

移住の少ない分散遺伝的アルゴリズムにおける  
エリート保存が解探索に及ぼす影響

An Effect of Elite Preservation Methods on Searching a Solution  
in a Distributed Genetic Algorithm with Reduced Migration

佐藤 一法<sup>†</sup>  
Kazunori SATO

吉野 純一<sup>†</sup>  
Junichi YOSHINO

内田 健<sup>†</sup>  
Takeshi UCHIDA

松澤 照男<sup>‡</sup>  
Teruo MATSUZAWA

## 1. はじめに

分散遺伝的アルゴリズム(島モデル)[1]は、遺伝的アルゴリズムの母集団を複数の分割母集団(島)にした分散処理モデルである。分散遺伝的アルゴリズムでは、これらの島の間で移住と呼ばれる個体の交換を必要とする。しかし、分散遺伝的アルゴリズムを並列計算機に実装する場合、多量の移住は計算ノード間通信を増加させ、分散遺伝的アルゴリズムの並列化効果を低下させる一因となる。

この問題を解決するために、エリート個体を階層的なトポロジで移住させる方法[2]や解探索の途中で移住間隔を拡張する方法[3]が検討されている。しかし、移住間隔を拡張する方法では、単純な移住量の低減が解探索を悪化させている[4]。

筆者らは、移住間隔の拡張による解探索悪化の原因の一つとしてエリート保存方式に注目し、エリート個体の保存方式が移住の少ない分散遺伝的アルゴリズムの解探索におよぼす影響を調査した[5]。その結果、エリート個体を島の個体群の外で保存する方法が、個体群の中で保存する方法と比較して、移住間隔拡張に対する解探索の悪化を抑制していることを確認した。しかし、その報告において母集団の分割数の違いやエリート個体の数の違いに関して、十分検討していない。

本稿では母集団の分割数(島数)、エリート個体の数に対し、エリート保存方式の違いが移住の少ない分散遺伝的アルゴリズムの解探索におよぼす影響について調査する。

## 2. 分散遺伝的アルゴリズムのエリート保存方式

### 2.1 移住の少ない分散遺伝的アルゴリズム

分散遺伝的アルゴリズムは、遺伝的アルゴリズムにおける母集団を複数の島に分割し、各島に対して独立に遺伝的アルゴリズムを適用する分散処理手法である[1]。分散遺伝的アルゴリズムは分割した島を並列に処理することで、遺伝的アルゴリズムに比べ計算コストを分散できる。

図1は分散遺伝的アルゴリズムの処理の流れを示す。一般的な遺伝的アルゴリズムと同様に交叉、突然変異の遺伝的操作を基本とし、選択操作ではルーレット方式により次世代個体を決定している。分散遺伝的アルゴリズムでは、島間における個体のやりとりとして移住を行う。移住は、島の全個体に占める他島へ移す個体の割合(移住率)、個体の移住先を決定する移住トポロジ、移住を行う世代間隔(移住間隔)で制御される。これら移住を制御するパラメータの組み合わせによっては、計算ノード間の通信量(移住

量)が増加し、分散遺伝的アルゴリズムの並列化効果が低下させることを懸念している。

一方、単純に移住量を減らすと解探索が悪化する対象問題の存在が知られている。単純な移住量の低減が、解探索を悪化させてしまうことから、移住を減らしながら解探索の性能を保つ工夫が求められている。過去の報告では、解探索の初期において移住間隔を短くし、解探索途中で移住間隔を長くすることが検討されている[3][4]。そこでは、少ない移住の環境下で解探索性能を維持することが検討されているが、解探索途中での移住間隔の拡張により解探索性能を維持できないことが報告されている。

文献[3][4]の結果より、移住間隔の拡張による解探索性能の悪化の原因が、移住以外の遺伝的操作にあるのではないかと考えている。そこで、遺伝的操作のひとつであるエリート保存方式に注目する。エリート保存方式が、移住の少ない分散遺伝的アルゴリズムの解探索におよぼす影響について調査する。

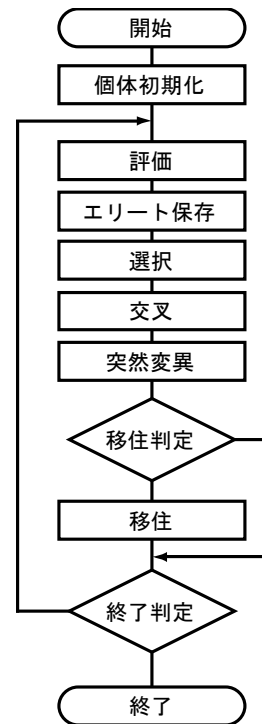


図1. 分散遺伝的アルゴリズム

<sup>†</sup> サレジオ工業高等専門学校, Salesian Polytechnic

<sup>‡</sup> 北陸先端科学技術大学院大学, JAIST

2.2 エリート保存方式

エリート保存は、遺伝的アルゴリズムにおいて最適解に最も近い個体を選択操作によって淘汰しないようにするための操作である。図2に示す2つのエリート保存方式について、移住間隔を拡張した移住の少ない分散遺伝的アルゴリズムにおける解探索におよぼす影響を調べる。

内部保存方式(図2A)は、エリート個体を島の個体群の中で保持し、他の遺伝的操作では島の他の個体と同様に処理の対象とする。一方、外部保存方式(図2B)では、エリート個体を島の個体群とは別に保存し、交叉、突然変異、移住等の処理の対象としない。しかし、選択操作ではエリート個体も島の他の個体と同様に処理の対象として扱われるが、必ずしも次世代に島の個体群に含まれるわけではない。

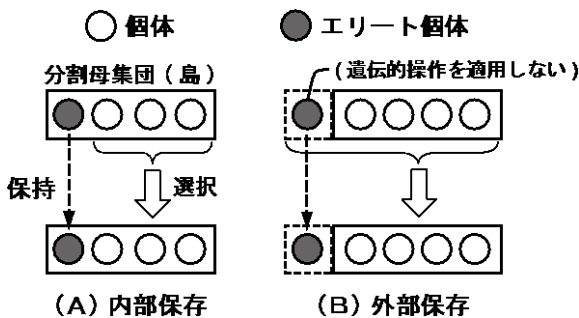


図2. エリート個体の保存方法

3. 数値実験

ここでは、エリート保存方法が解探索に与える影響を調べる。3つのテスト関数においてエリート個体の数、母集団の分割数を変更したときの解探索への影響を数値実験により確認する。

3.1 実験方法

数値実験で用いるテスト関数を式(1)~式(3)に示す。各変数  $x_i$  は遺伝子として2進数グレイコードで表現している。各関数の最適解は0である。数値実験では表1のパラメータを適用し、10回の解探索を行ったときの最適解発見世代を調べる。

・ Rastrigin 関数

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

$(-5.12 \leq x < 5.12), n = 10$

・ Ridge 関数

$$f_{ridge} = \sum_{j=1}^n \left( \sum_{i=1}^j x_i \right) \quad (2)$$

$(-64 \leq x < 64), n = 10$

・ Griewank 関数

$$f_{griewank} = 1 + \sum_{i=1}^n \frac{x_i^2}{4000} - \prod_{i=1}^n \cos\left(\frac{x_i}{\sqrt{i}}\right) \quad (3)$$

$(-512 \leq x < 512), n = 8$

表1. 実験パラメータ

パラメータ名	設定値	
個体数	512	
分割数(島数)	4, 32, 64	
島毎のエリート個体数	1, 2, 4	
遺伝子長	式(1),(2)	10変数 × 20ビット
	式(3)	8変数 × 8ビット
突然変異率	1 / 遺伝子長	
交叉方法	一点交叉	
交叉率	1.0	
移住トポロジ	ランダムリング	
移住率	0.5	
移住間隔	1, 10, 50	
最終世代	1000000	

3.2 実験結果

図3~5に各テスト関数の最適解発見世代を示す。各図の縦軸は最適解発見世代(10回試行の平均値)を示している。3つのテスト関数のうち、Griewank関数は移住間隔が長い時に早く最適解を発見する傾向を持っている。しかし、外部保存方式はGriewank関数において解探索を悪化させ、移住間隔に対する解探索の傾向を維持していない。

一方、Rastrigin関数とRidge関数については次の結果が得られた。エリート個体の保存方式について、外部保存方式は内部保存方式より移住間隔の拡張に対して解探索の悪化を抑制していることがわかる。最も悪い場合で、内部保存方式は、最適解発見世代が2.2倍となったのに対し、外部保存方式は、1.7倍となっている。

次に、外部保存方式についてエリート個体の数が解探索に与える影響をみる。エリート個体の数を増やすことによって、Rastrigin関数では移住間隔の拡張に対する解探索悪化の抑制効果が強くなっている。それに対し、Ridge関数では、エリート個体の数を増やした場合、移住間隔の拡張に対する解探索悪化の抑制効果に違いが見られない。

最後に、外部保存方式について母集団の分割数が解探索に与える影響をみる。Rastrigin関数、Ridge関数ともに、母集団の分割数を32にしたとき、分割数が4の場合に比べ移住間隔が10と50の最適解発見世代の差が大きい。母集団の分割数を64にすると、移住間隔1と10の最適解発見世代の差も顕著になってくる。

4. おわりに

本報告では、移住間隔を拡張した移住の少ない分散遺伝的アルゴリズムにおいて、エリート保存方法が解探索に及ぼす影響について、3つのテスト関数、エリート個体の数、母集団の分割数の観点から調査した。

数値実験の結果より、エリート個体の外部保存方式が内部保存方式に比べ移住の少ない環境で解探索の悪化を抑制できることを示した。次に、外部保存方式においてエリート個体の数が移住の少ない環境での解探索に大きく影響し、エリート個体が1個より2個、4個の場合で、解探索の悪化を抑制していることがわかった。最後に、母集団の分割数を増やした場合、解探索を悪化させないで拡張できる移住間隔の最大値が小さくなる傾向が見られた。

今後の課題として、移住率などの他の実験パラメータの影響やテスト関数の性質の影響について検討していく。

参考文献

- [1] E.Cantu-Paz, "A survey of parallel genetic algorithms", IlliGAL Report 97003, (1997).
- [2] 小嶋和徳, "局所と大域の探索を考慮した遺伝的アルゴリズムの収束制御に関する研究", 東北大学大学院, 博士学位論文, (2008).
- [3] 濱野賢治, 他, "分散遺伝的アルゴリズムにおける移住低減に関する検討", 第71回情報処理学会全国大会講演論文集(第一分冊), pp.369-370, (2009).
- [4] 濱野賢治, 他, "分散遺伝的アルゴリズムにおける移住低減に関する検討", 第8回情報科学技術フォーラム講演論文集(第一分冊), pp.235-238, (2009).
- [5] 佐藤一法, 他, "移住の少ない分散遺伝的アルゴリズムにおけるエリート保存方式の検討" 第73回情報処理学会全国大会講演論文集(第二分冊), pp.149-150, (2009).

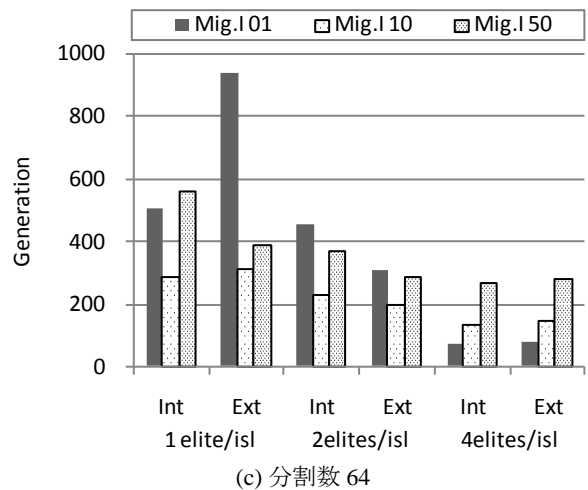
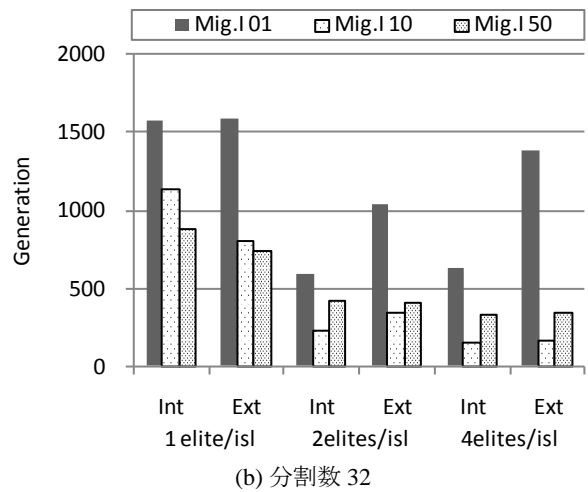
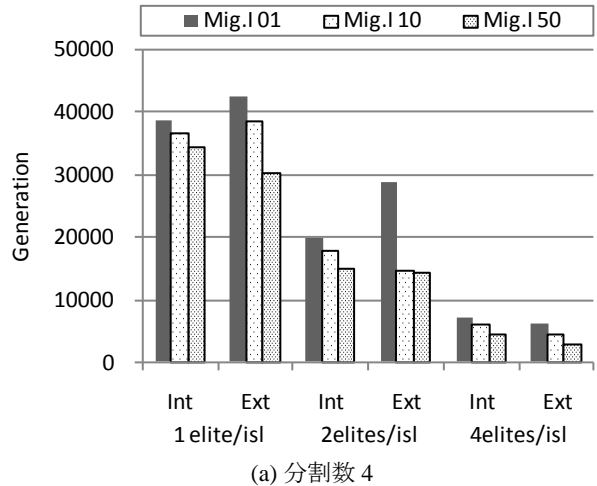


図3. Griewank 関数 最適解発見世代

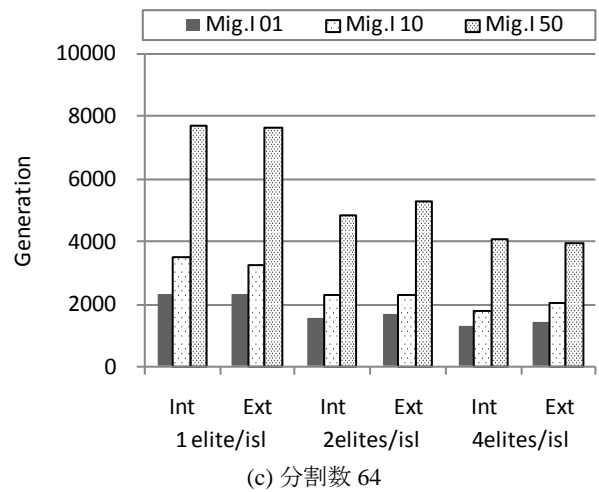
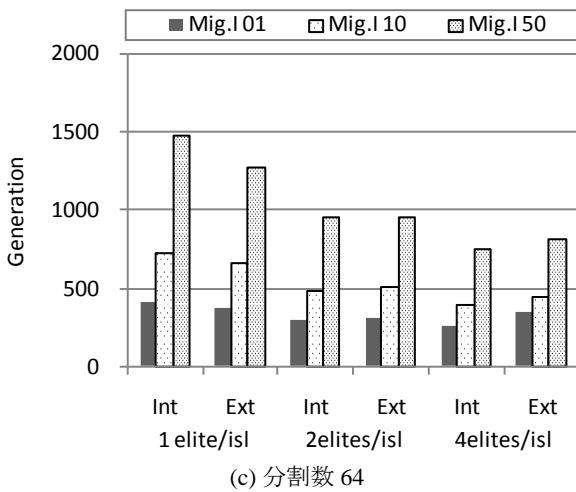
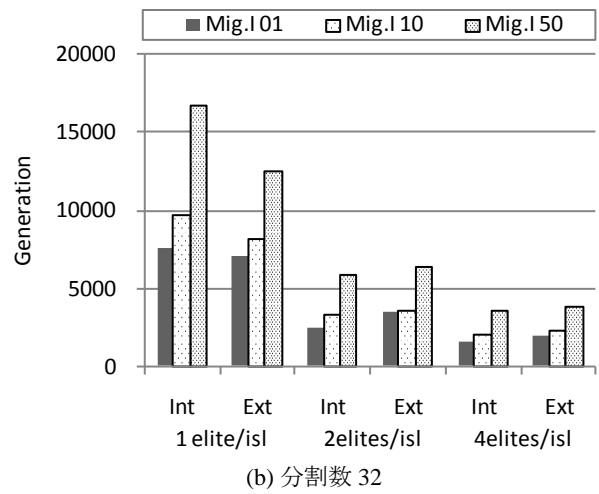
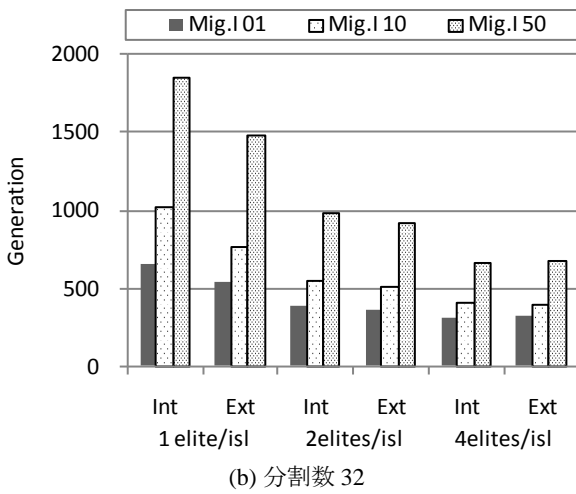
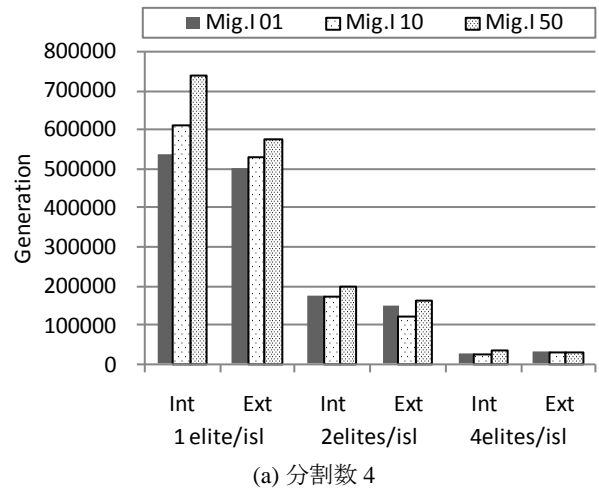
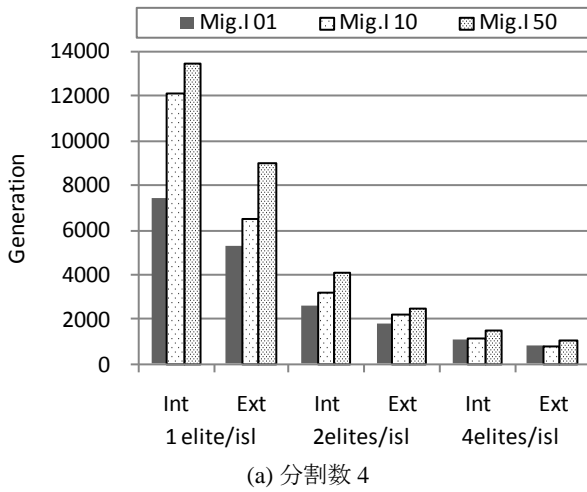


図 4. Rastrigin 関数 最適解発見世代

図 5. Ridge 関数 最適解発見世代