ウイルス感染型遺伝的アルゴリズムによるユニバーサル・ルール生成の一方法

正員 福見 稔 (徳島大)

正員 満倉 靖恵 (徳島大)

非会員 赤松 則男 (徳島大)

A Method to Generate Universal Rules by Using a Genetic Algorithm with Virus Infection

Fukumi Minoru, Member, Yasue Mitsukura, Member, Akamatsu Norio, Non-member (University of Tokushima)

In this paper a method to generate universal rules by using a genetic algorithm with virus infection is presented. This method utilizes a modular structure in GA. Each module learns a different neural network architecture, such as a sigmoid and a higher order (GMDH-type) neural networks. Those information is communicated to the other modules by the virus infection. This GA can generate different kinds of rules for different problems by using the same algorithm. The results of computer simulations show that this approach can generate obvious network structures and as a result simple rules for a pattern classification and a chaotic identification problems.

キーワード：遺伝的アルゴリズム，ニューラルネットワーク，ルール生成，ウイルス感染

1. はじめに

近年，ニューラルネットワーク（Neural Networks, 以後 NN と略記）や遺伝的アルゴリズム（Genetic Algorithms, 以後 GA と略記）の研究が幅広く行われている。NN の研究では，NN がブラックボックスとして利用されていることが多く，その産業応用を遅らせる一因にもなっている^{(1)~(8)}。このような中で，NN から学習データに内在する規則性をルールとして抽出しようとする研究が活発になっている⁽¹⁾。NN が何を学習したのか，どのような評価基準で結果を出力しているのか，などを知りたい，という要望が多いのである。このような規則の明確化は NN を産業応用する場合に重要であり，特に医療診断，大規模プラントや交通制御などの高度な安全性が要求される際には必要不可欠な要素技術であると考えられる。

一般に NN の幾つかのモデルでは，それらの数学的万能性が理論的に証明されているが，各モデルには実用上の利点・欠点が混在しているのが実状である⁽⁸⁾。例えば，シグモイド型 NN モデルでは中間層のユニット数の個数制限が無ければ任意の連続関数を近似可能であるが，有限のユニット数では学習時の誤差が大きくなる。また，論理関数やパターン識別の問題では有効に機能し，ルール生成法も提案されている^{(3)~(4)}が，線形システムやカオス構造，さらには高

次関数の学習は困難な場合が多い⁽⁸⁾。一方，高次結合 NN である GMDH 型 NN はカオスや高次関数の同定には威力を発揮するが，論理関数やパターン識別の学習では学習後のルール生成法が確立されておらず，ルール生成が困難な状況にある。

他方，GA の応用も広範な領域に及んでいるが，近年 GA の妥当性を見直す動きも出てきている^{(2)~(4) (8)~(11)}。中原らは生物進化の原動力はウイルス感染であるとの説を提唱し，このウイルス感染説に基礎を置く進化手法が提案されている^{(8) (11)}。佐野の GMDH 型 NN は高次関数の同定に対しては理論的に威力を発揮するが，ノイズが含まれる場合などへの対応，論理関数型知識の抽出ではその有効性に疑問が残る。また，久保田らのウイルス感染型 GA はウイルス感染の言葉は用いられているが，実際は種内での交叉演算と類似しており，ウイルス感染進化の本質である種のカベを越えた遺伝子の感染には至っていない。

本論文では，GA 学習の収束速度改善とユニバーサル・ルール生成を目的として，ウイルス感染を導入した新たな GA の枠組みを提案する。ここでのユニバーサル・ルール生成の意味は問題に依存せず人間が理解し易い形式のルール表現を生成できる，という意味である。本論文でのウイルス感染は従来のウイルス感染⁽¹¹⁾とは異なり，生物の種のカベを越えて遺伝子情報を水平移動させることが可能になっ

図1 モジュール構造型遺伝的アルゴリズム.
Fig. 1. A modular GA with SI- and HO-modules.

ている。本論文で使用する種は、入出力関数の数学的構造が異なった NN のモデルを指すのに使われている。通常の NN ではシグモイド型出力関数を指すことが多いが、シグモイド型ユニットで構成される NN モデルは全て同一種と見なすことにする。

本論文で使用する NN モデルは、数学的万能性が保証されているシグモイド型 NN と高次結合 (GMDH) 型 NN の2種類であり、これらをそれぞれモジュール (種) と考える。両者はそれぞれのモジュール内で独自の進化学習を行い、ある条件の下でモジュールを越えたウイルス感染を発生させる構造としている。ただし、これまでに多数のルール生成法が提案されている中で、NN の構造をある程度最適化してからルール生成する観点は、福見らによる手法しか確立されていない。Fu⁽⁷⁾や石川⁽⁸⁾らの方法は NN を最適化する点に弱点があり、ルール表現が複雑またはその性能が低くなる傾向がある。佐野の GMDH 型 NN⁽⁸⁾も進化的な枠組みは含まれているが、ノイズを含むパターンを学習する際に誤差が大きくなったり、高次関数の次数が発散する可能性がある。したがって本論文では、中心となる NN モデルはシグモイド型 NN とし、シグモイド型 NN で学習できない関数の学習には高次結合型 NN がウイルス感染を通して遺伝子構造を他のモジュールに伝える構造としている。

一方、上記のようなモジュール構造ではなく、最初から、シグモイド型 NN と高次結合 (GMDH) 型 NN を一体にして学習を行うことも考えられる。しかし、この場合には、多くのシミュレーションにおいて学習が極端に遅くなってしまい、実用性に乏しい。独立した状態 (モジュール内) で、ある程度の解を学習した後で結合されるほうが収束速度の点で有利であった。

以下、本論文では、2. でモジュール構造型遺伝的アルゴリズム、3. ウイルス感染型遺伝的アルゴリズムについて、4. で計算機シミュレーションについて述べ、提案手法の有効性を示す。

2. モジュール構造型遺伝的アルゴリズム

本論文では、GA は NN のサイズを縮小化するために使

図2 HO モジュールの高次 NN.
Fig. 2. A higher order network in the HO module.

用され、その構造から簡単なルールが抽出される。本論文の GA には、ウイルス感染と決定論的変異の手続きが導入されており、その学習性能が改善されている。

〈2・1〉モジュール構造 本論文で提案されるウイルス感染型 GA はモジュール構造が基本となっている。モジュール構造型 GA が図1に示されている。この GA では、二つのシグモイド (Sigmoid, 以後 SI) 型モジュールと一つの GMDH 型高次結合ユニットのモジュール (Higher Order, 以後 HO) から構成されている。SI モジュールが二つ存在するのは、GA の初期収束を緩和し、かつ GA 学習を高速化するためである^{(2)~(4)}。参考のため SI モジュール NN の中間層ユニットの出力関数 $f_s(\cdot)$ と HO モジュール NN の各中間層ユニットの出力関数 $f_h(\cdot)$ をここで示す。SI モジュールでは、次式である。

$$f_s(x) = \frac{2}{1 + \exp(-x)} - 1 \dots\dots\dots (1)$$

HO モジュールでは

$$f_h(x) = \Pi x_1^{p_1} x_2^{p_2} \dots x_n^{p_n} \dots\dots\dots (2)$$

であり、NN の出力は次式で計算される。

$$O(x) = \sum_j f_h(x)_j w_j \dots\dots\dots (3)$$

ここで、 x_i は入力信号、 p_i はべき乗であり、 w_j は結合重みである。入力層と中間層の間の高次結合には重みが無い。

SI モジュールでは個体の染色体は $(1, 0, 0, \dots, 1)$ のように2値記号列となっており、この遺伝子一つ一つが NN の重み結合に対応する。染色体の長さが NN の結合数と一致する。 k 番目の遺伝子の値が1であれば k 番目の結合が NN 中に存在し、0であれば存在しない。なお、SI モジュールの個体の染色体は全てのユニット (中間と出力) の入力結合に対応する遺伝子を順番に1次元上に並べている。

HO モジュールでは、 $(3, 0, 4, \dots, 2)$ のようにべき乗を表す整数が並んでおり、多値遺伝子の染色体構造となっている。このべき乗部分の次数を進化的に獲得するのが目的である。HO モジュールの NN を図2に示す。図中の $x_1^{p_1}$ は入

図3 ウィルス感染型遺伝的アルゴリズム.

Fig.3. The GA includes the procedure of virus infection.

力信号 x_1 が p_1 乗されていることを示している. $p_1 \sim p_n$ の全てが 0 の場合には, $f_h(x)$ の出力値は 0 である. 一つの成分 p_k だけが 1 で, 残りの全ての p_i が 0 の場合には $f_h(x)$ は線形ユニットと一致する. なお, HO モジュールの個体の染色体もすべての入力結合に対応する遺伝子を順番に 1 次元上に並べたものである.

SI モジュールでは通常の単純 GA と同じ選択・交叉・突然変異の演算が行われ, 世代を更新していく. 二つの SI モジュール間では, GA 学習の各世代 (学習サイクル) で各モジュールで適応度が最も高い個体を用いる情報交換 (交叉演算)⁽²⁾ が行われるが, それ以外は通常の単純 GA と同じである.

一方, HO モジュールでも原則として単純 GA で学習すべきであるが, 高次結合 (GMDH) 型ユニットはパターン分類などの問題で学習がうまく進まない場合 (交叉に必要な個体が不足) があることと, 自然界のウィルスの突然変異の確率の大きさを考慮して, 取り扱いが簡単なランダム探索法を GA の代わりに使用している. ランダム探索された HO モジュールの遺伝子情報はウィルス感染により SI モジュールに情報伝達され, 感染した SI モジュール内の個体は遺伝子構造が変更される. SI モジュールの個体は最初シグモイド関数とその入力結合の遺伝子構造だけを有しているが, ウィルス感染により, 高次結合の遺伝子情報を保持するようになる. この高次結合の情報は SI モジュール内での GA 学習により進化していく. HO モジュールで GA 学習を行わなくても, HO モジュールから SI モジュールにウィルス感染により伝えられた遺伝子情報は SI モジュールにおいて GA 演算が行われる.

図3に示されているように, GA と忘却付き BP (Back-Propagation with forgetting, 以下 BPWF) 法⁽⁵⁾ が結合

図4 決定論的変異. 構造学習の結果に基づいて行われる.

Fig.4. Deterministic mutation (DM). This is performed on the basis of the results of BPWF.

されたハイブリッドアルゴリズムとなっている. GA 学習は文献 (4) と同じであり, 以下で概略を述べる. 最初に各モジュールの個体集合が初期化される (Initialization). これは個体の染色体値をランダムに 1 か 0 (SI モジュール) または, 0 ~ K (HO モジュール) の値に設定する. 本論文では簡単のために $K = 4$ とした. 次に, 各個体の適応度が BPWF 学習により評価される. 本論文での適応度は 100% の識別率が達成された状態での染色体中の 0 以外の遺伝子数の逆数である. SI モジュールで, 識別率 100% が達成されない個体は淘汰される. HO モジュールでは, あるレベル以下の収束誤差が達成されないと淘汰される. これは, SI モジュールをパターン分類に対応付け, HO モジュールを数学的関数の近似に対応づけることに相当する.

HO モジュール個体の NN の学習は中間-出力層間の重みだけであり, 正規化 LMS アルゴリズム⁽¹³⁾ が使用できる. なお, 忘却項も付加されて学習が行われる. また, HO モジュール内の個体集合では, 多値遺伝子の処理の簡単化とウィルスの多様性維持を目的とし, 交叉演算を行っていない. 従って, 多数個体によるランダム探索と同じである.

SI モジュールでの BPWF 学習で 100% の識別率が達成された際には, 中間層シグモイドユニットをシグナムユニットに置き換える操作を行う⁽¹²⁾. この置き換えにより 100% が達成されなければ, その重みに乱数を追加し, 再度識別率を調べる. 100% が達成されなければこの操作を 30 回まで繰り返し行う. 30 回の反復後, 100% の識別率が達成されなければ, その個体は淘汰される.

その後, ペア選択と交叉, 突然変異が適用される. この交叉は適応度を考慮したルーレット選択により確率的に行われる. 交叉は一様交叉を用いている. ウィルス感染した後の個体は高次部分を有するが, 2 値の場合と同じ一様交

又を行う。一方の個体に高次部分が無い場合（対応部分がすべて 0）でも同様に一樣交叉を実現できる。生成された新たな個体は BP 学習が行われ、100%の精度が達成されなければ淘汰される。突然変異は確率的なジャンプである。

〈2・2〉 決定論的変異 本論文では、確率的突然変異（ジャンプ）と同様に、決定論的変異^{(2)~(4)}が利用される。決定論的変異は忘却付き構造学習（BPWF）の結果に基づいて行われる。この決定論的変異は NN の結合数を減少させるために使用されている。GA では確率的な変異により、0 の遺伝子が 0 以外の遺伝子に変異することが多い。この場合、重み結合が復活することを意味している。決定論的変異を利用すると、図 4 に示されているように、構造学習の結果としてその結合が必要ないと判断されれば、確定的にその対応遺伝子の値を 0 に戻すことが可能である。図 4 は BPWF の学習結果に基づき、結合の一部が消去され、その結果が染色体に反映された状況を示している。

ウイルス感染が実行された場合には、SI モジュール内の個体に高次成分の項が含まれるが、決定論的変異のアルゴリズムは同じである。BPWF 学習の結果に基づいて、必要とされない高次項からの結合は 0 に変更される。第 k 番目の入力ユニットから全ての中間ユニットへの重みの値が 0 になれば、 k 番目の入力ユニットは必要ない。この場合、 k 番目の入力信号は利用されない。

3. ウィルス感染

本論文でのウイルス感染の手続きは自然界でのウイルス感染をモデル化したものである。また、久保田らの VEGA⁽¹¹⁾ と異なり、種のカベを越えた遺伝子の水平移動を実現したモデルとなっている。VEGA の手続きは、同一種内での交叉と類似しており、その効果が弱いと考えられる。ここでの種は前述の通り、同一種類（入出力関数）の NN 構造を特定する固体の集合を指す。

〈3・1〉 ウィルス感染によるモジュール間の遺伝子情報伝達 2. で述べられている SI モジュールと HO モジュールは異なった入出力関数を有する NN を表現する個体集団から構成されている。本論文でのウイルス感染は、それぞれの個体集団を種と考え、その種を越えた情報伝達を可能としている。つまり、SI モジュールから HO モジュールへ、反対に HO モジュールから、SI モジュールへのウイルス感染が可能である。ただ、計算機シミュレーションをより簡単に実行するために、ウイルス感染の方向を HO モジュールから SI モジュールへの一方に制限している（図 1 参照）。

本論文で提案されるウイルス感染モデルを図 5 に示す。図中の円が各個体を示し、円内の楕円と部分円が染色体である。図に示されているように、HO モジュール内の NN 構造を表現する染色体の一部または全体がウイルス感染により SI モジュールへと伝搬され、SI モジュール内の固体に感染する。ウイルス感染により、HO モジュール内の個体遺伝子が SI モジュール内の個体染色体に組み込まれる。その後の SI モジュール内の個体は高次結合用遺伝子を保有

図 5 ウィルス感染。

Fig. 5. Virus infection.

した状態になる。この時の染色体は一般に 2 値と多値の遺伝子が混在した状態になっている。

この際、HO モジュール個体の学習誤差 (ER) の大きさにより、ウイルス感染する染色体情報が一部なのか全体なのかを決定している。SI モジュール個体の平均学習誤差を基準として選択した θ_1, θ_2 ($\theta_1 < \theta_2$) を元に、 $\theta_1 < ER < \theta_2$ 程度であれば、その HO モジュール個体の中間層高次ユニットの 1 個の情報がウイルス感染により SI モジュール個体の 1 個に水平移動（遺伝子の情報伝達）する。また、 $ER < \theta_1$ 程度であれば、その HO モジュール個体の染色体情報すべてがウイルス感染により、SI モジュールの個体 1 個に水平移動する。ただし、ウイルス感染が発生するか否かは確率的であり、SI モジュールの個体選択はランダムにしている。

〈3・2〉 ルール生成 シグモイド型多層 NN からのルール抽出法はすでに報告している^{(3) (4) (12)}。基本的には中間層の出力値が 2 値となるように学習させ、その後中間層出力値のクラスタリングにより、中間層出力を用いた論理関数が得られる。この関数に中間層の発火条件を組み込んだものが if-then 形式のルールとして生成される。中間層出力値がうまく 2 値化できない場合には、中間層ユニットの発火条件が曖昧となり、理解しやすい簡単なルール表現を生成するのが困難になる。

高次結合ユニットの場合には、入力信号の高次成分の組合せ構造が中間部分で得られるが、この信号が出力に直結しているため入力信号の数学的構造（パラメータ空間）を直接ルールとして抽出可能である。

なお、本論文の方法では、シグモイド型 NN の入力結合は線形であり、高次入力には対応できていない。従って、高次結合成分が、パターン分類に影響している場合などには、本方法では直接対処できない。この場合の対応法法としては、高次結合成分を出力に結合する本論文の方法に加えて、高次結合成分をシグモイド型中間ユニットへ入力結合させる方法が必要になると考えられる。

図6 GA 学習後の XOR 問題の NN 構造. 実線は正の重み, 点線は負の重みを示し, 線の幅が重みの絶対値である.

Fig. 6. NN architectures for XOR obtained after GA training. A solid line means a positive weight value and a dotted line is a negative one. Line width is proportional to the absolute value of a weight.

4. 計算機シミュレーション

本論文では提案手法の有効性を検証するために, XOR 問題と簡単なカオスシステムの同定に対する計算機シミュレーションを行った. また, 本論文の方法を菖蒲識別問題に適用すると, 文献 (4)(12) と類似の NN 構造と識別ルールが得られ, このルールに高次結合成分は含まれなかったことを付記しておく.

計算機シミュレーションでは, 図 1 で示されたモジュール構造が使われ, SI モジュールが 2 個, HO モジュールが 1 個使用された. 各 SI モジュールは 10 個の個体を含み, HO モジュールでは 20 個の個体を使用した.

XOR 問題の入出力値に関しては, (a) 0, +1 の 2 値の場合と, (b) -1, +1 の 2 値の場合, の両方をテストした. XOR 問題の学習パターン数は 4 個である. 入力属性値は通常 2 個であるが, ダミーとして 3 個の入力 (-1 定数入力) を追加して合計 5 の入力信号を使用した. 中間ユニットは [-1, +1] の範囲を出力するシグモイド関数を使用し, 出力層の関数は線形である.

図7 カオス信号に対して得られた GA 学習後の NN 構造.

Fig. 7. A NN architecture for a chaotic signal obtained after GA training.

カオス同定問題では, 次式で与えられる関数同定を行った.

$$x_{j+1} = 4 a x_j (1 - x_j) \dots\dots\dots (4)$$

ここで, $a = 0.975$ and $x_1 = 0.6$ とした. 学習信号数は 1,000 とし, 続く 1,000 個で評価した. NN への入力信号数は, 5 個 ($x_j \sim x_{j-4}$) とした. また, HO モジュールの NN の高次成分は簡単のため 4 次までとした. この場合, 高次結合の場合の数は $5^5 = 3,125$ 通りとなり, 同定可能なパラメータ空間の組合せ数は $2^{3,125}$ 通りとなる.

ウィルス感染の際の基準になるしきい値 θ_i の関しては, シグモイド型 NN が達成可能であった平均学習誤差を考慮して XOR 問題で $\theta_1 = 0.1$, カオス同定問題で $\theta_1 = 1.0$ とした. θ_2 に関しては, 遺伝子の一部だけが感染するので, 誤差評価を緩和し, $\theta_2 = \theta_1 \times 30 \times P$ とした. ここで P は [0, +1] の間の一様乱数である. なお, これらのしきい値は数回の試行により決定した.

図 6 に XOR 問題の GA 学習結果が示されている. (a) は 0, +1 入力の場合の結果 (11 回の GA 学習サイクル後) を, (b) は -1, +1 入力の場合の結果 (35 回の GA 学習後) を示している. (a) ではシグモイドユニットだけで XOR が達成されており, (b) では高次結合ユニットだけで XOR を実現している. ただし, x_i^1 は各入力成分の 1 乗, すなわち線形入力であり, その積が中間層ユニットの入力となっている. このような NN 構造の違いは, 入力信号の 2 値が異なっていることに依存したと考えられる. また, NN の結合数がほぼ最低個数にまで GA 学習されていることは, 特に決定論的変異の効果が大きかったと思われる. どちらも, ダミー入力からの結合は消去され, XOR 問題を実現できている. ルール生成は中間層ユニットの出力値のクラスタリングを行うことにより達成可能である.

図 7 にカオス同定問題に対する GA 学習後の NN 構造を示している. この場合には, シグモイド型ユニットは全て

削除され、高次結合ユニットだけで実現されている。GA 学習サイクル数は 5 回である。学習後に 1,000 個の新たなサンプルを入力した際の、総 2 乗誤差は 0.041 であった。図から、ほぼ正確に同定できていることが分かる。

一般に、シグモイド型 NN だけを用いてもカオスの近似モデリングが可能であることがいくつかの文献で示されている⁽¹⁴⁾。しかし、このようなモデリングは単に近似システムを作成しただけであり、その背景となる数学的（パラメータ）空間が同定されたことにはならない。言い換えると、従来の方法は学習パターンを記憶しただけであり、真の同定を達成したことにはならない⁽⁸⁾。

本論文の方法では比較的単純な問題が対象ではあるが、パターン分類とカオスなどの数学的モデルの同定が同じ方法で行え、またルール生成が可能である。なお、計算時間は SuperSPARC II (75MHzCPU, 64Mb メモリ) を用いて数分 (XOR 問題) と 30~40 分 (カオス同定) 程度であった。

今後は、より複雑な数学的構造を有する問題の同定、例えば 2 重螺旋問題や高次のカオス同定、ウイルス感染の際のしきい値設定の自動化などを検討する必要がある。

5. おわりに

本論文では、ウイルス感染を有する遺伝的アルゴリズムを提案し、XOR 問題とカオス同定問題でその有効性を示した。本方法は、複数の異なった種類の問題を同じように学習し、ルール生成することが可能である。今後は、より複雑な数学的構造の学習やウイルス感染の際のしきい値の自動設定、多の NN 構造からのルール生成法などを検討する必要がある。

(平成 12 年 04 月 26 日受付)

文 献

- (1) A.B.Tickle et al. : "The Truth Will Come to Light: Directions and Challenges in Extracting the Knowledge Embedded within Trained Artificial Neural Networks", *IEEE Trans. NN*, Vol.9, No.6, pp.1057-1067 (1998)
- (2) M.Fukumi and N.Akamatsu : "A Method to Design a Neural Pattern Recognition System by Using a Genetic Algorithm with Partial Fitness and a Deterministic Mutation", *Proc. of IEEE Int. Conf. on SMC*, Vol.3, pp.1989-1993 (1996)
- (3) M.Fukumi and N.Akamatsu : "Rule Extraction from Neural Network Trained Using Evolutionary Algorithms with Deterministic Mutation", *Proc. of IJCNN*, pp.686-689 (1998)
- (4) M.Fukumi and N.Akamatsu : "A New Rule Extraction Method from Neural Networks", *Proc. of IJCNN*, #713 (1999)
- (5) M. Ishikawa : "Structure Learning with Forgetting", *Neural Networks*, Vol. 9, No. 3, pp. 509-521 (1996)
- (6) 上田博貴, 石川真澄 : "ニューラルネットによる連属地入力・連属地出力データからの規則の発見", 信学技報, NC96-121, pp.63-70 (1997) 信学技報, NC96-121, pp.63-70 (1997)
- (7) L.Fu : "Rule Generation from Neural Networks", *IEEE Trans. SMC*, Vol. 24, No. 8, pp.1114-1124 (1994)
- (8) 佐野千遥 : 知的人工生命の学習進化, 森本出版 (1996)
- (9) H.Nakahara et al. : "Evolutionary Significance of Virus Infection", *Nature*, Vol.317, p.587 (1970)
- (10) 中原英臣, 佐川峻 : "ウイルス進化論", 泰流社 (1989)
- (11) 久保田直行, 福田敏男 : "ウイルス進化型遺伝的アルゴリズム—ウイルス個体群の適応に関する検討—", 第 6 回 FAN シンポジウム講演

論文集, pp.253-256 (1996)

- (12) 福見稔, 赤松則男 : "遺伝的アルゴリズムにより構造化されたニューラルネットワークからのルール抽出の一方方法" 電論誌 120-C, No.4, pp.529-535 (2000)
- (13) B.Widrow and S.D.Stearns : "Adaptive Signal Processing", Prentice-Hall (1985)
- (14) I.Nagayama and N.Akamatsu : "Approximation of Chaotic Behavior by Using Neural network", *IEICE Trans. Inf.& Syst.*, Vol.E77-D, No.4, pp.450-458 (1994)

福 見 稔 (正員) 1961 年生。1987 年 3 月徳島大学大学院工学研究科修了。同年 4 月同大情報工学科助手。1995 年同知能情報工学科講師, 1996 年同助教授, 現在に至る。生物型情報処理, 信号処理などの研究に従事。1996 年計測自動制御学会論文賞。京大工博。

満 倉 靖 恵 (正員) 1975 年生。1999 年 3 月岡山県立大学大学院情報通信工学科修了。同年 4 月徳島大学工学部知能情報工学科助手, 現在に至る。ニューラルネットワーク, 遺伝的アルゴリズムとそれらの応用に興味を持つ。

赤 松 則 男 (非会員) 1943 年生。1996 年徳島大・工・電気卒。1971 年京大大学院博士課程了。同年徳島大・工・助手。1975 年同助教授。1987 年同教授。京大工博。生体情報工学, 非線形回路, 音声の認識と合成の研究に従事。