

分散確率モデル遺伝的アルゴリズムにおける解探索能力についての検討

平井 聡

Satoshi HIRAI

1 はじめに

遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithm: GA)¹⁾ は、生物が環境に適応し進化していく過程を工学的に模倣した最適化アルゴリズムである。GA では、効率よく探索を行うためには、母集団の多様性の維持、設計変数間の依存関係の考慮、親の持つ良質な形質を子が受け継ぐといったことが必要である。

分散確率モデル遺伝的アルゴリズム (Distributed Probabilistic Model-building Genetic Algorithm: DPMBGA)⁴⁾ は、多様性を維持するために母集団を複数のサブ母集団に分割した分散遺伝的アルゴリズム (Distributed Genetic Algorithms: DGA)³⁾ に、母集団内の良好な個体を統計情報を用いて新しい個体を生成し、設計変数間の依存関係を考慮することができる確率モデル遺伝的アルゴリズム (Probabilistic Model-building Genetic Algorithm: PMBGA)²⁾ を適応した有効な手法である。しかしながら、DPMBGA では、分散の増幅率、抽出率、アーカイブサイズといった多くのパラメータが必要となり、それらのパラメータは解探索性能に影響する。本報告では、良好な解探索性能を示すパラメータの検討を行う。

2 分散遺伝的アルゴリズム

GA では、母集団の多様性を維持することが良好な解探索を行うために必要である。しかし、探索序盤において、他の個体に比べ極端に適合度の高い個体が存在した場合、その個体は急速に母集団に広がり、多様性が維持できない可能性がある。Tanese により提案された DGA は、GA の母集団を複数の分割母集団 (島) に分割し、各島内で遺伝的操作を行うことにより、多様性の維持を目的とした並列モデルである。

3 確率モデル遺伝的アルゴリズム

PMBGA では、GA と同様にランダムに生成された個体群の中から、良好な解が選択される。選ばれた個体の確立分布に従い、新しい探索点を生成される。こうして生成された新しい探索点は母集団内の個体と置き換えられる。これを終了条件を満たすまで繰り返す。したがって、PMBGA は、GA における交叉による子個体の生成を、良好な個体の確率モデルの構築と、構築したモデルによる新しい探索点の生成とに置き換えたものであると

考えることができる。PMBGA の概要を Fig. 1 に示す。

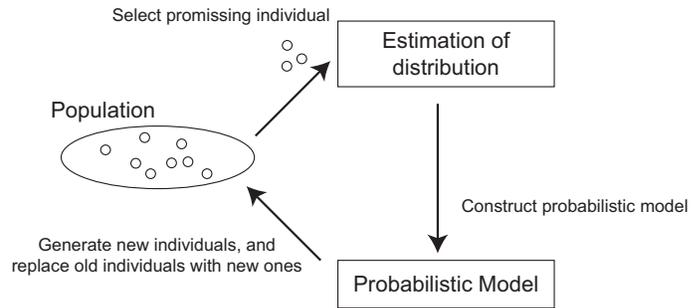


Fig. 1 PMBGA の概要

4 分散確率モデル遺伝的アルゴリズム

DPMBGA では、DGA と同様に母集団を複数の島に分割し、島ごとに PMBGA を実行する。母集団の分割により、多様性が維持され、複雑な問題においても局所解に陥ることなく探索を行うことが期待される。また、確率分布のモデル構築の際に、主成分分析 (PCA) によって個体群の分布を変換する。これにより、設計変数間の依存関係を考慮して子個体を生成することができる。DPMBGA の概要を Fig. 2 に示す。

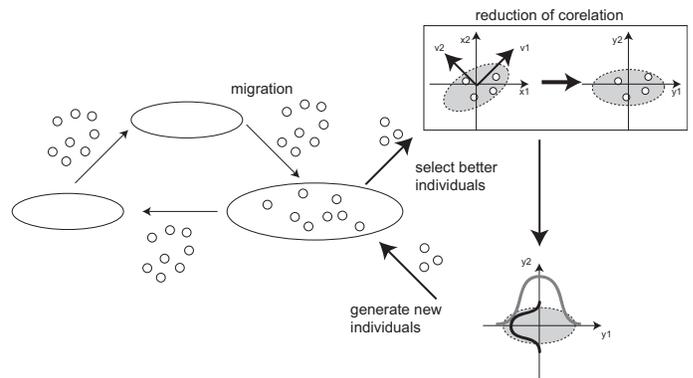


Fig. 2 DPMBGA の概要

5 数値実験

5.1 対象問題

本報告で対象とするテスト関数は、10次元の Rastrigin 関数、Rosenbrock 関数、Griewank 関数、Ridge 関数を

用いた。Rastrigin 関数は設計変数間に依存関係がない多峰性の関数である。Rosenbrock 関数，Ridge 関数は設計変数間に依存関係がある単峰性の関数，Griewank 関数は多峰性の関数である。

5.2 用いたパラメータ

数値実験に用いた DPMBGA のパラメータを Table 1 に示す。

Table 1 Parameters of DPMBGA

Population size	512
Number of islands	32
Number of elite	1
Migration interval	5
Migration rate	0.625
Archive size for PCA	100
Sampling rate	0.25
Amp of Variance	1.0, 1.5, 2.0, 2.5
Mutation rate	$0.1/(\text{Dim. of functions})$

5.3 実験結果

知的システムデザイン研究室が開発した分散遺伝的アルゴリズムのライブラリの一つである ga2k と DPMBGA の解探索性能比較を行う。分散の増幅率のパラメータを 2.0 とし，10 試行の中央値の結果を Fig. 3 に示す。

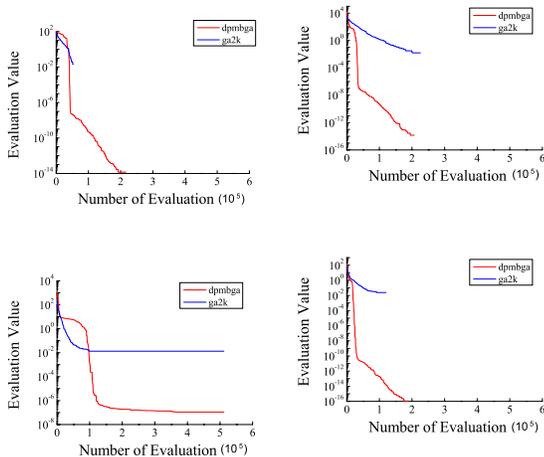


Fig. 3 ga2k と比較した解探索履歴 (左上：Rastrigin 関数，右上：Ridge 関数，左下：Rosenbrock 関数，右下：Griewank 関数)

また，テスト関数において Amp の値を 1.0 から 2.5 まで 0.5 ずつ変化させた際の解探索履歴を比較する。Fig. 4 に各テスト関数における解探索履歴の比較を行った結果を示す。

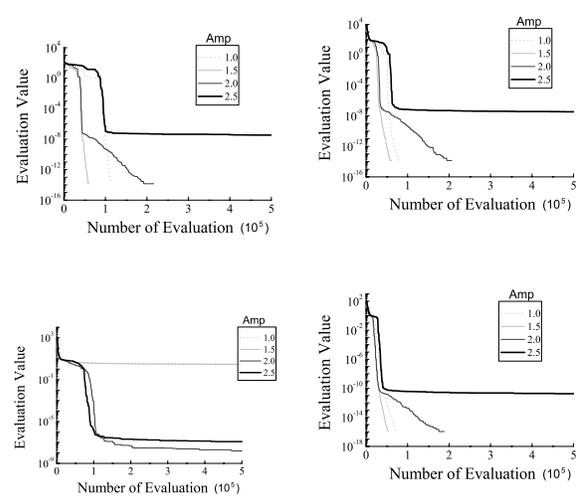


Fig. 4 増幅率を変化させたときの解探索履歴 (左上：Rastrigin 関数，右上：Ridge 関数，左下：Rosenbrock 関数，右下：Griewank 関数)

実験結果より，Rastrigin 関数，Ridge 関数，Griewank 関数においては，分散の増幅率は 1.5 のとき，最も良好な解探索履歴を示すことがわかった。しかし，Rosenbrock 関数においては，増幅率 2.0 が良好な値であることがわかった。

6 まとめ

本報告では，DPMBGA を実装し，分散の増幅率のパラメータ検討を行った。検討を行ったパラメータは，分散の増幅率である。4 つのテスト関数を用い，増幅率の値を変更し実験を行った結果，問題により増幅率の最適値は異なるが，1.5 から 2.0 までが良好な解探索履歴を示すことができることがわかった。

参考文献

- 1) D.E.Goldberg. Genetic Algorithms in Search, Optimization, and Machine Learning. Addison-Wesley 1989.
- 2) Pelikan, M., Goldberg, D.E. and Lobo, F A Survey of Optimization by Building and Using Probabilistic Models. Technical Report 99018 1999.
- 3) Reiko Tanese. Distributed Genetic Algorithms, Proceedings of the Third International Conference on Genetic Algorithms.
- 4) 廣安知之，三木光範，下坂久司，佐野正樹，筒井茂義. 分散確率モデル遺伝的アルゴリズム. 情報処理学会論文誌 2004.