

実験計画法を用いた分散遺伝的アルゴリズムのパラメータ推定

廣 安 知 之[†] 三 木 光 範[†] 上 浦 二 郎^{††}

分散遺伝的アルゴリズム (DGA) は遺伝的アルゴリズム (GA) の並列モデルの 1 つであり、通常の GA と比較して、高い探索能力を有する。しかしながら、DGA にはユーザが設定すべきパラメータが多数存在し、このパラメータ設定が DGA の利用の際に大きな問題となる。そこで、本研究ではこれらのパラメータの最適な設定を実験計画法を用いて予測を行う。本研究で予測を行ったパラメータは、各分割母集団内の探索に関係する 8 種類のパラメータと移住に関係する 5 種類のパラメータである。本研究ではまず、これら 13 種類の DGA のパラメータの傾向を把握するために、4 種類の数学的テスト関数について実験を行っている。その結果、9 種類のパラメータはこれら 4 種類の対象問題すべてにおいて似た傾向を示した。残る 4 種類のパラメータに関して実験計画法を用いることにより、少ない実験回数で良質なパラメータ設定を得ることが可能となった。

A Presumption of Parameter Settings for Distributed Genetic Algorithms by Using Design of Experiments

TOMOYUKI HIROYASU,[†] MITSUNORI MIKI[†] and JIRO KAMIURA^{††}

Distributed Genetic Algorithm (DGA) is one of parallel models of Genetic Algorithms (GAs) and has a high searching ability compared with the conventional GAs. In DGAs, there are many parameters that users should set and these parameters affect the derived solutions and the calculation cost. In this study, we presume the best parameters of DGA by using design experiment method. For the preliminary experiment, we studied 13 types of parameters of DGAs by applying 4 numerical test functions. The parameters are classified into two groups; the parameters that are used in sub populations and the parameters that are concerned with the migration. From the numerical examples, the best values of nine parameters were derived. Therefore, users can determine the rest values of four parameters by design experiment method. Through the further numerical experiments, it is found that good parameter settings can be presumed with not so many experiments by using design of experiments.

1. 序 論

遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithms: GA) は生物の進化を模倣した最適化手法であり、その適応範囲は広い¹⁾。しかし GA には、他の最適化手法と比較して計算負荷が高く膨大な時間とコンピュータ資源を浪費すること、パラメータの設定が難しいことなどの問題点がある。

計算負荷が高いという問題の解決方法の 1 つに GA の並列処理がある。GA は高い並列性を有しており、様々な並列化のモデルが提案されている²⁾。その 1 つに分散遺伝的アルゴリズム (Distributed Genetic Algorithms: DGA) があげられる。DGA は GA の母集団

を複数の分割母集団 (Sub-population) に分割し、各分割母集団内で独立して GA を行うというものであり、島モデル (Island Model) とも呼ばれる³⁾。DGA では各島間で個体情報を交換するために移住 (Migration) という新しい遺伝操作が加わる。

DGA は計算を並列化することにより計算時間の短縮が可能となるが、そのほかにも単一母集団で行う GA (Conventional Genetic Algorithms: CGA) と比較して高品質な解が得られるという報告がされている^{3),4)}。このため、DGA は逐次処理で行う場合にも有効な GA のモデルであるといえる。本研究においても逐次処理で実験を行った。

このように、DGA は解探索効率の点で GA の有効なモデルであるといえるが、その一方で、移住操作を行るために設定すべきパラメータが CGA と比較して増加するという問題がある。また、DGA では CGA とは異なる探索を行っていると考えられ⁵⁾、同じパ

[†] 同志社大学工学部

Faculty of Engineering, Doshisha University

^{††} 同志社大学大学院

Graduate School of Engineering, Doshisha University

ラメータでも CGA とは最適な設定が異なる場合がある⁶⁾。このため、DGA に特化したパラメータについての研究を行うことは重要である。Cantú-Paz らは DGA における解探索を解析的に検討し、戦略の検討を行っている^{2),7)}。しかしながら、そこでの議論は多数存在するパラメータを同時に取り扱うものではなく、また数値実験で使用している関数は One-Max 問題と比較的単純な問題である。

DGA のパラメータに関して検討が行いにくい原因の 1 つに、検討対象となるパラメータ設定値の組合せが膨大になることがあげられる。そこで本研究では、これを実験計画法(Design of Experiments⁸⁾)を用いることにより回避する。実験計画法は、イギリスの遺伝学者、統計学者である Fisher によって創始された、実験的な研究を効率良く進めるための技術である⁸⁾。これにより、少量の実験で多くの項目を検討することが可能となる。本論文ではまず 13 種のパラメータを 5 つのグループに分類して数値実験を行うことにより、各パラメータの傾向について検討を行った。その結果として、9 種類のパラメータは、対象としたいずれの関数についても同様の傾向を示した。そのため、残る 4 種類のパラメータを実験計画法によるパラメータチューニングの対象とした。各パラメータの傾向をよく表すと思われるパラメータ設定値を用いて実験計画法を行うことにより、少ない実験回数で良質なパラメータ設定を得ることが可能となった。

2. 分散遺伝的アルゴリズム

2.1 概 要

DGA は、GA の母集団を複数の島に分割し、各島内で遺伝的操作を行うという GA の並列化モデルの 1 つである。DGA では各島間で探索の情報を交換するために、一定間隔で移住という操作を行う。移住は、数世代に一度、各島内で選ばれた 1 つまたは複数個の個体(移住個体: Migrant)を別の島と交換することで実現される。このとき、移住操作が行われる世代間隔のことを移住間隔(Migration Interval)、各島内に占める移住個体の割合のことを移住率(Migration Rate)という。

2.2 パラメータ

表 1 に本研究において検討を行ったパラメータの一覧を示す。表中で CGA/DGA と記したパラメータは母集団を分割しない GA (Conventional Genetic Algorithms: CGA) および DGA ともに設定すべきパラメータであり、DGA と記したパラメータは DGA でのみ設定すべきパラメータである。次節以降で、こ

表 1 DGA のパラメータ
Table 1 Parameters of DGA.

Parameters	CGA/DGA
Population Size	CGA/DGA
Number of Islands	DGA
Selection Method	CGA/DGA
Tournament Size	CGA/DGA
Crossover Rate	CGA/DGA
Crossover Method	CGA/DGA
Mutation Rate	CGA/DGA
Mutation Method	CGA/DGA
Migration Interval	DGA
Migration Rate	DGA
Migration Topology	DGA
Migrant	DGA
Migration Point	DGA

れらのパラメータについて説明する。

2.3 個 体 数

- 母集団サイズ(Population Size): GA における探索点の総数。本研究では 2, 4, 8, 16, 32, 64, 128, 256, 512, 1024 と変化させて比較を行った。
- 島数(Number of Islands): DGA における母集団サイズの分割数。母集団サイズが GA の探索点の総数を指すのに対し、各分割母集団内に存在する探索点の数のことを、島サイズ(Island Size)と呼ぶ。本研究では、母集団サイズを各島に均等に振り分けることとした。本研究では 3.3.1 項と 3.3.2 項の実験において 2, 4, 8, 16, 32, 64, 128, 256, 512 と変化させ、3.3.5 項の実験において 1, 2, 4, 8, 10, 16, 20, 40, 50, 80, 100, 200 と変化させて比較を行った。

2.4 選択に関連するパラメータ

スケーリング

- 線形スケーリング(Linear Scaling): 各個体の評価値 f_i を次式により適合度値 f'_i に変換する¹⁾。

$$f'_i = a \cdot f_i + b$$

本研究では N 個の個体を f_1, f_2, \dots, f_N の順に評価値が高くなるようにソートした後、次式により個体 f_i の適合度値 f'_i を定めた。

$$\begin{cases} a = 1 \\ b = \frac{f_N - f_1 \cdot N}{N - 1} \end{cases}$$

これにより、個体集団中において最も良い個体の適合度値は、最も悪い個体の適合度値の個体数倍となる。

- 線形正規化(Linear Normalization): 順序づけられた各個体に線形に増加(減少)するような適合度を生成する⁹⁾。本研究では、 N 個の個体

を f_1, f_2, \dots, f_N の順に評価値が高くなるようにソートした後、個体 f_1 の適合度値を 1 とし、個体 f_i ($i = 2 \dots N$) に対して、次式により適合度値 f'_i を定めた。

$$f'_i = \begin{cases} f_{i-1} + 1 & \text{if } f_i \neq f_{i-1} \\ f_{i-1} & \text{if } f_i = f_{i-1} \end{cases}$$

選択手法

- **Roulette 選択**：個体群の中の各個体の適合度とその総計を求め、適合度の総計に占める各個体の適合度の割合を選択確率として個体を選択する¹⁰⁾。本研究では線形スケーリングを用いたものを Roulette 選択、線形正規化を用いたものを Ranking Roulette 選択と定義する。
- **Tournament 選択**：個体群の中からあらかじめ定められた定数(トーナメントサイズ: Tournament Size)分の個数の個体をランダムに選び出し、その中で最も適合度の高い個体を次世代に残すという手続きを次世代に残したい数の個体が選択されるまで繰り返す¹⁰⁾。トーナメントに選び出す個体の重複を許さない場合、トーナメントサイズを 2 に設定した Tournament 選択は Ranking Roulette 選択に近似できる¹⁰⁾。本研究ではトーナメントに選び出す個体を選択するときに個体の重複を許しているため、Ranking Roulette 選択に比べて適合度の低い個体が次世代に残る確率が若干高くなる。トーナメントサイズに関して、2, 4, 8, 16 の 4 通りについて比較を行った。
- **Roulette Tournament 選択**：上記の Roulette 選択と Tournament 選択を組み合わせたもので、ルーレットを用いてトーナメントに参加する個体を決定する。このため、Roulette 選択や Tournament 選択と比較して適合度の低い個体が淘汰される確率はより高くなる。本研究では線形スケーリングを用いたものを Roulette Tournament 選択、線形正規化を用いたものを Ranking Roulette Tournament 選択と呼ぶ。

選択圧について：適合度の低い個体が淘汰される度合いを選択圧という。上記選択手法では、Ranking Roulette Tournament 選択、Roulette Tournament 選択、Tournament 選択、Ranking Roulette 選択、Roulette 選択の順に選択圧が低くなる。

エリート保存戦略について：本研究ではエリート保存戦略を用いている。エリートの数は 1 とした。

2.5 交叉に関するパラメータ

交叉率

母集団のうち何割の個体が交叉に参加するかを定める確率を交叉率 (Crossover Rate) という。母集団から 2 個体をランダムに抽出し、[0.0, 1.0] の範囲で発生させた乱数が、交叉率よりも小さい場合に交叉を行う。本研究では 0.0 (交叉しない), 0.1, 0.2, 0.3, 0.4, 0.5, 0.6, 0.7, 0.8, 0.9, 1.0 と変化させて比較を行った。

交叉手法

- **一点交叉 (One-Point Crossover: 1X)**：ランダムに 1 つの交叉点 (Crossover Point) を定め、その点を境目に染色体を交換する¹⁰⁾。
- **二点交叉 (Two-Point Crossover: 2X)**：ランダムに 2 つの交叉点を定め、その間にある染色体を交換する¹⁰⁾。
- **一様交叉 (Uniform Crossover: UX)**：交叉のたびにランダムに生成したマスクパターンに従って交叉点を作成する¹⁰⁾。

2.6 突然変異に関するパラメータ

突然変異率

各遺伝子座が突然変異する確率を定めるパラメータを突然変異率 (Mutation Rate) という。染色体長を L としたとき、最適な突然変異率は $1/L$ であるという報告がある¹¹⁾。そのため、本研究では 0.0 (突然変異を行わない), 0.002 ($2/10L$), 0.004, 0.06, 0.08, 0.01 ($1/L$), 0.012, ..., 0.018, 0.02, 0.03, ..., 0.09, 0.1, 0.2, 0.3, 0.4, 0.5 と変化させて比較を行った。

突然変異手法

- **突然変異 (Normal Mutation)**：通常、単に突然変異と呼ばれる。各遺伝子座について [0.0, 1.0] の範囲で乱数を発生させ、それが突然変異率よりも小さい場合に、他の対立遺伝子に置き換える。
- **単一遺伝子座突然変異 (Mono-Bit Mutation)**：突然変異率が $1/L$ であるとき、染色体中で突然変異を起こす遺伝子座は平均して 1 つである。このため、すべての個体について 1 つの遺伝子座が必ず突然変異するものとし、突然変異をする遺伝子座を、乱数を用いて定める手法は良好であると予想される。本研究ではこれを単一遺伝子座突然変異と定義し、比較の対象とした。
- **シフト突然変異 (Shift Mutation)**：同じ染色体を持つ複数の個体が存在するとき、それらの個体では異なる遺伝子座が突然変異することが望ましい。このため、まず母集団中のある 1 つの個体について突然変異する遺伝子座を乱数を用いて

1つ決定し、それ以外の(母集団中の個体数-1)個の個体については突然変異する遺伝子座を1つずつシフトさせるという方法によって、すべての個体について必ず1つの突然変異する遺伝子座を決定するという手法が考えられる。本研究ではこれをシフト突然変異と定義し、比較の対象とした。

2.7 移住に関するパラメータ

移住間隔

移住操作を行う世代間隔を移住間隔(Migration Interval)という。本研究では1, 2, 3, ..., 8, 9, 10と変化させて比較を行った。

移住率

各島内の個体に占める移住する個体の割合を移住率(Migration Rate)という。本研究では0.1, 0.2, 0.3, 0.4, 0.5と変化させて比較を行った。

移住トポロジ

移住操作を行う際、どの島からどの島へ移住するかを決定する必要がある。本研究ではこれを移住トポロジと呼び、次の5種類の比較を行った。

- **Random Ring**: 移住元と移住先を結んだ線がリングを形成するように移住先を定める¹²⁾。各島からの移住先は移住操作のたびにランダムに変化する。図1aは島ごとにIDが与えられている状態でのRandom Ringの概念図である。
- **+1+2 Topology**: 各島にIDが定められており、島*i*は島*i+1*と島*i+2*の2島から移住個体を受け入れる²⁾。リングは一定であり、移住の度に変わることはない。図1bはこの手法の概念図である。
- **+2+3 Topology**: 各島にIDが定められており、島*i*は島*i+2*と島*i+3*の2島から移住個体を受け入れる²⁾。リングは一定であり、移住の度に変わることはない。図1cはこの手法の概念図である。
- **bi-Directional Ring**: 各島にIDが定められており、IDが隣り合う2島と移住を行う²⁾。リングは一定であり、移住の度に変わることはない。図1dはこの手法の概念図である。
- **Ladder**: 各島にIDが定められており、ハシゴ状の移住トポロジを形成する²⁾。また、島数は偶数でなければならない。リングは一定であり、移住の度に変わることはない。図1eはこの手法の概念図である。

移住個体の選択方法

本研究では、島a, b, cで移住がa→b→cのように起こるとき、島bから島cに対して移住する個体

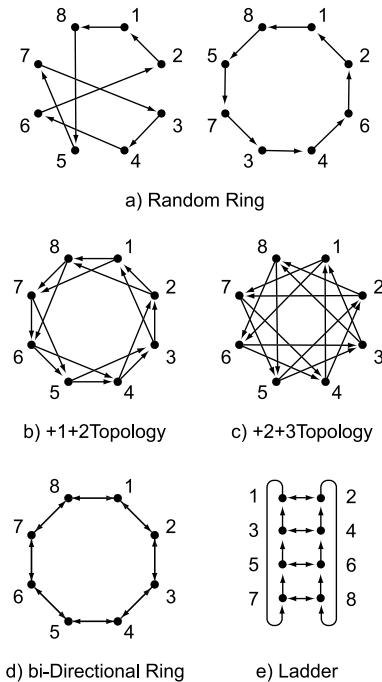


図1 移住トポロジ

Fig. 1 Migration Topologies.

をEmigrant、島aから島bに移住してくる個体をImmigrantと定義する。

Emigrantの選択方法として以下を定義する。

- **Random**: 島内の個体をランダムに選ぶ。
- **Best**: 島内の評価値の高い個体から順に選ぶ。
- **Worst**: 島内の評価値の低い個体から順に選ぶ。
- 同様に、Immigrantの選択方法として以下を定義する。
- **Hole**: Emigrantが抜けた場所を穴埋めする。この挿入方法を選択した場合、移住の前後で母集団全体を編成する個体が変化しない。
- **Random**: 島内の個体をランダムに選ぶ。移住の前後で母集団全体を編成する個体が変化する可能性がある。
- **Best**: 島内の評価値の高い個体から順に選ぶ。移住の前後で母集団全体を編成する個体が変化する可能性がある。Emigrantの選択方法としてBestを選択した場合、Immigrantの選択方法としてHoleを選択するのとBestを選択するのは同義である。
- **Worst**: 島内の評価値の低い個体から順に選ぶ。移住の前後で母集団全体を編成する個体が変化する可能性がある。Emigrantの選択方法としてWorstを選択した場合、Immigrantの選択方法と

して Hole を選択するのと Worst を選択するのは同義である。

本研究では、移住個体の選択方法(以降 Emigrant : Immigrant のように記述する)として、Random : Hole, Random : Random, Random : Best, Random : Worst, Best : Random, Best : Best(Best : Hole), Best : Worst, Worst : Random, Worst : Best, Worst : Worst(Worst : Hole)の10種類を比較の対象とした。

移住操作の位置

DGAにおいて移住操作は島間の個体情報の交換するためにある。そのため移住操作は選択の直後に行うことが多い。しかし、移住を他の遺伝的操作の直後に行ふことも考えられる。そこで、本研究では以下のタイミングで移住を行い、比較を行った。

- 選択の後：選択の後に移住を行う。
- 交叉の後：交叉操作の後に移住を行う。移住個体の抽出方法として Best や Worst を選択した場合には移住の前に評価を行う必要があるため、選択の後に移住を行うモデルと比較して同じ評価計算回数でも遺伝操作の回数が異なる。
- 突然変異の後：突然変異の後に移住を行う。

3. パラメータの傾向の調査

3.1 概 要

本研究は、実験計画法を用いて少ない実験回数で良好なパラメータ設定を得ることを目的としている。実験計画法による実験では、実験の効率と信頼性を高めるために検討対象のパラメータの傾向を表す3つ程度のパラメータ値を使用する。このため、実験計画法に適用する前に、パラメータの傾向を簡単に把握する必要がある。本章では、前節において説明したパラメータを5つのグループに分類し、4種類の数学的テスト関数について数値実験を行うことによりパラメータの傾向について調査する。

3.2 対 象 問 題

実験に使用した関数について説明する。それぞれの関数について設計変数の数は10とし、1設計変数あたり10ビットを用いてコーディングを行った。これにより、各個体の染色体長(Chromosome Length)は100となる。

Rastrigin

式(1)で表される関数で、設計変数間に依存関係がない。すべての設計変数の値が421のとき最小値418.98276403 × 設計変数の数をとる。本研究では、式(2)から418.98276403 × 設計変数の数を減算することにより最小値が0となるように調整した関数を Schwefel 関数として用いた。

$$f(x_1, \dots, x_n) = 10n + \sum_{i=1}^n (x_i^2 - 10 \cos(2\pi x_i))$$

$$-5.12 < x_i \leq 5.12 \quad (1)$$

Schwefel

式(2)で表され、設計変数間に依存関係がない。すべての設計変数の値が421のとき最小値418.98276403 × 設計変数の数をとる。本研究では、式(2)から418.98276403 × 設計変数の数を減算することにより最小値が0となるように調整した関数を Schwefel 関数として用いた。

$$f(x_1, \dots, x_n) = \sum_{i=1}^n -x_i \sin(\sqrt{|x_i|})$$

$$-512 < x_i \leq 512 \quad (2)$$

Ridge

式(3)で表され、設計変数間に依存関係が強い。すべての設計変数の値が0のとき最小値0をとる。

$$f(x_1, \dots, x_n) = \sum_{i=1}^n \left(\sum_{j=1}^i x_j \right)^2$$

$$-64 < x_i \leq 64 \quad (3)$$

Griewank

式(4)で表され、大域的には単峰性で依存関係が弱く、局所的には多峰性で依存関係が強い。すべての設計変数の値が0のとき最小値0をとる。

$$f(x_1, \dots, x_n) = 1 + \sum_{i=1}^n \frac{x_i^2}{4000} - \prod_{i=1}^n \left(\cos\left(\frac{x_i}{\sqrt{i}}\right) \right)$$

$$-512 < x_i \leq 512 \quad (4)$$

評価値について

これらの対象問題はすべて関数最小化問題であるが、本研究では関数値に-1を乗じた値を評価値としてことで最大化問題として扱う。

3.3 実験内容

本実験ではDGAの各遺伝的操作に着目し、遺伝的操作に関連すると考えられるパラメータごとにパラメータを分類し、各分類ごとに実験を行った。各実験において比較対象でないパラメータに関しては、過去の研究において用いられているもの¹³⁾を参考にして表2のように定めた。本研究では、複数回の試行のうち最適解を発見することができた割合を解発見割合と呼ぶ。解発見割合が5割を超える関数については最適解発見までに要した評価計算回数の平均値で比較を行い、その他の関数については計算終了時での関数値の平均値で比較を行った。

表 2 基本パラメータ
Table 2 Basic parameters.

parameter	value
Chromosome Length	100(= L)
Population Size	400
Number of Islands	8
Selection Method	Ranking Roulette
Tournament Size	2
Crossover Rate	1.0
Crossover Method	One-Point Crossover
Mutation Rate	0.01 (1/L)
Mutation Method	Normal Mutation
Migration Interval	5
Migration Rate	0.5
Migration Topology	Random Ring
Emigrant:Immigrant	Random: Hole
Migration Point	After Selection

各分類ごとに数値実験の概要を以下に示す。

3.3.1 個体数, 島数, 選択手法の比較

ここでは選択に関係するパラメータについて実験を行った。選択に影響すると考えられるパラメータには、個体数, 島数, 選択手法がある。なお, Tournament 選択に関してトーナメントサイズは 2 とした「評価回数が 400,000 を超えたとき」を終了条件とし, 20 回の試行を行った。

3.3.2 個体数, 島数, トーナメントサイズの比較

ここでは Tournament 選択に関係するパラメータについて実験を行った「評価回数が 800,000 を超えたとき」を終了条件とし, 20 回の試行を行った。

3.3.3 交叉手法, 交叉率の比較

ここでは交叉に関係するパラメータについて実験を行った。交叉に影響するパラメータには, 交叉手法, 交叉率がある「評価計算回数が 800,000 を超えたとき」を終了条件とし, 20 回の試行を行った。

3.3.4 突然変異手法, 突然変異率の比較

ここでは突然変異に関係するパラメータについて実験を行った。突然変異に影響するパラメータには, 突然変異手法, 突然変異率がある「評価計算回数が 800,000 を超えたとき」を終了条件とし, 20 回の試行を行った。

3.3.5 移住率, 移住間隔, 島数の比較

ここでは移住に関係するパラメータについて実験を行った。移住に関係するパラメータには, 移住率, 移住間隔, 島数がある「評価計算回数が 800,000 を超えたとき」を終了条件とし, 20 回の試行を行った。

3.4 実験結果

3.4.1 個体数, 島数と選択手法に関する実験

個体数, 島数と選択手法の推移と解探索性能の関係を図 2, 図 3, 図 4, 図 5 に示す。ただし, グラフ中の

R は Roulette 選択, rR は Ranking Roulette 選択, T は Tournament 選択, RT は Roulette Tournament 選択, rRT は Ranking Roulette Tournament 選択を表している。個体数の傾向は各関数で異なる。Rastrigin 関数と比較して Schwefel 関数は最適解の発見に必要な個体の数が多く, 最適な個体数が関数によって異なることが分かる。これに対して, 島数と選択手法の傾向はすべての関数について以下の傾向がある。つまり, 島サイズが少ないと (島内の個体数が少ないとき) は選択手法による差が少なく, 多いときは選択圧の高い Roulette Tournament などの選択手法を用いる方がよい。

3.4.2 個体数, 島数, トーナメントサイズに関する実験

個体数, 島数と Tournament 選択におけるトーナメントサイズの推移と解探索性能の関係を図 6, 図 7, 図 8, 図 9 に示す。いずれの関数も 3.4.1 項の実験結果と同様の傾向を示している。特に, トーナメントサイズが 2 の場合の傾向は Ranking Roulette の傾向に類似している。トーナメントサイズが 4 の場合の解探索性能は 2 の場合を上回っているが, それ以上の値を指定した場合の変化は少ない。このため, トーナメントサイズは 4 が適当である。

3.4.3 交叉手法, 交叉率に関する実験

交叉手法, 交叉率の推移と解探索性能の関係を図 10 に示す。Rastrigin 関数, Schwefel 関数, Griewank 関数の 3 つの関数については, 一点交叉, 二点交叉は一様交叉よりも性能が良いという共通の傾向がある。Griewank 関数については, 交叉手法による大きな性能差は見られない。

また, すべての関数について一点交叉と二点交叉は交叉率が高いほど性能が良い。特に一点交叉では, 最適な交叉率はすべての関数において 1.0 である。

3.4.4 突然変異手法, 突然変異率に関する実験

突然変異手法と突然変異率の推移と解探索性能の関係を図 11 に示す。Rastrigin 関数, Schwefel 関数, Ridge 関数の 3 関数について, 突然変異率は $1/L$ 程度が適当であり, 単一遺伝子座突然変異, シフト突然変異は突然変異率を $1/L$ とした突然変異と比較して解探索性能が良くない。Griewank 関数においても突然変異率は $1/L$ 程度が適当である。しかし, シフト突然変異の解探索性能が突然変異率 $1/L$ の突然変異の解探索性能を上回っている。

3.4.5 移住率, 移住間隔, 島数に関する実験

各関数について移住率, 移住間隔と島数の推移と解探索性能の関係を, 図 12, 図 13, 図 14, 図 15 に

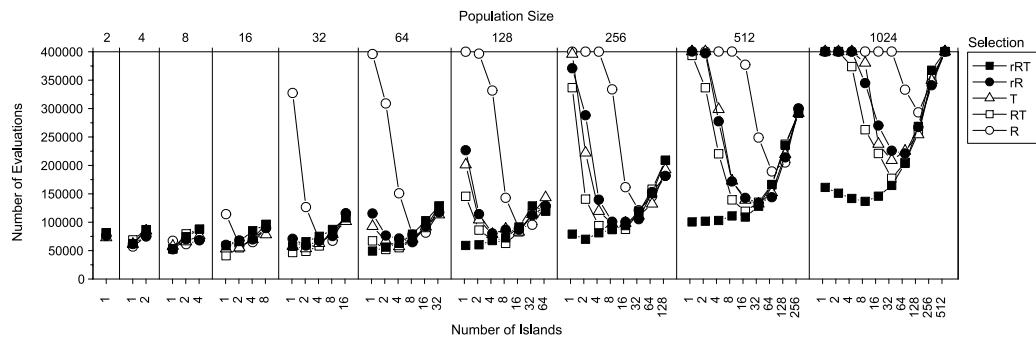


図 2 個体数, 島数, 選択手法 (Rastrigin)

Fig. 2 Population size, number of islands, selection method (Rastrigin).

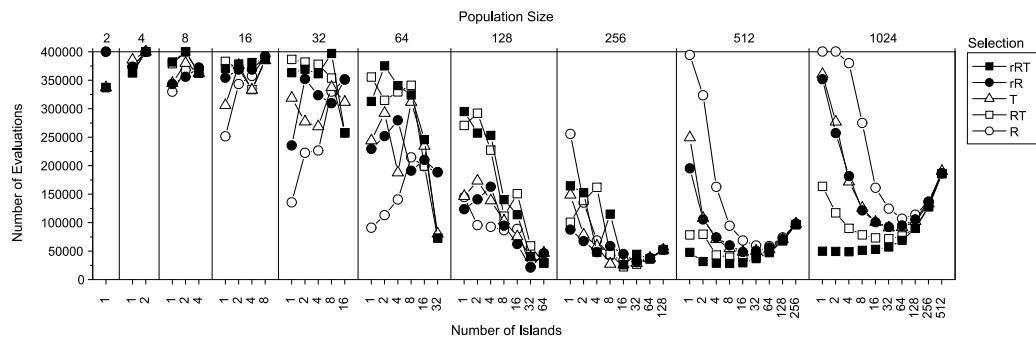


図 3 個体数, 島数, 選択手法 (Schwefel)

Fig. 3 Population size, number of islands, selection method (Schwefel).

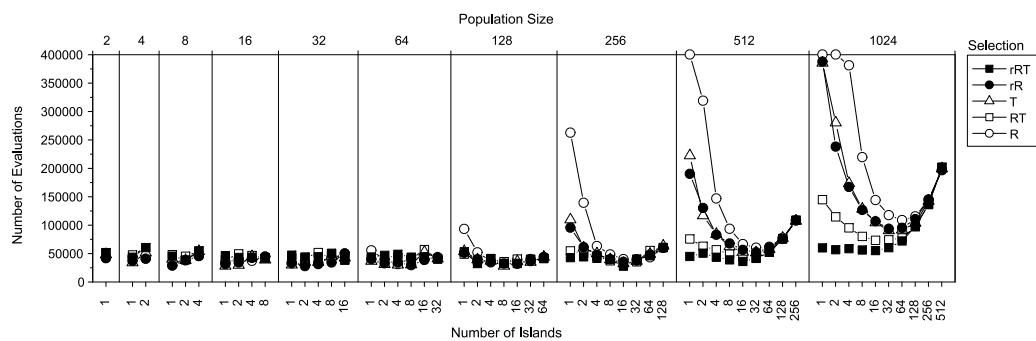


図 4 個体数, 島数, 選択手法 (Ridge)

Fig. 4 Population size, number of islands, selection method (Ridge).

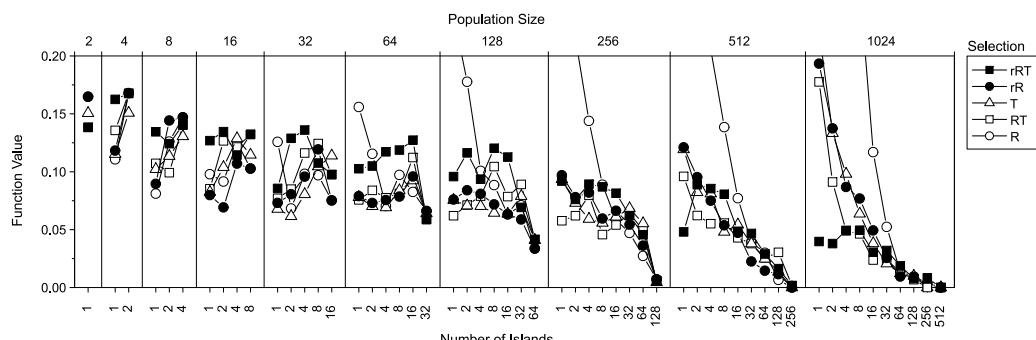


図 5 個体数, 島数, 選択手法 (Griewank)

Fig. 5 Population size, number of islands, selection method (Griewank).

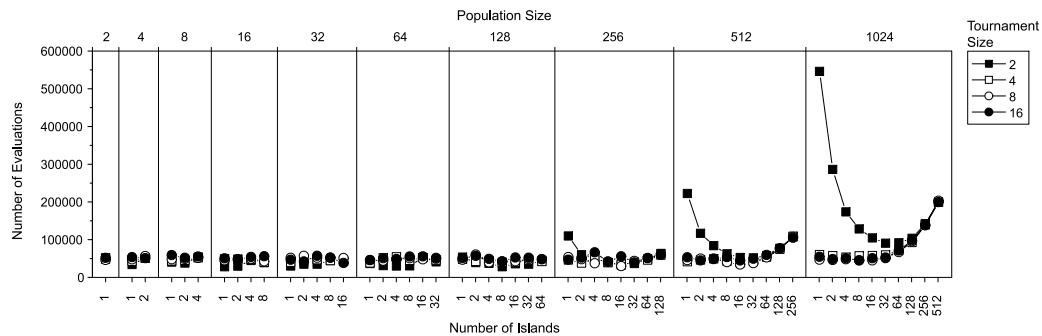


図 6 個体数, 島数, トーナメントサイズ (Rastrigin)

Fig. 6 Population size, number of islands, tournament size (Rastrigin).

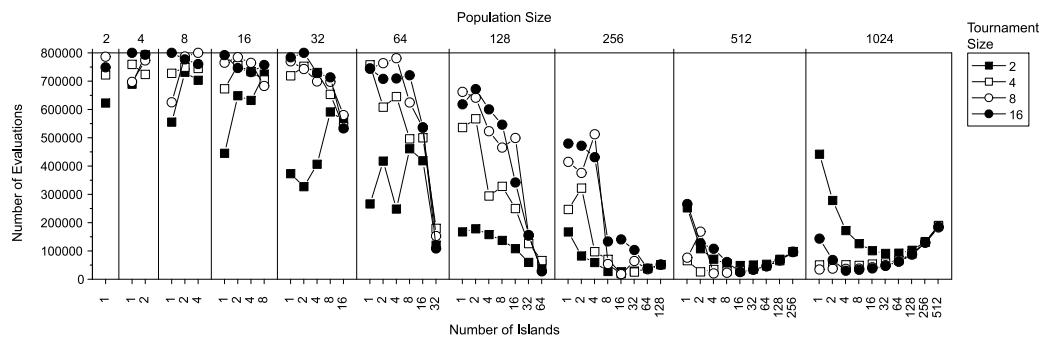


図 7 個体数, 島数, トーナメントサイズ (Schwefel)

Fig. 7 Population size, number of islands, tournament size (Schwefel).

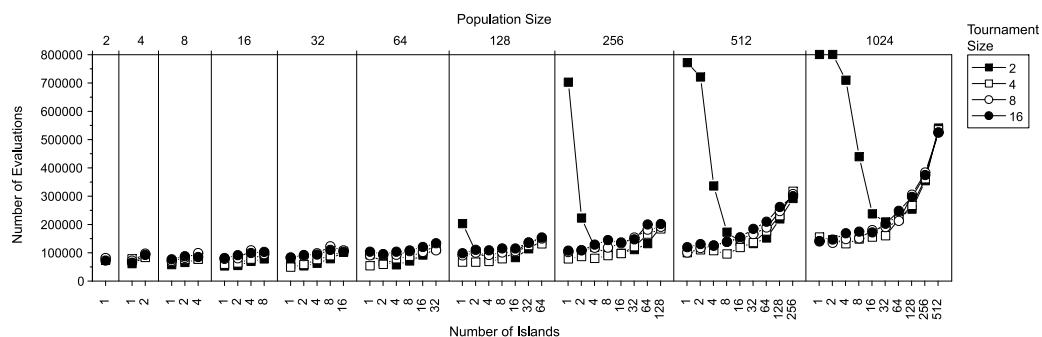


図 8 個体数, 島数, トーナメントサイズ (Ridge)

Fig. 8 Population size, number of islands, tournament size (Ridge).

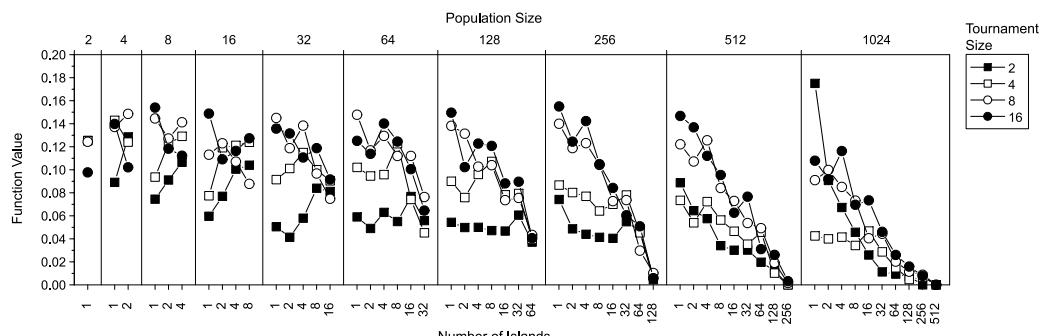


図 9 個体数, 島数, トーナメントサイズ (Griewank)

Fig. 9 Population size, number of islands, tournament size (Griewank).

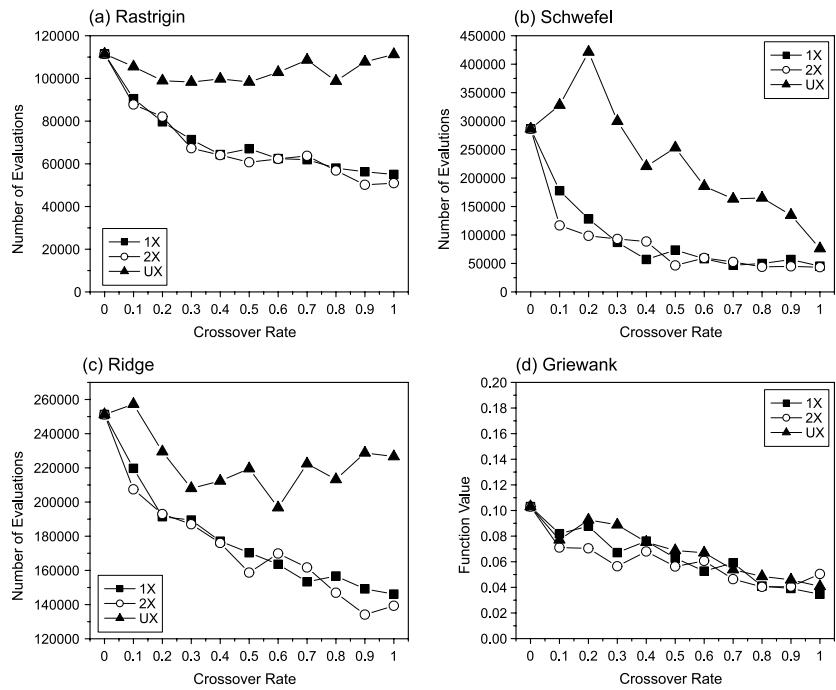


図 10 交叉手法, 交叉率
Fig. 10 Crossover method, crossover rate.

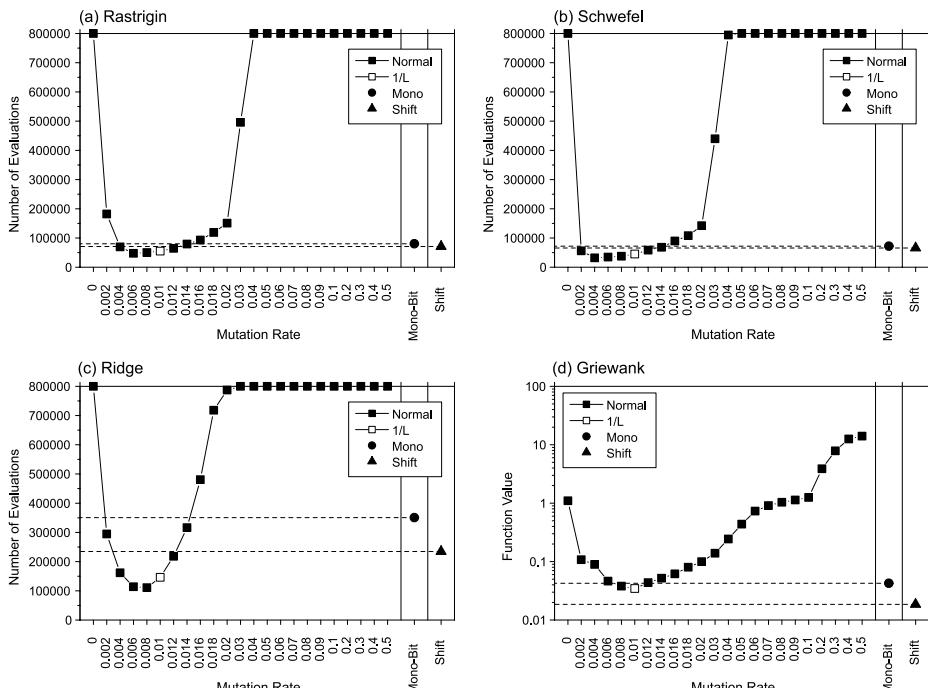


図 11 突然変異手法, 突然変異率
Fig. 11 Mutation method, mutation rate.

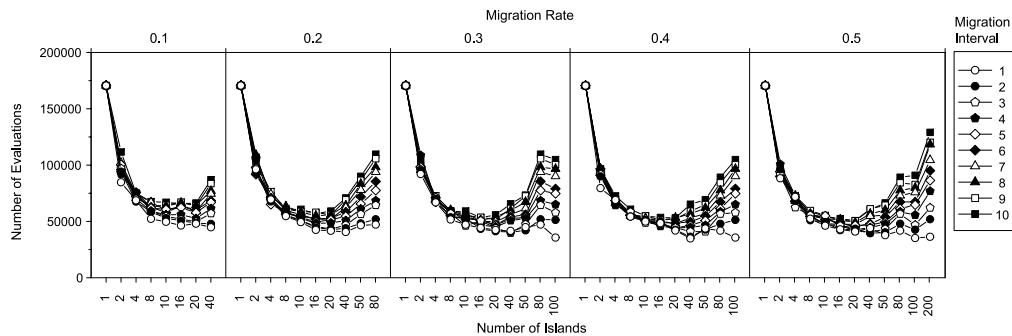


図 12 移住間隔，移住率，島数 (Rastrigin)

Fig. 12 Migration interval, migration rate, number of islands (Rastrigin).

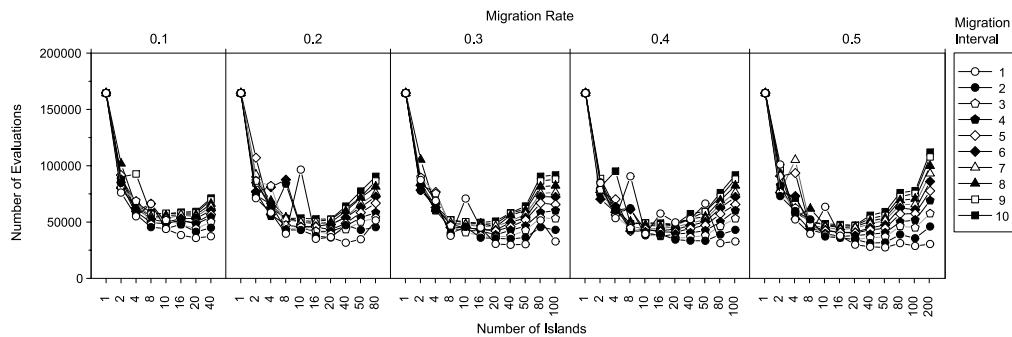


図 13 移住間隔，移住率，島数 (Schwefel)

Fig. 13 Migration interval, migration rate, number of islands (Schwefel).

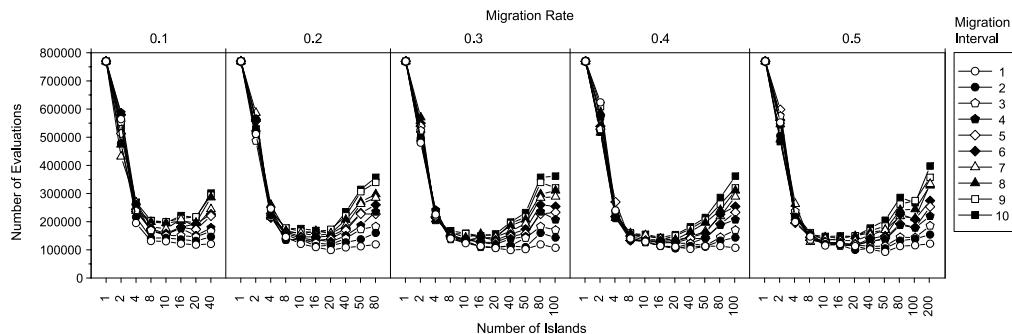


図 14 移住間隔，移住率，島数 (Ridge)

Fig. 14 Migration interval, migration rate, number of islands (Ridge).

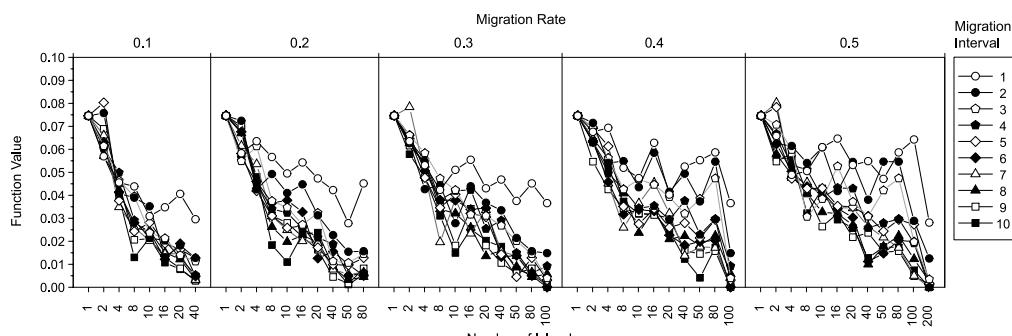


図 15 移住間隔，移住率，島数 (Griewank)

Fig. 15 Migration interval, migration rate, number of islands (Griewank).

示す。Rastrigin 関数, Schwefel 関数, Ridge 関数の 3 関数では移住率は高いほどよく、移住間隔は短いほどよい。また、島数は移住間隔が 1 の場合には多いほどよいが、移住間隔が長くなると最適な島数は小さくなる。一方で、Griewank 関数では移住する個体は少ないほどよく、移住間隔はある程度の長さが必要となる。島数は多いほどよい傾向がある。

3.4.6 移住トポロジ, 移住個体の抽出方法, 移住操作の位置に関する実験

各関数における移住トポロジ, 移住個体の抽出方法と移住操作の位置の推移と解探索性能の関係を図 16, 図 17, 図 18, 図 19 にそれぞれ示す。すべての対象問題について移住操作は選択の後に行うのが適当であるという共通の傾向がある。

Rastrigin 関数, Schwefel 関数, Ridge 関数の 3 関数について、移住トポロジは Random Ring が適当である。評価値の低い個体を移住させるのは適当ではなく、特に移住操作を突然変異のあとに行う場合には評価値の高い個体を移住させるのが適当である。

Griewank 関数において、移住トポロジは +1+2 Topology を選択するのが適当である。また、この関数では前述の 3 関数とは異なり、評価値の高い個体を移住させるのは適当でない。

4. パラメータの傾向に関する考察

4.1 個体数, 島数, 選択手法の傾向

島数が解探索性能に与える影響の原因は関数の性質に依存していると考えられる。Schwefel 関数のような設計変数間に依存関係がなく、局所解がある問題については、島数を増やすことの意味は探索を分割することによって局所解への収束を防ぐことにあると考えられる。Ridge 関数のように局所解のない問題については、島数を増やすことの意味は島サイズを減らすことによって収束を早めることにあると考えられる。島サイズが増えると、選択圧が低い場合には GA の終了条件に設定した評価回数までに収束が間に合わないことがある。しかし、3.4.1 項と 3.4.2 項における実験結果から、終了条件に設定する評価回数さえ増やしてやれば最適解は発見できると考えられる。Griewank 関数のように設計変数間に依存関係があり、局所解がある問題については、島数を増やすことの意味は探索を分割することによって局所解への収束を防ぐことと、島サイズを減らすことによって収束を早めることの両方であると考えられる。

4.2 交叉手法, 交叉率の傾向

交叉手法は実験を行ったすべての関数に対して一点

交叉および二点交叉が高い性能を発揮し、特に一点交叉においては最適交叉率を 1.0 と一意に決定可能である。これは、DGA では他の島から移住してきた個体が既存の個体と染色体情報を交換することが重要であるためと考えられる。

一様交叉の性能は一点交叉や二点交叉に対して劣っていることが多い。これは、本研究で用いた GA が染色体上で連続した遺伝子座にある遺伝子により 1 つの設計変数を表現しているために、一点交叉、二点交叉と比較して交叉点の多い一様交叉では、染色体情報は適切に交換されずに破壊されてしまうためではないかと考えられる。Griewank 関数は一様交叉の解探索性能が一点交叉や二点交叉と大差がない。これは、Griewank 関数が交叉によって解がよくなりにくいという性質を持っているためと考えられる。その原因としてはこの関数が設計変数間に依存関係のある問題で、しかも多数の局所解を持っていることが考えられる。このために、ある段階での良好な染色体が最適解を示す染色体の一部分を持っているとは限らず、また持っていたとしてもその一部分を交叉によって獲得した個体の評価値が高くならないことが多いのではないかと考えられる。

4.3 突然変異手法, 突然変異率の傾向

実験を行ったすべての関数に関して、単一遺伝子座突然変異と比較して突然変異率を $1/L$ に設定した突然変異の方が性能が良い。この原因是突然変異しない個体の有無にあると考えられる。つまり、通常の突然変異の場合、突然変異率を $1/L$ に設定しても、すべての個体について 1 つの遺伝子座が突然変異するわけではなく、1 つの遺伝子座も突然変異しない個体や 2 つ以上の遺伝子座が突然変異する個体も存在する。これに対して単一遺伝子座突然変異では必ず 1 つの遺伝子座が突然変異する。このため、交叉によって良好な染色体を持つ個体が生まれた場合にも、単一遺伝子座突然変異では評価の前に染色体が破壊されてしまう可能性が高くなる。

Griewank 関数以外のすべての関数において、突然変異率に $1/L$ を設定した突然変異はシフト突然変異と比較して性能が良い。シフト突然変異は突然変異する遺伝子座が 1 つずつシフトする突然変異手法である。このため、島内の個体数が多い場合には広い範囲を探索できる。これにより、Griewank 関数は局所探索に加えて大域的な探索を行う必要がある関数であると考えられる。しかし、島内の個体数が少ない場合にはシフト突然変異は逆に広い範囲を探索することが困難となる。このため、Griewank 関数においても適切

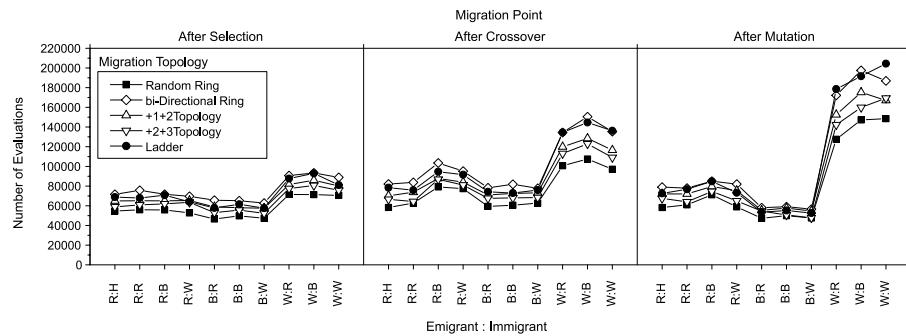


図 16 移住トポロジ, 移住個体の選択方法, 移住操作の位置 (Rastrigin)
Fig. 16 Migration topology, emigrant, immigrant, migration point (Rastrigin).

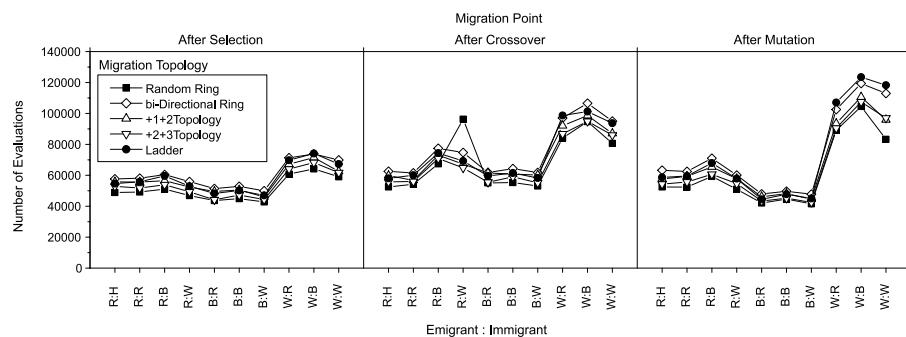


図 17 移住トポロジ, 移住個体の選択方法, 移住操作の位置 (Schwefel)
Fig. 17 Migration topology, emigrant, immigrant, migration point (Schwefel).

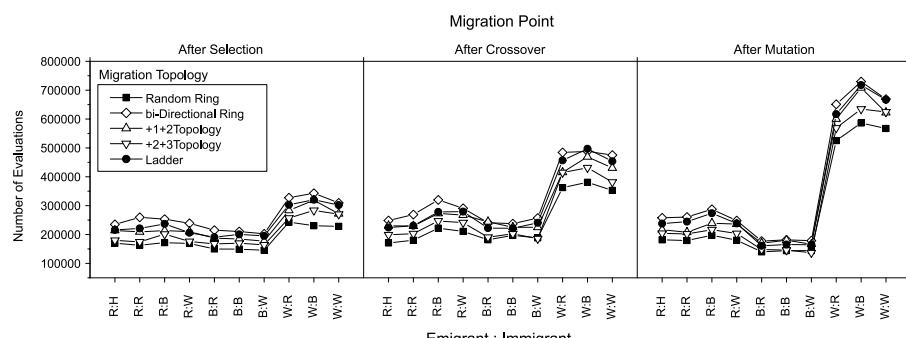


図 18 移住トポロジ, 移住個体の選択方法, 移住操作の位置 (Ridge)
Fig. 18 Migration topology, emigrant, immigrant, migration point (Ridge).

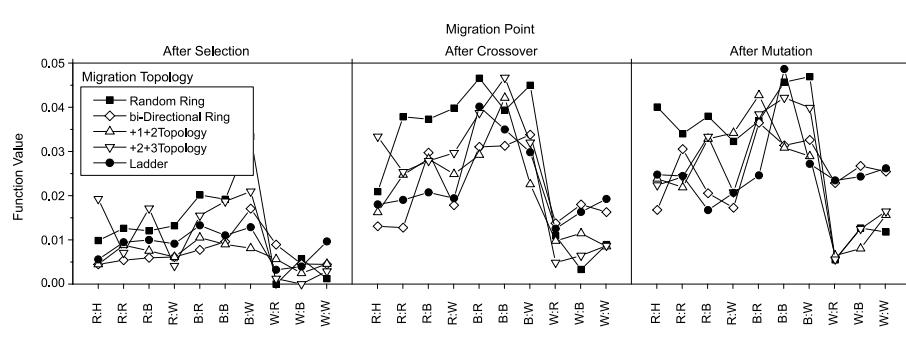


図 19 移住トポロジ, 移住個体の選択方法, 移住操作の位置 (Griewank)
Fig. 19 Migration topology, emigrant, immigrant, migration point (Griewank).

な突然変異率を用いた突然変異を行うことは妥当であると考えられる。

4.4 移住率, 移住間隔, 島数の傾向

移住率と移住間隔, 島数の傾向は, Rastrigin 関数, Schwefel 関数, Ridge 関数の 3 関数と Griewank 関数で異なる。Rastrigin 関数, Schwefel 関数, Ridge 関数では, 移住率が高く, 移住間隔は短い方がよいという傾向がある。これは, 個体情報を頻繁に交換した方がよいということを示していると考えられる。対して Griewank 関数では, 移住間隔を長く, 島数が多い方がよいという傾向がある。これは, 島内である程度探索を進めてから移住により個体情報を交換する方がよいということを示していると考えられる。

4.5 移住トポロジ, 移住個体の抽出方法, 移住操作の位置の傾向

実験を行ったすべての対象問題について移住操作は選択の後に行うのが適当である。これは, 交叉や突然変異の後に移住が行われた場合には移住個体が破壊・淘汰される可能性があるためと考えられる。

Rastrigin 関数, Schwefel 関数, Ridge 関数の 3 関数について, 移住トポロジは Random Ring が適当である。評価値の低い個体を移住させるのは適当ではなく, 特に移住操作を突然変異のあとに行う場合には評価値の高い個体を移住させるのが適当である。

Griewank 関数において, 移住トポロジは +1+2 Topology を選択するのが適当である。また, この関数では前述の 3 関数とは異なり, 評価値の高い個体を移住させるのは適当でない。+1+2 Topology のような移住先が固定である場合には移住先がランダムである場合と比較して, 母集団全体での染色体情報の交換が抑制される。このため, 結果として母集団全体では大域的な探索が行われると考えられる。

評価値の低い個体を移住させる場合には移住先がランダムである移住トポロジの性能が向上している。移住先がランダムである場合には, 移住先が固定である場合と比較して大域的な探索が行われにくいか, 各島内の収束を遅くすることにより各島内で大域的な探索が行われるために解探索能力が向上するのだと考えられる。

このことより, 各島内で大域的な探索が行われる場合には母集団全体では染色体情報の交換を促した方がよいと考えられる。

4.6 パラメータの傾向のまとめ

前節の実験で明らかになったパラメータの傾向を以下にまとめる。

- 個体数対象問題によって最適値が異なる。
- 島数島内の個体数が 10 程度がよい。

- 選択手法島内の個体数が多いときには選択圧の高い選択手法がよい。島内の個体数が 10 程度の場合には選択手法による差が少ない。
- トーナメントサイズ対象問題によらず 4 程度が適当。
- 交叉手法一点交叉, あるいは二点交叉がよい。
- 交叉率 1.0 がよい。
- 突然変異手法通常の突然変異がよい。
- 突然変異率染色体長分の 1 程度が適当。
- 移住間隔 Rastrigin 関数, Schwefel 関数, Ridge 関数では短いほどよい。Griewank 関数では 7 程度が適当。
- 移住率 Rastrigin 関数, Schwefel 関数, Ridge 関数では多いほどよい。Griewank 関数では低いほどよい。
- 移住トポロジ Random Ring がよい。
- 移住個体の選択方法 Rastrigin 関数, Schwefel 関数, Ridge 関数では評価値の低い個体を抽出させるべきではない。Griewank 関数では評価値の高い個体を抽出させるべきではない。どの関数についても, 評価値の高い個体に挿入するべきではない。
- 移住操作の位置選択の直後に移住を行うのが適当である。

この結果より, 未知の対象問題についてのパラメータチューニングを行う際には, 島数, 選択手法, トーナメントサイズ, 交叉手法, 交叉率, 突然変異手法, 突然変異率, 移住トポロジ, 移住操作の位置の 9 種類のパラメータは決まった値を用いて, 対象問題ごとに最適な設定値が異なる個体数, 移住間隔, 移住率, 移住個体の選択方法の 4 種類のパラメータのチューニングを優先することにより, 予備実験の回数を減らすことができると考えられる。

5. 実験計画法によるパラメータ推定

本章では, 対象問題ごとに最適な設定値が異なる個体数, 移住間隔, 移住率, 移住個体の選択方法の 4 種類のパラメータについて実験計画法を用いたパラメータチューニングを行う。

5.1 実験計画法

実験計画法とは, Fisher によって創始された, 実験的な研究を効率良く進めるための技術である⁸⁾。実験計画法に基づいた実験を行うことにより, 多数の考慮すべきパラメータの傾向を少数の実験回数で検討することが可能となる。実験計画法では, 以下の手順に従ってパラメータの検討を行う。

表 3 $L_{27}(3^{13})$ の直交配列表
Table 3 Orthogonal array for $L_{27}(3^{13})$.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
2	1	1	1	1	2	2	2	2	2	2	2	2	2
3	1	1	1	1	3	3	3	3	3	3	3	3	3
4	1	2	2	2	1	1	1	2	2	2	3	3	3
5	1	2	2	2	2	2	2	3	3	3	1	1	1
6	1	2	2	2	3	3	3	1	1	1	2	2	2
7	1	3	3	3	1	1	1	3	3	3	2	2	2
8	1	3	3	3	2	2	2	1	1	1	3	3	3
9	1	3	3	3	3	3	3	2	2	2	1	1	1
10	2	1	2	3	1	2	3	1	2	3	1	2	3
11	2	1	2	3	2	3	1	2	3	1	2	3	1
12	2	1	2	3	3	1	2	3	1	2	3	1	2
13	2	2	3	1	1	2	3	2	3	1	3	1	2
14	2	2	3	1	2	3	1	3	1	2	1	2	3
15	2	2	3	1	3	1	2	1	2	3	2	3	1
16	2	3	1	2	1	2	3	3	1	2	2	3	1
17	2	3	1	2	2	3	1	1	2	3	3	1	2
18	2	3	1	2	3	1	2	2	3	1	1	2	3
19	3	1	3	2	1	3	2	1	3	2	1	3	2
20	3	1	3	2	2	1	3	2	1	3	2	1	3
21	3	1	3	2	3	2	1	3	2	1	3	2	1
22	3	2	1	3	1	3	2	2	1	3	3	2	1
23	3	2	1	3	2	1	3	3	2	1	1	3	2
24	3	2	1	3	3	2	1	1	3	2	2	1	3
25	3	3	2	1	1	3	2	3	2	1	2	1	3
26	3	3	2	1	2	1	3	1	3	2	3	2	1
27	3	3	2	1	3	2	1	2	1	3	1	3	2

- 実験計画の作成検討すべきどのパラメータのどのパラメータ値についても同数ずつ実験されるような実験計画を作成する。通常、実験計画はこの条件を満たすようにあらかじめ作成された直交配列表と呼ばれる表に検討対象となる各パラメータを割り当てることによって作成される。よく使用される直交配列表に $L_9(3^4)$, $L_{27}(3^{13})$ などと呼ばれるものがある。これらはそれぞれ 9 (27) 回の実験で 4 (13) 種類以下のパラメータを 3 つのパラメータ値について調べることができる実験計画である。
- 分散分析作成した実験計画に従って実験を行った後、実験結果を利用して検討対象となる各パラメータが有意に影響を与えているかどうかを分散分析によって調べる。このとき、実験計画が適切にたてられている場合、2 パラメータ間の相互関係についても検討することができる。
- 最良パラメータの推定分散分析によって有意であると判定されたパラメータについて、各パラメータ値の影響を推定する。パラメータ間の相互関係について有意であると判定された場合には、相互関係のあるパラメータ値の組合せについて推定を

行う必要がある。

- 最良パラメータの実験ここまで操作によって推定された最良パラメータの組合せについて実際に実験を行う。

ここまで行ったすべての実験のうち、最も良好な性能を示すパラメータ値の組合せを、実験計画法によって得られたパラメータ値とする。

5.2 実験計画の作成

ここでは、個体数、移住間隔、移住率、移住個体の選択方法の 4 つのパラメータについて検討可能な実験計画を作成する。各パラメータについて検討するパラメータ値の数が多ければ細かい検討を行うことができるが、検討に必要な実験回数が多くなる。3 章の実験によって、各パラメータの大まかな傾向は既知であるため、ここでは、各パラメータの傾向をよく示すと考えられる 3 つのパラメータ値を選び出し、検討を行う。

4 種類のパラメータを 3 種類ずつのパラメータ値について検討する場合、各パラメータに依存関係がないことが明らかである場合には、 $L_9(3^4)$ の直交配列表⁸⁾に従った実験を行うのが最も効率が良い。しかし、ここでは各パラメータに依存関係がないことが保証されていないため、表 3 に示す $L_{27}(3^{13})$ に従って実験を

表 4 パラメータの割付け
Table 4 Layout of parameters.

#row	Parameters
1	Population Size
2	Migration Interval
3	Population Size × Migration Interval
4	Population Size × Migration Interval
5	Migration Rate
6	Population Size × Migration Rate
7	Population Size × Migration Rate
8	Migrant
9	Population Size × Migration Migrant
10	Population Size × Migration Migrant
11	-
12	-
13	-

表 5 各パラメータの代表値
Table 5 Typical values of each parameter.

No.	PopSize	MigI.	MigR.	Mig.
1	100	1	0.1	R:H
2	250	5	0.3	B:W
3	500	10	0.5	W:R

行う。

表 3 の行番号は試行する実験の番号を示し、27通りの実験を必要とすることを表している。列番号はパラメータの割り付け方を示している。今回の実験におけるパラメータの割付けを表 4 に示す。すなわち、この実験計画では、表 3 の第 1 列に個体数、第 2 列に移住間隔、第 5 列に移住率、第 8 列に移住個体の選択方法の各パラメータを割り付けて 27 回の実験を行うことによって、第 3 列と第 4 列に個体数と移住間隔の依存関係が、第 6 列と第 7 列に個体数と移住率の依存関係が、第 9 列と第 10 列に個体数と移住個体の選択方法の依存関係が表れることになる。これらのパラメータの割付はあらかじめどの直交配列表を使用するかによって決まっているものである。

実験計画法では代表値を 3 種類準備し、直行表に従って実験計画を行う。表 5 に各パラメータの代表値を示す。表 3 における 1 列目は個体数のパラメータを示しているので、表 5 に従い、1 の場合には 100 を 2 の場合には 250 を 3 の場合には 500 を割り付けることになる。同様に、第 2 列の移住間隔、第 5 列の移住率、第 8 列の移住個体の選択方法を表 5 の値に従って割り付ける。これらをまとめたものが表 6 であり、これらのパラメータ値を利用して 27 種の実験を行うこととなる。

5.3 パラメータの傾向が既知である問題への適用
実験計画法を用いたパラメータチューニングの例として、まず、3 章で実験を行い、パラメータの傾向が

表 6 実験計画
Table 6 Design of experiments.

No.	Pop.	MigI.	MigR.	Mig.
1	100	1	0.1	R:H
2	100	1	0.3	B:W
3	100	1	0.5	W:R
4	100	5	0.1	B:W
5	100	5	0.3	W:R
6	100	5	0.5	R:H
7	100	10	0.1	W:R
8	100	10	0.3	R:H
9	100	10	0.5	B:W
10	250	1	0.1	R:H
11	250	1	0.3	B:W
12	250	1	0.5	W:R
13	250	5	0.1	B:W
14	250	5	0.3	W:R
15	250	5	0.5	R:H
16	250	10	0.1	W:R
17	250	10	0.3	R:H
18	250	10	0.5	B:W
19	500	1	0.1	R:H
20	500	1	0.3	B:W
21	500	1	0.5	W:R
22	500	5	0.1	B:W
23	500	5	0.3	W:R
24	500	5	0.5	R:H
25	500	10	0.1	W:R
26	500	10	0.3	R:H
27	500	10	0.5	B:W

既知である Schwefel 関数について実験を行った。

表 6 に基づき、最適解の発見、あるいは評価計算回数が 1,000,000 に達した時点を終了条件として実験を行った。各実験結果の評価計算回数の 20 試行平均を表 7 に示す。

各パラメータが解探索に与える影響と、各パラメータ間の依存関係を調べるために、表 7 の結果の分散分析を行った。その結果を表 8 に示す。表中「SS」は Sum of Square の略で変動「f」は自由度「V」は分散「F」は V_x/V_e を示している。F は、値が大きいほどそのパラメータが性能に与える影響が大きいことを示すため、この値を F 分布表に参照することによってそのパラメータの有意判定をすることができる。F 分布表はパラメータの影響と誤差の影響が同等である場合の F の値を統計的に調べたもので、F がこの値を超えている場合にはそのパラメータが有意であるといえる。表中「note」の欄の値は、F 分布表から取り出したものである。表中の「sign」の項目は有意判定を行った結果を示している。*で危険率 5% で有意、**で危険率 1% で有意となる。この表より、検討を行った個体数、移住間隔、移住率、移住個体のすべてのパラメータが 1% の危険率で解探索に有意に影響を与えた。

ていること、そして個体数と移住間隔、移住率、移住個体のパラメータ間に1%の危険率で有意な依存関係があることが分かる。

各パラメータの組合せについて解探索性能を推定した結果を、図20に示す。グラフの縦軸に示した値は、有意な依存関係がある個体数と移住間隔、個体数と移住率、個体数と移住個体の各パラメータの組合せについて解探索性能を推定した値を足しあわせたものであり、値が小さいほど解探索性能が高いと推定される。

このグラフから、個体数250個体、移住間隔5世代、移住率0.5、移住個体Random:Holeというパラ

メータが（図中の白抜き部分）、良好なパラメータ設定であると推定される。

このパラメータは、表6の15番の実験ですでに行われているものである。この実験は、表6の20番の実験に比較して劣っている。このため、実験計画法の結果としては、20番の実験に用いたパラメータを採用する。

次に、得られたパラメータ設定がどの程度良好であるかを確かめるために、個体数3通り、移住間隔3通り、移住率3通り、移住個体3通りの全組合せ81通り

表7 評価回数平均 (Schwefel)

Table 7 Averages of numbers of evaluations (Schwefel).

No.	#Evals.	No.	#Evals.	No.	#Eval.
1	17,590	10	61,710	19	43,900
2	712,570	11	225,090	20	24,680
3	79,390	12	49,110	21	75,030
4	164,390	13	44,100	22	62,230
5	106,330	14	37,110	23	69,800
6	235,230	15	28,130	24	51,830
7	93,670	16	57,700	25	105,680
8	243,410	17	38,660	26	72,630
9	265,970	18	33,360	27	62,080

表8 分散分析表 (Schwefel)

Table 8 Table of the analysis of variance (Schwefel).

	SS	f	V	F	sign.
Average	7.68E+12	1	7.68E+12	-	
Pops(A)	3.36E+12	2	1.68E+12	50.29	**
MigI.(B)	5.00E+11	2	2.50E+11	7.49	**
MigR.(C)	7.02E+11	2	3.51E+11	10.51	**
Mig.(D)	9.91E+11	2	4.96E+11	14.85	**
A × B	5.32E+11	4	1.33E+11	3.98	**
A × C	8.74E+11	4	2.19E+11	6.55	**
A × D	1.67E+12	4	4.18E+11	12.52	**
e	1.73E+13	519	3.34E+10	-	
Sum	3.36E+13	540	-	-	-

note : $F_{400}^2 = 3.02 - 4.66$, $F_{400}^4 = 2.39 - 3.36$

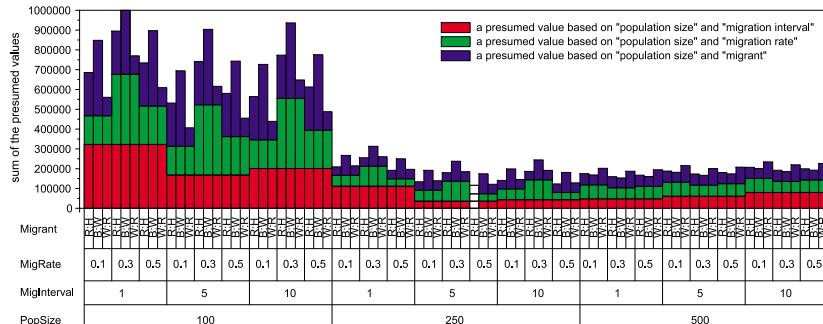


図20 パラメータの組合せの性能推定 (Schwefel)

Fig. 20 Performance presumption of the combination of parameters (Schwefel).

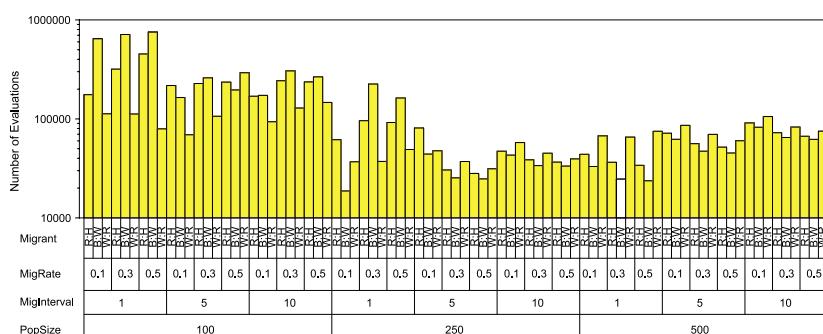


図21 パラメータの全組合せの結果 (Schwefel)

Fig. 21 Results of the combination of parameters (Schwefel).

りの実験を行った。図 21 にその結果を示す。この図中において、実験計画法によって得られたパラメータ（白抜き部分）は、3 番目によいパラメータ設定である。27 回の実験で 81 通り中の上位 5%に含まれるパラメータ設定を得ることができており、この方法によるパラメータチューニングが有効であるといえる。

5.4 パラメータの傾向が未知である問題への適用

次に、3 章で実験を行っていない Bohachevsky 関数について実験を行った。この関数の特徴を以下に示す。

Bohachevsky

式 (5) で表される関数で、設計変数間に依存関係がない。すべての設計変数の値が 0 のとき最小値 0 をとり、その周囲に多数の局所解を持つ。本実験では設定変数の数を 30 と設定した。

$$f(x_1, \dots, x_n) = \sum_{i=1}^{n-1} (x_i^2 + 2x_{i+1}^2 - 0.3 \cos(3\pi x_i) - 0.4 \cos(4\pi x_{i+1}) + 0.7) \quad (5)$$

$-5.12 < x_i \leq 5.12$

表 6 の実験計画に従って実験を行った結果を表 9 に示す。表中の最右列は、GA 終了時の評価計算回数の 20 試行平均を示している。ただし、終了条件は最適解の発見、あるいは評価計算回数が 1,000,000 に達し

表 9 評価回数平均 (Bohachevsky)

Table 9 Averages of the numbers of evaluations (Bohachevsky).

No.	#Evals.	No.	#Evals.	No.	#Eval.
1	202,600	10	130,590	19	135,300
2	366,830	11	423,760	20	260,500
3	121,010	12	187,180	21	211,680
4	177,810	13	142,830	22	179,200
5	123,580	14	140,310	23	200,700
6	254,150	15	128,550	24	147,080
7	142,230	16	172,040	25	325,500
8	100,910	17	112,360	26	206,630
9	189,050	18	94,490	27	176,250

た時点とした。

前節の実験により、個体数、移住間隔、移住率、移住個体のすべてのパラメータが解探索に有意に影響を与えており、そして個体数と移住間隔、移住率、移住個体のパラメータ間に有意な依存関係があることが分かっているため、前節と同様に各パラメータの組合せについて解探索性能を推定する。その結果を、図 22 に示す。グラフの縦軸は、図 20 と同様の方法で求めた値である。

このグラフから、個体数 250 個体、移住間隔 10 世代、移住率 0.5、移住個体 Random:Hole というパラメータ（図中の白抜き部分）が、良好なパラメータ設定であると推定される。

このパラメータは、表 6 に含まれていないため、このパラメータで実験を行った。表 10 にその結果を示す。表には、世代数、評価計算回数、評価値の GA 終了時の 20 試行平均を示した。ただし、終了条件は最適解の発見、あるいは評価計算回数が 1,000,000 に達した時点とした。

この結果は、表 9 の 18 番の実験に比較して劣っている。このため、実験計画法の結果としては、18 番の実験に用いたパラメータを採用する。

次に、先ほどと同様に、得られたパラメータ設定がどの程度良好であるかを確かめるために、個体数、移

表 10 推定したパラメータと結果 (Bohachevsky)

Table 10 Presumed parameters and their results (Bohachevsky).

Population Size	250
Migration Interval	10
Migration Rate	0.5
Migrant	Random : Hole
#Generations	414.55
#Evaluations	103,887.5
Evaluation Value	0.0

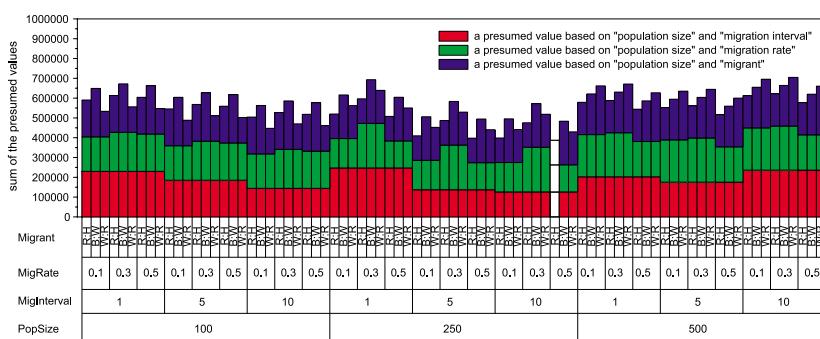


図 22 パラメータの組合せの性能推定 (Bohachevsky)

Fig. 22 Performance presumption of the combination of parameters (Bohachevsky).

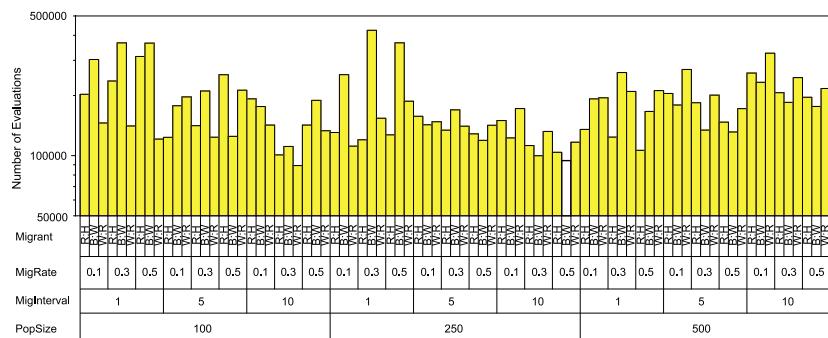


図 23 パラメータの全組合せの結果 (Bohachevsky)
Fig. 23 Results of the combination of parameters (Bohachevsky).

住間隔、移住率、移住個体の 4 種類のパラメータの全組合せ 81 通りの実験を行った。図 23 にその結果を示す。この図中において、実験計画法によって得られたパラメータ（白抜き部分）は、2 番目によいパラメータ設定である。全組合せの 3 分の 1 の実験回数で良好なパラメータ設定を得ることができてあり、パラメータの傾向が未知の問題に対してもこの方法によってパラメータチューニングが可能であることが分かった。

6. 結 論

本研究では、分散遺伝的アルゴリズム (Distributed Genetic Algorithm: DGA) に多数存在するパラメータの値を実験計画法により少ない実験回数で適切に設定する手法を提案した。実験計画法で検討するパラメータおよびそれらの値を決定するためにまず、解探索能力に対して各パラメータが与える影響について検討を行った。検討した結果、パラメータには対象問題に対する依存性の強いものとそうでないものがあることが分かった。

対象問題に対する依存性の強くないパラメータに関しては、以下のように良好な設定値を決定することができる。

- 島数 島内の個体数が 10 程度。
- 選択手法 島内の個体数が 10 程度の場合には選択手法による差が少ない。
- トーナメントサイズ 4 程度。
- 交叉手法 一点交叉、あるいは二点交叉。
- 交叉率 1.0。
- 突然変異手法 通常の突然変異がよい。
- 突然変異率 染色体長分の 1 程度が適当。
- 移住トポロジ Random Ring がよい。
- 移住操作の位置 選択の直後に移住を行うのが適当である。

個体数、移住間隔、移住率、移住個体の選択方法の

各パラメータは、対象問題に依存するパラメータであるが、実験計画法を用いることにより少量の実験回数で良好なパラメータ設定を得ることができると考えられる。実際に、提案手法を Schwefel 関数および Bohachevsky 関数に適用したところ、良好なパラメータ値が決定された。

参 考 文 献

- 1) 坂和正敏、田中雅博：遺伝的アルゴリズム、朝倉書店 (1995)。
- 2) Cantú-Paz, E.: A survey of parallel genetic algorithms, *Calculateurs Paralleles* (1998).
- 3) Tanese, R.: Distributed Genetic Algorithms, *Proc. 3rd ICGA*, pp.434-439 (1989).
- 4) Fernández, F., Tomassini, M., Punch, W. and Sánchez, J.M.: Experimental Study of Isolated Multipopulation Genetic Programming, *Genetic and Evolutionary Computation Conference 2000*, p.536 (2000).
- 5) 三木光範、廣安知之、金子美華：分散 GA における解探索能力、人工知能学会全国大会 (1999)。
- 6) 三木光範、廣安知之、吉田純一、大向一輝：並列分散遺伝的アルゴリズムにおける最適な交叉スキーム、数理モデル化と問題解決シンポジウム (2000)。
- 7) Cantú-Paz, E.: Migration Policies, Selection Pressure and Parallel Evolutionary Algorithms, *IlliGAL Report*, No.99015 (1999).
- 8) 田口玄一：第 3 版実験計画法 上、丸善 (1995)。
- 9) 嘉数侑昇、三上貞芳、皆川雅章、川上 敬、高取則彦、鈴木恵二：遺伝的アルゴリズムハンドブック、森北出版 (1994)。
- 10) 伊庭斉志：遺伝的アルゴリズムの基礎、オーム社 (1994)。
- 11) Back, T.: Optimal mutation Rates in Genetic Search, *Proc. 5th International Conference on Genetic Algorithms*, pp.2-8 (1993).
- 12) Belding, T.C.: The Distributed Genetic Algo-

- rithm Revisited, *Proc. 6th International Conference on Genetic Algorithms*, Eshelman, L. (Ed.), pp.114-121, Morgan Kaufmann, San Francisco, CA (1995).
- 13) 吉田純一, 三木光範, 廣安知之, 坂田善宣: 遺伝的アルゴリズムにおける最良組合せ交叉, 情報処理学会研究報告, Vol.2000, No.85, pp.41-44 (2000).

(平成 14 年 2 月 7 日受付)

(平成 14 年 6 月 5 日再受付)

(平成 14 年 6 月 19 日採録)



廣安 知之(正会員)

1966 年生. 1997 年早稲田大学大学院理工学研究科後期博士課程修了. 現在, 同志社大学工学部専任講師. 創発的計算, 進化的計算, 最適設計, 並列処理等の研究に従事. IEEE, 電気情報通信学会, 計測自動制御学会, 日本機械学会, 超並列計算研究会, 日本計算工学会各会員.



三木 光範(正会員)

1950 年生. 1978 年大阪市立大学大学院工学研究科博士課程修了, 工学博士. 現在, 同志社大学工学部教授. 進化的計算手法とその並列化および知的なシステムの設計に関する研究に従事. 著書に「工学問題を解決する適応化・知能化・最適化法」(技報堂出版)等. IEEE, 米国航空宇宙学会, 人工知能学会, システム制御情報学会, 日本機械学会, 計算工学会, 日本航空宇宙学会等会員. 超並列計算研究会代表.



上浦 二郎

1977 年生. 2001 年同志社大学工学部知識工学科卒業. 現在, 同志社大学大学院工学研究科前期課程在学中. 進化的計算, 最適設計, 並列処理等の研究に従事.