

遺伝アルゴリズムによる代数的連結度最大化 Maximizing Algebraic Connectivity by Genetic Algorithm

田尻 紘生[†] 右田 剛史[†] 高橋 規一[†]
Hiroki Tajiri Tsuyoshi Migita Norikazu Takahashi

1 はじめに

センサネットワークや群ロボットなどのネットワークシステムにおける分散計算が注目を集めている。分散計算のためのいくつかのアルゴリズムの挙動は、ネットワークのラプラシアン行列の 2 番目に小さい固有値、すなわち代数的連結度 [1] に依存する。例えば代表的な合意アルゴリズムの収束速度は代数的連結度が大きいほど速い [2]。そのため、辺数や次数などに関する制約の下で代数的連結度を最大にするネットワーク構造を求めることは重要な問題である [3]。

Li らは、与えられたグラフに 1 本の辺を追加して代数的連結度を最大化する問題について考察し、その近似解法として最小次数最大距離 (MDMD: Minimum Degree and Maximum Distance) アルゴリズムを提案した [4]。大まかにいえば、このアルゴリズムは、最小次数の頂点の一つを選び、その頂点から最も遠い頂点の一つを選び、それらの間に辺を追加する。代数的連結度の計算が不要なため MDMD アルゴリズムは他のアルゴリズムに比べて大幅に低い計算コストをもち、しかも高い代数的連結度を達成できることが実験的に示されている [4]。

本稿では、与えられたグラフに指定本数の辺を追加して代数的連結度を最大化する問題について考察し、遺伝アルゴリズム [5] を用いた近似解法を提案する。また、提案法の有効性を検証するため、MDMD アルゴリズムの自然な拡張である逐次 MDMD (SMDMD: Sequential MDMD) アルゴリズムと提案法の比較実験を行う。

2 問題設定

単純無向グラフ (簡単のため以下では単にグラフとよぶ) $G = (V, E)$ が与えられているとする。ただし $V = \{1, 2, \dots, n\}$ は頂点集合で E は辺集合である。グラフ G の隣接行列と次数行列をそれぞれ $A = (a_{ij})$, $D = \text{diag}(d_1, d_2, \dots, d_n)$ とおく。このとき $\{i, j\} \in E$ ならば $a_{ij} = 1$ であり、そうでなければ $a_{ij} = 0$ である。また $d_i = \sum_{j=1}^n a_{ij}$ である。グラフ G のラプラシアン行列 $L = (\ell_{ij}) \in \mathbb{Z}^{n \times n}$ は $L = D - A$ で定義される。 L は半正定値行列なので、その固有値はすべて非負実数である。また、 $L\mathbf{1} = \mathbf{0}$ が成り立つので最小固有値は 0 である。そこで以下では L の固有値を $\lambda_1 (= 0) \leq \lambda_2 \leq \lambda_3 \leq \dots \leq \lambda_n$ と表す。 L の 2 番目に小さい固有値 λ_2 は代数的連結度 [1] とよばれており、この値からグラフの連結性や結びつきの強さを知ることができる。

グラフ $G = (V, E)$ に k 本の辺を追加して得られるグラフの集合 $\mathcal{G}(G, k)$ で表す。このとき本稿で扱う問題は次のように記述される。

問題 1 グラフ $G = (V, E)$ と $1 \leq k \leq |V|(|V| - 1)/2 - |E|$ を満たす整数 k が与えられたとき、 $\mathcal{G}(G, k)$ に属するグラフの中で代数的連結度が最大となるものを求めよ。

[†] 岡山大学大学院自然科学研究科 Graduate School of Natural Science and Technology, Okayama University

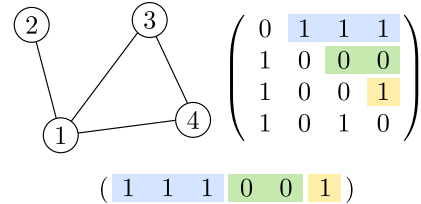


図 1 染色体の表現方法

3 提案アルゴリズム

3.1 概要

問題 1 の近似解を求める遺伝アルゴリズムを提案する。提案アルゴリズムは、グラフの隣接行列の対角要素を含まない上三角部分の行を連結して一つの 0, 1 列を生成し、これをそのグラフの染色体とする (図 1 参照)。また、各染色体の適応度を、それに対応するグラフの代数的連結度で与える。

グラフ $G = (V, E)$ と整数 k が与えられると、提案アルゴリズムは、まず $\mathcal{G}(G, k)$ から M 個のグラフをランダムに選び、それらの染色体の集合 $P(1)$ を生成する。これを第 1 世代の染色体集合とよぶ。次に、第 1 世代の染色体集合に後述の遺伝的操作を行って第 2 世代の染色体集合 $P(2)$ を得る。同様にして世代数が T になるまで染色体集合を遺伝的操作によって更新する。最後に第 T 世代の染色体集合の中で最も高い適応度をもつ染色体に対応するグラフを出力する。

3.2 遺伝的操作

染色体集合 $P(t)$ から $P(t+1)$ を得る際に、提案アルゴリズムは、選択、交叉、突然変異の遺伝的操作をこの順に行う。以下では選択後、交叉後、突然変異後の染色体集合をそれぞれ $P_1(t)$, $P_2(t)$, $P_3(t)$ と表す。

選択では、 $P_1(t)$ を空集合に初期化し、エリート保存とトーナメント選択を用いて染色体を一つずつ $P_1(t)$ に加えていく。まず $P(t)$ の中で適応度の最も高い染色体を $P_1(t)$ に加える。次に、 $P(t)$ から ℓ 個の染色体をランダムに選んでその中から適応度の最も高い染色体を選んで $P_1(t)$ に加える、という操作を $M-1$ 回繰り返す。

交叉では、 $P_1(t)$ にエリート保存とランダム交叉を適用して $P_2(t)$ を生成する。まず $P_2(t)$ を空集合に初期化する。次に選択操作で最初に $P_1(t)$ に加えた染色体を $P_2(t)$ に加える。その後、残りの $M-1$ 個の染色体から $\lfloor (M-1)/2 \rfloor$ 組の対をランダムに作成し、各対に対して確率 $p_c \in (0, 1)$ で 1 点交叉を行い、得られた 2 個の染色体を $P_2(t)$ に加える (交叉を行わない場合は 2 個の染色体をそのまま $P_2(t)$ に加える)。交叉点はランダムに選ぶが、交叉後の染色体における 1 の個数 (辺の本数に相当する) が変わる場合があるので、その場合には交叉前後で 1 の個数が変わらなくなるまで交叉点の一つずつ右にずらす。 M が偶数の場合、対をなさなかった $P_1(t)$ の染色体を $P_2(t)$ に追加する。

突然変異では、 $P_2(t)$ にエリート保存と突然変異を適

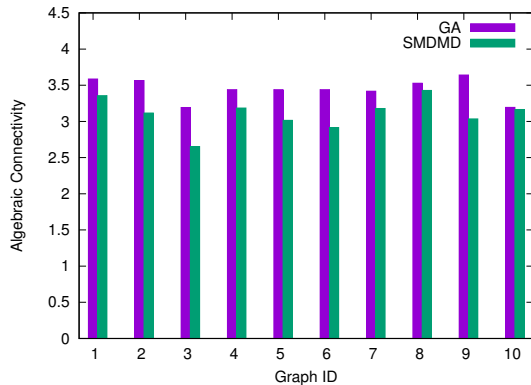


図2 Watts-Strogatz モデルに辺 5 本追加したときの代数的連結度の平均値の比較

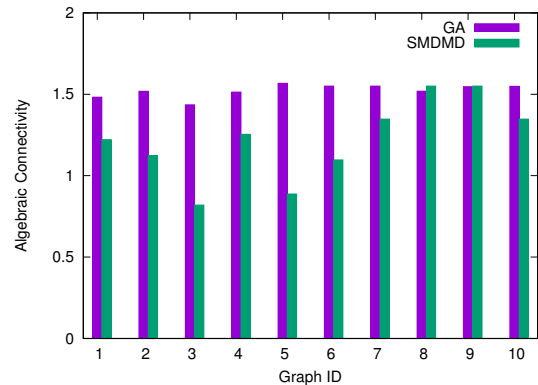


図3 Barabási-Albert モデルに辺 5 本追加したときの代数的連結度の平均値の比較

用して $P_3(t) = P(t+1)$ を生成する。まず $P_3(t)$ を空集合に初期化する。次に交叉操作で最初に $P_2(t)$ に加えた染色体を $P_3(t)$ に加える。その後、残りの $M-1$ の染色体の遺伝子ごとに確率 $p_m \in (0,1)$ で突然変異を行わせて $P_3(t)$ に追加する。突然変異によってある遺伝子が 0 から 1 に反転した場合には、1 の総数が変わらないようにするため、 G の辺に対応しない 1 をランダムに選び 0 に反転させる。また、ある遺伝子が 0 から 1 に反転した場合には 0 となっている遺伝子をランダムに選んで 1 に反転させる。尚、突然変異は各染色体につき最大 2 回まで行わせる。

4 実験的評価

提案アルゴリズムの性能を評価するため、Watts-Strogatz モデル [6] と Barabási-Albert モデル [7] に提案アルゴリズムと SMDMD アルゴリズムを適用する実験を行った。ただし、提案アルゴリズムのパラメータは $T = 200$, $M = 50$, $\ell = 4$, $p_c = 0.8$, $p_m = 0.05$ と設定した。

まず、10 頂点と 20 辺からなる Watts-Strogatz モデルに 5 本の辺を追加して代数的連結度を最大化する問題に二つのアルゴリズムを適用した。10 種類のグラフに対して得られた代数的連結度を図 2 に示す。尚、提案アルゴリズムには確率的な処理が含まれているため各グラフに対して 10 回の試行を行い、その平均値をプロットしている。図 2 より、すべてのグラフで提案アルゴリズムの方が高い代数的連結度を得たことがわかる。次に、10 頂点と 12 辺からなる Barabási-Albert モデルに 5 本の辺を追加して代数的連結度を最大化する問題に二つのアルゴリズムを適用した。10 種類のグラフに対して得られた代数的連結度を図 3 に示す。提案アルゴリズムの代数的連結度は図 2 と同様に 10 回の試行の平均値である。図 3 より、8 個のグラフにおいて提案アルゴリズムの方が高い代数的連結度を得たことがわかる。特に、5 番目のグラフの場合、提案アルゴリズムは SMDMD の約 2 倍の代数的連結度を達成している。このときのグラフを図 4 に示す。SMDMD の方が高い代数的連結度を得た二つのグラフについても差はほとんどないといえる。

5 まとめ

与えられたグラフに指定本数の辺を追加して代数的連結度を最大にする問題を考察し、遺伝アルゴリズムを用いた近似解法を提案した。実験により提案アルゴリズムが SMDMD アルゴリズムより優れていることが示された。しかし、実験では小規模のグラフしか使用していな

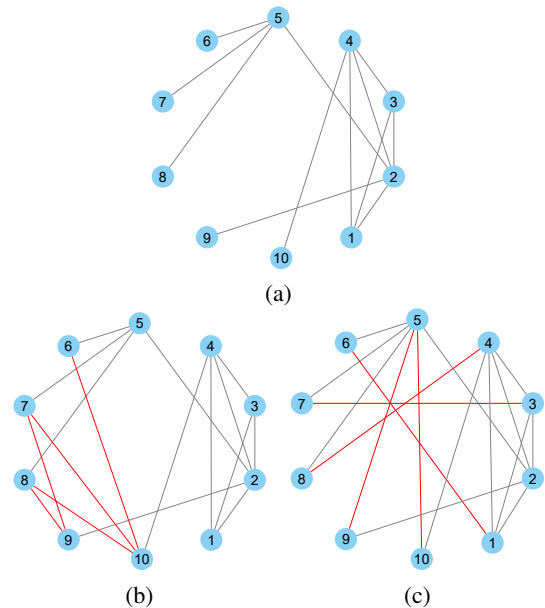


図4 (a) 初期グラフ ($\lambda_2 = 0.2881471$). (b) SMDMD によって得られたグラフ ($\lambda_2 = 0.887342$). (c) 提案法によって得られたグラフ ($\lambda_2 = 1.592531$).

いため、さまざまな種類とサイズのグラフを用いて提案アルゴリズムの性能を評価する必要がある。

参考文献

- [1] M. Fiedler, "Algebraic connectivity of graphs," *Czechoslovak Mathematical Journal*, vol. 23, no. 98, pp. 298–305 (1973).
- [2] R. Olfati-Saber, J. A. Fax, and R. M. Murray, "Consensus and cooperation in networked multi-agent systems," *Proceedings of the IEEE*, vol. 95, no. 1, pp. 215–233 (2007).
- [3] K. Ogiwara, T. Fukami and N. Takahashi, "Maximizing algebraic connectivity in the space of graphs with a fixed number of vertices and edges," *IEEE Transactions on Control of Network Systems*, vol. 4, no. 2, pp. 359–368 (2017).
- [4] G. Li, Z. F. Hao, H. Huang and H. Wei, "Maximizing algebraic connectivity via minimum degree and maximum distance," *IEEE Access*, vol. 6, pp. 41249–41255 (2018).
- [5] 三宮信夫, 喜田一, 玉置久, 岩本貴司, 遺伝アルゴリズムと最適化, 朝倉書店 (1998).
- [6] D. J. Watts and S. H. Strogatz, "Collective dynamics of 'small-world' networks," *Nature*, vol. 393, no. 6684, pp. 440–442 (1998).
- [7] A. L. Barabási and R. Albert, "Emergence of scaling in random networks," *Science*, vol. 286, no. 5439, pp. 509–512 (1999).