

日本数理生物学会 ニュースレター

August
2011

65



TABLE OF CONTENTS

Newsletter of the Japanese Society for Mathematical Biology No. 65 August 2011

【特集】

第21回日本数理生物学会のご案内

三村 昌泰・若野 友一郎..... 1

【研究紹介】

包括適応度の理論 ～分散率の進化を例に～

若野 友一郎..... 5

【研究会報告】

第3回日中数理生物学コロキウム参加報告

酒井 佑楨..... 11

【書籍紹介】

「生命科学の新しい潮流 理論生物学」望月 敦史(編)

森下 喜弘..... 12

【ニュース】

学会事務局からのお知らせ

山内 淳..... 13

2010年度決算および監査報告

宮崎 倫子・稲葉 寿..... 15

研究集会カレンダー

..... 16

編集後記

..... 16



2. 企画シンポジウム

S1) 生命の体づくりと数理

企画者：森下喜弘 (九州大学), 李聖林 (理化学研究所)

我々多細胞体の形態はどのように作られるのだろうか？体は複数の器官によって構成され、その器官の形態は組織（細胞集団）の変形によって決まり、組織の振る舞いは構成要素である細胞の応答（分裂、運動、分化、細胞死）によって決まる。このように生命の形作りを考えるためには異なる空間スケールで起こる現象を理解し、それらを統合する必要がある。今回の企画シンポジウムでは、細胞、細胞集団、器官レベルという異なるスケールでの現象を実験データに基づいて理論的に研究している研究者の話を伺うことで、スケール間の統合の問題をどう捉えて行けばよいかを考えるきっかけを作ることを目的とする。

S2) ネアンデルタールとサピエンス交替劇の真相：ヒトの学習能力の進化モデルの研究

企画者：中橋渉 (明治大学)

人類学における最重要テーマの1つである、ネアンデルタールとサピエンスの交替劇について、学習能力の進化に着目した大型の研究プロジェクトが始まっている。本シンポジウムでは、このプロジェクトにおける数理モデル研究を紹介し、数理生物学で培われてきた手法が人類の進化という難問に適用されることで何が見えてきたのかを議論する。

S3) 細胞生物学における数理モデルの役割

企画者：小泉吉輝 (九州大学)

細胞内の現象を数理モデルによって表現することで一体何がわかるのであろう。また数理モデルがどのように実験で役に立っていくのだろうか。この二つの問いに答えるために本シンポジウムでは実験と理論を用いて細胞内の生命現象を研究している方々をお呼びして、これまでの知見とこれからの方向性について議論してもらいたいと考えている。

S4) New theoretical approaches for stochastic phenomena in biology

企画者：小林徹也 (東京大学・生産技術研究所)

確率性は様々な生物現象のダイナミクスに共通して存在する要素であり、その振る舞いや影響を捉えることは現象の理解や制御のために不可欠である。進化生物学などを代表に、数理生物学の歴史においても確率性を扱う様々な数理的手法が取り入れられてきた。しかしながら、数理生物学における対象は、ミクロな分子・細胞現象のゆらぎをはじめとして今ださらなる拡大を

続けており、また、それを解析する新しい手法も数理生物学の内外で不断の発展を続けている。本企画では、確率現象へ数理的アプローチを行う講演者を生物・情報・物理・工学など異なる分野から集め、確率性を扱う新しい解析手法や応用に関する新展開を概観する。

S5) 空間的制約下におけるダイナミクス

企画者：八島健太 (総合研究大学院大学)・鈴木清樹 (中央農業総合研究センター)

生命現象において現れる空間的制約下のダイナミクスを分野を横断して議論したい。ここで言う空間的制約とは空間構造中の不均一性やネットワーク構造のことを指す。理論疫学では、感染症流行における大都市圏交通ネットワークや植物病害における圃場の空間構造等を考慮するが、ネットワーク特性や圃場の空間的不均一性に応じて疫学動態が定性的に変化することが知られている。一方、細胞生物学でも、細胞内分子混雑の度合いに応じて系の不均一性が変化し、生化学反応の定式化も変化することが知られている。このような空間的制約によるダイナミクスの定性的変化およびその定式化方法という観点で、各分野から講演者を招き最新の研究を紹介して頂く。

S6) 生態系管理のモデリング -基礎理論から応用への展望-

企画者：高科直 (九大・システム生命科学)

これまで様々なフィールドを対象に数多くの生態系管理モデルが提唱され、その有用性が認められてきた。一方で、モデルの実証が困難である場合など、管理モデルの基礎理論や応用の研究者間で、目的意識の乖離が見られる場合も少なくない。本企画は、生態系管理モデルの基礎理論や応用などの様々なレベルにおける研究を紹介し、各レベルの研究者の連携や議論の機会となることを目的とする。

S7) 理論疫学の可能性の展望

企画者：江島啓介 (東大・情報理工), 大森亮介 (九大・システム生命)

理論疫学は数理生物学の中でも歴史が長く、数多くの研究成果が報告され続けている。これは理論疫学が非常に多くの問題を未だ抱えている事に起因し、細分化された問題を整理し解決していく事が不可欠である。今回は理論疫学の専門家の方々をお呼びし、分野の問題の提唱並びに整理し、今後理論疫学に期待される役割についてディスカッションをしていきたい。

3. 一般講演（口頭発表・ポスター発表）発表要項

発表時間は講演、質疑応答も含めて20分です。発表はPCによるプロジェクターでのプレゼンテーションになります。それ以外の方法（OHP・黒板など）での発表をご希望の方は、大会本部まで事前にご連絡ください。原則として、発表は持ち込みのPCを接続して行って頂きます。大会本部に、予備の接続用PCを準備致しておりますが、1台しかありませんので、ご希望の場合は必ず事前にご予約ください。なお、持込PC接続にかかる時間も発表時間に含まれます。各自で発表前にパソコンの接続テストをしておいて頂きますようお願いいたします。

ポスター発表では、幅90cm、高さ180cmのパネル

4. 懇親会

2日目である9月14日（水）18時から、明治大学リパティタワー最上階において懇親会を行う予定です。

5. 参加費と事前振込のお願い

事前振込みは8月31日まで可能です。事前振込みにてお支払い頂いた場合の大会参加費は、学会員一般6000円、学会員学生2500円です。事前振込み期間終了後は、当日受付で現金にてお支払いいただきます。この場合の大会参加費は学会員一般7000円、学会員学生3000円です。非会員の方はいずれの場合も、一般8000円、学生3000円です。

事前振込み割引を、学会初日の2週間前である8月31日まで実施しております。大会当日は受付が混み合うことが予想されますので、予めWebでご登録の上、大会参加費を事前振込みでお支払い頂ければ幸いです。

会員の方の事前振込みの方法は、このニュースレターに同封されている振込み用紙を使って頂ければ、分かりやすいかと思えます。銀行振り込みも可能ですが、この場合は必ず振込み人氏名の先頭にWeb登録で発行された年会登

録番号（rから始まる番号）を記入してください。銀行振り込みの場合の例）振込み人氏名：29メイジタロウ
ゆうちょ銀行の振替口座：
口座番号：00260-9-108759
口座名称（漢字）：JSMB11
口座名称（カナ）：ジェイエスエムビージュウイチ
他銀行からの振込み：
店名（店番）：〇二九（ゼロニキュウ）店（029）
預金種目：当座
口座番号：0108759
振込み時に年会登録番号（rから始まる番号）の記入をお願いします。

す。東京都心部の23階からの景色をお楽しみ頂けます。たくさんの方のご参加をお待ちしています。

録番号（rから始まる番号）を記入してください。

銀行振り込みの場合の例）振込み人氏名：29メイジタロウ

ゆうちょ銀行の振替口座：

口座番号：00260-9-108759

口座名称（漢字）：JSMB11

口座名称（カナ）：ジェイエスエムビージュウイチ

他銀行からの振込み：

店名（店番）：〇二九（ゼロニキュウ）店（029）

預金種目：当座

口座番号：0108759

振込み時に年会登録番号（rから始まる番号）の記入をお願いします。

6. 大会実行委員と問い合わせ先

三村昌泰 (明治大・先端研, 委員長), 若野友一郎 (明治大・先端研), 中橋渉 (明治大・研究知財), 今隆助 (明治大・研究知財), 町田拓也 (明治大・研究知財), 池田幸太 (明治大・先端研), 上山大信 (明治大・先端研), 佐々木顕 (総研大), 大槻久 (総研大), 小林徹也 (東大), 小林豊 (東大)

大会に関するご質問は, 実行委員会連絡先アドレス
E-mail : inquiry@jsmb11.mind.meiji.ac.jp

までお尋ね下さい.

なおドメイン名の jsmb11.mind.meiji.ac.jp と jsmb2011.mind.meiji.ac.jp は, どちらも同様に使えます. 会場周辺マップは下記WEBページをご覧ください (大会HPからもリンクされています)

http://www.meiji.ac.jp/koho/campus_guide/suruga/access.html



明治大学リバティタワー

【研究紹介】

包括適応度の理論 ～分散率の進化を例に～

若野 友一郎*

1. 血縁選択 (kin selection) と包括適応度理論 (inclusive fitness theory) をとりまく現状

進化を扱う教科書ならば、Hamilton の血縁選択説について必ず触れられている。多くの場合、利他行動の例にとって、「血縁者（兄弟・姉妹・親子など）は自分と同じ遺伝子を持つ確率が高いので、血縁者に対する利他行動は、遺伝子を増やすという観点から見れば有利であり、その結果“利他行動遺伝子”は進化しうる」という説明がなされている。数理的には、利他行動が進化する条件として Hamilton 則

$$rb > c$$

があげられ、 b と c は利他行動のベネフィットとコスト、 r は血縁度であり、これは例えば姉妹間ならば $r = 1/2$ というように説明される。

このような血縁選択の直感的な説明には何の問題もないのだが、一方で Hamilton の理論は血縁者間の相互作用に限定されるという印象を与える原因にもなっている。血縁度の概念は、通常の意味での“血縁者”には当てはまらないような 2 者間の相互作用にも適用可能である。たとえば、(隣の格子にしか子供を残さないような) 格子モデルにおける隣り合う 2 個体は、同じ遺伝子を持つ確率が高く、クラスター形成を起こすことが知られているが、このような状況にも血縁選択の考えを当てはめることは可能である。隣り合う 2 個体が同じ遺伝子を持つ理由は、彼らがより近い過去に共通祖先を持つからにほかならず、その意味で彼らは血縁者なのである。ただしこのような例における血縁選択を考える場合、血縁度の計算はまったく自明ではない。また、 b と c の計算も複雑なものになる。このような、いわば“拡張された血縁選択”を血縁選択の名で呼ぶのは、筆者にはやや抵抗がある。極端な例を考えれば、そもそも地球上のすべての生物個体は（十分過去に遡

れば）必ず共通祖先を持つので、どのような生物相互作用も、すべて“拡張された血縁選択”の枠内に入ってしまふ。本稿では、格子モデルのような“拡張された血縁選択”を扱う進化理論を包括適応度理論と呼ぶことにする（以下、IFT と略記する）。IFT で解析可能なモデルにおける進化を、すべて血縁選択の結果と考えるかどうかは、読者の判断に委ねたい。

上述の通り、血縁選択の概念はかなり広いクラスのモデルや進化現象に拡張可能なので、一部の IFT の専門家は、「血縁選択で説明できるような現象は、すべてそれで理解されるべきだ」と主張している。そして特に、「これは血縁選択では説明できない」という文章に敏感に反応し、「～の論文の結果は、包括適応度を用いても導出できる」という論文を複数発表している（例えば Grafen 2007 JEB; Taylor et al. 2007 JTB; Lehmann et al. 2007 JEB; Lehmann et al. 2007 PNAS）。総論として、「(協力行動の) グラフ上における進化の理論、(新) 群淘汰理論やマルチレベル選択の理論、スパイト行動や緑髭の理論などさまざまな理論は、どれもまったく新しい理論ではなく、血縁選択の枠組みでも理解できる（し、そうすべきだ）」というのが、彼らの主張であるように思われる（West & Gardner 2010 Science）。一方、反論された側も黙っているわけではなく、各分野ごとに反対論文が出ているほか、2010 年の夏には「IFT は適用範囲が狭く、価値が低い」という趣旨の論文が掲載された（Nowak et al. 2010 Nature）。血縁選択・IFT 派は現在、この論文に反対する研究者たちの意見をとりまとめ、大規模な反対論文を準備中という噂もある。また、この過熱気味の状況に対して“Altruism researchers must cooperate” というタイトルのコメントが発表されている（Okasha 2010 Nature）。

この論争は一流の進化研究者によって、Nature, Science, PNAS などの一流誌上で繰り広げられており、進化研究の最前線において、今非常にホットなトピックである。これらの論争を理解するためには、まず IFT とはどのようなものかを知らねばならない。数理生物

*明治大学先端数理科学研究科、科学技術振興機構さきがけ

学のミッションの一つは、直感的に正しいように思える論理が、実際に正しいこと（あるいは正しくないこと）を、数理モデルを用いて解析し、さらに発展的な論理展開を可能とすることである。本稿では、IFTが数学的にはどのように記述されるかを研究した最新の研究結果 (Wakano, Ohtsuki & Kobayashi, submitted) を紹介し、ツールとしてのIFTを紹介するとともに、どこまでを血縁選択と考えるべきかについて考える材料を提供したい。

2. 分散率の進化モデル

2.1 モデル

包括適応度理論 (IFT) を理解するための具体例として、分散率の進化モデル (Hamilton & May 1977) を考えよう。このモデルでは、種の生息できる環境がパッチ状に分布していると考え、各パッチを、便宜上「島」と呼ぶことにする (IFT 業界では、deme という用語もよく使われる)。単純化のため、すべての島の環境は等しく好適であると仮定し、それぞれの島には n 個体が生息できると仮定する。そして世界には、そのような島が n_d 個存在すると仮定する。

生活環として、卵・種子のようなステージと、成熟個体の2つのステージを仮定する。卵・種子のステージを、便宜上「種子」と呼ぶことにする。成熟個体は F 個の種子を生産し、種子同士で生存競争が起こり、結果としてそれぞれの島では、成熟個体が n 個体だけ生息できるものとする。一個体が生産する種子数は非常に大きい、すなわち F は十分大きいと仮定する。分散は、種子が成熟個体になる過程で起こる。ここでは、種子を生産した成熟個体の形質として、分散率 z を考える。すなわち、ある島 X で種子を F 個生産した成熟個体は、そのうち zF 個を他の島に分散させることを試みる。残りの $(1-z)F$ 個の種子は、島 X にとどまる。親によって分散させられた zF 個の種子は、分散の過程で、割合 $(1-c)$ だけが生き残る。 c は分散のコストを表しており、種子を分散させることによって、実質的な種子の数が F 個から、 $[z(1-c)+(1-z)]F$ 個に減少すると考えても良い。 $(1-z)F$ 個の種子は、自分が生まれた島 X 以外の島の中から、ランダムに選んだ島にたどり着く。

種子が生産されて、分散させられたあとには、それぞれの島には

$$(1-z)Fn+z(1-c)Fn$$

個の種子がたどり着く。第一項は、その島で生まれて

そのままその島に残った種子の数であり、第二項は他の島で生まれて、その島に分散してきた種子の数である。次に、成熟個体が死亡して、種子プールの中から新たな成熟個体が定着する。ここでは、成熟個体はすべて死亡する (一年生の草本類や昆虫類など) と仮定する。成熟個体の死亡の結果、各島には n 個の空き容量が生まれる。各島には、もともとその島で生まれた種子と、他の島から分散によってたどりついた種子が存在する。その中から、各島ごとに n 個の種子がランダムに選ばれて、次世代の成熟個体の集団を構成する (Wright-Fisher process)。

上述のモデルは Wright's island model と呼ばれ、IFT において最も標準的なモデルである。島モデルのような構造を持つモデルは、structured model と呼ばれ、well-mixed model と比べると、相互作用する個体間に非自明な相関、すなわち血縁度が現れる。この血縁度が、進化に及ぼす影響を調べるのが、IFT の目的である。

2.2 モデルの性質

Wright's island model では、どの島においても、すでにそこには n 個体が生息している。分散した先にすでに他個体が生息しているならば、わざわざコストをかけて分散することは、一見不利なように思える。また、自分が作る F 個の種子の中で、成熟個体になれるのはどの島においても n 個である。つまり、分散した先の環境は、元の環境となんら違いはなく (安定環境)、この点からも、コストをかけて分散する理由が見つけられない。にもかかわらず、Hamilton & May は上のモデルには最適な分散率 z^* が存在し、たとえ自分の作った種子の一部を分散によって死亡させることになっても、分散率 z^* を与える遺伝子が進化のプロセスで有利であることを示した。次節では、このモデルと結果を例にとりながら、IFT の数理的構造を解説する。

3. 包括適応度理論 (IFT)

進化とは、異なる遺伝子同士の競争の繰り返しである。より優れた遺伝子が数を増やし、古い遺伝子を駆逐して置き換えることによって、生物は進化している。この考えに基づき、分散率 z をもたらす遺伝子 a と、分散率 $z+d$ をもたらす遺伝子 A が存在する状況を考える。この状況で、種子の生産と分散 (死亡率 c を含む) のあと、ある島 X に存在する種子の数はどのようになっているであろうか。これを計算するのは、そう簡単ではない。種子には、遺伝子 a をもつタイプと、

Aをもつタイプが存在するし、島Xに分散率の低いタイプの成熟個体が多ければ、島Xに存在する種子の数は多いであろう。この問題を正確に解析するためには、2.1節で言葉によって解説したモデルを、より数学的に記述した上で、その振る舞いを解析することが必要である。

3.1 モデルの数学的記述

総成熟個体数は、常に $N = n \times n_d$ である。各成熟個体の場所を i とする ($i = 1, 2, \dots, N$)。場所 i に存在する成熟個体のもつ遺伝子が a のとき $g_i = 0$ とし、A のとき $g_i = 1$ とする。この個体の表現形 (分散率) は、遺伝子によって決まり

$$z_i = \bar{z} + \delta g_i$$

とする。ベクトル $\mathbf{g} = (g_1, g_2, \dots, g_N)$ は遺伝子の配置を表す。遺伝子の配置が決まれば、各場所の成熟個体を持つ分散率の配置ベクトル $\mathbf{z} = (z_1, z_2, \dots, z_N)$ も一意に決定する。世代 t において、ある配置 \mathbf{g} が実現していたとき、次の世代 $t+1$ において、配置 \mathbf{g}' が実現する確率を記述すれば、これはマルコフ連鎖 $\mathbf{g}(0), \mathbf{g}(1), \mathbf{g}(2), \dots, \mathbf{g}(t), \dots$ の記述となる。

モデルに確率を持ち込んで考える必要があるのは、たとえば分散率の進化モデルにおいて、複数個の種子から、 n 個の成熟個体を選ぶフェーズが存在するからである。本モデルでは、 n が有限の数であることが本質的に重要である。現実世界においても、各パッチに生息できる成熟個体数は当然有限であるので、モデルの記述に確率論が現れるのは必然であるともいえる (ただし n が固定されているのは、モデル化のための単純化である)。

世代 $t+1$ における場所 i に存在する成熟個体のもつ遺伝子のタイプは、その個体の親個体の遺伝子のタイプを引き継いでいる。もし親個体が、世代 t において場所 j に存在していたとすると、突然変異がなければ $g_i(t+1) = g_j(t)$ である。つまり、場所 i に存在する成熟個体 (これを今後、個体 i と略記する) の親個体が誰であるかが重要である。個体 i の親が、個体 j である確率を $p_{ij}(\mathbf{z})$ と記述しよう。ここで \mathbf{z} は、親世代における遺伝子配置 \mathbf{g} から決まる分散率の配置ベクトルである。すると、世代 $t+1$ における個体 i が、遺伝子 A を持つ確率は

$$\Pr[g_i(t+1) = 1 | \mathbf{g}(t) = \mathbf{g}] = \sum_{j=1}^N p_{ij}(\mathbf{z}) g_j$$

となる。生物における遺伝の法則により、子は通常、

親の遺伝子を引き継ぐ。しかし、遺伝の際に突然変異がおこれば、子は親とは異なる遺伝子を持つことになる。この確率を 2μ とする。ここでは、子は確率 $1-2\mu$ で親と同じ遺伝子を持ち、確率 μ で遺伝子 a を持ち、確率 μ で遺伝子 A を持つように、モデルを拡張する。突然変異まで考慮して、世代 $t+1$ における個体 i が、遺伝子 A を持つ確率は

$$\Pr[g_i(t+1) = 1 | \mathbf{g}(t) = \mathbf{g}] = \mu + (1-2\mu) \sum_{j=1}^N p_{ij}(\mathbf{z}) g_j \quad (1)$$

となる。(1)式から、世代 $t+1$ における遺伝子の配置 $\mathbf{g}(t+1)$ が実現する確率を計算するために、世代 $t+1$ において場所 i で成熟個体となる種子を選ぶサンプリングと、別の場所 k で成熟個体となる種子を選ぶサンプリングは独立であると仮定する (これは前節では明確には記述しなかったが、ランダムに選ぶと書いたときに実は暗に仮定していた)。すると、遺伝子配置 \mathbf{g} が遺伝子配置 \mathbf{g}' に遷移する確率は

$$\Pr[\mathbf{g}(t+1) = \mathbf{g}' | \mathbf{g}(t) = \mathbf{g}] = \prod_{i=1}^N (\Pr[g_i(t+1) = g'_i | \mathbf{g}(t) = \mathbf{g}]) \quad (2)$$

で記述される。この式は、可能なすべての遺伝子配置全体の集合上で、ある状態 (遺伝子配置 \mathbf{g}) から別の状態 (遺伝子配置 \mathbf{g}') への遷移確率を与えている。これに、遺伝子配置の初期状態 $\mathbf{g}(0)$ を加えると、(2)式はマルコフ連鎖 M を定義している。関数 $p_{ij}(\mathbf{z})$ が与えられれば、このマルコフ連鎖 M は一意に決定する。このようにして構成されたマルコフ連鎖 M について、次節の内容が証明されている (Wakano, Ohtsuki & Kobayashi, submitted)。

3.2 定義と定理

定義 (進化的マルコフ連鎖)

$N, \bar{z}, \delta, p_{ij}(\mathbf{z}), 0 < \mu < \frac{1}{2}$ から、式 (1) および (2) によって遷移確率が定義された状態空間 $\{0, 1\}^N$ 上のマルコフ連鎖を、 M_δ と記述する。

定理 (極限分布)

M_δ は一意の極限分布 $\Lambda(\mathbf{g})$ を持ち、時刻 t において状態 \mathbf{g} を持つ確率 $\Lambda_t(\mathbf{g})$ は、初期状態によらず

$$\lim_{t \rightarrow \infty} \Lambda_t(\mathbf{g}) = \Lambda(\mathbf{g})$$

を満たす。

定義 (長時間平均)

確率変数 $X(\mathbf{g})$ の M_δ の極限分布における期待値を $\langle X(\mathbf{g}) \rangle_\delta$ と記述する。

定義 (血縁度)

M_0 における血縁度 R_{ij} を,

$$R_{ij} := \frac{Q_{ij} - \bar{Q}}{1 - \bar{Q}}$$

$$Q_{ij} := 4 \langle g_i g_j \rangle_0 - 1$$

$$\bar{Q} := \frac{1}{N^2} \sum_{k=1}^N \sum_{l=1}^N Q_{kl}$$

で定義する.

補足 1 : $g_i g_j = 1$ となるのは $g_i = g_j = 1$ の場合だけなので, $\langle g_i g_j \rangle_0$ は $\delta = 0$ で (すなわち遺伝子 A と a に差がないとき, neutral process), 十分な時間経過後に, 個体 i と個体 j がともに遺伝子 A をもつ確率である.

補足 2 : Q_{ij} は, 2 個体が同祖同一 (IBD = identity by descent) である確率に対応している (後述).

補足 3 : 上の定義から, 自動的に血縁度の集団平均 $\bar{R} = 0$ と, 自分自身への血縁度 $R_{ii} = 1$ が導かれる. ただし $\bar{R} = 0$ の代わりに

$$\frac{1}{N(N-1)} \sum_{k=1}^N \sum_{l=1, l \neq k}^N R'_{kl} = 0$$

(自分自身を除く全個体への平均血縁度 = 0) となるような血縁度 R'_{ij} と定義する流儀もある. 包括適応度の符号に影響を与えない範囲で, 血縁度の定義には任意性が残されている. 実際, $\langle g_i g_j \rangle_0$ をアフィン変換したものは, すべて血縁度として用いることができる.

定理 (血縁度の満たす方程式)

次が成り立つ.

$$\begin{cases} Q_{ij} = (1-2\mu)^2 \sum_{k=1}^N \sum_{l=1}^N \tilde{p}_{ik} \tilde{p}_{jl} Q_{kl} & (i \neq j) \\ Q_{ij} = 1 \end{cases}$$

ただし $\tilde{\mathbf{z}} := (\tilde{z}, \tilde{z}, \dots, \tilde{z})$ であり, $\tilde{p}_{ij} := p_{ij}(\tilde{\mathbf{z}})$ である.

定義 (適応度関数)

次の関数 $[\tilde{z}, \tilde{z} + \delta]^N \rightarrow \mathbf{R}$ を, M_δ における適応度関数と呼ぶ

$$w_i(\mathbf{z}) := \sum_{j=1}^N p_{ji}(\mathbf{z})$$

また, $w_i(u, u, \dots, u) = 1$ が任意の u について成り立つとき, 適応度関数は対称であると言う.

定理 (包括適応度)

$p_{ij}(\mathbf{z})$ は $[\tilde{z}, \tilde{z} + \delta]^N$ 上で 2 回微分可能な関数とする. $p_{ij}(\mathbf{z})$ から定義される適応度関数 $w_i(\mathbf{z})$ は対称とする. このとき, M_δ における遺伝子 A の頻度の長時間平均は

$$\langle \bar{\mathbf{g}} \rangle_\delta := \sum_{\mathbf{g} \in G} \bar{\mathbf{g}} \Lambda(\mathbf{g}) = \frac{1}{2} + W_{IF} + O(\delta^2)$$

を満たす. ただし

$$W_{IF} := \delta C_{IF} \sum_{i=1}^N \sum_{j=1}^N R_{ij} \left. \frac{\partial w_i(\mathbf{z})}{\partial z_j} \right|_{\mathbf{z}=\tilde{\mathbf{z}}}$$

$$C_{IF} := \frac{(1-2\mu)(1-\bar{Q})}{8\mu N} > 0$$

であり, R_{ij} は M_0 における血縁度である.

3.3 定理の適用

Hamilton May のモデルは, 数学的には次のように記述される. 我々は, 各個体をすべて区別し, i というインデックスをつけた. 島モデルでは, 個体 i と個体 j は, 同じ島の個体である場合と, 別の島の個体である場合がある. これを区別するため, $I(i)$ を個体 i が所属する島に存在する場所すべての集合とする. たとえば, $n = 3$ 個体からなる島が, $n_d = 4$ 個ある場合, $i = 1, 2, \dots, 12$ であって

$$I(1) = I(2) = I(3) = \{1, 2, 3\}, \quad I(4) = I(5) = I(6) = \{4, 5, 6\},$$

$$I(7) = I(8) = I(9) = \{7, 8, 9\},$$

$$I(10) = I(11) = I(12) = \{10, 11, 12\},$$

と選ぶ. この記法を用いると, 個体 j が場所 i に作る種子の数は

$$F_{ij}(\mathbf{z}) = \frac{1-z_j}{n} F \quad (I(i) = I(j))$$

$$F_{ij}(\mathbf{z}) = \frac{z_j}{N-n} (1-c) F \quad (I(i) \neq I(j))$$

と記述できる. これを用いると, 個体 i の親が, 個体 j である確率は

$$p_{ij}(\mathbf{z}) = \frac{F_{ij}(\mathbf{z})}{F_i(\mathbf{z})} \quad (3)$$

と計算される. ここで $F_i(\mathbf{z}) := \sum_{j=1}^N F_{ij}(\mathbf{z})$ は, 分散のあと場所 i にいる種子の総数である. 2.1 節で, モデルを言葉を用いて解説したが, このモデルは数式上は, (3) 式を (1-2) 式に代入して構成されるマルコフ連鎖 M_δ にほかならない.

我々が知りたいのは, どのような分散率 z が進化するか, である. 定理 (包括適応度) は, これのよい指標となる. すなわち, 分散率 z をもたらす遺伝子 a と, それより僅かに大きい分散率をもたらす遺伝子 A が競争するとき, 遺伝子 A の頻度の長時間平均は,

$$W_{IF} := \delta C_{IF} \sum_{i=1}^N \sum_{j=1}^N R_{ij} \left. \frac{\partial w_i(\mathbf{z})}{\partial z_j} \right|_{\mathbf{z}=\tilde{\mathbf{z}}}$$

が正のとき, $1/2$ より大きい. 確率的な現象であるから, ある世代では遺伝子 a が多く, 別の世代では遺伝

子 A が多いというように常にゆらいでいるが、これを長い目でみて長時間平均を取ると、遺伝子 A のほうが頻繁に現れるかどうか、包括適応度を計算することで分かるのである。計算は多少煩雑となるので本稿では省略するが、包括適応度を $p_{ij}(\mathbf{z})$ を元に計算し、 $W_{IF}(\bar{z})=0$ を解くと、次のことが言える。

モデルの解析結果

ある分散率 z^* が存在し、 z^* により近い分散率を持つ遺伝子のほうがより頻繁に現れる。この z^* は、島のサイズ n 、島の数 n_d 、分散による死亡率 c 、突然変異率 μ のかなり複雑な式となるが、陽に書き下すことができる。特に、 $0 < c < 1$ で、島の数が十分多く、突然変異率が十分小さい場合には、近似的に

$$z^* \approx \frac{1+2cn - \sqrt{1+4n(n-1)c^2}}{2c(1+c)n} \quad (4)$$

となる。

4. 血縁選択を用いた理解

Hamilton & May のモデルにおける、安定環境下におけるコストを伴う分散率の進化は、上のようにして厳密に導出することができる。しかし、子を死亡させるリスクを犯してまで、なぜ種子を分散させるのかという直感的な疑問は残っている。直感的な理解の方法は複数あるであろうが、その一つは血縁選択による説明である。

このモデルでは、種子は限られた（島あたり n 個しかない）成熟個体の地位を巡って、互いに激しい競争関係にある。また分散率が限られているので、各島は n 個体という小さな部分集団の中で世代交代を繰り返しており、必然的に同じ島の個体同士は同じ遺伝子を持つ確率が高い。同じ島にいる個体が、他の島にいる個体よりも似通っている度合いが血縁度である。擬人的な表現をすると、親からみれば、自分と同じ島では、「自分の子供同士」あるいは「自分の子供と親戚の子供」が殺しあっているような状況が起きている。一方で、自分とは異なる島に分散した種子は、「他人の子供」との殺し合いに参加する。よって分散に死亡のコストが存在したとしても、「自分の子供同士」の競争を緩和させるために、種子の一部を分散させるような戦略が進化する。分散率の増加は、自分の適応度を減らす一方で、その島における種子間の競争を緩和することによって、同じ島にいる血縁者の適応度を増やすと考えられる。

この直感に基づいて包括適応度

$$W_{IF} \propto \sum_{j=1}^N \left(\sum_{i=1}^N R_{ij} \frac{\partial w_i(\mathbf{z})}{\partial z_j} \Big|_{\mathbf{z}=\bar{\mathbf{z}}} \right)$$

をよく見ると、右辺の各項は、ある個体 j が分散率を増加させたとき、自分の適応度に与える影響に加えて、血縁個体 i の適応度に与える影響を、個体 ij 間の血縁度で重みづけて和をとったものと解釈できる。この解釈は inclusive fitness approach と呼ばれ、包括適応度を考える上で最も考えやすい解釈である。また、同じ式を

$$W_{IF} \propto \sum_{i=1}^N \left(\sum_{j=1}^N R_{ij} \frac{\partial w_i(\mathbf{z})}{\partial z_j} \Big|_{\mathbf{z}=\bar{\mathbf{z}}} \right)$$

と変形すれば、右辺の各項は、ある個体 i に着目したとき、血縁個体 j の分散率の増加が、自分の適応度に与える影響を、血縁度で重みづけたものと解釈できる。つまり、集団の遺伝子頻度が変わったとき、それは自由になるのではなく、個体 ij 間にある相関（＝血縁度）をもった形で変わるので、その影響まで考慮したうえで、それが適応度にどのような影響をあたえるかを表している。この解釈は direct fitness approach と呼ばれ、やや分かりにくいだが、特定のモデルを解く場合には、この解釈で式を立てたほうが楽な場合も多い（ちなみに、反 IFT 派が自分たちの解析法を direct fitness approach と呼ぶことがあり、その概念は IFT における direct fitness approach と似ているので、用語が多少混乱するため、IFT のほうを neighbor modulated approach と呼ぶこともある）。inclusive fitness approach で解釈しても、direct fitness approach で解釈しても、数学的には（当然ながら）同じ結論を得る。また、ここで紹介した $p_{ij}(\mathbf{z})$ を用いたモデルから出発する場合には、どちらが楽ということはないし、そもそもこのような直感的解釈なしに結論に到達することができる。

5. 考察

Wright の島モデルは集団遺伝学では標準的であり、またここであげた分散の進化モデルの血縁選択による説明も、血縁選択の専門家の間では良く知られている。しかしこれらのモデルやその解析は、実はかなり複雑である。さらに従来の説明では、数学的にあいまいな部分も含んでいた（島の数が最初から無限など）。本稿で紹介した研究は、このあいまいさを排除し、複雑なモデルを特殊例として含めるような一般的定式化を行った。また、集団遺伝学の概念である同祖同一 (IBD) を使わなくても、モデルの振る舞いを解析できる。一方で、得られた結果（2つの定理）は、IFT の

研究者にとっては「当たり前」の結果であり、特に生物学へのフィードバックという点で、従来の知見に何ら追加するものがない点は、我々のジレンマの一つである。しかし私は、あの高度な直感によって理解されてきた IFT の基本構造を、数学的に明快に構成したことに対しては、ある種の達成感を感じている。

3 節で述べた定理が、血縁選択説とどのように対応しているのかは、詳しくは述べなかった。しかし、 R_{ij} が血縁選択説における血縁度に該当し、 W_{IF} が包括適応度に対応していることは、Hamilton & May のモデルに定理を適用して得られる式が、血縁選択の従来の計算方法から得られる式と一致することを見ても、明らかである。 Q_{ij} が同祖同一 (IBD) に対応していることは、

$$Q_{ij} = (1 - 2\mu)^2 \sum_{k=1}^N \sum_{l=1}^N \tilde{p}_{ik} \tilde{p}_{jl} Q_{kl} \quad (i \neq j)$$

を、個体 i と個体 j が IBD である確率は、両者の親 k と l が IBD である確率 (Q_{kl}) に、両者が生まれるときに突然変異が起きなかった確率 $(1 - 2\mu)^2$ をかけたもの、と読めば理解できる。また、Wright-Fisher 以外の過程 (Moran など) や、適応度関数対称でない場合 (繁殖価が 1 でない)、個体数変動する場合などに定理を拡張することは、今後の可能性の一つであり、少なくとも数学的には面白い問題である。

最後に、IFT を巡る論争について、私見を述べたい。以下はあくまで個人的見解であって、本稿で紹介した研究からこのようなことが示唆されるわけではない。まず、かなり広い範囲の進化モデルに対して、IFT 的な解析ができるのは正しいと思う。よって、ある進化のモデルの結果を「これは血縁選択では説明できない」というのは、かなり危険であると言わざるを得ない。

一方で、IFT 的な解析ができるからと言って、ただちに「血縁選択で理解されるべき」というのも問題がある。結局「理解」とは、ある程度主観的なものであり、各研究者にとって自分の専門とする領域・言葉で理解するのが一番容易なのであって、それを他者に押し付けるべきではない。あるモデルが、異なる複数の方法で解析できるとき、どちらが優れているのかを決めてかかるのは無意味である。むしろ、異なる複数の方法で解析することで、その問題の本質をより深く理解できるのであって、そのことに感謝こそすれ、互いを批判しあうというのは極めて非生産的な行為であると思う。Okasha (2010) は “The Lagrangian and Hamiltonian formulations of classical mechanics, for example, or the wave and matrix formulations of quantum mechanics, tend to be useful for tackling different problems, and physicists switch freely between them.” と述べている。進化生物学の理論研究者も、さまざまな解析手法を自由に行き来できるようになれば、そこから得られるものは大きいだろう。

参考文献

- [1] Grafen A, (2007) *Jour.Evol.Biol* 20:2278–2283
- [2] Hamilton WD & May RM, (1977) *Nature* 269:578–581.
- [3] Lehmann L, Keller L & Sumptere DJT, (2007) *Jour.Evol.Biol* 20:2284–2295
- [4] Lehmann L, Keller L, West S & Roze D, (2007) *PNAS* 104:6736–6739
- [5] Nowak MA, Tarnita CE & Wilson EO (2010) *Nature* 466:1057–1062
- [6] Okasha S, (2010) *Nature* 467: 653–655
- [7] Taylor PD, Day T & Wild G, (2007) *Jour.Theor.Biol.* 249:101–110
- [8] Wakano JY, Ohtsuki H & Kobayashi Y, submitted
- [9] West SA & Gardner A, (2010) *Science* 327:1341–1344

【研究会報告】**第3回日中数理生物学コロキウム 参加報告**

酒井 佑禎*

まず、日本数理生物学会の「新しい研究の芽を育む会」からの援助により、昨年10月18日～21日に中国の北京で開催された The Third China-Japan Colloquium of Mathematical Biology に参加する機会をいただきましたことを感謝いたします。本当にありがとうございました。

このコロキウムでは、タイトルの通り日本、中国の数理生物学の研究者はもちろんのこと、韓国の研究者も多く参加しており、数多くの講演が行われました。

今回のコロキウムは4日間の日程で、2つの会場(Lecture hall, Conference Room)で講演が行われました。まず、初日に、Opening ceremonyの後、Plenary Session, Concurrent Session 2つのSessionで Invited Talks が行われ、その夜には Reception Party が催されました。2日目は、Invited Talks, Contributed Talks, Poster Session が開かれました。3日目は、午前中は Invited talks が行われ、午後からは、City tour として万里の長城を訪れました。そして、最終日は Invited Talks, Contributed talks が行われ、その日の夜には、Farewell Party が催されました。

その中で、私は2日目に「Propagation model of pathogen on clonal plants using contact process」というタイトルでポスター発表を行いました。コアタイムは2時間程度あり、その間に4名に対して説明を行うことができました。初めての英語での発表ということで、研究内容に関しては、事前に英語の原稿を作成してあったので大丈夫でしたが、質問をされた時などは質問の内容が分からず何度も聞き返してしまったり、自分の考えを相手にうまく伝えることができないということがありました。また、他の方の講演はもちろん、発表はすべて英語で行うため、話すスピードに理解が追い付かないことがほとんどでした。そんなときは、スライドにある図などから内容を理解するよう努力しましたが、私の英語力の低さを痛感することになりました。

会議の全体の内容としては、全体的に病気のモデルが多いように感じました。私自身、植物の病気のモデルを扱っているため、中国や韓国の研究者がどのような視点で病気の研究を行っているのかを知ることがで

きたことは大きな収穫であると感じています。

講演以外に関しては、初日は会場であるホテルに空き部屋がなく、別のホテルに泊まることになるといったハプニングや、当時は尖閣諸島問題のデモの影響で反日感情が高まっており、ホテルにパスポートを預けなければならず、北京の繁華街を訪れることはできませんでした。City tour で万里の長城に行かせていただくことができました。その日は、天気が悪かったのですが、広大な万里の長城を歩くことができたことはとても良い経験になりました。将来もし機会があれば天気の良い日の万里の長城も登ってみたいと思いました。

日本では経験することができないことが数多くありました。今回の学会への参加を通して得られ、感じたことはとても大きく、自分自身を成長されるとても貴重な機会になったと感じています。この経験を今後の研究、自分自身の成長に役立てていきたいと思っています。

今回このコロキウムに参加することで、中国や韓国においてどのような研究がおこなわれているかを知ることができたと共に、語学力を高めたいという意欲がわき、私にとってとても貴重な経験になったと思います。また、同世代の人々が同じように頑張っているのを身体で感じ、それが今日自分のモチベーションにもなっています。大変充実かつ刺激的な滞在であったと思います。このようなチャンスをまた掴み取るためにこれからも地道に頑張っていきたいと感じました。



夕食にて

*北海道大学大学院環境科学院

書籍紹介



生命科学の新しい潮流 理論生物学

望月 敦史 (編)
共立出版
2011年1月, 290p
ISBN: 978-4320057135

近年の生命科学の目覚ましい発展により、様々な生命現象のメカニズムが次々と明らかになってきた。我々の体内には、遺伝子やタンパク質、細胞、組織の各階層において多数の要素が相互作用し合う複雑なシステムが存在し、それによって高次な生命現象が作り出されているのである。しかしここにきて、生命科学は新たな方法論を必要としているように見える。これまでの生命科学を支えてきた方法論は、遺伝子やタンパク質など生命現象にかかわる構成要素を個別に同定することを主な目的としたものであったが、これは、生命現象を支配するシステム全体を理解する方法としては不十分だと考えられている。今後は、複雑で動的なシステムを理解するため、様々な方法の開発とそれらの融合が必要になると思われる。特に、数理科学や物理、工学などの理論的な手法は、複雑に見える生命システムを解き明かす新たな方法論として期待される。

一方で、生命科学者ばかりではなく、数理科学者あるいは物理学者のあいだでも、ここ数年で変化が見られるようになってきた。これまで、生命科学を対象とした理論研究の中には、生命科学の実際の知見や問題意識を全く無視したものが見られることがあった。しかし近年、若手研究者を中心に、現代の生命科学においてまさに問題となっている生命現象に対し、理論的な手法によって解明しようとする取り組みが現れてきた。この動きの中で自然と実験生物学者と数理科学者との共同研究も生まれ、積極的に進められるようになってきている。また、計算機科学やシミュレーション技術の向上に伴い、生命現象を理論的な手法により

扱う際の障壁がより低くなってきている。

こうした流れの中で、本書は、(i) 理論研究に興味を持っている実験研究者に対するレクチャーとして、あるいは(ii) 応用数理や物理、工学の学部生・大学院生に、どういう分野がありまたどのような理論的手法が解析に有効なのかを知ってもらう、という目的で書かれたものである。本書は全部で4つの章から構成されている。第1章ではミクロな現象を扱う際の理論生物学的アプローチの基本的な考え方が解説されている。続く3つの章では、生体分子制御(第2章)、細胞機能(第3章)、形態形成(第4章)という異なる階層での現象を、力学系や確率過程、メカニクス、情報理論といった多様な理論的枠組みを用いた研究が紹介され、全体として、分子、細胞・細胞集団、組織・器官というマルチスケールな現象を網羅している。

日本における数理生物学的研究は、偉大な先駆的研究者たちのおかげでそのレベルはとて高く多くの研究がなされてきた。しかし学会講演を聴いていると気づくように、研究課題の大半は生態や進化などのマクロな現象であり、それに比べて、分子・細胞・組織という個体内のミクロな現象に関する研究は多いとは言えない。特に、欧米で開かれる理論生物・数理生物の会議に参加するとその差が明確であることを感じる。複合分野に参入することは敷居が高いように感じるかもしれないが、本書を通じてどのような研究分野があるのかを知り、多くの若い研究者が参入して分野が発展していくことを期待する。一概にミクロな現象と言っても、上述のように多様な話題を含む分野である。また、ここに書かれていることが生命現象の全てを説明するわけではない。未だ明らかになっていないことはとても多い。分野を知ると同時に、現象の本質をとらえるためには、何が問題でそれをどう乗り越えればよいかということを実際に考えるきっかけとなり、次のステップにつながることを期待する。

(九州大学大学院理学研究院 森下 喜弘)

ニュース

■日本数理生物学会事務局より

幹事長 山内 淳

1. 2011年日本数理生物学会年次総会のお知らせ

2011年度の年次総会が第21回日本数理生物学会大会(2011年9月13日–15日)に合わせて開催されます。日時および場所は、9月14日(水)14時より、明治大学駿河台キャンパス・リバティタワー1F・リバティホールです。

■議題(予定)

- (1) 2012年、2013年日本数理生物学会大会について
- (2) 2014年SMB・JSMB合同日本大会について
- (3) 次期ニュースレター編集委員会の承認
- (4) 大久保賞選考委員(1名)の改選
- (5) 2010年度決算および2011年度予算
- (6) 2011年度および2012年度会計監査委員の承認
- (7) 事務局から(事務局業務の外部委託について、その他)
- (8) その他

■報告事項

- (1) 大久保賞 第6回受賞報告
- (2) 研究奨励賞 第6回受賞報告
- (3) 事務局からの報告(次期会長選挙, その他)
- (4) その他

2. 大久保賞選考委員候補者の推薦のお願い

日本数理生物学会会則第17条に基づき、大久保賞選考委員候補者(改選1名)の推薦をお願いいたします。被推薦者は本学会員である必要はありません。現在の委員は難波利幸、山村則男、稲葉寿の3氏です。過去6年以内に委員を勤められた方々は委員になることができませんので、上記の3氏に加えて、梶原 毅、松田裕之、佐々木顕、関村利朗、高須夫悟、中島久男の6氏も候補にはなりませんのでご注意ください。推薦は電子メール、FAXまたは郵送により、下記山内淳幹事長あてにお送りください。推薦締め切りは2011年9月1日(木)とさせていただきます。

〒520-2113 滋賀県大津市平野2丁目509-3 京大大学生態学研究センター 山内 淳

Email: a-yama@ecology.kyoto-u.ac.jp, Tel&Fax: 077-549-8259

3. 大久保賞 第7回受賞報告

この度、第7回大久保賞の受賞者が以下のように決まりましたのでお知らせいたします。

近藤 倫生 氏(龍谷大学理工学部)

なお、受賞講演は今年度の日本数理生物学会大会において行われる予定です。

2011 Akira Okubo Prize Announcement

The Society for Mathematical Biology and the Japanese Society for Mathematical Biology are pleased to announce that the 2011 Akira Okubo Prize has been awarded to Dr. Michio Kondoh, Associate Professor in the Department of Environmental Solution Technology, Faculty of Science and Technology, Ryukoku University, Japan. The Prize was awarded this year to a junior scientist whose outstanding research efforts demonstrate the advantages of developing theory based upon mathematical models and linking this theory to observations. Professor Kondoh's scholarship is very much in the spirit of the research of Professor Akira Okubo, in whose memory the Prize was established.

In the ten years since completing his Ph.D., Professor Kondoh has established an exemplary publication record in high quality scientific journals. He has published important papers dealing with central questions in community ecology, including the maintenance of biodiversity. He pointed out through theoretical analyses how species foraging adaptation can lead to food-web structures with sufficient flexibility to lead to stability of complex food-webs. He also carried out seminal work on the nested interaction structure and associated networks of food webs and through careful empirical analysis of marine ecosystems showed how community stability is maintained through interacting and overlapping sub-webs. Beyond this, he has been actively involved in an expansive array of international collaborations between theorists and empirical researchers, and has used a variety of theoretical tools, including game theory, network analysis, complex systems and nonlinear dynamics to investigate interesting questions in a wide range of ecological and evolutionary topics. His ability to unite theory and data to advance our understanding of natural systems led the Award Committee to choose Dr. Kondoh as the recipient of this Prize.

Akira Okubo 2011 Prize Committee:

Louis Gross (Chair)

Thomas Hillen
Hisashi Inaba
Denise Kirschner
Toshiyuki Namba
Norio Yamamura

4. 日本数理生物学会研究奨励賞 第6回受賞報告

この度、第6回研究奨励賞の受賞者が以下のように決まりましたのでお知らせいたします。

小林 豊 氏
(東京大学理学系研究科生物科学専攻)

仲澤 剛史 氏
(京大大学生態学研究センター)

なお、受賞講演は今年度の日本数理生物学会大会において行われる予定です。

■ 選考報告

日本数理生物学会会長 殿

2011年度研究奨励賞選考の結果を以下の通りご報告致します。

小林 豊 (こばやし ゆたか) 氏
(東京大学理学系研究科生物科学専攻)

仲澤 剛史 (なかざわ たけし) 氏
(京大大学生態学研究センター)

今年度は3名の候補者がありました。提出書類を選考委員全員が吟味したのち、まず委員長を除く選考委員5名が理由とともに各候補者に対し(3点を過去の受賞者相当として)5点満点の絶対評価で評点を委員長に報告しました(1次投票)。委員長は各候補者の合計点を委員に開示し、その結果、上位1名(平均3.1点)の候補者の授賞を委員全員一致で決定しました。2位の候補者は平均2.7点でしたが、1位と2位の得点差と2位と3位の得点差が同じであったため、2位の候補者について、授賞可否の投票を再度理由とともに行いました(2次投票)。この結果、可3票、否2票となりました。そこで、今一度1次投票、2次投票の得点分布と理由を委員全員に開示し、授賞の可否を全員で吟味し、最終的な可否の判断を行いました(3次投票)。その結果、委員全員一致で1次投票2位候補者の授賞を決定しました。従いまして、日本数理生物学会研究奨励賞細則1条(「授賞は毎年2名以内とする」)に則り、上記2名の授賞を推薦するものです。

小林豊氏は、2003年京都大学大学院理学研究科生物科学専攻博士課程を修了後、2004年京都大学理学博士取得、大学院在学中の2000年から2003年まで日本学術振興会特別研究員DC1、学位取得後の2004年から2007年まで日本学術振興会特別研究員PD、2007年6月より総合地球環境学研究所プロジェクト研究員、2007年10月よりフロリダ大学ポストドクター研究員、2009年4月より京大大学生態学研究センター非常勤研究員を経て、2

010年12月より東京大学大学院理学系研究科特任研究員として、現在活躍中の若手研究者です。小林氏は、包括適応度の理論及び集団遺伝学の理論に関する研究を行って来ました。特に、最近では中立遺伝子の動態や、それが生物の進化及び種分化に与える影響に関して、独自の新概念や指標を開発し、優れた数理解析を行って近似公式を導出して、種分化メカニズムの比較研究やボルバキアの集団遺伝学などに応用しました。これらの、進化生物学や空間構造を含む集団遺伝学的理論研究の質は高く、オリジナルなアイデアを発展させている点及び成果が一流誌に掲載されている点などが高い評価を受けました。

仲澤剛史氏は、2008年京都大学理学研究科生物科学専攻博士後期課程を修了、同時に理学博士を取得、大学院在学中の2005年から2008年まで日本学術振興会特別研究員DC1、2008年4月より国立台湾大学海洋研究所博士研究員を経て、2009年4月より日本学術振興会特別研究員PDとして、現在活躍中の若手研究者です。この間、2009年4月より2010年7月まで国立台湾大学海洋研究所客員助理研究員も併任しています。仲澤氏は、群集ネットワークと個体群動態の安定性に関して、繁殖と個体成長で栄養要求の異なる個体群動態モデルを解析するなど、群集生態学の様々な問題に取り組み、数多くの論文を発表してきています。特に、レジームシフトの新しいメカニズムの発見や、数理研究のみならず自ら実証研究も行い、数理モデルと長期データの両輪で自然生態系のダイナミクスの理解に貢献している点などが高い評価を受けました。

上記に従いまして、小林豊氏と仲澤剛史氏の両氏の業績は「日本数理生物学会(JSMB)は、このたび数理生物学に貢献をしている本学会の中堅または若手研究員の優れた研究に対して、研究奨励賞を授与する」という判定基準に十二分に値するものと判断し、ここに小林豊氏と仲澤剛史氏の両氏を日本数理生物学会研究奨励賞の受賞者として推薦する次第です。

日本数理生物学会
研究奨励賞選考委員会

5. 2011年度日本数理生物学会の主催・共催・後援の学会・研究集会

- (1) 日本数理生物学会第21回年会(大会委員長:三村昌泰)2011年9月13日(火)–15日(木), 明治大学駿河台キャンパス(東京)
- (2) 生物現象に対するモデリングの数理(研究代表:佐藤一憲)2011年9月26日(月)–30日(金), 京都大学数理解析研究所111号室
- (3) 第8回生物数学の理論とその応用(代表:守田智)2011年11月15日(火)–18日(金), 京都大学数理

解析研究所 420 号室

6. 会費納入のお願い

今年度または過去の会費未納の方は、下記口座への納入をお願いいたします。
 ゆうちょ銀行の振替口座：
 口座番号：00820-5-187984

口座名称（漢字）：日本数理生物学会
 口座名称（カナ）：ニホンスウリセイブツガツカイ
 他銀行から振込：
 店名（店番）：〇八九（ゼロハチキュウ）店（089）
 預金種目：当座
 口座番号：0187984


日本数理生物学会 2010年度決算

会計幹事 宮崎 倫子

一般会計		2010年度予算	2010年度決算
収入			
繰越		2,600,000	2,977,903
会費		1,212,000	1,053,664
大会還元金		0	0
利子等		0	0
計		3,812,000	4,031,567
支出			
ニュースレター	冬印刷	50,000	51,030
	冬郵便	35,000	36,470
	春印刷	55,000	51,030
	春郵便	35,000	33,880
	秋印刷	50,000	42,630
	秋郵便	35,000	36,070
	名簿	150,000	0
選挙	0	0	
通信費等	通信費	20,000	15,520
	ドメイン名経費	4,500	0
事務局経費	研究奨励賞経費	15,000	7,047
	事務員経費	100,000	72,600
	事務諸経費	70,000	38,605
特別会計へ		100,000	100,000
小計		719,500	484,882
予備費(次年度繰越)		3,092,500	3,546,685
計		3,812,000	4,031,567
特別会計			
収入			
繰越		1,100,923	1,100,923
繰り入れ(一般)		100,000	100,000
計		1,200,923	1,200,923
支出			
大会費		50,000	157,743
旅費		0	0
小計		50,000	157,743
予備費(次年度繰越)		1,150,923	1,043,180
計		1,200,923	1,200,923

監査報告

日本数理生物学会の 2010年度の収入および収支に関する証書類を調べ、
 全て適正に執行され、決算報告にも誤りのないことを確認しました。

幹事 新葉 勇 
 2011年 6月 24日

研究集会カレンダー

2011年8月1日付(前号 No.64 からの差分)

November 5–10 Santiago, Chile

International Symposium on Mathematical and Computational Biology (BIOMAT 2011)

www.biomat.org/biomat2011/biomat2011.html

November 8–11 神戸国際会議場

CBI (情報計算化学生物学会)/JSBi (日本バイオインフォマティクス学会) 2011 合同大会

cbi-society.org/cbi/taikai/taikai11/

November 9–11 奈良女子大学

第14回情報論的学習理論ワークショップ (IBIS2011)

ibisml.org/ibis2011/

November 12–15 Atlanta, Georgia

First International Workshop on Hybrid Modeling in Systems Biology (HMSB 2011)

hmsb2011.cs.sunysb.edu/

November 21–23 Santiago, Chile

17th International Workshop on Cellular Automata and Discrete Complex Systems at Center for Mathematical Modeling (AUTOMATA 2011)

www.automata2011.dim.uchile.cl/

December 8–9 名古屋大学

第17回交通流のシミュレーションシンポジウム

traffic.phys.cs.is.nagoya-u.ac.jp/~mstf/

December 14–16 Umeå, Sweden

The 3rd Swedish Meeting on Mathematics in Biology

www.kbc.umu.se/events/mathematics-in-biology.html

December 17–18 Portland, Oregon

International Symposium on Biomathematics and Ecology: Education and Research (BEER-2011)

www.biomath.ilstu.edu/beer

December 18–21 Honolulu, Hawaii

Machine Learning for Biomedical Literature Analysis and Text Retrieval

www.icmla-conference.org/icmla11/MLL.htm

2012

February 6–8 Vilamoura, Algarve, Portugal

2012 International Conference on Pattern Recognition Applications and Methods (ICPRAM 2012)

www.icpram.org/

February 6–8 Knoxville, Tennessee

NIMBioS-NESCent Investigative Workshop Modeling Social Complexity

www.nimbios.org/workshops/WS_social_complexity

March 17–21 龍谷大学

日本生態学会第59回大会 (ESJ59), 東アジア生態学会連合第5回大会 (EAFES5)

www.esj.ne.jp/meeting/59/index.html

April 2–4 Raleigh, North Carolina

SIAM Conference on Uncertainty Quantification (UQ12)

www.siam.org/meetings/uq12/

編集後記

今号では、若野友一郎さんに包括適応度理論に関する最新の研究を紹介していただきました。記事中にもあり、包括適応度に関しては最近白熱した議論が巻き起こっていますが、若野さんたちの理論が議論を建設的な方向へと向かわせる大きな助けになればよいと思います。若野さんには、それに加えて大会案内の記事も準備していただき、大変ありがとうございました。その他の記事につきましても、いろいろとお忙しい中原稿を執筆していただいた皆様に感謝いたします。

早いもので、現編集委員会が担当するニュースレターは今号が最後です。現委員会は当初から人手不足で、さらに編集長の長期海外出張などもあり、あまり紙面を充実させることができなかつたのが心残りです。それでも執筆者をはじめ多くの方々のご協力に支えられて、何とか2年間の任期を全うすることができました。ここにあらためて感謝の意を表します。

また、最後にこの場を借りて、東日本大震災で被災した地域の一刻も早い復興を祈らせていただきます。現在の困難に加え、これから長期的に様々な問題が顕在化することが予想されますが、その中であつても銘々が将来への希望を決して絶やすことがありませんように。

(江副)

日本数理生物学会ニュースレター第65号

2011年8月発行

編集委員会 委員長 高須 夫悟

takasu@ics.nara-wu.ac.jp

奈良女子大学理学部情報科学科

〒630-8506 奈良市北魚屋西町

発行者 日本数理生物学会

The Japanese Society for Mathematical Biology

<http://www.jsmb.jp/>

印刷・製本

(株) ニシキプリント