

日本数理生物学会 ニュースレター

August
2010

62



TABLE OF CONTENTS

Newsletter of the Japanese Society for Mathematical Biology No. 62 August 2010

【特集】

第20回日本数理生物学会のご案内

高田 壮則 1

【総説】

Site-basedモデルから理解する個体群モデルの背景

穴澤 正宏 5

【書籍紹介】

シリーズ数理生物学要論

「『行動・進化』の数理生物学」数理生物学会・瀬野裕美(編)

大野 ゆかり 11

【ニュース】

公募情報 (理化学研究所) 12

学会事務局からのお知らせ 13

研究集会カレンダー 15

編集後記 16



第20回日本数理生物学会のご案内

2010年9月13日(月)~16日(木) 北海道大学・学術交流会館

The 20th Annual Meeting of Japanese Society for Mathematical Biology

September 13-16, 2010. Hokkaido University

第20回日本数理生物学会大会を9月13日~16日の日程で、北海道大学・学術交流会館にて開催いたします。例年の年會会期は3日間でしたが、遠方であることを考慮し、初日は早めに集合していただいた方々へのレセプションを設定いたしました。会期が4日間になっているのはそのためです。本大会は2000年に北海道大学函館キャンパスにて年會が開催されて以来、10年ぶりに北海道で開催される数理生物学会です。北の地北海道ならではのシンポジウム、懇親会を企画しております。

企画シンポジウムは8題です(登録順, 2節参照)。その他、招待講演を4件予定しております:

招待講演:

Prof. Andy Gardner (Dept. of Zoology, Univ. of Oxford, U.K.)

Prof. Veronica Grieneisen (John Innes Centre, Norwich, U.K.)

Prof. Ayato Takada (Research Center for Zoonosis Control, Hokkaido University)

Prof. Toru Fujiwara (University of Tokyo)

大会のプログラムと講演要旨は大会ホームページでご覧頂けます。印刷いたしました講演要旨集は大会会場受付で配布いたします。それでは、皆様のご参加を心よりお待ちしております。

第20回日本数理生物学会大会委員長 高田 壮則

大会ホームページ:<http://hosho.ees.hokudai.ac.jp/~takada/jsmb10/index.html>

1. 大会スケジュール

		13日(月)		14日(火)		15日(水)		16日(木)				
		15:00	16:00	9:00	10:00	11:00	12:00	13:00	14:00	15:00	16:00	17:00
小講堂	ホール	受付:会場入り口		P2: Fitness & evolutionary		S2: プランクトン		S1: ウイルス学		一般講演		
		P1: 招待講演		(昼食)		(昼食)		(昼食)		一般講演		
		レセプション		総会		特別講演		S6: 知性のメカニズム		一般講演		
第1会議室	第2会議室	S3: エゾシカ管理		S4: 感染症動態		一般講演		一般講演		一般講演		
		一般講演		一般講演		一般講演		一般講演		一般講演		
ホール				※11:00よりポスター掲示が可能です		ポスターコアタイム 《奇数番号》		(ポスター会場)		懇親会 (サッポロビール園 開拓使館1Fトロンメルホール)		
小講堂	第1会議室			S5: 感染症と数理								
第2会議室	ホール			※16:00までにポスターの撤去をお願いします		ポスターコアタイム 《偶数番号》						

2. 企画シンポジウム

P1) プレシンポジウム

Organizer: Akiko Satake (Hokkaido Univ.)

Speaker: Prof. Veronica Grieneisen (John Innes Centre, Norwich, U.K.)

Prof. Toru Fujiwara (University of Tokyo)

P2) Recent developments of inclusive fitness theory and its application to evolutionary biology.

Organizer: Joe Yuichiro Wakano (Meiji Univ., JST) • Hisashi Ohtsuki (JST) • Yutaka Kobayashi (Kyoto Univ.)

Last year we reviewed the inclusive fitness theory. We argued that coefficients of relatedness are defined not only between relatives but also between any two individuals based on identity by descent. In this symposium we show how the most recent techniques are applied to specific problems, such as evolution of cooperation. We also present results of our recent studies on a mathematical foundation of inclusive fitness theory.

S1) 計算ウイルス学の展開

企画者: 中林 潤 (総研大) • 岩見 真吾 (JST)

近年、分子生物学や免疫学などの発展により、ウイルス性疾患の発病機序の解明が進み、抗ウイルス薬やワクチン開発などに成果を上げている。しかし、その一方で新規ウイルス疾患の発生、薬剤耐性ウイルスの出現、一部の抗ウイルス療法における著効率の低さなど、未解決の問題も山積しているのが現状である。これらの問題の解決のためには、従来の手法に加え新たな研究戦略が必要であると考えられる。本シンポジウムでは、従来の学問分野の垣根を越えて実験科学と理論研究の融合を目指すウイルス学の新たな学問分野として「計算ウイルス学」を提唱し、その展開と役割について最新の研究成果を交えつつディスカッションしたい。

S2) プランクトンの個体群動態と競争 – 群集の決定要因 –

企画者: 水野 晃子 (総研大)

プランクトンの個体群変動や競争の結果を決定する要因をテーマに、理論から実験、野外研究までのさまざまなフィールドで活躍される研究者をお招きし、この分野における数理生物学の意味を議論する。

S3) エゾシカの食性とそれに伴う植生への影響に着目した管理方法の検討

企画者: 今野 建志郎 (横浜国大)

北海道では、一度絶滅寸前まで減少したエゾシカが大発生し、深刻な農林業被害や生態系への影響などをもち、社会問題となっている。そのため、エゾシカの生態や管理方法について多くの研究がなされている。しかし、シカによる植生変化の実態は知られつつあるが、シカ個体群の変化と植生変化の時間、空間スケールの違いから、両者の関係は十分に解明されていない。本企画では、これまでのエゾシカ対策では考慮されていなかった、自然植生への影響の解明のために必要なエゾシカの食性や、それに伴う植生への影響に関する実測やモデルについての最新の研究例を紹介するとともに、それをもとにしたエゾシカ管理の今後の展望について検討する。

S4) 感染症の Population Dynamics

企画者: 稲葉 寿 (東京大)

個体群レベルあるいは細胞レベルにおける感染現象を population dynamics として理解する視点から、最新の研究動向を報告して今後の展望を探る。

S5) 感染症と数理生物学

企画者: 高田 壮則 (北海道大)

近年、インフルエンザ、ニパ・ヘンドラウイルス感染症、エボラ・マールブルグ出血熱、症等の新興・再興感染症が世界各地で発生し、人類を脅かしています。このシンポジウムでは、数理生物学、バイオインフォマティクス、進化学、ウイルス学の研究者を招き、感染症に関するこれまでの研究成果について議論するとともに、異分野共同について今後の展望を模索する。

S6) 知性のメカニズム

企画者: 手老篤史 (電子研)

単細胞生物の行動制御から人間の思考といった生物の広い意味での知性に関して、さまざまな角度から行われている研究成果を紹介します。具体的には1、粘菌の脳機能発現メカニズム (高木) について 2、粘性を利用したアメーバ運動について (秋山) 3、粘菌やゾウリムシの思考システム (手老) 4、脳の数理モデル (渡部) の内容で発表する予定である。

3. 一般講演（口頭発表・ポスター発表）発表要項

発表時間は、講演、質疑応答も含めて20分です。発表はPCによるプロジェクターでのプレゼンテーションになります。各部屋にWindows搭載のノートパソコンを準備します。備え付けのPCをご利用の方は、受付にて発表ファイルを事前に受取ります。原則として会場ではファイルを受取りません。Mac、Linuxその他OS搭載の備え付けのPCは用意しませんので、持込のPCにて発表して頂きます。なお、持込PC接続にかかる時間も発表時間に含まれます。発表直前にはパソコンを接続する準備をしておいて下さい。

ポスター発表では幅90cm、高さ180cmのパネルを用意します。ポスターの貼れる領域は幅85cm、高さ150cmになります。A0サイズ（841×1189mm）のポスターをご準備ください。

ポスター掲示期間は2日間になります。奇数、偶数番号のコアタイムをそれぞれ15日（水）12:00～14:00、16日（木）12:30～14:30に設定しています。ポスターは、15日11:00から掲示が可能で、16日16:00までに撤去してください。コアタイムの時間帯には、必ずポスターの前で説明等をお願いします。

4. 懇親会

懇親会は9月15日（水）18時から、サッポロビール園の開拓使館1階にあるトロンメルホールを借り切つて行ないます。トロンメルホールは、明治時代のロマン香る、古き良きドイツを感じさせるホールです。今回の懇親会費は少々お値段が張りますが、日本のビールの聖地ここサッポロビール園でしか飲めない限定ビー

ルを特別に用意し、北海道の食材を中心に揃えてあります。羊肉が苦手なためジンギスカン以外に魚介類も用意しています。菜食主義のかたのための料理も用意できますが、この場合、大会申込の際あらかじめその旨をお伝えください。

5. 参加費と事前振込のお願い

7月31日までに申込み頂いた方の大会参加費は一般4000円、学生2000円、8月1日以降に申込み頂いた方は一般4500円、学生2500円となっております。7月31日までに申込み頂いた方の懇親会費は一般5000円、学生3500円、8月1日以降の申込者は一般6000円、学生4500円となります。参加費は、通信欄に振込の内容（参加費、懇親会費等）と連絡先を明記し、下記の講座へお振込み下さい。もう既に参加登録済みの方におかれましては、速やかに参加登録費をお支払いいただきますようお願い申し上げます。参加予定でまだ参加申込みをされていない方におかれましては、大会本部に

て当日参加を承っております。大会当日は込み合うことが予想されますので、予めwebにてご登録の上、大会参加費をお支払い頂ければ幸いです。

※ゆうちょ銀行の受領書は大切に保管し、参加初日に大会会場受付へご持参下さい。

加入者：JSMB10

口座番号：02780-4-84754

6. 大会実行委員と問い合わせ先

高田壮則（北大・地球環境，委員長），佐竹暁子（北大・創成），辻宣行（北大・サステイナ研），西浦廉政（北大，電子研），西村欣也（北大・水産），原登志彦（北大，低温研），加藤元海（高知大）

大会全般に関するご質問は，大会委員長・高田壮則（E-mail：jsmb10@census.hokudai.ac.jp）までお尋ね下さい。

会場へのアクセスは，北海道大学 HP 内，以下の URL をご参照ください。

北海道大学（交通アクセス）

http://www.hokudai.ac.jp/footer/ft_access.html

学术交流会館（学内マップ）

<http://www.hokudai.ac.jp/bureau/map/map4.htm>



北海道大学構内

【総説】

Site-based モデルから理解する個体群モデルの背景

穴澤 正宏*

1. はじめに

個体群生態学では、様々な離散時間の個体群モデルが使用されるが、これらは現象論的なモデルとしてトップダウン的に導入されることが多い。しかし、個体群の動態は個体レベルの過程の積み重ねから生じてくるはずであり、個体レベルの過程と個体群レベルの動態の関係を明らかにしていくことは重要な課題である。この両者の関係を明らかにするための有効な方法の一つとして、個体レベルのモデルからボトムアップ的に個体群モデルを導出することが考えられる。これは、個体群モデルの第一原理導出などとも言われるが、近年、Site-based モデルという枠組みから、いろいろな離散時間の個体群モデルが導出されるようになり、様々な個体群モデルの背景やモデル間の相互の関係を理解できるようになってきた（図 4, 表 1）。

私はもともと理論物理（素粒子論）の出身であるが、最近、Site-based モデル関連の研究を行ってきた。統計力学のように、個体というミクロな対象間の様々な過程の積み重ねから、個体群動態というマクロな現象を理解しようというところに無意識に引かれたのかも知れない。Site-based モデルの考え方や初期の成果については、最近の数理生物学のテキスト [1][2] でも取り上げられている。今回、Site-based モデルについての総説を書く機会をいただいたので、上記のテキストが出版された後の進展にも重点をおいて解説を行いたい。

2. 個体群モデルの第一原理導出

まず、Site-based モデルの研究の歴史的な流れについて簡単にまとめる。Site-based モデルでは、離散時間の個体群モデル $x_{t+1} = f(x_t)$ を個体レベルの過程の考察から導こうとする（ここで、 x_t は世代 t の個体群サイズ）。Site-based モデルの構成に影響を与えた考え方に、Royama による Ricker モデルの導出 [3] がある。Royama は連続的な空間に資源が一様に分布し、個体

群を構成する個体がランダムに分布している状況を考えた。各個体が繁殖するためには、自分を中心とした一定面積に分布する資源が必要であると仮定すると、自分の近くに他個体がいると資源の奪い合いのために生まれる子供の数の期待値は下がる。このように考えて、Royama は個体群モデルとして Ricker モデルを導出した。

Site-based モデルでは、後述するように、生息地が離散的な多数の資源サイトからなり、個体がそれらの資源サイトにランダムに分布している状況を仮定している。Site-based モデルの原型となる個体ベースモデルは、ミツバチに寄生するダニの個体群動態を記述するために提案され、個体群モデルとして Ricker モデルが導出された [4]。ダニは雄バチの幼虫に卵を産みつけるので、ここでは、資源サイトはハチの巣の各セルに入っている雄バチの幼虫に対応している。この個体ベースモデルは、より一般的なモデルへと拡張され（Well-mixed site-based models と称された）、確率的な性質が一般的に調べられた [5]。また、[6] では、個体間の競争がスクランブル型またはコンテスト型である場合を仮定して、Site-based モデルの枠組みから具体的に様々な個体群モデルが導出された。

さらに、最近の進展であるが、Site-based モデルは、個体間の競争を個体間での資源の分配から考察するように拡張され、スクランブル型とコンテスト型の中間の競争型に対する個体群モデルが導かれた [7]。この個体群モデルは競争のタイプと個体の空間分布の集中度のそれぞれに対応する 2 つのパラメータを持っているが、これらのパラメータの値を変化させると、このモデルは既知の様々な個体群モデルの間を移り変わる（図 4, 表 1）。この意味で、この個体群モデルは、様々な個体群モデルの相互関係を統一的に理解する方法の一つの方法を与えている。また、この他の進展として、アリー効果を示す個体群モデルの導出 [8] や、季節や成長段階により競争する資源の種類や競争のタイプが異なる場合の個体群モデルの導出 [9] などもある。本

*東北工業大学工学部環境情報工学科

稿では、特に [6][7] による個体群モデルの導出に重点をおいて解説し、その後の進展として [9] についても概略を記したい。

3. Site-based モデル

3.1 基本的な考え方

まず、Site-based モデルの基本的な考え方について [6] にしたがって概略を説明する。Site-based モデルでは、以下のような状況を仮定している。まず、生息地は離散的な多数の資源サイト（またはパッチ）からなるとし、個体群を構成する個体はこれらの資源サイトにランダムに分布しているとする（図 1）。各個体はその世代のはじめに一度サイトに入ると、サイト間の移動はしない。したがって、資源をめぐる競争は同じサイト内にいる個体の間だけで行われている。各サイトから生まれる子供の数は、サイト内での競争により決まってくるが、各サイトから生まれた子供は、そのサイトを一旦出て、すべてのサイトの中からランダムに生息するサイトを選びそこに入る。親個体は繁殖期を過ぎるとすべて死ぬ。以上が一世代の流れである。特徴は、

- サイト内の局所的な競争
- 一世代に一度の大域的かつランダムな個体の再配置

の 2 点である。

資源サイトの個数を n とし、世代 t の個体群サイズを x_t とするとき、次世代の個体群サイズの期待値は次の式で表すことができる：

$$x_{t+1} = n \sum_{k=1}^{\infty} p_k(x_t) \phi(k). \quad (1)$$

ここで、 $p_k(x_t)$ はちょうど k 個体を含むサイトの全サイト中での割合であり、 x_t の関数であるとする。 $\phi(k)$ は k 個体を含むサイトから生まれる子供の数の期待値であり、相互作用関数 (Interaction function) と呼ばれている。簡単に言うと、 $\phi(k)$ はサイト内の局所的な個体群動態を表現している。具体的に $p_k(x_t)$ と $\phi(k)$ の関数形を一組決めると、(1) 式から一つの個体群モデル $x_{t+1} = f(x_t)$ が定まることになる。

3.2 スクランプル型とコンテスト型競争の個体群モデルの導出

次に、[6] による個体群モデルの導出について具体的に見ていこう。サイト数 n は十分大きいと仮定し、分布 $p_k(x_t)$ として、ポアソン分布、負の二項分布、理想自由分布の 3 種類が仮定された。ここでは、個体がサ

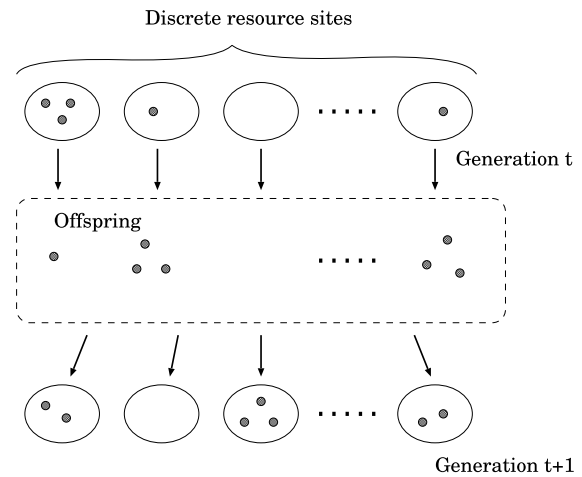


図 1 Site-based モデルの概念図

イト間に完全にランダムに分布する場合に対応するポアソン分布と、集中分布としてよく使われる負の二項分布の場合を考察する。平均が x_t/n の負の二項分布は次式のように書ける：

$$p_k(x_t) = \frac{\Gamma(k+\lambda)}{\Gamma(\lambda)\Gamma(k+1)} \left(\frac{x_t}{\lambda n}\right)^k \left(1 + \frac{x_t}{\lambda n}\right)^{-k-\lambda}. \quad (2)$$

ここで、 $\lambda > 0$ は分布の集中度の逆数に対応するパラメータである。この分布は、 $\lambda \rightarrow \infty$ の極限として次のポアソン分布を含んでいる：

$$p_k(x_t) = \frac{1}{k!} \left(\frac{x_t}{n}\right)^k e^{-x_t/n}. \quad (3)$$

相互作用関数 $\phi(k)$ は、スクランブル型の競争に対応するものと、コンテスト型の競争に対応するものの 2 種類が仮定された。まず、スクランブル型の競争に対応するものとして

$$\phi(k) = b\delta_{k,1} \quad (4)$$

と仮定された。ここで、 $\delta_{i,j}$ はクロネッカーのデルタ ($i=j$ の場合のみ 1, その他の場合は 0) であり、 b は正の定数である。したがって、 $k=1$ のサイトでのみ繁殖が行われる。2 個体以上含むサイトでは、どの個体も十分な資源を得ることができず、繁殖が行われない状況に対応している。この場合の個体群モデルであるが、(4) 式を (1) 式に代入すると、 $x_{t+1} = nb p_1(x_t)$ となる。したがって、個体数分布が負の二項分布の場合、次の Hassell モデルが得られる：

$$x_{t+1} = b x_t \left(1 + \frac{x_t}{\lambda n}\right)^{-\lambda-1}. \quad (5)$$

また、この式で $\lambda \rightarrow \infty$ の極限をとると、次の Ricker モデルが得られる：

$$x_{t+1} = bx_t e^{-x_t/n}. \quad (6)$$

一方、コンテスト型の競争に対応する相互作用関数としては

$$\phi(k) = bI_{k \geq 1} \quad (7)$$

と仮定された。ここで、 $I_{k \geq j}$ は $k \geq j$ の場合は1、それ以外の場合は0を表す記号とする。サイトに複数の個体がいる場合、その中の1個体だけが必要な資源を独占し繁殖する状況に対応している。この場合の個体群モデルは、(7)式を(1)式に代入すると、 $x_{t+1} = nb\{1 - p_0(x_t)\}$ となる。したがって、個体数分布が負の二項分布の場合、次のモデル (Brännström-Sumpter モデル) が得られる：

$$x_{t+1} = nb \left\{ 1 - \left(1 + \frac{x_t}{\lambda n} \right)^{-\lambda} \right\}. \quad (8)$$

また、この式で、 $\lambda \rightarrow \infty$ の極限をとれば、次の Skellam モデルが得られる：

$$x_{t+1} = nb(1 - e^{-x_t/n}). \quad (9)$$

以上のように、相互作用関数として非常にシンプルな関数を仮定することで、簡単な計算により、スクランブル型とコンテスト型の場合の個体群モデルを導出することができた。また、導出された個体群モデルの式を見ると、個体レベルのモデルのパラメータ (n, b, λ) が個体群動態を記述するモデルのパラメータとどのように関係しているかを読み取ることができる。

3.3 中間型競争の個体群モデルへの拡張

上で説明したように、[6]では、個体間の競争がスクランブル型またはコンテスト型である場合に個体群モデルが導出された。しかし、実際の生物個体間の競争は、スクランブル型かコンテスト型のどちらかであると考えより、両者の中間的な競争型と考えた方が適切な場合もある (例えばマメゾウムシの場合など [10])。また、もし、中間型の競争に対する個体群モデルが得られれば、そのモデルの特別な場合として、既知のいろいろな個体群モデルを統一的に理解することもできるであろう。そこで、次は [7] にしたがって、中間型の競争に対する個体群モデルの導出について考える。

中間型の競争を考えるためには、相互作用関数の形を単純に仮定するのではなく、サイト内の個体間での資源の分配を具体的に考察することにより導いていく必要がある。まず、基本的な仮定として、各個体が繁殖するためには、ある一定の資源量 s を得る必要があるという仮定をおく。 s 以上の資源を得られた個体は

平均して一定数の子供を生み、得られなかった個体はまったく繁殖できないと単純化して考える。サイトに含まれる資源は、サイト内の個体間で分配されるが、まず、スクランブル型とコンテスト型の競争に対応する分配方法を次のように定義する：

- スクランブル型の分配方法

サイト内の資源は、サイト内の個体間で平等に分配される。

- コンテスト型の分配方法

サイト内の資源は、サイト内の競争に強い個体から順番に繁殖に必要な資源量 s が分配されていく。この分配の結果、資源量 s を得られた個体だけが繁殖する。また、各サイトに含まれる資源量を R とすると、これは定数ではなく、次の分布密度関数をもつ指数分布 (\bar{R} は平均) にしているかと仮定する：

$$q(R) = e^{-R/\bar{R}}/\bar{R}. \quad (10)$$

この指数分布は、合計で $n\bar{R}$ の資源が n 個のサイトにまったくランダムに分配されてる状況に対応している (n は十分大きいとする)。以上のような仮定からスクランブル型とコンテスト型の競争のそれぞれの場合に対して、相互作用関数を導出することができる。詳細は省略するが、得られる相互作用関数は、それぞれ (4), (7) 式の相互作用関数を特別な場合として含む関数になっている。

スクランブル型とコンテスト型の中間の競争型に対する資源の分配方法は、上で定義した2つの分配方法の中間的なものとして、次のように定義する：

- 中間型の分配方法

まず、サイト内のすべての個体はサイト内の資源から平等に $\hat{s} (< s)$ の資源を取得する。残った資源については、競争に強い個体から順番に分配されていく。この際、各個体は合計でちょうど s の資源を得るように取得していく (図 2)。

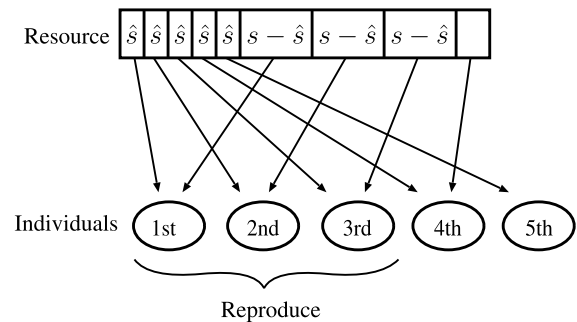


図 2 中間型競争の場合の資源の分配方法

いま、資源量 R を持ち、 k 個体を含むサイトを考え

ると、競争の強さが m 番目の個体が繁殖に必要な資源量 s を得るためには、 $R - \hat{s}k \geq (s - \hat{s})m$ が成り立っている必要がある。したがって、相互作用関数は、次のように書き表すことができる。

$$\phi(k) = \sum_{m=1}^k b' \text{Prob}[R \geq \hat{s}k + (s - \hat{s})m]. \quad (11)$$

ここで、 b' は正のパラメータで、資源 s を得られた親個体が産む子供の数の平均値に適切な期間にわたる子供の生存率をかけたものである。指数分布 (10) を用いて、(11) 式中の確率を具体的に計算すれば、 $\phi(k)$ は等比数列 $b'e^{-\hat{s}k}e^{-(s-\hat{s})m}$ の和になることがわかる。結果として次のような相互作用関数が求まる：

$$\phi(k) = b(\hat{c}^k - c^k)/(\hat{c} - c). \quad (12)$$

ここで、 $c = e^{-s/\bar{R}}$, $\hat{c} = e^{-\hat{s}/\bar{R}} (> c)$, $b = b'c$ である。なお、(12) 式で、 $\hat{c} \rightarrow c, c \rightarrow 0$ の極限をとると、スクランブル型の相互作用関数 (4) が得られ、一方、 $\hat{c} \rightarrow 1, c \rightarrow 0$ の極限をとると、コンテスト型の相互作用関数 (7) が得られる。したがって、中間型の相互作用関数 (12) は、3.2 節のスクランブル型とコンテスト型の相互作用関数を特別な場合として含んでいる。

中間型の競争の場合の個体群モデルは、(12) 式を (1) 式に代入して和を計算すると、個体数分布が負の二項分布の場合、次のようになる：

$$\hat{x}_{t+1} = \frac{bn}{1-\beta} \left\{ \left(1 + \beta \frac{\hat{x}_t}{\lambda n}\right)^{-\lambda} - \left(1 + \frac{\hat{x}_t}{\lambda n}\right)^{-\lambda} \right\}. \quad (13)$$

ここで、 $\hat{x}_t = (1-c)x_t$ であり、 β は

$$\beta = (1-\hat{c})/(1-c) \quad (14)$$

と定義され、競争のタイプを表現するパラメータ ($0 < \beta < 1$) になっている。 $\beta \rightarrow 0$ の極限はコンテスト型、 $\beta \rightarrow 1$ の極限はスクランブル型の競争に対応している。

個体群モデル (13) の興味深い点は、このモデルは様々な個体群モデルを特別な場合として含んでいる点である。図 4 や表 1 に示したように、2つのパラメータ β, λ に対し様々な極限をとると、このモデルは様々な個体群モデルの間を移り変わる。したがって、この個体群モデルを使うと、2つのパラメータを通して、様々な個体群モデルの相互の関係を理解することができる。

4. その他の進展

4.1 複数の資源の関わる競争のモデル

前節で考察した競争は、1種類のみ資源をめぐる競争であった。しかし、複数の資源が関係する競争の

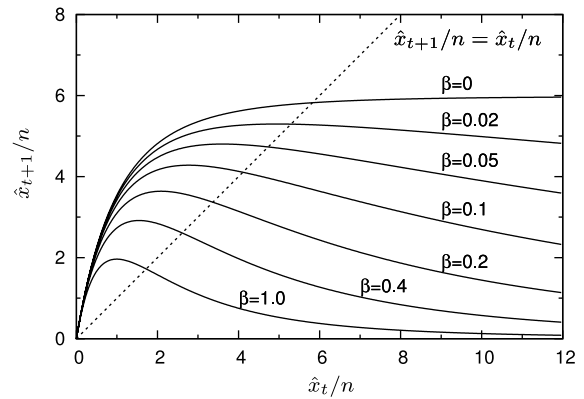


図 3 中間型の個体群モデルの再生産曲線 ($\lambda=4, b=6$ の場合)。 β の値を変化させると、コンテスト型のモデル ($\beta=0$) とスクランブル型のモデル ($\beta=1$) の間を連続的に移り変わる。

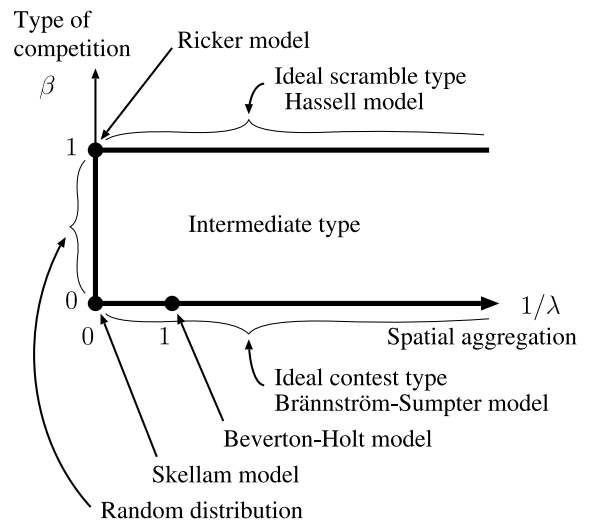


図 4 様々な個体群モデルの相互関係。図に示された様々な個体群モデルは、中間型の個体群モデルの特別な場合として解釈することができる。

場合には、どのような個体群モデルが得られるのであろうか。複数の資源が関係する競争として、同時に複数の資源をめぐる競争する状況や、季節や成長段階により競争する資源の種類や競争のタイプが変わる状況などが考えられる。ここでは、より基本的な後者の状況について考える [9]。

いま、個体がサイトに配置されてから繁殖期の直前までの期間が、図 5 に示したように N 個の個別の競争期間に分かれている状況を考えよう。各競争期間では、個体は 1 種類の資源をめぐる競争しているが、異なる競争期間では、競争する資源や競争のタイプは一般に異なっているものとする。競争期間 i ($i=1, 2, \dots, N$) では、資源 i をめぐり競争するとし、個体はその期間を生き延びて次の競争期間に進むためには、資源 i について s_i を取得する必要があるとする。最後の競争期

表 1 Site-based モデルから導出される様々な個体群モデル

Type	$\hat{x}_{t+1} =$	β	λ	Model name
I	$\frac{nb}{(1-\beta)} \left\{ \left(1 + \frac{\beta \hat{x}_t}{\lambda n}\right)^{-\lambda} - \left(1 + \frac{\hat{x}_t}{\lambda n}\right)^{-\lambda} \right\}$	-	-	
I	$b \hat{x}_t \left\{ \left(1 + \frac{\beta \hat{x}_t}{n}\right) \left(1 + \frac{\hat{x}_t}{n}\right) \right\}^{-1}$	-	1	
I	$\frac{nb}{1-\beta} \left(e^{-\beta \hat{x}_t/n} - e^{-\hat{x}_t/n} \right)$	-	∞	
S	$b \hat{x}_t \left(1 + \frac{\hat{x}_t}{\lambda n}\right)^{-\lambda-1}$	1	-	Hassell model
S	$b \hat{x}_t e^{-\hat{x}_t/n}$	1	∞	Ricker model
C	$nb \left\{ 1 - \left(1 + \frac{\hat{x}_t}{\lambda n}\right)^{-\lambda} \right\}$	0	-	Brännström-Sumpter model
C	$b \hat{x}_t \left(1 + \frac{\hat{x}_t}{n}\right)^{-1}$	0	1	Beverton-Holt model
C	$nb \left(1 - e^{-\hat{x}_t/n}\right)$	0	∞	Skellam model

I, intermediate competition; S, ideal scramble competition; C, ideal contest competition.

間 N の終わりまで生き延びた個体は、次の繁殖期に入り繁殖するものとする。

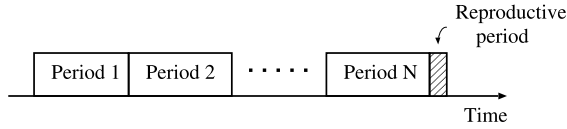


図 5 全体の競争期間の構成.

このように、別々の競争期間が連なっている場合の競争は、どのように扱ったらよいであろうか。ある期間での競争の結果、サイト内で生存している個体の数が変化したとすると、それは次の競争期間での競争に影響を与える。したがって、時間の経過による生存個体数の変化を追跡していく必要がある。いま、競争期間 i のはじめに、サイト内に k 個体が生存していたとき、その競争期間の終わりに生存個体数が m に減少している確率を遷移確率 $T_{k,m}^{(i)}$ とする。また、この遷移確率を行列要素とする行列を遷移行列 $T^{(i)}$ とする。このとき、 N 個の個別の競争期間からなる全体の競争期間に対する遷移確率は次式のように表される：

$$T_{k,m} = \sum_{l_1=1}^k \sum_{l_2=1}^k \cdots \sum_{l_{N-1}=1}^k T_{k,l_1}^{(1)} T_{l_1,l_2}^{(2)} \cdots T_{l_{N-1},m}^{(N)}. \quad (15)$$

行列の形では、次のような行列の積で表される：

$$T = T^{(1)} T^{(2)} \cdots T^{(N)}. \quad (16)$$

このように、隣り合う競争期間の競争が合成された効果は、遷移行列の積で取り扱うことができる。全体の競争期間に対する遷移行列 T が求められたとすると、相互作用関数は次式から計算することができる：

$$\phi(k) = \sum_{m=1}^k b' T_{k,m} m. \quad (17)$$

いま、具体的に 2 つの競争期間の競争が合成されたときの効果を求めてみる。このためには、対応する 2 つの遷移行列の積を具体的に計算する。期間 i ($i=1,2$) の競争は、パラメータの組 $(\hat{c}_i, c_i) = (e^{-\hat{s}_i/\bar{R}_i}, e^{-s_i/\bar{R}_i})$ で指定される中間型の競争であるとし、その期間に対する遷移行列を $T_i(\hat{c}_i, c_i)$ と書くことにする。このとき、具体的に計算してみると、対応する 2 つの遷移確率の積は表 2 の (18) 式の関係を満たしていることがわかる。つまり、2 つの中間型の競争が合成された効果は、別の 2 つの中間型の競争の効果の線形和 (内挿) に等しいことが分かる。

また、表 2 の (18) 式において、 \hat{c}_i, c_i の値に関していろいろな極限を考えると、スクランブル型とコンテスト型の遷移行列の積についての関係式 (19)~(22) を得ることができる。ここで、 T_S, T_C は、それぞれスクランブル型とコンテスト型の競争に対する遷移行列である。この表の中で、特に (21) 式と (22) 式を比べると、スクランブル型とコンテスト型の競争が合成される場合、この 2 つの競争の順序によって、合成の結果はまったく異なってくる事が分かる。また、詳細は省略するが、ここで得られた遷移行列の積についての関係式 (18)~(22) を基礎として、同時に複数の資源をめぐる競争している場合 (一方がスクランブル型、もう一方がコンテスト型など) の個体群モデルも導出することができる。

表 2 2つの遷移行列の積についての関係式

Type	Relation
II	$T_I(\hat{c}_1, c_1)T_I(\hat{c}_2, c_2) = \frac{\hat{c}_1 - c_1}{\hat{c}_1 - c_1 \hat{c}_2} T_I(\hat{c}_1, c_1 c_2) + \frac{c_1(1 - \hat{c}_2)}{\hat{c}_1 - c_1 \hat{c}_2} T_I(c_1 \hat{c}_2, c_1 c_2)$ (18)
SS	$T_S(c_1)T_S(c_2) = T_S(c_1 c_2)$ (19)
CC	$T_C(c_1)T_C(c_2) = T_C(c_1 c_2)$ (20)
SC	$T_S(c_1)T_C(c_2) = T_I(c_1, c_1 c_2)$ (21)
CS	$T_C(c_1)T_S(c_2) = \frac{1 - c_1}{1 - c_1 c_2} T_C(c_1 c_2) + \frac{c_1(1 - c_2)}{1 - c_1 c_2} T_S(c_1 c_2)$ (22)

II, intermediate followed by intermediate; SC, scramble followed by contest; etc.

4.2 種間競争のモデル

これまでの考察では、1種の生物の個体群動態のみを考えてきた。しかし、Site-basedモデルの中で、2種の生物を仮定して同様に考えていけば、2種の生物種間の競争モデルを導出することができる。この場合、2種の生物の資源をめぐる競争がそれぞれどのようなタイプなのかにより、様々な個体群モデルが導かれる。これについては、まだ論文としてまとめていないので、結果の詳細については別の機会に譲りたい。

5. おわりに

本稿では、近年のSite-basedモデルの研究により、様々な個体群モデルの背景やモデル間についてどのような示唆が得られているのかを紹介した。Site-basedモデルのように、個体レベルの過程から個体群動態を考察していく研究が、今後、いろいろなアイデアと融合しつつ、ますます活発になることを願っている。

参考文献

- [1] 瀬野裕美, 2007. **数理生物学：個体群動態の数理モデリング入門**. 共立出版.
- [2] 瀬野裕美編, 2008. **シリーズ数理生物学要論巻1：「数」の数理生物学**. 共立出版.
- [3] T. Royama, 1992. *Analytical population dynamics*. Chapman & Hall.
- [4] D. J. T. Sumpter and D. S. Broomhead, 2001. Relating individual behaviour to population dynamics. *Proc. R. Soc. B*, 268:925–932.
- [5] A. Johansson and D. J. T. Sumpter, 2003. From local interactions to population dynamics in site-based models of ecology. *Theor. Popul. Biol.*, 64:497–517.
- [6] Å. Brännström and D. J. T. Sumpter, 2005. The role of competition and clustering in population dynamics. *Proc. R. Soc. B*, 272:2065–2072.
- [7] M. Anazawa, 2010. The mechanistic basis of discrete-time population models: The role of resource partitioning and spatial aggregation. *Theor. Popul. Biol.*, 77:213–218.
- [8] M. Anazawa, 2009. Bottom-up derivation of discrete-time population models with the Allee effect. *Theor. Popul. Biol.*, 75:56–67.
- [9] M. Anazawa, 2010. Combined effect of successive competition periods on population dynamics. arXiv1007.0622.
- [10] Y. Ishii and M. Shimada, 2008. Competitive exclusion between contest and scramble strategists in callosobruchus seed-beetle modeling. *Popul. Ecol.*, 50:197–205.

書籍紹介



シリーズ 数理生物学要論 (全3巻) 『行動・進化』の数理生物

数理生物学会・瀬野裕美 (編)
共立出版, 2010年2月, 208p
ISBN: 9784320057029

『『行動・進化』の数理生物学』は、日本数理生物学会の前身である日本数理生物学懇談会が設立されてから20年目を迎えるにあたり、数理生物学が蓄積してきたこれまでの知見を体系化すべく、企画されたシリーズの第3巻目です。行動・進化の幅広い話題が詰め込まれており、多くの読者を満足させる内容となっています。

第1章は巖佐先生が執筆された「適応と進化」、第2章は山村先生が執筆された「動物の交配戦略」、第3章は酒井先生が執筆された「植物の繁殖戦略」、第4章は瀬野先生が執筆された「動的計画法による最適行動連鎖」、第5章は西森先生が執筆された「アリの採餌ダイナミクスと数理モデル」、第6章は江副先生が執筆された「寄生と相利共生の進化」、第7章は佐々木先生が執筆された「軍拡競争・共進化・種分化」、第8章は中丸先生・若野先生が執筆された「人間社会と協力・学習の進化」という構成になっています。前半は解析的に解けるモデルを中心に、後半になるにつれて、シミュレーションを使うモデルへと移っていきます。

まず第1章ですが、行動・進化の理論について俯瞰的に扱っています。適応度を最大にする適応戦略の理論や、相手の戦略によって適応度が変化するゲーム理論、進化結果ではなく進化過程を重視した、進化スピードや確率(ランダムドリフト)の理論、最後に進化可能性まで議論しています。行動・進化と一口に言っても、様々な視点から見るができることが、この章を読むだけでもよく分かります。

第2・3章は、ゲーム理論を用いて、動物の交配戦略や植物の繁殖戦略の Evolutionarily Stable Strategy (ESS) を導いています。第3章は植物の章ですが、局所的配偶者競争や卵の最適な大きさといった、動物にも当てはまる話題なので、動物を研究対象としている人でも楽しめます。第2・3章は解析的に解けるモデルを扱っている上、グラフが多いため、分かりやすく

なっています。

第4章は、難しそうに見える動的計画法です。しかし最初に、動的計画法の基礎を理解するために、詳細に採餌場所選択の理論が説明されています。プログラムを書ける人は、実際にプログラムを書いて計算してみると、動的計画法がより分かりやすくなるかもしれません。

第5章は、アリの集団行動、採餌における空間での最適経路形成です。この章はユニークで、アリがフェロモンをたどるモデルを紹介しています。他の章とはアプローチが異なるため、この章だけ独立にして読むこともできます。

第6章は、寄生と相利共生について、感染モデルや Adaptive Dynamics, 空間構造を考慮したゲーム理論などを幅広く紹介しています。第7章は、軍拡競争・共進化・種分化の Adaptive Dynamics です。量的形質の進化: Adaptive Dynamics 入門というセクションがあり、これから勉強したい人にとっても、役に立つ章になっています。

第8章は、再びゲーム理論に戻り、人間の協力的行動や学習の進化について書かれています。基本の囚人のジレンマから始まり、協力の進化における罰や空間の効果について議論されています。また、学習のモデルでは、環境変動の周期によって変化する、生得的行動、個体・社会学習の利点について書かれています。協力や文化に興味のある人には、面白い章となっています。

まとめますと、本書はゲーム理論や動的計画法、Adaptive Dynamics を扱っており、数理生物学を志す学生だけでなく、若手研究者にも有用な一冊です。研究室の輪読会に使うことにも適しています。実は、今回の書評を引き受けるにあたり、「大学(院)生からの意見も重要だろう」と考え、研究室で輪読会を開きました。参加者は『『行動・進化』の数理生物学』に掲載されている理論についてあまり親しくない学生達です。基礎から学びたい、という学生にとっては、説明が省略されている部分があり、大変そうでした。しかし、数理生物学の様々なトピックを知ることができ、興味深かったようです。本で紹介されている解析方法に興味を持ち、その後、独自に調べ始めた学生もいました。ただ一つ、残念なことに、いくつか誤植が見られ、それらが学生達を苦しめていました。輪読会等で使われる際は、その点だけ気をつけていただきたいと思えます。

(東北大学大学院生命科学研究所 大野ゆかり)

ニュース

■ 独立行政法人理化学研究所 基幹研究所 望月理論生物学研究室 研究員（定年制）募集

【募集研究室】

基幹研究所・望月理論生物学研究室（主任研究員：望月敦史）

【研究室の概要】

当研究室は、分子・細胞・発生生物学における様々な生命現象に対し、数理科学・物理学・計算科学などの理論的手法を用いて解明に取り組んでいる。研究室の概要については、以下のWeb siteを参照のこと。

<http://www.riken.jp/theobio/>

【募集職種及び募集人数】

研究員（定年制）1名

【応募資格】

数理科学、物理学、計算科学などの理論科学分野において、研究実績のある博士号取得（見込）者で、かつ生命現象に取り組もうと考える者。もしくは分子生物学、細胞生物学、発生生物学などの分野において、研究実績のある博士号取得（見込）者で、かつ理論的研究に取り組もうと考える者。応募者のこれまでの研究分野よりは、むしろ「生命現象を理論的に解明すること」に対する意識の高さを重視する。自身のアイデアで研究を立案し、積極的に進めていける方の応募を期待する。1年以上の海外研究歴を有することが望ましい。

【勤務地】

事業所及び住所：基幹研究所

〒351-0198 埼玉県和光市広沢2番1号

【待遇】

定年制職員（60歳定年）。但し、採用時に審査結果によっては5年間の任期制職員として採用され、3年終了後に定年制移行審査を受ける事となる。任期制職員として雇用される場合の年取・勤務条件は定年制職員に準ずる。年棒制（規程に基づき諸手当支給）社会保険の適用あり。休日は、土日、祝日、年末年始（12/29-1/3）、当研究所創立記念日。その他、研究所規程による。日本学生支援機構奨学金（平成15年度までに大学院第一

種奨学生に採用されている場合）の返還特別免除の対象、科学研究費補助金の申請資格有り。

【応募方法及び締切日】

[提出書類]

- (1) 履歴書（写真付き）
- (2) 研究業績一覧
- (3) 主要論文別刷（3編以内、コピー可）
- (4) これまでの研究概要と今後の抱負（各1,000字程度）
- (5) 現職の所属長を含む推薦状2通（内、最低1通は外国人からのものとする。また、現職の所属長から推薦状をもらうのが困難な場合は、第三者による推薦書）。推薦書の宛名は、「独立行政法人理化学研究所 理事長」として下さい。
- (6) これまで獲得した外部資金リスト（書式自由）

[締切日]

平成22年10月15日（金）17時必着

※ 提出頂いた書類は、独立行政法人理化学研究所個人情報保護規定に則り厳重に管理し、採用審査の用途に限り使用されます。これらの個人情報は正当な理由なく第三者への開示、譲渡及び貸与することは一切ありません。

※ 掲出頂いた書類は、返却しませんのでご了承下さい。

※ 応募の意思がある者は、書類送付前に当該主任に連絡のこと。

E-mail : mochi@riken.jp

【選考方法】

書類選考後、面接を行う。

【着任時期】

平成23年4月1日、またはそれ以降早期

【問い合わせ・書類送付先】

〒351-0198 埼玉県和光市広沢2番1号

独立行政法人理化学研究所

基礎基盤研究推進部 研究業務課

※ メールでの申請や、電話での問い合わせは受け付けない。

※ 簡易書留または、書留で送付する事。

※ 封筒に「望月理論生物学研究室 研究員 応募書

類在中」と朱書きすること。

■日本数理生物学会事務局より

幹事長 佐藤一憲

1. 2010年日本数理生物学会年次総会のお知らせ

2010年度の年次総会は第20回日本数理生物学会大会開催中(2010年9月13日-16日)に行われます。

■議題(予定)

- (1) 次期, 次次期日本数理生物学会大会について
- (2) 大久保賞選考委員(1名)の改選
- (3) 2009年度決算および2011年度予算
- (4) その他

■報告事項

- (1) 研究奨励賞 第5回受賞報告
- (2) その他

2. 大久保賞選考委員候補者の推薦のお願い

日本数理生物学会会則第17条に基づき, 大久保賞選考委員候補者(改選1名)の推薦をお願いいたします。被推薦者は本学会員である必要はありません。現在の委員は山村則男, 稲葉 寿, 中島久男の3氏です。過去6年以内に委員を勤められた方々は委員になることができません(Rules of Akira Okubo Prize)ので, 上記の3氏に加えて, 竹内康博, 梶原 毅, 松田裕之, 佐々木 顕, 関村利朗, 高須夫悟の6氏も候補にはなりませんのでご注意ください。推薦は電子メール, FAXまたは郵送により, 下記佐藤一憲幹事長あてにお送りください。推薦締め切りは2010年9月1日(水)とさせていただきます。

〒432-8561 浜松市中区城北3-5-1

静岡大学工学部システム工学科 佐藤一憲

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

Tel & Fax: 053-478-1212

3. 2010年度日本数理生物学会の主催・共催・後援の学会・研究集会

(1) 生物現象に対するモデリングの数理

(研究代表: 佐藤一憲)

2010年8月23日(月)-27日(金)

京都大学数理解析研究所 111号室

(2) 日本数理生物学会第20回年会

(大会委員長: 高田 壯則)

2010年9月13日(月)-16日(木)

北海道大学学術交流会館(札幌)

(3) 第3回数理生物学日中コロキウム

(日本側大会委員長: 竹内康博) 2010年10月18日(月)-21日(木) 北京

(4) 第7回生物数学の理論とその応用

(代表: 瀬野裕美) 2010年11月16日(火)-19日(金)

京都大学数理解析研究所 111号室

4. 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いたします。

ゆうちょ銀行の振替口座:

口座番号: 00820-5-187984

口座名称(漢字): 日本数理生物学会

口座名称(カナ): ニホンスウリセイブツガツカイ

他銀行から振込:

店名(店番): 0八九(ゼロハチキュウ)店(089)

預金種目: 当座

口座番号: 0187984

日本数理生物学会 2009年度決算

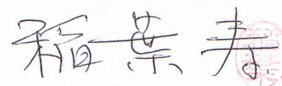
会計幹事 宮崎 倫子

一般会計		2009年度予算	2009年度決算
収入			
繰越		1,800,000	2,529,245
会費		1,000,000	834,000
大会還元金		0	317,229
利子等		0	0
	計	2,800,000	3,680,474
支出			
ニュースレター	冬印刷	50,000	47,250
	冬郵便	30,000	35,750
	春印刷	50,000	51,975
	春郵便	30,000	32,880
	秋印刷	50,000	47,250
	秋郵便	30,000	30,960
	名簿	0	0
選挙	90,000	47,176	
通信費等	通信費	10,000	13,600
	ドメイン名経費	4,500	0
	研究奨励賞経費	10,000	14,020
事務局経費	事務員経費	200,000	0
	事務所経費	30,000	64,481
特別会計へ		150,000	317,229
	小計	734,500	702,571
予備費(次年度繰越)		2,065,500	2,977,903
	計	2,800,000	3,680,474
特別会計		2009年度予算	2009年度決算
収入			
繰越		963,694	1,013,694
繰り入れ(一般)		150,000	317,229
	計	1,113,694	1,330,923
支出			
大会費		450,000	0
旅費		200,000	230,000
	小計	650,000	230,000
予備費(次年度繰越)		463,694	1,100,923
	計	1,113,694	1,330,923

監査報告

日本数理生物学会の 2009年度の収入および収支に関する証書類を調べ、
 全て適正に執行され、決算報告にも誤りのないことを確認しました。

幹事



2010年8月14日

研究集会カレンダー

2010年8月3日付(前号 No.61 からの差分)

2010**October 15–16, Edinburgh, Scotland, UK**

Workshop: Cell Behavior Ontology and Standards for Multicellular Model Specifications
<http://biocomplexity.indiana.edu/events/ws.php>

October 16–18, Yantai, China

The 3rd International Congress on Image and Signal Processing (CISP 2010) and the 3rd International Conference on BioMedical Engineering and Informatics (BMEI 2010)
<http://cisp-bmei2010.ytu.edu.cn/>

October 21–23, Porto, Portugal

TMSi2010 – 6th International Conference on Technology and Medical Sciences
<http://paginas.fe.up.pt/~tmsi/>

October 27 – November 1, Seattle, Washington

Immunological Mechanisms of Vaccination
<http://www.keystonesymposia.org/meetings/viewMeetings.cfm?MeetingID=1108>

November 8–10, Knoxville, Tennessee

NIMBioS Investigative Workshop on Modeling Wildlife Zoonoses
http://www.nimbios.org/workshops/WS_zoonoses.html

November 8–12, Dresden, Germany

Statistical Physics & Biology of Collective Motion
<http://www.pks.mpg.de/~colmot10/>

November 13–16, Heidelberg, Germany

EMBO Conference Series: From Functional Genomics to Systems Biology
http://www.embl.de/training/courses_conferences/conference/2010/OMX10-01/index.html

December 1–3, Boston, MA

Special Track on State-Topology Coevolution in Adaptive Networks
<http://www.bionetics.org/sp/stcan.shtml>

December 8–10, Huatulco, Oaxaca, Mexico

First North American Meeting on Industrial and Applied Mathematics
<http://www.smm.org.mx/namiam10/home>

December 13–17, NCTS, Taiwan Workshop: PDE Models of Biological Processes

<http://math.cts.nthu.edu.tw/Mathematics/20101213-17.htm>

December 15–16, Evry, France

International Conference: Synthetic Biology
<http://syntheticbiology2010.genopole.fr/>

December 15–18, Pucon, Chile

AMS/SOMACHI Meeting: Special Session in Biology & Ecology
<http://ams2010.somachi.cl/>

2011**January 19–21, Knoxville, Tennessee**

NIMBioS Investigative Workshop on Solid Tumor Modeling
http://www.nimbios.org/workshops/WS_tumor_modeling.html

January 23–28, Ventura, California

Gordon Research Conference: Stochastic Physics in Biology
<http://www.grc.org/meetings.aspx?year=2011>

January 24–25, Wellcome Trust, London, UK

Workshop: Lymphocyte Kinetics
<http://www.idrn.org/events/upcoming/lymphocytedynamics.php>

February 28 – March 4, Reno, Nevada

SIAM Conference on Computational Science and Engineering (CSE11)
<http://www.siam.org/meetings/cse11/>

編集後記

白夜の国から帰国し、かつて、日本の夏は tropical climate ね、と言った外国人の言葉を再認識している今日この頃です。

今号は、site-based モデルから理解する個体群動態に関する総説を初めとして、書籍紹介や第20回数理生物学会のお知らせ、各種ニュースをお届けしました。

個体群動態モデルそのものは長い歴史があるのですが、多くのモデルは集団レベルの推測的仮定に基づく数理的記述にとどまっています、どこか釈然としないものを感じる方が（私を含めて）多いのではないのでしょうか。

今回の穴澤さんの総説は、集団レベルの記述が如何にして site-based という見方から導出されるかについて、非常に明快にまとめています。穴澤さんに感謝！

今号が皆さんのお手元に届くころには第20回数理生物学会が目前に控えていると思います。皆さん、涼しい札幌でお会いしましょう。編集委員では引き続きニュースレターの記事を募集しております。数理生物学に関連する内容であれば、研究紹介・総説・出版物情報などの形態に関係なく、歓迎致します。掲載を希望する方は編集員までお寄せください。

(高須)

日本数理生物学会ニュースレター第62号
2010年8月発行

編集委員会 委員長 高須 夫悟
takasu@ics.nara-wu.ac.jp
奈良女子大学理学部情報科学科
〒630-8506 奈良市北魚屋西町

発行者 日本数理生物学会
The Japanese Society for Mathematical Biology
<http://www.jsmb.jp/>

印刷・製本 (株) ニシキプリント