

5 階層人工脳モデル —生命情報の起源に由来する心のモデル—

内 藤 健

日産自動車（株）総合研究所, 〒237 横須賀市夏島町 1, Email:k-naito@mail.nissan.co.jp

要約：記憶、学習、直感、本能と理性、心の5つの階層を持つ人工脳モデルを提案する。このモデルには可塑性も含まれている。特に、黄金比や白銀比を脳がどのように感じるかという視点に基づき、40億年前の生命の起源を考えることによって、心のモデルを提示する。

Artificial Brain —Intuition, Instinct, and Mind—

Ken Naitoh

Nissan research center, 1 Natsushima-cho, Yokosuka-shi, Kanagawa, 237 Japan

Abstract: An explanation is given to the question of why life feels comfortable to see the asymmetric ratios such as golden and silver ratios. Then, a concrete artificial brain feeling the comfort, that is, a brain having mind is proposed on the basis of continuum mechanics.

Key Words: Brains, Mind, Origin, Asymmetry

1 はじめに

Artificial Neural Network (ANN) と Evolutional Strategy (ES) や Genetic Algorithm (GA) を組み合わせた人工脳 (Artificial Brain) [1]を考える。まず、ES 中の各 DNA と ANN パターンの対応関係を作る。それぞれの ANN 結合パターンは Mutation により変化させるが、これは脳内の電気化学的反応と流動ゆへのゆらぎに対応する。Replication は、価値の低い ANN が消去され、相対的に価値の高いパターンが増加していくことに対応する。この学習モデルでは、ES 中のパラメータの値の制御が問題である。また、結果の妥当性を「判断」できない。

2 環境認知と直感的判断のモデル

2・1 環境認知のメカニズム

「判断」のためには、周囲の環境の認知が必要である。著者は、Mutation と Replication とともに、Recombination を持つ GA を学習モデルとして使う場合は、その環境を大まかに認知 (把握) するための単純な方法が存在することを明らかにしてきている。[2, 3] まず、GA の DNA 中の座のうち、適合度に影響を与える座を Exons とし、影響しない座を Introns とする。Exons の座の数を L_c とし、各座位の値が 1 か 0 であるとする。Exons の部分で、2 の L_c 乗ケースの遺伝子配列のパターンが可能である。2 の L_c 乗個の配列の中で、最も適合度が高い配列を A とし、それ以外の配列と A との構造の差異を Hamming 距離で代表する。そこで、この適合度と Hamming 距離を 2 つの X,Y 座標軸にとり、Z 軸方向に 2 の L_c 乗個の DNA の頻度分布をプロットする。(図 1) この 3 次元空間における頻度分布の局面形状によって、GA にとっての「環境」を認知できる。つまり、この頻度分布局面形状の中の多峰性の程度でのパターン分類が、GA を用いた学習が可能かどうかの「判断」の客観的指標になる。実際には、GA の初期世代の DNA の頻度分布で予測する等いくつかの方法がある。[2, 3] 可変遺伝子長の場合や遺伝子型を持たない場合は、Hamming 距離を一般化した距離を用いる。

2・2 直感的判断 (Quasi-Intuition)

上記の初期世代の頻度分布形状は、世代経過後には、GA の 3 つのオペレーション (Recombination, Mutation, Replication) によって曲げられる。最適解が増えた場合には、

Hamming 距離がゼロで、適合度が高いところに急峻なピークをもつようになる。著者は、上記の関数空間における頻度分布の時間履歴を記述する決定論的モデル (GA の挙動を予測できる単純な 4 変数の常微分方程式) を提案してきている。[2, 3] GA による学習の前に、上記の関数空間で環境を把握し、この決定論モデルをもちいれば、GA 中のパラメータの最適化が可能であり、GA を繰り返すのに比べて 1 桁少ない時間で最適解が得られるのである。[3] この決定論モデルが、直感的判断のモデル (Quasi-Intuition: QI) である。これにより、航空機の翼形状を ES によって“最適化”した結果が本当に最適かどうかを判断している。[10]

このモデル (ANN+GA+QI) の面白いのは、学習のはじめにのみ、DNA (ANN パターン) の数を増やし、後で、その数を減らすと、正確な環境認知ができ、かつ、その後の判断や学習を速くできることである。これは、脳の「可塑性 (Plasticity)」のモデルとなっている。[3]

3 本能と理性のモデル (Quasi Instinct-Reason: QIR) [11]

ここでは、脳以外の実験事実から本能というものを浮き彫りにしていく。免疫系が基本的「記憶」のメカニズムを持つことからわかるように、脳は、その外部から推測できるからである。

まず、Mating Rate の低い原核生物や単細胞真核生物においては、Introns 領域は非常に少ない場合が多く、その一方で、非常に長い Introns 領域を持つ私達、人間では、40 才までに約 80% 以上が結婚 (Mating) することに注目する。[6] この Introns 領域の割合と Mating Rate の間の比例関係は、筆者が提案している GA にイントロン (Introns) を付加したモデル[4]を解くことで確認できる。図 2 には、進化を起こすのに最低必要な Introns 領域長さ (割合) と Mating Rate の間の関係についてのシミュレーション結果と実際の生命データを載せてある。[4]

Introns 領域が大量にあると Introns 領域中の座位で組みかえ (Recombination) が起こる頻度が非常に高くなり、相対的に、Exons 領域中で起こる組みかえ率 (Recombination Rate) を減らすことになるが、この「Exons 領域中の Recombination Rate の減少 (制御)」が、Introns 領域の機能の一つである。Exons 領域の遺伝情報が Recombination により大きく変化させられると、個体の生存と集団としての進化を不安定にするからである。生命体における突然変異 (Point Mutation) 率が非常に少ないことは良く知られているが、Recombination による Exons 領域中の変化も非常に小さくおさえられる必要があるのである。

人間のような生命体が、Mating Rate を直接減らさないのは、本能 (生殖本能) が Mating Rate を直接減らすことを妨げているためである。これは、Introns の機能が、「本能の冷却剤」であることを意味する。[5,7] 重要なことは、「Introns による冷却では、本能をゼロにはできない、しない」、ことである。Introns の長さが有限だからである。「ゼロにならない、してはならない」というのは、本能の重要な定義である。要約すると、本能 (Quasi Instinct) は、GA 中の 3 つのオペレーター (Mutation、Recombination、Replication) に相当する。その本能を間接的に制御するための Introns が、理性のモデル (Quasi Reason) である。

4 心のモデル (Quasi Mind) [9]

ここでも、心の一部 (快不快という感情) を、脳の外から浮き彫りにしてみる。具体的には、黄金比や Silver 比 (ほぼ 2 : 3 の比) を取り上げる。黄金比や Silver 比は、絵画や俳句などでよく用いられるが、これらは、人間の脳にとって「快」感を与えるからである。この比は数であり、「快不快」を計るためには、文字によるアンケート形式のデータよりも客観的な指標である。

生命 DNA、RNA を構成する基本分子について考えてみる。著者は、塩基分子 (Purine と Pyrimidine 分子) の大きさと頻度が約 2 : 3 であるのは、生命維持に有利であるためであることを明らかにしている。[8] そこで、まず、Purine を数字の“1”で記述し、Pyrimidine を“0”とし、それぞれが、2 個と 3 個ずつ、始めにあったとする。(図 3 の First Phase) また、サイズの違う 2 つの分子の方がペアをつくりやすいので、この 5 つのうち、“0-1”のペアが生成されるとする。すると、“0-1”のペアが 2 組と、残った“0”が 1 つとなる。その後で、残った“0”は、どちらかの“0-1”につくが、この場合、2 とうりの接合がありうる。ひとつ

は、“0-1-0”と“0-1”になる場合で、もうひとつは、“0-0-1”と“0-1”になる場合である。さらに、それぞれが接合してできる並び方は、結局、図3のThird Phaseのように8つある。この中のS1は、8つの内3つで最も頻度が高いが、重要なことは、S1以外の配列が、実は、S1の配列と相補的、つまり、S1の金型になっていて触媒効果を持つことである(図3,4)。(例えば、S1とS5を上下に並べると、端を除いて0-1のペアをつくるのである。S1とS4も相補的である)このS1そのものが頻度が多く増えやすいだけでなく、それ以外の配列が、それを加速するのである。しかも、S1とその相補配列(S5)は、片端が“0-0”なのに対して、それ以外の配列(S2とS3のペア)は、中心の座位が“0-0”なのである(図4)。S2は両端からほどかないとならない。S1は片側から一度でほどけるので確率的に起こりやすく有利な可能性がある。(S2の中心の分子ペアは周囲に他の分子があり、ここからほどくためには、より多くのエネルギーが必要だろう。)このS1は、L-systemの一つであるDOLと言われるアルゴリズムによって生成される配列である[9]。

また、このDOLにより生成される座数89の配列は、tRNAの2次元クローバー構造を生成する(図5)[9]。(最初に55個の“0”と34個の“1”(合計89個の塩基)があったとし、図3のように、最初のPhaseで“0-1”のペアができたとし、その後の全ての組み合わせの中をみると、やはり、tRNAのクローバー構造を安定にとる配列が多く含まれる[9]。)このtRNAの分子は最初の自己複製する分子、つまり、生命の起源であるとも言われている。

以上のメカニズムを決定した要因は、初期世代におけるPurine“1”とPyrimidine“0”の頻度が2:3だったということと、最初の分子ペアが“0-1”のみ生成されたというだけで、これだけの秩序が生まれたのである。

次に、アミノ酸について考えよう。極性アミノ酸のうち、2つの酸性アミノ酸(Asp and Glu)と3つのアルカリ性アミノ酸(Lys, Arg, and His)がある。これら5つのアミノ酸とコドンとの関係を調べてみると、酸性アミノ酸は、“1-1-X”であるのに対して、アルカリ性アミノ酸は、“1-1-X”、“0-1-X”の両方である。(Xは、0か1のいずれでも良い。)アルカリ性アミノ酸のほうがピリミジンを多く含んでいる。最初の生命分子プールの中に豊富にあったピリミジンを含むアルカリ性アミノ酸の種類が、酸性アミノ酸よりも多いのは、このためである。

以上のように、塩基分子からtRNAやDNA、アミノ酸分子までが、2:3という比に満たされている事実がわかった。mRNA、rRNAはtRNAの繰り返しと考えられ、タンパク質の数の比にも2:3の比が見られること[8,9]も理解できる。

生命が、2:3の比に心地よさ(快感)を感じるのは、生命の始まりに存在した分子プールの“ゆりかご”が持つリズムだったからだと考えられる。この比を、生命は、その様々な部分や階層において、40億年の間、持ちつづけてきた。私達が隣人の「死」に遭遇した時、命をいとおしむ心が生まれるのは、生命「誕生」における2:3という比のゆりかごを無意識の中で思い出すからだろう。その心が生まれた時、シナプスの数か、神経細胞の大きさか、細胞間結合の数等、脳には何らかの形で2:3という比が存在している。前節で、脳の学習の機構には、GA的なアルゴリズムの可能性を示したが、このアルゴリズムが獲得した学習結果で、最適解の濃度は全体の約60%を占める場合(2:3のうちの3)において、カオスの縁にあることが多いことがわかっている。[3]つまり、最初に提示したANNの様々なパターンの中で、最も適したANNのパターンが全体の60%付近になった時、この人工脳は、心地よさを感じると定義できる。「心」の第一定義は、脳内に2:3付近の比が現れた状態である。

5 結論と今後の見とおし

以上の生命起源のモデルは、力学的な裏づけをもったモデルであり、それに基づいた人工生命(人工脳)のモデルを提示した。シナプスの数か、神経細胞の大きさか、細胞間結合の数には、2:3の比が多く見られるだろう。

References

- 1 Edelman, G., Neural Darwinism, Oxford University Press (1992).
- 2 Naitoh, K., JSME International Journal, Seires C, Vol.38, No.2, p240 (1995).

- 3 Naitoh, K., Japan Journal of Industrial and Applied Mathematics, Vol.15, No.1, p87 (1998).
- 4 Naitoh, K., JSME International Journal, Series C, Vol.41, No.3, p398 (1998).
- 5 Naitoh, K., Proc. of the Annual Conf. of Japan Society of Industrial and Applied Mathematics, (1998).
- 6 Watson, J.D. et al, Molecular biology of the gene, Fourth edition, 1987, The Benjamin/Cummings Publishing Company, U.S.A.
- 7 Naitoh, K., Bioscience and Industry, (1999).
- 8 Naitoh, K., Proceedings of Annual Conference of Japan Society of Industrial and Applied Mathematics, (1999). (submitted to Japan J. of Industrial and Applied Mathematics, 1999.)
- 9 Naitoh, K., Proc. of the Design & System Conference '99, Osaka, (1999). (Also submitted to Journal.)
- 10 Naitoh, K., Aerodynamisches Institut RWTH Aachen, Internal report, (1994). (Submitted to ICCFD.)
- 11 内藤 健、電子情報通信学会 信学技報 AI99-6、(1999)

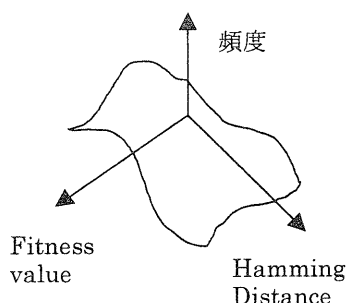


Fig.1 Space for classifying environment

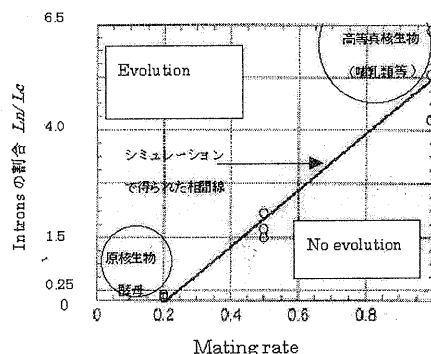


Fig.2 Relation between mating rate and introns length[4] (Mutation なし, Mating rate = 0.0 – 1.0, Self-replication あり, ○ : Minimum introns length for evolution)

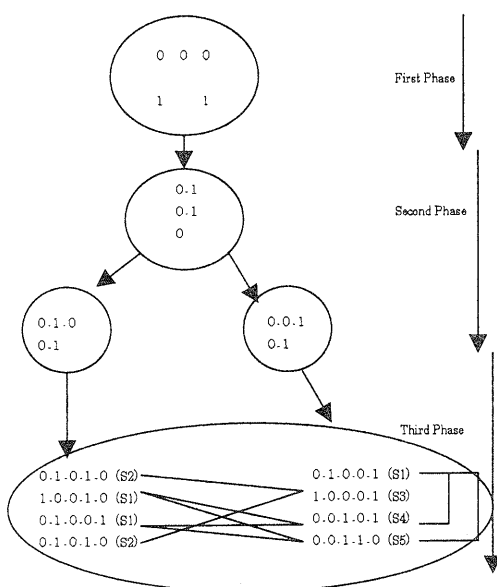


Fig.3 Pairs of asymmetric and symmetric strings and the unstable loci in the pairs.

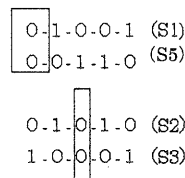


Fig. 4 Pairs of asymmetric and symmetric strings and the unstable loci in the pairs.

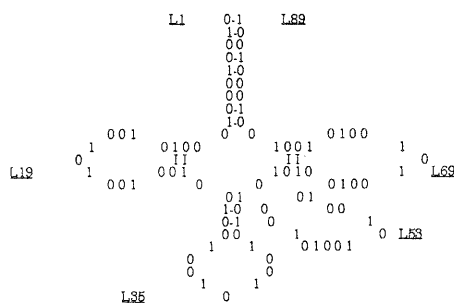


Fig. 5. Two-dimensional clover structure of tRNA obtained by the string rewriting algorithm proposed here.