

膜計算とセルオートマトンによる階層的人工生命モデル

鈴木 遥介 長谷部 浩二

人工生命は、コンピュータやロボットなどの人工物による生命活動のシミュレーションを通じて、さまざまな生命現象の仕組みを解明することを目的とした研究分野である。多くの生命は、基本構造である細胞が集まって組織や器官が構成され、さらにそれらが集まることにより個体が構成されるといった階層構造をなしており、その活動は細胞内部での化学反応にまで還元することができる。しかしながら、こうしたマイクロなレベルの現象からマクロなレベルの現象を統一的なモデルによって説明することは生命の複雑さから非常に困難であり、既存の人工生命においてもそのようなモデルは未だ十分に研究されていない。そこで本研究では、細胞レベルの生命活動、具体的には遺伝子の発現や変異、周囲環境との物質交換を再現し、それらの創発作用の結果としての生命体の代謝や進化を観察できるモデルの構築を目的とする。こうしたモデルは、細胞レベルでの生命活動のプロセスを記述し、従来のモデルでは難しかった代謝や進化の過程そのものの解析が可能となることが期待される。この目的のために、本研究では、生体膜の作用を抽象化した計算モデルである膜計算を基本構造として採用した人工生命モデルを提案する。これにより、マイクロな現象によって代謝や進化といった現象が創発する過程をシミュレーションによって再現することを目指す。

1 はじめに

人工生命は、現実世界の生命をコンピュータやロボットを用いて再現することにより、生命の仕組みや本質を解明することを目的とする研究分野である。生命についての定義はこれまでに数多くなされてきたが、人工生命の分野では生命を環境と相互作用する複雑系システムであると定義することが多い。このようなシステムには個体の中に器官や組織といった構造があり、またそれらの中には細胞という共通の構造が見られるといった階層構造が観察される。さらにこうした階層構造の中で、マイクロなレベルの活動からマクロなレベルの活動が創発されることが多くの生命において共通に見られる。しかしながら、このような階層構造を持つ生命システムの活動全体を統一的なモデルによって再現するのは容易ではないことから、

既存の人工生命モデルの多くは目的に応じて特定のスケールの階層にのみ焦点を当てたものとなっていることが多い。例えば、ボイドモデル[1]では個体やそれにより構成される群れを対象としており、それぞれの個体の内部については極度に抽象化されている。

そこで本研究では、細胞レベルのマイクロな生命活動、具体的には遺伝子の発現や変異、周囲環境との物質やエネルギーのやり取りを再現し、それらにより細胞の進化や周囲との物質交換といったマクロな生命現象を観察できるモデルの構築を目的とする。そのために、細胞間での相互作用ではセルオートマトンや反応拡散系モデルを、細胞内部での作用には膜計算をそれぞれ採用する。また、これら二つのモデルを連携させるために、実世界の化学分子に相当する存在として文字列を用いたオブジェクトを定義した。さらに生物の進化を再現するため、ティエラ[3]のアイデアをもとに、膜計算における変換規則に相当する遺伝子がランダムな変化を起こすようにした。

こうしたモデルにより細胞内での物質やエネルギーの生産や細胞間での物質の輸送などの様々な生命現象をシミュレーションすることができると思われる。

This is an unrefereed paper. Copyrights belong to the Authors.

Yosuke Suzuki, 筑波大学情報学群情報科学類, College of Information Science, University of Tsukuba.

Koji Hasebe, システム情報系, Faculty of Engineering, Information and Systems.

また、それらの創発として細胞の代謝活動や細胞間での情報交換といったよりマクロなレベルの生命現象を再現できると考えられる。これにより、従来のモデルでは解析の難しかった複数の階層が関わる生命現象、例えば細胞内における代謝回路や突然変異と進化の関係などをより一般的な視点で解析することも可能となる。

本論文の構成は以下の通りである。第2章では関連研究について述べる。第3章ではモデルの概要を説明する。第4章ではセルについて定義し、関連する諸概念について説明する。第5章では遺伝子について述べる。第6章では命令コードについて詳説する。第7章では突然変異について説明する。最後に第8章で、本研究の結論と今後の課題について述べる。

2 関連研究

2.1 膜計算

膜計算[2]は、生物の細胞の構造と作用を参考にして設計された計算モデルである。生物の細胞は細胞膜によって外部から区切られたセルを持ち、その内部でイオンポンプなどの作用で特定の分子を集めたり酵素の作用で特定の反応のみを促進させることができる。細胞のこうした作用は化学分子を対象とした計算であると見なすことができる。膜計算は細胞、特に生体膜の持つこうした計算能力を模倣した計算モデルである。

今回提案するモデルでは細胞の持つ計算能力を再現するために膜計算を取り入れた。ただし、あくまで計算モデルである膜計算を人工生命の基本構造とするためにいくつかの変更を加えている。

2.2 ティエラ

ティエラ[3]における生命はメモリ空間上の連続した番地を占めるプログラムとして表現される。ティエラは次のように動作する。まず、ティエラの実行前にメモリ空間上に一つのプログラムが置かれる。このプログラムは事前に設計されたもので、自身のプログラム内容を他のメモリに複製する内容になっている。次にメモリ内のプログラムを並列に実行する。実行の結果プログラムが複製され、メモリを満たしていく。そ

してメモリの8割がプログラムで満たされたとき、メモリに置かれたのが古いプログラムから順に消去していくようにしてメモリが満杯になることを回避する。

これだけでは同一の内容のプログラムがメモリが満たし続けるだけであるが、ティエラにおいて空でないメモリの内容は一定の確率で変化ようになっていく。これによりプログラムの実行結果はランダムに変化し、プログラムの整合性を崩し自己複製を行えなくなる。しかし、まれに自己複製が有利になる変化が起こる場合がある。そうした変化を起こしたプログラムはより多くの自己複製を行うことができ、結果的にメモリ内にそのプログラムが多く存在するようになる。プログラムを生命として捉えると、メモリという空間内で生存競争が行われていることがわかる。

こうしたシステムは進化的計算[4]との共通点を多く持つが、ティエラとそれらとの大きな違いは適合関数を持たないことである。進化的計算では適合関数の評価値が大きいものが次世代に残るものとして選択される。しかし、ティエラにおいてはシステムそのものの中に環境に適応したものが生き残る仕組みが備わっている。これは現実世界での生物の進化のプロセスと極めて近い仕組みである。

今回提案するモデルにはティエラのアイデアを基にした遺伝子変化や淘汰の仕組みを取り入れている。また、ティエラの欠点として単一の種類のプログラムのみが支配的になってしまうという点が挙げられる。これはティエラにおける生命が活動する空間、つまりメモリ空間が単純な構造であることが原因であるとされている。そこで、提案モデルにおいてはモデル自体に多くの要素を取り入れるとともに、空間の状態を無数に取れるように設計している。

3 モデルの概要

本研究が提案する人工生命モデルは、現実世界のゾウリムシやミジンコのような微生物レベルの単細胞生物や多細胞生物の生命活動をモデル化したものである。生命が棲息する水中や大気中のような環境を模したシミュレーション空間 S は二次元格子空間として表現される。 S 中の i 行 j 列の格子を座標 (i, j) のセルと呼び、 s_{ij} と表記する。セルの上方向を北とし

て東西南北をそれぞれの方角に対応づける。

生命体は細胞を模した生体セルと呼ばれる基本単位から構成されており、個々の生体セルはシミュレーション空間の各マス目に存在するものとしてモデル化される。生体セル内部には遺伝情報が格納されており、生体セルの活動を決定している。一方、生体セルの存在しないセルは生命体の周囲の環境を表しており、このような種類のセルを環境セルと呼ぶ。環境セルではそこに存在するエネルギーや物質の振る舞いが予め定められている。

物質とは生命活動に必要な分子を抽象化したものであり、ある物質 m は集合 $\{0, 1\}$ 上の文字列として表現される。この文字列を物質の構造と呼び、 $str(m)$ と表記する。また構造の長さを物質の構造長と呼び、 $len(m)$ と表記する。ある物質 m の構造の 0 と 1 を入れ替えた構造を持つ物質を m の相補的物質と呼び、 \bar{m} と表記する。例えば、物質 m の構造を 01101 とした場合、 $str(m) = 01101$ となり、 $len(m) = 5$ である。また、物質 \bar{m} は 10010 となる。また存在しうる全ての物質の集合を M で表す。

物質輸送やエネルギー生産、自己複製といった生命体の活動は、構成要素である個々の生体セルが内部セルや自身の周囲の環境セルにある物質やエネルギーを消費し、内部に格納された遺伝情報を解釈してその操作を実行することで実現される。このモデルでは、こうした生体セルによる生命活動は、命令コードと呼ばれるあらかじめ定められた規則に従って実行される。より具体的には、さまざまな種類の生命活動は、生体セルの内部にある遺伝情報と消費可能な周囲の物質やエネルギーが、命令コードによって定められた条件を満たすときに実行可能となる。こうした実行は、膜計算と同様に非決定的に行われる。

また、生体セルが格納している遺伝情報は突然変異により変化し、それにより生体セルはそれまでとは異なる生命活動を行うようになる。こうした変化により、生命体の形態を変えて進化していくことになる。

以上の設定のもとで、生命活動のシミュレーションは初期状態からの離散時間の実行列により実現される。特に、環境セル内の物質やエネルギーが十分でない場合、より環境に適応できる遺伝情報を持った生命

体がより長く生存して子孫を残し、その種が繁栄することとなる。

4 セル

セルの定義は以下のとおりである。

定義 1 (セル). シミュレーション空間 S を二次元格子空間とする。 S における座標 (i, j) のセルとは、 S 中の i 行 j 列の格子のこととする。

セルは環境セルと生体セルに分けられる。環境セルは外部環境をモデル化したものである。生体セルは生物の細胞をモデル化したものである。

4.1 環境セル

定義 2 (環境セル). 環境セル e は組 $(p, W, amt, gen, vel, dif)$ からなる。ただしここで、 $p = (i, j)$ はセルの座標 (i, j) を表す。また、 W はセルに存在する物質の集合である。関数 $amt : W \rightarrow \mathbb{R}_+$ はセルに存在する物質の量を表す。関数 $gen : p \times W \rightarrow \mathbb{R}_+$ は物質の自然生成量を表す。ただしここで \mathbb{R}_+ は正の実数全体の集合とする。関数 $vel : p \times W \rightarrow [0, 1]$ は物質の自然変化速度を表す。関数 $dif : p \times W \rightarrow [0, 1]$ は物質の拡散速度を表す。

環境セルに存在する物質はその量が変化する。これは現実世界における生物の関与しない化学反応や物質の循環を抽象化したものである。時間ステップ毎の環境セル e における物質 m の自然変化量 $\gamma(m) = vel(m) \cdot (gen(m) - amo(m))$ と表される。すなわち各物質の量は $gen(m)$ に近づくように変化する。

環境セルに存在する物質は上下左右の隣接する環境セルに流出する。これは流体内での物質の拡散をモデル化したものである。時間ステップ毎の環境セル e における物質 m の流出量 $flo(m)$ は 3.4 節の要素 amt, dif を用いて $flo(m) = dif(m) \cdot amt(m)$ と表される。また e からある一つの隣接環境セルに対して流出する物質 m の量は $f(m)/4$ となる。結果として、時間ステップ毎の環境セル e における物質 m の拡散による変化量 $\varphi(m)$ は、 e の隣接環境セル集合を $adj(e)$ とするとき、 $\varphi(m) = \frac{1}{4} \cdot \sum_{e \in adj(e)} flo_e(m) - \frac{|adj(e)|}{4} \cdot flo(m)$ となる。

以上で述べた物質の自然変化および拡散の定義より、時間ステップ t での環境セルにおける物質 m の量は $amt^{(t)}(m) = amt^{(t-1)}(m) + \gamma^{(t-1)}(m) + \varphi^{(t-1)}(m)$ と表されることになる。ただしこれは環境セルのみでシミュレーション空間が構築されている場合での式である。生体セルが存在すると、セルの活動による物質変化が生じるためこの式は修正を必要とする。

環境セルに関する例を挙げる。3×3のシミュレーション空間 S を想定する。 S 上での物質 m の振る舞いについて考える。 S の全てのセルを環境セルであるとして、それぞれのセルの $gen(m) = 0$, $vel(m) = 0.4$, $dif(m) = 0.1$ とする。今、時間ステップ t において S 上のセル s_{22} が $w = \{m\}$, $amt(m) = 100$ であるとする。また、 S 上のセル s_{22} 以外のセルでは $w = \{\}$ とする。このとき、時間ステップ $t+1$ における s_{22} の状態は $amt(m) = 100 + 0.4(0 - 100) - 0.1 \times 100 = 50$ となる。また、 s_{22} の隣接セル $s_{12}, s_{21}, s_{23}, s_{32}$ では $amt(m) = (0.1 \times 100) / 4 = 12.5$ となる。

4.2 生体セル

定義 3 (生体セル). 生体セル c は組 $(p, d, e, gen, vel, S, G)$ からなる。ただしここで、 $p = (i, j)$ は生体セルが位置する座標 (i, j) を表す。 d は生体セルの向きを表す。これは生体セルの相対座標軸であり、東西南北で指定される。 $e \in \mathbb{R}_+$ は生体セルの持つエネルギーを表す。 gen, vel はそれぞれ $p \rightarrow \mathbb{R}_+$, $p \rightarrow [0, 1]$ となる関数であり、生体セルにおけるエネルギーの時間変化を記述する。 S は生体セルの膜構造を表現した有向グラフで木構造である。 G は生体セルが持つ遺伝子の集合である。

生体セルにおいて、そのエネルギー量は生体セルの状態 e , gen , vel に従って変化する。時間ステップ毎の生体セル c におけるエネルギーの自然変化量 ε は $\varepsilon = vel \cdot (gen - e)$ と表される。つまりエネルギー量は gen に近づくように変化する。

膜構造 S は組 (B, E) からなる。ただしここで、 B は生体セル内に存在する膜の集合を表す。 E は膜の包含関係を表現した有向エッジの集合である。膜構造は木構造を成し、その根である膜を皮膜と呼ぶ。皮膜

は生体セルの最も外側に位置する膜であり、現実の細胞の細胞膜に相当する。

定義 4 (膜). 膜 b は組 (s, W, amt, d) からなる。ただしここで、 s は膜の材質を表しており、 $s \in M$ である。 s を b の構成と呼び、 $str(b)$ と表記する。また s の構造長を b の構成長と呼び、 $len(b)$ と表記する。 w は膜内部に存在する物質の集合である。 amt は $W \rightarrow \mathbb{R}_+$ となる関数であり、膜内に存在する物質の量を表す。 $d \in \mathbb{R}_+$ は膜の損傷度を表している。

膜はその構成の相補的物質が隣接環境セルまたは外部膜に存在するとき、損傷を受ける。膜 b の構成が s であるとき、 b の損傷度は $k_d \cdot \sum_{c \in adj(b)} amt_c(\bar{s})$ だけ増加する。ここで k_d は損傷係数であり、シミュレーションパラメータとして与えられる。また、損傷度が d だけ増加したとき、 b の構成物質 s が d/c_e だけ外部セルに放出される。損傷度が耐久定数 c_e 以上であるとき、膜は壊れる。壊れた膜が皮膜である場合、生体セル自体が死亡したとみなされ、その生体セルは環境セルとなる。なお、皮膜はそれ以外の膜と比べて耐久定数が高く設定される。

膜はその構成と同一の構造を持つ物質が内部に存在するとき、修復を受ける。膜 b の構成が s であるとき、 b の損傷度は $k_r \cdot a_b(c)$ だけ減少する。ただしここで、 k_r は修復係数である。膜はその構成長以上の構造長を持つ物質の制限する性質を持つ。ただし、皮膜はその構成長に関わらず全ての物質の拡散を制限する。膜 b の損傷度が d であり、膜が破壊されていないとき、 $len(m) \geq len(b)$ である物質 m の拡散量は $(d/c_e) \cdot \varphi(m)$ に制限される。損傷度が 0 であるとき拡散は完全阻害され、損傷度が 1 であるとき、つまり膜が破壊されたとき拡散の制限はなくなる。

5 遺伝子

生体セルは時間ステップ毎に遺伝情報を解釈して物質や自身の構造を操作する。モデルにおける遺伝子の形式的な定義は以下の通りである。

定義 5 (遺伝子). 遺伝子 g は組 $(t, a, e, d, OP, parg, sarg)$ からなる。ただしここで、 $t \in M$ は g の活性化トリガー物質であり、 $a \in \mathbb{R}_+$ は活性化閾値である。 $e \in \mathbb{N}$

は g の活性度を表す. $d \in M$ は g の対象膜の構成を表す. OP は g の命令コードを表す. 命令コードは遺伝子の操作の種類を表している. 一部の種類の命令コードは方向引数 $darg$ を持っている. これは操作の対象を表しており, 前後左右で指定される. $parg \in M$ は第一引数物質, $sarg \in M$ は第二引数物質を表す.

遺伝子の作用過程は活性化過程と発現過程に分けられる. 活性化過程はその時間ステップにおいて発言する遺伝子を選択する過程である. 活性化過程ではある条件を満たす遺伝子のみが発現可能な遺伝子として選択される. この条件のことを活性化条件と呼ぶ. また活性化条件を満たした遺伝子を活性化遺伝子と呼ぶ. セル c に遺伝子 $g = (t, a, e, d, OP, parg, sarg) \in G$ が存在するとき, g の活性化条件は次のようになる.

1. 生体セル c 内に構成 d の膜が存在する.
2. d 内に活性化トリガー物質 t が活性化閾値 a 以上存在する.
3. 生体セル c のエネルギー量が活性化エネルギー $k_a \times e$ 以上である.

なお, k_e はある一定の値であり, これを活性化エネルギー係数と呼ぶ.

発現過程は活性化遺伝子を非決定的に実行する過程である. 生体セル c における活性化遺伝子の集合を G_a とする. また, c の膜集合を B とし, 遺伝子 g の対象膜を b_g と表す. このとき, c で発現する遺伝子は次のように選択される.

1. 発現遺伝集合 $G_e = \phi$ とする.
2. 消費エネルギー総量 $s_e = 0$ とする.
3. 消費物質集合 $M_c = \phi$ とし, 消費物質質量関数 $a : (B \times M_c) \rightarrow \mathbb{R}_+$ を 0 で初期化する.
4. 遺伝子 $g \in G_a$ をランダムに一つ選択する.
5. g の消費エネルギー量 e_c , および消費物質 m_c とその量 a_c を計算する.
6. s_e に e_c を加える.
7. M_c に m_c を加える. また, $a(b_g, m_c)$ を $a(m_c) + a_c$ で更新する.
8. 生体セル c のエネルギー量 e が s_e 以上であるか判定する. これが偽であるとき, 6, 7 の操作を取り消し, G_a から g を取り除いて 4 に戻る.

9. g の対象膜内に全ての物質 $m \in M_c$ が $a(b_g, m)$ 以上存在するか判定する. これが偽であるとき, 6, 7 の操作を取り消し, G_a から g を取り除いて 4 に戻る.

10. g を G_a から G_e に移動する.

11. $G_a \neq \phi$ である場合, 4 に戻る.

以上の手順が終了したときに G_e に属している遺伝子が発現する遺伝子となる.

6 命令コード

発現した遺伝子はその命令コード OP ごとにそれぞれ異なる操作を行う. 命令コードは 15 種類存在する. これらは現実の生物における遺伝子の働きを抽象化したものである. 以下に個々の命令コードの詳細を示す. また, 各命令コードの消費エネルギーと消費物質については, 補遺 A で示す通りである. なお, 遺伝子 g の活性度を e_g とするとき, $e_g / \sum_{g' \in G_e} e_{g'}$ を発現係数と呼び, e で表す. また, 対象膜内の物質 m の量を $|m|$ で表す. また, 方向引数を d , 第一引数物質を p , 第二引数物質を s で表す.

1. *syn* 命令 (物質合成命令)

$str(p)$ と $str(s)$ を連結させた構造の物質 ps を $e \cdot \min(|p|, |s|)$ だけ生成する.

2. *sep* 命令 (物質分離命令)

物質 s と $str(p)$ から $str(s)$ を除去した構造の物質 u/v をそれぞれ $e \cdot |p|$ だけ生成し, エネルギーを $k_{sep} \cdot e \cdot |p| \cdot (\text{len}(v) \cdot \text{len}(u/v))$ だけ生成する. $str(v) \subseteq str(u/v)$ でない場合, この操作は行われない.

3. *comp* 命令 (相補的変換命令)

物質 p を $e \cdot |p|$ だけ生成する.

4. *chan* 命令 (受動輸送命令)

物質 p が対象膜から拡散制限を受けている場合, この時間ステップに限り p の e 割の拡散を許可する. 対象膜が皮膜である場合, d 方向隣接セルへの拡散を許可する. d 方向隣接セルが環境セル, または接続生体セルでない場合, この操作は行われない.

5. *imp* 命令 (能動輸送命令)

物質 p を $e \cdot f_{in}(u)$ だけ膜外から輸入する. 対象

膜が皮膜である場合、 d 方向隣接セルから輸入する。 d 方向隣接セルが環境セル、または接続生体セルでない場合、この操作は行われない。

6. *exp* 命令 (能動輸入命令)

物質 p を $e \cdot f_{out}(u)$ だけ膜内から輸出する。対象膜が皮膜である場合、 d 方向隣接セルへ輸出する。 d 方向隣接セルが環境セル、または接続生体セルでない場合、この操作は行われない。

7. *cell* 命令 (生体セル生成命令)

d 方向隣接セルに構成 $str(p)$ 、損傷度 $(1 - e) \cdot c_{es}$ の生体セルを生成し、その生体セルとの接続を作成する。 d 方向隣接セルが環境セルでない場合、この操作は行われない。

8. *organ* 命令 (内膜生成命令)

構成 $str(p)$ 、損傷度 $(1 - e) \cdot c_{eb}$ の内膜を対象膜内に生成する。

9. *cut* 命令 (切断命令)

d 方向接続セルとの接続を消去する。 d 方向隣接セルが接続生体セルでない場合、この操作は行われない。

10. *con* 命令 (接続命令)

d 方向隣接セルとの接続を作成する。 d 方向隣接セルが生体セルでない場合、この操作は行われない。

11. *tran* 命令 (膜輸送命令)

構成 $str(p)$ の内膜の内部物質を外部セルに輸送する。対象膜が皮膜である場合、 d 方向隣接セルへ輸送する。 dj 方向隣接セルが接続生体セルでない場合、この操作は行われない。

12. *rotate* 命令 (旋回命令)

生体セルの向きを d 方向に一段階変更する。なお、ここでは d は左右どちらかであるとする。

13. *move* 命令 (移動命令)

d 方向に対応する方角の移動トークンを作成する。

14. *label* 命令 (ラベル命令)

copygen 命令で複製する範囲を指定する。

15. *copygen* 命令 (遺伝子複製命令)

セルが持つ遺伝情報を d 方向隣接セルに複製する。 d 方向隣接セルが接続生体セルでない場合、この操作は行われない。また、 d 方向接続生体セ

ルが既に遺伝情報を格納している場合、この操作は行われない。

以上が命令コードの詳細である。また、以下にいくつかの操作に関する追加説明を記す。

● 生体セル間の接続

cell 命令や *con* 命令により生体セル間の接続が作られる。接続は生体セル間に物質の交換経路と移動の連携を与える。これは現実の細胞同士の結合を抽象化したものである。接続によって連結した生体セル群は一つの個体を形成しているとみなすこともできる。

● 生体セルの移動

move 命令の作用により生体セルの移動が起こる。生体セル c の方角 d への移動が成功する条件は以下のようになる。

1. c が保持する移動トークンが方角 d のもののみ
2. 方角 d の隣接セルに他の生体セルが移動しようとしていない
3. 全ての接続セルと移動後でも隣接している
4. 全ての接続セルが条件 1~3 満たす

● 遺伝子ブロックと遺伝子複製

発現している *label* 命令は遺伝情報全体を複数の遺伝子ブロックに分割する。また、*copygen* 命令は自身が属する遺伝子ブロックのみを複製する。このとき、ブロックの境界である *label* 命令を含む形で複製を行う。

7 突然変異

遺伝子は低確率で様々な突然変異を起こす。突然変異は環境性変異と発現性変異と複製時変異に分けられる。

環境性変異は生物が自然環境から受ける様々な影響により、遺伝情報が変化する過程を抽象化したものである。環境性変異では遺伝子の全ての要素が変異の対象となり得る。以下にそれぞれの要素の変異について記す。

- 活性化トリガー物質、対象膜の構成、引数物質物質の構造全体がランダムに変化する。
- 活性化閾値、活性度

値がランダムに変化する.

- 命令コード

別の命令コードに変化する.

発現性変異は遺伝子の発現過程においてなんらかのミスが生じ、発現結果が変化する現象を抽象化したものである. 発現性変異では環境性変異とは異なり、遺伝情報そのものは変化せず、方向引数と引数物質のみが変異の対象となる. 環境性変異のようなランダム変化は起こらない.

複製時変異は *copygen* 命令にのみ起こる変異で、遺伝子複製ミスを抽象化したものである. 以下に変異の詳細について記す.

- 遺伝子要素の変化

環境性変異のようなランダム変化は起こらない. 活性化トリガー物質や対象膜の構成や引数物質では、その構造の一部のビットが反転したりビットが増減したりする. 活性化閾値や活性度では、その値にランダムな数を掛けたり足したりする. 命令コードでは、別の命令コードに変化したり方向引数のみが変わったりする.

- 遺伝子の欠損, 重複

ある一つの遺伝子が複製されなかったり、2つ複製される.

- 遺伝子ブロックの異常

発現している *lavel* 命令を認識せず通常の遺伝子ブロックと異なる形で複製してしまう.

8 結論と今後の課題

本論文では遺伝子の発現や変異、周囲環境との物質やエネルギーのやり取りといった細胞レベルのミクロな生命活動を再現し、それらにより生命体の進化や周囲環境との相互作用といったマクロな生命現象を観察できるモデルを構築した. このようなモデルを実現するために、セルオートマトンや膜計算をモデルの基本構造として採用した. また、ティエラや進化的計算を参考にして生命体の進化を実現する仕組みをモデルに取り入れた.

今後の課題は、本論文で提案したモデルを基にしたシミュレータの実装と、それによる生命体の繁殖や

代謝、進化といった生命現象の観察である. 本論文で提案したモデルは既存の人工生命モデルに比べ複雑であるから、現実的な時間でシミュレーションが可能であることを示すことが最初の課題となる. また、シミュレーション条件を様々に変化させてそれに対する生命体の反応を観察することも、生命の仕組みや本質を解明する上で重要であると考えている.

参考文献

- [1] C. Reynolds. Flocks, herds and schools: A distributed behavioral model. *Computer Graphics*, 21(4), pp.25-34, 1987.
- [2] G. Paun. Computing with Membranes. *Journal of Computer and System Sciences*, Volume 61, Issue 1, pp.108-143, 2000.
- [3] T. Ray. Evolution, ecology and optimization of digital organisms. *Santa Fe Institute working paper*, 92-08-042, 1992.
- [4] D. Whitey. A genetic algorithm tutorial. *Statistics and Computing*, 4, pp.65-85, 1994.

A 命令コードの消費エネルギーと消費物質

表 1 は第 6 章で説明した命令コードの消費エネルギーと消費物質についてまとめた表である. 以下に、表中の語句についての説明を記す.

- 消費エネルギーとは、その命令コードが実行されるときに消費されるエネルギーの量を表している.
- 消費物質とは、その命令コードが実行されるときに消費される物質の量を表している.
- $f_{in}(p)$ は拡散制限がない場合での p の流入量を表す.
- $f_{out}(p)$ は拡散制限がない場合での p の流出量を表す.
- c_{es} は皮膜の耐久定数を表す.
- c_{eb} は内膜の耐久定数を表す.
- $|b_p|$ は対象膜内に存在する構成 $str(p)$ の内膜の数を表す.
- $|G|$ はセルが持つ遺伝子の数を表す.
- $e_{syn} = k_{syn} \cdot e \cdot \min(|p|, |s|) \cdot (len(p) \cdot len(s))$ である.
- $m_{syn} = e \cdot \min(|p|, |s|)$ である.

表 1 命令コードの消費エネルギーと消費物質

命令コード	消費エネルギー	消費物質
<i>syn</i>	e_{syn}	p, s を m_{syn}
<i>sep</i>	0	p を $e \cdot p $
<i>comp</i>	$k_{comp} \cdot e \cdot p \cdot \text{len}(p)^2$	p を $e \cdot p $
<i>chan</i>	0	なし
<i>imp</i>	$k_{imp} \cdot e \cdot f_{in}(p)$	なし
<i>exp</i>	$k_{exp} \cdot e \cdot f_{out}(p)$	なし
<i>cell</i>	$k_{cell} \cdot c_{es} \cdot e \cdot \text{len}(p)^2$	p を $c_{es} \cdot e$
<i>organ</i>	$k_{organ} \cdot c_{eb} \cdot e \cdot \text{len}(p)^2$	p を $c_{eb} \cdot e$
<i>cut</i>	c_{cut}	なし
<i>con</i>	c_{con}	なし
<i>tran</i>	$k_{tran} \cdot b_p $	なし
<i>rotate</i>	c_{rotate}	なし
<i>move</i>	c_{move}	なし
<i>lavel</i>	c_{label}	なし
<i>copygen</i>	$k_{copygen} \cdot G $	なし