

リフレッシュ型分散遺伝的アルゴリズム

Distributed Genetic Algorithm with Refreshing Mechanism

三木 光範*¹
Mitsunori MIKI

廣安 知之*¹
Tomoyuki HIROYASU

勝崎 俊樹*²
Toshiki KATSUZAKI

*¹同志社大学工学部

Dept. of Knowledge Engineering, Doshisha Univ.

*²同志社大学大学院工学研究科

Graduate School of Engineering, Doshisha Univ.

The solution search mechanisms of single population genetic algorithms (SPGAs) and the one of distributed genetic algorithms (DGAs) are different. Generally, DGAs are reported to have higher performance than SPGAs. But, for some specific problems, the performance of DGAs is not high enough. We propose a new method of DGAs that combines the solution search mechanism of SPGAs and DGAs. As a result of some computational experiments, the proposed method is found to have remarkable performance.

1. はじめに

遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithm:GA) は、生物の遺伝と進化の仕組みを模擬した確率的多点探索手法である [1]。GA は優れた最適化手法として知られているが、早熟収束による局所解への収束などの問題点も存在する。これに対し、分散遺伝的アルゴリズム (Distributed Genetic Algorithm:DGA) を用いることで多様性を向上させることができる [2] が、それでも問題によっては局所解に収束する。そこで、DGA よりもさらに多様性を上げるための手法として、ある頻度で初期化する単一母集団を DGA に組み込んだリフレッシュ型分散 GA(DGA with Refreshing mechanism:DGA/R) を提案する。

2. リフレッシュ型分散 GA

リフレッシュ型分散 GA(DGA/R) は DGA と単一母集団 GA(Single Population Genetic Algorithm:SPGA) を組み合わせた手法である。DGA/R では、DGA と SPGA は独立して探索を行い、一定間隔ごとに SPGA で得られた個体を DGA に供給する。その後、SPGA を初期化する。この手法により、DGA で失われた多様性を SPGA によって補うことができると期待できる。このアルゴリズムを図 1 に示し、具体的な手順について以下に示す。

1. DGA と SPGA それぞれ独立して探索を行う。
2. SPGA からエリート個体を DGA に送り込む。
3. DGA の各サブ母集団で、SPGA から送り込まれたエリート個体と DGA のエリート個体を一定回数交叉させる。この動作をエリート交叉と呼ぶ。
4. エリート交叉で得られた子個体のうち、DGA の各サブ母集団内の個体と同数の個体を適合度の高い順に選択し、次の世代のサブ母集団の個体とする。
5. SPGA を初期化する。
6. DGA, SPGA それぞれ次の一定間隔が来るまで独立して探索を行う。

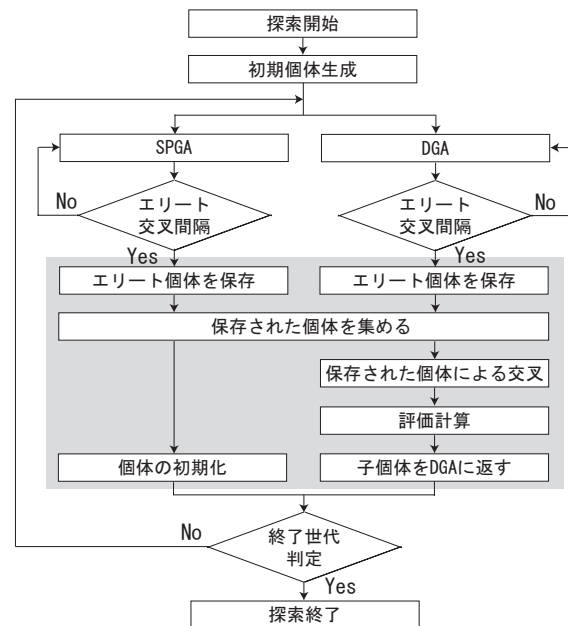


図 1: DGA/R のアルゴリズム

DGA/R の長所は少ない個体数での多様性の維持である。DGA/R では SPGA によって定期的に新たな個体が生成されるため、少ない個体数でも高い多様性を保ちつづけることができると考えられる。SPGA から送り込まれるエリート個体は高い適合度を有しており、このため、突然変異個体とは異なり、解探索の後半においても解探索能力の大幅な向上が期待できる。

3. 数値実験

DGA/R の性能を検証するため、SPGA と DGA に対して数値実験を用いた性能比較を行う。局所解を持たない問題として Onemax 問題、局所解を持つ問題として Harik の部分だまし問題 [3] を用いた。この部分だまし問題は Onemax 問題を拡張したものであり、染色体は複数の partition から構成され、各 partition にサブ問題が適用される。このとき、各サブ問題はビット "1" の数が評価値となる。ただし、サブ問題内の全てのビットが "0" の場合のみ、評価値は最大となる。今回の場合は、サブ問題を 4 ビットとしたため、各サブ問題の最大の評価値は 5 である。

3.1 Onemax 問題に対する性能

Onemax 問題に対し数値実験を行った。問題のビット長を 400 とし、20 試行した結果、得られた評価値 (平均) の履歴を 図 2 に示す。なお、用いたパラメータは、総個体数 100、交叉率 1.0、突然変異率 $1/L$ (L : ビット長)、移住率 0.5、移住間隔 10、サブ母集団数 20、評価計算回数は 1×10^5 とした。また、DGA/R に対するパラメータは、サブ母集団数 5、グループ移住間隔 50、エリート交叉による子個体生成数 400 とした。

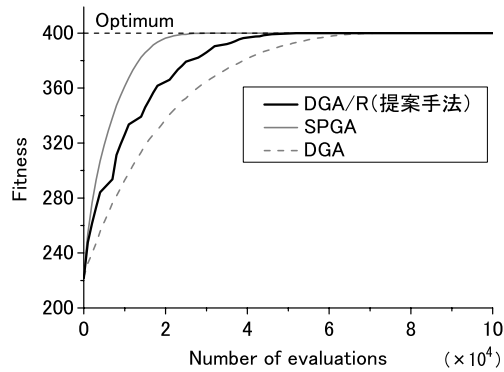


図 2: Onemax 問題の解の推移

図 2 より、Onemax 問題では SPGA、DGA および DGA/R において最適解を得られている。このことから、GA が得意とする問題における DGA/R の解探索性能は、SPGA および DGA と同等であるといえる。

3.2 Harik の部分だまし問題に対する性能

Harik の部分だまし問題に対し数値実験を行った。問題のビット長を 1 partition につき 4 ビット、100 partition の 400 とし、20 試行した結果、得られた評価値 (平均) の履歴を 図 3 に示す。なお、用いたパラメータは、交叉率、突然変異率、移住率、移住間隔、サブ母集団数およびグループ移住間隔に関しては Onemax 問題に用いたものと同等とした。また、総個体数、評価計算回数、エリート交叉による子個体生成数に関しては、同等のパラメータを用いたところ良好な結果が得られなかったため、それぞれ 200、 2×10^6 、800 とした。

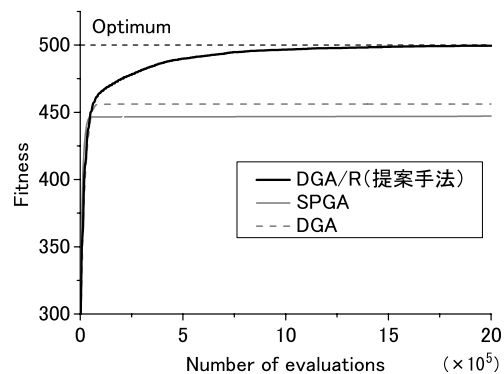


図 3: Harik の部分だまし問題の解の推移

図 3 より、部分だまし問題において、SPGA および DGA は探索途中で局所解に収束してしまい、最適解が得られていないのに対し、DGA/R では良好な結果が得られていることが分かる。このことから、大きな局所解を持つ部分だまし問題に対して DGA/R は有効な解探索手法といえる。

4. 最適解の生成過程

局所解を持つ Harik の部分だまし問題に対して、DGA/R は SPGA および DGA よりも良好な性能を示すことが分かった。そこで、解探索を進める間に、SPGA、DGA および DGA/R の個体がそれぞれどのように変化するかを調べるため、次のような実験を行う。

Harik の部分だまし問題において最適解を得るためには、いかにビット "0" を失わずに解探索を進められるかが重要になる。その理由としては、各遺伝子座が完全にビット "0" を失ってしまうと、最適解を得ることができなくなってしまうためである。そこで、各遺伝子座において全個体数の 5% 以上ビット "0" がある場合、その遺伝子座は最適解の一部となる可能性が残されていると考える。そのような遺伝子座をここでは最適解の可能性が高い遺伝子座と呼ぶことにする。そこで、SPGA、DGA および DGA/R におけるその遺伝子座の推移について 図 4 に示す。

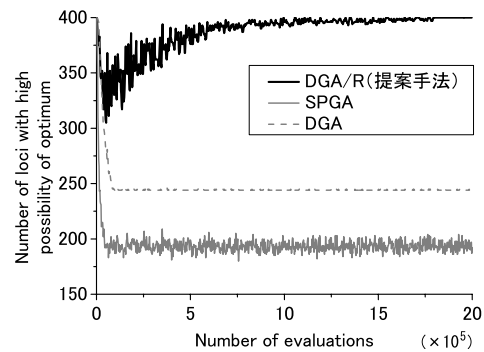


図 4: 遺伝子座の推移

図 4 より、SPGA および DGA では、探索初期段階において 400 近くある最適解の可能性が高い遺伝子座が早い段階で少なくなっていることが分かる。対して DGA/R では、初期状態の後、その遺伝子座の数は 320 程度まで減少するが、その後再び回復し、最終的には最適解が得られる数に戻る。このことから、DGA/R は SPGA および DGA と比較して、最適解の遺伝子座を保持し続けることができるため、Harik の部分だまし問題に対して良好な結果を示すことができたと考えられる。

5. まとめ

本研究では、分散遺伝的アルゴリズムにおける新たな手法として、DGA/R を提案し、その性能の検証を行った。その結果、局所解に陥りやすい問題に対して、DGA/R は SPGA および DGA と比較して高い性能を得られることが分かった。このことから DGA/R は非常に有効な手法であるといえる。

参考文献

- [1] D. E. Goldberg, Genetic Algorithms in Search Optimization and Machine Learning, Addison - Wesley Publishing Company, 1989.
- [2] 三木光範, 廣安知之, 金子美華, 分散母集団遺伝的アルゴリズムにおける解探索能力, 人工知能学会全国大会, 1999.
- [3] Georges Harik, Linkage learning via probabilistic modeling in the ECGA, IlliGAL Report, No.99010, 1999.