5501

固定リング移住トポロジを持つ分散遺伝的アルゴリズム の解探索に関する検討

A study on convergence property on a distributed genetic algorithm with fixed ring topology of migration

08512 遠藤 恭典 指導教員 内田 健

1. はじめに

分散遺伝的アルゴリズム(DGA)は、優れた解探索のために、「移住」と呼ばれる操作を行う.本研究では移住トポロジの違いが解探索に影響する結果[1]を追試する.追試には、ランダムリングと固定リングの2つのトポロジを用いて、解探索を比較する.

2. 研究のアプローチ

DGA の移住トポロジとは、移住の動作で必要となる個体を別の島に移すときに形成されるトポロジのことである. 現在はランダムリングという移住トポロジを用いるのが一般的である. ランダムリングとは、移住先がランダムで選択され、リング状のトポロジを形成する. そのランダムで移住先を決める動作を固定し、固定リングトポロジを作成した. 固定リングは移住動作のたびに移住先が変わることはない.

3. 数值実験

数値実験では最適解発見頻度と最適解発見世代を調べる.ここでは、表1の実験条件を用いる.同一条件で解探索を13回試行し、最適解発見世代の中央値と最適解発見頻度を調べる.100万世代を超える解探索は、局所解に収束したと判断し再試行される.目的関数として、(1)~(3)の3つのベンチマーク関数を使用する.

表 2,3 に Griewank 関数の場合の最適解発見頻度を示す(紙面の都合により島 4 の場合のみ). 図 1~3 に 3 つの関数の最適解発見世代を示す(紙面の都合により移住率 0.25, 交叉率 0.8 の結果のみ).

表 1. 実験で使用したパラメータ

式 1. 人吹 C 区/ II U に						
パラメータ名	設定値					
個体数	512					
島数	4, 8, 16, 32					
エリート個体数/島	1					
遺伝子長(Rastrigin,Ridge)	$10 \mathrm{bits} \times 10 \mathrm{variables}$					
遺伝子長(Griewank)	$10 \mathrm{bits} \times 8 \mathrm{variables}$					
交叉点数	1					
交叉率	0.0, 0.6, 0.8, 1.0					
突然変異率	1/遺伝子長					
移住間隔	1, 50					
移住率	0.10, 0.25, 0.50					
選択手法	Roulette					

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

(-5.12 \le x_i < 5.12)

(2)
$$f_{\text{Ridge}} = \sum_{i=1}^{n} (\sum_{j=1}^{i} x_j)^2 (-16 \le x_i < 64)$$

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

 $(-5.12 \le x_i < 5.12)$

表 2.最適解発見頻度(ランダムリング, 島数 4)

		移信	主間隔·移住	三率	移住間隔•移住率		
		1			50		
	交叉率	0.10	0.25	0.50	0.10	0.25	0.50
	0.0	86.67%	65.00%	52%	68.42%	92.86%	76.47%
	0.6	76.47%	72.22%	72.22%	76.47%	59.09%	61.90%
	0.8	56.52%	56.52%	81.25%	72.22%	61.90%	81.25%
ı	1.0	72.22%	56.52%	61.90%	61.90%	68.42%	56.52%

表 3.最適解発見頻度(固定リング, 島数 4)

	移住間隔·移住率			移住間隔•移住率				
	1			50				
交叉率	0.10	0.25	0.50	0.10	0.25	0.50		
0.0	92.86%	76.47%	72.22%	76.47%	76.47%	92.86%		
0.6	54.17%	72.22%	65%	56.52%	54.17%	76.47%		
0.8	68.42%	61.90%	65%	61.90%	56.52%	50%		
1.0	50%	86.67%	76.47%	65%	46.43%	92.86%		

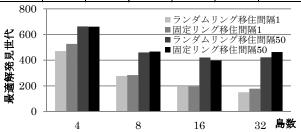
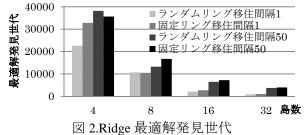


図 1.Rastrigin 最適解発見世代



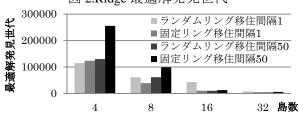


図 3. Griewank 最適解発見世代

4. 結 論

実験結果からは、2 つの異なる移住トポロジで最適解発見頻度、最適解発見世代共に、同様の傾向が見られる. すなわち、移住トポロジの違いによる解探索性能の違いを確認できない.

文献

[1] Hayato Miyagi, "Migration Effects on Tree Topology of Parallel Evolutionary Computation", (Nov.2010).