

日本数理生物学会

ニュースレター

第91号

2020年5月



第30回日本数理生物学会大会 (JSMB2020)

日時：2020年9月20日(日)，21日(月・祝)，22日(火・祝)
場所：名古屋大学工学部・工学研究科・情報学研究科 IB 電子情報館 (名古屋市千種区不老町)
大会実行委員長：時田恵一郎 (名古屋大学大学院情報学研究科 tokita@i.nagoya-u.ac.jp)
大会ホームページ：<https://sites.google.com/view/jsmb2020conference>

第30回日本数理生物学会大会を，2020年9月20日～22日に，中部地区他各地の会員および名古屋大学関係者の協力により運営することになりました。会場は名古屋大学内の会場（以下のキャンパスマップ建物番号C3①）を利用して開催いたします。

<http://www.nagoya-u.ac.jp/access-map/higashiyama/engg.html>

本大会は2013年に静岡大学浜松キャンパスにて年會が開催されて以来，7年ぶりに中部地区で開催される数理生物学会です。名古屋大学においては初の開催となります。実行委員会委員一同張り切って企画を進めて参りましたが，昨今の新型コロナウイルス感染症流行に鑑み，オンライン開催も視野に入れて準備を進めているところです。そのため，重要な締切等を含め，急な予定の変更を余儀なくされる可能性もあり，このニュースレターでのご案内は最小限にとどめたいと思いますので，問い合わせ先等を含む詳細につきましては上記大会ホームページを随時ご確認頂きますようお願い致します。皆様の多数のご参加をお待ちしております。どうぞよろしくお願い致します。

大会実行委員

一ノ瀬元喜（静岡大学），一宮尚志（岐阜大学），岩見真吾（九州大学），上原隆司（名古屋短期大学），大平徹（名古屋大学），小山宏史（基礎生物学研究所），佐藤一憲（静岡大学），鈴木麗璽（名古屋大学），瀬戸繭美（奈良女子大学），塚田祐基（名古屋大学），時田恵一郎（名古屋大学），南和彦（名古屋大学），宮崎倫子（静岡大学），武藤敦子（名古屋工業大学），望月敦史（京都大学），守田智（静岡大学）

Advisory Board

有田隆也（名古屋大学），宇沢達（名古屋大学），小西哲郎（中部大学），笹井理生（名古屋大学），笹原和俊（名古屋大学），三小田博昭（名古屋大学），中丸麻由子（東京工業大学），中岡慎治（北海道大学），難波利幸（大阪府立大学），野崎健太郎（椋山女学園大学），山内淳（京都大学），渡辺武志（名古屋大学）

一人ぼっちで年大会を開催することとは

2019年大会委員長 中丸麻由子*

ある日、研究室の電話が鳴った。受話器を取ったところ、数理生物学会事務局幹事からであった。早い話が、2019年大会開催を引き受けて欲しいというものだった。私の知っている範囲では東京工業大学には他に数理生物学会の会員もおらず、私の研究室には社会人の大学院生しかいないため、手伝ってくれる学生も見込めない。数理生物学会規模の学会を一人でやるのは無理であるため、お断りをした。幹事によると、関東圏の他の大学では、講義室が小さくて学会開催が難しいとか、場所が街中から離れているために懇親会会場へのバスをチャーターする必要があっってお金がかかる、会場費が非常に高いなど、様々な理由があっ開催できないということだった。そして、関東圏の数理生物学会会員が実行委員として手伝ってくれると思うので大丈夫だ、と言うことだった。日頃お世話になっている数理生物学会にはたまにはお返しをしなければという思いもあり、引き受けることにした。

数理生物学会に所属する教員も複数人おり、準備してくれる通常の学生もいる研究室で学会を開催するのが妥当なのかもしれない。が、私のように学内に一人しか数理生物学会員がおらず手伝ってくれるような学生もほぼいないような状況において年大会開催を引き受けなければならないこともある。今後、同じような状況になる会員もいると思うので、一人ぼっち状態で年大会を準備する上で参考になりそうなことを説明する。

(1) 役割分担

全てのことを一人でやるのは無理である。東京工業大学の周辺地域には数理生物学関係者が比較的多かったこともあり、その人たちに東工大にいらなくてもできるタイプの仕事の役割分担をすることになった。学会web pageの開設、参加および講演受付、シンポジウムの受付及び選定、学会プログラムの作成、要旨作成である。一昔前ならば、関係者が一箇所に集まらないとできなかった仕事も、インターネットやコンピュータの発達のおかげで分業が可能になって手間もかからなくなった。例えば、一昔前ならば郵送で学会申し込みや要旨提出をしていたのだが、今はgoogle formで参加申し込みをすると自動的に参加者リストが作成され

るのである。要旨については、例年の数理生物学会年大会の方針に倣ってメールでの受付としたが、googleメールでの受付のため、関係者であれば誰でもメールを一覧できる状況であったので、担当者に要旨ファイルを整理してもらった。要旨集はPDFとして年大会web pageからダウンロードする方針にしたので、印刷業者に依頼する手間が省けた。良い時代になったと思う。

(2) 託児所について

数年前の浜松大会の時に2歳になる前の子供と一緒に数理生物学会に参加した。この時、最初は大会では託児所は用意しないということで、一時子供預かり施設を紹介していただき、1時間の利用料金が千円以下とお得であったこともあって、そこへ預ける予定で進めていた。私以外にも子連れ参加者がいたためか、学会でイベント保育をすることになり、そちらを利用することにした。学会会場のすぐそばの講義室などで預かってもらえたので送り迎えの手間が省けるので非常に便利だった。利用料金が1時間700円だったと思う。当時は全額利用者負担であり、残念ながら勤務先の東工大からも補助はなかった。それはともかく、学会に参加して発表もできたので、イベント保育があったのは大変助かった。

自分が年大会を開催するにあたって、イベント保育会社数件に見積もりを依頼した。数理生物学会では、過去の託児所利用者が1-2名ぐらいであったので、仮に2名の0-2歳の子供を3日間あずけるとした。すると25-30万円ぐらいかかるという試算であった。首都圏のために非常に高額だったのだ。学会としてはこの出費はサポートするという方針とはいえ、この金額は高すぎると思ってしまった。また、年大会実行委員の中に東工大の教員が1名しかいない中、学会当日は年大会のこまごまとした仕事や受付業務に加えて、シッター派遣会社とのやりとりが生じてしまうと、手が回らなくなりそうだった。大学が用意している保育場所の鍵の管理は全て私が行わねばならない。しかし学会会場から若干はなれてしまうため、保育場所と学会会場の往復をするのは難しいだろうというものがあった。

東京工業大学は都心にあるおかげで、周辺地域では

*東京工業大学 環境・社会理工学院

一時利用者向けの一時子供預かり施設が比較的充実していた。1時間1500〜2000円が相場であるので、仮に1名を一日7時間3日間預けたとしても3〜4万円ぐらいである。浜松大会の自分の経験からするとイベント保育の方が子供を預ける側からすると楽である。一方、主催者の立場になると、一時保育施設利用への補助をした方がイベント保育をするよりも経済的にも労力的にも都合が良いということで、一時預かり保育への補助を選んだ。この判断がよかったのかどうかはよくわからない。結局、2019年大会には利用者はいなかった。

(3) 各種申し込み期限について

参加者を増やすのであれば各種申し込みの期日は遅めの設定がいいのだが、そうすると一人ぼっちの年大会運営では事務処理が間に合わない。一般講演での講演申し込みや要旨提出を早めに締め切ったので、手伝ってくださっている大会実行委員の予定にあわせてプログラム作成を進めることができた。また、参加費等の支払いの確認などについては研究室の秘書さんをお願いした。振込締め切りも早めにして、締め切り後は全て当日支払いとしたので、支払い者への領収書の準備などは順調だった。

問題は当日申し込み及び支払い者である。できれば当日申し込みの手間を減らしたいため、早期申し込みと当日申し込みで会費差をつけてインセンティブをつけたのだ。きっと人間は合理的に物事を判断して、早期申し込みまでに会費を振り込んでくれているはずだ、と予測したのだった。しかし、これが予測通りにならなかったのである。蓋を開けると、当日参加申込者が多かったのだ。そのため、予想以上に参加費収益があり、余剰金が生じてしまった。早期支払者へのインセンティブが効かなかったようだ。これは反省点である。

東京大会なのでシンポジウムや一般講演の申し込み者も多いだろう、と予測していたが、シンポジウムも一般講演も思ったほどではなかった。各種申し込みの締め切りを早めにしたせいかもしれない。あるいは、Bio-mathメーリングリストでのみの宣伝だったためかもしれない。開催時期は9月の3連休だったので、数理生物学会と同じ日時で様々な他の学会が開催されていたためかもしれない。2019年7月27日付毎日新聞によると運営費交付金削減等のため全体的にこの学会も学会会員が減っているようで、それが理由なのかもしれない。理由をあげ出すときりがないが、学会開催者となった場合は、参加者数と手間のトレードオフを考えて締切日を設定した方が良さだろう。

(4) 学会当日の学生アルバイトについて

学会開催日数日前になると領収書作成、ポスター関係のグッズの用意（ポスターボードで安全ピンは使用可能か、の確認とか）、名札の調達、飲み物や茶菓子の用

意、受付グッズの用意、立て看板の用意と学会案内板の作成など、様々な細かい作業が発生してしまい、一人ぼっちでの年大会主催をする身としては非常に大変である。グッズなどの購入はアスクルを利用した。アスクルはネームプレートから茶菓子からコーヒー（アイスコーヒー 1リットルサイズのパック）まで全て揃うので非常に便利である。契約している業者経由でアスクルの支払いをすることになっているおかげで、学会終了後に現金での支払でも大丈夫ということで、全員からの参加費の徴収後に支払いができたのは非常に助かった。研究室の秘書さんが超過勤務を快諾してくださって、細々とした仕事を引き受けてくださった。また、社会人学生が親切にも当日の受付業務を手伝ってくださったので当日支払いのお金の管理を任せることができた。問題は、講演会場に張り付く照明係やタイムキーパー、マイク係、受付係、茶菓子担当などのアルバイトの調達である。

実行委員のアイデアもあって、人を集めやすくするために時給は高めとした。学生アルバイトの募集の仕方についても実行委員から色々意見があったが、東工大の非会員の学生にアルバイト募集をかけることになった。私の研究室が大岡山キャンパスにあれば、大岡山の掲示板にアルバイト募集の紙を貼るのだが、あいにく研究室のある田町キャンパスは港区のオフィス街にあって、学生の出入りがほぼないような場所である。社会人学生が多いこともあり、掲示板に貼って募集しても誰も集まる感じでもない。そこで、まずは知り合いの東工大の先生をお願いしてその先生の学生に声をかけていただいた。社会人学生が親切にも大学生のお子さんに声をかけてくださった。一時は人数は足りていたが、急用等でのキャンセルもあり、人数が若干足りずに困っていた。学会開催日の前日に、（この様な人手不足の状況を察したのか？）会長の稲葉先生が自分の学生にお手伝いをするようにと声をかけてくださったおかげで、なんとかアルバイト学生の必要人数を確保することができた。

というわけで、一人ぼっちの年大会運営では、アルバイト学生の調達がいちばんの難関となるので、アルバイトを集めやすい方法で早めに動いた方がいいと思う。また、アルバイトの配置・分担決めや当日の仕事内容リスト作成も実行委員長が行うことになるが、それだけでも意外と時間がかかった。

以上、一人ぼっちの年大会開催において参考になりそうな点をあげた。一人ぼっちの開催と言いつつも実行委員の皆様や様々な人たちに助けていただいて、なんとか無事に2019年数理生物学会年大会を終えることができた。この場を借りてお礼を言いたい。

年大会の前日の作業は夜遅くまで研究室の秘書さんと私で行っていた。私の子供の一人が保育園に通っ

ているが、延長保育でも最長8時半までしか預かってもらえない。8時過ぎても準備が終わっていなかった。秘書さんが親切にも残りの仕事を引き受けてくださり、急いで保育園に向かったのだった。もちろん給料は年大会の収益から支払っているとはいえ、秘書さんご家庭の事情がある中、親切心で超勤を引き受けてくださったのだ。人の親切のおかげで数理生物学会を開催ができたと思うと頭が下がるばかりである。

その様な状況に加え、学会の会計幹事も引き受けており、細かな作業の要求される会計報告書も作りながらの年大会開催となった。気がつけばあっという間に学会開催期間の3日間が終わっていた。魅力的な発表が多かったと聞くと、あまり聴講できなかったのが非常に残念である。学会講演については、実行委員の一人であった黒澤さんの原稿をぜひ読んでいただきたい。

第29回 日本数理生物学会 参加報告記

黒澤元*

2019年の日本数理生物学会は、9月14日から16日まで東京工業大学で開催されました。大会の実行委員長は、東工大の中丸麻由子氏です。私は実行委員をつとめさせていただき、大会のプログラム編成などに関わりました。私は40代で、2000年の大会（当時は数理生物学シンポジウム、静岡大会）から参加しています。今回も例年通り、分子生物学から生態学まで幅広いテーマについて研究発表が行われました。個人的には、数理生物学の研究者が活躍しているシステム生物学の国際学会 International Conference for Systems Biology が同じ年の10月末から沖縄で開催されたため、分子生物学や発生学の分野の参加者が少なくなることを心配しましたが、心配のしすぎだったようで、幸い多くの方が参加されました。

1. シンポジウムなどの報告

本大会には、ニュースレターの読者の多くが参加されましたので、私の報告はあまり役に立たないかもしれません。ですが、大会委員長から報告の依頼をいただきましたので、シンポジウムや発表について個人的な感想を書かせていただきます。本大会では、一般講演・シンポジウム・受賞講演が行われ、シンポジウムは、全て公募の形で受け付けました。行われたシンポジウムは、以下の通りです：

- 時間波形の数理生物学
- 免疫システムを創出する細胞・分子群のダイナミクス
- えこえび-空間動態と進化動態を定量する-
- 経時的ゲノム進化動態を定量する
- 数理生物学の生命観
- データに基づく細胞・組織生物学
- 概日時計と生体環境の階層的相互作用-理論・実験によるアプローチ
- 農学における数理生物学
- ウィルス感染を統合的に理解する

今回行われたシンポジウムは、実験生物学者など数理生物学以外の分野の講演者も多く、よく練られた素晴らしいシンポジウムばかりでした。魅力的なシンポジウムを提案し、実現してくださったオーガナイザーの方々に大会実行委員会のメンバーとして心から感謝い

たします。

今回の大会では、100人をこえる参加者を集めて盛り上がっていたセッションがいくつもありました。毎年7000人以上の人が参加する日本分子生物学会の年会でも、並行してたくさんのセッションが行われるため、一つの企画シンポジウムで100人以上の聴衆を集めるのは簡単ではありません。もちろん、シンポジウムは人数を集めれば良いというものではありませんし、中身のある議論が行われることの方がずっと重要ですが、自分が企画したシンポジウムが盛り上がることは嬉しいものです。他学会と比べて、数理生物学会の大会の公募シンポジウムの採択率は高いと思いますので、公募シンポジウムに応募したことのない大学院生やポスドクの方は気軽に提案することをおすすめします。個人的な経験では公募シンポジウムを企画することのメリットは、(1) 目立てる、(2) 自分が面白いと思う問題・分野を広くアピールできる、(3) (講演に招聘されて断る人は少ないので) 自分が素晴らしいと思う研究者と親しくなれる、(4) 学会の前後を含め講演者と話す時間が十分にとれる、(5) 共同研究のタネをえることが多い、などたくさんあります。講演者とのメールのやり取りが緊張するとか、メールのやり取りに時間が取られるとかデメリットもありますが、メリットに比べれば小さなことと思います。本ニュースレターが届くころには2020年大会の公募シンポジウムは締め切られたかもしれませんが、機会があれば応募してはいかがでしょうか。

本大会では面白いシンポジウム・ユニークなシンポジウムが多かった一方で、少し分野のかたよりがあったように感じました。例えば、細胞内オルガネラのシミュレーションや、動物などの動きのモデルについて一般講演ではすぐれた発表がいくつもありましたが、細胞生物学や行動学分野のシンポジウムの提案は今回ありませんでした。また、インフォマティクスやAIと数理生物学の境界領域に位置するようなシンポジウムの提案もありませんでした。実行委員会の方から、応募の少ない分野や新しい境界領域の研究者に直接連絡して、シンポジウムの提案を促すような働きかけをしても良かったかもしれないと個人的には感じました。

2. 新しいと思った研究は？

*理化学研究所 iTHEMS, 株式会社 JSOL

冒頭に書きましたように、個人の感想なので恐縮ですが、いくつか私が面白いと感じた発表について書かせていただきます。個人的には数理生物学会の大会の魅力の一つは、あまり数理的な研究が行われていない生命現象についてわかりやすい話が聞けることです。今回もそのような発表がたくさんありました。例えば、北大の山口良文氏の冬眠についての発表です。冬眠はご存知の通り、冬の餌のない時期に体温を大幅に下げることによりエネルギー消費を落とし生き延びる現象であり、哺乳類や鳥類のいくつかの種に見られます。冬眠自体は昔から研究されてきましたが、冬眠期間がどう決まるか、あるいは冬眠のきっかけは何かといった基本的な問題が明らかになっていないそうです。例えば山口氏が扱うシリアンハムスターは4度の低温環境下に置かれつづけると、70~120日の間冬眠します。興味深いことに、低温になってすぐに冬眠するわけではなく、(個人差はあるものの)低温環境にうつされてから50~120日くらいたってから冬眠するそうです。山口氏は、低温環境シフトしてすぐの体重が軽い個体ほど、より早いタイミングで冬眠を始めることを最近明らかにしました。山口氏は冬眠という未踏の問題に挑むために、100日以上体温の計測、さらには体内の遺伝子発現や代謝物質の計測を行っているそうです。このような新しい実験データと数理モデルを組み合わせることで、研究が進むこともあるかもしれません。

冬眠研究の山口氏が発表したのは、儀保伸吾氏がオーガナイズした「時間波形の数理生物学」のシンポジウムでした。このシンポジウムの講演者は、実験生物学者の山口良文氏の他に、インシュリンに対する応答について理論と vivo 実験を併用する久保田浩行氏、裏声のような音声について実験と時系列解析を展開する上江洲安史氏、そして数理生物の儀保氏と、発表者のバックグラウンドも多様で、内容的にもバランスが取れていたように思いました。バランスという点では、講演者に女性研究者が含まれていればなお良かったと思いますが。

また今回は、深層学習などを用いたデータドリブンの研究発表にも面白いものがたくさんありました。例えば、シンポジウム「データに基づく細胞・組織生物学」の柴田達夫氏は、細胞性粘菌が生み出す進行波のような複雑なパターン形成のオリジンは何か、ということについて発表されました。その中で、比較的シンプルなシグナル伝達系モデルに対してデータ同化を行って、データを精度良く再現するパラメータを推定していました。同じシンポジウムで話された澤井哲氏は異なる細胞種の運動と形態の関係について、自身のグループの実験と理論を組み合わせた発表をしていました。具体的には細胞性粘菌、好中球、魚ケラトサイト

のそれぞれの動き方と形態の関係を、フェーズフィールドモデルと深層学習によって明らかにされました。個人的にはデータドリブンの研究というと、天気予報のような複雑シミュレータの研究のことをイメージしていました。柴田氏、澤井氏の研究のような、比較的簡単な数理モデルとデータを組み合わせたアプローチについて私も考えていきたいと思いました。

3. 勉強になった受賞講演

今回の大会では、日本数理生物学会研究奨励賞受賞者の水本憲治氏、山道真人氏、江夏洋一氏、立木佑弥氏の講演、そして大久保賞受賞者の増田直紀氏の講演が行われました。受賞講演は、大会の参加者は全員聴いていると思いますので、紹介を省きます。皆さんの受賞講演の前には、受賞理由のアナウンスもありました。私は、自分(40代)とほぼ同じ年齢である増田氏の100報をこえる論文業績に圧倒されつつ、複数の分野でそれぞれ多数の業績をあげられていることに感銘を受けました。私自身は20代の頃から生物のリズムに興味があって、ほぼリズムの研究だけをしてきました。近い人に「君はリズムにしか興味がないからなあ」と言われたりするほどです。これまでのことは、自分で重要だと信じた研究を行ってきただけなので良いのですが、一方で複数の分野にそれぞれ熱中する研究生活というのも楽しそうだなあと、講演を聞きながら感じました。その後、所属機関や他の方の助けもあり、今年のはじめから経済系のデータベースの会社に週に一度通うことになりました。これによって複数の分野でたくさん論文を書けるようになるのか、あるいはアカデミアをはなれて大金持ちになるのか分かりません。ですが今回の受賞者の方々の講演は私にとって、全く違う分野にチャレンジしていこうと思うきっかけとなりました。受賞講演の後には、恵比寿のビール園で懇親会が行われ楽しい時間を過ごしました(図1)。

4. あとがき

今回の大会の参加者の皆さまは、大会をエンジョイされましたでしょうか。私は大会実行委員としてプログラム編成には関わりましたが、それ以外のことはほとんど何もしていません。会場の設営や当日の受付など、諸々の準備と運営をされた実行委員のメンバーや東工大の社会人学生や秘書の方、また、常に笑顔をやさず大会実行委員長として実行委員会を力強くひっぱられた中丸氏にこの場を借りて感謝いたします。

この原稿は、新型コロナの感染拡大により総理大臣が非常事態宣言が出してから3日後の2020年4月10日に書いています。東工大の大会のように、1つの場所に研究者が集まって自由闊達に議論ができる日が早く戻ることをいのっております。



図1 懇親会の様子

【第1回 数理生物研究 × 計算機】

計算機環境を構築しよう！

一ノ瀬元喜*, 宮川大樹†

1. はじめに

今号から数理生物学研究に役立つ計算機¹⁾の利用方法というスタンスで何回か記事を書かせていただくことになりました。Python 初心者の数理生物の研究者を想定した記事にしたいと思っています。私のところの学生の宮川大樹さんと共に書いていきます。よろしくをお願いします。連載は、今号を含め5回の予定です。まだ具体的な予定はたっておりませんが、いくつかの号では、知り合いの計算機が得意な人に記事の執筆をお願いするかもしれません。

私自身は、情報科学で博士号を取得しましたので、数理生物の研究からは離れたところからきております。数理生物学会で、これまでに自分が発表した回数も数回しかありません。発表または聴講で参加するときは、主に行動のセッションにいるはずで、従いまして、私が紹介できる計算機の利用方法は数理生物研究の中で非常に偏った情報になるかもしれませんが、ご容赦ください。

さて、この連載で今のところ取り上げようと思っている話題は、計算機環境の構築（今号）、力学系の数値計算、個体ベースモデル²⁾、ネットワーク分析、データ解析などです。連載で扱わないような話題については、適宜、参考文献・サイトを示して行ければと思います。さて早速ですが、今回は数理生物研究に役立つ計算機の利用方法の第1回目ですので、準備として計算機環境を整えることから始めましょう。

2. Python 環境の構築

2.1 Anaconda のインストール

ここでは、計算機環境を整えて、ご自身で作られた数理モデルのシミュレーションを実行したり、数理解析（の一部）を計算機にやってもらうことを想定しているわけですが、いずれにせよプログラミングが必要になるので、使う言語の選択をしなければなりません。プログラミング言語の習得になるべく労力をかけたくないなら、（新しくて使いやすい言語は次々出てきますので、また10年したら話が変わるかもしれませんが、）今はPythonの利用をお勧めします。何らかのプログラミング言語に触れたことがある方なら、Pythonで書かれたプログラムの内容は容易に理解できるはずです。

ということで、Pythonを使うことを前提に話を進めていきます。まずは、Pythonの計算機へのインストールです。Pythonは、本体に目的に応じたパッケージ（例えば、統計解析、画像処理、機械学習等）を追加で導入することで、とても便利に使えます。最初にPythonだけ入れて、あとは必要に応じてパッケージを入れるといった地道なインストールを始めとして、いろいろなインストール方法が考えられますが、ここでお勧めする方法は**Anaconda**を使った**Python環境全部まるっと一括インストール**です。Anacondaをインストールすると、Pythonでプログラム開発するにあたって、その管理も含めて、だいたい必要となるものが、全部インストールされます。もちろんPython本体自体もインストールされます。

では、Anacondaのインストールを簡単に説明します。ここではOSはWindowsを前提に、2020年3月現在の情報を基に話を進めていきます。Anacondaの公式ページ[1]からIndividual Edition³⁾の下の「Download Now」のボタンを押します。開いたページからPython 3.7 version⁴⁾の「Download」ボタンを押して、実行ファイルをダウンロードしてください⁵⁾。ファイルのダウ

*静岡大学大学院工学領域

†静岡大学大学院

¹⁾本連載では、コンピュータと呼ぶずに計算機と呼んでいくことにします。

²⁾数理生物の人は個体ベースモデル (Individual-Based Model; IBM) で、計算機の方はエージェントベースモデル (Agent-Based Model; ABM) と呼び方に違いがあるのを前から不思議に思っています。後者の概念の方がやや広いと思いますが、数理生物研究で使われるときは、同じ意味だと私は思っています。本連載では、個体ベースモデルという呼び方で統一します。

³⁾ちょっと前までは、Anaconda Distribution という名前でしたが、Individual Edition に変わりました。

⁴⁾Python 2.7 version は選ばないように。Python 3系と2系は文法等にいろいろ違いがあります。本連載では3.7の3系を基に記事を書いていきます。

⁵⁾Download ボタンを押すと勝手に64-bitバージョンが

ンロードが完了したらその実行ファイル（Anaconda3-***-***.exe）をダブルクリックするとインストーラーが起動しますので、順にボタンを押して進めていって「Finish」までたどり着いたらインストールは完了です⁶⁾。参考のため、比較の日付けの新しい Anaconda のインストール記事のページ [2] を載せておきますので、分からなくなったらご参照ください。

ちなみに、全部まるっと一括ではなく、Python 本体と必要最小限のもの（Python+conda+最小限パッケージ）だけインストールしたいということであれば Anaconda の最小構成版である Miniconda を入れるとよいでしょう。Miniconda のインストールに関しては九大の野下先生のページ [3] がとても詳しいのでそちらをご参照ください。また野下先生の「数理生物学演習 2019」のページでは、本連載よりもかなり詳しく数理生物研究における Python の利用方法が豊富なコード付きで載っておりますので、より参考になるでしょう [4]。

2.2 Jupyter Notebook の利用方法

Anaconda がインストールされたら、早速 Python でプログラムを始めましょう。昔ながらのプログラミング言語では、何某かのエディタ上にプログラムを書き、それをターミナル（あるいはコマンドプロンプト）上でコンパイルして実行という手順を踏みますが、ここでは Jupyter Notebook（以後、たまに省略して単に Jupyter と呼ぶ）を使ってプログラムを作成・実行していきます。

Jupyter はブラウザ上で動作するプログラムの対話型作成・実行環境です。Mathematica のノートブックを使ったことがある人なら、使い方はだいたいそれと同じなので大丈夫なのですが、ここでは初めて使う場合を想定してもう少し詳しく説明していきましょう。

まず準備として、デスクトップに biomathPython というフォルダを新規作成しておきましょう。今後はここに Jupyter で作成したプログラムを保存していきます。習うより慣れるので、早速 Jupyter を起動してプログラムを書いてみましょう。まず Windows キーを押します（もしくは、同じことですが画面左下の Windows ボタン（スタートボタン）をクリックします）。そうすると検索のテキストボックスに文字を入れられるようになると思うので、そこで Anacon... と途中まで打てば、**Anaconda Navigator** が出てくるとお思いますので、それをクリックすると図 1 のような画面が起動します¹⁾。

ダウンロードされるはずなので、よほど古い計算機でなければそのまま大丈夫なはず。

⁶⁾ただし、ユーザ名に全角文字（日本語）や空白が含まれているとすんなりインストールできないかもしれませんので、ご注意ください。

¹⁾もしくは、Windows キーを押すと、インストールされ

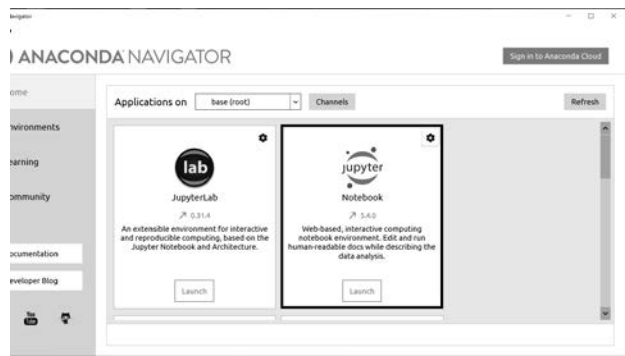


図 1 Anaconda Navigator の中の Jupyter Notebook

図 1 の画面が出てきたら、図中の黒い四角で囲んだ Jupyter Notebook²⁾の「Launch」ボタンをクリックしてください。ブラウザが開き、その中に図 2 のような Jupyter のホーム画面が起動します。何も設定していないと C ドライブ直下のフォルダ（ディレクトリ）、ファイルが見えていると思います。そのままプログラムを作成すると、この場所に Jupyter 関連のファイルができてしまうので、Desktop をクリックし、さらにさきほど作成した biomathPython フォルダをクリックして、そこに移動しましょう（図 3 の四角で囲んだ場所に移動します）。次はホーム画面右上の「New ▼」をクリックし、その中から「Python 3」を選びます（図 3 の矢印が示すところ）。すると Notebook が開いて、コードを入力できるようになります。

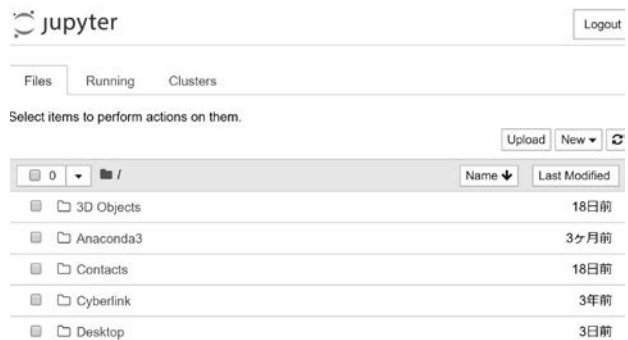


図 2 Jupyter Notebook のホーム画面

Notebook の画面は図 4 のようになっていると思います。In []: という横の四角のところにカーソルが点滅している状態になるかと思いますが、その場所が「セル」と呼ばれる入力フィールドです。では、そこに図

ているアプリがいろいろと出てくるとお思いますので、その中から「A」のところにあるはずの、Anaconda 3 (64-bit) をクリックし、**Anaconda Navigator** をクリックしても同じことができます。

²⁾隣りに JupyterLab というのがあり、これは Jupyter Notebook の後継版で Jupyter からいろいろ機能が拡張されており、便利なのですが、本連載では Jupyter Notebook の方を使います（Jupyter の方が私が慣れているため、というだけの理由）。



図3 Python 3ファイルの新規作成

5のように全て半角で1+1と入力します。この計算を実行するにはShiftキーを押しながらEnterキーを押します。すると、Out[1]:のところに2という結果が出て、さらにカーソルがその下に出てくる新しいセルに移動します³⁾。

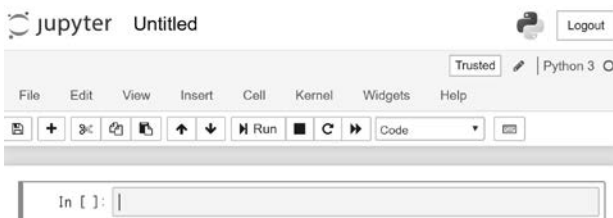


図4 Notebookの画面

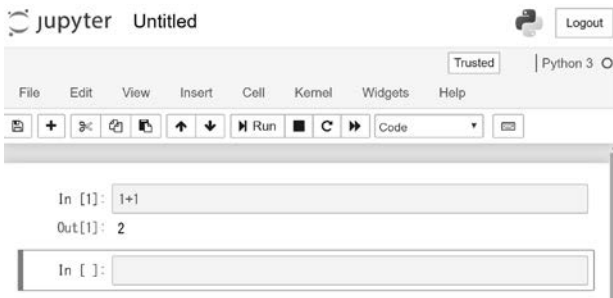


図5 プログラムの実行画面

では最後に、このNotebook形式のプログラムコードを保存してみましょう。Jupyterでは一定時間ごとにプログラムが自動保存されています。その際のファイル名は図5の画面の一番上にあるように「Untitled」（つまり、名前がない状態）として保存されています。名前をつけて保存したければその「Untitled」の部分をクリックしてください。そうすると「Untitled」の部分編集できる状態となりますので、そこを例えば「Test」という名前書き換えれば、Test.ipynbというファイル名（拡張子「.ipynb」がJupyterのNotebook形式のファイルであることを示しています）に上書き

³⁾Shift+Enterの代わりにCtrl+Enterを押すと、次のセルに移らずにそのセル中で実行されます。また実行は画面の上の方にあるRunというボタンを押しても実行できます。

されて自動保存されます¹⁾。

おまけです。図5の画面左上の「File」を選んで「Download as」をクリックすると、様々な形式で作成したプログラムがダウンロードできます。例えば「Python (.py)」を選んでダウンロードすれば、ターミナル上で実行できるPythonのプログラムファイルとなりますし、「HTML (.html)」を選んでダウンロードすれば、ブラウザ上で閲覧できるHTMLファイルとなります。後の付録1.で説明するMarkdownなどを用いてNotebookを見やすい形でまとめてHTML形式でダウンロードすれば、他の人に配布してみてもう時に便利な見やすい形となります。

またJupyterを使っているうちに、マウスでカチカチするのすら、だんだん面倒くさくなってきます。その際は、キーボードショートカットを使えば、より快適に作業できます。Jupyterのショートカット一覧の参考リンクを1つ載せておきますので、必要になってきたらご参照ください[5]。

3. プログラミング基礎

Pythonを理解するのに最低限必要となりそうな事項を実際に手を動かしながら理解してもらいたいと思います。以下の3つの項目に分けて説明していきます。

- (1) 簡単な計算とリスト (basic-list.ipynb)
- (2) 制御文と関数 (control-function.ipynb)
- (3) グラフ (graph.ipynb)

それぞれJupyter用のファイル（上記の***.ipynb）を用意しました。3つのファイルはこの連載用に用意したGitHubにおいてあります。GitHubが分からなくても大丈夫です。ブラウザを開いて、<https://github.com/igenki/biomathNL>にアクセスしてください。するとそこに上記3つと次の節で用いるLotka-Volterra_image.ipynbの計4つのファイルが見えるはずです（図6）。図6の矢印で示した「Clone or download」をクリックして出てきたリンクから「Download ZIP」をクリックして4つがまとまったzipファイルをダウンロードします²⁾。biomathNL-master.zipという名前でダウンロードされますので、そのzipファイルを解凍します。解凍してできたbiomathNL-masterフォルダに移動し、その中の4つのipynbファイル (basic-list.ipynb, control-function.ipynb, graph.ipynb, Lotka-Volterra_image.ipynb) をデスクトップのbiomathPythonフォルダに移動させてください。これで準備が整いました。

まずは、basic-list.ipynbからです。Jupyterのホー

¹⁾左上の「File」を選んで「Rename」を選んで同じことができます。

²⁾右クリックで1つ1つダウンロードしようとするとうファイル形式が変わるので、おそらくうまく行きません。

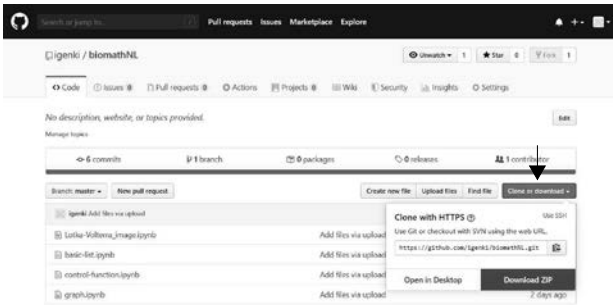


図 6 GitHubの画面

ム画面（図 3 のこと．図 4 とは別のタブやウィンドウにあるはず）に戻ると biomathPython フォルダに basic-list.ipynb があるはずですので、それをクリックすれば、basic-list.ipynb が Jupyter で開くはずですが、コードは既にも書いてあります。#をつけたものはコメントです。他のプログラミングの経験が多少ある人ならコメントを見ればそのコードが何をやっているかは推測できると思いますので、内容がだいたいわかったら Shift+Enter を押して、実行してみましょう（ファイルには既に実行結果もついているのですが、自分でも 1 つ 1 つ実行してみましょう）。結果を確認したら、次のセルについて同じことをしましょう。あとはこれを繰り返して行ってください。必要ないところは適宜飛ばして行ってもらえれば大丈夫です。

次は、制御文と関数 (control-function.ipynb) です。これも同様に Jupyter で開いて、コメントを見ながら、既に打ってあるコードを理解しながら実行していけば大丈夫です。1 つだけ注意点を挙げておきます。プログラムでは処理のかたまりのことはブロックと呼ばれます。C 言語や Java などでは {} で挟まれたところがブロックとなります。Python では、このブロックをインデント（空白文字による字下げ）によって指定します。つまり、ある if 文が適用される範囲は、1 レベルのインデントを指定した次の行から、そのインデントがなくなるところの 1 つ前の行までとなります。言葉で書くとなかなか難しいので、control-function.ipynb のコードを見てください。例えば、if の行の次の文はインデントで 1 レベル下がっています。この 1 レベル下がったところが続いている間が if の条件が当てはまった時に適用されるブロックとなります。このインデントのレベルを間違えると、プログラムが自分の意図とは違う動作をしてしまいますので、気を付けてください。Jupyter などでは if や for を書いた後に改行すると自動でインデントをつけてくれますので、便利です。

さて、最後の 3 つ目は、グラフです。graph.ipynb を Jupyter で開いて実行してみてください。いくつかのグラフが作成されると思います。ここも注意点は 1 つだけです。%matplotlib inline という 1 行が最初に書いてありますが、これは Jupyter 内（ブラウザ画面の

中）で画像を表示（インライン表示といいます）するためが必要です。matplotlib はグラフなど、可視化の時に用いる Python のライブラリです。

より詳しい Python の入門に関しては、京都大学の喜多一先生が無料で公開されているプログラミング演習の資料などをご覧ください [6]。また後の付録 2. で紹介する Google Colaboratory を用いた Python の入門については Chainer (Python で記述された機械学習用のライブラリ) の Tutorial にある「Python 入門」[7] を読めば本記事よりも詳細に Python の基礎が理解できると思います。

4. ロトカ-ヴォルテラの捕食者-被食者モデルの数値計算と画像出力

3. 節で説明したプログラミングの知識だけを用いて最後に数理生物に関係のある話題を 1 つやってみましょう。ここではロトカ-ヴォルテラの捕食者-被食者モデルを数値的に解き、その結果をグラフで表します。

$$\begin{aligned} \frac{dx}{dt} &= ax - bxy, \\ \frac{dy}{dt} &= cxy - dy \end{aligned} \tag{1}$$

という方程式をオイラー法を用いて解きます¹⁾。

Lotka-Volterra_image.ipynb を Jupyter で開いてください。最初の 3 行はインライン表示と必要なパッケージの import です。それ以降のプログラムの本体部分をソースコード 1 に抜き出しました。

ソースコード 1 Lotka-Volterra_image.ipynb の本体部分

```

1 # Lotka-Volterra 方程式に必要な正の定数の宣言
2 a = 1
3 b = 0.01
4 c = 0.02
5 d = 1
6
7 # x と y の初期値
8 x0 = 20
9 y0 = 20
10
11 # オイラー法の時間幅は 1/200 とする
12 nt = 200
13 dt = 1/nt
14
15 MAXT = 20 # 時間の最大値
16 MAX_STEP = MAXT * nt # ステップの最大値
17
18 # 変数 x, y はステップ s における,
    y の値を保持し, 毎ステップ更新する
19 s = 0
20 x = x0
21 y = y0
    
```

¹⁾計算誤差には気を付けましょう。

```

22
23 # プロットに使うxとyの値を保持するリスト
24 x_list = [x0]
25 y_list = [y0]
26
27 for i in range(MAX_STEP+1):
28     # オイラー法の実施
29     x_ = x + (a*x - b*x*y)*dt
30     y_ = y + (c*x*y - d*y)*dt
31     x = x_
32     y = y_
33     s += 1
34
35     # 10回に1度プロット
36     if s%10 == 0:
37         # 現在のx,yをプロット用リストに追加
38         x_list.append(x)
39         y_list.append(y)
40
41 t_array = np.arange(0, (MAX_STEP+1)/nt,
42 dt*10) # 横軸用の配列
43 plt.plot(t_array, x_list, c="green",
44 label='x') # xのプロット
45 plt.plot(t_array, y_list, c="red", label
46 = 'y') # yのプロット
47 plt.legend() # 凡例の表示
48 plt.savefig('Lotka-Volterra_euler.png') #
49 図の保存
50 plt.show()

```

x, y をそれぞれ被食者の個体数, 捕食者の個体数とし, その初期値をどちらも 20 とします. 4 つの係数をそれぞれ $a=1, b=0.01, c=0.02, d=1$ とします. オイラー法の時間の刻み幅は $\Delta t=1/200$ とします. あとは for 文の中で式 1 を差分化した式を用いて時間をどんどん進めていくだけです. 時間 t での x と y の値は, x_list と y_list のリストに追加していき (10 ステップに 1 回, 値を追加するようにしています), 計算が終了したら ($t=20$ に達したら), x と y の時間変化の様子がプロットされます (図 7).

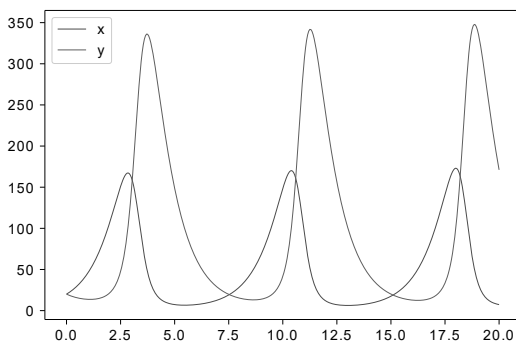


図 7 結果のグラフ

今回はこれで終わりです. 次回からはもう少し複雑

なプログラムを扱っていきたいと思います. なお, さらなる情報として以下の付録をつけました. 興味がある方はご覧になってください.

付 録

付録 1. Markdown の利用

Jupyter を利用していて良いところは, 「コード」, 「実行結果」, 「グラフ」, 「メモ」 が同時に 1 つのファイルで見れる, つまり, 「ノート」 のように情報を整理できることです. 最後の「メモ」とは何のことを言っているのか. これは例えば, 上記で使った basic-list.ipynb を開いていただくと図 A1 が見れますが, これの最初の「簡単なプログラム」というところを指しています. これは **Markdown** という記法を使って「簡単なプログラム」という見出しを作って表示させています. これも習うより慣れよで早速やってみましょう. Python 3 の新しいページを開くと図 A2 のような Notebook 画面が出ますが, ここで, 図 A2 の上の「Code ▼」というところから「Markdown」を選びます. するとセルの左側の In[]: がなくなって, セルがコードではなく Markdown を書くモードになって, メモ書きを書けるようになります¹⁾. 試しにセルを Markdown モードにした後で図 A3 の上のように書いて実行 (Shift+Enter) すると, 図 A3 の下のような表示となり, # の数に合わせて文字の大きさが変わる「見出し」を表現するものとなります. Markdown ではもちろん「見出し」以外にも文字を太くしたり, 箇条書きにしたり, 表を作ったりといった様々なことができます. 1 つ参考リンク [8] を付けておきますので, Markdown を駆使して, きれいに情報を整理した「ノート」を作ってプログラムを管理してみてください.



簡単なプログラム

```
In [1]: 1+1
Out [1]: 2
```

図 A1 basic-list.ipynb の画面

付録 2. Google Colaboratory の利用

ちょっとしたことなら, もはや Anaconda をインストールせずとも Jupyter Notebook が使えます. それが Google Colaboratory です. Google Colaboratory はそ

¹⁾ キーボードのショートカットでも両者のモードを切り替えます. セルを選択した後, Esc を押してから m を押せば Markdown モードになり, セルを選択した後, Esc を押してから y を押すと Code モード (プログラムを打つモード) になります.

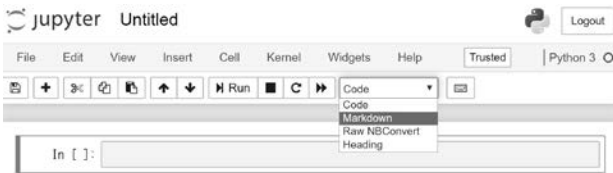


図 A2 Markdown モードへの変更



図 A3 Markdown のサンプル

の名の通り Google が提供しているツールですが、これを用いると Anaconda を自分の PC にインストールしなくても Google の仮想マシン上の Jupyter Notebook 環境が無料で使えます²⁾。必要なのは Google のアカウント（+ ネットにつながったブラウザ）のみです。Jupyter Notebook 環境ですので、使い方も同じです。参考リンク [9] を見ていただければすぐに分かります。試しに動かしてみましょう。参考リンクのように「ファイル」から「ノートブックの新規作成」を選びます。それで、ノートブックが開いたら、Lotka-Volterra_image.ipynb のコードをそのまま丸っとコピーして、Shift+Enter で実行してみましょう。ロトカー-ヴォルテラの捕食者-被食者モデルがプロットつきで Colaboratory 上でぱっちり実行できるでしょう。

謝辞

以下の方々（敬称略）は、本記事に目を通してくださったり、大変有益なコメントを下さいました。心よ

²⁾12時間&90分ルールなどの制限はもちろんあります。

り感謝いたします。

伊東啓（長崎大学），笹原和俊（名古屋大学），佐山弘樹（ビンガムトン大学），鈴木麗璽（名古屋大学），高野雅典（サイバーエージェント），野下浩司（九州大学），間宮安曇（静岡大学）

以下の編集委員の方々にも本記事をチェックしていただきました。ありがとうございました。

佐藤一憲（静岡大学），宮崎倫子（静岡大学），守田智（静岡大学）

参考文献

- [1] Anaconda. <https://www.anaconda.com/>, Accessed 30 March 2020.
- [2] Python 環境構築 Anaconda インストール. <https://techfun.cc/python/anaconda-install.html>, Accessed 30 March 2020.
- [3] 野下浩司. 数理生物学演習（2019 年度）向け Python 環境構築. <https://koji.noshita.net/post/2019/0405-envpython2019/>, Accessed 30 March 2020.
- [4] 野下浩司. 数理生物学演習 2019 年度. <https://koji.noshita.net/page/compbio/compbio2019/>, Accessed 30 March 2020.
- [5] 【完全版】Jupyter Notebook ショートカット. <https://qiita.com/zawawahoge/items/baa2a5318df079c5f7e5>, Accessed 1 April 2020.
- [6] 喜多一. プログラミング演習 Python 2019. <http://hdl.handle.net/2433/245698>, Accessed 31 March 2020.
- [7] Chainer Tutorial 「Python 入門」. <https://tutorials.chainer.org/ja/02'Basics'ofPython.html>, Accessed 31 March 2020.
- [8] Python 初心者向け Jupyter Notebook でセルに Markdown 記法で入力する方法. <https://tonari-it.com/python-jupyter-notebook-markdown/>, Accessed 30 March 2020.
- [9] Google Colaboratory なら Python ですぐに学べる. <https://gammasoft.jp/blog/google-colaboratory-for-learning/>, Accessed 30 March 2020.

【特集】

2019年度 卒業論文・修士論文・博士論文

卒業論文

田中萌子

関西学院大学理工学部生命科学科

寿命の長い動物はどうしてがんになりにくいのか

がんはDNAを担う情報が病的に変化して起きる。DNAの複製や修復には、精度に限界があるため稀に誤りを見逃し、自然変異が起きる。正常細胞ががん細胞へ変化するには1回ではなく多数の変異が必要である。野外で長寿命をもつゾウやげっ歯類でとくに長寿命のカピバラでは、がんを抑制する機構をもつ。他方、ペット医療の発展に伴い寿命が伸びたため悪性腫瘍になるペットが増加し、現在、犬の死因の1位はがんである。

本研究では、DNAの複製ミス抑制にコストがかかる状況で進化すべきがんの比率、がんによる死亡率、また環境が急に良くなったために生じるがんによる死亡の増大について理論的に調べた。その結果、寿命が長い動物は、がん化を抑制するためのメカニズムがコストを支払って進化したこと、ペット化し生育環境が良くなると、野生環境よりも寿命が長くなるが、がん化率が上がること、などがわかった。

山本望海

関西学院大学理工学部生命科学科

アリのタスク分配：齢による切替えかカースト分化か

社会性昆虫であるアリの多くの種では、外敵との接触などで危険が伴う外役のタスクを老齢の個体が、比較的安全な内役のタスクを若齢の個体が行う。しかし、ツムギアリは、はじめからサイズの異なる個体を作ることによって生涯外役を行うワーカーと生涯内役を行うワーカーに仕事を専門化するカースト制を取る。

本研究では、齢によるタスクの切り替えと、サイズを分けて専門化することとで、いずれがより効率良くコロニーを繁殖できるかを調べた。ワーカーの働きによって得た総生産からワーカー補充のための資源を差し引いたものが繁殖虫（新女王や雄）の生産に向けられるとする。外役ワーカーと内役ワーカーの最適サイズが大きく違うときには、カースト分化が、その差が小さく、外役と内役の死亡率の違いが大きい時には齢

による分化が有利であった。

松山由佳

関西学院大学理工学部生命科学科

皮膚におけるメラノサイトの動きとメラニンの集中分布

人体で最大の臓器である皮膚の色は、メラノサイトが合成するメラニンに左右され、メラニンは紫外線から肌を守る。通常メラノサイトは遊走運動能を持つが、強い紫外線やストレスにより移動が停滞する。移動が停滞したメラノサイトが集合するとメラニンが過剰に合成され、しみや肌のくすみの原因となる。

本研究では、メラノサイトの移動能力やメラニン生産量、ターンオーバーなどが、しみや肌のくすみにどう影響するかを調べた。細胞が並ぶ皮膚を考え、複数のメラノサイトがいるとする。 τ だけ離れた場所の細胞間でのメラニン量の相関係数を空間相関関数 $\rho(\tau)$ を計算する。それによる、しみができているかどうかの判定をおこなった。メラノサイトの個数が多い程、しみになる頻度が高くなり、排出する回数が多い程しみになる頻度は低くなった。ターンオーバーによってしみや肌のくすみを防ぐことができる。

沖山 海生

関西学院大学理工学部生命科学科

ピロリ菌の定着過程と胃がん発症のリスク

胃ガン化や胃潰瘍が起こる原因としてピロリ菌による慢性的な炎症が影響する。また、ピロリ菌や炎症などには免疫力が関わっており、年齢ごとに変化する。免疫力は20歳をピークに徐々に減少するため、高齢者は感染症を患うことが多い。

本研究では、ピロリ菌の定着過程の中で発生する慢性的な炎症が胃がんの発症リスクに対して与える影響を調べた。ピロリ菌数を x 、炎症を y 、としそれらの微分方程式をたてた。感染の足場を、恒常性の破綻、ピロリ菌の流出、乳酸菌数、NGAL、年齢などを考慮した。発がんには、多ステップモデルを採用した。ピロリ菌数と炎症、胃がん発生率の変化を調べると、免疫力が低下した年齢から炎症やピロリ菌の増加が見られ、定着した段階で発生率の上昇も確認できた。

長田 卓也

関西学院大学理工学部生命科学科

ニキビの発達と4つの肌タイプ

ニキビは、毛穴を中心に起こる慢性的な炎症疾患で、その皮疹は皮脂の分泌が多い顔・胸・背中に好発する。ニキビは皮膚の炎症により引き起こされる。炎症は、産生された皮脂に繁殖したアクネ菌が主に関係する。アクネ菌から炎症に繋がる経路には、2種類ある。本研究において、第1に、炎症を抑えるための因子の適切な量的関係を解析した。

また、ニキビ発生には体内の水分量と皮脂量のバランスが関係し、そのバランスによってN肌、O肌、D肌、DO肌という4つの肌に分類される。安定した肌状態になる時の、水分量、皮脂量に関係してくる因子の適切な量的関係を解析した。その結果、N肌が炎症の値が最も低く、N肌が一番安定な肌状態であることが確かめられた。

溝口 葉菜

関西学院大学理工学部生命科学科

ネコ免疫不全ウイルスの日和見感染

ネコは、あるウイルスに感染すると、それまでネコの体内でおとなしくしていたウイルスや細菌が増殖して毒性を強め、様々な症状を引き起こす事があり、日和見感染という。本研究では、日和見感染が、ウイルス自身にとって他のイエネコ個体に感染できる数を最大にするための適応戦略の結果である可能性を調べた。

次に、ウイルスが接触感染の場合と、空気感染の場合とでは感染動態とその結果が異なることを示した。 x を非感染ネコ数、 y を感染ネコ数として、これらの微分方程式を導いた。空気感染をする場合、絶対密度に比例してウイルスが感染するため、非感染ネコのみになるか、非感染ネコと感染ネコが共存するが、のいずれかが生じる。ところが、接触感染をするときには、感染個体の比率に比例してウイルスが感染するため、上記2つに加え、ネコが絶滅することが起きうる。

采女将大

関西学院大学理工学部生命科学科

フィンチの島による形質変化

ガラパゴス諸島では、ダーウィンフィンチの嘴のサイズが、生息する島の環境や、島内で生息している他種のフィンチの影響を受けて変化することが明らかになっている。本研究では、競争する種の形質置換について研究した。

2種のフィンチの嘴の大きさを z と w とし、それぞれは遺伝値と環境値の和と考えた。そして自然淘汰を

かけ、遺伝値を引継いだ子供を作り、100世代シミュレーションを行った。生存率は形質値が中央に近いほど高く、他種から形質が遠いほど高いとした。2種の形質値は中央値を避けて分化することがあった。競争する種と形質値（嘴の大きさ）が近いと、十分に餌をとれないので子孫を残し難くなるので、他種と異なる食物を利用ようになるためである。つまり、環境や遺伝だけではなく、他の種の存在も進化の原因になる。

青谷 智文

東京理科大学 応用数学科 石渡研究室

SVIRSモデルを用いたRSウイルス感染症のモデリング

RSウイルス感染症とは、RSウイルスによって引き起こされる呼吸器系の感染症で、主に乳幼児の間で流行しており、終生免疫が獲得されないことが知られている。治療法としては、発症後の対症療法が中心で、予防のためのワクチン開発は現在も続けられている。

そこで、将来的にワクチンの投与を行えた際のRSウイルス感染症の伝播を調べたい。本研究では、未感染個体 S の一部がワクチン投与によりワクチンが投与された個体 V へと変化する先行研究のSVIRモデルとよばれるモデルに、免疫喪失を取り入れたSVIRSモデルを新たに提案し、モデルの基本再生産数を導出した上で非感染平衡点の局所漸近安定性条件を与えた。

田口 優真

名古屋大学 情報化学部 自然情報学科 時田研究室

多自由度非線形進化力学系における相互作用の推定

近年、様々な疾患の予防や治療といった観点から、腸内細菌叢のような大規模群集の全容解明が待たれている。それに対する1つのアプローチとして、対応する多自由度非線形進化力学系のパラメータを推定することで、相互作用を推察することから全容解明に寄与する手法を検討した。

実際のマウス腸内細菌叢のデータを用いて推定を行った種間相互作用行列が、May(1972)が解析したランダム行列に近くなっていることがわかった。また、この行列を用いたシミュレーションでは、ランダム行列を相互作用にもつ系に一般的に見られる結果が得られた。

さらに、多自由度系において、パラメータ推定のコストを下げるために連立微分方程式をそれぞれ単一の微分方程式に分離をして推定を行う手法が提案されている。いくつかの非線形力学系にその手法を適用し、得られた結果の精度を比較することで、実データへの応用可能性も検証した。

修士論文

内桶 怜奈

東北大学 大学院情報科学研究科 情報基礎科学専攻

入学試験倍率の年次変動ダイナミクスに関する数理モデルの研究

進学における志望校選択は、受験生による意思決定の典型の一つである。本研究では、各年度において、ある学校の受験を選択する受験者の割合が最も大きくなる学力値が、前年度のその学校の合格者の学力平均値に等しいという仮定の下で、入学試験倍率の年次変動ダイナミクスに関する基礎的な数理モデルを構築し、解析を行った。この数理モデルについては、受験倍率や合格者学力平均値が、ある平衡値に漸近することが示された。また、受験者学力平均値、合格者学力平均値の平衡値が極大値をもつ条件の存在も示された。受験者学力平均値の平衡値が極大値をとる条件と合格者学力平均値の平衡値が極大値をとる条件は一致しない。この結果は、学校教育の質を高める上で、合格者学力平均値が高い方が望ましいという見地に立てば、それを実現する上で、受験者学力平均値をより高くすることが、必ずしも適切な選択肢とは言えない可能性を示唆していると考えられる。

中井 貴生

名古屋大学大学院情報科学研究科 多自由度システム情報論講座 時田研究室

相対的な非線形進化力学系での捕食やコストがもたらす多型の創出

アリとアブラムシは、相利共生の典型的な例としてよく知られている。アリはアブラムシが排出する甘い蜜（甘露）を受け取ることでワーカーの活動エネルギーに充当し、アブラムシはアリ随伴のおかげで天敵からの保護サービスを楽しむという双方向のメリットである。しかし野外の全てのアリ-アブラムシ系が相利関係ではなく、実際はそもそもアリ随伴を受けないアブラムシもいる。この原因には、アリ随伴がアブラムシにとって、メリットだけでなく生理的コストをもたらしていることが知られている。共生の裏に隠れたコストについて、先行研究では、コスト項として Functional response を導入するモデルが提案されてきたが、本研究では「内的自然増加率」と「共生相手の誘引率」の間にトレードオフを導入した。さらにアリは密度に依存してアブラムシを捕食することが知られているので、これもモデルの仮定に組み込み、解析を行った。結果、 r が高くなるにつれてアブラムシ平衡個体数に複数回のサドルノード分岐が生じ、 r が中間値のとき平衡個体数が最も少なくなる場合があることがわかった。つまりアブラムシの「アリに依存する戦略」と「自力で増殖する戦略」の多型創出を予測する結果となった。これは比較検証した、捕食なしモデルの、「 r を小さくしてアリに依存した方が平衡個体数は多くなる」という性質とは異なるものだった。また捕食モデルでは、アリのアブラムシ甘露依存性が弱まると、アブラムシが自力で生きていく際のハードルが下がる、つまり「アリが一途でない方が、アブラムシが生存しやすい」という、従来の共生系に対する見方とは一見相反する状況を予測する結果が得られた。

学会事務局からのお知らせ

1. 2020 年日本数理生物学会年次総会の報告

2020 年の年次総会が日本数理生物学会年会（2020 年 9 月 20 日～9 月 23 日・名古屋大学）に合わせて開催されます。詳しい日時と会場は未定ですので、追って Biomath メーリングリストや Web ページなどでお知らせします。

■議題（予定）

- (1) 2021 年度, 2022 年度の役員について
- (2) 2019 年度決算および 2020 年度予算
- (3) その他

■報告事項（予定）

- (1) その他

2. 会費納入のお願い

日本数理生物学会の年会費は 2020 年 1 月～12 月の 1 年分で

正会員 3000 円/年

学生会員 2000 円/年

です。会員は数理生物学会年会の登録費割引の特典を受けられることもできます。また、会員は年会で発表することができ、学会役員選挙において投票することもできます。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

【ゆうちょ銀行以外から振込】

店名 (店番):〇八九 (ゼロハチキュウ) 店 (089)

預金種目:当座口座番号:0187984

3. 大久保賞候補者募集のお知らせ

2021 年の大久保賞候補者の推薦のお願いをいたします。

大久保賞は、「非常に優れた新規性のある理論研究、優れた概念の提案、困難な理論的課題の解決、理論とデータを統合して生物学を進めた研究者」に対して授与されます。対象となる研究分野は、数理生物学、生物数学、理論生物学および生物学的海洋学です。

大久保賞は、日本数理生物学会 (JSMB) と Society

for Mathematical Biology (SMB) とが共同で設立しています。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。

2019 Naoki Masuda, University of Bristol (junior)

2017 Yoh Iwasa, Kyushu University (senior)

2015 Joshua Plotkin, University of Pennsylvania (junior)

2013 Nanako Shigesada, Nara Women's University (senior)

2011 Michio Kondoh, Ryukoku University (junior)

2009 Hans Othmer, University of Minnesota (senior)

2007 Fugo Takasu, Nara Women's University (junior)

2005 James D. Murray, University of Washington (senior)

2003 Jonathan Sherratt, Heriot-Watt University (junior)

2001 Simon Levin, Princeton University (senior)

1999 Martin Nowak, Institute for Advanced Study, Princeton (junior)

2019 年の受賞者である増田直紀氏については、2018 年に受賞発表がなされ、2019 年の JSMB (東京工業大学) で受賞講演が行われました。今回の 2021 年大久保賞は「年長」研究者を対象としており、2020 年中に受賞者を決定した後、2021 年の SMB または JSMB の Annual meeting で受賞講演を行うことが予定されています。

大久保賞の紹介、若手の定義やより詳しい選考基準については以下の二つのサイトをご覧ください。

<http://www.jsmb.jp/award/award02.html>

<https://www.smb.org/akira-okubo-prize/>

推薦に必要な書類は以下の 4 つになります。

- 候補者と推薦者の連絡先情報
- 候補者の資質と賞への科学的貢献を説明する 4 ページ以内の文書
- 候補者のすべての刊行物を含む履歴書
- 他の学会員からの 2 通の推薦状

これらを PDF フォーマットで、SMB の Secretary である Dr. Ping Ye (Ping.Ye@sdstate.edu) さんと JSMB の事務局の岩田 (siwata0@kaiyodai.ac.jp) に送ってください。

書類提出の締め切りは、当初の締切から延長されて 2020 年 5 月 31 日です。

過去の推薦で、受賞に至らなかった人も再推薦可能です (た

だし、業績リスト等は要更新)。どうぞよろしくお願ひします。御質問がありましたら、岩田 (siwata0@kaiyodai.ac.jp) まで御遠慮なくお問い合わせください。

4. 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、数理生物学に貢献をしている本学会の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。本賞は、安定した職に就いていない若手研究者のキャリアアップに資することをその目的の一つとしております。本賞の受賞対象となる若手会員とは、学位取得後、実質的な研究歴を開始してから概ね7年以内の方ですが、出産・育児など、様々なライフイベントのための研究中断期間にも十分配慮します。

この度、2020年(第15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)まで郵送またはメールでお送りください。

(1) 推薦者の名前、住所、電話番号、電子メールアドレス、所属(自薦の場合は不要)

(2) 候補者の名前、住所、電話番号、電子メールアドレス、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編以内の別刷またはコピー

(4) 候補者の簡単な履歴。ただし、様式は問わない。なお、現職が任期付き職である場合、その旨明記するのが望ましい

(5) 候補者の研究業績リストおよび数理生物学会での活動歴

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。

期日は2020年4月30日を予定していますが状況に応じて延長も検討しています。候補者の推薦をお待ちしております。また、過去の推薦で、受賞に至らなかった人も再推薦可能です(ただし、業績リスト等は要更新)。どうぞよろしくお願ひします。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)

〒108-8477 東京都港区港南4-5-7

東京海洋大学2号館305室

日本数理生物学会事務局幹事長 岩田繁英

E-mail: secretary@jsmb.jp

※PDFによる応募も受け付けます。

過去の受賞者(所属は受賞時のもの)

2006年(第1回): 若野友一郎(東京大学)

2007年(第2回): 今隆助(九州大学), 西浦博(長崎大学)

2008年(第3回): 大槻久(東京工業大学)

2009年(第4回): 近藤倫生(龍谷大学), 中岡慎治(東京大学)

2010年(第5回): 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(第6回): 小林豊(東京大学), 仲澤剛史(京都大学)

2012年(第7回): 佐竹暁子(北海道大学), 増田直紀(東

京大学)

2013年(第8回): 波江野洋(九州大学), 大森亮介(Weill Cornell Medical College in Qatar)

2014年(第9回): 三木健(National Taiwan University), 山口幸(神奈川大学)

2015年(第10回): 加納剛史(東北大学), 中田行彦(東京大学)

2016年(第11回): 國谷紀良(神戸大学), 江島啓介(University of Alabama)

2017年(第12回): 水本憲治(University of Georgia), 山道真人(東京大学)

2018年(第13回): 江夏洋一(東京理科大学), 立木佑弥(首都大学東京)

2019年(第14回): 黒川瞬(高知工科大学)

5. 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biomathml-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事務局までお知らせください。

登録された皆様の電子メールアドレスは厳重に管理します。登録者以外からは投稿できないシステムになっておりますので迷惑メールの心配もありません。配送頻度も週に1通程度となっております。その他、Biomath メーリングリストに関しましては

<http://jsmb.jp/biomath/biomath.html>

に記載しております。合わせてご覧ください。

6. 事務的事項のお問い合わせについて

入会、退会の申し込み、会員情報(所属、住所、ニューレター送付先など)の変更は、業務委託先の土倉事務所(bwa36248@nifty.com)にご連絡ください。会費の納入状況の確認などの事務的問い合わせにつきましても、土倉事務所までお問い合わせください。それ以外の事項につきましては、幹事長の岩田繁英(secretary@jsmb.jp)へお問い合わせください。

7. 事務局連絡先

幹事長 岩田繁英 (SHIGEHIDE IWATA)
会計 中丸麻由子 (MAYUKO NAKAMARU)
幹事 大泉 嶺 (RYO OIZUMI)
幹事 立木佑弥 (YUUYA TACHIKI)
〒108-8477 東京都港区港南 4-5-7
東京海洋大学学術研究院 岩田繁英
E-mail: secretary@jsmb.jp

また、業務の一部委託先は次の通りです。

土倉事務所内 日本数理生物学会
〒603-8148 京都市北区小山西花池町 1-8
Tel: 075-451-4844 E-mail: bwa36248@nifty.com

≪ 編集後記 ≫

今号から、静岡大学の一ノ瀬元喜さんと宮川大樹さんに、数理生物学での Python の利用の仕方について、連載記事を書いていただくことになりました。私のように、Python には興味があるけれども、なかなか新しいプログラム言語に手を出せないでいる人たちにも、とてもわかりやすい内容になっています。今回は、まず Anaconda をインストールして、計算機環境を整えることです。ぜひ、実際に手を動かし

て挑戦してみてください。

また今号は、例年通り、会員の皆様から寄せていただいた卒業論文と修士論文の要旨を掲載しています。このニュースレターには短文だけを載せていますが、学会ホームページにはもう少し長めのものもアップロードしていますので、そちらもご覧ください。

今年の大会委員長の時田恵一郎さんには、冒頭に大会案内を書いていただきました。会員の皆様には、大会ホームページを随時チェックしていただきますよう、お願いいたします。(佐藤)

日本数理生物学会ニュースレター No.91

2020 年 5 月発行

編集委員会 佐藤一憲・宮崎倫子・守田智・
一ノ瀬元喜

sato.kazunori@shizuoka.ac.jp

国立大学法人 静岡大学

〒432-8561 静岡県浜松市中区城北 3-5-1

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 PDF 版

TABLE OF CONTENTS

Newsletter of the Japanese Society for Mathematical Biology No. 91 May 2020

第30回日本数理生物学会大会(JSMB2020)		1
一人ぼっちで年大会を開催することとは	中丸麻由子	2
第29回日本数理生物学会参加報告記	黒澤元	5
【第1回 数理生物研究 × 計算機】 計算機環境を構築しよう!	一ノ瀬元喜, 宮川大樹	8
【特集】 2019年度 卒業論文・修士論文・博士論文		14
学会事務局からのお知らせ		17
編集後記		19

