Newsletter of the Japanese Society for Mathematical Biology No. 58 Supplement May 2009

日本数理生物学会
ニュースレター

Supplement

卒業論文・修士論文・博士論文要旨集

TABLE OF CONTENTS

Newsletter of the Japanese Society for Mathematical Biology　No. 58 Supplement　May 2009

【平成20年度　卒業論文・修士論文・博士論文要旨集】

卒業論文

北村昌也　土居朋嵩　山本総太　加藤広大　里見直樹　高橋一馬　冨田貴之　上島勇介
河野孝弘　国貞宗久　前田実里　北岸靖子　中島真司　宮田龍太

修士論文

久保悠　大森亮介　佐伯晃一　高橋大輔　齋藤彰　高澤和寛　小池心平　関口卓也
落合謙一郎　浅野恵介　浅田祐樹　長田健司　松田吉広　寺田誠　黒島麻衣　吉田智彦
仲田哲進

博士論文

吉野好美　岩田繁英　岩見真吾　河内一樹　福井眞　高野雅典

平成20年度卒業論文・修士論文・博士論文　要約文

卒業論文

北村 昌也　九州大学理学部生物学科 数理生物学研究室

二種の色素細胞と一種の拡散性化学因子によるチューリングパターン形成

本論文では，複数の色素細胞による魚の皮膚の模様形成を，二種の色素細胞と一種の拡散性の化学因子という三変数のチューリングシステムを考えた．そのモデルの一様平行点の導出し，その一様平行点の空間一様なノイズに対する安定性解析，空間非一様なノイズに対する安定性解析を行い，模様が現れるためのパラメータ条件を求め，それを満たすパラメータから模様が現れることを確認した．

土居朋嵩　九州大学理学部生物学科 数理生物学研究室

日本産ナガサキアゲハ雌の斑紋の地理的変異と気温との関係

ナガサキアゲハ日本亜種 P. memnonthunbergii の雌の翅色は北方でより黒く，南方でより白い．斑紋の変異に気温が及ぼす影響を調べるために，多数の標本に基づき雌の翅の白色化割合の差を検討した．解析の結果，近年の温暖化による急激な気温の上昇は本種の雌の斑紋に影響を与えていないことが示唆された．また緯度に沿った白色割合の変化は直線的ではないことも分かった．以上から，本種の斑紋の地理的変異は気温の直接的な影響によるものではないことが示唆された．

山本 総太　九州大学理学部生物学科 数理生物学研究室

個体ベースモデルを用いたツキノワグマの存続可能最小個体数の試算

ツキノワグマの出産には秋の資源となる樹木の繁殖が強く関連している．ツキノワグマ集団の個体を絶滅させることなく，増えすぎることもないようにするための植物の繁殖パターンについて調べた．その結果，間欠的な繁殖の間隔が長くなることで集団の存続可能性が低くなることがわかった．また，繁殖パターンが周期的になることで集団の存続可能性が低くなり，カオティックであることがツキノワグマの個体群存続に正の影響を与えることがわかった．

加藤広大　静岡大学工学部システム工学科

繁殖回数の違いは共存に影響をあたえるのか？

この研究では，自然界で異なる植物同士の共存を成り立たせている要因について考察した．その中でも今回は特に，繁殖回数の違いが，異なる繁殖形態をとる植物同士の共存にどのような影響を与えるかに注目した．

結果，今回用いたモデルでは，植物の個体数が周期的に振動するときに限り，繁殖回数の違いを考慮することで安定な共存に近づくことがわかった．空地を巡る植物間の競争を考慮すると，この影響は更に違ってくるのではないかと思われる．

里見直樹　静岡大学工学部システム工学科

A poor vaccine is really bad ?

本研究では，鳥インフルエンザのワクチン政策において，ワクチン抵抗性ウイルスの出現下で，品質の劣るワクチンを使用したときのワクチン政策の有効性評価を行い，劣化率の影響を調べる．解析の結果，品質の劣るワクチンは，ワクチン抵抗性種出現のタイミングを遅らせ，さらに，総感染者数を減少させることができると分かった．これらのことから，品質の劣るワクチンは，鳥一個体に対してはマイナスの影響を与えるが，鳥集団に対してはプラスの影響を与えることが示唆された．

高橋一馬　静岡大学工学部システム工学科

Theoretical perspective of SHIV pathogenesis

SHIV とは，HIV と SIV の合成ウィルスであり，SHIV 株の中には，病原性の強い株と弱い株が存在する．その二株をアカゲザルに感染させたとき，強毒株は AIDS 発症，弱毒株は AIDS を発症しない．また二株の定性的な違いは，ウィルス感染力とウィルス生産力であると解明されている．本研究では，数理モデルを使って，

† これらの要約文は，JSMB Newsletter No.58 に掲載された特集記事を再掲したものです。p.7 以降により詳しい要旨を，要約文掲載順に掲載してあります。

二株のウィルス感染力とウィルス生産力の違いが，アカゲザルの AIDS 発症とどのように関係しているかを理論的に調べていく．

冨田　貴之　静岡大学工学部システム工学科

抗 HIV 免疫応答に対する樹状細胞活性化閾値

HIV 感染症における免疫系について DC（樹状細胞）の活性化に着目し，数理モデルを立て解析を行った．DC は HIV と出会い成熟することで，CTL（細胞傷害性 T 細胞）を活性化し，HIV に対する免疫応答を誘導する．解析の結果，DC の活性化率が大きいときは HIV 感染症の疾患の進行を遅らせることができ，AIDS を発症しにくいことがわかった．このことから DC の活性化率を大きい値に保つことが HIV 感染症の効果的な治療方法であることを意味している．

上島勇介　広島大学理学部数学科

個体群による自己環境劣化に対する環境改善効果についての数理モデル解析

本論文では，単一種個体群自体の生命活動（繁殖，死亡，恒常性維持など）による環境劣化が存在する場合において，環境劣化が内的自然増殖率に影響を及ぼすものとし，さらに，人為的に繰り返し行う環境改善の効果を導入した数理モデルを構築した．その解析の結果に基づいて，個体群サイズをあるレベル以上に維持するための環境改善の特性や，コストに制限のある場合の最適な改善策についての議論を試みた．

河野孝弘　広島大学理学部数学科

ベイツ型擬態種による捕食行動の変化を導入した個体群動態モデル

本研究では，model 種とその mimic（擬態）種，それらの捕食者種の間の個体群 ダイナミクスの数理モデルを解析した．捕食者における探索像の記憶と忘却によって捕食確率が変化する．model 種＋ mimic 種個体群の存続条件を導出し，mimic 個体群の侵入成功条件に基づいて，擬態 (mimicry) の進化についての考察 を行った．model 種個体群の存続条件は，mimic 種個体群サイズに依存しないが，mimic 種個体群の存続条件は，model 種個体群サイズと捕食者の探索像記憶 保持の程度に依存することが確認された．

国貞宗久　広島大学理学部数学科

削減効果を導入した離散時間型競争モデルの解析

本研究では，削減効果を導入した離散世代型２種競争系モデルを解析し，競争 ２種系に人為的な個体群サイズ削減操作を行なうことによる個体群サイズの制御の可能性について考察した．数理モデルの解析の結果，削減効果が導入された場合の共存平衡点における２種の個体群サイズが，削減効果のない場合よりも共に高いレベルに遷移する条件，共に低いレベルに遷移する条件，内１種の みが高いレベルに遷移する条件を導出した．

前田実里　名古屋大学　情報文化学部

自動車のデザインの系統樹からみるミームの系統進化

本研究では，文化的遺伝子（形質）の進化ダイナミクスの理解を目指し，NeighborNet を用いて自動車デザインの系統ネットワークを描いた．国産新車 178 台に関して，車体前面のデザインを中心に 78 ビットの遺伝情報を抽出し，系統樹を作成した．分析の結果，車体形状の種類（スタイル）ごとに系統が大きく分かれること，スタイルやメーカーの分布とその周辺のネットワーク構造の関係からスタイルごとの状況やメーカーごとの影響力の傾向の違いなどが示されることが明らかになった．

北岸靖子　奈良女子大学　理学部　情報科学科自然情報学講座

DNA Triplet の繰り返しの変化に関するシミュレーション

ハンチントン病や脆弱 X 症候群は，染色体上の DNA Triplet の繰り返し数の異常が原因であることが知られている．そこで本研究では，DNA Triplet の繰り返し数がどのように増えていくのか，モデルを立てて解析した．モデルの実行結果から，繰り返し数の初期値が大きいほど繰り返し数が急速に増加すること，実際に発症するのは親が生殖細胞の DNA に異常をきたしていた場合であると考えられることが分かった．

中島真司　琉球大学工学部機械システム工学科

階層的遺伝子ネットワークの進化の GA によるシミュレーション

本研究は，遺伝子ネットワークが階層構造に進化する原因となる因子を探ることを目的とする．遺伝子ネットワークをモデル化し，環境を変動させながら GA による進化シミュレーションを行ったところ，階層構造に進化することもあったが，確率は低く，また，世代を経ると階層構造が崩れることがあった．そこで，環境変動に加え，多様性を維持するため島モデルを用いたところ，階層的遺伝子ネットワークに進化しやすいことがわかった．

宮田龍太　琉球大学工学部機械システム工学科

自己組織モデルのための神経場における局在振動の研究

情報分離に伴って生じる結び付け問題の解決策として，

認識細胞の興奮が振動的で，同対象を認識する細胞同士の振動が同位相であることで情報の結び付きを表現しているという仮説を，二つの学習神経場モデルによる情報分離モデルに導入するための基礎研究を行った．二つのメキシカンハット結合をもつ振動子場が，外部入力の極大付近に二つの局在振動を安定に保持し，各局在振動内では同位相に，局在振動間では逆位相に引き込むことを示した．

修士論文

久保 悠　岡山大学大学院環境学研究科

日本酒醸造過程の数理モデル

日本酒醸造の過程を微生物とそれらによる生成物の相互作用の観点から数理モデル化し，それを用いて日本酒醸造における伝統技法をシミュレーションした結果を記述する．特に，パラメータ，および初期値を探索することによって，並行復発酵，三段仕込みなどの，実際に利用されている技法の有利性をモデル上で再現することができた．

大森　亮介　九州大学理学部生物学科 数理生物学研究室

多系統間重複流行下におけるインフルエンザ新系統誕生条件

抗原多様性を持つウイルスは宿主交叉免疫により新系統の出現に制約を受ける事が有る．この場合の新系統の出現条件について調査したところ，複数の系統が同流行シーズンに同時出現した場合，系統間の流行時期が重複すればするほど新系統の流行可能性が高まることが判明した．またこの結論について宿主個体ベースマルコフ連鎖モンテカルロシミュレーションを用いて検証し，上記の結論は支持された．

佐伯 晃一　九州大学理学府生物科学専攻　数理生物学研究室

制御性 T 細胞の意義についての理論的研究

制御性 T 細胞は自己反応性の T 細胞を抑制できるが，有益な T 細胞の働きまで抑制してしまう．本研究では，T 細胞が外来抗原を排除する利益と自己抗原を攻撃する不利益を考慮して適応度を定義し，制御性 T 細胞の存在が有利となるのかについて考えた．その結果，抑制機能が局所的にしか働かない場合に制御性 T 細胞は有利となることが分かった．また，適応度をいくつかのモデルで比較し，T 細胞の分化について予測を得る事ができた．

高橋大輔　京都大学理学研究科生物科学専攻植物学系

季節性のある植食者に対する一年生草本の最適防御スケジュール

植食は一般に植物の成長に強い負の影響を持つ．これに対して，植物が有毒な二次代謝産物を蓄積したりトライコームを増加させたりといった防御を進化させてきた事が古くから知られてきた．植物の防御戦略は，植食者が発生した後に防御を行うようになる誘導防御戦略とそうではなく植食者がいない場合でも防御を行っている恒常的防御戦略の 2 つに大きく分けられる．このとき，野外で観察される植食者において，しばしば決まった時期にのみ存在するといった季節性が見られ，そしてどの植物も均一に食べれられるのではなく，たまたま見つからず食害を受けなかった個体も存在すると考えられる．植物の防御戦略はこれら植食者の季節性と食害の確率性に大きな影響を受けている可能性があり，本研究ではこれら 2 つについて考慮した場合の植物の最適防御戦略を求めた．

齋藤　彰　静岡大学大学院工学研究科システム工学専攻

貯蔵戦略の違いによる種の共存機構の解析

本研究では対象を種子植物とし，多種共存のメカニズムについて研究を行った．植物の特徴として栄養塩貯蔵戦略に着目し，摂取した栄養塩と貯蔵している栄養塩の和によって植物が種子生産の戦略を変えるモデルを提案し，解析を行った．このモデルでは，土壌中の栄養塩量は十分あるが種子生産に利用するのには少ないときに貯蔵戦略は有効であり，種子生産タイミングの重なりが少ないほどより多くの種が共存できる可能性が有る事を示した．

高澤 和寛　電気通信大学 情報システム学研究科 情報メシアシステム学専攻

顔認識の階層的処理における発火同期の機能的役割

本研究では，下側頭葉での物体情報表現について，顔の認識を行う神経ネットワークモデルを作成することで，解明しようと試みた．モデルには，３つの異なる解像度の情報を処理する神経網が存在する．それらの神経網が相関をもった神経発火をすることにより，それぞれがもつ情報を統合し，認識が起こることを示した．また，より荒い解像度の情報が上位の層に予測信号を送ることで，認識速度が向上することを示した．

小池 心平　東京工業大学大学院 社会理工学研究科

経済的講集団における面識関係の活用と社会的ジレンマ

経済的講集団は一般交換に基づく互恵集団である．その交換形態は，参加者が定期的に掛金を拠出してファンドを作り，それを輪番で受領するというものである．短期間で小資本の調達が可能になる反面，参加者のデフォルト行為によって集団が崩壊する危険性を持って

いる．講集団の運営と面識関係の活用に着目したシュミレーションモデルを用いて，講集団がデフォルトを回避する仕組みを分析した．そこから，デフォルトを起こした者を講に加入させないという間接的な制裁と受領前に掛金の拠出を怠った者はファンドを受領出来ないというルールによって，デフォルトが抑止出来ることを示した．

関口　卓也　東京工業大学大学院 社会理工学研究科

文化伝達を介した価値観と行動選択の変容の進化ゲーム理論的分析

価値観と行動という２つの属性を持ったプレイヤー間の相互作用を進化ゲーム理論と文化伝達の枠組みで分析した．ゲームは行動のみによって行われるが，価値観や行動は様々な文化伝達によって変化する数理モデルを構築した．結果，全プレイヤーが同じ価値観を持っているが行動は多様である，全プレイヤーが同じ行動をとっているが価値観は多様である，価値観も行動も多様である，といった安定点が調整ゲームを基にしたモデルであっても生じることが分かった．

落合　謙一郎　東京大学大学院数理科学研究科

体内における HIV-1 モデルの数理解析

HAART（多剤併用療法）実施下における体内での T 細胞と HIV のダイナミクスについて考察するため，数理モデルを構築し，解析を行った．系には2 つの平衡点が存在し，effective reproduction number（実効再生産数）R が 1 より大きいかどうかによって，その安定性が決まることを示した．薬剤投与計画や，実効再生産数が小さくなる条件についても議論した．

浅野 恵介　同志社大学大学院　文化情報学研究科　文化情報学専攻 博士前期課程

周期的変動環境における侵入生物の分布拡大―移流が拡大速度に及ぼす効果―

周期的変動環境下における生物の侵入において，ランダム拡散以外に，新たに，好適な環境へと誘引される移流の効果を取り入れることにより，移流の効果が分布域の拡大速度にどのような影響を与えるかを調べた．その結果，伝播速度は移流速度 u(¿0) の値が小さい時は増加するが，u の値が大きくなると減少した．また空間変動の周期と伝播速度の関係については，移流の効果が小さいときは環境変動のスケールが大きい方が伝播速度は速くなるが，逆に移流の効果が大きくなるとスケールが小さい方が速くなった．

浅田祐樹　名古屋大学　大学院情報科学研究科

人工化学による原始細胞構造の自己組織化に関する研究

生命の起源と進化の理解を目的として，複雑な粒子を粒子間の関係性で表現した人工化学モデルの構築を試みた．具体的には，膜を構成する粒子である両親媒性粒子を等方性の親水性粒子と疎水性粒子を結合した粒子で表現するものとし，粒子の運動を運動方程式を用いて記述する運動モデルと，格子空間を用いて計算を簡素化する格子モデルを構築した．実験の結果，両親媒性粒子の異方性の構造が粒子の結合によって自発的に生じ，ミセルや二重層膜の形成，原始細胞の成長や自己維持，自己組織化をシミュレート可能であることが示された．

長田健司　名古屋大学　大学院情報科学研究科

自己組織化マップによる囚人のジレンマゲームの戦略進化の可視化

個体の適応度が相互作用する個体集団の構成に依存する複雑な進化を理解するための可視化手法を提案した．本手法では，振舞いの履歴を自己組織化マップを用いて２次元平面上に位置づけ，各戦略を表す遺伝子型の分布が移動する軌跡として相互作用の進化を理解する．題材として繰り返し型囚人のジレンマゲームの戦略の進化を用い，個体の振舞いの基本的特徴を把握したり，戦略の発生と絶滅の典型的パターンを発見したりできることを示した．

松田吉広　名古屋大学　大学院情報科学研究科

群集アセンブリモデルを用いた生態系多様性に関する構成論的研究

生態系の多様化を促進する機構に関して知見を得るために，新種の導入規則を規定することにより多様性ダイナミクスを扱う群集アセンブリモデルを構築して検討を行った．その際，従来多様性の指標として用いられてきた種数に，種の均等度，種間相互作用の多様性を加えた三つの観点から評価を行った．既存のモデル生態系では種の豊富さと相互作用の多様性に制約がある可能性を指摘し，これを改良する方法を示した．改良モデルは生物多様性の持続的な増加を実現しており，その相互作用構造はシンプルな多重スター型構造を取っていることを確認した．

寺田誠　名古屋大学　大学院情報科学研究科

ネットワーク上の協調進化に対する構造改変戦略の影響

本研究は，実社会では多様な評価指標に基づいて主体間の相互作用が構成されるという観点のもと，複数の指標によって決まるリンクの安定性に基づく動的なネットワーク上での囚人のジレンマの戦略進化モデルを構築し，協調行動を促進する指標の構成を遺伝的ア

ルゴリズムにより探索した．その結果，ノイズ率が高い条件では，クラスタ係数が大きく，次数と利得が中程度，平均経路長が小さいリンクが安定である場合，ほぼ全結合するハブと多数の次数の小さいノードからなるネットワークが構成され，協調行動が促進されることがわかった．

黒島麻衣　名古屋大学　大学院情報科学研究科

複数の手がかりを用いた選り好みに基づく同所的種分化に関する個体ベースモデル

本研究は，複数のキューに基づく配偶者選択が同所的種分化に与える影響を明らかにするため，メスがオスの複数のキューに関する選好に基づいた選択を行う個体ベースモデルに基づく実験と解析を行った．オスの極端なキューに関する淘汰圧が小さい場合，各キューに関して複数方向へのランナウェイ効果が同時に働いて，最大 4 つのサブ集団へのすみ分けが安定して生じることや，淘汰圧が強い場合には，2 集団への分化や一方の絶滅による収束，選り好みされるキューが移り変わる流行が繰り返し生じる複雑な進化などが観察された．

吉田　智彦　北海道大学大学院　環境科学院環境起学専攻 先駆コース

Cost-benefit model を用いた葉寿命の最適戦略基準の検討

葉寿命に関する最も受け入れられている Cost-benefit model は，単位時間あたりの net gain が最大の時に葉を落とすものである (Kikuzawa(1991))．しかし，この model では，樹木は全ての葉を同時に着け同時に落とす仮定が前提であった．新たな model として，樹木は葉を毎年の光合成好適期間の初めに着けるとし，また葉寿命が一年以上である場合に対しては葉齢の異なる葉群の混在を認める仮定を用いた．] その場合，葉寿命は寿命年数あたりの net gain が最大の時に葉を落とすことがわかった．両者の model の最適戦略基準を検討した結果，一年のうち光合成できない期間がある場合においては，葉寿命は寿命年数当たりの net gain で決まり，またこの model から，常緑・落葉性の緯度分布は，光合成好適期間の長さだけでは表現されないことがわかった．

仲田哲進　琉球大学工学部機械システム工学科

情報分離と分散表現を目的とした自己組織化モデルの研究

ランダム対称結合回路 (RSN) を反ヘブ結合でつないだ神経回路モデル (自己組織化モデル) について報告する．このモデルは高次元の入力情報に含まれる二つの非線形独立成分を抽出し，各神経場で異なる独立成分の情報のマップを分散表現により形成する．以前に報告したニューラルガスを用いたフィードフォワード型のモデルと基本的に同様な能力を持つが，RSN により神経回路モデルとして生理学的により自然なモデルになっている．

博士論文

吉野　好美　大阪大学大学院理学研究科物理学専攻博士後期課程

生態系における多様性の統計力学

本論文では，生態系の多様性と安定性の歴史的議論をうけて，資源競争や種間/種内相互作用ありのモデル生態系において，Generating Functional と呼ばれる統計力学的手法を適用することでさまざまなパラメータの多様性に対する安定条件を解析的に求め，また，数値的にも確認した．また，種多様性のもうひとつの指標となる SAD（個体数分布）を，資源なし種間/種内相互作用のみのモデル生態系において解析的に求め，分布の形状と安定性を関連付けた．

岩田繁英　静岡大学創造科学技術大学院自然科学系教育部環境・エネルギーシステム専攻

生物的・非生物的相互作用の下での植物種の共存に関する数理的研究

本論文では植物の共存の維持機構の解明を目的とする．植物と栄養塩を含む非生物的，植物内生菌を含む生物的な相互作用が多種の共存に対する影響に注目して研究を行った．その結果，　栄養塩量に対する種子生産関数が連続ならば多種の共存は難しく，不連続ならば可能性がある．　植物内生菌を考慮した場合，植物内生菌と共生している種が有利になれば同種内で植物内生菌と共生している個体が存続できる．

岩見真吾　静岡大学 創造科学技術大学院

鳥インフルエンザのダイナミクス

計算機科学・統計学・実験生物学の発展した現在，理論疫学は，伝染病制圧のための中心的な役割を担うようになってきた．特に，近年，アジアを中心に，世界各国の家禽に広がった，鳥インフルエンザＨ５Ｎ１株の出現により，新型インフルエンザ封じ込めに関する計画が世界の最優先課題となっている．本稿では，人類が直面している新型インフルエンザの大流行を回避するための理論的枠組みを研究し，インフルエンザの流行と制圧について議論している．

河内一樹　東京大学大学院数理科学研究科

流言伝播モデルとパーシステンス解析

本論文では，口コミの連鎖で短期間の間に不特定多数

の人々に大規模に広まる言説を「流言」と定義し，流言を知って積極的に広める人の人数の時間変化を調べた．流言に関する状態の遷移や人口集団の構造（年齢構造の有無など），マスコミなどの種々の要素が，十分時間が経過した後の流言の定着にどのような影響を与えるかを，感染症数理モデルを下敷きとした数理モデルを構築し，数学的手法を用いて解析した．

福井 眞 東京大学大学院総合文化研究科

物質循環を基盤とした細胞内共生の進化に関する理論解析：コンパクトな生態系からの視点

細胞内共生は別種個体が相利共生関係を築くことで統一個体が創出する革新的な進化のひとつである．システムの複雑化を伴う共生にはどのような適応的意義があるかを探った．共生によって系全体に及ぶ影響を生態系生態学の視点を導入し，解析した．生態系と細胞代謝系に共通な性質があることがわかった．環境変動を考慮することで，安定環境下では寄生的な消費者または共生者が，環境の不安定化で相利的に振舞うことを示した．相利共生関係の構築は複雑適応系の一つとして普遍的な性質があることが明らかとなった．

高野雅典 名古屋大学 大学院情報科学研究科

社会的相互作用の進化ダイナミクスに関する構成論的アプローチ

複雑な社会的相互作用は人の特徴であり，そこでは他者の心を推測する心の機能（心の理論）が大きな役割を持つと考えられる．本研究は心の推測に基づく社会的相互作用の進化ダイナミクスに関する知見を得るために，心の再帰的処理とコミュニケーション成立の問題に焦点を当て，それら人の独自性を際だたせる特徴の創発について検討した．そして，心の推測の適応性は社会環境に影響され，特定の条件下では心の推測は進化し，同時に社会的相互作用も複雑化した結果，上の特徴が創発しうることを明らかにした．

平成20年度　卒業論文・修士論文・博士論文　要旨集

(卒業論文)

二種の色素細胞と一種の拡散性化学因子によるチューリングパターン形成

九州大学理学部数理生物学研究室　北村昌也

Zebrafish では、模様を形成するために色素細胞の相互作用が必要であることが知られている。複数の色素細胞による魚の皮膚の模様を考えるため、二種の色素細胞と一種の拡散性の化学因子という三変数のチューリングシステムを考えた先行研究がある(Uriu&Iwasa 2007)。そこでのモデルは、まず二種の色素細胞は未分化細胞から供給され、それは互いの供給を抑制し合い、一方の色素細胞は、他方の色素細胞から供給される拡散性化学因子の存在下においてのみ存在できる、というものである。しかし近年の研究によると、二種の色素細胞は互いの供給を抑制し合うだけでなく、互いの細胞死をも促進し合い、自らと同種の色素細胞の供給も抑制する、という意見も出てきている。そこで本研究では、先行研究で用いられたモデルをもとに、新しい意見を取り入れたモデルを作成し、パターン現れるかを確認するために、そのモデルの一様平行点の導出、その一様平行点の空間一様なノイズに対する安定性解析、空間非一様なノイズに対する安定性解析を行い、模様が現れるためのパラメータ条件を求め、それを満たすパラメータから模様が現れることを確認した。求めたパラメータ条件のもつ生物学的解釈を求めてみれば、もっと現実の挙動との比較が可能になるだろう。

<モデル>

$$\frac{\partial u}{\partial t}=\left[d-b(u+v)\right]_{+}-a(1+pv)u+D_u\nabla^2 u,\ \frac{\partial v}{\partial t}=\left[gw-e(u+v)\right]_{+}-f(1+qu)v+D_v\nabla^2 v,\ \frac{\partial w}{\partial t}=hu-kw+D_w\nabla^2 w$$

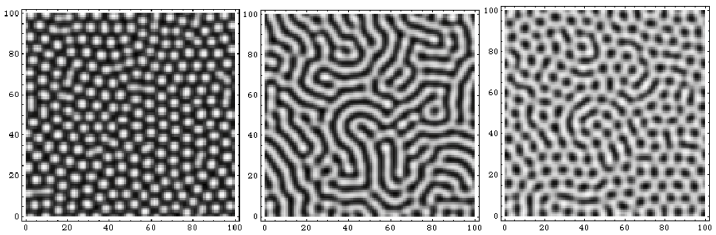
<パラメータ条件>

$$\beta_3>0,\beta_1\beta_2-\beta_3>0$$
$$G_vF_u-F_vG_u<0,H_w\left(D_vF_u+D_uG_v\right)+D_w\left(G_vF_u-F_vG_u\right)<0$$
$$\phi_m>0,\gamma_3\left(\phi_m\right)=\alpha_1\phi_m^3+\alpha_2\phi_m^2+\alpha_3\phi_m+\alpha_4<0$$

ここで

$$\beta_1=-F_u-G_v-H_w,\beta_2=F_uG_v+F_uH_w+G_vH_w-F_vG_u$$
$$\beta_3=-F_uG_vH_w-F_vG_wH_u+F_vG_uH_w$$
$$\phi_m=\frac{-\alpha_2+\sqrt{\alpha_2^2-3\alpha_1\alpha_3}}{3\alpha_1}$$
$$\alpha_1=D_uD_vD_w$$
$$\alpha_2=-F_uD_vD_w-G_vD_uD_w-H_wD_uD_v$$
$$\alpha_3=F_uH_wD_v+F_uG_vD_w+G_vH_wD_u-F_vG_uD_w$$
$$\alpha_4=-F_uG_vH_w-F_vG_wH_u+F_vG_uH_w$$

＜結果＞



日本産ナガサキアゲハ雌の斑紋の地理的変異と気温との関係

九州大学理学部生物学科

数理生物学研究室 4 年　土居朋嵩

1.はじめに

ナガサキアゲハ日本亜種 *P. memnon thunbergii* の雌の翅色は本土より奄美大島や沖縄本島で白色部分の面積が大きく表れる。

日本産ナガサキアゲハは分布の北限に位置し、気温の異なる南北間でその斑紋を変異させる。またこの変異は、熱吸収率の高い黒色の翅から熱吸収率の低い白色の翅への変異である。これらのことから、この地理的変異が白色と黒色の翅の熱吸収率の違いによる適応度の差から選択的に起こっていることが考えられた。

本研究では本種の翅の斑紋変異に気温が及ぼす影響を明らかにするために、過去 60 年間に日本各地で採集された多数の標本に基づいて、雌の翅の白色化の割合に関して、差異を検討した。

2.過去と現在の翅の白色割合の比較

解析の結果、同じ産地で最近 10 年間に採集された個体と 10 年前から 60 年前までに採集された個体の間では翅の白色化の割合に差はないことが判明した。

現在と過去の福岡、奄美大島、沖縄本島の個体群同士において、Mann-Whitney の u-検定による有意な差は見られなかった（p 値　福岡:0.5350，奄美大島:0.3671，沖縄本島:0.7445）。また現在と過去の個体群の回帰直線同士についても、共分散分析による有意な差は見られなかった(p=0.1427)（Fig.1）。

これらの結果から、少なくとも近年の地球温暖化による、同地域における数十年単位の気温の上昇は、本種の雌の斑紋の変異に影響を与えていないことが示唆された。

3.各地域の個体群の白色割合と緯度との比較

全ての時代の標本をまとめて扱った解析結果から、翅の白色割合の増加と、平均気温の上昇を伴う緯度の減少との間に負の相関関係があることが明らかとなった。しかしこの低緯度地方における白色割合の増加傾向は直線的な変化ではなく、九州本土の個体群間では白色割合に変化が殆ど見られない（Fig.2）一方で、屋久島から宝島までの個体群における白色割合の増加傾向が、奄美大島以南の地域のそれよりも急激であることもわかった（Fig.3）。

以上のことから、ナガサキアゲハの斑紋の地理的変異は少なくとも気温の変化への適応に関連した自然選択の結果として進化したのではない可能性が高いことが示唆された。

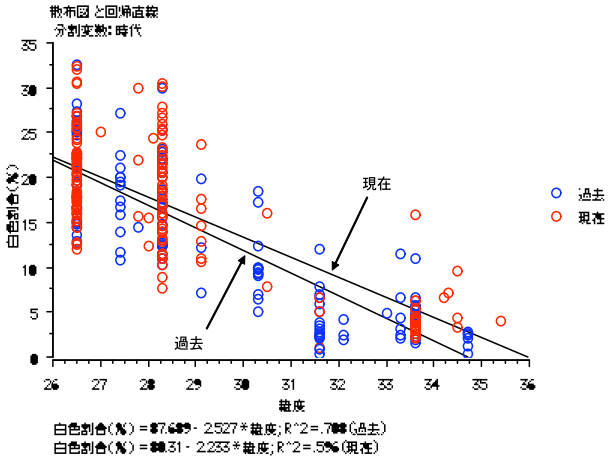


Fig.1 現在と過去の個体群の比較

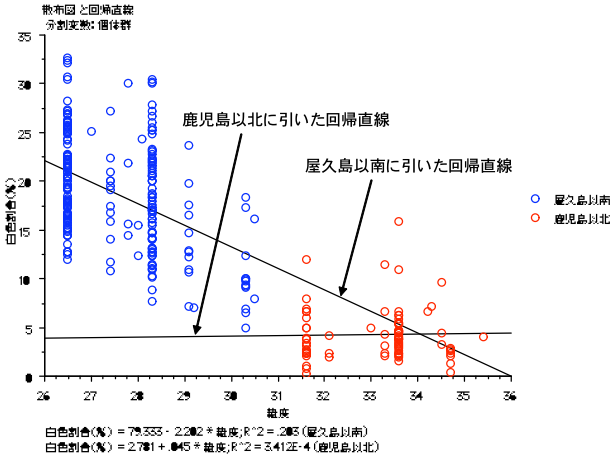


Fig.2 鹿児島以北と屋久島以南の白色割合の変化

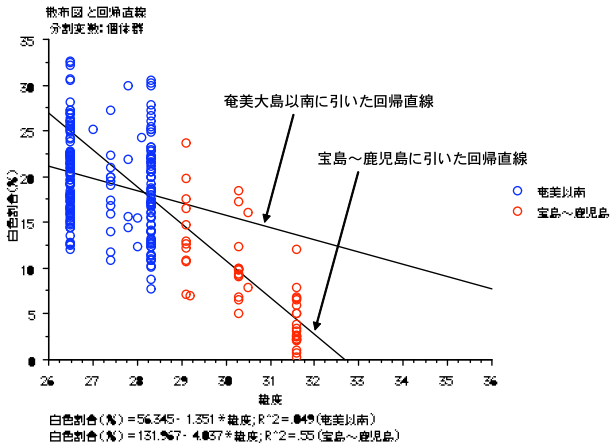


Fig.3 宝島－鹿児島間と奄美大島以南の白色割合の変化

（卒業論文）

個体ベースモデルを用いたツキノワグマの存続可能最小個体数の試算

九州大学理学部数理生物学研究室　山元　総太

ツキノワグマ集団の個体を絶滅させることなく、増えすぎることもないようにするためには初期個体数が何頭いなければならないのかを調べた。ツキノワグマの出産には秋の資源となる樹木の繁殖が強く関連している。そこで、個体ベースモデル(IBM)を用い、植物の繁殖パターンとツキノワグマの出産の関係から集団の個体数変動を調べ、存続可能最小個体数(MVP)の試算を行った。

その結果、図１のように植物との関係では、植物の繁殖周期が長くなる(k:資源消費係数を大きくする)ことで集団の存続可能性が低くなることがわかった。

また、繁殖パターンが周期的になることで集団の存続可能性が低くなり、カオティックであることがツキノワグマの出産に正の影響を与えることがわかった。

また、初期個体数は100頭(Miura and Horino 1999)より少ない個体数でよいとわかった。（図２）

図１　植物の繁殖パターンとツキノワグマの存続可能性

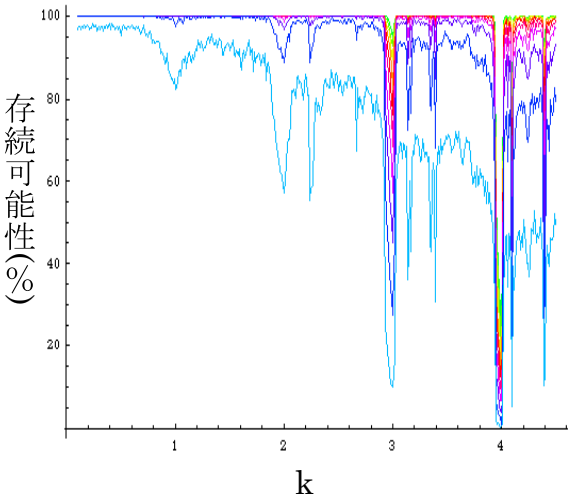
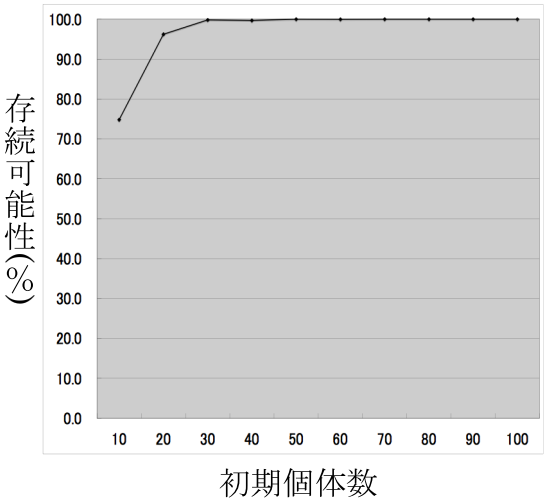


図２　初期個体数と存続可能性



繁殖回数の違いは共存に影響をあたえるか？

静岡大学工学部システム工学科 5051-3095 加藤 広大

1　序論

自然界には様々な繁殖形態をとる植物が存在し、それらが共存している。そこで、本研究では芝等に代表されるクローン性の植物と、種子性の植物の２種の共存について考える。また、繁殖機会の回数の違いに注目し、それが共存可能性に与える影響について考察する。

2　モデルの説明

土地全体の面積を１とし、その面積中でクローン性植物が占める面積割合を X_t $(0 < X_t < 1)$、種子植物が占める面積割合を Y_t $(0 < Y_t < 1)$、とする。このとき、植物の個体数変動 X_t、Y_t は次のように表現される。

$$\begin{aligned} X_{t+1} &= (1-\xi)X_t + SR_x = f(X_t, Y_t) \\ Y_{t+1} &= (1-\delta)Y_t + SR_y = g(X_t, Y_t) \end{aligned} \tag{1}$$

$S = 1 - \bar{\xi}X_t - \bar{\delta}Y_t$ (以降 (1-ξ),(1-δ) は $\bar{\xi}$,$\bar{\delta}$ とする)
ξ, δ:クローン性、種子性植物の死亡率
S:空き地が土地全体に占める面積割合
$R_x, (R_y)$:クローン性、(種子性植物) が空き地に定着する能力を表す関数

まず第１に本研究では R_x, R_y を次のように仮定し、種の共存について考察する。つまり R_y を固定し、R_x を以下の R_x1〜R_x4 に変化させて検証する。

$$\begin{aligned} R_x1 &= aX_t \\ R_x2 &= \tfrac{aX_t}{1+aX_t} \\ R_x3 &= a(1 - \tfrac{dX_t}{1+dX_t}) \\ R_x4 &= X_t\gamma e^{\lambda(1-X_t)}、\gamma = \tfrac{\lambda}{e^{\lambda-1}} \\ R_y &= b\tfrac{cY_t}{cY_t+aX_t} \end{aligned} \tag{2}$$

a, b:クローン性、種子植物の占め得る可能性のある土地の面積割合
d, λ:クローン性植物の単位個体あたりの競争能力を表す定数
c:種子植物の単位個体あたりの競争能力を表す定数
$0 < a, b < 1$、$0 < a + b < 1$、$0 < c$、$0 < \lambda$

R_x1、R_x2 は単調増加を表す関数であり、R_x2 は１に飽和する関数である。これは植物の個体数がわずかな場合、生産した種子が植物が空き地に定着し辛い状況を表している。
R_x3 は単調減少を表す関数である。R_x2 とは逆に、植物の個体数が多くなるにつれて、微生物や外敵である植食者からの負の影響により、生産した種子が定着し辛くなる状況を表している。
R_x4 はアリー効果を含む関数として用いる。アリー効果により、R_x2、R_x3 で表現した状況を同時に表す。
種子植物の空き地へ定着する能力の関数 R_y はロッタリーモデルの考えを用いた式となっている。

第２に種子植物が一年に一度種をつけて繁殖する間に、クローン性植物の方が早く繁殖機会を得る状況を想定し、種子植物が１回繁殖する間にクローン性植物は２回のペースで繁殖するモデルについて検討する。これにより、植物間での繁殖機会の回数の差がその共存に与える影響について、他のパラメータとの関係性に観点をおいて考察を行う。クローン性植物のダイナミクスを表す関数を f、種子植物のそれを g とした以下のモデルを用いて、植物間で繁殖回数に差がある状況を表す。

$$\begin{aligned} X_{2t+1} &= f(X_{2t}, Y_{2t}), Y_{2t+1} = g(f_{X_{2t}}, Y_{2t}) \\ X_{2t+2} &= f(X_{2t+1}, Y_{2t+1}), Y_{2t+2} = Y_{2t+1} \end{aligned} \tag{3}$$

3　解析

R_x1〜R_x3 を用いたモデルの場合については繁殖回数の差の有無に関わらず、同じ内部平衡点の値をとる。これらの結果から、R_x が単調な増加、減少をするモデルは繁殖回数に差が生じても、種子性の植物との共存状態に変化は起きない。

R_x4 を用いたモデルの内部平衡点は次のようになる：

$$\begin{aligned} &X^*\colon (1 + \tfrac{a\bar{\delta}-c\bar{\xi}}{c}X^* - \tfrac{bc\xi\bar{\delta}e^{\lambda(1-X^*)}}{c\delta})e^{\lambda(1-X^*)} = \xi \\ &Y^*\colon Y^* = \tfrac{bc\xi e^{\lambda(1-X^*)} - a\delta X^*}{c\delta} \end{aligned}$$

上記を満たす X^*、Y^* (4)

一方、繁殖速度の差を考慮したモデルでの内部平衡点を示す式は次の通りである

$$\begin{aligned} &X^*\colon (1-\bar{\xi}B) = (1-\bar{\xi}BX^* - \bar{\delta}Y^*)Be^{\lambda(1-BX^*)} \\ &Y^*\colon \delta = \tfrac{(1-\bar{\xi}BX^* - \bar{\delta}Y^*)bc}{cY^* + aBx^*} \end{aligned}$$

(※ $B = \bar{\xi} + S\gamma e^{\lambda(1-X^*)}$ と置いた) (5)

上記を満たす X^*、Y^*

R_x1〜R_x3 の結果に対し、R_x4 を用いたモデルについては解析的に解ききれない部分が含まれるため、数値シミュレーションを行い、以下のような結果を得た。

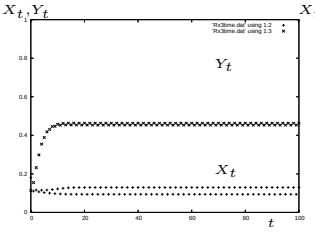


図 1: 繁殖回数を考慮しないモデル (1)

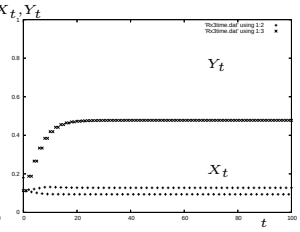


図 2: 繁殖回数を考慮したモデル (3)

シミュレーション結果から、上図のように $\lambda = 50$ とした場合、X_t は 2 周期で振動し、Y_t は繁殖回数の違いがない場合には 2 周期振動をするが、繁殖回数の差を考慮した場合には振動しない解をとる。繁殖回数の差を導入することにより、Y_t の値に影響を与える状況が確認できた。

4　考察

クローン性植物の空地への侵入割合 R_x が単調増加 (R_x1,R_x2 を用いたもの)、または単調減少 (R_x3 を用いたもの) のモデルについては繁殖回数の差によって内部平衡点の存在条件に変化は見られないことから、共存の可能性には影響が出ないということがいえる。しかし R_x4 のように２つの特徴を共に持つ関数については、繁殖回数の差によって種子植物の安定性に影響を与え、不安定化させる場合と、影響を与えない場合に分けることができる。

A poor vaccine is really bad ?

静岡大学工学部システム工学科　竹内研究室　里見直樹

1　背景

現在、ワクチンによる予防疫学は効果的であると考えられており、アメリカのほとんどの州で子供は、弱毒化ウイルスを用いて、はしか、おたふく風邪、ポリオの予防接種を行っている。ワクチン接種を行い、あらかじめ免疫を獲得することで病原菌が体内に侵入してきたときには、すみやかに免疫系が病原菌を除去し感染を防ぐことが出来る。さらに、有効なワクチン接種プログラムは、集団的な免疫作用をもたらし、感染人口を減少させることで自然感染保菌者は減り、感染の拡大を抑えることが出来る。しかし、ワクチン政策は、ワクチン耐性ウイルスを出現させるリスクを伴い、いくつかの理論研究は、ワクチン政策の実施が、総感染者数を増加させうると予測している [1][2][3]。本研究では、ワクチン抵抗性ウイルスの出現下で、品質の劣るワクチンを使用したときのワクチン政策の有効性評価を行い、ワクチン有効性の劣化率の影響を調べる。

2　モデル

鳥インフルエンザとワクチン政策において、ワクチン政策実施後に、以前流行をもたらしていたウイルスではない、ワクチンに耐性を持つウイルスが出現してしまうこと、また、ワクチンの効果が完全でないことを考慮して、以下のようなモデルを提案する。

$$\begin{cases} X' &= (1-p)c - bX - (\omega Y + \phi Z)X \\ V' &= pc - bV - (k\sigma\omega Y + \sigma\phi Z)V \\ Y' &= \omega Y(X + k\sigma V) - (b+m_y)Y \\ Z' &= \phi Z(X + \sigma V) - (b+m_z)Z \end{cases} \tag{1}$$

X : 感受性個体数（未感染個体数)
V : ワクチン接種個体数
Y : ワクチン感受性ウイルス感染個体数
Z : ワクチン抵抗性ウイルス感染個体数

c : 鳥の出生率
b : 自然死による死亡率
p : ワクチン接種率　$(0 \le p \le 1)$
1 - σ : ワクチン抵抗性ウイルス感染個体に対する
ワクチン接種個体の感染予防率 $(0 \le 1 - \sigma \le 1)$
1 - $k\sigma$: ワクチン感受性ウイルス感染個体に対する
ワクチン接種個体の感染予防率 $(0 \le 1 - k\sigma \le 1)$
k : 相対的なワクチンの有効性の欠如　$(0 \le k \le 1)$
ω : ワクチン感受性ウイルスの伝播率
ϕ : ワクチン抵抗性ウイルスの伝播率
m_y : ワクチン感受性ウイルス感染個体の感染による死亡率
m_z : ワクチン抵抗性ウイルス感染個体の感染による死亡率

表 1　変数とパラメーター

3　平衡点の存在条件、安定条件

モデル（2）を数学的に解析していく。$0 < p < 1$ における平衡点を示す。

$E^{i0} = (X^{i0}, V^{i0}, 0, 0)$, $E^{is} = (X^{is}, V^{is}, Y^{is}, 0)$
$E^{ir} = (X^{ir}, V^{ir}, 0, Z^{ir})$, $E^{i+} = (X^{i+}, V^{i+}, Y^{i+}, Z^{i+})$

平衡点	存在条件	局所安定条件
E^{i0}	Always	$R^{is} < 1$ and $R^{ir} < 1$
E^{is}	$1 < R^{is}$	$\bar{R}^{ir} < 1$
E^{ir}	$1 < R^{ir}$	$\bar{R}^{is} < 1$
E^{i+}	$1 < \bar{R}^{is}$ and $1 < \bar{R}^{ir}$	Always

表 2　平衡点の存在条件と安定条件

基本再生産数
$R^{is} = \frac{\omega}{b+m_y}X^{i0} + \frac{k\sigma\omega}{b+m_y}V^{i0}$, $R^{ir} = \frac{\phi}{b+m_z}X^{i0} + \frac{\sigma\phi}{b+m_z}V^{i0}$
侵入再生産数
$\bar{R}^{is} = \frac{\omega}{b+m_y}X^{ir} + \frac{k\sigma\omega}{b+m_y}V^{ir}$, $\bar{R}^{ir} = \frac{\phi}{b+m_z}X^{is} + \frac{\sigma\phi}{b+m_z}V^{is}$

4　シミュレーション

数値シミュレーションを行う際の条件として、より現実的な状況を想定するために、$R^{ns} > 1, R^{nr} > 1, \bar{R}^{ns} > 1, \bar{R}^{nr} < 1, R^{cr} > 1$ とする。ここで、$R^{n*}(\bar{R}^{n*})$ は $p = 0$ のときの基本（侵入）再生産数であり、R^{c*} は $p = 1$ のときの基本再生産数である。また、$m_y > m_z$ とする。

本研究では、k を増加させ、ワクチン感受性種に対するワクチンの有効性欠如が大きくなったときの影響を見ていく。

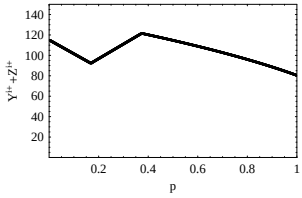


図 1: $k = 0$

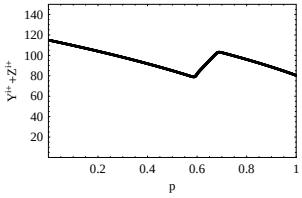


図 2: $k = 0.5$

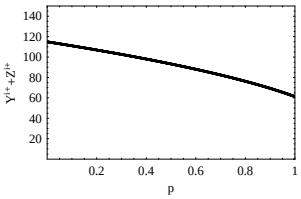


図 3: $k = 0.7$

5　結論

k が増加し、ワクチン感受性種に対するワクチンの有効性の欠如が大きくなると、総感染者数が増加（ワクチン抵抗性種が出現）するタイミングが遅くなっていく。さらに、$k = 0.7$ のときにはワクチン抵抗性種が出現しなくなっている。また、k が増加するほど、総感染者数が減少することが解析的に求められている。ワクチン有効性の欠如が大きくなることは、ワクチン接種個体が、ワクチン感受性種にも感染しやすくなるので、鳥一個体に対しては、悪い影響を与えると考えられるが、上記の結果から、鳥の集団に対しては良い影響を与えると考えられる。

参考文献

[1] Lipstich M., Cohen T., Murray M., Levin B. R., (2007) Antiviral resistance and the control of pandemic influenza. PLoS Med., 4(1):e15.

[2] Moghadas S. M., Boman C. S., Rost G., Wu J., (2008) Population-wide emergence of antiviral resistance during pandemic influenza. PLoS ONE, 3(3):e1839.

[3] Iwami S., Suzuki T., Takeuchi Y., Paradox of vaccination : Is vaccination really effective against avian flu epidemics?, PLoS ONE, In Press.

Theoretical perspective of SHIV pathogenesis

静岡大学工学部システム工学科　高橋一馬

1　はじめに

SHIV とは、京都大学ウィルス研究所が作成した HIV（ヒト免疫不全ウィルス）と SIV（サル免疫不全ウィルス）の合成ウィルスである。そしてこの SHIV は、強い病原性を示す株（強毒株）や病原性の弱い株（弱毒株）などそれぞれ違った特性を持った四つの株が作り出されている。本研究では各株の性質の違いが AIDS 発症とどのような関係があるのかを理論的に調べていく。

2　強毒株と弱毒株の違い（実験から）

(a) ウィルス産生力とウィルス感染力

京都大学ウィルス研究所によって行われた試験管内の実験で採取したデータにより、強毒株と弱毒株のウィルス産生力とウィルス感染力の違いを見ることができる。その実験データから、ウィルス産生力は強毒株が弱毒株の約 2 倍、ウィルス感染力は強毒株が弱毒株の約１０倍あることが解明されている。

(b) アカゲザルに対しての SHIV 感染実験

更に強毒株と弱毒株をアカゲザルに感染させたときの実験データ見る。それによると、強毒株を感染させたサルは CD4+T 細胞が枯渇、ウィルス量が多く、AIDS を発症していると分かった。一方弱毒株を感染させたサルは、CD4+T 細胞は枯渇せず、初期増殖後からウィルス量が徐々に減少していることから、抗体が誘導されてウィルスの産生が抑制され、AIDS を発症していないと分かった。

(c) 抗体反応

上記の感染実験では、このような実験では稀な、アカゲザル体内での抗体量のデータも採取している。そのデータから弱毒株を感染させたサルは抗体を誘導し、強毒株を感染させたサルは抗体を誘導しないことが分かった。

3　モデル

抗体反応の実験結果をふまえた理論作りをしていくため、抗体産生を含めた数理モデルを構築する。抗体を誘導するには様々な細胞の働きが必要である。まず抗原とヘルパー T 細胞、B 細胞の相互作用によって B 細胞が活性化し増殖する。そして活性化した B 細胞からその一部が形質細胞に分化し、そこから抗体が産生されウィルスを攻撃する。また抗体反応を理論で考える上で重要な要素となるのが B 細胞の機能不全である。これはウィルスを攻撃する抗体の元である B 細胞がウィルスからの攻撃によって機能不全に陥るため、ウィルスに対する免疫効果が低下するというものである。これは HIV 特有の性質であり、抗体反応を含めた HIV 感染モデルを考える上で、この B 細胞機能不全の概念を含めることは非常に重要である。

未感染 CD4+T 細胞を x、感染 CD4+T 細胞を y、SHIV を v、B 細胞を w、形質細胞を z、抗体を s として以下のモデルを考える。

$$\begin{cases} x' &= \lambda - dx - \beta xv, \\ y' &= \beta xv - ay, \\ v' &= ky - uv - pvs, \\ w' &= cxvw - qcxvw - \theta vw - mw, \\ z' &= qcxvw - \mu z, \\ s' &= \phi z - \delta s. \end{cases}$$

各パラメータは以下の意味を持つ。

λ：未感染細胞生産率	c：B 細胞増殖率
d：未感染細胞死亡率	q：B 細胞分化率
β：ウィルス感染率	θ：B 細胞機能不全率
a：感染細胞死亡率	m：B 細胞死亡率
k：ウィルス産生率	μ：形質細胞死亡率
u：ウィルス死亡率	ϕ：形質細胞からの抗体産生率
p：抗体によるウィルス除去率	δ：抗体死亡率

4　平衡点、閾値

平衡点とそれぞれの生物学的状態を示す。

$E_h = \{x_h, 0, 0, 0, 0, 0\}$（健康な状態）

$E_u = \{x_u, y_u, v_u, 0, 0, 0\}$(AIDS 発症した状態)

$E_c^+ = \{x_c^+, y_c^+, v_c^+, w_c^+, z_c^+, s_c^+\}$(抗体によりウィルスの産生が抑制された状態)

なお、もうひとつの内部平衡点は常に不安定なのでここに記述しない。

各平衡点の存在条件と局所安定条件、それに伴う閾値を以下に示す。

平衡点	存在条件	局所安定条件
E_h	Always	$a_{max} < a$
E_u	$a < a_{max}$	$\bar{\theta} < \theta$
E_c^+	$0 < a < a_-$ and $0 < \theta < \theta_-$ $a_- < a < \bar{a}$ and $0 < \theta < \bar{\theta}$	can be unstable

閾値

$$a_- = \frac{k\beta}{dr}\left\{\lambda - \sqrt{\frac{\lambda m\beta}{(1-q)c}}\right\} \qquad \bar{a} = \frac{k\beta}{dr}\left\{\lambda - \frac{m\beta}{(1-q)c}\right\} \qquad a_{\max} = \frac{\lambda k\beta}{dr}$$

$$\bar{\theta} = \frac{(1-q)arc}{m\beta} + \frac{amr\beta}{adr - \lambda k\beta} \qquad \theta_- = \frac{\left\{\sqrt{m\beta} - \sqrt{\lambda(1-q)c}\right\}^2}{d}$$

5　AIDS 発症条件

２の (a) の実験データは、弱毒株と強毒株の定性的な違いはウィルス産生力とウィルス感染力であることを示していた。ではそれが AIDS 発症とどのような関係があるのか。ここではそれを理論で考えるため、解析結果を元にそれぞれの平衡点の領域を、ウィルス産生力とウィルス感染力を示すパラメータである k と β を軸にとったグラフに示す。

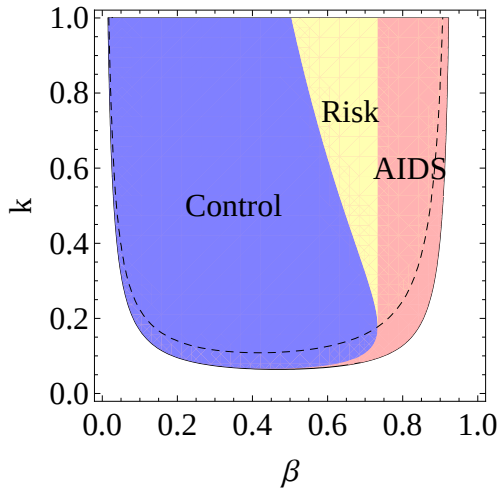


Fig1

Fig1 で、Control の領域は抗体によりウィルスの産生が抑制された状態、AIDS の領域は AIDS 発症の状態、Risk の領域は Control にも AIDS にもなり得る状態を表す。このように解析から理論的な AIDS 発症条件が定まった。

今後２の (a) の実験データから k、β の値を導きだして Fig1 で見た結果と、その k、β を持つ株が実際の感染実験で AIDS を発症しているか否かを見ることで、この理論の妥当性を考える。もしこの理論が現実に則していれば、感染実験を行わずに試験管内の実験だけで、AIDS 発症を予想できるだろう。

抗 HIV 免疫応答に対する樹状細胞活性化閾値

静岡大学工学部システム工学科＿竹内研究室 5051-3058 冨田　貴之

1　はじめに

1983 年に後天的免疫不全症候群 (AIDS) の原因ウイルスはヒト免疫不全ウイルス (HIV) と名づけられた。HIV はヒトの免疫系の重要な成分である CD4T 細胞に感染し増殖する。感染初期は高いウイルス量を持っているが、その後数年間続く無症候期に入り、最終的に AIDS を発症する。このようにして HIV 感染症は疾患進行し、CD4T 細胞数が低下することで、細胞性免疫は失われ、種々の微生物による日和見感染が見られるようになり、最終的に死を招くのである。

本研究では HIV 感染症における無症候状態がどのように存在しているのを、免疫系で重要な役割を果たす DC(樹状細胞) に着目した数理モデルを用いて考える。DC とはリンパ組織の T 細胞領域に存在する細胞であり、T 細胞刺激活性はもっとも強いとされている。このことから DC が HIV における CTL の誘導など、免疫系において大きな役割を担っていると考えることができる。

2　数理モデル

T を未感染 CD4T 細胞、I を感染 CD4T 細胞、V をフリーウイルス、Z を CTL、D を DC、x を活性化された DC、それぞれの個体数として数理モデルを以下のように考える。

$$\begin{cases} V' &= kI - uV, \\ D' &= \theta - aD - \beta DV, \\ x' &= \beta DV - bx, \\ T' &= \lambda - eT - \rho TV, \\ I' &= \rho TV - fI - qZI, \\ Z' &= \delta xTZ - dZ \end{cases} \tag{1}$$

各パラメータは以下の意味を持つ。

k：感染 CD4 細胞による HIV の生産率
θ：DC の生産率
β：DC の活性率
a：DC の死亡率
b：活性化した DC の死亡率
λ：未感染 CD4 細胞の生産率
ρ：未感染細胞の HIV に対する感染率
e：未感染 CD4 細胞の死亡率
f：感染 CD4 細胞の死亡率
u：ウイルスの死亡率
d：CTL の死亡率
q：CTL の HIV に対する除去率
δ：CTL の増殖率

$u >> f$ と DC の個体数が未感染の CD4T 細胞の個体数に比べてかなり小さいことから式（1）をスケーリングすると、

$$\begin{cases} T' &= \lambda - eT - \rho TI, \\ I' &= \rho TI - fI - qZI, \\ Z' &= \dfrac{\beta\delta\theta}{a+\beta I}TIZ - dZ \end{cases} \tag{2}$$

またこのとき、基本再生産数は、$R_0 = \lambda\rho/ef$ である。

3　モデルの解析

モデルから次の 3 つの平衡点が得られる。

$$\begin{cases} E_0 &= (T_0, 0, 0) \\ \bar{E} &= (\bar{T}, \bar{I}, 0) \\ E_c^{\pm} &= (T_c^{\pm}, I_c^{\pm}, Z_c^{\pm}) \end{cases} \tag{3}$$

HIV に感染しておらず健康な状態である平衡点 E_0、CTL が HIV を制御できなくなり免疫不全におちいっている状態 (AIDS) の平衡点 $\bar{E}$、CTL が HIV を制御している状態 (無症候状態) の平衡点 $E_c^{\pm}$ となる。今回、DC の活性化率 β に注目して HIV の疾患進行について考えたときに、危険閾値 $\bar{\beta}$ と免疫不全閾値 β_+ が存在することが分かった。

$$\begin{cases} \bar{\beta} &= \dfrac{adf\rho^2}{(d\rho - \theta\delta f)(ef - \lambda\rho)} \\ \beta_+ &= \dfrac{ad\rho}{(\sqrt{de} - \sqrt{\lambda\theta\delta})^2} \end{cases} \tag{4}$$

解析の結果からパラメータを $\lambda = 10$, $d = 0.1$, $a = 0.3$, $f = 0.5$, $q = 0.85$, $\delta = 0.8$, $\theta = 0.23$, $e = 2$,$\rho = 0.67$ に設定してシミュレーションを行うと図 1 が得られた。図 1 は HIV 感染者の典型的な疾患進行を表している。$\beta > \bar{\beta}$ のとき、E_c^+ のみが安定になっており、感染者が AIDS を発症することはない。$\beta_+ < \beta < \bar{\beta}$ のとき、E_c^+ と $\bar{E}$ がともに安定に存在する危険領域である。このため、感染者が無症候状態から AIDS 発症という状態へ疾患進行する可能性もあるといえる。$\beta_+ > \beta$ のとき、$\bar{E}$ だけが安定となり、感染者は免疫不全におちいることで必ず AIDS を発症する。

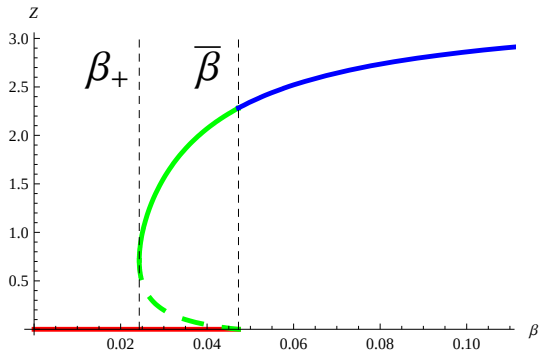


図 1：典型的な HIV 感染症の疾患進行

4　結論・課題

本研究では HIV の免疫系における DC の働きに着目して考えた。数理モデルの解析により、DC の活性化に関する危険閾値と免疫不全閾値が存在することが確認できた。2 つの閾値の存在から HIV 疾患進行を遅らせるためには DC の活性率を高く保つ必要がある。今後の課題としては HIV に感染した DC が未感染 CD4T 細胞を感染させるということを考慮した数理モデルを用いて、HIV 感染症の免疫系における DC の役割と HIV 感染症の疾患進行をより明確にしていく。

参考文献

[1] S. Iwami,S. Nakaoka,Y. Takeuchi,Y.Miura,T.Miura (2008). Immune impairment thresholds in HIV infection.*In Revision*

卒業論文要旨

個体群による自己環境劣化に対する環境改善効果についての数理モデル解析

A mathematical model analysis for the artificial recovery of environment degraded by population dynamics

上島勇介
広島大学理学部数学科
Yuusuke UESHIMA
Department of Mathematics, Faculty of Science,
Hiroshima University, Kagamiyama 1-3-1, Higashi-hiroshima 739-8526 JAPAN
B054152 @ hiroshima-u.ac.jp

本論文では，単一種個体群における自己環境劣化の影響について，環境改善の効果も導入した個体群ダイナミクスモデルを構築し，その解析の結果に基づいて，個体群サイズをある一定レベル以上に保つための環境改善の特性についての考察を行った。

個体群の増殖に対する環境劣化の影響として内的自然増殖率が影響を受けるものとする。環境劣化の影響の強さを X，環境に劣化のない理想的条件下における内的自然増加率を ϵ_0，環境劣化に対する影響の強さを γ とする。環境劣化は個体群の生命活動によって進行し，自然には回復しないものとする。環境の改善は，時間周期 T で繰り返され，改善率 ρ で環境劣化の影響の強さを軽減できると仮定する。k 回目の環境改善後から $k+1$ 回目の環境改善までの時間区間 $[kT,(k+1)T)$ における時刻 t における個体群サイズ $N_k(t)$ の時間変動は次のダイナミクスに従うとする：

$$\begin{aligned} \frac{\mathrm{d}N_k(t)}{\mathrm{d}t} &= \{\epsilon_0 - X_k(t)\}N_k(t) \\ X_k(t) &= X_k(kT+0) + \gamma\int_{kT}^{(k+1)T} N(\tau)\mathrm{d}\tau \\ (N_k(kT+0), X_k(kT+0)) &= (N_{k-1}(kT-0), (1-\rho)X_{k-1}(kT-0)) \end{aligned} \tag{1}$$

この数理モデルの解析の結果，環境改善を全く行わない ($\rho=0$) 場合には，個体群は必然的に絶滅する（大域安定）が，環境改善を行えば ($\rho>0$)，必然的に個体群は存続することがわかった。また，改善率 ρ が十分に大きい場合には，カオス変動状態が起こり得る。さらに，十分な時間経過後の環境劣化の影響の強さの時間平均 $\langle X\rangle$ は，環境改善の特性 (ρ, T) に依存しない定数に収束することも示すことができる。数学的結果および数値計算による結果に基づいて，個体群サイズをあるレベル以上に維持するための環境改善の特性や，コストに制限のある場合の最適な改善策について議論を試みた。

In this work, a mathematical model for the artificial recovery of environment degraded by population dynamics itself is constructed and analyzed. We discuss the appropriate strategy to recover the environment in order to keep the population size beyond a certain level.

It is assumed that the environmental degradation is reflected to the intrinsic growth rate. In our model, the strength of environmental degradation is given by X, the intrinsic growth rate in the environment without the degradation by ϵ_0, and the strength of the effect of environmental degradation on the intrinsic growth rate by γ. It is assumed that the environmental degradation is caused by the population dynamics itself, and cannot recover by itself. Operation of the environmental recovery is assumed to be repeated with a period T, and to reduce the effect of environmental degradation by a recovery rate ρ. Temporal variation of the population size $N_k(t)$ in time interval $[kT,(k+1)T)$ before the $k+1$ th operation of environmental recovery after the k th is given by (1).

Analyzing our model (1), we can prove that the population necessarily goes extinct without the environmental improvement ($\rho=0$), and can always persist with it ($\rho>0$). With sufficiently large ρ, the population can undergo a chaotic variation in time. It is shown that the long time average of the strength of environmental degradation $\langle X\rangle$ is a constant independent of the nature of the environmental recovery represented by (ρ, T). In this paper, we try to discuss the appropriate strategy of environmental recovery to sustain the population beyond a critical level, and the optimal strategy under a restriction about the cost for the environmental improvement.

卒業論文要旨

ベイツ型擬態種による捕食行動の変化を導入した個体群動態モデル

A mathematical model of population dynamics
with a predator's behavioral change by the Batesian mimic prey

河野 孝弘

Takahiro KOHNO

広島大学理学部数学科

Department of Mathematics Faculty of Science Hiroshima University
Kagamiyama 1-3-1, Higashi-hiroshima 739-8526 JAPAN

b054373 @ hiroshima-u.ac.jp

本研究では，model 種と mimic（擬態）種，その捕食者種の間の個体群動態の数理モデルを解析した。捕食者における探索像の記憶と忘却により捕食確率が変化する。毎日の捕食活動時間における個体群動態を常微分方程式系で与え，その T 日間で定められる捕食シーズンの後，Beverton–Holt 差分方程式モデルにより与えられた，生き残った個体による繁殖が，次の捕食シーズンの初期条件を定めるという過程によって構築された数理モデルを解析した。model 種と mimic 種は捕食者に同類の餌として認識される。model 個体を捕食した捕食者の捕食確率は 0 に，mimic 個体を捕食した捕食者の捕食確率はある高レベルに遷移する。捕食者個体群サイズは餌個体群サイズに依存せず，一定であるとする。捕食シーズン k 日目の捕食活動時間終了時の，model 個体群サイズ m_k^*，mimic 個体群サイズ x_k^* を，$k+1$ 日目の捕食活動時間開始時の初期値とする。また，捕食活動時間終了時の高捕食確率状態にある捕食者の頻度 p_k^{+*}，捕食回避状態にある捕食者の頻度 p_k^{-*} は，捕食履歴 (記憶) の忘却により，翌日までにある一定の割合で減少し，その減少した頻度分により，翌日の中庸な捕食確率状態にある捕食者の初期頻度 $p_{k+1}^0(0)$ が定まる。以上の数理モデリングによる数理モデルから，(m_k^*,x_k^*) と，(m_{k+1}^*,x_{k+1}^*) の間の差分方程式系を導出することができる。さらに，その差分方程式系に基づいて，$(m_1(0),x_1(0))$ と (m_T^*,x_T^*) の間の関係式が得られる。繁殖シーズンでは，model 個体群と mimic 個体群の繁殖は，Beverton–Holt 差分方程式モデルに従うものとして，捕食シーズン終了時の (m_T^*,x_T^*) と次の捕食シーズン開始時の $(m_1(0),x_1(0))$ の間の関係式が与えられる。これらの関係式により，n 回目の捕食シーズン開始時の餌個体群サイズ $(M_{n,0},X_{n,0})$ と，$n+1$ 回目の捕食シーズン開始時の餌個体群サイズ $(M_{n+1,0},X_{n+1,0})$ の間の関係 (差分方程) 式を導出し，解析することにより，餌個体群の存続条件を導出できる。model 個体群の存続条件は，mimic 個体群サイズに依存しないが，mimic 個体群の存続条件は，model 個体群サイズと捕食者の探索像記憶保持の程度に依存することが証明できた。

In this work, we analyze a mathematical model of the population dynamics among a model, a mimic, and their predator populations. The predator changes its predation probability by memorizing and forgetting its search image. We analyze a mathematical model consisting of the per day population dynamics with ordinary differential equations, the per season population dynamics with difference equations, and the per year population dynamics with difference equations. The reproduction is given by what is called Beverton–Holt model. Each predation season is composed with the per day dynamics repeated day by day in T days. The predator cannot distinguish the mimic from the model, so that each predator searches and attacks them with common probability. Once a predator predates a model individual, it comes to omit both the model and the mimic species from its diet menu, and then not to search nor attack them in the same day. If a predator predates a mimic individual, it comes to increase the search and attack probability for the model and the mimic. The predator population size is assumed to be kept constant, independently of the model and the mimic population sizes. The model and the mimic population sizes, m_k^* and x_k^*, at the end of the k th day in the predation season give their initial values at the beginning of the $k+1$ th day. The frequency of predators with higher predation probability, p_k^{+*}, and that with zero predation probability, p_k^{-*}, at the end of the k th day decreases by a rate until the next day, because of the predator's forgetting the searching image. Hence, there is a positive frequency of predators with an intermediate (native) predation probability at the beginning of each day in the predation season. We derive a difference equation system to give the relation between (m_k^*,x_k^*) and (m_{k+1}^*,x_{k+1}^*). With the derived differential equations, we can get the relation between $(m_1(0),x_1(0))$ and (m_T^*,x_T^*). The reproduction of the model and the mimic populations is given by Beverton–Holt model, which subsequently gives the relation between (m_T^*,x_T^*) at the end of the predation season and $(m_1(0),x_1(0))$ at the beginning of the next predation season. With these relations, we can derive and analyze the relation between $(M_{n,0},X_{n,0})$ at the beginning of the n th predation season and $(M_{n+1,0},X_{n+1,0})$ at the beginning of the $n+1$ th. Then, we can find the condition for the persistence of model and mimic populations. At last, we can get the result such that the condition for the persistence of model does not depend on the mimic population size, while the condition for the persistence of mimic population does depend on the model population size and the degree of the predator's memory of the search image.

卒業論文要旨

削減効果を導入した離散時間型競争モデルの解析

Analysis of a discrete-time competition population dynamics with harvesting effect

国貞 宗久
広島大学理学部数学科
Munehisa KUNISADA
Department of Mathematics, Faculty of Science,
Hiroshima University, Kagamiyama 1-3-1, Higashi-hiroshima 739-8526 JAPAN
B054245 @ hiroshima-u.ac.jp

本研究では，競争２種系に人為的な個体群サイズ削減操作を行なうことによる個体群サイズ制御について考察する。扱うモデルは削減効果を導入した次の離散世代型２種競争系モデルである：

$$
\begin{aligned}
N_1(t+h) &= \frac{e^{r_1 h}(1-\rho_1)}{1+\phi_{r_1}(h)\Theta_1\beta_1 N_1(t)+\phi_{r_1}(h)\Theta_2\gamma_{12}N_2(t)}N_1(t) \\
N_2(t+h) &= \frac{e^{r_2 h}(1-\rho_2)}{1+\phi_{r_2}(h)\Theta_2\beta_2 N_2(t)+\phi_{r_2}(h)\Theta_1\gamma_{21}N_1(t)}N_2(t)
\end{aligned}
\tag{1}
$$

ここで，$\phi_{r_i}(h)=(e^{r_i h}-1)/r_i$ ，$\Theta_i=\theta+(1-\theta)(1-\rho_i)$ である。$N_1(t)$，$N_2(t)$ は，それぞれ，種 1 と種２の時刻 t における個体群サイズであり，h は引き続く世代間の時間ステップ長である。種 i の同種個体群サイズから受ける密度効果の強さを表す種内競争係数を β_i，種 j から種 i への密度効果による増殖率減少の影響の強さを表す種間競争係数を γ_{ij}，種 i の内的自然増殖率を r_i ，種 i を削減する割合を ρ_i，時間ステップ h 内における削減時点を表すパラメータを θ とする。このモデルの平衡点の存在性と安定性は，常微分方程式系による Lotka–Volterra 型２種競争系のそれらと同等である。

数理モデル (1) の解析結果により，削減効果が導入された場合の共存平衡点における個体群サイズが，削減効果のない場合よりも２種共に高いレベルに遷移する条件，２種共に低いレベルに遷移する条件，内１種のみが高いレベルに遷移する条件を導出した。そして，これらの結果に基づいて，リサージェンス (害虫の誘導多発性現象) や生物保全の問題に関連する議論を試みた。

In this study, we consider the population size control with harvesting a portion of the population in the competing two species system. We analyze the discrete competition population dynamics with harvesting effect, given by (1). The existence and the stability of equilibria for (1) are equivalent to those of Lotka–Volterra two species competition system with ordinary differential equations.

Making use of the results obtained by analyzing (1), we can find the condition that both population sizes at the coexistence equilibrium under the harvesting effect become greater than those without harvesting. We can find the other condition such that the harvesting results in the decrease of equilibrium population sizes for both species, and that it does in the decrease for one species and the increase for the other. With these results, we try to discuss the harvesting effect according to the resurgence problem or the biological management.

卒業論文　自動車のデザインの系統樹からみるミームの系統進化

名古屋大学 情報文化学部 自然情報学科 前田 実里

１　はじめに

自動車のデザインは多種多様である．そのスタイルの形成過程において，自動車のデザインが車種から車種へ受け継がれていくとすれば，デザインの単位を文化の遺伝子，つまり，ミームとしてとらえることができ，さらにその変異や消費者による選択を考え合わせることにより，デザインの多様な進化を生物と同じ手法で扱うことが可能になる．本研究では，文化進化に関する知見を得ることを目的として，題材として自動車のデザインを取り上げ，現在市販されている車種に関する系統ネットワークを作成することにより，その文化的交流を可視化し，それに基づいて分析を行った．

２　自動車デザインの遺伝子表現と系統樹の生成

本研究では車のデザインの中でも，特に，車体の形状と外装のデザインについて系統樹を作成した．これは，外装が流行や需要を大きく反映しやすく，車種間での盛んな遺伝的交流を期待できるためである．

各車種の遺伝情報は次のように定めた．まず，車体の幅や高さは，それぞれ数種類の長さに類別し数ビットで表した．また，スライドドアなど有無で区別できるものは１ビットで，サイドミラーやライトの形状など複数の形があるものについてはそれぞれにビットを割り当て，対応する形状があれば１，ない場合は 0 を割り当てた．本研究では，車両前面のデザイン（グリルやライトの種類・位置など）に特に注目して遺伝子表現を設計した．以上の方法で，計 78 ビットの遺伝情報を 2008 年 7 月時点で購入可能な国産新車 178 台について作成した．なお，車のデータは『国産車のすべて vol.2　ザ・マイカー2008 年 7 月 1 日号増刊』（ぶんか社）に基づく．遺伝情報から車種間のハミング距離を算出して距離行列を作成し，田村ら[1]と同様に NeighborNet[2]を用いて系統ネットワークを作成した．ネットワークの描画に SplitsTree4[3]を使用した．

３　系統樹の分析

生成された系統樹を図 2 に示す[4]．各末端が各車種に相当し，車種名の色が車体形状の種類（以下スタイルと呼ぶ），名称の前の略称が各メーカーに対応する．網目状になっている部分は，形質の交流（水平伝播）が生じているところであると考えられる．全体としてスタイル毎に集まっており，おおまかに，図中右下から時計回りに，軽自動車（右下）—SUV（左下）—ミニバン（左）—ステーションワゴン（左上）—セダン・サルーン（上）—スポーティ（右上）のように分布している．コンパクトカーは系統樹の右側に多く存在すると同時にほぼ全域にも分布していることがわかる．

各スタイルでの系統の構造に注目する．ミニバンは主に図中左側に位置しており，中心付近で極めて細かく密な網目が存在すると同時にそこから放射線状に数多くの枝が伸びている．これは，各車種の基本的な構造はほぼ同様であり，細かな点についてのみ違いがあることを示している．近年のミニバンブームにおける各社の競合による相互の遺伝的交流の結果，同様の車種が多く作られた結果を示唆していると考えられる．一方，図中右下の軽自動車については，中心付近からいくつかの大きな系統が伸び，それらが互いに網目構造を作りつつ広く分布していることがわかる．これは，軽自動車としての形状の大きな制約を満たしつつも多様な用途を目的として様々な車種が共存した結果であることを示していると推測できる．また，コンパクトカーが図中に広く分布していることは，どのようスタイルにおいても比較的小型な自動車の需要があることを示していると考えられる．そのほか，多目的な用途に利用される SUV なども比較的広い分布を持つことや，極端な形状を持つスポーツカーなどは系統樹の端に集中するなど，各スタイルのデザインの発展に応じた状況を系統樹から読み取れることが示された．

次に，メーカー別の分布の傾向について分析する．各スタイルにおいて，同じメーカーの車種は近くに位置しやすい傾向が認められる．メーカー別では，トヨタは最も車種が多く，軽自動車をのぞく全域に分布する傾向があり，それを補う形でダイハツが軽自動車に分布している．ダイハツが軽自動車を主に扱うトヨタの子会社であるためであろう．特に，トヨタ車は各スタイルの系統の中心付近に存在し密な網目構造をもつことが多いことがわかった．これは，その周辺に位置するホンダ・日産などの他メーカーを含む各車種との遺伝的交流が生じやすい位置にあることを示しており，他メーカーと頻繁に影響し合ってきた（他社デザインを利用したり/されたりしがちである）ことを意味する．一方，三菱は車種が少ないが全体にまんべんなく分布していると同時に，各車種の枝に網目が比較的少なめである．これは，車種の持つ独自色の強さの表れである可能性が考えられる．

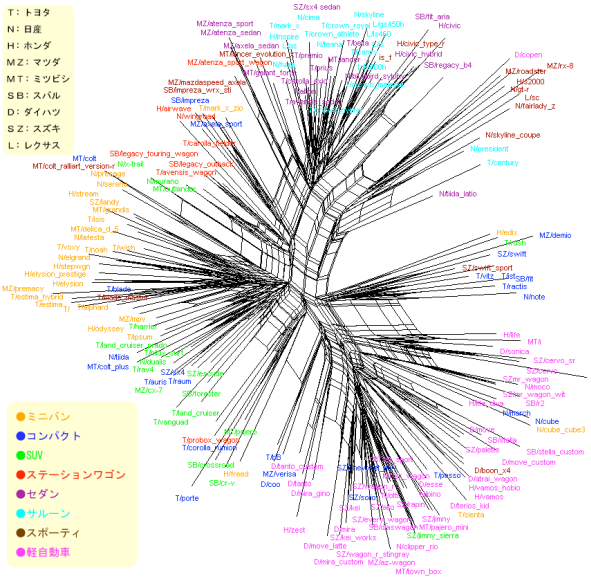


図 2 自動車のデザインの系統ネットワーク．各車種のクラスを色で，メーカーを名称前の略称で示した．

最後に，他社に OEM 供給されている車種と，そのオリジナル車種との系統樹での比較を行ったところ，両者は極めて近い位置に存在し，枝の末端に近い位置まで網目構造が存在する傾向があり，遺伝子距離も極めて近いことなどがわかった．
これは，OEM 供給が異なるメーカー間での遺伝的交流を促進することを表していると考えられる．

４　おわりに

本研究では，文化的遺伝子（形質）の進化ダイナミクスの理解を目指し，自動車デザインの系統ネットワークを描いた．系統樹を分析した結果，車種の分布とネットワーク構造から，スタイルごとの状況やメーカーごとの影響力の傾向の違いなどが示されることが明らかになった．

参考文献

[1] 田村光平，鈴木麗璽，有田隆也: 日本語方言の系統樹からみるミームの系統進化，情報処理学会第 70 回全国大会講演論文集, 2, 501-502, 2008.

[2] D. Bryant and V. Moulton,“NeighborNet: An agglomerative method for the construction of planar phylogenetic networks”, *Molecular Biology and Evolution*, 21, 255-265, 2004.

[3] D. H. Huson and D. Bryant, “Application of Phylogenetic Networks in Evolutionary Studies”, *Molecular Biology and Evolution*, 23(2), 254-267, 2006.

[4] 前田実里，鈴木麗璽，有田隆也: 自動車のデザインの系統樹からみるミームの系統進化，情報処理学会第 71 回全国大会講演論文集, pp. 2-357, 2009.

2008年度　卒業論文
DNA Tripletの繰り返しの変化に関するシミュレーション

奈良女子大学　理学部　情報科学科
自然情報学講座　高須研究室　北岸靖子

DNA（デオキシリボ核酸）は核酸の一種である。1分子のDNAは2本の鎖から構成され、この鎖はヌクレオチドという化合物が多数つながってできている。それぞれのヌクレオチドは、糖（デオキシリボース）とリン酸と塩基からなる。塩基にはアデニン(A)、グアニン(G)、シトシン(C)、チミン(T)の4種類がある。塩基の結合には相補性があって、AとT、GとCが特異的に結合し、他の組み合わせで結合することはない。このため、一方のDNA鎖の塩基配列が決まれば他方も決まる。DNA Tripletとは、3つのヌクレオチド塩基の配列のことであり、1つのTripletが1つのアミノ酸を指定する。塩基3つで64種類を区別してコードし、20種類のアミノ酸を区別して指定している。

染色体上のDNA Tripletの繰り返し数の異常は、ハンチントン病や脆弱X症候群といった遺伝病を引き起こすことが知られている。これら2つの病気は同じような仕組で発生すると考えられる。そこで本研究では、DNA Tripletの繰り返し数がどのように増えていくのかをよりよく理解するために、モデルを組み立てて解析した。

まず、最も単純なモデルとして、繰り返し数が1つずつしか増減しないモデルを考えた。ある一定の繰り返し数を持つ細胞が複数個あると想定し、一定時間経過後の繰り返し数がどうなるかを調べた。簡略化するために、1回複製する毎に細胞の数は倍になり、細胞数が減ることはないものとした。繰り返し数が1増える場合も減る場合も起こりうる確率は同じだと仮定し、繰り返し数が変化する確率より変化しない確率の方が高くなるよう初期値を設定した。

次に、モデルを拡張して、1回複製したときにi回までTripletの繰り返し数が増減しうるものを考えた。（$i = 1, 2, 3, \cdots, N$）繰り返し数の変化量が多ければ多いほど起こる確率は低いと考えられるので、繰り返し数が1増減するときの確率Pをある定数とし、繰り返し数が1回増減するごとに確率が直線的に減少するものとした。

それから、現実の繰り返し数を考慮して、ハンチントン病と脆弱X症候群のモデルを考えた。上記のモデルでは、どの繰り返し長のDNAでも繰り返し数が変化する確率は同じである。しかし、実際は、繰り返し数はある一定の値以上になると急増することが知られている。そこで、より現実的なモデルにするために、繰り返し長に応じて繰り返し数の変化する確率が変わるようにした。

モデルの実行結果から、繰り返し数の初期値が大きいほど繰り返し数が急速に増加することが分かった。実際に発症した人は、体内のどの細胞でも該当するDNAでTripletの繰り返し数に異常が見られることが知られている。しかし、1つの細胞の繰り返し数が増加したとしてもそれが全身の細胞に影響を及ぼすとは考えにくい。従って、 実際に発症するのは、親が生殖細胞のDNAに異常をきたしていた場合であると考えられる。受精卵の時点で該当するDNAのTripletの繰り返し数に異常をきたしていたら、全身の細胞は受精卵が分裂してできたものなので、全身の細胞の繰り返し数に異常が見られると考えられる。

(卒業論文)　階層的遺伝子ネットワークの進化の GA によるシミュレーション

琉球大学工学部 機械システム工学科 中島真司

1　緒言

遺伝子には，多数の遺伝子の働きを制御する役割を担う，より高位の遺伝子が存在し，それを調節遺伝子 と呼ぶ[1]．そしてそのような，ある遺伝子が他の遺伝子の働きを階層的に制御するような構造を持つものを，本研究では階層的遺伝子ネットワークと呼ぶ．今日様々な生物において遺伝子ネットワークに階層構造がみられる．我々の興味は，なぜ遺伝子ネットワークが階層構造をもつに至ったかというところにあり，その原因は環境の変化ではないかと考え，シミュレーションを行ったところ，それだけでは，うまく進化は起こらなかった．そこで個体集団に多様性が必要ではないかと予測し，本研究では，進化シミュレーションに島モデル GA を用い，環境の変化に対する遺伝子ネットワークの進化をみていく．

2　遺伝子ネットワークのモデル

個体 I は，n_{g} 個の遺伝子で構成される染色体をもち，n_{p} 次元の表現型ベクトルから構成される．遺伝子型の i 番目の要素である遺伝子 g_i の定義を以下に示す $(i = 1, 2, ..., n_{\mathrm{g}})$．

$$g_i = (x_i;\ \boldsymbol{w}_i,\ \boldsymbol{v}_i), \tag{1}$$

$$\boldsymbol{w}_i = (w_{1i}, w_{2i}, ..., w_{n_{\mathrm{g}}i}),\quad \boldsymbol{v}_i = (v_{1i}, v_{2i}, ..., v_{n_{\mathrm{p}}i}). \tag{2}$$

ここで，$x_i(\geq 0)$ は増幅係数であり，この値の増減により，その遺伝子自身だけでなく，その他の遺伝子にも影響が及ぶ．また，1 番目の遺伝子 g_1 は他の複数の遺伝子を発現させるためだけに存在するトリガーであると定義する．w_{ji} は因果係数と呼び，遺伝子 g_i から遺伝子 g_j への，v_{ji} は，遺伝子 g_i から表現型 p_j への，因果関係を表し，1(因果関係がある) または 0 (因果関係がない) で表現する．ただし $w_{ii} = 0$，$v_{i1} = 0$ とする．評価の対象となる表現型ベクトル $\boldsymbol{p}$ の成分 $p_k(k = 1, 2, ..., n_{\mathrm{p}})$ は以下の式で定義する．

$$p_k = \sum_{j=2}^{n_{\mathrm{g}}} v_{kj} y_j,\quad y_i = x_i \sum_{j=1}^{i-1} w_{ij} w_{ji} y_j,\quad y_1 = 1. \tag{3}$$

ここで，$y_i(i = 1, 2, ..., n_{\mathrm{g}})$ は遺伝子 g_i がコードしているタンパク質の生産量をイメージした遺伝子の出力値である．また，簡単のためループを生じさせないようにした．遺伝子 g_i と g_j の因果関係は w_{ji}, w_{ij} の論理積となっているが，これは 2 つの遺伝子の関数として，因果関係を表現するためである．

3　シミュレーション方法

3.1　島モデル GA　遺伝的アルゴリズム (GA)[2] とは，生物の進化を模倣したアルゴリズムであり，一般に選択，交叉，突然変異の 3 種の遺伝的操作を複数の個体からなる個体集団に対して使用する．島モデル[3] は，個体集団を地理的に隔離し，複数の交配集団に分けるモデルである．一定の世代間隔で個体の移住が行われる．シミュレーションは，島一つ (One-Island Type: 通常の GA と同じ)，自由移動型 (Free Migration Type: どの島間でも移住可能)，リング型 (Ring Type: 隣合う島間でのみ移住可能) の 3 種類で行う．

3.2　各設定とパラメタ　交叉は遺伝子 g_i 毎の一様交叉，突然変異は，因果係数はビットの反転，増幅係数は平均 0 標準偏差 0.15 の正規乱数を加える．遺伝子数 $n_{\mathrm{g}} = 7$，表現型ベクトル次元数 $n_{\mathrm{p}} = 5$，学習回数 10000，個体集団数 $P_{\mathrm{size}} = 800$(40 個体 $\times$20 島．50 世代毎に移住が起こる)，遺伝子毎におこる突然変異率 0.08，遺伝子に突然変異が起こった際に因果係数毎に起こる条件付突然変異率 0.03 とする．個体数の 4 倍の子孫をつくり，適応度が上位 1/4 の個体を次世代に残す．個体の適応度は $f(\boldsymbol{t}; \boldsymbol{p}) = 1/\|\boldsymbol{t} - \boldsymbol{p}\|$ とする．ここで，$\boldsymbol{t}$ はターゲット表現型ベクトル，$\boldsymbol{p}$ は表現型ベクトルである．

3.3　環境変動　ターゲット表現型ベクトル $\boldsymbol{t} = (t_1, t_2, t_3, t_4, t_5)$ としたとき，環境の変化は，$t_1 = t_2 = t_3 = T_1(s), t_4 = t_5 = T_2(s)$ とする．ここで s はそのときの世代数である．$T_1(s), T_2(s)$ は環境変動関数と呼び，以下の式で定義する．

$$T_1(s) = a_1(s)a_2(s),\quad T_2(s) = a_1(s)a_3(s) \tag{4}$$

$$a_i(s) = 1 + \lambda_i \cos(\omega_i s)\quad (i = 1, 2, 3) \tag{5}$$

ただし，$\lambda_1 = 0.3,\ \lambda_2 = \lambda_3 = 0.2$，$\omega_1 = 2\pi/150,\ \omega_2 = 2\pi/125,\ \omega_3 = 2\pi/175$ とする．また，a_i は環境因子であり，その因子に対して一組とみなせるユニットが，p_1, p_2, p_3 で一つ，p_4, p_5 で一つ，$p_1, ..., p_5$ で一つと 3 つある．また，このようなある環境因子に対して一組の成分とみなすユニットは，生物の形質の一つの機能として表現しているので，機能ユニットと呼ぶことにする．

3.4　階層的遺伝子ネットワークの定義　ある遺伝子 g_i が，機能ユニットを正確に調節するとは，その遺伝子の増幅係数に変異が起きたとき，その機能ユニットに属する表現型成分すべてに同じ倍率で変化が起き，それ以外の表現型成分にはまったく変化が起きないことをいう．階層的遺伝子ネットワークとは，任意の機能ユニットに対して，それを正確に調節する遺伝子が存在する遺伝子ネットワークと定義する．

4　シミュレーション結果

各シミュレーションについて 100 回トライアルを行った．図 1 は，階層的遺伝子ネットワークの比率のアンサンブル平均を縦軸にとり，横軸に世代数と取っている．ただしグラフを見やすくするため，平均 0，標準偏差 100 のガウス関数で畳み込みをして平滑化し，0〜300 世代，9700〜10000 世代のデータをカットしている．図 2 は，リング型でのシミュレーションのうち階層的遺伝子ネットワークに進化した一例である．遺伝子 g_i を円で表現し，表現型ベクトル成分 p_i を四角で表現している (小さくて見にくいが，上の数字は g_i, p_i の i に相当するものであり，下の実数は x_i, p_i を表している)．$w_{ij} = w_{ji} = 1(i < j)$ のとき g_i から g_j に，$v_{ij} = 1$ のとき g_j から p_i にネットワークがあるとみなし矢印で表示している．

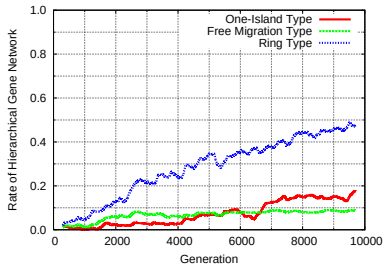


図 1 階層的遺伝子ネットワークの比率

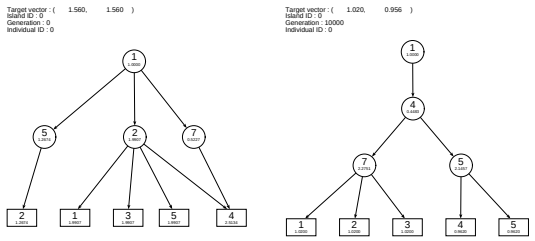


図 2 階層構造に進化した一例 (左 0 世代目，右 10000 世代目)

5　考察

図 1 のグラフで，最終的にリング型 (青の破線) が最も高い比率となった．その次に，島一つの通常の GA(赤の実線)，自由移動型 (緑の破線) の順となっている．これは，リング型が，より長く多様性を維持できたためだと考えられる．

参考文献

1) Bruce Alberts，中村 訳，「細胞の分子生物学 (第 3 版)」，ニュートンプレス，2003

2) 北野宏明，「遺伝的アルゴリズム 1」，産業図書，1999

3) T. C. Belding, Distributed Genetic Algorithm Revisited, in *Proceedings of the Sixth International Conference on Genetic Algorithms*, pp144-121, 1995

卒業論文　自己組織モデルのための神経場における局在振動の研究

宮田 龍太　琉球大学機械システム工学科 倉田研究室

1 局在振動モデル

神経場の局在振動の方程式は以下の式で与えられる．

$$
\begin{cases}
\dot{u}(x,t) = -u(x,t) - cf(v(x,t)) - \theta_u \\
\qquad + \gamma_1 f(s(x,t)) + \gamma_2 \sum_{\xi} w_2(x-\xi) f(u(\xi,t)) \\
\qquad + I_{\mathrm{ex}}(x,t), \\
\dot{v}(x,t) = -v(x,t) + cf(u(x,t)) - \theta_v, \\
\tau \dot{s}(x,t) = -s(x,t) + \sum_{\xi} w_1(x-\xi) f(u(\xi,t)) - \theta_s.
\end{cases}
\tag{1}
$$

上式の $u(x,t)$ はアクティベータ，$v(x,t)$ はインヒビタであり，この二つの細胞で神経振動子を成す．$s(x,t)$ はアクティベータ層に層内結合を形成するインターニューロンであり，大きな一次遅れをもっている．これらの三細胞で一つのコラムを構成している．$I_{\mathrm{ex}}(x,t)$ は外部入力である．$f(s)$ は $s(x,t)$ の出力で，多少の脈動はあるものの，ある程度の時間区間における $u(x,t)$ の平均となる．インターニューロンを介したアクティベータの層内結合は局在振動を安定に保持する働きをする．一方，アクティベータはインターニューロンを介さない層内結合 w_2 ももっている．こちらは微弱で遅れのない相互作用により位相同期 (phase-locking) を実現する結合である．Fig.1 のメキシカンハット関数は，自分自身の影響を除くために $w_i(0) = 0 \quad (i = 1, 2)$ としている．

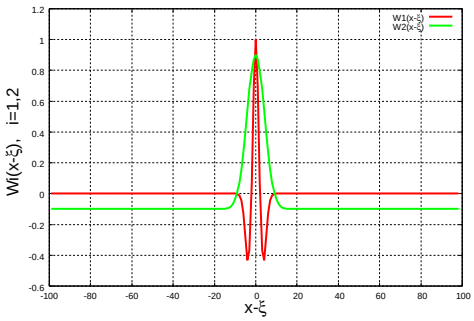


Figure 1 Mexican-hat functions

2 シミュレーション

2.1 設定 2 次元配列の神経場では，局在振動の方程式での x を $\boldsymbol{x} = (x, y)$，ξ を $\boldsymbol{x}' = (\xi, \eta)$ と変更する．縦 × 横が 30×30 の 2 次元配列の振動子 900 個で，最初は低い閾値により，すべての細胞を振動させた状態 ($\theta_u = -0.3$，$0 \le t < 100$) から，閾値を上げる ($\theta_u = 1.07$，$100 \le t < 200$) ことにより局在振動を得る．さらに閾値を上げる ($\theta_u = 1.11$，$200 \le t$) ことで局在振動の在存条件をより厳しくするシミュレーションを，時間刻み幅 0.1 の Runge-Kutta 法により行なった．またこのとき Fig.2 のような，細胞の出力に影響を及ぼさない微弱な外部入力 I_{ex} を終始加え続けた．この外部入力の極大は $(x, y) = (5, 5)$，$(x, y) = (25, 25)$ である．各パラメータは $c = 2$，$\theta_v = 1$，$\theta_s = 0.1$，$\tau = 15$，$k = 40$，$\gamma_1 = 1$，$\gamma_2 = 0.02$ で，隣り合う細胞間の距離は 1 とした．各細胞の初期値は，$u(\boldsymbol{x}) = 0.2$，$v(\boldsymbol{x}) = -0.2$，$s(\boldsymbol{x}) = 0.5$ とした．

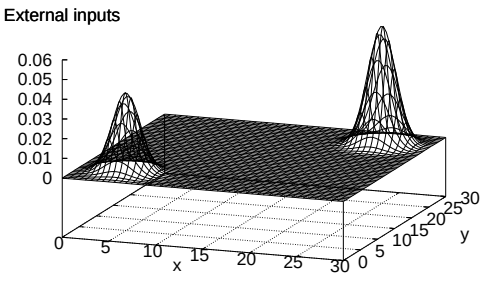
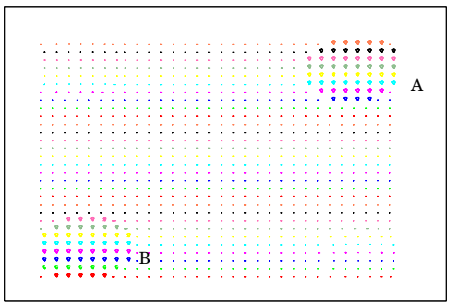
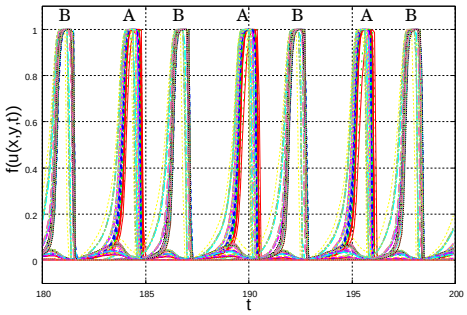


Figure 2 External inputs on simulation

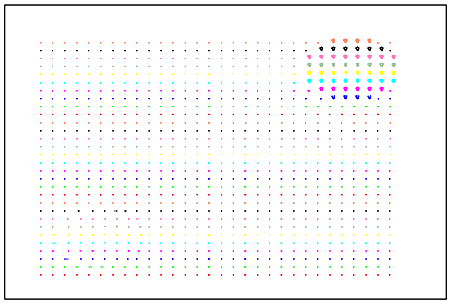
2.2 結果 全体が振動している状態から閾値を上げることによって，Fig.3(a) のような関数 I_{ex} の二つの極大値の付近に局在振動が生じた．Fig.3(b) より，局在振動間は逆位相になっていることがわかる．さらに閾値を上げることで，最大値の付近にだけ Fig.3.(c)，(d) のような局在振動が一つ残る結果となった．



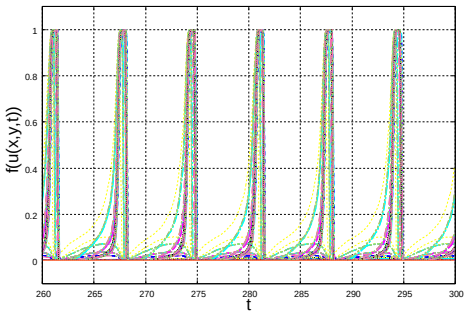
(a) Two localized oscillatory excitations on an oscillator field



(b) $f(u)$-t plot with $\theta_u = 1.07$



(c) A localized oscillatory excitation on an oscillator field



(d) $f(u)$-t plot with $\theta_u = 1.11$

Figure 3 Results of simulation

3 まとめ

神経振動子場上に局在振動を二つ共存させると，それぞれの局在振動内では同位相，局在振動間では逆位相に引き込むことがわかった．これにより，二つの局在振動による選択的 Hebb 学習を行なうことが可能であると思われる．選択的 Hebb 学習とは，細胞間の結合が増大するのは細胞同士が同位相で振動的興奮をしている場合のみであるという規則である．また，局在振動は I_{ex} の複数の極大値を検出する機能があることがわかった．これにより，本モデルに基づいた振動子型の自己組織モデルを開発し，また複数入力の結び付け問題を取り扱うことが可能であると思われる．今後の課題は局在振動を SOM に組み込んで実際の結び付け問題を解くことである．

参考文献

(1) 甘利俊一：“ 神経回路網の数理 -脳の情報処理様式- ”，産業図書株式会社 (1978)

(2) 稲井義正 木内陽介 牛田富之：“ 2 層非線形神経場の局在興奮振動解の性質 ”，電子通信学会論文誌，Vol.J69-A，No.3，pp.429-435 (1986)

修士論文

日本酒醸造過程の数理モデル

久保　悠

岡山大学大学院　環境学研究科　社会基盤環境学専攻

１．　初めに

微生物を利用して作られる食品は、酒、茶、大豆製品や乳製品など様々な種類がある。中でも、日本酒は非常に様々な技法を使って作られており、醸造酒としては世界一のアルコール度数をもつ。

本研究では、日本酒醸造の過程を微生物とそれらによる生成物の相互作用の観点から数理モデル化し、それを用いて日本酒醸造における伝統技法をシミュレーションした結果を記述する。特に、並行複発酵、三段仕込みなど実際に活用されている技法の有利性を示すことができるようなモデルの形、パラメータ、初期値を探すことが主たる目的である。

２．　日本酒醸造について

図 1：日本酒醸造の流れ

日本酒の醸造の過程は大きく分けると、米のデンプンを糖化するための麹菌を繁殖させるための製麹と、糖化されたブドウ糖をアルコールに作り変える清酒酵母を培養する酒母、そしてそれらを仕込んでいくもろみの三段階に分けられる。

特に最後のもろみの工程は糖化と発酵を同時に行う「並行複発酵」という技法が用いられる。これは、清酒酵母は糖を餌にアルコールに造り変えていくものの、多量の糖の中では生理的活性が下がってしまうので、徐々に糖を供給するための手法である。

また「三段仕込み」といって、材料を三度に分けて仕込むことによってより一層糖の供給を緩やかに行う。

３．　日本酒醸造（並行複発酵）のモデル

並行複発酵が行われるもろみにおいて、まず米のデンプンを餌に麹菌が酵素によって分解し、ブドウ糖を生成する。次にそのブドウ糖を清酒酵母がアルコールに作り変える。この一連の流れをモデルに表すと次のようになる。

$$\frac{dS}{dt} = -aSM \qquad \frac{dM}{dt} = bSM - cM$$

$$\frac{dG}{dt} = aSM - wGF \qquad \frac{dF}{dt} = xGF - yF \qquad \frac{dA}{dt} = \frac{1}{2}wGF$$

ここで、左式は糖化、右式は発酵を表す。

S(Starch)：デンプン, M(Malt)：麹菌, G(Glucose)：ブドウ糖,

F(Ferment)：清酒酵母, A(Alcohol)：アルコール

a：デンプンの消費、ブドウ糖の生成,

b,x：麹及び酵母の増殖,　c,y：麹及び酵母の減少

w：ブドウ糖の生成、アルコールの生成

この並行複発酵と、糖化と発酵を別にして行う単行複発酵のモデルを実行して比較したものが図２である。

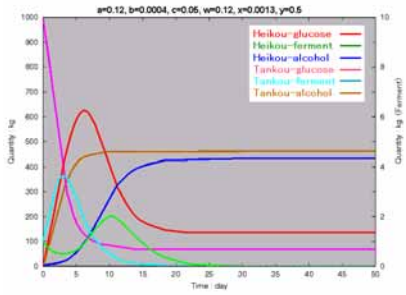


図２：並行－単行複発酵比較

基本モデルでは糖濃度が 20%超えると酵母の活性低下が起こる、という要素を含んでいない為に一気に糖が供給される単行複発酵方がアルコールが多く生成される。

４．　酵母の活性低下を含む並行複発酵モデル

酵母の活性低下を酵母の増殖率とアルコール発酵率の低下ととらえ、以下のように発酵を示したモデルを変えた。（n：正の定数とする）

$$\frac{dG}{dt} = aSM - wk(G)F \qquad \frac{dF}{dt} = xk(G)F - yF \qquad \frac{dA}{dt} = \frac{1}{2}wk(G)F$$

$$k(G) = \begin{cases} G & (G < 700) \\ \dfrac{700^{n+1}}{G^n} & (G \geq 700) \end{cases}$$

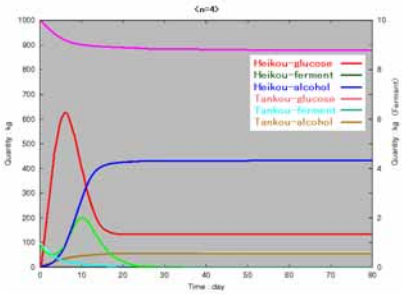


図３：並行－単行複発酵比較２

単行複発酵では酵母が増殖することができず十分に発酵を行えず、並行複発酵有利となった。

実際の醸造を示すには酵母の活性低下を考える必要があることが分かった。

５． 三段仕込みのモデル

	酒母	1. 初添え（1日目）	2. 仲仕込（3日目）	3. 留仕込（4日目）	計
米（デンプン）	1 (95kg)	×2.1 (199.5kg)	×4.3 (408.5kg)	×7.5 (712.5kg)	1415.5kg
麹	1 (45kg)	×1.8 (81kg)	×2.8 (126kg)	×3.9 (175.5kg)	427.5kg
水	1 (155ℓ)	×1.6 (248ℓ)	×4.1 (635.5ℓ)	×8.1 (1255.5ℓ)	2294ℓ

図４：三段仕込みの配合例

三段仕込みは図４のように３度に分けて仕込まれる。初添えを行った翌日は踊りといって麹や酵母の増殖を図る。これらを参考に初期値を設定する。

モデルは３節の並行複発酵のモデルを使用する。ここで、酵母の活性低下を以下のように設定する。

- ブドウ糖濃度が 20%以上：増殖発酵不可（w=0, x=0, y=0）
- アルコール濃度が 10%以上：増殖不可、発酵可（x=0, y=0）
- アルコール濃度が 20%以上：発酵不可（w=0）

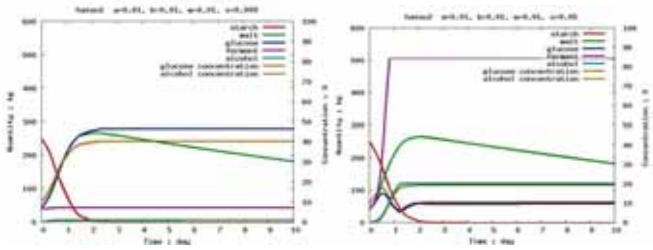


図 5,6：三段仕込み－初

図 5,6 の結果はパラメータを変更したものである。この三段仕込みでは、ブドウ糖が大量に生成して酵母が増殖不可となり、発酵できなくなるか(左)、酵母が増殖したものの初の時点でアルコールが 20%に達し（右)、実際の醸造の状況を示すことができなかった。

６． 麹の糖化酵素を考えた三段仕込みモデル

麹菌が順調に増殖するのでその分大量に生成するブドウ糖が問題であると考え、糖化は麹の酵素の働きによるものであることに注目した。

麹菌は増殖していくと一定となるように上限を設けて糖化酵素が糖化を行うという条件を加える。

・麹菌の濃度が 20%以上：麹の増殖不可、量は一定（b=0, c=0）

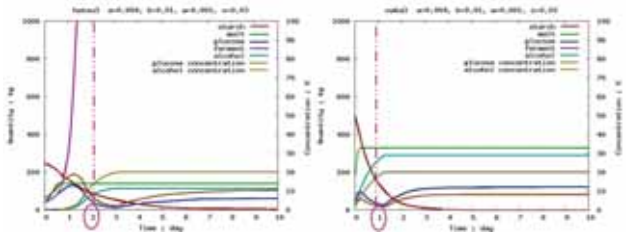


図７：糖化酵素を考慮した－初 ／図８：糖化酵素を考慮した－仲

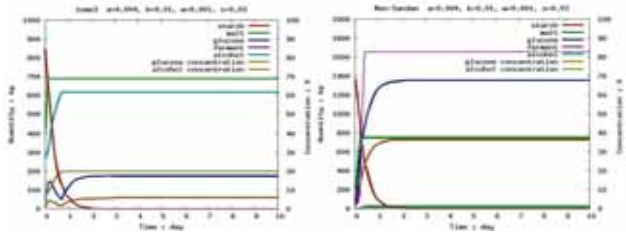


図９：糖化酵素を考慮した－留 ／図 10：一段仕込み（比較用）

初添えの 2 日後に仲仕込み、仲仕込みの翌日留仕込みを行う(図７～９)。次の仕込みに移るのにほどよくブドウ糖が生成し、酵母が増殖して発酵が少しずつ始まる。図９の最後の留仕込みを行うとすぐにアルコールが 20%に達し、発酵が完了する。

時間スケールが実際の醸造と合わなかったものの、最終的な状態としては残ったブドウ糖濃度も約５%と実際の原酒とほぼ同じであり、適切なシミュレーションだと思われる。

図 10 では比較の為に同じパラメータで三段仕込みをせず、一気に仕込んだときの結果である。このとき、多量のブドウ糖が生成され、すぐに 20%に達するので酵母が発酵を行うことができない。

７． 考察

糖分が発酵に必要である一方で、多量にあると害にもなることを適切にモデルに組み込む必要がある。酵母の活性低下は酵母の増殖率とアルコールの発酵率と考えるべきである。。

並行複発酵の有利性を示すには酵母の活性低下を適切に示す必要があり、三段仕込みの有効性を示すにはさらに麹の糖化酵素の作用によると推定される。

糖化酵素の条件を加えることによって一気に仕込むと上手く発酵が行えなくなる。三段仕込みで酵素がブドウ糖を生成し、それを餌に酵母が増殖と発酵を徐々に行うことによって実際の醸造の状況を示すことができた。

実際には微妙な温度調節によって発酵の速度を調節するので、温度などのパラメータを組み込むことによって時間スケールに合ったシミュレーションが可能になるのではないかと考える。

修士論文

多系統間重複流行下におけるインフルエンザ新系統誕生条件

九州大学大学院理学府生物科学専攻数理生物研究室

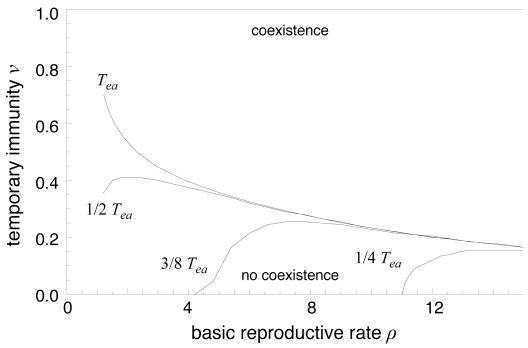
大森亮介

要旨

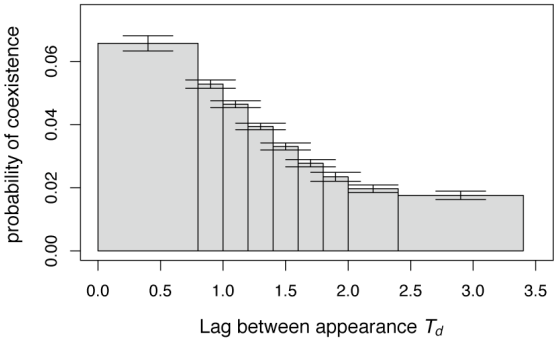
インフルエンザウイルスは免疫学的な多様性の為に進化ダイナミクスの系の次元が非常に高くなってしまう為に将来流行する系統の予測が困難である。また、このような免疫学的多様性を有するウイルスでは、免疫学的に類似する系統間で宿主免疫の交叉反応が起きる事があり、抗原の進化はこれにより制約を受ける。この結果、インフルエンザの系統樹の形状は細長いものとなっている(新系統の誕生により系統樹が分岐しても、祖先系統と新系統の間の免疫学的距離が近い為免疫交叉反応により祖先系統と新系統の流行が互いに抑制し合い、結果的にどちらか一方が絶滅する為)。いくつかの論文では、この特徴から、近似としてインフルエンザの進化ダイナミクスを一次元と仮定している（新系統が誕生した場合、祖先、新系統のどちらかが常に絶滅し一系統のみが存在する）が、進化ダイナミクスが一次元である様な条件を、線形の進化ダイナミクスを辿った場合の新たな系統の侵入可能性を連立常微分方程式の数値計算により算出する事により調査した。この場合、新系統の侵入不可能領域こそが進化ダイナミクスが一次元である条件となる。本研究では主に新系統と祖先系統の流行時期の重複と侵入可能性の関係性を調べた。

基本モデルは(Andreasen and Sasaki, 2006)に従う。一流行シーズン毎に一定の免疫学的距離分進化すると仮定する。つまり、時間が経つと共に過去に感染した事により獲得した免疫の、現在流行している系統に対する交叉反応は弱まる。さらに、ある年まで常に一つの新系統のみが生き残るとする。そしてある年に、前年の流行系統を共通祖先とする二つの新系統が出現した場合に、この二つの系統が共存した場合に、系統樹は分岐する（新クレードの誕生)。この共存条件は免疫反応強度†とウイルスの基本増殖率で決定される(図１)。もし新系統の流行時期に重なりがないと仮定すると免疫強度が弱ければ弱い程、また基本増殖率が高ければ高い程共存しやすくなる。しかしもし二系統の流行時期に重なりがある場合は、免疫強度と共存の関係は単純なものではなくなる。また、流行時期が重複すればするほど、共存する領域は拡大する。

しかし、上記で得られた結論は進化距離が一定という仮定の元でのみ成り立つものである可能性がある。ここで、multi-locus IBM††により結論が支持されるかを検証した。ここでは一回の突然変異で生まれた子系統と親系統が共存するか否かを共存条件とし、パラメータはこの二系統の流行時期のずれの長さ(T_d)としたところ、統計的に有為に流行時期が重なれば重なる程系統同士が共存することが分かった(図二)(ここでの共存とは子系統に更に変異が起き、孫系統が誕生した場合である)。つまり、偶然に出現時期が同期したような年が新系統の出現の危険性が高い事が示唆される。



図一



図二

†:本モデルには二つの免疫反応を考慮している。一つは交叉反応であり、もう一つは一般免疫応答である。これは感染から短期間の間あらゆる系統に強く応答する免疫反応である。この免疫応答も、インフルエンザの様な進化動態に強く寄与するものと考えられている。

††:抗原決定部位の有限個の塩基配列(multi-locus)を考え、この配列の組み合わせにより抗原多様性を表現する。感染者体内で感染期間に一定確率で突然変異が起き配列が置換することにより新系統が誕生する。そして宿主個体一人一人につき、マルコフ過程により宿主の誕生死亡、各々の系統に対して感染、回復、突然変異を起こす(Individual Based Model)。

引用文献

Andreasen, V. and Sasaki, A., 2006. Shaping the phylogenetic tree of influenza by cross-immunity. *Theor. Popul. Biol.* 70: 164-173.

（修士論文）

制御性 T 細胞の意義についての理論的研究

九州大学理学府生物科学専攻　数理生物学研究室　佐伯　晃一

獲得免疫を持つ生物は常に自己の抗原を攻撃するリスクを持っている。自己抗原を守るための仕組みの一つとして、制御性 T 細胞は他の T 細胞の働きを抑えることができるが、有益な T 細胞の働きまで抑制してしまう。本研究では、T 細胞が外来抗原を排除する利益と自己抗原を攻撃する不利益を考慮して適応度を定義し、制御性 T 細胞の存在が有利となるのかを考えた。

モデルは大きく以下の三つの部分に分けられる。

1. 適応度

T 細胞の働きによる利益と不利益は制御性 T 細胞に抑制されない T 細胞数に比例するとし、適応度を以下のように表す。

$$\Phi = \Lambda + \nu \cdot \boxed{\text{外来抗原を攻撃する T 細胞数}} - \mu \cdot \boxed{\text{自己抗原を攻撃する T 細胞数}}$$

ここで、Λは T 細胞の有無と関係のない適応度、νおよびμは適応度への影響の強さである。

2. T 細胞の選択と分化

まず、体内で頻度の高い自己抗原と反応する未成熟 T 細胞は負の選択で全て排除されるとした。その後、頻度の低い自己抗原と出会った未成熟 T 細胞は制御性 T 細胞になり、出会わなかったものは通常の T 細胞に分化すると仮定した（図１）。

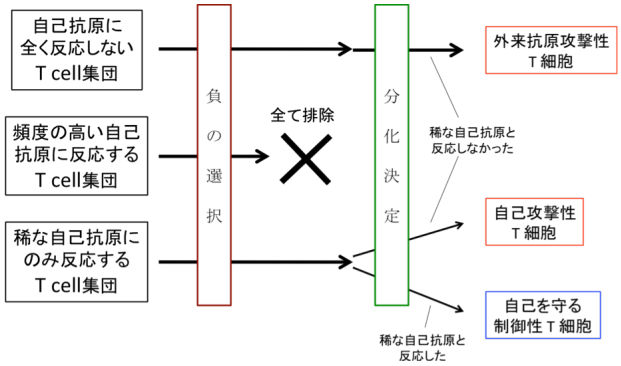


図１　T 細胞の負の選択と分化のスキーム

したがって、頻度の低い自己抗原と反応する T 細胞の数をN_S、頻度の低い自己抗原と出会う回数が平均aでポアソン分布すると仮定すると、分化する制御性 T 細胞の数は$N_S(1-e^{-a})$となる。

3. 制御性 T 細胞による抑制

通常の T 細胞は制御性 T 細胞と直接出会う事によって抑制されるとする。T 細胞同士がランダムに出会うとするとある T 細胞が抑制されない確率は$\exp(-\lambda N_S(1-e^{-a}))$となる。$\lambda$は T 細胞同士の出会いやすさである。

以上を用いて適応度は

$$\Phi = \Lambda + \nu N_f e^{-\lambda N_s\left(1-e^{-a}\right)} - \mu \cdot N_s e^{-a} e^{-\lambda N_s\left(1-e^{-a}\right)}$$

と表すことができる。ただし、N_fは自己抗原に全く反応しないT細胞数である。これを制御性T細胞なしの時の適応度と比較すると、制御性T細胞を持つ事によって適応度が高くなるという結論は得られなかった。しかし、抑制機能が局所的にしか働かないとするだけで制御性T細胞が有利となる条件が存在することが分かった。その条件は以下の二つである。

[1]　外来抗原を攻撃する利益に比べて、自己抗原を攻撃する不利益が大きい

[2]　自己抗原の頻度が十分に低い

異なる分化のモデル

T細胞の分化についてはよく判っていないので、先に分化が決まりその後選択が行われるという可能性も考えられる。そこで負の選択と分化決定の順序を逆にしたモデル（図２）で同様の検討を行ったが、制御性T細胞による局所的な抑制が必要である事は変わらなかった。さらに二つのモデル間で適応度を比較すると、T細胞の分化が後で行われる場合の方が常に適応度が高くなることが分かった。

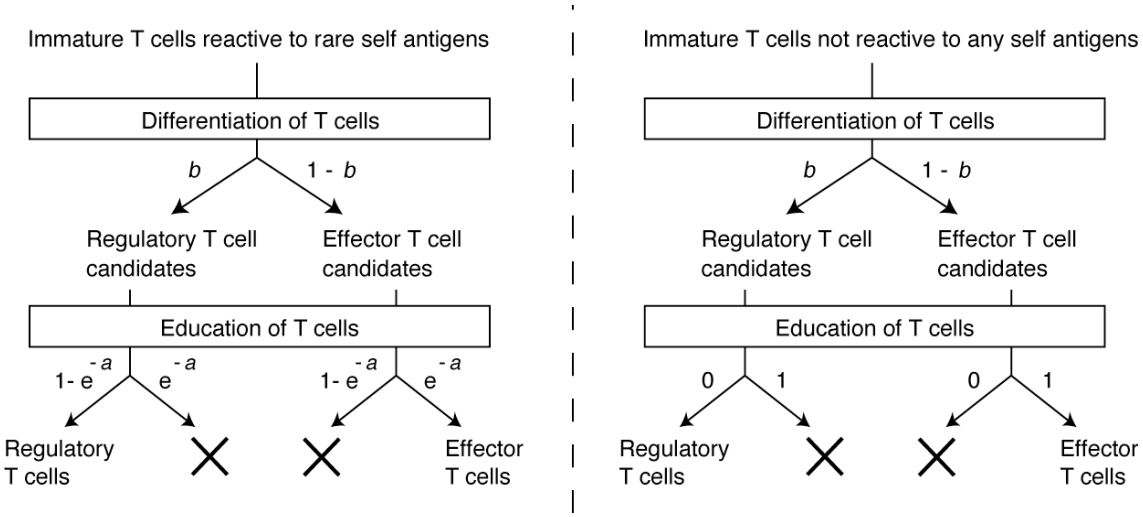


図２　負の選択と分化決定の順序を逆にしたモデル
制御性T細胞候補と普通のT細胞候補では選択の仕方が異なる。aは以前のモデルと同じ、bは制御性T細胞への分化する割合を表す。

修士論文

Optimal defense schedule of annual plants against seasonal herbivores
季節性のある植食者に対する一年生草本の最適防御スケジュール

高橋大輔

京都大学 理学研究科 生物科学専攻 植物学系

1　概要

植食は一般に植物の成長に強い負の影響を持つ。これに対して、植物が有毒な二次代謝産物を蓄積したりトライコームを増加させたりといった防御を進化させてきた事が古くから知られてきた。植物の防御戦略は、植食者が発生した後に防御を行うようになる誘導防御戦略とそうではなく植食者がいない場合でも防御を行っている恒常的防御戦略の 2 つに大きく分けられる。このとき、野外で観察される植食者において、しばしば決まった時期にのみ存在するといった季節性が見られ、そしてどの植物も均一に食べれられるのではなく、たまたま見つからず食害を受けなかった個体も存在すると考えられる。植物の防御戦略はこれら植食者の季節性と食害の確率性に大きな影響を受けている可能性があり、本研究ではこれら 2 つについて考慮した場合の植物の最適防御戦略を求めた。

2　モデル

本研究で用いたモデルは Yamamura and Tsuji (1995) を元に、植食者の発生とその確率性を組み込んだものである。このモデルは栄養器官 (V) と防御器官 (D) からなる一年生草本についてのものであり、それぞれのダイナミクスは、

$$\frac{\mathrm{d}V}{\mathrm{d}t} = \alpha(1-p(t))V - \beta e^{-\gamma x}V$$
$$\frac{\mathrm{d}D}{\mathrm{d}t} = \alpha\, p(t)V - \beta e^{-\gamma x}D$$

と定義される。ただし、α, β, γ はそれぞれ光合成効率、食害強度、防御効率を表しており、$x = D/(D+V)$ は防御器官の個体全体に占める割合である。植物の戦略は光合成産物を各時刻でそれぞれの器官に振り分ける比 $p(t)$ で、これを動かす事で自分自身の適応度 (ϕ) を最大化するとする。

Yamamura and Tsuji (1995) では植食者は初期時刻から最終時刻までずっと存在していると仮定されていたが、ここでは食害の季節性と確率性を以下のように組み入れた。植食者はある決まった時刻 τ までは存在せず、時刻 τ に一斉に出現する。そのとき植物は確率 q で発見され、最終時刻まで食害を受け続ける ($\beta > 0$)。見つからなかった場合は最終時刻までずっと食害は発生しないものとする ($\beta = 0$)。

目的関数である植物の適応度 (ϕ) は、本研究でも Yamamura and Tsuji (1995) に即して最終時刻 (T) での栄養器官のサイズに比例するとしたが、上で述べた確率性のため、

$$\phi = qV_{\text{発見された}}(T) + (1-q)V_{\text{発見されなかった}}(T)$$

と、期待値によって定義される。

本研究では、ポントリャーギンの最大原理 (Pontryagin, 1962) を用いて、最適制御である $p^*(t)$ を求めた。これはハミルトニアンと補助変数 λ を

$$\mathcal{H}(V, D, \lambda_V, \lambda_D, t, p(t)) = \lambda_V \frac{\mathrm{d}V}{\mathrm{d}t} + \lambda_D \frac{\mathrm{d}D}{\mathrm{d}t}$$
$$\frac{\mathrm{d}\lambda_V}{\mathrm{d}t} = -\frac{\partial \mathcal{H}}{\partial V},\ \lambda_V(T) = 1$$
$$\frac{\mathrm{d}\lambda_D}{\mathrm{d}t} = -\frac{\partial \mathcal{H}}{\partial D},\ \lambda_D(T) = 0$$

このように定義した上で、$\mathcal{H}$ を各時刻において最大化する事が最適スケジュール $p^*(t)$ の必要条件になっているというものである。

さらに植食者間の競争はないと仮定した上で、植食者も出現時刻 τ を動かして自身の摂食量 $\int_\tau^T \beta \exp[-\gamma x(t)]V(t)\mathrm{d}t$ を最大化することを考えた。このとき植物は常に τ に対して最適な防御スケジュールを取るとする。

3　結果

モデルから得られた植物の最適防御スケジュールは大きく 2 つに分類することができ、それぞれ食

害が発生するまでは防御器官に投資を行わないもの (図 1)、食害が始まる時刻以前から防御器官に投資を行うもの (図 2) である。前者は誘導防御戦略に、後者は恒常的防御戦略に対応すると考えられる。恒常的防御戦略では、あらかじめ防御に投資している為に食害が発生した場合において比較的多くの栄養器官バイオマスを得ることができるが、一方で食害を受けなかった場合の成長速度は低下している。

食害強度に注目すると、最適スケジュールにおいては一般に強度が増すにつれて防御に費やす時間は長くなるが、ある閾値を境にして食害発生前の防御器官への投資は最適ではなくなる (図 3 左)。これは強い食害のもとでは最終的に得られる栄養器官バイオマスが非常に小さくなってしまうため、そのような場合について対処する事をあきらめ、食害が発生しない可能性に賭ける事を示唆している。この傾向は、植食者が出現時刻を最適化する場合においても見られた (図 3 右)。また、植食者の最適化を含めた場合では植食者の出現時間と植物の防御戦略において、遅くに出現するものに対しては恒常的防御、比較的早くに出現するものに対しては誘導防御を取るといった対応関係が見られた。

植食者からの食害に確率性がなく、つねに発見されてしまう場合 ($q = 1$) は、きわめて小さい食害強度 β など食害の影響が非常に小さい場合をのぞいて常に恒常的防御が有利となった。この事は、植物の防御スケジュールを考える上では、食害が発生した場合での植物の振る舞いだけではなく、食害を逃れた場合の動態も含める事が重要である事を示唆している。

参考文献

Pontryagin, L. S. 1962. *The Mathematical Theory of Optimal Processes*. Interscience.

Yamamura, N. and Tsuji, N. 1995. Optimal strategy of plant antiherbivore defense: Implications for apparency and resource-availability theories. *Ecological Research*, 10:19–30.

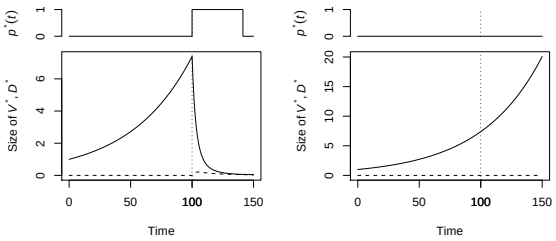


図 1　誘導防御: 最適スケジュール $p^*(t)$ とそれに従った場合の各器官のバイオマスの変化。実線は栄養器官バイオマスを、点線は防御器官バイオマスを表す。右は食害があった場合、左はなかった場合を示す。左右で軸が異なる事に注意。$\alpha = 0.02$, $\beta = 0.3$, $\gamma = 4$, $\tau = 100$, $T = 150$, $q = 0.9$

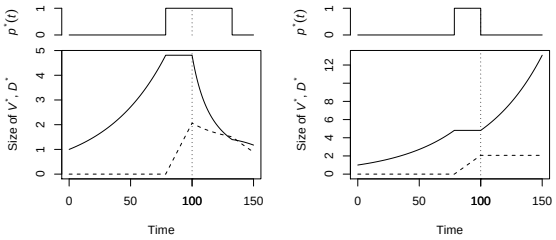


図 2　恒常的防御: 異なったパラメータで図 1 と同様にプロットしたもの。食害が始まる時刻 100 以前に防御の生産が始まっている。$\alpha = 0.02$, $\beta = 0.3$, $\gamma = 4$, $\tau = 100$, $T = 150$, $q = 0.9$

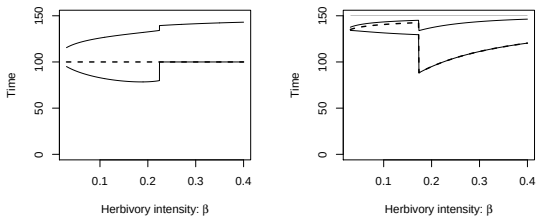


図 3　食害強度に対する最適防御スケジュール: 左図は植食者発生時刻が固定 ($\tau = 100$) されているとしたものであり、右図は植食者における最適出現時間での最適防御スケジュールである。植食者に見つかった場合のスケジュールのみをプロットしてある。実線は防御の開始時刻と終了時刻を表し、破線は植食者の出現時間である。$\alpha = 0.02$, $\gamma = 4$, $T = 150$, $q = 0.9$

貯蔵戦略の違いによる種の共存機構の解析

静岡大学大学院 工学研究科 システム工学専攻 竹内研究室
齋藤 彰/SAITO Akira

1 背景と目的

地球上には多くの生物が共存している。生物学者は、なぜこのような多様性が生まれ維持されているのかについて解明しようとしている。

本論文では多様な植物の共存に注目する。植物の個体数は前世代から生き残った個体と繁殖個体により決定される。植物は、外部から栄養塩を吸収し利用する。栄養塩は一般に変動するため、栄養塩を利用し繁殖する植物には栄養塩を貯蔵することで栄養塩の変動に対応する種が存在する。

吸収した栄養塩を繁殖に用いず貯蔵する戦略を定式化し、貯蔵する戦略を定式化し、貯蔵戦略が種の共存に与える影響を考察する。

2 モデル

ロッタリーモデル [1] を基礎として、貯蔵戦略を考えたモデルを提案しよう。

植物は吸収した栄養塩量の一部を貯蔵する。そして当年に貯蔵している栄養塩量と摂取した栄養塩量の和に応じた種子生産を行うと仮定する。その時の各種の個体群動態に注目する。

本モデルでは、簡単のために、土壌中の栄養塩量は十分にあり、植物が吸収する栄養塩量は一定であるとしている。また、死亡率や吸収できる栄養塩量は時間変動しないと仮定している。

2.1 戦略

植物 i は時刻 t において、吸収した栄養塩量 α_i と貯蔵されている栄養塩量 y_i を比較して、$Case1$・2・3 という 3 種類の戦略をとる;

$Case1$: 植物 i は、吸収した栄養塩量 α_i のうち一定割合 $_i$ だけを貯蔵する。貯蔵分 $_i\alpha_i$ を除外した栄養塩量 $(1 \quad _i)\alpha_i$ が、種子生産に必要な栄養塩量 l_i 以上になると、この栄養塩量 $(1 \quad _i)\alpha_i$ を利用して種子生産を行う。

$Case2$: 植物 i が貯蔵した栄養は、単位時間ごとに $(1 \quad k_i)$ という割合で劣化すると仮定する。すると、時刻 t で種子生産に利用できる栄養塩量は $k_i y_i(t)$ となる。貯蔵分を除外した栄養塩量 $(1 \quad _i)\alpha_i$ と貯蔵している栄養塩量 $k_i y_i(t)$ の合計が l_i 以上になるのであれば、これらを利用して種子生産を行う。

$Case3$: 貯蔵分を除外した栄養塩量 $(1 \quad _i)\alpha_i$ と貯蔵済している栄養塩量 $k_i y_i(t)$ の 2 種類の栄養塩量の和が l_i 未満であるならば、吸収した栄養塩量をすべて貯蔵し、種子生産を行わない。:

$$
\begin{array}{ll}
Case1 & l_i \le (1-\epsilon_i)\alpha_i \\
Case2 & (1-\epsilon_i)\alpha_i < l_i \le (1-\epsilon_i)\alpha_i + k_i y_i(t) \\
Case3 & (1-\epsilon_i)\alpha_i + k_i y_i(t) < l_i
\end{array}
$$

2.2 式・変数

数式は以下のようになる。

$$P_i(t+1) = (1 \quad \delta_i)P_i(t) + S(P_1, ..., P_n)R_i \tag{1}$$

$$y_i(t+1) = \begin{cases} k_i y_i(t) + \ _i\alpha_i & (Case1) \\ \ _i\alpha_i & (Case2) \\ k_i y_i(t) + \alpha_i & (Case3) \end{cases} \tag{2}$$

$$S(P_1, ..., P_n) = 1 \quad \sum_{h=1}^{n}(1 \quad \delta_h)P_h(t)$$

$$R_i(P_1, ..., P_n, y_1, ..., y_n) = \frac{\beta_i(y_i)P_i(t)}{\sum_{h=1}^{n}\beta_h(y_h)P_h(t)}$$

$$_i(y_i) = \begin{cases} c_i(1 \quad _i)\alpha_i & (Case1) \\ c_i\{(1 \quad _i)\alpha_i + k_i y_i(t)\} & (Case2) \\ 0 & (Case3) \end{cases}$$

$$\alpha_i = \frac{m_i x_0}{a_i + x_0}$$

$P_i(t)$: 種 i の時刻 t で占めている土地の割合 ($P_i(t) \ge 0$), δ_i: 種 i の死亡率 ($1 > \delta_i > 0$), S: 時刻 t で死滅した個体が占めていた土地の割合の和, R_i: 時刻 t で生産された全ての種子のうち、種 i が生産した種子が占める割合, $y_i(t)$: 種 i の時刻 t で貯蔵している栄養塩量 ($y_i(t) \ge 0$), α_i: 種 i が摂取する栄養塩量, m_i: 種 i が最大限吸収できる栄養塩量 ($m_i > 0$), x_0: 土壌中の単位体積あたりの栄養塩量, a_i: 種 i の栄養吸収関数の半飽和値 ($a_i > 0$), ϵ_i: 種 i が吸収した栄養塩を貯蔵する割合 ($1 \ge \epsilon_i \ge 0$), $(1-k_i)$: 単位時間あたりの y_i の劣化率 ($1 \ge k_i \ge 0$), β_i: 種 i の種子生産率 ($\beta_i \ge 0$), c_i: 種 i の単位栄養塩量あたりの種子変換率 ($c_i > 0$), l_i: 種 i が種子を生産するにあたり最低限必要な栄養塩量。この値が 0 ならば常に種子を生産する。

2.3 $y_i(t)$ の挙動

$_i$ は y_i のみに依存し、y_i の挙動は大きく分けて、

1) $Case1$ を満たす場合
2) $Case2$ および $Case3$ を満たす場合

の 2 つに分類できる。

2.3.1 $Case1$ を満たす場合

$Case1$ では、$y_i(t)$ は以下のように表せる。

$$y_i(t) = k_i^t\left\{y_i(0) - \frac{\epsilon_i\alpha_i}{1-k_i}\right\} + \frac{\epsilon_i\alpha_i}{1-k_i}$$

よって、$\lim_{t\to\infty} y_i(t) = \dfrac{_i\alpha_i}{1 \quad k_i}$ となり、時刻が十分経過したとき種 i は常に一定量栄養塩量を貯蔵する。

2.3.2 $Case2$ および $Case3$ を満たす場合

条件式を $y_i(t)$ について整理すると、$Case2$ と $Case3$ の境界は $y_i(t) = \dfrac{l_i \quad (1 \quad _i)\alpha_i}{k_i}$ となる。この境界の値を $V_i = \frac{l_i \quad (1 \quad \epsilon_i)\alpha_i}{k_i}$ と置く。V_i の大きさによって、y_i のダイナミクスは 3 つに場合分けができる。この分類を表 1 に示す。

V_i の大きさ	$\lim_{t\to\infty} y_i(t)$	備考
$V_i \le \epsilon_i\alpha_i$	$\epsilon_i\alpha_i$	最終的に $Case2$。
$\epsilon_i\alpha_i < V_i < \frac{\alpha_i}{1 \quad k_i}$	振動する。	$Case2$・$Case3$ を繰り返す。
$\frac{\alpha_i}{1 \quad k_i} \le V_i$	$\frac{\alpha_i}{1 \quad k_i}$	最終的に $Case3$。

表 1: $Case2$ および $Case3$ を満たす場合の貯蔵塩量のダイナミクス

3 数値計算

$x_0 = 1.0$ における 2 又は 3 種のときの数値計算の結果を示す。種 1 は栄養を貯蔵しない、種 2・3 は栄養を貯蔵する戦略を取っている場合での、l_2-m_2 又は l_3-m_3 を変更したときの、個体群動態の変化を示す。各変数の値を表 2 にまとめる。

i	$P_i(0)$	δ_i	c_i	ϵ_i	m_i	a_i	k_i	l_i
1	$1/n$	0.2	1.0	0.0	0.5	1.0	0.0	0.0
2	$1/n$	0.2	1.0	0.2	$*$	1.0	0.50	$*$
3	$1/n$	0.2	1.0	0.2	$*$	0.5	0.75	$*$

表 2: $n = \{2, 3\}$ のときの各変数の値

3.1 2 種系

l_2・m_2 を変化させた場合の個体群動態を図 1 に示す。とりうる個体群動態の種類を表 3 に示す。

分類番号	状態の説明
I(r)	2 種が周期 r で振動して生存
II	2 種が振動せず生存 (一般的ではない)
III	種 1 のみ生存
IV	種 2 のみ生存

表 3: $n = 2$ のときの個体群動態の種類

3.2 3 種系

l_3・m_3 を変化させた場合の個体群動態を図 3.2・3.2・4 に示す。とりうる個体群動態の種類を表 4 に示す。分類 i〜iv の振動周期の表示は紙面上の都合により省略した。また、iii の振動周期は l_2・m_2 の値により決まる。

分類番号	状態の説明
i	3 種が振動して生存
ii	種 1 と 2 が振動して生存
iii	種 2 と 3 が振動して生存
iv	種 3 と 1 が振動して生存
v	種 1 のみ生存
vi	種 2 のみ生存
vii	種 3 のみ生存

表 4: $n = 3$ のときの個体群動態の種類

4 結論

V_i と k_i: $Case2$ と $Case3$ の境界である V_i は、種 i が $Case3$ から $Case2$ に移行するために貯蔵しなければならない栄養塩量である。そのため k_i が 1 に近づくほど種 i はこの貯蔵栄養塩の必要量が減少するため種 i は有利になる。逆に k_i が 0 に近づくと、必要量と貯蔵コスト増加する為に種 i にとって不利になる。そして、V_i が $Case3$ を無限に続けた時に得られる y_i 以上であれば、種 i は種子を生産することができない。即ち、栄養貯蔵戦略を取っている種 i が生き残るには k_i はある程度大きくあればよい。

l_i と α_i と k_i: この 3 変数は、種 i の貯蔵戦略を決める。種 i が摂取する栄養塩量 α_i が大きければ、種 i にとって栄養塩量は不足せず、栄養を貯蔵しなくてもよくなる。l_i が大きければ、種子生産のコストが高くなり、貯蔵した栄養塩量で種子生産を行うようになる。k_i が大きければ、栄養貯蔵のコストが低下し、栄養貯蔵に時間をかけて良くなるため種子生産においての α_i の重要性が低下する。

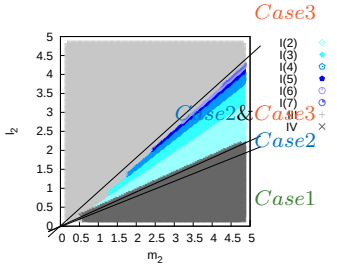


図 1: 2 種系のときの l_2-m_2 相平面図 (2 種生存は水色〜青紫色、1 種のみ生存は灰色)

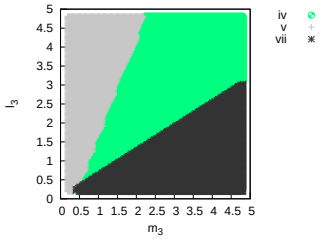


図 2: 3 種系のときの l_3-m_3 相平面図 (III のとき: $l_2 = 0.25$, $m_2 = 0.25$)(2 種生存は緑色、1 種のみ生存は灰色)

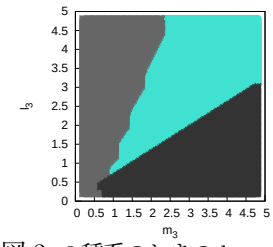


図 3: 3 種系のときの l_3-m_3 相平面図 (IV のとき: $l_2 = 0.25$, $m_2 = 1.0$)(2 種生存は青色、1 種のみ生存は灰色)

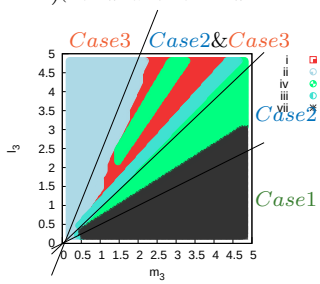


図 4: 3 種系のときの l_3-m_3 相平面図 (I(2) のとき $l_2 = 0.5$, $m_2 = 1.0$)(3 種生存は赤色、2 種生存は青〜緑色、1 種のみ生存は灰色)

振動と共存可能領域: y_2 が振動することにより $_2$ が振動し、2 種系で両種が共存できるようになった。3 種系においては、2 種が共存していない領域 (図 1 の灰色) に種 3 を加えても 3 種が共存することはなかった (図 3.2・3.2 にある多種共存領域は、2 種共存を示す青〜緑色のみ)。l_2・m_2・l_3・m_3 の 4 変数を $[0, 1]$ 区間で変化させて、そのような領域が存在するか確認したが、見つからなかった。しかし、2 種系で両種が共存している領域 (図 1 の水色〜青紫色) に種 3 を加えた場合では 3 種は共存することが判った (図 4 の赤色)。

また用紙の都合により示せないが、種 2 と種 3 の各々の種子生産のタイミングが極力重ならような y_2 と y_3 であると、3 種がより共存し易くなることも判った。

5 議論

このモデルは土壌中の栄養塩量は十分あるが、種子生産に利用するには少ないときに、貯蔵戦略は有効であることを示している。

また、各々の種の種子生産のタイミングが極力重ならないように、即ち $y_i \in \{1, 2, \ldots, n\}$ が $Case3$ から $Case2$ に移るタイミングがずれるようであれば、より多くの種が共存できる可能性が生まれる。

6 今後の課題

今回は土壌中の栄養量 x_0 を固定したが、今後は x を変動させる。x_0 が時間変動することにより、個体群動態がどのように変化するのかを観察する。

このとき y_i の変動は、$Case2$・$Case3$ で振動するだけでなく、3 つの $Case$ を取りうることで複雑な動きを見せると予測される。

参考文献

[1] Chesson, P. and Warner, R. R.: Environmental variability promotes coexistence in lottery competitive system. Am. Nat., 117, 923-943(1981) .

修士論文

顔認識の階層的処理における発火同期の機能的役割

A functional role of spike synchronicity in hierarchical processing of face recognition

高澤 和寛

電気通信大学　情報システム学研究科　情報メシアシステム学専攻

1. 概要

下側頭葉（IT）における視覚の物体認識のメカニズムを調べるため，顔認識のメカニズムに焦点を当て，IT 野のモデルを作成した．本研究では，IT 野での情報処理に関して，異なる解像度の情報を処理する三つの層と，その上位の層の相互関係により行うモデルを作成し,顔認識における IT 野での情報処理の神経機構を提案する．さらに，顔の部分特徴と位置の,顔認識における影響を調べるための心理学実験を企画し，モデルの妥当性を考察した．

2. はじめに

我々は日常生活において，視覚情報による素早い認識を苦もなく行っているが，この認識はさまざまな視覚情報を処理するメカニズムによって達成される．視覚情報処理の初期段階のメカニズムは，現在までに多くの研究によって明らかになっている．しかしながら，高次部位である下側頭葉(IT)での情報処理がどのように行われているのか，まだ不明な部分が多い．IT で物体情報がどのように表現されているかを調べるため，本研究では，認知対象として顔を取り上る．これは顔が，複数のパーツ(目・鼻・口等）の組み合わせによって形成されていることから，部分情報と全体情報を明確に合わせ持っているので，物体の部分情報と全体情報の関係を調べるのに適しているからである．IT による顔表現に対して，いくつかの実験的知見が報告されている． Hirabayashi と Miyashita は顔の目鼻などの配置が正しいとき IT ニューロンの発火に同期が生じることを示している[1]．また，Sugase らは，物体認識における IT ニューロンのスパイク解析から，物体の全体的な情報と部分的な情報を異なる時間領域で表現していることを報告している[2]．本研究では，複数の解像度に基づく IT のニューラルネットワークモデルを提案し,顔の部分情報と全体情報がどのように表現されているか，また，各部位のニューロンの発火同期が，顔認識に対してどのように寄与しているかについて調べる．

3. IT のモデル

Fig. 1 に示すように，IT は次の４つの層からなる．３つの解像度の違いに対応した，ITB,ITM,ITF layers(B:Broad ；M:Middle；F:Fine)と FRL(Face Recognition Layer)である．それぞれの層に含まれるニューロンは Hodgkin-Huxley model を用いて作られている．また，それぞれの層は次のような特徴を持つ．

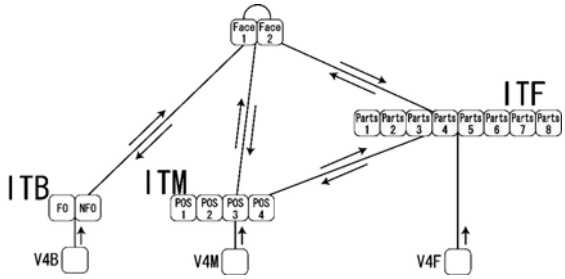


Fig. 1 モデルの概略図

3.1. ITB

物体の全体の情報を大まかにコードしている．顔の認識においては，顔かそうでないかを判断する．

3.2. ITM

顔の目，鼻，口などのパーツの位置をコードしている．詳細に見ている部分が，全体から見てどのあたりに位置するのかを判断する．

3.3. ITF

パーツの詳細な情報をコードしている.見ているパーツが，どのようなパーツなのかを判断する．顔の認識においては，目・鼻・口を見分け，さらにその中でどのような特徴を持ったパーツなのかをコードする．

3.4. FRL

ITB,ITM,ITF のすべての層から入力を受け，それらの情報を統合し，顔としての全体情報を表現する．顔認識においては，個人の顔を特定する役割を担う．

3.5. 各層間の結合

Fig. 1 に示すように，ITB,ITM,ITF,FRL の間にはシナプス結合があり，それらは上記で述べたような機能を果たすように，Hebb 則に従って学習される．

4. 結果

4.1. 学習段階における同期の役割

FRL のニューロンは ITB,ITM,ITF から入力を受け，それらの入力を coincident integration によって統合している．それゆえ，それぞれのニューロンが単独で発火しても，後シナ

プスに情報を伝えることは出来ない．学習の初期段階では各部位のシナプスの重みは小さい値に設定されている．初期段階で，ITM と ITF のニューロンはそれぞれ V4 からの入力を受け，ばらばらにではあるが，発火をしている．その過程で偶然発火のタイミングが一致すると，そこで学習が起こる．この偶然が度重なり，結合が強くなるにつれて，二つの層のニューロンはしだいに同期して発火をするようになる．同期して発火をするようになると，学習が進み，徐々に FRL のニューロンの発火を促進する．Fig. 2 にはこれらの部位に対応する結合が増加している様子を示す．

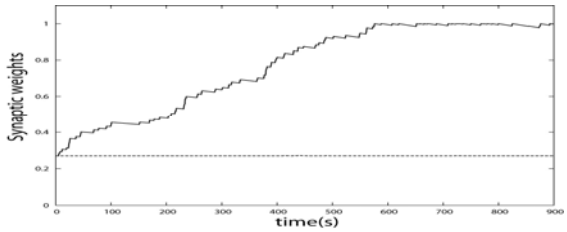


Fig. 2 重みの変化の様子

4.2. 認識段階での IT での発火同期

Fig. 3 には，顔(FO)と顔の配置がばらばらの刺激(NFO)に対する ITF 内の目と鼻をコードするニューロン対の発火率の変化と相互相関を示す．両者に刺激に対して発火数はほとんど変わらないが，相互相関に大きな差が生じていることがわかる．この結果は，Hirabayashi と Miyashita の実験結果[1]とよく一致している．この同期は主に，FRL から ITF へのトップダウン信号の作用から生まれる．

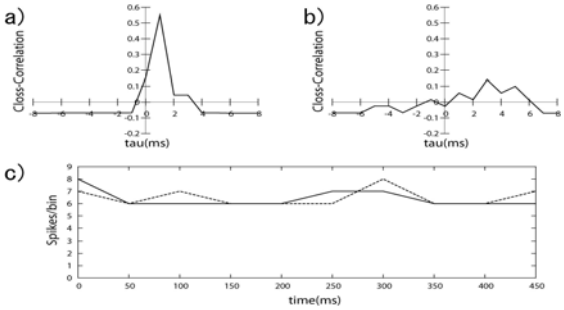


Fig. 3 ITF 内の二つのニューロンの相互相関(a,b)と発火率(c). a. FO を呈示した場合．b. NFO を呈示した場合．c.実線は，FO を呈示した場合の発火率を，破線は NFO を呈示した場合の発火率を示している．

4.3. 顔認識における同期発火の役割

顔刺激に対しては，ITF だけでなく ITM,FRL の間に同期性が生じる．これにより顔の配置や部分特徴，さらには全体の特徴の間に強い同期生が見られ，顔認識に至る．一方，顔の配置がデタラメな NFO に対しては，このような同期性は見られず，顔というまとまった物体認識には至らない．

4.4. 顔認識における ITB の役割

学習後，ITB の顔の全体的特徴を粗くコードするニューロンは個々の顔を認識する FRL のニューロンと結合する．それによって，与えられた視覚刺激が顔か顔でないかの情報を速く FRL に送る．Fig. 4 に示すように，Face1 に対応する刺激を与えたとき，Face0 と Face1 をコードする FRL の発火が初期に起こる．しかしその後，ITM と ITF の入力により，刺激に対する Face1 の FRL のニューロンのみが発火をする．この時間的遅れを伴う IT の応答は，Sugase らの実験結果[2]と一致するものである．

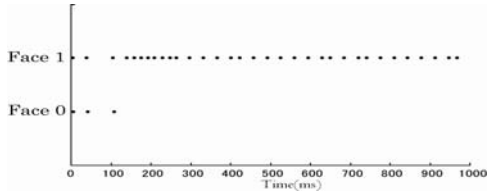


Fig. 4 Face1 を提示した場合の FRL の発火の様子

5. 心理学実験

本モデルの妥当性を検証するため，心理学実験を行った．

5.1. 方法

被験者に対し顔のパーツ（目・鼻・口）を一定間隔でランダムに一定時間呈示し，その後，呈示される 8 人の顔の中から先ほど呈示された顔がどれであったかを選択してもらう．パーツの配置を，固定(常に中心に表示)，ランダム(パーツの位置をランダムに入れ替えて表示)，保存(本当の位置と同じ位置に表示)の 3 種類用意し，同様の実験を行った．

5.2. 結果

ランダムに比べて,保存の正解数が最も良かった.これは，顔を認識する場合に，パーツの詳細な情報だけでなく，位置情報もあわせて利用していることを示していると考える．固定の場合，被験者によって，正解数にかなりのばらつきが見られた．これは，人によって，顔をどの要素を強く利用して認識しているのか異なるためであると考える．固定でも多く正解できた人は，パーツの特徴を利用し，正解できなかった人は，パーツの位置情報も利用して認識していると言える．この結果は，本モデルで矛盾なく説明できる．

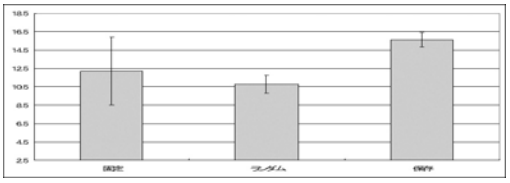


Fig. 5 心理学実験の結果

参考文献

[1] Hirabayashi, T. and Miyashita, Y. (2005), “Dynamically Modulated Spike Correlation in Monkey Inferior Temporal Cortex Depending on the Feature Configuration within a Whole Object”, The Journal of Neuroscience 25(44):10299 -10307

[2] Sugase, Y. et al. (1999), “Global and fine information coded by single neurons in the temporal visual cortex”, NATURE VOL 400

修士論文要旨

経済的講集団における面識関係の活用と社会的ジレンマ

東京工業大学大学院 社会理工学研究科　　小池　心平

1. はじめに

経済的講集団は世界中に遍在する互助集団である(Ardener, 1964; Geertz, 1962)。数人から数十人の規模で結成され、参加者は一定期間に一定額の掛金を拠出する。集められた掛金はファンドとして活用され、参加者が輪番で受領する。参加者は掛金の拠出とファンドの受領を相互に行うことで、経済的には短期間での資金調達を可能にし、社会的には一般交換による互恵関係を結ぶことになる。一般交換はＮ人囚人のジレンマである社会的ジレンマの側面を含んでおり（山岸, 1991)、講集団では、ファンド受領後に掛金の拠出を止めるデフォルト行為によりそれが顕在化する。

社会的ジレンマの定式化として用いられる公共財ゲームでは、資源の拠出に対して即時的に平等に分配が行われ、資源拠出に加わらず分配益を得るフリーライダーが問題になる。これに対して、講集団では１回の資源拠出において1人が全てを貰い、他の者は次回以降に分配を受けることになる。この為、デフォルトを行うことで、他者が肩代わりし未だに支払っていない分も含めてファンドを独り占め出来ることになる。デフォルト行為が単なるフリーライダー以上の不利益を集団に及ぼす可能性を持つのだ。

本研究では、講集団が形成する面識関係(後述)に着目し、社会的ジレンマ状況を含む講集団がいかにして互恵関係を持続させているのか、進化シミュレーションの手法を用いて分析する。掛金の拠出とファンドの受領という資源集約・分配メカニズムの他に、講集団の成立に必要な制度を明らかにし、社会的ジレンマを含む交換形態がジレンマを回避する諸制度によって補完されていることを示す。

2. 経済的講集団

n 人集団が掛金 x の講を行う場合、運営期間中に参加者は、掛金 x を n 回支払い、ファンド $x*n$ を 1 回受領する。この為、解散時の各参加者の収支は 0 となり、講集団に参加せずに自足的に金額 x を n ヶ月貯蓄することと収支は同じになる。しかし、講集団に参加して貯蓄をする場合と自足的に貯蓄をする場合とでは、資金の獲得時期が異なる。自身で貯蓄した場合は n ヵ月後に $x*n$ の資金を貯めることが出来るのに対して、講集団では運営期間の中間点 $n/2$ 月後が受領日の期待値になる。

Besley et al. (1993) は、資金の獲得時期が早まることで参加者が利益を得られる場合には、講集団への参加が自足的な貯蓄よりも効率的であるとしている。しかし、これは参加者全員が受領後も掛金を払い続けた場合に限られる。他の参加者のファンド受領額が減るのを承知でデフォルトを起こせば、受領後の掛金支払額を節約でき、その分だけ違反者の利得は高まる。

Besley et al. (1993) は、初回受領者がデフォルトを起こすことで得る利益以上の制裁（罰金・債権の取り立て）を違反者に課すことで、デフォルトは防止出来るとしている。

デフォルトを防止するその他の方法として、デフォルトを起こす可能性のある者を講集団に参加させないというものがある。辻本（2005, 2006）は、講集団の発生基盤となる社会集団のマイノリティ性に注目し、マイノリティとしての面識関係の特異性、すなわち面識関係を活用し維持しなければならない状況が、デフォルトの防止に寄与していると述べている。具体的には、講集団の結成に際して、各参加者が職場の仲間や同級生であることなど、結成以前に面識関係が必要であること。また、一度講集団が結成されれば参加者は定期的に会合を開き、それによって面識関係は一層強化されること。ここから、参加者はお互いの個人特性や経済状況、過去にデフォルトを行ったことがあるかなどの情報を得て、デフォルトを起こしやすい者を事前に講集団から排除出来るというのである。民間互助組織である講集団では、デフォルトに対する直接的な制裁は行いづらく、またそのコストを他の参加者が負担することも困難である。デフォルトを監視し、その行為者を講集団から排除するという方法であれば、面識関係の維持に係わるコストと潜在的な参加者の減少というコストだけで、デフォルトを防止することが可能になる。更に、面識関係の維持に係わるコストは、先の議論の通り、講集団の運営自体に回収され得る。

3. モデル

掛金の拠出とファンドの受領という講集団の一般的な形態に、面識関係の活用という仕組みを付加させることで、デフォルトは抑止されるのか、シミュレーション・モデルを用いて検証する。面識関係の活用に関して、イメージスコアに基づく閾値戦略 (Nowak and Sigmund, 1998) を援用した。

モデルの構成は次の通りである。個体は、利得 g と評判 s、閾値戦略 k、支払戦略（q_1, q_2）を持つ。利得 g は掛金の拠出とファンドの受領により変化し、進化ゲームにおける適応度に相当する。評判 s は他個体からの評価を示し、 s の値が高いほど評判は高い。閾値戦略 k は講集団への参加を判断する戦略である。

各個体は、次の 2 条件を満たす場合のみ講集団に参加出来る。以下、加入・許可の２条件を合わせて加入ルールと呼ぶ。加入ルールが満たされなかった個体は、講に加入することができず、利得や評判は変化しない。

加入条件：個体の k ≦ 小集団の平均 s

許可条件：小集団の平均 k ≦ 個体の s

講に参加した個体は会合を開き、そこで受領前は確率 q_1 に基づき、受領後は確率 q_2 に基づき、掛金 x を支払う。受領者は、未受領者の中からランダムに決まり、参加者が支払った掛金の総和を受領する。ここで、参加者は受領したファンドを活用して利益を生み、受領額は会合日ごとに w 倍されていくものとする。参加者全員がファンドを受領することで解散となる。その際、各個体の受領後の掛金支払い回数を同じく会合回数で割った値を支払率とし、支払率が高ければ s は 1 上昇し、支払率が低ければ 1 減少する。

以上のような講集団の運営を r 回繰り返し、1 世代とする。世代の終了時に各個体は戦略の見直しを行う。閾値戦略 k と支払戦略 $(q1, q2)$ について、それぞれ利得の高い個体が持っていた戦略は次の世代において採用される確率が高まり、反対に利得の低い個体が持っていた戦略は次の世代で採用される確率が低くなる。その際に確率 μ で模倣されるはずだった戦略が突然変異を起こす。また、世代の終了時に利得と s はリセットされ、更新された戦略のみが次世代に引き継がれる。講集団の運営と戦略の更新を t 世代は繰り返される。

4.シミュレーション

講集団に一般的な規範である「受領前に掛金の不払いを行った者は、ファンドを受領出来ない」という受領権喪失ルールを加えて、その上で面識関係の活用がデフォルトの防止に寄与するのか検証した。パラメータの設定は次の通りである。$n = 100$、$m = 5$、$t = 10{,}000$、$x = 1$、$s = -5 \sim 5$、$\mu = 0.005$。また、各個体は選択可能な戦略として、q_1, q_2 は 0 か 1 を、k は $-6 \sim 6$ の整数を取ることとし、初期世代では各戦略を一様に割り振る。q_1 は受領前の q_2 は受領後の支払確率を決める戦略であることから、支払戦略$(q_1, q_2) = (1, 0)$ がデフォルトを行う戦略になる。対して、$(1, 1)$ を取る個体は、講集団の解散まで掛金を払い続ける協力戦略となる。

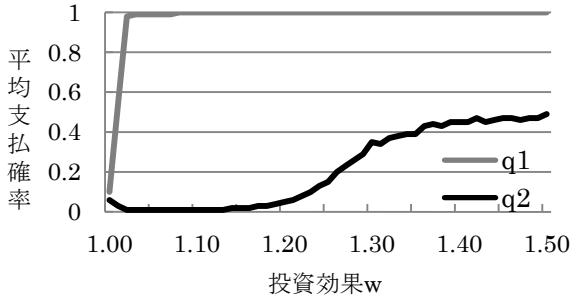


図 1　平均支払確率(q1, q2)の推移(加入ルールなし)

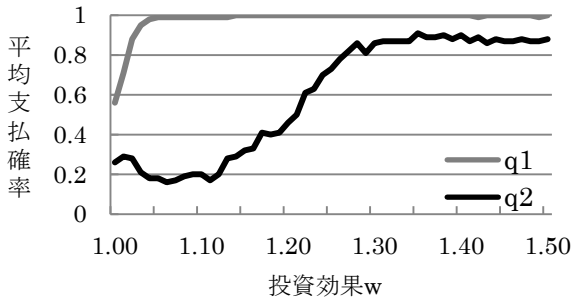


図 2　平均支払確率(q1, q2)の推移(加入ルールあり)

図 1 と図 2 は、加入ルールがある場合とない場合で、全世代全個体の$(q1, q2)$の平均値を比較したものである。どちらの場合も受領権喪失ルールによって、受領前支払不払が淘汰され $q_1=1$ となる。しかし、加入ルールがないと受領後不払が起き、デフォルトが頻発する。つまり、受領権喪失ルールと加入ルールのどちらもが存在するときにのみ、協力戦略が集団中を占める状態があり、デフォルトを回避した講集団の運営が行われる。

5.まとめ

講集団に参加することで、小資本の獲得と、貯蓄期間の短縮が実現される。しかし、輪番でファンドを受領するという特異な資金配分方式により、講集団は常にデフォルトの危機に晒される。本研究では、講集団におけるデフォルト回避の仕組みとして、面識関係を活用して事前にデフォルトを起こしそうな者を講集団から排除するというルールを用いた。シミュレーション結果から、受領権喪失ルールと加入ルールがある場合にのみ、面識関係を活用した間接的制裁が効力を発揮し、デフォルト回避の仕組みとなりうることが分かった。また、別の分析から、加入ルールが有効に働くには、1 世代の結成回数が多く、投資効果が高いという制限が必要でることも分かっている。このことを、現実の講集団のうちに解釈すれば、結成回数が多いとは、閉鎖的な人間関係が長期間持続する状況であり、投資効果が高いとは、講集団以外の他の資本蓄積手段を持たない状況であると考えられる。このことは、移民社会や村落共同体など、成員間の紐帯が強く、金融市場へのアクセスが限られている社会集団で、講が盛んに行われてきた事実を追認するものである。つまり、講集団はインフォーマルな互助集団であるからこそ、面識関係を活用して講への加入者を選別し、受領権喪失ルールによって講に参加するインセンティブを高めることで、その交換形態に内在された社会的ジレンマを回避することが可能になるのだ。

参考文献

Ardener, S., (1964): “The Comparative Study of Rotating Credit Associations”, The Journal of the Royal Anthropological Institute of Great Britain and Ireland 94, 201-229.

Besley, T., Coate, S., Loury, G., (1993): “The Economics of Rotating Savings and Credit Associations”, The American Economic Review 83, 792-810.

Geertz, C., (1962): “The Rotating Credit Association : A “Middle Rung” in Development ”, Economic Development and Cultural Change 10, 241-263.

Nowak, M.A., Sigmund, K., (1998): “Evolution of indirect reciprocity by image scoring”, Nature 393, 573–577.

辻本昌弘, (2000):『移民の経済的適応戦略と一般交換による協力行動: ブエノスアイレスにおける日系人の経済的講集団』, 社会心理学研究 16, 50-63.

辻本昌弘, (2006):『アルゼンチンにおける日系人の頼母子講: 一般交換による経済的適応戦略』, 質的心理学研究 5, 165-179.

山岸俊男, (1991):『社会的交換と社会的ジレンマ』, 盛山和夫・海野道郎(編) 秩序問題と社会的ジレンマ, 227-257.

修士論文

Evolutionary Game Theoretical Analysis of the Interaction between Attitude and Behavior through Cultural Transmission

（文化伝達を介した価値観と行動選択の変容の進化ゲーム理論的分析）

関口卓也

（東京工業大学大学院社会理工学研究科）

1．研究の背景

社会規範を対象とした社会調査は、個人の価値観と行動選択との乖離を示すことがある。一方、進化ゲーム理論を用いて社会規範を記述する研究の多くは、プレイヤーの行動のみを戦略とし、その頻度分布の時間変化を観察する。本研究では、価値観(Attitude)と行動(Behavior)の組を戦略とし、それが様々な文化伝達による影響を受けるモデルを構築することで、社会規範の進化ゲーム理論的記述をより現実に即したものにすることを目指す。

本研究では、価値観や行動が文化伝達(Cavalli-Sforza and Feldman 1981) によって形成されると仮定する。まず、実の親から子への文化伝達のことを垂直伝達という。つぎに、親世代から子世代への文化伝達のことを斜行伝達という。また、自分と同世代の人からの文化伝達を水平伝達という。進化ゲーム理論を親からの子への戦略の伝達とみなせば、垂直伝達とほぼ等価となる。本稿ではゲームの利得行列として、2 戦略の調整ゲームを用いる(表 1：$a_{00}, a_{11} > 0$, $a_{01} = a_{10} = 0$ とする)。

先行研究としては、価値観と行動との乖離を明示的に組み込んだモデルに Centola et al.(2005)がある。また、Kandori(2003)は、価値観と行動の乖離から生じる心理的なコストを考慮している。ただしこれらの研究は、齢構造を捨象しているため、価値観と行動がそれぞれ垂直伝達、斜行伝達、水平伝達の影響を受け得るという点は組み込まれていない。本研究では、齢構成を考慮し、世代内・世代間での文化伝達が、価値観と行動の変容に及ぼす影響を分析する。

表 1

	行動 0	行動 1
行動 0	a_{00}, a_{00}	a_{01}, a_{10}
行動 1	a_{10}, a_{01}	a_{11}, a_{11}

2．モデル

【プレイヤーの属性】

各プレイヤーは、価値観 i と実際の行動 j を持つとする。齢構造として新生児、子世代と成人世代の３つを想定する。価値観 i と行動 j の組(i, j)を持つ成人世代プレイヤーの頻度を x_{ij}、行動 j を持つプレイヤーの頻度を v_j とおく。(i, j)の子世代プレイヤーの頻度を y_{ij}、行動が j のプレイヤーの頻度を u_j とおく。(i, j)の新生児プレイヤーの頻度を z_{ij} とおく。

【利得】

成人世代のプレイヤーは成人同士でゲームを行う。ただし、プレイヤーの価値観と行動の乖離が利得に影響を与えることとする。

戦略(i, j)の利得を

$$U_{ij}(t-1) = m_{ij}\sum_h a_{jh} v_h(t-1) \qquad (1)$$

$$where \quad m_{ij} = \begin{cases} 1 & i = j \\ m_{ij} > 0 & i \neq j \end{cases}$$

とする。ここで、a_{jh} は、行動 j が行動 h とゲームをした結果得られる利得を意味し、m_{ij} は、行動 i と価値観 j との乖離が利得に与える影響を示している。m_{ij} が 1 以下になる例としては、価値観と行動との乖離から生じる心的なストレスが挙げられる。１以上になる場合は、公的な場（ここではゲームの場）ではあえて自分の価値観を表出させないことがプレイヤーの安息となっている状況に相当する。

【垂直伝達】

新生児には、親（成人プレイヤー）の戦略の組 (i, j)がそのまま伝達されるとすると、式(1)で得られた利得に比例して式(2)のように新生児世代の戦略頻度 y_{ij} が決定する：

$$y_{ij}(t) = \frac{x_{ij}(t-1)U_{ij}(t-1)}{\sum_{k,h} x_{kh}(t-1)U_{kh}(t-1)} \qquad (2)$$

【斜行伝達】

新生児が子へ成長をする際に、斜行伝達を受け行動を変える状況は以下の式で表わされる：

$$z_{ij}(t) = y_{ij}(t) + \sum_h \phi_{ih\to ij} v_j(t-1) y_{ih}(t) - \sum_k \phi_{ij\to ik} v_k(t-1) y_{ij}(t) \qquad (3)$$

ここで $\phi_{ab\to cd}$ は、価値観と行動の組(a, b) が斜行伝達によって(c, d)に変化する度合を示している。したがって、式(3)の第二項は、同じ価値観 i を持つが行動が異なるプレイヤーからの斜行伝達により行動が h から j に変わる度合いを示す。第三項は、(i, j)

のプレイヤーが、j 以外の行動に変わる度合を示す。

【水平伝達】

子が成人へ成長する過程で、水平伝達によって行動を変化させる状況は式(4)によって示される。構造は斜行伝達の式(3)とパラレルである：

$$x_{ij}(t) = z_{ij}(t) + \sum_h f_{ih\to ij} u_j(t) z_{ih}(t) - \sum_k f_{ij\to ik} u_k(t) z_{ij}(t) \qquad (4)$$

ここで $f_{ab\to cd}$ は、価値観と行動の組(a, b) が水平伝達によって(c, d)に変化する度合を示している。

【4 種類の伝達経路】

式(3),(4)は、他人の行動を見て自分の行動を変える状況を想定しているが、それ以外にも斜行、水平伝達の種類には様々な可能性が考えられる。本研究は、斜行伝達、水平伝達それぞれが次の 4 つのタイプの伝達経路をとると仮定し、同様の立式をした:

(BB) 他人の行動を見て自分の行動を変える。
(AA) 他人の価値観を知り自分の価値観を変える。
(AB) 他人の価値観を知り自分の行動を変える。
(BA) 他人の行動を見て自分の価値観を変える。

たとえば、他人の価値観を（意識調査などで）知り自分の行動を変える水平伝達を、「水平 AB」と表記する。

5. 結果

表 2 は、以上のような設定のもとで、各種文化伝達がどのような安定平衡点を生じさせ得るのかを分析した結果である。以下の結果は、価値観と行動がそれぞれ 0 と 1 の 2 種類のみで、かつ 4 戦略中 3 戦略間での相互作用が行われた場合の結果である。

表 2

水平＼斜行	なし	BB	AA	AB	BA
なし	-	-	-	A	B
BB	-	C	-	A	B
AA	-	-	-	A	B
AB	A	A	A	A	C
BA	B	B	B	C	B

表セル内の A-C は、次のような社会状態を意味する。

状態 A: 全てのプレイヤーが同じ価値観を持っているにも関わらず、表面的にはみな同じ行動をとっている(ex. (0,0),(0,1)が共存している状態)。

状態 B: 全てのプレイヤーが同じ行動をとっているが、実際は多様な価値観を存在する(ex. (0,0),(1,0)が共存している状態)。

状態 C: 価値観と行動が一貫している者もいるが、価値観と行動が共に多様である(ex. (0,0),(0,1),(1,0)が共存している状態)。なお、表中のハイフンは、安定共存点がないことを意味する。

6. 考察

結果から以下の考察が可能である。第一に、一部の例外(水平 BB+斜行 BB)はあるが、状態 A-C のような非自明な安定共存点が存在するためには、他人の価値観を知ってその情報を基に自分の行動を変える、他人の行動を見てそれを基に自分の価値観が変わる、といった価値観と行動の相互作用が鍵となっていることが分かる。実証研究においてみられる、価値観と行動とが必ずしも一致しないという状況は、このようなメカニズムを通して実現している可能性が示唆される。

第二に、基本的には斜行 AB か水平 AB が関わるような場合には、$m_{ij} < 1$ であっても価値観と行動が乖離した戦略が残存することがある。つまり他人の価値観を知ることが自分の行動に影響を与えることは価値観と行動の乖離に大きく寄与することが示唆される。逆に斜行 BA や水平 BA の場合は、m_{ij} が少なくとも 1 より大きい必要がある。実際、局所安定性解析を用いて、斜行 AB や水平 AB は、全プレイヤーが価値観と行動が乖離している状態を、垂直伝達のみの結果よりも安定化させやすく、斜行 BA や水平 BA は、全プレイヤーが価値観と行動が一貫している状態を安定化させやすくすることが分かった。

第三に、斜行伝達と水平伝達による交互作用が観察される。例えば、斜行 BB も水平 BB も、単独では安定共存点を生み出すことはできないが、両者がともに作動している場合は、状態 C を生じさせることがある。また、斜行 BA も水平 BA も、状態 B を生じさせるが、m_{ij} が少なくとも 1 以上である必要があり、斜行 AA と水平 AA では、そもそも安定共存点が生じない。しかしながら、水平 AA と斜行 BA を合わせると、m_{ij} が 1 以下であっても状態 B が安定になることが分かった。

以上の議論を踏まえると、本研究の意義は次のようになるだろう。第一に、社会規範が持つ拘束性を表現できる。社会規範は、個人に特定の行動をとることを要求するが、それが必ずしも個人の価値観と一致するとは限らない。本研究の枠組みは、自分の価値観を行動として表出できない人がいる状態が安定になる、という意味での拘束性を可視化できる。第二に、価値観や行動の多様性を記述できる。特定の行動をとることが要求されていても、現実には人々の価値観や行動が一つに収束するとは限らない。それには、本研究の設定するように、利得とは無関係の文化伝達が関与している可能性がある。

【参考文献】 [1]Cavalli-Sforza, L.L., Feldman, M.W., 1981, Cultural Transmission and Evolution: A Quantitative Approach. Princeton University Press. Princeton. [2]Centola, D. et al, 2005, *American Journal of Sociology* 110:1009-1040. [3]Kandori, M., 2003, *Japanese Economic Review* 54: 29-48.

修士論文
体内におけるHIV-1モデルの数理解析（要旨）

落合　謙一郎（東京大学大学院数理科学研究科）

HIVが発見されてから四半世紀が経過したが，依然として，その脅威は変わらず，日本における感染者数は増加の一途をたどっている．多剤併用療法（HAART）などAIDS発症を妨げる方法は発展してきているが，体内からHIVを除去することは出来ず，また，長期にわたる服薬による副作用の問題もあり，単純に楽観視できる状況ではない．

このような現状を踏まえ，HAART実施下における体内でのT細胞とHIVのダイナミクスについて考察するため，数理モデルを構築し，解析を行った．

まず，時刻tにおける未感染（正常）T細胞の密度を$T(t)$，感染性を持つHIVの密度を$V(t)$とおく．

感染したT細胞は2つのクラスに分ける．クラス1は，感染したT細胞が最初に入るクラスであり「逆転写を行う段階」である．時刻t，感染齢aでの密度を$T_1(t,\,a)$とおく．クラス2はクラス1から移行するクラスであり「逆転写が完了し，ウイルスの生産を行う段階」である．時刻t，逆転写が完了してからの経過時間τでの密度を$T_2(t,\,\tau;\,a)$とおく．なお、クラス2のaは、クラス1からクラス2への移行時における感染齢（逆転写成立時の感染齢）であって、動く変数であるtやτとは違うことを注意しておく．よって，感染齢は$\tau+a$になる．

bは単位時間当たりのT細胞の生産率，μは単位時間当たりのT細胞の自然死亡率，kは感染率，ξは逆転写酵素阻害薬の有効性，ηはプロテアーゼ阻害薬の有効性，cは単位時間当たりのHIVの除去率を表す．また，$\gamma(a)$は感染齢aにおけるクラス1からクラス2への移行率を表し，$p(\tau)$は逆転写が完了してからの経過時間τにおけるHIV生産率を表す．ここでは，HIVの生産と同時にT細胞が破壊されると考えている．また，sは，T細胞から作られるHIVの比率を表す．$b,\ \mu,\ k,\ c,\ s>0$であって，$0<\xi,\ \eta<1$とする．

以上から，以下のようなモデルを考察した．

$$
\begin{aligned}
\frac{dT(t)}{dt} &= b-\mu T(t)-kV(t)T(t)+\xi\int_0^\infty \gamma(a)T_1(t,\,a)\,da \\
\left(\frac{\partial}{\partial t}+\frac{\partial}{\partial a}\right)T_1(t,\,a) &= -(\mu+\gamma(a))T_1(t,\,a) \\
T_1(t,\,0) &= kV(t)T(t) \\
\left(\frac{\partial}{\partial t}+\frac{\partial}{\partial \tau}\right)T_2(t,\,\tau;\,a) &= -(\mu+p(\tau))T_2(t,\,\tau;\,a) \\
T_2(t,\,0;\,a) &= (1-\xi)\gamma(a)T_1(t,\,a) \\
\frac{dV(t)}{dt} &= (1-\eta)\int_0^\infty\int_0^\infty sp(\tau)T_2(t,\,\tau;\,a)\,da d\tau - cV(t)
\end{aligned}
$$

T_1，T_2 に関する式は，特性線に沿った積分が可能であるから，結局，$T(t)$，$V(t)$ に関する系に書き換えられる．以下，解析結果を示す．

解釈の仕方や，導出過程は省略するが，

$$\mathcal{K}_1 = \int_0^\infty \gamma(a) \exp\left(-\int_0^a (\mu + \gamma(\sigma)) d\sigma\right) da$$
$$\mathcal{K}_2 = \int_0^\infty p(\tau) \exp\left(-\int_0^\tau (\mu + p(\sigma)) d\sigma\right) d\tau$$

とおいて，

$$\mathcal{R} = \frac{bks(1-\xi)(1-\eta)\mathcal{K}_1\mathcal{K}_2}{\mu c}$$

という値 $\mathcal{R}$ を考えると，$\mathcal{R}$ は実効再生産数（effective reproduction number）と呼ぶことが出来る．

この系には 2 つの平衡点が存在し，実効再生産数 $\mathcal{R}$ が 1 より大きいかどうかによって，その安定性が決まることを示した（非自明平衡点は $\mathcal{R} > 1$ の時に限り，生物学的に意味のある点となる）．

具体的には，HIV の存在しない自明平衡点 $(T, V) = \left(\frac{b}{\mu}, 0\right)$ は $\mathcal{R} < 1$ のとき局所漸近安定であり，$\mathcal{R} > 1$ のとき不安定となることを示した．さらに，$\mathcal{R} < 1$ のとき大域的に漸近安定になることも示すことが出来た．

また，HIV の存在する非自明平衡点 $(T, V) = \left(\frac{c}{ks(1\ \ \xi)(1\ \ \eta)\mathcal{K}_1\mathcal{K}_2}, \frac{bks(1\ \ \xi)(1\ \ \eta)\mathcal{K}_1\mathcal{K}_2\ \ \mu c}{ck(1\ \ \xi\mathcal{K}_1)}\right)$ は，$\mathcal{R} > 1$ であって $|\mathcal{R} - 1|$ が十分小さいとき局所漸近安定であることを示した．それに，ある種の条件を付け加えることで $\mathcal{R} > 1$ のとき局所漸近安定であることも示した．

これは，単に $\mathcal{R} > 1$ という条件のみであれば，非自明平衡点が不安定となる可能性があるということを示唆しており，先行研究 [1] との大きな違いである．

なお，$\mathcal{R} > 1$ のとき，時刻 t における HIV の密度 $V(t)$ は一様に強パーシステント（uniformly strongly persistent）であること，つまり，初期値に依存しない $\varepsilon > 0$ がとれて，

$$\liminf_{t\to\infty} V(t) \geq \varepsilon$$

が成り立つことを予想した．

また，簡単にではあるが，薬剤投与計画や，どのようなとき実効再生産数が小さくなるかということについても議論した．

参考文献

[1] Libin Rong, Zhilan Feng, and Alan S. Perelson (2007), *Mathematical analysis of Age-structured HIV-1 dynamics with combination antiretroviral therapy*, SIAM J. Appl. Math., 67, pp. 731-756.

修士論文

周期的変動環境における侵入生物の分布拡大
―移流が拡大速度に及ぼす効果―

同志社大学大学院　文化情報学研究科　文化情報学専攻　博士前期課程
浅野 恵介

侵入生物の空間的伝播についての数学的研究は，Fisher (1937)や Skellam (1951)の先駆的論文が発表されて以来，外来植物や昆虫，伝染病などの侵入を中心に主として拡散増殖モデルを用いて説明されてきた．ただし，それらのモデルでは，環境が均質であることが前提となっている．しかし，実際の自然環境は当然のことながら空間的に不均質である．こうした不均質環境を扱ったものとして，Shigesada, Kawasaki & Teramoto (1986)による，好適環境と不適環境が交互に周期的に分布する 1 次元パッチ状環境下での分布拡大に関する研究がある．彼らは周期的変動環境に侵入した生物の時空間分布を反応拡散方程式を用いて記述し，その解として周期的進行波が存在することを明らかにした．しかしながら、このモデルでは、個体の移動がランダム拡散によってのみ行われるとしており，人間を含む多くの生物が示す，環境の善し悪しを視覚，嗅覚，触覚などの情報を介して感知し，より好ましい環境へと誘引される効果が考慮されていない．

そこで本研究では図 1 に示すような周期的パッチ状環境下における侵入生物の時空間分布を記述するモデルとして，ランダム拡散以外に，好適な環境へと誘引される移流の効果を取り入れた下記の反応拡散移流方程式を導入し，これを数学的解析とシミュレーションの両面から解くことにより，侵入生物の時空間パターンや分布域の拡大速度を求めた．

$$\frac{\partial n}{\partial t} = D\frac{\partial^2 n}{\partial x^2} - \frac{\partial u(x)n}{\partial x} + (\varepsilon(x) - n)n \qquad (1)$$

初期条件：$n(x,0) = n_0\delta(x)$

(1)式の右辺第 1 項はランダム拡散，第 2 項は移流，第 3 項はロジスティック型の増殖を表す．ただし，

$$u(x) = \begin{cases} u & (mL - \frac{L}{2} \le x < mL) \\ -u & (mL \le x < mL + \frac{L}{2}) \end{cases}$$

$$\varepsilon(x) = \begin{cases} \varepsilon_1 & (mL - \frac{L_1}{2} \le x < mL + \frac{L_1}{2}) \\ \varepsilon_2 & (mL + \frac{L_1}{2} \le x < mL + \frac{L_1}{2} + L_2) \end{cases}$$

$$L = L_1 + L_2,\ m = 0, \pm 1, \pm 2, \cdots$$

なお，$\varepsilon(x)$および$u(x)$の不連続点で，個体密度 n とフラックス $J = -D\frac{\partial n}{\partial x} + u(x)n$ は連続的につながると仮定する．

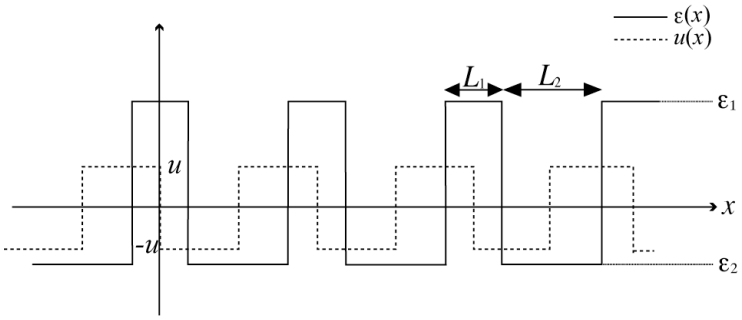


図 1　侵入生物にとって好適パッチ不適パッチが交互に並ぶ周期的変動環境
$L_1(L_2)$, 好適環境(不適環境)の幅; $\varepsilon_1(\varepsilon_2)$, 好適環境(不適環境)での内的自然増加率; $u(-u)$, 不適パッチの中心を境にして右隣(左隣)の好適パッチの中心に向けて進む移流速度

(1)式は変数変換により無次元化すると、拡散係数を D=1，好適環境での内的自然増加率を ε_1=1 とおくことが出来る．従って，変数変換後，モデルに含まれるパラメータは，好適環境の幅 L_1，不適環境の幅 L_2，不適環境での内的自然増加率 e，移流速度の大きさ u の 4 つで代表される．

本研究では，まず，(1)式をシミュレーションによって解き，個体密度分布が環境変動の周期に呼応しながら平均的に一定速度で前進する周期的進行波に漸近することを見いだした．次いで，周期的進行波の定義を満たす解をヒューリスティックな手法を用いて求めた．

これらの解析に基づいて，上記の 4 つのパラメータによって伝播速度がどのように変化するかを調べた．結果を以下に要約する．

・どのような移流速度 u についても，不適環境での内的自然増加率 e が大きいほど伝播速度は大きくなる．一方，各 e について移流速度 u に対する伝播速度 c の曲線は，いずれも u が正のある点で最大値をとるような一山型のカーブを描く．（図 2）

・さらに興味深い結果として，u=0 のとき環境条件が非常に悪く生物が生存できないような状況でも，移流が適度にあれば生物は死滅せずに分布域を広げることができようになる（例えば，図 2 の e=–2 の場合）．さらに，u の値が増えると，伝播速度は 0 から急激に大きくなる．しかし，移流の効果が大きすぎると速度は再び減速していく．

・空間周期 $L(=L_1+L_2)$と伝播速度の関係については，移流速度 u が小さいとき，環境変動のスケール（すなわち L）が大きいほど伝播速度は大きいが，逆に移流速度が大きくなると環境変動のスケールが小さいほど伝播速度が速くなる．

以上の解析において，数学的な解析解とシミュレーション結果は極めてよい一致をみた．したがって，ヒューリスティックな手法で得られた解析解は，(1)式の安定な漸近解である周期的進行波を表していると言える．とくに，シミュレーションが事実上実行不可能な $L\to0$，$L\to\infty$ の場合についても周期的進行波の解析解より，伝播速度が導かれた．

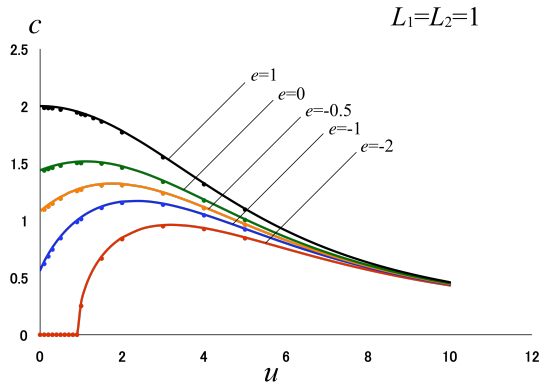


図 2 様々な e に対する伝播速度の u 依存性
実線は理論値，●はシミュレーションの結果

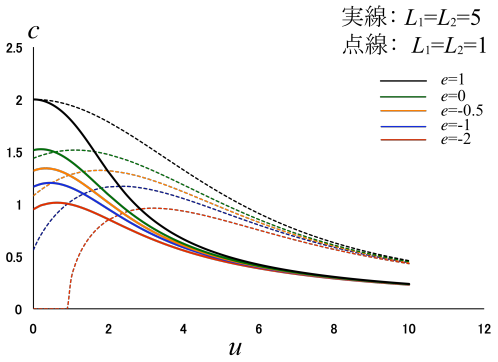


図 3　伝播速度の空間周期 L $(=L_1+L_2)$依存性
実線（L_1=L_2=5)は点線（L_1=L_2=1）と較べて環境変動の空間スケールが 5 倍大きい．

参考文献

Fisher, R.A. (1937).The wave of advance of advantageous genes. *Annals of Eugenics* **7**, 255-369.

Skellam, J.G. (1951). Random dispersal in theoretical populations. *Biometrika* **38**,196-218.

Shigesada, N., Kawasaki, K., and Teramoto, E. (1986).Traveling periodic waves in heterogeneous environments. *Theor. Popul. Biology* **30**,143-160.

修士論文

人工化学による原始細胞構造の自己組織化に関する研究

名古屋大学　大学院情報科学研究科　浅田 祐樹

概 要

人工化学は自然界の化学反応系を抽象化したモデルである [1]．近年，人工化学をもちいて生命の起源と進化を計算機上で再現しようとする試みが行われている．Ono らは原始細胞が化学物質のスープから自発的に形成され分裂する現象を再現した [2]．しかし彼らのモデルでは原始細胞の遺伝物質を持つ現代的な細胞への進化を示せていない．彼らのモデルでは両親媒性粒子のような複雑な構造の粒子を指向性を持つ粒子間相互作用の働きで表現していた．しかしその表現方法では，複雑な構造の粒子 (例えば遺伝物質) がその構造を少しずつ変化させながら進化する過程を表現できない．そこで本研究では，原始細胞から現代的な細胞への進化を示すための基盤として，複雑な粒子の構造をよりミクロな粒子間の関係性で表現するシンプルなモデルの構築を試みる [3]．本論文ではそのようなモデルとして運動モデルと格子モデルのふたつについて論じる．

運動モデルは Langevin 方程式に基づいて簡単化した運動方程式をもちいて粒子の運動を記述するモデルである．運動モデルは，時間発展を厳密に追うことができ，少ない粒子数で実験できるという特徴を持つ．運動モデルの実験では，両親媒性粒子によるミセルや二重層膜の形成（図 1），原始細胞の自己維持や成長をシミュレートできた．また格子モデルは粒子が格子空間中をポテンシャルエネルギーにしたがって確率的に移動していくモデルである．格子モデルは，計算が容易であり，多数の粒子との相互作用を再現できるという特徴を持つ．格子モデルの実験では，原始細胞構造が自発的に形成される現象をシミュレートできた（図 2）．

Ono らのモデルでは両親媒性粒子のような複雑な粒子の構造を指向性を持つ粒子間相互作用の働きで表現していたのに対し，提案モデルでは複雑な粒子の構造をよりミクロな粒子間の関係性で表現するものとした．これにより提案モデルはよりシンプルなモデルとなった．実験結果より，このような表現方法でも原始細胞の自己組織化をシミュレートできることがわかった．

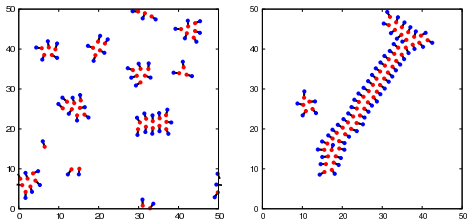


図 1: ミセルおよび二重層膜形成

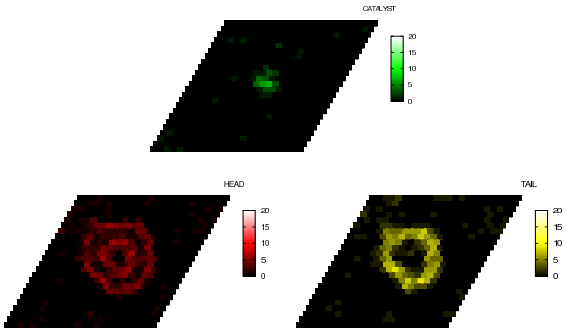


図 2: 原始細胞構造の自己組織化

参考文献

[1] P. Dittrich, J. Ziegler, and W. Banzhaf. Artificial chemistries — a review. *Artificial Life*, 7(3):225–275, 2001.

[2] N. Ono and T. Ikegami. Artificial chemistry: Computational studies on the emergence of self-reproducing units. In *Proc. of the 6th European Conference on Artificial Life*, pp. 186–195, 2001.

[3] 浅田祐樹, 鈴木麗璽, 有田隆也. 粒子間の関係性に基づくシンプルな人工化学モデル構築の試み. 第 36 回知能システムシンポジウム (in press).

修士論文
自己組織化マップによる囚人のジレンマゲームの戦略進化の可視化

名古屋大学 大学院情報科学研究科 長田 健司

1 はじめに

進化は非常に複雑な現象である．その全体像を理解するために可視化が有効である．もっとも古典的で，かつ広く使われている可視化の概念が適応度地形であるが，これには問題点がある．実際の生態系の多くがそうであるように，環境（タスク）が動的に変わったり，あるいは個体間の相互作用で適応度が変わるような動的適応度地形の場合，ある個体や種が適応度地形上の位置を変えることが，自分を含めた全種の高さを変えることを意味するので，適応度地形の理解が非常に難しくなるからである．こういった動的適応度地形を内在する人工進化系を対象とした可視化手法もあるが，得られる情報が限定的で個体間の相互作用まで観ることはできない．

2 提案する可視化手法

本研究では，これらの従来研究とは異なり，個体間の複雑な相互作用の進化に焦点を合わせた可視化手法を提案する [1]．その手法では，遺伝子型や表現型の次元を落として適応度地形を作成するという古典的な考え方によらずに，振舞いの履歴を自己組織化マップを用いて 2 次元平面上に位置づける．この平面上で，各戦略を表す遺伝子型の分布が移動する軌跡として，個体間相互作用の進化を理解する．題材としては，繰り返し型囚人のジレンマゲームの戦略の進化を用いる．各戦略の強さは総当たり対戦する他個体戦略の構成に依存するため，様々な戦略が生成，進化，絶滅を繰り返す．したがって，このような囚人のジレンマの戦略の振舞いの推移を可視化することはその進化の理解にとって重要であろう．なお，囚人のジレンマ戦略の進化手法自体は Lindgren のモデル [2] におけるものと同一である．しかし，本提案手法を用いることで，戦略の発生と絶滅のパターンの把握などの進化過程の新たな理解が可能となることを示す．

3 可視化マップを用いた考察

図 1 に，平均得点 (適応度) を可視化したマップを示す．同図では，明暗が得点の高低に対応する．このマップ上で明るい場所にマッピングされた戦略ほど得点が高いと予測できる．平均利得以外にも様々な特徴を抽出したマップを作成することができる．たとえば裏切り合った振る舞いを抽出したマップを見ればどのような戦略が裏切り合うことが多いかなどが一目で分かるようになる．また，複数のマップの明暗を見比べることでそれぞれの振る舞いの関係性や特徴を把握することが可能である．

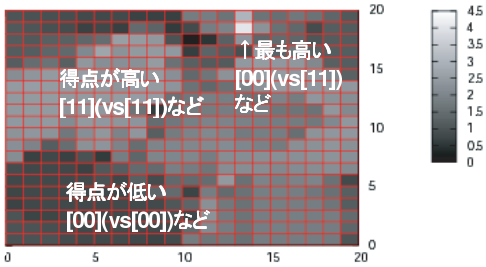


図 1: 平均得点に換算したマップ

さらに，進化を通して戦略の推移する様子を視覚的に分析した．同じ戦略でも相手によって振る舞いが変化し，マッピングされる場所が異なってくる．そのため戦略が発生してから絶滅するまでの座標の移動を見ていくことで各戦略がどのような相互作用を及ぼし，どう影響していくのかが視覚的に分かる．また，突然変異個体がどのように集団に侵入して広がり，またどのように絶滅するか，その典型的パターンを発見できることを論じた．

4 まとめ

本研究では，各個体の適応度が相互作用する個体集団の構成に依存するような複雑な進化を理解するための可視化手法を提案した．そして，作成された特徴抽出マップを用いることにより，個体の振舞いの基本的特徴を把握したり，注目する振舞いに焦点をあわせることが可能であることを示した．さらに，進化を通した戦略の発生と絶滅の考察を行った．

本手法における個体の振舞いの 2 次元平面への変換は個体の遺伝子表現に依存しない．したがって，より一般的な議論が可能であり，適用範囲も広いと期待できる．本研究では，囚人のジレンマゲームの戦略進化を対象としたが，他の進化系への適用を検討中である．

参考文献

[1] 長田健司, 鈴木麗璽, 有田隆也：自己組織化マップによる囚人のジレンマゲームの戦略進化の可視化, 第 21 回自律分散システム・シンポジウム資料, pp. 191-196 (2009).

[2] Lindgren, K.: Evolutionary Phenomena in Simple Dynamics, *Artificial Life II*, pp. 295-312 (1991).

修士論文
群集アセンブリモデルを用いた生態系多様性に関する構成論的研究

名古屋大学 大学院 情報科学研究科　松田 吉広

1　はじめに

実際に観察できる複雑な生態系の安定性と，ランダムな相互作用を行う群集の安定性に関する理論研究の相反する結果 [1] は『複雑性と安定性のパラドックス』と呼ばれており，自然界で多様性が進化し維持される機構の解明は理論生態学における重要なテーマの一つに挙げられる．

こうした中，ランダム行列理論から予想されるよりも複雑で大規模な系を構築しようとする試みが進められてきた．特に，進化的に獲得された特別な相関が系の安定性をもたらしているという立場から，連続的な種の侵入や進化を通して少数種から大群集が形成される過程や系の安定要因を調べる研究が，群集アセンブリと呼ばれる分野で行われてきた．

時田ら [2] は，既存の群集構成法に対応した侵入型，変異型 (グローバル型) と呼ぶ新種導入規則に加え，一回の変異が影響する範囲を一種との相互作用のみに限定した変異型 (ローカル型) を用いて比較を行った結果，ローカル型においてのみ複雑で安定な構造を持つ大規模系が構成されたと報告している．

以上のことを踏まえ，本研究では多様化が促進される要件に関して知見を得ることを目的として，時田らが用いた代表的な三つの群集構成法によるモデル生態系を初めとして，いくつかの群集アセンブリモデルの多様性を検証すると共に，構築された生態系の相互作用構造や駆動しているメカニズムの分析を行った．　既存研究では，多様性という言葉は種数 (=行列サイズ) という言葉と代替可能であるように扱われた場合が多いが，本研究ではモデル生態系における多様性に関して，種の豊富さ，種の均等度，種間相互作用の多様性，という三つの観点から評価を行った．

2　モデル

一種の生態系から開始し，レプリケータ方程式による個体数密度の更新 (更新操作，絶滅操作，スケーリング) と，一定割合での新種導入を繰り返す．新種導入時の変異の与え方がこのタイプのモデルの主要な問題となるが，まずは文献 [2] に倣ったものを試みた．

3　結果

新種導入に関するパラメータ設定が多様性に与える影響を明らかにするため，いくつかの設定を用いて実験を行い三つの多様性指標を計測した結果，導入する新種と親種との類似度が系規模の変動要因になっている可能性が明らかになった．そして，先行研究におけるローカル型は類似度を調整する方法の一つとして考えることができ，他の類似度調整法によっても持続的に系が大規模化する可能性があることを確認した．更に，変異が影響する範囲や与え方が異なるにも関わらず，既存のモデル生態系では相互作用構造や駆動しているメカニズムが類似している点を確認し，それらの生態系の大規模化を司る設計要因をまとめた．また，既存の群集構成法では進化による相互作用係数値の上昇可能性に対する制限が厳しすぎることに起因して，種の豊富さと相互作用の多様性に制約がある可能性を指摘した．

4　多様性のさらなる創出

既存の新種導入法では相互作用係数値の上昇可能性に制限があるという問題を受けて，この制限を外した上で，多様性評価に関する要件も全て満たしうるように導入規則を改良する方法を示した．この規則に基づいて構築された生態系は，既存のモデル生態系と比較しても極めて高い生物多様性のポテンシャルを示し，特に，種の豊富さと相互作用の多様性に関して持続的な増加を実現していることが確認できた．これにより，累積進化による指向性を有した特殊化が観察される系においても，系規模が持続的に成長する例が一つ得られたと言える．この生態系の相互作用構造を分析すると，既存モデルとは異なる様相を示していること，また，極めてシンプルな多重スター型構造が観察できることが分かった．

参考文献

[1] May, R. M.: Will a large complex system be stable?, *Nature*, 238, 413-414 (1972).

[2] Tokita, K. and Yasutomi, A.: Emergence of a complex and stable network in a model ecosystem with extinction and mutation, *Theor. Pop. Biol.*, 63, 131 (2003).

[3] 松田吉広, 鈴木麗璽, 有田隆也: 群集アセンブリモデルを用いた種多様性の促進機構の検討, 第 36 回知能システムシンポジウム論文集 (in press).

修士論文
ネットワーク上の協調進化に対する構造改変戦略の影響

名古屋大学 大学院情報科学研究科 寺田 誠

1 はじめに

近年，実社会のネットワーク構造というものは常に動的に変化し，それによって各主体がとる行動も変化していることを受け，プレイヤーがネットワーク構造を改変することによって，行動戦略とネットワーク構造が共進化する状況を想定した研究が盛んに行われている [1][2]．しかし，それらの動的な複雑ネットワークにおける協調行動の進化におけるネットワークの更新方法は，切断や接続の条件やタイミングなどが様々に設定されており，協調行動を促進させうるネットワーク改変方法に関する知見が十分に得られていない．また，従来研究では，単に接続先個体のや利得のみがネットワーク改変の指標とされてきたが，実社会ではより多様な評価指標に基づいて相互作用が構成さていると考えられる．そこで，本研究はネットワーク構造の変化を個体間のリンクの安定性という観点から把握し，安定性を決める指標が集団レベルの協調行動をいかに促進しうるかを明らかにする．具体的には，各リンクにつながるノードの持つネットワーク指標の重みつき総和をリンクの評価値として定義し，評価値の高いリンクほど安定して存在できるとした．

本研究では，指標に掛ける重みの組み合わせを遺伝的アルゴリズムにおける個体とし，協調行動が維持されやすいものを探索し，得られたリンク評価指標に基づく協調行動とネットワーク構造の共進化ダイナミクスを解析した [3]．

2 モデル概要

本研究では，ネットワークの更新ルールとして，各リンクに対して，そのリンクにつながる個体 (ノード) の持つ獲得利得に加え，次数，クラスタ係数，平均経路長に対してそれぞれ重みを掛けた値をリンクの評価値とし，評価値の高いリンクほど維持されやすく，新たに構成されやすいという動的な状況設定のもとで協調行動とネットワーク構造の共進化モデルを構築した．さらに，構築したモデルにおける各指標に掛ける重みの組み合わせを遺伝的アルゴリズムの遺伝子として扱い，系全体の協調者の割合を高くするネットワーク更新ルール (重みの組み合わせ) の探索を行った．

3 実験結果

ネットワーク更新ルールの探索の結果，ノイズ率が一定以上の値をとると，クラスタ係数重みが大きく，次数と利得の重みは中程度，平均経路長の重みは小さいリンクが安定するという評価指標が協調行動を促進することがわかった (図 1，2)．高い適応度を得たリンクの評価指標を用いた共進化実験の結果，ほぼ全結合するハブとそれ以外の低い次数のノードという構造を作りノイズを利用して協調者が広まることで平均協調者の割合を上げていることがわかった (図 3)．

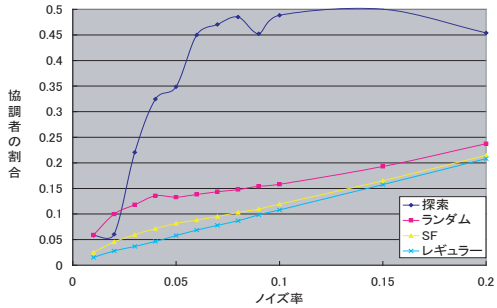


図 1　各ノイズ率に対する協調者の割合

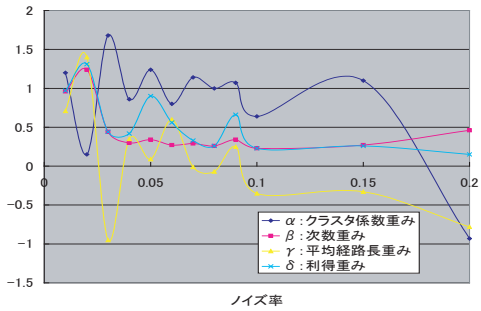


図 2　各ノイズ率に対する探索における最良個体の遺伝子，縦軸が各遺伝子の値，横軸がノイズ率

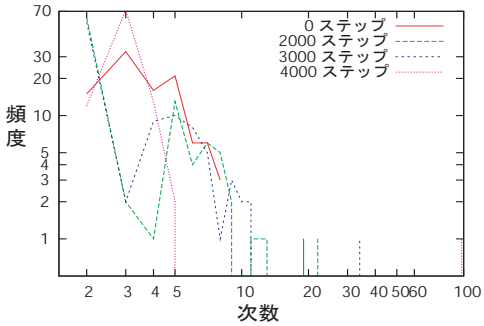


図 3　$P_{dilemma} = 0.06$ の場合のステップ毎の次数分布

参考文献

[1] 谷本 潤，相良 博喜：戦略とネットワークの共進化による協調の創発と Assortative mixing, 情報処理学会研究報告 2008-ICS-151, pp. 31-36 (2008).

[2] Suzuki, R. and Arita, T.: Cyclic coevolution of cooperative behaviors and network structures, *Physical Review E*, Vol. 77, 021911 (2008).

[3] 寺田 誠，鈴木 麗璽，有田 隆也，：リンクの評価指標に基づくネットワーク構造改変戦略が協調進化に与える影響， 第 36 回知能システムシンポジウム (発表予定).

修士論文

複数の手がかりを用いた選り好みに基づく同所的種分化に関する個体ベースモデル

名古屋大学　大学院情報科学研究科　黒島麻衣

近年，多くの生物が複数のキュー (選択の基準となる形質や振る舞い) を用いて配偶者選択を行っていることが明らかになっており，キュー間の関係やその適応的意義が注目されている．本研究では，ランナウェイプロセスに基づく同所的種分化を引き起こす遺伝的多様性をもたらす要因として，複数のキューを利用した選り好みに基づく進化に注目する．そこで，複数のキューに基づく配偶者選択が同所的種分化に与える影響を明らかにすること，特に，ランナウェイプロセスによって生じるすみ分けと選り好みされるキューの流行のダイナミクスの理解を目的とし，メスがオスのもつ複数のキューと選好の間の一致度に基づいて配偶者選択を行う個体ベースモデルに基づく実験と解析を行った．

実験結果から，オスの極端なキューに関する自然選択による淘汰圧が小さい場合，各キューに関して複数方向へのランナウェイプロセスが同時に働いて，最大 4 つのサブ集団への生殖隔離が安定して生じることが明らかになった．一方，淘汰圧が比較的強い場合には，1 集団から 2 集団への分化や一方の絶滅による収束，1 集団で選り好みされるキューが移り変わる流行のような現象が繰り返し生じる複雑な進化が観察された．さらなる解析の結果，流行の過程で両キューの特徴が正反対な状態に至る際には，両者が同時に進化するのではなく，いったん一方に関してランナウェイプロセスが生じ，続いてもう一方にも生じることがわかった．これは，複数の特徴を持つような複雑で極端なキューが進化する過程では，それぞれに関して徐々にランナウェイプロセスが生じている可能性があることを示唆して
いる．

また，あるキューに関するランナウェイプロセスによって生じる集団の分化は，もう一方のキューに関する性選択圧が弱いときに生じることもわかった．これは，種分化のきっかけとなるすみ分けの発生において複数のキュー間の関係が重要な要因となることを示唆していると言える．

発表論文

黒島麻衣，鈴木麗璽，有田隆也: "複数のキューを用いたえり好みに基づく同所的種分化に関する個体ベースモデル"，第 21 回自律分散システムシンポジウム論文集，pp. 7-12 (2009).

修士論文

Cost-benefit modelを用いた葉寿命の最適戦略基準の検討

北海道大学大学院　環境科学院

環境起学専攻　先駆コース

吉田　智彦

要約

葉寿命に関する最も受け入れられている Cost-benefit model は、単位時間あたりの net gain が最大の時に葉を落とすものである(Kikuzawa(1991))。しかし、この model では、樹木は全ての葉を同時に着け同時に落とす仮定が前提であった。新たな model として、樹木は葉を毎年の光合成好適期間の初めに着けるとし、また葉寿命が一年以上である場合に対しては葉齢の異なる葉群の混在を認める仮定を用いた。その場合、葉寿命は寿命年数あたりの net gain が最大の時に葉を落とすことがわかった。両者の model の最適戦略基準を検討した結果、一年のうち光合成できない期間がある場合においては、葉寿命は寿命年数当たりの net gain で決まり、またこの model から、常緑・落葉性の緯度分布は、光合成好適期間の長さだけでは表現されないことがわかった。

近年の地球温暖化にともなって、陸上の植物群落とりわけ森林が大気中の二酸化炭素を吸収する役割に大きな関心が払われている。植物群落が光合成によって二酸化炭素をどれだけ吸収するかは、植物個体それぞれがもつ葉の量、その能力とともに、それら個々の植物が葉をいつ展開させ、いつ落葉させるかが相互に関わっている。したがって、気象条件の変化とともに葉寿命（葉を展開させてから、落とすまでの期間）がどのように変化するかを予測することはきわめて重要な課題である。

樹木が葉をどれだけ維持し落葉させるかは、一個体あたり出来るだけ多くの炭素獲得量(光合成)を実現できるように決定されるという仮定から、いくつかの研究が行われてきた(Harada(1988), Kikuzawa(1991), Takada et al(2006))。その中でも、現在もっとも受け入れられている Kikuzawa(1991)では、葉を展開してからの時間を t (年)、また葉を作るためのコストを C、純光合成生産量を $\phi(t)$とし、純光合成生産量から葉を作るためのコストを差し引いた($\phi(t)$-C)を炭素獲得量とすると、葉寿命の最適戦略 t_{opt}(年）は、($\phi(t)$-C)/t が最大の時であるとされており、単位時間あたりの炭素獲得量が最大である戦略を最適戦略として採用している。これは葉一枚の炭素獲得量が最大になる前に、葉を落とし新しく付け替えた方が将来的な炭素獲得量が大きくなるという考えに基づいている。一年の大半が光合成に適した期間である場合は、次々と葉の付け替えを行うことが出来るので、それが最適戦略だと思われる。しかし、一年の間に光合成に適さない期間

がある場合にも、葉寿命あたりの炭素獲得量を最大とする戦略が将来的な樹木の炭素獲得量を最大にするのだろうか？また、葉齢の異なる葉群の混在を認めず、樹木はすべての葉を同時に着け同時に落とす仮定を採用しているが、この仮定は妥当なのであろうか？

そこで本研究では、上記の疑問に答えられる新たな仮定として、樹木は毎年の年初めに展葉し、葉齢の異なる葉群の混在を認め、また葉量には限りがあり一定の限界値があると考えた。その仮定のもと、$(\phi(t)-C)$/(寿命年数)が最大となる葉寿命が、将来的な炭素獲得量を最大とすることがわかった。この新たなモデルと、Kikuzawa(1991)のモデルを用いて、将来的な炭素獲得量が多い戦略を採用することにより、両者の違いを比較した。その結果、一年の間に光合成不適期間がある場合においては、$(\phi(t)-C)$/(寿命年数)が最大となる葉寿命が最適戦略であることがわかった。また、常緑・落葉性の緯度分布は、光合成好適期間の長さだけでは表現されないことがわかった。

情報分離と分散表現を目的とした自己組織化モデルの研究

琉球大学大学院 理工学研究科 博士前期課程 機械システム工学専攻　　仲田 哲進

1　まえがき

ヒトの脳は複雑な感覚入力に対して優れた情報処理能力を有している．脳の情報処理を担う最小単位はニューロンであるがニューロン単体は単純であり，むしろニューロンが互いに構築する複雑なネットワーク (神経回路網) が優れた情報処理能力を発揮していると考えられている．つまり脳の情報処理能力を解明し工学的に利用するためには，神経回路網に対する研究が必要不可欠である．また脳の情報処理機能に対しては未だ仮説段階であり，それを神経回路網で確認し再現することも重要である [(1)(2)]．

本研究では，脳が互いに無相間なクラスタで情報を処理する情報分離機能を有し，その情報を細胞の複数発火パタンによる分散表現で自己組織化すると考え，ランダム対称結合回路を用いたニューラルネットワークモデル (自己組織化モデル) を構築し，脳の情報処理能力に基づいた機能をシュミレーションによって確認した．

2　自己組織化モデル

2.1　リカレント抑制結合モデル

ランダム対称結合回路 (Randomly and Symmetrically Connected Network，RSN)[(2)] を用いた自己組織モデルを Fig.1 に示す．入力層 (入力情報，入力細胞が配置) と，これを共有する二つの出力層 (学習神経場，出力細胞が配置) があり，二つの出力層間は反ヘブ結合している．

反ヘブ結合とは，結合する神経細胞同士の同時発火を防ぐ抑制結合で，層間に用いることで各出力層が入力情報から同じ情報を抽出することを防ぎ，異なる情報表現 (情報分離機能) が期待できる．リカレント抑制結合 (相互抑制，層間で抑制の強さが対称) なために機能上の差はないが便宜上，二つの出力層を第 1 層，第 2 層と呼ぶ．

RSN は各層内で細胞同士が層内結合をしている．このネットワークには安定平衡状態が多数存在し，入力パタンを平衡パタン (発火細胞パタン) に組み合わせることで分散表現による情報の自己組織化をはかる．安定平衡状態は Földiák[(3)] の示すネットワークのダイナミクスによる微分方程式により求められる．

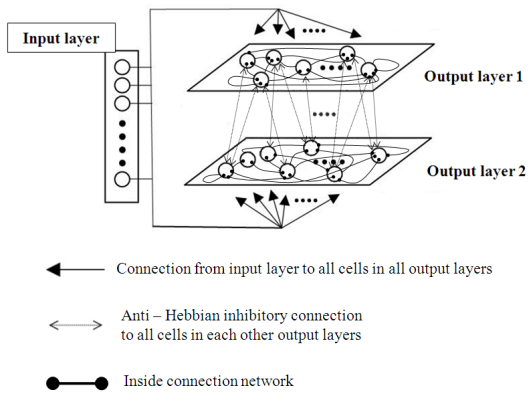


Fig. 1 Self-Organizing model with RSN and recurrent control.

2.2　ランダム対称結合回路による学習

各出力層ではランダム対称結合回路の平衡発火パタンにより分散表現を行う．安定平衡状態の発火細胞数は決まっていないが目標発火確率が存在する．入力層の細胞数は 100 個，各出力層には N 個 (100 個) の出力細胞が配置されている．この節では上の添え字は出力層番号 (k, k'=1, 2)，下の添え字は細胞番号 (i, j=1, 2, ..., N) を表している．同式内で k，k' が共に現れたならば一方が 1，一方が 2 の対称性を示す．各出力細胞は参照ベクトルと閾値を持ち，第 k 層の i 番目の出力細胞の参照ベクトルを $\boldsymbol{m}_i^{(k)}$ (k=1, 2, i=1, 2, ..., N)，入力ベクトルと同じ次元，初期値は [0,1] 上の一様乱数とする．$\theta_i^{(k)}$ は閾値，$s_{ij}^{(k)(k')}$ は第 k 層の i 番目の細胞が受ける第 k' 層の j 番目の細胞からの反ヘブ結合，抑制の強さは層間で対称である ($s_{ij}^{(1)(2)} = s_{ji}^{(2)(1)}$，$s_{ij}^{(1)(2)} \neq s_{ji}^{(1)(2)}$)．共に初期値は 0 とする．ランダム対称結合回路なため，第 k 層内の j 番目から i 番目の細胞への層内結合荷重を $J_{ij}^{(k)}$，結合荷重は層内で対称 ($J_{ij}^{(k)} = J_{ji}^{(k)}$) であり，$J_{ii}^{(k)} = 0$ は自己結合，平均 -1 と偏差 10 の正規乱数より学習前に生成され固定である．ダイナミクス計算による細胞の内部状態 (入力総和) を $u_i^{(k)}(t)$，t はダイナミクス計算中の連続時間，オイラー法のステップ数 ($\Delta t = 1/\ t_{\max}$) でもあり，$t_{\max} = 10000$ 回は最大連続時間 (最大ステップ数) である．

まず同時に入力ベクトル $\boldsymbol{v}$ が両層に与えられる．初期値 $u(0)$ を求め，これをスタートとしダイナミクス計算を行う．$A = 1.0$，$B = 0.1$，$C = 0.1$，$D = 0.1$ はダイナミクス調整定数，関数 f は $f(x) = 1/(1+\exp(-x))$ のシグモイド関数である．ダイナミクス計算終了後，全細胞の発火状態 $y_i^{(k)}$ を決定する．

$$u_i^{(k)}(0) = f\Big(A\boldsymbol{v}^{\mathrm{T}} \cdot \boldsymbol{m}_i^{(k)} - D\theta_i^{(k)}\Big) \tag{1}$$

$$\frac{du_i^{(k)}(t)}{dt} = f\Big(A\boldsymbol{v}^{\mathrm{T}} \cdot \boldsymbol{m}_i^{(k)} + B\sum_{l=1}^{N} s_{il}^{(k)(k')} u_l^{(k')}(t) \\ C\sum_{j=1}^{N} J_{ij}^{(k)} u_j^{(k)}(t) - D\theta_i^{(k)}\Big) - 0.5 \tag{2}$$

$$u_i^{(k)}(t) := u_i^{(k)}(t) + \Delta t \frac{du_i^{(k)}(t)}{dt} \tag{3}$$

$$y_i^{(k)} = \begin{cases} 1 & u_i^{(k)}(t_{\max}) \geq 0.5 \\ 0 & u_i^{(k)}(t_{\max}) < 0.5 \end{cases} \tag{4}$$

安定平衡状態を求めた後に以下の更新を行う．$p^{(k)}$ は各出力層の目標発火確率であり共に 0.4 である．　は 0.1 から 0.001 までの減少関数で，β，γ も同様である．

$$\boldsymbol{m}_i^{(k)} := \frac{\boldsymbol{m}_i^{(k)} + \ \boldsymbol{v}y_i^{(k)}}{\|\boldsymbol{m}_i^{(k)} + \ \boldsymbol{v}y_i^{(k)}\|} \tag{5}$$

$$s_{ij}^{(k)(k')} := s_{ij}^{(k)(k')} - \beta(y_i^{(k)} y_j^{(k')} - p^{(k)} p^{(k')}) \qquad (6)$$

$$\theta_i^{(k)} := \theta_i^{(k)} + \gamma(y_i^{(k)} - p^{(k)}) \qquad (7)$$

上記の過程は離散学習時間 T の 1 回分である．T の更新毎に新しい入力ベクトル $\boldsymbol{v}$ が提示され，この学習を最大離散学習時間 $T_{\max} = 50000$ 回まで繰り返す．

3 入力情報

入力情報は 2 種の非線形独立成分群 (第 1 独立成分群 $x_i^{(1)}$，第 2 独立成分群 $x_i^{(2)}$) より構成され，各 20 要素 (i=1, 2, ..., 20) である．離散学習時間 T 毎に第 1 独立成分群 $x_i^{(1)}$ より要素番号 c_1，第 2 独立成分群 $x_i^{(2)}$ より要素番号 c_2 をランダムに選択する．第 1 独立成分要素は c_1 を用いて式 (8) によりトポロジカルな値を持つ．第 2 独立成分要素 $x_i^{(2)}$ は c_2 を用いて式 (8) と同様に値を持つ．以上より式 (9) の 40 次元のソースベクトル $\boldsymbol{x}$ が作成される．Fig.2 はランダムな c_1，c_2 と式 (8) の連続関数により決定する各独立成分群が持つ円環のトポロジーを示している．

上につく添え字 (1)，(2) は独立成分群の区別，下につく添え字 i は独立成分要素番号を示し，前述した出力層番号 (k) や細胞番号 i, j ではない．T は転置である．

$$x_i^{(1)} = \exp\left(-\frac{\min(\| c_1 - i \|,\ 20 - \| c_1 - i \|)^2}{2\sigma^2}\right)$$

$$(\ \sigma^2 = 1,\ \ 1 \le c_1 \le 20,\ \ i = 1,\ 2,\ \ldots,\ 20\ ) \quad (8)$$

$$\boldsymbol{x} = \left(x_1^{(1)}, x_2^{(1)}, \ldots, x_{20}^{(1)}, x_1^{(2)}, x_2^{(2)}, \ldots, x_{20}^{(2)}\right)^{\mathrm{T}} \qquad (9)$$

混合行列 $M(100 \times 40$，学習を通して固定) を標準正規乱数より作成する．混合行列 M をソースベクトル $\boldsymbol{x}$ にかけ，100 次元の入力ベクトル $\boldsymbol{v}$=$M\boldsymbol{x}$ を作成する．入力情報は混合行列を用いた後に 1 で正規化する．

選択される各独立成分番号 c_1, c_2 は互いに統計的に独立であり，円環のトポロジーを持つことからも明らかなように，入力ベクトル $\boldsymbol{v}$ の中に非線形に表現されている．以上により非線形で複雑な入力ベクトル $\boldsymbol{v}$ が作成される．

入力ベクトル $\boldsymbol{v}$ は各独立成分群 (各々20 要素) から選択される c_1，c_2 の値により決定される．つまり入力パタンは $20 \times 20 = 400$ パタン存在する．

4 学習結果

学習後の各出力細胞の発火特性を Fig.3 に示す．Fig.3 の (a) の 100 個の正方形は第 1 層の出力細胞，(b) の 100 個の正方形は第 2 層の出力細胞に対応している．正方形は

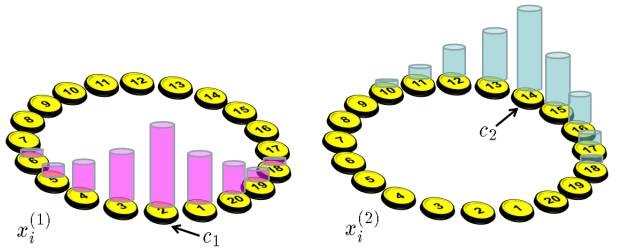
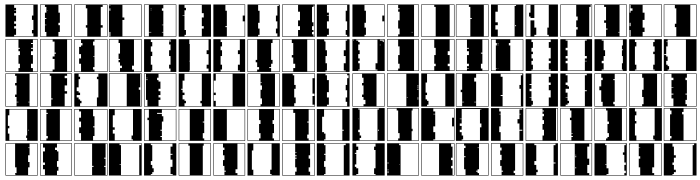
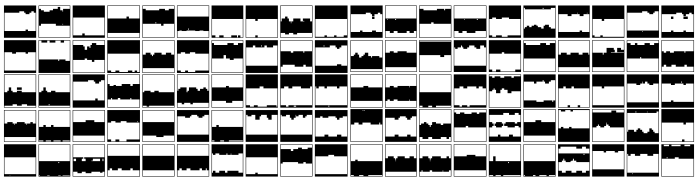


Fig. 2 Independent components with T^2topology



(a) The first layer



(b) The second layer

Fig. 3 Firing property of cells.

入力情報空間であり，横の辺は第 1 独立成分群，縦の辺は第 2 独立成分群を示し，各辺を 20 分割することで各独立成分群の 20 要素を示す．そのため正方形は $20 \times 20 = 400$ 個の升目を持ち，各升目は c_1 と c_2 による 400 通りの入力パタンを示す (画像劣化のため升目は非表示)．各独立成分群は Fig.2 の円環型のトポロジーを持つため，正方形の右辺と左辺 (第 1 独立成分群内)，上辺と下辺 (第 2 独立成分群内) は連続している．つまり，この正方形はトーラス状の信号空間の展開図である．ある入力パタン (一つの升目) に対して，その出力細胞が発火する (しない) ならば黒 (白) く表示した．

Fig.3(a) では第 1 層の全出力細胞が，第 1 独立成分の種類によって発火が左右され，第 2 独立成分には影響をうけないことがわかる．また，第 1 独立成分が端も含めて連続する入力パタンに対して発火することから，第 1 独立成分の連続した (円環型) トポロジーも反映した情報を抽出していることがわかる．

Fig.3(b) の第 2 層の方でも，第 2 独立成分を抽出し，そのトポロジーを反映した表現をしていることがわかる．

5 考察

この自己組織化モデルは入力情報から非線形な独立成分を分離・抽出し，複数の発火パタンによる分散表現を用いて情報を自己組織的に獲得することができた．ここでは入力の類似関係は各出力細胞の発火パタンの重なりに表現されている．このモデルは情報の可視化には役立たないが，より生理学的に自然なモデルになっている．

参考文献

(1) 仲田哲進，倉田耕治，木村隆一，李奎熙，“ トポロジーを持つ非線形独立成分を分離する分散表現自己組織モデル ”, 電子情報通信学会技術研究報告 信学技報, vol. 108, no. 101, pp. 103-107, Jun. 2008.

(2) 仲田哲進, 木村隆一, 倉田耕治, “ 二つのランダム対称結合回路の平衡発火パタンを用いた自己組織モデルによる非線形独立成分の分離 ”, 計測自動制御学会九州支部 第 27 回九州支部学術講演会 pp. 153-156, Nov. 2008.

(3) Foldiak, P. ,“ Forming sparse representation by local anti-Hebbian learning ”, Biological Cybernetics, vol. 64, pp.165-170, 1990.

Statistical Mechanics of Diversity in Ecosystems

（生態系における多様性の統計力学）

大阪大学大学院理学研究科物理学専攻博士後期課程

吉野　好美

実証研究の歴史から、種の多様性がその生態系の安定性の起源になっていると、長い間信じられてきた。ところが、May(1972)の理論的研究により、種が多様で複雑であればあるほど系が不安定化するという逆説的な結果が得られ、これは、生態系研究に大きな波紋を起こした。May は、多種共存系の相互作用として、相互作用をランダムだと仮定し、線形微分方程式の安定性を調べている。これは一般的な微分方程式において安定平衡点まわりの局所安定性解析に相当する。このように、多体系の物理学として、相互作用系をランダムだと仮定するのは自然な発想である。しかし、生物種間の相互作用においては、種 A が種 B に与える影響は一般的に強い相関があり、したがってそれを無相関なランダム相互作用と仮定するのは現実的でないと考え、本論文では概して、種間相互作用に非対称性を与えたときの生態系の振る舞いを調べている。相互作用が対称な場合は、生態学的には、相利共生、競争などの意味づけがなされるが、非対称な場合は、捕食関係を意味する。捕食関係は、生態系にとって必要不可欠な種間相互作用である。また、同種では一般に限られた資源（食糧や場所）を競争すると考えられている。多種共存生態系の安定性は何によってもたらされているのだろうか？

まず第一に、生態系において、その安定性が、環境（資源）によるものか種間相互作用によるものかという問題について調べた。これは、生態学的には大きな関心である。私たちは、種が存在していないときの資源の分布のばらつきと種数に対する資源の種類をパラメータに線形安定性解析を行った結果、両方の変数が小さくなると系が不安定化し、資源が枯渇することを確認した。これは、De Martino と Marsili(2006)の先行研究によっても調べられている。私たちは、ここに種間相互作用を導入し、系の安定性の振る舞いの変化を調べた。すると、資源のばらつきと資源の種類が小さいときに現れた資源の枯渇がおこらなくなることを発見した。また、相互作用の非対称度を増すと系が安定化することも分かった。
第二に、生態学者の関心として、個体数分布がある。個体数分布とは、個体数 x をもつ種の数の分布である。私たちは、私たちのモデルと観測系を比較するために、解析的に個体数分布を求め、どういった要因が分布の形や傾向を決定するのか調べた。そこから、種内競争が大きいほど系は安定で、また、対称より非対称相互作用系のほうが安定だということがわかった。種内競争が大きい極限での分布は x ＝１のまわりにデルタ分布する。これは、少数ずつ、多種が共存していることを意味し、一方で分布が広がっているのは、個体数が多い少数の種が系において支配的になっていることを意味している。

本博士論文では、以上のように、種の多様性がもたらす生態系の安定性を、生成汎関数を用いた統計力学的手法によって議論している。

Mathematical studies on the plant species coexistence under the biotic and abiotic interactions
生物的・非生物的相互作用の下での植物種の共存に関する数理的研究

静岡大学創造科学技術大学院自然科学系教育部
環境・エネルギーシステム専攻
岩田　繁英

生物の多様性の維持機構は多くの人が興味を持ってきた．何故，多種の生物が共存できるか？この問いに対して観測，理論的見地から多くの仮説が提唱され議論が行われてきた．本論文は植物種の共存の維持機構の解明を目的とし，生物的・非生物的な相互作用が植物種の多種共存に与える影響を解析した研究である．植物種は生態系における生産者，また土壌に含まれる栄養塩を摂取する消費者としての役割も果たしている．それらの役割は植物種単独ではなく生物環境 (例：微生物，消費者からの捕食等々)，非生物環境 (例：根による保水，リターによる無機物の循環，光の利用等々) との相互作用の中で果たされている．この相互作用が植物種の存続に与える影響は計り知れない．本論文では非生物的な環境との相互作用として栄養塩，生物的な相互作用のひとつとして植物内生菌 (エンドファイト) に注目した．これらを植物の個体群動態に組み込み個体群の存続可能性について解析を行った．植物の個体群動態は，　植物 i の個体数変動は前世代からの生残個体と新規加入個体で決定される．　新規加入個体は，前世代が死亡して生成される空き地に対してくじ引き的（全種の種子数に対する i 種）に種子が侵入・定着するロッタリー・モデルで決定される．ロッタリー・モデルを基に 1.　種子生産への栄養塩利用方法の違い，2.　エンドファイト（植物内生菌）が植物の個体群動態に与える影響から種の多様性の維持機構について考える．

はじめに栄養塩利用方法の違いの影響を考えよう．栄養塩をロッタリーモデルに組み込み，種子生産が栄養塩に依存して決定されるとした数理モデルを構築し数理解析とシミュレーションを行った．植物の種子生産戦略は，　) 摂取した栄養塩量に応じて種子生

産を行う， ii）摂取した栄養塩量が一定量以上になると種子生産を行う， iii) 摂取した栄養塩量が一定量以上かつ一定量以上の種子数を生産できる場合にのみ種子生産を行う，の３つである (種１は戦略 i をとる)．この時，種２が戦略 i または ii をとる場合２種までは共存するが iii) では３種以上が共存する可能性がある事が分かった．これにより戦略 iii を持つ多種の植物が共存するために重要な要因のひとつになっている事が判明した．この結果は実際に観測を行う際に iii のようなタイプの存在を確認する事の必要性，重要性を提示・解明した．一方で理論的な観点で見たとき，1 種の栄養塩，空き地という 2 種類の資源に対して３種以上の種が共存する可能性を示した．最後に数学的な観点で見たとき，i)， ii) のタイプの戦略は連続的な関数として表現され，iii) のようなタイプは不連続な関数として表現される．この不連続性が種の存続に対して重要な意味を持つ事も明らかとなった．ただし，何故，連続性の違いにより種の存続への影響が起こるのかについては現在も継続して解析している．

次に，エンドファイトの存在が植物種の共存に与える影響について考えよう．この影響を調べるため，エンドファイトの影響を考慮したロッタリー・モデルを用いた．エンドファイト共生個体はエンドファイト共生，非共生個体のみの２タイプを生産できる (エンドファイト共生個体からエンドファイト非共生個体が生産される割合を遷移率とする)．この時，遷移率がエンドファイト共生個体密度に対する依存の有無により種の共存を考える．遷移率が定数である場合の結果として，エンドファイト共生植物の死亡率が低い，繁殖率が高く，移動率が低ければ２タイプの個体が生き残る．しかし，多種の生物の共存には結びつかない．一方，遷移率がエンドファイト共生個体の密度に依存する場合の結果はエンドファイト共生個体がより有利（エンドファイト共生植物の死亡率が低い，繁殖率が高く，エンドファイト共生植物も密度に負に依存している移動率）になれば多種 (それぞれがエンドファイト共生，非共生の２タイプ) が出来るという結果を得た．この結果は実際に観測を行う際に重要な示唆になる．

論文題目：鳥インフルエンザのダイナミクス
著者：岩見真吾
所属：静岡大学 創造科学技術大学院

論 文 要 旨

「数学」は、理論疫学として伝染病の流行を予測する強力なツールであり、現在まで広く使われている。数学のロバストで厳密な性質が、基本再生産数、最適ワクチン普及率などといった、伝染病制圧のためのシンプルでエレガントな理論的概念を作り上げた。1927 年の Kermack－McKendrick による歴史的な論文、“Contributions to the mathematical theory of epidemiology”以来、理論疫学は、多くの科学者を魅了し、様々な分野で広く研究されてきた。計算機科学・統計学・実験生物学の発展した現在、理論疫学は、伝染病制圧のための中心的な役割を担うようになってきた。また、アジアを中心に、世界各国の家禽に広がった、鳥インフルエンザＨ５Ｎ１株の出現により、新型インフルエンザ封じ込めに関する計画が世界の最優先課題となっている。本稿では、人類が直面している新型インフルエンザの大流行を回避するための理論的枠組みを研究している。

第 1 章では、鳥インフルエンザの生物学的背景といくつかの伝染病予防政策について説明している。第 2 章、3 章では、ベトナム・中国・インドネシアなどで家禽に導入されているワクチンによる鳥インフルエンザ制圧について議論している。特に、流行の鎮静化を目指すワクチン政策によるリスクを解析し、リスクを回避するための方法を提案している。第 4 章、5 章では、新型インフルエンザが出現した状況での、伝染病予防政策(感染鳥の殺処分・感染者の隔離)の有効性について評価している。政策の有効性と新型インフルエンザの毒性の関係が重要であることを示唆している。最後に、第 6 章では、本稿での理論的枠組みの観点から、鳥インフルエンザ流行と封じ込めについてまとめている。

なお、本稿の第 2 章、3 章は、2009 年に N.Y.の Nova Science 出版社から F. Columbus 教授編集の著書、“Avian Influenza: Etiology, Pathogenesis and Interventions”内の 1 章で“Potential Risks of Vaccination against Avian Flu Epidemics”として、また、第 4 章、5 章は、同年・同社から出版される P. M. Mitrasinovic 教授編集の著書、“Global View at Fight against Influenza”内の 1 章で“Theoretical Aspect of Prevention Policies against Influenza Pandemic”として出版されることが決まっている。

＊学位論文の PDF 版をご要望の方は、yukitadahara@yahoo.co.jp まで、メールをお送りいただければ差し上げます。

参考文献

[1] S. Iwami, Y. Takeuchi, and X. Liu (2007) Avian-human influenza epidemic model, Math. Bios., 207, 1-25.

[2] S. Iwami, Y. Takeuchi, A. Korobeinikov, and X. Liu (2008) Prevention of avian influenza epidemic: what policy should we choose?, J. Theor. Biol., 252, 732-741.

[3] T. Suzuki, S. Iwami, and Y. Takeuchi (2008) A paradox of vaccination strategy, Tran. Jap. Soc. Ind. Appl. Math., 18, 473-486.

[4] S. Iwami, Y. Takeuchi, and X. Liu (2009) Avian flu pandemic: can we prevent it?, J. Theor. Biol., 257, 181-190

[5] S. Iwami, T. Suzuki, and Y. Takeuchi (2009) Paradox of vaccination: Is vaccination really effective against avian flu epidemics?, PLoS ONE, Accepted.

[6] S. Iwami, Y. Takeuchi, X. Liu, A. Korobeinikov, E. Jung, and T-C. Jo (2009) Theoretical aspect of prevention policies against influenza pandemic, In Global View at Fight against Influenza, editor P. M. Mitrasinovic, Nova Science, New York, In Press.

[7] S. Iwami and Y. Takeuchi (2009) Potential risks of vaccination against avian flu epidemics, In Avian Influenza: Etiology, Pathogenesis and Interventions, editor F. Columbus, Nova Science, New York, In Press.

博士論文

Rumor Transmission Models and Persistence Analysis

（流言伝播モデルとパーシステンス解析）

東京大学大学院数理科学研究科　　河内　一樹

社会情勢が変化すると，その情報を把握すべく我々は言語による意思疎通を図る．しかしその活動によって我々の心理や行動が変容し，そのミクロな変化が社会情勢を変容することも多い．従って，ある言説が人々の間に広がるダイナミクスを調べることは社会を安定化するために有用な視点を提供すると考えられる．

本論文では，口頭でのコミュニケーション（口コミ）が連鎖することで短期間の間に不特定多数の人々に大規模に広まる言説を「流言」と定義する．そして，流言を知って積極的に広めようとする人の多寡によって，その流言が広まっているかどうかを判断し，その人数の時間変化を数学的に解析する．

流言が伝播する基本的な仕組みは,「流言を知らない人」が「流言を知って広める人」に出会い会話する中で,「広める人」がその流言を話題にすることで「知らない人」が流言を知る，というものである．一方，感染症が広まる基本的な仕組みは，未感染者が感染者に接近することで感染者から未感染者に病原体が移り，未感染者が発症するというものである．この類比から，感染症のモデリングと同様のモデリングを流言伝播に対して行うことには一定の意義を認めることができる．

先に感染症の数理モデルとして最も基本的な，SIR モデルを簡単に紹介する．人口を感受性人口 (susceptibles)，感染人口 (infected; infectious), 隔離された人口 (recovered; removed) の 3 状態に分類し，各状態ごとに人々の行動が均一化されていると仮定する．未感染者と感染者の接触によって未感染者が感染し，また感染者は一定の割合で隔離状態に移行する，という状態遷移を考慮して，各状態の時刻 t での人口（あるいは人口密度）をそれぞれ $S(t)$, $I(t)$, $R(t)$ で表すと，SIR モデルは

$$\begin{cases} \frac{d}{dt}S(t) = -\beta S(t)I(t) \\ \frac{d}{dt}I(t) = \beta S(t)I(t) - \gamma I(t) \\ \frac{d}{dt}R(t) = \gamma I(t) \end{cases}$$

なる常微分方程式系で表される．ここで β は感染率，γ は隔離率で，$\beta I(t)$ は感染力である．実際には，感染症に関する状態をさらに細かく分類するが，R-状態の個体が他の状態の個体と接触しても病原体を広めることはなく，状態遷移を引き起こさないことに注意する．

本論文で解析を行う流言伝播モデルを紹介する．Chapter 1 では，ある流言に関する状態に着目して，人口を感受性人口 (susceptibles, 流言を知らない人たち)，広め役人口 (spreaders, 流言を知って広める人たち) 及び火消し役人口 (stiflers, 流言は知っているが伝播を阻止する人たち) の 3 状態に分類する．個体間の接触により引き起こされる状態遷移として次の 3 通りを考える．

(i) 感受性個体と広め役個体が接することで，感受性は流言を知り，一定の割合で広め役に，また一定の割合で火消し役に遷移する．

(ii) 広め役個体同士が頻繁に接し流言を話題にすることで，飽きが生じて，一部の広め役個体が火消し役に遷移する．

(iii) 広め役個体と火消し役個体が接すると，広め役個体が話題提示した流言に対して火消し役個体が「関心を示さない」「否定的な見解を見せる」ことで，一部の広め役個体が火消し役に遷移する．

(iii) は，SIR モデルで言えば，R-状態の個体は免疫保持者であって，I-状態の個体に出会うと自らが保持する免疫を I-状態の個体に渡すと表現できるだろう．これは感染症において非現実的であり，ここに流言と感染症との 1 つの差異が存在する．また，多くの感染症では病原体が短期間には突然変異しないのに対して，「噂に尾鰭がつく」の言い回しにもあるように，流言の殆どは短期間に次々と変容する，という重大な違いがある．この効果を考慮する場合，Chapter 1 では広め役に関しては会話を通じて常に最新の流言を得ており

状態遷移を考えない．一方で火消し役に関しては積極的に流言に関する情報を得ないために，自分が知りえた流言からある程度変化した流言は実質的には知らないのと同然とみなし，火消し役個体は一定の割合で感受性に遷移すると仮定する．

その上で，考えている人口集団について，閉じた集団（出産や死亡を考慮せず，また移民も存在しない）の場合．一定の流出入（常に一定量の新規人口が感受性個体として人口に加わる一方で，一定の流出率で人口集団から外れる）の場合，年齢構造を導入した場合（年齢ごとに，個体間の接触頻度や状態遷移の確率が異なる．出生率や死亡率も年齢に依存するが，流言に関する状態には依存しない）の 3 つのケースについて微分方程式モデルを提唱し，系の適切性を確かめた上で，系の大域的挙動，すなわち十分時間が経過したときに各状態の人口密度や全体に占める割合がどうなるかを調べる．

「閉じた集団」の場合，総人口が一定であることと人口は常に非負値を取ることから，微分方程式は実質的には 2 次元の有界閉集合上での自励系非線形常微分方程式系となる．そして Dulac–Bendixson の判定条件を用いることで解軌道の ω 集合は必ずある平衡点となることが証明される．従って，平衡点の個数や局所安定性を調べれば，系の大域的挙動がほぼ特定できることになる.「一定の流出入」の場合も，十分時間が経てば総人口が一定値に収束することから，その極限的状況に注目すれば「閉じた集団」と同様の取り扱いが可能となる．

平衡点の種類として大きく分けて全員が感受性の平衡点 (RFE; rumor free equilibrium)，広め役や火消し役が存在する平衡点 (REE; rumor endemic equilibrium) が考えられる．そのどちらが大域的に漸近安定かは，RFE の状態にごく少数の広め役が侵入した際に一定期間に新規に生まれる広め役の数と，人口の流出入に伴う広め役の減少の度合いの大小で定まり，前者が大きいと REE が漸近安定となることを常微分方程式系で証明する．

年齢構造を考慮したモデルは境界条件のついた偏微分方程式系として表される．この場合，RFE は常に存在し，RFE の状態にごく少数の広め役が侵入した際に一定期間に新規に生まれる広め役の最大数がある作用素のスペクトル半径として求まる．これが 1 より小さいと REE は存在せず，1 より大きいと RFE から分岐する形で REE が存在し，分岐点の近傍で局所安定であることを示す.

平衡点の安定性以外に系の大域的挙動を調べる一つの指標として注目されているのがパーシステンス，つまり十分時間が経過したときに，系のある成分が絶滅せずに生存しているかというものである．その中でも最も強い概念である一様強パーシステンスとは，ある定数 ε が存在して，その成分が正であるような任意の初期条件に対して，十分時間が経過すると，その成分量が必ず ε を上回る，というものである．

Chapter 2 では，系が一様強パーシステントであるための十分条件を与える定理を引用し，その定理の適用例を 2 つ紹介する．また，同じ方法を Chapter 1 と Chapter 4 で扱う年齢構造モデルにも適用し，流言の広め役や火消し役に着目して一定条件下で系が一様強パーシステントであることを証明する．これは，その条件下では，最初に広め役や火消し役がいるなら，十分時間が経てば広め役や火消し役が必ず一定数以上になることを意味する．

さて，流言伝播には口コミが大きな影響を与えるものの，外部情報源が流言伝播に与える影響は無視できない．ここではマスコミだけでなく，マスコミを通じて周囲に多大な影響力を与える人々もマスコミと同一視して扱う．また，Chapter 1 では火消し役が自ら流言について話題にしないことを暗黙のうちに仮定するが，例えば対抗流言を流すなどの方法で，流言伝播を積極的に抑えようとすることも考えられる．このような火消し役を，Chapter 1 で考えるものと区別して「積極的火消し役」(active stiflers) と定義する．Chapter 3 では閉じた集団において「火消し役か，それとも積極的火消し役か」「流言が変容する場合，しない場合」「マスコミの影響力がない場合，流言伝播に影響を与える場合，流言伝播の抑制に影響を与える場合」をいろいろ組み合わせて，系の大域的挙動を調べる．その中で,「積極的火消し役」「流言が変容する」「マスコミが影響を与える」と組み合わせたモデルについて，パラメータの取り方によって前進分岐も後退分岐も起こりうることは特筆すべきである．流言を抑制するための目標設定に影響するからである．

火消し役の意味づけが異なることで系の挙動が異なる可能性をさらに調べるために，Chapter 4 では積極的火消し役が関与する年齢構造化流言伝播モデルを提示し，Chapter 1 と同様の考察を行う．このモデルでは Chapter 1 のモデルと異なり，感受性と広め役のみが共存する平衡点, 感受性と積極的火消し役のみが共存する平衡点が考えられる．それぞれの平衡点が存在するための条件や局所安定性を導出することができる．

博士論文

A theoretical study on evolution of endosymbiosis based on material cycling : from thecompact-ecosystem perspective

（物質循環を基盤とした細胞内共生の進化に関する理論解析：コンパクトな生態系からの視点）

福井 眞　(東京大学大学院総合文化研究科)

第1章　序論

自然界には生物種間で密接に生活する「共生」の生活様式をとる複合体生物がしばしば見られる。細胞内共生という現象は、宿主個体の細胞内に共生関係を築くことで統一体となった個体について、新たな空きニッチに対する適応放散が進行するという意味で、革新的な進化のひとつである(Maynard-Smith and Szathmary, 1995)。進化生態学的な視点では、相利関係はまず寄生関係から始まったと考えられおり (Roughgarden, 1975)、この視点から進化ゲーム理論の解析を用いて寄生から相利共生への進化の解析がなされてきた(Yamamura,1993,1996; Matsuda and Shimada, 1993)。しかしこれらの解析は寄生のコストと寄生による繁殖成功のベネフィットを基に適応度を計算しているものであり、共生体となった個体自身にどのような変化が起こるかということに注目したものではない。共生によってシステムの構成要素を増やし、複雑化していくことには、果してどのような適応的意義があるのだろうか。この問題に対して、Lotka(1922)は進化を通してシステムを通過するエネルギー流が最大化されるのではないかと示唆し、自然生態系において解析されている(Loreau, 1995,1998)。この考えに立脚して本研究では、共生によってシステム全体にどのような影響が及ぶのかを生態系生態学の視点から探った。

第2章　コンパクトな生態系としての細胞内共生

本章では先述の問題を、細胞内共生という現象を対象として考察した。細胞内共生は真核細胞の出現という進化史上もっともインパクトのある現象を引き起こしたことはいうまでもなく(Margulis, 1981)、自然界に広く見られる現象である(Buchner, 1965)。相利共生関係に至ったものに関して、その共生体の多くは代謝面で宿主に貢献している(Moran and Wernegreen, 2000)。この点に注目し、物質循環を基盤とする生態系生態学のアナロジーとして細胞内の代謝を定式化した。

生態系では植物、動物、微生物がそれぞれ生産者、消費者、分解者としての役割があり、物質循環が成立している。階層の異なる細胞内の代謝系にも同じような物質循環が見られることが最近の細胞生物学の知見から分かってきた(Mizushima, 2005)。そこで、細胞内で代謝を制御する酵素を生産者に、宿主から資源を搾取する細胞内共生者を消費者に当てはめた。細胞質内で宿主自身の酵素やオルガネラ、または細胞内への侵入者などを分解するオートファジー(Nakagawa *et. al.*, 2004)を分解者の役割として、次の場合について解析した。（1）宿主内に共生者がいない場合、（2）宿主が成長のために利用する代謝物を共生者が直接に搾取する場合、（3）共生者は宿主の中間代謝物を搾取することによって間接的に宿主の代謝に貢献する場合。局所安定解析によって以下の帰結を得た。（a）共生者は宿主の分解から逃れることができるだけの増殖率が要求される。(b) 共生体が相利共生関係を構築するためには宿主にある閾値以上の細胞サイズが要求される。(c) 相利共生関係は共生体の代謝循環流を増大させる。これらの帰結は自然生態系の解析結果(Loreau, 1995)と共通しており、細胞内代謝系における共生者の間接的貢献に関わる進化のロジックを解明できた。

第3章　生態系における消費者の生態系プロセスに及ぼす影響

細胞内共生が進化するきっかけの一つに、システム全体が飢餓状態にさらされるというものがある(Jeon and Lorch, 1967; Todoriki *et.al.*, 2002)。２章で解析した細胞内共生の進化条件においても、自然生態系での相利共生関係の進化過程に共通パターンがあるなら、自然生態系においても飢餓状態が相利関係を進化させるきっかけとなる可能性がある。自然生態系では生産者（植物）に対して消費者（植食者）が中程度の摂食力をもつ場合には、分解過程をより速く循環させ、引いては生態系の一次生産を最大化させる (Loreau, 1995)。生物の生産性がその個体の適応度に正の相関があると仮定すると、消費者は生産者にとって正の影響を持ちうる。このような影響は陸域、水域、あるいは生食・腐食連鎖に関わらずあらゆる生態系にみられるパターンである。

しかし、消費者自身の生産性、適応度を考えると、生産者との間に利害が一致するとは限らない。この章では、定常状態にある生産者と消費者の生産性には最適な摂食に対して不一致があることを示した上で、生態系内への栄養流入が安定供給されないような変動環境下で､両者の生産性がどのように変化するかを確かめた。栄養流入が途絶えると一次生産がおちるが、消費者の存在下では栄養塩の素早いリサイクルを通して生産性の低下が緩和された。断続的に栄養流入がある場合、外部からの栄養塩供給が乏しくなるほど、消費者の緩和効果が顕在化する。このため、たとえ栄養が豊富な場合に一次生産を落としてしまうような強い摂食をおこなう消費者であっても、変動環境下では一次生産を高い水準に維持できる。このような一次生産を高く維持する生態系は、生産性の変動性が小さく保たれ恒常性が維持される。変動環境下ではより高い摂食圧が一次生産を最大化するので、一次、二次生産の間のコンフリクトも緩和される。つまり、栄養飢餓的な状況は両者を相利関係へと導く効果があることが示唆された。

第4章　飢餓状態が細胞内共生の進化に与える影響

第２章で宿主と共生者の相互作用の中心的役割を担っていたオートファジーは、真核生物の栄養状態に応じて細胞成長などと一緒に TOR(Target of rapamycin)と呼ばれるシグナル伝達系の制御を受けている（Wullschleger, 2006）。TOR 制御により真核細胞はアミノ酸欠乏などの栄養飢餓に応答してオートファジーを過剰発現し、急場をしのぐことが近年明らかになってきた（Mizushima, 2005）。

第２章のモデルに TOR による制御を取り入れ、数値シミュレーションを行った。生態系の消費者と同様に、共生者は飢餓状態を通してその関係性を寄生から相利共生へ転換させた。この内部共生者は自身が栄養貯蔵として機能することで宿主に対して利益をもたらすため、宿主に栄養貯蔵という新規機能を付与することが示唆された。

第5章　総合考察

従来の進化生態学における共生の進化は、適応度を指標として寄生から相利共生へ一方向への進化動態を示してきた。それに対して､本研究は相利共生関係が構築されるための具体的な条件を明示し、宿主と共生者の関係性が生活する場の変動環境条件によって転換可能であることを示した｡さらに、新たな要素をシステムの外から加えるような共生によってシステムの物質循環の恒常性が維持されるという性質は、複雑適応系の性質(Levin, 1998)を具現化している。生態系であれ細胞代謝系であれ、相利共生関係の構築は複雑適応系の一つとして普遍的な性質を備えていることを明確に示すことが出来たといえる。

博士論文
社会的相互作用の進化ダイナミクスに関する構成論的アプローチ

名古屋大学 大学院情報科学研究科
高野雅典

我々は社会を構成して生活しており，その様々な場面で，交渉する，同盟を組む，出し抜くなどの複雑な社会的相互作用に関わっている．このような複雑な社会的相互作用はヒトの独自性を際だたせる特徴の一つである．本研究は，社会的相互作用の進化ダイナミクスに関する知見を得ることが目的である．

近年，ヒトの持つ高度な知的能力は，生態学的環境ではなく，複雑な社会的環境への適応として進化したという仮説（「社会脳仮説」）が有力である．その仮説に従うと，複雑な社会的環境で発揮される社会的知能の中でも「心の理論」（他個体の心・行動を推測する心の機能）が大きな役割を果たしていると考えられる．心の理論によって，駆け引き・欺き・同盟など集団内でうまく立ち回ることが可能になるからである．さらに，個体のもつ社会的知能と個体間の社会的相互作用は相互に密接な影響を与え合って進化してきたはずである．そこで，本研究はこのような見地から構成論的手法に基づいて他個体の心の推測に基づいた社会的相互作用の進化ダイナミクスについて研究する．採用した構成論的手法とは，研究対象をエージェントの相互作用に基づくモデルとして表現し，計算機の上で動かしてあり得るシナリオの発見，仮説の生成によって理解を進めるものである．特に，社会的環境が進化に与える影響に着目し，他個体の心の推測はどのような社会的環境条件によって進化するか，そして，それが進化した集団ではどのような社会的相互作用を生み出しているかという点に焦点を当て，次の二つの側面から検討した．

（1）他個体の心・行動の推測について考える．ある個体が他個体に関して推測するときに，その他個体も自分の心や次の行動を推測すると考えると，「「他個体の自分に対する推測」を推測する」，さらに「「他個体の「自分の他個体に対する推測」に対する推測」を推測する」などのように，心の推測に再帰構造が発生する．このような再帰的な処理能力は言語，物事の認識，道具の使用などヒトの知能に普遍的に関わっていると考えられる．社会脳仮説に基づけば，この能力も社会的環境に対する適応進化によって獲得されてきたと考えうる．本章は再帰的推測の深さ（再帰レベル）の進化ダイナミクスについて検討している．特に，再帰的推測に基づいた振る舞いは再帰レベルによってどのように異なった性質を持ちうるか，再帰レベルの進化は社会的環境からどのような影響を受けるか，という点に焦点を絞る．そのために，各個体の能力として他個体の行動の再帰的予測という内部処理とそれに基づいた行動を仮定した上で，社会的集団における競合的関係を物理的に状況付けした抽象タスクとしての衝突回避行動タスクを対象として進化シミュレーションを行った．その結果，まず，奇数レベルは回避行動を強く取り，偶数レベルは弱く取るというように，再帰レベルの奇偶で振舞いが異なることが示された．これは，再帰的推測において他者を起点とする（奇数）か，自分を起点とする（偶数）かに起因する．この振舞い違いが非対称な適応度を生み出すが，その適応度地形は社会的環境（相互作用の強さ）に強い

影響を受ける．特に，社会的環境が特定の領域に達したときに，レベルの奇偶の適応度差がなくなり，同時に高いレベルへの選択圧が生じることによって，高いレベルへの進化が可能となることが明らかになった．

（2）心・行動の推測と，それを前提とした他個体の操作について考える．一方がなんらかの振る舞いをしたときに，他方がそれを見て相手の意図や行動を推測し自分の行動を変えたのならば，それは前者による後者の行動の操作と言える．ここで，相手を推測すること・操作することが双方にとって有益である状況（例えば，行動調整が両者に利得をもたらす場合）を考えると，一方がなんらかの振る舞いによって意図を示し（操作），他方がそれを理解する（推測）というコミュニケーションが進化することが想定できる．本研究では，他個体に関する推測と他個体の操作の共進化による言語・コミュニケーションの進化的基盤を検討している．特に，どのようなコミュニケーションが進化しうるか，コミュニケーションの進化は社会的環境にどのように影響を受けるか，また，上で想定したような振る舞いの記号化，それの送信者・受信者という役割分担化が進化したとき，どのように実現されるか，という 3 点に焦点を当てた．そのために，2 者の衝突回避行動を題材としてエージェントベースモデルを設計し，ゲームの利得に基づいた進化シミュレーションを行った．その結果，譲る意図を意味する合図を示すタイミングで調停する「収束型」と両者のシグナルの共振で調停する「振動型」という二つのコミュニケーションの型が進化した．そして，それらのコミュニケーションを明らかにするために情報量などの指標を用いて分析した．収束型は，一方が自分の譲歩の意図を合図によって示し（操作），他方がそれを理解する（推測）コミュニケーションと解釈できるものである．このコミュニケーションの出現は，連続的な値を取るシグナルから意図を示す合図への記号化，あるいは，同時双方向の相互作用から一方が意図を示すという話し手と聞き手の役割分担化と解釈することも可能である．また，収束型の進化は社会的環境（対立度）に依存することが示された．つまり，対立度が低い場合にはこのコミュニケーションは進化し，進化する場合としない場合には対立度による明確な境界が存在した．この境界は，対立度がある値より大きくなると，コミュニケーションをする個体同士の利得が低下し，コミュニケーションをしない（相手に関係なく独立に行動を決定する）個体に排除されてしまうからであると考えられる．

これらの実験を通して，心の再帰的処理，あるいは，コミュニケーションの成立といったヒトの独自性を際だたせる特徴の創発について，心・行動の推測に基づく社会的相互作用の進化として検討した．その結果，心・行動の推測をすることの適応性は社会的環境に強く影響され，それに伴い社会的相互作用も変化することが示された．特に，心・行動の推測が適応的となるような特定の条件を満たすときに，心・行動の推測は進化・社会的相互作用は複雑化し，上記の特徴が創発することを明らかにした．本研究の実験はヒトや動物の進化を対象としたシミュレーションではないが，今後，ヒトや動物に直接的に関わる研究と密接に連携していくことにより，実験・観察が困難で未解明な点の多いヒトや霊長類の心の理論や社会的相互作用の起源や進化の解明が進むと考えられる．

発表論文

[1] 高野雅典, 加藤正浩, 有田隆也．心の理論における再帰のレベルの進化に関する構成論的手法に基づく検討．認知科学, Vol. 12, No. 3, pp. 221-233, 2005.

[2] Masanori Takano and Takaya Arita. Asymmetry between even and odd levels of recursion in a theory of mind. In *Proc. of ALIFE X (10th International Conference on the Simulation and Synthesis of Living Systems)*, pp.405-411, 2006.

[3] 高野雅典，有田隆也．動的シクナリングの進化に基づく言語の成立基盤の一検討．情報処理学会論文誌, Vol. 49, No. 8, pp. 2890-2899, 2008.

編集委員会より

この要約文・要旨集は，ニュースレター第58号に特集として掲載された卒業論文・修士論文・博士論文の要約文に加え，それらのより詳しいA4サイズの要旨を綴り，ニュースレター第58号pdf版別冊として作成したものです。今後の研究交流に役立つことがあれば幸いです。

なお，本別冊中の要約文・要旨の内容についての著作権は，日本数理生物学会および当該著者に帰属するものであることを申し添えます。

日本数理生物学会ニュースレター第58号
2009年5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

PDF版