

記号列の変異・選択モデルに基づく コード進行の進化過程の分析と予測

中村栄太^{1, a)}

概要: 本稿では文化進化の確率モデルを構築して、過去のコード進行を参照・変更することによって新しいコード進行が生成される過程の性質を調べる。このモデルは、生物学の分子進化のモデルの拡張として、逐次蓄積されるコード N グラムのプールから参照が選択され、コード記号の変異によって新しいコード N グラムが生成される過程を表す。ポピュラー音楽のデータセットを用いて、モデルパラメーターを推定することにより、この進化過程を分析する。この結果、強い近親性バイアス、大きな変異率と変異確率の大きな変化、揺らぎと変異確率の相関、変異コード N グラムの普及度と変異確率の相関など、創作文化の進化に関する多くの示唆的な結果が得られた。このモデルにより、新しいコード進行の予測ができる可能性も示された。

1. はじめに

音楽進化の定量分析により、様々な巨視的な現象が明らかになっている。例えば、音楽特徴量にはその平均値が数十年 [1-3] から数百年 [4-6] の間、継続するトレンドが見られることや、急速な変化を伴う短い期間が断続的に見られること [1, 4, 7]、共時的で過渡的なクラスター構造 [1, 3, 4]、そして頻度依存性をもつ選択バイアスの存在 [5, 8] などである。個々の音楽作品は、過去の創作者や作品から作曲の仕方を学習する創作者によって作られることから、これらの現象の根底にある仕組みを理解するには、知識の伝達と変形の微視的な過程を明らかにする必要がある [9]。

音楽知識の伝達過程は、直接伝達と間接伝達の 2 つのタイプに分類される。直接伝達では、歌や他の音楽データが参照され、複製されることにより新しいものが作られる。例えば、民謡は一般的にこの方法で伝承される [10]。音楽学の仮説を検証するために、音階 [11] や音楽サンプリング [8] の直接伝達のモデルが研究されている。また、音楽の直接伝達は、心理学実験でも研究されている [12, 13]。一方、間接伝達では、音楽創作の知識は既存の音楽の集合から学習されるか、教育を通じて習得され、その知識は（複製ではなく）新しい作品の制作に用いられる。芸術音楽や商業音楽は、主に知識の間接伝達を通して発展していると考えられ、自動作曲の研究によりこの伝達における統計学習の関連が示唆されている [14]。知識の間接伝達を取り

入れた文化進化モデルは、音楽データに見られる経験則を説明するために研究されている [5, 15]。

ここでは、ポピュラー音楽におけるコード進行の進化に注目する。コード進行は伴奏の演奏方法を示し、調性音楽の作曲過程において極めて重要な要素である。ポピュラー音楽では、コード進行は通常、メロディーと一緒に記譜される。メロディーとは異なり、コード進行は頻繁に再利用され、その際には変更を伴うことがある。一般的に使用されるコード進行のリストが掲載された書籍 [16] やウェブサイト [17] が存在することも、コード進行の作成では直接伝達が行われていることを示唆している。また、コーパス分析によって、過去数十年間にわたってコード進行のパターンが大きく変化していること、そして、新しいコード進行が絶えず考案されていることが示されている [18]。そのため、創造的な文化が知識の伝達と変更を通して進化する過程を研究する上で、コード進行は学術的かつ実践的に興味深い対象である。

コード進行の伝達と変形の基本的な性質を明らかにするために、本研究では進化の確率モデルを構築し、ポピュラー音楽の楽曲に含まれるコード進行のデータセットを分析する。ここではコード進行をコード記号の系列と見なし、コード列の断片 (L グラム) を知識伝達の基本単位として扱う。新しいコード列断片を生成する過程は、(i) 以前に作成されたコード列断片の「創作物プール」から参照物を選択すること（選択過程）、および (ii) その参照物の場合により変更する（変異過程）からなると考える。これは生物の分子進化の過程に類似しており、ヌクレオチドまた

¹ 京都大学 Kyoto 606-8501, Japan

^{a)} eita.nakamura@i.kyoto-u.ac.jp

はアミノ酸がコード記号に対応する。

そこで、分子進化のモデル [19, 20] と同様のモデルを構築し、文化進化で重要な要素を組み込むために以下の拡張を行う。まず、本モデルの定式化では、作成された創作物（コード列断片）が創作物プールに蓄積される。これは、個体が死亡した場合に集団から取り除かれる生物のモデルとは異なっている。次に、文化進化においてしばしば関連性が指摘される [21, 22]、近親性と頻度依存のバイアスを選択過程に組み込む。さらに、変異過程では、コード進行の置換に加えて、分子進化モデルではしばしば無視される [20]、記号の挿入と削除をモデルに組み込む。これらの特徴により、本モデルは、先行研究でコード進行データに適用されたモデル [23] とは異なり、多くの示唆的な結果を得ることができる。他には、時間情報のないデータを用いて民謡を分析し、音符ごとの変異確率を推定した研究がある [10]。数学モデルと適切な時間情報を持つデータを用いることで、本研究では、変異確率の動的変化、進化パラメーター間の相関、および後に普及する新規コード列断片の特性など、進化過程のより詳細な特性を分析する。

2. 方法

2.1 データ表現

標準的なポピュラー音楽の記譜法で表され、自然調（CメジャーまたはAマイナー）に移調されたコード進行のデータセットを用いる。各コード進行には作成年の情報が与えられているものとする。データ中のコードの種類を Ω で示す（例： $\Omega = \{C, Am7, FM9, \dots\}$ ）。各コード進行から、繰り返しを除いた L 個の連続するコードからなる L グラム（コード列断片とも呼ぶ）を抽出する。このようにして得られた L グラムには、元のコード進行の作成年と同じ時間情報（タイムスタンプ）が割り当てられる。年 t に作成された進行から得られる全ての L グラムの集合を $S_t^{(L)} = \{w_i | t_i = t\}$ とし、そのインデックス集合を $I_t^{(L)} = \{i | t_i = t\}$ とする。ここで、 i は L グラムの添字として使い、 $w_i = (w_{i\ell})_{\ell=1}^L$ ($w_{i\ell} \in \Omega$) は対応する L グラムを表す。また、 $S_{<t}^{(L)} = \bigcup_{s=1}^{t-1} S_s^{(L)}$ と定義し、データ内の最も早い作成年を $t = 1$ とする。記法の簡便化のため、 $S_t = S_t^{(L)}$ 、 $S_{<t} = S_{<t}^{(L)}$ 、 $S_t^+ = S_t^{(L+1)}$ 、 $S_t^- = S_t^{(L-1)}$ などを定義する。3節における分析では、 $L = 4$ の場合を考える。

2.2 進化モデル

各 L グラム $w \in S_t$ は、過去のデータから参照する断片 w' を選択し、場合によりそれを変異させることによって確率的に生成されると考える。変異モードとして、置換、削除、挿入の3つを考える。置換モードでは、 L グラムの集合 $S_{<t}$ の中から参照物 w' が選択され、その1つ以上のコードが、記号ごとの置換確率 $\pi_{\text{sub}}(w_\ell | w'_\ell)$ に従って、 w'_ℓ から w_ℓ へと変異する。 L グラム w' から w への置換確率

は次のように定義される。

$$P_{\text{rep/sub}}(w|w') = \prod_{\ell=1}^L \pi_{\text{sub}}(w_\ell | w'_\ell) \quad (1)$$

この確率には、純粋な複製の場合（全ての ℓ に対して $w_\ell = w'_\ell$ ）も含まれている。

削除モードでは、 $(L+1)$ グラムの集合 $S_{<t}^+$ から参照物 w' が選択され、その要素である1つのコードが削除される。ただし、 $w' \in S_{<t}^+$ の最初または最後のコードを削除すると、 $S_{<t}$ に含まれる L グラムが生成されるため、そのような場合は除外する。従って、削除確率は次で定義される。

$$P_{\text{del}}(w|w') = \frac{1}{L-1} \sum_{\ell=2}^L \delta(w, w'_{1:(\ell-1)} w'_{(\ell+1):(L+1)}) \quad (2)$$

ここで、 $w_{\ell:\ell'} = w_\ell w_{\ell+1} \dots w_{\ell'}$ とし、 $w_1 = w_2$ の場合は $\delta(w_1, w_2) = 1$ で、それ以外の場合は0となる。

挿入モードでは、 $(L-1)$ グラムの集合 $S_{<t}^-$ から参照物 w' が選択され、その要素の1つのコード w'_ℓ の後ろにコード a が記号ごとの挿入確率 $\pi_{\text{ins}}(a|w'_\ell)$ に従って挿入される。挿入確率は次のように定義される。

$$P_{\text{ins}}(w|w') = \frac{1}{L-1} \sum_{\ell=1}^{L-1} \pi_{\text{ins}}(w_{\ell+1} | w'_\ell) \delta(w, w'_{1:\ell} w_{\ell+1} w'_{(\ell+1):(L-1)}) \quad (3)$$

なお、ここで考えている変異確率は最も単純な選択肢の一つであり、より洗練されたモデルに拡張することが可能である。例えば、記号ごとの置換確率は文脈に依存しない（つまり、確率が前後のコードに依存しない）と仮定しているが、確率 $\pi_{\text{sub}}(w_\ell | w'_\ell)$ を $\pi_{\text{sub}}(w_\ell | w'_{\ell-1}, w'_\ell)$ や $\pi_{\text{sub}}(w_\ell | w'_{\ell-1}, w'_\ell, w'_{\ell+1})$ などの形に拡張することで、文脈依存性を取り込むことができる。同様に、挿入確率も後続のコードに依存するように拡張することができる。これらの拡張は一般にモデルの複雑性（パラメーターの数）を増加させるため、パラメーターを精度良く推定するにはより多くのデータが必要となる。

生成過程では、まず変異モードが確率 $P(b) = \lambda_b$ ($b \in \{\text{rep/sub}, \text{del}, \text{ins}\}$) に従って選択される。純粋な複製の場合はモード $b = \text{rep/sub}$ に含まれることを再度注意する。次に、この場合、参照断片 w は選択確率 $P_{\text{sel}}(w|S_{<t})$ に従って $S_{<t}$ から選択される。創作者の傾向を表現するために、選択確率に2つのバイアスを組み込む。1つ目は、最近の曲に登場するコード列断片がより選択されやすい傾向を表す、近親性 [21] である。このバイアスは、断片 i に対して $e^{-(t-t_i)/\tau}$ という重み係数で表され、時定数 τ はバイアスの時間スケールを表す。2つ目は、頻度依存バイアス [22] で、 $S_{<t}$ の中でより頻繁に（またはより稀に）現れる参照物をより選びやすくなる性質を表す。このバイアスは、 S_s

の中での w の相対頻度 $F(w; I_s) = \#\{j \in I_s | w_j = w\} / \#I_s$ を用いて、選択確率に因子 $[F(w; I_s)]^\alpha$ として組み込むことができる。ここで、 $\alpha > 1$ ($\alpha < 1$) は正 (負) の頻度依存性バイアスを表す。

以上の2つのバイアスを組み込んだ選択確率は次のように与えられる。

$$P_{\text{sel}}(w; S_{<t}) \propto \sum_{s=1}^{t-1} e^{-(t-s)/\tau} [F(w; I_s)]^\alpha \quad (4)$$

この式において、各年に作成されるコード列断片の数の不均衡から生じる潜在的なバイアスが除去されていることに注意されたい。同様に、削除モードと挿入モードにおける参照物の選択確率 $P_{\text{sel}}(w; S_{<t}^+)$ と $P_{\text{sel}}(w; S_{<t}^-)$ も定義する。これらの確率でも α と τ には同じ値が用いられる。

以上をまとめると、 $w \in S_t$ の生成確率は次で与えられる。

$$P(w; S_t) = \sum_{b \in \{\text{rep/sub, del, ins}\}} \lambda_b P_b(w; S_t) \quad (5)$$

$$P_{\text{rep/sub}}(w; S_t) = \sum_{w' \in S_{<t}} P_{\text{rep/sub}}(w|w') P_{\text{sel}}(w'; S_{<t}) \quad (6)$$

$$P_{\text{del}}(w; S_t) = \sum_{w' \in S_{<t}^+} P_{\text{del}}(w|w') P_{\text{sel}}(w'; S_{<t}^+) \quad (7)$$

$$P_{\text{ins}}(w; S_t) = \sum_{w' \in S_{<t}^-} P_{\text{ins}}(w|w') P_{\text{sel}}(w'; S_{<t}^-) \quad (8)$$

純粋な複製と置換確率はそれぞれ別々に以下で定義できる。

$$P_{\text{rep}}(w; S_t) = P_{\text{rep/sub}}(w|w) P_{\text{sel}}(w; S_{<t}) \quad (9)$$

$$\begin{aligned} P_{\text{sub}}(w; S_t) &= \sum_{w' \in S_{<t}, w' \neq w} P_{\text{rep/sub}}(w|w') P_{\text{sel}}(w'; S_{<t}) \\ &= P_{\text{rep/sub}}(w; S_t) - P_{\text{rep}}(w; S_t) \end{aligned} \quad (10)$$

2.3 推論法

進化モデルのパラメーターである λ_b , $\pi_{\text{sub}}(a|a')$, $\pi_{\text{ins}}(a|a')$, τ , および α は、最尤推定法によってデータから推定できる。最初の3つのパラメーターを推定するために、EM アルゴリズムを適用する。これは、各コード列断片 w を観測変数として、変異モード b と参照物 w' を潜在変数として扱うことで導出できる。

τ と α を推定するためには、尤度を目的関数として反復グリッド探索を適用できる。これらのパラメーターの最適値は他のパラメーターの値に依存し、逆もまた同様であるので、EM ステップとグリッド探索ステップを交互に繰り返し、これを尤度が収束するまで続ける。推定値の分散の評価には、マルコフ連鎖モンテカルロ法に基づくベイズ推論を適用できる。具体的には、無情報事前分布および対数正規分布の提案分布を用いたメトロポリス法を適用する。

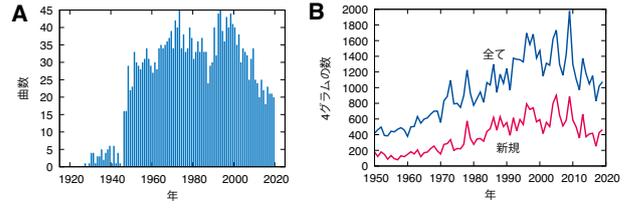


図 1 A: 使用されたデータセットにおける制作年の分布. B: 年ごとの4グラムの数 (重複を含む) と新規の4グラムの数.

2.4 事後分布の分析

2.3節の方法で推定されたモデルパラメーターを用いて事後分布を計算することで、進化パラメーターの動的変化を分析できる。まず、時刻 t における L グラム w の変異モードの事後確率 $\tilde{\lambda}_b(w, t) = P(b|w, t)$ ($b \in \{\text{rep, sub, del, ins}\}$) は、次のように得られる。

$$\tilde{\lambda}_{\text{rep}}(w, t) = \lambda_{\text{rep/sub}} P_{\text{rep/sub}}(w|w) P_{\text{sel}}(w; S_{<t}) / P(w; S_t) \quad (11)$$

$$\tilde{\lambda}_{\text{del}}(w, t) = \lambda_{\text{del}} P_{\text{del}}(w; S_t) / P(w; S_t) \quad (12)$$

$$\tilde{\lambda}_{\text{ins}}(w, t) = \lambda_{\text{ins}} P_{\text{ins}}(w; S_t) / P(w; S_t) \quad (13)$$

$$\tilde{\lambda}_{\text{sub}}(w, t) = 1 - \tilde{\lambda}_{\text{rep}}(w, t) - \tilde{\lambda}_{\text{del}}(w, t) - \tilde{\lambda}_{\text{ins}}(w, t) \quad (14)$$

これらの式の右辺は、式 (5) から (8) を用いて計算できる。また、複製確率と置換確率はここでは別々に定義している。そして、時刻 t における変異モードの確率 $\tilde{\lambda}_b(t)$ は、以下のように推定できる。

$$\tilde{\lambda}_{\text{sub}}(t) = \frac{1}{\#S_t} \sum_{w \in S_t} \tilde{\lambda}_{\text{sub}}(w, t)$$

同様に、参照断片 $w' \in S_{<t} \cup S_{<t}^+ \cup S_{<t}^-$ の事後確率 $P(w'|w, t, b)$ も計算できる。例えば、挿入モードの場合は次のようになる。

$$P(w'|w, t, b = \text{ins}) \propto P_{\text{ins}}(w|w') P_{\text{sel}}(w'; S_{<t}^-)$$

このように求めた事後確率から、時刻 t における変異確率 $\tilde{\pi}_{\text{sub}}(a|a'; t)$ および $\tilde{\pi}_{\text{ins}}(a|a'; t)$ を推定することができる。

3. 結果

3.1 データセット

日本のポピュラー音楽のデータセットを用いる。このデータセットは、著者によって構築され、2419 曲から成る。これらの曲は、オリコンの年間チャートの上位曲と、出版されているポピュラー曲の全集 [24] に掲載されているものである。作曲年は 1927 年から 2019 年までの範囲にわたり、1960 年以降の期間を進化分析の対象とした (図 1A)。

各曲から L グラムを抽出する前に、曲を自然調に移調し、同じコードの連続を 1 つのコードにまとめ、スラッシュコードを通常のコードに変換し、ベース音を削除した。解析の対象は 4 グラム ($L = 4$) とした。コード記号の種類

λ_{rep}	λ_{sub}	λ_{del}	λ_{ins}
0.38	0.46	0.00	0.16

表 1 変異モード確率の推定値.

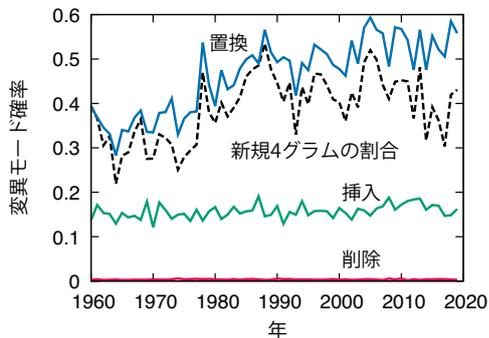


図 2 変異モード確率の動的変化.

数は 232 であり, これから理論上は約 2.9×10^9 の異なる 4 グラムが生成できる. データセットに現れる 3 グラム, 4 グラム, 5 グラムの種類数はそれぞれ 12 258, 27 237, 44 204 であった. 図 1B は, 年ごとの 4 グラムの数と新たに現れた 4 グラムの数を示しており, 新しい 4 グラムの平均割合は 39% であった.

3.2 選択バイアス

時定数の推定値は $\tau = 2.61 \pm 0.53$ であった. これは, 他の条件が等しい場合, コード列断片が参照物として選択される確率が 6.1 年ごとに 1/10 倍に減少することを意味する. 頻度依存パラメーターの推定値は $\alpha = 1.16 \pm 0.16$ であった. この平均値はわずかに正の頻度依存バイアスを示しており, 即ち, 高頻度のコード列断片はランダム選択で期待される頻度比べてより頻繁に参照される傾向があることを示している. しかし, α の値が 1 からのずれは小さく, この結果は統計誤差の範囲内で頻度依存性が無い場合と矛盾しない.

3.3 変異モード

変異モード確率の推定値を表 1 に示す. 削除モードの確率がゼロに収束する傾向があることが分かった. この結果を理解するために, まず, 全てのコード記号に対して一様分布を仮定すると, 各変異モードの確率は同じオーダー $O(K^{-L})$ であることが分かる ($K = \#\Omega$). 削除操作に対して調整可能なパラメーターがない一方で, 置換と挿入の確率である $\pi_{sub}(a|a')$ と $\pi_{ins}(a|a')$ は, 統計推論の過程でこれらのモードの尤度が増加するように調整されることから, 上の結果が理解できる. 従って, 本モデルでは主な変異モードは置換と挿入となる.

変異確率の合計 $1 - \lambda_{rep}$ は 62% であり, 新しい断片の出現率の平均値 (39%) よりも大きいことが分かる. この値は, 通常の生物進化における変異率よりもかなり大きく, 進化過程に異なる結果をもたらすと考えられる. 例えば,

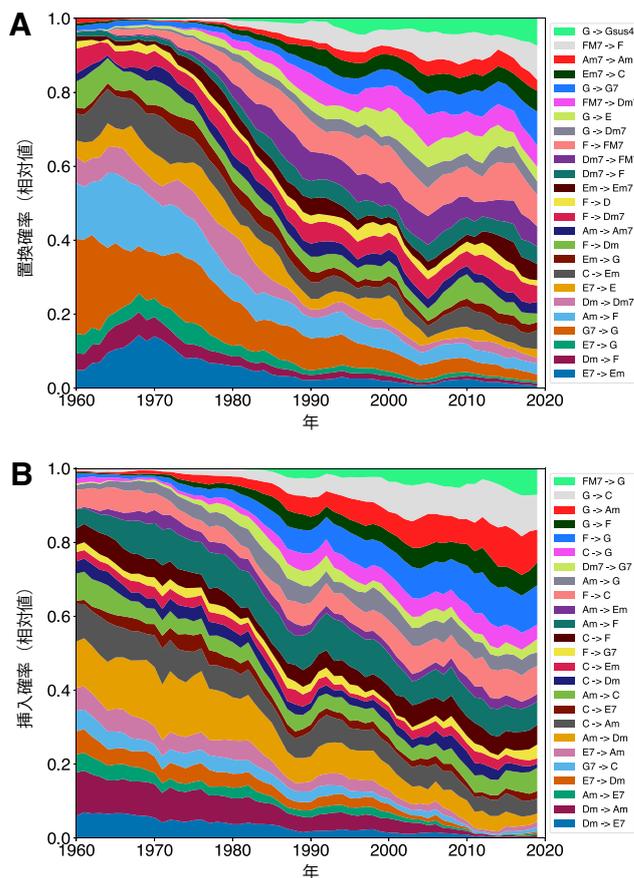


図 3 記号ごとの (A) 置換確率および (B) 挿入確率の動的変化. 各パネルは, 頻度が最も高い 25 のモードについてその相対頻度を示している. 窓幅 5 年のスムージングを付している.

複数回現れる断片のかなりの部分 (38%) が, 本モデルによれば, 変異過程によって生成されたと推定される.

時間ごとの事後分布の分析の結果, 置換モードの確率は年ごとに変動があり, 1960 年代から 1990 年代にかけて増加傾向が見られる (図 2). この時間変化は, 新しい断片の出現率と強く相関している ($\rho = 0.86, p < 10^{-10}$). 一方, 挿入モードの確率の変動は小さく, 明確な傾向は観察されなかった.

3.4 記号ごとの置換確率と挿入確率

記号ごとの置換モードと挿入モードのうち頻度が高いものを, 事後分布分析によって得られた年ごとの相対頻度とともに図 3 に示す. 置換確率では, 年ごとに大きな変化が見られ, 適用される置換モードの多様性が初期から後期にかけて大幅に増加していることが分かる (図 3A). また, FM7 や Gsus4 などの頻度の低いコードを含む置換が後期になるほどより頻繁に行われる傾向が見られる. 置換モードのリストからは, ほとんどの置換が同じ和声機能を持つコード間で起こっていることが分かる. これらは, 根音を共有するか (例: E7 \rightarrow Em, Dm \rightarrow Dm7, F \rightarrow FM7, G \rightarrow Gsus4 など), または複数の構成音を共有しているものが多い (例: Dm \rightarrow F, C \rightarrow Em, Em7 \rightarrow C など). 和声

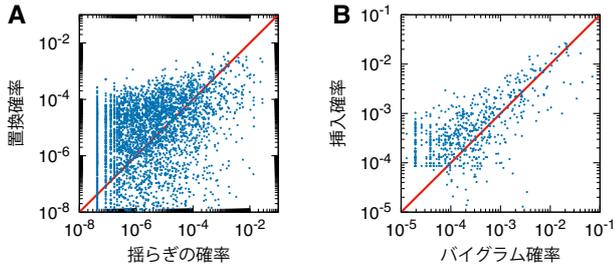


図 4 A: 揺らぎの確率 $P_{\text{var}}(a', a)$ と置換の同時確率 $\pi_{\text{sub}}(a' \rightarrow a)$ の相関. B: バイグラム確率 $P_{\text{bi}}(a', a)$ と挿入の同時確率 $\pi_{\text{ins}}(a' \rightarrow a)$ の相関.

機能とコードの置換可能性の同様の関係は、隠れマルコフモデルを用いた解析でも見られている [25].

挿入確率についても、年により大きな変化が見られた (図 3B). 挿入モードのリストは主に、一般的に見られるコード遷移から構成されている (3.5節も参照されたい). また、短調で使用されるコード遷移 (例: Dm \rightarrow E7, E7 \rightarrow Am, Am \rightarrow Dm など) が初期により頻繁に現れ、長調で使用されるコード遷移 (例: F \rightarrow G, G \rightarrow C, FM7 \rightarrow G など) が後期により頻繁に現れる傾向が見られる.

3.5 揺らぎと変異確率の相関関係

進化理論からの予想を検証するため、進化パラメータ間の相関を分析した. まず、もし新しいコード列断片が置換によって確率的に生成される場合、単一の置換により関係付く断片の変化形における異なるコード記号の同時確率 $P_{\text{var}}(a', a)$ が、置換の同時確率 $\pi_{\text{sub}}(a' \rightarrow a) = P(a')\pi_{\text{sub}}(a|a')$ と相関することが期待される ($P(a')$ はコード記号の事前確率を表す). 一方で、データにおける社会的選択の暗黙的な影響を考慮すると、異なる置換確率で新しい断片を生成する潜在的な創作者の中で、成功する創作者は過去のデータにおけるコード記号の揺らぎ確率に近い置換確率を持つことが期待される. このことも、確率 $\pi_{\text{sub}}(a' \rightarrow a)$ が過去のデータにおける確率 $P_{\text{var}}(a', a)$ によって表される揺らぎと相関することを示唆している.

この予想を検証するため、期間 [2010 : 2019] における置換同時確率 $\pi_{\text{sub}}(a' \rightarrow a)$ と期間 [1927 : 2009] で観察された揺らぎ $P_{\text{var}}(a', a)$ との相関を分析した. 図 4A の結果は、この予想を支持しており、正の相関を示している ($\rho = 0.18$, $p < 10^{-10}$). この結果では大きな偏差も見られ、特に、高い揺らぎ確率が常に高い置換確率に対応する訳ではないことも分かる.

同様に、挿入確率も対応する揺らぎ確率と関連していると予想される. 具体的には、挿入の同時確率 $\pi_{\text{ins}}(a' \rightarrow a) = P(a')\pi_{\text{ins}}(a|a')$ が、過去のデータにおけるコード記号のバイグラム確率 $P_{\text{bi}}(a', a)$ と相関していると予想される. 図 4B の結果は、この予想を支持しており、

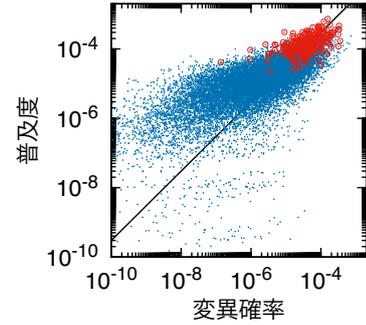


図 5 最初の出現年が $t_w^* \in [1960 : 2009]$ の変異形コード列断片 w に対する普及度 $D^{10\text{yr}}(w, t_w^*)$ と変異確率 $P(w; S_{t_w^*})$ の関係. 最初の出現から 10 年以内に 4 回以上出現した断片は赤円で示されている. 黒線は目安としての線形関数 $y \propto x$ を示す.

高い相関を示している ($\rho = 0.64$, $p < 10^{-10}$).

3.6 変異形の普及

新しい変異形のコード列断片が普及し、一般的に使われるようになる条件を特定することは、コード進行の巨視的な進化を理解する上で重要である. 生物進化においては、変異が稀であるため、同様の問題である固定化の問題が研究されており、変異体の適応度と有限集団における遺伝的浮動が 2 つの主要な要因として考えられている [26]. 文化進化の場合、一般的な生物進化とは異なる進化過程をもたらす 2 つの特徴がある. 第一に、3.3 節で述べたように、変異率は生物進化よりもはるかに大きいため、同じ変異形が独立に生成される可能性が無視できない. 第二に、進化過程は蓄積的であり、変異形のコード列断片は創作物プールから取り除かれない.

この考察から、独立した変異形の蓄積が新しいコード列断片の普及に関連していると期待される. 断片 w の普及の度合いを測る尺度として、その複製確率を用いることができる. 具体的には、年 t_w^* に最初に現れた変異形 w の普及度 $D^{10\text{yr}}(w, t_w^*)$ を次のように定義する.

$$D^{10\text{yr}}(w, t_w^*) = \frac{1}{10} \sum_{t=t_w^*+1}^{t=t_w^*+10} \lambda_{\text{rep/sub}} P_{\text{rep}}(w, t) \quad (15)$$

ここで、複製確率 $P_{\text{rep}}(w, t)$ は式 (9) で与えられる. ここでの仮説は、変異確率 $P(w; S_{t_w^*})$ が大きい変異形は、創作物プールに繰り返し追加される確率が高く、結果として平均的に普及度が高いというものである.

図 5 は、1960 年から 2009 年に初めて出現した変異形断片の全てに対して計算された普及度と変異確率の関係が示している. この結果得られる高い相関 ($\rho = 0.57$, $p < 10^{-10}$) は上記の仮説を支持しており、特に普及度が最も高い変異形においては線形関係が特に明確である (図 5 の赤円). 変異確率が小さい領域での線形関係からのずれは、有限サイズ効果によって説明することができる. また、変異確率が 10^{-6} 程度のサンプルに対しては、普及度に $O(10^1-10^2)$ の

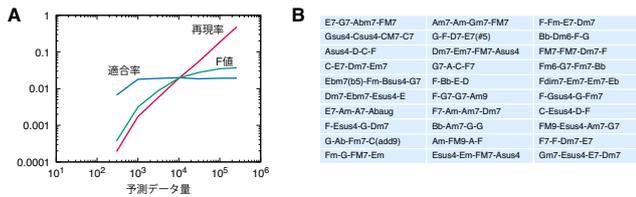


図 6 進化モデルの予測能力. A: 予測データのサイズを変えた場合の予測精度. B: 進化モデルによる最も確率の高い予測例.

変動が見られ、これは変異確率が普及度を決定する唯一の要因ではないことを示している。

3.7 予測

本研究の進化モデルは、将来に出現する新しいコード列断片を予測するために用いることができる。この可能性を調べるために、1999 年以前に作られたコード列断片のデータを使ってモデルを学習し、評価データとして 2000 年から 2019 年に作られた断片のデータを用いて、モデルの予測能力を測定した。予測モデルにより 10^6 個の 4 グラムをサンプリングで生成し、重複と学習データに既に存在するサンプルを取り除くことで、 2.6×10^5 個の断片が得られた。生成された 4 グラムは、変異確率の降順に並べ替えた。予測データと評価データを比較するために、適合率、再現率、および F 値を測定した。

予測データ全体における再現率は 48% であった (図 6A)。適合率は約 2% であり、これはランダムサンプリングによる期待値である 0.0004% よりもはるかに大きい値であった。解析対象のデータセットに含まれていない最も高い変異確率を持つ予測コード列断片の例を図 6B に示す。

4. 結論と議論

本研究では、選択と変異の過程を組み込んだ文化進化の確率モデルに基づいて、コード進行の進化を調べた。主な結果と考察について以下にまとめる。まず、推定された選択バイアスは、2.61 年の時定数を持つ、強い近親性を示した。これは、コード列断片が創作物プールに蓄積される一方で、数十年後には参照物として選択される確率が著しく低下し、この時間スケールで実効的に創作物プールから取り除かれることを示している。一方で、頻度依存性の有意な兆候は見られなかった。

次に、分析の結果、大きな変異率と置換および挿入の確率に大きな動的变化があることが明らかになった。前者の性質は、生物学で “survival of the flattest” として知られる興味深い現象 [27] を思い起こさせる。これは、高い複製確率を持つコード列断片よりも、低い選択確率を持つが変異に対して頑健に使用できるコード列断片の方が競合上に有利になり得るというものである。後者の性質は、複数の方向の変異に対して頑健に使用できるコード列断片が選択上有利になることを示唆している。この効果の重要性は、

変異率やモデルの他の設定に依存するが、この考察結果は、特定のコード列断片が他のものよりも人気がある理由を理解する上で新しい視点を提供し得るものである。

また、揺らぎの確率と変異確率の間の相関や、普及度と変異確率の間の相関は、進化理論からの予想を支持し、進化過程の特質を予測するために役立つ可能性がある。そして、同程度の揺らぎの確率を持つ場合に見られる変異確率の $O(10^{-1}-10^{-2})$ のばらつきを説明する理由を探ることも重要な課題である。

構築した進化モデルは音楽創作過程に関する経験的知識に基づいているが、本研究の結果は進化過程に対する仮定が正しいことを証明する訳ではないことに注意が必要である。例えば、統計学習を通じたデータ生成過程など、コード進行を生成する過程としては他のものも考えられる。そこで、本モデルを他の可能性とともに実験的に検証することや、前述の理論的問題に取り組むことが今後の課題である。分子進化の確率モデルが系統解析に用いられているのと同様に、本進化モデルはコード進行の起源と相互関係を解析するために応用できると考えられる。

謝辞 有益な議論をして頂いた金子仁美氏と鎌倉大地氏に感謝する。本研究は、日本学術振興会科研費 21K12187, 21K02846, 22H03661 および JST 創発的研究支援事業 JP-MJPR226X からの支援を受けて行われた。

参考文献

- [1] Mauch, M., MacCallum, R. M., Levy, M. and Leroi, A. M.: The evolution of popular music: USA 1960–2010, *Royal Society Open Science*, Vol. 2, No. 150081, pp. 1–10 (2015).
- [2] Interiano, M. et al.: Musical trends and predictability of success in contemporary songs in and out of the top charts, *Royal Society Open Science*, Vol. 5, No. 171274, pp. 1–16 (2018).
- [3] Singh, R. and Nakamura, E.: Dynamic cluster structure and predictive modelling of music creation style distributions, *Royal Society Open Science*, Vol. 9, No. 220516, pp. 1–18 (2022).
- [4] Weiß, C., Mauch, M., Dixon, S. and Müller, M.: Investigating style evolution of Western classical music: A computational approach, *Musicae Scientiae*, Vol. 23, No. 4, pp. 486–507 (2019).
- [5] Nakamura, E. and Kaneko, K.: Statistical evolutionary laws in music styles, *Scientific Reports*, Vol. 9, No. 15993, pp. 1–11 (2019).
- [6] Moss, F. C., Neuwirth, M. and Rohrmeier, M.: The line of fifths and the co-evolution of tonal pitch-classes, *Journal of Mathematics and Music* (2022).
- [7] Zivic, P. H. R., Shifres, F. and Cecchi, G. A.: Perceptual basis of evolving Western musical styles, *Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA*, Vol. 110, No. 24, pp. 10034–10038 (2013).
- [8] Youngblood, M.: Conformity bias in the cultural transmission of music sampling traditions, *Royal Society Open Science*, Vol. 6, No. 191149, pp. 1–8 (2019).
- [9] Cavalli-Sforza, L. L. and Feldman, M. W.: *Cultural Transmission and Evolution*, Princeton University

- Press, Princeton (1981).
- [10] Savage, P. E. et al.: Sequence alignment of folk song melodies reveals cross-cultural regularities of musical evolution, *Current Biology*, Vol. 32, No. 6, pp. 1395–1402.e8 (2022).
 - [11] McBride, J. M. and Thlusty, T.: Cross-cultural data shows musical scales evolved to maximise imperfect fifths (2019). Preprint arXiv:1906.06171.
 - [12] Ravnani, A., Delgado, T. and Kirby, S.: Musical evolution in the lab exhibits rhythmic universals, *Nature Human Behaviour*, Vol. 1, No. 0007, pp. 1–7 (2016).
 - [13] Anglada-Tort, M., Harrison, P. M. C., Lee, H. and Jacoby, N.: Large-scale iterated singing experiments reveal oral transmission mechanisms underlying music evolution, *Current Biology*, Vol. 33, No. 8, pp. 1472–1486.e12 (2023).
 - [14] Fernández, J. D. and Vico, F.: AI methods in algorithmic composition: A comprehensive survey, *Journal of Artificial Intelligence Research*, Vol. 48, pp. 513–582 (2013).
 - [15] Nakamura, E.: Conjugate distribution laws in cultural evolution via statistical learning, *Physical Review E*, Vol. 104, No. 034309, pp. 1–13 (2021).
 - [16] Scott, R.: *Chord Progressions for Songwriters*, iUniverse, Bloomington (2003).
 - [17] Hooktheory: Popular Chord Progressions. <https://www.hooktheory.com>.
 - [18] de Clercq, T. and Temperley, D.: A corpus analysis of rock harmony, *Popular Music*, Vol. 30, No. 1, pp. 47–70 (2011).
 - [19] Felsenstein, J.: Evolutionary trees from DNA sequences: A maximum likelihood approach, *Journal of Molecular Evolution*, Vol. 17, pp. 368–376 (1981).
 - [20] Arenas, M.: Trends in substitution models of molecular evolution, *Frontier in Genetics*, Vol. 6, No. 319, pp. 1–9 (2015).
 - [21] Wang, D., Song, C. and Barabási, A.-L.: Quantifying long-term scientific impact, *Science*, Vol. 342, No. 6154, pp. 127–132 (2013).
 - [22] Boyd, R. and Richerson, P. J.: *Culture and the Evolutionary Process*, The University of Chicago Press, Chicago (1985).
 - [23] Warrell, J., Salichos, L. and Gerstein, M.: Latent evolutionary signatures: A general framework for analyzing music and cultural evolution (2020). Preprint bioRxiv doi:10.1101/2020.10.23.352930.
 - [24] Shiiba, K. and Kubo (ed.), S.: *Japanese Songs Vols. 3–9 (in Japanese)*, Nobarasha, Tokyo (1998/1999/2001/2004/2014).
 - [25] Uehara, Y., Nakamura, E. and Tojo, S.: Chord function identification with modulation detection based on HMM, *Proc. CMMR*, The Laboratory PRISM, Marseille, pp. 59–70 (2019).
 - [26] Kimura, M.: On the probability of fixation of mutant genes in a population, *Genetics*, Vol. 47, No. 6, pp. 713–719 (1962).
 - [27] Wilke, C. O. et al.: Evolution of digital organisms at high mutation rates leads to survival of the flattest, *Nature*, Vol. 412, pp. 331–333 (2001).