

JAMB Newsletter No. 14

数理生物学懇談会
ニュースレター

特集 第5回 数理生物学シンポジウム

第14号

1994年9月

*Japanese Association
for
Mathematical Biology*

第5回数理生物学シンポジウムとして研究集会“数理生物学における決定論・確率モデルの基礎理論的研究”が文部省統計数理研究所において行われます。講演のプログラムが以下のように決まりましたのでご案内いたします。

・ 1994年 数理生物学シンポジウム 日程予定

場所：文部省統計数理研究所（東京・広尾）

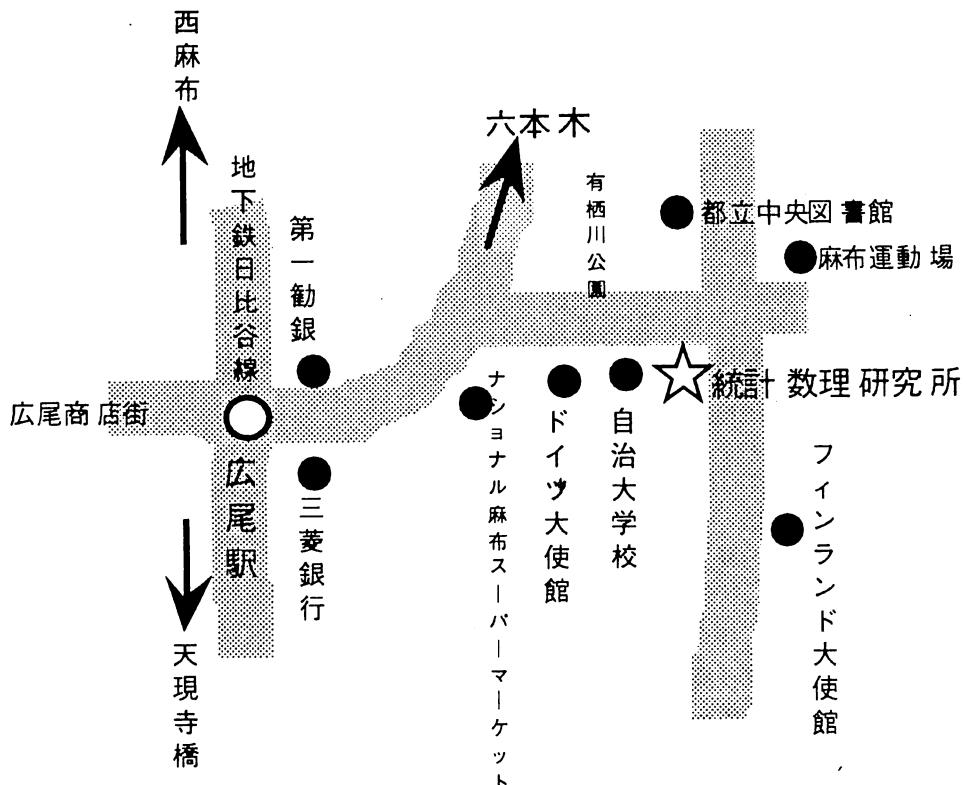
日時：1994年10月17日（月）～19日（水）

10/17（月）午後 13:00～14:10
14:30～17:00

10/18（火）午前 9:30～11:30
午後 13:00～14:30
15:00～17:00

17:30～懇親会

10/19（水）午前 9:30～11:30
午後 13:00～14:30
15:00～16:30



—第5回数理生物学シンポジウム—

program

10月17日（月）

- 13：00－13：10 あいさつ
- 13：10－14：10 伊藤栄明（統計数理研）
「確率モデルと生物モデル」 [招待講演]
- break -
- 14：30－15：00 泰中啓一（茨城大・理）
伊藤栄明（統計数理研）
「最小生存可能個体数」
- 15：30－16：00 松宮義晴（東京大・海洋研）
小出水規行（東京大・海洋研）
「Change-in-Ratio Methodsによる水産資源の評価」
- 16：00－16：30 藤曲哲郎（金沢大・教養）
「A Note on the Logistic Growth Curve」
- 16：30－17：00 竹内康博（静岡大・工）
Edoardo BERETTA (Univ. Urbino)
「時間遅れを持つSIR伝染病モデルの大域的安定性」

10月18日（火）

- 9：30－10：00 塩澤正純（電気通信大）
樋森与志喜（電気通信大）
神原武志（電気通信大）
「HIVの遺伝子変化による免疫系への適応戦略」
- 10：00－11：30 稲葉 寿（厚生省人口問題研）
梯 正之（広島大・医）
「HIV/AIDS 流行の数理モデル」 [招待講演]
- break -
- 13：00－13：30 平井正仁（電気通信大）
樋森与志喜（電気通信大）
神原武志（電気通信大）
「免疫ネットワークによる自己・非自己識別能の創発シミュレーション」
- 13：30－14：00 原口佳大（九州大・理）
「寄主と寄生者の組み換え率共進化」
- 14：00－14：30 高橋 亮（東京大・理）
青木健一（東京大・理）
「文化伝達と夫性的世話の共進化：二遺伝子座一倍体及び二倍体模型の解析」
- break -
- 15：00－15：30 石井一成（名古屋大・情報文化）
松田博嗣（九州大）
「2状態マルコフ環境における遺伝子頻度の定常分布－有限集団サイズの効果－」

15:30-16:00	飯塚 勝 (九州歯科大・数学) 竹生政資 (九州工大・情報科学センター) 「中立遺伝子座の遺伝的多様性に対する持続型確率的淘汰遺伝子座の影響」
16:00-16:30	佐々木顯 (九州大・理) Stephen Ellner (North Carolina State Univ.) 「変動環境下の進化的に安定な表現型分布」
16:30-17:00	生田剛一 (大阪大・基礎工) 倉田耕治 (大阪大・基礎工) 「複数の遺伝子座を持つモデル生物による種分化の研究」

17:30— 懇親会

10月19日(水)

9:30-10:00	瀧澤 栄 (東京農工大・農) 「階層的根系生長モデル」
10:00-10:30	前田卓哉 (立命館大・理工) 中島久男 (立命館大・理工) 馬渡峻輔 (北海道大・理) 「ヒラハコケムシの群体パターン形成の数理解析」
15:00-15:30	関村利朗 (中部大学女子短大) 「蝶の羽根の鱗粉配列パターン形成モデル」
10:30-11:30	三村昌泰 (東京大・大学院・数理科学) [招待講演] 「活性-抑制因子の相互作用に現われるパターン形成 —移動抑制の視点から—」
- break -	
13:00-13:30	柏木規正 (大阪大・基礎工) 倉田耕治 (大阪大・基礎工) 「個体発生と系統発生の類似性に関するシミュレーション」
13:30-14:00	中村真理 (電子技術総合研・大阪LERC部生体エレクトロニクス研) 車谷浩一 (電子技術総合研・大阪LERC部協調アキテクチャ計画室) 「蟻の採餌行動のモデル化とフェロモントレイルのパターン形成」
14:00-14:30	丹羽洋智 (農水省水産工学研) 「群れの構造と行動」
- break -	
15:00-15:30	佐々木直幸 (日本歯科大) 樋森与志喜 (電気通信大) 内藤正美 (日立基礎研) 渕上信子 (東京都立大) 神原武志 (電気通信大) 「めだかの学校 —自己組織的集団運動」
15:30-16:00	水野 繁 (大阪大・基礎工) 倉田耕治 (大阪大・基礎工) 「拡散的に結合された2つの振動子における加速効果の解析」
16:00-16:30	二宮広和 (東京工大・理) 「競争における初期値依存性」

確率モデルと生物モデル

統計数理研究所・総合研究大学院大学 伊藤栄明 (Yoshiaki Itoh)

水に浮かべた花粉の不規則運動は Brown 運動として知られている。 Einstein は思考実験から Brown 運動を定義し、当時問題になっていた原子論への有力な根拠を与える式を導いた（アインシュタイン選集 1，共立出版）。 Brown 運動という確率モデルのもつ興味深い数学的性質は Brown 運動という素材のなかに含まれていたものとも思える。素材がよければ興味ある様々な数学的な性質が自然にでてくるものであり、素材の発見から確率論の研究ははじまる。多くの確率モデルが、より抽象的な体系により統一される一方、よいモデルは複数の体系の接点になっていて確率論は確率モデルと理論体系の双方により構成されている。

Brown 運動ほど基本的でなくとも、確率論には様々な確率モデルがある。自然科学、人文科学、工学等の各分野において固有の確率モデルが発見され、用いられている。新種の確率モデルを発見することを目標とする確率論の研究もありうると思う。動物、植物、鉱物、等、の分野におけると同様に、確率モデルにおいても、興味深い新種の発見は容易にはできない。

現実のデータにかかわりあうことは、新種の確率モデルを発見する重要なきっかけになりうるものである。生物現象の研究には新種の確率モデル発見の機会が、数多くあるのではないかと思われる。

Ehrenfest の壺のモデルとじゃんけんを組み合わせたじゃんけんモデルというものを以前から考えている。このモデルは気体分子運動論における分子の確率的な衝突という考え方に基盤をおいている。確率衝突モデルという視点から、Fisher-Wright モデル、Lotka-Volterra 系、オーストラリアアボリジニーの婚姻規則、非線形可積分系、Karmarkar アルゴリズムの力学系、等の話題について述べ、新種の確率モデルを発見する試みについて考えてみたい。

最小生存可能個体数

泰中啓一、※伊藤栄明（茨城大・理・物理、※統数研）

生物種にはその種特有の最小生存可能個体数 (minimum viable population: MVP) という数があるようである。この数を知ることは生物保護の立場からすれば極めて大切である。これまでの理論は、固体数のゆらぎから絶滅確率を計算し、MVPの値を求めてきた。しかし、この方法ではMVPの値はせいぜい20までであった。ところが最近の中国のパンダの研究では、このMVPの値は極めて大きいかもしれないことを示唆している ($MVP > 100$) [1]。本講演の目的は、このような大きな値を見積もることである。

我々は近親婚の効果を取り入れることにした。近親婚といつても近交弱性そのものではなく、近親婚を回避するシステムを考え、その動態を格子モデルによって調べた。そのシステムというのは、オーストラリア先住民の婚姻システム[2]を一般化したものである。

シミュレーションの結果は、ガラス転移に類似した相転移を示した。その転移点には2種類あって、そのうちの1つが、ちょうどMVPと解釈できる。その結果、 $MVP =$ 数百個体となった。このことは、以下の結論に到達する：

- (1) MVPの値を決める要因は、近交弱性そのものよりも、近親婚を回避するための“好き嫌い” (mating choice) の方が重要である。
- (2) MVPの値が大きくなる理由は、集団の中に広い意味での近親者が広がり、breedingの相手がいなくなってしまうからである。

参考文献

- [1] O'brien, et al. Nature, 369 (1994) 179-180.
[2] K. Tainaka and Y. Itoh, Phys. Lett. A 187 (1994) 49-53.

Change-in-Ratio Methodsによる水産資源の評価

松宮 義晴・小出水 規行（東京大学海洋研究所）

目的：本報告はPaulik and Robson(1969)による資源学的特性値に関する統計的計算法を水産資源の評価や放流効果の算定に適用したものである。詳しい理論的内容はChapman(1955)に解説されている。CIR法（Change-In-Ratio）とは天然魚・放流魚、標識・非標識、雄・雌、成体・子供、A種・B種など2型の動物の2時期における組成の変化から、現存量・生産力（繁殖率）・漁獲率・生残率などを推定するものである。

基本式：本手法の基本は右式である。 $p_2 = (p_1 N_1 + R_x) / (N_1 + R)$

これより、 $N_1 = (R_x - p_2 R) / (p_2 - p_1)$, $X_1 = p_1 (R_x - p_2 R) / (p_2 - p_1)$, $N_1 = X_1 + Y_1$, $N_2 = X_2 + Y_2$, $p_1 = X_1 / N_1$, $p_2 = X_2 / N_2$, $R_x = X_2 - X_1$, $R_y = Y_2 - Y_1$, $R = R_x + R_y = N_2 - N_1$

N_1 と N_2 ：時期1と2の総個体数（現存量） p_1 と p_2 ：時期1と2の全体に対するXの割合

X_1 と X_2 ：時期1と2のx型の個体数 R_x と R_y ：x型とy型の時期2と1の差

Y_1 と Y_2 ：時期1と2のy型の個体数 R ： R_x と R_y の合計、または時期2と1の総個体数

手順：ステップ0→組成比率 p_1 と p_2 の異同を検定する。 ステップ1→ p_1 と p_2 のみ得られる場合は2型の生残率の相対比が求められる。 ステップ2→ p_1 と p_2 のほか R_x/R （部分抽出でよい）が得られた場合、漁獲率 R/N_1 、さらにx型の漁獲率 R_x/N_1 、x型の回収率 R_x/X_1 などすべての比率を求めることができる。 ステップ3→ p_1 と p_2 のほか、 N_1 , N_2 , X_1 , X_2 , Y_1 , Y_2 のいずれか1つと、 R , R_x , R_y のいずれか1つが既知の場合、すべての数値を基本式により計算できる。 ステップ4→ p_1 と p_2 のほか、 R_x と R_y が求められれば、すべての数値を計算することができる。

適用例：天然（海産）・湖産・人工の種苗間でナワバリ形成能力や友釣りによる釣られやすさが異なるアユの放流効果算定は有効な適用例といえよう。

A河川（流域約2km）の1991年の調査結果。調査方法（漁具）は漁期前（時期1、解禁日の2日前）は投網と刺網、漁期後（時期2）は投網、漁期中（40日間）は友釣りとびく調査である。x型は琵琶湖産アユ、y型は天然塑上アユ、両型の識別は脂鰭切除標識や側線上横列鱗数などに拠った。 $p_1=0.421$, $p_2=0.292$, $R_x=-7,025$, $R_y=-6,248$ から $R=-13,273$, $N_1=24,413$, $N_2=11,140$, $X_1=10,278$, $X_2=3,253$, $Y_1=14,135$, $Y_2=7,887$ が得られる。時期1の58日前に19,200尾を放流しているので、時期1までの生残率0.535（1日あたり死亡率1.07%）、漁獲率0.683、回収率0.366などの放流効果が計算できる。

拡張：2型を3型に拡張したモデルや、型間の一定の不等捕獲確率比をもつモデルも提案されている（Otis 1980, Pollock *et al.* 1985, Udevitz and Pollock 1991）。Seber(1982)などに紹介されている除去指數法と本CIR法を関連づけ、水産資源評価に適用した報告もみられる（Dawe *et al.* 1993）。

A note on the logistic growth curve

Tetsuo Fujimagari (*Kanazawa University*)

A controlled Galton-Watson process with an exponentially decreasing sequence of mean offspring numbers can be stable for a long generation.

Assume that $\{\xi_{ij}^{(n)}, n = 0, 1, 2, \dots, i, j = 1, 2, \dots\}$ is a sequence of independent nonnegative integer-valued random variables, and assume the distribution

$$p_k(i) = P(\xi_{ij}^{(n)} = k) \quad (i \geq 1, k \geq 0)$$

depends on i , satisfying the conditions:

$$p_0(i) + p_1(i) < 1 \quad (i \geq 1) \quad \text{and} \quad p_j(i) \neq 1 \quad (i, j \geq 1).$$

A controlled Galton-Watson process (CGWP) $\{Z_n, n = 0, 1, 2, \dots\}$ is defined recursively as

$$\begin{cases} Z_0 &= r, \\ Z_{n+1} &= \sum_{j=1}^k \xi_{kj}^{(n)} \quad \text{for } Z_n = k \geq 0 \quad (n = 0, 1, 2, \dots) \end{cases}$$

where r is a positive integer and $\xi_{0j}^{(n)} \equiv 0$. $\{p_k(i), k \geq 0\}$ is the offspring probability distribution when the total size of their parents is i . We assume the initial offspring number $r = 1$.

It is well known that

$$Z_n \rightarrow 0 \quad \text{or} \quad \infty \quad \text{a.s. as } n \rightarrow \infty.$$

Now let $m(i) = \sum_{k=1}^{\infty} kp_k(i)$ be the mean offspring number when the total size of their parents is i . Then,

$$E\left[\frac{Z_{n+1}}{Z_n} \mid Z_n = i\right] = m(i) \quad (i = 1, 2, \dots).$$

and it is shown that

$$m(i) \leq 1 \quad \text{for sufficiently large } i \implies Z_n \rightarrow 0 \quad \text{a.s. as } n \rightarrow \infty$$

In spite of this assertion, we can give some samples of computer simulations which show quite a stable behavior of total population sizes of each generations. In addition, it should be noticed that the mode of evolution of population sizes is very similar to the well known *logistic growth curve*.

時間遅れを持つ SIR 伝染病モデルの大域的安定性

竹内 康博（静大・工）, Edoardo BERETTA (Urbino 大)

蚊等の保菌生物を仲介して人間集団に拡がる伝染病のダイナミクスを表すモデルは 1979 年に Cooke により SIS モデルとして提案された。非感染者 (S) は、感染した蚊から感染媒体を受けとり、蚊は感染者 (I) から感染媒体を受けとる。このとき、i) 蚊が非感染状態から感染状態に変化するために一定の時間 $\tau > 0$ が必要であり、ii) 任意の時刻 t における感染した蚊の個体数は時刻 $t - \tau$ における感染者（人間）の数に比例し iii) 時間 t における集団の感染力は

$$(1) \quad \beta S(t)I(t - \tau)$$

で与えられると仮定された。しかし、 τ は一定ではなく分布パラメターであり、(1) は

$$(2) \quad \beta S(t) \int_0^{+\infty} f(\tau)I(t - \tau)d\tau, \quad \int_0^{+\infty} f(\tau)d\tau = 1.$$

とした方がより現実的である。ここで $f(\tau)$ は $R_{+0} = [0, \infty)$ で非負、2 乗可積分関数で、感染状態となるために時間 τ を要する蚊集団の割合を表す。

本講演では、人間集団を非感染者、感染者、回復者（免疫あり）の 3 つのクラスに分割し、それぞれの割合を S, I, R として、モデル

$$(3) \quad \begin{aligned} \dot{S}(t) &= -\beta S(t) \int_0^{\infty} f(\tau)I(t - \tau)d\tau - \mu S(t) + \mu \\ \dot{I}(t) &= \beta S(t) \int_0^{\infty} f(\tau)I(t - \tau)d\tau - \mu I(t) - \lambda I(t) \\ \dot{R}(t) &= \lambda I(t) - \mu R(t) \end{aligned}$$

の大域的安定性を考察する。ここで β, μ, λ は全て正の定数とし、人間の出生率と死亡率は全てのクラスで μ に等しく、新生児は非感染者とし、また、 β は感染者当たりの平均接触率、 λ は感染者の回復率を表す。(3) の正の平衡点を $E_+ = (S^*, I^*, R^*)$ 、伝染病がフリーの平衡点を $E_0 = (1, 0, 0)$ とすると、次の定理が証明される。

定理 1 : E_+ が存在すれば E_+ は常に局所的に漸近安定である。 E_+ が存在しなければ E_0 が局所的に漸近安定である。

定理 2 : E_+ が存在すれば集合 $\tilde{\Omega} = \{(S, I, R) \in R_{+0}^3, S < S^* + I^*, S + I + R = 1\}$ に関して大域的に漸近安定である。 E_+ が存在しなければ E_0 は集合 $\Omega = \{(S, I, R) \in R_{+0}^3, S + I + R = 1\}$ に関して大域的に漸近安定である。

『HIV の遺伝子変化による免疫系への適応戦略』

塩澤 正純 横森与志喜 神原武志

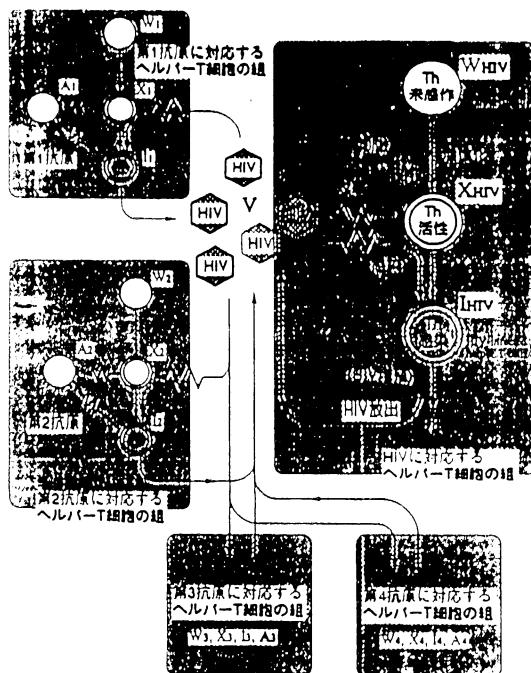
(電気通信大学 電子物性工学科)

AIDSは、その原因である HIV の感染により、免疫システムの中で指令塔的役割を担うヘルパー T 細胞 (Th 細胞) が徐々に破壊され、やがて免疫の機能が低下し、発症に至る。従来、AIDS 発症までには 5~10 年の潜伏期があり、この間 HIV は血液中から消え、活動しないとされて来た。しかし、実際には HIV はその期間中もリンパ節において高濃度で存在し、活動的であり、Th 細胞に対する感染も進行していることが分かった。では、なぜ HIV には厳密な潜伏期が無いのに、全身的な症状として AIDS 発症まで潜伏期が存在しているのか。その原因を明らかにするために、以下のような Th 細胞を中心とした細胞性免疫を考え、身体的な空間分布と遺伝的アルゴリズムを取り入れたモデルを作成し、シミュレーションを行なった。

免疫系の細胞は、直接 HIV と関係する Th 細胞だけを考える。胸腺よりある一定の割合で供給される未感作 Th 細胞 (W_i) は、特異的に対応する抗原 (A_i) の刺激によって、活性 Th 細胞 (X_i) に変化して増殖し、抗原を攻撃、無毒化する。HIV (V) は活性状態にあるどの Th 細胞にも取り付いて侵入し、感染した活性 Th 細胞は感染 Th 細胞 (I_i) になる。感染 Th 細胞は何らかのきっかけで HIV を多量に複製し、放出し、死ぬ。また、HIV も抗原の一種であるから、同様に HIV に対応する Th 細胞 (W_{HIV} , X_{HIV}) も存在しており、HIV を攻撃し、活動を抑制しようとする。しかし、HIV に対応する活性 Th 細胞も同じく HIV が感染し (I_{HIV})、HIV を複製し、死ぬ。HIV が体内に存在することによって、抗原の各種類ごとに独立していた未感作・活性 Th 細胞と抗原の閉じた系は、HIV を介して相互作用するようになる。(図参照; これら免疫システムの詳細はブルーバックス「パソコンで探る生命科学シミュレーション」を参照されたい。)

HIV の RNA は増殖を重ねるにつれ、変異によって変わってくる。とくに、HIV の外被の変化の割合が大きいことによって、免疫の攻撃から逃れることができる。HIV が Th 細胞の攻撃から回避する割合は、遺伝的変異により徐々に大きくなる。その割合がモデルに与える影響が大きいので、遺伝的アルゴリズムを取り入れて計算する。具体的には、ある RNA_k を持つ HIV (V_k) が活性 Th 細胞 (X_i , X_{V_k}) に感染すると HIV の RNA は HIV 自身が持ち込んだ逆転写酵素により、DNA となって Th 細胞の DNA に組み込まれ、プロウイルス状態となる。HIV 自身を記述する情報は逆転写時のエラーなどにより point mutation が起こり、少しずつ RNA_{k1} , RNA_{k2} に変化する。感染 Th 細胞 (I_i , I_{V_k}) 中では、これら RNA_k によって HIV の RNA や外被が次々作られるにつれて、HIV も増殖し、細胞を破壊して外部に出てくる。この時、 RNA_k や新しく RNA_{k1} , RNA_{k2} , … を持つ多量の HIV が放出される。これら各 HIV の数を x_k とし、性質の違いは 1. 免疫系からの攻撃回避の割合 (μ_k)、2. 増殖率 (λ_k)、3. 活性 Th 細胞に対する感染力 (γ_k) の相違として考慮する。

さらに、人体の状態に近付けるため、リンパ系と血管系、幾種類かの器官に対応するコンパートメントに分け、拡散させることによって空間分布を持たせたモデルとする。ここに、増殖率の大きさと、全身性の抗原や病巣を形成する抗原を複数感染させた後、HIV を感染させて、HIV の血液中とリンパ節での量の違いや、全身的な潜伏期がどのように変わるかを観測した。



$$\begin{aligned}
 \frac{dW_k}{dt} &= \eta_W - \frac{1}{\tau_W} W_k - p \frac{b V_k}{1 + b V_k} W_k \\
 \frac{dX_k}{dt} &= p \frac{b V_k}{1 + b V_k} W_k + \lambda_k \frac{b V_k}{1 + b V_k} \cdot \frac{(X_k + I_k)^2}{\theta^2 + (X_k + I_k)^2} - \frac{1}{\tau_X} X_k \\
 &\quad - \gamma_k X_k \sum_{j=1}^{all} V_j \\
 \frac{dI_k}{dt} &= \gamma_k X_k V_k - \frac{1}{\tau_I} I_k \\
 \frac{dV_k}{dt} &= \frac{1}{\tau_V} \sum_{j=1}^{all} I_j \pi_{jk}(t) - \mu_k (X_k + 0.5 I_k) V_k - \frac{1}{\tau_V} V_k
 \end{aligned}$$

各キャラクターの数を決める方程式

HIV/AIDS流行の数理モデル

稻葉 寿 (厚生省人口問題研究所)

かけはし

梯 正之 (広島大学医学部)

1981年に最初の症例が報告されて以来、AIDS（HIV感染症）は世界的な流行病となり、なおその流行は拡大を続けている。1994年6月末のWHO報告によれば、確認されたAIDS患者数は世界190カ国で累計98万5千人、未確認のものを含めた推計では400万人に達している。とりわけ近年ではアジア地域での急速な流行拡大が懸念されている。AIDSの流行が、今日の世界が直面する医学・保健衛生上の最大の課題の一つであることは論をまたない。

HIV感染症は、潜伏期間が長い、その間に感染力が変動する、また、リスク集団が多様であるなど、古典的な伝染病とはたいそう異なった特性を持っている。このようなAIDSの流行過程の特性を理解し流行抑止政策を開発・評価していくためには、数理モデルによるアプローチが有効であると思われる。この報告では、AIDS流行の動向や日本のHIV感染者数の推定問題などの実践的課題を考察するとともに、AIDS流行の数理モデルの基本的な考え方・最近の発展などを、演者らの研究も交えサーベイする。

Part I: Invasion Phase (稻葉)

1. 世界と日本のHIV/AIDS流行の動向
2. 日本のHIV感染者数の推定 (その1)
3. 動学モデルの線形化と基本再生産比

Part II: Long-run behavior (梯)

1. 日本のHIV感染者数の推定 (その2)
2. 集団における性行為の分布と流行

日本のHIV感染者数の推定について

稻葉 寿（厚生省人口問題研究所）

日本のエイズ症例数は1985年に最初のケースが報告され、以後しだいにその数を増してきたが、1989年5月のエイズ予防法施行以後1994年5月に至るまでに報告された累積エイズ症例数（凝固因子製剤による感染を除く） $D(t)$ の自然対数の時間的推移は線形関数 $\log_e D(t) \approx 3.89 + 0.359t$ によって極めて良く近似される ($R^2 = 0.9978$)。ただし t は1989年5月からの経過年数である。ここでは総症例数をとったが、感染経路別に考えても指數関数的増加の傾向は変わらない。またエイズ症例発生数も、少数例のため偶然変動や届出遅れ・漏れの影響を受けて適合度は落ちるが、ほぼ年率37%の指數関数的成长を示している。上記の観察は日本のHIVの感染において新感染者の単位時間当たりの発生数は指數関数的に増大してきていること、すなわち1980年代後半における西欧諸国と同様に日本が現在、HIVの指數関数的感染拡大期 (Exponential Phase) にあることを示唆している。

$i(t, \tau)$ を時刻 t 、感染からの持続時間 τ の HIV 感染人口の密度関数とする。自然死亡率を無視して、 $\gamma(\tau)$ を持続時間 τ において AIDS へ進展する推移強度（瞬間的発症率）とすれば以下が成り立つ：

$$i(t, \tau) = (\alpha \ell(\tau) + (1 - \alpha)) B(t - \tau), \quad (1)$$

$$\ell(\tau) := \exp \left(- \int_0^\tau \gamma(\sigma) d\sigma \right). \quad (2)$$

ここで $B(t)$ は時刻 t における単位時間あたりの HIV 感染者発生数、 α は HIV 感染者が最終的にエイズにいたる割合、 $\ell(\tau)$ は感染後 τ 時間を経て感染・未発症状態に残存している確率であり、 $F(\tau) := \alpha(1 - \ell(\tau))$ は潜伏期間

分布を与える。このとき以下が成り立つ：

$$D(t) = \int_0^\infty F(\tau) B(t - \tau) d\tau. \quad (3)$$

(3)において $D(t)$ の知識から $B(t)$ を求めるのが Back-calculation の原理であるが、ここでは単純に流行は Exponential Phase であると仮定して $B(t) = B_0 e^{rt}$ と仮定すれば以下の関係が成り立つことが容易に示される。

$$I(t) = \left[\frac{r}{\kappa} + \frac{1 - \alpha}{\alpha} \frac{1}{\eta} \right] D(t), \quad (4)$$

ここで $I(t)$ は HIV 感染者数、 r は指數関数的な成長率であり、 κ は以下で与えられる指數関数的成长下での粗エイズ発症率である。

$$\kappa := \frac{\int_0^\infty e^{-r\sigma} \ell(\sigma) \gamma(\sigma) d\sigma}{\int_0^\infty e^{-r\sigma} \ell(\sigma) d\sigma}, \quad (5)$$

$$\eta := \int_0^\infty e^{-r\sigma} \ell(\sigma) \gamma(\sigma) d\sigma. \quad (6)$$

潜伏期間分布として考えられるいくつかのパターンを仮定し、 $\alpha = 0.9$ 、 $r = 0.359$ とすれば $I(t)$ と $D(t)$ の比は 1.0 倍から 1.7 倍となる。従ってこのときエイズ症例数報告を信頼すれば、1994年5月時点では（凝固因子製剤によるものを除いて）約 3000～5000 の感染者がいると考えられる。推定結果は $\ell(\tau)$ の選定に強く依存している。無論、平均潜伏期間長いほど感染者規模はより大きくなる。またこうした計算値は国内のエイズ発症例として報告されないもの（例えば一時的に滞在する感染者）はカウントされなければならない。

さちに感染者の再生産過程をモデル化し、サーベイランスシステムによる診断をどうして感染拡大を防ぐ政策を考える。

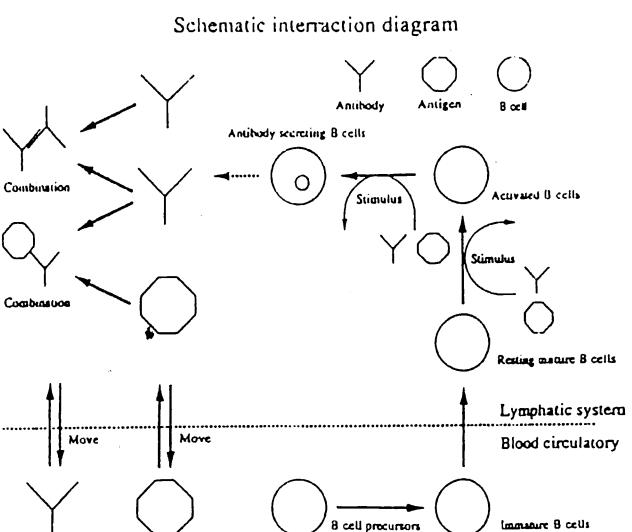
免疫ネットワークによる自己・非自己識別能の創発シミュレーション

平井正仁、樺森与志喜、神原武志（電気通信大学）

免疫系では、病原体などの外来物は攻撃するが、自分自身の細胞や組織を攻撃することはない。つまり、免疫系は自己と非自己についての識別を行い、自分自身の身体を守っているのである。これらのことから、逆に働く例として、臓器移植をした際に起こる拒絶反応や、自己免疫疾患が上げられる。ある実験による例で、生まれたばかりのマウスに、遺伝的に関連のない成熟したマウスの血球を入れ、このマウスが成熟した後に、血液を供給した方のマウスの皮膚をこのマウスに移植しても拒絶反応を示さない。このことは、免疫が、生まれながらにして自分自身の構成成分を識別する能力を与えられているのではないことを示している。むしろ、発生の段階で、生物が自分自身に対する寛容（自己寛容）を学ぶのである。この自己に対する議論は多く為されているが、まだはっきりとはわかっていない。

本研究の目的はこの自己・非自己の認識のメカニズムを解明することであり、コンピュータによるシミュレーションを行っている。

方法としては、下図のように、B細胞、抗体、抗原を入れたモデルを作り微分方程式を解くことを行なった。抗体 i 、抗体 j は互いに反応し合い、その結合力を k_{ij} で決めている。これは、イディオタイプを考え入れたもので、このモデルでは抗体がイディオタイプネットワークを形成すると考えた。また、遺伝子に突然変異を起こさせ、そのネットワーク形成に対する効果を調べた。本研究で、外部抗原が体内に侵入すると、定常状態にあるイディオタイプネットワークが乱れ、非定常状態となり、さらに、他の定常な状態へと移行し落ち着く。また、体内に多量に存在している自己に対しては、定常な状態を保ち続けネットワークが乱されることはない。これらのことから、自己・非自己識別の原因になると思われる。さらに、ネットワークの動的性質と自己・非自己との関係について詳しい報告を行なう。



寄主と寄生者の組み換え率共進化

○原口 佳大（九大・理・生物）

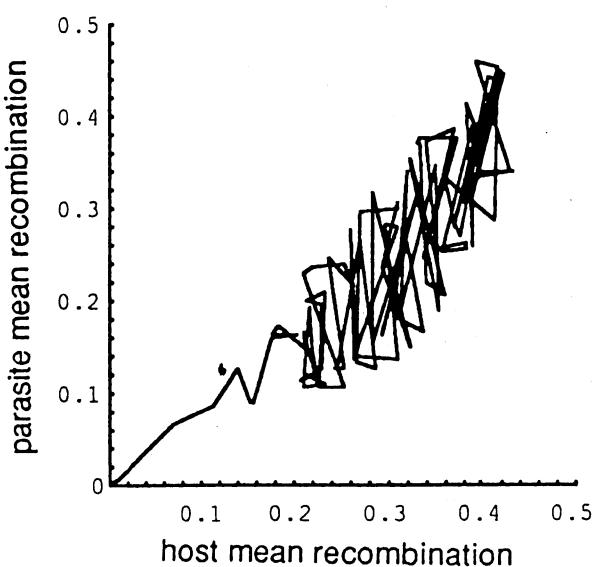
寄主にとって寄生から逃れることは重大な問題であり、寄生を逃れるために有性生殖と遺伝的組み換えが進化してきたという仮説がある。なぜなら、密度の高い遺伝子タイプの寄主が寄生されやすいため、組み換えを起こして密度の低い遺伝子タイプの子孫を残すことで子孫が寄生者にたかられることを回避する可能性があるためである。

しかし、寄生する側にとっても寄主に対し寄生を行う上で組み換えが有利になる可能性がある。そこで、寄主と同様に寄生者の組み換えも考えて、両方の組み換えがどう進化するかを考察するため、以下モデルの解析行った。

- (i) 寄主と寄生者は、それぞれ二遺伝子座 (A, B) 二対立遺伝子タイプを考え、それぞれの遺伝子タイプの寄生者は自分に対応する遺伝子タイプを持つ寄主に対し寄生する。
- (ii) A遺伝子座とリンクした組み換え率変更遺伝子座が、A,B間の組み換え率を決定する。
- (iii) 寄主と寄生者は、 Nicholson-Bailey モデルに従って増殖をするものとする。

寄主と寄生者それぞれの組み換え率の平均の時間変化、及びそれぞれの遺伝子頻度の時間変化等を数値計算を行った結果、寄主と寄生者は組み換え率がほぼ0の状態から、共に組み換え率が高い方へと共に進化することが解った。

また、多くの場合組み換え率は最大値0.5ま進化する。つまり、両者とも組み換えを起こすことを進化させ、さらにその進化はエスカレートして昇りつめるのである。この他、組み換えの代わりに、突然変異によって新しい遺伝子を作るものとした場合も以上のことと同様に寄主と寄生者は組み換えの進化のエスカレートが見られた。



Two-locus Haploid and Diploid Models for the Coevolution of Cultural Transmission and Paternal Care

文化伝達と父性的世話の共進化：二遺伝子座一倍体及び二倍体模型の解析

Kiyosi TAKAHASI and Kenichi AOKI, *University of Tokyo*.

高橋 亮, 青木 健一 (東京大・理・人類)

The coevolution of cultural transmission and paternal care is investigated using two-locus haploid and diploid population genetic models. By the origin of cultural transmission, we mean an evolutionary process whereby an allele encoding the capacity for culture replaces a null allele. This genetic change is assumed to occur as a result of natural selection induced by selective advantages associated with the culturally transmitted information, thus constituting coevolution of genetic and cultural information.

In mammals, maternal care of offspring is the rule whereas paternal involvement is often minimal. We hence assume two diallelic loci, one for the capacity for culture and the other for male parental behavior. The first locus with two alleles determines the capacity for culture of individuals. A communicator has the capacity to acquire and pass on the cultural information. An individual without the capacity is a non-communicator and never has the information. A communicator is further classified as cultured if he/she indeed has the cultural information, or uncultured otherwise. Transmission of cultural information is assumed to occur when at least one parent with the information takes care of a communicator offspring.

The second locus determines the parental behavior of a male, which is chosen from two alternative strategies, care-taking and mate desertion. A care-taking male assists his mate in rearing the offspring, and can pass on the cultural information if he happens to be a cultured communicator. A deserting male contributes only sperm and leaves his mate to seek additional mates. The care must be of kind which enables information transfer. Note that a male cultured communicator who deserts his mate cannot pass on his cultural information to his offspring. The effects of the alleles on this locus are male-limited and have no consequences for females. Females take care of their offspring irrespective of their genotypes.

Under above assumptions, the conditions are derived for the initial spread of cultural transmission and paternal care, along with the stability conditions of other equilibria. Usual local stability analysis indicates that if the biological father also provides care, and his continued presence facilitates the transfer of adaptive cultural information, then the conditions for the initial spread of a genetic capacity for cultural transmission are easily satisfied. Conversely, a genetic tendency for the biological father to provide care rather than to desert his mate is more likely to evolve if his role in enculturation is especially important. These predictions derived from the mathematically simpler haploid model are seen to hold approximately for the more realistic diploid model. If reliability of paternity is low, so that faithful males often direct care and cultural information at unrelated infants, the evolution of cultural transmission and paternal care are both unlikely to occur. Together with the observations that the degree of paternal care is exceptionally high in humans, while the reliability of paternity is also high, the results lead us to speculate that the origin of cultural transmission and the monogamous family may have been linked in the hominid line.

2状態マルコフ環境における遺伝子頻度の定常分布 —有限集団サイズの効果—

石井一成(名大・情報文化学部), 松田博嗣(九大)

分子進化の集団遺伝学的機構に関する中立説・適応説論争を解決するためには、進化がランダム・ドリフトによってではなく、変動環境への適応として起こるための条件と、その進化描像の特徴について、包括的な理論を整備する必要がある。今回は、集団サイズ N の有限集団において、選択強度 s と環境変動率 γ の揺動選択と突然変異率 μ の下にある 2 アレル・モデルについて、アレル頻度の定常分布を調べた結果を報告する。集団サイズ N が無限大でサイズ効果が無視できる場合については、既に定常分布が解析的に求められている(松田・石井 1981)。

着目アレルの頻度を $x(t)$ とし、選択有利度 $s(t)$ は $\pm s$ の 2 値を取るとする。 $\sigma = \pm$ に対し、分布

$$p_\sigma(x, t) \Delta x \equiv \text{Prob}\{s(t) = \sigma s, x \leq x(t) \leq x + \Delta x\}$$

の定常分布 $p_\sigma(x)$ は、 σ 環境での確率流

$$J_\sigma \equiv \{\sigma s x(1-x) + \mu(1-2x)\}p_\sigma - (1/2N)d\{x(1-x)p_\sigma\}/dx$$

を用いると、連立 2 階常微分方程式

$$-dJ_\sigma/dx + \gamma(J_{-\sigma} - J_\sigma) = 0 \quad (\sigma = \pm)$$

を境界条件 $J_\sigma(+0) = J_\sigma(1-0) = 0$ の下で解いて求められる。

特に、塩基座あたりの進化データを念頭において、弱突然変異 $N\mu \ll 1$ の極限を考えると、遺伝子頻度 x の定常分布密度 $p(x) = p_+(x) + p_-(x)$ は

$$p(x) = \hat{\mu}x(1-x)^{2\hat{\mu}-1} \frac{\cosh\{\hat{s}(2x-1)\} + \tilde{\gamma} \sinh \hat{s}/\hat{s}}{\cosh \hat{s} + \tilde{\gamma} \sinh \hat{s}/\hat{s}}$$

と解析的に求められる($\hat{\mu} \equiv N\mu$, $\hat{s} \equiv Ns$, $\tilde{\gamma} \equiv \gamma/\mu$)。平均ヘテロ接合度 $\langle H \rangle$ は

$$\langle H \rangle \equiv \int_0^1 2x(1-x)p(x)dx = 2\hat{\mu}(1+\tilde{\gamma})/(\hat{s} \coth \hat{s} + \tilde{\gamma})$$

となる。

McDonald & Kreitman(1991) はキイロショウジョウバエ属の *Adh* 遺伝子について種間変異置換数/種内変異置換数比のデータ解析を行った。上の結果に基づいて多型と進化速度 v の比 $R \equiv \langle H \rangle/(Nv)$ のパラメタ依存性を調べてみると、彼等の結果は、異義置換の選択強度 \hat{s} が同義置換よりも大きいと仮定することによって、環境変動率が $\tilde{\gamma} < 1$ の領域で説明できる。

中立遺伝子座の遺伝的多様性に対する持続型確率的淘汰遺伝子座の影響

飯塚 勝（九州歯科大学 数学教室）

竹生 政資（九州工業大学 情報科学センター）

最近の DNA レベルの実験集団遺伝学の研究により、アルコール脱水素酵素遺伝子やアミラーゼ遺伝子などで少数の DNA 座位に自然淘汰が働いていることを示唆するデータが蓄積されつつある。一方、分子進化や集団の遺伝的多様性を説明する自然淘汰理論としての持続型確率的自然淘汰モデルの重要性が認識されつつある。ここでは、自然淘汰に関して中立な DNA 座位の遺伝的多様性に対する持続型確率的淘汰の働く DNA 座位の影響についての理論的研究結果を報告する。以下では DNA 座位を遺伝子座と呼ぶこととする。

任意交配をする $2N$ 個体からなる半数体生物集団を考え、2つの遺伝子座に着目する。第1の遺伝子座には2つの対立遺伝子 A_1 と A_2 が存在し、これらは自然淘汰に関して中立であるとする。 A_1 と A_2 の間には世代当り u_A の突然変異率で可逆的に突然変異が起こるとする。一方、第2の遺伝子座には2つの対立遺伝子 B_1 と B_2 が存在し、これらの間には世代当り u_B の突然変異率で可逆的に突然変異が起こるとする。第2の遺伝子座には次の持続型確率的自然淘汰が働くとする。第 n 世代における B_1 の B_2 に対する相対適応度を $1 + s_n$ とするとき $\{s_n\}$, $n = 0, 1, 2, \dots$ は $\{s, -s\}$ 上のマルコフ連鎖で

$$P(s_n = s_{n-1}) = p, \quad P(s_n = -s_{n-1}) = 1 - p,$$
$$P(s_0 = s) = P(s_0 = -s) = \frac{1}{2}$$

をみたすとする。第2の遺伝子座に対する環境の平均持続時間 τ は

$$\tau = \sum_{k=0}^{\infty} (k+1)p^k(1-p) = \frac{1}{(1-p)}$$

で与えられる。これらの遺伝子座間の世代当りの組み換え率を c とする。

定常状態における第1、第2遺伝子座の平均 heterozygosity (多様性の尺度) をそれぞれ $E[H_A]$, $E[H_B]$ とする。ここでは、中立遺伝子座（第1遺伝子座）の遺伝的多様性 $E[H_A]$ に対する第2の遺伝子座の持続型確率的自然淘汰の影響を2遺伝子座2対立遺伝子 Wright-Fisher モデルのコンピュータ・シミュレーションと strong selection, weak mutation (SSWM) limit における近似理論を用いて考察する。すなわち、第2の遺伝子座の影響がない場合 ($s = 0$) の $E[H_A]$ を $\langle H_A \rangle$ で表し、

$$R = \frac{E[H_A]}{\langle H_A \rangle}$$

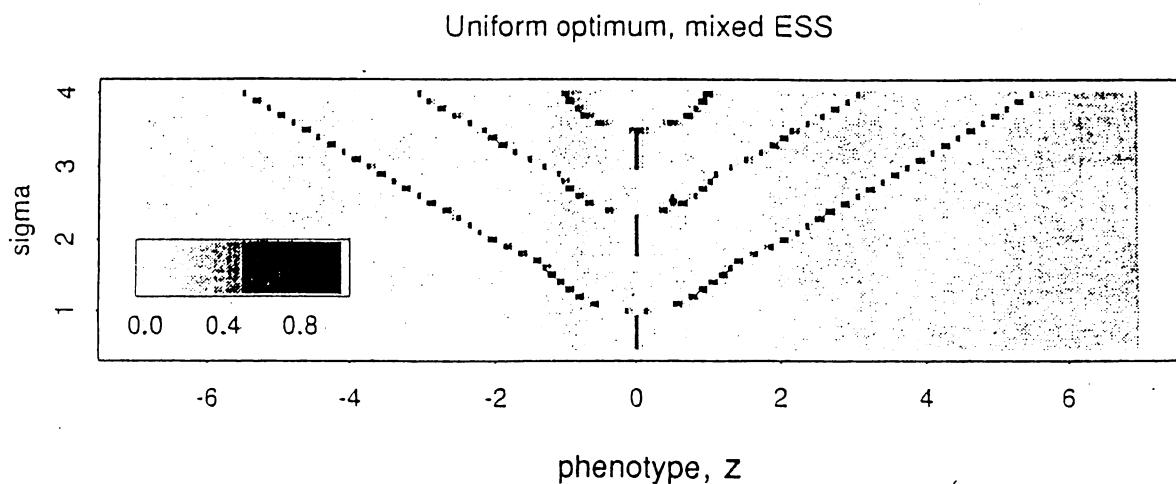
が、持続型確率的自然淘汰の平均持続時間、自然淘汰の強度、突然変異率、組み換え率にどのように依存するかを明かにする。

変動環境下の進化的に安定な表現型分布

○佐々木顕(九大理) Stephen Ellner (North Carolina State Univ.)

環境が変動するとき、親個体は多様な表現型の子を産むことによって(両賭け戦略)、平均的には不利でも大きく環境が変動した時のリスクを回避できる可能性がある。ここでは、安定化淘汰を受ける量的形質を考え、最適な表現型は世代ごとにランダムに変動すると仮定し、親がどのように子の表現型を分布させる戦略が進化するかを考える。どんな突然変異型分布の侵入も許さない、進化的に安定な(ESS)表現型分布について以下の結果を得た:

- (1) 環境の変動幅が閾値以下であれば、環境の平均値に適応した表現型だけを生産する単表現型戦略が、変動環境幅が閾値を超えると、子孫の表現型を大きく分散させて環境変動によるリスクを回避する多表現型戦略が進化的に安定である。
- (2) ESS 表現型分布のサポートは孤立点集合である。つまり連続的な変異は変動環境への適応にはならず、ESSは必ず離散分布になる。
- (3) ESS 表現型分布は環境変動幅の増加とともに分岐し、表現型変異の数が増加する。最適値 θ_* の分布 $q(\theta)$ の尖度が正規分布の尖度より小さいとき($Q \equiv E(\theta^4)/3\sigma_\theta^4 < 1$)、環境変動幅 σ_θ の増加につれて ESS 表現型分布は単型から二型さらに三型へと分岐する(下図)。一方、 $Q > 1$ のときには ESS は単型から三型、五型へと分岐する。



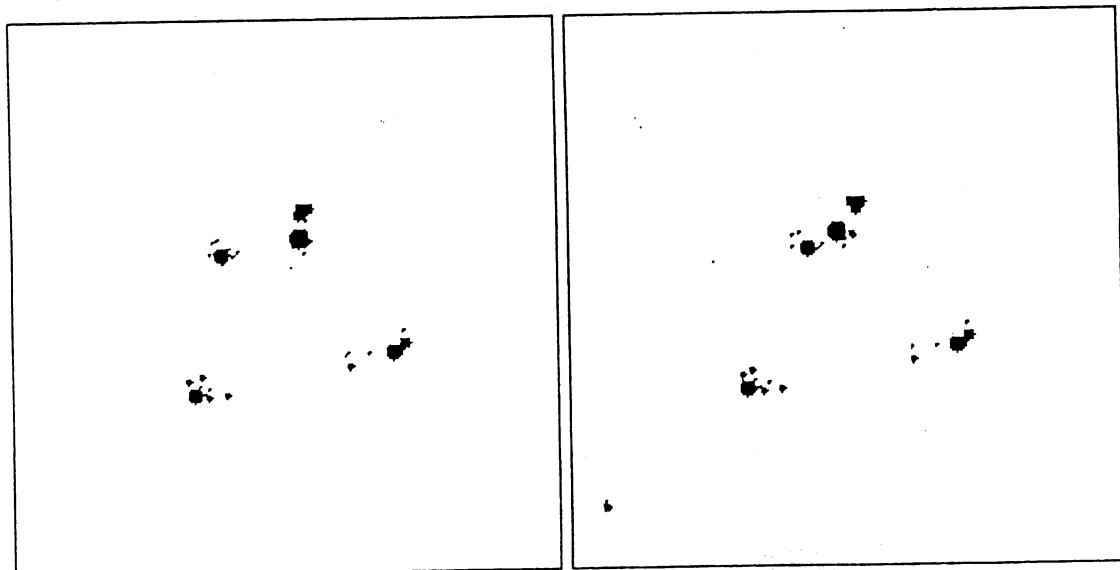
複数の遺伝子座を持つモデル生物による種分化の研究

生田剛一 倉田耕治 (大阪大学 基礎工学部 生物工学科)

現在、地球上の生物の形態には、驚く程の多様性が見られる。交配可能な種内に於いても、幾つかの異なった形質の集団が見られる場合もある。これらの種は種内に於いて、遺伝的に連續に分布しておらず、いわゆる遺伝的に多型な状態となっている。このような種分化や遺伝的多型を引き起こす原因としては、地理的隔離等の外的要因が考えられる。しかし、この他にも進化の力学そのものに内在する要因があるのではないだろうか。

この内的要因としては、突然変異と競合の二つが主なものとして考えられる。従来の研究では、生物の形質が一次元的に分布すると仮定して、競合や突然変異が一次元上で起こるモデルを用いていた。しかし、このモデルでは、競合と突然変異だけでは種分化は示されず、種分化を起こす為には競合と突然変異に加えて性選択、あるいは、形質の境界条件等を加えなければならなかった。

実在の生物では、その形質は多数の独立な形質要素の組合せにより、決定されている。本研究では、独立な形質要素に対応する遺伝子座を多数持つモデル生物を使ってシミュレーションを行ない突然変異と競合の二つの要因だけで種分化が起こることを示す。下図は、遺伝子座を10個持つモデル生物を用いてシミュレーションをおこなった結果である。



ステレオグラムによるモデル生物の分布図

モデル生物は10次元の超立方体の頂点に分布するので、これに主成分分析を行わない、第3主成分までをとってステレオグラムとして表示している。

階層的根系生長モデル

東京農工大学 農学部 濱澤 栄

【キーワード】トウモロコシ、根系、フラクタル性、システム、土壤

1. 動機

土壤中で発達するひげ根系作物の根系パターンをモデリングしたい。土壤条件の変化が根系パターン形成に及ぼす影響を予測したい。

2. 実験

土壤中の根系を直接見ることができないので、薄い透明のアクリル樹脂板を用いて根箱栽培実験を行った。土壤密度を上層と下層で変えたり、全層を均一な低密度あるいは高密度とした。作物はトウモロコシである。約1カ月間生育させた後、根箱側面に沿って生長した根系の分枝状態を観測した。その後、根系の形を崩さないように土を洗い流し、2次元状の根系サンプルを得た。根系サンプルの輪郭等は、土壤条件によって差が現れた。根系分布はいずれも異方的になった。根系分枝の角度や間隔は、土壤条件によって大差無かった。

3. モデリング手法

複雑に分枝・発達した根系形状の再現ルールを抽出するため、三つの観測スケールに分けてモデリングした。
①メタルール：数十cmのオーダーで観測できる根系全体の形を特徴づけるルールで、根系輪郭や根密度分布を対象にした。
②根分枝ルール：数cmのオーダーで観測できる比較的規則的な根系分枝を確率システムにより定式化した。
③根端運動：数mmのオーダーの運動特性で、本実験では観測していない。文献データを参考に、根端転頭運動と重力屈性を組み合わせた根端伸張運動を仮定した。大きなスケールのルールが小さなスケールのルールをルーズに支配するように各階層のルール群を再構成して、ひとつの根系生長モデルとした。

4. シミュレーション結果

右図に、1本の主軸根を対象にしたシミュレーションの一例を示す。上層が柔らかい土で下層は硬い。主軸根の根端が硬い土に進入できなくて水平屈折し、その後重力屈性で下方へカーブさせた。2次の分枝根は、主軸根が硬い土を感じた段階で発生させている。この図は、根箱側面から観測された主軸根の様相と酷似していた。

実験で得られた根系サンプルの形を再現するシミュレーションを実施し、2次元ではあるが、ほぼ似たような形を再現できた。

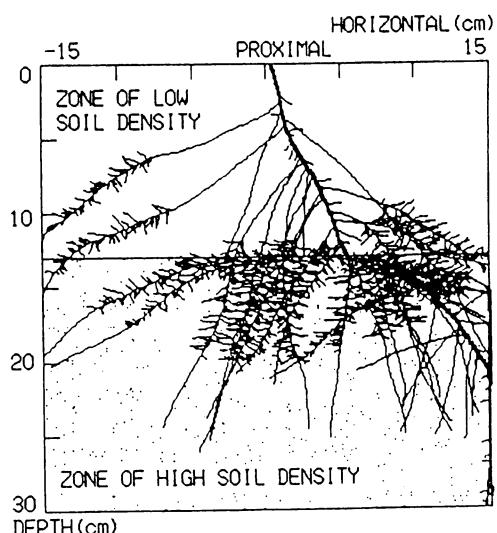


図 1 本の主軸根のシミュレーション

「ヒラハコケムシの群体パターン形成の数理解析」

前田 卓哉、中島 久男（立命館・理工）

馬渡 峻輔（北大・理）

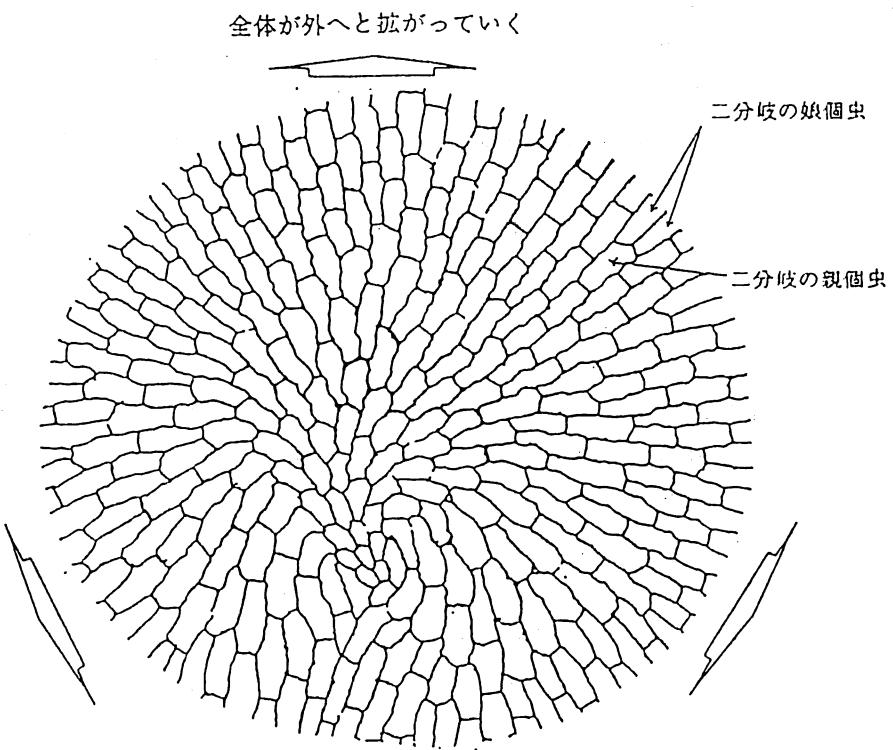
ヒラハコケムシの群体は海藻表面上で、初虫と呼ばれる一個体から無性生殖による出芽を繰り返して同心円状に成長していく。一つの個虫は一度だけ娘個虫を無性的に出芽するが、このときに出芽する娘個虫は一個か二個のどちらかである。それぞれの個虫は石灰質の壁で作られる虫室の中にいて、虫室は縦長の多角形（五、六、七角形）で近似できる。群体は同心円の法線方向に成長していくが、時々一つの個虫が二個の個虫を並べて出芽（二分岐）することで空間を隙間なく埋め尽くしている。このとき、隣接個虫の虫室とは虫室の長さの半分程ずれて、比較的規則性のある群体パターンを形成している（図参照）。

これまで、群体全体の採餌効率を高めるよう虫室の配列が実現されていることが明らかになってきている。このことを踏まえて、群体形成過程を表す数理モデルを考えた。まず群体周辺部の状況を説明することができる娘個虫の出芽は一個虫のみとするモデルを考えた。この単純なモデルは適当な成長規則を選ぶことにより、何世代か後に各個虫が虫室を半分ずらして並ぶことを示すことができた。

次に、この成長過程に二分岐過程を考慮に入れ、コケムシの群体パターン形成の説明を試みた。

これまでの観測から、二分岐を生じる親個虫は、周りの個虫との位置関係によって二つの娘個虫の長さを制御しているのではないかと思われる。また、二分岐には群体全体の対称性を保つような傾向があることが示唆されている。このことは、二分岐を生じる親個虫が群体形成において、重要なプロセスを担っていることを示すものである。我々は、出芽過程は直接した個虫との相互作用のみによって制御されているとし、群体パターンが局所的な相互作用のみによって形成され全体としては生物学的な機能を持ったものとなることを検証しようとしている。

上のような仮定に基づき、拡張された Lindenmayer System モデルを考え、様々な相互作用の方式を試みて、現実の群体パターンとの比較を行うことにより、得られた群体形成過程の基本的なルールについて発表する。



図一 ヒラハコケムシの群体パターン

図は虫室の壁を表している。各個虫はこの虫室の中にいる。

蝶の羽根の鱗粉配列パターン形成モデル

Pattern Formation of Scales in Lepidoptera
by Differential Origin-Dependent Cell Adhesion

関村利朗（中部大学 女子短大）

蝶類の羽根は、規則的に並んだ無数の鱗粉で覆われている。この鱗粉によって2種類のパターンがつくられている。一つは、種に固有な、多様で美しいカラーパターン（色紋様）であり、今一つは、全ての蝶類に普遍的にみられる、規則的な鱗粉の配列パターンである。不思議な事に、両者のパターン形成機構は、様々な実験的証拠から、互いに無関係であると考えられている。今回、我々が問題にするのは、後者の鱗粉配列パターン形成についてである。

鱗粉配列パターンには注目すべき特徴が知られている。鱗粉細胞は羽根の前後軸方向に平行列をつくる。この平行列は羽根の基部外縁軸 (Proximodistal axis) 方向にほぼ等間隔に並ぶ。この平行列は羽根の翅脈 (Veins) を横切って連続しているだけでなく、羽根の表面と裏面（二枚の細胞シート）にわたって連続しているのである。

我々は、最新の実験的知見を考慮に入れながら、上述の鱗粉配列パターン形成機構に関する理論モデルを連続モデルの枠内で構築した。モデル方程式の非線形偏微分方程式の数理的解析により、広いパラメータ領域で安定な縞模様が存在することがわかった。この事は、その計算機シミュレーションによっても確かめている。

なお、このモデルはワシントン大学 J.Cook、M.Zhu 両博士、J.Murray 教授、および、オックスフォード大学 P.Maini 博士との共同研究によるものです。

活性一抑制因子の相互作用に現われるパターン形成 —移動抑制の視点から—

東京大学大学院数理科学研究科 三村昌泰

生物学に現われる時空間パターン形成のひとつに活性因子と抑制因子の二つの因子がある拡散場において相互作用することから現われることは良く知られている。このとき抑制因子は活性因子の活性化を抑える作用、そして拡散場における lateral inhibition という作用の二つの作用の絡み具合が本質である。

本講演では、それに対比して、抑制因子が活性化をダイナミクスとして抑えるのではなくて、その活性化による空間的な拡がりを抑えるという移動抑制をする場合に、果たしていかなるパターン形成を生じるかを走化性モデルも用いて示す。

参考論文

- [1] M. Mimura, T. Tsujikawa, R. Kobayashi and D. Ueyama: Dynamics of aggregating patterns in a chemotaxis-diffusion-growth model equation, *Forma* 8 179-195, 1993
- [2] M. Mimura and T. Tsujikawa: Aggregating pattern dynamics in a chemotaxis model including growth, *manuscript*.

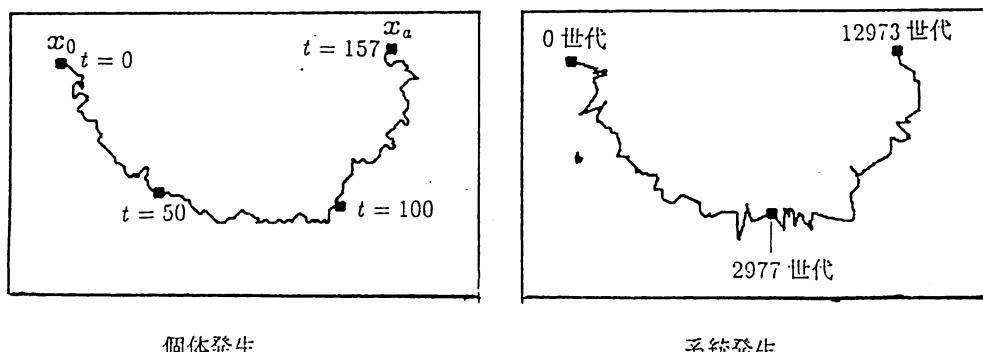
個体発生と系統発生の類似性に関する シミュレーション

柏木 規正 倉田 耕治 (大阪大学 基礎工学部 生物工学科)

個体の成長の道筋である個体発生と種の進化の道筋である系統発生との間には明白な類似性がある。たとえば人間の胎児は、魚類、ハチュウ類のような形態を通過して成体に至る。このことを反復説又はヘッケルの法則と言う。この様な類似性は、なぜ起こるのであろうか。その様な個体発生と系統発生の類似性を定性的に明らかにし、又その原因をつきとめるために我々は次のようなコンピューターシミュレーションを行なった。

非常に多くのパラメタを持つ非線形な力学系を考える。これは個体の発生の過程を模している。この力学系の初期値は、発生の出発点つまり受精卵の状態を表し、そこから出発して行きつく平衡点は、発生の最終形態つまり成体を表している。力学系の一部を変化させると、発生の経路が変わり成体も変化する。これが突然変異である。適当な評価関数によって評価し、適応度が大きくなった変異だけを採用すれば、進化が起こる。このようにして成体が変化した軌跡が系統発生であり、現在の力学系による発展の軌跡が個体発生である。このシミュレーションでは、個体発生と系統発生の間に高い類似性が見られたが、それはつぎのような理由によると思われる。

突然変異により個体発生の仕方が変化する時、発生の初期段階で起こった変異は、その後の発生プロセスの全てに影響を与える可能性が大きく致命的なものになり易い。しかし発生の末期で変異が起こったものは生き残って進化につながることがあるであろう。こうして新しい種は前の種の発生段階の殆どを受け継ぎ、最終的な部分を少し変更して出現することになるはずである。新しい形質が過去の個体発生の上に少しづつ積み重なっていくことから現在の個体発生は過去の系統発生の歴史を含むことになる。



蟻の採餌行動のモデル化とフェロモントレイルのパターン形成

中村真理 *1、車谷浩一 *2

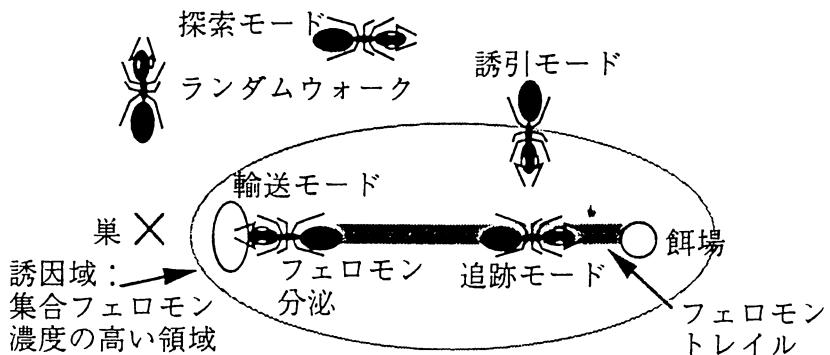
電子技術総合研究所大阪LERC部生体エレクトロニクス研究室 *1

協調アーキテクチャ計画室 *2

要旨： 本発表では蟻の採餌行動の数理モデルを提唱する。この系は、共通の行動ルールを持つ多数の全く同質な蟻個体で構成され、各個体は局所的な情報（フェロモン濃度）を用いて行動を決定する。このようなモデルで、各個体の自律的行動の結果、系全体が採餌行動を遂行し、フェロモントレイルのパターンを形成する事を数値実験によって示し、その機構について考察する。更に、各個体の行動則を規定するパラメータを変化させると、系全体の挙動が変化し、種々のトレイルのパターンが分岐することを示す。

モデルの構成： 平面上に「巣」と複数個の「餌場」があり、各個体は平面上を移動する。系全体で「餌の探索」と「餌の巣への輸送」の作業を適宜に同時処理させるため、系を構成する各個体は次のルールに従って行動する。探索モードの個体は、餌場あるいは高い濃度の集合フェロモンに遭遇するまでランダムウォークし続ける。高濃度フェロモンを感受した個体は濃度の高い方に誘引される（誘引モード）。フェロモントレイルに遭遇した個体はトレイルを逆に辿る（追跡モード）。餌に遭遇した個体は、餌を巣へ輸送しながらトレイル上にフェロモンを分泌する（輸送モード）。餌を運び終えた個体は探索モードに戻る。フェロモンはトレイル上から蒸発・拡散し、周辺の他個体を餌場へ動員する。このように個体は局所的フェロモン濃度を用いて他個体と通信できる。

系全体の挙動とトレイルのパターン形成： 上のモデルで個体数が臨界値を越えると、少數個のトレイル上への個体の集中及びトレイルの強化が見られる。同様の現象はJ. R. Koza. "Genetic Evolution and Co-Evolution of Computer Programs", In *Artificial Life II*, edited by C. G. Langton et al. :603-629, Addison Wesley (1991)等で報告されている。本研究では、上記のモード間遷移を規定するパラメータを一律に変化させると、探索と輸送に従事する個体数比が変化するため系全体の挙動が変化し、その結果、様々なトレイルのパターンが分岐することを示す。



群れの構造と行動

丹羽洋智（農林水産省水産工学研究所）

回遊性の魚やある種の動物プランクトン・アミ類は個体間の誘引性に基づく群れを形成し、これらの群内で個体間の位置関係、すなわち構造に関連して、次の4つの現象が魚やアミ類の集団運動の特徴として挙げられる。

第1は、個体がすべて同じ方向に並び同じ行動をしている群れ形態（school）や、個体の方向がバラバラで統一された行動がなく、ただ集まっている状態（aggregation）がある。この群れの形態変化は統計物理学における相転移現象に対応していると考えられる。

第2は、school-aggregationの群れの形態変化にともない、群内の個体数密度が著しい変化を示すことである。例えば、夜間のaggregation状態にあるカタクチイワシ魚群内の個体数密度は、昼間のschool状態にある群内密度の1/132～1/460である。また、school状態にある魚群内の数密度は群れを構成している魚の個体数には依存せず一定であり、密度の群れサイズによるスケール効果は認められない。

第3は、魚群が高度に編成されるためには一定の密度が必要である。例えば、トゲウオの群泳においては、隣り合う個体間の平均距離が1魚体長以内のときは、群れの配列は規則正しく、それ以上になるとランダムに近づくか、ただ集まっている状態になる。

第4は、school状態にある魚群の形状は、水平的に極めて細長い帯状を呈しており、球形状の群れは安定でない。さらに、帯状魚群の長手方向は群れの進行方向と一定の関係がある。例えば、マイワシ魚群を航空機で上空から観察すると、帯の長さで100～150m、幅で15m程度の群れが最も観察頻度が高く、ときに帯の長さは1,000mを越えることもあるという。同時に音響測器を用いた船上からの観察によると、群れの鉛直的な厚さについては4m前後のものが最も多い。このとき、帯状のマイワシ魚群は進行方向に向かって横に広がった横隊で移動するが、球状の魚群は動きが一定しておらず形状変化が激しい。一方、アミ類の群泳においては、形状は群れの移動方向に細長くなる。

生物が群れを構成するためには個体のランダム運動に基づく拡散のプロセスと釣り合う何らかの組織化された運動が必要である。この場合は個体間の誘引力によるものと考えられる。また、school状態にある群れであってもその構造は結晶格子のように規則的・幾何学的な形態はとっておらず、群内の隣り合う2個体を結ぶベクトルはガウス分布をしていると見なす方が真実に近い。これを模型的にいえば、相隣る個体どうしをバネで結び付けたものに相当し、個体のランダム運動による拡がりの力が、バネ全体の収縮の力と釣り合った状態で群れになる。さらに、2個体を結ぶベクトルの角度分布は一様でなく、隣接個体を自分の体軸に対して一定の角度に保とうとする傾向がある。例えば、マイワシやギンザケ魚群では、最も近い個体はほとんどすぐ横にいる。一方、アラハヤ魚群では、個体相互が進行方向に連なって位置する。

報告では、これらの単純な行動規則と、近接個体間に働くハード・コアの反発力および短距離でのみ有効な引力に基づいた、群れの力学模型を紹介し、群れ行動の諸現象を統一的に論じ、群れの個体数サイズが集団運動の性質に及ぼす影響についても考察する。

めだかの学校……自己組織的集団運動

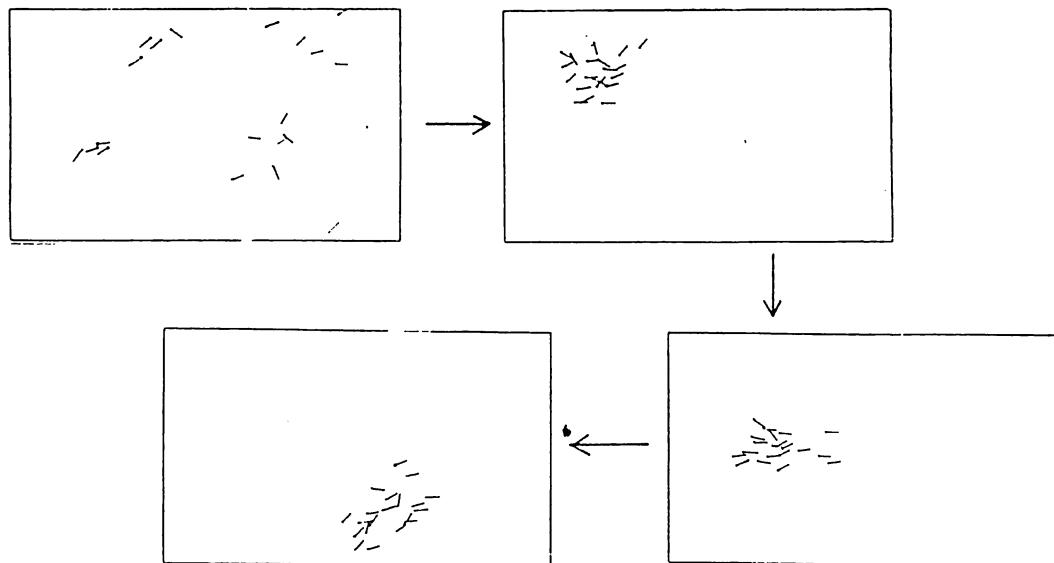
佐々木直幸（日歯大）， 横森与志喜（電通大），
内藤正美（日立基礎研）， 渕上 信子（都立大）， 神原武志（電通大）

1. 目的 鰯（さば）や鯵（にしん）のように群れをなす魚には、特定のリーダーが存在しているわけではない。彼らは仲間の魚との相互作用によって自己組織的に群れを作っている。では、どのような相互作用が働いて安定した群れを作っているのだろうか。そのメカニズムを明らかにし、種々の環境下でどのような行動を取るのかを調べる。

2. 方法 魚に4つの行動パターンを持たせ泳がせる……すぐ近くにいる魚とは平行に泳ぐ、近づき過ぎたら離れる、すぐ近くにいないときは見える魚の方に近づく、魚が見えないときは探す。仲間が集まつたとき、どの魚から一番影響を受けるのか、その影響の受け方をいろいろえてみるとことによって、具体的にどの様な集団行動のパターンが得られるか調べる。影響の受け方として

- (1) Front Priority: 前方にいる魚からの影響が非常に強い
 - (2) Nearest Neighbour Priority: 一番近くにいる魚からの影響が強い
 - (3) Average: 領域内にいる魚から等しく影響を受ける
- しかし、魚がいつも同一のパターンで影響を受けるとは思えない。そのため隣魚がどれくらい接近しているかによって、影響の受け方を変えてみる。

3. 結果 仲間がすぐ近くにいる時は、Nearest Neighbour Priority、ちょっと離れているときはFront Priorityとした場合の遊泳パターン形成の様子を示す。



拡散的に結合された2つの振動子における 加速効果の解析

水野 繁 倉田 耕治 (大阪大学 基礎工学部 生物工学科)

リズムを持つ神経回路には、しばしば固有の振動特性を示す神経細胞が組み込まれている。このような神経回路の振動数がどのようにしてコントロールされるかは、正確には知られていない。

最近のロブスター STG の pyloric network の研究から ABneuron の振動数は電気的結合をしている神経細胞の影響を受けることがわかった。とりわけ, peptide proctlin の存在下でペースメーカーを動かすネットワークの振動数は 1Hz であるが、孤立した ABneuron の振動数は 2Hz であった。この研究では、研究者は、電気的に結合した神経細胞はペースメーカーに負担を与え、減速させていると結論を下している。

電気的結合が及ぼす影響を調べるため、Meunier は Fitzhugh-Nagumo 方程式に変更を加えた振動子モデルを 2 つ拡散結合した場合について調べ、2 つの振動子の非対称性によって、同期振動周期がどちらの振動子の固有周期よりも短くなることがあると報告して、彼はこれを加速効果 (acceleration effect) とよんでいる。

本研究では、わずかに周期の異なる 2 つの振動子を弱い拡散で結合したときの同期振動周期について調べた。解析には、非線形振動子の位相同調の解析に用いられる位相方程式を用いて解析した。2 つの振動子の違いは周期だけという、考えられる最も簡単な違いだけにした。このような単純な状況においても、加速効果がおきる場合があるということを示し、加速効果のメカニズムを数理的に明らかにする。

RIC モデル (Radial Isochron Clock) は、リミットサイクルが原点中心の単位円で、原点から放射状にのびるアイソクローン（十分に時間のたったあとには、リミットサイクル上の同じ解に収束するような初期値の集まり）をもつ。このモデルでは加速効果は起こらない。そこでリミットサイクルは RIC モデルと同じであるがアイソクローンをカーブさせた CIC モデル (Curved Isochron Clock) を提案し解析したところ、加速効果が起こることがわかった。また、BVP(Bonhoeffer-Van der Pol) モデルについても調べたところ加速効果が起り、RIC モデルや CIC モデルではなかった双安定状態（初期値によって異なる同期状態を取り得る）があることが分かった。

競争における初期値依存性

二宮 広和 (東京工業大学・理学部)

生物が競争するような状況は生物界には多くみられ、種の共存・絶滅・棲み分け等の現象が競争を通じて現れる。種の絶滅や保存を左右する要因としては初期状態や増殖率・競争係数などが考えられる。まず2種の個体群の大きさがロトカ・ボルテラ競争系で支配されるような場合で考えよう。種内間係数を正規化するように変数変換すると、次のような式になる。

$$(1) \quad \begin{aligned} u_t &= u(u - u - bv), \\ v_t &= v(1 - cu - v). \end{aligned}$$

u, v を個体群のそれぞれの大きさ, a を u の増殖率, b, c を種間競争係数という。解の挙動は2つのタイプに大きく分けられる。

(i) 安定な解がただ一つ。

(ii) 安定な解が2つある ($\frac{1}{c} < a < b$)。

前者はすべての正解（それぞれの成分が正）は安定な解に収束する。後者は2つの安定平衡解のどちらかに近づく。初期値によって生き残り絶滅が変わる後者の方を考えよう。この場合、安定解の2つの吸引領域が存在して、その境界をなす曲線がセバラトリックスと呼ばれる。つまり、初期値がセバラトリックスの上であるか下であるかでどちらの安定平衡解に近づくかが判定できるようになる。では空間分布を考慮に入れたモデルではどうなるだろうか？セバラトリックスは曲線のような簡単なものでは表現できない。本講演では競争拡散系から示される以下のような事実について紹介する予定である。

• 拡散効果による絶滅

空間依存を考えないモデルでは(ii)で見たように初期値で勝敗が決まる。空間依存がある場合はどうなるだろうか？ある点で種 v が種 u より有利であるとはその点を初期値とする(1)の解は u は絶滅し v が生き残る場合を指すことにする。各点で種 v が種 u より有利であれば、種 v が生き残り、種 u が絶滅するのだろうか？拡散の影響で本来生き残れるはずだった種が絶滅することがあり得ることが最大値の原理、比較定理、(1)のダイナミックスの解析等を用いて示すことができる。(飯田・村松・柳田氏との共同研究)

• 空間分布の依存性

上に見たように空間分布で種の生き残り絶滅が変わってくる。空間分布に注目するので、2種が対称な場合を考える ($a = 1, b = c$)。先に述べたように競争拡散系のセバラトリックスを考察することは困難と思われる所以、空間一様（不安定）共存平衡解の近傍に限って以下の議論をする。このとき空間一様な初期分布している方が、より有利になることがわかる。

• 増殖率と拡散係数の関係

初期値はもとより増殖率・拡散係数にも依存する。増殖率を減らすと不利になり、拡散係数を増やすと有利になる。初期値を限定すれば2つどちらの平衡解に近づくかが釣り合うような増殖率と拡散係数の関係を数値的に調べる。

REVERSIBILITY OF MALIGNANT PROCESSES IN TERMS OF THE ALGEBRAIC RELATIONAL THEORY

Alba N. Zaretzky and Carlos A. Leguizamón

*Biomathematics, Department of Radiobiology, Atomic Energy Commission
Av. del Libertador 8250, Buenos Aires, Argentina
and*

*Department of Mathematics, Faculty of Exact and Natural Sciences,
University of Buenos Aires, Argentina*

ABSTRACT

The Algebraic Relational Theory was in progress by applying its abstract relational concepts to represent the vicinal water formation. The proportion of it in comparison with normal water in normal cells let to assume a distributive lattice of eight elements as an algebraic representation of processes in normal cells. The vicinal water state is lost by dual Heyting arrows applied to non comparable lattice elements and then a final non modular structure is obtained. This one represents a final algebra for a cancer process. The reversibility of the process is analyzed through mathematical developments starting from original join-irreducible elements of the lattice structure assumed for normal cells.

これまでの（第1回～第4回）数理生物学シンポジウム 講演題目リスト

第1回 1990年10月15日（月）～17日（水）（於 京都大学数理解析研究所）

「生態系におけるパターン形成の数学的取り扱いについて」	三村昌康（広島大・理）
「数理生態モデルのパーシステンス」	竹内康博（静岡大・工）
「競争種の2次元場における棲み分けパターンのダ付近」	池田勉（龍谷大・理工） 三村昌康（広島大・理）
「複数種相互作用系の管理についての理論的研究」	原田泰志（東京水産大） 中島久男（立命大・理工）
「生物集団の格子模型」	佐藤一憲・佐々木顕・松田博嗣（九大・理）
「遺伝子と文化の相互作用に関する2つの問題」	青木健一（東大・理）
「生長と繁殖のスケジュールを適応戦略とみて」	巖佐庸（九大・理）
「共進化理論と食物連鎖網グラフの性質」	松田裕之（中央水産研） 難波利幸（専修大・商）
「移動、分散する幼生の最適停止戦略」	谷内茂雄（京大・理）
「共生と進化のダイナミクス」	池上高志（神戸大・自然） 金子邦彦（東大・教養）
「古集団生物学と系図理論」	高畠尚之（遺伝研）
「分集団構造と自然淘汰のある遺伝子系図学モデル」	飯塚勝（筑紫女学園短大・一般教育）
「3配列比較法による塩基置換回数の推定について」	大西耕二（新潟大・理）
「脳の可塑性と記憶」	松本元（電子技術総合研究所）
"Fractal Dimension of Brain Wave" 品川嘉也（日医大・第一生理） 河野貴美子・瀬野裕美・小糸秀美（日医大・情報）	
「神経回路網の自己組織化モデルについて」	倉田耕治（阪大・基礎工）
「ニューラルネットワークにおける緩和と学習」	堤一義（龍谷大・理工）
「自律的システムとコントロール不可能な境界」 郡司幸夫（神大・理） 今野紀雄（室蘭工大・数学） 中村隆志（神大・自然）	
「無節サンゴモの自己防衛モデル」 中村隆志（神大・自然） 郡司幸夫（神大・理） 井龍康文（東北大・理）	
「形態形成—無生物から生物へ—」	沢田康次（東北大・通研）
「個体発生と系統発生を結ぶ論理」	団まりな（大阪市大・理）
「歯列構造形成の熱力学—その巨視的秩序と細胞レベルのプリ・パターン形成について—」 Z. Horii (La Jolla研)	
「細胞間相互作用による細胞分化の調節のモデル」	井上敬（京大・理）
「鱗翅類の翅における鱗粉の配列パターン形成モデル」 関村利朗（中部大女子短大） 吉田昭広（上智大・生命研）	
「リポソームの形態変換の理論的解析」 梅田民樹（京大・理） 中島久男（立命大・理工） 宝谷紘一（帝京大・理工）	

第2回 1991年10月7日（月）～9日（水）（於 京都大学数理解析研究所）

「エネルギー栄養段階の力学的安定構造」	寺本英（龍谷大・理工）
"Permanence and Global Stability for Diffusion Systems"	Zhengyi LU and Yasuhiro TAKEUCHI（静岡大・工）
「生物集合に関する密度依存型拡散方程式モデル」	瀬野裕美（日本医大）
「Genetic Fusionによる戦略の進化」	池上高志（神戸大・自然科学研究科）
「虫媒花における花冠サイズの進化」	酒井聰樹（東大・理）
「HIV/AIDS 感染モデルの Invasion Problem について」	稻葉寿（厚生省人口問題研究所）
「コケムシ類の群体形成と進化」	馬渡駿介（北海道大・理）
「発生系解析システムの開発の試み」	武田裕彦（京大・理）
「成長過程のsynapse形成を考慮したNeural Network」	宇佐見義之（神奈川大・工）
「神経回路と位相情報」	藏本由紀（京大・理）
「縞枯れ現象の格子モデル」	佐藤一憲・巖佐庸（九大・理）
「生物分布の集中化とそれに基づく間接効果」	泰中啓一（茨城大・理）

「ニューラルネットの工学応用」	北村 新三 (神戸大・工)
「動物のフラクタル行動」	嶋田一郎 (東北大・教養)
"Nonlinear Waves in Flagella"	Masatoshi Murase (東京都老人研)
「種内托卵の量的遺伝モデル」	山内 淳 (九大・理)
「カッコウの育児寄生—宿種の卵識別能力の進化」	高須夫悟 (京大・理) 川崎廣吉 (同志社大・理工研)
中村浩志 (信州大・教育) J. Cohen (Rockefeller Univ.)	重定 南奈子 (京大・理)
「放流個体と天然個体の遺伝的相違が放流効果におよぼす影響」	原田 泰志 (東京水産大・資源管理学科)
「血縁者のコンフリクトとその解消」	山村 則男 (佐賀医大・数学)
「バクテリアの走化性によるパターン形成のモデル」	川崎 幸吉 (同志社大・理工研)
重定 南奈子 (京大・理)	Zene Horii (岡山大・非線形)
「Convection 依存性の不安定化理論 (その微分方程式の一般形)」	
「タガニガ湖の鱗食いの右利き・左利きについてのモデル」	高橋 智 (大阪市大・理) 堀 道雄 (和歌山医大)
「密度依存的推移行列モデルを用いた植物の生活史進化の数理的解析」	高田壯則 (北海道東海大・国際文化)
	中島久男 (立命館大・理工)
「数理生物学への想い」	山口 昌哉 (龍谷大・理工)
「集合パターンのダイナミクスについて」	三村 昌泰 (広大・理) 辻川 亨 (広電大)
"Inertial Manifold Theory on Reaction Diffusion Equations with an Application to Population Dynamics"	
	方青・栄伸一郎・三村昌泰 (広大・理)

第3回 1992年10月12日(月)～14日(水) (於 京都大学数理解析研究所)

「聴神経の時系列発火に基づく音調性認識のニューラルネットモデル」	喜多一 (京大・工)
「種内托卵から種間托卵へ」	山内淳 (九大・理)
「ストーカー型捕食者はいつ獲物に攻撃をしかるべきか?」	谷内茂雄 (京大・理)
「生殖法の階層構造」	田まりな (大阪市大・理)
"Development of developmental system analysis"	武田裕彦 (京大・理)
「集団生物学の諸概念」	松田博嗣 (九大・理) 石井一成 (名大・教養)
「集団遺伝学における変分原理」	石井一成 (名大・教養)
「確率過程による水槽内金魚の遊泳行動の研究」	佐藤忠 (横浜国大・工)
「魚の群れ形成の力学」	丹羽洋智 (農林水産省・水産工学研)
"Models in Microbial Ecology and Related Problems in Ordinary and Partial Differential Equations"	Sze-Bi Hsu (Tsing Hua Univ.)
「連想記憶の記憶容量」	吉澤修治 (東大・工)
「多次元格子空間における2分岐醉歩過程の再構築」	大西耕二 (新潟大・理)
「界面方程式によるパターン解析」	池田勉 (龍谷大・理工)
「走化性ーランダムウォークによる集合モデル」	江副日出夫・巖佐庸 (九大・理・生物)
「細胞性粘菌移動体の移動のモデル」	梅田民樹 (神戸商船大) 井上敬 (京大・理)
"Competition Models in Tumour Growth"	V.S.Manoranjan (Washington State Univ.)
「植物(草本)の螺旋葉序形成モデル」	関村利朗 (中部大学女子短大)
「熱帯多雨林で樹木の種の多様性が高いのはなぜか?」	巖佐庸・久保拓弥・佐藤一憲 (九大・理)
「先史ヨーロッパにおける農耕文化圏拡大に関する数理モデル考察」	瀬野裕美 (広島大・理)
「一つのスキーム——分子動力学から」	大藪卓 (京大・理)
"Modelling Territoriality and Wolf-Deer Interactions"	J.D.Murray (Univ.Washington)
「生態システムの情報理論的指標について—遷移のシミュレーションをとおして—」	宇野達也・平田廣則 (千葉大・工)
「エッジ効果の競合拡散方程式による説明の試み」	岸本一男 (筑波大・社会工学系)
"Qualitative stability and global stability for Lotka-Volterra systems"	陸征一・竹内康博 (静岡大・工)
"Modeling Stratified Diffusion in Biological Invasions"	
重定南奈子 (京大・理) 川崎廣吉 (同志社大・理工研) 武田裕彦 (京大・理)	

- 「バクテリア増殖による集落パターンの形成」 松下 貢 (中央大・理工)
「ネットワーク構造を持つシステムの安定性に対する情報論的解析ーある種の種間競争シスムに対する一考察ー」 中村秀貴・平田廣則 (千葉大・工)
「競合と性選択と突然変異による種の形成と分化のモデル」 倉田耕治・喜多村和郎 (大阪大・基礎工)
「互助的相互作用による進化の確率モデル」 飯塚 勝 (筑紫女学園短大・一般教育)
竹生政資 (九州工大・情報科学センター)
「ウォルシュ変換の集団遺伝学への応用」 松本啓史 (東京大・工)
「推移行列モデルとKramers-Moyal展開方程式の関係について」 高田壯則 (北海道東海大・国際文化)
原 登志彦 (東京都立大・理)
「情報量を導入したニューラルネットワークB P学習則」 宇野達也・平田廣則 (千葉大・工)
「資源獲得競争による昆虫幼虫の孵化および蛹化の最適タイミングの分布」 江福日出夫 (九州大・理)
"A Mathematical Model for a New Kind of Drug Administration by Using R.B.C." E. Beretta, F. Solimano (Univ. Urbino)
Y. Takeuchi (Shizuoka Univ.)
"Global Behavior of Epidemics Models in Age-Structured Populations" M. Langlais (Univ. Bordeaux II)
「HIV/AIDS感染モデルのInvasion Problemについて：Part II — Pair Formation and Variable Infectivity —」 稲葉 寿 (厚生省人口問題研)
「伝染病モデルの進行波解について」 ビラール=イリヤス・細野雄三 (京都産業大・工)
「非線形ダイナミックスとしての生物リズムの数理」 森田善久 (龍谷大・理工)
"Lotka-Volterra Systems with Delay" Zhengyi LU, Yasuhiro TAKEUCHI (Shizuoka Univ.)
「ベーツ氏擬態のPopulation Dynamics」 山内 淳 (九州大・理)
「Predator-prey 確率モデルにおけるパラメータの統計的推定について」 鳴田 司・藤曲哲郎 (金沢大・教養)
「種苗放流による天然水産資源への遺伝的影响」 横田賢史・渡邊精一 (東京水産大)
「プランクトン食浮魚類の個体数変動：3 すくみ説」 松田裕之 (九州大・理) 和田時夫 (北水研)
竹内康博 (静岡大・工) 松宮義晴 (三重大・生物資源)
「索餌回遊魚の最適群れサイズ」 丹羽洋智 (農水省水産工学研)
「4次元世界の動物の形を考える」 本多久夫 (新技団・吉里プロジェクト)
「2次元反応拡散方程式の空間位相同調とその紋様形成への応用」 小川育男 (大阪大・文)
倉田耕治 (大阪大・基礎工)
「ヒラハコケムシの群体パターンに対する数理的解析」 中島久男・大久保昌史・三宅克弘 (立命館大・理工)
吉岡聰 (京都大・理) 馬渡峻輔 (北海道大・理)
「代謝ダイナミクスと細胞インテリジェンス」 上田哲男 (名古屋大・人間情報)
「獲物は選ばれないためにどうふるまうべきか？」 谷内茂雄 (京都大・理)
"Some Mathematical Considerations on Parent-Offspring Conflict Phenomenon" 瀬野裕美・徳田博樹 (広島大・理)

VII INTERNATIONAL CONGRESS ON BIOMATHEMATICS

OCTOBER 23-27, 1995

BUENOS AIRES - ARGENTINA

FIRST ANNOUNCEMENT

This Congress will be an international forum to exchange ideas and experiences on the development and uses of mathematics for studying biological problems. Papers related with biomathematical theories and concrete applications to medicine, agronomy and other connected subjects may be exposed. Accepted languages will be Spanish, English, French and Portuguese.

PROGRAM

There will be different kind of activities:

- Conferences.
- Presentation of original research papers.
- Exhibition of posters.
- Round tables.

Conferences will take 45 minutes and 15 minutes will be dedicated to questions and answers from invited professionals.

The presentation of papers must be made in 20 minutes and 10 minutes will be dedicated to questions.

The original and three copies of a research manuscript must be sent to the Organizing Committee. An abstract -no more than 200 words- must be sent to the Committee for its evaluation before April 30, 1995. The original and three copies of the complete paper must be sent before June 30, 1995.

Research papers must be approved by the International Scientific Committee in Biomathematics and it must not take more than 10 pages. Each additional page will be paid by the author, U\$S 5 each one.

INSCRIPTION

Scientists.....U\$S 50.-

Scientists who have paid 2 years as members of ALAB.U\$S 20.-

Students free.

ALAB AWARDS

The International Scientific Committee in Biomathematics will give two awards:

1) The Nicholas Rashevsky Award.

To the Best Work in Biomathematics for the period 1993-1995.

2) Award to the Best Paper of the Congress.

The conditions must be consulted.

VII INTERNATIONAL CONGRESS ON BIOMATHEMATICS
ASOCIACION LATINOAMERICANA DE BIOMATEMATICA

Facultad de Ciencias Exactas y Naturales. Universidad de Buenos Aires. Of. 2003. Fab. I. Ciudad Universitaria. Núñez. Buenos Aires. Argentina.

Fax: 54-1-782-0319; 54-1-703-2645.

E-mail: legbiom@mate.dm.uba.edu.ar

ASOCIACION LATINOAMERICANA DE BIOMATEMÁTICA

FUNDADA EL 15 DE SEPTIEMBRE DE 1978
CON PERSONERÍA JURÍDICA

Carlos A. Leguizamón
Presidente
(Argentina)

Jenny Oviedo
Vice Presidente 1º
(Costa Rica)

Emilio Isla
Vice Presidente 2º
(Perú)

Alba N. Zaretzky
Secretario
(Argentina)

Eduardo Muñoz
Pro Secretario
(Chile)

Maria A. Carrizo
Tesorero
(Argentina)

Raul Jimenez
Pro Tesorero
(Chile)

José M. Cordero
Bibliotecario
(Argentina)

Vocales
Jorge Gárate
(Perú)
Ignacio Barrades
(México)
Juan Vasquez
(Colombia)
Ramón Howe
(Panamá)
Carlos Castillo
(EE. UU.)
Dolores Solbes
(Argentina)

Vocales Suplentes
Virginia Espeleta
(Costa Rica)
Luis Briceño
(Chile)

Buenos Aires, August 19th, 1994.

Dr.
Hiromi Seno.
Dept. of Mathematics.
Faculty of Science.
Hiroshima University.
Kagamiyama 1-3-1.
Higashi-hiroshima.
724 Japan.

Dear Dr. Seno:

Thanks a lot for your e-mail. I am enclosing information about our Congress being held at Buenos Aires, Argentina, October 23-27, 1995.

Taking into account that the JAMB is organizing its 5th. Symposium this year I offer you the sponsorship of ALAB for this event. In the meantime, I will give notice about it through the net of e-mails that we have covering many scientists in Latin America, encouraging them to participate of the Symposium. I am very grateful to you for informing about our Congress in The JAMB Newsletter. It would be interesting if the JAMB could give ALAB a formal sponsorship for the Seventh International Congress of Biomathematics. This doesn't mean any spend of money, only to collaborate with information and to make the necessary connections between the JAMB members and ALAB.

Besides, I am sending you a proposal of an International Agreement of Scientific Societies of Exact Sciences on Biology. I would like to know what you and your colleagues of the JAMB think about it.

Looking forward to hear from you,
Sincerely yours,


prof. Carlos A. Leguizamón
President

ASOCIACION LATINOAMERICANA DE BIOMATEMATICA, FACULTAD DE CIENCIAS EXACTAS Y NATURALES, U.B.A. OF. 2003 PAB. 1
CIUDAD UNIVERSITARIA. TEL-FAX (54-1) 782-0319

※事務局ではご意見をお待ちしております。

SHORT SUMMARY OF THE ACTIVITIES DEVELOPED BY THE
LATIN AMERICAN ASSOCIATION OF BIOMATHEMATICS

The Latin American Association of Biomathematics was founded in Buenos Aires, Argentina, on September 15th, 1978, with the presence of an important number of scientists from Argentina, Brasil, Chile, Colombia, Costa Rica, Perú, Uruguay, Venezuela and the United States of America. The Association is legally registered under the argentinian laws.

The aim of this Institution is expressed through the following:

- To stimulate research.
- To promote the creation of a Career of Biomathematics with university level.
- To organize congresses, conferences and courses.
- To be consulted and decide about scientific communications.
- To be in contact and keep an exchange with similar Associations.
- To keep and improve a library specialized in the Biomathematical discipline.

Six international congresses have been already organized: Tucumán, Argentina, (1982); Buenos Aires, Argentina, (1984); Santiago, Chile, (1987); Lima, Perú, (1989); Santiago, Chile (1991) and San José, Costa Rica, (1993). The Seventh Congress will take place at Buenos Aires in 1995. Three latin american courses have also been given: Buenos Aires (1978), Tucumán (1982) and San José (1993). Local courses for professionals have also been organized, like the Statistics Course for Medical Doctors in Buenos Aires (1981).

A regional branch of ALAB is functioning in Tucumán, Argentina, with influence on the north-west area of South America. Awards to the Best Scientific Work in Biomathematics for periods of two years (The Nicholas Rashevsky Award) has been given and also an Award to the Best Paper of each Congress.

Since its foundation, the Latin American Association of Biomathematics has improved the quality and quantity of the participants to its Congresses, with scientists coming from all parts of America, Europe, Asia and Africa. Additionally, the Proceedings of each Congress have been published, and in every case the papers were evaluated by an International Scientific Committee.

There is a library functioning at the Central Offices of ALAB at the Faculty of Exact and Natural Sciences of the University of Buenos Aires. Almost all the biomathematical publications are received there. This is possible thanks to some institutional support, but mainly through the individual economical effort of some of its members.

There is a Commission which is already functioning in order to create the Career of Biomathematics.

The number of its member is around 100. Some of them have reached important positions in editorial committees of scientific journals and with their academic university work.

INTERNATIONAL AGREEMENT OF SCIENTIFIC SOCIETIES OF EXACT SCIENCES ON BIOLOGY.

This is a project of an International Agreement of Scientific Societies in the field of Mathematics and Theoretical Biology with academic objectives.

The present proposal is being sent to scientific societies of America, Europe, Africa and Asia in order that the respective Boards of Directors of each society decide specific rules to be considered at Buenos Aires, Argentina, during the Seventh International Congress of Biomathematics, October 23 - 27, 1995.

Members of different mathematical and theoretical biology societies have suggested a set of general and academic objectives to be considered, and then, they are being given to know as a starting point to be discussed.

The Societies in the Agreement will do:

- a) To work in defense of the place for the scientific work.
- b) To work in defense of the scientists.
- c) To encourage the constitution of groups of scientists in the field, to help universities, government offices, etc.; to get the development of Science.
- d) To put scientists together to develop the aspects of Science that are considered very necessary for the progress of the humanity.
- e) To encourage research agreements among scientists.
- f) To put two or more societies together to have their scientific meetings.
- g) To call to international editorial publishers to edit the Proceedings of the Meetings at low prices.

Executive Modality

- a) After discussing the set of rules, to constitute an International Board including 2 members of each society in order to put in practice this Agreement.
- b) To decide the lapse of time for the change of members of the International Board.

*prof. Carlos A. Leguizamón
President
Asociación Latinoamericana de Biomatemática*

*Dept. of Radiobiology-Atomic Energy Commission. Av. del Libertador 8250,
(1429) Buenos Aires - Argentina.
Fax: 54-1-703-2645 or 54-1-782-0319.
E-mail: legbiom@mate.dm.uba.edu.ar*

会員名簿改訂について

新しい会員名簿を発行する時期がやってきました。そこで、会員の方で、会員情報の変更・訂正などがございましたら、懇談会事務局の方へ平成6年11月末日までにお知らせください。新名簿は、年末か来年初めに発行する計画です。よろしくお願ひいたします。

* * * * *

数理生物学懇談会へのお誘い

.....以前から数理生物学関係のシンポジウムや研究会はいろいろな形でたびたび開かれ、こうした分野の研究者の数も次第に増して来ておりますが、比較的新しい境界分野ということもあって母体となる組織がなく、研究会の開催や国内外の情報交換などの面でいろいろと不便を感じられることが多かったように思います。.....最近設立されましたアメリカの数理生物学会 (Society for Mathematical Biology, 会長Simon A. Levin) からも日本での協力体制ができるなどを熱望されております。単に国内での交流だけでなく、国際的な情報交換や研究協力を能率よく推進するためにも、なにか連絡センターになるような組織を作ることが必要な時期にきているように思えます。しかし、学問の性格上から考えても、ある程度ルーズな結び付きをもった組織であることが望ましいように思われますので、学会といった正式の形のものではなく、情報の連絡などのサービスを主としたグループとして、「数理生物学懇談会」(数理生物学といっても、理論的モデルによる研究といった広い意味で考えてください)を発足させたいと思います。.....

山口昌哉、寺本 英

(1988年12月20日：数理生物学懇談会ニュースレター第1号より抜粋)

数理生物学懇談会 (Japanese Association for Mathematical Biology) は設立6年目を過ぎようとしております。年数回のニュースレターの発行、毎年秋の京都大学数理解析研究所における数理生物学シンポジウムの開催、その他、研究者の間の交流につとめております。会員からの年会費、学生会員¥2000-, 一般会員¥3000-が会の全ての運営をまかなってきました。会員数も徐々に増え、生物学、物理学、数学をはじめとして様々な分野から様々な研究者が参加してくださり、現在は会員数も200人を越えようとしています。

この数理生物学懇談会にご関心のある方、ご意見・ご希望のある方は、どうぞご遠慮なく事務局の方へお知らせください。入会手続きの詳細につきましては、事務局の方までお問い合わせください。

数理生物学懇談会事務局
1994年9月

数理生物学懇談会

入会申込書／会員情報変更届

フリガナ
氏名：
(ローマ字)

勤務先

自宅住所

〒

勤務先住所

〒

TEL:
FAX:

TEL:
FAX:

研究テーマ

電子メール address:(BITNET, JUNET 等)

郵便物発送先 (勤務先 / 自宅)
どちらかを○でお囲み下さい。

ご意見がありましたら下記にお書きください。

所属学会

事務局から

NewsLetter No.14は第5回数理生物学シンポジウムの予稿の特集でもあり、事務局が編集を担当しました。諸々の事情により発行、発送が遅くなりましたことをお詫びいたします。

今回の第5回数理生物学シンポジウムのアナウンスはSMB digest (e-mail news from Society of Mathematical Biology)にも掲載しました。果たして、Univ. Georgia, Russian Academy of Sciences, Univ. Buenos Airesの研究者達からの問い合わせがありました。特に、VII International Congress on Biomathematics in Buenos Aires (Oct. 23-27, 1995)を計画しているLatinamerican Biomathematical Society (ALAB: Asociacion Latinoamericana de Biomatematica)からは、JAMBとの交流を期待するという手紙も受け取りました。そのpresidentであるProf. C. Leguizamón (Univ. Buenos Aires)からのpaper presentationをこの度は特例として掲載いたしました。今後の数理生物学懇談会の活動が国際的な情報交流も含めてより柔軟性をもったものになるべく会員の方々のご意見、ご協力ををお願いいたします。

事務局移転のお知らせ

No.12のNewsLetterより、NewsLetter編集局が九州大学理学部生物学教室数理生物学研究室の懇談会メンバーによって運営されてきました。予定では事務局の移転は来年早々でしたが、現事務局（広島大学）の事情により、この1994年10月より事務局が九州大学理学部生物学教室数理生物学研究室に移転することになりました。今後、NewsLetterに関するお問い合わせやご意見のみならず、懇談会全般に関しまして、新事務局（九州大学理学部生物学教室数理生物学研究室）の方へお願ひいたします。

事務局移転後、会費の振込先も変わります。1994年以前の会費の納入に関しましては新事務局の方にお問い合わせください。1995年会費納入のご案内の際には新しい振込先による振込用紙をお送りいたします。

事務局移転時期の暫定措置として、10/17-19に行なわれます第5回数理生物学シンポジウムに関する一切は、現事務局（広島大学）、もしくは、奈良女子大学理学部情報科学科（重定研究室）tel. & fax. 0742-20-3438の方へお問い合わせください。

現事務局：

〒724 東広島市鏡山1-3-1
広島大学理学部数学教室内
数理生物学懇談会事務局
fax. 0824-24-0710
瀬野裕美 tel. 0824-24-7338
email. seno@math.sci.hiroshima-u.ac.jp

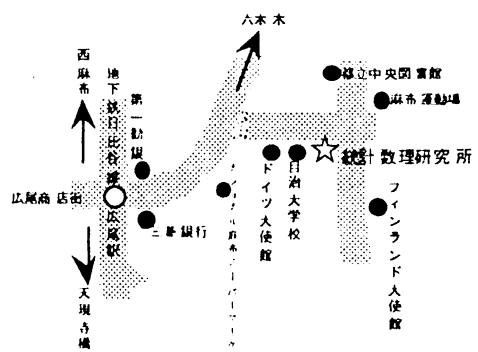
新事務局 & ニュースレター編集局：

〒812 福岡市東区箱崎6丁目10-1
九州大学理学部生物学教室
数理生物研究室内
数理生物学懇談会事務局
fax. 092-632-2741
巖佐 庸 tel. 092-641-1101(ext. 4439)
email. yiwasscb@mbox.nc.kyushu-u.ac.jp
松田裕之 tel. 092-641-1101(ext. 4437)
email. hmatsscb@mbox.nc.kyushu-u.ac.jp

目 次

第 5 回
数理生物学シンポジウム

文部省統計数理研究所
1994年10月17日(月)～19日(水)



日程案内	1
プログラム	2~3
予稿	4~29

- 「確率モデルと生物モデル」
- 「最小生存可能個体数」
- 「Change-in-Ratio Methodsによる水産資源の評価」
- 「A Note on the Logistic Growth Curve」
- 「時間遅れを持つSIR伝染病モデルの大域的安定性」
- 「HIVの遺伝子変化による免疫系への適応戦略」
- 「HIV/AIDS流行の数理モデル」
- 「日本のHIV感染者数の推定について」
- 「免疫ネットワークによる自己・非自己識別能の創発シミュレーション」
- 「寄主と寄生者の組み換え率共進化」
- 「文化伝達と夫性的世話の共進化：二遺伝子座一倍体及び二倍体模型の解析」
- 「2状態マルコフ環境における遺伝子頻度の定常分布—有限集団サイズの効果—」
- 「中立遺伝子座の遺伝的多様性に対する持続型確率的淘汰遺伝子座の影響」
- 「変動環境下の進化的に安定な表現型分布」
- 「複数の遺伝子座を持つモデル生物による種分化の研究」
- 「階層的根系生長モデル」
- 「ヒラハコケムシの群体パターン形成の数理解析」
- 「蝶の羽根の鱗粉配列パターン形成モデル」
- 「活性一抑制因子の相互作用に現われるパターン形成—移動抑制の視点から—」
- 「個体発生と系統発生の類似性に関するシミュレーション」
- 「蟻の採餉行動のモデル化とフェロモントレールのパターン形成」
- 「群れの構造と行動」
- 「めだかの学校—自己組織的集団運動」
- 「拡散的に結合された2つの振動子における加速効果の解析」
- 「競争における初期値依存性」
- 「Reversibility of Malignant Processes in terms of the Algebraic Relational Theory」 Alba N. Zaretzky · Carlos A. Leguizamon

伊藤栄明	4
泰中啓一・伊藤栄明	5
松宮義晴・小出水規行	6
藤曲哲郎	7
竹内康博・Edoardo Beretta	8
塩澤正純・樺森与志喜・神原武志	9
稻葉寿・梯正之	10
稻葉寿	11
平井正仁・樺森与志喜・神原武志	12
原口佳大	13
高橋亮・青木健一	14
石井一成・松田博嗣	15
飯塙勝・竹生政資	16
佐々木顕・Stephen Ellner	17
生田剛一・倉田耕治	18
滋澤栄	19
前田卓哉・中島久男・馬渡峻輔	20
関村利朗	21
三村昌泰	22
柏木規正・倉田耕治	23
中村真理・車谷浩一	24
丹羽洋智	25
佐々木直幸・樺森与志喜・内藤正美・渕上信子・神原武志	26
水野繁・倉田耕治	27
二宮広和	28
[GUEST PAPER PRESENTATION]	29

これまでの（第1回～第4回）数理生物学シンポジウム 講演題目リスト	30~32
ANNOUNCEMENT: VII International Congress on Biomathematics (Oct. 23-27, 1995)	33
Letter from Asociacion Latinoamericana de Biomatemática (ALAB) C.A. Leguizamon	34-36
会員情報の更新（新入会員、変更、訂正など）	37-40
会員名簿改訂について／数理生物学懇談会へのお誘い	41
数理生物学懇談会 入会申込書／会員情報変更届	42
事務局から・事務局移転のお知らせ	