

TABLE OF CONTENTS

Newsletter of the Japanese Society for Mathematical Biology No. 69 February 2013

会長就任のご挨拶	三村 昌泰.....	1
【日本数理生物学会大会第22回大会】		
大会報告	梶原 毅・佐々木 徹.....	3
大会参加記	齊木 健太・阿部 真人.....	4
【2012年研究奨励賞受賞者特別寄稿】		
私の選択人生	増田 直紀.....	5
【報告】		
ドレスデン滞在記	瓜生 耕一郎.....	9
【特集:パンデミック】		
感染症伝播抑止—数理モデルによるスケーリングの視点から	占部 千由.....	12
ある数理科学者から見たHIV/AIDSパンデミック	岩見 真吾.....	15
【書籍紹介】		
「進化生態学入門—数式で見る生物進化—」山内 淳 (著)	秋田 鉄也.....	18
【ニュース】		
学会事務局からのお知らせ.....		20
研究集会カレンダー.....		25
編集委員会からのお知らせ.....		28
編集後記.....		28

日本数理生物学会 ニュースレター

February 2013 **69**



会長就任のご挨拶

日本数理生物学会会長 三村昌泰

日本数理生物学会会員の皆様

本年1月より2年間、会長をつとめることになりました明治大学大学院先端数理科学研究科の三村昌泰です。はじめに、山村則男前会長と共に事務局を運営してられました山内淳さん、江副日出夫さん、加藤聡史さん、この2年間、学会運営にご尽力をいただき本当に有り難うございました。

今期の事務局幹事長は明治大学大学院先端数理科学研究科の若野友一郎さん、会計は総合研究大学院大学の大概久さん、会員担当は東京大学大学院理学系研究科の小林豊さんにお願ひしました。若くて元気の良い人達が事務局メンバーとなり、頼もしく思っています。これからの2年間、彼等と相談しながら学会のお世話をさせて頂きたいと思ひますので、どうかよろしくお願ひ致します。

1989年9月本学会の前身である日本数理生物懇談会が寺本英先生、山口昌哉先生の呼びかけで設立されました。若い会員の方がまだ生まれていなかった23年前のことです。そのときニューズレター第1号が刊行されたのですが、何かそこに「数理生物学懇談会の発足にあたって」というえらそうな題で拙文を書かせて頂きました。大体の内容は、当時数学の世界にいた私が1976年、J. D. Murrayさんのいたオックスフォードに1年間ほど滞在したこと、徐々に数理生物学の面白さを知り、それを研究分野の1つにしようと決意を抱いたこと、そして1988年に再度オックスフォードを訪れる機会があったとき、S. Levin(当時、コーネル大学)、V. Cappaso(当時、パリ大学) 大久保明(当時、ニューヨーク州立大学)さん、そして日本から蔵本由紀さん、巖佐庸さんも訪問しており、日本での数理生物学会の設立に向けてかなり熱い議論があったこと等です。この翌年、学会まではいかなかったのですが、その前身である懇談会が設立されたのでした。そして、2003年9月現在の学会が誕生したわけです。初代の会長の松田博嗣先生、そして事務局幹事長の重定南奈子さん達のご苦勞は大変だったと思ひます。現在では会員は200名を超え、他の国の数理生物学会に較べてもかなり大きな学会に成長しました。これはひとえにこれまでの歴代会長をはじめとして、学会員皆様のご努力のおかげであります。本当に感謝しています。

皆様すでにご存知かも知れませんが、文部科学省では「創薬等ライフサイエンス研究支援基盤事業」の一環として「生命動態システム科学推進拠点」を実施機関としてする4つの機関がこの1月に決定されました。この拠点の特徴は、計測で得られたデータから数理科学的手法を用いて生命現象を理解すると共に、数理科学と生命科学の融合研究の形成、そして人材育成、更に数理科学、生命科学どちらにも科学として発展していくことを期待された学際的なものであります。この他にも、文部科学省数学イノベーション委員会のもとで数学・数理科学と諸科学・産業界との連携によって、諸科学や産業界における様々な課題の解決に向けて、これまでになかった発想により既存の枠組みを超えたイノベーションを生み出すことから社会に貢献するための「数学・数理科学と諸科学・産業界との共同によるイノベーション創出のための研究促進プログラム」の公募がやはり1月から始まりました。この公募では、生命、生物系に対して、数理科学的アプローチを展開する数理生物学からの参加を強く望まれています。これら2つの出来事が同時期に起こったのは、偶然ではなく、いまこそ数理生物学を展開している我々の活動が期待されていると同時にその責任をはたさなければならないときであるからではないでしょうか。

2014年7月28日～8月1日にかけて我々の学会と Society for Mathematical Biology (SMB) の合同大会が大阪国際会議場で開催されることはすでにニューズレター68号で紹介されています。この大会には、中国数理生物学会、韓国数理生物学会にも協力をお願いしており、アジアで開催される最大の数理生物学の大会です。我々の学会がこのような大きな国際会議を開催するのは始めてです。過去には、日本数理生物学会懇談会の時代、1996

年6月、重定南奈子さんを組織委員長として開催された Kyoto Conference on Mathematical Biology (KCMB) があり、それ以来だと思えます。この年は我が国の数理生物学の発展に多大な貢献をして頂いた寺本英先生そして大久保明先生を失った年であり、古希を祝うためではなく、その追悼となった忘れることのできない国際会議です。個人的なことになりますが、数学の世界にいた私が、お二人から数理生物学に関して色々なことを学ぶことができたからこそ、これまでやって来れたのだと思っています。この会議からほぼ20年経った今、私が今回の合同大会のお世話をするようになったのは一つの巡り合わせだと思い、難波利幸さんを中心とする組織委員の方々と一緒になってこの大会を成功させたい覚悟です。会員皆様のご協力を切に願っています。どうかよろしくお願い致します。

2013年1月

日本数理生物学会会長
三村昌泰

第22回日本数理生物学会大会報告

The 22th Annual Meeting of Japanese Society for Mathematical Biology

September 10-12, 2012, Okayama University

梶原毅(大会委員長) 佐々木徹(大会副委員長)

初めに

本大会は、2012年9月10日(火)から9月12日(木)の日程で、岡山大学大学院自然科学研究科棟の2階で開催された。大会参加者数は173名であった。招待講演として研究奨励賞の受賞講演2件、総合講演2件、企画シンポジウム7件が行われた。一般講演は口頭発表が46件、ポスター発表が41件であった。多数の方に参加していただき大変盛り上がった。

受賞講演・総合講演

本年度の研究奨励賞受賞者は北海道大学の佐竹暁子さんと東京大学の増田直紀さんであった。日程調整が奇跡的にうまく行き、お二人にそれぞれ30分の受賞講演をしていただくことができたのは嬉しかった。

また、今回は2件の総合講演を企画した。三村昌泰教授(明治大学)「自己組織化と反応拡散系: Alan Turingの貢献」と巖佐庸教授(九州大学)「生態学の数理モデル: これまでとこれから」である。数理生物学の今後を示唆する貴重な講演であったと思う。

シンポジウム・一般講演・ポスター賞

今年は7件の企画シンポジウムが開催された。幅広い分野からシンポジウムを企画、運営していただいたオーガナイザの方々、講演していただいた方々に心から感謝する。

一般講演の数はほぼ平年通りであり、口頭発表は企画シンポジウムと合わせ、一部を除いて同時2セッションです。ポスターセッションの時間帯は質疑で大変盛り上がった。ポスター会場であるロビーに冷房がないこともあり、大変暑くなってしまった。

ポスター賞受賞は、静岡大学の齊木健太さん「HIV感染症における樹状細胞活性化モデル」と東京大学の阿部真人さん「捕食者存在下における最適ランダム探索戦略」となった。

大会運営について

今回の大会では、岡山大学所属の会員が2名しかいないということで、事前の準備はかなり大変であった。事前アルバイトをお願いした方の助けもあり何とか準備

を乗り切ることができた。直前に名札入れが足りないことを発見したが、最もひやりとした点である。大会期間中は他大学の実行委員の方々が来られ、学生アルバイトも加わってあまり問題なく運営することができた。1フロアに会場を集中することができたのも運営を楽にしてくれた。終わってみれば、会員数の少ないところでも大会の開催が可能であることの証明になったのではないか。

講演申し込み

講演申し込みはメールで行なった。締め切り直前はかなり申し込みが多くなり返信などの処理が大変であった。これ以上参加者の数が増えるとこのやり方では無理そうである。

参加者の便宜と参加申し込み促進を考えて、振替口座 JSMB2012 とその番号のみを印刷した振替用紙をニュースレターに同封して送ったのだが、大会参加費等の振込み用であることの説明文を同封しなかったので、かなり多くの方がこの振込み用紙で学会の会費を送金される結果を招いてしまった。

会計など

会費を設定する際には、前回と前々回の会費設定を参考にした。かなり会費に違いがあったのであまり深く考えず、両者の中間に設定した。大会直前までの登録数が120強で参加者数の見通しが全くたらず心配であったが、蓋をあけてみると大会期間中の当日参加者が50名近くに達し、無事に黒字を出すことができた。途中からおかやま観光コンベンション協会から補助金をいただけることにもなった。

さまざまな学会で男女共同参画の一環として、大会時の託児支援が行われている。数理生物学会でも以前の京都大会で企画されていた。今回も問い合わせがあり、途中から企画することになった。ただし最終的な参加者数の見通しが立たないことより非常に控えめなものとなり、また実際に利用した人もいなかった。この問題は大会実施側だけで判断するには少し荷が重く、運営委員会等で検討されることになった。

(文責 梶原)

大会参加記

齊木健太 (静岡大学大学院 工学研究科)

私は2012年9月10日から12日まで岡山大学で開催された第22回日本数理生物学会大会に参加しました。会場が参加者の熱気で暑く感じられるほど活気があったのが印象的でした。学会に参加するのは二度目になります。一年前の数理生物学会でもポスター発表に参加したのですが、緊張と知識不足から、質問にあまり対応する事ができず苦い思いをした事を覚えています。しかし今回は、未熟ながらも質問に答えることができ、話を聞いてくださった参加者の方々と議論を交わすことも出来ました。一年間の自身の成長を実感しました。とても緊張しましたが、発表を楽しんで取り組む事ができたと思います。コアタイムを過ぎても、「まだ話したい!」と思えるほど充実した時間を過ごすことができました。一方でまだまだ自分の研究に対して取り組みが甘いと実感した事も事実です。研究内容だけでなく、どうすれば聞き手にわかりやすい発表ができるのか、プレゼンの面でも勉強になることがたくさんありました。新たな疑問点や反省点に関しては、これからの修士論文発表までに改善して行きたいと思っています。あと僅かで学生生活を終えることはとても残念ですが、残りの研究生活を充実したものにしていきたいと思っています。また、今回の学会で嬉しかったことは、発表を通じて他大学の学生と仲良くなれたことです。研究内容が近かったことから、お互いの苦勞に共感したり今までに読んだ論文の内容について盛り上がることもできました。発表が終わるころにはお互い打ち解けて、「周りが先生や頭の良さそうな人ばかりで緊張する」と、愚痴をこぼして笑いあったりしました。学外の方と交流できるのも、学会に参加するメリットの一つだと思います。ポスター賞を受賞できたことは自分でも信じられませんが、とても光榮に思います。受賞できたのは、日ごろご指導いただきました先生方の指導のおかげだと思います。最後に、研究発表の場を準備していただいた事務局の皆様、私の発表を聞いてくださった参加者の皆様に深く感謝いたします。ありがとうございました。

阿部真人 (東京大学 総合文化研究科)

私にとって、日本数理生物学会は最も知的興奮を覚える場であり、毎年楽しみにしている。今回で4度目の参加で、若手の中でも中堅になりつつある私がポスター賞を頂くことができたのは日頃の成果だと思うとたいへん嬉しい。発表を聞いてくださった先生方や同年代の研究者には感謝の意を表したい。本大会で佐竹暁子先生と増田直紀先生のお二人が研究奨励賞を受賞されたことも思い出深い。佐竹先生は私が修士課程の頃、「SYMAP*のメンバーね!」とやさしく声をかけてくださった思い出がある。増田先生は私の尊敬する人物の一人であり、共同研究もさせて頂いているため感慨深い。増田先生との出会いは2年前の数理生物学会の懇親会だった。私は何を狂ったのか、増田先生の前でお下劣で最低な下ネタを披露してしまい、その後、変態キャラとみなされるようになった。そのような大失態にもかかわらず、今でもやさしく接して下さっている。このように素晴らしい先生方と出会えるのも、苦い思い出があるのも数理生物学会だ。

今年度の日本数理生物学会は実験系を意識した研究発表が多いという特徴があったように思う。例えば計算ウイルス学のシンポジウムやフリーライダーの進化生物学のシンポジウムでは実験系の方の発表がいくつかあった。これは近年の分子メカニズムの解明や大規模な定量データの計測技術の発展が影響しているだけでなく、理論屋と実験屋がお互いに新しいアプローチを求めているからであろう。このような傾向は佐竹先生と増田先生の受賞講演にも表れていた。私が専門とする Movement ecology の分野においても、大規模データが得られるようになったため、解析手法の発展と理論の構築が期待されている。しかし、私の頭から離れないのは、三村昌泰先生が記念講演の最後に紹介してくださった発生生物学者である岡田節人博士の「正しいモデルではなく、新しい現象を発見するモデルを」というメッセージだ。数理生物学を専門とする方なら誰もが、このメッセージに高揚感を覚えるのではないだろうか。実験とつぎ合わせるモデルと新しい現象を発見するモデル、この二つの流れの中で、「生命とは何か」という問に対して新しい答えを見つけれられるように、来年度の数理生物学会へ向けて肅々と研究するのみである。

*シマップとよむ。東大駒場で進化生態学を学ぶ男子学生5人から構成されていた自称アイドルグループの名称。惜しまれつつ2011年解散。

【2012年研究奨励賞受賞者特別寄稿】**私の選択人生**

増田直紀*

1. はじめに

今回、栄誉ある研究奨励賞を頂いた。そう、本賞は、非常に敷居が高いとかねてから思っていたのであり、本当に栄誉である。過去に立候補して落選したことがあるから高い敷居を感じるというわけではない。数理生物学会は、規模が小さい中に、ベテランから若手に至るまで、非常に競争力の高い研究者が集い、楽しむ場だからである。競争力の高さは、個々人の論文が高い頻度でハイ・インパクトの論文誌（Impact Factor 的な考え方の是非は微妙 [1] だけれども）に到達しているという定量的な裏付けを持っている。

私は、学会活動というものにおよそ興味がなくて、2つの学会にしか入っていない。その1つはもちろん本会である。もう1つは日本物理学会であるが、その中に「ネットワーク一般」という（発表申込数が一定数あれば）毎回行われるセッションを自分達で作ってしまったから、というやや特殊な事情も手伝っている。私にとっての数理生物学会とは、学会嫌いな私も繁く足を運びたいような学会である。

受賞根拠は「ネットワーク上の伝搬現象」の研究である。しかし、これについて本稿で紹介しても、読む側も書く側もさほど楽しくないと考えた。したがって、研究内容については、私のウェブサイト上の研究紹介 [2]、書籍 [3-6]、日本語で読める記事 [7-15] を挙げるだけにする。

本稿では、私の研究歴を反省をこめて振り返り、今後の道標やその戦略を語る。過去の本会の受賞原稿にも似た趣旨のものがあつた、参考にさせて頂いた [16,17]。本稿の目的は、私の頭の中を整理すること、目標を公言してしまうことを通じて自己実現的にその方向に行きたいこと（そのような心理的効果はよく知られている [18]）、他の研究者（特に若手）の刺激になるかもしれないこと、の3点である。「過程」、「道標」、「戦略」といっても、学術的なことは書かず、態度や意思決定について書く。非常にナルシストな散文であることをことわっておく。

2. 大学院時代

今回受賞させて頂いたとはいえ、ここまでの研究人生を振り返るに、成果面での不満が多々ある。一方、満足できた個別事例も少なからある。分水嶺は何だったのだろうか。よく言われるような研究能力よりも、選択の良し悪しが成功や失敗を決定づけた場合が多かった気がする。

私は、東京大学大学院工学系研究科の合原一幸先生の研究室で博士課程まで学んだ。修士の研究テーマとして、何となく、カオス暗号というものを選んだ。カオスの数学的性質をうまく用いて暗号システムを構築するという課題である [19]。合原研では、自分で研究テーマを決めることになっていた。とはいえ、M1の学生が経験もなくうまくテーマを掴むことは至極困難だと思うので、この選択について語るつもりはない。最初の選択らしい選択機会は、博士課程の方針をM2の時に考えたことであつた。

よく覚えている。M2の秋の始めに、大阪大学吹田キャンパスで脳科学の会議が行われていた。私は、会議をさぼり、屋外の地べたに座って考えていた。何となく連想記憶の研究（今から思うと、低質の解析である。論文にはなっていない）もしていたので、修論テーマの決定も独り会議の議題であつた。私は、修論はカオス暗号で書いて、博士では、ぼつさりカオス暗号をやめて脳をやる、とそこで決めた。その時点で成果が出ていたのはカオス暗号であり、かつ、カオス暗号全体の将来性に大きな疑問を感じていたからである。

この選択は結果的に正解で、私の選択人生は幸先の良いスタートを切ったかのように思われた。そして、博士課程に入ってから、様々な論文誌に脳の理論で成果を残した、と国内では思われている。しかし、暴露すれば、博士課程の間はうまい選択をできず、その結果をポストドクも3,4年過ぎた後になって認知し、その後、今に至るまで苦勞を続けていると自己認識している。なお、合原研では「これをやりなさい」という種類の指導はなく、選択力を磨くことも研鑽の一環なので、全て私の責任である。

何がうまくない選択だったのか。それは、世界の趨勢を踏まえた研究課題の選択である。私は、「脳内の情報コーディングの理論」という理論的な研究を行っ

*東京大学大学院情報理工学系研究科

て、博士号を得た。しかし、私は、D3が終わる直前まで、致命的な見落としをしていた。脳の生物面をよくよく知らない脳科学として成立しない、ということを経験していたのだ。当時の私は、脳の生物面を避けて通る傾向があった。脳研究を行う誰もが読むべきような本 [20, 21] も読まないでいた。そのような態度で出てきた理論は、たいてい机上の空論になる。そして、当時 (2002年頃) の趨勢に照らし合わせても、実証から遠すぎる理論 (データに立脚してなくても素晴らしい脳の理論はたくさんあるので、このニュアンスはちょっと難しい) は時代遅れになりつつあった。ところが、私は、この空気をうまく感じ取ることができなかった。

一介の博士学生にそのような鼻利きがそもそも無理なのかといえば、そうではない。なぜなら、合原研究室で脳を研究している複数の後輩が、私よりもこの面 (や他の面) についてうまく立ち回り、博士課程の時点で私よりも素晴らしい成果をぼんぼん出したからである。彼らは今でも非常に成功している。

私はこの失敗を2007年頃にやっと実感した (遅すぎる!)。反省は2つある。(1) 相手領域 (この場合、実験神経科学) にしっかりとコミットする方が良い。(2) ここまでの記述と直接関係ないが、世界的な研究をしている海外の研究室に行くと、とにかくそれなりの (自分だけでは届かないような) 論文誌に論文を1つ通してもらおうことを目指すのが良い。

(2) について述べよう。多くの研究分野は欧米主導で動いている。著名な論文誌のオフィスは大抵欧米にあり、欧米人が仕切っていることが大半だ。ここで単身、業界事情や世界の流れも知らずに若手が勝負をしかけることは、日本では美化されるかもしれない。しかし、得策ではないと思う。特に、脳の理論について言えば、実験系論文誌と著名誌に通すことは、ノウハウがない限り非常に難しい。私は、未だにその両方を達成できていない (しかし、本稿執筆中に達成された [22]。今後、見える景色が変わるのだろうか?)。日本の中にも成功例はあり、いずれは欧米などとうだうだ言っていられないが、まずは、若い時に留学して論文を書かせてもらうのがよいと思う。

私も、博士課程在学中に1年間留学したが、行き先も、合原先生の知り合い経由で深く考えず選んでしまった (合原先生がそうしろとおっしゃったわけではなく、自分の選択である)。受け入れ側は素敵なポストラボであったが、そこで共著論文を書くことはできなかった。英語とスペイン語はうまくいったし、友達もたくさんできたので、後悔は何もないが、もし人生がもう一度あるなら気をつけたかった一点だ。

3. ポスドク時代

さて、ポスドクを考える時期になった。脳科学にしる、D2で始めたネットワーク科学にしる、海外という選択肢は考えられた。しかし、熟慮の末、彼女がほしい (当時はいなかった) ことを唯一の根拠として日本を選んだ。留学を通じて、日本男子がいかにもてないかを知っていた。言い訳をすると、自分が留学中に苦い異性経験を味わったわけではない。また、大学生くらいから博士課程までの人生において、彼女がいる期間よりもいない期間の方がかなり長かった。したがって、このタイミングで海外に出ると、一生結婚できないかもしれない危険を感じた。子どもはほしかったので、35歳くらいまでに日本に戻り、40歳過ぎくらいまでに何とか結婚する、という人生は望みでなかった。そこで国内にした。結果的に、ポスドクの間結婚できた。これは、日本でポスドクを行うという選択をしたことと因果関係にあると思われる。N=1なので、さらなる検証を待たなければならない。一方、研究成果の意味では、相対的に損失を被ったかもしれない。多分そうだろう。まあ、人生は研究だけではないので、よしとしよう。

学振PDの行き先は、横浜国立大学の今野紀雄研であった。今野先生の研究や人柄に漠然と惹かれていたのはもちろんだが、とにかく、東大の外に出たかった。この頃、自分の軸足は、脳の理論からネットワーク科学へと遷移しつつあった。今野研では、理論、特に数学的なトレーニングをしっかりとすることが大目的の1つであった。そして、海外ポスドクに行かなかったことの是非を脇に置けば、この選択はよかった。ただし、「理論的にしっかりとした所にポスドクに行くのがよい」と合原先生にも言われていたので、合原先生の慧眼のおかげに過ぎないのかもしれない。

博士課程の頃は、あまり客観的でない数値計算 (例えば、パラメータ値に対する頑健性テストや、得られた効果の有意性のテスト、他のシナリオとの比較検討を十分に行わない) に基づいて平気で論文を出していた。また、数学的・物理的な詰めは概して甘く、悪く言えば理論的なトリックで勝負していた (くどいが、合原先生は、私の着眼を大事にしつつ、しばしば軌道修正をしてくれた)。しかし、本当は、発想を具現化するには、系統だった数値計算や、理論力が必要である。また、論理的に進めてこそ、元の発想の妥当性を吟味できる。私は、数学者である今野先生との密な議論 (学生も少なかったのも、しょっちゅう議論したりお酒を飲んだりすることができた) を通じて、物事を詰める、数学的に詰める、ということの重要性を肌にしみこませることができた。今野先生と共にしっかりと数式を解いて出したランダム・ウォークの論文 [23] は、被引用回数こそ10回に過ぎないが、自分にとって

大事な論文の1つである。

今でも、関連研究者の「すごい」解析計算を見ると、かなわないと思ひ、差を感じるが多々ある。国内の同世代、あるいは、もっと若い研究者に対してもそう感じる。それでも、今野研での経験は、近づきたい自分に少しでも近づくための契機となった。

横浜国立大学の次にポスドクをした理研では、運良く実験に関わる機会を得た。とある種類の電極を作り、ネコのV1（基礎的な視覚を司る脳の領域の名前。後頭部にある）に対して電気生理実験（の見習い程度だが）を行った。谷藤学チームリーダーの厚意である。朝から夜中2時くらいまでかかって、脳表面から針を少しずつ刺し、データをとる。有用なデータが何もとれずに一日が終わり、その理由もわからないことは、日常茶飯事である。論文には到達できなかったが、貴重な経験だった。脳の理論は実験ベースでありたい、という思いは、私がD3の最後に思った時よりもさらに強くなった。最近、ネットワーク科学に対しても同じように思う。他の複雑系研究と比べたときのネットワーク科学の大きな特徴は、ネットワーク科学はデータ科学であることだ[24]。

その後、現在に至るまで6年程あるが、特筆すべきことはない。現在までの成功や失敗を決めてきた要素は、上記に尽きている。例えば、重定先生が研究統括をされるJSTさきがけ「生命現象の革新モデルと展開」において、私は1年目の公募で失敗し、2年目の公募で採択して頂いた。1年目の失敗の原因は、提案課題や発表の良し悪しにもあるかもしれないが、私の中では上記の反省（実証面や論理面の積立不足）に尽きる。

4. 今後の戦略

私の現在の研究ポートフォリオは、ネットワーク科学が5割、協力行動関係が3割、脳関係が2割である。発散しているともとれるが、「これ以上は広げずに深さを追求する」という方針をここ5年間守れているので、このポートフォリオは及第点である。

人間の社会行動に興味があるので、今後の計画は社会科学に何らかの方法で深くコミットすることである。社会学は、社会ネットワークが絡むものも絡まないものも含めて、先人が出した大きなパラダイムがあって、その周りに研究が蓄積される傾向があるように感じる。グループ、自殺、互惠、弱い紐帯の強さ、はその例である。社会学の論文では、理論と書いてあっても言葉だけの理論で、我々が思う意味での理論でないことが多々ある。また、異なる概念に同じ名前がつけられてよくわからないこともしばしばある。これらを理系の土俵に引っ張りだしてデータサイエンス化することが、私のやりたいことのひとつだ。

ところで、ここまで、私自身の懺悔・だめ出しを多

く述べた。しかし、悲観、劣等感、嫉妬といった感情は特に持っていない。前向きでいられる理由の一部として、私が自負している2つの能力がある。それは、文章力とスピードである。

まず、自分が文章を書くのが好きかつ得意であることを、ここ8年間で見出した。高校の「現国」では、漢字の問題を除けば、センター試験すらあまりできなかった。意外だった。ただ、日本語の文章力は研究と関係ないスキルだと思ってきた。言うまでもなく、研究とは英語で営まれるからである。色々な日本語の雑文は、たいてい、単に書きたいから書いている（[25]の2012年3月の雑文「なぜ本を書くのか」にも言及しておく）。日本語の本や雑文を書く暇があったら、研究にもっと時間を傾けるべきではないか、という自己ツッコミが最近まであった。しかし、物書きは、ジョギングやピアノと同様に趣味なのであり、かつ、研究に役立つ場合があると思うことにした。拙著を見てくれた個人[26]や企業[27-29]がデータを提供してくれて共同研究に到達した場合もある。特にネットワーク研究については国内にも面白いデータがある、という例だ。著書[3-6]を含む日本語の書き物は、8割趣味、2割実益というスタンスで、深く考えずに続けるだろう。

私の2つ目の能力は速さである。ちゃんとした論文（一流ではないだろうが、標準的に合格レベル以上の）を完成させるスピードは、自慢できる。特に、first author と last author だけを数えた論文数では、ほとんどの人に負けない自信がある。近年は、雑な論文も（ほとんど）ないと胸をはって言える。研究は量より質なので、量を誇っても意味がないと長い間思ってきた。ところが、弾をたくさん打てるからこそできる戦略というものを、近年になって感じるようになった。

例えば、社会科学に攻め込みたいからといって、社会科学にいきなり両足を突っ込むことは危険だ。研究の進め方、価値観、査読プロセスなどの研究文化が、自分の分野のそれとはかなり異なるからである。両足を同時に突っ込んでしまって有意な成果が何年も出ないと辛い。片足だけを突っ込んで、片足でも弾を結構たくさん打てることは、私の長所だと開き直ることにした。弾をはずしてしまう場合も含めて、試行錯誤を経て社会科学のやり方を学習し、同時にネットワーク科学や他の数理生物学における論文生産力を保つことができる。精神衛生上もよい。自分の土俵は、固執してはいけないが、疎かにすると中期的には辛くなる。

5. まとめ

かなりの散文かつ自慢文となった。他の（若手）研究者、特に大学院生に伝えたいことを箇条書きにして本稿を締めくくりたい。直接書かなかった項目も含め

る。この箇条書きは、私の自省、宣言でもある。

- (1) 研究者の能力の大きな部分は、選択の問題だと思う。
- (2) ともかく留学する。
- (3) 海外の強い研究室で、論文を書かせてもらう。
- (4) 研究の世界情勢を読む努力をする。特に、自分がやりたいことや自信を持っている論文と、評価される研究は、しばしば一致しない。現に、私の論文の中で被引用回数が多い論文のうちの2つは、今振り返るとかなり緩い論文である [30, 31]。これらの論文は、おそらく、題材がキャッチーであるという理由で引用されている。
- (5) 大人（教授とか）の言うことに耳を傾ける。大人は「偉い」から、それに従いましょう、という意味ではなく。
- (6) 机上の空論、についてよく考える。いけないわけではないが、ひとつ机上の空論をやるなら、自分の研究人生におけるその位置づけを明確にする。
- (7) 現在の研究テーマに固執しない。特に、ポストドクになったら、元のことをやりつつも、少しあるいは大きく分野を変えることは多分有用である。引き出しが多ければ、定職も得やすくなる。
- (8) 若いうちに、発想力だけでなく、しっかりとした技術を磨く。
- (9) くよくよしない。

参考文献

- [1] 増田直紀. アイゲンファクターを知る. Preprint (私のHPで入手可能), (2012).
- [2] <http://www.stat.t.u-tokyo.ac.jp/~masuda/research.html>.
- [3] 増田直紀, 今野紀雄. 『「複雑ネットワーク」とは何か』. 講談社 (2006).
- [4] 増田直紀. 『私たちはどうつながっているのか』. 中央公論新社 (2007).
- [5] 増田直紀, 今野紀雄. 『複雑ネットワーク』. 近代科学社 (2010).
- [6] 増田直紀. 『なぜ3人いると噂が広まるのか』. 日本経済新聞出版社 (2012).
- [7] 増田直紀. ネットワーク上の進化ゲーム. 人工知能学会誌, Vol. 23, No. 5, 652–658 (2008).
- [8] 増田直紀. ネットワークの重要人物は誰か. ハーバード・ビジネス・レビュー, 2011年8月号, p. 1.
- [9] 増田直紀, 中丸麻由子. 複雑ネットワーク概説 — 生態学への応用を見据えて. 日本生態学会誌, Vol. 56, No. 219–229 (2006).
- [10] 増田直紀. 数理で見る世の中のつながりと集まり. 数学セミナー, 2010年4月~8月号 (各回2頁).
- [11] 増田直紀. テンポラルネットワーク. 人工知能学会誌, Vol. 27, No. 4, 432–436 (2012).
- [12] 増田直紀, 河村洋史, 郡宏. ネットワークの構造が生物リズムの精度に与える影響について. 精密工学会誌, Vol. 77, No. 2, 145–148 (2011).
- [13] 郡宏, 増田直紀. 結合振動子における集団引き込みと複雑ネットワーク. 日本ロボット学会誌, Vol. 26, No. 1, 6–9 (2008).
- [14] 増田直紀, 郡宏. 複雑ネットワーク: 導入およびシナプス可塑性との関係. 日本神経回路学会誌, Vol. 14, No. 3, 173–185 (2007).
- [15] 増田直紀. ネットワーク構造の統計的な推定手法について. 統計数理, 印刷中, 2012.
- [16] 岩見真吾. 計算ウイルス学・免疫学の展開に向けて — 僕の「これまで」と「これから」—. *JSMB Newsletter*, No. 63, 4–7 (2011).
- [17] 近藤倫生. 研究のすすめかた: 論理と情熱と倫理について. *JSMB Newsletter*, No. 67, 1–4 (2012).
- [18] シーナ・アイエンガー. 『選択の科学』. 文藝春秋 (2010).
- [19] 合原一幸. 『カオス学入門』. 放送大学教育振興会 (2001).
- [20] M. F. Bear, B. W. Connors, and M. A. Paradiso (Eds.). *Neuroscience (second edition)*. Baltimore: Lippincott Williams & Wilkins (2001).
- [21] E. R. Kandel, J. H. Schwartz, and T. M. Jessell (Eds.). *Principles of Neural Science (fourth edition)*. New York: McGraw-Hill (2000).
- [22] T. Watanabe, S. Hirose, H. Wada, Y. Imai, T. Machida, I. Shirouzu, S. Konishi, Y. Miyashita, N. Masuda. A pairwise maximum entropy model accurately describes resting-state human brain networks. *Nature Communications*, Vol. 4, article No. 1370 (2013).
- [23] N. Masuda and N. Konno. Return times of random walk on generalized random graphs. *Physical Review E*, Vol. 69, article No. 066113, (2004).
- [24] A.-L. Barabási. The network takeover. *Nature Physics*, Vol. 8, 14–16 (2012).
- [25] <http://naokimasuda.blogspot.jp/>.
- [26] T. Ueno and N. Masuda. Controlling nosocomial infection based on structure of hospital social networks. *Journal of Theoretical Biology*, Vol. 254, 655–666 (2008).
- [27] T. Takaguchi, M. Nakamura, N. Sato, K. Yano, and N. Masuda. Predictability of conversation partners. *Physical Review X*, Vol. 1, article No. 011008 (2011).
- [28] T. Takaguchi, N. Sato, K. Yano, and N. Masuda. Importance of individual events in temporal networks. *New Journal of Physics*, Vol. 14, article No. 093003 (2012).
- [29] N. Masuda, I. Kurahashi, and H. Onari. Suicide ideation of individuals in online social networks. arXiv:1207.0561v1 (2012).
- [30] N. Masuda and K. Aihara. Spatial prisoner's dilemma optimally played in small-world networks. *Physics Letters A*, Vol. 313, 55–61 (2003).
- [31] N. Masuda and K. Aihara. Global and local synchrony of coupled neurons in small-world networks. *Biological Cybernetics*, Vol. 90, 302–309 (2004).

ドレスデン滞在記

瓜生耕一郎*

1. はじめに

2010年の4月から2012年8月現在まで約二年半、ドイツ・ドレスデンにあるMax Planck Institute of Molecular Cell Biology and Genetics (MPI-CBG)で研究を行ってきました。今回はその滞在記を書かせていただきます。

私は2010年3月に九州大学数理生物学研究室の巖佐庸教授のもとで学位をとり、ポスドクとして上記の研究所に移りました。私が現在ドレスデンで取り組んでいるテーマは、細胞移動が細胞間相互作用に与える影響の解明です。そのモデルとして、ゼブラフィッシュの体節形成過程に注目しています。このテーマで研究を始めたのは私が博士課程に在学していたときです。ポスドク先としてMPI-CBGを選んだ理由は、理論と実験の両側面から研究を進展させる上で最適な場所だったからです。以下にドレスデンで行っている研究について書かせていただきます。始めにゼブラフィッシュの体節形成について簡単に説明します。次に私がMPI-CBGに行くきっかけとなった研究を紹介します。

2. 脊椎動物の体節形成

脊椎動物の発生過程では、体節とよばれる細胞の塊が脊索の両側につくられます。発生段階が進むにつれ、体節からは脊椎骨や筋肉といった組織が形成されます。体節形成期の脊椎動物の胚を観察すると、尾側にまだ分節化されていない未分節中胚葉とよばれる組織が見られます。この未分節中胚葉組織の前方先端部に位置する細胞群が一定時間間隔で分化し、次々とくびりとられていくことで体節が形成されます。ゼブラフィッシュではほぼ30分間隔で一つの体節が作られます。この周期性の存在から体節形成は何らかの「時計」によって制御されていると考えられてきました。

未分節中胚葉の細胞では、ある遺伝子から作られるmRNAとタンパク質の濃度が、体節が作られる時間間隔とほぼ等しい周期で振動しています。この遺伝子発現の振動は、タンパク質が自身のmRNA合成を抑制するネガティブフィードバックによって細胞自律的に生み出されます。したがって組織中の各細胞が振動子

を持っている、と捉えることができます。さらに各細胞は膜タンパク質を介した相互作用によって隣接細胞と遺伝子発現を同期させ、細胞集団としてのリズムを作り出します。この遺伝子発現の集団的リズムが体節形成の周期を決定します。したがって細胞間における遺伝子発現の振動の同期は正常な体節を作る上で不可欠となります。

ここで一つ問題となるのは、未分節中胚葉で細胞が活発に移動することです。各細胞は膜タンパク質を介して接触している細胞としか相互作用できません。そのため移動によって隣接細胞が入れ替わると、相互作用する相手も入れ替わります。入れ替わりが起きると新しく隣に来た相手と再び遺伝子発現を同期させなくてはいけないため、細胞移動は集団間での同期を妨げてしまう気がします。そこで私達は細胞移動を表現した数理モデルをつくり、移動が体節時計の同期に与える影響を調べました。その結果、隣接細胞が刻々と入れ替わっていく状況においても、細胞は振動の同期を保てることが分かりました。それどころか、移動した方がよりすばやく同期を達成できることが分かりました。細胞移動がない場合、遠く離れている相手とは直接相互作用できないため、彼らの状態を知ることができず集団全体で同期を達成するのに時間がかかります。移動することによっていままで遠くにいた細胞と相互作用するチャンスが生まれ、その結果集団全体での同期の達成が早まったと考えられます。

以上が博士課程在学時に行った研究の概要です。次のステップとして、細胞移動が体節時計の同期に与える影響を生体内で検証したいと考えていました。そのためには体節形成の実験に精通していて、しかも理論研究についても興味を示してくれるラボがあればと思っていました。以前からドレスデンのAndrew Oates博士のグループがゼブラフィッシュの体節形成を理論と実験の両方から研究しているのを知っていました。そこで上記の結果を論文にまとめ[1]、ドレスデンへ研究発表に行きました。そこでAndrewのラボでも同じテーマでプロジェクトを始めていたことを知りました。私が日本学術振興会(学振)の特別研究員に採用されていて海外で自由に研究できることもあり、ドレスデンに来て一緒に研究しないかとAndrewから誘ってもら

*理化学研究所 基幹研究所 望月理論生物学研究室

えました。ドレスデンのラボではすでに実験のセットアップが完成していたことと、ラボの学生が実験を担当してくれて私は理論解析に専念できる環境は願ってもないチャンスでした。このような経緯でドレスデンにポスドクとして行くことを決めました。

3. ドレスデンでの研究

ドレスデンに来てから初めに取りかかったのは、未分節中胚葉での細胞移動を定量化することです。細胞移動が体節時計の同期に影響を与えるためには、移動の時間スケールが遺伝子発現の時間スケールと同じ、もしくはそれよりも早い必要があります。現在までこの観点から未分節中胚葉での細胞移動を定量化した研究はありませんでした。定量化のためには組織中の細胞を三次元空間中でトラッキングする必要があります。しかしながら未分節中胚葉では細胞の密度が高く、それぞれの細胞の位置を正確に検知するのが困難となります。またデータ数を増やすためには目でみて細胞を手動でトラッキングするよりも、そのプロセスを自動化する必要がありますがありました。ラボの学生と協力してこのテーマに取り組み、密度が非常に高い中で個々の細胞を自動でトラッキングするアルゴリズムを開発しました。次に私達が取り組んだのはそのアルゴリズムの精度を評価することです。実際の組織を忠実に再現した画像をコンピュータで合成し、その合成画像中の細胞をどれだけ正確に検知できるかを調べ、アルゴリズムの誤差の範囲を見積もりました。さらに実験的に細胞密度をコントロールし異なる密度のもとで検出の精度を評価することによって、生体内で正確に細胞をトラッキングできることを確かめました。トラッキングのアルゴリズムとアルゴリズム評価のためのこの二つの方法は非常に有効かつ様々なケースに応用可能なため、新しい手法として現在論文にまとめているところです。ゼブラフィッシュの利点の一つは、胚が透明なためリアルタイムの imaging がしやすいことです。発生ステージや温度といった条件に細胞移動の速度がどう依存するかを詳細に調べ、移動の時間スケールと遺伝子発現の時間スケールの関係を明らかにしました。現在こちらの結果も論文にまとめているところです。

細胞移動の定量化と平行して、生体内での遺伝子発現の同期レベルの定量化も進めています。一つ目のアプローチとして、時計遺伝子から作られる mRNA の画像からそれぞれの細胞での発現量を見積もり、集団間でのばらつきを計測しています。この方法の利点は、見ている発現量もともとゼブラフィッシュが持っている遺伝子に由来することです。しかし、imaging の際に embryo を固定する必要があるため、遺伝子発現の時間変化を見ることができないという欠点があります。したがっていかにして時間情報の欠落を埋めるか

が鍵となります。これを補う二つ目の方法として、時計遺伝子の live reporter を使い細胞レベルでタンパク質の量の時間変化を計測し、そのデータから集団間での同期レベルを計算しています。この方法だと発現の時間情報が得られるため、その情報を使って同期の程度を計算することができます。現在までに未分節中胚葉で細胞移動が遅くなる変異体が同定されています。上記の二つの方法を使いその変異体での同期レベルを野生型と比較することで、生体内での細胞移動の効果を定量化しようと試みています。

4. 生活・研究環境

私は主に理論解析を担当するため、普段は CBG から車で 20 分ほどのところにある Max Planck Institute for the Physics of Complex Systems (MPI-PKS: complex はドイツ語で komplex と綴られるため) にいます。私のバックグラウンドは数理生物のため、物理学者とのディスカッションは非常に刺激的で多くのことを学びました。この環境を活かし、理論の発展にも力を注いできました。上記の体節時計が同期にいたる過程は、空間中を移動する振動子が集団内でどのように同期を達成するか、と物理の問題として捉えることができます。ローカルに相互作用する振動子を空間に固定すると、これらの振動子は一様に同期するよりも空間非一様なパターンを作り出す傾向があります。この空間パターンを緩和して位相を同期するためには非常に長い時間がかかります。それに対し、振動子が移動することでこのローカルな空間パターンが不安定化し、より早く同期が起こります。位相振動子モデルを使うことで、移動がどのようにして空間パターンを破壊し空間一様な状態、つまり同期した状態へ導くかを計算することができました。現在までに一つの理論解析の論文が国際紙に掲載され [2]、もう一本の論文を投稿中です。

このようにドレスデンで研究する良いところの一つは、理論と実験の両方の面でサポートを受けられることです。これは私のような理論解析メインのポスドクにはとてもありがたいことでした。MPI-CBG と PKS は共同研究が盛んです。PKS の生物物理部門のほとんどのメンバーが CBG のラボと共同研究を行っています。

実験と理論の良い共同研究のためには、頻繁なコミュニケーションが欠かせないと思います。ドレスデンに来てからラボのメンバーとこのテーマで review を書く機会がありました [3]。Andrew のラボでは週に一度メンバー全員が集まってのミーティングがあります。そこでメンバーの最新の実験結果を勉強するとともに、自分の理論解析の結果について発表しコメントをもらいます。実験を行う目線で数理モデルについてコメントをもらえるのは非常に嬉しいことです。しかしその

ためには数理解析をメインとしない人にも分かりやすいよう発表スライドを準備する必要があります。私が特に気をつけていることは、プレゼンの中で自分の一番伝えたいことを明確にすることと、そこに到達するまでの道筋をできるだけ単純にすることです。数理モデルを説明する際には何故モデルが必要になるかを丁寧に説明するよう心がけています。

ラボミーティングとは別に、共同研究者とは実験の設定、実験結果の解釈などについて個別に議論を行っています。私が実験との共同研究で一番難しく感じたのは、理論に沿った実験を提案した時に何故その実験が必要になるかを良く理解してもらうことです。これは的確な実験を行うためにどうしても欠かせないことだと思いました。というのも実験をするためには実験環境や imaging の設定といった、決めなければいけないことがたくさんあり、その中からできるだけ最適のものを選ぶ必要があります。これができていないとせっかく測定したデータが意味のないものになります。理論の検証に最適なセッティングを選ぶためには自分達に何ができて、何を一番測りたいのか、そのためにどうすれば良いかをお互い理解している必要があります。同じ位置に立つことが何より重要で、そのためにはやはり何度も話をすることが大切になると思います。英語で議論を行うのは難しいです。しかし英語自体を過度に気にするよりも、どうすれば分かりやすく話を展開できるか意識することの方が重要だと感じています。

ドイツに来てから研究と同時進行で行ったのは、研究所に長く滞在できるように Fellowship を獲得することでした。ドイツだと生物系の主要なところで HFSP, EMBO, Marie Curie, Humboldt の四つがねらい目となります。日本だと海外学振もしくは学振 PD などでしょうか。私は学振 PD に加え、Humboldt の long term Fellowship に応募しました。申請書の内容は日本の学振とほぼ同じで、これからの研究計画を英語で詳細に書く必要があります。私の場合、この申請書の作成が Andrew との初めての作業でした。申請書を書いて研究の方針を文章化していくことで、内容をより細かく議論することができました。これからの研究をグループリーダーと話し合っって具体的に決めていくという意味でも、早い段階での申請書作成は欠かせないと思います。

MPI-CBG では全体の約 50%がドイツ人以外の研究者です。そのため研究所の公用語は英語で、研究をしていく上ではドイツ語ができなくても心配ありません。しかしドレスデンは旧東ドイツということもあり、日常生活においてはやはりドイツ語が必要になります。MPI ではドイツ語学習のサポートがあり、研究所内

で語学講師による授業を受けることができます。ドイツ国外からの研究者が多いこともあって、インターナショナルオフィスがとても充実しています。ビザの取得から家探し、インターネットの設置など新しい生活を始めるためのサポートをしてくれます。研究所ではセミナーが盛んで、毎日必ずといっていいほど何らかのセミナーがあります。各国から研究者がドレスデンを訪れるため、ドレスデンにいながら色々な人のセミナーを聞くことができます。

ドイツに来てからはドイツの物理学会 (Deutsche Physikalische Gesellschaft) の年会に参加しました。非常に大きな学会で生物物理のセッションは一分子レベルから個体動態レベルまでほぼ全ての分野を網羅しています。ドイツ国外からの参加者も多く、ほとんどの人が英語で発表を行うためドイツ語が話せなくても学会を楽しむことができます。私も学会で口頭発表する機会を得ることができました。

ドレスデンはベルリンやミュンヘンのような大都市ではない分、物価や家賃も日本と比べて安く、住みやすい街だと思います。トラム (路面電車) が街のいたるところに通っているため、車がなくても困ることはありません。春から夏にかけて緑の並木道がとても綺麗で、「エルベ川のフィレンツェ」として知られるようにドレスデン城やフラウエン教会が建ち並ぶエルベ川沿いの眺めは壮麗です。景色を眺めながら川の畔にあるビアガーデンでドイツビールを楽しむことができます。夏場でも日本ほど湿度がないためクーラー無しに過ごすことができます。そのぶん冬は気温がマイナス 15°C まで下がる日もあります。寒い日にはグリュウワインというハーブの入った暖かいワインを飲んで暖をとります。ドレスデンは文化的にも成熟しているため、研究以外の面でも魅力的な街だと思います。

以上、ドレスデンの滞在記を書かせていただきました。理論と実験の両方から生物現象を研究したい人にとって、ドレスデンは最適な場所の一つだと思います。

参考文献

- [1] K. Uriu, Y. Morishita, and Y. Iwasa. Random cell movement promotes synchronization of the segmentation clock. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 107:4979–4984, 2010.
- [2] K. Uriu, S. Ares, A. C. Oates, and L. G. Morelli. Optimal mobility for synchronization arising from the gradual recovery of intercellular interactions. *Phys. Biol.*, 9:036006, 2012.
- [3] L. G. Morelli, K. Uriu, S. Ares, and A. C. Oates. Computational approaches to developmental patterning. *Science*, 336:187–191, 2012.

(編集部注：本原稿は 2012 年 8 月に執筆頂いたものです。)

【特集：パンデミック】

感染症伝播抑止 —数理モデルによるスケーリングの視点から—

占部千由*

1. はじめに

感染症の世界的流行抑止が重要な社会的課題である今日において、アウトブレイク回避や感染症流行ピークを抑えるための有効な対策がより強く求められており、様々な感染症の発生地域や患者数データが WHO をはじめとする多くの機関の Web サイトを通じて公開されている [1]. こういった状況において、数理モデルを用いた研究により、既存の対策に加え新たな対策の有効性についても探ることができるようになりつつある。

感染症伝播は主に人・鳥獣で起こり、一旦広がってしまえば多くの命が奪われ自然環境に取り返しのつかないダメージを与えてしまう場合がある。そのため、広範囲の感染症伝播の実験は行うことができず、状況をつぶさに観察し洞察力を働かせて事態を把握し、その時に考えられる最善の対策を打ち出す他ない。

この行うことができない実験に代わって、数理モデルを用いた計算機の中での“実験”というものが近年益々現実味を帯びてきている。計算機性能の目覚ましい向上と、更に蓄積されつつある感染症サーベイランスデータをもとに、実際状況に則した具体的な設定で広範囲の感染症伝播シミュレーションが可能となりつつある。ただし、このような仮想現実をシミュレートすることができたとしても、考える具体的な状況設定や対策の組み合わせは無限にあり、そのすべてを網羅することは難しい。

数理モデルによる研究はこのような問題についてもブレイクスルーを提供しようと考えている。数理モデルによって、甚大な被害が予想される典型的な場合について、現象を単純化し感染症伝播の特徴を捉えた上で、伝播抑止対策の評価を比較的容易に行うことができる。そのため、モデリングと評価を繰り返すことにより有効な対策の提案が期待されている。

Susceptible-Infectious-Recovered モデル (SIR モデル) ではすべての個体が一樣に相互作用をする状況を仮定することで、シンプルでありながらも過去のいくつかの状況では感染症の罹患数の時間的変化をよく表

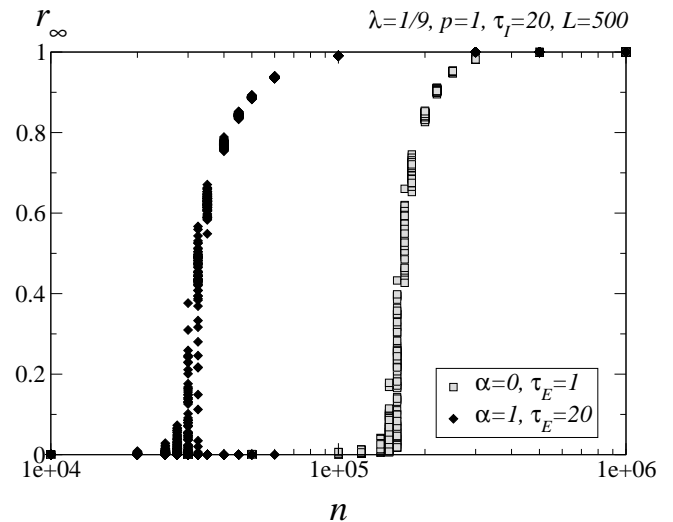


図1 初期の感受性者数と感染の最終規模の関係

すことが知られている [2–9]. 一方で、現在の交通輸送システムを介した感染症の伝播はこれまでには考えられなかったスピードで世界的パンデミックを引き起こしている。ただ、世界中のすべての地域が同じように他地域との接続があるわけではないため、空間的に非一様な環境下での感染症伝播を考えることが重要になってきている [10].

本研究では空間的な非一様性を表すためまずは2次元格子状での感染症伝播を考え、シミュレーションによって感染症の伝播の様子を調べた。特に潜伏期をはじめとする感染症の特徴や個体の移動が感染症伝播に及ぼす影響に着目し、潜伏期や個体移動等のパラメータを変化させることで感染の最終規模をどのように抑制しうるか検討を行った。

2. 感染症伝播における個体移動と潜伏期の影響

各個体を2次元格子状でランダムウォークする粒子と見做し、内部状態として Susceptible (S), Exposed (E), Infectious (I), Recovered (R) の4状態を仮定する。初期条件として、すべての個体を格子空間上にランダムに配置し、1個体のみ I, 他はすべて S とする。I と S

*FIRST 合原最先端数理モデルプロジェクト/東京大学生産技術研究所

パラメータ	値
L	500
n	10^5
p	1
λ	1/8, 1/9, 1/18
α	0, 0.1, 0.5, 0.9, 1
τ_E	2, 4, 8, 16, 32
τ_I	2, 4, 8, 16, 32

表1 図2のパラメータ

の個体が同じ格子点に存在する場合には感染率 p で感染し, S は E へと変化する. E の個体は一定時間 τ_E 経過すると I になり感染能を獲得する. I の個体も E の場合と同様にある時間 τ_I の後に R へと変化する, その後再度感染することはない.

個体の移動率は各近接格子への移動確率で表され, S, E, R では確率 λ , I では $\alpha\lambda (0 \leq \alpha \leq 1)$ とする. $\alpha=0$ のとき I の個体は τ_I の間同じ場所に留まる. $\alpha=1$ は, I が S, E, R と同様に移動を続けることを意味する. 故に, $(1-\alpha)$ は I の移動低下率を表す.

初期の S の数が少ない場合には, 感染は拡大せずに収束するが, 個体数がある臨界値 n_c を超えると感染が拡大する. n_c が大きければ, 個体数が多くても感染は伝播しにくい. n_c は, 個体の移動低下があり ($\alpha=0$) かつ潜伏期が短い ($\tau_E=1$) 場合には, 増大することがシミュレーションの結果からわかった (図1). $\alpha=1, \tau_E=20$ の場合には $n_c \cong 3 \times 10^4$ であるのに対し, $\alpha=0, \tau_E=1$ の場合には $n_c \cong 2 \times 10^5$ と非常に大きくなっている.

臨界値 n_c は移動低下率と潜伏期の長さだけでなく, 近接格子点への移動率 λ や I の期間 τ_I にも依存して変化する. ここで, パラメータ $\lambda, \alpha, \tau_E, \tau_I$ からなるランダムウォークの特徴的長さ $l^* \sim \sqrt{\lambda(\tau_E + (1+\alpha)\tau_I)}$ を考えると, l^* が感染症の“病原体”の移動距離と関係づけられ, 感染伝播の特徴をよく捉られていることが確認されている.

実際にシミュレーションを行うと, 図2のように l^* の関数として感染の最終規模を近似的に表すことができる. 図中のデータは表1のパラメータのすべての組み合わせについて計算を行った結果である. どれかひとつのパラメータを横軸に感染の最終規模を表すと, 図1のように他のパラメータに依存して臨界値が大きくなるが, l^* を横軸にとると全てのデータが共通したひとつの臨界値を持つように見える.

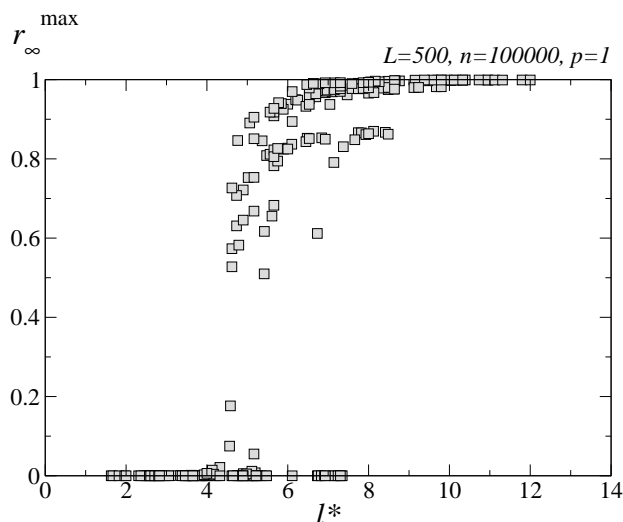


図2 特徴的長さ l^* と感染の最終規模

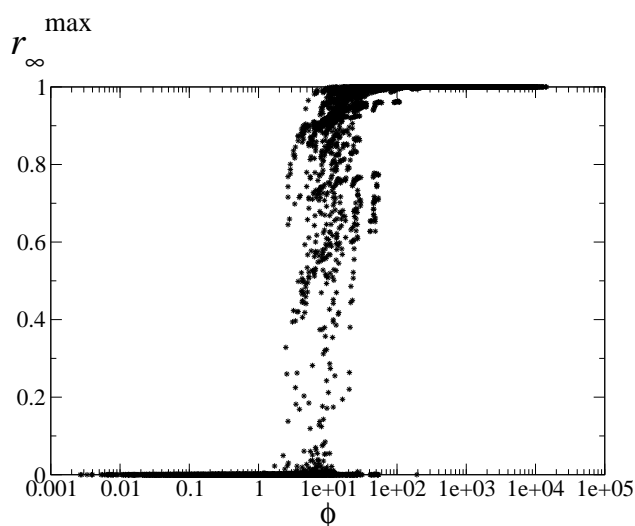


図3 特徴量 ϕ と感染の最終規模

パラメータ	値
L	100, 500, 1000
n	$10^4, 10^5, 10^6$
p	0.1, 0.5, 0.9, 1
λ	1/8, 1/9, 1/18
α	0, 0.1, 0.5, 0.9, 1
τ_E	2, 4, 8, 16, 32
τ_I	2, 4, 8, 16, 32

表2 図3のパラメータ

3. 感染の最終規模のスケーリング

これまでのシミュレーションでは個体数 n , システムサイズ L , 感染率 p を固定して議論を進めてきた. ここで更に特徴量 ϕ を考えよう. 個体密度 $\rho = n/L^2$ と

p と l^* から以下のように ϕ を決める.

$$\phi = (l^*)^2 p \rho$$

シミュレーションにおいて、パラメータは表2の全ての組み合わせについて計算を行った。その結果、図3に示されるように感染の最終規模は近似的に ϕ でリスケールされることがわかった。

4. 感染症伝播抑止のために

感染症伝播抑止のためには、特徴量 ϕ を小さく保つことが重要となる。 ϕ は $(1+\alpha)\tau_I\lambda p\rho$ と $\tau_E\lambda p\rho$ の一次関数からなるため、以下のような考察が成り立つ。感染症伝播抑止のための介入によって、 α , λ , p は値を小さくすることができる。一方で τ_E と τ_I は感染症の種類によって決まり、 ρ は感染症伝播が発生した地域の密度を表す量のため減少させることは難しい。

ρ が十分小さければ他の値がある程度大きくても ϕ を小さく保つことができ、 ρ が大きい場合には p か λ の値をほぼ0まで減少させなければ ϕ を小さくすることができない。 p の値を小さく保つためには、各個人による感染予防対策を徹底することが必要であり、 λ を小さくするためにはの全ての人に対して厳しい外出制限を敷かなければならない。これは大都市での現行の感染症伝播抑止の基本的対策と一致する答である。

ρ が中程度の場合にも上記の対策は有効であるが、 τ_E と τ_I の大小関係によって I への対策が異なる。 τ_E

が τ_I と比較して十分長い場合には、I の移動低下による感染症伝播抑止はほとんど望めない。 τ_E と τ_I の大きさが同程度か、 τ_I が十分大きい場合には I の移動低下によって ϕ を小さくすることができるため、感染者の移動制限が比較的有効な対策となる。ただし、実際の対策では感染者の移動制限が有効といえども人権に対する十分な配慮の上で実行されるべきである。

参考文献

- [1] WHO: <http://www.who.int/en/>, 国立感染症研究所: <http://www.nih.go.jp/niid/ja/from-idsc.html>
- [2] W. O. Kermack and A. G. McKendrick, Proceedings of the Royal Society A, pp.700, Vol.115 (1927)
- [3] W. O. Kermack and A. G. McKendrick, Proceedings of the Royal Society A, pp.55, Vol.138 (1932)
- [4] W. O. Kermack and A. G. McKendrick, Proceedings of the Royal Society A, pp.94, Vol.141 (1933)
- [5] H. R. Thieme, "Mathematics in Population Biology", Princeton University Press (2003)
- [6] H. W. Hethcote, SIAM Review, pp.599, Vol.42 (2000)
- [7] G. Rozhnova and A. Nunes, Physical Review E, pp.1, Vol.82 (2010)
- [8] C. E. Mills, J. M. Robins, and M. Lipsitch, Nature, pp.904, Vol.432 (2004)
- [9] M. Y. Li, J. R. Graef, L. Wang, and J. Karsai, Mathematical Biosciences, pp.191, Vol.160 (1999)
- [10] S. Merler, M. Ajelli, A. Pugliese, and N. M. Ferguson, PLoS Computational Biology, e1002205, Vol.7 (2011)

【特集：パンデミック】

ある数理科学者から見た HIV/AIDS パンデミック

岩見真吾*

私は、数理科学者である。ゆえに“HIV/AIDS パンデミック”などという大それたタイトルで原稿をかけるとは毛頭も思っていない。今回は“ある数理科学者から見た…”というタイトルにて執筆させて頂こうと考えている。「何も国際雑誌に投稿するわけではないのでそんな事気にするべきではない。自分の文筆に責任を持って！何を言い逃れしようとしているのだ？」などと思われる読者の皆様もおられるかもしれない。だから、先に断りを入れておく事にする。これは、まだ現時点では“HIV/AIDS パンデミック”というタイトルをつける事が出来ない自身の不勉強に対する戒めと、将来また原稿を書く機会を頂けたときには“ある数理科学者から見た…”を外そうという誓いの宣言である。と受け止めていただければ以下、皆様の胸を借りて執筆する事ができる。また、本原稿が少しでも HIV/AIDS の啓蒙活動に繋がるのであればこんなにうれしい事はない。

1. AIDS と HIV について

『これは、ほんとうに、ほんとうに劇的な病だ。わたしは、絶対の自信をもって、この病気は新しいと言うことができると考えている。ジェームズ・カラン (疫学者)』。分厚い本であるが科学的な知見から後天性免疫不全症候群 (AIDS) の歴史を紹介している著書「エイズの歴史 M・D・グルメク著 中島ひかる 中山健夫訳」の第一章の冒頭文である [1]。現在でこそ、原因ウイルスがヒト免疫不全ウイルス (HIV) であると特定され、完全でないまでもこのウイルスに抗う薬が開発され、もはや死の病ではなくなったが、当時、ひそかに忍び寄るこの正体不明の病は、不気味であり、奇妙であり、人々を恐怖に陥れたであろう事は想像に容易い。この病にかかった人間は、必ず死に行き、この病が (特に同性愛者間での) 性行為、血液、麻薬に関連しているという事が分かったと居ても立ってもいられなかったであろう。AIDS の歴史は、極めて興味深く、また、我々にはそれを知る義務と責任があると個人的には考えている。しかし、この部分はそれこそ門外漢の

私であり、良書「エイズの歴史」に譲る事にする。

1.1 HIV/AIDS の疫学動向

国連連合エイズ計画/世界保健機関 (UNAIDS/WHO) は、全世界の HIV 感染者数は 3400 万人にのぼり (2010 年末現在)、2010 年における新規感染者数は 270 万人にも達すると報告している。この年間新規感染者数は、2001 年と比べると 15%、新規感染者のピークだった 1997 年との比較では 21% も減少している [2]。さらに、幸運な事に、AIDS による年間死亡者数は 2000 年代半ばに 220 万人だったが、2010 年には 180 万人に減少している。一方、厚生労働省は、日本国内における 2007 年の新規感染者は 1082 人、2008 年は 1126 人 (過去最高)、2009 年は 1021 人、2010 年は 1075 人、2011 年は 1056 人 (過去 4 番目) と報告している。これは、最近 5 年間の HIV 感染者数は 5360 件で、累計の 39.1% を占める事になる。また、AIDS 患者は、2011 年に前年より 4 件多い 473 件に達し、過去最多を記録した。注目すべきは、世界規模での年間新規感染者数は 1997 年にピークを迎えその後減少傾向にあるのに対し、日本では依然増加傾向が続いている点である。今後、国内の AIDS 患者及び死亡者数も増加する事が容易に想像できる。興味深い事に、UNAIDS が調査会社ゾクビー・インターナショナルと組んで、世界中の人々が AIDS の広がりに対応についてどう思っているかを調査したレポートにおいて、日本では 93.8% の人が AIDS の広がりには重要な問題と感じている一方で、わずか 30.3% しか、自分たちの国の問題であると捉えていなかった [3]。日本の HIV/AIDS 流行の現状とこれらのアンケート結果を踏まえると、様々なレベルにおいて、HIV/AIDS の啓蒙活動や性教育が必要である事を示唆している様に感じる。

1.2 抗 HIV 治療の現状と課題

2010 年末の世界の HIV 感染者数は推定 3400 万人で、2001 年当時と比べると 17% 増になっている [2]。これは依然として多数の人が HIV に新たに感染している事及び AIDS による死亡を減らす事になる抗 HIV 治療が大きく影響した事を反映している。事実、1995 年頃に開始された多剤併用療法 (2 つ、もしくは、それ以上の部類の抗ウイルス薬を少なくとも 3 種類以上同時に

*九州大学大学院理学研究院生物科学部門・科学技術振興機構さきがけ

服用する治療法)は、AIDSを含むHIV感染症の治療成績を格段に改善した。現在臨床応用されている、逆転写酵素阻害薬、プロテアーゼ阻害薬、インテグラーゼ阻害薬などの抗ウイルス薬は、HIVのライフサイクルを詳細に解明する事で開発され、上述したようにHIV感染症の流行制御に大きく貢献した事は言うまでもない[4]。実際、この強力な治療法は、ほとんど全てのHIV感染者の血漿中のウイルスを数カ月の間に検出限界値以下にまで抑える事ができる。しかし、残念な事に、この多剤併用療法を持ってしても感染者体内からウイルスを完全に排除する事ができないのが現状である。これは、HIV感染者の生体内には、抗ウイルス薬が作用しない、もしくは、届かない組織や細胞、すなわち、多剤併用治療下においても継続的にウイルス複製を行っている“ウイルスリザーバー”が存在する事が原因であると考えられている。感染者生体内からウイルスを根絶するためには、このリザーバーの正体を明らかにする必要がある[5]。また、現在までAIDSワクチン開発に向けた様々な研究も精力的に行われてきたが、極めて有効なワクチンが開発されたという報告はない。しかし、近年、多くの科学者の努力の甲斐あって少しずつ明るい報告が増えてきたところである(例えば、2009年、タイで行われたワクチン臨床試験では約30%の予防効果が確認されている[6])。

今後、免疫学、ウイルス学、分子・細胞生物学、生化学、そして、計算機科学や数理学が協同する事で、一つ一つの課題を着実に解決し、成果を積み重ねて行く事ができれば、HIV/AIDSの予防、完治、流行のコントロールもあながち夢では無いのかもしれない。

2. HIV/AIDS研究における数理学・計算科学の役割

HIV感染症は、世界的に流行している最も重要な感染症の一つであり、極めて長い経過をたどる慢性感染症である。この特性のため、HIV感染症の拡大阻止には、抗HIV治療の普及や長期効果を有するAIDSワクチンの開発が不可欠である。1983年のHIVの単離からすでに30年たった今でも、効果的なワクチン・完璧な治療法の開発には至っていない。このウイルスがいつ、どこで、どのように誕生し、何故、ヒトに感染し、病原性を発揮するようになったのか?また、どういったルートで人々の間に広がり、その人口構造を蝕んでいくのか?これらの幾重にも重なった謎のほとんどは未だに明らかになっていない。このようなHIV/AIDS研究の停滞状態を打破し、ブレイクスルーをもたらす1つの解決策は、数理学・計算科学との融合研究を展開する事であると私は考えている。複雑で動的なウイルス感染やウイルス伝播の現象を定量的に理解する事が可能になれば、新たな感染メカニズムの同定や新

規治療薬開発の標的決定、HIV/AIDSの流行抑制に有用なアイデアを提供していく事が出来るかもしれない。残りの限られたスペースでは、HIV/AIDS研究における数理学・計算科学の役割の過去と未来を全く持つて個人の主観から述べさせて貰う。

2.1 これまでの研究

かつて、ウイルス感染疾患を対象とした応用数学研究は、実験医学・生命科学のコミュニティーとはほとんど接触を持っていなかったが、現在、欧米諸国の全ての大規模な実験科学グループは、数理科学者との共同研究を行っている。これは、1990年代に勃興した、欧米諸国における生命現象の数理解析研究が、とりわけHIV感染症を対象とするウイルス学において大きな成功を収めた事に端を発する。*Ho DD. et al.*による論文[7]と*Wei X. et al.*による論文[8]は、単剤治療を受けた慢性感染期のHIV感染者における臨床データよりHIVの生体内ダイナミクスを定量化した世界で初めての報告である。彼らの数理解析を用いた解析により、HIV感染者におけるウイルス感染が極めて動的なものであり、感染慢性期のウイルス量は破壊と再生の日々変化するダイナミズムのもとで維持されている事が明らかになった。これら2つの論文[7][8]は、1995年の*Nature*誌の同巻の連続ページに掲載され、数理解析を用いた解析がウイルス学の世界で広く認知されるきっかけとなった歴史的な研究であった。その後約10年間、特に、HIVやサル免疫不全ウイルス(SIV)、C型肝炎ウイルス(HCV)の分野では、治験・臨床データの定量的研究が積極的になされ、それらの分野で大きな成果を残した事もあり、ウイルス感染の数理解析は、実験科学との融合という側面において、その近代的基礎が確立されたように思われる[9][10]。しかし、その後、現在に至るまでは、ウイルス学分野における卓越した実験科学と数理学の融合研究は、達成されていないのである。

2.2 これからの研究

残念ながら日本には、ウイルス感染の臨床・治験・実験データを定量的に扱える専門家がほとんど存在しない。そこで、筆者が中心となって、現在、国内の優秀な若手の実験ウイルス学者と数理科学者を組織して「計算ウイルス学」という新たな融合研究分野を展開し始めている[11]。計算ウイルス学では、これまでウイルス学で行われてきた実験解析に加え、数理解析・数理解析・コンピューターシミュレーションによる分析を行う事で、ウイルス感染疾患のダイナミクスを「定量的」かつ「経時的・動的」に取り扱い、未知の感染プロセスを明らかにしていく事を目指している[12]。数理解析を用いてウイルス感染の動態(ダイナミクス)を理解する事ができれば、ウイルス感染の様々な側面を定性的かつ定量的に見る事が可能

になってくる。すなわち、従来の静態的ウイルス学の範疇には留まらない、ウイルス感染の深い理解と、それに基づいた臨床・社会応用に繋がる研究基盤を確立できる。そのためには、欧米諸国と比較してウイルス関連研究に他分野の参入が遅れている日本において、私たちが展開している研究が根付き、その研究環境が整備されていく必要がある。そして、国内外の優秀な HIV/AIDS 研究者と活発な共同研究を長期的に行う事が重要であると考えている。

3. HIV/AIDS パンデミックのコントロールに向けて

『病原体は、物事の始まり以来、人類から貢物を取り立ててきた。生命が出現してこの方、すでに先史時代のわれわれの先祖からもである。しかし、自然淘汰によってわれわれの種は、以来、抵抗力を発展させてきた。われわれは、長い戦いを経ずして、何であれ簡単にこれらの病原体に屈服することはない……人間は何百万、何千万という死者の犠牲を払って、地球の世襲権を獲得した……というの、人は死や生を無駄にしないからだ』。これは「エイズの歴史」の最終章の最後のページの文章である [1]。

人類は完璧ではないが強力な HIV/AIDS の治療法を手にした事で、世界的な新規 HIV 感染を減少させる事に成功した。また、近年、若者、セックスワーカーとその客、注射による薬物使用者、男性とセックスする男性 (MSM)、トランスジェンダーといった人口集団の行動変容が効果的に HIV/AIDS の流行抑制に繋がる事も徐々に分かってきた。つまり、HIV 予防サービスや抗 HIV 治療へのアクセスにより、個人や社会は HIV/AIDS と闘う力を与えられたと言える。これは、私たちがこのウイルスに屈する事なく闘い続けてきたからだと私は考えている。今後、自身の研究がこの余りにも大きな“大災害”の行方にどのように関わっていけるかは知る由もないが、少しでもこの病の流行を最終的に終わらせるために、仲間とともに研究を続けようと思う。

参考文献

- [1] M・D・グルメク著, 中島ひかる・中山健夫 訳, エイズの歴史, 藤原書店, 1993.
- [2] UNAIDS, 世界エイズデーレポート | 2011 年版, *UNAIDS*, 2011.
- [3] 財団法人エイズ予防財団, THE BENCHMARK: JAPAN 日本の現状, 財団法人エイズ予防財団, 2010.
- [4] 佐藤 佳, 小柳 義夫, HIV-1 のウイルス-宿主相互作用と新規治療薬の開発, *実験医学*, 28, 18(2010), pp2961-2968.
- [5] Eisele E and Siliciano RF, Redefining the viral reservoirs that prevent HIV-1 eradication, *Immunity*, 37, 3(2012), pp377-388.
- [6] Rerks-Ngarm S, Pitisuttithum P, Nitayaphan S, Kaewkungwal J, Chiu J, Paris R, Premisri N, Namwat C, de Souza M, Adams E, Benenson M, Gurnathan S, Tartaglia J, McNeil JG, Francis DP, Stablein D, Birx DL, Chunsuttiwat S, Khamboonruang C, Thongcharoen P, Robb ML, Michael NL, Kunasol P and Kim JH; MOPH-TAVEG Investigators, Vaccination with ALVAC and AIDSVAX to prevent HIV-1 infection in Thailand, *N. Engl. J. Med.*, 361, 23(2009), pp2209-2220.
- [7] Ho DD, Neumann AU, Perelson AS, Chen W, Leonard JM and Markowitz M, Rapid turnover of plasma virions and CD4 lymphocytes in HIV-1 infection, *Nature*, 373, 6510(1995), pp123-126.
- [8] Wei X, Ghosh SK, Taylor ME, Johnson VA, Emimi EA, Deutsch P, Lifson JD, Bonhoeffer S, Nowak MA, Hahn BH, Saag MS and Shaw GM, Viral dynamics in human immunodeficiency virus type 1 infection, *Nature*, 373, 6510(1995), pp117-122.
- [9] Nowak MA and May RM, Virus dynamics, *Oxford University Press*, 2000.
- [10] Perelson AS, Modelling viral and immune system dynamics, *Nat. Rev. Immunol.*, 2, 1(2002), pp28-36.
- [11] 岩見真吾, 特集「疾患の数理モデル」にあたって-計算ウイルス学・免疫学の展開-, *応用数理*, 22, (2012), pp4-6.
- [12] Iwami S, Sato K, De Boer RJ, Aihara K, Miura T and Koyanagi Y, Identifying viral parameters from in vitro cell cultures, *Front. Microbiol.*, 3, (2012), 319.

書籍紹介

進化生態学入門 —数式で見る生物進化—

山内 淳(著)

共立出版

2012年10月, 196p

ISBN: 9784320057234

1. はじめに

進化生態学の理論研究に興味はあるが第一歩が踏み出せない人、あるいは初学者が、そのような研究発表を見聞きするときに感じる違和感は何なのであろうか。

- ・なぜ生物の進化をこんな簡単な式で表現できるのだろうか？
- ・なぜ生物の研究なのに生化学的な過程や発生学的な観点が表面化しないのか？
- ・なぜ進化の研究なのに系統樹を用いて議論しないのだろうか？
- ・適応度を最大化するように進化するだけではないのか？
- ・多様性の多くは変異と浮動のバランスによって維持されているのでは？

以上のような素朴な問いかけに、一定の回答を与えているのが本書である。

2. ポストゲノム時代における進化生態学的視点

ポストゲノム時代を迎え、ゲノム情報のみならず発現や代謝に関する網羅的な解析が急ピッチで進んでいる。驚くべきことに、生命システムの維持に不可欠とされる機能をコードする遺伝子群のいくつかは、正の淘汰を受けていたことが明らかになってきた。すなわち、生体内外における適応の歴史や分子間の軍拡競争が生命システムを進化させてきた、とする生命観の再興である。分子生物学的な実験による研究であっても、その落としどころをそのような生態学的相互作用にみる研究は、トップジャーナルでより顕著になってきている。以上より、進化生態学になじみの深い適応の概念やその方法論は、今多くの人たちに必要とされている。

しかしながら、初学者にとって、進化生態学で用いられている理論はとっつきにくい。この特有のとっつきにくさは、理論が要求する数理的取り扱いだけに起

因するわけではない。理論の前提条件や仮定・慣例についてわかりやすく説明された教科書が少ないからである。本書は、初学者に対する参入障壁を可能な限り取り除いて解説された数少ない入門書である。

3. 本書の内容・特徴

本書は、初学者を主な読者と想定しているため、数式の数は少ない。しかし、ひとたび数式が現れると全ての項について説明が加わるといった具合に、決して読者を置いてきぼりにすることはない。また、理論モデルが要求する前提条件や仮定・慣例についても、大きなページを割いて説明してある。本書にある具体例を1つ挙げよう。「タラコとイクラのサイズの違いを考えると、なぜ進化生態学の理論は i) 生理的な制約の結果であるとは考えず、ii) 生息環境が適応度に及ぼす影響の相違に起因すると考えるのか」という質問に対して、「理論生態学的な観点からは、まずは生物の形質はトレードオフや利益と損失のバランスで決まる最適解であると見なし、それで説明ができない場合に外的な制約での解釈を試みる」と、明確に著者の考えが述べてある(第2章)。このような例として、小さい突然変異の蓄積による漸進進化の仮定や、戦略を決めている遺伝子の伝達機構の単純化など、「モデルのコツ」に関する解説がちりばめられてある。それでは、具体的に本書の構成を見てみよう：

序章 生物学と進化学

第1章 進化に関する基礎知識

第2章 自然淘汰に基づく適応戦略の進化

第3章 適応度最大化に基づく進化モデル

第4章 ゲーム理論とその展開

第5章 血縁関係と利他行動の進化

第6章 性淘汰と配偶者選択の理論

第7章 有性生殖の進化

付録 一年生植物の最適成長スケジュール、血縁淘汰と群淘汰の相同性

コラム 集団遺伝学の3賢人とその弟子たち、ジョン・メイナード・スミス、ウィリアム・ハミルトン、ジョージ・プライス

序章および第1-2章が、進化生態学の理論における前提条件や仮定・慣例の根幹をなす。進化生態学的過程を理論的に扱うために必要な知識が簡潔にまとめられ、「変異遺伝子の頻度の変化とその固定をもたらす力学こそが進化」という概念を理解できるようになるだろう。類書では扱われることの少ない中立変異や分子系統学についても紹介されており、進化生態理論の射

程について俯瞰することができる。このパートが初学者へのハードルを引き下げる部分に該当するのであれば、次の第3-5章は、実際に読者がそのハードルを自力で乗り越えるパートとなる。各章の始めに、高校生でも理解できる数式を用いて基本となる理論が説明される。続いて、その理論を具体的な問題に適用していくといった流れで章は進む。動的最適化の直感的説明や、古典的ESS・ナッシュ均衡・適応ダイナミクスにおけるESS・CSSの包含関係に関する整理などは、類書ではなかなか見られず勉強になる。近年理論研究が飛躍的に進んだ血縁淘汰についても、プライス方程式を用いた血縁度の再定義や、群淘汰と本質的に同値であるといった議論など、大変わかりやすく説明されている。第5章を読めば、ヒトとチンパジー間の血縁度は0.99とはならないことを、納得できるだろう。第6-7章には数式はなく、読み物として完結している。特に第6章では、数理モデルの仮定や解析結果の解釈に力点が置かれており、生物学的な振る舞いから目を離さなければ、数式を用いずとも数理モデルの本質が伝わることを実感するだろう。第7章では、(群淘汰的な)長期的利益と(個体淘汰的な)短期的利益とを区別して、有性生殖の進化の仮説について議論されている。この視点は有性生殖の進化のみならず進化一般に有効であり、しっかりと押さえておきたい。ここで紹介される「決定論的突然変異仮説 (by Kondrashov)」や「減数分裂に伴う染色体修復仮説 (by Michod)」などは、なじみのない方も多いのではないだろうか。他にも、戦

略と戦術の区別や、変動環境への適応だけでは戦略の多様性は生まれないことなど、間違いやすいポイントが繰り返し説明されており、入門書の第一候補として推奨できる内容である。特筆すべきは、進化生態理論の祖とも言える偉人たちの生き様について触れてあるコラムであり、類書ではなかなか見られない。理論手法の系譜をたどることも、また楽しみの一つである。

各章間での独立性は保たれているため、読者は気になるトピックからつまみ食いすることが可能である。ただし、進化生態理論で用いられている手法を俯瞰する目的のためなら、2章から5章までは順に読んだ方が得られる物が多いだろう。なお、本書からは個体群動態の理論が除かれているが、その点については日本語で読める良書がたくさんあるので、それらを勉強してから進化動態との統合に挑めば良いだろう。

4. おわりに

本書で示された理論の前提条件や仮定を拡張する試みは、進化生態理論における重要なテーマの一つである。その意味で、遺伝学的制約や発生学的制約を明示的に組み込んだモデルがトレンドとなりつつある。そのようなモデルの理解・構築のためにも、初学者はもちろん、進化生態の理論に馴染み深い読者にとっても、本書とじっくりと向き合うことをぜひ薦めたい。

総合研究大学院大学 秋田鉄也

学会事務局からのお知らせ

1. 新事務局挨拶

2013年1月より、三村昌泰新学会長（明治大学大学院先端数理科学研究科）の下、以下のメンバーで新事務局を運営させていただくことになりました。

若野友一郎（事務局幹事長：明治大学大学院先端数理科学研究科）

大槻久（事務局員（会計担当）：総合研究大学院大学）

小林豊（事務局員（会員関係担当）：東京大学大学院理学系研究科）

2年間事務局を運営してこられた山内淳前事務局幹事長、江副日出夫先生、加藤聡史先生、ご苦勞様でした。特に、事務作業関連の外部委託体制を構築して頂き、引き継ぐ側としては大変助かっています。新体制の事務局はかなり若いメンバーとなっています。これから2年間、慣れない運営で不手際などもあるかもしれませんが、皆様にご迷惑をおかけしない運営を心がけて、新学会長を支えてゆきたいと思っておりますのでよろしくお願いたします。

2. 新役員

会長： 三村昌泰

副会長： 山村則男

事務局幹事長：若野友一郎

事務局員：

大槻久、小林豊、若野友一郎

運営委員：

岩見 真吾、大槻 久、近藤 倫生、佐々木 颯、佐竹 暁子、瀬野 裕美、高須 夫悟、高田 壮則、竹内 康博、時田 恵一郎、中丸 麻由子、難波 利幸、増田 直紀、望月 敦史、森下 喜弘

大久保賞選考委員：

難波 利幸（任期 2010年10月～2013年9月）

佐々木 徹（任期 2011年10月～2014年9月）

巖佐 庸（任期 2012年10月～2015年9月）

3. 旧事務局からの挨拶

2011年1月より2年間事務局を務めさせて頂きました。山村則男会長、佐藤一憲前事務幹事長をはじめとする前事務局の皆様、そして会員の皆様に支えられて任期を全うすることができました。この間のご協力、本当にありがとうございました。スケジュールに追われてばかりの運営で、至らないところもあったと思いますがお許し下さい。

この2年間には、2011年の東京大会（三村大会委員長）2012年の岡山大会（梶原大会委員長）の2つの年会有りました。これらの大会はそれぞれの大会委員長のもと、各実行委員会の皆様のご尽力で成功裏に終了することができました。いずれも数理生物学の発展と若い世代の活躍を実感できる良い大会でした。本当にありがとうございました。

我々の任期中には東日本大震災が起り、学会としても被災研究者の支援情報の提供や大会参加費の援助などを行いました。もう少し多様な取り組みもあれたのかもしれませんが、また、本任期中に事務局業務の一部について外部委託を開始し、大会期間中の育児支援の専門員会を立ち上げました。今後は、こうした取り組みも踏まえつつ、学会の法人化なども考えてゆく必要があるかもしれません。

若野友一郎事務局幹事長を中心とする次期の事務局には、今期事務局の多少の成果と多くの至らなかった点を顧みつつ、今後の学会のますますの発展のためにご尽力頂ければと思います。

最後に、この2年間本当にありがとうございました。

2013年1月

第11期事務局幹事長 山内淳

4. 第8回（2013年度）日本数理生物学会研究奨励賞候補者募集のお知らせ

日本数理生物学会(JSMB)は、数理生物学に貢献している本学会の中堅または若手会員の優れた研究に対して、研究奨励賞を授与しております。この度、2013年（第8回）の候補者の推薦をお願いすることになりました。研究奨励賞の推薦に関しては、候補者自

身が自薦されても、他の方が候補者を他薦されても構いません。

研究奨励賞の候補者を自薦または他薦される場合について、次の書類を(送付先)までお送りください。

- (1) 推薦者の名前, 住所, 電話番号, 所属. (自薦の場合は不要)
- (2) 候補者の名前, 住所, 電話番号, 所属.
- (3) 業績についての推薦者による簡単な説明文, 及びそれに関連する主要論文3編以内.
- (4) 候補者の簡単な履歴. ただし, 様式は問わない.

なお, 候補者の業績について照会できる方2名までの氏名・連絡先を記載されても構いません. その方にあらかじめ了解をとる必要はありません. 締め切りは2013年3月31日(日)となっています. 候補者の推薦をお待ちしております. どうか, よろしく願います. 御質問がありましたら, (送付先)まで御遠慮なくお問い合わせください.

(送付先)

〒214-8571 神奈川県川崎市多摩区東三田1-1-1
 明治大学 先端数理科学研究科 現象数理学専攻
 日本数理生物学会事務幹事長
 若野友一郎 宛
 E-mail: joe@meiji.ac.jp

※ 2013年3月以降は〒164-8525 東京都中野区中野4-21-1にお送りください. 所属等は変わりません.

◆過去の受賞者(所属は受賞時のもの)

- ◇ 2006年: 若野友一郎(東京大学)
- ◇ 2007年: 今隆助(九州大学), 西浦博(長崎大学)
- ◇ 2008年: 大槻久(東京工業大学)
- ◇ 2009年: 近藤倫生(龍谷大学), 中岡慎治(東京大学)
- ◇ 2010年: 岩見真吾(JST さきがけ, 東京大学), 手老篤史(JST さきがけ, 北海道大学)
- ◇ 2011年: 小林豊(東京大学), 仲澤剛史(京都大学)
- ◇ 2012年: 佐竹暁子(北海道大学), 増田直紀(東京大学)

5. 第8回(2014年度)大久保賞候補者の推薦募集のお知らせ

日本数理生物学会(JSMB)は, Society for Mathematical Biology(SMB)と共同で, 2年に1度数理生物学の発展に貢献した研究者に大久保賞を授与しています. 大久保賞は「若手」研究者と「年長」研究者に交互に授与されており, これまでの受賞者は以下の通りです.

1999 - Martin Nowak
 2001 - Simon Levin
 2003 - Jonathan Sherratt

2005 - J. D. Murray

2007 - Fugo Takasu

2009 - Hans Othmer

2012 - Michio Kondoh

第7回については2011年に受賞者を決定し賞を授与する予定でしたが, 選考が2011年にポーランドのKrakowで開催されたSMBとESMTBの合同大会に間に合わず, 2012年のKnoxvilleでのSMBでの年会で授賞式と受賞講演が行われました. 第8回も本来は2013年に選考され, 2013年中に授賞式と受賞講演を行うのが原則でしたが, これまでのやり方では受賞者の決定から受賞講演までの期間が短く, 同一年の大会に受賞講演を組み込むことが難しくなっていました. そこで, SMBとの話し合いで, 授賞式と受賞講演は候補者の選考の翌年とすることになり, 第8回については今年中に選考を終えますが, 授賞式と受賞講演は2014年に大阪で開催されるSMBとJSMBの合同大会で行われます.

今回は優れた業績を挙げられた年長の研究者が対象です. 分野は幅広い数理生物学全般です. 候補者はJSMB, SMBの会員に限りません. 候補者推薦の詳細に関してはSMBのニュースレターにも掲載され, SMBDigestでも広報されている以下の案内文をご覧ください.

候補者推薦の締め切りは2013年3月31日(日)です. 皆様のご推薦をお待ちしています. ご質問がありましたらご遠慮無く選考委員にお問い合わせください.

JSMB 選考委員

難波利幸: tnamba@b.s.osakafu-u.ac.jp

佐々木徹: sasaki@ems.okayama-u.ac.jp

巖佐 庸: yohiwasa@kyudai.jp

2013年1月

第8回大久保賞選考委員長 難波利幸

Akira Okubo Prize

Nominations are requested for the Akira Okubo Prize which, for 2014, will be awarded to a living senior scientist whose lifetime achievements have been exemplary in developing innovative theory, in establishing superb conceptual ideas, in solving difficult theoretical problems, and/or in uniting theory and data to advance a biological subject. The areas of research are mathematical biology, bio-mathematics, theoretical biology, and biological oceanography. The prize is jointly awarded by the Society for Mathematical Biology(SMB) and the Japanese Society for Mathematical Biology(JSMB). The SMB and JSMB will invite the prize winner to deliver a lecture at the next joint annual meeting of JSMB and SMB which will be held in Osaka (Japan) in July 28-August 1, 2014.

Rules for the prize can be found at

<http://www.smb.org/prizes/index.shtml>.

The prize was initiated in 1999 and the previous winners in the senior scientist category have been Simon A. Levin (2001), James D. Murray (2005) and Hans Othmer (2009).

To nominate a person for the Akira Okubo Prize, the following Information should be submitted to Toshiyuki Namba VIA EMAIL (tnamba@b.s.osakafu-u.ac.jp)

1. Name, address, phone number, affiliation, and email address and/or fax number of the nominator.
2. Name, address, phone number, affiliation, and email address and/or fax number of the nominee.
3. A detailed statement describing why the nominee should be considered for the award.
4. A CV for the nominee in some form.
5. Name and contact information, including email address, for four potential referees who are not current or recent collaborators of the nominee. Furthermore, the nomination package may include up to two additional letters of support which may be submitted by collaborators of the nominee.

Closing date for the nominations is March 31, 2013.

Akira Okubo 2014 prize selection committee includes:

Professor Toshiyuki Namba (Committee Chair):

tnamba@b.s.osakafu-u.ac.jp

Professor Toru Sasaki: sasaki@ems.okayama-u.ac.jp

Professor Yoh Iwasa: yohiwasa@kyudai.jp

Professor Louis Gross: gross@NIMBioS.org

Professor Denise Kirschner: kirschne@umich.edu

Professor Jonathan Sherratt: J.A.Sherratt@hw.ac.uk

6. 日本数理生物学会総会報告

日時 2012年9月11日(火) 16:00-17:00

場所 岡山大学 自然科学研究科棟大講義室

総会に先立ち議長の選出をおこない、梶原毅会員が選出された。

■ 議題

- (1) 松田博嗣九州大学名誉教授を名誉会員とすることが承認された。
- (2) 2013-2014年の会計監事を山内淳会員とすることが承認された。
- (3) 山村則男会員の任期満了にともなう大久保賞選考委員の交替について、会員からの推薦にもとづき運営委員会の議を経て事務局から提案のあった巖佐庸会員の就任が承認された。新委員の任期は2012年10月～2015年9月である。
- (4) 江副日出夫会計担当幹事から別紙にもとづき2011

年度決算について報告があり、承認された。続いて同会計担当幹事から2012年度予算執行状況ならびに2013年度予算案に関して報告があり、承認された。

- (5) 2014年にSMB・JSMBの合同大会を大阪国際会議場で開催し、それを2014年の年会に変えることが承認された。
- (6) 2013年の年会は静岡大学浜松キャンパスにて、泰中啓一大会実行委員長のもと開催されることが承認された。佐藤一憲会員より挨拶とともに、2013年9月10日から13日のうちのいずれかの3日間の日程で開催予定であることが報告された。

■ 報告事項

- (1) 日本数理生物学会研究奨励賞第7回授賞報告が行われた。

7. 2012年1月以降の入退会者(敬称略)

入会(48名)

Jesús R. ARTALEJO (Faculty of Mathematics, Complutense University of Madrid), María Jesús LOPEZ-HERRERO (School of Statistics, Complutense University of Madrid), 相田 拓洋(埼玉大・理工), 阿久津 達也(京大・化学研究所), 飯沼 万美子(同志社大), 石原 潤一(早稲田大・理工), 伊藤 光(東北大院・理), 伊藤 洋(総研大), 鶴飼 和也(大阪府立大院・工), 内田 さちえ(奈良女子大・人間文化), 大浦 健志(大阪大・サイバー), 川瀬 大樹(静岡大・工), 川瀬 雅也(長浜バイオ大・バイオサイエンス), 木村 望(同志社大・文化情報), 五島 祐樹(東京大院・数理), 小森谷 均(富士通研究所), 小山 信也(東洋大・理工), 齋藤 友洋(岡山大・環境生命), 齊藤 稔(東京大院・総合文化), 境 一樹(大阪大・理), 坂井 恵(名古屋大院・情報), 酒井 佑模(北海道大院・環境科学), 阪田 佳亮(早稲田大院・先進理工), 笹本 浩平(京都府立医大院・医), 坂田 綾香(東京工大院・総合理工), 塩澤 毅學(東京都市大院・工), 新城 直幸(龍谷大), 鈴木 泰博(名古屋大院・情報科学), 砂田 靖志(広島大), 高橋 弘明(筑波大・生命環境), 都丸 武宜(神戸大学・理), 董 岳平(静岡大・システム工学), 中島 肇(雪印メグミルク), 中村 允(慶應義塾大院・理工), 新里 高行(神戸大), 野口 裕信(東京大院・広域科学), 菱谷 有希(山口大), 福世 真樹(京大・医科学研究所), 舟橋 佳邦(岡山大), 増田 愛(大阪大院・理学), 丸中 良典(京都府立医大院・医), 三浦 佳南(東京工大院・社会理工), 村上 陽平(京大・理), 守永 一彦(東京工大・総合理工), 山口 諒(九州大・理), 山崎 和仁(神戸大・理), 横山 明(東京工大院・社会理工), 吉田 建朗(京大)

退会(45名:会費滞納による自動退会含む)

芦田 廣, 荒井 真美子, 飯野 理美, 石松 愛, 稲垣 絢子, 井

上 徹, 岩城 光, 上野 太郎, 宇賀山 和也, 宇野 民幸, 大槻
亜紀子, 大原 一華, 大森 崇広, 小野 直亮, 川添 のぞみ,
桑村 雅隆, 小山 哲史, 佐藤 絵里, 鈴川 陽一, 関口 真一,
高木 泉, 高瀬 光雄, 高畑 尚之, 田中 裕美, 張 俊寧, 辻 英
人, 戸田 春那, 豊田 規人, 中村 哲也, 西川 正俊, 西村 信

一郎, 野里 英昭, 濱谷 義弘, 原 惟行, 本田 直樹, 松岡 里
美, 松原 仁, 武藤 義孝, 村田 淳, 森本 竜広, 山尾 将隆,
吉川 満, 由田 太一, 吉村 仁, 渡部 昇

現会員数: 482名 (2012年12月7日現在)

日本数理生物学会
2012年度予算執行状況・2013年度予算案
 会計幹事 江副日出夫

一般会計	2011年度決算	2012年度予算	2012年度執行状況	2013年度予算案
収入				
繰越	3,546,685	3,873,891	4,206,017	4,336,743
会費	1,265,246	1,141,020	979,000	1,177,380
大会還元金	294,743	0	0	0
利子等	41	0	72	0
計	5,106,715	5,014,911	5,185,089	5,514,123
支出				
ニュースレター 冬印刷	58,170	55,000	52,920	55,000
ニュースレター 冬郵便	46,530	35,000	32,666	45,000
ニュースレター 春印刷	47,670	55,000	42,420	55,000
ニュースレター 春郵便	35,470	35,000	34,492	35,000
ニュースレター 秋印刷	42,420	50,000	58,170	50,000
ニュースレター 秋郵便	34,950	35,000	36,078	35,000
会費請求			34,120	40,000
名簿	136,920	150,000	0	0
選挙	61,205	0	5,225	70,000
通信費等				
通信費	3,650	20,000	2,010	10,000
ドメイン名経費	0	4,500	0	4,500
奨励賞経費	15,270	15,000	6,060	15,000
事務局経費				
外部委託	0	340,000	0	380,000
事務諸経費	23,700	50,000	0	25,000
特別会計へ	394,743	100,000	100,000	100,000
小計	900,698	944,500	404,161	919,500
予備費(次年度繰越)	4,206,017	4,070,411	4,780,928	4,594,623
計	5,106,715	5,014,911	5,185,089	5,514,123
特別会計				
収入				
繰越	1,043,180	1,026,780	1,377,523	1,427,523
繰り入れ(一般)	394,743	100,000	100,000	100,000
計	1,437,923	1,126,780	1,477,523	1,527,523
支出				
大会費	0	50,000	0	50,000
旅費	60,400	0	0	250,000
小計	60,400	50,000	0	300,000
予備費(次年度繰越)	1,377,523	1,076,780	1,477,523	1,227,523
計	1,437,923	1,126,780	1,477,523	1,527,523

研究集会カレンダー2013年2月1日付(前号 No.68 からの差分)

2013 March-**March 5-9 グランシップ静岡**

第60回日本生態学会

<http://www.esj.ne.jp/meeting/60/>**March 12-15 大阪大学**

理研 QBiC スプリングコース

http://www.qbic.riken.jp/spring_course2013/index.html**March 13-15 Tunis, Tunisia**

ISCB Africa ASBCB Bioinformatics Conference

<http://www.iscb.org/iscbafrica2013>**March 13-16 Cold Spring Harbor, NY**

CSH Conference: Systems Biology: Networks

<http://meetings.cshl.edu/meetings/2013/network13.shtml>**March 15-17 一橋大学**

ゲーム理論ワークショップ

<http://wakame.econ.hit-u.ac.jp/~aokada/kakengame/meeting/workshop/index.html>**March 16-21 Pultusk, Poland**

ESF-EMBO Symposium: Bacterial networks (BacNet13)

<http://www.esf.org/index.php?id=9575>**March 17-19 岡崎コンファレンスセンター**

The 10th NIBB-EMBL Symposium 2013 Quantitative Bioimaging

http://www.nibb.ac.jp/nibb_emb110th/**March 19-22 Cold Spring Harbor, NY**

CSH Conference: The Interplay between Models and Data

<http://meetings.cshl.edu/meetings/2013/comp13.shtml>**March 20-24 Atlanta, GA**

Frontiers in Systems and Synthetic Biology '13

<http://www.ibsi.gatech.edu/FSSB13>**March 21-22 理化学研究所**

理研シンポジウム「細胞システムの動態と論理 V」

<http://www.riken.go.jp/r-world/research/symposium/index.html>**March 21-23 岡山大学**

第54回日本植物生理学会

<http://www.jspp.org/okayama/>**March 21-25 東京海洋大学**

2013年度日本海洋学会春季大会

<http://www.gakkai-web.net/gakkai/jos/hp/index.html>**March 22-25 立命館大学**

日本化学会第93春季大会

<http://www.chemistry.or.jp/nenkai/93haru/index.html>**March 24-28 東北大学**

日本農芸化学会 2013 年度大会

<http://www.jsbba.or.jp/2013/>**March 25-27 理化学研究所**

理研シンポジウム「最先端光計測とライフサイエンスの近未来ーバイオ・ラマン」

<http://www.riken.go.jp/r-world/research/symposium/index.html>**March 26-29 東京理科大学**

日本数学会 2012 年度年会

<http://mathsoc.jp/meeting/tus12mar/>**March 26-29 広島大学**

日本物理学会第68回年次大会

<http://jps2013.hiroshima-u.ac.jp/>**March 26-30 東京海洋大学**

平成25年度日本水産学会春季大会

<http://www.gakkai-web.net/gakkai/jsfs/kaikoku/index.html>

March 27–29 日本大学

第 57 回日本応用動物昆虫学会
<http://odokon.org/event/>

March 27–29 タワーホール船堀, 東京

第 90 回日本生理学会
<http://seiri90.umin.jp/>

April 9–11 Boston, MA

BioIT World 2013
<http://www.bio-itworldexpo.com/>

April 13–17 Dubrovnik, Croatia

EMBO Conference Series: From Structure to
Function of Translocation Machines
<http://events.embo.org/13-translocase/>

April 15–20 Pultusk, Poland

ESF-EMBO Symposium: Molecular Bioenerget-
ics of Cyanobacteria: Shaping The Environment
<http://www.esf.org/index.php?id=9579>

April 16–20 Cold Spring Harbor, NY

CSH Conference: Synapses: From Molecules to
Circuits & Behavior
[http://meetings.cshl.edu/meetings/
2013/synapse13.shtml](http://meetings.cshl.edu/meetings/2013/synapse13.shtml)

May 1–4 Heidelberg, Germany

EMBO—EMBL Symposium: New Model Sys-
tems for Linking Evolution and Ecology
[http://www.embo-embl-symposia.org/
symposia/2013/EES13-01/](http://www.embo-embl-symposia.org/symposia/2013/EES13-01/)

May 3–7 Honolulu, HI

Immunology 2013
<http://www.immunology2013.org/Program>

May 5–7 Lisbon, Portugal

Mitochondria: from Signaling to Disease
<http://www.cell.com/symposia>

May 5–10 Lucca, Italy

Gordon Research Conference: Viruses & Cells
[http://www.grc.org/programs.aspx?year
=2013&program=viruses](http://www.grc.org/programs.aspx?year=2013&program=viruses)

May 6–10 Suzhou, China

Francis Crick Symposium on Neuroscience
<http://www.csh-asia.org/>

May 7–11 Cold Spring Harbor, NY

CSH Conference: The Biology of Genomes
[http://meetings.cshl.edu/meetings/
2013/genome13.shtml](http://meetings.cshl.edu/meetings/2013/genome13.shtml)

May 8–12 Heidelberg, Germany

EMBO Conference Series: Chromatin and Epige-
netics
[http://www.embl.de/training/events/2013/
CHR13-01/index.html](http://www.embl.de/training/events/2013/CHR13-01/index.html)

May 14–16 Valencia, Spain

The Next NGS Challenge Conference
<http://www.thenextngschallenge.org/>

May 14–16 Pittsburgh, PA

Great Lakes Bioinformatics Conference
<http://www.iscb.org/glbio2013>

May 14–17 Paris, France

EMBO Conference on Allosteric Interactions in
Cell Signaling and Regulation
[http://www.pasteur.fr/ip/easysite/
pasteur/en](http://www.pasteur.fr/ip/easysite/pasteur/en)

May 18–20 Gatersleben, Germany

International Symposium on Integrative Bioinfor-
matics 2013
<http://www.imbio.de/ib2013/>

May 19–23 Snowbird, UT

SIAM Conference on Application of Dynamical
Systems
[http://www.siam.org/meetings/ds13/
index.php](http://www.siam.org/meetings/ds13/index.php)

May 26–31 Lucca, Italy

The Chromosome Dynamics Gordon Research
Conference
[http://www.grc.org/programs.aspx?year
=2013&program=chromdyn](http://www.grc.org/programs.aspx?year=2013&program=chromdyn)

May 28–31 くにびきメッセ

第 46 回日本発生物学会大会
[http://www.jsdb.jp/kaisai/jsdb2013/
index-e.php](http://www.jsdb.jp/kaisai/jsdb2013/index-e.php)

May 29–June 3 Cold Spring Harbor, NY

78th Cold Spring Harbor Symposium on Quantita-
tive Biology: Immunity & Tolerance

<http://meetings.cshl.edu/meetings/2013/symp13.shtml>

June 2–7 Easton, MA

Gordon Research Conference: Biological Mechanisms in Evolution

<http://www.grc.org/programs.aspx?year=2013&program=biomechevo>

June 9–14 Mount Snow Resort, VT

The Synthetic Biology Gordon Research Conference

<http://www.grc.org/programs.aspx?year=2013&program=synthbio>

June 10–13 Tempe, AZ

2013 Annual Meeting of The Society for Mathematical Biology

<http://math.asu.edu/SMB2013>

June 16–20 Cancun, Mexico

17th International Congress of Developmental Biology

<http://www.inb.unam.mx/isdb/index.html>

June 17–21 Suzhou, China

Plant Cell and Developmental Biology

<http://www.csh-asia.org/>

June 19–21 ウィンクあいち

第65回日本細胞生物学会大会

<http://www.aeplan.co.jp/jscb2013/>

June 21–25 Snowbird, UT

The Evolution Annual Meeting

<http://www.evolutionmeeting.org/>

June 23–27 Ascona, Switzerland

Systems Biology of Infection Symposium

<http://www.infectx.ch/SysBioInf/>

June 27–28 パシフィコ横浜

8th RCAI-JSI International Symposium on Immunology 2013

<http://web.rcai.riken.jp/en/rcaisymp/2013/index.html>

July 8–12 San Diego, CA

SIAM Annual Meeting

<http://www.siam.org/meetings/an13/>

July 14–19 Newport, RI

Gordon Research Conference: Chronobiology

<http://www.grc.org/programs.aspx?year=2013&program=chrono>

July 18–22 Cold Spring Harbor, NY

CSH Conference: Wiring the Brain

<http://meetings.cshl.edu/meetings/2013/wtb13.shtml>

July 19–23 Berlin, Germany

Intelligent Systems for Molecular Biology and European Conference on Computational Biology

<http://www.iscb.org/ismbeccb2013>

July 22–Aug 30 Santa Barbara, CA

KITP Program: New Quantitative Approaches to Morphogenesis

<http://www.kitp.ucsb.edu/activities/dbdetails?acro=morpho13>

Aug 4–9 Minneapolis, MN

Ecological Society of America Annual Meeting

<http://www.esa.org/meetings/upcomingmeetings.php>

Aug 14–16 Blacksburg, VA

International Conference on Computational Cell Biology

<http://www.cpe.vt.edu/ccb/index.html>

Aug 19–23 Cambridge, UK

Infectious Disease Dynamics

<http://www.newton.ac.uk/events.html>

Aug 19–24 Lisbon, Portugal

XIV Congress of the European Society for Evolutionary Biology

<http://www.eseb2013.com/>

Aug 22–27 Milan, Italy

15th International Congress of Immunology

<http://www.ici2013.org/home/>

Aug 29–Sep 4 Copenhagen, Denmark

14th International Conference on Systems Biology

<http://www.icsb2013.dk/>

編集委員会からのお知らせ

原稿の募集

次号 (No. 70, 2013 年 5 月発行予定) では、卒業論文・修士論文・博士論文の特集を予定しています。以下の要項に従い、会員ご自身または会員がご指導の学生の皆さんの卒業論文・修士論文・博士論文の題目・要約文・要旨をお寄せください。

締切: 題目および要約文: 2013 年 3 月 1 日 (金)

要旨: 2013 年 3 月 20 日 (水)

提出先: JSMB ニュースレター編集委員会

(jsmb-newsletter@riken.jp) まで

様式: 卒業論文については、題目、200 文字程度の内容要約文と、A4 サイズ 1 ページ以内の要旨をご寄稿ください。また、修士論文および博士論文については、題目、200 文字程度の内容要約文と、A4 サイズ 2 ページ以内の要旨をご寄稿ください。要旨については、タイトル部分に、**卒業論文・修**

士論文・博士論文の別、論文題目、著者名、所属名の記載をお願いします。

原稿の様式は、**内容要約文はテキストファイル**(数式や書式指定などが入る場合は $\text{T}_\text{E}_\text{X}$ 形式が望ましい)、**Microsoft Word ファイル**, もしくは **OpenOffice.org Writer ファイル** をお願いします。また、**要旨は pdf ファイル** をお願いします。要旨には図や写真を入れても構いませんが、解像度を適切に調整するなどしてファイルサイズが不必要に大きくなりすぎないようにご注意ください。

その他不明な点は遠慮なく編集委員会までお問い合わせ下さい。

掲載: 内容要約文については、ニュースレター No.70 に掲載します。要旨については、戴いた PDF ファイルをそのままニュースレター No.70 Supplement(pdf 版)としてまとめ、学会 web ページに掲載します。

編集後記

69号をお届け致します。2012年度日本数理生物学会研究奨励賞受賞者の増田直紀さんに、「私の選択人生」と題してご寄稿いただきました。若い方には、研究テーマをどう選ぶべきか、大いに参考にしていただけたと思います。また瓜生耕一郎さんには、ドレスデン滞在記を書いていただきました。実験との融合研究への強い情熱が伝わってくる内容で私自身学ぶ所が多かったですし、将来海外への武者修行を考えておられる方にはきっと参考になると思います。他に、今号と次号ではパンデミック研究の特集を掲載します。今さら書くまでもないことですが、インフルエンザ・AIDS・マラリアなどのパンデミックは学問的にも社会的にも重要なテーマです。その中で数理生物学会では、現在様々なアプローチから研究が行われています。そこでニュースレター編集委員会では、パンデミックを研究対象にする方(また新しく研究をはじめようとする方)の交流の場となればと考えまして、本特集を組むことにしました。占部千由さんと岩見真吾さんにご寄稿いただきましたのでぜひご覧下さい。いずれも読み応えのあ

る内容で、執筆者のお二人に感謝致します。今回お二人に原稿をお願いする一方、Biomathのメーリングリストを用いてパンデミックに関する原稿を募集させていただきました。ありがたいことに多数のご応募がありました。ご応募いただいた方の原稿は次号に掲載する予定です。どうぞお楽しみに。(黒澤)

日本数理生物学会ニュースレター第69号
2013年2月発行

編集委員会 望月 敦史, 黒澤 元, 立川 正志

jsmb-newsletter@riken.jp

理化学研究所基幹研究所

〒351-0198 埼玉県和光市広沢2-1

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