

# コネクトーム上で機械学習器を結合するための 大脳新皮質領野間トップダウン/ボトムダウン分類

Top-down and bottom-up classification between areas in mouse cerebral cortex to connect machine learning modules on connectomes

速水琢\*1  
Taku Hayami

根岸蒼\*1  
So Negishi

小森麟太郎\*1  
Rintaro Komori

水谷治央\*1,2  
Haruo Mizutani

山川宏\*1,2  
Hiroshi Yamakawa

\*1 ドワンゴ人工知能研究所  
Dwango Artificial Intelligence Laboratory

\*2 全脳アーキテクチャイニシアティブ  
Whole Brain Architecture Initiative

The Whole Brain Architecture (WBA) is a strong candidate for a computational cognitive architecture of an artificial general intelligence (AGI) computing platform on the basis of empirical neural circuits (aka connectomes). The WBA requires top-down and bottom-up relationship between machine learning modules, which is corresponding to brain areas, to exert brain-like multiple cognitive functions and behaviors in a computational system. In order to implement the brain-like cognitive functions into artificial machines, we created a part of platform based on connectomic architecture resulting from quantified neural connectivity analysis of the mouse brain provided by Allen Institute for Brain Science. Neural strengths and hierarchies of connections between areas in the cerebral cortex were analyzed by linear regression and clustering methods, and the result can be useful to connect machine learning module to develop AGI more efficiently. We suggest that computational cognitive architecture defined by connectomic data can enhance collaborative AGI development.

## 1. はじめに

近年の深層学習の発展により、特定の問題領域を解決する特化型人工知能は大きな発展を遂げてきた。しかし、多様な問題領域に対応できる汎用人工知能はこれまで実現されていない。全脳アーキテクチャ(WBA: Whole Brain Architecture)は脳に学んだ認知アーキテクチャであり、汎用人工知能を実現するための有用な基盤である [Yamakawa 2016]。全脳アーキテクチャでは、脳の各器官を機械学習モジュールとして実装し、各器官を統合することで認知アーキテクチャを構築する。この構築で必要になるのは、脳器官の働きを模した機械学習モジュールを統合するための統一的なプラットフォームである。我々はこの各モジュール間の結合を「コネクトーム」と呼ばれる定量的な神経科学的結合データを元に構築することで、効率的な WBA の開発が行えると考えている。本研究では、コネクトームを基にした AGI 開発のプラットフォームを構築することを目指し、その中心的基盤を全脳コネクトームアーキテクチャ(WBCA: Whole Brain Connectomic Architecture)と呼ぶこととする。コネクトームデータは、Allen Institute for Brain Science が提供しているマウス脳の神経結合性データベース (<http://connectivity.brain-map.org/>) を用いている。

## 2. 方法

### 2.1 Allen Mouse Brain Connectivity Atlas

Allen Mouse Brain Connectivity Atlas とは Allen Institute for Brain Science が提供しているマウス脳の神経結合データベースである [Oh 14]。このデータベースには 491 の野生型マウスの実験データが含まれており、その実験の一つ一つでは次の手順で解析が行われている。まず、ある脳領域の神経細胞群に蛍光タンパク質をコードしたアデノ随伴ウイルス(AAV: Adeno

Associated Virus)を感染させることで、感染した神経細胞群を蛍光タンパク質の蛍光によって可視化する。次に、脳を 100 $\mu\text{m}$  ごとに冠状面で切断し、それぞれの切片の蛍光の体積を計測する。最後に、マウスの標準脳と照らし合わせることで脳領域ごとの蛍光の体積を求める。以上より、ある脳領域への注入体積に各脳領域への投射体積が対応するデータベースとなっている。

### 2.2 脳領域間の神経結合強度の算出

WBA 内の機械学習モジュールの結合においては、コネクトームの神経結合強度を採用する方針である。神経結合強度はある脳領域から別の脳領域へ投射する神経細胞の情報伝達量で、強度が強いほど脳領域間の情報のやり取りが多いとする。Allen Mouse Brain Connectivity Atlas から取得した各領域の注入体積と投射体積に線形結合モデルをあてはめ、非負制約付き最小二乗法で重回帰分析により神経結合強度を求める(式.1) 得られた重回帰線の傾きを注入脳領域と投射脳領域間の神経結合強度と定義した。

$$\min_{W_{X,Y} \geq 0} \sum_{i=1}^{|S_E|} \left( \sum_{X \in S_X} W_{X,Y} PV(X \cap E_i) - PV(Y) \right)^2$$

$X$ : Source region

$Y$ : Target region

$W_{X,Y}$ : Normalized connection strength

$PV$ : Projection volume

$E_i$ : Set of all voxels containing neuron infected on the  $i^{\text{th}}$  injection

式.1 結合強度算出の回帰式

### 2.3 大脳新皮質領域における Feedforward / Feedback 結合の決定

WBCA では、情報の流れの方向性を定義しておかなければならない。各脳器官の機能を模倣するための典型的な機械学習の手法を適用するためには、情報の流れの方向性を定義する必要がある。そこで、ある脳領域からある大脳新皮質領域の各層 (1, 3/5, 4, 5, 6a, 6b) への結合強度を元に、主成分分析とクラスタリング解析を用いて Feedforward (FF) と Feedback (FB) を決定し

連絡先: 山川宏, (株)ドワンゴドワンゴ人工知能研究所,  
〒113-0033 東京都文京区本郷 5-24-5 角川本郷ビル

た. この解析は, 大脳新皮質の層構造を利用した解析方法であるため, 大脳新皮質への入力でなければ FF/FB を定義することはできない. よって, 大脳新皮質内の脳領域間および視床の脳領域から大脳新皮質の脳領域についてのみ解析を行なった. しかし, 視床-大脳皮質ループ回路に代表されるように大脳皮質から視床への結合も非常に重要な役割を担っているため, この結合を無視することはできない. そこで, 大脳皮質から視床への結合の FF/FB を視床から大脳皮質への結合に合わせて FF/FB を決定した.

### (1) 主成分分析

大脳新皮質内の脳領域の各層(1, 3, 4, 5, 6a, 6b) への結合強度に主成分分析を行ない, 各主成分の寄与率と各層の因子負荷量を算出した.

### (2) クラスタリング解析

大脳新皮質内の脳領域の各層への結合強度に K-means クラスタリング(K=2) を行なった. そして, これまでの知見との整合性が高くなるように二つのクラスに FF/FB を割り当てた. なお, 各脳領域の結合に FF/FB を割り当てる問題は分類問題として解けるが, 結合数に対して正解データ数が極めて少なく(大脳新皮質内: 47/1638(2.9%)), 正しく分類できないことが予想されたためにクラスタリング解析によって FF/FB を割り当てた.

### (3) 神経結合強度の閾値設定

典型的な機械学習の手法を用いる WBA アプローチでは, 情報の流れが巡回しないようにする必要がある. さらに, 神経科学的にも情報の流れが巡回してしまうことはない. よって, FF と FB のそれぞれが有向非巡回グラフ(Directed Acyclic Graph: DAG) となるような最小の結合強度を閾値として用い, 閾値に達しなかった結合は対象から除外した.

## 2.4 脳領域モジュール間ネットワークの可視化

クラスタリング解析と結合強度閾値の設定で決定した FF/FB を直感的に理解し易くするためにブロック図を用いて脳領域モジュール間の結合性ネットワークを描画した.

## 3. 結果と考察

### 3.1 モジュール間ネットワークの可視化

算出された各脳領域間の結合強度のうち, 大脳新皮質にある視覚野の結合強度を図.2 に示す. 例として, 一次視覚野はその他の領域との結合が強いことが示されている. 本神経結合性解析は, 大脳新皮質のみならず, 全脳領域にも対しても行っており, 脳モジュール間の定量的な接続サイズを算出する上で有効であると考えられる.

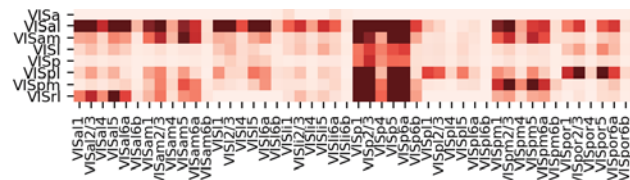


図.2 大脳新皮質内の視覚系結合強度ヒートマップ

なお, この結合強度は線形結合モデルを非負制約付き最小二乗法で回帰しているため, 全ての脳領域に十分な数の注入と投射がないと結合強度の値が正しく求まらなくなってしまう. これには, 3つの解決方法が考えられる. 1つ目は, さらなる実験データの蓄積を期待すること. 2つ目は, 領域ごとではなくピクセルレ

ベルで回帰を行うこと. 3つ目は, 遺伝子改変マウスによる実験データを解析することである. 今後, 2つ目と3つ目について検討していく予定である.

## 3.2 FF/FB 結合性解析

### (1) 主成分分析

大脳新皮質内の脳領域の各層への結合強度に主成分分析を行い, 第二主成分(Primary component 2: PC2)までの寄与率を表.1 に示した. 大脳新皮質内の結合も視床から大脳新皮質の結合も PC2 までで累積寄与率が 90% に達した. よって, PC1 と PC2 のなす平面状に結合をプロットした.

表.1 第二主成分までの寄与率(主成分分析)

	寄与率	
	PC1	PC2
大脳新皮質内	96%	2%
視床-大脳新皮質間	80%	11%

大脳新皮質内の結合では, PC1 が大きい部分に, Primary Visual Area (VISp) へ入力する結合が多い一方で, PC1 の小さい部分には VISp から出力する結合が多かった. なお, 因子負荷量を計算することにより, PC1 は 6a, 5, 3, 1 層が比較的大きな影響を与えていることが分かった.

視床から大脳新皮質の結合では, PC1 が小さい部分に, Dorsal part of the lateral geniculate complex (LGd) から VISp, Medial Geniculate Complex (MG) から Primary Auditory Area (AUDp) への結合が位置していた. これらは視聴覚の Feedforward 結合としてよく知られている結合である. なお, 因子負荷量から, PC1 は 5, 6a, 2/3 層が比較的大きな影響力を有していることが分かった.

### (2) クラスタリング解析

大脳新皮質内の脳領域の各層への結合強度に K-means クラスタリング(K=2) を行ない, Feedforward 結合と Feedback 結合を決定した. 決定した FF/FB を主成分分析の結果の上に重ねて, 色分けして表示した(図.3). 1638 の結合のうち, 1566 (95.6%) が FF で 72 (4.4%) が FB となった. FF には, 一次領野 (VISp, AUDp など) からその他の領野への結合が多く含まれていた. 一方, FB にはその他の領野から一次領野への結合が多かった. これは, これまでの知見と一致するものである.

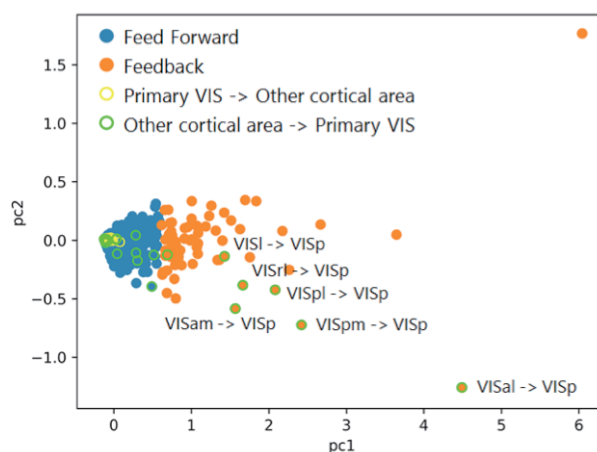


図.3 大脳新皮質の脳領域間の主成分分析とクラスタリング解析  
視床から大脳皮質の結合についても同様に K-means クラスタリング (K=2) を行ない、決定した FF/FB を主成分分析の結果に重ねて、色分けして表示した。(図 4) 1398 の結合のうち 1376 (98.4%) が FB で 22 (1.6%) が FF となった。FF には、大脳皮質への感覚入力経路としてよく知られている LGd から VISp への結合と MG から AUDp への結合が含まれていた。

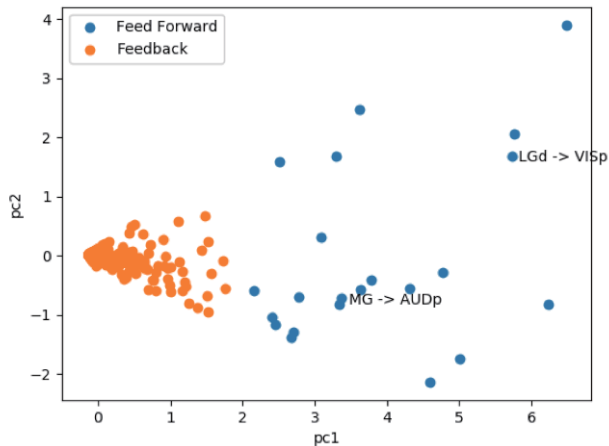


図.4 視床と大脳新皮質領域間の主成分分析とクラスタリング解析

### (3) 結合強度閾値の設定

大脳皮質内の各脳領 DAG となるための最低の結合強度閾値は 0.843 となった。一方、視床から大脳皮質の結合では FF と FB で共通の閾値を設定すると結合強度の比較的弱い FF の結合が一切なくなってしまうことから、FF と FB のそれぞれが DAG となるようにそれぞれに閾値を設けた。それぞれの閾値は、0.0807, 0.4432 となった。

しかし、これらの結合強度閾値は比較的高いため、多くの結合を無視してしまっている。この点に関しては、検討する必要がある。

主成分分析とクラスタリングの結果はほぼ同じ傾向を示した。そしてその結果は、これまでの知見と一致していた。よって、大脳皮質の各層への結合強度を用いることで FF/FB を決定できる可能性が示唆された。

最後に、クラスタリング解析の結果を元に作成したブロック図の一部(大脳新皮質視覚野)を図.5 に示した。細い矢印が Feedforward, 細い矢印が Feedback 性の神経結合を表している。脳領域間の FF/FB をブロック図として表すことで脳型 AGI を開発する人々が直感的に脳領域モジュール間の情報の流れを理解できると思われる。

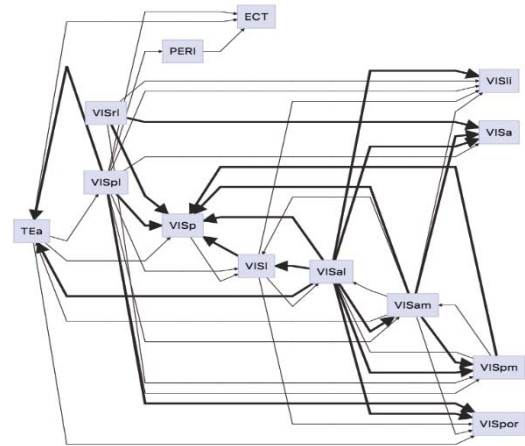


図.5 大脳皮質視覚野の FF/FB 性結合を反映したブロック図

## 4. 結論

本研究では、Allen Institute for Brain Science から提供されているマウス脳の定量的な実験結果をもとに各脳領域間の結合強度解析とその結合の方向性の定義を行った。そして、それを元に全脳アーキテクチャ(WBA)の統一的なプラットフォームである全脳コネクトームアーキテクチャ(WBCA)を構築した。これにより、各脳領域間における情報処理の流れを開発者が明確に把握することができるため、実際の脳内ネットワークに基づいて機械学習器を結合させることが可能となり、汎用人工知能の開発が促進されることが期待される。なお、今回構築した WBCA は GitHub に公開されている(<https://github.com/wbap/WBCA>) ため、脳型 AGI 共同開発の足掛かりとして利用していただきたい。

## 参考文献

- [Yamakawa 2016] Yamakawa et al.: Whole brain architecture approach is a feasible way toward an artificial general intelligence, ICONIP:275-281, 2016.
- [Oh 2014] Oh et al.: A mesoscale connectome of the mouse brain, Nature 508:207-14, 2014.