

The examination of parameter settings for Distributed Genetic Algorithms (2nd Report: The examination of migration parameters)

Tomoyuki HIROYASU* Mitsunori MIKI* and Jiro KAMIURA**

(Received May 15, 2001)

Distributed Genetic Algorithm (DGA) is one of the parallel models of Genetic Algorithms (GAs). There are many parameters that users should have set in DGAs. Since these parameters affect the derived solutions and the calculation cost, users have to set the parameters carefully. We focused on 14 types of parameters of DGA and discussed the affection of these parameters to the solution and the calculation cost. We divided these parameters into two categories; the parameters that are used in sub populations and the parameters that are concerned with the migration. In the first report, we discussed the parameters in the sub populations were discussed. In this second report, we examined and discussed the parameters that are concerned with the migration. The discussed parameters are the migration rate, the migration interval, the number of islands, the migration topology, the type of migrated individuals, and the chance of migration operation. By applying 4 types of numerical test functions, the following were made clarified. For the test functions that were suited to GA for searching solutions, the higher migration rate and the shorter migration intervals derive the optimum solution quickly. Among the several types of migration topologies, the random migration topology is suited for the DGA.

Key words : Optimization, Distributed Genetic Algorithm, Parallel Processing, Parameters

キーワード : 最適化, 分散遺伝的アルゴリズム, 並列処理, パラメータ

分散遺伝的アルゴリズムにおけるパラメータの検討 (第2報: 移住に関連するパラメータの検討)

廣安知之・三木光範・上浦二郎

1. 序論

分散遺伝的アルゴリズム (Distributed Genetic Algorithms : 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 GA を行うという GA の並列化モデルの1つ

であり, 島モデルとも呼ばれる¹⁾. DGA は単一母集団で行う 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あり²⁾, 逐次処理で行う場合にも有効な GA のモデルである.

しかし, DGA では移住 (migration) という新しい

* Department of Knowledge Engineering and Computer Sciences, Doshisha University, Kyoto
Telephone:+81-774-65-6932, Fax:+81-774-65-6780, E-mail:tomo@is.doshisha.ac.jp, mmiki@mail.doshisha.ac.jp

** Graduate Student, Department of Knowledge Engineering and Computer Sciences, Doshisha University, Kyoto
Telephone:+81-774-65-6932, Fax:+81-774-65-6780, E-mail:jiro@mikilab.doshisha.ac.jp

遺伝操作を行うために CGA のパラメータに加えて移住操作に関連するパラメータを新たに設定する必要がある。このため、DGA のパラメータについての研究を行うことは重要であり、本研究では 14 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。

第1報において、各島内の解探索能力に影響を与えると考えられるパラメータである、個体数、選択手法、トーナメントサイズ、交叉手法、交叉率、突然変異手法、突然変異率、島数の 8 種のパラメータについて検討を行った。その結果、パラメータは対象問題に依存性の少ないパラメータと依存性のあるパラメータに分類できることが分かった。

トーナメントサイズ、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少ないパラメータであり、対象問題に関わらずトーナメントサイズは 4、交叉は交叉率 1.0 の一点交叉、突然変異は突然変異率 $1/L$ の突然変異が適当であると一意に定めることができる。

個体数、選択手法、島数は対象問題に依存するパラメータであり、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。つまり、大域的な探索を行う必要がある対象問題では、島数は多い方がよく、個体数は中程度以上必要である。島数が少ない場合には選択圧の低い選択手法を用いるとよい。また、局所的な探索を行う必要がある対象問題では、1 島内の個体数を少なくして選択圧の比較的高い選択手法を用いるとよい。

第2報では、移住に関連すると考えられる 7 種類のパラメータについて報告を行う。

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 の母集団を複数の島に分割し、各島内で GA 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。Fig. 1 に移住の概念図を示す。

2.2 パラメータ

Table 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

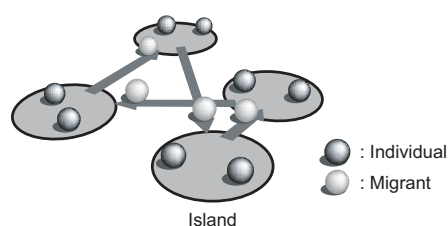


Fig. 1. Migration.

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。第2報では Table 1 においてパラメータ名の前に † を記したパラメータについて検討を行う。

Table 1. Parameters of DGA.

parameter	CGA/DGA
Population Size	CGA/DGA
Selection Method	CGA/DGA
Tournament Size	CGA/DGA
Crossover Method	CGA/DGA
Crossover Rate	CGA/DGA
Mutation Method	CGA/DGA
Mutation Rate	CGA/DGA
† Number of Islands	DGA
† Migration Interval	DGA
† Migration Rate	DGA
† Migration Topology	DGA
† Migration Point	DGA
† Emigrant	DGA
† Immigrant	DGA

以降、これらのパラメータについて説明を加える。

2.3 移住

移住間隔 移住操作と移住操作の間隔のことを移住間隔 (Migration Interval) という。

移住率 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。

移住トポロジー 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ーと呼び、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³⁾ . 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 . Fig. 2 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 .

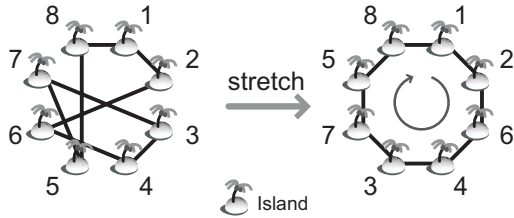


Fig. 2. Random Ring.

- **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⁴⁾ . リングは一定であり, 移住の度に変わることはない . Fig. 3 はこの手法の概念図である .

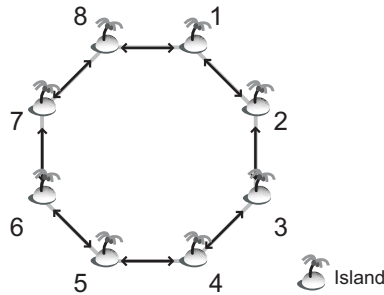


Fig. 3. bi-Directional Ring.

- **+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⁴⁾ . リングは一定であり, 移住の度に変わることはない . Fig. 4 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⁴⁾ . リングは一定であり, 移住の度に変わることはない . Fig. 5 はこの手法の概念図である .
- **Ladder**⁴⁾ : 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

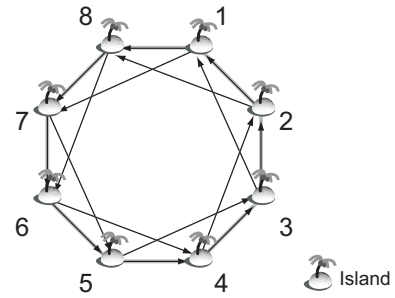


Fig. 4. +1 +2 Topology.

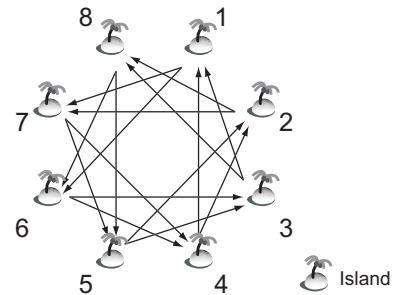


Fig. 5. +2 +3 Topology.

あり, 移住の度に変わることはない . Fig. 6 はこの手法の概念図である .

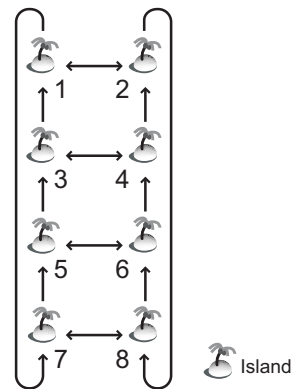


Fig. 6. Ladder.

移住個体の抽出方法 本研究では, 島 a, b, c で移住が $a \rightarrow b \rightarrow c$ 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 の選び方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 の選び方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.
- **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. Emigrant の抽出方法として Best を選択した場合, Immigrant の挿入方法として Hole を選択するのと Best を選択するのは同義である.
- **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. Emigrant の抽出方法として Worst を選択した場合, Immigrant の挿入方法として Hole を選択するのと Worst を選択するのは同義である.

移住操作をどの遺伝的操作の後に行うか DGA において移住操作は島間の個体情報の交換するためにある. 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, 本研究では以下の場所で移住を行い, 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. 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. ここでは使用した関数を示す. そ

れぞれの関数の設計変数の数は 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. このため, 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 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.

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

$$-512 < x_i \leq 512$$

- **Ridge**: 式 (3) で表される関数で, 設計変数間に強い依存関係がある. 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) で表される関数で, 設計変数間に依存関係がある. すべての設計変数の値が 0 の時最小値 0 をとる. この関数は大域的には単峰性で依存関係が弱い, 局所的に見ると多峰性で依存関係の強い関数である.

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

$$-512 < x_i \leq 512$$

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。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。

- 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, 移住トポロジー, 移住個体の抽出方法, 移住操作の位置がある。これらの組み合わせの数は非常に多く、比較が困難である。そのため、まず移住の頻度が解探索に与える影響を調べるために、移住率, 移住間隔, 島数の 3 つのパラメータについて実験を行った。終了条件は「評価計算回数が 800000 を越えた時」とし、試行回数は 20 とした。

- 移住率 : 0.1, 0.2, 0.3, 0.4, 0.5
- 移住間隔 : 1,2,3, ..., 8,9,10
- 島数 : 1, 2, 4, 8, 10, 16, 20, 40, 50, 80, 100, 200

- 移住トポロジー, 移住個体の抽出方法, 移住操作の位置の比較

本実験において比較したパラメータは移住トポロジー, 移住個体の抽出方法, 移住操作の位置である。終了条件は「評価計算回数が 800000 を越えた時」とし、試行回数は 20 とした。

- 移住トポロジー : Random Ring, bi-Directional Ring, +1 +2 Topology, +2 +3 Topology, Ladder .
- 移住個体の抽出方法(**Emigrant to Immigrant**): Random to Hole, Random to Random, Random to Best, Random to Worst, Best to Hole, Best to Random, Best to Worst, Worst to Hole, Worst to Random, Worst to Best .
グラフ中では, Random を R, Best を B, Worst を W, Hole を H と略し, これらの記

号を用いて Emigrant+to+Immigrant の形で表記する。例えば Emigrant として Best を選択し, Immigrant として Random を選択した場合, グラフ中の表記は BtoR となる。

- 移住操作の位置(移住操作をどの遺伝的操作の後に行うか): 選択の後, 交叉の後, 突然変異の後 .

各実験において比較対象でないパラメータに関しては Table 2 のように定めた。

Table 2. Basic Parameters.

parameter	value
Chromosome Length	100(= L)
Population Size	400
Number of Islands	8
Selection Method	ranking Roulette
Tournament Size	2
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
Migration Topology	Random Ring
Migration Point	After Selection
Emigrant	Random
Immigrant	Hole

3.3 実験結果

3.3.1 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, Fig. 7, Fig. 8, Fig. 9, Fig. 10 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。

3.3.2 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探索性能の関係を Fig. 11, Fig. 12, Fig. 13, Fig. 14 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. 考察

4.1 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.

4.2 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, 交叉や突然変異のあと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.

5. 分散遺伝的アルゴリズムに関連するパラメータ

第1報で行った検討の結果と第2報で行った検討の結果をまとめると以下ようになる.

- 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.
- 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.

- 移住個体の抽出方法 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。
- 移住個体の挿入方法 適合度の高い個体に挿入すべきではない。
- 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。

6. 結論

本研究では、分散遺伝的アルゴリズム (Distributed Genetic Algorithms : 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。

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、移住操作の位置、移住トポロジー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、移住操作は選択の後に行うと定めることができる。移住トポロジーは、移住個体の抽出方法を適切に設定することにより、Random Ring に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。また、適合度の高い個体を移住させる。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。また、適合度の低い個体を移住させる。

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も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。

参考文献

- 1) Reiko Tanese. Distributed genetic algorithms. *Proc.3rd ICGA*, pp. 434-439, 1989.
- 2) 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.
- 3) J.Nang and K.Matsuo. A survey on the parallel genetic algorithms. *J.SICE*, Vol. 33, No. 6, 1994.
- 4) Erick Cantú-Paz. A survey of parallel genetic algorithms. *Calculateurs Paralleles*, 1998.

分散遺伝的アルゴリズムにおけるパラメータの検討 (第2報: 移住に関するパラメータの検討)

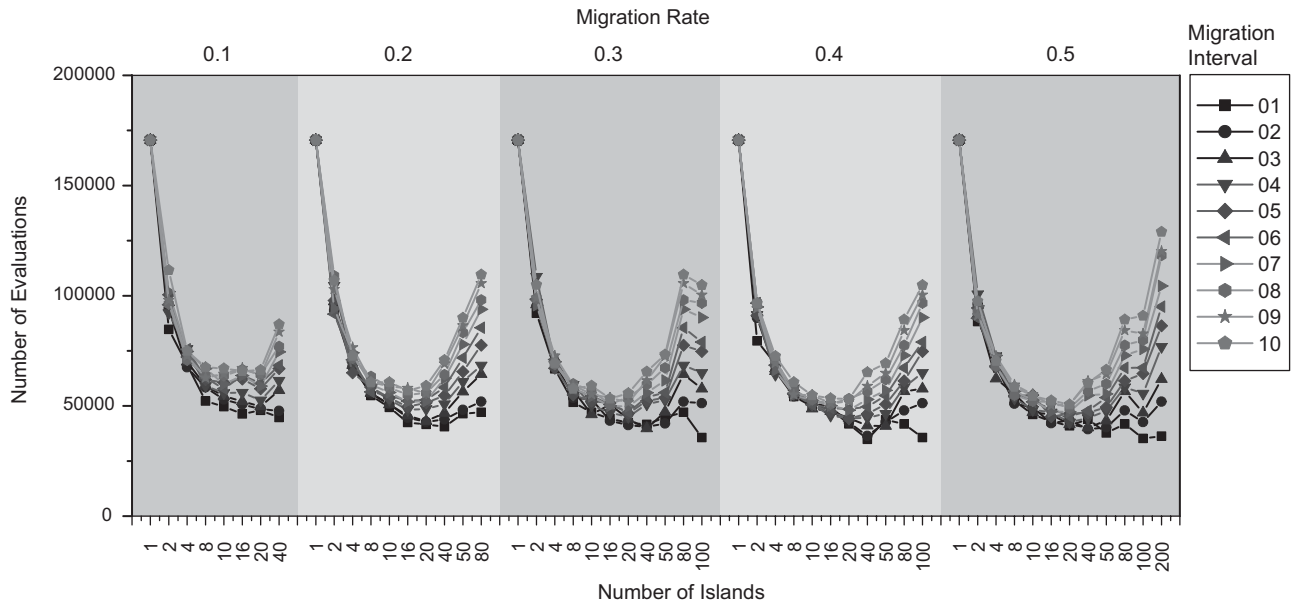


Fig. 7. Migration Interval, Migration Rate, Number of Islands (Rastrigin).

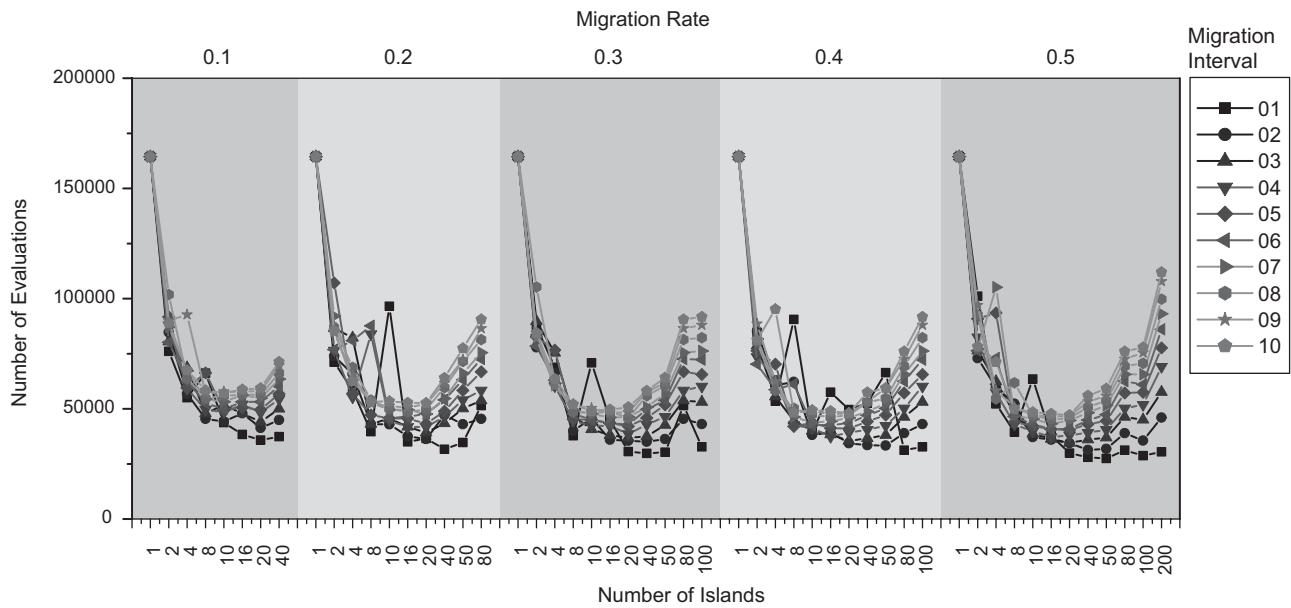


Fig. 8. Migration Interval, Migration Rate, Number of Islands (Schwefel).

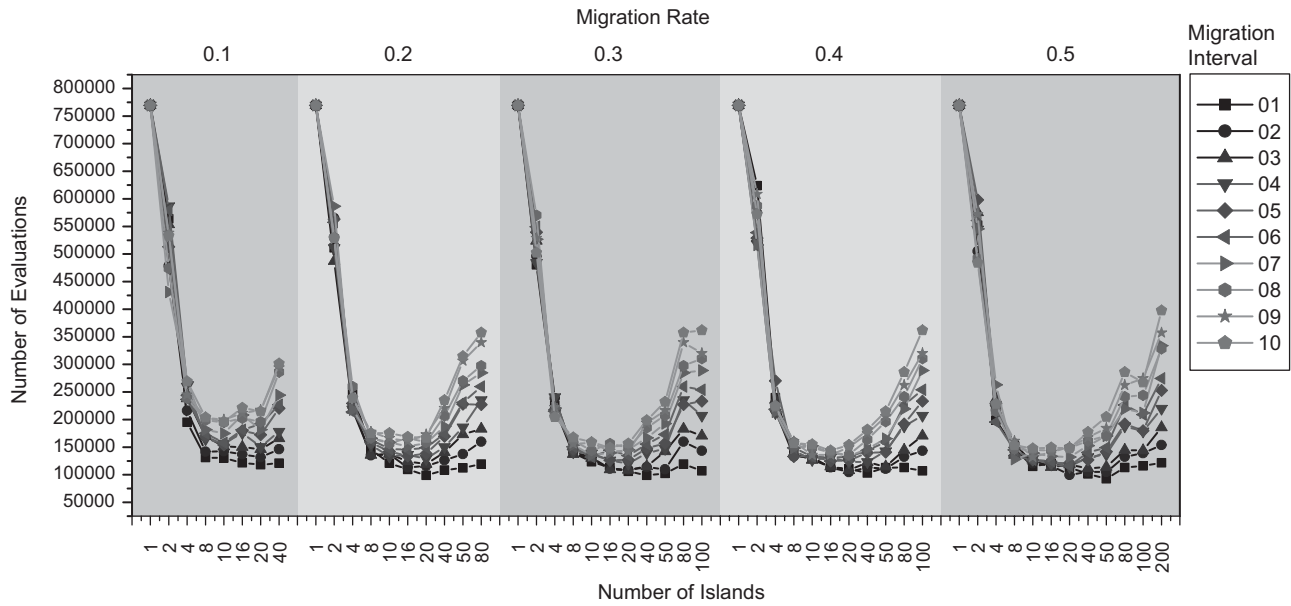


Fig. 9. Migration Interval, Migration Rate, Number of Islands (Ridge).

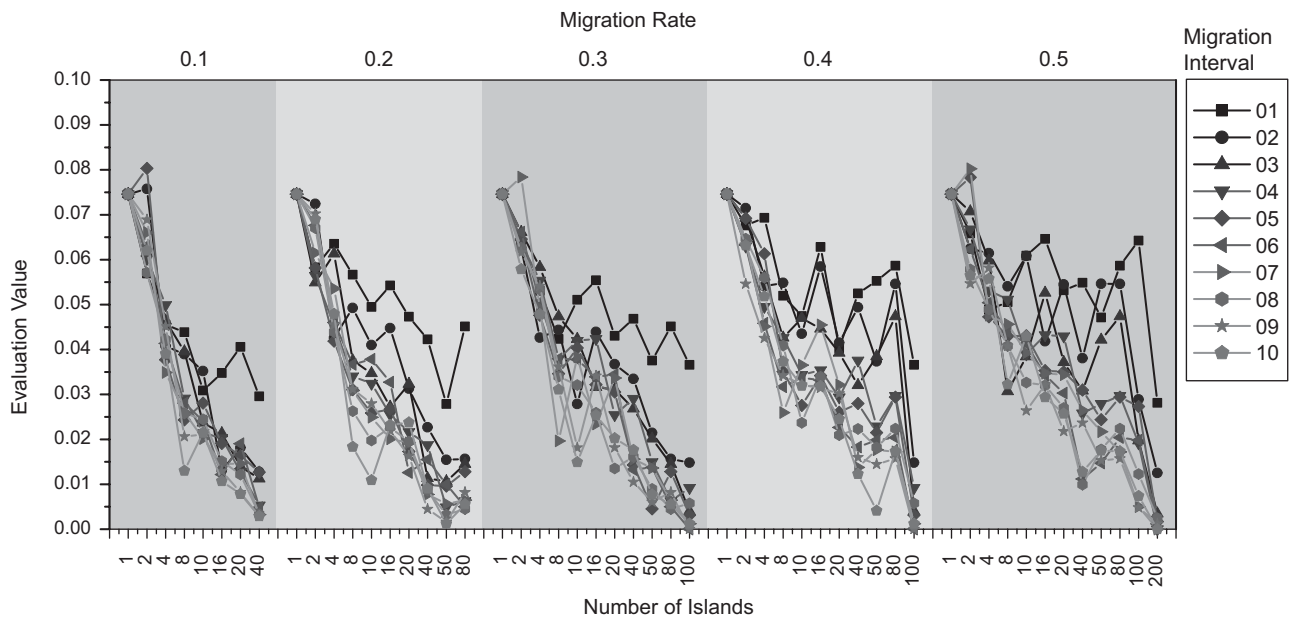


Fig. 10. Migration Interval, Migration Rate, Number of Islands (Griewank).

分散遺伝的アルゴリズムにおけるパラメータの検討 (第2報: 移住に関連するパラメータの検討)

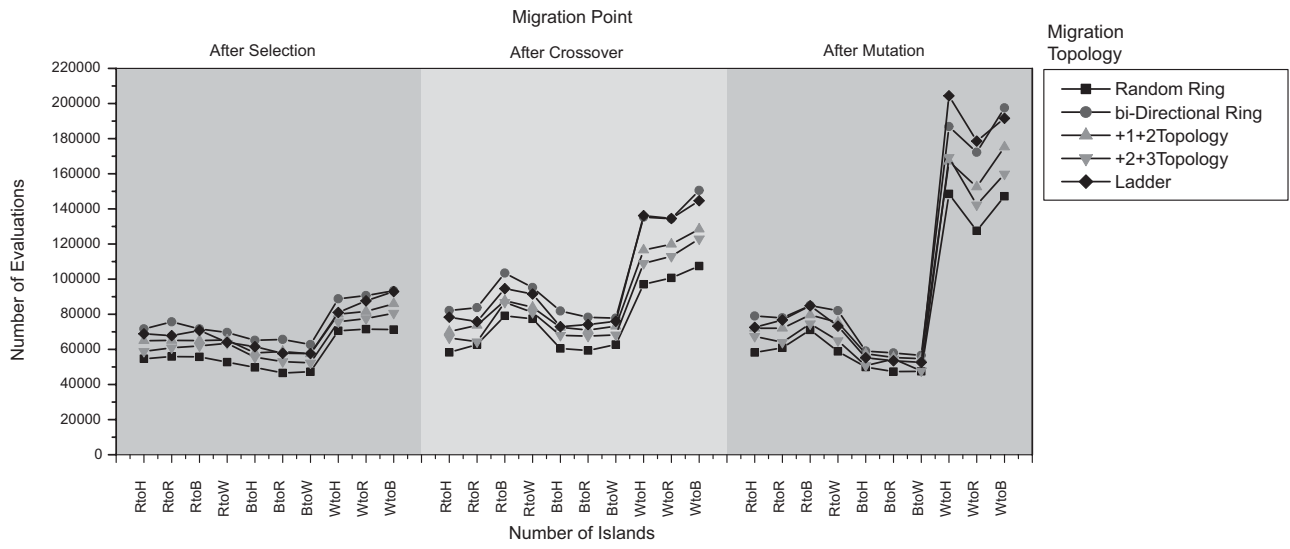


Fig. 11. Migration Topology, Emigrant, Immigrant, Migration Point (Rastrigin).

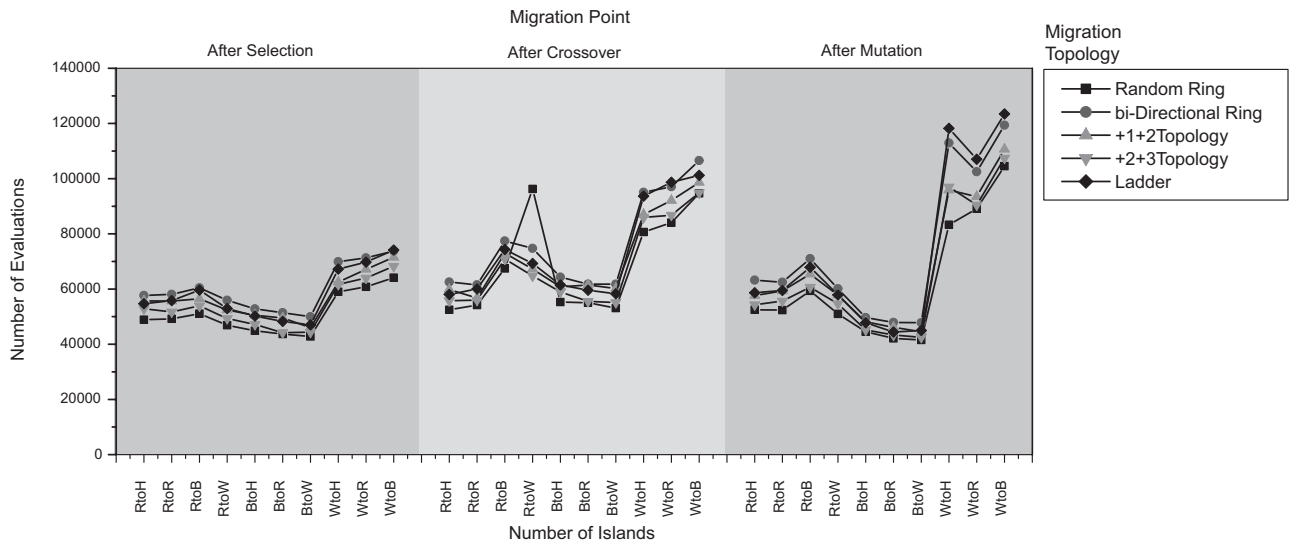


Fig. 12. Migration Topology, Emigrant, Immigrant, Migration Point (Schwefel).

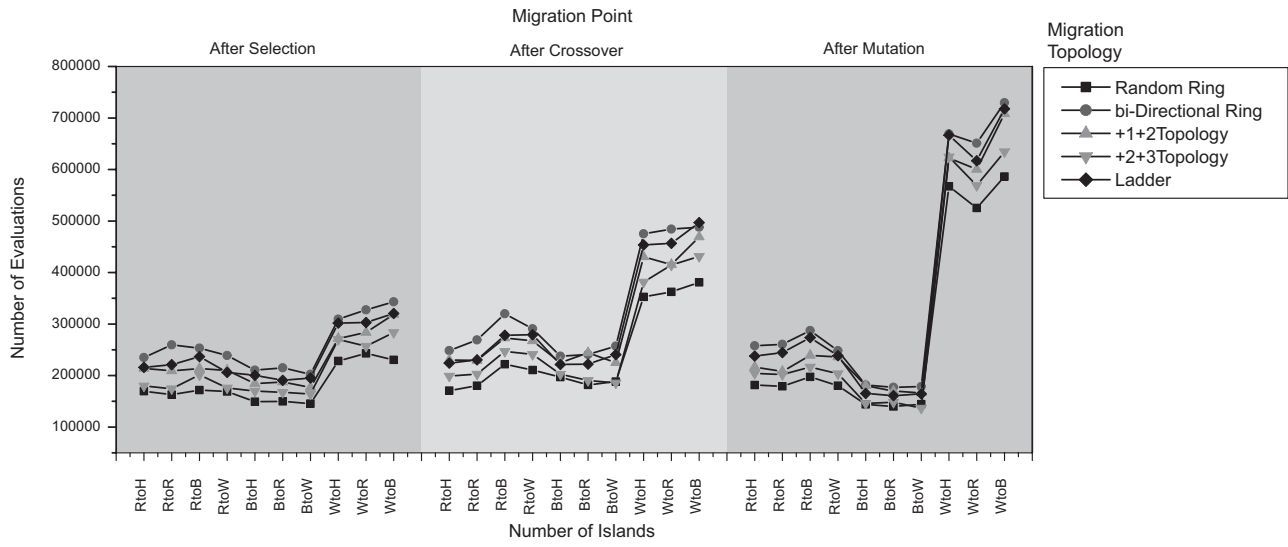


Fig. 13. Migration Topology, Emigrant, Immigrant, Migration Point (Ridge).

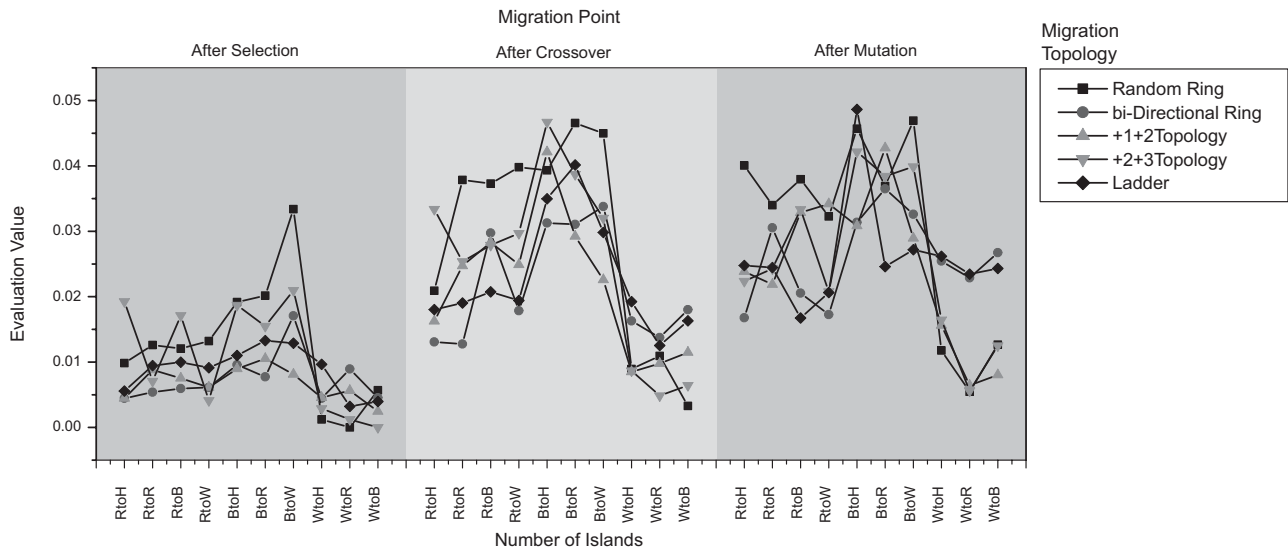


Fig. 14. Migration Topology, Emigrant, Immigrant, Migration Point (Griewank).