す) を作成し、MGG、および DGA+BCX との比較を行った。Table 3 に実験に用いた主なパラメータを示す。

Rastrigin 関数と Griewank 関数における結果の解探索履歴を Fig. 1 に示す。なお、グラフは 100 試行の中央値を示している。縦軸は関数評価値を示しており、最小化問題であるため、小さくなるほど良好な解探索性能を示しているといえる。また、Table 2 に 100 試行中の最適解発見回数を示す。

Fig. 1(a) より、Rastrigin 関数では、DGA、DGA+BCX、MGG、MGG(all) の順に良好な解探索性能を示していることが確認できる。しかしながら、Fig. 1(b) より、Griewank 関数では、MGG(all) が最も良好な解探索性能を示していることが確認できる。また、Table 2 より、全ての関数において、MGG(all)

Table 1 パラメータ

総個体数	200(MGG(all),DGA+BCX,MGG) 400(DGA)
鳥数	20(MGG(all),DGA+BCX) 40(DGA),1(MGG)
個体数/鳥	10(MGG(all),DGA+BCX,DGA) 200(MGG)
生成個体数	100(MGG(all),MGG)
設計変数	10
染色体長	200,300
交叉方法	BCX(DGA+BCX) 2 点交叉 (MGG(all),DGA,MGG)
交叉率	1.0
突然変異率	5.0e-3,3.3e-3
移住率	0.5
移住間隔	5
最大評価計算回数	4.0e+6
試行回数	100

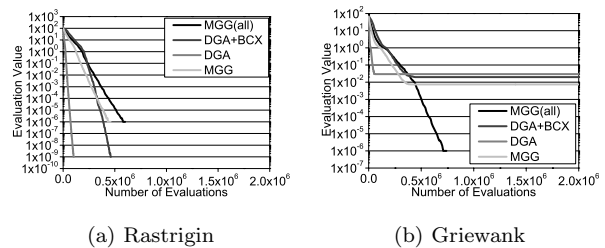


Fig. 1 解探索履歴

Table 2 最適解発見回数

	MGG(all)	DGA+BCX	DGA	MGG
rastrigin	100	100	100	100
schwefel	100	100	100	100
griewank	78	12	4	46
ridge	100	17	100	100
rosenbrock	0	0	0	0

が他の 3 手法と同等、あるいはより多くの試行で最適解を発見していることが確認できる。これらのことから、世代交代は限定するよりも全体的に行う方が、また、選択する子個体は、ある程度確率的に選択する方が良いと考えられる。

4 今後の課題

DGA において、全サブ母集団に BCX を適用すると、あまり良好な解探索性能を示さないことが確認できた。このことから、環境分散 GA のアルゴリズムを用い、BCX を適用するサブ母集団と 2 点交叉を適用するサブ母集団を共存させ、その解探索性能について検討する。