

日本数理生物学会 ニュースレター

May
2009

58



TABLE OF CONTENTS

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

【研究の最前線: 2007・2008 研究奨励賞受賞者 特別寄稿】		
	新型インフルエンザ流行のベースラインと 歴史統計: タイ僻地の対応計画づくり	西浦 博..... 1
	Lotka-Volterra方程式のネットワーク構造 とパーマネンス	今 隆助..... 5
	空間的相関をもつモデルの解析手法	大槻 久..... 9
【特集】	2008年度 卒業論文・修士論文・博士論文.....	13
【研究会報告】	「生物現象に対するモデリングの数理」 齋藤 保久・落合 洋文・岸 茂樹・小林 美苑.....	18
【書評】	「『数』の数理生物学」数理生物学会・瀬野裕美(編)	巖佐 庸..... 20
	「感染症の数理」 稲葉 寿(編著)	中岡 慎治..... 21
【ニュース】	第19回日本数理生物学会大会のお知らせ	稲葉 寿..... 22
	JSTより: CREST・さきがけ研究課題募集のお知らせ.....	22
	数理生物学会事務局から	佐藤 一憲..... 23
	日本数理生物学会2008年度会計報告	中丸 麻由子..... 23
	研究集会カレンダー.....	24
	編集委員会から.....	24



【研究の最前線：2007・2008 研究奨励賞受賞者特別寄稿】

新型インフルエンザ流行のベースラインと歴史統計： タイ僻地の対応計画づくり

2007 年研究奨励賞受賞 西浦 博*

1. はじめに

疫学の現場で観察される情報はとても限られており、モデル構築と必要情報の推定には知識と技術だけでなく経験やセンスも問われます。タイ北部の農村地域で新型インフルエンザ対応計画を策定するプロジェクトを実施していますので、関連する理論を紹介し [1]。東南アジアでは鳥インフルエンザの家禽内流行やヒト感染者の報告にも関わらず、僻地で人的資源や薬剤資源が不足しています。そのため、対応能力を加味しつつ、「何がどこまで有効か」を明らかにした地域固有の対応計画作りが求められます [2]。流行予測には（何も対策が施されなかった場合の）ベースラインが欠かせません。

2. ベースラインの前段階

英米発信の研究などにある「対策のない下で人口の % が感染し、 人が死亡する」のような数値の推定問題が本稿の課題です。未知で未出現の病原体による流行のベースラインを作成することは原則不可能で、関連する全ての数値は怪しいものです。参考情報として、過去に汎世界的流行を認めたスペインかぜ（1918～19年）やアジアかぜ（1957～58年）の統計が頻りに利用されます。1918～19年と現代社会では社会構造が異なる点を含め、明らかにできない点が多々あります。本稿は細かい内容を無視してベースラインの近似的な推定を考えます。インフルエンザ感染は必ずしも発病に至らないのですが（未発病者を不顕性感染者と呼びます）、以下はその点に注目します [3]。議論の単純化のため、年齢に関する伝播の異質性のみを考慮することでインフルエンザ流行動態が十分に捉えられと仮定します。

3. アジアかぜとスペインかぜ

スペインかぜは豊富な統計の一方で、未解決の問題が山積みです。問題の 1 つとして他のインフルエンザと大きく異なる年齢分布が知られています。図 1A は米国のスペインかぜとわが国（埼玉県）のアジアかぜについて、年齢別でみた人口あたりの死亡者数割合です [4,5]。スペインかぜを除く全てのインフルエンザでは小児と高齢者で年齢別死亡者数割合が大きい傾向（U字型）を認めますが、スペインかぜのみ死亡者数割合が W 字型を呈しました。図 1B は米国におけるスペインかぜの年齢別の死亡者数割合を（死亡者数）/（発病者数）と（発病者数）/（人口）に分解したものです。前者は致命割合と呼ばれる毒力指標の 1 つですが、年齢分布が W 字型です。後者も他のインフルエンザ（通常は小児のみ発病者が多い）と比較して成人の発病者が目立ちます。つまり、図 1B は「スペインかぜ流行では、成人が感染・発病しやすく、発病したら死亡しやすかった」ことを意味します。成人で致命割合が高い理由は諸説ありますが、例えば第 1 次世界大戦や栄養失調に影響されたと推察されています。発病時の死亡確率も面白いですが、流行のベースライン推定に必要な情報は後者の人口あたり発病者数割合です。

4. ベースラインの推定問題

1 つの流行を通じた全発病者数が既知ですので、これは感染症数理モデルの最終規模の問題として置き換えられます。年齢構造化モデルを考えます。短期的流行を扱うので年齢群間の遷移や感染に無関係な出生・死亡を無視します。また、仮に流行対策の影響が全く無視できるとします。全ての個体が流行前に感受性を有する場合、年齢群 i の最終規模 z_i は多タイプ流行モデルの最終規模として与えられます [6]：

$$z_i = 1 - \exp\left(-\sum_j R_{ij} z_j\right) \quad (1)$$

* ユトレヒト大学, Email: h.nishiura@uu.nl

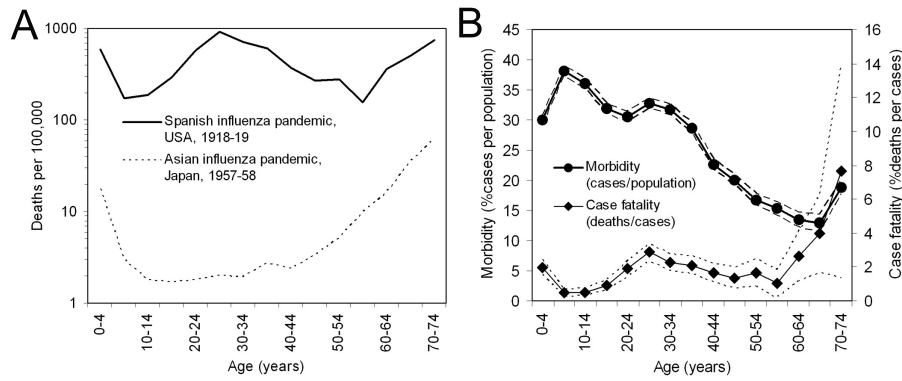


図1 アジアカぜとスペインかぜの発病と死亡の年齢分布 [4, 5]. Aは人口10万人あたりの死亡者数. Bはスペインかぜの発病者中の死亡者数割合(致命割合)と人口あたりの発病者数割合(罹患割合).

ここで R_{ij} は年齢群 j の1人の感染者が生み出した年齢群 i の2次感染者数の平均値です. 流行ベースラインに必要な推定すべき情報は R_{ij} で, これは次世代行列 K を構成する要素です.

単純な年齢群 i として3つの年齢階級(0-19歳, 20-64歳, 65歳以上)を考えます(未成年, 青年, 高齢者). 表1にタイのプロジェクト地域の人口とアジアカぜおよびスペインかぜの年齢階級別人口あたりの発病者数割合を提示します. ここで注意したいのは, 観察データは発病者数割合であって感染者数割合でないことです. つまり, 観察データ(i の発病者数割合)を c_i とし, 年齢群 i で感染が与えられたときの発病の条件付き確率を p_i とすると

$$c_i = p_i z_i \quad (2)$$

で観察データが解釈されます. 実は, 疫学分野で p_i に関する推定値が経験的に得られていません. 人口全体の大雑把な推定値として感染者の66.7%程度が発病することだけ知られています. まずは, この推定値を年齢に独立な p として利用しましょう. 3つのタイプ i を考えていますので次世代行列 K は 3×3 行列ですが, 入力情報は各 i の発病者数割合3つだけです. よって K を3つのパラメータだけで表現します. 以下の2つのパターンを考えましょう.

$$K_1 = \begin{pmatrix} a_{11}a_1 & a_{12}a_2 & a_{13}a_3 \\ a_{21}a_1 & a_{22}a_2 & a_{23}a_3 \\ a_{31}a_1 & a_{32}a_2 & a_{33}a_3 \end{pmatrix}, \quad K_2 = \begin{pmatrix} b_1 & b_2 & b_3 \\ b_2 & b_2 & b_3 \\ b_3 & b_3 & b_3 \end{pmatrix} \quad (3)$$

K_1 は比例混合と呼ばれ, タイプ i における感染の異質性は感染源 j に依存すると想定するものです. K_2 は質的な想定を施した WAIFW (who acquires infection from whom) 行列で, 未成年の感染頻度が最も高く, 未成年は他年齢群と盛んに接触しないことを想定して

います(観察データの特徴を基に推察). もちろん, 異なる K_2 の想定も可能です. 年齢に独立な発病確率 $p = 0.67$ を用いて, 表1のデータで式(1)を解くと(3)のパラメータが推定されます. アジアカぜデータから

$$K_1 = \begin{pmatrix} 1.16 & 0.41 & 0.17 \\ 0.42 & 0.15 & 0.06 \\ 0.17 & 0.06 & 0.02 \end{pmatrix}, \quad K_2 = \begin{pmatrix} 1.21 & 0.33 & 0.12 \\ 0.33 & 0.33 & 0.12 \\ 0.12 & 0.12 & 0.12 \end{pmatrix} \quad (4)$$

が得られます. 基本再生産数 R_0 は最も典型的な1人の感染者による2次感染者数の平均値で, K の最大固有値で与えられます. K_1 も K_2 も $R_0 = 1.34$ です. 注意したいのは, 未成年者間の接触で $R_{11} > 1$ であることです. 他年齢群が仮に不在であろうとも, 未成年者だけで大規模流行が非ゼロの確率で生じることを意味します. 故に, 学校閉鎖のような小児を対象とした流行対策を検討する意義が支持されます. スペインかぜのデータからは

$$K_1 = \begin{pmatrix} 0.87 & 0.60 & 0.21 \\ 0.60 & 0.42 & 0.14 \\ 0.21 & 0.14 & 0.05 \end{pmatrix}, \quad K_2 = \begin{pmatrix} 0.95 & 0.52 & 0.16 \\ 0.52 & 0.52 & 0.16 \\ 0.16 & 0.16 & 0.16 \end{pmatrix} \quad (5)$$

を得ます. R_0 はアジアカぜと同程度で両者とも1.34と推定されます. 未成年で $R_{11} < 1$ に注意しましょう. 成人の発病者が多かったことが影響しています. これは極めて重要で, K は「新型インフルエンザ対策を小児に集中すべきか, 否か」を含む流行対策の決定に大きな影響を与えます.

さらに, p_i が年齢に依存する場合があります. 全人口でみた不顕性感染の平均確率 $p = \sum_i p_i N_i / \sum_j N_j$ が仮に0.67だとしても(ここで N_i はタイプ i の人口数), 図2点線のような場合も有り得るでしょう($p_1 = p_3 = 0.90$ 及び $p_2 = 0.52$). このとき, アジアカぜの次世代行列は

第 1 表 年齢階級とインフルエンザの発病割合

タイプ	年齢	人口	スペインかぜ	アジアかぜ
1	0-19	17813	34.0	33.0
2	20-64	42140	26.0	14.5
3	65 以上	9067	10.4	6.1

人口はタイ北部の農村地域の年齢階級別人口．スペインかぜとアジアかぜの列は各年齢群における年齢階級別人口あたりの発病者数割合（％）．

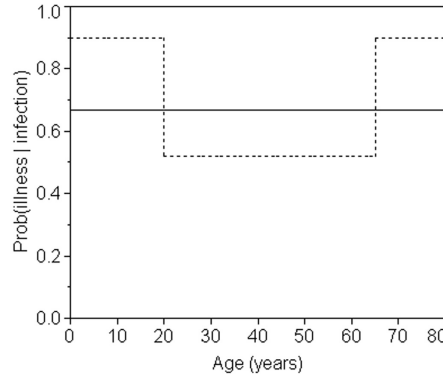


図 2 感染が与えられた場合の年齢別の条件付き発病確率．どちらの場合も全人口での平均は 0.67 である．

$$K_1 = \begin{pmatrix} 0.79 & 0.57 & 0.12 \\ 0.57 & 0.41 & 0.09 \\ 0.12 & 0.09 & 0.02 \end{pmatrix}, K_2 = \begin{pmatrix} 0.85 & 0.50 & 0.10 \\ 0.50 & 0.50 & 0.10 \\ 0.10 & 0.10 & 0.10 \end{pmatrix} \quad (6)$$

となり， R_0 は K_1 も K_2 も 1.22 と推定されます．スペインかぜでは

$$K_1 = \begin{pmatrix} 0.42 & 0.61 & 0.11 \\ 0.61 & 0.89 & 0.16 \\ 0.11 & 0.16 & 0.03 \end{pmatrix}, K_2 = \begin{pmatrix} 0.20 & 0.77 & 0.12 \\ 0.77 & 0.77 & 0.12 \\ 0.12 & 0.12 & 0.12 \end{pmatrix} \quad (7)$$

で， R_0 は K_1 も K_2 も 1.33 です．アジアかぜもスペインかぜも p_i が年齢に独立と仮定したときと R_0 推定値が異なり，さらに両者で $R_{11} < 1$ です．スペインかぜの K では，未成年よりも青年のほうが目立って 2 次感染に貢献します．このとき，小児よりも青年に流行対策の重点を絞ることが最適と結論されます．どの結果をベースラインにしても年齢別の発病者数割合は観察データと同じです．しかし，観察データにおける発病と感染の違いを適切に理解して p_i に関する事前情報を効果的に利用しなければ，観察データから導かれる最適な流行対策を適切に議論することが難しくなります．

5. 不顕性感染確率の推定

この基礎的問題は最近になってやっと認識されたものです．観察的立場で置き換えると，インフルエンザの疫学的観察では，発病者数だけでなく血清学的調査などで感染者数を捉えることが極めて重要ということになります．幸いなことに，季節性インフルエンザの

流行では未成年者に感染が際立って多いことが（血清学的調査も含めて）経験的に観察されており，年齢別の発病者数の相対頻度は大雑把に感染者数のそれに比例することが知られています．図 3 は米国のオハイオ州ケリー島における 1920 年のインフルエンザ流行記録です [7]．学童の発病者数がその他と比べて急速に増大し，1 月 31 日に学校閉鎖を開始して以降，流行は次第に減衰して終息を迎えました．学童がインフルエンザ対策の最重要の対象であることに一定の合意が得られています．

さて，血清学的調査はもちろん重要ですが，疫学データのみを基に全感染者中の不顕性感染者割合 p_i を推定することはできないでしょうか．全発病者が流行を通じて詳細に観察された場合のみ，その推定が可能です．議論の単純化のため，均質な接触パターンを経験する 1 つの集団を考えます．流行初期の感染者数増殖はマルサス則に従いますが [8]，感染から発病までの潜伏期間を経た畳み込みが発病者数ですので，発病者も同じ内的増殖率 r_0 でマルサス則に従って増殖します． r_0 を観察データから推定すれば，オイラー・ロトカ特性方程式より

$$\frac{1}{R_0} = \int_0^{\infty} g(s) \exp(-r_0 s) ds \quad (8)$$

によって R_0 も推定されます（ $g(s)$ は世代時間の密度関数で既知とします）． R_0 を利用して最終規模方程式

$$R_0 z = -\ln(1-z) \quad (9)$$

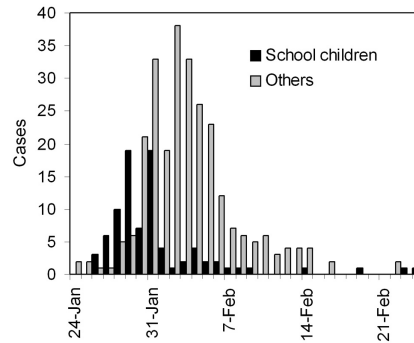


図3 米国オハイオ州ケリー島における1920年のインフルエンザ流行。日別発症者数（流行曲線）を学童とそれ以外の別で示す。学校閉鎖は1月31日に開始した[7]。

を z について解けば、人口あたりの感染者比率 z が得られます。流行終息までの観察データから人口あたりの発病者比率 c が観察されていると

$$\hat{p} = \frac{\hat{c}}{\hat{z}} \quad (10)$$

によって不顕性感染率 \hat{p} が推定されます。ただし、流行対策の影響が無視できる条件を要するほか、接触様式を含めて「モデルが十分に観察された流行を捉えた」と確信できる場合のみ、上述の推定手法が妥当です。

6. まとめ

以下の3点が結論されます。

- (A) ベースラインは一樣に怪しく、推定方法の記載が欠かせない。
- (B) ベースラインは年齢・家屋や地理で層別化すると informative である。
- (C) 観察データにおける発病と感染の区別が欠かせない。インフルエンザは不顕性感染が多く、その情報は流行対策の最適化に欠かせない。

別の問題として獲得免疫があげられます。インフルエンザウイルスの抗原性は極めて多様で、季節性インフルエンザの感染によって新型インフルエンザに対する部分的な免疫が誘導される可能性があります[9,10]。抗原性が単一でないために発病データの単純な分析は難しいですが、様々な問題解決の筋道を考えさせる点でとても魅力的な病原体です。

参考文献

- [1] トヨタ財団アジア隣人ネットワークの助成により活動。
- [2] 詳しくは「オランダ発パンデミック東方見聞録」として『数学セミナー』（日本評論社）で2009年4月～2010年3月連載中。
- [3] Inaba H, Nishiura H. The state-reproduction number for a multistate class age structured epidemic system and its application to the asymptomatic transmission model. *Math Biosci* 2008; **216**: 77-89.
- [4] Collins SD. Age and sex incidence of influenza and pneumonia morbidity and mortality in the epidemic of 1928-29 with comparative data for the epidemic of 1918-19. *Public Health Rep* 1931; **46**: 1909-37.
- [5] 日本公衆衛生協会. アジアかぜ流行史. 1960, 日本公衆衛生協会, 東京.
- [6] Ball F, Clancy D. The final size and severity of a generalised stochastic multitype epidemic model. *Adv Appl Prob* 1993; **25**: 721-36.
- [7] Armstrong C, Hopkins R. An epidemiologic study of the 1920 epidemic of influenza in an isolated rural community. *Public Health Rep* 1921; **36**: 1671-702.
- [8] 稲葉寿編. 『感染症の数理モデル』. 培風館, 2008.
- [9] Andreasen V, Viboud C, Simonsen L. Epidemiologic characterization of the 1918 influenza pandemic summer wave in Copenhagen: implications for pandemic control strategies. *J Infect Dis* 2008; **197**: 270-8.
- [10] Andreasen V, Sasaki A. Shaping the phylogenetic tree of influenza by cross-immunity. *Theor Popul Biol* 2006; **70**: 164-73.

【研究の最前線：2007・2008 研究奨励賞受賞者特別寄稿】

Lotka-Volterra 方程式のネットワーク構造とパーマ ネンス

2007 年研究奨励賞受賞 今 隆助*

1. はじめに

本稿では、この機会を利用して [3] に沿って、Lotka-Volterra 方程式のネットワーク構造とパーマネンスについて紹介したいと思う。ここでいう Lotka-Volterra 方程式とは相互作用している生物種の個体群動態を記述する次の n 次元の常微分方程式系のことである：

$$\dot{x}_i = x_i \left(r_i + \sum_{j=1}^n a_{ij} x_j \right), \quad i = 1, 2, \dots, n. \quad (1)$$

ここで \dot{x}_i は dx_i/dt のことである。状態変数とパラメータは次の意味を持つ。 $x_i(t)$ は時刻 t における生物種 i の個体群密度をあらわす。 a_{ij} は種 i と j の相互作用の質と強さを決めるパラメータであり、 a_{ij} を要素に持つ行列 $A = (a_{ij})$ は相互作用行列と呼ばれている。 r_i は生物種 i の内的自然増加率である。個体群動態が念頭にあるため、興味があるのは $\mathbb{R}_+^n = \{x \in \mathbb{R}^n : x_1, \dots, x_n \geq 0\}$ 上の方程式の解である。Lotka-Volterra 方程式を少し一般化すると次のように書ける：

$$\dot{x}_i = x_i f_i(x_1, x_2, \dots, x_n), \quad i = 1, 2, \dots, n.$$

この方程式は Kolmogorov 方程式と呼ばれる一般的な生態系モデルである [4]。ここで f_i は各生物種 i の 1 個体当たりの増加率がどのように個体群密度ベクトル $x = (x_1, \dots, x_n)^\top$ に依存するのかを決める関数である。この Kolmogorov 方程式と比較すると分かるように、Lotka-Volterra 方程式では各生物種の増加率が個体群密度に線形に依存しており、その意味で非常に単純な生態系モデルの 1 つである。しかしながら、このような単純な形をしているにもかかわらず、種数 n が 3 を超えるとその数学的な取り扱いの困難さは増し、生態学的にも興味深い未解決な問題が残っている。

本稿では生態学的に最も基本的な性質であり数学的にも比較的扱いやすいパーマネンスという性質的を絞る。Lotka-Volterra 方程式がパーマネンスであ

るとは、ある正数 $\delta_i > 0$, $D_i > 0$ が存在して、任意の $x(0) > 0$ に対して

$$\delta_i \leq \liminf_{t \rightarrow \infty} x_i(t) \leq \limsup_{t \rightarrow \infty} x_i(t) \leq D_i, \quad i = 1, 2, \dots, n$$

となることをいう*。パーマネンスの定義から分かるように、正平衡点が存在し、それが \mathbb{R}_+^n の内部の解を全て引き寄せるのであれば、システムはパーマネンスである。パーマネンスは、各生物種が初期時刻において絶滅していなければ、その個体群密度は初期値に依存しない区間 $[\delta_i, D_i]$ に近づくことを保証する。したがって、個体群密度 $x_i(t)$ が初期値に依存しないある区間で複雑に振動するかもしれないが、絶滅することもなければ、無制限に増え続けることもないことが保証される。それでは、Lotka-Volterra 方程式がこのような性質を持つためには、システムはどのような性質を満たしていないといけなないのであろうか。つまりパラメータ空間 (r, A) 上でパーマネンスの境界はどのように表現されるのだろうか。本稿では、この問題について [3] に沿って述べる。

2. ネットワーク構造

Lotka-Volterra 方程式がパーマネンスになるための必要条件は正平衡点 x^* が存在することである ([2] 参照)。そのため、正平衡点が存在するという仮定の下で、システムのパーマネンスについて考えれば十分である。Lotka-Volterra 方程式の正平衡点は $r + Ax^* = 0$ を満たすので、(1) は次のように書き換えることができる：

$$\dot{x}_i = x_i \sum_{j=1}^n a_{ij} (x_j - x_j^*), \quad i = 1, 2, \dots, n. \quad (2)$$

*正数 δ_i , D_i は初期値 $x(0)$ に依存しない定数であることに注意してほしい。また、パーマネンスとはある解や不変集合の性質ではなく、システムの性質である。パーマネンスと似ている概念にパーシステンスというものがある。パーシステンスの定義については [1] を参照。

*ウィーン大学・数学科

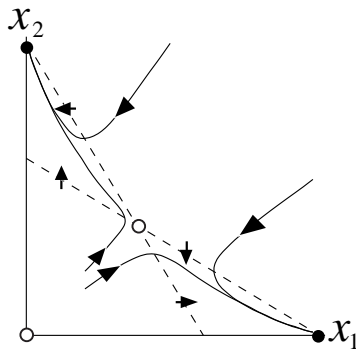


図1 双安定な競争系

したがって、Lotka-Volterra 方程式がパーマネンスになるかどうかは相互作用行列 A と正平衡点 x^* のみによって決まることが分かる。問題を簡単にするために、正平衡点 x^* が存在する限り、Lotka-Volterra 方程式がパーマネンスになるための相互作用行列 A について考える。つまり、次のように定義される行列のクラス \mathcal{C} について考える：

$A \in \mathcal{C} \iff$ 任意の $x^* > 0$ に対して (2) がパーマネンス。

このように問題を簡単すると数学的に扱いやすくなると同時に、生態系のネットワーク構造を決めている相互作用行列 A がシステムのパーマネンスに与える影響をより明確にできる。本稿ではさらに問題を簡単化し、次の定性的パーマネンスという行列のクラスを特徴づけることを考える：

A が定性的パーマネンス \iff 任意の $\tilde{A} \in \mathcal{Q}_A$ が $A \in \mathcal{C}$ 。

ここで \mathcal{Q}_A は行列 A と同じ符号パターン (+, -, 0) を持つ行列の集合である。

以下に 2×2 行列の例を挙げる：

$$A_1 = \begin{pmatrix} -1 & -1 \\ 1 & -1 \end{pmatrix}, \quad \text{sign} A_1 = \begin{pmatrix} - & - \\ + & - \end{pmatrix},$$

$$A_2 = \begin{pmatrix} -1 & -0.1 \\ -0.1 & -1 \end{pmatrix}, \quad \text{sign} A_2 = \begin{pmatrix} - & - \\ - & - \end{pmatrix},$$

$$A_3 = \begin{pmatrix} -1 & 0.1 \\ 0.1 & -1 \end{pmatrix}, \quad \text{sign} A_3 = \begin{pmatrix} - & + \\ + & - \end{pmatrix}.$$

A_1 は捕食者 - 被食者系, A_2 は競争系, A_3 は共生系の相互作用行列の例である。捕食者 - 被食者系 A_1 の場合、正平衡点が存在すれば、それが大域漸近安定 (局所漸近安定で \mathbb{R}_+^2 内部の全ての解を吸引する) となるため、 $A_1 \in \mathcal{C}$ である。さらに、この結論は行列の各要素の値には依らず、符号パターンが $\text{sign} A_1$ と同じで

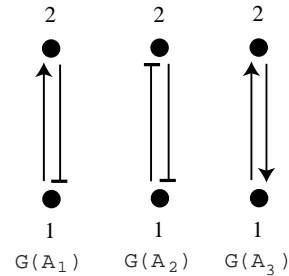


図2 行列の対角成分は無視しており、 \rightarrow は正成分を、 $-$ は負成分を意味する。

あればよい。そのため、 A_1 は定性的パーマネンスである。競争系 A_2 の場合、種間競争よりも種内競争のほうが激しいことに注意してほしい。この場合、正平衡点が存在すれば、それが大域漸近安定となるため、 $A_2 \in \mathcal{C}$ である。しかしながら、定性的パーマネンスではない。なぜなら、同じ符号パターンを持つ次の競争系 \tilde{A}_2 は双安定になり、正平衡点が存在してもパーマネンスにならないためである (図1 参照)：

$$\tilde{A}_2 = \begin{pmatrix} -0.1 & -1 \\ -1 & -0.1 \end{pmatrix}, \quad \text{sign} \tilde{A}_2 = \begin{pmatrix} - & - \\ - & - \end{pmatrix}.$$

共生系 A_3 の場合、正平衡点が存在すれば、それが大域漸近安定となるため、 $A_3 \in \mathcal{C}$ である。しかし、非対角成分が大きくなりすぎると、正平衡点が存在しても解が発散することがある。したがって、定性的パーマネンスではない。

定性的パーマネンスの研究は、種間相互作用の強さを無視し、その符号だけから Lotka-Volterra 方程式のパーマネンスを分類しようとするものである。相互作用行列の符号パターンは符号付有向グラフで表現できる。例えば、 $\text{sign} A_i$, $i = 1, 2, 3$ の符号付有向グラフ $G(A_i)$, $i = 1, 2, 3$ はそれぞれ、図2のように描ける。したがって、ここで考えたいことは、どのようなネットワーク構造 $G(A)$ が定性的パーマネンスを保証するかである。

3. 正平衡点の安定性

ここでは正平衡点の安定性に関する先行研究を簡単に紹介する。Lotka-Volterra 方程式を正平衡点 x^* で線形化すると、Jacobi 行列 $J(x^*)$ は

$$J(x^*) = (x_i^* a_{ij})$$

となる。先ほどと同じように、正ベクトル x^* に依らず、 $J(x^*)$ が安定になるような行列 A について考える。このような行列は符号安定な行列といわれる。つまり、

A が符号安定性 \iff 任意の $\tilde{A} \in Q_A$ が安定 .

ここで、行列が安定とは固有値が全て複素平面の左半平面にあることをいう . 符号安定性の生態系モデルへの応用は、May[4] に見られる . 経済学によって刺激され発展した符号安定性の結果 [5] から、Lotka-Volterra 方程式の正平衡点が存在する限りそれが局所漸近安定となるための必要十分条件は次のようになる (ただし $a_{ii} < 0, \forall i$ という仮定の下で) :

- (i) $a_{ij}a_{ji} \leq 0$,
- (ii) 長さ 3 以上のサイクルは存在しない (つまり $k \geq 3$ である全ての相異なる i_1, i_2, \dots, i_k に対して $a_{i_1 i_2} a_{i_2 i_3} \dots a_{i_k i_1} = 0$) .

このことから、2 種間の相互作用は捕食者 - 被食者の関係か、 $a_{ij} > 0, a_{ji} = 0$ や $a_{ij} < 0, a_{ji} = 0$ という一方的な関係しか許されない . また、2 種間の相互作用を捕食者 - 被食者関係に限定した場合、循環的なネットワーク構造はあらわれない . さらに興味深いことに、符号安定性の条件 (i), (ii) が正平衡点 x^* の大域漸近安定性をも保証することが知られている . この結果は行列の VL 安定性*の性質から導かれる (詳しくは [2,6] 参照) . したがって、条件 (i), (ii) は定性的パーマネンスの十分条件の 1 つといえる . では、(i), (ii) を満たさない定性的パーマネンスな行列は存在するのだろうか ?

4. 定性的パーマネンス行列

[3] では次の結果を得た .

【定理 1】 全ての i に対して $a_{ii} < 0$ を仮定する . このとき、 $A = (a_{ij})$ が定性的パーマネンスであるなら、次が成り立つ .

(C1) 長さ 2 以上の全てのサイクルは正ではない (つまり $k \geq 2$ である全ての相異なる i_1, i_2, \dots, i_k に対して $a_{i_1 i_2} a_{i_2 i_3} \dots a_{i_k i_1} \leq 0$) ,

(C2) 負のサイクル $a_{i_1 i_2} a_{i_2 i_3} \dots a_{i_k i_1} < 0$ は全て負の要素 $a_{ij} < 0$ を唯一つだけ含む .

*行列 A が VL 安定 (Volterra-Liapunov 安定) であるとは、 $DA + A^T D$ が負定値となるような正の対角行列 D が存在することをいう . つまり

$$\sum_i \sum_j d_i a_{ij} x_i x_j < 0, \forall x \neq 0$$

となる $d_i > 0$ が存在するとき、 A は VL 安定であるといわれる (S_w や dissipative ともいわれる) .

条件 (C1) は既存のパーマネンスの必要条件 $\det(-A) > 0$ から導くことができる . 条件 (C2) はアトラクティブなヘテロクリニックサイクルを \mathbb{R}_+^n の境界上に構成することによって示すことができる . 例えば次の $n \times n$ 行列 A と r について考える :

$$A = \begin{pmatrix} -1 & 0 & \dots & 0 & c_1 \\ c_2 & -1 & \dots & 0 & 0 \\ \vdots & \vdots & & \vdots & \vdots \\ 0 & 0 & \dots & c_n & -1 \end{pmatrix}, \quad r = \begin{pmatrix} 1 \\ 1 \\ \vdots \\ 1 \end{pmatrix}.$$

ただし $n \geq 3, c_i \neq 0$. c_i が全て負のとき、行列 A は n 個の負の要素から成る長さ n の負のサイクルを持つ . そして、次の平衡点を結ぶヘテロクリニックサイクルが存在し、 c_i が十分大きくなるとそれがアトラクティブになることを示すことができる (正平衡点も存在する) :

$$F_{1,3,5,\dots,n-2} \rightarrow F_{3,5,\dots,n-2,n} \rightarrow F_{5,\dots,n-2,2} \rightarrow \dots \rightarrow F_{n-1,1,3,\dots,n-4} \rightarrow \dots$$

ここで、 F_{i_1, i_2, \dots, i_k} は $x_{i_1}, x_{i_2}, \dots, x_{i_k}$ の要素が正でその他の要素がゼロの平衡点を意味する . 偶数個の c_i が正のときも同様にアトラクティブなヘテロクリニックサイクルを構成できる . またこれらのヘテロクリニックサイクルは行列 A の摂動に対してロバストである . そのため、(C2) が定性的パーマネンスの必要条件となる . 十分性については [3] を参照してほしい .

低次元の場合には定理 1 の必要条件が必要十分条件になることが分かった .

【定理 2】 全ての i に対し $a_{ii} < 0$ を仮定し、 $n \leq 3$ であるとする . このとき、 $n \times n$ 行列 A が定性的パーマネンスであるための必要十分条件は (C1) と (C2) が成り立つことである .

定性的パーマネンスな 3×3 行列を (添え字を入れ替えて出てくる行列は除いて) 全て以下に列挙する :

$$B_1 = \begin{pmatrix} - & \ominus & \ominus \\ \oplus & - & \ominus \\ 0 & \oplus & - \end{pmatrix}, \quad B_2 = \begin{pmatrix} - & 0 & \ominus \\ \oplus & - & \ominus \\ \oplus & \oplus & - \end{pmatrix},$$

$$B_3 = \begin{pmatrix} - & \ominus & \ominus \\ \oplus & - & 0 \\ \oplus & \oplus & - \end{pmatrix}, \quad B_4 = \begin{pmatrix} - & 0 & 0 \\ \oplus & - & \ominus \\ \ominus & \oplus & - \end{pmatrix},$$

$$B_5 = \begin{pmatrix} - & \ominus & 0 \\ \oplus & - & 0 \\ \ominus & \oplus & - \end{pmatrix}.$$

ここで \oplus は 0 または + を、 \ominus は 0 または - を意味する .

符号安定性の必要十分条件と比較すると分かるように、条件 (i), (ii) は満たさないが、条件 (C1), (C2) を

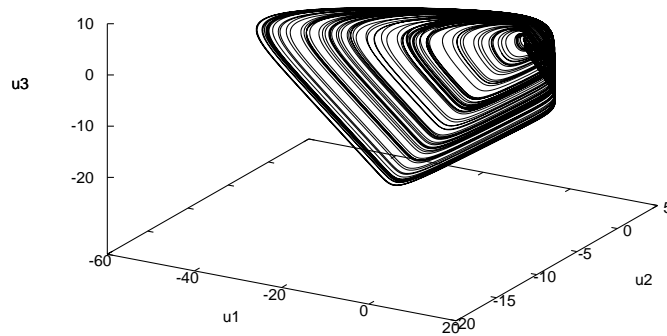


図3 (1)を $u_i = \ln x_i$ で書き換え, 数値的に解いた解.

満たす行列を作ることができる. したがって, (C1), (C2) は, 正平衡点は不安定だがパーマネンスになるネットワーク構造も含んでいる. 実際, 次のパラメータのとき, カオティックな軌道を見つけることができる (図3参照):

$$A = \begin{pmatrix} -0.4 & -1 & -10 \\ 1 & -0.01 & -1 \\ 0 & 1 & -0.01 \end{pmatrix}, \mathbf{r} = \begin{pmatrix} 5 \\ -1 \\ -1.2 \end{pmatrix}.$$

ここでパラメータはカオティックなギルド内捕食系 [7] のパラメーターを参考にした.

5. おわりに

本稿では [3] の内容を紹介したが, 紹介しきれなかった内容もある. また参考文献も最小限にとどめた. 興味ある方は, ここに載せた参考文献やさらにそれらに載っている参考文献を参考にしてほしい. Lotka-Volterra 方程式は比較的単純なシステムである. そのため, 様々なシステムが Lotka-Volterra 方程式と同値であったり, Lotka-Volterra 方程式で近似できたりする. そのため, このようなシステムの数学を整備していくことにより,

一見複雑で難解に見えるシステムの本質を見通すことができる普遍的な新しい視点を獲得できるのではないかと期待している.

参考文献

- [1] Freedman, H. I. and Moson, P.: Persistence definitions and their connections. *Proc. Amer. Math. Soc.* **109** (1990), 1025–1033.
- [2] Hofbauer, J. and Sigmund, K.: *Evolutionary games and population dynamics*, Cambridge, Cambridge University Press, 1998 (竹内康博ほか訳 (2001) 進化ゲームと微分方程式, 現代数学社).
- [3] Hofbauer, J., Kon, R. and Saito, Y.: Qualitative permanence of Lotka-Volterra equations, *Journal of Mathematical Biology* **57**(6) (2008), 863–881.
- [4] May, R. M.: *Stability and complexity in model ecosystems*, Princeton, Princeton University Press (1973).
- [5] Maybee, J. and Quirk, J.: Qualitative problems in matrix theory, *SIAM Review* **11** (1969), 30–51.
- [6] Takeuchi, Y.: *Global dynamical properties of Lotka-Volterra systems*, World Scientific, 1996.
- [7] Tanabe, K. and Namba, T.: Omnivory creates chaos in simple food web models, *Ecology*, **86** (12) (2005), 3411–3414.

【研究の最前線：2007・2008 研究奨励賞受賞者特別寄稿】

空間的相関をもつモデルの解析手法

2008 年研究奨励賞受賞 大槻 久*

1. はじめに

空間構造と進化・生態のダイナミクスの相互作用は、ここ数十年間意欲的に研究されてきた。例えば生態学では「空間生態学」が発達し、空間構造の存在が互いに競争的な多種の共存を可能にすること等が明らかにされた [1]。近年では、空間概念の一般化であるネットワーク上での進化ダイナミクスの解析も盛んである [2]。

空間モデルと言っておそらく真っ先に頭に浮かぶのは格子モデルであろう。近年の著しい計算機性能の向上により、今では誰しもが簡単にコンピュータシミュレーションを行い、複雑な空間の影響を『質的』に把握する事が可能になった。シミュレーションは様々なパラメータに対して繰り返し行うことが可能で、また結果を視覚的に理解しやすい等の利点から、今では理論研究における必須ツールの一つとなっている。

一方で、空間モデルを「手計算」で解析しようとする試みも存在する。手計算を用いると、モデルを『量的』に理解し、シミュレーションよりも確固とした一般的な結論を導くことができる。反面、手計算には多くの解析的困難が伴う。例えば空間モデルでは、各個体の位置情報の時間変化を正確に追わねばならない。従って、力学系としての次元は完全混合集団の場合よりも遥かに高くなってしまふ。

このような困難を克服するため、様々な計算手法が開発されてきた。本稿では、近年の私の研究 [3] に関連する話題を題材にいくつかの解析手法を紹介し、それらの相互関係について解説する。

2. 格子上的投票者モデル

投票者モデル (voter model) [4] とは、人々の意見形成のダイナミクスを記述するモデルである。上下左右を近傍として持つ、無限に広がった 2 次元正方格子上の投票者モデルを考えよう。各個人は正方格子の各頂点にあり、意見 A または B のどちらかを持っている。人々は意見を次のルールに従って変更する。

- (1) ランダムに選ばれた人に、意見変更の機会が訪れる。
- (2) その人は、自分の上下左右の 4 人のうち誰かの意見をランダムに真似る。

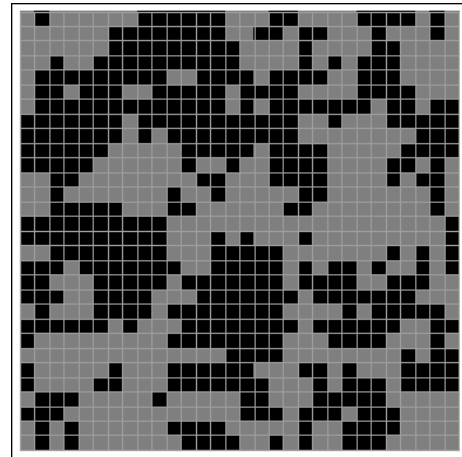


図 1 投票者モデルの正方格子におけるシミュレーション。初期状態からある程度時間が経つと、空間的クラスターが見えてくる。意見 A：灰色，意見 B：黒。

この単純なルールに従いシミュレーションをすると、どのような初期値から初めても、空間上に同じ意見を持った人のクラスターが生じてくる (図 1)。これをもっと数学的には「正の空間的相関が生じる」と言う。つまり、意見 A の隣には意見 A の人が多く、意見 B の隣には意見 B の人が多くなるのである。

ではこの「正の空間的相関」を数式で表現してみよう。そのために次のような変数を導入する。 ρ_A, ρ_B で、集団からランダムにとった一人の意見が A または B である確率を表す。また $\rho_{AA}, \rho_{AB}, \rho_{BA}, \rho_{BB}$ で、集団からランダムにとった順序付きペアの意見が、この順にそれぞれ AA, AB, BA, BB である確率を表す (注：本稿ではペアは常に順序付きで数えるので、意見 X の人と意見 Y の人が格子上で隣り合っているならば、この二人は XY ペアとして 1 回、YX ペアとして 1 回カウントされる)。これら 6 変数は独立な 4 本の関係式

$$\begin{aligned}
 \rho_A + \rho_B &= 1 \\
 \rho_{AA} + \rho_{AB} + \rho_{BA} + \rho_{BB} &= 1 \\
 \rho_A &= \rho_{AA} + \rho_{AB} \\
 \rho_{AB} &= \rho_{BA}
 \end{aligned} \tag{1}$$

を満たすので、実質的に自由に選べるのは 2 変数である。そこでこの 6 変数の中から ρ_A と ρ_{AA} を代表として選び、それぞれの時間変化を調べてみよう。

*東工大

2.1 ρ_A の時間変化

A の集団頻度 ρ_A は、意見 B の人が意見 A の人を真似した時に増加する。これは

(i) B が意見変更の機会を得て、

(ii) B が周囲の A の意見を真似する

時に起こる。(i) の確率 $= \rho_B$ であるが、(ii) の確率 $= \rho_A$ ではないことに注意しよう。なぜなら「 B の隣にいる」という情報が、その人が A である確率に影響を与えるからである。したがって (ii) は「 B の隣であるという条件の下で、注目する人物が A である条件付き確率」 $= q_{A|B}$ でなければならない。 A の頻度減少の場合も考えると、結局 ρ_A の時間変化は

$$\frac{d\rho_A}{dt} = \rho_B q_{A|B} - \rho_A q_{B|A} \quad (2)$$

と表される。

一般に条件付き確率 $q_{X|Y}$ は、集団の個体頻度 ρ_Y とペア頻度 ρ_{XY} を用いて

$$q_{X|Y} = \frac{\rho_{XY}}{\rho_Y} \quad (3)$$

と計算される量であるから、式 (2), (3) を合わせて

$$\frac{d\rho_A}{dt} = \rho_B \frac{\rho_{AB}}{\rho_B} - \rho_A \frac{\rho_{BA}}{\rho_A} = 0 \quad (4)$$

を得る。すなわち、集団内の意見 A の頻度は時間に問わず一定に保たれる。これは、投票者モデルにおいて意見 A と意見 B の間に優劣がないことを考えると、当然の帰結である。

2.2 ρ_{AA} の時間変化

次に AA ペアの頻度の時間変化を考えよう。新しい AA ペアが生まれるのは、

(i) B が意見変更の機会を得て、

(ii) B が周囲の A の意見を真似する

場合であり、この時、 B の周囲にいた A の総数の 2 倍の AA ペアが増加する（ペアは両方から 1 回ずつカウントすることを思い出そう）。前と同じように (i) の確率 $= \rho_B$ であり、(ii) の確率 $= q_{A|B}$ である。 B が近傍の A の意見を真似した時、 B の残り 3 人の近傍が A である確率はそれぞれ $q_{A|BA}$ で与えられるから、この過程で順序付き AA ペアは合計で $2(1+3q_{A|BA})$ 個増える。ここで $q_{A|BA}$ とは「隣に B 、さらにその隣には A がいるという条件の下で、注目する人物が A である条件付き確率」のことである。 AA ペアの減少のほうも同様に考えると、最終的に

$$\frac{d\rho_{AA}}{dt} = \frac{1}{4} \{ \rho_B q_{A|B} 2(1+3q_{A|BA}) - \rho_A q_{B|A} 2 \cdot 3q_{A|AB} \} \quad (5)$$

という式を得る。

一般に条件付き確率 $q_{X|YZ}$ は、集団のペア頻度 ρ_{YZ} と三つ組頻度 ρ_{XYZ} を用いて

$$q_{X|YZ} = \frac{\rho_{XYZ}}{\rho_{YZ}} \quad (6)$$

と計算される量である。勘の良い読者ならもうお気づきだろうが、 $q_{X|YZ}$ を求めるためには三つ組頻度 ρ_{XYZ} に関する微分方程式を立てねばならず、そこには条件付き確率 $q_{X|YZW}$ が登場し、そのためには四つ組頻度 ρ_{XYZW} の微分方程式を...というように、この計算には終わりが無い。

そこでこの計算をどこかで打ち切る方法を考える。最も有名なのはペア近似 (pair approximation)[5] であり、これは

$$q_{X|YZ} \approx q_{X|Y} \quad (7)$$

と条件付き確率を近似する。言葉で言えば、 X が二つ隣の Z から受ける直接的影響を無視しようというのである（ただし Z は Y を通して X に間接的影響を与えているので「 Z の影響全部を無視する」という言い方は正しくない）。近似式 (7) は

$$\rho_{XYZ} \approx \frac{\rho_{XY}\rho_{YZ}}{\rho_Y} \quad (8)$$

とも同値である。

他の近似法としてはカークウッド近似 (Kirkwood approximation)[6] も有名である。これは近似式 (8) の代わりに、より対称度の高い式

$$\rho_{XYZ} \approx \frac{\rho_{XY}\rho_{YZ}\rho_{ZX}}{\rho_X\rho_Y\rho_Z} \quad (9)$$

を使うものである。この場合、条件付き確率 $q_{X|YZ}$ における Y と Z の役割は対等になる。

ここでは式 (5) にペア近似 (7) を適用してみよう。すると式 (5) は

$$\begin{aligned} \frac{d\rho_{AA}}{dt} &\approx \frac{1}{4} \{ \rho_B q_{A|B} 2(1+3q_{A|B}) - \rho_A q_{B|A} 2 \cdot 3q_{A|A} \} \\ &= \frac{\rho_{AB}}{2} \{ 1+3(q_{A|B} - q_{A|A}) \} \end{aligned} \quad (10)$$

と変形できる（ちなみに、式 (5) にカークウッド近似 (9) を用いると、式 (10) の $3(q_{A|B} - q_{A|A})$ の部分が 0 に置き換わり、この例では意味のある式を導くことができない）。

2.3 空間的相関係数の導出

前節までで導いた式 (4) および式 (10) から、意見の空間的相関の強さを求めてみよう。まず式 (4) より、平衡状態における ρ_A の値は、意見 A の初期頻度に等しいことが分かる。次に式 (10) の右辺を 0 とおくと、

$$\rho_{AB} = 0 \quad \text{または} \quad 1+3(q_{A|B} - q_{A|A}) = 0 \quad (11)$$

を得るが、興味があるのは意見 A と意見 B が混じった平衡状態だから $\rho_{AB} \neq 0$ であり、したがって $1+3(q_{A|B} - q_{A|A}) = 0$ である。この関係式に出てくる $q_{A|B}$ や $q_{A|A}$ を、式 (1) や条件付き確率の定義式 (3) を用いて ρ_A と ρ_{AA} だけで表すと、最終的に関係式

$$3\rho_{AA} = 2\rho_A^2 + \rho_A \quad (12)$$

にたどり着くことができる．またこの関係式から

$$\begin{aligned} 3\rho_{AB} &= 3\rho_{BA} = -2\rho_A^2 + 2\rho_A \\ 3\rho_{BB} &= 2\rho_A^2 - 5\rho_A + 3 \end{aligned} \quad (13)$$

も分かる．

相関係数を求めるため，意見 A に対してダミー値 1 を，意見 B に対してダミー値 0 を割り振る．集団からペアをとり，その二人の意見から定まるダミー値を (D_1, D_2) とおこう．この値は $(1,1), (1,0), (0,1), (0,0)$ のどれかであり，それぞれは式 (12), (13) で与えられる確率 $\rho_{AA}, \rho_{AB}, \rho_{BA}, \rho_{BB}$ で起こる．変数 D_1 や D_2 の平均や分散は

$$\begin{aligned} E(D_1) &= 1 \cdot (\rho_{AA} + \rho_{AB}) + 0 \cdot (\rho_{BA} + \rho_{BB}) = \rho_A \\ E(D_2) &= 1 \cdot (\rho_{AA} + \rho_{BA}) + 0 \cdot (\rho_{AB} + \rho_{BB}) = \rho_A \\ \text{Var}(D_1) &= \{1 - E(D_1)\}^2 \cdot (\rho_{AA} + \rho_{AB}) \\ &\quad + \{0 - E(D_1)\}^2 \cdot (\rho_{BA} + \rho_{BB}) = \rho_A(1 - \rho_A) \\ \text{Var}(D_2) &= \{1 - E(D_2)\}^2 \cdot (\rho_{AA} + \rho_{BA}) \\ &\quad + \{0 - E(D_2)\}^2 \cdot (\rho_{AB} + \rho_{BB}) = \rho_A(1 - \rho_A) \end{aligned} \quad (14)$$

そして D_1 と D_2 の共分散は

$$\begin{aligned} \text{Cov}(D_1, D_2) &= E(D_1 D_2) - E(D_1)E(D_2) \\ &= 1 \cdot \rho_{AA} - \rho_A^2 \\ &= \rho_A(1 - \rho_A)/3 \end{aligned} \quad (15)$$

であるので，ダミー値 D_1 と D_2 の相関係数は

$$r = \frac{\text{Cov}(D_1, D_2)}{\sqrt{\text{Var}(D_1)}\sqrt{\text{Var}(D_2)}} = \frac{\rho_A(1 - \rho_A)/3}{\rho_A(1 - \rho_A)} = \frac{1}{3} \quad (16)$$

と計算できる．ちなみに r の値は， A と B のダミー値が異なってさえいれば，どんなダミー値を使っても $1/3$ である．

図 2 は 2 次元正方形格子 (square lattice: 灰色) と次数 4 のランダム正則グラフ (random regular graph: 黒) 上で実際に投票者モデルのシミュレーションを行ったときの，相関係数 r の時間変化を表している．残念なことに正方形格子では r の値は 0.5 前後を取り，これは予測値の $1/3$ と大きくかけ離れている．これは主に正方形格子が多くの短い閉路を含んでおり，ペア近似の精度が良くないためである．

次数 4 のランダム正則グラフとは，頂点間の結合はランダムであるものの，各頂点からちょうど 4 本の枝が出ているようなグラフのことを言う．頂点数が無数ある場合，このグラフはベータ格子 (Bethe lattice) またはケーリー木 (Cayley tree) と呼ばれ，閉路が存在しないため，ペア近似の精度が良くなる理想的なグラフとなる．図 2 を見ると，次数 4 のランダム正則グラフでは r の値は理論値の $1/3$ とよく一致しているこ

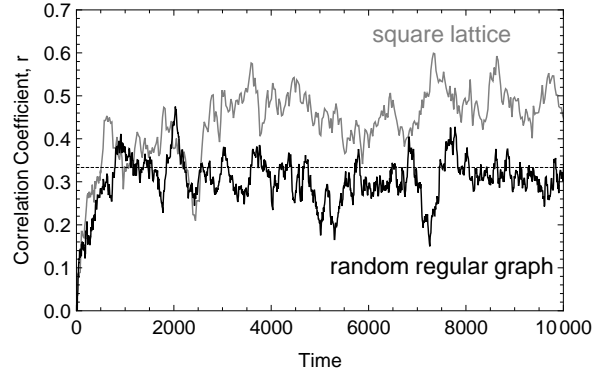


図 2 投票者モデルにおける相関係数 r の時間変化．2 次元正方形格子 (square lattice: 灰色)，次数 4 のランダム正則グラフ (random regular graph: 黒)．ペア近似による予測は $r = 1/3$ の破線で示されている．

と分かる．

2.4 Hamilton の血縁度

前節の相関係数 r を用いれば式 (12), (13) は

$$\begin{aligned} \rho_{AA} &= \rho_A \{r + (1-r)\rho_A\} \\ \rho_{AB} &= \rho_A \{0 + (1-r)\rho_B\} \\ \rho_{BA} &= \rho_B \{0 + (1-r)\rho_A\} \\ \rho_{BB} &= \rho_B \{r + (1-r)\rho_B\} \end{aligned} \quad (17)$$

と書き直す事が出来る．ただし $\rho_B = 1 - \rho_A$ を部分的に用いた．

直観的に理解するため，たとえば意見 A と意見 B の頻度がちょうど半々である状況 ($\rho_A = \rho_B = 1/2$) を考えよう．もし式 (17) で相関係数が $r = 0$ ならば

$$\rho_{AA} = \rho_{AB} = \rho_{BA} = \rho_{BB} = 1/4 \quad (18)$$

であり，すべてのペアは同頻度 $1/4$ で現れる．しかし $r = 1/3$ の場合は，

$$\rho_{AA} = \rho_{BB} = 1/3, \rho_{AB} = \rho_{BA} = 1/6 \quad (19)$$

となり，同じ戦略同士のペアの頻度が高くなる．

投票者モデルは意見のダイナミクスを記述するから，出生や死亡といった遺伝的な話は関係してこないが，「 X さんが Y さんの意見を真似すること」を「 X さんが死亡し， Y さんが X さんのいた場所に自分の子供を生んだ」と考えれば，投票者モデルは遺伝的進化のモデルであると考えられる事が出来る．

そこで相関係数 r を血縁度 (relatedness) と解釈してみよう．すると，例えば式 (17) の第一式は次のように説明する事も可能である：「 AA ペアが見つかるのは，ペアの一人目の意見が A (確率 ρ_A) であって，(i) 隣にその血縁者がいる場合 (確率 r) もしくは (ii) 隣が非血縁者であり (確率 $1-r$) かつその人の意見が A である (確率 ρ_A) 時である」．

実はこの相関係数 r のことを, Hamilton は 1964 年に血縁度として提唱している [7]. この場合, 血縁者とは「どこかの時点で祖先を共有している人」であり, 「その共通祖先から, 子孫は同じ意見を受け継ぐ」のだから, 「血縁者の意見は等しい」ことが結論づけられる. 反対に非血縁者であれば「祖先を共有していない」ので, 非血縁者の意見が A であるか B であるかは, 集団の頻度 ρ_A および ρ_B を使って類推するしかない. このように考えると, 式 (17) をより直観的に理解することができる.

3. 有限集団の場合

前節までは集団のサイズが無限である場合を扱ってきた. そこでは意見 A と意見 B の頻度は初期頻度のままで一定なので, A と B がある程度正の相関をもって共存する平衡状態があった.

しかし, 集団のサイズが有限であると, 浮動 (random drift) の効果で意見 A と意見 B の頻度が時間とともに変化してしまう. したがって無限集団の場合のような共存平衡点は存在しない. また, 一旦全員が共通の意見を持ってしまうと, もはや集団に別の意見は存在しないため, 未来永劫ずっと全員が同じ意見を持ち続ける事になる. これを固定 (fixation) と呼ぶ.

固定の影響で, 系の平衡状態は「全員が意見 A をもつ状態」と「全員が意見 B をもつ状態」の二つしか存在しないため, 平衡状態に関する解析は実質無意味となってしまう. そこで意味のある平衡状態を考えるために突然変異 (もしくはエラー) をモデルに導入しよう. 今まででは他者の意見を真似する時は正確に真似することができたとしていたが, 確率 μ でこの真似は失敗し, 誤って反対の意見を導入してしまうと仮定する. 例えば意見 A の人を真似する場合, 確率 $1-\mu$ で意見 A を正確にコピーできるが, 確率 μ では誤って意見 B を取り入れてしまう.

有限集団での投票者モデルはマルコフ連鎖と考える事ができる. 突然変異確率 μ が正の時, このマルコフ連鎖には唯一の定常分布が存在し, 初期値によらずこの定常分布へ収束することが保証されているから, この定常分布における空間的相関の強さを調べることに意味がある.

3.1 有限サイズ正方格子

サイズ $N = n \times n$ の有限正方格子を考えよう. ただし両端はもう一方の両端と周期的につながっているとする. すなわち集団はトーラス (torus) の構造を持つ. 定常分布において, ある人から見て東に i ステップ, 南に j ステップの場所にいる人が同じ意見を持っている確率を $Q_{i,j}$ とおこう. ただし境界は周期的なので, 添字 i, j は $\text{mod } n$ で考えてよい. 次のステップに起こる事を考えると, $Q_{i,j}$ の間には漸化式

$$Q_{0,0} = 1$$

$$Q_{i,j} = (1-2\mu) \frac{Q_{i-1,j} + Q_{i+1,j} + Q_{i,j-1} + Q_{i,j+1}}{4} + \mu \quad (i,j) \neq (0,0) \pmod{n} \quad (20)$$

が成立する. 一般にこの漸化式は n が大きくなるにつれて膨大になる. 一例として $n=2$ の時について計算すると,

$$Q_{0,0} = 1$$

$$Q_{1,0} = Q_{0,1} = \frac{1+\mu-2\mu^2}{1+4\mu-4\mu^2} \quad (21)$$

$$Q_{1,1} = \frac{1}{1+4\mu-4\mu^2}$$

という解が得られる.

集団遺伝学を基礎とする現代の血縁淘汰理論では

$$R_{i,j} \equiv \lim_{\mu \rightarrow 0} \frac{Q_{i,j} - \bar{Q}}{Q_{0,0} - \bar{Q}} \quad (22)$$

(ただし $\bar{Q} = (Q_{0,0} + Q_{1,0} + Q_{0,1} + Q_{1,1})/4$) で定義される量 $R_{i,j}$ を, (i,j) ステップ離れた二者間の血縁度と定義し, 集団内に働く選択の強さを解析的に計算する枠組みが成立している [8]. 先ほどの $n=2$ の例だと, この (現代流の) 血縁度は

$$R_{0,0} = 1$$

$$R_{1,0} = R_{0,1} = -1/5 \quad (23)$$

$$R_{1,1} = -3/5$$

と計算できる. このようにして求められた血縁度を基礎にして, 空間上の形質の進化を包括適応度で説明する試みが, 現在盛んに行われている.

4. おわりに

本稿では空間モデルを解析する手法として, 特に空間的相関の数式による表現方法について解説した. 2章では, 投票者モデルをペア近似法により解析した. ペア近似について日本語で読める文献は [9,10] である. 3章では有限集団における空間的相関の厳密な解析手法について, その一端を紹介した. もっと勉強したい読者は, 例えば参考文献 [8] などを参照して欲しい.

参考文献

- [1] Levin, S.A. (1992) *Ecology* **73**, 1943-1967.
- [2] May, R.M. (2006) *Trends Ecol. Evol.* **21**, 394-399.
- [3] Ohtsuki, H. et al. (2006) *Nature* **441**, 502-505.
- [4] Liggett, T.M. (1999) "Stochastic Interacting Systems: Contact, Voter and Exclusion Processes." Springer-Verlag, Berlin.
- [5] Dieckmann, U. et al. (2000) "The Geometry of Ecological Interactions." Cambridge Univ. Press, UK.
- [6] Matsuda, H. (2000) *Phys. Rev. E* **62**, 3096-3102.
- [7] Hamilton, W. D. (1964) *J. Theor. Biol.* **7**, 1-16.
- [8] Rousset, F. (2004) "Genetic Structure and Selection in Subdivided Populations." Princeton Univ. Press, NJ.
- [9] 巖佐庸 (1997) 「数理生態学」共立出版
- [10] 巖佐庸 (2008) 「生命の数理」共立出版

【特集】 2008年度卒業論文・修士論文・博士論文

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。そのモデルの一樣平行点の導出し、その一樣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、増えすぎることの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 の合成ウイルスであり、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、ウイルス感染力とウイ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、二株のウイルス感染力とウイ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。

富田 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

† 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。

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中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、外部入力の大極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所

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、解明しようとした。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惠集団である。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ミュ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 $u(i,0)$ 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

生態系の多様性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、葉寿命は寿命年数あたりの 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学的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中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、心の再帰的处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立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 年度京都大学数理解析研究所共同利用研究

「生物現象に対するモデリングの数理」報告記

齋藤 保久 (釜山大学・数学科)

2006 年から始まった“モデコン”シリーズ、本会で 3 回目となる。本シリーズは、私が 2002 年から 2005 年までやってきた「イッキ読みセミナー」を発展させた試みであり、昨今、欧米で盛んに行われるようになった生物数学関連のスクール形式とはまたひと味違う、出席者参加型のプロジェクトである。会の前半は、数名の特別講師がオーガナイズする題材論文のイッキ読みの集中セミナー。その後、出席者がグループにわかれ、同集中セミナーの内容をシードにした新しい数理モデルを開発・解析するグループディスカッション。そして最後に、グループ研究成果発表をコンテスト形式で行う。言うならば、ロボットコンテスト(ロボコン)ならぬ、モデルコンテスト(モデコン)だろう。研究代表者は広島大学・瀬野裕美先生。私は、副代表者兼運営幹事として会の実施に携わった。スケジュール等の詳細は <http://home.hiroshima-u.ac.jp/mathematicalbiology/RIMS2008/MBNW2008.htm> を参照されたい。

3 日目の懇談会でグループ分けが行われ、同じグループのメンバーが 1 つのテーブルを囲んで昼食を楽しむ。“同じ釜の飯”をつつきながらざっくばらんにアイデアを出し合うことで、チームとしての結束がかたまってゆく。我々メンターも、各テーブルに混じって食事をし、参加者のアイデアに耳をかたむけるのであるが、新しいモデルを生み出そうというときの夢を聞いたり語ったりする時間は楽しい。しかし、この時点ではモデルの影も形もなく、アイデアが結実する保証もない。アイデアからモデルが生まれ、ディスカッションを通じてモデルは改良され、成長する。こうしたモデリングの過程において対象の理解は深まるのだが、それにより研究者自身のものの見方・考え方も磨かれてゆくのだと思う。これってなんだか、育児に似ている気がする。「育児は“育自”である」とは、うまく言ったもんだ。そして、2 日後のモデコンでは立派な姿になるのだから... これにはいつも驚嘆させられる。今回もほんとうに面白かったし、大いに勉強になった。本会に携わった皆さんに心から感謝申し上げます。

落合 洋文 (名古屋大学大学院・情報科学研究科)

2008 年 12 月に開催されました第 3 回目の当企画にこの度参加させて頂きました。時期がちょうど秋から冬に入りつつある紅葉が鮮やかなときであり、清水寺の夜間ライトアップが華やかであったのが印象的です。場所は京都大学の数理解析研究所の一室であり、お昼頃には近くにある馬術部の馬達が散歩する足音が聞こえるようなのどかな雰囲気でした。

企画の最初のセッションでは、担当された各先生が講義をなさった後に、先生の指定された資料を担当の参加者が解説していくという形式で、私の担当は巖佐先生でありました。私にとって巖佐先生とは、本でのみ接触するだけの一方向性の方でしたが、今回初めて

双方向性を持つ機会が得られました。その巖佐先生の講義は、一人々の目を自信に満ちた目で見つめ、口からは物語が奏でられると同時に、手からも黒板に次々とその世界が彫りだされて行くといったもので、このような講義を体験したのは初めてであり、頭に滑らかに浸透するような感覚でありました。この講義の中で先生は、決定論的モデルと確率論的モデルとの違いから、研究は数式のみで判断を下すことなく「ダイレクトなシミュレーションをすべき」ということを強調しており、加えて、決定論的モデルと確率論的モデルの両方を場合によって使い分けるべきで、「万能な公式はない」と述べられ、自分の研究の在り方を再考する起点ともなりました。

次のモデルコンテストでは、グループメンバーの発表が飲食店の 2 階で行われ、医学研究科の方、学部 3 年生の方、そして人工生命の研究室に身を置く私といった多彩な立場・背景の人が集まりました。そこで鍋をつつきながらの自己紹介をし、何をモデリングの対象とするのかメンターの先生を交えながら議論を致しました。しかし、対象の候補が右往左往してしまい、最終的にアウトラインが決まったのは、お店を出て数理解析研究所から更に移動した先の医学研究科図書館が閉まる直前でありました。私達の研究対象はインフルエンザなどの感染症で、内容はネットワーク構造を考慮した疫病拡散モデルの構築と効果的なワクチン接種の検討というものです。入手できる資料少なさや、残された時間の少なさなどの困難がありましたが、グループの皆で協力し合いながら進行させ、最終日の発表に何とか間に合わせる事ができました。今現在は、この時のモデルを基に更なる検討・解析の真最中であります。他のグループの内容は生殖形態に関するもの、動物行動に関するもの、感染循環に関するもの、パターン形成に関するものと多様であり、特にモデルコンテストで受賞なさった生殖形態に関するものは、私のこれまでの認識を覆すもので興味深いものでありました。

このモデルコンテストの終了と共に、今回の企画が終了いたしました。短期間ではあったものの、その分濃密な内容であったと思います。

最後に、北は北海道から南は九州、学部生から教授に至る方々まで多種多様な方との接触、研究の前線で今も活躍なさっている方々のお話、初見の方々とグループを組んでの議論など、自分の研究室に居ただけでは決して得ることのできない貴重な機会を頂き、また大変お世話になり、瀬野先生、齋藤先生をはじめ参加なさっておられた多くの先生方に、この場を借りまして改めて感謝申し上げたいと思います。有り難うございました。

岸 茂樹 (京大大学生態学研究センター)

怒涛のような研究集會が終わった後、私は京都大学にほど近い行きつけの喫茶店でコーヒーを飲んでいました。一週間のうちにおきた新鮮な経験の数々を思い

出し、その余韻に浸っていました。静かで楽しい時間でした。店内には私と、知りあいのTさんと店長のYさんの3人がいました。

Tさん「でも数学はすごいのだぜ。宇宙の真理なんだから。」

店長Yさん：「そんなこといったかて、わからへんわ。わたし数学なんて使わへんもん。」

私：「...でも、ここにぼくら3人がいて、1たす1たす1が3になるっていうのは、誰も不思議に思わないですけど、やっぱりそれは数学じゃないと記述できないんですよ。」

宇宙の真理はいたるところにあります。

ぼくはこれまでずっと生態学を研究してきました。それも実証研究ばかりです。自分が数学に向いているとはこれまで一度も思ったことがありません。小・中学校では計算ミスを繰り返し、ひどいときには問題を解くのを忘れるという失敗もしました。大学に入ってから微分方程式とテイラー展開にコテンパンにされ、苦手意識はますます強くなりました。まさに、数学？(ガクガクブルブル)だったのです。しかしそんな私が数理モデルの研究集会に参加することになるとは不思議なものです。俗語ですが、実験データをもとに研究する人を実験屋と呼び、数学を使って理論研究をする人をモデル屋と呼びます。私は最近モデル屋さんと共同研究をする機会を得ました。実験屋とモデル屋さんとの間には意外と深い溝があり、言いたいことがなかなかうまく伝わらないことがあります。そこで数理モデル屋さんと仲良く話をするためには、共通言語として数学を理解するのがよいと思いいたりしました。そこで今回の研究集会に参加することにしました。

参加を決めたはいいものの、早速あたえられた宿題はあの巖佐先生の著書と論文です。特に細胞のガン化過程を確立微分方程式であらわした論文は難解で、何度も目を潤ませながら巖佐先生に質問しました。巖佐先生はとてもお優しい先生でした。私の質問にいつも丁寧に答えてくださいました。おかげで何とか論文の趣旨だけは理解できました。ごめんなさい、巖佐先生。そして研究集会が始まりました。私は滋賀県に住んでいるので、早くに家を出ないといけません。吐く息も真っ白な12月、地下鉄東山駅から京都大学に向けて路地を抜けて歩きます。遅めの紅葉を朝日に照り返す大文字山を眺めると気分が引き締まりました。そして始まったセッションで現れたのは、なんとあの学部時代の私を完膚なきものにした数学の担任、稲葉先生でした。稲葉先生の説明に、私の頭の中は吐く息よりも真っ白です。感染症のモデルではR0が大事だということだけわかりました。ごめんなさい、稲葉先生。私の悲しみに関係なくセッションは続きます。他の参加者のみなさんは胸を張って説明をしています。私はただ尊敬のまなざしを持って聞いているだけでした。唯一理解できたといえる研究は、西森先生によるアリの採餌行動の研究でした。フェロモンに敏感な働きアリと鈍感な働きアリがいるとき、コロニーの採餌効率を最大にするには敏感アリだけではダメで、鈍感アリが一定割合(しかもかなり)必要、というものでした。話の展開にとってもわくわくしました。

後半に始まったモデルコンテスト“モデコン”は不安でいっぱいでした。数学ができない私にできることはあるのだろうかと思っていました。グループが決まった懇親会後、深澤くん、大野さんと半日いろいろと議

論しました。なかなか方向性が定まりません。最終的に、痺れを切らした私が「どうせやるなら大きな問題にしよう」と無責任に言い放ち、有性生殖種と無性生殖種の種間競争を解析することになりました。そしてなんとプレゼンを用意し、発表当日、種間の性的相互作用である繁殖干渉と環境変動を考慮し、有性生殖種と無性生殖種の有利になる条件が異なることを示しました。否、正確には示したつもりになっていました。後日計算の間違いに気づき大いに慌てるのですが、そのときには達成感でいっぱいだったのです。優秀賞をいただいてしまいました。ごめんなさい、先生方。

いまこうして研究集会を振り返っています。計算ミスはありましたが、非常に限られた時間の中でアイデアを出し、集中的に議論しモデルを作り上げるという経験はとても新鮮でした。ほんの数日前は影も形もなかったものがいま目の前にあるという現実に素直に驚き、感動しました。現象を理解するために数理モデルは非常に有効な手段であることに改めて気付かされた一週間でした。このような機会を与えてくださった瀬野先生、斎藤先生、ならびに研究集会に参加していただいたすべての先生方、そしてすべての参加者のみなさまに深く感謝します。

小林 美苑(奈良女子大学大学院・人間文化研究科)

私がこの研究集会に参加した動機は、生物現象を数理的にモデル化する過程を習得したいというものだった。実際に、私は「ハクセンシオマネキの左右性の遺伝システムのモデル」について研究していて、その現象に対する数理モデルを作っている。この研究集会は、感染症モデル、アリの採餌行動の数理モデル、数理解析手法、ガンの数理モデルなどバラエティーのあるセッションを5日間で“イッキ読み”する形式で行われた。この集会で使われる文献を参加者が輪読するのだが、文献の内容が難しく、理解が困難と集会が始まる前は思っていた。しかし、参加者は担当した文献の内容をスライドを使ったり黒板に書いて分かりやすく説明したので、難しいモデルも楽しく理解ができた。

セッションが終わった後は、3、4人が1グループとなり、各グループで生物現象に関する課題を見つけ、議論、モデリング、発表することになっていた。お昼の懇談会で誰が同じグループになるのか発表された。同じテーブルでご飯を食べながら、自己紹介をしたり、自分の研究内容を話したり、テーマの提案などをしてお互い馴染んでいった。テーマが決まったら、早速資料を集めたり、モデルを考えたりした。中間発表で各グループがテーマを発表した。この研究集会で使った部屋は今年は夜の9時までしか開いていなかったの、図書館にいたり、ホテルで朝まで議論した。なかなか結果がうまくいかなかグループのみんなが焦っていたけど、この集会に来てくださった先生方に指導していただき、なんとか最後には結果が出て無事最終発表が終わった。

この研究集会をする前はグループの一員としてちゃんとした意見を述べたり議論できるのか、各セッションの文献内容を理解できるのか、発表できるのか不安ばかりであった。しかし、いざ始まってみると、その不安も嘘のように勉強することができた。この研究集会に参加して得た経験はいい刺激になり、これを機会に今後の研究生活をさらに頑張っていきたいと思った。

書評のコーナー



『数』の数理生物学

数理生物学会・瀬野裕美（編）
共立出版，2008年，240p

本書は、数理生物学要論と題した書物のシリーズの第1巻である。日本数理生物学会が20周年を迎えるにあたり、学会の主だったメンバーが手分けして現在の日本での数理生物学をとりまとめようと企画された。

数理生物学の本のシリーズとすれば、「生態学」「発生学」「細胞学」「免疫学」などといった対象分野に応じて、それぞれの数理生物学の実情を取りまとめようとするのが多いと思う。そしてそれぞれの巻には同じ現象に対するさまざまに異なる取り扱いが紹介されるだろう。しかし本シリーズの構成はそのような考えとは異なっている。本書を例にとると、「『数』の数理生物学」というタイトルから予想されるとおり、人口動態と捕食者・被食者系といった生態学的なモデルが紹介されるがそれらに加えて、免疫系のダイナミクス、感染症動態、なども一緒に含まれている。感染症は宿主をクラスに分けて感受性個体数・患者数などを追跡する。また体内に侵入した病原体が増殖する一方でそれに刺激されて特異的な免疫細胞が増えることはMartin Nowakらの理論免疫学である。これらとともに捕食者・被食者系と似た側面があることは確かである。

本書の続編である第2巻として準備されている「『空間』の数理生物学」では、空間構造があるときの人口動態や侵入生物の広がりなどの空間生態学のテーマに加え、発生において現れるパターン形成のモデルなどが取り上げられるらしい。

それぞれの章は丁寧に分かりやすく書かれていて、文体もよく統一されている。また数理モデルが中心とはいえ、それぞれのモデルが表している対象の生命現象が分かりやすく説明され、モデルの解析によって何が理解できるのかもきちんと書かれている。最新のトピックスを多数の人に依頼して書いてもらう本では、それぞれの著者が自分の研究を述べるだけに終わるために、話題が特殊なものに限られたり書物全体としての統一性が失われたりするのが普通だが、本書はそれらの問題はおこさずともバランスがよくできている。

このようなオリジナルな本の構成や書物としての統一性は、責任編集である瀬野裕美さんの努力とリーダーシップのおかげと聞いている。

繁殖というか自己増殖する素子のダイナミクスを

解析するということでは本書にある扱いは確かに共通していると言えるだろう。そうならば、異なるタイプが出現してそれに置き換わるというプロセスを議論する集団遺伝学なども含まれた方が良かったのかもしれない。また人口動態といってもほとんどは決定論的な取り扱いに限られ、確率過程に関する部分は絶滅リスクを扱う1章だけである。だがそれらは第3巻やそれにつづく進化や適応に関連する巻で扱われるのかもれない。

このようにある意味で常微分方程式系といった数理モデリングを中心にそのようなモデルによって扱える生命現象の例を丁寧に解説し、また解析法についても分かりやすく書かれているという意味では、数理科学としての数理生物学、応用数学としての数理生物学のよい入門書・参考書といえるだろう。

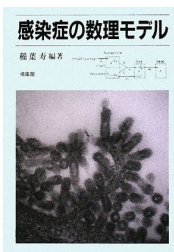
このシリーズとは対照的な構成としては、モデルの対象と成る生命現象ごとに一つの書物を組み、関連するさまざまな数理的取り扱いを並べるというのもあるだろう。たとえば「理論免疫学」として本書で扱っているような細胞のダイナミクスに加えて、MHCの多型を頻度依存淘汰とドリフトから理解する集団遺伝学的理論、病原体の侵入を知らせる情報が細胞内のシグナル伝達系を通じて素早く拡大されるプロセス、さまざまな種類の免疫細胞や生体防御手段をどのような組み合わせで持つことが望ましいかといった最適化モデル、Th1/Th2のスイッチのプロセス、T細胞などの教育過程、ウイルスが侵入してからのさまざまな増殖軌跡を解析することで免疫系の働きを推測する理論など、免疫系に関するさまざまな数理的アイデアを並べるというのもある。同じようにして「発ガン過程の数理生物学」とか「細胞社会の数理生物学」といった、組み方を想像してみると、書物のシリーズの構成としていずれがよいかは、なかなか決めがたいところがある。読者対象として生物学や生命科学を専攻する研究者や学生を想定すると、生命現象に従ってまとめた方がわかりやすいかもしれないが、逆に数理科学の学生や研究者には、本シリーズのようにモデルによって統一する方が読みやすいだろう。

数理生物学といえば、個体の中の現象、とくに細胞内の揺らぎだとか細胞の運動、細胞社会が形成する形態、細胞の中のさまざまな生化学反応系といった対象も当然重要な研究対象である。さらにホジキン・ハックスリーからスタートする神経細胞の興奮挙動、ニューロンが多数つながった神経回路網の働き、さらにはもっとマクロな脳の機能などについての数理生物学「計算論的神経科学」も、日本では南雲仁一以来の長い歴史があり大きな分野として発展している。他方で現在急

速に進展しているゲノムやプロテオームなどの解析、バイオインフォーマティクスに有用な数理などもある。現在進行しているシリーズのプランでは必ずしもそれらを重点的に扱おう企画はまだないようだ。

数理生物学が幅広く発展して行くことを考えると、将来にはそれらの分野の数学理論についてもカバーできるようにこのシリーズが発展することを期待したい。

(九州大学大学院理学研究科・数理生物学 巖佐庸)



感染症の数理モデル

稲葉寿 (編著)

培風館, 2008年, 311p

感染症の数理研究は、1920年代の Kermack と McKendrick による古典的 SIR モデルに始まる。SIR モデルでは、ホストの人口集団を感受性 (S)、感染性 (I)、回復 (R) の3状態に分割して、感染が集団内でどのように拡大していくのかを個体群ダイナミクスの問題として取り扱う。古典的 SIR モデルは、単純ながら感染が集団にどのように伝わるかを表現した秀逸な数理モデルであり、感染の拡大という現象の本質を見事に捉えている。一方で、現実には病原体の特性、人間行動の多様性や確率性といった様々な原因が感染拡大に影響し、問題を複雑にしている。状況に合わせて現象の構造を抽出できるような数理モデルを構築しなければならない。「感染症の数理モデル」(以下、本書)は、感染症流行の動的過程に対する様々な数理研究を、9章にわたってまとめた入門書である。本書巻頭に各章の概要が丁寧に述べられているので、ここでは各章の紹介は軽くとどめて、全章をまとめて評することを心がけた。偏った見解もあると思うがご了承頂きたい。

各章は、大別すると時間・空間・集団いずれかに関連した現象に注目している。1, 4, 8章では、時間に関連した現象を中心に調べている。1章では年齢構造を考慮した数理モデル、疫学において重要な概念である基本再生産数 R_0 について詳しく述べられている。4章では、媒介生物による感染伝達に伴う時間遅れを考慮した数理モデル、8章では感染の季節性を考慮した数理モデルに対する研究成果が紹介されている。5, 6章では空間構造の影響を主に置いている。5章では感染拡大をマクロな視点で拡散現象と捉え、感染が伝播する状況を表現した進行波解について詳しく論じている。6章では空間格子も含めて、ランダムグラフやスモールワールドといったネットワーク構造が感染拡大にどのような影響をもたらす得るかを議論している。2章ではデータから潜伏期間や R_0 を推定する定量的手法の紹介、3章では体内で生じる感染現象、とりわけウ

ルスによる感染と免疫系の相互作用に着目している。7章では、集団内の不均一性ともいべき性差・性行動様式の違いから生じる構造に着目し、エイズをはじめとする性感染症に対する数理研究が展開されている。9章ではウィルスの進化を基軸に、毒性の進化、空間構造の影響、抗原多様性など色々なトピックがまとめられている。

Kermack・McKendrick モデルとその研究は、感染がどう拡大していくかといった定性的性質を表現する視点やフレームワークを提供した点に大きな意義がある。一方で、実際に起こったペスト流行など局所的な感染拡大データを上手くフィットできる点も注目すべきである。彼らの研究が80年以上の歳月が経った今でもその輝きを保ち続けるのは、定量的・定性的両面からみても価値がある研究だったからかもしれない。さて、本書では2章を除いて、主に感染がどう拡大するかという定性的な側面に主眼を置いている。各章では古典的な枠組みでは捉えることのできない感染流行の性質に対して、数多くの示唆を与えており、読んでいて勉強になったし非常に面白かった。一方、2章では定性的研究と定量的研究のギャップを埋める研究の一端も紹介されている。近年、膨大な量のデータが得られるようになって、データを定量的に解析する研究の需要と重要性がますます増えてきているように思う。本書で紹介された様々な定性的な解析手法が定量的な解析と結びつけば、更に意義ある研究が展開できそうである。定性的研究の面白いトピックが凝集した本書に刺激され、新しい研究が萌芽するのを期待したい。

感染症流行では、まず小規模流行が起こってしばらく経って流行が沈静化した後、突如大規模流行が生じることがある。本書巻頭で述べられているように、残念ながら国内では疫学研究に数理手法があまり活用されていないようである。筆者は、本書が国内で感染症に対する数理研究の小規模流行を引き起こす可能性を秘めていると信じる。数理研究の大規模流行が起きるかどうかは、数理研究が拡大して定着できるかにかかっている。では、実際にどうすれば数理研究の大規模拡大が引き起こされるのだろうか？基本再生産数 R_0 をはじめとして本書で展開された理論が、まさしくその答えを与えてくれる。SIR モデルでは、感受性・感染者をそれぞれ資源・消費者と対応づけることが可能である。本書の多くは相互作用レベルでの理解を与えてくれる。このため、感染症の数理モデルで得られた興味深い示唆は、生態系やその他生命科学の諸分野に持ち込んで解釈することができるかもしれない。その逆も同様である。このような交流を可能にするのも、数理研究の醍醐味であろう。最後、営業トーク的になってしまって恐縮であるが、感染症にあまり精通していない方々も、本書を読んでみることをお勧めする次第である。

(東京大学・数理科学研究科 中岡慎治)

ニュース

第19回日本数理生物学会大会の知らせ

第19回日本数理生物学会大会 (JSMB09, Tokyo)

日時: 2009年9月9日(水)~11日(金)

場所: 東京大学駒場キャンパス・数理科学研究科棟

大会委員長: 稲葉 寿 (東京大学大学院数理科学研究科 inaba@ms.u-tokyo.ac.jp)

大会ホームページ:

<http://faculty.ms.u-tokyo.ac.jp/users/jsmb09/index.html>

日本数理生物学会大会19回大会を、2009年9月9日(水)、10日(木)、11日(金)の3日間の日程で、東京大学駒場キャンパス数理科学研究科棟にて、開催いたします。

本年は数理生物学懇談会の設立より通算いたしまして20周年の節目にあたりますので、記念招待講演などの特別企画を予定しております。また大久保賞受賞者の招待講演も予定しております。会員の皆様の積極的なご提案、ご参加をお待ちしております。

なお「企画シンポジウム」「一般講演(口頭発表,ポスター発表)」の申し込み、要旨提出期限等につきましては、以下のようになっていますので、お忘れなきようお願いいたします。詳細につきましては順次大会ホームページ(<http://faculty.ms.u-tokyo.ac.jp/users/jsmb09/index.html>)にて、お知らせいたします。

3月10日-4月30日	企画シンポジウム テーマ募集
5月1日-7月31日	一般講演(口頭,ポスター) 発表申込
7月1日-8月10日	講演要旨提出期限
5月1日-8月20日	懇親会参加申込期限

なにかご不明な点がございましたら、下記メールアドレスより大会事務局(中岡慎治)の方までご連絡下さい。

jsmb09@faculty.ms.u-tokyo.ac.jp

皆様からの多数のご応募をお待ちしております。よろしく願いいたします。

JSTよりCREST・さきがけ研究課題の募集のお知らせ(編集委員会による抜粋)*

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、3月17日より平成21年度の研究提案募集を開始しました。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。詳細は募集専用の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21年5月19日(火)正午 厳守

さきがけ: 平成21年5月12日(火)正午 厳守

平成21年度の研究提案は、府省共通研究開発管理システム(e-Rad)により行っていただけます。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下さい。
<http://www.e-rad.go.jp/>

研究提案を募集するCREST研究領域

「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)

研究提案を募集するさきがけ研究領域

「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)

「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)

「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)

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

*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>をご参照下さい。

日本数理生物学会事務局より

幹事長 佐藤一憲*

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ッカイ

【他銀行から振込】

店名(店番)：0八九(ゼロハチキュウ)店(089)

預金種目：当座

口座番号：0187984

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、会員と会員でない数理生物学に関心をお持ちの方々との交流や情報交換を目的とする、Biomath メーリングリストを運営しています。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、日本数理生物学会に新規に入会される際には、合わせてBiomath メーリングリストへの登録をお願いしています。また、現在会員の方でBiomath メーリングリストに未登録の方にもぜひ登録いただきますようお願いいたします。つきましては、未登録の方には、お手数ですが、以下のいずれかの方法でBiomath メーリングリストへご登録ください。

(1) Biomath メーリングリストに自分で登録する：登録は本文も件名も空白の電子メールを

biomath-ml-subscribe@brno.ics.nara-wu.ac.jp

にお送りいただくと、確認メールが返送されます。それに返信していただくと入会することになります。

(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：登録を希望する電子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：〒432-8561 静岡県浜松市中区城北3-5-1

静岡大学工学部システム工学科 佐藤研究室内

日本数理生物学会事務局

E-mail: morita@sys.eng.shizuoka.ac.jp

(会員関係担当幹事 守田智)

Fax: 053-478-1212

(幹事長 佐藤一憲)

登録された皆様の電子メールアドレスは厳重に管

*静岡大学・工学部

†東工大大学院・社会理工学研究科

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。その他、Biomath メーリングリストに関しましては

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

に記載しております。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、上記事務局宛に遠慮なくお問い合わせください。

事務的事項のお問い合わせ先について

入会、退会、所属先の異動など、会員情報の変更につきましては、会員関係担当幹事の守田智(morita@sys.eng.shizuoka.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担当幹事の宮崎倫子(rinko@sys.eng.shizuoka.ac.jp)へ、それ以外の事項につきましては、幹事長の佐藤一憲(sato@sys.eng.shizuoka.ac.jp)へお問い合わせください。

日本数理生物学会 2008年度 会計報告
2008年度会計幹事 中丸麻由子†

日本数理生物学会 2008年度決算
会計幹事 中丸麻由子

一般会計	2008年度予算		2008年度決算	
収入				
繰越	1,000,000		1,873,400	
会費	900,000		1,188,020	
大会還元金			0	
利子等		0	2,836	
計	1,900,000		3,064,256	
支出				
ニュースレター	冬印刷	55,000	46,200	
ニュースレター	冬郵便	70,000	29,400	
ニュースレター	春印刷	40,000	44,940	
ニュースレター	春郵便	40,000	28,000	
ニュースレター	秋印刷	40,000	46,200	
ニュースレター	秋郵便	70,000	29,920	
	名簿	150,000	113,704	
	選挙	0	0	
通信費等	通信費	50,000	4,620	
	ドメイン名経費	4,500	4,410	
	研究奨励賞経費	10,000	0	
事務局経費	事務局員経費	200,000	35,000	
	事務局諸経費	30,000	52,617	
特別会計へ		100,000	100,000	
小計		859,500	535,011	
予備費(次年度繰越)		1,040,500	2,529,245	
計		1,900,000	3,064,256	
特別会計	2008年度予算		2008年度決算	
収入				
繰越	384,749		913,694	
繰り入れ(一般)	100,000		100,000	
計	484,749		1,013,694	
支出				
大会費	50,000		0	
旅費	0		0	
小計	50,000		0	
予備費(次年度繰越)	434,749		1,013,694	
計	484,749		1,013,694	

監査報告

日本数理生物学会の2008年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。

監事 梶原 毅
2009年4月13日



研究集会カレンダー 2009年5月1日付 / 編集後記

2009

May 11-13 at University of Leicester, UK Mathematical Models of Collective Dynamics in Biology and Evolution (MDBE'09).

<http://www.math.le.ac.uk/PEOPLE/sp237/workshop/mdbe09.htm>

May 17-21 at Snowbird Ski and Sumer Resort, Utah SIAM Conference on Applications of Dynamical Systems (DS09).

<http://www.siam.org/meetings/ds09/>

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

Jun 12-16 at University of Idaho Evolution 2009 — the joint annual meeting of the SSE, SSB and ASN <http://www.uiweb.uidaho.edu/evolution09/>

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

Jul 1-3 at the Bath Institute for Complex Systems, University of Bath, Bath, UK International Conference on Mathematical Biology: Multiply Structured Populations in Biology <http://www.bath.ac.uk/math-sci/events/2009/msbs/>

Jul 18-23 at Berlin, Germany Annual International Computational Neuroscience Conference <http://www.cns.org/> (前号からの訂正)

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

Aug 1-6 at Brasilia, DF BIOMAT 2009 — International Symposium on Mathematical and Computational Biology. <http://www.biomat.org/>

Aug 16-21 at Brisbane, Australia The 10th international congress of Ecology <http://www.intecol10.org/default.asp>

Aug 24-26 at Mathematical Biosciences Institute, Columbus, OH MBI Workshop: Young Researchers in Mathematica Biology (WYRMB). <http://www.mbi.osu.edu/wyrm/wyrm2009.html>

Sep 9-11 at 東京大学 駒場キャンパス 日本数理生物学会 2009 年年会. <http://faculty.ms.u-tokyo.ac.jp/users/jsmb09/index.html>

Sep 9-12 at Cambridge, UK Evolution of Brain, Behaviour and Intelligence. https://registration.hinxton.wellcome.ac.uk/display_info.asp?id=130

Sep 21-25 at University of Warwick, UK European Conference on Complex Systems 2009 (ECCS '09). <http://eccs09.info/>

Oct 5-8 at San Francisco, California SIAM/ACM Joint Conference on Geometric Design and Solid & Physical Modeling. <http://www.siam.org/meetings/gdspm09/>

Oct 14-16 at Povo (TN), Italy International Workshop on High Performance Computational Systems Biology (HiBi09). <http://www.cosbi.eu/hibi09/>

Oct 14-16 at Porto, Portugal International ECCOMAS Thematic Conference VipIMAGE 2009 - II ECCOMAS Thematic Conference on Computational Vision and Medical Image Processing. <http://paginas.fe.up.pt/~vipimage/>

Dec 7-9 at Hilton Miami Downtown, Florida SIAM Conference on Analysis of Partial Differential Equations <http://www.siam.org/meetings/pd09/>

Dec 16-18 at Tumkur, India The 4th Indian International Conference on Artificial Intelligence (IICAI-09). <http://www.iiconference.org/>

編集委員会から

ニュースレター 58 号では 2007 年・2008 年の研究奨励賞受賞者、西浦博・今隆助・大槻久の各氏に「研究の最前線」原稿を寄稿していただきました。

今年も卒業論文・修士論文・博士論文の 200 字サマリーを掲載します。より詳しい要旨はオンライン版をご覧ください。各研究室での取りまとめありがとうございました。

そのほか、書評「生物現象におけるモデリングの数理」（いわゆるモデコン）の参加報告記、今年の数理生物学会大会の案内、科学技術振興機構さきかけ応募情報、佐藤一憲新事務局長による最初の事務局報告、2008 年会計報告と監査をお送りします。原稿を寄せていただいたすべての執筆者の方々に感謝いたします。

過去のニュースレターのオンライン版はホームページ (<http://www.jsmb.jp> の左メニュー Contents から「ニュースレター」を選択) から閲覧できます。(さ)

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>

印刷・製本 (株)ニシキプリント