Newsletter of the Japanese Society for Mathematical Biology No. 54 January 2008

日本数理生物学会
ニュースレター

TABLE OF CONTENTS

Newsletter of the Japanese Society for Mathematical Biology　No. 54　January 2008

年頭のご挨拶　日本数理生物学会 会長　重定 南奈子……1

【研究紹介】　頭蓋骨の縫合線のパターン形成をめぐって　三浦 岳……2

【研究の道具箱】　普遍的な個体ベースモデルの実装について　高須 夫悟……6
並列計算入門　時田 恵一郎 8

【研究会報告】　京大数理解析研共同研究集会「生物数学の理論とその応用」
梶原 毅　高須 夫悟　岩見 真吾　河内 一樹　野上 正義……10

編集委員会から……11

【研究会報告】　京大数理解析研共同利用研究「新しい生物数学の研究交流プロジェクト2007」
岩見 真吾　斎藤 保久　李 聖林　福井 義高　大竹 洋平……12

【報告】　「新しい研究の芽を育む会」の援助による派遣の報告
李 聖林　岩田 繁英……17

【書評】　関村利朗・竹内康博・梯正之・山村則男共著「理論生物学入門」現代図書
佐藤 一憲……18

数理生物学会事務局からのおしらせ　日本数理生物学会 幹事長　稲葉 寿……19
数理生物学会第18回大会のお知らせ　大会委員長　川崎 廣吉……20
研究集会カレンダー……20

MATHEMATICAL BIOLOGY

年頭のご挨拶

日本数理生物学会会長　重定南奈子

明けましておめでとうございます．今年もどうぞよろしくお願いいたします．

会長に就任して 1 年が過ぎました．昨年の学会としての最大のイベントは Society for Mathematical Biology との合同大会を米国 San Jose で開催したことでした．一方で，学会が後援する国内の会議も盛況でした．本ニュースレターには，夏以降に開催された，数理解析研集会第 4 回「生物数学の理論とその応用」(代表者梶原毅) と，「新しい数理生物学の研究プロジェクト２００７」(代表者瀬野裕美) の報告が載っています．特に後者は，若手参加者が，特別講師の話題提供を受けて，自ら問題提起をし共同研究を行うという大変ユニークなプログラムが組まれていました．生命現象の数理モデルに興味を持ちつつも，実際に踏み込んでやってみるきっかけがない若手研究者は潜在的にまだまだ多いと思われます．今後も数理生物学をより身近に理解・体験してもらえるよう様々な試みがなされることを期待しています．

さて，半ば私事になりますが，昨年 9 月 24-28 日にイタリアのナポリ近郊で開催された BIOCOMP2007（Topics on Competition and Cooperation in the Biosciences，主催者 Luigi Ricciardi）に出席いたしました．実はこの会議は”Dedicated to the Memory of Professor Ei Teramoto(1925-1996)”と銘打って，本学会の創立者の一人である故寺本英教授の没 10 周年を記念して開催されたものでした．多くの欧米の研究者が，日本で数理生物学を立ち上げられた寺本先生の事を今なお鮮明に覚えておられ，その業績を偲んで下さったことを学会長として大変光栄に感じるとともに，主催者の方々に心より感謝した次第です．

若い会員の皆様には寺本先生を直接ご存じない方も多いと思いますが，先生は数理生物学分野の若手研究者が将来国際舞台で活躍できるようにと様々な形で国際交流を推進された方でした．本ニュースレターには，「新しい研究者の芽を育む会」(略称：育む会) より San Jose 合同大会渡航支援をうけた方々の報告が載っていますが，本基金は先生が 1987 年に設立されたものです．ご承知のように，学会の年会費はだれでも気軽に入会できるようにと，設立当時からの 3000 円を堅持してきました．この間，物価の高騰と相まって経費は嵩む一方で，一時財政的に逼迫した時期もありましたが，学会化を契機に巌佐前会長の下，ニュースレターのスリム化など様々な改革が行われ現在は何とか健全財政を保っている状況です．そんな中で，若手支援はとうてい無理とあきらめていた矢先，育む会の中島久男代表から San Jose 合同大会の若手参加者に渡航援助をしたい旨のお申し出がありました．その後，育む会からの依頼もあり，本学会から選出された 3 名の委員 (代表：難波利幸) が育む会の運営委員会に参加して，事業を正式にお手伝いすることになりました．こうして，今期は 10 名の方が San Jose 合同大会に派遣されたと聞いています．これも寺本先生が残された若手への贈り物であり，先生の長期的な視野と学会への期待に改めて思いを致した次第です．若い世代から文字通り新しい研究の芽が育つことをこころより期待しています．

最後に，今年度開催の年大会および学会後援会議等の予定を下に掲げておきます．

- 第 18 回数理生物学会大会　2008 年 9 月 16 日 (火)〜18 日 (木) @同志社大学今出川キャンパス　(実行委員長 川崎廣吉)
- 第 2 回数理生物学日中コロキュム 2008 年 8 月 4 日—7 日 @ 岡山大学 (主催者 梶原毅)
- European Conference on Mathematical and Theoretical Biology, at Edinburgh, Scotland 2008 年 6 月 29 日—7 月 4 日
- 昨年と同様，数理解析研集会「生物数学の理論とその応用」および「新しい数理生物学の研究プロジェクト」の開催が予定されています．

その他，会員の皆様が独自に企画される集会やシンポジウムなどがありましたら，学会ホームページ, ニュースレター やメーリングリスト Biomath などを利用して会員に広報して頂ければ幸いです。

研究紹介

頭蓋骨の縫合線のパターン形成をめぐって

三浦 岳*

1. はじめに

実はこの話，何回か学会で発表しているのだが，この原稿の依頼を受けた時点で未だにちゃんとした論文にまとめていない．内容の報告は正式な publication で書くとして，この稿では研究を始めたきっかけや雑感など，論文に書けない，本来は懇親会等で話題になりそうなことを書いてみようと思う．

2002 年から 2004 年まで，日本学術振興会の海外特別研究員の制度を使って Oxford 大学に留学していた．発生関係で Gillian Morriss-Kay 教授という頭頸部の発生の権威がいたのと，Centre for Mathematical Biology の Philip K. Maini 教授と知り合いだったことから選んだのだが，実験しつつ数理の人と頻繁に交流できるなかなかいい環境だった．ここでまじめに数理を勉強することになったのにはいくつか要因がある．まず，学振のお金の出し方が独特で，研究費と生活費を一緒くたに出して，研究者側でどちらにいくら使うか決定することができた．アメリカに留学するとだいたいラボに金があることが多いので，全額生活費に使うことが多いらしいが，私の場合留学先がそれほど裕福ではなく，実験をしたら研究費をいくらか入れてほしいと言われた．つまり，実験をすればするほど実生活では貧乏になることになる．必然的に，ランニングコストのかからない数理に走った．もう一つの要因はイギリスの銀行の事務処理の遅さである．7月に渡英して，すぐに銀行口座を開こうと思ったのに，実際に実験で使える口座が動き出したのは8月末頃だった．その間実験ができず，なにもやることがないので，J. Murray の「Mathematical Biology」を最後まで読んだ．今考えるとこれだけのまとまった時間がとれることはなかなかないので，数理的な基礎を固める上ではとてもためになったと思う．

しかし，元々私は四肢の骨格の発生に興味があって，そちらのモデルを Maini さんと議論して作っており，頭頸部発生にはあまり興味がなかった．実際には所属するラボでは頭頸部，特に頭蓋骨の縫合線の発生をやっていたのだが，ふうん，という程度で，実際に実験に関わることもなく自分の仕事をばたばたとしていた．しかし帰国が迫ったある日，ぼんやり名古屋大学の近藤滋先生のホームページを見ていたら，そこで Hagberg-Meron [1] の論文で出ているパターンが出ていた．一見して，これは使える，と思った．ラボメイトにもパターンを見せたのだが，おお，こいつは似ている，何かあるに違いない，と，新生児の頭蓋骨*を引っ張りだしてきて比べてみて，このパターンも実物にある，何か関連がありそうだ，というところで時間切れとなって日本に帰ってきてしまった．以後，メールでやり取りをしながら少しづつ話をまとめていくことになる．

この時点でわかっていたことは，解剖学，発生学，医学，自然人類学，フラクタル幾何の分野で少しずつ縫合線についての記述があるというところだけだった．解剖学では縫合線の各所の名称と周辺の構造，発生学では関連のある遺伝子群２０－３０個，医学では頭蓋骨早期癒合症というヒトの疾患とその原因遺伝子，自然人類学では縫合線の種差，フラクタル幾何では縫合線のフラクタル次元と宮島先生のモデル，といった具合で，かなりバラバラである．

2. 頭蓋骨の発達

まず，頭蓋骨の解剖の話をする．頭の皮を剥ぐと，頭蓋骨は表面と深部で膜に覆われている．表面を覆っているのは periosteum という薄い結合組織，深部を覆っているのは分厚い漿膜性の硬膜 (dura mater) である．それぞれから分泌性のシグナルが出て，骨の発生／発達に影響を与えると言われている．硬膜は脳の分かれ目（左右の大脳半球とか，大脳／小脳の境界とか）の部分でさらに深部に入り込んでおり，このような硬膜の入り込んでいる部分の表面に縫合線の組織があることが知られている．これは，場所によって冠状縫合，矢状縫合，ラムダ縫合というような名前がついている．

縫合線は，出生直後はほぼ直線で，幅も広い．縫合線同士が交わる部分では，大泉門，小泉門という，まだ骨化していない柔らかい部分が残っていて，頭蓋骨の発達の診断に使ったりする．1歳未満の小さいお子様がいる読者の方は，子供の頭を触って試してみてもらいたい†．この縫合線の組織は，若年期には骨を生成する成長中心として働く．骨のような固い組織では中心から成長して形を変えることができず，骨の端から付け足されるようにして成長が起こるが，そのような

*606-8315 京都市左京区吉田近衛町 京都大学大学院医学研究科 生体構造医学講座 形態形成機構学教室
e-mail: miura-takashi@umin.net.

*一応解剖の教室なので，手近にこういうものが転がっている

†あまり触ると泣く．

骨を作る領域として働く．

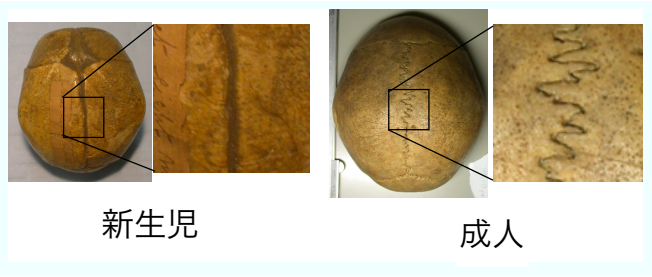


図 1　頭蓋骨の縫合線の発達．小児では広く開いているが，成人では狭くなり，湾曲が起こっている．

最近になって，遺伝子改変マウスの表現型として頭蓋骨の形態異常がよく出てくることから，分子生物学的な解析も進んでいる．拡散性のシグナル因子としては FGF2, FGF18, BMP4, Noggin など，転写因子では twist, Runx2, Osteopontin, Axin2 ，細胞接着因子では cadherin など，関わっている分子のリストアップが進み，また遺伝子改変マウスを用いた操作によってそれらの因子の相互作用が明らかになりつつある．私が留学していた Gillian Morriss-Kay の研究室では特に FGF シグナルを中心に解析を行っており，未分化な間葉から骨組織への分化のカスケードの全容を明らかにしつつあるところだった．

医学的に見て，縫合線の組織は，頭蓋骨の成長を決定する因子として非常に大事である．縫合線が関与する病気として，頻度は少ないが頭蓋骨早期癒合症（**Craniosynostosis**）という病態がある．これは，縫合線の一部が早期に骨に置き換わってしまうことによって，その部分での骨の成長ができなくなり，骨の形が歪んでしまうものである．この原因遺伝子が患者さんからスクリーニングされ，FGF（繊維芽細胞成長因子）のレセプターがこの病態に関与することがわかった．

また，自然人類学では，縫合線は年齢の推定のためのランドマークとしてよく使われている．縫合線の消失する時期によって，その骨の年齢がわかる，という訳だ．また，進化がらみでは機能論的な見方を好むので，縫合線の湾曲は，骨同士の接面積を広げて結合を強固にするためのものだ，というような説明がなされている．したがって，固いものを食べて，頭蓋骨に力がかかる種ほど縫合線の湾曲が強い，という仮説がある．

1980 年代にフラクタル幾何が流行した際，生物の体の構造のフラクタル次元を計測するという仕事が盛んにされたことがあった．その中の一つで，頭蓋骨の縫合線の湾曲がフラクタル構造である，という発見をした人がいる*．フラクタル次元の計測には Box counting 法という非常に簡便な方法があるため，沢山の仕事が出た．しかし，最終的な形態の計測は多かったのだが，それがどのように形態の形成と関わってくるのか，はっきりと指摘した仕事はなかった．この手の論文を見ると必ずコッホ曲線の生成の説明が出てくる．しかし，実際に縫合線でどのようにフラクタル構造が生成されるのか，その機構の実際的な説明は全くなされていなかった．

ところが，2002 年になって，中部大学の宮島先生が，Eden model という，フラクタル次元を生成する界面を記述するモデルを２つ組み合わせたもので縫合線の形態形成を説明しようとするモデルを提案した．これは，格子状のまっすぐな界面をまず定義して，そこにランダムな位置に格子を付け加えて行く，という操作を繰り返していくと，フラクタル次元を持ったギザギザの界面が生成される．縫合線の形成は，このような向かい合った二つの界面が中央で衝突したものだ，とするものだった（図 2）．私は形の科学会で初めて宮島先生の仕事を知ったのだが，面白いことをする人がいるものだ，いつか実験的にきちんと証明してみたいと感じて，しばらく連絡を取り合っていた．

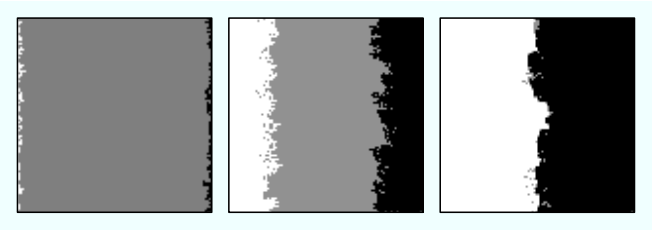


図 2　Eden 衝突モデル．二つの Eden front が中央で衝突することでギザギザの骨の継ぎ目が形成される [3].

3.　定式化のプロセス

しかし，実際に縫合線の発生を間近に見てみると，この定式化では困ることがいろいろと出てくる．まず，最近の分子生物学的な知見が入るところがどこにも出てこない．また，宮島先生のモデルで生成される形は一見似ているのだが，縫合線が生成される時点では実は骨の界面は平滑で，骨同士の継ぎ目ができてからじわじわ曲がってくる．また，骨と骨との間には細長い未分化な間葉組織がずっと維持された状態にあって，そこが成長の中心になるのだが，このような未分化な組織の存在も宮島先生の定式化では出てこない．

そこで出会ったのが Hagberg-Meron の論文である [1]．彼らが実際には何を想定して定式化したのかいまだによく理解していないが，とにかく形状およびダイナミクスは非常に良く似ている．現実をうまく抽象化したらどこかで接点が出てくるに違いない，ということで，まず，数値計算の再現とモデルの挙動の理解から始めた．数値計算に関しては，単純な Explicit finite

*日本人の中では養老孟司さんが一番最初に発見したことになっているが，論文をあさってみると少し早くに論文を出している人がいる．

difference scheme だったので一晩で再現できた．次に挙動の定性的理解だが，このモデルは式自体は

$$u' = u - u^3 - v + \nabla^2 u \tag{1}$$
$$v' = \epsilon(u - a_1 v - a_0) + \delta\nabla^2 v \tag{2}$$

というような，双安定な形の FitzHugh-Nagumo 型の反応拡散方程式である．u の部分が 1 もしくは -1 で落ち着きやすいが，v は u が 1 の領域で生成されて，u を減少させる働きがある．このような場合，1 次元では u がスパイク状の解があって，2 次元ではバンド状の領域の界面が不安定になってギザギザのパターンが生成される．この系に関しては，1989 年に数理的な解析が行われている [2].

さて，これと，これまでにわかっている 2-30 個の遺伝子の対応をどうつけようかと考えた．まず考えられるのは，大事な因子をピックアップしてしまう，というやり方だが，この場合はいくら文献を読んでも肺の FGF や内皮細胞の VEGF のような，これ一個あれば説明がつく，というようなものがない．そこで局在と機能で分子を分類してやる，ということをした．どういうことかというと，この系は要するに骨，もしくは未分化な間葉しか存在しないので，骨分化に影響を及ぼさない因子はそこに存在していたとしても系の挙動には意味をなさないはずである．また，縫合線の領域に存在しても，骨と未分化な間葉の両方に存在する因子は，変数ではなくパラメータとして実装できるはずである，ということで，わかっている分子を

(1) 骨に存在して，骨分化を促進するもの
(2) 骨に存在して，骨分化を抑制するもの
(3) 間葉に存在して，骨分化を促進するもの
(4) 間葉に存在して，骨分化を抑制するもの

で分類してみた．すると，2. にあたるものはまだわかっておらず，1. と 4. に関しては主に転写因子，3. は主に拡散性のシグナル因子が多数存在することがわかった．

経験的に，間葉から骨に分化させたり，逆に骨から間葉に脱分化させるには，そのまま取り出して培養するだけではだめで，何らかのシグナルを入れてやらなくてはならないことがわかっている．つまり，骨は何らかのきっかけがない限り骨であり続けようとする，また間葉も何かの分化シグナルが入らない限り間葉であり続けようとする．この性質は，骨から出て骨分化を促進する因子（1）と，間葉から出て骨分化を抑制する因子（4）があれば実現することができる．したがって，1. と 4. の因子群のことを，組織の分化度を安定させる因子ということで安定化因子と呼ぶことにした．

骨と間葉という状態はどちらも安定な状態である．先ほどの系と考えてこれと似ているのは u の挙動である．そこで，「組織の分化度」という変数を考えて u とおき，$u=1$ が骨，$u=-1$ が未分化な間葉，としてやる．そうすると，1. と 4. の働きは，$u-u^3$ という項で実装できてしまう．

残りの 3. に関しては，間葉に存在して骨分化を促進する，という因子である．これを基質因子と呼ぶ*．先ほどの v と比較してみると，分布および働きが全く逆であることがわかる．したがって，v の符号を反転して，ほかの定数の項を整理してやって，

$$u' = u - u^3 + a_1 v + a_0 + d_u\nabla^2 u \tag{3}$$
$$v' = -a_2 u - a_3 v + d_v\nabla^2 v \tag{4}$$

という支配方程式を考えた．これは基本的には先ほどの Hagberg-Meron の系と変わらないが，v の符号が逆になって，パラメータの書き方が少し変わっているだけである．この場合，u は組織の分化度，v は基質因子の濃度である．a_0 は基質因子のベースの活性，a_1 は基質因子の効果を現すパラメータ，a_2 は未分化な細胞が基質因子を産生する速度，a_3 は基質因子の減衰である．d_u は分化状態の伝播速度を表す拡散係数，d_v は基質因子の拡散係数である．

この定式化をすると，先ほどの抽象的な系がどのように生物の系の説明に化けるのか，実際の現象の説明をしてみよう．まず 1 次元の場合，この系は，2 つの骨の間に細い間葉の組織が存在する，という状態で安定する．このとき，未分化な間葉が少し増えて，骨と骨の間が開いた状態では何が起こるか考えよう．すると，未分化な領域が増える分，そこで産生される基質因子の濃度が上昇する．すると，骨の断端で骨分化が促進されることとなり，骨が成長していって元の幅に戻ってしまう．逆に，未分化の領域が狭まった場合は，基質因子の濃度が減少し，骨の脱分化が起こってやはりもとの幅に戻る．

次に，二次元でこのような構造で何が起こるかを考える．この場合，骨の少し出っ張ったところでは，その領域は未分化な領域に囲まれ，基質因子の濃度が上昇するため，骨分化が進んでさらに出っ張ることになる．その向かいのへこんだ領域では逆のことが起こって脱分化が進む．このため，最初の微小なずれが時間とともに増幅されていき，バンド状の未分化な組織が湾曲を起こしていくことになる（図 3）.

ここで強調したいのは，ここで行ったまとめ方は特殊なものでもなんでもなく，昔から発生をしていた人ならなじみのある，ごくフツーのやり方であるということである．落ち着いて考えると，生物で多因子だから大自由度でネットワーク，というのはなんだか短絡的である†．分化－増殖とか誘導とか細胞選別とかモ

*支配方程式が基質-消費系の反応拡散系の一種となるから．

†同様に，生物だから非平衡だとか非線形だというのも

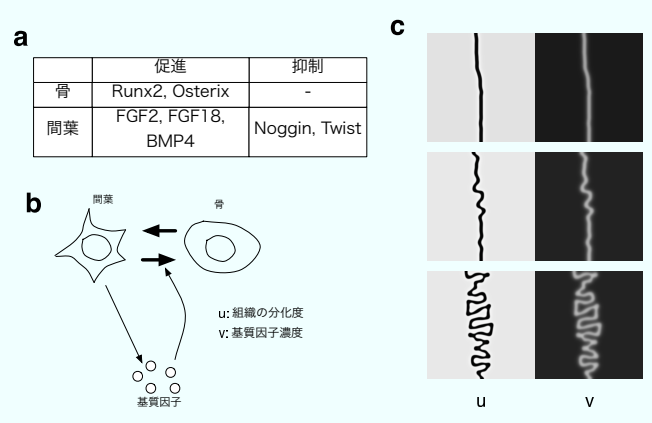


図 3　反応拡散系を用いたモデル化．(a) 関わっている因子を分類して整理する．(b) 生物学的に書いたスキーム．(c) 数値計算の結果．

ルフォゲンとか走化性とか，実験発生学の分野から受け継がれている概念の箱をうまく使って整理してやったら，実験との接点を残したまま少数自由度に落とすことはそれほど難しいことではないと思う．生物学者だから分子の名前がいっぱい入っていれば喜ぶかというと，それはちょっと違う．発生生物学者でも昔からやっている人は，要するにどういう原理に落とせるか，ということをきちんと考えるし，その操作は数理の人のやっていることとあまり変わらないように思う．

4.　出芽パターン：目的論と機械論

このあと，このモデルを用いていろいろと実験的な検証をしていくのだが，その説明は論文にゆずるとして，ここでは一つ代表的な例を取り上げようと思う．とりあえず数値計算の結果を縫合線の実験の人に見せると，まず帰ってきた答えが，縫合線は基本的に一筆書きでかける形になっているから，図 4 のような，縫合線の盲端のような構造はできないはずだよ，というものだった．しかしそこは解剖学教室，その辺に人骨の標本があったのでみてみたら，あるある，なんぼでもあった．数値計算上は湾曲が進んである曲率以上になると出てくるような傾向が見えたが，実物もそのような感じで，実はモデルをサポートする証拠となった．

自然人類学の論文を読んでいてふと気がついたのだが，この構造，機能的には意味がない．同一の骨の間の構造なので，骨の成長に関与することもなければ骨同士の結合を強固にすることもない．生物の構造を目的論で見ようとすると抜け落ちてしまう構造である．前述の，一筆書きでかける，と言った人は本職は形成外科医で，頭蓋骨早期癒合症の治療で結構縫合線は見ているはずなのだが，形を機能との関連でとらえていたため，見えていても見えなかったのではないか．

ちょっと短絡的なような気がする．

生物の形が進化の過程によって最適化されている，

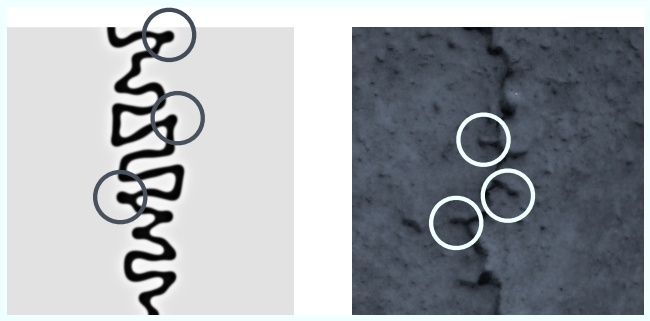


図 4　数値計算で出てくる出芽パターンと，実際の頭蓋骨で見られる出芽パターン．

と思われている方が時々いるが，実は生物の体には，なんだか意味のない無駄な構造というのは山のようにある．私の所属する教室は医学部で肉眼解剖を担当しているので，毎年学生に解剖を教える．私は手の発生をしていた関係上毎年上肢の解剖が回ってくるのだが，手の筋肉や神経支配が合目的的に設計されているとはどうしても思えない．だからといって自発的パターン形成を使ったメカニズムや，morphogen を使った単純な機構の組み合わせだけでできるようにも見えない．要するに，数学や物理，もしくは進化論のように，何かの基本原則があって，そこからすべてが派生してくる，というやり方ではとらえられないものが非常に多い．生物の形をきちんと理解するには，一つの見方だけではなく，複眼的に様々な見方が必要になる．

出芽になるときと湾曲になるときがどう違うのか，実はあまりきちんと数理的にわかっていないような気がする．[2] や [1] で行っている解析は基本的に $-1 \to 1$ の界面の不安定性だが，この場合は $-1 \to 1$ の界面と $1 \to -1$ の界面が相互作用しながら動いている場合（湾曲）と，それぞれの界面がバラバラに動いている場合（出芽）がどのように異なるのか考えないといけない．したがって，パラメータをうまく選ぶと，湾曲が起こらずに出芽ばかり起こるようにできるかもしれない．読者の方でわかるという方はぜひご一報いただきたい．

参考文献

[1] A Hagberg and E Meron. From labyrinthine patterns to spiral turbulence. *Phys. Rev. Lett.*, 72:2494–2497, 1994.

[2] T Ohta, M Mimura, and R Kobayashi. Higher-dimensional localized patterns in excitable media. *Physica D*, 34:115–144, 1989.

[3] Y Oota, T Nagamine, K Ono, and S Miyazima. A two-dimensional model for sagittal suture of cranium. *Forma*, 19:197–205, 2004.

【研究の道具箱】

普遍的な個体ベースモデルの実装について

高須夫悟*

1.「個体」を単位とするモデリング

数理生物学会の会員の方，特に生態学の問題に取り組んでいる方なら，個体ベースモデル（Individual-based model）についての詳しい説明は不要だろう．計算機中に「個体」を用意し，移動，繁殖，死亡といった生き物の本質を個体を単位としたアルゴリズムとして記述してシミュレーションを行う手法である．生物学では個体ベースモデルと呼ばれているが，モデリング手法そのものは物理学におけるモンテカルロ法にほかならない．情報科学の分野ではエージェントモデルとも呼ばれている．人間の生涯を含めて生物の出生・死亡は元来確率論的なので，サイコロを振って個体の運命を決めてやるというのは直感的にも理解しやすい．

本稿では，私が最近取り組んでいるリスト構造を用いた個体ベースモデルの実装方法について解説する．計算機性能の向上が目覚ましい昨今，個体ベースモデルは各方面で急速に普及しつつある．しかし，個体ベースモデルを謳う多くのシミュレーション研究では，総個体数が一定，もしくは，個体の位置が格子上に制約される，といった生物学的に不自然な簡略化がなされているのが実態である．こうした簡略化は，数理生物学者が目指す「生物現象の数理的理解」において解析的取り扱いのためにやむを得ず必要となる近似である場合もあろう．しかし，単に生物の生き様のアルゴリズムをプログラムとして実装する際の困難さに起因すると思われる例も多々見受けられる．こうした制約の無いより自由な個体ベースモデルをより容易に実装することが出来るならば，より現実に近い仮定に基づくシミュレーション実験を通じて，より複雑かつ興味深い現象の発見が可能になるのではないだろうか．個体ベースモデルが新たな「現象」を発見する道具として，更に広範に普及することを私は期待している．

本稿ではC言語を用いて個体ベースモデルを構築する．よくできたナイフが一つあればフィールド作業のほとんどをこなせるように，素のC言語を用いれば十分普遍的な個体ベースモデルを構築できる．プログラミングの習得は外国語と全く同じで，慣れが上達への一番の近道である．本稿を参考にして読者の皆さんも個体ベースモデルのシミュレーションを試してみていただきたい．

2. リスト構造を用いた個体の集まりの表記

個体ベースモデルでは，各個体に適応度を規定する戦略セット，年齢や体サイズ，空間位置情報，過去の記憶といった様々な情報が割り当てられる．個体は自分と他個体が保持する情報に依存した相互作用を経て，移動や出生・死亡といった生物固有の過程を体験する．個体が保持するこれらの情報=属性は，C言語の構造体を用いることにより自由に定義できる．構造体を用いる利点として，新たな属性の追加・修正が容易にできることがある．

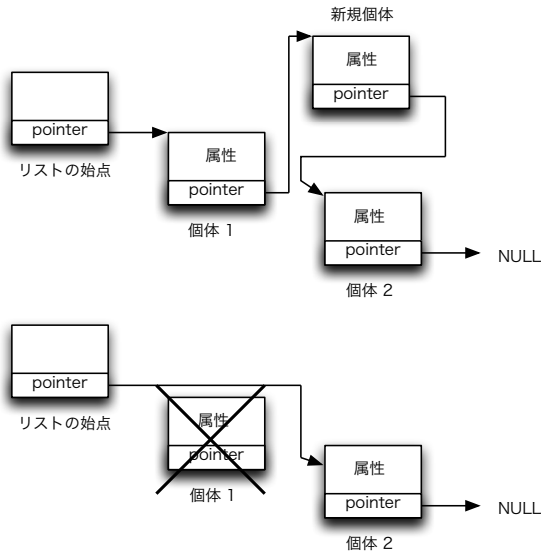


図 1 リスト構造として表現される2個体から成る集団．最終個体はNULLを指す．新規個体の追加，個体の削除（死亡）は次の個体へのポインタを付け替えることで実現される．

例えば，以下の定義は，個体が持つ属性として2つの実数 time_to_birth, time_to_death を割り当てている．連続時間モデルにおいて，次の出生もしくは死亡が起こるまでの待ち時間 Interevent time を格納する変数である．

```
typedef struct individual INDIVIDUAL;
struct individual {
    double time_to_birth, time_to_death;
    struct individual *next_indiv;
};
```

構造体メンバーの2行目は次の個体を指すポインタ変数であり，次個体のアドレスを格納する．自分自身と同じ構造体型を指すため，この様な構造体は自己参照構造体と呼ばれる．自己参照構造体は図1に示すように，複数個体が一方向に連結した集団をリスト構造として構成することができる．個体の動的な削除（死亡）や追加（出生）はそれぞれ，ポインタの付け替え

*奈良女子大・理

により容易に実現可能である．

3. 出生死亡過程の個体ベースモデル

具体例として，連続時間のロジスティック成長モデルに「個体」の視点を導入した個体ベースモデルを構築してみよう．ロジスティックモデルは非負の実数としての集団サイズ n の決定論的ダイナミクス

$$\frac{dn}{dt} = (b - b'n - d - d'n)n = r(1 - n/K)n$$

で与えられる．$r = b - d, K = (b-d)/(b'+d')$．ここで b'，d' はそれぞれ出生率と死亡率の密度依存係数である．しかし「個体」という単位を保持した視点では，非負の整数としての個体数 N に関する確率過程，すなわち，微小時間 Δt の間に N の変化 $i \to j$ の遷移確率 $p_{j,i}$ が

$$\begin{aligned} p_{j,i} &= Pr(N(t+\Delta t) = j | N(t) = i) \\ &= \begin{cases} (d + d'i)i\Delta t + o(\Delta t) & j = i-1 \\ (b - b'i)i\Delta t + o(\Delta t) & j = i+1 \\ 1 - (b - b'i + d + d'i)i\Delta t + o(\Delta t) & j = i \\ o(\Delta t) & j \neq i-1, i, i+1 \end{cases} \end{aligned}$$

で与えられる密度依存がある出生死亡過程として記述するのが妥当であろう．この確率過程の振る舞いはある程度解析的に調べることができるが [1]，個体ベースモデリングの第一段階として，この過程を再現してみよう．

総個体数が $N = n \geq 0$ であるとき，各個体の出生率が $b - b'n$，死亡率が $d + d'n$ であることを用いると，個体 i（$i = 1, 2, \cdots, n$）に対して次の出生が起こるまでの待ち時間 $W_{i,b}$，死亡が起こるまでの待ち時間 $W_{i,d}$ を，それぞれパラメータ $\lambda_b = b - b'n$，$\lambda_d = d + d'n$ の指数分布に従う確率変数として設定することが出来る．n 個体のうち最小の待ち時間を持つ 1 個体のみが実際に出生もしくは死亡の過程を経験し，時間は $\Delta t = \mathrm{Min}_{\forall i}[W_{i,b}, W_{i,d}]$ だけ進むことになる [2]．1 個体の状態が変わった後（$n \to n+1$ または $n \to n-1$），新たな総個体数 n を用いて全ての個体の待ち時間を設定し直し，再度最小の待ち時間を持つ個体の状態を変化させる．以上を繰り返すことで，密度依存がある出生死亡過程を個体ベースモデルとして再現できる．（「個体」の視点に立つこのアルゴリズムは全ての個体に指数分布乱数を割り振るため，効率的ではない．しかし，次回以降説明予定の並列化と相性が良いため敢えて採用した．）

リスト構造を用いた個体ベースモデルでは，全ての個体がリストの視点から終点 NULL に向かって連結している．基本となるアルゴリズムは，1）各個体の出生・死亡（移動）に必要な情報を計算し，2）この情報に従って出生・死亡（移動）を行わせる，というものであり，すべての個体を走査するループ

```
/* list_head はリストの始点，indiv は各個体へのポインタ変数 */
INDIVIDUAL *list_head, *indiv;
...
for(indiv=list_head->next_indiv; indiv!=NULL; indiv=indiv->next_indiv) { ... }
```

が至る所で現れる．このループを複数 CPU でうまく並列処理させることでシミュレーション速度を大幅に向上することができる．また，個体の属性として空間上の位置や年齢，体サイズ，適応度に関係する戦略セット（なんでも可能！）等を個体を定義する構造体に埋め込むことで，複雑な構造をもつ集団の振る舞いを容易に個体ベースモデルとして実装可能である．これらの拡張については次回以降詳細に説明する予定である．

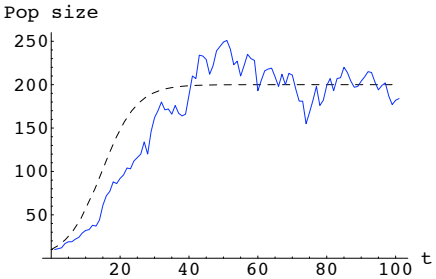


図 2　右図：個体ベースモデルによる総個体数のダイナミクス（実線）．ロジスティック方程式の解（点線）．$b = 0.4, b' = 0, d = 0.2, d' = 0.001 (r = 0.2, K = 200), n(0) = 10$

参考までに，今回実装した密度依存性を伴う出生死亡過程を再現する個体ベースモデルのプログラムを下記 URL にて公開する．リスト構造を用いた個体ベースモデルの基本が全て示されている．リスト構造を用いる利点は，次々と新しい属性を個体に割り当てることで，個体群動態や進化動態を含む普遍的な個体ベースモデリングを容易にする点にある．ポインタを介した個体の動的生成・削除の取り扱いに慣れてしまえば，個体の属性に過去の記憶・履歴といった複雑な情報を埋め込むことも簡単であり，非常に柔軟かつ自由な個体ベースモデルの構築が可能になる．

今回素材として選んだ確率過程は，わざわざ個体ベースモデルを用いずとも数値的にシミュレーション可能である．しかしこの過程を拡張して，個体の空間位置情報や個体の戦略セットの進化等を考慮した確率過程は，解析的取り扱いはさておき，シミュレーションの実装自体をどう取り組んだらよいか迷う読者が多いのではないだろうか．リスト構造を用いた個体ベースモデルの実装は一つの答えである．

http://gi.ics.nara-wu.ac.jp/~takasu/research/IBM/ibm.html

参 考 文 献

[1] Nisbet, R. M., and W. S. C. Gurney. Modelling fluctuating populations. John Wiley & Sons 1982.

[2] Champagnat, N., R. Ferrière, and S. Méléard. *Theor. Pop. Biol.* **69** (3): 297-321, 2006.

【研究の道具箱】

並列計算入門

時田恵一郎*

私たちのグループでは，１０年近く前から，パソコンを使った格安な並列計算環境（PC クラスタ）を構築してきました．最近ではすぐに使える PC クラスタシステムも売られていますが，非常に高価です．以下では，コストパフォーマンスの高い並列計算の簡単な例を紹介します．

1. シングルノード・マルチコア・パラレル

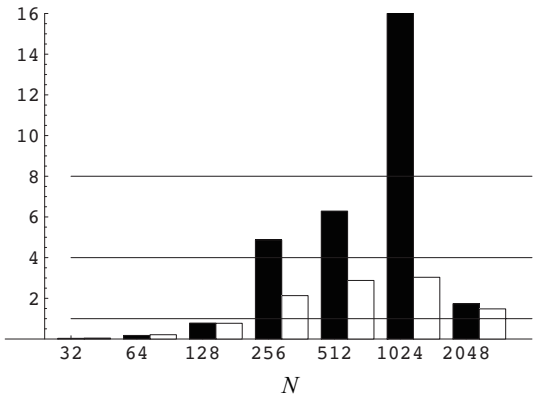
PC クラスタの各 PC 1 台を「ノード」と呼びます．最近は 1 台に複数の CPU コアが入ったパソコンが増えてきました．このようなパソコンを使うと，実はプログラムを全く書き換えることなく並列計算をさせることも可能です．

ここでは Xeon 2.33GHz を 8 コア搭載したマシン（パソコン工房, 8GB メモリ, Red Hat Linux）と Xeon 2.66GHz を 4 コア搭載したマシン（Apple Mac Pro, 4GB メモリ, Mac OS X 10.4）を用いて，1 ノード内の複数のコアを同時に使用する「シングルノード・マルチコア・パラレル」の計算例を示します．

インテルの C++コンパイラで`-parallel`オプションを付けると，MPI などのように並列化のための特別な指示文をプログラム中に記述しなくても，コンパイラがプログラムを解析して，並列化すると速くなりそうなループを自動的に並列化してくれます．

図 1 は，$N = 32 \sim 2048$ 種のレプリケータ力学系を上記のマルチコアマシンで並列計算させた結果です．縦軸は 1 コアでの計算速度で規格化した相対的な計算速度です（1 コアでの計算時間を 4 もしくは 8 コアでの計算時間で割ったもの）．参考のため 1, 4, 8 倍速のところに線を引いてあります．

一般には，コア数 C のマシンで並列計算をしても，計算速度は C 倍にはなりません．よほど並列化に向いたアルゴリズムでない限り，コア間の通信（オーバーヘッド）に時間がかかるからです．実際，レプリケータ力学系の場合には種ごとに適応度の計算を並列化できますが，平均適応度の計算にはコア間の通信が生じます．よって，種数が少ない $N = 32,64,128$ の場合に



第 1 図　レプリケータ力学系における計算速度の種数 (N) 依存性．黒：8 コア，白：4 コア

は，分割した各コアごとの計算量が少ないため，コア間通信の時間が相対的に長くなり，1 コア計算より遅くなるわけです．

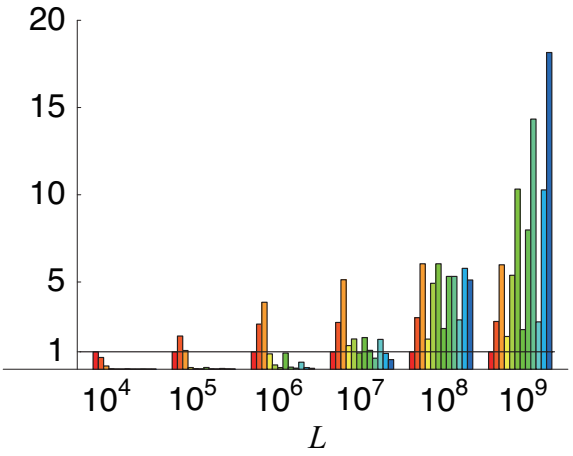
$N = 256$ 種以上の場合には並列化の効果が現れています．興味深いのは $N = 1024$ 種の 8 コア計算が 16 倍速にもなったことです．8 分割しかしていないのに 16 倍とはおかしい気もしますが，問題の規模（並列化するループの長さやメモリ使用量）によっては分割したときだけキャッシュが劇的に効いてこのようなことになる場合があるようです．一方メモリを大量に使う $N = 2048$ 種の場合には，8 コア計算 4 コア計算ともに 2 倍速以下になってしまいました．コアは複数でもメモリは共有なので，メモリが足りなくなってくると効率的に並列化できなくなるようです．

2. マルチノード・マルチコア・パラレル

ここでは Xeon 3.0GHz を 8 コア搭載したマシン (パソコン工房, 8GB メモリ) を 4 ノード使った「マルチノード・マルチコア・パラレル」の計算例を示します．最大 32 コアを使った並列計算が可能です．OS は，SCore（並列計算環境）が対応している CentOS 4.4（より新しいバージョンが出ていますが SCore が対応していないので注意）です．

ここでの例は，$\pi = 4\int_0^1 (1+x^2)^{-1} \mathrm{d}x$ を数値積分（0 次のニュートン・コーツ公式）して π を計算するとい

*大阪大学サイバーメディアセンター・院理・院生命機能



第 2 図　計算速度の刻みの数 (L) に対する依存性

うものです．区間 [0, 1] を L 個の短冊に刻んで各短冊の面積を求め最後に足します．これはコア間通信がほとんどないので並列計算向きです．

マルチノード計算の場合には，OpenMP（マルチノード並列計算のための標準 API）の指示文（”#pragma omp parallel for reduction(+:sum)”→「以下のループを OpenMP の API を使って並列化して各短冊の面積の和を最後に変数 sum に入れてね」という意味）を分割したいループの直前に記述します．インテルコンパイラは OpenMP をサポートしているので，icc に `-openmp` オプションを付けてコンパイルします．あとは SCore が動いている環境で，`$scrun -nodes=3x4 a.out` などとすると SCore が自動的に空いているノードのコアに分割したプログラムを走らせてくれます (この例の場合は 3 ノード ×4 コアの合計 12 コア並列)．

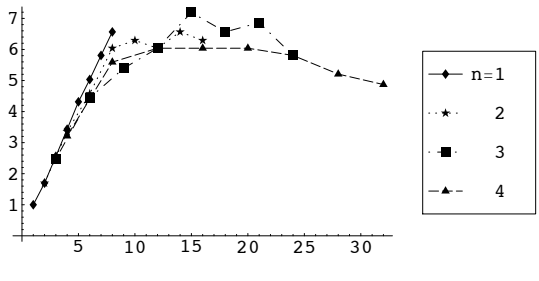
図 2 は，刻みの数（並列化するループ長）L を 10^4 から 10^9 まで変えた時の計算速度の変化です．各 L の値に対して 1 2 本ずつ棒グラフが立っていますが，左からノード数 n，コア数 C が (n,C)=(1,1), (1,4), (1,8), (2, 1), (2,4), (2,8), (3,1), (3,4), (3,8), (4,1), (4,4), (4,8) の並列計算の速度を 1 コアでの速度で規格化したものです（総コア数は各 L に対して左から 1,4,8,2,8,16,3,12,24,4,16,32 個）．

この図からも，並列化向きの計算とはいえ，やはり L が小さいと並列化しても全く効果がないことが見て取れます．$L \leq 10^7$ では 32 コアを使っても 1 倍速に及びません．一方 $(n,C) = (1,4),(1,8)$ の場合（各 L の左から 2, 3 番目）は比較的小さい $L = 10^5 \sim 10^7$ でも 1 倍速以上となり，より大きな L に対してはコア数 $C = 4,8$ 倍に近い並列化効率が達成されています．一般に，ノード間通信の方がノード内通信よりもずっと時間がかかるので，総コア数が同じ並列計算に関しては，シングルノード・マルチコア・パラレルの方がマルチノード・マルチコア・パラレルよりも高速です．

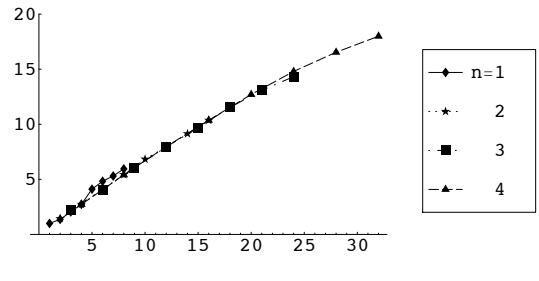
図 3 と図 4 は，それぞれ $L = 10^8, 10^9$ に対する計算速度の総コア数（$n \times C$）依存性を示したものです．$L = 10^8$ では，シングルノード ($n = 1$)・マルチコア・パラレルの場合だけ総コア数に比例した計算速度が得られていますが，$n = 2,3,4$ のマルチノード・マルチコア・パラレルでは，総コア数が増えても 1 コア計算の 5～7 倍程度で頭打ちになり，総コア数に比例した計算速度は得られないことがわかります．一方並列化するループ長が十分大きい $L = 10^9$ の場合には，ノード間通信のオーバーヘッドがあまり効かず，マルチノードでも総コア数に比例した計算速度が得られています．

本稿では，コンパイラなどが自動で並列化してくれるような，最も単純な並列計算の例を紹介しましたが．最近はプレステや携帯電話の CPU もマルチコア化されており，今後は科学計算の分野でも並列計算がますます一般化していくものと思われます．なお，スレッド処理などのより高度な並列計算については以下の本などをご参照ください．

●マルチコア CPU のための並列プログラミング, (株) フィックスターズ (編)，秀和システム，２００６年．



第 3 図　計算速度の総コア数 ($n \times C$) 依存性 ($L = 10^8$)



第 4 図　計算速度の総コア数 ($n \times C$) 依存性 ($L = 10^9$)

【研究会報告】

京都大学数理解析研究所 共同研究集会「生物数学の理論とその応用」

梶原 毅*

2007 年 10 月 29 日から 11 月 2 日の間に京都大学数理解析研究所で行われた共同研究集会「生物数学の理論とその応用」の報告をする. 本集会は, 日本数理生物学会の後援を頂いて開催した. この研究会は 2004 年が第 1 回で今回は第 4 回である. 今回は参加者が 130 名, 講演総数は 60 であり, 参加者はこれまでで最多数であった. 生物現象に関連した数理の研究, 解析理論・手法, さらには数理的手法を生物・社会の問題に応用しようとする研究などに関連して, 幅広い分野からの参加者があり, 活発な講演, 質疑が行われた.

一般講演に加えて, テーマを絞った 4 つのミニシンポジウムを開催した. 題目と企画者は, 次のとおりである.「生物系の理論考察のための数学的手法」 (三村昌康),「人間社会の協力と環境問題の数理」(巌佐庸),「進化動態の数理」(高須夫悟), 「医学における複雑現象の解明に向けて ー現場から理論へー」(岩見真吾). 多彩で内容豊かなシンポジウムを企画していただいたことに, 心から感謝する.

以下に, 4 名の参加者 (ミニシンポジウムを企画された奈良女子大の高須さんと静岡大の岩見さん, 東京大の河内さん, 早稲田大卒業生の野上さん) による報告文を載せる.

ミニシンポジウム「進化動態の数理」

高須夫悟†

本ミニシンポジウムの目的は, 進化動態に関する数理的手法とその応用例の最近の展開を本研究集会参加者向けに紹介することにあった. テーマを進化動態の数理とした理由は, 企画者の私が興味を持っているから, と言ってしまえばおわりなのだが, 進化とは集団を構成する個の性質の変化であり, 進化動態に関する数理的手法の進化は進化生態学のみならず生命現象もしくは社会現象一般にも幅広く応用が利いて役に立つ, というのが文書として記録に残すべき理由である.

進化動態の数理的記述に関する研究には永い歴史が有り, 唯一無比の方法があるわけではないが, 今回は近年様々な分野で応用されているアダプティブ・ダイナミクスを軸に, 私自身を含めて 4 名の演者で構成した.

企画者でもある私は, アダプティブ・ダイナミクスの核となる数理的枠組みを紹介し, 個体の観点に立った進化動態を数理的に記述する方向性について述べた. 北海道大学の西村氏は, アダプティブ・ダイナミクスが示す進化的分岐について実証研究例を交えて話題を提供した. 東京大学の伊藤氏は, 進化的分岐による食物網の共進化過程に関する研究について述べた. 総合研究大学院大学の佐々木氏は, これまで表現型を軸に展開されてきたアダプティブ・ダイナミクスの理論に集団遺伝学の枠組みを取り込む研究について述べた.

全ての生物は子供を産みやがては死を迎えるという原則に従い, 数億年の年月を経て現在の地球上の有り様を形作ってきた. 極論すれば, 全ての生命現象は進化動態の俎上に載るはずである. 本ミニシンポジウムが日本における今後の進化動態の数理の展開に少しでも貢献できれば企画者の狙いは達成されたといえよう. 最後に, 今回の企画に対しお忙しい中話題提供を快く応じていただいた 3 名の演者の方に改めて感謝申し上げる.

ミニシンポジウム「医学における複雑現象の解明に向けて ー現場から理論へー」を終えて

岩見真吾 ‡

21 世紀は「感染症の時代」. HIV, SARS, 鳥インフルエンザ…, 様々な感染症が世間を騒がせている. 1980 年代初めに HIV が出現し, 瞬く間に全世界に広がった. HIV に感染すると, 患者は最終的に AIDS と呼ばれる疾患を発症し死に至る. しかし, 複数の抗ウイルス剤を服用する HAART と呼ばれる治療法が 1990 年代に普及し始め, HIV 感染症による死亡率を大きく減少させることに成功したが現在でも HIV 感染症の本質的な解明には至っていない. また, 戦後, 日本人の疾病構造が変化し, 癌による死亡が増加したことを受け, 癌に関する研究の必要性が強く認識され現在まで精力的に研究が続けられている. 日本では, あまりなじみのない感染症であるが, 東南アジア諸国におけるマラリアやデング熱は最も大きな問題の一つである. さらに, 最近では新型インフルエンザの発生が懸念されている. このように, 医学領域には解決しなければならない複雑な問題がいくもある. 本シンポジウムでは, 実際に動物実験をされている方, 臨床データを扱っている方, 膨大な実験データを扱っている方, フィールド調査をされている方, 理論モデルを扱っている方, と多種多様な方面の研究者にお話を依頼した. シンポジウムでは, 質問が飛び交い, 活発な議論がなされた. 今回のシン

*岩山大学環境学研究科
†奈良女子大学理学部情報科学科
‡静岡大学 創造科学技術大学院 D1

ポジウムをきっかけに日本における医学研究者と理論生物学者や数学者との共同研究が始まればと思っています.

研究会報告記

河内一樹§

2007 年 10 月 29 日から 11 月 2 日までの 5 日間，数理解析研究所にて，タイトルにある研究集会が JSMB 後援の下で行われました．数理解析研究所の共同研究集会の形式で，2004 年から毎年この研究集会が開催されてきました．主催者の梶原先生によれば，今回は過去最高の 130 名（名簿記載）が参加されたとのことです．今年度は学会の年会がＳＭＢと合同でアメリカのサンノゼで行われ，国内での数理生物関係の大規模な研究集会が他に見当たらないという特殊事情もさりながら，日本における数理生物学の裾野が確実に広がりつつあることを実感しました．

「生物数学の理論」と聞くと，数学畑出身の私は「生物現象・生命現象に由来する数理モデルを数学的に解析する」と解釈してしまいます．数理解析研究所の共同研究集会として開催するにはそのようなタイトルが相応しく，また研究集会を始めた当初はそのような意図が込められていたと想像されます．現在では JSMB の年会と同様，生物現象・生命現象に由来する数理モデルが対象ならよいという懐の広い方針を採り，発表で扱われる現象・アプローチの仕方が実に多様です．普段の研究生活では得難い，基礎知識から最新の研究のトピックスまで気軽に触れることが可能となっています．

また，発表者も多種多様であることも特徴的です．3 種類に大別でき，学部生や博士前期生がぎこちなく研究の中間報告を行い，質疑応答では指導教員が代理参加する光景，若手研究者が着実に研究業績を伸ばし堂々と発表を行う様子，そして第一人者の研究者の方々がより一層研究を深化させ，博覧強記の知識を武器に喧々囂々の議論を行う光景です．

「生物多様性」の重要性が説かれる現在，この研究集会が種々の側面で多様性を確保し，参加者同士で互いに刺激しあう機会となることを切に願います．

最後に，研究集会の企画運営に関わった全ての方々にこの場をお借りしてお礼を申し上げます．

研究会報告記

野上正義¶

この度, 第 4 回「生物数学の理論とその応用」に参加させて頂きましてどうもありがとうございました．大学を卒業して社会人としての生活が続く中, 数学とは随分縁遠い生活をしておりましたので, 今回の集会に参加できたことを非常にうれしく思います．様々な社会的問題に対して数学的アプローチを通して解決策を模索されている研究発表者の皆様に心より尊敬申し上げます．

数学の理論はそれ自体素晴らしいものであると思いますが, 社会における問題や現象について理解を深める, 問題を解決していくことを求められる応用分野における数学には一つ独自の困難さがあるのではないかと思います．

このような現実と理論の間で苦闘されその中で解決策, 法則性を模索される皆様の姿にこの世界をより良いものにしていきたいという願いや使命感があるように感じられました．特に私と同世代の方達の真剣な姿は学生時代の自分の姿を思い出し懐かしくもあり, また羨ましくもありました．

また広範囲の研究内容について相互理解を深めていくということは科学の可能性を追求するという意味で非常に大切なことだと思います．今回の機会は研究者同士の相互理解という目的に正に合致したものなのではないかと思います．

「生物数学の理論とその応用」が今後一層盛んになっていくことを心よりお祈り申し上げます．

§東京大学大学院数理科学研究科 D2
¶早稲田大学理工学研究科卒業生

編集委員会から

本号 No. 54 から，新しい編集委員会による企画・編集がスタートしました．原稿を寄せていただいた執筆者の方々に感謝いたします．本号より数理生物学の新しい研究の流れを伝える【研究紹介】，研究の手法やテクニックに着目する【研究の道具箱】という二つのコーナーを新設しました．一方、経費削減のため 20 ページ以内に納めるという従来方針を堅持するため，研究集会カレンダーや編集後記等のページ数を大幅に減らしました．前者に関しては学会のホームページ「研究集会」コーナーとの連携で対応する予定です．(さ)

日本数理生物学会ニュースレター第 54 号
2008 年 1 月発行

編集委員会　委員長　佐々木 顕
sasaki_akira@soken.ac.jp
総合研究大学院大学・生命共生体進化学専攻
〒 240-0193　神奈川県三浦郡葉山町湘南国際村

発行者　日本数理生物学会
The Japanese Society for Mathematical Biology
http://www.jsmb.jp

印刷・製本　（株）ニシキプリント

【研究会報告】

京都大学数理解析研究所共同利用研究

「新しい生物数学の研究交流プロジェクト 2007」

(Kyoto Summer Research Proglam in Mathematical Biology Next Wave)

■「新しい数理生物研究プロジェクト」参加報告

□ 岩見真吾*

京都大学数理解析研究所で開催される，毎年恒例の(瀬野先生へ：恒例になることを期待しています!!) 新しい数理生物研究交流プロジェクトに今年も参加してきました．この集会に参加した後，よく先生方，知り合いの研究者，先輩，後輩に,「この研究集会どうだった?」という質問をされます．私は，いつも迷わず「しんどかったです!!」と答えます．もちろんただ単にしんどいという意味ではありません．普通の研究生活では味わえない達成感と充実感を伴ったしんどさです．人生においてもこんなに短期間で本気になることは少ないと思います．実際，集会は超過密スケジュールで指摘文献の報告，ディスカッション，モデルコンテストに向けたグループ研究，発表準備という風に息つく暇もありません（全５日間の日程ですが私の経験上，気兼ねなくお酒を楽しめるのは２日目までです）．それだけ，全力で研究に取り組んでいるということだと思います．また，スクール形式の集会でのもう一つの魅力は，今後の研究人生で長い付き合いになるであろう，よき研究者に巡り合えることです．この集会をきっかけに共同研究がスタートすることにもつながると思います．幸運にも私は，何人かの素晴らしい研究者，先生方と出会うことができました．普段，論文や教科書で名前をみかける有名な先生方からいろいろな意見を頂けたり，本気のディスカッションができることもこの研究集会の素晴らしい点の一つです．もしも，今年の集会に参加しようか迷った挙句，参加を断念した方が私の報告書を読んでくださっているのなら，ぜひ来年は迷わず参加することをお勧めいたします．もちろん“しんどい”と思いますが，この上ない人生経験，研究経験ができるはずです．

全５日間の集会は，大きく前半と後半に分けることが出来ます．前半は，集会に参加する１ヶ月くらい前に指定される文献の報告会です．参加者全員で指定文献をあれやこれやとディスカッションします．もちろん，報告会で各々の分野のトレンドを知ることができるのは素晴らしいことですが，私は，こういったディスカッションの場で一流の研究者，参加者の“センス”に触れることができるのも貴重な体験だと考えています．正直に言ってしまうと，“あっ，この人センスあるな!!”と思ったり，“うん….”と思ったり．いろいろです．また，プレゼンテーションの仕方も勉強になります．人を惹きつけるような発表をされる方，カリスマ性のある方，上手に雰囲気を作れる方，あまり発表が上手でない方．いつも他人の発表を見て肝に銘じています．どうすれば，自分の言いたいことがうまく人に伝わるのか．どうすれば，もっと聞いてみたいと思う発表になるのか．どうすれば，印象に残る発表になるのか．こういった意味でも私にとって報告会はとても良い機会です．

この集会の後半は，３～４人のグループに分かれてモデルコンテストに向けて，実際に研究に取り組みます．初めて参加した時は，“こんな短期間で研究を形にするのは無理でしょ?”と思っていましたが，実際なんとかなってしまうのです．寝る時間と引き換えに．ほんとにどのグループも夜中，朝方までディスカッションしています.「昨日，何時間寝た？」と聞くと,「うん．２時間は寝たよ!!」といった具合です．私が思うに，グループ研究がこの集会の最大の山場であり魅力です．なんといっても研究は面白いし，ぜんぜん違う分野の人たちと日頃ディスカッションする機会はめったにありません．みんなで１から研究をクリエイトしていく過程は非常に有意義な時間であるように思います．モデルコンテストでは，荒削りではありますがどのグループも興味深い報告になっており，審査員の先生方も毎回驚かれています．今回のコンテストでは，私たちのグループが優秀グループに選ばれました．朝方まで，みんなで解析したかいがありました．あきらめずにいろいろ考えたかいがありました．夜中にパワーポイントがフリーズしてデータが消えてしまってもがんばって直したかいがありました．すごくうれしかったです．何とも言えない充実感と達成感を経験できました．

それでは，簡単に私たちのグループ研究の過程を紹介したいと思います．メンバーは，京都大学大学院農

*静岡大学 創造科学技術大学院 D1

学研究科の本間淳氏，九州大学理学府生物学専攻の井磧直行氏，東京工業大学大学院社会理工学研究科の関口卓也氏と私の４人です．初めどういった研究をするかみんなで話し合いました．“蝶の擬態”，“ツバキとゾウムシの軍拡競争”，“相互作用構造と毒性進化”，“免疫圧下での毒性進化”など主に進化に関する話題がいくつか上がりました．せっかく理論的な考察をするのだからある程度一般的なことを示したいということで“相互作用構造と毒性進化”を研究テーマにすることにしました．

今回の論点である“病原体の毒性進化”は，実は，古くから研究されているトピックです．例えば，オーストラリアのウサギの集団に感染するミクソーマウイルスの毒性の進化は，豊富なデータと実験的な検証に基づいて解析されている例の一つです (R. M. Anderson & R. M. May (1991) Oxford University Press)．Anderson & May は，毒性の進化は基本再生産数 (P. van den Driessche & J. Watmough (2002) Math. Bios., 180, 29-48) が大きくなる方向へ進むと主張しました．ウイルスの伝播率と毒性にどのような関係もない時，彼らの観点によると毒性は弱毒化していくことが示されています．しかし，オーストラリアのミクソーマウイルスは，宿主との相互作用の結果，中程度の毒性種に進化した可能性があると考えられています．これは，例えばウイルスの伝播率と毒性にホーリング型の関係があると仮定すれば，中程度の毒性が選択されることが示されます (M. A. Nowak (2006) Harvard University Press)．さらに，病原体が無毒化 (サル免疫不全ウイルスは自然宿主に対して致死的な疾患を引き起こさない)，強毒化 (マラリアは未だに宿主に対して高い死亡率を示す) の方向に進化していった例もいくつか実験的，理論的に研究されています．また，毒性の進化には，伝播率と毒性の関係の他に，重複感染 (M. A. Nowak & R. M. May (1994) Proc. R. Soc. Lond. B, 255, 81-89)，共感染 (R. M. May & M. A. Nowak (1995) Proc. R. Soc. Lond. B, 261, 209-215)，空間構造 (M. Boots, P. J. Hudson & A. Sasaki (2004) Science, 303, 842-844) などの影響が大きく関係していることを示唆する興味深い研究がいくつもあります．

私たちのグループは，伝染病伝播ダイナミックスを記述する相互作用構造が病原体の毒性進化に関係しているのではないかと考えました．例えば，STD(Sexual Transmitted Disease:性感染症) と媒介生物感染症では相互作用構造が決定的に異なります．こういった構造の違いによって，SIV とマラリア原虫の毒性進化が真逆の方向に進んでいることを説明できれば興味深いと思ったからです．しかし，相互作用構造と一言でいっても，そのバリエーションはいくつも存在します．そこで，性感染症に関してはある年齢・ステージ構造を考えたモデル，媒介生物感染症に関しては最も古典的な R. Ross のマラリア伝播モデルを解析しました．結果，これらの２つのモデルに関しては，相互作用構造は毒性の進化に関して定性的な変化を導かないことがわかりました．私たちの予想は，外れていたのです．前日のプレプレゼンテーションで大見得を切ってみんなの前で，「絶対におもしろい結果を出しますので楽しみにしていてください!!」と自信満々に言い放った自分に後悔しました．メンバー一同唖然…声も出ませんでした．すでに時刻は夜の 10 時前．発表は明日の朝．当然プレゼンテーションの準備はまだできません．私たちのグループのアドバイザーであった，広島大学の瀬野先生が「どんな調子？」と今の状況を笑うしかなかった私たちに話しかけてくれました．先生は「岩見君，にやにやしていい結果でたん？教えてよ!!」と．心の中で“なんてタイミングの悪い先生だ…さすが”と思いながら，「いや，それが，なかなか厳しい結果が…」と私たちが出した結果を説明しました．が，先生とディスカッションしている最中に思いつきました．“この年齢・ステージ構造を一般化しても毒性の進化には影響しないんじゃないか？”と．研究に取り組んだモチベーションとは逆ですが，数学的に証明できれば，これはこれで意味があると思いました．思いついてからは，早かったです．“n-cyclic chain transition model”と名付けたある程度一般化されたモデルを考え，基本再生産数を導き出し，この構造に関しては毒性の進化には影響しないと結論づけることができました (詳しくは，来年度に出る講究録を参考にしてください：この集会では，各グループの研究結果を講究録にまとめています)．また，今回焦点を当てていたもう一方の媒介生物伝染病モデルに関しても，複数の中間宿主が存在するような “n-multi vector disease model” に拡張して同じようなことが証明できると思いましたが，時刻はすでに 1 時を過ぎていました．明日のプレゼンテーションの準備をしなくてはならないのでこれは今後の課題ということにしておきました．

さまざまなアクシデントに見舞われながらも何とか少ない時間で研究を形にし，モデルコンテストで発表することができました．モデルコンテストでは，数理生物学会の重鎮であり，それぞれの分野の先駆者である先生方が審査員として招待されており，どのグループの研究発表の場でも活発なディスカッションが繰り広げられました．この集会は参加者，講師，開催者が一丸となって活発な雰囲気を作り出し，“研究を楽しむ”という当たり前ですが，研究者にとって最も大事なことを体験させてくれる場であると私は思います．もちろん “しんどい” ですが，素晴らしい集会でした．最後になりましたが，講師の皆様，審査員の皆様，そして本プロジェクトの企画・運営をされた，瀬野先生，齋藤先生に深く感謝いたします．ありがとうございました．

■「新しい生物数学の研究交流プロジェクト2007」報告記 ～モデコン中毒～

□ 齋藤保久*

8月31日 — 今年も楽しい5日間が終わった．この楽しさは，参加した者にしかわからない，ストイックさを併せ持った快感である．マラソンレース中に感じるランナーズハイに似た感覚なのだろうか，苦しみと悦びが表裏一体化した状態．この種の楽しさは病みつきになる．

2007年8月27日～8月31日の5日間，京都大学数理解析研究所にて「新しい生物数学の研究交流プロジェクト」が開催された．昨年に引き続き，今年で2回目となる．研究代表者は広島大学・瀬野裕美先生．私は副代表者兼運営幹事，そして特別講師の一人として会の実施に携わった．スケジュールの詳細は以下を参照されたし：

http://mathbio.math.sci.hiroshima-u.ac.jp/RIMS2007/KSRP-MB.htm

なんといってもこのプロジェクトの醍醐味は3日目の午後からである．特別講師によるセミナーが終わると，参加者を6つのグループに分け，“モデコン”(モデルコンテスト）がスタートする．多様なバックグラウンドをもつ参加者たちが，3日目の午前までに得た共通の（あつあつの！）知識をもとに意見交換．私を含むメンターは，担当グループの研究の相談に応えるだけで，研究に参加してはいけない（参加したい気持ちをこらえなければならない）のだ．私は昨年，あるグループのディスカッションにどっぷりと浸ってしまい，瀬野先生に笑顔でしかられてしまった．今年は私，我慢できましたよネ，先生っ．

開催2年目の今年，リピーター（モデコン2回生）の活躍が目立った．昨年を経験している余裕からか，モデコン2回生は落ち着いており，モデコン1回生をリードしていた．以下は私の耳に入ったモデコン2回生同士の会話である：

「去年は，2日間でどれだけのことができるかわからなかったから，あわてて…」
「うん，テーマづくりに焦っちゃったよね」
「今年は，テーマづくりに時間をかけよう！」
「それにしてもこのお好み焼，味がデラックス！」

ただ，その経験と余裕が裏目に出たのか，モデルコンテストの前日に行われるプレプレゼンの時には，ほとんどのグループが2つのテーマを持っていた．しかしモデルコンテストには“一作品”のみの出品しか許されない．どちらのテーマも甲乙付けがたく，作品を一つに絞ることに時間を費やし，本来の目的に時間を十分に使えなかったグループがいくつかあった．これではもったいないので，最終日だけでなく，なんとか予選，本選を設けてモデコンできないかなぁ…と運営幹事として考えている．

最後に．学生の自己紹介では通常，「○×大学のM1の＊＊です」とか「△□大学のD1の※※です」という言い方をするが，学会や研究集会の場で「モデ2(モデコン2回生）の＊＊です」とか「モデ3の※※です」という会話が生まれてくれるといい．今後，モデコン3回生，モデコン4回生，とモデコン中毒者が増えていくことを望んでやまない．

私はもうモデコン中毒になっている（たぶん瀬野先生も？）．

*Kyungpook National Univ.（慶北大，韓国） 数学科 BK特任教授

岡山大学大学院 環境学研究科　李聖林

「新しい生物数学の研究交流プロジェクト」には去年に引き続き2回目の参加でした．5日間の体力が結構必要になる研究会ですが，2回ともいろいろな刺激と研究の楽しさを味わえる研究会だったと思います．

参加者全員が自分の担当する文献を事前に勉強してきて，最初の2日と半日間で発表しました．しかしながら，発表というより，参加者全員が積極的に議論を行いながら勉強する場所だったと思います．私は発表をすることで，内容をもっと深く理解することができました．さらに，常に，文献担当の先生方が見守ってくださったので，発表の際には，とても心強かったです．(分からないことを質問されたとき，担当の先生にすぐにＳＯＳのテレパシーを送ると，明快な回答が得られました.）残り2日は，いくつかのグループに分かれ，グループごとに本格的なモデリング作業に入りました．最初はうまく出来るかなと不安もありましたが，議論を進めているうちに研究の楽しさやDiscussionの面白さがどんどん伝わってきました．様々な分野のメンバーがいることで，とても面白く新しい話を聴くこともできました．

「新しい生物数学の研究交流プロジェクト」の研究会は，私に次の4つの魅力を大きく感じさせてくれました．

1． 普段興味を持っていても，自分の専門でない分野であって，中々読む機会がない面白い文献を短い時間で学習できる．

2． 分からないことや理解できないことがあっても，気楽に質問できて，議論の楽しさと数理生物の面白さが一層感じられる．

3． お互いに違う分野のメンバーとDiscussionすることで様々なアイデアと生物現象を学ぶことができる．さらに，(何よりも）新たな研究に挑戦できる．

４．仲間がいっぱいできる．

今年８月に行われた研究会で，私が所属したグループＣは「ササ」に関するモデリングを行いました．普段は各自「色」が違う研究をしている４人のグループでしたが，逆にそのおかげで様々なテーマが議論されました．ササはその議論の中で偶然現れた話でしたが，グループ皆の満場一致で研究テーマとして決定され，短いながら共同研究を進めました．最後の日，モデコンの審査委員の方々からとても面白いテーマであるという意見をたくさん頂きました．グループＣのメンバーとはメールのやり取りを中心に研究会で行った話をさらに発展させていこうと思っています．様々な分野の人が一緒になって，このように楽しく議論ができる「新しい生物数学の研究交流プロジェクト」研究会は来年も再来年も，ずっと研究会が存在する限り毎年参加したいと思っています．

青山学院大学　福井義高

「実年齢に依らず『若い』方々のご参加もお待ちしています」という瀬野裕美先生のメールによる事前案内を信じて，８月２７日から３１日までの五日間，東京に妻と三人の娘を残し，四半世紀以上前に共通一次試験を受験した思い出の地，京都大学（数理解析研究所）で開かれた「新しい生物数学の研究交流プロジェクト２００７」という名の「生物数学シゴキ」いや「生物数学千本ノック」に参加させていただきました．法学部卒で生物学も数学も専門的に勉強したことのないオヤジということで，一人だけ浮き上がるのではという不安を抱えて参加を申し込んだものの，実際来てみると，多種多様なバックグラウンドを持った方が参加されているのみならず，私以外にもオヤジっぽい方が何人かおられ，一安心．生物数学に興味があり，同様の不安を抱えておられる方は，是非，次回ご参加下さい．

さて，最初の三日間で行われた，特別講師の先生方による講義とそれに関連して指定される文献の「イッキ読み」的セミナーは，毎日これだけ勉強すれば，不惑の年を過ぎた門外漢の私でもひとかどの研究者になれるかもと錯覚させるほど密度の濃いものでした．事前に私が発表するよう指定されたのは，数学的側面をより重視した齋藤保久先生担当のセミナーにおけるホップ分岐に関する箇所．実は，最初ちんぷんかんぷん，お先真っ暗という感じでした．そうは言っても，私には難しすぎるのでは担当箇所を変えてくださいとお願いするわけにも行かないので，七月に大学の期末試験（こちらは幸いなことに受けるのではなく出題する方）が終わった後，アメリカへの学会出張（生物学ではなく会計学）をはさみ，太平洋の上でも微分方程式の本を手放さず，何冊か読破し，今回の発表準備に備え，なんとか無事（？）この最初の関門を通過しました．

そして，三日目の午後から，それぞれ四人ずつのグループに分かれ，いよいよ最終日のモデル・コンテストに向けての準備が始まりました．私は成尾佳美さん，波江野洋君，小嶋雄太君の班に入れてもらい，全員でテーマを出し合い検討した結果，成尾さんの提案に基づき「癌因子制御の数理モデル：副作用のない薬をめざして」と題して，(微分方程式の）解の安定性の観点から解析を行うこととしました．モデル作成に当たって，齋藤先生に微分方程式論に関する貴重なアドバイスをいただきながら，この二日間，それこそ寝食を忘れて四人で議論を続けました．我がグループはやる以上は優勝を目指そうということで，発表前日は翌朝午前五時ごろつまり当日に朝まで検討を続け，他のいくつかの班同様，結局徹夜することとなりました．最終日のコンテストでは，岩見真吾君らの「相互作用構造は異なる毒性進化を促進するか」と題する発表が優勝し，我が班は残念ながら優勝できなかったものの，他の優勝を逃した班同様，惜しくも逃したというレベルには達していたのではないかと自負しています．

それにしても，生物数学という浮世離れしたおカネと縁遠い研究分野にこのように多くの若い有為な研究者が集い，活発な研究活動を全国で繰り広げておられることの一端を間近で見聞することができたことこそ，今回の最大の個人的収穫でした．皮肉ではなく，素直に感動しました．

夏休みの最後に充実した一週間を与えて下さった，瀬野先生，齋藤先生，講師の諸先生，同班の成尾さん，波江野君，小嶋君，そして参加者の皆さんに感謝申し上げます．

東京大学大学院 情報理工　大竹洋平

私は，昨年度の冬に行われた第１回に続けて同プロジェクトに参加した，いわゆる，リピーターです．昨年度のプロジェクトに参加したときには，睡眠時間を少々削って，発表準備・共同研究・プレゼンテーションの準備に打ち込んでおりましたし，報告書作成なども含めると，総合的には骨の折れるプロジェクトだったかもしれません．しかし，終えてじっくり振り返ってみると，次回も日程さえ合えばぜひ参加したいと思うようになりました．私のようなリピーターが何人もいたのは，前回のプロジェクトが研究生活の中でも特に濃密な時間であり非常に有意義だったという感想を共通して持たれたからではないでしょうか．

再び参加した今回も，密度の濃く，有意義な時間でした．経過をもとに報告していきます．

まずはプロジェクト前半の，特別講演の講師による

セッション中の文献発表です．前回のプロジェクトでは瀬野先生のセッションで，人口動態における密度依存のモデル化という分野に初めて触れました．今回のプロジェクトでは中丸先生のセッションで*，具体的なテーマは人間社会のモデル研究でしたが，個体差・パーソナリティ研究という進化ゲームの主流とは少々毛色の違うものでした．新しく触れる背景知識の乏しい領域の論文を読解し発表する経験は，普段の大学院や研究室でのセミナーなどではほぼ皆無であり，また違った苦労を伴うものです．このことは，プロジェクト運営幹事の齋藤先生が続けられてきた「イッキ読みセミナー」（私も河口湖畔での第2回のセミナーなどに参加させていただいています）にも共通することであり，そのエッセンスを継承したプロジェクトだからこそ味わえる良い経験かもしれません．

続いてプロジェクトの中日に，プロジェクト後半の共同作業を進めていく班編成が発表されるのですが，ここがプロジェクトで最も興味深いところだと思います．主催者の先生方* で検討された，巧みなメンバー構成が提出されるのです．今回のプロジェクトでは，京都大学農学部の齊藤わかさん，横浜国立大学大学院環境情報学府の管家千誠さん，大阪大学歯学部の吉田信介さん，と一緒の班が形成されました．（数少ない学部生が二人も！なんとも興味深い班分けをするものです．）

共同作業のテーマの設定ですが，プロジェクト前半で学んだ知識を基礎にしつつ，日常的に気になっていることなどを中心として様々な可能性をそのメンバーでじっくり話し合うことが重要だと考えました．なぜなら，メンバーに共通する興味から出発することで，メンバー間の温度差をなるべく縮められるからです．さらには，参加者に共通する前提知識をもとに考察することで，参加者に興味を持ってもらえ多くの議論が生まれることなども期待していました．この方針は，前回のプロジェクトでの経験などを踏まえ，最も大事にしたいと思っていたことでした．結局，ディスカッションする二日間のうち半分ほどを，その作業（ブレインストーミング）に費やしてしまい，pre-presentationではまだ見通しすらついていない状況でした．しかし，しっかりと確認し合った「相手に関する情報を得ることは有利か？」というテーマで，その後も議論しモデリング・解析を進めていくことができました．

プロジェクト期間中には，その分野における先行研究をあまり踏まえることはできませんでしたが，ある程度期待される結果も導出することができました．しかしそれ以上に，我々が試行錯誤を通して独自の考察を進めたことで，刺激的で楽しいモデル化の過程を体感できたことが，特に濃密な時間であったと言える所以です．

もう一つ非常に有意義な時間であったと言える理由は，多様なバックグラウンドを持つ人と知り合えること（そこから今後も継続していく関係もうまれます）や，結局夜中まで作業してしまったわけですが，その合間に研究哲学のような議論も深めていけることなども挙げられます．このプロジェクトは，今後も継続されていくことでしょうし，多くの人に周知され数々の研究交流が生まれていくことを期待しています．

*個人的には少々馴染み易い分野かと思われたのですが，

*思い出してみると，私はこのプロジェクトの運営者であるお二人を，以前から存じ上げておりました．私は，数理生物学会の研究集会には修士一年のとき（奈良女子大学）に先輩に紹介されたのをきっかけに参加するようになりました．もともと学部時に勉強していたことは，生物学でも数学でもなく，心理学を中心とする社会科学でしたが，数理生物学におけるモデル化や理論研究の豊かさから，この学問は常にフォローしていく必要があると感じてきました．奈良女子大学以前に，既に齋藤先生の主催されるイッキ読みにも参加しておりましたし，学会の中心的な人物である瀬野先生は，すぐに目に留まりました．

【報告】

新しい芽を育む会の援助による派遣の報告

SIAM Conference of PDE に参加して

岡山大学大学院環境学研究科 M２ 李 聖林

日本数理生物学会の「新しい芽を育む会」の援助で12月10日から3日間, アメリカ、アリゾナ州で開かれた、SIAM（Society for Industrial and Applied Mathematics）の偏微分方程式の学会に参加して来ました。SIAMはとても巨大な組織で、年間十数個の応用数理に関する学会が開かれますが、PDEの学会は2年ごとに開かれ、今年が3回目だそうです。しかしながら、たったの3日間のスケジュールで６１個のmini-symposiumと9個のcontributed presentationのsession, 8個の招待講演が構成され（講演者の総人数は300人）、その規模の大きさを肌で感じることができました。

主な雰囲気は、（シミュレーションを使わない、厳密な数学の）応用数学と、物理系の数理やモデリングでしたが、数理生物関連の面白い講演もいくつか聴くことができました。本当に数学を基本toolとした様々な応用分野の偏微分方程式の祭りのようでした。私は、「Predator-Prey Dynamics, Biomechanics and Reaction-Diffusion System」というタイトルのcontributed sessionで発表をしました。10個のsessionが各々の部屋で同時に進行するスケジュールに、私の講演が夜7時からの遅い時間の講演だったため、多くの人に聞いてもらうことができず、とても残念でしたが、sessionが終わって部屋を出るところで、あるアメリカ人の先生が私のほうに来て「とても面白い話だった」とコメントをくださったので、（お世辞のコメントにすぎなかったとしても）大きな慰めになりました。

今回の学会では、数理生物関連の話は極めて少なかったですが、様々な分野の研究を見て聞くことで、偏微分方程式の魅力を一層感じた研究集会でした。さらに、偏微分方程式の様々な観点からのいろいろな最新の数理解析手法や物理、化学、生物現象のモデリングの話はとても興味深いものが多かったです。６１個のmini-symposiumがあるなかで、数理生物のmini-symposiumが１つもなかったことは、とても残念でしたが、将来的に、自分の手で「反応拡散に現れる生物現象の数理モデリング及び数理的手法」というタイトルでmini-symposiumを企画したいという新たな夢と良い刺激をもらうごとができた学会だったと思います。

“Mathematical Modeling and Analysis of Populations in Biological Systems”報告記

静岡大学創造科学技術大学院 岩田繁英

まず,「新しい研究の芽を育む会」からの援助により10月５日～８日に米国アリゾナ州ツーソンにおいて行われた “Mathematical Modeling and Analysis of Populations in Biological Systems”にて発表する機会を頂きましたことを感謝いたします．本当にありがとうございました．

この会議は数理生物学の発展に重要な貢献をされているJ. M. Cushing博士の65歳の誕生日を期に開催された会議でした．参加者は普段日本にいると会えない有名人が多数参加されていました．日本人は，指導教員である竹内康博教授、九州大学の今隆助さん，同じ研究室の岩見真吾くんと私の４人が参加しておりました．参加者の内訳で驚いたことは，数理生物を専門としている人だけではなく純粋な数学者も生態学者もいたということです．このような点は，Cushing博士の人柄や研究の幅広さや深さを示しているものではないかと感じました．

今回の会議は3日間の日程で行われ一つの部屋で行われた講演が6つ，それ以外は3つのパラレルセッションが開かれておりました．3つのパラレルセッションの内訳として，大きく生態モデル，数理医学関係，構造化モデルと分かれていたように思います． 今回の会議では当初は口頭発表で行うとして連絡を受けていたのですが，突然ポスター発表にされるというハプニングがありました．発表は2時間ほどでその間で4,5名に対して説明をすることができました．やはり，英語の発表は気合が入るのはいいのですが難しいです．特に，質問をされた時に頭の中でこういうことを言いたいと思っても実際の誤解を受けて伝わってしまうことがありました．その時は，言い直すことで伝えることができましたが，今以上に英語力があれば自分のいいたいことを端的に伝えることができるのではないかと感じ今後の課題として残りました．

会議全体の講演としては様々な数理モデルや新たな試みの講演等々聞いていて楽しいもの，面白いものが多々ありました．そうした講演を聴いている中で今後の研究を行うにあたって私自身の未熟さや更に学んで行きたいことが見えてきました．海外渡航は常に私自身の至らなさを気付かせることが多く，私にとって貴重な体験をすることができました．

本のしおり

関村利朗, 竹内康博, 梯正之, 山村則男共著 「理論生物学入門」

関村利朗, 竹内康博, 梯正之, 山村則男共著
「理論生物学入門」
現代図書, **319p.**, **2007** 年 **2** 月.
ISBN9784434100772

本書は，2005 年 12 月に京都大学で開催された集中講義をきっかけにして誕生したものと聞いています．残念ながら私はその場には居あわせませんでしたが，本ニュースレター第 49 号の齋藤保久さんによる報告記事から，そのすばらしい講義内容と熱気あふれる雰囲気について，想像を膨らませることができます．

さて，一口に理論生物学といってもその内容は多岐にわたっていますので，特にあなたが初学者であれば，どのようにして勉強をはじめたらいいのかきっと戸惑っていることでしょう．本書は，特にそんな人たちのために，対象としている生物現象とその解析手法がお互いに大きく異なる 4 人の著者（大御所）たちが情熱をもって，とても丁寧にわかりやすく執筆したものです．文章がわかりやすいというだけではなく，たとえばモデルの説明をするときに，具体的なパラメータを与えたり，コンピュータによって描かれた図が載せられていたりして，読者自身が自分の手を動かして，ひとつひとつ順番を追って，十分に納得しながら読み進めていくことができるからです．また，1 人の著者が全体を通して書いたものとは違って，スタイルが統一されていない点は，4 人の著者の個性や人柄が現れているようにも感じられます．

生物学の内容として，個体群動態学，生化学反応論，パターン形成，集団遺伝学，進化生態学，感染症・免疫系・神経細胞のモデル，などを学ぶことができます．これらは，生物学の中でも特に理論的研究が進んでいるもので，野外実験や室内実験をしている生物学者からも広く認知されている分野の代表的なものと言ってもいいでしょう．これらを調べる手段としての数学は，常微分方程式，偏微分方程式（特に反応拡散方程式），ゲーム理論，最適制御理論などであり，理論生物学を学ぶためには実にいろいろな道具立てが必要となることがわかると思います．またコンピュータが使える環境にある人は，本書を読むにあたっては Excel が利用できれば十分ですが，C 言語等でプログラムを組んでみたり，Mathematica 等の数式処理もおこなえるソフトを使ってみれば，さらに発展したモデリングとその解析が容易になると思います．

本書ではカバーしきれなかった分野やテーマは，理論生物学の中にはまだまだたくさんあります．しかし，本書は理論生物学の入門書としてはとてもよくまとまっていて，他のテーマを学習したり研究したりする場合にもきっと役立つ知識が詰まっていると思います．また，私も理論生物学を研究している者のひとりとして，本書をきっかけにして，さらにこの魅力ある学問を勉強してみたいと思う方がたくさん出てくることを願っています．研究室のゼミで使用するテキストとしても適当なもののひとつです．また入門書としてはとても手頃な値段に設定されています．

最後に本書のお得な購入方法をお知らせしておきます．著者の名前を出して現代図書（ファックス、E-mail）に申し込むと，８０％（２０００円）で購入できるそうです．送料は自己負担となり，金額は以下の通りです．

1 冊の場合 210 円（ヤマト運輸　メール便）
2 冊以上の場合 送料実費（宅配便）
例：2 冊、関東の場合　480 円
5 冊、関東の場合　680 円

（1 冊を 2 回注文する方が一度に 2 冊注文するより送料が安いので注意してください.）

なお、以下が申込み先です：

〒 229-0013　神奈川県相模原市東大沼 2-21-4
（株）現代図書 注文受付担当係
FAX: 042-701-8612
E-mail: shoseki@gendaitosho.co.jp
Phone: 042-765-6460（代）

（佐藤一憲　静岡大学工学部システム工学科准教授）

数理生物学会事務局からのおしらせ

幹事長　稲葉寿

日本数理生物学会研究奨励賞募集

日本数理生物学会（ＪＳＭＢ）は，数理生物学に貢献をしている本学会の若手または中堅会員の優れた研究に対して研究奨励賞を授与しています．このたび平成20年度 (第３回) の候補者の推薦を御願いすることになりました．自薦，他薦を問いません．

研究奨励賞の候補者を自薦または他薦される場合は，以下のデータを文書または電子メールにて下記送付先までお送りください．

(1) 推薦者の名前，住所，電話番号，電子メールアドレス，所属（自薦の場合は不要）．
(2) 候補者の名前，住所，電話番号，電子メールアドレス，所属．
(3) 候補者の業績についての簡単な説明文，および関連する主要論文３編以内．
(4) 候補者の略歴 (様式随意)
(5) 候補者の業績について紹介できる方２名までの氏名・連絡先（必須ではない）

締め切りは **2008** 年 **3** 月 **31** 日です．ご質問等は下記送付先へ御願いいたします．

送付先: 〒153-8914 東京都目黒区駒場 3-8-1
東京大学大学院数理科学研究科 稲葉寿
E-mail: inaba@ms.u-tokyo.ac.jp
Tel and Fax: 03-5465-8343

2007年1月以降の入退会者（敬称略）

入会:

伏見 昭秀 (農業・食料産業技術総合研・近畿中国四国農研)，吉村 奈津子 (奈良女子大・理)，吉川 満 (関西学院大・経済)，佐伯 晃一 (九大・理・生物)，桑村 雅隆 (神戸大・人間発達環境学)，坂戸 克匡 (龍谷大)，柴田 達夫 (広大・理)，佐々木 達矢 (創価大・工)，岡村 隆成 (八戸工大・工)，米田 武史 (東大・数理科学)，井磧 直行 (総研大・葉山高等研)，菅原 路子 (理研)，穴澤 正宏 (東北工大)，伊藤 浩史 (名大・理)

退会:

赤松友成，大島広行，近藤誠造，横井洋太，首藤絵美，松本将吾，阿部友紀，藤井宏一

Biomath ML 登録のお願い

日本数理生物学会では，会員とその他数理生物学に関心をお持ちの一般の方々の間の交流，情報交換を目的とするBiomathメーリングリストを運営しておりますが，まだ未登録の方が多数おられるようです．

Biomathメーリングリストには，学会や会員からの重要な情報（大会情報，国内外の公募情報，研究会や定例セミナーの情報，学会賞の情報など）が投稿されますので，引き続き登録率の向上を目指したいと存じますので，会員の皆様の積極的な登録を御願いいたします．

Biomathメーリングリストへの登録は以下のいずれかの方法で行えます：

(1) Biomathメーリングリストに自分で登録する：登録は本文件名なしの電子メールを
biomath-ml-subscribe@brno.ics.nara-wu.ac.jp
にお送り頂くと確認のメールが返送されますので，それに返信して頂くだけで完了します．
(2) Biomathメーリングリストに登録するが，登録作業は事務局にしてもらいたい場合：この場合は登録を希望されるメールアドレスを以下の方法で事務局までお知らせください．
郵便: 〒153-8914 東京都目黒区駒場 3-8-1
東京大学大学院数理科学研究科 稲葉研究室内
日本数理生物学会事務局
E-mail: kkawachi@ms.u-tokyo.ac.jp
（会員関係担当幹事 河内一樹 宛)
Fax: 03-5465-8343 （幹事長 稲葉寿 宛）

登録された皆様のメールアドレスは厳重に管理します，登録者以外からは投稿できないシステムになっておりますので迷惑メールの心配もありません．配送頻度も週に１通程度となっております．Biomathメーリングリストへの登録の方法や，過去の投稿を読む方法，退会の方法などは学会ウェブページのBiomath-MLのページ

http://bio-math10.biology.kyushu-u.ac.jp/~jsmb/jsmbj/?Biomath-ML

にも記載しております．合わせてご覧ください．また，何か不明の点がございましたら，事務局までご遠慮なくご連絡ください．

特別会計への収入について

会計幹事・中丸麻由子

日米数理生物学会合同大会の運営剰余金 **512,475** 円が2007年度特別会計に繰り入れられました．これは2008年度特別会計予算にそのまま繰り越されます．

日本数理生物学会第 18 回大会のお知らせ / 研究集会カレンダー

日本数理生物学会第 18 回大会のご案内

2008 年 9 月 16 日 (火)〜9 月 18 日 (木)
同志社大学（今出川キャンパス）
大会委員長　川崎廣吉 (同志社大学)

日本数理生物学会会員の皆様

日本数理生物学会第１８回大会を同志社大学今出川キャンパスにて，上記の日程で開催いたしますが，一般の講演の他に，下記のように企画シンポジウムの募集を行います.

「企画シンポジウム」募集のお知らせ

応募期間：２月１日〜４月３０日
応募資格：日本数理生物学会会員
応 募 先：大会委員会委員長　川崎廣吉
(kkawasak@mail.doshisha.ac.jp)
* 企画シンポの時間は 2–3 時間を予定しています.

応募される方は，シンポジウムタイトル，企画趣旨（100 字程度），講演予定者（非会員も可），オーガナイザー名とその連絡先を明記してください．また日程に関してご希望があれば，お申し出下さい．ただし，ご希望に沿えない場合があります．採択の可否につきましては，大会実行委員会で審議の上，５月上旬にプログラム概要と共にお知らせします。

なお，その他の申し込み・提出期限につきましては，下記のようになっております．大会の詳細につきましては，近日中に開設しますホームページにてお知らせします．(ホームページ http://tansky.doshisha.ac.jp/jsmb08/)

2 月 1 日〜4 月 30 日	企画シンポテーマ募集
5 月 1 日〜7 月 31 日	一般講演（口頭，ポスター）発表申込
7 月 1 日〜8 月 10 日	講演要旨提出
5 月 1 日〜8 月 20 日	懇親会参加申込

皆様のご参加をお待ちしております.

■ 研究集会カレンダー

2007 年 12 月 28 日付

数理生物学会ホームページ http://www.jsmb.jp/?JSMB
「学術集会」のページもご参照ください。

2008

Mar 6-8 at 京都大学（芝蘭会館）
京都ゲーム理論ワークショップ

Mar 10-11 at 京都産業大学（経済学部・経営学部）
第 4 回ネットワーク生態学シンポジウム

Mar 12-14 at The Renaissance Atlanta Hotel Downtown, Atlanta, Georgia, USA SIAM Conference on Parallel Processing for Scientific Computing (PP08)

Mar 14-18 at 福岡国際会議場、福岡
日本生態学会第 55 回大会

Mar 16-17 at 成蹊大学
数理社会学会第 45 回大会

Mar 22-26 at 近畿大学　日本数学会 2008 年度年会

Mar 25-28 at University of Vienna, Italy 19th European Meeting on Cybernetics and Systems Research

Mar 28-29 at Ottawa, Ontario, Canada A Two-day Conference on Mathematical Modeling in the Biological Sciences

May 10-13 at Boston Park Plaza Hotel and Towers, Boston, Massachusetts, USA SIAM Conference on Optimization (OP08)

May 22-26 at Baltimore, Maryland, USA The 6th International Conference on Differential Equations and Dynamical Systems

Jun 16-19 at University of Vermont, Burlington, Vermont, USA SIAM Conference on Discrete Mathematics (DM08)

Jun 16-20 at CIRM Luminy, France Workshop on Population Dynamics and Mathematical Biology

Jun 29-Jul 4 at Edinburgh, UK The European Conference on Mathematical and Theoretical Biology 2008 (ECMTB08)

Jul 7-11 at San Diego, California, USA SIAM Annual Meeting (AN08)

Jul 30-Aug 2 at University of Toronto, Ontario, Canada SMB Annual Meeting

Aug 4-7 at 岡山大学
第 2 回数理生物学日中コロキュム

Aug 22-24 at 東京大学（駒場キャンパス）
日本進化学会第 10 回大会

Aug 24-31 at Turku, Finland (Linnasmaki Congress Centre) The Helsinki Summer School on Mathematical Ecology and Evolution 2008

Sep 16-18 at 同志社大学（今出川キャンパス）
日本数理生物学会第 18 回大会

Sep 17-19 at 東京大学（柏キャンパス）
日本応用数理学会 2008 年度年会