

平成 30 年 4 月 17 日現在

機関番号：12601

研究種目：基盤研究(B) (一般)

研究期間：2014～2017

課題番号：26280094

研究課題名(和文) 進化発生アプローチに基づく遺伝的プログラミングを用いた動的適応システムの研究

研究課題名(英文) Design automation of multi-element gene circuits

研究代表者

伊庭 斉志 (Iba, Hitoshi)

東京大学・大学院情報理工学系研究科・教授

研究者番号：40302773

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 10,200,000円

研究成果の概要(和文)：本研究では、「進化発生アプローチ」という考えに基づいて、新奇なプログラム進化の手法(発生型遺伝的プログラミング)を構築する。従来の遺伝的プログラミング(Genetic Programming, GP)では、(1)探索が必ずしも効率的でない、(2)探索過程で表現型が複雑化して空間計算量が莫大になる、(3)進化の結果として得られた表現の頑強性が必ずしも高くない、などの点が指摘されていた。そこで本研究では、遺伝子ネットワークの枠組みを利用して遺伝的プログラムを生成し、頑強な動的適応システムを実現した。

研究成果の概要(英文)：As a result of the recent revival in Evo-Devo (Evolutionary Developmental Biology), dramatic changes are occurring in regard to our understanding of the genetic control networks of organisms. In this direction, there are high expectations for the application of gene regulatory networks (GRNs) to various fields, e.g., robotics, engineering design, architectures, etc., because of their intrinsic robustness and modularity as well as the possibility of evolution and compression of complex expression. We have established the evolutionary framework of GRNs through differential evolution for learning of networks that generate multiple motion, and verifies whether the networks generate motion correctly using simulators and actual robots.

研究分野：進化計算

キーワード：遺伝的プログラミング 進化計算 遺伝子ネットワーク 進化発生アプローチ 遺伝子アルゴリズム
力学系 動的適応システム

1. 研究開始当初の背景

最近の進化発生生物学 (Evo-Devo, Evolutionary Developmental Biology) の再興によって、生物の遺伝子ネットワークを理解する点で劇的な変化が起こりつつある。たとえば、Hox 遺伝子 (大部分の後生動物門で体節を規定するマスタ制御遺伝子) に関する驚くべき発見が数多くなされている。これと平行して、神経科学研究者と進化生物学者は、遺伝子ネットワークのモジュラ性 (機能的に関連した構造の統合と無関係な構造の分離) が複雑な構造を進展させるために表現型と遺伝子型の両方のレベルで必須であると考えている。また、ある特徴の分化や重複によって、進化の過程でその特徴のコピーに異なる機能的役割を果たさせることが可能になる。このような過程は外適応として知られている。さらに遺伝子レベルでは遺伝子重複という似た機能がある。

Evo-Devo アプローチの代表的な手法である遺伝子制御ネットワークは、分子機械の機能 (DNA ~ RNA ~ タンパク質 ~ 代謝産物の流れ) を実現する中心プロセスと考えられており、生命現象の基本である遺伝子の相互作用をモデル化したものである。そのため遺伝子ネットワークを解析することで生命システムの基本的メカニズムに迫ることができると期待されている。その重要なメカニズムとしては、ロバストネスと進化可能性がある。

- ロバストネス: 環境内の物理的・化学的变化から遺伝的変容などの、ランダムな変異に対して機能を維持する。
- 進化可能性: 遺伝子的変容の結果として、変化が起こり新奇の機能を獲得して新しい環境に適応する。

この二つのメカニズムは、遺伝子制御から生体の適合度に至るまで、生物組織のさまざまなレベルで観察されている。スチュアート・カウフマンらはランダムブーリアングラフ (RBG, Random Boolean Graph) とよばれるモデル化を用いて、ある種の臨界状態にあれば遺伝子の変容において遺伝子ネットワークはロバストでありかつ進化可能であることを実験的に示した。しかしながらこのことをより複雑なモデルや実際的な応用領域で検証した研究はこれまでに知られていない。

2. 研究の目的

本研究では、「進化発生アプローチ」という考えに基づいて、新奇なプログラム進化の手法 (発生型遺伝的プログラミング) を構築する。従来の遺伝的プログラミング (Genetic Programming, GP) では、(1) 探索が必ずしも効率的でない、(2) 探索過程で表現型が複雑化して空間計算量が莫大になる、(3) 進化の結果として得られた表現の頑強性が必ずしも高くない、などの点が指摘されていた。そこで本研究では、遺伝子ネットワークの枠組みを利用して遺伝的プログラムを生成し、頑強な

動的適応システムを実現する。ここで動的であるとは、システムの時間発展 (発達過程) の中に情報がコード化されていることを意味する。この特徴を利用して、動的な実際の応用問題 (創造支援、ロボット工学、金融工学、WWW 上の情報検索など) に対しての適応システムを実現する。

本研究の目的は、自然の発生の過程を緊密にモデル化することではなく、単純な理想化により生体の有利さを示すようなシステムを構築することである。すなわち、自己修復する人工物を構成する新しい方法を構築し、トップダウンの設計では達成できない複雑で知的な行動を実現する。

3. 研究の方法

本研究では、従来の遺伝的プログラミングとは異なる創発のメカニズムである「進化発生アプローチ」による枠組みを提案する。研究の目標は、遺伝子制御ネットワークのメカニズムを用いた進化計算手法を構築し、遺伝子ネットワークが潜在的に有するロバストネス機能と進化可能性を活用して、柔軟で頑強な動的適応システムを実現することである。

この研究においては広範な実領域に適用可能な頑強性のある進化システムが究極の目標であるが、そのためにはプログラムを生成するための遺伝子ネットワークを効率的に設計し、進化的探索を的確に導く必要がある。この問題を解決するためにさまざまなネットワーク推定のための手法を比較・考察し、より頑強で効率的な枠組みを構築する。

さらに、提案する発生型遺伝的プログラミングの有効性を、(1) 探索の効率性、(2) ロバストネス、(3) 実領域問題への適用可能性、の3点を重視して検証する。

この研究では、プログラム進化の有用性を多岐にわたる分野で検証する。それは進化型計算などの近似アルゴリズムの重要性は実領域で確認されることが多いからである。本研究で扱う主な実験領域は、(1) ウェブ検索エンジンと情報抽出、(2) 金融データの予測と戦略獲得、(3) ヒューマノイド・ロボットの動作生成となどの分野である。これらはそれぞれ(1)Web インテリジェンス、(2) 金融工学における準最適化および(3)ロボット工学に対応し、異なる実領域の代表と考えられる。

4. 研究成果

従来の遺伝子制御ネットワークの研究では、必ずしもその本質的な性質が実現されている訳ではなかった。たとえば人工的なEvo-Devo アプローチが自然のシステムと違う点の1つは、結合部位が1つに定まっていることである。一方、実際の生物での遺伝子結合部位はなめらかな結合 (soft-binding) である。これは、多くのタンパク質が上流・下流遺伝子配列に結合するため、化学物質の

結合が確率的に左右されるからである。そこで本研究では、確率的なモデル(ノンパラメトリックなベイズモデル)を用いてネットワークの構造とパラメータをより効率的に推定する手法を実現した。具体的には、進化発生のメカニズムを有する遺伝子ネットワークの推定手法を実現するとともに、その探索能力をいくつかのベンチマーク問題で検証した。

プログラムには数多くの変数と部分的な依存関係が存在するが、効率的なプログラム進化の実現のためにはそれらの間の因果関係を適切に推定する必要がある。本研究ではネットワーク推定の比較を行い、複数の変数と部分構造の因果関係を的確に導出する発生型遺伝的プログラミングの実現を試みた。従来の遺伝的プログラミングでは、遺伝子型と表現型が直接関係するようになっていた。その結果、複雑で階層構造のあるような解を求めるのに必ずしも効果的ではなかった。つまり、遺伝子型と表現型はほぼ一対一の単純な対応であった。このような直接コード化した方法ではスケラビリティが乏しく、生体機能の複雑さや生物の精巧化を実現することは難しい。そこで本アプローチでは、胚発生(embryogeny, 胚形成)に基づく間接的な表現型のコード化を提案した。これらはRVM-GPという代数的な手法であり、遺伝的プログラミングのプロトなどの問題を効果的に解決することが示された。これは前述のように、時間発展の中に重要な情報をコード化するものである。このコード化には次のような利点がある。

- スケラビリティ:多様な構造を少ない情報から表現できる。
- モジュラー性:発達過程で情報が再利用でき、新しい構造を展開できる。

さらに、実際的な応用として、ヒューマノイド・ロボットに対しては、動作設計や協調行動計画に応用し、提案手法の有効性を検証した。目標とするタスクは、与えられた条件を満たすロボットの協調動作やサービスロボットの誘導プランを効率的に設計するものである。このタスクの遂行には複雑な動力学的数値計算が必要であり、汎用的な解法の構築は難しい。これに対して遺伝子ネットワークによる的確な遺伝的プログラムの生成により効果的な行動生成が可能になった。実際の検証実験にはシミュレーションのほか、実機ロボット(二足歩行ロボット、近藤科学製 KHR-3HV)とロボットシミュレータ(OpenHRP)を用いた。

その他に提案した手法を用いてさまざまな実領域への応用可能性を確認した。それらは、ウェブ情報検索や金融工学の問題、およびその他のデザイン問題(自動音楽作曲や音符への表情付けなど)や工学的順最適化問題である。

たとえば、金融工学における実問題の解決のために、状況を的確に判断する戦略の獲得

を行った。具体的には、過去の経験をもとにした売買のタイミング生成や、手持ち資金の制約に依存した運用ルールを構築した。これは典型的な制約付き問題解決である。その解決の際にはある程度正確な予測が必要であるが、予測の精度が直に運用益につながらないことも知られている。本研究では、リアルタイム性が要求される金融市場に対する戦略(運用ルール)を提案した動的適応システムに基づいて自動生成することを試みた。

以上のような実際的な応用に基づいて、汎化能力、リアルタイム性、頑強性を検証した。具体的には、

- 学習後の遺伝的プログラムの再利用
- 遺伝的プログラムからの知識抽出
- 確率モデルを用いたプログラムの依存関係推定

について実証した。

5. 主な発表論文等

(研究代表者、研究分担者及び連携研究者には下線)

[雑誌論文](計 8 件)

Noman, N., Monjo, T., Moscato, P., Iba, H.: "Evolving Robust Gene Regulatory Networks," *PLoS One*, doi:10.1371/journal.pone.0116258, vol.10, no.1, 2015.

Dinh, H., Noman, N., Iba, H.: "Oscillatory synthetic biological system construction using interactive evolutionary computations," *Journal of Computer Science*, vol.10, no.12, pp.2640-2652, 2015.

Penga, Y., Hasegawa, Y., Noman, N., Iba, H.: "Temperature compensation via cooperative stability in protein degradation," *Physica.A*, vol.431, pp.109-123, 2015.

Noman, N., Monjo, T., Moscato, P., Iba, H.: "Evolving Robust Gene Regulatory Networks," *PLoS One*, 2015 Jan 23;10(1), e0116258. doi:10.1371/journal.pone.0116258. eCollection, 2015.

Dinh, Q.H., Aubert, N., Noman, N., Fujii, T., Rondelez, Y., Iba, H.: "An Effective Method for Evolving Reaction Networks in Synthetic Biochemical Systems," *IEEE Transactions on Evolutionary Computation*, DOI:10.1109/TEVC.2014.2326863, 2015.

Sato, H., Hasegawa, Y., Bollegala, D., Iba, H.: "Improved sampling using loopy belief propagation for probabilistic model building genetic programming," *Swarm and Evolutionary Computation*, vol.23, pp.1-10, 2015.

成瀬裕紀, 濱田浩幸, 花井泰三, 伊庭齊志:"

進化計算を用いた遺伝子回路設計", 生物工学, vol.94, no.4, 2月号, pp.185-189, 2016.

伊庭齊志: "AI と進化", 大阪保険医雑誌, no.593, 2月号, pp.17-21, 2016.

〔学会発表〕(計 6 件)

Ivert, A., Aranha, C., Iba, H., " Feature selection and classification using ensembles of genetic programs and within-class and between-class permutations, " Proceedings of IEEE Congress on Evolutionary Computation 2015 (CEC2015), pp.1121-1128, 2015. 2015年5月25-28日, Sendai, Japan.

Naruse, Y., Hamada, H., Hanai, T., Iba, H., " Evolutionary design of oscillatory genetic networks in silico, " Proceedings of IEEE Congress on Evolutionary Computation 2015 (CEC2015), pp.1596-1603, 2015. 2015年5月25-28日, Sendai, Japan.

Nobile, M.S., Iba, H., " A double swarm methodology for parameter estimation in oscillating Gene Regulatory Networks, " Proceedings of IEEE Congress on Evolutionary Computation 2015 (CEC2015), pp.2376-2383, 2015. 2015年5月25-28日, Sendai, Japan.

Han, C., Tsuge, K., Iba, H., " Optimization of artificial operon construction by consultation algorithms utilizing LCS, " Proceedings of IEEE Congress on Evolutionary Computation 2015 (CEC2016), July 24-29, Vancouver, BC, Canada, pp. 4273-4280, 2016.

Kera, H., Iba, H., " Vanishing ideal genetic programming, " Proceedings of IEEE Congress on Evolutionary Computation 2015 (CEC2016), July 24-29, Vancouver, BC, Canada, pp. 5018-5025, 2016.

Jaiswal, S.K., Iba, H., " Coevolution of mapping functions for linear SVM, " Proceedings of IEEE Congress on Evolutionary Computation 2017 (CEC2017), pp.2376-2383, 2017.

〔図書〕(計 8 件)

伊庭齊志: 進化計算と深層学習 創発する知能, オーム社, 2015.

Iba, H., Noman, N. (eds.): Evolutionary Computation in Gene Regulatory Network Research (Wiley Series in Bioinformatics), Wiley, 2016.

Dinh, Q.H., Aubert, N., Noman, N., Iba, H., Rondelez, Y.: "Evolving GRN-Inspired in vitro oscillatory systems", in Evolutionary Computation in Gene Regulatory Network Research (Wiley Series in Bioinformatics), Iba, H., Noman, N.,

(eds.), Wiley, pp.269-297, 2016.

Iba, H., Noman (eds.), Evolutionary Computation in Gene Regulatory Network Research, Wiley, 2016.

伊庭齊志: "Excel で学ぶ進化計算 Excel による GA シミュレーション", オーム社, 2016.

伊庭齊志: "プログラミングで愉しむ数理パズル 未解決の難問や AI の課題に挑戦", コロナ社, 2016.

伊庭齊志, ダヌシカ・ボレガラ: "東京大学工学教程 情報工学 知識情報処", 丸善出版, 2016.

伊庭齊志: "人工知能の創発 知能の進化とシミュレーション", オーム社, 2017.

〔その他〕

ホームページ等

<http://www.iba.t.u-tokyo.ac.jp/>

6. 研究組織

(1) 研究代表者

伊庭 齊志 (IBA HITOSHI)

東京大学・大学院情報理工学系研究科・教授

研究者番号: 40302773