

JAMB Newsletter No. 32

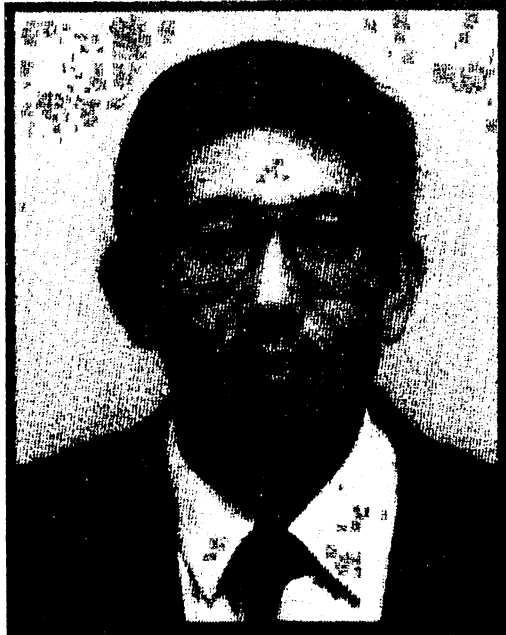
数理生物学懇談会
ニュースレター

特集 第10回 数理生物学シンポジウム

第32号

2000年9月

*Japanese Association
for
Mathematical Biology*



故松宮義晴先生

The late Professor Yoshiharu Matsumiya
(1948-2000)

松宮義晴先生のご逝去を悼む

数理生物学懇談会会員、東京大学海洋研究所教授松宮義晴先生は2000年4月6日午後10時、心不全のため東京都において急逝されました。享年は51歳でした。

先生は、1948年(昭和23年)4月12日東京都にお生まれになり、1971年東京大学農学部水産学科を卒業し、大学院に進まれました。東京大学海洋研究所では田中昌一先生のご指導のもと、資源解析学の研究に勤しみ、1975年に東京大学大学院農学研究科博士課程中退の後、同年長崎大学水産学部助手、1980年同助教授、1987年東京大学海洋研究所助教授、1990年三重大学生物資源学部教授を経て、1994年より東京大学海洋研究所教授となりました。

先生は、水産資源学の研究に終始専念され、学位論文「東北・北海道沖の南下サンマの資源動態」の内容は、現在でもサンマの資源動態を解明するために用いられています。この業績に対して、昭和54年度日本水産学会賞(奨励賞)を受賞されました。また先生は、日本水産学会や水産海洋学会において各種委員を歴任され、日本における水産学の発展に尽力されました。

先生は、長崎大学時代には、沿岸資源評価手法に対して顕著な業績を挙げられました。東京大学海洋研究所に移られてからは、ベイズ統計理論、最尤法、AICといった統計手法を水産分野へ導入されました。また、産卵親魚保護に重点を置いた資源管理手法を提言されました。産卵親魚保護のための資源管理方策を具体的に記された著書「水産資源管理概論」(日本水産資源保護協会)は、水産資源管理実務者に広く利用されています。近年は、資源学に取り組もうとする人を対象とした著書「魚をとりながら増やす」(ベルソープックス、成山堂)の執筆に、お亡くなりになる直前まで心血を注がれていらっしゃいました。

先生は、生態学分野の研究者とも親交が広く、先生のお導きにより水産学以外の生態学分野から水産資源学分野に参入された研究者も少なくありません。何事にも手を抜かない先生は、研究はもちろんのことアユの友釣りやプロ野球の観戦にも大変な熱の入れようであったとお聞きしております。平素から「グズとクズは嫌いだ」とおっしゃり、常に全速で研究の発展に取り組まれていた先生が、人生も全速で駆け抜けられました。あまりにも早すぎる死が、悔やまれてなりません。

今後、残された私たちは、先生の遺志を継いで水産資源の持続的利用をより堅実に行うために、努力を重ねていかなければならないと決意しています。

ここに松宮先生のご功績をたたえ、謹んで哀悼の意を表します。

(松石 隆、北海道大学大学院水産科学研究科)

東君の突然の死を悼む

中島久男（立命館大・理工）

京大大学生態学研究センターの東正彦教授は、今年の3月27日に研究調査のため訪れていたメキシコのバハ・カルホルニア沖のカルホルニア湾で、ボート事故のため還らぬ人となってしまいました。彼は、同じセンターの安部教授と中野助教授とともに、Food web の研究で有名な Dr. Polis のフィールドがある島を見学し、その帰路にこの事故に遭ったのですが、3人の日本人と Dr. Polis を含む計5名の命が失われるといった、悲惨な事件となってしまいました。

東君は、京都大学理学部生物物理学科を卒業したのち大学院に入学し、数理生物学研究室（寺本研）で修士時代を過ごし、そののち、New York State University に留学して Klir 教授のもとでファジー理論に関する論文で学位を取り、さらに、Georgia University の Institute of Ecology で、ポスドク時代を Patten 教授のもので過ごし、ここでは、生態系の間接効果の理論的な研究を進めてきました。日本に帰国後は、学振の研究者として、京大の寺本研究室に戻り、その後、龍谷大学の理工学部の助教授となり、さらに新設された、京都大学の生態学研究センターに変わられ、現在に至っていました。

彼の研究は、数理生態学の分野になりますが、興味の根幹は、生態系をシステムとしてとらえ、これまで生態学で提唱されていたさまざまな法則や知見を、数学的な理論を用いてその内容を深めていこうとするものでした。そのために、生態系をエネルギーや物質の流れの系としてみる、旧来のシステム生態学と、生態系や群集を相互作用系としてみる個体群生態学の統合を推し進めようとしていました。特に彼が最近精力的に取り組んでいた問題は、生態系のエネルギーと物質の流れを、特に炭素とその他の栄養物質（例えばリンや窒素）とのバランスが生態系の振る舞いをさまざまな側面から支配しているというものでした。陸系における分解者としてのシロアリの進化などや、水界における分解者をベースとする食物網であるマイクロビアル・ループの構造の問題に特に注目していました。さらに進化生態学についても、強い関心を持っており、擬態や種分化に関する素晴らしい業績も残しています。

彼は、数理生態学懇談会の会員であり、初期のころは懇談会の会合によく出席していましたが、最近はあまり顔を出さなくなってしまいました。これは、彼がしなければならなかった所謂雑用が飛躍的に多くなった事情のためで、彼の持つ旺盛な好奇心からすると、これはちょっと残念なことと思っております。ですから若い会員の方々は、彼との面識がない方も多いかもかもしれません。

わたしは、彼のアメリカ滞在の最後の年から共同研究を始めたのですが、同志社大学の川崎さんと2人で彼の家に1ヶ月程滞在したことがあります。家族の方々は既に日本に帰っておられていて、男3人の共同生活を送ったことになります。彼の車は、8気筒の超大型の車で、ゆったりとしたスペースと走行性を持つ乗り心地のよいもので、その車でいろいろなところに連れていってもらいました。しかし一方で、彼は根っからの方向音痴で、隣に乗っていていささか心配なこともありましたが、彼は悠然としていて、方向を取り違えても慌てず騒がず落ち着いたものでした。仕事上の議論では、いろいろなことをきっちりと詰めていくのですが、実生活の上では以外とゆったりとした側面も持っていました。

その翌年、今度は寺本先生と彼と私の3人で2週間ほどのアメリカ旅行をしました。Georgia では Patten さんの自家用飛行機に乗せてもらったり（東君は、何かの理由をつ

けて乗りませんでした)が、New York 州立大学に大久保先生を訪ねたり、Washington DC では寺本先生の留学時代の友達の家を訪問したり、盛りだくさんのスケジュールでしたが、そんな中で、私にとっては研究の話題以外のことでは、寺本先生と身近に話をする事が出来た最後の機会ではなかったかと思えます。いまも、寺本先生が作られた「新しい研究の目を育む会」という若手研究者の海外渡航を援助する会がありますが、この会を作ることにつては、このときした話が元となっています。この旅行で私が気づいたことは、東君は寺本先生を、研究者としてかつ 1 人の人間として深く尊敬してるということでした。このことは、その後、大学院の学生を持ってからもその指導の中で滲み出ていました。そして、学生さんからもいろんな意味で彼は尊敬されていました。寺本先生がなくなられた後も、この旅行の良き思い出を彼と何度か話合ったことがありました。

東君は、京都大学生態学研究センターを設立するときの、実質的な検討作業を行うにあたっての中心的な役割を持った人たちの 1 人ですが、現在は、彼の持っていた考えにより近いものとしての新たな研究所を設立する作業が進行していて、その中心的な役割を担っていました。その見通しが付いた矢先の彼の突然の死となったわけですが、彼の無念さを感じずにはおられません。わたしは、彼が研究者として素晴らしい業績を上げることできるが、起業家としても成功するのではないかとひそかに思っていました。この計画のような、日本の生態学の質を高めかつ、新たな環境問題を真正面から扱う研究者の集団を組織するといった偉大な作業を遂行できるのは、現在の我が国では彼が最も適しているはずですが、しかし、悲観ばかりはしておりません。彼の蒔いた種は、若い研究者に着実に受け継がれており、今後、この分野は飛躍的な発展を日本でも遂げることができると確信しております。きっと、彼も何かにつけて応援してくれているはずですが。

最後に、東正彦君のご冥福を心からお祈りいたします。

ハミルトンさんの死を悼む

佐々木顕
九州大学理学部

今年の2月14日のことだった。「ビルの容態は昨日からほとんど変化なし (Little change in Bill's condition yesterday. Mary and family)」という1行メールが突然舞い込む。メアリーさんというのはW.D.Hamiltonさんのお姉さんのことである。容態？ ハミルトンはそろそろコンゴから帰るころだが、コンゴで何かあったのだろうか？ また反乱軍兵士との間でトラブルがあったのか？ 問い合わせのメールの返信が来るまでの間さまざまな憶測が頭をめぐる。ようやく届いた返信には予想外の単語が並ぶ。マラリア感染、突然の出血、手術、意識不明？ それからの1ヶ月は悪夢のような日々であった。意識回復の何かの役に立てばとロンドンに旅立つ。しかしそれもむなしく帰国して数日の後、3月7日、ロンドンのミドルセックス病院で、ウィリアム・ハミルトンさんは3人の娘さんらに見守られて亡くなった。最後まで意識は完全には戻らなかった。もうあれから半年も経つのに、いまだに彼の死に納得できない。彼は頑強だったはずだ。生コン満載の手押し車を押して坂道を駆け上っていたのは去年の夏のことだ。オックスフォード大学動物学教室の4階の部屋からいつも階段を1段とびで一気に駆け下りていた。ジャングルの野営など日常茶飯事だったはずだ。あれはマラリアの症状ではないぞ。大学病院のスタッフはいったい何をしてるんだ。私は当たり散らしたい気分になる。たかがここ数年共同研究をただけなのに、常軌を逸していると自分でも思う。しかし、そうせざるを得ない魅力がハミルトンさんにはあったのだ。

Times 紙、Guardian 紙などにハミルトンさんゆかりの科学者による追悼記事が並ぶ。すこし遅れて、Nature 誌、Science 誌にも。「ダーウィン以来の最大の進化生物学者」、「遺伝子の眼から進化を見据えた理論家」といった様々な賛辞とともに人柄を伝えるエピソードが必ず添えられている。多くの記事から、おざなりの追悼文にはない執筆者の思い入れが伝わってくる。そう、これを書いた人たちはみな「自分こそがハミルトンの最大の理解者、ハミルトンファンだ」と思っているのだ。会う人々をして「自分は今20世紀最高の知性と接しているのだ」と思わせる魅力を持つ人はそうはいないだろう。ハミルトンさんはそれを持っていたと思う。特に、著名な科学者にありがちな思い上がりや鼻につく雄弁さとこれほど無縁な人はいないという方だったから、余計そう感じさせるのかもしれない。

私が研究らしきものを開始した1980年代の中頃は、すでにハミルトンの血縁淘汰説、異常性比理論などが日本を含めて進化生物学を席卷した後であった。ドーキンスの本などでその革新的理論の洗礼を間接的に受けていた我々の世代は、これらの理論を当たり前のこととして受け取っていた。当時話題になり、また論争の的になっていたハミルトンの論文はHamilton & Zukの性淘汰と寄生虫感染との関連を論じたものである(*Science* 218:384-387, 1982)。一読して「面白いが、かなり危ないな」と感じたのを覚えている。危ないというのは鳥の羽の色の鮮やかさを予備知識を持たない第三者に評価させるという「質問紙方式」を採用したりして、生物学の論文として型破りのデータ解析法を用いた点にある。このHamilton-Zuk説は現在にいたるまで「面白いが怪しい」というステータスを維持しており、この話題に関して大量の論文が書かれてい

る。これもたった一本の論文が新しい分野を開くというハミルトン論文の典型と言える。

これと前後して、ハミルトンの理論らしい理論の論文として最初に読んだのが *Oikos* 誌掲載の「性と無性とパラサイト」(*Oikos* 35: 218-290, 1980)である。1984年頃、松田博嗣・山村則男両先生が始めた Graham Bell の *The Masterpiece of Nature* の輪読に加わっていた私は、性の進化の赤の女王仮説についてのひととおりの知識は持っていたが、ハミルトンの原論文はまだ読んでいなかった。変動環境のもとでの組み換え率進化の理論について生まれて初めての学会発表をした際に、当時京都大学にいた原田泰志氏から「これは面白いで」と薦められたのが、この論文である。これこそが性の進化の病原体仮説の原点と言えるものであり、非常に明晰で示唆に富む論文であった。ホストの各遺伝子型を特異的に攻撃するパラサイトが、ホスト遺伝子型頻度の自律振動を引き起こし、これが性と組み換え（と2倍体におけるメンデル分離）を有利にさせることを示す鮮やかな解析に私は夢中になった。この頃、Hamilton & May の一定環境における移動分散の論文(*Nature* 269: 578-581, 1977)も読んだが、これも見事な理論であった。ハミルトンの論文は難解であるという風説をよく聞かされたものであるが、何かの間違いではないかと思った（後に血縁淘汰の原論文を見たり、また論文を共同執筆する際に納得したが）。Axelrod & Hamilton (*Science* 211: 1390-1396, 1981) は互惠的利他行動の進化を囚人のジレンマゲームという切り口で解析し、一世を風靡した名論文であるが、私はこの論文の Applications の部分に多大な影響を受けた。エイズウイルスが長い潜伏期を持つことの適応的意義について思いを巡らせているときに、この論文の日和見感染に関する一節を読み、宿主体内の病原体の増殖戦略の理論という形でこの問題に答えられることに思い至った思い出深い論文である。

ハミルトンが発表した論文の総数は少ない。しかし発表される論文のほとんどがメガヒット論文であり(*Journal of Theoretical Biology* に掲載された血縁淘汰の論文の引用回数は数千を超えている)、進化生物学に激震をもたらしてきた。1980年代中頃までは次々とテーマを変えた論文を世に送り出してきたハミルトンだが、1980年代後半からは性の進化にほぼテーマを固定していく。ついにライフワークを見つけたというより、この問題に予想以上にてこづいたというのが当たっていると思う。ひとつの転機は May と Anderson による *Oikos* 論文批判である。当時、伝染病動態の研究をトレンドとして定着させるのに成功した May と Anderson にとって「病原体こそが性を進化させた」というハミルトンの *Oikos* 論文が興味を引かないはずがない。彼らはホストパラサイトの頻度動態に関するハミルトンモデルを伝染病動態の上に乗せて、性の進化条件を探る。得られた結果は否定的であった。2倍のコストを超えて性が進化するためには感染による致死率が99%を超えなければならないなどの厳しい条件が導かれる(*Proc. R. Soc. Lond. B* 219: 218-313, 1983)。この結果はハミルトンの直感に著しく反するものであった。この批判に対するハミルトンの解答が1990年のホスト・パラサイト遺伝子型適合モデル、PNAS 論文 (Hamilton et al., *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 87: 3566-3573) である。ホストとパラサイト間の相互作用に関わる遺伝子座の数を十分多くし、また両者に閾値淘汰が作用するとき性がロバストに有利になることを個体ベースモデルのシミュレーションで示したものである。この論文でハミルトンは血縁淘汰論文と同様の生みの苦しみを味わう。Nature にまる1年をかけた revise ののちに掲載を拒否され、Proceedings of Royal Society から拒否され、ようやく PNAS に掲載される。

1989年京都国際会議場の庭で、私を見つけて近づいて来たハミルトンさんはいきなり論文のプレプリントを差し出し、これを最近書いたのだから見てくれないかと言った。これがいわゆるのPNAS論文であった。それまで数回、その他大勢とともに会っただけだったので、正直いって私を覚えていたことに驚いたが、少し前に掲載された組み換え率進化の論文を気に入っていたらしい。このPNAS論文は、性の進化の病原体説(赤の女王仮説)を代表する論文として受け入れられていくのだが、1990年に横浜で開かれたINTECOLの参加者のなかにNatureに投稿されたハミルトンの原稿を審査した人がいて、rejectの理由を話してくれた。モデルが複雑すぎて、どの要因が効いているのか分からないというのである。これはそのまま私の感想でもあった(あるいは自分の感想と一致する理由だけを覚えているのかもしれない)。ともかく、PNAS論文は大きなインパクトを与えていたが、理論自身に私は不満だった。そしていつしか、この問題に関してハミルトンと共同研究をしなければという思いが強まっていった。しかしその後私はノースキャロライナに移り、性の進化とは離れた研究に没頭することになる。

幸い嶋田正和氏を中心とする英国との国際学術交流の資金援助により、1995年頃から年に一回ほど短期英国出張ができるようになった。英国出張の際には必ずオックスフォードのハミルトンを訪れ、時期をうかがっていた。1998年の夏ついにオックスフォードに3ヶ月の滞在の機会が得られ、共同研究を開始した。最初は遺伝子型適合モデルを空間構造に拡張するという地味なテーマであったが、試しに移動分散を大域的にしてみたところから、ペースメーカ現象や領域分割されたスパイラルなどの驚くべき発見があいつぎ、研究は興奮の連続であった。ぜひNatureに投稿しようということになり、1999年夏に論文の仕上げのためにオックスフォードを再訪する。この時、皆既日食を見に訪れたコーンウォールの朽ち果てた教会の廃墟の壁に、スパイラルをなす地衣類を発見して喜んでいたハミルトンさんの姿を忘れることができない。理論の研究としては1998年の時点で完成していたが、理論だけで終わらずにフィールドのデータを加えようというハミルトンさんの意見を入れ、オックスフォードの若い学生Francisco Ubedaを加えてミジンコや大腸菌クローンのデータの解析を開始する。また理論的にももっと一般化させようということで、ニューカレッジの昼食のテーブルで「ひっかけた」理論物性物理学の教授とも共同戦線をはる。最初の論文はNatureからリジェクトされたが(ハミルトンはNatureの生物学担当編集委員とはPNAS論文の頃から全くウマがあわないとぼやいていた)、ハミルトンのコンゴ旅行からの帰りを待って次の投稿先を決めようということになっていた。そんなときにこの「事故」が起こったのである。

ハミルトンさんの論文を読むと、さまざまな研究のアイデアが沸き上がってくる。直接引用してなくても、ハミルトンの論文をきっかけにした研究はいったいいくつあるのか見当もつかない。しかしハミルトンさん自身は何からその独創的な理論の着想を得ていたのだろうか? 初期の理論のアイデアがダーウィンやフィッシャーの古典を読んで、疑問点を妥協を許さず考え抜いたところからでてきたということは彼の自伝*Narrow Roads of Gene Land*から分かる。しかしその後のアイデアのほとんどすべてはフィールドでの観察から得たのである。オックスフォード近郊のワイサムの自宅は、フィールドで得た「戦利品」であふれかえっていた。そこはまるで資料整理中の博物館別館のようであった。何気なくガラクタ然と置いてあるひとつひとつの物を手にとって尋ねると30分は面白い話を聞くことができた。あれだけの「標本」に囲まれ、

また毎年アマゾンやアフリカに出かけていくハミルトンさんにアイデアのつきることはなかっただろう。ハミルトンさんは、思いついたことをこちょこちょと手書きのカードに書きためていた（最近ではEndNoteのnote欄に）。整理中の膨大なカードの山を見たことがある。そこには本当にたくさん
のアイデアがつまっているだろう。いつの日か、誰かがこれを整理して、公開してくれることがあるだろうか。

第10回数理生物学シンポジウム プログラム

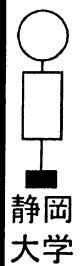
開催日時	2000年10月12日(木) - 14日(土)
開催場所	静岡大学工学部佐鳴会館、システム工学科 〒432-8561 浜松市城北3-5-1
URL	http://bio-math10.biology.kyushu-u.ac.jp/~jamb/sympo10.html

第1日目 12日(木)	9:00-12:00	オーガナイズドセッション1	佐鳴会館 会議室
	13:00-15:20	一般講演(1-7)	
	15:30-18:30	オーガナイズドセッション2	
	18:30-19:00	数理生物学懇談会総会	
第2日目 13日(金)	9:00-12:00	オーガナイズドセッション3	佐鳴会館 会議室
	13:00-15:30	ポスターセッション	
	16:00-18:00	Nowak記念講演	
	18:30-	懇親会	未定
第3日目 14日(土)	9:15-10:15	一般講演(8-11)	佐鳴会館 会議室
	10:25-11:40	一般講演(12-16)	
	12:40-14:25	一般講演(17-23)	システム工学科 3階A31教室
	14:35-16:05	一般講演(24-29)	
	16:15-18:00	一般講演(30-35)	

至気賀



新幹線・東海道線 浜松駅より
 駅前バスターミナル（遠鉄バス）
 ・15番のりば：40, 43, 44, 45, 47番バス
 ・16番のりば：41, 46, 48番バス
 のいずれかで、
 「六間坂上」または「静岡大学」下車
 浜松駅から約12分



静岡大学

正門

守衛室

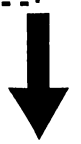
駐輪場



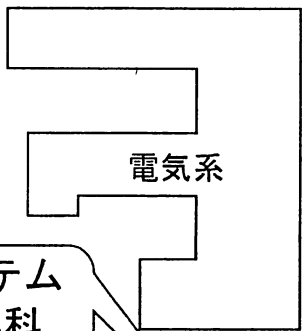
プール



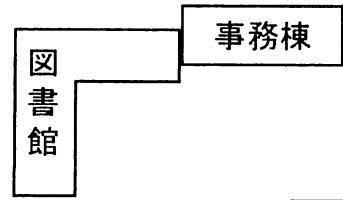
六間坂上



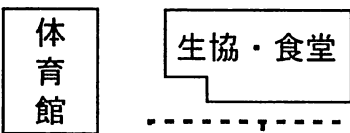
至浜松市街



システム工学科



合同棟2号館



武道場



サテライトベンチャービジネスラボラトリ

南門

第10回数理生物学シンポジウム 総会議案

数理生物学懇談会事務局長 竹内康博

議題

1. 次期事務局の承認
2. SMBと共催のハワイ会議について
3. 大久保賞選考委員の交代について
4. 若手対象の懇談会賞について
5. 会費納入の訴え
6. その他

承認事項

1. 数生懇10周年記念特集について
2. 会費未納による退会者

第10回数理生物学シンポジウム プログラム

第1日目

10月12日(木) 9:00-12:00 オーガナイズドセッション1 佐鳴会館会議室		
オーガナイザー: 時田恵一郎(阪大) 「大自由度系で行こう！」		
(1)	茶碗谷毅(阪大)	生態系モデルの持つ動力学的特殊性と複雑さ
(2)	時田恵一郎(阪大)	多様性のダイナミクス
(3)	渡慶次睦範(九大)	未定(種の共存、多様性について?)
(4)	横山和成(農水省・北海道農試)	巨大で複雑な系の安定性を計る(土壌微生物系の多様性と構造)

休憩

10月12日(木) 13:00-15:20 一般講演(1-7) 佐鳴会館会議室		
1.	13:00-13:25	松田博嗣(九大・名誉教授), 石井一成(名大・情報文化学部) 進化生物学の一般理論を目指して
2.	13:25-13:50	石井一成(名大・情報文化学部), 松田博嗣(九大・名誉教授) 突然変異スペクトルの集団遺伝学
3.	13:50-14:15	中山功一, 松井博和, 野村由司彦(三重大・工) 動的離隔型GAによる協調行動の獲得
4.	14:15-14:40	青谷浩二(阪大・理) 連想記憶モデルの結合パラメーターの変化による相転移
5.	14:40-14:55	松浦弘幸(政策研究大学院大学), 中野正博(産業医科大) メソスコピック的に見た生物機械(アクチュエータ論)
6.	14:55-15:20	宍戸崇真(阪大・理) 交互に行う囚人のジレンマゲーム

休憩

10月12日(木) 15:30-18:30 オーガナイズドセッション2 佐鳴会館会議室		
オーガナイザー: 中丸麻由子(静大・工), 加茂将史(九大・理) 「数理モデルの人間行動進化研究への挑戦」		
(1)	中丸麻由子(静大・工) 加茂将史(九大・理)	はじめに
(2)	渡邊席子(北海道武蔵女子短期大学教養学科)	交換状況の相違が相互協力達成に及ぼす影響に関する 一考察 一コンピューター・シミュレーション研究一
(3)	岡本暁子(京大・霊長類研)	The evolution of punishment and apology: an iterated prisoner's dilemma model
(4)	中丸麻由子(静大・工) 佐々木顕(九大・理)	Can transitive inference evolve in animals playing hawk-dove game?

(5)	加茂将史(九大・理)	Cognitive mechanisms and out of equilibrium evolution
コメンテーター: 櫻森 与志喜, 井上聡, 神原武志(電通大)		
「間接的な相互依存性の進化における評判調査の役割は、社会の経済状態に依る」		

10月12日(木) 18:30-19:00 数理生物学懇談会総会 佐鳴会館会議室

第2日目

10月13日(金) 9:00-12:00 オーガナイズドセッション3 佐鳴会館会議室

オーガナイザー: 梯正之(広大)		
座長(司会): 稲葉寿(東大)		
「免疫系のダイナミクス」		
(1)	梯正之(広大)	イントロ的話題提供
(2)	Martin Nowak (Princeton大)	Virus dynamics and immune memory
(3)	佐々木顕(九大)	Viral dynamics and phylogeny -- a finite site model for viral evolution. ウイルスの宿主内抗原ドリフト進化--有限抗原サイトモデル
(4)	加茂将史(九大)	A neural net forecasting of the viral subtype dynamics: the enterovirus and the influenza virus. ニューラルネットモデルを用いたエンテロウイルス抗原型流行予測

休憩

10月13日(金) 13:00-15:30 ポスターセッション 佐鳴会館

P1.	難波利幸, 山下典子(大阪女子大・理)
	パッチ状環境における食物連鎖
P2.	岩田益直, 中島久男(立命館大)
	捕食者除去実験における被食者への未知種の影響
P3.	安藤修一, 嘉嶋康彦, 吉村仁(静大・工)
	ミジンコの初期クラッチにおける卵サイズの適応について
p4.	大西耕二(新潟大・理)
	階層社会形成に基づく生物機械の起源と進化: 記号システムの創成とその認知生物学的意義
P5.	中村友樹, 泰中啓一, 竹内康博(静大・工)
	絶滅プロセスの多様性
P6.	寺沢直高, 泰中啓一(静大・工)
	スケールイーターにおける競争・共生関係
P7.	稲葉 寿(東大・理)
	Roughgarden-Iwasa-Baxterのopen marine population model について
P8.	中桐斉之(茨城大・理), 泰中啓一(静大・工)
	導入種による新しいバランスの形成
P9.	佐藤一憲(静大・工), 清水昭信(名古屋市大・自然科学研究教育センター)

	生息地破壊を受ける個体群に対する絶滅待ち時間の漸近的挙動
P10.	小中弘幸, 佐藤一憲(静大・工) 空間構造を持つ集団の系図学
P11.	三宅健夫, 佐藤一憲(静大・工) メタ個体群動態に与える生息地破壊の効果
P12.	藤吉貞和, 佐藤一憲(静大・工) ネットワークモデルによる伝染病伝播のダイナミクス
P13.	森雅弘, 嘉嶋康彦, 吉村仁(静大・工) 変動環境における個体群成長率の確率分布の最適性
P14.	藤木誉行, 嘉嶋康彦, 吉村仁(静大・工) 環境ホルモンのダメージを考えた資源管理モデル
P15.	水谷昭弘, 嘉嶋康彦, 吉村仁(静大・工) 生命表による個体群モデルの数値解析: 密度依存と環境ホルモンのダメージ
P16.	鈴木泰博(東京医科歯科大), 高林純示(京大), 田中 博(東京医科歯科大) 植物-食植者-捕食者 3者相互作用系
P17.	山下龍巳, 嘉嶋康彦, 吉村仁(静大・工) メキシカン・ジェイの長期的な繁殖データと気象要因の相関について
P18.	武田裕彦(九大・理) 三権分立を合衆国憲法制定での recapitulation としてとらえる
P19.	阿部孝行, 竹内康博(静大・工) HIV免疫モデルの解析
P20.	水嶋孝久, 嘉嶋康彦, 吉村仁(静大・工) 環境ホルモンと未来の日本の人口推移
P21.	馮波, 竹内康博(静大・工) Stability Analysis of a Stage-structured Time-delay Model
P22.	榊原宏達, 竹内康博(静大・工) 海洋性バクテリオファージの感染についての時間遅れモデルの解析
P23.	今隆助, 竹内康博(静大・工) 進化が宿主-捕食寄生者系の安定性に与える影響
P24.	吉田慶二(阪大・理) Cyathopharynx furciferにおけるマウンド獲得戦略
P25.	伊藤悠, 泰中啓一, 大岡直人, Tomoyuki Sakata(静大・工) 囚人のジレンマにおける格子モデル: ALL C 有利のシミュレーション
P26.	塚本龍治(阪大・理) アミメハギの産卵行列における最適戦略
P27.	海野智哉, 宮崎倫子(静大・工) 宿主-捕食寄生者系における寄生者の侵入可能性
P28.	田尾知巳(静大・工) アリの採餌行動に関するシミュレーション
P29.	佐藤由紀, 中島久男(立命館大・理工), 高村典子(国立環境研) 十和田湖におけるヒメマスとワカサギの動態
P30.	川崎廣吉(同志社大・工), Sergei Petrovskii, 高須夫吾, 重定南奈子(奈良女大・理) 3種競争系 Lotka-Volterra モデルの時空間パターンと進行速度
P31.	中垣俊之(理化学研究所), 山田裕康(北大・電子科研)

	粘菌の管ネットワークの形態形成
P32.	吉川恵健 宿主-寄生者ゲーム力学系における共生状態の遍歴現象
P33.	田中孝之, 竹内康博(静大・工) 抗原の多様性に関する閾値の安定性解析
P34.	小柴新子(奈良女大・理), 瀬野裕美(広大・理) 未感染媒介体の不均一分布下における伝染病流行様式に関する確率過程モデル解析
P35.	吉田憲由, 竹内康博(静大・工) 生物学的脱窒反応器の数学的解析
P36.	西村信一郎(通産省工業技術院) 捕食者におけるアテンションダイナミクス
P37.	Inn-Sil Kwak, Mi-Young Song, Tae-Soo Chon (Division of Biological Sciences, Pusan National Univ.) Computational Patterning on the Activity and Locomotion of <i>Chironomus flaviplumus</i> (Chironomidae) in Response to Sub-Lethal Treatments of Insecticide in Semi-Natural Conditions
P38.	Tae-Soo Chon, Inn-Sil Kwak (Division of Biological Sciences, Pusan National University), Tae Hyung Kima, Yoo Shin Kima (Division of Electronics and Computer Engineering, Pusan National University) Patterning and Prediction of Community Changes by Using Time-Delay Artificial Neural Networks
P39.	国松俊彦, 今野紀雄(横浜国大・工) 確率セルオートマトンへの超離散化

休憩

10月13日(金) 16:00-18:00 Nowak記念講演 佐鳴会館会議室		
(1)	David Krakauer (Princeton大)	Dynamical insights into the genetic code: parasitism, redundancy and termination
(2)	Martin Nowak (Princeton大)	The Evolution of Language

10月13日(金) 18:30- 懇親会

第3日目

10月14日(土) 9:15-10:15 一般講演(8-11) 佐鳴会館会議室		
7.	9:15- 9:30	昌子浩登, 望月敦史, 巖佐庸(九大・理) 近藤滋(徳島大・総合科学) 魚の体表模様形成モデル: 縞の方向が一定方向にできるための異方的拡散
8.	9:30- 9:45	望月敦史(九大・理) 細胞系譜の新しい解析法 - 実際の生物への応用 -
9.	9:45-10:00	前田卓哉(立命館大・理工)

		Model of Differentiation in Embryogeny
10.	10:00-10:15	遠矢周作, 望月敦史, 巖佐庸(九大・理) 魚類錐体モザイク形成の種間での多様性を理解する数理モデル

休憩

10月14日(土) 10:25-11:40 一般講演(12-16) 佐鳴会館会議室		
11.	10:25-10:40	岩永亜紀子, 佐々木顕(九大・理) 細胞質伝達の直線順位の進化
12.	10:40-10:55	黒沢元, 望月敦史, 巖佐庸(九大・理) ショウジョウバエ概日時計の数理的研究:リズムが出現する条件
13.	10:55-11:10	首藤絵美, 巖佐庸(九大・理) 生体防御:応答時間・効果・コストの異なる2つのシステムへの最適分配
14.	11:10-11:25	原田耕治(東大・総合文化) 免疫ネットワークシステムにおける免疫記憶の動的実現
15.	11:25-11:40	木崎伸也(中大・理工), 仲矢史雄, 本川達雄(東工大・生命理工) 生物のサイズスケーリング -代謝の3/4乗則を示すモデル-

休憩

10月14日(土) 12:40-14:25 一般講演(17-23) システム工学科棟3階A31教室		
16.	12:40-12:55	林俊一, 今野紀雄(横浜国大・工) 1次元コンタクトプロセスに対するHolley-Liggett 法の拡張
17.	12:55-13:10	小林正和(横浜国大・工), 佐藤一憲(静大・工), 今野紀雄(横浜国大・工) 3状態伝染病モデルの相図・相関不等式
18.	13:10-13:25	江川徹(横浜国大・工), 佐藤一憲(静大・工), 今野紀雄(横浜国大・工) 捕食者-被食者系の共存-非共存
19.	13:25-13:40	小暮将規 ¹ , 関根雅人 ¹ , 香取眞理 ² , 今野紀雄 ¹ (横浜国大・工 ¹ , 中央大 ²) パーコレーションにおけるピポタルボンドの空間分布に対する方向依存性
20.	13:40-13:55	So Hyun PARK (Division of Biological Sciences, Pusan National University), Sang Dong LEE (Department of Physics, Pusan National University), Tae-Soo CHON (Division of Biological Sciences, Pusan National University) Implementation of Cellular Automata for the Diffusion with Species Interaction
21.	13:55-14:10	丸山公孝(阪大・理) 二種類の伝染病と季節変動

22.	14:10-14:25	川口勇生, 佐々木顕(九大・理) Zooprophilaxis and the insecticide resistance -- an evolution-free control of vector-born parasites.
-----	-------------	--

休憩

10月14日(土) 14:35-16:05 一般講演(24-29) システム工学科棟3階A31教室		
23.	14:35-14:50	山本智, 嘉嶋康彦, 吉村仁(静大・工) ミューラー擬態によって競争種の死亡率が相互減少する。
24.	14:50-15:05	泰中啓一, 山下智弘(静大・工), 伊藤栄明(統数研) 爆発的種分化のモデル
25.	15:05-15:20	岩花薫(奈良女大・理), 瀬野裕美(広大・理) 性転換を伴う生物個体群の存続性に関する数理モデル解析
26.	15:20-15:35	布谷宏美(奈良女大・人間文化), 川崎廣吉(同志社大・工), 高須夫悟(奈良女大・理), 富樫一巳(広島大・総合科学), 岸洋一(東京農工大・農), 重定南奈子(奈良女大・理) マツ枯れ病の空間的伝播 —マツノマダラカミキリの飛翔距離分布と伝播速度—
27.	15:35-15:50	杵崎のり子(奈良女大・人間文化), 高須夫悟(奈良女大・理), 川崎廣吉(同志社大・工), 重定南奈子(奈良女大・理) 帯状分断環境における侵入生物の伝播速度
28.	15:50-16:05	大澤恭子(奈良女大・人間文化), 高須夫悟(奈良女大・理), 川崎廣吉(同志社大・工), 重定南奈子(奈良女大・理) 干渉競争系における攪乱の種多様性に及ぼす影響

休憩

10月14日(土) 16:15-18:00 一般講演(30-35) システム工学科棟3階A31教室		
29.	16:15-16:30	守屋圭子(奈良女大・人間文化), 高須夫悟(奈良女大・理), 川崎廣吉(同志社大・工), 重定南奈子(奈良女大・理), 小笠原母島におけるアノールトカゲの分散モデル
30.	16:30-16:45	青田容明, 中島久男(立命館大・理工) 物質循環を考慮した植物プランクトン-バクテリア系における種間 関係の数理的解析
31.	16:45-17:00	向草世香(九大・理), 酒井一彦(琉球大), 巖佐庸(九大・理) 固着性生物の空間占拠と共存のメカニズム
32.	17:00-17:20	若野友一郎(京大・生態学研究センター) 両性類の共食いにおける、最適成長戦略の進化ダイナミクス
33.	17:20-17:45	高橋亮(東大) 適応の構造
34.	17:45-18:00	玉谷愛(奈良女大・人間文化), 高須夫悟(奈良女大・理), 重定南奈子(奈良女大・理) 量的形質を巡る宿主・寄生者の共進化モデル

Dynamical peculiarity and intricacy in ecological model equations

Tsuyoshi CHAWANYA
Graduate School of Science, Osaka University

Replicator equation is known as one of the most simplified models of ecological systems. Though the model equation is simplified — using only the population and its growth rate of each species —, it still preserves some basic features of the systems of self replicative elements. One of the specific features of this system is the existence of ‘robust’ invariant hyperplanes that correspond to set of zero population states of certain species. This feature is quite generic in the sense that it is irrelevant to the detail of model, and some interesting dynamical structures are induced by it.

Main subject of this talk would be phenomena related to one of such dynamical structures, “networks of heteroclinic orbits”. While such a network consists of some unstable invariant sets (e.g. fixed point) and orbits connecting them, the network as a whole can be stable in various sense, and the network deeply affects the behavior of the system in typical cases.

The trajectories in the neighborhood of such network corresponds to a kind of oscillatory behavior with extremely large amplitude and long period: a certain set of species decrease until they are seemingly extinct, but they recover after a certain period and instead another set of species fade out. Such alternation of species continue forever.

Close analysis on such phenomena revealed a mechanism that a microscopic difference in the initial condition or system parameters makes qualitative changes in the behavior of the system such that whether a certain species would die out or not. I’d like to discuss the relation between the intricacy of the large scale ecological model system and some fundamental concepts used to extract relevant features of the behavior of the systems.

Dynamics of diversity: Take the "A" train to the realm of biodiversity

Kei Tokita*

*Large-scale Computational Science Division
Cybermedia Center, Osaka University*

According to one theory, human beings have wiped out animals and plants, the scale of which is comparative with the KT mass extinction at the end of the Cretaceous period, and what is worse, we have very little knowledge on conservation and recovery of biodiversity. Why are large and complex ecosystems, e.g. in tropical rain forests or in coral reefs, formed and maintained stably although even a three dimensional Lotka-Volterra equation connotes instability that causes chaos in some cases? In this talk at the organized session *Take the "A" train to the realm of biodiversity*, theoretical approaches to those problems are briefly reviewed and some results are presented in the light of the dynamics of diversity which is implemented in the evolutionary equation with extinction, invasion and mutation. The first result concerns the effect of extinction on the so-called replicator equations(RE) for a large number of species with complex interspecies interactions[1]. Introducing the "extinction threshold" of the population density into RE, the nature of a series of extinction is characterized by the "extinction dynamics" where the diversity of species, i.e. the dimension of the equation, is a time-dependent variable. The extinction threshold can be interpreted as a disturbance near very small population or a minimal unit of reproduction of species, the reciprocal of which is the permissible population size. We further discuss a new view on mass extinction in association with a mathematical foundation for the paleontologic theory. In the second result, we consider the "neutral mutation" in RE, where a large, complex and stable ecosystem can be evolved[2] in contrast with the prediction by the random matrix theory[3]. The present model shows: (1) speciation accelerated by high diversity of neutral mutants, (2) fixation of mutants realized by a rapid growth of a group of super-symbiotic mutants, (3) highly symbiotic interspecies interactions, (4) strong invasion resistance, (5) a hierarchical structure of taxon, and (6) a typical pattern of relative species abundance widely observed in nature. Several implications are discussed in connection with symbiosis accelerated by natural selection and the speciation via neutral mutations.

* The author's home page is available at <http://www.wacty.phys.sci.osaka-u.ac.jp/~tokita>

[1] Tokita, K. and Yasutomi, A. Mass Extinction in a Dynamical System of Evolution with Variable Dimension, *Physical Review E*, **60**, 682-687 (1999)

[2] Tokita, K. and Yasutomi, A. Emergence of a complex, symbiotic and stable ecosystem in replicator equations with extinction and neutral mutation, *preprint* (2000)

[3] May, R. M. Will a large complex system be stable?, *Nature*, **238**, 413-414 (1972)

巨大で複雑な系の安定性を計る (土壌微生物系の多様性と構造)

農水省北海道農試畑作研究センター環境制御研究チーム
横山和成

一般的に土壌微生物の土壌中での定量化と群集全体としての機能解析は非常に困難であるとされている。その原因は、DNAの特異的染色剤によって土壌を染色した時、土壌1gの中に10の10乗を越す微生物細胞が観察され、その中には少なく見積もっても千種を越えるが殆ど分類学的未知の多種多様な微生物が存在するが、その殆どは人工培養により系から取り出すことが出来ない。つまり何がどれだけ存在するかが不可知な存在であることからである。このことは、言い換えれば土壌中の微生物は膨大な数存在することは確かだが、群集全体を何がどれだけ存在するかと言う視点で定性・定量的に記述することが不可能な、「見えない」存在であることを意味している。本セッションでは、この見えない群集の客観的評価のために開発した新しい多様性概念(分類群非依存型多様性):群集をその構成者個々に還元するのではなく、構成者を炭素源利用能という表現型情報空間中に再構成したときの空間的広がりとして「見る」試み、更には群集の構造を同様に表現型空間にばらまかれた構成者の分布パターンとして見た時、外的攪乱に対する群集構造の変化様式によって安定性を考察する試みについて紹介する。材料としては、農業上の重要問題である連作障害土壌(長年同一の作物を連続して栽培することにより病害の発生する土壌)、連作障害抑止型土壌(連作しても障害が発生しない土壌)、自然林土壌を用い、これらの土壌細菌群集の多様性を評価した上で、土壌に冷却、物質投入等の物理・化学的攪乱を加え、攪乱の前後に観られる細菌群集の情報空間構造の変化から、群集としての構造安定性を評価した。この結果を用いて、連作障害土壌に見られる病原菌の爆発的増殖を可能にする要因と、逆に抑止型土壌で見られる発病抑制のメカニズムを探ることを目的とした。その結果、土壌細菌群集の安定性には静的な安定性と動的な安定性があり、畑土壌では、森林土壌と比べ微生物群集構造が単純で、外的攪乱後も攪乱前の構造を良く保存する静的安定性を有しているが、自然林土壌に見られる様な、攪乱により群集構造が変化し続ける動的な安定性を失っていることが明らかとなった。この単純さは、病原菌などの侵入や爆発的増殖には明らかに脆弱であった。一方抑止型土壌は、情報空間の構造が攪乱よっても全く変化しない様に見え、構成者間で長期に渡り繰り返された競争関係の果てに行き着いた緊張状態の様な相互作用網ができあがっており、このネットワークが構造の頑健性と排多性を生み出していると考えられた。

「動的離隔型 GA による協調行動の獲得」

-Acquisition of Cooperative behaviors by using Dynamic Separating GA-

三重大学 大学院 工学研究科 機械工学専攻
Graduate School of Engineering, Mie University

中山 功一 松井 博和 野村 由司彦
Koichi Nakayama Hirokazu Matsui Yosihiko Nomura

自然界では、利他的ともとれる協調行動があらわれている。

このような協調行動は、記憶・学習による説明や、血縁淘汰説により説明されてきた。記憶・学習による説明とは、自己に有利な行動をする個体を記憶し、そのような個体のみ協調するものであり、他の個体に対しての優位性が説明できる。血縁淘汰説とは、自然淘汰を遺伝子単位で選択するものであり、親子・兄弟など遺伝的に近い個体同士における協調行動を説明できる。

我々は、遺伝的に無関係で、記憶・学習ができない個体同士における協調行動の獲得を試みる。その中で、個体間の距離を考慮した Dynamic Separating GA (DSGA) を提案した。

DSGA とは、一般的な GA とは異なり、各個体が接触できる個体数に制限がある。一定数以下の個体としか接触できないことで、距離をモデル化したものである。この制限は、個体数に応じて動的に変化する。

まず、囚人のジレンマ問題において、DSGA を適応した。その結果、常に協調行動を選択する遺伝子を持つ個体が、全体を支配することを示した。次に、最適解が混合戦略となるジレンマ状況に DSGA を適応した。その結果、最適な行動選択確率を獲得した。さらに複雑な状況を作成し、DSGA を適応した。その結果、非協力個体の段階的な淘汰が確認できた。これらの選択行動を考察することにより、DSGA の性質を解析した。

一般的な GA に接触個体数の制限を設けた DSGA を使用することで、お互いにとってより良い行動選択が獲得できることを示した。このことから、DSGA が、マルチエージェント系の最適解を探索する際の手法として、選択されることが示された。

連想記憶モデルの結合パラメーターの変化による相転移

The Phase Transition by the Change of an Associative Memory Model's Connectivity

大阪大学大学院理学研究科数学専攻

Department of Mathematics, Graduate School of Science, Osaka University

青谷浩二*

Koji Aoya

I consider an associative memory model which is not fully connected. It is known that the dynamics wanders chaotically (fig.1) if the connectivity is small, and many patterns converge to a cycle of the embedded memories (fig.2) if it is large.

In this study, I try to characterize parameter areas of different dynamic behaviour with statistics. When the connectivity is small, there exist many attractors with small basin. When it is intermediate, attractors with very large period and those with small period coexist. When it is large, the embedded memories are attractors with large basin. (fig.3)

通常の連想記憶で一部だけが結合しているモデルを考える。結合パラメーターが十分小さいとき、ダイナミクスがカオス的にさまよい (fig.1)、十分に大きいときには埋め込んだ記憶 (fig.2) サイクルに落ち込み、いわゆる連想記憶として働くことが知られている。

本研究ではダイナミクスの変化が起こるパラメーター領域を、各種の統計量で区別することを試みた。結合パラメーターが十分小さいところでは、多くの短い周期のアトラクタが存在し、各アトラクタの吸引域は小さく、ある程度大きくなると非常に長い周期と短い周期のアトラクタとが共存する。十分大きいところでは、埋め込んだ記憶が大きなベイスインを持つアトラクタになる。(fig.3)



fig. 2: Twelve embedded memory patterns.

fig. 1: Example of transitions, where the connectivity is 20.

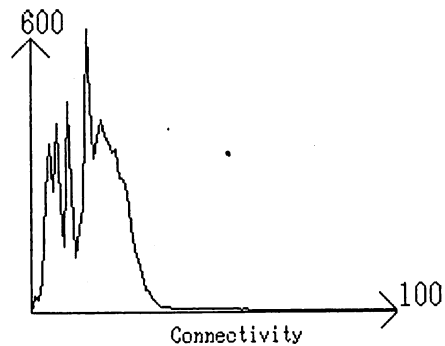


fig. 3: The average of periods.

*aoya@gaia.math.wani.osaka-u.ac.jp

A BIO-MOLECULAR MACHINE AND ACTUATOR FROM THE MESOSCOPIC STANDPOINT

HIROYUKI Matsuura*, MASAHIRO Nakano**

*National Graduate Institute for Policy Studies

**University of Occupational Environmental Health

In our macroscopic world, an mechanical efficiency of energy and works becomes bad as its size becomes smaller. Because, much of energy supplied for our macro-machine is wastefully abandoned without being converted into the effective works. This evidence means that every machine(i.e. bio-machine, macromachine) has the appropriate structural size or energy scale working efficiently. Moreover, we have analytically showed that the protein or bio- tissue, which had an appropriate stiffness or softness, was much suitable for biological structural materials in order to construct the biological actuators[1]. It is another serious problem that the thermal noise, fluctuation, prevents the operation of machine when we attempt to promote the machine' minute-ization of its. If we would like to improve these serious troubles, the molecular machine, which takes advantage of thermal noise, should have the elastic body and structure breaking the symmetric thermal surroundings, (i.e. thermal equilibrium), and we should establish the open stationary and dissipative state between the molecular machine and outer surroundings. The one powerful method is a utility of stochastic resonance(SR) and our model(SIRM, Stochastic Inclined Rods model) , and we have already showed that the efficiency of SIRM have been improved as well as that of natural actin myosin system as shown in our papers[2]-[4]. The second way breaking the thermal balance is the method using the asymmetric tunnel effect of an electron and the fluctuation dispersion relation. If molecular machine has the asymmetric potential, the different tunnel current generates in its body and electric circuits. The value of current is expressed as

$$\Delta T = \frac{4E(E - V_1)}{4E(E - V_1) + V_0^2 \sin^2 kl} - \frac{4E(E - V_2)}{4E(E - V_2) + V_0^2 \sin^2 k'l}$$

, and in the case of more micro scales:

$$T = \exp\left(\frac{-4\pi}{h} \int_R^b dr \sqrt{2m\left(\frac{2Ze^2}{r} - E\right)}\right).$$

Thus, we realize that this current works as driving force which moves the molecular machine in one direction.

- [1]H. Matsuura, M. Nakanno, et al :*Micromachine*, Jr. of Micromachine Society, 7(1), 54-126, 1994
- [2]H. Matsuura, M. Nakanno: *Biomedical Fuzzy and Human Science*, Jr.of Biomedical Fuzzy Systems Association, 3(1),47-52, 1997
- [3]Matsuura H, Nakano M: *Proc. of the 1999 International Symposium on Micromechatronics and Human science(MHS'99)*, IEEE, ISBN 0-7803-5790-6,51-58, 1999
- [4] Matsuura H, Nakano M: *INFORMATION*, 3 (2), 203-230(2000)

交互に行う囚人のジレンマゲーム Alternating Prisoner's Dilemma

宍戸崇真

Takamasa Shishido

大阪大学大学院 理学研究科 数学専攻
Department of Mathematics, Osaka University

互恵的利他行動の進化を説明する最も有名なモデルのひとつとして繰り返し囚人のジレンマゲームがある。過去の研究の多くはプレイヤーが「裏切り」か「協調」の選択を同時に行うという制約の下で行われてきた。しかし、現実の利他行動は協調する度合いが連続的に変化したり選択が交互に行われることが多い。交互に行う囚人のジレンマの研究の初期には、同時に行う場合とは状況が異なることが発見されている (Nowak & Sigmund, 1994)。各プレイヤーが行動を「完全な裏切り」から「完全な協調」まで連続的に選択できるようにした連続囚人のジレンマでは、直前の相手の行動から線形関数で次回の自分の行動を決める戦略について研究がされている (Wahl & Nowak, 1999)。本研究では交互に行う連続囚人のジレンマにおいて、直前の自分と相手の行動から線形関数で次回の自分の行動を決めるような戦略などについて考察する。

Iterated Prisoner's Dilemma is one of the most famous model for reciprocal altruism. The implicit limitations of the past many investigations of Prisoner's Dilemma are that interactions are discrete: each player can choose only two options, cooperating or defecting, and that the players choose their moves simultaneously. In many instances of reciprocal altruism, however, variable degree of cooperation are possible. And the partners alternate in their roles of doner and recipient. In the early study of the alternating Prisoner's Dilemma, it was found that there were some differences between the alternating and simultaneous Prisoner's Dilemma (Nowak & Sigmund, 1994). When each players can choose their degree of cooperation from complete defection to complete cooperation (continuous Prisoner's Dilemma), the strategies where the one's next move is determined by a linear function of the opponent's previous move, are studied (Wahl & Nowak, 1999). I study the alternating continuous Prisoner's Dilemma, when the several conditions of strategies are changed, for example, the player's next move is determined by a linear function of one's and the opponent's previous move.

「数理モデルの人間行動進化研究への挑戦」

はじめに

中丸麻由子（静大・工）・加茂将史（九大・理）

進化の観点から人間行動を捉えようという動きが活発化している。現在もっとも注目されている研究領域として次の4つが挙げられる。

(1) ヒトの性にまつわるもの（配偶者選択、繁殖システム、配偶者防衛など）(2) 家族関係 (3) 協力行動、裏切り者の検知、社会的交換 (4) 文化、学習、言語。

(1) では性選択が、(2) では血縁淘汰理論が基になっている。(3) は人間社会の基盤をなす協力行動の解明が、そして (4) では人間特有の性質がどのように進化したのか、進化とどう関係しているのかが調べられている。

実験研究やフィールド調査によって「適応的」な行動が実証されてきている中、数理モデル・シミュレーションはどのように貢献できるだろうか。例えば、(i) 実験・調査から得られた結果の再確認を行うなどの相補的な貢献、(ii) 実験・調査が難しい問題への理論的補充、(iii) 新たなアイデアの妥当性の検証を行うなどの先導的な貢献がある。

(ii) や (iii) は、後になって実験・調査が行われて実証されることもある。例えば、Nowak & Sigmund は (1998)、評判によって間接的互惠性の進化が促進される事を数理モデルとコンピュータシミュレーションで示した。その2年後、Wedekind & Milinski (2000) により実証されている。

現在、数理モデル・シミュレーションによる解析が進んでいるのは主に (3) と (4) である。(3) については Axelrod & Hamilton (1981) の繰り返し囚人のジレンマゲームを皮切りに発展してきた。彼らは同じ相手と相互作用をし続ける状況を仮定し、裏切った相手には裏切り返すというしっぺ返し戦略をとると、協力行動が進化することを示した。その後、研究発展によって間違いが起こるときにはパブロフ戦略が有利になるとか、また空間構造などをモデルに組み込むと協力行動は仲間同士で固まりやすくなり、進化しやすくなることも分かってきた。最近は色々な方向へ研究が進んでいる。例えば、次にいつ会うかわからない相手にも協力するのはなぜか？ということから、評判を考慮した協力行動の進化が議論されている（渡邊）。協力を維持するためには、punishment (or policing) という逸脱者への制裁行動が必要であるとも言われている（岡本）。

(4) については、例えばニューラルネットワークを用いて学習や認知メカニズムと進化との関連が調べられている（加茂）。また、人間に特有な認知特性である「推移的推論（三段論法）」の進化についてゲーム理論によって解析している（中丸）。Nowak が招待講演で発表する「言語の進化モデル」はかなり興味深いものである。

今回のセッションで紹介する研究は人間行動研究のモデルの中でもほんの一握りであるが、これを機に人間行動の数理モデルに興味を持って頂ければ幸いである。

交換状況の相違が相互協力達成に及ぼす影響に関する一考察 —コンピューター・シミュレーション研究—

渡邊 席子(Yoriko Watanabe)
(北海道武蔵女子短期大学教養学科)

筆者は、個人をとりまく環境要因により、その個人にとって有利になる行動特性が異なる可能性について、独自のコンピューター・シミュレーションモデルを用いて検討してきた。しかし、これまでは主に環境条件として限定交換状況(他者との間に直接的な交換関係が成立している状況)のみを想定し、相互協力的な社会関係の生成条件について考察してきた。よって上記の議論には、その他の環境条件の下での比較検討の余地が残されており、限定交換状況と比較すべき状況の一例としては一般交換状況(他者との間に直接的な交換が必ずしも成立しない状況)が考えられる。本研究は、限定交換状況と一般交換状況を比較することで、これらの環境要因が個人の行動及びその個人が包含される社会関係のあり方にどのような影響を与えるのかを探索・検討することを目的としたコンピューター・シミュレーション研究である。

コンピューター・シミュレーションにおける戦略の設定

今回のコンピューター・シミュレーションでは、次のようなプレイヤーが仮定されていた。

- ① 相手の普遍的評判に基づいて行動を決定するプレイヤー
相手がゲームに参加しているすべてのプレイヤーに対して過去にどのくらい協力的であったかの情報に基づき、その相手に協力するかどうかを確率的に決定する。
- ② 相手のカテゴリー別の評判に基づいて行動を決定するプレイヤー
今回のコンピューター・シミュレーションで想定されているプレイヤーはそれぞれ、カテゴリーAかBかに属し、属しているカテゴリーはカテゴリーマーカーA・Bとして認識可能であった。そのマーカーに基づき、相手が過去にどのくらい、自分と同じカテゴリーに協力的であったかに基づいてゲームでの行動を決定する。
- ③ 相手の自分に対する前回の行動に基づいて行動を決定するプレイヤー
相手が前回のゲームで自分に対してとった行動に基づいて行動を決定する。初回協力、2回目のゲームからは相手が自分に対してとった行動をそのまま相手に返す TFT にしたがってプレイするプレイヤーは、ここに含まれる。

これらのプレイヤーは、上記のルールに従って行動しながら、互いの社会関係を随時変化させていく。その変化の過程は、コンピューター画面上に表示される¹。

結果・考察

限定交換状況でも一般交換状況でも、相互協力的な社会関係が成立する場合が多かった。限定交換状況にて主に相互協力を達成していたのは、③「相手の自分に対する前回の行動に基づいて行動を決定する」ルールに従っているプレイヤーの中でTFT的行動特性をもつプレイヤーであった。また一般交換状況にて主に相互協力を達成していたのは、②「カテゴリー別の評判に基づいて行動を決定する」ルールに従っているプレイヤーの中で、同じカテゴリーの者には基本的に協力し、かつ同じカテゴリーの者に対して極端に非協力的な者には協力しないプレイヤーであった。この結果より、1)それぞれの環境ごとに、相互協力を達成できる戦略が異なっている可能性、および2)限定交換状況では相互協力の達成について意味をなさなかった社会的カテゴリーに基づく戦略が、一般交換状況では相互協力に関して大きな役割を果たす可能性、の2点が示唆された。

¹例えば相互協力的な関係が成立した場合には、画面に出て複数のプレイヤーからなる集団が形成される。

The evolution of punishment and apology: an iterated prisoner's dilemma model

Kyoko Okamoto

(Primate Research Institute, Kyoto University)

Recently, behaviors that seem to function as punishment or apology have been reported among non-human primates as well as humans. For example, in rhesus macaques it was demonstrated that 'deceptive' individuals, which did not emit the call when they discover food, received more aggression from the later-comers than 'honest' individuals did. In most primates, apology-like behavior during post-conflict periods has been reported between former opponents. In populations of real animals, it seems costly to punish or make an apology especially for the subordinate animals because of possibility being attacked. Such punishment-like attacks or apology-like behavior appear to play an important role in maintaining cooperation between individuals. Therefore, the evolution of these behaviors should be examined from the viewpoint of the evolution of cooperation. The iterated prisoner's dilemma (IPD) game is generally considered to be a standard model for the evolution of cooperation. In the present study, strategies accompanied by punishment-like attacks or apology-like behavior were introduced into the common IPD simulation. Punishment and apology were represented by the P signal and the AS signal given immediately after defection. A strategy with the P and AS signals, named the pPAS strategy, was proved to be an evolutionarily stable strategy under certain conditions. Numerical simulations were carried out according to different assigned values of the costs of punishment and apology. The simulations showed that pPAS could dominate the population (1) when the cost of giving P is relatively small, (2) when the cost of receiving P is relatively large, or (3) when the cost of giving AS is relatively large. The relative cost of giving AS had the clearest effect on the success of pPAS. pPAS can dominate the population even when a dominance asymmetry of the costs between two players was introduced. The present results suggest the possible evolution of social behaviors like punishment or apology as a means of maintaining cooperation.

Can transitive inference evolve in animals playing hawk-dove game?

Mayuko Nakamaru (1) & Akira Sasaki(2)

(1) *Department of Systems Engineering, Shizuoka University, Hamamatsu 432-8561, Japan*

(2) *Department of Biology, Kyushu University, Fukuoka 812-8581, Japan*

If no information for the strength of opponent is available for animals competing for food or a mate, the rational player would choose a mixed strategy as in the classical hawk-dove game. However, even when the resource-holding power (RHP) is not directly assessable, it may be inferred from the past games played in the population.

Here we consider the repeated hawk-dove game in which each turn is played between a randomly chosen pair of members, and examine the evolutionary stability of strategies which may utilize the results of games played so far in the population. We introduce ambiguity in winning an escalated game, though the player with the larger RHP tends to win. The strategies we examined include the classical mixed strategy, the 'winner-loser effect' strategy in which an individual raises its aggressiveness when it wins and descends when it loses (as found in invertebrates), and 'transitive-inference' which infers the relative strength of the opponent which itself has never fought, through a third member with which both of them have fought before.

The invasion analysis for various pairs of strategies reveal that (i) the transitive-inference strategy can invade the mixed strategy and the 'winner-loser effect' strategy; (ii) an advantage for the transitive-inference is the largest when the number of turns played per individual is small or when the cost of losing escalated game is large (by which players tend to play doves and produce the game results not reflecting the RHPs).

We propose the idea that the transitive inference, which human has the cognitive ability of, would evolve when individuals estimate its own relative strength in the society where each individual struggle for the resources like foods in less abundant information of others' ability to fight.

Cognitive mechanisms and out of equilibrium evolution

Masashi Kamo

Department of Biology, Kyushu University

In this presentation, I will try to summarize some recent studies of social evolution done in the Enquist Lab. at Stockholm University. In attempts to understand how cognitive mechanism influence signal evolution they discovered that such evolutionary processes tend to stay out of equilibrium. More general work shows that this is a general finding applicable to many cases of frequency dependent selection including social interactions with players in conflict. I will demonstrate this with a simple game called the "Game of Presence". These findings have consequences for game theory and assumptions about rationality. Furthermore new phenomena may evolve that could be expected at equilibrium proving alternative explanations to sexual selection and other signal evolution.

In the second part of the talk, I will talk about a research I have been involved in myself at the Enquist Lab. We consider the two kinds of recognitions, one is genetically inherited and the other is acquired by the individual learning in every generation. We try to understand how these recognitions influence evolution of signal forms and costs.

間接的な相互依存性の進化における評判調査の役割は、 社会の経済状態に依る

榎森 与志喜、井上 聡、神原 武志
電気通信大学 量子・物質工学科、生命情報工学講座
kashi@pc.uec.ac.jp

1. モデル社会におけるつきあいの概要

本モデルの主要目的は、不特定の他人との間に成立する利他行動が進化的に安定になる条件をさぐることにある。考えるモデル社会がネットワークのモデルに比べてより現実的になっているところが特徴的である。

モデル社会の各人は、原料店で食料を購入し、自分で消費する以外に、それを加工して他人に高く売る。その商売でもうけたお金で、他人や原料店から食料を買う。食料と金のたまった人は子どもを作って自分の生き方を後生に伝えられる。食料がなくなった人は餓死する。このモデルでつきあいとは、2人が出会ったときに、各人が「売る」、「買う」、「何もしない」のどれかの行動をすることである。片方が「売り」、片方が「買い」の行動をしたときのみ商売は成立する。各人の行動タイプは、上の3つの行動を、どのような条件で行うのかによって、いろいろに分かれる。食料重視タイプは、手持ちの食料が社会の平均より多ければ売られ、少なければ買う。金重視タイプは、金が多ければ買出し、少なければ売らる。

本モデルの利他行為とは、食料は原料店で安く買えるのに、他人から高い値段で買うことである。また、社会環境の違いは、その社会への食料供給率、マネーサプライ率、および、異文化の人たちとのつきあいから得られるメリットの大きさ、の3要素によって与えられる。これらのタイプの一種または二種で構成される、定住社会に、さまざまな行動パターンを持った人達が、移住してきて、つきあいを始めた場合に、定住者のつきあい方がどのように変化するかを、シミュレーションで調べる。

世代交代が進むにつれて変化できる要素として、「排他性」、「調査癖」という量を考える。「排他性」は、自分と違うタイプの人達とつきあう割合によって表す。「調査癖」は、つきあいの時、自分の状態だけではなく、相手の評判を調べて行動を決める度合を表す。これらの量は、遺伝するので、時間がたつにつれて、定住社会の人々の移住者に対する適応したつきあい方がわかる。

行動タイプは独立して定住社会をつくれる独立タイプと、つukれない寄生タイプに大別される。移住者がどちらのタイプかによって定住者の適応したつき合い方は異なる。3種のタイプが共存する場合には、寄生タイプが含まれている方が、社会は安定する。また、社会環境によってもつきあいは違ってくる。貧しい社会では移住者への対応はきびしくなる。

2. 本モデルの意義

本モデルは次のような点で、ネットワークとジークムントのモデルと異なる。

(i) 行動選択の基準

囚人のジレンマモデルや利他行動に対するネットワークとジークムントのモデル(Nature 393 (1998) 573-577)とでは、つきあいにおいて自分の状態は全然考慮されていない。自分の現在の持ち点が高くても低くても行動選択になんの影響も与えない。

本モデルでは、つきあいにおける行動選択において、文化として身に付けた行動タイプに基づいて自分の現在の状態から必要とする行動を選ぶ。その代わりに、つきあう相手の文化を選ぶことにより、だまされないようにする(排他性)。また、相手を選んだ後でも相手の評判値を調べてだまされないようにする(調査癖)。

(ii) 利他行動

本モデルの利他行動は、単に自分が犠牲になるというのではなく、相手から高く食料を買うことにより、金を社会に巡回させる効果がある。それによって、社会が安定に存続するという重要な働きがある。全員が原料店からしか買わなくなると誰も金をかせげなくなり、やがては原料店に払う金もなくなって餓死することになる。

(iii) つきあいへの社会状況の影響

本モデルでは、行動を選択する基準として、社会の食料と金の平均値を用いている。つまり、行動選択に、社会状況が、考慮される。このような社会全体の状態の適応行動への効果は、ネットワークとジークムントのモデルでは、考慮されていない。

(iv) 適応関数

ネットワークとジークムントのモデルでは自分の得点のみを大きくすることが適応の尺度になるのに対し、本モデルの適応では、食料と金をバランスよく増やせる戦略をとるものが、適応し生き残れる。

本モデルの説明と実行結果については、ブルーバックス「パソコンで見る生物進化」(2000)に詳述されています。

3. 本モデルの今後の発展

我々のモデルでは、行動パターンはあらかじめ、遺伝的にあたえられた行動関数によって決められている。しかし、各人の行動パターンはその人が属する社会の文化としてある程度遺伝的に決められている部分だけでなく、日常の経験によって学習された部分も大きい。そのような理由から、今後は、社会の各人がニューラルネットワークを持ち、経験に応じて、その行動を改良するように、モデルを拡張する予定である。これによって、さらに現実的な適応行動をシミュレートできることになるので、さまざまな状況に適応する人間行動の研究が可能になると思われる。

パッチ状環境における食物連鎖

Food Chains in a Patchy Environment

難波 利幸・山下 典子 (大阪女子大・理・環境理)

Toshiyuki Namba* and Noriko Yamashita

Osaka Women's University, Department of Environmental Sciences

*email: tnamba@center.osaka-wu.ac.jp

We assume a patchy environment with two different patches and consider the following three-trophic-level food chain model with interactions of the Lotka-Volterra type:

$$\frac{dP_i}{dt} = \left\{ r_i \left(1 - \frac{P_i}{K_i} \right) - a_h H_i \right\} P_i - d_p (P_i - P_j), \quad (1)$$

$$\frac{dH_i}{dt} = (-m_{hi} + b_h a_h P_i - a_c C_i) H_i - d_h (H_i - H_j), \quad (2)$$

$$\frac{dC_i}{dt} = (-m_{ci} + b_c a_c H_i) C_i - d_c (C_i - C_j). \quad (3)$$

where P_i , H_i , and C_i are the population densities of plant, herbivore and carnivore in the i -th patch ($i, j = 1, 2$, and $i \neq j$). r_i and K_i are the patch-specific intrinsic growth rate and carrying capacity of the plant. m_{hi} and m_{ci} are the patch-specific mortality rates of the herbivore and carnivore. a_h and a_c are the predation rates by the herbivore and carnivore, and b_h and b_c are the conversion efficiencies of the herbivore and carnivore. d_p , d_h and d_c are the dispersal rates and we have assumed the diffusive dispersal of the plant, herbivore and carnivore.

We will show, by numerically solving equilibria and calculating eigenvalues of the Jacobian matrix, that the system may be persistent even if the local patches can only sustain chains with one or two trophic levels in the absence of dispersal. We also discuss the effects of magnitudes of the dispersal rates.

Our results suggest that the food chain length in a community may be highly dependent on spatial structure of the habitat, and that several poor patches can support a long food chain if the rates of dispersal among patches satisfy some appropriate relations.

捕食者除去実験における被食者への未知種の影響

岩田益直・中島久男（立命館大・理工）

生物種間の相互作用を評価・測定する方法として、ある生物種を除去または減少させて、その人為的干渉がほかの生物種の個体数に与える影響を調べる方法がある。そしてこれを用いて、その生物種を保全すべきかどうかの判断材料の1つにできるという議論がある。一般に1つの生物種を除去すると、完全にその生物種がいなくなるのだから群集に与える影響は甚大だと考えられるが、実際に除去したときに劇的な作用を群集に及ぼすのは、群集の中でもわずかな生物種に限られている。保全に関しては、こうした強い影響を与える少数の生物種だけを特に重点的にモニタリングすればよい、という主張がある。

ところが最近、こうした除去実験のデータの見方に関して強い疑念を投げかける考えが現れた。今まで弱い影響しかないと見なされていた実験データの中には、影響力の分散が大きいものがあるという指摘である。確かに平均をとれば弱い影響しかないように見える生物種についても、個々のデータでは、すなわち実験場所や実験開始時間等が異なれば、かなり強い影響があるという指摘である。こうした大きな分散は、制御していない生物種（第三の生物種あるいは未知種）からの影響を除去実験が受けているからだとしている。このように除去実験のような実験で得られるのは、調査している2生物種の直接作用の大きさではなく、注目していない生物種からの影響も含めた間接作用の大きさであるという指摘である。さらに2生物種の直接作用が小さいときには、注目していない生物種からの影響が大きくなり、それが除去実験の結果に現れてくるのが実験データの解析と野外での実験によって主張されている。

本研究では、数理的側面から上記の主張の真偽を確かめるためにモデルを用いて解析を行った。そこでは捕食被食関係にある2種の生物と、注目していない未知種1種だけを考えて、注目している捕食者と被食者に、さらに未知種を加えた3種系において捕食被食関係を考え、そうして得られる8種類のネットワークについて、モデルの上で捕食者除去実験を行い、それぞれについて未知種の影響を考えた。その結果、未知種との捕食被食関係の違い（ネットワークの違い）によって捕食者除去実験の結果が異なること、そして Inflow Sensitivity で評価した間接作用と除去実験の結果との関連が得られた。

INTRODUCTION

The size and number tradeoff is known in the egg size of *Daphnia*. The expected optimal egg size is constant over the reproductive attempts or clutch numbers. However, the observed egg sizes in the early clutches are known to be much smaller than this expected optimal egg size. The first clutch has a smallest egg size and the egg size becomes bigger with clutch numbers. This is the major mystery of *Daphnia* life history.

We suggest one solution to this mystery of reproductive strategies, assuming that young females are with less reproductive ability, so for them it may cost more to grow large eggs. They begin to reproduce while immature (before reaching maturity).

MODEL

When the reproductive investment is constant, the clutch size $N[s]$ equal to reciprocal of egg size s ($N[s]=1/s$). The offspring fitness $O[s]$ increases asymptotically with the egg size (Fig. 1). Then parental fitness $P[s]$ denote

$$P[s] = O[s] * N[s] = O[s] / s \quad (1)$$

And the function of parental fitness shows convex curve like Fig. 1. It is the optimal egg size when the parental fitness takes the peak (Then the optimal egg size is 0.2). But in this computation, the optimal egg size is always constant regardless of clutch numbers.

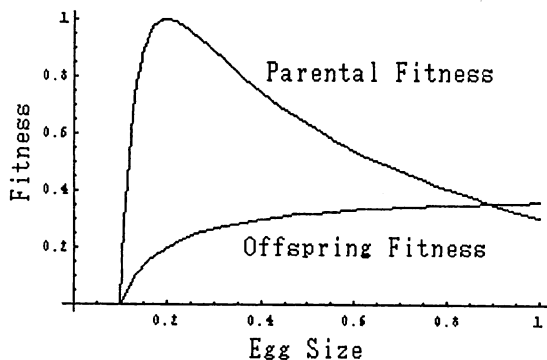


Fig. 1 Parental fitness and offspring fitness

Next, consider the variation of resource use efficiency that is needed to grow eggs. At the early clutches, a female parent has to waste more investment to produce a bigger egg than an experienced female at later clutches. This cost difference becomes bigger when the final egg size becomes larger. The relationship

between egg size and productive investment will become non-linear (Fig 2).

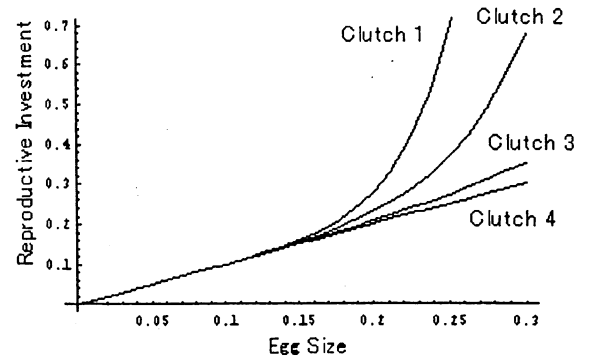


Fig. 2 The relationship between egg size and reproductive investment for different clutch

CONSEQUENCE

$K[s]$ denotes the function of reproductive cost. Then clutch size $N[s]$ is replaced by

$$N[s] = 1 / K[s] \quad (2)$$

and therefore

$$P[s] = O[s] * N[s] = O[s] / K[s] \quad (3)$$

Thus, we compute the optimal egg size for every clutches (Fig. 3).

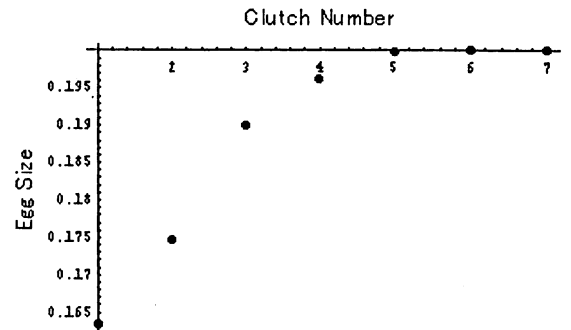


Fig. 3 The optimal egg size for every clutches

It is obvious that the optimal egg size is smaller in the early clutches. And around fourth clutches, the optimal egg size becomes almost close to 0.2.

DISCUSSION

This model is very simple and clear, and it gives a specific answer to the mystery of *Daphnia* reproductive behavior. But these hypotheses are inconclusive. First, is it true that the reproductive cost curve is non-linear? Second, does female parent start reproduction while immature? Thus, we have to wait an empirical test of this hypothesis. Now, we examine an another model that contains the environmental conditions.

Origin and Evolution of Biomachines based upon Hierarchical Sociogenesis :

Semeiogenesis and its Significance in Cognitive Biology Koji Ohnishi (Dept. Biol., Fac. Sci., Niigata Univ., Niigata; ohnishi@sc.niigata-u.ac.jp)

Well-made biomachines such as animal body, bee society (= bee super-organism), and genetic apparatus seem to have emerged by hierarchical sociogenesis of lower-level individuals (Hamilton, '64 ; Ohnishi et al., '99). Bee eusociety and animal body are altruistic society consisting of fertile queens (queen bee, germ-line unicell organisms) and workers (worker bee, somatic-line unicell organisms). In the emergence of protein-synthesizing/genetic machine, early RNA replicator ribo-organisms (ROs) would have had a life cycle consisting of tRNA-phase and tDNA-phase. Such early tRNA ROs would have associated with one another to make a society in which some tRNAs would co-operatively behave to other tRNAs, and have begun to generate worker-like (wl-) tRNAs which are earliest mRNA/mDNAs and rRNA/rDNAs (Ohnishi et al., '93, '99). The original-type tRNA remained as queen-like (ql-) tRNAs (= contemporary tRNAs). |||| Why such hierarchical societies could have evolved to be well-made machines ? A possible answer is that a (two-layered) hierarchical (altruistic) behavioral and DNA-information-flow network could make a self-learning neural-network(-like) machine capable of learning the status of self and improve itself to be a better-made machine in every generation. Neural-network Models I and II were made and analyzed ; *Model [I] (Queen-worker-type altruistic society model* for bee-society and animal body, and *Model [II] Ql-wl-type quasi-altruistic society model* for intracellular tRNA society (= genetic machine). Both were found to satisfy learning-neural-network models. In Model [I], queens output DNA sequence information to the next generation, and workers are input layer elements. Model II considerably differs from, but essentially similar to Model I, and makes similar DNA-information flow. |||| In every of these hierarchical societies, mature semeiotic systems are observed ; synaptic signs between sensory and motor neurons, dance-language synapsis between "sensory bee" and "motor bee" (Ohnishi et al., 1999), triplet codon rules between anticodon (= "signifian") and amino-acid specificity (= "signifie"). Language system in human society seems to have evolved in a very similar logic. Therefore common logic of semeiogenesis would underlie the evolution of different semeiotic systems discussed above. || Ref.: Ohnishi et al. (1999), Proc. 4th Int.Conf. on Artificial Life & Robotics, 344-349. ; Int.J. Complex Systems #365, 1-8. ; Ohnishi et al.: Proc. of the 4th Int. Conf. on Emergence, Odense, 2000 (in press).

Diversity of Extinction Process in Virtual Experiments of Cultivation of Bacteria

Yuuki NAKAMURA, Kei-ichi TAINAKA and Yasuhiro TAKEUCHI

Department of Systems Engineering, Shizuoka University, Hamamatsu 432-8561, JAPAN

1. Introduction

Study on the process to biospecies extinction is very important for conservation biology. In this paper, we carry out virtual experiments of cultivation of bacteria on agar medium. We apply the contact process (CP) which has been extensively studied from mathematical and physical aspects. So far, considerable data on CP have been accumulated, but they are mainly related to stationary state. Here, we study the dynamic process of CP.

2. The Model

The rule of CP can be denoted as follows:



where X denotes an individual of biospecies (particle) and O is the vacant site. The reactions (1a) and (1b) mean reproduction and annihilation processes of X , respectively. Namely, (1a) corresponds to the growth process of bacteria; on the other hand, (1b) is the death process X . The parameter a represents the annihilation rate of X . Now we consider the extinction process caused by sudden increase of the value of a . It is known that CP exhibits a nonequilibrium phase transition at a critical point $a = a_c$. The value of a_c is $a_c \sim 1.213$ on square lattice. We perform perturbation experiment as follows. Before the perturbation ($t < 0$), our system stays in a stationary state at $a = a_1$ (existing phase: $a_1 < a_c$). At $t = 0$, the annihilation rate a of particle is suddenly increased from a_1 to a_2 ($a_2 > a_c$). We prepare N kinds of initial patterns (ensembles) which are in stationary state at $a = a_1$; each of them has the density $x_i(0)$ ($i = 1, 2, \dots, N$). The value of $x_i(0)$ is almost equivalent to the steady-state density. We obtain the dynamics $x_i(t)$ for $t > 0$ in order to calculate the ensemble average $A(t)$ and the variance $V(t)$ which are denoted

$$A(t) = \frac{1}{N} \sum_i x_i(t), \quad (2)$$

$$V(t) = \frac{1}{N} \sum_i [x_i(t) - A(t)]^2. \quad (3)$$

3. Results of Simulation

In Fig. 1, the time dependencies of both average density $A(t)$ and the variance $V(t)$ are plotted. It is found from Fig. 1(a) that the fluctuation enhancement takes place. Even though the average density $A(t)$ decreases, the variance $V(t)$ increases at intermediate stage of phase transition. Note that such a phenomenon is not always observed for all experiments. Fig. 1 (b) illustrates the time dependencies of both $A(t)$ and $V(t)$ for the case of $a_2 = 2.0$. As the value of a_2 increases, the enhancement of fluctuation disappears.

- The fluctuation enhancement ecologically means that there are variety of process to extinction of a species. It is not easy to predict the extinction process of species.

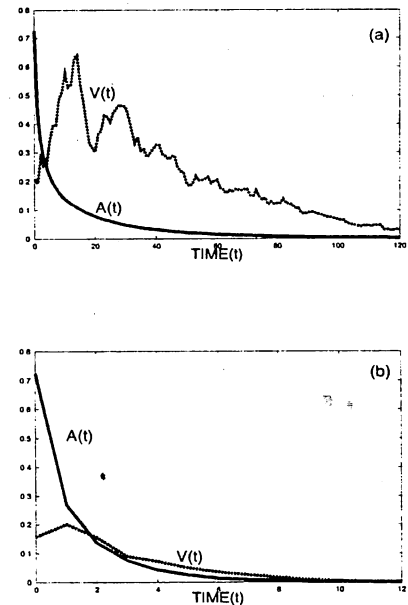


Fig. 1: Perturbation experiment for two-dimensional CP (100×100). The value of a is jumped from 0.5 to a_2 ; (a)=1.3 (b)=2.0 ($N = 100$). Both average $A(t)$ and variance $V(t)$ are depicted against time, where the value of $V(t)$ is multiplied by 7000

Mutualism and Competition between two kinds of scale eaters

Naotaka TERAZAWA and Kei-ichi TAINAKA

So far, it is thought that competition and mutualism are entirely different. In the present paper, however, we deal with a virtual ecosystem composed of two species scale eaters, and find that the relationship between both species is represented by competition in certain cases and by mutualism in other cases. Spatial distribution of species is self-organized into a specific pattern of either competition or mutualism.

Consider a square lattice consisting of two species R and L. Each lattice site is labeled by R, L, or O, where R (or L) is the site occupied by scale-eater of R (or L) type. And O represents the vacant site. The site of R (or L) may become O by death process, where D_R and D_L are the death rates of species R and L, respectively. These values are assumed to be constants, and they never change throughout the simulation. On the other hand, the birth process is defined by



where B_R (B_L) is the birth rate of species R (L). The birth rates should be determined by local densities of R and L. We assume that B_j increases with the increase of both N_R and N_L where $j=R, L$, and N_j is a local density of species j . If a single species R or L goes extinct, then our model becomes the contact process (CP) which has been extensively studied from mathematical and physical aspects. We apply a lattice Lotka-Volterra model which is an extension of CP.

We carry out birth and death processes by computer simulation. It is found that the densities of both species reach stationary values. In Fig.1, a typical example of steady-state densities are plotted against the death rate of R. This figure shows both competition (small values of D_R) and mutualism (large values of D_R). Moreover, we find that spatial distribution of species is self-organized into a specific pattern of either competition or mutualism.

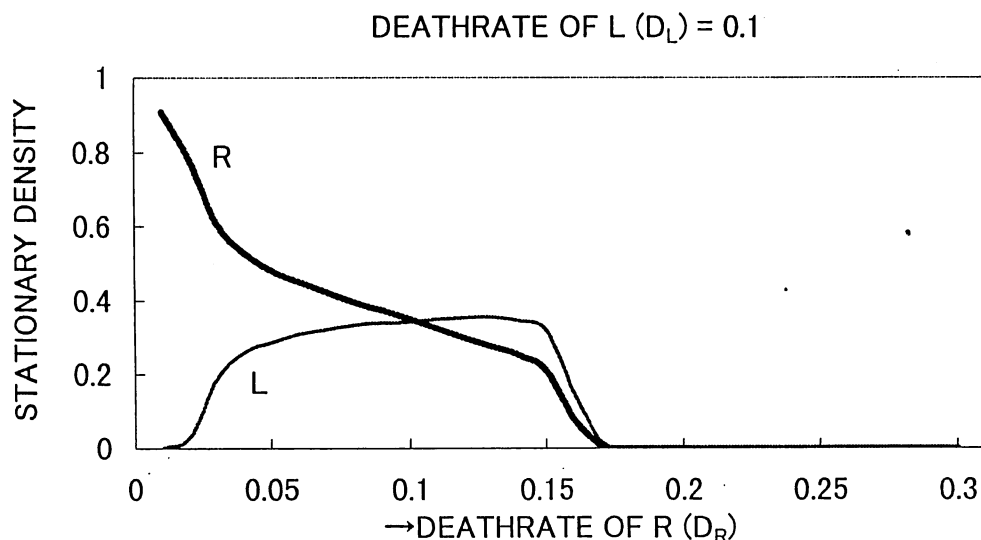


Fig1: The steady-state densities are plotted against the death rate (D_R) of species R, where we put $D_L=0.05$.

New balance in an ecosystem

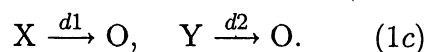
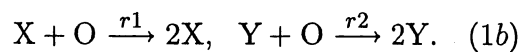
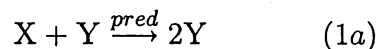
Nariyuki NAKAGIRI, Kei-ichi TAINAKA^a

Department of Mathematical Science, Ibaraki University, Mito 310-8512, JAPAN
nakagiri@kei2.sys.eng.shizuoka.ac.jp

^aDepartment of Systems Engineering, Shizuoka University, Hamamatsu 432-8561, JAPAN
tainaka@sys.eng.shizuoka.ac.jp

There have been a lot of studies on the effect of introduction of species. They mainly focused on a direct effect (short-term response); an example is an extinction caused by the introduction. In this report, we explore an indirect effect after the introduction of new species; food web balance should be qualitatively changed. For instance, an introduction of a kind of fish may influence on the fishery during long period.

Consider a two-dimensional lattice consisting of two species of prey (X), and predator (Y). Each lattice site is labeled by X, Y, or O, where X (or Y) is the site occupied by prey (or predator), and O represents the vacant site.



The above reactions respectively represent the predation (*pred*), reproduction of prey (*r1*, *r2*), and the death (*d1*, *d2*) of predator.

We assume that both species X and Y coexist with steady-state densities, and that the interactions (1a) and (1b) occurs between adjacent lattice points.

We carry out a perturbation experiment by computer simulation: At time $t = 100$, new species Z is introduced. This species

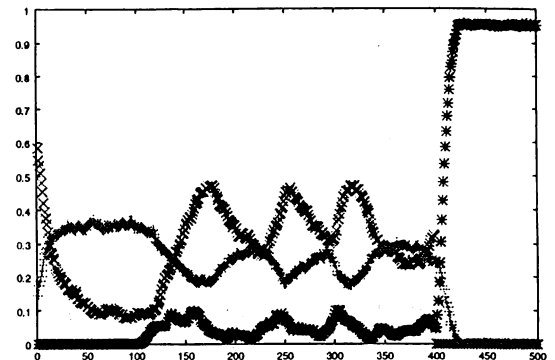


Figure 1: An example of population dynamics for the lattice model (100×100). The time dependence of both species X, Y and Z are shown.

beats X but it is beaten by Y: the strength relation among species X, Y and Z corresponds to the Paper-Sissors-Rock game. An example of such balance is three kinds of fish; namely, saury, mackerel and sardine. Typical population dynamics is shown in Fig. 1. In this case, no extinction occurs by the introduction of species Z. However, after the introduction, food web balance is qualitatively changed.

The change of balance may influence on the fishery of X. Before the introduction of Z, the species Y never goes extinct, if species X is largely excluded. Even though X is completely removed, Y can survive. On the other hand, after the introduction, Y becomes extinct by the advance of fishery. This is because a new balance is formed by an introducing of species Z.

生息地破壊を受ける個体群に対する 絶滅待ち時間の漸近的挙動

○ 佐藤一憲¹, 清水昭信²

¹ 静岡大学工学部, ² 名古屋市立大学自然科学研究教育センター

近年, 地球環境問題が社会的に大きく取り上げられるようになって, 保全生態学が希少な生物種の保全に果たす役割は極めて重要である. たとえば, 現状を維持する場合や環境を改善・改悪する場合について, 個体群が絶滅するまでの待ち時間を理論的に示すことは, 保全策を講じるときのひとつの拠り所となるだろう.

本研究では, 松田 (1998) や佐藤 (1999) によって提案されたメタ個体群動態モデル

$$\frac{d}{dt}p_{ij}(t) = p_{i,j-1}(t)\frac{a}{n}(j-1)\{n-(j-1)\} + p_{i,j+1}(t)c(j+1) - \left\{\frac{a}{n}j(n-j) + cj\right\}p_{ij}(t)$$

について, 全パッチサイズが十分に大きい場合の個体群が絶滅するまでの待ち時間の期待値についての解析的な評価を与え, さらに, 生息地破壊の導入による個体群の絶滅待ち時間への影響を考えたい. ここで, $p_{ij}(t)$ は初期時刻で占有パッチが i であるときに時刻 t で占有パッチが j となる確率を, n は全パッチ数を, a/n は各占有パッチの空きパッチ1つあたりへの新生率を, c は各占有パッチの空きパッチへの消失率を, それぞれ表わしている.

初期パッチ数が1のときに, 個体群の絶滅待ち時間の期待値 $E[T]$ は以下で与えられる:

定理 $r = a/c$ とする.

(i) $r > 1$ の場合

$$E[T] \sim \frac{1}{c} \frac{\sqrt{2\pi}}{(r-1)\sqrt{n}} \left(\frac{r}{\exp(1 - \frac{1}{r})} \right)^n, \quad n \rightarrow \infty$$

(ii) $r = 1$ の場合

$$E[T] \sim \frac{1}{c} \frac{1}{2} \log n, \quad n \rightarrow \infty$$

空間構造を持つ集団の系図学

小中弘幸 佐藤一憲
静岡大学理工学研究科

Kingman (1982) によって定式化された sampling theory はさまざまな形で発展してきた。近年では Griffiths (1991) が遺伝的組換えのモデルについて、Hudsonら (1988) が自然選択の働く機構について、それぞれ解析を行っている。また、Krone & Neuhauser (1997) は Biased voter model を用いて genealogical process を定義し直したし、Rannala (1996) や Wakeley (1998) は地理的構造を持つ集団のプロセスを island model を用いて解析している。

本研究では、格子モデルを用いて、集団の地理的構造を導入したモデルの解析を行う。

半数体の個体はそれぞれ遺伝子 A_1 または A_2 をもち、格子上に配置される。各個体の置換率を次のように定める。

$$\begin{aligned} A_1 &\rightarrow A_2 \quad \text{at rate } \lambda_2 \times n(2) \\ A_2 &\rightarrow A_1 \quad \text{at rate } \lambda_1 \times n(1) \end{aligned}$$

ただし、 $n(1), n(2)$ は当該サイトの周りにおける A_1, A_2 遺伝子の個数である。また、個体は子孫を残すときあるレートで突然変異を起こす。このプロセスが定常状態に達したとき、ランダムに n 個の遺伝子をサンプルし、時間を逆の方向にたどるという方法を用いて解析する (dual process)。次のような量に興味がある。

- (1) 祖先 (Ultimate Ancestor) に到達するまでの待ち時間 T_{UA} の期待値
- (2) ランダムに選んだ 2 つのサンプルの最も近い共通祖先 (Most Recent Common Ancestor = MRCA) に関して
同じ祖先をもつ (identity by descent = IBD) 確率
- (3) 突然変異数の期待値

などを計算する。

メタ個体群動態に与える生息地破壊の効果

三宅健夫、佐藤一憲

静岡大学大学院理工学研究科システム工学専攻

自然界で個体群が存続する上で環境確率変動性は重要な役割を果たす。生息地の破壊によって分断化されたメタ個体群の環境にある生物集団は、幾つかの集団が絶えず絶滅し、移住が起こることにより全体の集団が維持されている。このような集団に起こる生息地破壊の大きさの違いは全体の集団にどう影響するのであろうか。ここでは一定期間で起こる生息地破壊の面積、頻度の違いにより個体群にどのような影響がでるかを確率論的に計算を行い結果を考察する。生息地が分断された環境であるメタ個体群に格子モデルを適用することにより集団の空間構造を導入して考える。空間上はすべて一様な環境である。まず、ダイナミクスの計算には最近接格子点間の相関を考慮しない平均場近似と最近接格子点間の相関を考慮するペア近似を用いる。前者の結果と後者の結果をシミュレーション結果と比べ近似の有効性について検討する。

また、シミュレーションにおいて一定時間内に確率的に破壊される生息地数が同じ場合で、小さな破壊、大きな破壊、より大きな破壊の起こる頻度の違いでメタ個体群に与える影響について考える。予測としては、回数は少なくとも大きな破壊が起きたほうが生物の占有率は下がると考えられる。

つづいて、空間上が一様な環境ではなく生息に適したパッチ、適さないパッチの2種類のパッチを導入したモデルを考える。このモデルについても平均場近似とペア近似を用いダイナミクスを計算し、空間上が一様な場合の結果と一様でない場合の結果について考察する。今回のモデルでは時間的相関は考えず空間的相関のみを考えた。

ネットワークモデルによる 伝染病伝播のダイナミクス

藤吉貞和, 佐藤一憲

(静岡大学大学院 理工学研究科 システム工学専攻)

伝染病の長期的な持続性や詳細なダイナミクスについて理解するためには、集団の空間構造や社会構造を考慮することが重要である。そのためにはネットワークモデルが非常に有用である。ネットワークモデルとは、各サイト(個体)をネットワーク状につないだもので、サイトの総数を N 、各サイトから出ているボンドの平均値を n とする。また、サイトが3つ連なっているときトリプルといい、トリプルの両端のサイトがつながっているときトライアングルという。トリプルのうちのトライアングルの割合を ϕ とする。Keeling, Rand & Morris (1997) はこのネットワークモデルを用いて、“はしか”のダイナミクスを解析している。そこでは個体を4つの年齢層に分け、年齢層内での接触率と年齢層間での接触率の違いがネットワーク構造 (n と ϕ) の違いで表現されている。

本研究ではこのネットワークモデル上で、単純な伝染病過程のひとつであるベーシックコンタクトプロセスを実行し、正方格子上での実行結果との相違および ϕ の効果について考察する。また、Rhodes & Anderson (1996) は感染期間と免疫保持期間を考慮した伝染病過程を正方格子上で実行しているが、本研究ではこのようなより現実的な伝染病過程のネットワークモデル上での実行についても考えている。

ベーシックコンタクトプロセスはサイトの状態が感受性個体を表す0と感染個体を表す1の2状態からなる連続時間マルコフ過程としての単純な伝染病過程で、以下のルールに従う。

- 回復(状態1から0への変化)は単位時間あたり平均1個体について発生する。つまり、感染過程は隣接個体の状態には依存しない。
- 感染(状態0から1への変化)は単位時間あたり平均 $\frac{n_i}{z_i} \lambda$ 個体について発生する。ここで、 n_i, z_i はそれぞれ i 番目の個体の隣接感染個体数、 i 番目の個体の隣接個体数を表す。つまり、感染過程は隣接個体の状態に依存する。
- 感受性個体は同時に2つ以上の感染個体から感染を受けることはない。

引用文献

KEELING, M.J., RAND, D.A. AND MORRIS, A.J. (1997). Correlation models for childhood epidemics. *Proc. R. Soc. Lond.* **264**, 1149-1156.

RODES, C.J. AND ANDERSON, R.M. (1996). Persistence and dynamics in lattice models of epidemic spread. *J. theor. Biol.* **180**, 125-133.

変動環境における個体群成長率の確率分布の最適性

静岡大学大学院 システム工学専攻 森 雅弘, 嘉嶋 康彦, 吉村 仁

m-mori@sec.eng.shizuoka.ac.jp

1 はじめに

遺伝子型の適応度は従来、“算術平均”で考えられて来た。しかしながら世代間に及ぶような適応度を扱う場合は、成長率の幾何平均つまり、幾何平均適応度を用いるのが好ましい(Yoshimura & Clark 1991)。本研究では、遺伝子型の適応度を求めるための、幾何平均を考える過程として、世代間の積算成長率を確率分布として表現できるかを試みる。

2 幾何平均適応度の概念

例えば、1匹の雌が1世代毎に平均して2匹の雌(同数の雄)を産むと仮定すると、安定環境では3世代後には、 $(2 * 2 * 2) = 8$ 匹となるが、変動環境では、 $(2 * 1 * 3) = 6$ 匹となるかもしれない。算術平均はともに2匹である。幾何平均は安定環境では、 $(2 * 2 * 2)^{\frac{1}{3}} = 2$ 匹となり算術平均と変わらないが、変動環境では、 $(2 * 1 * 3)^{\frac{1}{3}} = 1.82$ 匹となる。3世代で6匹になるので、1世代平均の個体群成長率を考えるためには、幾何平均適応度を用いる方が好ましいと言える。

さらに、 t 世代の積算成長率を $r_t (t = 1, 2, \dots, n)$ とすると、幾何平均 $G(r)$ は次の式で定義される。

$$G(r) = \left(\prod_{t=1}^n r_t \right)^{\frac{1}{n}} \quad (*)$$

(*)の両辺の対数を取ると、

$$\log G(r) = \frac{1}{n} \sum_{t=1}^n \log r_t = E(\log r)$$

幾何平均適応度の最適化は、算術平均(E)に置き換えることができる。これを基に遺伝子型の適応度を考えると、正規分布の場合では、分散によって平均のずれが生じてくる。対数正規分布を用いた場合は、遺伝子型の適応度は分散には関係せず平均のみに依存することがわかる。

3 人工的揺らぎモデル

1世代当たり50個体と100個体の2種類の個体群サイズを与えて、メスが1回の生殖試行

で子を産む確率を2項確率分布を用いて決定した。ただしこのモデルでは、繁殖において気象などの環境変動が、成長率の分布に直接関係ないものとして考えている。

n を独立試行の回数、 p をメス親が1回の試行で子を何匹産むかという確率とし、 x 回の成功を見る確率を2項確率変数 f で表すと、

$$f(x) = \frac{n!}{x!(n-x)!} \times p^x q^{n-x} \quad x = 0, 1, 2, \dots, n$$
$$(0 \leq p \leq 1, p + q = 1)$$

さらに、 N_t を親の個体数、 N_{t+1} を子の個体数、 s を子の生存率、 R を繁殖率とすると、

$$R(N_t) = np \quad \text{より}$$

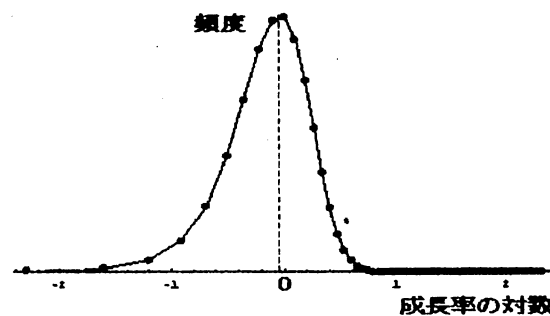
$$N_{t+1} = sN_t \times R(N_t) = sN_t \times np$$

平均成長率 r_t は、1以上の値を取らなければ子の個体数が絶滅してしまうと仮定すると、

$$r_t = \left(\frac{\text{子の個体数}}{\text{親の個体数}} \right) = \left(\frac{N_{t+1}}{N_t} \right) = snp \geq 1$$

4 結果と評価

下の図は2項確率分布で仮定した、人工的モデルの成長率分布を対数表記したものである($p = 0.1, n = 100, \text{mean} = -0.0963$)。



図：平均積算成長率の確率分布の対数表記

この図はその平均において非対称なグラフであり、スキュー(ひずみ)があることが分かる。しかし、確率 p の値が高く生存率 s の値が減少した場合を考えると、成長率の分布は対数正規分布に非常に近いものになった。つまり、 p の値が増えると環境変動を考えないために繁殖率が増加し、個体数も増えるのでより安定した多産になり、対数を取った加算が直接に影響して来ることがわかる。

「環境ホルモンのダメージを考えた資源管理モデル」

静岡大学大学院理工学研究科 藤木誉行、嘉嶋康彦、吉村仁

1 はじめに

最近、東京・多摩川に住むオスの鯉から生殖器に異常を持つものが見つかっている(中村他 1998)。また、全国の海岸で見られるイボニシ(巻き貝の一種)のメスにペニスが生えるという現象も起きている。こうしたインポセックスを始めとした「生殖異常」の例が、近年世界各地より報告されている(堀口 1998)。そして、これらの生殖異常の原因として、「環境ホルモン」あるいは「内分泌攪乱物質」と呼ばれる化学物質の影響が考えられている(三浦 1997)。われわれ日本人は、他の国の人に比べ魚介類に対する依存度が高いので、今後魚介類での環境ホルモンの汚染がひとつの大きな環境問題となってくる(吉村 1998)。

そこで今回の数理モデル実験では生物界の中でも漁獲モデルを用いる。環境ホルモンが生物の繁殖に影響を及ぼすと仮定し、リッカーモデルに漁獲、増加率に環境ホルモンとみなしたダメージ関数を与えるモデルを構築し平衡値やダイナミクスの解析を行った。

2 モデルと解析

今回は簡単なモデルとしてリッカーモデルを使い、モデルの作成を行った。

$$N(t) = N(t)e^{r(1-D(t))(1-N(t)/K) - qxN(t)}$$

このモデルは環境ホルモンが生物の増加率のみにかかると考え、増加率 r

のみにダメージ関数 $D(t)$ を与えたものである。このダメージ関数は環境ホルモンが 1960 年ごろから世に出てきたと考えられるので、それが線形に増えた場合、ロジスティック的に増えた場合を考えた。

また r を出生率、死亡率 2 つに分けそれぞれにかかるダメージ関数を異なったものにしそれぞれのダメージ関数を変化させたときにどうなるかを見てみる。

3 結果と考察

図 1 はダメージ関数が線形に増えた場合の個体数推移を示す。

今回は資源が減ったときの人間の対応を考えなかったため資源は多だ減少の一途をたどり絶滅となった。またダメージ関数の推移も問題があるため次回は資源が減った場合の人間の対応、ダメージ関数の与え方を変えて解析を行いたい。

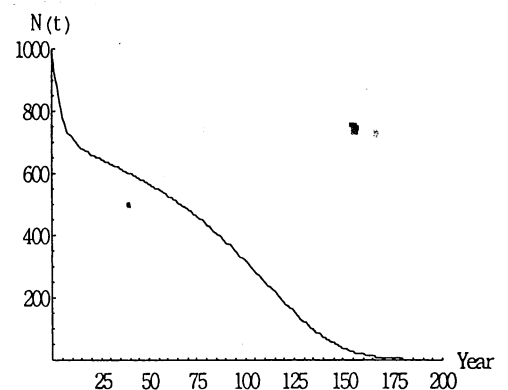


図 1. 個体数推移

1 はじめに

動植物の自然界では、その種の生理的寿命(physiological longevity)を全うすることはほとんどなく、大部分の個体がそれ以前に死ぬ。したがって生理的寿命(いろいろな本に掲載されている動物園における動物の寿命はこれに近い)よりかなり短い生態的寿命(ecological longevity)が存在する。さらにこの死亡も一時的に起こるのではなく、生涯のいろいろな時期に起こるのであり、死亡の比較生態学を検討するためには、死亡の年齢別分布(令別死亡率 age specific mortality)を問題としなければならない。この目的に該当するのが生命表(Life table)及び生存曲線(servivorship curve)である。生命表は一度に生まれた子がいろいろな令でどのように死んでいくかを示すもので普通、 $l_0=1.0$ とした場合の生存率(l_x)、生存率(p_x)、死亡率(q_x)及び1雌あたりの産仔数(m_x)の各項がある。

2 モデル

今回は表 A をもとにモデル 1 として、Leslie matrix を用いて t 年受精したものが $t+1$ 年目に出生するモデルとし、それをもとに以下のモデルを考える。

- ①環境収容力 (K) が入った場合
- ②密度依存の式が死亡率にかかった場合
- ③環境ホルモンなどの出生率、生存率などすべての数に変動が現れる場合。

これらに関してモデルの違いによってどのように変わってくるのかを考えたい。つまり、モデル 1 を対象に密度依存に関するダメージ関数 D 及び、環境ホルモンダメージ E などを Leslie matrix に組み込む。それによって令別個体数の比較、各令の全体に対する比率を比較検討する。

2.1 モデル 1: Leslie matrix

Leslie matrix を用いるということは t 年に受精した卵が $t+1$ 年に 0 令として出生することになり、 $t+1$ 年の 0 令は t 年のそれぞれの令別個体数に依存されるということである。初期個体群の令構成は表 A をもとにする。

2.1 モデル 2: ダメージ関数を組み込む

Leslie matrix の状態に応じてさまざまな変数を組み込むことによって、将来予測がどのようになるかを考える。また、初期個体群の令構成はモデル 1 と同様に表 A をもとにする。

表 A : 仮想個体群の生命表

Age	q_x	p_x	l_x	m_x	$l_x m_x$
0	0.7	0.3	1.0	0	0
1	0.5	0.5	0.3	2.0	0.6
2	0.2	0.8	0.1	3.0	0.3
3	0.4	0.6	0.08	3.0	0.24
4	0.2	0.8	0.05	3.0	0.15
5	0	0	0.03	0	0

“メキシカン・ジェイの長期的な繁殖データと気象要因の相関について”

静岡大学大学院理工学研究科 山下龍巳、嘉嶋康彦、吉村仁
t-ya@sec.eng.shizuoka.ac.jp

はじめに

一般的に、生物個体群の繁殖率・生存率・死亡率・産卵率等々は、生息する地域の環境の影響を受けると考えられています。本研究では、実際のデータを基に生物個体群に影響を与える気象要因を調べます。研究の対象としカケスの1種メキシカン・ジェイのデータを使用します。

気象は、メキシカン・ジェイの繁殖率や生存率に影響を与えます。降水量や気温がメキシカン・ジェイの生活にどう関与するかを調べます。多少なりとも、メキシカン・ジェイの生活に影響を与える気象要因を発見しました。

データと分析

生物個体群には、アメリカ南部アリゾナ州で繁殖するカケスの1種メキシカン・ジェイ (*Aphelocoma ultramarina*; スズメ目カラス科) を対象としました。メキシカン・ジェイのデータは、1972～1998年の間に観測された。メキシカン・ジェイの繁殖は3～6月に行われ、さらに、4月中に全体繁殖の約60%が行われる。この時期は比較的乾燥しており、これは雨季を避けるためであると言われている。このデータから各年の次の値を求める。

- Sr : 親の生存率
- Sd : 生存した卵数
- Sk : 卵の生存率
- Rr : 1匹の親が育てた卵数

気象データは、1970～1998年の降水量・平均気温・最高気温・最低気温・平均最高気温・平均最低気温を毎月ごとに観測されたものを使用する。特徴は、3～6月は雨が少なく、7・8月にモンスーンがくる。

これらのデータから、回帰分析を行う。回帰分析とは、二つの要素をxy座標上に点で表しその傾向を分析するもので、このプロットからおよその傾向線を引ける。次に、二つの要素の影響度を分析する相関分析を行う。相関分析では、相関係数rによって影響度を判定する。rは、0～1の値となる。rが1に近いほど相関関係が強く、rが0に近いほど相関関係が無い。

結果

各要素と各月の気象環境との相関係数r値の一例を次に示す。ここでは、各月の平均気温とメキシカン・ジェイの生存率等を比較した表で、 $r \geq 0.4$ になった組み合わせのセルは、背景を灰色にしたので、そこに注目してみる(表1)。

次にr値の高かった組合せの相関図を、1つ表示する(図1)。

表1: 平均気温と生存率とのr値の表

	平均		繁殖															
	7月	8月	9月	10月	11月	12月	1月	2月	3月	4月	5月	6月	7月	8月	9月	10月	11月	12月
Sr	0.1	0.12	0.25	0.15	0.28	0.14	0.09	0.02	0.43	0.16	0.53	0.24	0.07	0.18	0.13	0.01	0.35	0.12
Rr	0.07	0.13	0.06	0.2	0.1	0.09	0.02	0.16	0.08	0.54	0.44	0.54	0.24	0.09	0.04	0.32	0.05	0.09
Sk	0	0.14	0.04	0.27	0.05	0.05	0.02	0.07	0.11	0.47	0.43	0.57	0.31	0.13	0.04	0.25	0.05	0.07
Sd	0.11	0.07	0.03	0.23	0.03	0.04	0.02	0.09	0.23	0.24	0.39	0.35	0.31	0.08	0.1	0.34	0.08	0.05

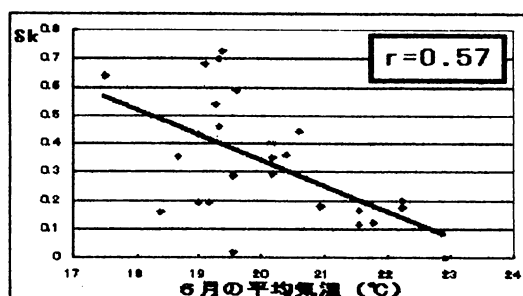


図1: Skと6月の平均気温との相関図

Capturing the separation of power in The Constitution as a Recapitulation

takeda@biology.kyushu-u.ac.jp

Abstract

Thinking how do we cope with space development of enormous costs and resources is something like answering a question of Lewis Carroll's Alice in wonderland ... "Why is a raven like a writing desk?"

Comparing to the earth, space is infinitely large. Construction of space residence is also uneasy. Whether space development pays for social economy or not depends on the difference of our own viewpoints and culture. As preliminary stepping up, basic research of biology, physics and chemistry, of course medicine, is in progress toward microgravity environment in space. Unprofitable (at first sight (^); space development may continue unless we could find some answer of notes on:

" Capturing the separation of power *1 in The Constitution *2 as a Recapitulation *3 "

note *1 The separation of power :

1. Legislaturē as information determined by Genome science]
2. Execution[as medicine for curing diseases]
3. Jurisdiction[as mathematics deciding on utility and design]

note *2 The Constitution (of the USA :-):

1. Federalism,
Aiming a vista grasping Metazoan body plan as a more perfect union of complete social systems.
Different from a vista reconstructing Metazoan phylogeny by calculating the distance of gene sequences.
2. Legislation, which affects each Person.
3. Erie Canal, which connects Great Lakes and Atlantic Ocean constructed by New York State.

note *3 Recapitulation

1. as a Living Fossil
2. to Think for the Future
3. as a Flexible Control observed in appropriate time and space

Here, we would like to discuss utility of *1, assuming the historical background of *2, and devise application to space development as *3 .

Mathematical Analysis of HIV Immune System

Graduate School of Science and Engineering, Shizuoka University

Takayuki Abe, Yasuhiro Takeuchi

Outline

We revise the model proposed by Martin A. Nowak and R. M. Bangham [1], and analyze stability of the equilibrium point

免疫システム

免疫とは細菌やウイルスなどの異物が侵入してきたときに、その異物を攻撃・排除する生体防御のことである。免疫システムには液性免疫・細胞性免疫がある。液性免疫は、 B 細胞が抗体を作りだし、抗原抗体反応がおこることにより異物の働きををなくさせたり、体内から異物を除去する。細胞性免疫は、異物の感染した細胞を CTL によって除去する働きである。また、免疫システムにおいて重要な役割を果たしているのがヘルパー T 細胞である。ヘルパー T 細胞は B 細胞が抗体を作り出すとき、また CTL が働くときに免疫機構には欠かせない存在である。

HIV は、ヘルパー T 細胞を持つ $CD4$ 細胞に感染し最終的に免疫機能を麻痺させ免疫不全を引きおこす。

HIV 免疫モデル

基本モデル [1] は後者の細胞性免疫を考慮してモデルを組み立てているので、基本モデルに前者の液性免疫を組み込んだモデルを導出する。

$$\dot{x} = \lambda - dx - \beta xv$$

$$\dot{y} = \beta xv - ay - pyz$$

$$\dot{v} = ky - uv - qyv$$

$$\dot{z} = cyz - bz$$

x : 非感染細胞 y : 感染細胞 v : ウイルス z : CTL それぞれの個体数である。非感染細胞は、一定変化率 λ で産出され、死亡率 d を持つ。感染細胞は感染率 β で非感染細胞とウイルスの出会いの数に比例して発生し、死亡率 a を持ち、 CTL によって除去される (割合 p)。ウイルスは産出率 k で感染細胞から産出され、死亡率 u を持ち、感染細胞によって除去される (割合 q)。 CTL はウイルスとの出会いの数に比例して増殖率 c で増加し、死亡率 b を持つ。基本モデルは $q = 0$ である。各平衡点におけるヤコビ行列を求め、その固有値の判別を行う。固有値の決定が困難な場合は *Routh - Hurwitz* の安定判別条件を用いる。

結果

ウイルスが感染したときに、閾値の値が 1 より小さいときには未感染細胞だけの状態となり、感染は広がらない。しかし、閾値の値が 1 を超えるとウイルスと感染細胞が定着する。基本モデルにおける平衡点の値と比較すると液性免疫を加えることにより感染細胞・ウイルス共に減少していることがわかり改良したモデルのほうが効果的であるといえる。

参考文献

- [1] Martin A. Nowak and Charles R. M. Bangham, Population Dynamics of Immune Responses to Persistent Viruses

Population Projections for Japan with the Effects of Endocrine Disruptors

Takahisa Mizushima, Yasuhiko Kashima, Jin Yoshimura
Shizuoka University

Resently, Japanese birthrate keeps on decreasing. Statistics of Population dynamics for Japan in 1995 by the Ministry of Welfare have showed the lowest birthrate (1.34) in history. There is an estimation that Japanese population will decrease from about 125 million persons in 1995 to about 67 million persons in 2100. Endocrine disruptors (EDs), it has been debated whether or not they affect human sperm count, may spur this depopulation tendency. For example, there is a scientific data that have shown reduction in sperm counts worldwide from 113 million sperm/ml to 66 million sperm/ml. However whether it is caused by EDs or not is unknown. World Health Organization had provided that natural pregnancy is difficult to occur if sperm counts is less than 20 million sperm/ml. We have projected a change of Japanese population with reduction of sperm counts assuming the effects of EDs.

This population dynamics model has been constructed along the following process : (1) the exposure of unborn children and babys to EDs through the placenta and breast milk (2) decrease of sperm counts (3) reduction of fertilities (4) decline of birthrates. This model has applied the leslie matrix to express that effects of the exposure of unborn children and babys to EDC appear when they grow up to be a men, and has shown a change of Japanese women population from the age of 0 to 49. In this model, the correlation between sperm counts and fertilities has been assumed such that if sperm counts become less than 30 million sperm/ml, fertilities will decrease in proportion to sperm counts, and when sperm counts decrease to below 10 million sperm/ml, the reproduction will be impossible. Birthrates is supposed to be proportional to fertilities.

Estimation that used Japanese women's population, fertilities, mortalities in 1995 has been shown in the right figure. In the case whether the effects of EDs exist or not, Japanese population has gone on reducing, and then has extinguish because Japanese birthrate in 1995 is too low to maintain the population. If the effects of EDs exist, the time of the extinction has been brought much forward. We can't say that Japanese future will be hopefull.

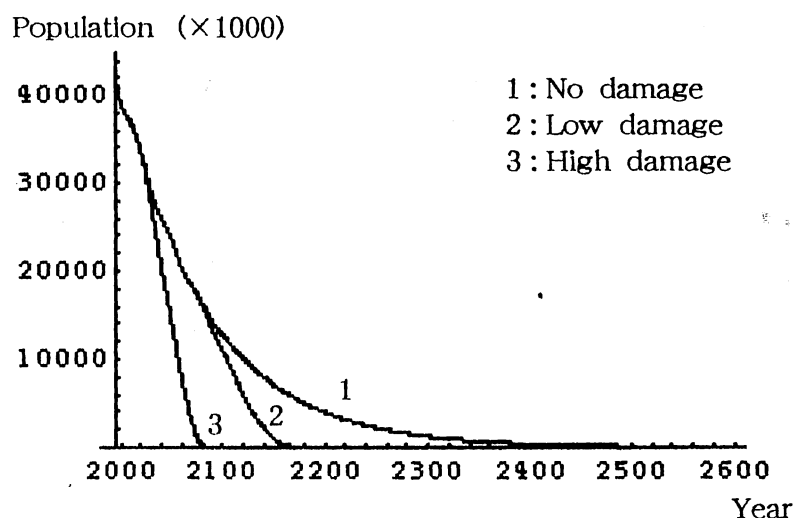


Figure : Women Population Projections for Japan
with or without effects of Endocrin Disruptors

We must not believe this result as such, because this model includes many assumptions and parameters that are difficult to test empirically. But, Japanese population is at least threatened with extinction unless birthrate increases in future. We have been forced to take some plompt social measures.

Stability Analysis of a Stage-Structured Time-Delay Model

Bo Feng and Yasuhiro Takeuchi

Department of Systems Engineering, Faculty of engineering

Shizuoka University, Japan

E-mail: feng@sec.eng.shizuoka.ac.jp

We proposed a time-delayed model of one species, which has a life history and has been exposed with Environmental Hormone. The individual members of the population will grow through two stages, immature and mature such as mammalian populations. The model is

$$\left\{ \begin{array}{l} \dot{N}_{ai}(t) = \alpha_1 N_{am}(t) + \alpha_2 N_{nm}(t) - \gamma N_{ai}(t) \\ \quad - \alpha_1 e^{-\gamma\tau} N_{am}(t - \tau) - \alpha_2 e^{-\gamma\tau} N_{nm}(t - \tau) \\ \dot{N}_{am}(t) = \alpha_1 e^{-\gamma\tau} N_{am}(t - \tau) + (\alpha_2 + \mu\alpha_3) e^{-\gamma\tau} N_{nm}(t - \tau) \\ \quad - \beta N_{am}(t)(N_{am}(t) + N_{nm}(t)) \\ \dot{N}_{ni}(t) = \alpha_3 N_{nm}(t) - \gamma N_{ni}(t) - \alpha_3 e^{-\gamma\tau} N_{nm}(t - \tau) \\ \dot{N}_{nm}(t) = \alpha_3(1 - \mu) e^{-\gamma\tau} N_{nm}(t - \tau) - \beta N_{nm}(t)(N_{am}(t) + N_{nm}(t)) \\ N_{am}(s) > 0, N_{nm}(s) > 0, \text{ on } -\tau \leq t \leq 0 \\ N_{ai}(0) > 0, N_{ni}(0) > 0 \end{array} \right. \quad (M)$$

We prove the positivity and boundedness of the solution and the uniform persistence of the system. The stability of equilibriums of the model is also studied. It is shown that under suitable hypotheses there exist stable nonnegative equilibrium, even there exist globally stable positive equilibria. The effect of the delay on the populations and the affection of environmental hormone are also considered. We find the population will survive although the environmental hormone gives some affection to their productivity. But if the environmental hormone become larger, the population will be doomed to extinction, that is, the positive points will be globally asymptotically stable under the difference condition.

References

- [1] W. G. Aiello & H. I. Freedman, A Time-Delay Model of Single-Species Growth with Stage Structure, *Math. Biosci.* 101, 139-153. (1990)

A MODEL FOR BACTERIA AND BACTERIOPHAGE WITH TIME DELAYS

Graduate School of Science and Engineering, Shizuoka University.

Hirotsatsu Sakakibara, Yasuhiro Takeuchi

Introduction

We study a model for resource-limited population growth and competition on three trophic levels: (1) primary resources, (2) first consumers or prey, and (3) predators.

We consider two cases in some detail. The first is the situation with one resource, one prey, and one predator. The second is the situation with one resource, two prey, and one predator population.

The Basic Model

Let r_j be j th resource concentration, n_i are individuals per milliliter of the i th prey species (=bacteria), p_k are individuals per milliliter of the k th predator population (=bacteriophage) and m_{ik} are individuals per milliliter of prey of the i th type which have been attacked by a predator of the k th type and will give the birth of new predators.

Under these assumptions, the variables r_j , n_i , m_{ik} and p_k are related by the following delay differential equations:

$$\begin{aligned} \dot{r}_j &= \rho(C_j - r_j) - \sum_{i=1}^I \phi_{ij}(n_i + \sum_{k=1}^K m_{ik}) \\ \dot{n}_i &= n_i \sum_{j=1}^J (\phi_{ij}/e_{ij}) - \rho n_i - \sum_{k=1}^K \gamma_{ik} n_i p_k \\ \dot{m}_{ik} &= \gamma_{ik} n_i p_k - \rho m_{ik} - e^{-\rho l_{ik}} \gamma_{ik} n_i(t - l_{ik}) p_k(t - l_{ik}) \\ \dot{p}_k &= \sum_{i=1}^I b_{ik} e^{-\rho l_{ik}} \gamma_{ik} n_i(t - l_{ik}) p_k(t - l_{ik}) - \rho p_k - \sum_{i=1}^I \gamma_{ik} n_i p_k \end{aligned}$$

We restrict our analysis to what we have called the "equable mode" of existence, meaning one in which primary resources enter a habitat of volume V ml at a constant rate W ml/h and that the fluid containing the unutilized resources, organisms, and wastes is removed at same rate. l_{ik} is the latest period between the attack by predator from the k th predator population on a prey from the i th prey population and the resulting production of new predators. $\phi_{ij}(r_1, \dots, r_j, \dots, r_J)$ is some function of the concentration of the various resources. γ_{ik} is attack rate for prey and b_{ik} is the production of new predators of attacking type. Let $\rho = W/V$ be the rate of flow through the habitat.

We discuss that existence of the equilibria and local stability of the equilibria.

Reference

Bruce R. Levin, Frank M. Stewart, and Lin Chao, Resource-limited Growth, Competition, and Prediction: A Model and Experimental Studies With Bacteria and Bacteriophage, The American Naturalist 111 3-24

Effect of evolution on host-parasitoid population dynamics

Ryusuke KON and Yasuhiro TAKEUCHI

Systems Engineering, Faculty of Engineering,
Shizuoka University

There are a lot of discrete time model of population dynamics. These models often have a very complex solutions, namely quasi-periodic and chaotic solutions. It is interesting to know what kinds of dynamics will appear in natural population. In this study, we examine the population dynamics favored by natural selection.

Gatto [1] obtained a single-species population dynamics favored by natural selection. Kon and Takeuchi [2] obtained a population dynamics of a host-parasitoid system favored by natural selection, but in [2], it is assumed that only the host can evolve. In this study, we assume that both of the host and the parasitoid can evolve. We assume the evolutionary dynamics used in [3], where the evolutionary dynamics of predator-prey systems with a continuous time was investigated, for considering the effect of evolution of the host and the parasitoid simultaneously.

The model of population dynamics investigated in this study is the following host-parasitoid model:

$$\begin{cases} H(t+1) = rH(t) \exp[-\mu H(t)] \exp[-aP(t)] \\ P(t+1) = bH(t)(1 - \exp[-aP(t)]), \end{cases}$$

where $H(t)$ and $P(t)$ are the population density of the host and the parasitoid at generation t , respectively, and r , μ , a and b are the reproductive rate of the host, the competitive ability of the host, the searching ability of the parasitoid and the number of the parasitoid which develops per host, respectively. This model is Nicholson-Bailey model with a density dependence in the host population.

References

- [1] Gatto, M., The evolutionary optimality of oscillatory and chaotic dynamics in simple population models, *Theor. Pop. Biol.* **43** (1993), 310-336.
- [2] Kon, R. and Takeuchi, Y. The effect of evolution on host-parasitoid systems. *J. theor. Biol.*
- [3] Marrow, P., Dieckmann, U., Law, R. Evolutionary dynamics of predator-prey systems: an ecological perspective. *J. Math. Biol.* **34** (1996). 556-578.

*Cyathopharynx furcifer*におけるマウンド獲得戦略

The optimal strategy for bower acquisition by male of cichlid, *Cyathopharynx furcifer*

大阪大学大学院理学研究科数学専攻

Department of Mathematics, Graduate School of Science, Osaka University

吉田慶二

Keiji Yoshida

タンガニイカ湖に生息するシクリッド科の魚である *Cyathopharynx furcifer* の雄は縄張りの中に砂を盛り上げてクレーター状のマウンドを作り、そこで求愛行動をする。雌はマウンドを持つ雄 (B male) だけに近付き、クレーターの中で2匹でぐるぐる回りながら産卵する。

Karino(1996)によると、何匹かの雄がマウンドを放棄し、かわりに近くに縄張りを構えるマウンド非所持の雄 (NB male) が占有したのが観測された。Bは異種や同種の魚からの攻撃やマウンドの修復を行う必要がありコストがかかると思われる。

本研究では繁殖成功を最大にするような最適な攻撃頻度をコンピューターシミュレーションで調べた。

A male of cichlid fish, *Cyathopharynx furcifer*, which lives in Lake Tanganyika holds crater-shaped mounds (bowers) composed of the sand on sandy and rocky substrata. On the approach of gravid females to the bowers, the males perform courtship displays. Females visit several bowers, before circling with the selected male in his bower for spawning.

Although only the males with bowers (B males) succeed in reproduction, they are apparently exhausted by bower maintenance and reproduction, and often desert their bowers. These are soon occupied by males which have held nearby territories without bowers (NB males), such males then engaging in reproductive activity (Karino 1996).

I studied the optimal frequency of NB's attack against B by computer simulation.

Topological Defects in Prisoner's Dilemma Game: Superiority of All Cooperate

Yu Itoh, Kei-ichi Tainaka, Naoto Ooka, and Tomoyuki Sakata

Department of Systems Engineering, Shizuoka University, Hamamatsu 432-8561, JAPAN

Introduction

So far, All Cooperate (AC, indicating unconditional cooperation) has been considered to be inferior to other strategies, especially to All Defect (AD) and Pavlov.

In the present paper, we introduce a patch system, and illustrate that AC beats not only AD but also any other strategy.

The Model and the Result

The PD game with noise is played among four strategies, AC, TFT, Pavlov, and AD, on one-dimensional lattice. The lattice site corresponds to a patch (or a family) which contains several players of a single strategy. Each player on a lattice site plays m games with players in the same site ($0 \leq m$), while he plays one game with those in its adjacent sites, respectively. The value of m may increase, when the relatedness among members in a family increases.

Simulation reveals that for $m_c \leq m$, the strategy AC completely wins the game. The critical value m_c depends on noise intensity x .

Conclusion

For various animals, altruism more or less evolves. The evolution of altruism among related animals has been explained by the theory of kinship (Hamilton, 1964) or selfish genes (Dawkins, 1976). On the other hand, the altruism among unrelated animals has been usually explained by TFT or Pavlov by the use of the terms "reciprocal altruism"; individuals mutually give their service. It is fair to say that from the altruism, one associates the strategy AC (Axelrod, 1984) rather than TFT or Pavlov. Hence, the superiority of AC, described in this paper, accounts for the evolution of altruism among unrelated animals.

According to the kinship theory, the relatedness plays an essential role to measure the degree of altruism. On the other hand, among unrelated animals, no measure has been presented. However, we introduce the quantity m which measures the degree of altruism among both related and unrelated animals. The frequency m increases with the increase of relatedness. However, this does not always hold; for example, if a parent live far from her eggs, then m (or relatedness) takes a small (or large) value. On the contrary, if an adult cares and lives together with a child, altruism between them may evolve without any relationship.

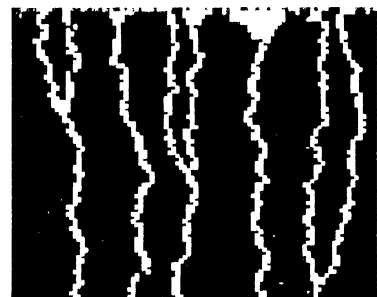


Fig. 1: $x = 0.1, m = 6$
Topological defects appers.



Fig. 2: $x = 0.1, m = 10$
AC wins completely.

アミメハギの産卵行列における最適戦略

Optical strategy on spawning parade in Filefish *Rudarius ercodes*

塚本 龍治 (大阪大学大学院理学研究科)

Ryuji Tsukamoto (Department of Mathematics, Osaka Univ)

アミメハギは南日本海沿岸に多数生息する、成魚でも体長3～6 cmほどにしかならない小型のカワハギ科魚類である。

雄は繁殖期には婚姻色を呈する。婚姻色は、その雄固有のものではなく、体調や環境によって変わりうるものであり、互いの婚姻色が雄間競争の判断材料として機能している。

雌は、産卵の前にあたりの雄を集め、引き連れて練り歩き、先頭にたった複数の雄を自分の両側に並べて産卵する、産卵行列という手段で配偶者選択を行う。

本研究では、アミメハギの産卵行列のモデルをつくり、雌が産卵するタイミングの最適戦略がどうなるかシミュレーションを行って調べた。

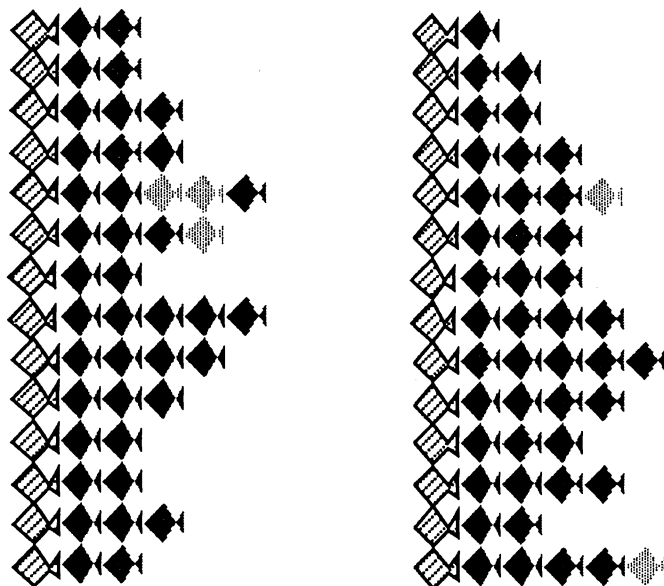


図 産卵行列の時間変化

Possibility of Parasitoid's Invasion at the Host-Parasitoid Systems

Tomoya Unno, Rinko Miyazaki

Dept. Systems Engineering, Shizuoka Univ.

In this article we suppose two hosts (H_1, H_2), their two specialist parasitoids (P_{S1}, P_{S2}), and a generalist parasitoid (P_G) that is able to attack both hosts. From these species' interaction, the community's structures are formed. The aim of our analysis is making the local stability of these structures clear.

$$\begin{aligned} H_i(t+1) &= \lambda_i H_i(t) f(P_{S_i}(t)) f(P_G(t)) \\ P_{S_i}(t+1) &= H_i(t) f(P_G(t)) [1 - f(P_{S_i}(t))] \\ P_G(t+1) &= \sum_{i=1}^2 H_i(t) [1 - f(P_G(t))] \\ f(x) &= \left(1 + \frac{a \cdot x}{k}\right)^{-k} \end{aligned}$$

We assume that hosts and parasitoids have discrete generations, and three parasitoids attack host independently. Then these phenomena are expressed by above difference equations for $i = 1, 2$. Where $H_i(t)$, $P_i(t)$, and P_G represent the densities of each species in the current generation. Let λ_i (> 1) be the fecundity of host H_i . $f(x)$ implies the probability of a host escaping parasitism, and the dot refers to any of the three parasitoid species. This inherits from a concept of the zero term in the negative binomial distribution used by *Nicholson-Bailey* model. We assume that the searching efficiencies of the two specialist parasitoids are a_S and that the searching efficiency of the generalist is a_G . And the parameter k indexes the amount of density dependence in the risk of parasitoid attack.

When the two hosts have identical fecundities, the local stability of the community's structures provide the following.

- **Structure (a)**

We assume that H_1, H_2, P_{S1} , and P_{S2} exist in the communities. In this case, as magnitude of any eigenvalue at the equilibrium point are less than 1, structure (a) is stable.

- **Structure (b)**

We assume that H_1, H_2 , and P_G exist in the communities. In this case the equilibrium points form a segment (l_1).

Since the eigenvector of the eigenvalue 1 is $(H_1, H_2, P_G) = (1, -1, 0)$ and magnitude of the rest of eigenvalues are both less than 1 at the any equilibrium points on l_1 , then a solution starting at the neighborhood of the segment l_1 converges to the segment l_1 .

- **Structure (c1)**

We assume that P_{S1} invades the stable community of structure (b). In this case the equilibrium points also form a segment (l_2) connecting $A(\hat{H}_1, 0, 0, P_G^*)$, $B(0, \hat{H}_2, 0, P_G^*)$. Let us consider an equilibrium point dividing the segment AB at a ratio of $(1 - m) : m$, ($0 < m < 1$). There are eigenvalues 1 and $\frac{k(\lambda^{1/k} - 1)m}{\lambda - 1} \Phi$. The magnitude of the rest of them are less than 1. Since the element P_{S1} of the eigenvector belonging to 1 is zero, invasion of P_{S1} to structure (b) is impossible. While as the element of P_{S1} belongs to the eigenvector equals to $\frac{k(\lambda^{1/k} - 1)m}{\lambda - 1} \Phi$ is non-zero. Hence invasion of P_{S1} to structure (b) is possible only if the magnitude of this eigenvalue is greater than 1. In other words, in the neighborhood of segment AQ structure (c1) is unstable, while in the neighborhood of segment QB structure (c1) is stable. Here Q is a point dividing AB at a ratio of $(1 - m_0) : m_0$, ($m_0 = \frac{\lambda - 1}{k(\lambda^{1/k} - 1)\Phi}$). Moreover, the following is provided by the numerical analysis. We can observe that any solutions starting at the neighborhood of AQ converges to QB .

[Reference]

H. B. Wilson, M. P. Hassell, and H. C. J. Godfray. "HOST-PARASITOID FOOD WEBS: DYNAMICS, PERSISTENCE, AND INVASION". *The American Naturalist*. Vol. 148.

十和田湖におけるヒメマスとワカサギの動態

佐藤由紀・中島久男（立命館大・理工）、高村典子（国立環境研究所）

十和田湖にはもともと大型の魚類は生息していなかったが、漁獲資源の確保のため明治末にヒメマスが導入された。その後ヒメマス増産事業を開始して以来 1984 年までは、漁獲量が安定していた。しかし 1980 年代前半、湖にワカサギが導入されたことによって、1985 年以降、ヒメマスとワカサギの個体数の不安定な変動が引き起こされた。我々はこの不安定変動を生物種間の相互作用に起因していると考え、数理モデルを用いて不安定変動の原因の解析を行った。

モデルとして、植物プランクトンを大型藻類と小型藻類に分け、また動物プランクトンはヒメマスとワカサギの主な餌である *Daphnia* と *Bosmina*、魚類はヒメマスとワカサギからなる 6 種系を考えた。これらの捕食被食関係は、ワカサギは *Daphnia* と *Bosmina* の両方を捕食することができるが、ヒメマスは *Bosmina* のサイズが小さいため、*Daphnia* のみしか捕食できない。また、*Daphnia* は大型藻類と小型藻類のどちらも捕食するが、*Bosmina* は小型藻類のみしか捕食できないとした。

このモデルを下のような Lotka-Volterra モデルで表現した。ただし、 K, P, D, B, A_1, A_2 はそれぞれヒメマス、ワカサギ、*Daphnia*、*Bosmina*、大型藻類、小型藻類の生体重量を表している。

$$\begin{aligned}dK/dt &= (-d_K + e_{KD}f_{KD}D)K \\dP/dt &= (-d_P + e_{PD}f_{PD}D + e_{PB}f_{PB}B)P \\dD/dt &= (-d_D + e_{D1}f_{D1}A_1 + e_{D2}f_{D2}A_2 - f_{KD}K - f_{PD}P)D \\dB/dt &= (-d_B + e_{B2}f_{B2}A_2 - f_{PB}P)B \\dA_1/dt &= [r_1\{1 - (A_1 + cA_2)/k_1\} - f_{D1}D]A_1 \\dA_2/dt &= [r_2\{1 - (cA_1 + A_2)/k_2\} - f_{D2}D - f_{B2}B]A_2\end{aligned}$$

解析の結果として、()ヒメマスの放流量を増やすと、それまで存在していなかった *Bosmina* が侵入しやすくなること、()*Bosmina* がいない場合にはヒメマスとワカサギの共存が不可能であること、()パラメータの値によっては、ヒメマスとワカサギとの共存定常状態が不安定となり振動が起こること、などが明らかになった。

Morphogenesis of tube network in true slime mold

Toshiyuki Nakagaki*, Hiroyasu Yamada*†

*Local Spatio-Temporal Functions Lab., RIKEN

†Research Institute for Electronic Science, Hokkaido University

The procedure of solving a labyrinth by higher organism as mice or human is not identified in every detailed. But a chemical system like the excitable Belousov-Zhabotinsky reaction distributed in two dimensions may also be to navigate in a maze based on nonlinearity of chemical waves. A true slime mold, the plasmodium of *Physarum polycephalum*, is an amoeboid organism with sheet-like shape and is regarded as two-dimensionally distributed biochemical reactant. Cellular activities of the plasmodium is modeled by the oscillatory reaction-diffusion type equations. This implies a possibility that the plasmodium can have a computational algorithm of solving a maze. Here we show the conditions where the possibility is realized.

In the plasmodium, contraction waves, which is coupled with biochemical oscillations, propagate very rhythmically. These waves are initiated by the external stimulation including nutrient, light and temperature. The wave propagation leads to development of tubular structure from the sheet-like parts. The plasmodium has the tube-network in the sheet-like part. When the plasmodium moves, geometry of the tube network varies drastically according to the external stimulation. We focus on this relationship between the intracellular waves and of the morphogenesis of the tube. The contents of this report are: 1) fundamental characters of the tube development, 2) conditions where the plasmodium solve a maze and the solution, 3) a possible mechanism to solve a maze in terms of nonlinear dynamics of reaction-diffusion waves, 4) path-finding in multiple discrete food-sites by the plasmodium. Evidence that the amoeboid organism has an ability to solve difficult combinatorial optimization problems is shown. I had better change my stupid opinion that a unicellular organism would be stupid.

The stability analysis for HIV virus-antibody model

Takayuki Tanaka
Graduate School of Science and Engineering
Shizuoka university

Abstract

Stilianakis et al.[1] used numerical simulations to explore the details of the stochastic dynamical behaviour associated with the appearance of mutant strains of HIV. They stress on several findings:

- (1) the model dynamics depend crucially on the HIV mutation rate.
- (2) the model dynamics equally strongly depend on the initial size of the virus population and the initial virus density.
- (3) the detailed time scales, and the proportion of those infected who progress to AIDS within 50 years, depend on the parameters characterizing the system dynamics. [2]

The aim of this study is to prove local and global stability of the equilibrium point where the HIV virus and antibody can co-exist.

The model is

$$\frac{dv}{dt} = v(r - px) \quad (1)$$

$$\frac{dx}{dt} = kv - bx - uvx \quad (2)$$

v is the population size of virus, x is an immune response which acts only against viral strain. Strain reproduces at rate r and virus is removed by an immune response at rate p . The immune response is activated at rate k and the immune response decays at rate b and uvx is the impairment of the immune response.

The equilibrium point $(0, 0)$ is unstable and $(\frac{br}{pk - ru}, \frac{r}{p})$ is locally stable if it exists. By applying Bendixson-Dulac theorem and Poincaré-Bendixson theorem, under the condition $pk > ru$, the equilibrium point is shown to be globally stable.

Conversely, in the case of that virus is difficult to remove by the antibody, that is in the case of $pk < ru$, the amount of the virus will increase in all conditions. So, to create an active antibody condition is the best way to get rid of virus's control.

At the next step, the cross-reactive immune response and the new group such as (x_2, v_2) will be introduced to the model and base on the new model, local stability and global stability will be analysed.

References

- [1] N. I. Stilianakis, D. Schenzle, and K. Dietz, On the antigenic diversity threshold model for AIDS. *Matha. Biosci.* 123:235-247(1994).
- [2] ROBERT M. MAY, DOV J. STEKEL and MARTIN A. NOWAK, Antigenic Diversity Thresholds and Hazard Functions. *MATHEMATICAL BIOSCIENCES* 139:59-68(1997)

ABSTRACT

未感染媒介体の不均一分布下における伝染病流行様式に関する
確率過程モデル解析

A Simple Stochastic Model for Epidemic Transmission
among
Heterogeneously Distributed Susceptible Units

小柴新子*(Shinko KOSHIBA) · ¹瀬野裕美**(Hiromi SENO)
奈良女子大学・理・情報科学科*, 広島大学・院・理学研究科**

In our modeling analysis, we focus on how the extent of epidemic damage depends on the spatial distribution of susceptible units.

We assume that the unit of infection is immobile, as town, plant, etc. We call the unit by *the site*. We classify the sites into three classes, depending on the state of site in terms of the epidemics: *susceptible*, *infective* and *recovered*. We ignore any time delay about the epidemic dynamics, including the latent period. Infection rate depends only on the total number of *infective* sites. Only susceptible site could be infected. Recovered site is never infected again. Besides, infection and recovery of a site is independent of that of any other ones. With these assumptions, we consider $P(k, h, t)$ that means the probability for the state such that k *infected* and h *infective* sites exist at time t . Considering the possible transitions of state in sufficiently small time interval $(t, t + \Delta t]$, we can get the differential equation to describe the temporal variation of $P(k, h, t)$, which can be analyzed by means of the moment generating function. As for the initial condition, we assume that the epidemic begins with a site at time 0.

Next, we consider the mathematical modeling for the range expanded by infected sites, say, the *infected range*. We characterize the infected range at time t by the minimal diameter R which includes all infected sites at t . Then, we assume the generalized relation between the infected range and the total number of infected sites as follows: $k \propto R^d$ ($1 \leq d \leq 2$), where the power d characterizes the spatial pattern of infected region occupied by infected sites. Power d is called *cluster dimension* or *mass dimension*, that is a sort of *fractal dimension*. When $d \approx 2$, the spatial distribution of infected sites can be approximated by a disc. When $d \approx 1$, the distribution can be approximately regarded as one dimensional, that is, the infected sites can be regarded to be arrayed along a curve. With the relation, $k \propto R^d$, and $P(k, h, t)$, we can obtain the temporal variations of expected infected range and expected expansion velocity of infected range.

From the results of our modeling analysis, we try to discuss the effects of spatial distribution of susceptible sites and characteristics of the epidemic on the nature of its expansion. Further, we try to mention the contribution of treatment and prevention for it, too.

¹Corresponding person. seno@math.sci.hiroshima-u.ac.jp

Numerical Analysis of Biological Denitrifying Reaction

Noriyoshi Yoshida and Yasuhiro Takeuti

The Department of System, The Faculty of Engineering, Shizuoka Univ.

Abstract

Eutrophication of rivers, lakes and so on is mainly caused by surplus nitrogen components in water. In the work, we tried to construct a mathematical model of denitrification process in which microorganisms convert nitrate into nitrogen gas. The simulation results with this model were compared with the experimental ones by other works (Arai, 1990; Nakajima, 1991) to estimate the validity of parameters used in this model. The change of the number of microorganisms and the concentrations of nitrogen components were simulated under the following conditions: artificial waste water containing nitrate is supplied continuously to the soil, and the soil is saturated with water.

Theory

連続嫌気処理装置(Fig. 1)内において、嫌気条件下の脱窒菌による窒素成分の除去反応を、(1),(2)式に、装置内で主に行われる主な解離反応式を式(3)に示す。これを移流分散方程式で表す。これらの数理モデル式において用いた仮定は次の通りである。(1)土壌中の液は一定の圧力で流れる。(2)土壌中の水分は飽和状態で含水率は時間と場所によらず一定(発生した窒素は素早く取り除かれる)。(3)温度は一様で一定。(4)微生物による反応は Monod の増殖速度式に従う。(5)菌体が固相表面に吸脱着するのを表現するのに、Langmuir の吸着等温式の原理に基づいて式変形したものをを用い、固相表面上の娘細胞の吸着量については、菌体が吸着できる固相表面空席数に比例している。(6) K^+ , NO_3^- はイオン化傾向が極めて強いので、すべて解離しているとし、液中の二酸化炭素における二段階目の解離平衡反応 $[CO_3^{2-} + H^+ \rightleftharpoons HCO_3^-]$ は、平衡定数が極めて低いので、起こらない。また、解離反応は多の反応と比べ瞬間的に起こる。(7)微生物一個の乾燥重量を $1 \times 10^{-9} \text{mg}$ とする。(8)微生物の組成を $(C_5H_7O_2N)_n$ とする。

Result

初期条件を実験では、 $S=S_0=125 \text{ mg/l}$, $[NO_3^-]=[NO_3^-]_0=50 \text{ mg/l}$, $X_5=X_{50}=4.64 \text{ cells/mg-dry soil}$ とし、未知パラメーターを推算して計算を行った。14 日後について、硝酸イオンの実験値と計算値との比較をそれぞれ Fig. 2 に示す。

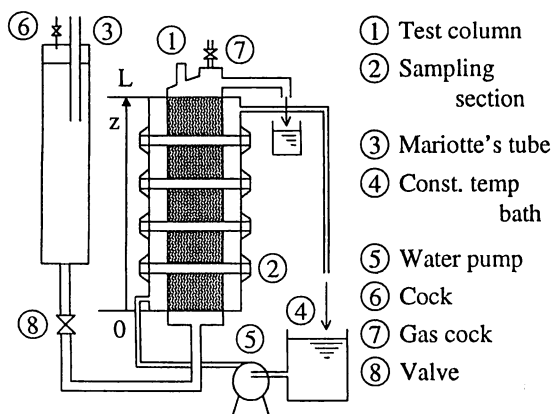
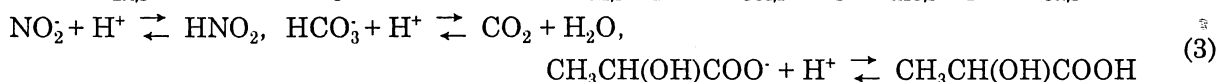
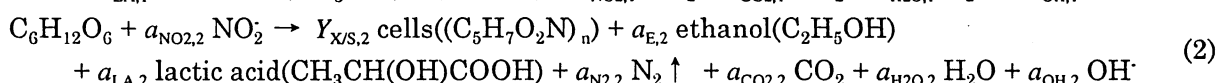
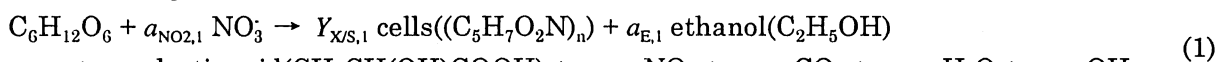


Fig. 1. The diagram of experimental apparatus for continuous anaerobic treatment.

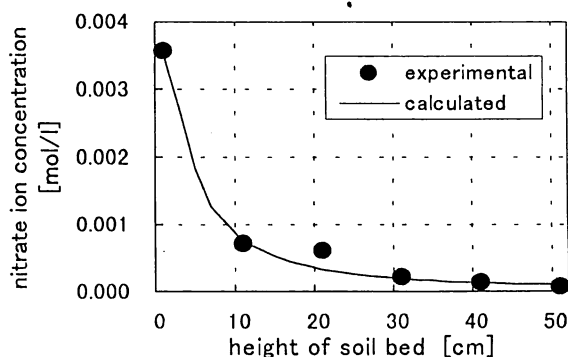


Fig. 2. The profiles of nitrate ion along the soil depth when 14 days have passed, comparing experimental data with simulation results.

**Computational Patterning on the Activity and Locomotion of
Chironomus flaviplumus (Chironomidae) in Response to Sub-Lethal Treatments of Insecti-
cide in Semi-Natural Conditions**

Inn-Sil Kwak, Mi-Young Song and Tae-Soo Chon*

Division of Biological Sciences, Pusan National Univ., Pusan 609-735 Korea

Using an automatic tracking system, behavioral responses of a benthic insect species, *Chironomus flaviplumus* (Chironomidae) to sub-lethal treatment of insecticide, were observed in semi-natural conditions. The fourth instar larva were placed in an observation cage (6cm × 7cm × 2.5cm) at temperature of 18°C and at the light condition of 10LL: 14DD. The tracking system was devised to detect the instant, partial movement of the insect body. Individual activity was traced after the treatment of carbofuran (0.1 ppm) for four days (1 day; before treatment, 3 days; after treatment). Without treatment of the chemical some typical patterns of locomotion were observed : the shapes of “slide and short retreat”, “ribbon” and “eight”. After the treatment these typical patterns generally disappeared while the “ventilation activity”, appearing as the shape of “compressed zig-zag”, was frequently observed in photo- and scoto-phases. The activity of the test individuals was generally depressed after the chemical treatment. Two-Dimension Fast Fourier Transform analysis was conducted on the data for the locomotive tracks and the movement patterns were more clearly represented in the transformed map.

Inn-Sil Kwak ; inkwak@hyowon.pusan.ac.kr

Mi-Young Song ; miysong@hotmail.com

*Corresponding author ; tschon@hyowon.pusan.ac.kr

Patterning and Prediction of Community Changes by Using Time-Delay Artificial Neural Networks

Tae-Soo Chon* , Inn-Sil Kwak , Tae Hyung Kim^a and Yoo Shin Kim^a

Division of Biological Sciences, Pusan National University, Pusan 609-735 KOREA

^a Division of Electronics and Computer Engineering, Pusan National University, Pusan 609-735 KOREA

Abstract

The feasibility of artificial neural networks in patterning dynamic data was demonstrated to predict changes in ecological communities. Community dynamics have been considered to be difficult for prediction since community consists of many species and they vary in a complex manner under different environmental conditions. Prediction of community dynamics, however, is an important topic in terms of monitoring ecological status, especially for the water quality control in aquatic ecosystems. In this study information lied in density and biomass of the selected taxa in community were extracted with time-delay artificial neural networks such as recurrent neural network. For input data, benthic macroinvertebrate communities were collected from the urbanized streams in Korea. The previous data sets for community data were provided in a time-sequence as input to the network while the present community data were correspondingly matched as output. The connectivity of computation nodes was arranged in such a way that the previous community data have time-delayed feedbacks through hidden and output nodes. In concurrence with the input of biological data, the corresponding data sets for environments (e.g., water velocity and depth, amount of sedimented organic matter, etc) were also given to the network in the process of training. The patterning through the network revealed the impacts of various environmental factors on the temporal development of the benthic macroinvertebrate communities. The short-time prediction of community changes in densities and biomass of selected taxa was also possible by the trained network after the new data sets were provided as input to the network for recognition.

*Corresponding author ; tschon@hyowon.pusan.ac.kr

Inn-Sil Kwak ; inkwak@hyowon.pusan.ac.kr

確率セルオートマトンへの超離散化 Ultradiscretization toward Stochastic Cellular Automata

国松俊彦, 今野紀雄 (横浜国立大学)
Toshihiko KUNIMATSU and Norio KONNO (Yokohama National University)

最近, 超離散化の手法が盛んに研究されているが^{1,2)}, 確率セルオートマトンへの超離散化の構造はまだよく研究されていないので, その構造に関して検討を行う. 特に本研究では, 超離散化を行うと確率セルオートマトンの特別な形である Domany-Kinzel モデル³⁾を表す方程式が得られるような確率偏差分方程式を探しだし, さらにその時空間連続極限に相当する確率偏微分方程式を求め, 確率セルオートマトンの解の挙動を考察する. 以下, 超離散化について簡単に説明をする.

まず, $\mathbf{X} = \{X_j^t : t \in \{0, 1, 2, \dots\}, j \in \mathbb{Z}\}$, $\mathbf{Y} = \{Y_j^t : t \in \{0, 1, 2, \dots\}, j \in \mathbb{Z}\}$ はそれぞれ独立同分布で, かつ \mathbf{X} と \mathbf{Y} も独立とする. 但し,

$P(X_j^t = 1) = p$, $P(X_j^t = 0) = 1 - p$, $P(Y_j^t = 1) = q$, $P(Y_j^t = 0) = 1 - q$ である. このとき次の確率偏差分方程式を考える.

$$u_j^{t+1} = \left\{ \frac{(u_{j-1}^t)^2 + (u_{j+1}^t)^2}{1 + u_{j-1}^t u_{j+1}^t} \right\}^{X_j^t} \left\{ \frac{1 + u_{j-1}^t u_{j+1}^t}{u_{j-1}^t + u_{j+1}^t} \right\}^{Y_j^t} \quad (1)$$

但し, $u_j^t \in [1, \infty)$, $t \in \{0, 1, 2, \dots\}$, $j \in \mathbb{Z}$. (1) を $u_j^t = e^{U_j^t/\epsilon}$ と変数変換すると,

$$e^{U_j^{t+1}/\epsilon} = \left\{ \frac{e^{2U_{j-1}^t/\epsilon} + e^{2U_{j+1}^t/\epsilon}}{1 + e^{(U_{j-1}^t + U_{j+1}^t)/\epsilon}} \right\}^{X_j^t} \left\{ \frac{1 + e^{(U_{j-1}^t + U_{j+1}^t)/\epsilon}}{e^{U_{j-1}^t/\epsilon} + e^{U_{j+1}^t/\epsilon}} \right\}^{Y_j^t} \quad (2)$$

両辺の \log をとって,

$$U_j^{t+1} = X_j^t \left[\epsilon \left\{ \log \left(e^{2U_{j-1}^t/\epsilon} + e^{2U_{j+1}^t/\epsilon} \right) - \log \left(1 + e^{(U_{j-1}^t + U_{j+1}^t)/\epsilon} \right) \right\} \right] \\ + Y_j^t \left[\epsilon \left\{ \log \left(1 + e^{(U_{j-1}^t + U_{j+1}^t)/\epsilon} \right) - \log \left(e^{U_{j-1}^t/\epsilon} + e^{U_{j+1}^t/\epsilon} \right) \right\} \right], \quad (3)$$

$\epsilon \rightarrow +0$ の極限を考えると, 公式 $\lim_{\epsilon \rightarrow +0} \epsilon \log (e^{A/\epsilon} + e^{B/\epsilon} + \dots) = \max(A, B, \dots)$ より,

$$U_j^{t+1} = X_j^t [2 \max(U_{j-1}^t, U_{j+1}^t) - \max(0, U_{j-1}^t + U_{j+1}^t)] \\ + Y_j^t [\max(0, U_{j-1}^t + U_{j+1}^t) - \max(U_{j-1}^t, U_{j+1}^t)] \quad (4)$$

となり, Domany-Kinzel モデルを表す方程式が得られる⁴⁾. シンポジウムでは, 上記の確率偏差分方程式と Domany-Kinzel モデルの関係について報告したい.

1) D.Takahashi and J.Matsukidaira: Phys. Lett. A **209** (1995) 184.

2) T.Tokihiro, D.Takahashi, J.Matsukidaira and J.Satsuma: Phys. Rev. Lett. **29** (1996) 3247.

3) 今野紀雄: "ある無限粒子系の局所性と大域性", 数理科学, No.436, サイエンス社 (1999) 37-43.

4) 今野紀雄: "Domany-Kinzel モデルへの超離散化", 中大セミナーノート (4/4/2000).

Dynamical insights into the genetic code: parasitism, redundancy and termination

David C Krakauer

Institute for Advanced Study, Princeton Univ.

Redundancy in the genetic code has been attributed to using four base triplets to encode 20 amino acids. There are however at least a further two forms of redundancy associated with the code: redundancy arising from the ratio of tRNA anticodons to amino acids and redundancy in the number of copies of each unique tRNA. We explore adaptive explanations for the origin of redundancy based on the genetic code viewed as a primitive immune system. Modifying the set of codons bound by tRNA anticodon molecules reduces the efficiency of translational parasites such as viruses. This is because increased translational efficiency of the parasite implies a match between the pool of host tRNAs and the parasite codons. Thus the genetic code constitutes the first line of defence against infection. In light of the theory we discuss (1) the persistence of genetic redundancy, (2) the unique plasticity of tRNA bases, and (3) analyse trends in codon usage in parasite-host genetic data sets. We also explore some aspects of initiation and termination, stressing the imprecise nature of these processes and the reasons why there can be fewer initiation codons than termination codons.

Pattern formation on skin of tropic fishes

Hiroto Shoji¹ · Atushi Mochizuki¹ · Yoh Iwasa¹ · Shigeru Kondo²

1 Dept. of Biology Kyushu Univ.

2 Faculty of the Integrated Arts and Science Tokushima Univ.

The stripe patterns observed on skin of tropical fishes have been explained by applying reaction-diffusion principle. According to the principle proposed by Turing, simple dynamics include a few substances coupled by substance-diffusion can generate spatially periodic patterns. However, the basic reaction-diffusion model can't explain the fact that most of the fish stripe are either parallel or perpendicular to the body axis, where the direction depends on the species. In this talk, we study a reaction-diffusion model including anisotropic diffusion to explain specificity of the direction of the fish stripe. On the fish skin, each scale comes out to the direction of body axis. It makes structural difference in epidermis between parallel and perpendicular direction to the body axis. The model is the following:

$$\begin{cases} \frac{\partial u}{\partial t} = \nabla(D_u(\theta_u)\nabla u) + \gamma F(u, v) \\ \frac{\partial v}{\partial t} = \nabla(D_v(\theta_v)\nabla v) + \gamma G(u, v) \end{cases}$$

$$D_\sigma(\theta_\sigma) = \frac{D_0}{\sqrt{1 - \delta_\sigma \cos 2(\theta_\sigma - \varphi)}} \quad \sigma: u \text{ or } v$$

, where θ_σ indicate the angular difference between gradient of the variable and the x-axis, and φ indicate the specific direction to which the substance diffuse faster. The parameter δ_σ indicate the degree of anisotropy.

The result depends on the ratio between anisotropy of activator and that of inhibitor. When the anisotropy of activator is larger than that of inhibitor, the direction of stripe is likely to be parallel to the direction to which the activator diffuse faster. When the anisotropy of inhibitor is larger than that of activator, the direction of stripe is likely to be perpendicular to the direction to which the inhibitor diffuse faster. When the anisotropies are almost same between the two substances, the specificity of the stripe direction disappear. This result does not depend either other parameter value nor the form of the reaction term. From the result, we can make hypothesis that the mechanism of spatial transmission may be different between two substances in tropical fish skin.

数值計算 (小村亮氏の子)

Estimating cell lineage: Theory and application to actual organisms

望月敦史 (九大・理・生物・数理生物)

MOCHIZUKI Atsushi (Department of Biology, Kyushu Univ.)

Cell lineage of a multicellular organism has been analyzed by introducing a genetic or chemical marker that is inherited from a cell to its daughter cells and is detectable even after several cell divisions. To construct a complete cell lineage, all the cells at different developmental stages need to be identified, and then the intracellular marker must be introduced to each cell. I have studied a new method of estimating cell lineage based on distributions of intercellular markers observed at a single stage, which are introduced randomly at earlier stages. In this talk, I show the application of this method to actual organisms, and the usefulness of the method as a tool of developmental biology.

Assumptions are: (1) cell lineage is invariant between embryos; (2) a small number of cells are marked in each experiment; and (3) the total number of replicate experiments is sufficiently large. Then we identify the most likely cell lineage pattern (or tree topology) as the one that requires the least marker insertions to be compatible with the observed distributions of cell markers. If the number of cells is large, we can use clustering method in which a pair of cells with the highest correlation in marker labelling are merged sequentially.

I tried to reconstruct a part of cell lineage of nematode, *C. elegans* by using the data obtained from random marker-introduction. The lineage of *C. elegans* has been studied from direct observation of living worms. We focus on the cell lineage of intestine made from 20 cells, where each cell is easy to observe. The mechanism of random marker-introduction is realized by the extrachromosomal gene in the nematode cell. The circular gene is slightly unstable and may be lost occasionally from each cell during somatic cell division. By including a reporter gene, GFP (green fluorescent protein) gene into the array, we obtain the data of distribution of marked cells at an observation stage just by observing the lack of the fluorescence. The estimated lineage is just same as previously obtained one.

Model of Differentiation in Embryogeny

Takuya T. Maeda

Department of Physics, Ritsumeikan University

Embryonic cells repeat proliferation by active cell division and differentiation. A normal embryogeny requires every cell composing an embryo to undergo a proper differentiation at a proper position in the embryo. However, active cell divisions probably cause disorder of the positions of the cells because they dynamically change the number of cell and the proportion of cell types in the embryo, and cause positional collisions of the cells. Thus, we consider the cell division as spatial disturbance of differentiation and discuss a simple two-dimensional model of embryogeny.

The following are factors that cause differentiation in cell biology: (i) the cell itself, with the passage of a set amount of time, (ii) interactions with neighboring cells (induction), and (iii) morphogen (diffusible signaling molecule). In our model, the factor (i) and (ii) are taken into account. This means that the differentiation is regulated only by local interaction.

I would like to discuss differentiation in embryogeny on the basis of the results of computer simulation of the model.

A cell-sorting model can explain different cone mosaic patterns (of zebrafish and medaka)

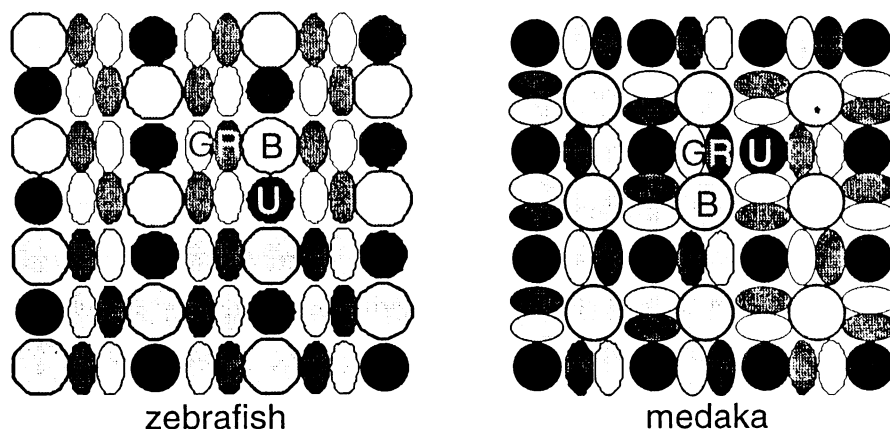
Shusaku Tohya, Atsushi Mochizuki and Yoh Iwasa
(Department of Biology, Kyushu University)

In fish retina, four types of cone photoreceptor cells with different sensitive wave-length of the light (blue, UV, red and green) are arranged in regular pattern, called "cone mosaic". A pair of small cones, one sensitive to red and the other sensitive to green is close in contact and forms a "double cone". The development of cone mosaic has been studied by various experimental techniques, however a mechanism of formation of cone mosaic has not been identified yet.

We study the mechanism of formation by analyzing models in which cells are arranged on the 2-dimensional surface, experience interaction between neighbors, and automatically form the regular pattern. We demonstrated that zebrafish mosaic pattern can be generated by the cell sorting model in which cells exchanges their location with neighbors at a rate affected by cell-cell adhesions. Using statistical physics techniques, we estimated probabilities of certain patterns by calculating total adhesion and the number of configurations, and confirmed the theoretical predictions by direct computer simulations.

We also show that the same model can generate cone mosaic of medaka, which is of cell arrangement different from zebrafish, if the appropriate adhesions are given.

Tohya *et al.* (1999) Formation of cone mosaic of zebrafish retina. *J. Theor. Biol.* **200**, 231-244.



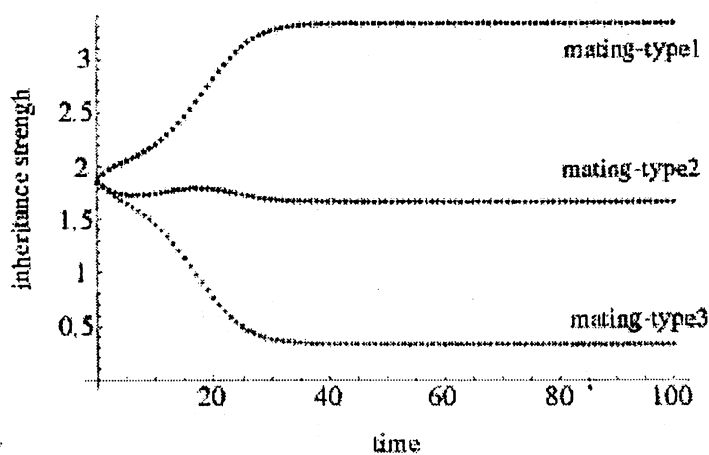
Evolution of hierarchical cytoplasmic inheritance in Myxomycota

Akiko Iwanaga and Akira Sasaki (Faculty of science Kyushu University)

真正粘菌 (Myxomycota) には単相の粘菌アメーバの世代と、それらが接合してできる複相の世代がある。配偶子である粘菌アメーバには多数の接合型があり、核の遺伝子 (MatA) が支配している。真性粘菌の接合型間には、ミトコンドリアの伝達に関して直線的な順位関係があり、接合子はより高順位の接合型を持つ配偶子からのみミトコンドリアを受け継ぐ。本研究では、この直線的な順位関係ができる過程を明らかにする。

n 個の接合型と、接合型を決める遺伝子とは別に細胞質伝達抑制をコードする遺伝子があるとする。抑制強度の異なる m 個の対立遺伝子を考える。接合の際、抑制力が異なれば抑制力の強い方が相手の細胞質の伝達を阻止する。同じ抑制力の場合は双方の細胞質が伝達される (heteroplasmy)。この場合、細胞質間のコンフリクトのため接合子の適応度は α だけ下がるとする。モデルのシミュレーションの結果、各接合型に様々な抑制因子が分布している状態から出発しても、1つの接合型を単一の抑制因子が占める状態に収束することがわかった。つまり接合型間の直線順位が成立する。また、接合型と抑制因子の遺伝子との間に組み換えがある場合や、抑制因子間の強弱関係が連続的な場合、抑制因子がミトコンドリア遺伝子にコードされている場合についても検討する。

Mean strength of cytoplasmic inheritance in each mating type

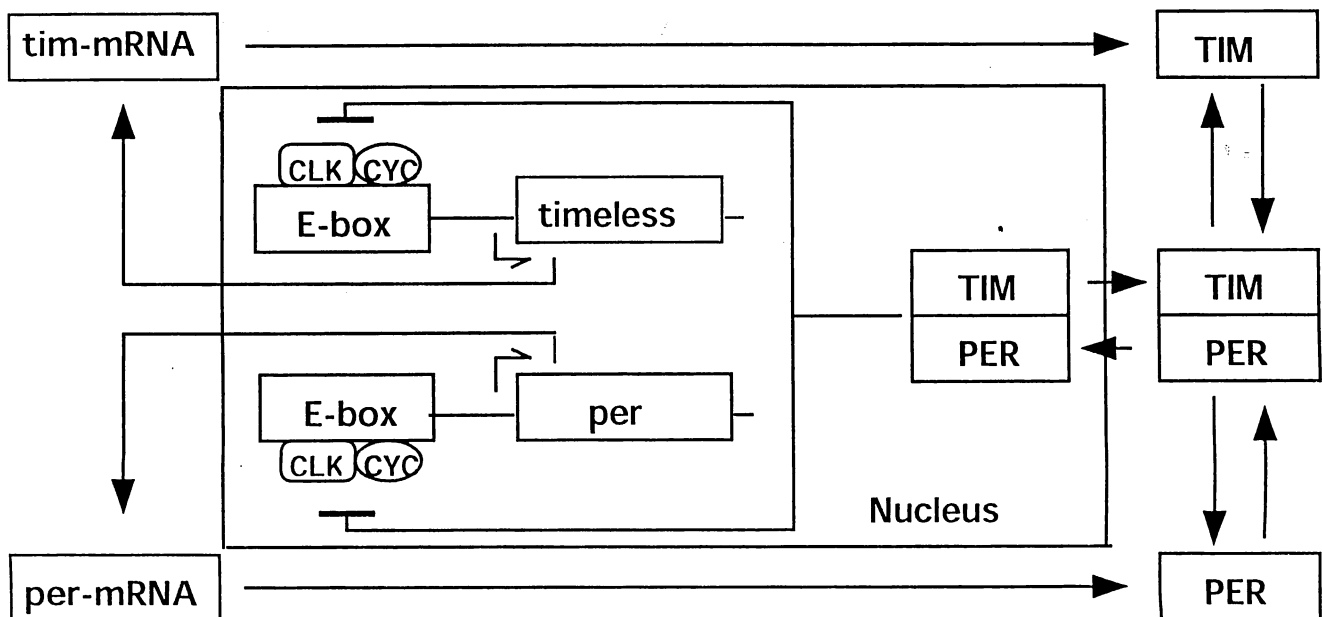


Myxomycota have many mating-types determined by nuclear gene (matA). Mitochondrial DNA is uniparently inherited: there is a linear dominance relationship between mating types in their cytoplasmic inheritance. Here we study how such hierarchical cytoplasmic inheritance evolve.

**Mathematical Study for Circadian Rhythm in Drosophila :
Condition for Generating Cycle**

Gen Kurosawa, Atsushi Mochizuki, Yoh Iwasa
(Dept. of Biology Kyushu Univ.)

PER and TIMELESS proteins are believed to play a crucial role in the gene network to generate the circadian rhythm of Drosophila. They make heterodimers and inhibit the transcriptions of their own in Nucleus. Goldbeter(1998) proposed several mathematical models for this phenomena, and analyzed by numerical simulations. He claimed that the model in which PER-TIMELESS complex regulate the transcription of both genes is easier to generate a stable oscillation than the model in which only PER do feedback control, as the parameter regions for oscillation is larger for the former model than for the latter. We present 3 simpler models that differ in the cooperativity at the negative feedback working on the transcription process, and analyze them in detail. We found that a larger cooperativity generally tend to lose the local stability of equilibrium point and cause a limit cycle . Compared with 3 variables model (per-mRNA, PER in cytosol, and PER in nucleus), 4 variables model (PER is first modified and then enter the nucleus) can generate a stable oscillation with a smaller cooperativity. Compered with these, our PER-TIMELESS complex model can also generate oscillation with a small cooperativity. They show that the modification and heterodimerizaion of proteins are important to cause a limit cycle.



Genetic Network of Circadian Rhythm of Drosophila

生体防御：応答時間・効果・コストの異なる2つのシステムへの最適分配

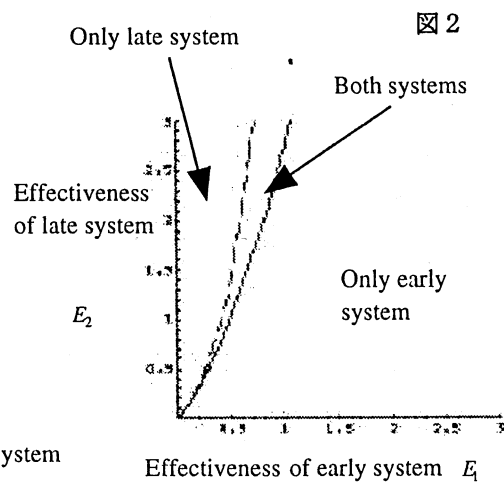
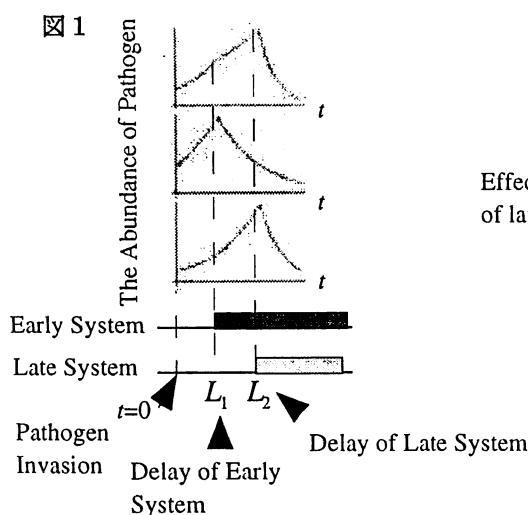
○首藤絵美・巖佐 庸（九大・理・生物）

生物の生体防御応答には様々な様式がある。例えば、ヒトの獲得免疫応答は、病原体侵入後に誘導されるが、病原体の種類や量によって異なった応答が誘導される。また、陸上植物は、草食動物による捕食を免れるために刺を鋭くしたり化学毒を生産する。

本研究では、まず効果や傷害のつよさ、応答時間の大きさに違いのある2つの免疫システムの間で最適な活性を考えた（図1）。ホストは、病原体の増殖によって傷害を受ける。一方で免疫応答によって自己組織を破壊するコストがかかる。これらの和を最小にすることが望ましい応答であるとした。病原体による傷害は病原体量の時間積分に比例するとした。免疫システムは病原体の増殖率を抑える。しかし、1つのシステムには病原体の侵入ののちにフルに活性をもつまでの時間に遅れが異なる。

2つの免疫システムのいずれを使うのがよいか、もしくは両方使うのがよいかを求めた（図1、図2参照）。すべてのパラメータにおいて唯一の最適解が存在し、局所最適解は大域的に最適であることが証明できる。また病原体の初期量が多いときや増殖率が高いときには、効果は薄くても時間遅れの短い応答だけを起動し、逆に病原体の侵入量が少ない時や増殖が遅いときには時間遅れが大きくても効率の高い免疫応答を使うべきことがわかった。この結果にもとづいて、獲得免疫応答におけるTh1系とTh2系の切り替えについての知見を議論する。

次に、病原体の侵入以前からあらかじめ免疫応答を起動しておくConstitutive Defenseと、病原体の侵入ののちに応答を起動するInducible Defenseとの間でいずれが使われるか、もしくは両方ともに使われるかを調べた。



A Dynamic Establishment of Immune Memory

Kouji Harada *

Institute of Physics, The Graduate School of Arts and Sciences,
University of Tokyo

A long but transient memory and a dynamical lymphocyte activation threshold are discussed based on a simplified immune system. We study a self-regulating lymphocyte kinetics driven by some antigens.

When an antigen invades, a transient memory state emerges in the sense that more lymphocytes than a naive state holds are induced. Interestingly, many memory states can be developed according to the strength of antigenic stimuli.

In immunology, it is well known that lymphocytes have an "activation threshold" which decides the requisite amount of an antigen dose for lymphocyte proliferation. In our numerical simulation, it is shown that an activation threshold naturally emerges as a character of the lymphocyte dynamics. Moreover, when the lymphocyte specificity for the antigen increases, the value of activation threshold tends to decrease. As the result, more boosted and faster immune response with small amount of antigen dose is observed. In general, it is experimentally known that an immune state has lower activation threshold with an amount of an antigen dose than a naive state has. Thus, the dynamical activation threshold obtained in our simulation is valid in the context of immunology.

The development of the activation threshold also relates with the maintenance of an immune memory. Because when antigens are removed until under an activation threshold by an immune response, the immune response finishes and the antigens are left in the system, as the results, an immune memory can be sustained by the weak stimuli of the antigens held in the system.

The dynamical immune memory occurs only when the source value of an lymphocyte kinetics is so suppressed. Thus we judge that this immune memory is established in the peripheral organization with low supply of lymphocytes.

*E-mail:harada@sacral.c.u-tokyo.ac.jp

生物のサイズスケーリング -代謝の 3/4 乗則を示すモデル-
木崎伸也 (中央大・理工), 仲矢史雄, 本川達雄 (東工大・生命理工)

The Cellular Automata Model of The Allometric Scaling Law
S. Kizaki (Chuo Univ.), F. Nakaya and T. Motokawa (Tokyo Institute of
Technology)

The dependence of a metabolic rate E_s on body mass M is typically characterized by an allometric scaling law of the form

$$E_s \sim M^{3/4} \quad \text{or} \quad \frac{E_s}{M} \sim M^{-1/4}. \quad (1)$$

Recently Nakaya, Saito and Motokawa studied the colonial ascidian *Botrylloides simodensis* which grows in a plane and revealed that metabolic rates of two-dimensional organisms also scale as $M^{3/4}$. Although various theoretical hypotheses have been proposed to explain 'the 1/4 power law', none can explain their result when it is extended to two-dimensional systems.

We constructed a general model using d -dimensional totalistic cellular automata (CA) in which the state of each cell took either "active (=1)" or "inactive (=0)". Although our model was quite simple, the 1/4 relation was derived from it. The state of a cell is updated according to the total sum of the activities of itself and the members of Neumann neighborhood (totalistic rule). We premised that the inactive cell does not become active if all the other members in the neighborhood are inactive. We simulated all the possible rules ($2^5 = 32$ for $d = 2$, $2^7 = 128$ for $d = 3$) to investigate the effect of system size L^d on the density of active cells ρ , where L is lattice size.

In two dimensions, only one rule (rule 52 : (0,1,0,1,1)) gives an allometric relation between the system size and ρ with the exponent $-0.250 = -1/4$. This rule gives the lowest positive density of active sites in large systems. In three dimensions, rule 232 (0,0,1,0,1,1,1) also gives the allometric relation with the exponent $-0.246 \approx -1/4$. Thus we could reproduce the 1/4 power scaling by the simplest totalistic CA regardless of the dimension.

Our simulation showed that the behavior of the system could be allometrically organized without a centralized or highly-developed control systems, such as circulatory systems with hierarchical branching, but with only local interactions between neighbors. It means that living organisms would be in the self-organized critical state.

An extension of the Holley-Liggett method for the one-dimensional contact process

1次元コンタクトプロセスに対する Holley-Liggett 法の拡張

Shunichi HAYASHI and Norio KONNO. (Yokohama National University)

林 俊一, 今野 紀雄 (横浜国立大学)

The contact process (CP) is a $\{0, 1\}^{\mathbb{Z}^d}$ -valued continuous Markov process. In the mathematical field, this process is first introduced by T.E.Harris (1974). The CP can be interpreted as a simplest model for spread of an infection disease.

In this talk, we report on the result of the estimates of survival probability of the one-dimensional contact process. Holley-Liggett (1978) used renewal measure to obtain the upper bound for critical infection rate and the lower bound for the survival probability.

On the other hand, Katori-Konno (1990) introduced K-type correlation functions to estimate the survival probability of one-dimensional contact process and studied how to obtain such a new measure. They could analyze by an appropriate decoupling for some equations including the first equation of hierarchy of K-type correlation identities that holds between K-type correlation functions for invariant measure of one-dimensional contact process.

In the present talk, we extend renewal decoupling further and used K-type correlation functions that introduced one-point and two-point correlation functions with parameter $p \in [0, 1]$.

When $p = 1$ (resp. $p = 1/2$), our result is the same as the result given by Holley-Liggett (1978)(resp. Katori-Konno (1990)).

As the result, it is shown that

- (1) $0 < p < 1/3$: the value of λ is not suitable as the upper bound.
- (2) $p = 0$: $\lambda = 2$ coincides with the result of first upper bound on the critical value given by Holley-Liggett.
- (3) $1/3 \leq p \leq 1$: when $p = 1$, it becomes pair approximation between the distances of particles. when $p = 1$, the value of $\lambda = 1.84715$ is not better than the result of $\lambda = 1.78989$ (for $p = 1/2$), but is better than the value of $\lambda = 2$ given by Holley-Liggett.

Let $\rho_\lambda = E_{\nu_\lambda}(\eta(x))$ be the survival probability of the one-dimensional CP with $\rho_\lambda = 0$ for $0 \leq \lambda \leq \lambda_c$ and $\rho_\lambda > 0$ for $\lambda > \lambda_c$.

Holley-Liggett (1978) and Katori-Konno (1990) used the renewal measure as the approximation of the upper invariant measure to estimate the survival probability ρ_λ of the one-dimensional CP.

In the present talk, we introduce a new decoupling procedure of correlation functions and estimates of ρ_λ . Moreover we study how ρ_λ changes as parameter p changes.

References

- [1] Holley, R. and Liggett, T.M., The survival of contact process, *Annals of Probability*, Vol.6(1978), pp.198-206.
- [2] Katori, M., and Konno, N., Phase transition in stationary states of contact process, *Proceedings of the Institute of Statistical Mathematics* Vol.38, No.2,(1990), pp.243-256 (in Japanese).

3 状態伝染病モデルの相図・相関不等式

Phase diagrams and correlation inequalities for epidemic models

小林正和⁽¹⁾, 佐藤一憲⁽²⁾, 今野紀雄⁽³⁾ (横浜国立大学^{(1),(3)}, 静岡大学⁽²⁾)

Masakazu KOBAYASHI⁽¹⁾, Kazunori SATO⁽²⁾, Norio KONNO⁽³⁾

Yokohama National University^{(1),(3)}, Shizuoka University⁽²⁾

モデルの説明

Z^d 上の各サイトは, 0, 1, 2 の 3 状態をとる. 0 は空地に, 1 は健康な人, 2 は伝染病患者に対応する. このモデルは $\{0, 1, 2\}^{Z^d}$ に値をとる連続時間のマルコフ過程で, ダイナミクスは以下で与えられる.

(Rule 1) $0 \rightarrow 1$ 遷移率 β

(Rule 2) $1 \rightarrow 2$ 遷移率 $\alpha \times n(2)$

(Rule 3) $2 \rightarrow 0$ 遷移率 1

ただし $\alpha, \beta \geq 0$, $n(2)$ は着目しているサイトの最近接の状態 2 の数を表す.(例えば, Durrett [1] の第 9 章参照)

このモデルについては, 過去において以下のことが研究され知られている. $\theta(\alpha, \beta)$ を伝染病が蔓延しつづける確率として, さらに $\alpha_c(\beta) = \sup\{\alpha : \theta(\alpha, \beta) = 0\}$ とする. 特別な場合として $\beta = \infty$ のとき, $\alpha_c(\infty)$ はコンタクトプロセスの臨界値と考えられる. 一方の特別な場合として Kuulasmaa [2] は $\beta = 0$ のとき (治癒しない伝染病) の臨界値 $\alpha_c(0)$ は $d \geq 2$ で $0 < \alpha_c(0) < \infty$, $d = 1$ で $\alpha_c(0) = \infty$ を示した. さらに Durrett and Neuhauser [3] によって $d = 2$, $\beta > 0$ で $\alpha > \alpha_c(0)$ の領域では共存することが示された. また Andjel and Schinazi [4] は, $\alpha_c(\infty) \leq \alpha \leq \alpha_c(0)$ のときに, β が大きな場合で共存する領域が存在することを示した. そして van den Berg, Grimmett and Schinazi [5] は任意の次元 d に対して, $\alpha_c(\infty) < \alpha_c(0)$ を証明し, また $\alpha_c(\infty) < \alpha < \alpha_c(0)$ において, β が小さい場合の共存-非共存領域を求めた. しかし全体の共存-非共存領域に関しては, まだ分っていない部分が多い.

研究方法

上記の研究結果に対して, 本研究では平均場近似, ペア近似, そしてモンテカルロ・シミュレーションにより相図に関して解析を行う. またあわせて相関不等式についても解析をする. モンテカルロ・シミュレーションについては, 様々な初期状態から始め「平衡状態に達するまで」まで続ける. 格子数は $100 \times 100 = 10000$ である. また, プログラムに関しては, C 言語と Visual Basic により作成した.

参考文献

- [1] Durrett, R., Lecture Notes on Particle Systems and Percolation, Wadsworth, Inc., California, 1988.
- [2] Kuulasmaa, K., The spatial general epidemic and locally dependent random graphs, Journal of Applied Probability, 19(1982), 745-758.
- [3] Durrett, R., and Neuhauser, C., Epidemics with recovery in $D=2$, Annals of Applied Probability, 1(1991), 189-206.
- [4] Andjel, E., and Schinazi, R., A complete convergence theorem for an epidemic model, Journal of Applied Probability, 33(1996), 741-748.
- [5] van den Berg, J., Grimmett, G.R., and Schinazi, R.B., Dependent random graphs and spatial epidemics, Annals of Applied Probability, 8(1998), 317-336.

捕食者-被食者系の共存-非共存

Coexistence for predator-prey spatial stochastic models

江川徹⁽¹⁾, 佐藤一憲⁽²⁾, 今野紀雄⁽³⁾ (横浜国立大学^{(1),(3)}, 静岡大学⁽²⁾)

Toru EGAWA⁽¹⁾, Kazunori SATO⁽²⁾, Norio KONNO⁽³⁾

Yokohama National University^{(1),(3)}, Shizuoka University⁽²⁾

モデルの説明

Z^d 上の各サイトは, $0, 1, 2$ の 3 状態をとる. 0 は空地に, 1 は被食者, 2 は捕食者に対応する. このモデルは $\{0, 1, 2\}^{Z^d}$ に値をとる連続時間のマルコフ過程で, ダイナミクスは以下で与えられる.

(Rule 1) $0 \rightarrow 1$ 遷移率 $\beta \times n(1)$

(Rule 2) $1 \rightarrow 2$ 遷移率 $\alpha \times n(2)$

(Rule 3) $2 \rightarrow 0$ 遷移率 1

ただし $\alpha, \beta \geq 0$, $n(1), n(2)$ は, それぞれ着目しているサイトの最近接の状態 $1, 2$ の数を表す.

このモデルに関して, 以下のことが知られている. **Tainaka and Fukazawa [1]** は, 平均場近似, 及びモンテカルロ・シミュレーションの解析を行っている. また, **Tainaka [2]** は, さらに平均場近似, ペア近似, モンテカルロ・シミュレーションによって解析し, 特に本研究の関係で述べれば, **Harris-FKG** 不等式の特別な場合について, その成立-不成立に関してモンテカルロ・シミュレーションによって検討している. 最近では, **Andjel and Schinazi [3]** は, 1次元のときに共存は起こらないことを証明した. このように, 2次元以上の場合には, 共存-非共存領域に関して, 厳密に示されていることは殆どない状況であり, 本研究の目的は, 例えば2次元の場合に共存領域が存在することを証明することである.

研究方法

上記の研究結果に対して, 本研究では平均場近似, ペア近似, そしてモンテカルロ・シミュレーションにより精緻な相図の作成をまず行う. また, **Tainaka [2]** の結果を踏まえ, **Harris-FKG** タイプだけでなく, **BFKL** タイプ [4] の相関不等式についても, それらの成立-不成立について検討をする. 以上の結果をもとに, 共存領域の数学的証明を試みたい.

参考文献

- [1] Tainaka, K., and Fukazawa, S., Spatial pattern in a chemical reaction system: prey and predator in the position-fixed limit, *Journal of the Physical Society of Japan*, 61(1992), 1891-1894.
- [2] Tainaka, K., Intrinsic uncertainty in ecological catastrophe, *Journal of Theoretical Biology*, 166(1994), 91-99.
- [3] Andjel, E., and Schinazi, R., A complete convergence theorem for an epidemic model, *Journal of Applied Probability*, 33(1996), 741-748.
- [4] Belitsky, V., Ferrari, P. A., Konno, N., and Liggett, T. M., A strong correlation inequality for contact processes and oriented percolation, *Stochastic Processes and their Applications*, 67(1997) 213-225.

パーコレーションにおけるピボタルボンドの空間分布に対する方向依存性

Dependence on direction for spatial distributions for pivotal bonds on percolation

小暮 将規⁽¹⁾, 関根 雅人⁽²⁾, 香取 眞理⁽³⁾, 今野 紀雄⁽⁴⁾
(横浜国立大学^{(1),(2),(4)}, 中央大学⁽³⁾)

Shouki KOGURE⁽¹⁾, Masahito SEKINE⁽²⁾, Makoto KATORI⁽³⁾ and Norio KONNO⁽⁴⁾
(Yokohama National University^{(1),(2),(4)}, Chuo University⁽³⁾)

モデルの説明

パーコレーション (percolation) のモデルとは「浸透する現象」をモデル化したものである。このモデルは森林火災の広がり、伝染病の伝播、金属と絶縁体の混合物などの、さまざまな現象の浸透や拡散を表す簡単なモデルと考えることができる[1-4]。

本研究では 2 次元正方格子のモデルを考える。その最近接格子点 2 点を結ぶ線分をボンド (bond) といい、その状態, open, closed を変えたときに、所与の事象の成立, 不成立に影響を及ぼすボンドを「ピボタルボンド (pivotal bond)」という。(また、統計物理学では red bond といわれることもある。それについては例えば[4]を参照)

本研究の目的は、パーコレーションモデルのピボタルボンドの空間分布とその方向依存性を、主にコンピュータ・シミュレーションによって解析することである。

研究方法

そこで、まず地面に水をこぼし地中に浸透するような、パーコレーションモデルに方向性を持たせたモデルを考え、次に平面上に水が広がっていく、方向性のないモデルについて空間分布を調べていく(ここで、「方向性」とは、浸透する向きに限定がある場合をさす。)

具体的には、 n ステップ, open ボンドになる確率 p の配置について、各ボンドがピボタルであるか、もれなく調べる。この操作を配置のみを換えて試行回数分繰り返す、各ボンドが合計何回ピボタルになったかを数え、その頻度をグラフで表わす。

今までの結果

方向性のあるモデルに限定して研究を行い、中心付近でピボタルボンドが多いという結果を得た。さらに、断面のグラフからピボタルボンドは、端から中心に向かって必ずしも単調に増加しているわけではないという興味深い結果も得た。

また、確率 p を固定して、ステップ数を変化させた場合、ピボタルボンドの数の期待値は、ほぼべき分布にしたがっているという結果も得ることができた。(これに関しては、方向性のない場合については、Pike and Stanley[5], Coniglio[6]の研究が既にある)。

進行状況と今後の展望

方向性のあるモデルに関しては、プログラミングやシミュレーションを終了しているので、現在は方向性のないモデルに関してプログラミング、シミュレーションを行っている。

また、シミュレーションに基づく結果をふまえた数学的な結果を得ることを次の目標としている。

参考文献

- [1] G.Grimmett, *Percolation* (Springer, 1989, 2nd Edition, 1999)
- [2] 樋口 保成, *パーコレーション* (遊星社, 1992)
- [3] 小田垣 孝, *パーコレーションの科学* (裳華房, 1993)
- [4] D.Stauff and A.Aharong, *Introduction to Percolation Theory* (Taylor&Francis, 2^d Edition, 1992)
- [5] R.Pike and H.E.Stanley, *J.Phys.A : Math.Gen.*14(1981) L169
- [6] A.Coniglio, *Phys.Rev.Lett.* 46, (1981) 250

Implementation of Cellular Automata for the Diffusion with Species Interaction

So Hyun PARK, Sang Dong LEE¹ and Tae-Soo CHON*

Division of Biological Sciences, Pusan National University, Pusan 609-735, Korea

¹*Department of Physics, Pusan National University, Pusan 609-735, Korea*

Abstract

A discrete diffusion model was devised to represent spatio-temporal dynamics of population s based on Cellular Automata (CA). The model was constructed to represent the dispersal of invading insect species in interaction with its food and parasitoid species. In the model the multi-phases of reproduction, interaction with other species, and movement in short and large scales were considered on a spatio-temporal framework of CA. The survival of individuals and population growth were constrained by the amount of vegetation. The movement by the parasitoid for searching was allowed in the small scale while the long-distance movement was also represented in the CA model. The environmental effects such as wind, temperature and topography were also considered in the model. Through calculation, the amount of food and density distributions of prey and parasitoids were concurrently obtained through the spatial-diffusion process as time progressed. The simulation results were compared with field data for the dispersal of pine needle gall midge (PNGM), *Thecodiplosis japonensis*, a key pest of pine trees in Northeastern Asia including Korea and Japan. The model revealed the impacts of population interactions and key environmental factors in the dispersal of PNGM.

So Hyun PARK dangi@hyowon.pusan.ac.kr

Sang Dong LEE sdlee@pebble.phys.pusan.ac.kr

*corresponding author Tae-Soo CHON tschon@hyowon.pusan.ac.kr

two epidemics and seasonal fluctuation

二種類の伝染病と季節変動

Kimitaka Maruyama

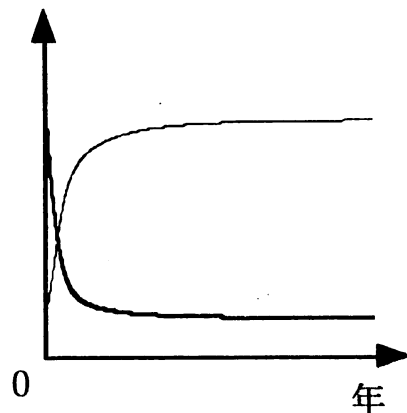
丸山 公孝

Department of mathematics, Osaka University
大阪大学大学院 理学研究科 数学専攻

I studied on a model of two epidemics with seasonal fluctuation, and analyzed the effect of seasonal fluctuation on the coexistence of two epidemics. When one of two epidemics is prevalent without seasonal fluctuation, seasonal fluctuation enables two epidemics to coexist within a range of parameters. On the other hand, when two epidemics can coexist without seasonal fluctuation, seasonal fluctuation makes one of two epidemics to become extinct within a range of parameters.

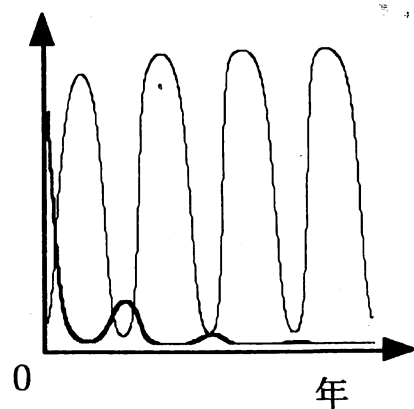
季節変動をともなう二種類の伝染病のモデルを考え、季節変動を入れた伝染率が二種類の伝染病の共存にどのように影響するかを解析した。その結果、季節変動を入れないとき一種類の伝染病のみが流行する場合でも、季節変動をいれるとパラメータの選び方によって共存周期解が安定に存在しうる。また逆に、季節変動を入れないとき二種類の伝染病が共存可能でも、季節変動をいれるとパラメータの選び方によって一種類の伝染病は絶滅することがわかった。

感染者数



季節変動なし

感染者数



季節変動あり

Zooprophilaxis and the insecticide resistance -- an evolution-free control of vector-born parasites.

Isao Kawaguchi and Akira Sasaki (*Dept. of Biol., Kyushu Univ.*)

A strategy to eradicate the vector-borne epidemic diseases, for example, malaria and Japanese encephalitis transmitted by mosquito, is to control the vector by insecticides. However, if the insecticide is sprayed thoroughly, the insecticide-resistance evolves in the vector species, and the disease control fails.

Sota and Mogi (1989, 1991) proposed a model for the control of malaria by "zooprophilaxis". The zooprophilaxis means the disease control by attracting the vector to livestock (e.g. cattle) which is the dead-end host of the disease (in which the pathogen cannot amplify). *Plasmodium*, the causative agent of human malaria, has a closed transmission cycle between human and mosquito, and hence cattle can serve as the dead-end livestock. They showed that by placing sufficient number of livestock besides the human living site, malaria can be eradicated.

In this study, we extend the Sota-Mogi model to include mosquito control by insecticide, to examine the possibility to eradicate malaria with a fewer mosquito. In addition, we also take into account the evolution of the insecticide-resistance in the mosquito. The model reveals that by a suitable choice of the insecticide spray rate and the cattle density, malaria can be eradicated without allowing the evolution of the insecticide-resistance in mosquito. It is important to spray insecticide only in human living site, keeping livestock site insecticide-free, whereby the resistant mosquito cannot increase because it is competitively inferior to wild type in livestock site. We conclude that the evolution-free control of malaria is most easily attained by spraying a small amount of insecticide in human site and placing sufficient number of cattle.

ミューラー擬態によって競争種の死亡率が相互減少する。

Mutual reduction of mortality in competing species by Müllerian mimicry

Yamamoto T., Kashima Y. and Yoshimura J.

Department of Systems Engineering, Shizuoka University.

Heliconius butterflies in Central to South America is well-known for their Müllerian mimicry. Recently spatial patterns of Müllerian mimicry are analyzed using spatial population models. However, a simple population dynamics of such mimicry in a single location is not explored yet. Here we develop a general population dynamics model of two competing species S_1, S_2 (populations N_1, N_2):

$$\frac{dN_i}{dt} = (b_i - m_i h_i) N_i \quad \begin{cases} b_i = b_{i0} - (b_{i0} - b_{ik})(N_i + \alpha_{ij} N_j) / K_i \\ m_i = m_{i0} + (m_{ik} - m_{i0})(N_i + \alpha_{ij} N_j) / K_i \\ h_i = N_i / (N_i + s \cdot N_j) \end{cases}$$

where b_i, m_i represent birth and mortality rates of species S_i without mimicry, respectively. (b_{i0}, m_{i0} are intrinsic, and b_{ik}, m_{ik} are at the carrying capacity K_i). Note that $b_{i0} \geq b_{ik} = m_{ik} \geq m_{i0}$. Let h_i denote the reduction factor in S_i -mortality rate, and s the degree of similarity of two species by Müllerian mimicry ($0 \leq s \leq 1$). And α_{ij} is the resource-competition coefficient ($i, j \in \{1, 2\}, i \neq j$). The current model is compared with the traditional Lotka-Volterra model of pure resource competition by changing s . Interestingly, the analytical solution of phase planes indicates nonlinearity in their zero-growth isoclines, unlike those of Lotka-Volterra competition equations ($s=0$). The results show the increase of coexistence in the parameter space (Fig. 1). In the two measures of parameter space, the coexistence area increases by shifting their boundaries from 1 (Fig. 1a) to c_i (Fig. 1b), where c_i is a constant calculated from the birthrate parameters, $0 < c_i = (b_{i0} - b_{ik}) / b_{i0} < 1$. Here the parameter s is independent from the boundaries constants c_i . Thus the coexistence is promoted as is expected.

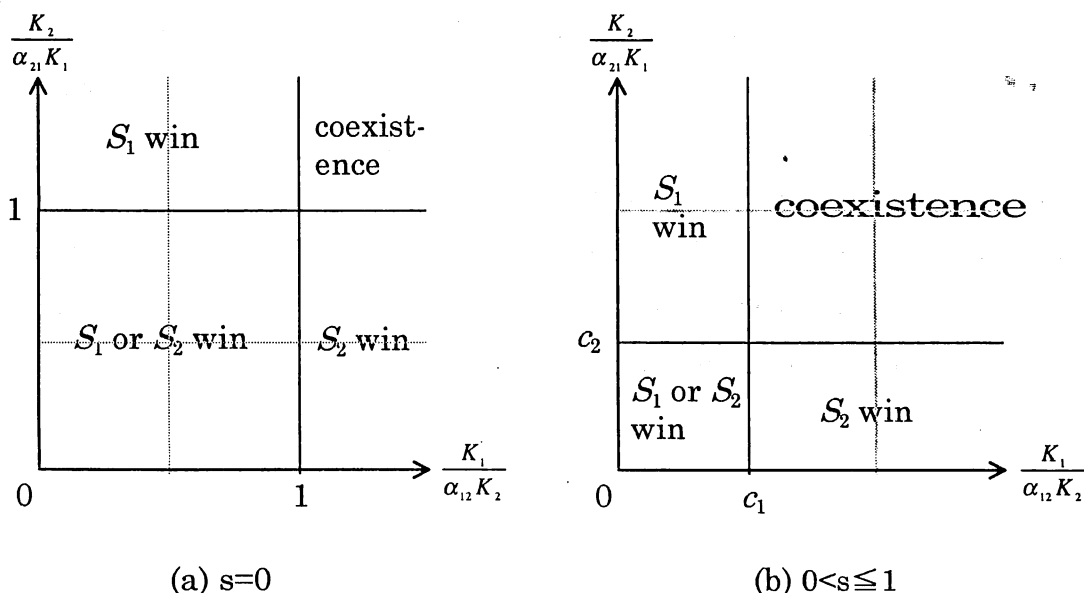


Fig. 1

Explosive Speciation

Kei-ichi TAINAKA, Tomohiro YAMASHITA and Yoshiaki ITOH*

Department of Systems Engineering, Shizuoka University, Hamamatsu 432-8561, JAPAN

*The Institute of Statistical Mathematics, 4-6-7Minami-azabu, Tokyo 106-8569, JAPAN

We present a theory of speciation induced by extinction. The rate of speciation should be different in different areas. There are a lot of species which resemble with each other ("genetic closeness"). It is thought that the speciation rate of these species has been very quick. Very recently, there has been a growing interest in the process of sympatric speciation. Theories heretofore have explained the process that a single species divides into two species, but they never account for the quick speciation rate. In the present work, we present a theory of explosive speciation.

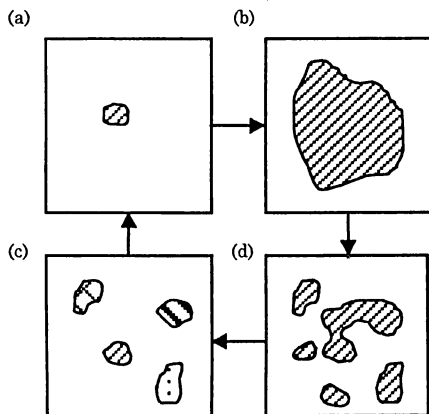


FIG. 1 Speciation process

In our model, speciation is caused by large environmental changes. When an environmental condition for a target species becomes rich, the species may have a large population size and many races (morphotypes or demes) [Fig. 1. (a)→(b)]. However, if the condition becomes suddenly worse, a large contagious population may be segmented into smaller groups [(b)→(c)], and many races will go extinct. In this case, both allopatric and sympatric speciation frequently occur (explosive speciation) [(c)→(d)].

Consider a target species which has N races ($3 \leq N$). A couple of individuals may reproduce their offspring, even though they belong to different races. However, this does not always hold between some

pair of races: when a pair of races are reproductively isolated, they cannot give birth to offspring. The reproductive isolation is mainly caused by two mechanisms. The first cause is a geographical hindrance (spatial isolation). The second cause is the sympatric hindrance.

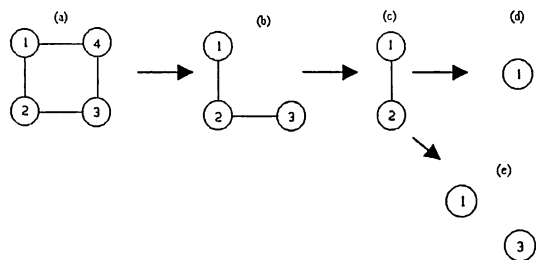


FIG. 2 Schematic illustration of polygon model for $N=4$.

Several models, such as polygon and star models, are possible to take into account the reproductive isolation in readiness. In this report, we mainly describe the result of polygon model. We locate N races on the vertices of polygon in order as illustrated in Fig. 2 (a). Each side (line) of polygon denotes that both ends of races of the line can reproduce their offspring. Since all races on a polygon are connected by lines, they belong to the same species. The speciation process is schematically displayed in Fig. 2.

Extinction process is performed in two different methods: individual-based model (IBM), and random extinction model (REM). Both models explain the quick speciation rate of species which have genetic closeness.

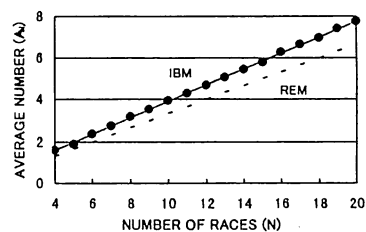


FIG. 3 The average number A_v of speciation is plotted against the initial number N of races.

ABSTRACT

性転換を伴う生物個体群の存続性に関する数理モデル解析
Persistence of Population with Age-dependent Sex Reversal

岩花薫*(Kaoru IWAHANA)・¹ 瀬野裕美†(Hiromi SENO)

* 奈良女子大学・理・情報科学科, † 広島大学・院・理学研究科

We consider the age-structured single-species population dynamics with age-dependent sex reversal from male to female. In our mathematical considerations, we focus the population persistence affected by the sex reversal, assuming that the sex reversal from male to female could be occurred just after the critical age a_c with a constant sex reversal rate.

We denote the age distribution function of male age a and that of female age a' at time t by $v(a, t)$ and $w(a, t)$ respectively. In addition, $c(a, a', t)$ gives the density of reproductive couple which consists of male with age a and female with age a' at time t . We construct at first the dynamical system for the distribution of age-structured population with the sex reversal:

$$\begin{aligned} \frac{\partial v(a, t)}{\partial t} + \frac{\partial v(a, t)}{\partial a} &= -\delta_{11}v(a, t) - M(a)v(a, t) \\ \frac{\partial w(a', t)}{\partial t} + \frac{\partial w(a', t)}{\partial a'} &= -\delta_{22}w(a', t) + M(a')v(a', t) \\ \frac{\partial c(a, a', t)}{\partial t} + \frac{\partial c(a, a', t)}{\partial a} + \frac{\partial c(a, a', t)}{\partial a'} &= -(\delta_{11} + \delta_{22})c(a, a', t) \\ &\quad - D \cdot c(a, a', t) + e \cdot \left\{ v(a, t) - \int_0^\infty c(a, a', t) da' \right\} \left\{ w(a', t) - \int_0^\infty c(a, a', t) da \right\}. \end{aligned}$$

where D and e are positive constants. δ_{11} and δ_{22} are the constant natural death rates for male and female respectively. $M(a)$ is the *age-dependent* sex reversal rate from male to female at age a , where $M(a) = 0$ for $a < a_c$; m for $a_c \leq a$. Just after the critical age a_c , the sex reversal from male to female could occur. Now we define $C(t) \equiv \int_0^\infty \int_0^\infty c(a, a', t) da da'$, $V(t) \equiv \int_0^\infty v(a, t) da$, $W(t) \equiv \int_0^\infty w(a', t) da'$ and $X(t) \equiv \int_0^{a_c} v(a, t) da$. We can then reconstruct from the above to the following dynamical system for the temporal variation of population sizes:

$$\begin{aligned} \frac{dV(t)}{dt} &= -\delta_{11}V(t) + \beta\lambda C(t) - m\{V(t) - X(t)\} \\ \frac{dX(t)}{dt} &= \beta\lambda C(t) - \delta_{11}X(t) - v(a_c, t) \\ \frac{dW(t)}{dt} &= -\delta_{22}W(t) + (1 - \beta)\lambda C(t) + m\{V(t) - X(t)\} \\ \frac{dC(t)}{dt} &= -(\delta_{11} + \delta_{22} + D)C(t) + e\{V(t) - C(t)\}\{W(t) - C(t)\}. \end{aligned}$$

As for $v(a_c, t)$, we can derive the following result with the method of characteristic curve:

$$v(a_c, t) = \begin{cases} \beta\lambda C(t - a_c)e^{-\delta_{11}a_c} & (t > a_c) \\ v_0(a_c - t)e^{-\delta_{11}t} & (t \leq a_c). \end{cases}$$

We assume that the initial population sizes $V(0)$, $X(0)$ and $W(0)$ are positive, and $C(0) = 0$.

We analyze this population dynamics and discuss the influence of this type of sex-reversal on the dynamical nature, especially focusing the effects of the sex reversal rate m and the critical age a_c . In our analysis, we separately consider three cases in terms of the value of critical age a_c : ∞ , 0 and finite positive. For each case, we analyze the stabilities of equilibria, and the asymptotic states as $t \rightarrow +\infty$, making use of analytical method and numerical calculation.

¹Corresponding person. seno@math.sci.hiroshima-u.ac.jp

マツ枯れ病の空間的伝播

—マツノマダラカミキリの飛翔距離分布と伝播速度—

○布谷宏美 (奈良女子大・人間文化)・川崎廣吉 (同志社大・工)・

高須夫悟 (奈良女子大・理)・富樫一巳 (広島大・総合科学)・

岸洋一 (東京農工大・農)・重定南奈子 (奈良女子大・理)

1998年現在、マツノザイセンチュウ病 (マツ枯れ) は北海道を除く日本全国各地で確認され、またアジア各地にも飛び火するなど、国際的な流行病と化している。マツ枯れは、マツノザイセンチュウ (*Bursaphelenchus xylophilus*) により引き起こされ、マツノザイセンチュウはマツノマダラカミキリ (*Monochamus alternatus*) により媒介・伝播される。一方、マツノザイセンチュウはマツを衰弱させることによりマツノマダラカミキリの産卵場を提供しており、両者は相利共生的な関係にある。このことから、マツ枯れの空間的拡大過程を予測するには、マツノマダラカミキリ、マツノザイセンチュウ、およびマツの3者の相互作用、並びにマツノマダラカミキリの空間的な飛翔を総合的に組み入れたモデルを構築する必要がある。

本研究では、1999年に吉村等によって発表されたマツとマツノマダラカミキリの局所的なダイナミック・モデルにマツノマダラカミキリの移動分散を取り入れ、マツ枯れの分布域の時空間的な拡大過程を記述するモデルを構築した。マツノマダラカミキリの分散は、主として自力で飛翔する短距離分散と、風や人為 (木材輸送など) による長距離分散が知られている。そこで、短距離分散は Togashi (1990) によって求められた実験データを基に、また長距離分散は誘引トラップによって再捕獲されたデータ (Fujioka, 1993) を基にそれぞれの飛翔距離分布を求めた。

こうして求めたモデルを1971年～1982年の間に茨城県全域に広がったマツ枯れの分布拡大図 (Kishi, 1988) に適用し、長距離分散が及ぼす伝播速度への影響を調べ、あわせて、長距離分散個体の出現率を推定した。

帯状分断環境における侵入生物の伝播速度

○杵崎のり子 (奈良女大・人間文化) 高須夫悟 (奈良女大・理)
川崎廣吉 (同志社大・工) 重定奈南子 (奈良女大・理)

侵入種の空間的伝播についての数理的な研究は、Fisher の拡散方程式 (1937)、Skellam の理論 (1951) が発表されて以来盛んとなり、拡散モデルを用いて外来植物や昆虫、伝染病などの侵入過程が説明されてきた。

Skellam の理論は均質空間が前提となっていたが、実際の自然環境下では、好適環境 (例：森や林など) と不適環境 (例：河川、道路、建物など) が入り交じっているのが現状である。そこで、不均質空間における研究として、好適環境と不適環境とが周期的にあらわれる 1 次元パッチモデルについて研究され、周期的進行波という概念が発表された (重定ら, 1992)。それを 2 次元に拡大した 2 次元帯状モデルでは、帯に沿った方向への伝播速度、帯を垂直に横切る方向への伝播速度が解析的に求められている (北山ら, 1997)。しかし、その帯状分断環境を斜めに横切って伝播する場合の速度や、さらには侵入から十分に時間が経過した場合の伝播図については、非常に興味のあるところではあるが、解明されていなかった。

そこで本研究では、2 次元の帯状分断環境で、侵入生物が帯状の環境を斜めに横切る場合の伝播速度を、一般 Fisher 方程式を用いて「数学的解析」と「拡散モデルの数値計算」という 2 つのアプローチから求めることを試みた。その結果、両者の計算結果が非常によく一致していることが確認でき、その数学的解析結果の妥当性を確信した。

さらに、このような数学的解析による伝播速度をもとにして、侵入種の伝播図を描くことを試みた。この伝播図についても、数学的解析と、拡散モデルの数値計算との両者の一致を見ることができた (図 1)。

これらの結果より、好適環境の幅に対する不適環境の幅を変化させたときの、伝播速度への影響度や伝播図形の違い、不適環境における拡散係数の大小が伝播速度に及ぼす影響や伝播図形の違いなどについて検討し、生物学的意味について考察する。

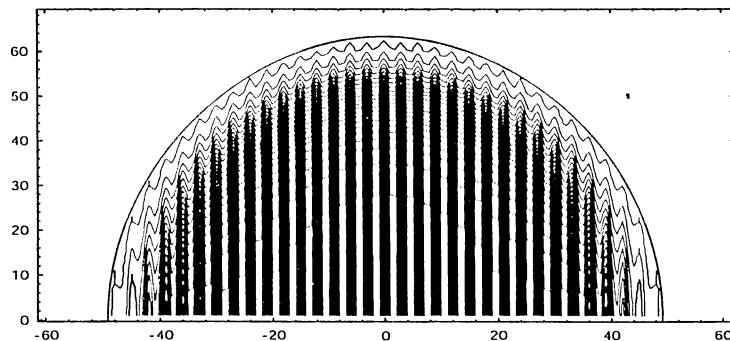


図 1. 帯状分断環境における侵入種の伝播図

数学的解析結果 (外側の実線) と数値計算結果 (内側の等高線) とがよく一致している。(環境条件：好適環境の幅 1 に対し、不適環境の幅を 2 とし、拡散係数はそれぞれ 1, 0.5 とし、内的自然増加率はそれぞれ 1, -0.5 とする。種内競争係数は 1 とする。境界条件は完全反射とする。初期条件：侵入種が原点に置かれた場合とする。)

干渉競争系における攪乱の種多様性に及ぼす影響

○大澤恭子（奈良女大・人間文化），高須夫悟（奈良女大・理学部），
川崎廣吉（同志社大・工学部），重定南奈子（奈良女大・理学部）

すべて生物は空間における存在であり，主に近隣の同種，もしくは他種の生物とより強く相互作用している．また，そこに生息する生物を取り巻く環境も常に時間的，空間的に変動している．このような自然界に見られる局所的な競争や捕食などの生物間相互作用や局所的な生物の移動，そして攪乱などによる生物環境の空間的変動は，地球上の多岐にわたる生物間の空間構造やダイナミクスを理解する際の鍵になると考えられる．

本研究では，複数の競争種からなる小集団（パッチ）が二次元格子状に配列するコンパートメント・モデルを考えた．各パッチ内では，各種が相互に干渉的に影響を及ぼしあうような干渉競争系を取り上げる．そして，それぞれの種は隣接パッチ間を移動拡散するものとする．また，パッチの一部に攪乱が周期的にかかり，系全体は空間的・時間的に常に変動している非平衡状態にある．以上の仮定から，各パッチ内で起こる局所的なダイナミクスと集団間移動が組み合わせられ，さらに，非平衡状態を誘起する攪乱を導入することにより，系の大局的な個体群動態を追跡するモデルを構築することができた．

計算機シミュレーションを用いた主な解析結果としては，初期状態に依存して一般に複数の周期的平衡状態が存在することが示された．つまり，攪乱のかかる時間や攪乱場所に応じて，空間内で二つの平衡状態が異所的にバランスを保って安定に維持され，その結果，種の多様性が高まることが示唆された．

さらに，本研究は，種の競争力（内的自然増加率）と拡散能力の間にトレードオフを仮定したモデルであるが，それらと攪乱のどのような関係が，上記の結果，及び自然界における生物の空間パターンや多様性にかに影響するのかについても，様々なパラメータ値を用いて詳しい解析をおこなったのでその結果もあわせて報告する．

小笠原母島におけるアノールトカゲの分散モデル

○守屋圭子（奈良女大・人間文化）、高須夫悟（奈良女大・理学部）、
川崎廣吉（同志社大・工学部）、重定奈々子（奈良女大・理学部）

アノールトカゲは、1980年代初頭に母島南部の集落に数回にわたって導入された [1]。アノールトカゲは、舗装道路沿いの開けた林縁などに生息し、雄は縄張り性である [2]。雌は4月～9月にかけて、10～14日に1回の間隔で1個ずつ産卵する（長谷川，1986）。雄の親は縄張りに止まるが、産まれた子供は親元から離れ、縄張りに適した空き地を埋めるようにして分散する。移動した子は成長し親になる。一年間で行われるこれらの移動、成長を繰り返し、トカゲは分散拡大を続ける。母島では約10年間で移入地点から10数km分布域が拡大している [2]。以上の調査報告と併せて子の移動距離分布が与えられると、アノールの分散過程についてモデルが構築できる。我々は、積分差分方程式によるモデルを構築し、まず最初に道路沿いの縄張りの数が一定であるという仮定の下にトカゲの分散距離と拡大速度を数値計算により求めた。更に解析的に分布拡大の速度を算出し、数値計算結果との比較検討を行なった。また、道路沿いの縄張りの数を見積もり、縄張りの数が道路に沿って変わる場合についてもシュミレーションを行った。実際に観察されたトカゲの分散パターンとシュミレーションによる分散パターンの比較検討を行なった結果についても紹介する。

文献

- [1] K. Miyashita, Range expansion of green anole and habitat state of snake-eyed skink. Report of the Second General Survey of Natural Environment of the Ogasawara (Bonin) Islands, 2, 182-184, 1991.
- [2] A. Suzuki, a doctoral thesis of Nara Women's University, 1999.

Mathematical analysis on coexistence condition and indirect effects of phytoplankton and bacteria through nutrient recycling

Yasuaki Aota and Hisao Nakajima

Department of Physics, Ritsumeikan University, Kusatsu 525-8577, Japan

Abstract

We estimated indirect effects between phytoplankton and bacteria through phosphorus and carbon at the steady state under the coexistence conditions.

It is known that bacteria highly ingest several inorganic nutrients and compete with phytoplankton in inorganic nutrient under certain nutrient condition. Phosphorus is one of the limiting factor for growth of phytoplankton and bacteria. Phytoplankton excrete dissolved extracellular organic carbon (EOC) when phytoplankton is stressed by limiting inorganic nutrient. One of this excretion is surplus of photosynthesis under inorganic nutrient limitation, and bacteria can grow by using it. For the competition between phytoplankton and bacteria through phosphorus, it is suggested that indirect interaction through EOC may lead to mutualistic situation.

In the model ecosystem, the interactions among species such as competition and mutualism are usually expressed by the sign of direct interactions. However, there are no direct interactions between phytoplankton and bacteria, and only indirect interactions such as exploitative competition through phosphorus and indirect effects arisen from carbon flux and nutrient recycling. Therefore, if we try to estimate these indirect interactions, new mathematical framework may be needed. One of that is press perturbation method. This method leads to inflow-sensitivity matrix, and the matrix reflects the difference in biomass at the coexistence steady state.

By using of the above method, we offer the estimation of indirect interaction between phytoplankton and bacteria under the coexistence condition, and show that the mutualistic interaction between phytoplankton and bacteria can be occurred at the coexistence steady state even if they initially compete with each other through inorganic phosphorus.

In this model, we considered phytoplankton limited their growth by light and phosphorus, and bacteria limited their growth by phosphorus and carbon released by phytoplankton. This model was also considered the effect that phosphorus with inflow and outflow is recycled by bacterial decomposition. We adopted permanence as the criterion of the species coexistence, and led to the necessary condition to be a permanence in the system.

Mechanism of species coexistence with space-limited demographic process.

Soyoka Muko¹ (Dept. of Biology, Kyushu University),
Kazuhiko Sakai (TBRC, University of the Ryukyus), Yoh Iwasa¹

In coral communities, we can find the distinct differences in the composition of morphological types. For example, branching corals dominated the protected site, whilst tabular corals were abundant at the exposed site. We formulate a simple model for the dynamics of coverage of the two morphotypes in order to understand the demographic processes, larval settlement, growth, and death, which form and maintain the observed patterns.

The model incorporates the space-limited recruitment and the space-limited growth. The larval settlement rate is proportional to the amount of vacant space in the local habitat and to the abundance of larvae in the water column. The growth rate of colony size (coverage area) increases with the size and with the fraction of vacant space. The coverage X_i of type i in a local habitat are

$$\frac{dX_i}{dt} = x_i^0 s_i L_i F + g_i \frac{F}{A} X_i - u_i X_i, \quad (i = 1, 2),$$

where x_i^0 is the size of newly settled adult; L_i , the abundance of larvae; s_i , the efficiency of larval settlement; g_i , the maximum growth rate; and u_i , the mortality. F , is the amount of free space: $F = A - X_1 - X_2$. The initial condition is assumed to be zero ($F = A$).

The result of the model show that the trajectory of coverage has three phases if mortality is low. [1] In the beginning, the relative abundance of the two types is controlled by the ratio of the larval settlement. [2] When the vacant space becomes occupied, both settlement of larvae and growth of settled colonies affect the dynamics of coverage. [3] After free space is depleted, both larval settlement and growth become very small. Now the slow process of colony death comes to have an influence and causes the final convergence to the equilibrium composition. We also analyzed other cases in which one of the three demographic process was rather smaller than the others.

Architecture of adaptation

K. Ryo Takahasi

Laboratory of Population Biology, Division of Evolutionary
Biology,
University of Tokyo at Hongo

Darwinian theory of organic evolution explains the evolution of complex adaptations through the gradual accumulation of innumerable slight mutations. Theoretical foundation of this traditional view could be traced back to 1930s, when theoretical population geneticists reconciled Medelian genetics with Darwinian gradualism. Recent molecular studies of complex traits, however, have revealed that many adaptations have rather simple genetic architecture; they are in many instances based on a small number of factors with relatively large phenotypic effects. To see if such empirical findings should be expected from the ordinary population genetics theory, I here develop polygenic models of phenotypic evolution and investigate the distribution of the effects of mutations that become eventually fixed during the course of evolution. Two issues are of special concern: (1) the number of substitutional events that constitute an adaptation, and (2) the relative magnitude of the effects of !

those fixed factors. The results of the numerical analyses will be discussed in light of these issues.

量的形質を巡る宿主・寄生者の共進化モデル

玉谷愛（奈良女子大・大学院）、

高須夫悟・重定南奈子（奈良女子大・理）

宿主・寄生者の関係では、寄生者は宿主を犠牲にすることによって繁殖する。このような関係を表す数理モデルとしてNicholson-Baileyのモデルがある。

Nicholson-Baileyのモデルを含め、ほとんどの個体群動態のモデルでは、すべての個体が同じ性質をもっている均一な集団が暗に仮定されている。しかし、実際には量的な変異をもつさまざまな個体が集団を構成していると考えられる。卵の色や模様が寄生の受け入れ・拒否に深く関わってくる托卵をする鳥類はこのような集団の一例である。

本研究ではNicholson-Baileyのモデルを拡張して、寄生効率が、宿主と寄生者の量的形質の差異に依存するようなモデルを構築した。このモデルでは、宿主と寄生者はそれぞれ一次元の量的な形質をもつ。寄生効率は両種の量的形質の差の絶対値の減少関数として表される。

宿主と寄生者の量的形質の初期分布が与えられた場合、十分時間がたったあとの形質はどのように分布しているのだろうか。量的形質における宿主・寄生者モデルを解析した結果、共存できる形質数は寄生効率関数の関数形に依存し、寄生効率関数が急激に減少するほど多くの形質が生存することが明らかになった。反対に寄生効率関数が極めて緩やかに減少するときには、宿主は2形質、寄生者は1形質しか共存できない。またこのときの宿主の形質は、寄生者からもっとも寄生されにくいところに位置している。

また、初期分布が正規分布のとき、平均、分散の時間変化を正規分布で近似し、数値計算による平均、分散と比較を行った結果、2つの統計量の誤差は小さい、すなわち初期には量的形質は正規分布を維持することが示された。

以上の結果をもとに、量的な形質が離散的に分布することについて議論する。

1999 年度会計報告 (1999 年 1 月 - 12 月)

収入	前年度より繰越	702,377
	会費 (164 件)	511,000
	計	1,213,377
支出	ニュースレター27号印刷費	71,715
	ニュースレター27号郵送料(名簿込)	49,050
	ニュースレター28号印刷費	79,012
	ニュースレター28号郵送料	44,290
	ニュースレター29号印刷費	101,220
	ニュースレター29号郵送料	50,310
	1999年度会員名簿	49,875
	雑費(封筒・ハンコ・シール代)	25,735
	使途不明金	3,990
	シンポジウム特別会計に繰入	200,000
	小計	675,197
	次年度繰越	538,180
	計	1,213,377

シンポジウム特別会計

収入	前年度より繰越	266,130
	一般会計より繰入	200,000
	懇親会より寄付	2,295
	計	468,425
支出	茶・菓子・紙コップ・画鋏代	14,863
	次年度繰越	453,562
	計	468,425

監査報告

数理生物学懇談会の1999年の収入及び支出に関する証憑類を調べ、
すべて適性に執行され決算報告にも誤りのないことを確認しました。

監事 難波 利幸



2000年度予算案(2000年1月-12月)

収入見込

前年度より繰越	538,180
会費 (会員約 250 名)	550,000
<hr/>	
計	1,088,180

支出見込

ニュースレター30号印刷費	63,000
ニュースレター30号郵送料	41,000
ニュースレター31号印刷費	51,000
ニュースレター31号郵送料	47,000
ニュースレター32号印刷費	80,000
ニュースレター32号郵送料	50,000
名簿印刷費	50,000
名簿郵送料	40,000
通信費 (封筒・切手・シール)	25,000
シンポジウム特別会計に繰入	200,000
小計	647,000
次年度繰越	441,180
<hr/>	
計	1,088,180

数理生物学シンポジウム特別会計予算

収入見込

前年度より繰越	453,562
一般会計より繰入	200,000
<hr/>	
計	653,562

支出見込

大会準備費	20,000
大久保賞受賞者旅費 (補助)	200,000
次年度繰越	433,562
<hr/>	
計	653,562

セミナー記録

九州大学生物学科数理生物学講座

ME seminar 講演記録

2000年3月から7月まで

3月7日(火) 午後1:30から

田代 康介 (九大・院・生物資源環境科学研究科)

DNA マイクロアレイによる酵母遺伝子発現解析

4月25日(火) 午後1:30から

武田裕彦 (九大・理・生物)

地球史7大イベントについて (続き)

- 対流現象だと信じて生命発展の”場”の遷移を理解する -

5月16日(火) 午後1:30から

岩永亜紀子 (九大・理・生物)

遺伝子の過剰発現によるY染色体の進化の可能性

6月20日(火) 午後1:30から

遠矢 周作 (九大・理・生物)

魚類錐体モザイク形成の種間での多様性を理解する

6月27日(火) 午後1:30から

佐々木 顕 (九大・理・生物)

Gordon Research Conference on Theoretical Biology 2000 で発表された、数理生物学の最新の話題を報告していただきます。最先端の動向をつかみ、これからの数理生物学の方向を考えるセミナーです。

6月29日(木) 午後3:30から

Sylvain Takenouti (Ecole Polytechnique France)

A Polymorphism Maintained by Opposite Patterns of Parasitism and Predation

7月11日(火) 午後1:30から

Sergei Petrovskii (Nara Women's University)

Recent Progress in Modeling Spatio-Temporal Pattern Formation in Ecological Communities

7月13日(木) 午後1:30から

Michael Gilchrist (Duke University) Using Within-Host Parasite Population Dynamics to Calculate Optimal

Parasite Growth Rate: Linking Transmission, Added Mortality, and Host Recovery Rates

7月14日(金) 午後1:30から

水野寿朗 (鹿児島大学・理・生命化学)

誘導源に誘導因子は存在するか? - 反応拡散モデルから中胚葉誘導を考察する -

昌子浩登 (九大・理・生物)

魚の体表模様の形成モデル：縞が一定の方向にできるための異方的拡散

7月18日 (火) 午後1:30から

山中武彦 (東大・院・農・応用昆虫 農学特定研究員)

合成性フェロモンを用いたアメリカシロヒトリ個体群の制御：

野外試験とシミュレーションモデルによる検討

Field trials and model simulations for controlling the fall webworm,
Hyphantria cunea (Drury) with synthetic sex pheromone

7月24日 (月) 午後1:30から

岩永亜紀子 (九大・理・生物)

Evolution of hierarchical cytoplasmic inheritance in Myxomycota

編集後記

A. D. 2000 年 (Anno Domini 2,000th year)、キリスト生誕後の第二千年紀。そして次の千年紀へ。キリスト教思想が育んだカルチャーに生きていない者にも、使い慣れた時の刻み (西暦) の切りのよい年。この千年紀の数理生物学の発展を考えてみるのは、浅学な私にとっては無理なこと。今世紀の…。これもまた大変。半世紀ほどを振り返れば、そこに数理生物学に貢献した人々の足跡を思い起こすことができます。今回のニュースレターでは、今年、相次いで亡くなられた、数理生物学の発展に貢献された方々の追悼文を掲載いたしました。来る千年紀にも数理生物学の発展に貢献されたであろう方々のご冥福を謹んでお祈りいたします。(西村欣也)

西村先生が外国出張のため、編集作業の最後のまとめをお引き受けしました。学会の要旨集の要領でやればいいな、と気楽に引き受けましたが、慣れないものでお見苦しい点は平にご容赦を。今秋からは名簿の係も回ってきますが、Filemaker の最新バージョンはまだ私の PC には入っていないので、少々焦っております。西村先生とは異なり下世話な話で恐縮ですが、国際生態モデリング学会 (ISEM) 日本支部では、楠田哲也九大教授のもとで仮称「生態系とシミュレーション」(朝倉書店) を準備中です。著者には楠田氏をはじめ巖佐庸、竹中明夫、嶋田正和、三浦慎吾、玉井信行、関根雅彦、松田祐之、岸道郎などそうそうたる顔ぶれ (私を除く) がならば予定です。是非お買い求めを！なお、今回は「水産資源学特集」の予定です。(岸道郎)

ニュースレター編集局

西村欣也 (北海道大学水産学部)

kinya@fish.hokudai.ac.jp

菅野泰次 (北海道大学水産学部)

kanno@fish.hokudai.ac.jp

岸道郎 (北海道大学水産学部)

kishi@salmon.fish.hokudai.ac.jp

松石隆 (北海道大学水産学部)

matuisi@fish.hokudai.ac.jp

高田壯則 (北海道東海大学国際部)

takada@dc.htokai.ac.jp

原登志彦 (北海道大学低温科学所)

t-hara@orange.lowtem.hokudai.ac.jp

〒0 41-8611 函館市港町 3-1-1

北海道大学大学院水産科学研究科内

JAMB Newsletter 編集局

JAMB Newsletter No. 32

目次

松宮義晴先生のご逝去を悼む	松石 隆	1
東君の突然の死を悼む	中島久男	2
ハミルトンさんの死を悼む	佐々木頭	4

第10回数理生態学シンポジウム

日程	8
地図	9
総会議案	10
プログラム	11
予稿集(詳しく目次はプログラムを参照して下さい。)	17

1999年度会計報告(1999年1月-12月)	90
-------------------------	----

2000年度予算案(2000年1月-12月)	91
------------------------	----

セミナー記録	92
--------	----

会員情報の更新(2000年4月-2000年7月)	94
--------------------------	----

寺元 英先生・山口昌哉先生を記念する事業についての提案

重定南奈子,山村則男,中島久男,川崎廣吉,巖佐 庸,東 正彦,難波利幸	97
-------------------------------------	----

編集後記

裏表紙見返し

数理生物学懇談会ニュースレター第32号
2000年9月発行
〒041-8611 函館市港町3-1-1
北海道大学水産科学研究科
数理生物学懇談会ニュースレター編集局
印刷・製本 うめだ印刷(株)