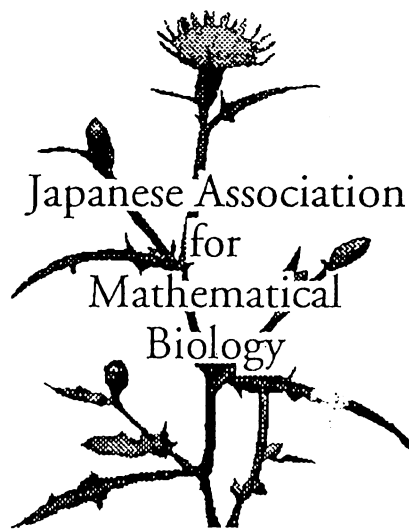


数理生物学懇談会  
ニュースレター

第8号  
1992年9月15日



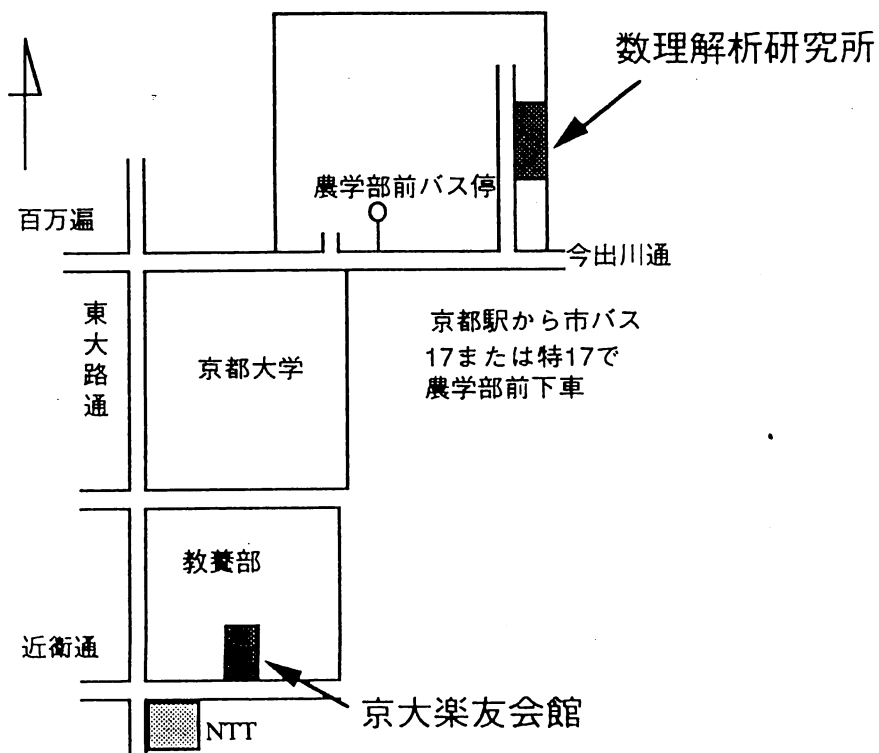
第3回数理解析生物学シンポジウムとして研究集会”Mathematical Topics in Biology”が京都大学数理解析研究所において行なわれます。講演のプログラムが下記のように決まりましたので御案内いたします。

### 1992年 数理解析生物学シンポジウム 日程予定

場所 京都大学数理解析研究所

日時 1992年 10月12日(月)～14日(水)

|             |                                |
|-------------|--------------------------------|
| 10/12(月) 午後 | 13:30 - 15:10<br>15:30 - 17:00 |
| 10/13(火) 午前 | 9:30 - 10:50<br>11:10 - 12:30  |
| 午後          | 13:30 - 14:50<br>15:10 - 17:00 |
|             | 17:30 - 懇親会(楽友会館)              |
| 10/14(水) 午前 | 9:10 - 10:10<br>10:30 - 12:00  |
| 午後          | 13:00 - 14:20<br>14:40 - 16:10 |



—第3回数理生物学シンポジウム—  
**Mathematical Topics in Biology**

10月12日（月）

13：30-13：40 あいさつ

13：40-14：10 喜多一（京大・工）

「聴神経の時系列発火に基づく音調性認識のニューラルネット  
モデル」

14：10-14：40 山内淳（九大・理）

「種内托卵から種間托卵へ」

14：40-15：10 谷内茂雄（京大・理）

「ストーカー型捕食者はいつ獲物に攻撃をしかけるべきか？」

—休憩（20分）—

15：30-16：00 団まりな（大阪市大・理）

「生殖法の階層構造」

16：00-16：30 武田裕彦（京大・理）

「Development of developmental system analysis」

16：30-17：00 松田博嗣（九大・理）・石井一成（名大・教養）

「集団生物学の諸概念」

10月13日（火）

9：30-10：20 石井一成（名大・教養）

「集団生物学の変分原理」

10：20-10：50 佐藤忠（横浜国大・工）

「確率過程による水槽内金魚の遊泳行動の研究」

—休憩（20分）—

11：10-11：40 丹羽洋智（農林水産省・水産工学研）

「魚の群れ形成の力学」

11：40-12：30 Sze-Bi Hsu ( Tsing Hua Univ.)

「Models in Microbial Ecology and Related Problems  
in Ordinary and Partial Differential Equations」

—昼休み（60分）—

13：30-14：20 吉澤修治（東大・工）

「連想記憶の記憶容量」

14：20-14：50 大西耕二（新潟大・理）

「多次元格子空間における2分岐酔歩過程の再構築」

－休憩（20分）－

- 15：10－16：00 池田勉（龍谷大・理工）  
「Interfacial approaches to pattern formation problems」
- 16：00－16：30 江副日出夫・巖佐庸（九大・理・生物）  
「走化性－ランダムウォークによる集合モデル」
- 16：30－17：00 梅田民樹（神戸商船大）・井上敬（京大・理）  
「細胞性粘菌移動体の移動のモデル」

17：30－ 懇親会

10月14日（水）

- 9：10－9：40 V.S.Manoranjan ( Washington State Univ.)  
「Competition Models in Tumour Growth」
- 9：40－10：10 関村利朗（中部大学女子短大）  
「植物（草本）の螺旋葉序形成モデル」

－休憩（20分）－

- 10：30－11：00 巖佐庸・久保拓弥・佐藤一憲（九大・理）  
「熱帯多雨林で樹木の種の多様性が高いのはなぜか？」
- 11：00－11：30 瀬野裕美（広島大・理）  
「先史ヨーロッパにおける農耕文化圏拡大に関する数理モデル考察」
- 11：30－12：00 大藪卓（京大・理）  
「一つのスキーム－－－分子動力学から」

－昼休み（60分）－

- 13：00－13：50 J.D.Murray ( Univ.Washington )  
「（未定）」
- 13：50－14：20 宇野達也・平田廣則（千葉大・工）  
「生態システムの情報理論的指標について  
－遷移のシミュレーションをとおして－」

－休憩（20分）－

- 14：40－15：10 岸本一男（筑波大・社会工学系）  
「エッジ効果の競合拡散方程式による説明の試み」
- 15：10－15：40 陸征一・竹内康博（静岡大・工）  
「Qualitative stability and global stability for Lotka-Volterra systems」
- 15：40－16：10 重定南奈子（京大・理）・川崎廣吉（同志社大・理工研）  
武田裕彦（京大・理）  
「Modeling Stratified Diffusion in Biological Invasions」

## 聴神経の時系列発火に基づく音調性認識の ニューラルネットモデル

喜多 一 (京都大学 工学部)

人間の聴覚において、音の周波数に関係する感覚には二面性がある。すなわち、周波数の上昇とともに単調に変化する「かん高さ」とも呼ぶべき感覚と、1オクターブの周期性を持つ「音調性」である。これらのうち後者については、その音楽などにおける重要性から多くの音響心理学的研究があるが、その感覚のメカニズムを示唆する聴覚系の生理学的な知見は乏しい。

耳に入ってくる音は内耳において、周波数分析が行なわれる。内耳の基底膜状に配列する有毛細胞は機械振動を電気信号に変換し、聴神経を発火させる。内耳における周波数分析により、特定の聴神経は音の特定の周波数成分に応答する。また、聴神経の発火は基底膜の機械振動に位相同期して発火することも知られている。

音調性の認識メカニズムとしては、これまで内耳における周波数分析と耳にする音が通常、倍音成分をもつことから、脳内にオクターブテンプレートが形成されているとする説が提案されている。これに対し大串は

- 心理実験により計測される主観的な1オクターブは物理的な1オクターブ（周波数比 2:1）よりもわずかに大きいこと。
- かん高さの感覚に比べ、音調性の感覚が消失する周波数がかなり低い（5kHz 前後）こと。

を指摘し、また聴神経が基底膜の振動に同期して発火する限界周波数が音調性を感じる限界周波数とよく似ていることから聴神経の時系列発火が音調性の知覚に重要な役割を演じていると主張した [1]。

本報告では、大串の説に基づき、聴神経の時系列発火から音調性を認識するニューラルネットモデルを提案する。本モデルは次の4つの部分から構成される。

1. 内耳の有毛細胞に相当する半波整流器
2. 時系列信号を空間パターンに展開する減衰のある遅延線路
3. 特定の位相における信号のみを選択するサンブラ
4. 音調性を反映する地図を形成する Kohonen の自己組織化特徴マップ (SOFM)

前の3つの部分が信号の固定的な前処理を行ない、SOFMに提示されるパターンは1) 半波整流に由来する1オクターブ離れた信号間での類似性と、2) 遅延線路での減衰に由来する近接した周波数間での信号の類似性の二面性のある位相構造をもつ。SOFMはこのような入力信号の位相構造を反映した特徴地図を学習により適応的に形成する。種々の周波数の信号を入力としてニューラルネットの学習を行った結果、SOFMには1オクターブの周期性をもつ螺旋状のトノトピック構造が形成され、音調性の認識機構が学習により適応的に形成されることが示された。

### 参考文献

- [1] K. Ohgushi, "The Origin of Tonality and a Possible Explanation of the Octave Enlargement Phenomenon," *J. Acoust. Soc. Am.*, Vol. 73, pp. 1694-1700 (1983).

種内托卵から種間托卵へ

山内 淳 (九大・理・生物)

鳥類では、他個体の巣に卵を産みつけて養育を任せてしまう托卵行動が多く観察される。托卵には、他種の巣に卵を産み付ける「種間托卵」と、同種の巣に卵を預ける「種内托卵」の2タイプがある。前者の種間托卵は、カッコウなどでよく知られている。後者の種内托卵は水鳥で古くから知られていたが、近年ツバメなどの燕雀類でも頻繁に報告がなされるようになってきた。鳥類の種間托卵は種内托卵から進化してきたといわれているが、その進化条件や進化機構は明らかになっていない。本研究では量的遺伝モデルを用いて、種内托卵を行っている鳥が種間托卵へと移行する条件を数理的に解析した。

前回(第2回数理解生物学シンポジウム)の発表では、種内托卵の進化について量的遺伝モデルを用いた解析を行った。そのモデルでは托卵率  $p$ ・卵認識率  $r$ ・産卵数  $E$  の3形質に注目して各形質値の変化を調べたが、今回の研究では前回のモデルを発展させ、総托卵率  $p$ ・卵認識率  $r$ ・産卵数  $E$ 、さらに種間托卵率  $u$  を考えて4形質の進化を解析した。注目している鳥は  $E$  の卵を生むが、そのうち  $(1-p)E$  を自分の巣に残し、 $pE$  を他個体の巣に産みつける。さらに他巣に産み付ける  $pE$  のうち、 $(1-u)pE$  は同種の巣に、 $upE$  は他種の巣に産み落とすが、同種の巣への托卵は仮親からの認識によって  $r$  の割合で排除される。各巣では卵数が増加すると雛同士の競争によって死亡率が上昇し、さらに托卵行動そのものにもコストがかかると仮定する。

以上の仮定のもとで、托卵率の変化を解析し平衡状態を調べた。その結果、以下のことが明らかになった。(1)種内托卵も種間托卵も、同種の巣内での雛の競争の強さが種内托卵のコストより大きい場合に進化する。(2)種間托卵は種間托卵のコストが比較的小さい場合に進化する。(3)他種の巣での密度効果の強さが種間托卵のコストより大きい場合、種間托卵と種内托卵の両方が行われる。(4)逆に密度効果の強さの方が小さい場合には種間托卵のみが進化する。(5)種間托卵のみが進化する場合、卵はすべて托卵にまわされ自分の巣には卵を産まない。その結果、その種では巣を作らなくなるであろう。

## ストーカー型捕食者はいつ獲物に攻撃をしかけるべきか？

谷内 茂雄 ( Yachi Shigeo ) 京大・理・生物物理

アフリカのサバンナに住む大型の捕食者は狩猟パターンによって大きくStalker (ストーカー) 型とCourser (カーサー) 型の2つに分けることができる。前者はライオン、ヒョウ、チーターなどであり、至近距離に忍び寄ってから (=ストッキング) 瞬発力にものをいわせてダッシュし (=アタック) 獲物を狩る短距離型の捕食者である。後者はリカオンやハイエナなどの主に集団で獲物を追跡する持久力に優れた長距離型の捕食者である。ストーカー型は主にネコ科の捕食者に見られる狩猟パターンであり、森林での狩りに適応した捕獲形態であるといわれる。

ストーカーの狩りは基本的には「ストッキング」→「アタック」であるが、種によって、また同種内でも個体や狩りの状況によってストッキングに様々な程度の差が見られる。たとえばチーターでは身を隠せる背丈の高い草のない平原ではストッキングを行わず大胆に獲物に近づきいきなり攻撃をしかけることがわかっている。ところでチーターの狩りの成功率は攻撃をしかけたときの獲物との距離が小さいときに、またその攻撃が不意打ちであったときに高い (Eaton 1970)。ストーカーは狩りの成功率を高めるようにうまくストッキングの程度や攻撃距離を変えていると考えてよいだろうか？ 本講演では、狩りの成功率が (1) 獲物に近づくこと (近距離のメリット)、(2) 獲物に気づかれないこと (先手のメリット) のトレード・オフ関係にある2つの要因で決まると仮定したときに求めたストーカーの最適攻撃パターンについて報告する。

ストーカーの選択できる行動を「獲物への接近 (ストッキング)」と「獲物への攻撃 (アタック)」の2通りとし、基本的問題を (1) ストーカーはいつ接近から攻撃へと行動を切り替えるべきか？ (2) 先手のメリットが大きい場合とそうでない場合の攻撃パターンはどこが違うか？ の2つとする。この状況は獲物がいつストーカーに気づくかわからない不確実性の下で、ストーカーが獲物との距離を縮めていく各ステップで次に獲物への接近を続けるべきか、それとも攻撃をしかけるべきかの2種類の行動の選択をおこなう多段階意志決定問題として定式化できる。その際、期待捕獲率を目的関数に取り行動の選択を制御変数とした。

動的計画法を用いてシミュレーションにより解析した結果は次の通りである。

(1) 先手のメリットが存在しない場合のストーカーの最適な攻撃への切り替え距離はゼロ、つまり自分からは攻撃をしかけずに接近を続け、獲物が逃走したら攻撃に移る。

(2) 先手有利のときには、ゼロでない最適な攻撃距離が存在するがそれは先手のメリットの大きさに依存し、先手のメリットが増大すればストーカーはより獲物に距離をおいた段階で攻撃をしかけると予想される。この結果から、(1) ストーカーが獲物の種類に応じて攻撃距離を変える、(2) 同じストーカーと獲物の組み合わせでも狩りを行なう状況によって異なる攻撃パターンを示す、(3) ストーカーが経験によって攻撃距離を変える、などの場合の具体的予想が導かれる。

## 生殖法の階層構造

田 まりな (大阪市大・理・生物)

生物界にみられる最も簡単な生殖法は、無糸分裂である。原核細胞の行うこの分裂様式は、{(生体膜によるDNAの管理) + (DNAの複製)}と解釈することができる。この方法は、1本の2重鎖DNAを正しく2つの娘細胞に分配する。真核細胞の細胞小器官(ミトコンドリアと葉緑体)もこの方法で分裂する。

真核細胞(ハプロイドとディプロイド)は有糸分裂により分裂する。この分裂様式は、{(lamina proteinによる核膜へのDNAの固定) + (DNAの複製) + (分裂装置)}と考えることが出来る。この方法により複数本のDNAを2つの娘細胞に均等に配分することが可能になった。

減数分裂はディプロイド細胞からハプロイド細胞を生み出す分裂様式である。この様式は{(減数分裂前DNA合成) + (対合) + (有糸分裂)}という構造を持つ。減数分裂は、実は、有性生殖の1成分である。有性生殖は、{(接合) + (減数分裂)}という2つの成分からなる生殖法である。この方法の獲得により、生物は種としてのidentityを保ったまま、自らの体構造の階層的位を、ハプロイド状態とディプロイド状態の間で行き来させることが出来るようになった。

体構造の階層的位をスライドさせる生物のこの能力は、さらに発展して多細胞レベルに及び、個体発生の過程を可能にした。個体発生とは、{(有性生殖) + (上皮形成) + (間充織体腔形成) + (上皮性体腔形成) + ...}などの段階を踏む多細胞動物の生殖法に他ならない。

以上に挙げた4つの生殖法は、それら自身で階層構造を成している。つまり、この4つの生殖法の関係は、自然界における物質の階層構造の一般則を満たしている。このことは、この一般則を測る2つの基準をこれらの生殖法に当てはめてみれば判る。この2つの基準とは、①より上位のものは下位のものをその内に含む、および、②より上位のものは下位のものに見られなかった新しい、より高度な機能をもつ、というものである。

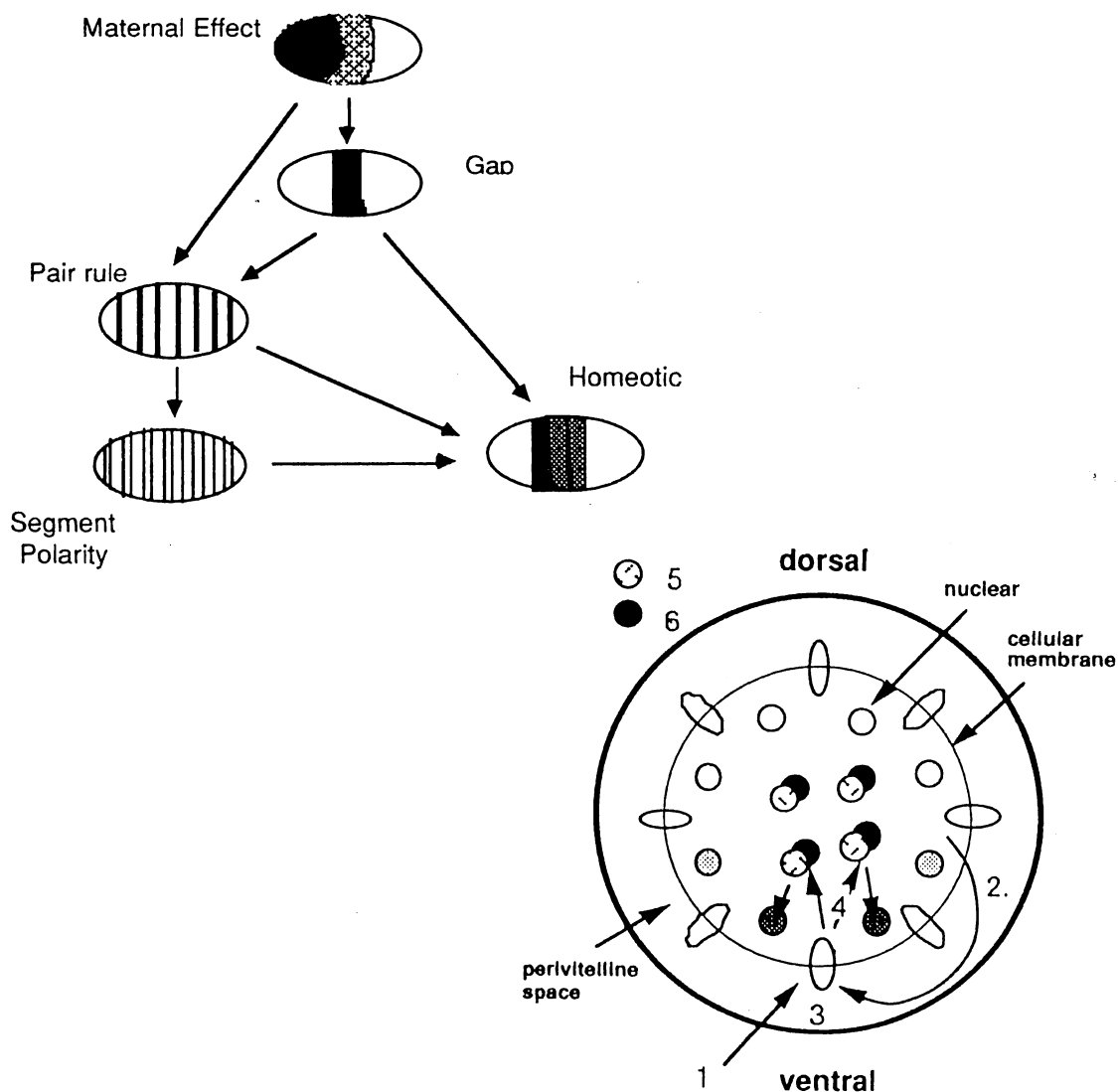
自然界の物質の複雑化をもたらす階層的構築法は、ただ物質の構造面だけでなく、機能面でも働いているのである。



## Development of developmental system analysis

Takeda Yasuhiko (Kyoto Univ.)

Accumulation of biological data is expected with progress in biological science. To understand a phenomenon in developmental biology, it is essential to grasp not only the function of each factor but also the behavior of the whole system. Therefore new methods are needed to investigate the interaction between each factor and predict unknown parts of it. I developed such a method and applied it to early embryogenesis of fruit fly, *Drosophila Meranogaster*. The I/O relation of system interested are embedded in three-layered neural network by back propagation with forgetting. The learned network clearly shows the effect of each input on the system output. On the other hand, from the I/O relation, orderness diagram that show causes and effects of the system inputs is constructed using the concept of orderness. By investigating above results, the qualitative aspects of the system are elucidated only from experimental data of I/O relation.



10月12日 16:30-17:00

### 集団生物学の諸概念

松田博嗣（九大理）、石井一成（名大教養）

筆者らは、分子進化学や進化生態学の発展が集団遺伝学や個体群生態学の概念構成に再考を促しつつあると考え、種々の新しい試みを行ってきた。 Dawkins は名著 'Selfish Gene' において、複製者 (Replicator) の概念によって遺伝子レベルに視点を置く生命現象の解釈をしたが、筆者らは複製子 (Replicon) を生物集団の構成要素の汎称として、集団生物学を統計物理学的に統一再構築しようとした。

(1) 分子進化の要因を巡る論争に鑑み、従来モデルごとに定数として与えられる適応度、選択係数、突然変異率や、定数として導かれる進化速度や遺伝的荷重などを力学的変数ないしは統計量として定義し、従来の定義はその期待値に当たるとした。 これにより環境持続時間を新たなパラメタとして含む集団遺伝学のモデルが導入され、多型や進化速度に対する知見が得られた。また、量的形質の進化に関連する変分定理が得られ、それより突然変異荷重の Haldane-Muller 則が環境変動を含む場合に拡張され、突然変異率の最適値や進化的安定 (ESS) 値に対する知見が得られた。

(2) 利他的行動進化の要因を巡る論争に鑑み、従来の静的な ESS 理論では侵入変異型が野生型と異なる環境を自己組織する可能性が無視されていること、それを追究するには動的理論が必要であることに注目した。動的理論として標準的な従来の Lotka-Volterra (LV) 模型は、種を要素とし、種個体数 (または密度) を変数とする力学系であるので、1) 個体群動態が個体の生存力、繁殖力、移動力、社会性などにどう依存するかを直接与えない。2) 相互作用の到達距離は実効的には十分大きいとして空間構造が無視され、3) 侵入や絶滅時に重要な random drift も無視されている。格子 Lotka-Volterra 模型は、格子点を占める replicon 数を高々 1 個とし全格子点の同時的状态を根元事象とする連続時間 Markov 過程であって、LV 模型に対応して推移確率を与えれば、上記難点を含まず、動的理論として普遍的有用性をもつ。系の時間発展を規定する力学変数 Malthusians の概念が導入され、それによって種の定常的共存条件とその ESS 条件が与えられた。それを解くための切断近似法の有効性が調べられ、それを用いて利他的行動の進化条件や、病原体が宿主集団を絶滅させる可能性が論じられた。本講演では上記諸概念とその成果を略述する予定である。

## 集団生物学の変分原理

石井 一成 (名古屋大学・教養部)

変分原理では、観察された現象を、他にも多く可能と考えられるものの中から、評価値が極値をとるものとして選びだす。物理学では、例えば、力学のLagrange方程式がHamiltonの原理から導き出されるように、すべての基本法則は変分原理によって基礎づけられている。

進化生物学では、すべての観察事実を『適応』の視点から考察し理解しようとする。例えば、遺伝的荷重の概念、最適理論や進化的安定戦略(ESS)理論に典型的に見られる通りである。我々は、こうした問題を『生物集団の平均適応度に関する変分問題』として統一的にとらえ、その一般的理論を展開することが重要であると考えている。これまでに、以下の結果が得られた。

I. 突然変異荷重に関する一般化されたHaldane-Muller則: 各遺伝子に対し、そのステップ数 $n$ 、すなわち、その初期時刻での祖先に至る系統線上で起こった突然変異の総回数 $n$ を付与すると、集団の進化速度 $v$ は、集団の平均ステップ数 $\bar{n}$ の増大率として、 $v \equiv d\bar{n}/dt$ によって与えられる。時刻 $t$ の集団中で遺伝的状態が $i$ 、ステップ数が $n$ である遺伝子の頻度 $x_{i,n}(t)$ の時間変化が

$$dx_{i,n}(t)/dt = \{m_i(t) - \bar{m}(t) - \mu\} x_{i,n}(t) + \mu \sum_{j \neq i} f_{i,j} x_{j,n-1}(t) \quad (n = 0, 1, 2, \dots)$$

で与えられるモデルを考える。ここで、 $m_i(t)$ は状態 $i$ にある遺伝子の時刻 $t$ におけるマルサス径数、 $\bar{m}(t)$ は時刻 $t$ における集団の平均マルサス径数であり、 $\mu f_{i,j}$  ( $i \neq j$ )は状態 $j$ から $i$ への突然変異率、 $\mu$ は総突然変異率である。マルサス径数 $m_i(t)$ が突然変異率 $\mu$ に依存しないならば、

$$\partial \bar{m}(t) / \partial \mu = v(t) / \mu - 1.$$

II. 線型応答定理: 時刻 $t$ の集団中で状態 $i$ の遺伝子の頻度 $x_i(t)$ の時間変化が

$$dx_i(t)/dt = \sum_j m_{ij}(t) x_j(t) - \bar{m}(t) x_i(t)$$

で与えられるモデルを考える。ここで、 $m_{ij}(t)\Delta t$ は微小時間 $\Delta t$ の間に状態 $j$ の遺伝子から生まれる状態 $i$ の子遺伝子の平均個数である( $i=j$ のときには状態 $j$ の親遺伝子の平均死亡個数を引いておく)。広義のマルサス径数 $m_{ij}(t)$ に変分 $\{\delta m_{ij}(t) \ (0 \leq t \leq T)\}$ を与えると、集団の平均マルサス径数 $\bar{m}(t) \equiv \sum_i \sum_j m_{ij}(t) x_j(t)$ の線型応答は

$$\delta \int_0^T \bar{m}(t) dt = \int_0^T \sum_i p_i(T, t) \left\{ \delta m_{ii}(t) + \sum_{j \neq i} v_{ij}(t) \delta \log m_{ij}(t) \right\} dt$$

である。ここで、 $p_i(T, t)$ は、時刻 $T$ の集団中の遺伝子の祖先が時刻 $t$ に状態 $i$ にある事後確率であり、 $v_{ij}(t) \equiv m_{ij}(t) x_j(t) / x_i(t)$ である。 $v_{ij}(t)\Delta t$  ( $i \neq j$ )は、時刻 $t$ に状態 $i$ にある遺伝子の祖先が時刻 $t - \Delta t$ に状態 $j$ にある事後確率である。

報告では、I, IIの分子進化などへの応用とともに、それらの適用限界に関して、有限集団サイズ、頻度依存淘汰、組み換え、などの効果についても触れたい。

# 確率過程による水槽内金魚の遊泳行動の研究

佐藤 忠 (横浜国大)

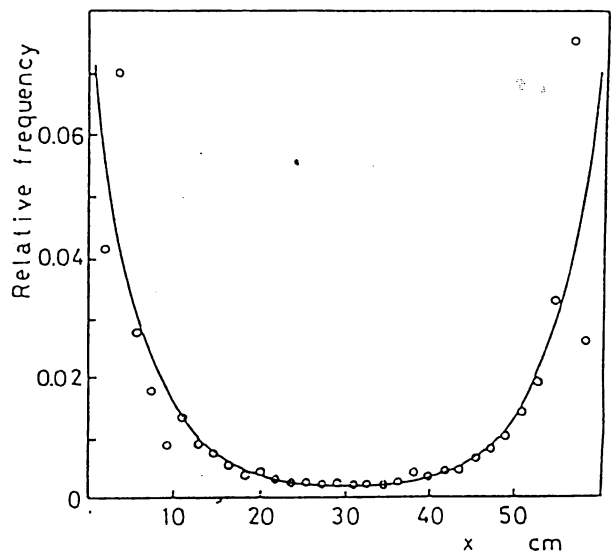
水温に対する魚の遊泳行動を研究する目的で水槽内キンギョの観測装置を開発した。観察結果によると、遊泳行動には日周リズムが見られその日周リズムが季節変化すること等が明らかになり、またキンギョの位置分布が水槽壁から指数的に減少することを得た。今回はこのキンギョの位置分布を遊泳行動を確率過程とみなし解析したので報告する。

実験装置は市販の60cm×30cmガラス水槽において水深を10cmとし、60cm方向に32個のcdsを取り付け水槽正面より平行光線を当て cds上に出来るキンギョの影により長軸方向の一次元の位置を決定し、同時に位置の変化から速度を求めた。実験に使用したキンギョは体長約7cmの和金一尾でその位置の分布を図示した。動物がある場所に多く存在する原因として移動速度がその付近で遅くなることが考えられる。水槽内では壁に向かって泳いできたキンギョが衝突を避けるため壁付近においてブレーキをかけ速度が遅くなることが考えられる。これを確かめるために壁より14cm以内での、壁に向かう場合とその逆方向の場合の速度を測定したが両者はほぼ同じ速度分布を示しさらにそれは水槽全体における速度分布と同じであった。そのため水槽内の速度は一定であるが壁に向かう方向転換を多く行ないその結果壁に戻るといふ遊泳行動を想定した。動物の行動に固体に触れる傾向が見られる場合、走触性といい沿岸性、低走性の多くの魚類にそれが見られる。キンギョは低走性魚類に属しその走触性が図に示した指数分布になったと考えられる。

遊泳中の魚類の観測より走触性の発現にも視覚刺激が重要であることが明らかにされているので水槽内のキンギョの走触性を以下の簡単なマルコフ過程によりモデル化した。壁に向かう方向および離れる方向に2本の半直線  $S_1, S_2$  を置き  $S_1 + S_2$  上の点の移動で、 $S_1$  上から出発したものは速度  $c$  で右に進みパラメター  $\gamma_1$  の指数型滞在時間の後、 $S_2$  上の同じ座標に移って  $c$  で左に進み  $\gamma_2$  の指数型滞在時間の後  $S_1$  上に移る飛躍型マルコフ過程を考えた。この生成作用素は次の  $A$  により表される。この過程において原点に反射壁

$$A = \begin{bmatrix} c \frac{d}{dx} - \gamma_1 & \gamma_1 \\ \gamma_2 & -c \frac{d}{dx} - \gamma_2 \end{bmatrix}$$

を考え水槽壁に生じた指数分布を説明した。上記の実験装置においてさらに水槽の長軸に平行に光を入射させ行動を観察したが、それによるとキンギョは光に対して正の走光性を示すことが明らかになったが、走光性の解析には上の行動モデルが使用でき、壁付近では走触性と走光性が独立に作用していることで光が入射している時の壁での指数分布が解析できた。さらにこのモデルは大沢他が行なったゾウリムシの走熱性の研究にも十分有力な解析手段であることが明らかとなった。



Position distribution of a goldfish in the aquarium.

10月13日 11:10-11:40

## 魚の群れ形成の力学

丹羽洋智（農林水産省水産工学研究所）

リーダーのいない魚の群れが1個の生物のようにすべるように整然と行動することは、水族館でも目にできる現象である。群れはまっすぐ進み、突然、遊泳方向を変え、1個体の落ちこぼれもない。突然、捕食者が現れたとき、魚の群れは急激に膨張し、ほんの数分の1秒で群れは崩れてしまう。小さなグループに分かれた群れは、捕食者をやり過ごした後で、再び大きな群れを形成する。

魚の集合体“shoal”において、指向性のある群れの形態“school”が如何に形成されるか、そのダイナミクスをニュートン力学的な観点から考察する。ここでは自己推進する個体を考え、個体間に引力および整列の相互作用を仮定する。力学的な運動方程式を用いた魚の群れの研究は、自律分散システムの制御についての興味からもなされているが、そのほとんどはコンピューターシミュレーションによって進められている。本講演では、魚の群れ形成のモデルの数理的な解析について報告する。

一般に、魚の群れの運動方程式の自由度は大きいいため、各個体の運動の解析的な追跡は不可能である。しかし、集団の個体数が十分大きいならば、系の統計的な性質を利用することによって、魚の群れの重心の運動を記述する方程式は非常に単純な形に書き下すことができる。魚の群れの重心の運動方程式と、集団の統計的な性質の解析を行い、集団内における初期ゆらぎの大きさや個体間の相互作用の強さなど、schooling が形成されるための条件、および schooling 形成と群れ構成個体数との関係などを議論し、魚の群れ形成のメカニズムを明らかにしたい。

魚の群れ形成の力学モデルによると、魚の shoal における school という形態の出現に対して、群れの移動速度の大きさが秩序変数となり、統計物理学における相転移のアナロジーが成り立つ。魚の群れの schooling の形成は、集団中の秩序の自己組織化と見ることが出来る。ゆらぎによって局所的に秩序ができて、これが群れ全体に広がることによって schooling が形成されることがわかる。これは、実験によって観察されている事実を良く説明し、群れ内における秩序の時間発展の理論値は実験データと一致する。

魚群内の各位置での個体の遊泳速度の非一様性を考えるとき、魚の群れの運動方程式は、時間に依存するギンツブルグ-ランダウ (TDGL) の方程式と同じ形に表すことができる。魚の群れの schooling の構造を記述する TDGL 方程式を用いると、たとえば、魚の群れ内の各個体の振る舞いのシンクロナイズの様子は、個体間の遊泳速度の相関関数によって解析することができる。

10月13日 11:40-12:30

**Models in Microbial Ecology and Related Problems  
in Ordinary and Partial Differential Equations**

Sze-Bi Hsu ( Tsing Hua Univ.)

10月13日 13:30-14:20

## 連想記憶の記憶容量

吉澤 修治 (東大・工)

10月13日 14:20-14:50

## 多次元格子空間における2分岐酔歩 過程の再構築

Reconstruction of bi-forked branching process of random walk in  
multi-dimensional lattice place

大西耕二 (新潟大学 理学部 生物学教室)

Koji OHNISHI (Dep. of Biology, Fac. of Science, Niigata Univ.)

多次元実 Euclid 形質空間  $R^n$  における標本点の分布が、直交座標軸方向を独立な格子軸とする多次元格子空間における酔歩 (random walk) (または Brown運動)の結果によると解釈できる場合において、特にそれが、1つの未知の標本点からの、2分岐を繰り返しながらの酔歩過程と見なせる場合は、その経路の全体は1つの tree (樹) (rooted tree) を形成すると考えられる。観察される標本点が樹の枝先であると見なせるとき、樹を再構築する課題は系統樹構築論のみならず、ランダム過程の再構築に関する一般的な問題としても興味深い。

そのような多次元2分岐樹の再構築法の一つとして演者は先に最小経路法 (minimum pathway method, MPM) を考案したが (Ohnishi, 1977), いくつかの問題点を残したままであった。

今回は、歩幅がどの格子方向にも同じ場合には、2分岐樹の分岐角度の期待値は  $90^\circ$  であること、また、 $X_1$  軸(格子軸)方向への歩幅が  $ks_1$  ( $k$ : 定数) ならば、2つの標本点  $P_1$  と  $P_2$  の分岐点の期待される位置はそれらの中点を中心とし、 $s_1 d_{1,2}$  を  $X_1$  長軸方向の直径とする超回転楕円体面上にあること [ただし、 $d_{1,2}$  は  $P_1, P_2$  の間の Euclid 距離], 等について述べる。

さらにこのことを利用して、隣接4点から Lagrange の未定乗数法で分岐点を定める方法 (MPM) について述べ、この方法の利点について論ずる。



## Interfacial approaches to pattern formation problems

Tsutomu Ikeda

Department of Applied Mathematics and Informatics, Ryukoku University, Ohtsu, Japan

Reaction-diffusion systems have been utilized for describing various nonlinear phenomena and have contributed to understanding the mechanism of pattern formation in diverse fields of natural sciences. We need an advanced analytical theory to study the pattern evolution and to track its asymptotic behavior. However, rigorous treatment of a nonlinear reaction-diffusion system may not be suitable for this purpose except in some few cases since it is hard to extract essential features of the dynamics of sharp internal transition layers by solving the full system of equations. A reasonable approach is to derive a simplified model that preserves the key properties of the original system and shows more explicit dynamics of the motion of layers than the original system. The interfacial approach is one of the most fruitful such trials.

We here deal with the coexistence problem of two competing prey species  $u_1$  and  $u_2$  mediated by the presence of predator  $v$ . We employ a reaction-diffusion model equation with the Lotka-Volterra interaction, and the situation is considered where

- one of the prey species, say  $u_2$ -species, normally becomes extinct due to competition from the other, say  $u_1$ -species, if the predator  $v$  is absent,
- the predator  $v$  exerts higher predation pressure on the competitively dominant  $u_1$ -species.

If the diffusion rates are all large, then all of  $u_1$ ,  $u_2$  and  $v$  become spatially homogeneous for large time, namely the asymptotic behavior can be completely analyzed by solving the corresponding ODE system and it has been shown that predation-mediated coexistence is possible depending on values of parameters included in the Lotka-Volterra interaction.

Suppose that the two competing species can never coexist even in the presence of predator if all the diffusion rates are large. Is there any possibility of coexistence for the competing species if all the diffusion rates are not necessarily large? Predation-mediated coexistence exhibiting *spatially segregating patterns* is possible by exploiting the differences in the diffusion rates of the prey and the predator, and the possibility is enhanced by the interaction of predation pressure and diffusion effect. When the diffusion rate of the prey is sufficiently small compared with that of the predator, there appear time-dependent sharp internal layers that separate the habitat into two disjoint regions where one of the prey is dominant due to strong competition. From segregating pattern view point, we are interested in the dynamics of such internal layers. For this purpose, we derive the singular limit system from the reaction-diffusion system in the limits when the diffusion rate of the prey tends to zero, and study spatio-temporal segregation patterns arising in the two competing species by using this simplified system consisting of equations of motion for interfaces and a reaction-diffusion equation for the predator  $v$ . We also show that spatial segregation exhibits periodic and chaotic dynamics for certain parameter ranges.

走化性—ランダムウォークによる集合モデル

江副 日出夫、巖佐 庸 (九州大学理学部生物学科)

E.F.Keller と L.A.Segel (1970) のモデル以来、昆虫・細胞性粘菌、バクテリアなどの走化性集合行動のダイナミクスは主に反応拡散方程式モデルとして研究されてきた。しかし、実際の個体の数は気体分子などに比べるとはるかに少ないため、そのような方法が近似として有効かどうかは自明ではない。そこで、個体の random-walk をそのまま取り入れた、より具体的なモデルをつくり、シミュレーションを行った。ただし走化性物質の濃度変化に関しては反応拡散方程式をもちいた。

$$\frac{\partial c}{\partial t} = D \frac{\partial^2 c}{\partial x^2} - kc + fa$$

$$a_i^{(n+1)} = a_i^{(n)} + \chi \frac{\partial c}{\partial x} \Delta t + \sqrt{2\mu\Delta t} r_i^{(n)}$$

ただし、

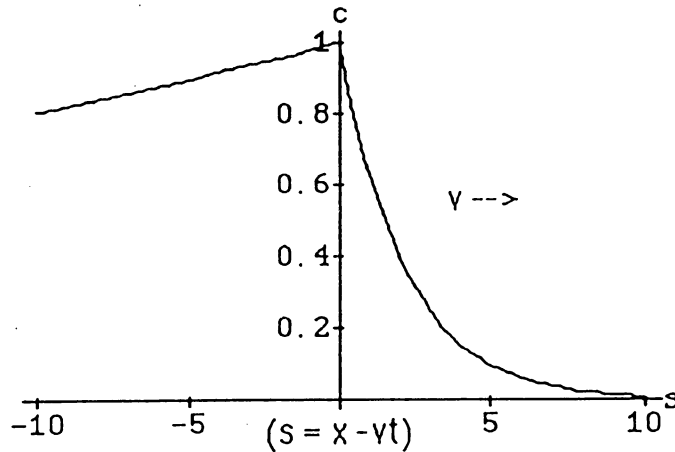
- $c(t,x)$  : 走化性物質の濃度
- $D$  : 走化性物質の拡散係数
- $k$  : 走化性物質の分解速度
- $f$  : 走化性物質の生産速度
- $\mu$  : 個体の拡散係数
- $\chi$  : 走化性の係数
- $a_i^{(n)}$  : 時刻  $n \Delta t$  における虫  $i$  の座標
- $r_i^{(n)}$  : 標準正規分布に従う乱数列
- $\langle r_i r_j \rangle = \delta_{ij}$

ここで、第2式は次の反応拡散方程式に対応するものである。

$$\frac{\partial a}{\partial t} = \mu \frac{\partial^2 a}{\partial x^2} - \chi \frac{\partial}{\partial x} \left( a \frac{\partial c}{\partial x} \right) \quad a(t,x) : \text{個体密度}$$

さらに、このシミュレーションから得られた虫の集合形態の描像にもとづく派生的モデルに関する考察も述べたい (下図)。

虫の cluster が一定速度  $v$  で進むときの走化性物質の定常分布 (理論値)



## 細胞性粘菌移動体の移動のモデル

梅田民樹  
井上敬

神戸商船大学  
京都大学理学部植物学教室

細胞性粘菌のアメーバーは食物がなくなるとcAMPを分泌して集合し、移動体を形成し全体として移動を開始する。この移動体の運動について数理モデルによる考察を行った。

集合が終わり細胞が密に詰まっている状態での細胞集団の運動は、細胞集団を連続体と考えることにより次のモデルで記述できる<sup>1)</sup>。

$$\mathbf{f} - \alpha \mathbf{v} - \nabla P = 0 \quad (1)$$

$$\nabla \cdot \mathbf{v} = 0 \quad (2)$$

(1)式は各点における力の釣り合いの方程式で、左辺第1項の $\mathbf{f}(\mathbf{x}, t)$ は細胞の出す駆動力、第2項は抵抗力で細胞集団の「流速」 $\mathbf{v}(\mathbf{x}, t)$ に比例すると仮定している。第3項は圧力 $P(\mathbf{x}, t)$ の勾配である。(2)式は連続の方程式で、細胞密度が一定(細胞が密に詰まっているため)であることを示す式である。境界では $P = \text{const.}$ を満たすように $\mathbf{v}$ が決まっているとした。

各点での駆動力 $\mathbf{f}$ がどのようなベクトルであるかはよくわかっていないが、ここでは次のように考えた。集合期においてアメーバーはcAMPのパルスの中継によって信号を伝達し、信号のやってきた方向に移動することにより集合することが知られている。その結果最初に信号を出すペースメーカー細胞の方向に集まることになる(図1)。移動体中においても同様の機構が働いていることが考えられる。そこで簡単のためcAMPに関する方程式は考えず、 $\mathbf{f}$ は大きさは一定であり方向はペースメーカー細胞の方向を向いているとした。またペースメーカー細胞も周りの細胞と同じ速度で動くとした。

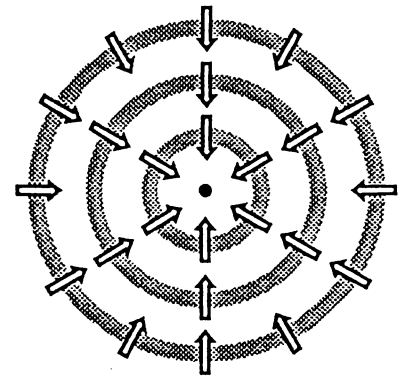


図1

この条件のもとで細胞集団がどのように移動するか、計算機により計算を行なった

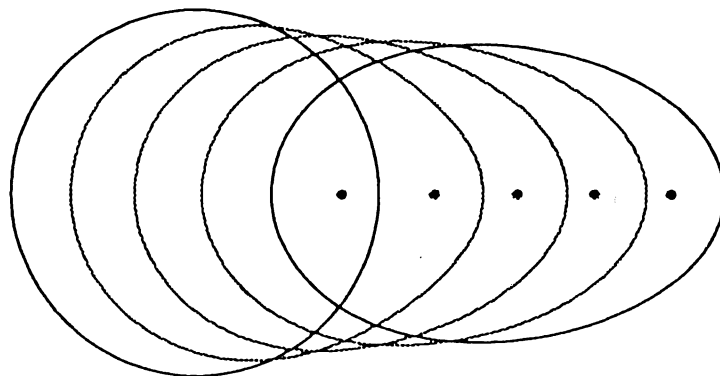


図2

(図2)。●はペースメーカー細胞の位置である。最初円形であった細胞集団が細く伸びながら運動していくことがわかる。最終的には全体が楕円形(3次元の場合は回転楕円体)になって等速で運動するが、ペースメーカーが細胞集団の端にあるほど楕円は細長くなり速度が速くなる。

1) Umeda, *Bull. of Math. Biol.*, 51, 485-500, 1989

10月14日 9:10-9:40

## **Competition Models in Tumour Growth**

V.S.Manoranjan ( Washington State Univ. )

## 植物（草本）の螺旋葉序形成モデル

関村利朗（中部大学 女子短大）

植物の茎から葉の出る方向には規則性があり、葉序と呼んでいる。葉序には、一つの節に葉が何枚付くかによって、互生、輪生、螺旋葉序の主要な三つのパターンがある。中でも、とりわけ種類の多いのが節に葉が1枚ずつ付く螺旋葉序で、整数比  $n/m$  で表現されている。ここで、 $n$  は茎のまわりの回転数を、 $m$  は  $n$  回茎を螺旋状に上昇していくとき最初から数えて  $m+1$  枚目の葉が最初の葉の真上にくる事を表している。即ち、 $n \times 360$  度の回転角中に  $m$  枚の葉が螺旋状に付いている事を意味する。例えば、 $2/5$  葉序では、一つの節の葉の位置から次の葉の位置まで茎のまわりをどの程度回転するか（開度）は  $144$  度となる。植物学で、詳しく調べられており、実際の植物では

$1/2, 1/3, 2/5, 3/8, 5/13, 8/21, 13/21$

の開度のものが圧倒的に多く、例外は非常に少ない。また、この整数比の分子と分母の数字はフィボナッチ数列になっている。

この螺旋葉序を説明する理論モデルはいくつか提出されているが、我々は三つの要因：i) 日光を受けるための条件, ii) 茎への養分の配分, iii) 力学的バランスを考慮し、この観点から螺旋葉序に観察される規則性を検討し、その合理性を確かめた。

熱帯多雨林で樹木の種の多様性が高いのはなぜか？

巖佐 庸・久保拓弥・佐藤一憲（九大・理・生物）

森林を構成する樹種の多様性は、熱帯多雨林では、温帯や寒帯に比べて圧倒的に高いことが知られている。また熱帯の中でも乾季をもつ地域では多様性が急激に減少する。この理由については様々な仮説が提案されてきた。これらを整理すると大まかには、熱帯では

- (1) 種のニッチの幅が狭い。
- (2) 更新の様式が異なる（ギャップサイズが小さい、更新が同期していない）
- (3) 土壌が貧栄養で、競争排除が生じにくい
- (4) 生産力が高い
- (5) 種特異的な寄生者が多い
- (6) 過去の生態的・進化史的歴史の違い

などにわけることができる。

次に、樹木の更新に関わるさまざまな過程について、種の多様性に対してどの程度寄与できるかを調べた。とりわけ、樹種が更新能力において季節的にすみ分けるとするRunkle説の理論的研究を詳しく報告する：

熱帯多雨林でも果実の生産には季節性があり、その結果として種の更新能力（空いたギャップを埋める能力）には季節的変動がある。そのためにロッタリーモデルの機構によって多数の種が共存できる。ところが、乾季や寒冷期など生育に不適な期間があると、その時ににできたギャップが埋められずに蓄積し、生育期間の最初に更新機会の高いピークを作る。その時にたまたま高い更新能力をもつ種が他のものを排除し、その結果、共存種の種多様性が減少するのである。また、それぞれの樹種が高い更新能力を持つ期間が長いほど、共存できる種の多様性が高くなるという結果が得られ、これはニッチ幅が広いほどより多くの種が共存できるというパラドックスをもたらす。

$$\Delta X_i = \lambda \left( -X_i - \int p(t) \frac{\beta_i(t) X_i}{\sum_{j=1}^S \beta_j(t) X_j} dt (1-u) + u \frac{1}{S} \right) \quad (i = 1, 2, \dots, S)$$

$X_i$  は第*i*種が占める小林分の割合、 $p(t)$  は更新機会の供給、 $\beta_i(t)$  は第*i*種の更新能力。この式は系が閉じていなくてごく小さな確率uで森林の外にあるプールから空いたギャップを埋める場合を想定している。このシステムはリアプノフ関数をもち、平衡状態は大域的に安定である。

閉じた森林のモデル( $u=0$ )でも、更新能力が密度とともに減少する場合、たとえば $\beta_i(t)$  の代わりに $\beta_i(t)(1 - cX_i)$  とすると、上記とほとんど同じ結果が得られる。

10月14日 11:00-11:30

## 先史ヨーロッパにおける農耕文化圏拡大に関する数理モデル考察

瀬野裕美 (広島大学理学部)

確率的移住過程によって生成されるコロニー集団の空間分布を考慮した数理モデルによって、Ammerman & Cavalli-Sforza (1984) による先史ヨーロッパにおける農耕文化圏のデータの解析を試みる。特に、文化圏拡大速度について議論する。

### コロニー生成過程

コロニー生成は、次のような集団の総人口に依存する生成率をもつ確率的移住過程によるとする：

$$\frac{d}{dt} P(k, t) = -\mu N(t)P(k, t) + \mu N(t)P(k-1, t)$$

$$P(k, 0) = \delta_{k0}$$

$N(t)$ : 時刻  $t$  における集団総人口

$\mu N(t)dt$ : 時間  $(t, t+dt)$  の間に新しいコロニーが生成される確率

$P(k, t)$ : 時間  $(0, t)$  の間に生成されたコロニーの総数が  $k$  である確率

$\delta_{k0}$  はクロネッカーのデルタであり、時刻 0 の瞬間にはコロニー生成はないことを表わす。このモデルから、確率分布  $P(k, T)$  を求めると、結果として、時刻  $t$  における期待コロニー数は次のようにわかる：

$$\langle k \rangle = \sum_{k=0}^{\infty} kP(k, T) = \mu T = \mu \int_0^T N(\tau) d\tau$$

### 移住域の拡大

移住域の空間的広がりを特徴付ける最大半径  $R$  とその中のコロニー総数  $M$  の間に、フラクタル指数  $d$  を用いた次の関係を仮定する：

$$M \propto R^d \quad (1 \leq d \leq 2),$$

この仮定から、期待移住域拡大速度として以下の  $\bar{V}_t$  を考察する：

$$\bar{V}_t \propto \frac{1}{d} \cdot \langle k \rangle^{(1-d)/d} \cdot \frac{d\langle k \rangle}{dt}$$

### 先史ヨーロッパにおける農耕文化圏の拡大

Ammerman & Cavalli-Sforza (1984) によってまとめられた先史ヨーロッパにおける農耕文化圏のデータの解析を上記のモデルを用いて試みる。農耕文化遺跡の  $C^{14}$  による年代を用いて、コロニー総数の時間変化の評価を行ない、遺跡の地理的配置から上記モデルのフラクタル指数  $d$  を評価する。その上で文化圏拡大速度についての議論を試みる。

### 参考文献

Ammerman, A.J. and Cavalli-Sforza, L.L. 1984. *The Neolithic Transition and The Genetics of Populations in Europe*. Princeton University Press, 177pp.

10月14日 11:30-12:00

一つのスキーム-----分子動力学から

大藪 卓:京大・理

講演要旨:私の分子動力学(これは、私だけのものかもしれない)

(I) 基本スキーム。

NEWTONの運動法則。 <-----0----->

<----->

$$m \frac{d v_i}{d t} = -f_i(v) + \sum F_{ij}.$$

(II) ONSAGER SCHEME.

$$J_i = \sum L_{ij} X_j.$$

$$L_{ij} = L_{ji}$$

$$T \frac{d S}{d t} = \sum J_k X_k \geq 0.$$

散逸の起源がある程度分かる。

(III) 膜の輸送方程式。

NERNST EQUATION.

$$\mu_i = \mu_{i0}(T, p) + RT \log U_i + Z_i \Phi$$

$$d \mu_i = d \mu_{i0}$$

$$\Delta \Phi = RT / Z_i F \log(U_i) / (U_{i0})$$

(IV) LANGEVIN方程式。

$$EINSTEIN-STOKES FORMULA. D = kT / 6 \pi r \eta$$

(V) ----->0<----->0<----->0<----->0<----->0<----->

$$m \frac{d v_i}{d t} = -\gamma v_i + (-d \mu / dx) + \sum G / r_i^2$$

$$0 = -\gamma J_i / \rho_i - RT / \rho_i \frac{d \rho_i}{d r} + \int G / r^2 d r.$$

$$d \rho / d r = \rho (A - G / r) / RT$$

拡散力。引力。べきりょく。摩擦力===これらの釣り合い。(POLYMER)

$$YUKAWA分布. A \exp(-\mu^2 r) / r.$$

$$DEBYE-HUCKEL. \Delta U = AU.$$

$$KLEIN-GORDON. (\square + m^2) U = 0.$$

次元が決定的。YUKAWA分布===三次元。!!!!!!

(VI) BROWN運動==LANGEVIN方程式。

-----その他。

分子動力学は、計算機科学のものであるが、筆者は、それらについて全然知らない。これは、一種の多体問題である。素直なNEWTONの運動方程式である。



10月14日 13:00-13:50

未定

J.D.Murray ( Univ. Washington )

# 生態システムの情報理論的指標について

— 遷移のシミュレーションをとおして —

宇野達也 平田廣則 千葉大学工学部

生態システムの構造が安定性などの特徴に関係しているという見地から、その特徴を表す様々な指標が提案されている。生態システムのフローネットワークに流れるものがどこに流れるかを確率としてとらえ、その確率から計算される情報量もその指標のひとつである。これは構造が無秩序な状態からどれだけ秩序立っているかを表すものだが、これまでに実際の生態系や、Lotka-Volterraモデルにおける局所安定性に対してこの情報量はその特徴を表す指標となることがわかっている。本文でもこの情報量を用いて生態システムの解析を行う。

解析する生態システムとしては、Lotka-Volterraモデルにおける遷移のシミュレーションを対象とする。このシミュレーションは生態系に他の種を侵入させることにより生態系が遷移して行くものである。ここで、このシミュレーションに対して一つの安定性が定義できる。それは、侵入されやすい生態系が不安定であり、侵入されにくい生態系がより安定であるという安定性である。

この安定性に対して情報量との関係を解析したところ、本文で用いた情報量はここで定義した安定性と相関があることがわかった。

10月14日 14:40-15:10

エッジ効果の競合拡散方程式による説明の試み

筑波大学社会工学系 岸本一男

環境的に異なる2つの領域の周辺では、これらの領域内部に比べて、より多数の種が生存することが知られている。この現象はエッジ効果と呼ばれるが、その原因については、十分な説明は存在していない。岸本(1990)は、内部領域での主要生物間の競合が、説明する可能性を示唆している。本研究では、ディリクレ条件を持つ競合拡散方程式のモデルにおいては、主要生物の境界領域での個体群密度が減少することに着目し、この減少が他の弱小な種への圧力を減少させることを通じて、種の多様性を引き起こすという立場からこの現象を説明しようと試みる。

限定された領域上での個体群動態は、競合拡散方程式でモデル化する場合、通常は、境界条件としてはノイマン条件が用いられる。しかし、ある程度生物が増加してきた場合、境界近くでの生物の個体のうち、境界外に追い出されて死滅してしまうものが出ることにより、丁度ディリクレ境界条件と同様の状況が実現される可能性があるのではないかと言うのが、本研究の前提である。本研究では、この条件の元で、境界での種の多様性が実現されることを示す。

QUALITATIVE STABILITY AND GLOBAL STABILITY FOR  
 LOTKA-VOLTERRA SYSTEMS

Zhengyi LU and Yasuhiro TAKEUCHI

Department of Applied Mathematics, Faculty of Engineering,  
 Shizuoka University, Hamamatsu 432, Japan

Consider the following general  $n$ -dimensional Lotka-Volterra system

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

with the unique positive equilibrium point  $x^* = (x_1^*, x_2^*, \dots, x_n^*)^T$ . A matrix is called a lower-triangle one if it has form as follows

$$\hat{A} = \begin{pmatrix} A_1 & 0 & \dots & 0 \\ \times & A_2 & \dots & 0 \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \times & \times & \dots & A_k \end{pmatrix},$$

where each submatrix  $A_i (i = 1, \dots, k)$  is irreducible, all elements in the upper-right blocks are zero and all matrices  $\times$  in the left-lower have any elements.

THEOREM. If the system with a lower-triangle coefficient matrix  $\hat{A}$  satisfies

i) each  $A_i \in \bar{S}_w (i = 2, \dots, k)$ ;

ii) each  $\text{diag}(x_i^*)A_i$  is stable ( $i = 1, \dots, k - 1$ );

iii) each subsystem  $\dot{x}_i = \text{diag}(x_i)A_i(x_i - x_i^*)$  is globally stable ( $i = 1, \dots, k - 1$ ), then  $\Omega(x) \subseteq E = \{(x_1^*, \dots, x_{k-1}^*, x_k) \in R_+^n | x_k \in M\}$ , where  $\Omega(x)$  is the  $\omega$ -limit set of the system and  $M$  the LaSalle's invariant set of the subsystem  $\dot{x}_k = \text{diag}(x_k)A_k(x_k - x_k^*)$ .

Here a matrix  $A \in \bar{S}_w$  means that there exists a positive diagonal matrix  $W$  such that  $WA + A^T W$  is negative semidefinite and  $x = (x_1; \dots; x_k)^T = (x_{11}, \dots, x_{1i_1}; \dots; x_{k1}, \dots, x_{ki_k})^T$ ,  $x^* = (x_1^*; \dots; x_k^*)^T = (x_{11}^*, \dots, x_{1i_1}^*; \dots; x_{k1}^*, \dots, x_{ki_k}^*)^T$  and  $i_1 + \dots + i_k = n$ .

Let  $Q(A)$  denote the convex cone consisting of all  $n \times n$  matrices  $\tilde{A} = (\tilde{a}_{ij})$  that have the same sign pattern  $(+, -, 0)$  as  $A$  so that  $\text{sgn} \tilde{a}_{ij} = \text{sgn} a_{ij}$  for all  $i$  and  $j$ . A matrix  $A$  is qualitative stable if each member of  $Q(A)$  is stable.

COROLLARY. If the interaction matrix  $A$  of the system is qualitative stable, then the system is globally stable for any given positive equilibrium point  $x^*$ .

## **Modelling Stratified Diffusion in Biological Invasions**

Nanako Shigesada (Kyoto Univ. Japan)  
Kohkichi Kawasaki (Doshisha Univ. Japan)  
Yasuhiko Takeda (Kyoto Univ. Japan)

Since Skellam(1951) analyzed the data on the spread of the muskrat and found that the square root of the area occupied by the population increases linearly with time, many models treated invasion as a combined process of Fickian diffusion and Logistic growth in the population size.

Recent data in biological invasion, however, show that various modes of dispersal such as neighborhood diffusion and long distance dispersal occur within a species. Nuclei of isolated colonizations at large distances from the parent population can enhance spatial spread considerably. For example, Mack(1981) documented the spread of cheat grass: at the initial stage of invasion, the cheat grass was found at scattered locations only, after which both the number of locations and their sizes increased exponentially. Thus the spreading velocity never reaches a constant as the previous model suggested.

In such a stratified spreading process, the initial expansion wave of invasion depends mainly on neighborhood diffusion. However, as the density in the founder population increases, the number of migrants settling at long distances increases to make a dominant contribution to the wave velocity.

We construct a model of such a stratified diffusion by dealing with the size distribution of areas growing from nuclei of isolated colonizations. The model consists of a Von Foerster equation combined with a Skellam model. The results of analysis explains well the non-linear wave propagation observed in biological invasions.

梯 正之 (かけはしまさゆき)  
広島大学医学部公衆衛生学教室

はやいもので、医学部で仕事をするようになって、もうすぐ7年になろうとしている。私は学部から大学院までずっと理学畑（専門は数理生物学）ですごしてきたので、医学部はやはり違うナと感じることも多い。しかし、私のよく知っているのは理学部の一研究室と医学部の一研究室であるから、学部の差というより研究室の差の方が大きいのかも知れない。ともあれ、この間の感想を少し述べさせていただきたいと思う。いわば数理生物学出身者の見た医学部報告といったところであろうか。

### ■医学部の研究のスペクトル

医学は農学と並んで生物学の重要な応用分野の一つである。医学部は臨床系の講座（いわゆる内科学や外科学などの各科）と基礎系の講座（生理学や生化学、解剖学、病理学、薬理学など）に分かれる。基礎系では生物学の研究と区別できない研究も多いようだ。同じ〇〇学でも第一と第二というように複数の講座があるものが多いのも特徴かも知れない。医学部では講座はふつう「教室」とよばれている。理学部では学科単位を教室（Department）とよんでいたのが、あれっと思ってしまいが、これは、臨床系では附属病院の教官や多数の医局員が在籍しており大所帯であるためであろうか。同じ基礎系の中でも衛生学や公衆衛生学、法医学などは社会医学系とよばれ、別のまとまりを構成している。衛生学や公衆衛生学はどのような学問でお互いにどう違うかなど理学部時代には考えもしなかったが、衛生学は人間の健康についての生理生態学（Physiological Ecology）、公衆衛生学は同じく個体群生態学（Population Ecology）というのが生態学者にわかりやすい定義ではないだろうか。しかし、両者を厳密に分けることができないのはいつでも同じである。公衆衛生学には健康のための環境を整備するという実践的な色彩も濃い。法医学は医学に関する法律がどうこうというより、「死体の生理学」といった学問のようである。このほか基礎系には人間と生物の両方の領域にまたがる分野として細菌学（ウイルス学）や寄生虫学などが含まれる。

### ■何はなくとも統計学

医学領域の研究者の感覚では、数理と言えは統計的なデータ解析をまず思い浮かべるに違いない。生物現象のようにばらつきのあるところでは、データあれば統計ありであろう。私などもしばしばデータ解析の相談を受けることがある。社会医学の研究においても、アンケートデータの解析などを行なう機会が多く、統計パッケージのSASなどをみっちり勉強することとなった。数理〇〇学と計量〇〇学が全く異なるように、数理の人間がかならずしも統計に明るいわけではないのであるが、こちらでは統計に詳しいものと期待されてしまう。そして、衛生統計学の講義まで担当することとなった。しかし、衛生統計学には生命表などの人口統計学（Demography）のように生態学と共通の領域もある。これらは本来人間集団の分析のために開発されたのだから、こちらが「本家」というべきかも知れない。ともあれ、これは勉強になり大変よかった。しかし、

データ解析をやっていると、理論的に根拠のあるモデル式より現象論的な3次式の方がデータによくフィットしたりして困ってしまう時がある。

しかし、この雑文で取り上げたいのは統計の話題ではなくて「数理」の方である。ここで「数理」というのは、統計モデルを主体としてシステムの内部構造をブラックボックスとする「計量」的なアプローチではなくて、内部構造を組み込んで比較的単純なモデルをつくり分析するものを指している。ただし、両者は対立的というより、相補的と考えたい。

## ■計量医学

数理医学という専門領域はないようであるが、計量医学というのはあるらしい。1979年9月に雑誌『医学のあゆみ』で計量医学 (Metric Medicine) の特集が組まれた。自覚症状の変数やさまざまな検査値を独立変数にして、判別関数によって診断をつけようとする計量診断や、多重ロジスティック回帰モデルによるリスクファクターの分析ばかりでなく、薬剤の反応速度論や生体(心臓など)の数理モデル、B型肝炎をめぐる各種の細胞集団の力学系、マルコフモデルによる研究など、むしろ「数理医学」的な研究も散見される。

## ■「数理医学」の芽生え

医学領域での数理解的研究というと、ちょっと古いがたとえば *Mathematical Models in Medicine* (Berger *et al.* eds, 1976) などという本がある。この本では、内容を大きく3つに分けてある。すなわち、1. Epidemiology (伝染病の数理モデル)、2. Cell models (細胞増殖やがんのモデル)、3. Pharmacokinetics (薬学の化学反応速度論) である。この他にも、数理的なアプローチによる研究が医療情報学や医用工学などの分野で目につく。順にみていきたい。

### 1. 伝染病の数理モデル

もともと「Epidemiology (疫学)」というのは伝染病の数理モデルだけを意味するものではない。最も一般的な定義によれば、健康状態の変化の要因を探るのが疫学とされており、伝染病に限らずあらゆる病気や事故の因子に関する統計的な研究はすべて疫学とよばれている。リスクの定量的な分析をするための統計モデルの研究も疫学である。先進国での疾病の中心が感染症から慢性疾患に移ったのに伴い、疫学の中心も循環器系疾患や悪性新生物(がん)に移っている。その中で伝染病の数理モデルの研究はほんの一部を占めているに過ぎない。

しかし、感染症の流行データは蓄積も大きいので、生態学領域での研究も盛んになった。また、AIDSの流行が大きな社会問題となるなか、モデルを使った流行予測も注目されている。この分野で精力的に研究を続けているAndersonらの数理モデルについての解説がOxfordの公衆衛生学の教科書に掲載されるなど公衆衛生領域でも評価が高まっているようだ。日本でも、従来からの伝染病統計ばかりでなくオンラインネットワークによる結核・感染症サーベイランス事業により貴重なデータが蓄積されている。この4月からは私も広島県感染症予防研究調査会の委員として、感染症の解析評価のお手伝いをし、現場に触れることとなった。

伝染病の数理モデルの研究には、すでに多数の著書や論文がでていいる。また、私自身も数理モデルばかりでなく統計的な手法もまじえて伝染病流行の研究を行っており、話を始めると長くなりそうである。別の機会もあろうから、ここではあまり触れないことにしたい。

### 2. 細胞モデル

細胞増殖、特にがん発生の細胞モデルに関する研究である。がんは国民の健康上の重要性から多額の研究費が費やされている分野であるが、モデルの活躍はまだまだこれからに期待すべきよ

うである。がん化・老化・発生分化の問題は共通の枠組みで理論化可能との認識が開けてきており、もっともchallengingな研究領域といえよう。

### 3. 反応速度論モデル

病態に関連する代謝系や薬物の反応速度論モデル、コンパートメントモデルの研究が多数ある。糖尿病、白血病、有機溶剤の暴露に関する常微分方程式系モデルなども含まれる。免疫システムに関するものもある。

### 4. 医療情報学

日本医療情報学会の学会誌『医療情報学』は現在Vol. 11を数え、病院情報システム、検査データの分析などのほか、数理的・システムのアプローチの研究も掲載される。『医療情報学』でも1989年に「医療と数理モデル」の特集が生まれ、性行為感染症のモデルや糖尿病・白血病のモデルのほか、保健医療計画のための数理モデルの話題などが紹介された。また、意外なところでは、看護婦さんの勤務予定表を作るオートマトンに関する研究があった。看護婦さんの勤務表づくりは一定の制約条件をみたす記号列を生成する問題と見なすことができる。

私たちの教室では、コンピュータによる情報処理・通信技術の社会医学的応用として、地域保健医療情報ネットワークシステムの研究も行なっている。開業医や患者（住民）の意識を調査し、このようなシステムの導入に対する意見や問題点の把握を行なった。これらは科研費の報告書としてまとめたところである。

### 5. 医用工学 (Medical Engineering, ME)

対象を工学的実現によることにより、対象システムの理解を深めるばかりでなく、応用上も有用な知識・技術が得られる。日本ME学会は今年30周年を迎えた学会で、神経回路モデルの研究や、心電図など生体計測とそれによって得られるデータの解析など幅広い研究が含まれている。このような計測はエソロジー（動物行動学）の方法とも重なるようで興味深い。

## ■医学とシステム科学

医学領域でのシステム科学（数理モデルあるいは物理モデル）の「老舗」は生理学というべきであろう。生体の機能をさまざまなモデルにより把握し分析した研究がある。また、『生物サイバネティクス1・2』（朝倉書店、1989）の著者畠山一平氏も生理学の出身である。医学領域でも、最近話題のカオス、ファジー、ホロンといった概念が議論にのぼる機会も多い。

システム科学といえば、『一般システム理論』で有名なvon Bertalanffyは理論生物学の研究ばかりでなく、哲学的な研究と共に心理学や精神医学への適用も試みた。彼は後にアメリカ精神医学会名誉会員に選出されている。精神医学や看護学領域で、個体の行動や家族に一般システム理論の適用を試みる例が多いのは、最初意外だった。

一方、臨床医学における診断と治療をシステム理論により体系づける提案もなされた。基本となっているのは最適制御理論の枠組みで、内部状態を持った生体を症候ベクトルをもとに観測・診断し、治療ベクトルにより対象を操作することによって制御すなわち治療する。大阪大学の井上通敏教授らのグループはこのような枠組みが医学の経験科学からの脱皮の基礎になるとし、このモデルに基づき心電気現象の解析を行なっている（医療情報学、1988）。彼らの論文は個体レベルが中心で、社会医学的な視点すなわち集団レベルの議論がないのが大変残念である。

## ■医学研究と他分野出身研究者

医学部では基礎系に進む医学部出身者の数が少なく、医学部以外の出身の基礎系の教官の率が



だんだん上がっている。社会医学系でも、理学系（数学、化学）、農学系、教育系などさまざまな領域からの「侵入者」達がいる。異分野のパラダイムが衝突するところで、新しいフィロソフィーも生まれるというものだ。日本ではなかなか学際的な研究が行なわれないというが、この領域でたくましくしてこのような交流の場が形成されているのは大変すばらしいことではないかと思っている。

### ■公衆衛生学と人間の生態学

公衆衛生学というのは本来実用的な分野であり、行政からの委託研究の機会も多い。しかし、一方で、地球上で人類が健康に生きてゆく基盤を確保する研究も公衆衛生学の重要な課題とすべきであろう。地球環境問題が緊急の課題となっている今、公衆衛生学もこのような面での貢献に力を入れるべきではないかと思う。このような問題に関連して、ローマクラブ以来のグローバルモデリングのシミュレーションが思いだされる。sustainable developmentをキーワードにこのような社会工学的研究にも興味を持っている。日経サイエンスにのった吉田明彦教授のブラジルの地域開発に関する受賞論文（1992年3月号）は興味深く読ませていただいた。

### ■むすびにかえて

京大時代の恩師、寺本英先生は物理→化学→生物学と研究分野を移られ、「学問のはしご酒」と称しておられた。「はしご」は「梯子」であるから、他人ごととは思えない。たしか、上山春平の説では、学問には物理学→化学→生物学→人間科学→社会科学という階層性があり、研究者は左から右には移動できても逆はできないという。私は生物学のところからはじめて、公衆衛生学という人間・社会科学領域に分けいってしまったわけで、ちょうど寺本先生の後を受け継いだ形となり嬉しく思っている。そういえば、梅棹忠夫の『文明の生態史観』に目を開かれる思いをして大学の門をくぐった私は、生態の理論モデルに興味を持ち数理生物学を専門として選んだ。そして今、人間の数理生態学を目指すことで、文明発展の理論的研究に戻ってきたといえるかも知れない。ウイルスのような病原体に限らず、集団中で流行するものは文化や行動パターンのように人間の生態学の要素として普遍的かつ本質的である。宗教でさえ、病気と同じモデルに従うはずという指摘がある。今後は伝染病の数理モデルによる研究を進展させるとともに、文化の問題にもアタックしたいと考えている。このような方向性は慢性病の時代の公衆衛生学にふさわしいかも知れない。

寺本研の先輩達が生態学に進出し数理的研究を根付かせていったように、医学分野に数理的な見方を広め寄与したいと思うが、とても力量不足を痛感する昨今である。

あれこれと書いているうちに紙数が尽きた。こんなところが、「石の上にも3年」ならぬ、「医師の中にも7年」の感想である。

付記：私が広島へ来るきっかけを作ってくださった広島大学理学部数学教室の三村教授のもとへ、このあいだから瀬野君が赴任してきた。それがもとでこのような拙文をお目にかけることとなってしまったのであるが、議論する相手が増えてうれしいかぎりである。筆者の勉強不足と時間の制約もあり、内容が表面的になってしまったが、ご勘弁願いたい。なお、念のために申し添えると、広島大学の医学部には医学科のほか総合薬学科（薬学部に相当）と保健学科（本年度より新設）があり、本文でこれまで医学部とよんできたのは医学科だけをさしている。

私は恩師にはめぐまれる方のように、理学部でも医学部でもあたたかいご配慮のもと自由に研究させてもらってきたような気がする。公衆衛生学教室でも、人口統計学という共通性があるとはいえ、植物の性転換の理論までやらせていただいた。この場を借りて当教室の吉永文隆教授はじめ皆様に感謝いたします。

福岡から韓国でのトランジットを経ての13時間余りの空の旅では、アルコールを含む飲物がすべて無料で、結構豪華な3回の食事付という状況に戸惑いながらも、何でこんな金属の固まりが空を飛ぶのかという疑問はついぞ解決されないままに無事にパリのシャルル・ド・ゴール国際空港に到着した。荷物の受け取りなどに手間取って、空港の外に出たのが夜の8時過ぎ。まだ明るい。ヨーロッパの白夜というのを耳にしたことはあったが実際にまだまだ日は暮れそうもない。2つ程電車を乗り換えて、何とか目的地のフランス南西部に向かう夜行に乗り込む。ちなみに、僕が利用したコンパートメントと呼ばれる客室は6人掛けで肘掛けを折れば横になって寝られるもので、ドアは付いているが、鍵はかけられない部屋である(従って実はこのような夜行の一人旅は少々物騒で、学会後に乗ったイタリア・ミラノ行きの列車の中では危うく荷物を盗まれる所だった!)。ヨーロッパの列車の旅はキャプテンクックを利用するのが非常に便利で、日本で発行されている日本語の解説付のものが大変重宝する。

学会までには一日の予備日があったのでフランスのナポリともいべき中世の城塞都市カルカッソヌに足を運んだ(カルカッソヌを見る前に死ぬな!)。フランス語はほとんど身に付かないままにフランスに来てしまったのだが、英語が話せる僅かながらの人々にレストランや町中でいろいろと親切にしてもらったり、以心伝心で”おちびちゃん”と仲よくなったりもした。カルカッソヌは確かに観光地ではあろうが、日本のことを省みると町中の人々が自分達の町に誇りを持っていて、概して観光客に対して親切であり、大いに観光を楽しんでもらおうという気概が感じられた。

さて、学会ではまず受付の仕方が日本とは大分違い、小人数でのんびりと構えている。ラテン人気質というものも時と場合によっては考えものだ。天気の方は5日間とも雨が降ったりやんだりの不安定な空模様で、会場の広さも手伝ってものすごく寒かった。あちらの人にとってはこれが当たり前なのか、皆パーカーのようなものを身にまとい、雨や寒さに対する準備は万端といった感じであった。主催者のDr. ARINOがすべてを取り仕切っており、どうやら研究室には学生はいないようであった。180人程の参加者を抱えた国際学会の主催者の研究室に学生がいらないという現状は如何なものであろうか。参加者の内訳はフランス国内からの参加者が約3分の1、ヨーロッパの他の国からが約3分の1、その他の国から(日本人は5人)が残りの3分の1程度であった。参加者の一例を挙げると、プレナリーセッションでは、P. Jagers, L. Demetrius, A. Lasota, M. Mimura, K. L. Cooke, C. Castillo-Chavez, D. Axelrod, M. Kimmel, M. Cottrel, H. Thieme, J. Cushing, M. Gillois, R. Ferriere, M. Gatto, J. Clobert, B. Novak, G. Webbが講演を行なった。学会内容はEpidemiologyを中心として、

Demography, Genetics, Ecology, ImmunologyさらにDifferential equation, Structured populationなどに区分され、一般講演は4つのセッションに分かれて同時進行で行なわれた。Demographyの話は僕自身あまりなじみがなかったが、Population Dynamicsの中ではかなり活発な分野で重要な位置を占めているという印象を受けた。僕が関心を持って臨んだ病気のモデルのセッションには、いわゆるEpidemiologyと、細胞集団を扱ったエイズや癌のモデルが数多く含まれていた。

僕自身は松田博嗣先生と一緒にLattice Modelというセッションに組み込まれていたが、むしろ別のセッションのW. T. Jedruch, A. De Roos, D. Couvetの話に共通するものがあつた。解析の対象はそれぞれに異なっているが、用いているモデルはLattice Modelであり、まだまだこれからも発展する分野のひとつではないかという感触を得た。あちらで得られた若手の彼らとの交流を今後とも維持していければと思っている。

今まで国内で参加してきた学会や研究集会は生物学あるいは物理学関係のものだったので、今回の数学者中心の学会は雰囲気もかなり違つたし、英語での講演（中にはフランス語で行なっていた人もいた！）だったので、なかなか理解することができなかつたというのが正直なところである。ただ、今回の学会には外国からの多くの若手が参加し発表を行なっており、今後ともこのような国際学会の場に参加し異なる分野間の交流を広げることによって、自由な発想で数理生物学に貢献していきたいと感じた。

芸術の都パリ・ガストロノミーの国・数学や哲学などの学問の中心地として、憧れの国フランスも、結局のところ、パリで例を挙げればエッフェル塔や凱旋門といった観光名所といくつかの美術館を通りすぎたに過ぎない。その国の本当の姿を知るためにはおそらくはしばらくその地においてなじむことが必要なように、外国で生まれ育つた学問も、語学的なギャップを無くす意味も加えて、実際にその地で武者修行することが必要なのではないかと思う。特に、多種多様な学問分野を開拓し共存を許している学問風土のようなものが、学問の発展と何か関係があるような気がしてならない。

最後になりましたが、今回の学会参加のために「新しい研究者の芽を育む会海外派遣援助」から旅費の援助を頂きました。この場をお借りしてお礼を申し上げます。

9月5日記

講演・研究集会開催の御案内

## 「生物の形態およびパターン形成」

多細胞体制としての生物の形態および分化パターンが、どのような機構・原理によって形成されるのかという問題は生物科学の重要課題です。この分野の第一線の研究者の方々をお招ねきして、下記の要領で講演・研究集会を開催する事になりましたので御案内致します。参加ご希望の方は早めにご連絡下さい。なお、参加費は無料です。

### 記

主催: 中部大学, 中部大学 女子短大

協賛: 形の科学会, 数理生物学懇談会

日時: 1992年10月16日(金) 午後1時より午後5時まで

場所: 中部大学工学部ファカルティールーム (中部大学7号館3階)  
487 愛知県春日井市松本町1200

交通: JR中央線高蔵寺駅(名古屋駅から約25分)下車、  
中部大学行きバス(名鉄バス)で終点まで(約10分)

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

竹内郁夫(岡崎国立共同研究機構 基礎生物学研究所 所長)

題目「Pattern formation in slime mold development」

J.D.Murray (Professor, University of Washington, U.S.A. and Mathematical  
Institute, University of Oxford, U.K.)

題目「Modelling spatial pattern formation in development and the  
formation of morphogenetic rules」

杉山 勉(国立遺伝学研究所 教授)

題目「New direction in the study of hydra pattern formation」

三村昌泰(広島大学理学部 教授)

題目「Complex patterns arising in reaction-diffusion equations  
with lateral inhibition effect」

前田美香(理化学研究所特別研究員 理学博士)

題目「解離細胞再集合体におけるパターン形成」

吉田昭広(JT生命誌研究館研究員 理学博士)

題目「競争と阻害による細胞の分布パターンと細胞数の比率の決定」

MEセミナー (九州大学理学部生物学科数理生物学研究室)

- 1月14日(火) 松田博嗣 (九大・理・数理生物)  
生物と環境 ～必然と偶然～
- 1月28日(火) 山村則男 (佐賀医大・一般教育)  
寄生から相利共生への進化
- 2月 4日(火) 山内淳 (九大・理・数理生物)  
多型形質の適応度は等しくなければならぬか？
- 3月 3日(火) 佐々木顕・小野浩毅 (九大・理・数理生物)  
人類集団の移動の歴史を系統樹から再現できるか？
- 3月10日(火) 巖佐庸 (九大・理・数理生物)  
花の進化に関する3つのモデルについて
- 3月24日(火) 篠原歩 (九大・理・基礎情報)  
機械学習によるタンパク質データからの  
ネガティブモチーフの発見
- 4月 7日(火) 野村一也 (九大・理・発生)  
細胞接着現象は思ったほど簡単ではない！  
～アフリカツメガエルを例にして
- 4月28日(火) 巖佐庸 (九大・理・数理生物)  
ジャックモノーコンフェレンス「進化・行動生態学」の報告と  
進化生態学の展望

# 広島大学応用解析セミナー

(1992.4.17 ~ 5.8)

第1回 4.17

池田 勉氏 (龍谷大学理工学部)

In-phase and out-of-phase modes in two-layer oscillations

第2回 4.24

瀬野裕美氏 (広島大学理学部)

捕食者による二相探索と被食者のパッチ状分布の共進化に関する数理モデル  
by Markov Process, Brownian Motion, Fractal Path

第3回 5.1

渡辺雅二氏 (広島大学理学部)

Resonance in singular limits of forced excitable systems

第4回 5.8

新関章三氏 (高知大学理学部)

移動を伴う競合方程式系の進行波解の安定性について

広島大学応用解析研究室

三村昌泰

0824-22-7111 ex.2686

京都大学・理学部・生物物理学教室・理論生物物理学セミナー

: 1992年1月から7月までの記録

- 1月16日  
小淵洋一 (龍谷大・理工) 「論理関数のフィード・フォワード学習」
- 1月23日  
谷内茂雄 (京大・理) 「不完全情報下での選ぶものと選ばれるものの共進化」
- 1月30日  
川崎廣吉 (同志社大・理工研) 「大腸菌における増殖と走化性パターン形成」
- 2月6日  
梅田民樹 (京大・理) 「細胞性粘菌移動体のパターン形成—自由境界問題の数値計算—」
- 2月13日  
高橋智 (大阪市大・理), 堀道雄 (和歌山大医学進学課程)  
「タンガニイカ湖の鱗食いの右利き・左利きについてのモデル」
- 2月20日  
武田裕彦 (京大・理) 「軸形成—脊椎動物と無脊椎動物の比較—」
- 4月23日  
高須夫悟 (京大・理) 「托卵のダイナミクスと集団遺伝」
- 5月7日  
甲山隆司 (京大・生態研センター)  
「サイズ構造とギャップ動態のある林木集団の安定性と種間共存」
- 5月14日  
重定南奈子 (京大・理) 「Periphyton mat の成長と崩壊のダイナミクス」
- 5月21日  
武田裕彦 (京大・理) 「発生系解析の方法」
- 5月28日  
布目英修 (京大・理) 「GA は定量的にどう評価するのか」
- 6月4日  
井上敬 (京大・理・植物) 「細胞性粘菌の形態形成の機構について」
- 6月11日  
岩田和朗 (奈良県立医科大・腫瘍放射線教室)  
「癌治療における数理モデルの意義」
- 6月18日  
山門努 (京大・理) 「有性生殖の起源」
- 7月9日  
瀬野裕美 (広島大・理) 「集団の村落形成による分布拡大に関する数理モデル考察」
- 7月16日  
斉藤隆 (龍谷大・理工) 「Supervisory Controled Automata Network について」

## 事務局からのお知らせ十編集後記

今回は、ほとんどシンポジウム予稿集という格好をしていますが、はっきり言って手抜きです。皆さん原稿をください。

したがって、編集後記を書くほど編集していません。

次号は93年1月前半に出したいと思っています。したがって研究会の案内などの原稿締切りはおおよそ12月末です。よろしくお願いします。

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. 0775-43-7437 Fax. 0775-43-7428



## 目 次

### 第3回数理生物学シンポジウムのお知らせ

|    |   |
|----|---|
| 日程 | 1 |
| 予稿 | 4 |

### 寄稿

|  |      |    |
|--|------|----|
| 医師の中にも7年   | 梯 正之 | 29 |
| 3rd International Conference on<br>Mathematical Population Dynamicsに参加して | 佐藤一憲 | 33 |

### 研究会案内

|                |    |
|----------------|----|
| 生物の形態およびパターン形成 | 35 |
|----------------|----|

### セミナーの記録

|           |         |    |
|-----------|---------|----|
| MEセミナー    | 九州大学理学部 | 36 |
| 応用解析学セミナー | 広島大学理学部 | 37 |
| 理論生物学セミナー | 京都大学理学部 | 38 |

### 事務局便り+編集後記

数理生物学懇談会ニュースレター第8号  
1992年9月15日発行  
数理生物学懇談会事務局  
印刷・製本 (株)うめだ印刷