5503

エリート個体を移住する分散遺伝的アルゴリズムの検討

A study on a distributed genetic algorithm with elite migrations

07512 加藤 秀隆 指導教員 内田 健

1. はじめに

本研究では、一般的な分散遺伝的アルゴリズム(DGA)において、文献[1]などで有効性が示されている「エリート個体のみを移住する方式」を実装し、その解探索性能を調査する.

2. 研究のアプローチ

DGAでは優れた解探索のために、分割された 母集団(島)の間で個体を移住させる.一般的な 移住方式では、ランダムに選択された個体を移 住させる.本研究では、各島に保持されている エリート個体のみを移住させる方式を一般的な DGAに実装し、その解探索性能を調査する.

図 1 にエリート個体のみ移住させる DGA (EmDGA)の概念図を示す. 同図には,移住トポロジをリングとしている場合の移住の様子を描いている.

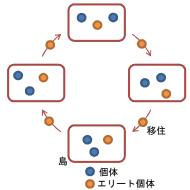


図 1. EmDGA における移住の様子

3. 数值実験

表1の条件下で,式(1)~(3)の目的関数に対して一般的な DGA と EmDGA で解を探索する. 各条件において解探索を 10 回試行し,最適解を発見した世代数の中央値を比較する.

図 2~図 4 に各目的関数に対する解探索の比較結果を示す. 各図の縦軸は, DGA の最適解発見世代を1としたときの EmDGA の最適解発見世代を提示している.

表 1. 数値実験のパラメータ

パラメータ名	設定値
個体数	512
島数	4,16,64
交叉率	1
交叉法	1 点交叉
突然変異率	1/染色体長
遺伝子長	10 変数*10bit
エリート個体数	5
移住率	0.5
移住間隔	50
突然変異率 遺伝子長 エリート個体数 移住率	1/染色体長 10 変数*10bit 5 0.5

$$(1) \ F_{Griewank} = 1 + \sum_{i=1}^{n} \frac{x_i^2}{4000} - \prod_{i=1}^{n} (cos(\frac{x_i}{\sqrt{i}})) \\ (-512 \le x_i < 512)$$

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

(-5.12 \le x_i < 5.12)

(3)
$$F_{Ridge} = \sum_{i=1}^{n} \left(\sum_{j=1}^{i} x_j \right)^2$$
, $(-64 \le x_i < 64)$

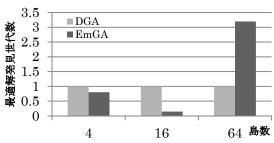


図 2. 解探索性能の比較(Griewank)

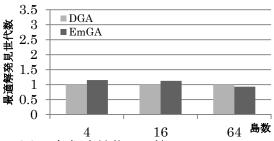


図 3. 解探索性能の比較(Rastrigin)

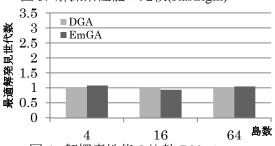


図 4. 解探索性能の比較(Ridge)

4. おわりに

本研究では、エリート個体のみをリング状に移住させる方式を一般的な DGA に実装し、その解探索性能を調査した.数値実験の結果より、移住間隔が 50 のとき EmDGA の有効性は確認できなかった.目的関数の規模を大きくしたり、移住間隔を小さくしたりすることで実験結果を検証することが今後の課題である.

文 献

[1] 小嶋和徳, "局所と大域の探索を考慮した遺伝的アルゴリズムの収束制御に関する研究", 東北大学博士学位論文, (Jan.2008)