

バクテリアの走化性モデルに基づく 移動ロボットのバイオミメティック制御*

辻 敏夫^{*1}, 坂根 彰^{*1}, 福田 修^{*2}
金子 真^{*1}, 大竹 久夫^{*3}

Bio-mimetic Control of Mobile Robots Based on a Model of Bacterial Chemotaxis

Toshio TSUJI^{*4}, Akira SAKANE, Osamu FUKUDA,
Makoto KANEKO and Hisao OHTAKE

^{**}Graduate School of Engineering, Hiroshima University,
1-4-1 Kagamiyama, Higashi-Hiroshima-shi, Hiroshima, 739-8527 Japan

This paper proposes a new control method of mobile robots based on a model of bacterial chemotaxis including not only intracellular information processing but also motor control on the basis of the molecular evidence. *E. coli* is chosen as a target bacterium, which has a simple molecular structure and is amenable to biochemical and genetic analysis. First, a computer model of the chemotaxis is developed to simulate its emergence. Parameters included in the model are regulated using the genetic algorithm in such a way that a fitness representing the chemotactic ability is maximized. Then, using a mobile robot incorporated this chemotactic model, experiments of trajectory generation are performed, and it is confirmed that the mobile robot can be controlled based on the bacterial model.

Key Words: Biological Engineering, Bio-Motion, Moving Robot, Bio-Mimetic Control, Artificial Life, Bacterium, Chemotaxis

1. まえがき

宇宙・深海・狭地・高温下などの人間にとって不利な環境においては、移動ロボットによる代替作業が必要とされることが多い。現状の技術レベルではロボットが自律的に作業を実行するのは困難であるため、ほとんどの場合、操作者が介入してロボットの操作を行っているが、ロボットの高機能化に伴い自律性を重視した移動ロボットに対する期待が高まりつつある。

本論文では、生物を観察しその挙動に学ぶことで移動ロボットが有する様々な問題点を克服できるのではないかと考え、生物型移動ロボットを実現するための第一歩として細菌細胞の運動制御モデルに基づいた新しい制御法を構築する。ある種の生物は人間には過酷な深海・狭地・高温下といった場所でも環境に適応し生存することができる。中でも細菌細胞は非常に小さな単細胞生物にもかかわらず、環境刺激に反応し、

誘引物質の探索行動や忌避物質からの逃避行動(走化性⁽¹⁾と呼ぶ)を実現している。この細菌細胞の走化性は細胞が化学物質の濃度勾配中を移動することによって起こる。例えば、大腸菌 *E. coli* は螺旋状の鞭毛を5,6本持っており、それらが反時計方向に回転するときには一つの束になって推進力を発生し(スイミング状態)、時計方向に回転するときには束が解けて回転するため、その位置に停止して方向転換しているように見える(タンプリング状態)⁽²⁾。ただしその体は十分小さいので、ブラウン運動に影響され確率的な挙動を示す。また刺激が一定時間以上持続すると適応(adaptation)と呼ばれる環境への順応がおこる⁽³⁾。これはその環境中で新たな刺激を発見するために必要な過程である。

このようなある意味で知的な挙動を示す細菌細胞について、生物学的にどのような遺伝子、タンパク質が介在し、細胞内でどのような反応が起こっているかなどが最近明らかにされつつある⁽¹⁾。一方、遺伝子学的にも、環境に応じてより優れた個体が生き残るための自然淘汰や、遺伝子の組み替えによる進化過程などの性質がよく知られている⁽⁴⁾。このようにわずか一つの

* 原稿受付 2001年8月8日。

^{*1} 正員, 広島大学大学院工学研究科(☎739-8527 東広島市鏡山1-4-1)。

^{*2} 正員, 独立行政法人産業技術総合研究所人間福祉医学部門福祉機器グループ(☎305-8564 つくば市並木1-2-1)。

^{*3} 広島大学大学院先端物質科学研究科(☎739-8530 東広島市鏡山1-3-1)。

E-mail: tsuji@bsys.hiroshima-u.ac.jp

細胞で、様々な機能や複雑な運動が実現されているという事実は、情報工学的に見ても極めて興味深い。

我々は細菌細胞のうち大腸菌 *E. coli* を取り上げ、刺激入力から細胞の運動出力、さらに環境との相互作用に至るまでの走化性に伴う内部情報処理過程を仮想細菌モデル「バーチャル・バクテリア」として構築した^{(5),(6)}。そして、誘引物質への集積行動を実現する細胞の内部情報処理モデルを提案し、コンピュータシミュレーションによりその進化過程と運動特性を解析した。しかしながらこれまで得られた結果はすべて仮想空間におけるコンピュータシミュレーションに基づいており、バーチャル・バクテリアの走化性発現機構が物理現象を伴う人工物の制御問題に対して機能するかどうかについては明らかにすることができなかった。また、文献(5)では進化計算として単純GAを用いていたため効率が悪く、また、忌避物質に対する走化性も実現することはできなかった。

そこで本論文では、誘引物質、忌避物質の両方に反応する走化性モデルを新たに構築し、細菌細胞の運動制御メカニズムが移動ロボットという人工物の制御に対してもある程度、有効であることを実機実験により明らかにする。そのためまず、環境変化に対してより優れた走化性能力を有する個体を発現するため、トランスデューサのメチル化レベルを可変にしたバーチャル・バクテリアモデルを新しく提案し、実数表現によるGA⁽⁷⁾により走化性を発現できることを示す。そして、この走化性モデルを2輪の移動ロボットに適用し、誘引物質の探索行動、忌避物質の回避行動が実現できることを示す。

2. 細菌モデルの構成

2.1 内部情報処理モデル 図1に、本論文で提案する細菌細胞の内部情報処理モデルを示す。この内部情報処理系は情報伝達部と細胞部からなる。まず環境刺激である誘引物質(Atr)、忌避物質(Rpl)を受け取ると、情報伝達部であるトランスデューサを介し、情報が細胞部へ伝達される。そして、細胞内部のタンパク質反応系によって信号がモータ部へ伝達され運動を行う。これらの情報伝達はすべてタンパク質相互間での化学物質の拡散、及びタンパク質のリン酸化/脱リン酸化によって調節されている⁽⁸⁾。

トランスデューサの挙動は図1の化学反応式に基づき、次のような状態方程式を用いて表現する。

$$\dot{C}_1 = v_{41}C_{41} + v_{4'1}C_{41'} + v_{21}C_2 + v_{2'1}C_{2'} - (v_{12}C_{atr} + v_{1'2}C_{rpl})C_1 \quad (1)$$

$$\dot{C}_2 = v_{12}C_1C_{atr} - v_{21}C_2 - v_{23}C_2 \quad (2)$$

$$\dot{C}_{21} = v_{23}C_2 + v_{43}C_{41}C_{atr} - v_{34}C_{21} - v_{23}C_{21} \quad (3)$$

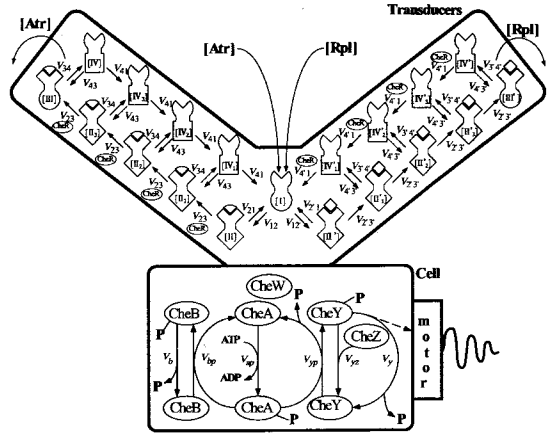


Fig. 1 Schematic illustration of chemotactic signal transduction in *E. coli*

$$\dot{C}_{22} = v_{23}C_{21} + v_{43}C_{42}C_{atr} - v_{34}C_{22} - v_{23}C_{22} \quad (4)$$

$$\dot{C}_{23} = v_{23}C_{22} + v_{43}C_{43}C_{atr} - v_{34}C_{23} - v_{23}C_{23} \quad (5)$$

$$\dot{C}_3 = v_{23}C_{23} - v_{34}C_3 + v_{43}C_4C_{atr} \quad (6)$$

$$\dot{C}_4 = v_{34}C_3 - v_{43}C_4C_{atr} - v_{41}C_4 \quad (7)$$

$$\dot{C}_{41} = v_{34}C_{21} - v_{43}C_{41}C_{atr} - v_{41}C_{41} + v_{41}C_{42} \quad (8)$$

$$\dot{C}_{42} = v_{34}C_{22} - v_{43}C_{42}C_{atr} - v_{41}C_{42} + v_{41}C_{43} \quad (9)$$

$$\dot{C}_{43} = v_{34}C_{23} - v_{43}C_{43}C_{atr} - v_{41}C_{43} + v_{41}C_4 \quad (10)$$

$$\dot{C}_{2'} = v_{12'}C_1C_{rpl} - v_{2'1}C_{2'} - v_{2'3}C_{2'} \quad (11)$$

$$\dot{C}_{21'} = v_{2'3}C_{2'} + v_{4'3}C_{41'}C_{rpl} - v_{3'4'}C_{21'} - v_{2'3}C_{21'} \quad (12)$$

$$\dot{C}_{22'} = v_{2'3}C_{21'} + v_{4'3}C_{42'}C_{rpl} - v_{3'4'}C_{22'} - v_{2'3}C_{22'} \quad (13)$$

$$\dot{C}_{23'} = v_{2'3}C_{22'} + v_{4'3}C_{43'}C_{rpl} - v_{3'4'}C_{23'} - v_{2'3}C_{23'} \quad (14)$$

$$\dot{C}_{3'} = v_{2'3}C_{23'} - v_{3'4'}C_{3'} + v_{4'3}C_{4'}C_{rpl} \quad (15)$$

$$\dot{C}_{4'} = v_{3'4'}C_{3'} - v_{4'3}C_{4'}C_{rpl} - v_{4'1}C_{4'} \quad (16)$$

$$\dot{C}_{41'} = v_{3'4'}C_{21'} - v_{4'3}C_{41'}C_{rpl} - v_{4'1}C_{41'} + v_{4'1}C_{42'} \quad (17)$$

$$\dot{C}_{42'} = v_{3'4'}C_{22'} - v_{4'3}C_{42'}C_{rpl} - v_{4'1}C_{42'} + v_{4'1}C_{43'} \quad (18)$$

$$\dot{C}_{43'} = v_{3'4'}C_{23'} - v_{4'3}C_{43'}C_{rpl} - v_{4'1}C_{43'} + v_{4'1}C_{4'} \quad (19)$$

ただし、 $C_i \geq 0$ は状態 $[i]$ の濃度、 $C_{atr} \geq 0$ は誘引物質の濃度、 $C_{rpl} \geq 0$ は忌避物質の濃度、 $v_{ij} \geq 0$ は状態 $[i]$ から状態 $[j]$ へ変化する時の反応速度パラメータで、各濃度の初期値は文献(6)を参考に、 $C_1(0) = 5$, $C_2(0) = C_{21}(0) = C_{22}(0) = C_{23}(0) = C_3(0) = C_4(0) = C_{41}(0) = C_{42}(0) = C_{43}(0) = C_{2'}(0) = C_{21'}(0) = C_{22'}(0) = C_{23'}(0) = C_{3'}(0) = C_{4'}(0) = C_{41'}(0) = C_{42'}(0) = C_{43'}(0) = 0$ [μM]とした。同一のトランスデューサが刺激物質の種類に応じて状態変化を引き起こし、各状態の濃度値により外部からの刺激物質の情報をコーディングしていることがわかる。

一方、細胞内にはタンパク質 CheA, CheB などが存在し、これらのタンパク質が互いに反応することにより情報処理が行われる⁽⁶⁾。細胞内のタンパク質反応系も同様に状態方程式を用いて以下のように表現することができる。

$$\dot{C}_{ap} = v_{ap}C_a - (v_{yp}C_y + v_{bp}C_b)C_{ap} \quad (20)$$

$$\dot{C}_{yp} = v_{yp}C_yC_{ap} - v_{y2}C_{yp}C_z - v_{y3}C_{yp} \quad (21)$$

$$\dot{C}_{bp} = v_{bp} C_b C_{ap} - v_b C_{bp} \quad (22)$$

$$\dot{C}_a = v_{yp} C_y C_{ap} + v_{bp} C_b C_{ap} - v_{ap} C_a \quad (23)$$

$$\dot{C}_y = v_{yz} C_{yp} C_z + v_y C_{yp} - v_{yp} C_y C_{ap} \quad (24)$$

$$\dot{C}_b = v_b C_{bp} - v_{bp} C_b C_{ap} \quad (25)$$

ただし、 C_a , C_{ap} , C_b , C_{bp} , C_y , C_{yp} , C_z はそれぞれタンパク質 CheA, CheA-P, CheB, CheB-P, CheY, CheY-P, CheZ の濃度, $v_k \geq 0, k \in \{ap, bp, b, yp, y, yz\}$ は各タンパク質間の反応速度パラメータを表す。

反応速度パラメータには以下のような関係が成り立つと仮定する⁽⁶⁾。

$$v_{41} = f_{41} C_{bp} \quad (26)$$

$$v_{2'3'} = f_{2'3'} C_{bp} \quad (27)$$

$$\begin{aligned} v_{ap} = & (f_{ap} C_4 + f_{ap3} C_{43} + f_{ap2} C_{42} + f_{ap1} C_{41} \\ & + f'_{ap} C_{2'} + f'_{ap1} C_{2'1'} + f'_{ap2} C_{2'2'} + f'_{ap3} C_{2'3'}) + k_{ap} \\ & - (f_a C_2 + f_{a1} C_{21} + f_{a2} C_{22} + f_{a3} C_{23} \\ & + f'_a C_{4'} + f'_{a3} C_{4'3'} + f'_{a2} C_{4'2'} + f'_{a1} C_{4'1'}) \end{aligned} \quad (28)$$

$$v_{bp} = f_{bp} C_{ap} \quad (29)$$

$$v_{yp} = f_{yp} C_{ap} \quad (30)$$

ただし、

$$\begin{aligned} f_{ap1} = f_{ap}, f_{ap2} = g_{p2} f_{ap1}, f_{ap3} = g_{p3} f_{ap2}, f_{ap} = g_{p1} f_{ap3} \\ f_{a1} = g_{a1} f_a, f_{a2} = g_{a2} f_{a1}, f_{a3} = g_{a3} f_{a2} \\ f'_{ap1} = h'_{p1} f_{ap}, f'_{ap2} = h'_{p2} f'_{ap1}, f'_{ap3} = h'_{p3} f'_{ap2} \\ f'_{a1} = f'_a, f'_{a2} = h_{a2} f'_{a1}, f'_{a3} = h_{a3} f'_{a2}, f'_a = h_{a1} f'_{a3} \end{aligned}$$

で、 $0 < g_{p1}, g_{p2}, g_{p3}, g_{a1}, g_{a2}, g_{a3} < 1$, $0 < h_{p1}, h_{p2}, h_{p3}, h_{a1}, h_{a2}, h_{a3} < 1$ である。また、 $f_{41}, f_{2'3'}, f_{ap}, f_a, f'_{ap}, f'_a, f_{bp}, f_{yp}$ は非負の定数とする。

2.2 モータ制御部 鞭毛モータの回転方向は、モータへの出力信号である CheY-P の濃度値によって計算される次の無次元量 β を用いて決定する⁽⁶⁾。

$$\beta = 1 - \frac{C_{yp}^h}{2.333(SetY_p)^h + C_{yp}^h} \quad (31)$$

ここで、 $SetY_p$ は野性種細胞が刺激を受けていない状態での CheY-P 濃度, h は Hill 係数で、ここでは一般的な値 $SetY_p = 1.63$ [μM], $h = 5.5$ を用いた⁽⁹⁾。また、 $C_{yp} = SetY_p$ のときの $\beta \approx 0.7$ を β_0 と定義すると、通常は $\beta > \beta_0$ のとき細胞はスイミング状態をとりやすく、逆に $\beta \leq \beta_0$ のときはタンプリング状態をとりやすくなる⁽¹⁰⁾。

細菌細胞の進行方向は一定ではなくかなりランダムな挙動を示す。これは細胞が非常に小さい (2 [μm] 程度) ため、環境に含まれる物質の流れやブラウン運動に影響されてしまうからである。そこでコンピュータシミュレーションを行う際には、細胞の進行方向を現在の進行方向ベクトルを中心軸とする円錐の母線を用いて表現し、一様乱数を用いて一本の母線を選択することにより進行方向をランダムに変化させた。ただし、中心軸と母線のなす角度 θ はスイミング時に

は 2° 、タンプリング時には 108° とした⁽²⁾。なおスイミング時の並進速度は $v = 50$ [$\mu\text{m/s}$]、タンプリング時は $v = 0$ [$\mu\text{m/s}$] で、簡単のため等速運動すると仮定した。

2.3 細菌細胞と世界モデル 細菌細胞は、化学物質の濃度勾配を感知しながら運動する。単位体積当りの化学物質濃度は拡散方程式を用いて、

$$C_n = \frac{I t_f}{(4\pi D t)^{\frac{3}{2}}} e^{-\frac{r^2}{4Dt}} \quad (32)$$

と記述することができる⁽²⁾。ここで、 I は単位時間当りの化学物質の注入量, t_f は化学物質の注入時間, r は化学物質の濃度中心からの距離, D は拡散定数, t は時間を表す。また、化学物質が十分に存在する場合、 C_n は距離のみに依存し一定値に収束する。そこで、本論文では簡単のため化学物質である誘引物質と忌避物質の濃度 C_{atr} , C_{rpl} を次式を用いて計算した。

$$C_{atr} = \begin{cases} \frac{I}{4\pi D r_1} & (r < r_1) \\ \frac{I}{4\pi D r} & (r_1 \leq r \leq r_2) \\ 0 & (r > r_2) \end{cases} \quad (33)$$

$$C_{rpl} = \begin{cases} 0 & (r < r_1) \\ \frac{I}{4\pi D} \left(\frac{1}{D r_1} - \frac{1}{D r} \right) & (r_1 \leq r \leq r_2) \\ \frac{I}{4\pi D r_1} & (r > r_2) \end{cases} \quad (34)$$

ただし $I = 5.0 \times 10^{-9}$ [$\mu\text{mol/s}$], $D = 1 \times 10^{-9}$ [m^2/s] とした。

以上、本論文で用いる細菌モデルについて説明した。次節では、遺伝的アルゴリズムを用いて速度パラメータの調節を行う方法を説明する。

3. GA による速度パラメータの調節

3.1 パラメータ調節法 細菌細胞に含まれる反応速度パラメータはタンパク質の特性を記述した対応する遺伝子により決まると考えることができるため、速度パラメータを GA^{(7),(11)} を用いて調節する。

各個体は同じパラメータの下で 1 試行 t_f [s] のシミュレーションを乱数を変えて S 回行う。細胞の初期位置は、 $x-y$ 平面上で誘引物質濃度中心からの距離 r を 5 [μm] ずつ変化させ、 $r = 150, 155, \dots, 270$ [μm] の 25 種類とした。また各個体の初期進行方向は $x-y$ 平面上で変化させ、 x 軸とのなす角度 φ を $\varphi = 0, \pi/4, \pi/2, 3\pi/4, \pi$ [rad] の 5 種類とした。

ここで、GA で用いる各個体 P_i を評価する適応度は

$$F_{atr}(P_i) = \frac{\frac{1}{S t_f} \sum_{j=1}^S \sum_{t=0}^{t_f} C_{atr}^{(ij)}(t)}{F_{atr}(P_0)} \quad (35)$$

$$F_{rpl}(P_i) = \frac{\frac{1}{S t_f} \sum_{j=1}^S \sum_{t=0}^{t_f} (C_{rpl}^{max} - C_{rpl}^{(ij)}(t))}{C_{rpl}^{max} - F_{rpl}(P_0)} \quad (36)$$

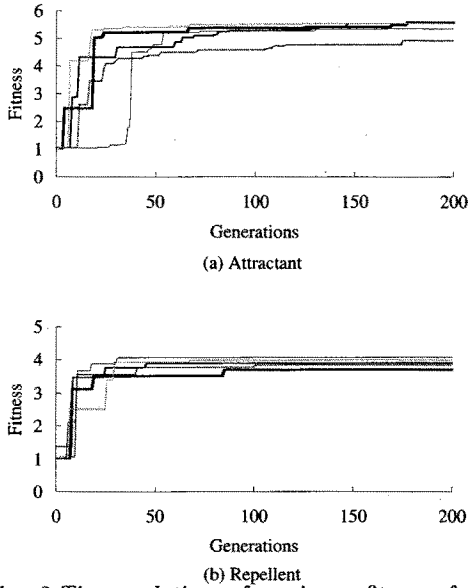


Fig. 2 Time evolutions of maximum fitness of the virtual bacteria depending on the initial values of kinematic parameters

と定義する。ただし、 $C_{atr}^{(ij)}(t)$ 、 $C_{rpl}^{(ij)}(t)$ はそれぞれ*i*番目の個体の*j*回目の試行における時刻*t*での誘引物質、忌避物質の濃度であり、それぞれ式(33)、(34)を用いて算出する。また、 $F_{atr}(P_0)$ 、 $F_{rpl}(P_0)$ はそれぞれ細胞が初期位置で留まっている場合に感知できる C_{atr} 、 C_{rpl} の単位時間当たりの濃度である。誘引物質は中心に近づくほど濃くなっていることより、(33)式の誘引物質環境では $F_{atr}(P_i)$ は細菌が中心に近づくほど高くなる。一方、忌避物質は中心に近づくほど薄くなるので、(34)式の忌避物質環境においても $F_{rpl}(P_i)$ は細菌が中心に近づくほど高い値をとる。

交叉方法としては、単一算術交叉、全体算術交叉の2つを用いた⁽⁷⁾。各世代での個体の選択淘汰についてはエリート法⁽¹¹⁾を採用した。これは、現世代の個体の中から適応度の大きいものが残るように重複を許して($K - A$)個体を選び出し、それらに交叉と突然変異を行うことにより生成した($K - A$)個体に、現世代での適応度が高い*A*個体を加えた合計*K*個体を次世代の個体とするものである。また、遺伝子型の突然変異については、突然変異確率 $R_m = 1 \times 10^{-1}$ で各パラメータ値を変異させるものとする。

以上のGAを利用した速度パラメータの調節法に基づいて環境に適した個体の探索を行う進化アルゴリズムの概要を以下に示す。

step 1. 状態方程式に含まれる独立した全ての速度パラメータに対して、各パラメータ値が探索範囲内

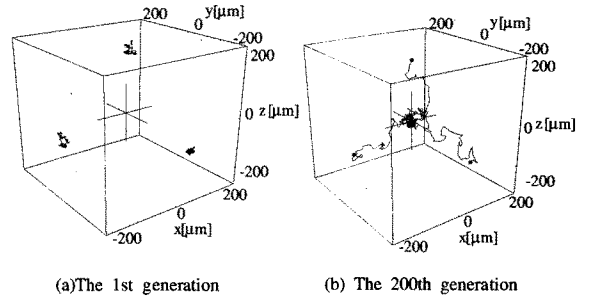


Fig. 3 Trajectories of the virtual bacteria for attractant

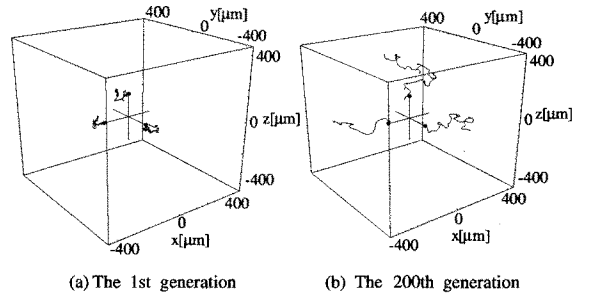


Fig. 4 Trajectories of the virtual bacteria for repellent

に入るように*K*個の初期個体集団を生成する。

step 2. 各個体に対して1試行 t_f [s]のシミュレーションを*S*回、誘引物質のみ、または忌避物質のみの環境に対して行い、式(35)、(36)によりそれぞれの個体の適応度を計算する。

step 3. *N*世代経過していれば終了。そうでなければエリート法に基づき新たに*K*個体を生成しstep 2へ戻る。

3.2 シミュレーション結果 本論文で用いるGAの能力を評価するため、2で説明した細菌モデルの進化シミュレーションを行った。速度パラメータは、トランスデューサ部に $v_{12}, v_{21}, v_{23}, v_{34}, v_{43}, f_{41}, v_{12'}, v_{2'1}, f_{2'3'}$ 、 $v_{3'4'}, v_{4'3'}, v_{4'1}$ の12個、細胞内ネットワーク部に $v_a, v_b, v_{yz}, v_y, f_{bp}, f_a, f_{a1}, f_{a2}, f_{a3}, f_{ap}, f_{ap1}, f_{ap2}, f_{ap3}, f'_a, f'_{a1}, f'_{a2}, f'_{a3}, f'_{ap}, f'_{ap1}, f'_{ap2}, f'_{ap3}, f_{yp}$ の22個となるが、CheZの濃度は $C_z = 20[\mu\text{M}]$ で固定しているため、 $v'_y = v_{yz}C_z + v_y$ とにおいてパラメータを統合した。したがって独立な速度パラメータの数は $m = 33$ となる。

各個体の遺伝子は、実数で表現される $m = 33$ 個の速度パラメータで、1世代の個体数は $K = 16$ とした。また、試行時間は $t_f = 100$ [s]、エリート数は $A = 2$ とし、 $r_1 = 20[\mu\text{m}]$ 、 $r_2 = 500[\mu\text{m}]$ とした。図2は、第

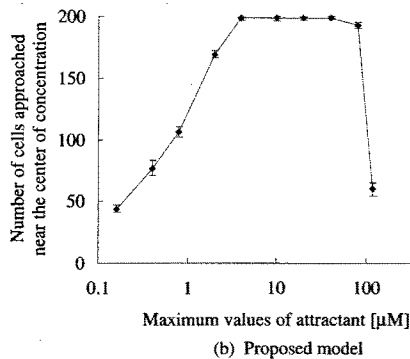
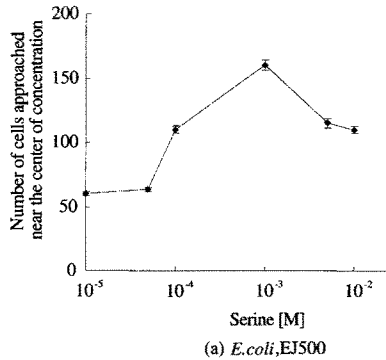


Fig. 5 Concentration-response curve of *E. coli*, EJ500, and the proposed model

200 世代までの最大適応度の変化で、初期パラメータを変えて行った5回のシミュレーション結果である。図から、誘引物質、忌避物質ともに世代が経過するにしたがって最大適応度が増加している様子がわかる。

図3, 4は200 世代経過時に最も高い最大適応度を示した個体の誘引物質と忌避物質に対する反応で、いずれも(a)は第1 世代、(b)は第200 世代の細菌の挙動を示している。このシミュレーションでは忌避物質の濃度も誘引物質と同様に(33)式を用いて、中心に近づけば近づくほど高くなるように設定した。●印で示す3つの初期位置から投入された個体は、第1 世代では図3, 4とも初期位置からほとんど移動していないが、第200 世代では誘引物質に対しては濃度中心付近に近づき、忌避物質に対しては濃度中心から遠ざかる方向に運動している様子がわかる。以上より、誘引物質、忌避物質の双方に対して走化性を示す個体を生成することができた。

3.3 実生命体との比較 *E. coli*, EJ500 株を用いて実生命体とバーチャル・バクテリアの走化性を比較した。実験ではセリン濃度 $10^{-5} \sim 10^{-3}$ M の6種類のキャピラリーを用い、誘引物質に対する細胞の集積個

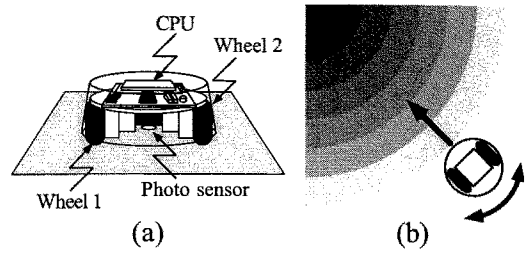


Fig. 6 Mobile Robot

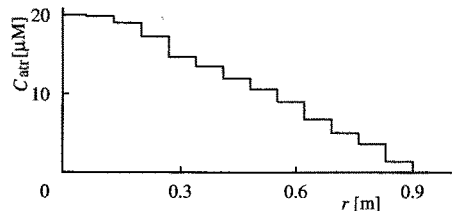


Fig. 7 Concentration distribution of the attractant for robot control

体数を調べた。実験方法の詳細については文献⁽⁶⁾を参照されたい。誘引物質濃度を变化させた場合の集積個体数の変化を図5(a)に示す。集積個体数は誘引物質の濃度中心から半径120[μm]の円内に存在する細胞数で、計測開始から180s経過後に測定した。図は、試行回数5回の平均値と標準偏差である。一方、図5(b)はバーチャル・バクテリアによるシミュレーション結果で、誘引物質中心部の最大濃度を0.1~120[μM]まで10種類に変化させて同様に集積個体数を調べた。どちらの場合も誘引物質濃度が高くなるにつれて集積個体数が増加するが、ピークを過ぎるとその数ははだいに減少しはじめる傾向が見られる。この特徴が実生命体で一般的に観察されることは文献⁽¹²⁾でも確認されており、本モデルが実生命体の走化性のある程度再現していることがわかる。

4. 移動ロボットへの応用

4.1 移動ロボットの構成 ここでは、3節のシミュレーション結果をふまえて、細菌細胞の内部情報伝達モデルを組み込んだ細菌型移動ロボットの構築を試みる。

本実験では、二輪独立駆動型の移動ロボット(Rug warrior : (株)新川電機)を使用する。この移動ロボットはCPU(MC68HC11A1 : (株)モトローラ)と光センサを備えており(図6(a)参照)、いったんプログラムをダウンロードした後は自動的に内部情報処理に必要な計算を行うことができる。しかしながら現状では、細菌の内部情報処理を移動ロボット上の

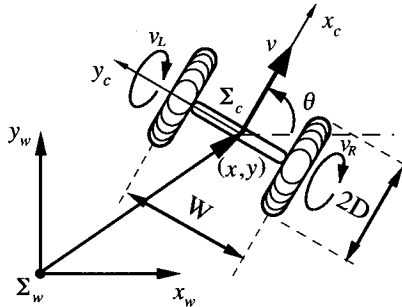


Fig. 8 Model of the mobile robot with two wheels

CPUで実行すると処理速度が低下するため、細菌の内部情報処理は外部のコンピュータ (Intel Pentium II, 233MHz) を利用し、その計算結果を移動ロボットに転送することにした (サンプリング周波数 1[kHz])。環境には誘引物質の濃度勾配を表す濃淡模様を描いた 1.82×1.82 [m] のボードを使用した (図 6(b) 参照)。濃淡模様は半径 r が 0.07 [m] 間隔の 13 段階の同心円で、中心 (半径 0.06 [m] の黒円) に近づくほど黒くなる。

移動ロボットは、光センサを用いて床面の明度を計測し、それを化学物質濃度へと変換している。図 6(b) のボードは中心に近づくほど黒くなるため、誘引物質では濃度勾配中の最も明度が低い場所 (中心) を探索し、忌避物質では濃度勾配中の最も明度が低い場所から逃避することが走化性と考えられることができる。光センサから計測した明度は

$$C_n = 20 \left(\frac{S - S_{\min}}{S_{\max} - S_{\min}} \right) \quad (37)$$

により、誘引物質濃度、忌避物質濃度に変換する。ただし、 S は現在位置での光センサの値、 S_{\max} はボードの中心位置の光センサの値、 S_{\min} はボード内での最小の光センサの値で、濃度中心での最大値を 20 [μ M] と設定した。図 7 に使用した環境中の C_n の変化を示す。以上の構成で細菌細胞の情報処理メカニズムを用いて自律的な移動能力がどの程度実現できるかを調べた。

4.2 移動ロボットの運動モデル 実験に使用する移動ロボットの運動モデルを図 8 に示す。 Σ_w は環境に固定した座標系、 Σ_c は移動ロボットに固定した座標系である。ここで Σ_c の原点を両輪を結ぶ軸の中心、 x 軸を移動ロボットの進行方向にとる。このとき移動ロボットの一般化座標は Σ_w からみた Σ_c の原点 (x, y) と Σ_w からみた Σ_c の傾き θ の 3 変数で表される。左右車輪の回転速度をそれぞれ v_L, v_R とし、 Σ_c における x 軸方向への速度を v 、ロボットの回転速度を ω とおくと

$$\mathbf{u} = \mathbf{K} \mathbf{s} \quad (38)$$

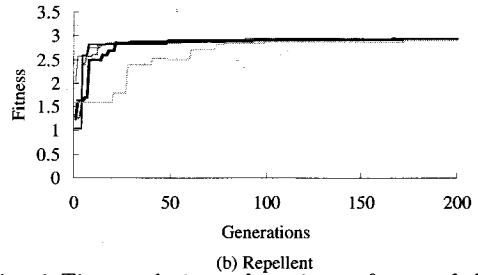
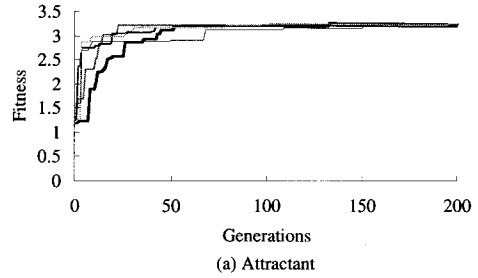


Fig. 9 Time evolutions of maximum fitness of the mobile robot

$$\mathbf{K} = -D \begin{bmatrix} \frac{1}{2} & \frac{1}{2} \\ \frac{2}{W} & -\frac{2}{W} \end{bmatrix} \quad (39)$$

となる。ただし、 $\mathbf{u} = (v, \omega)^T$ 、 $\mathbf{s} = (v_R, v_L)^T$ で、 D は車輪の半径、 W は車輪間の距離である。 \mathbf{s} と \mathbf{u} は常に 1 対 1 の対応となるため、 \mathbf{u} をシステムの入力として扱い、対応する左右車輪の回転速度 v_L, v_R を指令値として移動ロボットに与えることとした。

移動ロボットの動作はスイミング (直進)、タンプリング (方向転換) の 2 種類のみである。スイミング時には現在の進行方向 θ に 0.2076 [m/s] の速度で 0.5 [sec] 間直進する ($\omega = 0$)。また、タンプリング時には 360° の回転方向を均等に分割した 10 方向のうちの一つをランダムに選び、その方向を向くように 1.0 [sec] 間回転する ($v = 0$)。ただし、タンプリング後は強制的に 1 度スイミングを行ない、誘引物質、忌避物質濃度を変化させる。

4.3 速度パラメータの調節 次に、3.1 で説明した GA による速度パラメータの調節法を用いて、実機ロボットの速度パラメータの調節を行なった。ただし、実機ロボットを制御しながら速度パラメータの調節を行なうと膨大な計算時間を費やしてしまうので、ここでは次のような方法を用いた。まず移動ロボットと実験環境の物理パラメータをできるだけ正確に再現したコンピュータシミュレーションを行ない内部情報処理モデルの速度パラメータを調節する。この際、移動ロボットや環境のサイズ、移動速度、移動ロボットの光

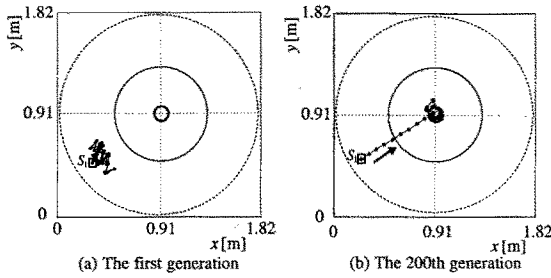


Fig. 10 Trajectories of the mobile robots for attractant

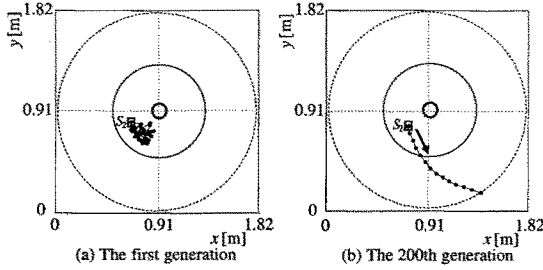


Fig. 11 Trajectories of the mobile robots for repellent

センサで計測した濃度模様の明度などは実測値を用いた。次に調節したパラメータを実機ロボットにダウンロードし、動作の検証を行なう。以上により、計算時間を大幅に短縮することができる。

各個体について1試行 $t_f = 120$ [s] のシミュレーションを乱数を変えて $S = 125$ 回行った。ただし、探索パラメータは、実数で表現される $m = 33$ 個の速度パラメータで、1世代の個体数は $k = 16$ とした。速度パラメータの探索範囲は、予備実験から経験的に定めた値を用い、それぞれ $v_{12} \in [5.9, 14.1]$, $v_{21} \in [1.9, 10.1]$, $v_{23} \in [0.0, 2.05]$, $v_{34} \in [5.9, 14.1]$, $v_{43} \in [0.0, 13.05]$, $f_{41} \in [5.9, 14.1]$, $v_b \in [0.0, 2.05]$, $v_y \in [5.9, 14.1]$, $f_{ap} \in [15.9, 24.01]$, $f_a \in [0.0, 13.05]$, $f_{bp} \in [0.0, 2.05]$, $f_{yp} \in [0.0, 2.05]$, $k_{ap} \in [5.9, 14.1]$, $v_{12'} \in [3.45, 8.55]$, $v_{21'} \in [0.345, 0.855]$, $f_{23'}$ $\in [5.9, 6.1]$, $v_{3'4'}$ $\in [3.45, 8.55]$, $v_{4'3'}$ $\in [2.725, 5.275]$, $v_{4'1}$ $\in [0.9, 1.1]$, $f'_{ap} \in [15.9, 16.1]$, $f'_a \in [1.39, 1.41]$ とし、各パラメータの初期値は乱数を用いて探索範囲の中から任意に決定した。

シミュレーション結果を図9に示す。この図は各パラメータ値が探索範囲内に入るように計算した初期速度パラメータに対する200世代経過時の最大適応度の変化を表している。結果より、世代数が増加するにしたがって、誘引物質、忌避物質ともに最大適応度が上

Table. 1 Evolved parameters of the mobile robot for attractant

Transducer parameters											
v_{12}	v_{21}	v_{23}	v_{34}	v_{43}	f_{41}						
8.72	5.77	0.67	12.24	3.88	13.60						
$v_{12'}$	$v_{21'}$	$f_{23'}$	$v_{3'4'}$	$v_{4'3'}$	$v_{4'1}$						
8.82	2.23	19.77	13.26	6.28	0.44						
Intracellular network parameters											
v_b	v'_y	f_{bp}	f_{yp}	f_{ap}	f_a	k_{ap}	f'_{ap}	f'_a			
0.039	10.61	17.85	0.45	1.67	0.60	8.51	13.88	1.66			
g_{a1}	g_{a2}	g_{a3}	g_{p1}	g_{p2}	g_{p3}	h_{a1}	h_{a2}	h_{a3}	h_{p1}	h_{p2}	h_{p3}
0.340	0.981	0.932	0.539	0.574	0.735	0.199	0.978	0.822	0.424	0.490	0.407

Table. 2 Evolved parameters of the mobile robot for repellent

Transducer parameters											
v_{12}	v_{21}	v_{23}	v_{34}	v_{43}	f_{41}						
13.16	12.69	0.98	21.15	0.17	10.72						
$v_{12'}$	$v_{21'}$	$f_{23'}$	$v_{3'4'}$	$v_{4'3'}$	$v_{4'1}$						
5.74	0.63	5.98	5.65	4.61	0.99						
Intracellular network parameters											
v_b	v'_y	f_{bp}	f_{yp}	f_{ap}	f_a	k_{ap}	f'_{ap}	f'_a			
0.033	12.10	10.91	0.52	0.46	2.30	23.09	16.10	1.34			
g_{a1}	g_{a2}	g_{a3}	g_{p1}	g_{p2}	g_{p3}	h_{a1}	h_{a2}	h_{a3}	h_{p1}	h_{p2}	h_{p3}
0.251	0.976	0.056	0.840	0.561	0.830	0.992	0.744	0.751	0.949	0.831	0.734

昇していることが分かる。

4.4 実験結果 次に、実験時に計測した移動ロボットの軌跡を図10, 11に示す。図は実機実験を行った時の移動ロボットの軌跡で、 S_1, S_2 はロボットの初期位置を表す。図中の各点は0.5 [sec] 毎のロボット位置の変化で、20 [sec] 間のデータをプロットしている。図10(a), (b)はそれぞれ誘引物質に対する1世代目と200世代目における速度パラメータによる結果で、図11(a), (b)はそれぞれ忌避物質に対する1世代目と200世代目における速度パラメータの結果である。誘引物質、忌避物質に対する進化後のパラメータの一例は表1, 2に示す。

図10, 11から、速度パラメータの調節により走化性が発現し、移動ロボットが時間経過に伴って環境の濃度勾配を感知し、誘引物質では中心へ、忌避物質では中心から遠ざかる挙動を示していることが分かる。

最後に、集団としての移動ロボットの挙動を調べるために、ロボットの初期位置、姿勢を変えて実験を行なった。図12,13はそれぞれ、時間経過に伴う誘引物質濃度中心への集積状況、忌避物質濃度中心からの回避状況を示しており、誘引物質では中心から半径0.41 [m] の円内 (図10,11実線参照)、忌避物質では半径0.90 [m] の円内 (図10,11点線参照) に存在する

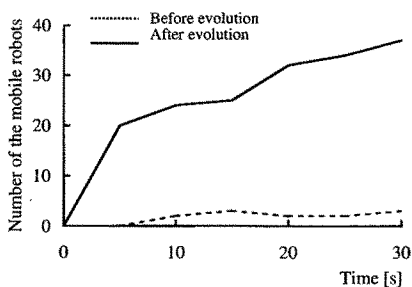


Fig. 12 Chemotactic responses of the mobile robots for attractant

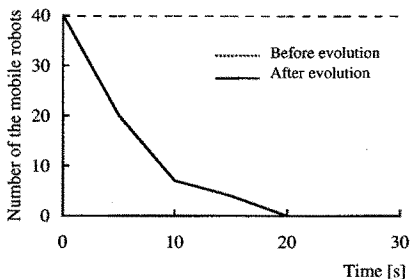


Fig. 13 Chemotactic responses of the mobile robots for repellent

ロボットの数をカウントしている。この時、初期位置は同心円の半径上に $r = 0.41$ [m] から 0.07 [m] 間隔で5通り、初期姿勢は 45° ずつ回転させた8方向とした。各試行とも同じ速度パラメータを用いている。図中の実線は200世代経過後、点線は初期個体の挙動である。誘引物質に対しては、200世代経過後の個体の集積個体数が時間経過とともに増加しており、また、忌避物質に対しては、200世代経過後の円内の個体数が時間経過とともに減少している様子がわかる。

5. 結言

本論文では、単細胞生物である大腸菌が有する走化性の情報伝達過程をモデル化し、コンピュータ上で誘引物質と忌避物質の双方に走化性を発現する仮想細菌モデルの構築を行った。そして、遺伝的アルゴリズムを用いた進化シミュレーションを行い、情報伝達に関するパラメータを調節することにより、誘引物質と忌避物質に対して走化性を発現する個体を生成することに成功した。さらに、本モデルを移動ロボットの制御に応用し、適応能力を有する生物型移動ロボットの実現の可能性を示した。

参考文献

- [1] R. B. Bourret, K. A. Borkovich, and M. I. Simon: "Signal Transduction Pathways Involving Protein Phosphorylation In Prokaryotes," *Annu. Rev. Biochem.*, 60, pp. 401-441, 1991.

- [2] H. C. Berg 著, 寺本英, 佐藤俊輔 訳: "生物学におけるランダムウォーク", 法政大学出版局, pp. 20-99, 1988.
- [3] 香川靖雄: "エネルギーの生産と運動", 岩波講座-分子生物科学7, 岩波書店, pp. 94-119, 1990.
- [4] A. ローラー著, 渡辺格, 鈴木袴之 訳: "分子生物学入門", 培風館, pp. 80-136, 1993.
- [5] 八子知礼, 辻敏夫, 大竹久夫ほか: "分子生物学に基づく細菌細胞の人工生命体モデル", 第6回インテリジェントシステム・シンポジウム, No. 96-137, pp. 325-329, 1996.
- [6] 諸星知広, 辻敏夫, 大竹久夫: "細菌細胞の運動制御モデルと走化性シミュレーション", 計測自動制御学会論文集, Vol. 34, No. 11, pp. 1731-1738, 1998.
- [7] Zbigniew Michalewicz: "Genetic Algorithms + Data Structures = Evolution Programs", Springer, 1995.
- [8] R. M. Macnab: "Motility and chemotaxis," *Annu. Rev. Biophys. Bioeng.*, pp. 732-759, 1984.
- [9] D. Bray and R. B. Bourret: "Computer Analysis of the Binding Reactions Leading to a Transmembrane Receptor-linked Multiprotein Complex Involved in Bacterial chemotaxis," *Molecular Biology of the Cell*, Vol. 6, pp. 1367-1380, 1995.
- [10] D. Bray and S. Lay: "Computer Simulated Evolution of a Network of Cell-Signaling Molecules," *Biophysical Journal*, Vol. 66, pp. 972-977, 1994.
- [11] たとえば安居院猛, 長尾智晴: "ジェネティックアルゴリズム", 昭晃堂, pp. 6-27, 1993.
- [12] T. Nikata, K. Sumida, J. Kato, and H. Ohtake: "Rapid Method for Analyzing Bacterial Behavioral Responses to Chemical Stimuli," *Applied and Environmental Microbiology*, 58-7, 2250/2254 (1992)