

# 日本数理生物学会 ニュースレター

May  
2011

64



## TABLE OF CONTENTS

Newsletter of the Japanese Society for Mathematical Biology No. 64

May 2011

【研究紹介】

基本再生産数 $R_0$ の数学 稲葉 寿 ..... 1

【特集】

2010年度 卒業論文・修士論文・博士論文 ..... 8

【研究会報告】

第3回日中数理生物学コロキウム報告 竹内 康博・江夏 洋一 ..... 14

「第7回 生物数学の理論とその応用」報告記  
瀬野 裕美・秋山 知彦・富田 貴之・合原 一究 ..... 15

【書籍紹介】

「環境問題の数理科学入門」J. ハート(著) 小沼通二・蛭名邦禎(監訳)  
瀬戸 繭美 ..... 17

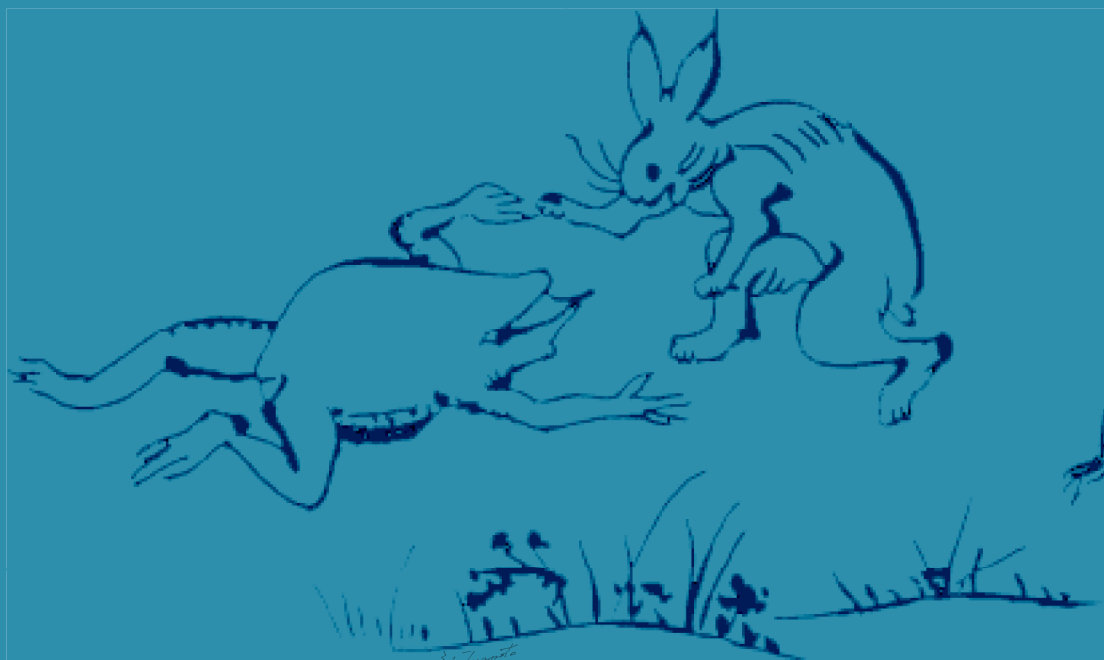
【ニュース】

第21回日本数理生物学会大会のお知らせ 若野 友一郎 ..... 18

学会事務局からのお知らせ 山内 淳 ..... 18

研究集会カレンダー ..... 20

編集後記 ..... 20



【研究紹介】

# 基本再生産数 $R_0$ の数学

稲葉 寿\*

## 1. はじめに

1980年代の終わり頃、筆者がオランダのライデン大学に留学して Odo Diekmann 教授のもとで年齢構造化個体群モデルの関数解析的な研究を行っていたとき、感染症数理モデルで学位研究を行っていた同僚がいた。現在ユトレヒト大学獣医学部教授の Hans Heesterbeek である。1990年に一足先に学位を得て日本に帰っていた筆者のもとに、数年後彼の学位論文 ([11]) が送られてきた。そのタイトルは「 $R_0$ 」。史上最も短い学位論文タイトルであろう。それは感染症モデルに現れる多状態の個体群の基本再生産数 (basic reproduction number:  $R_0$  と表記される) の定義と様々な計算方法に関する研究であった。「なんでこんな概念ひとつで学位論文が書けるのだろうか？」と不思議に思った筆者が浅はかであった。ハンスの学位論文の基礎の部分に相当する Diekmann–Heesterbeek–Metz による基本再生産数の定義論文 ([7]) が出たのが 1990年。その後 20年たつが、基本再生産数はその理論・応用ともに、いまだに進化を続けている。

$R_0$  や内的成長率は、人口学では人口増加の閾値として用いられ、進化生物学においては侵入生物ないし突然変異体の適応度と解釈され、感染症疫学では感染症の侵入条件や臨界免疫化割合を定量化するものと見なされる。感染症防御のキー概念であるため、一昨年の豚インフルエンザパンデミックにおいては、ついに日本で初めて新聞紙上に  $R_0$  が解説付きで登場するに至ったことは記憶に新しい。かくいう筆者も、過去 5年ほどの間に Bacaër や Thieme による変動環境下における基本再生産数の定義がでるにおよんで、ようやく長年の迷妄からさめて、基本再生産数の数学のおもしろさにはまってしまった。20年前にわかっているべきだったことによりやく最近気がついたと思うことが多い。その辺の事情をお伝えしたい。

## 2. 予備的考察

簡単な方程式から始めよう。構造を考えない場合、時刻  $t$  における均質な個体群のサイズ  $P(t)$  の成長はマルサス法則で記述される：

$$\frac{dP(t)}{dt} = (\beta - \mu)P(t), \quad t > 0 \quad (1)$$

ここで  $\beta$  は出生率、 $\mu$  は死亡率である。このとき成長率は  $\lambda = \beta - \mu$  で与えられ、 $P(t)$  は指数関数解  $e^{\lambda t}P(0)$  で記述される。成長率の正負は、次の指標

$$R_0 = \frac{\beta}{\mu} \quad (2)$$

が 1 より大であるか小であるかによってきまるから、

$$\text{sign}(\lambda_0) = \text{sign}(R_0 - 1) \quad (3)$$

という符号関係が成り立つ。この  $R_0$  がマルサスモデル (1) の基本再生産数である。実際、

$$R_0 = \int_0^\infty \beta e^{-\mu t} dt$$

と書けて、 $e^{-\mu t}$  は個体の生残率であるから、 $R_0$  は単位個体が生涯に生み残すと期待される子供数を表している。したがって、符号関係 (3) は、一人あたりの子供数が 1 より大きければ個体群サイズの成長率は正であり、そうでなければ負である、という当然予測される結果を示している。

このことを別の観点から見てみよう。方程式 (1) において、右辺の出生項  $\beta P(t)$  を非同次項とみなして定数変化法の公式を適用すれば、

$$P(t) = e^{-\mu t} P(0) + \int_0^t e^{-\mu(t-s)} \beta P(s) ds$$

となる。ここで  $b(t) := \beta P(t)$  とおけば、 $b(t)$  は単位時間あたりの出生数であって、以下を満たす：

$$b(t) = g(t) + \int_0^t \Psi(a) b(t-a) da \quad (4)$$

ここで  $g(t) := \beta e^{-\mu t} P(0)$ 、 $\Psi(a) := \beta e^{-\mu a}$  と定義した。 $\Psi(a)$  は純再生産率であり、個体が年齢  $a$  まで生残してそこで出生する率である。したがって

$$R_0 = \int_0^\infty \Psi(a) da \quad (5)$$

とかける。積分方程式 (4) は新生児の再生産過程を表す再生方程式 (renewal equation) である。等式 (5) は、い

\*東京大学大学院数理科学研究科

まのようなスカラーモデルでは自明な書き換えにすぎないが、個体群の状態空間が多次元であったり無限次元であったりすれば、 $\int_0^\infty \Psi(a)da$  という正作用素の正固有値が  $R_0$  であることを意味している。

再生方程式の解は漸近的に指数関数的に成長することが知られていて、その際の漸近的指数関数的成長率は、集団生物学や人口学でよく知られているように、Euler-Lotka の特性方程式

$$\int_0^\infty e^{-\lambda a} \Psi(a) da = 1 \quad (6)$$

の唯一の実根として与えられる。今の場合、明らかに特性根は  $\beta - \mu$  だけであって、解ははじめから指数関数である。

一方、微分方程式と異なって、積分方程式 (4) の形にすると、その解は以下のように世代を逐次計算することで、その和として表現できることがわかる。すなわち、

$$b_0(t) = g(t), \quad b_m(t) = \int_0^t \Psi(a) b_{m-1}(t-a) da, \quad m = 1, 2, \dots \quad (7)$$

とすれば、再生方程式 (4) の解は以下の世代展開で与えられる：

$$b(t) = \sum_{m=0}^{\infty} b_m(t) \quad (8)$$

このとき、各項  $b_m(t)$  は初期人口  $P(0)$  を第ゼロ世代とした場合、 $m$  世代目の個体の子供の（時刻  $t$  における単位時間あたりの）出生数を表している。そこで、世代ごとのサイズの増加率をみるために (6) を積分すれば、重積分の順序変更によって、

$$\begin{aligned} \int_0^\infty b_m(t) dt &= \int_0^\infty dt \int_0^t \Psi(a) b_{m-1}(t-a) da \\ &= \int_0^\infty \Psi(a) da \int_0^\infty b_{m-1}(t) dt \end{aligned}$$

を得る。すなわち、各世代の新生児のトータルサイズ  $\int_0^\infty b_m(t) dt$  は  $R_0$  を公比として幾何級数的に成長することになる。

以上の考察から明らかになることは、 $R_0$  は個体のライフサイクルパラメータから計算される世代のサイズ比であって、特性関係式を通じて個体群の成長率との間に符号関係 (3) が成り立つ、ということである。符号関係 (3) は、個体のライフサイクルに介入することによって個体群の成長率を変化させようという意味で、応用上重要な意義を持っている。

一方、線形微分方程式の観点からみると、成長率を決定するためには解を具体的に求めること、あるいは固有値問題を解くということが一般に必要なが、漸近成長率の正負だけであれば、方程式を解くことなく（係数行列の）パラメータから直接決定されうるこ

とを示唆している。

このことはどこまで一般化できるのであろうか？ 基本再生産数は人口学における純再生産率の概念からスタートした。そのアイディアはすでに 19 世紀に萌芽が見られるが、20 世紀初頭に Sharpe-Lotka の安定人口理論によって初めて理論的な基礎を得た ([22],[23],[10],[20])。単一の人口を扱う古典的な安定人口モデルでは符号関係 (3) と世代サイズの比としての  $R_0$  の意義は確立していたが、1970 年代に至って有限個の状態変数をもつ多状態安定人口モデルが確立されても、人口学者の間で多状態人口モデルにおける基本再生産数の明確な認識はなかった ([18])。筆者自身は 1987-1988 年頃 ([13],[14])、純再生産行列のスペクトル半径によって多状態安定人口の  $R_0$  を定義することを述べたが、その応用可能性を示さなかったためか、全く影響力がなかった。そうした停滞状況をはじめて明確に打破したのが Diekmann-Heesterbeek-Metz（以下 DHM の定義と呼ぶ）の 1990 年論文であった ([8],[12])。

### 3. 定常環境における基本再生産数

定常環境下における連続的な状態変数をもつ個体群を考えて、基本再生産数の定義を拡張しよう。各個体は変数  $\zeta \in \Omega \subset \mathbb{R}^n$  によって記述されるとする。  $A(\tau, \zeta, \eta)$  は状態  $\eta$  に生まれた個体が年齢  $\tau$  において状態  $\zeta$  の個体を生む出生率とする\*。  $b(t, \zeta)$ ,  $\zeta \in \Omega_b$  は時刻  $t$  における新生児の状態別密度関数とする。ここで  $\Omega_b \subset \Omega$  は「出生状態」からなる部分状態空間である。「出生状態」はその状態に新生児が生まれる可能性がある状態である。このとき、状態別の新生児密度関数の時間発展は以下のような再生方程式で表される：

$$b(t, \zeta) = g(t, \zeta) + \int_0^t \int_{\Omega_b} A(\tau, \zeta, \eta) b(t-\tau, \eta) d\eta d\tau, \quad t > 0 \quad (9)$$

ここで  $g(t, \zeta)$  は初期人口から生まれる新生児の時刻  $t$  における密度分布関数である。  $E_+ := L^1_+(\Omega_b)$  を新生児の密度関数の属する関数空間として、 $E_+$  上の正線形積分作用素  $\Psi(\tau)$  を以下のように定義しよう：

$$(\Psi(\tau)f)(\zeta) := \int_{\Omega_b} A(\tau, \zeta, \eta) f(\eta) d\eta, \quad f \in E_+$$

このとき純再生産作用素  $\Psi(\tau)$  は、新生児の状態別分布を、それらが  $\tau$  時間後に生み出す新生児の状態別分布へ写す作用を表している。

時刻  $t$  における新生児分布を  $E_+$  値関数  $b(t) := b(t, \cdot)$  とすれば、(9) は抽象的な再生方程式として書かれる：

$$b(t) = g(t) + \int_0^t \Psi(\tau) b(t-\tau) d\tau, \quad t > 0 \quad (10)$$

\*ここでは人口モデルとして記述するが、感染症モデルであれば、「出生」を新規感染者の発生と読み替えればよい。

$\hat{\Psi}(\lambda)$  を作用素  $\Psi$  のラプラス変換としよう：

$$\hat{\Psi}(\lambda) := \int_0^\infty e^{-\lambda\tau} \Psi(\tau) d\tau$$

正線形作用素の Perron–Frobenius 型の理論から、適当な条件のもとで実数  $\lambda_0$  が存在して、 $r(\hat{\Psi}(\lambda_0)) = 1^*$  であり、初期データ  $g$  に依存する正数  $\alpha(g)$  が存在して、

$$b(t) \sim \alpha(g) e^{\lambda_0 t} \psi_0, \quad t \rightarrow \infty \quad (11)$$

がなりたつことがわかる。ここで  $\psi_0$  は  $\hat{\Psi}(\lambda_0)$  の固有値 1 に属する正固有ベクトルである。このときスペクトル半径  $r(\hat{\Psi}(\lambda))$  が実軸上で単調減少であることから、以下の符号関係が成り立つ：

$$\text{sign}(\lambda_0) = \text{sign}(r(\hat{\Psi}(0)) - 1) \quad (12)$$

Diekmann–Heesterbeek–Metz の定義においては、次世代作用素 (next generation operator: NGO) が以下のように定義される：

$$K_E := \hat{\Psi}(0) = \int_0^\infty \Psi(\tau) d\tau \quad (13)$$

このとき基本再生産数はそのスペクトル半径で定義される：

$$\lim_{m \rightarrow \infty} \sqrt[m]{\|K_E^m\|_{\mathcal{L}(E)}} = r(K_E) = R_0 \quad (14)$$

ここで  $\|\cdot\|_{\mathcal{L}(E)}$  は  $E$  上の有界作用素の作用素ノルムである。このとき (12) は符号関係 (3) を与えることになるから、定義 (14) は基本再生産数の特性の一つを満たしている。

それでは、世代サイズの比という特性はどうであろうか？ それを考えるために、次世代作用素が作用する関数空間の意味を明らかにしておこう。再生方程式 (9) へ戻って、前節と同様に継続する各世代の状態別分布を計算しよう：

$$b_0(t) = g(t), \quad b_m(t) = \int_0^t \Psi(\tau) b_{m-1}(t-\tau) d\tau, \quad m = 1, 2, \dots \quad (15)$$

ここで  $b_m(t) \in E_+$  は時刻  $t$  に生まれた  $m$  世代目の新生児の状態別分布 (世代分布: generation distribution) である。すなわち、 $b_0(t)$  は初期人口から生まれた新生児の分布であり、 $b_1(t)$  は初期人口の孫世代の状態別分布である。生物学的意味から、世代分布関数の属する関数空間は  $i_m \in Y_+ := L_+^1(\mathbb{R}_+; E) = L_+^1(\mathbb{R}_+ \times \Omega_b)$  と仮定する。ここで、 $Y_+$  はバナッハ束  $Y$  の正値錐であり、そのノルムは

$$\|b_m\|_Y := \int_0^\infty \|b_m(t)\|_E dt = \int_0^\infty \int_{\Omega_b} |b_m(t, \zeta)| d\zeta dt \quad (16)$$

\* $r(A)$  は作用素  $A$  のスペクトル半径を表す。

で与えられる。

時間変数  $t$  を状態変数とみなせば、 $\mathbb{R}_+ \times \Omega_b$  が拡張された状態変数のなす空間であり、 $Y_+$  が拡張された状態分布の関数空間となる。上記の定義において、各世代の分布の  $Y$  空間ノルム  $\|b_m\|_Y$  は  $m$  世代目として生まれた新生児の総数を与えるから、その漸近的な世代ごとの幾何学的成長率は  $\lim_{m \rightarrow \infty} \sqrt[m]{\|b_m\|_Y}$  で与えられる。

ここで  $Y$  空間の正値錐  $Y_+ = L_+^1(\mathbb{R}_+; E_+)$  を不変にする正積分作用素  $K_Y: Y \rightarrow Y$  を以下のように定義しよう：

$$(K_Y f)(t) := \int_0^t \Psi(\tau) f(t-\tau) d\tau, \quad f \in Y_+ \quad (17)$$

このとき世代分布の発展過程 (15) は  $Y_+$  における以下のような逐次的な過程と考えられる：

$$b_0 = g, \quad b_m = K_Y b_{m-1} \quad (18)$$

そこで  $K_Y$  を世代発展作用素 (generation evolution operator: GEO) とよぼう。 $K_Y$  は  $Y$  の有界線形作用素である。 $f = f(t, \zeta) \in Y, (t, \zeta) \in \mathbb{R}_+ \times \Omega_b$  にたいして、時間パラメータに関する集計作用素  $T: Y \rightarrow E_+$  を以下で定義する：

$$(Tf)(\zeta) := \int_0^\infty |f(t, \zeta)| dt \quad (19)$$

このとき  $T$  は有界作用素で、以下が成り立つ：

$$\|f\|_Y = \|Tf\|_{E_+} \quad (20)$$

したがって  $T$  の作用素ノルムは 1 で、さらに  $f \in Y_+$  に対して以下の交換関係がなりたつ：

$$TK_Y f = K_Y T f \quad (21)$$

実際、(21) は積分の順序変更にすぎない。

新生児は時間  $t$  と状態  $\zeta$  によって特徴付けられるが、定常的な環境では異なる時刻に同じ状態に生まれた個体は同じライフサイクルを経験する。それゆえ、時間パラメータに関して集計された世代状態分布を以下のように定義しよう：

$$Tb_m = \int_0^\infty b_m(t) dt \in E_+$$

すると、(21) から  $Y$  空間の世代発展過程 (18) は  $E$  空間の反復プロセス

$$Tb_m = TK_Y b_{m-1} = K_Y T b_{m-1} \quad (22)$$

を誘導する。すなわち次世代作用素  $K_E$  は集計された世代分布の世代的発展を記述する作用素であることがわかる。

換言すれば、次世代作用素が作用する分布 (ベクトル) は、現実に観測される時間に依存した出生児の世

代分布  $b_m(t)$  ではなく、無時間的な分布  $Tb_m$  の属する関数空間のベクトルである。そのような関数空間は、この場合  $b_m(t)$  の値域の関数空間と別のものではないが、以下で見るように変動環境ではそうではない。

正作用素の理論から、 $K_E$  に関するコンパクト性と原始性 (primitivity) を仮定すれば、 $r(K_E)$  は正の固有ベクトル  $f_E \in E_+$  に対応する支配的な固有値になり、正汎関数  $F_E \in E_+^*$  が存在して

$$Tb_m = K_E^m Tb_0 \sim \langle F_E, Tb_0 \rangle r(K_E)^m f_E, \quad m \rightarrow \infty \quad (23)$$

となる。ここで  $E^*$  は共役空間であり、 $\langle F_E, \phi \rangle$  は汎関数  $F_E$  の  $\phi \in E$  における値を示す。(20)から、 $\|Tb_m\|_E = \|b_m\|_Y$  を得る。また(23)から、

$$\lim_{m \rightarrow \infty} \sqrt[m]{\|b_m\|_Y} = \lim_{m \rightarrow \infty} \sqrt[m]{\|Tb_m\|_E} = r(K_E) = R_0 \quad (24)$$

となる。従って Diekmann-Heesterbeek-Metz による基本再生産数  $R_0$  の定義は、以下のような意味で漸近的な世代サイズの比を与えることがわかる：

$$R_0 = r(K_E) = \lim_{m \rightarrow \infty} \sqrt[m]{\|i_m\|_Y} \quad (25)$$

すなわち、世代分布  $b_m$  の  $Y$  ノルム、あるいは集計された世代分布  $Tb_m$  の  $E$  ノルムは各世代の出生児総数をあたえ、それは漸的に成長率  $r(K_E) = R_0$  で幾何学的に成長する (世代的解釈)。

上記のように、世代的解釈 (25) と符号関係  $\text{sign}(\lambda_0) = \text{sign}(R_0 - 1)$  によって特徴付けられる  $R_0$  は、連続状態変数をもつ定常環境下の個体群モデルへ拡張されたが、さてパラメータが時間に依存して変わるような、変動環境における個体群成長においても、そのような特性をもった再生産数が定義できるだろうか？

#### 4. Interlude: 有限次元線形常微分方程式モデル

周期系の  $R_0$  の定義を述べる前に、上記の定常環境モデルで状態変数が有限集合  $\{1, 2, \dots, n\}$  である場合の結果をのべておこう。この場合は、マルサスモデル (1) を有限次元の線形連立常微分方程式へ拡張した場合に相当するから、線形常微分方程式の理論と (準) 正行列の理論によって精密な結果が得られている。

$P(t)$  を  $n$  次元ベクトルとして、(1) のかわりに以下をい考える：

$$\frac{dP(t)}{dt} = AP(t) = (M + Q)P(t) \quad (26)$$

ここで  $A = M + Q$ ,  $M$  は  $n$  次非負行列で、その  $m_{ij}$  要素は  $j$ -状態の個体が  $i$ -状態の子供を産む出生率である。 $Q$  は本質的非負行列\* (対角要素以外の要素が非負であ

る行列：準正行列†ともいう) であり、その非対角要素は状態間遷移強度をあらわし、対角要素は状態からの離脱率を表す。一般にそのスペクトル上限 (spectral bound) は負であると仮定される：

$$s(Q) := \sup\{\Re \lambda : \lambda \in \sigma(Q)\} < 0$$

ここで  $\sigma(Q)$  は行列  $Q$  の固有値の集合であり、 $s(Q) < 0$  は出生率がゼロであれば、個体群は長期的に絶滅するという含意している。このとき、(1) は有限の状態変数  $\{1, 2, \dots, n\}$  をもつ密度効果のない個体群成長モデルである。

この場合、(26) に対応する次世代行列 (next generation matrix: NGM) は

$$K = M(-Q)^{-1} \quad (27)$$

であり、そのスペクトル半径が基本再生産数  $R_0$  を与える：

$$R_0 = r(K) \quad (28)$$

(27) は (2) の多次元ヴァージョンであるが、NGM がこの形態をとることは、スカラー方程式の場合と同様に、モデル (26) を再生方程式に変換して、その積分核の積分を計算すれば確かめられる ([17])。またそのことによって世代解釈も成り立つことがわかる。

上記の定義の根拠は以下の符号関係にある：

$$\text{sign}(r(K) - 1) = \text{sign}(s(A)) \quad (29)$$

すなわち、 $R_0 = r(K) > 1$  であればモデル (26) のゼロ解は不安定であり、 $R_0 < 1$  であれば漸近安定となる。実際、 $s(A)$  は  $A$  の固有値で実部が最大のものになっているからである。

符号関係 (29) は従来、行列  $A$  や  $K$  が primitive‡ であるという条件で示されていた ([8],[26],[17])。実際、前節で述べた一般論では次世代作用素の primitivity を仮定していたが、それはこの場合は NGM の行列としての primitivity を仮定することに他ならない。

しかし最近、Thieme ([25]), Diekmann, Heesterbeek and Roberts ([9]) は、符号関係 (29) が正行列と準正行列の和に分解される一般の係数行列  $A = M + Q$  をもつシステムに対して成立することを示した。特に Thieme の理論 (レゾルベント正值作用素の理論) は無限次元の線形自律系に対して成り立つばかりか、発展半群 (evolution semigroup) の理論を用いることによって、時間依存パラメータをもつ非自律的システムにも適用できるという著しい普遍性をもっている。

† quasi-positive matrix

‡ 非負行列  $A$  はその適当なべき  $A^m$  が要素が全ての正の行列になるとき、primitive と呼ばれる。

\* essentially nonnegative matrix

ただし, primitivity の条件がなければ, モデル (26) は  $s(A)$  を成長率とする正の指数関数的成長解をもつとは限らない. すると  $s(A)$  をシステム (26) の内的成長率とすることはできないであろう. その意味で, 正の指数関数的成長解が存在するシステムに理論を限定することも意味があると思える. たとえシステムが非自律的であっても, 時間発展を記述する発展作用素が弱エルゴード的であれば, 正の指数関数的成長解が存在すれば, それがシステムの漸近挙動を支配することがわかる. そのような場合は, 基本再生産数と内的成長率が定義できるであろう.

### 5. 周期的環境における基本再生産数

次に Bacaër と Guernaoui による周期的環境における構造化個体群に対する  $R_0$  の定義を検討しよう. ここでは  $\theta > 0$  を環境と人口動態の周期であるとする. したがって, 人口の再生産プロセスは以下のような再生方程式で記述される\* :

$$b(t) = g(t) + \int_0^t \Psi(t, \tau) b(t - \tau) d\tau, \quad t > 0 \quad (30)$$

ここで  $\Psi(t, \tau)$  は  $E_+$  上の線形正作用素である :

$$(\Psi(t, \tau)f)(\zeta) := \int_{\Omega_\theta} A(t, \tau, \zeta, \eta) f(\eta) d\eta$$

パラメータの周期性から,

$$\Psi(t + \theta, \tau) = \Psi(t, \tau), \quad t \in \mathbb{R}, \quad \tau > 0$$

と仮定される.

Bacaër とその共同研究者 ([1]–[6]) による周期系における基本再生産数は, 以下の関係を満たすような  $\theta$  周期をもつ正の連続  $E$  値関数が存在するような正数  $R_0$  として定義される :

$$R_0 f(t) = \int_0^\infty \Psi(t, \tau) f(t - \tau) d\tau \quad (31)$$

このとき,  $R_0$  は以下のように定義される正の積分作用素のスペクトル半径 (正固有値) に他ならない :

$$f \rightarrow \int_0^\infty \Psi(t, \tau) f(t - \tau) d\tau, \quad f \in C_\theta(\mathbb{R}; E) \quad (32)$$

ここで,  $C_\theta$  は  $\theta$ -周期的な連続関数のなす関数空間である.

$\lambda$  を複素パラメータとして  $K_\theta(\lambda)$  ( $\lambda \in \mathbb{C}$ ) を以下のように定義される  $C_\theta$  上の積分作用素としよう :

\*状態変数が有限であれば, 周期的環境における基本モデルは周期係数の線形常微分方程式システムになるから, フロケ理論によって解の様子はわかっている. しかしその場合でも次世代作用素は無限次元の正積分作用素になってしまう.

$$(K_\theta(\lambda)f)(t) := \int_0^\infty e^{-\lambda\tau} \Psi(t, \tau) f(t - \tau) d\tau, \quad f \in C_\theta(\mathbb{R}; E) \quad (33)$$

従って (32) で定義される作用素は  $K_\theta(0)$  である.

周期的再生方程式に関する定理<sup>†</sup> ([24], [21]) より, (30) の解は漸近的に周期関数と指数関数の積で表現される (フロケ表現) :  $b(t) \sim e^{\lambda_0 t} \psi_0(t), (t \rightarrow \infty)$ . ここで,  $\psi_0 \in C_\theta$  は  $K_\theta(\lambda_0)$  の固有値 1 に属する正固有ベクトルであり, 漸近的成長率  $\lambda_0$  は特性関係式  $r(K_\theta(\lambda_0)) = 1$  をみたす唯一の実数である. さらにこのとき実軸上での  $r(K_\theta(\lambda))$  の単調性から, 以下が成り立つ :

$$\text{sign}(\lambda_0) = \text{sign}(r(K_\theta(0)) - 1), \quad (34)$$

上記の関係は Bacaër–Guernaoui の定義  $R_0 = r(K_\theta(0))$  が, 実時間における成長率という観点から妥当であることを示している.

しかしながら, 定常的環境の場合と異なり, 作用素  $K_\theta(0)$  が作用する関数空間は周期関数のなす空間であるから, 時間に関して単純に集計された世代分布がなす関数空間ではない. それゆえ周期環境下では次世代作用素を単純に時間的に集計された世代分布の間の作用素としては定義できない. このことは Bacaër–Guernaoui による変動環境下の  $R_0$  が世代解釈を許すのかどうか, という論点にかかわっている.

そこで別の集計方法を考えよう. 新生児は出生時刻とその状態で特徴付けられるが, 周期的な環境においては周期  $\theta$  の整数倍の差をもつ時間パラメータは状態変数としては同じものと見なせる. というのも, そのような  $\theta$  を法として合同な出生時刻をもつ個体は, 環境の周期性によって全く同じライフサイクルを経験するからである. それゆえ, 次世代作用素は周期関数の空間上の作用素として定義されると考えられる. この場合, 時間パラメータは実時間を示すのではなく, 出産時点における周期的な環境 (シーズン) を指示するパラメータと考えられる.

そこで,  $\theta$  周期を持つ局所可積分な  $E$ -値関数のなす関数空間を  $Y_\theta$  としよう. そのノルムを

$$\|f\|_{Y_\theta} := \int_0^\theta \|f(t)\|_E dt = \int_0^\theta dt \int_{\Omega_\theta} |f(t, \zeta)| d\zeta$$

とする. そこで次世代作用素  $K_\theta$  を以下のように定義しよう :

$$(K_\theta f)(t) := \int_0^\infty \Psi(t, \tau) f(t - \tau) d\tau, \quad f \in Y_\theta$$

一方, 周期系に対する世代推進作用素 (GEO) は以下のように定義される :

<sup>†</sup>不幸なことに Thieme の 1984 年論文 ([24]) は収録雑誌が廃刊となり, 普及しなかった. それを掘り起こして自説の根拠にしたのが Nicolas Bacaër である.

$$(K_Y f)(t) := \int_0^t \Psi(t, \tau) f(t - \tau) d\tau, \quad f \in Y_+ \quad (35)$$

従って、各世代は再び  $Y_+$  における反復過程

$$b_m = K_Y b_{m-1} \quad (36)$$

によって得られる。

世代分布を集計するために、以下のような周期化作用素  $U: Y \rightarrow (Y_\theta)_+$  を導入しよう：

$$(Uf)(t) := \sum_{n=-\infty}^{+\infty} |f^*(t+n\theta)|, \quad t \in \mathbb{R}$$

ここで  $f^* \in L^1(\mathbb{R} \times \Omega_b)$  は  $f$  の定義域を実数全体へ拡張したものであり、 $t \geq 0$  では  $f^*(t) = f(t)$ 、 $t < 0$  では  $f^*(t) = 0$  である。このとき周期化作用素  $U$  は世代分布  $f \in Y_+$  とそれを  $n\theta$  だけ時間軸上でシフトさせた分布  $f^*(t+n\theta)$  を同一視することによって、世代分布を集計している作用であると考えられる。このとき以下が成り立つことが示される：

$$\|f\|_Y = \|Uf\|_{Y_\theta} \quad (37)$$

$$UK_Y f = K_\theta Uf, \quad f \in Y_+ \quad (38)$$

上記の命題によって、 $Y$  空間上の世代推進過程 (36) は  $Y_\theta$  空間上の反復過程に移し替えられることになる。実際、 $U$  を実時間における過程  $b_m = K_Y b_{m-1}$  に作用させれば、(38) によって以下を得る：

$$Ub_m = UK_Y i_{m-1} = K_\theta Ub_{m-1} \quad (39)$$

このとき世代のサイズは保存されている ( $\|i_m\|_Y = \|U i_m\|_{Y_\theta}$ ) ことに注意しよう。(39) から、集計された世代分布  $Ub_m$  に作用する  $K_\theta$  を次世代作用素とみなすことができる。実際、ここでは詳しい証明は略すが、周期性を利用することで  $K_\theta$  は  $L^1([0, \theta]; E)$  上の正積分作用素へ還元できる。それによって、Bacaër–Guernaoui による基本再生産数  $R_0$  の定義に関しては以下のような世代的解釈が成り立つことがわかる\*：

$$R_0 = r(K_\theta) = \lim_{m \rightarrow \infty} \sqrt[m]{\|b_m\|_Y} \quad (40)$$

## 6. 普遍的 $R_0$ ?

上でみたように、時間パラメータを個体の属性を示す状態変数的一种とみなすならば、周期系は定常的環境における時間発展の問題に帰着されるといえる。それでは、周期性もはずした全く一般の時間依存パラメータをもつ線形個体群成長モデルに対して、基本再

生産数は定義できるであろうか？†

上述の議論をみると、その基礎になっているのは、時間パラメータに関する集計を実行する前の時間に依存した世代分布の発展過程  $b_m = K_Y b_{m-1}$  であることがわかる。直観的に考えれば、各世代のサイズ  $\|b_m\|_Y$  の漸近的な比が (存在すれば)  $R_0$  になるはずである。すなわち、一般の変動環境における  $R_0$  は以下のように定義できるであろう：

$$R_0 = \limsup_{m \rightarrow \infty} \sqrt[m]{\|b_m\|_Y} \quad (41)$$

ここで、右辺は極限が存在するかどうかはわからないので上極限にしているが、そのようにすれば、正数

$$\sum_{m=0}^{\infty} \|b_m\|_Y$$

は  $R_0 < 1$  で収束するが、 $R_0 > 1$  では発散する。すなわち将来にわたって生まれてくる個体数が有限にとどまるか否かの閾値条件を  $R_0 = 1$  は表している。ただし、上極限のままでは世代解釈は不完全である。

一見すると上記の  $R_0$  は初期条件に依存するように見えるが、個体群の発展過程が弱エルゴード的‡であれば、任意の初期条件に対応する状態別の分布は時間とともに初期条件から独立になり、お互いに比例するようになるから、 $R_0$  は初期条件に独立な、動態パラメータのみに依存してきまる量であることがわかる。また、定常環境と周期環境においては、(41) できまる  $R_0$  は次世代作用素および世代推進作用素のスペクトル半径に等しいことが示される ([19])。それでは、一般に「 $R_0$  は世代推進作用素のスペクトル半径で与えられる」と言えるか、ということ、上記の定義では一般に  $R_0 \leq r(K_Y)$  であって、かならずしもそのようにパラフレーズすることはできない。またたとえ  $R_0 = r(K_Y)$  となっても、世代推進作用素はヴォルテラ作用素で、正固有値としてスペクトル半径は計算できないという難点がある。

さらに本質的なことは、一般の変動環境においては、たとえ世代的な漸近的なサイズ比が一定になっても、それが個体群サイズの成長閾値を与えるとは限らないことである。たとえば、世代のサイズ比が一定になっても、平均世代間隔が時間とともに変化している状況では、成長率と  $R_0$  の関係は過渡的にはいろいろかわりうる§。したがって、(41) による条件  $R_0 < 1$  が絶滅の

†Thieme は発展半群の理論にもとづいて、非自律的な線形系に対する「基本再生産数のようなもの」を定義している。ただしその基礎となる関数空間の生物学的な意味が筆者には不明なので解釈は難しい。

‡弱エルゴード性に関しては [15],[16] 等を参照。

§たとえば日本の人口のように  $R_0 < 1$  のときは、晩産化が進むと内的成長率が上昇する可能性がある。

\*Bacaër and Ait Dads ([16]) は、離散時間モデルと多状態安定人口モデルに関して同様な結論を得ている。



十分条件であることは確かであるが、 $R_0 \geq 1$  は必ずしも個体群サイズの増加を意味しないであろう。

ただし、生物学的にはパラメータの変動範囲は一定の範囲に収まるであろうから、生物学的応用に必要なだけのパラメータの変動可能性のもとで、世代の漸近的サイズ比としての  $R_0$  が長期的な成長率の閾値を定量化するために利用できる可能性はあるかもしれない。符号条件と世代解釈を許すような基本再生産数が定義可能な、周期性を含むより一般の変動環境というカテゴリーは存在するだろうか？  $R_0$  が意義をもつためには、何らかのパラメータの再帰性が必要である、というのが Odo Diekmann のコメントであった。そうかもしれないが、一方、Thieme の処方 ([25]) によればそうでもなさそうな気がする。

その出現から 1 世紀が過ぎたが、個体のライフサイクルパラメータと集団全体の動向を繋ぐ指標としての  $R_0$  の意義は、まだ発展の余地がありそうである。

### 参考文献

- [1] N. Bacaër and S. Guernaoui, The epidemic threshold of vector-borne diseases with seasonality, *J. Math. Biol.* 53, 421-436 (2006).
- [2] N. Bacaër and R. Ouifki, Growth rate and basic reproduction number for population models with a simple periodic factor, *Math. Biosci.* 210, 647-658 (2007a).
- [3] N. Bacaër, Approximation of the basic reproduction number  $R_0$  for vector-borne diseases with a periodic vector population, *Bull. Math. Biol.* 69, 1067-1091 (2007b).
- [4] N. Bacaër and X. Abdurahman, Resonance of the epidemic threshold in a periodic environment, *J. Math. Biol.* 57, 649-673 (2008).
- [5] N. Bacaër and E. H. Ait Dads, Genealogy with seasonality, the basic reproduction number, and the influenza pandemic, *J. Math. Biol.*, Online First, 6 July (2010a).
- [6] N. Bacaër and E. H. Ait Dads, On the biological interpretation of a definition for the parameter  $R_0$  in periodic population models, submitted (2010b).
- [7] O. Diekmann, J. A. P. Heesterbeek and J. A. J. Metz, On the definition and the computation of the basic reproduction ratio  $R_0$  in models for infectious diseases in heterogeneous populations, *J. Math. Biol.* 28, 365-382 (1990).
- [8] O. Diekmann and J.A.P. Heesterbeek, *Mathematical Epidemiology of Infectious Diseases: Model Building, Analysis and Interpretation*, John Wiley and Sons, Chichester (2000).
- [9] O. Diekmann, J. A. P. Heesterbeek and M. G. Roberts, The construction of next-generation matrices for compartmental epidemic models, *J. Roy. Soc. Interface* 6, vol. 7, no. 47: 873-885 (2010).
- [10] L. I. Dublin and A. J. Lotka, On the true rate of natural increase, *J. Amer. Stat. Ass. New Series*, No. 150 (Vol. 20), 305-339 (1925).
- [11] H. Heesterbeek (1992),  $R_0$ , PhD Thesis, Centrum voor Wiskunde en Informatica, Amsterdam.
- [12] J. A. Heesterbeek, A brief history of  $R_0$  and a recipe for its calculation, *Acta Biotheor.* 50, 189-204 (2002).
- [13] 稲葉 寿 (1987), 多次元安定人口理論の数学的基礎 I : 古典論, 「人口問題研究」184: 52-77.
- [14] H. Inaba (1988), A semigroup approach to the strong ergodic theorem of the multistate stable population process, *Math. Popul. Studies* 1(1): 49-77.
- [15] H. Inaba (1989), Weak ergodicity of population evolution processes, *Math. Biosci.* 96: 195-219.
- [16] 稲葉 寿 (2002) 「数理人口学」, 東京大学出版会, 東京.
- [17] 稲葉 寿 (編著) (2008), 「感染症の数理モデル」, 培風館, 東京.
- [18] H. Inaba (2010a), The net reproduction rate and the type-reproduction number in multiregional demography, *Vienna Yearbook of Population Research* 2009: 197-215.
- [19] H. Inaba (2010b), On a new perspective of the basic reproduction number for infectious diseases in heterogeneous environments, submitted.
- [20] A. J. Lotka, *Analytical Theory of Biological Populations*, The Plenum Series on Demographic Methods and Population Analysis, Plenum Press, New York and London (1998). [English translation from the French original edition *Théorie Analytique des Associations Biologiques. Deuxième Partie: Analyse Démographique avec Application Particulière à l'Espèce Humaine*. (Actualités Scientifiques et Industrielles, No. 780), Hermann et Cie, Paris (1939).]
- [21] P. Michel, S. Mischler and B. Perthame (2005), General relative entropy inequality: an illustration on growth models, *J. Math. Pures Appl.* 84: 1235-1260.
- [22] H. Nishiura, K. Dietz and M. Eichner, The earliest notes on the reproduction number in relation to herd immunity: Theophil Lotz and smallpox vaccination, *J. Theor. Biol.* 241, 964-967 (2006).
- [23] H. Nishiura and H. Inaba, Discussion: Emergence of the concept of the basic reproduction number from mathematical demography, *J. Theor. Biol.* 244, 357-364 (2007).
- [24] H. R. Thieme (1984), Renewal theorems for linear periodic Volterra integral equations, *J. Inte. Equ.* 7: 253-277.
- [25] H. R. Thieme, Spectral bound and reproduction number for infinite-dimensional population structure and time heterogeneity, *SIAM J. Appl. Math.* 70(1), 188-211 (2009).
- [26] P. van den Driessche and J. Watmough (2002), Reproduction numbers and sub-threshold endemic equilibria for compartmental models of disease transmission, *Math. Biosci.* 180: 29-48.

## 【特集】

## 2010年度卒業論文・修士論文・博士論文

## 卒業論文

石橋 剛 大阪電気通信大学工学部 応用化学科 阿久津研究室

## L-system による植物の開花シミュレーション

Lindenmaeyer の提唱した L-system を用いて植物の開花シミュレータを作成した。「栄養」パラメータの値によって枝に葉や花が付くよう、確率論的システムに拡張した。

糸井 三由希 奈良女子大学理学部 情報科学科 高橋研究室

## 魚類の左右性遺伝で進化する不和合性のパラメータ依存性

交配実験から魚類の左利きホモは存在しないと考えられる。これまでの研究で左右性の振動により左利きホモをつくらない不和合性が進化することがわかっている。しかし、捕食者と餌の不和合にならない割合のすべての組み合わせを調べていたため、計算時間がかかる。二分法を用いて進化する不和合性の強さを得るプログラムの効率を上げ、生存率、交差捕食率、捕食による餌への影響等への不和合にならない割合の依存性を細かく調べた。

伊藤 弘明 京都大学理学部 物理学第一教室  
時空間秩序・生命物理研究室

## 油水界面上の中性・荷電脂質混合膜のパターン・ダイナミクス

生命の誕生には、外界との仕切りとなる膜構造の形成が必須であったと思われる。脂質存在下、油中液滴を形成すると、細胞サイズ液滴を覆う脂質単分子膜が自発的に形成される。本研究では、このようにして油水界面に生じる膜の相分離現象を観察し、細胞サイズ脂質二分子膜と比較した結果を報告する。興味深いことに、中性・荷電脂質混合系では膜がマイクロ相分離を起こす一方で、同組成の二分子膜は均質な構造をとることを見出した。この特徴的なマイクロ相分離現象を荷電効果を取り入れたモデルで考察した。

内之宮 光紀 九州大学理学部 生物学科 数理生物学研究室

## キクイムシの樹木利用に関する理論的考察

本研究ではキクイムシで内樹皮を使う種と辺材を使う種が存在する要因について数理モデルを用いて解析を行った。モデルではキクイムシを成虫と幼虫に分け、シュタッケルベルグ競争を想定して最適な樹木の利用について調べた。その結果、辺材における成虫の穿孔コストが幼虫の適応度に比べて十分低い場合は辺材を利用することが最適であった。また、内樹皮と辺材の両方を使うような行動は適応的になりにくいことが示唆された。

大田 裕樹 九州大学理学部 生物学科 数理生物学研究室

## 三すくみ集団のサイクルと絶滅についての数理的解析

3つの戦略が振動するか、もしくは2つの戦略が絶滅し、1つの戦略が勝ち残る、三すくみの集団について無限集団と有限集団について調べた。無限集団では、様々な値を使ってモデルの挙動を調べた。有限集団では、人口動態の確率性が戦略の絶滅を引き起こすと予測でき、また、その確率性は集団サイズが小さいほど大きくなる。結果として集団の個体数が1500以上だと、時間ステップが100000までには絶滅は起こらないと分かった。

奥邨 浩気・森 敬司 大阪電気通信大学工学部 応用化学科 阿久津研究室

## セルオートマトン法による人の流れシミュレーション—障害物の効果—

2次元セルオートマトン法を用いて直線通路（橋など）における人の流れを調べた。通路の中に障害物を置き、障害物の有無で人の流れがどのように変化するか、また人が避ける障害物と人が寄り付く障害物で人の流れが変化するか、等を調べた。NHK テレビ「渋滞の最新科学（サイエンス・ゼロ）」で紹介された例と同様に、出入り口に障害物がある方が人の流れが良い事が確認できた。

織田 奈津季 奈良女子大学理学部 情報科学科 高須研究室

## 個体ベースモデルを用いた空間個体群動態

個体群動態の数理モデルの多くは、数理的に解析しやすい仮定に基づく集団レベルの定性的記述モデルにと

† 掲載されている論文のより詳しい要旨は、JSMB Newsletter No.64 Supplement (pdf版のみ発行)として日本数理生物学会ホームページにアップロードされ、公開される予定です。

どまっていることが多い、本研究では、連続空間上の個体の機械論的出生・死亡に基づく個体群動態モデルの導出を試みる。出生数が採餌量に依存する個体ベースモデルを構築し、個体ベースモデルの振る舞いをよく記述する解析モデルを導いた。

恩田 芳 広島大学理学部 数学科

#### 外来捕食者侵入による見かけの競争の効果の変質に関する数理モデル解析 (Analysis of a mathematical model on the modification of apparent competition effect with the invasion of alien predator)

Lotka-Volterra 型被食者-捕食者系を用いて、1 捕食者-2 被食者系に外来捕食者 1 種を導入した場合に起こる平衡状態遷移を調べた。その結果、外来捕食者の導入による被食者間の見かけの競争の変質によって在来の絶滅危惧種を救える場合があることを示すことができた。対照的に、導入する外来捕食者の特性を適切に選択できれば、在来の種の駆除（絶滅の誘発）も可能であることも示された。

河合 美奈 奈良女子大学理学部 情報科学科 高橋研究室

#### 遺伝システムの違いが魚の左右性のダイナミクスに及ぼす影響

不和合性の進化により、左右性のダイナミクスがどう変わるのかについて、解析的手法及びシミュレーションで調べた。卵が不和合性遺伝子を持っていたら左利きホモを作らないというモデルをメンデル遺伝と比較すると、平衡点は、 $g < 0.6$  のとき小さくなり、 $0.6 < g$  のとき大きくなる。そして、 $2.0 > E$  または  $0.2 < g < 0.7$  のとき安定に変わる。振幅は小さくなり、周期は短くなる。

見満 豊 大阪電気通信大学工学部 電子材料工学科 阿久津研究室

#### Turing モデルによる貝殻の模様シミュレーション—自己触媒型化学反応系におけるパターン形成—

Turing モデルの一つである Gierer, Meinhardt (GM) モデルに基づき貝殻の模様シミュレーションを行った。Gierer, Meinhardt が提唱した活性成分と抑制成分の濃度の時間変化に関する連立非線形微分方程式 (GM モデル) を数値的に解き、活性成分と抑制成分の濃度分布やその時間変化を数値的に求め表示した。時間が経過すると周期解へ引き込まれることを示した。

小泉 吉輝 九州大学理学部 生物学科 数理生物学研究室

#### The role of lateral inhibition in the tracheal system formation of *Drosophila*

ショウジョウバエの気管発生の初期段階では、均一な

上皮細胞が外からのシグナルを受け取り、枝の先端となる Tip cell とそれに引っ張られる Stalk cell とに分化する上で、シグナル伝達経路中に存在する正のフィードバックと細胞間での Notch-Delta による側方抑制が必要であるため、これを数理モデルで解析をした。その結果、側方抑制の効果が小さく、正のフィードバックの効果が大きいときに、入力濃度勾配に従って Tip cell が選出されることがわかった。

齊木 健太 静岡大学工学部 システム工学科 竹内研究室

#### 樹状細胞活性化による抗 HIV 免疫応答

本研究では HIV の免疫系における DC (樹状細胞) の活性化に着目し、HIV の疾患進行にどのような影響を与えるのか考えた。解析の結果、DC の活性化は免疫応答の活性化と疾患進行の遅れに影響を与えることがわかった。DC が活性化すると、感染者の AIDS 発症リスクは低くなる。さらに HIV 感染症の典型的疾患進行と、DC 活性化に関する閾値の存在も確認することができた。これは、感染者の症状を判断する基準となる。

志波 (松本) 翔 広島大学理学部 数学科

#### 複数のブルードから構成される被食者を伴う離散型個体群動態モデル (A discrete population dynamics model with some different broods of prey)

複数の broods から構成される被食者の成体個体群サイズ変動に着目した離散型被食者-捕食者系個体群動態モデルを構成し、解析した。特に、捕食者の捕食による間接的な相互作用によって、いくつかの被食者 broods が絶滅し、残りの broods と捕食者が共存する平衡状態の出現性に焦点をおいた。数値計算も用いて解析した結果、そのような平衡状態が生じ得ることが示され、その共存様式として、周期的な平衡状態のみならず、カオス的な動的平衡状態も現れ得る結果が得られた。

孫 思墨 大阪府立大学理学部 生物科学科

#### 外来種 (植食者) が相利共生系 (植物-相利者-捕食者) に及ぼす影響についての数理的研究

植物と相利共生者に捕食者を加えた 3 種食物連鎖に外来種 (植食者) を入れた 4 種系の Lotka-Volterra 型のモデルを解析した。相利効果が強くなると、植物の増加に伴い、各種の個体群密度が発散するようになった。しかし、捕食者と外来種の導入により 4 種が安定に共存するなど、多様性が系を安定化する場合があった。外来種の存在下で、相利効果が強くなると、それに伴うコストのために、捕食者や相利共生者が絶滅した。

**寺田 恵華** 広島大学理学部 数学科

### 前年の感染規模が予防水準に及ぼす影響を考慮した感染規模年変動の数理モデル (A mathematical model for the annual variation of epidemic outbreak with prevention level affected by incidence size in the last season)

ある感染症の感染規模が大きければ、翌年の感染シーズンにおける予防対策の手厚さを促すだろう。そこで、感染症流行の年変動について、予防対策レベルの応答変動の寄与に関して考察を行うため、Kermack-McKendrick SIR モデルの極限方程式を基に、ある年の感染規模が翌年の感染症伝染ダイナミクスに及ぼす影響を導入した基本的な数理モデルを構築し、解析した結果、一定規模の流行が繰り返される場合、中規模と大規模の流行を繰り返す場合、流行のない年と大規模流行の年を繰り返す場合の3パターンが現れた。

**土井 静夫** 大阪電気通信大学工学部 電子材料工学科 阿久津研究室  
セルオートマトン法による原油拡散シミュレーション—メキシコ湾原油流出事故—

2次元セルオートマトン法により、メキシコ湾を想定し原油拡散シミュレーションを行った。メキシコ湾周辺の陸地データを入力し、拡散の他に海流や風による効果などの移流効果を取り入れた。メキシコ湾原油流出事故後の原油の動きについて約3ヶ月後まで再現を試みた。

**中村 賢太** 静岡大学工学部 システム工学科 竹内研究室  
新型インフルエンザ流行とワクチン接種

本研究では、ワクチンが鳥から人へ感染する鳥インフルエンザに対して完全には有効でない場合の患者数と死亡者数についての解析を行う。解析結果、ワクチン政策を行うと患者数と死亡者数ともに減少する場合、患者数は減少するが死亡者数は増加する場合、患者数は増加するが死亡者数は減少する場合が存在した。ワクチン政策は状況を考えて行うかどうか判断する必要がある。

**堀川 久美子** 奈良女子大学理学部 情報科学科 高橋研究室  
空間を考慮した性反転遺伝子による種分化のモデル

ヴィクトリア湖に生息しているシクリッドの種分化は、体色による性選択が主要な役割を果たしていると考えられている。Landeの性反転遺伝子による同所的種分化のモデルをもとに、空間と保護色、透明度がどのように種分化へ影響を与えるのかをシミュレーションで調べた。不透明な場所があり移動する割合が正である

とき、種分化しないことがわかった。

**水野 健** 静岡大学工学部 システム工学科 竹内研究室  
結核流行モデルの安定解析

結核は毎年およそ200万の死を伴う、予防可能な伝染病の中で最も大きい死因となっている。さらに世界人口の約1/3が結核の病原体に感染すると見積もられている。世界保健機関(WHO)は、1993年に結核が全世界国民の健康非常事態であると宣言して、国家の結核プログラムを改良するよう政府に促した。この研究は、結核の伝染に関連している主要なパラメーターの影響について調査し、BCGワクチン接種プログラム効果を評価することが目標である。

**安田 早織** 奈良女子大学理学部 情報科学科 高橋研究室  
Grazing Optimization と植物の葉齢を考慮した最適放牧スケジュール

Grazing Optimizationとは、放牧することによって植物の生産量が良くなることである。一様に家畜を放牧させる戦略と、区画を分割し家畜を集中させて放牧させる戦略のどちらの戦略が家畜の栄養摂取量を最大にするのかと、Grazing Optimizationとの関係を調べた。

**横内 宏史** 静岡大学工学部 システム工学科 竹内研究室  
生物の段階構造モデル

本論文では生物の一生の中で親と子の二つの段階を考え、行列式を扱う。親とは子供を産むことができる状態、子はそうでない状態とする。親と子の生存確率、出生数を用いた行列式から単位年あたりの増加率が求められることをモデルで表す。親と子の生存率を変化させた場合、増加率はどのように変化するか調べる。どちらの変化率がより高く、生物を保護する上で効率が良いか考えていく。

**吉田 光** 静岡大学工学部 システム工学科 竹内研究室  
H5N1 Epidemics: Is vaccination effective?

本研究では新型インフルエンザが発生し、また新型インフルエンザ感染者の回復が可能な状況を仮定し、ワクチン政策の有効性、また回復の効果について考察した。結論としては、回復を考慮することで、ワクチン政策の有効性は高まること、回復率を増やすことで、鳥インフルエンザ・新型インフルエンザの合計感染者数が増え、合計死亡者数が減る場合があることがわかった。回復により、合計死亡者数が増えることもあるが、ワクチン政策の有効性が高まる分、回復はポジティブな結果をもたらすと考える。

吉村 善伽 大阪府立大学理学部 生物科学科

### うまい草とまずい草が植食者と捕食者の動態に及ぼす影響

近年、シカの急増が動植物と森林生態系へ悪影響を及ぼしている。本研究ではLotka–Volterra型の離散力学系モデルを用いてどのような条件でシカの大発生と崩壊が起きるかを調べ、パラメーターの値によって様々な振動解が現れることを明らかにした。うまい草、まずい草、シカの3種の関係は非常に振動を起こしやいが、オオカミの存在は、この振動を止める。近年のシカの急増には、オオカミの絶滅が関係していることが示唆される。

## 修士論文

江島 啓介 東京大学大学院 情報理工学系研究科 数理情報学専攻

### ヒトの行動に着目した感染症伝播のモデル化と解析

感染症はヒトが行動することでその伝播が拡大したり縮小したりする。そのため対策を考えるとき、ヒトの行動を考慮することは重要である。この場合、行動は日常の移動という意味での行動と、感染拡大時の対処行動がある。本研究では、これら2つの意味での行動をモデル化するために、具体的な感染症として、インフルエンザ、HPVを用いた。まず、日常の移動をモデル化を行った。高精度な実際のヒトの移動データを用い、インフルエンザの感染伝播モデルを構築し、外出規制および施設閉鎖、学校閉鎖の効果を検討した。また、感染拡大時の対処行動として、ワクチン接種行動をモデル化し、ゲーム論的アプローチによってHPVワクチンの全体、個人の最適接種率を導出した。

叶山 聖史 東京工業大学大学院 社会理工学系研究科 価値システム専攻

### 進化シミュレーションによるマイクロクレジットの解析—グラミンバンクを例に—

進化シミュレーションを用いて、貧者の銀行であるグラミン銀行の貸付システムやピアセクションが返済率に与える影響と、ピアセクションの意思決定が様々である場合の返済率への影響について研究した。その結果、(i) グラミン銀行の連帯責任制度の下では低い投資効果でも高い返済率が得られる。(ii) メンバーが評判の高いグループを選別するよりもグループが評判の高いメンバーを選抜する方が、高い返済率を得られることがわかった。

岸田 真己 東京大学大学院 数理科学研究科

### 免疫の減衰、活性化を考慮した麻疹に関する Subclinical Infection モデル

本論文では、ワクチン接種者の免疫水準の変動を考慮した麻疹流行に関する数理モデルを構築し、その定常解である「感染者のいない定常状態 (DFSS: Disease-Free Steady State)」と「感染が蔓延した定常状態 (ESS: Endemic Steady State)」の存在条件と安定性の解析を行った。

国貞 宗久 広島大学大学院 理学研究科 数理分子生命理学専攻

### 2株系 Kermack–McKendrick 型 SIR モデルにおけるワクチン2種の最適割当問題 (Optimal allocation problem of strain-specific vaccines in Kermack–McKendrick SIR model with two virus strains)

2株から成る病原体による感染症の流行期における罹患経験者数を抑えるための、有限量のワクチン2種の備蓄割当比率の問題について、有限時間で備蓄が枯渇する2種のワクチンの接種を導入した2株系 Kermack–McKendrick 型 SIR モデルの解析結果に基づく理論的な考察を行った。株特異的な複数のワクチンを備蓄する場合には、それらの備蓄割当比率によって、流行が治まった結果としての感染規模が左右されることを示唆する結論を得た。

白井 伸宙 大阪大学大学院 理学研究科 物理学専攻

### 粗視化モデルを用いたタンパク質の柔らかさの意味の探求:天然変性タンパク質を中心として

天然変性タンパク質とは、通常は決まった構造は持たず、ターゲット分子の存在下でのみ折れ畳むタンパク質である。折れ畳みはターゲット分子への結合過程と連動して起こり、この過程によりシグナル伝達等の機能を果す。本研究ではこの天然変性タンパク質を例に、構造を持たない「柔らかい」タンパク質が持つ性質を熱力学的に解析した。論文の第一部には天然変性タンパク質のレビューや格子タンパク質モデルのレビューが、第二部には作成した天然変性タンパク質の格子モデルとモンテカルロシミュレーションによる解析の結果がそれぞれ示されている。

菅原 啓 大阪大学大学院 生命機能研究科  
サイバーメディアセンター大規模計算科学研究部門

### 生態学における中立モデルの研究

Hubbellの中立モデルは、最近平均場理論などの数理解析が発展し、現実データによる検証も進められているが、「全ての種の出生率、死亡率、移入率などが個体レベルで等しい」という中立仮説の妥当性については

現在でも論争が続いている。本研究では、平均場モデルより現実的ではあるが研究があまり進んでいない空間明示モデルを用いて、中立仮説が成り立たない場合の種個体数分布などへの影響を調べた。

**富田 貴之** 静岡大学大学院 工学研究科 システム工学専攻

### HIV 感染症における樹状細胞のダイナミクス

効果的なワクチン・治療方法が発見されていない HIV 感染症の免疫系において、樹状細胞 (DC) は免疫を活性化するとともに HIV を CD4T 細胞へと転移させることが分かっている。本研究では樹状細胞の働きに着目し、HIV 感染症の免疫系に関する数理モデルを構築・解析することで理論免疫学的な立場から考察を行った。その結果、HIV 感染症における樹状細胞の働きの重要性の再認識、HIV 感染症の疾患進行における樹状細胞に関する閾値を導いた。

**永瀬 佳弘** 電気通信大学大学院 情報システム学専攻  
情報メディアシステム学専攻

### コウモリのエコーロケーションにおける皮質下行性信号変調の神経機構

コウモリは自ら発したパルス音と標的からのエコー音を比較して、標的の位置、相対速度などの情報を捕える。本研究では、コウモリの聴覚系の神経ネットワークモデルを作成し、ヒゲコウモリがエコーの周波数を認識するための神経機構を解明する。また本モデルでのシミュレーションから、羽ばたきや動きを伴う標的を捕獲する際に、高次中枢からの下行性信号がどのように機能しているのかを示す。

**廣中 謙一** 九州大学大学院 システム生命科学府

### ショウジョウバエ胸背板形成における wingless 局在化メカニズムの解析

モルフォゲンの濃度勾配が正確な位置情報を生むためには、次のような条件が必要となる：(i) ソースの空間配置の安定性、(ii) ソースの発現レベルの安定性、(iii) ソースの局在化 (急峻な濃度勾配)。本研究では、ショウジョウバエ胸背板形成における wingless 発現の局在化メカニズムに着目し、このシステムを一つのフィードバックを含む三つのサブモジュールに分解し、それぞれの機能を解析した。結果、このシステムが (i)–(iii) の条件を実現していることが示された。

**堀内 陽介** 大阪府立大学大学院 工学研究科 電子・数物系専攻

### 家系図ネットワークの構造解析

有性生殖をおこなう生物の一個体の祖先数は、世代をさかのぼるごとに複雑な増え方をする。その結果、家系図—すなわち生物個体とその親子関係を表した図—

は複雑に絡み合うことが知られている。我々は、家系図の構造を特徴づける量として非先祖率に注目し、モデルを用いて仮想的な家系図を構築し、非先祖率の世代依存性を解析した。また、実データとの比較も行った。さらに、異性ととのペアの作り方が異なる家系図構造の違いにも着目し、非先祖率を用いて比較した。

**森田 由香里** 大阪府立大学大学院 理学系研究科

### チャネルの異なる雑食とギルド内捕食を含む群集の構造と安定性

連鎖の異なる雑食とギルド内捕食を含む系の構造と安定性を、密度効果を含む 4 種の Lotka–Volterra 型のモデルを用いて調べた。その結果、見かけの競争、見かけの捕食、栄養カスケードなどの間接効果による絶滅のために雑食が見られなくなる場合が多く、相互作用強度が弱いか中程度のときに雑食が成立した。また、安定性に関しては、代替資源は利用効率の高いときに系を安定化し、個体数の振動を抑制する効果があった。

**矢田 真善美** 奈良女子大学大学院 人間文化研究科 情報科学専攻

### エビとエビ食魚の左右性の齢構造モデル

ヌマエビとエビ食魚には、形態的な左右非対称性がある。エビとエビ食魚の個体群動態は、左右比 1:1 を中心に約三年周期で振動している。本研究では、ヌマエビとエビ食魚の個体群動態についてのモデルを構築し、平衡齢分布の安定性解析を行った。また、シミュレーションにより安定性と振動周期のパラメータ依存性について調べた。

**山田 有一郎** 電気通信大学大学院 情報システム学専攻  
情報メディアシステム学専攻

### 顔認識における下側頭葉での視覚情報処理の神経機構

本研究では下側頭葉 (IT 野) においてどのように顔画像が認識されるかを示すニューラルネットワークモデルを提案する。本モデルは顔の異なる特徴を表現する 4 つの層から成り、各階層の相互関係によって情報処理が行われる。また、様々な生理学的実験によって報告された顔認識時の IT ニューロンの発火の時間的特性をシミュレーションによって統一的に説明し、それらの顔画像処理における機能的役割に有用な知見を与える。

**行藤 瞳** 奈良女子大学大学院 人間文化研究科 情報科学専攻

### スクミリングガイの性比の遺伝モデル

スクミリングガイは南米原産の淡水巻貝で日本では「ジャンボタニシ」の名で有名な外来種である。孵化して産まれてきた子の性比は卵塊ごとにばらついている。この性比のばらつきは交配実験より両親の遺伝で

決まることが示されている。本研究では、スクミリンゴガイの性比分布を説明する遺伝システムを考える。2, 3対立遺伝子閾値モデルについて確率を性比とする場合、一腹卵数の有限性を考慮する場合、遺伝子型の頻度を考慮する場合に分けて実際の性比分布とモデルのシミュレーション結果と比較した。

## 博士論文

Jian Zu 明治大学大学院 理工学研究科

### Evolutionary invasion analysis in ecosystems

Biological evolution is driven by mutation and selection. If the eco-evolutionary feedback loop is taken into account, the environmental conditions necessarily co-evolve, then the spectrum of possible dynamical behavior becomes a lot richer. In this dissertation, with the methods of adaptive dynamics and bifurcation analysis, we illustrate how ecological models can be put into an evolutionary perspective in order to gain insights into the role of natural selection in shaping life history characteristics. Moreover, we investigate how evolutionary dynamics shapes ecological populations and communities and develop more realistic models of adaptive ecosystem evolution.

杉浦 正康 大阪大学 サイバーメディアセンター  
大学院理学研究科

### Statistical mechanics of stability and diversity in a large ecosystem with adaptation and mutation

熱帯雨林や珊瑚礁などの大規模生態系は多くの生物種が複雑な生物種間関係をもちながら個体数などのダイナミクスが安定で恒常的である。多くの生態学者は、種の豊富さを保つような種間関係が進化的に獲得されたと考えているが、それについての理論的な解析は行

われていない。本論文では、レプリケーター方程式を統計力学的手法により解析し、相互作用の適応的な変動に対していくつかの多様性指標の変化を調べ、相互作用の適応的な変動が多様性のパターンにもたらす影響を評価した。

平島 剛志 九州大学大学院 システム生命科学府

### Mathematical modeling of branching morphogenesis in organ development

ほ乳類の腎臓や肺で観察される分岐形態は、上皮性細胞の管と間充織との相互作用を通してかたち作られる。本論文前半では、分岐形態形成に関与する化学因子の制御を組織のかたちを考慮した上で数理モデル化し、分岐に必要な条件を提示した。後半では、管分岐形成を記述するためのコンピュータシミュレーションモデルを構築し、細胞増殖や細胞走性の時空間分布の違いが組織のかたちに影響を与えることを示し、実験観察との照合を行った。

宮崎 牧人 京都大学大学院理学研究科 物理学・宇宙物理学専攻

### ランジュバン系に対するベイズ推定：タンパク質の粗視化モデルを一分子時系列から構築する (Bayesian estimation on a Langevin system: Coarse-grained modeling of protein dynamics from single-molecule time series)

タンパク質の一分子実験では限られた自由度の観測から物性パラメータや隠れた自由度の動きを推定する必要がある。この問題に対して統計力学とベイズ法を組み合わせたパラメータ推定法を提案した。さらに、摂動論を用いて隠れた自由度の最尤軌道を効率的に探索する手法も確立した。簡単なモデルで数値実験を行い、新規手法の実用性を確認した。一方で、実験系の設定に依存してパラメータ推定が急激に不安定になる一種の相転移を発見した。

---

**【研究会報告】**
**第3回日中数理生物学コロキウム報告**

 竹内 康博\*
 

---

**参加会議名:** The 3rd China-Japan Colloquium of Mathematical Biology

**日程:** 2010年10月18日～21日, 北京, 中国

上記会議が日本学術振興会と中国国家自然科学基金委員会の支援の下, 二国間交流事業セミナーとして, 日本数理生物学会(JSMB)と中国数理生物学会(CSMB)の共催で開催された。期間を通じて日本・中国に韓国からの招待講演者33名の講演を中心にして, 一般講演34件, ポスター発表12件が行われた。2006年(重慶市・西南大学), 2008年(岡山市・岡山大学)に引き続き, 今回は第3回日中数理生物学コロキウムであった。今回は初めて二国間交流セミナーの援助を受け, 過去と比べて多くの招待講演者を招聘することが出来, 過去最高の参加者数となった。Journal of Biological Dynamics と International Journal of Biomathematics の国際学術誌から特集号を出すために現在参加者からの論文募集を行っている。本会議には日中以外にも, 韓国数理生物学会(KSMB)からも多くの参加者が得られ, 次回会議は2012年に韓国・釜山で, 日中コロキウムを日中韓コロキウムに拡張して開催することが3学会で合意された。

以下に今回の会議参加者の江夏さんの参加者報告記を掲載します。

**参加者報告:** 江夏 洋一 (早稲田大学大学院基幹理工学研究科 D2・山田義雄研究室)

2010年10月18～21日の4日間にかけて, 中国北京の海北緑園で開催された国際会議 The 3rd China-Japan Colloquium of Mathematical Biology (CJCMB3)に参加し, 約80名の講演およびポスター発表を通して数理生物学に関する知見を広めるとともに, 最新情報の収集を行った。

本会議への参加は, 2年前に行われた岡山大学での口頭発表のご機会を頂いて以来2度目であると同時に, 中国での滞在も初体験であった。それにもかかわら

ず, 北京空港に到着後, 中国側の諸先生方や学生らがロビーで大変温かく迎えて下さり, 張り詰めていた気持ちが一気にほぐれたことが強く印象に残っている。また, 20日午後からのエクスカーションでは, 主催者が用意して下さったボックスカーに乗り, 会議場から約1時間半ほどで万里の長城に足を踏み入れた。観光者向けのガイドブックでしか上記の知識を得なかった私にとって, これらは極めて貴重な体験であり, 体感40度以上の急斜面が連続する石段を知らず知らずにひたすら歩いてきた細く長い道にこれまでの人生を重ね合わせ, 今後の研究テーマの目標設定を再確認できた点で有意義な時間でもあった。さらに, 期間中の食事では, 炒飯, 麻婆豆腐などの本場の中国料理や青山(チンタオ)ビール, 白酒などのお酒を大変おいしく頂き, 21日夜に行われた Farewell banquet では, 歌謡曲の鑑賞もついたり, 中国流の「もてなし方」を肌で学ぶことができた。

さて, 今回の口頭発表では, 中田行彦さん (Basque Center for Applied Mathematics) および室谷義昭先生 (早稲田大学基幹理工学部数学科) との共同研究の下で, 時間遅れをもつ SIR 感染症モデルにおけるリャプノフ汎関数による解析手法を拡張し, 非線形接触項および時間遅れをもつ SIRS 感染症モデルのもつ内部平衡点の新しい大域安定性条件を得たことについての成果報告を行った。発表後の質疑応答では, 結果に対する鋭いご質問やご指摘を通して, 研究に対するヒントを多々頂くことができ, 実りある討論ができたことを確信した一日であった。その後も, 自身の研究内容に関連するセッションにも積極的に参加し, 聴講した多くの研究者に対して質問をすることによって, 活発かつ詳細な議論を展開することができた。今後の研究活動で協働を行うきっかけとしてこの機会を有効に活用してゆきたい。

最後に, 本会議を企画・運営下さった Scientific, Organizing Committee の方々をはじめ, 受付業務や会場設営に尽力頂いたスタッフの方々へ, この場を借りてお礼を申し上げたい。

---

\*静岡大学



**【研究会報告】****平成 21 年度 京都大学数理解析研究所共同利用研究集会  
「第 7 回 生物数学の理論とその応用」****Theory of Biomathematics and Its Applications VII****報告記**

近年継続して開催されてきたこの研究集会、今年度は、公募による一般講演 30 件に加え、三村昌泰氏（明治大）、西浦康政氏（北海道大）による特別講演と、合原一究氏（京都大）と永野 惇氏（農業生物資源研）による企画セッションがプログラムに組み込まれました。三村氏、西浦氏の講演は、特に『若手』に向けてのメッセージが強く感じられるもので、本集会の参加者に向けてだけではもったいないとすら思われました。若手研究者、合原氏、永野氏による企画セッションは、両氏を含む気鋭の若手 4 名による講演で構成され、どの講演にも研究への情熱を感じられる密なセッションでした。これらの企画のおかげもあって、結果として、70 名近くの累積出席者数となり、また、それに占める若手の割合の高い集会となりました。

本稿は、この研究集会に参加された方にお願ひした印象記を中心に、報告記としてまとめたものです。（研究代表者 瀬野裕美）

**■ 秋山知彦（岡山大・院・環境学・M1）**

第 7 回生物数学の理論とその応用で発表させてもらいとてもうれしく思います。私は修士 1 回生で今回の研究集会が初めての発表でした。発表の内容は研究結果としては決して良いものではなかったと思います。ですがたくさんの意見、良くない点を指摘してもらえて今後の研究の方向性が見えました。すべての刺激的な意見、助言に感謝しています。一番刺激的だったのが、自分の研究成果を聞いてどれだけ面白いと思っもらえるかということが重要だと言われたことです。自己満足で終わるのではなく相手のことを思って発表し伝える大切さを痛感しました。研究発表ではコミュニケーション能力はあまり関係ないと思っていました。しかし聴衆を納得させる、あるいはワクワクさせる発表が求められている。コミュニケーション能力が重要であることを実感しました。

今回の研究集会で自分と似たような研究の発表、今まで知らなかった概念を聞き、知ることができたことは視野が広がったような気がしてワクワクしました。また私の研究発表についての厳しいお言葉を頂いたことにもワクワクしました。マニュアルに沿って研究するだけでは駄目だと思いました。もっとオリジナリティな研究を、自分にしか出せない個性を活かした研究をしたいです。まだ漠然としています。アイデアが浮かびました。それだけでこの研究集会に参加して

発表して良かったと思いました。ありがとうございました。□

**■ 富田貴之（静岡大・院・工学・M2）**

私は、2010 年 11 月 16 日（火）から 11 月 18 日（木）まで 2 泊 3 日で京都大学で開催された RIMS 研究集会「第 7 回 生物数学の理論とその応用」に参加しました。学生生活最後の学外での発表の場ということもあり、充実した 3 日間にしようととても楽しみにしていました。

実際の発表に関しては「あっ」という間に終わってしまったという感じでした。ただ、発表を終えた後の充実感は今までで一番でした。（学部 4 年生のころから何度か研究発表を経験していますが、今回が一番自信をもって臨むことができたからだと思います。）一方で、その後に質問に関する対応など、まだまだ自分の研究に対しての取り組みが甘いと感じたことも事実です。反省点に関してはこれからの修論発表まで残り僅かの時間ですが自身の研究に正面から取り組むことで修正していきたいと思います。また、研究集会に参加することで研究発表以外にも充実感のある日々を過ごせたと感じています。それは参加者と活発に意見交流・情報交換をできたことです。昼は、親睦を深めた他大学の学生の研究発表を聞くことで、研究への取り組みを知ることができました。夜は、他大学の先生や学生の方と飲み会。飲み会でも、研究に関する意見交流をすることでどっぷりと研究に漬かった日々を送れたと感じています。（多少、研究から話が脱線することもありましたが…）このような日々の中で、今後の研究活動への新たな目標を見つけることができました。残り僅かで学生生活を終えることはとても残念ですが、今後の人生に後悔を残さないためにも残りの研究生生活を充実したものにしていきたいと思っています。

最後に、研究発表の場を準備していただいた瀬野先生をはじめとする主催者、私の発表を聞いてくださった研究集会参加者の皆様に深く感謝いたします。□

**■ 合原一究（京都大・院・理学・D3）**

RIMS 研究集会「生物数学の理論とその応用」は 2007 年に見学させてもらってから、今年で 3 回目の参加となります。この研究会を通して始まった若手研究者との刺激的な交流もあり、毎年とても楽しみにしています。さらに今回は、代表者の瀬野裕美先生から

セッションを企画する機会もいただき、大変充実した4日間となりました。どうもありがとうございました。

セッションの目的については、個人的な興味もあり「生物の実データに基づく数理・統計モデル解析」とさせてもらいました。目的としては対象が広すぎるかなとも感じましたが、普段あまり接点のないような分野の皆さんに幅広く講演していただくことで、今後新しい発想が生まれていくのではと期待しこのようにさせてもらいました。講演者については、上述の考えに基づいて、「自身で生物を用いた実験と数理研究の両方を行っている」かつ「いままでこの研究集会に参加したことのない若手研究者」ということで、共同でオーガナイズしていただいた農業生物資源研の永野淳さん、東大の朽名夏磨さん、総研大の山道真人さんに講演していただくことになりました。

当日は実験・数理研究の両方を1人30分で話したこともあって、若干駆け足だったと反省しています。他方で、それぞれが対象にしている生物は植物・微生物・カエルとバラバラだったのにも関わらず、その研究スタイルに多くの共通点があった点が個人的にとっても新鮮でした。その後の飲み会も含めて、このような新しい出会いを今後の研究に繋げていきたいと強く感じるこの出来た貴重な時間でした。

個人的には、今回のセッションテーマに加えて、発表で少し述べさせてもらった「生物の音声コミュニケーションに対する新しい実験系の確立」と「その実験データに基づく新しい数理的な枠組みの構築」に興味があります。これからも共同研究者と協力してそのような研究を進める一方で、幅広い研究者の皆さんと交流できることを楽しみにしております。□

#### ■ 付記 — 瀬野裕美 (研究代表者, 広島大・院・理)

今回、7回目を迎えたこの研究集会は、実は、この7回の開催以前の先達による集会を引き継いだものとも考えることができます。今回のこの研究集会開催期間中に、京都大学数理解析研究所共同利用掛にお願いして、保管してある過去の共同利用研究の採択記録(昭和40年以降)を拝見させていただく機会を得ました(現時点、同研究所のweb pageでは、1999年以降の採択課題のみ公表されています)。その記録から、生物学あるいは生命現象に関わる題目を抜き出したものが末掲の表です。この表から、数理解析研究所の共同利用研究が、日本における数理生物学発展の黎明期(特に表中前半)に重要な役割を果たしたことは容易に推し量れることでしょう。もちろん、このように生物学に関連することを明示していない共同利用研究でも、たとえば、力学系や非線形理論、確率過程論に関わるものは昭和40年代から目立って開催されており、数理生物学に関連する研究者が参画されておられたものもあつたはずですが、この表では割愛させていただきました。

21世紀を10年経過しようとする今、この研究集会シリーズに求められるもの、あるいは、この研究集会シリーズの役割は何でしょうか。

本研究集会以外にも、数理生物学関連の比較的小規模な研究集会が、国内でも、毎年開かれるようになってきたと思います。学際分野らしく、それぞれの集会の生命科学、数理科学へのスタンスのなす重心は特徴的ですが、そのことは、数理生物学分野の研究の多様・多彩化を表していると同時に、細分化を示唆しているのかも知れません。末掲の表中前半期には、おそらく、数理から拓かれる新しい分野への期待そのままに共同研究集会が開かれていたのではないかと思います。その意味で、それらの集会は、数理と様々な他分野との学際的に積極的に窓を開けようとする心意気の感じられるものではなかったかと思われます。現代、細分化の進む中、じっくりまったりとそれぞれの研究課題を練り込む研究集会はさらなる発展やブレイクスルーへの期待に答えてますます必要になると考えられます。しかし、だからこそ、上記のような『心意気』を再認識することが必要であり、本研究集会シリーズはそのことを再確認させてくれるものになっていると思います。

先達たちによって開催されてきた研究集会を継いで、本研究集会シリーズが、これからの「新しい」研究テーマ、ひいては『新しい』分野が拓かれてゆく標(しるし)の一つ足り得ることを今後とも期待したいと思います。□

京都大学数理解析研究所共同利用研究における数理生物学関連題目 (1965-2010)

年	題 目	研究代表者
1971 (S46)	生物モデルの数学	上野 正
1972 (S47)	生物モデルの数学について 神経系と数学的モデル	渡辺信三 石原忠重
1975 (S50)	Topological Models in Biology	寺本 英
1976 (S51)	集団遺伝学の数学的研究	島倉紀夫
1977 (S52)	生物の数学 生物学における数学的問題	山口昌哉 寺本 英
1978 (S53)	Mathematical Topics in Biology	寺本 英
1979 (S54)	Mathematical Problems in Biology - '80 生命科学データの統計解析と数学モデル	山口昌哉 柳川 堯
1980 (S55)	集団遺伝学と確率過程 Mathematical Topics in Biology '80	清水昭信 山口昌哉
1981 (S56)	Mathematical Topics in Biology '82	寺本 英
1985 (S60)	数理生物学における諸問題	寺本 英
1988 (S63)	Mathematical Topics in Biology	三村昌泰
1990 (H02)	Mathematical Topics in Biology	三村昌泰
1991 (H03)	Mathematical Topics in Biology	三村昌泰
1992 (H04)	Mathematical Topics in Biology	三村昌泰
1993 (H05)	Mathematical Topics in Biology	三村昌泰
1995 (H07)	生物学・化学に現れるパターン形成の数理	三村昌泰
1996 (H08)	Mathematical Topics in Biology	三村昌泰
1998 (H10)	Mathematical Topics in Biology	三村昌泰
2000 (H12)	反応拡散系: 生物・化学における現象とモデル	吉川研一
2004 (H16)	生物数学イッキ読み・研究交流 生物数学の理論とその応用	齋藤保久 竹内康博
2005 (H17)	生物数学イッキ読み・研究交流 生物数学の理論とその応用	齋藤保久 竹内康博
2006 (H18)	生物数学の理論とその応用 新しい生物数学の研究交流プロジェクト	稲葉 寿 瀬野裕美
2007 (H19)	新しい生物数学の研究交流プロジェクト 生物数学の理論とその応用	瀬野裕美 梶原 毅
2008 (H20)	生命現象と関連した非線形問題の数理 生物現象に対するモデリングの数理 生物数学の理論とその応用	大西 勇 瀬野裕美 細野維三
2009 (H21)	生物現象に対するモデリングの数理 生物数学の理論とその応用	佐藤一憲 森田善久
2010 (H22)	生物現象に対するモデリングの数理 生物数学の理論とその応用	佐藤一憲 瀬野裕美

## 書籍紹介



### 環境問題の数理科学入門

J. ハート (著)  
 小沼通二・蛭名邦禎 (監訳)  
 シュプリンガー・ジャパン  
 2010年9月, 299p  
 ISBN: 9784431100850

「我々は牧場の生産高を向上するための解決策を得た。真空下において球形の牛が存在していると仮定しよう...」本書の原題である“Consider a Spherical Cow”は、天然の複雑な問題を対象とする際に理想環境を想定し、高度に抽象化したモデルを用いて解決法を導くやり方に対する理論物理科学者のジョークに基づく。単純化や抽象化は真摯に現実の事象と向かい合う者にとって時に耐え難い物となるだろう。しかしながら、「球形の牛」的アプローチは問題を解決するにあたって重要な要素を見極め、完全無欠な解決法とは言えないまでも今後の指針を提示することを可能にする手段であり、早急に対応が望まれる環境科学分野の助けとなるだろう。本書は複雑な環境科学の諸概念から本質を抽出して記述し、数量的な解決法を得る方法を学ぶためのビギナー向け教科書である。上級者においては本書のカバーする内容に物足りなさを感じるかもしれない。しかしながら教育者や指導者の目線で本書を眺める時、「あの問題をこのような平易な言葉で語り、数値で評価することができるのか！」という驚きに遭遇するに違いない。

本書は全3章で構成され、44個の具体例について定量的解決に取り組む。対象領域は地球科学（物質循環、気候システム）を中心とし、溶液化学、環境化学、数理生物学にまたがる。第1章は導入的位置づけであり、第2章の前半は定常ボックスモデルを用いてボックスモデルの基礎的概念（滞留時間・物質のフローとストック）、熱力学的法則とエネルギー、化学平衡、最後に非定常状態の扱いについて取り組む。第3章は2章よりやや応用的な問題、例えば酸性雨のpHの決まり方、二酸化炭素排出による温室効果への影響の算出法、微量化学物質の生物濃縮、家畜の管理の最適化などについて取り扱う。また、巻末には地球上での物質・エネルギーのフロー、種々の生態系のバイオマス量などのデータがまとめられている。

本書を一読して非常に優れていると感じた点は、問題設定の巧みさと面白さである。例えば第2章では「牛乳1リットルによってどれだけの高さまで上れるのでしょうか」という簡潔に記述された定性的問題に取り組むことになるが、読者はこれをいかにして定量的な問題に置き換え解決するかについて大いに想像力を働かせることとなる。各問題に対して本書著者J. ハート教授は非常に丁寧かつ明快な解法を与えており、読者は著者の思考過程を1つずつ読み解く感覚で諸問題に対して数量的な答えを得る手法をじっくりと学ぶことができる。本書は44問の解答付き例題の他に多数の演習問題を含む。どの問題もシンプルではあるが現実世界に基づく興味深いものばかりであり、最終的に数値として評価できるようによく練られている。また、時にユーモラスでさえあるため飽きることがない。全体を通して文章は平易であるため、読み物としても楽しめる。

環境問題への取り組みを志し本書を紐解こうとする読者に対し、3点注意を喚起したい。1点目として、本書の目的は問題解決の訓練に特化するため、環境問題を引き起こす元凶やその仕組みについて興味がある読者には本書の説明だけでは不十分な場合があるだろう。2点目として、本書の大部分では生物のダイナミクスは考慮されておらず、第3章の後半に個体群動態について触れるにとどまる。数理生物学者の視点からは物足りなく感じられるかもしれないが、生命を取り巻く環境の大まかな理解の上では助けとなるだろう。3点目として、本書のカバーする領域について正確な知識を得たいという読者においては、他の専門書を併用することをお勧めしたい。なぜならば、無機地球化学を専門に学んできた筆者の視点からは、不適当な語句の定義と誤解を招くような表現がいくつか見受けられたためである。例えば、本書では「定常状態 (steady state)」と「平衡 (equilibrium)」を等しく扱うが、物理化学の分野ではこれらは異なる状態を指す言葉として定義される。

最後に、Apple社が提供する音楽・映像コンテンツ配布プラットフォームiTuneよりJ. ハート教授のカリフォルニア大学バークレー校における講義の映像・音声ファイルを無料で入手することができる。この講義では本書を多く引用しているため、同時に利用することで本書の理解をより深めることができるだろう。  
 (奈良女子大学理学部情報科学科 瀬戸蘭美)

## ニュース

### ■第 21 回日本数理生物学会大会のお知らせ

第 21 回日本数理生物学会大会 (JSMB11, Tokyo)  
 日時：2011 年 9 月 13 日 (火) ～ 15 日 (木)  
 場所：明治大学・駿河台キャンパス  
 大会委員長：三村 昌泰 (明治大学理工学部数学科  
[mimura@math.meiji.ac.jp](mailto:mimura@math.meiji.ac.jp))  
 大会実行委員：若野 友一郎 (明治大学先端数理科学  
 研究科 [joe@math.meiji.ac.jp](mailto:joe@math.meiji.ac.jp))  
 大会ホームページ：<http://jsmb11.mind.meiji.ac.jp>

日本数理生物学会大会 21 回大会を、  
 9 月 13 日 (火)～15 日 (木) 総会・シンポジウム  
 ・一般講演

の日程で、明治大学・駿河台キャンパス・リバティタワー  
 (御茶ノ水駅徒歩 3 分) ([http://www.meiji.ac.jp/koho/campus\\_guide/suruga/access.html](http://www.meiji.ac.jp/koho/campus_guide/suruga/access.html)) にて開催  
 予定です。

この原稿を執筆中の現在、東日本大震災で原子力発電所が被災し、東京では計画停電が実施されています。また、東北地方の皆様におかれましては、被災された方々もおられることと思います。このような状況で、東京での年会開催が円滑に行えるかは未知数な部分もありますが、まだ開催予定日まで時間がありますので、現段階では計画通りの開催を予定しております。東京でこの夏に電力が不足する可能性はかなり高く、空調を含め通常通りの電力使用は不可能となるかも知れませんが、その場合は皆様のご理解とご協力をお願い申し上げます。

会員の皆様の積極的なシンポジウムのご提案、一般講演へのご参加をお待ちしております。なお、「企画シンポジウム」、「一般講演 (口頭発表, ポスター発表)」の申し込み、要旨提出期限等につきましては、以下のようになっていますので、お忘れなきようお願いいたします。最新情報は常に大会ホームページにてお知らせいたしますので、ご覧ください。

4 月 1 日–5 月 30 日 企画シンポジウムテーマ募集  
 6 月 1 日–7 月 30 日 一般講演 (口頭, ポスター)  
 発表申込  
 7 月 1 日–8 月 10 日 講演要旨提出期間

何かご不明な点がございましたら、下記メールアドレスより大会事務局までご連絡ください。

電子メールアドレス: [inquiry@jsmb11.mind.meiji.ac.jp](mailto:inquiry@jsmb11.mind.meiji.ac.jp)

### ■日本数理生物学会事務局より

幹事長 山内 淳

#### 1. 会費納入のお願い

今年度または過去の会費未納の方は、下記口座への納入をお願いいたします。

【ゆうちょ銀行の振替口座】

口座番号：00820-5-187984

口座名称 (漢字)：日本数理生物学会

口座名称 (カナ)：ニホンスウリセイブツガツカイ

【他銀行から振込】

店名 (店番)：〇八九 (ゼロハチキュウ) 店 (089)

預金種目：当座 口座番号：0187984

#### 2. Biomath メーリングリスト登録のお願い

日本数理生物学会では、会員と会員でない数理生物学に関心をお持ちの方々との交流や情報交換を目的とする、Biomath メーリングリストを運営しています。Biomath メーリングリストには、学会や会員からの重要な情報 (大会情報、国内外の公募情報、研究会や定例セミナーの情報、学会賞の情報など) が投稿されますので、日本数理生物学会に新規に入会される際には、合わせて Biomath メーリングリストへの登録をお願いしています。また、現在会員の方で Biomath メーリングリストに未登録の方にもぜひ登録いただきますようお願いいたします。つきましては、未登録の方には、お手数ですが、以下のいずれかの方法で Biomath メーリングリストへご登録ください。

- (1) Biomath メーリングリストに自分で登録する：  
 登録は本文も件名も空白の電子メールを  
[biomath-ml-subscribe@brno.ics.nara-wu.ac.jp](mailto:biomath-ml-subscribe@brno.ics.nara-wu.ac.jp)  
 にお送りいただくと、確認メールが返送されます。それに返信していただくと入会することになります。
- (2) Biomath メーリングリストに登録するが、登録作業は事務局にしてもらいたい：登録を希望する電子メールアドレスを以下の方法で事務局までお知らせください。  
 ○ 郵便：〒520-2113 滋賀県大津市平野 2 丁目 509-3 京大大学生態学研究センター 山内気付  
 日本数理生物学会事務局  
 ○ E-mail: [kato.satoshio@gmail.com](mailto:kato.satoshio@gmail.com) (会員)

関係担当幹事：加藤聡史)

○ Fax：077-549-8259 (幹事長：山内淳)

登録された皆様の電子メールアドレスは厳重に管理します。登録者以外からは投稿できないシステムになっておりますので迷惑メールの心配もありません。配送頻度も週に1通程度となっております。その他、Biomath メーリングリストに関しましては <http://bio-math10.biology.kyushu-u.ac.jp/~jsmb/jsmbj/?Biomath-ML> に記載しております。合わせてご覧ください。また、何か不明の点がございましたら、上記事務局宛に遠慮なくお問い合わせください。

### 3. 事務的事項のお問い合わせ先について

入会，退会，所属先の異動など，会員情報の変更につきましては，会員関係担当幹事の加藤聡史

(kato.satoshi.0@gmail.com) までご連絡ください。また，会費関係のお問い合わせは会計担当幹事の江副日出夫 (hezoe@b.s.osakafu-u.ac.jp) へ，それ以外の事項につきましては，幹事長の山内淳 (a-yama@ecology.kyoto-u.ac.jp) へお問い合わせください。

### 4. 数理生物学会が主催・共催・後援する学会・研究集会

- (1) 「生物現象に対するモデリングの数理」(代表：佐藤一憲) 2011年9月26日～30日：京都大学数理解析研究所111号室
- (2) 第8回「生物数学の理論とその応用：Theory of Biomathematics and Its Applications」(代表：守田智) 2011年11月15日～18日：京都大学数理解析研究所420号室

## 研究集会カレンダー

2011年3月22日付(前号 No.63 からの差分)

### 2011 August–November

#### August 8–12 Paris, France

European Conference on Artificial Life, an international conference on the simulation and synthesis of living systems (ECAL 2011)

<http://www.ecal11.org/>

#### September 16–18 兵庫県立大学姫路書写キャンパス

日本生物物理学会第49回年会

<http://www.aeplan.co.jp/bsj2011/>

#### September 26–30 京都大学数理解析研究所

生物現象に対するモデリングの数理解析

#### October 7–9 San Antonio, Texas

The Third Conference on Mathematical Modeling and Analysis of Populations in Biological Systems

<http://web.trinity.edu/x8339.xml>

#### October 12–14 Algarve, Portugal

International Conference VipIMAGE 2011 - III EC-COMAS Thematic Conference on Computational Vision and Medical Image Processing

<http://www.fe.up.pt/~vipimage>

#### October 14–16 岡山大学

第27回個体群生態学会大会

<http://www.agr.okayama-u.ac.jp/LAPE/PEEC27/PEEC27.html>

#### November 7–9 Boca Raton, Florida

23rd IEEE International Conference Tools with Artificial Intelligence (ICTAI 2011)

<http://www.cse.fau.edu/ictai2011/>

#### November 15–18 京都大学数理解析研究所

第8回「生物数学の理論とその応用: Theory of Biomathematics and Its Applications」

### 編集後記

去る3月11日に東北・北関東太平洋沖で発生した、大津波を伴う巨大地震は、東日本全体に未曾有の被害をもたらしました。これを書いている現在は発生から10日以上が経過していますが、まだ被害の全容は明らかではありません。各地の避難所におられる方々は燃料などの物資の不足に苦しめられています。また、福島第一原発の事故も緊張した状況が続いています。被災されたすべての方々に謹んでお見舞いを申し上げますとともに、現在も続いている様々な困難の速やかな解決、被災地の一刻も早い復興を願ってやみません。被災地に対しては、国内外から多くの温かい支援が寄せられています。また、被災地での人々の平静さ、規律正しさに注目した海外の報道も目立ちます。時に自然の脅威に対して人は無力であるけれども、このような困難な状況においても互いに助け合う人と人との絆こそが我々の社会の貴重な財産なのだという事を再認識させられます。

最後になりましたが申しわけありませんが、今回のニュースレターに記事を寄せていただいた皆様に感謝いたします。また、編集委員会ではニュースレター掲載記事を募集しています。数理生物学に関する研究紹介・総説・研究会報告・書籍紹介等々、皆様からのご投稿をお待ちしております。

(江副)

日本数理生物学会ニュースレター第64号  
2011年5月発行

編集委員会 委員長 高須 夫悟  
takasu@ics.nara-wu.ac.jp  
奈良女子大学理学部情報科学科  
〒630-8506 奈良市北魚屋西町

発行者 日本数理生物学会  
The Japanese Society for Mathematical Biology  
<http://www.jsmb.jp/>

印刷・製本 (株) ニシキプリント