

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[†]

[†] 同志社大学大学院 ^{††} 同志社大学工学部

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, 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 種類のパラメータについて対象問題に依存しない傾向があることが明らかになった. 残る 4 種類の対象問題に依存するパラメータに関しても, 実験計画法を行うことで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 with Design Of Experiments

Tomoyuki HIROYASU^{††}, Mitsunori MIKI^{††}, and Jiro KAMIURA[†]

[†] Graduate School of Engineering, Doshisha University

^{††} Knowledge Engineering Dept., 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 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

独立して GA を行うというものであり, 島モデル (Island Model) と呼ばれる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^{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

比較して増加するという問題がある。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⁵⁾、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わないにくり原因の 1 つに、検討対象となるパラメータ設定値の組み合わ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 R.A.Fisher によって創始された、実験的な研究を効率よ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 種類のパラメータについて対象問題に依存しない傾向があることが明らかとなった。このため、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、これらのパラメータについて説明する。

表 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 |
| Migration Point | DGA |
| Migrant | DGA |

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 3.3.2 節の実験において 2, 4, 8, 16, 32, 64, 128, 256, 512 と変化させ、3.3.5 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。

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

- 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ル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ル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, 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 . 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)** : 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¹¹⁾ . 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およそ 1 つである .

このため、すべての個体について乱数を用いて突然変異をする遺伝子座を一つ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) : 全く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った遺伝子座が突然変異することが望ましい。このため、母集団中のある個体について乱数を用いて突然変異する遺伝子座を一つ決定し、それ以外の個体は突然変異する遺伝子座を一つずつ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、比較の対象とした。

2.7 移住に関連するパラメータ

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度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。

- Ladder²⁾** : 各島に ID が定められている。また、島数は偶数でなくてはならない。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。

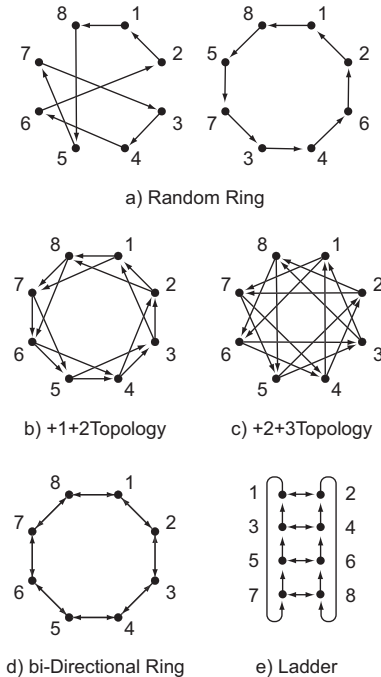


図 1: Migration Topologies

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** : 島内の適合度の高い個体から順に選ぶ。
- Worst** : 島内の適合度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に変化しない。
- 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に変化する可能性がある。

- **Best** : 島内の適合度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に変化する可能性がある。
- **Worst** : 島内の適合度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に変化する可能性がある。

本研究では、移住個体の選択方法(Emigrant:Immigrant)として、Random:Hole, Random:Random, Random:Best, Random:Worst, Best:Random, Best:Best, Best:Worst, Worst:Random, Worst:Best, Worst:Worst, 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である。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うことも考えられる。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。

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

$$-512 < x_i \leq 512$$

3.3 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割を越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 |
| 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 |
| Migration Point | After Selection |
| Emigrant:Immigrant | Random:Hole |

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 400000 を越えた時」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

ここではトーナメント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 800000 を越えた時」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 800000 を越えた時」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 800000 を越えた時」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 800000 を越えた時」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。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。島サイズ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。

3.4.2 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。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。島サイズ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。

3.4.3 トーナメントサイズに関する実験

個体数, 島数と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 3.4.2 節の実験結果と類似した傾向を示している。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 とするのが適当であるといえる。

3.4.4 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。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。

3.4.5 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. 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.

3.4.6 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.

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

各関数における個体数, 島数と選択手法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. 移住トポロジー, 移住個体の抽出・挿入方法は Rastrigin, Schwefel, Ridge の 3 つの関数で傾向が類似している. また, すべての関数について移住操作の位置の傾向が類似している.

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.

Rastrigin, Schwefel, Ridge の 3 関数について, 移住トポロジーは Random Ring が適当である. 適合度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適合度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, 移住トポロジーは +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, 適合度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島サイズ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. 島サイズが増えれば, 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, 3.4.2 節と 3.4.3 節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せ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。

4.5 移住トポロジー、移住個体の抽出方法、移住操作の位置の傾向

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, Schwefel, Ridge の 3 関数について、移住トポロジーは Random Ring が適当である。適合度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適合

度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、移住トポロジーは +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、適合度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。

適合度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ー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、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, 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。
- 移住トポロジー Random Ring がよい。
- 移住個体の選択方法 Rastrigin, Schwefel, Ridge では適合度の低い個体を抽出させるべきではない。Griewank では適合度の高い個体を抽出

させるべきである。どの関数についても、適度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、対象問題ごとに最適な設定値が異なるパラメータは、個体数、移住間隔、移住率、移住個体の選択方法の 4 種類であることがわかる。

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、R.A.Fisher によって創始された、実験的な研究を効率よ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。

- 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、実験計画を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み合わ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 ここまでの操作によって推定された最良パラメータの組み合わせについて実際に実験を行う。

ここまでに行ったすべての実験のうち、もっとも良好な性能を示すパラメータ値の組み合わせが、実験計画法によって得られたパラメータ値となる。

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、各パラメータの大き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、 $L_9(3^4)$ の直交配列表に従った実験を行うのがもっとも効率がよい。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 $L_{27}(3^{13})$ に従って実験を行う。

表 4 は列番号とパラメータの割り付けを示したものである。表中の (パラメータ 1) × (パラメータ 2) とはパラメータ 1 とパラメータ 2 の依存関係を示している。

表 4: パラメータの割り付け

| 列番号 | 割り付け |
|-----|--------------------------------------|
| 01 | Population Size |
| 02 | Migration Interval |
| 03 | Population Size × Migration Interval |
| 04 | Population Size × Migration Interval |
| 05 | Migration Rate |
| 06 | Population Size × Migration Rate |
| 07 | Population Size × Migration Rate |
| 08 | Migrant |
| 09 | Population Size × Migration Migrant |
| 10 | Population Size × Migration Migrant |
| 11 | - |
| 12 | - |
| 13 | - |

各パラメータの傾向をよく示すと考えられるパラメータ値として表 5 に示すものとした。

表 3 を参照して実験計画を作成した。実験計画に表 5 のパラメータを代入してまとめたものを表 6 に示す。この実験計画に従って実験することによ

表 5: 各パラメータのパラメータ値

| 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 |

り、個体数、移住間隔、移住率、移住個体の選択方法の4つのパラメータと個体数と他の3種類のパラメータ間の依存関係を27種類の実験によって検討することができる。

表 6: 実験計画

| 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 |

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 1000000 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

表 7: 実験結果 (Schwefel)

| No. | #Evals. | No. | #Evals. | No. | #Eval. |
|-----|---------|-----|----------|-----|--------|
| 1 | 175895 | 10 | 61712.5 | 19 | 43900 |
| 2 | 712565 | 11 | 225087.5 | 20 | 24675 |
| 3 | 79390 | 12 | 49112.5 | 21 | 75025 |
| 4 | 164390 | 13 | 44100 | 22 | 62225 |
| 5 | 106325 | 14 | 37112.5 | 23 | 69800 |
| 6 | 235230 | 15 | 28125 | 24 | 51825 |
| 7 | 93665 | 16 | 57700 | 25 | 105675 |
| 8 | 243405 | 17 | 38662.5 | 26 | 72625 |
| 9 | 265970 | 18 | 33362.5 | 27 | 62075 |

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わかる。

各パラメータの組み合わ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み合わ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 番の実験ですで行われているものである。この実験は、表 6 の中で最も良好な性能を示す試行であり、実験計画法によって良好なパラメータが推定できたといえる。

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、移住間隔、移住率、移住個体の4種類のパラメータの全組み合わせ81通りの実験を行った。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、6番目によりパラメータ設定である。全組み合わせの3分の1の実験回数で上位10%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ことを示している。

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の時最小値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1000000に達した時点とした。

表9: 実験結果 (Bohachevsky)

| No. | #Evals. | No. | #Evals. | No. | #Eval. |
|-----|---------|-----|----------|-----|--------|
| 1 | 202600 | 10 | 130587.5 | 19 | 135300 |
| 2 | 366825 | 11 | 423762.5 | 20 | 260500 |
| 3 | 121005 | 12 | 187175 | 21 | 211675 |
| 4 | 177810 | 13 | 142825 | 22 | 179200 |
| 5 | 123575 | 14 | 140312.5 | 23 | 200700 |
| 6 | 254150 | 15 | 128550 | 24 | 147075 |
| 7 | 142225 | 16 | 172037.5 | 25 | 325500 |
| 8 | 100905 | 17 | 112362.5 | 26 | 206625 |
| 9 | 189045 | 18 | 94487.5 | 27 | 176250 |

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有意な依存関係があることがわかっているため、前節と同様に各パラメータの組み合わ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、新たに実験を行う。表10はこのパラメータで実験を行った結果を示したものである。表には、世代数、評価計算回数、評価関数値の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1000000に達した時点とした。

表10: 推定したパラメータと結果 (Bohachevsky)

| | |
|--------------------|-------------|
| Population Size | 250 |
| Migration Interval | 10 |
| Migration Rate | 0.5 |
| Migrant | Random:Hole |
| #Generations | 414.55 |
| #Evaluations | 103887.5 |
| Evaluation Value | 0.0 |

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、移住間隔、移住率、移住個体の4種類のパラメータの全組み合わせ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番目によりパラメータ設定である。全組み合わせの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おり、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わかった。

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対象問題によらず同様の傾向を示すものがあることがわかった。

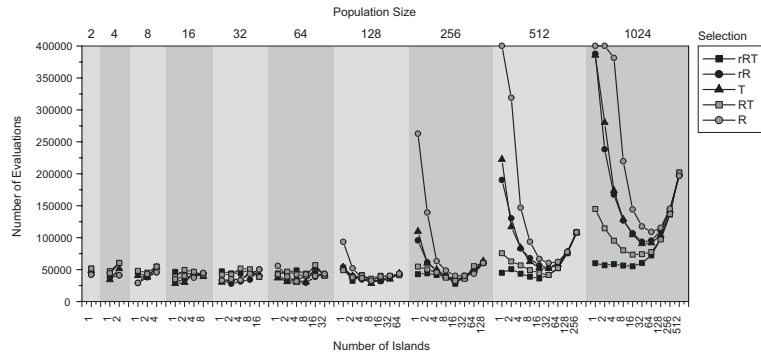
対象問題によらず同様の傾向を示すパラメータに関しては，以下のように良好な設定値を決定することができる．

- 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．

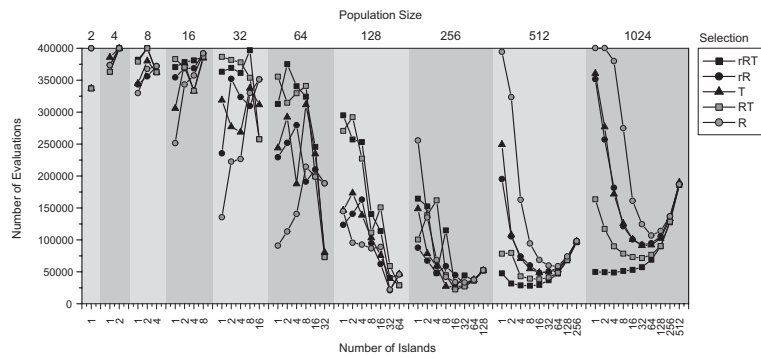
個体数，移住間隔，移住率，移住個体の選択方法の各パラメータは，対象問題に依存するパラメータであるが，実験計画法を用いることにより少量の実験回数で良好なパラメータ設定を得ることができると考えられる．実際に，提案手法を Schwefel 関数および Bohachevsky 関数に適用したところ，良好なパラメータ値が決定された．

参考文献

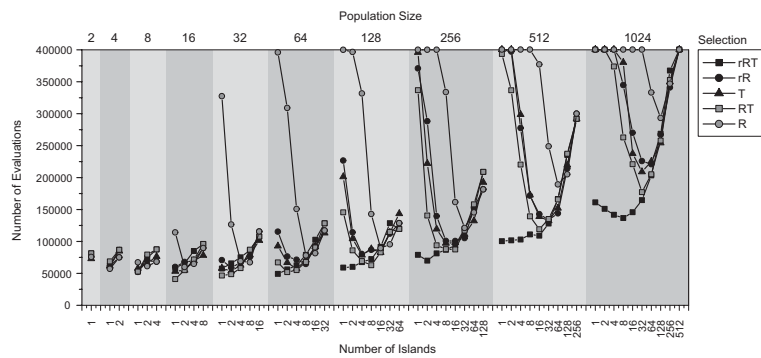
- 1) 坂和正敏, 田中雅博. 遺伝的アルゴリズム. 朝倉書店, 1995.
- 2) Erick Cantú-Paz. A survey of parallel genetic algorithms. *Calculateurs Paralleles*, 1998.
- 3) Reiko Tanese. Distributed Genetic Algorithms. *Proc.3rd ICGA*, pp. 434-439, 1989.
- 4) Francisco Fernández, Marco Tomassini, William Punch, and J.M.Sánchez. Experimental 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) Erick Cantú-Paz. 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. オーム社出版局, 1994.
- 11) Thomas Back. Optimal mutation rates in genetic search. *Proc. 5th International Conference on Genetic Algorithms*, pp. 2-8, 1993.
- 12) J.Nang and K.Matsuo. A survey on the parallel genetic algorithms. *J.SICE*, Vol. 33, No. 6, 1994.



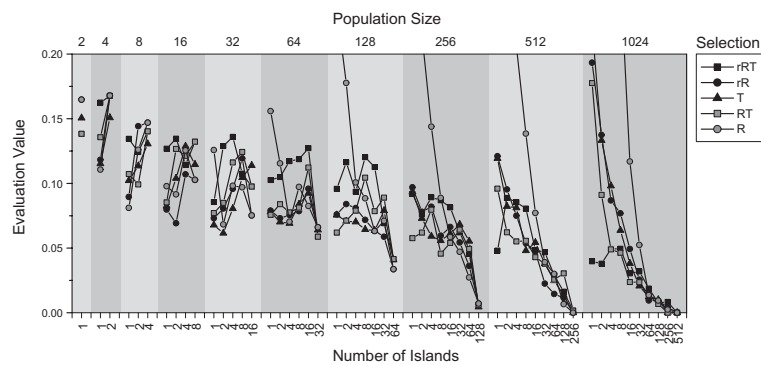
☒ 2: Population Size, Number of Islands, Selection Method (Rastrigin)



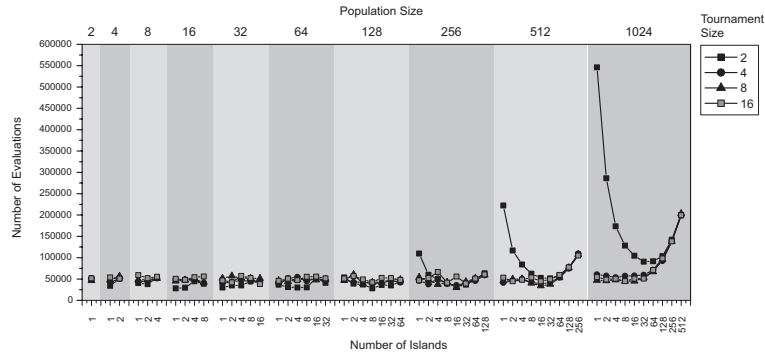
☒ 3: Population Size, Number of Islands, Selection Method (Schwefel)



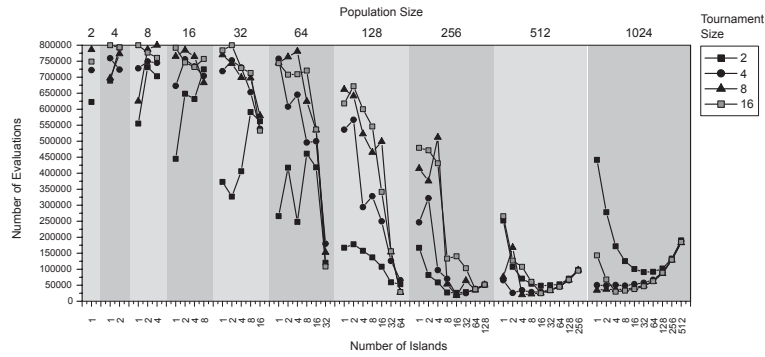
☒ 4: Population Size, Number of Islands, Selection Method (Ridge)



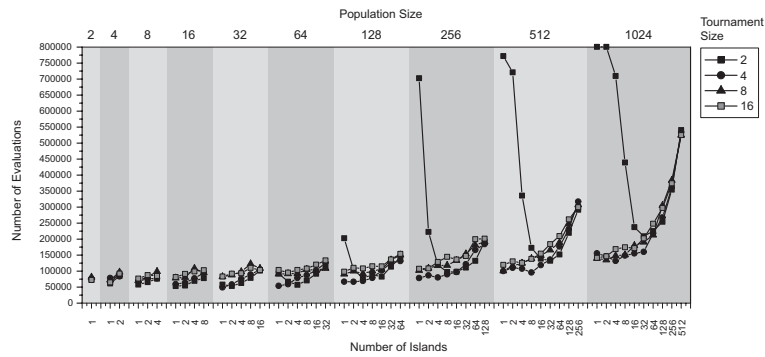
☒ 5: Population Size, Number of Islands, Selection Method (Griewank)



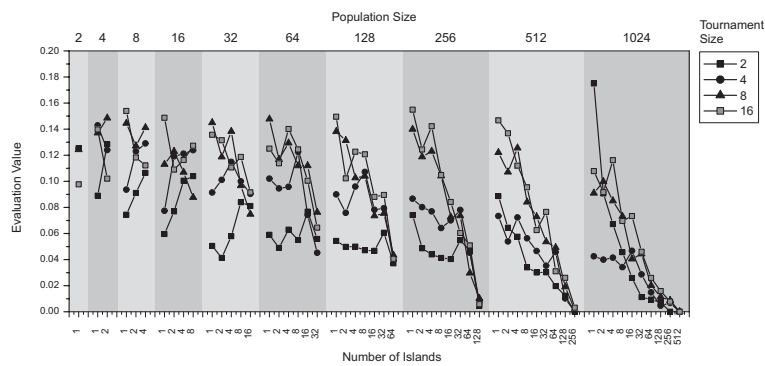
☒ 6: Population Size, Number of Islands, Tournament Size (Rastrigin)



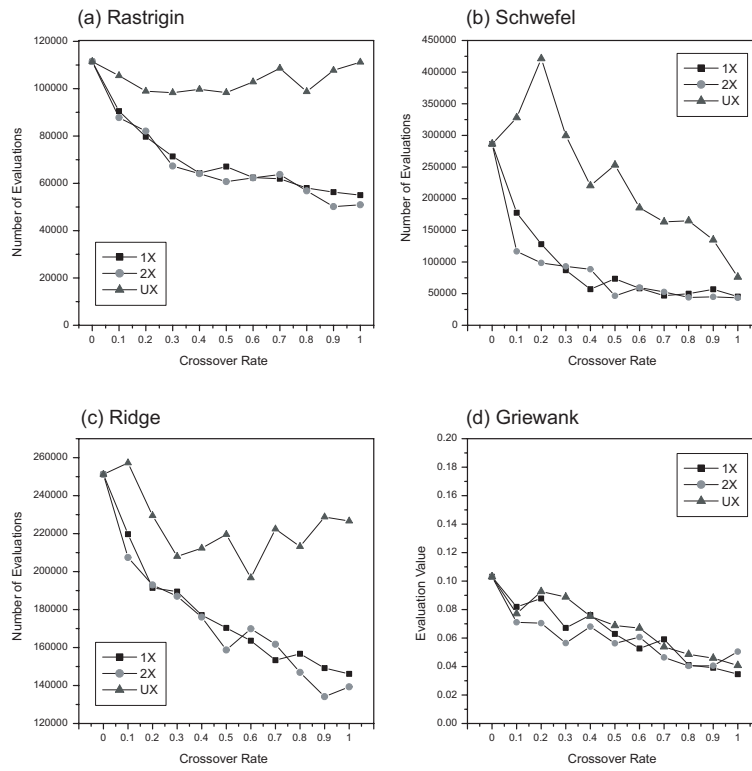
☒ 7: Population Size, Number of Islands, Tournament Size (Schwefel)



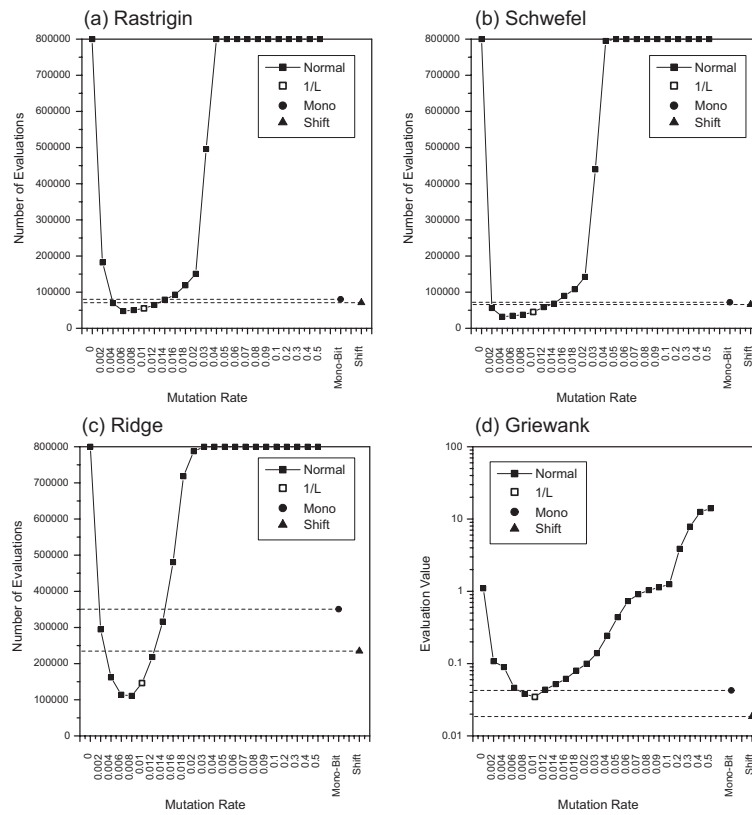
☒ 8: Population Size, Number of Islands, Tournament Size (Ridge)



☒ 9: Population Size, Number of Islands, Tournament Size (Griewank)



☒ 10: Crossover Method, Crossover Rate



☒ 11: Mutation Method, Mutation Rate

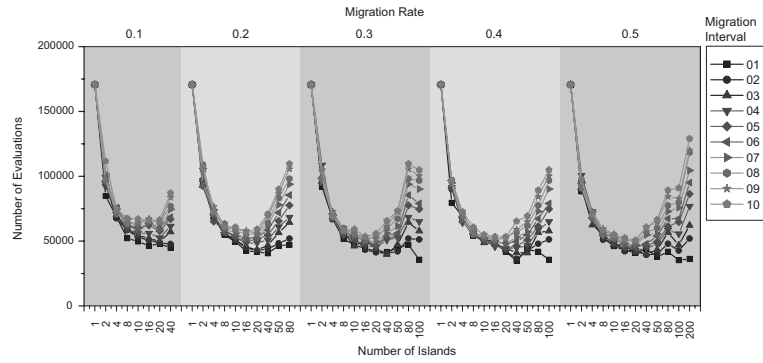


Figure 12: Migration Interval, Migration Rate, Number of Islands (Rastrigin)

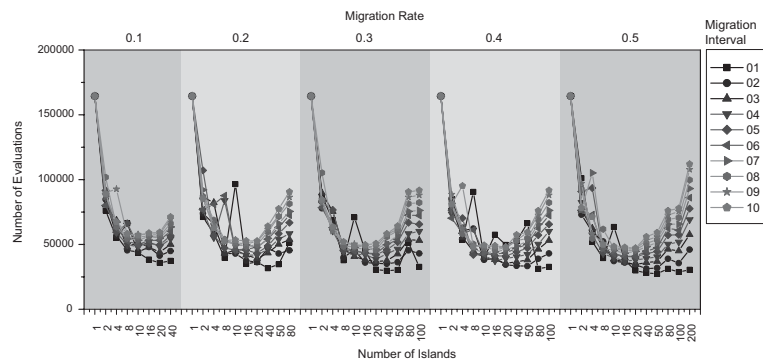


Figure 13: Migration Interval, Migration Rate, Number of Islands (Schwefel)

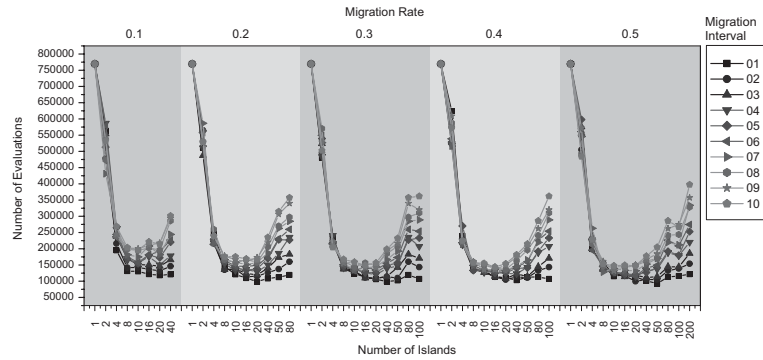


Figure 14: Migration Interval, Migration Rate, Number of Islands (Ridge)

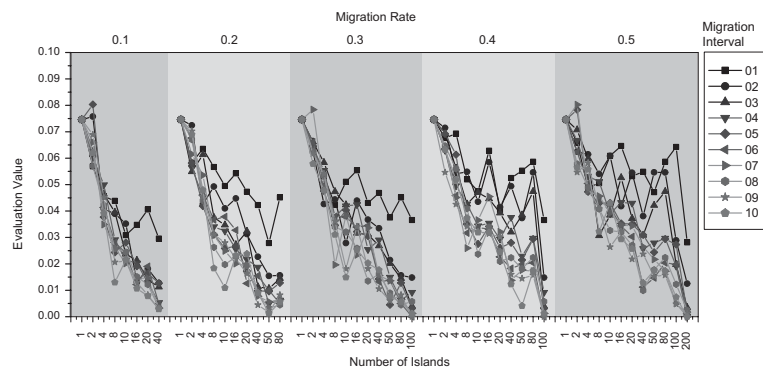
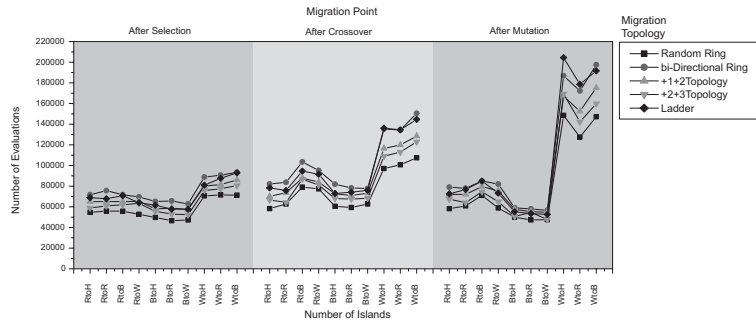
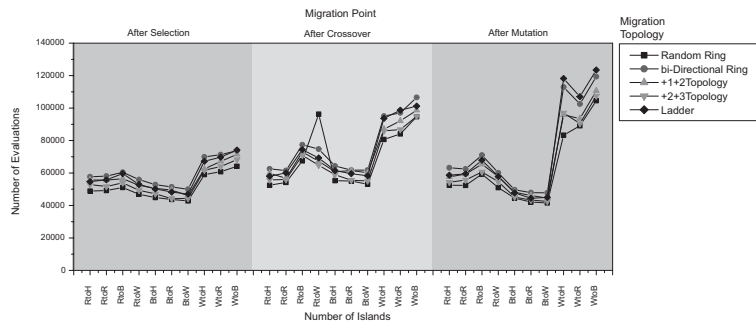


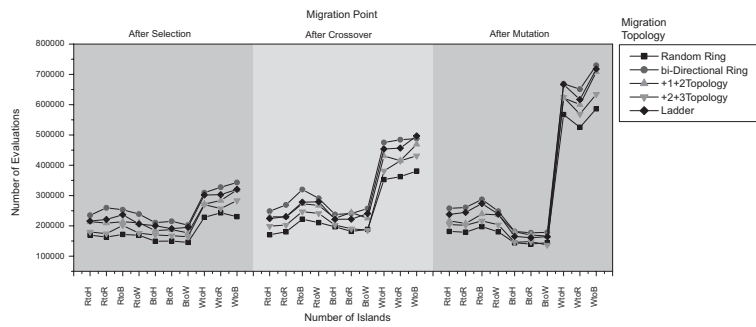
Figure 15: Migration Interval, Migration Rate, Number of Islands (Griewank)



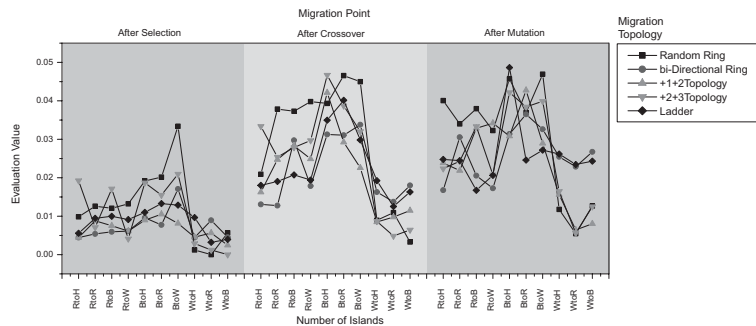
☒ 16: Migration Topology, Emigrant, Immigrant, Migration Point (Rastrigin)



☒ 17: Migration Topology, Emigrant, Immigrant, Migration Point (Schwefel)



☒ 18: Migration Topology, Emigrant, Immigrant, Migration Point (Ridge)



☒ 19: Migration Topology, Emigrant, Immigrant, Migration Point (Griewank)

表 3: $L_{27}(3^{13})$ の直交配列表⁸⁾

| | 01 | 02 | 03 | 04 | 05 | 06 | 07 | 08 | 09 | 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 |

表 8: 分散分析表 (Schwefel)

| | SS | f | V | F | sign. | note |
|----------|----------|-----|----------|-------|-------|------------------------------|
| Average | 7.68E+12 | 1 | 7.68E+12 | - | | $F_{400}^2 =$ 3.02 - 4.66 |
| Pops(A) | 3.36E+12 | 2 | 1.68E+12 | 50.29 | ** | |
| MigL.(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 | ** | $F_{400}^4 =$ 2.39 - 3.36 |
| 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 | - | - | | |

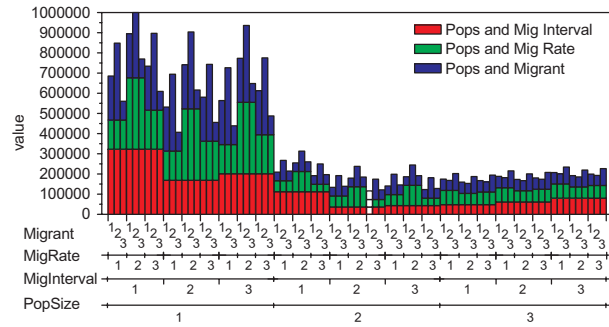


図 20: パラメータの組み合わせの性能推定 (Schwefel)

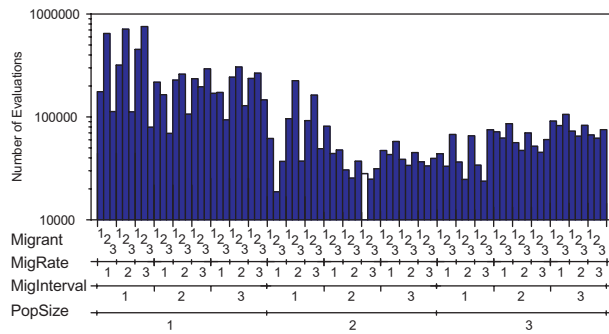


図 21: パラメータの全組み合わせの結果 (Schwefel)

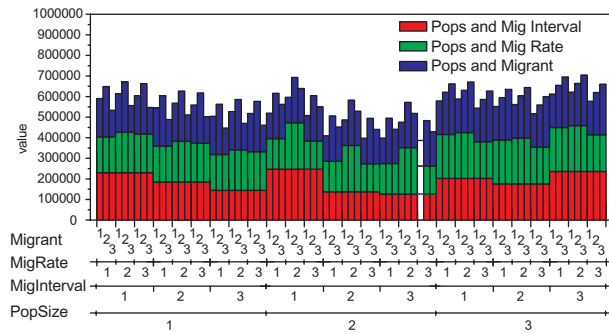


図 22: パラメータの組み合わせの性能推定 (Bohachevsky)

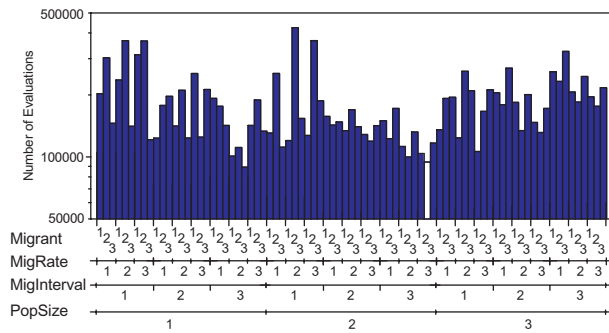


図 23: パラメータの全組み合わせの結果 (Bohachevsky)