



Title	ニューラルネットワークと遺伝的アルゴリズムにおける並列処理アーキテクチャーに関する研究
Author(s)	藤本, 好司
Citation	大阪大学, 1993, 博士論文
Version Type	
URL	https://hdl.handle.net/11094/38670
rights	
Note	著者からインターネット公開の許諾が得られていないため、論文の要旨のみを公開しています。全文のご利用をご希望の場合は、 https://www.library.osaka-u.ac.jp/thesis/#closed 大阪大学の博士論文について

The University of Osaka Institutional Knowledge Archive : OUKA

<https://ir.library.osaka-u.ac.jp/>

The University of Osaka

氏名	藤本好司		
ふじ	もと	よし	じ
博士の専攻分野の名称	博士(工学)		
学位記番号	第 10973 号		
学位授与年月日	平成 5 年 11 月 24 日		
学位授与の要件	学位規則第 4 条第 2 項該当		
学位論文名	ニューラルネットワークと遺伝的アルゴリズムにおける 並列処理アーキテクチャーに関する研究		
論文審査委員	(主査) 教授 都倉 信樹		
	(副査) 教授 嵩 忠雄 教授 橋本 昭洋 教授 北橋 忠宏		

論文内容の要旨

本論文は、ニューラルネットワークと遺伝的アルゴリズムにおける並列処理アーキテクチャーに関する研究の成果をまとめたもので、次の4章から構成されており、その内容は以下の通りである。

第1章では、本研究の社会的背景、生体の並列情報処理に関する研究動向、応用分野について概説し、本研究の目的と工学的意義について述べている。

第2章では、大規模なニューラルネットワークを高速にシミュレートするためのニューロコンピュータの並列処理アーキテクチャーを提案する。まず、神経回路網の一般化モデルを定義し、神経細胞とシナプスを機能的に分離し、神経細胞には仮想的なセル・プロセッサーを、シナプスには仮想的なシナプス・プロセッサーを対応付ける。そして、一般化神経回路網を仮想プロセッサーの格子状円環体接続および格子状平面接続の2つのアーキテクチャーに展開する。格子状円環体接続は仮想プロセッサー間を1方向の通信チャンネルによって接続し、各行、列はループ状に接続されて円環体を形成する。格子状平面接続では仮想プロセッサー間を2方向の通信チャンネルによって接続し、各行、列の両端はオープンになっており平面を形成する。そして、多層ペーセプトロンのバック・プロパゲーションによる学習をこれらの仮想プロセッサー上で実行する方法について述べる。

次に、格子状円環体接続および格子状平面接続の仮想プロセッサーマトリックスを行および列方向に分割し、各矩形領域を実プロセッサーに割り付ける。仮想プロセッサーの接続関係を保持するために、実プロセッサーの接続もそれぞれ格子状円環体接続および格子状平面接続を持つことになる。格子状円環体接続および格子状平面接続のノード・プロセッサー（実プロセッサー）上での多層ペーセプトロンのシミュレーションについて述べる。ここで、ノード・プロセッサー内の計算とノード・プロセッサー間の通信処理が同時に行われ、並列処理のオーバーヘッドを無視することができる。

さらに、並列処理で重要な各ノード・プロセッサー間の負荷バランスを実現する方法を示す。仮想プロセッサーのマトリックスの規則的な矩形領域に着目しそれを細分化して各ノード・プロセッサーに配分する方法で、各プロセッサーに計算負荷をほぼ均等に配分することができる。付録Aではこの負荷配分の一般化アルゴリズムを示す。付録

Bでは、負荷バランスのとれた並列処理ニューロコンピュータの性能を推定し、ほぼノード・プロセッサーの台数に比例した性能が得られることを示す。

最後に、格子状円環体接続の並列処理アーキテクチャーを持ったニューロコンピュータを16台のトランスピュータによって実現する。そして、ホップフィールド・ネットワークおよび多層パーセプトロンをインプリメントし、巡回セールスマン問題の探索および恒等写像の学習を実行している。ノード・プロセッサーの台数を変えた場合の性能を測定し、ほぼ、実プロセッサーの台数に比例した性能が得られることを確認している。

第3章では、3つの新しい遺伝的アルゴリズム、すなはち、「戦略的淘汰を用いた遺伝的アルゴリズム：GAUSS」、「分岐型遺伝的アルゴリズム：Forking GA」、「相補的遺伝アルゴリズム：Complementary GA」を提案している。

まず最初に、遺伝的アルゴリズムと最適化手法との関係、遺伝的アルゴリズムの歴史、遺伝的アルゴリズムの手順、遺伝的アルゴリズムの基礎であるスキーマ理論について述べ、遺伝的アルゴリズムの問題点を明らかにする。遺伝的アルゴリズムの問題点として、多峰性評価関数における未成熟収束の問題および遺伝的アルゴリズムの弱点であるだまし関数の問題について述べ、これらの問題を解決することを目標に上記3つの遺伝的アルゴリズムを提案している。

戦略的淘汰を用いた遺伝的アルゴリズム：GAUSS では個体間のハミング距離に基づくダイナミックな淘汰戦略を提案し、個体群の多様性を維持しつつ安定した収束特性を得ることを目的としている。この方式を実数空間の探索問題および巡回セールスマン問題に適用し、他の方式との比較実験によってその有効性を確認している。

分岐型遺伝的アルゴリズム：Forking GA では収束過程における安定スキーマを抽出し、安定スキーマによって定義される部分探索空間とそれ以外の探索空間に対応して子個体群と親個体群に分岐させ、各々対応する探索空間を探索する。その結果、子個体群には収束性を、親個体群には多様性を効果的に発揮することができる。多峰性評価関数を持つ典型的な問題である FM 音源のパラメータ決定問題と 30 都市の巡回セールスマン問題について実験を行い、本方式の有効性を確認している。

相補的遺伝アルゴリズム：Complementary GA では、探索空間として原空間と同じ評価関数を持つ補空間を定義し、これを原空間に追加し探索を行うもので、収束時の交差オペレーションによる探索能力、すなわち、個体群の多様性を発揮させることを目的にしている。本方式はだまし評価関数に対する効果が期待され、実数空間の探索問題および高次元のだまし評価関数に適用して実験を行っている。結果として、本方式は実数空間のコーディングに対する依存性がほとんどないこととだまし評価関数に対して効果があることを確かめている。

最後に、遺伝的アルゴリズムの並列処理アーキテクチャーについて考察し、遺伝的アルゴリズムが本来持っている並列性を実現するための並列処理アーキテクチャーを示し、これにより遺伝的アルゴリズムが強力な最適化ツールになりうることを示唆する。さらに、ニューロコンピューティングのための並列処理アーキテクチャーとの共通化の可能性を提示する。

第4章では、本研究で得られた主な研究成果をまとめ、今後に残された課題について述べる。

論文審査の結果の要旨

本論文は大規模なニューラルネットワークを高速にシミュレートするニューロコンピュータのための並列処理アルゴリズムと最適化手法としての新しい遺伝アルゴリズムの研究をまとめたもので、次のような成果を得ている。

(1) ニューロコンピュータの並列処理アーキテクチャ

大規模なニューラルネットワークを高速にシミュレートするニューロコンピュータのための並列処理アーキテクチャとして格子状円環体接続および格子状平面接続のアーキテクチャを提案し、これによってノード・プロセッサーの台数にほぼ比例する性能を得ている。一般的な並列処理においてはプロセッサ間の情報伝達処理や同期処理などのオーバーヘッドのために並列処理システムの性能は大体プロセッサの台数の平方根で劣化するのが常識とされているが、本並列処理アーキテクチャでは、ほぼ理想に近い形の性能が得られることを性能推定式およびトラン

スピュータを使った実際のシステムで実証している。これは下記のユニークなアイデアが効果をあげている。

- a) 一般化ニューロンモデルにおいて神経細胞の機能を細胞体とシナプスの機能に分離することにより、3次元的なニューラルネットワークの接続グラフを平面的で規則的な接続の並列プロセッサにマッピングすることを可能にしている。
- b) 仮想プロセッサーのアーキテクチャにおいて演算の中心となるセル・プロセッサーを格子接続の対角線上に配置することによりニューロンの入力から出力方向への計算と出力から入力方向への計算を連続的に実行することができる。これによりオーバーヘッドの発生を防いでいる。
- c) 仮想プロセッサーのマトリックスを各ノードプロセッサーに割り当てる際にノード・プロセッサーの負荷が均等になるように割り当てるアルゴリズムを提案し、これによって負荷の不均衡によって発生するボトルネックをなくしている。

(2) 遺伝的アルゴリズムの研究

遺伝的アルゴリズムには未成熟収束の問題とだまし評価関数の基本的問題があるが、これらの問題点を解決するために3つの新しい遺伝的アルゴリズムを提案し、その効果をシミュレーションによって確認している。以下に各遺伝的アルゴリズムの成果を示す。

a) 戦略的淘汰を用いた遺伝的アルゴリズム：GAUSS

GAUSSでは各個体を表わすビット系列間のハミング距離によって生存確率を決めるもので、収束時に類似の個体が多数発生することを防止し、個体群の多様性を保持している。本方式の効果をDeJongの関数および巡回セールスマン問題に適用することにより実証している。

b) 分岐型遺伝的アルゴリズム：Forking GA

本アルゴリズムでは個体群が収束するに伴って形成される安定したスキーマを抽出し、この安定スキーマによって定義される部分探索空間を探索する子個体群(縮退モード)とそれ以外の探索空間を探索する親個体群(ブロックモード)に分岐する。これにより子個体群では探索空間を限定することにより収束性能を向上させ、親個体群では局所的最適解を避けることにより多様性を維持することができる。本方式の効果をFM音源の近似問題および巡回セールスマン問題に適用することにより確認している。

c) 相補的遺伝アルゴリズム：complementary GA

本アルゴリズムは探索空間に補空間を導入し、原空間に存在する個体の数と補空間に存在する個体の数を補転操作によってバランスさせることにより、収束時にも原空間の個体と補空間の個体との交差によって新しい個体を生成でき、個体群の多様性を維持することができる。DeJongの関数およびだまし評価関数で本方式をテストした結果、パラメータのコーディング法に依存しないこととだまし評価関数に対して効果があることが示せた。

以上のように、本論文の研究成果はニューロコンピュータの並列処理アーキテクチャに貢献するところ大であり、また、最適化手法としての遺伝的アルゴリズムの進展に貢献するところが多い。よって、本論文は博士論文として価値あるものと認める。