

2 個体分散遺伝的アルゴリズム

廣安知之*・三木光範*・佐野正樹**
谷村勇輔**・濱崎雅弘***

Dual Individual Distributed Genetic Algorithm

Tomoyuki HIROYASU*, Mitsunori MIKI*, Masaki SANO**,
Yusuke TANIMURA** and Masahiro HAMASAKI***

This paper describes a new model of distributed genetic algorithm, "Dual Individual genetic algorithms: Dual DGA". In this algorithm, the subpopulation size is two. The specialized genetic operators which keep the diversity of the solutions and contribute the high searching ability are performed in each subpopulation (island). The advantage of this model is that this algorithm has fewer parameters that need to be specified than the traditional distributed genetic algorithm (DGA) has. Through the numerical example, it became cleared that Dual DGA has a higher searching ability compared to the traditional DGA. It is also inferred that the searching method of Dual DGA is different from that of fine-grained model, even when there are two individuals in each island.

Key Words: heuristic optimization, genetic algorithms, distributed genetic algorithm, parallel computing

1. 序論

遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithm : GA) は、生物の進化を模倣した確率的な最適化手法である¹⁾。GA は、目的関数の勾配情報を使用せず、離散問題にも適用できるためその適用範囲は広い。その反面、多点探索であり、膨大な反復計算を必要とするため計算コストが高い。

このため、GA の並列処理に関しては、多くの研究がなされてきた²⁾。並列実装の方法の代表的なものとしては、細粒度の並列 GA (fine-grained parallel GA) と、粗粒度の並列 GA (coarse-grained parallel GA) が挙げられる。細粒度の並列 GA に属する主なモデルは近傍モデル³⁾である。近傍モデルでは、個体の近傍を定義して局所的な操作を繰り返す。粗粒度の並列 GA に属する主なモデルは島モデルである。島モデルでは、個体の母集団を複数のサブ母集団 (島) に分割して GA を適用する。一定世代ごとに島間で個体の交換 (移住) を行う。島モデルは分散遺伝的アルゴリズム (Distributed Genetic Algorithm : DGA) とも呼ばれる。DGA に類似したモデルに、階層分散構造を用い

た遺伝的アルゴリズム (Hierarchical Distributed Structure Genetic Algorithm : HDSGA) がある⁴⁾。HDSGA では、サブ母集団は移住方法の異なる階層構造にしたがって配置される。これにより、母集団の多様性と一様性が協調し、大域的な探索と局所的な探索との両方を行うことが可能である。また、DGA と同じく遺伝的操作の適用範囲が限定されているモデルに、MGG (Minimal Generation Gap) がある^{5), 6)}。MGG では、母集団から取り出した 2 つの個体を元に新しい個体を生成し、その中から選択した 2 個体を母集団に戻す、という操作を繰り返す。世代交代の対象を限定することで、母集団の多様性を維持しながら探索を行うことができる。

DGA は通常の単一母集団モデルと比較して、並列化によって計算時間を短縮できるだけでなく、より適合度の高い解の発見が可能であることが報告されている^{7), 8)}。しかし、サブ母集団間で移住という個体の交換を行うため、島数、移住の頻度、移住個体の数などを決定する必要があり、単一母集団モデルと比較して設定すべきパラメータが多いという欠点がある。また、後述するように、島数を多くすると解探索性能が向上する傾向がある。

本研究では、DGA の拡張モデルである 2 個体分散遺伝的アルゴリズム (Dual Individual Distributed Genetic Algorithm : Dual DGA) を提案する。Dual DGA は、DGA においてサブ母集団の個体数を 2 とし、その個体数に適した遺伝的オペレータを適用したものである。Dual DGA は DGA と比較して、特定しなければならないパラメータが少

* 同志社大学工学部

** 同志社大学大学院工学研究科

*** 総合研究大学院大学数物科学研究科

* Department of Engineering, Doshisha University

** Graduate School of Engineering, Doshisha University

*** Department of Informatics, Graduate University for Advanced Studies

(Received March 11, 2002)

(Revised September 3, 2002)

なく、かつその解探索能力が優れている。また、個体の母集団が非常に細かく分割されているが、近傍モデルとは異なる探索を行うモデルであると推測される。

提案する Dual DGA は、主に拡張の基になっている DGA との解探索性能の比較、および、解探索過程の検討を数値計算例を通じて検討している。

2. 遺伝的アルゴリズムと並列モデル

2.1 遺伝的アルゴリズムの概要

GA の概要は、以下の通りである。まず、個体の母集団 (population) を生成する。各個体は、ビット列として表現され、環境に対する適合度 (fitness) が設定される。そして、この初期母集団に対し、(1) 適合度の高い個体が増殖して生き残るようにする選択 (selection)、(2) ある個体の一部を別の個体の一部と入れ替えて新しい個体を生成する交叉 (crossover)、(3) 個体の一部を変化させる突然変異 (mutation)、という操作を繰り返し適用する。これにより、解の候補としての個体が成長し、より適合度の高い個体すなわち最適解に近い個体が増えていくことが期待される。また、上記の選択、交叉、突然変異を総称して遺伝的操作 (genetic operator) といい、遺伝的操作の繰り返し単位を、世代 (generation) という。

2.2 遺伝的アルゴリズムの並列モデル

GA の代表的な並列モデルとしては、マスタースレーブモデル、近傍モデル、分散 GA (DGA) が挙げられる。以下では、それぞれのモデルの概要を説明する。

マスタースレーブモデルでは、適合度評価の計算のみを並列化する。マスターノードは母集団に選択・交叉・突然変異を適用し、適合度の計算は複数のスレーブノードが行う。よって、適合度評価の時にのみ通信が発生する。計算時間全体に占める適合度評価に要する時間の割合が高いほど、並列化効率が高くなる。マスタースレーブモデルは、解探索のモデルとしては、通常の逐次型の GA に等しい。

近傍モデル (neighborhood model) は、並列実装の方法としては細粒度の並列 GA (fine-grained parallel GA、以下 FG と呼ぶ) に属する (Fig. 1)。このモデルでは、可動範囲 (range または mobility) によって各個体の近傍 (neighborhood) が定義され、その近傍内で選択や交叉を行う^{3), 9)}。各個体の近傍の一部は、他の個体の近傍の一部と重なり合っており、それぞれの個体の及ぼす影響は次第に個体集団内に波及していく。

DGA は、島モデル (island model) とも呼ばれ、並列実装の方法としては粗粒度の並列 GA (coarse-grained parallel GA) に属する (Fig. 2)。このモデルでは、個体の母集団を複数のサブ母集団 (島) に分割し、島ごとに独立した遺伝的操作を適用する^{7), 10), 11)}。また、ある世代間隔で島間で個体の交換を行う。これを移住 (migration) という。移住を行う世代間隔を移住間隔 (migration interval) といい、島内の個体数に対する移住個体数の割合を移住率 (migration

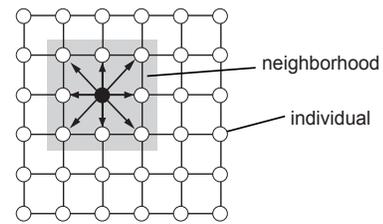


Fig. 1 Neighborhood model

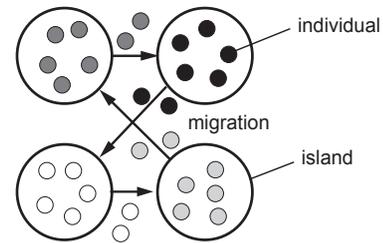


Fig. 2 Distributed GA

rate) という。

なお、上記のような並列モデルに対し、母集団を分割せずに遺伝的操作を実行するモデルを、本論文では単一母集団 GA (single population GA : SPGA) と呼ぶことにする。

3. 2 個体分散遺伝的アルゴリズム

2 個体分散遺伝的アルゴリズム (Dual DGA) は DGA において 1 島あたりの個体数を 2 としたものであるが、DGA とは異なる遺伝的操作を採用している。島内の個体数が極端に少ないため、通常の遺伝的操作では島内の多様性が急速に失われると考えられる。そこで Dual DGA では、遺伝的操作に多様性を維持する機構を組み込んでいる。

Dual DGA の手順を以下に示す (Fig. 3)。まず、個体の母集団を、ランダムに、2 個体ずつの島に分割する。個体のビット列はランダムに設定される。そして各島において、次の操作を世代ごとに繰り返す。

- (1) 一つ前の移住から一定世代 (移住間隔) 経過していた場合に、移住を行う。まず、2 つの個体のうち、ランダムに一方を選択し、そのコピーを他の島に送る。そして適合度の低い方の個体は、他の島から送られてきた個体に置き換えられる。この移住の特徴は、それぞれの島において適合度の高い方の個体が必ず保存されることである。移住トポロジは、移住のたびにすべての島が無作為な順番の 1 つのリングを形成し、隣の島が移住先となるものである。また、移住方向は一方向のみとする。
- (2) 2 つの個体を交叉させ、新しい 2 つの子個体を生成する。本論文では、一点交叉を用いている。この段階では親個体も残っているので、合計 4 個体が島内に存在している。
- (3) 突然変異を行う。交叉で生成された 2 つの子個体をそれぞれ 1 ビット反転させる。反転する点は、2 つの個体

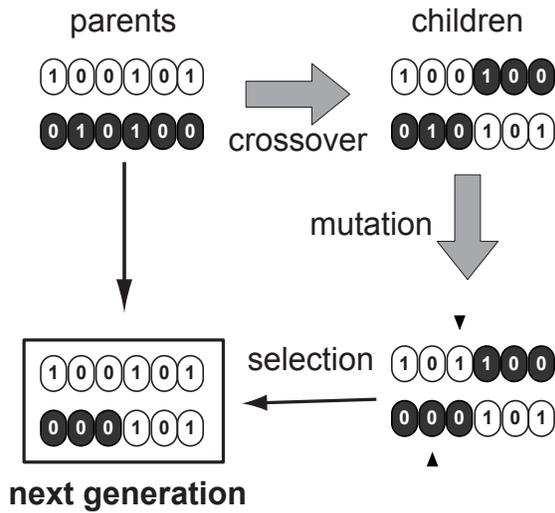


Fig. 3 Genetic operator of Dual DGA

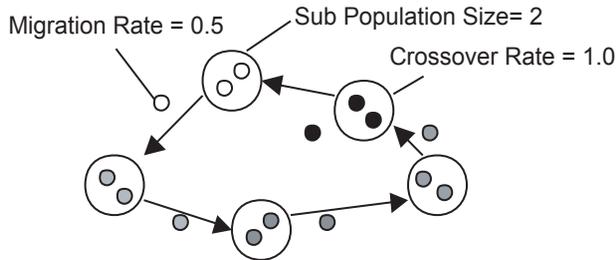


Fig. 4 Fixed parameter of Dual DGA

で1ビットだけ異なるようにする．これにより，島内の2つの個体が同一になるのを抑制する効果が期待される．

- (4) 個体の適合度の評価を行う．
- (5) 2つの親個体と，2つの子個体から，それぞれ適合度の高い方の個体を選び，次世代の2個体とする．この選択法により，適合度が最も高い個体が必ず次の世代に生き残る．またこのとき，移住個体は選択されない．これにより，初期収束を回避する効果が期待される．

Dual DGA は従来の分散 GA と比較して，パラメータ設定の困難さの一部を解消している (Fig. 4)．サブ母集団内の個体数を2とすることにより，総個体数を決定すれば島数も一意に決まる．交叉を行うペアは一通りしかなく，移住率も0.5と決まる．よって，Dual DGA において設定すべきパラメータは，個体数と移住間隔のみである．

4. 数値実験

Dual DGA の有効性を，数値計算例を通じて検討する．Dual DGA は DGA の拡張であるので，最初の数値実験では DGA との比較を行う．次に，Dual DGA と同じく個体が非常に細かく分割されている細粒度の並列 GA との比較を行う．また，Dual DGA における交叉と突然変異の役割についても検討を行う．

Table 1 Test function

$$F1 = 10n + \sum_{i=1}^n (x_i^2 - 10 \cos(2\pi x_i))$$

$(x_i \in [-5.12, 5.12])$

$$F2 = 1 + \sum_{i=1}^n \frac{x_i^2}{4000} - \prod_{i=1}^n \left(\cos\left(\frac{x_i}{\sqrt{i}}\right) \right)$$

$(x_i \in [-512, 512])$

$$F3 = \sum_{i=1}^n \left(\sum_{j=1}^i x_j \right)^2$$

$(x_i \in [-64, 64])$

$$F4 = \sum_{i=1}^n -x_i \sin\left(\sqrt{|x_i|}\right) - C$$

$(C \text{ is the optimum.})$
 $(x_i \in [-512, 512])$

Table 2 Parameter of Dual DGA

Number of individuals	512
Number of elites	1
Chromosome length	Number of design variables × 20
Selection	Roulette selection
Crossover rate	1.0
Crossover	1pt. crossover
Mutation	1 / Chromosome length
Migration gap	5 generations
Migration rate	0.3

4.1 テスト関数

本論文で対象とするテスト関数は，Rastrigin 関数 (F1)，Griewank 関数 (F2)，Ridge 関数 (F3)，Schwefel 関数 (F4) の4つである (Table 1)．いずれも大域的最適解は0であり，30次元のものを用いる．

4.2 分散遺伝的アルゴリズムとの比較

Dual DGA は，DGA において島数を最大にし，多様性が維持されることが期待されるように遺伝的操作を改良したものである．そこで本節では，DGA における島数の及ぼす影響を調べ，Dual DGA との比較を行う．

対象とする関数は4.4節と同じものを使用した．特に断りが無い限り，実験結果はすべて20試行平均である．また，本節における数値実験では，Table 2 に示すパラメータを用いた．

4.2.1 解探索の信頼性

一定世代探索を実行した時にどの程度の確率で最適解を得ることができるか，という点について検討する．本節ではこの指標を，解探索の信頼性と呼ぶ．Fig. 5 は，20試行において，5000世代後に最適解を発見した割合を，Dual DGA と島数を8，16，32，64と変化させた DGA について示したものである．ただし，F3 に対しては，50000世代における最適解の発見割合を示している．横軸は対象とした関数で

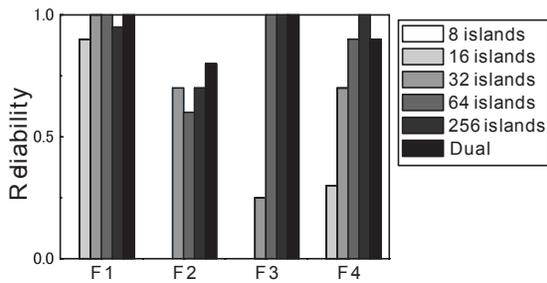


Fig. 5 Searching reliability and number of islands

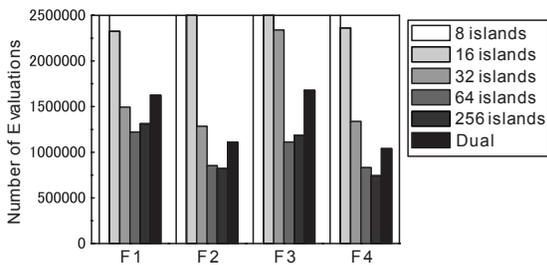


Fig. 6 Number of evaluations and number of islands

ある。

同図より、ある程度島数を多くした DGA が高い信頼性を有する傾向がある。また、F4 を除くすべての関数において、Dual DGA が最も優れた性能を示している。

4.2.2 最適解発見までの関数評価回数

最適解への収束の速さの比較を行う。Fig. 6 は、最適解を発見するまでの関数評価回数を示したものである。評価回数が少ないほど、より速く最適解に到達していることになる。

同図より、最適な島数が問題に応じて存在するようであるが、概して島数が多い DGA ほど少ない評価回数で最適解を発見できるという傾向がある。

一方で、Dual DGA は多様性を維持する機構を有するために、評価回数の点での最適な島数を有する DGA と比較して、少ない評価回数で探索が行えているわけではない。しかしながら、Dual DGA が必要とするそれらの評価回数は、DGA と比較して非常に多くの評価回数を必要としているわけではないと言える。

4.2.3 解とハミング距離の推移

Fig. 7 と Fig. 8 に F1 に対する解探索の推移の様子を示す。Fig. 7 では、世代数を横軸にとり、関数評価値の履歴を示している。また Fig. 8 は、各世代におけるすべての個体と最良個体とのハミング距離の平均を示したものである。

同図より、Dual DGA では、探索の初期では DGA よりも多様性が維持され、解の収束が遅い。そして探索が進むにつれて、Dual DGA における多様性は急速に失われると共に解の収束が速くなる。また、256 島の DGA も同様の性質を示している。F2, F3, F4 においても同様の傾向が確認された。この結果より、Dual DGA は初期の段階では広域的な探索を行い、探索が進むにつれて探索範囲を限定していく

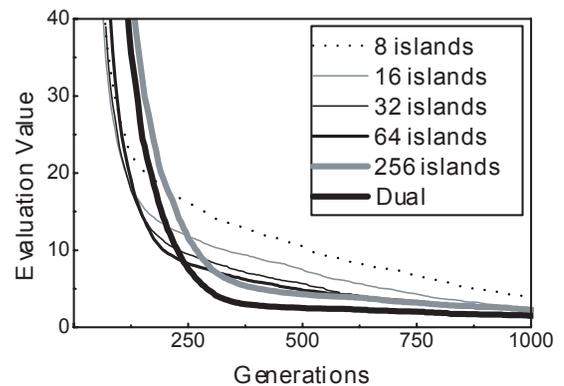


Fig. 7 Progress of the value of the objective function

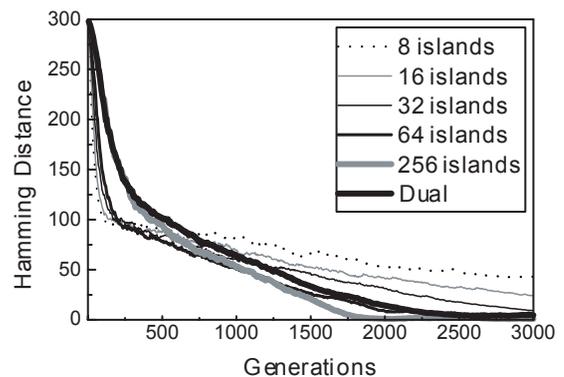


Fig. 8 Progress of the average of the hamming distance

が、その性質は島数が多いことに起因しているといえる。

4.2.4 DGA との比較のまとめ

4.2.1 の結果より、Dual DGA は今回、対象とした問題においては、どの問題においても高い確率で最適解を探索することが可能であった。これは、DGA における島数を最大にし、解の多様性を維持するオペレータを組み込んだことが一因として考えられる。また、その際に必要とする評価回数も DGA と比較して、きわめて多いわけではないことが、4.2.2 の結果より明らかとなった。さらに、Dual DGA は DGA と比較して、ユーザーが設定すべきパラメータ数が少ないという特徴も有する。

これらの結果より、Dual DGA はユーザーが利用しやすい DGA であると言える。

4.3 細粒度の並列 GA との比較

Dual DGA では、母集団が非常に細かく分割されている。この点においては近傍モデルと類似している。そこで本節では、Dual DGA と、近傍モデルを含む細粒度の並列 GA (FG) との比較を行う。テスト関数は Table 1 の 4 つの関数である。

比較対象とする FG の一つは、Manderick らのモデル³⁾である。このモデルでは、各個体を 2 次元の格子状に配置し、隣接する個体同士で遺伝的操作を行う。本実験では、可

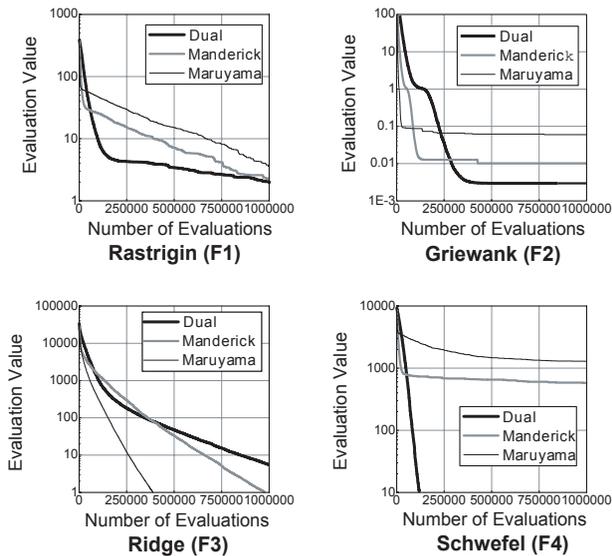


Fig. 9 Comparison of Dual DGA and FG

動範囲を 1 とし、近傍の最良個体が生き残る選択手法を用いた。

もう一つの FG は、Maruyama らのモデル¹²⁾である。このモデルの特徴は、通信の量が少ないことと、近傍を定義しないことである。このモデルでは、各ノードに 1 つのアクティブな個体が存在し、バッファに格納された他ノードの個体とアクティブな個体との間で遺伝的操作を繰り返す。本実験では、バッファサイズを 3 とし、ルーレット選択を用いた。

本章では、Dual DGA・FG とともに個体数を 512 とした。Dual DGA におけるその他の設定は 3 章に従う。FG に関しては、交叉率を 0.8 とした。その他の設定については Table 2 に従うものとする。また、実験結果は 20 試行平均である。

Fig. 9 は、横軸に関数評価回数をとり、関数評価値の履歴を示したものである。どの関数においても、探索の初期においては FG のほうが Dual DGA よりも解の収束が速い。また、解の探索能力の優劣は問題によって異なっている。GA での解探索に適した F1 では Dual DGA のほうが FG と比較して速く良い解を得ているといえる。GA での解探索に適していない F3 では、FG のほうが優れている。SPGA が不得意な F4 では、Dual DGA は非常に良い解を発見している。これらの結果から、Dual DGA と FG とは異なった探索を行っているかと推測される。

4.4 交叉・突然変異と解の探索

Dual DGA では、移住を行うまでは、島内の 2 個体で交叉を繰り返す。このため、探索において重要な役割を担っているのは、交叉よりも突然変異なのではないかという推測が可能である。そこで、この点について検証する。

本節の実験において対象とする関数は、Table 1 に示す F1, F2, F3, F4 である。パラメータは、個体数を 512、移住間隔を 5、1 設計変数当たりの遺伝子長を 20 としている。

Table 3 は、通常 Dual DGA と、Dual DGA から突然

Table 3 Effectiveness of crossover and mutation of Dual DGA

	normal	Type A	Type B
F1	0.64698	13.03548	40.80604
F2	0.00320	2.69955	0.03054
F3	9.35960	1111.16340	823.55440
F4	11.84017	115.73019	1452.84680

変異を除いたもの(以下、Type A)と、同じく交叉を除いたもの(以下、Type B)との比較結果である。同表の数値は、2000 世代での最良個体の関数評価値を示しており、いずれも 20 試行平均である。

Table 3 より、いずれの関数に対しても、交叉と突然変異の両方をふくむ Dual DGA が最も良い結果を示している。また、F1・F4 に対しては Type A が Type B よりも良好な結果を示しており、逆に F2・F3 に対しては Type B のほうが良い結果を示している。このことより、Dual DGA において、突然変異と交叉とのどちらが探索により貢献しているかは対象問題依存であるが、どちらの操作も重要な役割を担っているといえる。

5. 結論

本論文では、分散遺伝的アルゴリズム (DGA) の拡張モデルである 2 個体遺伝的アルゴリズム (Dual DGA) を提案した。モデルの有効性を検討するために、数値計算例を通じて他のモデルの GA との比較を行い、その基本性能について検討を行った。

Dual DGA は DGA と比較して、今回対象としたテスト関数においては、高い割合で最適解を発見できることがわかった。最適解発見に要する関数評価回数も、DGA と比較して劣っていない。

また、Dual DGA と FG の比較実験では、次のことが確認された。FG は Dual DGA と比較して、探索の初期段階における解の収束が速いという傾向が見られた。解の探索能力は問題依存であり、目的関数によっては Dual DGA によって得られる解の精度が勝る場合もある。本論文における実験では、比較対象とした FG の 2 つのモデルと Dual DGA とのどちらが優れているとは言えない。これらのことから、Dual DGA は、DGA の探索メカニズムを進化させたものであり、FG とは異なる探索を行っているものと推測される。

Dual DGA では限られた数の個体同士で遺伝的操作を繰り返すので、交叉があまり探索に貢献せず、主に突然変異によって解を探索しているのではないかという推測が可能である。しかし本論文における数値実験により、交叉と突然変異が共に重要な役割を担っていることが明らかとなった。

Dual DGA の最大の特徴は、DGA におけるユーザーが設定すべきパラメータの数を極力削減した点にある。さらに提案する Dual DGA は、今回使用したテスト関数においては、DGA と比較して高い確率で最適解を探索することが可能であり、よって、高い探索性能を有すると言える。また、

その際に必要な評価回数も、DGAと比較してきわめて多いわけではない。よって、これらの結果より、Dual DGAはユーザーにとって非常に使いやすいDGAであると言える。

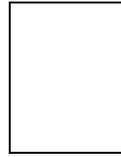
6. 謝辞

本研究は文科省からの補助を受けた同志社大学の学術フロンティア研究プロジェクトにおける研究の一環として行った。ここに謝意を表する。

参考文献

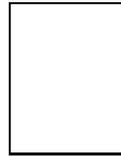
- 1) D.E.Goldberg: *Genetic Algorithms in Search Optimization and Machine Learning*. Addison-Wesley, 1989.
- 2) Erick Cantú-Paz: A survey of parallel genetic algorithms. *Calculateurs Paralleles*, Vol. 10, No. 2, 1998.
- 3) Bernard Manderick and Piet Spiessens: Fine-grained parallel genetic algorithms. *Proc. 3rd International Conference on Genetic Algorithms*, pp. 428-433, 1989.
- 4) 謝孟春, 馬火玄, 藤原正敏, 小高知宏, 小倉久和: 階層分散構造に基づく遺伝的アルゴリズムの一様性と多様性の調和. 情報処理学会研究報告 (MPS 研究会), Vol. 1998, No. 105, pp. 69-74, 1998.
- 5) 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. 734-744, 1997.
- 6) 山村雅幸, 佐藤浩, 小林重信: 最小騙し問題を用いた世代交代モデルの解析. 人工知能学会誌, Vol. 13, No. 5, pp. 746-756, 1998.
- 7) Reiko Tanese: Distributed genetic algorithms. *Proc. 3rd International Conference on Genetic Algorithms*, pp. 434-439, 1989.
- 8) Theodore C. Belding: The distributed genetic algorithm revisited. *Proc. 6th International Conference on Genetic Algorithms*, pp. 114-121, 1995.
- 9) H. Mühlenbein: Parallel genetic algorithms, population genetics and combinatorial optimization. *Proc. 3rd International Conference on Genetic Algorithms*, pp. 416-421, 1989.
- 10) Chrisila C. Petty and Michael R. Leuze: A theoretical investigation of a parallel genetic algorithm. *Proc. 3rd International Conference on Genetic Algorithms*, pp. 398-399, 1989.
- 11) H. Mühlenbein and J. Born M. Schomisch: The parallel genetic algorithm as function optimizer. *Proc. 4th International Conference on Genetic Algorithms*, pp. 271-278, 1991.
- 12) Tsutomu Maruyama, Tetuya Hirose, and Akihiko Konagaya: A fine-grained parallel genetic algorithm for distributed parallel systems. *Proc. 5th International Conference on Genetic Algorithms*, pp. 184-190, 1993.

三木光範



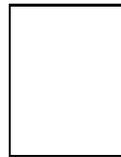
1950年生。1978年大阪市立大学大学院工学研究科博士課程終了、工学博士。大阪市立工業研究所研究員、金沢工業大学助教授を経て1987年大阪府立大学工学部航空宇宙工学科助教授、1994年同志社大学工学部教授。進化的計算手法とその並列化、および知的なシステムの設計に関する研究に従事。著書は「工学問題を解決する適応化・知能化・最適化法」(技法堂出版)など多数。IEEE、米国航空宇宙学会、人工知能学会、システム制御情報学会、日本機械学会、計算工学会、日本航空宇宙学会各会員。超並列計算研究会代表。

佐野正樹



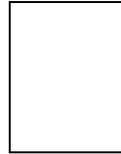
1978年生。2001年同志社大学工学部卒業。同年同志社大学大学院工学研究科修士課程入学。ヒューリスティック最適化手法の1つである遺伝的アルゴリズムに興味を持つ。

谷村勇輔



1976年生。2001年同志社大学大学院工学研究科修士課程修了。同年同志社大学大学院工学研究科博士課程入学。クラスタや広域環境における並列・分散計算に興味を持つ。IEEE-CS、情報処理学会、超並列計算研究会各学生会員。

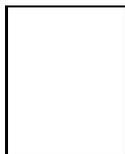
濱崎雅弘



1977年生。2000年同志社大学工学部卒業。2002年奈良先端科学技術大学院大学情報科学研究科修士課程修了。同年総合研究大学院大学数物科学研究科博士後期課程入学。オンラインにおける情報共有技術に興味を持つ。

[著者紹介]

廣安知之



1966年生。1997年早稲田大学理工学研究科後期博士課程終了。2001年より同志社大学工学部専任講師。進化的計算、最適設計、並列処理、設計工学などの研究に従事。IEEE、電気情報通信学会、情報処理学会、日本機械学会、超並列計算研究会、日本計算工学会各会員。