

1. はじめに

分散遺伝的アルゴリズム(DGA)では、移住間隔が短いほど解探索性能が高いことが報告されている[1]。しかし、移住間隔と母集団の分割数が解探索にどのような影響を与えるかは分かっていない。

そこで本研究では、移住間隔と母集団の分割数がDGAの解探索に与える影響について数値実験の結果にもとづいて考察する。

2. 実験方法

DGAにおける母集団の分割数(島数)と移住間隔が解探索に与える影響について調査するために、以下に示す3つのテスト関数 $F1 \sim F3$ を用いた数値実験を行う。実験では3000世代までの進化を5回実施し、その世代までの最良適応値、その世代の母集団の適応値の平均などを測定し、結果を5回の平均値で示す。DGAのパラメータについては表1の設定値を使用する。

$F1$: Rastrigin 関数

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

$$-5.12 < x_i \leq 5.12, n = 30$$

$F2$: Ridge 関数

$$F2 = \sum_{i=1}^n \left(\sum_{j=1}^i x_j \right)^2$$

$$-64 < x_j \leq 64, n = 30$$

$F3$: Griewank 関数

$$F3 = 1 + \sum_{i=1}^n \frac{x_i^2}{4000} - \prod_{i=1}^n \left(\cos \left(\frac{x_i}{\sqrt{i}} \right) \right)$$

$$-512 < x_i \leq 512, n = 30$$

表1. パラメータ設定値

	DGA
個体数	512
島数	8, 16, 32, 64, 128, 256
遺伝子長 (bit)	$n \times 20$
交叉方法	一点交叉
交叉率	1.0
突然変異率	1/遺伝子長
移住間隔	1, 5, 10, 50
移住率	1.0

3. 実験結果

紙面の都合上 $F1$ 関数の実験結果のみを示す。図1は移住間隔が1世代の時の結果、図2は移住間隔が50世代の時の結果である。結果より、移住間隔が短い場合島数が大きいほど解探索が速く、移住間隔が長い場合島数が小さいほど解探索が速いことが確認

できる。また、今回の実験では島数が128以上の結果と島数が64以下の結果で解探索の速度に大きな違いが見られることも特徴である。これらの原因の調査については今後の課題にしたい。

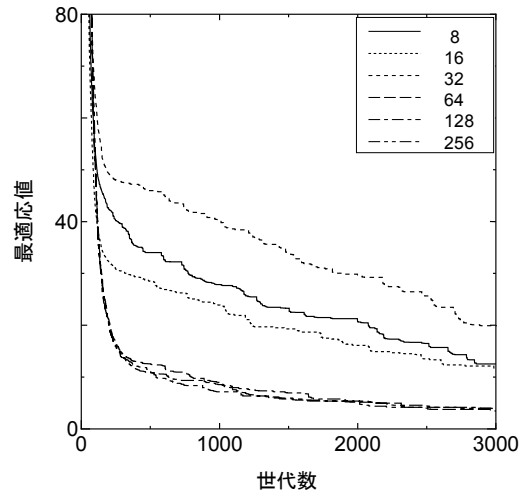


図1. 収束特性 (移住間隔 1)

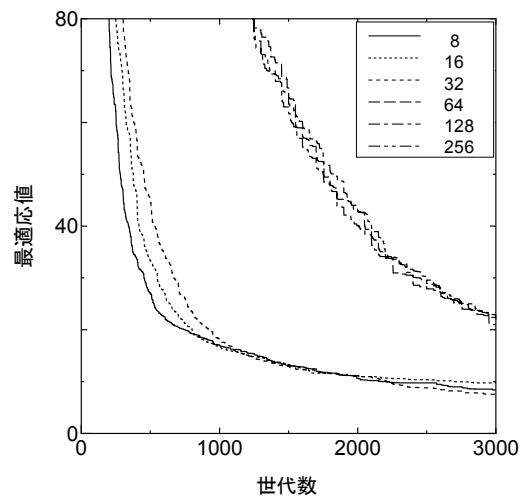


図2. 収束特性 (移住間隔 50)

4. おわりに

本研究ではDGAにおける母集団の分割数と移住間隔が解探索に与える影響について調査した。3つのテスト関数による数値実験の結果から、DGAの解探索において母集団の分割数と移住間隔はトレードオフの関係にあることが予想される。

今後の課題として、他のテスト関数の調査が挙げられる。

参考文献

- [1] 浅井智大: 分散遺伝的アルゴリズムの解収束特性に関する研究, 卒業研究論文, サレジオ工業高等専門学校, 2006.