

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[‡]

遺伝的アルゴリズム (GA) では、個体集団全体での多様性を維持する方法のひとつとして、集団を複数の部分集団にわけた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う。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か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 Algorithm Adopting Viral Infection

Hajime Sato[†], Hitoshi Kanoh[‡]

In genetic algorithm (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ひとつとして遺伝的アルゴリズム¹⁾ (Genetic Algorithm : GA) が挙げられる。GA の主な特徴は多点探索による大域的な探索能力にある。しかし、個体集団全体が一様になってしまうと、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ひとつとして、個体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。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づらく、集団をひとつにした場合と差が無くなってしまふ。逆に、移住の間隔を長くし過ぎると進化に遅延が生じるという問題点がある。

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。

本手法では、島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、ウイルス集団を生成し、ウイルスの適応度に応じて感染力を変えることで効率よ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。

2. 研究分野の概要

2.1 問題の概要

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。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 (図 1)。

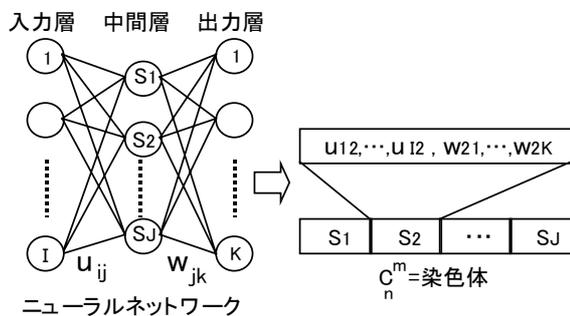


図1 コード化
Fig.1 Coding

[†] 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

ただし、各記号はつぎの通りである。

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
 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
 $= \{u_{ij}, w_{jk} \mid i=1, \dots, I \ k=1, \dots, K\}$
 c_n^m : 島 m の n 番目の個体 (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 : 島の数, 島の個体数, 全体の個体数

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、各記号は次の通りである。

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。

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。しかし、BP は局所最適解に陥ってしまう危険性が高いという問題点がある。そこで、本手法では GA の大域的探索能力に着目し、NN の学習に焦点を当てて研究を行った。

2.3 従来手法とその問題点

本論文で対象とする島モデルでは、選択・交叉・突然変異などの遺伝的演算を島ごとに独立に行うことで、集団全体での多様性を維持することができる。

島モデルのアルゴリズムはつぎの通りである。

- 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。

島モデルでは、移住操作を行う間隔が短いと集団での多様性が維持しづらく、間隔を長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、適切な移住回数 of 設計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だけではなく、同世代での遺伝子の交流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・佐川によって提案されたものである²⁾。

本手法では、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依存せず、別の位置の遺伝子座にも感染可能な点が、従来のウイルス GA³⁾ と異なっている。また、ウイルス感染を用いた GA を NN の学習に適用した例は見当たらない。

3. 提案手法

3.1 基本戦略

本論文では、ウイルス感染を用いた島間の遺伝情報の交換を提案する。基本戦略はつぎの通りである。

- 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、抽出元の中間ニューロンの位置に依存せずに感染する。
 ①,④より、抽出元の中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。

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つぎに示す。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。
- 選択はルーレット戦略とエリート保存戦略を併用。
 - 交叉は選択された親から、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ひとつだけ生まれるものとする。
 - 突然変異は遺伝子座ごとに一定の確率で、一定範囲内の一様乱数を加えることで行う。
 - 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、初期ウイルス集団生成の際は、Step1~3 をウイルス集団サイズだけ繰り返す。

- ランダムに島を選ぶ。
- 選ばれた島の中でもっとも適応度の高い個体の中間ニューロンをランダムにひとつ選ぶ。
- 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。

(2) ウイルス感染方法

ウイルス感染と移住の大きな違いは、遺伝子座の位置に依存せずに遺伝子情報を伝播する点である。これは、通常の交叉では起こりえない操作である。

- ルーレット戦略で集団からウイルスを選ぶ。
- 島の中からランダムに1個体選ぶ。
- 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。
- 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(式 (2))。
- ウイルスの適応度が上限を超えた場合、適応度を上限値にし、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。
- 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。

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

ただし、各記号は次の通りである。

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

4. 評価実験

4.1 対象問題

性能の比較検討のため、BP、SimpleGA (SGA)、移住モデル。ウイルス集団サイズを1とし、ウイルスを抽出元と同じ位置に感染させた場合と、任意の位置に感染させた場合。ウイルス集団を生成した際、ウイルスの突然変異を行う場合と、行わない場合について、以下の3つのテスト問題の探索を試みた。

実験1 : 論理式

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の組み合わせなので4通りとなる。

実験2 : 5ビットパリティ問題

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

入力ビット列を2進数と考え、10進数に変換した番号の出力ニューロンのみが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つの対象問題の実験条件を表1に示す。評価指標としては、学習成功率(式(3))と学習成功時における、学習成功までにかかった平均世代数(成功世代数)で本手法の性能を評価する。また、BPにおける学習回数はGAの評価回数と等しくした。

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

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

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

ただし、[] はガウス記号とする。

suc : 学習成功率 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, o_k^d : 式(1)と同じ

表 1 実験条件

Table 1 Experimental Conditions

	実験 1	実験 2	実験 3
入力ニューロン数	2	5	3
中間ニューロン数	2	6	2
出力ニューロン数	3	1	8
世代数	500	5000	10000
個体数	120	200	100
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			

4.3 本手法の評価

実験条件を表 1 に、実験結果を表 2,3,4 に示す。これより、以下のことがわかる。

(1) すべての実験で、BP はすべての GA よりも学習成功率が低かった。しかし、探索速度は GA よりも優れているといえる。

(2) すべての実験で、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。

(3) 実験 1,2 から、ウイルスを同じ位置に感染させるよりも、任意の位置に感染させた方が学習成功率が向上していることがわかる。しかし、実験 3 では差はでなかった。

(4) ウイルス集団 GA は、すべての実験でほかの手法よりも高い学習成功率を示している。ウイルスの突然変異を行った方が、高い学習成功率を示した。

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、ウイルス集団を生成することで、幅広く効率のよい探索を行うものである。また、テスト問題に対して、従来手法よりも学習成功率が優れていたことを確認した。

本手法では、従来手法と比較し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。そのため、局所探索手法である BP を GA と組み合わせ、探索速度の向上を図る必要があると考える。また、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。

表 2 実験 1 の結果

Table 2 Experimental Results 1

手法	学習成功率	成功世代数
BP	71.0%	49.9
SGA	73.9%	67.1
移住 (1 世代ごと)	79.1%	66.3
移住 (10 世代ごと)	83.7%	69.6
移住 (50 世代ごと)	88.6%	86.5
ウイルス単体 (同じ位置)	91.7%	73.1
ウイルス単体 (任意の位置)	96.7%	68.8
ウイルス集団 (変異無し)	97.7%	80.2
ウイルス集団 (変異有り)	98.3%	74.5

表 3 実験 2 の結果

Table 3 Experimental Results 2

手法	学習成功率	成功世代数
BP	34%	339.1
SGA	47%	2374.6
移住 (1 世代ごと)	53%	2281.3
移住 (10 世代ごと)	55%	2293.0
移住 (50 世代ごと)	47%	2437.3
移住 (100 世代ごと)	54%	2337.6
移住 (500 世代ごと)	50%	2656.3
ウイルス単体 (同じ位置)	66%	1984.1
ウイルス単体 (任意の位置)	79%	2104.8
ウイルス集団 (変異無し)	82%	2222.3
ウイルス集団 (変異有り)	86%	2316.3

表 4 実験 3 の結果

Table 4 Experimental Results 3

手法	学習成功率	成功世代数
BP	0%	-
SGA	46%	4713.8
移住 (1 世代ごと)	52%	4519.0
移住 (10 世代ごと)	54%	5105.1
移住 (50 世代ごと)	50%	5295.7
移住 (100 世代ごと)	63%	5645.6
移住 (500 世代ごと)	62%	5525.8
ウイルス単体 (同じ位置)	60%	6307.2
ウイルス単体 (任意の位置)	60%	6267.0
ウイルス集団 (変異無し)	65%	5906.9
ウイルス集団 (変異有り)	77%	6372.0

参考文献

- 1) E.Goldberg : Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning, Addison Wesley (1989).
- 2) 中原, 佐川 : ウイルス進化論, 泰流社 (1989).
- 3) Kanoh, Matsumoto, Hasegawa, Kato, Nishihara : Solving Constraint-Satisfaction Problem by a Genetic Algorithm Adopting Viral Infection, EAAI, Vol.10, No.6, pp.145-152 (2002).