

A1-05 統合型サブ集団を有するファジィ適応型探索並列遺伝的アルゴリズム

石田 正英 (指導教官: 前田 陽一郎 助教授)

福井大学 工学部 知能システム工学科

1 緒言

遺伝的アルゴリズム (GA) は生物進化の過程を模擬した近似最適手法であり、複数の個体を用いて最適解を探索する確率的な多点探索の一手法である。一般に GA は通常一定の遺伝的パラメータ (突然変異率、交叉率など) で探索を行うため、特に探索初期、収束期において探索性能が上がらない場合がある。

本研究ではすでにこの問題の改善手法としてファジィ適応型探索遺伝的アルゴリズム (FASGA: Fuzzy Adaptive Search method for Genetic Algorithm) を提案している [1]。この手法では、遺伝的パラメータを最大適応度および平均適応度を基に探索ステージに伴いチューニングするファジィルールを記述し、それにより探索ステージに適した効率的な探索を実現できる。一方、進化における解の高質化を実現する手法として、並列遺伝的アルゴリズム (PGA: Parallel Genetic Algorithm) が提案されている [2][3]。しかしながら、PGA においても GA と同様に一定の移住率を用いるため、探索ステージに応じて必ずしも適切な移住が行われているとは限らないという問題がある。

そこで、昨年本研究室では FASGA と PGA と組み合わせることにより進化の高速化と解の高質化に基づく効率的な探索を行うファジィ適応型探索並列遺伝的アルゴリズム (FASPGA: Fuzzy Adaptive Search method for Parallel Genetic Algorithm) が提案された [4]。FASPGA は各集団における交叉率、突然変異率といった遺伝的パラメータに加え、移住率も探索ステージに応じてファジィルールによりチューニングし、かつ移住個体の決定を行うアルゴリズムである。

本研究では、この FASPGA を用いて進化の度合によって、サブ集団を統合していく統合型サブ集団を有する FASPGA を提案する。本手法の有効性を検証するためにシミュレーションを行ったので、その結果についても報告する。

2 C-FASPGA アルゴリズム

FASPGA では各サブ母集団ごとの突然変異率や交叉率という遺伝的パラメータを 1 世代ごとにファジィルールを用いてチューニングを行うことにより各集団ごとの探索効率の向上を図るだけでなく、集団ごとの集団移住度に対してもファジィルールによるチューニングを行うことで、全体の探索効率の向上を図ることを目的としている。これに島の統合を加えた C-FASPGA を提案し、より高質な解を高速に求める手法の確立を目指す。

2.1 ファジィ推論による遺伝的パラメータの決定

C-FASPGA のファジィ推論の前件部は平均適応度 f_{ai} 、最大適応度と平均適応度との差 ($f_{mi} - f_{ai}$) を用

いて表し、後件部には交叉率 r_{ci} と突然変異率 r_{mi} さらに集団移住度 E_i と呼ばれるパラメータを用いる。図 1 に C-FASPGA のファジィルールおよびメンバーシップ関数と後件部シングルトンを示す。

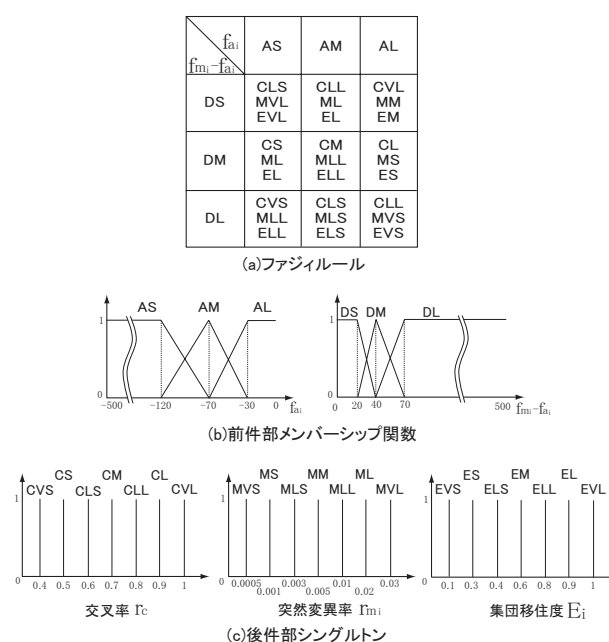


図 1. C-FASPGA のファジィルール

2.2 移住操作

移住トポロジはリング型 (移住元と移住先を結んだ線が 1 つのリングを形成するように移住先を定めるというもの) であり、ランダムに移住する集団を決定する。また、移住先は移住操作の度に变化するものとする。

● 移住条件

従来の PGA では移住の必要性を検知せず、移住間隔といわれる一定世代ごとの移住の周期によって一定割合の個体の移住が行われる。これに対し、本研究で提案する手法では、ファジィ推論から得られる集団移住度 E_i に比例して個体数が決まる方式を用いている。本手法の移住条件は式 (1) のとおり、ある一定間隔で移住が行われるが、ファジィ推論により集団移住度が $E_i = 0$ となれば移住は行われない。

$$\text{IF (Generation mod Mig-Span = 0)} \\ \text{THEN Migration.} \quad (1)$$

Mig-Span: 移住間隔

● 移住方法

一般のPGAでは移住率によって移住する個体の数が決まっており、移住率は交叉率や突然変異率の遺伝的パラメータと同様、終了世代まで一定である。この場合、進化の度合いに応じて適切な移住が行われているとは決して言えない。そこで本手法では移住率 r_{ei} は集団移住度 E_i の値に比例するように設定する(式(2)参照)。このようにすることで移住が決定するごとにそのときの進化の度合いに応じて移住率が変化する。また、この式における k は移住率を正規化するための定数である。尚式(3)の計算結果で $M_i = 0$ のときは、移住は行われない。

$$r_{ei} = k \cdot E_i \quad (2)$$

$$M_i = r_{ei} \cdot P_{initial} \quad (3)$$

i : サブ集団番号 E_i : 集団移住度
 r_{ei} : 移住率 M_i : 移住個体数
 $P_{initial}$: 初期サブ集団内の個体数

2.3 サブ集団の統合操作

本研究で提案するサブ集団の統合条件は、ある世代の平均適応度が最も高いサブ集団がある一定値 λ を越えたとき、かつ、一定の統合間隔を満たす世代にのみ行うものとする。

$$IF (f_{a_1} - \lambda) > 0 \text{ and } (Generation \bmod Com_Span = 0) \\ THEN Combine I_{a_1} \& I_{a_2} \quad (4)$$

f_{a_1} : 平均適応度の最も高いサブ集団の平均適応度
 Com_Span : 統合間隔
 I_{a_1}, I_{a_2} : 全サブ集団の中で1番目および2番目に平均適応度の大きなサブ集団

2.4 本手法のアルゴリズムフロー

本研究で提案したC-FASPGAのフローチャートを図2に示す。点線で示した部分はファジィルールによる集団移住度や、交叉率、突然変異率のチューニングを行うための処理が実行される。

3 シミュレーション

今回提案した手法の有効性を検証するために、PGA、FASPGA、C-FASPGAを用いてRastrigin関数の最適化シミュレーションを行った結果を図3に示す。

4 結 言

本研究では、ファジィ適応型探索並列遺伝的アルゴリズム(FASPGA)を改良して進化の度合いによって、サブ集団を統合していく統合型サブ集団を有するC-FASPGAを提案した。Rastrigin関数を用いて最適化シミュレーションを行い、PGAやFASPGAと比較して、進化の収束期において良質の解をさらに早い世代で得ることができることを確認した。

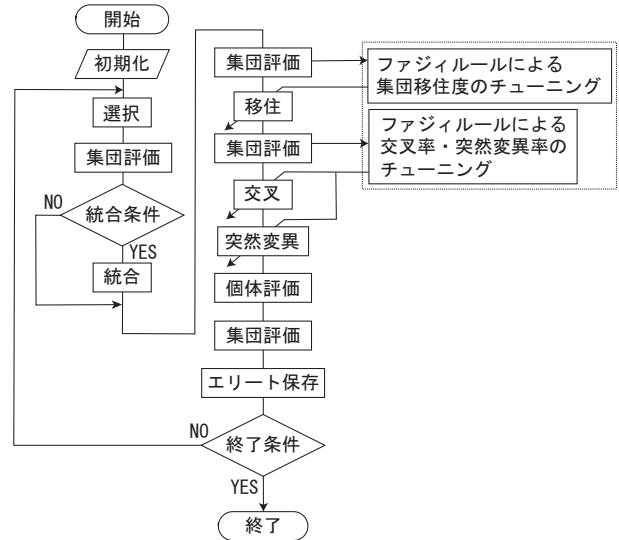


図 2. C-FASPGA のフローチャート

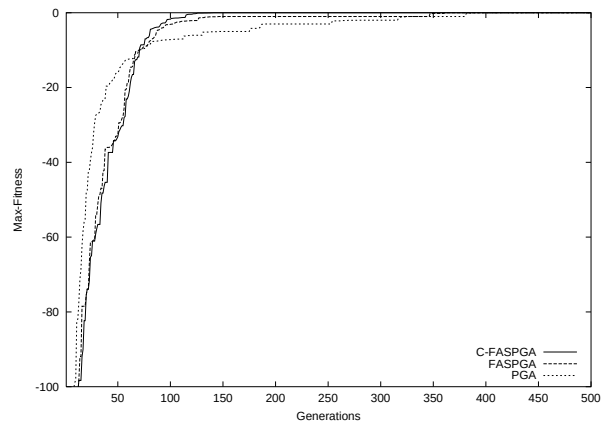


図 3. シミュレーション結果

参考文献

- [1] 山本哲哉, 前田陽一郎: “ファジィ適応型探索 GA の提案と TSP 問題への応用,” — 第 11 回バイオメディカル・ファジィ・システム学会, pp.103-106 (1998)
- [2] J. Mang and K. Matsuo: “A Survey on the Parallel Genetic Algorithms,” 計測と制御, Vol.33, No.6, pp.112-117 (1994)
- [3] 三木 光範, 廣安 和之, 中村 康範: “遺伝的アルゴリズムの分散並列化に関する研究 (ランダム移住型による分散遺伝的アルゴリズムの検討),” 日本機械学会論文集 (A 編), Vol.66, No.645, pp.112-117 (2000)
- [4] Y.Maeda and T.Tsubouchi: “Parallel Genetic Algorithm Used Fuzzy Adaptive Search Method,” — SICE Annual Conference in Fukui, CD-ROM pp.2353-2356 (2003)