

JAMB Newsletter No. 41

数理生物学懇談会 ニュースレター

第 41 号

2003 年 9 月

*Japanese Association
for
Mathematical Biology*

2003 年 数理生物学懇談会年次総会のお知らせ

日時 2003 年 9 月 20 日 (土) 10:00 ~ 12:00

場所 奈良女子大学、文学部南棟 S218 教室

議題

1. 「日本数理生物学会」(仮称) への移行について (資料)
2. 今後の運営体制について
3. 次期数理生物学シンポジウムについて
4. 大久保賞選考委員 (1 名) の改選
5. 2003 年中間決算ならびに 2004 年予算案
6. その他

報告事項

1. 第 3 回大久保賞授賞者の選考結果について
2. 事務局からの報告
3. その他

以上

第 13 回数理解生物学シンポジウム

開催時期 2003 年 9 月 20 日 (土) ~ 22 日 (月)
開催場所 奈良女子大学 文学部南棟 S218・記念館
〒630-8506 奈良市北魚屋西町
URL <http://gi.ics.nara-wu.ac.jp/JAMB2003/>

9 月 20 日 (土)

10:00 - 12:00	数理生物懇談会総会	S218
13:00 - 13:50	招待講演	S218
14:00 - 15:55	一般講演 7 件	S218
16:00 - 18:00	ポスター発表 P01 - P27	記念館
18:30 -	懇親会	奈良女子大学生協

9 月 21 日 (日)

9:00 - 12:30	企画シンポジウム Recent Topics on Mathematical Methods to Biological Systems	S218
13:30 - 18:40	一般講演 18 件	S218

9 月 22 日 (月)

9:00 - 11:20	企画シンポジウム Bioinformatics の最前線	S218
11:30 - 12:30	一般講演 4 件	S218
13:30 - 18:40	一般講演 18 件	S218

詳しくはシンポジウムプログラムをご覧ください。

S218 : 文学部南棟 2 階階段教室
記念館 : 奈良女子大学記念館

奈良女子大学へのご案内

近鉄奈良駅より徒歩 5 分もしくは JR 奈良駅より徒歩 20 分

京都から

近鉄京都線で近鉄奈良駅まで特急約 35 分急行 45 分+徒歩約 5 分

新大阪から

JR 東海道本線で大阪駅へ、JR 大阪環状線（外回り）で鶴橋へ、近鉄奈良線（快急・急行）で近鉄奈良まで約 60 分+徒歩約 5 分

大阪から

JR 大阪環状線（外回り）で鶴橋へ、近鉄奈良線（快急・急行）で近鉄奈良まで約 50 分+徒歩約 5 分

難波から

近鉄奈良線（快急・急行）で近鉄奈良まで約 35 分+徒歩約 5 分

天王寺から

JR 大和路快速で JR 奈良駅まで約 30 分+バス 5 分+徒歩約 5 分

JR 大阪環状線（内回り）で鶴橋へ、近鉄奈良線（快急・急行）で近鉄奈良まで約 45 分+徒歩約 5 分

大阪空港から

空港バスで近鉄奈良駅まで約 60 分+徒歩約 5 分

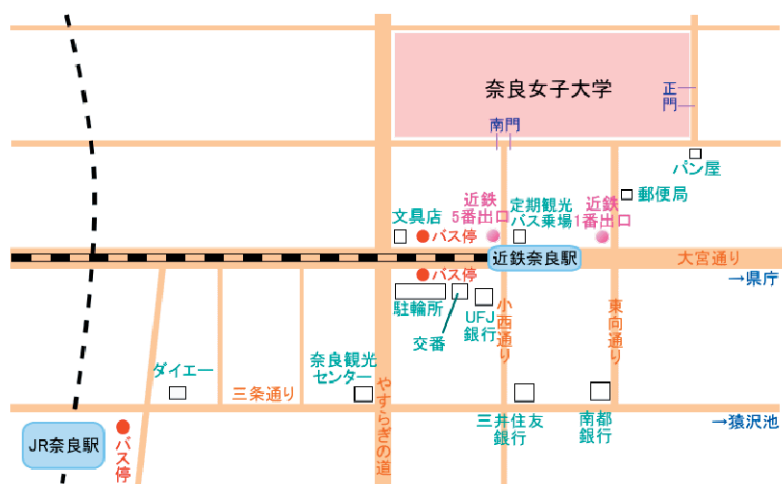
空港バスで難波へ、近鉄奈良線（快急・急行）で近鉄奈良まで約 70 分+徒歩約 5 分

関西空港から

空港バスで近鉄奈良駅まで約 80 分+徒歩約 5 分

南海空港急行で難波へ、近鉄奈良線（快急・急行）で近鉄奈良まで約 110 分+徒歩約 5 分

JR 関空快速で天王寺へ、JR 大阪環状線（内回り）で鶴橋へ、近鉄奈良線（快急・急行）で近鉄奈良まで約 100 分+徒歩約 5 分



奈良の宿泊について

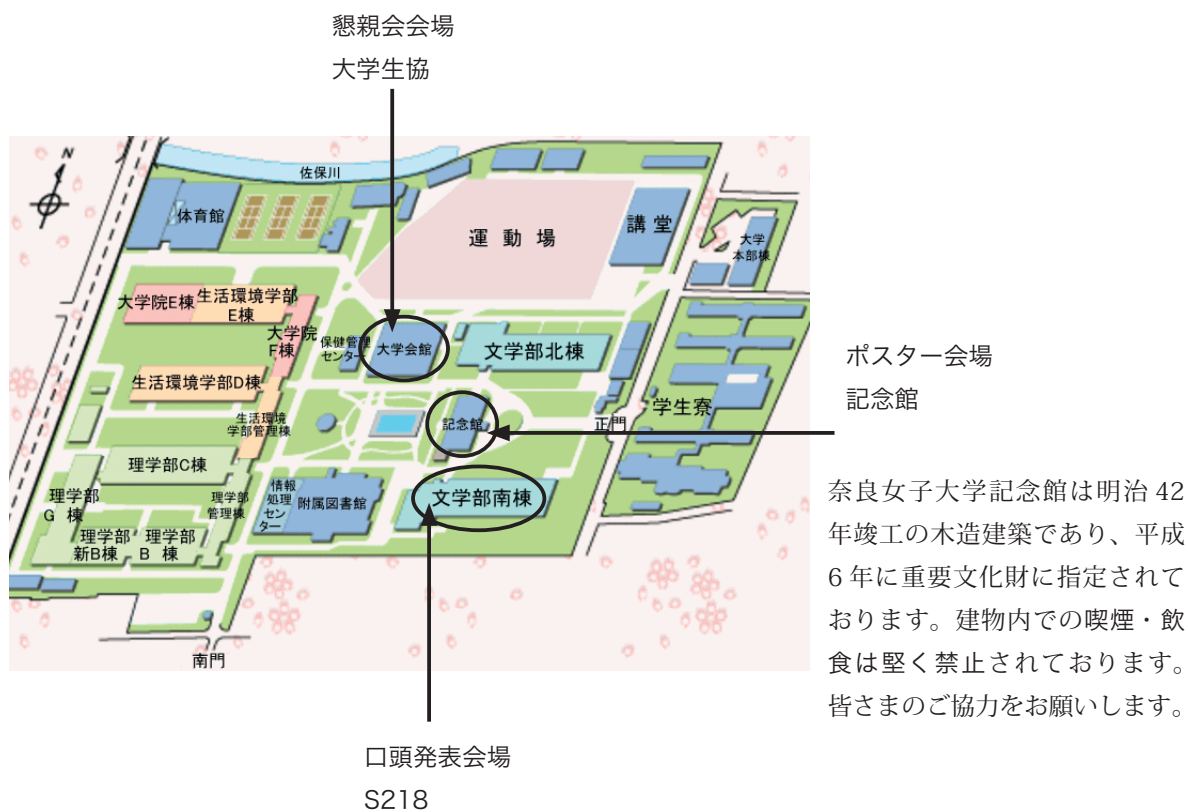
奈良女子大学近辺には、観光ホテル、ビジネスホテル、旅館などが数多くあります。シンポジウム開催期間は連休が含まれることもあり、観光地奈良の宿は相当混みあうことが予想されます。シンポジウム参加者で奈良に宿泊予定の方は、早めの宿の確保を各自お願いします。

奈良女子大学は近鉄奈良駅から歩いて 5 分です。JR 奈良駅からは徒歩 20 分です。いずれの駅の近くにも、いろいろな宿があります。また飲食店も程々にあります。宿を探される方は、1) 近鉄奈良駅近辺、2) JR 奈良駅近辺、の順に探されることをお勧めします。近鉄奈良線の大宮駅（近鉄奈良駅から 1 駅 3 分）近辺にもいくつかビジネスホテルが有ります。

ほとんどの宿はインターネット経由で予約可能です。旅行代理店を通さずとも簡単に予約できるので、宿泊予定の方は早めの宿の確保をお願いします。

シンポジウム会場のご案内

シンポジウムは2つの会場で行います。招待講演・企画シンポジウム・一般講演・総会は、文学部南棟2階階段教室 S218、ポスター発表は、奈良女子大学記念館で行います。2つの会場は歩いて30秒で移動可能です。初日夕方の懇親会は大学会館1階の奈良女子大学生協で行います。人数把握のため参加予定の方は、大会2週間前までにシンポジウム事務局まで御一報ください。



第13回数理生物学シンポジウムに関する連絡・問い合わせ先

〒630-8506
奈良市北魚屋西町
奈良女子大学理学部情報科学科 自然情報学講座(2) 気付

数理生物学懇談会事務局 シンポジウム係り 高橋 智
Tel & Fax: 0742-20-3442
E-mail: takahasi@lisboa.ics.nara-wu.ac.jp

数理生物学懇談会事務局 ニュースレター編集係り 高須 夫悟
Tel & Fax: 0742-20-3983
E-mail: takasu@ics.nara-wu.ac.jp

数理生物学懇談会事務局 事務局長 重定 南奈子
Tel & Fax: 0742-20-3438
E-mail: sigesada@ics.nara-wu.ac.jp

第13回数理生物学シンポジウムプログラム

2003年9月20日(土) - 22日(月)

奈良女子大学 文学部南棟 S218・記念館

〒630-8506 奈良市北魚屋西町

9月20日(土)

10:00 - 12:00	数理生物懇談会総会	会場 S218
12:00 -	昼食	
13:00 - 13:50	招待講演	会場 S218
	Rob de Boer (Utrecht, Netherland)	MHC polymorphism and peptide diversity
13:50	休憩	
14:00 - 15:55	一般講演	会場 S218
14:00	巖佐庸(九大・理), F. Michor, M.A. Nowak (IAS, Princeton), S.A. Frank (U.C.Irvine)	体内での進化としての発ガン過程: 染色体不安定性の役割についての数理的解析 - Somatic Evolution of Cancer
14:15	望月敦史(基礎生物学研究所)	Switchingする遺伝子が作るネットワークの一般的性質
14:30	首藤絵美(九大・理), 巖佐庸(九大・理)	Dynamic Optimization of Defense, Immune Memory, and Pathogens Remaining in the Host Body
14:45	鈴木秀明(ATR), 小野直亮(ATR)	プロトセルにおけるゲノムの保存について-人工化学のモデルを用いて-
15:00	休憩	
15:10	川口勇生(九大・理), 佐々木顕(九大・理)	How is the phylogenetic tree of the pathogen reflected by the epidemiological parameter?
15:25	梶原毅(岡大・環境理工)・井内琢磨(岡大・自然科学)	時間遅れのある感染症数理モデルについて
15:40	稲葉寿(東大・数理)	年齢構造をもつ HIV/AIDS モデルの定常解の分岐について
15:55	休憩	

16:00 - 18:00	ポスター発表	会場 記念館
P01	松本 昌之 (静大・工), 竹内 康博 (静大・工)	年齢構成を持つ捕食者・被食者差分方程式系の解析
P02	城前 毅 (静大・工), 竹内 康博 (静大・工)	有性個体群と無性個体群の共存についての解析
P03	鈴木 良明 (静大・工), 竹内 康博 (静大・工)	Dimitrova-Vitanov モデルの数値解析
P04	難波 利幸 (大阪女子大・理), 佐藤 知佳子 (大阪女子大・理) (Toshiyuki Namba and Chikako Sato)	雑食と食物連鎖の安定性: 平衡状態における食物連鎖の長さ - Omnivory and stability of food chains: Length of food chains in equilibrium
P05	中岡 慎治 (大阪府大・工)	タイムラグを考慮した体内時計モデルの解析
P06	守田 智 (静大・工), 伊藤 悠 (静大・工), 泰中 啓一 (静大・工)	2種生態系の格子モデルでみられる確率振動の解析
P07	緒方 直美 (広大・理), 瀬野 裕美 (広大・理)	パッチ状環境内での移住における好みの効果を導入した個体群動態モデル - Population dynamics introduced the effect of biased migration in patchy environment
P08	山田 聡美 (奈良女・人間文化)	探索効率を巡る Host と Parasite の共進化
P09	大場 明美 (奈良女・人間文化)	遺伝子組み換え作物から雑草類緑種への遺伝子伝達の数理モデル
P10	入江 治行 (広大・情報メディア教育研究センター)	干潟生態系の個体数変化
P11	井上 聡 (埼玉工大・工)	3次元ライフゲームにおける静動収束解判別法
P12	宇佐見 義之 (神奈川大・工)	首長竜の泳ぎ方・人工生命の泳ぎ方
P13	稲田 喜信 (科学技術振興事業団), 河内 啓二 (東大・工), 劉 浩 (千葉大・工)	魚群行動の接近性と平行性に基づく群運動モデルの研究
P14	手老 篤史 (北大・理), 小林 亮 (北大・電子科学研究所), 中垣 俊之 (北大・電子科学研究所)	非線型結合振動子系による細胞行動のシミュレーション
P15	Hirokazu Tozaki (国立遺伝学研究所), Tatsumi Hirata (国立遺伝学研究所)	Theoretical Consideration of Olfactory Axon Targeting with an Activity-Dependent Neural Network Model
P16	平松 崇 (電通大・量子・物性工学)	視覚系での物体のカテゴリ認識における予測信号の役割
P17	藤原 左知子 (奈良女・人間文化), 和田 昌昭 (奈良女・理), 横山 いずみ (奈良女・人間文化)	DeltaViewer におけるマーキングキューブズ法による立体構築
P18	横山 いずみ (奈良女・人間文化), 和田 昌昭 (奈良女・理), 藤原 左知子 (奈良女・人間文化)	DeltaViewer の範囲選択方法の改良
P19	François G. Feugier (Univ. Pierre et Marie Curie, France)	Response of Plasmodium falciparum to different antipalludic treatments: implications for the evolution of resistance.
P20	土居 雅広 (放射線医学総合研究所)	個体ベースモデルを用いた微生物群集への放射線照射のインパクト解析の試み
P21	狐崎 創 (奈良女・人間文化)	棒状バクテリアが作るバクテリアコロニーの時空カオスパターンについて
P22	謝 孟春 (和歌山工専), 稗田 拓路 (和歌山工専)	海洋汚染と浄化の数理モデル解析
P23	三村 幸枝 (奈良女・人間文化)	茨城県におけるマツ枯れの飛び火的伝播に関する数理モデリング-防除効果の検討-
P24	向野 千尋 (同大・工), 川崎 廣吉 (同大・工)	セルオートマトンモデルによる侵入生物の分布域拡大-分布域の先端パターンと拡大速度-
P25	木村 美紀 (奈良女・人間文化)	侵入生物の時・空間パターンに関する確率論的研究
P26	杵崎 のり子 (奈良女・人間文化)	ランダムなパッチ状環境における侵入速度に関する数理的研究
P27	大竹 洋平 (東大・新領域創成)	囚人のジレンマゲームによる協利行動の進化について
18:30	懇親会	奈良女子大学生協

9月21日(日曜)

9:00 - 12:30	企画シンポジウム	会場 S218
	コーディネータ:三村 昌泰(広大・理)	「Recent Topics on Mathematical Methods to Biological Systems」
	Jacques Demongeot (Univ. Joseph Fourier Grenoble, France)	T. B. A.
	西浦 廉政(北大・電子科学研究所)	Role of Transient Dynamics in Pattern Formation Problem
	太田 隆夫(広大・理)	Pulse Dynamics in Excitable Reaction-Diffusion Systems with Random Stimuli
	柳田 英二(東北大・数)	On Diffusion Process on a Thin Domain
12:30	昼食	
13:30 - 18:40	一般講演	会場 S218
13:30	松田 博嗣(九大・名誉教授), 石井 一成(名大・理)	分子進化の中立説をどう乗り越えるか-新総合説に向けて-
13:45	犬塚 裕樹(久留米大・医), ○石井 一成(名大・理)	分子時計の現象論-ホットタイムモデル-
14:00	能登原 盛弘(名古屋市大・システム自然科学)	Structured Coalescent Process と遺伝的多様性
14:15	関村 利朗(中部・応用生物)	オスジロアゲハ (Papilio dardanus) の翅のカラーパターン形成
14:30	休憩	
14:40	岩永 亜紀子(九大・理), 佐々木 顕(九大・理)	Modelling plant virus cell-to-cell movement and plant apoptotic defence
14:55	三木 健(京大・理)	変動環境下でのバクテリアの休眠戦略と炭素循環
15:10	谷内 茂雄(地球研)	溶存酸素濃度を基礎とした湖沼生態系の環境容量評価と応答モデルの構築
15:25	休憩	
15:35	中島 久男(立命館・理工), 吉山 浩平(立命館・理工)	植物プランクトンの鉛直分布におけるキャタストロフ
15:50	長浜 佐知子(立命館・理工), 中島 久男(立命館・理工), 高村 典子(国立環境研)	湖沼における植物プランクトンと沈水植物のCatastrophic な遷移に関する数理モデルによる解析
16:05	大金 邦成(産業技術総合研究所), 柴伸一郎(横浜市大)	周期運動における神経自励活動と時間遅れとの自己組織的制御
16:20	黄 善強(電通大・情報システム)	音源定位のための脳内マップの神経ネットワークモデル
15:35	休憩	
16:45	杉本 武政(電通大・情報システム)	コウモリのエコーロケーションにおける標的距離検知のための“egocentric selection”の神経機構
17:00	藤田 一寿(電通大・情報システム)	電気魚のエレクトロロケーションにおける物体検知の神経モデル
17:15	鈴木 信之(電通大・情報システム)	視覚の物体形状認識経路における予測による認識を実現するニューラルネットワークモデル
17:30	休憩	
17:40	丹羽 洋智(水産工学研究所)	魚群サイズ分布のスケーリング則
17:55	間崎 圭一郎(静大・工), 竹内 康博(静大・工)	プランクトンの逆襲を考慮した差分方程式
18:10	齋藤 保久(静大・工), 竹内 康博(静大・工)	魚食性プランクトンの逆襲モデル
18:25	若野 友一郎(東大・理)	急成長効果による共食い多形の維持メカニズム

9月22日(月曜)

9:00 - 11:20	企画シンポジウム	会場 S218
	コーディネータ: 望月 敦史 (基礎生物学研究所)	「Bioinformatics の最前線」
	中井 謙太 (東大・医科学研究所)	ゲノム情報科学の現状
	藤 博幸 (京大・化学研究所)	タンパク質機能解析の新しい流れ
	阿久津 達也 (京大・化学研究所)	タンパク質相互作用推定のためのアルゴリズム
11:20	休憩	
11:30 - 12:30	一般講演	会場 S218
11:30	遠矢 周作 (基礎生物学研究所)	葉脈パターン形成の新しいモデル
11:45	藤田 浩徳 (基礎生物学研究所), 望月 敦史 (基礎生物学研究所)	オーキシフラックスと輸送蛋白質局在のフィードバックによる葉脈形態形成
12:00	Takahiro IRIE (九大・理), Yoh IWASA (九大・理)	Geographic Variation of Shell Morphology in Cowries (Genus Cypraea): Theoretical and Empirical Approaches
12:15	Gen Kurosawa (九大・理), Yoh Iwasa (九大・理)	Theoretical Study of Period in Circadian Rhythm
12:30	昼食	
13:30 - 18:40	一般講演	会場 S218
13:30	加茂 将史 (九大・理), 佐々木 颯 (九大・理)	Evolution towards periodicity
13:45	宮田 進, ○佐々木 徹 (岡山大・環境理工)	バクテリアコロニーモデルの漸近解析について
14:00	瀬野 裕美 (広大・理)	拡散する競争2種の相互作用の時間間欠性による相互侵入 - Temporally Intermittent Interaction Allows Mutual Invasion of Competing Two Species Dispersing in Space
14:15	今 隆助 (静大・工)	環境変動に伴う平均個体数の減少: 1次元差分方程式の場合
14:30	休憩	
14:40	中桐 齊之 (静大・情報), 安田 泰輔, 塩見 正衛, 鈴木 崇徳, 吉村 仁	モデル生態系における局所的共存
14:55	時田 恵一郎 (阪大・サイバーメディアセンター)	ランダム群集モデルにおける種の豊富さのパターンの統計力学
15:10	立川 正志 (名大・理)	ヘテロクリニックサイクルがもたらす空間パターン
15:25	休憩	
15:35	高松 敦子 (科技団さきがけ), 田中 玲子 (カルテック), 藤井 輝夫 (東大・生研)	鎖状粘菌結合振動子系における隠れた時空間対称パターン
15:50	小林 徹也 (東大・新領域創成)	遺伝子ネットワークにおける揺らぎのネットワーク解析
16:05	榎森 与志喜 (電通大・量子・物質工学)	原始人間社会における統語的言語創発のシミュレーション
16:20	鎌田 栄悟 (電通大・情報システム)	ゴミのポイ捨てにみる共有資源の悲劇への評判の効果
16:35	休憩	
16:45	鄭 美紅 (電通大・量子・物性工学), 星野 修 (大分大・福祉環境工学), 榎森 与志喜 (電通大・量子・物性工学), 神原 武志 (電通大・量子・物性工学)	災害時における集団行動への個人行動の影響
17:00	榎本 正	トライアルエラー生産量調整と正規分布
17:15	武田 裕彦 (九大・理)	マウスを『データ構造』として利用する
17:30	休憩	
17:40	大槻 久 (九大・理)	Reactive strategies in indirect reciprocity
17:55	Robert Schlicht (九大・理), Yoh Iwasa (九大・理)	Stochastic lattice models in spatial ecology - application to forest canopy height
18:10	丸谷 照彦 (関学・経済)	Modified Models of Optimal Forest Thinning and Clearcutting
18:25	横溝 裕行 (九大・理), P. Haccou, Y. Iwasa	Multiple Year Optimization of Conservation Effort and Assessment of Population Size

MHC polymorphism and peptide diversity

Rob de Boer (Theoretical Biology, Utrecht, Holland)

The genes encoding the major histocompatibility (MHC) molecules are among the most polymorphic genes known in vertebrates. Since MHC molecules play an important role in the induction of immune responses, this polymorphism is probably due to selection for increased protection of hosts against pathogens. In contrast to the large population diversity of MHC molecules, each individual expresses only a limited number of different MHC molecules. This is widely believed to represent a trade-off between maximizing the detection of foreign antigens, and minimizing the loss of T cell clones during self tolerance induction in the thymus.

Here we review three theoretical models that we have developed to study the diversity of MHC molecules, both at the individual and at the population level. We have found that thymic selection does not limit the individual MHC diversity. Expression of extra MHC types decreases the number of clones surviving negative selection, but increases the number of positively selected clones. The net effect is that the number of clones in the functional T cell repertoire would increase if the MHC diversity within an individual were to exceed its normal value.

It has been proposed that the large population diversity of the MHC is due to selection favouring MHC heterozygosity. Since MHC heterozygous individuals can present more peptides to the immune system, they are better protected against infections than MHC homozygous individuals. Using a population genetics model, we found however that this heterozygote advantage is insufficient to explain the large degree of MHC polymorphism found in nature. Only if all MHC alleles in the population were to confer unrealistically similar fitness contributions to their hosts, could heterozygote advantage account for an MHC polymorphism of more than ten alleles. Thus, additional selection pressures seem to be involved. Using a computer simulation model we found that frequency-dependent selection by host-pathogen coevolution provides such an additional selection pressure that can account for realistic polymorphisms of the MHC. The polymorphism of the MHC thus seems a result of host-pathogen coevolution, giving rise to a large population diversity despite the limited degree of MHC diversity within individuals.

Somatic Evolution of Cancer

Yoh Iwasa(Department of Biology, Kyushu University, Japan), Franziska Michor, Martin A. Nowak (Harvard Univ.), Steve A. Frank (U.C. Irvine) yiwasscb@mbox.nc.kyushu-u.ac.jp

体内での進化としての発ガン過程：染色体不安定性の役割についての数理的解析

巖佐 庸 (九大・理), F. Michor, M.A. Nowak (IAS, Princeton), S.A. Frank (U.C.Irvine)

Cancer progression is somatic evolution. Stem cells in skin or intestinal epithelia keep dividing. After many years, some cells accumulate multiple mutations of key genes, finally giving rise to cells that proliferate without being checked by immune system, causing cancer. The risk of cancer depends on the reproductive rate of cells of intermediate mutants (somatic selection), mutation rate, and the population size.

[1] Chromosomal instability (CIN) is a defining characteristic of most human cancers. Mutation of CIN genes increases the probability that whole chromosomes or large fractions of chromosomes are gained or lost during cell division. The consequence of CIN is an imbalance in the number of chromosomes per cell (aneuploidy) and an enhanced rate of loss of heterozygosity (LOH). We develop a mathematical framework for studying the effect of CIN on the somatic evolution of cancer. Specifically, we calculate the conditions for CIN to initiate the process of colorectal tumorigenesis prior to the inactivation of tumor suppressor genes.

[2] Many epithelial tissues are separated into many compartments. Also there is a clear separation of stem cells that keep dividing and differentiated cells that will be discarded after a finite number of cell division. We examine the role of tissue architecture in reducing the risk of cancer initiation. We also discuss their effect to the age-specificity of cancer incidence.

To formulate these problems, we derived new formulas for the fixation of the second or third mutation without fixation of the intermediate mutants (stochastic tunnels).

Switching する遺伝子を作るネットワークの一般的性質

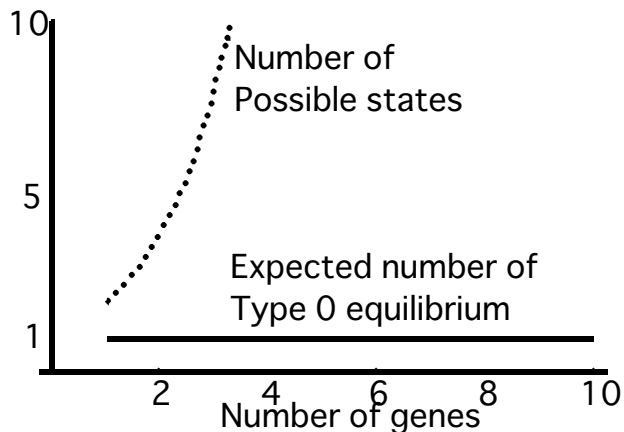
Number of cell states does not depend on number of genes

望月 敦史 (基礎生物学研究所・情報生物学研究センター)

MOCHIZUKI Atsushi (National Institute for Basic Biology)

遺伝子の発現は、転写調節因子のそれぞれが存在するか否かの組み合わせによって厳密にコントロールされており、いわば発現調節領域において論理計算が行われている。発生過程においてこのような遺伝子が多数相互作用する結果、複雑な体制や多様な細胞分化状態が実現されると考えられる。遺伝子ネットワークを一般的に扱える常微分方程式モデルを考え、解析した。各遺伝子の発現レベルの高低によって多数の発現状態が考えられるが、それぞれの状態に対して各遺伝子が発現レベルを切り替えできるとした。このような複雑なネットワークの解析は困難だが、今回主要な平衡状態を分類し、解析することができた。さらに、ランダムに構成されたネットワークにおける各タイプの平衡状態数の期待値を厳密解として得ることができた。その結果、次のような結果を得た。(1) 平衡状態(分化状態)の期待値は遺伝子数に依存せず非常に小さい。(2) 一つの遺伝子に作用する他の遺伝子の数にも依存しない。むしろ(3) 平衡状態の数は自分自身を転写調節する遺伝子の数によって増加する、と分かった。つまり、進化の過程における遺伝子数の増加は、体制の複雑化の直接の原因ではない。

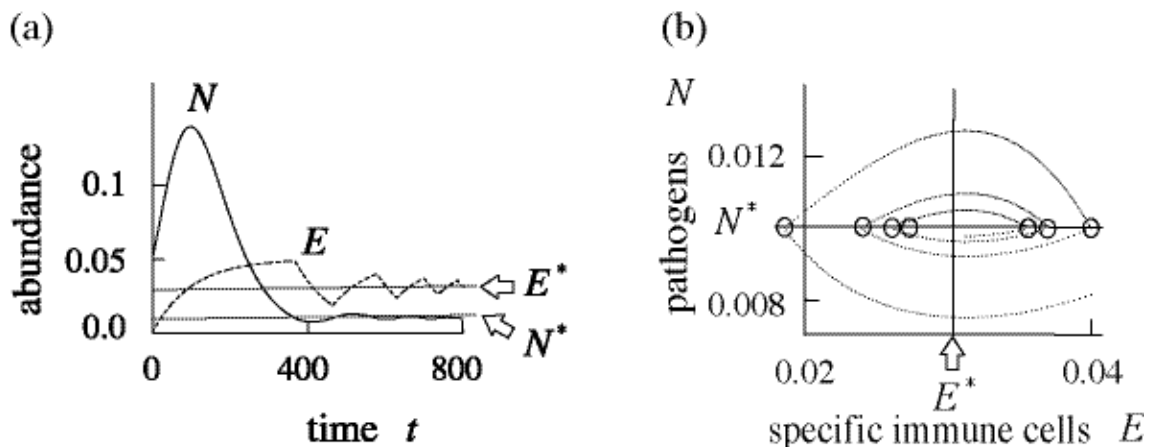
Gene expression level is under strict regulation controlled by the level of transcriptional factors. A gene network, which consists of such logic functions of genes, gives rise to various states of cells or differentiated cells in body of multi-cellular organization. I developed a dynamical model for gene networks that include lots of genes of logical behavior. I could analyze the equilibrium states of this complex system. The equilibrium correspond to states of cells. The expected number of equilibrium of randomly generated network could be determined strictly. I found that (1) the expected number of equilibrium does not depend on number of genes, (2) nor number of other input genes. It means that increase of genes does not directly cause the complexity of the body.



Dynamic optimization of defense, immune memory, and pathogens remaining in the host body.

Emi Shudo and Yoh Iwasa (Dept. Biol., Kyushu Univ., Fukuoka, Japan)

When attacked by pathogens, higher vertebrates produce specific immune cells that fight against them. We study the host's optimal schedule of specific immune cell production. The damage caused by the pathogen increases with the pathogen abundance in the host integrated over time. On the other hand, specific immune cell production requires a cost, including not only the production and maintenance of these cells but also the harm to the host's body caused by immune activity. The optimal strategy of the host is the one that minimizes the total cost, defined as a weighted sum of the damage caused by pathogens and the cost caused by the specific immune cells. The problem is solved both by Pontryagin's maximum principle and by dynamic programming. The optimal defense schedule is typically as follows: In an initial phase after infection, immune cells are produced at the fastest possible rate. The abundance of pathogen increases temporarily but becomes suppressed eventually, see Fig. (a). When the pathogen abundance is suppressed to a sufficiently low level ($N = N^*$), the immune cell number decreases and converges to a low steady level ($E = E^*$), which is maintained by alternating switches between fastest production and no production, see Fig. (b). We examine the effect of time delay required to have fully active immune cells by comparing cases with different number of rate limiting steps before producing immune cells. We also discuss the role of immune memory based on the result of the optimal immune reaction.



Open circles show switching points where \hat{u} , the optimal production rate (before moving average), changes from 1 to 0, or from 0 to 1.

On the Conservation of Genome in Proto-cells – Replicator Equation Analyses

プロトセルにおけるゲノムの保存について—レプリケータ方程式による解析

Hideaki Suzuki (鈴木秀明)

Naoaki Ono (小野直亮)

ATR Human Information Science Laboratories (ATR人間情報科学研究所)

<http://www.his.atr.co.jp/~hsuzuki,nono>

Segregation instability of many chromosomes responsible for metabolic reactivity in a proto-cell is studied. Metabolic models with two-, four-, or six-chromosome for the replication and translation of genetic information are considered. During cell division cycles that distribute inner molecules equally to the two daughter cells, a ‘defective’ cell can be created, and cells with a complete set of molecular species are made compete with those cells under a cellular selection scheme. From replicator equation analyses, it is shown that even under the cell selection pressure, ‘complete’ cells including six chromosomes hardly conserve the molecular species set and become extinct from the population.

複数の染色体にコードされたゲノムが細胞分裂を通して受け継がれていく様子をレプリケータ方程式を使って調べた。遺伝情報の複製と翻訳を行なう代謝モデルを設定し、それを支える染色体が2種、4種、および6種で構成される場合を考える。細胞淘汰を考慮に入れた数値実験の結果、染色体の数が増えるにつれて、細胞分裂を通してゲノムが保存される確率は急激に減少し、完全な分子種を持つ細胞は絶滅してしまうことがわかった。

Keywords: *segregational instability, stochastic corrector model, replicator equation, cell selection*

The main difficulty for the conservation of a complete replicator set is in a growth rate difference between replicators. If two (or more) replicators with exponential growth rate have different lengths and, as a consequence, have different growth rates, the fastest replicator will swiftly use up the resources in a cell and the cell will converge to a state in which the fastest replicator occupies the cell and the other slower replicators are extinct.

To overcome this difficulty, biologists have argued that the existence of the complementary chain of a replicator inhibits the exponential growth of the replicator (the parabolic growth model [4, 3]), autocatalytic network between catalytic replicators (ribozymes) makes each replicator indispensable for the others (the hypercycle model [1]), or the intercellular selection which eliminates cells without necessary replicators helps conserve cells with a complete set of replicators (the stochastic corrector model [2, 3]). Among these models, the most relevant to this paper is the stochastic corrector model.

To study the possibility of conserving multiple replicators with exponential growth rates and clarify the condition that makes the stochastic corrector model (cell selection model) valid for artificial proto-cells with multiple chromosomes, the present paper conducts a series of experiments on a set of replicator equations representing the replication and translation of genetic information. Cell selection is also incorporated with an explicit method (that uses a population of cells with inte-

ger molecule numbers) or an implicit method (that calculates average molecule numbers in a cell), and saturated values for the molecule numbers and the probability of a complete molecule set being transmitted from mother to daughters are examined. From several experiments using different replicator equation parameters, it is concluded that a complete set of six or more chromosomes with different replication rates might be hardly conserved over the cycles of cell division that is triggered by the growth of the molecule number in a cell.

This study was supported by the Telecommunications Advancement Organization of Japan and Doshisha University’s Research Promotion Funds.

References

- [1] Eigen, M., Schuster, P.: The Hypercycle - A Principle of Natural Self-Organization. Springer-Verlag, Berlin (1979)
- [2] Szathmáry, E., Demeter, L.: Group selection of early replicators and the origin of life. *J. theor. Biol.* **128** (1987) 463-486
- [3] Szathmáry, E., Maynard-Smith, J.: From replicators to reproducers: the first major transitions leading to life. *J. theor. Biol.* **187** (1997) 555-571
- [4] von Kiedrowski, G.: Minimal replicator theory I: Parabolic versus exponential growth. In: *Bioorganic Chemistry Frontiers* **3** Berlin, Heidelberg (1993) 115-146

How is the phylogenetic tree of the pathogen reflected by the epidemiological parameter?

Isao Kawaguchi and Akira Sasaki
Department of Biology, Faculty of Science, Kyushu University

Now that an enormous number of nucleotide sequences become available for the viruses and infectious bacteria which has been causing the major epidemiological outbreaks in human. The phylogenetic relationships found within a species or a quasispecies of such pathogens vary greatly from pathogen to pathogen, which would be an important reflector of their epidemiological and microevolutionary dynamics. For example, the measles viruses are highly homogeneous for a long time and the most subtypes are diverged only recently; the quasispecies of influenza A viruses forms the 'main-stem' type phylogenetic tree – new serotypes are continuously derived each year but the tree drawn for the variants sampled over a few decades collapse into a single trunk; the dengue virus quasispecies consists of 4 distantly related subtypes, which has been diverged long time ago and has been coexisting since then. Quite little is known, however, on how these striking difference in tree shapes is related to the epidemiological parameters like transmission rate, virulence, and recovery rate, and to the population genetical parameters.

We consider a finite number N of host individuals and $m = 2^n$ of viral serotypes defined by the binary epitope sequence of length n . The immunological status of a host to each strain of the pathogen may change from S (susceptible) to I (infected and infectious), and from I to R (recovered and immune). We also take into account the coinfection by multiple strains and the cross immunity between pathogen strains. We allow the mutation at each site of the epitope sequence, and hence keep track of the microevolutionary change of the pathogen serotypes.

In this study, we generated phylogenetic trees from the simulation, and applied the statistics that can well characterize the tree shape, and then analyzed how trees are related to the epidemiological and genetical parameters.

時間遅れのある感染症数理モデルについて

梶原 毅、井内琢磨
(岡山大学環境理工学部、 岡山大学自然科学研究科)

HIV、ウイルス性肝炎、マラリアなどの感染症の体内におけるダイナミクスは数個の変数をもつ常微分方程式で記述され、多くの研究がなされてきた。病態の推移を考えると、全ての成分が正であるような、内部平衡点の安定性が重要である。一方、病気のダイナミクスにおいては種々の理由による時間遅れが存在する。本発表においては、2種類の時間遅れが内部平衡点の安定性にどのような影響をおよぼすかについて考察する。

[1]において、次の方程式の内部平衡点の安定性が考察された。

$$\begin{aligned}\frac{dx}{dt} &= \lambda - \mu x - \beta x s, \\ \frac{dy}{dt} &= \beta x s - \alpha y, \\ \frac{ds}{dt} &= \alpha r y - ds - q s T, \\ \frac{dT}{dt} &= \gamma s T - a T.\end{aligned}\tag{1}$$

ここで x は未感染細胞、 y は感染細胞、 s は病原体、 T は免疫細胞を表す。全てのパラメータは正である。[1]においては数式処理ソフトウェアを用いて、[2]においてはそれを用いることなく、上記(1)の内部平衡点は存在する限り漸近安定であることが示された。

上記モデルでは各段階の時間遅れは考えられていないが、これに対して本講演では免疫系が刺激されてから実際に免疫細胞が分泌されるまでの時間遅れ、また病原体が未感染細胞に浸入してから細胞を破壊するまでの時間遅れをそれぞれ採り入れたモデルを考え、内部平衡点の安定性を考察した。その結果、免疫系の時間遅れは内部平衡点の安定性に影響を与え、ホップ分岐をおこして周期振動を起し得ることがわかった。それに対して、細胞内の時間遅れは内部平衡点の安定性に影響を与えにくいことがわかった。

References

- [1] Murase A. Sasaki T. and Kajiwara T., Stability analysis of pathogen-immune interaction dynamics, submitted
- [2] Kajiwara T. Sasaki T., A note on the stability analysis of pathogen-immune interaction dynamics, submitted

年齢構造をもつHIV/AIDSモデルの定常解の分岐について

稲葉 寿 (東京大学大学院数理科学研究科)

年齢構造をもつ同性人口集団におけるHIV/AIDSの流行モデルを考察する。 $S(t, a)$ を a 歳の感受性人口密度、 $I(t, \tau; a)$ は a 歳で感染して、 τ 時間AIDS未発症で感染状態にいる感染者密度、 $A(t, \tau; a)$ は a 歳で発症したAIDS患者で発症からの経過時間が τ であるものの密度である。 $\mu(a)$ は自然死亡率、 $\gamma(\tau; a)$ はAIDS発症率、 $\delta(\tau; a)$ はAIDSによる死亡率、 B を感受性人口の出生率とすると、モデルは以下のようなになる：

$$\left(\frac{\partial}{\partial t} + \frac{\partial}{\partial a}\right) S(t, a) = -(\mu(a) + \lambda(t, a))S(t, a),$$

$$\left(\frac{\partial}{\partial t} + \frac{\partial}{\partial \tau}\right) I(t, \tau; a) = -(\mu(a + \tau) + \gamma(\tau; a))I(t, \tau; a),$$

$$\left(\frac{\partial}{\partial t} + \frac{\partial}{\partial \tau}\right) A(t, \tau; a) = -(\mu(a + \tau) + \delta(\tau; a))A(t, \tau; a),$$

$$S(t, 0) = B, \quad I(t, 0; a) = \lambda(t, a)S(t, a),$$

$$A(t, 0; a) = \int_0^a \gamma(\tau; a - \tau)I(t, \tau; a - \tau)d\tau.$$

ただしここで $\lambda(t, a)$ は感染力であり、以下のように与えられる：

$$\lambda(t, a) = \frac{C(P(t))}{P(t)} \int_0^\omega \int_0^b \beta(a, b, \tau)I(t, \tau; b - \tau)d\tau db.$$

β は感染率、 $P(t)$ は性的にアクティヴな人口の密度で、感受性人口と未発症の感染人口の和である。 $C(P)$ は密度 P の人口における単位時間あたりの接触頻度を与える関数である。本報告ではこのモデルの侵入条件を示し、定常解の存在と分岐、その安定性を考える。特に $C(P)$ に依存して、後退分岐が得られることを示す。これは基本再生産数が1以下でも流行が抑止できない可能性を示す点で重要である。

齢構成を持つ捕食者・被食者差分方程式系の解析
 静岡大学大学院理工学研究科 松本昌之 (Masayuki Matsumoto)
 静岡大学工学部 竹内康博 (Yasuhiro Takeuchi)

$$1 + trJ + \det J > 0$$

$$1 - \det J > 0$$

概要

齢構成を持つ捕食者・被食者の個体数の変化に関するモデルを扱う。基本的なモデルを示したあと、それぞれの種に齢構成を持たせたモデルについて考察する。

モデル

世代 i ($i = 1, 2$) の捕食者、被食者の繁殖率をそれぞれ F_i, G_i とする。また、 P, Q を生存率とする。時刻 t での被食者の個体数を $x_i(t)$ 、捕食者の個体数を $y_i(t)$ とする。

被食者が齢構成を持つモデル

$$x_1(t+1) = \sum_{i=1}^2 F_i e^{-(x(t)+\beta_1 y(t))} x_i(t)$$

$$x_2(t+1) = P x_1(t)$$

$$y(t+1) = G e^{-y(t)} (1 - e^{-\beta_2 x(t)}) y(t)$$

捕食者が齢構成を持つモデル

$$x(t+1) = F e^{-(x(t)+\beta_1 y(t))} x(t)$$

$$y_1(t+1) = \sum_{i=1}^2 G_i e^{-y(t)} (1 - e^{-\beta_2 x(t)}) y_i(t)$$

$$y_2(t+1) = Q y_1(t)$$

ここで、 $x = x_1 + x_2, y = y_1 + y_2$
 基本モデルは齢構成を持ったモデルの x_1, y_1 に 0 を代入したもの。

Jury の条件による解析

Jury の条件をモデルに適用し安定性の解析を行う。固有方程式を

$$P(\lambda) = \lambda^n + a_1 \lambda^{n-1} + \dots + a_n = 0$$

とおく。以下の条件を満たすとき、固有値の絶対値は 1 よりも小さくなる。

2次の場合 J をヤコビアンとして

$$1 - trJ + \det J > 0$$

3次の場合

$$P(1) > 0$$

$$-P(-1) > 0$$

$$|a_3| < 1$$

$$|1 - a_3^2| > |a_2 - a_3 a_1|$$

$$|(1 - a_3^2)^2 - (a_2 - a_3 a_1)^2| > |(a_1 - a_3 a_2)(1 - a_2 + a_1 a_3 - a_3^2)|$$

シミュレーション

実際にモデルの分岐図を示し、分岐の様子を Jury の条件による解析結果と比較する。

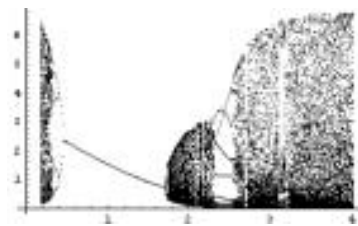


図 1: 分岐図

結論

齢構成を持つことにより、平衡点での安定性の様子が変化する。捕食者と被食者のどちらに齢構成を持たせるかによって、分岐の様子が異なる。被食者に齢構成を持たせた場合、生存率を低くすることによって小さい β での分岐が現れてくる。逆に捕食者に齢構成を持たせた場合は生存率を高くすることによって小さい β での分岐が現れる。

参考文献

[1] Arid Wikan : From chaos to chaos. An analysis of a discrete age-structured prey-predator model. J.Math.Biol.43,471-500(2001)

有性個体群と無性個体群の共存についての解析

静岡大学大学院理工学研究科 城前 毅 (Takeshi Johmae)

静岡大学工学部

竹内 康博 (Yasuhiro Takeuchi)

無性生物種は子孫を簡単に増やすことができる。それに対して有性生物種は雄と雌の2種類いなければ子孫を増やせない。その為、無性生物種に対して子孫を容易に増やす事が出来ない。また、無性生物種に比べて餌の量も多くとらなければならない。これらの点で無性生物種は、有性生物種より有利である。しかし、有性生物種にのみ食べられる餌を与える事で生存競争においての不利を補えることができる。この現象を微分方程式でモデリングしたのが次の式である。

$$\begin{aligned}\frac{dN_i}{dt} &= b_i N_i [\mathbf{C}\mathbf{S}]_i - d_i N_i \\ \frac{dS_j}{dt} &= a_j \left(1 - \frac{S_j}{K_j}\right) S_j - S_j [\mathbf{C}^T \mathbf{N}]_j\end{aligned}$$

N_i を有性生物種もしくは無性生物種 (predator), S_j を餌 (prey) の個体群密度とする。 \mathbf{C} は消費マトリックス。 \mathbf{N}, \mathbf{S} は列ベクトルである。成長率 $a_j (0 < a_j < 1)$, 出生率 $b_i (0 < b_i < 1)$, 死亡率 $d_i (0 < d_i < 1)$, 環境収容力 $K_j (0 < K_j)$ である。ここで、 N_1 を有性生物種とし、他の predator を全て無性生物種とする。その時、有性生物種の出生率 b_1 を無性生物種の出生率に対して2分の1とする。これは、有性生物種は雌しか子孫を出生する事しか出来ないためである。

捕食者が2種類（ここでは、有性生物種と無性生物種が1種類ずつ存在）と被食者が1種類存在する場合を考え、平衡点の局所的安定性を調べた。次に捕食者が2種類と被食者が2種類存在する場合を考えてみる。冒頭でも述べたように有性生物種は多くの餌を必要とする。この時、有性生物種の捕食者にのみに食べられる餌がある場合を考える。この独占できる餌を「resource refuge」とする。この場合でも平衡点の局所的安定性を調べた。

参考文献

- [1] Graeme E.Pound • C.Patrick Doncaster • and Simon J.Cox. A Lotka-Volterra Model of Coexistence between a Sexual Population and Multiple Asexual Clones. *J.theor.Biol.*(2002)217,535-545

Dimitrova-Vitanov モデルの解析

静岡大学大学院理工学研究科システム専攻

鈴木 良明 (Suzuki Yoshiaki) 竹内 康博 (Takeuchi Yasuhiro)

概要

3種での競争を示す Dimitrova-Vitanov モデルを使用し、その3種個体群がどのような競争をしていくか、またその中から見つかった面白い現象の解析を行う。式の性質を調べて、使用モデルの解の性質を考察する。

ターが出るのが分かった。準周期的なアトラクターを出すための条件を相図から探り、境界における解の振舞いについて調べた。アトラクターの形とサイズは、 α と μ には依存しているが、初期値に全く依存していないということが分かった。またこの数理モデルを利用することで、偶然にも、フラクタル図形を発見することができた。

モデル

今回使用した数理モデルは、Dimitrova と Vitanov によって作られた常微分方程式である。

$$\begin{aligned} \frac{dN_i}{dt} = r_i^0 N_i & \left\{ 1 - \sum_{j=1}^3 [\alpha_{ij}^0 - r_{ij}] N_j \right. \\ & - \sum_{j=1}^3 \sum_{l=1}^3 \alpha_{ij}^0 [\alpha_{ijl} - r_{il}] N_j N_l \\ & \left. - \sum_{j=1}^3 \sum_{k=1}^3 \sum_{l=1}^3 \alpha_{ij}^0 r_{ik} \alpha_{ijl} N_j N_k N_l \right\} \\ & (i = 1, 2, 3) \end{aligned}$$

$i = 1, 2, 3$ とし、 α_{ij}^0 を競争係数、 r_i^0 は、初期段階競争係数適応項と初期段階成長率である。 α_{ijk} 、 r_{ik} はそれぞれ i 番目の集団の初期段階競争係数適応項と、初期段階成長項である。この式が今回の原点であり、もっともシンプルな形である。この式を使いシミュレーションを行う。

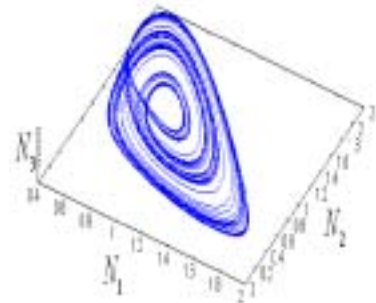


図 1: strange attractor

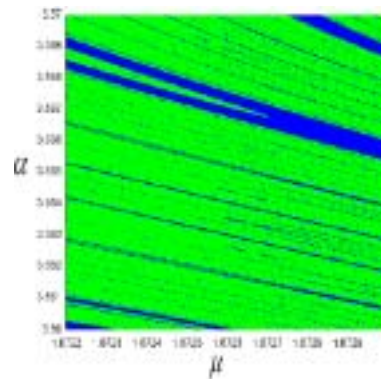


図 2: フラクタル図形

結論

Dimitrova と Vitanov によって作られた数理モデルにおける解の性質をチェックした。解の性質には、ストレンジアトラクター、収束、発散があり、その中でも様々な種類があるということも分かった。初期値やパラメータのとり方によっても解の性質が変わるので、それぞれの場合について相図を作成した。すなわち、初期値依存性グラフ、 α - μ 依存性グラフを作成した。その相図をよく見ると、ストレンジアトラクターと収束の境目では非常に綺麗なアトラク

参考文献

[1]R.M. May, W.J. Leonard:Influence of adaptation on the nonlinear dynamics of a system of competing populations,SIAM J, 29(1975)

Omnivory and Stability of Food Chains: Length of Food Chains in Equilibrium

雑食と食物連鎖の安定性：平衡状態における食物連鎖の長さ

Toshiyuki NAMBA and Chikako SATO

難波利幸・佐藤知佳子

Department of Environmental Sciences, Osaka Women's University

大阪女子大学理学部環境理学科

Pimm and Lawton (1978) studied a simple Lotka-Volterra's food chain of four trophic levels with omnivorous links, assuming existence of equilibrium. Their result that omnivory destabilizes food chains has profoundly influenced perspectives on the prevalence of omnivory. Later, Law and Blackford (1992) investigated the same system with different statistical distributions of parameters and found that it can be permanent even if it has an unstable positive equilibrium. However, a positive equilibrium was found only in about 1 % of randomly constructed food chains. Therefore, random food chains rarely have a positive equilibrium and often approach a steady state at which some of the constituent species are extinct.

In this presentation, we investigate the same model without assuming existence of equilibrium and consider the relations between omnivory and the length of food chains. The four trophic levels are numbered from the lowest (level 1) to the highest (level 4). We assume that per capita effects of predator on prey are stronger than the inverse, following Pimm and Lawton's "vertebrate model." However, we incorporate density dependence in higher trophic levels. Values of parameters are randomly chosen from uniform distributions.

Asymptotic behavior of the system highly depends on the position of omnivorous links. Omnivorous predator is fairly invulnerable to extinction even if its prey becomes extinct. However, disappearance of intermediate trophic levels often makes the omnivore monophagous. The 4-1 link facilitates four-species coexistence, whereas the 4-2 link causes disappearance of the third or fourth trophic level. Straight food chains are often reduced to chains with only one or two levels. Thus, omnivory does not necessarily shorten the food chains. Since a simple straight food chain is always stable if it is feasible, omnivory definitely destabilizes the chain. However, random chains with omnivorous links can have a stable positive equilibrium in higher frequencies. Therefore, food chains with omnivorous links are not necessarily dynamically more fragile. Food chains with higher primary production or higher efficiencies of consumers are longer. These results suggest that it is not dynamical fragility but energy constraints that restricts the length of food chains. We also show types of complex nonlinear dynamics which are different depending on the position of omnivorous links.

タイムラグを考慮した体内時計モデルの解析

大阪府立大学工学研究科 M2 中岡 慎治

近年, 分子生物学の分野で RNA, タンパク質の相互作用が体内時計のリズムの生成に大きな役割を果たしていることが明らかにされた. 特に, RNA から生成されたタンパク質が様々な調節過程を経て, 最終的に DNA の転写を抑制する働き (タイムラグを伴ったネガティブフィードバック) がリズムの生成に重要であると示唆されている. そこで今回, 体内時計を生み出す機構を解明するため, 次のタイムラグを考慮した体内時計モデル

$$(1) \quad \begin{cases} x'(t) = -\mu_1 x(t) + \frac{b}{1 + az^n(t - \tau)} \\ y'(t) = -\mu_2 y(t) + cx(t - \rho) - dy^2(t) \\ z'(t) = -\mu_3 z(t) + dy^2(t) \end{cases}$$

の解析を行う. ここで $x(t)$, $y(t)$, $z(t)$ はそれぞれ時刻 t における mRNA の濃度, mRNA から生成されたタンパク質の濃度, 生成されたタンパク質の複合体の濃度とする. 定数 μ_i ($i = 1, 2, 3$), a , b , c , d は正の定数であり, $\rho \geq 0$ はタンパク質 y が作られるのにかかる時間, $\tau \geq 0$ はタンパク質複合体 z が細胞質から核に移動し, DNA の転写を抑制するのにかかる時間を表す. 又 n は自然数とする.

系 (1) はただ一つの正の平衡点 (x^*, y^*, z^*) をもつことが確認できる. この内部平衡点 (x^*, y^*, z^*) の安定性に関する解析を行い, 現段階で次の 2 つの事柄を明らかにした:

1. 周期解の出現について

減衰の割合を表す μ_i が大きいときやネガティブフィードバックの効果 (系 (1) の第 2 項) が小さい場合, 系 (1) の解は内部平衡点に漸近する. 又 μ_i が小さいときやネガティブフィードバックの効果が大きくなると, 周期解が出現する. そして周期解が出現するかどうかはタイムラグは無関係であることがわかった.

2. 周期の大きさについて

周期解が存在する場合において, 計算機によるシミュレーションにより, タイムラグが大きくなると周期解の周期, 振幅が変化することを確認した.

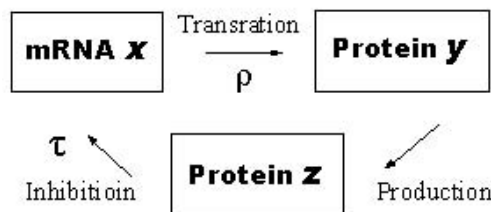


FIGURE 1. 系 (1) のダイアグラム

2種生態系の格子モデルでみられる確率振動の解析

Analyses on Stochastic Oscillation in Lattice Model with 2 Species

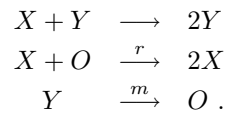
守田 智, 伊藤 悠, 泰中 啓一 (静岡大学工学部)

Satoru MORITA, Yu ITOH, Kei-ichi TAINAKA, Dept. of Syst. Eng., Shizuoka Univ.

morita@sys.eng.shizuoka.ac.jp

A prey-predator system on two-dimensional lattice has a *stochastic oscillation*. We studied the dynamics with using correlation functions and power spectrum. The mean-field approximation for this model is given by a stochastic differential equation (two-dimensional Langevin equation). We compare the analytical solution of the Langevin equation with results of the simulation.

Consider a two species of prey (X) and predator (Y) on two-dimensional lattice. Each site is labeled by X, Y, O , where X and Y stand for the site by prey and predator respectively, and O represents the vacant site. The dynamics is given by



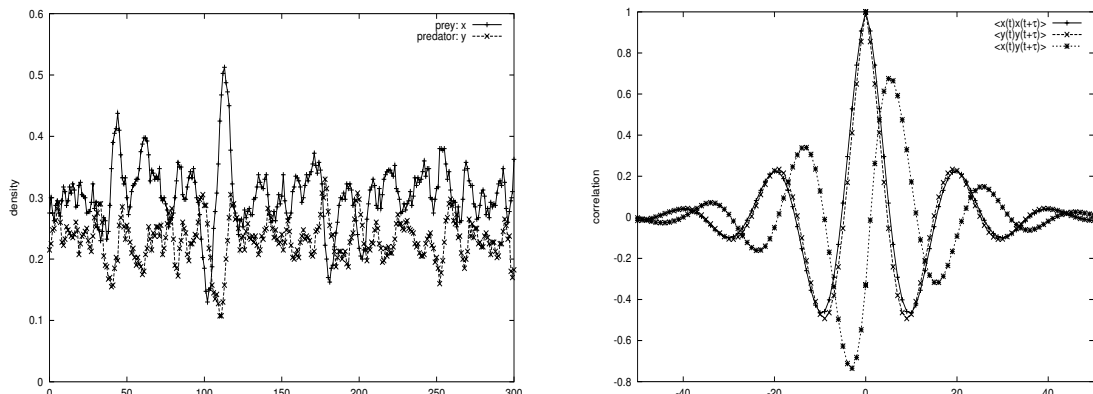
The reactions represent the predation, reproduction of prey and the death of predator respectively, where r and d denote the transition rate for the unit time.

For the large limit of the lattice size, the mean field approximation is given by

$$\begin{aligned} \dot{x} &= x[-y + r(1 - x - y)] \\ \dot{y} &= y(x - m), \end{aligned}$$

where x, y denotes the density. This equation has a fixed point $x_* = m, y_* = r(1 - m)/(r + 1)$, which is stable when $m < 1$. Thus there is no oscillation in this limit.

Since the lattice size is finite, however, the density oscillates around the fixed point due to the noise from the finite size effect. Though the time series is very noisy, the system has a dynamical structure. The density of the predator tends to follow one of the pray as is seen in the mutual correlation function.



パッチ状環境内での移住における 好みの効果を導入した個体群動態モデル

Population Dynamics Introduced the Effect of Biased Migration in Patchy Environment

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 the population dynamics in a multi-patchy environment with m patches. It involve the disperser's density-independent preference for patch to which the disperser prefers to immigrate. How is the preference reflected into the total population size in the whole system? We will present some essential results by our mathematical and numerical analysis for our model.

本研究では、パッチ状環境内で移住する単一個体群の動態における、パッチに対する好み（偏向性）の効果を基本的な数理モデルの解析結果に基づいて考察する。

パッチ内でロジスティック成長する単一個体群に対して、次のように、パッチ間での移住による個体群サイズ変動のダイナミクスを与える：

$$\begin{aligned} \frac{dN_i(t)}{dt} = & \{r_i - \beta_i N_i(t)\} N_i(t) - \{a_i + b_i N_i(t)\} N_i(t) \\ & + F_i(N_1(t), N_2(t), \dots, N_m(t)) (1 - \sigma) \sum_{j=1}^m \{a_j + b_j N_j(t)\} N_j(t) \end{aligned} \quad (1)$$

$(i = 1, 2, \dots, m - 1, m)$

$N_i(t)$ は時刻 t におけるパッチ i の個体群サイズを表わす。 r_i はパッチ i 内での内的自然増加率、 β_i はパッチ i 内での個体群増加に対する密度抑制効果の強さ、 a_i はパッチ i からの最小移出率、 b_i はパッチ i からの移出に対する密度促進効果の強さ、 σ ($0 \leq \sigma \leq 1$) は移出者の死亡率を表している。 $F_i(N_1, N_2, \dots, N_m)$ は移出者のパッチ i への移入割合を表し、本研究では次のように仮定する：

$$F_i(N_1, N_2, \dots, N_m) = \frac{1}{m-1} \left[1 - \frac{\rho_i N_i}{\sum_{k=1}^m \rho_k N_k} \right] \quad (2)$$

F_i の特性として、個体群サイズの小さなパッチにはより多くの移住者が移入するという密度依存性と、環境や個体群サイズに関係のないパッチへの好みを表すパラメータ ρ_i が導入されている。この好みは、パッチの（繁殖とは無関係の）異質性によるものとし、パッチに固有の定数とする。任意の i について $\rho_i = \rho = \text{一定}$ の場合、すなわち、パッチに対する好みに偏りのない場合、 $F_i = 1/m$ となり、各パッチへの移入は等配分となる。これは、移住者の移入が各パッチ内の個体群サイズに依らない完全にランダムな場合に相当している。

特に、系全体での総個体群サイズ $N_{\text{tot}} = N_1 + N_2 + \dots + N_m$ の平衡状態での値に注目し、パッチに対する好みの偏りがどのように N_{tot} の平衡値に反映されるかについて解析した結果を報告する。

探索効率を巡る Host と Parasite の共進化

○山田聡美 (奈良女子大学大学院・人間文化研究科)
高須夫悟 (奈良女子大・理) 重定南奈子 (奈良女子大・理)

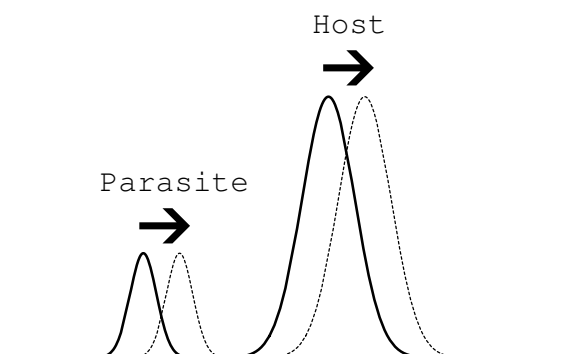
Host と Parasite の個体群動態の古典モデルとして Nicholson-Bailey モデルが有名であり、このモデルを密度効果を考慮して拡張したものに、

$$H_{t+1} = \exp\left(r\left(1 - \frac{H_t}{K}\right)\right)\exp(-aP_t)H_t$$

$$P_{t+1} = c\{1 - \exp(-aP_t)\}H_t$$

の様な式がある。この式では、全ての Parasite 個体は同一の探索効率 a でもって Host 個体を探索して寄生する。つまり、Host 集団と Parasite 集団は寄生されやすさなどの性質について均一である monomorphic な集団である。しかし、現実的には、Host 集団中には寄生されやすさに関する性質の集団内変異が存在し (*ex.* 寄生されにくい行動をとる、寄生されにくい場所を好む)、又 Parasite 集団中にも様々な探索効率 a を持つ個体が存在し、寄生効率に関する集団内変異が存在すると考えられる。この考えから探索効率について考えると、Host が寄生されにくい行動を取る程、Parasite は寄生しにくくなり、大きい探索効率を持つ Parasite でないと寄生できなくなる。つまり、Parasite の探索効率 a は Host の個体の性質に依存すると考えることができ、探索効率 a は Host の形質と Parasite の形質の差からに関する減少関数と表す事ができる。

本研究では、これらの考えに基づいて Host の寄生されにくさ、Parasite の探索効率をそれぞれ連続量に拡張したモデルを作り、様々な条件のもとで Host 集団、Parasite 集団がどの様に変化するか積分差分方程式を解く事によって解析を行う。



遺伝子組み換え作物から雑草類縁種への 遺伝子伝達の数理モデル

大場明美(奈良女・人間文化)、高橋智(奈良女・人間文化)

遺伝子組み換え作物が消費の面でも生産の面でも世間を騒がせている。穀物メジャーを中心に除草剤耐性や害虫抵抗性、低アレルゲンなど様々な特性が開発されており、日本でも昨年の時点で25種181品種が試験栽培されている。(http://www.s.affrc.go.jp/docs/sentan/guide/development.htm)

組み換え遺伝子はその雑草類縁種との交雑によって伝達しうる。(Brown *et al.*1996, Mikkelsen *et al.*1996). 本研究では組み換え作物の畑のすぐそばで起こる組み換え作物と雑草類縁種との交雑による組み換え遺伝子の伝達について数理モデルを作成し解析した。

遺伝子組み換え作物の組み換え遺伝子をAとし、それに対応する雑草類縁種の遺伝子をBとする。組み換え作物はAA、雑草類縁種はBBであり、これらが交雑したときABをつくる。これらの個体数動態について種を作る→発芽する→除草剤を被る→自己間引きの流れでモデルを作成した。ここでは、交雑するなかで遺伝子配列が作物に近くなったり雑草に近くなったりすることをふまえ、ある個体の全遺伝子の中で雑草類縁種由来の遺伝子が占める割合を x とする。組み換え作物を $x = 0.0$ とし雑草類縁種を $x = 1.0$ とする。例えばこの両者の交雑によって $x = 0.5$ の雑種がつくられる。卵細胞と花粉の x の値が近いとき交雑しやすく、遠いとき交雑しにくくなると仮定している。

種子AA、AB、BBのそれぞれの x の数は、卵細胞の雑草由来の遺伝子割合を x_1 として、卵細胞Aの数 $f_A(x_1)$ 、卵細胞Bの数 $f_B(x_1)$ 、花粉Aの数 $m_A(2x - x_1)$ 、花粉Bの数 $m_B(2x - x_1)$ 、稔性関数 $p(x_1, 2x - x_1)$ 、卵細胞 x_1 に受精可能な花粉総数 $M(x_1)$ を用いて

$$S_{AA}(x) = \int f_A(x_1) \frac{m_A(2x - x_1)}{M(x_1)} p(x_1, 2x - x_1) dx_1$$

$$S_{AB}(x) = \int \left(f_A(x_1) \frac{m_B(2x - x_1)}{M(x_1)} + f_B(x_1) \frac{m_A(2x - x_1)}{M(x_1)} \right) p(x_1, 2x - x_1) dx_1$$

$$S_{BB}(x) = \int f_B(x_1) \frac{m_B(2x - x_1)}{M(x_1)} p(x_1, 2x - x_1) dx_1.$$

生殖可能なAA個体、AB個体、BB個体の個体数はそれぞれ

$$N_{AA}(x) = S_{AA}(x) R e^{-\frac{S_{sum}}{N_K}}$$

$$N_{AB}(x) = S_{AB}(x) R (1 - e^{-\frac{n}{2}}) e^{-\frac{S_{sum}}{N_K}}$$

$$N_{BB}(x) = S_{BB}(x) R (1 - e^{-n}) e^{-\frac{S_{sum}}{N_K}}.$$

R は除草剤も密度効果もない時の生存率、 n は除草剤の量、 S_{sum} は発芽し除草剤散布後も生き残る種子総数、 N_K は飽和個体数である。

交雑の過程を経て生じたAA個体の割合が以下のパラメータにどう依存しているのかをシミュレーションによって調べた。(1) 雑草由来の遺伝子割合が繁殖力に及ぼす影響度合、(2) 雑草類縁種の花粉生産を1とした時の組み換え作物の花粉生産比、(3) 飽和個体数、(4) 交雑のしにくさ、(5) 雑草類縁種一個体あたりの卵細胞数、(6) AA個体の繁殖力減少率、(7) 除草剤も密度効果もない時の生存率、(8) 除草剤の量の8個である。

また、AA個体の割合の時間変化と雑草類縁種由来の遺伝子割合 x の集団平均の時間変化のシミュレーション結果から、 x の集団平均が1.0に非常に近くなる場合でもAA個体が残る条件を調べた。

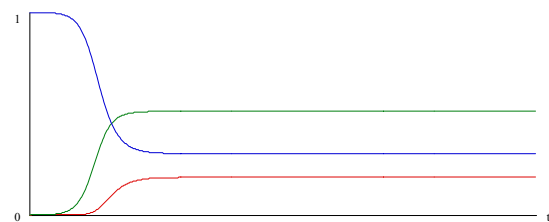


図1 AA個体、AB個体、BB個体それぞれの割合における時間変化、後に安定して共存している。大きいものからAB個体、BB個体、AA個体、 $t = 500$ 世代まで計算した。

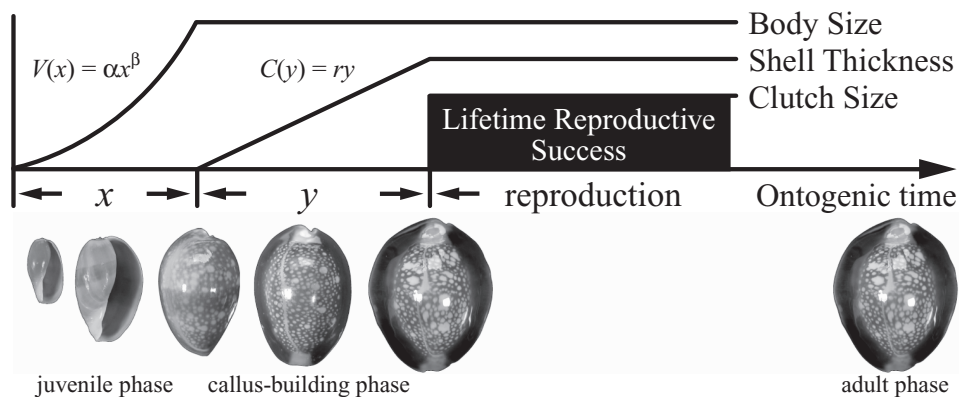
Geographic Variation of Shell Morphology in Cowries (Genus *Cypraea*): Theoretical and Empirical Approaches

Takahiro IRIE and Yoh IWASA

Department of Biology, Faculty of Sciences, Kyushu University

In the marine cowry, *Cypraea caputserpentis*, the body size is smaller and the external shell is thicker in lower latitudes. Cowries are determinate growers and the life history consists of three phases; the soft-body size and shell volume increase in the juvenile stage, which is followed by the callus-building stage in which shell thickness increases, and then reproduction starts without further growth in the adult stage. Aquarium experiments demonstrated that juvenile phase is shorter and that growth efficiency is higher at a higher temperature. They should hold in the field as well.

To evolutionarily explain the latitudinal clines of shell morphology and the related life history traits, we constructed and analyzed a mathematical model which calculates the optimal growth schedule.



In our model, juvenile body size is a power function of age and callus thickness linearly increase in callus-building stage. Clutch size is proportional to the volume of juvenile shells. We assume also that that lifetime mortality is the sum of (1) durophagous predation pressure P , which is reduced by thicker callus and (2) callus-independent, general mortality m . We calculated optimal lengths of juvenile phase (x^*) and callus-building phase (y^*) to maximize the lifetime reproductive success.

From the results, we conclude that the negative latitudinal gradient of juvenile mortality is needed to explain the evolution of the latitudinal clines of the juvenile traits. In contrast, the observed cline of shell thickness can be caused either by the latitudinal gradient of shell-crushing predation pressure or by that of the environmental factors promoting calcification or both.

3次元ライフゲームにおける静動収束解判別法

横尾 精一† 井上 聡†‡

† 埼玉工業大学大学院 工学研究科 システム工学専攻

‡ 埼玉工業大学 工学部 情報工学科

1. 概要

セルオートマトンの一例として有名な2次元ライフゲームにおいては、複雑さの中に局所的に秩序だった静的もしくは動的な状態を観察することができる。このライフゲームを3次元に拡張する試みは Bays [1, 2]などでなされているが、まだ比較的歴史が浅く研究すべき点が多い。本研究ではこれらの研究と同様、3次元化されたライフゲームにおいて、2次元のもので見られるような、興味深い定常、周期状態が存在するの、シミュレーションを実行し考察を行うことを目的とする。特に系が大域的または局所的に収束状態にあるかどうかを、視覚的かつ数値的に判別する方法を考察する。

2. 3次元化されたライフゲーム

ライフゲームは、セルの更新条件を LIFE(XYZW)と表現する。ここで X-Y はセルの生命体が生存するための近接生命体数を、Z-W はセルに生命体が誕生するための近接生命体数の範囲を表す。コンウェイにより提唱されたオリジナルのライフゲームでは、セルが3つの生命体で囲まれた場合に生命体が誕生、2ないしは3つの生命体で囲まれた場合に生命体が生存するため、LIFE(2333)と表現される。Bays[1,2]によると3次元化された LIFE(5766)や LIFE(4555)において、周期的な解が見つかったが、その発現が系の初期状態に強く依存しており、2次元ライフゲームで観察されるような安定解と比較して、強い引き込みを持つ収束解とは言い難い。本研究ではそのような解が存在する可能性をもつ XYZW の決定からシミュレーションを行った。

3. シミュレーションの手順

LIFE(XYZW)のパラメータを決定するにあたり、次の2つの数値を検討対象とした。①系の生命体総数 ②系のハミング距離 ここで系のハミング距離とは1ステップ前からビットが反転したセルの総数のことである。この2つの数値を複合すると、表1のようにまとめることができる。

表1 生命体数・ハミング距離と系の状態の関係

		ハミング距離		
		0	一定	周期状態
生命体数	一定	系全体が定常状態	系が周期状態を持つ	系が周期状態を持つ可能性が高い

以上を考慮して、シミュレーションの条件としては静動的収束解の存在する可能性が高い、LIFE(5,10,9,10)を採用した。

4. 結果と考察

生命体の無限増殖と絶滅の臨界点付近である LIFE(5,10,9,10)において、局所的な定常、周期状態を観察する事ができた。その一例を図1に示す。この例は系全体がほぼ安定状態にあるケースである。このような安定状態になる以前に、過渡的な特殊解の存在する可能性も十分にある。それらの存在を確認し、その判別法を考案することが、本研究の発展性として挙げられる。

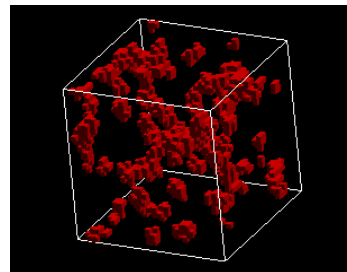


図1 LIFE(5,10,9,10)における安定状態の例

参考文献

- [1] Carter Bays. Candidates for the game of life in three dimensions. *Complex Systems*, 1(2):373-400, April 1987.
- [2] Carter Bays. 3D life (?). *Complex Systems*, 6(5):433-442, 1992.

首長竜の泳ぎ方・人工生命の泳ぎ方

宇佐見義之

神奈川大学工学部物理学教室

〒221-8686 横浜市神奈川区六角橋 3-27-1 Tel& Fax 045-413-9771

e-mail usami-yoshiyuki@nifty.com http://www.museum.fm

首長竜(プレシオサウルス、Plesiosaurs) はネッシーのモデルともなった生物であり、中生代の(おそらくは三畳紀からはじまり) ジュラ紀から白亜紀にかけて生息した大きな海棲爬虫類のグループである。全世界から大量に化石が出土し、日本からもフタバズキリュウをはじめとして東北、北海道他各地から出土している。中生代には海に戻っていった爬虫類が多数存在するが、これらはヒレ(Paddle)のない魚竜、トカゲ・ヘビのようなモササウルス類、そして2対のヒレを持つこととなる首長竜などへ変化していったが、何故このような全く異なる生物のグループへ進化していったかは一切不明である。

この首長竜の生態については化石から色々なことがわかっているが、この研究では「首長竜はどのように泳いでいたのだろうか?」という疑問について、流体力学の計算から考察を行うことにした。従来、首長竜の泳ぎ方については、直感的にいくつかの遊泳方法が考えられてはきた。そこで、流体の計算を行ったところ、(少しだけ)驚くようなことがわかった。周りの流体の運動に対して、ヒレの動かし方の最適性を考えると、2対のヒレですら、位相をずらして波打たせるように動かす方が速く泳げるのである。これは従来、首長竜は2対のヒレを交互に動かしたのではないかとする考えに反している。

計算から求めた遊泳様式には力学的な根拠があるので、交互に動かす為には、力学的なデメリットを超える生理的な優位性がなければならない。この問題の回答は容易には得られないが、進化のある時期から神経出力に対称性が生じ、そのまま後の時代までその歴史を引き摺っていったのかもしれない。とにかく、運動学的な計算から、進化の途上にある生物の動きを調べることは、生物の形の進化やその動きについて新しい視点をもたらすことは間違いないように思える。

発表では、首長竜以外にもコンピューターの中で作った人工的な生命の動き方にも言及する。



魚群行動の接近性と平行性に基づく群運動モデルの研究

Study about analytical model of a fish school based on observed two individual motions: approaching motion and parallel orientating motion

稲田喜信¹⁾ 河内啓二²⁾ 劉 浩³⁾
Yoshinobu Inada¹⁾, Keiji Kawachi²⁾, and Hao Liu³⁾

- ¹⁾PRESTO, Japan Science and Technology Corporation (JST)
Department of Electronics & Mechanical Engineering, Faculty of Engineering, Chiba University, 1-33 Yayoi-cho, Inage-ku, Chiba 263-8522, Japan
inada@meneth.tn.chiba-u.ac.jp
- ²⁾Department of Aeronautics and Astronautics, The University of Tokyo
4-6-1 Komaba, Meguro-ku, Tokyo 153-8904, Japan
- ³⁾Department of Electronics & Mechanical Engineering, Faculty of Engineering, Chiba University, 1-33 Yayoi-cho, Inage-ku, Chiba 263-8522, Japan

要約

2種類の魚群（ムギイワシ、ヤクシマイワシ）の観察を行い、個体間の接近性と平行性に注目して群運動の分析を行った。個体が接近行動、平行行動のいずれの運動を行っているかを識別するために、個体間の運動の相関値を分析する方法を提案した。その結果、2つの行動の間で、相互作用個体の角度や運動の時間遅れなどの運動パラメータにおいて明確な相違点や類似点が明らかとなった。得られた結果に基づいて群運動の数理モデルを作成し、シミュレーションによる群運動の分析を行った。その結果、個体間の局所的な相互作用パラメータと群全体の運動の性質との関係が明らかとなった。

Abstract

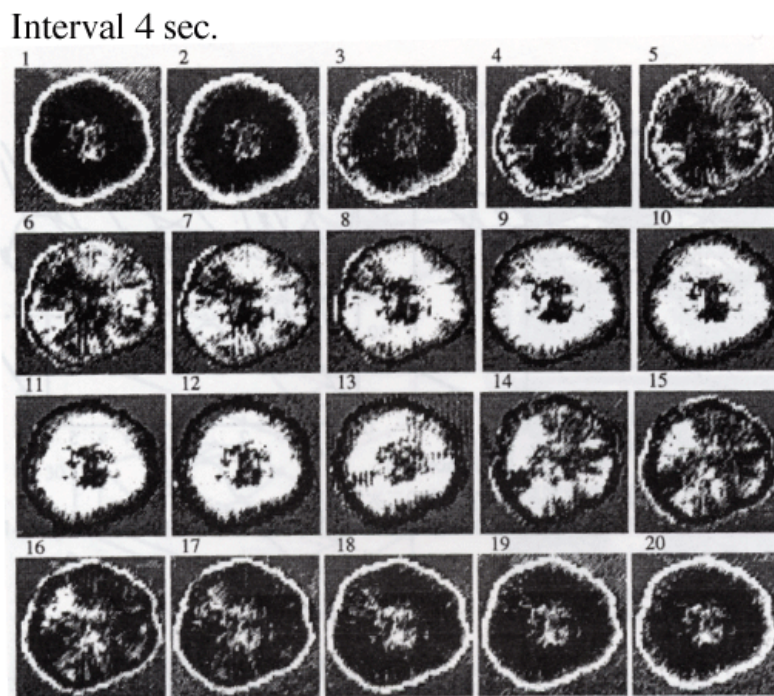
Schooling motion of two species of fish (Bearded silverside, *Atherion elymus*; and Hardyhead silverside, or *Atherinomorus lacunosus*) was studied focusing on two types of motion: approaching motion, where an individual moves toward the position of its neighbors, and parallel orientating motion, where an individual adjusts its body direction to be parallel with those of its neighbor's body direction. Correlation of measured motion parameters (position, body direction, and moving direction) among individuals was used to determine which motion each individual was executing. Conspicuous differences and similarities between two motions were evident in several motion parameters such as the direction of interacting neighbors from the body direction of an individual, or the time delay of an individual from the motion of interacting neighbors.

The results of observation provide insight for analytical study of schooling motion. Analytical model to simulate individual motion in the school was designed based on the measured parameters of approaching and parallel orientating motion, and was used to study the relationship between local interaction among individuals and global properties of schooling motion. Thus, the study clarified the property of schooling motion both quantitatively and qualitatively by the experimental and analytical approach.

非線形結合振動子系による 細胞行動のシミュレーション

北海道大学 理学研究科 手老 篤史
 北海道大学 電子科学研究所 小林 亮
 北海道大学 電子科学研究所 中垣 俊之

真性粘菌モジホコリ *Physarum polycephalum* の変形体は多核単細胞生物であるにもかかわらず、全体では餌を探す時などに合理的な振舞いをする興味深い生物である。この時、とても重要な役割を果たすのが変形体の周期的な収縮弛緩運動である。この収縮弛緩運動は変形体のあらゆる部分で起こっており、これにより原形質は流動し、巨視的な形態“原形質流路ネットワーク”を形成している。ここでは結合振動子系を使ってモデリングを行い、変形体の大域的な収縮弛緩運動をコンピュータ上で再現した成果を発表する。



図は変形体の透過光を撮影したもの。変形体は各場所で収縮弛緩運動を行っている事が確認できる。この時、変形体の外側と内側で収縮弛緩運動の位相が反対になっている。

Theoretical Consideration of Olfactory Axon Targeting with an Activity-Dependent Neural Network Model

Hirokazu Tozaki¹ and Tatsumi Hirata^{1, 2}

1. Division of Brain Function, National Institute of Genetics,
Graduate University for Advanced Studies, Yata 1111, Mishima 411-8540,
Japan

2. CREST, Japan Science and Technology Corporation

ABSTRACT

Olfactory sensory neurons that express a given odorant receptor target their axons onto a few specific glomeruli in the olfactory bulb. Although the odorant receptor plays an indispensable role in olfactory axon targeting, the mechanisms underlying this guidance are largely unknown. In particular, there is much controversy about the involvement of an activity-dependent mechanism in the targeting process. In this study, we developed an activity-dependent neural network model of the glomerular layer in the olfactory bulb and simulated the targeting of olfactory axons onto the layer. Our model successfully constructed discrete glomeruli that received olfactory axons expressing a common odorant receptor through odorant-evoked neural activities. Furthermore, our model explained the perplexing experimental results that have been reported in olfactory axon targeting. Thus, the activity-dependent targeting of olfactory axons seems to be a simple probable mechanism in glomerular formation.

視覚系での物体の 카테고리認識における予測信号の役割

平松崇¹, 鈴木信之², 樫森与志喜¹, 神原武志^{1, 2}
¹ 電気通信大学 量子物質工学科
² 電気通信大学大学院 情報システム研究科

1. はじめに

視覚刺激の 카테고리化は、視覚認識にとって重要なプロセスである。我々は視覚対象となる物体を、動物-非動物、食物-非食物など、様々な 카테고리に分類し、外部世界の認識に利用している。また、カテゴリ認識は、その人の経験に依存し、それまで蓄えられた知識や学習によっても変わる。視覚の 카테고리認識に対しては、サルの視覚図形の 카테고리化のタスクを与え、タスク時の脳の活動を調べる実験がなされている[1, 2]。しかし、視覚の 카테고리認識において、視覚記憶がどのように 카테고리化され、またそれに基づいてどのように カテゴリ認識が行われるのか、その神経機構はまだ明確ではない。

我々は以前、物体形状認識の神経機構を明らかにするために、網膜から下側頭葉(TE)にいたる視覚経路の神経ネットワークモデルを提案し、形状認識が下位部の空間周波数のマップからの情報とそれに基づく、TEからの予測信号によって表現することを報告した[3]。今回は、視覚図形の 카테고리認識の神経機構を明らかにするために、このモデルを拡張し、カテゴリ認識における予測信号の役割について明らかにする。

2. カテゴリ認識のための神経ネットワークモデル

図1に我々のモデルを示す。モデルは、腹側経路に関与する各部位(V1, V4, TE, PP, posterior parietal)、および、前頭前野(prefrontal cortex)から成っている。

図形の形状を 카테고리化する課題においては、腹側視覚経路に加えて、PFCが関与することが知られている。PFCは、TEの記憶図形を 카테고리化し、その情報をワーキングメモリとして表現する。我々はダイナミカルマップモデルに基づいて、PFCのカテゴリ記憶を表現する。図形の 카테고리化を伴う遅延タスクや、未学習の図形がどの カテゴリに属するか判断する場合には、PFCで形成されるワーキングメモリ機能を利用して、カテゴリ化された記憶図形の情報からTEを経て、V4Hへ予測信号としてフィードバックされ、V4Hで入力刺激情報との比較がなされる。図形の 카테고리化には、図形の"similarity"を計算することが必要である。我々のモデルではsimilarityはV4Hのマッチングによって計算される。V4Hのマッチングにおいて図形のsimilarityが高いと、V4Hのニューロンは大きな出力を出し、それがTEに送られ、TE-PFCの結合を通して、そのカテゴリ内の記憶が安定化する。

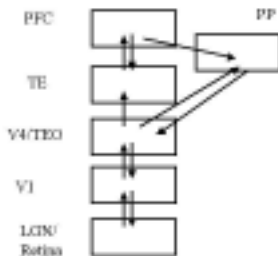


図1 視覚システムのモデル

3. 結果

ここでは視覚刺激として簡単な図形を用いたとき、物体形状認識に対する我々のモデルに含まれる各部位の応答と、それらの役割について示す。

乗算記号「×」形状カテゴリに属する二つの図形を用意した(図2)。どちらも低解像度では「×」であるが、高解像度では(a)が「×」、(b)が「+」である。

作成したシミュレーションプログラムのRetinaに(b)の画像を入力し、特徴抽出によってカテゴリ「×」が選択され、TEの予測が(a)であったときのマッチング結果を図3(a)に示す。V1はここでは表示しないが網膜画像の局所部分の線分に反応している。TEからの予測とV1からの特徴抽出が一致しないためV4で互いに打ち消しあひ、V4Hニューロンはまったく発火しない。それによりTEの予測を(b)に修正したマッチングの結果、V4Hの出力が強められている様子を図3(b)に示す。

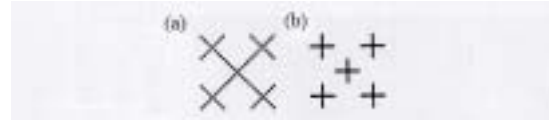


図2 視覚刺激を用いた図形パターン

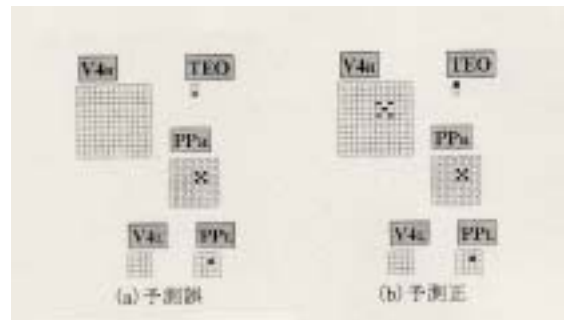


図3 ネットワークシステムの応答

4. 今後の課題

我々の視覚経路のモデルを用いて、視覚図形がどのようにして カテゴリ化され、また、認識されるのかを明らかにするために適切なタスクを考案し、カテゴリ認識における予測信号の役割を明らかにする。

参考文献

[1] D.J. Freeman et al., "Categorical representation of visual stimuli in the primate prefrontal cortex," science, 291, PP-312-316, 2001
 [2] N. Sigala and K. Logothetis, "Visual categorization shapes feature selectivity in the primate temporal cortex," Nature, 415, PP-318-320, 2002.
 [3] 鈴木信之, 橋本信寛, 樫森与志喜, 神原武志, 視覚系の形状認識経路の機能モデル, 日本神経回路学会第12回全国大会論文集 概要集, p.54(2002), 論文集CD-ROM

DeltaViewer におけるマーチングキューブズ法による立体構築

藤原左知子¹ 和田昌昭² 横山いずみ¹

1 奈良女子大学大学院 情報科学専攻 2 奈良女子大学 理学部 情報科学科

DeltaViewer における立体構築を、改良したマーチングキューブズ法で行い、OpenGL で描画するポリゴンとポリゴンの境界が滑らかに見えるように法線ベクトルの平均化を行う立体構築アルゴリズムを考えた。DeltaViewer は共焦点レーザー顕微鏡、CT、MRI、光学顕微鏡、電子顕微鏡等から得られる2次元連続断面画像から3次元構築し、それをコンピュータ画面上に表示するソフトウェアで和田研究室が開発している。DeltaViewer は Macintosh の Mac OS X 上で動作し、ウェブサイト <http://vivaldi.ics.nara-wu.ac.jp/~wada/DeltaViewer/> を通じて無料で配布している。

図1は DeltaViewer における従来の立体構築アルゴリズムを用いてヤツメウナギの松果体の連続切片の1部を立体構築した実行結果、図2は本研究で考えたアルゴリズムで立体構築した実行結果のスクリーンショットである。図1はポリゴンとポリゴンの境界がくっきりと見えているが、図2はその境界が滑らかに見えるようになっていることがわかる。

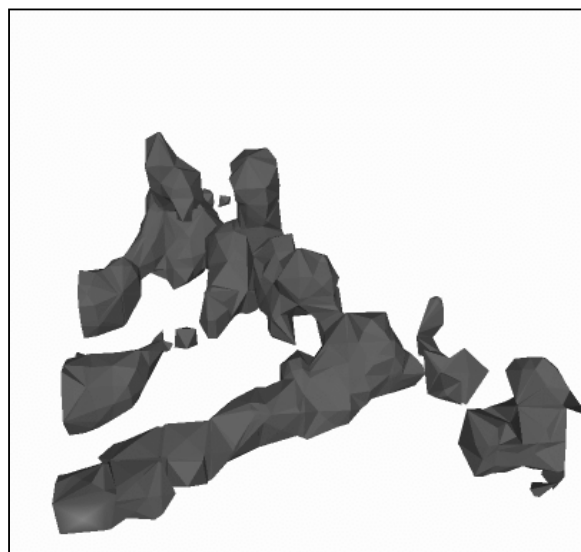


図1: DeltaViewer の従来の実行結果

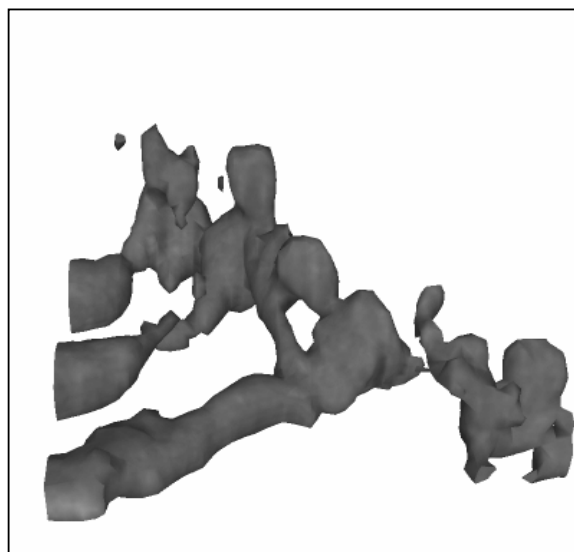


図2: 本研究の実行結果

DeltaViewer の範囲選択方法の改良

横山いずみ¹ 和田昌昭² 藤原左知子¹¹ 奈良女子大学大学院人間文化研究科情報科学専攻² 奈良女子大学理学部情報科学科

現在、DeltaViewer の境界抽出は色情報のみで行われています。そこにクリックした点からの距離情報も加えて境界抽出を行うアルゴリズムを開発し、改良を加えています。

DeltaViewer とは

連続断面画像から物体の表面を再構築し、コンピュータ画面上に表示する、Apple Macintosh 用のアプリケーションプログラムです。再構築された物体は、マウスで自由に回転できるので、物体の三次元的な形状や相互の位置関係を簡単に知ることができます。

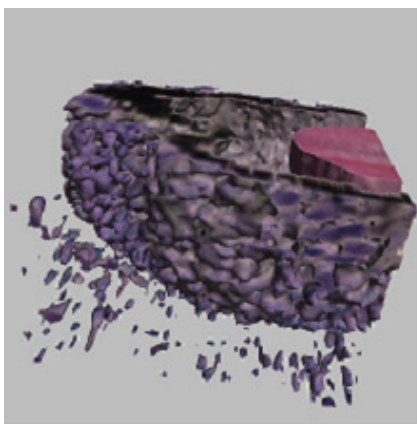
読み込んだ画像を断面表示する Section View、3D 表示する 3D View があります。

境界線

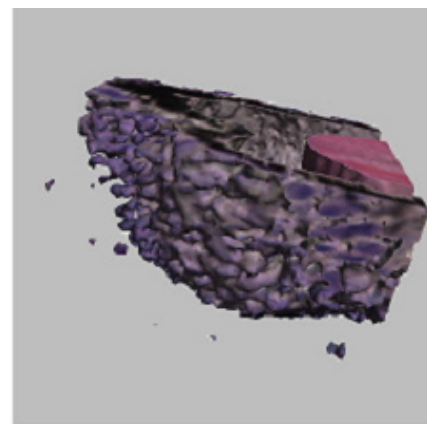
Section View の二次元画像から境界抽出を行い、境界の内側を三次元構築します。境界線を引くために赤・緑・青の三次元の濃淡値を一次元の明暗値で表すアルゴリズムを用い、任意の二点を結ぶ線分と境界線との交点を求めることで境界線を引いていました。

しかし、この方法では色情報のみから境界抽出が行われるため、余計な部分まで 3D 構築されてしまうことがあります。また、物体全体ではなくその一部を 3D 構築したい、ということもあります。そのために、色情報だけでなく、クリックした点からの距離を合わせて境界線を引くことを考えました。

色情報を表す明暗値に、距離情報を表す数値を加えます。まず、色情報で境界線を引き、距離情報で不要な部分を取り除いていくことで、3D 構築したい部分だけを抽出することができるようになります。



色情報のみで境界線を引いた場合



色情報+距離情報で境界線を引いた場合

Response of Plasmodium falciparum to different antipalludic treatments: implications for the evolution of resistance.

François G. Feugier

Ecology Laboratory, University Pierre et Marie Curie, 1 October 2001

In spite of the effort to fight Malaria, the size of the phenomenon is not decreasing. Furthermore, the resistance to the widest used drugs has spread since 1960. Those drugs have the characteristic to be long lasting in the organism. Since using one drug is not enough, new strategies use a combination of two drugs to take advantage of the multiplicative effect of mutation probabilities. Since the probability of mutation to be resistant to one drug is nevertheless low, the probability to be resistant to two drugs can be thought to be the product of both probabilities.

The combination uses usually a drug with long half-life, protected with a short half-lived drug. When taking both the drugs, the decrease of the population is considerable. When the short-lived drug has disappeared, the long lasting one still remains. The remaining population of parasites in presence of the residual drug is statistically too small to show a mutation, and is eliminated by the long lasting drug.

I tried to simulate the evolution of the transmission of resistance to the two drugs entering in the combination, using a model of differential equations.

First, I simulated the compartment of the population of parasites in presence of immune cells, and without drug, so I could estimate the time for the symptoms (3% of parasitemia) of the disease to emerge. I added then one drug at this moment (9th day). As we could imagine, all the sensitive parasites disappeared, leaving only those resistant. Then the immune cells eliminated all the remaining parasites. The cumulative production of resistant gametocytes (those transmitted by the mosquito) was very high (concentration reached $1e6$ /ml after 20 days).

Then I made a simulation with variable concentrations of two different half-lived and effectiveness drugs, and without immune cells. For a definite combination of concentrations, the result showed a total elimination of the parasites, without high production of gametocytes.

I tested the length of protection of the patient with drug combination, against new infestation.

With the effective concentrations of drugs found before, I simulated the production of resistant gametocytes according to the influence of a second injection of parasites by a mosquito, and the variation of the mortality of the immune cells.

For an injection of sensitive parasites, the result showed a protection against parasite's new installation, and therefore, no production of resistant parasite, of about 5 days after the ingestion of medicaments, and a longer period for a very low immune cells' mortality (0.1/day). If the injection takes place after the protection, during a low drug concentration period, it gives a higher production of resistant parasites than an early injection, during high concentration of drug.

With an injection of sensitive plus both simple-resistant parasites (2%), the protection is only about one day, depending mainly on the short half-lived drug. Furthermore, if the parasites' injection takes place after this protecting period, the production is mainly composed of long lasting medicaments resistant, and double resistant parasites.

Often, the rising of the secondly injected parasites is only delayed by the sub lethal remaining drugs. So the immune cells population has time to decrease to its ground equilibrium concentration, taking more time to rise again to eliminate parasites when parasitemia becomes high for the second time.

We notice that the creation of resistant parasites to the short half-lived drug remains rare, whereas the resistance for the long half-lived drugs takes often place, in the condition of experiment. This shows that this (simplistic) treatment is, theoretically, usable to cure patients in healthy regions, but must be improved when used in regions with re-infestation, even when resistance is not yet established, since the protection of a (long half-lived drug) by an other (short half-lived) is not complete.

個体ベースモデルを用いた微生物群集への放射線照射の インパクト解析の試み

土居雅広 (Masahiro Doi)

放射線医学総合研究所 放射線安全研究センター 比較環境影響研究グループ

環境における放射線、放射性物質の管理原則は、従来、人の健康影響評価を基に、確定的影響（急性障害）を防止し、確率的影響（発がん、遺伝的影響等の晩発性障害）を合理的に達成できる限り低減化するという考え方で行われてきた[国際放射線防護委員会勧告 1977, 1990]。ヒト以外の生物種については、ヒトが、急性致死障害を影響評価点とした生物種間比較において、あらゆる生物種のなかで最も放射線感受性が高い[急性致死線量をエンドポイントとした比較、Sparrow 1967, UNSCEAR 1996] ことから、人の健康影響の管理原則が適用されている「環境」において、他の生物種に「目に見える」影響は生じないと考えられてきた。これまでのところ、実際に「放射線防護・管理が及んでいる範囲」の実際の環境において、観察可能な調査対象に関する限り、環境中の放射線・放射性物質が、人以外の生物種に害を与えたという明らかな証拠は見つかっていない。しかしながら、観察が容易でない人以外の生物への潜在的な影響の有無については、生態学的な影響調査によって検証し、確認することが求められる。

すべての生物種個体、個体群、群集、生態系を日常的な調査、防護管理の対象とすることはできないことから、対象とする環境生態系を構成する個々の生物種（科）の個体について（1）代謝や易動度（走性等）等への影響（Morbidity）、（2）致死性の影響（Mortality）、（3）生殖成功率の低下（reproductive success）、（4）細胞遺伝学的な遺伝子損傷（effects on cytogenesis）、等を影響評価点とした調査実験データを多角的に取得してマトリクスとして整理する研究プロジェクトが進んでいる。さまざまな生物種（科）のなかから、指標（レファレンス）生物種を選定する規準を整理して、これら個体影響から、個体群、群集、生態系への影響を「持続可能性（Sustainability）へのインパクト」として、個体群の絶滅、多様性の喪失、生物の個体数とバイオマス量の変動、物質循環速度の変動、等を推定評価する方法論の検討が求められている。

ここでは、独立栄養原生動物、従属栄養原生動物、分解微生物の三種水系マイクロコズムへの放射線照射の影響を、個体ベースモデルによる計算機シミュレーションに適用して検討した。単独培養した個々の微生物種への放射線照射実験により、個体レベルの代謝パラメータについて線量効果関係を明らかにした。急性致死線量よりも低い線量で生じる代謝生理／探餌行動の変化をシミュレーションした結果に基づき、個体レベルでの変化が、内的増殖率、環境収容力といった個体群、群集レベルの安定性因子に与えるインパクトを推定するモデルを提示する。

棒状細菌が作る細菌コロニーの 時空カオスパターンについて

奈良女子大学人間文化研究科 狐崎 創¹

棒状の細菌の集団運動によって現れる時空パターンを数値モデルと理論解析によって考察した。

細菌を寒天培地上で培養すると、細菌の種類や培養条件によってスポット状、同心円状、樹木状などの様々な形状のコロニーが成長することが知られている。ここでは *proteus mirabilis* の作る時空カオスパターンについて考察する。*proteus* は同心円パターンを作ることで有名であるが、養分が豊富で柔らかい寒天培地上ではコロニーが広がった後に、spiral や同心円などからなる時間、空間的に乱れたパターンが現れることが松下らによって報告されている [1]。

パターンとして観察されるのは、棒状の細菌の集団の平均的な方向である。個体密度が高くなると *proteus* のような棒状の細菌は互いの方向を揃えて集団で運動する性質がある。これを”エンジン付きの棒が相互作用している”と単純化した描像で捉え、1つの物理系としてモデル化する。

1次元の場合、 x 軸の正方向と負方向に動いている個体の密度を $n_+(x, t)$ 、 $n_-(x, t)$ 、流量を J_+ 、 J_- とすると、それぞれの方向への遷移確率 γ_{\pm} を与えることで、密度の時間発展を以下のように書くことができる。

$$\frac{\partial n_+}{\partial t} = -\gamma_- n_+ + \gamma_+ n_- - \frac{\partial}{\partial x} J_+ \quad (1)$$

$$\frac{\partial n_-}{\partial t} = \gamma_- n_+ - \gamma_+ n_- - \frac{\partial}{\partial x} J_- \quad (2)$$

例えば、 $\gamma_{\pm} = a \pm b(n_+ - n_-)$ のような密度依存性を仮定すると、この方程式は密度が高くなると集団運動が現れる振る舞いを示す。このような方程式を2次元に拡張して調べた結果を報告する。

proteus にみられる時空カオスは物理系の複素ギンツブルグ・ランダウ方程式などと類似している。それらの方程式との関連も議論したい。

参考文献 [1] K. Watanabe, J. Wakita, H. Itoh, H. Shimada, S. Kurosu, T. Ikeda, Y. Yamazaki, T. Matsuyama and M. Matsushita, J. Phys. Soc. Jpn, **71**, 650-656

¹ E-mail: kitsune@ki-rin.phys.nara-wu.ac.jp

海洋生態系の環境汚染と浄化の数理モデル解析

謝 孟春[†], 稗田 拓路^{††}

Analysis of Mathematical Modeling for Environmental Pollution and Influence of the Oceanic Ecosystem

Mengchun XIE and Takuji HIEDA

[†]和歌山工業高等専門学校 ^{††}大阪大学

xie@wakayama-nct.ac.jp

1. はじめに

我々はこれまでに多種の生物が存在する海洋生態系をコンピュータ上に構築してシミュレーションを行った。海洋生態系のような大きくて複雑な対象を merological な方法で、海洋・海洋生物・汚染物質・微生物などをモデル化し調べてみた^{1), 2)}。本研究では、捕食者と被捕食者からなる 2 種類の海洋生物が存在する生態系に対して、環境汚染と浄化のプロセスを数理的な解析することを試みる。また、シミュレーション実験から検証を行う。

2. 環境汚染と浄化の数理モデル解析

安定した生態系は汚染されると、汚染物質が時間の経過と共に周囲に拡散して広範囲にわたって汚染海域が生じる。これにより多くの海洋生物が汚染物質を取り込み、生態系に影響が出てくるのである。ただし、汚染物質濃度は次第に拡散して薄くなって、海中の微生物も汚染物質を徐々に分解していく。これにより、時間が十分経過すると汚染度は海洋生物が問題なく生きていけるレベルまで下がる。汚染された状況での被食者と捕食者の動態を表すモデルを以下のようにする。

$$\frac{dx}{dt} = \alpha x - \beta xy - K_{dx} t e^{-t} \quad (1)$$

$$\frac{dy}{dt} = -\gamma y + \delta xy - K_{dy} t e^{-t} \quad (2)$$

ここでは、 $\alpha, \beta, \gamma, \delta (>0)$ は係数で、 x は被食者数で、 y は捕食者数である。 K_{dx} と K_{dy} は汚染による死亡確率の係数である。

式(1)と式(2)の最初の 2 項は安定している生態系を表すロトカ・ボルテラ方程式で、追加した項はどちらも汚染による死亡確率を表している。汚染発生後徐々に死亡確率が上がり、ピークを過ぎると減少する。式(1)と(2)で追加項の係数が異なる海洋生物によって異なる値を設ける。なぜならば、海洋生物の種族によって汚染に対する耐性が違うからである。

汚染された環境の浄化は微生物が汚染物質を分解するで実現すると考えられる。微生物は、汚染物質を分解しエネルギーを得て、海洋生態系の環境浄化に役立つ。この時汚染が拡散するほど、汚染物質の濃度が薄くなり、汚染された海域が広くなるため、汚染物質を分解する微生物量が増える。ただし、汚染物質がある一定の閾値以上になるような重度の汚染状況では逆に微生物は減少する³⁾。これを式(3)と式(4)に示す。

$$c(t+1) = c(t) - K_c e_{mb}(t) \quad (3)$$

$$e_{mb}(t+1) = \begin{cases} e_{mb}(t) + K_g e_{mb}(t) & (c(t) < C_{th}) \\ e_{mb}(t) - K_r e_{mb}(t) & (c(t) \geq C_{th}) \end{cases} \quad (4)$$

ここでは、 K_c は分解量係数で、 K_g は増加係数で、 K_r は減少係数で、 C_{th} は汚染量閾値である。 $c(t)$ は単位領域の時刻 t における汚染物質の量で、 e_{mb} は微生物のエネルギーである。

参考文献

- 1) 巖佐庸：「数理生態学」，共立出版(1997)
- 2) 謝 孟春：海洋生態系における汚染と浄化のモデル化，MPS-44, p9-12(2003)
- 3) 加藤敬一郎，謝孟春：動的環境における魚の生態系のシミュレーション，和歌山高専研究紀要第 37 号 33-38(2002)

茨城県におけるマツ枯れの飛び火的伝播に関する数理モデリング

—防除効果の検討—

Modeling the spread of pine wilt disease with sporadic colonization in Ibaraki Prefecture:
Study of control measures

三村幸枝 (Yukie MIMURA, 奈良女子大院・人間文化)・川崎廣吉 (Kohkichi KAWASAKI, 同志社大・工)
高須夫悟 (Fugo TAKASU, 奈良女子大・理)・重定南奈子 (Nanako SHIGESADA, 奈良女子大・理)

Pine wilt disease is caused by the pinewood nematode, *Bursaphelenchus xylophilus*, which is vectored by the pine sawyer beetle, *Monochamus alternatus*. This disease has been widespread in Japan, posing a serious threat to forestry and natural environment. The appropriate control measures are needed to save the pine forest. We analyze the range expansion of the disease using a mathematical model and investigate the effect of control measures.

現在我が国においてマツ枯れの被害が深刻化している。今後さらなる被害の拡大を防ぐためにも、被害状況に即応した的確な防除対策が望まれる。本研究では、そのような防除対策の一助となるべく、数理モデルを用いてマツ枯れの拡大過程を解析し、防除対策の有効性を調査した。

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る。本研究では、マツ $H_t(x)$ とカミキリ $P_t(x)$ 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。

$$\text{カミキリの分散} : P'_t(x) = (1 - \sigma_L) \int f_S(|x-y|) P_t(y) dy + \sigma_L \int f_L(|x-y|) P_t(y) dy \quad (1)$$

$$\text{マツの感染} : \tilde{H}_t(x) = \{1 - \exp(-\alpha P'_t(x))\} H_t(x) + \nu H_t(x) \quad (2)$$

$$\text{カミキリの増殖} : P_{t+1}(x) = (1 - \theta) F(P'_t(x), \tilde{H}_t(x)) \tilde{H}_t(x) \quad (3)$$

ここで、 σ_L は長距離移動するカミキリの割合、 α はマツの感染率、 ν はマツの自然死亡率、 θ はカミキリの駆除率、 F は枯れたマツ 1 本当たりから脱出するカミキリの総個体数を表す。このモデルを用いて茨城県の植生図をもとにマツ枯れ伝播過程の解析を行った結果、カミキリの平均移動距離が 2850m、 σ_L と ν がともに 0.1 のとき、伝播速度は年間約 3.8km となり、観測値（年間約 4km）とほぼ等しい値が得られた。

また茨城県においては、1975 年から 10 年間にわたって、予防散布（空中または地上から、マツノザイセンチュウが侵入する前に、殺虫剤をマツ全体に散布して予防する）と、伐倒駆除（枯れたマツを伐倒して殺虫剤を伐倒木に散布し、マツの樹体内に生息するカミキリを殺す）が行われた記録がある。本研究では、これらの防除活動の効果を調べるため、(3)式中の θ を、伐倒駆除の割合 θ_1 と予防散布の割合 θ_2 に分け、カミキリの増殖に関する式を以下のように修正した。ただし伐倒駆除に関しては、駆除率が 100% と記録されていても、実際には 10~20% のカミキリは、被害木から脱出すると思った方が現実的であると言われている。そこで、実際の駆除率を決定するためにパラメータ γ を設定した。

$$\text{カミキリの増殖} : P_{t+1}(x) = (1 - \gamma \theta_1) (1 - \theta_2) F(P'_t(x), \tilde{H}_t(x)) \tilde{H}_t(x) \quad (3)'$$

本講演では、上記のモデルを用いて行ったシミュレーション結果をもとに、理論的な立場からこれら 2 種類の防除活動の効果について議論する。

セルオートマトンモデルによる侵入生物の分布域拡大 —分布域の先端パターンと拡大速度—

○ 向野 千尋 (同志社大学大学院 工学研究科 知識工学専攻)

川崎 廣吉 (同志社大学 工学研究科)

本研究は、セルオートマトン法を利用してモデル化された侵入生物の分布域拡大について、その拡大速度を調べたものである。特に、確率セルオートマトンによってモデル化された分布域の先端パターンと拡大速度の関係に着目して研究を進めた。

現実世界に起こる物事を捉える際に、現実世界に生起する物事に即したモデルを構築することが最も好ましいことであるが、そのようなモデルの構築及びシミュレーションには膨大な量の時間と計算を必要とする。また、造られたモデルが複雑になるために、現象と注目する因子との関係がわかりづらくなってしまふ。一方抽象化されたモデルは現実の現象を忠実に再現するものではないが、抽象化されたモデルを利用した現象の解析は注目する因子と現象のつながりを捉える強力な手段の一つである。自然界で起こる現象の特徴を捉えるためにモデルの扱いを容易にすることは重要であり、自然界を近似的に捕らえる方法の一つにセルオートマトン法がある。セルオートマトン法の大きな利点は、単に従来の微分方程式モデルを代替しているだけでなく、自然界の不規則性を人の手を介在させずに表現できることであり、今回の研究ではそれを用いてモデル化を行った。

本研究では、均質空間を格子状に分割したセル空間として取り扱っている。生物の分散形態は近距離分散とし、隣接する各セルへ分散した生物はただちに一定の個体数密度に達すると仮定した。これらの条件の下で計算機シミュレーションを行い、生物の分布域拡大速度に対して分布域の先端パターンからのアプローチを行った。すなわち先端部分の局所的な相互作用によって形成される分布域の先端パターンから、分布域全体の拡大速度を求めることを試みた。

結果としては、セル空間の行数が少ない場合においては先端パターンの状態遷移図が得られ、それから導かれる確率遷移行列を利用して速度を求めた。その値は計算機シミュレーションによって得られた結果と極めて近い値となった。今後の課題として、空間サイズが大きくなった場合のアプローチ方法の模索があげられる。

参考文献

- ・ G.Bard Ermentrout , Leah Edelstein-Keshet (1993) Cellular Automata Approaches to Biological Modeling, J.theor.Biol,160,97-133.

侵入生物の時・空間パターンに関する確率論的研究

Stochastic integro-difference model for biological invasion

木村美紀 (奈良女子大院・人間文化)・川崎廣吉 (同志社大・工)

重定南奈子 (奈良女子大・理)

生物は太古より、常に増殖と移動・分散を繰り返して分布域を拡げてきた。そうした侵入生物の分布拡大過程を記述するモデルの一つに下の積分差分方程式がある。

$$n_{t+1}(x) = \int_{-\infty}^{+\infty} k(x-y)n_t(y) \exp\left[r\left\{1 - \frac{n_t(y)}{K}\right\}\right] dy \quad (*)$$

ここに $n_t(x)$ は、時刻 t 、場所 x における個体密度を表す。 $k(x-y)$ は分散カーネルで、場所 y の個体が場所 x へ移動する確率密度分布を表している。本研究では $k(x) = (\mu/2)\exp[-\mu|x|]$ を採用する。また、 $\exp[r\{1 - n_t(y)/K\}]$ は、Ricker タイプの増殖率で、 r は内的自然増加率、 K は環境収容量である。(*)式を解くと、原点に侵入した個体はやがて進行波 (traveling wave) に漸近し、その速度は $C_D = \min_s \frac{1}{s} \ln[R_0 M(s)]$ (ただし、 $M(s) = \int_{-\infty}^{+\infty} k(x)e^{sx} dx$) で与えられる。しかし、(*)式は決定論的モデルであり、確率的な効果は全く考慮されていないという問題を含んでいる。

本研究では、上記決定論的モデルに対応する確率論的モデルを提出し、確率的効果が伝播速度に及ぼす効果について考察した。確率論的モデルでは、「増殖」は平均値が決定論的モデルの増殖率と等しい二項分布に従い、また「分散距離」は分散カーネル $k(x)$ の確率変数で与えられるとする。

上記確率論的モデルを数値的に解いて決定論的モデルの解と比べると、伝播速度が 70-80% 程度まで大きく減少することが判明した。そこで、確率論的モデルの速度の遅れが増殖の確率性によるものか分散の確率性によるものかを明らかにする為に、まず、増殖の確率性の程度を変えることにより、伝播速度がどのように変化するかを調べた。その結果、増殖の確率性は、速度にほとんど影響せず、従って、遅れの原因は分散の確率性によってのみ起こることが明らかになった。さらに、決定論的モデルにアリー効果を加えることにより、アリー効果が速度に及ぼす効果を求め、対応する確率論的モデルとの関係を議論する。

ランダムなパッチ状環境における侵入速度に関する数理的研究 Modeling biological invasions into random patch environments

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)

今日、道路や建物などの人為的環境攪乱により、生物の生息域が分断され生物の存続に大きな影響が出ている。たとえば、絶滅の危機にさらされている種の保護問題がある一方、外来種や伝染病などの侵入を食い止める為の環境上の対策など多くの課題がある。そこで分断された環境における侵入種の空間的伝播についての数理的研究が重要となっている。

我々はこれまで、分断化環境の中でも周期的に分断された環境の例として、帯状分断環境、コリドール状環境や島状分断環境という環境において一般 Fisher 方程式、

$$\frac{\partial n}{\partial t} = \frac{\partial}{\partial x} \left(D(x,y) \frac{\partial n}{\partial x} \right) + \frac{\partial}{\partial y} \left(D(x,y) \frac{\partial n}{\partial y} \right) + (\varepsilon(x,y) - n)n \quad (1)$$

$n(x,y)$: 侵入種の個体密度、 $D(x,y)$: 拡散係数、 $\varepsilon(x,y)$: 内的自然増加率

を適用して侵入種の伝播のシミュレーションを行うことにより、伝播速度や閾値面積において次のような興味深い結果を得てきた。つまり、全体に占める不適環境の割合が同じであっても分断スケールを細かくするほど伝播速度は遅くなること、単位構造面積や不適環境の割合が同じであっても環境構造の違いにより伝播速度は大きく異なることなどである。

そこで本研究では、次段階としてランダムに分断された環境での伝播速度に見られる特徴を調べた。特にランダム度と侵入速度との関係に着目し、上記と同様の一般 Fisher 方程式を適用してシミュレーションを行った。その際、これまでに研究してきた周期的分断環境をベースとし好適パッチと不適パッチの境界線に対してある変動幅をつけて、ランダムに境界線をずらすことによってランダムなパッチ状環境を作り出した。つまり、島状分断とコリドールという2つの環境に対して、好適パッチや不適パッチの位置および大きさのある変動幅の範囲でランダムに変化させた環境を設定した。

各種パラメタを変化させたシミュレーションの結果の一つとして、全体に占める好適パッチと不適パッチの各面積比率が同じであっても、ランダム度が増すと侵入速度が増す傾向にあることが分かった。このように、ランダム度が伝播速度に及ぼす影響を調べるとともに、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かについて保全生物学的観点から考察する。

囚人のジレンマゲームによる協力行動の進化について

大竹洋平 合原一幸

東京大学大学院新領域創成科学研究科複雑理工学専攻

2003/09/20(Sat.)

繰り返し囚人のジレンマゲーム (iterated Prisoner's Dilemma game) は、協力行動の進化の解析に多く使われてきている。具体的な応用例としては、経営戦略 [6] など経済学についてはもちろん、生物学において、動物の協力や、儀式的闘争など [3] 様々なものが考えられてきている。政治学者である Axelrod による囚人のジレンマのコンピュータシミュレーションの選手権 [1] では、一回目・二回目共に、しっぺ返し (Tit For Tat) 戦略が優勝している。これにまつわるシミュレーションやその追試も、様々な段階での議論がある。つまり、戦略同士の一回一回の対戦のレベル、繰り返しゲーム (数百回のゲーム) セットレベル、それらが世代を経るごとに進化していくレベルなどである。

本発表では、まず、反復囚人のジレンマによる協調行動の進化のシミュレーションの追試を行う。特に、先ほどの段階わけの最後である、選手権が何度も行われた場合に、どういった戦略が応募されてくるようになるだろうか、という生態学的・進化的シミュレーションを中心に行う。Axelrod 自身が第二回選手権の結果をもとにしたシミュレーションを行い、一回目の選手権の結果をもとにしたシミュレーションは清水 [6] によって行われている。(さらに、協力と裏切りの関係だけをみた研究 [5] もある。)

次に、これらのシミュレーションがどのような数理構造に基づいているかを、進化ダイナミクスとの対応付けから見ていく。今までやられてきたシミュレーションの多くは、生態学的シミュレーションと呼ばれる、自然淘汰のみを考えたシミュレーションであった。これは、以下のレプリケーター方程式 (1) で記述される。

- The Replicator Equation

$$\frac{dx_i}{dt} = x_i [f_i(\bar{x}) - \bar{f}] \quad (1)$$

x_i : 戦略 i の密度関数 (つまり $\sum_i x_i = 1$), f_i : 戦略 i の適応度

複製要因である自然選択 (natural selection) を記述している。適応度 f に応じて、頻度に変化する。(頻度依存選択) 進化ゲーム理論 (Maynard Smith, 1982 [2]) は、レプリケーター方程式で記述される。

これに、遺伝における組み換え・変異などを考慮したレプリケーター・ミューテーター方程式 (2) に基づいた進化的シミュレーションと呼ばれるものを行っていく。これによって、優位な戦略が交互に入れ替わる振動解も、シミュレーションで明示化することができる。

- The Replicator-Mutator Equation[4]

$$\frac{dx_i}{dt} = \sum_{j=1}^n x_j f_j(\bar{x}) q_{ji} - x_i \bar{f} \quad (2)$$

q_{ji} は、 i から j への変異率である。この方程式は、突然変異と頻度依存選択の両方を記述している。

これらのシミュレーションの結果について議論していくとともに、PD ゲームの得点を未来について解析的に足し合わせていく未来予測も行われるわけで、未来係数の概念の役割についても考察したい。

参考文献

- [1] Axelrod, R. M. (1984). *The evolution of cooperation*. New York: Basic Book. (松田裕之訳. 1987. 『つきあい方の科学』東京, CBS 出版.)
- [2] Maynard Smith, J. (1982). *Evolution and the Theory of Games*. Cambridge, MA: Cambridge University Press. (寺本英ら訳. 1985. 『進化とゲーム理論』東京, 産業図書.)
- [3] Maynard Smith, J. & Price, G. R. (1973). The logic of Animal Conflict. *Nature*, Vol. 246, pp. 15 – 18.
- [4] Page, K. M. & Nowak, M. A. (2002). Unifying Evolutionary Dynamics. *Journal of theoretical Biology*, Vol. 219, pp. 93 – 98.
- [5] 清水 剛. (1997). 有限反復囚人のジレンマにおける協調行動の進化. 行動計量学, Vol. 24, No. 1., pp. 101 – 111.
- [6] 高橋伸夫編著. 1996. 『未来傾斜原理—協調的な経営行動の進化』東京, 白桃書房.

The topics of the evolution of cooperation by Prisoner's Dilemma game.

Yo-Hey Otake, Kazuyuki Aihara.

Department of Complexity Science and Engineering, Graduate School of Frontier Sciences, University of Tokyo.

E-mail:yoheyo@sat.t.u-tokyo.ac.jp

企画シンポジウム

Recent Topics on Mathematical Methods to Biological
Systems

コーディネータ：三村 昌泰（広大・理）

J. Demongeot (Univ. J Fourier de Grenoble, France) T. B. A.

Role of Transient Dynamics in Pattern Formation Problem

Yasumasa Nishiura

Research Institute for Electronic Science, Hokkaido University

Transient dynamics has been discarded due to the nonexistence of good framework for mathematical description. On the other hand, most of the vivid and exotic dynamics contain many transitions from one state to another. For instance the well-established Turing patterns are very robust on a fixed domain, however a transition from one-stripe pattern to another becomes very subtle when the domain starts to grow. One of the reasons is that not only attractors but unstable objects play a crucial role to understand its subtleness. Firstly I will present a geometrical approach to this issue. Secondly a large deformation of pattern is frequently observed at a transition, especially when the pattern itself has a strong interaction with others, typically scattering among localized moving patterns. There are two types of strong interactions (or instabilities) for particle-like patterns, namely intrinsic and extrinsic ones. Self-replication and self-destruction are the typical examples of intrinsic type. Strong collision and the resulting scattering between traveling spots is of extrinsic one. Conventional perturbative methods don't work in this regime and there remain lots of open problems due to the large deformation of patterns not only in mathematical sense but also physical, biological or even computational sense. I will present several potentially useful viewpoints and tools to explore this fertile ground.

Pulse dynamics in excitable reaction-diffusion systems with random stimuli

Takao Ohta and Tsuyoshi Yoshimura

*Department of Mathematical and Life Sciences, Graduate School of Science
Hiroshima University, Higashi-Hiroshima, 739-8526, JAPAN*

In nonlinear dissipative systems such as a reaction diffusion system, a propagating localized object which will be called a pulse hereafter is often observed experimentally and by numerical simulations. Since a pair of counter-propagating pulses generally annihilates upon collision, one may expect no fantastic dynamics in nonlinear dissipative systems. However, an important property of pulses is self-replication which has been observed in computer simulations. For instance, in the Gray-Scott model, a motionless pulse splits into two pulses which grow and repeat self-replication until the density of pulses is sufficiently large [1]. It is mentioned that such self-replication of pulses (domains in two dimensions) has been observed in a real experiment [2]. Theory of pulse dynamics has been developed recently [3], [4].

We shall describe our recent study of pulse dynamics in excitable reaction diffusion systems focusing on the nonlinear response to the external stimuli. First of all, we show that a fascinating spatio-temporal pattern appears during the pulse evolution after stimulating locally a rest state. To be specific, we consider the following set of reaction diffusion equations

$$\tau \frac{\partial u}{\partial t} = D_u \Delta u + au(1-u)(1+u) - v \quad (1)$$

$$\frac{\partial v}{\partial t} = D_v \Delta v + u - \gamma v + I \quad (2)$$

where D_u and D_v are the diffusion coefficients and τ , γ , I and a are positive constants.

Figure 1 displays the spatio-temporal pattern of interacting pulses obtained solving numerically eqs. (1) and (2) starting with a single pulse as an initial condition [5]. The Neuman boundary condition is imposed at the system boundaries. It is evident that the interplay between pair-annihilation and self-replication causes a regular self-similar spatio-temporal evolution of a trajectory of pulses, which is isomorphic to a Sierpinski gasket. We have verified that this phenomenon is quite universal not only restricted to the set of eqs. (1) and (2) but also observed in other excitable reaction diffusion systems [5].

Next, we have studied the response of the excitable system under the external random stimuli. That is, we apply localized disturbance in the uniform rest state randomly both in

On diffusion process on a thin domain

Eiji Yanagida

Mathematical Institute, Tohoku University

The dynamics of reaction-diffusion equations on a thin domain can be approximated by that of a lower-dimensional equation. In fact, when a higher-dimensional domain shrinks to a line, the problem on the thin domain is reduced to that on a line in some sense. If the convergence of the domain to a line is not uniform, various limiting problems can appear. In this talk, I will explain the mechanism of the reduction, and mathematical approaches to analyze it. More specifically, I plan to discuss the following questions:

1. What is the limiting problem?
2. In what sense is the problem on a thin domain approximated by the problem on a line?
3. How can one verify the approximation mathematically?

分子進化の中立説をどう乗り越えるか—新総合説に向けて—

松田博嗣(九大・名誉教授) 石井一成(名大・理)

今年に 'M. Kimura: 'The Neutral Theory of Molecular Evolution' が出版されてから、丁度20年目に当る。現在中立説は分子進化の集団遺伝学理論として定着しているが、その適用限界を巡る論争はなお続いている。中立モデルは数的に簡単で、突然変異率や、集団の個体数が進化率(=進化速度)や多型に及ぼす効果が定量的に導かれる。中立説の提唱者として、木村資生は分子レベルでの正の自然選択の働きを理論的に限定しようとした。すなわち、集団の遺伝的荷重や進化率を求め、正の自然選択の存在が観測事実と矛盾することを示そうとした。しかし、そこでは環境変動が適切にモデル化されておらず、固定確率よりの進化率の導出は新生変異体の固定が独立的に取り扱える場合に限定されていた。また、突然変異率はどうか定まるか、有利突然変異率と不利突然変異率の比はどうかなどを理論的に導くことや、環境と分子進化との関連の追究は未発展のまま片隅に置かれた。

1970年代より、われわれは木村の成果を継承発展すべく、中立説の枠を越える試みを行い種々厳密な結果を得てきた。集団生物学理論は複製子特性とその集団特性との関係が環境にどう依存してどう定まるかを追究する学問であるとの認識のもとで、複製子特性として従来の遺伝型に加えて新たに環境型と進化ステップ数の概念を導入した。それによって集団の時間発展はマルコフ過程ないしは力学過程としてモデル化され、集団の進化率は集団の平均進化ステップ数の増加率として自然に定義された。得られた結果の顕著なものを下記に述べる。

(1) 進化力学系モデルにおいて、ゲノムの突然変異率 μ が一定で、そのマルサシアンはステップ数 n と時間 t に任意に依存するが、 μ には依らないとすると、その遺伝的荷重 $L(\mu, t)$ は一般に $\partial L(\mu, t)/\partial \mu = 1 - v(\mu, t)/\mu$ (Differential load theorem) を充たす。また一般に、定常状態において進化率が v なる集団の遺伝的荷重の長時間平均 $\langle L(\mu, v) \rangle$ は $\langle L_{\min}(\mu, v) \rangle = \mu - v + v \ln(v/\mu)$ 以上である(Minimum load theorem)。 $\langle L_{\min} \rangle$ は赤の女王モデルの弱選択極限として実現され、それは $v < \mu$ に対して中立モデルの場合の $\langle L_{\text{neut}} \rangle = \mu - v$ よりも小さい。(2) 選択係数が s 、環境変動率が γ なるパリテイモデルの定常状態での有利突然変異率 μ_a と不利突然変異率 μ_d 、それぞれの固定による進化率 v_a と v_d の差はサイズ N の集団の単型的極限において、 $\mu_d - \mu_a = \mu \tanh(sN)$, $v_a - v_d = \gamma \tanh(sN)$ である。(1)は個体の増殖率が集団存続のためゲノムの総突然変異率に課する条件は、中立説による機能的制約よりは選択説による緩やかな自然選択によって軽減されること、(2)は進化率への寄与は有利突然変異の方が不利突然変異よりも大きいことを示す。狭い意味の総合説では突然変異率は捨象され、一方分子進化では環境変動は不当に軽視されてきた。上記のような成果は広い総合説の建設に役立つと期待する。

分子時計の現象論 – ホットタイムモデル –

犬塚裕樹(久留米大・医), 石井一成(名大・理)

分子時計とは2種間の系統線上で生じたアミノ酸あるいは塩基の置換数が種の分岐時間にほぼ比例する一般的な観察の略言である。分子時計のカチカチに相当する突然変異の置換は、本来の時計とちがってランダム時点で行くので、Gillespie (1991) が指摘したように、確率過程論でいう「点過程」として記述するのが適切である。分子時計をはじめて発見した Zuckerkandl と Pauling (1962) は、ポアソン過程をもちいて置換の生起を記述したが、以来、単位時間あたりの置換率(進化速度)は本当に時間的に一定であるか否かを巡って論争が続いている。これは、一方では分子時計の適切な統計的モデルは何かというデータ記述の問題であるが、他方ではポアソン過程の否定は分子進化の中立説の棄却につながるのと観点から、中立説・選択説論争との関連でも関心が持たれている。

Gillespie は episodic clock モデルを提案し、これによってほ乳類の進化データが良く記述できることを示した。これは複合ポアソン過程の一つで、置換はポアソン過程をなす episode 時点でのみ起こり、一つの episode 時点で起こる置換数は幾何分布をすると仮定している。モデルは t 時間の間に起こる episode の平均個数 $\rho_e t$ と episode あたりの平均置換数 μ_b の2つのモデルパラメータをもち、これらは t 時間の間に起こる置換数 $n(t)$ の平均と分散指数のデータから推定できる。パラメータ推定が成功したのは episode あたり置換数が幾何分布をすると仮定した故であるが、これはいかにもご都合主義的な仮定でその生物学的根拠は分かっていない。

《ホットタイムモデル》我々は置換率が確率的に変化するもっと自然な点過程として、置換が起こるとその後一定時間 τ の間(ホットタイムと呼ぶ)だけ置換率が変化し、通常値 λ の ε 倍になるものを考えた。これは renewal process の一つで、置換数 $n(t)$ の統計的挙動は一般に t に依存する。 $t \rightarrow 0$ の極限では renewal process はポアソン過程に収束するが、一般の t では非ポアソンの挙動を示す。講演では、ホットタイムモデルの $t \rightarrow \infty$ での漸近挙動を解析し、それに基づいて3つのモデルパラメータ $\lambda, \tau, \varepsilon$ が推定できることを報告する。

《renewal process モデルの長時間漸近挙動》 $\langle \cdot \rangle$ を確率変数 \cdot の平均としたとき、置換数 $n(t)$ の1次、2次、3次のキュムラント $c_1(t) \equiv \langle n(t) \rangle, c_2(t) \equiv \langle \{n(t) - \langle n(t) \rangle\}^2 \rangle, c_3(t) \equiv \langle \{n(t) - \langle n(t) \rangle\}^3 \rangle$ を用いて、3つの指数

$$v(t) \equiv \frac{c_1(t)}{t}, \quad I_1(t) \equiv \frac{c_2(t)}{c_1(t)}, \quad I_2(t) \equiv \frac{c_3(t)}{c_1(t)} \quad (1)$$

を考える。 $v(t)$ と $I_1(t)$ は平均進化速度と置換数 $n(t)$ の分散指数と呼ばれ、指数 $I_1(t)$ の1からのずれはポアソン過程からのずれの尺度として用いられてきた。第3の指数 $I_2(t)$ は、3つのモデルパラメータを推定するために、今回我々が新たに導入した。

renewal process では i 番目とその次の置換の間隔 t_i は互いに独立同等な確率変数であるが、その1次、2次、3次のキュムラントを $\gamma_1 \equiv \langle t_i \rangle, \gamma_2 \equiv \langle \{t_i - \langle t_i \rangle\}^2 \rangle, \gamma_3 \equiv \langle \{t_i - \langle t_i \rangle\}^3 \rangle$ とすると、 $t \rightarrow \infty$ の極限で

$$v(t) \sim v_\infty \equiv 1/\gamma_1, \quad I_1(t) \sim I_{1\infty} \equiv \gamma_2/\gamma_1^2, \quad I_2(t) \sim I_{2\infty} \equiv (3\gamma_2^2 - \gamma_1\gamma_3)/\gamma_1^4 \quad (2)$$

となる。これは間隔 t_i の分布によらずに成り立つ結果で、 $v(t), I_1(t)$ のこの漸近挙動はよく知られている。

《ホットタイムモデルの置換間隔 t_i 》 t_i の確率分布密度 $f(t)$ のラプラス変換は

$$\hat{f}(p) \equiv \int_0^\infty e^{-pt} f(t) dt = \varepsilon \lambda \frac{1 - e^{-(p+\varepsilon\lambda)\tau}}{p + \varepsilon\lambda} + \frac{\lambda}{p + \lambda} e^{-(p+\varepsilon\lambda)\tau} \quad (3a)$$

で、これからキュムラントが

$$\begin{aligned} \varepsilon \lambda \gamma_1 &= 1 + (\varepsilon - 1)e^{-\varepsilon\lambda\tau}, & \varepsilon^2 \lambda^2 \gamma_2 &= 1 + 2\varepsilon(\varepsilon - 1)(1 + \lambda\tau)e^{-\varepsilon\lambda\tau} - (\varepsilon - 1)^2 e^{-2\varepsilon\lambda\tau} \\ \varepsilon^3 \lambda^3 \gamma_3 &= 2 + 2(\varepsilon - 1)^3 e^{-3\varepsilon\lambda\tau} - 6\varepsilon(\varepsilon - 1)^2(1 + \lambda\tau)e^{-2\varepsilon\lambda\tau} + 3\varepsilon^2(\varepsilon - 1)(2 + 2\lambda\tau + \lambda^2\tau^2)e^{-\varepsilon\lambda\tau} \end{aligned} \quad (3b)$$

と求められる。

《指数のパラメータ依存性》(3b) を(2)に代入すると指数の漸近値 $v_\infty/\lambda, I_{1\infty}, I_{2\infty}$ は ε と $\lambda\tau$ だけの関数となる。 $\varepsilon = 1$ の時、置換の生起はポアソン過程になり、 $I_1(t) = I_2(t) = 1$ である。hot 域 $\varepsilon > 1$ では $I_{1\infty} > 1$ である。 $I_{2\infty}$ は $\varepsilon, \lambda\tau$ 次第で任意の符号、任意の値をとる。cool 域 $\varepsilon < 1$ では $I_{1\infty} < 1, -1/16 < I_{2\infty} < 1$ である。

Structured Coalescent Process と遺伝的多様性

能登原盛弘

名古屋市立大学大学院システム自然科学研究科

集団からサンプルした遺伝子の系図に関する **Coalescent model** は近年集団遺伝学の強力な数学的道具として、**Kingman(1982), Tajima(1983)**によって導入されて以来、多くの研究者により精力的な研究がなされている。この講演では、集団の地理的な構造を考慮にいれた **Structured Coalescent Model** を提案し (**Notohara(1990)**)、それにより生物集団の遺伝的多様性を考察したい。

幾つかの分集団(**colony**)に分かれた生物集団を仮定し、それらの分集団間に移住が存在するものとする。自然選択に良くも悪くも無い中立な遺伝子を考え、それぞれの分集団から幾つかの遺伝子をサンプルし、時間を遡ってこれらの遺伝子の系図を考える。それらの祖先遺伝子を遡って行くと、**backward** の移住を行いながら、複数の遺伝子が同じ分集団に存在するときは、その中の二つの遺伝子が共通の親遺伝子に **coalesce** すると言う、**coalescence** と **random walk** を伴う多粒子系のモデルとして表現される。

サンプル遺伝子が最終的に共通な祖先遺伝子に到達するまでの待ち時間 (**coalescence time**) は集団構造や分集団間の移住率の大きさによって大きく左右される。また、サンプル遺伝子の系図が確定すると、その上にポアソン過程で突然変異を重ね合わせることで、サンプル遺伝子の遺伝的多様性をあるいはその分布を求めることができる。ここでは、サンプルDNA sequence について、**infinitely many site model** の下で、多型サイト (**segregating site**) の数の分布について報告する。ヒト遺伝子のDNA多型サイトは現在、SNP (**Single Nucleotide Polymorphism**) として遺伝的多様性や遺伝的疾患、ヒトの進化との関係で注目されている。

Coalescence time(T)あるいは **segregating sites** の数(**S**) の分布を一般に厳密に求めることは、サンプル数が少なく、1次元の **stepping stone model** あるいは **island model** など簡単なモデルを除けば困難であるが、移住率が非常に大きな場合 (**strong migration**) あるいは逆に小さな場合 (**weak migration**) には摂動法を使い任意のサンプル遺伝子について近似分布を求めることができる。移住率が大きな場合は上記 **T,S** の分布は全集団のサイズを移住率で修正した任意交配を行っている集団と類似の分布となる。しかし、移住率が小さな場合は、各集団のサイズよりも、分集団間の移住率と突然変異率が分布を決める主要な要因となる。

さらに、得られた多型データから、サンプル遺伝子が共通な遺伝子に到達するまでの **coalescence time** の事後確率分布を求める方法 (ベイズ推定) についても考察する。

オスジロアゲハ(*Papilio dardanus*)の翅のカラーパターン形成

中部大学 応用生物学部

応用生物化学科

関村利朗

蝶の翅のカラーパターンは本質的に二次元空間における色素合成パターンである。翅の表皮細胞の一部が鱗粉細胞へと分化し、そこで色素が合成され、まわりの細胞に拡がるのである(例えば、Sekimura et al, 1998,1999 参照)。このようにして、翅のカラーパターンは、表面を覆う色付き鱗粉細胞のいわゆるモザイク模様である。現在、蝶のカラーパターンの中で、その形成機構が最もよく解析されているのは眼状紋(いわゆる目玉模様)である。蝶の眼状紋は遺伝子レベルでの解析が進んでいる。一方、我々が注目し研究を進めているのは、局所的な眼状紋とは異なる翅全体を覆うグローバルなカラーパターンである。この翅全体のカラーパターンは構造的に非常に複雑であり、しばしば種の同定に利用される事がある。

このため、我々は、アフリカ産の擬態多型で有名な蝶オスジロアゲハ(*Papilio dardanus*)を使って研究を進めている。我々の基本的考え方は、色素合成に関わる物質(morphogen)が最初の均一分布から生成と拡散過程を通じて別の安定な不均一な空間分布を生成する、と言うものである。この考え方をこの蝶のいろいろな問題に適用してきたが、これまでの結果によると、翅の多様なカラーパターンは本質的に、ある種の縞模様(stripe pattern)であり、色素合成に関わる細胞の感受性(閾値)、翅全体の外形など、少数の限られたパターン形成要因により作られていることが予想される(Sekimura et al,2000; Madzvamuse et al,2002)。これらの結果は遺伝子に関する実験結果などとも一致している事もわかっている。

引用文献:

1. Sekimura, T., Maini P.K., Nardi, J.B., Zhu, M., and Murray J.D. (1998).
Pattern formation in lepidopteran wings. Comments on Theoretical Biology, Vol..5,No.2-4,pp.69-87.
2. Sekimura, T., Zhu, M., Cook J., Maini, P.K., and Murray, J.D.
Pattern formation of scale cells in lepidoptera by differential origin-dependent cell adhesion.,
Bull. Math.Biol., (1999), Vol..61,No.5,pp.807-827.
3. Sekimura,T., Madzvamuse, A., Wathen, A.J., and Maini, P.K. (2000).
A model for colour pattern formation in the butterfly wing of *Papilio dardanus*
Proc. Roy. Soc. London B,Vol.267,pp.851-859.
4. Madzvamuse, A., Maini, P.K., Wathen, A.J., and Sekimura, T. (2002).
A predictive model for color pattern formation in the butterfly wing of *Papilio dardanus*, Hiroshima
Mathematical Journal, Vol.32, 325-336.
5. Sekimura,T., Madzvamuse , A., Wathen, A.J., and Maini, P.K. (2003).
Pigmentation pattern formation in the butterfly wing of *Papilio dardanus*. MIRIAM(the Milian Research
Center for Applied and Industrial Mathematics) journal, (in press).

Modeling plant virus cell-to-cell movement and plant apoptotic defense

Akiko Iwanaga*, Kenji Shiroma†, Akira Sasaki*

**Faculty of Science, Kyushu Univ.*

†*Faculty of Science, Tokyo Univ.*

The plant viruses move from the infected cell to the neighboring cells by producing the movement protein MP which expand plasmodesma (corridor connecting cells) for the transportation of viral genome. The spread of viruses in the host plant can be modeled as a density dependent diffusion. The infected plant cell, on the other hand, produces active oxygen species O_2^- , thereby triggering apoptosis of neighboring cells which prevents the viruses from spreading from the site of primary infection (hypersensitive reaction HR). Whether or not plant hypersensitive reaction can head off the virus diffusion is the key for the success of plant defense. We examine the density-dependent diffusion model for virus cell-to-cell movement and the density-independent diffusion model of the active oxygen, and study the optimal defense strategy of the infected host. We obtain the optimal sensitivity level of apoptosis that minimizes the total damage by viral infection. We also discuss how the optimal strategy of host depends on the parameters.

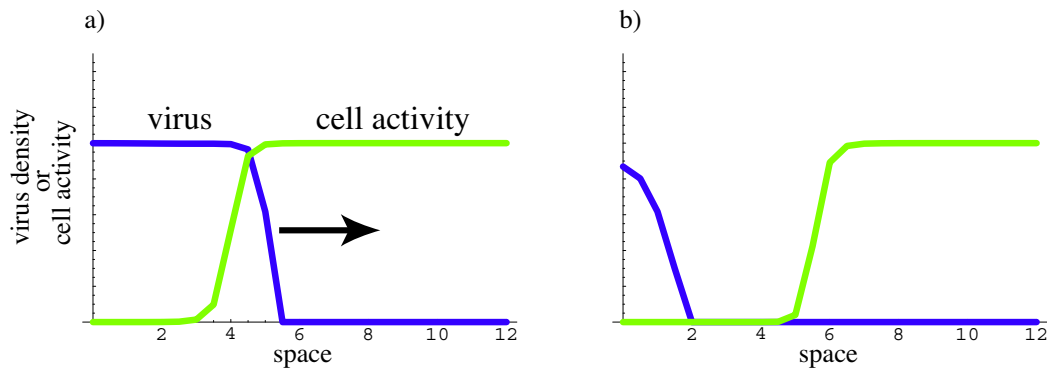


Figure 1: **a)** Travelling waves of virus and cell activity. **b)** Success in apoptotic defense of host. Viruse cannot spread through the cells which lost activity.

変動環境下でのバクテリアの休眠戦略と炭素循環 Bacterial Dormancy under Environmental Fluctuations: Competitive Outcome Determines the Carbon Cycle

三木 健 (京都大学生態学研究センター)

Takeshi Miki (Center for Ecological Research, Kyoto University)

I constructed a continuous-time, physiologically structured population model considering bacterial size strategy and physiological strategy, *i.e.*, dormancy. I analyze population dynamics under fluctuating environment in which carbon availability becomes temporally very low, and under size-selective predation pressure by heterotrophic flagellates. I assume four types of bacteria: (1) sleepless *oligotrophs* with small size, high affinity, and low predation rate, (2) *dormant* oligotrophs entering physiologically inactive phase when nutrient level is low, (3) sleepless *copiotrophs* with big size and high maximum uptake rate, and (4) dormant copiotrophs. I numerically show which type is most competitive depending on the scale of temporal fluctuations and the degree of size-selectiveness of predation, and discuss how competitive outcome influences the carbon consumption rate by bacterial population.

バクテリアの成長を制約する有機物の供給速度が変動し、鞭毛虫による捕食圧に正のサイズ選択性があるような環境下での、バクテリアのサイズ戦略と成長戦略について continuous-time, physiologically structured population model を構築して解析する。サイズについては、貧栄養下で物質の取込み効率の点から有利になる小さなバクテリア(oligotroph)と富栄養下で最大取込み速度の点から有利になる大きなバクテリア(copiotroph)の二つの戦略を考える。成長戦略については栄養条件が悪くなったら活性を下げる休眠戦略(dormant)とそれに関わらず休眠しない戦略(sleepless)の二つを考える。これらの組み合わせからなる4つの戦略(sleepless oligotroph, dormant oligotroph, sleepless copiotroph, dormant copiotroph)について、有機物供給速度の変動スケールの長短と捕食圧のサイズ選択性の有無に依存して、どの戦略が最も有利になるかを数値計算により明らかにする。さらに競争の結果勝ち残る戦略と個体群レベルでの炭素消費量の関係や、野外におけるバクテリア群集構造(各系統群の存在量比)の環境依存性との関連について議論する。

溶存酸素濃度を基礎とした湖沼生態系の環境容量評価と応答モデルの構築 谷内茂雄（総合地球環境学研究所）

琵琶湖—淀川水系は、その水源を、滋賀県をほぼ集水域とする琵琶湖に大きく依存する。したがって琵琶湖の状態が、人間活動による負荷に対して、どのように応答するか予測することは、この水系をマクロな視点から管理する上で重要な課題となる。この湖沼生態系の応答に関しては、近年、状態の不連続変化の可能性が指摘されている（たとえば、Scheffer et al. 2001）。

谷内・東・中島（2002、『流域管理のための総合調査マニュアル』）は、富栄養化を記述する概念モデルを提出し、（1）陸域からの負荷の増加とともに、溶存リン濃度の上昇、植物プランクトン量の増加、湖底堆積有機物の増加、貧酸素化が連動して進行する可能性（富栄養化シンドローム）があること、（2）陸域からの負荷量がある閾値を越えると、湖底からのリン溶出の発達によって、溶存リン濃度が不連続的に高い状態にジャンプする（不連続応答）可能性、（3）さらに、不連続応答が起きた後では、負荷量を閾値より下げても、湖沼の状態を元に戻すことが困難となる（履歴現象）可能性を指摘した。

実際、琵琶湖北湖の湖底近傍において、近年、溶存酸素濃度の低下傾向が指摘されており、上記モデルのような不連続変化が起こりうるとすれば、各種生態系サービスも陸域からの負荷の増加とともに、ある時点を境にカタストロフィックに劣化する可能性がある。

溶存酸素濃度は、水界における物質生産や分解過程の基礎となる生物地球化学反応を規定する。したがって、溶存酸素濃度は湖沼生態系の活性や不連続変化の指標となりうるものである。湖沼全体の溶存酸素量をもとにすれば、流域における人間活動の限界となる環境容量を合理的に、すなわち不連続変化がおこらないための環境負荷の上限として、評価できる可能性がある。

本発表では、湖沼生態系の不連続的な状態変化を記述するモデルをもとに、溶存酸素量を基礎に環境容量を評価し、それを現在の琵琶湖に関する（不十分な）情報の下で、流域ガバナンスの基礎情報として使うための、概念的な枠組みについて議論する。

植物プランクトンの鉛直分布におけるキャタストロフ

中島久男(立命館・理工)、吉山浩平(University of Delaware)

水界、特に湖沼において、環境の緩やかな変化に対して、生物系の劇的飛躍的变化がしばしば観測されている。たとえば、湖の栄養塩の経年変化は緩やかなものであっても、プランクトンの優先種の急激な置き替わりが起こったり、沈水植物が絶滅して透明度の下がった湖において、濁水状態が短期間起こったことにより、沈水植物が回復したなど、キャタストロフ現象として解釈できるものが数多くある。

われわれは、水界のキャタストロフ現象の1つとして、植物プランクトン密度の急激な変動が起こる生物学的メカニズムとして、どのようなものが考えられるかを調べるために、以下のようなモデルを考えキャタストロフが起きる数学的条件を得ることが出来た。

数理モデルでは以下のことを考慮した。

1. ある程度深い湖では(特に夏場では)、水の鉛直方向の混合が、水温躍層を境として表水層と深水層に分離しているが、このような鉛直構造を考慮した。
2. 植物プランクトンの資源として、栄養塩と光の2つを考えた。栄養塩は底泥から水界に供給(吸収)され拡散によって表水層に拡がり、光は水面から入射し、植物プランクトンの吸収や、他の懸濁物や水分子によって吸収散乱され、深さとともにその強度が減衰していく効果を考慮した。
3. 植物プランクトンの増殖率は、栄養塩と光の2つの資源の増加関数であるが、片方の資源がもう一方に対して過剰であれば、増殖は不足している資源に律速される効果を考慮した。

今回の発表のモデルでは、表水層内部や深水層内部の乱流拡散がある程度大きく、その境界の水温躍層を通しての栄養塩移動は小さく、さらに植物プランクトンの躍層を通した移動は極端に小さいことからこれを無視した。

これらの仮定から発展方程式は、状態変数として

表水層の植物プランクトン密度、深水層の植物プランクトン密度、

表水層の栄養塩濃度、深水層の栄養塩濃度

をとり、これらは深さにはよらないものとし、光強度は深さに関する連続関数としてモデル化した。このモデルでは、植物プランクトンの増殖率における2つの資源の切り替わりがある程度シャープであれば、キャタストロフが起こることが証明された。またその場合、たとえば、底泥の栄養塩濃度や水温躍層の深さなどを連続的に変化させたとき、表水層にのみ植物プランクトンが存在する状態と、表水層と深水層の両方に存在する状態との間を不連続に遷移をすることがわかった。

湖沼における植物プランクトンと沈水植物の Catastrophic な遷移に関する 数理モデルによる解析

長浜佐知子 (立命館・理工)、中島久男 (立命館・理工)、高村典子 (国立環境研)

浅い湖における沈水植物と植物プランクトンの Catastrophic な遷移が起こるメカニズムを明らかにするために、栄養塩と光の 2 種類の Resource の影響と底泥からの栄養塩の溶出を考慮した、現実的かつ単純な数理モデルを用いた解析を行った。

近年、多くの湖沼で沈水植物の激減、植物プランクトン (特にアオコ) の急増がみられている。こうした湖沼の遷移は、人為的な栄養塩負荷によるものが多いが、徐々に進行するものではなく、特に浅い湖沼においては、栄養塩濃度がある値のところで微少な変化をすることで急激に起こることが多くみられる。また、いったん植物プランクトンが優勢な系になると、栄養塩濃度を遷移前のレベルに戻しても沈水植物が回復せず、それよりもかなり低いレベルになったとき沈水植物が回復して、沈水植物が優勢となる系に戻ることもある。このような履歴現象がみられることから、植物プランクトン優勢状態と沈水植物優勢状態との間の遷移は、Catastrophic なものであると予想できる。

水系における Catastrophic な遷移について多くの研究がなされてきているが、それらの現象を引き起こす生物学的なメカニズムについては、これまであまり詳しく議論されていない。われわれは、植物プランクトンと沈水植物の系を対象とし、数理モデルを用いて、これら 2 種生物の系で Catastrophic な遷移が起こる要因を調べた。

数理モデルでは、以下のことを考慮した。

1. 植物プランクトンと沈水植物が増殖するための資源として、栄養塩と光の 2 つを考慮した。
この資源をめぐり、2 種生物が競争することになる。光に関しての種間競争は、水底で発芽する沈水植物が、植物プランクトンから負の影響を受けるとした。
2. 生物の死骸が水底で分解されるときに酸素濃度が減少することにより、底泥からの栄養塩 (リンを想定している) の溶出量が増加する。このことから、2 種生物の量が増加すると溶出量が増加するとした。

この数理モデルの数学的な解析により、湖沼への栄養塩の流入量の連続的な変化に対して、沈水植物優勢状態と植物プランクトン優勢状態とのあいだの不連続な遷移が起こることを、示すことが出来た。今後さらに、動物プランクトンや魚類の存在がこの Catastrophic な遷移にどのような影響を与えるかを、調べていきたい。

Emergence of adaptability to time delay in bipedal locomotion

KUNISHIGE OHGANE, SHIN-ICHIRO EI*

National Institute of Advanced Industrial Science and Technology, Tsukuba Central 2, 1-1-1 Umezono, Tsukuba-shi, Ibaragi 305-8566, JAPAN

*Yokohama City University, 22-2 Seto, Kanazawa-ku, Yokohama, JAPAN

e-mail: kuninari-ogane@aist.go.jp, *:ei2s@yokohama.cu.ac.jp

Tel. +81-29-861-5080 (ex. 30304)

Fax. +81-29-861-5841

Based on neurophysiological evidence, theoretical studies have shown that locomotion is generated by mutual entrainment between the oscillatory activities of central pattern generators (CPGs) and body motion. However, it has also been shown that the loop time delay can destabilize mutual entrainment, and result in the failure to walk. In this study, a new mechanism called *flexible-phase shift*, is proposed to overcome the loop delay. It is realized by using the Bonhoeffer-Van der Pol formalism - well known as a physiologically faithful neuronal model - for neurons in the CPG. The formalism states that neurons modulate their phase according to the delay so that mutual entrainment is stabilized. Flexible-phase shift derives from the phase dynamics related to an asymptotically-stable limit-cycle of the neuron. The effectiveness of the mechanism is verified by computer simulations of a bipedal locomotion model.

音源定位の脳内マップの神経ネットワークモデル

黄 善強[†], 前田 健太[‡], 檜森 与志喜[‡], 神原 武志^{†‡}

[†]電気通信大学 情報システム学研究科 情報ネットワーク専攻

[‡]電気通信大学 量子物質工学科

hsq@glia.pc.uec.ac.jp

1 はじめに

我々人間や動物が持つ能力の一つとして、両耳に届いた音情報によって、その音源の水平および垂直方向の位置を把握する能力、“音源定位”の能力がある。最も優れた音源定位能力を持つメンフクロウは、ノイズ音(たくさんの周波数成分を含む音)を聞いたときの定位の誤差は、水平方向にも垂直方向にも、角度にして1~2度程度であり、完全な暗闇であっても音だけを頼りに獲物を捕らえることができる。メンフクロウは音源の位置を二つの独立した神経経路を使って検知する。ひとつは音の両耳到着時間差(ITD)情報によって音源の水平位置を見つけるITD経路、もうひとつは両耳音圧強度差(IID)情報を使って音源の垂直位置を知るIID経路である。そして、この二つの神経経路からITD情報とIID情報をICc shellで統合することによって、顔面(頭)の向きを基準とした座標系における音源の方向を知ることができる。この音源定位における脳内の音情報は、最終的に視覚システムおよび運動システムとの情報統合によって、現実空間との対応が取れるようになる。本研究は、距離を含めて三次元聴覚空間地図の形成の神経機構とそこにおける視覚情報の役割を解明することを目的としている。

2 ITD 情報と IID 情報の統合のメカニズム

音源の水平方向と垂直方向の位置を決めるための両耳到着時間差(ITD)と両耳音圧差(IID)を検出するプロセスは信号が下丘中心核シェル(ICc shell)に到達するまでは別々の経路で情報処理が行われる。ICc shellにおいてITDとIIDの情報は統合される。ここまでは周波数ごとに情報は処理されているが、下丘外側核でそれらは統合されて音源定位の空間マップが形成される。

2.1 IID の検出のメカニズム

我々はITD検出経路のニューラルモデルはすでに提案した[1]。ここでは、IID検出のために後外側毛帯核(VLVp)およびICc shellでの両情報の統合のためのニューラルモデルを提案する。VLVpsのところでは両耳からの音圧情報は結合される。左右のVLVpsのお互いに働く抑制性結合機能がIID検出のために本質的に重要な働きをする。VLVpにおいてはIIDの値は左右どちらのVLVpで発火していないニューロンの位置として表現される。

2.2 ITD と IID の情報統合のモデル

ICc shellにおける情報統合を行うメカニズムを再現するニューラルモデルを図3に示す。VLVpsからの音圧差(IID)の出力は抑制性入力として下丘中心核シェル(ICc shell)に投射され、下丘中心核コア(ICc core)からの時間差(ITD)の出力は興奮性入力としてICc shellに投射される。

ICc shellにはITDとIIDの各値の組合せにチューニングされたニューロンが配列しており、入力されたITDの値に対応するニューロン(一行に並んでいる)の中で、どちらのVLVpからも抑制を受けない(IIDの値に対応した)ニューロンのみ発火することができる。

3 ICc shell ネットワークの応答特性

これらのモデルを用いて、ITDとIIDの値の様々な組合せをもつ音へのICc shellネットワークの応答を調べた。これらの結果は実験的に観測されている応答特性を極めて良く再現しており[2]、モデルの妥当性を示している。

4 視覚との情報統合

聴覚情報と視覚情報が視蓋で統合して、聴覚空間マップの現実空間との対応を実現するメカニズムを明らかにする。また、運動中枢神経との連携を導入し、最終的にメンフクロウが暗闇でえさをとる行動ができるためのニューラルメカニズムを解明する。

参考文献

- [1] Inoue, S., Yoshizawa, T., Kashimori, and T.Kambara, An essential role of random arrangement of coincidence detection neurons in hyper accurate sound location of owl, Neurocomputing, 38-40, 675-682, 2001
- [2] K.Maeda, M.Ohta, M.Zheng, Y.Kashimori, and T.Kambara, Neuronal model of sound location map generated based on multiplicative binding of ITD and IID information, Proc. of ICONIP '02, vol1, 20-24(2002).

コウモリのエコーロケーションにおける 標的距離検知のための”egocentric selection”の神経機構

杉本武政†、鎌田栄悟†、樫森与志喜‡、神原武志†‡

Takemasa Sugimoto, Eigo Kamata, Yoshiki Kashimori and Takeshi Kambara

†電気通信大学大学院 情報システム研究科 情報ネットワーク学専攻

‡電気通信大学 量子・物質工学科

busei@jcom.home.ne.jp

1. はじめに

ヒゲコウモリは、自らが発した超音波のパルスとそのエコーの間の時間的相関を脳内で解析することにより、空中を飛んでいる昆虫の速度、距離形状などの詳細な情報を得ることができる[1]。我々は、以前、標的距離検知における FM slope 変化の役割を明らかにするため、コウモリが発したパルス音とエコー音に対して標的までの距離情報を処理する聴覚の神経ネットワークモデルを作成した [2]。距離検知のプロセスにおいて、皮質から下丘へ向かう下降性信号が菅ら[3]によって見出されている。我々は、今回、下降性入力を含めた距離検知の神経ネットワークモデルを作成し、距離検知における下降性入力の機能的役割を明らかにする。

2. 距離検知のための神経ネットワークモデル

距離検知を実現する神経ネットワークモデルは図1のように、階層的な3つの部位から成り立っている；下丘 (Inferior Colliculus; IC), 内側膝状体 (Medial Geniculate Body; MGB), 聴覚野 (Auditory Cortex; AC)。

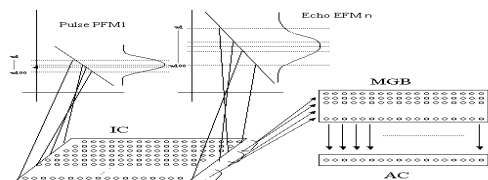


図1. 目標距離検知のための神経ネットワークモデル

MGB は対応する AC ニューロンに興奮性の出力を送る。下降性結合については、AC ニューロンは、中心興奮一周辺抑制の形で、下位の MGB ニューロンへその出力をフィードバックしている。MGB の出力は、さらに、中心興奮一周辺抑制の形で、IC にその出力をフィードバックする。

このフィードバック信号は、AC の発火に対応するパルスとエコーの時間遅延をコードする IC ニューロンの応答性を強めるだけでなく、周辺のニューロンのその時間遅延への感度を抑制する。結果として、検出すべき時間遅延の応答は、IC レベルで精度が上がり、それが、再び AC へ送られる。

3. 結果

最適な FM slope の出現は、IC での時間遅延の一致検出の機構と MGB での統合によって実現される。標的距離が近いときは、パルスとエコーの遅延時間が短く、それらを急勾配の FM slope に沿って効果的に積算することによって高い応答を得ることができる。一方、中程度の距離では、パルスとエコーの時間遅延が大きくなり、急勾配の FM slope では効果的な積算が出来ない。中勾配の FM slope では、中程度の距離における標的の時間遅延を効果的に積算できる。それより近い物体では、IC から MGB への統合が中心興奮一周辺抑制によって統合されるために、全体として MGB での応答が抑えられる。遠距離の物体についても、同様に緩勾配の FM slope で MGB ニューロンの最大応答が得られ、他の場合には応答は小さくなる。

4. 今後の課題

特定の FM slope に対応する MGB の応答選択性は、AC から IC への下降性入力によって強められる。コウモリは、自分が発する FM slope をモニターし、自分の見たいものを強調するような”egocentric”な下降性入力を IC に送る。それによって、コウモリが集中して見たいものを、様々な入力情報の中から選り出すことができる。我々は、この下降性入力を含む神経ネットワークを用いて、FM slope の変化に対する標的距離の応答選択性を調整し、複数の標的や木々などの背景に埋もれた標的を、このネットワークが確実に探知できることを示す。

参考文献

- [1]菅 武雄著、音波情報を処理するコウモリの神経機構、日経サイエンス、1990年8月号、pp.74-83.
- [2]鎌田 栄悟、樫森 与志喜、神原 武志、コウモリのエコーロケーションにおける複数目標物の距離識別の神経機構、日本神経回路学会、第12回全国大会講演論文概要集、p52、2002；論文集 CD-ROM.
- [3]J. Yan and N. Suga, "Cortical Modulation of Time Domain Processing of Biosonar Information in Bats", Science, 273, pp.1100-1103, 1996.

電気魚のエレクトロロケーションにおける物体検知の神経モデル

藤田一寿[†]、櫻森与志喜^{††}、神原武志^{†,††}

[†] 電気通信大学大学院 情報システム学研究所 情報ネットワーク学専攻

^{††} 電気通信大学 量子物質工学科

1 はじめに

弱電気魚は尾部に発電器官をもち、体外に微弱な交流電場 (Electro Organ Discharge:EOD) を発している。この魚の近くに、周囲とは異なるインピーダンスを持った物体が存在するとき、それによって魚が受容する EOD の位相や振幅に変調が生じる。これらの変調は、魚の体表面上に分布する電気受容器によって感知される。さらに、これらの情報はソマトピックに後脳にある電気感覚側線葉 (ELL)、中脳の半円隆起 (TS) さらに視蓋 (OP) へと送られる。

本研究では、魚の周囲を動く物体によって引き起こされる EOD の時空間的な特徴を ELL、TS がどのように情報をコードし、物体の距離を検知するのかをモデリングの立場から明らかにする。

2 モデル

図 1 に示すように、モデルは受容器、ELL、TS、EGP の各神経ネットワークから成る。魚の周りに形成される電場や受容器のモデルは、我々が過去に提案したものを用いた [1][2]。ELL の bp(basilar pyramidal) cell は、soma と dendrite からなり、多数の電気受容器からの出力を中心興奮周辺抑制的な結合によって受け取る。EGP や TS は ELL の bp cell からの出力を受け取る。EGP はその出力を ELL にフィードバックする。

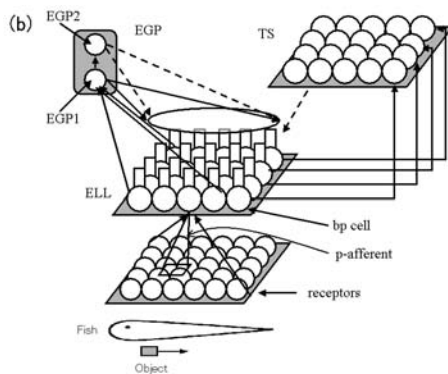


図 1: モデルの図。実線はフィードフォワード入力、点線はフィードバック入力を表す。

3 結果

図 2(a) は体表面上の任意の一点が受け取る物体による EOD の振幅歪の時間変化である。図 2(b) は、そのとき

の ELL の bp cell の発火パターンを示す。図より、bp cell は、バースト発火により、EOD 振幅の増加をエンコードしていることがわかる。図 3(a) は、ELL マップ上のある時間幅でのバースト発火の領域の物体移動に伴う変化を示している。図の xy 平面は、体表面上の受容器の位置に対してソマトピカルな結合を持つ ELL bp cells マップを示す。この発火領域は、時間とともにマップ上を安定に伝播している。図 3(b) に示すとおり、この発火領域の変化は ELL の上位核である TS で同期発火としてエンコードされる。斜線部分が、TS の発火の同期領域を示す。我々は、この TS での発火の同期領域が、物体距離を表すものと考えている。

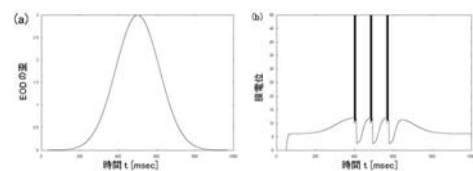


図 2: (a) 体表面上の任意の一点が受ける振幅変調の時間変化。(b) ELL の bp cell の発火パターン。

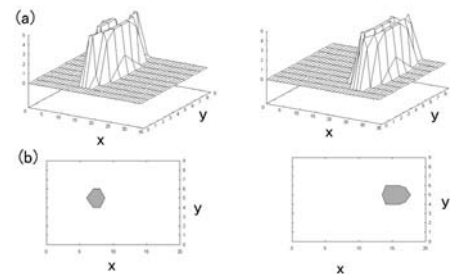


図 3: (a) ELL の bp cell の発火数、左は 250msec ~ 300msec、右は 450msec ~ 500msec (b) TS の同期発火の範囲、左は 250msec ~ 300msec、右は 450msec ~ 500msec

参考文献

- [1] E.Murase, Y.Kashimori, M.Zheng, T.Kambara, proc. of ICONIP 2002, pp.1130-1134(2002)
- [2] Y.Kashimori, M.Goto, T.Kambara, Biophys.J. 70 pp.2513-2526(1996)
- [3] 藤田一寿、櫻森与志喜、神原武志電気魚のエレクトロロケーションにおける電気容量性物体検知の神経機構、日本神経回路学会 第 12 回全国大会講演論文概要集 (2002)pp.57

視覚の物体形状認識経路における予測による認識を実現するニューラルネットワークモデル

鈴木信之¹、檜森与志喜²、神原武志^{1,2}

¹電気通信大学大学院 情報システム学研究科情報ネットワーク学専攻

²電気通信大学 量子物質工学科

1. 目的

人が物体を見るとき、網膜に映った映像の細かい特徴（線分の傾きなど）に基づき脳内に物体のイメージを構成する。最近の研究では、網膜に映った映像をV1やV4野に見られる多重解像度のマップで分析していることがわかってきた。従来の視覚研究では網膜上の映像をフィードフォワード経路のみを用いて研究するものが大半であり、高次中枢における視覚記憶に関係した研究はまだあまりなされていない。本研究では視覚経路の高次部位からの予測信号と多重解像度マップに基づいた物体の形状認識機構の解明を目的とする。

2. モデル

図1に示すように、モデルは8層構造からなる。Retina/LGNに入力された視覚の映像はV1、V4で特徴抽出が行われ、形状に関する情報がTEOの経路に、また、位置に関する情報がPP (Posterior Parietal)の経路に沿って処理される。V1、V4、PPはそれぞれ粗い解像度のマップと微細な解像度のマップの2種類のマップを持っている。それぞれのマップはRetina/LGNからの入力を並列に処理している。このモデルでは粗いマップの経路の方が微細なマップの経路よりも情報の処理時間が速いと仮定する。TEOは下位層からの入力に基づき、入力に対応した要素図形を検知する。V4の出力はTEOの他にPPにも送られる。PPは物体の網膜上の位置情報をコードしている。処理の早い粗い解像度のマップからの出力はTEOに含まれる要素図形のどれかに分類される。TEOからの出力はTEに送られ、そこでは、TEOの要素図形に関連した記憶がWMに呼び出される。WMでの記憶はダイナミカルマップのアトラクタによって表現され、図形の細部の形態情報と図形内の部分図形の配置がアトラクタペアとして表現される。WMで1つのアトラクタペアが選ばれ、これが予測信号として下位層(V4、PP)にフィードバックされる。V4の微細マップではこの予測信号と網膜からの上行性信号とのマッチングが計算される。

これらのパターンが一致しているときはV4でその発火パターンが強められ、図形認識は完了する。一方、これらがマッチしなければ、再びTEで別のアトラクタペアが予測信号として選ばれ、V4でのマッチングが完了するまで同様なプロセスが繰り返される。

図1のモデルの網膜からTEOまでのネットワークモデルは橋本ら[1]によって既に作成されている。

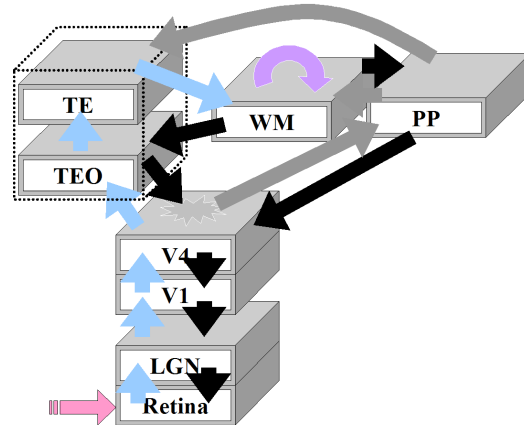


図1 物体形状認識モデルの構造

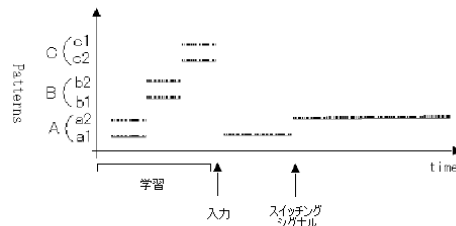


図2 WMの応答

3. 結果

図2は入力画像Bを刺激として用いた場合のWM部位での予測信号に対する応答を示している。予測がA (a1-a2) ペアのときはV4でのマッチングが正しく行われず、スイッチング信号によって新しい予測B (b1-b2) ペアに変わる。(b1-b2)は、V4で入力刺激とマッチングするので、図形認識が完了する。

4. 今後の課題

予測の有効性を見るため、次のようなタスクを行う。このタスクでは、いくつかの図形パターンを記憶し、その後、どれか一つのパターンの一部を隠した図形を提示し、それが過去に見たどのパターンなのかを答えるというものである。これらの図形は粗い解像度で見ると同じ形であるが、詳細が異なる。

このネットワークシステムを用いて、解像度の異なるマップの役割や認識における予測信号の有効性について明らかにする。

参考文献

[1]橋本信寛, 視覚システムの物体形状認識のプロセスにおける予測の役割, JAMS Letter, 40, p.10

魚群サイズ分布のスケーリング則

丹羽洋智 (水産工学研究所 行動生態情報工学研究室)

Scaling Law for Fish School Sizes

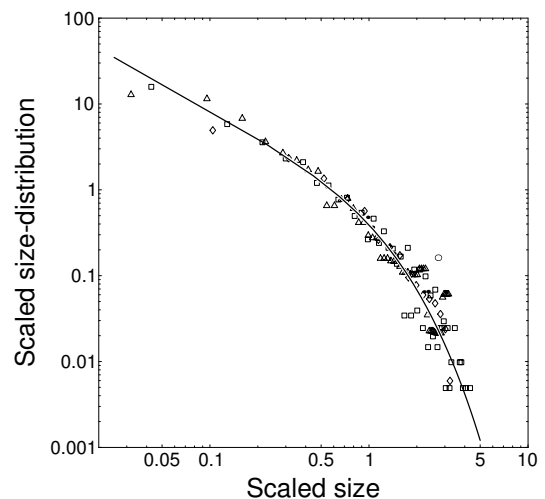
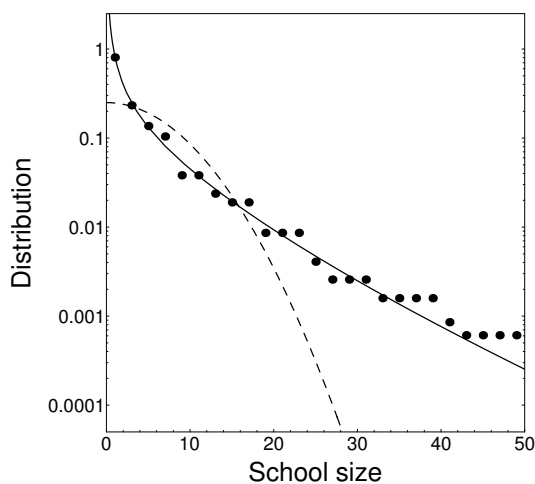
Hiro-Sato NIWA (Nat'l Res. Inst. of Fisheries Engineering)

The power-law distributions of school sizes are quite general for pelagic fishes. As with fisheries such as fishing by a purse seiner, such major events (i.e. large catches) can be regarded as unusual events of great magnitude lying on the tail of a distribution comprising events that are mostly of much smaller magnitude. Left figure shows the school-size distribution for Japanese sardine [acoustic-survey data off southeastern Hokkaido covering the period Jul. 30 – Aug. 6 in 1982, from Hara (1990)]. A traditional, widely-used Gauss statistics (broken line) says that finding sardine schools of dimensional sizes ranging from 18 to 20 meters in vertical thickness (transformed into social size $N \in [42, 50)$ in a certain unit) should only occur about once every 10^9 detections of schools. Aquatic observations actually say that finding such schools occur about once every 500 detections. The probability that such schools are found is 10^6 times large! [The solid line shows the proposed distribution, Eq.(1).]

In right figure, the empirical data of school-size distributions for various species are plotted in terms of scaled coordinates [Δ] northern anchovy *Engraulis mordax*, data from Smith (1970); (\bullet) Japanese sardine *Sardinops melanosticta*, from Hara (1990); (\square) free-swimming tropical tuna, from Bonabeau et al. (1999); (\diamond) tropical tuna caught in the vicinity of FADs, from Bonabeau et al. (1999); (\circ) herring *Clupea harengus*, from Reid et al. (2000)]. Astonishingly, all the data collapse onto a single well-defined curve:

$$W(N) = (\text{norm. const.}) \times N^{-1} \exp \left[-\frac{N}{\langle N \rangle_P} \left(1 - \frac{e^{-N/\langle N \rangle_P}}{2} \right) \right], \quad (1)$$

if the x -axis is chosen as $x = N/\langle N \rangle_P$, and the y -axis represents $y = \langle N \rangle_P W$, where $\langle N \rangle_P$ denotes the average size of population spectrum associated with schools of each size, $NW(N)$. Eq.(1) is deduced from a stochastic differential equation. The variable x gives a scaling argument: the school-size distribution depends on the school size N only through the variable x . Eq.(1) expresses the scaling law for fish school sizes. Note that there is no parameter to be adjusted, because $\langle N \rangle_P$ is computed from the data.



プランクトンの逆襲を考慮した差分方程式

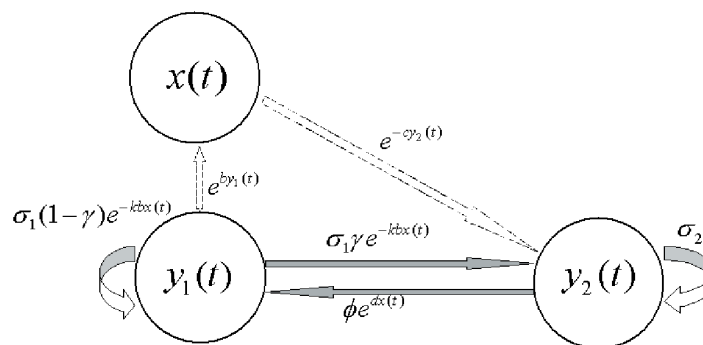
静岡大学大学院理工学研究科 間崎圭一郎 (Keiichiro Mazaki)
 静岡大学工学部 竹内康博 (Yasuhiro Takeuchi)

太平洋のマイワシ資源は数十年周期で大変動している。この栄枯盛衰の原因として、マイワシの稚仔魚を食べるクラゲやヤムシなどの魚食性プランクトンの大量発生が考えられている。そこで、魚食性プランクトン $x(t)$ とマイワシの個体群動態について考える。マイワシは、幼体 $y_1(t)$ 、成体 $y_2(t)$ の2つの発育段階をもつ。マイワシの幼体は成長率 γ で成体となる。マイワシの成体は魚食性プランクトンを捕食し、再生産率 ϕ で幼体を生む。一方、魚食性プランクトンはマイワシの幼体を捕食する。この現象を差分方程式でモデル化したものが次の式である。

$$\begin{aligned} x(t+1) &= rx(t) \exp[-ax(t) + by_1(t) - cy_2(t)] \\ y_1(t+1) &= \sigma_1(1-\gamma)y_1(t) \exp[-kbx(t)] + \phi y_2(t) \exp[dx(t)] \\ y_2(t+1) &= \sigma_1\gamma y_1(t) \exp[-kbx(t)] + \sigma_2 y_2(t) \end{aligned}$$

σ_1, σ_2 は幼体、成体の生存率、係数 a, b, c, d, k はすべて非負の定数である。 a は自己密度依存、 b は $x(t)$ による $y_1(t)$ の捕食、 c は $y_2(t)$ による $x(t)$ の捕食、 d は $y_2(t)$ が $x(t)$ を捕食することによって再生産される $y_1(t)$ に関する係数である。本研究では特に、プランクトンの逆襲項にあたる b に注目して考察を行う。

このモデルは $y_1(t) = y_2(t) = 0$ とすると、Ricker モデルとなる。また $x(t) = 0$ とすると Neubert-Caswell モデルとなる (Neubert and Caswell, 2000)。



参考文献

- [1] Neubert, M.G. and Caswell, H. (2000), Density-dependent vital rates and their population dynamic consequence, *Journal of Mathematical Biology*, **41**, 103-121.

魚食性プランクトンの逆襲モデル

(A time-delay model for inverse trophic relationship)

齋藤保久 竹内康博

(Yasuhisa Saito) (Yasuhiro Takeuchi)

静岡大学工学部

(Department of Systems Engineering, Shizuoka University)

There has been a fair amount of previous work on stage-structured models of population growth consisting of immature and mature individuals for single species, where the stage-structure is modeled by the introduction of a constant time delay (see, for example, [1]). It is observed that for predatory plankton and fish, there exists the case that the mature fish is predatory to the plankton but the immature one is the prey of the plankton.

In the present work we consider a delay differential system of the form

$$\begin{aligned}
 x'(t) &= x(t)[r_1 - a_{11}x(t) + \alpha_1y(t) - a_{13}Y(t)] \\
 y'(t) &= y(t)[-r_2 - \alpha_2x(t)] + a_{31}x(t)Y(t) \\
 &\quad - a_{31}x(t - \tau)Y(t - \tau) \exp \left\{ \int_{t-\tau}^t [-r_2 - \alpha_2x(s)] ds \right\} \\
 Y'(t) &= -r_3Y^2(t) + a_{31}x(t - \tau)Y(t - \tau) \exp \left\{ \int_{t-\tau}^t [-r_2 - \alpha_2x(s)] ds \right\}.
 \end{aligned} \tag{1}$$

Here α_1, α_2 are nonnegative constants and all the rest of parameters are positive. y and Y denote, respectively, the densities of immature and mature populations for single species where τ represents a constant time to maturity. x is the prey of Y but eats y , which we may call *the prey counterattack with time delay*.

We believe that this is the first time such a population model has appeared in the literature. Our purpose is to discuss qualitative properties of the model (1).

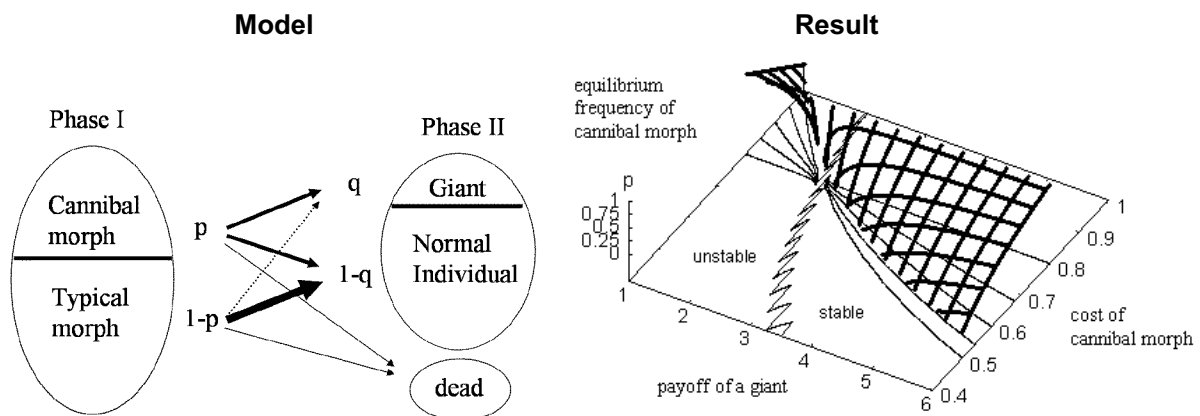
REFERENCES

- [1] W.G. Aiello and H.I. Freedman, A time-delay model of single-species growth with stage structure, *Math. Biosci.*, **101** (1990) 139-153.

急成長効果による共食い多形の維持メカニズム

若野友一郎 (東大・理・生物)

共食いに関する形質の多形は、多くの魚類や両生類で観察されている。特にある種の両生類の幼生には、共食い型と通常型の多形共存が見られる。共食い型の長所と欠点は実証研究により明らかにされつつあるが、通常型と共食い型がどのようなメカニズムで共存しているのかは明らかではない。本研究では、2種類の戦略からなるゲームモデルを用いて、共存が安定に維持されるための条件を求める。共食いによるエネルギーの収支だけを考慮する場合、共存解は必ず不安定となった。そこで、共食いによる急成長効果をモデルに組み込んだ。急成長効果とは、共食いによってサイズが飛躍的に増大する（とくに個体サイズが均一な成長の初期段階では、共食いに成功した個体だけ突出したサイズとなる）ことによって、次回以降の共食いが極めて容易となり、結果として高い利得を得る効果を差す。このような効果は、現実のサンショウウオ集団においても観察されている。急成長効果を考慮することで、共食い多形が進化的に安定に維持されることが、モデルの解析の結果示された。



Drastic growth effect may explain sympatric cannibalistic polymorphism

Joe Yuichiro Wakano (Dpt. Biological Sciences, Univ. of Tokyo)

Cannibalistic polymorphism is observed in many fishes and amphibians. In some species of amphibian larvae, cannibal morphs and typical morphs are known to coexist. The mechanism of the coexistence is analyzed by a game model with two strategies. Generally, once an individual succeeds in cannibalism, it grows very quickly, which facilitates the next cannibalism. Models with this drastic growth effect can explain the evolutionarily stable coexistence of the two strategies.

E-mail: joe@biol.s.u-tokyo.ac.jp

企画シンポジウム

Bioinformaticsの最前線

コーディネータ：望月 敦史（基礎生物学研究所）

企画シンポジウム「Bioinformaticsの最前線」

ゲノム情報科学の現状

東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センター 中井 謙太

現代の数理生物学者で、コンピュータのお世話にならない方はほとんどおられないのではないかと。そうだとすると、海外でいわゆる Bioinformatics とほとんど同義語のように用いられている Computational Biology という分野には、数理生物学も含まれていてよいように思われる。しかし、実際にはいわゆるゲノム情報科学 (bioinformatics) と数理生物学の間には、海外においてさえ、あまり交流が見られないようである。その根本には研究に対する哲学の違いがあるような気がしている。前者は近年急速に発達してきた網羅的実験によって生み出される大量のデータから意味のある解釈を行おうとするが、後者はまず法則のようなものを仮定して、その法則 (モデル) でデータがどの程度説明できるかを調べる。問題は、その法則やモデルが分子論的に解釈できないことが多く (もしくは実験的にさらに追及することが難しいため)、主流派の分子生物学と折り合いが今一つ良くなかったのではないだろうか。素人の大胆さでもう一步踏み込んで言うと、後者のトップダウン的アプローチの場合は、「どこまでがわかって、どこから先はわからない」という線引きが難しく、モデルを複雑化させて現実のデータにどんどん合わせていくことの当否をどう判断するかが問題であるような気がする。反面、データ駆動型の研究は、実験家の受けは良く、「生物学の基礎学問」とおだてられても、結局は実験家の下働きに過ぎないのではないかとこの不満がくすぶっている。そのような状況下で、これから数理生物学とゲノム情報科学の融合が進む機運が高まっていく予感がある。何と言っても、興味深い生命現象を支配する遺伝子を発見する時代は終わった。これからはただか3万種に満たない基本部品からどうして、我々のような存在が成り立っているのかを理解していかなければならない。「システム生物学」という言葉が脚光を浴びているが、それとて確固とした方法論があるわけではなく、そのような方向性が必要だろうという漠然としたコンセンサスがあるだけである。以上のような背景に基づき、当日の口頭発表では、私の研究戦略の説明に力点を置きながら、実際の私達のグループの研究内容を中心に、ゲノム情報科学の現状の一端を紹介したい。

企画シンポジウム「Bioinformaticsの最前線」

タンパク質機能解析の新しい流れ

藤 博幸 京都大学化学研究所バイオインフォマティクスセンター

タンパク質の相同配列の比較解析は、タンパク質のアミノ酸配列から構造や機能に関する情報を抽出する実用的かつ信頼性の高い手法である。相同配列の比較解析は、(1) 相同配列の収集 (データベース検索など)、(2) マルチプル・アラインメントの作成、(3) アラインメントからの情報抽出、の3つのステップより構成されている。アラインメントからの情報抽出には、各サイトの保存度あるいは変異度のスコアリング、分子系統解析、ホモロジー・モデリングなどがある。近年、*evolutionary trace* や *switch of function algorithm* など、アラインメントに含まれている配列をいくつかのグループに分割して、サイトごとにグループ間の保存度を比較するという方法が開発され、従来のアラインメント全体での保存サイトの同定を一般化した強力な機能部位予測の手法として注目されている。本講演では、最初に、現在の機能解析手法の流れについて簡単に説明する。

次に、そのようなアプローチによって、講演者自身に取り組んでいる膜タンパク質の解析について話す。タンパク質は、細胞質側と細胞外側では、そのアミノ酸組成に違いがあることが知られている。また、膜タンパク質の場合、膜と細胞質の境界部分には、正電荷を有するアミノ酸が出現しやすいことが知られている(*inside-positive rule*)。ところで、近年、*aquaporin* と *ClC chloride channel* という2つの膜タンパク質の立体構造が決定された。それらは、お互いには、配列レベルでも、立体構造レベルでも類似性を示さないものの、重複した2つの相同なドメインが融合して一本のポリペプチドとなっていること、また各ドメインに含まれる膜貫通ヘリックスが奇数本であるため、N末ドメインとC末ドメインでは、膜に対する配向が逆転していることなどの性質を共有していた。上記の細胞内外でのタンパク質のアミノ酸組成の違いを考えると、膜に対する配向の違いが、2つのドメインでは、何らかの選択圧が逆転して作用していることが予想される。そこで、*aquaporin* と *ClC chloride channel* のそれぞれについて、アラインメントを行い、N末ドメインとC末ドメインに分割して、各サイトのアミノ酸組成を求め、N末ドメインとC末ドメインの差を、その *Kullback-Leibler* 情報量として求めた。その解析結果について報告する。

タンパク質相互作用推定のためのアルゴリズム

阿久津達也

京都大学化学研究所バイオインフォマティクスセンター

1 はじめに

タンパク質間相互作用のコンピュータによる推定のために、様々な方法が提案されている。最近、既知のタンパク質間相互作用データから、タンパク質の「部品」であるドメインの相互作用を推定しようという研究が進展しつつある。ドメイン間相互作用の推定は、タンパク質間相互作用のより詳細な理解のために有用だけでなく、新たなタンパク質間相互作用の推定にも有用である。本稿では、このドメイン間相互作用推定に関する研究の現状を紹介する。

2 ドメイン間相互作用の確率モデル

この節では、Dengらにより提案された相互作用の確率モデルを紹介する [1]。 P_1, \dots, P_N をそれぞれタンパク質とし、 D_1, \dots, D_M をドメインとする。また、 P_i でタンパク質 P_i に含まれるドメイン集合も表すものとする。 P_{ij} を P_i と P_j 間の相互作用を表す確率変数とし、 D_{mn} を D_m と D_n 間の相互作用を表す確率変数とする。ここで P_i, P_j 間のドメインペアのうち、一組でも相互作用すれば、 P_i, P_j は相互作用するものとし、また、各ドメインペアの相互作用は独立であると仮定する。すると、 P_i と P_j が相互作用する確率は、 $\Pr(P_{ij} = 1) = 1 - \prod_{(D_m, D_n) \in P_i \times P_j} (1 - \Pr(D_{mn} = 1))$ と記述される。

3 ドメイン間相互作用の推定

上で述べた確率モデルは、既知のタンパク質間の相互作用データからドメイン間の相互作用の確率を推定（学習）するために利用できる。Sprinzakらは、アミノ酸のスコア行列推定などに広く用いられている「頻度分布の比からスコアを計算する」という方法を用いて、ドメイン間相互作用のスコアを推定した [2]。Dengらは、最尤法に基づき、EM (Expectation Maximization) アルゴリズムを用いて、ドメイン間相互作用の確率を推定する方法を開発した [1]。これらの研究では、既知のタンパク質相互作用データを相互作用するかしないかの二値データとして扱っていたが、実際には、何度も実験を繰り返した後の頻度データが得られる。そこで、筆者は、共同研究者の林田、上田とともに、頻度データから線形計画法を用いてドメイン間相互作用の確率を推定する手法を開発した [3]。さらに、学習データに対する分類誤差を最小化するような確率の推定が計算論的に困難であることを示す、などの研究も行っている。

参考文献

- [1] Deng, M., Mehta, S., Sun, F. and Chen, T., *Genome Research*, 12:1540-1548, 2002.
- [2] Sprinzak, E. and Margalit, H., *J. Mol. Biol.*, 311:681-692, 2001.
- [3] Hayashida, M., Ueda, N. and Akutsu, T., *Bioinformatics* (Suppl. for ECCB, in press), 2003.

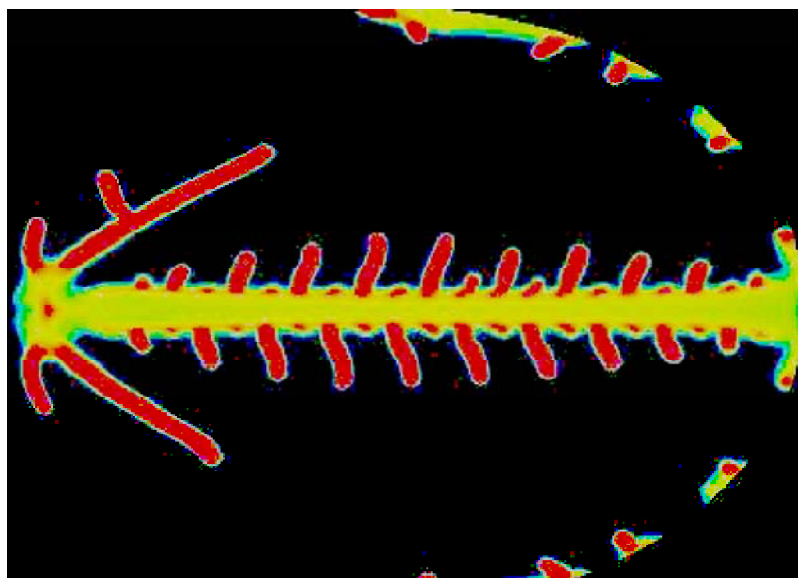
葉脈パターン形成の新しいモデル

遠矢 周作 (基礎生物学研究所・情報生物学研究センター)
TOHYA Shusaku (National Institute for Basic Biology)

葉脈のパターン形成は植物発生学における重要な研究主題の一つである。実験的研究から auxin の流れが葉脈形成に重要であることが示唆されている。Arabidopsis などでは1次脈が葉の基部から先端へと伸び、その後分岐を繰り返すことによって2次、3次脈が形成される。従来、葉脈パターン形成を説明する有力な仮説として、Sachs (1989) による canalization hypothesis と、Meinhardt (1982) による activator-inhibitor 型反応拡散モデルが提唱されてきた。canalization hypothesis は auxin flow に依存して葉脈が形成されるとしており、逐次的な葉脈形成を説明できる一方、Koizumi ら(2000)によって報告された葉脈が不連続に形成される突然変異体のパターンを説明できない。Meinhardt らによる activator-inhibitor 反応拡散モデルでは、不連続な葉脈パターンを説明できるものの、葉脈の逐次的形成や auxin flow との擦り合わせが困難である。

そこで我々は新たに、葉の辺縁部で合成された auxin を消費しながら葉脈が伸長してゆく auxin 消費型反応拡散モデルを提案する。計算機シミュレーションにより解析を行うと、伸長と分岐の繰り返しにより葉脈が生成する一方で、全体としては等間隔のネットワークが形成される。すなわちこのモデルは、分岐しつつ成長するという canalization hypothesis に似た性質と、拡散不安定性に基づいて等間隔パターンを作り出す activator-inhibitor 型反応拡散モデルと同様の性質をあわせ持っており、これまで対立すると考えられていた2つの仮説を矛盾無く統合することができる。

これにより従来のは仮説では困難であった、逐次的葉脈形成および葉脈が不連続になるミュータントのパターンを同時に説明することが可能となった。また葉脈パターンの多様性もわずかなパラメータの変化によって作り出せると期待される。



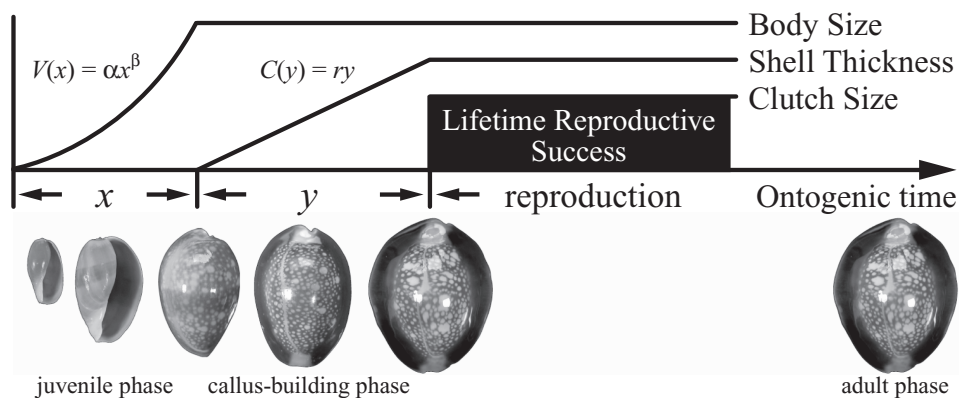
Geographic Variation of Shell Morphology in Cowries (Genus *Cypraea*): Theoretical and Empirical Approaches

Takahiro IRIE and Yoh IWASA

Department of Biology, Faculty of Sciences, Kyushu University

In the marine cowry, *Cypraea caputserpentis*, the body size is smaller and the external shell is thicker in lower latitudes. Cowries are determinate growers and the life history consists of three phases; the soft-body size and shell volume increase in the juvenile stage, which is followed by the callus-building stage in which shell thickness increases, and then reproduction starts without further growth in the adult stage. Aquarium experiments demonstrated that juvenile phase is shorter and that growth efficiency is higher at a higher temperature. They should hold in the field as well.

To evolutionarily explain the latitudinal clines of shell morphology and the related life history traits, we constructed and analyzed a mathematical model which calculates the optimal growth schedule.



In our model, juvenile body size is a power function of age and callus thickness linearly increase in callus-building stage. Clutch size is proportional to the volume of juvenile shells. We assume also that that lifetime mortality is the sum of (1) durophagous predation pressure P , which is reduced by thicker callus and (2) callus-independent, general mortality m . We calculated optimal lengths of juvenile phase (x^*) and callus-building phase (y^*) to maximize the lifetime reproductive success.

From the results, we conclude that the negative latitudinal gradient of juvenile mortality is needed to explain the evolution of the latitudinal clines of the juvenile traits. In contrast, the observed cline of shell thickness can be caused either by the latitudinal gradient of shell-crushing predation pressure or by that of the environmental factors promoting calcification or both.

Theoretical Study of Period in Circadian Rhythm

Gen Kurosawa and Yoh Iwasa
(Department of Biology, Kyushu University)

Circadian clock has a free running period that does not change much with ambient temperature. This property, called "temperature compensation" is puzzling because each process of biochemical network generating the rhythm becomes faster for a higher temperature. We study the temperature compensation theoretically when the rate for reaction steps in the network increases with the temperature, but with different sensitivity.

In the models, a clock gene(s) is transcribed to produce mRNAs (M), which are translated to produce proteins (R). Proteins enter the nucleus and in the nucleus these (P) suppress the transcription of the clock gene with cooperativity (n). The dynamics are

$$\begin{aligned}\frac{dM}{dt} &= \frac{k}{h + P^n} - \frac{aM}{a' + M}, \\ \frac{dR}{dt} &= \frac{sM}{s' + M} - \frac{dR}{d' + R}, \\ \frac{dP}{dt} &= \frac{uR}{u' + R} - \frac{vP}{v' + P}.\end{aligned}$$

When the transcription rate (k) increases, the period of oscillation becomes longer (positive elasticity). In contrast, the period of oscillation becomes faster (negative elasticity) as the degradation of mRNAs (a) increases. For most other rate parameters, the increase in the rate tends to make the period faster, but a weaker effect (small negative elasticity). These results hold for a wide range of models, including N-step models, and double oscillator model, provided that [1] most of the branch reactions (e.g. degradation of mRNAs or proteins in the feedback loop) are strongly saturated but most of in-loop reactions (e.g. protein synthesis or protein transport to nucleus) are far from saturation (which is the condition the system shows oscillation), but that [2] the cooperativity (n) of the transcription inhibition by nuclear proteins is not very large.

We then discuss the plausible realization of the temperature compensation by choosing the temperature dependence of reaction rates of the network.

Evolution Towards Periodicity

by

Masashi Kamo & Akira Sasaki

Department of Biology, Graduate School of Sciences, Kyushu University, Higashi-ku, Hakozaki 6-10-1, Fukuoka, Japan

A long lasting question in epidemiology is why many childhood diseases show periodicity of more than one year. Previous studies have been concentrated on the dynamical consequence of seasonally forcing in epidemiological dynamics, but few have studied the evolution of seasonality parameter in pathogens. We studied the evolution of seasonality using a compartment model with a seasonality in transmission rate. A strain of influenza viruses, for example, would be able to improve the transmission rate in summer, thereby reducing the degree of seasonality in transmission rate. Another influenza strain may improve the transmission rate in winter in expense of the reduced transmission rate in summer, thereby exaggerating the seasonal difference in transmission rates. Hence the seasonality itself (or sensitivity to seasonality) is subjected to evolution.

It is well known that the conventional epidemiological model with seasonally varying transmission rate shows multi-year periodicity depending on the strength of seasonal forcing. We show that larger fluctuation in transmission rate, which leads to multi-year period, is favoured by pathogen evolution. Our result apparently contradict with the geometric mean fitness principle, which claims that smaller fluctuation in fitness is favored by the selection. By applying our new principle, we can answer why "multi-year period".

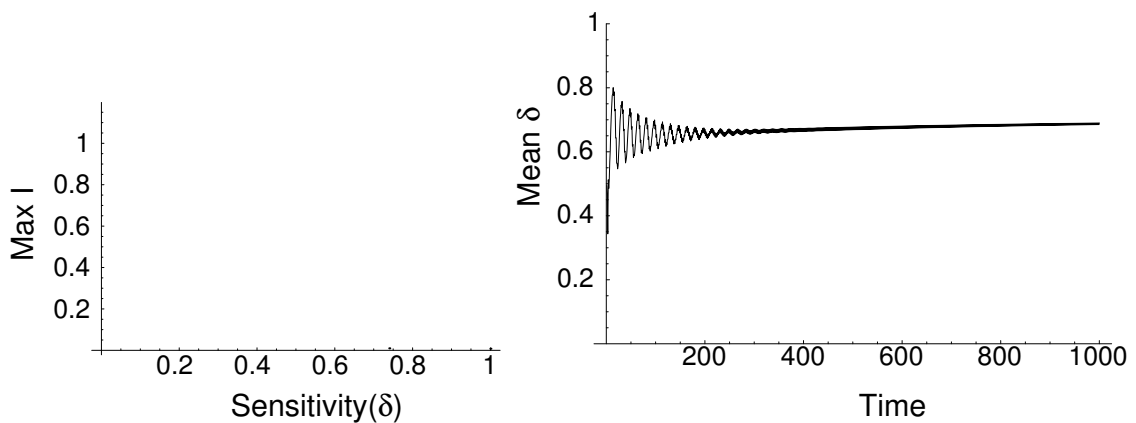


Figure 1: A bifurcation diagram of a compartment model (left). Vertical axes is maximum density of infected host at an epidemic season. Period doubling bifurcation occurs around δ (sensitivity to seasonality) equals to 0.7. The evolutionary trajectory (right). Population converges to an ESS sensitivity which is a little larger than a bifurcation point, hence the population fluctuates with a period of two years. In both panels, seasonality is a sinusoidal with period of one year.

バクテリアコロニーモデルの漸近解析について

宮田 進*, 佐々木 徹†

本講演では, 走化性を取り入れたバクテリアコロニーモデルにおけるスポットの間隔について考察を行う. 対象とする方程式系は, 川崎, 重定 [1] で提唱されたものである. ただし, ここではこの方程式系を空間 1 次元の場合に対して解析を行い, 考える領域も \mathbb{R} 全体とする:

$$\frac{\partial u}{\partial t} = D \frac{\partial^2 u}{\partial x^2} - \gamma \frac{\partial}{\partial x} \left(\frac{\partial c / \partial x}{(c+1)^2} u \right) + (\varepsilon - u)u, \quad (1)$$

$$\frac{\partial c}{\partial t} = \frac{\partial^2 c}{\partial x^2} + \alpha u - \beta c. \quad (2)$$

ここでは, M. R. Myerscough and J. D. Murray [2] で用いられている手法を利用して解析を行う. その方法とは, 大まかに言うと, 方程式系を定常状態の回りで線型化して得られる系の解に対して, 鞍点法を用いてその漸近挙動を調べるというものである.

方程式 (1), (2) を線型化して得られる方程式は, 本質的には, M. R. Myerscough and J. D. Murray [2] において解析されているものに減衰項を付け加えたものである. しかし, この違いにより計算ははるかに複雑になってしまう.

この方法で評価されたスポット間隔を, 数値解析によって得られた結果を比較すると, 比較的よく一致していることがわかる. 特に非線型性が弱いと解釈されるときには, 一致の度合いが高くなっている.

参考文献

- [1] 川崎廣吉, 重定南奈子: バクテリアのコロニー・パターン形成のモデル, 数理解析研究所講究録 Mathematical Topic in Biology 176-187,(1993)
- [2] M. R. Myerscough and J. D. Murray : Analysis of propagating pattern in a chemotaxis system, Bulletin of Mathematical Biology Vol.54,No1,pp.77-94, (1992)

* (株) 日本総合研究所

† 岡山大学環境理工学部

拡散する競争2種の相互作用の時間間欠性による相互侵入

瀬野裕美*

With a reaction-diffusion system, we consider the dispersing two-species Lotka-Volterra model with temporally periodic intermittence of interspecific competitive relationships. We assume that the competition coefficient becomes a given positive constant and zero by turns periodically in time. Not only for competitive relationship but also for any other type of interspecific relationships, such temporal intermittence of interspecific relationship would happen in nature: for example, due to seasonal separation of niches (habitat, homerange, food, etc.) of two species. From mathematical viewpoint, this type of interspecific relationship can be modelled by introducing a temporally intermittent vanishment of terms which represent the interspecific relationship. We analyze our model system analytically and numerically, and study the coexistence of competing two species in space, especially in the bistable case for the population dynamics without dispersion. We could find that the spatial coexistence, that is, the spatially mutual invasion of competing two species is possible if a critical condition for the temporal intermittence of interspecific relationship is satisfied. Further, we discuss the velocity of invading front.

ガウゼの競争排他仮説は、同じ生態的地位にある競争2種は共存できない、というものであったが、環境の不均質性により、生態的地位が同じであると考えられる競争2種でも共存が可能であるという研究成果が、少なからずの実験的、理論的研究によって提出されてきて久しい。ここで、「環境の不均質性」とは、時空間における環境の変動性を指していると考えるのが最も一般的であろう。現実の環境も大なり小なり時空間において変動していると考えるのが自然である。

特に、時間的な環境の不均質性による競争種の共存については、Hutchinson (1941, 1961) による研究が有名であるが、数理モデル研究についても、多くの研究が行われてきている。とりわけ、本研究では、最も基本的な競争系の数理モデルとして、Lotka-Volterra型2種競争系による競争2種のダイナミクスを考察する。Lotka-Volterra型競争系における競争係数などが周期的な時間関数である場合については、de Mottoni & Schiaffino (1981), Namba (1984), Namba & Takahashi (1993) などがあるが、これらの、常微分方程式系による個体群サイズ変動のみを考える数理モデルの解析に対して、本研究では、1次元空間内で拡散する競争2種 $n_i = n_i(x, t)$ ($i = 1, 2$) について、偏微分方程式系による次のような数理モデルを考察する：

$$\frac{\partial n_i}{\partial t} = D_i \frac{\partial^2 n_i}{\partial x^2} + (r_i - \beta_i n_i - \mu_{ij} n_j) n_i \quad (i, j = 1, 2; i \neq j)$$

また、特に、本研究では、(生物的・非生物的)環境の時間的不均質性の具現化として、競争関係自体の(時間周期的な)時間間欠性を考える。すなわち、上記の Lotka-Volterra 型拡散2種競争系における競争係数 μ_{ij} について、ある期間長 τ_+ においては、正の定数とし、引き続く期間長 τ_- において、ゼロとする。競争係数 μ_{ij} は、時間周期的な階段関数である。競争関係において、これらの二つの期間、競争期間と無競争期間、がそれぞれ与えられた定期間で時間的に交互に繰り返される、時間周期 $T = \tau_+ + \tau_-$ の周期的時間間欠性をもつような競争系を考えるのである。

数値計算および解析的手法による解析によって、競争2種の共存、すなわち、互いの生息域への相互の侵入が実現しうることが明らかになった。そのための条件、および、相互の空間的侵入の特性(特に、侵入速度)について、考察するとともに、その結果の生態学的な意味づけを試みた成果を発表する。

*Hiromi SENO 広島大学大学院理学研究科数理分子生命理学専攻 〒739-8526 東広島市鏡山1-3-1 [Department of Mathematical and Life Sciences, Graduate School of Science, Hiroshima University, 739-8526 Japan] (e-mail: senomath.sci.hiroshima-u.ac.jp)

環境変動に伴う平均個体数の減少： 1次元差分方程式の場合

Deleterious influence of environmental fluctuations
on average population densities

静岡大学システム工学科 今 隆助 (Ryusuke Kon)

次の Beverton-Holt 方程式の正の平衡点 $x = K$ は大域的にアトラクティブであることが知られている：

$$x_{t+1} = \frac{\lambda}{1 + (\lambda - 1)(x_t/K)} x_t, \quad x_0 \in [0, +\infty), \lambda > 1, K > 0.$$

すなわち、任意の $x_0 > 0$ に対して $\lim_{t \rightarrow \infty} x_t = K$ となる。環境収容力 K が周期的に変動する場合、方程式は次のようになり、この方程式は周期解を持ちえる：

$$x_{t+1} = \frac{\lambda}{1 + (\lambda - 1)(x_t/K_t)} x_t, \quad x_0 \in [0, +\infty), \lambda > 1, K_t > 0, \quad (1)$$

ここで、 K_t は周期的であるとする。

K_t が基本周期 2 の周期列であるとき、方程式 (1) は基本周期 2 の大域的にアトラクティブな周期解 $\{p_1, p_2\}$ を持ち、その周期解は次の性質を持つ [1, 2]：

$$\frac{p_1 + p_2}{2} < \frac{K_1 + K_2}{2}.$$

この結果から、環境収容力が基本周期 2 で振動している場合、その平均が等しい一定の環境と比べて、平均個体数が減少することが分かる。すなわち、環境変動が平均個体数を減少させるという意味で、個体群に悪影響を及ぼしている。

本研究では、環境収容力 K_t が周期 3 以上で振動していても同様の結果が成り立つのかを調べる。また、一般的に方程式がどのような性質を持てば、平均個体数の減少が起こるのかについて考える。

References

- [1] Cushing, J. M. and Henson, S. M.: Global dynamics of some periodically forced, monotone difference equations, *Journal of Difference Equations and Applications* **7**, 859-872 (2001)
- [2] Cushing, J. M. and Henson, S. M.: A periodically forced Beverton-Holt equation, *Journal of Difference Equations and Applications* **8** 1119-1120 (2002)

モデル生態系における局所的共存

中桐齊之・吉村仁・安田泰輔・塩見正衛
静岡大学サテライトベンチャービジネスラボラトリー

自然では非常に多くの種が共存して群集や群落を構成している。とくに、植物群落では共存がもっとも普遍的に見られる。ところが、群集生態学での競争理論は、多くの場合に単一の種が優占して他の種は絶滅してしまうとされている。空間占有を含めたモデルでは、多種の共存は非常に難しい。これは、植物群落の局所的共存問題におけるモデリングには、何か重要な要素が欠いているのではないと思われる。そこで、草地群落モデルにより、相互作用のあり方が局所共存に及ぼす影響を検証した。

草地群落においては、植物には種子によって繁殖するもの、クローンによって繁殖するもの、またその両方によるものがあるが、それらが共存していることが多い。これらは、どのように共存しているのだろうか、簡単な格子モデルを用いてその共存方法を探っていくことにする。

本研究では、モデルの植物としてクローン繁殖する植物と種子分散によって繁殖する植物の2種を考え、その共存方法を探っていくことにする。空間的に競争関係にある個体群はそれぞれ相互作用がない場合は共存できない。そこで、隣接個体間の相互作用を考慮した場合を考えることにした。この相互作用は、例えば、大きな植物による小さな植物の被陰や他感作用を想定している。

相互作用がないときは、最終的にはどちらか1種がのこり他の種はすべて絶滅してしまう。そこで、どのような相互作用をいれることにより共存が可能になるかを、シミュレーションにより探索した。その結果、種間作用が空間排除の場合は共存が不可能であるが、置換わりの場合には、共存可能であることが確認された。

発表では、いくつかのシミュレーションの結果を紹介する。シミュレーションの結果、種間作用が空間排除の場合は共存が不可能であるが、置換わりの場合には共存可能であることがわかった。

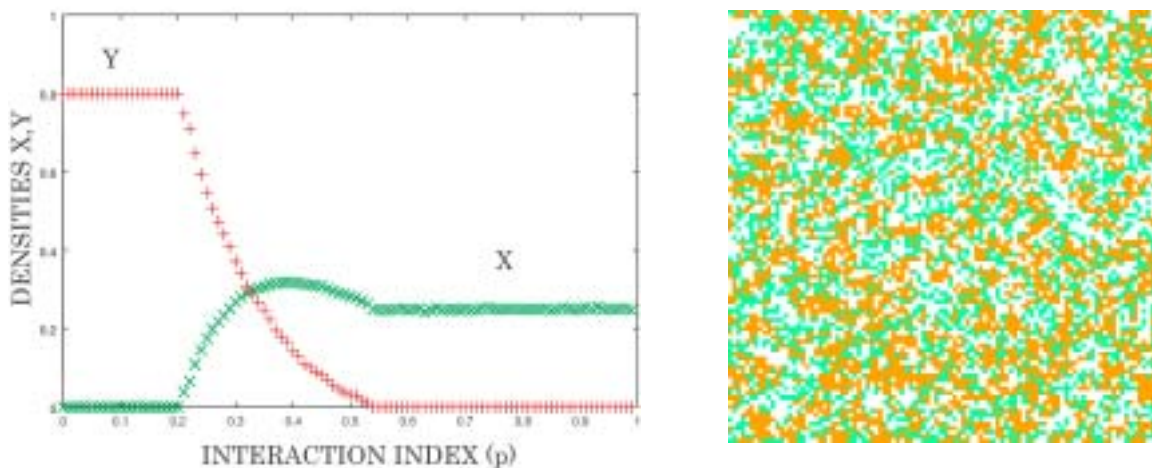


図1. 相互作用と定常密度の関係（左）と、定常密度状態において共存可能となるときのパターンのスナップショット（右）

ランダム群集モデルにおける種の豊富さのパターンの統計力学

時田恵一郎 (阪大サイバーメディアセンター・阪大院理学研究科・阪大院生命機能研究科)

Statistical Mechanics of Species Abundance Patterns in Random Population Models

Kei Tokita (Cybermedia Center & Grad. Sci. Sci. & Grad. Sci. Frontier Biosci., Osaka Univ.)

多種が共存する大規模生態系において、種数と個体数の関係に普遍的なパターン(種の豊富さのパターン: Species Abundance Pattern)が観察されることが知られている[1,2]。これに対しては様々な現象論が提案されているが、ここではより基礎的な進化学系(N 種対称ランダムレプリケータ(RE)モデル)

$$\frac{dx_i}{dt} = x_i \left(\sum_j J_{ij} x_j - \frac{1}{N} \sum_{j,k} J_{jk} x_j x_k \right) \quad (1)$$

$$P(J_{ij}) = \sqrt{\frac{N}{2\pi J^2}} \exp \left[-\frac{N}{2J^2} (J_{ij} - m)^2 \right] \quad (2)$$

$$J_{ij} = J_{ji}, \quad J_{ii} = -u \quad (u \geq 0) \quad (3)$$

による理論を示す。 x_i は*i*番目の種の個体数を表し、 $\sum_i x_i = N$ を満たす。対応するロトカ・ボルテラ(LV)方程式の相互作用は、平均が0のガウス分布に従うので、生態学的には、補食関係以外に、共生・競争も含む群集となっている。さらに、対応するLVにおける内的自然増加率(r_i)が正になる割合は誤差関数

$$\text{Prob}(r_i > 0) = \int_{-(u+m)}^{\infty} \frac{\exp(-y^2/2v')}{\sqrt{2\pi v'}} dy \quad (4)$$

で与えられるので、 $u+m$ が大きいと、群集における生産者の割合も大きい。また、 m は、群集アセンブリモデル[3]においては、系の成熟とともに増大し、系外からの侵入に対する安定性の指標にもなっている。相互作用の対称性(3)から、全ての初期状態は、平均適応度($\bar{f} = \sum_{j,k} J_{jk} x_j x_k$)が極大となる飽和平衡点(の一つ)に収束するので、系の平衡状態の統計的な性質は、ハミルトニアン $H = -\frac{1}{2} \bar{f} = -\frac{1}{2} \sum_{i,j} J_{ij} x_i x_j$ で定義される系の、低温極限での自由エネルギーにより知ることができる。これにより、多様性指標(個体数が*x*よりも大きい種の割合)

$$\alpha_\gamma(x) \equiv \lim_{\beta \rightarrow \infty} \lim_{N \rightarrow \infty} \left[\int_0^\infty \prod_j dx_j \theta(x_k - x) \times \delta \left(N - \sum_i x_i \right) \frac{e^{-\beta H}}{Z} \right]_J \quad (5)$$

を解析的に得ることができる。 $\theta(x) \equiv \{0(x < 0); 1(x \geq 1)\}$ は階段関数、 $[(\dots)]_J \equiv \int dJ_{ij} P(J_{ij}) (\dots)$ はランダム相互作用による平均を示し、添え字 γ は、多様性指標が単一のパラメータ $\gamma \equiv (u+m)/J$ に依存することを表している。 $\alpha_\gamma(0)$ は絶滅していない種の割合である。 $\alpha_\gamma(x)$ は、[(個体数*x*を持つ種の順位(rank))/ N]

なので、その逆関数によって種個体数関係(ランクサイズ関係: 大きい順に並べたときの*n*番目の個体数*x*) $x_\gamma(n/N) = \alpha_\gamma^{-1}(x)$ が求まる(下図)。群集が成熟し($m \rightarrow$ 大)、生産者の割合(4)が増大すると、群集の多様性が増大し、野外で観察されるパターンの時間変化と定性的に一致する。逆に種間相互作用の複雑さ(J)が大きい(強い相互作用と弱い相互作用の差が大きい)と($\gamma \rightarrow$ 小)、系は個体数の多い少数種で占められることになり、極地など資源の少ない環境で観察されるパターンに相似となる。個体数の分布は、 $F(x) \equiv |\text{d}\alpha_\gamma(x)/\text{d}x|$ で与えられ、ガウス分布に従う。これはしばしば野外で見いだされる対数正規分布には一致しないが、講演ではここで扱ったランダム対称REとは別の、食物網型反対称ランダムRE[4]において、個体数分布が対数正規分布に従うことも報告する予定である。

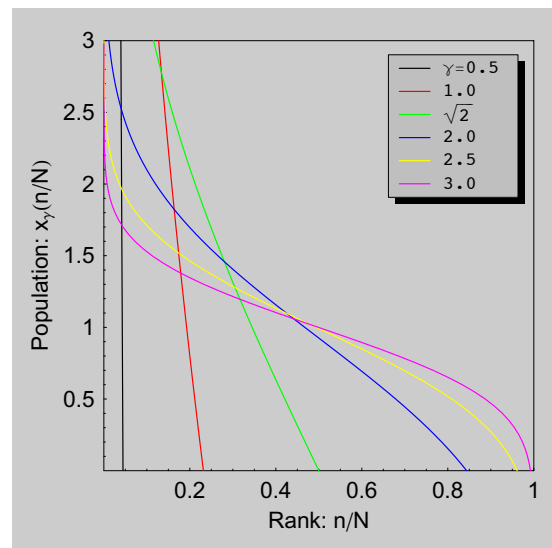
<http://www.cp.cmc.osaka-u.ac.jp/~tokita/>

[1] May, R. M. (1975) *Patterns of species abundance and diversity in: Ecology and Evolution of Communities* (eds. Cody, M. L. and Diamond, J. M.), Belknap Press of Harvard University Press, 81-120.

[2] Tokeshi, M. (1999) *Species Coexistence*, Blackwell.

[3] Tokita, K. and Yasutomi, A. (2003) *Theoretical Population Biology* **63**, 131-146.

[4] Chawanya, T. & Tokita, K. (2002) *J. Phys. Soc. Jpn.*, **71**, 429-431.



$\gamma = 0.5$ (黒)では、上位ランク($n/N \ll 1$)種の個体数が非常に大きく($\sim O(N)$)、ランクが下がると($n/N \rightarrow$ 大)急激に個体数が減少しほとんどの種が絶滅する。 γ が大きい(黄、紫など)と下位ランク種も共存できる。

ヘテロクリニックサイクルがもたらす空間パターン Patterns Caused by Heteroclinic Cycle Attractors

名古屋大学 理学部 物理学教室

立川 正志¹

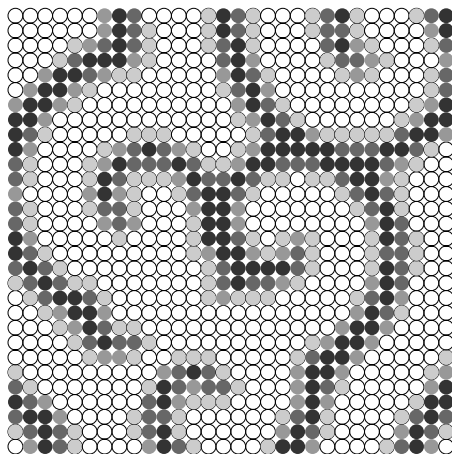
School of Science, Nagoya University

Masashi Tachikawa

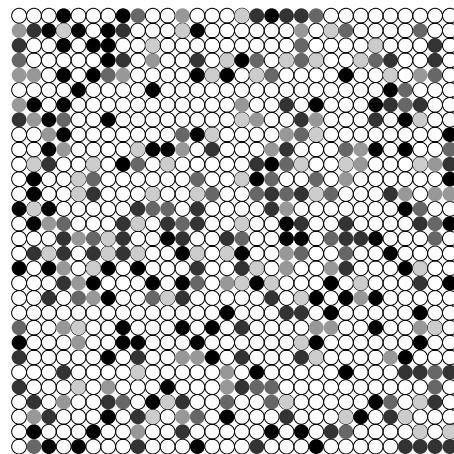
数理生態学においては早くから、アトラクターとなるヘテロクリニックサイクルの存在が知られていて、それは実際の生態系の現象とは対応のつかない特異なものであると認識されてきた。たしかに、ヘテロクリニックサイクルに巻きつく軌道は指数的に小さな個体数からの回復を意味し、その軌道自体はごく短いトランジェント状態しか記述できないであろう。しかし、ロトカ・ボルテラ方程式やレプリケーター方程式などヘテロクリニックサイクルを持つシステムが空間的な一様性を仮定している事、ヘテロクリニックサイクルに漸近する過程が振動的な振舞をする事を考慮すると、空間的に十分広がったシステムを仮定すれば、局所的にはヘテロクリニックサイクルをアトラクターに持つにもかかわらず空間的なパターンを作ることにより持続的な振動を獲得しうる事は容易に想像できる。

そのようなヘテロクリニックサイクルがもたらすパターンとして、我々は下図の2パターンを発見した。左図は良く知られた回転ら旋波であり、局所系がリミットサイクル振動の場合においても発生しうるパターンである。一方、右図はシミュレーションにおいてサイト間の拡散結合を極めて弱くした場合(連続空間上というより空間的に隔てられたサイト群からなるシステム(例としては果樹園など))にあらわれるパターンであるが、ヘテロクリニックサイクルの性質が現れた極めて特異なパターンとなっている。本講演ではこのパターンの特性を中心に解説し、局所システムに存在するヘテロクリニックサイクルが大域的系にどのような構造を作りうるかを議論する。

ヘテロクリニックサイクルアトラクターを持つ4種レプリケーター系で作る空間パターン



A rotating spiral pattern



A disordered pattern

M. Tachikawa, *Prog. Theor. Phys.*, **109**, (2003), 133.

M. Tachikawa, *Prog. Theor. Phys. Suppl.*, **150**, (2003).

¹e-mail: mtach@allegro.phys.nagoya-u.ac.jp

鎖状粘菌結合振動子系における隠れた時空間対称パターン

高松 敦子^{1,2}, 田中 玲子^{3,4}, 藤井 輝夫²

¹ 科学技術振興事業団 さきがけ研究2 1 「認識と形成」領域, atsuko@iis.u-tokyo.ac.jp

² 東京大学 生産技術研究所,

³ カルフォルニア工科大学

⁴ 慶應義塾大学 物理情報工学科

Hidden symmetry in a chain of coupled biological oscillators constructed with plasmodium of the true slime mold *Physarum polycephalum*

Atsuko Takamatsu^{1,2}, Reiko Tanaka^{3,4}, Teruo Fujii²

¹ Presto, JST

² IIS, The University of Tokyo

³ Control and Dynamical Systems, California Institute of Technology, CA, USA

⁴ Dept. of Applied Physics and Physico-Informatics, Keio University

真正粘菌変形体というアメーバ様の巨大な多核単細胞生物では細胞の厚みなどに非線形振動現象が見られる。この細胞の形を我々の開発したマイクロ構造物でパターンニングすることで、生きたままの細胞を用いた結合振動子系を構築することができる。この系では、振動子の配置と振動子間の結合強度などを系統的に制御することができ、シンプルな数理モデルから得られる結果との比較解析が容易である。これまでに、2振動子系、リング状に結合した3, 4, 5振動子系について観察、解析を行ってきた[1, 2]。

境界のある結合振動子系の振る舞いを調べるために、鎖状つまり1次元状の粘菌結合振動子系における振動の時空間パターンについて観察を行い、群論に基づく対称系のホップ分岐理論[3]による解析を行った。この理論を用いれば、振動子の内部ダイナミクスに立ち入ることなく、振動子の幾何学的配置のみから、振動の時空間パターンのカタログを得られる。粘菌を始めとした多くの生物系では振動の詳細なメカニズムを知ることは難しいので、このような理論は有用である。

鎖状振動子系は幾何学的にはその中心を軸とする鏡映対称(Z_2 対称)を持つ。そこから予想される振動の時空間パターンは、例えば3振動子系では、全同位相(all inphase)、両端が反対位相で中心が2倍振動数(antiphase&double frequency)、隣同士が反対位相(all antiphase)、の3種類である。これらのパターンは時間軸方向の位相シフトまで考慮すれば、 Z_2 対称を満たしている。粘菌系の結合は、細胞内の原形質流動による原形質交換による結合であり抑制的であるので、全同位相は考えにくい。実際に、鎖状粘菌振動子系では、antiphase&double frequency と all antiphase のパターンが観察された。しかし、それだけでなく、片端から別の片端へ向かう進行波(traveling wave)を始めとした、 Z_2 対称を満たさないいくつかのパターンが観察された。これは、明示的な幾何学的対称性からは導き出せない、つまり、隠れた対称性である。Traveling wave パターンの隣接振動子間の位相差はほぼ $\pi/2$ であった。このことは、3振動子系が隠れた対称性 D_4 (鏡映対称と4回転対称)を持つことを示唆している。この系が隠れた対称性 D_4 を持つと仮定すれば、traveling waveを始めとした不可解なパターンが全て説明できることがわかった。

さらに、振動子数 $N=4, 5, 6, 7$ の鎖状振動子系についても同様の解析を行い、全ての場合において位相差はほぼ $2\pi/(N+1)$ であった。このことは、粘菌振動子系では一般に、 N 個の鎖状振動子系が隠れた対称性 D_{N+1} を持つことを示している。これらのパターンは、鎖状振動子系の両端の振動子、すなわち、境界で何らかの効果が生じていると考えられる。空間連続系における境界条件依存のパターンにおける議論と比較しながらそれらをさらに考察する。

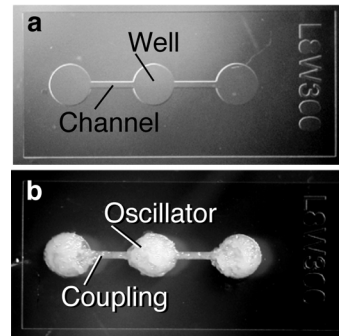


Fig.1 Coupled oscillator system constructed with a living cell of phasmodium of the true slime mold. (a) Microfabricated structure, (b) patterned cell.

[1] A. Takamatsu, T. Fujii, I. Endo, (2000) Phys. Rev. Lett. 85 2026

[2] A. Takamatsu et al., (2001) Phys. Rev. Lett. 87 078102

[3] M. Golubitsky and I. Stewart, (2002) The Symmetry perspective, Birkhäuser Verlag, Basel

[4] A. Takamatsu, R. Tanaka, T. Fujii (2003) submitted

遺伝子ネットワークにおける揺らぎのネットワーク解析

小林 徹也 合原 一幸

東京大学大学院新領域創成科学研究科

近年の数理モデルによる解析と大腸菌などを用いた実験から、単一遺伝子の発現が確率的に大きく揺らいでいることが示されている。しかし、一方で遺伝子間の相互作用によって構成される遺伝子ネットワークの多くが決定論的に振舞うことは非常によく知られている事実である。このようなネットワーク全体としての信頼性の高い振る舞いが、信頼性の低い要素の組み合わせでどのように実現されているのか、そのメカニズムはほとんど明らかにされておらず、多くの研究者の注目を集めている。

すでに、遺伝子の転写・翻訳効率の比や、負のフィードバックループ、細胞内分子との非特異的な相互作用が遺伝子発現の揺らぎを抑えることは、様々な数理手法に基づいた解析から明らかになっているが、それらの間の関係はほとんどわかっていない。その原因の1つとして、これまで用いられてきた手法が多く要素を持つ高次元のネットワークへ適用が難しいことが挙げられる。

これまで遺伝子の解析に用いられてきたフォッカープランク方程式やランジュバン方程式を高次元のネットワークに適用するためには、モデラーの経験に基づくネットワークの非自明な簡略化が必要となるが、ネットワークが揺らぎを抑える複数の異なるメカニズムを有する場合、簡略化はほとんど不可能になる。さらに、遺伝子ネットワークは非常にヘテロなネットワークであるため、低次元のネットワークに適用可能であった簡略化は単純に高次元のネットワークに適用できない。

このような従来の手法に対し、本研究ではキュムラント発展方程式と確率ネットワークグラフを組み合わせた確率ネットワーク解析の手法を提案する。

キュムラント発展方程式はネットワークを記述する化学反応式から自動的に生成が可能であり、また数値的に解くことにより、高次のネットワークの各要素の1次、2次キュムラントの発展を直接求めることができる。一方、キュムラント発展方程式のグラフ表現である確率ネットワークグラフは、各キュムラント間の依存関係を有向グラフによって直感的に表現している。各化学反応のパラメータとキュムラント発展方程式から得られた各キュムラントの具体的な値を用いて、確率ネットワークグラフを簡略化することによって、ネットワーク内のどの部分で揺らぎが生成され、生成された揺らぎはどのようにしてネットワーク内の各要素を伝播してゆくかを直感的に理解することが可能となる。さらに、この簡略化もキュムラント発展方程式と同様に自動で行うことが可能なため、確率ネットワーク解析は多くの要素を持つ高次元の遺伝子ネットワークにも直接適用が可能である。

また、確率ネットワーク解析を用いて、これまでに遺伝子発現の揺らぎを抑えることが明らかとなっている遺伝子の転写・翻訳効率の比や、負のフィードバックループ、細胞内分子との非特異的な相互作用などのメカニズムとそれらの組み合わせを解析し、本解析法の有効性を示す。

原始人間社会における統語的言語創発のシミュレーション

檜森 与志喜[†]、田中 賢二[‡]、神原 武志^{†‡}
[†]電気通信大学 量子・物質工学科
[‡]電気通信大学大学院 情報システム研究科
 E-mail: kashi@pc.uec.ac.jp

1.はじめに

動物個体が、明確な内容をもつ発声をその内容の伝達を目的として行うことは、さまざまな動物社会で見られる。しかし、単語を組みあわせることによって文を作り、それによって意思を伝えるという言語は、人間だけが使っているものである。それはどのようにして創発され、進化してきたのであろうか。創発を決める要因としては、人間社会の生活やコミュニケーションの複雑化によって脳が発達し、それによって取り扱える情報量が増加したことが考えられる。これらの要因がどのように統語的言語創発と関わっているのか、そのメカニズムを調べるため、本研究では、言語の時間的順序を創発する社会モデルを提案する。

2. モデル

2.1 人間社会モデル[1]

図1に示すように、女性が洞窟に住んでいる母系社会を考える。男性は中央の広場にすんでいる。洞窟は3つあり、広場は1つである。それぞれの洞窟はバックヤードを持ち、そこには食料があるが人間を食う虎もいる。ここでは、虎がおきているか寝ているかが、環境の情報になる。

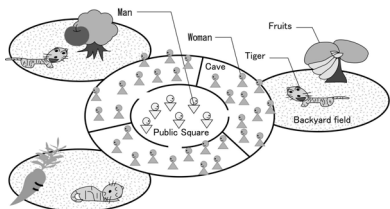


図1 社会モデル

2.2 人間のコミュニケーション[1]

男女のコミュニケーションは以下のように行う。まず、話し手(女性)は3ステップからなるジェスチャーで自分の伝えたいことを相手に表現する。聞き手(男性)は、その動きを見て、一つの行動を決定する。女性の様々なジェスチャーを理解するには聞き手はこの3ステップのジェスチャーの時間的順序を理解しなければならない。

2.3 各人の持つニューラルネットワーク

各人はヒアリングとスピーキングのためのネットワークを持っている。スピーキングネットワークはその人の欲求により3ステップのジェスチャーを生成するネットワークで、一方、ヒアリングネットワークはこの3ステップのジェスチャーを入力にして一つの行動を決定するネットワークである。ヒアリングネットワークは、入力情報を一時保持するニューロン(Temporally preserving neuron; TPN)をもっている。

2.4 社会における人々の付き合い方

同じ洞窟内の女性同士は、他の女性と環境に依存しない会話をする。一方、男性は洞窟を渡り歩き、環境に依存しない会話に加えて、環境に依存する会話を行う。

2.5 世代交代のルール

世代交代は、評価値によって行われ、男女それぞれ上位から一定の割合の人間が、同じネットワークをもつ子供をつくる。TPNの数は、突然変異により、親とはわずかに異なる。

3. 結果

グローバルな環境変化として虎のおきている確率をいろいろ変えたときに、言語共通化がどのように影響されるかについては、以前、報告した[1]。ここでは、洞窟間で食料の増加率が異なる場合、言語の共通化にどのように影響するか調べた。

図2は、洞窟2を基準にして、それより食料増加率の小さい洞窟1、大きい洞窟3としたときの、言語共通化についての結果である。洞窟1では、食料が欠乏する40世代付近で、急激に言語の共通化が促進される。一方、洞窟3は食料が比較的豊富なため言語共通化は緩やかに起こる。

図3は、この3つの洞窟に住む女性のTPNの平均数を示している。洞窟1では食料が欠乏しているため、虎がおきているかどうかの情報が重要になりTPNの数が増加している。一方、その他の洞窟では、比較的食料が多いため、虎の情報を処理するニューロンが少なくてもよい(そのため、虎情報が不正確になる)。

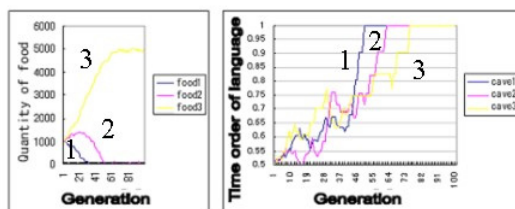


図2 3つの洞窟の食料変化(左)と言語の時間的秩序の変化(右)

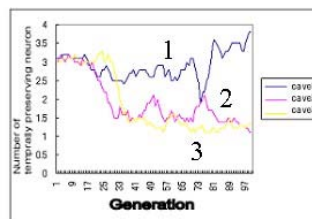


図3 3つの洞窟に住む女性のTPN数の変化

参考文献

[1]田中賢二：統語的言語を創発する社会進化モデル、JAMS Letter, 40, p.8(2003).

ゴミのポイ捨てにみる共有資源の悲劇への評判の効果

鎌田 栄悟¹、井上 聡²、榎森 与志喜²、神原 武志^{1,2}

1.電気通信大学大学院 情報システム研究科

2.電気通信大学 量子・物質工学科

E-mail: JZT03622@nifty.ne.jp

1、はじめに

唯でも勝手に使っつかまわぬ共有資源をいかに維持するかという「共有資源の悲劇」の問題は地球全体の水資源の維持など、われわれが行き詰まっている多くの社会的難問にみられる。これらの問題では個人の利益追求などの欲求と、公共資源の共有の自覚という相反する利益についていかに折り合いをつけるかが重要である。このような共有資源の悲劇問題に対して、最近、懲罰や報酬を与えるような特別な社会的仕組みがなくても、評判を基に、公益ゲームと間接的互惠性ゲームを交互に行うことで、公共の資源を巧妙に維持できることが示された[1]。そこでは、個人はいくつかの社会的「ゲーム」に参加して、これらのゲームの結果が相互に作用することが重要である。本研究では、このような「共有資源の悲劇」問題を考えるため、ゴミのポイ捨てに注目し、そこで公共心の創発のメカニズムを考える。我々のモデルでは「公共ゲーム」として、ゴミのポイ捨てをする街中を、また「間接互惠社会ゲーム」として、個人が日々暮らしている地域のつきあい社会を考える。お互いの社会は個人の評判値によって相互依存している。また我々のモデルでは、3種類の異なる価値観の人々を考え、価値観の違いが「ゴミのポイ捨て」行動にどのように影響するかも調べた。

2、モデル

各人は評判値、所持金、所有物、感情値の4つの状態量を持つ。そして、性格を決定するパラメータとして評判遺伝子と価値観を考える。評判遺伝子は $-1 \sim 1$ の値をとり、社会における評判をどの程度気にするかの程度を表わす。この値が大きいほど、評判を気にする度合いが大きい。また価値観は、所持金、所有物、感情値の中で、どれをもっとも重視するかを表わす。ここでは、所持金重視、所有物重視、感情値重視の3つのタイプを考える。これらの状態量や評判遺伝子によって街中でポイ捨てをするかどうか、どのお店で買い物をするかなどの行動が決まる。

このモデルは2つの社会(街中モード、つきあい社会モード)と、適応進化モードからなる。街中モードでは人々は買い物しながらポイ捨てを行う(図1)。買い物をを行った場合には所持金が減少するかわりに所有物、感情値が増加する。また買い物を行う時にゴミが増加する。人々はお店に向かうために歩いているだけで所有物、感情値が、減少していき、ゴミを持っている時にはゴミの量に比例した分だけ所有物、感情が減少していく。そこでポイ捨てをした場合、その行動が見つかってしまうと評判値が減少する。

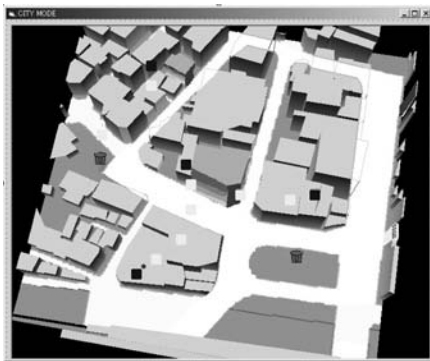


図1 街中モードにおける各人の動き

地域社会モードでは個人間で所有物の売買を行う。この取引が成立すると、売り手は所有物を街中で買ったときより高い金額で売ることができ

る。買い手は、取引を行うかどうかは売り手の評判値と自分の基準の比較によって決まる。

適応進化モードでは人々のお金、所有物、感情の3量の和で表される適応関数を用いて適応進化を行う。このときに3つの量の重み(寄与率)の値がその人の価値観となる。人々はおもとも自分の価値観に近い人で、適応関数の値が高い人の行動を模倣する。

上記の3つのモードを繰り返し行い、評判遺伝子を適応進化させていく。

3、結果

(i) 単一の価値観の人のみの社会

所持金重視のみの社会では図2(a)に示すようにゴミの数は増加する。このとき評判値の遺伝子は0.0付近の分布が主になる。つまり各人は評判をあまり気にせず、街中でゴミを捨てる。また図2(b)は、所有物重視のみの社会に対する結果を表わし、ゴミは所持金重視の場合より少ないが、ある程度は捨てられている。このとき適応する遺伝子は0.2-0.4となり、所持金より少し評判を気にする人々が増える。

(ii) 2種類のタイプが共存している社会

所持金重視と所有物重視からなる社会では図2(c)に示すとおり、各タイプのゴミ捨て数は減少する、特に所持金重視タイプのゴミ捨て行動は顕著に抑えられる。これは単独の場合に比べてつきあい社会で所有物重視に品物売るために評判値を気にするようになったためと考えられる。

他のタイプについても、単独、2種類のタイプの共存、さらには3種類のタイプの共存からなる社会をシミュレーションした。ゴミ捨ての結果は、各タイプの単純な和にはならず、お互いのタイプ間の複雑な相互作用によって興味ある結果が得られた。

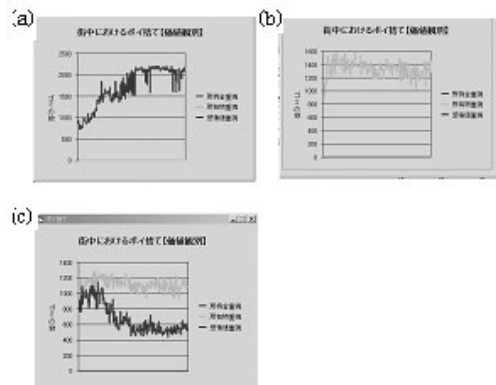


図2. 街中におけるゴミの量の時間変化

- (a) 所持金重視のみの社会 (b) 所有物重視のみの社会
- (c) 2つのタイプが混在した社会

(縦軸の目盛りが各図で異なる)

【参考文献】

- [1]. M.milinski et al. 'Reputation helps solve the tragedy of thecommons', Nature, 415, PP.424-426 (2002)

災害時における集団行動への個人行動の影響

鄭美紅^a、星野 修^b、檜森 与志喜^a、神原 武志^a

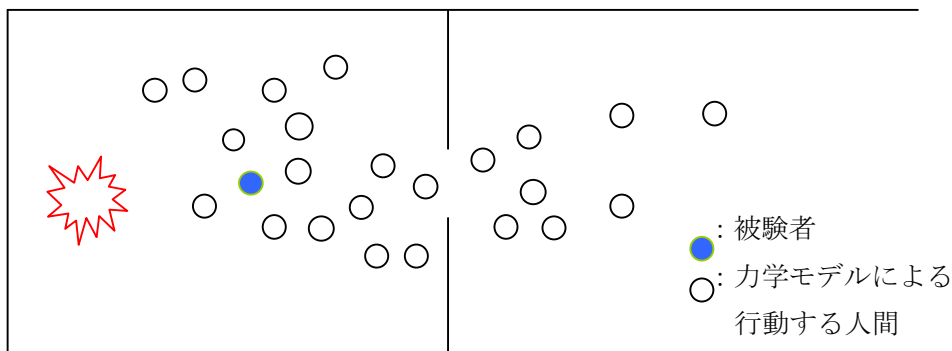
^a 電気通信大学 量子・物性工学科

^b 大分大学 福祉環境工学科

突発的災害が発生した場合、人間の密集地帯において、災害そのものによる被害のほか、人間集団がパニック状態になることによる被害も大きいと観察されている。最初の正常状態から人間がコントロールできない混乱状態への転移を起こす要因としては、災害が外的ファクターとなるが、集団にいる人間の個人行動が重要な内的ファクターになると考えられる。特殊な状況においては、少数の人間の利己的行動が集団行動の結果を左右できると考えられる。これらの考えを検証するために、我々は、力学モデルと心理学実験という二つの手段を使い、集団にいる各個人のさまざまな行動が集団全体に及ぼす効果を研究する。

本研究では災害時に個人行動が集団行動に与える影響を明らかにするために、心理的要因を考慮する力学モデルを提案し、シミュレーションを行う。災害が突然発生したと仮定し、各個人の行動が力学モデルに加えて他の人間との心理的相互作用や環境との相互作用により決められ、その結果として生じる人間集団の全体的行動を見る。個人行動の影響を明らかにするために、さまざまな人間の個性を用いて、集団行動の結果の相違を調べる。

災害の場合、人間の心理的要因の行動への影響は普通るときより大きいと思われるため、心理的要因を調べるのが不可欠である。その調査のために、仮想空間上に災害の状況を再現して、心理学実験を行うことにより、災害時の人間の心理的要因を調べることを計画している。これを遂行するために、実際に災害を起こして心理学実験を行うには危険性が伴い、また単なる避難訓練を通じて心理学実験を行うには臨場感がないという致命的欠点がある。それらの欠点を補うため、我々は、新たな心理学実験の方法を考案した。それは、Phantom 触覚シミュレーターを使ったコンピューターシミュレーションを用いて、心理学実験を行う方法である。具体的に言えば、コンピューターで仮想空間を作り、仮想空間に、力学モデルで行動する人間と Phantom 触覚シミュレーターを介して行動する被験者が置かれる(図には、心理学実験の俯瞰図を示している)。危険が迫ってくる時に、人間がどのような心理でどのような行動をするのかを被験者の行動から調べる。心理学実験により分かってきた重要な心理的要因を力学モデルに導入し、災害時のより現実的なシミュレーションを行うモデルを構築する。



心理学実験の俯瞰図

トライアルエラー製造量調整と正規分布

榎本 正

はじめに

本稿では、まず変異と2 サンプルの相加平均の繰り返し分散の安定した正規分布を作り出すことを示す。次に染色体上に多数の同一遺伝子とON・OFF スwitchのペアがあるモデルおよび遺伝子上に繰り返しパターンの加速因子があるモデルを示す。本モデルはトライアルエラー方式による最も簡単な生産量調整モデルといえる。

命題

系列 $(x_{i,n})$ を次のように順次作成する。

- (1) $x_{i,n}$ にランダムな変異 $\pm \delta$ を加える。
- (2) 各 i に対しランダムにペア j を選択し $x_{i,n+1}$ を次のようにして生成する。 ($0 < \alpha < 1$)

$$x_{i,n+1} = (1 - \alpha) \times (x_{i,n} \pm \delta) + \alpha \times (x_{j,n} \pm \delta)$$

N が十分大きいと $(x_{i,n})$ は n が大きいと正規分布になる。また、 $(x_{i,n})$ の平均を m_n 分散を V_n とすると $m_n = m_0$ で V_{n+1} と V_n の関係は次のようになる。

$$V_{n+1} - \frac{\delta^2(\alpha^2 + (1-\alpha)^2)}{1 - (\alpha^2 + (1-\alpha)^2)} = (\alpha^2 + (1-\alpha)^2) \left(V_n - \frac{\delta^2(\alpha^2 + (1-\alpha)^2)}{1 - (\alpha^2 + (1-\alpha)^2)} \right)$$

証明

平均は明らか。 V_n は乱歩と2つの独立変数の和の分散から計算できる。 V_n の式で $\delta = 0$ とおくと 0 に収束するので初期分布の影響は 0 に収束する。初期分布を正規分布とするとステップ(1)(2)ともに正規分布を保つから n 大で正規分布になる。■

シミュレーション

以下の条件で命題のシミュレーションを行った。

- (1) $N=2^{17}$, $\alpha=0.5$, $\delta=1$, 初期値=0(float, N 個)
- (2) $n=20, 40$ で降順にソートし大きいものから $1/3$ をとり同じ値のペアを2個つくり全体を埋める。

各 n 毎の平均と分散を図1に示す。図2は $n=60$ で終了したときの -3.1σ から 3.1σ までの 0.1σ きざみの密度分布である。

モデル

次の2つの簡単なモデルが考えられる。

モデル 1

- (1) 染色体上に多数の同一遺伝子とON・OFF スwitchのペアがあり生産量は ON スwitch数に比例する。

- (2) 染色体上のSwitchは1世代の間に突然変異で値を変えON数は $\pm \delta$ 変動する。
- (3) 染色体上のSwitchの配置を、総数とON状態数を保ったままランダムに組み替える。
- (4) 他の細胞から組み替え済み染色体のコピーをもらい、 α 部分を組み替える。

モデル 2

- (1) 遺伝子上に繰り返しパターン P があり生産量は P の個数に比例する。
- (2) P の個数は1世代の間に $\pm \delta$ 個増減する。
- (3) 他の細胞から遺伝子のコピーをもらい組み替える。組み替えは P - P 間結合部でランダムにおきる(P の個数期待値は中間値となる)。

特徴

- (1) トライアルエラーによる、フィードバック制御等に比べ、より原始的な生産量調整方式の1つ。
- (2) 変異が多い環境でも、分散が時間とともに広がることなく早く収束するので(*), 安定なグループを形成し維持することが可能. (* $\alpha \doteq 1/2$)
- (3) 生産量分布が自然に正規分布になる。
- (4) 危機的な状況になり、偏った分布を持つ一群が生き残っても正規分布を回復する。

参考文献 [1]小針, 確率・統計入門, '73 岩波

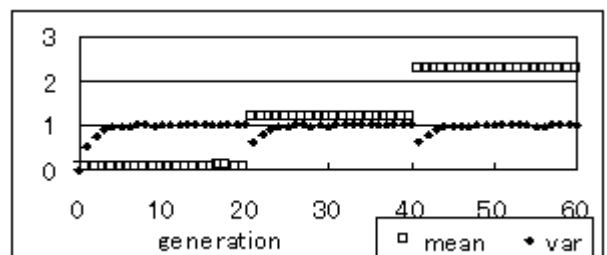


図1 世代毎の平均と分散

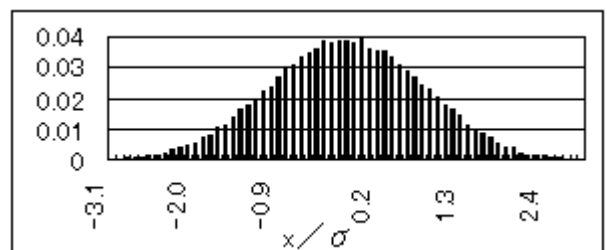


図2 最終結果(n=60)の分布密度

マウスを『データ構造』として利用する
(Transgenic mouse as Data structure)

武田裕彦(九州大学理学部生物学科数理生物学講座)
(Yasuhiko Takeda (DEPARTMENT OF BIOLOGY, FACULTY OF SCIENCE,
KYUSHU UNIVERSITY, 6-10-1 HAKOZAKI, HIGASHI-KU, FUKUOKA 812-8581, JAPAN))

脊椎動物の免疫系を扱う際に、
<与えられた初期条件>としての脊椎動物の体制を
”データ構造”として記述することを試みます。

トランスジェニックマウスなどの遺伝子操作においては
遺伝子挿入、欠失などの操作の対象として DNA 配列がそのまま
”データ構造”として現れますが、

ここでは免疫系を扱う際に使用する要素技術：
組織培養法、養子移入法などの操作を仮定してこれに親和性のある
”反応容器 - 非理想気体”系として”データ構造”を定義することを
考え、3群4枚の組み合わせ数理モデルの設計問題として定式化します。

”反応容器”として
原腸陥入 - 骨リモデリング系の数理モデルを2群2枚として

命題1：
骨リモデリング系に関連する遺伝子クラスターは原腸陥入系に関連する
遺伝子クラスターとある型のカタストロフで等号関係に結ばれる。

を準備し、

”非理想気体”として
胸腺教育 - 抗原応答制御系の数理モデルを1群2枚として

命題2：
獲得免疫系の受容体多様度は自己無撞着かつ飽和という条件で保持されている。

免疫系の”データ構造”を実装します。

これに基づいて実際の免疫系における抗原処理の流れが目に見える
ようなたくさんの観測点による高速3次元可視化を行い、
多階層に亘る知見を総合、病気(Aire, Foxp3などが関連する)を再現します。

Reactive strategies in indirect reciprocity

Hisashi Ohtsuki

Department of Biology, Faculty of Sciences, Kyushu University, Japan

e-mail : ohtsuki@bio-math10.biology.kyushu-u.ac.jp

Indirect reciprocity is one of the candidates explaining the evolution of cooperation among unrelated individuals. Unlike direct reciprocity (= reciprocal altruism), which Trivers proposed, in indirect reciprocity an individual who helped another receives return not from the beneficiary but from a third one, who knows of his good deed. In such settings, social information such as one's reputation or social status becomes important. We examined the possibility that the 'discriminating strategy', which prescribes cooperation only with those who cooperated previously evolves. By investigating the Prisoner's Dilemma game with the evolutionary dynamics called 'adaptive dynamics', we found that it cannot be an outcome of the evolution. Since adaptive dynamics assume monomorphic population in strategies, next we examined the case where the population includes a diversity of strategies. We found that only the mean 'discriminatoriness' in the population is the critical parameter that affects the evolutionary dynamics. The discriminating strategy works as a promotor of cooperation there. However, it is again not the end point of the evolution. This is because retaliatory defection, which was prescribed by the discriminating strategy, is regarded as another defection toward a society. These results caution that we have to reconsider the role of retaliatory defection much more carefully.

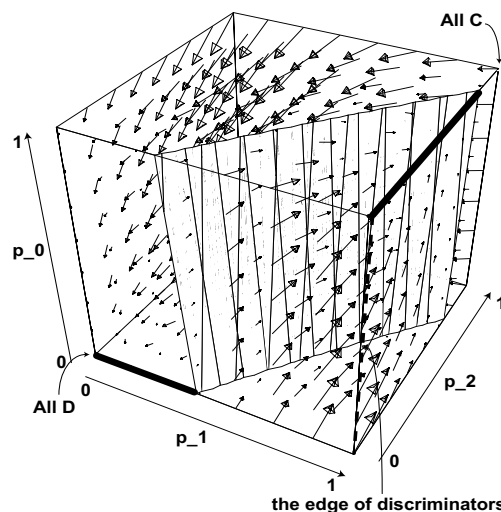


Figure: Adaptive dynamics of reactive strategies

Stochastic lattice models in spatial ecology – application to forest canopy height

Robert Schlicht and Yoh Iwasa (Dept. Biol., Kyushu University)

The spatial distribution of the canopy height in forest ecosystems (e.g. the 50 ha plot in Barro Colorado Island, or the Ogawa forest) are well approximated by a lattice Markov chain (Kubo et al., 96). This lattice Markov chain has an equilibrium state that is equivalent to the Gibbs state of the Ising model (Katori et al., 97).

[1] Extending the previous result, we here prove that an equivalence holds generally if the lattice transition rates for both gap closure (canopy getting higher than a certain threshold at a site) and gap formation (canopy getting lower than the threshold) depend exponentially on the neighboring sites.

[2] We introduced a new method for the estimation of the interaction parameters based on the local conditional frequencies for different sublattices. For the Ogawa forest, however, the estimates vary with the sublattice used – suggesting the deviation of the spatial pattern from the Ising model. We discuss the choice of the threshold height, the spatial heterogeneity, and longer-range interaction.

Fig. 1 Vegetation height spatial data of Ogawa Forest, Japan.

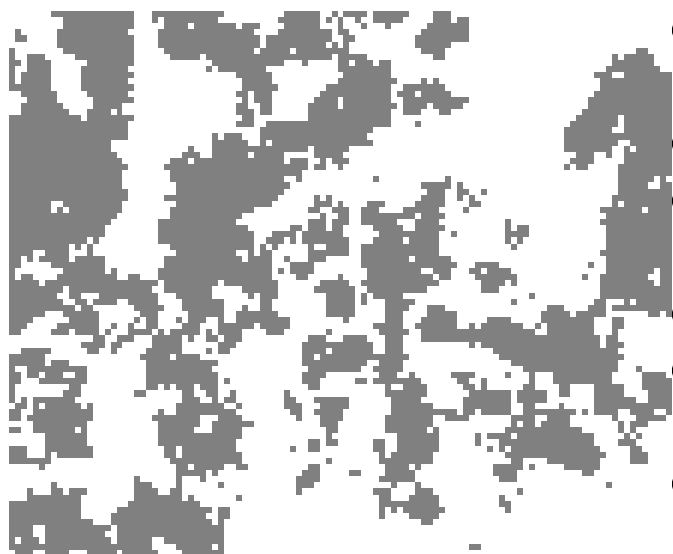
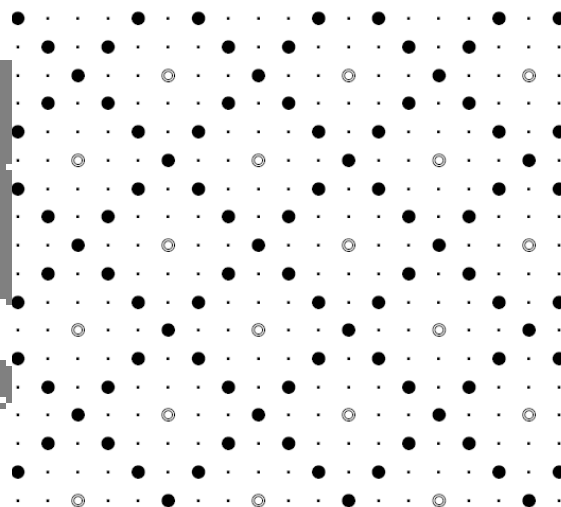


Fig. 2 An example of sublattice used for sampling



Modified Models of Optimal Forest Thinning and Clearcutting

Teruhiko Marutani: Department of Economics, Kwansai Gakuin University

ABSTRACT: This paper examines the problems of optimally thinning and clearcutting an even-aged stand of trees for commercial use over a single rotation. The conventional problems consist in finding the optimal level of growing stock and the optimal period of clearcutting the stand. In addition to which, the problem of determining the initial level of "seedlings" should be involved because the level is also a kind of a control variable available to a forest firm. Accordingly, two types of continuous-time/discrete-time models analogous to each other are presented. The former continuous-time model is used chiefly to deduce the characteristic concerning the optimal time of clearcutting. The latter discrete-time model is employed to address somewhat more practical numerical optimization problems by means of computational method and to look into the qualitative effect of varying the forest growth rate. A prominent feature of our exposition is the emphasis on utilizing both a novel forest growth function and a novel unit cost function of thinning.

JEL Classification Numbers: C61, Q20, Q23.

Key Words: renewable resource management, forestry, even-aged stand, thinning and clearcutting, dynamic optimization.

1. Introduction and main results

At present, it has reached the time that we are forced to depend on the supply of timber only from "new-growth" forest, which means the collective of trees of same species and age resulting from afforestation. This is because "old-growth" forest has the faculty of maintaining invaluable, irreversible ecosystem including the diversity of species, and of providing "amenity flows" in the form of desirable sites of hiking and camping, watershed protection, and so on. Hence, we will wish to utilize the finite sites of "new-growth" forest as effectively as possible.

It is the purpose of this paper to examine the problems of optimally thinning and clearcutting an even-aged stand of trees for commercial use over a single rotation. The study on such context dates back to the late 1960s. Amidon and Akin (1968) and Kilkki and Vaisanen (1969) used "dynamic programming" to obtain numerical solutions to the problem. Naslund (1969) and Schreuder (1971) employed the Pontryagin maximum principle of "optimal control theory" to deduce necessary conditions for the optimal thinning schedule. After those works, Clark (1976) provided a continuous-time linear control model that is adapted from the discrete-time model due to Kilkki and Vaisanen. Furthermore, Clark and de Pree (1979) and Cawrse, Betters and Kent (1984) made use of such a model to inspect the effects of a change in the relative harvest costs between thinning and clearcutting and in the

discount rate. This paper is a continuation of these works.

The problem of determining an optimal thinning pattern along with the rotation age is referred to as finding the optimal level of growing stock. In addition to which, should be considered the problem of determining the initial level of "seedlings" because the level is also a kind of a control variable available to a forest firm, affecting not only the future harvest of timber but the establishment costs. Accordingly, in this paper, two types of continuous-time/discrete-time models analogous to each other are presented. The former continuous-time model is used chiefly to deduce the characteristic concerning the optimal time of clearcutting (see the section II in this paper). The latter discrete-time model is employed to address somewhat more practical numerical optimization problems by means of computational method and to look into the qualitative effect of varying the forest growth rate (see the section III, and **Figures 4 and 6**). In both models, a novel forest growth function and a novel unit cost function of thinning are installed; thereby the presented models better reflect bionomic reality than existing models. Consequently, we may precisely draw some conclusions from the analysis with somewhat greater generality (see the section IV).

2. Figures

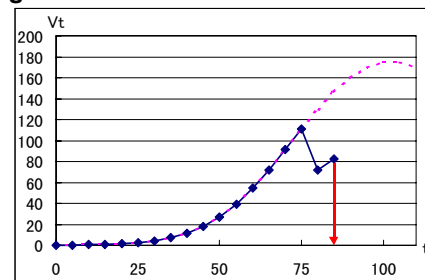


Figure 4 Optimal Thinning and Clearcutting Schedule with T=85 (Case a=1.08)

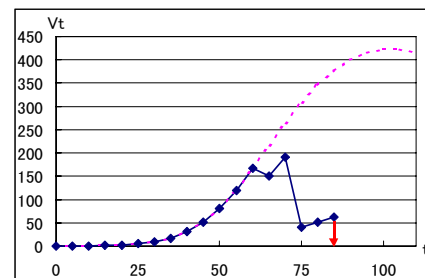


Figure 6 Optimal Thinning and Clearcutting Schedule with T=85 (Case a=1.40)

Multiple Year Optimization of Conservation Effort and Assessment of Population Size.

Hiroyuki Yokomizo¹, Patsy Haccou² and Yoh Iwasa¹

(1:Kyushu University, Japan, 2: Leiden University, The Netherlands)

e-mail: yokomizo@bio-math10.biology.kyushu-u.ac.jp

We consider optimal conservation strategies for endangered populations. We assume that the survival of the population is affected by unpredictable environmental fluctuation and can be improved by conservation effort. Furthermore, the exact value of the initial population size is assumed to be unknown. The conservation strategy involves two aspects: investment of assessment effort, to improve the estimate of the initial population size and investment of conservation effort. Both types of effort imply economic costs. The optimal management strategy is assumed to minimize the weighted sum of extinction probability and the economic cost of the conservation and the assessment effort. [1] We first analyze the optimal conservation effort when the current population size is known accurately. [2] Next, we consider the situation in which there is limited information (i.e. a cue) on population size. [3] We subsequently discuss the cases where the cue accuracy can be improved by assessment of the population. Next we discuss multiple year optimization of conservation effort and assessment of population size.

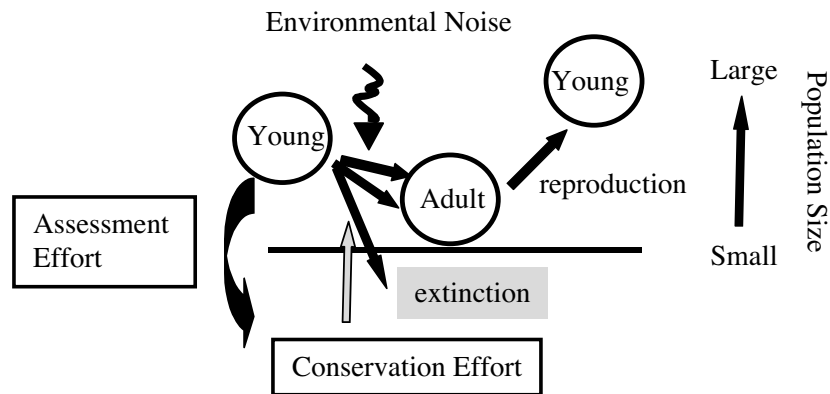


Figure: Scheme of the model.

国際会議のお知らせ

数理生物学懇談会の皆様：

以下の国際会議を文部科学省からの援助により開催します。参加登録方法・宿泊・参加費などは公式ホームページ <http://yoake.sys.eng.shizuoka.ac.jp/~symposium/> をご覧ください。

Dynamical Systems Theory and Its Applications to Biology and Environmental Sciences

力学系理論と生物学・環境科学への応用

2004年3月14日～3月17日：静岡大学佐鳴会館（浜松市）

シンポジウムの目的・内容：カオスに代表されるように数理生物学・環境科学における力学系は数学者だけにとどまらず、幅広い関心を呼んでいる。その研究は数学の新しい分野を切り開くだけでなく、現実問題（種の多様性や絶滅リスク等）の解決に有益な指標を与えている。本シンポジウムは、数理生物学における力学系の諸問題を生物学・環境科学・数学が一体となって議論することを目的とする。数理的側面を重視した発表から生物学における具体的な諸問題を扱った発表まで含むものである。招待講演と一般講演（口頭・ポスター）を募集します。

シンポジウムの特徴：

①現在 22 名の外国人招待講演者からの参加が確認されている。

Karl Sigmund (Vienna), Josef Hofbauer (Vienna), Ulf Dieckmann (IIASA),

E. Beretta (Urbino), Sergej Aksenov (Cambridge), Odo Diekmann (Utrecht), O. Arino (Pau), Hal Smith (Arizona), Horst R. Thieme (Arizona),

Y. Kuang (Arizona), S. Ruan (Miami), M. G. Neubert (Woods Hole), J.M. Cushing (Arizona), Leon Glass (McGill), L. Chen (Beijing), Z. Ma (Xian),

W. Wang (Southwest), W. Ma (Beijing), Z. Lu (Wenzhou), Jingan Cui (Nanjing),

J. So (Alberta), H.I. Freedman (Alberta)

② Mathematical Biosciences, Ecological Modeling, J.Comp.Appl.Math., Population Ecology から特別号を出す。参加者は特別号に投稿することができます。

③ Springer のシリーズ "Biological and Medical Physics/ Biological Engineering" または "Lecture Notes in Physics" から単行本を出版します。

④同様な国際会議や学会と比べて参加費が安い。12月22日までの申し込みはさらに安くなっています。

シンポジウム組織委員会（静大工学部・システム工学科）

竹内康博・泰中啓一・吉村仁・大原利眞・佐藤一憲・宮崎倫子・長谷川孝博・守田智・中丸麻由子・今隆助・齋藤保久・大場則子・芦澤恵太

大久保賞選考委員の推薦依頼について

大久保賞選考委員会は、JAMB と SMB が各3名の委員を選出して組織し、委員の任期は3年、毎年1名が交代することになっています。本年9月20日に奈良女子大学で開催予定の数理生物学シンポジウム総会では、現高田壯則委員と交代する委員を決定しなければなりません。

そこで、従来に準じ次のような手続きで選考委員を決定することにいたします。

1. ニュースレターならびに、biomath や会員のメール連絡網を通じて、大久保賞選考委員の候補者の推薦をお願いします。
2. 複数の候補者が推薦された場合は総会で投票により決定する。
3. 推薦者が出なかった場合は事務局が推薦して総会で承認をうける。

大久保賞選考委員候補者の推薦のお願い

数理生物学懇談会会則（1998年10月16日制定）第16条に基づき、以下のように大久保賞選考委員候補者の推薦をお願いします。

1. 被推薦者 … 本会の会員であることを要しない。現在の委員は高田壯則、竹内康博、梶原毅の3氏です。また過去6年以内に委員を務められた重定南奈子、三村昌泰、巖佐 庸、難波利幸の4氏も委員になることができません。以上の計7名は今回の候補者にならないのでご注意ください。
2. 推薦方法 … 電子メールまたは郵送により、数理生物学懇談会事務局長宛てに候補者名をお送り下さい。
(送付先：630-8506 奈良市北魚屋西町 奈良女子大学理学部 重定南奈子
Tel & Fax 0742-20-3438)
(E-mail : sigesada@ics.nara-wu.ac.jp)
3. 推薦締切 … 2003年9月10日

編集後記

今日の日付は8月16日。まだまだ夏季休暇はとれそうにない、と1年前のニュースレター38号に書いたのとまったく同じ状況にあるのはどうしたものか。しかし今年は念願かなって秋にはしばらく自分の研究に没頭できる時間がとれる予定。他の仕事が急に舞い込まないように願うばかりである。

いよいよ毎年恒例の数理生物シンポジウムがわが奈良女子大学で開催されます。今回は極めて多数の方に発表を応募して頂き、事務局メンバーともども喜んでいきます。当日までの下準備が大変そうですが、何とかやるのだらうと自分は勝手に思い込んでいます。今回のシンポジウムも会員・非会員に関わらず多数の方に参加して頂き、「数理生物」を核にして幅広い分野の研究者の熱い議論を交換する場を提供したいと思います。

シンポジウムには数理生物に興味がある身近な方を多数お誘いの上ご参加ください。駅から歩いて数分という素敵な立地条件、閑静なキャンパスとさわやかな秋風が皆さまをお待ちしています。

高須夫悟

JAMB ニュースレター編集局

重定南奈子 sigesada@ics.nara-wu.ac.jp
高橋智 takahasi@ics.nara-wu.ac.jp
高須夫悟（編集局長） takasu@ics.nara-wu.ac.jp

〒603-8506 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講座（2）気付

JAMB Newsletter No. 41

目次

数理生物学懇談会年次総会のお知らせ		表紙見返し
第 13 回数理生物学シンポジウム		
日程案内		1
交通・会場案内		2 - 3
プログラム		4 - 7
講演要旨		
(招待講演・企画シンポジウム・一般・ポスター講演)		8-88
国際会議のご案内	竹内康博@静岡大学	89
大久保賞選考委員の推薦依頼について	事務局	90