

# 移住の少ない分散遺伝的アルゴリズムにおける 交叉方法の検討

A study on crossover method in a distributed genetic algorithm with reduced migration

06514 佐々木 長閑  
指導教員 内田 健

## 1. はじめに

分散遺伝的アルゴリズム(DGA)の並列実装における移住は並列化効果を減少させてしまう。そこで並列化効果を上げるために、移住の低減が必要である。しかし、単純な移住低減は解探索を悪化させる。そこで、本稿では移住の少ないDGA [1]での解探索悪化の原因の一つとして交叉方法に注目し、交叉方法の違いが移住を拡張した時の解探索に与える影響を目的関数と島数の違いの観点から調べる。

## 2. 移住の少ない分散遺伝的アルゴリズム

移住の少ないDGAでは、解探索の途中で移住間隔を拡張する。解探索の初期は移住間隔を短くし、母集団の初期収束後に移住間隔を拡張する。しかし、単純な移住間隔の拡張は解探索を悪化させる場合がある。文献[1]では交叉方法として一点交叉を用いている。本稿では、解探索悪化の原因として交叉方法に注目し、交叉点数の違いが移住間隔を拡張した時の解探索に与える影響を調べる。

## 3. 数値実験

### 3.1 実験方法

DGAにおける主なパラメタとして表1の設定値を用い、交叉方法(一点交叉, 二点交叉)の違いが移住間隔を拡張した時の解探索への影響を調べる。実験では、パラメタ設定値の各組合せに対して解探索を10回試行し、最適解発見世代を調べる。なお、Rastrigin関数, Ridge関数, Griewank関数を目的関数とした。

表1.実験のパラメタ設定

パラメタ名	設定値
個体数	512
島数	4,8,16,32
遺伝子長	10変数×10ビット
交叉方法	一点交叉, 二点交叉
交叉率	1.0
突然変異率	1/遺伝子長
移住率	0.5
エリート数	1
移住トポロジ	ランダムリング

### 3.2 実験結果

図1に各目的関数に対する一点・二点交叉の

場合(島数4)の最適解発見世代を示す。縦軸の数値は、移住間隔1における最適解発見世代を1.0に正規化している。図1の結果より、Rastrigin関数, Ridge関数の島数4の場合は、移住間隔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。一方Griewank関数は、移住間隔が大きいほど解探索が早くなる目的関数である。二点交叉の結果は、移住間隔拡張に対して解探索を悪化させないものであるが、明らかに一点交叉の結果より解探索が遅くなっている。さらに、島数を8以上にした場合には、島数4のような傾向が見られない。これらについては、その原因を現在検討している。

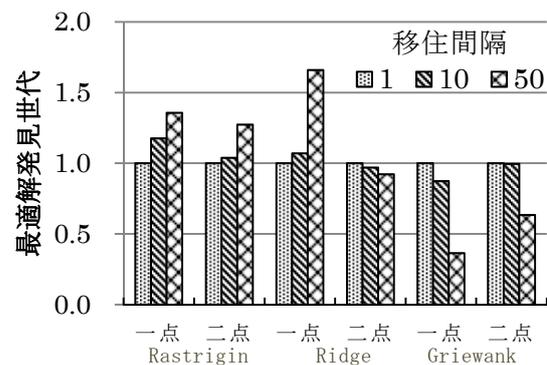


図1. 交叉点の違いによる最適解発見世代

## 4. おわりに

本研究では、交叉方法の違いが移住間隔を拡張した時のDGAの解探索に与える影響を調べた。今回の数値実験では、性質の違う3つの目的関数を使用し、それぞれで異なった結果が得られた。移住の少ないDGAでは、島数が少ない場合に交叉点数の違いが解探索悪化を抑制することがわかった。島数が多い場合はその傾向が見られないため、原因を明らかにすることが今後の課題となる。また関数の性質による最適な交叉方法を調べるため、単峰性・多峰性や変数依存関係の無い関数や、追実験として今回使用した関数と同様の性質をもつ関数においても実験が必要であると考えられる。

## 参考文献

- [1] 濱野賢治, 内田健, 吉野純一: 遺伝的アルゴリズムにおける移住低減に関する検討, FIT2009(第一分冊), pp.235-238, 2009.