Newsletter of the Japanese Society for Mathematical Biology No. 57 February 2009

日本数理生物学会

ニュースレター

February 2009 57

TABLE OF CONTENTS

Newsletter of the Japanese Society for Mathematical Biology No. 57 Februrary 2009

	年頭のご挨拶	竹内 康博	1
【研究の道具箱】	フェーズフィールドによる細胞集団のモデリング	野々村 真規子	2
【研究最前線】	幾何学的形態測定学:「かたち」の数理と統計の最前線	三中 信宏	6
【研究会報告】	第２回数理生物学日中コロキウム	梶原 毅	14
	国際学会参加報告	塚田 祐基	
		上野 太郎	16
	日本数理生物学会事務局より		17
	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　竹内康博

日本数理生物学会会員の皆様

新年おめでとうございます。

本年１月より会長をつとめることになりました竹内康博です．事務局も東京大学から静岡大学に移り，幹事長は佐藤一憲さん，会計は宮崎倫子さん，会員関係担当は守田智さんが就任されます．幸い会長と事務局が同じ静岡大学（同じフロアー）ですので，メールなしでいろいろ相談できると思います．事務局共々これからの２年間どうぞよろしくお願い致します．

はじめに，重定南奈子前会長と稲葉寿前幹事長を中心とする前執行部の皆様には，この２年間学会運営に並々ならぬご尽力をいただきありがとうございました．また，昨年の同志社大学で開催された年大会は174名の多くの参加者を迎え，盛大に成功したと思います．本大会にご尽力頂いた川崎廣吉大会委員長をはじめ同志社大学の皆様に心より感謝致します．

今年は，日本数理生物学会の前身である日本数理生物学懇談会が設立された1989年から20周年に当たる節目となる記念すべき年であります．設立20周年記念大会は東大の稲葉寿さんを中心に計画されています．9月9日(水)－11日(金)と東京大学（駒場キャンパス）で行われます．次年度（2010年）の大会は北海道大学で高田壮則さんを中心にして計画されています．また広島大学の瀬野裕美さんを編集責任者として，日本数理生物学会設立20周年記念事業として,「シリーズ数理生物学要論」を出版していきます．巻１：『「数」の数理生物学』は昨年９月に出版され，巻２：『「空間」の数理生物学』は本年３月，巻３：『「行動・進化」の数理生物学（仮題)』は本年７月に発行予定です．

このような学会主催の年会以外に，本学会は様々な研究集会を後援しています．毎年数理解析研究所で行われる「生物数学の理論とその応用」研究集会や「新しい生物数学の研究交流プロジェクト」，関係者による国際研究集会など数多くの研究交流の活動を学会としては支援していきたいと考えております．　本学会のホームページを見るとＳＭＢやＥＳＭＴＢだけでなく，ＣＳＭＢ（中国）やＫＳＭＢ(韓国)の数理生物学会のホームページにリンクされています．まだ個人的な考えでしかないのですが，日中韓の数理生物学会を中心として，アジアにおいて数理生物学を交流できる場を２年間隔で交互に開催できればすばらしいと考えています．日本の若手研究者で台湾や韓国でがんばっている会員がいて，また中国にも本学会員がいます．現実に日中や日韓，中韓の研究者による共同研究も進んでいます．

日本数理生物学懇談会は当時「数生懇」と呼ばれていて，1993年まで数理解析研究所で行われたMathematical Topics in Biologyという研究集会や94年からの数理生物学シンポジウムを懐かしく思い出します．特別の事情がない限り，毎年これらの研究集会に参加し，研究交流することを楽しみにしていました．日本数理生物学会は2003年に学会化しましたが,「数生懇」時代を含めて今年20周年．今後とも，自由に忌憚のない議論ができ，若い会員が生き生きと活動でき，国際的な研究交流が活発であるというよき伝統を継承していきたいと考えております．

2009年１月

日本数理生物学会会長

竹内康博

【研究の道具箱】

フェーズフィールドによる細胞集団のモデリング

野々村真規子*

1. はじめに

フェーズフィールドモデルは，結晶成長のモデルとして考案され，合金やマルテンサイト変態や強磁性体などの様々な研究に用いられている．ここでは，フェーズフィールドによる多細胞のモデリングについて紹介する．フェーズフィールドモデルがどのようなものなのかを理解してもらうために，フェーズフィールドの基礎について次章で説明する．第3. 章では，フェーズフィールドによる多細胞のモデル化と，そのモデルを用いた数値計算結果をいくつか紹介する．

2. フェーズフィールドの基礎

フェーズフィールドモデルは，有限の厚みを持ったオブジェクトとして，時間とともに変化する物質の形状を表現する．具体的には，図1のように，物質内部では $u=1$ を，外部では $u=0$ をとり，非常に薄い遷移層によって $u=0$ と $u=1$ を結んでいるような秩序場 $u(\boldsymbol{r},t)$ を考える．そして，この薄い層によって物質の界面を記述するのである．この秩序変数の場 u をフェーズフィールドと呼ぶ．

図1のような u の形を実現するために，双安定な反応拡散系をフロント解に用いる．まず，ポテンシャル関数 $W(u)$ を考えよう．

$$W(u)=\frac{1}{4}u^2(1-u)^2+w_1h(u)+w_0(1-h(u)) \tag{1}$$

$W(0)=w_0$，$W(1)=w_1$ が成立する最も簡単な形として，関数 $h(u)$ は

$$h(u)=u^2(3-2u) \tag{2}$$

とおくことにする．(図2) このとき，$|w_0-w_1|<\dfrac{1}{12}$ で，$W(u)$ は $u=0$ と $u=1$ で極小値をとることがわかる．

次に，この $W(u)$ を用いて，次のような Ginzburg-Landau 型のエネルギーを考える．

$$F[u]=\int\left[\frac{\varepsilon^2}{2}|\nabla u|^2+W(u)\right]d\boldsymbol{r} \tag{3}$$

ε は微小な正定数である．ここで，系は常にエネルギーを減らす方向に時間発展するとして，次のような時間発展方程式を考える．

$$\tau\frac{\partial u}{\partial t}=-\frac{\delta F}{\delta u} \tag{4}$$

これを数学的にはエネルギー $F[u]$ の勾配系という．この時間発展方程式に $F(u)$ をいれて計算してみると

$$\tau\frac{\partial u}{\partial t}=\varepsilon^2\nabla^2u+u(1-u)\left(u-\frac{1}{2}+f\right) \tag{5}$$

となる．ただし，$f=6(w_0-w_1)$ とした．この方程式は $u=0$ と $u=1$ が双安定となっており，物質科学の分野では Allen-Cahn 方程式と呼ばれている．

式 (5) からすぐにわかるように，空間一様な解として $u=0$ と $u=1$ が存在する．$u=1$ の領域と $u=0$ の領域が共存している空間非一様な状況では，必然的に2つの領域をつなげる境界が存在する．今はエネルギーを減らす方向に時間発展させているので，$f>0$ $(w_0>w_1)$ では，$u=1$ の領域が増えていくように，この境界が移動することが予想できるだろう．実際に式 (5) は，空間一次元で次のような特殊解を持つ．

$$u(x,t)=\frac{1}{2}\left(1-\tanh\frac{x-\mathcal{V}t}{2\sqrt{2}\,\varepsilon}\right) \tag{6}$$

ここで進行速度 V は

$$\mathcal{V}=\frac{\sqrt{2}\,\varepsilon f}{\tau} \tag{7}$$

で与えられる．式 (6) の形から，このフロント解の幅は ε のオーダーであることもわかる．図3では式 (6) のエネルギー密度 $F_d=\dfrac{\varepsilon^2}{2}|\nabla u|^2+W(u)$ をプロットした．この図からもエネルギー密度が低い領域を増やすように，界面が動いていくことがわかる．

空間2次元・3次元の場合，$f=0$ $(w_1=w_0)$ でも界面が動くことがある．図3からわかるように界面ではエネルギーが高い．式 (5) はエネルギーが高い領域を減らすように時間発展するため，図4のような状況では $f=0$ であっても，エネルギーが高い界面を減らすように (a) では $u=1$ の領域が，(b) では $u=0$ の領域

*広島大学

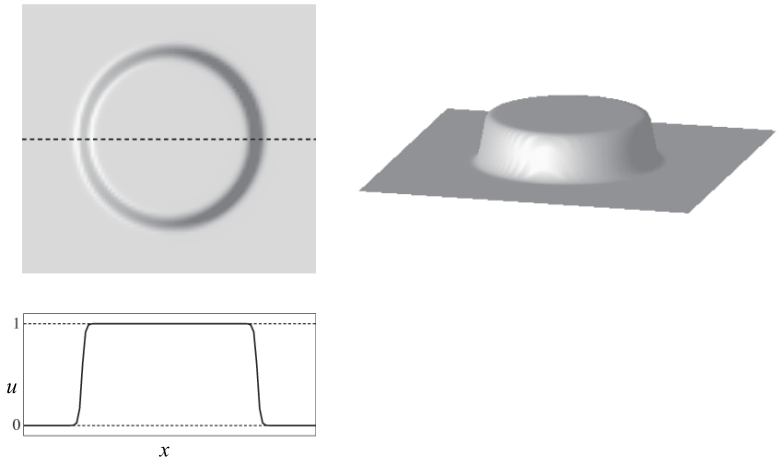

図 1　空間２次元のフェーズフィールド．上段は鳥瞰図 (左は真上から，右は斜め上から)，下段は上段左図の点線での u のプロファイル．

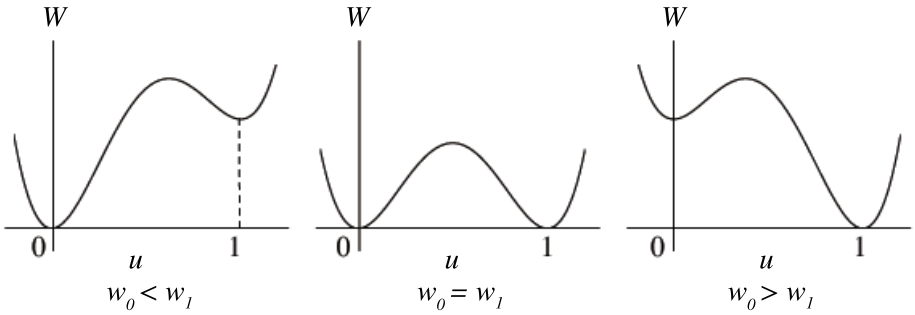

図 2　$W(u)$ のグラフの概形．

が縮んでいき，最後には消滅してしまうのである．つまり，空間２次元・３次元では，f の符号以外に，界面の曲率も界面の動きに関係してくるのである．実際，界面の厚みが 0 の極限では，

$$\mathcal{V} \propto (f - \sigma\kappa) \tag{8}$$

となることがわかっている．ここで，$u=1$ の領域が凸で平均局率 κ を正としたとき，定数 σ は正である．

式 (8) から逆に，曲率が小さければ f が界面の動く向きとスピードをコントロールしていると考えることもできる．よって，次のように f をとることで u の体積を保存させることができる．

$$f = V - v \tag{9}$$

ここで，V は正定数，v は細胞の体積で $v = \int u\, d\boldsymbol{r}$ とした．v が V に満たないときは $f>0$ となり $u=1$ の領域を，V より多いときは $f<0$ となり $u=0$ の領域を増やすように時間発展し，u の体積をほぼ V に維持することができるのである．ただし，V を小さくとりすぎると，曲率が効いて $u=1$ の領域は消滅してしまうので注意してほしい．

3.　細胞集団のモデリング

フェーズフィールドの界面による細胞のモデル化を考えていこう．$u=1$ の領域を細胞の内側と，$u=0$ の領域を外側とみなすと，式 (5) と式 (9) で最も単純な細胞の形を記述することができることになる．しかし，多細胞系を考えると，個々の細胞を区別が必要になり，これらの式だけでは記述することができない．そこで，多細胞の記述には工夫が必要になる．すぐに思いつくのは，細胞の数だけフェーズフィールドを準備するという方法だろう．つまり，M 個の細胞を表すために，M 個の成分をもったベクトル変数 $\boldsymbol{u}(\boldsymbol{r},t) = (u_1(\boldsymbol{r},t), u_2(\boldsymbol{r},t), \cdots, u_M(\boldsymbol{r},t))$ を準備し，成分 $u_n(\boldsymbol{r},t)$ により n 番目の細胞の形状を表すわけである．

では，M 個の変数を準備して細胞を表してみよう．n 番目の細胞の形状を表す方程式は，

$$\tau \frac{\partial u_n}{\partial t} = \varepsilon^2 \nabla^2 u_n + u_n(1-u_n)\left(u_n - \frac{1}{2} + f_n\right) \tag{10}$$

$$f_n = \alpha(V_n - v_n) - \beta \sum_{m \neq n} u_m \tag{11}$$

とかける．α，β，V_n は正の定数，v_n は $v_n = \int u_n d\boldsymbol{r}$ とした．式 (10) と式 (11) の右辺第 1 項は，細胞を表すインデックス n がついている点を除けば，式 (5) と式 (9)

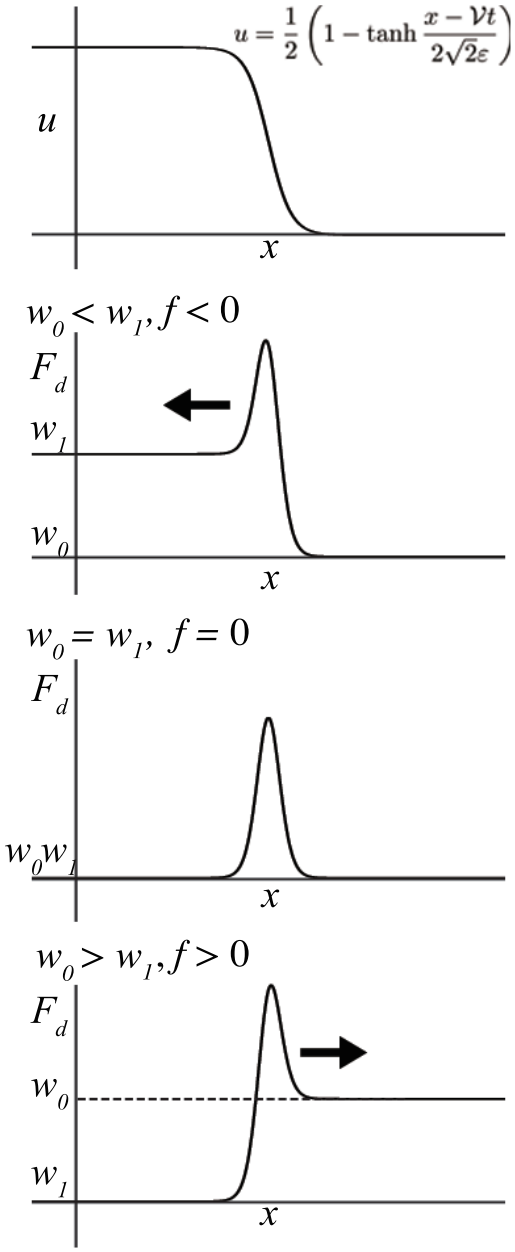

図 3　u のプロファイルと対応するエネルギー密度 $F_d = \frac{\varepsilon^2}{2}|\nabla u|^2 + W(u)$ のプロファイル．

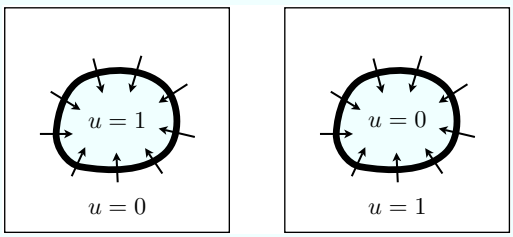

図 4　$f = 0$ での空間２次元の界面の動き．黒い太線で表された界面を減らすように動く．

と全く同じである．多細胞になって新しく加わったのは，式 (11) の右辺第２項で，この項によって細胞同士が重ならないことを表している．細胞 n の体積が V_n で，f_n が第２項のみとなる状況を考えると，他の細胞がいる領域では f_n は負，それ以外の領域で 0 となる．そのため，n 番目の細胞は他の細胞がある場所をさけることになるのである．

実際に，式 (10) と式 (11) を数値計算することを考えてみよう．最も単純には，図5(a) のように，各 u_n を計算領域全体 Ω で計算する方法が考えられる．しかし，この方法を使って数値計算するのは，細胞数が多い場合，特に空間３次元では現実的でない．d を空間の次元とし，細胞の大きさがすべて V であり ($V_1 = \cdots = V_M = V$)，計算領域が M 個の細胞で埋まっているとすると，成分 u_n の計算に必要なメモリが VM/δ^d，それが M 個あるので，系全体の計算には $VM/\delta^d \times M \propto M^2$ のメモリが必要になることが容易に見積もれる．このことから，単純に図5(a) のように変数をとると，細胞の数 M の２乗で計算メモリが必要となってしまうことがわかる．

多細胞のモデルで細胞の数が増やせないとなると致命的である．そこで，メモリを節約することを考えていこう．フェーズフィールドでは界面付近のみが大事で，それ以外の場所での計算には意味がな点に着目する．細胞間の相互作用がない場合，$u_n = 1$ をカバーする小さな領域 Ω_s 内だけを計算すれば，u_n の時間発展を追うことができるのはすぐにわかる．したがって，他の細胞を示す引数 m を n 番目の形を表す方程式から消せば，かなりメモリが節約できることが予想できるだろう．そこで，式 (11) の右辺第２項を，$\psi = \sum_n u_n$ を用いて書き直してみる．

$$f_n = \alpha(V_n - v_n) - \beta(\psi - u_n) \tag{12}$$

図6からわかるように，この ψ は細胞の有無を示している．式 (12) と書くことで，図 5(b) のように，個々の u_n は小さな計算領域 Ω_s 内だけで時間発展させ，Ω での Ω_s の位置を表す座標 $\boldsymbol{R} = (\boldsymbol{R}_1, \cdots, \boldsymbol{R}_M)$ を使って ψ と $\boldsymbol{u}$ の対応をとることができるようになる．図5(a) と同様にメモリを見積もってみると，$\boldsymbol{u}$ と $\boldsymbol{R}$ と ψ に必要なメモリはそれぞれ VM/δ^d，dM，VM/δ^d となるので，全体で必要なメモリは $2VM/\delta^d + dM \propto M$ である．つまり，細胞の数 M を増やしても，M の１乗でしかメモリは必要にならないことがわかる．しかも，ψ を各ステップのはじめに計算してしまえば，u_n の式は小さな計算領域で個別に計算ができる．したがって，この部分を並列計算することで，大きな細胞数の計算も可能になるのである．

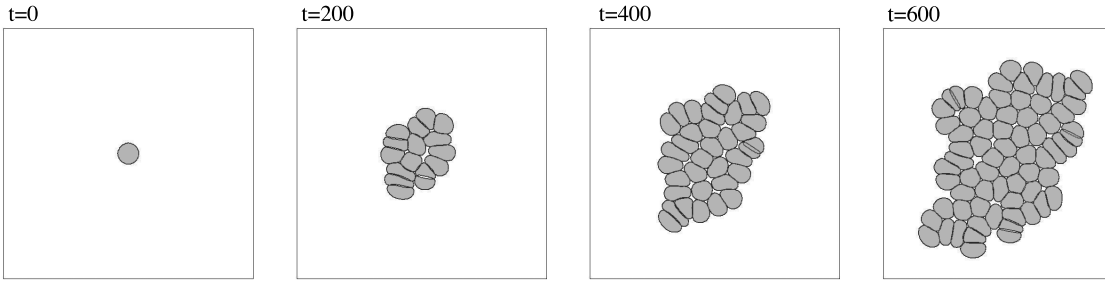

図 7　細胞分裂の数値計算.

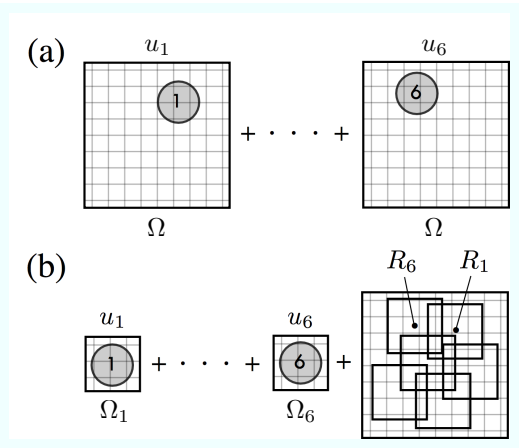

図 5　変数 $\boldsymbol{u}$ の計算の仕方.

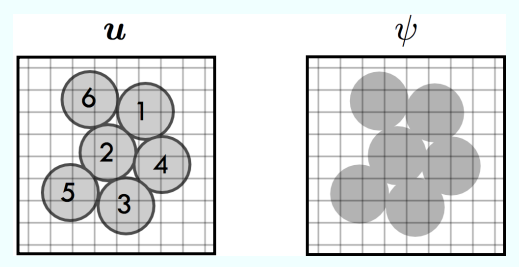

図 6　変数 $\boldsymbol{u}$ と $\psi = \sum_n u_n$ の概念図.

最後に，数値計算結果を２つ示そう．図７は「細胞はある大きさになったら２つにわかれる」というルールで細胞分裂をさせた結果である．本モデルを用いると，分裂する細胞 u_n の場所に，u_n と新しく n_{M+1} の細胞をわけて配置することで，細胞分裂を簡単に表現することができる．図７の計算では，細胞分裂の向きはランダムにとっている．はじめ１個だった細胞が細胞分裂して，$t=600$ では 69 個まで増えている．図８は，あらかじめ正方形に細胞をつめておき，$t=0$ で系全体を縦に広げて横に縮めた場合の時間発展の様子を示す．はじめ縦に伸ばされていた細胞は，細胞の界面エネルギーを減らそうと自発的に再配置していく．

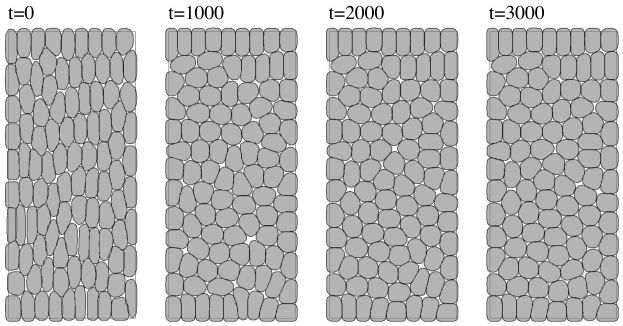

図 8　変形した細胞の再配置の様子.

4.　終わりに

フェーズフィールドモデルは元来，結晶成長などの固いものを記述するために利用されてきたが，細胞というやわらかい物質の記述にも応用できることが示せた．これまでは，多細胞をフェーズフィールドでモデル化しても，実際の数値計算では計算メモリがかかりすぎるため，実装するのは困難だと思われてきた．しかし，本モデルでは細胞共通の変数 ψ を用いることで，このメモリの問題も解決できている．フェーズフィールドを用いた本モデルは，細胞集団のみでなく，個々の細胞の変形も同時に表現できるため，形態形成などの数理的研究において強力な道具の一つになるのではないかと考えている．現在，細胞接着や走化性などのモデル化も行っている. [1] 今後，実際の系への応用に取り組む予定である．フェーズフィールドの基礎の章は，文献 [2] を参考にした．

参 考 文 献

[1] M. Nonomura, Phase field model for population dynamics of shape changing cells, preprint.
[2] 小林亮, フェーズフィールドモデル入門, 私信.

JSMB Newsletter No. 57, pp. 6–13, 2009

研究最前線

幾何学的形態測定学：「かたち」の数理と統計の最前線

三中信宏*

1. はじめに：「かたち」を定量化する形態測定学

哲学者ルートヴィヒ・ウィトゲンシュタイン（Ludwig Wittgenstein）は，その後半生に書き進めた主著『哲学的探究（*Philosophische Untersuchungen*）』の中で，分類基準としての「家族的類似性（Familienähnlichkeit）」の概念を提唱した．家族的類似性に基づくカテゴリー化とは，すべての対象物に共通する特徴によって定義するのではなく，部分的に共有される特徴の総体によってカテゴリーを決めることである．ウィトゲンシュタインは，家族的類似性なる新たな分類基準を打ち出すことにより，本質的属性の共有に基づく古典的二分法によるカテゴリーの定義に抗したのである．現代の認知心理学におけるカテゴリー化の理論のルーツのひとつがここにある．

ウィトゲンシュタインが家族的類似性という基準に思いいたった背景には，19世紀のフランシス・ゴルトン（Francis Galton）が一時期のめりこんだ「合成写真術（composite photography）」の研究があった．ゴルトンは，地球上のさまざまな民族の「顔」写真を重ねて合成することにより，それぞれの民族のもつ形態学的特徴の本質を発見できると考えた．現代風にいえば画像解析の萌芽ともいえるこの研究にゴルトンが没頭したのは，1870年代半ば以降の約10年間だった．生物統計学の始祖でもあるゴルトンは，その傑出した数学的才能と優生学的動機を背景にして，形態画像の合成写真という当時としてはきわめて困難な課題に取り組み，後にはヒト指紋の分類と識別という社会的にも大きなインパクトをもつ成果につながっていった．

対象物のもつ「かたち」は，視覚的生物であるわれわれヒトにとって，きわめて重要な情報源である．生物の形態を研究対象としてきた形態学（morphology）は，今から二千年前にさかのぼるアリストテレスの『動物誌』や『動物部分論』にも見られるように，「かたち」の研究は生物学そのものだった．DNAやタンパク質の分子データの有用性が広く認識されている現在にあっても，体系学や進化学はもとより生態学，発生学，遺伝学など生物学のさまざまな分野において，「かたち」のデータは多くの知見をもたらす情報源として，その価値を今なお失ってはいない．

たとえば，かつて15〜16世紀のルネサンス時代に活躍したレオナルド・ダ・ヴィンチの絵画に見られる形状比率への関心やアルプレヒト・デューラーが著した人体計測に関する著作に見られるように，人間や生物の「かたち」を測るという行為そのものは長い歴史を背負ってきた．しかし，本稿で論じるように，「幾何学的形態測定学」（geometric morphometrics）と呼ばれるひとつの学問分野が確立されたのは最近のことといえるだろう．生物形態の変形や変異に関する諸問題を解決するために，「かたち」の定量的解析のためのツールがどのような新しいアプローチを拓いたのかという点にこそ目を向けるべきだろう．

現代の形態測定学が歩みつつある方向づけに直接的影響を及ぼしたのは，誰よりもダーシー・トムソン（D'Arcy Wentworth Thompson）だった．今から一世紀も前に彼が唱えた定量形態学の数学理論，なかでも形態変形を記述する「デカルト変換格子」の方法は画期的だった．彼は，1915年にエディンバラ王立学会紀要に発表した「形態学と数学（Morphology and mathematics）」という論文[28]の中で，デカルト変換格子を用いて形態を数学的に記述し解析するという立場を擁護するために，ガリレオ・ガリレイの「自然という書物は幾何学の文字で書かれている」という格言を引いている．

そして，この変換格子論文を最終章とする著書が，その二年後に出版された『成長と力について（On Growth and Form）』[29]の初版だった．四半世紀後に大きく増補改訂された本書第二版[30]は，その後，現代にいたる形態測定学の発展の中で繰り返し引用される古典となった．彼のメッセージが帯びていた，「かたち」の

*独立行政法人農業環境技術研究所]

数学とは幾何学であり,「かたち」の変形とは力の作用であるというシンプルさは後世のどの時代にあってもその魅力を失わなかった [2,3,10].

生物の「かたち」に関する形態測定学は，理論・実践の両面にわたって，過去20年あまりの間に大きな発展を遂げた [1,4,7,12,19,20,24,26,31]．それは，生物学と数学そして統計学の三者が交わる領域に築かれた理論体系である．1980年代はじめに登場して以来，形態測定学の解析ツールは改良が重ねられ，現在その多くはフリーウェアとして研究者コミュニティに広く普及している．つまり,「かたち」を測るためのツールは,使おうと思えば誰でもインターネット経由で自由に利用できる環境がすでに整っている.

しかし，以下では，そのような形態測定学の実践のためのツールを紹介するのではなく，むしろその理論的な基盤について解説しよう．それが必要な理由は三つある．第一に,「かたち」の幾何学的特性を扱える数学はリーマン多様体（Riemannian manifold）の理論である．第二に,「かたち」の確率的変動を記述できる統計学は方向統計学（directional statistics）の理論である．第三に，リーマン多様体論や方向統計学で記述される非線形の「かたち」を線形の接部分空間（tangent subspace）に射影することにより，近似的に線形数学や線形統計学の理論が利用できるようになる.

大部分の生物学者は，リーマン多様体論や方向統計学を数学的素養として身につけてはいない．そのために，幾何学的形態測定学を学ぶにあたっては，基本的な概念や用語の点でハードルがいくつかあるように思われる．以下では，数式をできるだけ用いないようにしながら説明を進めるようにしたい．計算の詳細については，たとえば三中 [21] を参照されたい.

2. 形状空間論：変換不変量としてのサイズとシェイプ

ここで解説するのは，形態上に設定された標識点（landmark）の二次元または三次元の座標データに基づく形態測定学の方法である．標識点とは，ある規則にしたがって形態間で対応づけられ，互いに相同であるとみなされる点と定義される．標識点とみなされるための３条件「規則・対応・相同」が満たされるかどうかの判定が難しい場合が実際にはある．しかし，たとえば昆虫の翅脈の分岐点や頭蓋骨上の顎の関節点のように明確に生物学的な相同性がある状況を想定すれば十分だろう.

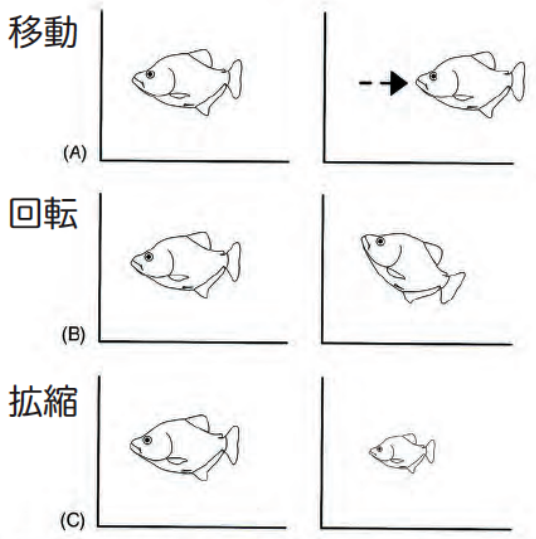

図１　移動・回転・拡縮による変換

「かたち」には,「サイズ（大きさ）」と「シェイプ（形状）」というふたつの幾何学的属性が含まれている．ここでは，Dryden and Mardia[9] にしたがい,「かたち」のもつサイズ因子とシェイプ因子を変換幾何学的に定義する．つまり，特定の図形変換のもとでの不変量としてサイズとシェイプをそれぞれ定義する.

２次元あるいは３次元の「かたち」を図形（figure），図形が存在している空間を図形空間（figure space）と呼ぶ．この図形に対しては次の三つの規則にしたがう座標変換を実行できる：１）「変位（移動）」：ある方向と距離をもつ移動；２）「回転」：ある点を中心としてある角度の回転；３）拡縮（スケーリング）：ある倍率にしたがう相似変換（図１）.

いま，図形に対して，これらの変換を施したときに変化するものとしないものが何かを考えよう．直感的にいえば，変位や回転をしても「かたち」は変化しない．一方，拡縮を施すと,「かたち」のもつ性質のうち「サイズ」だけが変化することもまた直感的に理解できる.

この事実を利用すると，変換幾何学的に「シェイプ」と「サイズ」とを区別して定義できることになる．すなわち,「シェイプ」とは変位・回転・拡縮のいずれに対しても不変量であるのに対し,「サイズ」は変位と回転に関しては不変量だが拡縮には不変でない量と定義できるからだ．このように，変換不変量に着目することによりサイズとシェイプを別々に定義することができる.

次に，上述の座標変換によって，元の図形空間がど

のように移り変わっていくかを考える．

1）「前形態空間」：m 次元の図形上に k 個の標識点が設定されているとすると，これらの標識点セットが図形空間においてもつ自由度は km である．標識点セットの「重心（centroid）」（標識点の座標の平均）を原点に一致させる変位を施したとき，元の図形は変位に関する不変量すなわち「前形態（pre-form）」に変換され，「前形態空間（pre-form space）」の自由度は $(k-1)m=km-m$ となる．重心でセンタリングされた前形態の標識点の座標は総和がゼロになるので，すべての前形態の標識点セットは原点を通るある超平面の上に乗ることになる．

2）「サイズ=シェイプ空間」：前形態の重心周りの回転に関する不変量を「サイズ=シェイプ（size-shape）」と定義し，その空間を「サイズ=シェイプ空間（size-shape space）」と呼ぶ．m 次元空間における回転による自由度の減少は $m(m-1)/2$ だから，サイズ=シェイプ空間の自由度は $km-m-m(m-1)/2$ となる．サイズ=シェイプは変位および回転に関する不変量となる．とくに，回転に関する不変量とは回転によって一致するすべての前形態からなる同値類を意味している．この同値類を「軌道（orbit）」と呼ぶ．前形態空間における軌道に対応する回転不変量からなるサイズ=シェイプ空間もまた超平面を構成する．

3）「前形状空間」：前形態のもつサイズは「重心サイズ（centroid size）」すなわち標識点間の平方距離の総和の平方根として定義されるが，その値は重心と各標識点との平方距離の総和（平方和）の平方根にほかならない．前形態をその重心サイズで割ることにより，サイズを1にそろえることができる．この拡縮による不変量を「前形状（pre-shape）」，その空間を「前形状空間（pre-shape space）」と呼ぶ．重心サイズによる拡縮を行うことにより自由度は1だけ減少するから，前形状空間の自由度は $km-m-1$ となる．すべての前形状はサイズが同一であるから，前形状はある超球（半径1）の球面上に乗ることになる．しかも，前形状はすでに超平面の上にもあるので，けっきょく前形状空間は超平面と超球の交わる（より低次の）超球とみなすことができる．

4）「ケンドール形状空間」：サイズ=シェイプ空間に対して重心サイズ拡縮を施したときの不変量，あるいは同等に，前形状空間内の回転同値類（軌道）に関する不変量を「形状（shape）」と定義し，その空間を「ケンドール形状空間（Kendall's shape space）」略して「形状空間（shape space）」と呼ぶ．その自由度は $km-m-m(m-1)/2-1$ である．ここに定義された形状は変位・回転・拡縮のすべての変換に関する不変量である．

上で定義した形状空間は，前形状空間と同じく超球である．しかし，両者の間には次のようなちがいがある．前形状空間は回転による不変性を考慮せず，回転同値な軌道はコンパクトな Lie 群をつくる．同一の軌道に属するふたつの異なる前形状はある角度で回転させれば完全に一致するが，異なる軌道に属する前形状の間ではそうではない．いま前形状の間の差異を，超球である前形状空間の大円に沿う弧の長さ，すなわち測地線距離として定義し，これを「プロクラステス距離（Procrustes distance）」と呼ぶことにする．二つの前形状の間のプロクラステス距離は，弧度法に従えば，半径1の超球である前形状空間の中心と二つの前形状がなす角 ρ にほかならない．

「かたち」の間のちがいを定量化するという問題は，生物学にとどまらない一般的な問題とみなすことができる．標識点セットによって「かたち」を記述するとき，上述のプロクラステス距離の最小値によって，前形状の差異を数値化することができる．その際，異なる軌道の間で回転角を変化させることによりプロクラステス距離を最小化するという方法がまず考えられる．具体的には前形状の標識点セットの座標に関する最小二乗法によりふたつの前形状のちがいが最小になるような回転角を推定するという手順に従う．この最小化における目的関数は「部分プロクラステス距離（partial Procrustes distance）」と呼ばれ，上で定義した非ユークリッド的なプロクラステス距離の線形近似である（図2）．

しかし，前形状の間のちがいを真の意味で最小化するには，回転角を変化させるだけでは不十分である．なぜなら，前形状の再拡縮を許すならば，回転角に関する最小値である部分プロクラステス距離をさらに小さくすることが原理的に可能だからである．実際，二つの前形状間のプロクラステス距離 ρ の余弦 $\cos\rho$ によって再度の拡縮を実施すれば，「完全プロクラステス距離（full Procrustes distance）」と呼ばれる真の最小値に到達できるからである．ただし，完全プロクラステス距離はもはや前形状空間の中では達成できない．

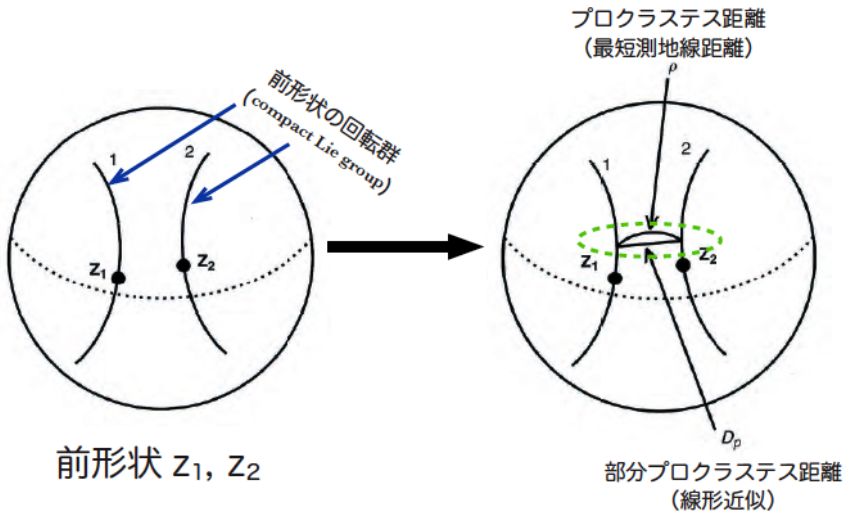

図 2　前形状空間における回転同値類と前形状の間に定義されるプロクラステス距離とその近似としての部分プロクラステス距離

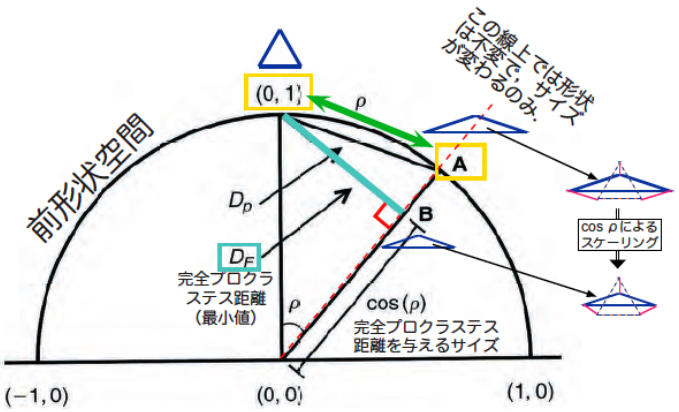

図 3　前形状を $\cos\rho$ で再拡縮することにより完全プロクラステス距離を実現する

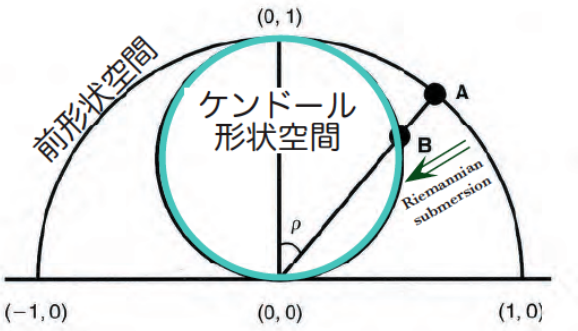

図 4　Riemannian submersion による前形状空間から形状空間の構築

半径 1 の超球の球面からはずれてしまうからである（図 3）．

完全プロクラステス距離が実現されるのは，前形状空間の中心からある前形状にいたる半径の軸に対して，基準となる前形状から垂線の足を下した場合である．このとき，サイズを 1 から $\cos\rho$ に拡縮することにより，前形状の中心と基準前形状となす角がつねに直角になることがわかる．すべての前形状に関してそれぞれ $\cos\rho$ に関するこの再拡縮を実行すれば（「Riemannian submersion」と呼ばれる操作），前形状空間の中に埋め込まれた半径 1/2 の超球が得られる．この超球が，上で定義した形状空間である（図 4）．

このように，前形状空間と形状空間には明白なちがいがあるが，二つの前形状の間のプロクラステス距離とそれらに対応する二つの形状の間のプロクラステス距離とは等しいことを確認しておく．半径 1 の前形状空間のプロクラステス距離は $1\times\rho=\rho$ であるが，半径 1/2 の形状空間では中心角が 2 倍になるのでプロクラステス距離は $(1/2)\times(2\rho)=\rho$ となるからである．

Kendall[11] は，微分幾何学の観点から，この形状空間がプロクラステス距離をリーマン計量（Riemannian metric）としてもつリーマン多様体（Riemannian manifold）であることを証明した．彼の業績により，サイズ要因を除外したシェイプに関する「かたち」の研究は，リーマン多様体論の枠組みの中で進めるという幾何学的形態測定学の非ユークリッド的基盤が構築されたことになる [9,13,15,27]．

このように，形状が非ユークリッド的性格をもっているという事実は，データ解析の観点からはいささか扱いづらい．なぜなら，実践的なデータ解析の主流は線形数学や線形統計学だからである．しかし，形状空

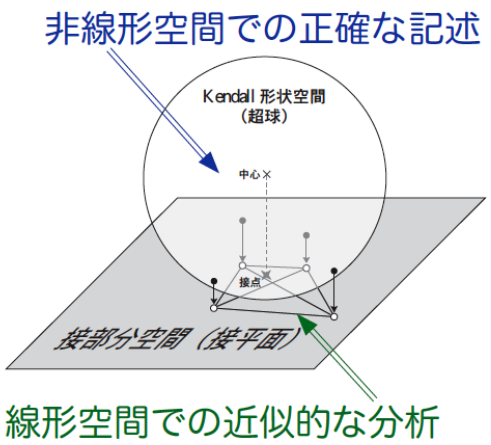

図 5　超球としての形状空間とその近似としての線形接部分空間

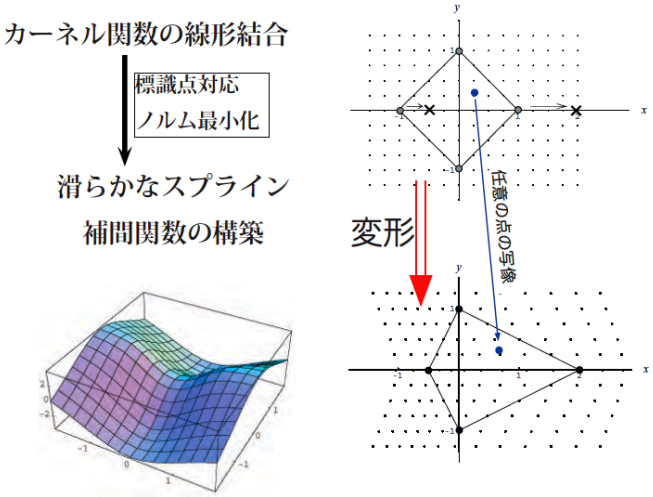

図 6　薄板スプライン関数による形状変形の近似

間の上で平均形状を接点とする線形接部分空間（linear tangent subspace）を構築すれば，近似的ではあるが，広く用いられている線形的手法をそのまま利用できるだろう（図 5）．つまり，形状空間自身は非線形だが，線形の部分空間に射影することにより，近似的な線形性を実現させるというアプローチを現在の幾何学的形態測定学は採用している [6,22,32].

次に，形状空間に接する線形空間の中での形状変形の解析に話題を移すことにしよう．

3.　形状変形論：アフィン変形と非アフィン変形の分割

「かたち」が時空的に変化したり，あるいは集団内での変異があるとき，そのような「かたち」のちがいを定量的に分析するためには，「かたち」の間の仮想的な変形（deformation）を想定すればよい．前述のダーシー・トムソンはそのような変形は物理的な力の作用として数学的に記述できるというアイデアを提出した．その考えを実装したのが，この節で述べる Fred L. Bookstein による形態変形の解析法である [5,6].

まずはじめに，形状の変形を構成する要素として，大域的変形をあらわす線形成分（アフィン成分）と，局所的変形をあらわす非線形成分（非アフィン成分）に大きく分割する．そして，非アフィン成分についてはさらに細分して局所的な変形を個別に抽出するというアプローチが取られている．

アフィン変形は，行列による線形変換（一次変換）による座標系全体にわたる大域的な変形である．上述の変位・回転・拡縮はすべてアフィン変形として表現することができるが，これらの変換によっては形状を変化しない．しかし，一般のアフィン変形では変換後の座標軸が斜交するために歪み（shear）が生じる．その歪みの最大伸縮比の方向は，対称テンソル（symmetric tensor）の主軸（principal axis）によって表され，変形前後での直交性が保存される [19]．このテンソル主軸が線形接空間のアフィン成分の正規直交基底（orthonormal basis）となる．

非アフィン変形の解析のために用いられる強力な道具が，薄板スプライン（thin-plate spline）という補間関数である [5,6]．スプライン関数は，与えられたデータに基づいて滑らかな曲線や曲面を生成する「平滑化（smoothing）」の目的で利用され，コンピューター・グラフィクスや計算統計学では広く用いられてきた．幾何学的形態測定学はこの手法を形態解析にも適用してきた．

スプラインによる変形補間は直感的に理解できる．いま標識点セットに張られた仮想薄板（弾力性のあるゴム膜を想像すればよい）を考える．この標識点セットの変形にともなって薄板が滑らかに伸縮するならば，変形前に設定した格子は変形後の形状の上には局所的な歪みが生じるだろう．ここでいう「滑らかさ」あるいは「ノルム」とは，厳密には二次導関数の平方を全変数域にわたって定積分した値として定義され，直感的には局所的な屈曲（二次導関数の変動）の総和と解釈できる．標識点セットの変形とともに伸縮する仮想薄板は，この滑らかさ（ノルム）を最小化する補間関数を与えている（図 6）．

薄板スプライン関数を用いて非アフィン変形を記述する際にも，この滑らかさを最小化するという基準が設定される．各標識点の上に置かれた「基底関数

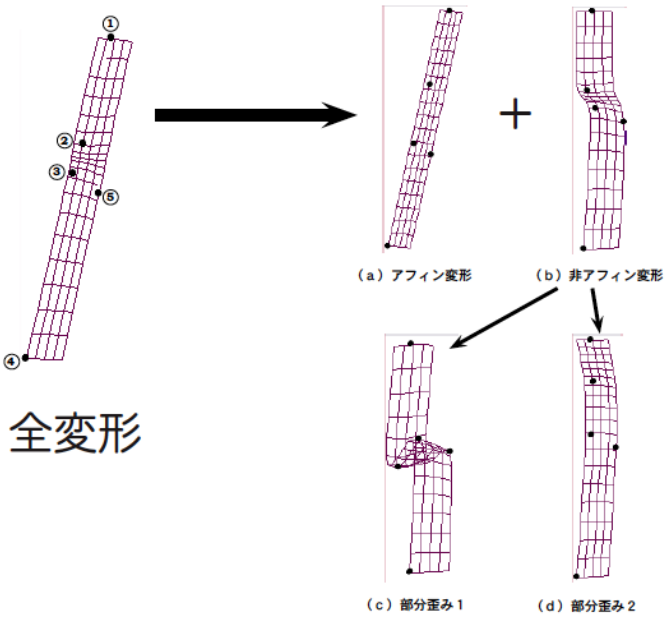

図 7　全変形をアフィン変形と非アフィン変形に分割し，後者をさらに部分歪みに直交分割する（三中 [19] のアンモナイト化石の例）

(kernel)」を全体としてもっとも滑らかになるような最適係数を決めて線形結合する．この非アフィン変形に伴う滑らかさは，得られた仮想薄板の「屈曲エネルギー（bending energy)」という量で定義される．この屈曲エネルギーは，標識点の座標データと基底関数値によって構成される「屈曲エネルギー行列（bending energy matrix)」から計算される．

この屈曲エネルギー行列を固有値分解することにより，非アフィン変形は複数の互いに直交する変形要素に分割される．屈曲エネルギー行列の固有ベクトルを「主歪み（principal warps)」，主歪みと基底関数値との内積を「部分歪み（partial warps)」と呼ぶ．分割されたそれぞれの部分歪みによる形状変形は薄板スプライン関数として表示することができる．逆に，部分歪みによる非アフィン変形の固有値を係数とする線形結合をとることにより，すべての非アフィン変形を復元できる．実際，部分歪みのセットは線形接空間の非アフィン成分に関する正規直交基底を構成している（図 7）．

以上をまとめると，全変形＝アフィン変形＋非アフィン変形＝アフィン変形＋ Σ 固有値 ×（部分歪みによる変形）と表わせる．形状空間の線形接空間はアフィン部分空間と非アフィン部分空間に分割される．そして，その正規直交基底は，アフィン部分空間についてはテンソル主軸のセットであり，非アフィン部分空間については部分歪みのセットである．

4.　方向統計学：非線形空間における形状データの分布

前節の議論はすべて，非ユークリッド空間である前形状あるいは形状の空間から射影したユークリッド的な接空間の中で展開されている．近似的に線形とみなすことにより，実用性の高い線形数学や線形統計学のさまざまな手法を適用することは，実践的には有用だろう．しかし，それと同時に，前形状や形状の非ユークリッド空間（リーマン多様体）の上での正確なふるまいについても知見が蓄積されつつある．

数理統計学の歴史を振り返ると，大部分の理論や手法は「ベクトル・データ」すなわち変量空間の中で方向と長さをもつデータに関するものだった．しかし，場合によっては，長さの情報がなく，方向のみのデータも現実にはある．たとえば，風向や角度のような「方向データ」を解析するためには，ベクトル・データとは異なる統計学が必要になる．ベクトル・データを解析する線形統計学（linear statistics:[23]）に対して，方向データを扱う理論は方向統計学（directional statistics:[17,18]）とこれまで呼ばれてきた．

線形統計学はユークリッド空間の中での線形数学を利用するのに対し，方向統計学は非ユークリッド空間内での理論を構築してきた．これまで論じてきたように，前形状や形状はある超球の上に分布しているので，線形統計学ではなくむしろ方向統計学と親和性が高い．

たとえば，単純な二次元の三角形の場合（$k=3$, $m=2$）を考えてみよう．この三角形は 3 標識点から構成されるが，各標識点の座標をひとつの複素数として表すことにする．複素平面においてそれぞれの標識点が「複素正規分布（complex normal distribution)」にしたがう統計的なばらつきをもつと仮定する．このとき，その三角形を変換した前形状は，前形状空間の上で「複素 Bingham 分布（complex Bingham distribution)」という確率密度関数にしたがう分布をすることが証明されている（[14]：図 8）．さらに，前形状空間から導かれる形状空間の上で，三角形の形状は「Fisher 分布」にしたがう確率分布をすることが証明できる [9]．なお，元の図形の標識点間の共分散がゼロであったならば，複素 Bingham 分布よりももっと単純な「複素 Watson 分布（complex Watson distribution)」によって，二次元三角形のパラメトリック統計モデルを立てることができる．

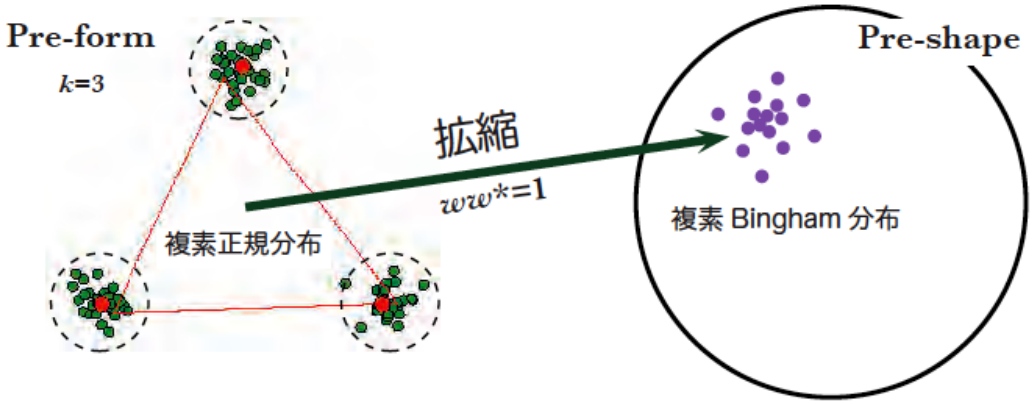

図 8　前形態空間で複素正規分布をする標識点セットからなる三角形は，前形状空間では複素 Bingham 分布をする

このように，現在の形状統計学（shape statistics）のパラメトリック理論は，方向統計学の延長線上にその一般化として構築されつつあるようだ [9,18]．しかし，線形接空間での近似的な線形統計学の手法も広く用いられている．たとえば，集団内の形状変異の傾向を検出する「相対歪み解析（relative warp analysis）」は，平均形状から各標本形状への仮想変形をあらわす薄板スプライン関数の係数セットに関して主成分分析を行ない，最大分散をもつ第 1 相対歪み軸から始まって，互いに直交する軸を逐次的に構成していく．

ユークリッド空間（接部分空間）での近似的な線形統計学と非ユークリッド空間（リーマン多様体）での正確な形状統計学の併用は，今後もしばらくは続くだろうと私は予想している．その際，多変量的な形態測定学的パターンをいかに可視化しながら解析を進めるかという統計グラフィクスの技法が今後はますます重要になっていくと思われる．

5.　おわりに：「かたち」を測れば何がわかるか

本稿で述べてきた幾何学的形態測定学のさまざまな手法は，生物学の諸分野はもちろん，数理地質学・数理人類学・医療画像解析をはじめ，農学・考古学・心理学・感性工学・製品科学・都市計画論を含む多くの研究領域で実際に用いられている．理論的な進展と並行して，具体的な適応例が積み重ねられ，理論研究と実践研究との間で生産的なフィードバックがあることが，この研究分野の成功につながっていったのだろう（適用例を多く含む論文集としては [16] や [25] が挙げられる）．

ダーシー・トムソンのデカルト変換格子の理論はアイデアとして秀逸であり，後の研究者をさまざまな意味で知的に刺激してきた．しかし，トムソン自身は形態測定の実践的ツールとしてその理論を鍛えたわけでは必ずしもなかった．現代では，高性能のコンピューターを誰もが使えるようになるとともに，幾何学的形態測定学をデータ解析に用いるためのさまざまなソフトウェアが開発され，公開されている．それらの解析ツールは，たとえばニューヨーク州立大学（Stony Brook 校）のWWWサイト [33] から無料で公開されている．形態測定学の国際的メーリングリスト「morphmet」[34] 上でも活発に情報交換が行なわれている．また，最近多くのユーザーを獲得しつつある統計言語「R」[35] を用いた形態測定学的分析も可能であり [8]，それに特化した計算パッケージ「shapes」[36] も配布されている．

形態測定学の理論的背景を学ぶことは，数理リテラシーを身につけていない生物学者にとってはハードルがいささか高いかもしれない．しかし，現在では，形態測定学の入門的教科書も書かれている [22,32]．手持ちの形態データに対して，どのような形態測定学的手法が適用できるのかをよく考えてそのツールを選択するかについては，統計分析法を使うときとまったく同じく，ユーザー側の使用責任が問われている．

情報源としての「かたち」は学問分野ごとにさまざまな理由で重視されてきた．しかし，そのような学問分野の壁を越えたところで，「かたち」を測るという共通の問題が姿をあらわしてきた．現時点ではまだ解決されていない問題も少なくない．たとえば，本稿では標識点データのみを情報源とみなして議論を進めたが，「かたち」の輪郭曲線データをどのように取り込んでいくのかについては，現在にいたるまで試行錯誤が繰り返されている．また，三次元データの形態測定についても，今後さらなる研究が必要だろう．この意味で，幾何学的形態測定学は，既存の学問分野の壁を越えた

ところに開花した，いまなお発展途上にあるアクティヴな研究領域であると私は考えている．

参 考 文 献

[1] Adams, D. C., F. J. Rohlf, and D. E. Slice (2004), Geometric morphometrics: ten years of progress following the "revolution." Italian Journal of Zoology, 71: 5-16.

[2] Bookstein, F. L. (1977), The study of shape transformation since D'Arcy Thompson. Mathematical Biosciences, 34: 177-219.

[3] Bookstein, F. L. (1978), The Measurement of Biological Shape and Shape Change. Springer-Verlag, Berlin.

[4] Bookstein, F. L. (1986), Size and shape spaces for landmark data in two dimensions. Statistical Science, 1: 181-242.

[5] Bookstein, F. L. (1989), Principal warps: thin-plate splines and the decomposition of deformations. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, 11: 567-585.

[6] Bookstein, F. L. (1991), Morphometric Tools for Landmark Data: Geometry and Biology. Cambridge University Press, New York

[7] Bookstein, F. L. (1996), Biometrics, biomathematics and the morphometric synthesis. Bulletin of Mathematical Biology, 58: 313-365

[8] Claude, J. (2008), Morphometrics with R. Springer-Verlag, Berlin.

[9] Dryden, I. L. and K. V. Mardia (1998), Statistical Shape Analysis. John Wiley & Sons, Chichester.

[10] Gould, S. J. (1971), D'Arcy Thompson and the science of form. New Literary History, 2: 229-258.

[11] Kendall, D. G. (1984), Shape manifolds, Procrustean metrics, and complex projective spaces. Bulletin of the London Mathematical Society, 16: 81-121.

[12] Kendall, D. G. (1989), A survey of the statistical theory of shape. Statistical Science, 4: 87-120.

[13] Kendall, D. G., D. Barden, T. K. Carne, and H. Le (1999), Shape and Shape Theory. John Wiley & Sons, Chichester.

[14] Kent, J. T. (1994), The complex Bingham distribution and shape analysis. Journal of the Royal Statistical Society, Series B, 56: 285-299.

[15] Le, H. and D. K. Kendall (1993), The Riemannian structure of Euclidean shape spaces: a novel environment for statistics. The Annals of Statistics, 21: 1225-1271.

[16] Marcus, L. F., M. Corti, A. Loy, G. J. P. Naylor and D. E. Slice (eds.) (1996), Advances in Morphometrics. Plenum Press, New York.

[17] Mardia, K. V. (1972), Statistics of Directional Data. Academic Press, London.

[18] Mardia, K. V. and P. E. Jupp (2000), Directional Statistics. John Wiley & Sons, Chichester.

[19] 三中信宏 (1999), 形態測定学. Pp. 61-99 所収：棚部一成・森啓（編）『古生物の形態と解析』, 朝倉書店.

[20] 三中信宏 (2003), 生物形態とその変形をどのように定量化するか：幾何学的形態測定学への道. Pp. 313-328 所収：関村利朗・野地澄晴・森田利仁（編）『生物の形の多様性と進化：遺伝子から生態系まで』, 裳華房.

[21] 三中信宏 (準備中), 『かたちをはかる：生物形態の数理と統計学』, 岩波書店［シリーズ〈確率と情報の科学〉第 I 期］.

[22] Monteiro, L. R. and S. F. dos Reis (1999), Princípios de Morfometria Geométrica. Holos Editora, São Paulo.

[23] Rao, C. R. (1973), Linear Statistical Inference and Its Applications, Second Edition. John Wiley & Sons, New York［奥野忠一・長田洋・篠崎信雄・広崎昭太・古河陽子・矢島敬二・鷲尾泰俊訳 (1977) 『統計的推測とその応用』, 東京図書］

[24] Rohlf, F. J. and Marcus, L. F. (1993), A revolution in morphometrics. Trends in Ecology and Evolution, 8:129-132.

[25] Slice, D. E. (ed.) (2005), Modern Morphometrics in Physical Anthropology. Kluwer Academic / Plenum Publishers, New York.

[26] Slice, D. E. (2007), Geometric morphometrics. Annual Review of Anthropology, 36: 261-281.

[27] Small, C. G. (1996), The Statistical Theory of Shape. Springer-Verlag, New York.

[28] Thompson, D'A. W. (1915), Morphology and mathematics. Transactions of the Royal Society of Edinburgh, 50: 857-895.

[29] Thompson, D'A. W. (1917), On Growth and Form. Cambridge University Press, Cambridge.

[30] Thompson, D'A. W. (1942, repr. 1992), On Growth and Form, Second Edition. Dover Publications, New York.

[31] 生形貴男 (2005), 現代形態測定学：化石，人骨，石器等のかたちの定量・比較ツール. 第四紀研究, 44: 297-313.

[32] Zelditch, M. L., D. L. Swiderski, H. D. Sheets, and W. L. Fink (2004), Geometric Morphometrics for Biologists: A Primer. Elsevier Academic Press, San Diego.

[33] http://life.bio.sunysb.edu/morph/

[34] http://www.morphometrics.org

[35] http://cran.r-project.org/

[36] http://www.maths.nott.ac.uk/personal/ild/shapes

【研究会報告】

第２回数理生物学日中コロキウム

梶原 毅*

2008 年 8 月 4 日 から 7 日の間に岡山大学自然科学研究科棟を使って開催した「第２回数理生物学日中コロキウム」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．また, 岡山大学の後援, 浜松科学技術振興会, 岡山工学振興会の補助もいただいた．

この研究会は 2006 年に第１回が中国重慶の西南大学で開催され, 今回が第２回である．参加者が 98 名 (内中国側 20 名), 発表総数は約 70 であった．2 つのミニシンポジウム ”HIV Infection: Mathematical & Experimental Approach” および “ Microbial World; in the light of Ecology & Mathematics” を開催し, また, 32 に及ぶ数の招待講演を実施した．幅広いテーマにわたる多彩な切口の講演が行われた．ミニシンポジウムのオーガナイザ・講演者および招待講演の講演者に心から感謝する．

第１回の会期中に, 第２回は日本の岡山で実施することが決定されていた．この研究会は, 本来学振の予算によって行うことが計画されていたのだが, 残念ながら今回も認められなかった．その時点で実施するかどうかの再検討を行い, 予算が乏しいことを前提として開催することになった．予算の問題もあり, コロキウム実施にはさまざまな困難があったが, なんとか切りぬけることができた．参加者, 組織委員, アルバイトの学生さんに心から感謝する．

招待講演, ミニシンポジウム, 一般講演, および瀬戸大橋観光が 4 日間の間に収まるようにプログラムを組むことも難事であった．結果的に招待講演が 25 分となり, 一般講演は 15 分でパラレルセッションとなり, 講演者, 特に一般講演の方々に無理を押しつけた形になり, 申し訳けなかった．

学振の補助がなかなか得られないこともあってか, コロキウムの直前に第３回は開催されない方針が決定されていると聞いていたのだが, 期間中に再度検討が行われ, 第３回が 2010 年９月に北京で開かれることになった．今回のコロキウムで特に斬新な企画を実行できたとは思わないが, 無事第３回につなぐことができ, 日中の数理生物学, 生物数学の交流拡大への貢献ができたことをうれしく思っている．

以下に, 3 名の参加者 (東京大学の中岡さん, 奈良女子大学の小林美苑さん, 早稲田大学の江夏洋一さん) による報告文を載せる．

日中コロキウム」参加報告書

中岡慎治*

2008 年 8 月 4 日〜7 日にかけて, 日本と中国の間で２回目となる数理生物学のコロキウムが岡山大学にて開催された．岡山はうなるような暑さだったのが印象に残る．ちなみに第１回目は, 中国・重慶の西南大学にて 2006 年 4 月に開かれていた．4 月にも関わらず, 重慶も非常に暑かったという．そう, 日中会議は, どうやら暑さと隣り合わせのようだ．

日中会議の特徴は, 総勢 30 余名からなる招待講演で, まさに講演のオンパレードである．ハードなスケジュールだったと思う．プログラムを事前に見た瞬間, 参加者は止めどなく運ばれてくる講演という名のワンコソバ大食い競争に参加させられる気分になったのではないだろうか．ところが実際, ふたを開けてみると印象が変わったような気がする．確かにハードなスケジュールだが, 招待講演者が次々と変わっていき, 聴きたくてもなかなか機会が持てない人の話も聞くことができた．まるで, 回転寿司の如くバラエティーに富んだ新鮮なネタが次々と運ばれてくるようだ．そう, 日中会議は決して味が単一なワンコソバ大食い競争ではなく, 種類が豊富な回転寿司大食い競争だったのだ．

初日, ２日目には「HIV 感染症」と「微生物」のミニシンポが開催された．私自身, 色々と助けを借りて「微生物」ミニシンポを開かせて頂いたが, ２つのシンポでは生態学の分野でフィールド研究をされている方々や HIV 感染症でも実験に携わる方々にお話頂いた．平たくいえば, 現場の人たちである．ミニシンポでは, 異分野との連携を通じて数理科学の可能性を広げていく試み, そして参加者に新たな着想を生む刺激を

*岡山大学環境学研究科

*東京大学大学院数理科学研究科 PD

与えるという意図が盛り込まれていた．これらの試みを達成するにはまだ乗り越えなければならない壁がたくさんあると実感した．

日中会議で見られた新しい試みは，ポスター発表者による One Minutes Presentation (OMP) で，他学会でも既に行われているケースがある．ポスター発表者それぞれが 1 分間の講演時間をもらい，まとめてポスターの宣伝をする時間である．ポスター発表は聞きに来てもらった人と密に議論し，”局所的”ではあるが強い相互作用をもてるのが特長であろう．多くの種子植物が種子を遠くに飛散させ，繁殖の成功確率を上げる戦略をとるように，OMP は，植物が種子を遠くに飛ばすのに似た戦略をポスター発表者に与えてくれる．いわゆる飛び道具である．少しでもポスターを理解してから来てもらえると議論もスムーズになるし，聴く方も興味あるボードを探しやすくなる．このような試みがこれからも広がっていけばいいなぁと感じた．

会議終了後には中国人研究者から「非常に勉強になって感謝している，謝々☆」という声が届いたようだ．確かに私もそう思う．忙しい中，多くの魅力ある講演者に参加して頂いたからで，この言葉が日中会議の成功を端的に表現しているのではないだろうか．第２回目の開催で，どれほどまで両国の研究交流が密になったかわからないが，世の中は非線形である．この相互作用が将来どんな結果をもたらすのかは誰もわからない．交流を続ければきっと進展が得られると期待する．

日中コロキウム」参加報告書

小林美苑*

2008 年 8 月 4 日から 7 日の 4 日間，岡山大学で，日本と中国が合同で行う数理生物学に深く関連する研究集会が開催された．日本と中国は貿易的・経済的にも繋がりが深い．私自身も，中国の大学の仕組みや研究内容に興味があったので，この研究集会に参加して中国人研究者の発表を聞いて，中国の状況をよくしりたいと思ったことが参加した理由の一つでもある．奈良女子大学からは大学院のメンバーのほとんどがこの研究集会に参加することになった．学会は初日から午前 10 時から午後 5〜6 時までみっちりとプログラムが組まれていた．たくさんの発表を聞いた中で一番印象に残っているのは，「A mathematical model of the locomoting amoeba」であった．アメーバは繊毛や鞭毛がないため移動する際，細胞内の原形質流動によって進行方向へ細胞質が流れ，形を自由に変えることで動く．この研究では，アメーバ運動を数理モデルを用いて描いている．私が研究している内容は「カニの左右性の遺伝システムのモデル」というタイトルで，動物行動を研究している．研究分野は異なるが，ある現象を説明するための数理モデルへの式の立て方，パラメータの置き方などの工夫など参考にしていきたい．英語という大きな壁はあったものの，この研究集会に参加して得た経験はいい刺激になり，これを機会に今後の研究生活をさらに頑張っていきたい．

*奈良女子大学大学院人間文化 M1
†早稲田大学基幹理工学研究科 M2

日中コロキウム」参加報告書

江夏洋一†

第２回日中コロキウムが，去る平成 20 年 8 月 4 日-7 日の 4 日間，岡山大学にて開催されました．会場は，2 つの講演会場と 1 つのポスター会場に分かれており，どちらの会場もほとんどの席が埋まるなど，聴衆で混み合っていました．さらには，私と同じ学生の方も多く見られ，活気あふれる学会の様子を感じとることができました．

今回，私自身は初めて参加させて頂いたのですが，質疑応答の際に，学生の発言を広く受け入れてくださったことが特に印象に残りました．様々な分野の発表を聞くだけでなく，他の研究者の方々と交流を深める機会を頂いたことで幅広い知識を得られ，自身の研究に対するヒントも得ることができる大変有意義なコロキウムでした．さらに，エクスカーションでは瀬戸大橋での観光にご一緒させていただきました．全体で４０名ほどでしょうか，両国の参加者の方々と近くの展望台や絶好の海岸スポットを巡り歩き，終始和やかな雰囲気で異文化の交流の場として楽しい時間を共有することができました．

最後に，受付業務や会場設営，運営など本コロキウムをスムーズに進行させるためにご尽力下さった皆様に，この場を借りて厚くお礼し上げます．

国際学会参加報告

CSB2008 参加報告記

塚田 祐基*

8月23日から27日までの間, スウェーデンのヨーテボリで行われた The 9th International Conference on Systems Biology（以下ICSB）に参加したので, ここにその報告をしたいと思います. システムバイオロジーと言うと, 非常に学際的で一言では言い表せない分野ではありますが, 数理モデリングや定量的な実験, 解析を用いて, 新しい様式で生命を理解しようという試みと捉えられると思います. しかし, 今回ICSBに参加した印象としては, これまで「新しい試みを模索する」という研究が多かったのに対し, より「実用的, 応用的な成果を目指す」研究が増えているということを感じました.

会場となったコンベンションセンターには, 様々な大学, 研究所, 企業から千人程度の人が集まり, 同じ専門の研究者同士で話し合うというよりは, 異分野の研究者同士がコミュニケーションをとるという学際的な雰囲気が強く感じられました. また, ポスター会場における研究機関のブースでは, 実験と数理モデリング, そして様々な要素技術を統合して研究開発を進めるといった内容を主張しているところが多く, 生命科学が, 様々な要素研究を網羅した総力戦になっているという印象を受けました.

私の研究発表は数理モデルを念頭に, 細胞形態変化の定量アルゴリズムを開発するというものだったのですが, 実験的な研究者も理論的な研究者も興味を持って聞いてくれる方が少なからずおり, いくつか有益な意見を得ることができました. また, 参照している論文の著者らと意見交換できたことも非常に有意義でした.

学会参加の機会を活かして, 事前に連絡を取っていたフラウンホーファー・チャルマーズ研究センター（以下FCC）のMats Jirstrandのグループを訪問し, 活発な議論をすることもできました.FCCはドイツを中心とするフラウンホーファー研究所とヨーテボリのチャルマーズ大学, そして多くの企業が連携して設立された, チャルマーズ大学のキャンパス内にある研究所で, 自由な雰囲気の綺麗な研究所です. ここでは,ICSBに参加していた多くの研究所と同じように, 総合的に研究を進め, さらにその研究成果を企業などの団体が活かすという方向が目指されているように感じられました.

今回の渡航では, 特にヨーロッパ周辺での科学研究の大きな流れみたいなものを感じることができ, とても貴重な体験をすることができました. 最後になりましたが, ここに述べたような貴重な経験をするにあたって, 渡航援助をしていただいた新しい研究の芽を育む会に深く感謝したいと思います.

*奈良先端科学技術大学院大学

International Congress on Infectious Diseases 参加報告記

上野 太郎†

2008年6月19日から6月22日にかけて, マレーシア・クアラルンプールにてInternational Congress on Infectious Diseaseが開催され, 私はポスター発表を行いました. 本会議は感染症制御に関する国際学会で, 世界中から（特に南米や東南アジアからの参加者が多い）医師・研究者が参加していました. 会場はペトロナスツインタワーの目の前に位置するクアラルンプールコンベンションセンターで行なわれました. 本会議の発表は臨床系の研究が大半でしたが, インフルエンザや薬剤耐性菌の感染拡大といった数理モデルを立てる上で参考になる疫学データも聞くことができ, アイディアを膨らませる材料が豊富な会議でした.

今回私が行なった発表は, 私が東京都立広尾病院で研修医として勤務していた間に, 東京大学大学院情報理工学系研究科の増田直紀先生と共同研究を行った研究成果を発表しました. 研究内容は, 病院のカルテ情報を元に患者および医療者の接触ネットワークを推定し, ネットワーク構造の観点から院内感染の制御を行うという研究です. 会議の参加者は臨床系の研究者がほとんどのため, 極力数式を使わず直感的に分かるような図を用い, 記述内容も医療者が関心を持つようなポスターを心がけました. 数理研究の発表が皆無だったため聴衆に興味を持ってもらえるか不安があったのですが, 思いのほか反応をもらうことができました. 特にオーストラリアの医師からは, 患者の個室管理が院内感染の抑制に有効な手段となりにくいという本研究の結論の一つについてコメントをもらい, 実際にオーストラリアの病院で相当する例があるということを教えてもらいました. シミュレーションから導きだした結論が実際の現象と重なる面白さを実感するとともに,prospectiveな研究が困難な感染症研究の領域だからこその数理モデルの必要性を感じました.

今回, 初めて国際学会で発表を行ったのですが, 自分の語学力の無さから十分なディスカッションを行なえなかったことが反省点で, 今後の課題としたいと思います.

最後に, 数理生物が全くの素人であった私に, 辛抱強く一から指導下さり, このような貴重な体験をさせて頂いた増田直紀先生にお礼申し上げます. 今後は感染症の数理生物学を継続するとともに, 行動遺伝学を用いた行動の数理モデルで数理生物学の研究を続けていきたいと考えています.

†熊本大学大学院医学部 D1

日本数理生物学会事務局より

幹事長・稲葉 寿*

1. 新事務局挨拶

先般の総会においてご承認いただきましたように，今年1月から新しい会長（竹内康博 静岡大学教授）の就任に合わせまして，事務局が交代いたします．新事務局は

佐藤 一憲（事務局長：静岡大学工学部）
宮崎 倫子（会計：静岡大学工学部）
守田 智（会員関係：静岡大学工学部）

の3名です．不慣れな故，稲葉寿先生，中澤港先生，中丸麻由子先生，河内一樹先生による前事務局のような行き届いた運営にはなかなか及ばないとは思いますが，竹内会長を支えて精一杯努力したいと思っておりますので，どうぞよろしくお願い申し上げます．

2. 新役員

会長： 竹内 康博
副会長： 重定 南奈子

事務局幹事長： 佐藤 一憲
事務局員： 宮崎 倫子，守田 智

運営委員：
中丸 麻由子，稲葉 寿，巖佐 庸，合原 一幸，
佐藤 一憲，梶原 毅，川崎 廣吉，梯 正之，
山内 淳，本多 久夫，高橋 智，池上 高志，
細野 雄三，若野 友一郎，西村 欣也

大久保賞選考委員：
高須 夫悟 (任期 2006年10月〜2009年9月)
中島 久男 (任期 2007年10月〜2010年9月)
稲葉 寿 (任期 2008年10月〜2011年9月)

学会サーバ運営委員会
中澤 港（委員長）
佐々木 顕，佐藤 一憲，高橋 智，橋本 康，
時田 恵一郎

会計幹事： 稲葉 寿（任期2009-2010年度）

3. 旧事務局からの挨拶

早いもので，2007年1月に前任の第8期事務局（梶原毅会員・佐々木徹会員）より事務局を引き継いでから2年経過して，どうやら任期を全うすることができました．これも会長，前事務局をはじめとする経験豊かな会員皆様のご支援のおかげと厚く御礼申し上げます．また，面倒な実務を支えていただいた幹事の河内一樹さん，中岡慎治さん，中丸麻由子さん，中澤港さん，また名前を掲げるのは略させていただきますが，毎回のニュースレター発送作業を手伝っていただいた東京大学大学院数理科学研究科稲葉研究室の学生の皆さんに深く感謝いたします．

振り返ってみますと，2007年は，サンノゼで日米合同の年次大会をおこなうという大きなイベントがありましたが，幹事長は都合で参加できずに，会長はじめ皆様に多大のご不便をおかけしたことをお詫び申し上げたいと思います．また幹事長代理をお願いした中丸麻由子さん，ご尽力ありがとうございました．2008年の同志社大会では中岡さんをはじめとする事務局の皆さんと会員諸氏のご協力により多額の未納会費を回収して，学会財政の健全化を進めることができました．また会員名簿の更新の年に当たっており，これをきっかけに長年の懸案であった長期会費未納の問題を処理したいと願っておりましたが，以下の報告がありますように，会長・運営委員会の皆様の熱心な議論のおかげで解決策を得られたことは大変よかったと思っております．

東大駒場の第9期事務局としての任期はおわりますが，2009年度の年次大会は再び駒場キャンパスにておこなわれますので，これからはその準備会へと移行いたします．20周年の節目の大会でもありますので，会員の皆様の積極的なご提案，ご参加をお待ちしております．2年間どうもありがとうございました．

数理生物学会第9期事務局幹事長
稲葉 寿

4. 数理生物学会総会報告

幹事長 稲葉 寿

2008年度数理生物学会総会について，以下の通り報告いたします．
日時 2008年9月16日（火）14:00 ー 15:00
場所 同志社大学（今出川校地）・寒梅館，ハーディーホール

開催校代表者（川崎廣吉会員）の紹介・挨拶，竹内康博副会長の挨拶，関村利朗会員による第3回研究奨励賞受賞者（大槻久会員）の紹介と同授賞式および稲葉寿事務局幹事長による第2回研究奨励賞受賞者（今隆助会員，西浦博会員）の紹介の後，総会議長の選出をおこない，時田恵一郎会員が選出された．

事務局からの報告

*東大・数理科学

(1) 会員数，会費納入の現状について中岡幹事から報告があった．
(2) 2008年度は会員名簿の更新の時期にあたっているため，現事務局の任期中に介意名簿の更新作業，原稿作成をおこなうことが稲葉幹事長から報告された．
(3) 以下の2008年度の学会後援研究集会について，各代表者から経過報告があった：
平成20年12月8日（月）〜12月12（金）［5日間］研究集会「生物現象に対するモデリングの数理」（研究代表：瀬野裕美），京都大学数理解析研究所
平成21年1月13日〜16日「第5回生物数学の理論とその応用」（代表：細野雄三），京都大学数理解析研究所
(4) 学会設立20周年記念出版事業について，瀬野裕美会員より経過報告があった．

各種委員会活動報告

(1) ニュースレター編集委員会の活動状況について佐々木顕委員長から報告があった．
(2) 学会サーバ運営委員会の活動状況について，時田恵一郎委員長から報告があった．

議題

(1) 次期2009年度大会については，2009年9月9-11日，東大駒場キャンパス数理科学研究科（大会実行委員長：稲葉　寿会員）にて開催されることが確認された．また次次期2010年度大会は，北海道大学（大会実行委員長：高田壮則会員）にて開催されることが承認された．
(2) 佐藤一憲会員（次期事務局幹事長）から，次期事務局体制が紹介され，承認された．
(3) 時田恵一郎会員より，現サーバ運営委員会の任期満了にともなう委員長の交代と新委員の紹介があった．次期委員長に中澤港会員が推薦され，了承された．
(4) 大久保賞選考委員（1名）の改選
関村利朗委員の任期満了にともない，会員からの推薦のもとづき運営委員会の議を経て事務局から提案のあった東京大学の稲葉寿会員が選考委員として承認された．新委員の任期は2008年10月〜2011年9月である．
(5) 2007年度決算および2009年度予算案
中丸麻由子会計担当幹事から別紙にもとづき2007年度決算について，また梶原毅監事から同監査結果について報告があり，承認された．続いて中丸会計担当幹事から2008年度予算執行状況ならびに2009年度予算案に関して報告があった．2009年度年次大会は学会設立20周年にあたるため，特別会計大会費として，通常年度よりも40万多く450000円が計上された．また2008年度は事務局事務員経費として20万が計上されているが，恒常的雇用をおこなわず，学生アルバイトによって経費節減を図っていることが報告された．2009年度予算案については，審議の結果承認された．

議事終了後，重定会長より任期満了委員へ感謝する挨拶があった．

5. 2008年版会員名簿作製にともなう会則第23条の適用について

会則第23条によれば，会費を3年分滞納した会員（以下長期会費未納者と称する）は自動的に退会したものとみなすことになっているが，これまでは同会則の厳格な適用は見送られ，長期会費滞納者の自動退会処理はおこなわれてこなかった．今回，運営委員会において議論のうえ，2008年版会員名簿作製にあたって同会則を長期会費未納者に適用するとともに，以下のように会則23条適用による退会にともなう会費精算・再入会ルールを申し合わせた：

- 3年以上会費を滞納した会員には，翌年の初めに自動退会となったことを通知するとともに，ニュースレターを配布した1年分の年会費を退会清算金として請求する．清算金を納付しない場合はその年の1年間は再入会できない．ただし，2年目以降は新入会員として入会することが出来る．

なお会費は前納を原則とするために、1年間滞納の後2年目に会費が納入されるまでは2年滞納者とみなされ、ニュースレターは配布されない．事務局は，毎年年の初めに，1年未納者にはニュースレター＋催促状＋振込用紙を，2年及び3年未納者には催促状＋振込用紙のみを送ることとしている．会費が納付された場合は，送付停止となっていたニュースレターを送付している．

6. 日本数理生物学会研究奨励賞第3回受賞報告

第3回研究奨励賞の受賞者が大槻久氏（東工大）に決定したことが関村利朗選考委員長より報告された．

なお，受賞理由等は前号ニュースレター（No 56 page 19）をご参照ください．

7. 第6回（2009年度）大久保賞候補者の推薦募集のお知らせ

日本数理生物学会 (JSMB) は，Society for Mathematical Biology (SMB) と共同して，2年に1度数理生物学の発展に貢献した研究者に大久保賞を授与しています．大久保賞は「若手」研究者と「年長」研究者に交互に授与されており，これまでの受賞者は以下の通りです．

1999 - Martin Nowak
2001 - Simon Levin
2003 - Jonathan Sherratt
2005 - J. D. Murray
2007 - Fugo Takasu

第6回目は2009年に選考されます．今回は優れた業績を挙げられた年長の研究者が対象です．分野は幅広い数理生物学全般です．候補者は JSMB，SMB の会員に限りません．候補者推薦の詳細に関しては SMB のウェブサイト http://www.smb.org/prizes/index.shtml に掲示した以下の案内文をご覧ください．

候補者推薦の締め切りは 2009 年 2 月 27 日（金）です．皆様のご推薦をお待ちしています．ご質問がありましたら選考委員に遠慮無くお問い合わせください．

JSMB 選考委員
高須夫悟　takasu@ics.nara-wu.ac.jp
中嶋久男　nakajima@se.ritsumei.ac.jp
稲葉寿　inaba@ms.u-tokyo.ac.jp

2009 年 1 月
第 6 回大久保賞選考委員長　高須夫悟

Akira Okubo Prize

Nominations are requested for the Akira Okubo Prize which, for 2009, will be awarded to a living senior scientist whose lifetime achievements have been exemplary in developing innovative theory, establishing superb conceptual ideas, solving difficult theoretical problems, and/or for uniting theory and data to advance a biological subject. The areas of research are mathematical biology, bio-mathematics, theoretical biology, and biological oceanography. The prize is jointly awarded by the Japanese Society for Mathematical Biology (JSMB) and the Society for Mathematical Biology (SMB). The SMB would like to invite the prize winner to deliver a lecture at the next annual SMB meeting, which will be held in Vancouver (Canada) from July 27-30, 2009 (http://www.math.ubc.ca/Research/MathBio/SMB2009/index.shtml). The JSMB will invite the winner to deliver a lecture at the next annual JSMB meeting, which will be held in Tokyo (Japan) from September 9-11, 2009.

Rules for the prize can be found at http:// www.smb.org/prizes/index.shtml

The prize was initiated in 1999 and the previous winners in the senior scientist category have been Simon A. Levin (2001) and James D. Murray (2005).

To nominate a person for the Akira Okubo Prize, the following Information should be submitted to Fugo Takasu VIA EMAIL (takasu@ics.nara-wu.ac.jp):

1. Name, address, phone number, affiliation, and email address and/or fax number of the nominator.
2. Name, address, phone number, affiliation, and email address and/or fax number of the nominee.
3. A detailed statement describing why the nominee should be considered for the award.
4. A CV for the nominee in some form.
5. Name and contact information, including email address, for four potential referees who are not current or recent collaborators of the nominee. Furthermore, the nomination package may include up to two additional letters of support.

Closing date for nominations is February 27th 2009.

Akira Okubo 2009 Prize Nomination Committee:
Avner Friedman (afriedman@mbi.osu.edu)
Mark Chaplain (chaplain@maths.dundee.ac.uk)
Thomas Hillen (thillen@ualberta.ca)
Hisao Nakajima (nakajima@se.ritsumei.ac.jp)
Hisashi Inaba (inaba@ms.u-tokyo.ac.jp)
Fugo Takasu (Chair) (takasu@ics.nara-wu.ac.jp)

8.　2008 年 1 月以降の入退会者（敬称略）

入会 (57 名)

新貝 鉚蔵 (岩手大・工), 鈴木 崇文 (静岡大院・工), 中河 嘉明 (筑波大院), 瀧ノ上 正浩 (京大院・物理), 小林 美苑 (奈良女子大・人間文化), 杉浦 康二 (静岡大院・工), 皆藤 千穂 (奈良女子大・人間文化), 稲垣 絢子 (奈良女子大・人間文化), 田中 裕美 (兵庫県大), 西澤 裕文 (北大院・環境), 大原 一華 (奈良女子大・人間文化), 松岡 里実 (阪大院・生命), 川添 のぞみ (奈良女子大・人間文化), 鈴川 陽一 (電気通信大), 荒井 真美子 (ノースカロライナ州立大), 田中 ダン (福井大・理), 齋藤 彰 (静岡大院・工), 川口 喬 (立命館大), 佐藤 絵里 (東京農工大), 吉田 智彦 (北大院・環境), 大塚 一路 (東大院・工), 岩城 光 (東京農工大), 戸田 春那 (東京農工大), 宇賀山 和也 (東大院・情報), 野々村 真規子 (広大院・理), 川平 清香 (総研大), 井上 徹 (岡山大・環境理工), 木村 麻里子 (東大・理), 飛永 賢一 (広大院・理), 上野 太郎 (熊本大・医), 高瀬 光雄 (LINFOPS Inc.(有)), 小山 哲史 (岐阜大), 山口 将大 (北海道大), 森本 竜広 (津山高専), 大森 崇広 (津山高専), 山尾 将隆 (奈良先端大), Schlicht Robert(Helmholtz-Center Munich), 豊泉 洋 (早稲田大), 本田 直樹 (九州大・数理生物), 中林 潤 (総研大), Yao Zhong(東京農工大), Zhang Junning(東京農工大), 野里 英昭 (神戸大), 鈴木 清樹 (総研大), 白川 康一 (京大・医), 大森 亮介 (九州大・数理生物), 西川 正俊 (広島大), 大内 則幸 (日本原子力研), 村田 淳 (千葉大), 角田 裕志 (東京農工大), 中村 俊 (東京農工大・工), 小柴 満美子 (東京農工大・工), 嶋田 正和 (東大・総合文化), 早川 吉則 (桐蔭横浜大・臨床工), 早川 吉則 (桐蔭横浜大学・臨床工), 間野 修平 (名古屋市立大)

退会 (38 名)

青田 容明, 宇野 民幸, 大浦 宏邦, 岡部 秀彦, 岡村 誠, 神原 武志, 下野 寿之, 高松 寿郎, 舘田 英典, 玉置 久, 樽谷 賢治, 西川 よし一, 野村 尚史, 保江 邦夫, 吉田 昭彦, 亀山 寛, 佐野 彰紀, 芦澤 恵太, 松本 昌之, 五十嵐 学, 津田 宗一郎, 田頭 修, Eiko Nakayama Tyler, 阿部 涼一, 松下 博明, 叶 旭君, Tapan Kumar Kar, Ben Adams, 片岡 崇, 中山 功一, 森 光代, 二宮 勘輔, 奥田 賢三, 飛田 武幸, 石井 一成, 石川 賢司, 佐藤 忠, 米田 武史

研究集会カレンダー2009 （前号No56からの差分）2009年1月26日付 *

2009

Feb 23-25 at Shanghai, China The first international conference on complex sciences: theory and applications. www.complex-sys.org/index.shtml

Mar 27-30 at 立教大学 日本物理学会 第64回年次大会. wwwsoc.nii.ac.jp/jps/jps/bbs/future.html

Apr 2-9 at Tarragona, Spain Third International Conference on Language and Automata Theory and Applications (LATA 2009). grammars.grlmc.com/LATA2009/

Apr 27-29 at Rutgers university, NJ DIMACS Workshop on Algorithmics in Human Population-Genomics dimacs.rutgers.edu/Workshops/HumanPopulation/

Apr 27-May 2 at Dubrovnik, Croatia Workshop on Mathematical Modelling in Biology and Medicine. dubrovnik2009.univ-lyon1.fr/

May 11-12 at シーガイヤワールドコンベンションセンター，宮崎 日本分子生物学会　春季シンポジウム www.med.miyazaki-u.ac.jp/2bio/mbsj2009/

May 11-13 at University of Leicester, UK Mathematical Models of Collective Dynamics in Biology and Evolution (MDBE'09). www.math.le.ac.uk/PEOPLE/sp237/workshop/mdbe09.htm

May 17-21 at Snowbird Ski and Sumer Resort, Utah SIAM Conference on Applications of Dynamical Systems (DS09). www.siam.org/meetings/ds09/

May 18-20 at DIMACS center, Rutgers University DIMACS Workshop on Control Theory and Dynamics in Systems Biology. dimacs.rutgers.edu/Workshops/SystemsBiology/

Jun 14-17 at Hangzhou, P.R. China First Joint Meeting of the Society for Mathematical Biology and the Chinese Society for Mathematical Biology. 122.224.176.110:8080/

Jun 18-23 at Berlin, Germany 19th Annual International Computational Neuroscience Conference www.cnsorg.org/index.shtml

Jul 27-30 at University of British Columbia, Canada Annual meeting of the society for mathematical biology. www.math.ubc.ca/Research/MathBio/SMB2009/

Sep 9-11 at 東京大学 駒場キャンパス 日本数理生物学会 2009年年会. www.jsmb.jp/～jsmb/jsmbj/?JSMB

Sep 25-28 at 熊本大学 日本物理学会 2009年秋季大会（物性）. wwwsoc.nii.ac.jp/jps/jps/bbs/future.html

Sep 28-30 at 大阪大学 豊中キャンパス 日本応用数理学会 2009年度大会. www.jsiam.org/modules/eguide01/event.php?eid=47

Oct 25-27 at 都市センターホテル，東京 第57回日本ウイルス学会学術集会. www.c-linkage.co.jp/virus57/

Oct 25-30 at St. Louis, Missouri 9th International Congress of Plant Molecular Biology (IPMB) www.ipmb2009.org/

編集委員会から

■ニュースレター57号の巻頭記事は，今年1月に就任された竹内 康博 新会長（静岡大学）にご挨拶をいただきました．
■今回で第4回目となる，数理生物学の新しい研究方向をレビューする【最前線】コーナーでは，三中信宏さん（農業環境技術研究所）に幾何学的形態測定学の研究の現状についての総説「「かたち」の数理と統計の最前線」を寄稿していただきました．最近，理論発生学の分野でも，組織の形状の変化をどう記述するのかが注目されていますが，幾何学的形態測定学ではどうアプローチしてきたのでしょうか？　詳細は本文をご覧ください．
■同じく今回で4回目になる，研究の手法やテクニックに着目するコーナー【研究の道具箱】では，最近の数理生物学会の大会でも何かとよく目につく「フェイズ・ダイナミクス」について，ご自身の研究の紹介もかねて野々村真規子さん（広島大学）に分かりやすく解説していただきました．
■そのほか岡山大学で開催された第2回日中コロキュームの報告，新しい研究の芽を育む会の援助による海外派遣の報告記事，引き継ぎ時期を迎えた稲葉寿 前事務局長による最後の事務局報告をお送りいたします．原稿を寄せていただいたすべての執筆者の方々に感謝いたします．
■過去のニュースレターのオンライン版はホームページ（http://www.jsmb.jp の左メニュー Contents から「ニュースレター」を選択）から閲覧できます．なお，最新1年分のオンライン版ニュースレターにはパスワード保護がかかっています．閲覧のための ID とパスワードは数理生物学会からのメールでお知らせします．学会からのメールを受け取っていない方は佐藤一憲 新事務局長にお問い合わせください．（さ）

日本数理生物学会ニュースレター第57号
2009年2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