

分散遺伝的アルゴリズムにおける移住間隔と島数が解探索におよぼす影響

Effect of migration interval and of the number of islands on convergence characteristics of a distributed genetic algorithm

CS34 濱野 賢治
指導教員 内田 健

1. はじめに

現在, 分散遺伝的アルゴリズム(DGA)の並列化の効果を向上させる目的で, 移住を低減した DGA の開発を行っている[1]. 本稿では, 移住低減の準備として, 移住間隔と島数が DGA の解探索に与える影響を調べる.

2. 数値実験

ここでは, 移住間隔と島数の変更が DGA の解探索に与える影響を調べるために, Griewank(F1), Rastrigin(F2), Ridge(F3), Schwefel(F4)の4つの関数(全て 30 次元のもの)に対する数値実験を行う. DGA のパラメタとして, 遺伝子長 20(bits)×30(次元), 個体数 512, 交叉率 0.8 の一点交叉, 移住率 0.5, 最大世代数 300000 を用い, 島数として 8, 64, 256 の 3 通り, 移住間隔として 1, 10, 50 の 3 通りを用いる.

実験では, 同一のパラメタ設定に対して 10 回試行し, 最適解の発見世代数の最小値, 最適解を発見した回数を記録する. 各関数に対する最適解の発見世代数(最小値)と最適解の発見頻度の結果を表 1~表 8 に示す.

3. おわりに

本研究では, 移住間隔と島数が最適解発見世代数と発見頻度にどのような影響を与えるのか調査することを目的とし, 4 つのテスト関数に対する数値実験の結果を示した.

最適解の発見頻度については, F1~F3 関数では島数が最大(256)の時に移住間隔が大きく影響し, 移住間隔が長いほど発見頻度の低下傾向が見られる. F4 関数については, 島数の大小にかかわらず移住間隔が発見頻度に大きく影響を与え, 移住間隔が長いほど発見頻度の高くなる傾向が見られる.

最適解の発見世代数については, すべての関数において島数の大小に関係なく移住間隔が発見世代数に大きく影響を与え, F1~F3 関数ではおおむね移住間隔が短いときに最適解の発見が早い傾向にある. F4 については, 最大世代数をもう少し増やして実験する必要がある.

表 1. F1最適解の発見世代(F1)

島数	移住間隔		
	1	10	50
8	1322	3047	3722
64	2645	6211	8550
256	1656	13120	—

表 2. 最適解の発見頻度(F1)

島数	移住間隔		
	1	10	50
8	6	7	5
64	4	6	6
256	2	1	—

表 3. 最適解の発見世代(F2)

島数	移住間隔		
	1	10	50
8	8858	8164	13000
64	20180	15182	32165
256	7248	15540	79768

表 4. 最適解の発見頻度(F2)

島数	移住間隔		
	1	10	50
8	10	10	10
64	10	9	10
256	9	8	6

表 5. 最適解の発見世代(F3)

島数	移住間隔		
	1	10	50
8	46488	91865	86551
64	55909	157350	—
256	36606	209330	—

表 6. 最適解の発見頻度(F3)

島数	移住間隔		
	1	10	50
8	10	10	10
64	10	10	—
256	10	2	—

表 7. 最適解の発見世代(F4)

島数	移住間隔		
	1	10	50
8	—	—	—
64	—	6589	9985
256	—	14900	51850

表 8. 最適解の発見頻度(F4)

島数	移住間隔		
	1	10	50
8	—	—	—
64	—	2	6
256	—	6	9

文献

- [1] 能見文喬, “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 13 回高専シンポジウム, P.203, 2008