

プロジェクト名： システムズ・レジリエンス学（略称:レジリエンス）

プロジェクトディレクター： 丸山 宏教授（統計数理研究所）

サブプロジェクトディレクター： 井上 克巳教授（国立情報学研究所）

## 〔1〕 研究計画・研究内容について

### (1) 目的・目標

現在の社会をより安全で、想定外の事態に対しても持続可能なものへ転換するためには、レジリエントなシステムとは何か、そのようなシステムを構築・運用するにはどのような科学・工学が必要なのかを、人類の叡智を結集して明らかにしていかなければならない。このため、機構内各研究所をはじめ、国内外の大学・研究機関・民間企業を問わず、システムの思考のできる研究者を広くネットワークし、研究コミュニティを立ち上げ、以って今後のレジリエンス研究のハブとする。4年間の研究の成果として、各分野におけるレジリエンスの知識を体系化することを目標とする。

### (2) 必要性・重要性（緊急性）

2011年3月11日の東日本大震災とそれに続く福島第一原子力発電所の事故においては、「想定外」という言葉が多く使われた。我々の社会が持続可能なものであるためには、様々な外界の事象に柔軟に対応していなければならぬ。それらの事象の中には、想定されていたものも、想定されていなかったものもあるだろう。そもそも「想定外」とは何だろうか？ そのような事象に対して、我々はどうのような備えをすればよいだろうか？

生物、生態系、コンピュータやネットワークなどの工学的システム、国家や企業などの社会システム、人間の心理など、レジリエントな性質を持つシステムは多くある。我々は、これら多様な分野におけるレジリエンスを調べることによって、レジリエントなシステムを構築・運用するための共通な知識体系を構築が求められている。

### (3) 期待される成果等（学問的効果、社会的効果、改善効果等）

学問的には、各分野のレジリエンスの知見を領域横断的にまとめた共通の原理の抽出が期待できる。この結果、様々な関連分野に今まで知られていなかった新たな側面が現れ、各分野に波及していくことが期待できる。

社会的には、本プロジェクトで得られた知見を元に、コンピュータシステム、都市工学、金融システム、災害対策など各応用分野において、レジリエントなシステム設計論が台頭することが期待される。

本プロジェクトは本質的に領域横断的であり、もし成功すれば分野横断的な研究の進め方について、一つのベスト・プラクティスを提供することになるだろう。

### (4) 独創性・新規性等

レジリエンスの概念はもともと心理学や生態学で発祥した概念である。この概念がここ10年あまりの間に、コンピュータシステムなどの工学や、金融や政策科学などの社会科学でも使われるようになってきた。したがって、本プロジェクトは本質的に分野横断的である。我々は、レジリエンスとはシステムの性質であるという仮説を置き、レジリエンスをシステムの観点で捉える。

情報・システム研究機構は、複雑な問題を情報とシステムの面から捉えることを共通のテーマとする研究組織であり、統計数理研究所と国立情報学研究所という一般手法に関する研究所と、国立遺伝学研究所・国立極地研究所という対象に関する研究所を持つユニークな組織である。加えて、大学共同利用

機関法人としての立場から、他の多くの大学や研究機関とのネットワーク形成に最適の組織体であると言える。

## (5) これまでの取り組み内容の概要及び実績

これまでは、レジリエンスに関わる研究が各分野で独立に行われてきたが、それぞれの分野では第一線の研究である。

サブテーマ1 想定外の数理においては、統計数理研究所の丸山・南は情報セキュリティ分野の研究者であり、情報セキュリティのアーキテクチャ、ポリシー、プライバシー、アクセスコントロールなどの理論と実践の研究を行ってきた。情報セキュリティは常に想定外の脅威との戦いであり、レジリエンスの一つの事例である。

統計数理研究所の椿は平成 24 年度まで統計数理研究所リスク解析戦略研究センターのセンター長であり、リスク解析研究の第一人者である。金融、製薬、医療、生物多様性、自殺などのリスク研究をリードしてきた。

サブテーマ2 生物におけるレジリエンスにおいては、国立遺伝学研究所の明石は集団遺伝学の研究者である。生物の遺伝的多様性の発現の仕組みについては、木村の中立説、太田のほぼ中立説があるが、これだけでは自然界に観察される多様性を説明できない。明石は生物の環境への適合性関数としてその凹性を仮定することを提唱した。生物は最もレジリエントなシステムの一つであり、その本質的なメカニズムの解明が、レジリエンス研究に光を当てることは間違いない。

サブテーマ3 人工物におけるレジリエンスにおいては、国立情報学研究所の井上のチームは、制約充足問題を中心とする計算理論の分野でワールドクラスの研究を行ってきたグループであり、また国立情報学研究所と共同で、遺伝子ネットワークの解析など領域横断的研究にも積極的に取り組んできた。これらは、複雑なシステムから創発される性質の研究であり、システム的な性質としてのレジリエンスの本質に近づくものである。

サブテーマ4 社会におけるレジリエンスにおいては、国立情報学研究所の岡田・生貝は、政策科学の研究者であり、特に情報セキュリティやプライバシーの政策の観点から、新しく導入された技術や環境の変化にどのように政策が対応するかという研究を行ってきた。多くの場合レジリエンスは多数のステークホルダーが互いに対立する利害関係の下で達成しなければならない。このため、政策の議論はレジリエンスには欠かせない。

## (6) 国内外における関連分野の学術研究の動向

東京大学では、2013 年 4 月に、新たに「レジリエンス工学研究センター」の立ち上げを目指して活動を開始し、エネルギー、金融、それにシステム一般のレジリエンスの研究を始めた。ストックホルム大学では、主に持続可能性に注目したレジリエンス研究を行っている。2013 年 1 月のダボス会議においては、コミュニティのレジリエンスが中心的な議題の一つに上がった。複雑性科学の指導的な研究者の一人である John Casti は、想定外の巨大な事象“X-Event”が人類社会の大きな脅威になっていると指摘し、国際的な研究ネットワーク X-Center を立ち上げた。

航空・宇宙・軍事・交通などの巨大で複雑なシステムの信頼性や安全の分野でも、レジリエンスの概念が注目されている。隔年で開催されているレジリエンス工学国際シンポジウムは今年 5 回目が 2013 年 6 月にオランダで開催される予定である。伝統的な信頼性工学に加えて、レジリエントに運用するための人的・制度的な観点も含めて広く議論されている。

## [2] 研究計画

### (1) 全体計画

現在の社会をより安全で、想定外の事態に対しても持続可能なものへ転換するためには、レジリエントなシステムとは何か、そのようなシステムを構築・運用するにはどのような科学・工学が必要なのかを、人類の叡智を結集して明らかにしていかなければならない。このため、機構内各研究所をはじめ、国内外の大学・研究機関・民間企業を問わず、システムの思考のできる研究者を広くネットワークし、研究コミュニティを立ち上げ、以って今後のレジリエンス研究のハブとする。

#### サブテーマ1. 想定外の数理

極値理論あるいは希少事象の統計数理と、それを科学的意思決定に結びつけるための理論の構築を行う。またこの理論に基づき、希少事象に対して備えるために必要なコストを決定するための方法論を構築する。

#### サブテーマ2. 生物におけるレジリエンス

遺伝子多様性や、生物学的ロバスト性のメカニズムの研究を行い、多様性とレジリエンスの指標を定義し、それらの間の関係を支配する法則を導き出す。

#### サブテーマ3. 人工物におけるレジリエンス

特に計算機科学の知見に基づき、レジリエンスの計算理論を構築し、レジリエントなシステムの設計論を議論する。

#### サブテーマ4. 社会におけるレジリエンス

社会システムにおける、人々のダイナミクスの研究を行い、レジリエントな社会の運営、合意形成に必要なメカニズムを明らかにする。

#### ・システムズ・レジリエンス仮説

我々はレジリエンスについて二つの仮説を持っている。一つは、生物系、工学系、社会系など様々なドメインをまたがる、レジリエンスのための共通の原理があるのではないかと、ということである。システム生物学を提唱した北野はその論文の中で、生物におけるロバスト性と工学システムにおけるロバスト性の類似を論じた。我々は、さらに広く、多様なドメインにおける共通なレジリエンス戦略の存在を仮定する。

もう一つは、レジリエンスはシステムレベルの性質である、という仮説である。個別の要素が機能を失ったり、消滅したり別の要素に置き換わることもあるかもしれない。それでも、システムとしての同一性を維持し、機能を何らかの形で回復させていくのがレジリエントなシステムである。複雑なシステムの各要素が互いに連携することによって、個別の要素の単純な和でない、システムレベルの性質として「レジリエンス」が創発されるものと我々は考える。また、生態系、社会システムなど我々の扱うシステムの多くは、複数のシステムが有機的に結合した、システム・オブ・システムズとなる。我々は、レジリエンスのシステム的な理解を明らかにする。

#### ・プロジェクトゴールとアプローチ

このプロジェクトの最終的なゴールは、様々なシステムをレジリエントに構築し、運用するための知識の体系を構築することである。このために、我々は研究に三つのステップを置く。

第一のステップは、できるだけ多くのドメインにおけるレジリエンス戦略を収集し、それらを分類し、カタログを作成することである。このためには、生物学、生態学、工学、情報科学、統計学、経済学、金融、社会学、心理学など多くのドメインにおけるレジリエンスをサーベイしなければならない。

第二のステップは、それらのレジリエンス戦略を共通に表現できる数理的なモデルを構築することで

ある。このモデルによって、それぞれの分野のレジリエンス戦略がどのような場合に有効であるのかを推定したり、特定の状況において最適なレジリエンス戦略の組み合わせが何かを計画したりすることができることが期待される。

第三のステップは、上記で得られたモデルを、現実の状況にあてはめて検証をすることである。生物学や生態学においてはいくつかの未解決問題に光を当てることができるかもしれない。工学システムにおいては、よりレジリエントなシステム設計のための方法論を導くことができる。社会学においては、政策決定に科学的な知見を与えることが期待される。

## (2) 各年度の計画

### 平成 24 年度

各ドメインにおけるレジリエンス戦略を収集し、それらを分類し、共通項を見つける。また、各ドメインで特有のレジリエンスに関する様相について研究を深める。

サブテーマ 1. 想定外の数理においては、各ドメインのレジリエンス戦略の取りまとめを行う。

サブテーマ 2. 生物におけるレジリエンスにおいては、集団遺伝学における分子レベルの遺伝子多様性の研究を行う。

サブテーマ 3. 人工物におけるレジリエンスにおいては、レジリエンスの計算モデルの構築を行う。

サブテーマ 4. 社会におけるレジリエンスにおいては、レジリエントな政策決定における共同規制戦略についての研究を行う。

### 平成 25 年度

レジリエンスの共通戦略をまとめる。また、それらのレジリエンス戦略を共通に表現できる数理的モデルを構築する。

サブテーマ 1. 想定外の数理においては、レジリエンス戦略を概括し、タクソノミを作る。

サブテーマ 2. 生物におけるレジリエンスにおいては、適応関数の凹性に関する仮説の検証を行う。

サブテーマ 3. 人工物におけるレジリエンスにおいては、レジリエンス計算モデルの議論を深め、計算可能性や複雑性の研究を行う。

サブテーマ 4. 社会におけるレジリエンスにおいては、各国における共同規制の事例を研究し、それらがどのようにレジリエンスに貢献しているかを調査する。

### 平成 26 年度

一つのドメインを選び、上記モデルが適用可能であるかどうかを検証する。サブテーマ 1 においては、モデルとその文脈の設定を行う。サブテーマ 2 においては、特に収穫逓減則をモデルに取り込みその効果を検証する。サブテーマ 3 においては、計算モデルによる予測と戦略の策定を研究開発する。また、サブテーマ 4 では、そのモデルにおける多様なステークホルダ間の多次元目的関数の設定を試みる。

### 平成 27 年度

プロジェクト全体の知見を体系化し、出版する。

### 平成 28 年度以降の展開

世界各地域や各応用領域において、体系化されたレジリエンス知識が広く使われるように、情報・システム研究機構がレジリエンス基礎研究のハブになることを想定する。

## [3] 研究推進・実施体制

### ① 想定外の数理

研究代表者

〔統計数理研究所〕

丸山 宏

共同研究者

〔統計数理研究所〕	椿 広計
〔新領域融合研究センター〕	南 和宏
〔はこだて未来大学〕	大沢英一

② 生物におけるレジリエンス

研究代表者

〔国立遺伝学研究所〕	明石 裕
------------	------

共同研究者

〔国立遺伝学研究所〕	長田直樹、北野 潤
〔国立極地研究所〕	伊村 智
〔新領域融合研究センター〕	桂有加子

③ 人工物におけるレジリエンス

研究代表者

〔国立情報学研究所〕	井上克己
------------	------

共同研究者

〔国立情報学研究所〕	Nicolas Schwind
〔新領域融合研究センター〕	Hei Chan、沖本天太、丹生智也
〔東京工業大学〕	佐藤泰介

④ 社会におけるレジリエンス

研究代表者

〔国立情報学研究所〕	岡田仁志
------------	------

共同研究者

〔統計数理研究所〕	高橋久尚
〔新領域融合研究センター〕	生貝直人
〔国立環境学研究所〕	山形与志樹
〔メルボルン大学〕	嘉志摩佳久

## 〔4〕 研究の進捗状況

### サブテーマ1 想定外の数理

統合戦略を考えるグループとして、我々は様々なドメインにおけるレジリエンス戦略を調査した結果、大きくわけて冗長性、多様性、適応性という三つのレジリエンス戦略があると考えた。

#### 1. 冗長性

冗長性のもっとも単純なレジリエンス戦略で、多くのドメインで共通に見られる。

生物は極めて大きい冗長性を持っていると考えられる。例えば、大腸菌は、その DNA の働きがよく知られた生物である。大腸菌にはおよそ 4,300 の遺伝子があり、それぞれに役割があるが、そのうち約 4,000 については、その遺伝子の機能を失わせて（ノックアウトして）も、大腸菌は繁殖しつづけることができる。その遺伝子の失われた機能を他の遺伝子が肩代わりしたり、別の経路によりタンパク質が生成されたりするからである。

ワシントン湖にいる淡水魚のイトヨは、1957 年には鱗が無かったことが知られているが、現在では

鱗を持っている。これは、過去 50 年にわたってワシントン湖の透明度が上がったために、捕食者であるマスの捕食圧が上がったためではないかと考えられている。一万年以上前のイトヨはもともと海水魚であり、その時は鱗を持っていた。1 万年間に渡って発現して来なかった表現型を持つ遺伝子、すなわちその間冗長といえる遺伝子が、マスという天敵を存在に対応してただちに発現したものと捉えることができる。

工学システムにおいては、冗長構成を持つことは一般的に行われていることである。例えば高信頼なストレージ・システムにおいては、ディスク装置を冗長に構成することで信頼性と性能を向上することができる。ただし、多重性の程度は通常一桁程度と、生物の冗長性に比べると、かなり小さい。

東日本大震災の後、日本の電力はそれまでおよそ 3 割の発電量を担っていた原子力発電が次々に停止し、一時は原子力発電が無い状況に追い込まれた。にもかかわらず、国内で大きな電力不足が起きなかったのは、そもそも日本の電力会社がかなりの余剰の発電能力を持っていたからと考えることができる。

また、トヨタなどの大企業がサプライチェーンに大きな打撃を受けて、一時は生産を縮小しなければならなかったが、それでも企業として存続できる理由の一つは、企業に手持ちの資金があり、一時的な収入の減少をカバーできたからだと考えられる。電力や資金はいわばユニバーサルな資源であり、それらを余剰に持つことで、様々な外乱に対して耐性を高めることができる。

2001 年 9 月 11 日の米国における同時テロの時に、ワシントンでは警察・消防・シークレットサービスの通信システムが互いに相互運用性を持たなかったために、緊急対応が遅れたことが問題になった。相互運用性は、冗長性を高めるための一つの手段である。消防が一時的に機能不全に陥ったときに、相互運用性のある別の組織がその肩代わりをできれば、それは冗長構成を持っていることになるからである。

## 2. 多様性

多様性は冗長性に比べるとややわかりにくい概念であるが、システムをレジリエントにするために極めて重要な役割を持つ。

生物の多様性がその存続に大きな力を持っていたことは間違いない。地球上に生物が誕生したのはおよそ 40 億年前であるが、この 40 億年の間に、何度も生物の大量絶滅があり、それらは巨大隕石などの希少事象によって起こされたものではないかと考えられている。それにも関わらず、地球上の生物が全滅せずに残っているのは、多様な種のどれかが新しい環境にも適応できたからだと考えられている。

工学系のシステムでも多様性を導入することが行われている。操縦をコンピュータ制御で行うボーイング 777 には、3 台のコンピュータ・システムが搭載されていて冗長構成をとっているが、これら 3 台のコンピュータは、異なるメーカーのハードウェア、異なるオペレーティングシステム、異なる制御ソフトウェアが使われている。まったく同じ設計のコンピュータを複数並べただけでは、偶発的な故障や事故には対処できるが、設計に問題があった場合には、すべてのコンピュータが同時に問題を起こしてしまうからだ。

森林管理においては、小さな火災はただちに消さないで、その部分の森林再生を促したほうがよいことが知られている。すべての火災をただちに消していくと、森林全体が同時に老いてきて乾燥し、大規模で破滅的な火災を引き起こす危険が増すからである。森林全体に渡って、木の年齢の多様性を持つことが、よりレジリエントな森林にすることに寄与するのである。

株式投資におけるポートフォリオの考え方も、多様性戦略の一つである。もし期待利得だけを最適化するのであれば、もっとも期待利得の高い株式に全額を投資するのが最適な戦略である。しかし、そうするとその会社が倒産した時にすべての財産を失ってしまう。複数の会社に投資することによ

て、全体の期待利得は下がるが、全財産の損失の確率を下げるができる。

### 3. 適応性

適応性は環境の変化に対してシステムが適応する能力であり、環境の変化の速度に対する相対的な概念として定義される。

生物は高い適応性を持つことが知られている。生物の適応の仕組みの一つは、進化によるものである。生物は遺伝子の突然変異によって新たな変種を生み出すことができる。そのうち環境により適したものが有利になり生き残ることで、進化していく。進化による適応は、世代交代によって緩やかに起きるので、急速に変化する環境には対応できない。

フィード・バックは生物や工学システムによく見られる適応性戦略である。我々の体は自律神経系とホルモンなどによって、体温など様々な状態をコントロールしている。これによって、比較的短期における環境変化に適応している。機械等における制御システムも同様であり、環境やシステム状態の変化をセンスして、それをフィード・バックすることによってシステムを安定に保つ。いずれも時定数が重要な概念であり、環境の変化に追いつき、なおかつシステムが不安定にならないようなフィード・バック・ループが必要である。

IT システムにおいては、2003 年に IBM が提唱したオートノミック・コンピューティングがある [10]。生態の自律的な回復力にヒントを得た考え方であり、システムに対する擾乱を検知し、対策を選択し、それを適用して効果を測定する、というサイクルを自動的に回すことによってレジリエンスを実現しようとするものであり、このような考え方はコンピュータ・システムにとどまらず多くのシステムで使われている。

### 4. 能動的レジリエンス

以上、冗長性、多様性、適応性という 3 つの戦略について述べたが、これらは一般の生物や生態系、工学システムのように知性を持たないシステムにも適用可能な戦略である。これらの戦略を受動的レジリエンス戦略と呼ぶことにしよう。

一方、人間や社会システムのように、人々の知性を仮定できるシステムにおいては、事前の予測やプランニング、創造性などの新たな道具立てを持ち込むことができる。

システムに対して大きな外乱があることが予め予想できれば、それに対して事前に対処をすることができる。WHO は、パンデミックに対して 6 段階の警戒レベルを設定している。気象庁は台風の進路予想をすることによって、警戒を呼びかける。このような早期警戒警報によって、システムは大きな外乱に対して事前に準備をすることができる。このためには、環境の仕組みをモデル化し、リアルタイムのデータを収集し、シミュレーションを行うことによって将来を予測する、という知的な作業が必要となる。

モデリングとそれに基づくシミュレーションは、有事が起きた時にどのような対策を取るかについても利用することができる。緊急時迅速放射能影響予測ネットワークシステム SPEEDI は、2011 年の福島原子力発電所の事故の際には結果的にうまく利用できなかったが、有事の際の意思決定のためのツールである。

企業は刻々と変化するビジネス環境の中で経営を行なっている。このため、多くの企業は、ビジネス継続計画 (Business Continuity Plan) を策定し、リスク管理を行なっている。例えば ISO22320 では、危機対応に関する要求事項をまとめている。特に強調されているのは、現場での対応にあたる人々の臨機応変な活動をサポートするために、指揮命令系統の確立、情報の共有、それに組織間の協調・連携関係である。

このように、人々の知恵や創造性を使うことができれば、よりレジリエントなシステムを実現できると考えられる。一方、人々がシステムに組み込まれることによって新たな問題が生じることもある。

人々は、主観的な感覚を持っているために、環境の変化による脅威を正しく評価できないことがあるからである。例えば、テロによる脅威は実際に起こる被害よりは過度に評価されている、という報告もある。このような「認知エラー」は人間に特有のものであり、レジリエントなシステムを設計する際に考えておかなければならないことである。

## 5. トレードオフ

冗長性、多様性、適応性、それに能動的レジリエンスのそれぞれの戦略はしかし、多くの場合お互いにトレードオフの関係にある。同じコストをかける場合、システムの冗長性に投資すべきだろうか。それとも多様性に投資すべきだろうか。冗長度を上げたために、逆にシステムのアップグレードが遅れる（つまり適応性が阻害される）こともある。どのような環境条件のもとで、どのような戦略の組み合わせが最適であるのかは、このサブグループで明らかにしたいことの一つである。

これらの知見は、2013年2月に東京で行われたシステムズ・レジリエンスのシンポジウムで発表したほか、2013年6月にはブダペストにおいて国際ワークショップを主宰し、大いに議論した。

## サブテーマ2 生物におけるレジリエンス

### Japanese Summary

#### 凹型適応関数 (concave fitness function) と生物のレジリエンス

生物はどのようにしてレジリエントなシステムを進化上獲得してきたのだろうか。集団遺伝学の理論と近年得られている大規模なゲノムデータが合わせられることにより、生物進化の理解が進んできているが、これまでの研究の結果、「ほぼ中立」な進化が幅広い生物のゲノム進化に広く見られることがわかってきた。このモデルでは、多くの表現型や遺伝子型の進化は、変異、浮動、自然選択の3つの弱い効果の相互作用によって定められる。このほぼ中立なモデルは自然集団における変異と表現型の関係によって決まっている可能性がある。多くの生物システムは最適な状態へ近づくと「収穫逡減」を起こすことが知られており、これは適応関数が凹型であることによって説明できる。この理論のもとでは、集団が変異や集団サイズのボトルネックなどによって適応度の下がる方向に変化するのに対して、それを補うような適応的な変異が適応度を回復させることが予想され、その結果、生物ゲノムのレジリエントなシステムが作られるのではないかと考えられる。

これまでの我々は、弱い淘汰とシステムのレジリエンス性を調べるために、これまでのものよりもより実際の生物に近いシステムを持つ前向きコンピュータシミュレーションプログラムを開発した。これまでに、遺伝的組み換えと変異のプロセスを解析的な値との比較や自然選択の効果の検証を行ってきた。2014年には集団レベルでの新たなゲノムデータが使えるようになるので、次年度以降は実際のデータをより良く予測できるようなものを目指している。

#### ショウジョウバエ属 (*Drosophila*) におけるゲノムの適応と退化

上に述べた弱い淘汰の効果は、変異の頻度や集団の大きさが時間によって変化すると、ゲノムの適応状態が不安定になることを予測している。このようなことを検証するには、祖先型遺伝子配列が正確に推定できる種のセットを見つけ、系統特異的な塩基組成の変化などを調べることが必要である。ショウジョウバエのいくつかの種ではゲノムの適応や退化が起こっていることがこれまでの我々の研究でわかっている。

本研究計画は、ゲノム進化を検証する解析方法および巨大データを扱う方法を開発することを目的とする。系統特異的なゲノム進化を研究するには、祖先型配列の正確な推定が不可欠であるが、我々はロンドン大学 Ziheng Yang 教授との共同研究を行い、この問題に取り組んでいる。また、我々のコンピュ

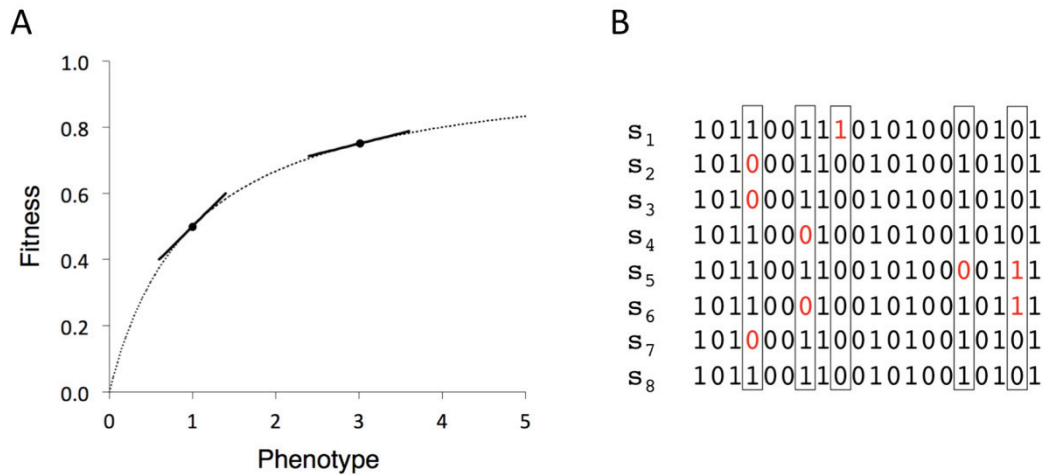


ータシミュレーションにより生み出された配列を最尤法で推定することにより、定常状態および塩基配列の組成が系統により一定ではない場合の祖先配列推定がうまくできているかどうかの検証を行った。これらの研究に加え、本研究を進めるために、さらに2種のゲノムレベルでの遺伝子配列の取得を目指している。我々はRNA-seq法を用いてキイロショウジョウバエ (*D. melanogaster*) の近縁種、*D. teissieri* と *D. orena* の遺伝子転写産物の配列解析を行っている。この研究の目的は系統特異的に起こるゲノムの適応や退化を探ることである。このような発見は生物学的レジリエンスが有害な変異や遺伝的浮動の効果にどのように対処するか的基础になり、レジリエンスなシステムがどのように遺伝子配列や発現レベルで達成されているかの例を見つけることができるだろう。

### **Subtheme 1: Concave fitness functions and biological resilience**

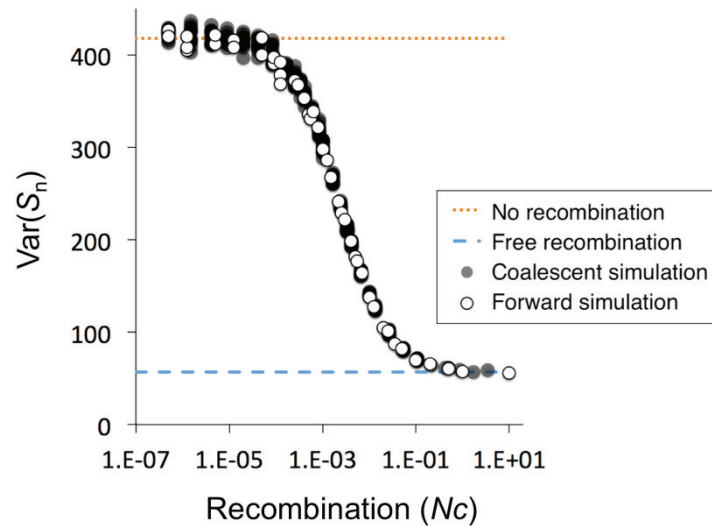
**Introduction and aims:** The combination of population genetics theory and rapidly expanding genome sequence data provides a tremendous opportunity to elucidate mechanisms of biological evolution. Several lines of evidence support “nearly neutral” evolution as a prevalent mode of genome evolution across a wide range of functional categories of mutations and taxa (reviewed in Akashi et al. 2012). This model posits that many phenotypic and genotypic characteristics reflect the interaction of three weak evolutionary forces: mutation, random genetic drift, and natural selection acting at its limit of efficacy. Because such a balance between stochastic and deterministic forces only occurs under a narrow range of parameter values, similar findings in many different species and functional categories of DNA has become an important paradox in the life sciences.

The prevalence of near neutrality may reflect an underlying principle in phenotype-fitness relationships in natural populations (and perhaps in complex systems more generally). Many biological systems show “diminishing returns” in organismal fitness as characteristics approach their optimum values, *i.e.*, concave fitness functions, CFF. The effects of interest may be too small to detect through direct measures and our goal is to develop methods to test for concave fitness functions in genome variation data from natural populations. Detecting such patterns would explain the prevalence of genome evolution under “near neutrality” and would explain why small populations in nature do not always continue to decline in fitness and go extinct. Under concave fitness functions, episodes of elevated mutation or population bottlenecks lead to limited declines in fitness, and populations are able to recover through compensatory adaptive evolution following biological stress.



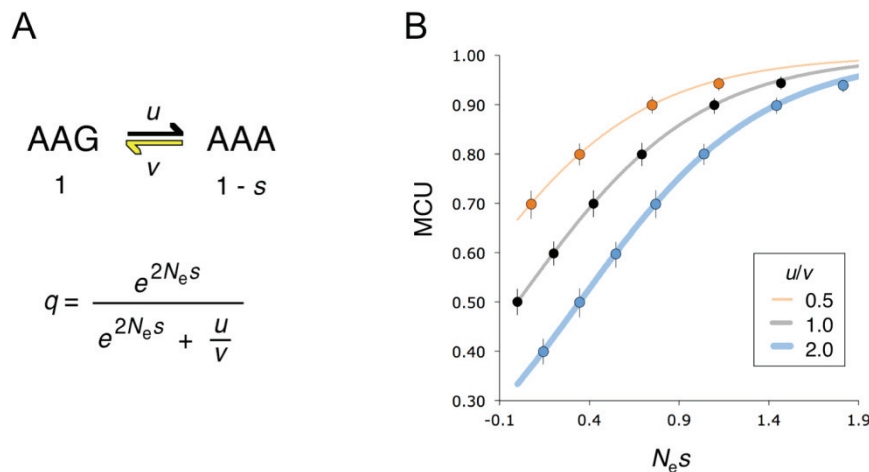
**Figure 1.** Concave fitness functions and near neutrality. (A) The curve  $y = x / (1 + x)$  shows a hypothetical relationship between fitness and phenotypic values of a trait. The slope of the curve at a given point determines the fitness effect of small phenotypic changes (slopes are shown for phenotypic values of 1 and 3). The slope decreases as a function of the phenotypic value (i.e., the distribution of  $s$  changes with character values). If a large fraction of mutations have small phenotypic effects and if the rate of mutation to deleterious alleles is higher than the rate to advantageous mutations, populations will evolve to a point on the curve where slightly deleterious mutations that move the population away from the optimum will be balanced by weak positive selection. The left and right points marked in the figure correspond to equilibrium points in species with small and large population sizes, respectively (this assumes constant mutation rates and population sizes). From Akashi et al., 2012. (B) An example of patterns of sequence variation among eight chromosomes sampled from a population. 20 nucleotides are sampled from each sequence and there are five variable, or segregating, sites in the sample (boxed). At segregating sites, the ancestral nucleotide is shown in black and the derived (new mutation) is shown in red. The frequencies of the new mutations in the sample are (from left to right)  $3/8$ ,  $2/8$ ,  $1/8$ ,  $1/8$ , and  $2/8$ .

**Progress:** We are conducting theoretical studies that will motivate analyses of genome variation data to test whether concave fitness functions explain weak selection and biological robustness. In the first year of this project, we developed a “forward running” computer simulation of genome evolution. Our approach focuses on biological realism (rather than computational efficiency) and allows flexibility in defining mutation processes population size fluctuation, fitness effects of mutations, and genetic recombination. We have tested the mutation and recombination process through comparisons to analytical predictions for neutral evolution (Figure 2). We have also tested the implementation of natural selection by comparing simulation results to independent fitness models under free recombination (fig 3). Our simulation gives accurate results in scenarios that can be tested against independent predictions (analytical results) and we have begun to study patterns under fitness interaction models (CFF). Population-scale genome data for appropriate species should become available in 2014 and we hope to develop robust predictions in the second year of the project. In particular, statistical associations between newly arisen mutations within populations (i.e., “linkage disequilibrium”) may be a promising approach to detect CFF’s.



**Figure 2.** Recombination and levels of neutral variation. Simulation results are compared to predictions from independent analyses. The y-axis shows the variance in the number of segregating (variable) sites in a sample of simulated DNA sequences. Expected values are shown for analytical results for cases of no recombination (high variance) and infinite recombination (low variance). For intermediate values of recombination, results of coalescent simulations (Hudson 2002) are shown as dark grey dots. Each dot reflects the variance calculated among 1000 independent replicates of evolution (note that dispersion is higher for low recombination scenarios). White dots are results from our forward simulation. The close correspondence to both theoretical predictions and results from independent simulations support that the processes of mutation, recombination, and genetic drift are operating as intended in our simulation. Recombination is expressed as the product of rate of crossover per site per generation,  $c$ , and effective population size,  $N$ .

A major goal of this study will be to determine an appropriate biological system to test for predicted signals of concave fitness functions and to apply our tests to existing data. Potential candidates include “silent” DNA mutations and codon usage in yeast or *Drosophila* populations and/or protein variation in human or mouse or other well-sampled species. This research is timely because there is growing evidence that the evolutionary lineage leading to modern humans has accumulated substantial numbers of slightly deleterious mutations in both the proteome and regulatory regions of the genome; the consequences of such genome degradation may include effects on health and longevity.

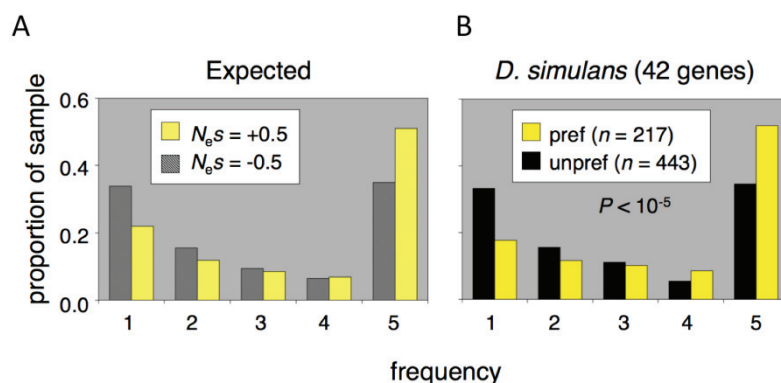


**Figure 3.** Simulation tests for weak selection and biased codon usage. (A) The major codon preference model posits slight, but consistent, fitness differences among synonymous codons, those that encode the same

amino acid. Here, AAG confers a fitness advantage,  $s$ , over its synonymous counterpart, AAA, and is referred to as a “major” codon. Mutations occur at rate  $u$  from AAG to AAA and  $v$  in the opposite direction. If the same parameters hold across codons and time, a given gene will reach a steady-state frequency of major codons,  $q$ , that is a function of the ratio of the forward/backward mutation rates and the scaled selection coefficient. (B) Natural selection and biased base composition. Major codon usage is predicted analytically under free recombination for three different mutation ratios (solid lines). Scaled selection coefficients are set to give MCU of 0.4 to 0.95. These  $N_e s$  values are used in forward simulations under high recombination ( $N_c = 10$ ). Observed MCU in the simulated sequences conform well to expectations. The slightly reduced MCU values under strong selection ( $MCU = 0.95$ ) results from departures from infinite recombination; elevating the recombination rate results in a stronger fit.

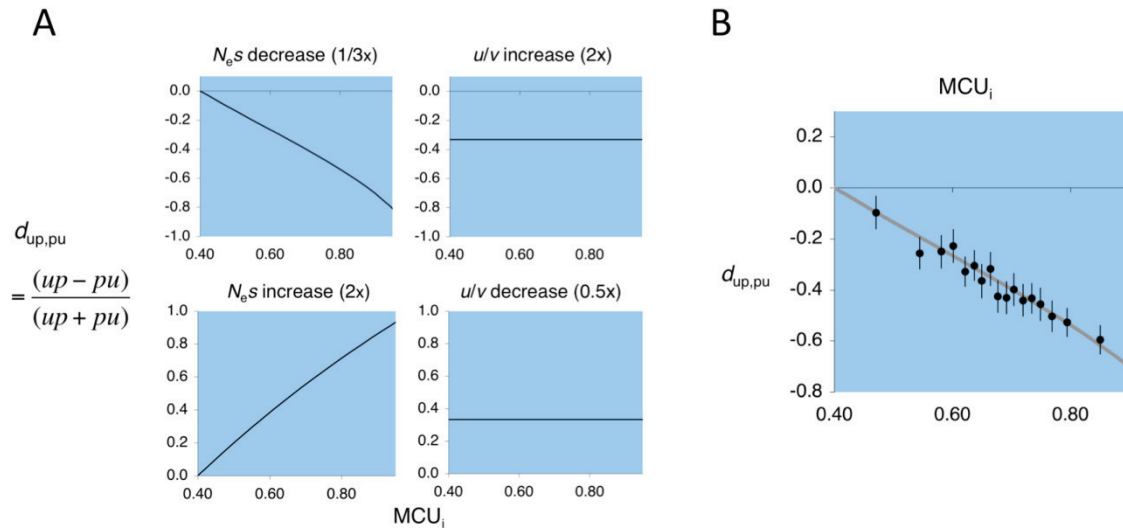
## Subtheme 2: Genome adaptation and degradation in *Drosophila*

**Introduction and aims:** Weak selection predicts evolutionary instability of genome adaptation if mutation or population size fluctuate on the time-scale of molecular evolution. Testing this prediction requires a biological system in which elevations and declines in fitness can be identified and a set of species among which ancestral genome sequences can be inferred reliably. The major codon preference model appears to hold across protein-coding genes and provides a system to study fluctuations in levels of genome adaptation (Figures 4 and 5). The close relatives of the model organism, *Drosophila melanogaster* have been a major study subject in evolutionary genetics. The level of divergence among the genomes appears to allow reliable inference of ancestral sequences, *i.e.*, assign genome changes to individual evolutionary lineages (Figure 6). Our study (Akashi *et al.*, 2006) of a relatively small sample of genes suggested that multiple lineages within this group have undergone genome-wide changes in codon usage and protein properties. Several of these lineages appear to have undergone genome-degradation and at least one of the lineage may be an example of genome-wide adaptive evolution. This project seeks to obtain new protein-coding gene sequences at a genome scale in two *Drosophila* species and to develop and apply methods for ancestral genome inference to demonstrate lineage-specific genome adaptation and decline. We plan to test the cause(s) of genome-wide codon bias changes and to determine other classes of mutation that show lineage-specific evolution as expected under weak selection. Candidates include rates and types of amino acid changes as well as rates of non-coding region evolution including introns and regulatory regions (the latter classes will be addressed in future genome sequencing to complement our transcriptomic analyses).



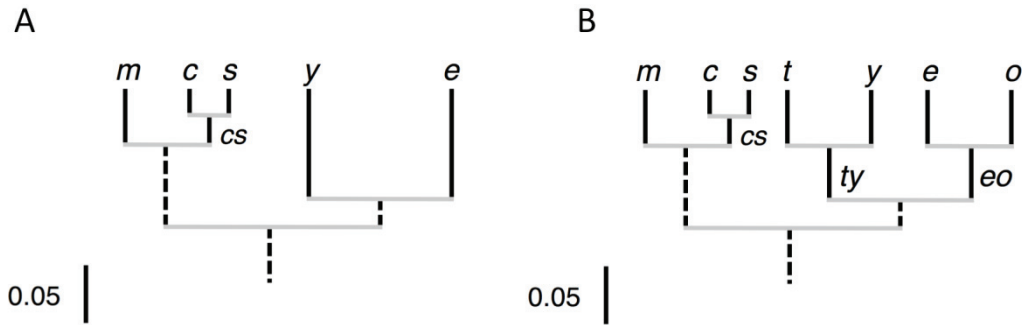
**Figure 4.** Population genetics of major codon preference in *Drosophila*. (A) Major codon preference predicts two fitness classes of synonymous mutations (Figure 3A), weakly advantageous “preferred” or “up” changes from minor to major codons and slightly deleterious “unpreferred” or “pu” changes in the reverse direction. Weak selection can result in differences in patterns of DNA polymorphism within populations and divergence between species. The histogram plots the expected proportion of pref and unpref mutations at different frequencies within a sample of 5 sequences sampled from a population. Advantageous mutations are expected to be found at higher frequencies and fixed differences in a sequence sample whereas

deleterious mutations should more often be rare polymorphisms. (B) Analyses of available data in *D. simulans* is strikingly similar to the expected pattern. Data pooled across >40 genes shows strong statistical support for elevated frequencies for putatively advantageous “preferred” synonymous mutations. This result demonstrates that population genetic analyses is sensitive to natural selection acting at its limit of efficacy.

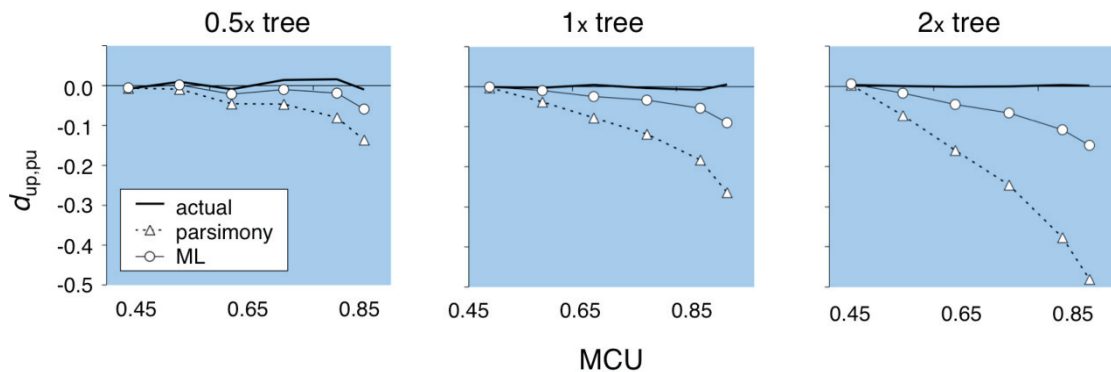


**Figure 5.** (A) Elevations and declines in codon bias resulting from selection and mutation changes. The y-axis plots a skew statistic for bias in the numbers of preferred (up) and unpreferred (pu) fixations (departures from steady-state). At equilibrium,  $up = pu$ , and the skew is zero. The x-axis shows expected skew among genes that vary in initial selection intensity (ancestral codon bias). The graphs plot expected skews for departures from equilibrium caused by changes in scaled selection (left) and changes in mutation bias (right). The top graphs show expected skews for increases in codon bias and the bottom graphs show predictions for declines in MCU. (B) Preliminary analysis of data from *D. sechellia* is consistent with a simple model of reduced selection intensity (to 1/3<sup>rd</sup> of initial values) with no change in mutation (the top left scenario in A).

**Progress:** Our project pursues both development of analytical methods for testing genome evolution as well as “big data” acquisition and processing. The study of lineage-specific evolution is strongly dependent on our ability to reliably reconstruct ancestral genomes and we are collaborating with Ziheng Yang (University College, London) on the development and testing of methods for ancestral genome reconstructions. We have previously discovered that simple methods such as parsimony and ML reconstructions under steady-state models can give strongly biased reconstructions (PloS One 2007; Figure 6). We have developed a simulation of genome evolution under interacting weak forces and are testing the performance of maximum likelihood implementations of non-stationary models for ancestral reconstructions. Our simulations mimic the species composition and relationships as well as branch lengths within the *D. melanogaster* subgroup. We study the performance of reconstruction methods on simulated data for stationary evolution with varying degrees of base composition bias as well as scenarios of lineage-specific fluctuations in base composition.

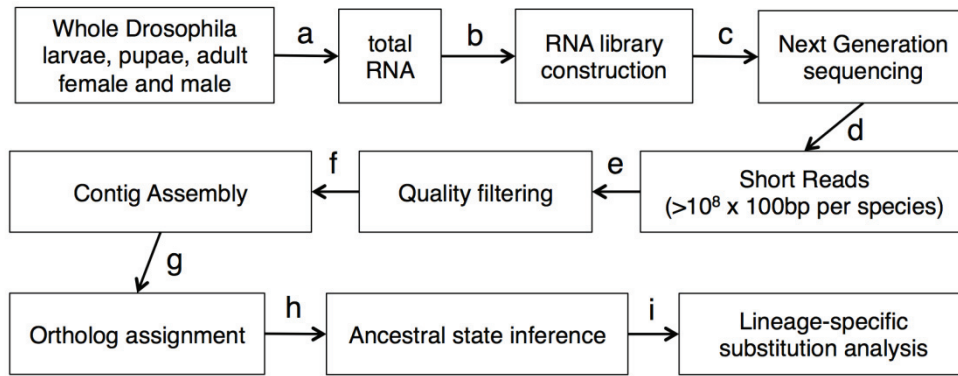


**Figure 6.** Lineages in the *Drosophila melanogaster* subgroup. Species abbreviations are: *m*: *D. melanogaster*, *s*: *D. simulans*, *t*: *D. teissieri*, *y*: *D. yakuba*, *e*: *D. erecta*, *o*: *D. orena*. (A) Five species with current genome sequence data are shown. The species phylogeny (tree) allows inference of lineage specific evolution among five lineages (solid lines). The scale shows approximate synonymous divergence. We will examine an unrooted tree (no outgroup to these species) so ancestral sequences are not inferred for the root node. (B) Addition of gene sequence data for *D. teissieri* and *D. orena* will allow us to study 10 lineages: seven leading to extant species and three ancestral lineages. In addition, partitioning the long *y* and *e* lineages in A (to *y* and *ty* and *e* and *eo*, respectively in B) will allow more accurate ancestral state inference.



**Figure 7.** Testing the reliability of ancestral state inference. Sequence evolution was simulated for scenarios that emulate species relationships in the *D. melanogaster* subgroup. “1x” uses the average synonymous distances observed in available data. 0.5x and 2x refer to all branches with half and double these distances, respectively. Results are shown only for stationary evolution (constant base composition). Simulations were performed for six selection intensity values to cover a range of codon bias. Base composition skew is plotted as a function of initial codon bias. Because all data are sampled from steady-state scenarios, the actual skew is approximately zero across initial codon bias values. However, both parsimony analysis and Maximum Likelihood (under the HKY85 model) show a bias toward underestimating skew as a function of selection intensity. Biased ancestral state reconstruction can give patterns indistinguishable from reduced selection intensity (Figure 5A).

Our analysis of ten lineages in the *D. melanogaster* subgroup requires new gene sequence data for two species to combine with existing data for five other genomes. We are acquiring transcriptome sequence (RNAseq) for two relatives of *Drosophila melanogaster*, *D. teissieri* and *D. orena* (Figure 8). The laboratory methods generate enormous amount of data, but the sequencing error rate is considerable and the sequence fragments are small (roughly 100bp). We are developing an analysis pipeline that aims to maintain high data quality.



**Figure 8.** Next-generation transcriptome analysis

Laboratory and computational steps to obtain transcriptome data for *D. teissieri* and *D. oreana*. Step **a** was performed in our laboratory and **b–d** were out-sourced. Steps **e–h** are being performed using a combination of available and in-house computer programs in our laboratory. Finally, step **i** employs software under development in our laboratory. We believe that other investigators will be eager to perform similar analyses in other taxa and plan to make all our methods/software publically available.

One of the main goals of this project will be to characterize genome changes that occur during the degradation / adaptation processes. We hope to identify common features of independent genome degradation in small population sizes and test at least one case of acquiring (or perhaps re-acquiring) adaptive features. Such findings would establish the need for biological resilience in the face of deleterious mutation accumulation under mutation pressure and genetic drift (*i.e.*, even in the absence of stress from changing environmental pressures). This work also seeks to provide examples of how resilience is achieved at the gene sequence and expression levels.

## References

- AKASHI H., 1999 Inferring the fitness effects of DNA mutations from polymorphism and divergence data: statistical power to detect directional selection under stationarity and free recombination. *Genetics* **151**: 221–238.
- AKASHI H., GOEL P., JOHN A., 2007 Ancestral inference and the study of codon bias evolution: implications for molecular evolutionary analyses of the *Drosophila melanogaster* subgroup. *PLoS ONE* **2**: e1065.
- AKASHI H., KO W.-Y., PIAO S., JOHN A., GOEL P., LIN C.-F., VITINS A. P., 2006 Molecular evolution in the *Drosophila melanogaster* species subgroup: frequent parameter fluctuations on the timescale of molecular divergence. *Genetics* **172**: 1711–1726.
- AKASHI H., OSADA N., OHTA T., 2012 Weak selection and protein evolution. *Genetics* **192**: 15–31.
- HASEGAWA M., KISHINO H., YANO T., 1985 Dating of the human-ape splitting by a molecular clock of mitochondrial DNA. *J Mol Evol* **22**: 160–174.
- HUDSON R. R., 2002 Generating samples under a Wright-Fisher neutral model of genetic variation. *Bioinformatics* **18**: 337–338.
- TAVARÉ S., 1986 Some probabilistic and statistical problems in the analysis of DNA sequences. *Lect. Math. Life Sci* **17**: 57–86.

### サブテーマ3 人工物におけるレジリエンス

2011年3月11日の東日本大震災とそれに伴って発生した津波及び福島第一原発の事故は、いずれも想定外の事象であり、未曾有の大被害をわが国にもたらした。震災以降、外的な擾乱に対してレジリエント (resilient) なシステム設計が求められている。あるシステムがレジリエントであるとは、外的な擾乱に対して耐性があり (resistant) かつ、実際に擾乱が起きて機能が低下したとしても回復性がある (recoverable) ことをいう。レジリエンスとは、生態学、環境科学及び社会学など、様々な研究分野において広く知られているシステムレベルの性質に関する概念である。自然界、人工物及び社会システムを問わず、レジリエントなシステムの例は多数存在する。しかしながら、レジリエンスに関する統一的な基礎原理の研究はほとんど存在しない。本サブグループは、情報学・計算機科学・人工知能の研究者から構成されており、レジリエンスに関する統一的な基礎原理の確立を最終目標とし、「レジリエンスの計算理論」に関する研究を行っている。具体的には、ダイナミック制約ネットワークをキーワードとして、(A)レジリエントなシステムのモデル化に関する研究、(B)多目的分散制約最適化技術を用いたシステムの定式化及びアルゴリズムに関する研究、(C)ダイナミック制約ネットワーク構造のモデル化と推論・学習に関する研究を行っている。以下、(A)、(B)及び、(C)の研究概要をそれぞれ示す。

#### (A) レジリエントなシステムのモデル化

本研究では、レジリエンスに関する統一的な基礎原理の研究を最終目的とし、その第一歩として、動的制約最適化技術に基づくレジリエントなシステムを定式化し、システムがレジリエントであるために持つべき性質として、(i)耐性、(ii)回復可能性、(iii)機能性、(iv)可安定化性、の指標を導入し、これらを基に系のレジリエンス性を評価する方法を示した [Schwind et al., AAMAS 2013]。我々は人工知能の基礎理論である制約充足・最適化技術に着目し、レジリエントなシステムのモデル化を行った。

提案モデルは、(a)制約充足・最適化問題に基づくモデルであり、(b)変数、変数値及び制約の動的な変化が表現可能なモデルあり、(c)耐性、回復可能性、機能性、可安定化性の指標を基にレジリエンス性が定量化可能なモデルである。従来研究では、動的制約最適化問題はいくつかの問題の列が事前に与えられているものを対象としていたが、本研究では変数、変数値、制約のすべてを動的な変化の対象としており、より一般的な動的制約最適化問題として定式化している。人工知能分野では、レジリエンスに類似した概念として、離散事象システムにおける安定性 (stabilizability) や保全性 (maintainability) に関する研究があり [参考文献 1]、また [参考文献 2] では、失われたシステム機能を時間軸上で積分したものとして捉えることにより、レジリエンスを定量化する方法が示されている (上図)。提案モデルでは、制約をベースとしている点が既存のモデルとの大きな相違点であり、既存のモデルと比べ、より一般的な動的な変化が表現可能である。

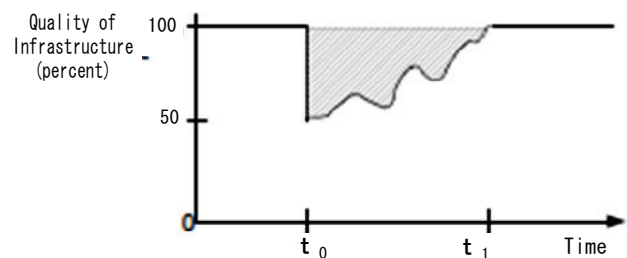


図1 横軸は時間、縦軸はシステムの機能をそれぞれ表す。システム機能は  $t_0$  で急激に低下し、 $t_1$  でその機能を完全に回復している。Brunoau は、 $t_0$  から  $t_1$  間の三角形の領域を計算することにより、レジリエンスを定量化する方法を示した。

#### (B) 多目的分散制約最適化技術を用いたシステムの定式化およびアルゴリズム

**制約最適化問題 (Constraint Optimization Problem, COP)** とは、有限で離散的な領域から値をとる複数の変数に、ある目的関数の値を最適化するように値を割当てる問題であり、人工知能における様々な応用問題を表現できる一般的な枠組みである。COP は変数をノードに制約をエッジに対応させ



ることにより、制約ネットワークと呼ばれるグラフを用いて表現可能である。本研究では、制約最適化問題を分散環境へと拡張した分散制約最適化問題及び、単一目的の（分散）制約最適化問題を多目的へと拡張した多目的（分散）制約最適化問題を解く効率的かつ、高速なアルゴリズムを提案した。これらの技術は、マルチエージェントシステムの基礎理論に関する研究であり、(A)に示した制約最適化技術に基づくレジリエントなシステムの中核となるべき研究である。

**分散制約最適化問題**（Distributed Constraint Optimization Problem, DCOP）とは、制約最適化問題における変数及び、制約が複数のエージェントに分散された問題である。エージェントは自身の変数を持ち、利得・コストの総和を最適化するように変数への割当を決定する。同じ環境内で動作する複数のエージェント行動間には、なんらかの制約が存在するのが通例である。分散制約最適化技術は、エージェント間で整合の取れた行動を実現するための一般的な方法を与えることができ、エージェント間の協調を実現するためのインフラストラクチャとなる。マルチエージェントシステムで扱われている様々な応用問題、特にセンサ網やスケジューリングを含む分散資源割当問題が分散制約最適化問題として形式化されている。

**多目的分散制約最適化問題**（Multi-Objective Distributed Constraint Optimization Problem, MO-DCOP）とは、異なる評価基準をもつ複数の目的関数が存在する分散制約最適化問題である。この問題では、一般には、複数の異なる目的関数間にトレードオフの関係が存在するため、すべての目的関数の値を同時に最適化するような割当は存在しない。そこで、MO-DCOPでは、パレート最適性の概念を用いて最適解を特徴づける。ある割当がパレート解であるとは、すべての評価基準において、その割当によって得られる利得ベクトルを改善するような他の割当が存在しないことを意味する。MO-DCOPを解くとは、パレート解によって得られる利得ベクトルの集合であるパレートフロントを求めることである。分散制約最適化問題の多くの応用問題が、MO-DCOPの応用問題として拡張可能である。

本研究ではまず、探索型の代表的な厳密解法である BnB-ADOPT と非厳密解法を組合せたハイブリッド型の解法を提案した。この解法が既存の探索型の厳密解法と比べ、より高速に求解可能であることを実験で示した。本解法は、前処理として、擬似木に基づく非厳密解法を用いて解の上下界値を生成し、BnB-ADOPTにおける探索空間の枝刈りに利用する。DCOPでは最適解を保証する厳密解法の開発が重要であり、多くの厳密解法が提案されている。これらの解法の多くは、擬似木と呼ばれるグラフ構造を用いて最適解を求めており、メモリ使用量が変数の数に対して多項式のオーダーで抑えられる。しかし、擬似木に基づく探索型の厳密解法では最適解を求めるのに、エージェント間で交換されるメッセージ数が変数の数に対して指数関数的に増加する問題があった。このため DCOPでは、いかにして擬似木に基づく探索型の厳密解法の実行時間を短縮するかが重要な課題であり、本研究はそれに対する一つの解を与えた。

次に、単一の制約最適化問題を多目的へと拡張した多目的制約最適化問題（MO-COP）における対話型解法を提案した。実世界に存在する様々な最適化問題では、複数の異なる評価基準を同時に考慮する場合が存在するが、数多くの最適解の候補からユーザの選好に最もあった解を選び出す必要がある。本研究では、最適解が存在しうる領域をユーザとのインタラクションにより段階的に狭めていく対話型解法を提案した。本解法は、擬似木に基づく対話型解法であり、本解法の計算量は問題の誘導幅（COP 解法の複雑度を決定する指標）で抑えられる。本解法は、すべてのパレートフロントを求める代わりに、ある基準点（ユーザの選好点）を与えることで、高速にパレート解が求解可能である。実験ではマイクロ経済学で広く用いられているユーザの選好に関する既存のモデル、Constraint Elasticity of Substitution（CES）型効用関数を用いて、その有効性を示した。さらに本解法の拡張として、複数の基準点を用いて、パレート解が存在しうる領域を、あらかじめ狭めた状態でユーザに

提示する方法も提案した。

さらに、多目的分散制約最適化問題における最初の厳密解法を提案した。本解法では、パレート解を求める  $L_p$  ノルム法、DCOP の解法で広く用いられている擬似木、動的計画法を用いる。本解法では、マンハッタンノルムを用いた場合は、パレート解を保証するが、ユークリディアンノルム・チェビシェフノルムを用いた場合は、パレート解を保証しないことを証明した。 $L_p$  ノルム法は代表的なスカラー化手法であり、各目的関数に重みを与えることにより単一の重み付き目的関数を作り、その最適解を求める。 $L_p$  ノルム法は、ある基準点からの距離に基づいてパレート解を求めるが、ユートピア点と呼ばれる理想点を与えるだけで容易にパレート解が求解可能である。また、非厳密解法をベースとした MO-DCOP の非厳密解法も同時に提案している。

最後に、レジリエントなシステムに関するこれらの技術を用いた応用問題として、セキュリティ・プライバシー・コストを評価基準にもつサイバーセキュリティ問題を MO-DCOP を用いてモデル化し、トレードオフな解を求めるアルゴリズムを開発している。サイバーセキュリティ問題では、セキュリティ、プライバシー、コストを同時に最適化する必要があるため、複数の評価基準を扱える MO-DCOP によるモデル化が可能である。また本モデルは分散型であるため、集中型の MO-COP と違い、すべての情報を管理するようなエージェントは存在しない。そのため、サイバー攻撃や一部の故障による被害に対して頑健なモデルであると言える。さらに、各エージェントは近傍（制約で関係するエージェント）とのみ情報交換を行うため、プライバシーの面でも適している。サイバーセキュリティでは、多様な解が代表的に複数得られるようなアルゴリズムが望ましく、本研究ではその第一歩として、すべてのトレードオフな解を求めるアルゴリズムを開発している。その他、世界に先駆け、動的環境における多目的分散制約最適化問題の定式化とアルゴリズム開発に関する研究も開始している。

### (C) ダイナミック制約ネットワーク構造のモデル化と推論・学習

本研究グループのキーワードであるダイナミック制約ネットワークには、(A)で記述した制約ネットワークだけではなく、(i)生物における遺伝子調節やシグナル伝達のための論理回路構造に似た離散的モデルであるブーリアンネットワーク、(ii)隣接するノードからの次の時刻における影響を決定規則で表現したセルオートマトン、(iii)因果関係を確率により記述するためのベイジアンネットワーク/マルコフネットワークなどのグラフィカルモデル、(iv)時間・順序・空間・選好などの関係を記号で表現し要素間に成立する関係をアークのラベルとして形成した定性的制約ネットワーク等がある。本研究では、(i)及び(ii)のブーリアンネットワーク (Boolean networks; BN) とセルオートマトン (Cellular Automata; CA) の 2 つを主として取り上げ、時間ごとに他のノードからの影響を受けてノードの値が変化するブーリアンモデルの定式化と学習方式について研究した。まずこれらのネットワークの理論的基礎として、標準論理プログラム (normal logic programs; NLP) の意味論との対応について吟味した。NLP は状態遷移規則の集合とみなせ、BN は遷移規則に相当している。このとき、NLP の状態遷移における不動点でもある支持モデル (supported model) は BN の点アトラクターに相当し、周期振動を表現する支持クラス (supported class) は BN の循環アトラクターに相当する。この意味論に基づき、二つの解釈の組 (I, J) に対して J が I の次状態であるような例を与え、この遷移を実現する NLP の学習を考えることができ、これを用いることで、BN や CA の学習が可能となる。井上らは、属性値としてブール値を取るような要素を持つネットワークにおいて、各要素の次状態における値が他の要素の前状態での属性値を入力とするブール関数の出力として決定される同期式更新の系を考え、状態遷移のペアから遷移規則を学習する LFIT と呼ばれるアルゴリズムを開発した。こうした学習アルゴリズムは、レジリエントな系の設計に役立てることができる。すなわち、ダイナミック

な系として望ましいものは、外部的擾乱があっても擾乱前と同一または近傍のアトラクターに遷移することができるという頑健性を持つと考えられ、そのような状態遷移グラフを入力として与えればその遷移を実現するブリアンネットワークを出力することが可能となる。さらに、論理的な予測不可能性に関する理論として、「エデンの園」と呼ばれる他からの遷移が可能ではない配置状態を論理的に定式化し、CAのエデンの園配置問題を制約プログラミングの一つであるASPを用いて計算方法を与えた。その他、(iii)のベグラフィカルモデルについては、システムがもつ情報の不確実性に関する佐藤らによる研究や、外的な擾乱に対するシステムのロバストネス解析に関するChanによる研究を行っており、(iv)の定性的制約ネットワークに関してはSchwindらによる研究も続けている。

以上の(A)、(B)、(C)に関する研究成果を、井上、沖本、Chan、Schwindは、2013年2月に開催された情報・システム研究機構シンポジウム「システムズ・レジリエンス」にて発表した。また、(A)の研究内容は、エージェント分野の最難関国際会議であるAutonomous Agents and Multi-agent Systems (AAMAS) 2013に論文が採録され[研究成果物②の1]、"Best Challenges and Visions Papers (3rd Place)"を2013年5月に受賞している。また国内では、沖本が(B)の研究内容の一部により、"IEEE Computer Society Japan Chapter JAWS Young Researcher Award"を2012年10月に受賞した。その他の研究内容のいくつかも、すでに国際会議やジャーナルに成果を発表している(研究成果物を参照)。全体活動としては、井上・沖本・Chan・Schwind・Ribeiroは2013年2月にメルボルン大学(オーストラリア)を訪問している。メルボルン大学では、MSSI(Melbourne Sustainable Society Institute)およびNICTA(National ICT Australia)を訪問した。MSSIには、TRICから岡田・池貝も参加し、嘉志摩教授、Liz Sonenberg教授、Alan March教授、およびPeter Taylor教授の各グループと、レジリエントなシステムに関する相互の研究発表及び活発な意見交換を行った。またNICTAでは、Peter Stuckey教授およびPascal Van Hentenryck教授のグループと制約充足/最適化・災害管理プロジェクトに関する研究交流を行った。その他、井上・沖本・Chan・Schwind・Ribeiroは2012年11月にUniversity of Pierre and Marie Curie, University of Paris-Sud, University of Artoisとの合同会議で、システムズ・レジリエンスに関する研究発表を行っている。

#### 【参考文献】

1. C. Baral, T. Eiter, M. Björneland, and M. Nakamura. Maintenance Goals of Agents in a Dynamic Environment: Formulation and Policy Construction. *Artificial Intelligence*, 172(12-13):1429–1469, 2008.
2. M. Bruneau. A Framework to Quantitatively Assess and Enhance the Seismic Resilience of Communities. *Earthquake Spectra*, volume 19, 2003.

#### サブテーマ4 社会におけるレジリエンス

本サブグループの目的は、現代の複雑な社会システムをよりレジリエントなものとするための方法論を構築し、現実の政策や制度設計のあり方に資する知見を見出すことである。インターネットがもたらす急激な技術革新や、予見困難なリスクへの対応を行なうためには、従来のトップダウン型の法制度は必ずしも有効性を持たず、当事者の知識を適切に反映しつつも、その全体的な統御を政府が行なうという、ボトムアップとトップダウンの最適な組み合わせに基づく社会ルールの形成手法を確立する必要がある。本グループはプライバシーやセキュリティに関わる法制度の研究者によって構成されており、具体的な方法論として、(1)公私の共同規制という概念に基づく法制度の設計、および(2)計量的方法論に基づいた法制度に対する消費者受容の評価・計測手法の確立の2点を中心とした研究を進めてきた。以下ではそれぞれについての研究の概要と進捗状況を報告する。

## (1) 公私の共同規制に基づく法制度の設計

インターネットの普及は、我々の社会システムに対して多くの変革を迫っているが、現代の法制度にとっての最大の影響は、インターネットが有する技術進化の速度と予見不可能性、断続的なイノベーションがもたらす法制度上の諸問題を、政府による伝統的な命令と統制に基づく直接的な法規制という政策手段が、適切に取り扱うことができないという問題である。政府による伝統的な法規制は、それを作り出す政府の側が、規制に必要な知識を包括的に有しているということを前提としてきた。しかし情報社会で生じる制度的課題を解決するための知識の多くは、その技術的進化の早さや専門性の高さを理由として、イノベーションを主導する当事者の側にしか有しえないことが多い。

そのためインターネット上においては、プライバシーや著作権、違法・有害情報への対策、あるいはサイバーセキュリティ等の課題を解決するにあたり、企業や産業界といった当事者の自律性に委ねる、ボトムアップ型の「自主規制 (self-regulation)」による対応が重視されてきた。プライバシーの保護や違法・有害情報への対策といった問題においても、業界団体の策定する自主規制ルールに基づいた方法論が広く実践されている。このようなボトムアップの自主規制ルールは、制定や改正に数年を要する通常の法制度と比して、柔軟なルール形成・変更が可能であると共に、当事者の知識を反映し易いという利点を持つ。

しかし一方で、人権保護に関わる法制度上の問題全般を、純粋な民間の自主規制のみによって解決しようとするには多くの限界が存在する。(1)そもそも必要とされる自主規制のルール自体が形成されない、(2)形成されたとしても利用者にとっての不正性や新規参入企業にとっての競争阻害性を有する、(3)適切なルールであったとしても実効性を持たない、といった自主規制のリスクや不完全性をいかに解決するかが大きな課題となる。インターネットに関わる法制度の設計と運用は、その多くを自主規制によらざるを得ない一方で、自主規制に過度な期待をすることもできないという、望ましいルール形成主体の選択における二律背反性を有するのである。

本サブグループが中核に置く共同規制 (co-regulation) という概念は、端的に言えば、柔軟性や当事者の知識の活用といった自主規制の利点を活かしつつも、その不完全性やリスクを政府が補完することにより、そのような二律背反の状況を解消し、環境変化の激しい状況に対応するよりレジリエントな法制度を実現するための政策手段であると位置付けることができる。情報社会で生じる幅広い問題に対して共同規制の方法論を適用しようとする英国情報通信庁は、2008年に発行した「適切な規制の解を特定する：自主規制と共同規制を分析する上での原則」という文書において、下記のように共同規制を、自主規制と法的規制の中間的手法として位置付け、ボトムアップとトップダウンを組み合わせた共同規制の方法論によってこそ、情報社会の制度的課題は適切に解決されるものとしている。

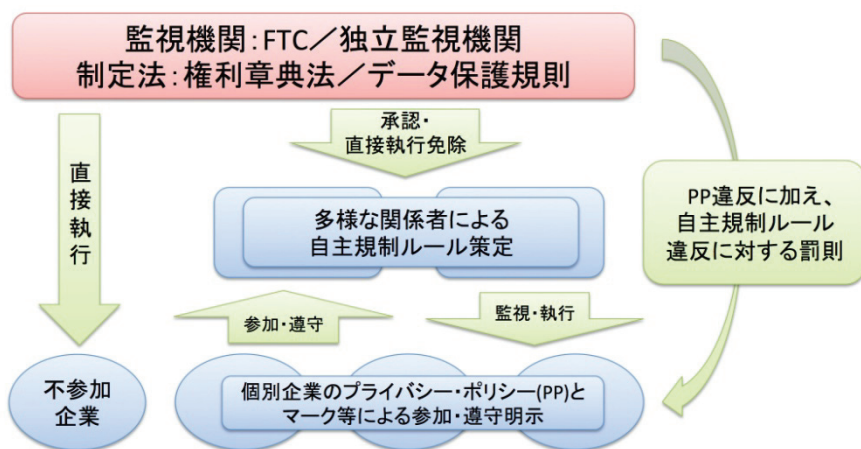
アプローチ	概要
規制なし	市場自身が求められる成果を出すことができている。市民と消費者は財やサービスの利点を完全に享受し、危険や害悪に晒されることがないようエンパワーされている。
自主規制	政府や規制機関による正式な監督なしに、産業界が集合的に市民・消費者問題およびその他の規制方針に対応する解決策を管理している。合意されたルールに関する事前の明確な法的補強措置は存在しない（ただし当該分野の事業者に対する一般的な義務規定は適用される）。
共同規制	自主規制と法的規制の両方により構成されるスキームであり、公的機関と産業界が、特定の問題に対する解決策を共同で管理している。責任分担の方法は多様だが、典型的には政府や規制機関は求められた目的を達成するために必要な補強力を保持している。
法的規制	関係者が従うべき目的とルールが法律や政府、規制者によって定義されており、公的機関によるエンフォースメントが担保されている。

(英国情報通信庁による共同規制の定義)

本サブグループでは、この共同規制という政策手法を様々な法制度上の課題に適用する研究を行い、先行する EU や米国の共同規制への取組を調査し我が国の法制度と比較する作業を進め、特に本年度はプライバシー保護の問題に焦点を当てた研究を行なった。我が国では 2005 年に全面施行された個人情報保護関連 5 法を中心とする法整備が進められてきたが、個人情報を取り扱うにあたり求められる適切な「利用目的の明示」や「同意取得」のあり方、あるいは消費者行動履歴の統計データ等を利用するための「匿名化」などの概念は、その時々技術的諸条件によっても大きく異なり得るため、一時点での技術的環境を前提としてその内容や手続きを法制度によって一義的に確定することは望ましくない。

このような問題を背景として、米国と EU ではいずれも自主規制の法的強化を軸とした多様な政策的措置が進められている。米国においては、我が国や EU のような包括的なプライバシー保護法制を持たないながらも、消費者保護法制を所管する連邦取引委員会 (FTC) が民間の自主規制を促し、一定の原則の下に作られたプライバシー・ポリシーの違反に対して FTC が罰則を適用するという自主規制の構造が構築されてきた。しかしこのような自主規制中心の措置は必ずしも実効性を有さない側面があり、2012 年にホワイトハウスが米国のプライバシー政策の大綱を示す「プライバシーの権利章典」を発表し、自主規制に対する公的関与を強化する方策を示している。そこではオンライン上の事業者全般に適用される包括的なプライバシー保護立法を行なうと同時に、多様な関係者を含むマルチステイクホルダー・プロセスによって形成された自主規制ルールに対して政府が審査・承認を行い、それを遵守した企業に対しては直接の法執行を免除するという、自主規制ルールに法的有効性と実効性を付与する新たな共同規制方法論の設計が中心に置かれている。

一方で EU においては、1995 年に採択された「データ保護指令」を中心とする直接的な法規制を重視した制度設計を進めてきており、同指令を全面的に改正する目的で 2012 年に公表された「一般データ保護規則」案においても、消費者に自己の情報の広範な消去権を与える「忘れられる権利」の導入をはじめとして、強固な法規制の措置が多く含まれている。しかし多様性を増すインターネット分野において統一的な基準を適用することの困難を背景として、そのような法規制の実際の運用にあたっては、分野ごとの自主規制ルールの策定を促し、独立のプライバシー保護監視機関がその適切性を承認し法的な効力を与えるという、一定のボトムアップ性を導入するための措置を同時に拡大している。これら米国・EU で構築が進む共同規制構造は、下記のように図示することができる。



我が国においても現在、諸外国の制度改革の影響を受ける形で、個人情報保護法の改正や自主規制ルール策定の促進と実効性強化を視野に入れた検討が進められているものの、現行の法制度において

は、自主規制ルールへの承認を公式に行なう制度や、自主規制ルール違反への罰則を適用するための有効な規定が存在しないため、上述のような法的確実性と実効性を伴う共同規制の実現にはいくつかの法改正を要する。本研究では欧米の状況との比較研究を基盤として、我が国の今後のプライバシー共同規制のあり方についての論点の検討を行なっており、その成果は 2013 年度中に学術論文の形でまとめられる予定である。

## (2) 計量的方法論に基づいた法制度に対する消費者受容の評価・計測手法の構築

長い時間をかけて構築され、裁判所の判例の蓄積が存在する通常の法制度と異なり、情報技術に関わる法制度は、進展する技術的水準や国民意識に適合した形での迅速な変化を必要とする。こうした状況において、法制度の根幹となる民主的正統性、そして消費者・国民の受容を適切に反映する作業は、従来の法制度が依って立つ方法論のみによっては実現され得ない。このような認識の下、本サブグループでは、情報技術に関わる法制度や政策的措置に対する実際の消費者受容を計測し、立法政策に資する知見を得る方法論を構築するため、総務省情報通信政策研究所と共同でアンケート調査の設計と実査を行なった。

特に本年度の調査において重視したのは、情報社会のレジリエンスにとって急速に重要性を増す、サイバーセキュリティの問題である。増大するマルウェアやサイバー攻撃を検知・追跡し適切な対処を行なうためには、インターネットの通信内容や履歴に対する解析等が必要となるが、そうした措置は利用者のプライバシーや通信の秘密との矛盾を生じる。セキュリティとプライバシー保護のトレードオフ関係の下、通信解析等のセキュリティ施策を法制度がどこまで許容すべきかが論点となる。本研究では、次世代のサイバーセキュリティ政策を考慮するにあたり不可欠となるこのような要素間のトレードオフに焦点を当て、コンジョイント手法を用いたアンケート調査による消費者受容の調査を実施した。

コンジョイント手法とは、相互にトレードオフ関係にある複数の要素を消費者に提示することにより、その選好順位の回答を得るための調査手法である。たとえば通常のアンケートにより「プライバシーは重要か否か」という質問を行なったとしても、政策的に有為な回答を得ることはできないが、コンジョイント手法を用いることにより、セキュリティやコストといった他の要素とのトレードオフ関係を考慮した回答を得ることができる。本年度はいくつかの調査票を用いたアンケート調査を行なったが、ここでは一例として消費者のメール解析・データ保存と、プライバシー保護の関係を取り扱った調査（回答者 2000 サンプル）を取り上げ、その分析概要を紹介する。具体的には、アンケート回答者には次のような設問文と 9 枚のカードを提示し、個々の選好に合わせた順位の回答を求めた。

<設問：メール解析サービス>

インターネット接続サービス会社では、新しくメール本文の解析サービスを開始します。

メール本文の解析サービスによって、ウイルスメールの正しい判定ができるようになります。さらに、メール本文からあなたの趣味嗜好を解析し、おすすめのサービスを紹介する商用サービスも提供します。メール本文を解析する目的と、メール解析データの保存期間はあなたが自由に選択することができます。選択するメニューによって、インターネット接続サービスの月額利用料金も変わってきます。

メール解析オプション：

【利用しない】<【セキュリティ目的に限定】<【マーケティングにも利用】

解析データ保存オプション：

【いつでも削除可】<【6か月後に自動削除】<【永久に削除できない】

インターネット接続料金：

【300円割引】<【±0円】<【300円課金】

次の9枚のカードは、メール解析サービスであなたが選択できるメニューのサンプルです。

あなたが利用してみたいと思うものから順に、1位から9位までの順位をお答えください。

<table border="1"> <tr><td>利用目的</td><td>商業目的を含む</td></tr> <tr><td>情報消去</td><td>消去不可</td></tr> <tr><td>月額料金</td><td>300円割引</td></tr> </table>	利用目的	商業目的を含む	情報消去	消去不可	月額料金	300円割引	<table border="1"> <tr><td>利用目的</td><td>利用しない</td></tr> <tr><td>情報消去</td><td>6ヶ月後消去</td></tr> <tr><td>月額料金</td><td>300円課金</td></tr> </table>	利用目的	利用しない	情報消去	6ヶ月後消去	月額料金	300円課金	<table border="1"> <tr><td>利用目的</td><td>商業目的を含む</td></tr> <tr><td>情報消去</td><td>いつでも消去可能</td></tr> <tr><td>月額料金</td><td>300円課金</td></tr> </table>	利用目的	商業目的を含む	情報消去	いつでも消去可能	月額料金	300円課金
利用目的	商業目的を含む																			
情報消去	消去不可																			
月額料金	300円割引																			
利用目的	利用しない																			
情報消去	6ヶ月後消去																			
月額料金	300円課金																			
利用目的	商業目的を含む																			
情報消去	いつでも消去可能																			
月額料金	300円課金																			
<table border="1"> <tr><td>利用目的</td><td>利用しない</td></tr> <tr><td>情報消去</td><td>消去不可</td></tr> <tr><td>月額料金</td><td>±0円</td></tr> </table>	利用目的	利用しない	情報消去	消去不可	月額料金	±0円	<table border="1"> <tr><td>利用目的</td><td>セキュリティ目的のみ</td></tr> <tr><td>情報消去</td><td>消去不可</td></tr> <tr><td>月額料金</td><td>300円課金</td></tr> </table>	利用目的	セキュリティ目的のみ	情報消去	消去不可	月額料金	300円課金	<table border="1"> <tr><td>利用目的</td><td>商業目的を含む</td></tr> <tr><td>情報消去</td><td>6ヶ月後消去</td></tr> <tr><td>月額料金</td><td>±0円</td></tr> </table>	利用目的	商業目的を含む	情報消去	6ヶ月後消去	月額料金	±0円
利用目的	利用しない																			
情報消去	消去不可																			
月額料金	±0円																			
利用目的	セキュリティ目的のみ																			
情報消去	消去不可																			
月額料金	300円課金																			
利用目的	商業目的を含む																			
情報消去	6ヶ月後消去																			
月額料金	±0円																			
<table border="1"> <tr><td>利用目的</td><td>セキュリティ目的のみ</td></tr> <tr><td>情報消去</td><td>6ヶ月後消去</td></tr> <tr><td>月額料金</td><td>300円割引</td></tr> </table>	利用目的	セキュリティ目的のみ	情報消去	6ヶ月後消去	月額料金	300円割引	<table border="1"> <tr><td>利用目的</td><td>セキュリティ目的のみ</td></tr> <tr><td>情報消去</td><td>いつでも消去</td></tr> <tr><td>月額料金</td><td>±0円</td></tr> </table>	利用目的	セキュリティ目的のみ	情報消去	いつでも消去	月額料金	±0円	<table border="1"> <tr><td>利用目的</td><td>利用しない</td></tr> <tr><td>情報消去</td><td>いつでも消去</td></tr> <tr><td>月額料金</td><td>300円割引</td></tr> </table>	利用目的	利用しない	情報消去	いつでも消去	月額料金	300円割引
利用目的	セキュリティ目的のみ																			
情報消去	6ヶ月後消去																			
月額料金	300円割引																			
利用目的	セキュリティ目的のみ																			
情報消去	いつでも消去																			
月額料金	±0円																			
利用目的	利用しない																			
情報消去	いつでも消去																			
月額料金	300円割引																			

上記調査の結果概要は、次の通りである。まず「設問 A：メール解析サービス」については、「利用目的」につき「セキュリティ目的のみ」に対するユーティリティが1を超えるポジティブな値を示しており、解析を行わない選択肢よりもはるかに大きく、消費者の受容度はきわめて高いことが見て取

れる。逆に「商業的利用」については、 $-0.782$  というネガティブな値が示されており、メール解析自体に対する消費者の受容度は高いながらも、その目的がセキュリティか商業かにより選好が大きく変化することが明らかにされた。

「履歴消去」に対する選好については、「いつでも消去可能」が  $0.684$  という高い値を示す一方、「消去不可」は  $-0.815$  というネガティブな値を示しており、「6ヶ月後」消去に関しては若干ポジティブな値が見て取れる。データ保持期間の設定は、このような解析サービスに対する消費者受容に対し、大きな影響を与えるという示唆が導かれる。

「月額料金」については、「300円課金」という選択肢には大幅にネガティブな値が見られるものの、最大値は「300円割引」を大きく超えて「 $\pm 0$ 円」となる。解析サービスに課金を伴うことは難しいものの、それによりサービスの価格自体にネガティブな影響を与えるものではないという示唆が導かれる。これらの結果から、目的をセキュリティに限定し、一定期間後の消去を前提とすれば、メールの解析というセキュリティ施策に対して消費者は一定の受容を行なうという政策的含意を得ることができる。

ユーティリティ			
		ユーティリティ推定値	標準誤差
利用目的	利用しない	$-0.287$	$.035$
	セキュリティ目的のみ	$1.069$	$.035$
	商業利用を含む	$-0.782$	$.035$
履歴消去	いつでも消去可能	$.684$	$.035$
	6ヶ月後消去	$.132$	$.035$
	消去不可	$-0.815$	$.035$
月額料金	300円割引	$.302$	$.035$
	$\pm 0$ 円	$.765$	$.035$
	300円課金	$-1.067$	$.035$
(定数)		$5.000$	$.025$

重要度値	
利用目的	37.432
履歴消去	27.028
月額料金	35.540

なお各要素間の相対的重要度を示す重要度値については、「利用目的」の数値が最も高く、前述した「セキュリティ目的のみ」「商業目的を含む」という解析データの利用目的が大きな影響を与えていることが見て取れる。最小値は「履歴消去」であるが、これはデータ保持期間という要素に対する消費者選好が現状において一般の消費者にとって把握し難く、その選好がいまだ十分に表出化していないと考えられる点にも留意する必要があるだろう。これらの結果については、2013年度中に国内・国際学会等での発表を行なう予定である。

以上(1)(2)双方の研究成果について、2013年2月に開催された情報・システム研究機構シンポジウム「システムズ・レジリエンス」において岡田・生貝がそれぞれ報告を行なった。さらに(1)の研究に関しては、2012年12月に生貝が国際公共経済学会から第21回学会賞を、2013年3月に東京大学大学院学際情報学府から第1回学府長賞を受賞しており、(2)の研究に関しては、岡田が2012年9月にNPO法人モバイル・コミュニケーション・ファンドから第11回ドコモ・モバイル・サイエンス賞社会科学部門奨励賞を受賞している。



## [5] 研究成果物

### サブテーマ1 想定外の数理

#### ① 成果発表等

#### < 論文発表 >

#### [ 学術論文 ]

1. Kazuhiro Minami, Tenda Okimoto, Tomoya Tanjo, Nicolas Schwind, Hei Chan, Katsumi Inoue and Hiroshi Maruyama. Formalizing the Resilience of Open Dynamic Systems. Joint Agent Workshop and Symposium (JAWS), October, 2012.
2. Kazuhiro Minami and Hiroshi Maruyama. Resilience Engineering: State of the Art and Research Challenges. Forum on Information Technology (FIT), Information and Systems Society, September, 2012.
3. Hiroshi Maruyama, Kiyoshi Watanabe, Sachiko Yoshihama, Naohiko Uramoto, Yoichi Takehora, and Kazuhiro Minami. ICHIGAN Security - A Security Architecture that Enables Situation-Based Policy Switching. In Proceedings of the 3rd International Workshop on Resilience and IT-Risk in Social Infrastructures (RISI 2013), September, 2013. [pdf]
4. Hiroshi Maruyama. Towards Systems Resilience. The 1st Workshop on Systems Resilience (WSR), June, 2013.
5. Yoshiki Yamagata and Hajime Seya. Community-based Resilient Electricity Sharing: Optimal Spatial Clustering. The 1st Workshop on Systems Resilience (WSR), June, 2013.
6. Tenda Okimoto, Naoto Ikegai, Tony Ribeiro, Katsumi Inoue, Hitoshi Okada and Hiroshi Maruyama. Cyber Security Problem based on Multi-Objective Distributed Constraint Optimization Technique. The 1st Workshop on Systems Resilience (WSR), June, 2013.
7. Nicolas Schwind, Tenda Okimoto, Katsumi Inoue, Hei Chan, Tony Ribeiro, Kazuhiro Minami, and Hiroshi Maruyama. Systems Resilience: a Challenge Problem for Dynamic Constraint-Based Agent Systems. In Proceedings of the 12th International Conference on Autonomous Agents and Multiagent Systems (AAMAS), May, 2013.
8. Katagiri, H., Uno, T., Kato, K., Tsuda, H. and Tsubaki, H. (2012), Random fuzzy multi-objective linear programming: Optimization of possibilistic value at risk (pVaR), *Expert Systems with Applications*, Vol. 40, 563-574.
9. Kadono, Y., Tsubaki, H. and Tsuruho, S., (2012), Structural relationships among software engineering capabilities in Japan, *International Journal of Innovation and Learning*, Vol. 12, 217-227.
10. Katagiri, H., Uno, T., Kato, K., Tsuda, H. and Tsubaki, H. (2012), Random fuzzy bilevel linear programming through possibility-based value at risk model, *International Journal of Machine Learning and Cybernetics*, DOI: 10.1007/s13042-012-0126-4 (Online).
11. 蓮池隆, 片桐英樹, 椿広計, (2012)不確実性表現の基盤としてのファジィ理論, (特集不確実性の根本を問う), オペレーションズリサーチ, Vol. 57, 551-556.

#### < 著 書 >

1. 椿広計, 光藤義郎 (2012) 品質管理教育と企業・学校における QC 検定制度活用の効果、品質月間委員会編、品質月間テキスト No.393, 品質月間委員会.
2. 渡辺美智子, 椿広計編 (2012) 問題解決学としての統計学—全ての人に統計リテラシーを, 日科技連出

版.

3. 椿広計、岩崎正和 (2013) R による健康科学データの統計分析、朝倉書店.

[その他]

1. 椿広計(2012)田口玄一先生を悼むー: 技術を超える技術を求めた生涯, 品質 (品質管理学会誌), Vol. 42, 370-371.
2. 椿広計(2013)統計を深く知る 古典統計学対話: 標本調査談義、統計、Vol. 64(1),53-56.
3. 椿広計(2013)統計を深く知る 古典統計学対話: 科学の文法から生まれた記述統計学、統計、Vol. 64(2),50-53.
4. 椿広計(2012)解説 BMJ 臨床試験に関する報告の不完全性、MMJ (毎日メディカルジャーナル) 2012年9月号.

<会議発表等>

[招待講演]

[国際]

1. Hiroshi Maruyama, “Towards Systems Resilience,” IBM Research Colloquium on Societal Resilience, Melbourne, 10/13, 2011.

[国内]

2. 丸山宏, レジリエンス科学の創成に向けて, 経営工学会平成 25 年度春季大会 基調講演, 5/18, 2013.
- [一般講演]
3. 丸山宏, レジリエントな社会に向けて, 日本ソフトウェア科学会第 29 回大会, 2012.
4. 丸山宏, 井上克巳, 椿広計, 明石裕, 岡田仁志, 南和宏, システムズ・レジリエンス, 第 11 回情報科学技術フォーラム, 2012 年 9 月.

サブテーマ 2 生物におけるレジリエンス

1. AKASHI H., OSADA N., & OHTA T., 2012 Weak selection and protein evolution. *Genetics* **192**: 15–31.
2. MATSUMOTO T., YASUMOTO A. A., NITTA K., YAHARA T., & TACHIDA H., 2013 Difference in flowering time as an isolating barrier. *Journal of Theoretical Biology. J Theor Biol* **317**: 161–167.
3. OSADA N., & AKASHI H., 2012 Mitochondrial-Nuclear Interactions and Accelerated Compensatory Evolution: Evidence from the Primate Cytochrome c Oxidase Complex. *Mol Biol Evol* **29**: 337–346.
4. OSADA N., NAKAGOME S., MANO S., KAMEOKA Y., TAKAHASHI I., & TERAO K., 2013 Finding the Factors of Reduced Genetic Diversity on X Chromosomes of *Macaca fascicularis*: Male-Driven Evolution, Demography, and Natural Selection. *Genetics* (published online doi: 10.1534/genetics.113.156703).

Journal submissions in preparation:

1. AKASHI H. Tissue-specific gene expression and codon usage in *Drosophila*.
2. MATSUMOTO T., YANG, Z., & AKASHI H., Testing the reliability of ancestral genome inference under non-stationary evolutionary models.
3. MISHRA, N., & AKASHI, H., Recombination, background substitution processes, and the paradox of codon bias on the *Drosophila melanogaster* X chromosome.
4. AKASHI H., MATSUMOTO T., MISHRA, N., OSADA N., & LI, B., Weak selection and lineage-specific

genome evolution in the *Drosophila melanogaster* subgroup.

サブテーマ3 人工物におけるレジリエンス

< 論文発表 >

[学術論文]

1. Nicolas Schwind, Tenda Okimoto, Katsumi Inoue, Hei Chan, Tony Ribeiro, Kazuhiro Minami, and Hiroshi Maruyama. In: Takayuki Ito, Catholijn Jonker, Maria Gini, and Onn Shehory (eds.), *Proceedings of the 12th International Conference on Autonomous Agents and Multiagent Systems (AAMAS 2013; Saint Paul, MN, USA)*, pp.785-788, 2013.
2. Katsumi Inoue, Andrei Doncescu, and Hidetomo Nabeshima. Completing Causal Networks by Meta-Level Abduction. *Machine Learning*, 91(2):239-277, 2013.
3. Tenda Okimoto, Yuko Sakurai, Makoto Yokoo, and Katsumi Inoue. Pseudo-Tree Based Hybrid Algorithm for Distributed Constraint Optimization. *Open Peer-Review Workshop on Decentralized Coordination 2013 (WDC 2013; Florida, USA)*, pp.54-60, 2013.
4. Yoshitaka Yamamoto, Katsumi Inoue, and Koji Iwanuma. Heuristic Inverse Subsumption in Full-Clausal Theories. In: Fabrizio Riguzzi and Filip Zelezny (eds.): *Inductive Logic Programming: Revised Selected Papers from the 22nd International Conference (ILP 2012)*, Lecture Notes in Artificial Intelligence, Vol.7842, pp.241-256, Springer, 2013.
5. Yoshitaka Yamamoto, Koji Iwanuma, and Katsumi Inoue. Non-Monotone Dualization via Monotone Dualization. In: Fabrizio Riguzzi and Filip Zelezny (eds.), *Late Breaking Papers from the 22nd International Conference on Inductive Logic Programming (ILP 2012; Dubrovnik, Croatian)*, CEUR Workshop Proceedings (CEUR-WS.org), Vol.975, pp.74-79, 2013.
6. Andrei Doncescu, Katsumi Inoue, and Anne Pradine. MicroRNA Analysis by Hypothesis Finding Technique. In: Fabrizio Riguzzi and Filip Zelezny (eds.), *Late Breaking Papers from the 22nd International Conference on Inductive Logic Programming (ILP 2012; Dubrovnik, Croatian)*, CEUR Workshop Proceedings (CEUR-WS.org), Vol.975, pp.26-37, 2013.
7. 則武治樹, 番原睦則, 宋剛秀, 田村直之, 井上克巳. SAT 符号化を用いたパッキング配列の構成. 第 15 回プログラミングおよびプログラミング言語ワークショップ (PPL 2013 ; 福島, 日本), 2013 年 3 月.
8. Tenda Okimoto, Young Joe, Atsushi Iwasaki, Katsutoshi Hirayama, and Makoto Yokoo. Interactive Algorithm for Multi-Objective Constraint Optimization. In *Proceedings of the 18th International Conference on Principles and Practice of Constraint Programming (CP 2012; Tronto, Canada)*, pp.561-576, 2012.
9. Maxime Folschette, Loïc Paulevé, Katsumi Inoue, Morgan Magnin and Olivier Roux. Concretizing the Process Hitting into Biological Regulatory Networks. In: David Gilbert and Monika Heiner (eds.), *Proceedings of the 10th International Conference on Computational Methods in Systems Biology (CMSB 2012; London, UK)*, Lecture Notes in Bioinformatics, Vol.7605, pp.166-186, Springer, 2012.
10. Maxime Folschette, Loïc Paulevé, Katsumi Inoue, Morgan Magnin and Olivier Roux. Abducing Biological Regulatory Networks from Process Hitting Models. In: *Pre-Proceedings of ECML-PKDD 2012 Workshop on Learning and Discovery in Symbolic Systems Biology (LDSSB 2012; Bristol, UK)*, pp.24-35, 2012.
11. Mutsunori Banbara, Naoyuki Tamura, and Katsumi Inoue. Generating Event-Sequence Test

- Cases by Answer Set Programming with the Incidence Matrix. In: Agostino Dovier, Vítor Santos Costa (eds.): *Technical Communications of the 28th International Conference on Logic Programming* (ICLP 2012; Budapest, Hungary), pp.86-97, 2012.
12. Domimique D’Almeida, Mouny Samy Modeliar, Nicolas Schwind. On the Neighborhood and Distance Between Qualitative Spatio-Temporal Configurations. In: *Proceedings of the International Workshop on Spatio-Temporal Dynamics* (STeDy’12; Montpellier/France), pp. 53-60, 2012.
  13. Gauvain Bourgne, Katsumi Inoue, Nicolas Maudet. Finding New Consequences of an Observation in a Multi-Agent System. In *Proceedings of the 11th International Conference on Autonomous Agents and Multiagent Systems* (AAMAS 2012; Valencia, Spain), pp.1223-1224, 2012.
  14. Katsumi Inoue and Chiaki Sakama. Oscillating Behavior of Logic Programs. In: Erdem, E., Lee, J., Lierler, Y., Pearce, D. (eds.), *Correct Reasoning—Essays on Logic-Based AI in Honour of Vladimir Lifschitz*, Lecture Notes in Artificial Intelligence, Vol.7265, pp.345–362, 2012.
  15. Katsumi Inoue and Chiaki Sakama. Learning from Interpretation Transition. *The 22nd International Conference on Inductive Logic Programming* (ILP 2012; Dubrovnik, Croatia), 2012.
  16. Chiaki Sakama and Katsumi Inoue. Abduction, Unpredictability and Garden of Eden, *Model-Based Reasoning in Science and Technology* (MBR 2012; Sestri Levante, Italy), 2012.
  17. Taisuke Sato and Keiichi Kubota. Viterbi Training in PRISM. *ICML-12 Workshop on Statistical Relational Learning* (Edinburgh, UK), 2012.
  18. Taisuke Sato and Philip Meyer. Tabling for Infinite Probability Computation. *The 28th International Conference on Logic Programming* (ICLP 2012; Budapest, Hungary), pp.1-11, 2012.
  19. Tony Ribeiro, Katsumi Inoue, and Gauvain Bourgne. Modular Reasoning in Multi-Agent Systems Using Meta-Knowledge and Answer Set Programming. *International Joint Agent Workshop and Symposium 2012* (IJAWS 2012; Kakegawa, Japan), October 2012.
  20. Kazuhiro Minami, Tenda Okimoto, Tomoya Tanjo, Nicolas Schwind, Hei Chan, Katsumi Inoue, and Hiroshi Maruyama. Formalizing the Resilience of Open Dynamic Systems. 合同エージェントワークショップ&シンポジウム 2012 (JAWS 2012 ; 掛川, 日本), 2012年10月.
  21. 沖本天太, ジョヨンジュン, 上田俊, 岩崎敦, 櫻井祐子, 横尾真, 井上克巳. 多目的分散制約最適化問題における厳密/非厳密解法の提案. 合同エージェントワークショップ&シンポジウム(JAWS 2012 ; 掛川, 日本), 2012年10月.
  22. 沖本天太, 山本将, 櫻井祐子, 横尾真, 井上克巳. BnB-ADOPTp:分散制約最適化問題におけるハイブリッド型の解法の提案. 合同エージェントワークショップ&シンポジウム (JAWS 2012 ; 掛川, 日本), 2012年10月.
  23. 沖本天太, ジョヨンジュン, 岩崎敦, 横尾真. 多目的制約最適化問題: ユーザとの対話型解法の提案. 第11回情報科学技術フォーラム (FIT 2012 ; 東京, 日本), 2012年9月.

[解説・総説] ..番号を付して記載してください。

1. 番原睦則, 宋剛秀, 田村直之, 井上克巳. 私のブックマーク「SAT ソルバー」人工知能学会誌, 28(2):343-348, 2013.

[その他] ...番号を付して記載してください。

1. Oliver Ray and Katsumi Inoue (eds.). *Pre-Proceedings of ECML-PKDD Workshop on Learning*

*and Discovery in Symbolic Systems Biology*. University of Bristol, Bristol, UK, September 2012.

<会議発表等>

[招待講演]

【国際】

1. Katsumi Inoue and Naoyuki Tamura. CSPSAT and Beyond. *NII Shonan Meeting on Parallel Methods for Constraint Solving and Combinatorial Optimization*, Shonan Village Center, Hayama, Kanagawa, Japan, 2012.

【国内】

2. 井上克巳. 発見の科学 ―コンピューターが仮説をみつける!―. 平成 24 年度 NII 市民講座「人と社会をつなぐ情報学」第 5 回, 国立情報学研究所, 2012 年 10 月 16 日.

[一般講演]

【国内】

3. 丸山宏, 井上克巳, 椿広計, 明石裕, 岡田仁志, 南和宏. システムズ・レジリエンス. 第 11 回情報科学技術フォーラム (FIT 2012 ; 東京, 日本), 2012 年 9 月.
4. 沖本天太, Nicolas Schwind, 陳希, Tony Ribeiro, 井上克巳, 南和宏, 丸山宏. 動的制約に基づくレジリエントなシステムの設計に関する一検討. 情報処理学会第 75 回全国大会 (IPSJ 2013 ; 仙台, 日本), 2012 年 3 月.

<受賞>…番号を付して記載してください。

1. “2012 IEEE Computer Society Japan Chapter JAWS Young Researcher Award”. 沖本天太, ジョージンジュン, 上田俊, 岩崎敦, 櫻井祐子, 横尾真, 井上克巳. 多目的分散制約最適化問題における厳密/非厳密解法の提案. 合同エージェントワークショップ&シンポジウム (JAWS 2012 ; 掛川, 日本), 2012 年 10 月.
2. “Best Challenges and Visions Papers Nominee”. Nicolas Schwind, Tenda Okimoto, Katsumi Inoue, Hei Chan, Tony Ribeiro, Kazuhiro Minami, and Hiroshi Maruyama. Systems Resilience: A Challenge Problem for Dynamic Constraint-Based Agent Systems. *The 12th International Conference on Autonomous Agents and Multiagent Systems (AAMAS 2013; Saint Paul, MN, USA)*, pp.785-788, May 2013.

サブテーマ 4 社会におけるレジリエンス

<著書>

1. Yu-Hui Tao, Nagul Cooharajanane, Shiro Uesugi and Hitoshi Okada (Eds.): “NII Shonan Meeting Report, No.2012-6, A Meeting of IT-enabled Services (ITeS)”, National Institute of Informatics (2012.07)
2. Tetsuro Kobayashi, Hitoshi Okada: “The Effects of Similarities to Previous Buyers on Trust and Intention to Buy from E-Commerce Stores: An Experimental Study Based on the SVS Model”, IT Enabled Services, Chapter 2, Springer-Verlag Wien (2013.01)
3. Hitoshi Okada (Editor in chief), Shiro Uesugi (Issuer.): “Journal of Informatics and Regional Studies”, Volume 5, Center for e-Business Studies at Matsuyama University Uesugi Laboratory (2013.03)

4. 生貝直人 “諸外国におけるオープンデータ政策と著作権”，小泉直樹他編著『クラウド時代の著作権：激動する世界の状況』（勁草書房）第5章（2013.07）

< 論文 >

1. Vanessa Rocio Bracamonte Lesma, Hitoshi Okada: “Feedback and Trust-related Factors of Consumer Behavior in Cross-Border Electronic Commerce”，Proceedings of IEEE Technology and Society in Asia 2012 (2012.10)

< 招待講演 >

1. 生貝直人 “EUにおけるプライバシー保護法制とバイオメトリクス技術”，第14回自動認識総合展自動認識セミナー（2012.09）