

シングル・エポック・ラーニング

-ディープラーニングを用いた作物の遺伝形質予測の自動化と高速化-

金天海<sup>1,5</sup>・岩田洋佳<sup>2</sup>・阿部陽<sup>3</sup>・佐藤睦志<sup>4</sup>・下野裕之<sup>5</sup>

(<sup>1</sup>Sky Ocean Technology Co., Ltd., <sup>2</sup>東京大学,

<sup>3</sup>岩手生物工学研究センター, <sup>4</sup>夷風凜凜, <sup>5</sup>岩手大学)

Single Epoch Learning

-Rapid Automation of Deep-Learning-Based Crop Genomic Prediction-

Chyon Hae Kim<sup>1,5</sup>, Hiroyoshi Iwata<sup>2</sup>, Akira Abe<sup>3</sup>, Chikashi Sato<sup>4</sup>, Hiroyuki Shimono<sup>5</sup>

(<sup>1</sup>Sky Ocean Technology Co., Ltd., <sup>2</sup>Tokyo University,

Iwate Biotechnology Research Center<sup>3</sup>, Ifu-Rinrin<sup>4</sup>, Iwate University<sup>5</sup>)

ミニ  
シンポジウム

**【目的】** ディープラーニングに代表されるニューラルネットワーク(NN)を用いたデータ解析は、ネットワーク構造の調整、活性化関数の調整、学習率の調整など専門知識が必要な手作業による調整を多数伴うため、誰もが使いやすい方法とは言えず解析作業にも多くの時間がかかる。本研究では、これらの調整を自動化・省略化することのできるニューラルネットワークの訓練方法を提案する。提案法を作物遺伝形質予測に応用し、有効性を確認した。

**【方法】** 新型の NN 訓練アルゴリズムとしてシングル・エポック・ラーニング(SEL)を開発した。誤差逆伝搬法(BP)などの代表的な訓練アルゴリズムは繰り返し計算によりNNの変数を調整する方式であるのに対し、SEL は代数計算により変数を最適化するため学習率の設定が不要である。また、SEL の学習速度が極めて早いことから、ネットワーク構造の調整と活性化関数の調整を山登り法で実装したとしても意味のある時間内で計算を終えることができるようになった。

**【結果および考察】** UC Irvine Machine Learning Repository[1] より取得したデータセットにSELを適用したところ、BP と比較して学習誤差の縮小と学習時間の短縮が確認できた。また、イネの奨決データに応用したところ、主要 10 品種の収量の形質に対し予測誤差 2.82%の結果が得られた。従来一般的な解析手法である BLUP を用いた際の誤差 5.29%をベースラインとして、SEL は 46.69%の誤差を低減した。線形モデルである BLUP と比較して非線形モデルである NN は入力データより複雑な特徴を捉えて予測誤差を低減していると考えられる。本方式は、ネットワーク構造の調整、活性化関数の調整、学習率の調整などを行うことが難しい専門知識を持たないユーザでも、学習に用いるデータを準備するだけで利用できるため、稲遺伝形質予測プラットフォームとして幅広いユーザによる活用が期待できる。

謝辞:本研究は科研費・基盤研究(A)(19H00938)の支援を受けて行った。

**【引用文献】**

[1] UC Irvine Machine Learning Repository: <https://archive.ics.uci.edu/ml/index.php>