

1 はじめに

高次元パリティ符号においてバースト誤り訂正能力は伝送順序によって大きく左右される。そこで従来用いられてきた伝送順序よりバースト誤り耐性の強い伝送順序を探索し、その訂正能力について検討する。

2 高次元パリティ符号

高次元パリティ符号は、水平-垂直パリティ符号に相当する 2 次元パリティ符号をもとに、順次次元拡張することによって、段階的に構成することができる。符号長 m^2 の 2 次元パリティ符号を正方形配列した時の一辺のビット数を「サイズ」と呼び、 m で表す。また、次元を n で表し、サイズ a の n 次元パリティ符号を $nDma$ で表す。

3 適応閾値判定法

本研究は誤り訂正に適応閾値判定法を用いた。 n 次元パリティ符号では各ビットを貫く検査線は n 本あるが、適応閾値判定法は、誤りを検出したパリティ検査線が、符号内の各ビットを何本貫いているかを数値化し、その数値が最大のビットを反転して訂正を行うものである。なお、各パリティ検査線は、単一パリティ検査符号に相当するため、検査線上に 1 個 (または奇数個) の誤りが発生した時のみ、誤りを検出できる。

4 伝送順序

伝送順序は符号語内の各ビットを送り出す順序のことである。従来、高次元パリティ符号では同じ検査線上のビットの伝送時刻をできるだけ離すように斜め方向の伝送順序をとっており、 s 番目に伝送するビットの座標 r_k は次式で与えられていた。

$$r_0 = \left(\sum_{i=0}^{n-1} [s/m^i] \right) \bmod m$$

$$r_{k'} = \left[s/m^{n-(k'+1)} \right] \bmod m$$

$(k' = 1, 2, \dots, n-2, n-1)$

5 伝送順序の探索法

バースト誤り耐性の強い伝送順序を探索する方法として、遺伝アルゴリズム (Genetic Algorithms:GA) の適用を以下に示す。

5.1 遺伝子表現

各個体の特性を表す情報を遺伝子といい、遺伝子の要素が格納される枠を遺伝子座という。個体を表す遺伝子型を 3Dm3 符号を例として示す。3Dm3 符号は 27 ビットで構成されるため、その伝送順番 0 ~ 26 を遺伝子とし、座標を遺伝子座として $(0, 0, 0) = 1, (0, 0, 1) = 23, \dots, (2, 2, 2) = 4$ のように表す。なお 1 つの個体において同じ遺伝子は 2 つ存在しない。

5.2 評価 (適応度)

自然界では環境に対する適応度の高い個体が増殖し、適応度の低い個体は淘汰される。本研究ではバースト誤り耐性の強い伝送順序の探索ということで、実際にバースト中の誤り率 1 (ソリッドバースト) で誤りを入れ適応閾値判定法を用いて訂正を行い、訂正能力を評価として与える。その評価関数を式 (1) に示す。

$$f(s) = x_s \times ADD + \sum_{i=0}^{i < m^n - X_n + 1} B_i \quad (1)$$

ここで x_s はある伝送順序 s においてソリッドバーストをいれたときに、最低でも訂正できるバースト長 (最低訂正可能バースト長) を表す。ADD は最低訂正可能バースト長に重みを付加するための値である。 B_i は i 番目のビットから誤りを入れたとき、何ビットまでソリッドバーストが訂正可能かを表す。また、 B_i の値が最も小さい、つまり訂正できるバースト長が最も短かった部分を最も悪い部分 (複数の場合あり) と呼ぶ。 X_n は次元 n において、訂正できないものが存在する最も小さい誤りの数を表す。一般に誤り訂正符号では最小距離を d_{min} としたとき $d_{min}-1$ 個以下の誤りを訂正できる。高次元パリティ符号は次元が n のとき最小距離は 2^n となる。よって 3 次元の場合 $d_{min} = 8$ となり、誤り 3 個まで訂正可能なので X_n の値は 4 となる。

5.3 選択方法

個体の中で適応度の良いものは増殖し、悪いものは淘汰される。その役割を果たすのが選択である。選択方法はトーナメント選択とエリート保存の組み合わせである。トーナメントサイズは 4 とした。また、その世代で最も適応度の高かった 1 個体を次世代に残す。

5.4 交叉方法

選択された個体間での染色体の組替えにより新しい個体を生成するのが交叉であり、GA では重要な役割を果たす遺伝的オペレーターである。

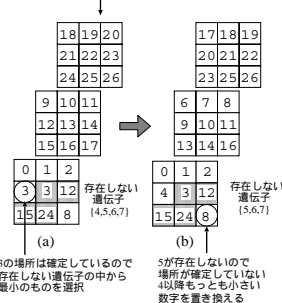
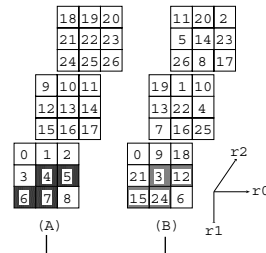


図 2: 交叉手順 1

遺伝子座の遺伝子 3, 12, 15, 24 を入れる。しかし、このままでは別の遺伝子座が同じ遺伝子を持ったり、存在しない遺伝子ができ、伝送順序として成立しない (図 2(a))。 (a) には遺伝子 3 が 2 つ、親 A の最も悪い部分の遺伝子座と最も悪い部分以外の遺伝子座に存在する。このうち、最も悪い部分以外の遺伝子座に遺伝子 4 を入れる (図 2(b))。この結果、存在しない遺伝子は 5, 6, 7 となる。遺伝子 5, 6, 7 が存在しない

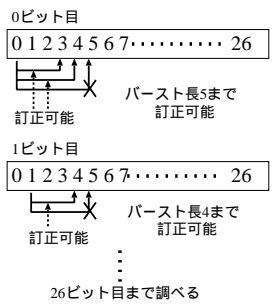


図 1: 適応度の求め方

図 1: 適応度の求め方
ここで x_s はある伝送順序 s においてソリッドバーストをいれたときに、最低でも訂正できるバースト長 (最低訂正可能バースト長) を表す。ADD は最低訂正可能バースト長に重みを付加するための値である。 B_i は i 番目のビットから誤りを入れたとき、何ビットまでソリッドバーストが訂正可能かを表す。また、 B_i の値が最も小さい、つまり訂正できるバースト長が最も短かった部分を最も悪い部分 (複数の場合あり) と呼ぶ。 X_n は次元 n において、訂正できないものが存在する最も小さい誤りの数を表す。一般に誤り訂正符号では最小距離を d_{min} としたとき $d_{min}-1$ 個以下の誤りを訂正できる。高次元パリティ符号は次元が n のとき最小距離は 2^n となる。よって 3 次元の場合 $d_{min} = 8$ となり、誤り 3 個まで訂正可能なので X_n の値は 4 となる。

図 2 の親 A と親 B を用いて子 A' を生成する交叉法を示す。親 A の 4 ~ 7 (色つき) が最も悪い部分だとする。親 A の 4 ~ 7 の遺伝子を持つ遺伝子座は、親 B では 3, 12, 15, 24 という遺伝子を持つ。そこで親 A の 4 ~ 7 の遺伝子を持っていた遺伝子座に、親 B の同じ

図 3: 交叉手順 2

いので遺伝子 4 以降で存在する遺伝子は 8 である．そこで遺伝子 8 の遺伝子座に，遺伝子 5 を入れる (図 3(c))．この結果存在しない遺伝子は 6, 7, 8 となる．この操作を繰り返すことで伝送順序が得られる (図 3 子 A')．この方法は伝送順序をできる限り崩さないようになっている．親 A の遺伝子 9 ~ 14 が入っている遺伝子座を見ると，子 A' の同じ遺伝子座に 6 ~ 11 が順に連続で入っており，誤りの入り方に変化がない．

5.5 突然変異

突然変異は，個体群の多様性を維持する働きをする．任意の 2 つの遺伝子座を選択し，その遺伝子座の遺伝子同士を入れ換える．

5.6 近傍探索

GA は大域的探索を得意とする一方で局所探索が不得手である．そこで GA と近傍探索を組み合わせた遺伝的局所探索法を用いる．近傍探索の方法を示す．

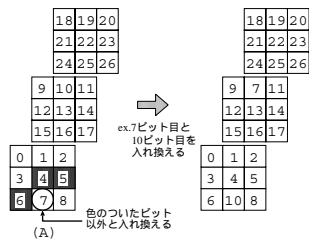


図 4: 近傍探索方法

図 4 の親 A について，子 A' を生成する．親 A において最も悪い部分が 4 ~ 7 ビット目の部分とする．このとき遺伝子 7 を 4 ~ 6 以外の遺伝子と入れ換える．この方法は遺伝子 7 と遺伝子 4 ~ 6 以外の遺伝子と入れ換えを

行った場合，仮に遺伝子 7 がまた訂正できないような遺伝子座に入った場合でも，元々 4 ~ 7 ビット目は誤り訂正ができなかったため，最低訂正可能バースト長が短くなることは少ない．

6 探索結果と訂正能力の比較

実際に 3Dm3, 3Dm4, 3Dm5 符号について探索した結果を示す．探索を行う上で，世代数 1000，個体数 100，交叉率 0.7，突然変異率を 0.005 とし，式 (1) の ADD の値は 1 と 100 のときで実験した．また世代ごとに親個体との入れ換えは総入れ換えし，交叉後得られた個体の適応度を求め，近傍探索を行い 1 世代とする．

6.1 従来の伝送順序の能力

従来の伝送順序について ADD の値を 1 と 100 としたときの適応度と最低訂正可能バースト長を表 6.1 に示す．この結果，3Dm3 符号においてバースト長が 6 以上のときも訂正可能な伝送順序，同様に 3Dm4 符号ではバースト長 7，3Dm5 符号ではバースト長 9 以上のときも訂正可能な伝送順序を探索する．

表 6.1: 従来の伝送順序の適応度と訂正能力

符号	ADD = 1	ADD = 100	バースト長
3Dm3	164	659	5
3Dm4	503	1097	6
3Dm5	1226	2018	8

6.2 GA を用いた探索結果と考察

3Dm3 符号から 3Dm5 符号において探索を行った．最も良かった結果を表 6.2 に，また，3Dm5 符号において，探索過程における適応度の変化などを示したものを図 5 と図 6 に示す．図の横軸が世代を，左側の縦軸が適応度を，右側の縦軸が最低訂正可能バースト長を表している．点線のグラフがその世代で最良な個体の適応度を，実線がその世代の適応度の平均を表している．また，破線のグラフが，最良の個体の最低訂正可能バースト長を表し右側の縦軸に対応する．また，図 7 は 3Dm5 符号で最も良い伝送順序である．

表 6.1 と表 6.2 を比較すると，全ての符号において，従来の伝送順序より最低訂正可能バースト長が長い伝送順序が見つかった．

表 6.2: 探索した伝送順序の適応度と訂正能力

符号	ADD = 1	ADD = 100	バースト長
3Dm3	217	791	7
3Dm4	665	1429	8
3Dm5	1624	2721	11

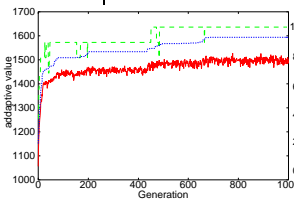


図 5: 3Dm5, ADD = 1

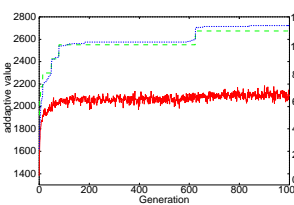


図 6: 3Dm5, ADD = 100

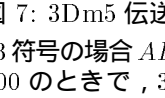
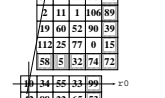
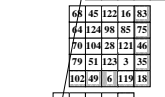
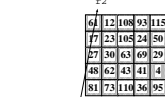


図 7: 3Dm5 伝送順序

良い結果が得られたのは，3Dm3 符号の場合 ADD = 1, 3Dm5 符号の場合 ADD = 100 のときで，3Dm4 符号では最低訂正可能バースト長はどちらも同じだった．このような結果が得られた理由を図 8 の 2 つの個体で考える．A はどのビットにおいても最低バースト長 5 まで訂正可能で，どの部分も良く訂正できる例，B は 0 ビット目からはバースト長 4 までしか訂正できないが，1 ビット目以降はバースト長が 7 以上まで訂正可能な，訂正能力の良い部分と悪い部分のはっきりしている例である．

ADD = 100 の場合，A は最低訂正可能バースト長が 5 なので，式 (1) の $x_s = 5$ ，B では $x_s = 4$ となるため A の方が適応度が高い．ADD = 1 の場合，最低訂正可能バースト長に重みがほとんどないため，B の個体の方が適応度が高くなる．3Dm3 符号のよう

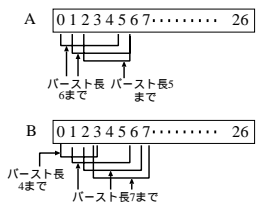


図 8: 個体 A, B

に符号サイズが小さい場合，誤りの入り方が少なく悪い部分も少ないため，B のように 0 ビット目からの誤りの入り方が改善されれば，良い個体となる場合が多い．このため B のような個体を選ばれるように ADD = 1 とした方がよい．

しかし，3Dm5 符号のように符号サイズが大きくなると，誤りの入り方が多くなり，訂正能力の良い部分と悪い部分が増える可能性が高くなる．このため悪い部分を改善するのに時間がかかる．ADD = 100 とした場合，A のように最低訂正可能バースト長がある程度保証された伝送順序が選択される．少ない探索で良い解を得るためには，符号サイズが小さいときは ADD = 1 とし，符号サイズが大きいときは ADD = 100 とし重みを与えた方がよい．

7 まとめ

本研究で 3Dm3 符号から 3Dm5 符号について遺伝的局所探索法で伝送順序の探索を行った．今後の課題として，次元を大きくした場合の結果や，より良い交叉法を考える必要がある．