

Search Performance of Genetic Algorithms with Distributed Population Schema

Mitsunori Miki*, Tomoyuki Hiroyasu**, Mika Kaneko***

(Received May 6, 1999)

It is well known that distributed genetic algorithms (DGAs) with multiple populations outperform canonical GAs. However, its reason remains open. This paper shows that the migration of a building block of an optimum solution among subpopulations plays an important role in DGAs. That is, the building blocks are formed by the crossover of individuals of different subpopulations. On the other hand, the optimal setting of the parameters used in GAs depends on optimization problems to be solved. Therefore, proper values of the parameters are required to obtain good solutions even in DGAs. This paper proposes a distributed environment GA where various combinations of the fixed values of parameters are used in different subpopulations. From several numerical experiments, it is concluded that the distributed environment GA is an effective way as the proper values of GA parameters are not certain.

Key words : Genetic Algorithm, Multiple population, Optimal solution, Building block, Parameter tuning

キーワード：遺伝的アルゴリズム，分割母集団，大域的最適解，ビルディングブロック，パラメータチューニング

分散母集団GAにおける解探索能力

三木光範・廣安知之・金子美華

1. 緒言

最適化は、ある制約条件のもとで目的関数の最小点を見出すという数理的問題として考えられてきた。しかし、最適化問題の背景が広がり、最適化手法は数理計画法という応用数学の一分野から抜け出して、システム工学が扱うあらゆる対象とその計画や制御の方法論に密接に関連するようになった。そして、組合せ最適化などのような最適解を求めることが本質的に難しい問題が多く存在するようになった。このような問題には、従来の最適化法よりも、近似解を求めるヒューリスティック法やランダム探索法が

有効な手段である¹⁾。

ヒューリスティック法は、問題固有の構造や性質を十二分に活用して作成される高度な近似アルゴリズムである。必ず実行可能な解を得ることができるが、得られた解が最適解であるという保証はない。しかし、対象とする問題の構造をうまく利用することができれば、比較的よい解が得られることが経験的に確かめられている。

ランダム探索法は、問題の性質は全く利用しないで、基本空間から解を無作為に多数個選び出し、これらの解の実行可能性を調べ、実行可能解の中で目的関数値を最小にするものを準最適解にするという

* Department of Knowledge Engineering And Computer Science, Doshisha University, Kyoto
Telephone: +81-774-65-6434, Fax: +81-774-65-6796 E-mail: mmiki@mail.doshisha.ac.jp
** Department of Knowledge Engineering And Computer Science, Doshisha University, Kyoto
Telephone: +81-774-65-6638, Fax: +81-774-65-6780 E-mail: tomo@is.doshisha.ac.jp
*** Graduate School of Engineering, Doshisha University, Kyoto
Telephone/Fax: +81-774-65-6716 E-mail: mika@mikilab.doshisha.ac.jp

アルゴリズムである。十分に時間をかけて相当多数の実行解を調べることができれば、大変望ましい準最適解が得られることが期待される²⁾。

遺伝的アルゴリズム（以下、必要に応じてGAと略記する）は生物の進化を模倣した確率的なアルゴリズムであり、ヒューリスティック法とランダム探索法を有効に組合せた手法である。GAは、ランダム性を解法の中に取り入れることにより、解法として広い適応範囲を保つとともに、解の構成法や演算手続きに問題ごとに固有な形をデザインすることが可能であり、これにより効率の良い解の探索も期待できる。この両者がうまく作用すれば、大域的によい準最適解を効率的に探索することができる¹⁾。

しかしながら、GAの研究が盛んになるにつれ、コンピュータ資源の浪費、早熟収束による局所解への収束、パラメータ設定の複雑さなどの問題が指摘されるようになった³⁾。

並列GAの島モデル⁴⁾はこれらの問題を解決する方法として注目されている。並列GAの島モデルでは、母集団を複数の分散母集団に分け、その分散母集団毎に遺伝的操作を行い、一定期間毎に異なる分散母集団間で移住を行う。また、1つのプロセスは1つの分散母集団を受け持ち、並列処理される。このような並列GAの島モデルでは、計算時間の短縮と解の高品質化の効果があると報告されている⁵⁾。計算時間の短縮は並列処理による効果であり、解の高品質化は島モデルによる効果である。しかし、島モデルが解の高品質化をもたらす理由については明らかにされていない。そこで本論文では、島モデルにおいて母集団を分割し、移住を行うことに注目して、これを特に分散母集団GAとした。

GAで最適化が行われるメカニズムを説明するための道具としてスキーマという概念がある。スキーマとは個体の中の部分的な遺伝子座に着目し、個体を評価する方法を与える数学的な道具である。GAでは、最適解に近い良い解は、定義長が短く、適合度が高いスキーマが組み合わされて生成される。このようなスキーマをビルディングブロックという。

本論文では、分散母集団GAにおいて単一母集団GAと比較して高品質の解が得られる理由として、分散母集団毎に生成されたビルディングブロックが

移住によって他の母集団のビルディングブロックと結合し、成長していくからではないかと仮定した。しかし、ビルディングブロックの存在を確認するのは困難である。そこで、設計変数をビルディングブロックを構成する要素と考え、分散母集団毎に得られた解と最適解を設計変数毎に比較することによって、ビルディングブロックの成長過程を調査する。

一方、GAを実行するためのパラメータの最適値は問題によって異なり、経験的に得るしかない。また、パラメータが異なると、探索過程や得られる解は異なる。したがって、分散母集団GAにおいてもパラメータの設定を誤ると高品質の解が得られない。そこで、分散母集団GAにおいて各母集団毎に異なるパラメータを設定した環境分散GAを考えた。環境分散GAは、母集団全体で見るといくつかのパラメータを設定することができるので、最適なパラメータを知らない場合でも活用することができる。本論文では、環境分散GAで設定するパラメータを交叉率と突然変異率とし、環境分散GAを単一母集団および分散母集団GAと比較することにより、環境分散GAでの解探索能力の有効性を検討する。

以下、2章でGAについて概説し、3章でGAの分散化と並列化および分散母集団GAについて述べる。4章では分散母集団GAの有効性について確認し、その理由についてビルディングブロックを用いて考察する。5章ではパラメータの変化が解探索に与える影響についての実験結果、環境分散GAの有効性についての実験結果について述べる。

2. 遺伝的アルゴリズム

2.1. GAの概念²⁾

GAは、生物の進化を模倣した確率的なアルゴリズムである。自然界では、生活環境に適応できない個体は死滅していき、環境に適応した個体は生き残り子孫を増やしていく。そして、それを繰り返すことによって、群れの中に優れたものの遺伝子が広まり、群れが繁栄する。このメカニズムを工学的に取り入れ、問題に対する良い個体をコンピュータで生成しようというのがGAである。

個体の集まりを個体群（population）といい、ある世代（generation）を形成している個体群の中で、

環境への適合度 (fitness) の高い個体が高い確率で生き残るように選択 (selection) される。さらに、交叉 (crossover) や突然変異 (mutation) によって、次の世代の個体群が形成される。このような世代の更新が繰り返され、更新のたびによりよい個体 (より最適解に近い解) が増えていき、やがて最適解が得られるであろうというのが GA の基本的な考え方である。

GA では、選択により望ましい解を重点的に探索すると同時に、交叉と突然変異によって解の探索範囲を広げているので、これらの両方の手続きが有効に作用すれば、その威力を十分に発揮することになる。

2.2. ビルディングブロック²⁾

GA で最適化が行われるメカニズムを説明するための道具としてスキーマという概念がある。スキーマの概念は1975年の Holland の著書の中で明らかにされている。スキーマは、個体の中の部分的な遺伝子座に着目し、それ以外の要素を * で表して個体を評価する方法を与える数学的な道具であり、最適コードがどのようにして生成されるかを示すことを意図して考案されたものである。また、スキーマ定理とは、GA の再生、交叉、突然変異の操作により、各スキーマに属する個体数の期待値の変化を不等式で表現したものである。スキーマ定理は、定義長が短く、適合度が平均以上のスキーマは指数関数的に増大していくということの意味する。このようなスキーマを Building Block (積木) という。

GA では、最適解に近い良い解は定義長が短く、適合度が高いスキーマ (ビルディングブロック) が組み合わされて生成される。これを、積木仮説という。GA により最適解に近い値が生成されるメカニズムは、この積木仮説で表現される。これが仮説であるのは、積木の定義が問題に依存することによる。この仮説が成立するには、次のような条件を満たすコード化がなされていることが必須である。

- (1) 表現型に近い個体は遺伝子型も類似している。
- (2) 遺伝子座間での干渉が少ない。

遺伝子座間での干渉を少なくするためには、設計変数間の依存関係を少なくすればよい。したがって、

実験には設計変数間の依存関係がない問題を扱った。

2.3. GA の特徴

GA がこれまでの古典的な探索法と大きく異なる点は次の4つの特徴にある²⁾。

- (1) パラメータをコーディングしたものを直接利用する。
- (2) 一点探索ではなく、多点探索である。
- (3) サンプリングによる探索で、ブラインドサーチである。
- (4) 決定的規則でなく、確率的オペレータを用いる探索である。

これらの特徴により、応用範囲が幅広く様々な問題に適用でき、局所解におちいりにくいという長所がある。また問題点として次のようなことが挙げられる⁴⁾。

- (1) コンピュータ資源の浪費。
- (2) 早熟収束による局所解への収束。
- (3) パラメータ設定の複雑さ。

これらの問題点の解決法として、並列 GA の島モデルがある。

3. 並列分散GA

3.1. GA の分散化と並列化¹⁾

GA の並列化に関する研究は(1)単純並列アプローチ (2)分解型アプローチ、に大別される。次に、それぞれについて述べる。

(1)のアプローチは、GA の計算ループの処理を単に並列化するだけのものである。すなわち、複数のプロセッサを用いた並列処理による計算時間短縮が目的であり、各個体の評価 (目的関数値の計算) に多くの計算量を必要とする場合などで有効とされる。

一方、(2)のアプローチでは島モデル (island model) と近傍モデル (neighborhood model) が提案されている。島モデルでは母集団がいくつかの部分個体集合に分割され、それぞれの部分個体集合に対して独立に遺伝的操作が行われる。近傍モデルでは、個体群内の各個体とその近傍内の限られた個体としか相互作用しない。このアプローチには次のような効果がある。

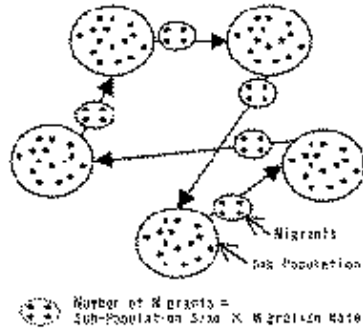


Fig. 1. Migration

(1) 並列化による計算時間の短縮

プロセッサ間の通信が局所的であるので並列計算の効果をしやすい。

(2) 多様性の維持

進化が局所的に進むので、母集団全体としての多様性を維持する効果があり、初期収束を回避しやすい。

分解型アプローチのアルゴリズムは単一プロセッサでも実現可能である。したがって、個体群の多様性が維持されるという効果は、母集団を分割すること、つまり母集団の分散化による効果である。本論文では分解型アプローチの島モデルに着目し、母集団の分散化による効果を考える。以下では島モデルを分散母集団GAとよび、単一母集団GAと比較検討していく。

3.2. 分散母集団GA

分散母集団GAは、母集団を複数の分散母集団(Sub-Population)に分け、その分散母集団毎に遺伝的操作を行い、一定期間毎に異なる分散母集団間で移住(migration)を行うというアルゴリズムである。移住を行う世代間隔を移住間隔(migration interval)といい、分散母集団の個体数に対する移住する個体(migrant)の割合を移住率(migration rate)という。移住の概念をFig. 1に表す。

また、分散母集団GAでは、移住に関して、移住先の分散母集団、移住間隔、移住率および移住する個体の選択法を定める必要がある。移住先の分散母

集団は、移住間隔おきに毎回ランダムに選ぶ。ただし、完全にランダムに選ぶのではなく、移住元と移住先の分散母集団は1対1の関係である。また、移住する個体はランダムに選ぶ。

4. 分散母集団GAの有効性

4.1. 数値実験の方法

分散母集団GAでは単一母集団GAに比べて高品質の解が得られるが、その理由は明らかにされていない。そこでこの理由を、分散母集団毎に生成されたビルディングブロックが移住によって他の母集団のビルディングブロックと結合し、成長していくからではないかと仮定し、検討した。ビルディングブロックを用いるには積木仮説について考慮する必要がある。積木仮説が成立するには遺伝子座間での依存関係が少なくなければならない。したがって、積木仮説が成立するように、変数間に依存関係がない問題を扱った。

実験では、ビット列の探索問題を用いた。ビット列を複数に区切り、それぞれを設計変数とみなす。個体の適合度は全ての設計変数の適合度(Evaluation value; 図ではEval Valueとした)の和とした。1つの設計変数の適合度は、最適解とおなじ値を持つビット数の2乗に比例して与えた。1設計変数あたりのビット数が n 、 m 設計変数の場合の最適解の適合度は kn^2m となる(k は定数、本実験では $1/2$ とした)。実験での最適解は全てのビットが1の文字列とした。

選択はルーレット選択とし、適合度からその世代の母集団での最低適合度を引いた値を選択に用いた。分散母集団の効果をもより見やすくするために突然変異は行わず、終了条件は全ての分散母集団が収束したときとした。なお、分散母集団の収束は、分散母集団毎に全ての個体が1種類の染色体になったときとした。また、交叉率を0.6、移住間隔を5世代および移住率を0.3と設定し、交叉は一点交叉を用いた。

4.2. 染色体長と必要個体数の関係

実験で用いる個体数を決定するために、染色体長と母集団に必要な個体数の関係を調べた。まず、1設計変数あたりのビット数と母集団に必要な個体数

(Population Size)の関係調べた。単一母集団で100試行を行い、全ての試行で最適解が求まった最小の個体数を必要個体数とした。結果より、1設計変数あたりのビット数が増えると、母集団に必要な個体数は増えるという関係であった。

次に、1設計変数あたりのビット数を5として、設計変数の数と母集団に必要な個体数の関係を調べた。設計変数の数が増えると、母集団に必要な個体数は増えるという関係であった。

これらの実験より、1設計変数あたり5ビットのときに必要な個体数はおよそ30であり、また、1設計変数あたり5ビットで10設計変数のときに必要な個体数はおよそ450であるという結果が得られた。これより、10設計変数では1設計変数のおよそ15倍の個体数が必要ということが分かる。また、20設計変数のときに必要な個体数はおよそ1600個体であり、およそ53倍の個体数が必要であることが分かる。つまり、 n 設計変数のときは、1設計変数のときに必要な個体数の n 倍以上の個体が必要であるということである。言い換えると、 n 設計変数のとき、1設計変数のときに必要な個体数の n 倍の個体数で最適解を得るのは困難であるということである。

4.3. 母集団の分割数による比較

4.3.1. 数値実験の方法

母集団サイズを固定し母集団の分割数を変えて、終了世代と終了時の適合度を調べた。分割数は、1, 2, 3, 4, 5, 6, 10, 12および15とした。

1設計変数を10ビットで表し、10設計変数で実験を行った。4.2節の実験より、1設計変数あたりのビット数が10ビットのとき、およそ60個体が必要であった。したがって、単一母集団において、10設計変数の場合、60個体の10倍の600個体では最適解を得るのは困難であることが想像できる。この条件で、分散母集団では単一母集団よりも高品質の解が得られるかどうかを実験した。

4.3.2. 結果と考察

分割数と終了時に得られた適合度の関係をFig.2に示した。結果は10試行の平均である。終了時に得られた適合度が高かったのは分割数が2, 10および12

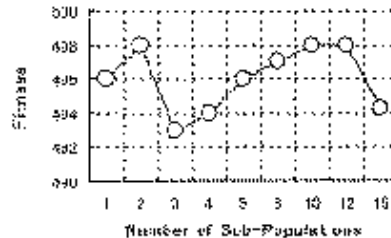


Fig. 2. The relation between the fitness value at the convergence stage and the number of sub-populations

のときであった。分割数2では、移住先の候補が1つの分散母集団しかないために2つの分散母集団には密接な関係がある。したがって、移住の性質が他の分割数の場合と異なり、分散母集団GAの中でも特別な場合であるといえる。分割数3から6では分割数が増えるにつれて、適合度が高くなっている。これは、分割数が増えることによって、母集団全体の多様性が増すからである。そして、分割数を12以上に増やすと適合度は低くなっている。分割数が増えると母集団全体としての分散母集団の多様性は増すが、1分散母集団内の個体数は減っていく。1分散母集団内の個体数が少なくなりすぎると、分散母集団内で十分な探索が行われなくなる。Fig. 2より、本実験では分割数15で1分散母集団の個体数が少なくなりすぎることが分かる。以上より、適切な分割数は10および12であるといえ、このときの分散母集団内の個体数はそれぞれ60および50である。4.2節の実験結果より、1設計変数あたりのビット数が10のときに必要な個体数はおよそ60であった。したがって、分散母集団GAでは、1分散母集団あたりに1つの設計変数を見つけることができるだけの個体数があればよく、分散母集団ごとに見つけられた設計変数が、他の分散母集団に移住することによって、解が形成されると考えられる。

4.4. ビルディングブロックの移住の確認

4.4.1. 解析の方法

最適解に近い良い解はビルディングブロック（定義長が短く、適合度が高いスキーマ）が組み合わされて生成されるという積木仮説がある。これが成り

立つ条件であれば、分散母集団ごとに生成されたビルディングブロックが移住によって他の分散母集団のビルディングブロックと結合し、最適解を生成するのではないかと考えられる。しかし、ビルディングブロックの存在を確認するのは困難である。

母集団の分割数についての実験より、分散母集団 GA では、1分散母集団あたりに1つの設計変数を見つけてることができるだけの個体数があればよく、分散母集団ごとに見つけれられた設計変数が、他の分散母集団に移住することによって、解が形成されると考えられた。そこで、設計変数をビルディングブロックを構成する要素と考え、最適解を構成する設計変数が個体数に対して占める割合がどのように遷移するのかを分散母集団ごとに調べた。

1設計変数を10ビットで表し、4設計変数で実験を行った。1設計変数あたりのビット数が10ビットのとき、およそ60個体が必要であったことから、個体数は240個体とした。単一母集団、移住なし・分散母集団および移住あり・分散母集団の3方法での最適解を構成する設計変数が占める割合の遷移を調べ

た。

4.4.2. 結果と考察

移住あり・分散母集団での実験結果を Fig. 3 に示した。ここで、図の縦軸は最適解を構成する設計変数が占める割合であり、横軸は世代数である。また、この実験での移住先は Table. 1 の通りであった。

移住なし・分散母集団では分散母集団0~3でそれぞれ3, 2, 2および1個の設計変数が求められ、移住あり・分散母集団では全ての分散母集団で4つの設計変数全てが求められた。

Table. 2 より、20世代目に分散母集団2から分散母集団0に移住が行われたことが分かる。また、Fig. 3 より、分散母集団0での20世代目以降で x_0 と x_2 が増加していることと、分散母集団2では20世代目以前に x_0 がおよそ0.4, x_2 がおよそ0.9であることが分かる。以上より、20世代目に分散母集団2から分散母集団0へ x_0 と x_2 の最適解を持った個体が移住したと考えられる。

また、Table. 2 より15世代目に分散母集団0から分

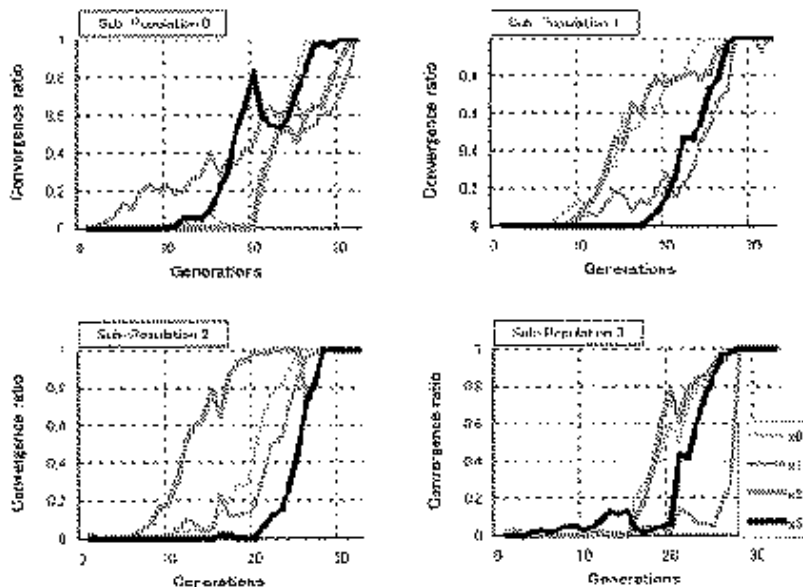


Fig. 3. Growth of building blocks

Table. 1 Migration sequence

世代	遷移順序
0	0 → 1 → 2 → 3
10	0 → 1 → 2 → 3
15	0 → 1 → 2 → 3
20	0 → 1 → 2 → 3
25	0 → 1 → 2 → 3
30	1 → 2 → 3 → 0

Table. 2 Combination of crossover and mutation rate

Crossover Rate	Mutation Rate	Mutation Rate		
		0.1/L	1/L	10/L
0.0	0.1	0.1/L	1/L	10/L
0.3	0.1	0.1/L	1/L	10/L
0.6	0.1	0.1/L	1/L	10/L
1.0	0.1	0.1/L	1/L	10/L

分散母集団2に移住が行われていることが、Fig. 3 より分散母集団2において15世代以降でx1が急激に減少していることと分散母集団0で20世代目以前にはx1が0であることが分かる。したがって、15世代目に、分散母集団0から分散母集団2へx1の最適解ではない解を持った個体が移住したと考えられる。しかし、分散母集団3では15世代目以降にx1が急激に減少した後、再び増加している。これは分散母集団3内での遺伝的操作により、移住によってもたらされたx1の最適解ではない解を持った個体が淘汰されたからである。したがって、最適解を構成する設計変数を持たない解が移住しても、一時的な影響しか与えないといえる。

以上より、設計変数をビルディングブロックを構成する要素としてみると、分散母集団ごとに生成されたビルディングブロックが移住によって他の分散母集団のビルディングブロックと結合し、最適解を生成していくといえる。

5. 環境分散 GA

5.1. 環境分散 GA の概念

GA を設計する際、母集団の個体数、交叉率および突然変異率などのパラメータを適切に設定することが要求される。これらのパラメータには最適な値があり、それらは問題によって異なるので経験的に得るしかない。また、パラメータが最適値と異なると、最適解を得られない場合もある。

分散母集団GAでは単一母集団GAよりも高品質の解を得ることができる。しかし、分散母集団GAにおいてもパラメータの設定が最適値と異なると、高品質の解を得ることができない。そこで、分散母集団GAにおいて各母集団毎に異なるパラメータを設定した環境分散GAを考えたい。

5.2. 数値実験の方法

環境分散 GA を単一母集団および分散母集団 GA と比較することにより、環境分散 GA での解探索能力の有効性を検討した。ここで、環境分散 GA で設定するパラメータは交叉率と突然変異率とした。交叉率を0.3、0.6および1.0の3通り、突然変異率を0.1/L、1/Lおよび10/L (Lは染色体長)の3通り、分割数を9とし、各分散母集団ごとに Table. 2 のように異なるパラメータを設定した。また、単一母集団 GA および分散母集団GAにおいて、交叉率5種類 (0.0, 0.1, 0.3, 0.6および1.0)、突然変異率3種類 (0.1/L, 1/Lおよび10/L) を組合せた15通りのパラメータ設定についてデータを採取し、環境分散 GA と比較した。

対象問題としては設計変数に依存関係がない 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 5.12 n = 10

を用いた。この関数は座標(0,...,0)で最小値0をとり、その周辺に格子状に複数の準最適解をもつ。適合度は一般的に最適解に近いほど高くなるように設定するので、適合度関数 F は式(1)より、

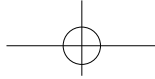
$$F = -f(x) \quad (2)$$

とした。したがって最適解は0となる。

選択はルーレット選択とし、最大世代数を1000世代、スケーリングウィンドウサイズを5、分割数を9、移住間隔を20世代および移住率を0.3とした。

5.3. 単一母集団 GA におけるパラメータ変化の影響

単一母集団 GA において、母集団の個体数、交叉



率および突然変異率の変化が与える影響を調査するための実験を行った。実験はそれぞれ12試行を行い、最大値と最小値を除いた10試行の平均を結果とした。

5.3.1. 最適な交叉率

個体数20, 180および1620それぞれにおいて、突然変異率別に見た場合の交叉率の違いによる解探索の過程を比較した。

(1) 20個体

突然変異率が0.1/Lおよび1/Lでは交叉率の影響が少なかった。突然変異率1/Lでは交叉率は高い方が適合度が高いが、900世代を超えたあたりで交叉率0.3の方が適合度が高くなった。

(2) 180個体

突然変異率0.1/Lでは交叉率は高い方が、10/Lでは低い方が適合度が高かった。突然変異率1/Lでは最初は交叉率が高いほうが適合度が高かったが、500世代を超えたあたりから交叉率0.3の適合度が高くなり、1000世代あたりでは交叉率が低い方が適合度が高くなった。

(3) 1620個体

突然変異率0.1/Lでは交叉率は高いほうが、10/Lでは低い方が適合度が高かった。突然変異率1/Lでは180個体での1/Lのように、はじめは高い交叉率の適合度が高かったが、最終的には低い交叉率の適合度が高くなった。

以上の結果より、突然変異率ごとに最適な交叉率の傾向をまとめると次のようになった。

(1) 突然変異率0.1/L

20個体の場合は交叉率の影響は少なかった。個体数が少ないことによって母集団内の個体の染色体が似ているために、交叉によって異なる個体が生成される確率が低く、交叉の効果が少ないからである。180個体と1620個体の場合は、母集団内に多様性があるために、交叉率は高い方がよくなった。これは突然変異による効果が少ないために、解の探索を交叉に頼らざるを得ないからである。

(2) 突然変異率1/L

はじめは高い交叉率の方が適合度が高いが、しだいに低い交叉率の方が適合度が高くなった。交叉率

が高い場合には、交叉によって個体が入れ替わる割合が高いので解の探索が速く進み、適合度の上昇も早くなる。しかし、解探索が速く進む場合には多様性が失われ早熟収束する恐れがある。20個体の場合は、1000世代までで低い交叉率は高い交叉率の適合度を追いぬけなかった。これは個体数が少ないために解の探索能力が低く、低い交叉率での解探索が高い交叉率での早熟収束に追いつけなかったからである。しかし、180個体と1620個体では、母集団内に多様性があるために交叉率が高いことによる早熟収束が起こる。また、この最適な交叉率の入れかわりは、個体数が大きいほど早い世代で起こった。

(3) 突然変異率10/L

20個体の場合では交叉率の影響は少なかった。突然変異率が高いときは、交叉で生成された個体が突然変異で壊されることが多いために、ランダム性が高くなり、交叉の効果が少なくなるからである。180個体と1620個体では、交叉率は低い方がよくなった。交叉率が高いと母集団の多様性が少なくなり、ランダムに探索が行われている範囲が狭くなるからである。

5.3.2. 最適な突然変異率

Fig.4は異なる条件での最終的に得られる解の適合度の比較である。これより最終的に得られる解の適合度は、個体数が多くなると高くなるのが分かる。また、個体数20では突然変異率1/Lが一番高く、0.1/Lおよび10/Lは同じ位低かった。個体数180では1/Lが一番高く、続いて0.1/L、10/Lと低くなった。個体数1620では0.1/Lと1/Lが高く、10/Lは低かった。以上より、個体数が少ない場合には交叉率1/Lでの解の適合度が高く、交叉率が高くなるにつれ0.1/Lの解の適合度が高くなっていくといえる。これは、突然変異の多様性を保つ効果を、母集団の個体数による多様性で補うためである。

5.3.3. 個体数・交叉率・突然変異率の関係

以上により、個体数、交叉率および突然変異率の関係について、次のことがいえる。

(1) 20個体では個体数が少ないために、突然変異率0.1/Lおよび10/Lでは解の探索が十分に行われない。

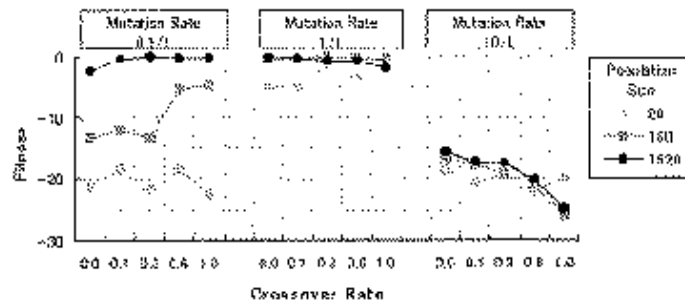


Fig. 4. Comparison of the performance of GAs with various fixed parameters (Single population)

適切な突然変異率は $1/L$ であり、この場合には高品質な解が得られた。

(2) 1620個体では個体数が多いために、突然変異率を $0.1/L$ と低く設定した方が解の品質が向上した。

(3) 180個体と1620個体では、母集団に多様性を保てるだけの個体数があるので、突然変異率が $10/L$ の場合は交叉率は低い方が、突然変異率が $0.1/L$ の場合は交叉率は高い方が解の品質が向上した。また、突然変異率が $1/L$ の場合は、はじめは交叉率は高い方がよいが、世代が進むにつれ交叉率は低い方が解の品質が向上した。

このように、個体数、交叉率および突然変異率の値は解の品質に大きな影響を与えることが判明した。また、最適なパラメータは他のパラメータに影響され、探索過程においても変化するといえる。したがって、最適なパラメータを求めるのは非常に困難なことである。

5.4. 分散母集団 GA におけるパラメータ変化の影響

分散母集団 GA において、パラメータの変化が与える影響についての実験を行った。結果は単一母集団での実験と同様に10試行の平均である。

5.4.1. 最適な交叉率

個体数180, 1620それぞれにおいて、突然変異率別に見たときの交叉率の違いによる解探索の過程を比較した。

(1) 180個体

突然変異率が $0.1/L$, $1/L$ では交叉率は高いほうが適合度が高く、 $10/L$ では交叉率の影響はなかった。

(2) 1620個体

突然変異率 $0.1/L$ では交叉率は高い方が、 $10/L$ では低い方が適合度が高かった。 $1/L$ でははじめは高い交叉率の方が適合度が高かったが、世代がたつにつれ低い交叉率の方が適合度が高くなっていった。

以上の結果より、突然変異率ごとに最適な交叉率の傾向をまとめると次のようになった。

(1) 突然変異率 $0.1/L$

交叉率は高い方が適合度が高かった。

(2) 突然変異率 $1/L$

180個体では交叉率は高いほうが適合度が高く、1620個体では最適な交叉率の入れかわりが起こっていた。180個体では分散母集団の個体数は20個体なので、分散母集団内には多様性はない。したがって、20個体の単一母集団と同様な理由で非常にゆっくりとした解探索が行われているからである。同様に、1620個体は分散母集団の個体数が180個体なので、180個体の単一母集団のような最適な交叉率の入れかわりが起こっていた。したがって、分散母集団内の多様性のために、分散母集団GAでは分散母集団の個体数と等しい個体数の単一母集団 GA と同様な傾向があるといえる。

(3) 突然変異率 $10/L$

180個体では交叉率の影響はなく、1620個体では交叉率は低い方が適合度が高かった。したがって、交叉率 $1/L$ と同様に、分散母集団の個体数と等しい個体数の単一母集団 GA と同様な傾向があるといえる。

以上より、突然変異率 $1/L$ および $10/L$ では、分散母集団の個体数と等しい個体数の単一母集団 GA と

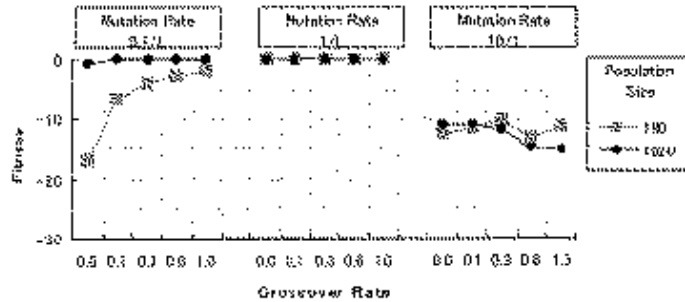


Fig. 5. Comparison of the performance of GAs with various fixed parameters (Multiple population)

同様な結果が得られたといえる。しかし、突然変異率 0.1/L では同様な結果が得られなかった。これは、単一母集団の20個体では交叉率の影響はなかったが、分散母集団の180個体（分散母集団の個体数20個体）では、高い交叉率での解の適合度が高かったことからいえる。分散母集団 GA での180個体で、分散母集団の個体数が20個体であるにも関わらず、高い交叉率がよかった理由は、移住してきた個体によって多様性が維持されるからである。したがって、移住には多様性を保つ効果があることが確認できたといえる。

5.4.2. 最適な突然変異率

Fig. 5 は異なる条件での最終的に得られる解の適合度の比較である。これより、最終的に得られる解の適合度は、個体数が多くなると高くなることが分かる。また、個体数が少ないと交叉率 1/L の解が、個体数が多くなるにつれ 0.1/L の解が高品質であるといえる。これらは、単一母集団と同様の傾向である。

5.4.3. 個体数・交叉率・突然変異率の関係

以上より、分散母集団 GA での個体数、交叉率および突然変異率の関係は分散母集団の個体数と同じ個体数の単一母集団 GA とほぼ同様であるといえる。異なるのは、分散母集団において個体数が少なく突然変異率が小さいときは、移住のために高い交叉率がよいという点である。

5.5. 分散母集団 GA の効果

Fig. 4 と Fig. 5 で、母集団の個体数が等しい分散母集団 GA と単一母集団 GA を比較すると、明らかに分散母集団 GA の方が最終的に得られた解の適合度が高かった。

このように母集団の個体数が等しい場合、分散母集団 GA では単一母集団 GA よりも高品質の解を得ることができる。しかし、単一母集団 GA での最適なパラメータ設定が困難であるという問題点は、分散母集団 GA においても同様に残っている。

5.6. 環境分散 GA の解探索能力

Fig. 6 は母集団の個体数が180個体での単一母集団 GA、分散母集団 GA および環境分散 GA の解の比較である。なお、SP (Single Population) は単一母集団 GA、MP (Multiple Population) は分散母集団 GA および DE (Distributed Environment) は環境分散 GA を示す。

環境分散 GA と単一母集団 GA とを比較すると、180個体、1620個体共に、環境分散 GA の解は全ての単一母集団 GA の解より高品質であった。次に、環境分散 GA と分散母集団 GA を比較すると、環境分散 GA の解は分散母集団 GA の最適なパラメータ設定よりは解の品質は悪いが、その他の分散母集団 GA に比べると高品質であった。最適なパラメータ設定は非常に困難であるので、環境分散 GA は十分有効であるといえる。

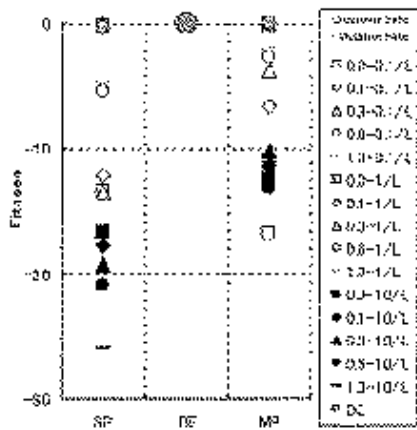


Fig. 6. Superiority of the distributed environment GA

6. 結 論

6.1. 結論

本論文では、分散母集団 GA において単一母集団 GA に比べて高品質の解が得られる理由を明らかにし、分散母集団 GA をさらに発展させた環境分散 GA の有効性を検討した。

分散母集団 GA の分割数が多い場合には、母集団全体での分散母集団の多様性が保持される。また、分散母集団の個体数が少なすぎると、分散母集団内で解探索が正常に行われない。したがって、母集団の個体数を固定した場合の適切な分割数は、分散母集団内での解探索が正常に行われるという条件下でできるだけ多い方がよい。実験により、分散母集団内での解探索が正常に行われる限界の個体数は、1つの設計変数を見つけることができる個体数とほぼ一致することが分かった。したがって、設計変数をビルディングブロックの構成要素とし、単一母集団、移住なし・分散母集団および移住あり・分散母集団において、最適解を構成する設計変数を見つけた個体の割合を調査した。これにより、分散母集団ごとに生成されたビルディングブロックが移住によって他の母集団のビルディングブロックと結合し、成長していくことが確認できた。

また、個体数、突然変異率および交叉率の違いが解に与える影響を、単一母集団 GA および分散母集団 GA において調査した。単一母集団 GA および分散母集団 GA 共に、個体数、突然変異率および交叉率の違いが解に与える影響は非常に大きく、最適なパラメータを求めることは非常に困難であることが分かった。

そこで、分散母集団 GA において各母集団毎に異なるパラメータを設定した環境分散 GA を提案した。環境分散 GA は、母集団全体で見るといくつかのパラメータを設定することができるので、最適なパラメータを知らない場合でも活用することができる。本論文では、環境分散 GA で設定するパラメータを交叉率と突然変異率とし、環境分散 GA を単一母集団および分散母集団 GA と比較した。環境分散 GA の解は単一母集団 GA の15種類すべてのパラメータ設定よりも高品質であった。一方、分散母集団 GA での最適なパラメータ設定よりは解の品質は悪かったが、それ以外の分散母集団GAよりは高品質の解であった。最適なパラメータ設定は非常に困難であるので、環境分散 GA は十分有効であるといえる。

参考文献

- 1) 三宮信夫, “遺伝的アルゴリズムと最適化,” (朝倉書店, 東京, 1998).
- 2) 坂和正敏, 田中雅博, “遺伝的アルゴリズム,” (朝倉書店, 東京, 1995).
- 3) Jongho Nang and Kazuhiro Matsuo, “A Survey on the Parallel Genetic Algorithms,” 計測と制御 第33巻 第6号, 500-509 (1994).
- 4) Reiko Tanese, “Distributed Genetic Algorithms,” Proc. 3rd International Conf. Genetic Algorithms. Morgan Kaufmann. 434-439 (1989).
- 5) 畠中一幸, “遺伝的アルゴリズムの分散並列化,” 同志社大学工学部知識工学科卒業論文, (1998).