

日本数理生物学会 ニュースレター

第93号

2021年2月



会長就任挨拶

日本数理生物学会会長 瀬野裕美*

本年1月から2年間、会長を務めることになりました瀬野裕美です。まず、稲葉寿前会長と、前事務局の岩田繁英さん、中丸麻由子さん、大泉嶺さん、立木佑弥さん、会計監事の中岡慎二さんの学会運営への労に心から感謝いたします。私が会長を拝命することとなったこの2年間は、奇しくも、引き続く新型コロナ禍による災害下の2021年、望むらくはその災害からの復興の2022年となり、私たちが昨年に経験してきたことから考えても、前例にない対応や仕組みを学会として求められるかもしれません。それらも含めて、これから2年間の学会運営では、これまで培われてきたよき有様を損なうことなく、事務局と協力し、会員の皆さんからのご助力もいただきながら、務めてまいります。何卒よろしくお願いたします。

新事務局は、幹事長を青山学院大学理工学部物理・数理学科中田行彦さんに、会計を神戸大学大学院システム情報学研究所國谷紀良さんに、幹事を同志社大学文化情報学部岩本真裕さんと北海道大学人獣共通感染症リサーチセンター大森亮介さんをお願いしました。前事務局の献身的な仕事により、今年から、会員情報の管理システムが大幅に変わります。クレジットカードでの会費支払いが可能になりますし、各会員自身で、自分の会員情報の更新ができるようになり、事務局の会員情報管理の負担軽減が期待されるところです。とはいえ、当面、会員の方々からのご不便の声もあるかもしれませんし、新しいシステムを慣らしていくための対応が新事務局にとって厄介な仕事になるのではないかと考えられます。新事務局の皆さんには、最初から新しい仕事が待ち構えていたかのようでもあります。管理・運用を進めながら、時間をかけてよりよい形に近づけていければいいのではないかと考えております。会員の皆さまにも、ご理解とご協力を何卒よろしくお願いたします。

さて、この挨拶の文章を考える参考にと、過去の会長たちの挨拶文を改めて拝見しましたら、複数の方が、本学会の前身である数理生物学懇談会（1989年設立）の設立時の寺本英先生や三村昌泰先生の文章を引用されておられました。私も、あえて、数理生物学懇談会ニュースレター第1号に掲載されている「数理生物学懇談会へのお誘い」（1988年12月20日付け）の山口昌哉先生と寺本先生連名の文章の一部を引用をさせていただくことにします。「単に国内での交流だけでなく、国際的な情報交換や研究協力を能率よく推進するためにも、なにか連絡センターになるような組織を作ることが必要な時期に来ているように思えます。しかし、

学問の性格上から考えても、ある程度ルーズな結び付きをもった組織であることが望ましいように思われますので、学会といった正式の形のものでなく、情報の連絡などのサービスを主としたグループとして、「数理生物学懇談会」（数理生物学といっても、理論的モデルによる研究といった広い意味で考えてください）を発足させたいと思います」。数理生物学懇談会は2003年に発展的に解消され、今日まで続く日本数理生物学会へと続きながら、この「お誘い」の文章に述べられている役割を曲がりなりにも果たせる形にまで育ってきたと思います。もっとも、時代とともに、「国際的な情報交換や研究協力」への学会に求められるサポートやバックアップの質は変わってきています。近年、アジア圏各国で生まれてくる独創的な数理生物学の発展は力強く、今後、アジア圏で育ちつつある数理生物学の新しいネットワークに本学会も新しい寄与ができるなら嬉しいと思います。また、「単に国内での交流だけ」への学会としてのサポートやバックアップとしてできることがまだあるようにも思います。国内の若手の皆さんの活動も多彩に広がっている印象があります。数理生物学懇談会の「サービスを主としたグループ」の主旨も尊重するような、国内外の関連グループや学会会員による活動をサポート・バックアップする学会としての有様を再認識することが今大切なのかもしれません。学会員の皆さんからのご意見をいただきながら、考えていければと思います。

本学会主催の今後の年会については、2021年に宮崎大学、2022年に広島大学で開催する予定です。2020年の年会は、名古屋大学での開催準備が進められていましたが、新型コロナ禍により、やむなくオンラインによる開催になりました。それでも、同大会委員長の時田恵一郎さんをはじめとする実行委員会の皆さんのご苦勞により、期待以上の盛会となったと思います。どのような形であれ、今後の年会や関連する学術集会での会員の皆さんの活動が本学会の活性の源であることは疑うべくもありません。目下の災害下にあつて、多くの学術交流の機会が損なわれたことに閉塞感を抱いている会員の方も少なくないのではないかと考えます。けれども、手紙こそが学術交流の手段であった古の宿学を想うと、夢のような現代です。どのような学術交流の形であれ、会員の皆さんの学問への憧憬が損なわれることなく、それぞれ活躍されることが、本学会の願いであり、会員の皆さんへの期待であることお伝えして、就任の挨拶を締めくくらせていただきます。

2021年1月

日本数理生物学会会長 瀬野裕美

*東北大学大学院情報科学研究科

【第30回日本数理生物学会大会報告】

学会初のオンライン開催を振り返って 実行委員会忘年座談会

2020年大会委員長 時田恵一郎*

1. はじめに

第30回日本数理生物学会大会は、当初名古屋大学東山キャンパスで開催すべく準備を進めておりましたが、COVID-19流行の影響により、図らずもオンライン開催となりました。学会初の試みでもあり、開催日までに様々な紆余曲折もありましたが、会期中は大きなトラブルもなく、なんとか学会として成立していたので、大会委員長としては胸をなでおろしているところです。これも、実行委員の皆様、学会事務局、Advisory Boardの皆様、そして会員の皆様のご尽力・ご協力の賜物と、この場をお借りして、改めて厚く御礼申し上げます。

本稿は昨年末に実施したオンライン忘年座談会をもとに再構成したもので、文責は全て筆者にあります。これをもちまして大会報告に代えさせていただきます。

2. 忘年座談会

(時田) 年末のお忙しい中ご参加くださりありがとうございます。

まず、私から大会運営全体のご報告と反省点についてお話をさせていただきます。実は、稲葉会長から、大会を名古屋大学でやってもらえないかという話を最初に頂いたのは、FacebookのMessengerでした(笑)。さきほど確認したら2019年の6月3日でした。当時は、まだコロナのこの字もなく、9月20日-22日の3連休は工学部の講堂や教室を押さえることができたので、うっかり安請け合ってしまったというのが正直なところです。ただし、実行委員会の皆さんのお顔を思い浮かべて、皆さんに参画して頂ければ良い大会にできるだろうとは思っていました。

2019年11月には、生態学会で高校生セッションの企画運営に携われて来られた東大嶋田正和さんのところをお訪ねして、稲葉会長にも加わって頂いて、高校生セッションの企画について相談に乗って頂きました。

ところが、年が開けて2020年に入ったところで、中国武漢でCOVID-19の流行が始まり、2月に入るとイタリアやスペインなどヨーロッパでのパンデミックとなってしまう、3月の国内諸学会も急遽オンライン開

催に切り替わることとなりました。また、4月以降の授業もオンラインで実施することになってしまいました。そこで、稲葉会長や岩田事務局長に、通常開催は難しいとお伝えして、名古屋大会はオンライン開催に一本化することにしました。みなさんにもご相談すべきとも考えましたが、当時は9月には流行は収束するのではないかという楽観論もあり、議論の収束が難しいと考え、私の一存で決定しました。

オンラインに一本化すべきと考えた理由は、9月にもコロナの流行が収束しない可能性が少なくないこと以外に、2020年前期の授業や大学院入試のスケジュールが振り出しに戻ってしまい、大会開催期間に授業や大学院入試を実施する可能性も出てきて、教室の予約を一方的にキャンセルされてしまう恐れもあったからです。また、通常開催とオンライン開催のハイブリッド開催の準備を同時並行で進めるためには、委員会のマンパワーが足りず、開催半年前の段階で初めてのオンライン開催のための委員を探すのも困難と考え、早々にハイブリッド開催には見切りを付けました。仮に、夏にコロナが収束していたりとか、オンライン開催が失敗していたらどうなっていたことかと、今から思い返しても冷や汗ものの決断だったと思います。しかし、実務をお願いした皆様がそれぞれの才能を発揮されて、予定していたことは全て実現することができました。改めて皆さんには厚く御礼申し上げます。

全体を統括する視点から、良かった点、反省点などお話をさせていただきますと、まず、これは大平さんのアイ



*名古屋大学大学院情報学研究科

ディアですが、会員、学生の参加費を無料にしたことはとても良かったと思っています。会員も大幅に増えたそうです。参加者数も想定の300人に達するものとなりましたが、参加費無料の効果は大きかったのではないかと考えています。

また、オンラインで参加できて良かったという声も、特に女性の方からありました。これまでも託児所利用の補助などを行ってききましたが、小学校低学年のお子さんの場合は学校を休ませないといけないなどの理由で参加を諦めていた方もおられたようです。オンラインミーティングが一般的に行われるようになり、お子さんのzoomへの乱入なども微笑ましいものとして社会に受け入れられるようになったので、今後もオンライン参加が可能な大会運営をお願いしたいというご意見もありました。zoomによるセッション運営、さらに、Remo（リモ）を使ったポスターセッション、懇親会も狙い通り成立して大成功だったと思っています。教室の後ろの方だとスライドが見えにくいことがありますが、オンラインだとスライドも見やすく良かったという声もありました。

個人的にも、オンライン開催の恩恵を受けました。通常開催では実行委員長はセッションに参加できず、本部に待機せざるを得ませんが、私は逆に、パソコン3台を使って、全てのセッションのトークを視聴することができました。一番聞きたいセッションのトークを聞きながら、他のセッションのスライドを眺めて、面白そうな話になったら、そのセッションの音声をオンにするということをやっていました。これは、オンライン開催で初めて可能になった「学会講演ザッピング」です。

大会企画である、大会シンポと高校生ワークショップが盛り上がったのも本当に嬉しかったです。大会シンポも人選が素晴らしく、いち参加者としても大変エンjoyしました。また、学会初の高校生ワークショップも、数理生物学を進路のひとつとして高校生に考えてもらう良い機会となりました。

ポスター賞は、今回は参加者の投票ではなく、大会実行委員会からお願いした審査委員の方々に審査して頂きました。さらに学会長名で表彰状を作成・発送して頂き、岩田さんにも大変お世話になりました。

最後に、個人的な反省点を述べさせていただきます。実は二点ほど苦情、というほどではありませんが、参加者からご意見を頂きました。一点目は、大会ホームページの英語版ページの直前の更新を私が怠ったため、日本語が読めない参加者の方がポスターのアップロードの期限や仕方がわからず困っていたとのこと。これは、ホームページ更新は自分でもできるだろうとすっかり実務に手を出した私の責任と反省しています。

もう一点は、3つのzoomセッションのホスト設定の問題で、大会数日前になってセッションのURLを変

更するという事態に陥ってしまったことです。授業や大学院入試でzoomを使っていたので、慣れているつもりでいたのが失敗のもとでした。契約直後に3つのミーティングをユーザひとりで同時開催できないことをチェックしておくべきだったと反省しています。これも、「これくらいなら自分でもできるだろう」と実務に手を出したのが失敗のもとだったと思っています。

では、大会副委員長、会計、庶務全般を統括して頂いた大平さん、大会全体についても、携われた運営業務についても結構ですので、お話頂けますでしょうか。（以下参加者敬称略）

（大平徹） 私は主に会計を担当し、会期中は本部に詰めておりました。会計の方は、アルバイトについては、人を雇うという形よりは、外注契約のような形で、簡単な書類を作りましたけれども、少し書類が煩雑だったかもしれません。あと、もっと学生さんたちにバイトをしてもらったら、先生方のご負担を減らせたかなと思いました。

また、本部に詰めた関係ですと、さきほどもお話がありました。当日に日本語がうまく読めない方が遠慮がちに本部に出入りされていたので、こちらから英語で声をかけるようなことがありました。今後も英語のできる方が本部に常駐する必要があるかなというのが私が感じたところです。

（時田） 今回は会場費も全くかかりませんでしたし、その分zoomとかRemoとか有料アカウントを取得することがあったわけですが、あまりお金かかってないんですね、結局。

（大平） 学会から補助を30万円頂いて、最後にお返ししたのが8万数千円でしたので、経費としては大体21万円程度で済みました。そのうちの10万円程度がオンラインシステム契約費で、残り雑費と、アルバイト人件費でした。

（時田） 守田さんには、プログラムの統括をお願いしましたが、大会全体について、またプログラム編成も大変だったと思うんですけど、それに関してもお話して頂けますか。

（守田智） プログラムの方は、従来の学会と同じように作業しただけなんですけど、申し込み段階でちょっと不具合というか、例えば、予稿がうまくアップロードされないということがありました。あと、オンライン開催だとギリギリでもホームページに載せればなんとかかなという感じで、やってしまいました。

プログラムは従来通り結構タイトにしたんですけど、オンラインだと夜までやったり、パラレルを減らすといったことも将来的には考えても良いかなと思いました。実際自分も聞きたい話がパラレルで聞けなかったりしましたし、座長も別のセッションの話を聞きたいということがあったかも知れません。あと、座長の他に我々がzoomのオペレータをしましたが、次

回はなくても良いのかなとも思いました。

(時田) だいぶ皆さん zoom に慣れた段階だったので、オペレータはいらなかったかも知れないですね。

(守田) ただ、中にはあまり慣れてない方もおられたので、そのへんはちょっと難しいところですね。

(時田) 一宮さんには、ポスターセッション、ポスター賞の準備運営をお願いしました。Remo (リモ) という新しいシステムを使われたわけですが、そのことを含め、お話をいただけますか。

(一宮尚志) ポスターはたまたま別の研究集会で Remo というサービスを見つけて、それが使えそうということでやってみました。準備のときは、zoom と違ってみなさん慣れてないので、練習セッションを2回やってもらいました。そこはうまくいったと思いますが、本番はやっぱり時間が足りないという声が結構ありましたね。あと、ポスターは3フロアでやったんですが、みなさん1番目のフロアに集まってしまって、2, 3番目のフロアにあまり人が回らないということが起きました。できればポスターを3つの時間帯に分けて、ひとつの時間帯はひとつのフロアだけ使うという感じでできれば良かったんですけども、スケジュールの都合もあり仕方がないのかなというのが今後の反省点かなと思います。

ポスター賞はぎりぎりになって審査員のみなさんに依頼のメールを書きまくって迷惑をおかけしました。ポスター賞の審査も時間がなくて全員の話の聞けなかったという審査員の方が多かったのが、オンラインだと時間配分が読めないというところが、反省点かなと思っています。

(時田) 私も最初オンライン開催に一本化するときに、ポスターをどうするかで一番悩んだ記憶があります。zoom でやったら一般のセッションと同じになっちゃうし。今回は Remo を使ってやって頂いて、今後の参考になる「データ」が取れたかなと思っています。

佐藤さんには、京大数理解析研究所での「モデコン」などの経験をお持ちということで、高校生ワークショップの企画・運営をお願いしました。高校生への周知などかなりお手数をおかけしたと思います。また、ポスターのイラストは、私が勝手に環境研の伊藤洋さんをお願いして描いて頂いたのですが、そこいらへんを含め、高校生の反応など、当日の様子や、企画運営のご苦労などお話し頂けますか。

(佐藤一憲) 伊藤さんのポスターは非常に印象的で、各高校に配って、どれくらい張ってもらったかわからないんですけど、かなりインパクトがあったと思いますね。郵便と、メールアドレスがわかるころはメールを送ったのですが、やっぱりメールはあまり反応がないですね。もうちょっと人を集める工夫ができれば良かったかなと思っています。

それから、高大連携事業では、高校生の進路とか、

どこの大学に行くかとか、その先のどういう就職をしたいとか、そういうことに直結するようなイメージが浮かぶようにすることが大事ですね。今回は瀬戸さんの話がわかりやすく、高校生が実際受けている授業とか知識と結びつくような形で話して頂いて、良かったです。ご自身の研究をいかに面白くやってるかということも伝わったと思いますし、年齢も今参加してる方の中でも高校生が一番近いので(笑)、高校生にとっては身近に感じられる存在だったと思います。ですので、来年も続けて頂けるのであれば、まず講演者を吟味して選んで頂ければと思います。

(時田) 他の学会の高大連携事業も、ある程度続けたら、「あのときのアレに出てたんです」みたいな人が大学に来るようになるんですよ。なので、できれば学会の常設ワークショップという感じになってもらえるといいかなという気がしています。それは、本当に今回の報告書の中でも強調しようと思っています。瀬戸さんにも、当日の様子などお話し頂ければ。

(瀬戸蘭美) 準備は佐藤先生がほとんど進めて下さって、私はただ話すだけだったので、もっと準備の方からお手伝いできれば良かったなど、すごく申し訳なく思っています。どちらかという今年だったら感染症とかのモデルの方が、きっと皆さん興味をもって頂けたんじゃないかなと思うんですけど、自分自身は感染症をメインでやってるわけではないので、いつも通りに微生物の話を楽しませて頂きました。

自分の反省点としては、今回はオンラインで、皆さんも授業をやりながらきくと感じてらっしゃることだと思うんですけども、生徒さんがみんなビデオはオフにして参加されるため、向こうの感触が全くわからず、そのへんは話しにくいなあと感じました。自分の研究を話すところ、ウルフラム・オンライン(オンライン版 Mathematica)でシミュレーションをやってもらう形にしたんですけども、それもどれくらいみんなが付いてこれているかとかも、確認できなかったもので、そういうところが少し気になりました。

あと、これは自分のことなんですけれども、高校数学の範囲とか、どの学年がどれくらいのことをやるのかというのもちろんと理解してなくて、自分は数学の問題とか作ったりしないので、そのへんも佐藤先生に相談させて頂きながら、「このへんの用語はこうした方がいい」みたいなこととか、もうちょっと考えなきゃいけなかったかなと思っていますが、良い経験になってありがたかったです。

(時田) 一ノ瀬さんには、Remo (リモ) の契約をして頂き、懇親会の企画・運営をお願いしました。Remo (リモ) を採用して本当に良かったと思っています。準備や当日の様子などお話し頂けますか。

(一ノ瀬元喜) 僕は当初役割がなくて、Webの手伝いくらいに思ってたんですけど、オンライン懇親会

になって、時田先生から司令があって、やることになったと記憶しています。一宮先生が見つけてくれた Remo でやって話になって、ちょっと触ってみていけそうだなと思いました。自分自身も新しいツールを使うのが好きなのもあって引き受けた記憶があります。で、会期が近づいてきたときに、マニュアル作成が必要ということになって、そのときに触って自分でも使い方を覚えたという感じですね。準備としてはそれくらいで、大変なことは何もなかったのですが、当日の参加者数が申し込みの120人より少なく、その半数程度だったんじゃないかと思います。なので、当日は一番焦りまして、最初は時間を2回に分けて、座席を指定して始めたのですが、最初から一人しかいないテーブルが出来てしまって、他のテーブルに移動してもらったりしてました。2回目も「知り合いのところに移動してください」とアナウンスしたりしました。どうしたらもっと参加してもらえるか考えたんですけど、お金取るわけにもいかないし、何かいいアイデアがあればなと思いました。各テーブルで話が弾んだのかもちょっと心配してました。

(時田) うちの学生は、いろんな先生方とお話できて良かったですよと言っていましたし、当日は柔軟に対応して下さって本当に良かったと思っています。懇親会は追加サービスなので、たくさん来なきゃダメってことでもないですし、来られた方が満足してくればそれで成功だと思っています。

うちの専攻の鈴木麗璽さんには、大会ホームページの作成、運営をお願いしました。とても心強かったです。大会全体と今回の数理生物学会のホームページ運営について、お話して頂ければと思います。

(鈴木麗璽) 数理生物学会に参加するのは実は久しぶりで、このような形で運営に携わることもできて、非常に貴重な経験になりました。担当したのは、Web

ページと、それに関連してメールのやりとりの窓口的なことをやりました。

Webページは、ここ数年 Google Sites で作ったものを引き継ぐ形でしたので、その点については全く問題なくて、基本的には中身を更新していきました。一方、更新ミスもあり、特に英語ページに関しては準備不足だったところもあり、わたしの方にもメールで連絡をくださる方がいらしたので、もう少しケアが必要だったかなと反省をしております。あと、ぎりぎりになってポスターの URL を訂正させてもらったりとか、いろいろあったんですけども、こういうときには逆にメールはみんなが見ているので、一斉にブロードキャストする手段としては重要だと思いました。

良かったこととしては、NUSS という名古屋大学のファイルシェアリングのサービスが便利でした。参加者には閲覧のみ、我々には編集可能なリンクを別途用意できるなど、細かい設定ができるので、プログラムなどのファイルをシェアしたり更新したりできて良かったです。

(時田) 最後に、稲葉会長ともども折々に相談させて頂いた、岩田事務局長にお話して頂ければと思います。

(岩田繁英) 私も良い会になったなというのが個人的な感想です。ひとつ問題点は、会員になってもらうときのタイムラグがあって、参加しているのに年会費が未納の方がいました。これは学会会費の集金システムの問題ですが、最近 SMOOSY というオンライン決済システムを導入したので、今後は改善していくと思っています。会員も60人くらい増えたので、良かったです。

(時田) 本日はありがとうございました。来年宮崎でお会いできるのを楽しみにしております。良いお年をお迎えください。

Literature

- [M&D] J.A.J. Metz & O. Diekmann (eds), *The Dynamics of Physiologically Structured Populations*, Lecture Notes in Biomathematics **68**, Springer, 1986.
- Ph. Clément, O. Diekmann, M. Gyllenberg, H.J.A.M. Heijmans & H.R. Thieme, *Perturbation theory for dual semigroups*.
 - I. *The sun-reflexive case*, Math. Ann. **277** (1987) 709-725.
 - II. *Time-dependent perturbations in the sun-reflexive case*, Proc. Royal Soc. Edinburgh **109 A** (1988) 145-172
 - III. *Nonlinear Lipschitz continuous perturbations in the sun-reflexive case*, Volterra Integro-Differential Equations in Banach Spaces and Applications, Pitman research Notes in Mathematics Series **190** (1989) 67-89.
 - IV. *The intertwining formula and the canonical pairing*, Semigroup Theory and Applications, Lecture Notes in Pure and Applied Mathematics **116** (1989) 95-116

Preface

The main aim of these notes is to sketch

- (i) a general modelling methodology for the dynamics of populations with internal, physiological structure based on the idea of interaction through the environment; several examples are presented to illustrate the key points of this approach
- (ii) a collection of (partly still immature) ideas about a general mathematical theory for the functional-partial differential equations which arise from such models; the proposed theory centers around duality; the goal is a qualitative theory for stability and bifurcation
- (iii) some techniques and tricks which one can try when dealing with nonlinear problems which at first sight look too complicated

Many of the ideas presented here were originated by Hans Metz and further developed in discussions with him. In addition I want to acknowledge the cooperation with Philippe Clément, Mats Gyllenberg, Henk Heijmans and Horst Thieme which has been most stimulating. It is a pleasure to thank Professor Wang Fu Jun for the invitation to give these lectures and Professor Jiang Furu for initiating my visit to China.

Amsterdam, June 10 1988

I. Ecological Motivation, General Model Structure and Examples

When investigating the biological world we can concentrate on different levels of organization. For instance, we can look at *individual organisms* and try to understand the ⁱ⁾*physiological processes* that are essential for their functioning, ⁱⁱ⁾their *behaviour* and ⁱⁱⁱ⁾other aspects of their *life history*. Or we can look at *populations* of such organisms and try to understand or even predict how *numbers* change in the course of time.

Of course these levels are strongly coupled. Taking into account relevant differences at the individual level enables the modeller to incorporate a detailed description of the influence of the environment (including other populations) on the basis of biological knowledge. As a concrete example one can think of a model to predict the consequences of toxic chemicals at the population level from data about the effects at the individual level.

Such models take the form of balance laws. The ingredients are models for birth, death and change at the individual level, the rest is bookkeeping.

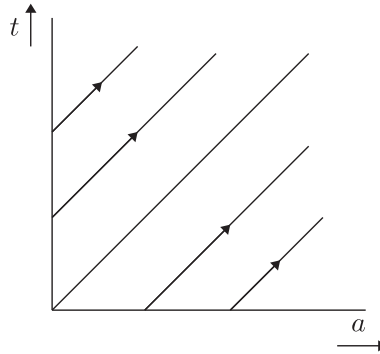
EXAMPLE 1. *Age dependent population dynamics.*

$$\begin{aligned} \frac{\partial n}{\partial t}(t, a) + \frac{\partial n}{\partial a}(t, a) &= -\mu(a)n(t, a) & t = \text{time} \\ n(t, 0) &= \int_0^\infty \beta(\alpha)n(t, \alpha) d\alpha & a = \text{age} \end{aligned}$$

Here $\mu(a)$ is the age-specific per capita death rate

$\beta(a)$ is the age-specific per capita birth rate

Age and time increase with the same speed therefore, in the absence of death, the ageing is a simple shift with uniform speed 1 in the (a, t) -plane. Newborns “enter” at the $a = 0$ axis and if we start at some time, say, $t = 0$, with a given population composition we have a boundary condition along the $t = 0$ axis.



The density n is such that $\int_{a_1}^{a_2} n(t, \alpha) d\alpha$ is the number of individuals at time t with age between a_1 and a_2 . Note that $\frac{\partial n}{\partial a}$ describes the ageing but that we have differentiability only along the characteristics $t = a + \text{constant}$. One can think of infinitesimal cohorts (groups of individuals with identical properties) which travel along such characteristics. Their number diminishes due to death. At the $a = 0$ boundary new cohorts are formed at a rate $n(t, 0)$ which we require to be identical to the total offspring production $\int_0^\infty \beta(\alpha)n(t, \alpha) d\alpha$.

Of course μ and β may depend on environmental variables (which we denote by $E(t)$) which themselves change in time and so are time dependent, but we have not yet incorporated this in our notation. \square

EXAMPLE 2. *Size dependent population dynamics.*

Let x denote size. Assume that all individuals are born with the same size x_b . Let $g = g(x, S)$ be the growth rate of individuals with size x when the substrate concentration is $S(t)$ (think for instance of filter feeders like Daphnia and let S denote the algae concentration in the water), i.e.

$$\frac{dx}{dt} = g(x, S)$$

Then

$$\begin{aligned} \frac{\partial n}{\partial t}(t, x) + \frac{\partial}{\partial x}(g(x, S)n(t, x)) &= -\mu(x, S)n(t, x) \\ g(x_b, S)n(t, x_b) &= \int_{x_b}^{\infty} \beta(\xi, S)n(t, \xi) d\xi \end{aligned}$$

Note that we have to take the x -derivative of the flux, which is the velocity g times the density n . And likewise at the $x = x_b$ boundary the flux is prescribed and not the density itself (in the case of example 1 this is irrelevant since $\frac{da}{dt} = 1$).

From a biological point of view the modelling still has to start: one has to specify how μ , β and g depend on x and S .

We obtain a nonlinear model if we close the feedback loop by adding an equation for S in which the consumption of algae by the Daphnia is incorporated:

$$\frac{dS}{dt} = h(S) - \int_{x_b}^{\infty} \gamma(\xi, S)n(\cdot, \xi) d\xi$$

where h describes the dynamics of the algae in the absence of Daphnia and γ is the per capita consumption rate which is size specific and which depends on the current algae concentration S .

So nonlinear models arise from linear ones with environmental input by feedback to the environment. \square

EXAMPLE 3. *Multiplication by division.*

So far the reproduction process is described by a boundary term. Consider now a cell population with size structure and assume that a mother cell divides into two exactly equal daughter cells. Then

$$\frac{\partial n}{\partial t}(t, x) + \frac{\partial}{\partial x}(g(x)n(t, x)) = -\beta(x)n(t, x) + 4\beta(2x)n(t, 2x)$$

where we have ignored death and substrate dependence. Why is the factor for the term describing the reappearance of *two* daughters *four* and not two? \square

EXAMPLE 4. *Size and age dependent population dynamics.*

Combining the examples 1 and 2 we obtain

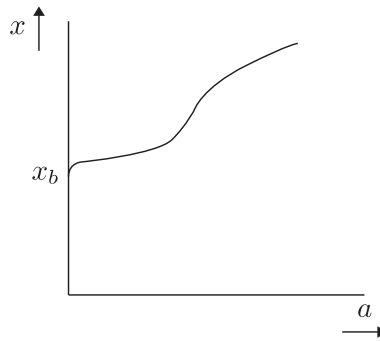
$$\begin{aligned} \frac{\partial n}{\partial t}(t, a, x) + \frac{\partial n}{\partial a}(t, a, x) + \frac{\partial}{\partial x}(g(x, S)n(t, a, x)) &= -\mu(a, x, S)n(t, a, x) \\ n(t, 0, x) &= \int_0^{\infty} \int_0^{\infty} \beta(S, x, \alpha, \xi)n(t, \alpha, \xi) d\alpha d\xi \end{aligned}$$

where we have now allowed for a variable birth size x .

If we want a fixed birth size we change the boundary condition into

$$n(t, 0, x) = \delta(x - x_b) \int_0^{\infty} \int_0^{\infty} \tilde{\beta}(S, \alpha, \xi)n(t, \alpha, \xi) d\alpha d\xi$$

where $\delta(\cdot - x_b)$ is the point measure concentrated in x_b . Note that in that case all newborn cohorts travel along a line (implicitly determined by g and S) in the x, a plane and that, consequently, the n is not a smeared out density but in fact a measure concentrated on a line. So we have to be careful in our choice of a population state space for n and in our interpretation of the partial differential equation. \square



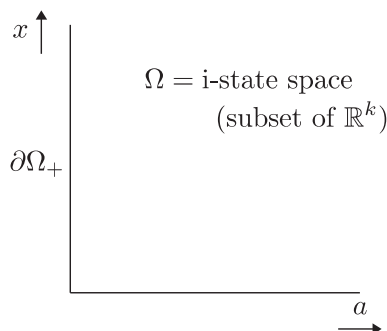
The following is a general *recipe* for the formulation of a structured population model:

- (i) Distinguish individuals from one another according to relevant variables. That is, choose finitely many *i-state* variables (i- for individual) which, by assumption, contain sufficient information about the past of an individual to fix its future (given the environmental conditions) as far as it concerns population dynamically relevant events. Examples: age, size.
- (ii) Genuine modelling: specify and describe (mathematically) the processes which change the i-state and those which lead to the creation or destruction of individuals. The smooth “change” processes describe the trajectories of individuals in the i-state space and we usually assume that these are deterministic (i.e. identical for all individuals with a given i-state) and described by an ordinary differential equation. Examples: ageing, growth. The “creation-destruction” processes are usually stochastic (some die some don’t) but we will always assume that numbers are so large that we can describe these chance processes in terms of rates. Examples: fission, removal from a chemostat by overflow.
- (iii) Introduce a density function $n = n(t, y)$ (or a measure) , $t =$ time, $y =$ i-state, to describe the p-state (p- for population) and do the necessary bookkeeping to derive how the i-processes are expressed at the p-level. So $\int_{\omega} n(t, y) dy =$ number of individuals at time t with i-state in ω , where ω is any (measurable) subset of the i-state space. This bookkeeping is only possible at an infinitesimal basis and the result is a (partial-functional) differential equation. The coefficients in this equation stem from the models for death, birth and change at the individual level, but the solution pertains to the population level.
- (iv) The influence of environmental variables has to be incorporated in the i-submodels for birth, death and change (growth). Some environmental variables (like substrate) are in turn influenced by the population (through consumption) and in that case one has to specify the E dynamics.

The *general form* of the p-balance law is:

$$\frac{\partial n}{\partial t}(t, y) + \nabla \cdot v(y, E)n(t, y) = -\mu(y, E)n(t, y)$$

$$\nu \cdot v(y, E)n(t, y)|_{\partial\Omega_+} = \int \beta(y, E)n(t, y)$$



where μ is the per capita death rate, β the per capita birth rate (β also specifies the distribution of the offspring over possible birth states) and v is the velocity i.e.

$$\frac{dy}{dt} = v \quad \text{for individuals}$$

So vn is the flux. The part of the boundary where the vector v points into the i -state space Ω is denoted by $\partial\Omega_+$ and ν denotes the *inward* unit normal at the boundary. $\nabla \cdot vn$ is the divergence of the flux i.e.

$$\nabla \cdot vn = \sum_{i=1}^n \frac{\partial}{\partial y_i} v_i n \quad (\text{if } \Omega \subset \mathbb{R}^k).$$

This form is general only in so far as birth occurs at the boundary only. As example 3 shows one may in fact have a source term in the interior of Ω as well.

To indicate how one can derive this form we neglect death and take some subset ω of the interior of Ω . Then conservation of individuals requires that

$$\frac{d}{dt} \int_{\omega} n \, dy + \int_{\partial\omega} \nu \cdot \phi \, d\sigma = 0$$

where ν now denotes the *outward* unit normal and $\phi(t, y, E)$ the flux. By the divergence (or Gauss) theorem we have

$$\frac{d}{dt} \int_{\omega} n \, dy + \int_{\omega} \nabla \cdot \phi \, dy = 0$$

and because ω is arbitrary $\frac{\partial n}{\partial t} + \nabla \cdot \phi = 0$. If $\phi = vn$ (i.e. if change is purely deterministic) we obtain the equation (with $\mu = 0$).

One may call this the Euler derivation.

Alternatively one may use a Lagrangian approach and follow the individuals along their paths in i -state space. This requires much more work, but the work is actually useful as a preparation for solving the equation by the method of characteristics. See M&D p. 95,96.

So far we have concentrated on the so-called (Kolmogorov) forward equation. Alternatively we may use the backward equation, which is derived as follows.

Let $n(t, t_0, \delta_{y_0}, dy)$ be the solution of the forward problem corresponding to the condition that at t_0 the population consists of a single individual with state y_0 (so the initial state is δ_{y_0} , the unit measure concentrated in y_0 , and for each t the solution is a measure, which we express in our notation by writing dy). Let ϕ be some continuous function on Ω . Then

$$\int_{\Omega} \phi(y) n(t, t_0, \delta_{y_0}, dy)$$

is the clan mean of ϕ when starting at t_0 with one individual y_0 . Let, by definition, $m(t_0, t, \phi, y_0)$ be such that

$$\int_{\Omega} m(t_0, t, \phi, y) \delta(y - y_0) dy = \int_{\Omega} \phi(y) n(t, t_0, \delta_{y_0}, dy)$$

The interpretation implies that (suppress ϕ in the notation)

$$\begin{aligned} m(t_0, t, y_0) &= (1 - \mu(y_0, E(t_0))dt_0)m(t_0 + dt_0, t, y_0 + v(y_0, E(t_0))dt_0) \\ &\quad + dt_0 \int_{\Omega} m(t_0, t, \eta) \beta(d\eta, y_0, E(t_0)) + o(dt_0) \end{aligned}$$

since the probability that the individual does not die between t_0 and $t_0 + dt_0$ is $(1 - \mu(y_0, E(t_0))dt_0) + o(dt_0)$ and, when surviving, the individual has state $y_0 + v(y_0, E(t_0))dt_0 + o(dt_0)$ at time $t_0 + dt_0$; moreover it has spawned offspring at η with probability $\beta(d\eta, y_0, t_0)dt_0 + o(dt_0)$ and this offspring starts its own clan.

Taking the limit $dt_0 \rightarrow 0$ we arrive at the (suppress t in the notation) *backward equation*

$$\begin{aligned} \frac{\partial m}{\partial t_0}(t_0, y_0) + v(y_0, E(t_0)) \cdot \nabla_{y_0} m(t_0, y_0) \\ = \mu(y_0, E(t_0))m(t_0, y_0) - \int_{\Omega} m(t_0, \eta) \beta(d\eta, y_0, E(t_0)) \end{aligned}$$

with ‘final’ condition

$$m(t, y_0) = \phi(y_0).$$

Remarks: (i) the evolution equation for m follows directly from the interpretation of m . (ii) Later on we shall verify that indeed the n -problem is the adjoint of the m -problem. (iii) our use of duality is based on our assumption that for given $E(t)$ the equations are linear; this requirement can help us when, in a given context, we want to specify what E is. (iv) we now indeed take β to be a measure in its first argument.

Example 1:

$$\frac{\partial m}{\partial t_0}(t_0, a_0) + \frac{\partial m}{\partial a_0}(t_0, a_0) = \mu(a_0)m(t_0, a_0) - \beta(a_0)m(t_0, 0)$$

Example 2:

$$\begin{aligned} \frac{\partial m}{\partial t_0}(t_0, x_0) + g(x_0, S(t_0)) \frac{\partial m}{\partial x_0}(t_0, x_0) &= \mu(x_0, S(t_0))m(t_0, x_0) \\ &\quad - \beta(x_0, S(t_0))m(t_0, x_b) \end{aligned}$$

Example 3:

$$\frac{\partial m}{\partial t_0} + g \frac{\partial m}{\partial x_0} = \beta(x_0)m(t_0, x_0) - 2\beta(x_0)m\left(t_0, \frac{x_0}{2}\right)$$

Example 4:

$$\begin{aligned} \frac{\partial m}{\partial t_0} + \frac{\partial m}{\partial a_0} + g \frac{\partial m}{\partial x_0} &= \mu m - \int_0^{\infty} m(t_0, 0, \xi_0) \beta(S(t_0), x_0, a_0, \xi_0) d\xi_0 \\ \text{resp. } \dots &= \mu m - m(t_0, 0, x_b) \tilde{\beta}(S(t_0), x_0, a_0) \end{aligned}$$

if every individual is born with size x_b .

EXAMPLE 5. *Cannibalism.*

The moral of this example is that one should think about the “environment” as the conditions encountered by the *individuals*. Consider intra-specific predation in an age-structured population. We can describe this by writing for the death rate

$$\mu(t, a) = \nu(a) + C(a)k(t)$$

where

- $\nu(a)$ is the age-specific “natural” death rate
- $C(a)$ is the attack rate as a function of the age of the victim
- $k(t)$ is the effective number of cannibals

So k describes the environment as far as intra-specific predation is concerned. How does k relate to n ? We put

$$k(t) = \int_0^{\infty} K(a)n(t, a) da$$

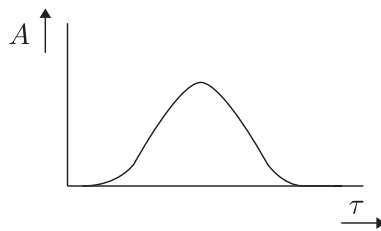
where $K(a)$ is a dimensionless age-specific index of cannibalistic activity.

More complicated versions, in which the attack rate depends on the combination of the age (or size) of the aggressor and the victim, can be formulated. \square

EXAMPLE 6. *Epidemic Spread.*

Let $S(t)$ denote the density of susceptibles with respect to some infectious disease. Let $A(\tau)$ be the mean infectivity of an individual which was infected τ time units ago. The infectives are “structured” in terms of this class-age variable τ . One has

$$\begin{aligned} \frac{\partial i}{\partial t} + \frac{\partial i}{\partial \tau} &= 0 \\ i(t, 0) &= S(t) \int_0^{\infty} A(\sigma)i(t, \sigma) d\sigma \end{aligned}$$



where we have assumed mass-action kinetics to describe the infection mechanism. (So for the infectives S is the “environment”)

If we assume that the population is demographically closed and the disease conveys ever lasting immunity then

$$\frac{dS}{dt}(t) = -S(t) \int_0^{\infty} A(\sigma)i(t, \sigma) d\sigma$$

To describe the spatial spread in a two-dimensional field of host plants we may modify the S equation as follows:

$$\frac{\partial S}{\partial t}(t, x) = -S(t, x) \int_0^{\infty} \int_{\mathbb{R}^2} A(\sigma, x, y)i(t, \sigma, y) dy d\sigma$$

where now A describes the infectivity as a function of time σ elapsed since infection, position x of plant that is susceptible and position y of infectious plant. A usual assumption is

$$A(\tau, x, y) = H(\tau)V(|x - y|)$$

$$\text{Likewise we take } i(t, 0, x) = S(t, x) \int_0^{\infty} \int_{\mathbb{R}^2} A(\sigma, x, y)i(t, \sigma, y) dy d\sigma$$

but don't change the $\frac{\partial i}{\partial t} + \frac{\partial i}{\partial \tau} = 0$ equation since plants don't move. So the geographical interaction is in the infection step only (think of air-borne spores). \square

EXAMPLE 7. *prey-predator-patch models.*

The moral of this example is that “individual” should not be interpreted very narrowly.

If the interaction of phytophages and their natural enemies takes place in an ensemble of local patches of host plants one can consider the local colonies as “individuals” and characterize these by such quantities as the leaf area, the number of phytophages and the number of predators. Such “individuals” will beget offspring since phytophages disperse and found new colonies and likewise predators disperse to invade other phytophage colonies. Such “individuals” change since local densities change in the course of time according to plant-prey-predator interaction equations.

One such model takes the following form:

$$\begin{aligned} \frac{\partial n}{\partial t}(t, x) + \frac{\partial}{\partial x}(v(x)n(t, x)) &= -\eta(x)Q(t)n(t, x) \\ \frac{\partial m}{\partial t}(t, x, y) + \frac{\partial}{\partial x}(g(x, y)m(t, x, y)) + \frac{\partial}{\partial y}(h(x, y)m(t, x, y)) &= 0 \end{aligned}$$

Here n is the density of phytophage-patches of size x and m the density of predator-phytophage-patches of size x (phytophages), y (predators). The growth rate of the phytophage colony is v and the interaction is described by a prey-predator system

$$\begin{aligned} \frac{dx}{dt} &= g(x, y) \\ \frac{dy}{dt} &= h(x, y) \end{aligned}$$

The ‘vulnerability’ η describes how attractive (or, conspicuous) a phytophage patch of size x is and $Q(t)$ is the density of potentially invading predators (an environmental variable about which we shall be more specific below).

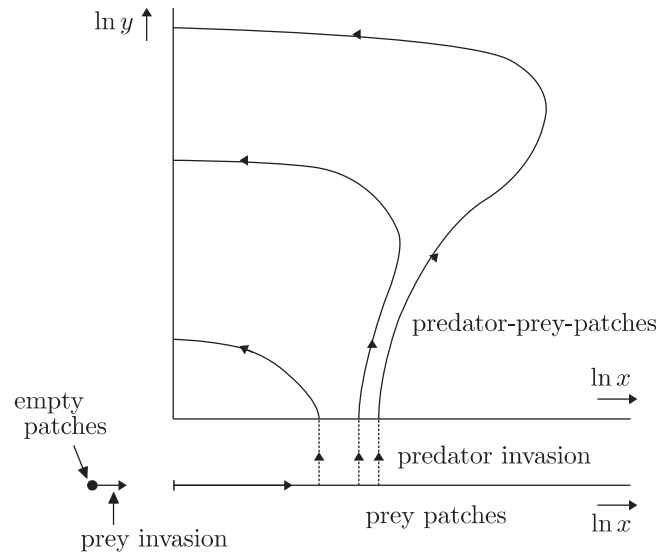
The boundary conditions are:

- 1) $v(1)n(t, 1) = \zeta n_0(t)P(t)$ where $P(t)$ is the analogue of Q but now for phytophages and $n_0(t)$ is the density of suitable “empty” patches and, finally ζ is a reaction coefficient.
- 2) $h(x, 1)m(t, x, 1) = \eta(x)Q(t)n(t, x)$

At this stage the environment is characterized by n_0 , P and Q . For these we assume

$$\begin{aligned} \frac{dn_0}{dt} &= f(n_0) - \zeta n_0 P \\ \frac{dP}{dt} &= \int_1^\infty \pi(x, 0)n(t, x) dx + \int_0^\infty \int_1^\infty \pi(x, y)m(t, x, y) dy dx - \mu P \\ \frac{dQ}{dt} &= - \int_1^\infty yg(0, y)m(t, 0, y) dy - \nu Q \end{aligned}$$

where π denotes the rate at which phytophages disperse from a patch. Here we have assumed that the predators drive their prey locally to extinction and thereafter go into the air (which gives a rate $\int_1^\infty yg(0, y)m(t, 0, y) dy$). \square



解題

1988年7月、Odo Diekmann（現ユトレヒト大名誉教授）は、招かれて上海の華東師範大学で構造化個体群ダイナミクスに関する集中講義をおこなった。筆者はその直後からライデンに滞在して、Diekmannの下で博士研究をおこなった。当時の手書き講義ノートは、筆者がライデンより持ち帰り、長く保管していたが、5年ほど前に当時筆者の研究室の院生であった齋藤涼平氏によって TeX 原稿にタイプされた。Diekmann, Metz, Gyllenberg, Thieme 等による構造化個体群ダイナミクスの数学的研究は過去 40 年以上にわたって、大きく進歩してきており、その思想も変化してきている。しかし、本稿からその初期の発想と清新の気風を知ること無駄ではないと思い、講義ノートを公開することとして、Diekmann 教授の了解を得た。ニュースレター編集部の佐藤さんと相談の上、3 回にわけて連載することとした。会員の皆様楽しんでいただけたら幸いである。

【第3回 数理生物研究 × 計算機】

ネットワーク生成とネットワーク上のダイナミクス

一ノ瀬元喜*, 宮川大樹†

1. はじめに

第3回目は、ネットワークの生成とネットワーク上のダイナミクスを取り上げます。ネットワーク分析のPythonライブラリとしてNetworkXが広く使われています。まずは、NetworkXの簡単な使い方について様々なネットワークを作成し、それを可視化しながら説明します。次に、EoN (Epidemics on Networks) というPythonパッケージを用いて、ネットワーク上の感染症伝播シミュレーションのプログラムを作成します。EoNには、ネットワーク上で感染症伝播シミュレーションを実行する様々な関数が用意されています。EoNの関数の引数としてNetworkXで生成されたネットワークを渡すようになっており、ネットワークの種類を変えることも容易です。

今回紹介する全てのプログラムのソースコードは、過去2回と同様にGitHub (<https://github.com/igenki/biomathNL>) [1] に置いてあります。ファイルのダウンロード方法は第1回、第2回で説明しましたので必要に応じてご参照ください。

2. NetworkX

NetworkX[2]は、ネットワーク分析のためのPythonパッケージです。ネットワークの生成・操作・分析などが行なえます。まずは、いくつかのネットワーク¹⁾を作成し、それを可視化することでNetworkXの簡単な使い方を学んでいきたいと思います。

2.1 ネットワークの生成と操作

GitHubからダウンロードしたNetworkX.ipynbファイルをJupyterで開いてください。図1のコードが表示されます。このセルをShift+Enterで実行しましょう。その結果、図1の下の様なネットワークの情報と図2の様なネットワークがJupyter上に出力されます。

コードの説明を順にしていきます。2行目でJupyter内で画像を表示できるように設定しています。4行目でNetworkXを読み込み、nxという名前で使えるよ

```
In [1]: # Jupyter上で画像表示のため必要
%matplotlib inline
# NetworkXをインポート
import networkx as nx

# ネットワーク生成
G = nx.Graph([(1, 2), (2, 3), (3, 1)])
nx.draw(G, with_labels=True, node_size=600) # ラベルをTrueにして番号の可視化
print(nx.info(G))

Name:
Type: Graph
Number of nodes: 3
Number of edges: 3
Average degree: 2.0000
```

図1 NetworkX 最初の一步

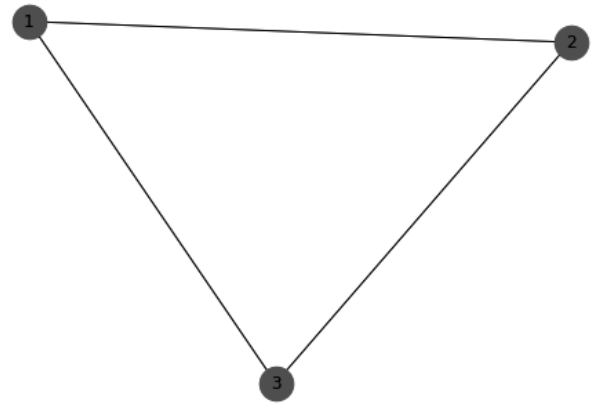


図2 最初のネットワーク

うにします。7行目がネットワーク生成の部分です。nx.Graph()とすると空のネットワークを作れますが、7行目のようにノードのペアをタプル(丸括弧の部分)の形式で与えるとそのペアのノード²⁾の間にリンク³⁾が張られます。したがって、7行目のコードではノード1と2のペアの間、2と3のペアの間、3と1のペアの間にそれぞれリンクが張られることになります。このようにして生成したネットワーク(のオブジェクト)をGという名前で保存しています。8行目がネットワークの描画部分です。drawという関数にさきほど生成したGを渡すことでGを描画しています(図2)。引数のオプションで、with_labels=Trueを指定して、ノード番号がノード上に出力されるようにしています。node_size=600にして、ノードの大きさを大き

*静岡大学学術院工学領域

†静岡大学大学院

1) グラフとも呼ばれます。ここではネットワークという呼び方で統一します。

2) 点や頂点などとも言う。ここではノードという呼び方で統一します。

3) 辺や枝などとも言う。ここではリンクという呼び方で統一します。

くして見やすくしています。今回は分かりやすくするためにつけていますが、これらはグラフ描画にあたって本質的なところではないので、オプションとして指定せず、`nx.draw(G)`だけでも問題ありません。最後の行でネットワークの基本的な情報を`nx.info(G)`を`print`することで出力しています。ノードの数 (Number of nodes), リンクの数 (Number of edges), 平均次数 (Average degree) などが図1下に出力されています。今回はノードが3つあり、リンクも3本あるので、そのように表示されています。次数とは、ノードにつながっているリンクの数です。今回は全てのノードが2本ずつのリンクとつながっているため、ネットワークの平均次数は2となります。

次は、このネットワークに対して、ノードやリンクの追加・削除を行ってみましょう。まずはノードの追加です。NetworkX.ipynbの図3のコード部分を実行してください。図4のようにネットワークが更新されます。図3の`G.add_node(4)`によって、4という名前のノードがネットワークGに追加されており、その下で`nx.draw()`にGを渡して再度描画しています。ノード4はリンクを持たないので、ネットワークが2つに分かれています。

```
In [2]: # ノードの追加
G.add_node(4)
nx.draw(G, with_labels=True, node_size=600)
```

図3 ノードの追加

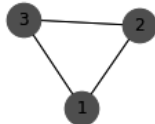


図4 ノードを追加したネットワーク

次は、リンクを追加してみます。図5を実行してください。図6のようにネットワークが更新されます。`G.add_edge(1, 4)`によって、ノード1と4の間にリンクが張られます。孤立していたノード4がノード1とつながったので、`nx.draw()`で描画すると全てがつながった1つのネットワークになりました。

次は、複数のノードやリンクの追加です。これらはリストの形式でそれぞれの関数に渡すことで実現できます。図7を実行してください。図8のように

```
In [3]: # リンクの追加
G.add_edge(1, 4)
nx.draw(G, with_labels=True, node_size=600)
```

図5 リンクの追加

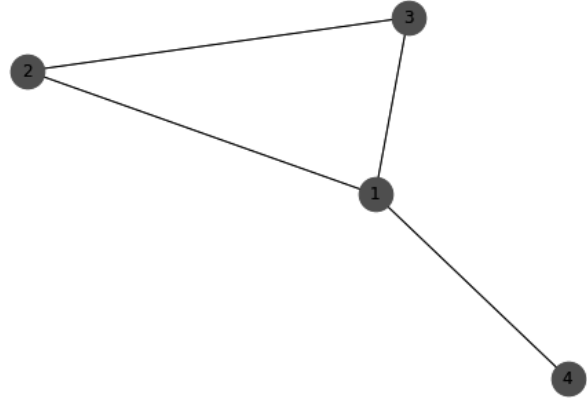


図6 リンクを追加したネットワーク

ネットワークが更新されます。ここではまず、`n`という名前で`[5, 6, 7]`という整数のリストを生成します。`G.add_nodes_from()`に`n`を渡すことで5, 6, 7という3つのノードが追加されます。次に、`e`という名前で`[(5,6), (3, 7), (4, 6)]`というタプルを要素として持つリストを生成します。これを`G.add_edges_from()`に渡すことで、ノード5と6の間、3と7の間、4と6の間にリンクが追加され、それらがつながります。

```
In [4]: # 複数ノードの追加
n = [5, 6, 7]
G.add_nodes_from(n)

# 複数リンクの追加
e = [(5, 6), (3, 7), (4, 6)]
G.add_edges_from(e)

nx.draw(G, with_labels=True, node_size=600)
```

図7 複数のノードとリンクの追加

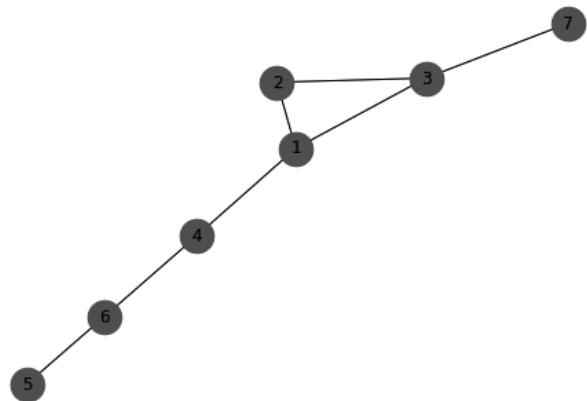


図8 複数のノードとリンクを追加したネットワーク

次は、ノードやリンクの削除です。図9を実行してください。図10のようにネットワークが更新されます。G.remove_node(4)により、ノード4が削除されます。これにより、ネットワークは再び2つに分断されます。さらにG.remove_edge(1, 2)により、ノード1と2をつないでいたリンクが削除されます。

```
In [5]: # ノードの削除
G.remove_node(4)

# リンクの削除
G.remove_edge(1, 2)

nx.draw(G, with_labels=True, node_size=600)
```

図9 ノードとリンクの削除

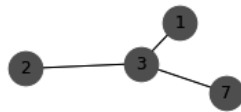


図10 ノードとリンクの削除したネットワーク

最後に、複数のノードやリンクの削除です。図11を実行してください。図12のようにネットワークが更新されます。ここではG.remove_nodes_from([5, 6])でノード5と6をまとめて削除しています。さらにG.remove_edges_from([(1,3), (3,7)])によって、ノード1と3の間、3と7の間のリンクを2つまとめて削除しています。

```
In [6]: # 複数ノードの削除
G.remove_nodes_from([5, 6])

# 複数リンクの削除
G.remove_edges_from([(1, 3), (3, 7)])

nx.draw(G, with_labels=True, node_size=600)
```

図11 複数のノードとリンクの削除

2.2 モデルからのネットワークの生成

上記では、ネットワークを一から作ってみました。NetworkXにはネットワークモデルを1行で生成できる様々な組み込み関数が用意されています。ここではErdős-Rényiのランダムネットワーク、Watts-Strogatzのsmall-worldネットワーク、Barabási-Albertモデルのスケールフリーネットワークの3つを生成し、



図12 複数のノードとリンクを削除したネットワーク

またいくつかのネットワークの特徴量も出力させたいと思います。新たにNetworkModels.ipynbファイルをGitHubからダウンロードし、Jupyterで開いてください。図13のコードが表示されます。

まずは、Erdős-Rényiのランダムネットワークからです。このネットワークは $G(n,p)$ で規定されます。 n はノード数で、 p はノードの各ペアにリンクが張られる確率です。 nC_2 通りのペアの数がありますが、それぞれのペアに対して確率 p でリンクを張ります。図13のコードをShift+Enterで実行してください。図13下のネットワークの情報と図14のようなネットワークが出てきます。

コードではまず、 n と p のパラメータを与えます。ここでは、それぞれ $n=100$ 、 $p=0.05$ としています。ランダムネットワークの生成は、nx.erdos_renyi_graph(n , p)の1行でできます。次にこのネットワークをERという名前で保存しています。nx.info(ER)でネットワークの基本的な情報であるノード数、リンク数、平均次数を出力しています。 $n=100$ なのでノード数は100でいつも固定ですが、リンクを張るかどうかは確率 p で決まるので、リンク数と平均次数は実行のたびに結果が変わります。nx.average_shortest_path_length(ER)でこのネットワークの平均距離 L を求めることができます。距離は、2つのノード(ノードのペア)の間の最短経路の長さで定義されます。全てのペアに渡る平均をとったものが平均距離 L となります。nx.average_clustering(ER)によってこのネットワークのクラスタ係数 C を求めています。クラスタ係数はノードごとの量で、ノード i のクラスタ係数 C_i はノード i とつながっている2つのノード同士がつながっている割合です。 C_i を全てのノードに渡って平均をとったものが C となります。最後にnx.draw(ER)でこのネットワークを描画しています¹⁾。ここでは見やすいように、posにcircular_layout

¹⁾リンクを張る確率 p が小さい値の場合、ネットワークが分断される(非連結になる)ことが多々あります。この場合、 L は計算できなくなるので、エラーが出ます。

を指定して、ノードを円環状に配置しています。

```
In [1]: %matplotlib inline
import networkx as nx

n = 100 # ノード数
p = 0.05 # リンク接続確率

print('ER network')
ER = nx.erdos_renyi_graph(n, p)
print(nx.info(ER))
print('L=', nx.average_shortest_path_length(ER))
print('C=', nx.average_clustering(ER))
pos = nx.circular_layout(ER)
nx.draw(ER, pos)
```

ER network
Name:
Type: Graph
Number of nodes: 100
Number of edges: 235
Average degree: 4.7000
L= 3.1016161616161617
C= 0.05073015873015873

図 13 ER ランダムネットワークの生成とネットワークの特徴量

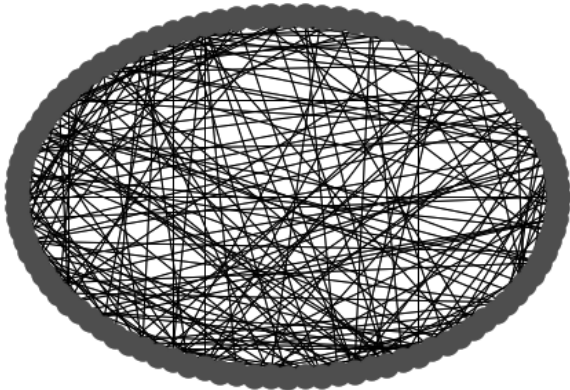


図 14 ER ランダムネットワーク

次は、Watts–Strogatz のスモールワールドネットワークを生成します。このネットワークは $G(n, k, p)$ で規定されます。 n はノード数で、 k は次数、 p はリンクを張り替える確率です。ノード n 個を円環状に配置します。各ノードから $k/2$ 個まで右隣に、残り $k/2$ 個まで左隣にリンクを張っていき、規則的なネットワークを生成します。その後、各リンクに対して確率 p でランダムにリンクを張り替える（片方の端点を切り離し、ランダムに選んだノードに接続する）とスモールワールドネットワークが生成されます。

図 15 のコードを Shift+Enter で実行してください。図 15 下のネットワークの情報と図 16 のようなネットワークが出てきます。まずは、 n, k, p のパラメータをそれぞれ、 $n=100, k=4, p=0.1$ と与えます。スモールワールドネットワークの生成は、 `nx.watts_strogatz_graph(n, k, p)` の 1 行でできます。このネットワークを WS とい

す。

う名前で保存しています。基本情報の出力と平均距離 L 、クラスタ係数 C もランダムネットワークの場合と同様に出力させています。最後に `nx.draw(WS)` でこのネットワークを描画しています。

```
In [2]: n = 100 # ノード数
k = 4 # 次数
p = 0.1 # リンク張り替え確率

print('WS network')
WS = nx.watts_strogatz_graph(n, k, p)
print(nx.info(WS))
print('L=', nx.average_shortest_path_length(WS))
print('C=', nx.average_clustering(WS))
pos = nx.circular_layout(WS)
nx.draw(WS, pos)
```

WS network
Name:
Type: Graph
Number of nodes: 100
Number of edges: 200
Average degree: 4.0000
L= 5.531515151515151
C= 0.4183333333333333

図 15 WS スモールワールドネットワークの生成とネットワークの特徴量

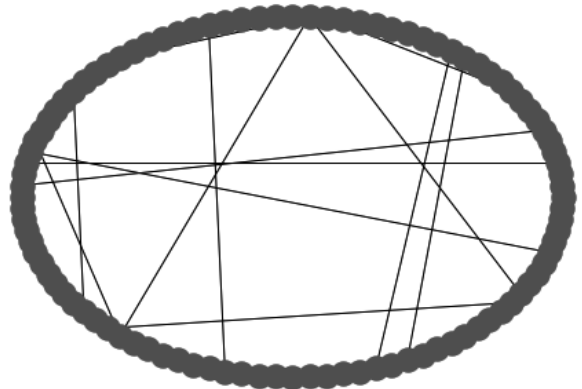


図 16 WS スモールワールドネットワーク

最後に、Barabási–Albert のスケールフリーネットワークを生成します。このネットワークは $G(n, m)$ で規定されます。ネットワークは m_0 個の連結した状態からスタートします¹⁾。 m 本のリンクを持つノードを 1 つずつネットワークに追加します。 m 本の新しいリンクは、それぞれ、既存のノードに対して、既存のノードの次数に比例した確率で接続します。したがって、次数が大きいノードがリンクを集めやすくなります。これを優先的選択と言います。ノードの追加をノード数が n になるまで繰り返します。こうしてできるネットワークがスケールフリーネットワークです。

図 17 のコードを Shift+Enter で実行してください。図 17 下のネットワークの情報と図 18 のようなネット

¹⁾ NetworkX の `nx.barabasi_albert_graph(n, m)` 関数では $m_0 = m$ と固定されていますが、 $m \leq m_0$ であれば異なっても構いません。

ワークが出てきます。 n と m のパラメータをそれぞれ、 $n=100, m=2$ で与えます。スケールフリーネットワークの生成は、 `nx.barabasi_albert_graph(n, m)` の1行でできます。このネットワークを BA という名前で保存しています。あとは上記の2つのネットワークと同じです。

```
In [3]: n = 100 # ノード数
        m = 2 # 新規ノード接続リンク数

        print('BA network')
        BA = nx.barabasi_albert_graph(n, m)
        print(nx.info(BA))
        print('L=', nx.average_shortest_path_length(BA))
        print('C=', nx.average_clustering(BA))
        pos = nx.circular_layout(BA)
        nx.draw(BA, pos)
```

```
BA network
Name:
Type: Graph
Number of nodes: 100
Number of edges: 196
Average degree: 3.9200
L= 2.907676767676768
C= 0.1756844495373907
```

図 17 BA スケールフリーネットワークの生成とネットワークの特徴量

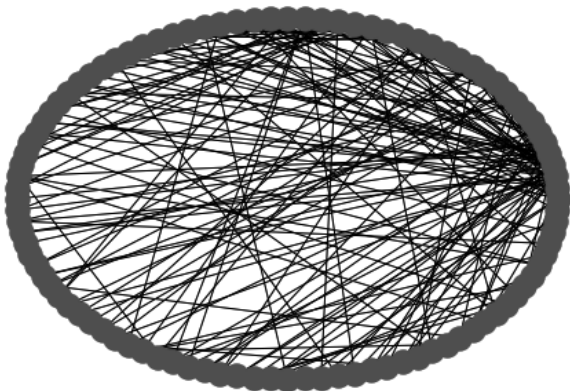


図 18 BA スケールフリーネットワーク

ここでは、ネットワークモデルからネットワークを生成した例を紹介しましたが、NetworkXではネットワークの形式で表現されたデータを読み込んで、ネットワークを生成することもできます。したがって、NetworkXは実際のデータからネットワークを生成・分析するような研究でも活用することができます。

3. ネットワーク上の感染症伝播シミュレーション

最後にネットワーク上のダイナミクスとして感染症伝播のシミュレーションを作成してみましょう。ネットワーク上で起こるダイナミクスのシミュレーションモデルの作成という元来複雑なプログラムになることが多いですが、Pythonではこれに特化したパッケー

ジが用意されています。今回は EoN (Epidemics on Networks) [3] というパッケージを利用します¹⁾。EoNで実装されているアルゴリズムはネットワーク上での数理疫学を豊富に取り扱った本 [5] で紹介されたものを基に設計されています。

3.1 EoN のインストール

Anaconda をインストールするだけで様々な Python のパッケージが自動的にインストールされますが、EoN パッケージはその対象外です。したがって、EoN は自分でインストールしなければなりません。Anaconda をインストールすると Anaconda Prompt や Anaconda Powershell Prompt が一緒にインストールされているはずですので、まずはどちらかを起動してください。次にそのプロンプト（端末）上で図 19 のように `pip install EoN` とだけ打って Enter キーを押せば必要なファイルが勝手にダウンロードされ、インストールも自動で完了し、EoN が使えるようになります²⁾。



図 19 Anaconda Prompt 上での EoN のインストール

3.2 EoN での感染症伝播シミュレーション

EoN の Web サイト [3] を見るとわかるように、EoN ではネットワーク上の感染症伝播に関する様々な関数が用意されています。シミュレーションだけでなく解析に使える関数も豊富です。ここでは、Gillespie_SIR() 関数を使って SIR のシミュレーションを実行してみます。この関数は文字通り、Gillespie アルゴリズムを用いて確率的な感染症伝播のシミュレーションを実装しています。まずは、この関数を実行して結果を見たあとで、内部で動いているアルゴリズムについても解説したいと思います。

EoN-sample.ipynb を GitHub からダウンロードして Jupyter で開くとリスト 1 のコードが書かれていると思いますので、Shift+Enter でそのセルを実行してみてください。図 20 のような S (未感染者)、 I (感染者)、 R (回復者) の個体数変化のグラフも表示されます。

¹⁾似たような（しかし別の）パッケージとして NDlib[4] というものもあります。

²⁾実は、Jupyter のセル中でも、冒頭に!をつけて!pip install EoN とすると OS コマンドが実行されて、EoN をインストールできます。

```

1 %matplotlib inline
2 import networkx as nx
3 import EoN # EoNのインポート
4 import matplotlib.pyplot as plt #
   Matplotlibのインポート
5
6 N = 10**5 # 個体数
7 G=nx.barabasi_albert_graph(N, 5) #
   BA ネットワークの作成
8
9 # 感染に関するパラメータ
10 gamma = 1.0
11 tau = 0.3
12 rho = 0.005
13
14 #
   Gillespie アルゴリズムによる SIR のシミュレーション
15 t, S, I, R = EoN.Gillespie_SIR(G, tau, gamma, rho
   = rho)
16
17 # 個体数変化のグラフ
18 plt.plot(t, S, label='S')
19 plt.plot(t, I, label='I')
20 plt.plot(t, R, label='R')
21 plt.xlabel('t')
22 plt.legend()

```

ソースコード 1 BA ネットワーク上の SIR のシミュレーション

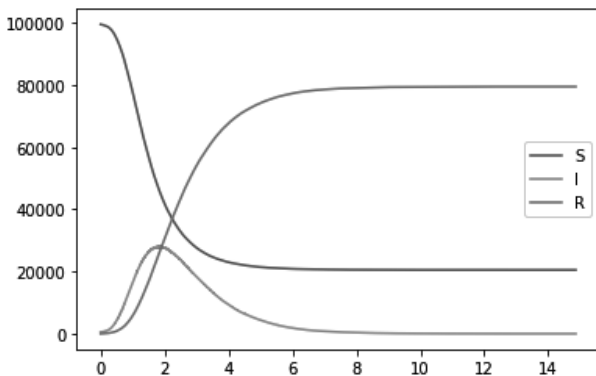


図 20 BA ネットワーク上の SIR のシミュレーション

プログラムについて説明していきます。3行目でEoNパッケージをインポートして使えるようにします。今回はグラフも作りますので4行目でMatplotlibをインポートしておきます。6行目で個体数 N を設定します。今回は $N = 10^5$ とします。7行目で感染が起こるネットワークをNetworkXにより生成しています。ここでは、上記で用いたBAスケールフリーネットワークを指定しています。スケールフリーネットワークのサイズには N を与え、もう一つのパラメータである新規ノードの接続リンク数 m には5を与えています。

次は感染に関するパラメータです。個体は S （未感染者）、 I （感染者）、 R （回復者）の3つの状態のいずれかをとりま

す。リンクあたりの回復率 γ で I は R に変化します。ここでは $\tau = 0.3, \gamma = 1$ にそれぞれ設定しています。 ρ は初期感染者の割合です。感染者はランダムに選びます。ここでは $\rho = 0.005$ なので、初期状態で $100000 \times 0.005 = 500$ 個体が感染していることとなります。

15行目がシミュレーションの本体部分です。この1行だけでGillespieアルゴリズムによるネットワーク上のSIRシミュレーションが実行され、結果を返してくれます（すごい！）。結果である時間 t と S, I, R の各個体数はリストとして返ってきます。Gillespie_SIR()関数の第1引数にはネットワーク G を渡し、それ以降の引数には感染に関するパラメータの τ, γ, ρ を渡します。 ρ ではランダムに選ばれた ρ の割合の個体が初期感染しますが、 ρ の代わりに、initial_infectedsというオプションによりノードを渡すことで初期感染させる個体（ノード）を指定することもできます。

18-22行目が個体数変化のグラフを作成している部分です。 t, S, I, R はリストとして返ってきていますので、 t を横軸の値、その他をそれぞれ縦軸の値としてplot()関数に渡せばグラフを描画してくれます。

今度は、ネットワークをERネットワークに変えてシミュレーションをやってみましょう。コードはリスト2のようになり、図21のようなグラフが表示されます。EoN-sample.ipynbに書かれていますので、Shift+Enterで実行してみてください（ネットワークの生成に多少計算時間がかかるので、ここでは6行目の個体数を 10^5 から 10^4 に減らしています）。BAネットワークのコード（リスト1）と比較して、異なるのは7行目の1行だけです。7行目の右辺をerdos_renyi_graph()関数に変更するだけでERネットワーク上のSIRシミュレーションが実行できます。その関数に渡すリンク接続確率 p は0.1にしています。

```

1 %matplotlib inline
2 import networkx as nx
3 import EoN # EoNのインポート
4 import matplotlib.pyplot as plt #
   Matplotlibのインポート
5
6 N = 10**4 # 個体数
7 G=nx.erdos_renyi_graph(N, 0.1) #
   ER ネットワークの作成
8
9 # 感染に関するパラメータ
10 gamma = 1.0
11 tau = 0.3
12 rho = 0.005
13
14 #
   Gillespie アルゴリズムによる SIR のシミュレーション実行
15 t, S, I, R = EoN.Gillespie_SIR(G, tau, gamma, rho
   = rho)
16

```

```

17 # 個体数変化のグラフ
18 plt.plot(t, S, label='S')
19 plt.plot(t, I, label='I')
20 plt.plot(t, R, label='R')
21 plt.xlabel('t')
22 plt.legend()

```

ソースコード 2 ER ネットワーク上の SIR のシミュレーション

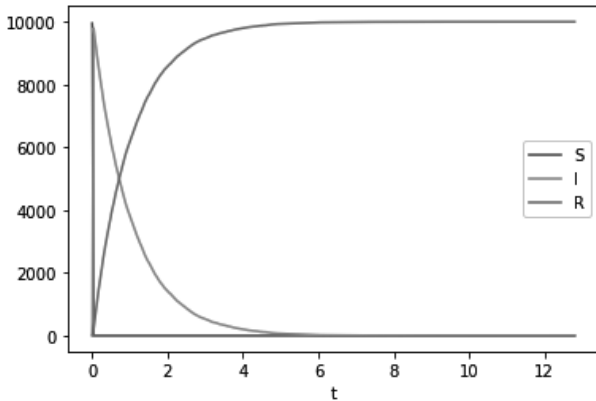


図 21 ER ネットワーク上の SIR のシミュレーション

このように EoN に渡すネットワーク G を変更するだけで、様々なネットワーク上の感染症伝播のシミュレーションが作成できます。

3.3 Gillespie アルゴリズム

Gillespie アルゴリズムによる確率的な感染症伝播のシミュレーションが EoN の関数を呼び出すだけで実行できてしまいました。アルゴリズムの中身がわからないと物足りなく感じる人もいるかもしれませんが、実際の Gillespie.SIR() 関数のソースコードに沿ってこのアルゴリズムを簡単に解説したいと思います¹⁾。Gillespie アルゴリズムでは、まずイベント（事象）を考えます。今回の場合のイベントは S が感染して I に変化することと I が回復して R に変化することの 2 つです。

アルゴリズムの最初のステップは、次のイベントが起こるまでの待ち時間 t_{next} を決めることです。以下のようにします。イベントの起こる率を r_u で表しましょう。ここで、 $u = 1, 2, 3, \dots, N$ はノードです。状態 S のノードの感染率は、そのノードが持つ感染した近傍の個体数に依存します。例えば、状態 S のノード 1 が近傍に 1 個体の感染ノードを持っていれば、 $r_1 = \tau$ です。状態 S のノード 2 が近傍に 2 個体の感染ノードを持っていれば、 $r_2 = 2\tau$ です。状態 S のノード 3 の近傍に感

染個体がいなければ、 $r_3 = 0$ です。一方で、状態 I のノードの回復率は近傍の状況に関係なく、回復率 γ だけで決まります。例えば、状態 I のノード 5 の $r_5 = \gamma$ であり、状態 I のノード N もまた $r_N = \gamma$ です。このようにして全ての r_u が決まり、全てのノードの状態遷移率 $T = \sum_{u=1}^N r_u$ が計算されます。次のイベントが起こるまでの待ち時間 t_{next} は T を用いた指数乱数によって、 $t_{\text{next}} = \frac{1}{T} \log\left(\frac{1}{1-\text{rnd}}\right)$ と決まります²⁾。rnd は一様乱数です。

t_{next} が決まったら、次のステップでは、起こるイベントを 1 つ選択します。それぞれの率に比例した確率でイベントは起こります。回復は I のノードに対して等しく起こるので、回復のイベントが起こる確率は $\gamma[I]/T$ となります。ここで、 $[I]$ は状態 I のノード数です。回復のイベントが選ばれたら、 I のノードをランダムに 1 つ選び、そのノードを回復させます。回復が起こらなかったら、感染を実行するノードをその率に応じて 1 つ選びます。感染は、そのノードが持つ感染した近傍の個体数に依存しますので、それに比例した確率でノード S を選び、感染させることに注意が必要です。

ノードの状態が更新されたことによって、全体の率が変わるので、これを更新します。これらのステップを繰り返して I の個体数が 0 になったらプログラムが終了します (Gillespie.SIR() 関数のオプションに t_{max} の値を設定して、その時間で終了させることもできます)。以上が Gillespie アルゴリズムでの SIR のシミュレーションとなります。

3.4 EoN の他の関数

EoN には、SIR だけではなくネットワーク上の感染症伝播のための様々な関数が豊富に用意されています。例えば、Gillespie.SIS() 関数を用いれば、Gillespie アルゴリズムに基づく SIS のシミュレーションを簡単に実行することができます。また同じ SIR でも Gillespie.SIS() よりも実行速度が速い fast.SIR() 関数を用意されています。さらには、EoN には、シミュレーションだけでなく解析用のツールも豊富にあり、SIR_homogeneous_meanfield() や SIR_heterogeneous_meanfield() 関数を用いればシミュレーションの結果を平均場近似の結果と比較することもできます。EoN のトップページ [3] に使える関数のリストと簡単な説明が載っていますので、必要に応じて詳しく読んでみると良いでしょう。

¹⁾EoN の各関数の Web ページには、ソースへのリンクがついており、中身を確認することができます。Gillespie.SIR() 関数のソースコードは https://epidemicsonnetworks.readthedocs.io/en/latest/_modules/EoN/simulation.html#Gillespie.SIR で見れます。

²⁾実際のソースコードでは、random.expovariate() 関数に T を渡すことで、指数乱数を発生させて t_{next} を決めています。

4. おわりに

今回はネットワークの作成とネットワーク上の感染ダイナミクスをPythonで実装してみました。基本的なネットワークの生成と操作，モデルからのネットワークの生成はNetworkXを使って行いました。次にEoNパッケージを用いてネットワーク上の感染症伝播のシミュレーションをSIRモデルを題材に示してみました。EoNの入力として渡すネットワークは手軽に変えることができるので，様々なネットワーク上の感染症のシミュレーションを実行することができます。最後にEoNで実装されているGillespieアルゴリズムの解説も行いました。

ネットワークの用語や理論に関しては，増田先生と今野先生の本 [6] を参考にさせていただきました。NetworkXのプログラミングについては村田先生の本 [7] を参考にさせていただきました。ネットワーク科学のより深い理論やプログラミングについては，これらの本で学びを深めることができます。

以上で今回は終わりです。また次回の記事でお会いしましょう！

謝辞

以下の方々（敬称略）は，本記事に目を通してくださったり，大変有益なコメントを下さいました。心より感謝いたします。

伊東啓（長崎大学），佐山弘樹（ビンガムトン大学），鈴木麗璽（名古屋大学），野下浩司（九州大学），間宮安曇（静岡大学）

以下の編集委員の方々にも本記事をチェックしていただきました。ありがとうございました。

佐藤一憲（静岡大学），宮崎倫子（静岡大学），守田智（静岡大学）

参考文献

- [1] ニュースレター用のGitHub. <https://github.com/igenki/biomathNL>.
- [2] NetworkX. <https://networkx.org/>, Accessed 8 January 2021.
- [3] EoN module. <https://epidemicsonnetworks.readthedocs.io/en/latest/EoN.html>, Accessed 12 January 2021.
- [4] NDlib - Network Diffusion Library. <https://ndlib.readthedocs.io/en/latest/>, Accessed 12 January 2021.
- [5] I. Z. Kiss, J. C. Miller, and P. L. Simon. *Mathematics of Epidemics on Networks: From Exact to Approximate Models*. Springer, 2017.
- [6] 増田直紀, 今野紀雄. 複雑ネットワーク：基礎から応用まで. 近代科学社, 2010.
- [7] 村田剛志. Pythonで学ぶネットワーク分析: Colaboratory と NetworkX を使った実践入門. オーム社, 2019.

原稿募集のお知らせ

【卒論・修論・博論 内容要約文（短文）】

卒論、修論、博論の内容要約文（短文）をお送りください。次号ニュースレター94号（2021年5月発行号）に掲載を予定しております。

- 字数：数百字程度（例年は200字から300字程度のものが多いです。）
- 書式：タイトル部分に、卒業論文・修士論文・博士論文の別、論文題目、著者名、所属名の記載をお願いします。
- ファイル形式：テキスト、Word、 \TeX 等
- 締め切り：2021年4月10日

【卒論・修論・博論要旨（長文）】

卒論・修論・博論の要旨（長文）を募集します。卒論・修論・博論の内容をもう少し詳しく紹介したい方は是非こちらの原稿も投稿してください。次号ニュースレター94号（2021年5月発行号）のSupplement(pdf版)として学会webページに掲載します。

- 分量（目安）：卒論・A4で1ページ程度、修論と博論・A4で2ページ程度
- 書式：タイトル部分に卒業論文・修士論文・博士論文の別、論文題目、著者名、所属名の記載をお願いします。1段組でも2段組でもかまいません。

図表や写真も可です（解像度を適切に調整するなどしてファイルサイズが不必要に大きくなりすぎないようにしてください）。

- ファイル形式：pdf
- 備考：戴いたPDFファイルをそのままとめます。
- 締め切り：2021年4月10日

【数理の小ネタ】

- 分量：概ね1~2ページ程度（文字だけの場合2000字で1ページ）。長くなってしまっても問題ありません。
 - 書式：特になし
 - 内容：数理生物学に関係するモデルの紹介、そのモデル作成者の紹介やモデルができるに至った経緯等。その他こぼれ話大歓迎。
 - ファイル形式：テキスト、Word、 \TeX 等
 - 備考：投稿が多かった場合には掲載時期を調整させていただきます場合があります。
 - 締め切り：原稿は随時受け付けております。（次号94号2021年5月発行号に掲載する場合は2021年4月10日、次々号95号9月発行号に掲載する場合は8月10日）
 - お願い：モデルに思い入れがありそうな方には、編集委員から執筆のお願いがあるかもしれません。快くご対応ください。
-

会員管理システム導入のお知らせ

会員管理システムの導入

第92号ニュースレターでもご案内した通り、株式会社アトラスの会員管理支援サービスSMOOSYを使った会員管理システムを導入しました。会員の皆様には振り込んだ会費・未納会費の確認や登録されている住所確認・変更、領収書の発行等を各自で実行して頂くことが可能となります。また、これまでは会費の納入方法は郵便振替のみでしたが、クレジットカードやバンクチェックによるオンライン決済が可能となります。会員の皆様には、以下の手順に従って、会員管理システムへのログイン・登録内容の確認を実施して頂くようお願いいたします。

目次

- (1) 会員管理システムへのログイン
- (2) 登録内容の確認
 - (a) 会員情報変更
 - (b) 支払方法変更

(1) 会員管理システムへのログイン

1. 会員マイページのログイン画面の表示

会員管理システムの会員マイページのログイン画面 <https://jsmb.smoozy.atlas.jp/mypage/login> にアクセスをすると次のような画面に移ります。



2. パスワード再発行

画面にある **【パスワード再発行はこちら】** をクリッ

クすると次の画面がでできます。学会へ登録されているメールアドレス*を入力して **【送信】** をクリックします。学会へ登録されているメールアドレスが会員管理システムのログインIDとなります。



3. パスワード設定 URL のクリック

該当するメールアドレスに下記の文面のメールが届きますので†、 **【パスワード設定 URL】** をクリックします。



*学会へ登録されているメールアドレスが不明な場合は事務局までご連絡ください。

†メールが届かない場合は、「迷惑メールフォルダ」や「削除フォルダ」など通常の受信フォルダとは異なるフォルダに振り分けられている可能性があります。また入力したメールアドレスと異なるアドレスが学会に登録されている可能性がありますので、その際は事務局までご連絡ください。

4. パスワードの登録

メールにある **[パスワード設定 URL]** をクリックすると、下記の画面が表示されます。画面から希望するパスワードを登録してください。



[登録] ボタンをクリックし、下記の画面が表示されたらパスワードの登録が正常に完了したことになります。



(2) 登録内容の確認

会員マイページ

<https://jsmb.smoosy.atlas.jp/mypage/login> にログインすると、下記の画面のように

- お知らせ
- 請求/入金情報
- 入金方法
- 会員情報

が出力されます。またページの一番下に

- **[会員情報変更]**
- **[支払方法変更]**

と書かれた2つのボタンが表示されます。こちらから、以下の**会員情報変更**と**支払方法変更**の手続きに進んでください。操作方法が不明な場合は会員マイページ画面右上の**[ヘルプ]**もご参照ください。



会員情報変更

会員マイページの **[会員情報変更]** をクリックすると現在登録されている情報の一覧がでできます。所属先の情報(所属機関名・住所)および自宅住所[‡]をご確認いただき、適宜、変更・修正をお願いいたします。所属先住所・自宅住所はニュースレターの配送時に大変重要ですので、必ずご確認をお願いいたします。情報修正後に画面下の **[確認]** ボタンをクリックして修正を終了してください。

支払方法変更

会員マイページの **[支払方法変更]** をクリックすると次のような画面が現れます。



初期設定は郵便振替ですが、学会費の支払方法としてクレジットカード決済もしくは銀行振込(バンクチェック)を是非ご利用ください。

- クレジットカード決済を利用する場合
 - (1) 会員マイページの **[請求/入金情報]** 欄の画面右側 **[操作]** 枠の **[オンライン決済]** にお進みください。
 - (2) 受付画面 (ROBOT PAYMENT システム) でク

[‡]自宅住所として所属先と同様の住所を入力していただいても構いません。

レジットカード情報をご登録ください。

クレジットカード決済を利用する場合、1回のみを選択すると年度ごとの都度払いになります。2年目以降自動継続を選択すると2年目以降は自動的に1年目に利用したクレジットカードを利用して決済がなされる仕組みになっています。自動継続では、11月頃に請求がなされ、12月末の決済になるように設定されています。

● 銀行振込（バンクチェック）を利用する場合

- (1) 会員マイページの[請求/入金情報]欄の画面右側[操作]枠の[オンライン決済]にお進みください。
- (2) 受付画面（ROBOT PAYMENTシステム）で電話番号と振込人名義を入力して、確認画面で[送信]ボタンを選択します。
- (3) 会員マイページに戻りますので[振込先口座情報]をクリックします。
- (4) 振込先口座番号を確認し、指定された口座にお支払ください。（受付メールが届きます。振込先

口座番号はメールにも記載されています。）

銀行振込（バンクチェック）を選択すると「りそな銀行」への振込が指示されます。この口座は各会員に割り当てられたバーチャル口座で、この口座を経由して本学会の口座に振り込まれます（この仕組みはROBOT PAYMENT社のシステムを利用しています）。銀行振込（バンクチェック）の場合、振込額が自由に設定できますので、過払いや一部未払いといったことが起こる可能性があります。そのような事態になった場合は事務局までお問い合わせください。

操作方法が不明な場合は会員マイページのログイン画面右上や会員マイページ右上にある[ヘルプ]もご参照ください。学会 Web ページでも会員管理システムの使い方をご案内します。他に不明な点などありましたら、事務局 (secretary@jsmb.jp) までお問合せください。

学会事務局からのお知らせ

1. 新事務局からの挨拶

21年1月より瀬野裕美新学会長(東北大学大学院情報科学研究科)の下、以下の体制で新事務局を運営させて頂くことになりました。

中田 行彦
(事務局幹事長：青山学院大学理工学部)
國谷 紀良
(会計：神戸大学大学院システム情報学研究科)
岩本 真裕子
(庶務担当幹事：同志社大学文化情報学部)
大森 亮介
(庶務担当幹事：北海道大学人獣共通感染症リサーチセンター)

事務局の運営に携わった岩田繁英さん、中丸麻由子さん、大泉嶺さん、立木佑弥さん、2年間ご苦勞様でした。数理生物学会として、2021年度は宮崎大学での年会(9月13日-9月15日)が控えており、2022年度は広島大学で年会を開催する予定です。新事務局一同、会員のみなさまのお役に立てるような運営を心がけて、新会長を支えていきたいと思っております。どうぞよろしくお願いたします。

2021年1月 第16期事務局幹事長 中田行彦

2. 新役員(敬称略)

会長 : 瀬野 裕美
副会長 : 稲葉 寿
事務局幹事長 : 中田 行彦
会計 : 國谷 紀良
事務局幹事 : 岩本 真裕子, 大森 亮介
運営委員 : 中岡 慎治、大槻 久、佐藤 一憲、森下 喜弘、小林 豊、岩見 真吾、近藤 倫生、中丸 麻由子、黒澤 元、佐竹 暁子、西浦 博、若野 友一郎、立木 佑弥、増田 直紀、今 隆助

3. 旧事務局からの挨拶

2019年1月より2年間事務局を務めてまいりました。中岡慎治前幹事長・佐々木頭前会長をはじめとす

る前事務局の皆様や、運営委員会のメンバー、学術専門委員の皆様、会員の皆様に支えられて任期を全うすることができました。ご協力、誠にありがとうございました。十分な対応ができないなど、至らないところもあったと思いますが、ご容赦お願いいたします。この2年間には、2019年の東京大会(中丸麻由子大会委員長)と2019年の名古屋大会(時田恵一郎大会委員長)の2つの年会が行なわれました。東京大会は対面式で実施をする事ができました。しかし、ご存知の通り新型コロナ感染症により対面式での大会の実施が困難となり名古屋大会は学会初のオンラインでの大会実施になりました。しかし、いずれの大会も、大会委員長をはじめとする大会委員長をはじめとする関係者や、たくさんの参加者のおかげで実りあるものになりました。オンラインでの大会実施は今後の大会の在り方を考えるきっかけにもなったと思っております。

また、これまでの事務局のご尽力で、事務局の仕事の多くは十分に整備されています。学術方面の事務活動に関しては、活発な学会員の努力もあり、海外の数理生物学会との合同も含めて、学会に関わる様々な活動も増えてきています。大久保賞の選考についてもSMBとの協力の下で順調に運営されています。一方、学会事務活動に関しては外部委託によってだいぶ業務を減らす事ができました。また、今年度導入をした新会員管理システムを用いることでより効率的に事務作業が実施できるものと考えております。ただ、運用に関してはもう少し検討が必要となるため今後検討して頂けると更なる効率化を図る事ができると考えております。また、昨年2月から学会として電子ビデオ会議システム whereby を導入しておりますが、今後遠隔での会議を進めるためにも十分に活用をして頂けると幸いです。ただし、最近ではよりコストパフォーマンスの良いビデオ会議システムもありますので新たなシステムの導入も検討が必要ではないかと感じております。他には新型コロナ対応として総会の在り方、日本学術会議、共同声明「日本学術会議第25期推薦会員任命拒否に関する緊急声明」への参加等々の議論を進め会員へ周知してきたところですが、まだまだ不十分な点が多いように感じているところです。次期事務局には学会活動のさらなる効率化を進めると共に、色々と新し

い企画提案を進めていただきたいと願う次第です。中田幹事長を中心とする次期事務局も大変かとは思いますが、今後の学会の発展のためにご尽力頂ければと思います。

最後に、この2年間本当にありがとうございました。

2021年1月 第15期事務局幹事長 岩田繁英

4. 研究奨励賞候補者募集のお知らせ

日本数理生物学会(JSMB)は、数理生物学に貢献をしている本学会の若手会員の優れた研究に対して、研究奨励賞を授与しております。本賞は、安定した職に就いていない若手研究者のキャリアアップに資することをその目的の一つとしております。本賞の受賞対象となる若手会員とは、学位取得後、実質的な研究歴を開始してから概ね7年以内の方が典型ですが、育児などのライフイベントによる研究中断期間については審査において考慮されます。

この度、2021年(第16回)の候補者の推薦をお願いすることになりました。

研究奨励賞の推薦に関しては、候補者自身が自薦されても、他の方が候補者を他薦されても構いません。研究奨励賞の候補者を自薦または他薦される場合について、次の書類を(送付先)まで郵送またはメールでお送りください。

- (1) 推薦者の名前、住所、電話番号、電子メールアドレス、所属(自薦の場合は不要)
- (2) 候補者の名前、住所、電話番号、電子メールアドレス、所属
- (3) 業績についての推薦者による簡単な説明文、及びそれに関連する主要論文3編以内の別刷またはコピー
- (4) 候補者の簡単な履歴。ただし、様式は問わない。なお、現職が任期付き職である場合、その旨明記するのが望ましい
- (5) 候補者の研究業績リストおよび数理生物学会での活動歴

なお、候補者の業績について照会できる方2名までの氏名・連絡先を記載されても構いません。その方にあらかじめ了解をとる必要はありません。

期日は2021年4月30日を予定していますが状況に応じて延長も検討しています。候補者の推薦をお待ちしております。また、過去の推薦で、受賞に至らなかった人も再推薦可能です(ただし、業績リスト等は要更新)。どうぞよろしくお願ひします。御質問がありましたら、(送付先)まで御遠慮なくお問い合わせください。

(送付先)

〒252-5258 神奈川県相模原市中央区淵野辺5丁目10-1
青山学院大学理工学部 物理・数理学科 L棟 517
日本数理生物学会事務局幹事長 中田行彦
E-mail: secretary@jsmb.jp

※ PDFによる応募も受け付けます。

過去の受賞者(所属は受賞時のもの)

- 2006年(第1回): 若野友一郎(東京大学)
2007年(第2回): 今隆助(九州大学), 西浦博(長崎大学)
2008年(第3回): 大槻久(東京工業大学)
2009年(第4回): 近藤倫生(龍谷大学), 中岡慎治(東京大学)
2010年(第5回): 岩見真吾(JST さきがけ, 東京大学), 手老篤史(JST さきがけ, 北海道大学)
2011年(第6回): 小林豊(東京大学), 仲澤剛史(京都大学)
2012年(第7回): 佐竹暁子(北海道大学), 増田直紀(東京大学)
2013年(第8回): 波江野洋(九州大学), 大森亮介(Weill Cornell Medical College in Qatar)
2014年(第9回): 三木健(National Taiwan University), 山口幸(神奈川大学)
2015年(第10回): 加納剛史(東北大学), 中田行彦(東京大学)
2016年(第11回): 國谷紀良(神戸大学), 江島啓介(University of Alabama)
2017年(第12回): 水本憲治(University of Georgia), 山道真人(東京大学)
2018年(第13回): 江夏洋一(東京理科大学), 立木佑弥(首都大学東京)
2019年(第14回): 黒川瞬(高知工科大学)
2020年(第15回): 入谷亮介(理化学研究所), 岡田崇(理化学研究所)

5. 2020年1月以降の入退会者(敬略称)

入会(61名)

- 田口 優真(名古屋大学)
- 大野 理恵(国立科学博物館標本資料センター)
- 野村 亮太(早稲田大学所沢キャンパス)
- 武田 結花(京都大学大学院生態学研究センター)
- 内田 裕輝(大阪大学蛋白質研究所)
- 石田 寛敏(RIPPLE CLIP)
- 地子 智浩((一財)電力中央研究所)
- シャ エイ(東北大学・情報科学研究科)
- 薩川 富明(正進塾)
- 平田 祥人(筑波大学 システム情報系)
- 菊池 隆(公益財団法人 神戸医療産業都市推進機構)
- 内藤 泰宏(慶應義塾大学環境情報学部)
- 崎山 朋子(創価大学理工学部)
- 古仲 裕貴(京都大学大学院生命科学研究所)

- 青木 透瑠 (東京大学数理科学研究科)
 - 熊倉 大騎 (北海道大学大学院先端生命科学研究院)
 - 岡部 悠瑛 (東京工業大学)
 - 森田 慶一 (東京大学大学院総合文化研究科)
 - 北口 裕太
 - 安田 修悟 (兵庫県立大学大学院)
 - 富本 創 (九州大学理学部生物学科)
 - 久我 立 (九州大学理学部生物学科)
 - 中島 蒼 (東京大学)
 - 糠谷 樹 (静岡大学大学院)
 - 村瀬 洋介 (理化学研究所計算科学研究センター (R-CCS))
 - 押尾 朋佳 (九州大学)
 - 金山 湧貴 (関西学院大学)
 - 青谷 智文 (東京理科大学)
 - 吉戸 香奈 (京都大学大学院生命科学研究科)
 - 大河内 康之 (京都大学医学部医学科)
 - 三山 豪士 (大阪健康安全基盤研究所)
 - 砂川 純也 (北海道大学大学院先端生命科学研究員)
 - 三井 讓 (東京大学)
 - 三瀬 翔太 (早稲田大学先進理工学研究科)
 - 渡邊 聡 (横浜国立大学大学院)
 - 荒井 貴光 (京都大学情報学研究科)
 - 浅倉 祥文 (京都大学生命科学研究科)
 - 鈴木 裕香 (沖縄科学技術大学院大学)
 - 東 亮浩 (同志社大学生命医科学研究科)
 - Ikpe ThankGod Ifreke Sylvanus (東北大学大学院情報科学研究科)
 - 太田 圭祐 (北海道大学大学院生命科学院)
 - 熊田 隆一 (東京大学医科学研究所システムウイルス学)
 - 藤岡 慧明 (同志社大学)
 - 小西 哲郎 (中部大学工学部)
 - 堀口 修平 (東京大学生産技術研究所)
 - 神谷 一輝 (静岡大学)
 - Kim Bo-Moon (東京都立大学)
 - 三上 大志 (東北大学)
 - 藤本 悠雅 (東京大学大学院理学系研究科)
 - 中村 絢斗 (東京大学生産技術研究所)
 - 平井 佑汰郎 (静岡大学大学院)
 - 川口 貴子 (名古屋大学大学院情報学研究科)
 - 池田 和司 (奈良先端科学技術大学院大学)
 - 村川 秀樹 (龍谷大学)
 - 吉田 信介 (公益財団法人京都大学)
 - 宮川 大樹 (静岡大学大学院総合科学技術研究科)
 - 山内 悠平 (京都大学ウイルス再生医科学研究所)
 - 小西 啓治 (大阪府立大学大学院工学研究科)
 - 森 雅樹 (国立循環器病研究センター)
 - 喜里山 一登 (関西学院大学)
 - 桑野 友輔 (総合研究大学院大学)
- 退会 (23名: 会費滞納による自動退会含む)
- 細野 雄三・辻 宣行・吉川 研一・布施 圭介・西川 郁子・藤井 基子・奈良 一彦・木崎原 祥文・下川 哲也・中村 俊・道工 勇・本城 慶多・佐藤 昌道・西 和久・石本 健太・植木 尚子・大家 岳・金子 和正・石橋 顕・青田 智来・木村 健治・中原 智弘・楊 一馳
- 現会員数: 437名 (2020年12月31日現在)

◀ 編集後記 ▶

新しく会長に就任された瀬野裕美先生に文章を寄せていただきました。改めて、私たち会員にとって、いつまでも「学問への憧憬が損なわれることなく、それぞれ活躍」できるような学会であり続けて欲しいと願っています。

昨年度は初めてのオンラインによる大会が開催されました。大会委員長の時田恵一郎さんから、実行委員会メンバーによるオンライン座談会という形で報告していただきました。今後の大会の開催にあたっても参考になることがあるのではないのでしょうか。

前回に引き続き、今号から3号にわたって、Odo Diekmann 先生のレクチャーノートに掲載します。今回は、1988年に上海の華東師範大学で行われた講義です。構造化個体群ダイナミクスの考え方を知るためにはぜひとも読んでおきたい内容になっています。今回も稲葉寿先生に労を取っていただきました。

一ノ瀬元喜さんと宮川大樹さんによる Python の記

事の3回目は、ネットワークです。例として感染症を取り上げていただいています。Gillespie アルゴリズムによるシミュレーションも簡単にできてしまうことに驚いています。(佐藤)

日本数理生物学会ニュースレター No.93

2021年2月発行

編集委員会 佐藤一憲・宮崎倫子・守田智・
一ノ瀬元喜

sato.kazunori@shizuoka.ac.jp

国立大学法人 静岡大学

〒432-8561 静岡県浜松市中区城北3-5-1

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 PDF版

TABLE OF CONTENTS

Newsletter of the Japanese Society for Mathematical Biology	No. 93	February 2021
会長就任挨拶	瀬野裕美	1
第30回日本数理生物学会大会報告	時田恵一郎	2
Dynamics of Structured Populations	Odo Diekmann	6
【第3回数理生物研究×計算機】 ネットワーク生成とネットワーク上のダイナミクス	一ノ瀬元喜, 宮川大樹	16
原稿募集のお知らせ		24
会員管理システム導入のお知らせ		25
学会事務局からのお知らせ		28
編集後記		31

