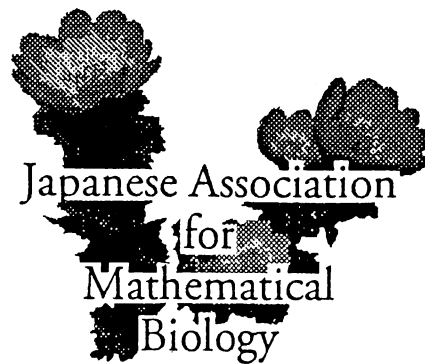
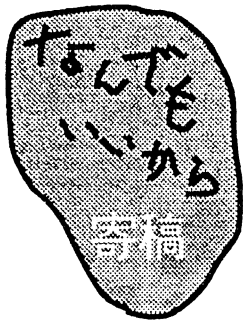


数理生物学懇談会
ニュースレター

第6号
1992年1月20日





無題

農業環境技術研究所 塩見正衛

組換え遺伝子の行方

2～3週間前に瀬野さんから電話があって、数理生物研究会の刊行物に随筆調のものを書くことになった。長い間は農業生物の分野で数学的な手法を使って仕事（あそび？）をやってきたので、そういう点から何か書けということだそうだ。忙しくてなかなかペンをとるひまがなかったけれども、明日は瀬野さんと東京で会うことになっているから、少しは進めておかないと気がとがめる。

今から4年ほど前に、農業生物資源研究所の本吉さんが、野生のトマトの系統と栽培トマトを交配してできた種間雑種に、タバコモザイクウイルスTMVの外被タンパク質を作る遺伝子を導入することに成功した。この遺伝子をトマトの染色体に入れると、トマトはTMVのひきおこす病気にかからなくなる。このように農作物の細胞にウイルスの遺伝子を導入して、そのウイルス病に抵抗性の品種を作る試みは世界中で幾百となく進められている。

1970年代の当初、アメリカの学者達はこのようにして作った生物、すなわち組換え生物は、あまりにもかけ離れた生物間の遺伝子を一緒にもつ生物となったものであるから、そこに従来見られなかったような遺伝子間相互作用が働いて、これまでには知られていなかった物質を生産したり、生理的な活性を獲得している危険性を懸念していた。そしてそのような実験室内で作った生物は野外で栽培する以前に、人間や家畜あるいは雑草化して農業を行っている環境に悪い影響を与えないかどうかをチェックすべきであるとした。この主張にもとづいて、アメリカでもヨーロッパでも、組換え生物が環境に与えるインパクトに関する研究は生態学者と遺伝学者の重要な任務になってきている。

このような性質を調べる実験の最中に、組換え生物の遺伝物質が何らかの理由で実験室から逃げだしたとしよう。実際にはそのようなことが起こらないように厳重に封じ込めた実験を行っているのだけれども、仮にそのようなことが起これば、その遺伝子は野外で栽培中の作物と交雑して植物体を作ったり種子を作ったりする。その組換え遺伝子を含んだ生物の個体群は生長、拡散していくだろうか。一度は大きな集団を作ったとしてもまた小さくなって行って、ついには消滅してしまうのだろうか。あるいは組換え遺伝子と元からあった遺伝子は個体群内である平衡状態に落ち着くのだろうか。その遺伝子の拡散はどのようにして起こるのだろうか。これらは関与している遺伝子の数や優性、劣性の関係、繁殖様式によって異なると考えられるが、実験と数理の両方が絡む生態学の問題となるであろう。

持続的農業は成功するか？

持続的sustainableという語がよく使われている。環境を持続的に使うとか、資源を持続的に使っていくとかである。私には資源を持続的に使うことと環境を持続的に保つことは概念の上では両立し得ないように思える。しかしながら、この単語は現在は深い意味からではなく、ある種の気休めの言葉として使われているのだと私には思える。農業においても持続的農業という言葉がこの頃よく使われる。それだけではなく、持続的農業に関する技術を開発しなくてはならないことになってきた。1950年代以降の先進国の

農業は化石エネルギーの大量投入によって支えられ、少なくとも単位面積当りの収量は、わが国でもコメの生産でみると2倍くらいにはなったと思う。主役は肥料と農薬である。それに付随して肥料と農薬の大量投与にマッチした品種が作られてきた。すでにヨーロッパではこれらの肥料や農薬が河川や湖沼に大量に流入し、地下水も汚染され始めていることはよく知られている。雨の多いわが国でさえ、これを避けることはできそうにもない。さらに、最近の私たちのデータを見ると、化石エネルギーに強く依存した農耕地、特に一年生の作物（一年生といってもこれは一年中ということではない。たいていの作物は植え付けてから収穫するまでは半年以内である）を作っている所は炭酸ガスの発生源になっているのである。近代農業は河川や湖沼などの地域環境だけでなく、地球環境に対しても負荷を与えているのである。

アメリカを始めヨーロッパや日本では最近「もうひとつの農業」という言葉が使われるようになってきた。これは化石エネルギーに依存しない農業ないし依存度の低い農業という意味である。50億も60億もの人口をこれで養えるかどうかは、今のところその技術水準はひどく低いし、これまでに行われてきた実験研究もごく限られたものであるから、全くわかっていない。しかしもうひとつの農業は、潜在的な生物のもつ能力をもっともっとひき出して、それに依存して太陽エネルギーを固定しようという概念である。作物を食う害虫、その害虫に卵を産みつける昆虫、その昆虫と微生物の関係というように、生物間の長い長い鎖を農業にうまく利用しようというのである。近代農業は化石エネルギーだけを頼りにし、生物間の複雑な絡み合いには全く目もくれなかったばかりか、利用を強く拒否してきた。もうひとつの農業はこの生物間相互作用に救いを求めようとしているのである。

生物の数を次元数とすると、これからの農業は非常に次元の大きい空間の中で、生産+環境保全を最適化していくことを目標にしなければならない。近代農業は大量の化石エネルギーとほんの僅かの生物だけに依存して成立しているから、このような小さな次元の生物の空間で生産を最適化してきた訳である。はたして、私たちは本当に、高次元の生物間相互作用を解きあかし最適化する能力をもっているだろうか。言い換えれば、生物間相互作用に依存した農業は成功するだろうか。

農業生産の予測と気象の予測

経済や政治の分野でも、工業や水産などの生産分野でも、また気象や火山などの災害の分野でも予測が行われている。農業生産の分野でもしかりで、今年の作柄を予測したり、病気や害虫の量や被害の予測を行っている。農業における予測問題が解決できないのは、施設園芸を除けば、農業生産はその年その年の天気大きく左右されているためだと思う。口の悪い人は、害虫の発生予測モデルがうまくいかないのは、気象庁の長期予報が当たらないせいだといっているほどである。その点を除けば、私は農業生産の予測にどんな数学的手法を使おうと、現在の私たちがもっている技術で十分達成できるという自信がある。

私は1970年頃から、農業の病虫害や収量の予測に関心をもって、沢山の研究者の方々と共同研究を進めてきた。私の印象では、気象がノーマルな年（平均的な年）の予測はよく当たるし、それからかけ離れた年は当たりにくい。言い換えれば、農業における予測は気象の予測に強く依存していることである。

数年前から、私は気象の季節変化を5~10個の類型に分類しておいて、この際気象庁のお世話にならずに、その類型の中から農家自身がそれぞれ自分の経験によって、1~2の類型を勘で選び、予測モデルに使う方法を考えてきた。気象の類型を作るには、データが蓄積されてきた過去の年次を数値分類法で5~10個に分類する。このプロセスで残された問題は、今年の気象の類型として農家がどれを選択すべきかという点にあり、ここで堂々めぐりになってしまうことである。研究会や学会の時には、農学の研究者は私の弱点は彼や彼女の弱点でもあることをよく知っているから私を苦しめるような質問をしない。他分野の人は何の遠慮もいらないから必ずここを質問してくる。

この弱点を克服するには、気象庁に頑張ってもらうほかないのであるが、いつまでも待っている訳にもいかない。気象にずぶの素人でありかつパソコンが使える身分でもない私にとっても、できそうなことがひとつあるので試してみたいと思っている。ある作物の生育期間が4月から10月までだとすると、4月以前の気象データを使ってうまくいけば4月以降の気象の季節変化を予測できる方法がある。これには多変

量重回帰分析（普通の重回帰分析ではない）や正準分析などの統計的な方法が使えるかも知れない。ニューロコンピューティングによる判別関数を用いるのがよいという人もいる。

線分のランダムな分割と牛の空間分布

寺本先生が書かれた「ランダムな現象の数学」という本を注文しておいたら、忘れた頃に配達されてきた。生物の現象がいかに単純な仮定のもとで数学的に表せるかを示す典型である。こんな簡単な式で表せるのかと感心する人もおれば、生物現象がこんな簡単な式で表せるはずがないといきまく人もいる。

私が牧場で仕事をしていた頃はほとんど毎日牧場にいる牛の群を見て暮らしていた。研究のための牧場は大抵長方形に区切られていて、そこに10頭とか20頭の牛が放牧されている。そのような牧場の中で、1日に牛がどのような軌跡を描いて行動しているかということに興味をもつ人がいた。私はそれにも関心がなかったわけではないが、それよりも瞬間瞬間の個体の空間分布や個体間の幾何学的な関係が美しい式で表現できないものかと思っていた。私は問題を単純化するために、長さ100メートル、幅6メートルの牧場、いうならば直線的な牧場を作ってもらってそこに6頭の牛を放牧した。そこで、ある日朝6時から夕方日が落ちて見えなくなるまで5分毎に、それぞれの牛が100メートルの直線上のどの位置にいるかを記録していった。12時間以上双眼鏡で牧場の座標を読んでいると、揺れる風景のために船酔いしてひどい頭痛が起こる。

このデータを使って、まず牛は牧場内でランダムに分布しているかという仮説について論文にした。それが丁度、寺本先生の本の第5章「順位付け分布とランダム分割」に書かれている内容である。牛を粒子と考えると、それから有限な長さの直線上を自由に運動しているとき、隣り同士の個体間の距離の分布、ひとつおいた隣との距離の分布などは簡単な式で表わすことができる。その後、私は群の両端にいる個体間の距離だけを用いて、分布がランダムかどうかを判定する方法を提案した。牛の群は直線上でランダムな位置に分布してはいないことはその時に明らかにできたけれども、ノンランダムな距離の分布を私の好みの形の式に表すことにはまだ成功していない。その後私は草地生態系を予測管理するためのシステムモデルをつくることに10年余り熱中していたから、牛の空間分布のテーマのことはときどき思い出すことはあっても、それに熱中する機会はなかった。子供の頃、うまいものは後回しにして食べる癖があったけれども、そんな気分である。

奈良に来て

18年ぶりに奈良へ来た。日本生態学会の第38回大会が4月2日から始まったからである。奈良には私にとって特別な感情がある。5年前に中国内蒙古自治区のフフホトを訪問したとき、菅沼先生と一緒に来たためである。菅沼先生は当時奈良女子大学の生物の先生をしておられた（この4月1日に停年で退官されたばかりである）。私にはそれまでは全く面識がなかったが、ある日フフホトのホテルのレストランで雑談している中に、先生が旧制福知山中学の御出身であることがわかった。言いなおせば、私の10年ほど先輩に当たるわけである。今回、私は久しぶりで、先輩の植物学者に会えることを何よりも楽しみで来た。また、先生からいただいた今年の年賀状にもそう書いてあった。この4日間に3回ほど立ち話しをする機会があった。別にとり立てて言うほどのことではないが、同郷のよしみというか、そういう気持ち私たちが両方に働いているのは事実である。

奈良の学会では菅沼先生に会うことのほかに、もうひとつ私の研究所からの指命ともいべき重大な任務があった。自然保護委員会が主催するシンポジウムで、組換え植物の野外試験に関する報告をすることである。私は今日までの約2年間、所長の命令によってこの仕事を担当してきたが、これは決して楽しい仕事ではなかった。第一、命令に従って研究をしているということに精神的にひどい屈辱感を味わってきた。そのような仕事を大勢の生態学者の前で話していいのかという気持ちがあるし、またこのテーマはう

っかりすると大衆からひどい攻撃さえ受けかねない内容だからである。

今日すべてが終って、25年前に桐田さんが大学院の学生だったころ、3年間研究のステーションとして使っていたという春日山のなぎ林に小泉さんと一緒に連れて行ってもらった。彼は、当時樹につけたナンバープレートやリターバッグの残骸を見つけては、しきりに懐かしがった。山道を何時間も歩いて多少くたびれたけれども、奈良に来て見つけた貴重なもののひとつである。

奈良には公園にも山にも数限りない馬酔木（あしび）が咲いている。この樹は鹿が食うと毒になるから、昔からずっと残っているのかも知れない。

巨大なる馬酔木の樹には救われぬ白き花着く 風よどむ昼

二月堂の舞台から見た大仏殿の向うに沈む春の夕日は美しい。沢山の写真家がこの一瞬を捕らえようとカメラを構えていた。私たちも幾つか、簡易カメラにその光景を収めた。

赤々と春の霞ににじみつつ 大仏殿の屋根に陽の落つ

次に18年後に奈良にもう一度来るとすれば、その時には私は71才になっている。

(1991年12月)

足で研究する数理生物学徒のための

東京セミナー案内

数理生物学懇談会東京支局編

一極集中の弊害を背負い込み、はっきりいって評判の悪い東京。外国の人にいっぱいお世話にならずには生きていけず、日本語が通じない不安におののくまち、東京。この世界でも有数の高集積都市およびその周辺には、生物学者もたくさん生息しています。現在、ミネアポリスに留学中の松田裕之氏（中央水産研究所）は、このまちでの研究生活について、かつて虎の門生態学研究会（勉強会）100回記念文集で次のように述べられました。

「東京は足で研究するところである」

私も松田氏と同じく、京都大学の生物物理出身ですが、京都時代にはいつでもすぐ近くでいろんなセミナーが行なわれていて、その気になればほとんど毎日、別の生態学研究者の話を聞き、それについて議論することができました。でも、それをあたりまえと感じていたせい、ほとんどその利点をいかさずにすごしました。学会へ行っても人の話を聞かず、遊んでばかり…。先日、京都で開かれたIGBP（International Geosphere Biosphere Program）の国際シンポジウムに出席したのですが、京大の若者の出席率が低いを見て、「自分らのときと同じやな」と思いました。おそらく京都は、こと生態学については恵まれすぎているのでしょう。それにひきかえ東京圏は、全体では相当な数の研究者がいるのですが、その多くはひとりもしくは一研究室ずつぽつぽつと離れて研究しているので、自分の大学なり研究所なりにとじこもっているのは、人の話も聞けず、議論もできずということになってしまいがちです。そこで、それを補うように、組織の枠にとらわれずに興味を同じくする有志が集まって開いているセミナーが多数あります。それで、松田氏の名言となるわけです。

東京圏は広く、みんな遠くからやってきます。私がおこなったセミナーに参加すると、家に帰るまでに多くの場合2時間程度かかります。京都にいたときには、セミナーに行くなんて考えて見たことがないほどの距離です。そのせいで、セミナーのあとに酒を飲んでも、とことんまで議論しきれずに帰らざるを得ないという問題もあります。ですけど、そんなことで文句ばかりいってもしかたありません。世の中にはそれすらできない人もいっぱいいますから。

数理生物学の研究者は、他の研究者の話を聞くのが、ひと一倍好きははずです。また数理生物屋は無知かつ無恥の人が多く、素人まるだしの質問をしたり、変なことをいったりするので、喜ばれる場合もあるようです。ここに紹介したものは、どんなひとの参加もこぼさないオープンなものばかりですから、どんどん参加しましょう。

とか偉そうなことを書きましたが、かくいう自分はずぼらさがたたって実際にはなかなかここにあげた集會に参加できていません。そういうひどい私のあつかましいおねがいを快くひきうけていただいた主催者の皆さんの温かい心に感謝いたしております。

また今回は、原田、瀬野が担当したため、生態学関係を中心に5つしか紹介できませんでした。この他にも目につかなかったところでたくさんのセミナーが行なわれていると思います。会員のみなさんの情報提供をお待ちしております。

なお、「千葉県立中央博物館での各種セミナー」の著者は森田利人さんで、連絡先は〒280千葉飼青葉町955-2千葉県立博物館地学科（電話0472-65-3111（ext.222）、Fax0472-66-2481）です。

千葉県立中央博物館での各種セミナー

東北大学、早稲田大学、京都大学という比較的長い不安定な大学院、研究生生活を終えて、やっとここで生活が安定し給料がもらえるようになって早一年弱。この間に体験したことなどをふまえて、現在県立の博物館の中では最も研究者人口が多いことで有名な(?)中央博での研究生活とここで私が参加しているいくつかのセミナーを紹介します。

中央博(既存の千葉県の博物館を束ねるという意味でこの名前がつけられたらしい)は、平成元年2月に開館したばかりの若い県立博物館です。現千葉県知事を弟にもつ沼田館長の強力な指導の下、研究を重視する欧米型の自然誌博物館を標榜して、開館前から多くの研究者を集め、現在では自然科学関係で約40名の研究者がいます。その特徴は、沼田さんの興味を反映して生態学関係が非常に多いこと、そしてほとんどが学位取得直後か博士課程の中退者からなる若い研究者が多いということです。新人の私ですら上から数えたほうが早いほど、若々しい集団です。もう一つの特徴は、解説員という20代を中心とした若く美しい女性達がいることです(もちろん何人かいる女性研究者もみんな美しいですが)。就職して一番よかったと思えるのは、これです!

みんな研究意欲旺盛な人達ばかりですので、自分達の調査研究に励んでいると同時に、多くの研究会が開かれ互いに刺激しあっています。ただし上意下達の組織ですので、上部組織の教育庁などから突然降りてくる業務のために、ゲリラ的に日時を選んで開くことしかできません。ですから形式上はすべて外部に対してopenなのですが、直前になって日が決まるようなものが多く、なかなか案内状を発送するというような宣伝活動ができません。以下に紹介するものはその中でも、今後も継続して行われる可能性の高いものです。

<中央博セミナー>

毎月2回程度を目安として、夕方かランチタイムを利用して行っています。今のところ館内の研究者が自分の研究を紹介する場として活用しています。

<生態園セミナー>

中央博には生態園という自然公園が併設されており、10人の生態学関係のスタッフがおります。彼らが主催するのがこのセミナーで、やはり月に2回程度、生態学を中心とした研究紹介を行っています。博物館内研究者が中心ですが、時には博物館に遊びにきている外部の研究者も飛び入りで発表することがよくあります。

<中央博物館シンポジウム>

これは上の二つとは全く違って、博物館から正規の予算をもらってやや格調高く(?)行う年1回の行事です。今年度は動物科の主催で、12月8日に「生物進化と生物地理」というテーマで行いました。静岡大学の河田雅圭さんや新潟大学の甘谷英一さんなどが進化学や行動生態学の最新の話題についておもしろく話してくれました。来年度は、秋ぐらいに照葉樹林をめぐる生態学をテーマとして植物科が行います。

以上が中央博で行っている定番の研究会です。その他にも、外国から研究者が来たり、館員が暇を見つけて単発で行う研究会が頻繁に行われています。例えば、今年の9月に私と都立大の富山さんが主催して、「貝の生物学セミナー」なるものを開きました。遺伝、生態、発生などについて多角的な視野から貝という生物を研究している人たちを集めて、その進化について考えてみようというのが意図です。東大海洋研の上島励さんや、静岡大の千葉さんなどが、形態から見た進化と、アイソザイムの分析から見た進化を比較して論じてくれたり、都立立川短大の浅見宗弘さんが、集団遺伝学的立場から貝の右巻きの進化について話をしてくれたり、河田さんが個体間と集団間の相互作用を識別するために思いついた面白い飼育実験法などを紹介してくれましたので、たいへん盛り上がりました。

虎ノ門勉強会への御案内

文責：石田 厚（東京都立大・理・生物）

当勉強会は、名前のとうり、虎ノ門という一等地のビルの一室を賃し切って勉強に励んでおります。また当勉強会は1992年7月で満14才を迎えたという由緒正しい？集まりです。といってもお金がかかるわけではありません。現在、Begon, Harper and Townsend の "Ecology" と Grace and Tilman の "Perspective on plant competition" を輪読しています。メンバーは、植物生態、動物生態から数理生物をやっている人から、年齢も50代から20代までと幅広いです。輪読をする本は、読んでいる本が終わった時点で、みんなで決めます。決める際には、まず個人個人が自分が読みたいけれども一人で読むのはちょっと、といった本をやおら推めるといった感じで、なかなか決まりません。でもまあ、そうこうしている内にみんなの意見がまとまってきて（自己主張の強いところから決まるのかも知れませんが）、「ま、これでもやってみますか」と言って決まります。ですからそういう意味では、自分では、なかなか読めない本が読めて勉強になります。またいろいろな分野の人が集まっていますので、見識も広められ楽しいです。ただ"Ecology"は、まだ5章が終わったところで、もうしばらくやることになると思います。輪読は毎月1回、土曜日の午後2時から6時くらいまでやっています。その後は、新橋で軽く飲むのが恒例です。どの土曜日に行くかは、その時の出席者の都合でかってに次回の予定を決めます。従って土曜日に行く、何か別の勉強会に入っている人でも大丈夫です。また少々品位がない人でも大目に見ていますので、生態学を勉強してみようという、いろいろな分野の人からの御出席をお待ちしています。もし顔を出してみようという方は、下まで御連絡下さい。そうしてくだされば、当勉強会が誇る女性研究者が（多分ですが）、営団地下鉄銀座線"虎ノ門"の4番出口で、お待ちしております。

連絡先

〒192-03 東京都八王子市南大沢1-1

東京都立大学・理・生物、植物生態学研究室

電話 0426-77-2584、 Fax 0426-77-2421

石田 厚 かまたは 西谷 里美 まで

進化生態学酒話会(*)へのお誘い

1989年2月より、「進化生態学酒話会(The Shuwa Group on Evolutionary Ecology)」というセミナーを行っています。その名の通り、進化生態学に関するセミナーです。研究手法や材料は問わず、同じ(進化生態学の)論理で議論できる場を目指しています。当初は酒を飲みながら行っていましたが、議論の内容を覚えていないという問題が生じたため、今では会終了後飲むことにしています。数理生物学懇談会の皆様、ぜひご参加下さい。また、話題提供して下さい方も募集しています。

開催日時： 月一回 土曜日が多い 午後3時より
会場： 東京大学理学部附属植物園 本館三階会議室

- 第13回(4/24) 黒須 詩子・青木 重幸(立正大・教養・生物)
「アブラムシのゴールはなぜまれなのか」
- 第14回(5/18) 鷺谷 いづみ(筑波大・生物科学)
「種子発芽の生態学」
- 第15回(6/21) 宮下 直(東大・農・森林動物)
「ジョロウグモの配偶関係を中心とした繁殖戦略」
- 第16回(7/20) 西村 欣也(筑波大・生物科学)
「Decision making in uncertain environments」
- 第17回(8/17) 上田 恵介(立大・一般・生物)
「鳥の配偶システムとセッカの社会構造」
- 第18回(9/12) 湯本 貴和(神大・教養・生物)
「植物と動物との相利共生 ——植物の延長された表現型としての動物——」
- 第19回(10/26) 石原 道宏(東大・教養・生物)
「シャープマメゾウムシの多化性生活環の進化要因の解析」
- 第20回(11/30) 牧 雅之(東大・教養・生物)
「日本産シライトソウ属植物の雌性両性花異株の進化要因の解析」
- 第21回(12/14) 佐藤 俊幸(東大・教養・生物)
「ナワヨツボシオオアリ類における多女王制の進化」

問い合わせ先： 〒329-27 栃木県那須郡西那須野町千本松768
草地試験場生態部 酒井 聡樹
TEL 0287-36-0111 ex 272

* 主催者は3カ月前にようやく就職した。勤務先に出張届を提出しようとしたところ、「酒話会」などという不まじめな会に出席するのは公務員として好ましくないと怒られた。これは、学生時代には気づかなかった問題であった。この場を借りて名称による御迷惑をお詫びすると共に、めげることなく今後とも出席して下さいようお願い申し上げます次第である。

資源経済学勉強会へのおさそい

原田泰志（東京水産大学資源管理学科、〒108港区港南4-5-7）

Jon M. Conrad と Colin W. Clark が書いた、"Natural Resource Economics; Notes and Problems" (Cambridge University Press: ISBN 0-521-33769-0 Paperback) という本を勉強しています。この本は資源経済学の基本的考え方と数理的手法を、多数の練習問題を交えて解説した本です。たんなる本読みではなく、練習問題もばりばり宿題にして、技術的側面も重視しています。目次を紹介しますと、

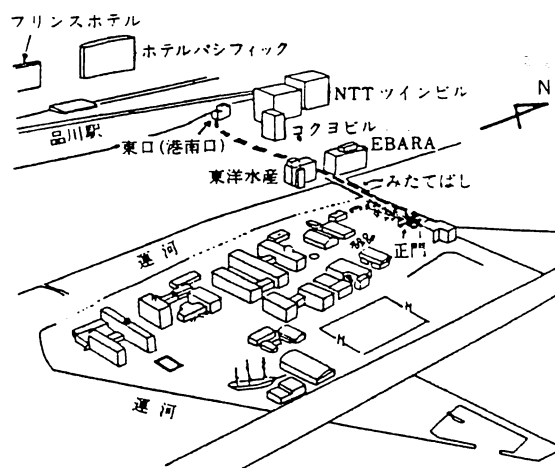
1. Resource allocation and optimization
2. Renewable resources
3. Nonrenewable resources
4. Environmental management
5. Stochastic resource models

というわけで、地球環境問題、資源問題がテレビや新聞に顔を出さない日がない現代の重要課題がめじろおしという感じです。現代に生きる水産資源学徒として、なにはともあれこれくらいのことはおさえておきたいと考え、東大海洋研の院生の松石隆君と計画し、文化生態学者の西山賢一さん（国際大学）や私の知り合いの水産資源屋などに声をかけて始めました。問題の性質上、近代経済学のさまざまな概念が出てくるのですが、さいわい、西山さんや田中辰雄さん（国際大学）、佐久間美明さん（東京水産大学）などのこの分野の達人が参加してくださっており、通常の経済学の問題とも絡めながらの解説が行なわれたりして、なかなか充実した勉強会になっていると思います。

「社会的効用の最大化などの目的にかなった資源の利用の仕方とはいかなるものであるか?」、また「どのような管理方策をとればそれを実現できるか?」、これらが全体を通じて主に問題とされていることです。数学的手法としてはポントリヤーギンの最大原理などの最適化法をもっともよく使います。進化生態学の問題と類似の問題も多数でできますので、その筋の人にも楽しめるものと思います（そういうわけで私は他の人の2倍楽しんでます）。

たとえば、水産資源の場合、漁業者個人の利己的行動にのみ任せておけば、乱獲が起こり、大きな無駄が生じてしまいます。それをふせぐ管理方策はいろいろあり、その一つは資源のシャドープライスと同額の税金を課するというものです。また、漁獲割当量の取引市場をつくるというものもあります。前者は地球温暖化問題におけるCO₂排出税と、後者はCO₂排出権の取引と同等のものです。これらのもとになっている経済学的理論についても勉強できます。

勉強会は品川の東京水産大学高碕記念館3階東水大職員組合室で月一回のペースで、だいたい木曜日の6時から行なっております。地図を参照していただきたいのですが、部屋がすこしわかりにくいので、はじめておこしときは、入り口で守衛さんにおたづねください（うちの守衛さんはちょっとこわいので、黙ってはいると怒られることもあります）。原田泰志（研究室：tel 3471-1251(ext469), fax 3450-4279；自宅：tel 0466-28-7207）までご連絡いただければ次回の案内をお送りします。



進化遺伝学勉強会

嶋田 正和 (東京大学教養学部生物学教室)

TEL.03-3467-1171 内線663

FAX.03-3485-2904

John Maynard Smithによる教科書” Evolutionary Genetics” (Oxford Univ. Press, 1989) を輪読する勉強会です。1991年11月から始めて月1回のペースで進めており、現在9章までが終了しました。参加者は生態学や進化生物学を専攻する都内や筑波の大学・研究所のスタッフ・研究生・院生・学部生で、約20名です。

この本は従来の集団遺伝学の教科書とは異なり、個体群生態学のモデルやゲーム理論、性の進化理論が詳しく説明されているなど、いかにもMaynard Smithらしい教科書と言えるでしょう。章の構成は以下のとおりです。

1. Evolution by natural selection
2. Models of populations
3. Evolution in diploid populations
4. The variability of natural populations
5. Evolution at more than one locus
6. Quantitative genetics
7. A model of phenotypic evolution
8. Finite and structured populations
9. Evolution in structured populations
10. The evolution of prokaryotes
11. The evolution of the eukaryotic genome
12. The evolution of genetic systems. I. Sex and recombination
13. The evolution of genetic systems. II. Some consequences of sex
14. Macroevolution

内容は簡単な予備知識さえあれば読めるように書かれてはいますが、所々Maynard Smith独特の端折りが見られ、読者を悩ませます。また、どう考えても彼の方が勘違いしていると思われる箇所もあり、油断のならない本です。しかし、文章は読みやすく、専門的な議論は簡潔にboxにまとめられているし、章末には内容を復習する上で効果的な演習問題やコンピュータ演習の課題が付いており、教育的配慮が十分なされています。この分野を志す若い人には格好の教科書と言えるでしょう。

勉強会は、月1回の月曜日午後6時から東大教養学部(駒場キャンパス)で開いています。参加をご希望の方は嶋田宛ご連絡下さい。次回以降の勉強会のご案内をお送り致します。

やくざ ——— 「純粋」と「応用」の狭間で

日本医科大学基礎医学情報処理室 瀬野裕美

昔から、「純粋」畑の研究者と「応用」畑の研究者の双方から生物現象についての「数理モデル」（「……屋」）は少なからず冷たい目で見られてきたような気がします。それが、昨今、多少、その冷たさが和らいできたような気がしています。（単なる気のせい?）

もちろん、「数理モデル」が、数学の発展の「促進」や、生物現象の「理解」、農林水産工業分野における「応用」などに役立っている例はなきにしもあらずですが、それらを掘り起こしたのは、「純粋」畑や「応用」畑では非常にまれな「理解者」であったといえます。やはり、「冷たい目」が大半であったと思えます。今、その「冷たさ」に変化を感じられるような気がするのにはなぜなのでしょう。

まず、フィールド研究者達による数理解析に対する需要の増加があります。自然科学の研究分野の細分化、専門化が進み、それぞれの研究が特殊化の道を進む一方で、分野の境界があいまいになってきたことは言われだして久しいことです。そうした傾向が進んできた結果、研究対象はますます複雑なものになり、研究方法についての多角的な検討が必要となりました。その多角的な研究方法の一角に数理解析、数理モデルによる解析もその居場所を与えられるようになったと考えられます。

また、最近のコンピュータ技術の発展が寄与しているということも考えることができます。コンピュータサイエンスのなかに生まれてきた新しい⁽¹⁾研究方法として、高速、大容量のコンピュータを使って、複雑な現象を高い精度でシミュレートし、現在のハード技術では不可能な条件下における実験を仮想的に行なうことによって現象の性質を研究しようというものがあります。人間の力ではコントロールのできない自然界の代わりに、コントロール可能な仮想現実界を研究することによって自然界の理解を進めようというわけです。この方法は、「応用」畑の研究にとっては非常に有用と考えられますが、仮想現実界を設定するうえで、あの「数理モデル」が必要になることも明らかです。さらに、コンピュータの上の仮想現実界は、主に自然界の観察を研究方法としてきた研究者にとっても、その現実味によって親しみやすいものであるため、果たして、そうした研究者達の数理解析、数理モデルへの関心を喚起することになったと考えられます。コンピュータの補助によって数理解析の結果を簡明に表現することが可能になり、数理解析の周りを張り巡らせている塀の高さを低くしたのです。コンピュータ技術の発展のこのような影響は、今後ますます進むと考えられます。

「純粋」畑に対しては、「数理モデル」はあまりに野性が強いのかもかもしれません。「純粋」畑の精練された作法に合わない、むしろ、作法を無視する面があるからです。自然現象の「数理モデル」による研究の目的は、あくまでも対象とする「自然現象の理解」のための「考察」であって、「数理モデルの理解」はその「考察」の手段としての産物といえます。したがって、「数理モデルの理解」について粗いものであっても、結果としての「考察」が「自然現象の理解」にとって有益なレベルに至っていれば許される範囲があると考えられます。たとえば、「自然現象の考察」において参照される数理モデルの解析の結果については、コンピュータによる数値実験の結果と解析的な結果が、（慎重な扱いがされてはいても）ほぼ同等の価値をもって利用されます。また、その議論においては、数理モデル解析の結果と自然界から得られたデータによる知見とが対等に扱われる場合が少なくありません。これらの扱いは、しばしば、「純粋」畑の研究者たちの感覚に違和感を与えてきたのだと考えられます。厳密な「証明」のない「数理」モデルの解析結果の扱い、おおづかみな仮定のもとに構築された「数理」モデルの解析結果を生物学の言葉で考察し、生物学的な議論を導きだす扱い、それらです。

「応用」畑に対しては、「数理モデル」はあまりにかよわいものなのでしょう。それぞれの「数理モ

デル」は、「応用」畑のグイグイとした押しに應えるだけの塑性を持っていない場合が多いと思えます。生物現象に対する「数理モデル」解析で、『「自然現象の理解」のための「考察」』という性質が強いものについては、現象の限られた要素を抽出し、それらの要素の現象における寄与を強調することによって議論の種を得るか、現象に効いている主要要因と思われるものをすべて組み込んだ、いわゆる、シミュレーションモデルによって現象についての予測を導きだして議論の種を得るかのいずれかである場合がほとんど考えられます。前者の場合には、モデルの構造が明確で簡潔である必要があります。それは、「応用」にはもの足らないものとなります。後者の場合には、モデルは、かなり現象特異的であり、複雑なものとなります。その場合、特定の現象をシミュレートする以上のモデルの解析は本来必要とされないわけですから、「応用」畑でさらに利用されるためには、モデルの数理的な性質をそのさらなる「応用」に供するに十分なだけ調べる必要があります。それは、かなり困難を伴い、時間を要するものとなります。そのようなモデルの「寿命」が短く、影響力も局所的なものに終わるのはそんな理由によるのでしょう。

しかし、このように「冷たい目」が和らいできたとしても、それに惑わされることなく、「数理モデル」研究は従来のごとくあればよいのでしょう。上のような現在の傾向は、「数理モデル」研究を面白くしてくれることは明らかです。数理モデル屋にとっての「純粋」畑、「応用」畑からのアプローチは肥にこそなれ、決して邪魔にはならないものだからです。ただし、このような傾向に引きずられて、「数理モデル」研究が「純粋」畑や「応用」畑の研究におもねるような傾向が現われてきたなら残念なことです。「数理モデル」研究は、「数理モデルの数学的研究」ではなく、「数理モデルの実用的応用」でもありません。あくまでも研究対象は「自然現象」であって、手段が「数理モデルの解析」なのです。すなわち、「純粋」でも「応用」でもないのです。そこに面白さがあり、「数理モデル」研究のありようがあるような気がします。「純粋」畑に近い研究者から「応用」畑に近い研究者まで千差万別の数理モデル研究者達にとって「数理モデル」研究は「純粋」とも「応用」とも位置づけられないものなのでしょう。また、多くの「純粋」畑や「応用」畑の研究者達からは自分達の畑にはそぐわないと思われるのですから矛盾はしません。それは、かの昔日の仁侠「やくざ」が善でなく悪でなく、善人からは煙たがられ、悪人からは一目おかれていたように... いずれにもおもねることなく、「数理モデル」研究としての仁侠道を歩んでゆく「やくざ」な分野として闊達であればこそ、「数理モデル」畑が「純粋」畑や「応用」畑とうまくバランスがとれるのではないかと思います。

だらだらと抽象的な「放言」になったかもしれませんが、「いじけ」なんかではなく、「数理モデル」で面白く「研究」している者の一人としてこんなことを徒然なるままに書き綴ってみました。なかでも、「純粋」、「応用」という言葉がキーワードでありながら曖昧漠と使われているのは意図的ですがあまり意味はありません。「数理モデル」を面白く研究している方や「数理モデル」に「思い」のある方なら、「純粋」や「応用」という言葉で適当な連想をしていただけると思います。

「数理モデル研究」、もしくは、「数理モデル屋」について、それ以外の畑にいる研究者にもっともっとものいって欲しいものだと思います。それは、きっと双方にとって実り少なからぬ交歓になると思います。

(1991年12月東京)

数理科学者むけの発生生物学入門文献

本多久夫 (鐘紡ガン研究所)

1. やや冗長なまえがき

梅棹忠夫はかつて、研究のためにはできれば本を読まずにすませたいという意味のことを書いて、これが中学か小学校の国語の教科書に採用されたことがある。フィールドワーク (社会人類学) において、文献でなく実地に自らデータを採ることの重要性を説いたものである。アインシュタインは、論文を精読せずに、著者の意図を読み取った後は自分で計算を進めて結果を照合したという。いずれも主体的に研究にとりくむ姿勢を述べたものである。生来、活字嫌いのぼくは、このような昔話に力づけられて文献についてはおろそかにしてきた。こんな人間がいまから入門文献案内を書く。

しかし、ふりかえってみると、気をいれて文献を読むことがときどきあった。これは研究に対する自分の精神的内部状態に依存しているらしい。馬を水辺まではつれて来れるが、水を飲む飲まぬは馬しだいという例え話もある。サイトカインが細胞の周りにあっても、細胞にリセプターがなくては話にならない。また、リセプターがあつたとしても、同じサイトカインによってある細胞は増殖に向かうし、別の細胞は増殖抑制に向かう。受け手の自分自身にリセプターができて内部状態が整うのは、日頃の精進によるのだろう。

さらに、文献による情報が害になる場合についても述べなくてはならない。オリジナリティーのありそうな考えが浮かんだとき、普通はいち早く文献によってオリジナリティーを点検することになっている。しかし、これは危険である。よい考えが浮かんだときは、とにかく籠って、その考えがどこまで固められるか、どこまで広げられるか、熟させることである。熟しきつた頃に文献によってオリジナリティーを点検すればよい。順序を逆にすると、本来、つくれたはずの独創が流産してしまうことがある。

さて、受け手の内部状態と文献の害毒を承知した上で、まだもうひとつまえおきがある。文献案内は、ほんとうは他にいろいろな文献があるなかでこれが最良と信じるものを選んで網羅するのが親切だろう。しかしこれはぼく的能力以上のことである。これまでにお世話になった、限られた文献からのいくつかについて感じたことを述べるだけである。ここで挙げる他にも一読に値する文献がたくさんあるだろう。

2. 文献案内

発生生物学の重要な問題のひとつは、遺伝子という量子的な情報から生物の形という多様性に富んだ、いつけん連続体的なものが形成される過程の解明である。それでは、数理的

発生生物学とは何かだが、これにたいする答えとして普通より広い意味をもたせるべきだと思っている。発生生物学の問題解決の方法を限定せずに、もしそれがよいのなら数理的な手法までも使って解く分野であると規定したい。研究態度としては、発生生物学の中の数理的な手法が使える領域を小さく切り取ってこじんまりと解くということにはしたくない。数理的な手法は発生生物学全体に役立つもののはずである。したがって、以下にとりあげる文献には数理的でないものがたくさん含まれている。しかしここに挙げたものは、数理科学者のなかでリセプターがあって、内部状態が整った人にはきっと役立つにちがいない。

Gilbert, S. F., "Developmental Biology" (2nd ed.), Sinauer Associates, 1988. (日本語訳がある)

わかりよい発生生物学の教科書。ところどころにまだ確立されていない、しかし興味あるモデルや推測が挿入されている。

Carlson, B. M., "パターン発生学" (第5版, 白井敏雄監訳), 西村書店, 1990. 発生学の教科書。機知に富んだ図がすばらしい。

Arey, L. B., "Developmental Anatomy" (7th ed.), Saunders, 1966.

動物(ヒトも含む)の系統による違いにまで言及してある古典的教科書。

Moore, K. L., "人体発生学" (第3版, 星野一正訳), 医歯薬出版, 1986.

ヒトの身体については、まったく頭がさがるほど詳しい研究がなされていることがわかる。

Deucher, E. M., "Cellular Interactions in Animal Development", Chapman and Hall, 1978.

発生過程は細胞の言葉で語られねばならないという信念をつらぬいた、わかりよい教科書。

Ede, D. A., "An Introduction to Developmental Biology", Halsted Press, 1978.

著者が理解した事柄を著者自身の手による図にまとめた読みやすい入門書。

クルステイチ, R., "立体組織学図説I, II", (藤田恒夫監訳), 西村書店, 1981.

細胞、組織を立体的に描いて視覚にうったえかける図版集。

和気健二郎, "人体器官の構造と機能" (医科学大事典 suppl.1), 講談社, 1984.

ヒトの身体の各器官をミクロからマクロまでひとめでわかるように工夫して描かれた絵本。

アルバーツ, B.,ほか, "細胞の分子生物学" (第2版, 中村桂子・松原謙一監訳), 教育社 1990.

遺伝子という分子から、生物個体の形に至る階層のひとつに細胞がある。分子生物学からみた細胞を最新の知識で述べた意欲的な本。後半には個体発生、免疫系、神経系などの多細胞系のトピックスもわかりよく書かれている。多くの項目の表題は、その項の結論を述べた文章である。性急に単純化しすぎる危険性もあるが、今後このような記述形式が広まるだろう。ぼくたちの研究も、できることならこのような一行の文章で記述しきれるところまで完成させたいとつくづく思う。

Thompson, D'Arcy W., "On Growth and Form", (2nd ed.), Cambridge University Press, 1942.

ぼくにとっては、脅威を感じる本。今世紀はじめに、これだけ執ように生物に物理を入り込ませた人物がいた。自分の考えたおもいつきは、おそろおそろ、まずこの本で点検することになっている。

Meinhardt, H., "Models of Biological Pattern Formation", Academic Press, 1982.

これまでの数理科学の生物への適用の、ある意味では限界を示したと思える本。自己触媒・広範囲抑制モデル(反応・拡散モデル)でかくも多くの生物体のパターンが説明できる。しかし、ほとんどの場合、実験的研究との具体的な接点が見いだせない。これを乗り越えるのが当面のぼくたちの目標である。

土居洋文, "生物のかたちづくり", サイエンス社, 1988.

位置情報説や、Lシステムとよばれるセル・オートマトン理論など、いわゆる数理的発生生物学の代表的研究と、最近の実験的研究の進歩がコンパクトにまとめられたユニークな本。これを読んで現在のレベルがこれくらいなら、自分がひと働きしてみるか... という若者が出て来ることを期待している。

雑誌 "生物工学", 秀潤社

分子生物学の素人が、分子生物学がどんな進み方をしているかを知ることが数理的発生生物学のためにも大切である。この雑誌に興味深い解説論文がしばしばみうけられる。また歴史のある "蛋白質・核酸・酵素" (共立出版)、 "生化学" (日本生化学会) 以外に "日経サイエンス" (日経サイエンス社) や "生体の科学" (医学書院) などにもよく掲載されている。

本多久夫, "シートからの身体づくり", 中央公論社, 1991.

ぼくが書いた本であるが、発生生物学における数理的アプローチがどんなところに位置づけられるかを反省的に書いた。いまのままでは、たいしたところに位置しないことが

ますます明白になったのだが、これを自覚するのはいいことにちがいない。これからの方向づけに役立つだろう。

3. あとがき

文献案内としては、これ以外にもまだ読むべき文献があるにちがいないという点で、不完全なものを書いてしまった。そのかわりというのもへんだが、数理科学の人がどこかに入門するにあたっての心得みたいなものを述べておこう。

ひとつは、ほぼこんな分野に入り込むという意志が固まったら、それに関連して自分も力になれる、ほどほどのテーマでその分野の専門家と共同研究をすることである。たとえそれが途方にくれるほどの多くの未知の語彙に埋まった分野でも、自分が手掛けた小さな範囲から一つひとつ勉強し、それを手がかりにだんだん広げていく。なじみができたところでその分野の教科書を読むのがよい。はじめからまずは一人で勉強してからと教科書を読み始めると、ぼくみたいな人間はうまくいかなかった。

もうひとつは、自分は新しい学問のフロントにいる数少ない人間の一人であるという自覚である。たとえば、数理科学をする人と発生生物学をする人のそれぞれの集合の積をとったら驚くほどわずかな人しか残らない。この分野で自分ができるはずの問題の解決をやらなかったら、当分の間、その問題について人類は足踏みすることになるかも知れないのである。こんな人類の代表として未知の自然に直面する、フロントにいるという自覚が人を育てる。

最後に、異分野の人たちとのつきあい方である。半世紀余前に日本で物理学者と生物学者の小さなしかし重要と思われる論争があった（“科学” 3:11号-4:4号の寄書 1933-34）。理化学研究所・寺田寅彦研究室・平田森三（“キリンのまだら” 中央公論・自然科学選書 1975の著者）が、粘土の干からびるときにできる割れ目パターンとキリンの体表の模様との類似から、動物の体表の模様形成について言及した。これを生物学者の丘英通が「あくまで実物に就いて実際に研究すること」、「実証的たることを要する」と批判した。何度かの応酬のなかには「懐手式研究」、研究の「態度が時に極めて危険なることがある・・・」というような言葉がみうけられる。何人かを巻き込んだ論争の後、寺田寅彦が割れ目のモデルは「さう急いで否定するには當らないものであらうかと思われる」と発言してまずはおさまったらしい。ぼくはこの論争を読んで主張の当否よりも、それ以前に潜んでいる他人の研究分野に対する先入観みたいなものに関心をもった。これを振り払うのは当事者同士のつきあいだろう。分野は違っても研究に対する相手の真摯な態度を見抜きあえたときに好のもしい共同研究が成立する。自戒。

ワークショップ開催のご案内

「生物の形態・パターン形成と進化の問題」

現在、我々が見ている生物の形態は進化の産物です。従来、この形態形成の問題への理論的アプローチは、ほとんどが物理化学的あるいは分子論的なものであったと思われます。今回、特にこの問題を、その生物の生活史、環境への適応など進化的要因を含めて考えてはどうか、と下記の通り研究集会を企画致しました。

なお、このワークショップは規模を小さくし、各テーマについて議論が十分出来る様にしたいと考えています。参加あるいは講演ご希望の方は早めにご連絡下さい。

記

1. 日時: 1992年2月21日(金)午後1時30分より同22日(土)正午まで
2. 場所: 中部大学教育工学センター(中部大学新5号館2階521講義室)
487 愛知県春日井市松本町1200
3. 交通: JR中央線高蔵寺駅(名古屋駅から約20分)下車、
中部大学行きバス(名鉄バス)で終点まで(約10分)
4. 連絡先: 中部大学 女子短大 関村利朗(電話 0568-51-1121 内線 4142
あるいは Fax:0568-52-0622)

講演者及び題目

本多久夫(鐘紡ガン研) ————形の進化をどう考えたら良いのか
酒井聡樹(農水省草地試験場) ————草本における体制の進化
森田利仁(千葉県立中央博物館) ————骨および殻形態の形成
武田裕彦(京大理生物物理) ————ショウジョウバエの軸形成, 分節化遺伝子群
三村昌泰(広大理数学) ————題未定
寺本 英(龍谷大理工)
そのほか講演希望の方。

我々の研究室は京大化学研究所の生理機能設計研究部門と言いますが、大学院講座の上では理学研究科生物物理学専攻理論分子生物学講座と言います。「設計」とか「理論」という言葉が含まれているところから示唆されるように、ここでは生の生物を扱っているわけではありません。その点、私の出身の理論生物物理学研究室と雰囲気かいています。ただ、おそらく我々の研究室でやっていることは数理生物学懇談会の皆さんにはややなじみがないかも知れません。というのも我々が扱っている対象は生物一般のモデルではなく、遺伝子配列やタンパク質配列などのミクロなものに限られ、目標としていることは与えられた配列がどのような生物学的機能を担うのかを知ることにあるのです。このように書くと、日頃生物集団から生体高分子まで様々なものを対象としている皆さんには極めて限定された研究分野のように映るのではないのでしょうか。でも、この問題は遺伝子の実体や生体高分子の構造がわかってきた分子生物学の初期の頃からの中心的な問題でもありました。たとえばタンパク質のフォールディングの問題、どのようにして与えられたポリペプチド鎖はほぼ決まった構造を作りうるのか、は依然として解くことができず、近似計算をしようにも現在の最新のスーパーコンピュータをもってしても計算量の規模が全く追い付かない状況です。このようななかで、我々の研究室が目指しているのは、とにかくまず配列と機能の関係を突き止めることにあります。それは必ずしも現実の物理現象にしたがって解釈するだけではなく、まず情報としてみた配列データと生物学的機能との関係を統計的・情報論的にも解析しようというアプローチをとっています。ですから我々はモデルそのものの完全性よりも、むしろいかに多くの生物学的事実を説明できるかに重きを置いています。我々のバックグラウンドとして求められているのは、1つはよりよく生物学的事実を整理・解釈するための分子生物学的知識、そしてもう1つは得られた情報をいかにうまく処理するかという情報科学的な諸技術です。

最近、ヒトゲノム計画という言葉が耳にされることとおありかと思えます。これは究極的にはヒトの持つ 3×10^9 もの全遺伝子配列を解読しようというものです。ただ、ヒトゲノムの場合現在までに読み取られている量は未だ1%にも満たない量で、いきなりすべてを解読するにはまだまだ解決しなくてはならない問題がいくつかあります。その1つがいかにしてえられた情報を蓄積しそれらを解釈するかという情報処理の問題です。ヒトゲノム計画は日本だけでなく、アメリカ、ヨーロッパなどの様々な研究機関を含んだビッグサイエンスプロジェクトの1つとなってきていますが、ここの金久教授が日本の情報処理分野でのゲノム計画の責任者（文部省科研費重点領域研究「ゲノム解析に伴う大量知識情報処理の研究」）になっているため、研究室としてもゲノム計画の情報処理分野に参加している形になっています。我々のプロジェクトの性格を一言で言うてしまえば、生命科学と情報科学の境界領域ということになるのでしょうか。特に方法論的な側面は最近情報科学関係者の注目を浴び、ICOTを始めとするいくつかの情報科学研究グループと共同で研究を進めています。本稿では我々の研究室を中心に行っている活動を、特にゲノム解析分野に限って述べたいと思います。

ゲノム解析分野として情報処理に求められているのは、大きく分けて3つあると思います。1つはデータベースの問題、もう1つは解釈のための方法論、そして最後はプロジェクトを支援する情報処理環境です。まず1番目と3番目のテーマはかなり実用的・技術的な側面をもったもので、余り皆さんの興味を引かないかもしれませんね。:-) ただ、データベースの問題にしても、生物のゲノムを表現するにはどのようなデータモデルが相応しいのかなどと言ったことは結構面白いかと思えます。今までの遺伝情報関連データベースはご存じのように一般にはフラットテキストのファイルしか使われていないのが現状でした。最近はリレーショナルデータベースが一部では利用されてきています。ただ、生物の機能までを表現しようと思うとリレーショナルモデルも必ずしも相応しくはありません。我々は知識ベースがこのような情報を蓄積するのに使えないかと考えています。またより複雑な問い合わせに応じられるように推論手続きなどもあらかじめ入れ込んだ演繹データベースの利用を考えている人達もいます。また情報処理環境としては、我々の対象としている情報が非常に膨大であるので、分散処理の応用などが注目されています。特に

並列処理技術などは方法論としても興味を持たれていますし、これらを支援する環境としてのネットワークにも我々は注意を払っています。本年秋よりゲノム関連研究を支援する運用ネットワークとして GenomeNet というのが運営開始されました。これは日本の学術ネットワークの一環として国際的なインターネットにも接続されています。

もう1つのトピックスである方法論の問題に入りたいと思います。まず問題になっているのはどのようなことかと言うと、(1)与えられた生のデータの中から、及びそれと既知の情報から有用な知識を抽出すること、(2)これらを再利用可能な知識として表現すること、(3)この知識を利用して未知のデータを解釈すること、とまとめられるでしょう。従来は新しい配列が決定されるとまず類似配列を検索して機能などを類推すると共に、構造予測などで手掛かりとなる情報を集めるというやり方がほとんどでした。このうち類似配列を検索する方法はアライメントによるホモロジーを使ったものがほぼ確立しています。ただこれは一般に2つの配列の長さの積に比例するものであり、データベース検索をこれで行うことは、単純には調べる配列の長さ×データベース中の全配列長もの計算量となり、配列データが急増している状況ではかなり重い仕事となっています。しかも、類似配列中から特徴部位を見つけるのに良く使われるマルチプルアライメントは方法自体も計算量の壁のため厳密解を求めることは一般にはできず、様々な便法が考えられています。後で詳しい話が出ると思いますが、 n 次元のアライメント問題は n 次元空間中での最適経路を求める問題であり、1種の組み合わせ最適化問題であり、低次元の場合はダイナミックプログラミング法により厳密に求められますが次元が高くなると組み合わせの爆発が起きてしまいます。我々はこのような組み合わせ最適化問題という観点から simulated annealing をマルチプルアライメントに応用することなども行いました。しかし、ご存じのようにSAで(確率的に)収束を保証するほど十分時間をかけることは現実問題としても難しく、アライメントだけに頼るのは困難になってきていると考えています。その1つの打開策として、先にも述べたようにまず知識として特徴を抽出しておき、それらを利用して未知配列を特徴付けられないかということの研究をしています。知識がある程度集積された状況ではそれを expert system として実現することもなされました。今特に私が興味をもっているのは、いかにして与えられた大量の配列情報の中から特徴を見つけ出すかということです。いまはマルチプルアライメントに頼らずに直接配列モチーフを探す方法について研究しています。これに関係することでは、直接我々の研究室の研究ではありませんが、このような特徴を表す配列モチーフの表現の適切さを計る尺度として MDL (minimum description length) を適用しようとしているグループもあります。これはつまり配列モチーフに情報を多く取り込めば取り込むほどより細かな分類に使えるわけですが逆にそのデータセットに特異的になってしまうわけで、その精度と情報量との兼ね合いをどう決めるかという問題です。また、配列モチーフを決定論的な文字列としてではなく確率的に表現するために、確率オートマトンや隠れマルコフモデルを使って表そうと研究しているグループもあります。これらの研究は情報科学の側から起こってきたもので、もともと音声認識や画像処理に応用するために研究されていたのですが、これらの情報と遺伝情報との類似性に興味をもっている人達もいます。また、配列の特徴抽出を学習の問題として捕え、機械学習の手法を適用している例もいくつかあります。例えばタンパク質の2次構造予測にニューラルネットを利用した Sejnowsky らの研究がありますし、我々の研究室でも遺伝子のプロモータ部位を見つけるのにニューラルネットを利用している人がいます。

以上で簡単に我々の分野の研究をご紹介しましたが、大分お話しぼくなってしまいました。そこで、具体的な研究の1つについて、やはり旧寺本研出身の内山君に書いてもらおうと思います。

タンパク質の機能推定の方法論—アライメントについて

京大化研 内山郁夫

金久研M2の内山と申します。学部ときは理論生物研でお世話になりました。今回このような機会をいただき、たいへんうれしく思っています。金久研での研究内容の紹介をして欲しいとのことですので、ここでは配列解析の基本的手法であるアライメントとその周辺の話をごさせていただけます。

一般に二つの配列（以降の話は一般に、タンパク質、DNAのどちらにも適用できますが、ここではタンパク質配列を扱うものとします）が与えられたとき、その間の類似度（ホモロジー）は、配列間で置換・欠失・挿入が最も少なくなるように並べて計算します。たとえばACEFGとADEGならば

ACEFG

ADE-G

のようにするわけです。これをアライメントと呼んでいます。

このようなアライメントは、ダイナミックプログラミング法（DP）というアルゴリズムを用いて行なわれます。この方法によると、配列1の*i*番目の残基を r_{1i} 、配列2の*j*番目の残基を r_{2j} とするとそこまでのホモロジースコア $S(i,j)$ は、つぎのような式で再帰的に定義されます。

$$S(i,j) = \min(S(i-1,j-1)+w(r_{1i},r_{2j}), S(i-1,j)+g, S(i,j-1)+g)$$

この式で、 $w(a,b)$ は残基*a*と*b*の間の距離を表わす値で、置換が起きていれば($a \neq b$)当然悪い値になります。また、 g はギャップペナルティーと呼ばれる値で、欠失や挿入が起きている場合のペナルティー値です。

このようにして計算されるホモロジースコアは、二つの蛋白質の進化的距離を表していると考えられますが、機能の類似性を判定するには、局所的にホモロジーの高い領域を捜すことによって行われるのが普通です。これは上述のアルゴリズムにちょっとした変更を加えることで実現されます。

新しく決定されたタンパク質のアミノ酸配列について、データベース中のすべての配列とこのようなホモロジースコアを計算することによって、そのタンパク質の機能を推定することができます。これをホモロジーサーチと呼んでいます。実際にはこれをDPでまともに行なうと非常に時間がかかるため、数残基まとめて処理するような高速アルゴリズムを用いますが、それでも1回の検索に数分はかかります。今後データベースの巨大化がどんどん進むと考えられますので、より効率的な方法の開発が望まれます。

一方で、機能の特徴づける配列パターン（モチーフ）を探す試みが近年盛んに行なわれています。転写調節因子のDNA結合領域にみられる有名なZnフィンガーやロイシンジッパーと呼ばれる構造をはじめとして、様々なモチーフが見つかってきています。このようなモチーフを手がかりにすると、新しい配列の機能をより直接的に推定することができます。

モチーフを探すには、共通の機能を持つタンパク質を多数集めてマルチプルアライメントを行い、よく保存された領域を探し出すという方法がよく用いられます。マルチプルアライメントは、ホモロジーの高いものから順にふたつずつアライメントをとって組み合わせていくといった方法がよく使われます（このあたりは分子進化をやっておられる方はよくご存じでしょう）が、シミュレーテッドアニーリングを用いて確率的に解く方法も金久先生らによって開発されています。

しかしながら、モチーフの抽出は最終的には生物学者の判断によって行なわれているというのが現状で、モチーフサーチがホモロジーサーチにとってかわる一般的な方法になるには、モチーフの抽出をもっと効率よく自動化する必要があります。

そこで、現在我々はマルチプルアライメントによるのではなく、短い配列断片から出発してモチーフを抽出するという試みを行なっています。まず短い配列断片のデータベース中での頻度を調べ、ある機能グループにユニークでかつ保存されているような断片を集めます。次にこれらの配列断片の実際の配列上での並びを調べ、そのアライメントをとることによって、各グループのコンセンサスパターンを決めます。これは、自然言語にたとえて言うならば、単語とそのつながり（文脈）から全体の意味を探ろうという立場に当たります。つまり、ここでのアライメントは文字単位ではなく、単語単位で行われることとなります。

現在、スーパーファミリーのレベルでこのような「モチーフ文脈」がすでに作成されており、機能推定への有効性を検証している段階です。

ゲノムプロジェクト関連のシンポジウムのご案内

重点研究「ゲノム解析に伴う大量知識情報処理の研究」では公開行事として毎年夏に京都でチュートリアルを、また毎年冬に東京でワークショップを定期的開催していく予定です。チュートリアルは新しい分野に参入する人への入門コース、ワークショップは研究成果の発表と研究交流の場と位置づけています。次回以降の予定はその都度以前の参加者への直接通知やコンピュータネットワークを使ってお知らせしていきますが、過去のワークショップの内容を掲載いたします。

第1回公開ワークショップ「知識処理技術とヒトゲノム計画」

平成2年12月3、4日 機械振興会館（東京都港区）

講演数50件（うち基調講演2件、招待講演4件、特別講演1件）

- | | | |
|------|--|---|
| 基調講演 | 学際的研究の新展開への期待
ヒトゲノム情報解析の展望 | 刈 一博（新世代コンピュータ技術開発機構）
金久 實（京都大学化学研究所） |
| 招待講演 | Addressing the Computational Needs of Genome Projects | Ross Overbeek (Argonne National Laboratory) |
| | 我が国におけるヒト遺伝子解析プロジェクトのあるべき姿
第五世代コンピュータを用いたゲノム情報処理研究と国際共同研究への展開 | 和田昭允（相模中央化学研究所）
内田俊一（新世代コンピュータ技術開発機構） |
| | ゲノムプロジェクトの現状と展望 | 榊 佳之（九州大学遺伝情報実験施設） |
| 特別講演 | Fast Data Finder: A Systolic Array Processor and Its Application in DNA Sequence Analysis and the Human Genome | Carlos Zamudio (Applied Biosystems Inc.) |

チュートリアル「遺伝子解析における情報処理の入門コース」

平成3年7月11、12日 平安会館（京都市）

- | | |
|-------------------|---------------|
| ゲノム解析の概要 | 木南 凌（新潟大学） |
| 抗体遺伝子の解明 | 清水 章（京都大学） |
| cDNAプロジェクトの概要 | 野島 博（大阪大学） |
| ゲノム解析における配列決定の実際 | 服部正平（東京大学） |
| ゲノム解析と計算機利用 | 藤山秋佐夫（遺伝学研究所） |
| ゲノム解析と情報処理の展望 | 久原 哲（九州大学） |
| 帰納・類推による機械学習 | 篠原 歩（九州大学） |
| アルゴリズム設計のパラダイム | 今井 浩（東京大学） |
| 並列推論マシンによるゲノム解析 | 新田克己（ICOT） |
| 演繹データ・ベースによる高度な検索 | 高木 利久（九州大学） |
| 学術研究とネットワーク | 平原正樹（東京大学） |

第2回公開ワークショップ「ヒトゲノム計画と情報解析技術」

平成3年12月9、10日 星稜会館（東京都千代田区）

講演数42件（うち招待講演4件）

- | | | |
|------|--|--|
| 招待講演 | The Marriage of Artificial Intelligence and Molecular Biology: More Progress through Mutual Love and Cooperation | Patrick Winston (Artificial Intelligence Laboratory, Massachusetts Institute of Technology) |
| | 人工知能研究の現場とその応用 | 大須賀節雄（東京大学先端科学技術研究センター） |
| | ヒトゲノム解析と情報科学 | 松原謙一（大阪大学細胞工学センター） |
| | Preparing for Serendipity: sharing Information in the New Biology | David J. Lipman (National Center for Biotechnology Information, National Library of Medicine, National Institutes of Health) |

MEセミナーについて

松田博嗣（九州大学名誉教授）

世上 ME といえば、Medical Electronics のことを指すらしい。しかし、ここでの ME はこれとは関わりなく、1973 年頃から九大数理生物学講座で始まり現在に及んでいるセミナーについてのことである。

セミナーを始めたとき、研究室の興味は Molecular Evolution に集中しており、ME がそれ以外を表わし得るなどとは考えもしなかった。当時宮田隆助教授は主として核酸の、郷通子助手は主としてタンパク質の分子進化の特徴を計算機によるデータ解析で帰納的に探り、石井一成助手と私は分子進化の集団遺伝学的要因を演繹的に追究した。院生を含めてほぼ毎週研究の成果をセミナーで語り合い、関連論文を紹介し合ったりした。

セミナーが始まってから 10 年を経た 1983 年は 1 つの転機の年であった。この年石井さんは名大に転出し、私は特定研究「生物の適応戦略と社会構造」の代表者となられた寺本英さんの要請により、その理論班の班長をその後 3 年にわたって引受けることになった。1985 年、巖佐庸さんを石井さんの後任助手に迎えて研究室の興味はミクロの分子よりマクロの個体にまで拡がり、ME セミナーは Mathematical Ecology を含むようになった。その分だけ分子集団遺伝学の研究が弱体化したかも知れないが、私はかねがね集団遺伝学も個体群生態学も動的疫学もレプリコン集団の統計物理学として包括的に取扱うことを目指しており、分子進化の機構論でも環境変動効果の重要性を主張してきたことでもあるので、Ecology も Environment も E で始まるのは ME セミナーとして好都合だと思った。

特定研究では私は特に利他行動の進化と有性生殖の意義に引かれた。愛と憎しみは人の倫理感の根底をなす感情であり、自由・平等・平和は皆人の望む所であっても、3 つの望みには何となく矛盾がありそうである。こうした問題に従来の倫理学はも一つ納得のいく答えを与えてくれない。中庸は東西の哲人が揃って説く大事な徳であるが、どの辺りが中庸かは量的問題であり、量的問題は数理科学の対象である。倫理まで数理で論ずることに抵抗を感じる向きもあろうが、すべて学問というものは人の行動を決めるための参考として大事であるが、あるべき行動が絶対的に演繹されるものではないとの立場を堅持する限り、Ethology は言うに及ばず、Ethics も数理科学としての ME の重要課題と考えても不遜ということにはならないであろう。

ME セミナーを始めたときは、生物物理学は日本でも学会ができて 10 年以上も立ち、確固とした地盤があったが、数理生物学は研究者も少くフワフワとしたものであった。生物数学ではなく数理生物学という以上、生物学者から十分評価されるような成果が必要と強く考えた。今では研究者層に厚味ができ、数理生物懇談会も発足したが、生物学者からの評価は果して如何であろうか。

確かに生態学、集団遺伝学などでは理論は一定の評価があり、古典とも呼ばれるようなすぐれた研究もある。けれども、物理学における理論物理学の重みと生物学における数理生物学の重みとを比較すれば如何であろうか。生物学と物理学とは対象の複雑さが違うから理論の重みは違って当然という考えもあろう。しかし、生命科学では複雑さの故に理論の発展が物質科学より後れているだけだという考え方もできる。私は統計物理学の出身者

として、理論物理学があるように数理生物学があり、統計物理学があるように集団生物学があることを夢とも理想とも考え、現実が理想から距っている故にこそ、また単なる模倣では成功しないと思う故にこそ、やり甲斐がある分野と考えてMEセミナーを始めた。

いよいよ今年に入って九大数理生物学講座はよい後継者をリーダーとして新たな発展に向う運びとなった。人事の交流を重視する私の期待に応じて、幾多のすぐれた研究者がやや離れた研究場所に移ったけれども、なお研究室では新進の佐々木顕助手が次第に指導力をも発揮し、佐賀医大の山村則男さんや筑紫女学園の飯塚勝さんなどは周辺に留まって研究室の活動を支えることになり頼もしく思われる。

ものすべて生々流転、MEセミナー自体が発展的に解消することもあり得ようが、「狭い分野に捉れずに心を開き、討論を通じて友達の輪を拓ける」ためのよすがとしてのセミナーの基本的姿勢だけは是非継承して頂きたいものである。私自身としてはMEセミナーが単なる meism に終ることなく、その夢が少しでも客観化されるように、なお微力を盡して行きたいと考えている。

(1992年1月6日記)

セミナーの記録

○九州大学理学部生物学教室数理生物学研究室 (ME セミナー)

1991年

- 4月16日(火) 松田 博嗣 (九大・理・生物・数理生物)
集団遺伝学の Parity Model
- 4月22日(火) 巖佐 庸 (九大・理・生物・数理生物)
ホメオボックスとショウジョウバエ分節化遺伝子群についての
理論的研究の紹介
- 4月30日(火) 宮野 悟 (九大・理・基礎情報)
並列アルゴリズムの複雑さ
- 5月 7日(火) 山村 則男 (佐賀医大・一般教育)
コンフリクトの解消
- 5月21日(火) 佐々木 顕 (九大・理・生物・数理生物)
メンデル分離の進化
- 6月 4日(火) 飯塚 勝 (筑紫女学園短大・一般教育)
Fixation Probability in Spatially Changing Environments
- 6月11日(火) 犬塚 裕樹 (九大・理・生物・数理生物)
HLA (Human Leukocyte Antigen) 遺伝子の進化機構
- 6月18日(火) 柳川 堯 (九大・理・統計数学)
がんのリスク評価: K-stage モデルとその応用
- 6月25日(火) 野坂 通子 (九大・理・生物・数理生物)
タンパク質の分子集合体から推定される
骨格筋サルコメアの収縮・弛緩のメカニズム
- 7月 9日(火) 山内 淳 (九大・理・生物・数理生物)
量的形質による種内托卵のモデル
- 11月 7日(木) 四方 哲也 (阪大・工・応用生物学)
配列空間の散歩 ~ランダム変異を使って~
- 12月10日(火) 巖佐 庸 (九大・理・生物・数理生物)
森林の樹種多様性の緯度勾配: Runkle 仮説のモデル化

連絡先: 〒812 福岡市東区箱崎 6-10-1

九州大学理学部生物学教室数理生物学研究室

広島大学応用解析セミナー

1991年度 (1991. 4-12)

- 4/23 西浦 廉政 氏 (広島大学 総合科学部)
Stability of Interfaces in Higher Dimensional Space
内容 : 2次元の activator-inhibitor, phase-field model
などの定常解の安定性について. . .
- 5/2 Alexis Bonnet氏 (Ecole Normal Supérieur)
Planar travelling waves for flames in
combustion with complex chemistry
- 5/7 佐々 真一 氏 (京都大学 理学部)
Defect Chaos in Convective Systems
- 5/14 吉田 清 氏 (広島大学 総合科学部)
半線型楕円型方程式の正值解について
内容 : Dirichlet 問題の場合の解の個数。
全領域の場合の解の $|x| \rightarrow \infty$ での漸近挙動、
及び解の形状。
- 5/21 永井 敏隆氏 (九州工業大学 工学部)
Blow up in a chemotactic model
内容 : 空間次元 2 次元以上の全領域における走化性モ
デル方程式の爆発解について
- 5/27 薩摩 順吉氏 (東京大 工)
高次元ソリトンについて
- 6/4 三村 昌泰氏 (広島大 理)
池田 勉 氏 (龍谷大 理工)
数理生態学に現れる界面ダイナミクスについて
内容 : 2 種競合種の空間棲み分けパターンのダイナミ
クスを界面方程式にして解析する。

6/11 浅野 潔氏 (京都大 教養)
Boltzmann 方程式の流体力学的極限

6/18 観音 幸雄氏 (愛媛大 教育)
競争 2 種の共存とその領域の依存性について
内容：十分細い領域または軸対称な領域上の 2 種競合
型反応拡散方程式系の安定定常解を super-sub
solution 法で構成する。

(この間、東広島の新キャンパスに移転。)

11/8 方 青氏 (広島大 理)
反応拡散方程式系に関する inertial manifold の理論と
その population dynamics への応用について

11/15 岡本 久氏 (京大 数理研)
水面波の分岐現象 特に表面張力波

11/22 中木 達幸氏 (福岡教育大)
多孔質媒質中の 2 流体問題の界面の挙動について

11/29 増川 純一氏 (花王 文理科学研究所)
ゲルの体積相転移にともなうパターン形成

12/13 中島 豊氏 (広島大学理学部)
Travelling Wave Solutions in a Model for Strain-Driven
Diffusion

12/20 高石 武史氏 (広島大学理学部)
Numerical Simulations of Coupled Pattern Generators

広島大学理学部数学教室
応用解析学研究室
連絡先：0824 (24) 7111 (小川知之：2691)

京都大学 理学部 理論生物物理学研究室 理論生物学セミナー

1990年

- 4月18日 谷内 茂雄 (京大・理・生物物理)
発生の進化と遺伝的アルゴリズム
- 4月25日 東 正彦 (龍谷大・理工)
Theoretical study on the ecology and evolution of the termite-symbionts system (I)
—なぜシロアリの全ての種にワーカー・カーストが存在しないのか?—
- 5月9日 川崎 廣吉 (同志社大学・理工研)
Escherichia coli の走化性によるパターン形成
- 5月16日 梅田 民樹 (京大・理・生物物理)
細胞性粘菌の細胞選別によるパターン形成
- 5月23日 吉岡 聡 (京大・理・生物物理)
理論発生生物学についての個人的意見
- 5月30日 武田 裕彦 (京大・理・生物物理)
VP2600、反応拡散系、発生
- 6月6日 高橋 智 (大阪市大・理)
セルオートマトンの次元スペクトルについて— 数学編
- 6月13日 四方 哲也 (大阪大・工・応用生物)
配列空間の散歩—ランダム変異を使って
- 6月20日 高須 夫悟 (京大・理・生物物理)
カッコウの育児寄生—宿主の卵識別能力の進化
- 6月27日 重定 南奈子 (京大・理・生物物理)
生物の侵入と空間的伝播—階層的拡散の効果
- 7月4日 川井 宏弥 (大阪大学 計算機センター)
テンポラルロジック、パラレルプログラムの研究について
- 10月3日 岩田 和朗 (奈良医大)
管腔周辺の生体組織内温度分布のシミュレーション
- 10月17日 中止
- 10月24日 山門 努 (京大・理・生物物理)
Human Facial Beauty 美人の基準
- 10月31日 渡部 昇 (京大・理・生物物理)
学習アルゴリズムと学習効率 (3変数 Bool 関数を例にとって)
- 11月7日 布目 英修 (京大・理・生物物理)
Genetic Algorithm の有効性と問題点
- 11月14日 武田 裕彦 (京大・理・生物物理)
ショウジョウバエの軸形成・分節化遺伝子群の働きに関する数理モデルによる諸研究
- 11月21日 斉藤 隆 (龍谷大・理工)
Foundations of Genetic Algorithms
- 11月28日 中島 久男 (立命大・理工・物理)
Sensitivity Analysis and Deletion Unstability
- 12月5日 木綿 一博 (京大・理・生物物理)
問題解決と述語論理
- 12月12日 東 正彦 (龍谷大・理工・電子情報)
山村 則男 (佐賀医大・数学)
What determines the animal group size: insider-outsider conflict and its resolution

Seta Seminar on Information and Biosystems

- 第19回 6/1 片桐 千明 (北大・理)
生体防御機構の系統発生
- 第20回 6/22 新貝 鉦蔵 (岩手大・工)
受容体-イオンチャネルと神経情報
- Special 7/12,13 岡田 清孝 (基礎生物学研究所)
植物の設計図を読む
梅田 民樹 (京大・理)
細胞性粘菌移動体のパターン結成の数値モデル
宝谷 紘一 (帝京大・理工)
柔らかい超分子のしなやかな動き
本多 久夫 (鐘紡ガン研究所)
細胞のかたまりが形をつくる
志村 令郎 (京大・理)
ショウジョウバエの性はどのように決められるか?
竹内 郁夫 (基礎生物学研究所)
粘菌における分化パターン形成
岡田 節人 (京大名誉教授)
"生命誌研究館"なるものについて語る
- 第21回 10/26 山崎 進 (岡山大学・工)
推論と通信の統合系に対する意味論
- 第22回 11/30 阿形 清和 (姫路工大・理)
生き物の再生のメカニズムを考える
- 第23回 12/14 小川 真 (関西総合環境センター・生物環境研究所)
菌根の生物学-植物と菌類の共進化について-

連絡先: 〒520-21
大津市瀬田大江町横谷1-5
龍谷大学理工学部電子情報学科
東正彦
Tel. 0775-43-7401 Fax. 0775-43-7428

自己紹介のページ

第5回

会員名	掲載ページ	会員名	掲載ページ
井上敬	29	馬渡峻輔	31
伊藤宏幸	30	森田利仁	32
北村新三	30	矢内浩文	32
酒井聡樹	31	谷内茂雄	33

井上敬

Department of Biochemistry, University of Oxford
Oxford OX1 3QU, U.K.

(京都大学理学部植物学教室)

細胞性粘菌の形態形成にかかわる様々な問題を主に実験的に調べています。特に今力を入れているのは、分化した細胞の比率調節の分子機構と、子実体形成における柄細胞分化の制御機構を明らかにすることで、どちらも核心にせまってきたらと思っています。前者は、今まで自分なりに細々と考えつづけてきた一般理論(?)とよく合致し、また後者は R-D モデルと対応しているようです。

(Forma, 5, 119-134, 1990)

このような実験と理論との対応は、物理科学でそうであったように、できるだけ単純な実験系を設定しなれば容易でなく、その意味で、非常に単純な系である細胞性粘菌の発生過程は、これからますます大きな意味を持つてくると思っています。

巖佐 庸先生の門を叩いて約半年、漸くドーキンスやクレブス等の数理生物学関連の入門書を読み始めたところですが、当初の予想を越えて大変面白い分野であることが判ってきました。学生時代は航空宇宙分野で衝撃波の研究、入社後は境界要素法（音響問題）を中心とした数値解析やAIの研究に従事してきました。逆問題ならびに最適化問題はたまたアクティブ消音（適応制御）と節操もなく取り組んだ後、知能制御分野に身を置くことになり、ここ1年は、はやりのファジィ／ニューロ／GA／AL(Artificial Life)を勉強？しています。実際のところ数理生物学に登場する多くの数式は、工学でも馴染みの深いものですが、結果の重みが随分違うような気がします。残念ながらメーカーでは製品の市場投入という作用に対する影響を極めて皮相的に捉えているのが実情です。現在、再構成（できれば成長）可能な自律分散型の適応システムをオブジェクト形式で記述しようと試行錯誤しています。どなたか良いアイデアをお持ちの方、宜しく御教授下さい。

北村 新三（きたむら しんぞう）

昭和15年5月31日生。神戸大学大学院修士課程修了。阪大工学部を経て、現在、神戸大学工学部計測工学科教授。

計測制御工学が専門とっておりますが、そのなかで分布定数系の安定性や同定問題、生体の病態モデル（白血病、糖尿病、肝炎）、漢方エキスパートシステム、レーザ遠隔計測データ処理、ロボット制御などいろいろやりすぎてまとまりのないところもあります。この数年、ニューラルネットの工学応用を手がけております。結局これが逆問題を解こうとしていることに遅蒔きながら気がつき、それならいままでやってきたことで手段を替えただけということですが、この方が精度は別にしても、どうも工学的である（理学的でない）という認識の現状です。自己組織化、自律分散の概念を工学に持ち込みたいということで、寺本 英先生にお教えを乞うことに成ったのがこの研究会へ参加する動機となりました。他の学会にも多く加入しておりますが、メインは計測自動制御学会とシステム制御情報学会です。よろしくお願い致します。

酒井 聡樹 (さかい さとき) 農林水産省草地試験場生態部草地生態研究室

京都大学理学部を卒業（今はなき植物生態研究施設に在籍）、ところを変えて東京大学理学系研究科に進みました（理学部附属植物園に在籍）。博士課程修了後オーバードクターを二年半経験させていただき、昨年の（1991年）10月より上記の所属になっています。

大学院時代は、カエデの仲間の枝の伸び方や樹形の違いを進化化学的視点から調べていました。木に登って枝の長さを計ったりと、純然たるフィールドワークをしていました。その後進化生態学に目覚め、なかでも理論的研究に興味を抱いています。きっかけは、カエデの研究の一環として、本多久夫先生の樹形のモデルを（無断で）拝借したことでしょう。その経験があったので、新しく草の体制の進化の研究を始めたときに、自分で数理モデルをつくってみようという気になったわけです。という訳で現在は、おもしろければ何でもいいという理念の元に、草の体制の進化・木や草における葉の展開時期の進化・一年草の最適成長スケジュール・虫媒花の繁殖戦略の進化などいろいろなことに手を出しています。数学に関しては素人なので、巖佐庸さんや高田壮則さん・松田裕之さん・原田泰志さんらの情けにおすがりして生きている次第です。この会に入ったのも、さらに広く情けにおすがりするためです。皆様、どうぞよろしくお願い申し上げます。

馬渡 峻輔 (まわたり しゅんすけ) 北海道大学理学部動物学教室

小学生の頃からの趣味であるアマチュア無線とアンプ作りを生かして工学部の電子工学または理学部の物理学科へ進みたいとの願望は、高校時代に自分が如何に数学ができないかを思い知らされて夢に終わりました。数学が不得意でも何とかなると生物学の分野に進んだのに、今になって自分の仕事を数理に結びつけることになろうとは、「昔から気になっていることは必ずいつかその人の人生についてまわることになる」との先人の言葉を信じるこの頃です。

自然の体系の中に美しい秩序を見いだすのが体系学 systematicsです。その美しさを数理という手法を使って表現したいと考えています。具体的には、コケムシというあまり一般に知られていない動物類を材料にして、それぞれの種の群体の形を数理的に解析し、彼らの形の差をもたらした進化について大法螺を吹いてみるつもりです。立命館大学理工学部の中島久男研究室と共同で研究を始めました。興味をお持ちの方はどうか仲間になって下さい。

平成3年の4月からここにつとめています。博物館のなかでは、形式上、化石を扱う古生物学の専門家として扱われています。ただし、あまり化石の名前がわからないので、最近では博物館の人たちに、形態形成と形態進化に興味をもつ変わった古生物屋であるということにしています。東北大の地質学教室で大学院生活を送り、その後早稲田大学で3年間だけ助手をした後、京都大学の地質教室（生物物理の隣）無休の研究生生活をしていましたが、一年で完ぺきにお金がなくなってしまい、ここに拾われてきました。現在は、骨格の形態形成に興味をもっています。特に、組織の力学的な変形プロセスが、骨格の形にどのように影響するのか考えています。また研究室では、カタツムリの背中に重りをつけたりして、いたずらしながら飼っています。殻の巻き方が変わればおもしろいなど思っています。。。

矢内 浩文 (*Hiro-F. Yanai*) 玉川大学工学部 情報通信工学科
『禍福は糾える縄の如し』

生き物の関わる事はすべて、良い悪いという評価それ自体が完全に相対的なもので、しかも主観的なものです。例えば、コミュニケーションも完全に相対的です。共通の題材についての会話をしているように見えるふたりの頭の中が覗けるとしたら、会話が続けている事自体がとても不思議に思えるでしょう。極端に言えば、ふたりは共通の事柄について話していると《錯覚》しているだけなのかも知れません。

生き物のこのような情報授受の不思議を少しでも納得しようと、これまで神経回路網モデルの「連想」の力学を題材にして、数理的な解析をしてきました。一般に神経回路網の研究には、生き物を取り巻く環境と相対的に成り立つ情報の流れについての議論が欠けていたように見えます—ただし芽生えは既に現れているようです。これからは、数理生態学の観点を含んでいるこのような見方で生き物を考えてゆきたいと思っています。

高校1年の時に大陸が移動することを知ったときの驚きが今ふりかえってみて自然科学の道に入るきっかけになったと思います。スタートした地球物理からは離れてしまいましたが、現在は動物の行動の進化を数理モデルを使って研究しています(もちろんいままでは地球物理はいい友達です)。モデルをあれこれ考える楽しさもさることながら、生物を構成する素材や時代、あるいは惑星に関わらず適用できる自然選択という考え方のふところの深さ、みごとに生物をそして世界をかたち作っていく力強さ、またそこから導かれる斬新な自然観・生物観などに魅力を感じています。

生命あるいは生物の惑星上での展開、進化の可能性はどんな広がりを選択肢を持っているのだろうか?ひるがえって”地球”という惑星上では、地表および海洋の生物群集はいかなる構成をもって展開しているのか?地球という惑星を特徴づける自然の兆候とは何か?地球の生物からわれわれが得る生命像はどこまで通用するものなのだろうか?知りたいことはたくさんあります。いささか熱に浮かれたSFっぽい文章となりましたが(実際かぜがなおりかけの頭がふらふらした状態でかいています)、私はSFも科学も(Horrorも)原点は”Sense of Wonder”でありまた”夢見る力・感じる力”であると思っています。これからも自分の感性を羅針盤に自然のWonderを掘り当てたいとおもっています。皆さんよろしく願いいたします。

3rd INTERNATIONAL CONFERENCE ON MATHEMATICAL
POPULATION DYNAMICS
1-5 JUNE 1992, UNIVERSITY OF PAU, FRANCE

The 3rd International Conference on Mathematical Population Dynamics will take place in Pau (France) from 1-5 June 1992. It is intended to be an interdisciplinary meeting of biologists and mathematicians concerned with populations of biomolecules, genes and cells, as well as other topics of mathematical population biology and epidemiology. The meeting will be of interest to applied mathematicians, probabilists and statisticians, ecologists, epidemiologists and biomedical scientists. Mathematical theories and analysis of models will be included, together with quantitative data from cell and molecular biology, epidemiology and cancer research. The Scientific Committee consists of: S. Busenberg, O. Dickmann, K. Hadeler, M. Iannelli, P. Tautu and G. Webb. A small selection of topics covered by the conference is: Structured populations (differential and integral equations, semigroups of operators, dynamical systems, mathematical epidemiology...), Stochastic models (branching processes, random walks, spatial processes, cellular automata, biostatistical methods...), Molecular Biology (genome instability, gene amplification, RNA splicing, oncogenes/antioncogenes, mutation, replication...), Cell Biology (cell cycle control, cell kinetics, cell differentiation, malignant transformation, senescence, metabolic control, adaptive systems...), Biomedicine (AIDS, long latency syndromes, cancer, stem cell dynamics, normal blood cell production and leukemia, pharmacokinetics...).

The conference fee is 400FF [approx. \$80 (US)]. Proceedings of reviewed and selected papers will be published.

Persons interested can contact:

O. Arino, I.P.R.A. Mathématiques, Université de Pau, 6400 Pau France

[e-mail(bitnet): Arino@FRUPPA51; tel: (33)59923058; telefax: (33)59841696].

編集後記

今回は東京支局と名前があるように、全国各支部に企画を任せて特色のある地域版を編集しまとめてもらうという形を取りました。

というわけで今回私は単にレイアウトをやっただけです。次回から編集後記も一言づつお願いしたいとおもいます。

現在支局長？は、高田壮則（北海道東海大学）、原田泰志（東京水産大）、谷内茂雄（京都大学）、小川知之（広島大学）、佐藤一憲（九州大学）の各氏です。どしどし情報をお寄せください。

次号は4月後半を予定しています。多分秋のシンポの案内が載ることでしょう。

連絡先： 〒606 京都市左京区北白川追分町
京都大学理学部生物物理学教室内
数理生物学懇談会事務局
重定南奈子
Tel. 075-75-4222

ニュースレター編集
〒520-21
大津市瀬田大江町横谷1-5
龍谷大学理工学部電子情報学科
小淵洋一、齊藤隆
Tel. 0775-43-7410 Fax. 0775-43-7428

目 次

寄稿

無題	塩見正衛	1
東京セミナー案内	東京支局	5
やくざ——「純粋」と「応用」の狭間で	瀬野裕美	11
数理科学者むけの発生生物学入門文献	本多久夫	13
研究室紹介—京都大学化学研究所生理機能設計研究部門	萩原淳	18
タンパク質の機能推定の方法論—アライメントについて	内山郁夫	20
MEセミナーについて	松田博嗣	22

研究会・会議案内

生物の形態・パターン形成と進化の問題	17
ゲノムプロジェクト関連のシンポジウムの案内	21
3rd International Conference on Mathematical Population Dynamics	33

セミナーの記録

MEセミナー	九州大学理学部	24
応用解析セミナー	広島大学理学部	25
理論生物学セミナー	京都大学理学部	27
Seta Seminar on Information and Biosystems	龍谷大学理工学部	28

自己紹介のページ

井上敬+伊藤宏幸+北村新三+酒井聡樹+馬渡峻輔+森田利仁+矢内浩文+谷内茂雄	29
--	----

会員のデータ(新入会員)

34

編集後記

数理生物学懇談会ニュースレター第6号
1992年1月20日発行
数理生物学懇談会事務局
印刷・製本 (株)うめだ印刷