

Parallel Distributed Genetic Algorithm with Randomized Migration Rate

Tomoyuki HIROYASU*, Mitsunori MIKI** and Masami NEGAMI***

(Received May 6, 1999)

One of the problems in genetic algorithms (GAs) is that there are some parameters that should be properly adjusted by designers. Distributed genetic algorithms (DGAs) require more parameters compared to simple GAs, and those are the migration interval and migration rates. Therefore, it is very meaningful that designers become free from determining some of the parameters. In this study, a new DGAs approach where the migration rate is not fixed but random in DGAs is proposed. With the proposed approach, Migration rate is not required to be fixed. In the numerical examples, this approach is applied to find the optimum solutions of the Rastrigin function and the Rosenbrock function. At first, it is made clear that the optimum parameters of migration interval and rate exist in each problem. The proper parameter values to find optimum solutions for different problems in simple DGAs. Then, the optimum solutions are obtained by the proposed approach. Those solutions are not best but better solutions with respect to any migration intervals. These results can be derived in both the Rastrigin function and the Rosenbrock function. From these results, it is concluded that designers are free from the parameter settings of the migration interval and rate by the proposed method.

Key words : migration, genetic algorithm, parallel processing, randomized migration rate

キーワード : 移住, 遺伝的アルゴリズム, 並列処理, ランダム移住率

並列分散遺伝的アルゴリズムにおける移住率のランダム化

廣 安 知 之・三 木 光 範・根 上 昌 巳

1. 緒 言

通常、複数の局所的最適解を持つような最適化問題において、大域的な最適解が求まるという保証をもつアルゴリズムは存在しない。そのため、このような問題に対する解決方法の一つとして、最適化計算の初期点を変えて何度か計算を行い、得られた局所的最適解から最も適切な解を選ぶという方法が考

えられる¹⁾。このような手法に対して以前からヒューリスティック法(発見的手法)やランダム探索法が実際問題にある程度有効な手法として知られてきた。その中でも、メタヒューリスティックとして知られる一連の手法の一つとして、遺伝的アルゴリズム(Genetic Algorithm以下GA)は、実用的で強力な手法である³⁾。

GAは、生物の進化を模擬した確率的最適化法で

* 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

** 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

*** Graduate School of Engineering, Doshisha University, Kyoto
Telephone/Fax: +81-774-65-6716 E-mail: masami@mikilab.doshisha.ac.jp

あり、非常に適応範囲の広い、多点探索を行うアルゴリズムである。GA は最適化手法の一つとして、ヒューリスティック法とランダム探索法を有効に組み合わせた手法であるといえる。つまり、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共に、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、これにより効率の良い解の探索も期待できる。この両者をうまく利用すれば、大域的に良い準最適解を効率的に探索することができる。よって最適化問題を解くに当たり、GA は大規模で多峰性を有する場合や、実行可能領域が離散集合である場合などへの高速近似解法として期待される³⁾。

しかしGA では、多点探索を行うため、他の最適化法に比べ、膨大な時間とコンピュータ資源を浪費する²⁾。この問題を解決するためにGA のもつ並列化特性を利用し、並列分散化する手法が考えられている¹⁾²⁾³⁾⁴⁾。GA は適合度計算、選択、交叉、突然変異など全ての段階を並列分散化することが可能であるため、他の最適化アルゴリズムと比較して優れた並列化特性を持っているといえる。分散GA は、母集団を複数の部分個体集合に分割し、その部分個体集合ごとに通常の遺伝的操作を行い、異なる部分個体集合間でいくつかの個体が交換される移住という操作を行うアルゴリズムである²⁾。このように遺伝的アルゴリズムにおいていくつかの並列分散化の方法が考えられるが、分散GA により、並列化することで計算時間が短縮されるだけでなく、初期値依存性の減少と解の高品質化が報告されている²⁾。これは、分割母集団において解の多様性が保持され、移住によってより大域的な最適解が生成されるからである。

しかし、分散GA では、これまで問題であった設定するパラメータ数の増加、移住の際の同期による速度遅延といった問題が生じてくる。これに対して、これまで同期的に行っていた移住に対して非同期的に移住を行うアルゴリズムが有効であると考えられる。このアルゴリズムでは島ごとに異なるパラメータ設定が可能であり、いくつかのパラメータ設定の省略が期待できる。これまでに非同期移住型分散GA に関する詳しい検討はほとんど行われていない。

そこで、本研究では非同期移住の研究を行う第一

段階として移住率をランダムにする手法を提案し、数値実験例を通じてその効果を検討する。

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の特性

遺伝的アルゴリズム (GA) は、生物の進化を模擬した学習的アルゴリズムであり、その適応範囲は広い。最も基本的なGA は単純GA (SGA) と呼ばれる²⁾³⁾⁴⁾。

それに対して、SGA を並列分散化したモデルが幾つか考えられるが、その一つに島モデル²⁾³⁾⁴⁾による並列分散GA (PDGA) がある。

島モデルによる分散GA は、以下の点でSGA よりも優れているとされている²⁾。

1. 並列処理を行うことで、計算時間が短縮される。
2. 母集団を分割することで解の信頼性が向上する。
3. 適切なパラメータ設定の下で移住を行うことにより、移住を行わない分散GA より、解の信頼性と品質が向上する。

ここで、1の利点は、以下の通りである。すなわち、理論的には母集団を n 個に分割した分散GA では、計算時間は $1/n$ となると考えられる。実際の計算時間も、理論的な計算時間に近い値を出し、並列化効果を80%以上出すという報告もなされていることに起因する²⁾。また2は、分割母集団に分けることにより、島ごとに個体の独自の成長が進められることとなる。そのため、個体集合全体としての多様性が高く保たれることが期待される。そして3は、移住の概念により、島同士が情報交換を行うことで、より良い解が探索できることが期待される。

しかし、母集団を分散化した場合これらの利点のに対して、以下のような問題点が挙げられる。

1. 移住を行う際の同期待ちの速度遅延。
2. 初期個体数の設定が、SGA と比較してより困難。
3. 移住間隔、移住率という、設定するパラメータ数の増加。

1の問題は、ある島が移住を行う世代になったときに、他の島が移住を行う世代まで到達してなかった場合は、移住を行うために同期待ちの時間をとってしまい無駄な時間を浪費するということである。また、移住を行う際に他の島との通信を行うために

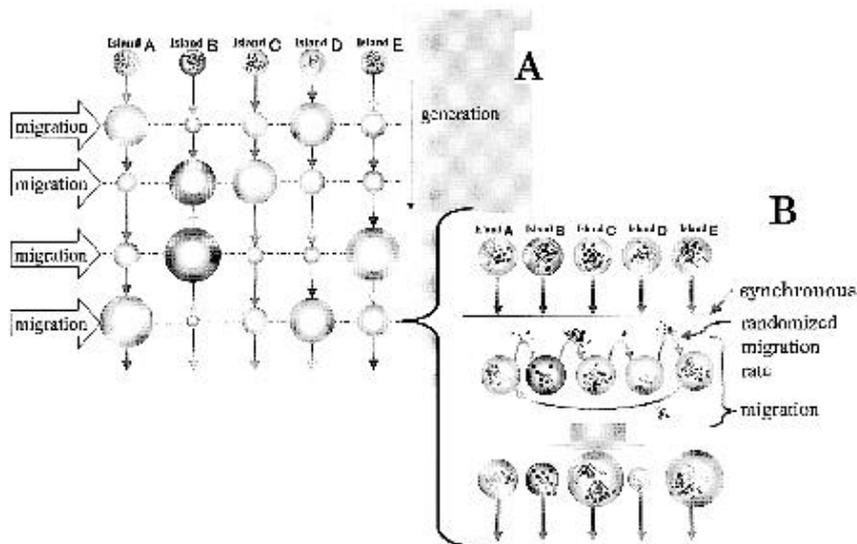


Fig. 1. Randomized migration rate in DGA

通信にかかる時間も考慮しなくてはならなくなる。2の問題は、初期個体数を設定する際に、分割母集団の個体数が染色体の成長のために適切な個体数を考える必要が出てくるということである。また、3の問題はSGAにおいて設定するパラメータが母集団数、交叉率、突然変異率と複雑なうえに、さらに移住率、移住間隔と設定するパラメータが増えてしまうということである。本研究では、これらの問題点のうち、2, 3について4章の実験と結果において再確認を行っている。

これらの問題を解決するために、次章において分散遺伝的アルゴリズムにおける移住率のランダム化を提案する。

3. 並列分散遺伝的アルゴリズムにおける移住率のランダム化

本研究では、GAにおける移住率をランダム化したMDGA/mmrを提案する。

DGA/mmrにおける移住では、通常の移住と同様に移住間隔ごとに同期をとり、そこで移住先をランダムに決定する。

ここで、島ごとに送信する移住個体数をランダムに決定し、その個体数だけの情報を決定された移住先に対して送信する。この移住の場合、移住個体数がランダムであるために、移住後に各島の個体数が変化してしまう。ここで、DGA/mmrにおける移住の概念図を Fig. 1 に示す。

Fig. 1 において島ごとに描写する小さい円は個体、大きい円は島ごとの個体数を示し、左図Aは世代の流れ、右図Bは移住を行う時点の拡大図を示す。この図において、移住は隣の個体と行っているが、実際には移住先はランダムに決定する手法を採用している。

Fig. 1 の右図Dにおいて、例えば Island C から Island D へはごく少数の個体しか移住しないのに対して、Island B から Island C へは、多数の個体が移住することになる。そのため、移住後には Island C は、送信した個体数に比べ受信した個体数が多いことになり、島内の個体数が増加することになる。そのため、Fig. 1 左図Dにおいて、世代の流れを見た場合には、各島の個体数が変動しながら進化していく

ことになる。

ここで、移住個体数は、式(1)の条件を満たす個体数とする。

$$0 < \text{移住個体数} < \frac{1}{2} (\text{島母集団のサイズ}) \quad (1)$$

このアルゴリズムにより、2.2節において問題点として挙げた、分散GAにおいて増加する移住率、移住間隔というパラメータのうち、移住率の設定が不要となる。つまり、ランダムに設定することにより、移住率というパラメータを一つ減少させることが可能となる。次章において、移住率を固定した場合に、移住率と移住間隔の設定が、解にどのような影響を及ぼすか調査し、その上で提案するDGA/rmrでの移住率が、移住間隔の設定と解に及ぼす影響を及ぼすか検討する。

4. 数値実験と結果

4.1. 対象問題

本研究では、広範囲な非線形問題に対して検討を行うために、最適化問題での非線形問題を次に説明する2種類に分類する。

すなわち、設計変数間に依存関係がなくビット列にも意味がない問題と、設計変数間に依存関係がある問題である。

GAでは、最適解に近い良い解は定義長が短く評価値の高い部分的な遺伝子座が組み合わされて生成される。この仮説が成立するには以下のような条件が満たされている必要があるとされている。

- ・ 表現系に近い個体は遺伝子型も類似している。
- ・ 遺伝子座間での干渉が少ない。

つまり、ここで示す条件は設計変数間に依存関係がない問題がGAによって最適解を求めやすい問題であり、依存関係のある問題はGAによって最適解を求めにくい問題であるということを示している。よって設計変数間に依存関係がある問題と無い問題共に適応できることで、広範囲の非線形問題に適応できるといえる。

そこで依存関係がない問題としてRastrigin関数を、依存関係がある問題としてRosenbrock関数を示し、本研究で提案するDGA/rmrを適用して、その有効性を検討する。

4.1.1. Rastrigin 関数

式(2)で示される関数はRastrigin関数と呼ばれ、設計変数間に依存関係がない代表的な関数である。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。

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

- 5.12 x_i 5.12 $n = 5$

GAでは、一般的に最適解に近いほど高い適合度に設定し、最大値探索問題とした方がコーディングが容易であるため、ここでは、適合度関数は式(2)より、

$$F = -f(x) \quad (3)$$

とする。したがって、最大適合度は0($x = (0, \dots, 0)$ のとき)となる。

4.1.2. Rosenbrock 関数

式(4)で示される関数はRosenbrock関数と呼ばれ、設計変数間に依存関係がある単峰性関数である。座標(1,...,1)で最小値0をとる。

$$f(x_1, \dots, x_n) = \sum_{i=2}^n [100(x_i - x_{i-1})^2 + (x_i - 1)^2] \quad (4)$$

- 2.048 x_i 2.048 $n = 4$

ここでもGAでは、一般的に最適解に近いほど高い適合度に設定し、最大値探索問題とした方がコーディングが容易であるため、ここでは、適合度関数は式(4)より、

$$F = -f(x) \quad (5)$$

とする。

4.2. Rastrigin 関数への適応

4.2.1. 個体数の解への影響

ここで、GAにより最適解を求めやすい問題であるとされているRastrigin関数において、2.2節で示した分散GAの問題点を調査する。なお、本実験では、ランダム化した移住率が解に及ぼす影響を検討する

ことが目的であるために、測度遅延の問題に関しては検討しない。

まず、本節では、分散GAを適応させたときに、個体数が解にどのように影響を及ぼすかを検討する。GAでは通常、初期個体数を増加させることにより最適解を求めやすくなる。一方で個体数の増加は計算回数と計算時間の増加を招く。よって個体数が解に与える影響の調査は非常に重要であり、最適な個体数を求める必要があると考えられる。ここで、最適な個体数とは、“計算回数と計算時間の増加の少ない、最適解を求めるために十分な個体数”と定義する。

そこで、本研究で提案するDGA/rmrとSGAとの比較を行うために、まずRastrigin関数に対してSGAを適応させ最適な個体数を調査し、個体数が解に与える影響について以下の実験を行った。

4.1.1節に示すRastrigin関数の5設計変数の問題に対してSGAを適応させた。ここでのパラメータは、ルーレット選択、1点交叉を用い、交叉率は0.6、突然変異は行わず、コード化はグレイコードを用いる。採用した終了条件は、その世代において最大適合度と最小適合度の差が0.001以下になったときとし、以後のデータにおいてもも全てこの終了条件を採用する。また、GAのような確率的最適化法では初期値による解のばらつきが多く、一回試行の結果では信頼性が低い。そのため、本実験では、1つのパラメータ設定に対し、異なる初期値で20通りのデータを採取し、平均をとったものをデータとして使用する。以後、すべての結果は20回平均のデータを使用する。

SGAを適応させた実験の結果をFig. 2に示す。Fig. 2では、横軸は個体数を示し、右縦軸は終了世代、左

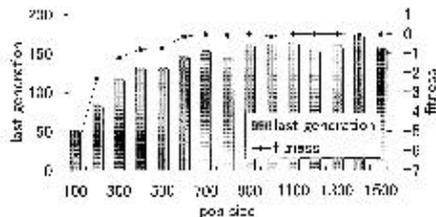


Fig. 2. Population size and fitness • generation by DGA

Table. 1 Fitness and Generation by SGA

pop size	the point	the point
400	157	-0.77157
640	140	-0.7377
800	141-088	-0.748

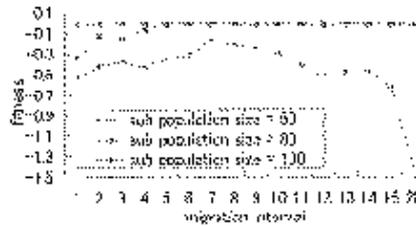


Fig. 3. Population size • Migration interval and Migration rate by DGA

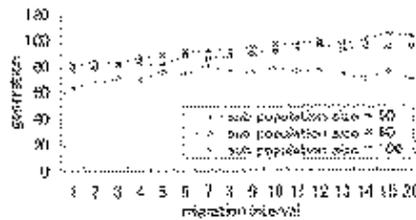


Fig. 4. Population size • Generation and Migration rate by DGA

横軸は収束後の適合度を示す。

Fig. 2に示すように、SGAでは個体数が少ない場合には、多様性が保たれず、早く収束し、そのため望ましい解が得られているとはいえない。それに対して個体数を増やしていった場合、約600個体でほぼ最適解を出しているといえる。さらに、それ以上の個体数を増やした場合には、常に最適解を探索していると考えられる。そのためこの場合には、過剰数の個体数であり、それ以上の個体数は必要ないと考えることができる。

そこで、個体数が十分であると考えられる640個体を母集団とした8島のPGAと、個体数の不十分であると思われる400個体、個体数過剰であると思われる800個体での8島のDGAを、移住率0.2にして適用させる。そこで、比較のために400個体、640個体、800個体のSGAを適応させたときの最大の適合度、最大の適合度を示したときの終了世代をTable. 1に示す。さらに、分散GAを適応させたときの実験結

果を、Fig. 3, Fig. 4 に示す。Fig. 3 において、横軸は移住間隔、縦軸は適合度を示し、Fig. 4 において、横軸は移住間隔、縦軸は終了世代を示す。

まず、Table. 1 と、Fig. 3 の適合度を比較した場合、800個体ではいかなる移住間隔でも SGA よりも最適な解を示している。しかし、640個体のときでは、移住間隔1世代、400個体のときでは、移住間隔20世代のときでは SGA の適合度を下まわる結果を出すことになった。また、400個体のときでは、移住間隔が7世代のときに最高の適合度を示し、このときの適合度は、640個体での移住間隔1世代をも上まわる結果となっている。しかし、640個体ではいかに移住間隔を変えても、800個体のときの適合度を超える値は出さなかった。

次に Fig. 4 の終了世代について比較を行った場合では、個体数がいくつの場合においても SGA の終了世代を下まわっている。つまり、分散の効果は十分にしているといえる。しかし、800個体、640個体では、移住間隔を大きくした場合は終了するために必要とする世代数も多くなっている。これは、個体数が多いために終了条件を満たすために多くの時間を費やしたものと考えられる。さらに、終了するためにかかる世代数が多くなったことにより、結果的に計算量が多くなり、Fig. 3 に示すように、移住間隔を大きくしても、最適解が得られている要因になっていると考えられる。

これらの結果から、個体数が十分にある場合では、分散GAは常にSGAより良好な解を出しており、分散の効果は確実にしているといえる。しかしながら、移住間隔を大きくすると終了するためにかかる世代数が多くなるために、最適な移住間隔の設定を必要とし、さらに、個体数が不十分である場合においては、より良い適合度を出すために、最適な移住間隔の設定を必要とするのではないかと考えられる。つまり、並列分散 GA を適応させる場合、最適な移住間隔の設定が重要な問題となる。

しかし、ここでは移住率を0.2に固定して実験を行っているために、別の移住率を設定した場合には、先と同様の結果が出るのか不明である。そのため、移住間隔が解に及ぼす影響を調べるために、適合度の値が移住間隔に大きく作用されると思われる400

個体において、移住率を変えた場合には、どのような性質を示すのかを次節において検討する。

4.2.2. 移住率・移住間隔の解への影響

移住率固定の時点で、移住間隔が解に影響を及ぼした個体数が不十分である400個体において、移住率を変えた場合には、どのような性質を示すのかを検討するために、移住率が0.1, 0.2, 0.3, そして0.4のときの適合度と終了世代のグラフを Fig. 5, Fig. 6 に示す。ここで、Fig. 5 において横軸は移住間隔、縦軸は適合度を示し、Fig. 6 において、横軸は移住間隔、縦軸は終了世代を示す。

まず、Fig. 5 より適合度の違いを見てみると、移住率0.1のときでは最大の適合度を示す移住間隔が6世代のときであるのに対して、移住率0.4のときでは、最大の適合度を示す移住間隔が11世代である。このことから、移住率ごとに最大の適合度を示す移住間隔が違うことが分かる。つまり、移住率が小さい場合は、移住間隔も小さく取る必要があり、移住率が大きい場合は、移住間隔も大きくとる必要がある。これは、移住率が少ない場合は、移住回数を増やさないと母集団での個体全体の多様性がなくなり、移住率が高い場合だと、少ない移住回数で母集団での個体全体の多様性を保つことができるためだと考えられる。Fig. 5 に示すように、移住間隔を6世代よりも小さくしても良い結果が出るというわけではない。これは、移住回数が過多の場合では、母集団での個体全体の多様性を保ちすぎ、SGA に近いものになってしまうためであると考えられる。また、移住率が大きい場合においても、母集団での個体全体の多様性を保つためにはある程度の移住が不可欠で、それ以下の移住回数では良い結果は得られないのである。これらのことから、ある移住率のとき、その移住率に最適な移住間隔が存在するということが分かる。

次に、移住率0.4と移住率0.1のときの最大の適合度を比較した場合、移住率0.4のときの方が移住率0.1のときよりも良好な最適解を示している。つまり、移住率が高い場合の方が高い適合度の値を出している。これは、島モデルでは、島ごとに独自の探索を行っているのではあるが、移住によって他の島の情報を得ていることに起因すると考えられる。つ

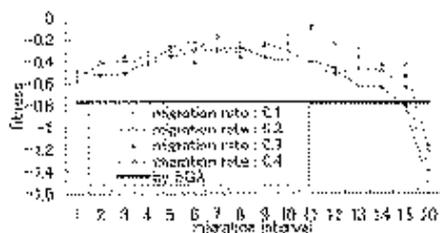


Fig. 5. Fitness and Migration rate • Migration interval by DGA

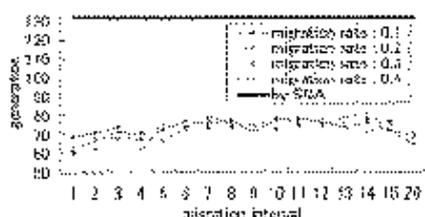


Fig. 6. Generation and Migration rate • Migration interval by DGA

まり、移住個体数が多ければ、他の島の情報をより多く入手することができるため、自分の島が探索した以外の情報を多く得ることができるのである。このことから、移住という操作は島ごとの個体数を仮想的に大きくするものであるといえる。しかし、全体の個体数は変わらないため、移住率を大きくし過ぎてしまうと、多様性が失われてしまうため、移住率は対象問題ごとに最適な移住率というものがあると思われる。

よって、これらのことから、個体数の十分でない分散GAでは、対象問題ごとに最適な移住率が存在し、更にその移住率には最適な移住間隔が存在することが分かる。

終了世代に関しては、Fig. 6より、どの移住率、移住間隔においてもほぼ一定であり、SGAと比較しても1/2程度の終了世代で解を出している。そのため終了世代においては、いかなる移住率、移住間隔においても分散の効果が出ているといえる。

4.2.3. 分散遺伝的アルゴリズムの問題点

前節において述べたように、個体数の十分でない分散GAでは、対象問題ごとに最適な移住率が存在

し、更にその移住率に対し最適な移住間隔が存在する。すなわち、分散GAでは、まず、十分な個体数を設定することが必要であり、次に、個体数の十分でない場合では対象問題ごとに最適な移住率、移住間隔の設定が重要な問題となる。つまり、分散GAではSGAと比較して、

- ・ 移住間隔
- ・ 移住率

のパラメータ設定が追加され、さらに最適な個体数の決定がSGAよりも難しくなるという結果を得た。

この結果により、2.2節で示した分散遺伝的アルゴリズムの問題点のうち、初期個体数の設定が、SGAと比較してより困難となり、移住間隔、移住率という設定するパラメータ数が増加することを再確認したといえる。さらに、これら設定は4.2.2節で示した通り、非常に難しい問題であると言える。

そこで、3章において提案したDGA/rmrが解の品質と移住間隔の設定にいかなる影響を与え、いかに有効な手法であるかを次節において検討を行う。

4.2.4. DGAとDGA/rmrの比較

4.3.2節において実験したRastrigin関数に対して、DGA/rmrを適応させた。ここでの終了条件、SGAのパラメータ等の設定は4.2.2節とすべて同様とする。ここでの実験結果はFig. 7, Fig. 8に示す。ここで、Fig. 7では、横軸は移住間隔、縦軸は適合度を示し、Fig. 8において、横軸は移住間隔、縦軸は終了世代を示す。これらの図において適合度とは母集団全体での最大適合度を示す。

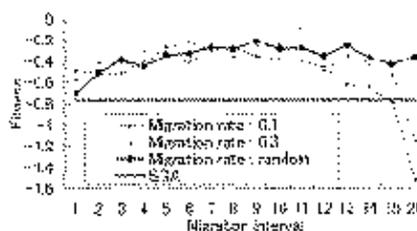


Fig. 7. Fitness and Migration rate • Migration interval by DGA and DGA/rmr

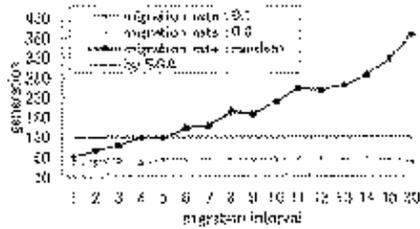


Fig. 8. Generation and Migration rate • Migration interval by DGA and DGA/rmr

4.2.5. ランダム化した移住率の解への影響

まず、Fig. 7 より、DGA/rmr では、移住間隔が小さいとき、特に移住間隔1世代のときには限りなく SGA に近い値を出している。これは、移住率がランダムなため、過剰な移住により、島ごとの独自の進化が失われ多様性が無くなることで、SGA と変わらない効果を出したものだと考えられる。しかし、移住間隔2世代から20世代の間は、常に良好な最適解が安定して得られる。このことから、DGA/rmr では、どの移住間隔に設定しても、解は常に安定した値を出すものであり、移住間隔の設定が不要であるといえる。

さらに、移住率0.1との比較を考えてみると、移住間隔1世代から3世代あたりの移住間隔では、移住率0.1のときよりも低い値を出している。これは、DGA/rmr では、移住を過剰にすることにより島ごとの独自の進化が失われ多様性が無くなることに起因していると考えられる。さらに、最大適合度を出した移住間隔6世代のときにおいても、DGA/rmr の方が低い値を出している。これは、DGA/rmr では最適な移住率と最適な移住間隔の設定を行った解には及ばないという事を示している。しかし、それ以外の移住間隔では常に DGA/rmr の方が高い値を出している。さらに、移住間隔が10世代を越えるあたりから、確実に良好な解を出しており、移住間隔20世代では、移住率0.1のときは、SGA を用いた結果よりも低くなってしまったのに対し、DGA/rmr の場合では安定して良好な解が得られる。

移住率0.4と比較しても同様の結果が得られ、最適な移住率と移住間隔を与えたときよりは、低い値になるものの、移住間隔12世代あたりからは、移住率

0.4のときの解を上まわる解が得られる。

この二つの移住率を固定した分散GAとの比較から、DGA/rmr は最悪の解を出した移住間隔でSGAを適応したときの解程度であり、それ以外の移住間隔では、いかなる移住間隔においても良好な解が得られることがいえる。

しかし Fig. 8 において、終了世代で比較した場合には、移住間隔が1世代のときに、すでに移住率固定の分散 GA よりも多くの終了世代がかかっており、移住間隔6世代になると、SGA での終了世代より多く必要となっている。そして、移住間隔20世代になると、移住率固定の分散 GA の約5.5倍、SGAの約3倍の世代数が必要である。そのため、適合度、終了世代双方の面から、分散の効果と考えた場合には、移住間隔3世代あたりで、双方の効果を満たしている移住間隔となり、適合度が約0.4、終了世代が約110世代となる。これは移住率固定の分散 GA での最適な移住間隔には、遠く及ばない結果である。これは、ここで設定した終了条件では終了しないことを示しており、十分な多様性を保ちながら進化していることを示しているといえる。

これらのことから、移住率をランダム化することにより、多くの計算量を必要とするが、移住率、移住間隔のパラメータ設定を必要とせず、良好な解を出すことが可能である。DGA/rmr の特徴を以下にまとめると。

1. どの移住間隔に設定しても、常に安定した良好な最適解が得られる。
2. 移住間隔が小さいときのみ、あまり良好な解とはいえないが、SGA 程度の解が得られる。
3. 最適な移住率、移住間隔の設定を行った分散 GA の方が良好な解を得る。
4. 島ごとの多様性がなくなるまで計算を行うため、多くの計算量を必要とする。

4.3. Rosenbrock 関数への適応

4.1.2節の Rastrigin 関数への適応に対して、ここでは、GA によって最適解が求めにくいと思われる、設計変数間に依存のある問題 Rosenbrock 関数(4.1.2節参照)への DGA および DGA/rmr の適用を行う。ここで、Rosenbrock 関数、4設計変数の問題に対して、

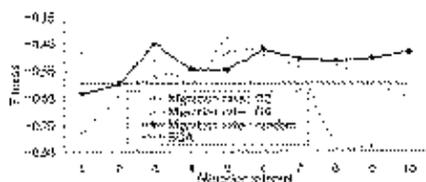


Fig. 9. Fitness and Migration rate • Migration interval by DGA and DGA/rmr

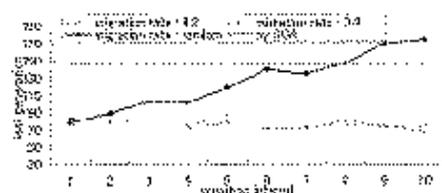


Fig. 10. Generation and Migration rate • Migration interval by DGA and DGA/rmr

SGA を適応させた際に、個体数が不十分(206個体)であると思われた8鳥の分散 GA と DGA/rmr を適応させて、その効果を検討する。これらの結果を Fig. 9, Fig. 10 に示す。ここで、Fig. 9 において、横軸は移住間隔を示し、縦軸は適合度を示す。また、Fig. 10 において、横軸は移住間隔、縦軸は終了世代を示す。

206個体では分散 GA を適応させた場合に、適当な移住間隔を設定することにより、SGA を適応させたときの解を上まわる結果となった。また、ここでの結果から移住率0.1のときは、移住間隔3世代のときに最大の解を得るが、移住率0.2のときは移住間隔5世代のときに最大の解を得ている。そのため、ここでも4.2.2節において Rastrigin 関数に適応した分散 GA に関して考察したときと同様に、ある移住率に対する最適な移住間隔が存在する、と言える。しかし、ここでは移住率0.4のときの最大適合度は、移住率0.2のときの適合度を下まわる結果となった。このことから、すべての問題が移住率を高くすることにより、良好な結果が出るわけではなく、問題によって最適な移住率が存在することが分かる。

つまり、これらのことから、Rosenbrock 関数は、GA を適応させるのには不向きな関数であり、分散 GA を適応させても SGA に対して解の向上のほとんど見られない関数であるといえる。

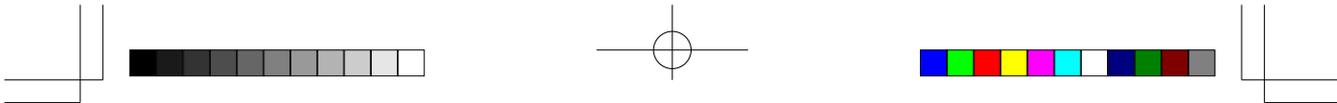
次に、DGA/rmr を適応させた場合では、Rastrigin 関数に適応させたとき、4.2.5節参照で示した DGA/rmr の特徴を示した。まず、移住間隔の設定はほとんど必要ないと考えられ、常に安定して良好な最適解が得られている。次に、移住間隔が小さいときには SGA 程度の解を出している。しかし、DGA/rmr では、常にある程度の解を出すために、結果的に移住間隔3世代以上の結果では、常に SGA を上まわった解を安定して出し続けている。この結果から、この問題に対しては、移住率固定の分散GAでは最適な設定をしなければ、SGA を上まわることができなかったのに対し、ランダム化した移住率を用いることで、設定なしで SGA を上まわることができるという、分散の効果を十分に引き出す結果となった。しかし、ここでも最適な移住率のときの最適な移住間隔(移住率0.2, 移住間隔5世代)のときと比較した場合では、最適な設定を行った方が良い解を得ることができ、最適な移住間隔を設定した場合の解には及ばないということが明らかである。

また、Fig. 10 に示すように、やはり終了世代は遅く、計算量が多く必要な手法であることが分かる。しかし、Rosenbrock 関数に適応させた場合は、収束しにくい関数であるために SGA においても非常に多くの計算量を必要とするため、適合度、終了世代双方の面から分散の効果を考えた場合、移住間隔3世代から7世代では、双方の効果を満たしている移住間隔となる。そのため、Rosenbrock 関数に適応させたときの計算量の多さは、Rastrigin 関数に適応させた場合と比較して、大きな問題とならないともいえる。

5. 結 論

GA は最適化問題において、実用的で強力な手法である。一方、GA を分散化した手法の一つとして DGA があげられる。本研究では、移住率をランダム化したアルゴリズム「DGA/rmr」の提案を行った。DGA/rmr では、最適解を求めるのに十分でない個体数の場合、以下の特徴を持つ。

1. どの移住間隔に設定しても、常に安定した良好な最適解が得られる。
2. 移住間隔が小さいときのみ、あまり良好な解と



はいえないが、SGA 程度の解が得られる。

3. 最適な移住率，移住間隔の設定を行った分散 GA の方が良好な解を得る。
4. 島ごとの多様性がなくなるまで計算を行うため，多くの計算量を必要とする。

これらの特徴から，移住率，移住間隔のパラメータ設定を必要とせず，良好な最適解を出すことが可能であるといえる。

さらに，設計変数間に依存関係のない Rastrigin 関数において良好な結果を得ることができ，設計変数間に依存関係のある Rosenbrock 関数においても良好な結果を得ることができた。そのため，このアルゴリズムは，広範囲の非線形問題に対して有効なアルゴリズムであるといえる。

参考文献

- 1) 柏村孝義，白鳥正樹，宇強，“実践計画法による非線形問題の最適化”，朝倉出版，1998。
- 2) 三木光範，畠中一幸，“並列分散GAにおけ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，pp.59-64
- 3) 三宮信夫，喜多一，玉置久，岩本貴司，“遺伝的アルゴリズムと最適化”，朝倉書店，1998。
- 4) 坂和政敏，田中雅博，“遺伝的アルゴリズムの基礎”，オーム社，1995。