

日本数理生物学会 ニュースレター



TABLE OF CONTENTS

Newsletter of the Japanese Society for Mathematical Biology No. 55

May 2008

【研究紹介】	反応拡散方程式系におけるパルスの挙動	栄 伸一郎 1
【研究の工具箱】	普遍的な個体ベースモデル —単純系から複雑系へ	高須 夫悟 5
【特集】	2007年度 卒業論文・修士論文・博士論文	11
【ニュース】	第2回日中数理生物学コロキウムのお知らせ	竹内 康博 17
	JSTより研究課題の募集 (CREST,さきがけ)のお知らせ	17
	日本数理生物学会事務局より	稲葉 寿 18
	第18回日本数理生物学会大会	川崎 廣吉 ... 19
	研究集会カレンダー	19
	2007年度 日本数理生物学会会計報告	中丸 麻由子 20
	編集委員会から	20



反応拡散方程式系におけるパルスの挙動

栄 伸一郎*

1. はじめに

生物や化学反応など、散逸系に現れるさまざまな時・空間パターンを記述するモデル方程式の一つに反応拡散型のモデル方程式がある。本記事の読者には無用と思われるが、一応説明しておく、反応拡散方程式系とは一般に

$$u_t = D\Delta u + F(u), t > 0, x \in \Omega \subset \mathbb{R}^n \quad (1)$$

という形をした方程式系をいう。ここで $u = (u_1, u_2, \dots, u_N) \in \mathbb{R}^N$, D は正定数を対角成分に持つ N 次の対角行列, Δ はラプラシアンを表す。具体例に関しては、例えば [7] を参照するとよい。

さて、本記事の目的は反応拡散方程式系が持つ、パルス状に局在した解の性質についての研究を紹介することである。パルス状に局在した解を有する反応拡散方程式系の例は多数あり、FitzHugh-Nagumo 方程式

$$\begin{cases} u_t = u_{xx} + f(u) - v, \\ v_t = \epsilon(u - \gamma v) \end{cases} \quad (2)$$

における進行パルス解や、ヒドラの再生をモデル化した Gierer-Meinhardt モデル

$$\begin{cases} u_t = \epsilon^2 \Delta u - u + \frac{u^p}{v^q} + \sigma_0, \\ v_t = d_2 \Delta v - v + \frac{u^r}{v^s} \end{cases} \quad (3)$$

における尖塔状解などがその典型例である(係数に関してはどちらの例においても ϵ は十分小さな正定数, その他はある条件を満たす正定数である)。

こうしたパルス状局在解が空間内に複数存在する場合、どのような相互作用をするのかを考えようというのが本記事の目的である。パルス状に局在した1つの解をパターンを形成する要素と考え、それらの相互作用を考察することは図1で観察されるように、パターンの時間発展を知る上で重要な情報を与えてくれると思われる。次節では具体的に相互作用がどのように解析されるのかを見ていこう。

2. 定常解の相互作用

以降、話を簡単にするために、(1) で $\Omega = \mathbb{R}^1$ の場合

$$u_t = Du_{xx} + F(u), t > 0, -\infty < x < +\infty \quad (4)$$

を考えよう。ここで、パルス解の定義を与えておく。関数 $S(x)$ が $S(x) \rightarrow S_{\pm}$ ($x \rightarrow \pm\infty$) をみたすとする。 $S_- = S_+$ のとき $S(x)$ をパルス解といい、 $S_- \neq S_+$ のときフロント解ということにする。 $S(x)$ がパルス解のときは、一般性を失わずに $S_- = S_+ = 0$ と仮定してよいので、以降それを仮定する。さて、問題はパルス解が x -軸上に複数存在する場合、どのような挙動を示すかということである。本記事では簡単のため、以下に示すような定常パルス解のみを考えることにする。(4)の右辺を $\mathcal{L}(u)$ とおく。パルス解 $S(x)$ が $\mathcal{L}(S(x)) \equiv 0$ をみたすとき定常パルス解という。もちろん FitzHugh-Nagumo 方程式の進行パルス解のように、定常解でない解も同様に考えることができる。興味ある読者は [2] や [8] などを参照されたい。

こうした相互作用を考慮した一つの典型例が [6] によって示された、キंक解、アンチキंक解の相互作用である。Allen-Cahn 方程式と呼ばれる

$$u_t = \epsilon^2 u_{xx} + \frac{1}{2} u(1 - u^2), t > 0, -\infty < x < \infty \quad (5)$$

を考えてみる。この方程式に対しては(パルスではなく)フロント定常解 $U(x) = \tanh(x/2\epsilon)$ が存在するが、平行移動と折り返しの自由度があるため任意の $l \in \mathbb{R}$ に対して $U(x-l)$ や $U(-x+l)$ も (5) の定常解となる。 $U(x-l)$, $U(-x+l)$ はそれぞれキंक解、アンチキंक解と呼ばれる。このときキंक解 $U(x-x_1(t))$ とアンチキंक解 $U(-x+x_2(t))$ ($x_2(t) - x_1(t) \gg 1$) の相互作用は次の方程式で与えられることが知られている [6]:

$$\begin{cases} \dot{x}_1 = 12\epsilon e^{-h/\epsilon}, \\ \dot{x}_2 = -12\epsilon e^{-h/\epsilon}. \end{cases} \quad (6)$$

ここで $h(t) = x_2(t) - x_1(t)$ である。(6)よりキंक解とアンチキंक解は互いに引き合うことがわかる。実際複数のキंक解とアンチキंक解からなる初期値から出発した解は、近いものから順に衝突により消滅していき、最終的にはパターンのない定数定常解(今の場合は ± 1)か、あるいは一つの(アンチ)キंक解に収束していく。この過程を粗視化といい、空間1次元にお

*九州大学大学院数理学研究院

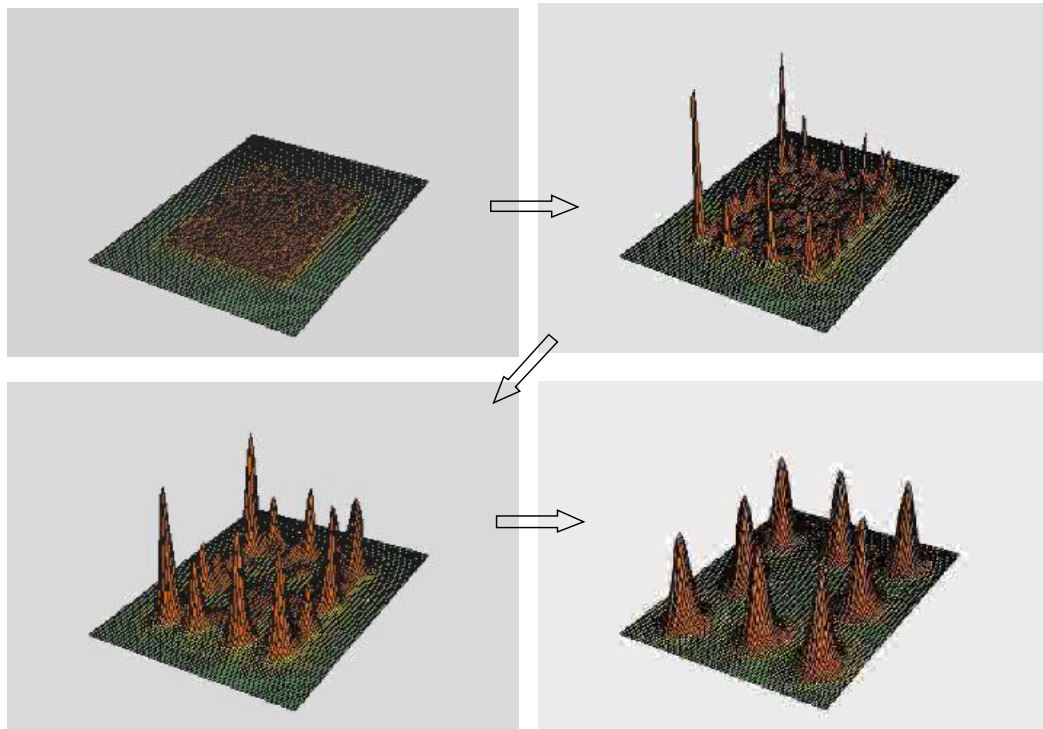


図1 (3)において生じる尖塔状のパルスパターンとその相互作用．矢印は時間発展を表す．

ける(5)のフロント状の解を要素とするパターンの時間発展が記述できたことになる．こうして我々は複数のキック、アンチキック解からなる初期パターンから出発して、途中どのような経路を経て最終的にどのような状態になるのかを完全に予測することができるのである．

さて、(5)はフロント定常解を具体的に書き下せたり、(6)の式を具体的な計算で導出できたりと、大変都合のよい例である．だからこそ歴史的にも、[6]などによって最初に考察されたのが(5)であったわけであるが、自分自身としては(5)に関する結果がこうした問題を研究することになる最初の動機ではなかった．自身最初に考えていたのは、FitzHugh-Nagumo方程式における進行パルス解の相互作用であった．数値計算を見ても、またモデルの意味からしても反発的であるのは明らかで、当時この問題に関して尋ねたある人から、当たり前だよ、などと言われ、あえて研究対象とするほどのものでないかもしれないと思いつつ、しかし、理論的に(数学的に厳密どころか形式的にでさえ)反発であることを示した結果はなかったことから、しつこく考えることにした*．

(5)のフロント相互作用を記述する方程式(6)に関しては、その後多くの証明が与えられたが([1],[5]など)、基本的にエネルギーがあることや、比較定理が成り立つことなど、方程式の特殊性を用いて証明されていた．しかし、(2)や(3)では、そのような都合のよい性質が

*その後[3]で形式的に、[2]において厳密な証明が与えられた

ないことに注意しておく．紙面もないので結果だけ述べよう．

一般の、 R^1 上の反応拡散方程式系(4)とその安定なパルス定常解 $S(x)$ について考える． L を線形化作用素 $L := \mathcal{L}'(S(x)) = D\partial_x^2 + F'(S(x))$ とすると $\mathcal{L}(S(x)) = 0$ より $LS_x = 0$ が成り立つ．このときその共役作用素 $L^* := D\partial_x^2 + {}^tF'(S(x))$ に対しても同様に、ある $\Phi^*(x)$ が存在して $L^*\Phi^* = 0$ が成り立つ．定数倍の自由度があるので R^1 上の L^2 内積に関して $\langle S_x, \Phi \rangle_2 := \int_{-\infty}^{\infty} \langle S_x(x), \Phi^*(x) \rangle dx = 1$ と正規化しておく．ただし、被積分関数における \langle, \rangle はベクトルとしての内積を表す．このとき、(4)の解 $u(t, x)$ は $S(x - l_1(t)) + S(x - l_2(t))$ ($l_1 \ll l_2$)に十分近く、かつ

$$\begin{cases} \dot{l}_1 = -\langle \mathcal{L}(S(x) + S(x - h)), \Phi^* \rangle_2 =: -H_1(h), \\ \dot{l}_2 = -\langle \mathcal{L}(S(x) + S(x + h)), \Phi^* \rangle_2 =: -H_2(h) \end{cases} \quad (7)$$

をみtas (高次項を無視して書いてある)．ただし $h := l_2 - l_1$ である．(7)が2つのパルス解の運動を与える方程式である．特に辺々引くことによってパルス間距離 $h = l_2 - l_1$ で閉じた方程式

$$\dot{h} = H_1(h) - H_2(h) \quad (8)$$

を得る．

(7)や(8)の式が、相互作用を与える式の最低次項になっていることは厳密に証明されているが([2])、それでは具体的にどのようなダイナミクスが見えてくるかということ、(7)、(8)からは殆ど分からない．とにかく

く $\Phi^*(x)$ をしっかり求めて、それを (7) や (8) に代入してしっかり計算するというのがこれまでの方法であった[†]([3],[4],[6] など)。

ところで多くの場合、パルス解は指数的に減衰するようなテールを持っている。もちろん FitzHugh-Nagumo 方程式の進行パルス解などは、係数によって振動するテールを持つ場合もあるが、それは生物的には正常でない場合に対応すると考えられている。そこで次のような仮定をおいても多くの重要な例を含み得ると考えた。

仮定) パルス定常解 $S(x)$ が対称で $|x| \rightarrow \infty$ で単調に指数的に 0 に近づくものとする。すなわち、ある正定数 α とあるベクトル $\mathbf{a} \in \mathbf{R}^n$ があって

$$S(x) \rightarrow e^{-\alpha|x|} \mathbf{a} \quad (|x| \rightarrow \infty)$$

が成立するとする。またこのとき、 $\Phi^*(x)$ は奇関数に取ることができるが、 $\Phi^*(x)$ の漸近形についても同様の性質

$$\Phi^*(x) \rightarrow e^{-\alpha x} \mathbf{a}^* \quad (x \rightarrow \infty)$$

がある $\mathbf{a}^* \in \mathbf{R}^n$ について成り立つとする。

このとき

定理. ある $\gamma > 0$ があって

$$H_1(h) = M_0 e^{-\alpha h} (1 + O(e^{-\gamma h})),$$

$$H_2(h) = -M_0 e^{-\alpha h} (1 + O(e^{-\gamma h}))$$

が成り立つ。 M_0 は

$$M_0 = 2\alpha \langle D\mathbf{a}, \mathbf{a}^* \rangle$$

で与えられる定数である。従って特に

$$\dot{h} = 2M_0 e^{-\alpha h} (1 + O(e^{-\gamma h}))$$

を得る。

この定理により、パルス定常解の相互作用は M_0 の符号でほぼ決まることが分かる。すなわち $M_0 > 0$ ならば反発的であり、 $M_0 < 0$ ならば互いに引きあうことになる。こうして、 $\Phi^*(x)$ さえ具体的に計算できれば、その相互作用は上の公式に代入するだけで自動的に計算できることになった。

これらの定理の証明や進行波まで含めた一般的な結果については [2] を参照されたい。

以上の結果はすべてパルス間の距離 h がある一定値以上大きいときに成り立つことが保証されている。

しかし、指数減衰しているので理論が成り立つのは相互作用が殆ど無視できる範囲だけで[‡]、果たして実用的なのかという質問をよく受ける。もちろん 2 つのパルス解がある程度以上近づくと厳密には全く破綻してしまうわけであるが、かつて物理の人と話しているとき、ある極限近くで成り立つ関係式を、その適用範囲を超えて成り立つと仮定して話を進めていくことがよくあり[‡]、それでもかなりの情報を得ることができる場合が多いと聞いたことがある。最終的にはいろいろな制限がなくなるように理論が作られないといけないが、少なくとも最初の段階では、この相互作用の方程式がさまざまなパルスの挙動に対して多くの知見を与えてくれるものと期待される。

これらの結果を用いて、FitzHugh-Nagumo 方程式の進行パルス解や Gierer-Meinhardt モデルにおける尖塔状パルス定常解は互いに反発的であることが示されている。一方で、反発的であることはそれらモデルの意味から明らかとも思われる[§]。ということは $\Phi^*(x)$ を具体的に計算することなく定数 M_0 が正であることが示されるはずであるが、それに関しては現在でも未解決で、“当たり前” に成り立つはずのことが未だ当たり前になっていないのが現状である。

3. より複雑なパルスの挙動

これまでの話だと、パルス解同士の相互作用は反発的か吸引的かという単純な作用しか説明できない。それでは世の中にある複雑なパルスの動き、Gray-Scott モデルに見られる自己複製ダイナミクスや、また別の (3 変数) 反応拡散モデルで見られるパルス同士の粒子的反射現象などはどうなのかという話になる (図 2)。最後に、そうした複雑なパルスの相互作用について一言触れて終わりとしていたい。詳しくは [8] や [9] 等を参照されたい。基本的に、単独のパルス定常解が安定ならば、その相互作用はこれまでに述べた単純なものしか出現しない。そこで不安定である場合を考えることになるが、強く不安定であると (少なくとも現在の道具では) もはや理論的扱いは不可能である。我々がとった方法は、単独のパルス定常解が不安定になった直後、すなわち分岐により不安定化した直後を考察することにより、中心多様体理論とここで述べた (弱い) 相互作用の方法を組み合わせるといったものであった。結果として、自己複製ダイナミクスでは分裂するための臨界距離の存在が、粒子的反射現象では、ある質点系の常微分方程式系で記述できることなどが示され、パルスの複雑挙動に関する深い理解を得ることができた。それらの結果のいくつかは空間次元が 2 次元の場合へも拡張

[†] それで弱い相互作用の理論などと呼ばれている

[‡] そのとき接続という言葉が使われたという記憶がある。Organized center と考えれば納得しやすい。

[§] 活性化・抑制化因子系だから

[†] 大抵かなり大変な計算になる

* 定常解でない、たとえば進行パルス解のときなどはもちろん対称性は仮定できない

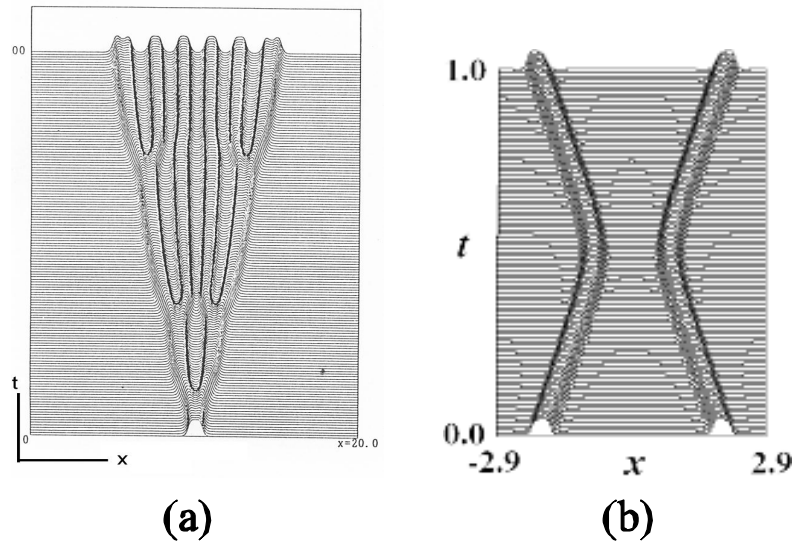


図2 (a) 自己複製ダイナミクスと (b) 粒子の反射現象

されている．以上は分岐点近傍のみで成り立つ理論であるから，さらに適用範囲が狭まったわけであるが，そこは先ほどの接線的な考え方の助けを借りて，適用範囲外のところまで適用することにより，もっと複雑な挙動に対しても理論的理解を得ようと試みているところである．

参考文献

- [1] J. Carr and R. L. Pego, Metastable patterns in solutions of $u_t = \varepsilon^2 u_{xx} + f(u)$, *Comm. Pure Appl. Math.*, **42** (1989), 523-576.
- [2] S.-I. Ei, The motion of weakly interacting pulses in reaction-diffusion systems, *J.D.D.E.* **14**(1) (2002), 85-137.
- [3] 神経繊維モデルにおけるパルスの相互作用について、横浜市立大学論叢 自然科学系列 46巻2号 (1995.3.31), 45-64.
- [4] S.-I. Ei and T. Ohta, Equation of motion for interacting pulses, *Physical Review E* **50**(6) (1994), 4672-4678.
- [5] G. Fusco and J. Hale, Slow motion manifold, dormant instability and singular perturbations, *J. Dynamics and Differential Equations*, **1** (1989), 75-94.
- [6] K. Kawasaki and T. Ohta, Kink dynamics in one-dimensional nonlinear systems, *Physica* **116A** (1982), 573-593.
- [7] J.D. Murray, *Mathematical Biology*, Springer-Verlag (1989)
- [8] 三村, 上山, 西浦, 長山, 栄, *パターン形成とダイナミクス*, 東大出版会 2006.
- [9] 西浦廉政, *自己複製と自己崩壊のパターンダイナミクス*, 岩波講座「物理の世界」, 岩波書店 2003.

【研究の工具箱】

普遍的な個体ベースモデル - 単純系から複雑系へ

高須夫悟*

1. 2次元空間上の局所密度依存を伴う出生死亡過程

前回*、普遍的な個体ベースモデルの実装方法について紹介した。構造体を用いて「個体」の属性を定義し、個体数の動的変動を可能にするリスト構造を用いることにより、各個体の出生・死亡といった過程をプログラムとして柔軟に実装する方法である。具体的な例としてロジスティック増殖（密度依存を伴う出生死亡過程）を挙げ、出生死亡過程の実装方法について解説した。わざわざ個体ベースで計算する必要はない単純な過程であるが、今回はこれを拡張し、2次元空間上における密度依存出生死亡過程を再現する。単純系からより複雑な系への実装が容易である点が構造体とリスト構造を用いる理由でもある。

2次元空間上の出生・死亡を考える場合、最も自然な密度依存効果は、1) 各個体は他個体との距離に依存した相互作用を行う、2) 周囲に他個体がほとんど存在しない孤立した個体は、周囲に多数の個体が存在する個体よりも出生率が高い・死亡率が低い、であろう。そこで、周囲にどの程度の数の他個体が存在するかを表す指標として、個体を感じる局所密度を導入する。個体*i*の局所密度は

$$n_{i,local} = \sum_{j \neq i} w(d_{i,j})$$

で定義される量で、 $w(d)$ は一般に d の減少関数 ($0 \leq w(d) \leq 1$)、 $d_{i,j}$ は個体 i と j の距離である (図1)。ここでは自分自身の存在を除くことに注意 (除いた方が自然だと思われる)。 $w(d) = \exp[-d^2/2\sigma_w^2]$ とする場合、 $\sigma_w = \infty$ の時、任意の距離だけ離れた個体が局所密度に影響する。つまり、横にびったり並び立つ個体も地球の裏側の個体も、注目する個体にとって同等の密度効果を及ぼすことになる。 σ_w が小さいほど、ごく近傍の個体の存在だけを感じるようになる。

今回実装する過程は、1) 個体は2次元トラス空間上の点として表現される、2) 個体 i の出生率と死亡率は自身の局所密度に依存し、それぞれ $b - b'n_{i,local}$ 、 $d + d'n_{i,local}$ で与えられる、3) 新規個体は親の位置か

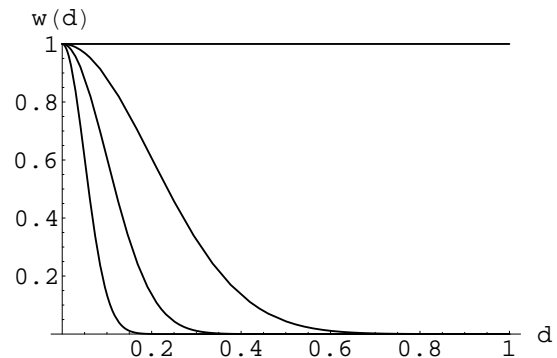


図1 距離に依存する個体間相互作用の強さ $w(d) = \exp[-d^2/2\sigma_w^2]$. $\sigma_w = \infty, 0.5, 0.1, 0.05$

ら等方的に距離 L だけ移動した点に着地する (L は平均ゼロ、分散 σ_m^2 の正規分布)、4) 死亡個体は取り除かれる、である。以下、この過程を個体ベースモデルとして実装してみよう。

2. モデルの実装

個体に割り当てるべき属性は、前回定義した出生と死亡までの待ち時間に加え、個体の位置情報とその個体を感じる局所密度である。具体的には

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

のように属性を定義する。構造体メンバーの2行目が今回新たに導入した属性である。局所密度、言い換えれば各個体の空間配置、を通じて、出生・死亡までの待ち時間が影響されることがこの過程の鍵である。

モデル実装のアルゴリズムは、0) 初期集団の設定、1-a) 各個体の局所密度の設定、1-b) 局所密度 n_{local} に依存した出生率 $b - b'n_{local}$ と死亡率 $d + d'n_{local}$ に従う待ち時間の設定、1-c) 最小の待ち時間を持つ1個体が出生もしくは死亡を経験して時刻が Δt だけ進む (Δt は可変)。2) 終端時刻 T に至るまで、1-a) 1-b) 1-c)

*奈良女子大・理

*JSMB Newsletter No. 54

を繰り返す, である. 1-b) と 1-c) の詳細については前回紹介したものと同じである.

局所密度の設定を行うためには, 注目する個体 `indiv1` と他個体 `indiv2` の距離を測る必要がある. この処理を行う関数 `calc_local_densities()` は, 個体に関する二重ループを用いて以下ようになる. 自分自身の存在を除いていることに注意.

```
void calc_local_densities(INDIVIDUAL *list)
{
    INDIVIDUAL *indiv1, *indiv2;
    double sum;

    for (indiv1 = list->next_indiv;
         indiv1 != NULL;
         indiv1 = indiv1->next_indiv) {
        sum = 0.0;
        for (indiv2 = list->next_indiv;
             indiv2 != NULL;
             indiv2 = indiv2->next_indiv)
            /* distance(indiv1, indiv2) returns
             the distance between them */
            sum += weight(
                distance(indiv1, indiv2) );
        sum -= weight( 0.0 );
        /* Exclude the self */
        indiv1->local_density = sum;
        /* Set local density of the target
        individual indiv1 */
    }
}
```

2次元トラス空間上の局所密度依存性を含む連続時間出生死亡過程のシミュレーション結果を図2, 3, 4に示す. 相互作用が及ぶ範囲 σ_w , 新規個体の移動距離 σ_m の値に応じて興味深い振る舞いを示すこと, そして, これらのシミュレーション結果を解析的に理解するための手法の詳細が [1] [2] に示されている.

3. 並列処理

一般に, 個体の出生・死亡その他の状態変化は環境ならびに他個体からの影響を受ける. 従って, N 個体からなる集団の場合, 情報量を損なうことなく個体ベースでシミュレーションするためには, 他の $N-1$ 個体との相互作用, つまり N^2 のオーダーの計算量が必要となる. 計算理論においてもっと効率的な解き方が存在するのかもしれないが, N^2 という多項式時間の計算量アルゴリズムでは, $N \sim 100$ といった希少生物の保全を取り扱うのでなければ, 少しでも効率的なシミュレーション方法が切に望まれる. 幸いなことに,

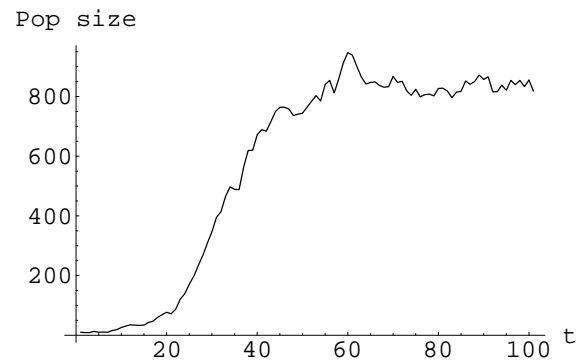


図2 個体数ダイナミクス. 初期状態はランダムに配置した10個体. $b=0.4, b'=0.0, d=0.2, d'=0.001, \sigma_w=0.2, \sigma_m=0.2$. 空間構造がない場合 ($\sigma_w = \infty$), 環境収容量 $K = (b-d)/(b'+d') = 200$ のロジスティック増殖に相当. $\sigma_w=0.2$ の時, 遠距離の個体 $d > \sim 0.4$ をほとんど感じないため, 集団は K を大きく超えるに至るまで成長

Core 2 Duo といった複数コアを積んだCPUがラップトップPCにも搭載される時代である. アイドル状態にあるコアを活用しない手はない. 本節では, いわゆるメモリ共有型の並列処理を実現する枠組みの一つである OpenMP (Open Multi-Processing) を用いて, リスト構造を用いた個体ベースモデル一般を並列処理する方法を紹介する.

OpenMP は, プログラム中に適当な指示文を追加するだけで並列処理を可能にする枠組みである. 並列化を考慮しないプログラムの構造を保ったまま並列化しやすいという利点がある. つまり, 並列化を意識しないプログラムを書いた後に, 並列処理する指示文を追加する方法で並列化が実現できるという, 初心者にとって敷居が低い並列化の手法である. OpenMP は商用コンパイラである Intel Compiler やフリーの gcc 4.2 で実装されており, 配列 (固定長のデータブロック) に対する単純な for ループは, コンパイル時に並列化のオプションをつけるだけでコンパイラが自動的に並列展開してくれるなど, プログラムが明示的に並列化の指示をしなくても複数コアの恩恵を受けることができる. 近年のコンパイラの進化には目覚ましいものがある [3].

例えば,

```
int i;
double a[100], b[100], c[100];
for(i=0; i<100; i++) a[i]=b[i]+c[i];
```

といった, 配列要素が独立に加算される for ループでは, 添字 i の範囲 ($0 \leq i \leq 99$) を等分割して, 複数の添字範囲を複数コアで並列して処理することが出来る. 2つのコアを用いる場合, コア0は添字範囲 $0 \leq i \leq 49$,

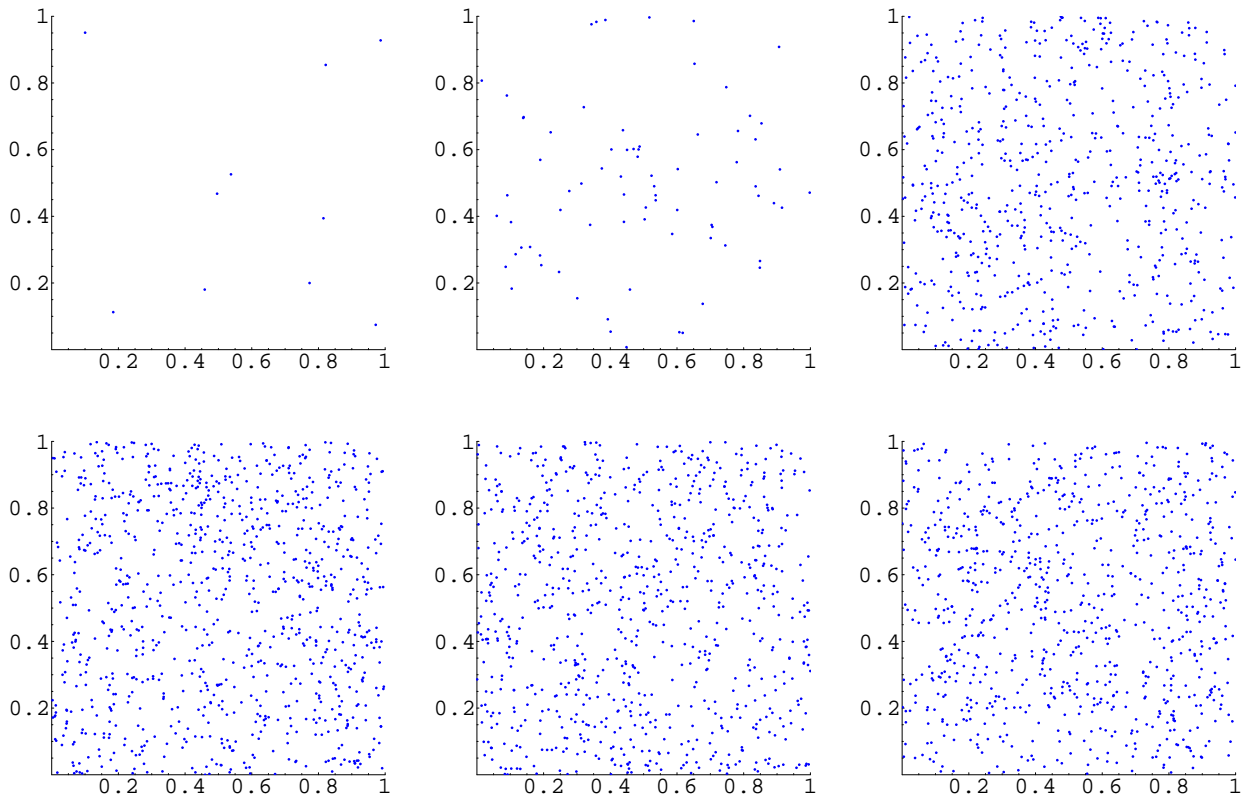


図 3 個体の空間分布 (上段左から $t = 0, 20, 40, 60, 80, 100$) . $b = 0.4, b' = 0.0, d = 0.2, d' = 0.001, \sigma_w = 0.2, \sigma_m = 0.2$

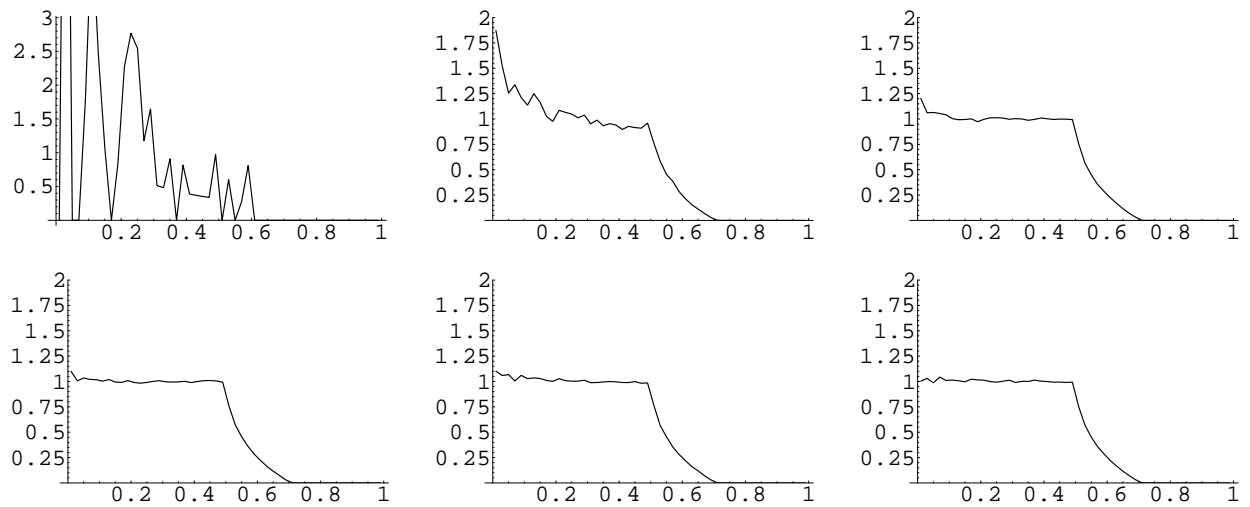


図 4 2 個体間距離の分布 (上段左から $t = 0, 20, 40, 60, 80, 100$) . $b = 0.4, b' = 0.0, d = 0.2, d' = 0.001, \sigma_w = 0.2, \sigma_m = 0.2$. 任意に取り出した 2 個体間の距離の分布を調べることで, 個体分布パターンの性質をつかむことが出来る . $t = 0$ は個体数が少ない ($N = 10$) であることに注意 . $d > 0.5$ はトーラス空間上の距離による影響

コア 1 は添字範囲 $50 \leq i \leq 99$ を並列処理することになる。もちろん、同じ配列の各要素間に依存関係がある場合など、繰り返し内容によってはこうした並列化が出来ない場合がある。しかし、最近の OpenMP 対応コンパイラは、繰り返し内容を解読して並列化が可能であれば自動的に複数コアを用いた並列処理を行うバイナリを生成してくれる。配列の要素数はコンパイル時に確定しているため、繰り返し内容の解読だけで自動的な並列処理が可能になるのである。配列を用いた数値計算、例えば固定領域における反応拡散方程式の数値解法では、OpenMP に対応したコンパイラを導入するだけで、プログラマが並列化を意識することなく複数コアを活用した数値計算がすぐに実現できる。

OpenMP とは異なり、メモリ分散型の並列処理の実現を支援する枠組みとして MPI (Message Passing Interface) がある。MPI を用いたプログラムでは、当初から並列化を意図したプログラム設計が必要となる。MPI 並列処理を行うプログラムは、そうでないプログラムとは似ても似つかず、初心者には敷居が高いと感じる。しかし 1CPU のコア数がたかだか 4 程度に限られている現在では、数百台のノードを用いた分散メモリ型並列処理は、取り組む問題によってはなくてはならないものとなっている。並列化一般については、大阪大学の時田恵一郎氏が JSMB Newsletter No. 54 にて入門記事を書いておられるのでそちらを参照されたい。

4. OpenMP によるリスト構造の並列処理

さて、リスト構造を用いた個体ベースモデルの場合、リスト構造に連なる最後尾の個体 (NULL を指している) がメモリ空間上のどこに存在するのか、言い換えると、任意の時刻において集団中に何個体存在するのか、はコンパイル時にコンパイラが伺い知ることは出来ない情報である。これが、固定長データである配列を使ったプログラムと大きく異なる点である。従って、如何にコンパイラが賢くなろうとも並列処理の自動化は望めず、プログラマによる明示的な並列処理の指示が必要となる。以下、OpenMP を用いた、リスト構造一般に関する並列処理の枠組みを示す。

リスト構造では全ての個体がリストの視点から終点 NULL に向かって連結している。リスト構造では最後尾の個体にアクセスするためには、先頭の個体から手繰ってゆかねばならない。個体ベースモデルの場合、各個体に関するループ

```
INDIVIDUAL *list_head, *indiv;
/* list_head はリストの先頭.
   indiv は個体へのポインタ */
```

```
for (indiv=list_head->next_indiv;
     indiv!=NULL;
     indiv=indiv->next_indiv) {
    各個体 indiv に関する処理
}
```

が至る所で現れる。リストの先頭個体から始まり、NULL を指す最後尾個体に至るまでのループである。先程の局所密度を計算する関数 `calc_local_densities()` は、このループの中に他個体を走査する別のループが入れ子になっており、個体数 N について N^2 のオーダーの計算量を抱えるため、計算時間を最も要する律速段階となっている。アイドル状態にあるコアを効率的に働かせる並列処理が必要なのである。

OpenMP による並列化は、1) リストを複数 (一般にコアの数) に等分割し、2) 等分割した部分リストに連なる個体の出生・死亡の世話を各コアにさせる、という手法で実装する。共有メモリ型並列処理では、全てのコアは全ての個体情報にアクセスできるため、こうした単純なリスト分割によって並列化が可能となる。2つのコアで並列化を行う場合、図5に示したようにリストを2分割し (リスト長の違いは最大で1)、各部分リストに連なる個体の面倒を各コアで見させることになる。

リストの2分割は、リストに連なる個体の総数 N を数え、先頭リストの長さを $[N/2]$ とするだけで簡単に実現できる ($[N]$ は N を超えない最大の整数値)。具体的には、 $[N/2]$ 番目の個体へのポインタが後半リストの先頭 `list_1` となるため、以下の操作で後半リストの先頭 `list_1` を取り出すことが出来る。

```
INDIVIDUAL *list_head, *indiv1,
            *list_1=NULL;
int pop_size_half, counter;

/* number_of_indivs(list) は
   list に連なる個体数を返す関数 */
pop_size_half =
    number_of_indivs(list_head)/2;
counter=0;
for (indiv1=list_head->next_indiv;
     indiv1!=NULL;
     indiv1=indiv1->next_indiv) {
    counter++;
    if ( counter==pop_size_half ) {
        list_1=indiv1->next_indiv;
        break;
    }
}
```

リスト `list_head` を `list_0` と `list_1` に 2 分割した後, 2 つのコアを用いて並列処理する部分を OpenMP 指示文 “`#pragma omp parallel sections private(indiv, ...) { ... }`” で囲み, “`#pragma omp section { ... }`” で囲った部分をそれぞれのコアで並列実行させる. `private(indiv1, indiv2, sum)` は, `indiv1`, `indiv2`, `sum` といった局所変数を各コア毎に独立した変数として取り扱う (コア間で共有しない) ようコンパイラに指示する指示節である .

```

INDIVIDUAL *list_head, *list_0, *list_1,
           *indiv1, *indiv2;
double sum;

list_0=list_head;
list_1= ... /* list_headを始点とするリスト
を等分割して後半リストの先頭を設定 (前述)*/

#pragma omp parallel sections
  private (indiv1, indiv2, sum)
  {
    #pragma omp section {
      for (indiv1=list_0->next_indiv;
           indiv1!=NULL;
           ndiv1=indiv1->next_indiv)
        { コア 0 における indiv1 の処理 }
    }
    #pragma omp section {
      for (indiv1=list_1;
           indiv1!=NULL;
           indiv1=indiv1->next_indiv)
        { コア 1 における indiv1 の処理 }
    }
  }

```

4 つのコアを持つノードの場合 (私の計算機環境は 1CPU に 2 コア, 2CPU のマシン) は, リストを 4 分割し, 第 1 四半リスト `list_0 = list_head`, 第 2 四半リスト `list_1`, 第 3 四半リスト `list_2`, 第 4 四半リスト `list_3` それぞれを 4 つのコアで実行させることになる. ソースプログラムがやや冗長になるが, リストの機械的な分割・各コアへの処理の割り当て, だけで十分並列化の恩恵が受けられる .

参考までに, 2次元連続空間上の局所密度依存性を伴う出生死亡過程を再現する個体ベースモデルのプログラムを以下の URL で公開する. 並列処理しないプログラムと, 4 つのコアを用いて並列処理するプログラムである. サンプルプログラムでは, 各個体の局所密度を求める関数 `calc_local_densities()`, 各個体に出生・死亡までの待ち時間を設定する関数 `set_interevent_times()`

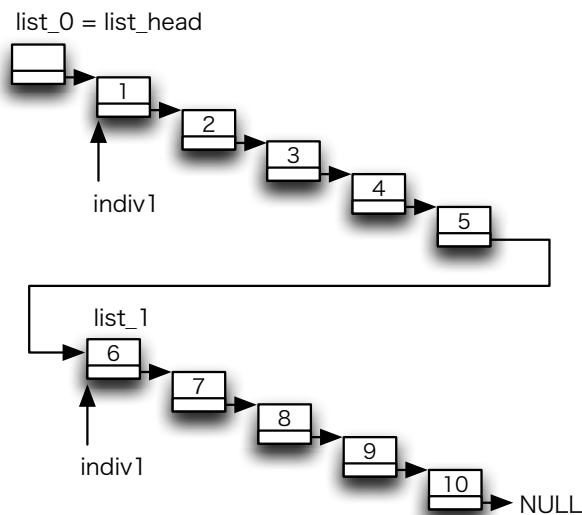


図 5 10 個体から構成されるリストの 2 分割. コア 0 が前半リスト (1 から 5 までの個体), コア 1 が後半リスト (6 から 10 までの個体) を担当する. 並列処理部分では `private` 指示節を用いて変数 `indiv1` などを各コア毎に独立な変数として宣言する必要がある

第 1 表 $T = 100$ までの実行時間. 4 コアを用いた並列化により 4 倍に近い速度が稼げている. $b = 0.4, b' = 0.0, d = 0.2, d' = 0.001, \sigma_w = \sigma_m = 0.2$. 準平衡状態での個体数 $N \sim 850$

使用コア数	1	4
実行時間 (秒)	1565	448
速度比	1	3.5

を 4 つのコア用いて並列化している. 最小の待ち時間を持つ個体を探索し, 出生・死亡を実行する関数 `make_an_event_happen()` も同様に並列化が可能であるが今回は見送った. この関数も並列化すればより効率的な実行が可能になるだろう .

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

さて, OpenMP を用いて並列化したプログラムが実際どの程度, シミュレーションの高速化に貢献しているかに興味がある. 単純に実行時間を計測した結果を Table 1 に示す. 初めて OpenMP を使ったプログラムを実行したときのことを今でも鮮明に覚えている. こんな単純なことで本当に早くなるのか? 結果は Table 1 の通りである .

以上説明した並列化の考えは, リスト構造を DNA 二重らせんとみなすと, 一本の二重らせんに複数の RNA ポリメラーゼが取りついて並列的に mRNA 転写

を行うことと同じである（細胞内でこうしたことが実際に行われているかどうかは確信持てないが）。ここで、RNAポリメラーゼがCPUの1コア、生物個体が1塩基に相当することは言うまでもない。例えば、RNAポリメラーゼが一つしかなければ、長大な二重らせんの転写に非常に時間がかかるはずであり、もしかするとこうした並列処理の実装は自然界に普遍的に見られるものなのかもしれない。

5. 個体を単位としたモデル

前回に引き続き、「個体」という単位をあらわに保持した普遍的な個体ベースモデルの実装・拡張・並列化について紹介した。個体の属性に新しい要素を追加することにより、基礎的個体群動態に始まり、多様な要素を組み込んだ複雑なシミュレーションモデルを構築することが可能になる。今回は空間構造を含む個体群動態シミュレーションの紹介で終わってしまったが、個体の属性として、量的形質（double型変数）、離散戦略セット（int型変数）、複数遺伝子座・対立遺伝子（int型配列）、他個体との過去の接触履歴（リスト構造）など、任意の属性を割り当てることで、複雑な系の振る舞いを個体ベースとして再現可能である。

「個体（粒子）」を単位としたモデリングは、物理学の分野で古くから研究されていて、特に近年では流体力学の分野で「粒子法」と呼ばれるシミュレーション技術が長足の進歩を遂げている。数百万・数千万の粒子を用いた複雑な形状における流体計算は見るだけでも楽しい。しかし物理学におけるシミュレーション方法は（私が理解する範囲では全て）、物質保存という原則に従い粒子数は常に一定に保たれる。しかし、全ての生物は、子供を産み、死ぬという原則の下、個体数が動的に変化する。粒子数が可変な系を効率的にシミュレーションする手法が物理学の分野で既に開発されているのかもしれないが、私は知らない。

生物の本質とでも言える動的な構造を、シミュレーションプログラムとして実装する良い手はないものか。試行錯誤した結果たどり着いた手法が、前回と今回紹介したリスト構造を用いた個体ベースモデリングである。あくまでシミュレーションを行う枠組みには過ぎぬものの、個体の出生・死亡に関する局所的なルールが、集団全体としてどのような振る舞いを見せるに至るのかという問題は、実は自明ではない。

これまで数多くの数理的研究が力学系の理論に基づきなされてきた。微分方程式や偏微分方程式など、連

続量としての集団密度のダイナミクスに注目する枠組みである。しかし、連続量のダイナミクスでは生物個体の「個体性」は失われ、個体は無分化可能な存在として取り扱われる。厳密な意味では、生物集団のダイナミクスは連続量のダイナミクスではない。個体はそれ自身が単位であり、それ以上分割することが出来ない存在 in-‘not’ + divisible である。こうした「個体性」は取るに足らないも些細なものなのだろうか？それとも、個体性が重要な役割を果たしえるのだろうか？ [4]

今回取り上げた2次元空間上の局所密度依存の出生死亡過程において、個体は、位置を表し面積を持たない点として表現され、局所密度は自身を除く他個体の存在程度を表す指標として定義した。しかし、点としての自身を除くとは一体どういうことなのか？また、相互作用が及ぶ距離 $s_w \rightarrow 0$ の場合、 $n_{local} \rightarrow 0$ となり、従って $b > d$ の時、個体数は正の確率で発散すること ($N \rightarrow \infty$) をどう解釈するのか？といった様々な新しい問題が持ち上がってくる。「個体」の視点をあらわに考慮したことで出現するこれらの問題は、今後数理生物学が取り組むべき新たな問題となると予想している。

局所ルールの帰結としての総体の振る舞いを数理的に理解することが数理生物学者の一人としての最終目標である。目的地へたどり着くための道具としてのシミュレーション実験は無くしてはならないものだと考える。今回の連載を通じて、より多くの方に道具としての個体ベースモデリングが普及することを願っている。そして、個体ベースモデルのシミュレーションによる新しい現象の「発見」が、新たな数理的研究への刺激となる事を期待している。

参考文献

- [1] Law, R., D. J. Murrell, U. Dieckmann. Population growth in space and time: spatial logistic equations. *Ecology* 84(1): 252-26, 2003.
- [2] Dieckmann U., R. Law, and J.A.J. Metz eds. The geometry of ecological interactions - simplifying spatial complexity. Cambridge University Press 2000.
- [3] インテルコンパイラー OpenMP 入門. <http://jp.xlsoft.com/documents/intel/compiler/525J-001.pdf>
- [4] Durrett, R., and S. Levin. 1994. The importance of being discrete (and spatial). *Theor. Popul. Biol.*, 46:363-394.

【特集】

2007年度 卒業論文・修士論文・博士論文

卒業論文

立石 寛人 東京大学計数工学科数理情報学コース

ミャンマーにおける民族紛争モデル

本研究では、住民が政府に抱くフラストレーションの原因は政府の掲げる政策が自分の求めるものと違うというところにあるという論理から出発し、ミャンマーを民族紛争という観点からモデルで再現し、紛争が長引く原因について言及した。本研究から、複雑なミャンマー問題において必要なことは、民主化政策の速やかな実施とその高い民主性の実現のもとでの民族・宗教政策の非差別化であることがわかった。

見並良治 東京大学工学部計数工学科数理情報学コース

リアルワールドデータの分岐図再構成

与えられた複数の時系列信号の背後に力学系が存在しており、その振る舞いが決定論的カオスで描写できるとする。このような仮定の下で、時系列信号のみから未知力学系の分岐係数を推定し、その分岐図を再構成する手法が徳永らによって提案されている。本研究では、実際に観測された時系列信号、特にドル円為替市場の価格時系列に対してこれを適用し、分岐図を再構成することによってその背後に存在する力学系の定性的な構造を観察した。

岩本 健太郎 静岡大学工学部システム工学科 竹内研究室

ウイルス感染による交叉反応に対する自己免疫疾患モデル—ベクターワクチン開発への可能性—

免疫システムは「非自己」を認識し、排除しようとする働きをもつが、「自己」を「非自己」と認識し、排除しようとする自己免疫反応が起きることがある。自己免疫反応によって引き起こされる疾患が自己免疫疾患である。この疾患が引き起こされる原因は様々な仮説があるが明らかではない。本研究では、ウイルス感染

による交叉反応が原因となる自己免疫疾患に対する数理モデルを考えた。解析の結果、免疫応答関数の違いが疾患の振る舞いに大きく影響することが示唆された。さらにこのことからベクターワクチン開発への可能性についても考察した。

黒田 章義 静岡大学工学部システム工学科 竹内研究室

HIV による免疫誘導の損傷による閾値とシミュレーション

本研究では HIV と免疫システムの相互作用の数理モデルを用いる。HIV による抗原提示能力の低下による免疫誘導の損傷を考慮している。患者は感染から AIDS に発展するまでの無症候性段階をもち、それがどのようなメカニズムであるのかを考察する。解析により “危険閾値” と “免疫不全閾値” が存在し 2 つの閾値の差が無症候性段階の長さを決定することがわかった。また患者の臨床データより 2 つの閾値が存在することを確認した。

長谷 俊宏 静岡大学工学部システム工学科 竹内研究室

エンドファイト感染個体と未感染個体の共存及び 2 種系の共存

同一植物でエンドファイト（植物内生菌）に感染した個体と未感染個体の共存、及び 2 種系の共存についてロッターリーモデルをもとに検討した。1 種系において、植食者が変動することで植物が共存可能となる状況やオリジナルのロッターリーモデルとは逆の結論が起こりえること、感染個体と未感染個体の捕食される割合が異なることで共存の可能性が広がることがわかった。

鈴木 崇文 静岡大学工学部システム工学科 竹内研究室

A Paradox of Vaccination Strategy

2005 年中国では、家禽の鳥インフルエンザに対するワクチン接種政策を実施した。しかし、ワクチン政策の実施にも関わらず、鳥インフルエンザの流行が確認されている。遺伝的・抗原的解析の結果、以前には確認されていないウイルス種であることが判明した。そこで本研究では、感受性個体、ワクチン接種個体、ワクチン感受性種とワクチン抵抗性種を考慮した、ワクチン

† 掲載されている論文のより詳しい要旨は、JSMB Newsletter No.55 Supplement (pdf 版のみ発行)として日本数理生物学会ホームページにアップロードされ、公開される予定です。

ン政策の数理モデルを構築した。解析の結果、大変興味深いことに、家禽へのワクチン接種率を上げることが、総感染個体数を増加させようことを発見した。つまり、感染個体数を減少させるためのワクチン政策が、感染個体数の増加を引き起こす可能性を示している。

田村 光平 名古屋大学情報文化学部

日本語方言の系統樹からみるミームの系統進化

内容要約：本研究では、生命・非生命の垣根を越えた進化現象の理解を目指し、NeighborNet を用いて日本語方言の系統ネットワークを描いた。できあがった系統樹について、数理解析を行い、日本語方言は、他の文化に比べてランダムな変異が許容されること、系統性・中立性ともに大きな歪みがあることを示した。また、系統性の歪みと系統ネットワークの網目の数を比較し、基本的には歪みの大きさに比例して網目の数が増えることを示した。

飛永 賢一 龍谷大学理工学部 数理情報学科

Lotka-Volterra モデルによる多様性と安定性の逆理について

本研究では、May が主張した「生物の種数、相互作用が多種多様なほど生物が共存しにくくなること」を Lotka-Volterra モデルを用いて調べた。その具体的な方法は 3,4,5 種において様々な食物網を決め、その食物網における Lotka-Volterra モデルの係数を一様乱数で与え共存する割合を確率的に調べた。標本平均を求め、母平均の範囲を推定すると、May の主張が確かめられた。

川崎 友子 奈良女子大学 理学部 情報科学科 高橋研究室

魚の左右性の遺伝システムでの優性ホモ消失のモデル
全ての魚類は、口がどちらかに開くという遺伝に支配された左右性多型を持つ。この遺伝は左利きが優性のメンデル遺伝に近いが、メンデル遺伝の法則とずれている部分が存在する。このため、左利きホモが存在しないのではないかと考えられている。捕食者餌系のモデルで左右性の振動が持続している時に、左利きホモを阻止する不和合性遺伝子が固定し、左利きホモが消失した。また集団で交配した場合ではなく、ペアで交配した場合についてもモデルを作成した。

小林 美苑 奈良女子大学 理学部 情報科学科 高橋研究室

シオマネキの左右性の遺伝システムのモデル

堀らによるハクセンシオマネキの入れ替え実験後の雄の左利き個体の比率の年変化のデータを用いてシオマネキの左右性の遺伝システムを調べた。母親の遺伝子によって息子の左右性が決まるものとして、左右性の

遺伝子が X 染色体上にあるとするモデルと常染色体上にありインプリンティングが働いているとするモデルを考えた。外部からの定着稚ガニの移入を考えると、どちらのモデルも左利きの比率の年変化を説明できた。

金城 理恵 奈良女子大学 理学部 情報科学科

魚の階層的縄張りモデル

アフリカのタイガニカ湖に生息するシクリッド魚であるロボキローテス（以後、ロボ）は、体長の異なる個体間で、縄張りを最大 7 重複させるという特徴を持つ。これは、体長の異なる個体が摂餌のとき、使用する岩の割れ目の幅も異なるためであると考えられる。ロボの利用する割れ目の幅と縄張りから追い出す体長の範囲を考え、体長の近い個体を追い出すのが最適であることを示し、縄張りの重複を説明した。

福田 茂大 九州大学理学部生物学科 数理生物学研究室

「目標達成と集団維持から見た最適なリーダーの考察」 - 動物のリーダーシップ形成のシミュレーションモデルに基づいて

Couzin の動物のリーダーシップ形成のモデルを用いて、集団の成員のリーダーへの忠誠度を変化させた場合に、目的地までの到着回数、到着時間、導引個体数がどう変化するかを調べた。その結果、リーダーの支持者の多い集団の方がそうでない集団よりも生産性が高くなったが、リーダーへの忠誠が高すぎる集団では生産性が最低になった。そのことより、リーダーには支持者の多い者を選ぶべきであるが、忠誠度が高すぎる場合には別のリーダーを選ぶべきであると結論した。

瓦田 太郎 九州大学理学部生物学科 数理生物学研究室

人々の協力とメディア・政府の圧力の数理モデルによる研究 - 干潟浄化のために -

干潟の保全の為に河川からの有機物の流入量の制限は必要だが、それには流域住民の協力が不可欠である。しかし、直接干潟に接することのない上流域の住民の協力を得るのは難しいため、メディアや政府といった社会的圧力が必要であると考えられる。Suzuki and Iwasa (2008) を用いて河川の上流・下流に住む人々の協力度合いとそれによる干潟の汚染度の推移について調べたところ、公的な圧力を加えた場合は上流に住む人々の協力を得るという点ではメディアの圧力よりも効果的であることが分かった。

萱島 隆一 九州大学理学部生物学科 数理生物学研究室

戦いの勝ち癖と負け癖：経験から自己を評価する集団のゲーム

動物界には winner and loser effect という効果がある。これが適応的だとする self-assessment 仮説に基づき、ベイズ推定を用いて自身を評価する集団をモデルにしゲーム理論によって調べた。結果 effect 有りの個体の勝率に変化が見られた。またコスト大・利得小の時自身を慎重に評価する戦略が ESS, コスト小・利得大の時自身を楽観的に評価する戦略が ESS となることがわかった。

立木 佑弥 九州大学理学部生物学科 数理生物学研究室

森林における不規則な一斉開花結実は進化するのか？
新手法 PFPP を用いた有限集団ゲームの理論的研究

本論ではマस्टングのメカニズムのモデルとして知られる資源蓄積モデル (Satake & Iwasa, 2000) を用いて、一度の繁殖にどの程度エネルギーを消費する戦略が進化的に有利となるのかを調べた。 Moran プロセスを応用して、ギャップをめぐる樹木間の競争を再現した。集団内に 1 個体のみ生じた突然変異体の固定確率を得る事により、PIP 様のマップを描き、どのような形質値が有利になるのかを可視化した。その結果、ギャップをめぐる競争という条件では、カエデ科のようなほぼ毎年繁殖を行う形質に進化する事がわかった。

渡邊 貴豊 九州大学理学部生物学科 数理生物学研究室

鳥類の兄弟間競争におけるテストステロン効果と資源環境の関係

母鳥は弟ヒナの卵黄中にテストステロンを多く注入して、先に生まれたヒナとの体重差を補うために成長率を増すことが知られている。本研究では、資源環境を変化させたとき、相対テストステロン濃度と、兄弟の生存率の関係を調べた。その結果、相対テストステロン濃度と生存率の関係は、資源環境に依存することが分かった。したがって、親の適応度を最大にする相対テストステロン濃度は、資源環境に応じて変化するはずだと結論した。

修士論文

秦嘉芸 東京大学 情報理工学系研究科 数理情報学専攻 合原・鈴木研究室

Multi-game Dynamics in Finite Populations (有限集団におけるマルチゲームダイナミクス)

これまで有限集団における進化ゲームにおいて、他の相互作用による影響がないと考え、注目する行動だけを考慮して研究が行われてきた。しかし、「影響を及ぼさないであろうと無視されていた相互作用」を本当に無視していいのだろうか？これを解明する動機で本研究が行われた。生物集団における突然変異体による優

入定着過程を定式化し、モデルを二つの視点から考察した結果、この相互作用には無視できない効果があると検証できた。

堀部直人 東京大学大学院 総合文化研究科 広域科学専攻

ショウジョウバエの記憶と学習にもとづく適応戦略:
歩行軌跡のモデル選択と時系列解析

ショウジョウバエの歩行軌跡に対し確率過程モデルの選択を行った結果、Lévy flight (移動距離 x の分布が冪分布に従う。採餌効率が低い。) と correlated random walk (短期的には random walk より採餌効率が低い。) の混合モデルが支持された。これは、身体的制約のもとで採餌効率を最大化させる戦略と考えられる。また、局所定常 AR モデルを用いた解析から、移動速度のみが細かく制御され、この制御には記憶・学習が余り関わらないことが示唆された

齋藤 勇輝 電気通信大学大学院 情報システム学研究科 情報システム学専攻

後脳における味情報の時空間コーディング

味覚は、動物にとって重要な感覚の一つである。味情報は 5 つの基本味から成ることが知られているが、味覚情報がどのようにコードされ、処理されているのかは、まだはっきりわかっていない。本研究では、味の質や濃度の情報が、後脳にある孤束核におけるスパイク発火の時空間的なパターンとして、どのようにコードされるかについて、味神経と孤束核のモデルを作成し、コンピューターシミュレーションによって調べたことを目的とした。

長間 裕欣 東京工業大学大学院 社会理工学研究科 価値システム専攻

ロジットモデルを利用した非線形な模倣率が進化ゲームに与える影響について

本論文では、ゲームで得られた利得が低いほど自分の戦略をやめるとし、やめたプレイヤーは周囲における少数派や多数派の戦略を模倣するとして、ロジットモデルを利用する。ランダムに選ばれたプレイヤーが集団中の全プレイヤーとゲームをする完全混合モデルでは、線形模倣率を利用した場合と異なる結果が得られた。次数の低いネットワークほど非協力戦略が選択される傾向があるということ以外は、各ネットワークにおける進化ゲームの結果はほぼ同じになった。

清水 貴彦 静岡大学工学研究科 システム工学専攻 竹内研究室

Analysis of Immune-Virus Dynamics

体内には何種類ものウイルスが潜んでおり、増殖のために必要な体細胞をめぐる競争している。同じ細胞をめぐる競争している関係にあるウイルスは競争排除則に則ると共存できないが、現実には多くのウイルスが

体内で共存している．本研究では基本的な感染モデルに対しスーパーインфекションと免疫の効果を導入し，感染細胞と免疫細胞のダイナミクスを調べた．解析の結果，2種のウイルスの共存のメカニズムが明らかになった．

後藤 修平 名古屋大学大学院 情報科学研究科

ミーとネットワークの共進化モデル：ダイナミクスの分析と音への適用

本研究では，人間関係のネットワークの形成過程に関して，ミー（文化的遺伝子）とネットワークの共進化として捉える最小モデルを構築し，ダイナミクスの分析を行った．その結果，ミーの多様性の継続により拡散性の大きいミーを持つ人ほど次数を増やしスケールフリー構造を形成する機構や，ミーの属性全てがある中間的な範囲に存在する場合に共進化が発生し，特定のミーが大きく普及するという文化形成に対応する現象を発見した．また，音を具体例として適用した試みについても報告する．

野場 康徳 名古屋大学大学院 情報科学研究科

ニッチ構築と学習の相互作用に関する個体ベース進化シミュレーション

近年，生物自身の形質の変化である学習や，生物による環境状態の改変であるニッチ構築の進化的意義が注目されている．本研究は，両者の共進化を明らかにするため，環境条件を共有する生物集団において，環境を改変するニッチ構築とそれに合わせて自身の形質を改変する学習が同時に進化する人工生命モデルを構築した．実験の結果，両活動に関する遺伝子の値が交互に増減するサイクリックな共進化の過程が生じ，その中でボールドウィン効果と捉えられる過程が観察された．

金井 裕史 名古屋大学大学院 情報科学研究科

逐次手番ゲームにおける心の理論の再帰レベルの影響

「心の理論」とは他者や自己の心を推測する，心の本質的機能である．各個体が心の理論により他者の心を推測し合うなら，心の推測の推測...という入れ子構造が発生する．この構造の深さを再帰レベルと呼ぶ．単純化した計算論的モデルに基づく計算機実験によって社会相互作用の性質とそれに適応的な再帰レベルの関係を解明することを本研究の目的とする．計算機実験の結果，競合的環境で高い利得を取るには相手の再帰レベルが低いこと，協調的環境では両者共に再帰レベルが高いことが重要だと分かった．また，中間的な環境では，高い利得を得るために必要な再帰レベルが他の環境より高いことも示された．

佐久本 裕喜 名古屋大学大学院 情報科学研究科

所属メンバーの志向性を考慮したコミュニティ成長モデル

本研究は，所属メンバーの特性とコミュニティ構造の相互作用に関する知見を得ることを目的とし，メンバーの志向性を考慮したコミュニティ成長モデルを構築した．人数を固定した場合，志向性によるコミュニティの棲み分けが確認された．また，新しいメンバーが招待される成長モデルでは，現実のSNS「キヌガサ」とのデータ比較を行い，コミュニティ参加数に依存した活発さという特性を新たにメンバーが持つことで，参加コミュニティ数やコミュニティサイズの頻度分布がキヌガサのそれと同様に2つのべき乗則からなる分布を得ることが出来た．

渥美 善之 龍谷大学大学院 理工学研究科 数理情報学専攻

白血球による感染防御モデルの数理的研究

組織内の白血球がバクテリアによる炎症・感染を防ぐことをモデル化した3変数の反応拡散方程式系で記述されるAlt-Lauffenburgerのモデルを研究する．白血球は拡散に加えバクテリアの出す誘引物に対する走化性の動きをする．このモデル方程式の平衡解の存在と安定性を数学的に調べ，また，白血球の走化性による動きによって進入したバクテリアが効果的に死滅されることを数値計算で検証した．

辻 雅一 龍谷大学大学院 理工学研究科 数理情報学専攻

ある離散年齢構造モデルにおける分岐構造

ある離散年齢構造モデルにおいて，個体の出生率をパラメータとした場合，その定常状態や周期軌道の全域的分岐構造を調べる．3世代モデルについて，第2，第3世代の個体が子供を出生する場合を考え，2つの出生率をパラメータとしたとき，3年毎に大繁殖を繰り返す3周期軌道や，安定な概周期軌道が分岐する． $n=10$ までの n 世代モデルでも n 周期軌道，概周期軌道， $n-1$ 周期軌道が規則的に現れる分岐構造が見つかった．

合原 一究 京都大学大学院 情報学研究科 複雑系科学専攻

Experimental and Theoretical Studies on Synchronized Calling Behavior of Japanese Tree Frogs

筆者が実験的に見出した，ニホンアマガエルが2匹では交互にほぼ逆相同期して鳴く現象に関して，非線形時系列データ解析，数理モデル解析，分岐解析およびリアプノフ関数解析を行ない，同期した発声行動のメカニズムを調べた．逆相同期発声行動の機能的意義として，オス同士が互いの位置関係を把握し縄張りを維持しやすい．

田中 正信 京都大学大学院 理学研究科

散逸系パルスダイナミクスの外部刺激応答に関する研究

散逸系では、様々な時空間パターンが自発的に形成される。本論文では、それらの時空間パターンの中でも、心臓の電気活動などの生体機能と深く関わっている興奮波に焦点を当て、興奮波に外部刺激を与えた場合の影響について調べた。具体的には、(1) ピン留めされたスパイラルの外部刺激応答、(2) 反応拡散場の時間変化を反映した興奮波の伝播挙動、に関して実験、ならびに理論、数値計算を組み合わせつつ研究を行い、外部刺激の影響を議論した。

加地 哲 大阪大学大学院 情報科学研究科 情報数理学専攻

反応拡散系が形成するパターンのロバスト性に関する研究

生物にみられるパターン形成過程は反応拡散系でモデル化されることが多いが、生物が成長していく過程では環境が変化することもあると考えられるため、それらがパターンに与える影響を考察することは重要である。本研究では、反応拡散系の定常パターンが、パラメータ変動や外部からの付加的擾乱に対してどのように振る舞うかについて検討を行った。その結果、系が本来形成しやすいパターンは、大きな擾乱が加わってもパターンを維持しやすい傾向にあることが分かった。

吉村 奈津子 奈良女子大学大学院 人間文化研究科 情報科学専攻

空間構造を考慮したレジームシフトに関する数理的な研究

気候などの影響により生態系の一部が突発的かつ急激に変化する現象であるレジームシフトは、我々の生活に甚大な影響を与え得る。この大変化が空間的にどのように振る舞うのかを数値シミュレーションを用いて調べた。その結果から空間構造がレジームシフトに与える影響が大きいことを示し、空間構造に着目したレジームシフトの研究の必要性を提示する。

安川 昌宏 岡山大学大学院 環境学研究科

腫瘍免疫反応の数値モデルとその定性解析

本研究では、D.Kirschner と J.C.Panetta の腫瘍免疫反応の数値モデルを単純化したモデルの分岐解析を行い、エフェクター細胞と腫瘍細胞とインターロイキン-2(IL-2) の相互作用によるダイナミクスを考察した。この結果、IL-2 には腫瘍免疫反応に振動を起こす可能性があることがわかった。さらに、彼らのモデルの定性的な特徴の本質的な要因の一つは、腫瘍の増殖率がロジスティック型であると考えられることがわかった。

久保田 聡 広島大学大学院 理学研究科 数理分子生命理学専攻

自家卵食による最適繁殖戦略に関する数理モデル研究 (Mathematical model consideration for the optimal reproductive strategy with filial cannibalism)

自家卵食行動の適応性について考察するために、将来期待される利得を加味して現在の最適行動を決定するダイナミックプログラミング(動的計画法)の手法を用いた数理モデルの構築と解析を行った。最適な卵食スケジュールについて解析的に考察するとともに、オオスジシモチ *Apogon doederleini* のデータ値を用いた数値実験により、繁殖期後期における卵食は適応的ではないことが理論的に示唆されたが、繁殖期後期の卵食も観測されていることより、そのような卵食行動についてのさらなる理論的考察の必要性が示された。

平島剛志 九州大学 理学府 生物科学専攻 数理生物学研究室

形態形成を理解するための数理研究

修士論文では、形態形成を理解する目的で数理的手法を用いた2つの研究を行った。一つは、形態形成過程において細胞運命決定に関わるモルフォゲンのソースの配置に注目した研究で、脊椎動物の肢芽の伸長過程で観察されるAER(FGFのソース)とZPA(Shhのソース)の距離を決めるための遺伝子間相互作用を予測し、その距離を安定化するメカニズムを提案した。もう一つは、時間と共に変化する形態の制御に注目した研究で、腎臓の初期発生で観察される腎管の分岐過程において、正常な形態が形成されるための力学的条件の解析を行った。

博士論文

藤原寛太郎 東京大学大学院 情報理工学系研究科 数理情報学専攻

神経スパイク時系列の点過程解析における理論と応用 (Theory and Application in Point Process Analysis of Neural Spike Trains)

確率的で不規則な神経スパイクは、発火時刻に着目した点過程として扱えば、数理的な面で便利である。点過程に着目される神経スパイク時系列からより多くの情報を抽出するためには、様々な統計量を用いることが有用である。本研究では、従来行われてきた神経スパイク時系列の点過程解析手法を拡張して様々な神経情報の統計的推定を行うとともに、従来の問題点を克服して新たな点過程解析手法を開発した。

大竹 洋平 東京大学大学院 情報理工学系研究科 数理情報学専攻

社会関係における意思決定と集団行動の数理的な研究 (Mathematical Studies on Decision Making and

Collective Behavior in Social Relationship)

人間行動における生物・心理・社会的な相互作用についての理論的解明を目的とする。対象とした研究領域は、A 人口学の基礎理論整備、B 協力的行動の進化ダイナミクスによる理解、C 集団内の意思決定システム、D 社会関係ネットワーク、である。ゲーム理論を軸に、力学系理論・ネットワーク理論・システム思考など、複雑性を記述する数理手法を用いた。相互作用の複雑性に着目することで、社会現象の統一的な理解が可能になる。

一ノ瀬 元喜 名古屋大学大学院 情報科学研究科

マルチレベル選択に基づく協力の進化における集団構造の問題

協力の進化を包括的に説明しうる理論とも考えられているマルチレベル選択理論に基づいてグループ間の多様性、つまり集団構造がいかに生成され、協力の進化に影響を与えるかについて2つの個体ベースモデルを構築し、進化シミュレーションによって検討した。その結果、第1のモデルではグループが動的に再構成されることによってグループ間に偏りができ協力が進化する事やそれを促進する再構成の条件などが分かった。また第2のモデルでは環境悪化に特異的に反応して移住することやそれが進化の過程で起こる創始者効果と相乗的に働くことなどによって集団構造を生成し協力進化を促進させることを明らかにした。

Artur Manuel Ribeiro dos Santos Caldas de Matos
Graduate School of Information Science, Nagoya University

Heterochrony and Artificial Embryogeny

本研究では、個体発生の過程を考慮した計算論的進化モデルである人工発生(AE)に関し、Alberchらが提案したヘテロクロニー(異時性)に関する枠組を適合させ、AEを解析・比較するための理論的枠組みを提案

し、比較実験と解析を行った。まず、ヘテロクロニー的なイベントがより適応的な進化をもたらすかどうかを理解するため、あるAEのある問題への適用に関して進化が成功した試行とそうでなかった試行を比較した。また、異なるAEにおいてヘテロクロニー的な変化等を比較した。さらに、同一のAEを用いて異なる問題間でのヘテロクロニー的なイベントの発生を比較した。

今村(滝川) 寿子 総合研究大学院大学 生命科学研究所 基礎生物学専攻

Theoretical predictions of the oscillating mechanism in cyanobacterial circadian rhythms

概日リズムの中核をなす時計遺伝子の自律振動について、比較的簡単な数理モデルを構築し、振動が起きうる条件を網羅的に解析することで、分子機構の予測を試みた。発現レベルの振動について、kai時計遺伝子の自己転写制御機構を予測した。KaiCリン酸化レベルの振動について、KaiCが多様なリン酸化状態を取ることが発振に必要であることを予測し、多様な状態間の機能的差違と、その振動制御における重要性を示した。

仲澤 剛史 京都大学 生態学研究センター

繁殖行動の表現型可塑性による多種系ダイナミクスへの影響

表現型可塑性は群集動態を理解する上で重要な要因の一つである。特に、繁殖の可塑性は個体群動態に直接的に作用し、また殆どの生物で普遍的に観察される現象である。一方で、これまでの理論研究は主に採餌や防衛の可塑性ばかりに注目してきたという問題がある。本研究では、可塑性を組み込んだ群集生態学の更なる発展を見据えて、繁殖行動の可塑性が群集動態にどのように影響するのか、具体的に4つの多種系について考察した。

ニュース

国際会議の知らせ

第2回日中数理生物学コロキウム

組織委員長 竹内 康博*

The 2nd China-Japan Colloquium of Mathematical Biology

第2回日中数理生物学コロキウム

2008年8月4日～8月7日：岡山大学

コロキウム開催の目的：第1回日中数理生物学コロキウムが2006年に中国重慶市の西南大学で100名以上の参加者で開催され、日中で2年ごとに相互にコロキウムを開くことになりました。今回中国側からは40名の参加希望が寄せられています。第1回コロキウムへの日本人参加者が10名であったことを考えると、多様な生物現象に対する日本側の研究を学びたいという中国人研究者の大きな期待が感じられます。一方、中国における数理生物学研究はその解析能力のすばらしさが上げられ、日本側は研究テーマを数学的に深め数学的視点から新たな研究の可能性を発掘することが期待できます。日中の数理生物学のこのような特徴を踏まえ、本コロキウムは研究交流を通して、数理生物学における日中の研究者・学生の新たな共同研究を開始していくことを目的としています。

コロキウムの内容：

第2回日中数理生物学コロキウムは日本数理生物学会(JSMB)と中国生物数学学会(CSMB)の後援を受けて開催されます。招待講演・ミニシンポジウム・一般講演からなり、トピックスは数理生物学が対象とする全ての生命現象と数理的手法を含みます。

最新情報はホームページ http://www.ems.okayama-u.ac.jp/~jcc_reg/ をご覧ください。

コロキウムの特徴：

(1) 現在日中双方で40名の招待講演者が確認されています。日中の代表的な研究者の講演を聞くことができます。(2) 研究交流を通して、日中の共同研究を開始します。(3) Journal of Biological Dynamics, International Journal of Biomathematics から特別号を出します。参加者は特別号に投稿することができます。(4) 参加登録費が学生は無料、一般参加者は事前登録者(5月15

*静岡大学

日以前)が5,000円、それ以降は10,000円です。

大事な締切日：5月15日(事前登録・アブストラクト提出締切日)現在、講演申し込み・参加登録を上記ホームページで受け付けております。

第2回日中数理生物学コロキウム組織委員会

竹内康博(静大)・Wendi Wang(西南大)・梶原毅(岡山大)・佐々木徹(岡山大)・佐藤一憲(静大)・宮崎倫子(静大)・守田智(静大)・中岡慎治(東大)

JSTより研究課題の募集

(CREST, さきがけ)のお知らせ

(編集委員会による抜粋)[†]

戦略的創造研究推進事業(CREST, さきがけ)

平成20年度研究提案の募集開始(第2期)

<http://www.jst.go.jp/kisoken/teian.html>

このたび、JSTの戦略的創造研究推進事業(CREST, さきがけ)において、本日(3月18日)より平成20年度第2期の研究提案募集を開始致しました。後述の研究領域における、独創的な研究提案のご応募をお待ちしております。詳細は募集専用ホームページを是非ご覧下さい。<http://www.jst.go.jp/kisoken/teian.html>

● 応募締切

CREST：平成20年5月15日(木)正午 厳守

さきがけ：平成20年5月13日(火)正午 厳守

余裕を持って、お早めの提出を頂くようお願い致します。なお、第1期の研究提案募集(iPS細胞研究)は3月4日で終了しております。

● 研究提案を募集するCREST研究領域(第2期)

(平成20年度発足研究領域)(5領域略)

(平成19年度発足研究領域)(3領域略)

「数学と諸分野の協働によるブレークスルーの探索」 研究総括：西浦 廉政(北海道大学電子科学研究所 教授)

[†]数理生物学会会員に特に関連の深いと思われる研究領域のみを数理生物学会ニュースレター編集委員会の判断で選びました。他の研究領域については <http://www.jst.go.jp/kisoken/teian.html> をご参照ください。

(平成18年度発足研究領域)(3領域略)

- 研究提案を募集するさきがけ研究領域(第2期)
(平成20年度発足研究領域)(3領域略)
「脳情報の解読と制御」 研究総括: 川人光男
(株)国際電気通信基礎技術研究所(ATR)脳情報研究所 所長/ATRフェロー)

(平成19年度発足研究領域)(1領域略)

- 「数学と諸分野の協働によるブレークスルーの探索」 研究総括: 西浦 廉政(北海道大学電子科学研究所 教授)
- 「生命現象の革新モデルと展開」 研究総括: 重定 南奈子(同志社大学文化情報学部 教授)

(平成18年度発足研究領域)(4領域略)

- 「生命システムの動作原理と基盤技術」 研究総括: 中西 重忠((財)大阪バイオサイエンス研究所 所長)

下記の募集案内ホームページ(随時更新)を併せてご覧ください! <http://www.jst.go.jp/kisoken/teian.html>

今回の募集は「府省共通研究開発管理システム(e-Rad)」で行います。e-Radの詳細については以下をご覧ください。提案者は研究者情報を2週間以上の余裕をもって登録ください。 <http://www.e-rad.go.jp/>

問い合わせ先:
独立行政法人 科学技術振興機構(JST)
研究領域総合運営部・研究推進部
(募集専用) E-mail: rp-info@jst.go.jp
(募集専用) TEL 03-3512-3530

日本数理生物学会事務局より

幹事長 稲葉寿*

会費納入のお願い

今年度ないし過去の会費未納の方は下記口座への納入をお願い致します。

郵便振替の場合:

口座番号 00170-0-631562

口座名称 日本数理生物学会

銀行振り込みの場合:

みずほ銀行 大岡山支店(店番145)

普通 口座番号 2140795 日本数理生物学会

Biomath メーリングリスト登録のお願い

日本数理生物学会では、会員とその他数理生物学に関心をお持ちの一般の方々との交流、情報交換を

*東大・数理科学

的とするBiomathメーリングリストを運営して参りましたが、現在Biomathメーリングリストに登録されている会員の割合が半数程度です。Biomathメーリングリストには、学会や会員からの重要な情報(大会情報、国内外の公募情報、研究会や定例セミナーの情報、学会賞の情報など)が投稿されますので、今後日本数理生物学会に新規入会頂く際には合わせて登録をお願いし、さらに現在会員の方で未登録の方には登録をお願いすることに致しております。つきましては、未登録の方は、お手数ですが、以下のいずれかの方法をお選び頂き、Biomathメーリングリストへの登録をお願いいたします。

(1) Biomathメーリングリストに自分で登録する: 登録は本文件名なしの電子メールを

biomath-ml-subscribe@brno.ics.nara-wu.ac.jpにお送り頂くと確認のメールが返送されますので、それに返信して頂くだけで完了します。

(2) Biomathメーリングリストに登録するが、登録作業は事務局にしてもらいたい: この場合は登録を希望されるメールアドレスを以下の方法で事務局までお知らせください。

郵便: 〒153-8914 東京都目黒区駒場3-8-1
東京大学大学院数理科学研究科 稲葉研究室内
日本数理生物学会事務局

E-mail: snakaoka@ms.u-tokyo.ac.jp (会員関係担当幹事代理 中岡慎治宛)

Fax: 03-5465-8343 (幹事長 稲葉寿宛)

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

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

にも記載しております。合わせてご覧ください。また、何か不明の点がございましたら、上記事務局宛ご遠慮なくご連絡ください。

事務的事項のお問い合わせ先につきまして

入退会、所属先の異動など会員情報の変更につきましては、会員関係担当幹事代理の中岡慎治(snakaoka@ms.u-tokyo.ac.jp)までご連絡ください。また会費関係のお問い合わせは会計幹事の中丸麻由子(nakamaru@valdes.titech.ac.jp)へ、それ以外の一般事項につきましては幹事長稲葉寿(inaba@ms.u-tokyo.ac.jp)へお問い合わせください。

第 18 回日本数理生物学会大会
(JSMB 08, Kyoto)

大会ホームページ:

<http://tansky.doshisha.ac.jp/jsmb08/>

2008 年 9 月 16 日 (火) ~ 18 日 (木)

同志社大学 (今出川キャンパス)

大会委員長 川崎廣吉*

日本数理生物学会第 18 回大会を, 2008 年 9 月 16 日 (火), 17 日 (火), 18 日 (火) の 3 日間の日程で, 同志社大学今出川キャンパスにて, 開催いたします.

「企画シンポジウム」, 「一般講演 (口頭発表, ポスター発表)」等を含め, いろいろな企画を予定しており, 皆様の参加をお待ちしております.

なお, 申し込み・提出期限につきましては, 下記のようになっております. 詳細につきましては, 大会ホームページ (<http://tansky.doshisha.ac.jp/jsmb08/>) にて, お知らせします.

2 月 1 日 ~ 4 月 3 0 日	企画シンポジウム テーマ募集
5 月 1 日 ~ 7 月 3 1 日	一般講演 (口頭, ポスター) 発表申込
7 月 1 日 ~ 8 月 2 0 日	講演要旨提出期限
5 月 1 日 ~ 8 月 2 0 日	懇親会参加申込期限

研究集会カレンダー 2008†

2008 年 4 月 10 日付 (前号 No54 からの差分)

Apr 24-26 at Hyatt Regency Hotel, Atlanta, Georgia, USA SIAM International Conference on Data Mining (SDM08). <http://www.siam.org/meetings/sdm08/index.php>

May 11-14 at Doubletree Hotel Philadelphia, Oennsylvania, USA SIAM conference on Mathematical Aspects of Materials Science. <http://www.saim.rog/meetings/ms08/>

May 14-17 at Boston University, USA Twelfth International Conference on Cognitive an Neural Systems. <http://cns-web.bu.edu/cns-meeting/conference.html>

*同志社大学 文化情報学部

kkawasak@mail.doshisha.ac.jp

†掲載項目は, 開催期間, 開催場所, 集会名, 情報入手先 (可能な場合は, www ページ) の順.

May 27-30 at Sanya, Hainan, China International Conference on BioMedical Engineering and Informatics. <http://www.hainu.edu.cn/BMEI2008>

May 29-June 1 at Crowne Plaza Hotel, CA, USA 4th Joint Japan-North America Mathematical Sociology Conference. <http://usjapan2008.mathematicalsociology.org/>

Jun 22-27 at Barga, Italy GRC 2008 Meeting on Theoretical Biology and Biomathematics. <http://www.grc.org/programs.aspx?year=2008&program=theobio>

Jun 23-27 at Le Havre, France Differential Equation and Applications to Mathematical Biology <http://litis.univ-lehavre.fr/MathBioConf/>

Jun 30-Jul 4 at Edinburgh, Scotland Seventh ESMTB conference. <http://www.esmtb.org/conferences/conferences.htm>

Jul 7-9 at Town & Country Resort and Convention Center, CA, USA SAIM Conference on Imagin Science (IS08) <http://www.siam.org/meetings/is08/>

Jul 7-10 at Orlando, FL, USA International Conference on Artificial Intelligence and Pattern Recognition. <http://www.promoterresearch.org/>

Jul 21-24 at Universita di Roma "La Sapienza", Rome, Italy SIAM Conference on Nonlinear Waves and Coherent Structures (NW08). <http://www.siam.org/meetings/nw08/>

Jul 31-Aug 2 at Castle of Hagenberg, Austria Third International Conference on Algebraic Biology. <http://www.risc.uni-linz.ac.at/about/conferences/ab2008/>

Aug 4-7 at Okayama University The Second China-Japan Colloquium of Mathematical Biology. http://www.ems.okayama-u.ac.jp/jcc_reg/

Aug 4-7 at Montreal, Quebec, Canada SIAM Conference on the life Sciences (LS08) <http://www.siam.org/meetings/ls08/>

Aug 22-24 at 東京大学 (駒場キャンパス) 日本進化学会第 10 回大会. <http://www.sendou.soken.ac.jp/esb/esj2008/>

Sep 27-28 at Bethesda, Maryland, USA Workshop on Mathematical Modeling of Human Metabolism and Body Weight Regulation. <http://www2.ubu.es/hais2008/main/home.shtml>

Nov 21-22 at The Heldrich Hotel, New Brunswick, NJ, USA SIAM Conference on Financial Mathematics and Engineering. <http://www.siam.org/meetings/fm08/index.php>

Nov 25-28 at 北海道大学 (学術交流会館) 日本微生物生態学会第 24 回大会. <http://wwwsoc.nii.ac.jp/jsme2/homeJ.html>

Dec 1-3 at Asilomar Conference Grounds, CA, USA First International Conference on Infectious Disease Dynamics. <http://www.epidemics.elsevier.com/>

日本数理生物学会 2007年度 会計報告

会計幹事 中丸麻由子*

日本数理生物学会 2007年度決算

会計幹事 中丸麻由子

一般会計		2007年度予算	2007年度決算
収入			
繰越		1,000,000	1,207,783
会費		850,000	1,216,101
大会還元金			0
利息等		0	0
	計	1,850,000	2,423,884
支出			
ニュースレター	冬印刷	50,000	55,440
ニュースレター	冬郵便	45,000	28,400
ニュースレター	春印刷	50,000	41,580
ニュースレター	春郵便	45,000	28,080
ニュースレター	秋印刷	50,000	41,580
ニュースレター	秋郵便	45,000	28,400
	名簿	0	0
	選挙	90,000	75,937
通信費等	通信費	50,000	7,769
	ドメイン名経費	4,410	4,410
	研究奨励賞経費	20,000	0
事務局経費	事務局経費	200,000	70,000
	事務諸経費	30,000	68,888
特別会計へ		100,000	100,000
	小計	779,410	550,484
予備費(次年度繰越)		1,070,590	1,873,400
	計	1,850,000	2,423,884

特別会計		2007年度予算	2007年度決算
収入			
繰越		564,749	564,749
繰り入れ(一般)		100,000	100,000
繰り入れ(特別2)			400,000
SMB&JSMB余剰金			512,475
	計	664,749	1,577,224
支出			
大会費		0	0
旅費		200,000	663,530
	小計	200,000	663,530
予備費(次年度繰越)		464,749	913,694
	計	664,749	1,577,224

特別会計2		2007年度決算
収入		
繰越		400,000
繰り入れ		0
	計	400,000
支出		
特別会計へ		400,000
予備費(次年度繰越)		0
	計	400,000

監査報告

日本数理生物学会の2007年度の収入および支出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。

監事 梶原 毅
2008年4月19日



編集委員会から

数理生物学の新しい研究の流れを伝える【研究紹介】コーナーですが、本号 No55 は栄伸一郎さんに「反応拡散方程式系におけるパルスの挙動」を寄稿していただきました。また、研究の手法やテクニックに着目する【研究の道具箱】では前号にひきつづき高須夫悟さんに並列計算と個体ベースモデルの紹介「普遍的な個体ベースモデル - 単純系から複雑系へ」を執筆していただきました。毎年恒例の卒業論文・修士論文・博士論文の紹介コーナーにも Biomath メーリングリストの呼びかけに答えて全国の研究室から要旨原稿をいただくことができました。原稿を寄せていただいたすべての執筆者の方々に感謝いたします。

なお、卒業論文・修士論文・博士論文のより詳しい内容はオンライン版 (<http://www.jsmb.jp> の左メニュー Contents から「ニュースレター」を選択) に掲載いたします。なお、最新1年分のオンライン版ニュースレターにはパスワード保護がかかっています。ID とパスワードは前号のニュースレターに同封したお知らせをご覧ください。(さ)

日本数理生物学会ニュースレター第55号

2008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>

印刷・製本 (株)ニシキプリント