

遺伝的アルゴリズムを用いたホップフィールド型

4D-2 ニューラルネットワークの設計

小西宏和, 有田隆也, 曾和将容

名古屋工業大学

1. はじめに

組合せ問題を解く相互結合型ニューラルネットワークであるホップフィールドマシンを人の手により解析的に設計することは非常に困難である。そこで、この設計の部分に遺伝的アルゴリズムを導入し自動化することによって、その困難さの除去を目指す。テスト問題として巡回セールスマン問題を採用し、この問題を解くホップフィールド型ニューラルネットワークの設計を行なうことにより、その原理を示す。

2. 基本方針

相互結合型ネットワークのモデルである、ホップフィールドマシン、その拡張版であるボルツマンマシンによる、組合せ最適化問題の解法が近似解を得る手法として有用であることが知られている。

しかしそのためには、ネットワークが解くことのできるように、解くべき元問題の持つ制約条件を制約条件のない問題に変換する必要がある。この変換方法について、完全な解析的手法はまだ確立されていない。

そこで本稿では、遺伝的アルゴリズムによりホップフィールド型ネットワークの構造自体を発見するシステムを提案する。このシステムでは、最適化問題の大域的最適解を見つけ出すように、ネットワークの構造を改良していく。これは、相吉らのメタ最適化^[1]の概念をさらに発展させたものである。この概念では、遺伝的アルゴリズムをメタアルゴリズム、ホップフィールドマシンの局所最適化アルゴリズムをオブジェクトアルゴリズムと捉える。このメタアルゴリズムによってオブジェクトアルゴリズムを最適化するのである。

また、ホップフィールドマシンによる解探索では局所最適解に陥りやすいが、遺伝的アルゴリズムは、複数探索点を用いて探索を行なうので、局所最適解に比較的大域的な探索手法である。その反面、探索点の周辺にさらに最適解が存在しても、ホップフィールドマシンの解探索法のように見つけ出すことはできない。このような欠点を克服するために、遺伝的アルゴリズムとホップフィールドマシンとをメタアルゴリズムとオブジェクトアルゴリズムという構造で結び付けることにより、互いに補完しあうような計算システムの実現を目指している。

加えて、直接最適化問題を遺伝的アルゴリズムを用いて解く場合では、問題空間において大域最適解という一般的に唯一点であるような極めて狭い解領域に遺

伝的アルゴリズムの個体を絞り込む必要があり、これには遺伝的オペレータなどに問題別に極めて特殊な改良を加えないと、かなりの計算時間を要するものと考えられる。それに対し、本稿のアプローチでは、遺伝的アルゴリズムが最適化するネットワークの構造は最終的に求める組合せ問題の解に対して一意ではないと考えられるので、ある程度大きな広がりをもつ領域を形成していると思われる。よって、比較的少ない試行回数で遺伝的アルゴリズムの個体がこの領域に落ち込むことができ、大幅な計算時間の短縮が可能であると期待される。

以上のような動機に基づいて、遺伝的アルゴリズムを用いてホップフィールド型ネットワークの設計を行なうことを試みる。

3. 遺伝的アルゴリズムによる設計システム

このシステムを図1に示す。組合せ問題を解く処理を行なうホップフィールドマシンの出力値に基づいて遺伝的アルゴリズムの適応度を計算し、それをもとにして遺伝的オペレータを施している。

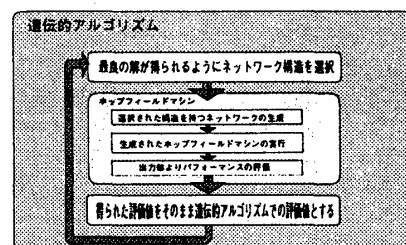


図1. 遺伝的アルゴリズムによるネットワーク設計システム

設計のテスト問題として、5都市の巡回セールスマン問題を用いる。また今回用いたホップフィールドマシンは内部状態に基づき'0'か'1'の2値出力をするものであるとし、各ニューロンはマトリクス状に配置され、縦方向を都市番号、横方向を巡回順序を表わすとした。

適応度の計算
使用した遺伝的アルゴリズムは Nicol N. Schraudolph の開発した GAucsdl 1.2^[2]をベースにしている。

遺伝的アルゴリズムの適応度はこのマトリクスのパターンとして出力されるホップフィールドマシンの出力をもとに計算される。マトリクスの縦方向、あるいは横方向で2つ以上の'1'出力があるということは、同じ都市を複数回あるいは同時に同じ都市を回することを

意味し、解として意味の無いものである。このような出力をするものは、高いオフセット値 (1.0×10^5 以上の定数) を与え、自然淘汰がすみやかに消去されるようにする。そしてこのような出力をしない、つまり一巡する順路を出力するネットワークに対しては、経路の距離の2乗和を適応度とした。これにより経路が短いものほど適応度は高くなる。

遺伝子表現と遺伝的オペレータ

遺伝子表現は図2で示すように、接続行列の形で与えられるネットワーク構造の情報を線形に並べたものを使用した。交叉には、この情報列でニューロンユニットひとつの情報に対応するものを単位として2点交叉するものを採用した。これにより良質の形質をもつ構造が継承され易くなるであろうと考えたからである。これは G.F.Miller^[3] らが階層型ネットワークの設計で使

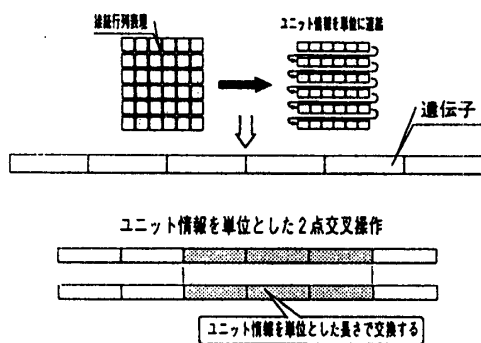


図2. 遺伝子表現と交叉操作

4. 巡回セールスマン問題への適用

以上のような適用方法でニューラルネットワークの設計を行なった結果を図3に示す。縦軸が適応度を表わし、低い値ほど適応度は高いとする。横軸が試行回数である世代数である。生物集団は100、交叉確率0.0197、突然変異確率0.001としている。同図に示すように、最適解が18世代目で得られている。得られた最適解は事前に解析的に導出した大域的最適解と同じものであり、このシステムで設計の自動化が可能であることが分かった。

一方、生物集団が同じ100で交叉確率を零にしたランダム探索相当の場合では、200世代を経ても順路を出力するような解は得られていなかった。これは、遺伝的アルゴリズムにおける交叉の重要性を示していると考えられる。

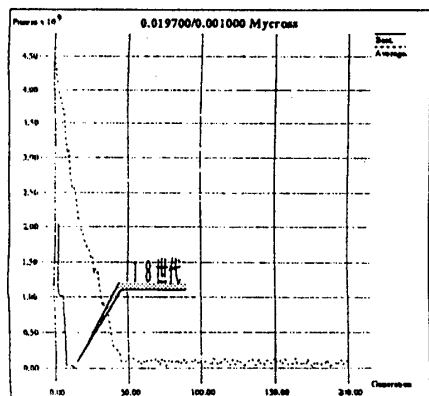


図3. 実行結果

次に、今回使用した交叉操作の能力を評価するために、遺伝子列の任意長で2点交叉を行なった場合の結果を図4に示す。大域的最適解の獲得に26世代かかっている。この最適解の獲得の計算時間だけでなく、集団全体の収束性からみても、明らかに今回採用した交叉操作のほうが形質の継承性に優れていることが分かった。

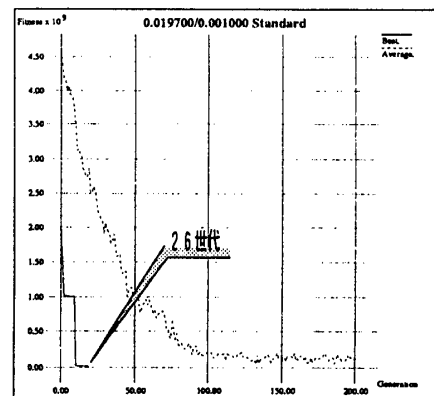


図4. 任意長で2点交叉した場合の実行結果

5. おわりに

本稿では、組合せ問題を解く処理を行なうホップフィールドマシンの出力値に基づいて遺伝的アルゴリズムの適応度を計算し、ネットワーク構造自体を最適化することにより設計を行なうシステムの枠組みを示した。その原理を示すために、巡回セールスマン問題を解くホップフィールド型ネットワークを例にして、設計を行なった。

その結果、大域的最適解の出力するネットワークの構造を18世代程度の試行回数で発見することが示された。一方、交叉のないランダム探索相当の探索方法では解として意味のあるネットワークの構造を発見できなかった。

これらのことから、この計算システムが設計の自動生成を可能としていることが分かった。

加えて、交叉の重要性も示された。特に、良質な形質を継承しやすくなると考え導入した交叉が、単純な交叉より優れていることが分かった。

今後は、この設計システムにより生成されたネットワークの構造と従来の設計手法によるものとを、比較することを考えている。

参考文献

- [1] 相吉英太郎, 三室徳見: 大域的最適化のためのメタ最適化問題と遺伝的アルゴリズムによる解法, 計測自動制御学会論文集, Vol.28, pp.999-1996(1992).
- [2] Nicol N. Schraudolph: A User's Guide to GAUCSD 1.2, Computer Science & Engineering Department University of California(1991).
- [3] Geoffrey F. Miller, Peter M. Todd and Shailesh U. Hegde: Designing Neural Networks using Genetic Algorithms, Proceedings of the Third International Conference on Genetic Algorithms, pp.379-384(1989).