

日本数理生物学会 ニュースレター

第94号

2021年5月



第31回日本数理生物学会大会 (JSMB2021)

日時：2021年9月13日（月）～15日（水）

場所：オンライン

大会ホームページ: <https://sites.google.com/view/jsmb2021conference>

問い合わせ先: jsmb2021conference@gmail.com

第31回日本数理生物学会大会を、2021年9月13日（月）～15日（水）に開催いたします。当初、宮崎大学木花キャンパスで開催する予定でしたが、新型コロナウイルス感染症の流行状況に鑑み、開催形態をオンラインに変更いたしました。皆様に宮崎でお会いできないのは大変残念ですが、実行委員一同、精一杯準備を進めていきたいと思っています。

現在、企画シンポジウムを募集しています。詳細は、上記の大会ホームページまたは、3月12日に biomath-ML に流れた募集案内 ([biomath-ml 3455] 2021年度日本数理生物学会年会：企画シンポジウムの募集) をご覧ください。その他の重要な締め切りの情報は、随時、biomath-ML に案内をお送りいたします。また、同様の情報は大会ホームページに記載していく予定ですので、大会ホームページもご覧ください。

皆様のご参加を心よりお待ちしております。



大会実行委員

飯田雅人（大会委員長）、今隆助（実行委員長）、出原浩史

アフターコロナ、ポストトゥルース時代におけるサイエンスコミュニケーション

小島響子*

はじめに

2021年4月1日より、名古屋大学大学院理学研究科生命理学専攻の異分野融合生物学講座 (interdisciplinary Biology Laboratory: iBLab) にて、サイエンスコミュニケーターとして活動することになった。根っからの文系であり、大学では国際政治や法哲学を学んできた私が、縁あってサイエンスという分野に携わるようになることは、自分でも予期していなかった。新しい知見を学びながら、iBLabでの活動に携わっていきけるよう、サイエンスコミュニケーションについての理解からまず始めたい。

情報社会が直面した感染症社会としてコロナ禍を見るときに、日本のサイエンスコミュニケーションにおいて、大きな課題が浮き彫りとなっている。同時に、真実としての科学知を大衆と共有していくことの重要性を私達に知らしめている。そこで今回は、情報が氾濫しフェイクニュースやオルタナティブファクトが罷り通る局面で、政治と科学を媒介する社会においてサイエンスコミュニケーターが寄与すべき課題を取り上げる。

サイエンスコミュニケーターの定義と歩み

そもそもサイエンスコミュニケーターとは何なのか？ 恥ずかしながら私はつい最近まで、その職業自体認知していなかった。文部科学省における関連委員会の資料によれば、以下のような位置付けとして各所で定義されている。

『一般の人から信頼され、科学技術イノベーションに向けた多様なステークホルダー間の対話・協働を推進できる人材。また、研究者と対等に議論ができ、社会の側に立ったうえで研究者に対し社会と向き合う姿勢や科学コミュニケーション能力を伝承する役割。(日本科学未来館)』

『人々が自然と科学が共存する持続可能な社会を育むために、誰もが科学について主体的に考えて行

*名古屋大学 大学院理学研究科生命理学専攻 異分野融合生物学講座

動できるきっかけを提供し、人と人あるいは科学と社会をつなげる。(国立科学博物館)』¹

各機関によってその定義づけは様々だが、概観すると、「学術的・専門的なサイエンス、イノベーションなるものと、社会に生きる人々を相互的に繋げる役割」と言えそう。つまり、学術的なサイエンスを一般知として還元すること、人々の人生、生活が実質的に重なるものとしての社会から、サイエンスの動向と行末を抽出し繋いでいく、媒介者というイメージだろうか。

サイエンスコミュニケーターという仕事は、日本でこそメジャーな職業として社会に定着していない印象だが、欧米ではかなりありふれているようだ。その歴史については、公衆の科学知を深め、科学ジャーナリズムを向上させる PUS (Public Understanding of Science) から、大衆による科学への関与を歓迎する PEST (Public Engagement with Science and Technology) への変遷を要に説明されることが多い。これは、ここ 30 年ほどの欧州における展開である。ジャーナリストの元村有希子氏のレポートでは、2008 年時点での、英国でのサイエンスコミュニケーションの普及を例にとり、日本の先をいく結果として、サイエンスコミュニケーターによる社会的活動の範囲が広い状況が述べられている²。

そもそも英国では 1799 年に、科学の普及も目的に入れた、民間の非営利団体ロイヤル・インスティテューション (王立研究所) が設立されていた。これは、一般向けの講演会を定期開催しており、サイエンスを広める、という取り組みの前身となったようだ。

そこから、1831 年には英国科学振興協会 (British Association for the Advancement of Science) が創設され、1985 年には、王立協会が報告書 Public Understanding of Science を発表した。この PUS という概念は、大衆の「知識の欠如」を問題と捉え、「無知な大衆を啓蒙する」という性格が強かった (いわゆる「欠如モデル」)³。

しかし 1990 年代に入ると、こうした一方的なジャーナリズムの限界が指摘されるようになった。コミュニケーションとしての取り組み方に舵を踏み切った契機は、96 年に英国で起きた BSE (牛海綿状脳症) 禍だっ

たという⁴。遺伝子組み換え食品への不信、サイエンスへの懐疑が加速した。そこで、従来の一方向の啓蒙ではなく、双方向の対話を通して、科学技術を、そのリスクなども含めて正当に評価することが求められるようになった。こうして、科学・政治・社会の3つファクターのコミュニケーションの促進を目的とした、大衆参加型のPESTという概念が主流となった。この概念は、欧州連合EUが、2014年～2020年のイノベーション戦略をまとめたプログラム“Horizon 2020”においても明記されている。「責任ある研究とイノベーション (Responsible Research and Innovation=RRI)」という大きな柱の中で、大衆による科学の議論・意思決定、という側面が重視されているのである⁵。

日本でも、2000年代に入ってから、PESTという枠組みが明るみに出た。2018年4月に、第一回ジャパン・サイエンス・フォーラム (Japan Science Forum) が開催され、科学コミュニケーター、広報担当者、科学記者や研究者など参加者120名による議論が行われるなど、近年サイエンスコミュニケーションの分野に注目が集まっている。科学コミュニケーションが盛り上がる渦中に日本はいる。

こうした潮流をまず取り上げた理由は、現在のサイエンスコミュニケーションを考える上で示唆に富むと考えるからだ。すなわち、今日的なサイエンスコミュニケーションという形態は、科学のエデュケーションとしての側面から、科学への懐疑論なども経て、社会・政治との3者間の関連性の中で「コミュニケーション」へと移行してきた (移行すべきだと改革されてきた) という事実が、意義深く感じられる局面に来ている。

コロナ禍で浮き彫りになった、ポストトゥルース時代のサイエンスコミュニティ構築の必要性

新型コロナウイルスを、情報社会 (情報が資源としての価値を有し機能する社会) の観点から振り返ると、感染症時代における二つのキーワードが浮き彫りになる。「インフォデミック」と「ポストトゥルース」である。

インフォデミックというのは、information と epidemic/pandemic を組み合わせた造語である。日本経済新聞によれば、1日に個人が受け取る情報量を元に算出した「情報拡散力」が、2003年に流行した重症急性呼吸器症候群 (SARS) 時と比べ、68倍になっているという⁶。

こうした背景の中、感染者や検査数の明確な根拠となるデータが不十分であるにも関わらず、社会的不安が自粛警察、マスク警察などの同調圧力を助長し、不確実な憶測と応酬が繰り返され広がった。例えば、ポビド

ンノードが含まれたイソジンがコロナに効く、という知事のごとく、たちまちイソジンが流通薄になる…などということもあった。他にも、「コロナにはニンニクが効く」「トイレトペーパー類が品薄になる」など、いろいろな説がエビデンスの検証前に共有され、社会における独自の「コロナ知」 (それはフェイクニュースだったりオルタナティブファクトだったりする言説のごった煮である) を形成していった。これは、「ダイエットにはこの食べ物が効く」と喧伝されればそれがたちまちスーパーから消えるというような、珍しくない現象を想起させるが、パンデミック時には、その比でない混乱を招く。WHOは、こうした事態を「インフォデミック」と称し、警鐘を鳴らし続けている⁷。

それに関するもうひとつのキーワードが「ポストトゥルース (post truth)」である。この単語は、2016年11月、オックスフォード大学出版局辞典部門が2016年の今年の一語にノミネートしたことで、一躍注目された。そこではポストトゥルースは、「公共の意見を形成する際に、客観的な事実よりも感情や個人的な信念に訴える力が影響力のある状況を説明するないしは表す語」と定義されている。当時は、ブレグジット投票やアメリカ大統領選挙といった情勢において、全世界が民主主義のゆらぎに震撼した時期である。あやふやな情報が世論を席卷し、もはやエビデンスの提示を求めずらしい言説が、結果として重大な政治的決定を促した。象徴的なトランプ政権は、コロナ禍においても、「マスクは無意味だ」「紫外線を浴びればコロナ対策になる」といった、全く非科学的な発言をツイートしながら、「フェイクニュースを断罪する」と述べ、真理に対する明白な矛盾を突きつけた。ポストトゥルースを直訳すると「真実以後」だが、それは、「真理という概念が失効したこと、あるいはまさに失効の現場にあって、攻撃にさらされている」ことだと、表象文化論学者で神戸大学准教授の大橋完太郎氏は指摘している⁸。こうした状況は、現代日本も決して例外ではない。

日本においても、明白なトゥルースを求める喫緊の話題について、ポストトゥルースは往々にして真実を先置いて大衆を煽動する力を見せる。コロナ禍においてポストトゥルースは、文字通り「万人の万人に対する闘争」状態と化した疑心暗鬼な社会において威力を発揮していた。人々の生活に即したより具体的文脈で (有体に言えば個々人の思考にとって分かり易い・信じ易い情報が否か、という観点において) 発信される情報こそが、ワイドショーやSNSのトレンドトピックを飾ってきた、という意味において、はたして専門知と社会知の齟齬は、どれほど効果的に埋められていたと評価されるだろうか。

「フェイクニュース」は、しばしばポストトゥルー

スと同一視されるが、その本質は、故意に誤っているという点だ。こうした事態は急速的に普及したSNSの産物というよりも、我々の持つ認知バイアスが原因の一つとしてであるとされる⁹。

我々は、「自分の信念は正しい」という無意識下の思い込みを正当化するように動機づけられており、それに適合するエビデンスを探し情報解釈を行う…という「確証バイアス」が働くことは有名である。リー・マッキンタイアは、SNSの広がりにより、我々が情報に開かれたことにより、逆に分断された状態を、「ニュース・サイロ（ニュースの貯蔵庫）」という表現に結びつけている¹⁰。もはや大衆を構成するのは多極化・分極化した個人であり、その各々は、自分がフォローした者（往々にしてそれは友人や同思想の他者である）のチェックと、Twitter社やFacebook社のアルゴリズムに基づいた限定的な情報しか知り得ない、ということだ（そして、それが限定的であることにすら本人は無自覚であることが多い）。

以上の構造を、サイエンスコミュニケーションに当てはめてみる。まず、今日のメディアコンテンツのガラパゴス状態において、ファクトを届けるべき相手は、そのファクトに辿り着きさえしないことが多い。ここがサイエンスコミュニケーションをする上で、まず大きな問題となっている、と私は思う。

元々知見の深い専門家や、熱心な理系学生などとツールズを共有することは容易くとも、例えば少し前までの私のような文系の学生や、サイエンスを学問的に学んできておらず、実生活において興味もそれ程必要としない非専門家たちに発信することは、今日意外なほどに難しい。だがコミュニケーションの場に必要なのは、彼・彼女らなのである。

整理すると、アフターコロナのサイエンスコミュニケーションの課題は、以下のものだと考える。

大衆とコミュニケーションを取る、と簡単に言っても、その大衆は思考も嗜好も分極化したメディアコンテンツ（もはやどの情報がツールズであるのかの判断は誰しも困難である）に内包された個人である上に、各々のうちには確証バイアスも働いている…だからこそ台頭するフェイクニュースやオルタナティブファクトに対峙するものとして、ツールズとしての科学知を落とし込み共有するサイエンスコミュニケーションの確立が今必要なのではないだろうか。コロナ禍という大きな社会現象の中で、日本もまた、その在り方を多角的に考える時に来ているのかもしれない。

私たちは潜在的に、ポストツールズの時代の申し子である。その時代の生活を、正しい科学知のもとで営むためには、ツールズを自身で思考し吟味する術と、それを話し合い共有するサイエンスコミュニティが必要だと思う。ツールズに基づいた社会知の形成主体となるのは、学術的専門家ではなく、普段研究と

無縁の位置で生活を営む大衆である。

ここで、先にまとめた、サイエンスコミュニケーションの変遷に立ち返りたい。科学、社会、政治という3つのファクターの指摘についてである。ポストツールズ論においても、科学-政治は対峙する。その両極を繋ぐものとしての社会に、サイエンスコミュニケーターは属している。

よって、まずは、科学界の内的ネットワークを繋ぎ、そのうえで多様なメディアを媒介していきたい。するとおそらく、「ニュース・サイロ」の問題に直面する。そこでいかに柔らかく、いかに「彼・彼女ら自身の選択的興味」に落とし込んでいくか？を考え続けることになるだろう。もっとも、私自身がサイエンスについて学び続け、専門家から適切な情報を受け取ることが先だって不可欠だ。そのうえで、科学・社会・政治の相関においてどのようなバランスとなるべきか、人間の情報取得と価値観形成のメカニズムを踏まえたい。同時に、媒介するものとして、自身にフィルタリングされているバイアスを問い掛け消化していくことが必要だ。

終わりに

アフターコロナにおいても、情報社会は引き続き加速していくだろう。だからこそ、生命科学研究が我々の生活をいかに改善し、生命をいかに支えてゆくのか、という重要なツールズを扱う学問である限り、その学問が常に想定する対象者である私たちが、正しい知見を追い求めていけたらと思う。名古屋大学のiBLabは“異分野融合研究”を柱に置いているので、私なりに多方向から見たフラットな科学、を見つめていきたい。また、様々な学問が交じり合う土壌が既に形成されている数理生物学会でも積極的に活動できればと考えている。

終わりにになりましたが、全国の先生方、ご教授どうぞよろしくお祈りします。

参考文献

- 『科学コミュニケーターに関する議論に係る論点について』文部科学省 科学技術社会連携委員会（第5回）配付資料2
https://www.mext.go.jp/b_menu/shingi/gijyutu/gijyutu2/092/attach/1406943.htm
- 『科学コミュニケーターのキャリア形成：英国の現状』元村有希子, 2008
https://eprints.lib.hokudai.ac.jp/dspace/bitstream/2115/34812/1/JJSC_no4_p69-77.pdf
- 『科学コミュニケーション：その政策的展開と学術的研究の概観』工藤亮, 2019

- <https://scirex-core.grips.ac.jp/3/3.2.1/main.pdf>
4. House of Lords - Science and Technology - Third Report (parliament.uk)
<https://publications.parliament.uk/pa/ld199900/ldselect/ldsctech/38/3805.htm>
 5. 『政策的議論の経緯から見る科学コミュニケーションのこれまでとその課題』 標葉隆馬, 2016
https://seijo.repo.nii.ac.jp/?action=repository_uri&item_id=3763
 6. 『新型コロナ: 情報パンデミックの拡散力、SARSの68倍 新型コロナ』日本経済新聞 nikkei online(2020年4月5日 18:00)
<https://www.nikkei.com/article/DGXMZ057686360V00C20A4SHA000/>
 7. COVID-19 advice - Mythbusters — WHO Western Pacific
<https://www.who.int/westernpacific/emergencies/covid-19/information/mythbusters>
 8. 『「ポスト・トゥルース」試論：現象と構造』大橋完太郎, 2019
<http://www.lib.kobe-u.ac.jp/repository/81011252.pdf>
 9. 『フェイクニュースを科学する 拡散するデマ, 陰謀論, プロパガンダのしくみ』 笹原和俊 DOJIN 選書, 2018
 10. 『ポストトゥルース』リー・マッキンタイア 監訳 大橋完太郎、訳 居村匠、大崎智史、西橋卓也 人文書院, 2020
-

%%

Dynamics of Structured Populations (Part II-III)¹

Lectures at East China Normal University,
Shanghai, July 5 to 12, 1988

Odo Diekmann

%%

II. Analytical Techniques

II.1. The p-state space. (p = population)

Let the i-state space (the domain of y_0 in the backward equation) be Ω . One has to address the following questions:

- 1) what part of the boundary $\partial\Omega$ should be included in Ω
- 2) if we let y_0 approach some point of $\partial\Omega$ which does not belong to Ω , do we require the continuous functions to tend to zero, to some limit (or nothing at all)?

We *assume* that the classification of $\partial\Omega$ that we are going to make is *independent of E* . Let $\partial\Omega_+$ denote the part of the boundary at which the inner product of v with the inward unit normal vector is strictly positive. We include $\partial\Omega_+$ in Ω , but not the rest of $\partial\Omega$ (so Ω is in general “partly open, partly closed”). We split $\partial\Omega \setminus \partial\Omega_+$ into two (possibly empty) components: $\partial\Omega_-$ and $\partial\Omega_\infty$. By definition it takes infinite time to reach $\partial\Omega_\infty$ from points in the interior of Ω while following orbits of $\frac{dy}{dt} = v(y, E)$ (recall that we assume that this property holds uniformly in admissible E). So $\partial\Omega_\infty$ includes points at infinity and, possibly, points where $v(y, E) = 0$. We require that the continuous functions tend to a limit if we approach an element of $\partial\Omega_\infty$ (the particular value of the limit may depend on the point one considers). Let $\partial\Omega_-$ denote points of $\partial\Omega \setminus \partial\Omega_+$ which can be reached in finite time from points in the interior of Ω while following orbits of $\frac{dy}{dt} = v(y, E)$. We require that the continuous functions tend to zero if we approach an element of $\partial\Omega_-$.

We denote the space of continuous functions with the properties described above by $C_0(\Omega)$. We can extend elements of $C_0(\Omega)$ to continuous functions defined on a larger subset of \mathbb{R}^k by simply defining them to be zero in the region which is obtained by following orbits of $\frac{dy}{dt} = v(y, E)$ beyond $\partial\Omega_-$. In the following we shall assume that this extension is made.

The dual space of $C_0(\Omega)$ is $M(\Omega)$, the space of regular Borel measures on Ω . $M(\Omega)$ includes measures concentrated on $\partial\Omega_\infty$. When the initial measure has no component concentrated on $\partial\Omega_\infty$, the measure at time t will not have such a component for any finite t .

Note that our assumption that the continuous functions have limits along $\partial\Omega_\infty$ amounts to a compactification.

¹This manuscript is Part 2 and Part 3 of Lecture Note by Prof. Odo Diekmann (Utrecht), which was given in 1988 at East China Normal University, Shanghai. Part 1 was published in JSMB Newsletter No. 93 (2021), pp. 6-15. The last part (Part IV) will appear in the next Newsletter. The original hand-written manuscript was typed by Ryohei Saito (Hokkaido Univ.), and edited by Hisashi Inaba (Tokyo Univ.) and Kazunori Sato (Shizuoka Univ.).

EXAMPLE 1. $\partial\Omega_+ = \{0\}$ $\partial\Omega_\infty = \{\infty\}$ $\partial\Omega_- = \emptyset$ □

EXAMPLE 2. $\partial\Omega_+ = \{x_b\}$. If g is uniformly positive then $\partial\Omega_\infty = \{\infty\}$, $\partial\Omega_- = \emptyset$. If $g(\bar{x}, S) = 0$ for some $\bar{x} = \bar{x}(S) > x_b$ then $\partial\Omega_\infty = \{\bar{x}(S)\}$, so depends on S . This yields problems which are sometimes “solved” by specifying extra death rules (biologically: individuals die if they don’t ingest enough energy for their basic metabolic needs). □

EXAMPLE 3. Assume $\beta(x) = 0$ for $x \leq x_{\min}$ (that is, x_{\min} is the minimal size required for division). Then no daughter will ever have a birth size below $x_{\min}/2$. So for realistic initial conditions no cell will have size less than $x_{\min}/2$. We have to add the boundary condition

$$g\left(\frac{x_{\min}}{2}\right) n\left(t, \frac{x_{\min}}{2}\right) = 0,$$

(but we may in fact take this boundary condition at any point below $x_{\min}/2$ without any difference for the solution). So $\partial\Omega_+ = \{x_{\min}/2\}$ or any smaller point.

If we want that cells divide with absolute certainty before reaching x_{\max} we require that

$$\int_{x_{\min}}^x \frac{\beta(\xi)}{g(\xi)} d\xi \rightarrow \infty \quad \text{as } x \rightarrow x_{\max}$$

(since then

$$e^{-\int_{x_{\min}}^x \beta(\xi)/g(\xi) d\xi} \rightarrow 0.)$$

We then may write $\partial\Omega_\infty = \{x_{\max}\}$ even though x_{\max} may be reached in finite time conditional on not-dividing, since the number of cells reaching x_{\max} will be zero. Therefore this example shows that our classification of $\partial\Omega$ has to be adopted if coefficients in the equation are allowed to be singular at the boundary.

Note that we have to interpret the term $\beta(2x)n(t, 2x)$ as zero for $x \geq \frac{x_{\max}}{2}$. □

EXAMPLE 4. $\Omega = \{(a, x) \mid a \geq 0, x > 0\}$

Assume $g(a, 0, S) = 0$, $\forall a, S$ (i.e. individuals of size zero don’t grow). This example shows that our classification of $\partial\Omega$ given so far is incomplete. For biological g the boundary part $x = 0$ will be reached for $t \rightarrow -\infty$, so we should call it $\partial\Omega_{-\infty}$. It is more or less irrelevant whether we require the continuous functions to go to zero at this part of $\partial\Omega$ or to some limit function (since anyhow a measure concentrated in this part is separated from the rest and its dynamics should be specified independently). So we think the easiest thing to do is to require zero limits.

Then $\partial\Omega_+ = \{(0, x) \mid x > 0\}$. (Note another difficulty: at $(0, 0)$ the boundary is not smooth and we have, in a sense, two inward normals or none at all.) If g is uniformly positive we can parametrize $\partial\Omega_\infty$ by φ with $0 < \varphi < \frac{\pi}{2}$ where the idea is to let $r \rightarrow \infty$ while taking $(a, x) = (r \cos \varphi, r \sin \varphi)^2$.

Depending on β and g one may take Ω much smaller. Let \underline{x} denote the smallest possible birth size and \bar{x} the largest possible birth size. Let \underline{g} denote the infimum of g over all S and \bar{g} the supremum. Then one can take for Ω the region bounded by $a = 0$ and the trajectories starting in $(0, \underline{x})$ and $(0, \bar{x})$ with differential equations respectively

$$\frac{d}{dt} \begin{pmatrix} a \\ x \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1 \\ \underline{g} \end{pmatrix}, \quad \frac{d}{dt} \begin{pmatrix} a \\ x \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1 \\ \bar{g} \end{pmatrix}.$$

□

²This parametrization is completely artificial and other ones, based on properties of g , may be much better suited. In fact we may not need a parametrization at all, but I wanted to make the remark to emphasize that $\partial\Omega_\infty$ is one-dimensional.

Remark. if v is independent of E one may also bound Ω by some orbit of $\frac{dy}{dt} = v(y)$.

II.2. The characteristics. (how do cohorts travel in i-space?)

Let $Y = Y(t, s, y_0) = y(t, s, y_0; E)$ be the unique solution of

$$\frac{dY}{dt} = v(Y, E) \quad , \quad Y(s, s, y_0) = y_0$$

Then

$$Y(t, r, Y(r, s, y_0)) = Y(t, s, y_0)$$

or, in words,

if we start at s with i-state y_0 and go to t directly the state will be the same as when we go to time r and then start at time r with $y(r, s, y_0)$ and go to t .

Consequently

$$y = Y(t, s, Y(s, t, y))$$

which states that the inverse of the transformation $y_0 = Y(s, t, y)$ is the transformation $y = Y(t, s, y_0)$ and vice versa. Note that $Y(t, s, y_0)$ is the i-state at time t of an individual which had i-state y_0 at time s (and did not die between s and t). We call the curves $t \mapsto Y(t, s, y_0)$ the characteristics. They are the orbits in i-state space followed by the individuals.

The following observations will turn out to be useful. By differentiating the differential equation for Y with respect to y_0 we obtain the linear equation

$$\frac{d}{dt} \left(\frac{dY}{dy_0} \right) = \frac{dv}{dy} \frac{dY}{dy_0}$$

(note that both $\frac{dv}{dy}$ and $\frac{dY}{dy_0}$ are $k \times k$ matrices). Consequently (see, for instance, M&D p.130; det = determinant, tr = trace)

$$\frac{d}{dt} \left(\det \frac{dY}{dy_0} \right) = \text{tr} \frac{dv}{dy} \det \frac{dY}{dy_0}$$

Note, finally, that differentiation of $y = Y(t, s, Y(s, t, y))$ with respect to y shows that $\frac{dY}{dy_0}(t, s, Y(s, t, y))$ and $\frac{dY}{dy}(s, t, y)$ are inverse to each other.

II.3. Integration along characteristics.

For given E we shall solve the backward equation in three steps: 1) neglecting death and birth 2) taking death into account 3) taking birth into account. We shall also indicate how duality yields results for the forward equation.

① The solution of

$$\frac{\partial m}{\partial t_0} + v \cdot \nabla m = 0$$

corresponding to the “final” condition $m(t, y_0) = \phi(y_0)$ is given explicitly by

$$m(t_0, t, \phi, y_0) = \phi(Y(t, t_0, y_0))$$

(One can verify this most easily by a change of variable

$$q(t_0, y) = m(t_0, Y(t_0, t, y))$$

Indeed,

$$\frac{\partial q}{\partial t_0} = \frac{\partial m}{\partial t_0} + \frac{\partial m}{\partial y_0} \frac{\partial Y}{\partial t_0} = \frac{\partial m}{\partial t_0} + v \cdot \nabla m = 0$$

and consequently

$$q(t_0, y) = q(t, y) = m(t, y) = \phi(y)$$

and

$$m(t_0, y_0) = q(t_0, Y(t_0, t_0, y_0)) = \phi(Y(t_0, t_0, y_0)).)$$

DEFINITION II.1. A *backward evolutionary system* on a Banach space X is by definition a collection of bounded linear operators $V(t_0, t)$ on X such that

- (1) $V(t, t) = I$
- (2) $V(t_0, s)V(s, t) = V(t_0, t)$

Define

$$(V_g(t_0, t)\phi)(y_0) = \phi(Y(t, t_0, y_0))$$

(the g means growth; note that V_g depends on E but we don't incorporate this dependence in our notation). Then V_g is a backward evolutionary system on $C_0(\Omega)$. Indeed, put

$$\tilde{\phi}(y_0) = (V_g(r, t)\phi)(y_0) = \phi(Y(t, r, y_0))$$

then

$$\begin{aligned} (V_g(s, r)\tilde{\phi})(y_0) &= \tilde{\phi}(Y(r, s, y_0)) = \phi(Y(t, r, Y(r, s, y_0))) = \phi(Y(t, s, y_0)) \\ &= (V(s, t)\phi)(y_0) \end{aligned}$$

A *forward evolutionary system* $U(t, t_0)$ is characterized by the properties

- (1) $U(t_0, t_0) = I$
- (2) $U(t, s)U(s, t_0) = U(t, t_0)$

If V is a backward evolutionary system on X then

$$U(t, t_0) = V(t_0, t)^*$$

(where $*$ denotes the adjoint operator) defines a forward evolutionary system on the dual space X^* .

Let ψ be the density of an absolutely continuous element of $M(\Omega)$ then

$$\int_{\Omega} \phi(Y(t, t_0, y_0))\psi(y_0) dy_0 = \int_{Y(t, t_0, \Omega) \cap \Omega} \phi(y)\psi(Y(t_0, t, y)) \det \frac{dY(t_0, t, y)}{dy} dy$$

(the det is positive for $t_0 = t$ and cannot become zero since it satisfies a linear o.d.e.; so we don't have to write the absolute value bars). So in terms of densities we have

$$(U_g(t, t_0)\psi)(y) = \psi(Y(t_0, t, y)) \det \frac{dY(t_0, t, y)}{dy}$$

Similarly we obtain for general measures θ

$$(U_g(t, t_0)\theta)(\omega) = \int_{\Omega} \mathbb{1}_{\omega}(Y(t, t_0, y_0)) \theta(dy_0) = \theta(Y(t_0, t, \omega) \cap \Omega)$$

One can now verify the connection with the relevant part of the forward equation, where we shall restrict ourselves to densities:

Consider

$$\frac{\partial n}{\partial t} + \nabla \cdot (vn) = 0 \quad , \quad n(t_0, y) = \psi(y).$$

Introduce the transformation of variables

$$g(t, y_0) = n(t, Y(t, t_0, y_0)) \det \frac{dY(t, t_0, y_0)}{dy_0}$$

then

$$\begin{aligned} \frac{\partial g}{\partial t} &= \left(\frac{\partial n}{\partial t} + v \cdot \nabla n \right) \det \frac{dY}{dy_0} + n \frac{d}{dt} \det \frac{dY(t, t_0, y_0)}{dy_0} \\ &= \left(\frac{\partial n}{\partial t} + v \cdot \nabla n + \operatorname{tr} \frac{dv}{dy} n \right) \det \frac{dY(t, t_0, y_0)}{dy_0} \\ &= \left(\frac{\partial n}{\partial t} + \nabla \cdot vn \right) \det \frac{dY}{dy} = 0. \end{aligned}$$

Therefore

$$g(t, y_0) = g(t_0, y_0) = \psi(y_0)$$

and

$$n(t, y) = \psi(Y(t_0, t, y)) \det \frac{dY}{dy}(t_0, t, y)$$

Remark. The det factor takes into account the change of volume element when we follow the individuals along their orbits (recall that only integration gives numbers and that only numbers are conserved in the absence of birth and death). See M&D p.92-96.

② The solution of

$$\begin{aligned} \frac{\partial m}{\partial t_0} + v \cdot \nabla m &= \mu m \\ m(t, y_0) &= \phi(y_0) \end{aligned}$$

reads

$$(V_{gd}(t_0, t)\phi)(y_0) = m(t_0, y_0) = \phi(Y(t, t_0, y_0)) e^{\int_{t_0}^t \mu(Y(\tau, t_0, y_0), E(\tau)) d\tau},$$

$E(\tau)$ will be suppressed below

$$(U_{gd}(t, t_0)\psi)(y) = \psi(Y(t_0, t, y)) e^{-\int_{t_0}^t \mu(Y(\tau, t, y)) d\tau} \det \frac{dY(t_0, t, y)}{dy}$$

in terms of densities and

$$(U_{gd}(t, t_0)\theta)(\omega) = \int_{Y(t_0, t, \omega) \cap \Omega} e^{-\int_{t_0}^t \mu(Y(\tau, t, y_0)) d\tau} \theta(dy_0)$$

for general measures. In terms of densities the differential equation is

$$\begin{aligned} \frac{\partial n}{\partial t} + \nabla \cdot vn &= -\mu n \\ n(t_0, y) &= \psi(y) \end{aligned}$$

③ *Reduction to integral equations*

For given E the birth operator is defined by

$$(B(t)\phi)(y_0) = - \int_{\Omega} \phi(\eta) \beta(d\eta, y_0, E(t))$$

Here we assume that $B(t)$ maps $C_0(\Omega)$ into itself. This mainly amounts to an assumption concerning the y_0 dependence of $\beta(d\eta, y_0, E(t))$: continuity with respect to y_0 , zero at $\partial\Omega_-$ and tending to a limit when y_0 tends to a point at $\partial\Omega_\infty$. Actually these assumptions are more restrictive than necessary (as is most easily seen in the case of a one-dimensional i-state space; see further on in part III for relevant details).

We can now define a backward evolutionary system V_{gdb} (gdb for growth, death and birth) by solving

$$V_{gdb}(t_0, t)\phi = V_{gd}(t_0, t)\phi + \int_t^{t_0} V_{gd}(t_0, \tau)B(\tau)V_{gdb}(\tau, t)\phi d\tau$$

by successive approximations (biologically this is a generation expansion). Next a forward evolutionary system on $M(\Omega)$ is defined by the duality relation

$$\langle V_{gdb}(t_0, t)\phi, \theta \rangle = \langle \phi, U_{gdb}(t, t_0)\theta \rangle$$

where θ is any measure.

If for all y_0 and $E(t)$ the measure $\beta(d\eta, y_0, E(t))$ is concentrated at some subset of Ω (usually $\partial\Omega_+$, or some subset of $\partial\Omega_+$, see example 4) we can reduce the abstract integral equation accordingly. If the state at birth is fixed the

support is one point, y_b (the state at birth) and we obtain a *scalar* integral equation as follows:

assume

$$(B(t)\phi)(y_0) = -\phi(y_b)\tilde{\beta}(y_0, E(t))$$

Introduce

$$b(t_0) = m(t_0, y_b)$$

where

$$m(t_0, y_0) = (V_{gdb}(t_0, t)\phi)(y_0)$$

In terms of m the integral equation reads

$$\begin{aligned} m(t_0, y_0) &= \phi(Y(t, t_0, y_0))e^{\int_t^{t_0} \mu(Y(\tau, t_0, y_0), E(\tau)) d\tau} \\ &\quad - \int_t^{t_0} e^{\int_\sigma^{t_0} \mu(Y(\tau, t_0, y_0), E(\tau)) d\tau} b(\sigma)\tilde{\beta}(Y(\sigma, t_0, y_0), E(\sigma)) d\sigma \end{aligned}$$

from which we see immediately that we know m completely provided we know b . On the other hand, by taking $y_0 = y_b$, we obtain an integral equation for b

$$\begin{aligned} b(t_0) &= \phi(Y(t, t_0, y_b))e^{\int_t^{t_0} \mu(Y(\tau, t_0, y_b), E(\tau)) d\tau} \\ &\quad - \int_t^{t_0} e^{\int_\sigma^{t_0} \mu(Y(\tau, t_0, y_b), E(\tau)) d\tau} b(\sigma)\tilde{\beta}(Y(\sigma, t_0, y_b), E(\sigma)) d\sigma \end{aligned}$$

We conclude that, for given E , we can define solutions of the backward-and forward equations in three steps. The first two yield explicit expressions in terms of solutions of the i-state change equation $\frac{dy}{dt} = v(y, E)$ and the death rate μ . The third step requires to solve an abstract integral equation by a simple contraction argument. If E is not given we will need a fourth step: to find E from a fixed point argument.

In part III we will show that it is not necessary that $B(t)$ maps $C_0(\Omega)$ into itself, but that the precise requirements still have to be identified for the general case of an i-state space Ω of dimension greater than one.

II.4. Feedback through the environment.

In order to emphasize the dependence on E we shall write $V^E(t_0, t)$ and $U^E(t, t_0)$ (we omit the indices gdb .)

Now suppose that E is to be found by solving the differential equation

$$\frac{dE}{dt} = F\left(E, \int_{\Omega} \gamma(E, \eta)n(t, d\eta)\right)$$

Let θ be the initial measure for n , i.e. $n(0, d\eta) = \theta(d\eta)$ then we may write

$$\int_{\Omega} \gamma(E, \eta)n(t, d\eta) = \langle \gamma(E, \cdot), U^E(t, 0)\theta \rangle = \langle V^E(0, t)\gamma(E, \cdot), \theta \rangle$$

where we have assumed that $\gamma(E, \cdot) \in C_0(\Omega)$ for all relevant E . Hence

$$\frac{dE}{dt}(t) = F\left(E(t), \langle V^E(0, t)\gamma(E(t), \cdot), \theta \rangle\right)$$

This is not really an ordinary differential equation (o.d.e.) for E since $V^E(0, t)$ depends on all values of $E(\tau)$ for $0 \leq \tau \leq t$. Nevertheless it is clear that we can define local solutions in the standard manner (successive approximations) *provided* we have Lipschitz continuity with respect to E . The continuation of local solutions to a maximally defined solution should give no problems (one just has to write down how concatenation of E fits in with the evolutionary system properties).

Apart from E itself the equation for E has two ingredients: γ and θ . For some models it is possible to obtain Lipschitz dependence by restricting θ to, for

instance, absolutely continuous measures. We prefer, however, to allow general θ and formulate conditions for the functions v , μ , β and γ only. Note that these functions describe the i-behaviour, in particular as a function of i-state. We expect that, roughly speaking, it will suffice to *assume* that the i-behaviour depends Lipschitz on i-state and environment to *conclude* that the p-behaviour (or p-output) $\langle V^E(0, t)\gamma(E(t), \cdot), \theta \rangle$ will be Lipschitz in E . To work this out in detail will be part of a Ph.D. program at the CWI, Amsterdam, starting in October 1988. We will make some more remarks on Lipschitz dependence in part III.

Once we have Lipschitz dependence, the E equation has a unique solution. We then define

$$n(t, d\eta) = U^E(t, 0)\theta(d\eta) \quad , \quad \text{for this specific } E.$$

In this manner we have finally defined a unique solution of the coupled p- E system.

The next topic concerns, of course, qualitative behaviour near equilibrium solutions. Note that *linearization* requires *differentiable* dependence on E , but that there are no problems with the smoothness in θ since, for given E , the problem is already linear in θ . Since we assumed E to be finite dimensional there is a characteristic equation such that (in)stability follows from the position of the roots in the complex plane relative to the imaginary axis (see M&D p.241,242 and part IV). Details have to be worked out in the Ph.D. project mentioned above.

Example 5 shows that one may also have an algebraic equation for E instead of a differential equation. This does not really affect our remarks about existence and uniqueness, but it does affect the stability part. In some applications one may think of such algebraic equations as quasi-steady-state approximations to differential equations.

EXAMPLE 1. $Y(t, t_0, a_0) = a_0 + t - t_0$. Hence

$$b(t_0) = \phi(t - t_0)e^{-\int_0^{t-t_0} \mu(\sigma) d\sigma} + \int_0^{t-t_0} b(t_0 + \tau)\beta(\tau)e^{-\int_0^\tau \mu(\sigma) d\sigma} d\tau \quad , \quad t_0 \leq t$$

To show the relation with the more familiar renewal (= Volterra convolution integral) equation we put $t = 0$ and $b(t_0) = B(-t_0)$:

$$B(t_0) = \phi(t_0)e^{-\int_0^{t_0} \mu(\sigma) d\sigma} + \int_0^{t_0} B(t_0 - \tau)\beta(\tau)e^{-\int_0^\tau \mu(\sigma) d\sigma} d\tau$$

□

II.5. Remarks about numerical methods.

Under the action of smooth i-state change and death a point measure remains a point measure. Its position changes from y_0 at t_0 to $Y(t, t_0, y_0)$ at t , while its magnitude diminishes according to

$$\frac{dN}{dt} = -\mu N$$

or, in more detail,

$$\frac{dN}{dt}(t) = -\mu(Y(t, t_0, y_0), E(t))N(t)$$

So in order to follow point measures we have to solve only ordinary differential equations. We follow cohorts along characteristics.

Therefore it seems reasonable to approximate an initial measure by a finite number of point measures and to make some numerical technique for gathering newborns during some small time interval in point measures at or near $\partial\Omega_+$.

Biologically it means that we work with cohorts ((small) groups of identical individuals).

One can view the point measure as a lowest order approximation of the measure with respect to some small subset of Ω . Higher order approximations are then defined in terms of higher order moments. One can improve the approximation by introducing smaller and more subsets (non-overlapping) of Ω . Likewise one can refine the partition of $\partial\Omega_+$.

This technique was introduced and implemented by A.M. de Roos, Numerical methods for structured population models: the escalator boxcar train, in Numerical Methods for Partial Differential Equations(1988) 4: 173-195.

II.6. Semigroups. (the case of a constant environment)

If E is constant it does not matter what exactly t_0 and t are, it is only the difference $t - t_0$ that counts. We can simplify things as follows:

$Y(t, y_0)$ is the solution of $\frac{dY}{dt} = v(Y)$, $Y(0) = y_0$.

$$(T_g(t)\phi)(y_0) = \phi(Y(t, y_0))$$

defines a semigroup of bounded linear operators, i.e.

$$T_g(0) = I$$

$$T_g(t_1)T_g(t_2) = T_g(t_1 + t_2)$$

which is, with the appropriate definition of $C_0(\Omega)$, strongly continuous, i.e.

$$\|T_g(t)\phi - \phi\| \rightarrow 0 \quad \text{as } t \downarrow 0 \quad \text{for all } \phi \in C_0(\Omega).$$

Likewise

$$(T_{gd}(t)\phi)(y_0) = \phi(Y(t, y_0))e^{-\int_0^t \mu(Y(\tau, y_0)) d\tau}$$

and T_{gdb} , which is implicitly defined by

$$T_{gdb}(t)\phi = T_{gd}(t)\phi - \int_0^t T_{gd}(t - \tau)B T_{gdb}(\tau)\phi d\tau$$

constitute strongly continuous semigroups of bounded linear operators on $C_0(\Omega)$.

Their adjoints define weak * continuous semigroups on $M(\Omega)$ (see part III).

For any consistent population model necessarily the cone of nonnegative functions in $C_0(\Omega)$ is invariant (the clan mean of a nonnegative function is nonnegative since the number of individuals is always nonnegative).

We conclude that population semigroups are *positive* semigroups. For these the spectral theory is developed in great detail (see LNIM 1184, R.Nagel, ed., One-parameter Semigroups of Positive Operators, Springer 1986).

The main conclusion is that under some irreducibility and compactness conditions there is a *stable distribution*. This means that asymptotically for $t \rightarrow \infty$ the population will grow (or decline) as $e^{\lambda_d t}$ where λ_d is the dominant eigenvalue of the problem, while its normalized y distribution takes the form of the corresponding eigenvector. The initial condition manifests itself in a multiplicative constant only.

EXAMPLE 3. By scaling x we can achieve that $x_{\max} = 1$. Assume that $x_{\min} \geq \frac{1}{2}$ (the smallest mother is larger than the largest daughter). The eigenvalue problem

$$\frac{d}{dx}(g(x)n(x)) = -\beta(x)n(x) + 4\beta(2x)n(2x) - \lambda n(x)$$

can now (since by definition $\beta(2x)n(2x) = 0$ for $x \geq \frac{1}{2}$) be solved in two steps. In order to satisfy the boundary condition $n(\frac{1}{2}x_{\min}) = 0$ we have to require that λ satisfies the characteristic equation

$$\pi(\lambda) = 1$$

where

$$\pi(\lambda) = 2 \int_{x_{\min}}^1 \frac{\beta(\xi)}{g(\xi)} \exp\left(-\int_{\xi/2}^{\xi} \frac{\lambda + \beta(\eta)}{g(\eta)} d\eta\right) d\xi$$

The corresponding n is given by

$$n(x) = \frac{\rho(x)}{g(x)} \exp\left(-\int_{x_{\min}/2}^x \frac{\lambda + \beta(\xi)}{g(\xi)} d\xi\right)$$

with

$$\rho(x) = \begin{cases} 1 & \text{for } \frac{1}{2} \leq x \leq 1 \\ 2 \int_{x_{\min}}^{2x} \frac{\beta(\xi)}{g(\xi)} \exp\left(-\int_{\xi/2}^{\xi} \frac{\lambda + \beta(\eta)}{g(\eta)} d\eta\right) d\xi & \text{for } \frac{1}{2}x_{\min} \leq x \leq \frac{1}{2} \end{cases}$$

Problem: verify that $\pi(0)$ is the average number of offspring of cells sampled at size x_{\min} growing up to at least size x_{\min} again.

Define $G(x) = \int_{x_{\min}/2}^x \frac{d\xi}{g(\xi)}$, then

$$\pi(\lambda) = 2 \int_{x_{\min}}^1 \frac{\beta(\xi)}{g(\xi)} e^{-\lambda(G(\xi) - G(\xi/2))} e^{-\int_{\xi/2}^{\xi} \frac{\beta(\eta)}{g(\eta)} d\eta} d\xi$$

Suppose $G(2x) - G(x)$ is constant (this amounts to $g(2x) = 2g(x)$ for all x) then

$$\pi(\lambda) = e^{-\lambda G(x_{\min})} \int_{x_{\min}/2}^{1/2} \frac{k(\xi)}{g(\xi)} d\xi$$

and consequently all roots of $\pi(\lambda) = 1$ lie on one vertical line in the complex plane. In that case there is *no* stable distribution because of lack of compactness. The biological point is that “equal size” is a hereditary property and consequently much information about the initial p-state remains manifest for all time.

In all other cases one can show that there is a real root λ_d of the equation $\pi(\lambda) = 1$ which is strictly dominant in the sense that $\operatorname{Re} \lambda < \lambda_d$ for all other roots. Moreover, one can show that the corresponding n_d is the stable distribution.

In cell kinetics one is frequently interested in the inverse problem: given measurements of the stable distribution what conclusions can be obtained concerning the i-behaviour as described by g and β . For the present model this has been investigated by Tyson & Diekmann (J. theor.Biol. (1986) 118 405-426) for data on fission yeast *Schizosaccharomyces pombe* obtained by Miyata and coworkers. \square

III. Functional Analytic Foundation

Let X be a Banach space. A collection of operators $T(t)$ on X is called a semigroup whenever

$$\begin{aligned} T(0) &= I \\ T(t)T(s) &= T(t+s) \quad , \quad t, s \geq 0 \end{aligned}$$

These arise when one investigates an autonomous (time translation invariant) system as the operators which map the state at some time at the state t time units later. The property $T(t)T(s) = T(t+s)$ corresponds to the uniqueness which is inherent in the state concept.

In most of this chapter we shall concentrate on the case in which, for fixed t , the operator $T(t)$ is bounded and linear. At the end we shall pay some attention to nonlinear operators.

For given $x \in X$ the mapping $t \mapsto T(t)x$ defines the orbit through x in X . It is customary to require such orbits to be continuous. The semigroup property and the boundedness of the operators together imply that continuity at $t = 0$

guarantees continuity for all t . Therefore one defines a *strongly continuous* (or C_0) semigroup by the additional requirement

$$\lim_{t \downarrow 0} \|T(t)x - x\| = 0$$

It is usually impossible to write down $T(t)$ explicitly on the basis of some modelling assumptions about the system, since the effect of various processes like growth, birth and death are intermingled. On an infinitesimal basis these effects are independent and additive. Therefore we are interested in differentiable orbits and in the differential equation which describes such orbits. Again differentiability at $t = 0$ guarantees differentiability for all t . So we define:

The (infinitesimal) generator A of $T(t)$ by

$$Ax = \lim_{t \downarrow 0} \frac{1}{t} (T(t)x - x)$$

with domain $\mathcal{D}(A) = \{x : \text{this limit exists}\}$

For results stated below without proof we refer to: A. Pazy, Semigroups of linear operators and applications to partial differential equations, Springer 1983.

The set $\mathcal{D}(A)$ is dense in X , the operator A is closed and can be the generator of at most one semigroup. The following famous theorem gives necessary and sufficient conditions for an operator to be the generator of a semigroup.

THEOREM III.1 (Hille-Yosida). A closed operator A with dense domain $\mathcal{D}(A)$ is the generator of a strongly continuous semigroup if and only if real numbers M and ω exist such that for all $\lambda > \omega$ the operator $\lambda I - A$ has a bounded inverse and

$$\|((\lambda I - A)^{-1})^n\| \leq \frac{M}{(\lambda - \omega)^n} \quad , \quad n = 1, 2, 3, \dots$$

For instance, if A is an elliptic operator one can use the spectral theory to verify these estimates and then the theorem yields existence and uniqueness for solutions of the parabolic equation.

This is *not* the way semigroup theory is used in structured population models. We shall not use the Hille-Yosida theorem!

Instead, as we have seen already in part II, we introduce the solution operators by a combination of explicit expressions (involving the characteristics) and a perturbation argument based on the variation-of-constants formula. Before working this out in more detail I want to answer a question which one might have: why then bother about the generator? The point is that the spectral theory of the generator yields information about the asymptotic behaviour of the semigroup! (see the text about Example 3 at the end of Section II; also recall that the asymptotic behaviour of the solutions of a system of ode's is governed by the eigenvalues of the matrix featuring in the differential equation)

THEOREM III.2. Let A_0 be the generator of a C_0 -semigroup $T_0(t)$ and let B a bounded linear operator. Then

$$A = A_0 + B \quad \text{with} \quad \mathcal{D}(A) = \mathcal{D}(A_0)$$

generates a C_0 -semigroup $T(t)$ and the variation-of-constants equation

$$T(t)x = T_0(t)x + \int_0^t T_0(t - \tau) B T(\tau)x \, d\tau$$

holds.

One can prove this theorem in various ways, but one proof starts from the v-o-c-f which is solved by successive approximations:

$$T(t)x = \sum_{j=0}^{\infty} T_j(t)x$$

with

$$T_j(t)x := \int_0^t T_0(t-\tau)BT_{j-1}(\tau)x d\tau \quad , \quad j \geq 1.$$

Subsequently one uses that $\frac{1}{t} \int_0^t T_0(t-\tau)BT(\tau)x d\tau \xrightarrow{t \downarrow 0} Bx$ to deduce that $T(t)$ is generated by $A = A_0 + B$.

EXAMPLE 1. (*age dependent population growth*)
Define

$$(T_g(t)\phi)(a_0) = \phi(a_0 + t)$$

on $X = C_0([0, \infty))$, the space of continuous functions on $[0, \infty)$ which tend to zero at ∞ , provided with the supremum norm. Since elements of X are uniformly continuous, the translation-operators $T_g(t)$ define a strongly continuous semigroup.

Clearly $\mathcal{D}(A_g) = \{\phi : \phi \in C^1\}$ and $A_g\phi = \phi'$. Define

$$(T_{gd}(t)\phi)(a_0) = \phi(a_0 + t)e^{-\int_{a_0}^{a_0+t} \mu(\alpha) d\alpha}$$

and

$$A_{gd}\phi = \phi' - \mu\phi$$

with $\mathcal{D}(A_{gd}) = \{\phi : \phi \text{ is absolutely continuous and } \phi' - \mu\phi \in X\}$. Note:

- 1) the expansion described above corresponds to the Taylor expansion of the exponential function
- 2) if we want to apply the above theorem we have to require that μ is continuous; however, our explicit expression makes sense and defines a C_0 -semigroup on X under far less restrictive conditions on μ ; for instance μ defined as an L_∞ equivalence class will do; in that case it is impossible to write the multiplication by μ as an operator with range in X ! The space X is not rich enough to describe the formal splitting of $A_{gd}\phi$ in the ϕ' and the $-\mu\phi$ part

Similarly when looking at $\frac{\partial m}{\partial t}(t, a_0) = -\frac{\partial m}{\partial a_0}(t, a_0) - \mu(a_0)m(t, a_0) + \beta(a_0)m(t, 0)$ one cannot describe the birth term $\beta(a_0)m(t, 0)$ by an operator with range in X if β is given in the L_∞ -sense only. Yet the renewal equation derived on page 18 can be solved by successive approximations and next the T_{gdb} semigroup can be defined in terms of the solution of the renewal equation. \square

We conclude that the easy perturbation result is not strong enough to deal in a functional analytic precise manner with population problems for which, on the other hand, it is perfectly possible to define solutions in terms of successive approximations. We shall now describe an extension of the perturbation result which is based on the construction of a wider space $X^{\odot*}$ in which X lies embedded. The construction is based on the behaviour of the unperturbed semigroup $T_0(t)$ at $t = 0$. Next the perturbation operator B is allowed to have its range in $X^{\odot*}$. Under a reflexivity condition the convolution integral brings us back to X .

The construction of $X^{\odot*}$ is also based on duality. In a sense we work with a second dual space, but with a canonical restriction procedure built into it.

It is convenient that our framework is based on duality, since, after all, we are heavily interested in the behaviour of $T^*(t)$ on X^* since this corresponds to the forward equation on the space of measures.

III.1. Dual Semigroups.

Let $T_0(t)$ be a C_0 -semigroup on X generated by A_0 . If X is non-reflexive the semigroup of adjoint operators $T_0^*(t)$ on the dual space X^* is, in general, not strongly continuous. However, we have a second natural topology on X^* , the weak $*$ topology (for our purposes the only important point of this topology is that a sequence x_n^* in X^* converges weak $*$ to $x^* \in X^*$ if and only if $\langle x, x_n^* \rangle \xrightarrow{n \rightarrow \infty} \langle x, x^* \rangle$ for all $x \in X$). And indeed it is very convenient to discuss continuity and differentiability properties of orbits relative to this topology. (The main results are due to Phillips, 1955, but the book *Semi-Groups of Operators and Approximation*, P.L. Butzer & H. Berens, Springer, 1967, is in my opinion the most convenient reference):

- 1) $t \mapsto \langle x, T_0^*(t)x^* \rangle$ is continuous (i.e. orbits are weak $*$ continuous).
- 2) $\frac{1}{t}(T_0^*(t)x^* - x^*)$ converges weak $*$ iff $x^* \in \mathcal{D}(A_0^*)$ and then the limit equals $A_0^*x^*$. Moreover $\mathcal{D}(A_0^*)$ is invariant under $T_0^*(t)$ and an orbit is weak $*$ differentiable if and only if it starts with an element of $\mathcal{D}(A_0^*)$.

Related to the fact that $T_0^*(t)$ need not be strongly continuous is the fact that A_0^* need not be densely defined. Of course we can restrict the semigroup to the maximal subspace of strong continuity, i.e.

$$X^\odot := \{x^* : \|T_0^*(t)x^* - x^*\| \rightarrow 0 \text{ as } t \downarrow 0\}$$

and likewise we can restrict A_0^* to the closure of its domain. The next result states that this amounts to the same thing:

THEOREM III.3. $X^\odot = \overline{\mathcal{D}(A_0^*)}$, is invariant under $T_0^*(t)$ and the strongly continuous semigroup $T_0^{\odot}(t)$ obtained by restriction to X^\odot is generated by A_0^{\odot} , the part of A_0^* in X^\odot (i.e. the largest restriction of A_0^* with range in X^\odot).

Remark: One can recover T_0^* from its restriction to X^\odot by the so-called *intertwining formula*

$$T_0^*(t) = (\lambda I - A_0^*)T_0^{\odot}(t)(\lambda I - A_0^*)^{-1}$$

(in our context this relation has the following “free” translation: if you first integrate, then translate and finally differentiate you may as well just translate).

Before going on with another duality round we state one more equivalence result: Lipschitz in norm \sim weak $*$ differentiable (in view of Alaoglu’s theorem on the compactness of the unit ball with respect to the weak $*$ topology this is not too surprising).

Define the so-called Favard class of T_0^* by

$$\text{Fav}(T_0^*) := \left\{ x^* : \limsup_{h \downarrow 0} \frac{1}{h} \|T_0^*(h)x^* - x^*\| < \infty \right\}$$

THEOREM III.4. $\text{Fav}(T_0^*) = \mathcal{D}(A_0^*)$

III.2. Second Dual Semigroups.

Starting from T_0^{\odot} on X^\odot we can repeat our procedure: introduce $X^{\odot*}$ and the weak $*$ continuous semigroup $T_0^{\odot*}$ and subsequently $X^{\odot\odot} = \overline{\mathcal{D}(A_0^{\odot*})}$ and the restriction $T_0^{\odot\odot}$ generated by the part $A_0^{\odot\odot}$ of $A_0^{\odot*}$ in $X^{\odot\odot}$.

The pairing $\langle x, x^\odot \rangle$ defines an embedding of X into $X^{\odot*}$ (note that X^\odot is weak $*$ dense and consequently $\|x\|' := \sup\{|\langle x, x^\odot \rangle| : \|x^\odot\| \leq 1\}$ defines an equivalent norm on X (which is identical to the old one whenever $T_0(t)$ is a contraction semigroup); therefore the embedding of X into $X^{\odot*}$ is a *closed* subspace). We shall denote this embedding by j . Clearly $j(X) \subset X^{\odot\odot}$ and $T_0^{\odot\odot}(t)j = jT_0(t)$.

DEFINITION III.5. X is called \odot -reflexive (pronounce as : sun-reflexive) w.r.t. T_0 iff

$$j(X) = X^{\odot\odot}$$

EXAMPLE 1. continued: $X^* = M[0, \infty)$ and

$$(T_g^*(t)\theta)(\omega) = \theta(\omega_t) \quad \text{where } \omega_t := \{a + t : a \in \omega\}$$

The domain of the weak $*$ generator consists of measures which have a bounded variation density (so that their derivative defines a measure again). When taking the closure the density still has to exist but need not be BV. Hence

$$X^\odot = L_1(0, \infty) \quad \text{and} \quad X^{\odot*} = L_\infty(0, \infty)$$

The embedding j assigns to the continuous function its L_∞ equivalence class. The domain of $A_g^{\odot*}$ consists of the Lipschitz continuous functions (so that their derivative defines an L_∞ element). When taking the closure the Lipschitz condition disappears but the continuity remains. However there is no condition on the behaviour at infinity other than uniform continuity. So

$$X^{\odot\odot} = BUC[0, \infty) \neq j(X)$$

since elements of $j(X)$ tend to zero at infinity. □

If we consider translations on the circle (periodic functions) or on the compactified line (require limits at infinity) then we do have \odot -reflexivity. So the property seems to be related to compactness. And indeed:

THEOREM III.6 (Phillips-de Pagter). X is \odot -reflexive with respect to T_0 iff the resolvent $(\lambda I - A_0)^{-1}$ is weakly compact.

Let us first concentrate on the \odot -reflexive case.

$$\begin{array}{ccc} X & \longrightarrow & X^* \\ B \uparrow & & \downarrow B^* \\ X^{\odot*} & \longleftarrow & X^\odot \end{array}$$

We shall not write the j (we identify X with its embedding in $X^{\odot*}$). Let B be a bounded linear operator from X into $X^{\odot*}$. So the range of B is in the larger space $X^{\odot*}$ which we have introduced on the basis of the behaviour of $T_0(t)$. We can now write the differential equation

$$u(0) = x \quad , \quad \frac{du}{dt} = A_0^{\odot*}u + Bu$$

for X valued functions u (so we look at orbits in X but the differential equation is an identity in $X^{\odot*}$) and integrate it to obtain the variation of constants equation

$$(*) \quad u(t) = T_0(t)x + \int_0^t T_0^{\odot*}(t - \tau)Bu(\tau) d\tau$$

The following key lemma tells us that we can solve the equation by successive approximations and gives further information.

LEMMA III.7. Let $f : \mathbb{R}_+ \rightarrow X^{\odot*}$ be a given norm continuous function. Define

$$v(t) = \int_0^t T_0^{\odot*}(t - \tau)f(\tau) d\tau$$

as a weak $*$ integral, i.e.

$$\langle v(t), x^\odot \rangle = \int_0^t \langle f(\tau), T_0^\odot(t - \tau)x^\odot \rangle d\tau \quad \forall x^\odot \in X^\odot$$

Then v is norm continuous, takes values in X and

$$\|v(t)\| \leq M \left(\frac{e^{\omega t} - 1}{\omega} \right) \sup_{0 \leq \tau \leq t} \|f(\tau)\|$$

Here M and ω are such that $\|T_0(t)\| \leq Me^{\omega t}$. Moreover

$$\frac{1}{t}v(t) \rightarrow f(0) \quad \text{weak } * \quad \text{as } t \downarrow 0.$$

If f is Lipschitz then v takes values in $\mathcal{D}(A_0^{\odot*})$ and is continuously weak $*$ differentiable and

$$\frac{d}{dt} \langle v(t), x^\odot \rangle = \langle A_0^{\odot*} v(t), x^\odot \rangle + \langle f(t), x^\odot \rangle \quad , \quad \forall x^\odot \in X^\odot$$

COROLLARY III.8. $(*)$ defines a C_0 -semigroup $T(t)$ on X and

$$\|T(t) - T_0(t)\| = O(t) \quad \text{for } t \downarrow 0.$$

Side-remark: One can also show the reverse: if T and T_0 are two C_0 -semigroups on X such that $\|T(t) - T_0(t)\| = O(t)$ as $t \downarrow 0$ then $B : X \rightarrow X^{\odot*}$ exists such that

$$T(t) = T_0(t) + \int_0^t T_0^{\odot*}(t - \tau) B T(\tau) d\tau.$$

COROLLARY III.9.

- 1) $\mathcal{D}(A^*) = \mathcal{D}(A_0^*)$ and $A^* = A_0^* + B^*$
- 2) (note that X^\odot does not change under these bounded perturbations)
 $\mathcal{D}(A^{\odot*}) = \mathcal{D}(A_0^{\odot*})$ and $A^{\odot*} = A_0^{\odot*} + B$

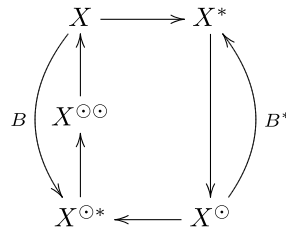
The generator of T is, of course, obtained by taking the part of A^* in X . Since this is basically a condition on the range of $A_0^{\odot*} + B$ the operator B may (and does in examples) influence the domain. So note that on the big spaces the domain of the weak $*$ generators does not change under bounded perturbations but that on the small spaces the domain of the strong generators may change considerably.

Note that in the \odot -reflexive case we stay in the realm of dual semigroups when applying bounded perturbations.

In the general case we can still obtain a C_0 -semigroup T^\odot on X^\odot by solving the dual variation-of-constants equation

$$T^\odot(t)x^\odot = T_0^\odot(t)x^\odot + \int_0^t T_0^*(t - \tau) B^* T^\odot(\tau)x^\odot d\tau$$

where $B^* : X^\odot \rightarrow X^*$ is the (restricted) adjoint of B .



The $O(t)$ estimate shows that $\mathcal{D}(A_0^*)$ is invariant under the perturbed semigroup since it is the Favard class. So the definition

$$T^\times(t) = (\lambda I - A^\times) T^\odot(t) (\lambda I - A^\times)^{-1}$$

where

$$A^\times = A_0^* + B^* \quad \text{and} \quad \mathcal{D}(A^\times) = \mathcal{D}(A_0^*)$$

makes perfect sense and it extends the semigroup to X^* .

Starting from T^\odot we can introduce $T^{\odot*}$ and $T^{\odot\odot}$ (note that $X^{\odot\odot}$ does not depend on B^*) but in general X will not be invariant (example: take the age dependent population problem and assume that the birth rate β has a non-zero limit for $a \rightarrow \infty$, then $C_0(\mathbb{R}_+)$ is not invariant). So at first sight it looks as if we cannot come full circle. However, the following lemma tells us that there is a canonical embedding of $X^{\odot\odot}$ into X^{**} and that $T^{\odot\odot}$ and T^\times are related by duality in the corresponding sense.

LEMMA III.10.

$$\begin{aligned} [x^{\odot\odot}, x^*] &= \lim_{t \downarrow 0} \frac{1}{t} \langle x^{\odot\odot}, \int_0^t T_0^*(\tau) x^* d\tau \rangle \\ &= \lim_{\lambda \rightarrow \infty} \lambda \langle x^{\odot\odot}, (\lambda I - A_0^*)^{-1} x^* \rangle \end{aligned}$$

defines a bilinear continuous mapping $X^{\odot\odot} \times X^* \rightarrow \mathbb{C}$ and

$$[T^{\odot\odot}(t)x^{\odot\odot}, x^*] = [x^{\odot\odot}, T^\times(t)x^*]$$

We call the $\sigma(X^*, X^{\odot\odot})$ topology the \odot topology. The lemma tells us that the orbits $t \mapsto T^\times(t)x^*$ are continuous in the \odot topology. Likewise we have

THEOREM III.11. $\frac{1}{t}[x^{\odot\odot}, T^\times(t)x^* - x^*] \xrightarrow{t \downarrow 0} [x^{\odot\odot}, A^\times x^*], \forall x^{\odot\odot}$
iff $x^* \in \mathcal{D}(A_0^*) = \mathcal{D}(A^\times)$.

So we now use the \odot topology to characterize the continuity and differentiability properties of orbits. But we still use the weak $*$ topology to define integrals since X^* equipped with the \odot topology is not necessarily sequentially complete. Nevertheless we can prove:

THEOREM III.12. Let $f : \mathbb{R}_+ \rightarrow X^*$ be norm continuous. Define

$$v(t) = \int_0^t T^\times(t-\tau)f(\tau) d\tau$$

Then v is norm continuous and takes values in X^\odot . If f is Lipschitz continuous then v takes values in $\mathcal{D}(A_0^*)$ and is continuously \odot differentiable and

$$\frac{d}{dt}[x^{\odot\odot}, v(t)] = [x^{\odot\odot}, A^\times v(t)] + [x^{\odot\odot}, f(t)] \quad , \quad \forall x^{\odot\odot}$$

The so-called semilinear problems are defined now by a Lipschitz continuous nonlinear mapping

$$F : X^\odot \rightarrow X^*$$

Again we look at orbits in X^\odot but interpret the differential equation

$$\frac{du}{dt} = A^\times u + F(u) \quad , \quad u(0) = x^\odot$$

as an identity in X^* . Solutions are defined by a contraction mapping argument via the integral equation

$$u(t) = T^\odot(t)x^\odot + \int_0^t T^\times(t-\tau)F(u(\tau)) d\tau$$

For $x^\odot \in \mathcal{D}(A_0^*)$, a dense subset, these satisfy the differential equation in the sunny sense.

The integral equation is the key ingredient for proofs of the linearized stability principle, the construction of stable, unstable and center manifolds and hence for a standard treatment of Hopf bifurcation.

This approach yields results for population dynamics in L_1 when only the birth-and death rate are affected by nonlinear feedback. If, however, the change

(or growth) rate of the individuals depends on the environment one has to work with evolutionary systems as we introduced them in part II. This still has to be worked out in detail.

Moreover, in the nonlinear case we don't have an intertwining formula to extend everything to X^* . So if we want to work with measures we have to follow the approach outlined in part II (feedback via the environment).

The set up of this chapter yields stronger results in the sense that the birth- and death rates are allowed to be defined in the L_∞ -sense only, provided the i -state space is one-dimensional. When the i -state space is higher dimensional the space X^\odot is characterized by some smoothness along the characteristics and "nothing" transversal to them. If the growth rate is independent of the environment this is probably not too bad a situation but in general it is not what we want. Therefore it seems more reasonable to take some smaller subspace which is still invariant, weak $*$ dense and such that orbits are strongly continuous.

On the other hand we cannot allow jumps in the birth or death rate unless these jumps are located on curves which are under all environmental conditions transversal to the characteristics.

In the near future the ideas outlined in part II and the present part have to be unified into one coherent framework.

【第4回 数理生物研究 × 計算機】

オブジェクト指向を用いたマルチエージェントモデルのシミュレーション

宮川大樹*, 一ノ瀬元喜†

1. はじめに

本記事は主に宮川が執筆を担当しています。どうぞよろしくお願いいたします。

さて、第4回目ではPythonのオブジェクト指向を使ってマルチエージェントモデルのシミュレーションプログラムを作ってみます。オブジェクト指向とはプログラミングの概念の一つで、実現したい処理を何かしらの「モノ」(オブジェクト)の動作として記述するやり方です。

例えば、エージェント1個体が1次元の x 軸上を n ステップだけ右(+1)か左(-1)にランダムに移動するプログラムを考えます。(オブジェクト指向と対比される)処理を順番に書いていく手続き型のプログラムの書き方であれば、時刻 t での x の値にランダムに ± 1 を加算することを n 回繰り返すようなプログラムを書くでしょう(図1左下)。その場合、特にエージェント(個体)というモノを考える必要はありません。一方で、オブジェクト指向でプログラムを書く場合、モノ、つまりエージェントを中心としてプログラムを作っていきます。したがって、まずエージェントを定義する(Agentクラスを作る)ところからプログラムが始まります。その定義が図1右側の白い長方形で囲われた部分です。エージェントは、現在の位置(x 座標)という変数と「移動する(位置を更新する)」という関数(メソッド)を持つように定義するのが自然でしょう。エージェントの定義後、エージェントの実体(オブジェクト)をagentという名前で生成します。その後、agentに対して n 回移動させることを繰り返します。このようにまずモノの定義を書き、その実体(オブジェクト)を生成したあとで、オブジェクトに対して操作を行うという形でプログラムを作っていくのがオブジェクト指向の基本的なやり方です。

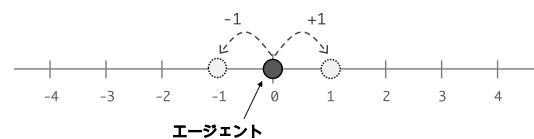
上記の例で示したように、この「モノ」を中心に処理を書いていくやり方はマルチエージェントモデルと非常に相性が良いです。なぜなら、マルチエージェントモデルはそもそも何らかの動作を行うエージェントが複数集まって構成されるシステムのモデルであり、エージェントを「モノ」と捉えればオブジェクト指向

を使って直感的にシミュレーションコードに落とし込むことができるからです。

本記事ではPythonでのオブジェクト指向の書き方を解説し、最終的にオブジェクト指向によるマルチエージェントモデルのコードを読み解くことで、オブジェクト指向とマルチエージェントモデルとの相性の良さが少しでも伝えられたらと思っています。

本記事の流れは次です：まず、オブジェクト指向の基本であるクラスとインスタンスについて説明をします。次に、Pythonでのクラスの書き方を紹介し、ランダムウォーカーを例にとって実際にクラスを作ってみます。最終的には、マルチエージェントモデルのシミュレーションプログラムを実装します。本記事では題材として進化ゲームを扱うことにしましょう。

今回用いる全てのプログラムのソースコードは、第1回～第3回と同様にこのニュースレター用のGitHub(<https://github.com/igenki/biomathNL>) [1]に置いてあります。場所は04という名前のフォルダになります。ダウンロード方法については第1回、第2回をご参照ください。



手続き型プログラミング

```
n 回繰り返す :
r = +1 or -1
x += r
```

オブジェクト指向プログラミング

```
Agent クラス
・ 現在の位置 : x
・ 移動する : move()

agent = Agent() ← エージェントの
                  オブジェクト生成

n 回繰り返す :
r = +1 or -1
agent.move(r)
```

図1 手続き型とオブジェクト指向

*静岡大学大学院

†静岡大学学術院工学領域

2. クラスとインスタンス

2.1 クラス

まずオブジェクト指向の基本となるクラスの説明から始めましょう¹⁾。クラスとは、端的に言うと、【変数群とそれを扱う関数群をひとまとめにして名前をつけたもの】であり、前節での言い回しを使うなら、「モノ」の設計図に相当します。またクラス内の関数は特別にメソッドという名前で呼ばれ、これは「モノ」の動作あるいはふるまいに相当します²⁾。

例として、1次元のランダムウォーカーをクラスで表現してみましょう。ここでは、1次元のランダムウォーカーとは直線上を正負どちらかのランダムな方向に一定量移動することを繰り返すものだとします。

クラスは変数とメソッドを持ちますので、ランダムウォーカーのモデルからそれらに相当する状態量や定数、ふるまいを抽出します。ひとまずランダムウォーカーの状態量は直線上の位置、定数は一度のランダムウォークでの移動距離、ふるまいはランダムウォークとします。これを RandomWalker クラスと名付けます。クラスの要素をまとめておくと以下のようになります。

RandomWalker クラス

- 変数
 - position : ランダムウォーカーの現在位置
 - speed : ランダムウォークの移動量
- メソッド
 - walk() : ランダムウォークさせる

2.2 インスタンス

前項にてクラスは「モノの設計図」であると書きました。これはすなわち、クラスはモノの性質を記述したものであり、具体的なモノそのものではないことを示します。言い換えると、先程の RandomWalker クラスは抽象的な枠組みを表しているだけであり、「現在位置 5, 移動量 1」や「現在位置 -2.4, 移動量 0.8」などの値を持つ具体的なランダムウォーカー自体を指さないということです。

クラスを基に作られる具体的なモノは**インスタンス**と呼び、またインスタンスを生成すること自体をイ

¹⁾オブジェクト指向にはクラスベース (Java や Python で使用) やプロトタイプベース (JavaScript で使用) などいくつかのスタイルがありますが、本記事では Python で採用されているクラスベースに絞って紹介します。

²⁾C 言語には構造体という概念がありますが、構造体は変数の集まりに過ぎず、メソッドを持たないことが最大の違いになります。

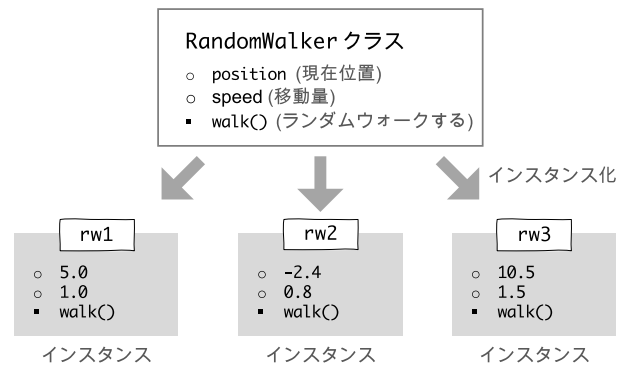


図2 RandomWalker クラスのインスタンス化

ンスタンス化と呼びます³⁾。図2を見てください。上部の RandomWalker クラスは状態変数 (現在位置) と定数 (移動量) を一つずつ持ち、ランダムウォークを行うという抽象的な定義になっています。それに基づいて具体的なランダムウォーカーを作ると、図2の下部に示すような「現在位置 5.0, 移動量 1.0 を持つ rw1」や「現在位置 -2.4, 移動量 0.8 を持つ rw2」などのインスタンスを生成することができます。ここで、rw1, rw2, rw3 はそれぞれのインスタンスにつけた名前です。シミュレーションプログラムを作るときは、クラスからインスタンスを生成し、インスタンスのメソッドを実行させていくように記述していくことになります。

3. Python でのクラスの使い方

それではよいよ Python でのクラスの定義方法、インスタンス生成のやり方、およびメソッドの実行方法を説明していきます。今回も Jupyter のノートブックを用意していますので、biomathNL の 04 フォルダに入っている class.ipynb ファイルを Jupyter で開いてください。

3.1 RandomWalker クラス

前節から引き続いてランダムウォーカーを題材にとります。せっかくなので先程の RandomWalker クラスに少し付け足して、シミュレーション結果を視覚的に表示できるようにしましょう。時間経過で位置がどのように変わっていったかをグラフで表示するために、ランダムウォーカーの軌道を記録する trajectory というリストを追加し、それを読み取ってグラフ化する show_trajectory() というメソッドも追加します。すると、以下のように書き表せます。

RandomWalker クラス

- 変数

³⁾インスタンスではなくオブジェクトと呼ぶこともありますが、本記事ではインスタンスで統一します。

- speed : ランダムウォークの移動量
- position : ランダムウォーカーの現在位置
- trajectory : ランダムウォーカーの歩いた軌道 (位置の座標)
- メソッド
 - `__init__(sp)` : 変数を初期化する
 - `walk()` : ランダムウォークさせる
 - `show_trajectory()` : 歩いた軌道をグラフ化して表示

3.2 クラスの定義

このクラスを Python で定義してみましょう。

まず「例. ランダムウォーカーのクラスを定義」という見出しの下にある 2 つのセルを順に実行してください。最初のセルはライブラリを読み込むためのものなので特に気にしないで良いです。次のセルでは `RandomWalker` クラスを実際に定義しています (ソースコード 1 にも同じ内容を示す)。以下でそれぞれの処理が何を意味しているのかを説明しましょう。

```

1 class RandomWalker:
2
3     # 変数の初期化
4     def __init__(self, sp=1.0):
5         self.speed = sp # 移動量
6         self.position = 0.0 # 初期位置
7         # 軌道を記録する
8         self.trajectory = [self.position]
9
10    # ランダムな方向 (-1 or 1) に一歩歩く
11    def walk(self):
12        # -1 or 1 を乱数で生成
13        tmp = nprd.randint(2)*2 - 1
14        # 前行で決めた方向に speed だけ移動
15        self.position += tmp * self.speed
16        # 軌道を記録する
17        self.trajectory.append(self.position)
18
19    # 歩いた軌道をグラフ化
20    def show_trajectory(self):
21        # 軸ラベルを設定
22        plt.xlabel('time', fontsize=12)
23        plt.ylabel('position', fontsize=12)
24        # 軌道をプロット
25        plt.plot(self.trajectory)

```

ソースコード 1 ランダムウォーカークラスの定義

1 行目は `class` というキーワードを使って、`RandomWalker` という名前のクラスを以下で定義するという宣言です。この宣言はクラスを定義する上で必ず最初に書かなくてはなりません。

コメント行を挟んで 4 行目からはメソッドを記述していきます。なお、Python ではクラスの持つ変数のこ

とを**属性**と呼ぶため、これより後はそのように呼称します。

4 行目の `__init__` メソッドはクラスを定義する上で重要なメソッドです。なぜなら、この名前をつけたメソッドはインスタンスを生成する際に**必ず最初に**呼び出されるからです。この性質から、`__init__` メソッドは主にインスタンスの属性を初期化するために使われます。

`__init__` メソッドの引数も重要な部分があるので見ていきましょう。最初の引数として `self` というキーワードが与えられています。これは Python のメソッドを定義する際に**必ず最初の引数に書かなくてはならない**ものです。一体なんのためのものかという、これは**インスタンス自身**を表す変数になります。5 行目を見てください。ここでは属性 `speed` の初期化が行われているのですが、この部分を「`speed=sp`」とだけ書いてしまうと、`speed` は一時的な変数だと解釈されてしまい、インスタンス固有の `speed` を書き換えることができません。しかし、5 行目に書いてあるように「`self.speed=sp`」と記述することでインスタンスがそれぞれ持つ `speed` という属性にアクセスして内容を `sp` で書き換えることができます。つまり、プログラムに「インスタンス自身の持つ属性・メソッドを参照させる」際に使用するのが `self` です。複数のエージェントがいた場合、その位置 (`position`) はエージェントごとに違いますよね。`self` をつけることで、エージェントのインスタンスごとに `speed`, `position`, `trajectory` を持たせることができます。

さて、`__init__` メソッドの説明に戻ると、まずデフォルト引数 (`sp=1.0` の部分)⁴⁾ で移動量を表す `speed` の値を指定しています (5 行目)。次に、現在位置の `position` は 0.0 で初期化し (6 行目)、最後にランダムウォーカーの軌道を保存する `trajectory` というリストに初期位置を加えています。

次の 11 行目からのメソッドはランダムウォーカーにとって最も重要なふるまいである、ランダムウォークを行わせる `walk` メソッドです。まずは乱数を使って直線上の正の向きに進むか負の向きに進むかを決定するのが 13 行目になっています。ここの `nprd.randint(n)` は $0 \leq r < n$ の整数乱数 r が生成できる関数です。今回は引数に 2 を設定しているため 0 か 1 を返し、結果として `tmp` という変数には -1 か 1 のいずれかが代入され、正負の向きが決まります。残る 15, 17 行目では向きと移動量から現在位置を更新し、それを `trajectory` に保存する処理が行われています。

最後のメソッドは軌道を可視化するためのものです (20~25 行目)。`walk` メソッドを繰り返すことで、

⁴⁾ 引数のデフォルト値も共に記述しておくことで、その引数を指定しないままメソッドを呼び出しても自動的にデフォルト値が適用される書き方。

インスタンス生成・メソッドの実行

```

1 # ランダムウォーカーのインスタンスを生成
2 speed = 1.5 # 移動量
3 rw1 = RandomWalker(speed) # 移動量を引数に渡す
4
5 # 100回ランダムウォークさせる
6 for i in range(100):
7     rw1.walk()
8
9 rw1.show_trajectory() # 軌跡を表示させる

```

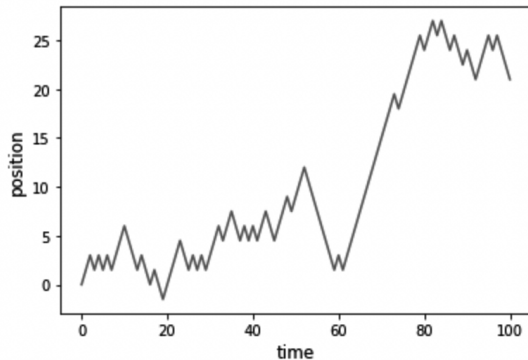


図3 RandomWalker クラスのインスタンス化・メソッドの実行

trajectory というリストにはランダムウォーカーの位置が時系列順に保存されています。それは25行目のようにそのまま plt.plot 関数に渡すと、簡単にグラフ化して表示してくれます。

3.3 インスタンス生成・実行

次に、「インスタンス生成・メソッドの実行」と題されたセルを実行して、実際にシミュレーションを走らせてみましょう。その部分のソースコード及び結果のグラフを図3に示します。ここでは移動量1.5を持つランダムウォーカーのインスタンス rw1 を生成し(2,3行目)、それに100回ランダムウォークさせ(6,7行目)、最後に軌跡を表示させています。ランダムウォーカーのインスタンスの生成は、rw1 = RandomWalker() で行なっていますが、ここでは引数として speed を渡しています。この引数は __init__ メソッドの sp という引数に対応します。引数を省略した場合には、前述したように sp=1.0 のデフォルト値がインスタンスの speed に設定されますが、ここでは speed=1.5 という値を渡しているので1.5で上書きされます。このように、オブジェクト指向を用いた実装では「インスタンス」が「何か動作する」という形式で直感的にコードを組むことが可能です。この直感的なコードは作成者が書きやすいことはもちろん、読んで理解するときにも読みやすくなります。

4. オブジェクト指向を用いたマルチエージェントモデルのシミュレーション

最後に、オブジェクト指向を用いたマルチエージェントモデルの応用例として正方格子上での空間進化ゲームモデルの実装を紹介します。

モデルを整理しておきましょう。図4にモデルの流れを図示します。正方格子については、今回 $L \times L$ のサイズで周期境界条件かつ4近傍とします。格子の全ての頂点に配置されるエージェントたちは、協力(C)か非協力(D)かのどちらかの戦略を持ち、初期状態ではランダムに決められています(図4の左)。エージェントは近傍エージェントとゲームを実施して利得を得ることができます。その際、お互いの戦略の組み合わせによって利得が決まります:互いの戦略がCならR, お互いにDならP, 自分がCで相手がDなら自分はSを得て、相手はTを得ます(図4に利得行列の形で示す)。今回のシミュレーションでは $(R,S,T,P) = (5,0,6,1)$ と設定しました⁵⁾。

1世代では全ての隣り合うエージェント同士の間で一度ずつゲームを実施して利得を蓄積し、その後、それぞれが自分+近傍の中で最も高い利得を得たエージェントの戦略で自らの戦略を同期的に更新します(図4の右)。

4.1 Agent クラスの定義

今回、エージェントのみをクラスで表現することにしましょう。エージェントは「利得を蓄積し」、かつ「自分+近傍の中で最も高い利得を得たエージェントの戦略で自らの戦略を更新する」ことができるとします。エージェントのクラスをこれまでの形式で表すと次のようになるでしょう。

Agent クラス

- 変数
 - strategy : 戦略
 - payoff : 蓄積した利得
- メソッド
 - __init__ : 変数を初期化する
 - get_payoff() : 利得を蓄積させる
 - update_strategy() : 戦略を更新する

実際に Agent クラスを定義したものが SpEvolGame.ipynb にあります。ソースコード2にコードを提示します。

```

1 class Agent:
2
3     # 初期化用
4     def __init__(self):

```

⁵⁾これは $T > R > P > S$ という条件を満たすため囚人のジレンマゲームになっています。

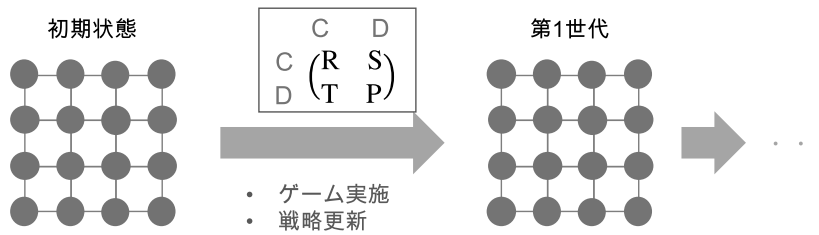


図4 格子上での進化ゲーム

```

5 # 協力 (C) か非協力 (D) をランダムに
  決める
6 self.strategy = np.random.choice(['C'
  , 'D'])
7
8 # 次世代で使う戦略
9 self._next_strategy = None
10
11 # 世代ごとのリセット処理
12 self.reset()
13
14
15
16 # 世代ごとに実施されるリセット処理
17 def reset(self):
18     self.payoff = 0.0 # 利得を初期化
19
20
21
22 # 利得を得る
23 def get_payoff(self, p):
24     self.payoff += p
25
26
27
28 # 近傍エージェント+自分自身の中から
29 # 最も利得の高い戦略を見つけて一時保存
30 # (引数のneighbors は4近傍のエージェント
  リスト)
31 def find_next_strategy(self, neighbors):
32
33     # 近傍 + 自分のリストを作る
34     list_with_me = neighbors + [self]
35     # 同じ利得がある場合に備えて、参照順
  をシャッフル
36     np.random.shuffle(list_with_me)
37
38     # 最大利得を持つエージェントを探す
39     max_agent = list_with_me[0]
40     for i in range(1, len(list_with_me)):
41         a = list_with_me[i]
42         if a.payoff > max_agent.payoff:
43             max_agent = a
44
45     # 最大利得を持つエージェントの戦略を
  メモ
46     self._next_strategy = max_agent.
  strategy
47
48
49
50 # メモした次世代の戦略で更新 (同期更新用)
51 def update_strategy(self):

```

```

52 self.strategy = self._next_strategy

```

ソースコード2 エージェントクラスの定義

先ほどまでと同様に、ソースコードへの簡単な説明を加えます。4行目からの`_init__`メソッドでは属性の初期化が行われていますが、特に`strategy`はCかDの文字のうちからランダムに選んで初期化されるよう記述しています。これは、格子上の初期戦略配置をランダムにするためです。

また、戦略の更新を同期的に行うため、更新の処理を`find_next_strategy`メソッドと`update_strategy`メソッドの2つに分割しました。前者では最も高い利得を持つエージェントの戦略を特定し、それを`_next_strategy`という属性にメモします。その後後者を実行して、一度メモしておいた戦略で`strategy`を更新するという流れです。

17,18行目の`reset`メソッドは世代が更新されるたびに行う処理を書いたものですが、エージェントの主要なふるまいではないためそれほど気にしなくて構いません。

4.2 シミュレーションを実行

それではAgentクラスを用いた進化ゲームのシミュレーションを実行してみましょう。SpEvolGame.ipynbのAgentクラスを定義したセルの下、「シミュレーション用の関数群」と題されたコードのセルをShift+Enterで実行し、そのまま次の「シミュレーションを実施」と題されたコードを実行してみてください。少し時間がかかりますが、シミュレーションの進捗確認バーが徐々に100%に近づいていった後、直下にグラフが表示されると思います(図5)。このグラフは世代が進むにつれて協力者の割合が変化する様子を表したのようになります。今回使用した $(R, S, T, P) = (5, 0, 6, 1)$ というパラメータセットだと、恐らく協力者割合が0.8前後で変化が止まっていると思います。もう少しシミュレーションを動かしてみたい方は「シミュレーション用の関数群」セルの最上部で宣言されている (R, S, T, P) の値を変えて再度実行してみるといいでしょう。例えば $(R, S, T, P) = (3, 0, 6, 1)$ というパラメータセットに変更するとグラフが大きく変わります。

シミュレーションを実施

利得行列などのパラメータを変更したい場合は上のセルの最上部を直接変更する

```
1 # 100 世代のシミュレーション
2 simulate(100)
```

***** 100%

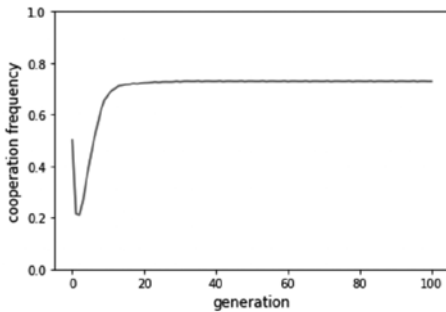


図5 進化ゲームのシミュレーションを実施

4.3 シミュレーション用の関数

実際に Agent クラスをどのように使用してシミュレーションを組み上げているかを見ていきましょう。まず、実際にシミュレーションを行う関数 `simulate()` は大まかに言うと図6のような流れをしています。初期化やゲーム実施などフローを構成するそれぞれの段階では、エージェント一つ一つに逐次的にアクセスし、初期化など所定の動作を行わせています。

Agent クラスのインスタンスをどのように使用しているか確認するため、関数群の中から例として戦略更新を実施している `update_strategies` 関数を取り上げます。ソースコード3にコードを示します。この関数で行われている処理を読み解く上で最も大事な部分は、98,99行目の二重ループと113行目のメソッド実行部分、およびそれと同様のことを行っている116~118行目です。

98,99行目の二重ループは2次元リストの形で保存されている正方格子上的エージェント集合のそれぞれについて、逐次的にアクセスするための手続きです。for文の内部では、`focal` というローカル変数に現在注目している Agent クラスのインスタンスが収まっており、それが何行何列に位置するものかが `i` と `j` の変数に入っています。そして113行目ではその `focal` エージェントのメソッドを実行しています。このように、1) それぞれのエージェントに逐次的にアクセスし、2) それぞれのメソッドを実行していくのがクラスを用いたマルチエージェントのシミュレーションコードの基本的な書き方になります。

それ以外の行についても見ておきましょう。95行目ではグローバル変数にアクセスするということを明言しています。ここで `L` は格子の一辺の長さ、`agent_list` は Agent クラスのインスタンスの2次元リスト(並びがそのまま格子を表すもの)です。104~109行目では

`find_next_strategy` に渡すために `focal` エージェントの近傍エージェントをリスト化しています。4近傍のため、行番号や列番号を1つ増減すれば上下左右の近傍エージェントそれぞれを取得できます⁶⁾。

```
92 # 全エージェントの戦略を同期的に更新させる
93 def update_strategies():
94     # グローバル変数
95     global L, agent_list
96
97     # 二重 for 文でそれぞれのエージェントについて処理
98     for i,l in enumerate(agent_list):
99         for j,focal in enumerate(l):
100             # focal : 注目するエージェント
101             # (その座標が (i, j) )
102
103             # focal の近傍エージェントを取得
104             neighbors = [
105                 agent_list[i-1][j], # 上
106                 agent_list[i][j-1], # 左
107                 agent_list[i+1-L][j], # 下
108                 agent_list[i][j+1-L] # 右
109             ]
110
111             # 近傍+自分の中で最も高い利得を持つエージェントを探させる
112             # (その戦略をメモさせておく)
113             focal.find_next_strategy(
114                 neighbors)
115
116             # 全エージェントについて、メモさせた戦略で更新させる
117             for l in agent_list:
118                 for focal in l:
119                     focal.update_strategy()
```

ソースコード3 戦略更新関数のコード

それ以外の関数についてもほとんど同様の形式で実装されていますので、残りの関数に対する解説は割愛させていただきます。Jupyter ノートブックになるべくコメントを付けていますのでそちらを参考にしてください。

4.4 まとめ

以上のことを踏まえて、マルチエージェントモデルをオブジェクト指向で実装する際のおすすめ手順をまとめてみます。

- (1) エージェントのふるまいを列挙する (エージェン

⁶⁾ただし、周期境界条件には気をつけなければいけません。107行目ではリストの添字に `i+1-L` と入れていますが、これは Python が長さ `N` のリストの添字として `-N~N-1` までの整数の全てを許容するという仕様を応用した記述になります (`-N~1` までの添字を渡したときは、それぞれ添字 `0~N-1` を指定した場合と同じ動作になります)。108行目も同様です。



図6 進化ゲームのシミュレーションフロー

- トは～する、の形で主語述語形式にすると良い)
- (2) クラスを定義してコードへ実装する
 - (3) シミュレーションの大まかなフローを組む
 - (4) フローのそれぞれの段階を実装する (関数化しておくで見やすい)

また、今回はエージェントのみをクラス化しましたが、シミュレーション自体もクラスにすることだってできます。つまり、SpEvolGame.ipynb ではグローバル変数と関数を用いて実装していた部分を、クラスの属性とメソッドの形で構成するのです。そうすると、少なくともグローバル変数を使う必要がなくなるため少しばかりコードが書きやすくなるかもしれません。

シミュレーションのクラスを作っても複数のインスタンスを作る必要がないのではないかとと思われるかもしれませんが、例えばシミュレーションに必要なパラメータセットを変数にしておけば、異なるパラメータセットでのシミュレーションを異なるインスタンスで行うことができ、結果のグラフを統合する必要がある場合などに役立ちます。これはグローバル変数を使っていたら難しいことです。

5. おわりに

今回はオブジェクト指向プログラミングについて簡単に解説し、Python でクラスを実装する方法を紹介しました。最終的には、応用例として空間進化ゲームのシミュレーションプログラムを実装してみました。

その他にも自分でエージェントを定義さえすればあらゆるマルチエージェントモデルのシミュレーションを実装することが可能です。例えば感染症のマルチエージェントモデルを作るなら、エージェントが免疫のない未感染個体 (S)、感染個体 (I)、あるいは回復個体 (R) のどれかという状態を変数として持ち、もし感染個体なら他人に感染させ、一定確率で自らは回復するというようなふるまいを定義することになるでしょ

う。また、エージェントの感染率や回復率に個体差があるような場合も、それぞれのエージェントに固有の変数として持たせればいいだけです。このように、エージェントがどのようなものかさえしっかり定義できていれば、ただの配列や構造体を使うより直感的にコードを書くことができるので、オブジェクト指向はおすすめです。

本記事でのオブジェクト指向に関する解説は、「Javaの絵本」[2]と「Software Design 2021年3月号」[3]の記事を主に参考に執筆しました。また、第2回でも紹介したビンガムトン大学の佐山先生の本にもマルチエージェントモデルをPythonで実装したコードが紹介されておりますので、興味のある方はそちらもご覧ください[4]。

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

本記事は、以下の編集委員の方々（敬称略）に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] 株式会社アंक. Javaの絵本 第3版 Javaが好きになる新しい9つの扉. 株式会社 翔泳社, 2018.
- [3] 谷本心. オブジェクト指向への再入門, 2021年3月号 of *Software Design*, Javaでもう一度学び直すオブジェクト指向プログラミング, pp. 18–25. 株式会社 技術評論社, 2021.
- [4] Hiroki Sayama. *Introduction to the Modeling and Analysis of Complex Systems*. Open SUNY Textbooks, 2015. <https://textbooks.opensuny.org/introduction-to-the-modeling-and-analysis-of-complex-systems/>.

【報告】

第6回数理生物学交流発表会

2021年3月6日(土)～7日(日) 静岡大学浜松キャンパス

https://wpp.shizuoka.ac.jp/kazunorisato/wp-content/uploads/sites/266/2021/03/6th_program20210306.pdf

佐藤一憲*

昨年度は、新型コロナウイルスの感染拡大防止のために、この交流発表会もやむなく中止となりました。今年度についても、岡山大学と静岡大学の主催者の間で話し合い、学会の大会をはじめとする他の学術的な集会の開催状況にならって、オンラインで開催することにしました。参加者の皆さんも大学でのオンライン授業に慣れているためでしょうか、ネットワークにつながらない等のトラブルもなく、進めることができました。感想にもありますように、“顔を合わせて話すことができなかつたことは残念でした”が、それができなかつたことによって、今まで当たり前に行っていたことの重要性に改めて気づかされているように思います。

初めてのオンライン開催にも関わらず、今年度も多くの方に発表していただきました。また、10名以上の方に聴講者としてご参加いただきました。気軽に参加していただけることがオンライン開催のもっとも大きなメリットだと思っています。

オンライン開催だと、交通手段を乗り継いで移動しなくても良いですし、宿泊をする必要もありません。自宅でもお気に入りのカフェでも、コンピュータを立ち上げてzoomのリンクをクリックすればお目当ての話を聞くことができます。大きな学会の大会のように並列して講演が行われているときには、複数のコンピュータをつないでいけば、複数の講演を聞くことだってできます。

しかし、やはり、住んでいる所を離れて、知らない街や憧れの場所に足を運んでみたり、そこでおいしいものや珍しい食べ物を味わうことはとても楽しいことです。それ以上に、知らない人と出会って、知識を広げたり発想の新鮮さに驚いたりすることは、何事にも代えがたい経験です（コンピュータの画面を通すことによって得られなくなってしまうコミュニケーションのもっとも重要な要素は何なのでしょう?）。

これまでのような対面での開催が早く行えることを望みながら、オンライン開催のメリットも生かせる方法を模索していきたいと考えています。

3人の方から感想をいただきました。来年度も多くの方に参加していただきたいと思っています。

*静岡大学工学部

■ **岡田徹也**（静岡大学大学院 総合科学技術研究科 工学専攻 修士1年）

私は今回初めて数理生物学交流発表会に参加させていただきました。同じ大学のひととでさえ会うことがはばかれる中で、共通の分野で研究をしている全国の学生と交流が持てる良い機会となりました。

私は学部時代より研究を進めてきた「害虫防除における天敵が及ぼす影響」について発表させていただきました。このような交流発表会で特に意義深いのは質疑応答の時間だと思いますが、私は参考文献の著者である先生から質問やアドバイスを直接頂くことができ、今後の研究において大変貴重なものとなりました。また当然ながら一人一人発表のテーマやアプローチが異なり、聞いていて非常に興味深く、刺激を受けました。この交流発表会が開催された少し後に初めて学会に参加させていただいたのですが、今回の発表を生かし、落ち着いて発表することが出来ました。そういった意味でもこの交流発表会は自分にとって価値のあるものでした。

私は本来であれば昨年度にもこの数理生物学交流発表会に参加させていただく予定でしたが、新型コロナウイルスの世界的な流行の影響で中止となってしまいました。1年が経過しても依然として改善されない大変な状況下で数理生物学交流発表会を開催していただいた先生方や、参加していただいた皆様に心より感謝申し上げます。

■ **久保有祐子**（奈良女子大学 理学部 化学生物環境学科 環境科学コース4回 高須研究室）

数理生物学交流発表会に参加させていただき、ありがとうございました。学外の発表に参加させていただくことや、他大学の方々の研究発表を聞かせていただくことが初めてだったので、とても良い経験になりました。

共通の分野について学んだ同世代の方々の研究内容について知ることができ、刺激を受けました。私はSIRモデルなどを用いて研究を行ってきましたが、同様に感染症の数値モデルを発展させた様々な研究があり、興味深く感じました。他にも多くの数理生物学に

関する研究があることを知ることができ、さらに勉強して研究分野に関する知識を深めたいと感じました。

今回はオンライン開催だったこともあり、先生方や他の大学の方と顔を合わせてお話しできなかったことが残念でしたが、他の方の研究発表やスライドの作り方から学ばせていただくことは多く、参加させて頂けて良かったと感じました。学んだことを今後の研究に活かして、より成長した姿で次の発表や意見交換が行えるよう精進したいと思います。最後に、交流発表会を企画および運営してくださった先生方に深く感謝申し上げます。

■ 坪田一輝（岡山大学大学院 環境生命科学研究科 生命環境学専攻 修士2年）

昨年も参加する予定でしたが、コロナウイルスの影響で中止になってしまい、今年はオンライン開催ということで今回初めて数理生物学交流発表会に参加させていただきました。他大学の方々の発表はどれも興味

深いものばかりであり、非常に貴重な経験をすることができました。

私は今回、クマがサケの一部を残すという行動に着目し、それをモデル化した研究内容を発表させていただきました。発表会では、私が取り組んできた生態系の数理モデルのほか、感染症モデルやゲーム理論、情報ネットワークなど、私が今まで知らなかった研究が数多くあり、たくさんの新しい知見を得ることができ視野が広がりました。また、学外での研究発表という機会をいただいたことで、分かりやすく説明する力を向上させるだけでなく、他大学の方からの質問やコメントをいただき、自分の研究への理解を深めることができました。

最後に、このような交流会を企画および運営してくださった佐藤一憲先生をはじめとする多くの先生方に、この場をお借りして御礼申し上げます。この度は誠にありがとうございました。数理生物学交流発表会の今後の益々の発展を心からお祈り申し上げます。

【特集】

2020年度 卒業論文・修士論文・博士論文

卒業論文

道籟優

関西学院大学理工学部生命科学科

飼料による牛のルーメン微生物の動態とVFA

近年、牛に与える飼料は、経済効率のため、繊維質の多い粗飼料（干し草など）を減らし高栄養飼料を多く与えるように変化した。その結果、ルーメンが酸性化しルーメンアシドーシスと呼ばれる病気で死ぬ牛が増えてきた。

本研究では、2種類の飼料に対してそれぞれを主に利用する微生物を考慮し、その動態を調べた。これらの微生物は互いに場所をめぐる競争、資源をめぐる競争、加えて環境の酸性化による相手の抑制によって相互作用する。

1日2回の餌の給与において、先に粗飼料を与え、その後遅れて高栄養飼料を与えることで、アシドーシスのリスクを低下させられることを発見した。

中井里奈

関西学院大学理工学部生命科学科

文化進化モデル:カカオの飲み方を例に

カカオはもともとアメリカ大陸で、トウガラシを加えて薬として飲まれていた。ヨーロッパに持ち込まれてから、砂糖を加えて飲みやすくする、パウダーにしてカカオ飲料とする、板チョコレートにする、ミルクチョコレートにする、といった改良がなされることで広まっていった。これらの変化を文化進化としてとらえ、飲み方の発明と広がり、より魅力的な行動の採用、個体数の有限性による揺らぎ、などを取り込んでシミュレーションした。近年ヨーロッパでの人口増大も考慮して、妥当性を検討した結果、まれな行動がより魅力的であること、新しい行動を思いつくイノベーションは確率が非常に低いことがわかった。

郭 詩雨

関西学院大学理工学部生命科学科

生ミルクを飲む習慣と消化酵素の共進化

哺乳類ではもともと、乳糖を分解するラクターゼは

幼獣だけで分泌され、成獣になると作られない。しかしヒトでは、生ミルクを飲む習慣と共進化した結果、成人でもラクターゼを作り続ける人がいる。しかし民族によっては（東アジアなど）、酵素の生産が低く、ミルクを飲むと気分が悪くなる乳糖不耐症がみられる。これを、生ミルクを飲む習慣とラクターゼ遺伝子の高い活性を持つかどうかの共進化として解析した。単純化のため、半数体ゲノムで、また文化伝播では健康である個体が魅力的で真似されるという仮定をおいた。生ミルクを飲んで酵素活性が高いのと、飲まないで酵素活性が低い、の2つの極端な状態が、共に安定か片方だけが安定かのいずれかになった。

藤田優之

関西学院大学理工学部生命科学科

動物の体表模様形成のKernel型 Turing モデル

S. Kondo (2016) によって提唱されたKernel型 Turing model が作り出す空間パターンについて、格子に並んだ細胞が示す空間パターンを調べた。相互作用が細胞間距離の関数として様々な形をもつ状況で、1次元の場において周期的パターンが作り出され、2次元細胞シートでは縞型・迷路型・斑点型などが出現する。相互作用の関数形とパターンの周期などについて数値的に調べた。

西浦杏奈

関西学院大学理工学部生命科学科

皮膚の保湿能力と肌タイプ

皮膚には水分量と皮脂量とのバランスより、N肌（標準で健康）、D肌（乾性）、O肌（脂性）、OD肌の4つに分けられている。水分量と皮脂量とコスミド（保湿因子）の3変数の微分方程式を作り、体質や環境の平衡状態への依存性を調べた。そこでは、水分の蒸散がコスミドによって抑えられる、コスミドの生産はストレスで低下する、皮脂生産はテストステロンで増大し、肌が強く乾燥するとそれを防ぐために皮脂が生産される、などの相互作用を考慮した。その結果、どのような体質がそれぞれの肌タイプを作りやすいか、を導いた。また温度や湿度の季節変動を考慮すると、冬にD肌になりやすく、夏にはO肌になりやすいことを

説明できた。

大橋諒也

関西学院大学理工学部生命科学科

花粉症の舌下免疫療法：ビタミン A とビタミン D による症状改善の数理モデリング

花粉症の舌下免疫療法に対する Hara-Iwasa モデル (2017) をもとに、ビタミン A およびビタミン D の効果を検討した。ビタミン A は免疫寛容をもたらす制御性 T 細胞への分化を促進する。その結果、花粉症発症への抑制効果が示された。またビタミン D はバリア機能を高めることで、花粉症の抑制に効果がある。これらの投与を、単独でもしくは舌下免疫療法と組み合わせることで、花粉症改善に役立つことがわかった。

岸岡美玖

関西学院大学理工学部生命科学科

感染症に対する外出制限の効果

コロナウイルス感染症を念頭に、外出制限や手洗い・うがいの奨励などにより感染率を低下させる効果について調べた。ホストの年齢群を3つに分け、それらは活動の度合い、感染する率、感染個体の治癒速度、死亡率などが異なるとした。また病院のベッド数に限りがあり、それを超えると死亡率が上がるとした。多数のパラメータに対する感度分析を行った結果、死亡者数は高齢個体が高いが、それを抑制するには中年個体の外出制限をすることが、もっとも効果が高いことが明らかになった。

松尾秀樹

関西学院大学理工学部生命科学科

ウイルスの生物学と感染症の人類史

ウイルスの基礎生物学や細菌やウイルスによる感染症（パンデミック）が人類にもたらした効果について取りまとめた。また集団免疫や基礎再生産数などの基本概念を整理した。ついで、突然変異によって感染率が高い変異体が出現する効果、などについて数理的に検討した。またウイルスが人類にとって役立っている例も含めて、ウイルスの役割を総説した。それらをまとめて、今後ウイルス病と人類が共存していく可能性について議論した。

小曾根詩穂美

関西学院大学理工学部生命科学科

毒性が強いウイルスほど進化速度が速いのはなぜか

ニジマスのウイルス病の解析によると、毒性の強い

ウイルスほど、分子進化速度が速く、また非同義置換／同義置換の比率が高い。これらを説明するために、ホスト体内のウイルス量、特異的免疫細胞数、メモリー細胞数からなる3変数モデルにおいて、ウイルスが排除されるまでの間の総量が毒性に比例するとして計算した。突然変異によって抗原タイプの異なるものができる、もとの免疫細胞は抑制できない。そのため別の特異性をもつ免疫細胞が活性化される必要がある。その結果、ウイルス排除までのウイルス総数が増大し、毒性をあげる。ウイルス増殖率や免疫細胞の反応効率などの結果として、毒性がどのように決まるかの公式をもとめた。

篠原碧衣

関西学院大学理工学部生命科学科

猫ひっかき病の数理

猫ひっかき病は Bartonella 菌という細菌が引き起こす人獣共通感染症である。感染猫には症状があらわれないが、猫に引っ掻かれた人が、発熱やときに重篤な症状を引き起こす。日本では、約半数の猫が生涯の間に感染する。ネコの集団動態として出産を含むモデルを考え、若齢と老齢に分け、家の中と外を区別し、それぞれでの感受性個体、感染個体、回復して免疫を持つ個体、の数がどう変動するかを調べた。

その結果、[1] 室内猫、野良猫ともに、老齢猫よりも若齢猫の方が罹患猫数が多いこと、[2] 若齢猫では感受性がある猫が一番多く、老齢猫では治って免疫を持った猫が一番多いこと、[3] 若齢猫、老齢猫ともに、室内猫よりも野良猫の方が罹患猫が多いことがわかった。

修士論文

喜里山一登

関西学院大学大学院理工学研究科生命科学専攻

エージェントベースモデルにおける魚群に影響を与えるプロセス

Processes affecting size of fish schools in agent-based model

魚の群れ形成を、個体間の簡単な相互作用が作りだすものとしてとられたモデルにおいて、分裂したり融合したりする結果どのような群れサイズになるかを解析した。群れがマーチ（1方向に泳ぐ群れ）とサークル（ドーナツ状の群れ）のいずれになるかについての Kubo and Iwasa (2017) をもとにした。そこに個体間の遊泳速度の違い、相互作用が及ぶ範囲、捕食者との出会いによる群れの分裂、個体ごとの揺らぎ捕食者発見後の逃避、狭い通路を抜けるモデルなども取り込ん

で、様々な方向に拡張して調べた。

その結果、群れがマーチになるかサークルになるかという形を決める要因と、群れの大きさ（群れあたりの個体数）を決める要因とが、2つの要因群に分かれることを発見した。

金山湧貴

関西学院大学大学院理工学研究科生命科学専攻

恐竜はなぜ大きくなったのか：生活史戦略からの数理的考察

Why did sauropod dinosaurs grow so big? – a possible answer from the life history theory

中生代に、草食恐竜の竜脚類の体サイズが非常に大きくなった理由について、生態学的生活史戦略モデルにもとづいて議論した。

繁殖開始まではlogistic成長し、繁殖開始で成長が止まるとの仮定のもと、生涯繁殖成功度（適応度）を最大にするように繁殖開始齢を決めるとした。出産率は、体のサイズと環境での餌の手に入りやすさに依存し、捕食者からの死亡率は体が大きいほど小さくなる、とした。進化すべき生活史では、小さい時の成長が速いと繁殖時の体サイズがつよく増大し、捕食者回避の効果は逆に繁殖サイズを低下させることがわかった。

中生代は大気中の二酸化炭素濃度が現在の5倍から8倍近くあって温暖化し、極地の氷もなく、地球全体が海洋性の穏やかな気候で、消化しやすい餌が手に入る季節が長かった。加えて、それまでの爬虫類や哺乳類とは異なり、恐竜は骨の中空構造が気嚢式呼吸をもたらすために呼吸の効率がよく、高い代謝速度を実現したことや、骨の解剖学的な構造から、小さいときに素早く成長したと推測される。

中西紘一

関西学院大学大学院理工学研究科生命科学専攻

花粉症の舌下免疫療法の数理モデルとその展開

舌下免疫療法は、少量の抗原を口から取り込む治療を長期間続けることで、環境中の花粉をあびても花粉症がおきないようになる療法である。制御性T細胞(Treg)が蓄積されることで、Tヘルパー細胞の反応が抑制されるようになるとするHara and Iwasa(2017)を拡張し、数理的解析をおこなった。

先行研究では、何度も環境中の花粉を浴びると花粉症が起きなくなるという間違った予測をする。腸内免疫において免疫寛容が成立しやすいことに注目し、肺などの粘膜から侵入した抗原によってはTregが蓄積されず、口から投与した抗原で効率よくTregが蓄積すると仮定すると、この問題が解決できた。

毎日取り込む抗原量は一定ではなく、最初は少なく

次第に量を増やし、あるところで最大量にして維持する。治療中に花粉症を発症しないという制約条件のもとで最大量のTregを獲得するスケジュールを求めた。

1日の中での投与時間について、あらたなナイーブT細胞の供給に日周変動があることに注目し、抗原の投与の時刻によって治療の効率が異なることを示した。

菱田真太郎

関西学院大学大学院理工学研究科生命科学専攻

腸内細菌叢のモデリング：腸管に沿っての分布パターン

Spatial Distribution of gut microbes along the intestinal duct

腸内細菌の中で環境を酸性化する一群の細菌群に注目し、腸管にそった空間パターンを系統的に調べた。

酸性化することで競争相手を抑える効果がある善玉菌とそうでないものとの2種類が異なる栄養を主に使用して増殖する状況を考えた。モデルのパラメータの多数の組み合わせは、3つの空間パターン（標準型、遠位抑制型、近位逆転型）になった。これらが、どういふ相互作用の結果生じるかを明らかにした。

また、標準型の中には、非善玉菌が中位でほぼ一定の濃度を維持する停留現象を示すことについて調べた。

小林椋太

関西学院大学大学院理工学研究科生命科学専攻

根粒数の制御はどうして葉で行われるのか

Optimal control of root nodulation – prediction of life history theory of a mutualistic system

マメ科植物は、大気中の窒素を固定する根粒菌を取り込んだ根粒をつくる。陸上植物は、光が強い時の光合成速度が、葉に含まれる窒素量にほぼ比例する。他方で根粒をつけると高い維持コストがかかるために、土壌中の硝酸塩が高いと新たな根粒形成を抑制する。

光合成による収入から葉や根粒の維持コストを差し引いた分で、新たな葉や根や根粒を作るときに、個体全体の成長速度を最大にする根粒数を求めた（成長植物モデル）。その結果、土壌中の硝酸塩濃度が高いと根粒をつけない方がよく、葉にあたる光が強いほど、多くの根粒をつけるべきと分かった。

この結果から、萩のようなマメ科植物が山火事跡のような開けた場所に生育することが説明できる。土壌での硝酸塩濃度などの情報は、いったん葉に送られてそこでのシグナルが新たな根粒形成を抑制するという遠距離制御をとる。その理由は、窒素の必要性が葉にあたる光の強さに強く依存するためと解釈できる。

Ying XIE

東北大学大学院情報科学研究科 情報基礎科学専攻

A mathematical model for the influence of the social insensitivity on the SIS epidemic dynamics

Individual behavior has long been recognized as playing an important role in an epidemic dynamic. Sometimes such behavior to the disease will not be stimulated unless the epidemic has reached a certain level.

The main purpose of this work is to investigate how the social insensitivity affects the epidemic dynamics during the spread of a transmissible disease. From our analysis, we found that the more insensitive to the disease, the larger endemic size is induced. Moreover, the higher sensitivity to the disease may lead to a damped oscillation in the temporal variation of infectives. Our results imply that the social sensitivity and insensitivity would be significantly relevant to the occurrence of such a damped oscillation.

博士論文

Emmanuel Jesuyon DANSU

東北大学大学院情報科学研究科情報基礎科学専攻博士後期課程

Population dynamics modeling for the effect of

collective behavior on information spread

Based on the ideas of disease spread dynamics, the thesis examines the diffusion of information subject to certain psychological and sociological situations. We consider two major models, namely a rejoinder model in which there are two interacting pieces of information spreading with a time lag between them and a threshold model in which a person only begins to spread a piece of information after an acceptable number of people have been spreading it. The analysis of the rejoinder model shows that there is a critical time frame within which an individual, organization or government should release information to properly correct misleading information that has been spreading in a population for some time. In addition, the model shows that a critical portion of a population should be targeted with corrective information for it to be effective. From the threshold model, we discovered that the final proportion of knowers of an information is uniquely determined by the initial proportion of knowers in the population. There are also critical proportions and threshold values which determine how well an information spreads within a population. The models provide theoretical frameworks for the promotion of information literacy in order to combat misinformation and disinformation. Information warfare has become intense due to increasing social activities on the internet.

【訃報】三村昌泰先生

日本数理生物学会会長（2013–14）を務められた日本数理生物学会名誉会員の三村昌泰先生（広島大学名誉教授・明治大学名誉教授）が本年4月8日午前8時48分に間質性肺炎のため享年80歳にて逝去されました。

葬儀・告別式は、ご家族と近親者のみで4月11日に執り行われました。（ご家族からご香典・ご供花等については固く辞退される旨のお申し出をいただいております）

弔辞

三村先生が数年前から間質性肺炎を患っておられたこと、昨年秋頃から病状が思わしくなかったことなど、近親の方々以外はつゆ知らず、先生の逝去は大変な驚きでした。

近年まで、澁刺と研究・学術活動に取り組みおられた三村先生の姿を思い出される方も少なくないと思います。¹⁾三村先生は、昭和48年に京都大学で工学博士号を取得され、その後、甲南大学理学部、広島大学理学部、東京大学大学院数理科学研究科、広島大学大学院理学研究科、明治大学理工学部にも勤められながら、ご自身の研究・学術活動はもちろん、精力的に学生指導に取り組みられました。²⁾

昭和40年京都大学工学部数理工学科卒業

昭和42年京都大学大学院工学研究科修士課程数理工学専攻
修了

昭和48年工学博士（京都大学）

昭和45年甲南大学理学部講師（昭和49年 同助教授；昭和
54年 同教授）

昭和55年広島大学理学部教授

平成05年東京大学大学院数理科学研究科教授

平成11年広島大学大学院理学研究科教授

平成16年明治大学理工学部教授

¹⁾2019年発行 JSMB Newsletter No.88 参照

²⁾2014年発行 JSMB Newsletter No.74 参照

一方、これらの異動の流れの中、東京大学大学院の数理科学研究科、広島大学大学院理学研究科における数理分子生命理学専攻、明治大学における理工学部、先端数理科学インスティテュートの設立に重要な役割を果たされておられます。これらの改組や新設が数理生物学を含む学際領域分野の進展や促進、さらには、教育・啓蒙に多大な貢献を果たすものであったことは疑うべくもありません。遡れば、日本数理生物学会の前身である数理生物学懇談会（Japanese Association for Mathematical Biology; JAMB）の設立時においても、三村先生は重要な役割を果たされました。³⁾ また、これまで本学会が主催、あるいは、共催した国内外での研究集会の企画運営における、三村先生の研究・学術活動の国内外に広がるネットワークによる貢献もとても大きいものでした。先生による同様の貢献を挙げればきりがありません。

三村先生による反応拡散系モデルの多様な研究はもちろん、個体群ダイナミクスモデルの数学的研究など、国際的に高い評価を受けている業績の一つ一つに、先生のセンスや意志ある研究姿勢を感じた後進も多いと思います。三村先生と直接、研究や学術についての話をしたことがある方なら、なおさら、誰しものが、先生の真摯で、かつ、精力的、たまには熱狂的とすら感じられるような研究への思いに触れられたのではないのでしょうか。⁴⁾

三村先生が様々な場所、場面で陰に陽に播かれてこられた研究への情熱の種は、多くの後進の心に根付き、新しい花を咲かせるべく学問という畑を耕してゆくことと思います。

三村先生の有り余るほどのご貢献に深い感謝を捧げ、深い哀惜の思いを込めてお別れの辞と致します。

日本数理生物学会会長 瀬野裕美

³⁾1989年発行 JAMB Newsletter No.1 参照

⁴⁾2005年発行 JSMB Newsletter No.45, 1999年発行 JAMB Newsletter No.28, 1993年発行 JAMB Newsletter No.9 参照

学会事務局からのお知らせ

1. 日本数理生物学会年次総会の報告

今年度の日本数理生物学会年会（2021年9月13日（月）～15日（水）・宮崎大学）はオンラインで開催される予定です。このため、従来の学会会場での総会開催が難しい状況です。総会の開催が決定した場合には、詳しい日時等を追って Biomath メーリングリストや Web ページなどでお知らせします。

■議題（予定）

- (1) 2021年度、2022年度の役員について
- (2) 2020年度決算、2021年度予算および2021年予算の執行状況
- (3) その他

■報告事項（予定）

- (1) その他

2. 会費納入のお願い

日本数理生物学会の年会費（1～12月の1年分）は
 正会員 3000円/年
 学生会員 2000円/年

です。会員は数理生物学会年会の登録費割引の特典を受けることもできます。また、会員は年会での発表や学会役員選挙における投票をすることができます。

今年度や過去の会費が未納の方は、以下の会員管理システムより会費納入をお願いいたします。

<https://jsmb.smoosy.atlas.jp/mypage/login>

クレジットカード決済と銀行振込（バンクチェック）による会費納入が可能となっていますので、是非ご利用ください。会員管理システムの操作方法が不明な場合は、学会HPやニュースレター（第93号）をご確認ください。

3. 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。⇒期日を2021年5月14日に延長しました。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）。どうぞよろしくお祈りいたします。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）

4. 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。

未登録の方は、本文も件名も空白の電子メールを biomathml-subscribe@brno.ics.nara-wu.ac.jp にお送りください。確認メールが返送されますので、それに返信していただくと Biomath メーリングリストに入会することが出来ます。

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://jsmb.jp/biomath/biomath.html> に記載しております。合わせてご覧ください。

5. 事務関係のお問い合わせ

入会、退会の申し込み、会員情報（所属、住所、ニューレター送付先など）の変更や会費の納入状況の確認などは会員管理システムより可能となっております。それ以外の事項につきましては、幹事長の中田行彦までお問い合わせください。

6. 事務局連絡先

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

〒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 数理サイエンス学科 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

また、業務の一部委託先は次の通りです。

土倉事務所内 日本数理生物学会
 〒603-8148 京都市北区小山西花池町 1-8

＜編集後記＞

瀬野会長からの Biomath メーリングリストへのメールで、三村昌泰先生がお亡くなりになったことを知りました。突然の訃報にとっても驚いています。数理生物学の発展へのご貢献は計り知れません。お会いすると必ず声をかけてくださったお人柄が偲ばれます。心よりご冥福をお祈り申し上げます。

今年度の大会は宮崎大学の皆様に着々と準備していただいています。昨年度の名古屋大学での大会と同様にオンライン開催となりました。会員の皆様には、随時、大会ホームページをご覧ください。

サイエンスコミュニケーターの小島響子さんから寄稿いただきました。小島さんは、この4月に誕生した名古屋大学の岩見研究室に所属されています。サイエンスコミュニケーターは、“異分野融合”というワクワ

クする名前の講座にとってもふさわしい仕事ですね。

Odo Diekmann 先生による 1988 年の上海・華東師範大学でのレクチャーノートの第 2 回目を掲載しています。前号の第 1 回目と次号の第 3 回目と合わせてお読みください。

宮川大樹さんと一ノ瀬元喜さんによる Python の 4 回目のテーマは、マルチエージェントモデルです。オブジェクト指向プログラミングの考え方をわかりやすく書いていただきました。C 言語等の手続き型プログラミングに慣れていると、なかなかとっつきにくい印象がありますが、私も頑張っって勉強していきたいと思っています。

第 6 回数理生物学交流発表会の報告を掲載しました。学生の皆さんの研究交流の場として、これからも多くの方々に参加していただきたいと思っています。

卒業論文・修士論文・博士論文については、ここに掲載されている内容要約文（短文）と合わせて、学

会ホームページに掲載予定の Supplement 中の要旨（長文）もご覧ください。（佐藤）

日本数理生物学会ニュースレター No.94

2021 年 5 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. 94	May 2021
第31回日本数理生物学会大会(JSMB2021)		1
アフターコロナ、ポストウールズ時代における サイエンスコミュニケーション	小島響子	2
Dynamics of Structured Populations (Part II-III)	Odo Diekmann	6
【第4回数理生物研究×計算機】 オブジェクト指向を用いたマルチエージェントモデルの シミュレーション	宮川大樹, 一ノ瀬元喜	22
【報告】 第6回数理生物学交流発表会	佐藤一憲	29
【特集】 2020年度 卒業論文・修士論文・博士論文		31
【訃報】 三村昌泰先生	瀬野裕美	35
学会事務局からのお知らせ		36
編集後記		37

