

ウイルス感染を用いた遺伝的アルゴリズムによる ニューラルネットワークの学習

佐藤 始[†] 狩野 均^{††}

本論文では、ウイルス感染を用いた遺伝的アルゴリズムによるニューラルネットワークの学習方法を提案する。GA では個体集団全体での多様性を維持する方法の 1 つとして、集団を複数の部分集団に分ける島モデルが提案されている。島モデルでは部分集団間の遺伝情報の交換を、個体を移住させることで行っている。しかし、移住の間隔が短すぎれば、集団を分けない場合と差がなくなってしまふ。逆に、移住の間隔が長すぎると進化が遅くなるという問題点がある。そこで、本論文では遺伝情報の一部をウイルスとして抽出し、それをほかの部分集団の個体に感染させることで遺伝情報の交換を行う。各部分集団の適応度の高い個体から抽出したウイルスを、ウイルス集団として保持し、ウイルスの適応度に応じて感染力を変えることで効率的なウイルス感染を行う。また、論理式、5 ビットパリティ問題、3 ビット 2 進カウント問題に対して本手法と従来手法を比較し、本手法の有効性を示す。

Learning of Neural Networks by Genetic Algorithms Adopting Viral Infection

HAJIME SATO[†] and HITOSHI KANO^{††}

In this paper, we propose a learning method of neural networks by genetic algorithms (GA) adopting viral infection. In GA, the island model that divides a population into some partial populations is proposed as one of the methods which maintaining diversity in the whole population. At the island model, emigrating an individual performs the exchange of genetic codes between partial populations. However, if the interval of migration is too short, the difference from the case where a group is not divided will be lost. On the contrary, when the interval of migration is too long, there is a problem that evolution becomes slow. In this paper, a part of genetic code is extracted as a virus, and genetic codes are exchanged by infecting it with other partial population's individual. The viruses extracted from the individual with high fitness in each partial population is held as a population of viruses, and efficient viral infection is performed by changing infection power according to the degree of the virus's fitness. This technique is compared with conventional techniques to logic formula, 5-bit parity problem, and 3-bit binary digit count problem, and the effectiveness of this technique is shown.

1. はじめに

全探索が現実的に不可能な問題などに対し、高速に準最適解を探索する解法の 1 つとして遺伝的アルゴリズム¹⁾ (Genetic Algorithms: GA) があげられる。GA はダーウィンの進化論に基づく、自然淘汰をモデル化した確率的探索手法であり、主な特徴は多点探索による大域的な探索能力にある。これにより、解空間が多峰性を持つような場合でも局所最適解に陥る危険

性が低減する。しかし、個体集団全体が一様になってしまえば、一般的に局所最適解に陥る危険性が増すと考えられている。

集団全体が一様になるのを防ぐ方法の 1 つとして、個体集団をいくつかの独立した部分集団に分ける島モデルが提案されている²⁾。このモデルでは各部分集団間で、個体そのものを交換する“移住”という方法で遺伝情報の交換が行われる。このモデルの利点は集団全体の多様性の維持だけではなく、計算の並列化が容易であるという点であり、各計算機間で行う移住操作は、評価などの遺伝的演算に比べ計算量が少ないため大きな効果が期待できる。しかし、移住操作を行う間隔を短くすると集団全体での多様性が維持しにくく、集団を 1 つにした場合と差がなくなってしまう。逆に、移住の間隔を長くしすぎると進化に遅延が生じるとい

[†] 筑波大学大学院理工学研究科

Graduate School of Sciences and Engineering, University of Tsukuba

^{††} 筑波大学電子・情報工学系

Institute of Information Sciences and Electronics, University of Tsukuba

う問題点がある。

そこで、本論文では GA によるニューラルネットワーク (Neural Networks: NN) の学習を対象として、上記の問題を解決するため移住操作のかわりにウイルス感染操作を用いる方法を提案する。移住が個体そのものを対象としているのに対し、ウイルス感染は個体の遺伝情報の一部のみを対象としている。

ウイルス感染を用いた GA はすでに提案されている^{3)~7)}。したがって本論文の主題は、NN の学習に対する有効なウイルスの生成方法と感染のアルゴリズムの提案、ならびにその有効性の検証である。

本手法では、個体集団を複数の島に分けることで集団全体が一様になるのを防ぐ。また、各島の間での遺伝情報の交換は、適応度の高い個体の遺伝情報の一部をウイルスとして抽出し、これをほかの島の個体へと感染させることで行う。また、ウイルスにも適応度を持たせ、複数のウイルスからなるウイルス集団を生成する。そして、ウイルスの適応度に応じて感染力を変えることで効率良くウイルスを感染させる。これにより、探索能力の向上を図るものである。

以下では、まず研究分野の概要を述べる。次に、提案する手法の詳細なアルゴリズムを示す。最後に、3つのテスト問題に対する従来手法との比較実験結果から、本手法の有効性を示す。

2. 研究分野の概要

2.1 問題の概要

NN は各ニューロンに結合している係数の重みを変えることで、様々な問題を解くことが可能である。本研究では、3層のフィードフォワード型の NN を対象とする。NN のそれぞれの結合係数を、各遺伝子座に実数値として格納することで染色体上にコード化する。

コード化方法を図 1 に示す。ただし、各記号はつぎのとおりである。

u_{ij} : 入力ニューロン i から
中間ニューロン j への結合係数

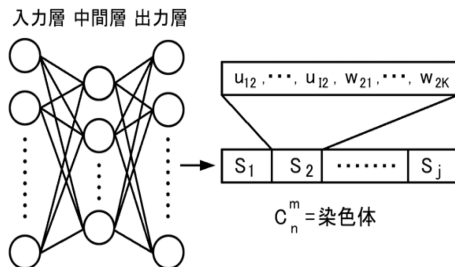


図 1 コード化
Fig. 1 Coding.

w_{jk} : 中間ニューロン j から

出力ニューロン k への結合係数

S_j : 中間ニューロン j の結合係数の組

$= \{u_{ij}, w_{jk} | i = 1, \dots, I, k = 1, \dots, K\}$

c_n^m : 島 m の n 番目の個体 (島については 2.3 節参照)

I, J, K : 入力, 中間, 出力層のニューロン数

M, N, C : 島数, 島の個体数, 全体の個体数 $= (M \times N)$

また個体の適応度は、出力の値と教師信号の値との 2 乗和誤差を評価する (式 (1))。

$$fit = 1.0 - \left(\sum_{d=1}^D \sum_{k=1}^K (t_k^d - o_k^d)^2 \right) \div (D \times K) \quad (1)$$

ただし、各記号は次のとおりである。

fit = 適応度

D = 学習データの数

K = 出力層のニューロン数

t_k^d = d 番目の入力データに対する

k 番目の出力ニューロンの教師信号の値

o_k^d = d 番目の入力データに対する

k 番目の出力ニューロンの出力値

2.2 関連研究

GA で NN の学習を行った例としては、NN の最適な構造を GA で獲得する方法や、構造と重みを同時に進化させる方法が多い^{8)~10)}。また、中間層のニューロンごとに小集団を形成し、これらのニューロンを組み合わせた NN を評価するという方法もある¹¹⁾。これらの方法では構造の最適化は GA で行うものの、NN の重みの学習は誤差逆伝播法 (Back Propagation: BP) などの局所探索手法で行っている。

BP による NN の学習は局所最適解に陥りやすいため、問題が多峰性をおびている場合、GA による NN の学習は大きな効果が期待できる。河内らは二倍体遺伝と島モデルを併用した GA による、NN の最適な構造の獲得と学習を同時に行う方法を提案している¹²⁾。1つの個体に対し、2本分の染色体を持たせる二倍体と、島モデルにより集団の多様性を保ち、従来手法よりも高い確率で最適解を得られたことを示している。

また、Yang らは NN のベンチマーク問題の中でも困難な問題である TSP (Two Spiral Problem) に対して、MGG¹³⁾ (Minimal Generation Gap) を改良した手法である FCEA (Family Competitive Evolutionary Algorithms) を提案している¹⁴⁾。この手法は、すべての個体が少なくとも 1 度は親に選ばれるもので、多様性の維持に優れ幅広い探索をすることができると。Yang らは、FCEA が TSP を安定して解けると

いうことを確認している．しかし，幅広く探索を行う分 BP や Simple GA (SGA) などに比べ探索にかかる計算量が多いという欠点があると考えられる．

2.3 従来手法とその問題点

並列 GA には，個体の評価の際に複数のプロセッサを割り当てることで計算を高速化させる global master-slave モデルや，近傍の個体のみで小集団を形成する cellular モデル，複数の独立した部分集団に分ける島モデル，また，それらを組み合わせた hierarchical モデルなどがある¹⁵⁾．

本論文では島モデルを対象とする．選択，交叉，突然変異などの遺伝的演算を島ごとで独立に行うことで，集団全体での多様性を維持することができる．島モデルを用いた GA の研究としては，移住のタイミングや移民の数，島のトポロジなどの研究が行われている^{16),17)}．また，動的に個体集団を分割していく方法もある¹⁸⁾．一般的な島モデルのアルゴリズムは次のとおりである．

Step1. 初期集団を生成する．

Step2. 個体集団を複数の島に分割する．

Step3. 島ごとに a~d の遺伝的演算を行う．

- a. 選択
- b. 交叉
- c. 突然変異
- d. 評価

Step4. 一定世代ごとに移住操作を行う．

Step5. 終了条件を満たすまで Step3, 4 を繰り返す．

従来の島モデルでは，移住操作を行う間隔を短くすると集団全体での多様性が維持しにくく，集団を 1 つにした場合と差がなくなってしまう，間隔を長くしすぎると進化に遅延が生じるという問題点がある．しかし，適切な移住の回数を設計する方法が提案されていないため，実験によりパラメータをチューニングする必要がある．

2.4 ウイルス進化論に基づく GA

ウイルス進化論とは，進化は世代間における通常の遺伝（垂直遺伝）だけではなく，同世代での遺伝子の交流（水平遺伝）がウイルス感染によって起こると考える進化仮説で，中原らによって提案されたものである^{19),20)}．ウイルスによってほかの生物から運ばれた遺伝子やウイルス自身の遺伝子によって，生物の染色体が変化する．

ダーウィン進化論では，生存に有利な形質がランダムな突然変異によって生じ，これが子孫に引き継がれることによって生物は進化すると考えられている．しかし，突然変異で優れた個体が出現し，かつ集団に伝

まる確率は，きわめて小さい．これに対して，自然界でウイルスが意味のある遺伝子のかたまりを運ぶことを認めれば，ダーウィン進化論では十分に説明できない多くの問題点がほぼ解決できると述べられている．

本手法では，個体集団とウイルス集団が互いに進化を行うため，個体集団とウイルス集団は共進化に近い関係といえる．Hills による研究では²¹⁾，解の集団と問題の集団が互いに進化をすることで，汎化能力の獲得を狙っている．本手法では，ウイルスの抽出元は解集団であり，与えられた問題を解くことを目的としている．

狩野らは部分解列挙型の制約充足問題に対し，ウイルス感染操作を導入した GA を提案している^{3),22)}．部分解の候補をウイルスとし，個体集団とは別にウイルスの集団を生成している．突然変異の代わりにウイルス感染を起こすことで進化に方向性を持たせ高速化を図っている．制約密度の低い問題において，通常の GA と比較して探索速度が優れていることを示している．

また，人間の持つ知識をウイルスとして用いることで，探索の効率を上げる研究も行われている．狩野らはカーナビゲーションシステムにおける経路探索において，幹線道路をウイルスとして用いた GA の提案をしている²³⁾．これは，人間が経路を選択する際，国道などの主道路を軸に目的地までの道筋を決めることから，あらかじめ主道路をウイルスとして登録しておく，積極的にウイルス感染を行うことで探索の速度を速める手法である．通常のダイクストラ法による探索に比べ，高速に探索をすることができることを示している．

久保田らはウイルス進化型 GA を提案している⁴⁾．この手法はウイルス集団を生成し，ウイルスに生命力を持たせるなど，ウイルスを生物としてとらえた手法である．適応度の高い個体の遺伝子断片を，ウイルス感染を用いてすばやく集団内に拡散することで探索の高速化を図っている．また，ウイルスの感染率が高すぎると，初期収束に陥ってしまうことも示している．

似た手法として，ウイルスを生物としてではなく，遺伝子を運ぶ生物器官の 1 つとしてとらえた進化型アルゴリズムの研究も行われている⁵⁾．この手法では，遺伝子情報の断片を集団中に広げる点は同じだが，ウイルスは集団を生成せず毎回ランダムな位置でウイルスが抽出される．GA よりも局所探索能力が向上し，処理の軽さから計算時間も短縮したことを示している．

また，種を有するウイルス進化型 GA の研究も行われている⁶⁾．この手法では，交叉を種の中のみで行っているため，本手法における島モデルによく似た手法

であるといえる。本手法では島に分ける目的は、多様性の維持であるのに対して、この手法では優秀な種に探索の重点を移し、適応度の低い種を淘汰することを目的としている点が異なっている。

格子近傍モデルにより多様性の維持をしつつ、ウイルス感染を導入した研究も行われている⁷⁾。格子近傍モデルは、二次元の格子上に各個体を配置するというもので、交叉などの遺伝的演算を近傍の個体に限定することで多様性の維持を行っている。各格子の個体の進化を垂直遺伝とし、他の個体へと移動するウイルス感染を水平遺伝としている。巡回セールスマン問題に適したウイルスの構成方法を提案し、従来手法よりも探索性能が上がったことを示している。

本論文では、ウイルスを適応度の高い個体から抽出し、ウイルス集団を生成する。ウイルスは抽出元の遺伝子座に影響せず、別の位置の遺伝子座にも感染させることを可能とする。ウイルス感染を用いた GA を汎用的な NN の学習に適用した例は見当たらない。そこで本論文では、NN に適したウイルスの構成方法を提案する。ウイルスに関する遺伝的演算は、すでに提案されている方法の組合せを最適化したものである。

3. 提案手法

3.1 基本戦略

島モデルを用いた GA は、従来移住という方法で遺伝情報の交換を行ってきたが、本手法ではウイルスを媒介とした遺伝情報の交換を提案する。ウイルスによる水平遺伝により進化を高速化しつつ、集団の多様性を維持することで探索能力の向上を目指す。本手法の基本戦略は次のとおりである。

- (1) 中間層の 1 つのニューロンに結合している係数の組みをウイルスとする (図 1 の S_j)。
- (2) 各島の適応度の高い個体からウイルスを抽出し、ウイルス集団を生成する。
- (3) ウイルスの適応度に応じて、ウイルスの感染力を決める。ウイルスの適応度は、感染前後での被感染個体の適応度の差に応じて変化させる。
- (4) ウイルスが感染する遺伝子座の位置は、抽出元の間ニューロンの位置に依存せず、別の位置にも感染する。

(1)~(4) より、進化の速い島の適応度の高い個体の遺伝情報がほかの島にも広まることで、個体集団全体での進化が加速される。ウイルスをスキーマと考えると、ウイルス集団は適応度の高いスキーマの集合といえる。したがって、ウイルス感染は適応度の高いスキーマを集団中に広める効果があるといえる。

また、基本戦略 (1) と (4) により、抽出元の間ニューロンの位置に依存しないウイルス感染は、通常の移住よりも幅広い探索が可能になると考えられる。

(1) において、図 1 の u_{ij} と w_{jk} をそれぞれ別々のウイルスとして抽出することも可能であるが、NN において u_{ij} と w_{jk} の 2 つが 1 つの組となって意味をなすと考えたため、本手法ではウイルスの抽出単位を S_j とした。また、交叉に関しては u_{ij} と w_{jk} の間で交叉を行った方が多様性が生じると考えられるが、本手法では多様性の維持に島モデルを用いているため、交叉では形質遺伝性に重点を置き中間ニューロン間を交叉点とした。

3.2 本手法のアルゴリズム

本手法の全体のアルゴリズムを次に示す。本研究では移住操作とウイルス感染操作の比較を行うため、コード化や世代交代モデルなどは単純なものにした。

- Step1. 初期個体集団を生成する。
- Step2. 個体集団を複数の島に分割する。
- Step3. 初期ウイルス集団を生成 (3.3 節 (1) 参照)
- Step4. 島ごとに a~d の遺伝的演算を行う。
 - a. 選択はルーレット戦略とエリート保存戦略を併用した SGA とする。
 - b. 交叉は選択の結果選ばれた親から、中間ニューロン間を交叉点とし、どちらかの遺伝情報 (図 1 の S_j) をランダムに選び、子個体の遺伝情報とする。1 回の交叉で子個体は 1 つだけ生まれるものとする (図 2)。
 - c. 突然変異は遺伝子座ごとに一定の確率で ± 1.0 の範囲の一樣乱数を加える。
 - d. 式 (1) を用いて適応度を計算する。
- Step5. 各島にウイルス感染を行う (3.3 節 (2) 参照)。

Step6. 終了条件を満たすまで Step4, 5 を繰り返す。

3.3 ウイルスの抽出と感染

(1) ウイルスの抽出方法

適応度の高い個体からウイルスを抽出することで、個

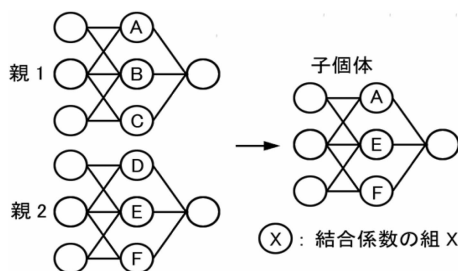


図 2 交叉
Fig. 2 Crossover.

体集団全体での進化の高速化を図る．ウイルスの抽出は，適応度の低くなったウイルスを淘汰する際に用いる．また，初期ウイルス集団の生成の際は，Step1～3をウイルス集団サイズだけ繰り返す．

Step1. ランダムに島を選ぶ．

Step2. 選ばれた島の中で最も適応度の高い個体の中間ニューロンをランダムに1つ選ぶ．

Step3. 選ばれたニューロンの結合係数の組 S_j をウイルスとして抽出する．すなわち， i 番目のウイルスは $v_i = S_j$ となる．

(2) ウイルス感染方法

ウイルスの適応度は，ウイルス感染後，被感染個体の適応度の増減値を一定の倍率 (α) でウイルスの適応度に加算する (式 (2))．ただし，ウイルス感染は被感染個体の適応度が上昇したときのみ採用する．また，ウイルス自身の進化として，個体と同じように突然変異を起こす．ウイルスの適応度には上限 (max) と下限 (min) を定め，下限を超えたときそのウイルスを死滅させ，新しく再生成することでウイルスの淘汰を行う．これにより，ウイルス集団は適応度の高いスキーマの育成につながると考えられる．

Step1. ルーレット戦略を用いてウイルス集団からウイルスを1つ選ぶ．

Step2. 島の中からランダムに1個体選ぶ．

Step3. 選ばれた個体の中間ニューロンをランダムに1つ選び，その部分の遺伝子の組をウイルスと置き換える．ただし，被感染個体の適応度が下がった場合，個体を感染前の状態に戻す．

Step4. 被感染個体の，感染前と感染後の適応度の差を一定の割合でウイルスの適応度に加算する．

$$fit'_v = fit_v + (fit' - fit) \times \alpha \quad (2)$$

ただし，各記号は次のとおりである．

fit : 被感染個体の感染前の適応度

fit' : 被感染個体の感染後の適応度

fit_v : ウイルスの感染前の適応度

fit'_v : ウイルスの感染後の適応度

α : ウイルスの適応度の更新比率

Step5. ウイルスの適応度が上限を超えた場合，適応度を上限値にする．下限を超えた場合は，そのウイルスを破棄して，ウイルスを再抽出する．

Step6. ウイルスに突然変異を施す．突然変異の方法は個体の場合と同じとする．

4. 評価実験

4.1 対象問題

本手法の性能を比較検討するために，BP，SGA，移

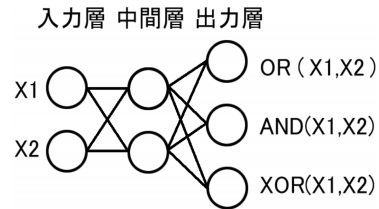


図3 論理式

Fig. 3 Logic formula.

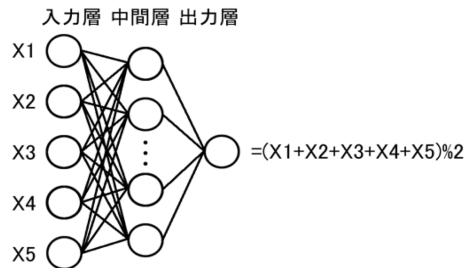


図4 5ビットパリティ問題

Fig. 4 5-bit parity problem.

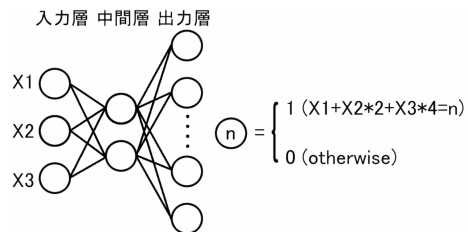


図5 3ビット2進カウント問題

Fig. 5 3-bit binary digit count problem.

住モデル，ウイルス感染モデルのそれぞれの手法を用いて，以下の3つのテスト問題の探索を試みた．

実験1：論理式 (図3)

2入力の論理和・論理積・排他的論理和を同時に出力するNNを構築する．入力データは2入力の0/1の組合せなので4通りとなる．出力ニューロンにそれぞれ，論理和・論理積・排他的論理和を割り当てる．

実験2：5ビットパリティ問題 (図4)

入力ビット列の偶数パリティを出力するNNを構築する．入力データは5ビットなので，32通りとなる．

実験3：3ビット2進カウント問題 (図5)

入力ビット列を2進数と考え，10進数に変換したときに一致する出力層のニューロンのみが1となる．入力は3ビットなので，出力層のニューロンは8つとなる．

4.2 実験条件と評価指標

3つの対象問題の，それぞれの実験条件を表1に示す．評価指標としては，学習成功率 (suc ，式 (3))

表 1 実験条件

Table 1 Experiment conditions.

	実験 1	実験 2	実験 3
入力層のニューロン数	2	5	3
中間層のニューロン数	2	6	2
出力層のニューロン数	3	1	8
世代数	500	5000	1000
個体数	120	200	100
エリート保存数		上位 10%	
交叉率		1.0	
突然変異率	0.025	0.03	0.015
実験回数	1000	100	100
島数		4	
ウイルス集団サイズ		20	
ウイルスの初期適応度		0.5	
適応度の更新比率 α		0.25	
適応度の上限/下限		1.0/0.2	

と学習成功時における，学習成功までにかかった評価回数で本手法の性能を評価する．ただし，すべての入力データの，すべての出力において誤差が 0.5 未満となったとき学習成功と判定する．ウイルス感染を用いる場合は，ウイルス感染時の評価も評価回数に加える．また，BP における評価回数は，学習成功までにかかった計算時間を，SGA における 1 回の評価時間で割ったものとした．なお，本実験で用いた島のトポロジはリング型とし，隣接する島間でランダムに選んだ個体どうしを交換することで移住を行う．

$$suc = \left(\sum_{l=1}^L a \right) \div L \quad (3)$$

$$a = \left[\left(\sum_{d=1}^D \sum_{k=1}^K f(|t_k^d - o_k^d|) \right) \div (D \times K) \right]$$

$$f(x) = \begin{cases} 1 & (x < 0.5) \\ 0 & (x \geq 0.5) \end{cases}$$

ただし， $[\]$ はガウス記号とする．

L ：実験回数

D ：学習データの数

K ：出力ニューロンの数

t_k^d ： d 番目の学習データに対する

k 番目の出力ニューロンの教師信号の値

o_k^d ： d 番目の学習データに対する

k 番目の出力ニューロンの出力値

4.3 本手法の評価

比較対象となる各手法を表 2 に，実験結果を表 3，表 4，表 5 に示す．これより，以下のことが分かる．

(1) 実験 1，2，3 とともに，BP はすべての GA よりも学習成功率が低いため，多峰性に富んだ問題には

表 2 比較手法

Table 2 Comparison methods.

BP	誤差逆伝播法．
SGA	集団を分割しない通常の GA．
SGA	集団を分割しない SGA に対して， ω + ウイルス集団
移住 (n 世代ごと)	集団を分割して n 世代ごとに移住を行う．本論文では隣接する島と 1 個体交換するとで移住を行う．
ウイルス単体 (同じ位置) (任意の位置)	ウイルス集団を生成せずに，抽出したウイルスは感染を行った後，すぐに破棄する (同じ位置) は，抽出元と同じ位置のニューロンに感染させた場合 (任意の位置) は，抽出元のニューロンの位置に依存せず，任意の位置に感染させた場合とする．
ウイルス集団 [本手法] (変異あり) (変異なし)	ウイルス集団を生成する際 (変異なし) はウイルスの突然変異を行わない場合．(変異あり) は，ウイルスの突然変異を行う場合．

表 3 実験 1 の結果

Table 3 Experimental results 1.

手法	学習性効率 (%)	評価回数 ($\times 10^3$)
BP	71.0	1.19
SGA	73.9	8.05
SGA+ウイルス集団	76.6	7.87
移住 (1 世代ごと)	79.1	7.95
移住 (10 世代ごと)	83.7	8.35
移住 (50 世代ごと)	88.6	10.38
ウイルス単体 (同じ位置)	91.7	8.77
ウイルス単体 (任意の位置)	96.7	8.26
ウイルス集団 (変異なし)	97.7	9.63
ウイルス集団 (変異あり)	98.3	8.94

表 4 実験 2 の結果

Table 4 Experimental results 2.

手法	学習性効率 (%)	評価回数 ($\times 10^5$)
BP	34	1.50
SGA	47	4.75
SGA+ウイルス集団	53	4.56
移住 (1 世代ごと)	53	4.59
移住 (10 世代ごと)	55	4.95
移住 (50 世代ごと)	47	4.87
移住 (100 世代ごと)	54	4.68
移住 (500 世代ごと)	50	5.31
ウイルス単体 (同じ位置)	66	3.97
ウイルス単体 (任意の位置)	79	4.21
ウイルス集団 (変異なし)	82	4.44
ウイルス集団 (変異あり)	86	4.63

不向きであると考えられる．

しかし，学習が成功したときの評価回数は GA よりも少なく，探索速度は GA よりも優れているといえる．実験 3 では，局所解に陥ってしまい，すべての学習データを正しく出力することはできなかった．

表 5 実験 3 の結果

Table 5 Experimental results 3.

手法	学習成功率 (%)	評価回数 ($\times 10^5$)
BP	0	-
SGA	46	4.71
SGA+ウイルス集団	48	4.69
移住(1世代ごと)	52	4.52
移住(10世代ごと)	54	5.11
移住(50世代ごと)	50	5.30
移住(100世代ごと)	63	5.65
移住(500世代ごと)	62	5.53
ウイルス単体(同じ位置)	60	6.31
ウイルス単体(任意の位置)	60	6.27
ウイルス集団(変異なし)	65	5.91
ウイルス集団(変異あり)	77	6.37

(2) 実験 1, 2, 3 ともに, SGA の学習成功率は, 移住を用いた GA の学習成功率以下になっている. しかし, それぞれの実験で移住の間隔が最も長いときは, SGA よりも学習成功までにかかる世代数は平均で 119% 長かった.

(3) 単一集団に対するウイルス感染の効果を確認するため, SGA と SGA+ウイルス集団を比較した. すべての実験において, 学習成功率と評価回数の両方ともに SGA+ウイルス集団の方が優れていることが分かる.

一方, 島モデルを用いた場合 (BP, SGA, SGA+ウイルス集団以外の手法) と SGA+ウイルス集団を比較すると, 評価回数は小さくなっているが, 学習成功率の方は低くなっている. これは, 単一集団に対してウイルス感染を導入すると, 収束性は向上するが多様性の維持が難しくなり, 局所最適解に陥りやすくなったためと考えられる.

(4) ウイルス単体(同じ位置)とウイルス単体(任意の位置)の比較を行った. これは, 通常の移住操作では起こりえない別の位置への感染の有効性を確認するためである.

実験 1, 2 から, ウイルスを同じ位置のニューロンに感染(同じ位置)させるよりも, 任意の位置のニューロンに感染(任意の位置)させることにより学習成功率が向上していることが分かる. しかし, 表 5 から分かるとおり, 実験 3 では差はでなかった.

(5) ウイルス集団 GA は, すべての実験においてほかの手法よりも高い学習成功率を示している. ウイルス集団において, ウイルスの突然変異を行わない場合(変異なし)と, 突然変異を行った場合(変異あり)では, 後者の方が高い学習成功率を示した. ウイルス集団における選択と突然変異により, ウイルス集団そのものの進化が行われたことが, 探索性能向上に貢献

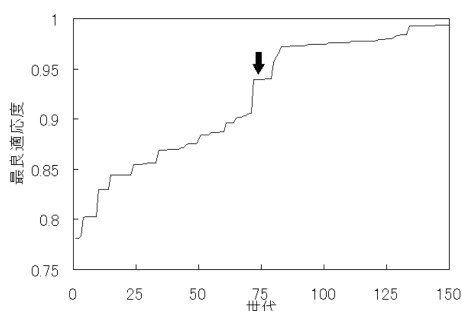


図 6 各世代における最良適応度の推移

Fig. 6 Best fitness in each generation.

表 6 ウイルスのタイプ

Table 6 Virus type.

ウイルスタイプ	ウイルス
A	$v_1 = v_2 \simeq v_5$
B	$v_3 = v_4$
C	$v_6 \simeq v_7, v_6 \simeq v_7$
D	$v_8 = v_{10}$

= : すべて等しい, $\simeq$: 1 カ所だけ違う

表 7 ウイルスの分布状況

Table 7 Virus distribution situation.

	S_1	S_2
c_e^1	C	-
c_e^2	B	-
c_e^3	C	D
c_e^4	A	B

c_e^m : 島 m の最良個体

- : ウイルス以外

していると考えられる.

しかし, 学習成功までの世代数には大きな差はなく, むしろ実験 3 のように, 移住操作を行った場合よりも遅くなることもあった.

4.4 ウイルスの分布

次に, 実際にウイルス集団がどのような形で保持されているかを確認するために, 実験 1 の学習中(75 世代目, 図 6)のウイルス集団の状況を示す. ウイルス数を 10 とし, ウイルス自身の突然変異は行わずに確認した. ウイルス集団の各ウイルスを, それぞれ似たウイルスどうしを同じウイルスのタイプとしてまとめ, それらのウイルスが各島の最良個体中にどのように分布しているかを調べた. ここで似たウイルスとは, 結合係数の値がすべて等しいか, 1 カ所だけ違う場合とする. ウイルス ($v_1, \dots, v_{10}$) を 4 つのタイプ (A, $\dots$, D) に分類することができた. まとめた結果を表 6 に示す.

また, 表 7 は各島の最良個体の染色体上に, どのタイプのウイルスが存在しているかを示したものであ

表 8 ウイルス感染と突然変異の効果の比較

Table 8 Comparison between infection with mutation.

突然変異の単位	ウイルス感染	学習成功率 (%)	評価回数 ($\times 10^3$)
遺伝子座	なし	73.9	8.05
中間ニューロン	なし	69.4	9.44
遺伝子座	あり	76.6	7.87

る． c_e^1 の S_1 と c_e^3 の S_1 には，タイプ C のウイルスが存在していた．また， c_e^2 の S_1 と c_e^4 の S_2 には，タイプ B のウイルスが存在していた．この場合，タイプ B と C のウイルスは複数の島の最良個体中に含まれていたことから，有効なスキーマであったと考えられる．

特にタイプ B のウイルスは， c_e^2 と c_e^4 で S_i の位置が異なっており，これは通常の移住では起こりえない現象であると考えられる．このことから，ウイルス感染操作は移住操作よりも幅広い探索を行うことが可能であるといえる．

個体集団は各島で独立に進化を行う．その結果，解を得るのに必要な機能の組合せを獲得する．この機能をウイルスとして抽出し，他の島の個体に感染させる．この際，任意の位置に感染するため，似た機能を持ったニューロンの位置が異なっていた場合でも感染をすることができる．また，ニューロン単位での感染のみなので，別の島どうして同じ個体に収束する危険性が少ないといえる．

4.5 ウイルス感染と突然変異の効果の比較

ウイルス感染の効果と突然変異の効果と比較するため，SGA に対して次のような実験を行った．突然変異を起こす単位をウイルスと同じ S_i とし，突然変異を起こす際は S_i に含まれるすべての係数に突然変異を起こした．テスト問題は実験 1 とし，他の実験条件は表 1 と同じとする．

結果を表 8 に示す．表 8 から分かるとおり，中間ニューロン単位にウイルス感染を行った場合が最も良く，逆に，中間ニューロン単位に突然変異を行った場合が最も悪くなった．この結果から，ウイルスの感染は意味のあるスキーマの伝播であり，突然変異的な要素を含むものの，単純に突然変異的な要素を強くしているものではないと考えられる．

5. おわりに

本論文ではウイルス感染を用いた島モデル GA による NN の学習方法を示した．本手法は，遺伝子座の位置に依存せずに遺伝情報を伝播し，ウイルス集団を生産することで，幅広く効率の良い探索を行うものであ

る．また，3 つのテスト問題に対して，一般的な NN の学習の方法である BP や，SGA，通常の移住操作を用いた GA と比較した結果，学習成功率が優れていたことを確認した．

本論文で提案したウイルス感染を用いた GA は，学習成功率に関しては性能の向上が見られたが，学習速度に関しては大きな差は見られなかった．この点を改善するためには，交叉・突然変異・感染のそれぞれの操作が各世代において，個体の進化にどの程度影響しているかという解析が必要と考えている．また，局所探索手法である BP を GA と組み合わせることで，探索速度の向上を図ることができると考える．

今後の課題としては，局所探索手法である BP を併用した手法や，他のウイルス感染を用いた手法，特に種を有するウイルス進化型 GA，格子近傍モデルを用いた GA との比較が重要であると考えている．また，本手法を実用的な問題に適用することで，本手法の有効性を確かめることも重要な課題と考える．

また，本手法は 1 つのニューロンに結合している係数の組をウイルスとして抽出するため，中間層の数を増やした場合でも適用できるものと考えられる．

参 考 文 献

- 1) Goldberg, E.: *Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning*, Addison Wesley (1989).
- 2) Muhlenbein, H.: Parallel Genetic Algorithms, Population Genetics and Combinatorial Optimization, *Proc. 3th ICGA*, pp.416–421 (1989).
- 3) 狩野，長谷川，松本，西原：ウイルス進化論に基づく制約充足問題の解法，知能シンポジウム，第 23 回，pp.75–80 (1996).
- 4) 久保田，下島，福田：ウイルス進化論に基づく遺伝的アルゴリズム—ウイルス感染による進化，第 8 回自律分散システム・シンポジウム，pp.167–170 (1996).
- 5) 中谷，金杉，近藤：ウイルス進化論に基づく進化型アルゴリズム，情報処理学会論文誌，Vol.40, No.5, pp.2346–2355 (1999).
- 6) 渡辺，泉，宮崎：あいまい行動型制御(第 2 報種を有するウイルス進化型遺伝的アルゴリズムによる学習)，日本機械学会論文集 C，Vol.66, No.641, pp.171–181 (2000).
- 7) Kubota, N. and Fukuda, T.: Ecological Model of Virus-Evolutionary Genetic Algorithm, *Fundamenta Informaticae*, Vol.37, No.1, pp.51–70 (1999).
- 8) Kang, H. and Jang, S.-H.: An Evolving Neural Network with the amorphous structure, *IEEE CECS*, pp.378–393 (2001).

- 9) Liu, Y. and Yao, X.: Evolving Neural Networks for hang Seng Index Forecast, *IEEE CECS*, pp.256–260 (2001).
- 10) Zhao, Q.: Evolutionary Design of Neural Network tree—Integration of Decision Tree, Neural Network and GA, *IEEE CECS*, pp.240–244 (2001).
- 11) Coelho, A.L.V., Weingaertner, D. and Von Zuben, F.J.: Evolving Heterogeneous Neural Networks for Classification Problem, *GECCO'01*, pp.266–273 (2001).
- 12) 河内, 稲吉, 星野: 二倍体遺伝と地理的隔離モデルを用いた遺伝的アルゴリズムによるニューラルネット構造の最適化, 人工知能学会誌, Vol.7, No.3, pp.509–516 (1992).
- 13) 佐藤, 小野, 小林: 遺伝的アルゴリズムにおける世代交代モデルの提案と評価, 人工知能学会誌, Vol.31, No.5, pp.734–744 (1997).
- 14) Yang, J.-M. and Kao, C.-Y.: An Evolutionary Algorithm to Training Neural Networks for a Two Spiral Problem, *GECCO'00*, pp.1025–1032 (2000).
- 15) Aguirre, H.E., Tanaka, K. and Oshita, S.: Increasing the Robustness of Distributed Genetic Algorithms by Parallel Cooperative-Competitive Genetic Operators, *GECCO'01*, pp.195–202 (2001).
- 16) Cantu-Paz, E.: Topologies, Migration Rates, and Multi-Population Parallel Genetic Algorithms, *GECCO'99*, pp.91–98 (1999).
- 17) 廣安, 三木, 上浦: 分散遺伝的アルゴリズムにおけるパラメータの検討, 情報処理学会 MPS シンポジウム, Vol.2001, No.12, pp.147–154 (2001).
- 18) Sawai, H. and Adachi, S.: Parallel Distributed Processing of a Parameter-free GA by Using Hierarchical Migration Methods, *GECCO'99*, pp.579–586 (1999).
- 19) 中原, 佐川, 富家: ウイルス進化説について—ウイルスによる遺伝子の水平移動, 山梨医大紀要, Vol.3, pp.14–18 (1986).
- 20) 中原, 佐川: ウイルス進化論, 泰流社 (1989).
- 21) Hills, W.D.: Co-Evolving Parasite Improve Simulated Evolution as an Optimization Procedure, *Artificial Life II*, pp.313–324 (1992).
- 22) Kanoh, Matsumoto, Hasegawa, Kato and Nishihara: Solving Constraint Satisfaction Problem by a Genetic Algorithm Adopting Viral Infection, *EAAI*, Vol.10, No.6, pp.531–537 (1997).
- 23) 狩野, 中村, 中村: 知識の集団を用いた GA による不特定な立ち寄り地を含む経路探索, 人工知能学会論文誌, Vol.17, No.2, pp.145–152 (2002).

(平成 14 年 10 月 31 日受付)

(平成 14 年 12 月 22 日再受付)

(平成 15 年 1 月 8 日採録)

佐藤 始

1979 年生。2002 年筑波大学第三学群情報学類卒業。現在、同大学大学院修士課程理工学研究科在学中。遺伝的アルゴリズムに関する研究に従事。



狩野 均 (正会員)

1978 年筑波大学第一学群自然学類卒業。1980 年同大学大学院理工学研究科修了。同年、日立電線(株)入社。同社オプトロシステム研究所において人工知能・ニューラルネットワークの応用に関する研究に従事。平成 5 年より筑波大学電子情報工学系。現在、同助教授。知識システム・遺伝的アルゴリズム・人工生命の研究に従事。工学博士。1992 年電気学会論文賞, 1999 年 WSC4 論文賞, 2003 年情報処理学会優秀研究報告賞各受賞。人工知能学会, 認知科学会, 計測自動制御学会, IEEE 等各会員。

