オブジェクト共有空間を用いた並列遺伝的アルゴリズムにおける ノアの箱舟戦略の検討

Consideration on Noah's Ark Strategy in Parallel Genetic Algorithm with Object-shared Space

飯村 伊智郎^{*} 池端 伸哉[†] 中山 茂^{*,‡}

Ichiro IIMURA Shinya IKEHATA and Shigeru NAKAYAMA

遺伝的アルゴリズム (genetic algorithm: GA) には、集団内で同じ個体が急増するなどして、集団の多様性が失われてしまう過剰収束という好ましくない現象が生じ得る。一旦過剰収束が起こると交叉はその機能を失い、GA による探索が殆ど意味のないものになってしまう。この過剰収束を回避して多様性を維持することが、GA を適用する際の重要なポイントとなる。本論文では、まず、並列 GA の実装形態として、柔軟な分散並列処理の構築を提供し得るオブジェクト共有空間を用いた実装を提案する。次に、できる限り単純な仕組みで過剰収束を回避する手法として、並列 GA におけるノアの箱舟戦略を提案し実験によりその有用性を明らかにする。この手法は、進化の停滞した部分集団の個体の殆どを探索解空間から新たに迎え入れた個体群と入れ換えるものであり、非同期に均質個体を淘汰し集団の多様性減少に制限をかけることで過剰収束を回避する。

In a genetic algorithm (GA), the undesirable phenomenon of excess convergence can often occur. Excess convergence is the phenomenon where the diversity of a group is lost. This phenomenon occurs because homogeneous individuals are increased rapidly in the group while searching. Therefore, a crossover loses its function. Once the excess convergence occurs, the search by the GA becomes meaningless. It then becomes important in the adaptation of the GA to avoid this excess convergence and maintain the diversity. First, we show an implementation of a parallel GA based on a multiple group type island model by using object-shared space. Next, as an effective method for avoiding the excess convergence in a simple mechanism, we propose the diversity maintenance technique based on selection of the homogeneous individuals called Noah's ark strategy in parallel GA, and clarify the effectiveness on the knapsack problem. Our proposed method is to replace the individuals of sub-groups having the excess convergence with the new individuals coming from the search space. That is, we avoid the excess convergence by expelling homogeneous individuals asynchronously except for Noah who is an elite individual, and limiting a decrease of the diversity of the entire sub-group.

キーワード：オブジェクト共有空間、遺伝的アルゴリズム、過剰収束、分散並列処理、ナップザック問題

Object-shared space, Genetic algorithm (GA), Excess convergence,
Distributed parallel processing, Knapsack problem

^{*} 鹿児島大学 工学部 情報工学科

Department of Information and Computer Science, Faculty of Engineering, Kagoshima University
iiimura@pu-kumamoto.ac.jp

[†] 日立ソフトウェアエンジニアリング (株)
Hitachi Software Engineering Co., Ltd.
ike@aqu.hitachi-sk.co.jp

[‡] shignaka@ics.kagoshima-u.ac.jp

1 はじめに

遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithm: GA) は、選択、交叉、突然変異などの生物進化の原理に着想を得たアルゴリズムである。現在では、確率的探索、学習、最適化の一手法として、科学分野から工学分野、ビジネス分野、社会分野など数多くの分野に応用されている^{[1][2]}。しかし、GA にはその進化(探索)を非効率的なものにしてしまう過剰収束という好ましくない現象が生じ得る。過剰収束とは、集団内で同じ個体が急激に増加するなどして、集団の多様性が失われてしまう現象である。このため、一旦過剰収束が起こると交叉はその機能を失い、GA による探索がほとんど意味のないものになってしまう。言い換えれば、この過剰収束を回避して多様性を維持することが、GA を適用する際の重要なポイントとなる。多峰性を有する関数の最適化問題などのより複雑な問題に対しては、多くの個体が局所解に陥ることにより、容易に過剰収束現象が生じ得る。そのような場合には、新たな個体を生成する交叉や突然変異、そして適応度に基づく選択の強さ(淘汰圧)をうまくバランスさせ得る構成が不可欠であるが、それらは問題に応じて試行錯誤的に行わなければならない。

一方、GA は各々の個体が独立に進化できる仕組みをもっており高い並列性を秘めていることから、GA の高速計算を主眼としてその並列化に関する研究が数多く報告されている^[3]。GA の並列化モデルの一つである複数集団型には、並列化による計算時間の短縮の他に、進化が局所的に進むので、集団全体としての多様性を維持する効果があり過剰収束を回避しやすい、という特徴がある。ここで各部分集団が全く独立であるならば、GA を複数回実行するのと同じである。したがって、多様性維持を目的とした従来の研究では、部分集団間で個体の交換をどのように行うのか、すなわち移住方法が中心課題であった^{[4][5][6][7][8][9]}。本研究では、個体移住の仕方にはこだわらず、できる限り単純な仕組みによる多様性維持の

実現を目指す。

本論文では、まず、並列遺伝的アルゴリズム(並列 GA, Parallel GA: PGA)の実装形態として、オブジェクト指向型 Java 言語で実装された Linda モデル^[10]であるオブジェクト共有空間 JavaSpaces^{[11][12]}を用いる方法を提案する。Linda モデルはタプル空間と呼ばれる抽象空間を用いてお互いの情報伝達を行うので、特定の相手を明示的に指定して通信する必要がなく、柔軟な分散並列処理の実装に適している。その Java 言語による実装であるオブジェクト共有空間 JavaSpaces は、データとコードを含むオブジェクトという情報単位を貯蔵する空間であり、オブジェクトのデータベースとは異なり、オブジェクトの流れを作り出すことができ、またリースと呼ばれるオブジェクトの寿命をミリ秒単位でもたせることなどもできる。つまりオブジェクト共有空間は、オブジェクトのためのネットワーク上からアクセス可能な共有の貯蔵庫(共有メモリ)であり、ここで述べるようなデータ処理にも利用できる。次に、提案するオブジェクト共有空間を用いた複数集団型島モデル並列 GA において、組み合わせ最適化問題の典型であるナップザック問題を題材に取り上げ、文献^[4]などで既に指摘されているエリート個体移住による多様性維持の効果、および探索解空間拡大による多様性維持の効果を確認する予備実験を行い、過剰収束回避の必要性を示す。最後に、できる限り単純な仕組みで過剰収束回避を実現する手法として、均質個体の淘汰による多様性維持手法を提案しその有用性を示す。この手法は、進化の停滞した部分集団のエリート個体以外の均質個体を、探索解空間から新たに迎え入れた個体群と入れ換えるものであり、一様化した個体群を淘汰し集団の多様性減少に制限をかけることで過剰収束を回避する。

2 並列遺伝的アルゴリズム

GA は、選択、交叉、突然変異といった遺伝的操作や各個体の適応度計算を何世代にもわたって行うため、膨大な計算量が必要とされる。しかし、各個体は同時並行に遺伝的操作や適応度計算を実行することができ、GA は並列性の高いアルゴリズムであるといえる。そのため、GA の高速計算を主眼として、様々な並列化モデルが提案されており次の 2 つに大別される。

単一集団 (単純並列) 型 GA を最適化計算に応用する場合、各個体の適応度は他の個体の適応度とは独立に計算可能である。この点に注目して、適応度関数の評価を並列処理することにより高速化を図るものが単一集団型である。その構成図を図 1 に示す。この単一集団型には、選択、交叉、突然変異といった遺伝的操作を 1 つのマスタプロセッサに集中させるため、同型を適応度評価に要する時間が比較的短い問題に適用した場合には、これらの遺伝的操作を担うプロセッサの負荷やこのプロセッサに集中するプロセッサ間通信の負荷により並列化の効果が制限されやすい欠点がある。

複数集団 (分解) 型 複数集団型では、集団がいくつかの部分集団に分割され、それぞれの部分集団に対して独立に遺伝的操作が適用される方式である島モデル (粗粒度

図 1 単一集団型 GA

(マスタプロセッサは集団に対して遺伝的操作を実行し、各スレーブプロセッサは個体の適応度を計算する)

の並列 GA とも呼ばれる)、および各個体とその近傍内の限られた個体としか相互作用しない方式である近傍モデル (細粒度の並列 GA とも呼ばれる) が提案されている。島モデルでは、各プロセッサに割り当てられた部分集団の内部で独立に遺伝的操作が適用されるので、各々のプロセッサで独立性の高い進化が進められること、すなわち集団全体としての多様性が高く保たれることが期待できる。しかし、各部分集団が全く独立に進化するのであれば、GA の処理を複数回繰り返すことと同じであり、この島モデルでは部分集団間で個体を交換し互いに刺激し合うことで効率的な探索を目的とした移住という特徴的な操作がある。その構成図を図 2 に示す。

筆者らは、その島モデルの特徴に着目し、また 3 節で述べるオブジェクト共有空間やワーカ複製形式との親和性の観点から、GA の並列化モデルとして複数集団型島モデルを用いた。

3 オブジェクト共有空間を用いたワーカ複製形式による複数集団型島モデル並列 GA の実現

オブジェクト共有空間 JavaSpaces は、Linda モデルをもとに開発されたもので、エントリと呼ばれる型付けされたオブジェクトを格納するタプル空間を提供する。その共有空間に

図 2 複数集団型島モデル GA

(各プロセッサは部分集団に対して遺伝的操作および適応度計算を実行する)

対してエントリを書き込む、読み取る、取り去るなどの操作を行える．計算機 A が計算機 B に対して処理を依頼するメッセージを送信する場合を，オブジェクト共有空間を用いて実現すると次のようになる．まず，A が送るメッセージを含むエントリをオブジェクト共有空間に書き込む．そして，B は同一の型情報をもつエントリを用いて，オブジェクト共有空間に書き込まれたエントリを取り去る．この 2 つの処理により，A から B へメッセージが送信されたことになる．また，オブジェクト共有空間では，エントリの型や特定した値が一致すれば，どの計算機でも同じエントリを取り出すことが可能である．よって，そのメッセージの依頼を処理できる別の計算機 B' が，そのエントリを取り出して処理を行っても構わない．このようにオブジェクト共有空間は，特定の相手を明示的に IP アドレスで指定して通信する必要はなく，柔軟なシステムの記述が可能である．

筆者らは分散並列処理を行うために，ワーカ複製形式^{[11][12]}と呼ばれる処理形式を用いる．この形式では，処理をマスタ部分とワーカ部分とに分ける．マスタは処理全体の制御を行い，仕事を分割してワーカに配り，ワーカから処理結果を収集する．ワーカは割り当てられたデータに対して演算処理を行い，その処理結果をマスタに返すのみである．演算対象とする複数集団型島モデル並列 GA(以下，Island GA と略す) が N 個の島(部分集団)からなるとき，ワーカによる遺伝的操作や適応度計算は N 個の島毎に独立して行える．このワーカの役割を複数の計算機に行わせることにより，分散並列処理が実現される．この形式は，大量のデータに同一処理を施すことが有効な数値計算，画像処理，情報検索などにも応用されている．

図 3 は，オブジェクト共有空間を用いたワーカ複製形式の概念図である．マスタは初期母集団を生成しそれらを複数個の部分集団に分割して，それを内容にもつ仕事エントリ(同図では Task entry と示す)をオブジェクト共有

図 3 オブジェクト共有空間を用いたワーカ複製形式

空間に書き込む．そして，オブジェクト共有空間を監視し，最良個体をもつ結果エントリ(同図では Result entry と示す)が各ワーカにより書き込まれたならば，そのエントリをオブジェクト共有空間から取り去る．一方，各ワーカはオブジェクト共有空間を監視し，部分集団を内容にもつ仕事エントリがマスタにより書き込まれたならば，そのエントリをオブジェクト共有空間から取り去る．そして，その情報をもとに，選択，交叉，突然変異などの遺伝的操作と適応度計算を行い，処理の結果得られた最良個体をもつ結果エントリをオブジェクト共有空間に書き込む．これらの処理をあらかじめ指定した世代数分繰り返すと，分散並列処理部分は完了となる．ここで，進化の過程に関するデータ採取が必要な場合，最良個体を内容にもつ結果エントリを各ワーカがオブジェクト共有空間に毎世代書き込み，それをマスタが毎世代取り去る必要がある．しかし，最終結果のみ必要な場合は，これらの処理は最終世代のみ行えばよい．オブジェクト共有空間は，このように最良個体の一時格納を行うほか，移住時の移民の一時格納も行う．

オブジェクト共有空間を用いたワーカ複製形式では，前述の通り特定の相手を IP アドレスで指定して通信する必要がないため，容易にワーカを追加しその分散並列処理能力を向上できる．また，オブジェクト指向型 Java 言語の特徴によるものではあるが，それにより実装されたオブジェクト共有空間を用いるこ

とで、CPU や OS の異なった種類の計算機を組み合わせた柔軟な分散並列処理の構築が容易に行える。

次に、オブジェクト共有空間を用いたワーカー複製形式による Island GA の時系列的な処理の流れを図4に示す。この図は、各部分集団の進化の過程を見るために、各ワーカーが結果エントリをオブジェクト共有空間に毎世代書き込み、それをマスタが毎世代取り去る処理を含めたものである。マスタとワーカーは、それぞれオブジェクト共有空間の依頼クライアントクラス、計算クライアントクラスのオブジェクトである。また、マスタ、ワーカー、そしてオブジェクト共有空間を行き来するダブルクォーテーションで囲まれたエントリは、Java 言語の `net.jini.core.entry.Entry` インタフェースを組み込んだクラスとして実現されたオブジェクトである。まず各ワーカーは、自分の存在を示すための `WorkerFlag` エントリをオブジェクト共有空間に書き込む。このエントリの存在が、ワーカー数の柔軟な変更を可能にしている。マスタはオブジェクト共有空間を監視し、全ての `WorkerFlag` エントリを取り去る。その後、マスタは初期母集団を生成し、取得した `WorkerFlag` エントリ数にその初期母集団を分割して初期部分集団を生成し、それらをオブジェクト共有空間に書き込む。したがって、ここでは部分集団数とワーカー数は等しいものとする。各ワーカーはオブジェクト共有空間を監視し、マスタにより書き込まれたいずれか1つの初期部分集団を取り去る。マスタは全ての初期部分集団がワーカーにより取り去られたことを確認すると、第 i ($i \geq 1$) 世代の開始を意味する `i-thGenStartSignal` エントリをオブジェクト共有空間に書き込む。各ワーカーは、この `i-thGenStartSignal` エントリを読み込むことで1世代分の処理を開始する。まず、前世代に書き込まれた移民である `MigrantFori-thGen` エントリのいずれか1つをオブジェクト共有空間から取り込む。その際、出身の島と移住先の島とが異なるようにする。この条件を満たす移民がない場合や、第1世代目に

図4 時系列的な処理の流れ

おける移住のように前世代に移民が書き込まれていない場合、この移民の取り込みは行わない。取り込んだ移民は、部分集団内の適応度が最も低い個体と置き換えられる。次に、選択、交差、突然変異の遺伝的操作を行い、その結果得られたエリート個体の複製を次世代の移民 `MigrantFor(i+1)-thGen` エントリとしてオブジェクト共有空間に書き込む。したがって、移住による部分集団内の個体数の変化はない。また、エリート個体の複製は結果 `Result` エントリとしても書き込まれる。これで各ワーカーの1世代分の処理は終了となる。マスタはオブジェクト共有空間を監視し、各ワーカーからの `Result` エントリを取り去る。全ワーカーからの `Result` エントリを取り去ると、次にオブジェクト共有空間に残っているいくつかの `MigrantFori-thGen` エントリを取り去り消去する。最後に、`i-thGenStartSignal` エントリを取り去る。この時点で、マスタには各ワーカーのエリート個体が存在し、その中で最も適応度の高いエリート個体がこの世代の最良個体となる。次に、マスタは世代を表す変数 i をインクリメントし、第 i 世代の開始を意味する `i-thGenStartSignal` エントリをオブジェクト共有空間に書き込む。以降同様の処理を繰り返し行い、あらかじめ指定した世代数に達すると処理は終了となる。ここで、マスタにより生成された部分集団を内容にもつエントリを各ワーカーが取得し GA の処理を開

始すると、その後のオブジェクト共有空間に対するアクセスは、フラグや最良個体、あるいは移民を内容にもつ小さなエントリのみであり、部分集団自体を内容にもつ大きなエントリが各世代毎に行き来することはないことに注意したい。

4 実験

本節では、前節で提案したオブジェクト共有空間を用いたワーカ複製形式による Island GA において、組み合わせ最適化問題を題材に取り上げ、文献 [4] など既に指摘されているエリート個体移住による多様性維持の効果、および探索解空間拡大による多様性維持の効果を確認する予備実験を行い、過剰収束回避の必要性を示す。次に、その過剰収束回避を実現する手法として、均質個体の淘汰による多様性維持手法を提案しその有用性を示す。

4.1 対象とした組み合わせ最適化問題

実験対象とした組み合わせ最適化問題は、ナップザック問題 (Knapsack Problem: KP) である。\$L\$ を品物の数、\$a_j\$ と \$c_j\$ を品物 \$j\$ (\$j = 1, 2, \dots, L\$) の重量と価値、そしてナップザックの重量制限を \$b\$ とすると、KP は次式で定義される [13]。ただし、\$x_j \in \{0, 1\}\$ であり、\$a_j, c_j, b\$ は正数とする。

$$\text{目的関数 } z = \sum_{j=1}^L c_j x_j \Rightarrow \text{最大化. (4.1)}$$

$$\text{制約条件 } \sum_{j=1}^L a_j x_j \leq b. \quad (4.2)$$

すなわち、KP は重量制限 \$b\$ のもとで、総価値 \$z\$ を最大にするように品物 \$j\$ をナップザックに詰める問題である。GA における KP では、単に \$L\$ 個の品物の有無を並べた 0, 1 の文字列を遺伝子型として実現できる。つまり染色体 \$\mathbf{C}\$ は、

$$\mathbf{C} = \{x_1, x_2, x_3, \dots, x_L\}, \quad (4.3)$$

となる。ここで各 \$x_j\$ は上述の通り 0 または 1 の値をとり、1(0) の場合はその品物 \$j\$ をナップザックに入れる (入れない) ことを表す。

なお、実験においては品物数 \$L\$ を 500 とし、全品物の合計重量の 50% を重量制限 \$b\$ とした。また、品物 500 個分の重量と価値からなる問題データは、乱数で生成し、ファイル化して、全実験において共通に使用した。その詳細については、付録の A 節を参照していただきたい。実用性の観点からは、評価する対象として実問題を取り上げるのがよいが、今回は乱数生成した KP を対象とした。問題データの設定の仕方でも多少の難しさは変動すると思われるが、過剰収束回避の必要性和、以降で提案するノアの箱舟戦略の効果を見るには十分であると思われる。

4.2 実験条件

ここでは、後述する 3 つの実験で用いた遺伝的パラメータ、遺伝的操作、そして移住の仕方について述べる。さらに、集団の多様性を評価する指標についても述べる。

4.2.1 遺伝的パラメータ

最大世代数 \$T\$、総個体数 \$M\$、交叉率 \$p_c\$、突然変異率 \$p_m\$ とし、また部分集団数 \$N\$、1 個体中の遺伝子数 (KP における品物の数) \$L\$ とすると、実験で用いた Island GA の遺伝的パラメータは表 1 に示す通りである。

4.2.2 遺伝的操作

選択には、世代 \$t\$ までに現れた最良個体を \$m_t^*\$ としたとき、次世代の集団 \$\mathbf{M}_{t+1}\$ に対して \$m_t^*\$ を増殖し \$\mathbf{M}_{t+1}\$ 内の最も適応度の低い個体を淘汰するエリート保存選択を採用し、各部分集団に対して適用した。また、交叉は、ランダムに選んだ 2 個体を対象に複数の交叉位置で遺伝子を引き継ぐ複数点交叉を用いた。実験においてはその交叉位置を 2 点とした。さらに突然変異は、文字列の 1 箇所をランダム

表 1 実験で使った遺伝的パラメータ

Max. generations	$T = 500$
Total individuals	$M = \begin{cases} 500 & (\text{Pre. exp. 1, Exp. 3}) \\ 500N & (\text{Pre. exp. 2}) \end{cases}$
Crossover rate	$p_c = 1 - \frac{3N}{M}$
Mutation rate	$p_m = \frac{N}{LM}$

表 2 実験で使った計算機

Function	CPU	OS	Ver. of JDK	Ver. of Jini
Master	PentiumIII 500 MHz	Windows 2000	1.2.2-006	1.0.1
Worker×30	Celeron 500 MHz	Windows 98	1.3.0-C	1.0.1
JavaSpaces server	PentiumII 266 MHz	Windows 98	1.3.0-C	1.0.1

に選択し反転させる 1 点突然変異を使用した。

4.2.3 移住

移住は同期型を採用し、その条件は次の通りである。なお、移住は 3 節で述べたオブジェクト共有空間を介して行うものとする。

移住可能な部分集団 自集団以外のすべての部分集団に対して移住可能とする。

移住を生じる世代間隔 移民の受け入れは毎世代行うものとする。ただし、受け入れ可能な移民が存在しない場合、移住は行わない。

移住する個体数 部分集団の数と同じとする。つまり、1 部分集団あたり 1 個体とする。

移住対象の個体 各部分集団における最も適応度の高いエリート個体の複製を移住対象すなわち移民とする。また部分集団に取り込まれた移民は、その部分集団内の適応度が最も低い個体と置き換えられる。

4.2.4 集団の多様性評価

集団の多様性を評価する指標として、相異なるスキーマ数の計測、Lost alleles, Percent involvement, エントロピー、適応度分布の標準偏差 [7]、遺伝子分布の重心から各個体までの距離の分散 [14]などがあげられる。実験で

は、この中でも比較的少ない演算量で評価することができる適応度分布の標準偏差を用いた。この場合、適応度分布の標準偏差が高い値を示すほど集団の多様性が高く、また 0 に近いほど集団の均質化が進んでいることを示す。

4.3 実験環境

3 節で述べたオブジェクト共有空間を用いたワーカ複製形式による Island GA の実装には、表 2 に示す計算機を使用した。総数 32 台であり、その内訳はマスタ用計算機が 1 台、ワーカ用計算機が 30 台、オブジェクト共有空間用計算機が 1 台である。使用ソフトウェアは、Java 開発環境 JDK(Java Development Kit) とオブジェクト共有空間を提供する Jini である。

4.4 エリート個体移住の効果 (予備実験 1)

4.4.1 実験内容

本実験は、多様性維持の観点から、移住を行う場合と行わない場合に対して、部分集団数 N が 5, 10, 30 の場合についてそれぞれ施行し、それらの適応度の推移および多様性の推

移を比較する．その際，各部分集団における個体は，初期母集団を均等に分割配分するものとする．すなわち，総個体数 M が 500 であるから， $N = 5$ のとき各部分集団内の個体数は 100， $N = 10$ のとき各部分集団内の個体数は 50， $N = 30$ のとき各部分集団内の個体数は 16(ただし，1 部分集団のみ個体数が 36 となる)となる．移住を行う場合の時系列的な処理の流れは図 4 と同様であり，移住を行わない場合は，図 4 における移住の操作である Take a “MigrantFor*i*-thGen” per Worker, Write a “MigrantFor(*i*+1)-thGen” per Worker, そして Take some “MigrantFor*i*-thGen”s の処理が省かれる．

4.4.2 実験結果

図 5, 図 6, 図 7 は，それぞれ部分集団数 N が 5, 10, 30 のときの各島の適応度推移を示している．適応度の値は，いずれも各島における最良個体のものを示している．移住がない場合， N の値に係わらず各島とも進化の早期段階で局所解に陥り進化の停滞が認められる．一方，移住ありの場合，移住なしほど早い段階では過剰収束にはならず解の質を向上させる傾向にあることがわかる．最終世代における適応度の平均値で比較すると，移住を考慮することで， $N = 5$ のときは約 14.2%， $N = 10$ のときは約 18.4%， $N = 30$ のときは約 29.3%の改善が見られ，エリート個体移住の効果が確認できる．また，図 5, 図 6, 図 7 に対応する多様性の推移をそれぞれ図 8, 図 9, 図 10 に示す．これらのグラフは，中心から右側に移住ありの場合，左側に移住なしの場合の多様性推移を示しており，それらの縦軸は 4.2.4 節で述べた適応度(総価値 z) 分布の標準偏差である．これらのグラフから，移住により多様性が維持される傾向にあることがわかる．これは，「だまし問題」のように大多数の個体が最適解近傍から離れやすい場合には移住をしない方が多様性の維持につながる場合があるが，ナップザック問題のような問題空間が比較的簡単な場合には，移住が多様性維持に効果をもつことを示している．遺伝的パ

ラメータや遺伝的操作などの最適化を行っていないため，今回は移住の有無に係わらず進化の停滞が見られたが，これらの結果から，明らかにエリート個体の移住は多様性維持の観点で有効であることが認められ，文献 [4]などを裏付ける結果となった．

しかし，母集団の分割数を増やすほど各島に属する個体数が減少するため，その結果多様性維持能力が低減することになり，それによる過剰収束現象を防ぐ手法を検討すべきである．

4.5 探索解空間拡大の効果 (予備実験 2)

4.5.1 実験内容

多様性維持の観点で移住が有効であることを予備実験 1 で確認したが，同時に過剰収束回避の必要性も明らかになった．本実験では，移住ありの Island GA を対象として，多様性維持の観点から探索解空間拡大の効果を検証する．計算機が多数用意できる場合，1 台のときと比べて単純計算で台数倍の演算能力を提供できることになる．その演算能力を活用して，GA における初期母集団数を通常の数に増やすことによって同時に探索できる解空間を拡大する．実験は，島分けの概念がない単純 GA(Simple GA: SGA) と，部分集団数 N が 5, 10, 30 のときの Island GA に対して行い，それらの適応度の推移を比較する．ここでは，予備実験 1 とは異なり初期母集団は分割配分せず，初期母集団を複製したものを部分集団としているため，各部分集団内の個体数は部分集団数 N に関係なく 500 である．本実験の時系列的な処理の流れは，図 4 の Write n “Task (Initial subpop.)”s が Write n “Task (Copied initial pop.)”s, Take a “Task (Initial subpop.)” per Worker が Take a “Task (Copied initial pop.)” per Worker となる，すなわち初期母集団そのものを複製して各ワークに与えるところが異なる．

図 5 $N = 5$ における各島の適応度推移 図 8 $N = 5$ における各島の多様性推移 図 6 $N = 10$ における各島の適応度推移 図 9 $N = 10$ における各島の多様性推移 図 7 $N = 30$ における各島の適応度推移 図 10 $N = 30$ における各島の多様性推移

4.5.2 実験結果

本実験では、初期母集団を分割せず初期母集団を複製しそれらを部分集団とすることによって探索解空間の拡大を図っている。その

ため、1世代分の探索解空間を S とすると、部分集団数が N の場合 $S \times N$ の広さをもった解空間を1世代で探索することができると考えられる。図 11 は、比較対象としての SGA

図 11 SGA と Island GA(移住あり, $N = 5, 10, 30$) の適応度推移

と、部分集団数 N が 5, 10, 30 のときの Island GA における適応度推移を示す。適応度の値は、SGA では最良個体のものを、Island GA では島全体における最良個体のものを示している。最終世代における適応度で比較すると、探索解空間を拡大することで、SGA と比べ $N = 5$ のときは約 11.3%, $N = 10$ のときは約 13.6%, $N = 30$ のときは約 16.9% の改善が見られ、探索解空間拡大の効果が確認できる。この結果から明らかなように、探索解空間の拡大は過剰収束を回避し解の質を向上させる傾向にあることが認められ、文献 [4] などを裏付ける結果となった。

このように過剰収束回避の傾向が確認できるものの、並列処理の目的の一つである処理の高速化の観点からは、このようなアプローチによる過剰収束の回避は好ましくない。そこで、筆者らはできる限り単純な仕組みで多様性を維持し過剰収束を回避する手法を提案し、実験 3 においてその有用性を検証した。

4.6 提案する多様性維持手法の効果 (実験 3)

4.6.1 提案する多様性維持手法

初期母集団を分割せず初期母集団の複製を部分集団として探索解空間の拡大を図ることにより、多様性維持能力が向上することを予備実験 2 で確認した。しかし、このアプロー

チは処理の高速化の観点からは不利であるため、他のアプローチによる多様性維持手法が求められる。そこで筆者らは、処理の高速化の観点から予備実験 1 の移住あり Island GA と同様に初期母集団は均等に分割配分するものとした。そして、進化の過程で停滞が確認された部分集団に属する個体のほとんどを探索解空間から新たに迎え入れた個体群と入れ換える、すなわち均質化した個体のほとんどを淘汰し集団の多様性減少に制限をかけることにより過剰収束を回避することを考えた。ここで言うほとんどとは、対象となる部分集団の最良な 1 個体 (エリート個体) 以外の個体を指し、この淘汰 (入れ替え) の操作は各部分集団で非同期に行われるものとした。筆者らは、この最良な 1 個体を、旧約聖書創世記第 6, 7, 8 章にある「ノアの方舟」神話におけるノアと考え、そのノアの影響によりさらなる解の改善を行う意味で淘汰の対象から外すことにした。このようにノアを残すことにより、最適解に近い解をある程度速く探し出すことも期待できる。多様性の評価には、既に 4.2.4 節で述べたように適応度分布の標準偏差を用い、今回の実験は各部分集団での標準偏差が 1.0 未満になったときを多様性が失われたと見なし、最良な 1 個体以外の均質化した個体群を、探索解空間から新たに迎え入れた個体群で淘汰するものとした。

ここで、進化が停滞した部分集団に対する個体の入れ替え操作は、SGA を異なる初期状態から繰り返すこととほぼ同じように思われるが、SGA にはノアが残らないこと、さらには移住がないことに注意したい。進化が停滞し存在意義の薄れた部分集団に対して入れ替えを行うことは、局所解に陥ったノアに刺激を与えさらなる解の改善を行うことを意味する。また入れ替えによって与えられた刺激は移住により進化中の他の部分集団に対しても影響を与え、解のさらなる改善と多様性の維持につながることを考慮すると、部分集団の個体の入れ替えは、SGA を異なる初期状態から繰り返すトリビアルな方法とは異なるもの

図 12 時系列的な処理の流れ (ノアの箱舟戦略を含む)

と考えられる．ここでは，この提案する多様性維持手法を「ノアの箱舟」神話にちなんで，並列 GA におけるノアの箱舟戦略 (Noah's ark strategy) と呼ぶことにする．

このノアの箱舟戦略に似たような方法として，文献 [15]で提案されているマルチ個体群方式の消滅と生成がある．このマルチ個体群方式では，淘汰率を異にした複数の個体群を準備し，マルチ山登り法に近い探索をしている (淘汰率が低い) 個体群で見つかったスコアの良い解を，最良優先探索に近い (淘汰率が高い) 個体群へ移し，集中的な探索を行う．その一方で，消滅 (最もスコアの良い解と同じスコアの解が個体群の半分を超えたら，そのスコアの解の半分を捨てる) と生成 (解の多様性が最も保存されていると考えられる淘汰率 0%の個体群で繁殖を行い，消滅によって減った個体数相当の個体を新たに生み出す) の処理を行っている．このようにマルチ個体群方式は，その実現が複雑になることは避けられない．一方ノアの箱舟戦略は，全ての部分集団が全く同じ処理を行えばよく極めてシンプルなモデルであると考えられる．

オブジェクト共有空間を用いたワーカー複製形式による Island GA の，ノアの箱舟戦略を含んだ時系列的な処理の流れを図 12 に示す．各ワーカーは，まず自分の存在を示すため

WorkerFlag エントリをオブジェクト共有空間に書き込む．マスタはオブジェクト共有空間を監視し，全ての WorkerFlag エントリを取り去る．その後，マスタは初期母集団を生成し，それを取得した WorkerFlag エントリ数に分割し初期部分集団を生成しオブジェクト共有空間に書き込む．各ワーカーはオブジェクト共有空間を監視し，マスタにより書き込まれたいずれか 1 つの初期部分集団を取り去る．マスタは全ての初期部分集団がワーカーにより取り去られたことを確認すると，第 i ($i \geq 1$) 世代の開始を意味する i -thGenStartSignal エントリをオブジェクト共有空間に書き込む．各ワーカーは，この i -thGenStartSignal エントリを読み込むことで 1 世代分の処理を開始する．まず，各ワーカーは，ノアの箱舟戦略のために適応度の標準偏差を評価する．その値が 1.0 以上の場合は何もせず次処理に移る．1.0 未満の場合は，多様性が失われたと見なし，最良な 1 個体 (ノア) 以外の均質化した個体群を，探索解空間から新たに迎え入れた個体群で淘汰する．ここで，探索解空間から新たに迎え入れられる個体群の生成は，該当するワーカーがそれぞれ行うものとする．次に，前世代に書き込まれた移民である MigrantFor i -thGen エントリのいずれか 1 つをオブジェクト共有空間より取り込む．以降の処理は，図 4 と同様である．

4.6.2 実験内容

本実験では，各部分集団の多様性を監視し，多様性が失われた部分集団に属する最良な 1 個体以外の均質化した個体群を，探索解空間から新たに迎え入れた個体群によって非同期に淘汰することによる多様性維持手法，ノアの箱舟戦略について評価する．ここでは，予備実験 1 の移住あり Island GA (以下，従来手法と呼ぶ) と提案手法に対して，部分集団数 N が 5, 10, 30 の場合についてそれぞれ施行し，適応度の推移および多様性の推移を比較する．なお各部分集団内の個体数は，予備実験 1 の場合と同様である．

4.6.3 実験結果

図 13, 図 14, 図 15 に, 部分集団数 N が 5, 10, 30 の場合の島全体の適応度推移を示す. 適応度の値はいずれも島全体における最良個体のものを示している. 提案手法では, 探索解空間から新たに迎え入れた個体群による淘汰が行われた直後はさらなる良質の解を探索するのに時間がかかるため探索の進行は階段状になるが, 従来手法と比較しいずれの場合も局所解に陥らず解の探索が滞りなく進んでいることがわかる. 最終世代における適応度で比較すると, 提案手法を用いることで, 従来手法と比べ $N = 5$ のときは約 3.0%, $N = 10$ のときは約 8.8%, $N = 30$ のときは約 10.0% の改善が見られ, ノアの箱舟戦略の効果を確認できる. 図 16, 図 17, 図 18 に, 部分集団数 N が 5, 10, 30 の場合の提案手法における各島の多様性推移を示す. ここでグラフの縦軸は, 4.2.4 節で述べた適応度分布の標準偏差である. 予備実験 1 の図 8, 図 9, 図 10 の右側のグラフと比較することにより, 提案手法は常に多様性を維持しようとしながら探索を行っていることがわかる. また, 図 19, 図 20, 図 21 に, 部分集団数 N が 5, 10, 30 の場合の島全体の多様性推移を示す. グラフの縦軸は, 図 16, 図 17, 図 18 と同様である. いずれの場合も, 提案手法における島全体の多様性は従来手法より高く保たれていることが確認できる. 最終世代までの標準偏差の平均値で比較すると, 提案手法は従来手法と比べ, $N = 5$ のときは約 3.8 倍, $N = 10$ のときは約 16.0 倍, $N = 30$ のときは約 68.9 倍と極めて高い多様性を示した. さらに図 22 に, 提案手法における部分集団数 N が 5, 10, 30 の場合の島全体の適応度推移を示す. 適応度の値は, 島全体における最良個体のものを示している. この結果から提案手法は, 過剰収束による進化の停滞が起こりにくい負荷分散による高速化も期待できることがわかる. ただし, オブジェクト共有空間を用いたワーカ複製形式による分散並列処理では, タスク分割数によりシステム性能に違いが生じることがわかっており, 不必要に

図 13 $N = 5$ における従来手法と提案手法の島全体の適応度推移

図 14 $N = 10$ における従来手法と提案手法の島全体の適応度推移

図 15 $N = 30$ における従来手法と提案手法の島全体の適応度推移

図 16 $N = 5$ における提案手法の各島の多様性推移

図 19 $N = 5$ における従来手法と提案手法の島全体の多様性推移

図 17 $N = 10$ における提案手法の各島の多様性推移

図 20 $N = 10$ における従来手法と提案手法の島全体の多様性推移

図 18 $N = 30$ における提案手法の各島の多様性推移

図 21 $N = 30$ における従来手法と提案手法の島全体の多様性推移

図 22 提案手法 ($N = 5, 10, 30$) の島全体の適応度推移

部分集団数 (タスク分割数) を増やすことは、かえって性能低下につながる場合があることに注意する必要がある。これについては、筆者らの研究グループが文献 [12][16][17] で既に報告しており、タスク分割数が多くなると通信の遅延が酷くなるのではなく、オブジェクト共有空間に対するアクセス負荷が過度になる。つまり、エントリの読み書き操作に過度の時間を費やすため、システム全体の性能低下をまねくのである。そのため、多様性維持能力とシステム性能の関係を考慮し、不必要に部分集団数を多くしない手法や、オブジェクト共有空間を複数の計算機に分割しアクセス負荷を低減する手法などを検討する必要がある。

以上の結果から、提案手法は、比較的単純な遺伝的操作にも係わらず多様性維持の点で十分に優れているものと考えられる。したがって、この提案手法を用いることにより、過剰収束による進化の停滞を特に意識することなく GA の処理を実現することが可能となる。

5 おわりに

本論文では、オブジェクト共有空間を用いたワーカ複製形式による分散並列処理を複数集団型島モデル並列 GA に応用する手法を提案した。また、組み合わせ最適化問題の典型であるナップザック問題を題材に取り上げ、エ

リート個体移住による多様性維持の効果、および探索解空間拡大による多様性維持の効果を確認する予備実験を行い、過剰収束回避の必要性を示した。そして、できる限り単純な仕組みで過剰収束を回避する手法として、ノアの箱舟戦略を提案し実験的評価を行った。実験の結果、提案手法により、比較的単純な遺伝的操作にも係わらず十分に多様性を維持することができた。したがって、この提案手法を用いることにより、過剰収束による進化の停滞を特に意識することなく GA の処理を実現することが可能となる。また、適切に初期母集団 (タスク) を分割すれば、提案手法は過剰収束による進化の停滞が起こりにくい負荷分散による高速化も期待できる。

本論文では、一貫してナップザック問題を対象として実験を行ったが、今後は提案した多様性維持手法をその他の最適化問題に適用しさらなる評価を行う予定である。

参考文献

- [1] D. E. Goldberg: "Genetic Algorithms in Search, Optimization, and Machine Learning", Addison-Wesley (1989).
- [2] 北野宏明: 「遺伝的アルゴリズム」, 産業図書 (1993).
- [3] 三宮信夫; 喜多一; 玉置久; 岩本貴司: 「遺伝アルゴリズムと最適化」, 朝倉書店 (1998).
- [4] R. Tanese: "Distributed Genetic Algorithm", Proceedings of the Third International Conference on Genetic Algorithms, pp. 434-439 (1989).
- [5] T., Starkweather; D., Whitley; and K., Mathias: "Optimization Using Distributed Genetic Algorithms", Parallel Problem Solving from Nature, Springer-Verlag, pp. 176-185 (1990).
- [6] M., Munetomo; Y., Takai; and Y., Sato: "An Efficient Migration Scheme for Subpopulation-Based Asynchronously

- Parallel Genetic Algorithms”, Proceedings of the Fifth International Conference on Genetic Algorithms, p. 649 (1993).
- [7] 棟朝雅晴；高井昌彰；佐藤義治：「集団分割型非同期並列遺伝的アルゴリズムにおける個体交換アルゴリズムの改良と評価」, 情報処理学会論文誌, Vol. 35, No. 9, pp. 1815–1827 (1994).
- [8] T., C., Belding: “The Distributed Genetic Algorithm Revisited”, Proceedings of the Sixth International Conference on Genetic Algorithms, pp. 114–121 (1995).
- [9] 堀井宏祐；小泉孝之；辻内伸好；國藤進：「複数の異なる遺伝パラメータを持つ GA によるパラメータ感度低減化法の提案」, 日本機械学会第 9 回計算力学講演会講演論文集, No. 96-25, pp. 1–2 (1996).
- [10] D., Gelernter: “Generative Communication in Linda”, ACM Trans. Program. Lang. Syst., Vol. 7, No. 1, pp. 80–112 (1985).
- [11] E., Freeman; S., Hupfer; and K., Arnold: “JavaSpaces Principles, Patterns, and Practice”, Addison-Wesley (1999).
- [12] 由井蘭隆也；中山茂：「オブジェクト共有空間 JavaSpaces における分散並列処理の実験評価」, 電子情報通信学会技術報告, Vol. 99, No. 547, SS99-59, pp. 73–80 (2000).
- [13] 伊庭斉志：「進化論的計算の方法」, 東京大学出版会 (1999).
- [14] 松井和宏：「遺伝的アルゴリズムにおける多様性維持のための個体間相関選択」, 電子情報通信学会論文誌, D-I, Vol. J84-D-I, No. 2, pp. 212–236 (2001).
- [15] 戸谷智之；石川幹人：「マルチ個体群の並列遺伝的アルゴリズムを用いたタンパク質の配列解析」, 情報処理学会論文誌, Vol. 36, No. 11, pp. 2549–2558 (1995).
- [16] 由井蘭隆也；西省吾；森邦彦；中山茂：「フレネル型計算機ホログラムの高速計算のための分散並列処理」, 光学, Vol. 29, No. 5, pp. 316–322 (2000).
- [17] 鶴沢偉伸；中山茂；瀧田孝康；村島定行：「楕円曲線法における素因数分解高速化のための分散並列処理実験」, 電気学会論文誌, Vol. 122-C, No. 5, pp. 885–891 (2002).

(2003 年 1 月 10 日受付)

(2003 年 4 月 15 日採録)

A 実験で使用したナップザック問題の詳細なデータ

乱数により生成された品物 500 個分の重量と価値からなるナップザック問題の詳細なデータを、付表 A.1, 付表 A.2 に示す. このデータは、本論文の全実験において共通に使用されたものである.

表 A.1 品物 500 個分の重量と価値からなる問題データ (No.0~No.249)

No.	Weight	Value	No.	Weight	Value	No.	Weight	Value	No.	Weight	Value	No.	Weight	Value
0	487	186	50	355	405	100	178	85	150	290	433	200	30	458
1	188	126	51	477	388	101	84	362	151	195	404	201	165	237
2	87	429	52	361	37	102	344	225	152	427	276	202	329	149
3	226	476	53	49	197	103	378	329	153	133	205	203	469	394
4	120	44	54	138	359	104	425	6	154	451	341	204	437	170
5	443	152	55	46	60	105	179	403	155	53	322	205	136	166
6	493	37	56	463	429	106	411	1	156	242	41	206	230	392
7	373	113	57	163	446	107	336	99	157	159	457	207	281	69
8	93	316	58	295	330	108	80	43	158	181	464	208	243	432
9	499	327	59	427	265	109	229	226	159	463	366	209	139	106
10	253	339	60	469	439	110	394	140	160	113	358	210	458	79
11	233	269	61	449	455	111	281	176	161	485	242	211	418	118
12	353	175	62	7	98	112	402	336	162	252	195	212	71	282
13	479	477	63	286	221	113	251	385	163	265	158	213	56	466
14	199	68	64	438	35	114	389	404	164	168	255	214	478	167
15	420	7	65	173	196	115	81	92	165	163	81	215	281	86
16	391	402	66	212	48	116	11	16	166	448	318	216	298	316
17	227	212	67	321	302	117	184	148	167	213	407	217	333	448
18	338	58	68	271	29	118	366	408	168	470	24	218	492	45
19	357	499	69	209	272	119	402	443	169	485	116	219	359	457
20	470	489	70	168	17	120	450	481	170	91	245	220	286	70
21	383	42	71	421	86	121	348	341	171	334	393	221	259	2
22	84	348	72	255	27	122	119	424	172	386	77	222	183	227
23	467	460	73	380	256	123	268	389	173	316	249	223	458	437
24	477	176	74	93	42	124	112	250	174	184	2	224	339	465
25	389	62	75	421	369	125	280	207	175	124	139	225	14	251
26	335	184	76	340	313	126	356	211	176	398	383	226	209	186
27	127	80	77	207	475	127	454	150	177	98	32	227	493	308
28	268	446	78	498	96	128	67	149	178	266	258	228	365	360
29	122	371	79	423	482	129	95	317	179	10	457	229	67	163
30	125	398	80	359	397	130	454	396	180	219	414	230	13	482
31	50	401	81	31	289	131	47	389	181	150	32	231	128	428
32	204	423	82	45	387	132	44	232	182	162	119	232	51	476
33	457	145	83	448	327	133	22	381	183	486	112	233	340	119
34	244	408	84	445	374	134	484	7	184	85	118	234	228	418
35	255	480	85	403	499	135	137	487	185	465	294	235	121	250
36	14	147	86	226	129	136	216	53	186	136	20	236	121	338
37	438	101	87	38	97	137	112	471	187	416	478	237	359	179
38	22	126	88	124	474	138	417	390	188	153	376	238	483	111
39	61	162	89	418	373	139	385	122	189	262	91	239	264	45
40	304	394	90	31	92	140	78	220	190	182	278	240	282	457
41	328	499	91	256	363	141	295	469	191	170	256	241	251	53
42	133	277	92	178	407	142	127	298	192	61	304	242	155	86
43	83	49	93	216	430	143	32	480	193	106	148	243	107	218
44	158	59	94	15	311	144	207	346	194	426	423	244	54	422
45	187	427	95	137	133	145	1	338	195	189	453	245	80	266
46	479	5	96	311	495	146	361	90	196	333	250	246	359	60
47	233	353	97	436	168	147	227	123	197	423	30	247	434	27
48	86	459	98	11	22	148	4	193	198	244	67	248	245	290
49	66	379	99	125	259	149	323	270	199	30	58	249	267	458

表 A.2 品物 500 個分の重量と価値からなる問題データ (No.250~No.499)

No.	Weight	Value	No.	Weight	Value	No.	Weight	Value	No.	Weight	Value	No.	Weight	Value
250	145	280	300	488	29	350	160	323	400	316	314	450	486	471
251	316	402	301	307	207	351	34	229	401	363	190	451	48	389
252	413	456	302	358	50	352	114	304	402	74	486	452	25	83
253	336	53	303	168	182	353	44	251	403	353	425	453	82	135
254	309	433	304	100	186	354	95	2	404	476	424	454	318	237
255	11	41	305	464	417	355	238	33	405	410	273	455	304	79
256	36	333	306	364	173	356	95	369	406	486	23	456	52	349
257	381	98	307	269	16	357	495	345	407	404	273	457	9	492
258	215	317	308	94	413	358	327	249	408	46	498	458	492	317
259	291	184	309	256	326	359	496	180	409	230	189	459	343	276
260	223	38	310	32	244	360	131	240	410	319	398	460	160	189
261	153	100	311	422	117	361	336	321	411	159	156	461	108	427
262	89	262	312	345	344	362	116	391	412	490	248	462	168	41
263	135	372	313	233	124	363	192	394	413	333	347	463	314	56
264	19	46	314	290	234	364	327	226	414	208	98	464	68	28
265	186	93	315	492	199	365	185	376	415	494	39	465	290	205
266	19	254	316	51	367	366	340	49	416	397	80	466	431	434
267	278	356	317	90	70	367	97	217	417	403	481	467	346	364
268	468	429	318	456	413	368	289	260	418	81	291	468	310	35
269	441	9	319	404	184	369	322	11	419	357	49	469	241	385
270	196	256	320	187	258	370	191	253	420	380	338	470	86	147
271	299	100	321	489	219	371	327	242	421	425	324	471	57	408
272	72	98	322	105	242	372	27	169	422	228	97	472	472	190
273	370	21	323	110	113	373	177	91	423	479	68	473	77	403
274	151	83	324	401	16	374	448	81	424	435	235	474	111	442
275	341	79	325	183	493	375	410	77	425	10	255	475	465	395
276	287	370	326	249	321	376	152	369	426	277	163	476	348	43
277	352	470	327	18	164	377	53	394	427	472	214	477	302	184
278	103	56	328	204	460	378	269	44	428	199	179	478	333	187
279	180	295	329	76	265	379	457	120	429	81	344	479	267	387
280	386	231	330	160	365	380	154	438	430	93	258	480	312	331
281	229	457	331	327	412	381	83	421	431	39	382	481	433	278
282	378	188	332	299	290	382	442	201	432	467	89	482	51	42
283	265	97	333	344	378	383	451	180	433	269	471	483	180	92
284	31	330	334	197	226	384	82	374	434	142	57	484	130	229
285	327	205	335	353	433	385	195	117	435	484	42	485	391	18
286	378	448	336	189	2	386	390	341	436	415	83	486	429	447
287	145	187	337	21	53	387	324	305	437	347	304	487	495	358
288	395	114	338	334	479	388	406	497	438	245	364	488	308	384
289	172	98	339	492	68	389	108	204	439	403	340	489	101	258
290	122	135	340	342	176	390	439	200	440	308	200	490	413	86
291	414	475	341	105	275	391	289	200	441	199	313	491	177	449
292	271	11	342	338	394	392	110	453	442	170	415	492	96	471
293	287	466	343	263	385	393	451	39	443	239	416	493	318	379
294	17	32	344	209	400	394	422	304	444	233	179	494	299	302
295	151	395	345	423	489	395	179	465	445	288	231	495	242	378
296	378	407	346	176	64	396	453	150	446	448	65	496	353	248
297	391	468	347	73	452	397	159	491	447	131	249	497	116	478
298	86	99	348	224	176	398	232	186	448	379	35	498	270	71
299	180	369	349	70	368	399	431	88	449	206	383	499	466	125