

ライン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 line topology of migration

08554 湯浅 貴博
指導教員 内田 健

1. 緒言

分散遺伝的アルゴリズム(以下 DGA)において、移住トポロジの連結性が解探索に影響することが報告されている[1]. 本研究では、一般に DGA に使われるランダムリングトポロジ(以下 Ring)と文献[1]で良い結果が報告されているライントポロジ(以下 Line)の解探索性能を比較する.

2. 研究のアプローチ

DGA には、移住という処理が必要となる. 移住は、移住率、移住間隔、移住トポロジの3要素で制御される. 本研究では、Ring と Line の解探索性能を比較する数値実験を行う.

3. 結果

数値実験では、表1のパラメータに対して、解探索性能(解発見世代数、解発見頻度)を調べる. 今回使用する目的関数は、以下の3関数である.

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

$$(-5.12 \leq x_i < 5.12)$$

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

$$(-64 \leq x_i < 64)$$

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

$$(-512 \leq x_i < 512)$$

実験結果を図1~4に示す. Griewank 関数に関しては、誌面の都合上結果を省略させてもらう.

表1 設定パラメータ

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)	10bits x 10 variables
遺伝子長(Griewank)	10 bits x 8 variables
交叉点数	1
交叉率	0, 0.6, 0.8, 1
突然変異率	1 / 遺伝子長
移住間隔	1, 50
移住率	0.1, 0.25, 0.5
選択手法	Roulette
試行世代数(最大)	1E+06
試行回数	13

4. 結論

Rastrigin と Ridge の2つの関数については、Ring, Line とともに移住率が小さいときには、解探索性能の違いはみられなかった. 一方、移住が大きいとき、および Griewank 関数では、Line の方が解探索が悪くなる傾向が見られた.

文献

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

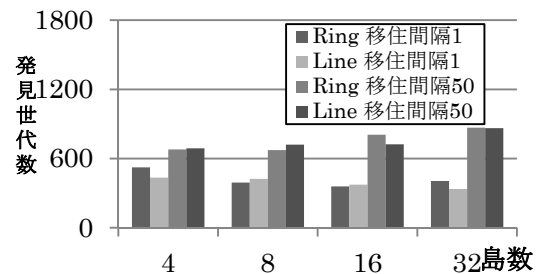


図1 移住率 0.1 交叉率 0 Rastrigin 関数

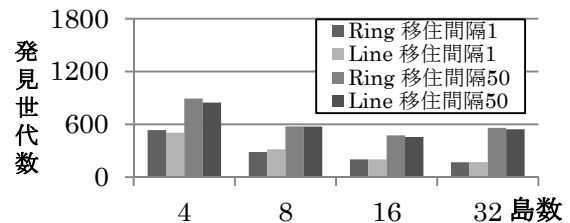


図2 移住率 0.1 交叉率 1 Rastrigin 関数

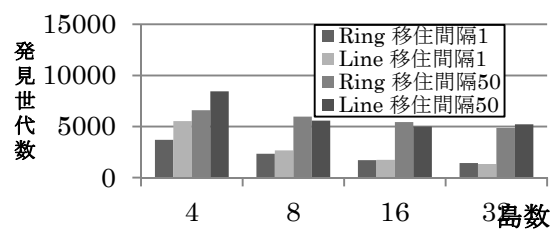


図3 移住率 0.1 交叉率 0 Ridge 関数

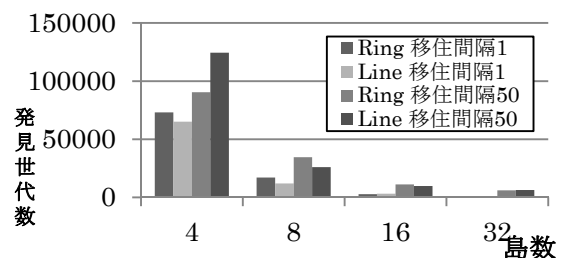


図4 移住率 0.1 交叉率 1 Ridge 関数