

1. 序論

組み合わせ最適化問題を解く方法の一つに遺伝アルゴリズム(以降 GA とする)¹⁾がある。GA とは生物の遺伝と進化のメカニズムを工学的にモデル化したものであり、生物の進化過程における遺伝的操作を模倣した最適解探索手法である。GA は評価関数のみに依存して解探索を行うため問題の定式化を行うことなく有効な解探索が可能である。しかしながら、最適解が複数存在する問題に対しては通常 1 つの解しか探索できない単純 GA では不十分である。そこで本研究では多峰性が認められる最適化問題に威力を発揮できるよう、複数の解を導出できる GA を提案する。多峰性最適化問題として N クイーン問題を用い、GA の改良にともない予測される計算量増大による実行時間の増加を抑えるため、GA の高速化に焦点をあて研究を進めていく。

2. 研究内容

GA では初期集団の増加や遺伝オペレーティングの複雑化による実行時間の低速化が問題である。しかしながら、各遺伝子の計算自体は独立しており、並列化が十分に可能であると考えられる。そこで今回、処理時間が初期集団の数とともに増大していくクイーンの配置および競合数判定部分を GPU 上に実装することで遺伝オペレーティング全体の高速化を試みる。

GPU 実装にあたり今回は NVIDIA の提供する GPU 向けの C 言語の統合開発環境である CUDA²⁾を使用した。本研究ではブロックの集まりを遺伝子の集団とし、駒の位置情報を図 1 に示すように、各駒を Y 座標からなる 1 次元配列により表現した。これにより、GPU 上に確保した配列へのアクセスをビルドイン変数³⁾によって高速に処理できるようにした。また駒の配置を CPU 側と GPU 側で確認できるように位置情報はグローバルメモリに保存する

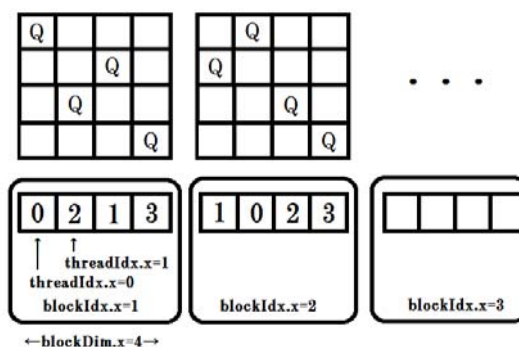


図 1 GPU 上のクイーンの配置表現

3. 結果・考察

今回は N=8 とし、初期集団の数を 100、終了世代を 1000 世代目、遺伝オペレーティングなどの条件を同一のものと設定し、CPU のみで処理を行った場合と GPU も用いて処理を行った場合の N クイーン問題の解を求める実行時間の比較を行った。本研究で用いた CPU, GPU を以下に示す。

CPU : Intel(R) Celeron(R) CPU G530 @ 2.4GHz

GPU : Geforce 210

表 1 N クイーン問題の実行時間(N=8)

	CPU 単独	CPU と GPU
実行時間	11850ms	1120ms

表 1 に示す通り、CPU 単独で解を求めた場合に比べて、GPU も用いた場合約 10 倍の速度向上が得られた。また初期集団の数が大きくなるにつれ CPU 単独より GPU も用いたほうがより高速に処理することができた。しかしながら、実際には予想される速度向上には至らなかった。これは各遺伝オペレーティングにおけるコマの配置のみを並列化しており、乱数生成部分は CPU で処理しているため、遺伝オペレーティングのループを完全に並列化できていないことや、ループ内での GPU と CPU 間の通信が多発したためではないかと考えられる。

4. 結論

今回の研究で GPU による GA の高速化を実現できた。しかしながら当初の目的としていた GPU 上での実装には至らなかった。並列化に関してもブロックとスレッドのみの使用であり、GPU 本来の性能を十二分に引き出せたとは言いがたい。今後の課題としては、GPU 上で遺伝オペレーティングを実装すること、GPU のグリッドを用いて並列 GA における島モデルを実装すること、スレッドとブロック数の制限をなくすため複数の GPU で並列 GA を実現することなどが考えられる。

参考文献

- 1) 伊庭齊志: 遺伝的アルゴリズムの基礎, オーム社(1994).
- 2) 青木尊之: はじめての CUDA プログラミング—驚異の開発環境[GPU+CUDA]を使いこなす!, 工学社(2009).
- 3) 棟朝雅晴: 遺伝的アルゴリズム—その理論と先端的手法, 森北出版 (2008).