

## プロジェクト名： システムズ・レジリエンス（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）

##### ○ 成果による学問的波及効果

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。

##### ○ 成果の具体的活用方法や成果による社会的波及効果

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。

##### ○ 大学の教育研究活動にもたらす改善効果等

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

ム的性質であるという仮設を置き、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 想定外の数理に置いては、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」を立ち上げ、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 回目がオラン

ダで開催された。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

#### ・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の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 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. レジリエンスの統合戦略においては、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・生態系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. レジリエンスの計算モデルにおいては、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. 社会システム・コミュニティ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。

#### 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。

### [3] 研究推進・実施体制

#### サブテーマ1：レジリエンスの統合戦略

##### ・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、Legaspi Robert Sebastian、有住なな、丹生智也

〔シラキユース大学〕 Patricia Longstaff

〔はこだて未来大学〕 大沢英一

〔フライブルグ大学〕 Günter Mueller

〔東京大学〕 古田一雄

#### サブテーマ2：生物・生態系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〕 松本知高

#### サブテーマ3：レジリエンスの計算モデル

##### ・研究代表者

〔国立情報学研究所〕 井上克巳

##### ・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〕 陳 希、沖本天太、Maxime Clement

〔東京工業大学〕 佐藤泰介

#### サブテーマ4：社会システム・コミュニティ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、Nararatwong Rungsiman

〔国立環境研究所〕 山形与志樹



## [4] 研究の進捗状況

### サブテーマ1 レジリエンスの統合戦略

本サブグループの目的は、様々なドメインのシステムに現れるレジリエンスの主要な3つの戦略、冗長性、多様性、適応性の有効性を定量的に評価する進化形マルチエージェントシステムによる新規手法を構築することである。我々はこれまで様々なドメインのレジリエントなシステムを調査し、それらの多くは冗長性、適用性、多様性の3つのレジリエンス戦略のどれかまたはその組み合わせを適用している。しかし、所定のドメインで新たにレジリエントなシステムを設計する場合、どのようにそれらのレジリエンス戦略を定量的に組み合わせるべきか明確な指針は存在しない。そこで我々は進化型マルチエージェントシステムを開発し、レジリエンス戦略の有効性に関する知見を幾つか得たので、その概要と進捗状況を報告する。

まず我々が開発した進化型マルチエージェントシステムの概要を説明する。エージェントシステムは複数のエージェントから構成され、ビット列で表現されるエージェントは生態系における進化のプロセスを表現する。各エージェントはリソースを所持し、そのリソースを使って環境に適用するために自身のビット列を変化される。そしてエージェントの環境（制約）をエージェントのビット列の空間の部分集合  $c$  として表現する。つまり、もしエージェント  $a$  が制約  $c$  に属していれば、そのエージェント  $a$  は環境に適応しており、そうでなければ不適応と見なす。この制約  $c$  は遺伝アルゴリズムの適応度関数が2値関数である特殊な場合に相当する。

各エージェント  $a$  は時間とともに進化し、また環境  $c$  も同様に变化する。このような動的に変化する制約条件を導入することにより、時間とともに変わる環境に対するエージェント生態系におけるレジリエンス性の評価を行なう。エージェント  $a$  はそのビット列の一部を各時刻ごとに反転させ、環境に適用しようとする。これは生物の突然変異に相当するが、我々の対象とするシステムは人工物も含むので、エージェントは知的な適応戦略をとる場合もあり、またその突然変異の割合は自然界の生物の場合よりもはるかに高い。各エージェントの所持するリソースの量は動的に変化する。図1に示すように、エージェントは環境に適用している場合、報酬として一定量のリソースを受け取る。もしリソースの量が初期値の2倍になった場合、そのエージェントは自身のコピーを作成し、リソースの半分を新しいエージェントに分け与える。また逆に、エージェントが環境に適応しない場合はリソースの量が減少し、もしリソースを使い果たすとそのエージェントは消滅する。

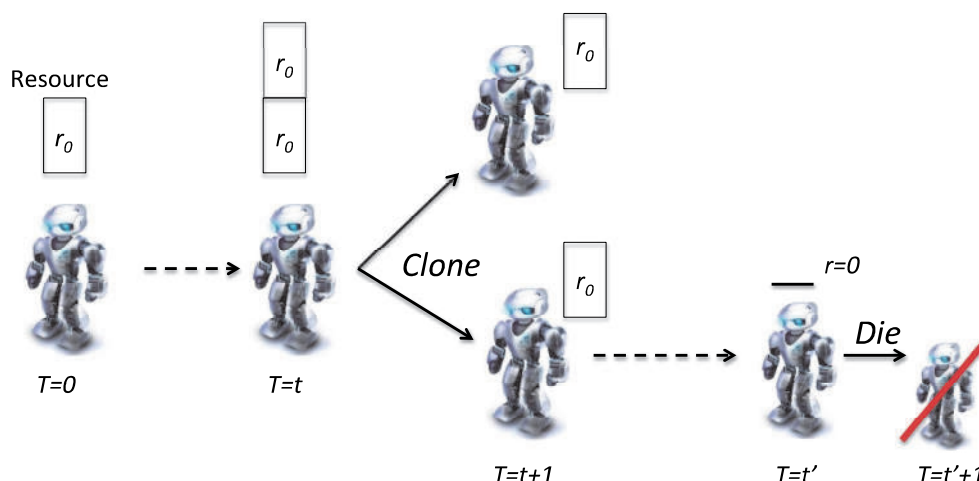


図1. エージェントのライフサイクル

次に進化型エージェントシステムにおけるレジリンスの評価指標を説明する。冗長性は各エージェントのリソースの量とする。リソースを使うことである程度不適応な環境でも生き残ることができるからである。適応性はエージェントが各時刻に変化させられるビット数とする。最後の多様性に関しては、エージェント生態系に属するエージェントのビット列の多様性を下記のシンプソンの多様性指標で評価する。

$$D = 1 / \sum_{i=1}^M (n_i / N)^2$$

ここで、 $N$  はエージェントの全体の個数、 $M$  は異なるビット列のエージェントの種類の数、そして  $n_i$  は  $i$  番目の種類のエージェントの数である。

以上説明してきた進化型エージェントシステムの様々なシステムパラメータを変えながら様々なエージェントのレジリエンス戦略がエージェント生態系の持続性にどのような影響を及ぼすかを評価するためのシミュレーションを行なった。

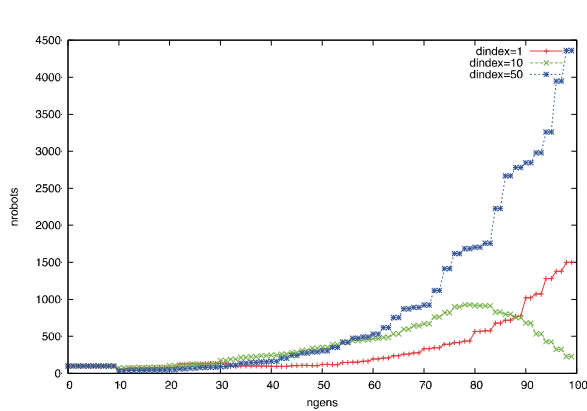


図2. 多様性の初期値の影響

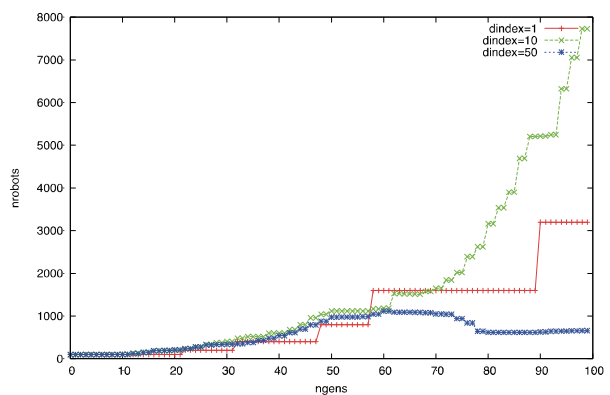


図3. インテリジェントな適応戦略

図2はエージェントの生態系の初期状態の3つの異なる多様性の状態からシミュレーションを行なった結果である。初期段階での多様性は、必ず一定割合のエージェントが環境に適応することを保証し、その結果、多様性指標  $D=50$  の場合は時間とともにその個数を増加させることに成功している。図3は図2のシミュレーションを同じ条件で行なったが、エージェントがビット列を変更する際に必ず現状の環境の領域に近づくインテリジェントな適応戦略を取った場合には、エージェントの数がより急速に増加する。また生態系のエージェントがリソースを共有するモデルも検討し、各エージェントがそれぞれのリソースを所持する単独リソースモデルとの比較を行なった。

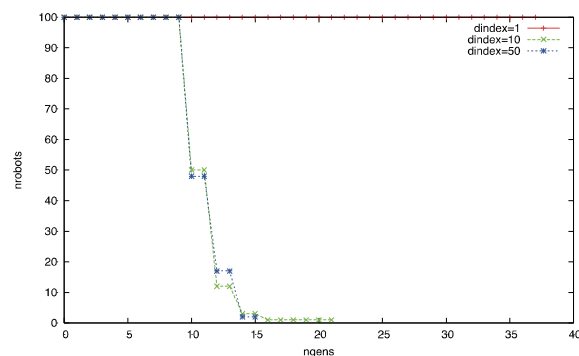


図4. 単独リソースモデル

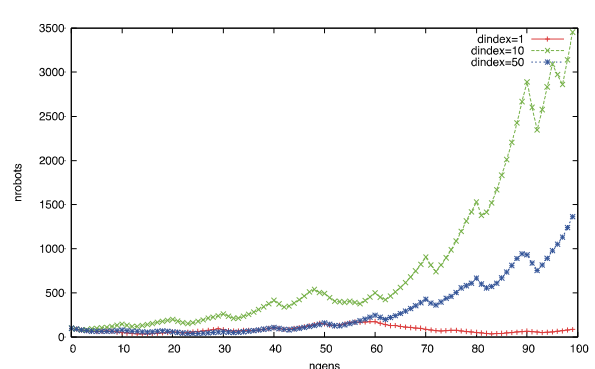


図5. リソース共有モデル

図4、図5では毎10ステップごとに環境がランダムに変化する過酷な状況を想定し、生態系のエージェントの増減をシミュレートした。図4の単独リソースモデルの場合は初期多様性の値に関わらず、生態系のエージェントは死滅した。しかし図5のリソース共有モデルの場合には生態系は環境変化に対してレジリエントであり、最終的には個体数は急速に増加している。リソース共有モデルはある程度環境に適応していないエージェントの生存を可能とするので、その結果として環境の変化に対応するのに必要な生態系としての多様性が常に維持できている点が主な理由と考えられる。

このように今年度は比較的単純な構成の進化型マルチエージェントシステム上で各レジリエンス戦略の有効性を定量的に評価し、ある程度の知見を得ることができた。またこのエージェント生態系の基本モデルを発展させ、より現実的な生態系モデルを反映した評価実験を行なっている。今年度はさらにエージェントのモデルを発展させ、エージェントの複雑な関係性、協業活動を反映したシミュレーションモデルを構築し、現実のドメインのシステムのレジリエンスの定量的評価を行なう予定である。

## (2) レジリエンスのタクソノミ

レジリエンスの概念は様々な研究領域で議論されるため、様々な分野におけるレジリエンスの文脈を整理する必要がある。そこでレジリエンスのタクソノミを、1)擾乱のタイプ、2)対象とするシステム、3)レジリエンスの局面、4)回復のタイプの4つの軸に整理した。

レジリエンスは文脈に依存する概念である。あるシステムがレジリエントである、と言うときに、それがどういう擾乱に対してなのか、対象とするシステムは何か、どのステークホルダの観点からなのか、など様々な状況によって見方が変わる。従って、我々はまず、レジリエンスの文脈を定義しなければならない。多くのレジリエンスに関する先行研究を調査した結果、我々はレジリエンスの文脈は、少なくとも1)擾乱のタイプ、2)対象とするシステム、3)レジリエンスの局面、4)回復のタイプの4つの軸に整理することができる判断した。それを図表として表したものが、表1である。このフレームワークを用いることにより、様々な状況におけるレジリエンスの文脈が明らかになり、レジリエンス研究者の間の相互理解を促進することが可能となる。

TABLE I  
TAXONOMY FOR RESILIENCE

1) Type of Shock	Cause	Natural	← ----- Intentional			
	Frequency	Frequent	← ----- Rare			
	Anticipation	Predictable	← ----- Unknown unknown			
	Time Scale	Acute	← ----- Chronic			
	Source	External	← ----- Internal			
2) Target System	Domain	Biology	Engineering	Financial	Legal	Civil Infrastructure
			Organization	Community	Society	
	Passivity	Passive	← ----- Active			
	Granularity	Individual	Single Type			
3) Phase of Resilience	Objective	Simple	← -----			
		Design Time	Operations	Training	Evaluation	Early Warning
		Detection	Emergency Response	Recovery	Consensus	Innovation
4) Type of Resilience		Structural	Functional		Adaptive	

以下、4つのレジリエンスの文脈を順に説明する。

一つ目は、「擾乱のタイプ」であり、a)その意図の有無、b)頻度、c)予測可能性、d)継続時間、e)内部性の5つの観点で分類される。a)意図の有無は、地震・台風・津波など自然災害のように、意図を持たないものと、サイバー攻撃・テロ・戦争など攻撃者による意図的なものがあるものに区別する。擾乱の意図の有無によって、システムのレジリエンス性の評価は大きく異なる。例えば、インターネットは、

ネットワークのランダムな故障に対しては極めて頑健だが、ルート DNS サーバーの乗っ取りなど、いくつか特定の攻撃に対しては脆弱であることが知られている。b) 擾乱の頻度は、毎年 100 万人以上が死亡する交通事故のように高頻度のものから、1 万年から 10 万年の頻度で起きる 1,000 メガトンクラスのエネルギーを持つ隕石衝突まで考慮する必要がある。一般に、頻度の高い脅威に対しては防止 (prevention) の戦略が、稀だが影響の大きい脅威に対しては回復 (recovery) の戦略が有効である。c) 予測可能性は擾乱の予測可能性を考慮する。例えば、台風の進路はかなりの精度で予測できるものの一つであり、台風の上陸地点が予測できれば、水害が予想される地域からの事前の避難を行うことができる。従って、この場合事象の発生予測とそれに基づく事前準備は、レジリエンス戦略の主要な選択の一つとなる。一方、地震については、長期的な時間軸において統計的な予測はできるが、特定の大規模地震の時刻と震源を事前に予測することは難しい。したがってこの場合のレジリエンス戦略は、事象発生後の緊急対応と回復に充てられるべきである。d) 継続時間は擾乱の発生から終了までの継続時間を考慮する。落雷はその発生から終了までが極めて短時間であり、その間に何か対応できる可能性は小さい。一方、地球温暖化のような擾乱では、その継続時間が極めて長い。事象の継続時間が長ければ、その発生を検出して対応することは、有効なレジリエンス戦略となる。地震は比較的継続時間が短い事象だが、それでも震源における地震発生から、対象となる地域に地震波が達するまでには距離に応じて数秒から数分の時間差がある。新幹線は遠方で発生した地震を検出してただちに列車を停止させるシステムを持っていて、東日本大震災においては、地震波が線路に到達する前にすべての列車の速度を十分に低下させることに成功した。e) 内部性は、システムの内部から発生する擾乱の脅威を考慮する。Per Bak らは、有名な「砂山モデル」で、単調に複雑さを増していくシステムは自己崩壊することを示した。2008 年に発生した金融危機は典型的な内部崩壊の例である。

2 つ目の軸は、「対象システム」、つまり対象となるシステムそのものである。対象を分類するにあたり、さらに、a) 対象領域、2) 粒度、3) 能動性、4) 機能、の 4 つの指標を用いる。a) 対象領域は、生態学、金融工学、社会組織論等のレジリエンス研究の領域を指す。b) 粒度は、レジリエンスを議論する時に、個別の個体を対象とするのか、個体の集合として考えるのか、その粒度のレベルを示す。心理学におけるレジリエンスは、個人の心がいかに精神的外傷から回復するかについて考える。一方、社会におけるレジリエンスでは、個人の生存も重要であるが、社会全体の存続が主眼となる。生態学におけるレジリエンスでは、系が多数の種からなり、そのうちの幾つかの種が滅亡しても、系全体が存続すればそれはレジリエントな生態系と考えるのが一般的である。このように「誰にとってのレジリエンスか」という観点は、特に多様なステークホルダーが絡む社会システムのレジリエンスにとって重要な観点となる。c) 能動性はシステムが擾乱に対処する場合の人間の知的作業の介入の度合いを指す。社会システムや企業などでは、その維持に人間の知的作業による介入が強く関わっており、これを能動的レジリエンスと呼ぶ。それに対して生物や生態系などのシステムは、擾乱に対する回復のメカニズムを内在するので、受動的レジリエンスと呼ぶ。d) 機能は、対象とするシステムの目的関数の表現形式を考慮する。例えば、企業の目的関数は、売上高や利益など、少数の明確に定義された指標で評価できる。明確な目的関数を持つシステムであれば、特定の脅威シナリオに対するレジリエンスを、図 6 に示す Bruneau's Triangle で定量化することができる。一方、社会コミュニティのように、多数のステークホルダーがいて、システム全体の目的関数をはっきりしない場合は、ステークホルダー間の合意形成が重要な課題となる。

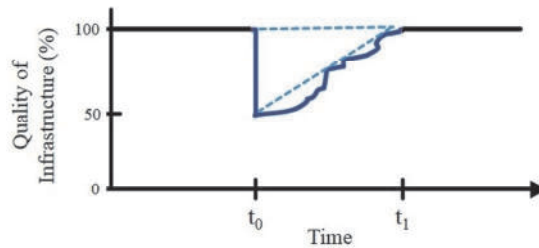


図6. Bruneau のレジリエンス・トライアングル

3 つ目の軸は、「レジリエンスの局面」である。レジリエントなシステムは、擾乱を受け、それから回復するというサイクルを繰り返しながら存続していくものと考えられ、そのライフサイクルの様々な局面を図 7 のようなモデルで考える。システムのライフサイクルには、設計時、運用時、事前予測、検出、緊急対応、回復/合意形成、イノベーションの 7 つのフェーズが存在し、システムのレジリエンス性の向上に必要な戦略がフェーズごとに大きく異なる。

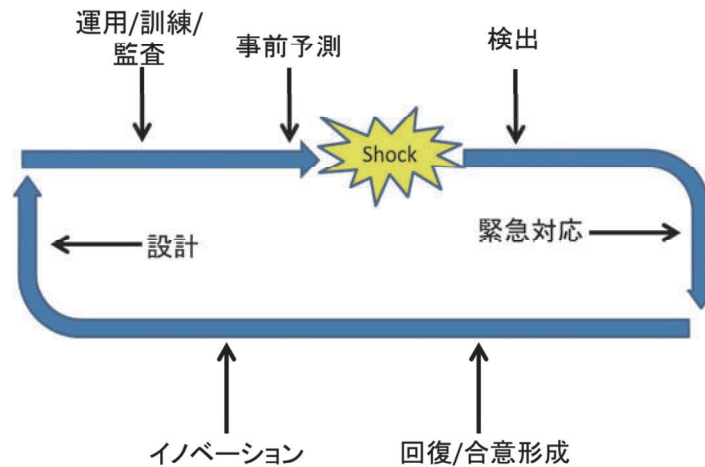


図7. レジリエンスサイクル

4 つ目の軸は「回復のタイプ」であり、4a)構造的レジリエンス、4b)機能的レジリエンス、4c)適応的レジリエンスの 3 つに分類される。4a)構造的レジリエンスは、工学的システムにおいて、破損した部品を交換に相当し、システムが擾乱の前と全く同じ構造に戻る場合を指す。4b)機能的レジリエンスは、システムが擾乱前と異なる構造に変化し同等以上の機能を実現する場合を指す。例えば、1980 年代までホストコンピュータのハードウェアビジネスで一世を風靡していた IBM 社は、1990 年代初頭にコンピュータのダウンサイジングの動きに出遅れて、一時は企業存続の危機に直面したが、その事業の柱をソフトウェアとサービスにシフトして生き残ることができた。企業の収益という機能を維持しながら、事業構造を変化させて回復した、機能的レジリエンスといえる。4c)適応的レジリエンスは、元のシステムがその機能や目的を失ったとしても、別の機能・目的を持った新たなシステムとして生まれ変わった時に、少なくともあるレベルの同一性を維持できればレジリエントであると考えられることもできる。大日本帝国は第二次世界大戦によって壊滅的な打撃を受けたが、終戦後は自由と民主主義に基づく新たな価値観の国へと生まれ変わった。その間、日本としての同一性は完全ではないが、ほぼ保たれているといえよう。このように、必ずしも初期の機能や目的は維持しないが、システムとしての同一性を大勢として維持するとき、我々は適応的レジリエンスと呼ぶ。

これら 4 つの軸を考慮することで、今後のレジリエンス研究の位置づけを明確化し、より効果的なプロジェクト間の協業推進を遂行する予定である。

### (3) 局面に応じた動的なポリシー管理によるレジリエンス性向上

レジリエンス戦略の一つである適応性を自治体の ICT システムのセキュリティポリシー管理に適用し、図 8 に示すような平常時及び災害時の各局面に応じた柔軟な動的ポリシー管理の仕組みを策定した。通常期、警戒期、緊急期、応急期など災害の局面に応じて、ICT システムの要件は異なる。例えば、情報の可用性が人の生死を分ける緊急期には、情報の機密性・完全性よりも可用性が重視されなければならない。つまり局面に応じてセキュリティポリシーを柔軟に変更する必要があるが、これまでそのようなセキュリティ要件の切り替えを明文化した事例はない。なぜなら緊急期や応急期のセキュリティレベルの低下は、不正ユーザーによる機密情報の漏洩や情報の改ざんにつながる危険性があるからである。

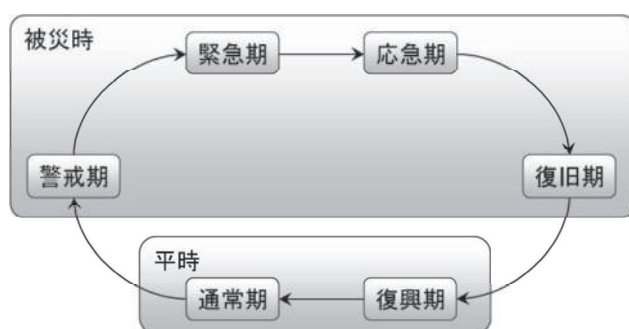


図8. 自治体 ICT システムの被災時の局面の推移

我々は局面に応じた動的なセキュリティポリシーの変更を実現する図 9 の ICHIGAN セキュティを提案し、さらに緊急時の不正アクセスの問題に対処する繰延認証（Deferred authentication）の仕組みを考案した。

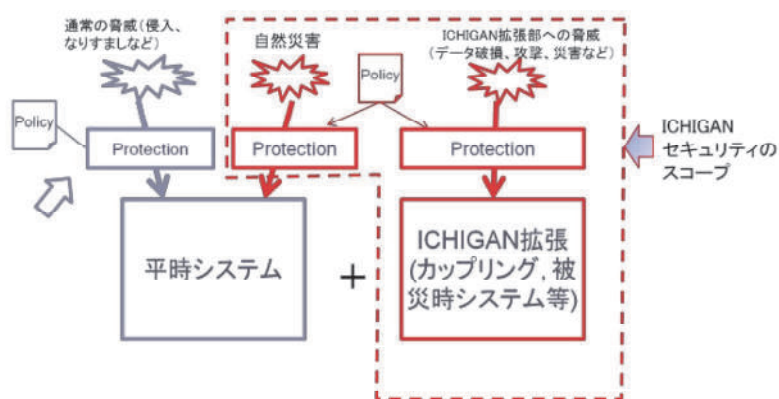


図9. ICHIGAN セキュリティのスコープ

繰延認証とはアクセス時にユーザーの身元 (ID) のクレーム情報 (「私は XX であり、その証明は YY である」) は収集するが、その検証はアクセス時には行わず事後に検証する方法を指す。例えば、ユーザー ID 及びパスワードの入力を求めるが、その場ではパスワードの妥当性の検証は行わず、正しく認証されたとしてユーザーにアクセス権限を与える。その代わりにユーザー名と共に後日監査を行うためのバ



バイオメトリクス情報（指紋・顔写真等）を保存し、パスワードファイルが利用可能になった時点で認証の検証を行う。繰延認証が行われた場合、緊急期が終わり次第、可及的速やかにすべての繰延認証の検証を行い、この検証において不正なアクセスが発見された場合には、監査証跡を参照して不正なユーザーによって行われた全てのデータベース更新作業の取り消しを行う。

多くのセキュリティ・ポリシーには、「非常時にはこの限りではない」または「非常時には情報セキュリティ責任者の判断により要件を緩和することがある」の条項が設けられており、それが非常時の柔軟なシステム運用の根拠となっている。ただし、自治体における広域災害のような場合は統一のガイドラインなしに各現場で異なるセキュリティポリシーの運用を行うのは危険である。我々の提唱する ICHIGAN セキュリティ・アーキテクチャーは、ポリシーセットの動的切り替えを統一的に実現するためのリファレンス・アーキテクチャであり、今後の自治体の ICT システムに適用されることで、大規模な災害時の自治体システムのレジリエンス性向上に貢献できると期待される。

## サブテーマ 2：生物・生態系におけるレジリエンス

### Biological Resilience and Genome Evolution

#### 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「収獲通減」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ス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必要がある。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き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

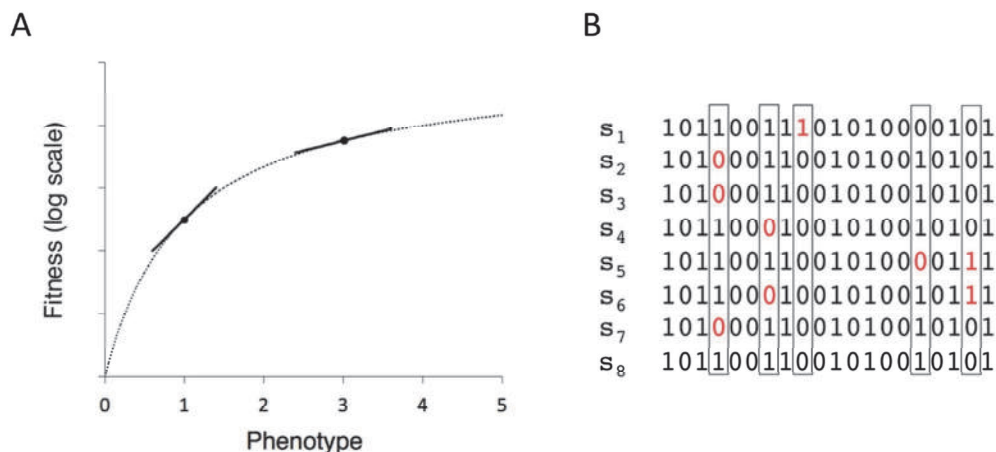
列の組成が系統により一定ではない場合の祖先配列推定がうまくできているかどうかの検証を行った。これらの研究に加え、本研究を進めるために、さらに 2 種のゲノムレベルでの遺伝子配列の取得を目指している。我々は RNA-seq 法を用いてキイロショウジョウバエ (*D. melanogaster*) の近縁種、*D. teissieri* と *D. orena* の遺伝子転写産物の配列解析を行っている。この研究の目的は系統特異的に起こるゲノムの適応や退化を探ることである。このような発見は生物学的レジリエンスが有害な変異や遺伝的浮動の効果にどのように対処するか的基础になり、レジリエンスなシステムがど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.

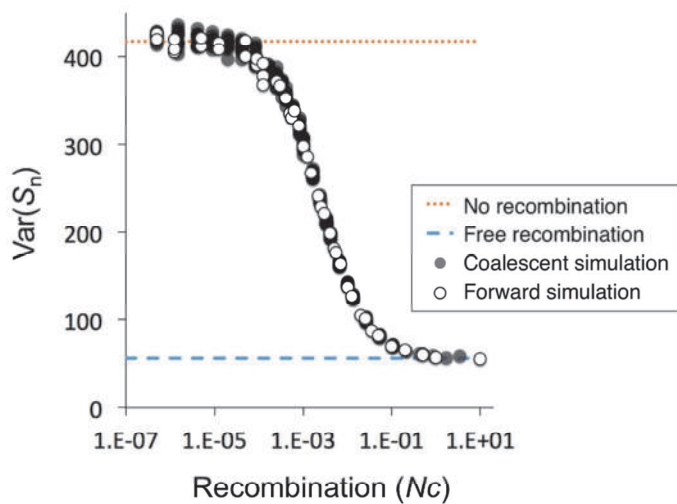
The prevalence of near neutrality may reflect an underlying principle in phenotype-fitness relationships in natural populations (and perhaps in complex systems more generally). Many biological systems show “diminishing returns” in organismal fitness as characteristics approach their optimum values, *i.e.*, 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 (Fig 1).





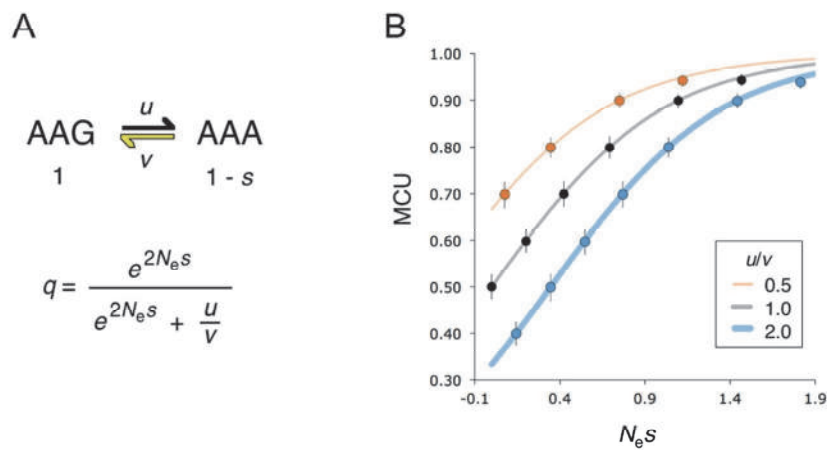
**Figure 1.** Concave fitness functions and near neutrality. (A) The curve  $y = x / (1 + x)$  shows a hypothetical relationship between fitness and phenotypic values of a trait. The slope of the curve at a given point determines the fitness effect of small phenotypic changes (slopes are shown for phenotypic 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 (Fig 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) (Fig 4). 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.

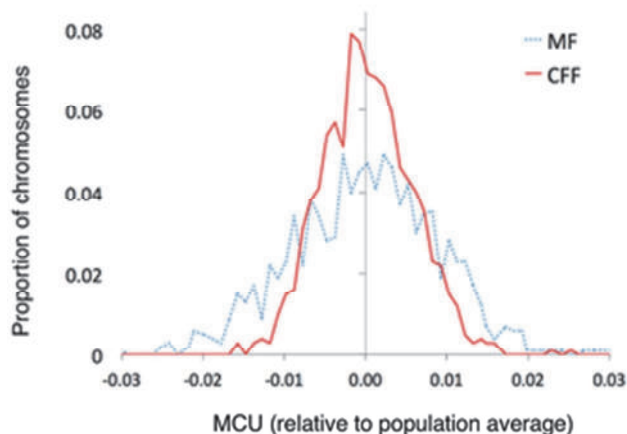


**Figure 2.** Recombination and levels of neutral variation. Simulation results are compared to predictions from independent analyses. The y-axis shows the variance in the number of segregating (variable) sites in a sample of simulated DNA sequences. Expected values are shown for analytical results for 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.



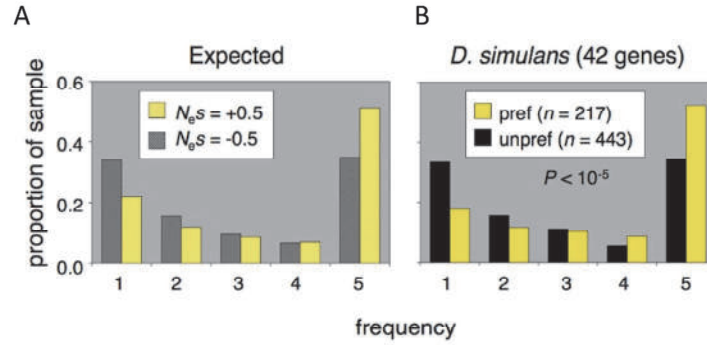
**Figure 3.** Simulation tests for weak selection and biased codon usage. (A) The major codon preference model posits slight, but consistent, fitness differences among synonymous codons, those that encode the same amino acid. Here, AAG confers a fitness advantage,  $s$ , over its synonymous counterpart, 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.



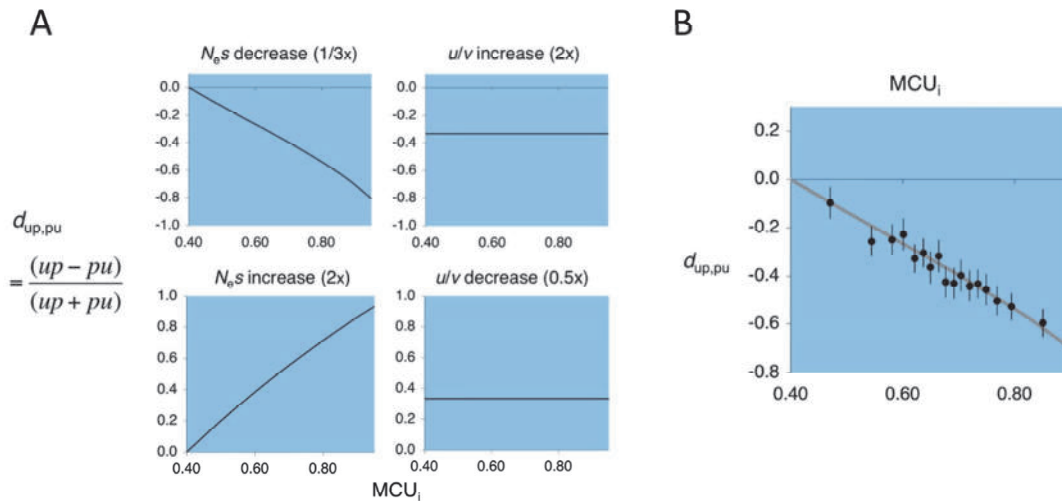
**Figure 4.** Distinguishing independent vs context-dependent fitness effects. Computer simulations were conducted assuming fitness scenarios of independence (multiplicative fitness, MF) and synergy (concave fitness functions, CFF). Samples of 50 chromosomes were drawn randomly from simulated populations to determine the expected distribution of MCU within equilibrium populations. The numbers of segregating sites were similar in the two scenarios, but MCU diversity differed considerably. This pattern shows that it may be possible to distinguish between underlying fitness distributions (*i.e.*, MF and CFF). Here, average MCU is roughly 0.8 and recombination is relatively low,  $N_c = 0.001$ . The y-axis shows proportions among 1000 replicates.

## 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 (Fig 5 and 6). 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 (Fig 7). 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).



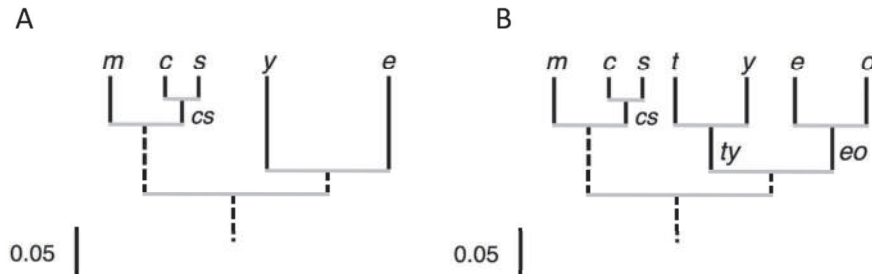
**Figure 5.** Population genetics of major codon preference in *Drosophila*. (A) Major codon preference predicts two fitness classes of synonymous mutations (Figure 3A), weakly advantageous “preferred” or “up” changes from minor to major codons and slightly deleterious “unpreferred” or “pu” changes in 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.



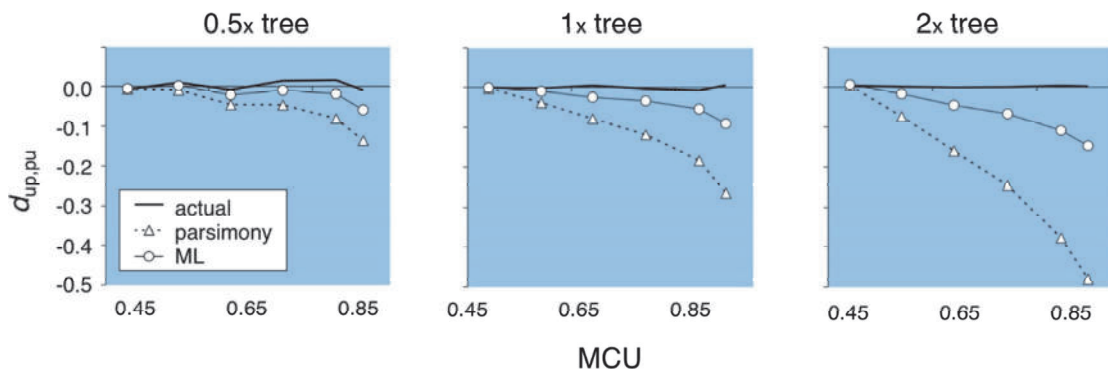
**Figure 6.** (A) Elevations and declines in codon bias resulting from selection and mutation changes. The y-axis plots a skew statistic for bias in the numbers of preferred (up) and unpreferred (pu) fixations (departures from steady-state). At equilibrium,  $up = pu$ , and the skew is zero. The x-axis 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  $1/3^{rd}$  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; Fig 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.



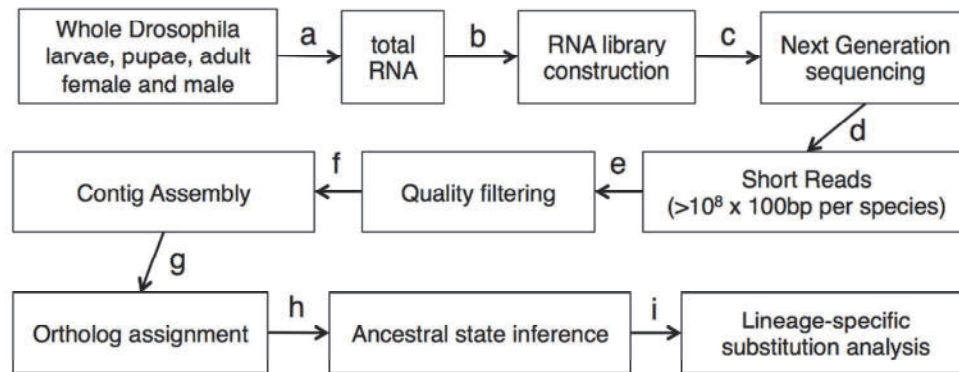
**Figure 7.** Lineages in the *Drosophila melanogaster* subgroup. Species abbreviations are: m: *D. melanogaster*, s: *D. simulans*, t: *D. teissieri*, y: *D. yakuba*, e: *D. erecta*, o: *D. orena*. (A) Five species with current genome sequence data are shown. The species phylogeny (tree) allows inference 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 8.** 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 (Fig 6A).

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* (Fig 9). 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 9. 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.