

## PSA/GAc の非同期モデルの作成

### 青井 桂子

### 1 先月の進捗状況

NetSolve を用いた PSA/GAc の非同期モデルを作成し、非同期モデルと同期モデルの会探索性能、及び総実行時間を比較することで、非同期モデルの有効性を示した。

### 2 PSA/GAc の非同期モデル

本研究では、GridRPC を用いたタンパク質立体構造予測システムのための PSA/GAc の計算モデルを提案する。NetSolve は RPC を実行する際にオーバーヘッドが生じる。交叉周期ごとに同期をとる PSA/GAc の Master-slave モデルを NetSolve を用いて構築した場合、並列化効率は著しく低下する。提案モデルは Server から 2 個体受信した時点で交叉を行い、交叉後に選択された個体を再び Server に送信する非同期モデルである。以下に非同期モデルの探索手順を示す。

1. Client は全個体を Server に送信する
2. 各 Server は交叉周期  $d$  まで SA を実行する
3. 結果が Client に返され、受信アーカイブに格納する
4. 受信アーカイブに 2 個体以上存在する場合、設計変数間交叉を行う
5. 親と子の 4 個体から評価値の高い 2 個体を送信アーカイブに格納する
6. 送信アーカイブに個体が存在する場合、Client は Server に個体を送信する
7. 終了条件を満たすまで 2 ~ 6 の処理を繰り返す

図 1 に NetSolve を用いた PSA/GAc の同期モデルと非同期モデルの処理の違いを示す。

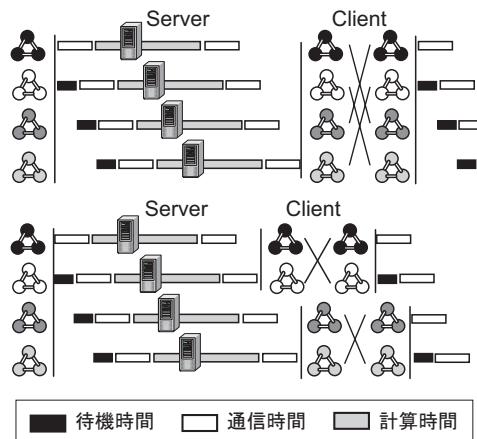


Fig. 1 同期モデルと非同期モデル

Table 1 20 試行の最適解発見回数

Population size	Blocking	Nonblocking
2	0	0
4	4	3
8	8	7
16	9	11

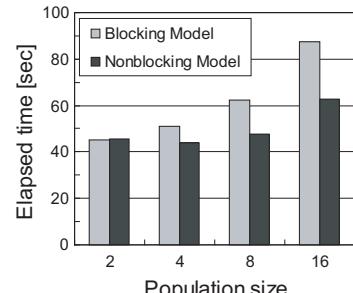


Fig. 2 平均実行時間

PSA/GAc の非同期モデルは通常の PSA/GAc のアルゴリズムとは異なるため、解探索性能も異なる可能性がある。しかし、非同期モデルでは総計算時間が PSA/GAc の個体数によらないため、非均質な Grid 環境に有効であると考えられる。

### 3 数値実験

Grid 環境に最適化システムを構築する際、高速化と解探索性能が求められる。本節では、NetSolve を用いた同期モデルと非同期モデルの総計算時間と最適解発見試行数を比較することにより、2 つのモデルの時間効率と解探索性能を検討する。実験では PSA/GAc の個体数を 2,4,8,16 と変化させ、終了条件は RPC の回数を 個体数  $\times$  15 回とした。また、Cambria Cluster System の 18 ノードを用いた。

表 1 に 20 試行における最適解発見試行数を示す。また、図 3 に各モデルでの 20 試行の平均計算時間を示す。縦軸は時間 (time)、横軸は PSA/GAc の個体数である。

表 1 の実験結果より、2 つのモデルにおける最適解の発見試行数はほぼ同等で、2 つのモデルの解探索性能は同等である。また、図 3 より、2 つのモデルは PSA/GAc の個体数が増えるに従い、1 試行の実行時間が増加している。2 つのモデルを比較した場合、非同期モデルは同期モデルに比べて、短い時間で探索が終了している。2 つの実験結果より、NetSolve を用いた PSA/GAc の非同期モデルの有効性が示された。