

# 第1部 生命に学ぶ情報通信 (ICT) の研究動向

## Part I Research Trends in the ICT Inspired by Life

「この世界を、個人的な願望を実現する場とせず、感嘆し、求め、観察する自由な存在としてそこに向かい合うとき、われわれは芸術と科学の領域に入る。」

— Albert Einstein —

## 1 生命に学ぶ情報通信 (ICT)

### 1 The ICT Inspired by Life

#### —生命進化と脳機能から学ぶ情報通信システムデザイン—

#### — The Design of ICT System Inspired by Evolution of Life and Brain Functions —

澤井秀文

SAWAI Hidefumi

#### 要旨

新しいパラダイムの創造としての「生命に学ぶ」意義を、生命進化の流れと自然の階層性において位置づけるため、科学革命におけるパラダイム転換の一例としての「ダーウィンの進化論」を引用しながら述べる。また、生命進化における副産物の一つである脳の構造と機能、それらから演繹される様々な時間・空間構造をもつ情報処理モデル、生命進化それ自体をモデル化した遺伝的アルゴリズム、その発展系としての進化的計算アルゴリズム、初期の生命進化における細胞の代謝メカニズムをモデル化したアルゴリズム、性選択に基づくアルゴリズムなどについて述べる。さらに、最近の複雑系ネットワーク科学研究に関する動向調査の結果から、未来の情報通信社会を構築するために有用な設計指針を得ることができることを述べる。

The significance of “biologically inspired paradigm” as the creation of a new paradigm is described showing the scientific position in the course of biological evolution and the hierarchy of nature by referring to the Darwinian theory of evolution as a change of paradigm in the scientific revolutions. The structure and functions of brain as a by-product of biological evolution, the various information processing models with time and space structures by deducing from the brain functions, the genetic and evolutionary algorithms as the models of evolution itself, and the algorithm based on sexual selection, are described. Furthermore, as the results of trend survey toward the recently developing complex network science research, the useful design guidelines for constructing the future information and communications society can be obtained.

#### [キーワード]

生命, 進化, 脳, 情報, ネットワーク

Life, Evolution, Brain, Information, Network

# 1 なぜ生命に学ぶのか？

何故生物に学ぶことが有用であるのかについて述べる。例えば、我々ヒトの知性の本源である「脳」一つを考えてみても、40億年という永い生物進化における副産物であり、一朝一夕に生まれ出たものでないことは明らかである。

芸術、真の科学の揺籃となる基本的感情である。それを知らない人、もはや不思議の思いにかられることもできず、驚異の念にとられることのできない人は、いわば死んでも同然、その眼は見る力を失っているというべきである。」

— Albert Einstein —

## 1.1 至近要因と究極要因

「生命に学び」知的な情報通信システムを構築するためには、現在ある生物の機能だけを学びの対象にするのではなく、生物が永い進化の過程を経て獲得してきた様々な優れた機能がどのようにして現在に至ったのかを深く洞察することが肝要である。すなわち、生命の持つ優れた環境適応機能の「至近要因」だけでなく、生命の進化的な発達段階、すなわち「究極要因」にまで立ち返って考察する必要がある。ここで、「至近要因」と「究極要因」との関係について述べてみよう。それによって初めて、現代の生命科学や脳科学は歴史的な背景（歴史性）を持ち得る。

宇宙の創成期は約150億年前、太陽系と地球の誕生が約46億年前、約38～40億年前に原始生命が誕生したとされている。その後、化学進化の期間が少なくとも約6億年間続き、原始生命が誕生したことになっている。

表1に、自然の階層性と、各階層レベルにおける研究分野・対象についてまとめている。最も小さな階層レベルは、素粒子・原子・分子レベルであり、本特集号では第2章で人工化学を、第2部で分子通信について取り上げる。次の階層は遺伝子レベルであり、第1章第3節で遺伝的アルゴリズム、遺伝子重複に基づく遺伝的アルゴリズムについて述べる。アミノ酸レベルでは、第4節において化学的遺伝的アルゴリズム(CGA)と化学的遺伝的プログラム(CGP)について述べる。タンパク質レベルでは、第2部においてモータータンパクを用いた分子通信について述べる。細胞レベルで

## 1.2 自然の階層性

「われわれの経験しうる最も美しいものは神秘的なものである。それは真の

表1 自然の階層性

階層レベル	研究分野・研究対象
素粒子・原子・分子	ナノ・バイオ、人工化学、分子通信
遺伝子	分子生物学、中立説、重複説、ウイルス進化
アミノ酸	化学的遺伝アルゴリズム/プログラミング(CGA/CGP)
タンパク質	タンパク工学、分子通信(モータータンパク)
細胞	ニューロン、分子通信(Caイオン伝搬)
組織・器官	組織工学、脳と心、意識
個体	種の起源、性淘汰、ゲーム理論、
集団	免疫システム、ESS※、利他行動の進化、マルチエージェント
種	ダーウィン進化論、ネオダーウィニズム、共進化
生態系	棲み分け理論、擬態、個体集団の移民戦略
地球	ガイア仮説、環境問題
太陽系・銀河系・宇宙	生命の起源

※ESS: Evolutionary Stable Strategy (進化的に安定な戦略)

は、第1章第2節の脳のニューロンとシナプスをモデル化した神経回路網モデリングについて述べる。また、第2部でのCaイオンの伝播もこの階層レベルである。組織・器官レベルでは、脳機能から「意識」が生じることから、最近の研究では、脳の内部の神経活動を外部に取り出して活用するためのBMI(Brain Machine Interface)の研究が盛んになっている。個体レベルでは、ダーウィンの「種の起源」が関係し、また性淘汰の理論からヒントを得たアルゴリズムについて、第1章第3.4節で述べている。集団・種のレベルでは、マルチエージェント間の「共進化」が特徴的であり、第1章第4.2節で述べる化学的遺伝プログラミング(CGP)の複数エージェントの行動戦略の獲得は、正にこの「共進化」メカニズムに基づいている。生態系レベルでは、第1章第3.2節のパラメータフリー遺伝的アルゴリズムの並列分散処理の方式は、生態系における個体集団間の移民戦略にヒントを得たものである。地球レベルでは、環境問題が現在ホットな課題である。宇宙のレベルでは、生命の起源が、非生命の分子から進化してきたことを考えると、宇宙のような大きなスケールが素粒子・原子・分子レベルと密接につながっていることが分かり、自然界の階層性は、我々人間特有の一つの認識様式を反映していることが理解できるであろう。

表1の自然界におけるすべての階層を貫いて統一的に説明できる「究極の理論(Theory of Everything)」は、現在まだ確立されていない。ミクロスケールの理論は、素粒子論、量子力学等により、またマクロスケールの理論は、電磁気学、ニュートン力学、Einsteinの一般相対性理論により、自然界の謎がかなり解明されてきた。しかし、中間的なメゾスケールの理論は、カオス理論に基づく複雑系の科学により盛んに研究されているが、取り扱いが難しくまだ発展途上である。生物学においては、1953年のワトソン、クリックによるDNAの2重らせん構造の発見を端緒として分子生物学が急速に進展し、現在の隆盛を築いていることは衆知のとおりである。一方、情報学の分野では、人間の知識を記号で処理するエキスパートシステムに代表される人工知能研究がいったん下火になったとはいえ、その後の基礎学問としての、人工神経回路網(Neural Networks)の研

究、人工生命(Artificial Life)や人工化学(Artificial Chemistry)の研究が継続的に行われており、本特集の第1章や第2章でも最近の研究成果が紹介されている。また、デカルトの物心二元論以来、物質と心の問題は別次元のものだという考え方が根強いが、最近の脳科学の進展や脳機能を非侵襲で測定できるf-MRI, MEG, NIRS, EEGなどの計測技術の発展を背景に、人間の意識や主観をも自然科学(脳科学)の対象とすることが可能となってきたことは、科学・技術の発達歴史においてエポックメイキングな出来事だといえるだろう。

### 1.3 パラダイムの転換としての科学革命

「私たちはいつか、今より少しは物事を知っているようになるかもしれない。しかし、自然の真の本質を知ることは永遠にないだろう。」

— Albert Einstein —

トーマス・クーンの「科学革命の構造」[1]に基づいて、パラダイム(paradigm)の転換としての科学革命(scientific revolutions)について考えてみよう。トーマス・クーンの定義によると、『パラダイム』とは、一般に認められた科学的業績で、一時期の間、専門家に対して問いや答え方のモデルを与えるものである。「そして、専門家たちが、もはや既存の科学的伝統を覆すような不規則性を避けることができなくなった時、ついにその専門家たちを新しい種類の前提、新しい科学の基礎に導くという異常な追求が始まるのである。専門家たちに共通した前提をひっくり返してしまうような異常な出来事を、『科学革命』と呼んでいる。科学革命とは、通常科学の伝統に縛られた活動と相補う役割をし、伝統を断絶させるものである。」と述べている。一つの好例として、ニュートンの絶対空間・絶対時間の概念を根底から覆し、時間と空間の相対性に基づいたアインシュタイン(Albert Einstein)の相対性理論は、正に物理学上の「科学革命」と呼ぶにふさわしい[2]。ニュートン力学では、水星の近日点の移動、光スペクトルの重力的赤方変位、重力場による光の回折現象を説明することはできない。一般相対性理論により、重力場の存在する空間をRiemann空間における計量テンソル $\{g_{ij}\}$ による空間のひずみ



として表現し、Einstein の重力場の方程式を導き出すことにより、初めて定量的に説明することが可能となったのである。しかも、重力場による光の回折現象は、英国の天文学者 Arthur S. Eddington による日食時の太陽の裏側から到来する星の光の回折量が、Einstein の重力場方程式から予言される量と正確に一致することを、天文観測により見出したのである。このように、科学革命はそれまでの古いパラダイムから新しいパラダイムへの転換によって引き起こされることが分かる。しかし、全く新しいパラダイムの創造としての「生物に学ぶ」とは、いかなる発想を意味するのか？それには、進化論の産みの親であるダーウィンの思想にまず学ぶことが肝要である。

#### 1.4 ダーウィンの進化論

「世界について最も理解しがたいことは、世界が理解し得るといことである。」

— Albert Einstein —

ダーウィン (Darwin) は、1859 年に出版された「種の起源」の中で次のように記述している [3]。川岸の堤を見ると、数多くの種類の植物が茂り、灌木の間では鳥がさえずり、いろいろな昆虫が飛びまわり、湿った土の中では地虫がはいまわっている。そうした様々な生物が入り混じっている様子をじっと眺め、互いにかくも異なっているが、互いにかくも複雑に依存しあっている。これらの精妙な構造をもつ生物たちがすべて、我々を取り巻く環境のなかで作用しているもろもろの法則によって作り出されたのだと考えると、感慨深いものがある。それらの法則とは、最も広い意味にとれば、〈生殖と成長〉、生殖に作用して生じる〈変異〉、〈生存競争〉をもたらす、その結果として〈自然選択〉を働かせ、〈形質の分岐〉と改良の進まない生物の〈絶滅〉を伴う、高い〈増加率〉である。このようにして、自然界での闘い、すなわち飢えと死との闘いをへて、高等生物が生み出されてくるのだ。これにまさる崇高な営みを我々は思い描くことができない。あまたの力を備えた生命が最初〈造物主〉によって少数の生物あるいは一つの生物に吹き込まれたのだという見方、そして、この地球が重力の法則に従って回転してきた間に、か

くも単純な発端の生物から、極めて美しく驚異に満ちた無数の生物が進化し、現在も進化し続けているという見方は、いかにも壮大である。

ダーウィンが現代の進化論の祖とされている理由を、進化生物学者のリチャード・リーキーは、次のように述べている [4]。第一に、ダーウィンは進化の問題に関係のあるあらゆる種類の証拠をじっくりと系統立ててふるい分けた。彼は、若いころに博物学者として海軍の測量船ビーグル号に乗り込み、実り多い 5 年間 (1831 - 1836 年) を過ごした。この長い航海の間に数々の地質学的、生物学的現象と出会い、ひたすらそれらの現象について観察し、知識を蓄え、考えをめぐらせて、優れた博物学者に成長したのである。そして、早くも 1837 年には、種は永続的でも不変でもないことを確信していた。1837 年から 1859 年にかけての時期に、彼は幅広い読書、深い思索、慎重な実験を積み重ねたのである。「種の起源」の内容が際立って広く深いのはその成果といえる。第二に、彼は種がどのように変化するかを説明するための納得のいくメカニズムを提示することができた。それが〈自然選択〉である。彼が自然選択という考え方を思いついたのは 1838 年のことで、19 世紀初頭の聖職者で社会経済学者のトマス・マルサスの「人口論」を読んでヒントを得た。マルサスの関心は専ら人口にあったが、生物が産む子の数は、繁殖力を持つようになるまで生き延びると予想される数より多く、それは自然の一般原理だと指摘していた。

このダーウィンの進化論をベースにヒントを得て、1960 年代に John Holland が計算モデルとして提案したものが遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithm : GA) [6] である。これとその後の発展形 (遺伝的プログラミングや進化計算論など) については、後の章で詳しく説明する。

#### 1.5 生命の樹形図

「過去、現在、未来の区別は、どんなに言い張っても、単なる幻想である。」

— Albert Einstein —

ダーウィンは 1837 年に、生物の進化的な類縁関係が樹形図によってうまく表わされるのではないかと考えた (図 1 は進化系統樹を模式的に描

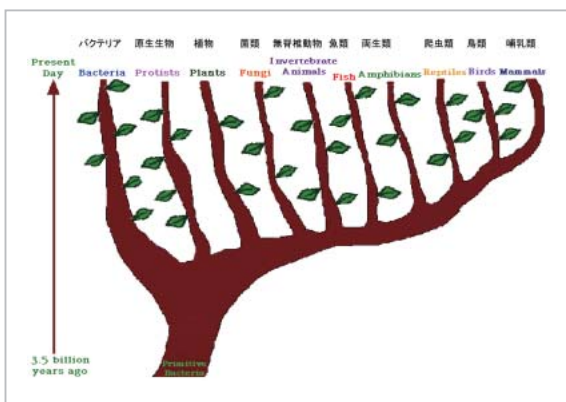


図1 進化系統樹の模式図

いたものである)。今日では、約 40 億年前に生まれた一つの始原細胞から枝分かれして、現在 1000 万種以上ともいわれている豊かで多様な種が存在していることが分かっている。化石の探査や DNA 解析などの技術の進歩により、ヒトとオランウータンが別れたのは約 1300 万年前、ゴリラと別れたのは約 650 万年前、チンパンジーと別れたのは約 500 万年前と推定されている。このように、突然変異による遺伝子型のわずかな違いの蓄積が表現型での大きな違いをもたらすことにより、「知性」の本源である生物の「脳」は、永い生命進化の過程で環境に適応するべく生まれてきたことが分かる。ここでいう「知性」とは、生物が生き延びるために環境適応する機能、そのために脳などから創出される様々な優れた機能を指すものとする。

## 2 脳機能モデルリングに基づく情報処理

### 2.1 脳の構造と機能

本節では、脳の構造と機能について概説する。脳は図 2 に示すように、左右の半球に分かれ、前頭葉、頭頂葉、側頭葉、後頭葉から成る大脳と、小脳、脳幹、脊髄から構成され、各機能別にモジュール構造をしている。脳細胞は大脳・小脳を含めると、約 1000 億の神経細胞(ニューロン)から成り、各ニューロンは数千から数万のシナプスで別のニューロンとつながっている、極めて複雑なシステムである。このような極めて複雑な脳は、生命進化の産物であることは前に述べたとおりである。ニューロンを図 3 に、神経ネットワークを図 4 に示す。シナプスの構造は、図 5 に示すよう

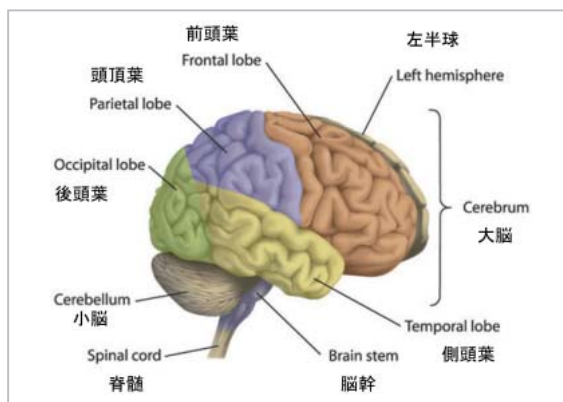


図2 脳の構造

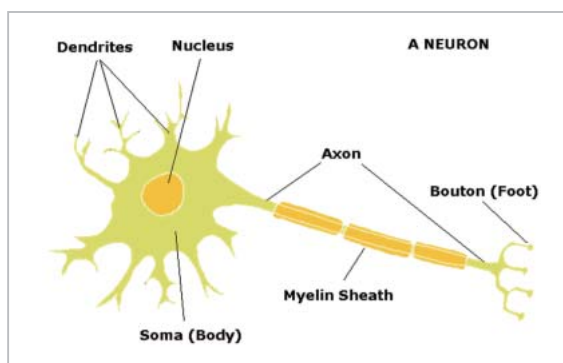


図3 ニューロン(神経細胞)

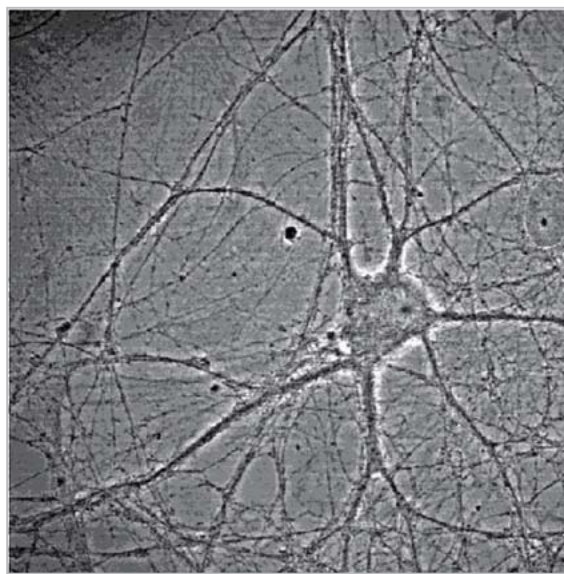


図4 神経ネットワーク

に、次の神経細胞との間に隙間があり、軸索(axon)を伝搬してきた電気パルスは、化学的な伝達物質を介して次の樹状突起(dendrite)に接続されている。

脳機能に学んだ情報処理モデルとして、神経回路網(ニューラルネットワーク)がある。このモデル化の手法を紹介し、音声や画像パターンの認識

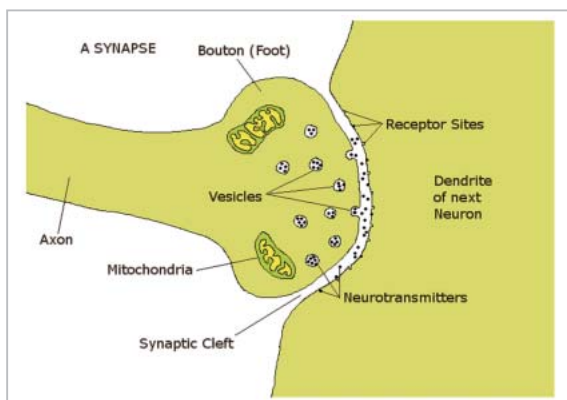


図5 シナプス

に適したニューラルネットワーク・アーキテクチャの構築方法について解説する。特に、音声のもつ時間的構造や、画像のもつ空間的構造(情報構造)に適した特徴抽出の方法と認識処理について解説する。

## 2.2 神経回路網の基本アーキテクチャ

図6は、1943年にMcCulloch & Pittsにより提案されたニューロンモデルである。入力信号  $x_i$  ( $i=1, 2, \dots, n$ ) がそれぞれシナプスの重み  $w_i$  を介して、ニューロンに入力される。その結果、内部ポテンシャル  $u$  はこれらを足し合わせた値  $\sum w_i x_i$  となる。その後、閾値関数  $y = f(u)$  に入力されるが、 $u$  がある閾値  $\theta$  より小さい値のときは出力  $y$  が0となり、 $\theta$  より大きい場合にだけ出力  $y$  が1となる。このように、このニューロンモデルでは、「閾値に基づく重み付き多数決論理」を採っていることになる。その後、閾値関数  $y = f(u)$  は、微分可能な sigmoid 関数  $y = 1 / \{1 + \exp(-x + \theta)\}$  に一般化され、図7に示す人工ニューラルネットワーク(ANN)のための誤差逆伝搬法(error back-propagation)による学習則に適用されている。

## 2.3 時間遅れ神経回路網のアーキテクチャ

図8は、時間遅れ神経回路網(TDNN: Time-Delay Neural Network)で用いられるユニットを表す[7]。これは、音声などの時系列情報を処理するために考案されたアーキテクチャである。左端は入力ユニットでシナプス  $W$  を介して上位の出力ユニットに結合されるが、時間遅れがない場合の結合と、時間遅れ  $D_1, D_2, \dots, D_n$  を経て結合す

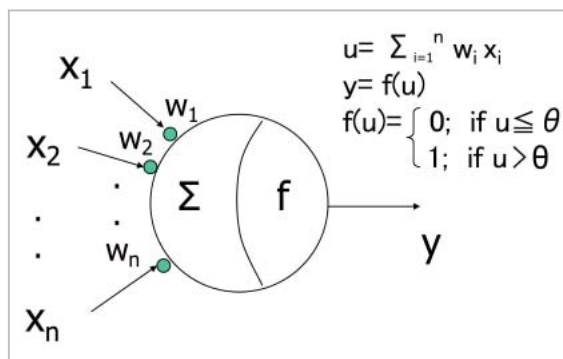


図6 McCulloch & Pitts の形式ニューロン

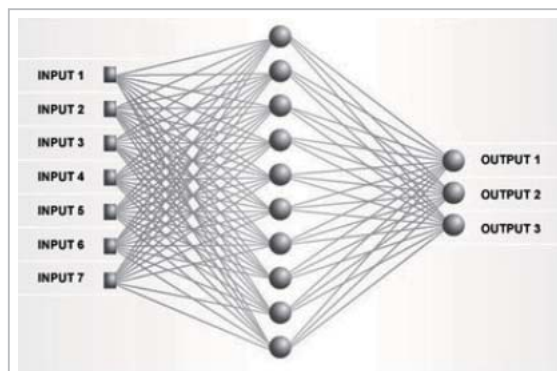


図7 人工ニューラルネットワーク(ANN)

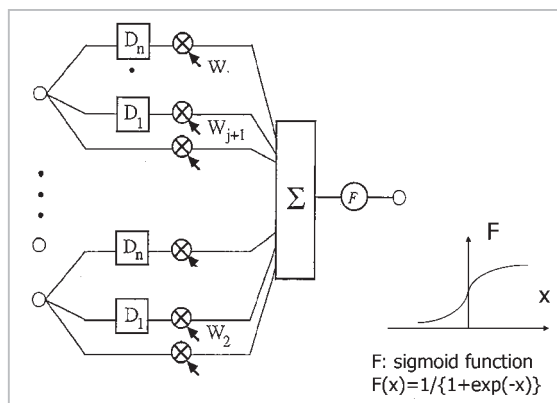


図8 時間遅れ神経回路網(TDNN)のユニット

る場合がある。これは時間構造を持つ音声信号パターンを処理するのに適した構造をしている。入力信号は重み付き加算され( $\Sigma$ )、シグモイド関数  $F(x) = 1 / \{1 + \exp(-x)\}$  に入力された後、出力される。

図9は、日本語の有声破裂音/b, d, g/を識別するために考案されたTDNNの構造を示している[7]。下層から入力層、隠れ層第1層、隠れ層第2層、出力層を表す。入力層は、 $x$ -軸方向15ユ



ニット、y-軸方向16ユニットで合計240ユニットから成る。x-軸方向は時間軸、y-軸方向は周波数軸で、10msごとに周波数分析された時間-周波数スペクトル(サウンドスペクトラム)を入力層に入力する。この時間-周波数スペクトラムは、時間窓幅30ms(3ユニット)ごとにシフトさせながら、図8のように時間遅れを伴ったシナプスの重み係数を掛け合わされた後、隠れ層第1層の上位ユニットに結合される。隠れ層第1層においても同様に、x-軸(時間軸)方向5ユニットとy-軸(周波数軸)方向8ユニットの計40ユニットを同様に、時間遅れを伴って結合して隠れ層第2層に結合している。隠れ層第2層では、x-軸方向9ユニットを三つのカテゴリ/b, d, g/それぞれに対応させて、出力ユニットに時間遅れを伴って結合している。このTDNNを誤差伝搬法で学習し、学習に用いなかった入力音素を識別したところ、98~99%程度の特定制者認識率を達成している。これは、音声認識で従来よく用いられているHMM(隠れマルコフモデル)の認識率91~97%に比較して、誤認識率が約1/4に通減されている。

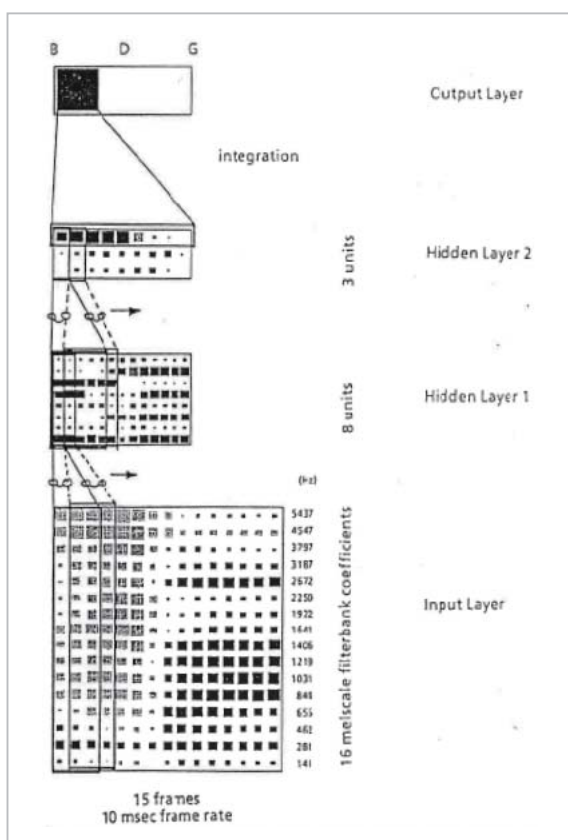


図9 時間遅れ神経回路網(TDNN)のアーキテクチャ

同様に、音素カテゴリーを拡張すれば、すべての日本語音素グループごとにTDNNを構築することが可能である。

図10は、日本語18音素を識別することができるTDNNのモジュール構成を表す[8]。同図から分かるように、日本語18音素を6グループ、すなわち、有性破裂音グループ/b, d, g/、無声破裂音グループ/p, t, k/、鼻音グループ/m, n, N/、摩擦音グループ/s, sh, h, z/、歯擦音グループ/ch, ts/、流音・半母音グループ/r, w, y/に分け、さらに各音素グループ間で識別処理を行った結果と、各音素グループ間での識別処理を行った結果を出力層で結

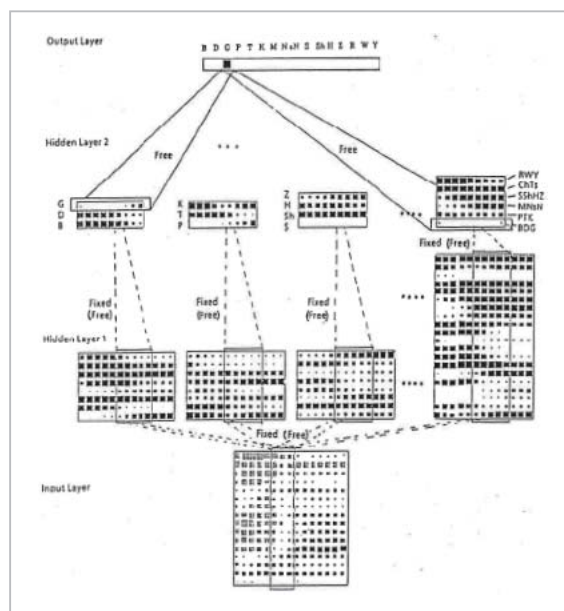


図10 全音素ネットワークのモジュール構成

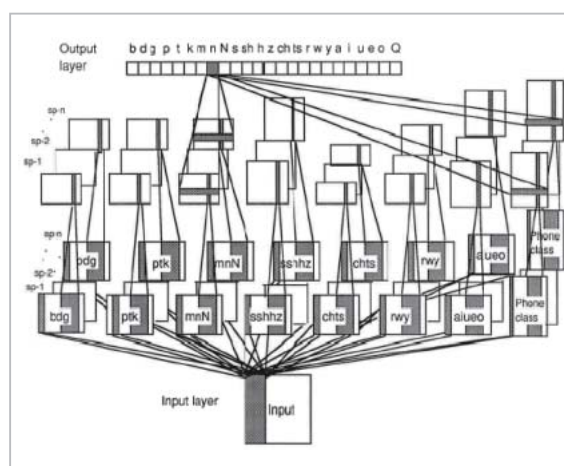


図11 不特定話者認識のための大規模TDNNアーキテクチャ

合している。

図 11 は、上図の TDNN に、日本語母音/a, i, u, e, o/を識別できる TDNN と、子音 6 グループと母音グループ間を識別する TDNN とを追加し、さらに特定話者認識用の TDNN を不特定話者認識用に拡張した構造を持つ [9]。図で分かるように、3D 構造でかつ大規模なネットワークである。この結果、日本語のすべての子音・母音を不特定話者モードで認識することができる。さらに音声の有無(無音か有音か)を識別できるユニット(Q)を加えると、発声された音声中を時間方向に走査(スキャン)するだけで、日本語音素の自動的な認識(音素スポッティングという)が可能となる。これらの認識性能については、参考文献 [9] を参照されたい。

図 12 は、不特定話者認識を可能とするための別のアプローチを示している [10]。下の 3 層のニューラルネットワークは、不特定のある話者から学習話者への音声スペクトルのマッピング(写像)を実現する 3 層のニューラルネットワークである。この写像を予め学習しておくことで、学習済みの話者の TDNN をそのまま利用することができる、一つの有力なアプローチとなり得る。

## 2.4 時間遅れ神経回路網の拡張<sup>[11]</sup>

図 13 は、音声の時間的、周波数的変動を吸収するために考案された新しい TDNN の拡張構造モデルである。入力層に時間窓と周波数窓をそれぞれ掛け、隠れ層第 1 層でそれぞれ分担して各々の特徴量(時間変動に伴う特徴量と周波数変動に伴う特徴量)を抽出し、隠れ層第 3 層で一つに統合した後、出力層で出力する構造をしている。図は、例として認識誤りを起こしやすい、有性破裂音/b, d, g/と鼻音/m, n, N/を合わせた六つの音素カテゴリーを高精度に識別するために考案した拡張版 TDNN である。この認識性能については、文献 [11] を参照されたい。

図 14 は、ブロック窓を持つニューラルネットワークであり、手書き文字認識で古くから研究されてきたネオコグニトロンをヒントに考案したものである。音声パターンの場合も手書き文字と同様に時間方向(x-方向)と周波数方向(y-方向)の変動を吸収する必要があるため、下層においてブロック状の窓を掛け、上位層に次々と特徴量を統

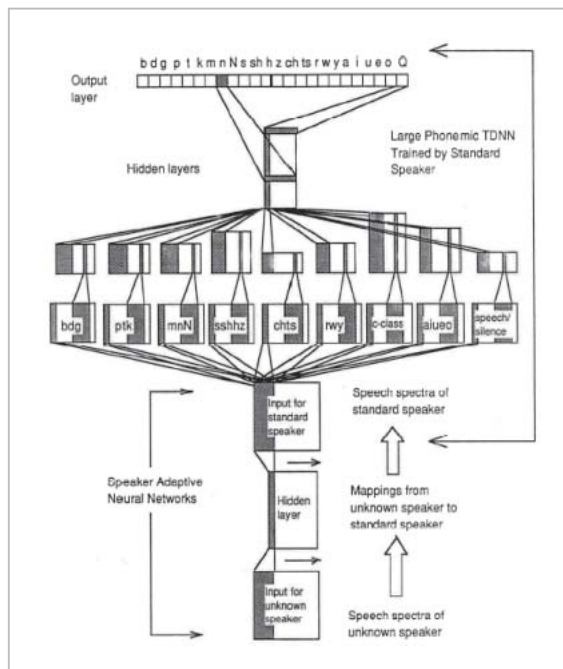


図 12 話者適応ニューラルネットワークをもつ大規模 TDNN アーキテクチャ

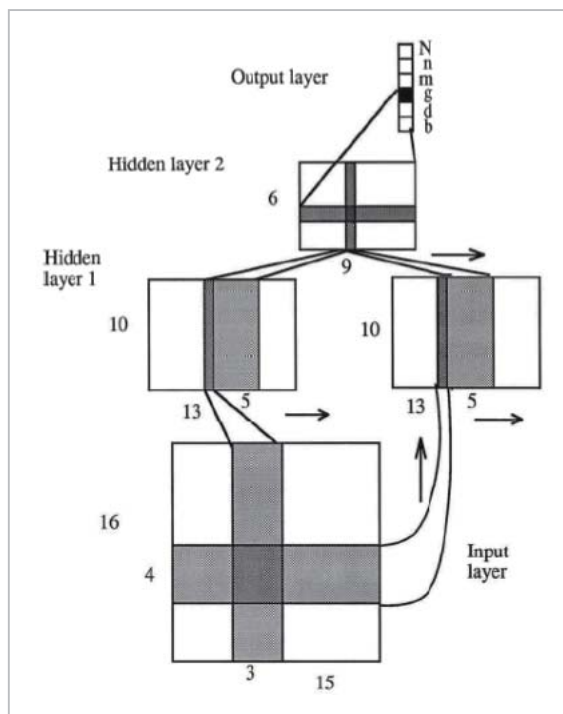


図 13 周波数-時間シフト不変な TDNN アーキテクチャ

合していくことで変動を吸収しやすい構造になっている。

## 2.5 回転不変なパターン認識用アーキテクチャ<sup>[12]</sup>

図 15 のアーキテクチャは、TDNN の平行移動



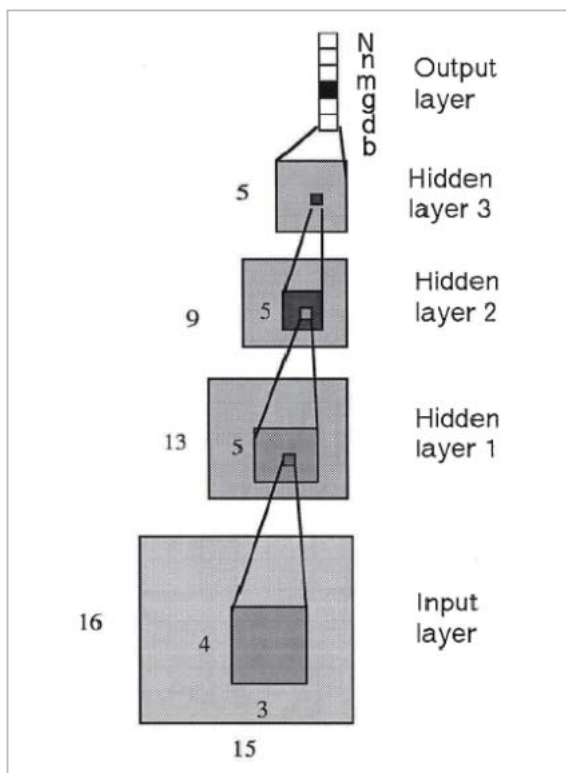


図14 ブロック窓付きニューラルネットワーク・アーキテクチャ (BWNN)

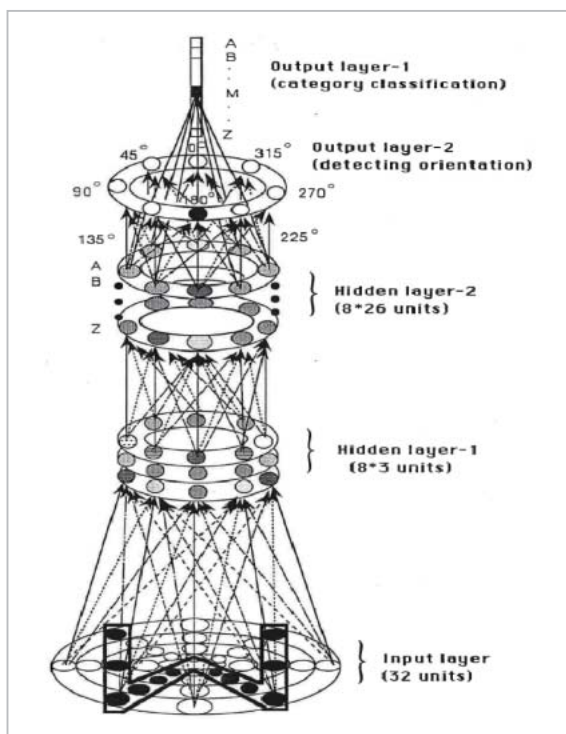


図15 軸対称ニューラルネットワーク・アーキテクチャ

不変性を回転方向に拡張したもので、軸対象構造をもつ NN である。下層から上層に平行に張られているシナプスの重み係数については、学習の結

果、同じ値を保持している。これにより、ある回転位置 (例えば 0 度) で入力されたある文字パターンのクラスカテゴリー (A~Z) と回転位置を同時に、誤差逆伝搬法 (Error back-propagation method) を用いてシナプスの重み係数をすべてのパターンについて学習すれば、学習された任意のパターンが任意の角度で入力されたときに、正しくそのクラスカテゴリーと回転角度を認識することが可能な構造になっている。図では、アルファベット 26 文字を、回転角度を 45 度刻みで認識できるニューラルネットワークの構造を示している。下層から順に、入力層、隠れ層第 1 層、隠れ層第 2 層、出力層第 2 層 (回転角識別用)、出力層第 1 層 (クラスカテゴリー識別用) となっている。このニューラルネットワークは軸対称構造をもち、認識機能を正しく発揮させるためには、入力層に与えられるパターン中心のアライメントに注意する必要がある。

### 3 進化的計算論に基づく情報処理

生物進化のメカニズムに学んだ情報処理モデルとして、遺伝的アルゴリズムや進化的計算論に基づく計算アルゴリズムがある。表 2 は、本節と次節で扱う進化計算アルゴリズムをまとめたものである。

1859 年、Charles Darwin が生物の遺伝と進化について「種の起源」を著し、それからヒントを得て、John Holland によって 1960 年代に提案された遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithm : GA) は、これまで関数最適化、組合せ最適化問題、機械におけるパラメータの最適設計などの多くの分野に応用されてきた。最近、遺伝的アルゴリズムは、それまで独立に提案されてきた Rechenberg らによる Evolutionary Strategies (EA) や L. Fogel による Evolutionary Programming (EP) と統合され、Evolutionary Computation (EC) という研究分野を形成している。

#### 3.1 不均衡進化論からヒントを得たパラメータフリー遺伝的アルゴリズム<sup>[13]</sup>

本節では、遺伝的アルゴリズムにおいて、初期集団数、交差率、突然変異率などの遺伝的パラメータの初期設定をする必要がない新しいアルゴ

表2 代表的な三つの C&C モデルの比較

生命現象・進化論(ミクロからマクロへ)	進化的計算アルゴリズム
不均衡進化論(古澤) <sup>[20]</sup>	パラメータ・フリーGA <sup>[13]</sup>
遺伝子重複説(大野) <sup>[16]</sup>	遺伝子重複 GA <sup>[15]</sup>
コドン・アミノ酸翻訳	化学的 GA <sup>[21]</sup> ・ GP <sup>[22]</sup>
性淘汰(ダーウィン) <sup>[4]</sup>	性淘汰に基づく進化計算法 <sup>[17]</sup>
生態系	階層的並列分散 GA <sup>[14]</sup>

リズム (Parameter-free Genetic Algorithm : PfGA) について述べる。PfGA は、DNA の 2 重鎖 (double strand) に生じる突然変異に基づいた古澤らの不均衡進化論 (disparity evolution) <sup>[20]</sup> からヒントを得て、発展させたものである (図 16)。不均衡進化論によると、DNA の 2 重鎖がほどけてそれぞれのコピーを合成するときに、ほどける向きとコピーされる向きの等しいリーディング鎖 (leading strand) と、これらの向きが逆であるラギング鎖 (lagging strand) とで突然変異率が異なる。前者のリーディング鎖にはほとんど突然変異は生じない (保守的である) が、後者のラギング鎖には突然変異が生じやすい (革新的である)、という。その結果、世代を経るに連れて交差と突然変異によってコピーエラーの生じ方に不均衡が蓄積し、集団中に突然変異をほとんど受けない DNA 鎖と、突然変異が蓄積されていく DNA 鎖の多様性 (diversity) が生まれる。前者は集団の安定性 (stability) に寄与し、後者は集団の柔軟性 (flexibility) に寄与する。PfGA の場合、前者がある時点での最良個体に対応し、後者が交差や突然変異によって生まれた子個体に対応する。このように PfGA における、局所的な探索と大局的な探

索とのバランスをとりつつ多様性を保持する機構を、不均衡進化論における遺伝子の安定性と柔軟性とのバランスに対応させて理解することが可能である。

PfGA での集団は、全探索空間中のすべての候補であると考えられる。そしてこの全探索空間 S に対して、局所的な副集団 S' を設ける。さらにこの局所集団 S' から 2 個体を親個体として抽出し、これに対し交差、突然変異を行い、生成した 2 個の子個体とを含めた「家族」 (“family”) S' を考える。そして、この「家族」の中の 4 個体の適応度の大小に基づいて、個体を選択・淘汰し、局所集団 S' を進化させることにより解の探索を試みる。

以下に、PfGA の基本アルゴリズムを示す (図 17 参照)。

1. S から 1 個体を無作為に取り出し、これを S' の初期局所集団とする。
2. S から 1 個体を無作為に取り出し、これを局所集団 S' に追加する。
3. 局所集団 S' から無作為に 2 個体選び出して、これを親 1 (P<sub>1</sub>)、親 2 (P<sub>2</sub>) とし、多点交差を行う。
4. 交差によって生成された 2 個体の子のうち、ランダムに 1 個体を選択し、ランダムな数と位置において反転突然変異を適用する。
5. 生成された 2 個体の子 C<sub>1</sub>、C<sub>2</sub> と、2 個体の親 P<sub>1</sub>、P<sub>2</sub> の計 4 個体 (「家族 (family)」と呼ぶ) の中で選択・淘汰し、4 個体の適応度の大小に応じて選択した 1 個体ないし 3 個体を局所集団 S' に戻す。
6. 集団数 |S'| ≥ 2 なら 3. へ戻り、|S'| = 1 なら 2. に戻って繰り返す。

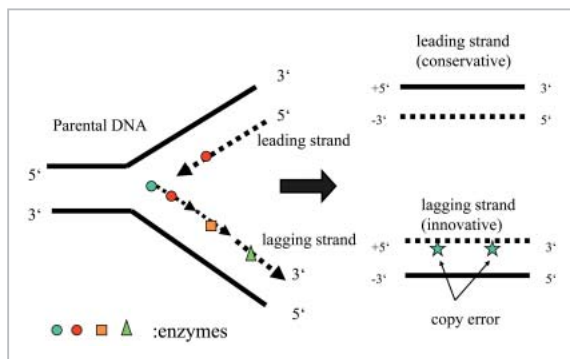


図 16 不均衡進化論における仮説

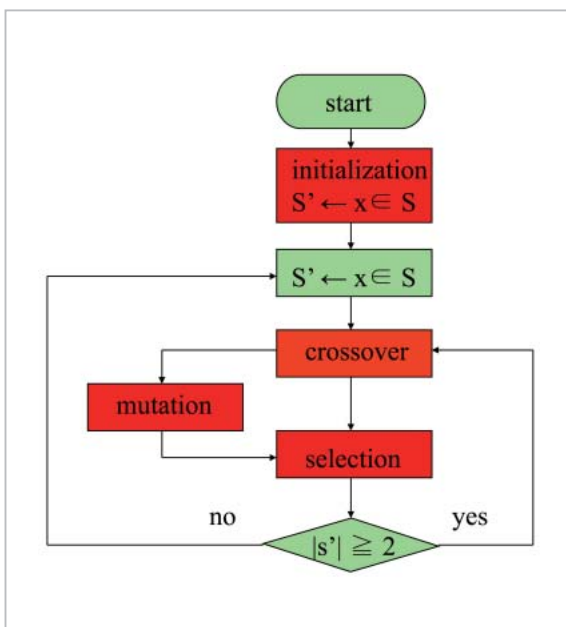


図17 パラメータフリーGA (PfGA) のフローチャート

PfGA の交差には、多点交差を用いる。多点交差は、位置も数もランダムな交差点を決定し、2 個体の染色体間で交差するものである。突然変異は、交差時に生じる染色体のコピーエラーを使う。すなわち、2 個体の親から生成された子の内、ランダムに 1 個体を選び、染色体の部分配列の反転によって、ランダムな位置と数の突然変異を起こす。ここで、交差で出来た 2 子個体の内、ランダムに 1 個体を突然変異せずに残すのは、少なくとも親の形質の一部を 1 子個体に残すためである。このように PfGA では、アルゴリズムの実装方法としてランダムナンバーに基づいて遺伝的操作を実行し、極力 *ad hoc* な選択肢を導入しない工夫を施している。

選択・淘汰に関しては、局所集団の多様性 (diversity) の保持による大局的な探索 (exploration) と、局所的な探索 (exploitation) とのバランスをとるため、“family” S’ 内の 4 個体の適応度を比較し、図 18 (左) に示す四つの場合に分けて処理する。この際、“family” 内の個体間の優劣に応じた Case 1 ~ 4 の暗黙の切り替えによって、局所集団 S’ の大きさを適応的に変化しつつ、大局的な探索と局所的な探索のバランスを動的に取りながら局所集団 S’ を進化させている。この点、集団数が固定である他の GA と比べると、探索効率の点から無駄な探索をする必要がない。また “family”

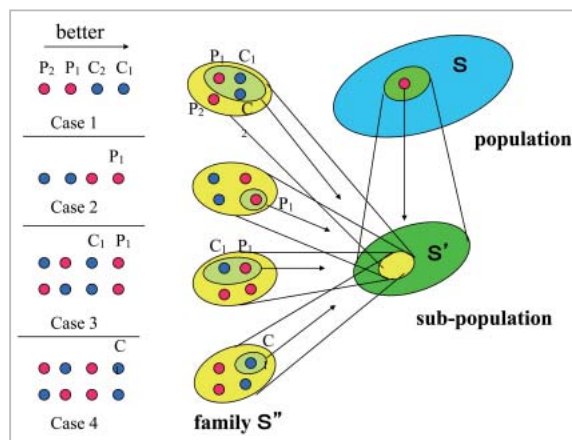


図18 PfGA における集団と選択ルール

中の 4 個体の内、最良個体は必ず S’ に戻る。このように “family” 内では一種のエリート保存戦略を採っていることになる。すなわち、ある時点での最適個体を保証しながら、それを元にした交差と突然変異により、かなり広い (近傍) 空間を積極的に探索している。もし現在の最良個体よりも良い子個体が生成されれば、そこに探索の中心を移し、そうでなければ現在の個体を淘汰せずに保持する。これにより適応度は進化の途上で劣化することはない。

### 3.2 パラメータフリー遺伝的アルゴリズムの並列分散処理<sup>[14]</sup>

生物の生態系からヒントを得た、パラメータフリー遺伝的アルゴリズム (PfGA) の並列分散処理について述べる。一般に、GA に限らず処理を並列化する場合の目的は処理速度の高速化であるが、特に GA を用いた探索問題の場合には、移民による個体間の相互作用によって、単にタスクを分割する場合に比べ、より効率良く探索できる可能性がある。粗粒度の並列 GA の場合は、局所集団を処理単位に、適度な頻度で個体を局所集団間で移民 (migration) させることが多く、密粒度の場合は、ある個体の近傍を処理単位として近傍間に重なりを持たせる場合が多い。前者は、島モデル (island model) と呼ばれ、一つの局所集団 (島) が一つの生物種の最小交配単位 (deme) を構成している。本論では前者のモデルを用いる。

並列処理アーキテクチャには一様分散型と、マスター・スレーブ型の 2 種類を用いる。一様分散型とは、すべての局所集団が同じ役割を持ち、局



所集団を監視する機能はない。一方、マスター・スレーブ型は、マスターと呼ばれる局所集団が、その他のスレーブと呼ばれる局所集団の処理を監視する機能を持つ。図 19 に PfGA の一様分散型アーキテクチャを示す。全探索空間  $S$  から  $N$  個の局所集団  $S'_i$  ( $i=1, \dots, N$ ) が派生し、それぞれの局所集団  $S'_i$  では、前節で述べた PfGA の交差、突然変異、選択を行う「家族」 $S''_i$  が存在する。すべての局所集団間では、個体の「移民」が起こり得る。

図 20 はマスター・スレーブ型アーキテクチャである。 $S_0$  をマスターの局所集団、 $S'_i$  ( $i=1, \dots, N$ ) をスレーブの局所集団とする。マスター  $S_0$  は、常に(あるいは一定間隔で)すべてのスレーブ中での最良個体を監視しておく。

移民のさせ方としては種々の方法が考えられるが、一つ目は、ある局所集団で良い個体が生じた場合にのみ、他の局所集団にコピーして分配するという方法である。これを直接移民型と呼ぶことにする。ただこの方法では、移民後に他の局所集団でも同じ個体を保持することになり、システムの多様性がなくなる可能性がある。そこで二目として、良い個体を複数の局所集団から集め、これらの中から任意の 2 個体を新しい親個体として選択する。そして、交差と突然変異によって 2 個の子個体を産み、PfGA の選択則に従って 1~3 個体を任意に選択した局所集団に分配する方法が考えられる。これは局所集団レベルからみるとメタレベルの PfGA を用いた移民方法であるので、階層移民型と呼ぶことにする(図 21)。

以上のように、並列アーキテクチャとしては一様分散型とマスター・スレーブ型の 2 種類、移民方法としては直接移民型と階層移民型の 2 種類を組合せ、計 4 種類の方法で並列処理を試み、それぞれの移民の効果を調べた。

探索性能を評価した結果、局所集団数を増加させることにより、成功に要する評価回数を  $1/N$  で減少させることができた。検討した 4 種のアーキテクチャ/移民法では、UD1, MS1, MS2, UD2 の順に性能が良いことが判明し、局所集団数を増加していけば移民の効果によって、逐次処理に比較して成功率も向上することが確認できた。

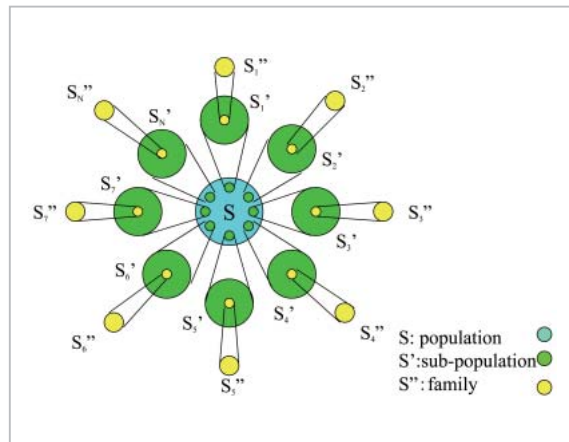


図19 一様分散アーキテクチャ

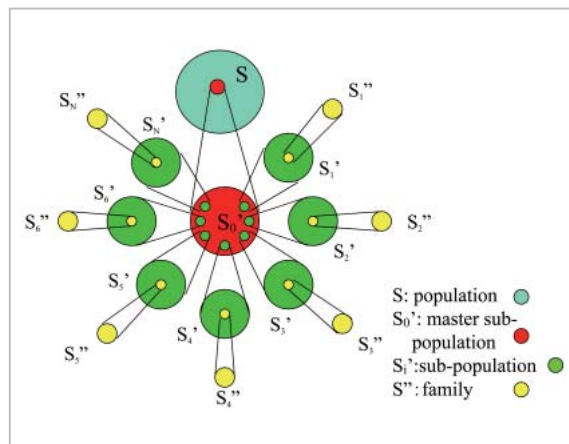


図20 マスター・スレーブ型アーキテクチャ

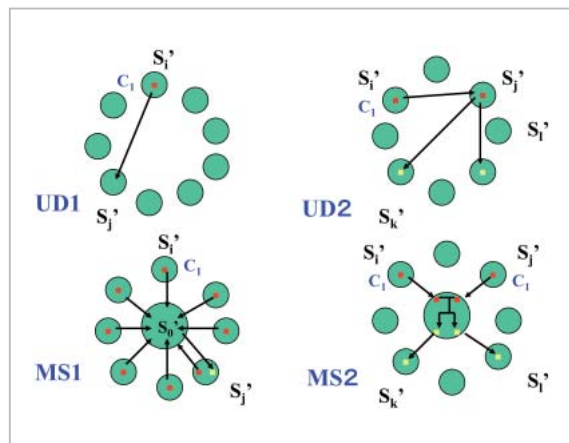


図21 移民選択法：UD 1(左上), UD 2(右上), MS 1(左下) 及びMS 2(右下)

### 3.3 遺伝子重複に基づく進化的計算法<sup>[15]</sup>

本節では、大野乾により 1970 年代に提案された遺伝子重複説にヒントを得た進化的計算法 (Gene Duplicated GA : GDGA) について説明する。遺伝子重複説では、ウイルス、植物、動物などを含めたあらゆる生物の進化の過程では、それまでの蓄積されてきた遺伝子の断片をコピーしたり再

利用することにより、より高次の生物への進化を促進させる効果があると主張している。これを大野は、「一創造、百盗作」という簡潔な言葉で表現している[16]。この遺伝子重複は、同一染色体の染色分体間の不等交換、減数分裂過程での相同染色体間の不等交差、DNAの部分的な繰り返し複製等によって起こるとしている。我々は、これらの遺伝子重複機構からヒントを得て、多次元実数値関数最適化問題に対して実現可能な四つの遺伝子重複モデル(連鎖型、伸長型、結合型、拡張結合型)を考案した。

この計算法は、与えられた問題を部分問題に分割し合成する、いわゆる、“divide and conquer法”の、GAをベースにした実現法である。各個体はそれまで獲得した部分解を連結し、各局所集団間を移民することにより、より迅速かつ効率的に所望の解を得ることが可能になる。

遺伝子重複は、遺伝子長の異なる個体に対しても適用できる遺伝的オペレータであり、多次元の関数最適化問題を解く場合に、その効果を発揮できるものである。その適用方法は、まず変数を部分次元ごとに遺伝子にコーディングし、部分空間における適応度関数を設定し、GAを働かせることにより(準)最適解を求める。この(準)最適解に対応する遺伝子を持つ個体を連結することにより、より高次元の空間における最適化問題を解く。この求解プロセスを、異なる遺伝子長を持つ個体が局所集団間を移民することにより実現する。アルゴリズム全体では、各局所集団内で、交差・突然変異・選択を行い、局所集団間で、重複・移民の順で処理を行う。

各型の探索性能を評価するためのシミュレーション実験では、関数最適化ベンチマーク問題を用い、最適解に到達する成功確率と収束性能などの比較を行った。その結果、移民個体数の増加による集団の多様性の増大によって、収束性能の向上が確認でき、本計算法の有効性が確認できた。

### 3.4 性選択からヒントを得た進化的計算法[17]

性淘汰は有性生物の中で雌雄で大きく形状の異なる種を説明する理論の一つであり、雄間の競争(例:シカの角)や雌による選り好み(例:クジャクの羽根)が知られている[18][19]なぜ雌による選り好みによって一見進化に不利に見える形質が進

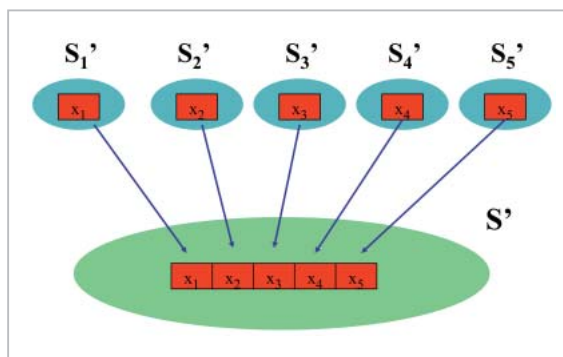


図22 遺伝子連鎖型における遺伝子重複法

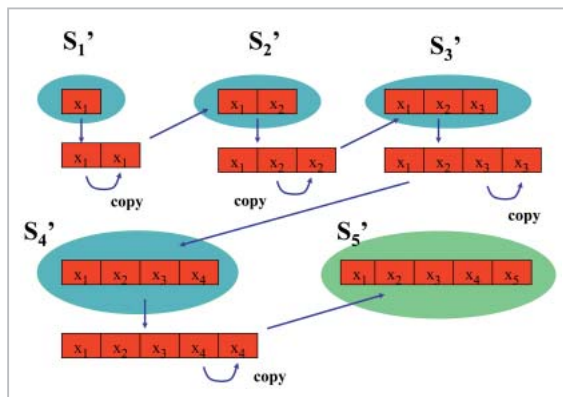


図23 遺伝子伸長型における遺伝子重複法

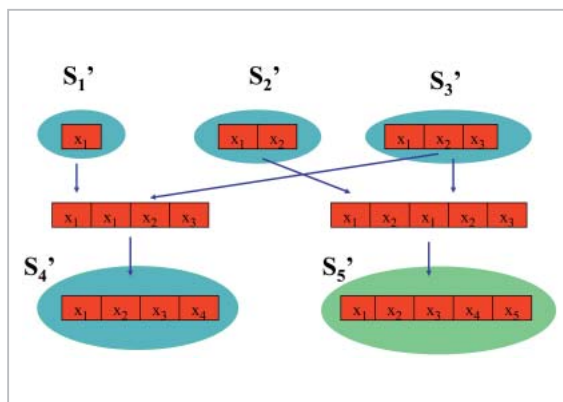


図24 遺伝子結合型における遺伝子重複法

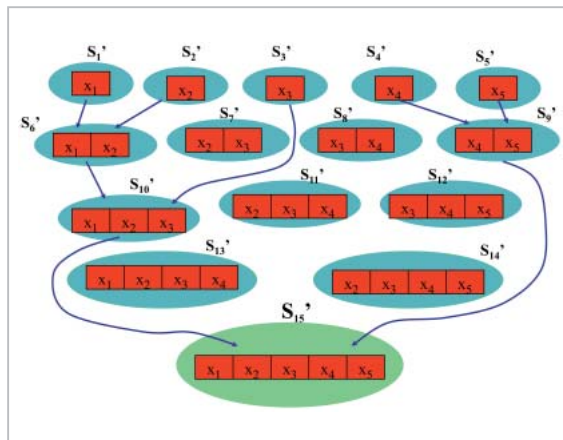


図25 遺伝子拡張結合型における遺伝子重複法



化したのかということに関する仮説は数多く提出されている。代表的な仮説としてランナウェイ仮説と優良遺伝子仮説がある。前者は集団中の雌の好みに既に偏りがあり、雄の形質には有害な突然変異によって常にばらつきが生じると仮定する。このとき、雌に好まれる形質を持つ雄は適応度に関係なく子供を多く残すことが可能となり、同時にそのような好みを発現する遺伝子にも間接的利益を与えるので、結果として雌の好みと雄の形質が発達したと考える。後者は雄が多少のコストを払っても自分自身の「遺伝子の質」を形質として宣伝し、雌がそれを標識として配偶者を選択することによって好みと形質が発達したと考える。しかし、今のところ性淘汰で実際にどのようなプロセスが働いているのかまだよく分かっていない。

個体に遺伝的に性を持たせることで、性淘汰において一方が他方の表現型を観測し選り好みするという「雌雄の役割の非対称性」が進化に与える影響についても注目する。

一方、適当度の景観に応じて進化の方向にバイアスを与える遺伝的操作として、最も単純な遷移規則である突然変異に注目する。そして、突然変異のパラメータとして突然変異率を遺伝子にコーディングし、適応的に変更していくモデルを考える。

特に性淘汰と突然変異率の相互作用という点に注目する。

以上の観点から、突然変異率を遺伝子にコーディングし、さらに性と性淘汰を導入した進化的計算モデルを紹介する。そして性淘汰によって突然変異率が集団内部でどのように自己適応するのか及び表現型空間における進化の方向をどのように探索するのかを検証する。

[計算モデルの構築]

集団内の一方の性が他方の表現型を観測して選り好みするという非対称な関係によって、突然変異率にどのような影響を与えるのかということに興味がある。したがって、有性であり、自身の突然変異率を遺伝子にコーディングしたモデルを提案する。便宜上、観測する性を雌、観測される性を雄と呼ぶことにする。

進化的計算モデルとして実数値遺伝的アルゴリズム(実数値 GA)を用いる。遺伝的組み換えとして個体間での染色体の交換と各遺伝子の等方的な

突然変異を用いる。

性淘汰のモデルとして表現型の相対的な値を選り好みの対象とする。(例：より背が高い個体、より青い個体を強く好む)。このようなモデル化によって、次世代に雄集団が表現型空間内のどの方向へ遷移すべきかを、雌の好みの向きとして実現する。

[個体表現]

各個体には性があり、形質と好みの2種類の表現型を持つ。形質は両方の性で発現して個体の適応度を定める。一方、好みは雌のみに発現して雄を選り好みするときの基準値となる。好みは自然淘汰に影響しない。形質と好みの表現型空間をそれぞれ  $n$  次元ユークリッド空間として形質ベクトル  $t = (x_t^1, x_t^2, \dots, x_t^n)$  及び好みベクトル  $p = (x_p^1, x_p^2, \dots, x_p^n)$  とする。

自然界において有性生物は二倍体であるが、ここでは生殖形態そのものよりも選り好みによる相互作用の部分に注目し、モデルの単純化のために各個体の遺伝子型を一倍体とし、性染色体、好み染色体、形質染色体の3本を持つものとする(図26)

性遺伝子を1ビット、他の各遺伝子を実数値でコーディングする。ただし、雄の好み遺伝子は発現しない。これにより雄の好みのパツファとなり、好みの多様性を維持することが期待できる。また、形質及び好み遺伝子の突然変異率  $\sigma$  を符号化した遺伝子を性染色体上に置く。これは発現する突然変異率が性に依存することを表す。

[自然淘汰]

自然界では、ある種のハチドリにおいてくちばしの性的二型があり、雌雄で異なる形の花を糧としていることが知られている。この場合、雌雄で

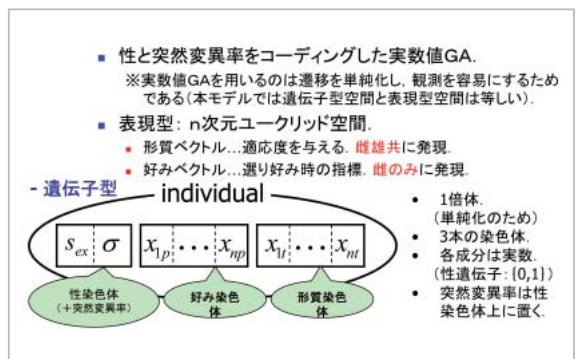


図26 性選択の提案モデル



資源の違いによる棲み分けが起きており、雌雄別々の自然淘汰を受けていると解釈できる。

自然淘汰を雌雄別々に行う。これにより性比を一定にし、雌雄で異なる形質(性差)を獲得し得る。  
[性淘汰]

性淘汰は雌が雄を選び好みして“つがい”を作り、このつがいから性比を一定とするため、雌雄一匹ずつの子供を生成する。すべての雌は必ず1回つがいとなるのに対して、雄は雌に選ばれた回数だけつがいとなることを許す。これは一夫多妻制を表す。

- (1) 雌  $i$  は配偶者候補として  $M$  匹の雄をランダムに観測する。そして観測された雄集団の平均形質ベクトル  $t_i^0$  を求め、雄  $j$  ( $j=1, 2, \dots, M$ ) の相対的な形質ベクトル  $t'_{ij} = t_j - t_i^0$  を選り好みの対象とする。
- (2)  $t'_{ij}$  と雌自身の好みベクトル  $p_i$  との向きの差  $\theta_{ij}$  を求め、好みの強さを  $\cos(\theta_{ij})$  で定義する。これは雌自身の好みベクトルと近い向きの形質ベクトルを持つ雄ほど強く好まれることを表す。
- (3) 最も強く好む雄を決定論的に選択する。

相対的な形質ベクトルを選り好みの対象として用いることで、表現型空間内で雄集団が次にどの方向へ遷移するべきか、つまり進化の方向を雌の好みベクトルの向きによって探索することができる。

性淘汰では多くの雌に好まれる雄(魅力的な雄)が有利となり、雄に対しては次世代に残す子供の数として直接的に淘汰が働く。一方、雌に対して直接的な淘汰は働かないが、好んだ雄との間で遺伝子交流を行うことで、自然淘汰や性淘汰において有利な雄を好む遺伝子を持つ雌の生む子供が次世代において有利になる確率が高くなる。したがって、そのような好み遺伝子を持つ雌に対して間接的に淘汰が働く。

[遺伝的操作]

遺伝的操作として、染色体交換と突然変異の2種類を用いる。突然変異率と性淘汰の相互作用に注目し、染色体交換として、親の遺伝子を複製して子供を生成するときに一定の確率で親の持つ染色体を交換する。

突然変異として、子供の形質と好みの各遺伝子  $x_i^t, x_i^p$  ( $i = 1, 2, \dots, n$ ) に対して、正規分布確率

$N(0, \sigma)$  に従う摂動を加える。

このとき、標準偏差  $\sigma$  が突然変異率に相当する。この  $\sigma$  を遺伝子上にコーディングして適応的に変更する。

$$\sigma = \sigma + \delta \quad \delta \sim N(0, \sigma_0)$$

ただし、 $\sigma$  に加える摂動の正規分布確率の標準偏差  $\sigma_0$  を一定とする。

[シミュレーション手順]

- (1) 性比を 1:1 として集団を初期化。
- (2) 終了条件を満足するまで以下を反復。
  - (a) 自然淘汰
  - (b) 性淘汰
  - (c) 遺伝的操作

[問題]

形質及び好みを 2 次元ベクトル  $t = (x_t, y_t)$ ,  $p = (x_p, y_p)$  とし、次の関数最大化問題を考える。

$$Max f(t) = x_t - 2 \sin(\pi x_t) - 0.001 y_t^2 \exp(x_t)$$

初期集団を原点付近に配置し、各個体の適応度を形質のみによって定める。上式は直線  $y_t = 0$  上に周期 2 で局所解が並んでおり、局所解の探索とそこからの脱出をどのように両立するかが問題となる。

探索が進み  $x_t$  が増加すると第 3 項の影響が大きくなり、 $y_t$  が 0 からわずかでも遷移すると適応度が急激に下がるので探索が困難となる。関数に上限はないが、等方的な突然変異に限定した GA には実質的に探索限界が存在する。この問題は、最適解を探索すると同時に進化に有利な方向 ( $x_t$  正

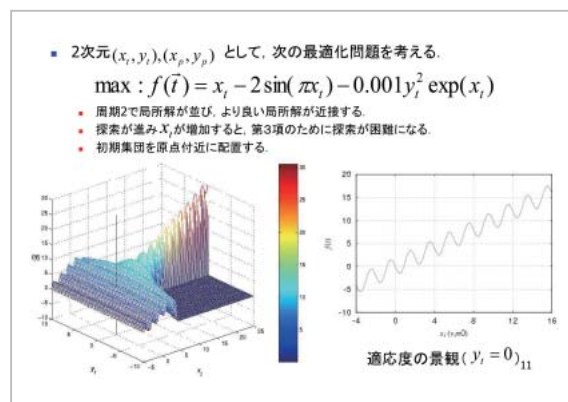


図27 例題による提案モデルの検証

方向)を適応的に獲得することで探索を有利に進めることが可能となることの例の、非常に単純なモデル化である。

自然淘汰は適応度を  $f(t)$  とし、指数スケーリング  $g = \exp(\alpha f(t))$  ( $\alpha$  : スケーリング率) 後に  $g$  を基に適応度比例選択を行う。これは上式の指数項が探索の後半で強く影響し、集団の平均適応度が指数的に低下したときに探索を進めやすくするためである。

また、好みベクトル  $p = (x_p, y_p)$  を単位ベクトルとし、突然変異後に毎回正規化する。これは雌が雄の形質の向きのみを好みの対象とすることを表す。

[実験結果]

図 28 より、提案手法は 3 種類の手法(ランダムメイトイング、SGA、本手法)の中で最も探索が進んだ。性淘汰が探索において有効に働いている。ランダムメイトイングでは雌雄で突然変異率に差が無い。提案手法では探索の進む過程で雄の突然変異率が雌より高くなった。雌の選り好みによって探索の過程で不均衡突然変異が導かれることが確認された。

[探索過程]

本手法は探索過程において局所解にとどまったときに、雄の形質と雌の好みのランナウェイを生むことによって、平衡状態から断続的に急激な進化を導いた。そして探索が進む時期には、雌集団と雄集団の平均突然変異率の差が導かれ、選ぶ側(雌)は低い突然変異率で保守的な探索を行い、選ばれる側(雄)は高い突然変異率で革新的な探索を行う役割分担が起こる。これにより、局所解から脱出するときに雄集団のみが探索を行い、雌集団は現状維持と雄集団がより良い解を探索したとき

に染色体交換によって新しい解へと移って行くことが可能となった。一般に、多くの有性生物では雌雄で生殖細胞の生成過程に差があり、卵子に比べて精子の突然変異率が高いことが知られている。生物のこうした特徴と提案手法の類似性は興味深い。探索過程において多様な突然変異率を持って革新的探索と保守的探索を両立することの優位性については、Wada らの提案するネオダーウィニアンアルゴリズムで議論されている [20]。彼らのモデルは生物において DNA の二重鎖の複製時に各鎖のエラー頻度が異なるということに注目し、1 個体の中で異なる突然変異率を持つモデルを提案して多様な探索を実現している。集団内部で多様な突然変異率を実現しており、探索にリスクを伴う問題において現状維持を行いながら探索できる点で有効である。

## 4 細胞の初期進化モデリングに基づく情報処理

### 4.1 化学的遺伝アルゴリズム(CGA)[21]

細胞の代謝メカニズムは永い進化過程を経て獲得されてきたものである。この機構をモデル化することにより、従来法と全く異なった解き方で最適解を効率的に探索することが可能となる。すなわち初期進化過程における細胞の代謝メカニズムにヒントを得て、遺伝子型から表現型へのマッピングを動的に変化させることにより、解決が困難な課題を、より容易な課題に動的に変換しながら解くことが可能になる解法「化学的遺伝アルゴリズム(CGA: Chemical Genetic Algorithm)」について解説する。また、この解法をプログラミングの進化に適用した「化学的遺伝プログラミング(CGP: Chemical Genetic Programming)」についても解説し、人工知能の問題の一つである「記号回帰(symbolic regression)」問題や、複数エージェントの行動戦略の獲得に適用した結果について解説する。

[初期進化において獲得された細胞の代謝メカニズムについて]

細胞の初期進化過程においては、遺伝子型から表現型へのマッピングを動的に変化させながら、現在のような細胞の代謝過程を獲得してきたと考えられる(図 29)。これをモデル化したものが、

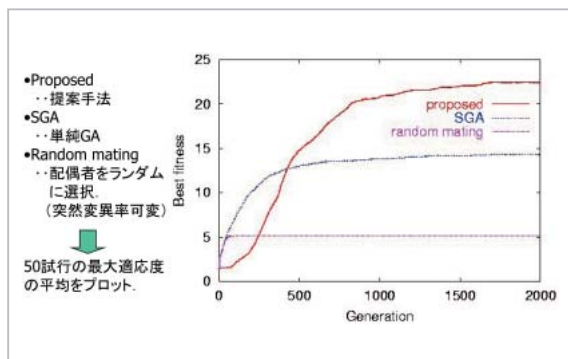


図28 実験結果

図 30 である。

[CGA の生成サイクル] (図 31 参照)

CGA の生成サイクルの各ステップは、次のとおりである。

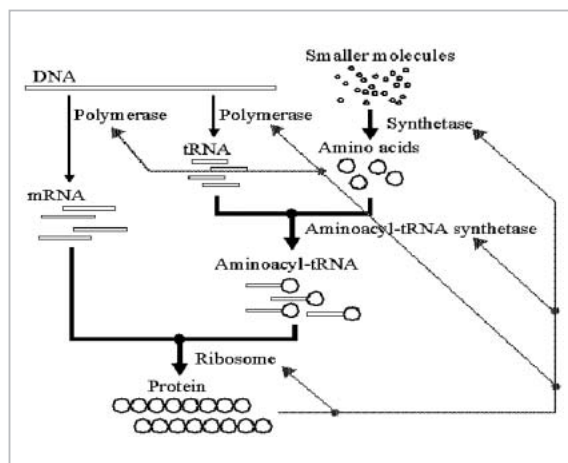


図29 生細胞における遺伝情報の翻訳のための生物化学反応

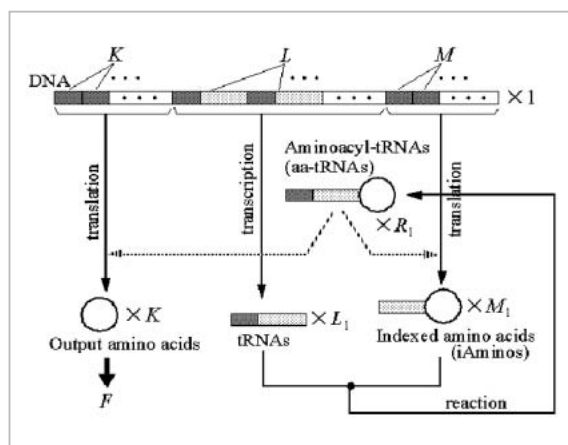


図30 CGA で用いる細胞構造

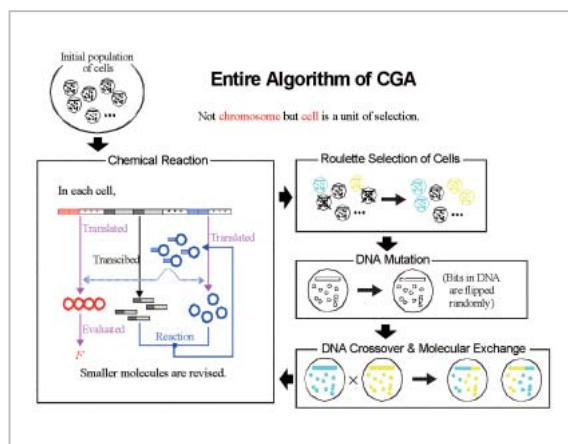


図31 CGA の全体アルゴリズム

1. 初期化：まず、図 30 の構造をもつ  $N$  個の細胞を用意する。初期状態では、すべての細胞はアミノアシル tRNA (aa-tRNA)、tRNA、出力のアミノ酸を持たないが、ランダムな DNA 鎖とアミノ値をもつ。
2. 化学反応：次に、すべての細胞内で四つのステップの反応 (転写、tRNA-アミノ反応、内部のアミノ酸への翻訳、出力のアミノ酸への翻訳) が起こる。初期の数世代で、この反応は新しい tRNA, aa-tRNA を作り、それらのサイズが大きくなる。さらに数世代で、分子プールサイズが一杯になる。
3. 選択：出力のアミノ酸から細胞の適応度を計算し、適応度の高い細胞をルーレット・ホイール選択により選択する。その結果、選択された細胞は再生され、その細胞のすべての内部情報 (DNA、三つの分子プール) が娘細胞にコピーされる。
4. DNA の突然変異：通常の GA と同様に、遺伝子の点突然変異を行う。
5. 細胞間での DNA の交差と分子交換：通常の GA と同様に、遺伝子の交差と、二つの細胞間で分子を半数だけ交換する。
6. 細胞集団の適応度の計算。もし、終了条件を満足すれば終了。そうでなければ、ステップ 2 に戻る。

[GA の進化可能性について] (図 32)

図 32 左 (a) に示すような遺伝子空間における「ぎざぎざした適応度空間 (ragged fitness landscape)」を、同図右 (b) のような、なめらかな景観 (smoothed landscape) に変換することにより、

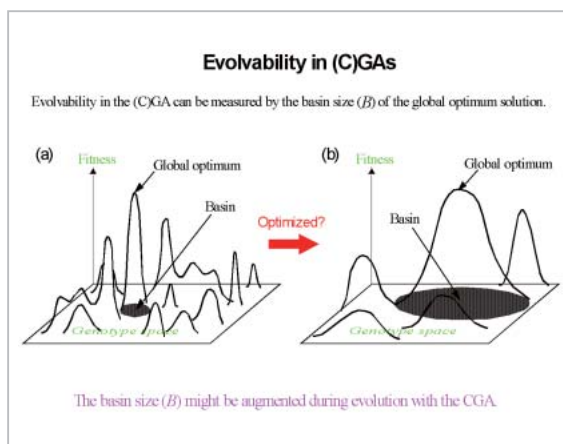


図32 C (GA) における進化可能性



進化可能性 (evolvability) を向上させることができる。

CGA の探索能力を検証するため、三つのだま

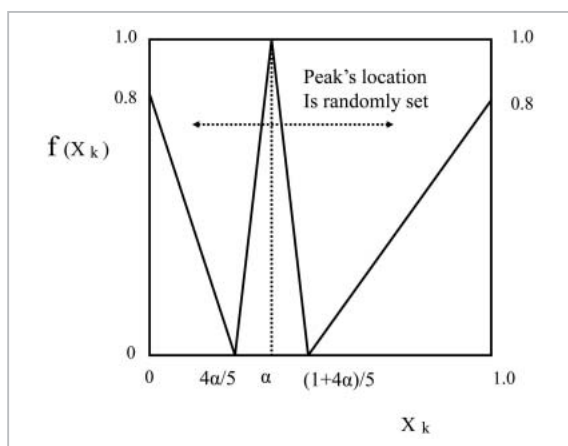


図33 複雑なだまし問題(タイプⅢ)

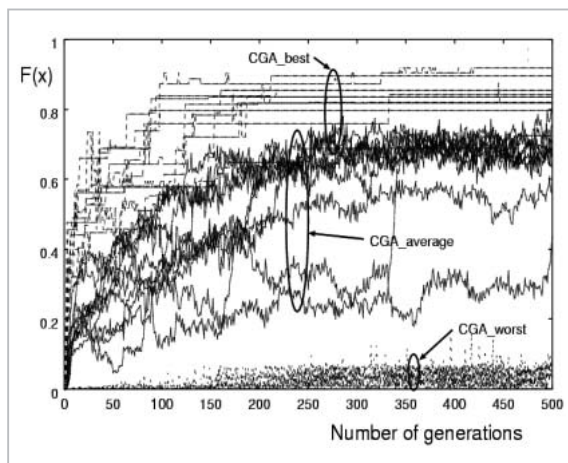


図34 だまし問題に対するCGAの進化(タイプⅢ)

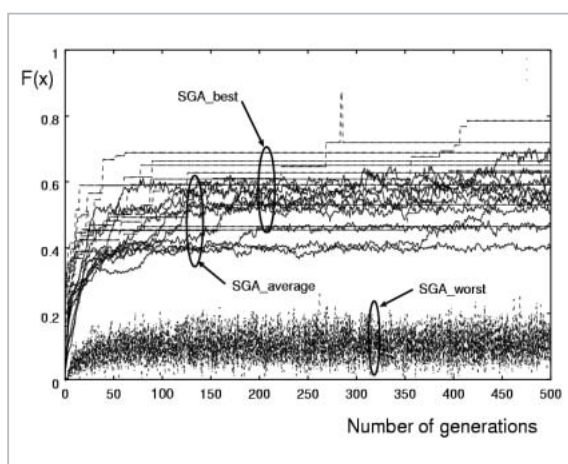


図35 だまし問題に対するSGAの進化(タイプⅢ)

し問題(タイプ I, II, III)と二つのベンチマーク関数を用いて実験を行った。比較対象として、SGA (Simple GA)、PfGA (Parameter-free GA) を用いた。タイプ I の単純型は、すべての次元  $k = 1, \dots, n$  で  $x_k = 1$  となるとき、 $F(x)$  は最大値(最適値)1をとる。タイプ II の中間的な複雑型は、各次元  $k$  がランダムに  $x_k = 0$  または  $x_k = 1$  で  $f_k(x)$  が最大値1をとったときに限り、 $F(x)$  が最大値1をとる。タイプ III は、各次元  $k$  で、 $x_k = \alpha_k$  ( $\alpha_k$  は、0と1の間の一様乱数)で  $f_k(x)$  が最大値1をとったときに限り、 $F(x)$  が最大値1をとる。図33のように、各次元で最大値(最適値)1を取る確率と、局所最適値0.8を取る確率の比が1:4になっており、すべての次元  $k = 1, \dots, n$  で最適値を取る確率は、 $(1/5)^n$  となる。タイプ I, II は、タイプ III (図33) の特殊な場合となっている。

[解析結果について]

図34、図35に、それぞれCGAとSGAの関数  $F(x)$  の進化の様子を示す。CGAの場合には関数値の分散が大きく、一方SGAの場合には分散が小さいことが分かる。CGAの最良値(CGA\_best)は、0.8以上の値を取り最適解に達している。一方SGAの場合には、0.8以上の値を超えられず局所解にとどまっている。

図36、図37に、それぞれCGAとSGAのアミノ値ヒストグラムの時系列を示す。これは5次元のタイプIIIのだまし問題の場合であるが、CGAにおけるアミノ値が、各次元  $k$  ごとの最大値を取るすべての  $\alpha_k$  において、一定値以上を取っていることが分かる。一方、SGAの場合には、アミノ値が一定値以上を取っている次元とそうでない次元があることが分かる。これはとりもなおさず、局所解に陥っていることを示している。

[性能比較について]

表3、表4に、SGA、CGA、PfGAの性能比較結果を示す。

表3は、だまし問題の場合の結果を表す。SGAの成功率に比較して、CGAの性能ははるかに勝っていることを示している。また、PfGAがすべてのタイプのだまし問題に対して、100%成功している。表4は、ベンチマーク問題(Shekel foxhole problem、Langerman function)の場合であるが、CGAはPfGAと同等の成功率を得ている

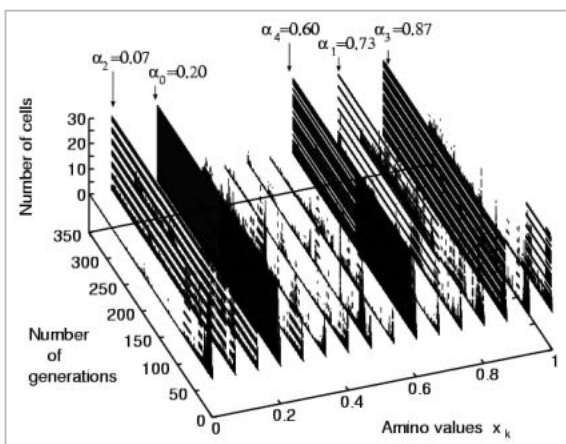


図36 CGAのアミノ値ヒストグラムの時系列

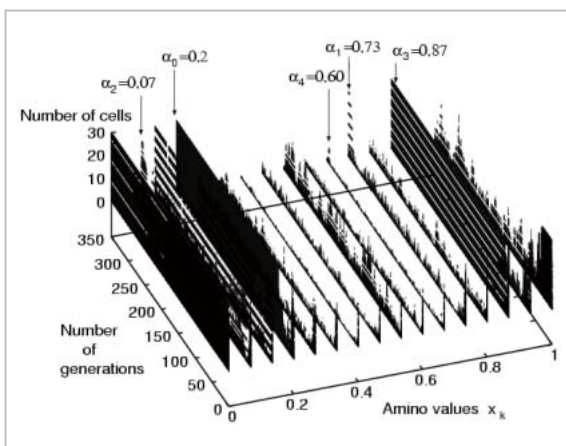


図37 SGAのアミノ値ヒストグラムの時系列

ことが分かる。

図 38 に、CGA における Basin size の変化を示す。同図から分かることは、ある世代(100 世代)を境に、急激に Basin size が増加している。これは、遺伝子型 (binary value) から表現型 (function value) へのマッピングを進化の途上で、断続平衡的に獲得したことを示しているものと考えられる。

図 39 に、コドン-アミノ酸翻訳テーブルの値を示す。進化の初期状態では、コドン-アミノ酸翻訳テーブルの値の変化は、右下に示すように、コドンの値が 1 ビット変化するときアミノ値が大きく変化しているが、進化が進むと左のように、コドンの値の変化に対しアミノ値が緩やかに変化している様子が見て取れる。これは、図 32 の左図のような景観が、右図のような滑らかな景観に進化(変化)したことに対応している。この結果、CGA は進化可能性が増大し、難しい問題の解法それ自体を進化的に獲得しながら、より易しい問

表3 だまし問題における成功率

GA	SGA	SGA*	CGA	PFGA	SGA	SGA*	CGA	PFGA
Dimension	5	5	5	5	10	10	10	10
Codon length	6	6	6	20	6	6	6	20
scaling	linear	linear	exp.	none	linear	linear	exp.	none
Type I	2%	9%	100%	100%	0%	3%	100%	100%
Type II	12%	20%	100%	100%	0%	5%	100%	100%
Type III	47%	85%	95%	100%	14%	79%	43%	100%

表4 ベンチマーク問題における成功率

GA	SGA	SGA*	CGA (WF)	CGA (NF)	PFGA	SGA	SGA*	CGA (WF)	CGA (NF)	PFGA
Dimension	5	5	5	5	5	10	10	10	10	10
Codon Length	6	6	6	6	20	6	6	6	6	20
scaling	linear	linear	exp.	exp.	none	linear	linear	exp.	exp.	none
Shekel	5%	5%	5%	50%	37%	0%	0%	0%	0%	1.3%
Langerman	41%	47%	13%	35%	83%	0%	0%	0%	3%	1.7%

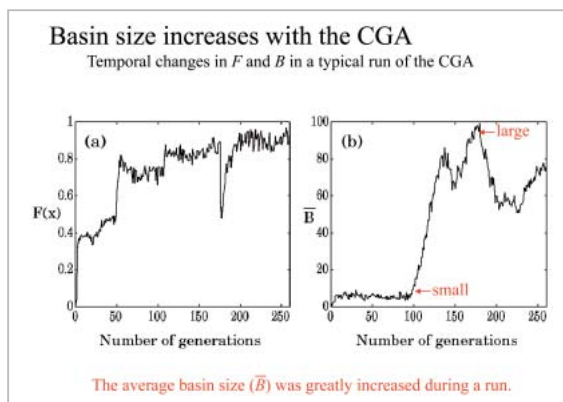


図38 CGAでのベース・サイズの増加

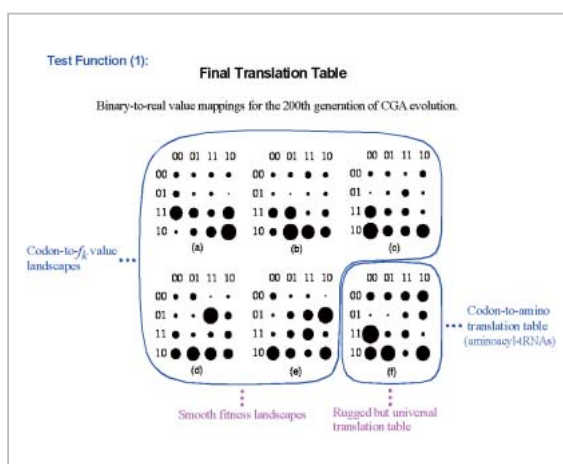


図39 CGAの2値-実数値写像における最終翻訳テーブル

題へと自動的(進化的)に変換して解いていることを示している。この遺伝子型から表現型へのより良いマッピングを進化的に獲得する解法は、非常に一般性の高い最適化手法である。次の節では、CGA を遺伝的プログラミング (Genetic Programming : GP) に拡張する方法 (CGP) について説明する。

#### 4.2 化学的遺伝プログラミング (CGP) [22]

図 40 は、CGA を CGP へと拡張した図である。CGA の図 31 と CGP の図 40 を対比すると分かるように、CGA における遺伝子 (DNA シーケンス) が、書き換えルールのルール番号と、左辺の組に変換されている。DNA は翻訳されアミノ酸の結合したタンパクを合成し、適応度が評価される。この時、DNA の他の部分は転写されて tRNA となり、また翻訳されてアミノ酸となるが、これらが反応してできたアミノアシル tRNA が上記の翻訳過程に触媒として作用する。この細胞内の代謝過程をモデル化し、書き換えルール自体が進化的に獲得されることにより、初期状態とは全く異なったルールを新しく生成しながら、適応度のより高いルールを進化的に獲得することが可能とな

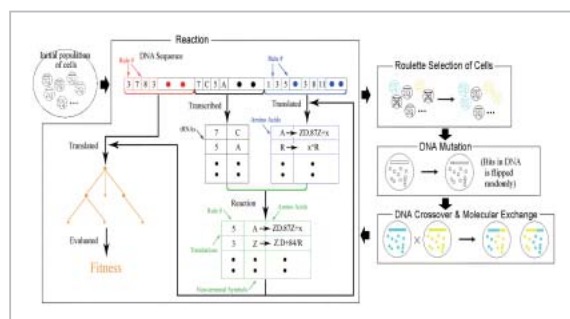


図40 CGP アルゴリズム

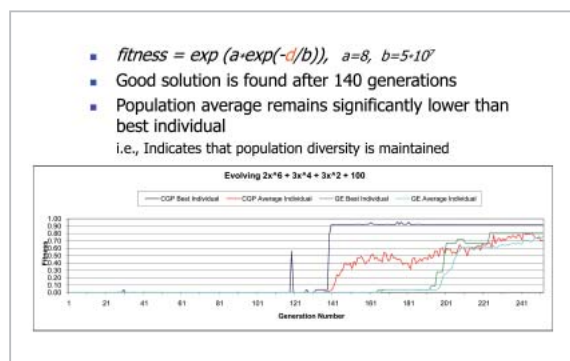


図41 適応度の進化曲線

るのである。

#### [応用例1] (記号回帰問題)

図 41 は、記号回帰問題に対して、適応度の進化曲線を CGP と従来法の GE (Grammatical Evolution) とで比較したものである。CGP が GE と比べて進化スピードが速く、140 世代で良い解に達している。また、最良の解が早く現れる一方で、集団の適応度の平均値が常に最良の値より低く保たれていることから、集団の多様性が常に保たれていることが分かる。

図 42 は、CGP と GE が生成した解を表示したものである。目的関数  $2x^6 + 3x^4 + 4x^2 + 100$  に対し、CGP は  $2x^6 + 501$  を生成し、GE は  $1.9x^6$  を生成した。正規化された適応度を比較するとそれぞれ 0.95, 0.81 となり、CGP の方が優れていることが分かる。

#### [応用例2] (エージェントの行動戦略) [23]

図 43 は、CGP をマルチ (2) エージェントの問題である「鬼ごっこ (The game of tag)」ゲームに応用したものである。二つのエージェントは、で

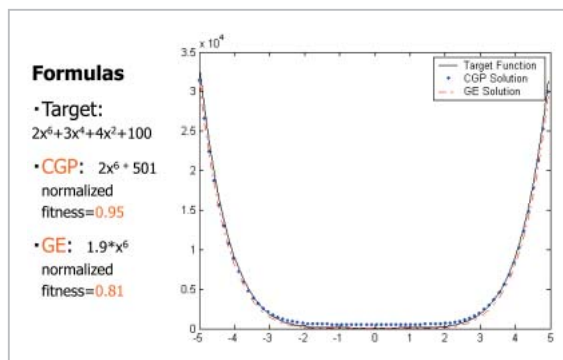


図42 生成された関数 CGP vs GE

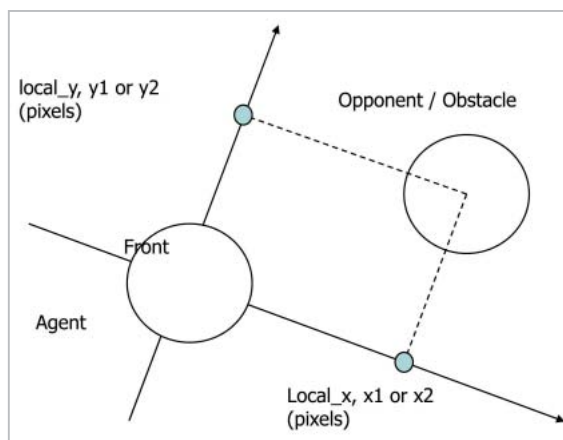


図43 鬼ごっこゲーム



表5 基本関数のリスト

Function	Usage	Description
+	(+ a b)	a plus b
-	(- a b)	a minus b
*	(* a b)	a time b
%	(% a b)	if b = 0 then 1 else a divided by b
min	(min a b)	If a < b then a else b
max	(max a b)	If a > b then a else b
abs	(abs a)	absolute value of a
neg	(neg a)	negative value of a
ifte	(ifte a b c d)	If a <= b then c else d

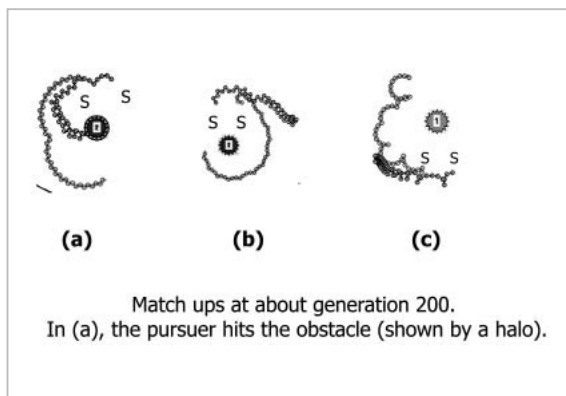


図44 エージェントの行動結果

表6 創発した戦略

Emergent Strategy	Generation	Player
Tagging	200 - 450	Pursuer
Weaving	200 - 450	Pursuer
Safe Haven	200 - 450	Evader
Obstacle Hugging	200 - 450	Evader
Boundary Diversion	~ 450	Evader
Focused Tagging	~ 450	Pursuer
Point Circling	~ 500	Evader
Arcing	~ 1000	Evader
Shorting	~ 1000	Pursuer

きるだけ相手を早く捕えるか、相手に捕えられないように、お互いに行動戦略を CGP を用いて進化的に獲得する。表 5 は、CGP で用いる基本関数のリストである。

図 44 は、二つのエージェントの行動の様子を表す。S はスタート地点を表す。真中にある 1、2 は障害物である。二つのエージェント (pursuer と evader) は、どちらもうまく障害物を避けながら巧みに行動している様子が分かる。表 6 は、創発したエージェントの行動戦略である。詳細は省略するが、CGP により、どちらのエージェントも様々な行動戦略を進化的に獲得していることが分

かる。

## 5 複雑系ネットワークの研究動向

「人間は孤独な存在であるのと同様に、社会的な存在なのです。」

— Albert Einstein —

今日我々の社会を取り巻く情報通信システムはますます高度化・複雑化するとともにその役割が日増しに増大している。一方で、事故や災害等の緊急時における情報通信システムの脆弱性も様々な形で露呈し、それを解決する技術が喫緊の課題として必要不可欠になってきている。こうした問題を解決するため、ネットワークのダイナミクスに注目し、動的に変動する環境でも、インフラに頼らず機能的なネットワーク構造を自己組織的に確保するための基盤技術について調査した。それらを通して高信頼で人間に親和性の高い次世代の情報通信システムのプロトタイプモデルを提案することを目指す。ここでは、統計物理学的な複雑ネットワーク科学の研究動向調査を行った。特に、自己修復性があり、局所的な情報だけで適応的に成長できるネットワーク、人口分布や経済活動に応じたノード配置や負荷分散、渋滞を回避できる通信トラフィック制御などを特徴とする、自己組織的なネットワークの設計原理についての調査・研究を行った。また、現実の人々のつながりによって自然発生する社会的なネットワーク構造についても調査・研究し、今後のネットワーク社会の望ましい在り方についての考察を行った。

### 5.1 キーワードの説明

- スモールワールド現象 (図 45) : 「小さな世界現象」と呼ばれる、「ランダムネットワーク」のわずかな枝のつなぎ換えにより出現するネットワーク現象で、ネットワーク全体の平均パス長 (後述) が劇的に短くなる現象のこと。「6 次の隔たり」などともいう、社会学者のミルグラムにより、米国内でフィールド実験が行われた。図 45 は、左から正規ネットワーク (regular network)、スモールワールド・ネットワーク (small-world network)、ランダムネットワーク (random network) である。 $\rho$  はネットワークのつなぎ

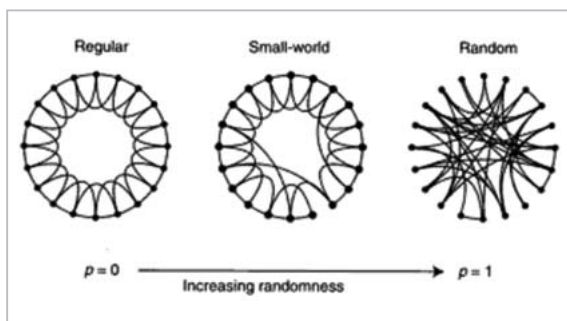


図45 スモールワールド・ネットワーク [26]

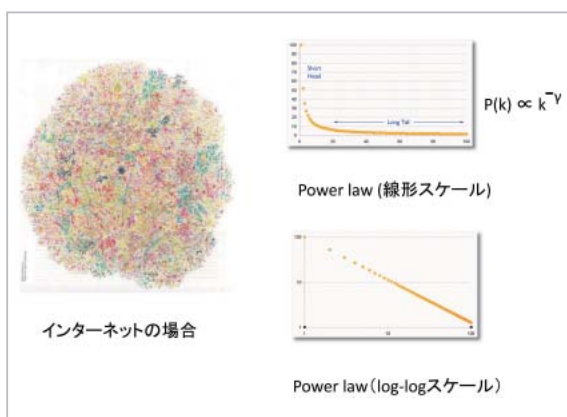


図46 スケールフリー・ネットワーク (インターネットの場合)

換え確率で、 $\rho$  が 0 から増加することによりランダム性が増し、正規ネットワークから、スモールワールド・ネットワーク、ランダムネットワークへと変化していく様子が見て取れる。

- スケールフリー・ネットワーク (scale-free network) (図 46)：頂点  $i$  の次数  $k_i$  と出現頻度  $P(k_i)$  との関係が「べき乗則 (power law)： $P(k_i) \propto k_i^{-\gamma}$ 」にのっとっているネットワークのことである。図 46 は、インターネットがスケールフリー性を示している様子で、比較的少数のハブ (hub) と呼ばれる次数の大きなノードと、次数の小さな多数のノードから成っている。同図右上は、この次数とその出現頻度を示した図であり、いわゆるロングテール (long tail：恐竜の長い尻尾を表した様子をいう) 現象を示している。同図右下は、同図右上を両対数グラフに表したものである。このときの直線の傾きが  $-\gamma$  となり、自然界や社会に存在する様々なスケールフリー・ネットワークでそれぞれ特有の値をもつ。
- パレートの法則：イタリアの経済学者のパレートが唱えた法則で、一般に「80：20 の法則」と

呼ばれている。重要な 20 % の要素が、全体の 80 % を支配しているという法則である。上記のスケールフリー・ネットワークにおける次数  $k_i$  の頻度分布  $P(k_i)$  との関連が深い。

- 頑健性 (robustness)：生命やシステムが環境変動に対して持つ適応性 (adaptability) や耐性 (fault-tolerance) のこと。
- 脆弱性 (fragility, vulnerability)：頑健性とは反対に、生命やシステムが環境変動に対して持つ弱点 (weakness) のこと。

北野宏明、竹内薫、「したたかな生命」、ダイヤモンド社、2007。では、この頑健性と脆弱性との間のトレードオフの関係を、ニューヨークの大停電、吉野家の牛丼ビジネス戦略や、糖尿病や癌などの病気の例を挙げながら解説している [40]。

## 5.2 ネットワークの解析指標

- ネットワーク  $G$ ：頂点の集合  $V = \{v_1, v_2, \dots, v_n\}$  と枝の集合  $E = \{e_1, e_2, \dots, e_m\}$  から成る集合  $G = \{V, E\}$
- 次数 (degree)：頂点  $v_i$  の次数  $k_i$  とは、 $v_i$  から出ている枝の数。
- 平均パス長/平均頂点間距離 (average path length)  $L(\rho)$ ：任意の 2 頂点  $v_i$  から  $v_j$  に行くために通らなければならない枝の最小本数の平均値。
- クラスタ係数 (clustering coefficient)  $C(\rho)$ ：ネットワーク  $G$  を構成する枝の集まり具合を定量化する指標で 0 と 1 の間の値をとる。
- ネットワーク中心性 (centrality)：ネットワークの中で中心的な役割を果たしている性質をいう。次数の大きい頂点ほど中心的であるとき、次数中心性 (degree centrality) と呼ぶ。また、多くの 2 頂点間の最短経路上にある頂点ほど、媒介性による中心性 (betweenness centrality) が高いという。社会学者の Freeman が社会ネットワーク分析の指標として提案した。
- ネットワーク密度 (network density)：頂点間の枝の数が多ければ多いほど、ネットワーク密度が高いという。

図 47 は、クラスタリング係数  $C(\rho)$  と、平均パス長  $L(\rho)$  ( $\rho$  はネットワークのつなぎ換え確率) の関係を表すグラフで、 $\rho$  が小さな値では、

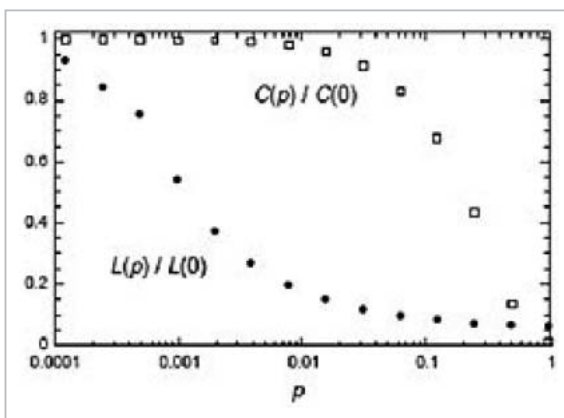


図47 クラスタリング係数  $C(\rho)$  と、平均パス長  $L(\rho)$

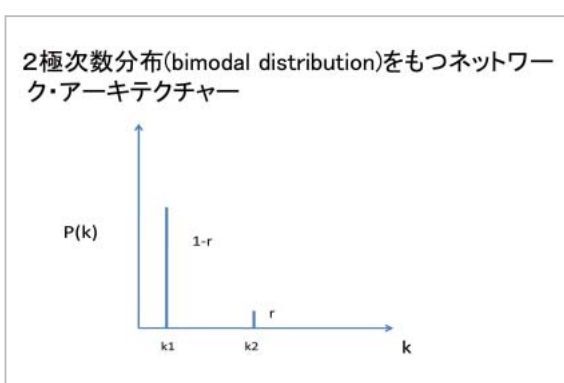


図48 故障と攻撃の両方に強いネットワーク・アーキテクチャー

クラスタリング係数  $C(\rho)$  と平均パス長  $L(\rho)$  はともに大きな値をもつが、 $\rho$  が大きくなるに従って、両者とも減少していく。 $\rho$  が中間的な値 (0.01 近辺) では、 $C(\rho)$  が大きいのに  $L(\rho)$  が小さくなる、いわゆる「スモールワールド現象」が出現している。

[故障 (random failure) と攻撃 (targeted attack) の両方に強いネットワーク・アーキテクチャー]

このようなネットワークが存在するのか? という問題があるが、谷澤俊弘:「小特集 複雑ネットワーク科学の拡がり」,「故障と攻撃の両方に強いつながり方とは?」pp.282-289, 情報処理 2008年3月号 (Vol.49, No.3) によると、図 48 に示すような、次数の大きな ( $k_2$ ) 少数のハブと、次数の小さな ( $k_1, k_1 \ll k_2$ ) 多数のノードの 2 種類だけが存在する、「2 極次数分布 (bimodal distribution) をもつネットワーク・アーキテクチャー」がその答であることが示されている。

### 5.3 全般的な研究動向

- 米国 National Research Council によるネットワーク科学の研究分野:

<http://www.nap.edu/catalog/11516.html>

によると、表 7 に掲げる研究分野の重要性が高いと報告されている。

この表を見ると、大規模ネットワークにおけるモデリング・シミュレーションが、実用的な開発ツールセット開発のために重要性が高いとされているほか、自己組織化を目的とした群衆的行動を研究することや、代謝と遺伝子ネットワークの研究をすることで、人間の能力の向上を目的としていることなど、生物のメカニズムや人間の集団行動を研究領域に設定して、研究目的を達成しようとしていることが興味深い。

### 5.4 社会ネットワーク関連分野の研究動向

[41] - [46]

[組織ネットワーク戦略]

- 西口俊宏,「遠距離交際と近所づきあい — 成功する組織ネットワーク戦略」、NTT 出版、2008. によると、「遠距離交際 (= 大切な遠い知人によるスモールワールドの活用) と「近所付き合い = ヒューマン・ネットワークのリワイアリング (つなぎ替え)」により、効果的で強力なヒューマン・ネットワークを構築できることを、中国温州人の海外での繁栄を築いた強固なヒューマン・ネットワークの例と、トヨタの関連子会社であるアイシン精機での火災事故からの奇跡的回復 (緊急時に自己組織化するヒューマン・ネットワーク) の例、英国の国防省と日本の防衛調達の例について、興味深い幾つかのネットワーク・トポロジーの実例を挙げながら説明している。結論として、本書では次のように要約している。人の認知限界を超えた複雑な「社会ネットワーク」を成功裏に運営する秘訣は、「近所付き合い」と適度なリワイアリングによって「遠距離交際」をそこに織り込み、システム全体を「スモールワールド」化して、両者の良いところ取りをすることである。そして、これを支えるのが、信頼関係の土台となる「ソーシャルキャピタル」であり、構造的なリワイアリングのしやすさである。
- 安田雪,「人脈づくりの科学 — 「人と人との関



表7 米国National Research Council によるネットワーク科学の研究分野

戦略研究エリア	研究の主目的	時間軸	商用価値
大規模ネットワークにおけるモデリング・シミュレーション・テスト・プロトタイプング	実用的な開発ツールセット開発	中期	高
結合された軍事システム間の指令・管理	異なる要素間の接続を促すネットワークの性質	中期	中
組織行動に関するネットワーク構造の影響	ネットワーク化された組織的行動のダイナミクス	中期	中
ネットワークの安全性と情報機密性	サバイバル可能なネットワーク性質の解明	短期	高
ネットワーク構造とスケーラビリティ・信頼性	頑健性を備えたネットワーク特性の解明	中期	中
ネットワークの複雑性の縮退	単純性と接続性に優れたネットワークの性質	短期	高
ネットワーク要素間の相互検知の改善	ネットワーク間の自己同期	中期	中
ネットワーク中心の教育効果の拡大	個人及び組織的なトレーニング方法の開発	長期	中
ネットワークベースのセンサー融合	制御システム理論への影響	中期	高
ハンターと獲物の関係性	敵の行動アルゴリズムとモデル	中期	低
群衆的行動	自己組織化	中期	低
代謝と遺伝子ネットワーク	兵士(人間)の能力向上	短期	高

(出典：http://www.nap.edu/catalog/11516.html)

係」に隠された力を探る—」、日本経済新聞社、2004年。

「遠くにいる人」ほど役に立つ。つながる数よりも質が重要、よく会う仲間よりもたまに会う人が支えになる。グラノヴェッターの「弱い紐帯の強さ」とダンカン・ワッツの「スモールワールド理論」にのっとり、ネットワーク分析で最も効率的な人間関係の築き方を解き明かしている。

• 安田雪、「ネットワーク分析 — 何が行為を決定するか —」、新曜社、1997年。

恋人関係から組織・国際ネットワークまで、人と人、人と社会のかかわりに共通するパターンを探り出し、行動の決定要因に迫る知の道具としての「ネットワーク分析」の手法について解説している。

#### [SNS分野]

• ソーシャルネットワークサービス Mixi 他 の状況について

米国では、MySpace、日本では Mixi が代表例で、自分のブログと、友人や同じコミュニティに属する他者との社会的関係性をサービスとして提

供し成功を収めている。

#### [情報の検索]

• Google のビジネス戦略について

WWW のリンク関係から、「多くのサイトから支持されているサイトほど良質なサイトである」という仮説に基づき、検索語に対して PageRank™ というアルゴリズムを用いた検索結果を提示するビジネス戦略で成功を収めている。

#### [流通分野]

• Amazon のビジネス戦略について

Long-tail 現象 (べき乗法則 (power-law) = スケールフリー性) の活用を行い、従来、ベストセラーやロングセラーが出版社にとっての主な収入源とされていたが、売上ランキングの低い書籍をデータベース化し検索しやすくしてネット販売することにより、莫大な利益を上げ成功している。

### 5.5 応用分野

応用分野の一つとして、「渋滞学」がある。西成活裕著、「渋滞学」、新潮選書 (2006) では、インターネット上を流通する情報 (パケット) や、人や

車の交通における渋滞現象をネットワークの観点から統一的に論じ、交通渋滞を解消する技術を紹介する一方、渋滞を積極的に利用する技術(例えば、山火事の延焼を防ぐ、ウイルス感染を防ぐなど)について解説している。

## 5.6 まとめ

「想像力は知識より重要だ。知識には限界がある。想像力は世界をも包み込む。」

— Albert Einstein —

様々な自然現象や社会現象をネットワークの観点から解析する研究が急速に進展していることが分かった。また、スモールワールド現象やスケールフリー・ネットワークの特性を巧みに利用したインターネットビジネスが台頭してきていることも分かった。

このように、自然界や人間界(社会)の様々な階層レベルで、普遍的なネットワーク原理が働いている。複雑系ネットワーク科学の研究は20世紀の終わりから21世紀の初めにかけて急速に進展してきている分野であり、将来的にさらに様々な研究分野やビジネス分野での展開が期待されている。21世紀を生きる我々すべてにとって「ネット

ワーク・リテラシー」ともいうべき非常に重要な知見をもたらすことが期待できる。今後は、これらの知見に基づき、新世代のネットワーク・アーキテクチャーの設計など未来のICT技術におけるインフラ・ストラクチャーの構築だけでなく、望ましい社会システムの在り方それ自体の設計・構築方法にも積極的に活用していくことが重要な課題の一つとなっている。

## 6 今後の展望

1980年代後半に「生物に学ぶ」情報処理の研究を開始してから約20年が経過した。これまで述べてきたように、「生命に学ぶ」ことは新しいパラダイムの創造であり、科学と技術の歴史から見れば、トーマス・クーンのいう「パラダイム転換」に匹敵し、現代的意義のあるエポックメイキングな出来事だと思われる。人智(これさえも「生命進化」の産物であることは本論で述べた)が遠く及ばない「生命進化」の過程を洞察すれば、未来の情報通信社会を設計・構築するための多くのアイデアの源泉となり得るのである。

本章では、「生命に学ぶ」情報処理モデルを構築することで、様々な実世界の問題解決に適用できることを、事例を示しながら述べた。

## 参考文献

- 1 トーマス・クーン, 中山茂訳, 「科学革命の構造」, みすず書房, 1971年.

### 【理論物理関連】

- 2 湯川秀樹監修, 「アインシュタイン選集」, 第1巻: 特殊相対性理論・量子論・ブラウン運動, 第2巻: 一般相対性理論および統一場理論, 第3巻: アインシュタインとその思想, 共立出版, 1970-1972年.
- 3 ジェリー・メイヤー&ジョン・P・ホームズ編, Einstein150の言葉, 厚徳社, 1997.

### 【生物進化関連】

- 4 Charles Darwin, "On the Origin of Species by Means of Natural Selection or the Preservation of Favored Races in the Struggle for Life", London, John Murray, 1859.
- 5 チャールズ・ダーウィン著, リチャード・リーキー編, 新版図説「種の起源」, 東京書籍, 1997年.
- 6 J. H. Holland, "Adaptation in Natural and Artificial System", The University of Michigan Press, 1975.

### 【ニューラルネットワーク関連】

- 7 A. Waibel, "Phoneme Recognition Using Time-Delay Neural Networks", Report of Speech Committee, SP87-100, pp.19-24, Dec. 1987.
- 8 A. Waibel, H. Sawai and K. Shikano, "Modularity and Scaling in Large Phonemic Neural Networks", IEEE Trans. on ASSP, Vol.37, No.12, pp.1888-1898, Dec. 1989.

- 9 中村悟, 澤井秀文, 「不特定話者音素認識のためのニューラルネットワークアーキテクチャの性能比較」, 電子情報通信学会論文誌 D-II, Vol.J74-D-II, No.10, pp.1361-1369, 1991年10月.
- 10 K. Fukuzawa, Y. Komori, H. Sawai and M. Sugiyama, "A Segment-based Speaker Adaptation Neural Network Applied to Continuous Speech Recognition", Proceeding of the ICASSP'92, San Francisco, 55.1, Vol.1, pp.433-436, Mar. 1992.
- 11 H. Sawai, "Frequency-Time-Shift-Invariant Time-Delay Neural Networks for Robust Continuous Speech Recognition", Proceedings of the ICASSP'91, Toronto, S2.1, Vol.1, pp.45-48, May 1991.
- 12 H. Sawai, "Axially Symmetric Neural Network Architecture for Rotation-Invariant Pattern Recognition", IEEE, WCCI (World Congress on Computational Intelligence), Proceedings of the IEEE ICNN'94, Vol.7, pp.4253-4258, Jun./Jul., 1994.

#### 「進化的計算関連」

- 13 澤井, 木津, 遠藤, 「パラメータの設定を不要にした遺伝的アルゴリズム」, 電子情報通信学会論文誌研究速報, Vol.J81-D-II, No.2, pp450-452, 1998年2月.
- 14 足立, 澤井, 「並列分散パラメータフリー遺伝的アルゴリズムにおける移民選択法の効果」, 電子情報通信学会論文誌, D-I分冊, Vol.J83-D-I, No.8, pp.834-843, 2000年8月
- 15 足立, 澤井, 「遺伝子重複に基づく進化的計算法: 関数最適化問題への適用」, 情報処理学会論文誌, Vol.42, No.11, pp.2663-2671, 2001年11月.
- 16 S. Ohno, "Evolution by Gene Duplication", Springer-Verlag, 1970.
- 17 大森, 藤原, 前川, 澤井, 北村, 「不均衡突然変異を導く性淘汰に基づく進化的計算法」, システム制御情報学会論文誌, Vol.15, No.8, pp.422-429(2002).
- 18 長谷川, 「クジャクの雄はなぜ美しい?」, 紀伊國屋書店(1992).
- 19 巖佐, 「数理生物学入門 - 生物社会のダイナミクスを探る」, 共立出版(1998).
- 20 K. Wada, H. Doi, S. Tanaka, Y. Wada and M. Furusawa, "A neo-Darwinian algorithm: Asymmetrical mutations due to semi-conservative DNA-type replication promote evolution", Proc. Natl. Acad. Sci. USA, Vol.90, pp.11934-11938 (1993)
- 21 H. Suzuki, H. Sawai and Wojciech Piaseczny, "Chemical Genetic Algorithms - Evolutionary Optimization of Binary-to-real-value Translation in GAs", Journal of Artificial Life No.12, pp.1-27, MIT Press (2006).
- 22 W. Piaseczny, H. Suzuki and H. Sawai, "Chemical Genetic Programming - Evolutionary Optimization of the Genotype-to-Phenotype Translation Set", Journal of Artificial Life and Robotics, Vol.9, pp.202-208, Springer (2006).
- 23 C. S. Chan, J. C. Tay and H. Sawai, "Environmental Effects on the Coevolution of Pursuit and Evasion Strategies", Journal of Genetic Programming and Evolvable Machines, Kluwer Academic Publishers, Submitting.

#### 「複雑ネットワーク関連」

##### 【一般解説書】

- 24 アルバート＝ラズロ・バラバシ, 「新ネットワーク思考～世界の仕組みを読み解く～」, NHK出版, 2002年.
- 25 マーク・ブキャナン, 「複雑な世界, 単純な法則 - ネットワーク科学の最前線」, 草思社, 2005年.
- 26 ダンカン・ワッツ, 「スモールワールド・ネットワーク, 世界を知るための新科学的思考法」, 阪急コミュニケーションズ, 2004年.
- 27 ダンカン・ワッツ, 「スモールワールド - ネットワークの構造とダイナミクス」, 東京電機大学出版局, 2006年.
- 28 増田直紀, 今野紀雄, 「複雑ネットワークの科学」, 産業図書, 2005年.
- 29 増田直紀, 今野紀雄, 「「複雑ネットワーク」とは何か」, 講談社, 2006年.



- 30 増田直紀, 「私たちはどうつながっているのか — ネットワークの科学を応用する」, 中公新書, 2007年.  
 31 林幸雄編, 「噂の拡がり方 — ネットワーク科学で世界を読み解く—」, DOJIN 選書 009, 化学同人, 2007年.  
 32 林幸雄編, 「ネットワーク科学の工具箱, つながりに隠れた現象をひもとく」, 近代科学社, 2007年.  
 33 「小特集 複雑ネットワーク科学の拡がり」, 情報処理 2008年3月号 (Vol.49, No.3)  
 34 上林憲行, 「ネットワークからネットワーキングへ — ネットワーク科学の社会的・学術的な意義について—」, Vol.51, No.8, pp.348-353, システム制御情報学会, 2007年.  
 35 「ネットワーク科学最前線」, 数理科学 No.520~, Oct. 2006年.

#### 【生命科学関連】

- 36 スティーブン・ストロガッツ, 「SYNC — なぜ自然はシンクロしたがるのか」, 早川書房, 2005年.  
 37 スティーブン・ジョンソン, 「創発 — 蟻・脳・都市・ソフトウェアの自己組織化ネットワーク」, SOFTBANK Publishing, 2004年.  
 38 田中博, 「生命と複雑系」, 培風館, 2002年.  
 39 田中博, 「生命 — 進化する分子ネットワーク, システム進化生物学入門」, パーソナルメディア, 2007年.  
 40 北野宏明, 竹内薫, 「したたかな生命」, ダイヤモンド社, 2007年.

#### 【社会ネットワーク関連】

##### 【組織ネットワーク戦略】

- 41 西口俊宏, 「遠距離交際と近所づきあい — 成功する組織ネットワーク戦略」, NTT出版, 2008年.  
 42 金光淳, 「社会ネットワーク分析の基礎, 社会的関係資本にむけて」, 勁草書房, 2003年.  
 43 野沢慎司, 「リーディングス, ネットワーク論 — 家族・コミュニティ・社会関係資本」, 勁草書房, 2006年.  
 44 大江比呂子, 「サステナブル コミュニティ・ネットワーク, 情報社会の地域マネジメント戦略」, 日本地域社会研究所, 2007年.  
 45 安田雪, 「人脈づくりの科学 — 「人と人との関係」に隠された力を探る—」, 日本経済新聞社, 2004年.  
 46 安田雪, 「ネットワーク分析 — 何が行為を決定するか—」, 新曜社, 1997年.

#### 【応用分野】

- 47 西成活裕, 「渋滞学」, 新潮選書, 2006年.



さわい ひでみ  
澤井秀文

神戸研究所未来 ICT 研究センター推進室  
 室長 工学博士  
 情報科学、コンピュータサイエンス