

# 連想記憶と進化過程

今田 彬  
奈良先端科学技術大学院大学

荒木啓二郎  
九州大学

Hopfield のモデルによる連想記憶に進化的手法を適用することによって、連想記憶に対する従来とは異なる洞察を得るとともに、人工生命研究において、より生物のものに近い記憶としてこれを用いることを目指す。同時に Hopfield のモデルは進化的手法の新たなテスト関数としても役立て得るものと考えている。以上の見地から、これまでに行なってきた基本的な研究の一部を紹介する。

## 1 はじめに

連想記憶は、それぞれが引き込み領域を持った多くの平衡状態を含む力学系である。一般に、力学系に初期状態としてベクトル  $\mathbf{x}_0$  を与えると、状態は時間  $t$  にもなつてある軌道  $\{\mathbf{x}_t\}_{t \geq 0}$  に沿って動く。そして初期状態としてその力学系の1つの固定点  $\mathbf{u}$  の近傍を選んだとき、状態が最終的にその固定点に収束すれば、つまり  $\mathbf{x}_0 = \mathbf{u} + \delta \mathbf{u}$  のときに、 $\lim_{t \rightarrow \infty} \mathbf{x}_t = \mathbf{u}$  となれば、その系を連想記憶の能力を持つものとみなすことができる。

従来この連想記憶はニューラルネットワークによるモデルで実現されてきたが、他にもいろいろなモデルで実現できるはずであり、実際、最近では免疫系をモデルとした連想記憶も提案されている。ここでは、Hopfield のニューラルネットワークによるモデルが、単純なモデルであり進化的手法の対象として扱いやすいこと、これまで十分研究されていてそれらの結果が利用できること等の理由でこのモデルを用いている。

1972年に、ニューラルネットワークによるモデル ([1], [2], [3], [4]) が提案されて以来、多くの研究が現在まで続けられている。なかでもとりわけ、1982年に提案された Hopfield のモデル [5] はスピングラス系の物理学の興味をも惹きつけて80年代後半から90年前半にかけて集中的に議論された。

Hopfield のモデルは  $N$  個のニューロンが相互に結合されたネットワークで、各ニューロンは 1 または -1 の状態をとる。そして  $N$  個の  $\pm 1$  からなるバイ

ポーラー・パターン

$$\xi^\nu = (\xi_1^\nu, \dots, \xi_N^\nu), \quad \nu = 1, \dots, p$$

が安定な平衡状態として記憶される。ニューロンの状態は

$$s_i(t+1) = f \left( \sum_{j \neq i} J_{ij} s_j(t) \right)$$

に従って、更新される。その際、Hopfield は1回の更新に1個のニューロンを選択する非同期な方法を採用した。ここで、 $J_{ij}$  は結合荷重とよばれ、ニューロンの状態の遷移のしかたはこの値により決まる。Hopfield はヘブ則 [6] を用いて次のように結合荷重を与えた。

$$w_{ij} = \sum_{\nu=1}^p \xi_i^\nu \xi_j^\nu \quad (i \neq j), \quad w_{ii} = 0$$

我々は『進化』によりこの結合荷重を決定してその振る舞いを調べる。

ここで、Komlósら [7] に従って、連想記憶の誤り修正能力を定義しておく。記憶させた  $N$  桁のバイポーラパターンすべてに  $\rho N$  桁の誤りを与えて、それぞれを初期状態としてニューロンの更新を繰り返したとき、最終的にすべてのパターンが記憶している状態から、違いが  $\epsilon N$  個以内であるような状態に落ち着くとき、ネットワークは  $(\rho, \epsilon)$  誤り修正能力を持つと言う。Hopfield は  $p < 0.15N$  のとき、このネットワークは  $\epsilon \approx 0$  の誤り修正能力を持つ連想記憶として機能することをコンピュータシミュレーションにより示した。その後、Amitら [8] は統計熱力学の手法を用いて、解析的に記憶容量の限界  $p < 0.14N$  を

求めた。また、McEliceら[9]は $\epsilon = 0$ の誤り修正能力を持たせるためには $p < N/4 \ln N$ の条件が必要であることを示した。

記憶容量は、以上述べてきたHopfieldのモデルの枠組の中で、結合荷重の決め方(学習)のみを変えらることにより改善することができる。例えば、Kohonenら[10]は擬逆行行列法と呼ばれる学習法を提案し $p < N$ で $\epsilon \approx 0$ の誤り修正能力を持たせることに成功した。しかしながら、記憶容量を増やしていくにつれて、修正が可能な誤りの桁数(引き込み領域の大きさ) $\rho$ が小さくなっていき、Gardner[11]は最終的に $p = 2N$ のとき $\rho = 0$ になってしまうことを証明した。

但し、Hopfieldのモデルの枠組を離れると、記憶容量はこの限りではなく、例えば、Chiuehら[12]は彼らの提案するニューラルネットワークで、 $p = 2^N$ のときに $\rho = 0$ になることを示した。

我々は、先にも述べたように、Hopfieldのモデルが単純なモデルであること、これまでに十分研究されていること、さらにはHopfieldのモデルのために提案されてきたこれまでの学習法はそれぞれがヒューリスティックなもので、結合荷重の張る空間の中で、ネットワークに連想記憶の能力を与えるような解がどのように分布しているのかはまだよく分かっていないこと等々の理由から、Hopfieldのモデルの枠組のなかで学習方法のみを変えて得られるネットワークの連想記憶を進化過程を用いて調べている。

目的の一つはこのいわばニューラルネットワーク版『リーマン予想』問題を進化的アルゴリズムのテスト関数として用いることである。また、人工生命研究のなかでこの連想記憶が果たすことのできる役割を探ることも目的としている。

## 2 進化的アルゴリズム

Evolutionary Computation (EC) と総称される Genetic Algorithm (GA) [13][14] Evolutionary Programming (EP) [15][16], Evolution Strategy (ES)[17][18]などは自然界の進化をアナロジーとした確率的最適化手法である。

一般には、最適化しようとしている問題の解の候補を $n$ -次元ベクトルで表現し、通常、最初はランダムに生成される。これらを『遺伝子(gene)』または『染色体(chromosome)』と呼び、その $n$ 個の成分を

『遺伝子座(allele)』と呼ぶ。これらが問題に適合する度合『適合度(fitness)』をめぐって競争しながら、適者生存原理で世代を重ねていく。今、世代 $t$ における各遺伝子を $\mathbf{a}_i(t) \in \mathbf{I}$ で表し、遺伝子の集合を $P(t) = \{\mathbf{a}_1(t) \cdots \mathbf{a}_\mu(t)\}$ で表す。各世代では、適合度に基づいて何らかの基準で『選択(selection)』が行われる。ここで選ばれた2個の遺伝子から『交叉(crossover)』と呼ばれる操作で1個の遺伝子を作ることが $\lambda$ 回繰り返される。つまり、 $\mu$ 個の親から $\lambda$ 個の子供が作られる。このことを系式的に表現すると：選択 $s$

$$s: \mathbf{I}^\mu \rightarrow \mathbf{I}^\lambda \text{ or } \mathbf{I}^{\mu+\lambda} \rightarrow \mathbf{I}^\lambda$$

に対し、交叉 $r$

$$r: \mathbf{I}^\mu \rightarrow \mathbf{I}^\lambda$$

が施される。この操作でできた子供の遺伝子には『突然変異(mutation)』という操作 $m$

$$m: \mathbf{I}^\mu \rightarrow \mathbf{I}^\lambda$$

が加えられ、ある確率でその $n$ -次元ベクトルの成分が変化する。これらの $\mu$ 個の親と $\lambda$ 個の子供の遺伝子から、再び選択により次世代の $\mu$ 個の遺伝子 $P(t+1)$ が決定される。

## 3 連想記憶の進化

ここでは、 $N$ 個のニューロンからなる相互結合型ニューラルネットワークが、ランダムに生成した $N$ 個の $\pm 1$ からなるバイポーラパターンをできるだけ多く記憶できるような $N^2$ 個の結合荷重 $w_{ij}$ を進化的手法で決定することを考える。

以下、ここで用いられる進化的手法を具体的に述べる。

### 遺伝子の表現 (representation)

各世代を構成する遺伝子群は、何らかの方法で、それぞれが結合荷重を決定し1つのネットワークに対応する。一般に、遺伝子により決定される対象は表現型(pheno-type)と呼ばれるが、ここではそれらを『個体』と呼ぶことにする。個体を作りだす遺伝子の表現としてここでは次の2つの方法を用いている。

#### (a) 直接マッピング

これは結合荷重そのものを直接遺伝子座とする方法で、各世代は直接 $w_{ij}$ を1次元にならべた $N^2$ 個の

実数を要素とする遺伝子で構成される。

(b) 間接マッピング

前もって1つの結合行列を設定し、このいわば先祖となる結合行列は固定したまま、その各成分  $T_{ij}$  を修正するための数値を並べたものを遺伝子とする。修正は次の2通りで行なっている。

- かけ算による修正

$T_{ij}$  に 1, 0, -1 のいずれかをかけること

$$w_{ij} = c_{ij} \times T_{ij}, \quad c^{ij} \in \{0, 1\}$$

によって修正していく方法で、 $c_{ij}$  が遺伝子座となる。但し、 $c_{ij}$  のほとんどすべてを 1 とし、0 及び -1 の頻出確率はそれぞれ 0.1 程度とする。従って、等確率なバイナリー遺伝子を用いる普通の GA とは若干異なる方法である。

- たし算による修正

$T_{ij}$  に小さな実数値  $\eta_{ij}$  を加えること

$$w_{ij} = T_{ij} + \eta_{ij}, \quad \eta^{ij} \in \mathbf{R}$$

によって修正し、 $\eta_{ij}$  が遺伝子座となる。

いずれにしても、遺伝子は  $N^2$  個の遺伝子座からなり、元の結合行列とわずかず異なる結合行列を生成する。

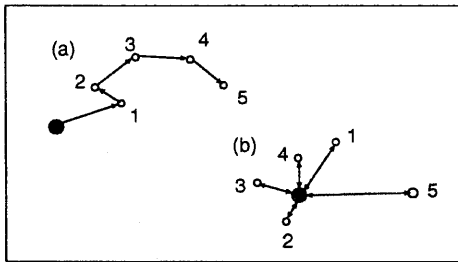


図 1: 直接マッピングと間接マッピング

図 1 に示すように、直接マッピングでは、各世代、個々の個体が探索する点を移動させていく。それに対し、間接マッピングでは、各世代毎に、すべての個体が固定した1つの点に戻ってそこを中心として探索を行なう。

以上述べた3種類の遺伝子の概念図を図2に示す。

選択 (selection)

ここで述べる進化的手法のなかでは、特に断らない

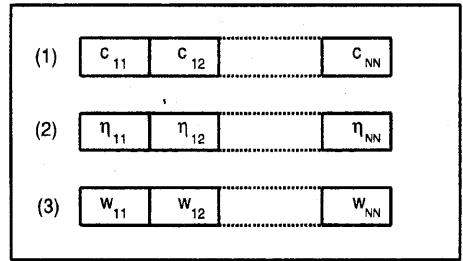


図 2: 3種類の遺伝子

限り、各世代、適合度の高い 40% の個体の中からランダムに2つの個体を選択する  $(\mu + \lambda)$ -selection を用いている。 $(\mu, \lambda)$ -selection やさらには、選択される確率が適応度に比例するいわゆる roulette-selection や tournament-selection も試してみたが、今のシミュレーションではいずれもこの  $(\mu + \lambda)$ -selection より良い結果は得られていない。

交叉 (crossover)

選択された2つの個体の遺伝子

$$\mathbf{x} = (x_1, \dots, x_{N^2})$$

$$\mathbf{y} = (y_1, \dots, y_{N^2})$$

から子供の遺伝子  $\mathbf{z}$  をその  $i$ -番目の成分  $z_i$  をすべての  $i$  について  $x_i$  と  $y_i$  のどちらかを同じ確率で選ぶことを繰り返すことで作る。これは、遺伝子座が連続値をとるか離散値をとるかによって呼び方が異なり、それぞれ discrete-crossover uniform-crossover と呼ばれている。連続値・離散値とも他の方法、例えば一点交叉や二点交叉なども試してみたが、はるかに進化の効率は悪かった。

突然変異 (mutation)

突然変異は世代の多様性を保つため一定の頻度で確率的に選ばれた遺伝子座に摂動を与える。通常の GA で用いる遺伝子では 0 と 1 を等確率に含み、一定の割合  $p_m$  である遺伝子座をフリップするが、圧倒的に多い 1 とわずかな 0 及び -1 から構成されている我々の遺伝子では遺伝子座を次のように変える。

$$\{1\} \rightarrow \{-1\}, \{-1\} \rightarrow \{0\}, \{0\} \rightarrow \{1\}$$

また、連続値からなる遺伝子のときは、確率  $p_m$  でランダムに選ばれた遺伝子座を一様乱数で置き換える。

連続値の遺伝子で  $i$  番目の遺伝子座  $x_i$  を

$$x_i = x_i + \sigma \cdot N_i(0, 1)$$

と変化させて、この  $\sigma_i$  も適応的に進化させると、ほぼ ES になる。但し、 $N_i(0, 1)$  は呼びだされる毎にサンプルされる平均 0、標準偏差 1 の正規乱数である。また、この適応的突然変異のまま、上の  $(\mu, \lambda)$ -selection に代えて  $q$  個の個体による tournament-selection とし、交叉をやめるとほぼ EP になる。

以上、選択・交叉・突然変異の方式やその他のパラメータの値は、一部既に述べたように、試行錯誤を繰り返し経験的に上記のものを採用しているが、それらは必ずしも最適なものである保証はない。

## 4 結果

Hopfield モデルのニューラルネットワークに連想記憶の機能を与える結合荷重の組合せはほぼ無数に存在する。これまで我々はその探索にいろいろな進化的手法を適用して多くの解を求めてきたが、ここでそれらの一部について述べる。

以下の実験はすべてニューロン数  $N = 49$  で行っている。連想記憶におけるネットワークの振る舞いは、例えば前述の McEliece の記憶容量  $p < N/4 \ln N$  をみてもわかるように、ニューロン数  $N$  に依存するので、本来  $N$  を変えて実験する必要があるが、現在のところは各進化手法の特質を把握し、それらを比較することをとりあえずの目的にしているので  $N$  は固定してまま実験を行なっている。

実験は、(a) ランダムに生成した結合行列  $R_{ij}$ 、及び (b) 記憶容量を超えるパターンをヘブ則で学習した結合行列  $J_{ij}$  をそれぞれ進化の出発点としている。いずれもこの時点では連想記憶の能力を持たない。

### 4.1 ランダム行列からの進化

ランダムに生成した行列では、当然ながら、どの記憶パターンを初期状態として与えても状態が安定点に落ち着くことはない。試しに、あるパターンをランダムな結合行列を持つネットワークに初期状態として与えてみると、状態の時間的推移は図 3 の実線のようなになる。しかし、驚くべきことに、この行列を進化させて、最終的には与えられたパターンすべてを固定点として記憶することに成功した [19]。  $c_{ij} \in \{1, 0, -1\}$  による間接マッピングでも、 $w_{ij}$  を遺伝子とする直接

マッピングでも、8 個前後のパターン ( $p \approx 0.15N$ ) の記憶が観察されている。図 4 にその場合の各世代の最大適応度を点線で示した。

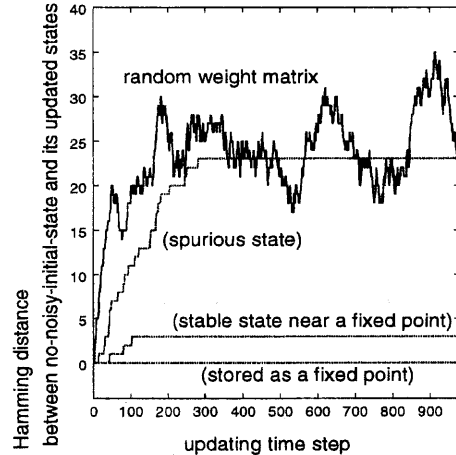


図 3: 初期状態と更新された状態のハミング距離

### 4.2 ヘブ行列からの進化

次に、ヘブ則で容量以上のパターンを学習した結合荷重からの進化について述べる。例えば  $p = 16$  としたとき、ヘブ則の記憶の限界は  $p = 8$  程度であるから当然この記憶は破綻している。実際、16 個のパターンをヘブ則で記憶した結合荷重で調べてみると、これら 16 個のパターンのうち 4 個だけが固定点として記憶され、他の 4 個はそれぞれの固定点からハミング距離で 3 以内の点に安定にとどまり、残りの 8 個は擬記憶 (spurious memory) に収束するのが観察された。その様子の一部を図 3 の点線で示した。

そしてこの行列は再び  $c_{ij} \in \{1, 0, -1\}$  による間接マッピングによる GA で、最終的にすべてのパターンを固定点として記憶する行列に進化させることができた [20]。その進化の様子を図 4 に示す。但し、 $p = 17$  のときはすべてを固定点として記憶させることはできず、結局この進化で得られた記憶容量は最大  $p = 16$  であった。

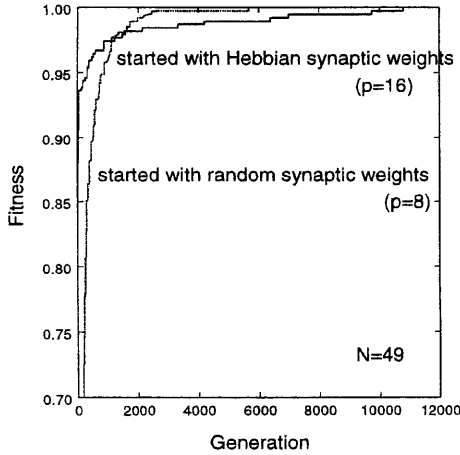


図 4: 各世代の最大適合度

### 4.3 結合が切られていく様子

$\{1, 0, -1\}^{N^2}$  を遺伝子とする GA では、0 が対応する結合行列の要素に掛けられたとき、それはその結合が切られることを意味する。切られた結合の数は、ランダム行列からの進化及びヘブ行列からの進化で少し異なるが、いずれにしてもその数を増やすことによって固定点への記憶を獲得しているように見える。その様子を図 5 に示す。

### 4.4 進化と結合行列の対称性

ヘブ則で学習した結合行列は対称行列であるが、進化に伴いその対称性を崩していく。逆に、非対称なランダムな行列では進化しながらいくらかの対称性を得ていく。図 6 に、今度は、結合荷重  $w_{ij}$  を遺伝子として直接進化させたときの対称度の世代に伴う変化を示した。点線と実線が、それぞれランダムな行列とヘブ則行列からの進化を示す。明らかに両者は異なるクラスの解であることがわかる。なおここでは、結合行列の対称度は Krauth ら [21] に従い

$$\tau = \sum_{i=1}^N \sum_{j=1}^N w_{ij} w_{ji} \left( \sum_{i=1}^N \sum_{j=1}^N w_{ij}^2 \right)^{-1}$$

で定義した。

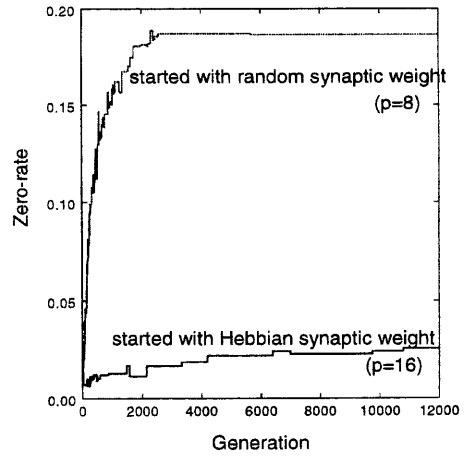


図 5: 結合切断の進化

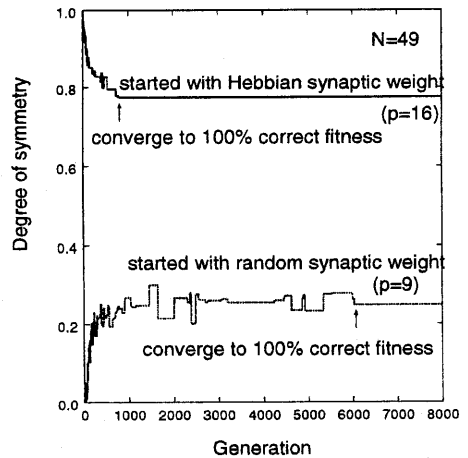


図 6: 結合行列の対称性の進化

#### 4.5 引き込み領域の大きさ

これまでに進化的手法で得てきた連想記憶の引き込み領域は極めて小さい。元々 Hopfield のヘブ則を用いた連想記憶も引き込み領域もそれほど大きなものではなく、最適化の余地が残されている [22]。

ここでは、ノイズを含む記憶パターンの入力がある程度元の完全なパターンに復元できるかを適応度とする GA によって引き込み領域の大きさの拡張を試みた [23]。

引き込み領域の大きさを調べるために次の考察を行なった。今、ニューロン  $i$  の初期状態を  $S_i(0)$  とし、その  $t$ -step 後の状態を  $S_i(t)$  とすると、2つの状態の『重なり度 (overlap)』は

$$m = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N S_i(0) \cdot S_i(t)$$

で定義される。(2つの状態の Hamming 距離を  $d_H$  とすると  $m = (N - 2d_H)/N$  となる)。このとき、各記憶パターン  $g^\nu$  に対し、乱数で選んだ  $\kappa$ -bit のノイズを与えた状態を初期状態として、それぞれの 98-step 後の状態との重なり度  $m^\nu$  を求める。そして  $m^\nu$  のすべての記憶パターンについての平均を計算する。この操作を  $\iota$  回繰り返して求めた最終的な平均値  $\langle m \rangle_\iota$  は1つの結合行列が持つ引き込み領域の大きさを反映している。図7に  $\langle m \rangle_{800}$  を  $\kappa$  を変数として示した。図には、(a) ノイズを含まない記憶パターンの入力による  $\{1, 0, -1\}^{N^2}$  を遺伝子とする GA で得られた解と、(b) その解を進化の最初の行列としたノイズを含む入力による GA で得られた解、そして比較のために、(c) 同じ8パターンをヘブ則で学習したものを示した。いずれの結合行列も8パターンすべてを固定点として記憶している。この方法ではあまり大きな引き込み領域の拡張は期待できそうもないことがこの図よりわかる。

#### 4.6 その他

紙面の都合上詳細は省くが、これまで述べた実験の他にも次のような実験を行なっている。

$\{1, 0, -1\}^{N^2}$  を遺伝子とする GA では各個体が生きている世代で独自の学習を行ない、かつその学習結果を遺伝子には影響させないといったシミュレーションが可能である。従って、進化シミュレーションにおける、いわゆる Baldwin 効果を調べる事がで

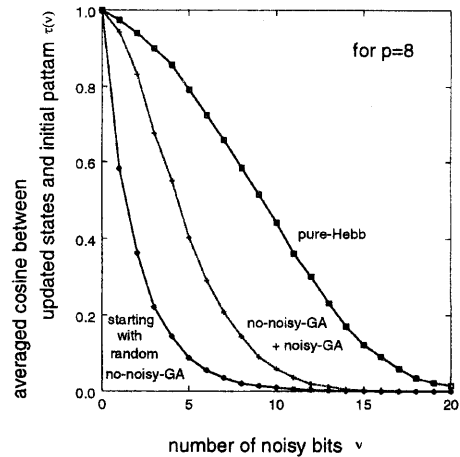


図7: 引き込み領域の大きさ

きる [24]。また、 $w_{ij}$  を直接遺伝子とする GA では個々の学習の結果を遺伝子にとり入れて進化させることが簡単にできて、いわゆる Lamarck の遺伝の実験が可能である [25]。これまでのところ、それぞれ最大  $p = 0.39N$ ,  $p = 0.35N$  の記憶容量が得られている。単純な進化過程に比較してはるかに高い記憶容量であり、個体レベルの学習と世代レベルの学習に興味深い関係があることを示唆している。

また、ランダムな行列からの進化で  $w_{ij}$  の直接進化による GA では、上でも述べたように、これまで  $p = 0.16N$  の記憶容量を得ているが、それらを変形して行なった Breeder GA [28], EP, ES の実験ではそれぞれ最大  $p = 0.16N$ ,  $p = 0.12N$ ,  $p = 0.22N$  の記憶容量が得られている [26][27]。但しこれらはまだ tuning の段階であり、さらに高い記憶容量が得られる可能性はある。

## 5 おわりに

我々はこれまで、さまざまな遺伝的手法を Hopfield モデルによる連想記憶に適応してきた。その結果、ニューラルネットワークに連想記憶の能力を与える多くの結合行列を見つけることができた。しかしながら、これらはいずれも、ほとんど無数にある局所解の1つにすぎない。これらの局所解を避けて始めにも

述べた Gardner の意味でのグローバルな解に到達できるかどうかという問題は、一種の multi-modal-optimization の問題である [29]。また、Hopfield モデルによる連想記憶では 記憶容量と引き込み領域の大きさは trade-off の関係にあり、両方を適度に満足する解の探索は multi-objective-optimization の問題である [30]。これらの問題の進化的手法による解決には実数値を変数とするいくつかのテスト関数が提案されて研究されている [31]。我々は Hopfield モデルによる連想記憶をこれらの問題に対するさらに挑戦的なテスト関数の例と考え、現在そのための基本的研究を行なっている。

一方、『人工生命』の分野でもゲーム戦略の進化に関する研究が多く行なわれているが、記憶を伴う戦略に連想記憶のようにいくぶんあやふやな記憶を用いることにより、さらにおもしろい現象が発見できるのではないかと考えている。

## 参考文献

- [1] S. Amari (1972) "Learning Patterns and Pattern Sequences by Self-Organizing Nets of Threshold Elements." IEEE Trans. Computers C-21(11), 1197.
- [2] J. A. Anderson (1972) "A Simple Neural Network Generating an Interactive Memory." Math. Biosc., 14, 197.
- [3] T. Kohonen (1972) "Correlation Matrix Memories." IEEE Trans. Computers C-21(4), 353.
- [4] K. Nakano (1972) "Associatron: A Model of Associative Memory." IEEE Trans. Systems, Man, and Cybernetics CMC-2, 381.
- [5] J. J. Hopfield (1982) "Neural Networks and Physical Systems with Emergent Collective Computational Abilities.", Proceedings of the National Academy of Sciences, USA, vol.79, 2554.
- [6] D. O. Hebb (1949) *The Organization of Behavior.*, Wiley.
- [7] J. Komlós, and R. Paturi (1988) "Convergence Results in an Associative Memory Model." Neural Networks 1, 239.
- [8] D. J. Amit, H. Gutfreund, and H. Sompolinsky (1985) "Storing Infinite Number of Patterns in a Spin-glass Model of Neural Networks." Phys. Rev Lett. 55, 1530.
- [9] R. J. McEllice, E. C. Posner, E. R. Rodemick, and S. S. Venkatesh (1987) "The Capacity of the Hopfield Associative Memory." IEEE Trans. Information Theory IT-33, 461.
- [10] T. Kohonen, and M. Ruohonen (1973) "Representation of Associated Data by Matrix Operators." IEEE Trans. Computers C-22(7), 701.
- [11] E. Gardner (1988) "The Phase Space of Interactions in Neural Network Models." J. Phys 21A, 257.
- [12] T. D. Chiueh, and R. M. Goodman (1991) "Recurrent Correlation Associative Memories." IEEE Trans. Neural Networks 2(2), 275.
- [13] J. Holland (1975) *Adaptation in Natural and Artificial Systems.* The University of Michigan Press.
- [14] D. Goldberg (1989) *Genetic Algorithms in Search, Optimization, and Machine Learning.* Addison-Wesley.
- [15] L. J. Fogel, A. J. Owens, and M. J. Walsh (1966) *Artificial Intelligence through Simulated Evolution.*, John Wiley.
- [16] D. B. Fogel (1992) "An Analysis of Evolutionary Programming." Proceedings of the 1st Annual Conference on Evolutionary Programming, 43.
- [17] I. Rechenberg (1965) "Cybernetic Solution path of an Experimental Problem." Royal Aircraft Establishment, Library Translation, 1122 (Hants UK).

- [18] H. -P. Schwefel (1965) *“Kybernetische Evolution als Strategie der Experimentellen Forschung in der Strömungstechnik.”*, Diploma Thesis, Technical University of Berlin.
- [19] A. Imada, and K. Araki (1995) *“Mutually Connected Neural Network Can Learn Some Patterns by Means of GA.”*, Proceedings of the World Congress on Neural Networks, vol.1, 803.
- [20] A. Imada, and K. Araki (1995) *“Genetic Algorithm Enlarges the Capacity of Associative Memory.”*, Proceedings of the 6th International Conference on Genetic Algorithms, 413.
- [21] W. Krauth, J.-P. Nadal, and M. Mezard (1988) *“The Roles of Stability and Symmetry in the Dynamics of Neural Networks.”* J. Phys. A: Math. Gen. 21, 2995.
- [22] G. Pancha, S. S. Venkatesh (1993) *“Feature and Memory-Selective Error Correction in Neural Associative Memory.”* in M. H. Hassoun (eds.) *Associative Neural Memories: Theory and Implementation.*, Oxford University Press, 225.
- [23] A. Imada, and K. Araki (1996) *“Basin of Attraction of Associative Memory as it is Evolved from Random Weights.”*, (to appear).
- [24] A. Imada, and K. Araki (1996) *“Baldwin Effect on the Evolution of Associative Memory.”*, (submitted).
- [25] A. Imada, and K. Araki (1996) *“Lamarckian Evolution of Associative Memory.”*, Proceedings of the 3rd IEEE International Conference on Evolutionary Computation 676.
- [26] A. Imada, and K. Araki (1996) *“Searching Real-Valued Synaptic Weights of Hopfield’s Associative Memory using Evolutionary Programming.”* (submitted)
- [27] A. Imada, and K. Araki (1996) *“Application of Evolution Strategy to Hopfield model of Associative Memory.”* (submitted)
- [28] H. Mühlenbein, and D. S.-Voosen (1993) *“Predictive Models for the Breeder Genetic Algorithm I. Continuous Parameter optimization.”* Evolutionary Computation (MIT Press), 1(1), 25.
- [29] D. E. Goldberg, and J. Richardson (1987) *“Genetic algorithms with Sharing for multimodal Function Optimization.”* Proceedings of the 2nd International Conference on Genetic Algorithms, 41.
- [30] J. D. Schaffer (1985) *“Multiple Objective Optimization with Vector Evaluated Genetic Algorithms.”* Proceedings of the 1st International Conference on Genetic Algorithms, 93.
- [31] K. Deb, and D. E. Goldberg (1989) *“An Investigation of Niche and Species Formation in Genetic Function Optimization.”* Proceedings of the 3rd International Conference on Genetic Algorithms, 42.