

JAMB Newsletter No. 38

数理生物学懇談会 ニュースレター

特集 第12回 数理生物学シンポジウム

第38号

2002年9月

*Japanese Association
for
Mathematical Biology*

2002 年数理生物学懇談会年次総会のお知らせ

2002 年 8 月 15 日

数理生物学懇談会事務局長

菅野泰次

(E-mail: kanno@fish.hokudai.ac.jp)

2002 年数理生物学懇談会総会を下記のように開催いたします。9 月 19 日（木）～21 日（土）の函館シンポジウムに参加される皆様には、全員にご出席賜りますようご案内申し上げます。

記

1. 日時 2002 年 9 月 19 日（木） 17:00 から
2. 場所 北海道大学大学院水産科学研究科、講義棟 5 番教室
3. 議題

- (1) 新事務局の承認

2001 年度総会で事実上のご承認を得た奈良女子大学（重定南奈子氏、高須夫悟氏、高橋智氏）を次期事務局として正式に承認して頂く。

- (2) 大久保賞選考委員（1 名）の改選

難波利幸氏が 1999 年からの 3 年の任期を終えるのに伴い、新選考委員（1 名）を選出する。

- (3) 2003 年数理生物学懇談会シンポジウムの提案

来年開催の第 13 回数生懇シンポジウムの開催時期・開催地を承認して頂く。

- (4) 運営委員会委員の承認

- (5) その他

- 1) 2002 年中間決算ならびに 2003 年予算案

- 2) 会費滞納による退会者の承認

- 3) その他

4. 報告事項

- 1) 大久保賞に関するガイドラインの締結

- 2) 稲盛財団 2001 年度「京都賞」への協賛

- 3) S. Levin 氏から、大久保賞基金への 200 ドルの寄付

- 4) 現有会員数報告

- 5) その他

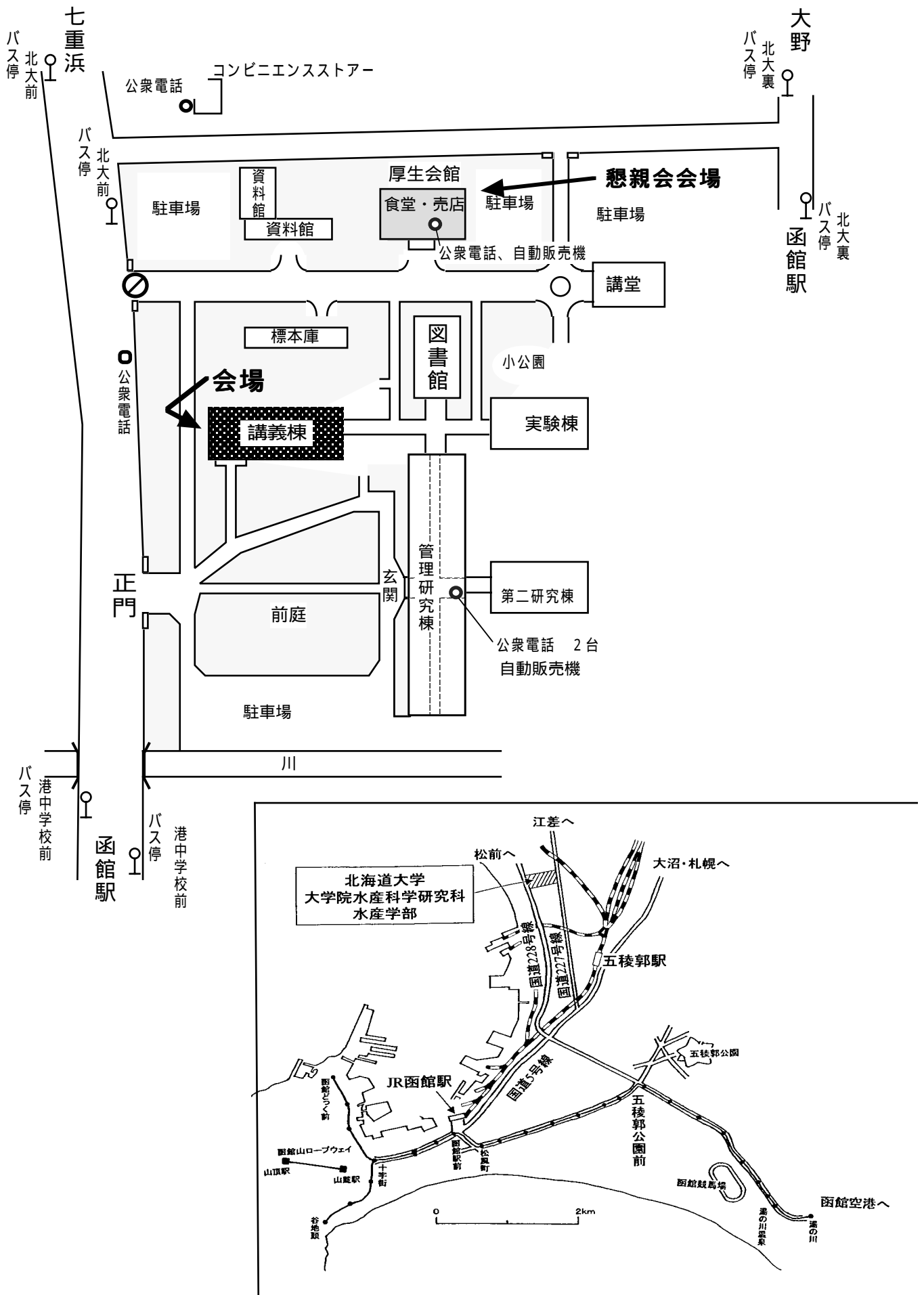
以上

第 1 2 回数理生物学シンポジウム

開催時期 2002年9月19日(木)～21日(土)
 開催場所 北海道大学水産科学研究科(函館)
 北海道函館市港町3-1-1
 URL <http://blue.fish.hokudai.ac.jp/office-m/edu/sympo/020919/index.htm>

9月19日(木)		9月20日(金)		9月21日(土)	
		9:00	一般講演 6~9	9:00	一般公演 19~22
		10:20		10:20	
		休憩		休憩	
		10:30	一般講演 10~13	10:30	一般公演 23~26
		11:50		11:50	
		休憩		休憩	
13:00	オーガナイズドセッション 「古代生物の形 との進化と運動」	13:00	一般講演 14~18	13:00	一般公演 27~31
15:00		14:40		14:40	
		休憩			
	休憩	15:00	オーガナイズドセッション 「水圏生物と数 理生物学」		
15:20	一般講演 1~5	17:00			
17:00		休憩		休憩	
17:00	総会	18:00	懇親会 フィッシャリー(構 内)参加費 2500 円 (税込)		

大会会場（北海道大学水産学部）案内図



【函館市内の交通手段】

空港から市内へは連絡バスで約 20 分です。函館駅前に着きます。五稜郭方面へ安く行きたい場合は、駅から市電に乗っていきます。楽に行きたい場合は、連絡バスに乗るときにバスの運転手に頼むと、途中のバス停にタクシーを呼んでくれます。もちろん、最初からタクシーという手もあり、2000円程度です。大学までタクシーに乗ると空港から3500円、駅から2000円、五稜郭から1500円程度です。

五稜郭や駅方面から、北大に通じている公共交通手段は、バスのみです。

<http://itime.jp/>

で時刻を検索することが出来ます。

駅前から北大前行きのバス時刻表です。所要時間は15分

平日

8:09 発 8:43 発 9:10 発 10:12 発 (函バス 101 系統)

土日

7:40 発 8:42 発 9:12 発 10:12 発 (函バス 101 系統)

五稜郭電停前から北大前までは20分～23分

平日ですと

8:15 発 8:35 発 8:54 発 9:15 発 (市移管 16 系統)

8:46 発 9:36 発 (函バス 81 系統)

土曜日は

8:10 発 8:32 発 8:54 発 9:14 発 (市移管 16 系統)

8:18 発 9:37 発 (函バス 81 系統)

と比較的便利です。

これらの情報は、<http://itime.jp/> で検索することが出来ます。

【宿泊】

大学から徒歩圏内にあるのは

ビジネスホテル ららぽーと函館 函館市港町 3-2-1 0138-42-1777

旅館やまに 上磯町七重浜 4-28-9 0138-49-2353

です。

他に駅周辺や五稜郭にホテルはいっぱいあります。インターネットでお調べください。格安パックも色々ありますのでお調べください。飲食店の詳細は <http://homepage2.nifty.com/matuisi/> をご参照ください。

第12回数理生物学シンポジウムプログラム

2002年9月19日(木)-21日(土)

北海道大学函館キャンパス 水産科学研究科・水産学部

〒041-8611 函館市港町3-1-1

9月19日(木)

13:00-15:00 オーガナイズドセッション

オーガナイザー:宇佐見義之(神奈川大学)

「古生物の形の進化と運動」

- Rapid ontogenetic change in late cretaceous Mosasaurs (Reptilia: Aquamata) as a model of vertebrate morphogenesis. 後期白亜紀モササウルス類の急激な形態変化について;脊椎動物の進化の一例として

Michael J. Everhart (Fort Hays State University)

- 古代の生態系の電子的な復元;生物の基本的体型の変化とその運動形態の変化
宇佐見義之(神奈川大学)

15:20-17:00 一般講演

15:20-15:40 不均一環境における巻き添え競争

難波利幸・石田真紀(大阪女子大学)

15:40-16:00 増殖率関数の凸性と共存可能性

今隆助(静岡大学)

16:00-16:20 分子進化の遺伝的荷重 --- 木村の誤り ---

松田博嗣¹・石井一成²(九州大名誉教授¹・名古屋大学²)

16:20-16:40 弱突然変異極限の集団遺伝学 --- 厳密な結果 ---

石井一成¹・松田博嗣²(名古屋大学¹・九州大名誉教授²)

16:40-17:00 食物網型大自由度ランダム群集モデルのパーシステンス

時田恵一郎・茶碗谷毅(大阪大学)

17:20- 総会

9月20日(金)

9:00-10:20 一般講演

9:00-9:20 サーカディアンリズム周期における温度補償性の基本原理

黒澤元・巖佐庸(九州大学)

9:20-9:40 粘菌変形体の流路ネットワークの形態形成

中垣俊之・小林亮(北海道大学)

9:40-10:00 細胞接着による組織分離の可能性

高野良治・望月淳史・巖佐庸(九州大学)

10:00-10:20 視神経軸索の中脳でのマッピング・密度効果による調節

本多久夫(兵庫大学)

10:30-11:50 一般講演

- 10:30-10:50 病原体・免疫系システムの安定性解析
佐々木徹¹・村瀬晶子²・梶原毅¹ (岡山大学¹・萩東中学校²)
- 10:50-11:10 Permanence of single-species stage-structured models
齋藤保久・今隆助・竹内康博 (静岡大学)
- 11:10-11:30 スズキとセイゴに関する時間遅れモデルの安定性解析
山口正博・竹内康博 (静岡大学)
- 11:30-11:50 雑食と食物連鎖の安定性
田辺久美・難波利幸 (大阪女子大学)
-

13:00-14:40 一般講演

- 13:00-13:20 ランダム環境下の中立群集における種の個体数分布と多様性
五十嵐正明・瀧本陽介・藤曲哲郎 (金沢大学)
- 13:20-13:40 拡散を伴う SIS モデルにおける地域的感染防御の効果について
佐々木徹 (岡山大学)
- 13:40-14:00 時間連続型と時間離散型の個体群動態数理モデルの関連性に関する考察:レスリー
差分法再考
瀬野裕美 (広島大学)
- 14:00-14:20 Lotka-Volterra 被食者・捕食者系 における個体群削減による系崩壊の特性
緒方直美・瀬野裕美 (広島大学)
- 14:20-14:40 量的形質を巡る共進化の数理モデル
高須夫悟 (奈良女子大学)
-

15:00-17:00 オーガナイズドセッション

オーガナイザー:西村欣也 (北海道大学)

「水圏生物と数理生物学」

- 魚群の個体間の相互作用の解析と群の運動モデル
稲田喜信 (東京大学)
 - 冬季北太平洋における海流が日本系サケの生存に及ぼす影響
東屋知範¹・石田行正¹・真山紘² (北海道区水産研究所¹・さけます資源管理センター²)
 - 水産資源学における代表的な数理モデル
赤嶺達郎 (中央水産研究所)
 - 鯨の通信距離
中村耕司¹・赤松友成² (千葉大学¹・水産工学研究所²)
-

18:00- 懇親会

9月21日(土)

9:00-10:20 一般講演

- 9:00-9:20 変動環境下での保全戦略:最適保全努力と最適調査努力
横溝裕行・Patsy Haccou・巖佐庸 (九州大学)
- 9:20-9:40 シャガス病流行の数理モデル
稲葉寿¹・関根尚² (東京大学¹・明治生命²)
- 9:40-10:00 マツ枯れ伝播過程のメカニスティックモデルによる数理的研究
三村幸枝¹・川崎廣吉²・高須夫悟¹・重定南奈子¹ (奈良女子大学¹・同志社大学²)

10:00-10:20 托卵系の卵模様の共進化に関する個体ベースモデル
奥野由美子・高須夫悟・重定南奈子 (奈良女子大学)

10:30-11:50 一般講演

10:30-10:50 格子状分断環境における侵入生物の閾値面積
杵崎のり子¹・川崎廣吉²・高須夫悟¹・重定南奈子¹ (奈良女子大学¹・同志社大学²)

10:50-11:10 密度に依存する行列モデルの分岐について
間崎圭一郎・竹内康博 (静岡大学)

11:10-11:30 シクリッド群集における左右性のダイナミクス
中嶋美冬¹・松田裕之¹・堀道雄² (東京大学¹・京都大学²)

11:30-11:50 禁漁区面積のフィードバック制御による資源管理効果
甲斐幹彦・白木原国雄

11:50-12:10 バクテリアコロニーの空間パターン形成速度の相転移
若野友一郎 (東京大学)

13:00-14:40 一般講演

13:00-13:20 渡島半島ヒグマ個体群のフィードバック管理
松田裕之¹・堀野真一²・間野勉³・釣賀一二三³・富沢昌章³ (東京大学¹・森林総研²・北海道環科研セ³)

13:20-13:40 差分方程式による捕食者と被食者の動態分析
馬屋原敏博 (阪急航空)

13:40-14:00 エキノコックスモデルの数学的解析
梶原毅・沖田知毅・篠原猛人 (岡山大学)

14:00-14:20 多魚種系水産資源の選択的フィードバック管理について
木村紀雄 (東京大学)

14:20-14:40 形質の分岐進化における不安定分岐について
西村欣也 (北海道大学)

「後期白亜紀モササウルス類の急激な形態変化について； 脊椎動物の進化の一例として」

Michael J. Everhart,
Sternberg Museum of Natural History, Fort Hays State University,
Hays, Kansas, U.S.A. meverhar@fhsu.edu

モササウルス類は白亜紀の中期には地上を歩くごく小さな生物であったと考えられるが、白亜紀の終わりにかけて、2500万年の間に急速に海洋での生活に適応していき、15メートルを超える大きさの巨大海棲爬虫類となって白亜紀の海に君臨した。

現在の北米中部に相当する場所は当時は海であったが、当時の陸地から何百キロも離れたところでモササウルス類が発見され、現在のイルカやクジラのように完全に海棲の生活を送っていたことがうかがえる。彼らの系統に関しては、長くコモドドラゴンが近縁と考えられていたが、現在では現存するヘビが近縁と考えられるようになった。中生代のジュラ紀には、魚竜が海棲の爬虫類として繁栄したが何故か白亜紀には絶滅し、代わって中生代中期には首長竜類が栄えた。しかしその首長竜類の仲間も白亜紀に入って縮小段階に入り、彼らに代わるようにモササウルス類は急激に繁栄した。

はじめ陸棲の爬虫類だったモササウルスが海棲の生活へ変貌する為には次のような体型の変化を起こした。すなわち；大きな獲物を捕獲するように、頭蓋骨と顎は平たく大きくなっていった骨の密度は中性の浮力を得るように組成が変わり、全体の体型は流線型に近くなり、皮膚は流体からの抵抗が小さくなるように変化した。足は方向転換をとる為のヒレへと変化し、尾は平たく長くなった。そして魚竜と同じく卵胎生であった。

モササウル類で知られているティロサウルス・プロリガーは巨大化し15メートルから17メートルの個体が発見されている。これは陸上の巨大捕食動物であるティラノサウルスよりも遥かに大きい。

モササウルス類としてはこれまでに20の属と45の種が知られており、それらは体型や大きさも様々で、白亜紀後期の生物学的ニッチの広い範囲に君臨し、クロコダイルやアリゲーターの居住域である淡水にも進出していった。このように、もとは陸棲の小さな爬虫類であったモササウルス類が急激に進化し、体型を変化させ、生活域を拡大していった様子は、脊椎動物の進化の一例として観察することができ、発表ではその様子について系統だった解説を行うことを試みる。

「古代の生態系の電子的な復元；生物の基本的体型の 変化とその運動形態の変化」

宇佐見義之

神奈川大学工学部物理学教室、 usami-yoshiyuki@nifty.com

今から5億6千万年前からはじまるカンブリア紀には生物が爆発的に進化したことが知られている。Natureに掲載された最近の中国からの報告によれば、グールドなどの解説による従来の理解以上に相当に奇妙な生物学的現象が起こったことが報告されている。本研究では、この頃に起こった（であろう）生物の基本的な体型の進化を、基本的な数理モデルの構築とその計算から、その変化の一端を理解することを試みた。

生物の形を記述するには大きなパラメーター空間を扱わなければならない、これらをいきなりダイレクトに扱うことは難しい為、私達は基本的な構成要素（箱）の集合体としてこれらを表現した。すなわち、箱の積み重ねを生物個体として捉え、これらの生成を基本単位から多くの要素のものへと進化させる。具体的には縦方向と横方向への2倍化の繰り返しで多様な生物を生成する。これらの生成の結果、様々な生物が出現し、これらの中には現生の生物や、絶滅した生物、あるいは、出現もしなかったかも知れない可能な生物も含まれる。

これらの生物に簡単な流体力学及び、ニュートン力学を適用することにより、それぞれの生物の運動形態を計算した。その結果、運動形態としても多様な形が存在することがわかった。例えばカンブリア紀に生存したアノマロカリスは体側に14対のヒレを持つ奇妙な体型をしている。私達が上記の計算方法を適用したところ、全体のヒレを波打たせるような解が上下に安定に、力を分散させて前進できることがわかった。しかしながら、他の動かし方でもアノマロカリスは前進することができ、簡単な例は全部のヒレを同時に上下させるやり方である。これらの運動について更に精緻に議論を進める為、我々はナビエ・ストークス方程式と等価な粒子法と呼ばれる計算により、生物の周りの流体の動きも計算することにした。その結果、この上下に同時にヒレを動かす泳ぎ方は速いものの、エネルギーを多く消費し、周りの流体を大きく掻き乱すことがわかった。

研究ではこの他に、様々な体型の生物の動きを計算したが、講演では、中生代の海洋に生存した2対のヒレを持つ首長竜類の泳ぎ方の変化などを議論する予定である。

不均一環境における巻き添え競争

難波利幸・石田真紀（大阪女子大・理・環境理）

異なる生息地からのエネルギーや生物の流入である「異所性入力」(allochthonous input) や「補助効果」(subsidized effect) などの新たな概念が提唱され、生物の生息地の空間的な不均一性に注目が集まっている。ここでは、間接効果としての競争が働く1捕食者2被食者系(巻き添え競争系)について、パッチの異質性と個体群のパッチ間移動が、競争種の共存可能性にどのような影響を及ぼすかを報告する。

ロジスティック成長する2種の被食者と1種の捕食者を考える。被食者間に直接の競争はなく、捕食者・被食者間の相互作用はロトカ・ボルテラ型であると仮定する。2種の被食者は捕食者を共有するので、捕食者を介した間接競争(巻き添え競争)によって、どちらか一方が絶滅する場合がある。ここでは、被食者の内的自然増加率と環境収容力、捕食者の死亡率だけがパッチによって異なる値をとることがあると仮定する。拡散型のパッチ間移動を考慮すると、パラメータと変数の変換後、モデルは以下のように表わされる。

$$\begin{aligned}\frac{dx_i}{d\tau} &= \left\{ \rho_{xi} \left(1 - \frac{x_i}{\kappa_{xi}} \right) - z_i \right\} x_i - \delta_x (x_i - x_j), \\ \frac{dy_i}{d\tau} &= \left\{ \rho_{yi} \left(1 - \frac{y_i}{\kappa_{yi}} \right) - \alpha z_i \right\} y_i - \delta_y (y_i - y_j), \\ \frac{dz_i}{dt} &= (-\mu_i + x_i + y_i - \gamma z_i) z_i - \delta_z (z_i - z_j),\end{aligned}$$

2つのパッチが異質で、個体群のパッチ間移動が起こる場合は、平衡状態を解析的に求めることができないので、数値的に求め安定性を調べた。どちらのパッチも、孤立すれば被食者2が絶滅するように内的自然増加率や環境収容力などの値を固定する。このとき、局所的競争で優位な種1の拡散係数がある値を超えると、より豊かなパッチで、競争能力の低い種2が存続できるようになる。さらに、種2の拡散係数も正の値をとれば、より豊かなパッチからより貧しいパッチへの移動によって source-sink 構造ができ、双方のパッチで種2の存続が可能になる。

巻き添え競争は共通の捕食者を介在して働くから、捕食者密度が減れば競争圧も減る。したがって、競争の結果は捕食者の移動率にも依存し、ある範囲では、捕食者の移動率が高ければ、豊かなパッチからの移出が増えて捕食圧が弱まるために、巻き添え競争に弱い被食者の存続が可能になる。

増殖率関数の凸性と共存可能性

今隆助 (kon-r@math.club.ne.jp)

静岡大学工学部システム工学科

次の2種離散力学系のパーマネンスについて考える：

$$\begin{cases} x_1(t+1) = x_1(t)f_1(x_1(t), x_2(t)) \\ x_2(t+1) = x_2(t)f_2(x_1(t), x_2(t)), \quad t \in \mathbb{Z}_+. \end{cases} \quad (1)$$

ここで、 $x_1(t)$ と $x_2(t)$ は、それぞれ、世代 t における種1と種2の個体群密度である。パーマネンスとは力学系の性質のひとつであり、系(1)がパーマネンスであれば、ある値 $\delta > 0$ と $D > 0$ が存在し、十分大きな $t > 0$ に対して、

$$\delta \leq x_i(t) \leq D \quad i = 1, 2$$

が保証される。すなわち、2種の共存が保証される。

本研究では、増殖率関数 f_1 と f_2 の凸性に注目し、系(1)のパーマネンスについて調べた。その結果、2種が被食者(x_1)と捕食者(x_2)の関係にあるとき(条件(H1)-(H6)が成り立つとき)、次の結果を得た：

【定理】(被食者-捕食者)

条件(H1)-(H6)が成り立つとする。関数 $\ln f_1(x_1, 0)$ と $\ln f_2(x_1, 0)$ が(下に)凸であるとする。このとき、 $f_2(x_1^*, 0) > 1$ であれば、系(1)はパーマネンスである。

- (H1) 関数 f_1 と f_2 は次を満たす連続な関数である： $f_1 : \mathbb{R}_+^2 \rightarrow [0, \infty)$, $f_2 : \mathbb{R}_+^2 \rightarrow [0, \infty)$, すべての $(x_1, x_2) \in \text{int}\mathbb{R}_+^2$ に対して、 $f_1(x_1, x_2) > 0$, $f_2(x_1, x_2) > 0$, (H2) 系(1)の解は一様有界,
- (PP1) すべての $x_2 > 0$ に対して、 $0 \leq f_2(0, x_2) < 1$, (PP2) $f_1(0, 0) > 1$, (PP3) $f_1(x_1, 0)$ は単調減少で、 $f_1(x_1^*, 0) = 1$ となる $x_1^* > 0$ が存在する, (PP4) $f_2(x_1, 0)$ は単調増加。

2種が競争や、共生の関係にある場合にも、パーマネンスの十分条件が得られた。

分子進化の遺伝的荷重——木村の誤り

松田博嗣（九州大学名誉教授）石井一成（名古屋大学情報文化部）

ゲノム集団が、何十何百万世代という長時間スケールにわたって存続するには、集団の平均マルサシアン¹の長時間平均が負であってはならない。分子進化のもとになるゲノム進化の遺伝的荷重とは、その時点において集団に実在するゲノムの最大マルサシアンと平均マルサシアン²の差と定義される。一方、ゲノムの最大マルサシアンには、個体の機能にもとづく上限がある。従って、ゲノム集団存続のためには、遺伝的荷重の長時間平均がこの上限を超えてはならないことになる。

木村資生は、ゲノム進化の大部分が有利変異体の固定とした場合、自らの計算結果得られた遺伝的荷重は哺乳類の場合上記上限を超えるので、正の自然選択の働きはゲノム進化の高々小部分に限られるべきで、ゲノム進化の大部分はむしろ中立変異体の固定であり、その固定は個体数有限のため起こるランダムドリフトによるもので、進化率は環境変動率よりは、突然変異率が決めるとする中立説を提唱した。たしかに進化は変異体の固定をもたらす置換の繰り返しであるが、木村は、置換は各塩基座位ごと独立に起こるとして、遺伝的荷重への寄与分として各置換過程で生ずる置換荷重を求め、ゲノムの全遺伝的荷重は置換荷重より更に大きいと考えた。

しかし、木村が自ら導いた「木村公式」による計算を精査すると、独立置換の場合に限っても不正確な所があり、木村は有限集団の置換荷重は無限集団の値より大としたが、実は必ずしもそうはならない。中立説では現実の進化率が突然変異率と異なるのは機能的制約による負の自然選択によるとし、正の自然選択の効果は検討から除外されている。しかし、そうして、霊長類のゲノム当りの有害突然変異率を評価すると、遺伝的荷重は過大となり、霊長類存続の理由が問われている。また、塩基座位当りの突然変異率は十分小さく、大部分の座位が単型であるにしても、ゲノム当りの座位数は大きいから、置換座位以外はすべて単型として、ゲノム全体の遺伝荷重を評価することは必ずしも許されない。

これに対してわれわれは、環境の進展と共にゲノム集団の進化が起こるとする「赤の女王モデル」を集団遺伝学に導入し、簡単な厳密解を得た。

このモデルでは、有利突然変異と、有害突然変異が共存し、定常状態でその割合は突然変異率に対する進化率の比と選択率の比、2変数の関数として定まる。ここで、選択率は微弱とすると、遺伝荷重は有利突然変異の効果を見捨てる木村モデルよりかなり下がることが判る。

ただし、現実のゲノム進化において、遺伝荷重がどう定まり、それが進化のあり方をどう規定するのかが、今後の興味ある研究課題として残されている。ゲノムに対する研究技術が発達し、それに関するデータの蓄積が可能になった現在、木村のすぐれた研究を良い出発点として、進化についての事実の解明と共に、正の自然選択を含めて進化の機構を説明しうる新しい理論が構築されて行くことを切望する。

弱突然変異極限の集団遺伝学 — 厳密な結果 —

石井一成 (名大・情報文化), 松田博嗣 (九大名誉教授)

木村 (1968) は分子進化の中立説を提唱する主要な論拠として, 適応進化と考えたのでは, それに伴うゲノムあたり遺伝的荷重に照らして, 分子進化速度の推定値が過大であることを挙げた. ゲノムあたり遺伝的荷重は, Muller (1950), Haldane (1957) 以来理論集団遺伝学の重要な課題であった. 木村はそれに対する有限集団サイズ N の効果を, 無限座位モデル (1971) の弱突然変異極限における分離過程に対する, 拡散過程モデルの平均挙動に関する新技法によって解析したのである. これは遺伝的荷重に限らず一般の分離特性を解析する上でも有効な技法であるが, 木村の計算には, 遺伝的荷重の定式化と分離開始の境界条件に関する曖昧さがあったため, 正しい結果が得られなかった.

本発表では, 変動環境を取り入れた場合を正しく定式化し, その厳密な結果が従来別々に解析されてきた突然変異荷重と置換荷重を自動的に総合していることを示す.

《多座位パリティ・モデル》ゲノムは多数 (ν 個) の座位から成り, 各座位は互いに独立同様なパリティ・モデルに従うと仮定する. すなわち, 第 i 座位は 2 状態マルコフ変動環境下にある 2 アレル・モデルに従い, その時点 t における環境状態 $\varepsilon_i(t)$ と遺伝状態 σ_i は $+1, -1$ の 2 値を取るとする. 2 つの遺伝状態間の突然変異率は μ で, 環境状態 $\varepsilon_i(t)$ は変動率 γ のマルコフ過程であるとする. ゲノムのマルサシアン $m(t)$ は相加的 $m(t) = \sum_{i=1}^{\nu} m_i(t)$ であり, 第 i 座位からの寄与 $m_i(t)$ には遺伝環境相互作用があり, $m_i(t) = (s/2)\varepsilon_i(t)\sigma_i$ であるとする. s (≥ 0) は選択強度である.

$\alpha_i(t) \equiv \sigma_i \times \varepsilon_i(t)$ を t 時点における σ_i アレルの適応状態と呼ぶ. 適応状態が $\alpha_i(t) = +1$ であるアレルの頻度を $x_i(t)$ とする.

《分離特性》このゲノムの長時間挙動を弱突然変異の極限 ($\gamma^* \equiv \gamma/\mu$ を一定にして $\hat{\mu} \equiv N\mu \rightarrow 0$) で調べよう. この極限では, ほとんどの座位は単型的で, たまたま分離中の座位では分離の間, 突然変異は無視でき, その環境は一定であるとしてよい.

第 i 座位における遺伝的荷重 $l_i(t)$ を, 時点 t に集団中に存在するアレルの最大マルサシアン $\hat{m}_i(t)$ と平均マルサシアン $\bar{m}_i(t) \equiv s(x_i(t) - 1/2)$ の差と定義すると, 荷重 l_i は非分離中の座位では 0 で, 分離中の座位では $l_i(t) = (s/2)(1 - x_i(t))$ である.

このように, 非分離中の座位では 0 で, 分離中の座位では値が頻度 $x_i(t)$ だけの関数 $f(x_i(t))$ で定まる座位特性量 (分離特性 f と呼ぼう) としては, 遺伝的荷重 l_i 以外にも, ヘテロ接合度 H_i , 座位が分離中であるか否かの定義関数 χ_i が考えられる. これらは, 関数 $f(x)$ として, それぞれ $(s/2)(1 - x)$, $2x(1 - x)$, 1 を考えればよい.

《分離特性 f の平均挙動》これは次のように一般的に解析することができる. t 時点でのゲノムにわたる座位あたりの平均を $\bar{f}(t) \equiv (1/\nu) \sum_{i=1}^{\nu} f(x_i(t))$ とし, その長時間平均を $\langle f \rangle \equiv \lim_{t \rightarrow \infty} (1/t) \int_0^t \bar{f}(t') dt'$ とすると, これは $\langle f \rangle = \hat{\mu}(P_{+1}F(1 - 1/N) + P_{-1}F(1/N))$ のように計算される.

ここで, $P_{\pm 1}$ は非分離中座位の適応状態が ± 1 である定常確率で, 瞬間進化速度 $v_{\pm} = \pm N\mu s/(1 - e^{\mp Ns})$ を用い, $-P_{+1}(v_- + \gamma) + P_{-1}(v_+ + \gamma) = 0$ から求められる. $F(p)$ は, 1 つの分離中の座位に対する拡散過程モデルによって計算される条件付き平均量であって, 初期頻度 $x(0) = p$ で始まった分離過程が固定あるいは消滅によって終了する時刻を T_{end} として, $F(p) \equiv \left\langle \int_0^{T_{\text{end}}} f(x(t)) dt \right\rangle_{x(0)=p}$ である. この平均量は, Kolmogorov の後退方程式を用いると, 常備分方程式 $\frac{1}{2N}p(1-p)F''(p) + sp(1-p)F'(p) = -f(p)$ の, 境界条件 $F(+0) = 0$, $F(1-0) = 0$ を満たす解である.

《遺伝的荷重の結果》上の方法で, 座位あたりの平均遺伝的荷重, 平均ヘテロ接合度, 座位が分離中である確率を, 任意の選択強度の場合に計算した. 紙面の都合上, 遺伝的荷重の簡単な結果だけを示すと, 強選択の極限 $Ns \gg 1$ では $\langle l \rangle \sim \mu + \gamma(1 + \log N)$ で, 弱選択の極限 $Ns \ll 1$ では $\langle l \rangle \sim ((\log N - (N - 1) \log(1 - 1/N))Ns)$ である.

食物網型大自由度ランダム群集モデルのパーシステンス

時田恵一郎^{1,2,†}、茶碗谷毅³

¹ 大阪大学サイバーメディアセンター, ² 大阪大学大学院理学研究科

³ 大阪大学大学院情報科学研究科

相互作用行列 $A = \{a_{ij}\}$ が時間一定のランダム行列であるような大自由度レプリケータ方程式 (RE) は、 A が非対称行列 (a_{ij}, a_{ji} が独立でランダム)[1,2,3] もしくは対称行列 ($a_{ij} = a_{ji}$)[4] の場合、非対角要素 (a_{ij} ($i \neq j$))(種間相互作用) の絶対値が対角要素 (a_{ii})(種内競争) の絶対値に比べて大きいときには、絶滅により初期の多様度 N (種数) はオーダー 1 に落ちる。これに対し、我々は最近、 A が反対称行列 ($a_{ij} = -a_{ji}$)(捕食・非捕食型) のときには、種内競争が弱い極限 ($a_{ii} = 0$) においても、統計的に多様度が初期の半分の $N/2$ に維持されることを示した [5]。これは、カオス的な動的安定性を保ちつつ任意の多数種が共存する最初の実例であり、生態学におけるいわゆる「複雑さと安定性」のパラドックス [2] に対する一つの解答例であるともいえる。さらに、反対称 RE 系は、ゲーム理論における「ゼロ和ゲーム」や、集団遺伝学での「遺伝子変換」のモデルに対応しており、ここで考える大自由度ランダムモデルは、多数の戦略が関わる複雑なゲームや、多数の遺伝子座と対立遺伝子が関わる多重遺伝子族のモデルとみなすこともできる。この系に関して、解析的に得られたランダム行列アンサンブルに対する漸近的な多様度の分布が数値計算による結果とよく一致することを示す。さらに、外的な有限の擾乱がない環境ではもはや絶滅が起こらないこと(パーシステンス) この系が絶滅した種に対して進化的安定性 (ESS) を持つことなどを示す。また、この系の相互作用のうち、絶対値が大きいものだけ取り出して解析すると、階層性を持つ食物網状になっていることがわかった。これは、絶滅を伴うポピュレーションダイナミクスによって、不安定なランダムグラフ的な初期状態から、より安定な生態学的ネットワーク構造が創発的に選び出されたことを示している。これらの知見に基づき、ランダムな「階層的秩序(種の番号 $i < j$ に対して、成長率もしくは死亡率が $r_i > r_j$ かつ相互作用が $a_{ij} < 0 < a_{ji}$)」を持つ食物網型大自由度ロトカ・ボルテラ系を調べた結果についても報告する。

† <http://www.acty.phys.sci.osaka-u.ac.jp/~tokita/>

[1] Gardner, M. R., & Ashby, W. R. (1970), *Nature* **228**, pp784

[2] May, R. M. (1972), *Nature*, **238**, pp413

[3] Tokita, K. & Yasutomi, A. (1999) *Phys. Rev. E*, **60**, pp682

[4] Diederich, S. & Oppen, M. (1989) *PHys. Rev. A*, **39**, pp4333

[5] Chawanya, T. & Tokita, K. (2002) *J. Phys. Soc. Jpn.*, **71**, pp429

サーカディアンリズム周期における温度補償性の基本原理

黒澤 元，巖佐 庸（九大・理・生物）

ショウジョウバエ・マウス等の行動に見られるサーカディアンリズムは，細胞内の特定のタンパク質のフィードバック抑制に基づくダイナミックな変化に還元できることが明らかにされてきた．このリズムは，温度が変化し化学反応が速くなっても全体の周期が一定に保たれる「周期の温度補償性」を示す．

本研究は，サーカディアンリズムについて単純な非線形力学系モデルを解析し，振動の周期が一定に保たれるための数学的条件を導いた．モデルにおいて，時計遺伝子をもとにmRNAがつくられ，mRNAが翻訳されることにより，タンパク質が合成される．タンパク質は修飾等のステップを経て，自己の遺伝子の転写を抑制する．

我々は，分子反応ネットワーク上の場所によって速度上昇がシステムの周期に対する影響が異なることを数値的に，明らかにした．

このことをもとに，さらに解析を進め，温度補償性を実現する反応ステップの数学的原理を導いた．これらの結果について議論する．

粘菌変形体の流路ネットワークの形態形成

中垣俊之、小林亮
北海道大学 電子科学研究所

We report here evidence that an effective transportation network is designed by an amoeba-like organism of true slime mold *Physarum polycephalum*, which has network of tubes to transport chemical materials all through the organism. When many food-sources were distributed on an agar plate where the organism crawled, the organism found them and changed the network shape to connect the food-sources through only a few tube. Geometrical shape of the network is drastically variable depending on a set of locations of food-source. Statistical observation shows that the network geometry meets multiple requirements for effective network; short total length of tubes, close connection (small number of transit food-sites between any two food-sites) and fault-tolerance against an accidental disconnection of tubes. Local self-sustained cellular rhythms interact each other in the organism and pattern formation of the cellular rhythm underlie in mechanism of development of tube-network. Along this line, a possible direction of mathematical modeling is discussed.

1. T. Nakagaki *et al.*, Biophys. Chem. 84, 195 (2000).
2. T. Nakagaki *et al.*, Nature 407, 470 (2000).
3. T. Nakagaki *et al.*, Biophys. Chem. 92, 47 (2001).
4. T. Nakagaki, Res. Microbiol. 152, 767 (2001).

細胞接着による組織分離の可能性

高野良治，望月敦史，巖佐 庸（九大 理 生物）

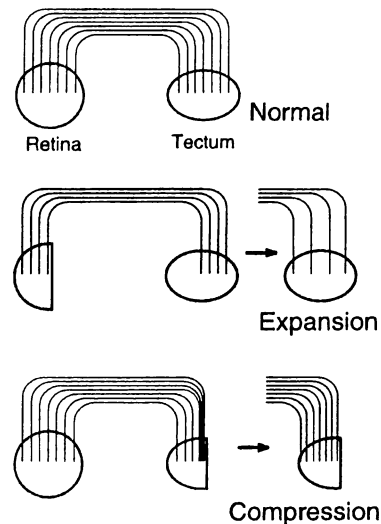
細胞選別実験において、細胞の接着性に応じて様々なパターンが形成されることが観察される。実際の発生過程においても形態形成と細胞接着分子の発現が対応することが確認されている。我々は、一つの組織が接着性の異なる部位を持った場合、その組織が分離することが有りうるかという問題に注目し、数理モデルを用いて研究した。二次元の六方格子上で、黒細胞と白細胞がそれぞれクラスターを作り、それらが互いに接触する状態を考える。黒と白が接触したクラスターは全体が灰細胞に囲まれている。これを初期状態とし、黒クラスターと白クラスターが分離して2つのクラスターになる状態を組織分離したと考え、これが実現される条件を求めた。隣接する細胞間には接着力が働き、その大きさは細胞の組み合わせに依存する。隣接する細胞は確率的に場所を入れ替えるが、接着力の合計が増加するときに確率が高くなるとした。解析の結果、より本質的なパラメータは3つであると分かった。また組織分離を実現させる為にパラメータが満たすべき条件を決定した。さらに計算機シミュレーションにより、条件中でもより短時間で分離を行う為の条件も得られた。これらの結果に基づき、カドヘリンのようなホモフィリックな接着分子が新たに発現することで組織分離が起こりうるか考察した。その結果カドヘリンが領域特異的に発現したとしても、それによる接着力の変化だけでは組織分離は起こりえないことが明らかとなった。以上の結果は differential adhesion と呼ぶ量で表現できる。この値は2細胞を取り出し混合する細胞選別実験によって測定可能である。

視細胞軸索の中脳でのマッピング — 密度効果による調節

本多久夫 (兵庫大学 hihonda@humans-kc.hyogo-dai.ac.jp)

細胞があらかじめ定められた場所にたどり着くといういっけん不思議な能力は bilateral threshold control 機構にもとづいて説明できた(Honda, 1998)。実験では、細胞が行き着く先を削除しておいても細胞はうまくつじつまの合う場所を見つけ出す。今回は細胞のこの調節能を説明する。

網膜のそれぞれの視神経が軸索を伸ばし中脳視蓋のそれぞれの場所でシナプス結合をおこなうマッピング (網膜視蓋投射) は、視蓋の神経細胞表面にエフリンというリガンドが露出し (密度 L)、その上を這いまわる視神経成長円錐の細胞膜リセプター (密度 R) がシグナルを受けることで行われる。視神経細胞にはシグナル強度の threshold 値 S があり、そのときに受けているシグナル強度 $R \cdot L$ が S より大きくても小さくても動き回るが (bilateral threshold)、 S に等しい場所ではそこで接着する。こうして R をもつ視神経は、視蓋表面で L が S/R であるところに行き着くのである。 ($|RL - S|$ がゼロのところに行く。) 網膜ではリセプター密度 R が勾配をなし、視細胞はその出身場所の R をもつ。視蓋ではリガンド L が勾配をなしている。小さい R の視神経は視蓋の大きい L の場所にマップされるようなことがおこる。



網膜や視蓋を半分切除する実験で、視神経は本来の定められた場所に行くのではなく、全体としてバランスのとれた配置をするようになることが知られている。それぞれ expansion および compression とよばれている (上図)。これには視神経軸索末端の成長円錐の、視蓋での場所での混み具合が関係していると考えた。隣合った場所での成長円錐密度が大きく異なれば密度の大きいところの成長円錐は密度の小さいところへ行く (拡散する) と考える。

シミュレーションは1次元でおこなった。アルゴリズムは、視蓋を多数の区画にわけ $|RL - S| = 0$ のマッピングがすべての視細胞で完了した後、隣同士の密度差を点検し、あるクリティカルな値より大きければ、密度が大きい方の区画にある成長円錐の中で、隣へ移った時に $|RL - S|$ が最小な成長円錐を探して隣へ移す。これを繰り返すことにより、上図の実験結果をシミュレーションで再現することができた。領域の半分も削除される過酷な状況に対して生物がしたたかな適応をしめす機構は、元々備わっている bilateral threshold 機構に加えて、拡散という非生物的な過程を考えることで説明できた。

病原体-免疫システムの安定性解析

佐々木 徹 (1), 村瀬 晶子 (2), 梶原 毅 (1)

((1) 岡山大学環境理工学部, (2) 萩市立萩東中学校)

マラリア, 後天性免疫不全症 (AIDS) 等の感染症に対して, 体内での病原体や免疫のダイナミクスを数理モデルを用いて解析した結果が数多く得られている. これらの数理モデルの多くは, 未感染細胞濃度 x , 感染細胞濃度 y , 血液中の病原体濃度 s に対する簡単な微分方程式系

$$\begin{aligned}\frac{dx}{dt} &= \lambda - \mu x - \beta x s, \\ \frac{dy}{dt} &= \beta x s - \alpha y, \\ \frac{ds}{dt} &= \alpha r y - d s - \beta s x\end{aligned}\tag{1}$$

をその土台にしている. マラリアに関するこの種の研究の多くでは, この基本モデル (1) に液性免疫の効果を明示的に取り入れたモデルが用いられている. また, AIDS に関する研究では, モデル (1) に細胞性免疫を明示的に取り入れたものが用いられている. なお, HIV の場合は, (1) の第 3 式において, 未感染細胞に病原体が吸収され血中の病原体が減少することに対応する項 $-\beta s x$ を無視したものがしばしば用いられている.

本講演では, モデル (1) に液性免疫の効果をとり入れたモデルに対して, その平衡点の安定性に関する, 以下の結果について述べる. 最初の結果は, このモデルにおいて, 病原体の吸収の効果を無視した場合には, 第 1 象限内部にある平衡点は常に安定であるというものである. これは, HIV のモデルの解析において Liu (1997) が用いた方法 (数式処理ソフトウェアを用いて Routh-Hurwitz 条件を確かめる) により, 証明することが出来る. 次の結果は, 病原体の吸収を無視しない場合に関するものである. この場合, 第 1 象限内部にある平衡点は必ずしも安定ではなく, Hopf 分岐がおきてリミットサイクルを持ち得る. しかし, このようなことは極端な場合にしか起こり得ず, (現実に考えられるパラメータ値を含む) 広いパラメータの範囲で, この平衡点は安定であることを示すことが出来る. 最後に, 病原体と免疫細胞の複合体によって未感染細胞が破壊される効果 (巻きぞえ効果) の影響について述べる. この巻きぞえ効果も, 平衡点の安定性を壊し得ることを示す.

Permanence of Single-Species Stage-Structured Models

Yasuhisa SAITO, Ryusuke KON, and Yasuhiro TAKEUCHI

*Department of Systems Engineering, Faculty of Engineering
Shizuoka University, Hamamatsu 432-8561, Japan*

In this lecture, we consider population survival by using single-species stage-structured models. As a criterion of population survival, we employ *permanence*. We obtain a simple condition which guarantees that population survive. The condition is applicable to a wide class of stage-structured models. In particular, we apply our results to the Nebert-Caswell model (cf. [1]), which is a typical stage-structured model, and obtain a simple condition mathematically and rigorously for population survival of the model.

References

- [1] M. G. Neubert and H. Caswell, Density-dependent vital rates and their population dynamic consequences, *J. Math. Biol.* **41**, (2000) 103-121.

スズキとセイゴに関する時間遅れモデルの安定性解析

静岡大学大学院 理工学研究科 システム工学専攻

山口 正博*、竹内 康博†

今回の発表では、スズキとその子供であるセイゴの個体群動態について考える。セイゴは資源を食べ、そして成長してスズキになったときに食性が変化し資源だけでなく小魚など (prey) も食べるようになる。この生態現象を時間遅れのある微分方程式でモデリングしたものが次の式になる。

$$\begin{aligned}x'(t) &= x(t)(r_1 - a_{11}x(t) - a_{12}y(t) - a_{13}z(t)) \\y'(t) &= y(-r_2 + a_{21}x(t) - a_{23}z(t)) \\z'(t) &= -r_3z(t) + e^{-l\tau}(a_{31}x(t-\tau) + a_{32}y(t-\tau))z(t-\tau)\end{aligned}\tag{1}$$

- $r_1, r_2, r_3 > 0$:intrinsic rate of increase or decrease
- $a_{11} > 0$:intraspecific competition rate of resource
- $a_{12}, a_{13} > 0$:predation rate of prey, predator upon resource
- $a_{23} > 0$:predation rate of predator upon prey
- $a_{21} > 0$:predation rate \times transformation rate of prey upon resource
- $a_{31}, a_{32} > 0$:predation rate \times transformation rate of predator upon resource, prey
- $l > 0$:death rate of young sea bass
- $\tau \geq 0$:maturation time from juvenile to adult

x を資源、 y を小魚 (prey)、 z をスズキ (predator) の個体群密度とする。セイゴの個体群密度は τ 時間前にスズキが産んだものとし、その中で τ 時間経過して生き残ったものがスズキになるものとする。

$\tau = 0$ のとき、(1) はセイゴを考えないモデルになる。小魚 (prey) とスズキ (predator) は同じ資源を利用するという意味で同じギルドに属することになり、資源についてギルド内捕食を行っていることになる。このモデルはギルド内捕食のモデルと呼ばれ、解の性質がいくつかわかっている。例えば、正の平衡点が存在する状況でカオスが発生し、さらに全ての種が全ての時間にわたって生き残る場合がある。そして今回、ギルド内捕食のモデルで $\tau = 0$ のときに安定平衡解、周期解、カオスをもつ状態が、時間遅れを入れることによってどのように変化するかを調べた。時間遅れのある微分方程式の局所安定性解析においては、特性方程式が超越方程式となるため特性根を explicit に求めることはできない。ゆえに、特性根が虚軸上を横切るかどうか (安定 \Leftrightarrow 不安定になるかどうか) を調べる stability switch criteria [1] を用いてモデルの安定性を調べた。その結果、時間遅れが大きくなると不安定であった解の挙動が安定化することがわかった。

参考文献

- [1] Beretta, E. and Y. Kuang (2000): Geometric Stability Switch Criteria in Delay Differential Systems with Delay Dependent Parameters, in press.

*f0130180@ipc.shizuoka.ac.jp

†taytake@ipc.shizuoka.ac.jp

雑食と食物連鎖の安定性

田辺久美・難波利幸

大阪女子大学 理学部 環境理学科

食物網の構造と種間相互作用の強さは群集の安定性を決める重要な要因である。Pimm と Lawton (1978)は、Lotka-Volterra 型のモデルを使い、食物連鎖における雑食は系の平衡点を不安定化することを示した。しかし、彼らは平衡点の存在を天下一に仮定してパラメータの値を決めているので、パラメータの分布に非現実的な制限が加わっている可能性がある。本研究では、平衡点の存在を仮定せずに Lotka-Volterra 型のモデルのパラメータを乱数を引いて決め、4 種の食物連鎖の安定性が、部分系としての 3 種の動態と、どこに雑食の結合が入るかに依存してどのように変わるかを調べた。

4 種の食物連鎖に雑食の結合を加えた系を、平衡点の安定性やリヤプノフ指数などを調べることによって解析した。雑食があれば、どの位置に雑食の結合が入る場合にも、リミットサイクルとカオスの他にヘテロ(ホモ)クリニックサイクルが現れる。雑食の結合が 1 つの場合、4 種が存続する平衡点は、安定なものも不安定なものも 4-1 結合で最も多く、4-2 結合で 4 種共存平衡解が最も少ない。雑食の結合が 2 つのとき、4-1 と 3-1 結合をもつ場合が 4 種共存平衡解が最も多くなる。雑食の結合が 3 つの場合は 4 種共存平衡解が最も少ない。全体的傾向として、4-2 結合は 4 種共存の可能性を減らし、4-1 結合は共存可能性を増やす。しかし、4-1 結合があればリミットサイクルやカオスが多く現れる。4 種共存平衡状態があれば、たとえそれが不安定でも系は永続的である場合が多く、解が他の平衡状態に漸近し 4 種のうちのどれかが絶滅する場合は少ない。したがって、4 種が存続するかどうかは雑食の結合の本数によって決まるのではなく、むしろ結合の位置に依存する傾向があることになる。

3 種部分系に最上位の捕食者を加えると、3 種の動態が安定平衡点、リミットサイクル、カオスと複雑化するにつれ、第 4 種の侵入が困難になる傾向がある。3 種の動態が不安定な場合、第 4 種が侵入できなければ、ほとんどの場合、もとの 3 種系の不安定な動態にもどる。興味深いのは、雑食をする最上位捕食者が複雑な動態を示す 3 種系に侵入するときに、系を安定化することがあるということである。Pimm と Lawton (1977、1978) は連鎖が長くなり結線の数が増えればその系は不安定になるという結論を出したが、本研究はその結果を支持しない。またその反対に、雑食をしない最上位捕食者が、不安定な 3 種系に侵入するときは、系を安定化することが極めて少ないことが分かった。

参考文献

- Pimm, S. L. and Lawton, J. H. (1977) Number of trophic levels in ecological communities. *Nature* **268**: 329-331.
- Pimm, S. L. and Lawton, J. H. (1978) On feeding on more than one trophic level. *Nature* **275**: 542-544.

ランダム環境下の中立群集における種の個体数分布と多様性

五十嵐 正明 (金沢大学大学院教育学研究科)

瀧本 陽介 (金沢大学大学院自然科学研究科)

藤曲 哲郎 (金沢大学理学部)

1. はじめに

古くから、生物群集における種数と個体数の間にある規則性についての議論は頻繁に起こっており、現在、多くの生態学者は Preston の提示した『対数正規分布』を理想的で一般的なものと考えているようです。Bell もその一人であり、論文において、『中立群集は最終的に平衡状態 (対数正規分布) となり、これを維持していく』と論じています。実際に、この事実の正当性について Bell の論文を再検討することによって、中立群集の種の構成及び分布を検証してみた。

2. 条件の設定

Bell の初期条件として、

- I. 1,000 種が各々 100 個体ずつ既に生息している。
- II. 群集の環境収容力は 100,000 個体。超過個体はランダムに移出。
- III. 各世代で、各種は一定の割合で出生、死亡し、移入してくる。
- IV. 出生率、死亡率共に 0.50 で固定する。
- V. 種間競争はない。

次に、上の仮定の IV を『各世代で出生率と死亡率をランダムに変動させる。』のように条件を変更することとした。これは実際の群集は気候等の環境変動に影響を受けて出生率と死亡率が変動するという事を考慮したもので、より現実的なシミュレーションを行えると考えたからです。変動幅は 0.48~0.52 の間で、0.1 刻みの変動であって、出生率=0.48⇒死亡率=0.52 といったような逆対応を各種に対しランダムに与えています。

3. 結果

Bell の論文では 2,000 世代で平衡状態となり、分布は対数正規分布となるとあったが、我々の研究ではそのような結果とは異なったものが得られた。次はそれらのまとめである。

比較項目	変動の有無	
	なし	あり
種数—個体数分布	定常状態はない。	定常状態はない。
準平衡状態	種数… 1 万世代以降に達する。 多様度… 2 万世代以降に達する。	種数、多様度ともに 2,000 世代以降に達する。
移入率	種数及び希少種*に影響を与え、個体数と種の確保に作用している。	種数及び希少種*に影響を与え、個体数と種の確保に作用している。
優占種	少数の優占種で、総個体数の約 7 割を占めている。	1、2 種程度の優占種で、総個体数の 9 割を占めている。
環境収容力	総個体数は常に環境収容力近辺で推移する。	準平衡状態では環境収容力まで総個体数が増えることはない。

(*希少種…ここでは 50 個体未満の種を指す)

【参考文献】

Bell, G. 2000. The Distribution of Abundance in Neutral Communities. The American Naturalist 155:606—617

拡散を伴う SIS モデルにおける地域的感染防御の効果について

佐々木 徹 (岡山大学環境理工学部)

この発表では、拡散の効果を取り入れた SIS モデルにおいて、感染率を一部の地域で下げた場合に、感染が消滅するかどうかについて考察する。

$N = N(x, y, t)$ を位置 (x, y) 、時刻 t における人口の密度とし、 $S(x, y, t)$ 、 $I(x, y, t)$ をそれぞれ感染可能者と感染者の割合とする。このとき、以下のような SIS モデルを考える：

$$\begin{aligned}\frac{\partial NS}{\partial t} &= \nabla \cdot (\kappa \nabla(NS)) - \lambda SNI + \gamma NI + \mu N - \mu NS, \\ \frac{\partial NI}{\partial t} &= \nabla \cdot (\kappa \nabla(NI)) + \lambda SNI - \gamma NI - \mu NI.\end{aligned}\tag{1}$$

ここで、拡散係数 κ 、回復率 γ 、出生率 (死亡率に等しいとする) μ は定数とし、接触率 $\lambda = \lambda(x, y)$ は位置の関数とする。

ここでは、考える領域が、長方形 $\Omega = \{(x, y); 0 \leq x \leq X, 0 \leq y \leq Y\}$ で、接触率 λ が、 $\{x \leq lX\}$ において λ_0 、 $\{lX < x\}$ において λ_1 となる場合を考える ($\lambda_0 > \lambda_1$ は定数)。また、 Ω の境界では出入りがないものとする。このとき、(1) の解の挙動の解析は、空間 1 変数の単独方程式

$$\frac{\partial I}{\partial t} = \kappa \frac{\partial^2 I}{\partial x^2} + (\lambda(x) - \gamma - \mu)I - \lambda(x)I^2\tag{2}$$

に帰着される。ここで、方程式 (2) を線型化した方程式が、自明でない解を持つ条件は l が

$$\mu_0 \tan \mu_0 l = \mu_1 \tanh \mu_1 (1 - l)$$

をみたすことである。このような l を l_0 とおく。ただし、

$$\mu_0 = \frac{X}{\sqrt{\kappa}} \sqrt{\lambda_0 - (\gamma + \mu)}, \quad \mu_1 = \frac{X}{\sqrt{\kappa}} \sqrt{(\gamma + \mu) - \lambda_1}$$

である。 l がこの l_0 よりも大きいとき、(1) において感染は時間が経過しても残り、 l が l_0 よりも小さいとき、感染は時間の経過とともに消滅する。

時間連続型と時間離散型の個体群動態数理モデルの関連性に関する考察：
レスリー差分法再考

On Mathematical Modelling of Density Effect in Time-Discrete Population Dynamics:
Leslie's Scheme Revisited

瀬野 裕美 (Hiromi SENO)

広島大学大学院理学研究科数理分子生命理学専攻
Department of Mathematical and Life Sciences, Graduate School of Science
Hiroshima University, 739-8526 Japan

seno@math.sci.hiroshima-u.ac.jp - <http://www.math.sci.hiroshima-u.ac.jp/~seno/>

Leslie (1958) によって, Lotka-Volterra 型 2 種競争系モデルに対する 2 元差分方程式系による離散時間 2 種競争系モデルが考えられ, それは前者の動的な特性を定性的に保持したものであった。彼は, 前者に関する数理モデリングに基づく直感的なアイデアによって後者を構成した。本研究では, Leslie のアイデアに沿って, 常微分方程式による一般的な単一種個体群動態モデルに対する離散時間モデルの構成およびその特性について考察する。また, Leslie 差分法を競争系以外の 2 種相互作用モデルに適用した結果についてもまとめる。

At the end of 50's, P.H. Leslie, who is well-known today from his pioneer works with matrix model for structured population constructed and numerically analyzed a kind of discrete two dimensional dynamical system derived from Lotka-Volterra type of competing 2-species ordinary differential equations (Leslie 1958, Leslie & Gower 1958, Leslie & Gower 1960). Familiar Lotka-Volterra 2-species Competition ODE system is as follows:

$$\begin{cases} \frac{dN_1(t)}{dt} = \{r_1 - b_{11}N_1(t) - b_{12}N_2(t)\} N_1(t) \\ \frac{dN_2(t)}{dt} = \{r_2 - b_{21}N_1(t) - b_{22}N_2(t)\} N_2(t). \end{cases} \quad (1)$$

From this ODE system (1), Leslie (1958) consider the following time-discrete two dimensional system:

$$\begin{cases} N_1(t+h) = \frac{e^{r_1 h} N_1(t)}{1 + q_1(h) \{b_{11}N_1(t) + b_{12}N_2(t)\}} \\ N_2(t+h) = \frac{e^{r_2 h} N_2(t)}{1 + q_2(h) \{b_{21}N_1(t) + b_{22}N_2(t)\}}, \end{cases} \quad (2)$$

where

$$q_i(h) = \frac{e^{r_i h} - 1}{r_i} \quad (i = 1, 2),$$

and h is the size of time step.

The scheme of discretization from (1) to (2) is specific, different from ordinal (for instance, Euler type of) scheme, and is intuitive since Leslie's scheme significantly depends on an idea of mathematical modelling concerning to the original ODE system in part. However, the derived discrete system (2) qualitatively conserves the existence and the stability of original differential dynamical system (1), as in case of Runge-Kutta method for numerical calculations for (1). Moreover, numerical calculation for (2) seems to be rather robust to give a quantitatively same results as those for the original ODE system (1), even with sufficiently large size of time step h .

In this work, following the Leslie's intuitive way, we consider the derivation of time-discrete model from the general model of single species population dynamics, and further, the extension of Leslie's scheme to Lotka-Volterra prey-predator system.

Lotka-Volterra 被食者-捕食者系における 個体群削減による系崩壊の特性

On Breakdown of Lotka-Volterra Prey-Predator System with Harvestion

緒方 直美 (Naomi OGATA) · 瀬野 裕美 (Hiromi SENO)

広島大学大学院理学研究科数理分子生命理学専攻

*Department of Mathematical and Life Sciences, Graduate School of Science,
Hiroshima University*

m1478503@math.sci.hiroshima-u.ac.jp, seno@math.sci.hiroshima-u.ac.jp

We consider Lotka-Volterra 1 prey-1 predator system with harvestion. How is the harvestion reflected into the characteristics of system breakdown with the extinction of prey or predator? We analyze both cases of temporally constant harvestion and of temporally intermittent one, especially focusing the extinction time of prey or predator.

本研究では、Lotka-Volterra 1 被食者-1 捕食者系に対する削減が、被食者や捕食者の絶滅による系の崩壊の特性にどの様に反映されるかについて、生物数理的考察を行う。

有名な Lotka-Volterra 1 被食者-1 捕食者系に、削減定数 $\theta\gamma$, γ を加えた次の式を用いる。

$$\begin{aligned}\frac{dx(t)}{dt} &= ax(t) - bx(t)y(t) - \theta\gamma \quad (0 \leq \theta \leq 1) \\ \frac{dy(t)}{dt} &= -cy(t) + \mu bx(t)y(t) - \gamma\end{aligned}$$

$x(t)$, $y(t)$ は、被食者、捕食者の個体群サイズ、係数は全て正の定数である。このとき、ほとんどの初期値に対して $x(t)$ もしくは $y(t)$ は数学的には有限時間で負になり得るが、個体群サイズを表わす $x(t)$ と $y(t)$ における負値は生物学的には意味をもたないので、ある時刻 t に $x(t)$ もしくは $y(t)$ がゼロになった場合にはその時刻以降、その変数はゼロに留まることとする。また、本研究では削減が時間間欠的に起こる場合についても考え、その間欠性が系の崩壊に及ぼす影響の考察を試みる。本研究中で導入する時間間欠的削減とは、削減のある期間と削減のない期間を交互に繰り返すように削減を行う過程である。

まず、削減が時間的に継続して起こっている場合の数値計算による解析を行なった。初期条件は削減のない Lotka-Volterra 1 被食者-1 捕食者系の非自明な休止点とする。削減定数 γ が系の崩壊に及ぼす効果に着目すると、捕食者が有限時間で絶滅する γ の領域は、 \mathbb{R}^+ 上に不連続に分布していることが数値計算によって示される。系が崩壊するまでの時間 T_e は、 γ が大きくなるにつれて、単調に減少し、 γ と絶滅時間 T_e の両方の対数をとると、それらの関係は線形的である。削減を時間間欠的に行う場合については、1 周期 (削減のある期間 T_+ + 削減のない期間 T_-) の長さを 1 に固定し、系の崩壊の特性の T_- の長さへの依存性について数値計算による解析を行った。有限時間で捕食者が絶滅する場合の T_- の範囲は、 $[0, 1]$ 上に不連続に分布している。そして、系が崩壊するまでの時間 T_e は T_- に対して単調増加の関係をもつ。

解析結果から、削減の効果により、有限時間で被食者、捕食者のどちらが絶滅するかは、 θ , γ , T_- の値に依存した複雑な構造を有しており、捕食者の削減が目的であるとしても、慎重な削減策決定を行わなければ、我々の望む結果とは合わない結果となり得ることが示唆された。また、本研究で解析した系では、削減の導入により、被食者の平均個体群密度は、削減のない場合より大きくなる。この結果に対応する現象が起こり得るとすれば、実際の削減策決定においては問題になり得るだろう。

量的形質を巡る共進化の数理モデル

高須 夫悟 (奈良女子大・理)

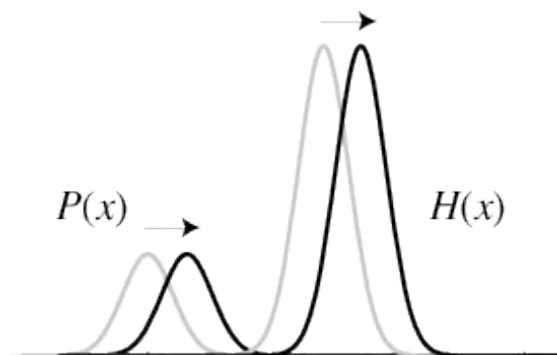
寄生者と宿主の関係は一般に、軍拡競争型の共進化をたどると考えられている。寄生者はより効率良く宿主を利用し、宿主はより効率良く寄生から逃れる方向への淘汰が働く共進化競争である。

寄生者と宿主が量的な形質（集団内変異あり）を持ち、個体の繁殖価が両者の形質の差異に依存して決まる場合、共進化の行方はどのようになるのだろうか。卵の様子が寄生の受け入れ・拒否に深く関わってくる鳥類の托卵はこのような共進化の一例であり、その結末は必ずしも自明ではない。

これまでの数理モデル解析からは、形質（卵模様）が交配相手に影響されず母から娘へと継承されるという母系遺伝を仮定すると、連続的な集団内変異が存在する初期分布から出発するにも関わらず、最終的には離散的な形質が集団内に多型として存在するに至ることが明らかになっている。卵模様は母系遺伝すると言われており、托卵鳥系における卵模様の共進化はこのような単純化したモデルで説明がつくのかかもしれない。しかし、より一般的には交配により影響を受ける形質が多いと思われる。

本講演では、従来の単純な遺伝構造を仮定したモデルに、より複雑な遺伝的構造を組み込んだ場合の解析結果について報告する。主な解析結果は以下の通り。1) ダイナミクスの初期段階では単純な遺伝構造の場合と同じく、寄生者は宿主をより効率良く利用する方向へ、宿主はより効率良く寄生を逃れる方向へ進化する。この時、集団平均形質の変化率などを解析的に評価することが可能である。2) 単純な遺伝構造を仮定した場合と異なり、集団内の多型は実現しにくい。

以上の結果を元に、遺伝様式を積分核を用いて表現し、積分差分方程式を用いて量的形質の共進化を捉える試みについて議論する。



魚群の個体間の相互作用の解析と群の運動モデル

稲田 喜信

東京大学先端科学技術研究センター
inada@kawachi.rcast.u-tokyo.ac.jp

水圏で見られる典型的な群である魚群では、回遊時の整然とした秩序ある動きや、捕食者の攻撃時に見られる柔軟で複雑な回避行動が共存し、秩序と柔軟性が高いレベルで両立されている。これを実現するメカニズムとして群運動時の個体間の相互作用に注目し、実際の魚群の観察による個体間相互作用の実態と、群運動の数値モデルによるパラメータ解析の両面から群運動の理解を試みた。

観察を行った魚種はムギイワシ (*Atherion elymus*) とヤクシマイワシ (*Atherinomorus lacunosus*) の2種であり、どちらも日常的に群を作って生活している小型の魚種である。それぞれ10個体と6個体の群の動きを観察したが、個体数や種の違いとは無関係に以下のような共通した結果が得られた。

- ・ 相互作用を行う他個体の数は1～3個体である。
- ・ 主に前方個体が接近行動の対象となり、周囲の全ての個体が平行行動（体の向きを合わせる）の対象となる。平行行動は接近行動よりも頻繁に現れる。
- ・ 至近距離（自身の体長より短い距離）の個体とは相互作用しない。遠方個体との相互作用は体長の10倍程度が距離の限度。体長の2～3倍程度の個体と最も頻繁に相互作用をする。
- ・ 相互作用の強さは対象の距離とともに減衰するが、対象の角度には影響されにくい。

これらの結果は個体の相互作用モデルの作成や検証に有効な情報となる。筆者らは以前に図1のようなモデルを用いて群運動の解析を行ったが、このモデルによって群運動の

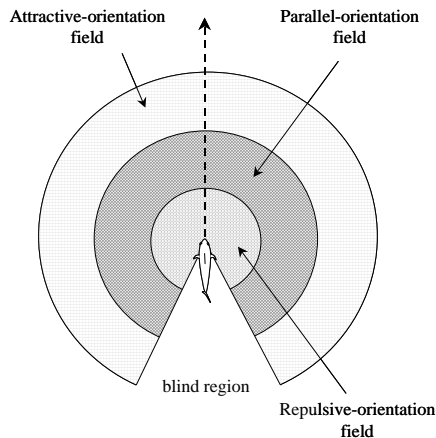


図1 個体モデル

秩序や柔軟性を実現するために必要な個体間の相互作用の要因について考察することができた。例えば、秩序と柔軟性の双方を両立させるために最も適した相互作用の個体数は2～3個体という結果が得られたが、これは上記の実際の魚群の観察結果と符合している。しかしながら、観察結果は個体周辺の相互作用領域の構成が必ずしも図1のようなものではないことも示している。このように観察とモデルを相補的に用いてモデルの精度を高めたり、対象の生態に応じたモデルパラメータの違いを分析することは群行動の実態の解明のためにも重要である。

冬季北太平洋における海流が日本系サケの生残に及ぼす影響の可能性

東屋 知範¹・石田 行正¹・真山 紘²

¹北海道区水産研究所

²さけます資源管理センター

キーワード：サケ，回遊，エネルギーコスト，生残，冬季，回遊モデル

これまで多くの研究によって、サケの生残は海洋における環境要因によって生じていることが示されてきた。ところが、サケの生残と水温環境やアリューシャン低気圧インデックスとの間に有意な相関関係が存在したとしても、それらの間のメカニズムはまだ十分に調べられていない。以前我々はサケ回遊モデルを用いて、海洋生活最初の冬季に、未成熟サケが彼らの好む水温帯に滞在するために、風によって駆動された海流に抵抗して遊泳していることを示した。そこで、我々は海洋生活最初の冬季に回遊するために使われるサケのエネルギーコストの経年変化を調べた。冬季の北太平洋における風によって駆動されたサケを輸送する南成分の流速は、過去 38 年の内で 1971 年が最も遅く、1977 年に最も速かった。1971 年のその流速は 1977 年の約 1/3 であった。我々は風によって駆動された南成分の海流がサケのエネルギーコストや海洋生活期の死亡に対しどのように関係しているのか興味がある。サケ回遊モデルを用いてサケのエネルギーコストを見積もり、このエネルギーコストと生残の関係を調べる予定である。

水産資源学における代表的な数理モデル

赤嶺達郎 (中央水産研究所 数理生態研究室 akabe@fra.affrc.go.jp)

水産資源学において著者自身が扱ってきた数理モデルをいくつか紹介する。

【1】 成長式と再生産式

水産資源学では定量的な評価が必要なため、成長式や再生産式などの具体的な数式を用いることが多い。いろいろな数式が用いられてきたが、次の2式に集約される。

$$w(t) = \frac{w_{\infty}}{\{1 + r e^{-K(t-c)}\}^{1/r}}, \quad R(S) = \frac{\alpha S}{(1 + r \beta S)^{1/r}}$$

左の Richards 式は $r = -1$ のとき Bertalanffy 式、 $r = -1/3$ のときその3乗式、 $r = 0$ のとき Gompertz 式、 $r = 1$ のとき logistic 式となる。この式はアロメトリー式について閉じている。右の再生産式は $r = 0$ のとき Ricker 型、 $r = 1$ のとき Beverton & Holt 型となる。なお成長式において指数部分の「 $t - c$ 」を「 $F(t) - F(c)$ 」に拡張して、

$$F(t) = t + (A / 2 \pi) \sin 2 \pi (t - d)$$

とすると、季節変動を表すことができる。ここで $F(t)$ は積算水温などに対応している。

【2】 混合比の推定

年齢形質が不明な場合に、体長組成を各年級群に分解して資源量や成長を推定する手法が古くから用いられてきたが、この問題は統計学的には混合正規分布のパラメータ推定となる。代表的なアルゴリズムは Hasselblad (1966) 法で、本質的な部分是最尤法を用いた混合比の推定手法である。EM アルゴリズムと解釈されているが、ラグランジュの未定乗数法に狭義の反復法を適用したものである。この方法をヤコビ法からの近似で導く。また一般性の高い最適化法である Marquardt 法も、最急降下法とニュートン法の折衷ではなく、「ヤコビ法とニュートン法の折衷」であることを示す。

【3】 枠どり法と標識再捕法の区間推定

統計学的にみると、枠どり法は2項分布の母数 n の推定、1回放流1回再捕の標識再捕法は超幾何分布の母数 N の推定である。後者は $p = M/N$ と近似できるので、2項分布の母数 p の推定と見なせる。実用上は正規分布近似して「半整数補正」すれば、容易に信頼区間を得ることができる。横軸にデータ r を、縦軸に母数 n または p をとって信頼区間の領域を作図すれば、伝統的な信頼区間の解釈が容易にできる。一方、縦軸方向の母数の分布を考えれば、ベイズ統計学の考え方が容易に理解できる。これに関連して、2項分布と超幾何分布における総和(積分)についての関係式をいくつか示す。

【4】 除去法

除去法は複数回の除去を行って、初期資源尾数 N と除去率 p を同時推定する手法で、統計学的には2項分布の積または多項分布で表せる。前者を「正規分布の積」に近似することにより、偏りのない目的関数 $Y = \sum (r - np)^2 / np(1-p)$ を得る。一方、後者を「多変量正規分布」に近似することにより、適合度検定の目的関数 $\chi^2 = \sum (r - np)^2 / np$ を得る(この場合には項が1つ多い)。前者の n は N からそれ以前の r の総和を除いたもの、後者の n は期待値である。したがって後者はそれ以前の除去の結果がモデルに組み込まれておらず、パラメータ推定の目的関数としては前者よりも劣る。

「鯨類の通信距離」

中村耕司（千葉大学文学部）、赤松友成（水産工学研究所）

クジラの声

多くのヒゲクジラは、夏に高緯度地域で摂餌し、冬には低緯度地域で繁殖する。その間の回遊経路は数千 km に及ぶ。その中でクジラの雄雌は、出会ってお互いの繁殖能力を値踏みし、交接しなければならない。クジラはかなり遠方から、相手の存在を知る必要があるだろう。

クジラの声はイルカの声よりずっと低い。例えば、シロナガスクジラは高低の2つの声を繰り返し発する。2音節であるため、ABコールとも呼ばれている。カリフォルニア沖での観察では、Aが約90Hz、Bのもっとも低い成分は17Hzという報告がある。比較的高い声を出すザトウクジラでも4000Hzまで、1000Hz以下の成分が多い。低い声は、水中での吸収が極めて少ない。従って、十分に大きな音で発すれば、信じられないほど遠くまで届く。（日経サイエンス、364、64-66から抜粋、改変）

声が届く距離を見積もる

クジラの個体間での通信距離の上限値は、比較的単純な方程式から導くことができる。つまり、クジラやイルカ（以下、鯨類）では、個体間での情報伝達可能距離のモデル化が可能である。鯨類の通信距離を求める基本的な方程式は、簡単である。鯨類の発する音の大きさの対数表示（SL）が、鯨類の聴覚閾値（DT）まで減衰する距離Rを求めればよい。すなわち

$$DT = SL - 20 \log(R)$$

である。音の大きさ（音圧）は、その変動範囲がとても広いことから、対数表示で書くことが多い。このため、プラスはかけ算、マイナスは割り算となる。深い海では、発せられた音波は球面波となつて、四方八方に拡散し、距離が離れるほど、減衰する。

ここで、シロナガスクジラの通信可能距離を求めてみる。ヒゲクジラの聴覚閾値は測られていないので、DT = 70 dB とやや控えめに仮定し、SLをフィールドでの計測値で最も大きな188 dBとおくと、R = 794 kmとなる。べらぼうに遠くまで声が届く。しかし、現実の海洋音響伝搬は、これほど単純ではなく、またおもしろい。

SL：音源音圧レベル(Source Level)。単位はdB re 1 μPa。音源から距離1 mで測った音圧(Pa=パスカル)を、1 μPaを基準として対数表示した値)。X(μPa)であればSL=20log(X)。定数20は、音圧をエネルギー換算する際に自乗することと、dB(デシベル)の「デシ」の名にあるとおり、数字を見やすくするために10倍しているために必要な係数である。実際に、鯨類からきっちり1 mの距離で音の大きさを測るのは難しいので、通常は、もう少し離れたところから計測し、1 mの距離での予測値に換算する。

DT：聴覚閾値。ここでは、Detection Thresholdの略号を用いた。単位は、dB re 1 μPaで、音源音圧レベルと同じである。聴覚閾値の実験的な求め方には、オペラント条件付けを用いる方法と、頭頂部への誘発電位を利用する電気生理的な手法がある。

吸収や雑音の影響

海水は音響エネルギーを吸収する。このため、高い周波数では、思ったほど遠くまで音が届かない。1 kmの伝搬で減衰する音圧レベル（吸収減衰係数）は、大ざっぱ近似では、周波数fの関数である。Richardson et al. 1993 (Marine Mammals and Noise, Academic Press)の近似式を採用すると、 $=0.036 \cdot (f/1000)^{1.5}$ (dB/km)である。ナガスクジラの声の周波数17 Hzを代入すると、 $=0.0001$ dB/kmなので、吸収減衰はほとんど無視できる。ところが、ザトウクジラの場合、声の周波数を1000 Hzとすると、吸収減衰は0.036 dB/kmとなり、100 km進むと、3.6 dB だけ音圧レベルが小さくなる。つまり、吸収が全くない場合の三分の二の大きさになってしまう。シロナガスクジラと同じ大きさの声を出しても、ザトウクジラ同士での通信距離は短くなる。

また、海中には波浪や船舶などによる雑音が満ちている。まわりがうるさいと、同じ音でも聞こえにくくなるのは、我々もよく経験する。つまり、検出閾値DTは、雑音レベルによって変化する。雑

音に埋もれている純音（単一の周波数しか含まないきれいな音）をどこまで認知できるかは、心理物理学実験によって決められる臨界比という値を使って計算できる。臨界比は、すでにいくつかの鯨種で計測されているが、詳細は Au 1993 (The sonar of dolphins, Springer-Verlag)などの文献に譲る。ここまですと、鳴音の認知可能距離は以下の方程式を解くことによって得られる。

$$DT (\text{雑音レベルに依存}) = SL - 20 \log(R) - R$$

曲げられる音

音は、まっすぐ進むとは限らない。浅い海では海面と海底の間に音が閉じこめられ、広がり球面から円筒形になる。このため、拡散減衰の係数 20 が、半分の 10 になり、はるかに遠くまで届くようになる。同じような状況は、河川や、水深 1000 m 以上の海洋中に存在するサウンドチャンネルでも起こる。

しかし、あまりに浅いところは、遮断周波数以下の音波を通さない性質があるので、低い声のヒゲクジラには適さない。また、夏場に海表面が暖かくなり温度躍層が生じると、音波は躍層の下に曲げられる。このため、海表面にいる個体には、深い水中からの音が届きにくい。海洋や海底の形や構造によって、音は曲げられ、遠くに届くこともあれば、まったく届かないこともある。

鯨類の通信距離は、海洋環境に依存する

長々と、海洋の音響伝搬特性について述べたが、要点は、鯨類の通信距離は計算可能であるが、海洋環境に大きく左右されるということだ。たとえば以下は、なんらデータの裏付けのない仮説であるが、数理的な通信可能距離モデルにより、検証可能な予測を導き出せるかもしれない。

- ・雑音の多い冬場の荒れた海では、大きな声で鳴くか、個体間距離を縮める。
- ・衛星で確認した表面水温が高い海域では、ザトウクジラの雌は、雄のソングをよく聞くため、温度躍層の下に滞在する。
- ・クジラの鳴音の上限周波数は、生息海域の遮断周波数より大きくなるように調節されている。

イルカの発音機構の進化

物理的なモデル化が可能なのは、大きな海洋における音響伝搬だけではない。鯨類の頭部での音響伝搬が、様々な手法で調べられており、イルカのソナー信号をレンズのように集める機構や、マッコウクジラの頭部長に比例した音波発射間隔の特性などが、近年明らかにされている。いまだ、発音部位が明確でないヒゲクジラの発音源を特定するためにも、音響伝搬モデルは強力なツールとなるだろう。

鯨類の発音機構については、特にイルカのソナー音の発声メカニズムについての研究が進んでいる。イルカは、鼻道の左右にそれぞれ一対の脂肪のかたまりを持っており、そこを空気が通過して脂肪塊を振動させることで、ソナー音を発する。トランペットのマウスピースの要領だ。この脂肪塊はその前方にあるメロン体と呼ばれる脂肪組織とくっついていて、振動をダイレクトに水中へと伝えている。この発音機構はソナー音を発するイルカや大型のマッコウクジラまで共通に備わった機構であるが、その解剖学的形態は種によってバリエーションがある。例えば、マッコウクジラでは頭部左前端に噴気孔があり、この直下に上記の脂肪塊を一対のみもつ。イルカでは脂肪塊の前方に音響レンズのメロン体があったが、マッコウクジラでは脂肪塊と音響レンズの位置が逆転しており、後方に脂肪組織を備えている。そのため、脂肪塊で発生した振動はこの脂肪組織を伝わって後方へ向かうものと、直接水中へ伝わるものの二つに分かれる。後方へ向かった振動は頭骨とその脂肪組織のあいだにできた気嚢（空気の袋）で反射され、また脂肪組織を通して水中へと伝わる。このため、マッコウクジラのソナー音は2つのパルスとなり、第一パルスと第二パルスの時間差からマッコウクジラの頭の長さを予測することができるのである。

このように、その解剖学的構造から発生音との整合性がとれている種ばかりではなく、イルカの中には解剖学的構造はわかるが、その発生メカニズムがわからないもの、また発生音の物理的特性はわかっているが、解剖学的構造との関係がわかっていないものなど様々である。

原理的には、イルカの頭部の各点におけるインピーダンスと、音源の位置がわかれば、音響伝搬を数値的に解くことで、イルカから出される声が予測できる。こうした音響伝搬モデルができれば、イルカの頭部化石の形状から、太古のイルカのソナー音が再現できたりするのではないだろうか。

変動環境下での保全戦略：最適保全努力と最適調査努力

横溝 裕行、Patsy Haccou, 巖佐 庸
(九州大学大学院 理学府 生物科学専攻)

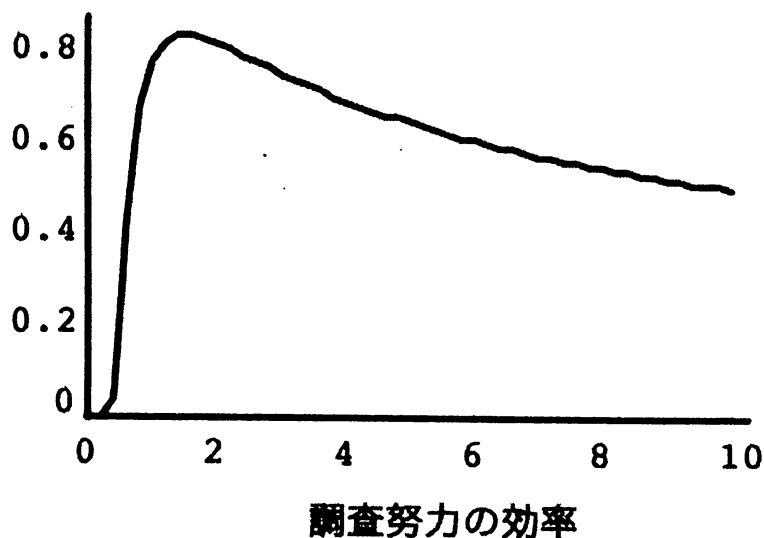
生存率に確率的ノイズが加わる個体群について、最適な保全戦略を考える。保全努力量を増やせば絶滅リスクは減らせるが、経済的なコストを伴う。そこで、絶滅リスクと保全努力の経済的なコストの和を最小にするように、最適保全努力量を求める。次の2つの状況を仮定して最適保全努力量を求める。

[1] 個体密度を正確に知ることができる場合

[2] 個体密度を正確に知ることができない場合

個体密度を正確に知ることができない場合は、個体密度に関して得られた情報をもとに保全努力量を決定する。個体密度に関する情報から、実際の個体密度の分布をベイズの公式を用いて推定し、保全努力量を決定する。個体密度に関する情報の正確さによって、最適保全努力量がどのように変化するかを解析した。

次に、調査努力によって、より正確な個体密度に関する情報が得られるが、調査努力にはコストが伴うという仮定のもとで、最適な調査努力量を求める。この研究により、調査努力が有益である条件を得ることができた。



図：調査努力の効率と最適調査努力量の関係

シャガス病の数理モデルについて

稲葉 寿（東京大学）・関根 尚（明治生命）

シャガス病は中南米における主要な風土病であり、2000万におよぶ感染者がいるといわれる。しかも効果的な治療法もなく、死亡率も50パーセントにのぼるため、マラリアにつぐ大きな保健衛生上の問題となっている。その病原体クルーズトリパノソーマは、吸血性の昆虫（サシガメ類）による媒介感染および汚染血液の輸血によって拡散している。またシャガス病の病状は特異であって、短期間の急性期に続いて、10年から20年にわたる長大な慢性段階（潜伏期間）を経て、臨床段階に至り、高い死亡率を示す。このような長い潜伏期間の存在と媒介生物による流行という結びつきは、伝染病としても非常にユニークなものである。

本報告では長い潜伏期間の効果を考慮に入れるように感染持続時間依存性と媒介昆虫の動態、および輸血感染を考慮したシャガス病の流行モデルを提起して、その数学的性質を考察する。特に興味深い点は、定常解の分岐として後退分岐が現れる点である。そのため古典的な伝染病モデルにおける閾値現象とは異なり、基本再生産数は1以下であっても流行を根絶することはできない。

マツ枯れ伝播過程のメカニスティックモデルによる数理的な研究

三村幸枝 (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) 重定南奈子 (奈良女子大・理)

1 はじめに

マツ枯れは、マツノザイセンチュウを主要原因として、マツノマダラカミキリ (以下「カミキリ」) によって媒介・伝播される伝染病であり、その被害は、明治時代に長崎県で発見されて以来、今日に至るまで日本各地に広がっている。これまでマツ枯れの被害拡大を防ぐために、被害木の伐採や殺虫剤の空中散布などによるカミキリの駆除対策が講じられてきたが、マツ枯れは現在も拡大の一途をたどっている。このことから、マツ枯れの伝播を抑えるには、適切な駆除を行う必要があることがわかる。そこで本研究では、マツとカミキリの個体群動態にカミキリの飛翔分散を組み入れた、マツ枯れの時空間的広がりを記述する数理モデルを用いて、カミキリの駆除とマツ林のパッチ面積の大きさがマツ枯れ伝播速度に与える影響について解析を行った。

2 数理モデル

シミュレーションには、マツ $H_i(x)$ とカミキリ $P_i(x)$ の個体群動態に、カミキリの飛翔分散カーネル $f(|x-y|)$ を組み入れた以下の数理モデルを用いた。

- ・カミキリの分散

$$P_i'(x) = \int_{-\infty}^{\infty} f(|x-y|) P_i(y) dy$$

- ・マツの感染

$$\tilde{H}_i'(x) = (1 - e^{-aP_i(x)}) H_i(x)$$

- ・カミキリの産卵

$$P_{i+1}(x) = (1 - \theta) F(P_i(x), \tilde{H}_i(x)) \tilde{H}_i(x)$$

本研究ではパラメータとして、感染マツの閾値密度 H^T とカミキリの駆除率 θ を設定し、感染

マツの密度が H^T よりも大きい場合にのみ、そのマツを駆除の対象として θ 割のカミキリを駆除するものとした。これら 2 つのパラメータを変化させ、マツが一樣に分布する空間と、茨城県のマツの密度に等しい密度でマツがパッチ状に分布する空間を想定して解析を行った。また、マツの平均密度は変えずにマツ林のパッチ面積を変化させたときに、伝播速度がどのように変化するかについても調べた。

3 結果

- ・マツが一樣に分布する場合に比べ、マツが一樣に分布しない場合には、伝播速度は年間約 2km 遅くなる。
- ・ H^T を下げていくと伝播速度は徐々に減少していき、 H^T がある値に達すると、伝播速度は急激に減速して 0 となりマツ枯れは消滅する。
- ・ θ がある値以下であると、 H^T の値に関わらず、マツ枯れを消滅させることは不可能となる。
- ・ θ の増加に伴って伝播速度は徐々に減少していき、 θ がある値に達すると伝播速度は急激に減速して 0 となる。
- ・ H^T がある値を超えると、 θ の値に関わらず、マツ枯れを消滅させることは不可能となる。
- ・マツ林のパッチ面積が大きくなると、伝播速度は速くなる。

以上より、駆除を行う際に設定する感染マツの閾値密度と駆除率、そしてマツ林のパッチ面積の大きさが、マツ枯れ伝播速度に大きな影響を与えることが示された。

托卵系の卵模様の共進化に関する Individual Based Model

奥野由美子（奈良女子大・大学院人間文化） 高須夫悟（奈良女子大・理） 重定南奈子（奈良女子大・理）

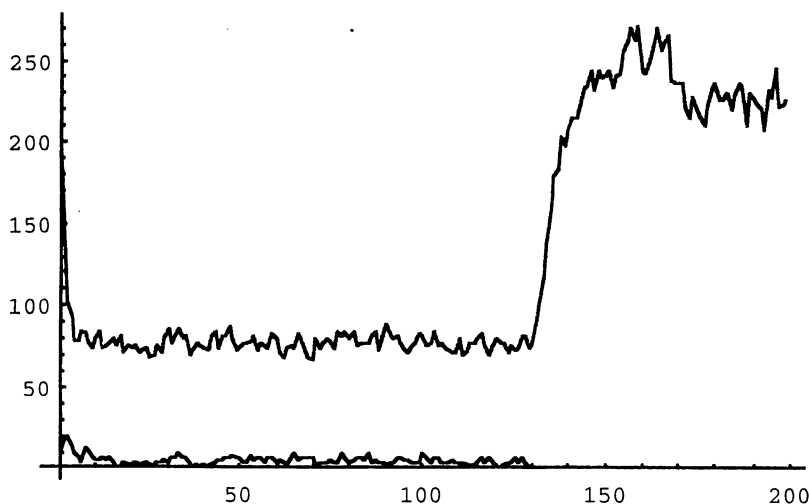
托卵とは、自分で巣を持つ代わりに宿主の巣に卵を産みつけ、自分の子孫の世話をも宿主に托す繁殖形態である。

托卵においては、寄生者はより効率良く宿主を利用し、宿主はより効率よく寄生から免れる方向へと淘汰が働く結果、軍拡競争型の共進化が起これると考えられている。鳥類の托卵のように寄生者と宿主の卵の模様の違いが托卵の成功・拒否に大きく関わり、両者の繁殖が大きく左右される場合、卵模様を巡る共進化のゆくえはどのようなものになるのだろうか。卵模様は量的な形質であるがゆえに共進化の行方は単純ではないと思われる。

いくつかの野外研究は、卵模様の形質（色彩・斑点・明度など）がパラサイトおよびホストの個体数に伴い変動している事を示唆している。

本研究では Individual Based Model を用い、卵模様の形質の共進化に関する解析を行う。Individual Based Model とは均一な集団を課程し、集団密度だけに注目する従来のモデルとは違い、個体を集団としてとらえるのではなく個々の性質を持つものとして取り扱うモデルである。また、各個体ごとに確率効果を導入し1個体ずつの動きや性質を考慮にいたしたモデルを作成することは実際の生物集団ではすべての個体が一様で均一な性質をもつわけではないという観点から考えても、より現実的なモデリングのために重要なことであるといえる。

また、そのようにして築いた Individual Based Model と従来の積分差分方程式で記述された決定論的モデルとの比較も行いながら、Individual Based Model の長所をも探っていく。



格子状分断環境における侵入生物の閾値面積

杵崎のり子（奈良女大・院・人間文化） 川崎廣吉（同志社大・工）
高須夫悟（奈良女大・理） 重定南奈子（奈良女大・理）

侵入種の空間的伝播についての数的研究は、Fisher の拡散方程式(1937)、Skellam の理論(1951)が発表されて以来、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。特に、近年道路や農耕地などの人為的な環境攪乱により、生物の生息域が分断化され、生物の存続に大きな影響が出ている。

そこで本研究では不均質な環境における侵入生物の拡散について研究するにあたり、次の 2 種類の 2 次元格子状分断環境における拡散モデルを考えた。一つはコリドール環境といい、森や林などの好適環境中に矩形の不適環境が規則的に並び、好適環境が縦横の通路状に残されたような環境である。もう一つは島状分断環境といい、好適環境中に縦横に道路などの不適環境が走り、好適環境が島状に残された場合の環境である。そうした分断環境を組み入れた一般 Fisher 方程式を構築し解析することにより、分布域の伝播速度や伝播の特徴を調べ、環境の分断化が侵入生物の存続に及ぼす影響、特に、侵入生物が存続するのに最小限必要な好適面積（これを閾値面積とよぶ。）への影響とその生物学的意味を考察した。

興味深い結果として、全体に占める好適環境の割合が同じ場合であっても、コリドール環境と島状分断環境の伝播速度の間には分断のスケールに依存して大きな違いが見られた。つまり、分断スケールが小さくなる（細かく分断される）と、どちらの環境においても伝播速度は遅くなることがわかった。

また、閾値面積についても分断化形状の違いや分断スケールによる差が見られた。コリドール環境の場合、環境の繰返し構造を大きくしていくと閾値面積は増加するが、閾値幅がほぼ一定となる。つまり、ある一定の幅の好適環境があれば生物が存続し続け、その幅に満たないときには生物が絶滅することがわかった。また、島状分断環境の場合は、環境の繰返し構造を大きくした場合、閾値面積は一定の大きさとなる。つまり、ある一定以上の好適環境の面積があれば、不適環境が広くなっても生物は存続し続け、その面積に満たない場合は不適環境が広くなると死滅することがわかった。

このような分断化形状の違いによって表れる伝播速度や閾値面積の差や特徴をもとに、どのような形状で好適環境を残すのが生物の存続に有効であるのかについて保全生物学的観点から考察する。

密度に依存する行列モデルの分岐について

静岡大学大学院理工学研究科

間崎 圭一郎、竹内 康博

概要

繁殖できる成体、繁殖できない幼体の生活サイクルのモデルを扱う。個体群は幼体、成体の生存率、幼体が成体に成長する成熟率、成体の再生産率で特徴づけられる。このうち再生産率と成熟率のパラメータが個体群密度、つまり幼体と成体の一次結合に依存する場合について解析する。

行列モデル

$$n(t+1) = A_N n(t)$$

$$n(t) = \begin{bmatrix} n_1(t) \\ n_2(t) \end{bmatrix}$$

$$A_N = \begin{bmatrix} \sigma_1(1-\gamma) & \phi \\ \sigma_1\gamma & \sigma_2 \end{bmatrix}$$

各々パラメータは次の通りである。時刻 t における幼体の個体数 $n_1(t)$ 、時刻 t における成体の個体数 $n_2(t)$ 、幼体の生存率 σ_1 ($0 < \sigma_1 < 1$)、成体の生存率 σ_2 ($0 < \sigma_2 < 1$)、再生産率 ϕ 、成熟率 γ ($0 < \gamma < 1$)、総個体数 $N(t)$ 、係数 ϵ_1, ϵ_2 ($0 < \epsilon_1, \epsilon_2$)

この行列に対し次のように再生産率、成熟率に密度依存を付加する。

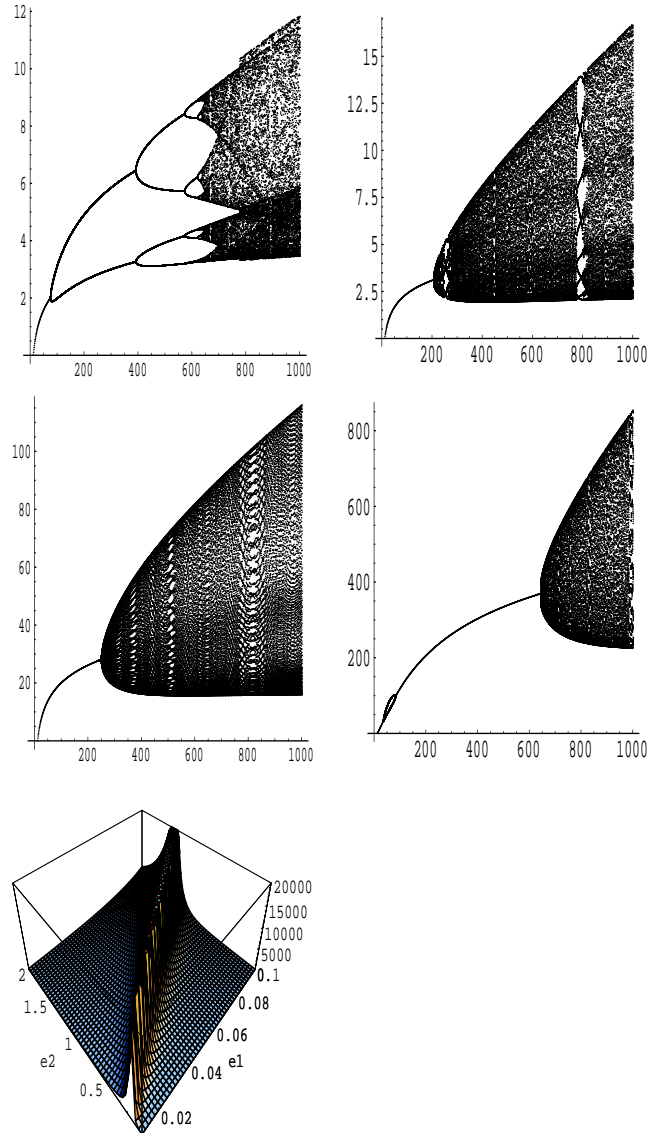
密度依存性	A_N
再生産率	$\phi \rightarrow \phi e^{-(\epsilon_1 n_1 + \epsilon_2 n_2)}$
成熟率	$\gamma \rightarrow \gamma e^{-(\epsilon_1 n_1 + \epsilon_2 n_2)}$

結論

左列の図は再生産率に密度依存がある場合で、一番上の図は $\epsilon_1 = \epsilon_2 = 1$ の時の分岐図 (フリップ分岐)、真中の図は $\epsilon_1 = 0.01, \epsilon_2 = 2$ の時の分岐図 (ホップ分岐) で縦軸: 総個体数 N 、横軸: 再生産率 ϕ である。一番下の図は安定曲面 (縦軸: ϕ) でこの曲面の上方では不安定となり、山の頂上の左右で分岐模様に変化し、頂上の左側ではホップ分岐、右側ではフリップ分岐となる。

右列の図は成熟率に密度依存がある場合で、一番上の図は $\epsilon_1 = \epsilon_2 = 1$ の時の分岐図 (ホップ分岐)、真中の図は $\epsilon_1 = 0.01, \epsilon_2 = 2$ の時の分岐図である。

その他のパラメータは $\sigma_1 = 0.5, \sigma_2 = 0.1, \gamma = 0.1$ である。



総個体数 N が密度依存に寄与すると仮定すると分岐のタイプが決まる。しかし幼体と成体の 1 次結合 $\epsilon_1 n_1 + \epsilon_2 n_2$ が密度依存に寄与するとその比率により、 $\epsilon^* = \epsilon_2 / \epsilon_1$ を境に分岐の様子が大きく変わる。ここで ϵ^* は $\sigma_1, \sigma_2, \gamma, \phi$ で与えられる。

参考文献

- [1] Michael G. Neubert · Hal Caswell. Density-dependent rates their population dynamic consequences. J. Math. Biol. 41, 103-121 (2000).

シクリッド群集における左右性のダイナミクス

中嶋 美冬・松田裕之（東大海洋研） 堀道雄（京大理）

タンガニイカ湖のシクリッド群集において、顎が右に開き体が左に曲がる「左利き」と、その逆の「右利き」という遺伝形質の多型が知られている。この左右性については、鱗食魚及び魚食魚は自分と反対の利きの餌個体を捕食することが明らかにされており、遺伝形式は 1 遺伝子座 2 対立遺伝子に支配される左利き優性のメンデル遺伝と考えられている。本研究では top predator x が雑食者（intermediate predator y とその餌 bottom prey z の両者を捕食する）である 3 種の捕食系において、各種で多型が維持される条件を Lotka-Volterra の雑食系モデルと遺伝子頻度モデルを用いて検討した。なお、タンガニイカ湖の食物網では、 x は鱗食魚、 y は魚食魚、 z は藻類食魚に相当する。

まず、3 種が共存するパラメタ領域や、被食者 z と x か y のどちらかの捕食者で構成される系が存在する領域を Lotka-Volterra の雑食系モデルから求めた。後者の領域においては、4 者（ z の右利き・左利きと x または y の右利き・左利き）が常に共存し、周期解に落ち着くことがリアプノフ型関数の解析によりわかった。さらに、[x の右利き, y の左利き, z の左利き, z の右利き] といった、ある種においてどちらかの利きに偏った平衡点は、常にもう一方の利き（この場合 x の左利き、または y の右利き）が常に侵入可能であるため、不安定であった。

次に、3 種が共存する際に、各種での利き個体の頻度がどのような挙動を示すのかを調べるために、時間遅れのない連続時間の 1 遺伝子座 2 対立遺伝子の遺伝子頻度モデルを用いた。これは、右利き個体の遺伝子型が劣性対立遺伝子のホモであることを利用して、劣性対立遺伝子の頻度 p の動態を、周辺適応度とその種の平均適応度の淘汰差に遺伝子頻度を乗じて表したものである。6 者（3 種 \times 2 利き）が共存する唯一の平衡点は、種内の右利き個体頻度が $1/2$ となる $(p_x, p_y, p_z) = ([1/2], [1/2], [1/2])$ であり、ヤコビ行列の固有方程式からこの平衡点は不安定渦状点であることがわかった。コンピューターシミュレーションの結果、平衡点の周囲にリミットサイクルが出現した。どちらのモデルでも 4 者または 6 者が共存するパラメタ値では、種内での利き個体頻度は振動した。これは野外観察で得られているデータの挙動と一致している。

禁漁区面積のフィードバック制御による資源管理効果

* 甲斐幹彦・白木原国雄（東大海洋研）

乱獲を回避して水産資源を持続的に利用するための管理方策の1つとして禁漁区がある。本研究では、禁漁区面積をその時々を得る資源量情報に応じて変えるフィードバック管理方式を適用することによって、資源量を任意の目標水準に近づけることは可能かどうかを数理モデルを用いて検討した。

一般に対象生物は集中分布し、漁業者はその空間分布をある程度把握しており、密度の高い場所に漁獲努力を集中させる。さらに、禁漁区の設定と漁獲により、対象生物の空間分布は変化する。このような状況を、集中特性曲線（資源量と最大資源密度の関係を表す曲線）を用いてモデル化した。つまり、漁獲による資源量減少に応じて、その時々最大資源密度を持つ場所で漁獲が行われるとした。

資源の増減はロジスティックモデルに従うと仮定した。また、漁獲は常に行われるとし、集中特性曲線をべき乗関数で表した。資源量が目標資源量を下回った場合、高密度域を禁漁区に加え、反対に上回った場合、禁漁区面積を減少させるフィードバック管理方策を設定した。漁獲努力量は変化させないことにした。資源量が目標水準に近づくかどうかは系の局所安定性解析により調べた。

解析の結果、目標資源量を最大持続生産量を与える水準(環境収容力/2)より小さく設定した場合、系は不安定になった。一方、それより大きく設定した場合には、漁獲努力量を制御せずとも禁漁区面積を増減させることにより、資源を目標資源量に近づけることが可能であることがわかった。

バクテリアコロニーの空間パターン形成速度の相転移

若野友一郎 (東大・工・化学システム)

1. 緒言

Bacillus subtilis 等の細菌は、寒天培地上において自己組織化過程によって多様な空間パターンを作りながらコロニーを成長させることが知られている。これまでに、反応拡散方程式の拡散項[1]や反応項[2]にさまざまな非線形項を導入することにより、これらのパターンを説明する試みがなされてきた。一方、コロニーの成長速度が、初期栄養濃度に対して不連続に変化すること(相転移)が実験的に知られているが[3]、この現象を説明するモデルは存在しない。

2. モデルと解析

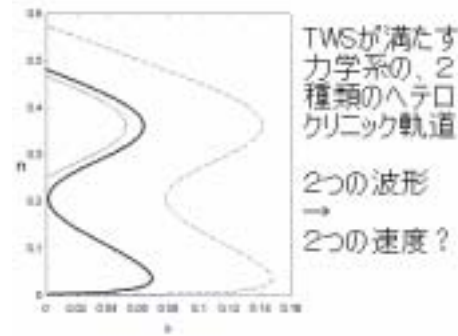
これらの現象を考える際に重要なのが、芽胞化である。*Bacillus* は、低栄養濃度下では芽胞と呼ばれる非活動状態に変化し、増殖を停止する。芽胞化は死亡とは異なり、芽胞形成にある種のオリゴペプチドが必要なため[4]、必然的に栄養を必要とする。従来モデルでは、芽胞化を死亡とほぼ同様なものとして扱い、芽胞化速度は栄養濃度の単調現象関数と仮定されてきた。しかし上の事実を考えると、栄養濃度が低すぎる場合は芽胞を形成することは不可能になると考えられる。我々は、芽胞化速度がある栄養濃度で最大値をとるような関数 $\alpha(n)$ を仮定した反応拡散方程式を考える。

$$\begin{cases} \frac{\partial b}{\partial t} = D_b \nabla^2 (b \nabla b) + \alpha(n)b - \beta(n)b - \gamma b \\ \frac{\partial n}{\partial t} = D_n \nabla^2 n - \alpha(n)b \\ \frac{\partial s}{\partial t} = \beta(n)b \end{cases}$$

$$\begin{cases} \alpha(n) = c_\alpha \frac{n}{n+1} \\ \beta(n) = c_\beta \exp\left(-\frac{(n-n_0)^2}{\sigma}\right) \end{cases}$$

この反応拡散方程式系に、等速進行波解(TWS)が存在すると仮定すると、その解が満たすべき力学系を書き下すことができる。その力学系にヘテロクリニック軌道が存在すれば、それがTWSの一つである。このモデルの場合、初期値に応じて不連続な2種類のヘテロクリニック軌道が存在することが示された。すなわち、波形の異なる2つのTWSが存在する。このことから、速度のとびが波形のとびによって説明できると期待される。具体的な速度については、

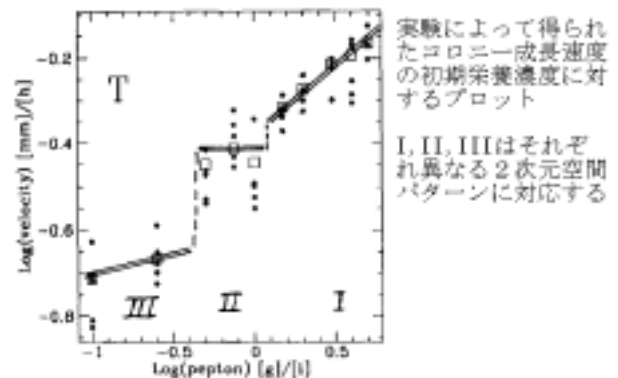
解析が困難なため、数値計算を行った。



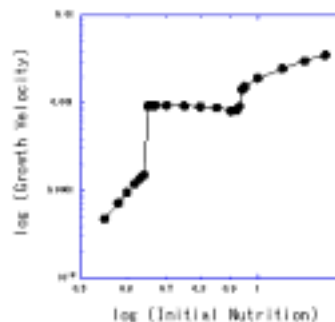
3. 数値計算結果

コロニー成長速度のとびが起こる点は、解析的に予測された1点のほか、もう1点あることがわかった。この結果は、実験的に得られた事実と綺麗に対応している。

実験結果 ([3]より引用)



数値計算結果



距離Lの1次元空間において、厚さに微量な菌体を置いた場合、等速進行波となって増殖しながら拡散した。そのときの波の速度を初期栄養濃度に対してプロットすると、2点でとびが見られた。

[1] Golding et al. (1998) Physica A 260:510-554
 [2] Mimura et al. (2000) Physica A 282:283-303
 [3] Cohen et al. (1996) Physica A 233:678-698
 [4] Grossman&Losick (1988) P.N.A.S. 85:4369-4373

Joe Yuichiro Wakano
 <joe@chemsys.t.u-tokyo.ac.jp>

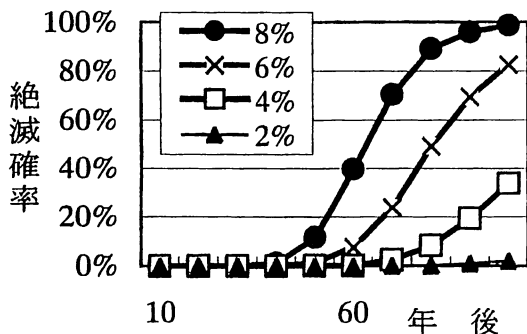
渡島半島ヒグマ個体群のフィードバック管理

*松田裕之（東大海洋研）・堀野眞一（森林総研）・

間野勉・釣賀一二三・富沢昌章（北海道環科研セ）

渡島半島地域では北海道の中でもヒグマと人間生活との軋轢の頻度が高い。人命の安全確保及び財産の保全と健全なヒグマ個体群の維持の両立を図る保護管理計画の策定が必要である。被害は必ずしも個体数に比例しない。生ゴミ放置などを介した人間のもたらす食物への条件付けが、人身被害をはじめとするヒグマによる被害発生の危険性を高める。アイヌは人を避ける熊と避けずに人を襲ったりする熊を、それぞれキムンカムイとウエンカムイと呼ぶ。それぞれの齢 x 、性別 s での個体数を S_{xs} と I_{xs} とする。疫学モデルに倣い、 S から I への「変心」を考慮する。ただし、変心率は I によらず、クマに対する人間の不適切な態度による係数 c で表される。キムンカムイとウエンカムイの自然死亡率は不変だが、後者の捕獲死亡率は高い。

図1 変心率と絶滅確率の関係



年あたりの変心率をさまざまに変えて、個体基礎モデル (IBM) により、絶滅リスクを予測した (図1: 堀野ら、未発表)。変心率が高いほど、ヒグマ個体群の絶滅確率は大きく増える。変心率を下げること、前者を駆除する冤罪を減らすことが、ヒグマによる被害の減少とヒグマ個体群の存続を両立させ、ヒトとヒグマの共存を図る重要な鍵となる。

昨年の人身被害の急増から、今年から春季の計画捕獲を実施した。渡島半島個体群の生息頭数はおよそ 800 頭程度と推定される (間野ら、未発表) が、生息頭数の推定精度が著しく低く、雌グマの捕獲頭数の上限を 9 頭としたため、個体数が減るリスクを否定できない。変心率と冤罪を下げるまでの年数により、絶滅確率も変わる。

不確実性に対処するため、キムンカムイ数とウエンカムイ数の目標値を別々に定め、それをもとに、(1)前者が目標値より多く後者が目標値より少ない状態、(2)両方多い場合、(3)両方少ない場合、(4)前者が少なく、後者が多い場合を想定する。今後の調査によりどの状態にあるかに応じて、それぞれで実施すべき対策を考える。これをフィードバック管理という。現在は(2)の状況と考えられるが、(4)に移行する前に生息頭数、被害件数、冤罪率の推定精度の向上に努め、危機管理への住民参加を図るとともに、変心率と冤罪率の減少に努めるべきである。

差分方程式による捕食者と被食者の動態分析

馬屋原敏博(阪急航空)

捕食者と被食者の動態を差分方程式のモデルを作成し、モデルの安定条件の解析を試みた。まず、両者が生存するエリアを設定する。エリアの大きさが両者の個体数に影響することは容易に想像される。そのエリア内で、一匹の捕食者 Y と一匹の被食者 X のみがランダムに行動し、ある一定期間が経過するならば、被食者を捕食してしまうエリアの広さに応じた捕食率 P が存在すると考えられる。さらにその一定期間の重要な仮定は、もし期間の終わりに捕食できていなければ捕食者が餓死する期間でもあるということである。この仮定をもとに両者の減少過程を捕食率 P のみで表現し、増加の過程は両者の期間内の繁殖率 r により増加するモデルを作成した。

$$X_{t+1} = X_t (1-P)^{Y_t} \exp \left\{ r_x \left(1 - \frac{X_t}{K} \right) \right\} \quad (1)$$

$$Y_{t+1} = Y_t \left[1 - \left\{ 1 - \frac{1 - (1-P)^{Y_t}}{Y_t} \right\}^{X_t} \right] (1+r_y) \quad (2)$$

モデルの局所安定性解析を実施し、パラメータに2つの条件付でモデルは安定であることが解った。条件1はモデルのパラメータである捕食者の繁殖率 r 、捕食率 P 及びエリア内の環境収容力 K には、それぞれ他のパラメータを定数としたとき安定共存できるための下限の存在を示す関係式が導かれる。

$$P > \frac{1}{K} \ln \left(\frac{1+r_y}{r_y} \right) \quad (3)$$

パラメータの下限は捕食者の生存限界を意味し、限界以下のパラメータでは捕食者は増加できず死滅する。条件2は、安定性解析の結果は P が十分小さいという仮定で近似を用いたため、パラメータの下限近傍での安定しか保証されない。パラメータの値が大きい場合は安定かどうかは不明である。ところが、シミュレーションからはパラメータを大きくしていくと両者の個体数の振動が激しくなり、先に捕食者が絶滅する状況が存在する。

そこで固有値の分析を実施した。パラメータの下限値では固有値は実数で値1を示す。下限値からパラメータの値を徐々に増加させると、固有値は実数から複素数に変化し、振動が生じるが収束し安定共存する状況になる。さらに増加させると複素数の絶対値が1に近くなりリミットサイクルの状況になっていく。最終的には絶対値が値1を越え不規則な激しい振動となり絶滅を向えるので、パラメータには共存できるための上限も存在することが理解できる。下限を示す式(3)は、例えば K が小さくなり下限を越える状況でも、 P あるいは r 又はその両方を大きくすれば共存可能となる相互関係にある。このような関係は、上限においてもシミュレーションから同様の相互作用が確認できる。例えば、 P が大きくて固有値の絶対値が1に近い場合、 r あるいは K を又はその両方を低下すれば絶対値は低下する。

被食者の繁殖率についても固有値の変化を分析すると、繁殖率を0まで低下させると固有値は複素数になり絶対値が1になる。繁殖率を大きくしていくと固有値は実数に変わり最後は-1になり、不規則な激しい振動となる。従って、被食者の繁殖率にも安定共存のための上限と下限の値が存在すると言える。

以上のように、各パラメータには安定のため上限と下限が存在し、相互関係が存在することが明らかになった。

エキノコックスモデルの数学的解析

梶原 毅、沖田知毅、篠原猛人

(岡山大学環境理工学部 日立製作所 岡山大学自然科学研究科)

近年、数理生態学における捕食モデルと、感染症の伝播モデルを組み合わせた Eco-Epidemiological model とよばれるものが、研究されている。たとえば、寄生虫によって二種類のホストの間で感染環が維持され、またその二種のホストが互いに捕食関係にあるような感染症のモデルもこれにあたる。

そのひとつの例として、現在北海道において流行しているエキノコックスという病気について、感染のダイナミクスと空間伝播についての研究を報告する。

エキノコックスの虫卵がキツネの糞から中間宿主である野ネズミの体内に入り、幼虫になる。野ネズミがキツネに捕食されることによりキツネに感染する。キツネの体内でエキノコックスは成虫になり、キツネの糞とともに、虫卵が排出されるというサイクルである。

これに対して、まず空間一様なモデル、すなわち常微分方程式モデルを考え、平衡点の局所安定性、大域安定性その他の数学的な性質を調べた。また、虫卵が野ネズミに取りこまれてから幼虫になるまでの、さらに幼虫がキツネに取りこまれてから虫卵を排出できるようになるまでのそれぞれの時間遅れの影響についても、潜伏期を考えたモデルの数学的解析によって考察している。

エキノコックスの伝播は、主として子ギツネのなわ張りを求めての拡散によって起こると考えられているので、空間一様モデルにキツネのみに拡散項を付加した偏微分方程式モデルを考察する。数値計算よりこの方程式には進行波解が存在していることが観察される。進行波解の最小速度がみたす代数方程式を導き、多くのパラメータで実際にこの速度が実現されていることを、数値計算によって確認した。これによって求められる理論速度に対して、野ネズミからキツネ、キツネから野ネズミへの感染率、またキツネ、ネズミの総量は、これらの積としてのみ依存していることがわかる。

潜伏期間を考えると感染進み方が遅くなる。その結果進行波解の速度もかなり遅くなる。現実に近いパラメータにおいて、潜伏期を考えると伝播の速度は、概ね $2/3$ ぐらいになる。潜伏期を考えたモデルにおいても、進行波の速度を解析的に調べることにより、潜伏期による進行波速度変化の依存性について調べている。

北海道の生態学的データからのパラメータの推定、それによる実際の感染速度の推定なども試みているが、データの不足などで、困難な点が多い。

多魚種系水産資源の選択的フィードバック管理について 木村 紀雄（東大海洋研）

水産資源管理では、Beverton-Holt 方程式などの単一種個体数変動モデルに漁業の影響を考慮し、定常状態における漁獲量が最大となるような漁獲量の理論値を用いて資源管理を行うことが多い。しかしながら実際の生態系においては、個体数変動が環境変動や他種との相互作用とともに個体群の繁殖率や生存率などが変動するため、単一種の定常状態を前提とした管理方策は必ずしも有効ではないといえる。

フィードバック管理は、資源の目標水準と現在の水準との差を縮めるように漁獲努力量を調整して、次第に個体群を目標状態へと近づける方法である。パラメータの不確実性に対して頑健であり、非定常な資源を管理する為に有用であると期待できる。しかしながら、複数の種が相互作用するような非定常系におけるフィードバック管理に関しては、十分に検討されてはいない。

本発表では、浮魚類のように資源量の変動幅が大きな種を含んだ多魚種モデル系にフィードバック管理方式を適用した結果について報告する。「個体数の多い魚種に、努力量を重点的に配分する」スイッチング漁獲方式とフィードバック管理方式を組み合わせることで、資源量の変動幅が減少した、安定した状態で管理できることを示す。

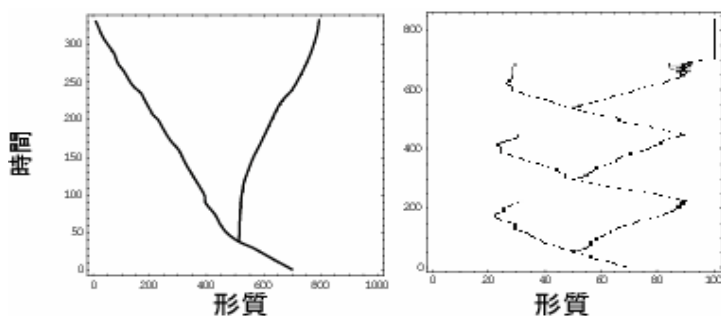
一方で、このような管理状態における漁獲量は必ずしも最大になるとは限らない。本発表では各魚種の減少時の資源量と、総漁獲量との関係についていくつかの系で比較し、具体的な管理方策について議論する。

形質の分岐進化における不安定分岐について

西村欣也 (北海道大学大学院・水産科学研究科)

戦略が連続尺度で定義される進化ゲームでは、戦略が属性尺度で定義される場合と異なり、集団形質の進化ダイナミクスと、その平衡点の安定性についての解析を行うことが容易である。そのため任意の形質からの平衡点への収束性、平衡点の安定性の条件が論じられている [1,2]。進化ダイナミクスにおいて、ある平衡点が収束安定だが進化的に不安定な場合、近傍からその平衡点へ形質は収束するが、その平衡点において分岐進化が生じる[2]。単型から 2 型分岐が生じる場合、2 形質の進化方向とさらなる多型分岐への発達のパターンについての解析が行われている[3,4]。2 型分岐が生じる場合、2 型が安定平衡に到達するか、その平衡点が不安定な場合、再び形質分岐が起こり 3 型に発達する[2,3]。

本研究は生活史進化のゲームモデルにより、生存と成長に関する生活史形質(共食い率)の分岐進化について解析した。2 分岐が起こるパラメータセットに対し、モデルは 3 つの 2 型平衡点を持つ。1 点は収束不可能、他の 2 点は近傍から収束可能でかつ進化的に安定ある。2 型分岐点からの進化軌道は形質分散に左右され、分散のオーダーが十分小さくないと、どちらの平衡点にも収束しない。その場合、2 分岐軌道は不安定化し、(1) 2 型-1 型絶滅(単型)-2 型分岐の進化サイクル、(2) 3 型分岐-2 型絶滅(単型)-2 型分岐の進化サイクル、(3) 3 型分岐-2 型絶滅



(単型)-1 型固定などの進化軌道が生じる。これらの進化軌道を、2 型セットの進化ダイナミクスの解析から説明する。

- [1] Eshel, I. 1983. J. theor. Biol. 103: 99-111.
- [2] Geritz, S. A. H. et.al. 1998. Evol. Ecol. 12: 35-57.
- [3] Kisdi, E. 1999. J. theor. Biol. 197: 149-162.



国際研究集会 **BIOCOMP2002**: Topics in **B**iomathematics and Related **C**omputational Problems at the Beginning of the Third Millennium (Lloyd's Baia Hotel, Vietri Sul Mare, Salerno, Italy; 平成14年6月3日～平成14年6月9日)

参加報告記

広島大学大学院理学研究科数理分子生命理学専攻

瀬野 裕美

平成14年7月31日 記

ナポリ大学数学・応用数理教室のルイジ M. リチャルディ教授は、大阪大学大学院基礎工学研究科佐藤俊輔教授らと長年共同研究を行うなど、応用数理の研究面において、日本の研究会と親密な関係をもつ、イタリア応用数理学界およびヨーロッパの

応用数理研究において重要な位置を占める研究者である。本研究集会は、同教授を組織委員長として、イタリアの複数の学術団体、スペインやイスラエルの研究機関の協賛、イタリア諸機関の後援に基づいて、イタリアと日本の研究機関の共催によって開かれた、全世界の研究者を対象とした応用数理、とりわけ、数理生物学関連の応用数理に関する国際研究集会であった。



会議は世界的に有名な南イタリ

アの美しい避暑地アマルフィ (Amalfi) 海岸に位置するビエトリ (Vietri) という小さな村わきにある Lloyd's Baia Hotel という4つ星ホテルで開かれた。ナポリから車で1時間ほどのところにある。このホテルは、国際会議を招致できる施設をもちながら、料理も有名なホテル

といわれる。アマルフィ海岸の多くのホテルがそうであるように、このホテルも断崖絶壁の上、つまり、崖の端に建てられており、ホテルから海岸の砂浜に下りるのにはホテルから下りのエレベータに乗る必要がある。会期中は天気もよく、多くの会議参加者が会議の合間にアマルフィの太陽を楽しんだのは言うまでもない。

参加者は、世界スケールで集まっており、このような学際分野の多様な発展が顕

わになった。参加者は、150名以上、19カ国、イタリア、アメリカ合衆国、ロシア、英国、ドイツ、ウルグアイ、オーストリア、オランダ、イスラエル、メキシコ、カナダ、フランス、フィンランド、チェコスロバキア、スペイン、スイス、スウェーデン、ウクライナ、日本からと、実に多彩であった。リチャルディ教授はサイバネティクスにおける国際的な共同研究を続けており、今回のこの国際会議でも、同氏の研究グループと関わるもの関わっていないものを含めて筋収縮過程に関する分子レベルダイナミクスや神経細胞の活動電位ダイナミクスの数理モデルに関わる研究成果が多く発表された。

この国際会議は、欧州数理・理論生物学会、数理生物学会（本部：米国）の学会ニ

ュースでも広告されており、結果として、主催者の予期しなかったスケールの国際会議となってしまったものである（リチャルディ教授の人徳？か）。組織委員長であるリチャルディ教授の言によれば、当初、本国際会議は、より小さなスケールで予定され、招待講演を含めて全ての講演が同一唯一の会場で行われる計画であったのだが、参加者数が予想をはるかに超えたため、やむを得ず、一般講演については、2会場で並行に行われることになったということである。ともかくも、会期7日間で並行して開かれる分科会数は2つのみであり、参加研究者間の学問的交流を図る十分な機会が与えられていたとあってよい。また、招待講演については、国際的に一線級の講演者による講演が続き、こちらについては唯一の会場で行われたので、研究分野の異なる研究者間の情報交換として優れた場を提供していた。

基本的に、並行に開催されるセッションを少なくすることは、参加者間の新しい

交流にとっては有用であり、とりわけ、学際分野の研究集会においては、非常に重要な成果につながりうるものであると考えられる。セッション数が大きくなれば、セッション内の参加者の専門も近くなると予想されるので、その場の議論はしやすいかもしれないが、会議の持つ研究者間・研究分野間の交流の目的にとっては不適であろう。ただし、今回の会議のように、基本的に朝昼晩の食事を参加者が同一の食堂に会してとるような形は、参加者間の交流にとってかなり有効であり、大学などの町中の学術機関での会議開催ではなく、本国際会議のように合宿的性質をもつ研究集会が国内でもより容易に認められるようになれば会議の成果を上げるのに有効な開催場所、方法を柔軟に検討できるようになると思われる。例えば、現在の文部科学省の科学研究費補助金ではそのような会議の開催にかかる実費を出すことは不可能である。

既に述べたように、この国際会議では、神経生理学や分子生物学に関わる数理的

研究が多く発表され、多くの生理学関連の応用数理学者が参加した点は、特徴的である。私の知る限りにおいて、近年、本会議のように、サイバネティクス、数理生理学、数理生態学を含む数理生理学、応用数理の研究者が一堂に会し、情報を交換できるよ

うな学際的国際会議は開かれていなかったと思う。本会議の成功により、既に、参加した有力な研究者の間で（内々に）引き続く次回の国際会議開催の検討が始まっていたが一参加者である私には詳細はわからない。

発表された最近の研究成果のなかには、国際スケールでの研究者の共同研究プロ

ジェクトによるものが少なくなかった。実際、会議主催者であるリチャルディ教授と大阪大学佐藤俊輔教授のグループの共同研究による筋収縮過程に関する分子ダイナミクスの応用数理的研究プロジェクトは、日本の実験生理学者も含まれた国際的なものであり、その関連の研究成果も数多く発表されたことは既に述べた。このプロジェクトに関連して（だと思われるが）、本国際会議では、日本人研究者の参加数が相当多数であった。知己の欧州からの参加者との雑談で、この国際会議では日本人が重要な役割を担っている、と聞いた。また、筋収縮過程に関する分子ダイナミクスに関する研究における日本人の若手研究者の活躍を賞賛していた他の欧州の参加研究者もいた。日本からも著名な研究者が少なからず参加しており、合原一幸氏（東京大）甘利俊一氏（理化学研）飛田武幸氏（名城大）宝谷宏一氏（名古屋大）石井義春氏（ICORP, JST）巖佐庸氏（九州大）北村和男氏（ICORP, JST）三村昌泰氏（広島大）下沢建男氏（北海道大）白井史郎氏（豊橋科学技術大）柳田敏雄氏（大阪大）など壮たる面々が会議で重要な役割を果たしていたことは事実であった。

この国際会議で発表された理論・数理生物学に関連した最近の研究成果は、実験に

よる現象自体の研究と理論・数理的研究がプロジェクトによって関連して行われたものであった。既に述べたような、神経活動電位や筋収縮のダイナミクスに関する分子、遺伝子、細胞レベルの実験的研究の発展に伴う数理的研究の必要性は高まりつつあり、日本国内でもそのような実験的研究における優れた若手の活躍が始まりつつあると思われるものの、諸外国の多彩な実験的および理論的な研究成果には常に目を向ける必要があるだろう。特に、理論・数理的研究に関しては、リチャルディ教授のグループによる研究に代表されるように、これまで応用されてこなかった数理分野に基づく新しい数理モデル解析による現象の考察が実験研究者との交流の中で発展しつつあり、それは、欧米に共通の傾向であると思われる。おそらく、実験研究者による研究成果の体系化、理解の深化についての要求が理論・数理的研究に向けられているのだろう。

このような研究の発展がプロジェクトへの研究補助金によって促進されている点に特徴があると思われる。

近年の数理生物学に関わる国際会議でも、共同研究プロジェクトによる研究発表

が少なくない。日本の場合、個々のテーマにおける個人レベルでの共同研究を除くと、プロジェクトとしては、生物学的研究と数理・理論的研究とがそれぞれ独立して進められることが多く、これまで、両者を同時に巻き込んだ国内の研究プロジェクトが研究補助費を獲得できた例は、海外のそのような状況から考えると、まれなのではないだろうか。また、比較的大きな研究プロジェクトが海外の研究者を研究分担者として加えることはあっても、国内の中小規模の研究プロジェクトで研究補助費を獲得できる例もまれではないだろうか。

この国際会議では、若手（PD や大学院学生）による発表も少なからず行われたが、

日本の若手研究者のそのような国際感覚を育むためには、短期あるいは一回性の海外渡航旅費給付の補助金が整備され、日本のとりわけ若手の研究者が海外での会議やワークショップにより容易に参加できる機会が増えることが今後の学際分野の発展に有効であろう。ただし、特に日本人の若手研究者に時折見られるような観光気分で参加する機会までもを増やすべきではない。それまでも増やして量は質をも兼ねる流の論に立っても、機会が増えたことは事実なのだから、一見、若手育成のための環境向上に見えるだろうが、評価拙走である。ものの見方によれば、それはお金を出しただけなのだから。機会が増えることは望ましいが、その機会が本質的に若手研究者の国際感覚育成に有効であるためには、国際感覚を育むのに足だけの質をもつ若手の育成とは、という意識をこれからの指導者らは持たなければならないと思う。

最後になるが、この会議への参加の機会に 13 年ぶりにナポリの旧友らと会うこ

とができた。家族のように出迎えてくれ、家族のようにまた送り出してくれた旧友たちと学問を通じて出会えた幸せを改めて感じさせてくれたイタリア滞在だった。□

Conference on Mathematical Modelling of Population Dynamics Bedlewo, Poland 6/24~28, 2002

奈良女子大学理学部情報科学科 高須夫悟

今年6月下旬にポーランドで開催された「個体群動態の数理モデリングに関する会議」に参加したので、会議の内容や雰囲気や報告したいと思います。この会議はポーランド科学アカデミーの数学部会が中心となり、EUの中核的研究機関プログラムの支援を受けて開催された。会議開催場所はポーランド第二の都市ポズナンから30キロほど南に離れたベドレボという人口数百名に満たない小さな村である。手元の大世界地図百科にも記載されていない本当に小さな村である。何故これほど無名の村が会議の会場となるかといえば、19世紀に地方貴族によって建てられた広大な敷地に囲まれた館をポーランド科学アカデミーが所有しており、ネオゴシック調の古風な建物とモダンな新築建物が、宿泊施設付きの会議センターとして整備されているからだ。後ほど詳しく触れるが、最低限の発表施設（スライド、OHP, PC プロジェクター）が整った会場と、会議参加者が不自由なく宿泊できる施設が隣接していることは、スムーズな会議運営と参加者同士の議論交流を深める上で無くてはならない条件である。今回の会議はこうした整った設備と会議運営者側のサポートが有ったおかげで、濃密な時間が流れる非常に有意義な会議となった。

まず最初に会議の雰囲気から報告しよう。ヨーロッパと北米を中心に参加者の数は約120名。開催場所が物価が安いポーランド、しかもドイツ国境まで百数十キロに位置していることもあり、北欧や東欧を含むヨーロッパほぼ全ての国から参加者が集まった。会議中に参加者のバックグラウンドをいろいろ尋ねてみると、個体群動態を銘打つ会議の割には数学者の比率が圧倒的に高く、参加者の8割以上は自らを数学者であると名乗っていた。Mathematical biologist を名乗ったのは私を含めてかなりの少数派だった。こうした数学者に更につっこんで話を聞いてみると多くは、生物のことは全然詳しくないんだけど、年齢構造とか空間構造が入った個体群動態は我々にとってアイデアの宝庫だからねえ、という答えが返ってきた。彼らは個体群動態をネタにして新たな数学上の問題意識を発掘しているのである。純粋数学の勢力が強くて、数理モデル研究のような応用数学が少数派である日本とは大きな違いである。とは言っても、やはり根は数学者なので、研究発表の場でも解の存在を証明するなど、数学者学者らしいスタイルの研究を貫いていた。

既に会議から1ヶ月が経ち、帰国直後から様々な締め切り仕事に忙殺されていることもあり、ポーランドに自分が本当に行っていたかの感覚すら既にぼやけてしまっているが、会議のプログラム集を眺めながら会議の中身を思い出してみよう。プログラムは毎日午前9時から始まり、休憩や昼食を挟んで午後7時まで続く。朝一番は基調及び招待講演であり、2名の演者が40分程度の講演を行う。発表者のほとんどは数学者であり、私の様な数理生物学者にはちょっと数学寄り過ぎて理解不能の部分もあったが、気にせずコーヒーブレイク。こうした中途の休憩

は、いろいろな国からの参加者と話をする絶好の機会である。まじめな話しもするし、たわいもない世間話もする。いろいろな国の研究者と話してみると、今現在、数理生物学（応用数学も含めた広い意味での）が世界的にどのような流れに有るのかを肌で感じる事が出来る。感じたことは、数理生物学は数学など他の分野からの研究者の流入も得て、今後ますます発展するだろうということである。日本では数理生態学もしくは数理生物学という看板を掲げる研究室はまだ極く少数であるが、少なくともヨーロッパでは珍しい存在ではなくなっている。



基調・招待講演の後には一般公演に移り、2つの会場で2つのセッションが同時進行する形で進められた。より数学的な議論展開を中心としたセッションと、より生物学的な内容のセッションである。参加者の大半は数学者であることは既に紹介したが、いつもちょうどまい具合に、ほぼ半数の参加者が2つのセッションに分散することになった。数学者が個体群動態関連に強い興味を持っている現れでもある。一般公演の発表の大半はやはり、個体群動態モデル（年齢構造、空間構造、時間遅れを伴うPDE）や形態形成のモデルが多数派であったが、私が特に興味を持ったのは伝染病の動態に関する幾つかの発表で、おなじみの古典的SIRモデルに集団の年齢構造を組み込んだモデル解析である。この手の研究は demographer の専門分野でも有るが、私自身、積分の形で集団の構造を組み込んだモデルを手がけていることもあり、何か良い解析方法は無いものかとここしばらく思案中であるが、やはり積分方程式の解析はなかなか難しそうである。私は数学者ではないので、厳密な解析は手に負えないが、こういった問題に真っ正面から取り組んでいる研究者が居ることは非常に心強い。一般公演の生物よりのセッションでは、身近な進化生態学の問題である種分化や、個体ベースモデルを用いて生息場所の分断が種の絶滅に及ぼす効果をシミュレーションで解析するなどの研究発表が相次いだ。私自身、ここ数年取り組んでいる積分差分方程式を用いた托卵における卵模様の共進化モデルを発表し、幾つか有益な意見を聴くことが出来た。少数では有るが、自らを biologist と名乗る参加者もあり、互いの研究上の興味や、大学を取り巻く環境についての話題には花が咲く。こうした一般公演が午後7時まで続く。ポーランドは緯度が高いため、午後9時を過ぎないと薄暗くならない。その日のプログラムを終えて夕食を終えた後も涼しい屋外でビールを飲んで議論の続きや世間話をする。毎日がとても充実していた。

参加者との議論が続けば当然頭が加熱してくる。そうなった時には、センターの敷地から一歩外に足を踏み出せば、まわりは見渡す限り畑が続いている。大麦に混じってトウモロコシやじゃがいも畑が地平線まで続いている。畑の真ん中を走る細い農道を歩き、先程交わした議論に考えを巡らせる。地元の人によれば今年の夏は暑いということだったが、それでもうだるような暑さの関西の気候に比べれば快適そのものである。講義、会議、雑用に追われまくる日本での毎日を思えば、こうした会議に参加して研究発表をし、自分の研究を別の視点から眺められたのは得難い機会であり、心身ともにリフレッシュする。

今回の会議は、参加者が会場と同じ敷地内の宿泊施設に泊まっていたこともあり、全ての参加者が朝昼夕の三食を旧貴族の館の大きな食堂で取ることになった。毎回異なる組み合わせでテーブルを共にして食事をしながら雑談にふけることが出来たのは、研究上の議論を交わす上でも非常に役に立った。宿泊と食事などの裏方のサポートには専属のスタッフが付いており、30キロ離れたポツナンの空港への送迎も含めて非常に整った運営体制に感銘を受けた。ベドレボの会議センターのウェブ案内を見ても、はほぼ毎週のように異なるテーマの研究集会が開かれており (<http://www.impan.gov.pl/Bedlewo/>)、ポーランドでの活発な活動拠点の一つとなっているようだ。

実を言うと、今回の様に数理モデリングを主体とする会議には私はあまり参加した事がない。というより、ずっと鳥類の托卵の研究を続けてきたこともあり、数理モデル主体の会議よりは行動生態学や鳥類学系の会議に参加して研究発表をした経験の方がずっと多い。こうした実験系の会議で *mathematical biologist* を名乗ると、相手によっては、数理モデル？興味は有るけど自分はモデルに強くないから勘弁してよ、とちょっと引いた態度に出られることが結構あって寂しい思いをすることも少なくないのだが、今回の会議ではそのような反応はいっさい無く、相手との話もうまくかみ合っ、非常に居心地が良く感じられた。自分が今取り組んでいるテーマやモデリングの手法に話題が及んでも、相手は興味深く聴いてくれるし、いろいろ有益な情報を得ることが出来る。こうした会議に参加する目的の一つは、もちろん自分の研究発表に有るのだが、いろいろな研究者と交流を持つきっかけを得ることも大切な目的であるので、多くの研究者とコネを作った、と言う意味でこれまでになく充実した会議だった。

ポーランドに来る前、ウェブ上で会議の参加者リスト一覧に目を通して私が知っている名前の研究者は2、3人に過ぎなかった。しかし、会場で初めて会う研究者と会話を進めていくと、日本人の誰それという研究者を知っているか？と言う。で、その人は実は私が非常に良く知っている人だった、というケースがかなりたくさんあった。つまり、世界的に名がしれている日本の数理生物学者は結構たくさん居るということである。今後、日本の数理生物学の研究者が世界の中でどのような活躍をしていくのかが楽しみだ。

この会議に先立ち、このセンターでは約1週間の日程で大学院生クラスを対象とした個体群動

態のモデリングに関する夏の学校が開催され、約数十名の参加者を集めたそうである。夏の学校へ参加した若手の何名かはそのままこの会議にも参加した訳だが、欧米では数理生物学に関する夏の学校など頻繁に開かれており、大学院生クラスの若手を含めて研究者同士の交流頻度は日本国内の比ではない。日本はヨーロッパもしくは北米から距離的に遠く離れているので、なかなかこうした機会に参加しづらい実情が有る。会議最終日の翌朝、多くの参加者が帰途につく際、今日の昼ご飯は家で食べるんだ、というヨーロッパからの参加者がとてもうらやましかった。（ベドレボからの帰国は、ワルシャワ、ウィーン経由で最低18時間かかる）。また、旅費や滞在費の工面も簡単ではない。しかし参加して得られることを思えば、少々無理をしてもこうした会議に参加することを特に若手の研究者（院生を含む）に勧めたい。多くの研究者に自分の研究を聴いてもらい意見をもらって、互いに議論を交わす。こうした積み重ねを経てより良い研究が進むと考える。言葉の違いという壁は有るものの、相手も同じ数理モデルに取り組み、ワールド・カップのテレビ中継に熱中する同じ人間である。物おじせず世界に飛び出そう。



追伸：原稿を提出する間際になって少々書き足しをしたい（というか編集局長は自分だから原稿提出と言うのもおかしいのだが）。8月中旬に北京で開催された国際鳥類学会に参加してつい先日帰国したばかりである。鳥類学の会議なので詳細は省くが、前回98年に開催された会議よりも明らかに数理モデルを応用した研究発表が増えていた。数理モデル研究は確実に各方面に浸透している。こうした世界的な潮流の中、世界水準（欧米中心の）の研究レベルを保つには、積極的な交流が欠かせないと痛感する。世の中はものすごい勢いで進展している。日本の数理生物学のコミュニティーの場としての数理生物懇談会もアジア地区の数理生物関連の研究発展のために何か出来ることが有るのではないだろうか。

平成 13 年度卒業論文要旨

Lotka-Volterra 被食者–捕食者系における個体群削減による 系崩壊の特性に関する生物数理的研究

緒方 直美

広島大学理学部数学科

本論文では、Lotka-Volterra 1 被食者–1 捕食者系に対する削減が、被食者や捕食者の絶滅による系の崩壊の特性にどの様に反映されるかについて、生物数理的考察を行う。

有名な Lotka-Volterra 1 被食者–1 捕食者系に、削減定数 $\theta\gamma$, γ を加えた次の式を用いる。

$$\begin{aligned}\frac{dx(t)}{dt} &= ax(t) - bx(t)y(t) - \theta\gamma \quad (0 \leq \theta \leq 1) \\ \frac{dy(t)}{dt} &= -cy(t) + \mu bx(t)y(t) - \gamma\end{aligned}$$

$x(t)$, $y(t)$ は、被食者、捕食者の個体群サイズ、係数は全て正の定数である。このとき、ほとんどの初期値に対して $x(t)$ もしくは $y(t)$ は数学的には有限時間で負になり得るが、個体群サイズを表わす $x(t)$ と $y(t)$ における負値は生物学的には意味をもたないので、ある時刻 t に $x(t)$ もしくは $y(t)$ がゼロになった場合にはその時刻以降、その変数はゼロに留まることとする。また、本論文では削減が時間間欠的に起こる場合についても考え、その間欠性が系の崩壊に及ぼす影響の考察を試みる。本論文中で導入する時間間欠的削減とは、削減のある期間と削減のない期間を交互に繰り返すように削減を行う過程である。

まず、削減が時間的に継続して起こっている場合の数値計算による解析を行なった。初期条件は削減のない Lotka-Volterra 1 被食者–1 捕食者系の非自明な休止点とする。削減定数 γ が系の崩壊に及ぼす効果に着目すると、捕食者が有限時間で絶滅する γ の領域は、 \mathbb{R}^+ 上に不連続に分布していることが数値計算によって示される。系が崩壊するまでの被食者個体群サイズの時間平均 $\langle x \rangle$ と γ の関係については、被食者が有限時間で絶滅する場合には、対応する γ の領域の各々においてより大きな γ に対してより大きくなる傾向があるが、捕食者が有限時間で絶滅する場合には、 γ の単調減少とは限らず、特に、相対的に小さな γ の範囲の区間においては極小値をもつ。一方、系が崩壊するまでの時間 T_e については、 γ が大きくなるにつれて、単調に減少し、 γ と絶滅時間 T_e の両方の対数をとると、それらの関係は線形的である。すなわち、系が崩壊するまでの時間 T_e は、捕食者と被食者のいずれが絶滅するかによらず、 γ に対して γ の或る累乗の関係で単調減少性をもつことが示唆される。

削減を時間間欠的に行う場合については、1 周期 (削減のある期間 T_+ + 削減のない期間 T_-) の長さを 1 に固定し、系の崩壊の特性の T_- の長さへの依存性について数値計算による解析を行った。被食者個体群サイズの時間平均 $\langle x \rangle$ は、被食者が絶滅するか、捕食者が絶滅するかにより異なるが、全体的なトレンドとしては、より大きな T_- に対する $\langle x \rangle$ はより小さくなる傾向にあり、 $T_- = 1$ のとき (このとき $T_+ = 0$)、削減を行わない場合の平均と等しい。しかしながら、厳密には、有限時間で捕食者が絶滅する場合の T_- の範囲は、 $[0, 1]$ 上に不連続に分布している。そして、系が崩壊するまでの時間 T_e は T_- に対して単調増加の関係をもつ。また、 T_e から削減を行わない時間を除いた値、すなわち、削減を行う時間だけを累積した値 (=系の崩壊にかかる総削減時間長) も、 T_e と同様に T_- に対して単調増加である。

解析結果から、削減の効果により、有限時間で被食者、捕食者のどちらが絶滅するかは、 θ , γ , T_- の値に依存した複雑な構造を有しており、捕食者の削減が目的であるとしても、慎重な削減策決定を行わなければ、我々の望む結果とは合わない結果となり得ることが示唆された。また、本論文で解析した系では、削減の導入により、被食者の平均個体群密度は、削減のない場合より大きくなる。この結果に対応する現象が起こり得るとすれば、実際の削減策決定においては問題になり得るだろう。

数理生物学関連セミナー記録

お寄せいただいたセミナー記録を収録しています。掲載を希望されるセミナーの世話人の方は、編集局までお知らせ下さい。

九州大学「MEセミナー」2002年上半期

1月10日(木) 10:00から(於、1203室)

佐藤 一憲(静岡大・システム工学) 生息地破壊を入れたメタ個体群動態モデル

1月16日(木) 14:00から(於、3521室)

金子 邦彦(東大・院・総合文化) 共依存的ダイナミクスとしての生命の論理——種分化を中心として——

1月16日(木) 16:00から(於、3521室)

佐竹 暁子(九大・院・生物) 樹木の一斉開花結実現象を生み出すダイナミクスを探る数理的研究

2月5日(火) 13:30から(於、3631室)

向 草世香(九大・院・生物) 干渉型競争のパターンと種の共存条件

2月12日(火) 13:30から(於、3631室)

武田 裕彦(九大・理・生物) 解答: 予断なく困り切れる範囲を明確にする話 It is Not necessarily a road less traveled.

2月19日(火) 14:00から(於、3631室)

吉村 仁(静岡大・システム数理) 周期ゼミはなぜ素数の生活史に進化したか?

2月21日(火) 午後1:30から(於、3631室)

梶原 毅(岡山大・環境数理) 感染症数理モデルにおける伝播速度について

3月5日(火) 午後1:30から(於、3631室)

横溝 裕行(九大・理・生物) 変動環境における最適保全戦略の数理的研究

3月7日(木) 午後1:30から(於、3631室)

首藤 絵美(九大・理・生物) 防御タンパクを前もって貯蔵するか、感染後に新規合成するか

3月14日(木) 午後1:30から(於、3631室)

Charles E. Smith (Dept. Statistics, North Carolina State Univ.) Qualitative comparison and parameter relationships for neural diffusion models via stochastic ordering

4月9日(火) 午後3:30から(於、3631室)

Michel Durinx (Theoretical Biology, University of Leiden, The Netherlands) TOWARDS A BIFURCATION THEORY FOR ADAPTIVE DYNAMICS

4月9日(火) 午後1:30から(於、3631室)

Patsy Haccou (Theoretical Biology, University of Leiden, Netherlands) Patch leaving strategies and superparasitism: an asymmetric generalized war of attrition

5月7日(火) 午後1:30から(於、3631室)

昌子 浩登(九大・理・生物) shoji@bio-math10.biology.kyushu-u.ac.jp

2次元チューリングパターンを決めるもの ~in memory of the 50th anniversary of Turing's paper "The chemical basis for morphogenesis"

5月16日(木) 午後1:30から(於、3631室)

津田 みどり (Institute of Biological Control, Kyushu University) tuda@grt.kyushu-u.ac.jp

Multiple-species chaos: time-series analysis on 1 host-2 parasitoid laboratory systems by mechanistic nonlinear model

5月28日(火) 午後3:00から(於、3631室)

Vincent Hull (Laboratorio Centrale di Idrobiologia) VincentHull250@msn.com

Wetlands of the Argentine Mesopotamia: A European Union project for the sustainable development

5月28日(火) 午後1:30から(於、3631室)

入江 貴弘(九大・理・生物) irie@bio-math10.biology.kyushu-u.ac.jp

Geographic Variation of Life History in Cowry Shells (Genus Cypraea).

6月14日(金) 午後1:30から(於、3631室)

Michael Boots (Stirling Univ., Dept. Biological Sciences, UK) mb13@stir.ac.uk

Red Squirrel Decline in the UK: the role of disease

7月2日(火) 午後1:30から(於、3631室)

佐々木 顕(九大・理・生物) asasascb@mbbox.nc.kyushu-u.ac.jp

Mutation landscapes

7月8日(月) 午後1:30から(於、3631室)

佐々木 顕(九大・理・生物) asasascb@mbbox.nc.kyushu-u.ac.jp

Noisy clues to the origin of life

7月18日(木) 午後3:00から(於、3631室)

横溝 裕行(九大・院理・生物) yokomizo@bio-math10.biology.kyushu-u.ac.jp

Uncertainty of the current population size and the optimal conservation effort.

7月24日(水) 午後1:30から(於、3631室)

首藤 絵美(九大・院理・生物) shudo@bio-math10.biology.kyushu-u.ac.jp

Optimal Choice between Feedforward and Feedback Controls in the Production of Heat Shock Proteins.

奈良女子大学「大域情報セミナー」2002年度前期

#49 2002年4月25日

○ Patsy Haccou, Institute of Evolutionary and Ecological Sciences, Leiden University

Patch leaving strategies and superparasitism: an asymmetric generalized war of attrition

#50 2002年5月23日

○ 武田 裕彦 九州大学 理・生物

解答: 食物連鎖網栄養段階の「底」をしらべる Look at the bottom of the food web

#51 2002年8月1日

○ 梶原 毅1), 佐々木 徹2), 村瀬晶子3) 1) 岡山大学 環境理工学部

2) 岡山大学 環境理工学部

3) 岡山大学 自然科学研究科

免疫と病原体のダイナミクスにおける安定性解析

編集後記

現在8月末。まだまだ夏季休暇はとれそうもない。9月に入っても函館シンポジウムはもちろんのこと、興味がある研究集會がめじろ押し。忙しさは充実した生活の証、と考えれば良いのだけど、研究時間が思うようにとれないのは戴けない。2ヶ月くらい外国に姿をくらませばどんなに研究はかどるだろう、と思いつつ2002年も後半に入ってしまった。

いよいよ函館の数理生物シンポジウムが近づいてきました。このニュースレターがシンポジウムの前に皆さんの手に渡るよう今必死で編集作業を進めています。私自身ポーランドの学会参加報告記の最後に少し書きましたが、数理生物はまだまだこれから大きく発展する研究分野だと感じています。この秋から数理生物懇談会事務局が北海道大学から奈良女子大学へと移転します。北大の事務局の方々、2年間のお役目ご苦労様でした。新事務局も前事務局を見習って懇談会を盛り上げていきたいと思ひます。

(高須)

ニュースレター編集局

重定南奈子 sigesada@isc.nara-wu.ac.jp
高橋智 takahasi@ics.nara-wu.ac.jp
高須夫悟 takasu@ics.nara-wu.ac.jp
〒630-8506 奈良市北魚屋西町
奈良女子大学理学部情報科学科自然情報学(2)
JAMB Newsletter 編集局

JAMB Newsletter No. 38

目次

第12回数理生物シンポジウム

日程	1 -
地図	2 -
交通案内	3 -
プログラム	4 -
予稿集	7 -

学会参加報告記

BIOCOMP2002 報告記 瀬野裕美@広島大学	47 -
CMMPD2002 報告記 高須夫悟@奈良女子大学	52 -

2001年度卒業研究要旨（追加分）	56 -
-------------------	------

数理生物学関連セミナー記録	57 -
---------------	------

数理生物学懇談会ニュースレター第38号
2002年9月発行
〒630-8506 奈良市北魚屋西町
奈良女子大学理学部情報科学科
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)