

*JAMB Newsletter No. 16*

数理生物学懇談会  
ニュースレター

第16号

1995年5月

*Japanese Association  
for  
Mathematical Biology*

# 1994年会計報告

(1994年1月~12月)

数理生物学懇談会 第二期事務局 (旧) 瀬野裕美

## 収入

1993年より繰越	111,823-
会費 (122件)	391,000-
第5回シンポジウム懇親会・会議費用	151,000-
合計	<u>653,823-</u>

## 支出

ニュースレター12号・会員名簿印刷費	76,529-
ニュースレター12号・会員名簿郵送料	42,500-
ニュースレター13号印刷費	40,170-
ニュースレター13号郵送料	33,540-
ニュースレター14号印刷費	46,350-
ニュースレター14号郵送料	37,480-
第5回シンポジウム懇親会・会議・お茶代	175,400-
通信費	5,500-
事務費	1,318-
送金料 (会費振込手数料を含む)	8,694-

(小計 467,481-)

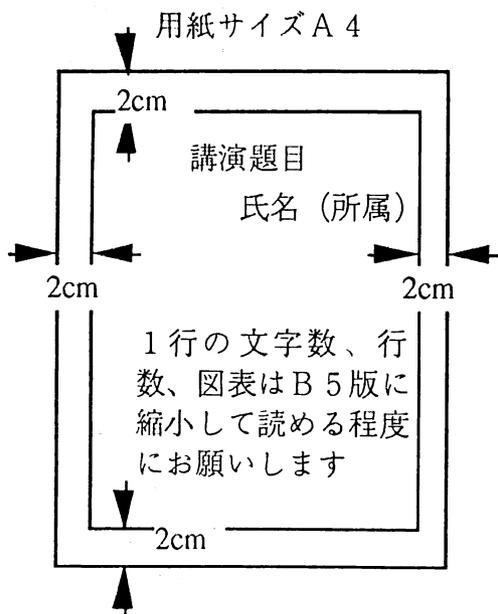
次年繰越分 186,342-

合計 653,823-

# 第6回数理生物学シンポジウム のお知らせ

数理生物学懇談会の第6回シンポジウムとして、東京大学大学院数理科学研究科の研究集会「生物学に現われる数学的諸問題(Mathematical Topics in Biology):生物学におけるパターン形成と進化」を開く予定です。場所と日時は会場建設中のため最終確定とは言えませんが、生物学に現れる諸現象に理論的立場から興味をもつ方々の最新の情報交換と活発な議論を目的としていますので、奮ってご参集ください。副題が付いているのは、2人の方に「視覚領におけるパターン形成」(阪大基礎工・倉田耕治氏)及び「進化(仮題)」(世話人交渉中)についての特集を組織していただいたためです。生物学の諸分野における数理的研究及び関連する数理的手法についての一般講演を広く募集します(講演時間は20分程度を予定しています)。一般講演はこの副題にとらわれず奮ってご応募ください。下記住所までお申し込みください。なお、非会員の方の講演も歓迎しますので、広くご紹介をお願いします。

講演要旨書式(B5に縮小して数生懇ニューズレターに掲載します)



日時:1995年11月6日午後1時~

8日午前中(7日夕方に懇親会)

場所:東京大学大学院数理科学研究科

(東京・駒場)の現在建設中の建物

一般講演の募集:7月31日締切り

(応募先は下記数生懇事務局)

最終的な日程は、数生懇事務局までお問い合わせください。講演を申し込まれた方には日程確定次第連絡します。なお、あらかじめ電子メールにてお申しつけいただければ、最新のシンポジウム情報をお知らせしますので、下記事務局宛てにご連絡ください。

申し込み問い合わせ先:

〒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  
数理生物懇談会事務局(佐々木頭)

tel. 092-641-1101(内線4438), fax. 092-632-2741 E-mail: asasascb@mbox.nc.kyushu-u.ac.jp

# 運動性蛋白質に作用する分子間力の研究

(モーター蛋白質とアクティブフィラメント間の分子間力の評価と測定)

須田 斎 (東海大学開発工学部生物工学科)

e-mail:suda@fb.u-tokai.ac.jp

ここで、お話し申し上げることは、生体運動をつかさどる超ミクロな分子モーターとか分子エンジンと呼ばれる生体分子機械の機構についてであります。松田さんに誘われまして数生懇のメンバーの方々に、この場をお借りして私の拙著研究論文"Intermolecular Forces Between the Motor Protein and the Filament"(Suda, H. and Taylor, T., *J.Theor.Biol.* (1993) Vol.161 ,pp.39-51)についてご紹介申し上げる次第です。

掃除の嫌いな私でも、1週間に一度ぐらいは3DKの狭い部屋に掃除機をかけますが、この掃除機や列車に使用されているモーターは、電気エネルギーを流体力学的エネルギーとか力学エネルギーに変換し、一方自動車等に使用されているエンジンは、化学エネルギーを熱エネルギーに一端変換してから力学エネルギーとして仕事を取り出す動力装置です。どちらも、私たちの文明にとって必要不可欠な機械です。そのような機械は、エネルギー利用の自由度を拡大しつつ現代の石油文明を支えています。モーターやエンジンを積んだ列車や自動車そして飛行機などを物理学の対象として眺めてみれば、列車とか自動車の様な物体の運動は、ニュートン力学でよく説明できます。それら動力源をエネルギー変換器として捉えても、その変換メカニズムを熱力学などの物理法則によって理解可能です。ところで、私たちは植物と違って体を動かすことができます。この運動を生成する動力装置であるところの「筋肉」は、この動力源の最小ユニットにおいて、どのように化学エネルギーを力学エネルギーに変換して力を駆動しているのか、まったくわかっておりません。この分野をニュートン力学の誕生の歴史になぞらえてみれば、今やっとティコブラーエを経てケプラー辺りに達したと言えましょう。そして現在まさに、ケプラーからニュートンに至るところをめざして、その歴史が始まろうとしています。

おそらく皆さん聞き慣れない言葉や現象が、これから幾つか出て来ることでしょう。簡単ですが、ここで手短かに説明します。まず、表題にあるモーター蛋白質とは、ミオシンやダイニンそしてキネシンの3種類のファミリーを総称して付けられたものです。また、アクティブフィラメントとは、アクチンやチューブリンが自己集合して形成されたフィラメントを総称して呼びます。筋収縮に関与するミオシンは、アクチンモノマーが重合し形成されたアクチンフィラメントの上を一方向に滑走運動します。一方、真核細胞の鞭毛と繊毛の運動に関与しているダイニン、細胞分裂や神経軸索内細胞小胞の輸送に関与しているキネシンは、チューブリンモノマー分子が重合し形成された繊維状の微小管の上を運動します。モーター蛋白質の特性は、化学エネルギーであるATPを加水分解しながらアクティブフィラメントとの相互作用により力を発生し相対的に滑走運動することです。アクティブフィラメントは、線路のレールのような役割を果たしており、その上をモーター蛋白質は列車のように動きます。ただし、方向が決まっております、一方向にのみ動きます。つま

り、運動性蛋白質は、片道切符しか持っていないのです。同種のアクティブフィラメント上を滑るダイニンとキネシンでは、その方向が逆です。これは、非常に不思議な性質です。力発生の機構解明には、運動の方向性が何によって決定されているのかということも含まれるでしょうから、この意味でダイニンとキネシンの性質を調べることは、非常に価値あることです。この様な幾多の興味深い観察にもかかわらず、運動を起こす力発生機構が、分子レベルでいったいどのように行われているのか、まったく解明されておられません。そこで、次のように考えることで、何らかの突破口を見いだせるのではないかと考えた訳です。

2つの相異なる蛋白質という高分子固体が相互に滑り合い運動を起こすには、2つの異なる蛋白質は初め相互に引力相互作用を及ぼし合い、結合して、相手を認識し、化学エネルギーを消費しつつ相互に何らかの情報を交換し、それからあるいはそれと同時に何か力学的運動というイベント（位置の移動）を起こしていると考えられます。この筋道を辿って、力発生の分子メカニズムを解き明かそうと考えたとき、滑走運動時に作用している分子間力が何らかの形で運動の生成機構と密接に関連していることが推察されます。ですから、必然的に、この分子間力を評価しなければならないということになります。そこで、運動性蛋白質たちの滑り運動が分子間力と密接に関与しているとする、何らかの方法でそれらを直接的に表現する方法はないか、そういうことを模索して書かれたのが、我々の論文です。

ところで、日常の経験として私たちは、2つの固体物質が接触し相互に擦り合うと摩擦が発生することを知っています。そういう摩擦現象が、アクチンとミオシンのような運動性蛋白質たちが滑走運動する際にも発生しているのではないだろうか。それが、自然の原理ではないだろうか。そう考えて、摩擦現象に着目してモーター蛋白質の運動の分子機構解明に迫ってみようというのが、この研究の主要な動機であります。詳述する前に正直なところをお話し申し上げておかないといけません。それは何かと申しますと、実のところ、現在当の摩擦現象の分子メカニズムさえまだ未解決でして、それを生体系に適用することに少々無理があり、問題はなかなか難しく課題がまだまだ沢山あるということです。ただし、最近AFM(Atomic Force Microscope)やその応用としてFFM(Friction Force Microscope)が開発されて、原子レベルでの摩擦、すなわち量子摩擦（量子トライボロジー）の幕開けが始まろうとしています。将来が本当に楽しみな分野の1つだと思います。

さて、ひとまず深刻な問題は横に置いておきまして、Suda&Taylorの論文についてお話し致します。この論文は、上記目的に沿って分子間力が、モーター蛋白質の運動にどのように深く関わっているかを明らかにしたものです。一端、運動の法則の基本であるニュートン力学に帰って、そこから分子モーターの運動について考え直してみました。そういう余地が、化学反応とカップルしているこの運動系であり得るかどうかを考えてみたいと思ったからです。矛盾が生ずるならば、また考え直せばよいわけですから。とにかくこの立場から考えを発展させてみることを試みました。そこで、相互に滑り合う2つの蛋白質の滑走

運動に伴って生じる滑走速度一定性は、滑走力と摩擦力とが釣り合った結果生じていると考えられます。ところで、高校時代、摩擦力は、滑走方向に垂直な抗力が摩擦係数を介して発生すると、私たちは習って来ました。ところが、蛋白質系では、そのような抗力はありません。がしかし、その抗力の代わりに、結合があります。これは、Derjaguin (Zh.Fiz.Khim. vol.5,p.1165 (1934))によってトライボロジー（摩擦学の総称）の分野で確立した結論であります。滑走しているときに、結合状態にあるミオシンの結合を無理矢理に切ろうとすると、その結合力が摩擦係数を介して負荷となり、滑り運動を促す滑走力に対して抵抗力として作用し、その2つの力がバランスしたところでモーター蛋白質は、速度を一定にして滑っていると想像されます。自然の原理からすれば、きっとそうであるに違いありません。ここで、扱う系が蛋白質分子であることから、モーター蛋白質系での摩擦現象を称して"分子摩擦"と名付けました。

Rabinowicz (*Friction and Wear of Materials*, pp.52-108 John Wiley&Sons (1965))は、空気中で柔らかい物体とそれよりも硬い物体とが、1秒あたりの変位がマイクロメートルのオーダーという極めてゆっくりしたスピードで滑り合うときに発生する摩擦状態では、摩擦係数が速度に依存することを示しました。今着目している生体運動系は、まさにこのような条件を満たしています。そこで、生体系では、摩擦係数が速度に比例するという条件の下で、この速度依存性が成り立っていると近似して定式化を行いました。そうすると、見事に様々なことが説明できることが分かって来ました。この簡単な理論をいくつかの実験結果に適用してみました。「カバーガラス上にダイニンを吸着させ、弱い結合状態でその上を微小管が1次元拡散運動をするという観察」と「アクティブフィラメントのATP濃度並びに塩濃度に対する滑走速度依存性について」の2つの実験結果に対して検討を行いました。これらの結果が、分子摩擦理論から説明可能かどうかを以下のように詳細に検証してみました。

まず、ダイニンがひき詰められたカバーガラス上で微小管は、その長さ方向に1次元ブラウン運動をするという発見がVale(*Cell*,vol.59,pp.915-925(1989))らによってなされました。そして、繊維の長さ方向に対して垂直な横方向には、ほとんど拡散しませんでした。つまり、摩擦係数の空間的異方性が示されたのです。この異方性によってモーター蛋白質という列車は、線路から決して脱線しないというわけです。さらに彼らは、1次元拡散運動の揺らぎ解析によって得られる拡散定数に対して粘度を変えて測定したところ、拡散定数が溶液の粘度に逆比例していることを見いだしました。すなわち、流体的摩擦係数に反比例していることが示されたのです。このことから、誰でもすぐさまアインシュタイン・ストークスの関係の成立を思い浮かべるでしょう。当然の如く彼らは、まさにそう考えて流体的摩擦がこの状態では優位に作用していると結論しました。ところが、我々が詳細に彼らのデータを解析してみると、確かに拡散定数が粘度に逆比例しているけれども、水中ではそれでもなお固体的摩擦係数の寄与の方が、流体的摩擦係数の寄与よりもずっと大きいことを突き止めました。彼らの決定的な間違いは、拡散定数が粘性項以外に粘性非依存項を

含んでいることを見落としていたところにあります。ATPを分解して弱い結合から強い結合の状態へとサイクリックに状態遷移を繰り返している滑走運動状態では、滑走速度が粘度に依存しなかったように、弱い結合状態でも同様であることが明らかになりました。それは、当然の帰結です。と言いますのも、滑走状態で弱い結合と強い結合の2つの状態がほぼ同じ割合で生じているとき、粘性はどちらにも同等の重みで寄与し、滑走速度が粘度に依存しないというすでに受け入れられている事実から、弱い結合状態でも、たとえ粘性の寄与があったとしても、その寄与は小さいことが予想されるからです。

分子間力として関与している相互作用の中には、おそらく静電的相互作用があって、この相互作用が運動機構に大きな効果をもたらしていると思われます。その1つの根拠は、人工運動系での滑走速度が塩濃度に敏感に依存しているからです。そこで、この観点からその結果を静電相互作用に帰依して説明できるかどうかを分子摩擦理論により試みました。実験結果によれば、滑走速度の塩濃度依存性として、滑り速度が塩濃度の増加と共に、あるところまでは速くなるけれども、あるところから急激に遅くなり、生理的塩濃度ではついに滑らなくなります。残念ながら、我々の理論では、塩濃度が増加するにつれて、速度は単調に増加することが予想されてしまいます。これは、明らかに実験結果と矛盾しています。ところが最近、同じ研究室で実験条件を変えて測定され直されました。その結果により、我々の予測が正しいことが示されました。前の実験には、アーティファクトがあったのです。これで、静電効果がモーター蛋白質の分子間力に重要なファクターとして考慮されなければならないことが明確になりました。

ただし、我々の理論には、摩擦係数と結合力という2つの未知のパラメーターが含まれていることに注意して下さい。この2つのパラメーターは、実験的に決められなければなりません。それらを我々の研究室で測定し決定するために、最近SFA (Surface Forces Apparatus) を使って実験を開始したところです。そして、アクティブフィラメントとモーター蛋白質の界面に及ぶ分子間力をその界面間距離を関数として測定し、どのような相互作用が関与しているのかを明らかにすることをめざして、実験系を作りつつあるところです。このような実験的研究以外にも、結合の物理的意味をさらに深く詳細に考察し、実験に即して実験家が本当に必要としているモデルを作りたいと考えています。さらに欲をかって、シュミレーションの手法を活用して分子間力の研究を発展させたいとも思っています。このようなアプローチが、分子エンジン・分子モーターの滑り力発生の分子機構解明に対してブレイクスルーとなることを期待して研究を行っております。

以上でご紹介を終わらせて戴きます。ご拝読有り難う御座いました。読者の皆様から参考になるご意見・ご批判を戴ければ、誠に幸いです。

# 最適酸素供給モデルに於ける哺乳動物の毛細血管-組織系構築

東京大学 医学部 医用電子研究施設 基礎医学電子部門 馬場恵一、神谷瞭

## 1.はじめに

微小循環系にとって、組織への酸素供給は最も重要かつ緊急を要する機能であると考えられる。そのために、毛細血管構築は酸素供給機能の立場から見た際に最も効率的な血管構築がなされていると考えられよう。我々はこのような観点に立ち、以前に哺乳動物全体の酸素供給効率を球モデルを用いて組織の血流量と酸素消費量から、毛細血管数の関数としてのエネルギーコストを算出することによって評価した (Kamiya et al., 1993)。今回我々は哺乳動物の骨格筋を対象としてKroghの円筒モデルを用い、生体の酸素供給効率を評価した (Baba et al., 1995)。すなわち、コンピュータによるモデルシミュレーションにより、最も高効率となる最適な毛細血管数、筋組織量、組織半径を安静時と運動時の場合に分けて計算し、筋組織量、組織半径について、実際の生理学的データとの比較を行い、酸素供給機能の立場から見た最適毛細血管-組織系構築理論の検証を行った。

## 2.モデルについて

### 2-1 シミュレーションモデル

コンピュータによるシミュレーションのための骨格筋モデルとしてはKroghの円筒モデルを用いた。円筒モデルの最大組織半径を $R_m$ 、毛細血管半径を $R_c$ とする。このとき、Krogh-Erlangの式より、静脈側酸素分圧 $P_v$ は次式で表現される。

$$P_v = [\dot{q}O_2 / (4\alpha_t D)] [2R_m^2 \log(R_m/R_c) - (R_m^2 - R_c^2)] \quad (1)$$

ここで、 $\dot{q}O_2$ 、 $\alpha_t$ 、 $D$ はそれぞれ酸素消費量、組織の酸素解離係数、組織の酸素拡散係数である。また、静脈血酸素濃度 $C_v$ はFickの法則によって動脈血濃度 $C_a$ と毛細血管血流量 $F_c$ と共に次のように示される。

$$C_v = C_a - (\dot{q}O_2 / F_c) \pi (R_m^2 - R_c^2) L_c \quad (2)$$

ここで、 $L_c$ は毛細血管長である。次に、酸素解離曲線をModified Hill's modelを用いて表わし、 $P_v$ から $C_v$ を求める。解離率を $Y$ とすると $Y$ は

$$Y = [(a+1)/2] (P_v/P_{50})^b / [a + (P_v/P_{50})^b] \quad (C_v = C_a Y) \quad (3)$$

となる。ここで、 $P_{50}$ は50%解離点の酸素分圧、パラメータ $a$ と $b$ は動物種によって定まる定数である。(1)式から(3)式を用いて、次に示すように筋組織量 $M_m$ を毛細血管数 $n$ の関数として表わすことができる。

$$M_m(n) = n\pi(R_m^2 - R_c^2)L_c \quad (4)$$

さて、今、解析の対象としている骨格筋に於ける毛細血管-組織系のエネルギーコストCF(n)は

$$CF(n) = \Delta PF_m + \lambda V_b,$$

$$V_b = V_a + V_v + V_c = \kappa n^2 (\Delta P_a R_{ca}^6 + \Delta P_v R_{cv}^6) / F_m + n \pi R_c^2 L_c \quad (\kappa = \pi^2 / 8 \mu) \quad (5)$$

と定義する。ここで、 $\Delta P$ は大動静脈圧力差、 $F_m$ は筋血流量、 $\lambda$ は血液の単位体積当たりのエネルギーコスト、 $V_b$ は全血液量で(5)式のように神谷-戸川の最小容量モデルで計算される。毛細血管-組織系の酸素供給効率 $\eta(n)$ は次式で示すように(最大酸素消費量)/(エネルギーコスト)で与えられる。

$$\eta(n) = \dot{V}O_{2m}(n) / CF(n) \quad (6)$$

## 2-2 主要な入力データについて

本モデルでは筋血流量 $F_m$ と筋酸素消費量 $\dot{V}O_{2m}$ を体重によって変化する入力データとして用いるので、最新の報告による安静時<R>と運動時<E>における筋血流量、筋酸素消費量と体重との相関をとった。体重レンジは約 $10^2$ g- $10^5$ gのデータを用いている。各パラメータのアロメトリック式は次の様になった。

$$F_m \langle R \rangle = 2.43 \times 10^{-3} W_b^{0.802} \quad (r = 0.790, n = 36),$$

$$F_m \langle E \rangle = 7.25 \times 10^{-3} W_b^{0.911} \quad (r = 0.827, n = 28) \quad (7)$$

$$\dot{V}O_{2m} \langle R \rangle = 0.26 \times 10^{-3} W_b^{0.730} \quad (r = 0.701, n = 22),$$

$$\dot{V}O_{2m} \langle E \rangle = 0.98 \times 10^{-3} W_b^{0.944} \quad (r = 0.863, n = 17) \quad (8)$$

コンピュータによるシミュレーション計算は体重 $10^2$ g- $10^5$ gまで刻み幅0.1乗ずつでその体重の $F_m$ と $\dot{V}O_2$ を算出し、それらのパラメータをモデルの入力として扱い、酸素供給効率 $\eta(n)$ を最大とする $n$ を最適毛細血管数 $n_o$ とする。この $n_o$ をモデルが取るときの $M_m$ を最適筋組織量 $M_m(n_o)$ 、 $R_m$ を最適組織半径 $R_m(n_o)$ と定義する。

## 3. 計算結果

計算の結果、 $n_o$ 、 $M_m(n_o)$ 、 $R_m(n_o)$ 、はそれぞれ次のようになった。

$$n_o \langle R \rangle = 1.54 \times 10^5 W_b^{0.838},$$

$$n_o \langle E \rangle = 4.31 \times 10^5 W_b^{0.940} \quad (9)$$

$$M_m(n_o) \langle R \rangle = 1.66 M_m^{1.041},$$

$$M_m(n_o) \langle E \rangle = 1.29 M_m^{0.959} \quad (10)$$

$$R_m(n_o) \langle R \rangle = 36.4 W_b^{0.104},$$

$$R_m(n_o) \langle E \rangle = 20.0 W_b^{0.009} \quad (11)$$

(10) 式、(11) 式の計算結果をそれぞれ実際の組織量、組織半径 (Hudlica, 1984) の生理学的データと比較すると運動時の場合に非常に良く一致することが確かめられた (図1及び2参照)。これは実際の骨格筋の毛細血管数が最適毛細血管数 $n_0$ と良く一致していることを示唆している。

#### 4. 考察

本モデルによる最適条件を満たす毛細血管-組織構築は実際の生理学的データとの良い一致を示し、運動時に酸素を最も効率的に供給するような構造になっていることが示された。さらにこの場合に於て、(7)、(9) 式から毛細血管血流量 $F_{co}$ を求めると次の様になる。

$$F_{co} = F_m \langle E \rangle / n_0 \langle E \rangle = 1.68 \times 10^{-8} W_b^{-0.029} \quad (12)$$

これは毛細血管血流量にはほぼ体重依存性がないことを示しており、これから、毛細血管血流速度を求めると、その値は体重100gから1tonの動物で600-750 $\mu\text{m/s}$ となり、実際の運動時の血流状態と等価であると考えられる電気刺激時の毛細血管血流速度500-1000 $\mu\text{m/s}$ と非常に良く一致する。

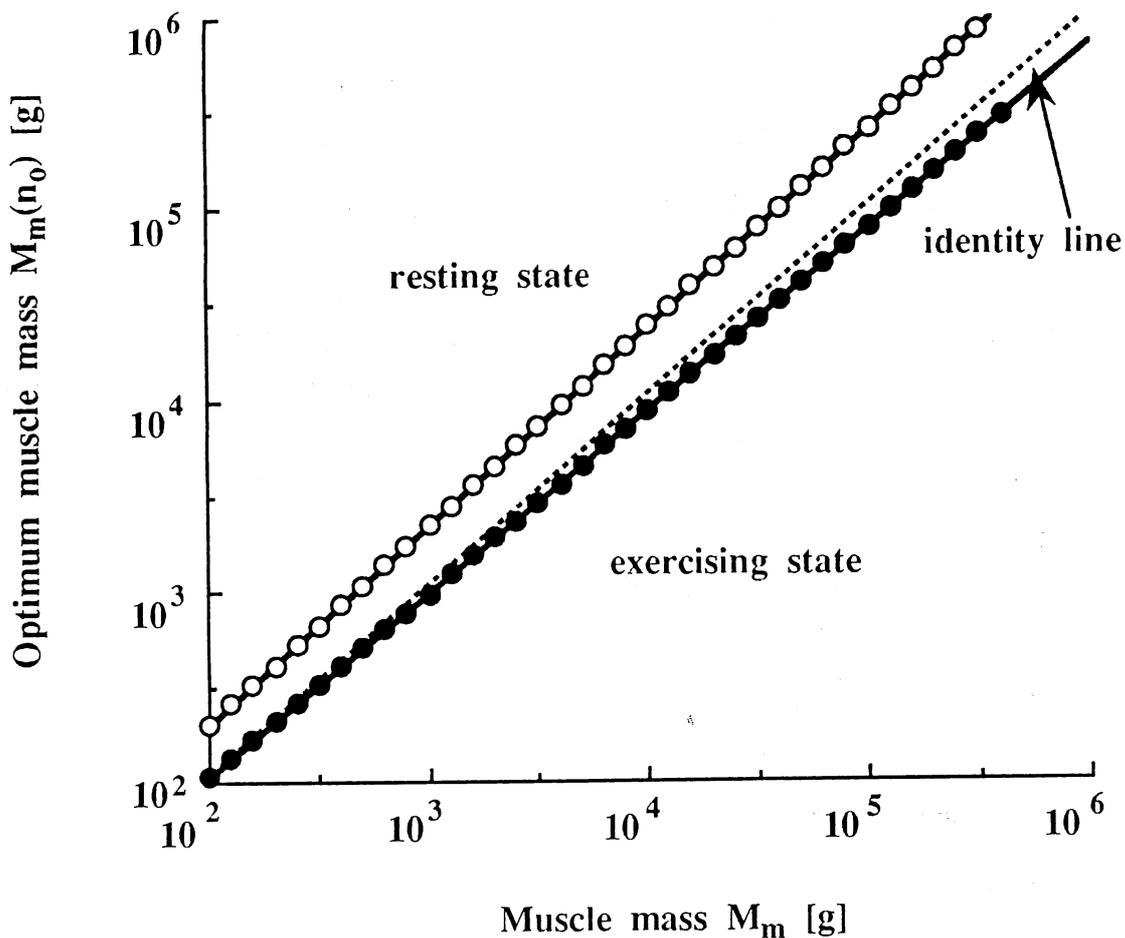


図1 最適骨格筋組織量と実際の骨格筋組織量の関係

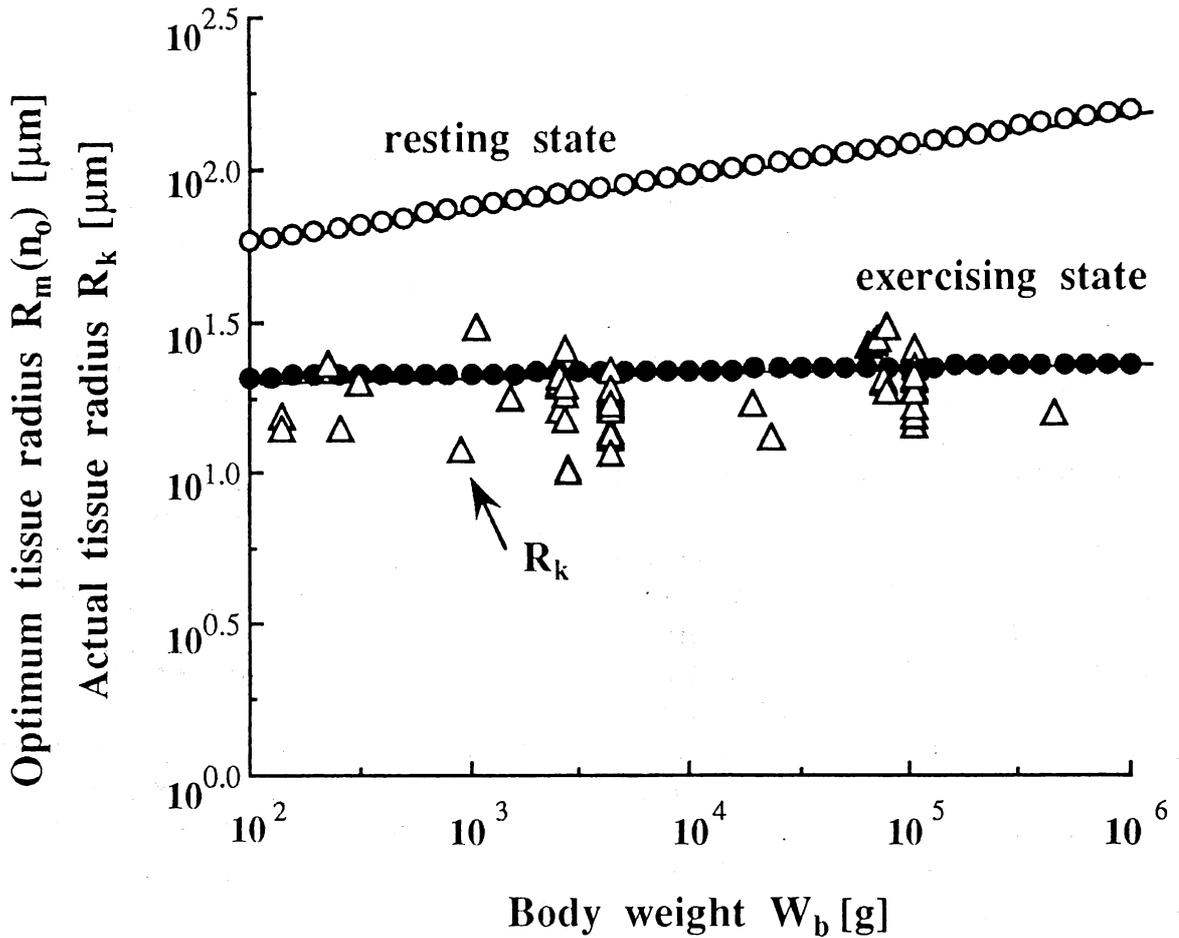


図2 最適組織半径と実際の組織半径の体重依存性

##### 5.参考文献

- BABA, K., KAWAMURA, T., SHIBATA, M., SOHIRAD, M. AND KAMIYA, A (1995). Capillary-tissue arrangement in the skeletal muscle optimized for oxygen transport in all mammals. *Microvasc. Res.*(accepted).
- HUDLICKA, O. (1984). Development of microcirculation: Capillary growth and adaptation. In *Handbook of Physiology, Sect.2, Vol.4* pp.165-216. American Physiological Society, Maryland.
- KAMIYA, A., WAKAYAMA, H., AND BABA, K. (1993). Optimality analysis of vascular-tissue system in mammals for oxygen transport. *J. theor. Biol.* **162**, 229-242.

# 捕食関係に基づく生物群進化に関する人工生命的アプローチ

名古屋大学情報文化学部 有田隆也

## 1.はじめに

自然界ではさまざまな種の生物群が環境要因を受けると同時に種間で複雑な影響を及ぼしあいながら全体としてひとつの生態系を作り上げている。食物網に基づいた生物群の構造に関する理論的解析が行われてきたが、古くから採用されてきた基本モデルに次のロトカボルテラ捕食系モデルがある。

$$\begin{aligned} dx/dt &= rx - axy & (1) \\ dy/dt &= bxy - cy \end{aligned}$$

ここで $x$ は被食者の量、 $y$ は捕食者の量を表す。一般には $y$ が $x$ を追いながら両者が振動する性質が示される。

生物種間の相互作用に関するこのような生態系の理論的解析はおもに数理生物学の分野で行われてきたが、最近盛んになってきた人工生命研究でも生態系ダイナミクスの解明はその中心的なテーマとなっている。人工生命研究のひとつの手法として、個々の生物を単純なモデルとして記述し、遺伝的アルゴリズムなどの進化論的枠組みの中で生態系の複雑な振舞いを創発させるという手法がある。これは方程式をトップダウンに書き下す手法とは正反対である。

ただし、学習も進化も同時に考慮し、さまざまなパラメータが含まれた複雑な人工生命システムにおいて、複雑な挙動が創発したとの主張に対し、システムが複雑化しているので、モデルを設定したときの意図がどこまでその創発現象に反映してしまっているかの判定が難しい、あるいは、計算機パワー不足を引き起こし、進化スケールでの検討が不十分になっているといった批判もある。最近では、そのような批判に基づいて例えば捕食関係に対象を絞ったモデルも提案されてきている。Lindgrenら[1]は繰り返し型囚人のジレンマゲームにエネルギー流を導入したモデルにより、食物網を作り出しており、星野ら[2]のモデルでは、各生物は種と消化液で表され、それらが含まれた染色体が交叉あるいは融合していく結果、食物網が構成されていく。

本稿では、捕食関係に関する最小限の差のみの違いをもつ複数種の仮想生物群が共存する過程で見られる捕食に関わる特性やふるまいの進化傾向[3]について概要を述べる。

## 2.モデル

### 2.1.環境

本モデルの人工生命環境には1種の自立栄養者と3種の従属栄養者が存在し、図1の食物網でそれらの間の捕食関係が定められる。この捕食関係以外に進化の初期状態では相違のない3種の従属栄養者の進化について検討する。便宜的に自立栄養者を「植物」、植物を食べる草食生物を「うさぎ」、植物やうさぎを食べる雑食生物を「さる」、雑食生物や草食生物を食べる肉食生物を「ライオン」と名付ける。

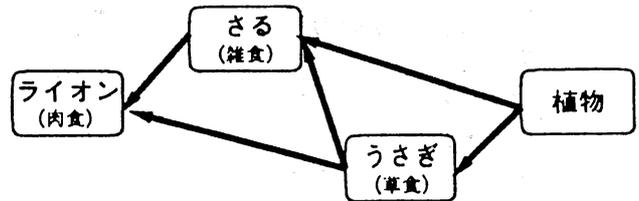


図1 環境内の食物網

植物は行動は一切行わず一定の割合で増殖するだけである。各生物(従属栄養者)はエネルギー、年令、種、寿命、視力、視野、行動特性、各生物に対する指向度の各属性を持つ。エネルギーは生物個体の生死の状態を決定する正数で0になると死ぬ。エネルギーは時間とともに減少し、捕食により増加する。寿命は老化の始まる年齢を表し、これにより交配が可能となる年齢(寿命/2)が規定される。行動特性とは同時に複数の行動が可能の場合に生物個体がどちらを優先するかを表す。指向度は移動方向決定の際に生物種に対して近づくべきかどうかを表しており、各個体が自種を含む各生物種ごとに持つ。この値が小さい場合は相対的にその種が自分にとって危険であり逃げるべきであるということを表す。寿命、視力、視野、行動特性、指向度の5属性が、交叉、突然変異などの遺伝的操作が施されて子孫に伝わる。

### 2.2.生物の行動

生物個体はまず移動を行い、その後、捕食および子の生成のうちどちらか可能な行動を行う。両方可能な場合は行動特性によって一方を選択する。両方不可能な場合は移動のみ行う。全ての生物が1回ずつこの行動を行う時間を1年とする。各生物個体が移動できる方向は前後左右4方向のいずれかであり、移動方向は視界内に指向度の大きい種が多

くいて指向度の小さい種が少ない方向へ行くように決定される。生物個体の視界は図2で示すように視力および視野により決定される。視力は他生物個体を認知できる最大の距離を表しており、また視野が大きいほど後方の視界が広がる。前後左右各方向の視界内に存在する全生物に対する指向度をもとにして、(2)式により、各方向ごとの指向性が計算される。

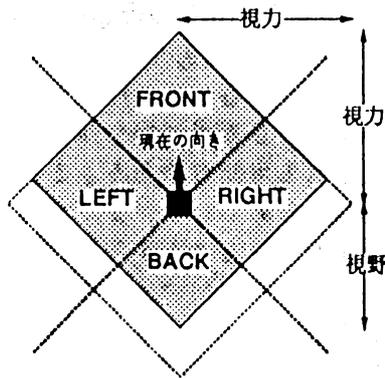


図2 生物の視界

$$P_{i,n} = g(\sum_{j1} f(d_{ij1})S_{ij1} + \sum_{j2} f(d_{ij2})g(-S_{ij2})) \quad (2)$$

$$f(x) = \begin{cases} 0 & x > VP \\ 1 - x/VP & x \leq VP \end{cases}$$

$$g(x) = \begin{cases} 0 & x < 0 \\ x & x \geq 0 \end{cases}$$

ここで $P_{i,n}$ は生物 $i$ の方向 $n$ ={front,back,right, eft}の指向性、 $j1$ は方向 $n$ の視界内の全生物、 $j2$ は $n$ と逆方向の全生物、 $d_{ij}$ は生物 $i$ と $j$ の距離、 $S_{ij}$ は生物 $i$ の生物 $j$ に対する指向度、 $VP$ は視力を表す。(2)式で求まった指向性を重みづけとしてルーレット選択により移動方向を決定し、その方向へ移動する。移動後はその方向へ向きを変える。各生物は自分の周りの8マスに捕食可能な存在する場合、その生物を捕食することが可能である。捕食後、餌となった生物は死亡し、捕食を行った生物はエネルギーが20増える。

各生物は自分の周り8マスに同種の生物が存在し、そのどちらも子の生成が可能な年齢であるとき、その2体を親として子を生成する。子は、親の周りに生成され、その遺伝子は親の遺伝子に遺伝的アルゴリズムにおける交叉および突然変異を行ったものとする。子のエネルギーは親のエネルギーの平均値とし、年齢は0とする。交叉には一様交叉を用いる。突然変異はある確率で遺伝子をランダムに変化させる。遺伝子の取りうる値は、寿命 = 10 ~ 1034、視力 = 0 ~ 15、視野 = 0 ~ 視力、行動特性 = {ランダム, 子の生成優先, 捕食優先}のいずれか、

指向度 = -128 ~ 127とする。行動特性がランダムとは、子の生成、捕食どちらを優先するかをそのつどランダムに決定することを表す。生物個体は1年に1ずつエネルギーが減少していくが、年齢が寿命を超えるとエネルギーの減少は激しくなる。この減少量は次式によって定める。

$$\text{減少量} = \text{エネルギー} \times (\text{年齢} - \text{寿命}) / \text{寿命} \quad (3)$$

### 3. 実験

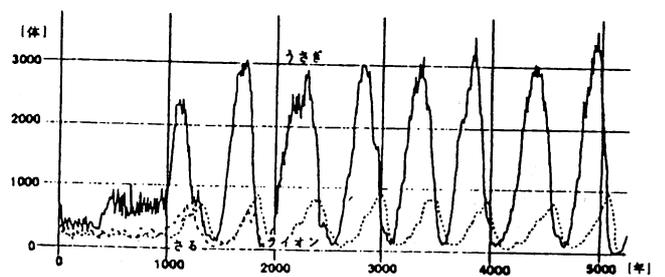
#### 3.1. 概要

人工生命環境は128×128の大きさの基盤状のトラス平面とし、初期個体数=1000(うさぎ:さる:ライオン=5:3:2)、一度にできる子の数を(うさぎ,さる,ライオン)=(5,2,1)、最大エネルギー値=80、初期植物数=500、植物の増加量=100/年、突然変異確率=0.01とした。これらの数値は基本的には試行錯誤によるものである。食物網による種間の差が大きな影響を与えるために一度にできる子の数を上記のようにあらかじめ差をつける必要があった。

実験開始直後から1000年を個体数補正期間とした。個体数補正とは、十分な進化を行なう前に生物が絶滅したり、増え過ぎてしまうのを防ぐために、新たな個体を移入したり、増えすぎた個体を移出することによって個体数を強制的にある範囲内におさめる操作のことである。

#### 3.2. 結果と分析

図3に各種の個体数の変化を示す。同図a)は実験開始から終了までを示したものであり、これの1000年から2000年まで、すなわち、3種が共存している期間を拡大したのが同図b)である。個体数補正期間をすぎた1000年以降からは周期が約600年で、個体数が振動するように変化しており、うさぎ、さる、ライオンの順に位相が遅れていくのがわかる。2000年頃にさるが絶滅してからも、うさぎ、ライオンは同様に変化している。個体数補正期間をすぎても継続的に3種すべてが生き残る結果は得られておらず、最終的には2種しか残らない場合が多いが、生き残る種はライオンとうさぎの場合が多く、次はライオンとさるである。



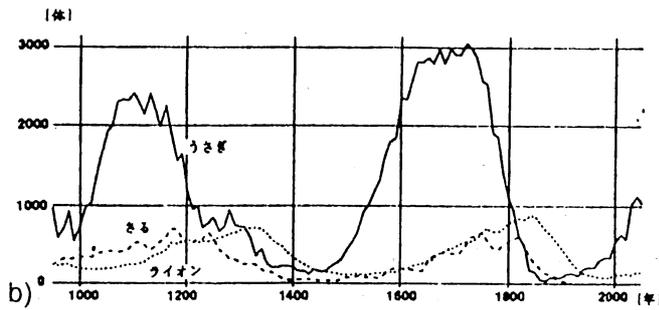


図3 各種の個体数の変化

- a) 全体
- b) 拡大

初期状態では乱数により一様に分布するが、しだいにうさぎ、さるは群れを作るようになり、ライオンは単独で行動するようになる。さるが絶滅し、うさぎ、ライオンの2種が共存しているときに「ライオンによるうさぎ群の囲い込み現象」が観察された(図4)。これは次のようになされる。

- 1)うさぎはライオンに追われる形で集団移動。
- 2)ライオンに囲まれてうさぎは減少。
- 3)うさぎの減少により、餌不足でライオンの減少。
- 4)ライオンの包囲から逃れた一部のうさぎの増加。
- 5)生き残ったライオンの増加。1)へ。

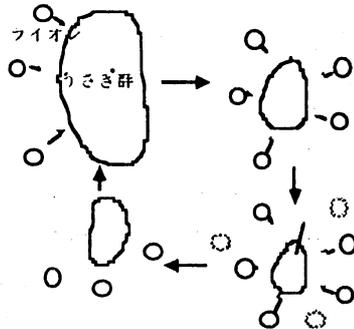


図4 生物の分布の変化

各種の寿命はライオン、さる、うさぎの順に長くなる。図5図6にうさぎとライオンの行動特性を示す。うさぎは採餌より子の生成を重要視している。ライオンも子の生成を優先する個体が多いが、うさぎのように100%にはならない。常に他種に隣接して餌はほぼ確実に確保できるので、採餌に一方的には偏らないと考えられる。

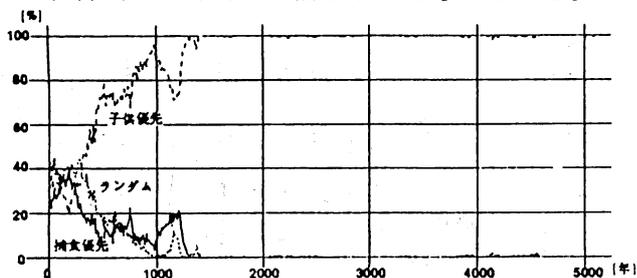


図5 うさぎの行動特性の変化

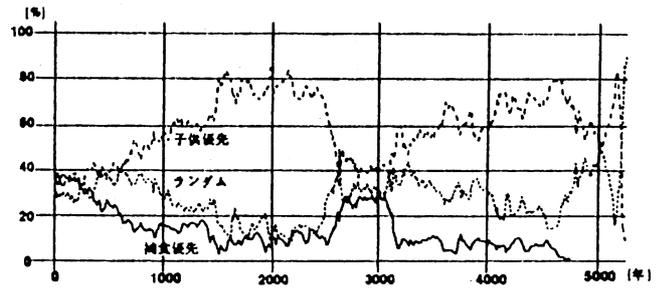


図6 ライオンの行動特性の変化

図7図8図9に各生物の持つ他生物に対する指向度を示す。うさぎは植物を餌として近づこうとし、捕食される可能性のあるさるとライオンからの逃避傾向を強めている。また、何もない方向を危険と判断していることからうさぎは他の生物から逃げることも餌の確保を重要視していることがわかる。さるは、自分の敵であるライオンを危険であるとし、それから遠ざかろうとしている。また、うさぎとは異なり、何もない方向を安全と判断している。これは、さるはライオンから逃げることを重要視するようになったことを意味する。1000年から2000年にかけてうさぎに対する指向度が振動しているが、これは、うさぎの個体数の変化に連動していると考えられる。つまり、うさぎの個体数が多いときはうさぎに近付き、うさぎの個体数が少ないときはうさぎから離れるようになり、結果的に保護している。

ライオンはうさぎ、さるに対する指向を強めている。同種(ライオン)に対しては危険であると判断し互いに離れることにより、ライオンは単独で棲息するようにしている。これにより餌の取り合いがなくなり、十分な餌の確保が容易になっているのであろう。2500年頃から植物を安全と判断するようになっていく。植物に近づくことは間接的にうさぎに近づくことになり、餌の確保が容易になるためであろう。各生物種の指向度の進化傾向に関する以上の結果は、行動生態学で示されている「頻度依存餌選択(apostatic selection)」[4]に従うものであると考えられる。頻度依存餌選択とは、ロトカボルテラモデルのように餌生物の量に比例して捕食する(多くの人工生命モデルでもこれに則した行動様式が採用されている)のではなく、個体数が多い捕食しやすい種を集中的に捕食することである。これは種々の生物で証明されてきており[5]、ここで示されたように絶滅しかけている種は捕食せずに回復を助けて共存を促す効果がある。

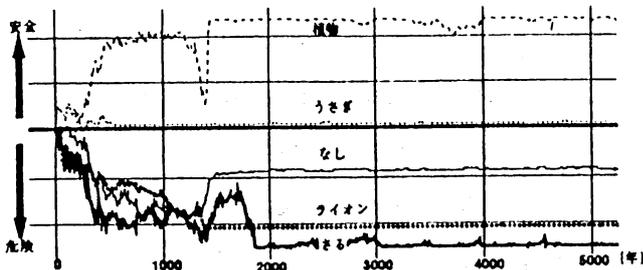


図7 うさぎの各生物等に対する指向度の化

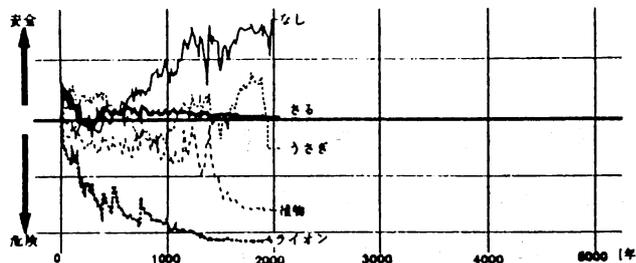


図8 さるの各生物等に対する指向度の変化

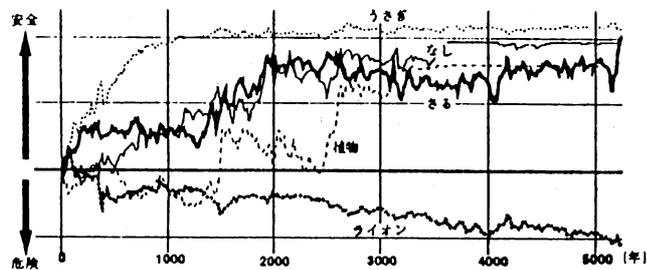


図9 ライオンの各生物等に対する指向度の変化

図10図11に各種の視力と視野の変化を示す。うさぎは視野が広く視力が弱くなり、ライオンは視力が良く視野が狭くなるように進化していることがわかる。この傾向は、ライオンは目標を定めた採餌行動をとり、うさぎは背後からの捕食者にも敏感で、近くの植物を食べる生態をとることに応じたものであろう。

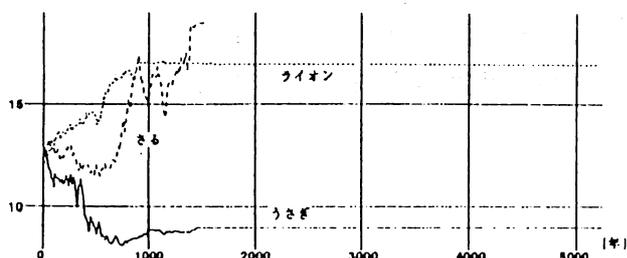


図10 各種の視力の変化

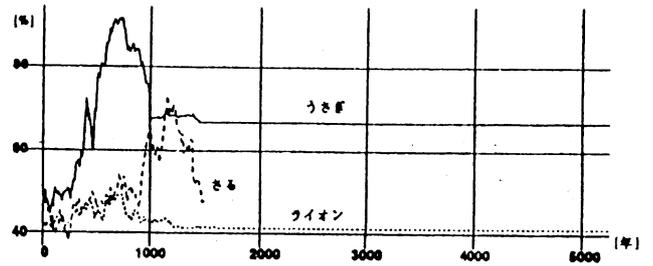


図11 各種の視野の変化

#### 4. むすび

食物網により定義された複数種の仮想生物群が人工生命環境内で共存する過程で現れる、捕食に関わる特性や振る舞いの進化傾向について検討をした。実験により得られたことをまとめると以下の通りである。

- 1) ロトカボルテラ型の振動が観察され個体数補正期間終了後も2種が共存した。
- 2) その振動の中で捕食者が被食者を囲い込む採餌行動が観察された。
- 3) 食物網に応じて群生などの行動形態や視野視力の形質が進化しており、また、それらの間に補完的な傾向が見られた。
- 4) 頻度依存餌選択が行われ共存を促す働きをしていることが示された。

#### 参考文献

- [1] K. Lindgren and M. G. Nordahl, "Artificial Food Webs", *Artificial Life III*, pp. 73-103, 1993.
- [2] T. Saruwatari, Y. Toquenaga and T. Hoshino, "Adiversity: Stepping Up Trophic Levels", *ALIFE IV*, pp. 424-429, 1994.
- [3] 有田, 小鹿, 川口, "捕食関係の定められた複数種の仮想生物の進化に関する検討", 第6回自律分散システム・シンポジウム, pp. 181-186, 1995.
- [4] J. R. Krebs and N. B. Davis (ed.), "Behavioural Ecology: An Evolutionary Approach (3rd ed.)", Blackwell, 1991.
- [5] J. A. Allen, "Frequency-dependent Selection by Predators", *Phil. Trans. Roy. Soc., B. Vol. 319*, pp. 485-503, 1988.

## 閉鎖モデル生態系の動態

九州大学天草臨海実験所 田中雅生

今回、JTB (Tanaka, M. 1994. Dynamics of a materially closed model ecosystem. J.theor.Biol. 168:131-140) に掲載できたということで、やっと、皆様のお仲間入りがかとうことになりました。ここに、紙面をお借りして、宣伝をさせていただきたいと思っております。紙面の都合上かなり独断的なまとめとなりました。興味のある方は、当方(〒863-25、熊本県天草郡苓北町富岡、九大実験所、田中雅生宛)へ別刷を請求下されば、喜んでお送りさせていただきます。

### この研究の背景及び立場

モデルエコシステムを研究する目的の一つは現実のエコシステムをより深く理解することである。それを攻める方法には種々の戦略がある。今までに多く行われている方法を大別すれば、できるだけ単純化して攻める方法と、現実に来るだけ近く模倣してシュミレーション法によって攻める方法である。前者のように、基本的な系から出発を試みたもので、現在までに良く検討されているモデルエコシステムは3つの方向に分類できよう。1つは、ロトカーボルテラ系のように、競争や食う・食われるのような個体群の関係として捉えようとしているもの、2つは系を個体群間の物質やエネルギーや情報の流れの系として捉えようとしているもの、3つは個体群の関係を個体群の特性値の関係として捉えようとするものである。後者のように、複雑な方向からの研究も多数ある。

現実の生態系は非常に複雑であり、多様性がある。単純な系から出発しようとするモデルエコシステムの研究では、要因(ここでは、単純化するため、モデルを構成するための生理・生態的特性値やそれらの関係を示す)の選択の際、単純性(要因数の絞り込み)、基本性(重要な要因のみの選択)と一般性(より多数のシステムへの適用性)のトレードオフの問題におちあたることになる。また、現実の単なる模倣モデルでは一般性が得られにくい。したがって、その中間的な方向から攻めるのも有力な方法と思われる。しかし、単純と複雑の中間から攻める研究は殆ど無い。生物を主な構成要素とする生態系の研究に於いては上述した3つの考え方の他に生物自身の性質と環境条件も考慮に入れる必要がある。現実の生態系は非常に複雑であり、その系の構造や動態を段階的により詳細に研究して行くのを目的とする立場から考えればある程度の複雑さはやむをえないだろう。

この研究では上述した中間的立場、段階的発展、或程度の複雑なシステムという方向から検討する。

### モデルエコシステムの概要

構成員は無機物質、有機物質、生産者、分解者、消費者、肉食者から成り立っている。前二者は無生物であり、他は生物である。このモデルエコシステムを維持してゆくためのエネルギーは外部から十分に補給されるが、物質的には閉じている。すなわち、総物質質量（無生物、生物の総量）は一定である。生物は種固有の生理・生態的特性値を持っており、個体と個体群の両性質を示す。食う食われる関係があり、餌消費に関してはEXPLOITATION型の競争関係を示す。また、生物は増殖、死亡の生活史特性も示す。生物はまた、生命を維持していくために、生産者は無機物質を分解者は有機物質を、消費者は生産者を、肉食者は他の肉食者または消費者または分解者を食物とし摂食する。食物が完全には吸収されない場合、糞として排出する。また生命維持活動のために呼吸をする。ほとんどのモデルがそうであるように、このモデルも空間の広がり、多様な環境要因等は考慮しない。すなわち均一な系である。勿論、性についても考えない。

以下に生活史に関係のある項目について述べる。身体維持に必要な量以上に食物量があれば成長し、基礎個体重の2倍になった場合、2分裂増殖するとする。2分裂により個体数は倍増するが、個体重は基礎体重と同じになる。

死亡については、以下の4種類を考える。第一は、分裂した後の令を数え、種固有の最大寿命に達した個体は死亡するとする寿命死である。第二は、餌がない場合、個体は生活維持のため痩せる。個体重が基礎個体重の一定率（最低体重率）以下になった場合、死亡する。これを餓死という。第三は、餌生物は補食による死亡がある。これを被食による死亡とする。上記3要因以外の死亡を自然死亡と言い種固有の死亡率があるとする。

このモデルの特徴的なことは3点ある。その1つは、個体性を明確にしたということである。生物には種固有の体のサイズがほぼ決まっており、飢えや捕食による体の一部の切り取りによって減少した場合、それ以下では生命体として成り立たないという最低限の体のサイズを仮定する。このことは現存量が個体サイズ以下になったらその種は全滅することを意味する。その2は、摂食、増殖、維持についてである。生物は種固有の増殖率（以下では最大増殖率と言う）を支える食物量しか摂食しないとす。すなわち、食物が如何にであろうともである。逆に最大増殖率を支えるだけの食物量がない場合は利用可能な食物しか摂食出来ず、それに見合った増殖率になる。摂食可能な食物がない場合でも活動を支えるために呼吸をする必要があり、その分体重は減少する。また、自然死と捕食による死亡もあるので、減少すなわち負の増殖ということもありうる。このことは、単位時間での増殖率には上限があり、負の値もあるということの意味する。第3の点は摂食可能な食物量には下限（以下では摂食可下限量と呼ぶ）があるということである。この量は環境と食物によって決定されるものとする。換言すれば、食物量が摂食可下限量以下であれば、それを食物とする生物は摂食出来ないということである。

このモデルでは単純化するため、各種個体群は同一令、同一体重の生物から成り立って

いる均一群体群としている。したがって、寿命死や餓死の場合は群体群の死滅をも意味する。

式や関係については、紙面の都合で述べなかったが、条件付きの連立差分方程式をコンピュータによって計算し、モデルエコシステムの動態を数値的に明らかにした。

## 結果

各栄養段階の生物について生理生態的パラメータ（基礎体重、最低体重率、成長係数、呼吸率、最大寿命、摂食能率、摂食可下限量、糞排出率、自然生存率（ $1 - \text{自然死亡率}$ と表される））の値を与えた。パラメータの値は相対値であるが、現実の値に近いことを心がけた。パラメータの値の組合せは莫大になるので、生物種数種から成る栄養段階構成の異なる幾つかのシステムについて系統的に変化する摂食可下限量と総物質量の2つの変数を選んだ。他のパラメータの値は原則として全生物で同じとした。

このシステムで基本的に必要な生物は生産者と分解者である。そのいずれか一方でも滅亡した場合、システムは成り立たなくなる。生産者と分解者はいわば対称の位置にあり、その捕食者による影響は同じ傾向になることが予想される。簡単な検討であるが、それが確かめられた。したがって、以下では生産者方向の栄養段階のみを検討する。栄養段階は4段まで検討を行なった。1段の場合、最も単純な系として、生物は分解者と生産者の2種のみから成り立っているもの、餌の競争を検討するための分解者複数種系とした。これは、無生物餌に対する競争系を意味する。2段の場合、生産者を餌とする捕食者1種の系は食う食われる関係の系であり、複数種の系は生物餌に対する競争系を意味する。その他、3段と4段は食う食われる関係系のみとした。

ここでは全種について等量の初期現存量から出発した。以下が主な結果である。

1. 分解者と生産者2種だけの系でも共存可能な総物質量には下限がある。
2. 生産者が2種類の場合、共存領域は2ヶ所ある（それぞれ、左側共存領域、右側共存領域とする）。今のところ、この中間領域で共存不可である理由は不明である。この領域と左側共存領域は不安定な領域であろう。
3. 生産者の種数が増大しても必要総物質の左側共存領域下限量は殆ど増大しないが、右領域の下限值は増大している。
4. 栄養段階数2の生産者を捕食する肉食者を含めた系の場合。
  - A. 肉食者1種では単純な食う食われる関係を意味するが、総物質量の共存下限値も分解者と生産者2種系に比較して増大している。また、資源量である総物質量がある量以上の場合、摂食可下限量もある量以上なければならない。
  - B. 肉食者2種と5種で検討をおこなった場合、共存域は摂食可下限量域で肉食者数が増えるにつれて狭くなり、総物質量の最低量変化はほとんどないが、領域の

形には共通性があるようだ。

5。 栄養段階の数が3となると、共存に必要な総物質量の最下限値及び摂食可下限量も更に増える必要があるようだ。

6。 栄養段階数が4になると、共存可能域が無くなる。この原因は構成生物種の生理・生態的特性値が全て同じとしたからであるが、栄養段階数が増大すれば、共存可能域が急激に縮小し共存可能域が存在し無くなるということを示唆している。

結果と既存研究との関連（番号は結果での番号と同じ）

1。 既存の研究では構成員の現存量の下限はプラスとのみあるが、この研究では、プラスのある下限値があることを示している。

3。 既存の研究では、同一資源を共有し共存するためには、現存量が振動する必要があるとか、要求資源種数が2種以上必要であるとかの制限がある。一方、ここでは、1種みの資源でも資源量が多ければ複数種の競争者が共存可能であることを示唆している。

6。 既存のものは、栄養段階数は9までとあり、その段数の制限要因については幾つかのことが議論されている。この研究では3段までで、4段は成立していない。生態効率が1で、かつ単純な系でも栄養段階数の増加は困難であることを示している。

## 国際会議 "Future of Fractals"

ご存じのようにフラクタルは物理のみならず、数学、化学、生物、地学、医学等の分野に多くの成果を出していることは周知のことです。取り分け、近年は生物関連のテーマが多く取り上げられています。既に生物関連の特別講演を依頼いたしておりますし、発表をしたい旨の手紙も多く頂いております。

フラクタルの誕生以来20年を経た今日、フラクタルの新たな発展についての議論を深めたいと思います。多数ご参加下さいますようお願いいたします。（ちょうど、8月には中国廈門にて"StatPhys 19"の国際会議がありそのサテライトとして開催するものであります。）

日時 1995年7月25～27日

場所 愛知県労働者研修センター 愛知県瀬戸市川平町

参加費 15000円（5月末日まで） 主催：中部大学

Second circular等の詳細は〒487春日井市松本町120 中部大学工学部 宮島佐介  
電話 0568-51-1111, Fax 0568-52-0134までご請求ください。

Fujitani Youhei and Kenji Yamamoto,

"Influence of Slight Sequence Changes on the Free Energy of a Single Stranded Ribonucleic Acid Molecule", *J. theoret. Biol.* 171:151-161.

藤谷 洋平

このたび、松田先生より、「JTBで、論文をみたので、紹介せよ」と言う話があり、喜んで寄稿させて頂きました。数理生物懇談会の存在もはじめて知り、山本健二さん共々、入会させて頂くことにいたしました。どうぞ、よろしく申し上げます。

僕は、医学部を卒業後、大学院で電子顕微鏡を見ていたのですが、あまり器用ではありませんでした。そこで、修了後、物理学科に学士入学させてもらい、卒業後は、流体力学の研究室に進み、理論的研究を始めました。

ここで紹介させて頂く、つたない論文は、僕が修士に入ってまもなく、医学部時代の同級生の山本さん（彼は、数学科卒業後、医学部に入ってきたので、今は不惑に達していると思う）に、「RNAの自由エネルギーをコンピューターに計算させてるんやけど、分子によっては、配列を少し変えると、ものすごい値の変化するものがあるみたいなんや。実際に、生物がつこてる配列は、そうでない配列とちごて、えらい安定なんとちゃうやろか？」と、話を持ちかけられてやりはじめた研究の結果です。

自由エネルギーを計算するといっても、次のような簡単なアルゴリズムを使います。まず、与えられたRNA分子が平面内でとりうる二次構造をすべて数える。ここで二次構造というのは、どの塩基とどの塩基が対を作っているか、どの塩基は対になってないか、で決まる分子の形です。一つ一つの二次構造の自由エネルギーは、Salserの方法を使って、求めることにします。こうして、すべての二次構造について、それぞれの自由エネルギーを求めます。

少し配列の違った二つのRNA分子に対して、上の値を求めておくと、この二つの分子の自由エネルギーの差を求めることができます。「二次構造の自由エネルギー」は、一つのRNA分子が、どんな形をしているのかしらべる時に役に立ちます。最小の自由エネルギーをもつ二次構造（最適二次構造）が、もっともありうるわけです。ところが一方、「分子の自由エネルギー」が何の役にたつのか、はっきりしません。とにかく、ある種のRNA分子は、配列を少しかえると、この「分子の自由エネルギー」が、極端にあがる性質があるということを、山本さんは言い出したのでした。

僕は、どういう分子が、こういう性質をもつのか、ちゃんと調べてやろうと思いました。まず、山本さんのプログラムを精密化して、長さの決まった配列をランダムにつくっては、自由エネルギーを計算させて、上の性質を持つ配列と持たない配列を分けました。そうやって色々調べているうちに、上の性質を持つ分子は、つぎのような、二次構造をほとんど持たないことに気づきました。「最適二次構造の自由エネルギー値と近い自由エネルギー

を持ちながら、最適二次構造とはかなり構造のちがった二次構造」

考えてみれば、これは、自由エネルギーの値というものが、ボルツマンファクターの大きな比較的少数の状態が決まってしまうということの、当然の帰結です。つまり、この少数の状態（いまの場合、二次構造）が、似た二次構造ばかりからなっているなら、配列を少し違えた場合、これらの二次構造全てが影響を受けて、大きく分子の自由エネルギーがあがるだろう。一方、この少数の状態が、いろんな二次構造からなっておれば、配列を少しかえても、これらの二次構造の一部しか影響を受けず、あまり、分子の自由エネルギーは変化しないだろう、というわけです。

使えるコンピューターでは、せいぜい30塩基数ぐらいまでのRNA分子しか扱えず、僕としては、「生物がつこてる」RNA分子が、上の性質を持つかどうか、確認できませんでした。

僕は、この研究の後、脂質二重膜でできた球状小胞の振動モードの研究で、理学修士を頂きました。最近では、遺伝子の相同組換えの頻度の相同長への非線形な依存性をしめすデータを、理論的にうまく説明しました。ともに、この誌面で紹介させて頂ければとおもっています。なお、僕は博士過程を中退して、現在、予防衛生研究所に籍がありますが、東大医学部細菌学教室に出向して研究をしていて、二度目の博士論文作成中です。

## タンパク質・核酸の一次構造類似性から生命の初期進化を探る

東京理科大学理工学部 福地佐斗志・大塚仁也

オパーリンによるコアセルベート、代謝の側面からの生命の起源についての考察以来、生命の起源は自然科学における大きな関心事の一つとして議論されてきた。近年の分子生物学の隆盛は生命の起源についての興味を中心に核酸へ移し、初めの自己増殖分子をRNAとするRNA world仮説が提唱され、RNAの触媒作用の発見はこの仮説を裏付けるものとして注目されてきている。しかし、現存の生物を構成するシステムがどのようにして組織化されてきたかという具体的な問題は殆ど手つかずの状態である。一方、近年のアミノ酸およびヌクレオチド配列の決定件数の急増により配列データがデータベース化され、コンピュータプログラムを利用した類似配列検索(ホモロジーサーチ)が普及してきた。データベースに対し類似配列検索を行うと、機能的に似たタンパク質以外にもしばしば名称も機能も異なる思いがけないタンパク質間に配列の類似性が見い出されることがある。このような思いがけないタンパク質間の類似関係を相同関係と仮定してみると、どのような進化過程が描けるのか調べてみることも興味深いと思われる。幸い、多くの生物が共通に持ち生命活動に本質的な系である解糖系、翻訳・転写・複製という遺伝情報伝達系に関与するタンパク質の大部分のものが配列決定され、これらの配列の類似関係をデータベースを使っ

て検索することが可能となってきた。そこで著者らはここ数年、これらの系に関与する多くのタンパク質の配列類似関係を、系の進化という観点から吟味し、生命体の成り立ちを窺い知ることを試みてきた。類似配列検索は、多くの配列データの中から簡便かつ迅速に類似配列を見つけ出すのに適したプログラムFASTP(アミノ酸配列)及びプログラムFASTN(ヌクレオチド配列)を用い、6SD以上の類似スコアを類似性の判定基準とした。

解糖系は、代謝系の中でも最も基本的経路と考えられ、解糖系酵素の多くは、アミノ酸配列のみならず立体構造も決定されてきた。ところが、これらの酵素間でのアミノ酸配列の類似性はほとんどみられず、Horowitzの代謝経路逐次伸長説も疑問視されてきている。そこで、対象とする代謝経路を解糖系のみならずペントースリン酸回路、アルコール・乳酸発酵経路及びTCA回路まで広げ、これらの各反応を触媒する酵素のアミノ酸配列について、センス・センス、センス・アンチセンス類似配列検索を行った。この類似配列検索の結果から、酵素タンパク質間に興味深い類似パターンが得られた(図1)。即ち、アミノ酸配列の類似関係を代謝経路上に投影してみると、これらの代謝系はペントースリン酸回路及び六炭糖、五炭糖の異化経路(ブロックA)、グリセルアルデヒド-3-リン酸からピルビン酸までの解糖系(ブロックB)、発酵経路及びTCA回路の酵素(ブロックC)という3つのブロックに大別されようと思われる。ブロックAとブロックCは各ブロック内の酵素間に類似領域がみられる例が多く、また3つのブロック間でも類似領域を持つ酵素が見つかる例も少なくないが、ブロックB内の酵素間にはセンス・センスのみならずセンス・アンチセンスの類似性も見当たらない。このことは、ブロックA、Cの酵素遺伝子はブロックBの酵素遺伝子をはじめとした既存の遺伝子から派生してきたと解釈しても、ブロックBの酵素遺伝子の起源は謎のままである。実際、化学進化の研究からも解糖系の中でも特にブロックBは、最古の代謝系の一つであることが示唆されている。そこで、この経路を触媒する遺伝子の類似配列を、同じく起源が古いと考えられるリボソームRNA・トランスファーRNAをコードする遺伝子に求めた。すると、予想した通りブロックBの酵素遺伝子はいずれも16S・18SリボソームRNA、23S・26SリボソームRNA、さらにはトランスファーRNAに対して、センス・センスまたはセンス・アンチセンス類似性を示すことが見いだされた(図2)。これに対し、ブロックA及びCを触媒する酵素遺伝子にはRNA遺伝子に対する高い類似性は見いだされなかった。以上のように、最古の代謝系の一つと考えられるブロックBの酵素遺伝子と、最初の自己複製分子として注目されるRNAをコードする遺伝子間に高い類似性が見いだされたことは、RNA-protein worldの一つの様相を想像するに足るものであろう。

現存生物の翻訳過程には、いくつかのRNAと共に多くのタンパク質が関与している。このことを考えると、RNA-protein Worldのもう一つの側面としてRNAと相互作用するタンパク質の進化上の位置づけについても興味が湧いてくる。そこで我々はつぎに、リボソームRNAと共にリボソームを構成するリボソームタンパク質に注目した。なお、配列データの

関係上、以下の解析は主に大腸菌について行った。リボソームタンパク質は100~200アミノ酸から成る短いタンパク質であり、低い類似スコアしか得られないため一般の類似配列検索では配列類似性を見いだすのは難しい。このため、リボソームタンパク質の配列データからなるサブセットファイルを作り、類似性の評価値として'overlap'(optimized similarity scoreを算出する領域の部位の数)を用いて類似性を評価した。この結果、54種ある大腸菌のリボソームタンパク質のうち、14種はほぼ全域にわたってきわめて相互に類似していることが明らかになった(図3)。そして、残りの40種のリボソームタンパク質は上述の14種のいずれかと類似しているが、相互類似性は低いものであった。この意味で、以後上述の14種のリボソームタンパク質を基本型リボソームタンパク質(elementary ribosomal protein)と呼び、祖先型リボソームタンパク質のアミノ酸配列をかなり保持しているものと考えた。この考えを裏づけるため、翻訳・転写・複製関連タンパク質へとアミノ酸配列の類似性探索を拡げた。リボソームタンパク質オペロンにコードされている他のタンパク質のうち、伸長因子Tu、RNAポリメラーゼの $\alpha$ サブユニット、 $\sigma$ サブユニット、プライマーゼは互いに類似配列を持つばかりでなく、ほぼ全域にわたって基本型リボソームタンパク質と類似性を示すことが見いだされた。これに対し、他の伸長因子や開始因子は伸長因子Tuとの類似性が、RNAポリメラーゼ $\beta \cdot \beta'$ サブユニットには $\alpha$ サブユニットとの類似領域の繰り返しが見い出されたが、リボソームタンパク質と似ている領域はまばらであった。このことから、翻訳因子群やRNAポリメラーゼ $\beta \cdot \beta'$ サブユニットなどは、伸長因子TuやRNAポリメラーゼ $\alpha$ サブユニットがリボソームタンパク質遺伝子の融合により生成された後に派生してきたことが示唆される。いくつかの複製タンパク質にも、転写タンパク質との間に類似配列が見いだされた。DnaCタンパク質、DNAポリメラーゼIII $\tau$ サブユニットはRNAポリメラーゼ $\alpha$ サブユニット、 $\sigma$ サブユニットとの間、DNAリガーゼ、DNAポリメラーゼIはRNAポリメラーゼ $\beta \cdot \beta'$ サブユニットとの間に共通配列が見い出され、これらの複製タンパク質と他の多くの複製タンパク質の間にも類似領域が見つかった。しかし、これらの複製タンパク質の多くには、リボソームタンパク質のみならず、翻訳、転写タンパク質とも類似しない領域も存在した。以上のように、リボソームタンパク質から始まる類似配列は、転写関連タンパク質を経て複製関連タンパク質にまで見いだされ、これらのタンパク質はリボソームタンパク質を出発点としていくつかの系統に分かれ生み出されてきたことが示唆される。

以上の結果から、代謝系と遺伝情報伝達系の成立過程をRNA-protein worldからDNA-RNA-protein worldへの移行に位置づけて推論できる(図4)。翻訳因子Tuがほぼ全域にわたりリボソームタンパク質と高い類似性を示すことは、DNA出現以前に少数のリボソームタンパク質と翻訳因子によるRNAを鋳型とした翻訳過程が遺伝情報伝達の原始的姿であったことを反映しているのだろう。そしてこのRNA-protein world時代には、遺伝子重複と融合

が遺伝子のレパートリーを増やす主要機構であったことも示唆される。このように考えると、リボソームRNA遺伝子とほぼ全域にわたる類似性を示したブロックBの経路を触媒する酵素も、RNA-protein world時代に出現していた可能性が高い。これに対し、DNAと相互作用する転写や複製過程に関与するタンパク質の中には、リボソームタンパク質とは似ていない領域も存在した。どのようにして、DNAに遺伝情報が蓄えられるようになったかは本研究からでは明かではないが、このことはDNAに遺伝情報がコードされるようになってから遺伝子の混合が起こってきたことを示唆する。このことに関連して、複製過程に関与するRepタンパク質と遺伝子の組み替え過程に関与するエキソデオキシリボヌクレアーゼVとの間に、高い配列類似性が見い出されることも興味深い。いずれにせよ、DNAと直接相互作用するこれら多くのタンパク質が部分的類似性を持ち合わせていることから、DNA-RNA-protein worldになると遺伝子の混合によるタンパク質のレパートリーの急激な増大が起こったということが推定される。代謝系の所で述べたブロックA・Cの反応を触媒する酵素間にみられる類似性も、部分的な領域におけるアミノ酸配列の類似性であり、これらの経路はDNA-RNA-protein worldになって遺伝子の混合によって生成されてきた可能性が強い。そして、これらの代謝経路も逐次伸長というよりは、遺伝子セットがある程度揃った段階で、新しい遺伝子がかなり爆発的に生じ、一気に伸展したのであろう。

以上の研究は、簡便かつ迅速な類似配列検索プログラムを用い最新のデータベースを活用した結果であり、相同性を示唆した個々の事例については今後相同性を確証するより精巧な方法での検証が必要であろう。また、ここで示唆したRNA-protein world時代の遺伝子の融合やDNA-RNA-protein worldでの遺伝子の混合が、今日知られているRNAスプライシングやエキソン混合説などどのように関係しているかも追求していく必要があるだろう。しかしながら、従来の検索プログラムFASTPないしはFASTNにより容易に検出できる程度の配列の類似性が、上述のようにかなり古い時代に確立したと思われるタンパク質ないしは遺伝子間にみられることは、これらの機能形成上でもたいへん興味深いことと考えられる。

- 1)Fukuchi & Otsuka (1992). J. theor. Biol., 158, 271-291.
- 2)Fukuchi, Okayama & Otuka (1994). J. theor. Biol., 171, 179 -195
- 3)Horowitz (1945). PNAS, 31, 153-157.
- 4)Fothergill-Gilmore (1986). TIBS, 11, 47-51.
- 5)Gilbert (1978). Nature, 271, 501.

## 研究室紹介

# 大阪大学理学部数学教室 高橋研（？）

研究室と呼ぶには（僕ひとりでやってて）あまりに小さいので、すこし気がひけますが、以下研究室紹介です。

大阪大学の数学教室は去年の4月に理学部と教養部の数学教室が合体してでき上がりました。建物はまだ合体してなくて、もと理学部が「南」、もと教養部が「北」とよばれています。「北」の5階の北摂の山なみを見渡すところに研究室があります（その研究室じゃないって？）。

僕自身の研究テーマはフラクタル幾何学（マルチフラクタル）、セルオートマトン、数理生態学（魚の右利き左利き）などですが、学生はそれにこだわらず、いろいろなことをやってほしいと思っています。例えば、今度DIになった人はパーコレーションの研究をしています。研究の方法も、僕自身、フラクタルでの純粋数学（定理の証明）から、魚の右利き左利きでの野外データをもとにしたモデリングまで、さまざまなので、学生の方も、いろいろになりそうです。

現在は、院生はそれぞれ自分のやりたいことに応じて論文を読み、そのなかから具体的に研究する問題を探すということにしています。同時に、データベースを使った論文の探し方、C言語によるプログラミングなどを覚えることになります。

今年の四月から阪大も大学院重点化がなり、大学院に進学しやすくなりました。数学教室修士課程の定員も1学年50名ほどになりました。大学院で自分で主体的に研究していきたいという学生は、ぜひ阪大も、うけてみましょう。

上の説明だけでは、きっとよくわからないような気がするので、院生、（昨年度の）4回生、その他研究室に出入りしている人（？）に助けてもらいました。以下を読めば高橋研が（裏の姿まで？）ばっちりわかるでしょう。

・当研究室において行われたゼミについて簡単に紹介する。私はこの1年間、修士論文の研究に取り組んだが、大体、研究を進める上で、理解できないことや疑問に思うことを質問するという形でゼミは行われた。後、私の場合は直接研究に使われることはなかったが、コンピューター・シミュレーションをするという目的で、コンピューターのゼミも行われた。基本的に、学生主体のゼミをしていただいたので、私自身、好きなことを思う存分することができたように思う。

・セミナー発表の前、もう一度原文を読み直す。引っかけた所は全てOK...のはず。これを述べる前にあっちに触れておいて云々...。さて発表が始まる。和やかな雰囲気の下、黒板いっぱいにかきかきする。「これがこうなって、ここを見てやると...（あれ？）...なって

ませんね。(M) さあ、破綻した。困った。前日にはOKに思えて流したものが黒板に書く  
と成立していない。そこで先生が助け船を出してくださる。「そこはどういう意味？」  
ところが、パニックになっているのでわからない。「そこってどこ？」状態。先生は再び、  
助け船第2弾を出してくださる。さらに繰り返し、助け船の大艦隊ができ上がる頃にはようや  
くめどが立ちなんとかなる。...これを発表1回につき数回繰り返す。こんな発表でもちゃ  
んとめんどろを見てくださる高橋先生に感謝。

さて、セミナー発表が終わると、自分が考えていることに付いてのお話。論文を読んでこ  
う思った、ああするとどうか、などなど。その時の先生の決め台詞は「そうね、それはテー  
マを先に決めないと...」それは笑ってごまかす(嘘?)。コンピューターについての話  
になると時間を忘れて話し込んでしまい、先生の時間を食い散らかしてしまう悪い学生はわ  
たしだ。そんなこんなでセミナーの時間が流れていくのである。

・質問日と称してコンピュータ講座があったりして他のゼミよりは忙しいけれど、先生は楽  
しい方です。今年のゼミ生の間ではさっちゃんと親しまれています。そう呼ぶと喜ぶます。  
ただしゼミ自体は「それはどうして?」というつつこみがよくとぶので要注意です。口あた  
りはやさしいけど実はわさびのような人かなと思います。

・先生は、数学、コンピューター、その他たくさんの事が分かる方なので、いろいろな事を  
教えて頂けるし、とても分かりやすいので、かなり多くの事が身に付くと思います。また、  
先生の部屋はとてもくつろげます。coffee 楽じゃないけど苦でもなく、なんといっても  
自分のためになるゼミだと思いますヨ。

・さっちゃん(高橋先生)のゼミは“破門”という言葉があります。ある日突然その言葉を  
発せられた学生は、一年間ゼミが終了するまでその言葉をじゅもんのよう繰り返し返されます。  
さっchanは、そこで反抗する生徒が大好きなのでみんな反抗しましょう。絶対おとなしく破  
門されないようにしましょう。(悪い子代表)

・高橋研のM1の人を対象にした、K.Smitalava and S.Sujan の "A mathematical treatment of  
dynamical models in biological science" のセミナーに参加させてもらってます。このセミナーは、  
毎回、高橋先生が自ら煎れてくださるコーヒーと雑談から始まります。先生は研究だけでなく  
学生のカウンセリングにも長けていらっしゃるの、セミナーに参加するのはとても楽し  
いです。学生さん達ものびのびと研究に取り組まれているようです。

## 東京大学海洋研究所資源解析部門紹介

魚をはじめとする水産資源の量はダイナミックに変化しています。その変化を十分に考慮しない漁業活動は資源を効率よく利用できないばかりか、時として水産資源を絶滅に追いやってしまう場合もあるでしょう。水産資源量の変化を追跡・把握することは、漁業活動において非常に重要な課題であり、東京大学海洋研究所資源解析部門ではこの課題に答えるべく、理論を中心とした側面からのアプローチを行っています。

現在研究スタッフは、松宮義晴教授，立川賢一助手，そしてわたくし山内淳助手，加えて森山彰久技官という構成になっています。じつの所，昨年1月に本研究所に移ってきたばかりの教授を筆頭に，わたしも昨年7月に就任，森山技官にいたっては今年の1月に就任という，形を成したばかりの研究室です。これらのスタッフを中心にどのような研究が繰り広げられるか，まだまだ柔軟で大きな可能性に富む研究室です。

さて，その研究の方向性ですが，今のところ以下のように展開されています。

### 資源量推定・予測法の整備と現実への適用

人間が水産資源の量（水産学の世界では，魚を中心とした漁獲対象生物を「資源」と呼びます）を完全に把握・予測することは実質的に不可能ですが，統計数理解析やニューラルネットワーク理論などを用いてその推定値の精度を上げることはできます。そのための推定法の整備や，それらの現実の資源への適用を行っています。水産学では，日本国内でも国際的にも，この分野を中心に数学や統計学畑出身の研究者が実力を発揮しています。

### 資源量変動の機構と特性の解明

資源量を推定・予測する上で，統計学的な技術とならんで重要なのは，さまざまな要因が資源量の変化にどのような影響を与えるかということの解明することです。もちろん，それらの相互作用を直接的に測定することは不可能な場合が多いのですが，適当な仮定をおいて数理モデルを用いた解析を行うことで，さまざまな知見が得られます。

### 効率的・持続的な水産資源管理の研究

上記のような研究から得られた資源量に関する知見に基づいて，効率がよくしかも水産資源を長期的に持続しうるような資源管理のありかたを，最適化などの数理的な手法によって研究しています。

これらの基本的な方向以外にも，適正な環境影響評価の在り方や，水産資源生物の生態を数理的に明らかにしていくことにも取り組んでいます。

わたし自身，この分野に来たばかりでよく分からないことだらけで，つたない研究室紹介になってしまいましたが，このニューズレターの読者の皆さんにも，具体的な数学や統計学の応用分野の一つとして興味を持っていただけたら幸いです。（文責：山内 淳）

### **大学院学生募集**

本部門は東京大学農学生命科学研究科に属しています。入学試験は修士課程が8月下旬～9月上旬，博士課程は3月上旬に実施されます。若い精鋭の加入を心から期待しています。

日本の最果ての地、九州は福岡の地に、九州大学数理生物学講座は位置しております。地理的な現実はともかくとして、学問的には日本の中心勢力たらしめんとする、我々が数理生物学講座の紹介を、1大学院生の目を通してさせていただくことにします。

九大は福岡市の中ではやや東より、JRからも空港からも大変アクセスの便利な地に有り、屋上に登れば北に博多湾、東に立花山の望める、大変風光明媚な土地柄です。九大名物ともいえる上空を低空飛行するジャンボ機とその轟音には、私も初めのうちは随分驚かされましたが、慣れてしまえばある種の安らぎとともに耳に聞こえてくるのですから、不思議なものです。

さて当講座の構成員は、教授の巖佐庸先生を筆頭に松田裕之助教授、佐々木顕、武田裕彦両助手の4人の教官と5名の大学院生からなります。武田さんの専門が発生に関わる遺伝子のモデル、佐々木さんが主に進化と集団遺伝、松田さんが個体群動態からfood webまで、そして巖佐さんが進化的生態から行動まで何でも、とそれぞれの教官の得意とする分野は非常に多岐にわたっています。そのためか、私たち院生の研究テーマも実に様々です。いくつか挙げますと、格子モデルを用いた森林動態に関する一連の研究、ゲーム理論を用いた鳥類の交尾パターンの解析、病原体と宿主の間での組換え率が共進化することを示した研究、何故全ての遺伝子がGenomic Imprintingを起こさないのか? 等等、といった具合です。また昨年からは、理論だけでなく魚を使った実験を行い、そのデータから理想自由分布を検証する研究テーマを続けている院生もいます。まさに生物界の多様性をそのまま反映していると言えるでしょう。

計算機の設備は大変恵まれており、計算の主力となるUNIXマシンが2台、補佐として使えるマシンも3台、またMacintoshが各人1台は占有できるだけ有ります。ただし、使用状況を見てみると、あたかも時間的住みわけをしているかのよう、使用時間帯がずれています。これは、メンバーが基本的に各自の好きな時間帯で仕事をしているからで、例えば武田さんやD1の久保さんなどは非常に朝早くから研究室に現れるのですが、一方で私のように昼間近にならないと顔を出さないものもいる、といった具合です。さて、仕事に疲れると飲物が用意されている「お茶の部屋」へ行って一服します。適当な時間であれば自然と人が集まり、雑談に花が咲くことになりましょう。雑談はしばしば巖佐さんの手によってモデルの話へと発展し、同じくしばしば巖佐さんが発する情けない冗談と共に、不慣れな院生をとまどわせる事になります。

また研究室の特徴の1つとして、大学院生でも1人前の研究者として扱われるということがあります。研究の進め方が基本的に私たちの意思に任されている自由がある一方で、それに伴う責任も要求されているということです。未熟者の私だけにそう思えるのかも知れませんが、縦社会の日本に於て、あるいは生意気ともとられかねない積極性が、むしろ奨励されているように思えます。ある意味厳しいとも見れますが、研究の好きな学生にとっては、この上もなく居心地の良い環境ではないでしょうか? \*

この春、当研究室の博士課程に在籍していた江副さんが、大阪女子大学に就職しました。また、昨年4月には佐藤さんが室蘭工大へ、7月には山内さんが東大海洋研へと、私たちの研究室からは次々と優秀な研究者が生まれています。絶好の環境であるだけでなく、教官の平均年齢が36歳の当研究室は、何でも面白いことをやってやろう、という意欲に満ちています。私たちは、若い積極的な学生の参加を心から歓迎します。(って勝手に書いちゃいましたけど、いいですね?)

(文責：望月敦史)

## 自己紹介のページ

四本 彬（よつもと あきら） 1934年 東京生まれ

某大理工学部卒、民間会社に3年間勤務後イラストレーターに転職。

1982年頃それまで高嶺の花とあきらめて指をくわえていたコンピュータグラフィックスが、パソコンの出現でにわかに身近なものになり早速9801を購入。コンピュータの特性を生かした画像は数理的な自然の形の再現にありという持論のもとに、ヒマワリの種子のうずまきもように挑戦。あっけないほど簡単に解決はしたものの、すでにMathematical Biosciences (1974)にA.H.Mathai等による手書きの図が発表されていた。ただしこれはFibonacci系 (34本、55本、89本等の斜列線をもつ)のものについてのみなので、Lucas系 (29本、47本、76本等の斜列線をもつ)のものについては、第一発見者の称号を授かる権利をまだ失ってはいないようである。

1985年第1回NICOGRAPH論文コンテストに「葉序の生成の仕組」発表。

コンピュータグラフィックス絵本「むかいあわせ」(1985)「うずまき」(1986)「くりかえし」(1992)福音館書店から刊行。

1987年 AV Software International '87 パソコン賞「マヤの碑文」(静止画像)

1993年 "A Diffusion Model for Phyllotaxis" Journal of Theoretical Biology 162.

趣味：クラシック音楽、写真。

山本健二

東京大学理学部情報科学科 米沢研

e-mail backen@camille.is.s.u-tokyo.ac.jp

この10年程核酸の持つ情報のメンテナンスと変化についての興味を持ち研究を続けています。特にRNAの二次構造の解析とDNAの修復を中心に進めています。RNAの二次構造の解析については局所安定な構造にたいし超並列計算機を用い全解探索を試みています。またrandomな配列において局所安定なる解の個数と成分比との関係を調べています。

\*\*\*\*\*

編集部では会員の皆様の自己紹介を募集しています。様式はB5版半頁程度におさまるなら自由です。まだ自己紹介をなさっていない方は奮って投稿してください。

1994年度数理科学談話会（室蘭工業大学）

- 第 1 回 竹ヶ原 裕元（室工大・共通群・数理科学系）  
（ 4. 25） 「The number of homomorphisms from an abelian group to a symmetric group」
- 第 2 回 (1)今野 紀雄（室工大・共通群・数理科学系）  
（ 5. 16） 「無限粒子系の相転移現象」  
(2)佐藤 一憲（室工大、共通群、数理科学系）  
「病気伝播の3状態無限粒子系モデル」
- 第 3 回 岩田 耕一郎（北大・理学部・数学科）  
（ 5. 27） 「確率場のマルコフ性について」
- 第 4 回 徳田 功（室工大・情報工学科）  
（ 6. 13） 「母音信号の'a'のカオス」
- 第 5 回 香取 眞理（中央大・理工学部・物理学科）  
（ 6. 20） 「コンタクト・プロセスの非可逆な定常分布をGibbs分布で近似することは可能か？」
- 第 6 回 遊佐 毅（姫路工大・理学部・数学科）  
（ 6. 21） 「接続層上の微分作用素と代数幾何」
- 第 7 回 山口 格（室工大・共通群・数理科学系）  
（ 6. 28） 「正の数、負の数」
- 第 8 回 盛田 健彦（東工大・理学部・数学科）  
（ 7. 1） 「On dynamical zeta functions associated with scattering billiards without eclipse」
- 第 9 回 今野 紀雄（室工大・共通講座・数理科学系）  
（ 7. 4） ビデオ鑑賞会「Chaos, Fractals and Dynamics (63min)」
- 第 10 回 桂田 英典（室工大・共通講座・数理科学系）  
（ 7. 8） 「A recursion formula for local densities」
- 第 11 回 高橋 耕一（北大・地球環境科学研究所）  
（ 7. 22） 「トドマツ、アカエゾマツ林の更新動態とその共存機構」
- 第 12 回 高安 秀樹（東北大・情報科学）  
（ 8. 23） 「非可逆系における非ガウス分布」
- 第 13 回 五十嵐 敬典（室工大・共通講座・数理科学系）  
（10. 7） 「ハミルトン空間の接続の公理系について」
- 第 14 回 (1)端山 貴也（筑波大・電子情報工学科）  
（10. 12） 「分散型マルチメディアとデータベースについて」  
(2)鈴木 志のぶ（ミネソタ大学）  
「国際企業における組織文化の拡散：対人コミュニケーションパターンがもたらす価値観、信条のグループ間共方向性への影響」
- 第 15 回 (1)濱名 裕治（九大・数理学研究科）  
（10. 14） 「ブラウン運動のIntersection Local Timeについて」  
(2)岩田 耕一郎（北大・理学部・数学科）  
「A central limit theorem for system with constraints」
- 第 16 回 高村 泰雄（室工大・共通講座・人間社会科学系）

- (10. 18) 「自己意識の時空構造と科学的認識の形成過程」
- 第 17 回 田中 和之 (室工大・情報工学科)  
(11. 7) 「共同現象と変分原理」
- 第 18 回 松本 敏治 (室工大・共通講座・人間社会科学系)  
(11. 9) 「文理解ストラテジーの変動」
- 第 19 回 三上 敏夫 (北大・理学部・数学科)  
(11. 15) 「非線型積分偏微分方程式の解の一意性」
- 第 20 回 佐藤 一憲 (室工大・共通講座・数理科学系)  
(11. 30) 「生態学における格子モデル」
- 第 21 回 Jay Pysock (室工大・共通講座・言語科学系)  
(12. 5) 「Synthesized speech for multimedia education」
- 第 22 回 太田 勝久 (室工大・応用化学科)  
(12. 8) 「電子移動の正準集団座標の分離」
- 第 23 回 宇沢 達 (東北大・数学)  
(12. 14) 「共役類と表現の対応  $\mathfrak{a}$  リフティングの例」
- 第 24 回 岩田 耕一郎 (北大・理学部・数学科)  
(1. 6) 「Central limit theorem with constraints derived from the mean」
- 第 25 回 (1)石川 保志 (弘前大・理学部・数学科)  
(2. 16) 「Asymptotic Behavior of the Transition Density for Jump Type Processes in Small Time」  
(2)高田 壮則 (北海道東海大学・国際文化学部)  
(a) 「進化ゲームのゴールの到達可能性について」  
(b) 「Projection matrix model と拡散方程式モデルの関係について」
- 第 26 回 志賀 徳造 (東工大・理学部・応用物理)  
(2. 22) 「投票者モデル  $\mathfrak{a}$  確率社会学入門  $\mathfrak{a}$ 」
- 第 27 回 (1)池田 正 (函館教育大学・数学)  
(2. 24) 「Monoidのcomplete presentationについて」  
(2)神保 秀一 (北大・理学部・数学科)  
「Ginzburg-Landau equation and steady state solutions」
- 第 28 回 (1)Ronald Dickman  
(3. 1) (Dep. of Physics and Astronomy, City Univ. of New York)  
「Nonuniversal Critical Spreading」  
(2)Alex Yu. Tretyakov (東北大学・情報科学研究科)  
「A Simple Trimolecular Model with an Infinite Number of Locally Frozen Asymptotic States」
- 第 29 回 長田 博泰 (弘前大・理学部・情報科学科)  
(3. 24) 「カテゴリー論的抽象マシンに基づく多相関数型言語の実現」

☆☆☆ 皆様からの話題提供・参加を歓迎いたします ☆☆☆

連絡先：佐藤一憲・今野紀雄

TELEPHONE: 0143-44-4181 (代)、FAXIMILE: 0143-47-3407

E-MAIL: kazunori@oyna.cc.muroran-it.ac.jp、norio@oyna.cc.muroran-it.ac.jp

## 1994～1995年MEセミナーの記録

(九州大学理学部生物学科数理生物学研究室) 12/13～3/7まで

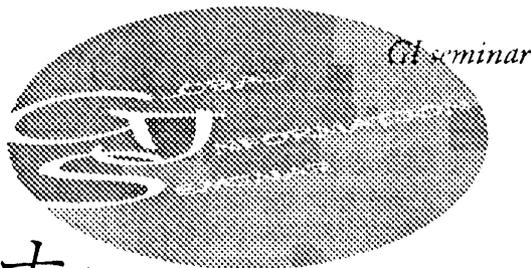
- 12/13 "嫌がらせ"の進化 - 干渉型競争における個体間相互作用のダイナミクス -  
江副 日出夫 九大・理・生物
- 12/20 バイオプロセスシステムの展望  
清水 和幸 九工大・情報工学部・生物化学システム工学科
- 1/17 哺乳類のゲノムインプリンティング: 親の性に基づく遺伝子発現の制御機構  
佐々木 裕之 九州大学遺伝情報実験施設
- マルコフ環境における進化と多型の集団遺伝学モデル  
松田 博嗣 九大名誉教授
- 1/24 移動分散のESS-遺伝的アルゴリズムを用いたニューラルネットの最適化-  
江副 日出夫 九大・理・数理
- 2/2' 大腸菌集団内の競争的共存  
四方 哲也 大阪大・工・応用生物工
- 2/14 LIFE-HISTORY TRADE-OFFS AND THE EVOLUTION OF PATHOGEN  
RESISTANCE: COMPETITION BETWEEN HOST STRAINS.  
Mike Boots Entomological Laboratory,  
College of Agriculture, Kyoto University.
- 2/21 「敵の敵は敵ではないのか？」  
= 2栄養段階系における被食者間の正の間接効果と捕食者間の負の間接効果=  
松田 裕之 九大・理・数理
- 3/7 Game Theory と Genetic Algorithm - Genomic Imprinting について -  
武田 裕彦 九大・理・数理

連絡先: 原田 祐子 〒812 福岡市東区箱崎6-10-1  
九州大学理学部生物学教室 数理生物学研究室  
tel (092) 641-1101 ex. 4438 or 4448

1994 年度

# 大域情報

# セミナー



#1	12月5日 月曜日 1:00pm ~ 3:00pm
巖佐 庸 九州大学理学部	原田祐子 九州大学理学部
変動環境における進化ゲームと情報の役割：オスチョウの羽化タイミング	生態学の格子モデル：植物の個体群動態とペア近似
#2	1月19日 木曜日 1:30pm~3:00pm
瀬野裕美 奈良女子大学理学部情報科学科	
パッチ状環境に生息する単一種個体群の存続性に対するパッチ環境の不等質性の影響に関する数理モデル解析	
#3	2月23日 木曜日 1:30pm~3:00pm
小出千絵 広島大学大学院理学研究科	
SIR Modelling Analysis on Asymmetric Transmission of Heterosexual Disease	
#4	3月16日 木曜日 1:30pm~3:00pm
難波利幸 大阪女子大学基礎理学科	
季節的環境における2種個体群の競争と多重安定周期解の出現	

## 入会案内

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国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) から日本での協力体制ができること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: JAMB Newsletter 第1号より抜粋)

## 編集後記

事務局移転に伴い、昨年秋より会費振り込み先が変わっています。

郵便振り込み **01770-1-12583** 数理生物学懇談会 です。

まだ年会費を未払いの方は至急お支払ください。年会費は一般3000円、学生2000円、入会金無料です。入会申し込みは第14号42頁をコピーしてお使いくださるか、または直接数生懇事務局宛にお申しつけください。電子郵便での入会申し込みもできます。

4月中に発送する予定でしたが、私用で遅くなったことをお詫びします/31頁からの会員情報は、紙面の都合で自宅住所、ふりがな、プロフィールは割愛しました。来年の名簿に全情報を掲載します。なお、「問合」は事務局が原稿をまとめる時点で入会申し込み中の方です/いま飛び込んできた情報ですが、1996年6月9~12日頃に京都国際会議場にて数理生物学の国際会議が催される予定です。詳細は次号でお知らせします。(ひ.ま)

数生懇ニュースレターでは、時折電子メールで送られてくる"SMBダイジェスト"を部分掲載してきました(SMBはSociety for Mathematical Biologyの略)。前回のニュースでお知らせしたように、電子メールで適当に申し込むと、Raymond Mejia という人(SMBのディレクターのひとり)が定期的にダイジェストを送ってきます。これもまたご存じの方も多いでしょうが(私はさっきまで気がつかなかった)、SMBは有名なジャーナルBulletin of Mathematical Biologyも発行していて(内容の割に購読料が安い)、今年でVol. 57までいってまますから、相当に歴史の古い学会であることがわかります。(佐々木)

# JAMB Newsletter No.16

## 目次

1.会計報告	事務局	表表紙見返し
2.第6回数理生物学シンポジウムのお知らせ	事務局	1
3.論文・研究紹介、国際会議案内		
運動性蛋白質に作用する分子間力の研究（モーター蛋白質とアクティブフィラメント間の分子間力の評価と測定）	須田 斎	2
最適酸素供給モデルに於ける哺乳動物の毛細血管-組織系構築	馬場恵一・神谷 瞭	6
捕食関係に基づく生物群進化に関する人工生命的アプローチ	有田隆也	10
閉鎖モデル生態系の動態	田中雅生	14
国際会議案内 "Future of Fractals"	中部大学 宮島佐介	17
"Influence of slight sequence changes on the free energy of a single stranded ribonucleic acid molecule"	藤谷洋平	18
タンパク質・核酸の一次構造類似性から生命の初期進化を探る	福地佐斗志・大塚仁也	19
4.研究室紹介		
大阪大学理学部数学教室 高橋研(?)	高橋 智	23
東京大学海洋研究所資源解析部門紹介	山内 淳	25
九州大学理学部生物学教室 数理生物学研究室	望月敦史	26
5.自己紹介	四本 彬・山本健二	27
6.セミナー記録、国際会議案内		
数理科学談話会（室蘭工業大学）、MEセミナー（九州大学）、大域情報セミナー（奈良女子大学）		28
7.新入会員、会員情報変更者の一覧、	事務局	31
入会案内、編集後記	編集局	裏表紙見返し
目次		裏表紙

数理生物学懇談会ニュースレター第16号

1995年5月発行

〒812 福岡市東区箱崎6-10-1

九州大学理学部生物学強室内

数理生物学懇談会編集局

印刷・製本 (株)うめだ印刷