

リンケージ同定 GA を導入した波長割当方式の評価

釘本 健司*† 棟朝 雅晴‡ 赤間 清‡

次世代のインターネットの基盤ネットワークとして、WDM(Wavelength Division Multiplexing)に基づいたフォトニックネットワーク(WDM-PN)が注目されている。このWDM-PNにおいては、物理トポロジ上に光パスを割り当てることで論理トポロジが構成される。限られた波長を効率良く使って論理トポロジを構成する問題は、波長割当問題と呼ばれ、制約つき組み合わせ問題の一つである。本稿では、リンケージ同定を導入した遺伝的アルゴリズムの波長割当問題への適用を試みたので報告する。本アルゴリズムでは、トラフィック全体の遅延の最小化を目的とし、リンケージ同定手法としてLINC(Linkage Identification by Nonlinearity Check)およびLIEM(Linkage Identification with Epistasis Measure)を用いた。計算機シミュレーションにより単純遺伝的アルゴリズムとの比較を行ない、LIEMの効果を確認した。

An Evaluation of WDM Wavelength Assignment using Genetic Algorithm with Linkage Identification

Takeshi Kugimoto*† Masaharu Munetomo‡ Kiyoshi Akama‡

Wavelength Division Multiplexing (WDM) is a technology which multiplexes the light of different wavelength to single optical fiber. It allows more efficient use of an optical fiber, but also allows new network feature - virtual topology. Virtual topology is the connection graph whose links are lightpaths. In such the WDM network, virtual network topology can be dynamically constructed by changing the combination of the wavelength assignment in physical topology. The wavelength assignment problem is a combinatorial optimization problem. Heuristic method such as genetic algorithm (GA) is often used to solve such an optimization problem. In this paper, we consider the Linkage Identification based GA approach. Linkage Identification is a sort of technique to detect Building Block in genes. The results obtained from Linkage Identification based GA approach are compared with ordinary simple GA to illustrate the effectiveness of proposed approach.

1 はじめに

近年、インターネットは一般家庭へ著しく普及しており、コミュニケーションツールとして日常生活に欠かせない基盤サービスとなってきた。また、ADSLや光ネットワークサービスの普及により、ブロードバンド化が進行しており、VoIPやストリーミング配信などの音声・映像系サービスを取り込みつつある。今後、これらのサービスは一層のリアルタイム性を要求され、ネットワーク内の遅延もできるだけ小さくすることが求められると考えられる。

通常、インターネットにおいては、他のサイトとの接続はマルチホップであり、通信路上に複数のルータが存在している。そのため、エンドツーエンドでの遅延は、トラフィックが通過するルータの数が増えれば大きくなる。また、トラフィックが多い場合には、ルータの負荷も増大するため、遅延はますます大きくなる。高トラフィックとなるバックボーンネットワークにおいては、高速で処理できるルータが用いられており、高いトラフィックに起因する遅延はある程度ま

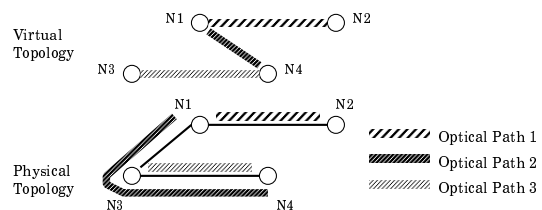


図 1: 物理トポロジと論理トポロジ

では抑えられるが、このようなルータは非常に高価である。

一方、増大するトラフィックに対応するため、多くのISP(Internet Service Provider)事業において、WDM(Wavelength Division Multiplexing)を用いたネットワークの構築が進められている。WDMは単一ファイバに波長を多重する技術であり、新たなファイバの敷設なしに低コストで帯域を増強する手段として用いられている。最近では、このWDM技術と光スイッチ技術を組み合わせた、新しい形態のネットワークの研究が進められている。このようなネットワークをWDMフォトニックネットワーク(WDM-PN)と呼ぶ。WDM-PNでは、ノードに配置された光スイッチによりルータの処理をバイパスできる。

*日本電信電話株式会社 未来ねっと研究所
NTT Network Innovations Laboratories

†北海道大学 大学院工学研究科
Hokkaido University Graduate School of Engineering

‡北海道大学 情報基盤センタ
Hokkaido University Information Initiative Center

すなわち、物理的な接続の制約を離れて、ルータ間を接続する仮想的なトポロジ(論理トポロジ)を高い自由度をもって構築できる(図1)。

WDM-PN においては、遅延の減少およびスループットの増大などを目的として、WDM-PN の論理トポロジを適切に設計することが必要となる。このような設計問題は、制約付き組合せ最適化問題であり、NP 困難であることが知られている。すなわち、この問題は比較的小きな規模のネットワークでも現実的な時間内で解くことが困難である [1]。そこで、遺伝的アルゴリズム (GA: Genetic Algorithm)[2] のような Heuristic な戦略をもつアルゴリズムを用いる必要がある。

本稿では、WDM-PN において、トラフィック全体の遅延を最小化することを目的として、リンクージ同定を導入した遺伝的アルゴリズムの光パス割当問題への適用を試みたので報告する。リンクージ同定手法としては、LINC (Linkage Identification by Non-linearity Check) [3][4][5][6] および LIEM (Linkage Identification with Epistasis Measure)[7][8] を用い、計算機によるシミュレーションを通して、これらのアルゴリズムの性能を評価する。以下では、まず、SGA, LINC, LIEM の各遺伝的アルゴリズムについて述べた後、波長割当問題への適用について述べる。さらにシミュレーションの結果および今後の課題を述べる。

2 遺伝的アルゴリズムとリンクージ同定

遺伝的アルゴリズムは、遺伝子による生物の進化の仕組みを模倣した探索アルゴリズムである。遺伝子は文字列として表現される。解こうとする問題に対する解の候補として、適切に符号化された文字列を **個体** と呼ぶ。問題に対する個体の適応を表す数値を **適応度** と呼び、適応度は個体の文字列表現から **目的関数 f** により計算される。遺伝的アルゴリズムでは、個体の集合である **個体群** に対し、遺伝的操作を繰り返し適用して高い適応度の個体を生成することで、近似最適解を得ようとする。以下では、最も基本的な遺伝的アルゴリズムである **単純 GA** (SGA, Simple-GA) と、効率的な探索を狙って、遺伝子座間のリンクージ同定に基づいて交叉を行なう LINC, LIEM について述べる。

2.1 単純 GA

GA には数々のバリエーションが存在するが、その中で最も基本的なアルゴリズムを単純 GA (SGA, Simple-GA) と呼ぶ。SGA の実行手順を図2に示す。

GA では、初めにランダムに初期個体群を生成し、そこに含まれる個体に対し、**評価**、**選択**、**交叉**、**突然変異**を行なう。各操作の概要は以下の通りである。

- 評価は、各々の個体の適応度を計算する操作である。

```
initialize(population);
while(terminate_condition != True)
{
    evaluation(population);
    selection(population);
    crossover(population);
    mutation(population);
}
```

図2: simple GA

- 選択は、適応度の高い個体を次世代に残す操作であり、ランキング法、トーナメント法、ルーレット法、エリート保存法などがある。
- 交叉は、個体ペア間で部分列を交換する操作であり、遺伝的アルゴリズムの本質的な役割を担っている。交叉には、一点交叉、二点交叉、一様交叉などがある。
- 突然変異は、ある変異確率に従って、個体中の文字の一部を別の文字と置き換える操作であり、その個体の近隣の解を探索する局所探索の役割を担っている。

2.2 リンクージ同定

遺伝的アルゴリズムにおける探索の本質は、交叉による **ビルディングブロック** の交換にある。ビルディングブロックとは、適応度の高い個体を生成するために有用な部分文字列を意味する。ビルディングブロックを正しく認識し、それを個体群内で互いに交換することで、より適応度の高い文字列を作ることが GA の探索性能を向上させるために必要である。

ビルディングブロックを正しく認識するために、個体中の遺伝子座間の **リンクージ** を調べる。リンクージとは元々遺伝学の用語であるが、ここでは「ビルディングブロックを構成することで世代を超えて継承される部分文字列に対応する文字位置(遺伝子座)の組み合わせ」と定義する。遺伝子座のリンクージを調べることにより、ビルディングブロックの破壊を回避し、効率よく解の探索ができると考えられる。このように、各個体中の関連の強い遺伝子座の組み合わせを決定することを **リンクージ同定** と言う。

解こうとする問題が単純である場合には、リンクージが密になるように文字列の符号化を行なうことで、単純な一点交叉でも有用な部分解の交換が効率良く行なえる。しかし、問題が複雑で有用な部分文字列が明らかでない場合には、リンクージ同定を行なう必要がある。このリンクージを同定する手法として、以下では、LINC と LIEM について述べる。

```

initialize(P);
for(n=0; n<N; n++){
  base_valule = f(s);
  for(i=0; i<length; i++){
    s' = perturb(s, i);
    dif10 = f(s') - base_value;
    for(j=i; j<length; j++){
      if(i != j){
        s' = perturb(s, j);
        dif11 = f(s') - base_value;
        s'' = perturb(s', i);
        dif2 = f(s'') - base_value;
        if( abs(dif2 - (dif10 + dif11)) > e){
          add(linkage_set[i], j);
          add(linkage_set[j], i);
        }
      }
    }
  }
}

```

図 3: LINC アルゴリズム

LINC

LINC (Linkage Identification by Nonlinearity Check) は、遺伝子座間での非線形性を検出する手法である。個体の文字の変化に伴う適応度の変化量を、それぞれの遺伝子座のペアについて計算し、それが非線形の効果を生むかどうかを検出することでリンケージを同定する。

LINC の基本的なアルゴリズムについて述べる。個体群を P 、個体を $s \in P$ とし、個体数を N とする。目的関数を f とし、 s の i 番目の遺伝子座を変化させたときの適応度 $f(s)$ の変化量を $\Delta f_i(s)$ とし、遺伝子座のペアを (i, j) を変化させたときの適応度の変化量を $\Delta f_{ij}(s)$ とする。LINC におけるリンケージ同定とは、以下の式を満たす遺伝子座のペアを調べ、遺伝子座のグループを形成することである。

$$|\Delta f_{ij}(s) - (f_i(s) + f_j(s))| > e \quad (1)$$

ここで、 e は誤差パラメータであり、厳密な非線形性を調べるときには 0 である。現実の問題では、多少の非線形性を許容する必要があるため、問題にあわせて e を適切な値に設定する。

LINC アルゴリズムは、図 3 のようになる。ここで、 $length$ は文字列の長さであり、 add 関数は、リンケージ集合 $linkage_set$ に遺伝子座の位置 i を追加する関数である。LINC における交叉は、このようにして得られたリンケージをもとに、ビルディングブロックごとに行なう。このような交叉を行なう GA を Inter GA と呼ぶ。

LIEM

LINC では、非線形性を厳密に検出しているため、現実の問題には適用が難しい場合がある。検出の基準を、誤差 e である程度は調整できるが、適用可能な問題の範囲は狭くなってしまふ。LIEM (Linkage Identification with Epistasis Measure) は、より柔軟な基準でリンケージ同定を行なうことにより、適用範囲を広げることを狙ったものである。

LIEM では、リンケージ同定のために、エピスタシスという概念を導入する。

エピスタシスは、遺伝子座間の非線形性の強さを表す尺度であり、この尺度をもとに統一的な基準でリンケージを同定する。エピスタシスの概念を図 4 に示す。ビルディングブロックを形成する遺伝子座の間には、常に依存関係があると考えられるが、遺伝子の文字列パターンによっては、依存関係が必ずしも検出できない場合も考えられる。そこで、適度なサイズの個体群に対して依存関係を調べ、リンケージを同定する必要がある。エピスタシス値の定義を式 (2) に示す。また、式 (2) で定義されるエピスタシス値を計算するアルゴリズムを図 5 に示す。

$$e_{ij} = \max_{s \in P} |\Delta f_{ij}(s) - (f_i(s) + f_j(s))| > e \quad (2)$$

式 (2) は、 e_{ij} は遺伝子座 i, j の間のエピスタシス値であり、 P は適度な大きさの個体群、 f は適応度関数である。式 (2) により計算されたエピスタシス値をもとに、遺伝子座 i に対するリンケージ集合を決定する。遺伝子の長さを l とすると、遺伝子座 i に対して $l-1$ 個のエピスタシス値が得られ、これらエピスタシス値の降順に並べて k 個を要素としたものが、遺伝子座 i に関するリンケージ集合である。 k は問題に応じてユーザーが決定する。また、各リンケージ集合の交わりがないように、リンケージ集合を構成する。具体的には、遺伝子座 i が複数のリンケージ集合に含まれている場合は、そのエピスタシス値が最も高くなるようなリンケージ集合にのみ属するようにする。

LIEM では、リンケージ同定を行なった後、Intra GA を行なう。Intra GA は、得られたリンケージ集合に基づいて適応度の高いビルディングブロックの候補を SGA によって作成する手法である。具体的には以下のような手順で実行される。

まず Intra GA を適用する初期個体群 P_{intra} を、もとの個体群 P の個体から遺伝子座を抜き出すことで作成する。リンケージに属している遺伝子座を



図 4: エピスタシス尺度

```

initialize(P);
for(n=0; n<N; n++){
  base_valule = f(s);
  for(i=0; i<length; i++){
    s' = perturb(s, i);
    dif10 = f(s') - base_value;
    for(j=i; j<length; j++){
      if(i != j){
        s' = perturb(s, j);
        dif11 = f(s') - base_value;
        s'' = perturb(s', i);
        dif2 = f(s'') - base_value;
        eps = abs(dif2 - (dif10 + dif11));
        if(eps > e[i][j])
          e[i][j]=eps;
      }}}
}

for(i=0; i<N; i++){
  qsort(e[i], k, sizeof(e[]), epscmp);
}

```

図 5: LIEM アルゴリズム

(A, B, C, D) とし、それ以外の遺伝子座を * とすると、遺伝子は例えば ($**A*****B**C*D$) のような形をしている。(A, B, C, D) を個体群 P の個体から抜きだして P_{intra} の個体に加える。(A, B, C, D) 以外の遺伝子座 * は P の個体のうち最も適応度の高い個体をテンプレートとして用いる。こうして得られた P_{intra} を使い、リンケージの内部で、適応度が高くなるようなビルディングブロックを得るために、SGA を実行する。実行後、適応度の高いビルディングブロックをもとの個体群 P に戻す。この操作をリンケージ集合ごとに行ない、この後に Inter GA を行なう。以上が Intra GA の概要である。

3 波長割当問題の定義

本節では、波長割当問題の概要と定義を述べる。

3.1 波長割当問題の概要

本稿で扱う波長割当問題の概要を以下に述べる。

- 目的: トラフィック全体の遅延が可能な限り小さくなるような、光パスの組み合わせを求める。
- 制約条件
 - 全てのノード間を通信可能とする。
 - 波長数の上限を 100 とする。

また、以下を仮定する。

- 通信要求は既知であるとする。
- 物理トポロジ上の任意のノード間の光パスは、最短経路を取るものとする。
- 論理トポロジ上の任意のノード間のパスは、最短経路を取るものとする。
- 対象とする WDM-PN は、波長変換は行わない WP 方式とする。
- ルータの遅延は負荷にかかわらず一定とする。

なお、通信可能とする光パス集合に、最小の波長数で波長を割り当てる問題も NP 困難であることが知られているが、本稿では単純な逐次着色法 (Sequential Graph Coloring)[9] を用いることとし、波長数の最小化については追求しない。

3.2 用語および数式表現の定義

波長割当問題の用語、記号および表現を以下のように定義する。物理トポロジ $G(V, E)$ は、ノード集合 V と物理リンク集合 E から構成される。物理リンク $e \in E$ は、ノード $[v_i, v_j]$ の組で表現される。ノード v_n における遅延をノード遅延 $d(v_n)$ とし、リンク e_l における遅延をリンク遅延 $d(e_l)$ とする。また、物理トポロジ (V, E) は連結グラフである。

論理トポロジ $I(V, O)$ は、ノード集合 V と光パス集合 O により構成される。光パス o_k は、一つ以上の異なる物理リンクの列 $[e_1, e_2, \dots, e_l]$ として表現される。光パスに波長が割り当てられると、列の両端のノードが通信可能となる。また、ノード v_n, v_m を直接接続する光パス o_k が存在しない場合でも、このノード間が 2 つ以上の光パスで結ばれるとき、このノード間は到達可能である。なお、光パス o_k は、物理トポロジ $G(V, E)$ 上の最短経路を取るものとする。

通信可能となった光パス o_k の伝送遅延をパス遅延と呼び、その光パスを構成する物理リンクの集合を E_o 、そのリンク間に存在するノード $[v_1, v_2, \dots, v_n]$ の集合を V_o とすると次式で表せる。

$$d(o_k) = \sum_{v_n \in V_o} d(v_n) + \sum_{e_l \in E_o} d(e_l) \quad (3)$$

また、物理リンクには、この両端を結ぶ光パスが必ず存在する。これにより、論理トポロジ $I(V, O)$ における任意の 2 点間を通信可能である。このような光パスを固定パスと呼び、これ以外の光パスを変動パスと呼ぶ。

光パス o_{k1} と o_{k2} があるとき、 o_{k1} と o_{k2} に同一の物理リンク (共有リンクと呼ぶ) が存在しない場合に、同じ波長を割り当てることができる。パス o_{k1} と o_{k2} に共有リンクがある場合には、異なる波長を割り当てることで o_{k1} と o_{k2} は同時に通信可能となる。

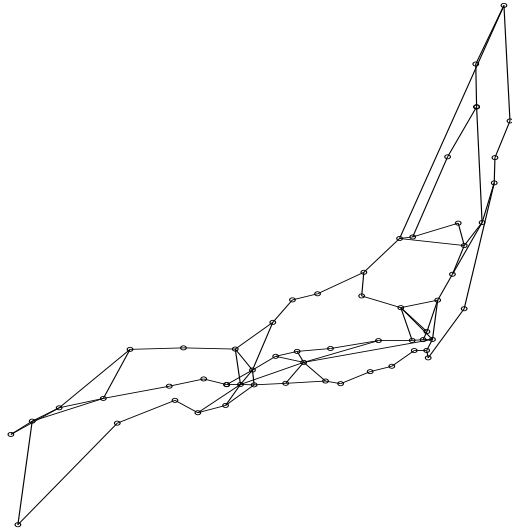


図 6: 日本のバックボーンネットワーク

通信を行いたい2つのノード v_i, v_j がネットワークに要求する帯域を**要求帯域** $T_d(v_i, v_j)$ とすると、本稿の波長割当問題の適応度関数は次式で定義される。

$$\text{minimize} \quad \sum_{o_k \in O, v_i, v_j \in V} d(o_k) \times T_d(v_i, v_j) \quad (4)$$

この適応度関数を最小化する光パス集合を求めることが、波長割当問題の目的である。光パス候補が n 個与えられるとし、波長数の制限を考えないとき、各々の光パスに対して任意に波長を割り当てられるとすると、光パス候補の組み合わせは 2^n 通りとなる。この解空間から、波長数の制限を満たし、かつトラフィック全体の遅延を最小化する光パス集合を求める問題はNP困難であるため、準最適解を求めることになる。

また、上記の適応度関数において、リンク e_p で使用される波長数 Wn_i が m 以下でなければならない。

$$Wn_i \leq m, \quad \forall e_p \quad (5)$$

4 波長割当問題へのGAの適用

本節では、遺伝的アルゴリズムの波長割当問題への適用について述べる。

ネットワークは地理的に分散した構造をしており、その最適化問題は、大きく地域ごとの部分問題とネットワーク全体問題とに分割できると考えられる。したがって、その解法は、全体のバランスを取りながら部分問題を最適化する戦略を取るのが良いと考えられる。遺伝的アルゴリズムにおいて、部分問題にあたるものはビルディングブロックであり、ビルディングブロックを考慮した遺伝的アルゴリズムは、ネットワークに関する問題を解くのに有用であると考えら

れる。すなわち、LINC および LIEM を導入したGAは、ビルディングブロックを交叉することにより最適解に迫ろうとするものであるため、このような問題を効率よく解けるものと推定される。

以下では、まず対象とする簡略化された架空のネットワークについて述べ、次に遺伝的アルゴリズムの構成について述べる。

4.1 対象とするネットワーク

シミュレーションで用いた架空のネットワークを図6に示す。日本全国の主に県庁所在地である56都市をノードとし、このノード間を85のリンクで結ぶネットワークである。リンクの長さは、ノードの地図上の緯度と経度からノード間の直線距離として与える。リンクは波長多重可能な光ファイバケーブルであり、多重可能な波長数 m は100とする。一波長の帯域は無限と仮定する。また、ファイバ中の光速は $2 \times 10^5 \text{ km/s}$ とし、ノード遅延を $10 \mu\text{s}$ とする。ただし、プログラム内部の計算の都合上、以下では遅延をファイバ中を信号が進む距離で表す。例えば、 $10 \mu\text{s}$ の遅延は 20 km に相当する。したがって、式(4)で表される適応度関数の単位は $\text{bps} \cdot m$ となる。実際には、ノード遅延はノードの負荷によって変化するが、本ネットワークでは一定であると仮定する。また、適当なトラフィックデータが得られなかったため、都市間のトラフィックを各都市の総生産の積から決定した。例えば、東京-大阪間のトラフィックは約 286 Mbps 、東京-名古屋間は約 208 Mbps などのようにした。

4.2 遺伝的アルゴリズムの構成

GAの構成を以下のように定める。遺伝子(文字列)は、光パス(変動パス)の候補を並べた文字列として表現する。この文字列の各文字は、光パスに波長が割り当てられていないとき0であり、波長が割り当てられていれば1である。個体群のサイズは400とする。初期遺伝子として、光パスの候補の文字1455個のうち4分の1にあたる485個をランダムに1にしたものを与える。遺伝子の評価は、式(4)に基づいて適応度を計算する。また、波長数が100を超える遺伝子は致死とし、個体群から取り除く。選択手法としては、交叉のためのペアの選択手段としてルーレット法をとる。また、エリート保存法を取り、現世代で最も適応度の高い遺伝子2個を次世代に残す。交叉手法としては、SGAにおいては一点交叉を用い、LINCおよびLIEMにおいてはビルディングブロックごとの交叉(Inter GA)を行なう。また、突然変異については、エリート以外の遺伝子は、必ず遺伝子上のどこか一つの文字が反転されるようにする。遺伝的アルゴリズムの終了条件は、50000世代の経過とする。LIEMで行なうIntra GAの条件は、終了条件を5世代の経過とし、突然変異率を0.1とする。

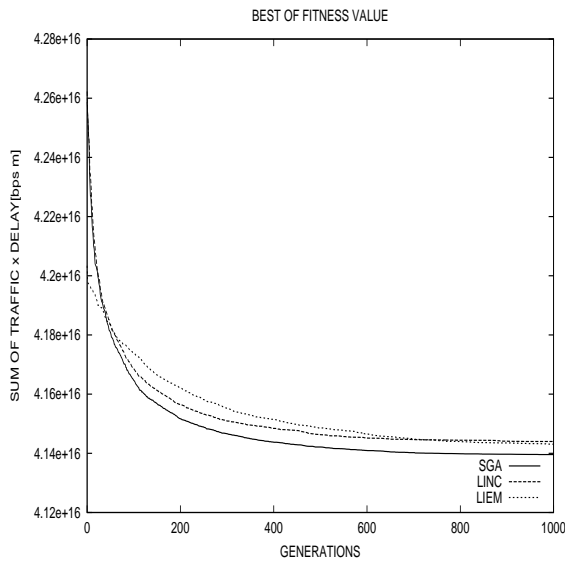


図 7: 適応度の推移 (0-1000 世代)

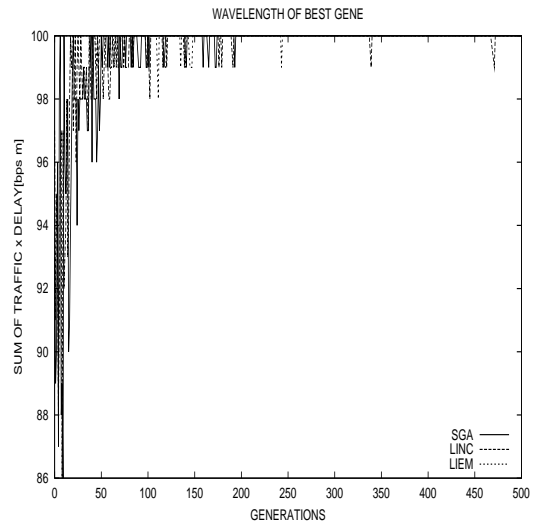


図 8: 必要波長数の推移 (0-500 世代)

4.3 シミュレーション

交叉の違いが解の収束に与える影響を調べるため、SGA, LINC, LIEM の交叉法の異なる 3 つの遺伝的アルゴリズムについて計算機シミュレーションを行なった。LIEM のリンク集合の最大要素数 $k = 5$ とした。図 7 および図 9 は、それぞれ 0-1000 世代 1000-50000 世代の個体群の中で最も高い適応度をグラフにしたものである。これらのグラフにおいては、数値の小さいものが適応度が高い。

まず、0-1000 世代について見てみよう。図 7 を見ると、LIEM は、LINC, SGA よりも適応度の高い個体からスタートしている。LIEM では、あらかじめ Intra GA を行なっており、初期個体の持つ各々のビルディングブロックの適応度が高いため遺伝子全体の適応度が高くなっていると考えられる。この適応度の領域では、LINC と SGA は急激に収束しているが、その理由は解空間に同じ適応度を持つ多くの解が分布しているためと考えられる。実際、この領域の適応度となる個体は、文字列中の文字の 1/4 をランダムに 1 としてやることで容易に得られる。また、図 8 は各世代の最良の個体において必要となる波長数の推移を示したものである。50 世代までは、個体群中の最良の適応度を示す個体であっても必ずしも 100 波長を必要としていない。このことは、この領域では制約条件を満たす解が多く存在していることを裏付けている。

SGA では、50 世代付近で LIEM よりも高い適応度を持つようになっていく。LIEM では、ビルディングブロック単位の交叉を行なっているが、SGA は一点交叉を行なっており、適応度の高い個体が、多くのビルディングブロックを一括で交換しているのに対し、LIEM では $k = 6$ のビルディングブロックのみを交換しているため、LIEM の収束の速度はゆっくり

りとしたものになると考えられる。LINC も SGA より少し遅れて LIEM よりも良い適応度を持つようになる。本稿の LINC では、式 (1) において $e = 0$ としてシミュレーションを行なっているため、ビルディングブロックの長さが 100 以上となり、かなり大きくなっている。LINC では、リンク集合が互いに素となっていないため、交叉によりビルディングブロックが壊れる危険性が大きい。制約条件を満たす解がいくらかでもあるため、ビルディングブロックが壊れることによる解の悪化よりも、大きなブロックを交叉させることによる効果がまさって早く収束するものと思われる。すなわち、この領域で LINC の収束が早いのは、一回の交叉によって複数のビルディングブロックを一括して交換するためと考えられる。LINC は 750 世代付近で再び LIEM よりも低い適応度を持つようになる。解の分布が少ない領域では、ビルディングブロックの破壊のために解の探索に支障がでてくるためである。

次に 1000-50000 世代の推移を見てみる。図 9 を見ると、28000 世代付近で LIEM の最良の個体が、SGA の最良の個体よりも、わずかではあるが、高い適応度を持つようになっていく。この領域では、制約条件を満たす解が少なくなってくるため、大雑把な交叉よりも、正しく検出されたビルディングブロックごとの交叉のほうが解空間の探索に適していると思われる。また、LINC の個体は、SGA, LIEM よりも適応度が低いまま推移している。このことから、ビルディングブロックが正しく検出されないまま交叉を繰り返しても、正しいビルディングブロックが破壊される可能性が高いため、探索の効果が低いと考えられる。

リンク集合同定 GA は、交叉や突然変異といった遺伝的アルゴリズムの主要部分の実行に先だって、エ

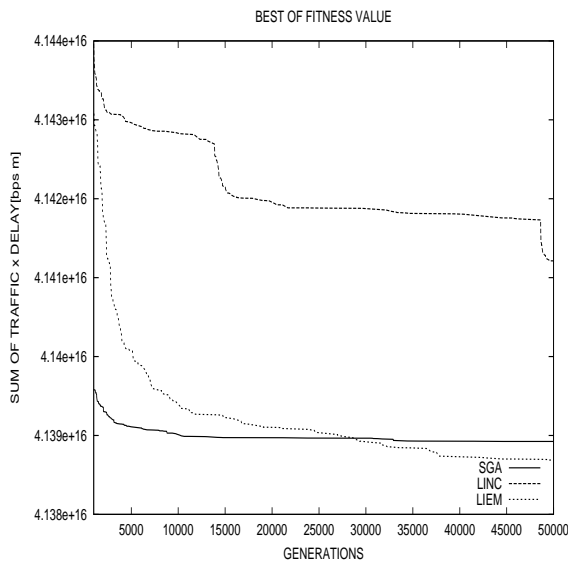


図 9: 適応度の推移 (1000-50000 世代)

ピスタシス値の計算およびリンケージ集合の形成を行なうが、これには文字列長 l に対して $O(l^2)$ の計算負荷がかかる。したがって、同一の計算コストに対する効果という意味では、本稿の結果をもって、SGA よりもリンケージ同定 GA の方が直ちに優れているとは言えない。制約条件が厳しく問題が複雑な場合には、LIEM を使うことによってより良い解が得られるため、計算コストおよび対象となる問題などを総合して勘案して、どの手法を用いれば良いかをユーザーが選ぶことができる。

なお、この波長割当問題は、最もトラフィックの大きい光パスから順番に波長を割当てることによっても、程度の良い解が得られる。その適応度は、 $41414 \times 10^{12} \text{bps} \cdot \text{m}$ であるが、SGA, LIEM とともに、これよりも適応度の高い解を得ており、GA を使った探索アルゴリズムの有効性が確認できた。

5 おわりに

本稿では、ネットワーク遅延の最小化を目的とする波長割当問題を対象として、リンケージ同定を導入した遺伝的アルゴリズムによる解法を提案し、50000 世代の計算機シミュレーションを行なった。実験により、リンケージ同定を導入した LINC および LIEM の二種類の GA と、単純 GA を比較すると、LIEM が最も適応度の高い解を生み出すことが確認された。また、本実験を通して、(1) ビルディングブロックによる交叉を行なう際には、リンケージの正確な同定が必須であること、(2) 問題が単純で解が多く分布する領域では、単純な一点交叉の方が探索性能が良いことなどが確認された。

本稿で扱ったネットワークでは、帯域を無限とし、

ルータの遅延を負荷に関わらず一定とするなど、問題の単純化のために現実のネットワークとは異なる仮定をしており、実際のネットワークに直ちに適用することはできない。今後は、実際に近いネットワークモデルに基づいてシミュレーションを行なう予定である。また、任意のノード間の光パスは最短経路であると仮定しているが、最近の WDM-PN においては、負荷分散などの目的で、最短でない経路を考慮した経路制御の検討が行なわれており、そのような経路制御方式についても検討を行なう予定である。

参考文献

- [1] 岡本聡, 渡辺篤, 長津尚英: フォトニックネットワークにおける網設計および管理技術, *NTT R&D*, Vol.49, Jan, 2000.
- [2] David E. Goldberg, : "Genetic Algorithms in Search, Optimization, and Machine Learning", Addison-Wesley, 1989.
- [3] Masaharu Munetomo and David E. Goldberg : "Identifying linkage by nonlinearity check", Technical Report IlliGAL Report No.98012, University of Illinois at Urbana-Champaign, 1998.
- [4] Masaharu Munetomo and David E. Goldberg : "Designing a genetic algorithm using the linkage identification by nonlinearity check", Technical Report IlliGAL Report No.98014, University of Illinois at Urbana-Champaign, 1998.
- [5] Masaharu Munetomo and David E. Goldberg : "A genetic algorithm using linkage identification by monotonicity detection", In Proceedings of the 1999 IEEE Conference on Systems, Man, and Cybernetics, 1999.
- [6] Masaharu Munetomo and David E. Goldberg : "Identifying linkage groups by nonlinearity / non-monotonicity detection", In Proceedings of the 1999 Genetic and Evolutionary Computation Conference, pp.433-440, Morgan Kaufmann Publishers, 7 1999.
- [7] 棟朝雅晴: エピスタシス尺度に基づくリンケージ同定手法の提案, 情報処理学会論文誌「数理モデル化と応用」, Vol43, SIG10, 2002.
- [8] Masaharu Munetomo: Linkage Identification with Epistasis Measure Considering Monotonicity Conditions, Proceedings of the 4th Asia-Pacific Conference on Simulated Evolution and Learning, pp.550-554, 2002.
- [9] B.Mukherjee: Optical Communication Networks, McGraw-Hill, 1997.
- [10] 岩田茂樹: NP 完全問題入門, 共立出版, 1995.
- [11] 北野宏明編: 遺伝的アルゴリズム 1-4, 産業図書, 1993-2000.
- [12] 電気学会編: 遺伝アルゴリズムとニューラルネット, コロナ社, 1998.