

# 実験計画法用いた分散遺伝的アルゴリズム のパラメーター推定

武藤 克弥

富山県立大学 電子・情報工学科

December 4, 2020

はじめに

遺伝的アルゴリズム  
について

設定するパラ  
メータ

実験 1 パラメー  
タの傾向の調査

実験 1 で用いる  
関数について

実験 1 から得られ  
たパラメータ傾向

チューニングする  
パラメータの決定

実験 2 実験計  
画法によるパラ  
メータ推定

まとめ

## 背景

生物の進化を模倣した最適化手法である遺伝的アルゴリズムは他の最適化手法に比べて計算負荷が高くなるため、並列化した分散遺伝的アルゴリズムを用いて解探索時間を短縮することがある。しかし、設定すべきパラメータが増加し、複雑になるという問題があった。

## 目的

本研究では実験計画法を用いて 13 種のパラメータを 6 つのグループに分類して数値実験を行い、各パラメータの傾向を分析する。そして、実験計画法を適用することで、得られたパラメータ傾向から良質なパラメータが得られることを検証する。

はじめに

遺伝的アルゴリズムについて

設定するパラメータ

実験 1 パラメータの傾向の調査

実験 1 で用いる関数について

実験 1 から得られたパラメータ傾向

チューニングするパラメータの決定

実験 2 実験計画法によるパラメータ推定

まとめ

## 遺伝的アルゴリズム

生物が進化する過程で行う、淘汰(とうた)(必要なものだけ生き残る)、交叉(こうさ)(交配による遺伝子組み換え)、突然変異の3つを組み込んで最適解を求める最適化手法

→ 1つ1つのデータを「個体」、母集団を分割したものを「島」というように表し、一定間隔で1つ or 複数の個体が島と島を行き来する「移住」が行われる(探索情報の交換のため)

→ 一般的に

## 遺伝的アルゴリズムの発展

- ・ 共存型遺伝的アルゴリズム (Conventional Genetic Algorithms: GCA) → 単一母集団内で解探索を行う

- ・ 分散遺伝的アルゴリズム (Distributed Genetic Algorithms: DGA)  
→ GA(母集団) を複数の島に分割して、それぞれの島で遺伝的操作を行う

はじめに

遺伝的アルゴリズムについて

設定するパラメータ

実験 1 パラメータの傾向の調査

実験 1 で用いる関数について

実験 1 から得られたパラメータ傾向

チューニングするパラメータの決定

実験 2 実験計画法によるパラメータ推定

まとめ

## 設定するパラメータ

以下の表に示す.

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

Table 1: DGA のパラメータ

はじめに

遺伝的アルゴリズム  
について

設定するパラ  
メータ

実験 1 パラメー  
タの傾向の調査

実験 1 で用いる  
関数について

実験 1 から得られ  
たパラメータ傾向

チューニングする  
パラメータの決定

実験 2 実験計  
画法によるパラ  
メータ推定

まとめ

# 設定するパラメータ ～各パラメータの解説(1)

5/29

## Population Size(母集団サイズ)

探索する点の総数→ 2,4,8,16,32,64,128,256,512,1024 と変化させる

## Number of Islands(島の数)

母集団の数（島サイズはその母集団内の探索店の数を表す）

## Selection Method(選択手法)(1)

どの個体を選んで次世代に残していくかの基準

- ルーレット選択

各個体の適合度の総和を分母、各個体の適合度を分子として「選択確率」を求め、それに応じて選ぶ

→適合度の差が大きいと、適合度の高い個体が選ばれやすい

- ランキングルーレット選択

各個体に適合度の順位を付けて、順位ごと決められた確率で選ばれる。

→ルーレット選択に比べて、適合度が高い個体に集中しない。

はじめに

遺伝的アルゴリズムについて

設定するパラメータ

実験 1 パラメータの傾向の調査

実験 1 で用いる関数について

実験 1 から得られたパラメータ傾向

チューニングするパラメータの決定

実験 2 実験計画法によるパラメータ推定

まとめ

## Selection Method(選択手法)(2)

### ■ トーナメント選択

あらかじめ決められた数 (トーナメントサイズ: Tournament Size) だけの個体をランダム選出して、その中の最も適合度の高い個体だけを選択する。(次世代に残す予定の個体数になるまで繰り返される) →先ほどのより、適合度低めの個体が次世代に混ざりやすくなる

### ■ ルーレットトーナメント選択

2つの組み合わせ。ルーレットで求めた確率でトーナメントに選ばれる。→適合度高めの個体が残りやすくなる。

### ■ ランキングルーレットトーナメント選択

属する順位で決められた確率でトーナメントに選ばれる。

個体群中で最も適合度の高い個体は必ず次世代に残されるようになっている (エリート保存選択)

はじめに

遺伝的アルゴリズムについて

設定するパラメータ

実験 1 パラメータの傾向の調査

実験 1 で用いる関数について

実験 1 から得られたパラメータ傾向

チューニングするパラメータの決定

実験 2 実験計画法によるパラメータ推定

まとめ

## 交叉手法と交叉率

ランダム抽出した 2 個体の遺伝子配列の一部を入れ替える

### ■ Crossover Rate(交叉率)

母集団の何割が交叉に参加するか. 実験で交叉率を 0.1, 0.2, ..., 1.0 まで変化させ, 乱数確率がこれよりも小さいときに交叉

## 交叉手法 (1) 一点交叉 ( One-Point Crossover : 1X)

交叉点を一カ所選んで, それより後ろ側の配列を入れ替える



図 1: 一点交叉の図

## 交叉手法(2) 二点交叉 (Two-Point Crossover : 2X)

交叉点を二か所選んで、間の部分を入れ替える

親A: 111 | 1100 | 000      子A: 111 | 0101 | 010  
 親B: 101 | 0101 | 010      子B: 101 | 1100 | 010

図 2: 交叉の図

## 交叉手法(3) 一様交叉 (Uniform Crossover : UX)

ランダム配列の「マスク」を作り、それに応じて配列を変化させる

親A: 1100110011      子A: 1000110111 ←マスク1で親A, 0のとき親Bの遺伝子を引き継がせる  
 マスク: 1010101010  
 親B: 0000011111      子B: 0100011011 ←マスク1で親B, 0のとき親Aの遺伝子を引き継がせる

図 3: 一様交叉の図

はじめに

遺伝的アルゴリズム  
について

設定するパラ  
メータ

実験 1 パラメー  
タの傾向の調査

実験 1 で用いる  
関数について

実験 1 から得られ  
たパラメータ傾向

チューニングする  
パラメータの決定

実験 2 実験計  
画法によるパラ  
メータ推定

まとめ



## 突然変異手法と突然変異率

- 突然変異率 (Mutation Rate)  
遺伝子配列が突然変化する確率

→染色体長  $L=100$  として、実験では  $0.0, 0.002, \dots, 0.01(1/L), \dots, 0.5$ , まで変化させた.

→  $1/L$  が最適な突然変異率だと言われている

## 突然変異手法 (1) 突然変異 (Normal Mutation)

0~1 の乱数値が突然変異率より低いときにその位置の値を置き換える

はじめに

遺伝的アルゴリズムについて

設定するパラメータ

実験 1 パラメータの傾向の調査

実験 1 で用いる関数について

実験 1 から得られたパラメータ傾向

チューニングするパラメータの決定

実験 2 実験計画法によるパラメータ推定

まとめ

## 突然変異手法(2) 単一遺伝子座突然変異 (Mono-Bit Mutation)

全ての個体の遺伝子配列のどこか一つが必ず突然変異する

## 突然変異手法(3) シフト突然変異 (Shift Mutation)

ある個体の遺伝子配列のランダムな位置で突然変異を起こさせ、それ以外の個体では突然変異が起こる位置を1つずつシフトさせていく

はじめに

遺伝的アルゴリズムについて

設定するパラメータ

実験 1 パラメータの傾向の調査

実験 1 で用いる関数について

実験 1 から得られたパラメータ傾向

チューニングするパラメータの決定

実験 2 実験計画法によるパラメータ推定

まとめ

## 移住に関するパラメータ

- 移住間隔 (Migration Interval)  
移住操作を行う世代の間隔  
→この実験では 1, 2, ..., 10 まで変化させた
- 移住率 (Migration Rate)  
島に存在する個体のうち, 移住する個体の割合  
→実験では 0.1, 0.2, ..., 0.5 まで変化させた
- 移住トポロジ (Migration Topology)  
ある島から別の島へどんなルールで移動するか

はじめに

遺伝的アルゴリズム  
について

設定するパラ  
メータ

実験 1 パラメー  
タの傾向の調査

実験 1 で用いる  
関数について

実験 1 から得られ  
たパラメータ傾向

チューニングする  
パラメータの決定

実験 2 実験計  
画法によるパラ  
メータ推定

まとめ

## 移住トポロジ (1)

- Random Ring  
移住元から移住先へ辿っていくとリング状になるように移住先を決める
- +1 +2 Topology  
島  $i+1$  と島  $i+2$  の2つの島から島  $i$  に移住してくる

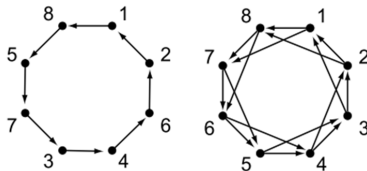


図 4: Random Ring(左) と+1 +2 Topology(右)

はじめに

遺伝的アルゴリズム  
について

設定するパラ  
メータ

実験 1 パラメー  
タの傾向の調査

実験 1 で用いる  
関数について

実験 1 から得られ  
たパラメータ傾向

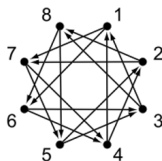
チューニングする  
パラメータの決定

実験 2 実験計  
画法によるパラ  
メータ推定

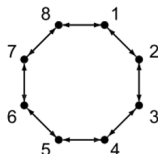
まとめ

## 移住トポロジ(2)

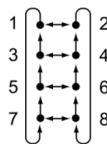
- +2 +3 Topology  
島  $i+2$  と島  $i+3$  の 2 つの島から島  $i$  へ移住する
- bi-Directional Ring  
自分と両側の隣り合う島どうしで移住し合う
- Ladder  
偶数個の島がはしごを形作るようにして移住し合う



c) +2+3Topology



d) bi-Directional Ring



e) Ladder

図 5: +2 +3 Topology(左), bi-Directional Ring(中央) および Ladder(右)

はじめに

遺伝的アルゴリズム  
について

設定するパラ  
メータ

実験 1 パラメー  
タの傾向の調査

実験 1 で用いる  
関数について

実験 1 から得られ  
たパラメータ傾向

チューニングする  
パラメータの決定

実験 2 実験計  
画法によるパラ  
メータ推定

まとめ

# 設定するパラメータ ～各パラメータの解説 (9)

14/29

## 移住する個体の選択方法 ～別の島に移住する場合～

- Random : ランダムに選ぶ
- Best : 評価値の高い個体から順に選ぶ
- Worst : 低い個体から順に選ぶ

## 移住する個体の選択方法 ～別の島から移住してくる場合～

- Hole : 移住して抜けた穴を評価値の近い個体を移住させて穴埋めする
- Random : ランダムに選んで移住させる→母集団内の個体に変化する可能性がある
- Best : 評価値の高い個体から順に選んで移住させる→母集団内の個体に変化する可能性がある
- Worst : 低い個体から順に選んで移住させる→母集団内の個体に変化する可能性がある

はじめに

遺伝的アルゴリズム  
について

設定するパラ  
メータ

実験 1 パラメー  
タの傾向の調査

実験 1 で用いる  
関数について

実験 1 から得られ  
たパラメータ傾向

チューニングする  
パラメータの決定

実験 2 実験計  
画法によるパラ  
メータ推定

まとめ

## 移住個体の選択方法 補足

移住する・してくる個体の選び方の組み合わせ 10 通りで実験を行った。

## 移住操作開始のタイミング (Migration Point)

本実験では、選択操作の後、交叉操作の後、突然変異の後で移住操作評価の比較を行った。

はじめに

遺伝的アルゴリズムについて

設定するパラメータ

実験 1 パラメータの傾向の調査

実験 1 で用いる関数について

実験 1 から得られたパラメータ傾向

チューニングするパラメータの決定

実験 2 実験計画法によるパラメータ推定

まとめ

## 移住個体の選択方法 補足

移住する・してくる個体の選び方の組み合わせ 10 通りで実験を行った。

## 移住操作開始のタイミング (Migration Point)

本実験では、選択操作の後、交叉操作の後、突然変異の後で移住操作評価の比較を行った。

はじめに

遺伝的アルゴリズムについて

設定するパラメータ

実験 1 パラメータの傾向の調査

実験 1 で用いる関数について

実験 1 から得られたパラメータ傾向

チューニングするパラメータの決定

実験 2 実験計画法によるパラメータ推定

まとめ



# 実験 1 パラメータ傾向の調査 (1)

17/29

## パラメータ傾向の調査

実験の効率・信頼性向上のために、実験計画法にパラメータを適用する前に、パラメータの傾向を調べた。

## 実験方法について 1

13 種のパラメータを 6 つの実験分類に分け、4 種類の数学的テスト関数を用いた数値実験でパラメータ傾向を調査した。

- 分類Ⅰ：個体数，島数，選択手法の比較
- 分類Ⅱ：個体数，島数，トーナメントサイズの比較
- 分類Ⅲ：交叉手法，交叉率の比較
- 分類Ⅳ：突然変異手法，突然変異率の比較
- 分類Ⅴ：移住率，移住間隔，島数の比較
- 分類Ⅵ：移住トポロジ，移住個体の選択方法，移住操作のタイミングの比較

はじめに

遺伝的アルゴリズム  
について

設定するパラ  
メータ

実験 1 パラメー  
タの傾向の調査

実験 1 で用いる  
関数について

実験 1 から得られ  
たパラメータ傾向

チューニングする  
パラメータの決定

実験 2 実験計  
画法によるパラ  
メータ推定

まとめ

# 実験 1 パラメータ傾向の調査 (2)

18/29

## 実験方法について 2

それぞれの関数において、設計変数の数を 10, 1 設計変数あたり 10 ビットの染色体長とする. (1 個体の染色体長は 100)

個体A: 1000100111 | 1010101010 | 1111110000 | . . . | 0011001111

X<sub>1</sub>

X<sub>2</sub>

X<sub>3</sub>

X<sub>10</sub>



染色体長=100(10ビット×10変数)

図 6: 設計変数のイメージ

## 実験方法について 3

最適解を見つけるまでに要した「評価計算の回数の平均値」で比較する. (最適解が限度までに見つからなかった場合は計算終了時の回数の平均で比較)

→分類 I の実験では評価計算回数の限度を 400,000 回, それ以外では 800,000 回とした

→ 20 回の施行で平均値を導出する

はじめに

遺伝的アルゴリズム  
について

設定するパラ  
メータ

実験 1 パラメー  
タの傾向の調査

実験 1 で用いる  
関数について

実験 1 から得られ  
たパラメータ傾向

チューニングする  
パラメータの決定

実験 2 実験計  
画法によるパラ  
メータ推定

まとめ

# 実験 1 で用いる関数について (1)

19/29

## Rastrigin 関数

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

$$-5.12 < x_i \leq 5.12$$

- ・ 設計変数間に依存関係がない.
- ・ 全ての設計変数の値が 0 のとき最小値 0 となる.

## Schwefel 関数

$$f(x_1, \dots, x_n) = \sum_{i=1}^n (-x \sin(\sqrt{|x_i|})) \quad (2)$$

$$-512 < x_i \leq 512$$

- ・ 設計変数間に依存関係がない.
- ・ 値が 421 のとき最小値  $418.98276403 \times (\text{設計変数})$  をとる.  
→最小値が 0 となるように調整

はじめに

遺伝的アルゴリズム  
について

設定するパラ  
メータ

実験 1 パラメー  
タの傾向の調査

実験 1 で用いる  
関数について

実験 1 から得られ  
たパラメータ傾向

チューニングする  
パラメータの決定

実験 2 実験計  
画法によるパラ  
メータ推定

まとめ

# 実験 1 で用いる関数について (2)

20/29

## Ridge 関数

$$f(x_1, \dots, x_n) = \sum_{i=1}^n \left( \sum_{j=1}^i x_j \right)^2 \quad (3)$$

$$-64 < x_i \leq 64$$

- ・ 設計変数間の依存関係が強い.
- ・ 全ての設計変数の値が 0 のとき最小値 0 をとる.

## Griewank 関数

$$f(x_1, \dots, x_n) = 1 + \sum_{i=1}^n (x_i^2 / 4000) - \prod_{i=1}^n (\cos(x_i / \sqrt{i})) \quad (4)$$

$$-512 < x_i \leq 512$$

- ・ 大域的には設計変数間の依存関係が弱く, 局所的には強い.
- ・ 全ての設計変数の値が 0 のとき最小値 0 をとる.

はじめに

遺伝的アルゴリズム  
について

設定するパラ  
メータ

実験 1 パラメー  
タの傾向の調査

実験 1 で用いる  
関数について

実験 1 から得られ  
たパラメータ傾向

チューニングする  
パラメータの決定

実験 2 実験計  
画法によるパラ  
メータ推定

まとめ

# 実験1から得られたパラメータ傾向

21/29

- 個体数：対象問題によって最適が変化する
- 島数：島内の個体数が10程度が適切
- 選択手法：ルーレットトーナメントを選ぶのが妥当
- トーナメントサイズ：4程度が最適
- 交叉手法：一点交叉または二点交叉
- 交叉率：1.0が適当
- 突然変異手法：やはり染色体長分の一が良い
- 移住間隔：Griewankでは7，その他の関数では短いほど良い
- 移住率：Griewankでは低いほど，他の関数では高いほど良い
- 移住トポロジ：Random Ringが妥当
- 移住個体の選択方法：Griewankでは評価値の高い個体，その他は低い個体を移住させない．また，全ての関数で高い個体が移住してくるのを避けるのがベスト．
- 移住操作のタイミング：選択(淘汰)操作の後が良い

はじめに

遺伝的アルゴリズムについて

設定するパラメータ

実験1 パラメータの傾向の調査

実験1 で用いる関数について

実験1 から得られたパラメータ傾向

チューニングするパラメータの決定

実験2 実験計画法によるパラメータ推定

まとめ

# 実験結果から実験計画法でチューニングするパラメータの決定

22/29

## 得られたパラメータ傾向

前ページの傾向から、9種類のパラメータは決まった値を用い、「個体数」、「移住間隔」、「移住率」、「移住個体の選択方法」の4種類を優先的に実験計画法でパラメータ調整する。

→ 9種類はどの関数でも同様の傾向で、パラメータもほぼ確定している

→ チューニング対象を9種類から4種類に絞ることで実験回数を減らせる！

はじめに

遺伝的アルゴリズムについて

設定するパラメータ

実験 1 パラメータの傾向の調査

実験 1 で用いる関数について

実験 1 から得られたパラメータ傾向

チューニングするパラメータの決定

実験 2 実験計画法によるパラメータ推定

まとめ

## 実験計画法によるパラメータ推定 (1)

下の表の  $L_{27}(3^13)$  の直交配列表を用いて検討していく

	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

図 7: 用いる直交配列表

## 実験 2 実験計画法によるパラメータ推定 (2)

24/29

### 実験計画の表の完成

「個体数」, 「移住間隔」, 「移住率」, 「移住個体の選択方法」の4種類のパラメータでそれぞれ3種類の代表値を用いてパラメータ決定をしていく。前ページと下の表の代表値を適用すると、実験計計画の表ができる。

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

図 8: 用いる代表値

はじめに

遺伝的アルゴリズム  
について

設定するパラ  
メータ

実験 1 パラメー  
タの傾向の調査

実験 1 で用いる  
関数について

実験 1 から得られ  
たパラメータ傾向

チューニングする  
パラメータの決定

実験 2 実験計  
画法によるパラ  
メータ推定

まとめ



# 実験2 実験計画法によるパラメータ推定(3)

25/29

はじめに

遺伝的アルゴリズム  
について

設定するパラ  
メータ

実験 1 パラメー  
タの傾向の調査

実験 1 で用いる  
関数について

実験1から得られ  
たパラメータ傾向

チューニングする  
パラメータの決定

実験 2 実験計  
画法によるパラ  
メータ推定

まとめ

No.	Pop.	MigL.	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

図 9: 実験計画の表

## 実験 2 実験計画法によるパラメータ推定 (4)

26/29

### 実験 2 について

実験 1 で用いた Schwefel 関数を評価関数として，評価計算回数の上限を 1,000,000 回とし，評価計算回数 20 回分の平均をとった．結果として以下の評価が得られた．

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

図 10: 評価回数平均結果

はじめに

遺伝的アルゴリズム  
ムについて

設定するパラ  
メータ

実験 1 パラメー  
タの傾向の調査

実験 1 で用いる  
関数について

実験 1 から得られ  
たパラメータ傾向

チューニングする  
パラメータの決定

実験 2 実験計  
画法によるパラ  
メータ推定

まとめ

# 実験 2 実験計画法によるパラメータ推定 (5)

27/29

## 分散分析

図 10 にある評価回数の平均の分散分析を行った結果を下に示す。SS は変動,  $f$  は自由度,  $V$  は分散,  $F$  はそれぞれの分散比を表す。sign については, \* は割合 0.05 の有意, \*\* は 0.01 の有意を表す。表から 4 つのパラメータどうしで, 危険率 0.01 の有意な依存関係があることが分かった。

	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	-	-	

図 11: 分散分析結果

はじめに

遺伝的アルゴリズム  
について

設定するパラ  
メータ

実験 1 パラメー  
タの傾向の調査

実験 1 で用いる  
関数について

実験 1 から得られ  
たパラメータ傾向

チューニングする  
パラメータの決定

実験 2 実験計  
画法によるパラ  
メータ推定

まとめ



## まとめ

今回の実験で、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チューニングが、有効であるものと分かった。

はじめに

遺伝的アルゴリズムについて

設定するパラメータ

実験 1 パラメータの傾向の調査

実験 1 で用いる関数について

実験 1 から得られたパラメータ傾向

チューニングするパラメータの決定

実験 2 実験計画法によるパラメータ推定

まとめ