

## 分散遺伝的アルゴリズムにおけるパラメータの検討

廣安 知之<sup>†</sup>, 三木 光範<sup>†</sup>, 上浦 二郎<sup>††</sup>

<sup>†</sup> 同志社大学工学部    <sup>††</sup> 同志社大学大学院

分散遺伝的アルゴリズム (DGA) は遺伝的アルゴリズム (GA) の並列モデルの一つであり、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、GA および 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 GA および 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解および計算コストへの影響を調査した。本研究で調査を行ったパラメータは、各母集団内の探索に関する 6 種類のパラメータと移住に関する 2 種類である。これら 8 種類のパラメータについて、4 種類の数学的テスト関数に適用することにより検討を行っている。数値実験の結果、いくつかの最適なパラメータセッティングの傾向を得ることができた。

## The examination of parameter settings for Distributed Genetic Algorithms

Tomoyuki HIROYASU<sup>†</sup>, Mitsunori MIKI<sup>†</sup>, and Jiro KAMIURA<sup>††</sup>

<sup>†</sup> Knowledge Engineering Dept., Doshisha University

<sup>††</sup> Graduate School of Engineering, Doshisha University

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 GAs and DGAs, there are many parameters that users should set and these parameters effect the derived solutions and the calculation cost. In this study, we discussed and examined the affection of parameters to the solutions and the calculation. We studied eight types of parameters of DGAs by applying four 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, some tendency of the best parameter values were derived.

### 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、その適用範囲は広い<sup>1)</sup>。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<sup>2)</sup>。本研究では、GA のその 1 つである分散遺伝的アルゴリズム (Distributed Genetic Algorithms : DGA) に注目した。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遺伝的操作を行うモデルである<sup>3)</sup>。DGA では各分割母集団間で個体情報を交換するために移住 (Migration) という遺伝操作が必要である。

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、その他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<sup>4)</sup>。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 は非常に強力な最適化手法であるが、移住操作を行うために設定すべきパラメータが CGA と比較して増加する。また、DGA では CGA とは異なった探索を行っていると考えられ<sup>5)</sup>、同じパラメータでも CGA とは最適な設定が異なる場合がある<sup>6)</sup>。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が、現在まで複数のパラメータについて同時に検討を行った研究は行われていない。そこで、本研究では 8 種のパラメータに着目し、それらのパラメータの解への影響を検討する。

## 2 分散遺伝的アルゴリズム

### 2.1 分散遺伝的アルゴリズム

DGA は, GA の母集団を複数の分割母集団( 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. 図 1 に移住の概念図を示す.

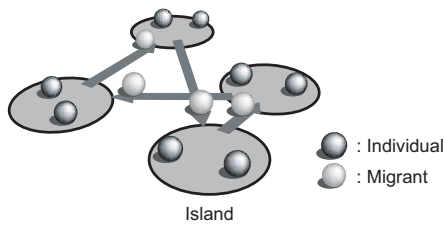


図 1: Migration

### 2.2 パラメータ

表 1 は本研究において検討を行ったパラメータの一覧である. 表中で CGA/DGA と記したパラメータは通常の GA および DGA と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.

表 1: Parameters of DGA

| Parameters         | CGA/DGA |
|--------------------|---------|
| Population Size    | CGA/DGA |
| Number of Islands  | DGA     |
| Selection Method   | CGA/DGA |
| Crossover Method   | CGA/DGA |
| Crossover Rate     | CGA/DGA |
| Mutation Method    | CGA/DGA |
| Mutation Rate      | CGA/DGA |
| Migration Interval | DGA     |
| Migration Rate     | DGA     |

ここで, 本論文で検討した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. こ

のパラメータは求まる解の精度, 計算時間に大きく影響するパラメータである.

島数 ( Number of Islands ) DGA における母集団サイズの分割数. 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 3.2.1 節の実験において 2, 4, 8, 16, 32, 64, 128, 256, 512 と変化させ, 3.2.4 節の実験において 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<sup>1)</sup>.

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

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.

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

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<sup>7)</sup>. 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<sup>8)</sup>. 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を選択されるまで繰り返す<sup>8)</sup>. 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<sup>8)</sup>。本研究ではトーナメントに選り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。本研究ではトーナメントサイズを 2 とした。

**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ルを用いたものを Roulette Tournament 選択、線形正規化を用いたものを Ranking Roulette Tournament 選択と呼ぶ。本研究ではトーナメントサイズを 2 とした。

**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、Ranking Roulette 選択、Tournament 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<sup>8)</sup>。

**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<sup>8)</sup>。

**一様交叉 ( Uniform Crossover : UX )** 交叉の度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<sup>8)</sup>。

**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。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。

## 2.6 突然変異に関するパラメータ

**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。突然変異率に従ってすべての遺伝子座について突然変異するか否かの判定を行い、突然変異する遺伝子座の遺伝子を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 )** 染色体長を  $L$  とした時、最適な突然変異率は  $1/L$  であるという報告がある<sup>9)</sup>。このため、突然変異をする遺伝子座を 1 つと定める手法が考えられる。本研究ではこれを単一遺伝子座突然変異と定義した。

**シフト突然変異 ( Shift Mutation )** 染色体が同じ個体では異なる突然変異が起こることが望ましい。このため、ある個体について突然変異する遺伝子座を決定し、他の個体は突然変異する遺伝子座をシフトさせる手法が考えられる。本研究ではこれをシフト突然変異と定義した。

**突然変異率**

染色体長 ( Chromosome Length ) に占める突然変異する遺伝子座の割合を定める確率を突然変異率 ( Mutation Rate ) という。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。

## 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。

## 3 数値実験

### 3.1 対象問題

本研究では、数学的テスト関数にパラメータを変化させた DGA を適用することでパラメータの解への影響を検討している。以下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 ビット用いてコーディングを行った。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 0 の時最小値 0 をとり，その周辺に格子状に複数の準最適解を持つ．

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

$$-5.12 < x_i \leq 5.12$$

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 412 の時最小値 (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．

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

$$-512 < x_i \leq 512$$

Ridge 式 (3) で表され，設計変数間の依存関係が強い．すべての設計変数の値が 0 の時最小値 0 をとる．

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

$$-64 < x_i \leq 64$$

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 の時最小値 0 をとる．

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

$$-512 < x_i \leq 512$$

### 3.2 実験内容

本研究では 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評価値の平均値で比較を行った．

各分類ごとに数値実験の概要を以下に示す．

表 2: Basic Parameters

| parameter          | value               |
|--------------------|---------------------|
| Chromosome Length  | 100( = L)           |
| Population Size    | 400                 |
| Number of Islands  | 8                   |
| Selection Method   | Ranking Roulette    |
| Crossover Method   | One-Point Crossover |
| Crossover Rate     | 1.0                 |
| Mutation Method    | Normal Mutation     |
| Mutation Rate      | 0.01 (1/L)          |
| Migration Interval | 5                   |
| Migration Rate     | 0.5                 |

#### 3.2.1 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 400000 を越えた時」を終了条件とし，20 回の試行を行った．

#### 3.2.2 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 800000 を越えた時」を終了条件とし，20 回の試行を行った．

#### 3.2.3 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 800000 を越えた時」を終了条件とし，20 回の試行を行った．

#### 3.2.4 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 800000 を越えた時」を終了条件とし，20 回の試行を行った．

### 3.3 実験結果

#### 3.3.1 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．島数と選択手法の傾向はすべての関数で類似しているが，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類似している。1 島あたり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。また、すべての関数について島数が増えると解探索性能が向上する傾向がある。

### 3.3.2 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 6 に示す。交叉率はすべての関数で，交叉手法は Rastrigin, Schwefel, Ridge の 3 関数について類似している。また，すべての関数に関して一点交叉と二点交叉は交叉率が高いほど性能がよい。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。

### 3.3.3 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 7 に示す。突然変異率はすべての関数で，突然変異手法は Rastrigin, Schwefel, Ridge の 3 関数で傾向が類似しており，Rastrigin, Schwefel, Ridge の 3 関数について，突然変異率は  $1/L$  程度が適当である。また，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よくない。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。

### 3.3.4 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 8, 図 9, 図 10, 図 11 に示す。Rastrigin, Schwefel, Ridge 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傾向がある。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。

## 4 考察

### 4.1 個体数，島数，選択手法の傾向

島数はすべての関数において多い方が解探索性能が向上する傾向がある。しかし，そ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 1 島あたりの個体数を減らすことによって収束を速めることにあると考えられる。1 島あたりの個体数が増えると，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，終了条件に設定する評価回数を増やすことで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，1 島あたりの個体数を減らすことによって収束を速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發揮し，特に一点交叉においては最適交叉率を 1.0 と一意に決定可能となる。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良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適合度値が高く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

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よい。この原因は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も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よい。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。

以上より、突然変異操作にはすべての関数について突然変異率を  $1/L$  とした突然変異を用いるのが適当であると考えられる。

#### 4.4 移住率, 移住間隔, 島数の傾向

移住率が高く、移住間隔は短い方がよいという傾向は、選択操作の適応範囲は限定して多様性を維持し、交叉の適応範囲は限定せずに広く個体情報を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。移住間隔が長く島数が多い場合には母集団全体での個体情報の交換が行われにくくなる。つまり、移住間隔が長い場合には島数を小さくして母集団全体で個体情報の交換が行われるようにする必要がある。

これらの傾向は、選択操作の適応範囲を限定して多様性を維持しつつ交叉の適応範囲も限定して、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。

## 5 結論

本研究では、分散遺伝的アルゴリズム (Distributed Genetic Algorithm : DGA) の解探索能力に対してパラメータが与える影響について検討を行った。検討の結果をまとめると以下のようなになる。

- 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。少ないときには選択

手法による差は少ない。

- 交叉手法 一点交叉がよい。
- 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, Schwefel, Ridge では短いほどよい。Griewank では 7 程度が適当。
- 移住率 Rastrigin, Schwefel, Ridge では多いほどよい。Griewank では低いほどよい。

その結果、パラメータは対象問題への依存性によって以下のように分類できることが判った。

交叉手法, 交叉率, 突然変異手法, 突然変異率は対象問題に対する依存性の小さいパラメータである。このため、対象問題に関わらず交叉には交叉率 1.0 の一点交叉を、突然変異には突然変異率  $1/L$  の突然変異を用いると定めることができる。

残りは対象問題にある程度依存するパラメータである。これらのパラメータは対象問題の性質に応じて最適な設定が異なる。設計変数間に依存関係がないが局所解が存在するような問題では、必要な個体数は中程度である。その中で島数を増やすことによって多数の局所探索を行うとよい。島数が少ない場合には選択圧の低い選択手法を用いて広域を探索する必要がある。移住率は大きくし、移住間隔は短くする。設計変数間に依存関係があるが局所解が存在しないような問題では、1 島あたりの個体数を減らすことによって局所探索を行うとよい。個体数は少なくてもよい。1 島あたりの個体数が多い場合には選択圧の高い選択手法を用いて探索の収束を早める必要がある。移住率は大きくし、移住間隔は短くする。設計変数間に依存関係があり局所解が存在するような問題では、必要な個体数は多くなる。その中で島数を増やすことによって多数の局所探索を行うとよい。また、大域的な探索を行うために移住率を減らし、移住間隔を長くする。

今回検討を行ったパラメータのうち、対象問題に最も依存するのは個体数である。Ridge 関数のように設計変数間に依存関係があっても局所解の存在しない問題では個体数は少数でよい。逆に、Schwefel 関数や Griewank 関数のように局所解が存在する問題では多数の個体数と相当数の島が必要となる。

このように、対象問題に依存しないパラメータが存在することがわかり、パラメータチューニングの煩雑性が減少した。また、その他のパラメー

タに関して対象問題の性質に応じて最適なパラメータの傾向がわかった。

今後の課題として、今回実験を行っていない複数の対象問題や、実験を行った対象問題についてもパラメータの組み合わせを変化させた場合に本論文で述べた傾向が当てはまるのか、検証する必要があると考えられる。

### 謝辞

本研究は文部科学省からの補助を受けた同志社大学の学術フロンティア研究プロジェクトにおける研究の一環として行った。

### 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) Erick Cantú-Paz. A survey of parallel genetic algorithms. *Calculateurs Paralleles*, 1998.
- 3) Reiko Tanese. Distributed genetic algorithms. *Proc.3rd ICGA*, pp. 434-439, 1989.
- 4) 三木光範, 畠中一幸. 並列分散 GA による計算時間の短縮と解の高品質化. 日本機械学会第 3 回最適化シンポジウム講演論文集, 1998.
- 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) 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.
- 8) 伊庭育志. 遺伝的アルゴリズムの基礎. オーム社出版局, 1994.
- 9) 三木光範, 廣安知之, 大向一輝, 金子美華. 分散遺伝的アルゴリズムにおける最適な交叉率および突然変異率. 情報処理学会第 59 回全国大会, 1999.

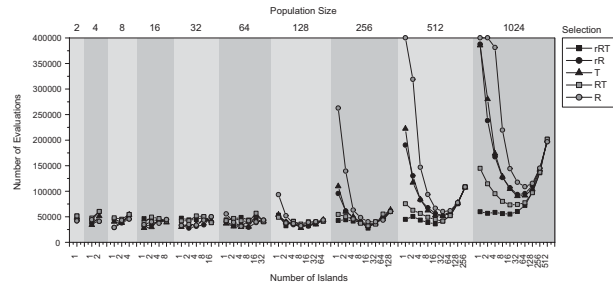


図 2: Population Size, Number of Islands, Selection Method (Rastrigin)

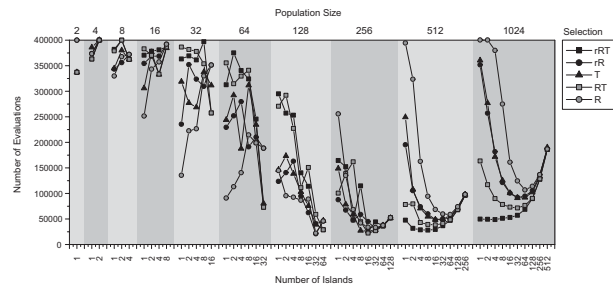


図 3: Population Size, Number of Islands, Selection Method (Schwefel)

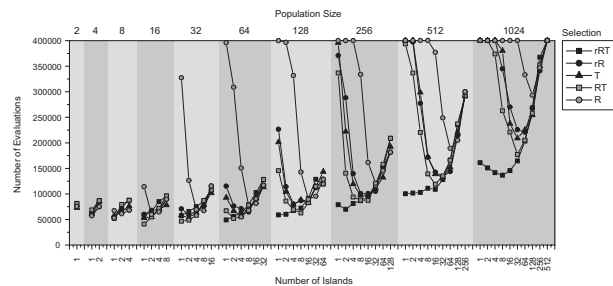


図 4: Population Size, Number of Islands, Selection Method (Ridge)

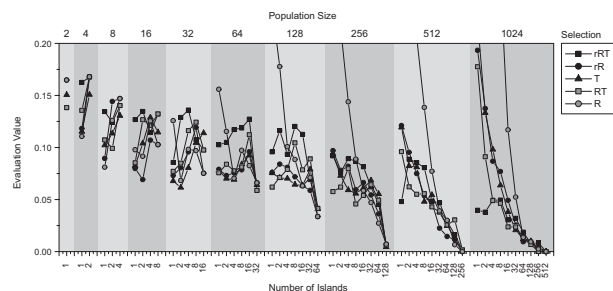


図 5: Population Size, Number of Islands, Selection Method (Griewank)

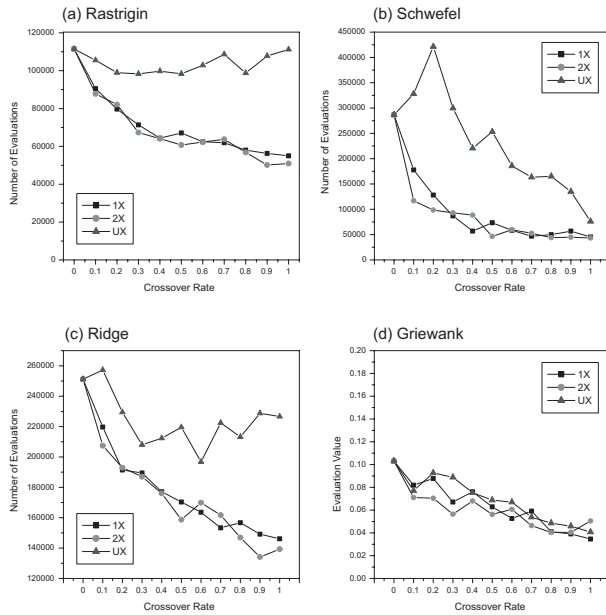


図 6: Crossover Method, Crossover Rate

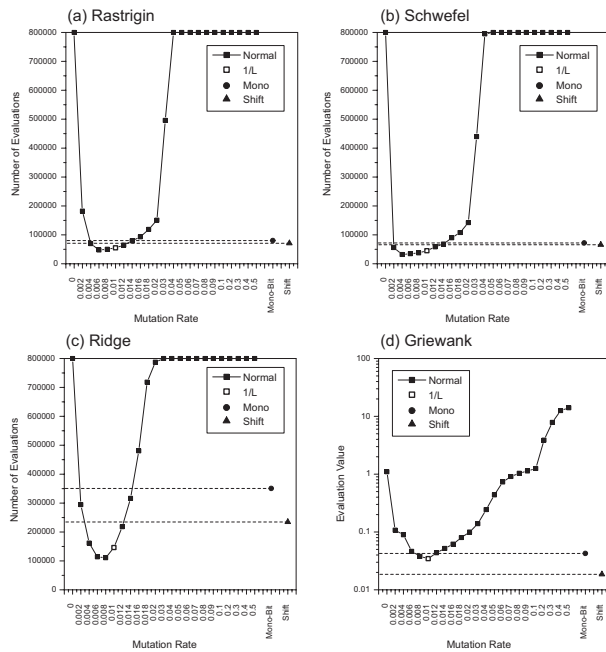


図 7: Mutation Method, Mutation Rate

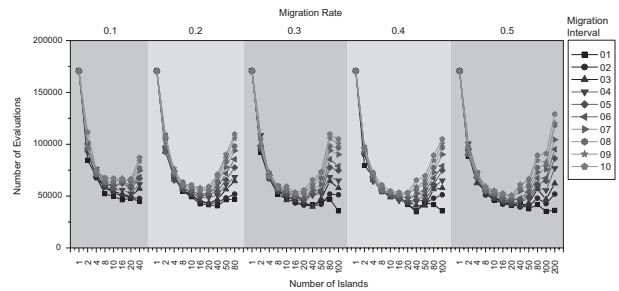


図 8: Migration Interval, Migration Rate, Number of Islands (Rastrigin)

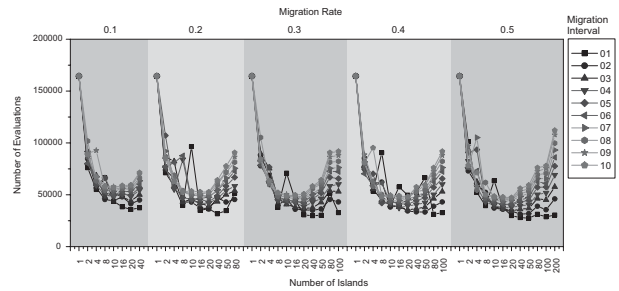


図 9: Migration Interval, Migration Rate, Number of Islands (Schwefel)

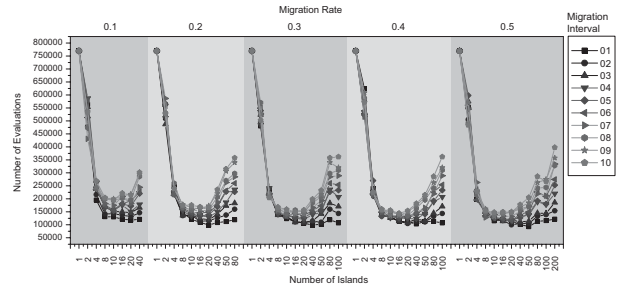


図 10: Migration Interval, Migration Rate, Number of Islands (Ridge)

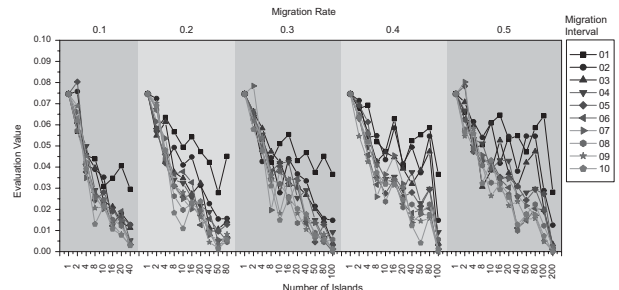


図 11: Migration Interval, Migration Rate, Number of Islands (Griewank)