

プログラム・講演要旨

第23回 日本数理生物学会大会

2013年9月11日(水)ー13日(金)
静岡大学 (浜松キャンパス)



写真提供 (下3枚) : 浜松観光コンベンションビューロー

主催 : 日本数理生物学会

第 23 回日本数理生物学会大会

9 月 11 日 (水)～13 日 (金)

静岡大学 (浜松キャンパス)

The 23rd Annual Meeting of the Japanese Society for Mathematical Biology
September 11-13, 2013
Shizuoka University (Hamamatsu campus)

大会開催の挨拶

第 23 回日本数理生物学会大会を 9 月 11 日 (水)～13 日 (金) の日程で、静岡大学 (浜松キャンパス) にて開催いたします。

本大会の企画シンポジウムは 11 題です (10 節参照)。総合講演 1 件と研究奨励賞受賞講演 2 件も予定されています (8 節と 9 節参照)。

大会のプログラムと講演要旨は大会ホームページでご覧いただけます。印刷した講演要旨集は、大会会場受付で配布いたします。多数の皆様のご参加をこころよりお待ちしております。

第 23 回日本数理生物学会大会委員長 泰中啓一

大会実行委員と問い合わせ先

泰中啓一 (静岡大学・工学部/大会委員長), 守田智 (静岡大学・工学部/大会副委員長), 佐藤一憲 (静岡大学・工学部/大会実行委員長), 宮崎倫子 (静岡大学・工学部/大会会計), 上原隆司 (静岡大学・工学部/プログラム WEB 委員), 今隆助 (宮崎大学・工学部), 中岡慎治 (理化学研究所), 岩田繁英 (東京海洋大学), 岩見真吾 (九州大学・理学部)

大会ホームページ:

<http://bio-math10.biology.kyushu-u.ac.jp/~jsmb2013/>

大会事務局メール:

jsmb2013.unagi@gmail.com

1 大会スケジュールと会場案内図

9/11(水)	8:30~	9:30~12:30	12:30 ~13:30	13:30 ~14:30	15:00~18:00 一般 ~17:40	18:15~
会場 S				総合講演		
会場 A		S1: かたちを測る		S3: 疾病モデリング		
会場 B		S2: 放射線		S4: 統計物理		
会場 C		一般 (生態 I)		一般 (発生 I)		
ポスター会場				奇数コア		
	受付開始		昼休み			運営委員会

9/12(木)	8:30 ~	9:00~12:00	12:00 ~13:00	13:00 ~14:00	14:00 ~15:00	15:15~17:45 一般 ~17:35	18:15 ~20:00
会場 S				総会	受賞講演		
会場 A		S5: 海洋生物		S7: 感染症流行			
会場 B		S6: ヒト		S8: 振動			
会場 C		一般 (進化 I)		一般 (生態 II)			
ポスター会場				偶数コア			
	受付		昼休み				懇親会

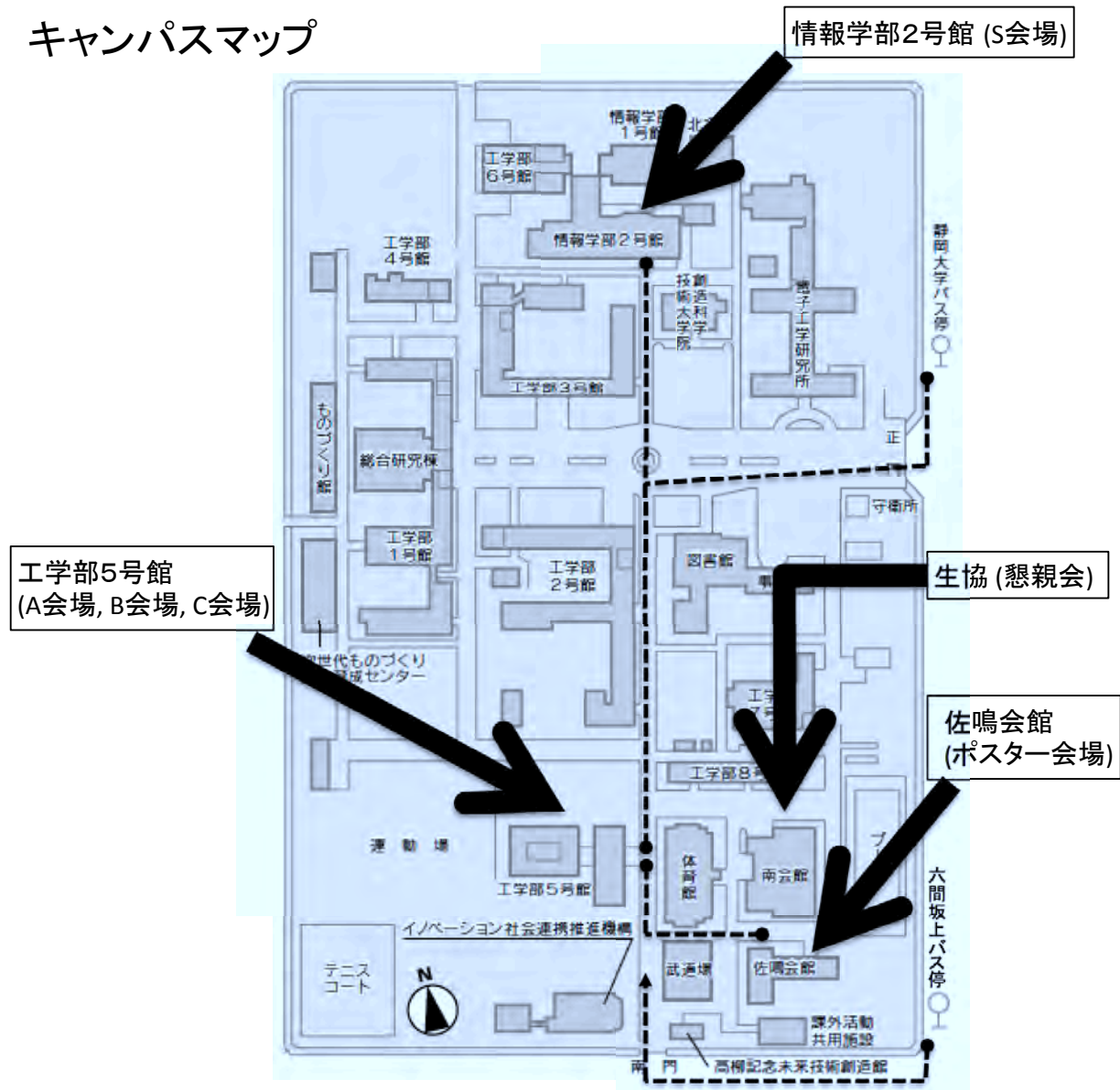
9/13(金)	8:30 ~	9:00~12:00	12:00 ~13:00	13:00~16:00 一般 ~16:20
会場 A		S9: 拡散現象		S11: パターン形成
会場 B		S10: 計算 ウイルス学		一般 (病気)
会場 C		一般 (発生 II)		一般 (進化 II)
		受付		

* 会場は 工学部 5 号館, 情報学部 2 号館, ^{さなるかいかん} 佐鳴会館 の 3 会場に分かれています。

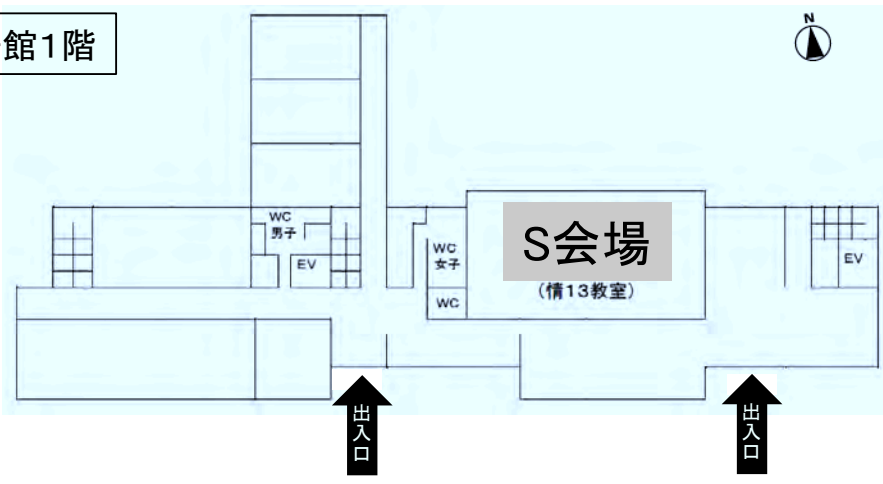
* 会場 S は情報学部 2 号館に, 会場 A から会場 C までは工学部 5 号館に, ポスター会場は佐鳴会館にあります。

* 受付は工学部 5 号館 1 階ロビーで行います。

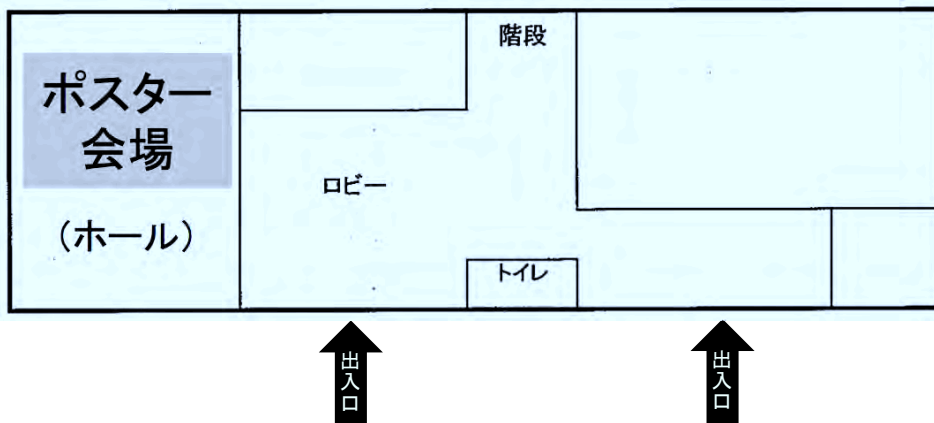
キャンパスマップ



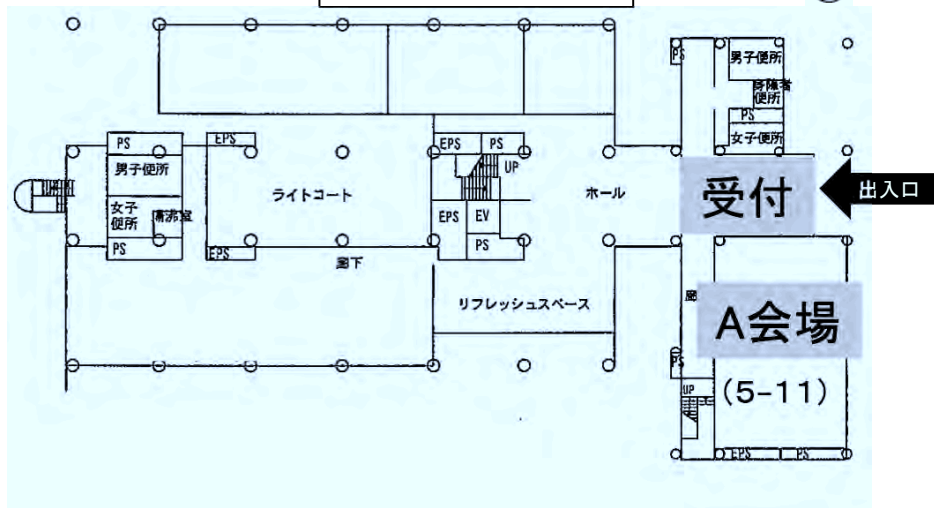
情報学部2号館1階



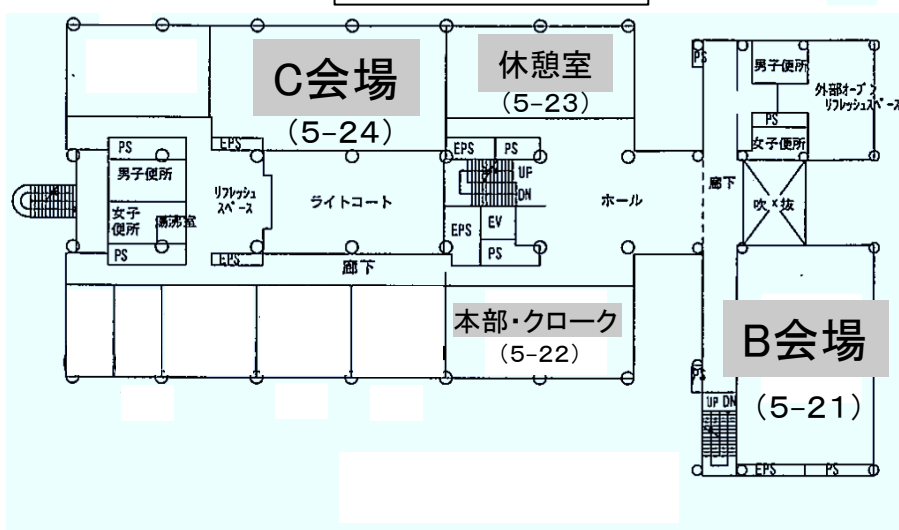
佐鳴会館1階



工学部5号館1階



工学部5号館2階



2 発表要項

日本数理生物学会では、外国人参加者に配慮して、スライドやポスターの 英語表記 あるいは 英語併記 を推奨しています。

2.1 企画シンポジウム

企画シンポジウムは、オーガナイザーが責任をもって運営・進行していただきますようお願いいたします。

2.2 一般講演（口頭発表）

発表時間は、**質疑応答や交代時間を含めてひとり 20 分**です。発表は PC によるプロジェクターでのプレゼンテーションになります。原則として、発表は持ち込みの PC を接続して行なっていただきます。予備の PC も用意しますが数が限られますので、ご希望の場合には事前にご連絡ください。なお、PC 接続にかかる時間も発表時間に含まれます。各自で**発表前にパソコンの接続テスト**をしておいていただきますようお願いいたします。

セッションの最初の座長は実行委員会が指名します。以降の座長は直前の講演者の方をお願いいたします。

2.3 一般講演（ポスター発表）

ポスター発表では、幅が約 180cm、高さが約 190cm のパネル（ただし、パネル面は横 178cm×縦 130cm）を複数用意します。A0 サイズまでのポスターを貼ることができます。ポスターは 11 日（水）の午前から掲示可能で、12 日（木）の 16 時までには撤去してください。撤去されていないときは、実行委員の方で強制的に撤去し廃棄しますので、あらかじめご了承ください。奇数、偶数番号のコアタイムをそれぞれ 11 日（水）12:30–13:30 と、12 日（木）12:00–13:00 に設定しています。コアタイムの時間帯には、発表者の方は必ずポスターの前で説明をお願いします。

3 ポスター賞

若手研究者を奨励するために、優秀なポスターに賞を送ります。受賞者は懇親会で発表します。参加者の方はポスター賞の投票にご協力ください。

4 懇親会

2 日目である 9 月 12 日（木）18:15 から静岡大学生協南館 1 階において懇親会を行なう予定です。懇親会の申し込みは 8 月 31 日（土）までとなっております。参加登録ファイルに記載されるか、直接メールでご連絡ください。多数の方の参加をお待ちしております。

5 託児所

今大会では、大会会場内に託児所の設置を計画しています。子供連れでも大会に参加しやすい環境を提供する試みです。申し込みは8月31日（土）までとなっています。多くの方のご利用をお待ちしています。

6 参加費と事前振込みのお願い

7月31日までに登録していただいて8月2日までに振り込まれる会員の方の大会参加費は、一般4,500円、学生2,500円です。それ以外の場合の会員の方の大会参加費は、一般5,000円、学生3,000円です。非会員の方の大会参加費は、一般5,500円、学生3,000円です。7月31日までに登録していただいて8月2日までに振り込まれる方の懇親会費は、一般4,500円、学生3,000円です。それ以外の場合の方の懇親会費は、一般5,000円、学生3,500円です。参加費・懇親会費は、通信欄に振込みの内容（参加費、懇親会費等）と連絡先を明記し、下記の口座へお振込みください。もう既に参加登録済みの方におかれましては、速やかに参加登録費をお支払いいただきますようお願い申し上げます。参加予定でまだ参加申し込みをされていない方におかれましては、大会本部にて当日参加を承っております。ただし、大会当日は混みあうことが予想されますので、なるべく予め登録の上、大会参加費をお支払いいただければ幸いです。

会員の方の事前振込みの方法は、ニューズレター5月号に同封されていた振込み用紙を使っていただければわかりやすいと思います。

ゆうちょ銀行の受領書は大切に保管し、参加初日に大会会場受付へご持参ください。

振込先は次の通りです。

加入者：日本数理生物学会 2013 年年会

口座番号：00830-1-123446

7 会場へのアクセス

静岡大学浜松キャンパスへのアクセスは、静岡大学 HP 内の以下の URL をご覧ください：

<http://www.eng.shizuoka.ac.jp/outlines/p07/>

会場は浜松駅からバスが便利です。浜松駅前北口バスターミナル15番もしくは16番のりばからの遠鉄バス全路線がご利用いただけます。「静岡大学」または「六間坂上」で下車となります。静岡大学浜松キャンパスについては、次の URL をご覧ください。

<http://www.shizuoka.ac.jp/access/index.html>

ホテルは浜松駅近辺に多数ありますので、各自直接ご予約ください。

8 総合講演

9月11日(水) 13:30-14:30 (S会場)

PL-1 松田博嗣(九州大学名誉教授)

「流体の統計力学と温室効果の問題点

–Carbonic Acid is not a Poison in Itself–」

9 研究奨励賞受賞講演

9月12日(木) 14:00-14:30 (S会場)

AL-1 大森亮介(Weill Cornell Medical College in Qatar, Weill Cornell Medical College)

「インフルエンザの数理モデリング」

9月12日(木) 14:30-15:00 (S会場)

AL-2 波江野洋(九州大学理学研究院生物科学部門)

「がんの発生と進行に関する数理モデル研究」

10 企画シンポジウム

S1) 生物のかたちを測る：変形・成長、多様性を定量化するために

9月11日(水) 9:30-12:30 (会場 A)

オーガナイザー：野下 浩司 (九州大学)

企画趣旨：生物のかたちを定量化する。そのために多くの理論が提唱されてきた。現在もっとも汎用性が高く広く用いられている方法としては幾何学的形態測定学や輪郭ベース形態測定学が挙げられる。しかし、これらの手法は生物のかたちを純粋に幾何学的対象として認識することに基づいている。生物のかたちは異なる階層を経て作られる。そのため“生物のかたち”間の“距離”の測り方はそれら異なる階層でそれぞれに存在すると考えることができるだろう。本企画シンポジウムでは各階層で生物のかたちの定量化方法の研究を行なっている研究者らに御講演頂き、各階層での生物のかたちの測り方とその各階層をつなぐ方法を探りたい。

1. 野下 浩司 (九州大学)
腹足類殻の“巻”パタンの定量化
2. 生形 貴男 (静岡大学)
形態的差異や形態的多様性の評価の手法依存性
3. 鈴木 誉保 (農業生物資源研究所)
蛾蝶の擬態模様にもみられる基本設計と適応的なデザイン
4. 杉村 薫 (京都大学)
Mechanical control of epithelial morphogenesis
5. 岩田 洋佳 (東京大学)
ゲノムワイドマーカーを用いて生物のかたちを予測する：玄米形予測への適用

S2) 放射線によるDNA損傷問題の周辺-数理モデルの可能性と役割

9月11日(水) 9:30-12:30 (会場 B)

オーガナイザー：税所 康正 (広島大学)

企画趣旨：福島原発事故以来、放射線被曝の人体への影響が注目されているが、放射線によるDNA損傷問題は十分に解明されているとは言えない。本シンポジウムでは、問題を概観するとともに、どのようなことが数理生物学に期待され、可能であるか探ることとする。

1. 大内 則幸 (原子力機構)
放射線によるDNA損傷問題の周辺-数理モデルの可能性と役割
2. 税所 康正 (広島大学・工), 伊藤 敦 (東海大・工)
放射線によるDNA切断生成の数理モデル
3. 渡邊 立子 (原子力機構・放射線影響解析研究グループ)
放射線による微視的エネルギー付与分布とDNA損傷
4. 寺東 宏明 (佐賀大・総合分析セ)
放射線の種類によるDNA損傷生成収率の変化-実験データを元に

5. 赤松 憲 (原子力機構・量子ビーム)

DNA 鎖に生じた損傷の分布様式を調べるための実験と理論

S3) データ解析の疾病モデリング –FIRST 共催シンポジウム–

9月11日(水) 15:00–18:00 (会場 A)

オーガナイザー：岩見真吾 (九州大学/FIRST), 田中剛平 (FIRST/東京大学), 波江野洋 (九州大学/FIRST)

企画趣旨：現在、病気に関する様々なデータが利用できるようになってきた。もちろん（細胞レベル、個体レベル、集団レベルなど）各階層において取得できるデータの質・量には制限があるが、病気に対する理解を深めるためには、これらをうまく取り扱う必要がある。本シンポジウムでは、来るビックデータ時代に向けて種々なデータ解析の手法を議論し、そこから得られる最新の知見を紹介していく。

1. 岩見真吾 (九州大学/FIRST)

はじめ

2. 近藤洋平 (京都大学)

非線形動力学モデルの推定と選択：ウイルス感染ダイナミクスの理解に向けて

3. 小泉吉輝 (金沢大学)

C型肝炎ウイルスに対する薬効評価の数理モデリング

4. 波江野洋 (九州大学/FIRST)

発がん過程におけるトンネリング効果

5. 占部千由 (FIRST/東京大学)

人の移動データを用いた感染症伝播シミュレーション

6. 新井田厚司 (東京大学)

がんの進化原理解明に向けたゲノム解析とシミュレーション

7. 田中剛平 (FIRST/東京大学)

おわりに

S4) 生物学における統計物理学的アプローチ

9月11日(水) 15:00–18:00 (会場 B)

オーガナイザー：大泉 嶺 (北海道大学)

企画趣旨：神経細胞から病気の伝搬、個体の生活史など様々なスケールにみられる不確実性を解析するために多くの数学的手法が存在する。本企画趣旨はその解析手法の中から最新の統計力学的手法を応用した研究を紹介する。

1. 大泉 嶺 (北大・環境科学院)

齢-サイズ構造モデルにおける確率制御理論

2. 山野辺貴信 (北大・医)

ノイズ項を持つ神経細胞モデルの統計的大域挙動と神経情報キャリアの関係

3. 酒井佑植 (北大・環境)

格子空間上での病原体伝播モデルに対する近似解析

4. 千野由喜 (北海道大学 理学院 数学)

ランダムウォークピニングモデルにおける相転移・臨界現象

5. 坂井 哲 (北海道大学大学院理学部数学科)

レース展開入門 - 厳密な臨界現象の解析を目指して

S5) 海洋生物における生活史・個体群動態の数理的問題を解く

9月12日(木) 9:00-12:00 (会場 A)

オーガナイザー：山口幸 (神奈川大)・入江貴博 (東大)

企画趣旨：海洋生物の生活史、個体群を扱っている数理モデル屋は日本では少数である。今回のシンポで、海洋生物にはさまざまな面白い現象があり、モデルが介入する余地があることをアピールしたい。また、最適化計算は、1980年代にしつくされた感があり、今のはやりではないかもしれないが、これらの手法を簡単に紹介するとともに、海洋生物の熱いトピックスを紹介できれば幸いである。

1. 岩田繁英 (東京海洋大学・海洋生物資源)

海洋回遊生物の資源管理

2. 入江貴博 (東大大海研)

最適性モデルで紐解く生活史の地理的変異と時間的変化

3. 澤田紘太 (総研大)

魚類における双方向性転換の数理モデル

4. 山口幸 (神奈川大・工)

フジツボ類の多様な性表現の進化を動的最適化で解く

5. 巖佐庸 (九大・理)

性決定様式の進化：フクロムシ類を例に

S6) ヒトの学習と文化進化の数理モデル

9月12日(木) 9:00-12:00 (会場 B)

オーガナイザー：若野友一郎 (明治大学), 大槻久 (総合研究大学院大学), 小林豊 (明治大学)

企画趣旨：近年、突出した学習能力や、それが引き起こす文化レベルでの急速な進化が、ヒトの生態学的成功に与えた影響について、数理モデルを用いた理論研究が活発に行われている。本シンポジウムでは、当分野における第一線の研究者を集め、学習や文化進化に関する最新の理論研究を紹介する。

1. 小林豊 (明治大学)

文化成長の限界

2. 若野友一郎 (明治大学)

蓄積的文化進化モデルにおけるパレート最適な学習戦略と進化的安定な学習戦略

3. 大槻久 (総合研究大学院大学)

累積的文化の進化速度

4. 中丸麻由子 (東京工業大学)
記憶と累積的文化
5. 青木健一 (明治大学)
教示の進化モデル
6. 中橋渉 (琉球大学)
外傷による文化技術伝播の阻害

S7) 感染症流行の理論疫学とリアルタイム分析

9月12日(木) 15:15-17:45 (会場 A)

オーガナイザー：西浦博 (東京大学)

企画趣旨：感染症の突発的な流行が発生した際、流行動態を理解することはもちろん、即座に入手可能なデータを用いて社会のニーズに応えるリアルタイム研究をすることが多くなった。本企画は実践的研究の事例報告と課題の議論を行ない、多くの参加者と会話する機会にしたい。

1. 江島啓介 (東大・情報理工学系研究科, 東大・大学院医学系研究科)
パンデミック 2009H1N1 における次世代行列のリアルタイム推定
2. 国谷紀良 (東大院・数理)・稲葉寿 (東大院・数理)
季節依存性を持つ感染症の流行動態モデルにおける基本再生産数 R_0 の閾値的性質の解析
3. 水本憲治 (長大・学院 医歯薬学総合研究科, 東大・大学院医学系研究科)
接触者調査と患者隔離に対する予防接種の抑制効果
4. 大森亮介 (Weill Cornell Medical College in Qatar, Weill Cornell Medical College)
クラミジアの流行に於ける部分免疫の役割
5. 西浦博 (東京大学)
クラスサイズに基づく基本再生産数のリアルタイム推定

S8) 細胞・発生における振動研究の展開

9月12日(木) 15:15-17:45 (会場 B)

オーガナイザー：黒澤元 (理研)

企画趣旨：近年、定量性の高いデータがえられるようになって、細胞の動きが振動の安定性に及ぼす影響や、振動の生体内での機能の問題など、新たな視点から振動が研究されつつある。本セッションでは、様々な時間・空間スケールの振動研究を紹介しつつ、数理的研究の有効性を議論したい。

1. 黒澤元 (理化学研究所 望月理論生物学研究室) 15:15-15:20
趣旨説明
2. 瓜生耕一郎 (理化学研究所 望月理論生物学研究室) 15:20-15:50
脊椎動物発生における移動性結合振動子の理論
3. 郡宏 (お茶大院) 15:50-16:20
多振動子系におけるノイズと秩序の関係性
4. 長谷川禎彦 (東大・理・生化) 16:20-16:50

最適な概日時計の設計原理

休憩 16:50-16:55

5. 福田弘和 (大阪府大・工) 16:55-17:25

植物の概日時計における様々な時空間パターンと数理モデル

6. 黒澤元 (理化学研究所 望月理論生物学研究室) 17:25-17:45

周期の温度補償性をつくり出す分子メカニズム

S9) 拡散現象の数学理論と生物モデルへの応用

9月13日(金) 9:00-12:00 (会場 A)

オーガナイザー：森田善久 (龍谷大学), 二宮広和 (明治大学)

企画趣旨：反応拡散系は生物の形態形成や様々な時空間的パターンを記述する数学的道具として利用されている。この企画シンポジウムでは、反応拡散方程式系やその周辺の最新の数学的諸結果を、生物モデルへの具体的応用例を交えて紹介し、今後の研究の方向性について生物系の研究者と意見交換できる場を設ける。

1. 森田善久 (龍谷大学・理工学部)
反応拡散系のパターン形成における非局所的効果
2. 二宮広和 (明治大学・総合数理)
反応拡散系における拡散の役割
3. 出原浩史 (明大・MIMS)
生物の集合形成：ミクロとマクロの視点から
4. 荻原俊子 (城西大学・理)
順序保存力学系と生物分子モーターモデルへの応用
5. 村川秀樹 (九大・数理)
細胞接着の数理モデル
6. 坂元国望 (広島大学・理学部)
領域境界の幾何を利用した共存

S10) 計算ウイルス学の新局面

9月13日(金) 9:00-12:00 (会場 B)

オーガナイザー：岩見真吾 (九州大学), 中林潤 (横浜市大)

企画趣旨：ウイルス学的知見の集積によりウイルス感染症に有効な対処法が開発される一方で、新興ウイルス感染症などウイルス性疾患に関連した新たな問題も発生している。本シンポジウムでは疫学～個体、細胞内レベルまで様々な階層のウイルス感染モデルについて発表、討論を行う。

1. 佐々木顕 (総研大)
ウイルス複製機構とその進化を数理モデルでとらえる
2. 中林潤 (横浜市大・医)
感染性ウイルス粒子産生量を最大化する HIV-1 RNA Splicing Rate
3. 岩見真吾 (九州大学理学研究院生物科学部門)

cell-to-cell 感染と cell-free 感染の寄与率推定

4. 西村信一郎 (九大・理)
遊走細胞間 HIV virus 感染のシミュレーション
5. 佐伯弘一 (総研大)
T 細胞の抗原特異性と制御性 T 細胞の役割
6. 山本君代 (奈良女子大学)
膵臓がん進展の数理モデル

S11) パターン形成の数理生物学

9月13日(金) 13:00–16:00 (会場 A)

オーガナイザー：佐藤一憲 (静岡大学), 上原隆司 (静岡大学)

企画趣旨：生物学において現れる様々なパターン形成のメカニズムを数理的に取り扱うという問題は長い歴史を持っている。このシンポジウムでは、特に、物理学で発展してきた手法に基づいてこのような問題に取り組みられてきた研究や、その基盤となる数学的なアプローチの方法を紹介していただく。

1. 上原隆司 (静大・創造)
雄間コミュニケーションによって形成されるホタルのオスの分布パターン
2. 中桐 齊之 (兵庫県立大・環境人間)
破壊地の格子モデルとパターン形成
3. 西森拓 (広島大・理)
アリの採餌における意思決定とゆらぎ
4. 今野 紀雄 (横国大院・工)
複雑ネットワーク上の確率モデル
5. 泰中啓一 (静大・工・数理システム)
酵母菌の格子モデルと密度効果

一般講演(口頭発表)

9月11日(水) 9:30~12:30 (会場C) 生態・行動 I

9:30	O-1	○中井信吾(龍谷大・理工), 近藤倫生(龍谷大・理工) ○Shingo Nakai (Ryukoku University), Michio Kondoh (Ryukoku University)	生態系・代謝過程を考慮した生物濃縮モデル Theoretical model for bioaccumulation incorporating physiological and ecological processes
9:50	O-2	○杉浦享一(静大・大学院), 竹内康博(青山学院) ○Kyouiti Sugiura (Shizuoka University), Yasuhiro Takeuchi (Aoyama Gakuin University)	奴隷狩りするアリの数学的な分析 Mathematical analysis of the model for slave-maker Ants
10:10	O-3	○山崎和仁(神戸大学), 谷島尚宏(神戸大学) ○Kazuhito Yamasaki (Kobe Univ.), Takahiro Yajima (Kobe Univ.)	KCC理論に基づくロトカボルテラ系の非平衡安定性解析 Non-equilibrium stability analysis of Lotka-Volterra system based on KCC theory
10:30	O-4	○吉田憲司(九大・シス) 巖佐庸(九大・シス) ○Kenji Yoshida (Kyushu University) Yoh Iwasa(Kyushu University)	簡単なモデルによるカニの最適な歩行の考察 A study of crab's optimal walking by using simply model
10:50	O-5	島谷健一郎(統計数理研究所) kanichiro Shimatani (Institute of Statistical Mathematics)	実際の軌跡データで検証可能な動物行動モデリング Animal movement modeling for applications to real trajectory data
11:10	O-6	○崎山朋子(Kobe University), 郡司ペギオ幸夫(Kobe University) ○Tomoko Sakiyama (Kobe University), Yukio-Pegio Gunji (Kobe University)	ランダムウォークにおける柔軟な探索挙動 Flexible searching behaviour in random walk
11:30	O-7	○小川雄一(京大院・工), 土畑重人(ローザンヌ大), 松野文俊(京大) ○Yuichi Ogawa(Kyoto University), Shigeto Dobata(University of Lausanne), Fumitoshi Matsuno(Kyoto University)	アリが巣内のグローバル情報を推測し行動を変化させている可能性に関する考察 Study on adaptive ants' behavior based on estimated global information of colony
11:50	O-8	丹羽洋智(水研セ中央水研) Hiro-Sato Niwa (Natl. Res. Inst. of Fisheries Science)	群れ形成過程におけるサイズ選択と頻度分布 Size-dependent coagulation-fragmentation processes and cluster distributions
12:10	O-9	久保裕貴(九州大学), 巖佐庸(九州大学) Yuki Kubo (Kyushu University), Yoh Iwasa (Kyushu University)	ボイドの規則を用いた仮想的な魚の群れモデルの解析 Analysis of the model of virtual fish school based on Boids rules

9月11日(水) 15:00~17:40 (会場C) 発生・生理・分子・細胞 I

15:00	O-10	○鷗飼和也(阪府大院・工),福田弘和(阪府大院・工), Kazuya Ukai (Osaka Prefecture University), Hirokazu Fukuda (Osaka Prefecture. University)	植物個体における細胞スケール概日リズムのロバストネス Robustness of cellular circadian rhythm in plant
15:20	O-11	○太田絵一郎, 青柳富誌生(京大院・情報, JST CREST) ○Kaiichiro Ota, Toshio Aoyagi (Kyoto University, JST CREST)	リズム相互作用系のモデル化のためのベイズ統計手法 Bayesian statistical method for modeling interacting rhythms
15:40	O-12	○廣中謙一(九大院・シス生), 森下喜弘(理研CDB) ○Ken-ichi Hironaka (Kyushu Univ.), Yoshihiro Morishita (RIKEN CDB)	細胞選別する上皮シートの成長に伴う座屈 Growth-induced buckling of an epithelial sheet with cell sorting
16:00	O-13	○石本志高(理研CDB), 森下喜弘(理研CDB) Yukitaka Ishimoto (RIKEN CDB), Yoshihiro Morishita (RIKEN CDB)	上皮組織の2次元幾何学モデルにおける圧力と曲率 Roles of pressure and curvature on a two-dimensional geometrical model for epithelial tissues
16:20	O-14	三浦 岳, 九州大学 Takashi Miura, Kyushu University	Drosophila 発生に於けるProneural wave 伝播のモデリング Modeling proneural wave progression during Drosophila development
16:40	O-15	○平島剛志(京大・ウイルス研) ○Tsuyoshi Hirashima (Inst. Virus Research, Kyoto Univ)	精巣上体発生過程における管の局所的折れたたみ形態形成の数理モデル A Mathematical Model for The Sequential Local Folding of Tube during Epididymis Development
17:00	O-16	○伊藤洋(総研大・先導研) ○Hiroshi C. Ito (SOKENDAI)	節足動物の外骨格形成についての3次元シミュレーション 3D-simulation of exoskeleton formation of arthropods
17:20	O-17	立川正志・理化学研究所 Masashi Tachikawa, RIKEN	細胞膜陥入構造の浸透圧変化に対する応答 How do invaginated structures in cellular membrane response to osmotic pressure change?

9月12日(木) 9:00~12:00 (会場C) 進化・ゲーム・ネットワーク I

9:00	0-18	原誠(九大院・システム生命科学府), 丙午迷信における文化進化の考察 巖佐庸(九大)	Study of the cultural evolution in hinoeuma superficial
		Makoto Hara(Kyushu University), Yoh Iwasa(Kyushu University)	
9:20	0-19	○中嶋洋平(東大院・情報理工), 増熱狂的なプレーヤーが存在する有限集団における進化ダイナミクス 田直紀(東大院・情報理工)	Evolution in finite populations with zealots
		○Yohei Nakajima (University of Tokyo), Naoki Masuda (University of Tokyo)	
9:40	0-20	○小池心平(東工大院・社理工), 中井豊(芝浦工大・システム理工), 中丸麻由子(東工大院・社理工)	地域通貨モデルにおける間接互惠性の進化
		○Shimpei Koike (Tokyo Institute of Technology), Yutaka Nakai (Shibaura Institute of Technology), Mayuko Nakamaru (Tokyo Institute of Technology)	Evolution of indirect reciprocity in local currency model
10:00	0-21	○本城慶多(北大院・環境科学), 佐竹暁子(北大院・環境科学)	国家間排出権取引の協力ゲーム: 交渉で決まる環境の価値
		○Keita Honjo (Hokkaido University), Akiko Satake (Hokkaido University)	Cooperative game for international emissions trading: Value of environment determined by bargaining
10:20	0-22	○大野ゆかり(東北大・生命科学), 河田雅圭(東北大・生命科学), 中静透(東北大・生命科学), 馬奈木俊介(東北大・環境科学)	環境保全に関するアンケート調査をもとにした進化ゲーム
		Yukari Ohno (Tohoku University), Masakado Kawata (Tohoku University), Tohru Nakashizuka (Tohoku University), Shunsuke Managi (Tohoku University)	Modeling evolutionary game theory based on questionnaire about environmental conservation
10:40	0-23	Joung-Hun Lee (Kyushu university), Yoh Iwasa (Kyushu University)	Graduated punishment is efficient when people are heterogeneous
11:00	0-24	○木村望, 川崎廣吉(同志社院・文情)	学習進化のモデルにおける社会学習者エラーの効果
		○Nozomi Kimura, Kohkichi Kawasaki (Doshisha University)	Effect of learning error of social learners on evolution of learners
11:20	0-25	○田村光平(東大・院理), 小林豊(明治大・研究・知財戦略機構), 井原泰雄(東大・院理)	社会ネットワーク上の学習の進化
		○Kohei Tamura (The University of Tokyo), Yutaka Kobayashi (Meiji University), Yasuo Ihara (The University of Tokyo)	Evolution of individual versus social learning on social networks
11:40	0-26	青木高明(香川大・教育), 八幡晃一郎(京大・情報), 青柳富誌生(京大・情報)	ネットワーク上のリソース分布と構造との相互作用系における平衡状態の解析
		Takaaki Aoki(Kagawa University), Koichiro Yawata(Kyoto University), Toshio Aoyagi (Kyoto University)	Equilibrium state of an adaptive network depending on diffusion dynamics of a resource

9月12日(木) 15:15~17:35 (会場C) 生態・行動Ⅱ

15:15	O-27	○大浦健志(阪大院・理、阪大サイバー), 時田恵一郎(名大院・情報) ○Takeshi Oura (Osaka University), Kei Tokita (Nagoya University)	中立性をゆるめた空間明示中立モデル Neutrality breaking of spatial explicit neutral models
15:35	O-28	舞木昭彦(島根大・生物資源) Akihiko Mougi (Shimane University)	生態系の複雑性と安定性 Ecosystem complexity and stability
15:55	O-29	○山内 淳(京大・生態研センター), 難波 利幸(大阪府立大・理) ○Atsushi Yamauchi (Kyoto University), Toshiyuki Namba (Osaka Prefecture University)	分割可能な被食者に関する捕食-被食ダイナミクス: 分割可能性と安定性 Dynamics of predator and modular prey: Effects of module consumption on stability of prey-predator system
16:15	O-30	難波利幸・大阪府大 Toshiyuki Namba, Osaka Prefecture University	高生産環境でのギルド内捕食の普遍性の謎を解く Resolving the Enigma of the Prevalence of Intraguild Predation in Productive Environments
16:35	O-31	○川崎廣吉(同志社大・文情), 重定南奈子(JST) ○Kohkichi Kawasaki (Doshisha University), Nanako Shigesada (JST)	侵入生物の分布拡大における走性の効果 Effect of taxis on range expansion of invasion species
16:55	O-32	飯沼万美子(同志社大・文化情報)・重定南奈子(JST)・川崎廣吉(同志社大・文化情報) Mamiko Inuma (Doshisha Univ.), Nanako Shigesada (JST), Kohkichi Kawasaki (Doshisha Univ.)	周期的環境下における個体群圧力の効果 Effects of population pressure in periodic fragmented environment
17:15	O-33	吉山 浩平(岐阜大・流域研) Kohei Yoshiyama (Gifu University)	強光阻害下における植物プランクトン群集ダイナミクス Dynamics of Phytoplankton Communities Under Photoinhibition

9月13日(金) 9:00~12:00 (会場C) 発生・生理・分子・細胞Ⅱ

9:00	O-34	○李尚雨(九大数理生物/RIKEN CDB), 森下喜弘(RIKEN CDB) ○Lee Sangwoo (Kyushu Univ., Mathematical Biology/RIKEN CDB), Morishita Yoshihiro(RIKEN CDB)	成長する植物葉組織での葉脈形成 Canalization-based vein formation in the growing leaf tissue
9:20	O-35	○関元秀(北大院・地球環境), フジエ・フランソワ(北大院・地球環境), 池田真由子(名大・生物機能開発利用研究センター), 北野英己(名大・生物機能開発利用研究センター), 佐竹暁子(北大院・地球環境) Motohide Seki (Hokkaido University), Francois Gabriel Feugier (Hokkaido University), Mayuko Ikeda (Nagoya University), Hidemi Kitano (Nagoya University), Akiko Satake (Hokkaido University)	圧流説をベースとしたイネのショ糖輸送と顆粒成長のモデリング Modeling sucrose transport and grain growth under complex phloem networks in rice based on the pressure-flow hypothesis
9:40	O-36	藤原 徹、下遠野 明恵、佐藤 貴文、Stan Maree, Veronica Grieneisen・東京大学大学院農学生命科学研究科、John Innes Centre Toru FUJIWARA, Akie SHIMOTONO, Takafumi SATO, Stan MAREE, Veronica GRIENEISEN	シロイヌナズナのホウ素輸送体の根における空間的配置と時間的制御の意義についての数理モデルを用いた考察 Consideration of the importance of the spatial distribution and the temporal regulation of boron transporters in Arabidopsis roots through mathematical modeling
10:00	O-37	大内則幸(原子力機構) Noriyuki B. Ouchi (JAEA)	染色体動態モデルを用いた細胞周期に依存した放射線感受性の説明 On the explanation of radiation sensitivity using dynamical model of chromosome
10:20	O-38	○西和久(元豊橋技科大) Kazuhisa Nishi (Toyohashi Univ. of Tech.)	iPS細胞初期化機構の数学モデル A mathematical model of the reprogramming mechanism in iPS cells
10:40	O-39	望月敦史(理化学研究所), Bernold Fiedler (Free University Berlin) Atsushi Mochizuki (RIKEN), Bernold Fiedler (Free University Berlin)	化学反応ネットワークの奇妙な振る舞い — 反応速度応答性を関数非依存に決定する— Determining sensitivity of chemical reaction systems by a new function-free method
11:00	O-40	○伊藤賢太郎(広大理), 畑中直樹(広大理), 小林亮(広大理) ○Kentaro Ito (Hiroshima Univ.), Naoki Hatanaka (Hiroshima Univ.), Ryo Kobayashi (Hiroshima Univ.)	効率的な原形質流動を生み出す粘菌ネットワークモデル Mathematical model for efficient protoplasmic flow in Physarum network
11:20	O-41	○荻野禎之(早大院先進理工), 朝日透(早大院先進理工) ○Yoshiyuki Ogino (Waseda University), Toru Asahi (Waseda University)	連続的なキラル反転と加水分解からなるサリドマイド複雑代謝の数理モデル Mathematical model of complex thalidomide metabolism involving continuous chiral inversion and hydrolysis
11:40	O-42	中田行彦(Bolyai Institute, Univ. of Szeged) Yukihiko Nakata(Bolyai Institute, Univ. of Szeged)	幹細胞の成熟過程を記述する微分方程式モデル Differential equation models describing maturation process of stem cell

9月13日(金) 13:00~16:20 (会場B) 病気

13:00	O-43	○道工勇(埼玉大・教育)、三澤美香子(埼玉大院・教育) ○Isamu Doku(Saitama Univ), Mikako Misawa(Saitama Univ)	ガン血管新生に関する数理モデル A mathematical model for tumour angiogenesis
13:20	O-44	○梯 正之、恒松美輪子(広島大・院・医歯薬保健学研究院) ○Masayuki Kakehashi, Miwako Tsunematsu(Biomedical and Health Sciences, Hiroshima University)	がん検診の有効性評価のための数理モデル Mathematical models of cancer mass-screening for the evaluation of its effectiveness
13:40	O-45	○Mpolya Emmanuel (SOKENDAI), Yashima Kenta (SOKENDAI), Ohtsuki Hisashi (SOKENDAI), Sasaki Akira (SOKENDAI)	Epidemic dynamics of a vector borne disease on rural-urban star network with commuters
14:00	O-46	柿添友輔(九州大学), 岩見真吾(九州大学) Yusuke Kakizoe (Kyushu University), Shingo Iwami (Kyushu University)	ウイルス感染における保存量の確認 Confirmation of conservative quantity in virus dynamics
14:20	O-47	池田裕宜(九州大学), 岩見真吾(九州大学) Hiroki Ikeda (Kyushu University), Shingo Iwami (Kyushu University)	感染初期におけるウイルスダイナミクスの定量解析 Quantification of virus infection dynamics during acute phase
14:40	O-48	梶原毅、佐々木徹(岡大環境生命)、竹内康博(青学大理工) Tsuyoshi Kajiwara, Toru Sasaki(Okayama Univ.), Yasuhiro Takeuchi(Aoyama Gakuin Univ.)	ウイルス学におけるリアプノフ関数の構成: 単純なモデルから複雑なモデルへ Construction of Lyapunov functions for models of virology: from simple models to complex models
15:00	O-49	○佐々木徹(岡山大・環境), 梶原毅(岡山大・環境) ○Toru Sasaki(Okayama Univ.), Tsuyoshi Kajiwara(Okayama Univ.)	遅れのある複数グループ感染症モデルの大域安定性 Global stability of a delay multi-group epidemic model
15:20	O-50	○應谷 洋二(岡大院・環), 梶原 毅(岡大院・環), 佐々木 徹(岡大院・環) ○Yoji Otani (Okayama University), Tsuyoshi Kajiwara (Okayama University), Toru Sasaki (Okayama University)	遅れを持つn-strainモデルのリアプノフ関数 Lyapunov functionals for n-strain model with delay
15:40	O-51	董 岳平(静岡大), 宮崎 倫子(静岡大), 竹内 康博(青山学院大) Y. Dong (Shizuoka University), R. Miyazaki (Shizuoka University), Y. Takeuchi (Aoyama Gakuin University)	Mathematical modeling of immune impairment in HIV infection with antiretroviral treatment
16:00	O-52	江夏洋一(東大数理) Yoichi Enatsu (University of Tokyo)	媒介感染症の流行モデルの大域的挙動および関連する自由境界問題への考察 Global dynamics of epidemic models for vector-borne diseases and free-boundary problems

9月13日(金) 13:00~16:20 (会場C) 進化・ゲーム・ネットワークⅡ

13:00	O-53	○瀬野裕美(東北大院・情報), 井上 子に対する教育投資への親の意識分布の世代間遷移ダイナミクスモデル 美香(広島大・理・数学)	Mathematical model on generational transition of parents' attitude in educational investment for child
		Hiroimi Seno (Tohoku University), Inoue Mika (Hiroshima University)	
13:20	O-54	湯佐安紀子, 津村宏臣, ○山村則男 (同志社・文化情報)	草食動物の家畜化と牧畜の起源
		Akiko Yusa, Hiroomi Tsumura, ○ Norio Yamamura (Doshisha University)	Domestication of herbivorous animals and origin of livestock farming
13:40	O-55	○佐藤恵里子(同志社院・文化情 報), 山村則男(同志社院・文化情報)	遊牧における寛容戦略の効用と進化Ⅱ
		○Eriko Sato (Doshisha University), Norio Yamamura(Doshisha University)	Utility and Evolution of Tolerance in Nomadic Livestock Farming Ⅱ
14:00	O-56	立木 佑弥(北大・環境), 佐竹 暁子 (北大・環境)	ササ・タケ類一斉開花枯死の進化: 地下茎構造の影響
		Yuuya Tachiki (Hokkaido Univ), Akiko Satake (Hokkaido Univ)	the role of rhizome system in the evolution of mass flowering in bamboos
14:20	O-57	○内之宮光紀(九州大学・シス生), 巖佐庸(九州大学・理・生物)	植物と菌類の相利共生における最適資源分配戦略
		○Kouki Uchinomiya, Yoh Iwasa (Kyushu University)	Optimal resource allocation strategy in mutualism between plant and fungus
14:40	O-58	○山口諒(九大院・シス生), 巖佐庸 (九大・理)	異所的種分化と種形成速度
		○Ryo Yamaguchi (Kyushu University), Yoh Iwasa (Kyushu University)	Allopatric speciation and species creation rate
15:00	O-59	内海 邑, 佐々木 顕 (総研大・生命共 生体進化)	ミトコンドリアの片親遺伝の進化: メタ個体群モデルによる検討
		Yu Uchiumi, Akira Sasaki (ESB, SOKENDAI)	Evolution of uniparental inheritance of mitochondria: using a metapopulation model
15:20	O-60	武藤敦子、加藤昇平、犬塚信博(名 古屋工業大学)	後天的要素を考慮した性選択モデルの提案とグッピーへの適用
		Atsuko Mutoh, Shohei Kato, Nobuhiro Inuzuka (Nagoya Institute of Technology)	A Model of Sexual-Selection with Acquired Qualities and an Application for Guppy's Behaviors.
15:40	O-61	○岡嶋亮子(明治大・研究知財) ○Ryoko Okajima (Meiji University)	スペシャリストかジェネラリストか; 陸生巻貝・殻形態の安定性
			Specialist or generalist; the stability of land snail's shell
16:00	O-62	斉藤稔, 石原秀至, 金子邦彦 東京 大学総合文化	遺伝型-表現型マップの複雑性が遺伝的冗長性の進化を促進する
		Nen Saito, Shuji Ishihara, Kunihiro Kaneko	Complexity in Genotype - Phenotype Mapping Facilitates Evolution of Genetic Redundancy

一般講演(ポスター発表)

コアタイム: 奇数番号 9月11日(水) 12:30~13:30

偶数番号 9月12日(木) 12:00~13:00

P-1 中岡慎治(理研) S Nakaoka (RIKEN)	皮膚組織における炎症反応シミュレーション Stochastic simulations of inflammatory response at the skin tissue
P-2 ○内田さちえ(奈良女院・人間文化)、高須夫悟(奈良女・理) ○Sachie Uchida, Fugo Takasu (Nara Woman's University)	連続空間上の個体ベースSIRモデル - ペア密度に注目した解析 An individual based SIR model in continuous space - analysis focused on pair density
P-3 杉村佳織(お茶大院)、郡宏(お茶大院) Kaori Sugimura(Ochanomizu Univ.), Hiroshi Kori(Ochanomizu Univ.)	興奮性媒体における時空カオスのシステムサイズ依存性 System size dependence of spatio-temporal chaos in an excitable medium
P-4 ○今村(滝川)寿子(九大院・医)、朽名夏麿(東大院・新領域)、桧垣匠(東大院・新領域)、秋田佳恵(東大院・新領域)、三浦岳(九大院・医) Hisako Takigawa-Imamura (Kyushu Univ.), Natsumaro Kutsuna (Univ. Tokyo), Takumi Higaki (Univ. Tokyo), Kae Akita (Univ. Tokyo), Takashi Miura (Kyushu Univ.)	植物表皮細胞壁のジグソーパズル構造形成のメカニズムの解明 Jigsaw puzzle pattern in the epidermal cell wall of leaves
P-5 ○濱田 実樹(奈良女・人間文化)、高須夫悟(奈良女・理) Miki Hamada(Nara Woman's Univ.),Fugo Takasu(Nara Woman's Univ.)	時間遅れを伴う造血幹細胞の動態モデル Dynamics of the hematopoietic stemcells with time delay.
P-6 ○鈴木彩香(奈良女院・人間文化)、小林篤(東邦大院・理)、中村浩志(信州大・教育)、高須夫悟(奈良女・理) ○Ayaka Suzuki (Nara Women's University), Atsusi Kobayasi (Toho University), Hiroshi Nakamura (Shinshu University), Fugo Takasu (Nara Women's University)	ライチョウの個体群存続可能性分析 Population viability analysis of the Rock Ptarmigan Lagopus mutus japonicus in Japan
P-7 ○加納剛史(東北大・通研)、大須賀公一(阪大院・工)、小林亮(広島大院・理/JST CREST)、青沼仁志(北大・電子研)、石川将人(阪大院・工)、杉本靖博(阪大院・工)、大脇大(東北大・通研)、石黒章夫(東北大・通研/JST CREST) ○Takeshi Kano (Tohoku University), Koichi Osuka (Osaka University), Ryo Kobayashi (Hiroshima University/ JST CREST), Hitoshi Aonuma (Hokkaido University), Masato Ishikawa (Osaka University), Yasuhiro Sugimoto (Osaka University), Dai Owaki (Tohoku University), Akio Ishiguro (Tohoku University/ JST CREST)	人間社会の生成崩壊ダイナミクスの数理モデル Mathematical model of generation and collapse dynamics in human society
P-8 ○池川雄亮、江副日出夫、難波利幸(大阪府大院・理学) ○Yusuke Ikegawa, Hideo Ezo, Toshiyuki Namba (Osaka Pref. Univ.)	生物的防除のパラドックス: 複数種の天敵の導入は効果的か? Paradox of biological control: Is introduction of multiple natural enemy species effective?
P-9 ○森川玲於奈(東北大)、大脇大(東北大)、石黒章夫(東北大/JST CREST) ○Leona Morikawa (Tohoku University), Dai Owaki (Tohoku University), Akio Ishiguro (Tohoku University/JST CREST)	四脚動物の歩容遷移メカニズム Gait transition mechanism of quadrupeds

<p>P-10 ○上地理沙(京大院・情), 阿久津達也(京大院・情)</p> <p>○Lisa Uechi (Kyoto University), Tatsuya Akutsu(Kyoto University)</p>	<p>ネーターの定理を用いたオオヤマネコとウサギの個体周期変動の解析</p> <p>Analysis of Canadian lynx and snowshoe hare population cycle using Noether's theorem</p>
<p>P-11 ○笹本浩平(京都府医大・医・学生(学部4年)), 新里直美(京都府医大・細胞生理学, 平安女学院大・日本食育・健康研究所), 丸中良典(京都府医大・細胞生理学, 京都府医大・バイオイオノミクス, 平安女学院大・日本食育・健康研究所)</p> <p>Kouhei Sasamoto(Undergrad. Student (4th year), Kyoto Pref. Univ. Med.), Naomi Niisato(Kyoto Pref. Univ. Med., Molecular Cell Physiology, Japan Institute for Food Education and Health, Heian Jogakuin (St. Agnes') Univ.), Yoshinori Marunaka(Kyoto Pref. Univ. Med., Molecular Cell Physiology, Dept. of Bio-Ionomics, Kyoto Pref. Univ. Med., Japan Institute for Food Education and Health, Heian Jogakuin (St. Agnes') Univ.)</p>	<p>ENaC細胞内動態の数理モデル構築による上皮Na⁺輸送制御解析の可能性</p> <p>ENaC dynamics in the intracellular space: analysis of Na⁺ transport in epithelial cells by mathematical model</p>
<p>P-12 ○森河良太(東薬大・生命科), 宮川毅(東薬大・生命科), 高須昌子(東薬大・生命科)</p> <p>○Ryota Morikawa(Tokyo University of Pharmacy and Life Sciences), Takeshi Miykawa(Tokyo University of Pharmacy and Life Sciences), Masako Takasu(Tokyo University of Pharmacy and Life Sciences)</p>	<p>線毛を持つバクテリアが示す Twitching 運動の個体動力学シミュレーション</p> <p>An individual dynamics simulation of twitching motility of a bacterium with the pili</p>
<p>P-13 ○佐藤英毅(東北大・通研), 加納剛史(東北大・通研), 坂本一寛(東北大・通研), 松坂義哉(東北大・院・医), 青沼仁志(北大・電子研), 石黒章夫(東北大・通研/JST CREST)</p> <p>○Eiki Sato(Tohoku University), Takeshi Kano(Tohoku University), Kazuhiro Sakamoto(Tohoku University), Yoshiya Matsuzaka(Tohoku University), Hitoshi Aonuma(Hokkaido University), Akio Ishiguro(Tohoku university/JST CREST)</p>	<p>腕切断実験におけるクモヒトデの腕間協調メカニズム</p> <p>Investigation of inter-limb coordination mechanism of ophiuroids via arm-amputation experiments</p>
<p>P-14 ○阿部真人, 笠田実, 嶋田正和(東大院・広域システム)</p> <p>○M.Abe, M.Kasada, M.Shimada(Graduate School of Arts and Science, the University of Tokyo)</p>	<p>ランダム天敵回避行動の理論と実験</p> <p>Theoretical Framework and Experiment of Random Avoidance Behavior</p>
<p>P-15 ○堀切舜哉(東北大), 梅館拓也(タフツ大), 小林亮(広島大院・理), 石黒章夫(東北大/JST CREST)</p> <p>Shunya Horikiri(Tohoku University), Takuya Umedachi(Tufts University), Ryo Kobayashi(Hiroshima University), Akio Ishiguro(Tohoku University/JST CREST)</p>	<p>大変形を伴うアメーバ様ロコモーションの数理モデル</p> <p>Mathematical Model of Amoeboid Locomotion with Large Deformation</p>
<p>P-16 岩田繁英(東京海洋大)</p> <p>Shigehide Iwata(Tokyo University of Marine Science and Technology)</p>	<p>磯やけの発生・維持に関する数理モデル</p> <p>Mathematical model for incidence and sustension of Sea Desert</p>
<p>P-17 ○鈴木佳祐(静大院・工), 伊東啓(静岡大院・工), 柿嶋聡(静大・創造院), 守田智(静大・工), 上原隆司(静大・創造院), 泰中啓一(静大・創造院), 吉村仁(静大・創造院)</p> <p>○Keisuke Suzuki(Shizuoka University), Hiromu Ito(Shizuoka University), Satoshi Kakishima(Shizuoka University), Satoru Morita(Shizuoka University), Takashi Uehara(Shizuoka University), Keiichi Tainaka(Shizuoka University), Jin Yoshimura(Shizuoka University)</p>	<p>陸生植物系における多種共存メカニズム</p> <p>The mechanisms for the coexistence of many species in terrestrial plant communities</p>

<p>P-18 竹内大樹(東大・情報理工), ○田中剛平(東大・工), 藤江遼(JST FIRST合原プロジェクト), 合原一幸(東大・生産研), 鈴木秀幸(東大・生産研)</p> <p>Daiki Takeuchi (The University of Tokyo), ○Gouhei Tanaka (The University of Tokyo), Ryo Fujie (JST FIRST Aihara PJ), Kazuyuki Aihara (The University of Tokyo), Hideyuki Suzuki (The University of Tokyo)</p>	<p>意見形成モデルにおける一極集中現象と中立者の影響</p> <p>Effect of neutrals on polarization in an opinion formation model</p>
<p>P-19 高瀬光雄(LINFOPS有限会社)</p> <p>Mitsuo Takase (LINFOPS Inc.)</p>	<p>発生における情報伝達および形成の数理的仕組みについて</p> <p>A mathematical information processing and body formation mechanism in development</p>
<p>P-20 ○伊東啓(静大・創造院), 上原隆司(静大・創造院), 守田智(静大院・工), 泰中啓一(静大・創造院), 吉村仁(静大・創造院)</p> <p>○Hiromu Ito (Shizuoka University), Takashi Uehara (Shizuoka University), Satoru Morita (Shizuoka University), Kei-ichi Tainaka (Shizuoka University), Jin Yoshimura (Shizuoka University)</p>	<p>変動環境下における採餌行動</p> <p>Foraging behavior in stochastic environments</p>
<p>P-21 瓜生耕一郎・理化学研究所 望月理論生物学研究室</p> <p>Koichiro Uriu・Theoretical Biology Laboratory, RIKEN</p>	<p>協調的細胞移動のもとでの振動子の同期</p> <p>Synchronization of coupled genetic oscillators under collective cell movement</p>
<p>P-22 ○渡邊晋(早大院・先進理工, 日本学術振興会特別研究員DC), 高松敦子(早大・先進理工), 林泰弘(早大・先進理工)</p> <p>○Shin Watanabe (Waseda University, JSPS Research Fellow), Atsuko Takamatsu (Waseda University), Yasuhiro Hayashi (Waseda University)</p>	<p>生物型アルゴリズムを用いた需要量変動環境におけるネットワーク設計</p> <p>Network design under conditions of oscillating demand using by a biologically inspired algorithm</p>
<p>P-23 ○川瀬 大樹(静大院・工), 竹内康博(青山学院大・理工)</p> <p>○Hiroki Kawase(Shizuoka University) Yasuhiro Takeuchi(Aoyama Gakuin University)</p>	<p>アポトーシスとHIV感染症</p> <p>Apoptosis Model in HIV Infection</p>
<p>P-24 ○村上陽平(京大院・生物物理), 高田彰二(京大院・生物物理)</p> <p>Yohei Murakami (Kyoto Univ, Biophysics), Shoji Takada (Kyoto Univ, Biophysics)</p>	<p>システム生物学におけるベイズパラメータ推定</p> <p>Bayesian parameter inference in systems biology</p>
<p>P-25 川津 一隆(龍谷大・理工)</p> <p>Kazutaka KAWATSU (Faculty of Science and Technology, Ryukoku University)</p>	<p>性拮抗的共進化における直接・間接選択が性の維持に与える相対的影響</p> <p>Relative effect of direct and indirect selection in sexual antagonism on the maintenance of sex</p>
<p>P-26 ○中村憲(東北大・通研), 遠藤栄進(東北大・工), 大脇大(東北大・通研), 石黒章夫(東北大・通研/JST CREST)</p> <p>○Ken Nakamura(Tohoku University), Eishin Endo(Tohoku University), Dai Owaki(Tohoku University), Akio Ishiguro(Tohoku University/JST CREST)</p>	<p>4脚動物と6脚動物の脚間協調メカニズムは共通か?</p> <p>How do quadruped and hexapod animals differ in interlimb coordination mechanism?</p>
<p>P-27 ○福井眞(農環研・大気環境), 横沢正幸(農環研・大気環境)</p> <p>○Shin Fukui(NIAES), Masayuki Yokozawa(NIAES)</p>	<p>温暖化による害虫の定着と耕作の意思決定</p> <p>Decision making of cultivation and pest settlement by global warming</p>
<p>P-28 ○佐竹暁子(北大院・環境科学)</p> <p>○Akiko Satake (Hokkaido University)</p>	<p>温度と日長のシナジーとして植物の開花時期を考える</p> <p>Understanding flowering timing based on a synergy of temperature and photoperiod</p>

P-29	○小森谷均(富士通研),永野友子(富士通研),井土幸夫(富士通研),胡勝治(富士通研) Hitoshi Komoriya (Fujitsu lab.), Tomoko Nagano (Fujitsu lab.), Sachio Ido (Fujitsu lab.), Katsuji Ebisu (Fujitsu lab.)	哺乳動物の生息地適性シミュレーション A habitat potential simulation for mammals
P-30	佐竹冬彦(東北大・通研),加納剛史(東北大・通研),伊達央(防衛大・情報工),井上康介(茨城大・工),石黒章夫(東北大・通研/JST CREST) Fuyuhiko Satake (Tohoku University), Takeshi Kano (Tohoku University), Hisashi Date (National Defense Academy of Japan), Kousuke Inoue (Ibaraki University), Akio Ishiguro (Tohoku University/ JST CREST)	狭窄空間におけるヘビのロコモーションの数理モデル Mathematical model of snake locomotion in narrow channels
P-31	○有吉夏未(奈良女大院・人間文化),高須夫悟(奈良女大・理) ○Natsumi Ariyoshi (Nara Women's University), Fugo Takasu (Nara Women's University)	連続空間におけるしつぺ返し戦略の個体群動態モデル A population dynamics model of tit for tat strategy on continuous space
P-32	小田切健太, 明治大MIMS Kenta Odagiri, MIMS, Meiji University	場と相互作用する生物集団の秩序形成 Mesoscopic model for chemotaxis and population pressure
P-33	八島健太(総研大), 鈴木清樹(中央農研), 佐々木顕(総研大) Kenta Yashima (SOKENDAI), Sayaki U. Suzuki (NARO), Akira Sasaki (SOKENDAI)	不均質環境下における個体群動態 Population dynamics in heterogeneous environment
P-34	○木下修一(明治大), 岩本真裕子(明治大), 立石恵大(明治大), 末松 J. 信彦(明治大, 上山大信(明治大) Shu-ichi Kinoshita (Meiji Univ.), Mayuko Iwamoto (Meiji Univ.), Keita Tateishi (Meiji Univ.), Nobuhiko J. Suematsu (Meiji Univ.), Daishin Ueyama (Meiji Univ.)	非一様興奮性媒体上におけるスパイラル波の形成 Spiral formation in heterogeneous discretized excitable media
P-35	○田邊奨馬(東大院・情報理工), 増田直紀(東大院・情報理工) ○Shoma Tanabe (Tokyo Univ., Dep. Math. Info.), Naoki Masuda (Tokyo Univ., Dep. Math. Info.)	進化ゲーム理論を用いた不確実な状況下での行動選択の解析 Analysis of action selection under uncertainty using evolutionary game theory
P-36	○佐伯晃一(総研大), 佐々木顕(総研大) ○Koichi Saeki (SOKENDAI), Akira Sasaki (SOKENDAI)	培養系におけるウイルスの細胞間接触感染の進化シミュレーション Evolution of contact dependent viral infection in vivo
P-37	○江崎貴裕(東大院・工), 西成活裕(東大先端研) ○Takahiro Ezaki (The University of Tokyo), Katsuhiko Nishinari (The University of Tokyo)	複数ボトルネックをもつ群集退出流れ Pedestrian egress flow through multiple bottlenecks
P-38	上山彬一(電気通信大学) 藤田一寿(電気通信大学) 榎森与志喜(電気通信大学) Akikazu Kamiyama, Kazuhisa Fujita, Yoshiki Kashimori (The University of Electro-Communications)	視覚情報処理の神経モデル A Neural Model for Visual Information Processing
P-39	○入谷亮介(九大・理) Ryosuke IRITANI (Kyushu Univ.)	寄生者の水平感染と毒性が宿主の移住行動に及ぼす効果 Parasite virulence, horizontal transmission and the evolution of host dispersal.
P-40	舞木昭彦(島根大・生物資源科学), ○近藤倫生(龍谷大, 理工) Akihiko Mougi (Shimane University), Michio Kondoh (Ryukoku University)	3種の種間相互作用タイプが共存する生物群集の安定性 Stability of ecological community with three interaction types
P-41	○碓周介(早大院・先進理工), 高松敦子(早大・先進理工) ○Shusuke Ikari (Waseda University), Atsuko Takamatsu (Waseda University)	粘菌結合振動子系の数理モデル化 —結合成長を考慮した結合振動子系における時空間パターン形成— A mathematical model for coupled oscillator systems of plasmodial slime mold—Spatio-temporal patterns formation in oscillator system with growing coupling—

<p>P-42 山口高輝(早大院・先進理工), 渡邊晋(早大院・先進理工), 青山隼也(早大院・先進理工), 高松敦子(早大・先進理工)</p> <p>Takaki Yamaguchi (Waseda University), Shin Watanabe (Waseda University), Junya Aoyama (Waseda University), Atsuko Takamatsu (Waseda University)</p>	<p>真正粘菌変形体における管径成長の環境依存性</p> <p>Growth dynamics of tubular structure in plasmodial slime mold and its dependence on environmental conditions</p>
<p>P-43 ○久本峻平(早大院・先進理工), 西川星也(早大院・先進理工), 高松敦子(早大・先進理工)</p> <p>○Shumpei Hisamoto(Waseda University), Seiya Nishikawa(Waseda University), Atsuko Takamatsua(Waseda University)</p>	<p>アリの運動量と個体数の関係</p> <p>Population size and activity in the Japanese garden ant, Lasius japonicus</p>
<p>P-44 西川星也(早大院・先進理工), 高松敦子(早大・先進理工), 大澤志津江(京大院・生命), 井垣達吏(京大院・生命)</p> <p>Seiya Nishikawa(Waseda University), Atsuko Takamatsu(Waseda University), Shizue Ohsawa(Kyoto University), Tatsushi Igaki(Kyoto University)</p>	<p>Lotka-Volterra model に基づく細胞競合モデル</p> <p>A cell competition model based on Lotka-Volterra model</p>
<p>P-45 ○畑中直樹(広島院 理), 伊藤賢太郎(広島大学), 小林亮(広島大学)</p> <p>○Naoki Hatanaka(Hiroshima University), Kentaro Ito(Hiroshima University), Ryo Kobayashi(Hiroshima University)</p>	<p>粘菌の厚み振動の数理モデルにおける進行波パターン</p> <p>Traveling wave in mathematical model for thickness oscillation of true slime mold</p>
<p>P-46 ○高田壮則(北大・地球環境), 真坂一彦(道立林業試験場)</p> <p>○Takada, T. (Hokkaido University), Masaka K.(Hokkaido Forest Research Institute)</p>	<p>風媒花植物における性比モデル</p> <p>Sex ratio model in wind-pollinated species</p>
<p>P-47 ○渡邊翔太郎, 角谷美和(同志社大・生命医科), 藤岡慧明(東京大・生産技術研究所), 合原一究(理化学研究所・脳科学総合研究センター), 渡辺好章, 力丸裕, 太田哲男, 飛龍志津子(同志社大・生命医科)</p> <p>○Shotaro Watanabe, Miwa Sumiya (Doshisha university), Emyo Fujioka (the University of Tokyo), Ikkyu Aihara (RIKEN), Yoshiaki Watanabe, Hiroshi Riquimaroux, Tetsuo Ohta, and Shizuko Hiryu (Doshisha university)</p>	<p>野性コウモリの採餌中のエコーロケーション行動における実験的・数理的検討</p> <p>Experimental and mathematical investigations of echolocation behavior of wild bats during foraging flight</p>
<p>P-48 ○関口卓也(総研大・先導研), 大槻久(総研大・先導研)</p> <p>○Takuya Sekiguchi (The Graduate University for Advanced Studies), Hisashi Ohtsuki (The Graduate University for Advanced Studies)</p>	<p>逐次的意思決定状況における集合知の有効集団サイズ</p> <p>Effective population size of majority vote accuracy in sequential decision making</p>
<p>P-49 ○中村光宏(総研大)</p> <p>○Mitsuhiro Nakamura (SOKENDAI)</p>	<p>リスク選好/回避バイアスのもとでの有限集団の社会学習ダイナミクス</p> <p>Social learning dynamics in finite populations under risk love and aversion</p>
<p>P-50 ○藤田浩徳(基生研), 青木誠志郎(東大・院・総合文化), 川口正代司(基生研)</p> <p>○Hironori Fujita (NIBB), Seishiro Aoki (University of Tokyo), Masayoshi Kawaguchi (NIBB)</p>	<p>マメ科植物-根粒菌共生系における窒素固定の進化ダイナミクスモデル</p> <p>Model for evolutionary dynamics of nitrogen fixation in legume-rhizobia symbiosis</p>
<p>P-51 根本大寛(東京都市大院・工), 長谷川智史(東京都市大学・工), 穴田一(東京都市大学・知工)</p> <p>Taikan Nemoto(Tokyo city university), Satoshi Hasegawa(Tokyo city university), Hajime Anada(Tokyo city university)</p>	<p>MASを用いた免疫系の数理モデル</p> <p>Mathematical Model of The Immune System Using MAS</p>

<p>P-52 ○風間俊哉(広大院理, JST CREST), 小林亮(広大院理, JST CREST)</p> <p>○Toshiya Kazama (Hiroshima Univ., JST CREST), Ryo Kobayashi (Hiroshima Univ., JST CREST)</p>	<p>身体を波打たせて遊泳する生物の推進メカニズムにおける流体力学的効果の数理的検討</p> <p>A mathematical study for the hydrodynamic effect in the swimming mechanism of animals with the undulating motion</p>
<p>P-53 川口 勇生(放医研)</p> <p>Isao Kawaguchi (NIRS, Japan)</p>	<p>放射線発がん過程における線量率効果とLET依存性</p> <p>Dose rate effect and LET dependency on radiation induced carcinogenesis</p>

要旨

(Abstract)

総合講演

(Plenary Lecture)

流体の統計力学と温室効果の問題点 -Carbonic Acid is not a Poison in itself-

九州大学名誉教授 松田博嗣

連日猛暑が続き、異常気象とか、気象学に対する関心が高まっている。

これまで、気象学は流体である大気の状態やその変化を、熱力学と流体力学を基礎として、実測事実を説明しようとしてきた。しかし、これでは分子や微粒子など大気の構成要素と気象現象との関連を説明できない。統計力学では、物質の構成要素から物性が演繹される。しかし、対流のように、流れのある現象は通常研究の埒外にあった。私は出来るだけ簡単なモデルから出発して、流体の統計力学の建設を目指している。

太陽の惑星である地球は主として太陽から放射によりエネルギーを受け、それを放射により宇宙空間に戻し近似的に定常状態にある。惑星に大気があるときは、仮に大気が理想気体であっても、対流が起これ、定量的取り扱いが複雑になる。そこで、理想化された惑星モデルとして、地面は温度 $T(0)$ の黒体で、これに衝突した理想気体分子は直ちに反撥するが、反撥分子の流束は衝突前の速度に関わらず温度 $T(0)$ のMaxwell分布に従う、即ち地面は温度 $T(0)$ の熱壁[1]であると仮定する。上空 $z > 0$ での温度はそこに突然置かれた熱壁をProbe として測定される。高さ z での温度 $T(z)$ はProbeの定常温度である。

気象学ではCO₂のように、地面より出る赤外線放射を地面に返す「温室効果ガス」のために起こる温度上昇を指すことが多い。しかし、温室効果ガスが皆無であっても、対流によって、地上温度が上昇することが示される。実際、私は磯部雅晴との協同研究により、任意の高さでの定常流束や熱流束を求め、このことを定量的に示した。[2,3] 従って、温室効果は何らかの要因により地上温度が上昇することであると広く定義すべきであろう。

本講演では温室効果の問題点を指摘し、上記惑星モデルの種々相の研究結果を報告する。

References

- [1] H. Matsuda and M. Isobe: Proceedings of the 63rd Annual Meeting of Phys. Soc. Japan (2009)
- [2] G. Ticcotti and A. Tenenbaum: J. Stat. Phys. 23 (1980), 767
- [3] 小倉義光：一般気象学（第2版）東京大学出版会（1999）

要旨

(Abstract)

研究奨励賞受賞講演

(Award Lecture)

インフルエンザの数理モデリング

Mathematical modelling for understanding ecology of pathogen: case studies of influenza.

大森亮介^{a1, b}

Ryosuke Omori^{a1, b}

^aWeill Cornell Medical College in Qatar, ^bWeill Cornell Medical College

感染症流行解析において、病原体伝搬過程は非線形現象である為に数理モデルによる解析が特に重要となる。これまでに感染症流行の数理モデルは感染症の流行抑制において様々な場面で活用されてきた。感染症流行の数理モデルによる研究は比較的歴史が長いにも関わらず、未だ多くの感染症において未解決問題を多く抱えている。これは上に述べた様な非線形現象による複雑現象の出現に加え、病原体と宿主という少なくとも二種の生活史が感染症流行に大きく影響する事に起因する。本講演では、感染症流行解析の数理モデリングにおいてとりわけ多くの問題を抱えている病原体の一つであるインフルエンザの数理モデリングを例に、講演者のこれまでの研究とその周辺の研究をとりあげ、数理モデルが明らかにしてきた知見を紹介する。

¹ryo2001@qatar-med.cornell.edu

がんの発生と進行に関する数理モデル研究 Mathematical modeling of cancer initiation and progression

波江野洋^{a1}

Hiroshi Haeno^{a1}

^a九州大学理学研究院生物科学部門

^aDepartment of Biology Faculty of Sciences Kyushu University

がんの克服は、現代において最も重要な課題の1つである。近年、分析機器の発展に伴い、幅広い分野でがんの基本的な機構が解明され、いくつかの効果的な薬も開発された。このような状況の中、事実に基づいた数理モデルの構築と解析が現実的になってきた。本講演では、私がこれまで行ってきたがんの発生と進行に関する数理モデル研究を紹介する。

白血球のがんの一種である骨髄増殖性疾患は、長期的な自己複製能力を有している造血幹細胞が、がんの起源細胞であると広く考えられていた。そこで、確率的な影響によって正常細胞が突然変異を蓄積する数理モデルを構築し、造血組織の一部のダイナミクスを再現した。そのモデルを用い、幹細胞とより分化した細胞のどちらの組織でがんが発生するかを調べると、より分化した細胞で骨髄増殖性疾患が起こりやすい事が示された。この研究によって、新しい発がん経路の可能性を理論の立場から示す事が出来た。

膵癌は早期発見が難しく、診断時に転移巣を有している事が多い。そこで、膵癌細胞の増殖を出生死亡過程で数理モデル化した。転移イベントを含むこの数理モデルから、診断時の転移癌の大きさや転移箇所の数、診断後の生存期間などを予測した。癌細胞の増殖率などのモデルパラメータは複数時点における腫瘍サイズなどの臨床データから推定した。モデルから予測された生存期間などの指標は、臨床データとよく適合した。また、投薬と原発腫瘍の切除が患者の生存期間に与える影響を調べた。

参考文献

Haeno H*, Gonen M*, Davis MB, Herman JM, Iacobuzio-Donahue CA, Michor F. (2012) (*co-first authors)

Computational modeling of pancreatic cancer reveals kinetics of metastasis suggesting optimum treatment strategies. *Cell* 148(1-2):362-75.

Haeno H, R. L. Levine, D. G. Gilliland, F. Michor (2009)

A progenitor cell origin of myeloid malignancies. *Proc Natl Acad Sci USA* 106, 16616-16621.

¹haeno@kyushu-u.org

要旨
(Abstract)

企画シンポジウム
(Symposium)

腹足類殻の“巻き”パタンの定量化

Geometric Analysis and Quantification of Coiling-Patterns of Gastropod Shells

野下浩司^{a1}

Koji Noshita^{a1}

^a九州大学・システム生命

^aKyushu University

腹足類の殻は多様な巻きパターンをもつ。その多くはらせん状に巻くが、“異常巻き”と呼ばれる非らせん状の巻きパターンを示す種も存在する。こうした多様な巻きパターンは成長管モデル (Okamoto, 1988) により統一的に定量化することができる。しかし、成長管モデルが微分幾何に基づくモデルであり、そのパラメータは局所的に定義されているため測定が困難である。そのため実証研究ではほとんど利用されていない。

本発表では腹足類の殻の巻きパタンの統一的な定量化法として成長管モデルをもちいるための実用的な解析方法を提案する。3DのCTデータが利用できる場合、殻の成長軌道とそれにともない変化する螺管の太さの離散的なデータが測定できる (Monnet *et al.*, 2009)。そこで螺管の太さの離散的なデータから螺管の拡大率を推定する。また、B-スプライン曲線で成長軌道を近似し成長にともない変化する成長管モデルパラメータを推定する。この方法では“異常巻き”を含む、あらゆる巻きパターンを定量化できる。2Dのデジタルカメラによるイメージデータのみが利用できる場合でも、Raupモデル (Raup, 1962; Raup & Michelson, 1965) などの測定可能なモデルを介し、成長管モデルパラメータを推定することができる。本研究では形態モデルパラメータが一定である場合のRaupモデルから成長管モデルへのパラメータの変換を導出した。最後にそれぞれの推定がどういった状況で有用かを考察する。

¹noshita@bio-math10.biology.kyushu-u.ac.jp

形態的差異や形態的多様性の評価の手法依存性

How different depends on how you measure them

生形貴男

Takao Ubukata

静大・理

Shizuoka University

生物の形状を定量化する動機のほとんどは、複数の個体やタクサの間でそれらのかたちを比較することにあるといっても過言ではないだろう。したがって、各形状の座標づけと同様に、形状間の距離や形状の変異・多様性の評価は、定量形態学における主要な目的となる。しかしながら、形態測定学などで定義される形態学的変量は、生物が持つ形態的属性の総体ではなく、それらの中のある側面（標識点配置や輪郭など）を表しものに過ぎない。それと同様に、何らかの方法で定義された形状間の距離やバリエーションも、ある基準で評価した形態的距離や形態的多様性の一側面でしかない。また、幾何学的形態測定学におけるケンドール多様体を除けば、輪郭などを扱う境界形態測定学や貝殻の巻き方などを表現する理論形態学などで用いられる形態学的変量については、それがどのような形状空間に乗り、そうした形態的変量の差異に基づいて定義される距離がどのような性質を有しているのかについては、ほとんど頓着されていない。本講演では、貝殻の形態について同じ対象同士を様々な方法で比較した場合を例にして、形態同士の差異や多様性の評価が採用する手法に依存する問題について論じる。

sbtubuk@ipc.shizuoka.ac.jp

蛾蝶の擬態模様に見られる基本設計と適応的なデザイン

Ground plan and adaptive design of moth and butterfly wing patterns mimicking leaves and lichens

鈴木誉保^{a1}

Takao K Suzuki^{a1}

^a農生研・遺伝子組換えカイコ

^aNational Institute of Agrobiological Sciences (NIAS)

蛾や蝶の翅の模様は、枯葉、樹皮、苔などに擬態している。擬態模様は、自然選択により進化してきたと考えられるが、どのような“うまい”デザイン原理がこれらの模様に備わっているかについてほとんどわかっていない。細胞のシグナル伝達機構に備わるロバストネスや環境からのシグナルへの揺らぎ応答のようなデザイン原理は、はたして擬態模様にも備わっているのだろうか？

今回、擬態模様を定量・解析するための手法を開発し、模様のもつデザイン原理を明らかにしたので報告する。手法は、幾何学的形態測定法(geometric morphometrics)にネットワーク分析を組み合わせて開発した。まず、枯葉に擬態したヤガ科の蛾であるアカエグリバ(*Oraesia excavata*)を調べた。枯葉の葉脈さえをも模した翅模様は、主脈や側脈といった単位でモジュール構造を形成し、揺らいでも崩れにくい構造を獲得していた。次に、苔に擬態したタテハチョウ科の蝶であるコケイロカスリタテハ(*Hamadryas feronia*)を調べた。その模様は、多くのモジュール構造へと分断化され、揺らぎやすい構造となっていた。以上の結果は、翅模様はそれぞれの擬態戦略にそったデザイン原理を獲得していることを強く示唆していた。さらに、比較形態学的方法により、これらの擬態模様は、「グランドプラン」と呼ばれる基本設計を共有していることを明らかにした。蛾や蝶の翅模様は、共通した発生モジュールをもちながら2次的な変化を獲得することで、擬態模様固有のモジュール構造を作り出していることが示唆された。最後に、時間が許せば、現在進めているカイコ翅模様形成メカニズムについての分子生物学的な取り組みについても簡単に触れたい。

Suzuki TK (2013) Modularity of a leaf moth-wing pattern and a versatile characteristic of the wing-pattern ground plan. *BMC Evol. Biol.* 13:158

¹ homaresuzuki@gmail.com

Mechanical control of epithelial morphogenesis

杉村薫^{a1}, 石原秀至^b

Kaoru Sugimura^a, Shuji Ishihara^b

^a京大・iCeMS, ^b東大・総合文化

^aKyoto University, ^bUniv. of Tokyo

In the course of animal development, the shape of tissue emerges in part from mechanical and biochemical interactions between cells. Measuring force/stress in tissue is essential for studying morphogenesis. To quantify space-time maps of force/stress in a developing tissue, we formulated a Bayesian framework of force inference, in which an inverse problem between forces and the observed geometry of cells is formulated to infer the cell junction tensions, the difference of pressures among cells, and the global stress of a tissue, up to a scaling factor (Ishihara and Sugimura, 2012; Ishihara et al., 2013; Sugimura et al., in press).

Here, by combining mechanical and genetic perturbations along with live imaging and Bayesian force-inference, we investigate how mechanical forces regulate cell-level dynamics to attain a hexagonal cell configuration in the *Drosophila* pupal wing (Sugimura and Ishihara, in press). We show that tissue stress is oriented toward the proximal-distal axis by extrinsic forces acting on the wing. Cells respond to tissue stretching and orient cell contact surfaces with the stretching direction of the tissue, thereby stabilizing the balance between the intrinsic cell junction tension and the extrinsic force at the cell-population level. Consequently, under topological constraints of the 2-dimensional epithelial sheet, mismatches in the orientation of hexagonal arrays are suppressed, allowing more rapid relaxation to the hexagonal cell pattern. Thus, our results identify the mechanism through which the mechanical anisotropy in a tissue promotes ordering in cell packing geometry.

¹ ksugimura@icems.kyoto-u.ac.jp

ゲノムワイドマーカーを用いて生物のかたちを予測する： 玄米形予測への適用

Predicting biological shape based on genome-wide markers: application to prediction of brown rice shape

岩田洋佳^{a1}, 江花薫子^b, 宇賀優作^b, 林武司^c

Hiroyoshi Iwata^{a1}, Kaworu Ebanab, Yusaku Uga^b, Takeshi Hayashi^b

^a東大・院農学生命科学, ^b生物研, ^c農研機構・中央農研,

^aGrad. Sch. Agr. Life Sci., Univ. of Tokyo, ^bNIAS, ^bNARO・NARC

動植物の育種における新しい選抜法として、ゲノミックセレクションに注目が集まっている。ゲノミックセレクションは、ゲノムワイドに分布する多数のDNAマーカーの遺伝子型をもとに、目的形質の表現型を予測して、予測値の優れた個体を選抜する方法である。ゲノミックセレクションを用いれば、栽培試験を行って目的形質を計測しなくても優れた個体を選抜できる。ゲノミックセレクションを、人工環境を利用した世代促進と組合せて用いることにより、育種に要する時間を大幅に短縮できると期待される。ゲノミックセレクションでは、多数の品種・系統のデータをもとに、ゲノムワイドマーカー遺伝子型(x)から、目的形質(y)を予測するモデル($y = f(x)$)を構築する。われわれは、このようなアプローチを玄米形の予測に応用し、その有効性について検討した。かたちは、1~数次元で記述される通常の形質と異なり、高次の多次元データとして記述される。本研究では、輪郭座標を周期関数として捉える楕円フーリエ記述子(EFDs)を用いて、アジア栽培イネ(*Oryza sativa* L.)の遺伝資源の各アクセッションの玄米形変異を、77次元の係数ベクトルとして定量化した。ゲノムデータには最大36,901の一塩基多型(SNPs)データを用いた。予測精度は交差検証によって評価した。いくつかの次元削減法と回帰分析法を用いた結果、EFDsの次元削減によく用いられる主成分分析は、ゲノムデータとかたちのデータ間の関連を弱め、予測精度を低下させることが分かった。いっぽう、ゲノムデータとかたちのデータ間に見られる共分散構造を考慮して次元削減を行うPLS回帰が玄米形予測に有効であることが分かった。特に、ガウシアンカーネルを用いたカーネルPLS回帰が最も高い予測精度を示した。本講演では、生物のかたちのゲノム情報に基づく予測の例として、上述した研究結果について紹介するとともに、他の生物や学問分野への応用について、その展望を述べる。

¹ aiwata@mail.ecc.u-tokyo.ac.jp

放射線によるDNA損傷問題の周辺-数理モデルの可能性と役割

Historical problems of radiation biology on the basis of DNA damage

大内則幸[†]

Noriyuki B. Ouchi

原子力機構

JAEA

放射線生物学、あるいは放射線の人体（生物）影響の研究は、1895年のレントゲンによるX線の発見の直後から始まったといっても良い。20世紀に入り、X線など放射線の物理が明らかになったが、放射線がどのような機序で生物に対して影響を与えるのかはわかっておらず、突然変異や細胞死、また細胞の形状等の変化など、生じる影響に関する知見のみ蓄積されてきた。その後20世紀半ばになり、生物影響の一つの指標として、広義の細胞死（増殖死）を定量的に測定する方法が確立され(Puck&Marcus, 1956)、放射線に対する細胞の影響が測定可能になった。その結果、放射線の種類や強度、また様々な種類の細胞に対してインプットとして放射線、アウトプットとしての細胞死をプロットしたサバイバル曲線が得られた。その関数形は大きく2種類あることが知られており、細胞内にある仮想的ないくつかの「標的」に放射線がヒットすることにより、影響が現れるという標的理論を用いてそれら関数が導出可能である事がわかったが、低線量域で実験データを再現できない点や、標的数や細胞死に必要なヒット数を変えても同じように実験データを再現可能である点から、モデルの正当性には疑問が持たれている。その後、放射線の標的がDNAであることがわかり、放射線の生物への影響は細胞内に入射した放射線がDNAに対してエネルギーを付与することによるDNA損傷がオンセットである事が判明し、放射線によるDNA損傷の動態の詳細に関する研究が進められるようになった。発表においては、放射線生物学において広く知られる数理関係を説明し、問題解明に関する現状のアプローチとしてのDNA損傷研究について述べる予定である。

[†]ouchi.noriyuki@jaea.go.jp

放射線による DNA 切断生成の数理モデル

Mathematical model of radiation-induced DNA strand breaks

税所 康正^{a1}, 伊藤 敦^b

Yasumasa Saisho^{a1}, Atsushi Ito^b

^a広島大学・工, ^b東海大・工

^aHiroshima University, ^bTokai University

筆者らは, Saisho and Ito (*Journal of Mathematical Biology* 掲載予定)において, LET (線エネルギー付与=単位長さ当たり物質に与えるエネルギー)の低い放射線によって DNA の二重鎖にそれぞれランダムにできた 1 本鎖切断 (ssb) から 2 本鎖切断 (dsb) が生成される場合について, 切断数と切断場所を表現する確率変数を設定し, 2つのタイプの確率モデルを構築し, 数学的に平均 dsb 数, および dsb 数の全切断数に対する比の線量依存性の結果を導いた。

今回この結果を拡張し, 平均 dsb 数の, 線量と LET に対する依存性を考える。すなわち, 放射線の track に沿って生成されるラジカル spur (高密度でラジカルが生成される領域) 間の距離を指数分布とし, その平均を LET の大きさと関連付け, さらに各 spur からラジカルがブラウン運動をしながら拡散し, ある一定時間内に DNA 鎖に辿り着くことで損傷が起こるものとして, 各 DNA 塩基に ssb および dsb が起こる確率を計算し, 結果を導出する。

これによって, 放射線の track 上にできた複数の spur から同時発生的に生成される dsb と, DNA の二重鎖それぞれにランダムにできた ssb から生成される dsb の複合した結果が得られた。

これらの結果は DNA 鎖外部からの間接作用を表現したモデルであるが, 直接作用を考慮したモデルについても触れる予定である。

¹ saisho@hiroshima-u.ac.jp

放射線による微視的エネルギー付与分布と DNA 損傷

Microscopic energy deposition distribution of radiation and DNA damage

渡邊立子

Ritsuko Watanabe

原子力機構・放射線影響解析研究グループ

Japan Atomic Energy Agency, Research Group for Radiation Effect Analysis

放射線の作用の大きな特徴は、そのエネルギー付与の離散性にあり、標的となる系のごく一部に局所的に高密度のエネルギーを与える。この特徴は、低線量放射線の影響や異なる放射線による影響の違いを理解する上で非常に重要である。例えば、放射線の線質やエネルギーの違いは生物学的効果の度合いに大きく影響するが、これはエネルギー付与分布の微細構造の違いによって生じる DNA 損傷の生成量や形態の違いが主な原因だと考えられている。特に、高密度の電離が生じると、局所的に密に損傷が生じたクラスター損傷と呼ばれる複雑で修復されにくい損傷が形成されやすく、重篤な影響を招くと考えられている。しかし、損傷の実態自体に加え、どのような損傷形態がどの程度の生物影響をもたらすのかについては、明らかでない点が多い。我々は、エネルギー付与の構造と DNA 損傷スペクトル(損傷数および損傷間の位置関係)との関係を明らかにすることは、生物影響上重要な DNA 損傷を特定し、様々な条件下での放射線影響を推測するために必要であると考えている。そこで、重粒子線やX線のトラックの微細構造、細胞中での DNA 損傷の生成メカニズムのモデルに基づいて、DNA 損傷生成過程をシミュレーションするシステムを構築し、異なる線量や放射線種によるエネルギー付与の微視的な分布の違いと DNA 損傷との関係を調べている。講演では、放射線影響の評価における微視的なエネルギー付与の不均一性に起因する問題点を概説した上で、エネルギー付与の分布、損傷生成過程（直接作用と間接作用）等の、放射線影響の初期過程において DNA 損傷スペクトルを決定付けると考えられる因子の寄与に関する知見について述べる。

¹ watanabe.ritsuko@jaea.go.jp

放射線の種類による DNA 損傷生成収率の変化—実験データを元に

Change in the yield of DNA damage according to the type of radiation - Based on the experimental study

寺東宏明^{a1}

Hiroaki Terato^{a1}

^a 佐賀大・総合分析セ

^aSaga University

放射線生物効果の分子機構は遺伝物質であるDNAの損傷に起因すると考えることができ、このことは放射線特異的損傷とされるDNA二本鎖切断（DSB）の生成収率からみても妥当なことと考えられる。初期の放射線研究は、容易に利用できるエックス線やガンマ線によってなされたが、各種粒子線が利用できるようになった今日、異なる線質による生物効果の差異が注目されるようになった。特に、その線エネルギー付与（LET）と生物効果の重篤度の関係は、原子力利用や宇宙開発で問題となる高LET放射線の生物影響を考える上でも重要なテーマである。

私達の研究グループでは、多様な放射線源を用いて、DSBを含む各種DNA損傷の生成収率とLETの関係についての実験的検討を行ってきた。試験管実験では、環状プラスミドDNAのpDEL19（4,814 bp）と線状ファージDNAのlambda phage DNA（48,502 bp）を放射線に照射後、それぞれアガロースゲル電気泳動による環状分子のコンフォメーション変化とパルスフィールド電気泳動による分裂片集団の数平均分子量によりDSB解析を行っている。細胞実験では、照射細胞に生じた染色体DSBについて、ゲル中に包埋した細胞をアガロースゲル電気泳動することにより解析する。私達は、いずれの実験系においても、DSB生成収率がLETに対して反比例することを観察した。このことは、少なくとも生理的条件下におけるDSB生成収率がLET依存的に低下することを支持するものであるが、生物効果の重篤度がLET依存的に増す事実とは相反するように見える。本口演では、その理由について、他の研究グループの結果も交えながら考察するとともに、DSB以外のDNA損傷についても言及する。

¹ terato@cc.saga-u.ac.jp

DNA 鎖に生じた損傷の分布様式を調べるための実験と理論

Experimental and theoretical approach for studying

distribution pattern of lesions on DNA

赤松 憲^a, 鹿園 直哉^a

Ken Akamatsu^{a1}, Naoya Shikazono^a

^a原子力機構・量子ビーム

^aQuantum Beam Science Directorate, Japan Atomic Energy Agency

DNAはすべての生物が有する、生命活動にとって極めて重要な物質（直径2nmの鎖状）であるが、放射線や化学物質等の様々な要因によって常に傷ついている。DNAに生じた傷（DNA損傷）の殆どは生物が有する損傷修復機構によって元通りに修復されるが、中には修復困難なタイプの傷があり、これが突然変異や発癌の原因になるといわれている。

修復困難とされる損傷型のひとつに「クラスター損傷」（複数の損傷がDNA鎖上の狭い領域に集中的に生じている）がある。しかしながら、その化学構造・損傷局在の程度・生成頻度等の実体はほとんど明らかになっていない。そこで我々は、このような仮説的な損傷を実験的に解明するために、蛍光共鳴エネルギー移動（FRET：蛍光分子間のエネルギー移動効率は両分子間距離の6乗に反比例する、という物理法則）を利用した損傷位置局在性評価法（FRET法）の開発を行ってきた。既知の損傷のひとつである「脱塩基部位」（AP）がランダムに生じていると予想される熱処理済DNAをモデルとして用い、その実験データ、及び損傷間隔がランダムな場合（指数分布）の理論値を比較した。その結果、両者は概ね一致することが分かった。熱処理済DNAにはAPがランダムに存在することを実験的に初めて確認できたといえる（*Anal. Biochem.* **433**, 171-180 (2013)）。また、実際に放射線の一種であるコバルト 60ガンマー線（標準的な放射線）、ヘリウム粒子線（クラスター損傷が生じやすいとされる放射線の一種）を照射したDNAに対して本FRET法を適用した。それらの結果も合わせて報告する。

¹ akamatsu.ken@jaea.go.jp

非線形動力学モデルの推定と選択：

ウイルス感染ダイナミクスの理解に向けて

Estimation and selection in viral dynamics models with nonlinearities

近藤洋平^{a1}

Yohei Kondo^{a1}

^a京都大・情報

^aKyoto University

生物学において、分子・細胞・個体といった様々な階層でのダイナミクスに関する知見が蓄積されるに伴い、その数理モデルによる解析の重要性も増している。しかし一方で、細胞内化学反応のゆらぎや個体毎の性質のばらつきといった要因が、得られた時系列データの解釈とモデルの構築を困難にしている。

そこで我々は、生命現象の動力学を記述する数理モデルの統計的機械学習を行っている。統計学は、不確定なデータへの対処法を長年にわたり発展させてきた。特に統計的モデル選択の方法は、データへのフィットとモデルの複雑さの間で適切なバランスをとることを可能にする。例えば我々は多項式力学系を用いたモデル選択によって、観測データからの有用な情報の抽出を試みている。実データ解析と平行し、振動の開始／停止や適応といった生命現象で頻繁に見られるダイナミクスへのモデル学習の適用性を人工データによって検証することも行っている。

本発表のテーマであるウイルス感染ダイナミクスのモデリングにおいては、免疫システムの個体差などの大きな不確定要因に対処するため、統計的アプローチに基づく研究が早くから行われてきた。しかし、*in vivo* ダイナミクスを観測することの困難さがあり、多くの場合は決定的な知見を得ることはできなかった。一方で近年、*in vitro* 系を用いた実験が定量的解析を可能とするデータを生んでいる。そこで、まずは *in vitro* 系に関して信頼できるモデルを構築することで、*in vivo* ダイナミクスを理解するための足がかりとしたい。

¹ykondo@sys.i.kyoto-u.ac.jp

C型肝炎ウイルスに対する薬効評価の数理モデリング

Mathematical modeling of drug combination effects in hepatitis C virus.

小泉吉輝^{a1}, 岩見真吾^b, 内田奈々子^c, 脇田隆字^c, 渡士幸一^c
Yoshiaki Koizumi^{a1}, Shingo Iwami^b, Nanako Uchida^c, Koji Wakita^c,
Koichi Watashi^c

^a金沢大・医, ^b九州大・理, ^c国立感染症研究所

^aKanazawa University, ^bKyushu University, ^cNational Institute of
Infectious Diseases

現在C型肝炎ウイルス(HCV)に対する新規治療薬が臨床開発されているが、多くの場合単剤では長期的なウイルス排除は望めないため、多剤併用療法が求められる。今後さまざまな系統の抗HCV剤が利用可能になると期待されることから、最適な多剤併用設計の理論基盤の構築が重要となる。本研究の目的は、数理モデルを用いて抗ウイルス薬の薬効を定量的に検証・評価し、最適な投薬戦略をデザインするための理論構築である。

本研究ではHCV感染培養系を用いて、各薬剤の抗HCV効果を調べた。抗HCV剤として、HCVタンパク質のプロセッシングを阻害するプロテアーゼ阻害剤 telaprevir、RNA分解を促進するIFNa、RNA複製を阻害するシクロフィリン阻害剤 cyclosporine、放出を阻害するホスホリパーゼ阻害剤 halopemide を用い、これらの2剤併用時、及び、それぞれ単剤時の抗HCV効果を測定した。これらの感染実験データ、細胞内におけるウイルス複製動態を記述する数理モデルにより解析した。

本研究では、単剤時の感染実験データから推定した薬効を表すパラメータを用いて、2剤併用時の抗HCV効果を予測する事が出来る数理モデルを開発した。また、2剤併用時の薬効を判定する評価式を用いることで、薬効が相加・相乗・相反的に働く濃度範囲を特定する事が出来た。さらに、開発した数理モデルのパラメータ感受性解析を行う事で、ウイルス複製動態の挙動に大きな影響を与えるパラメータを同定できた。

¹ koizumi.yoshi@gmail.com

発がん過程におけるトンネリング効果
Stochastic Tunneling of Two Mutations in a Population of Cancer Cells

波江野洋^{a1}, Yosef E. Maruvka^b, 巖佐庸^a, Franziska Michor^b

Hiroshi Haeno^{a1}, Yosef E. Maruvka^b, Yoh Iwasa^a, Franziska Michor^b,

^a九州大学理学研究院生物科学部門, ^bDepartment of Biostatistics and Computational Biology

Dana-Farber Cancer Institute

^aDepartment of Biology Kyushu University, ^bDepartment of Biostatistics and Computational

Biology Dana-Farber Cancer Institute

がんの発生、進展、薬剤耐性の獲得は特定の突然変異によって起こる。突然変異は細胞に有益な効果や不利な効果を与える場合もあれば、特に影響を与えない場合もある。ここでは、正常な細胞が細胞数を維持しながら増殖死亡を繰り返している集団で、2つの突然変異を獲得した細胞が集団の中で広がっていく過程を考える。2つの突然変異を持った細胞が集団中に固定する過程には以下の2つの経路が考えられる。1) 突然変異を1つ持った細胞が集団中に固定し、その後もう片方の突然変異を獲得し、集団中に固定する。2) 突然変異を1つ持った細胞が集団の中に広まっていく過程で、固定する前にもう片方の突然変異を獲得し、集団中に固定する。後者は”stochastic tunneling”と呼ばれ、突然変異率が大きい場合にはこの現象がよく現れる。私たちは”stochastic tunneling”の効果を考慮に入れ、2つの突然変異を獲得した細胞が集団の中で固定する確率に関して新しい理論式を導いた。この式の予測は、モデルを再現したモンテカルロシミュレーションで広いパラメータ範囲で一致する事を確認した。

¹haeno@kyushu-u.org

人の移動データを用いた感染症伝播シミュレーション

Simulation of the spread of infectious diseases using people flow data

占部千由^{a1}, 田中剛平^b, 藤原直哉^{c,a}, Abhijeet R. Sonawane^{c,a},

平田祥人^a, 合原一幸^a

Chiyori Urabe, Gouhei Tanaka,

Naoya Fujiwara, Abhijeet R. Sonawane,

Yoshito Hirata, and Kazuyuki Aihara

^a東大・生研, ^b東大・工, ^cFIRST 合原PJ

^{a,b}The University of Tokyo, ^cFIRST, Aihara Project, JST

感染症伝播の数理モデルとして Susceptible-Exposed-Infectious-Recovered モデル (SEIRモデル) を用い、2次元格子上でランダムウォークする粒子として各個体を扱い、感染流行の最終規模が個体密度や感染期間の長さといったパラメータにどのように依存するかをシミュレーションによって調べてきた。その結果、感染期間の長さ・個体密度・個体の移動率・感染率から決まる関数によって感染流行の最終規模が特徴づけられることがわかってきた。

本発表では、まず、これらの結果を報告する。また、これまで仮定していた個体のランダムな移動を、東京大学空間情報科学研究センター「人の流れプロジェクト」の人の流れデータで置き換えた、より現実的なシミュレーションについても紹介を行う。

議論を通して多くの知見を与えてくださいました川崎市健康安全研究所の岡部信彦氏、三崎貴子氏、丸山絢氏、大嶋孝弘氏に感謝いたします。本研究は、総合科学技術会議により制度設計された最先端研究開発支援プログラム (FIRST 合原最先端数理モデルプロジェクト) により、日本学術振興会を通して助成されたものです。

¹ chiyori@sat.t.u-tokyo.ac.jp

がんの進化原理解明に向けたゲノム解析とシミュレーション

Genomic analysis and simulation for understanding cancer evolution

新井田厚司^{a1}, 高橋佑典^b, 内龍太郎^b, 澤田元太^b,

島村徹平^a, 鈴木穰^c, 三森功士^b, 宮野悟^a,

Atushi Niida^{a1}, Yusuke Takahashi^b, Ryutarō Uchi^b, Genta Sawada^b,

Teppei Shimamura^a, Yutaka Suzuki^c, Koshi Mimori^b, Satoru Miyano^a,

^a東大・医科研, ^b九大別府病院, ^c東大・新領域,

^aThe University of Tokyo, Institute of Medical Science,

^bKushyū University Beppu Hospital,

^cThe University of Tokyo, Graduate School of Frontier Sciences

がんは細胞のゲノムに変異が蓄積し増殖能力が高いものが進化的に選択された結果生じる。この進化の過程で様々なクローンが生み出され一つの腫瘍内においてゲノムレベルの不均一性を生み出していると考えられている。我々は大腸がん一腫瘍内におけるゲノムの不均一性を明らかにするために、一つの大腸がんから20切片を切り出し、DNAを抽出、シーケンス解析を行った。その結果すべての切片で共通する、がんの進化の早い段階で得られたと考えられる founder 変異が存在する一方で、すべての切片には含まれないがんの進化の遅い段階に得られたと考えられる progresser 変異が高い不均一性を産み出していることが明らかになった。次に、このような不均一性を生み出す機構を解明するために、一細胞を一つの agent とする agent based model を用いて細胞を増やしながらか腫瘍が成長する様子をシミュレーションにより再現した。更にスーパーコンピュータを用いて、シミュレーションモデルを様々なパラメータセットで実行し、実験データを同様の変異パターンを生み出す条件を探索した。その結果、多数のドライバー遺伝子の存在、高い変異率、がん幹細胞の存在が大腸がんの進化に重要であることが示唆された。以上、本研究の結果はゲノム解析とシミュレーションの組み合わせががんの進化原理解明のために強力なツールとなり得ることを示している。

¹ aniida@ims.u-tokyo.ac.jp

齢—サイズ構造モデルにおける確率制御理論
Stochastic Control Theory in Age-Size Structured Modes.
***大泉 嶺^{a1}, 高田 壯則^b,**
***R. Oizumi^a, T. Takada^b,**
^{a, b} 北大・環境科学院,
^{a, b} Graduate School of Environmental Hokkaido University

要旨

生物の生活史を取り巻く環境は、天候、採餌率の個体差、生育速度の個体差など様々な不確実性の影響を受けている。これら不確実性を構成する要素は二種類の不確実性に大別できる。気温、天候など生物集団全体に影響を及ぼす不確実性と遺伝的形質の差異や生活史における採餌成功率の差異など個体差が持つ不確実性である。前者を外的不確実性、後者を内的不確実性とよぶ。これまで、多くの生態学者は外的不確実性の生物集団への影響に目を向けてきた。なぜなら、外的不確実性が個体群の内的自然増加率を減少させる事が一般に示されており、その影響は種の保全に負に働くからである。しかし、内的不確実性の集団への影響は外的不確実性の持つそれと比べて体系的に研究されていない。また、野外における研究ではこれら二つの不確実性の効果を区別する事は難しい。つまり、自然界での生活史を取り巻く不確実性の個体群への影響を解析するには外的不確実性だけでなく、内的不確実性の影響をも考慮しなければならない。

そこで本研究では、内的不確実性のみの影響を受ける個体群を仮定し、その個体群動態と生活史進化について理論的な研究を行った。そのとき内的自然増加率を最大化するためには一個体あたりの基本再生産数を大きさだけでなく、世代交代の速度も重要な要素である事が知られている。本研究では確率制御理論を用いる事で最適生活史進化を解析するための基本となる以下の方程式を導入し、

$$\begin{cases} -\inf_v \{ \bar{H}_x^v + \lambda \underbrace{\tilde{\psi}_\lambda(x) + F(x)}_{\text{繁殖率}} \} = 0 \\ \bar{H}_x^v := \underbrace{-g(x,v) \frac{d}{dx} - \frac{1}{2} \sigma(x,v)^2 \frac{d^2}{dx^2} + \mu(x,v)}_{\text{生活史を決める要素}} \\ \tilde{\psi}_\lambda(x) = 1 \end{cases} \quad (3)$$

具体的な数理モデルを通して内的不確実性のもとでの最適生活史とその個体群動態への影響を解析した結果を紹介する。

ノイズ項を持つ神経細胞モデルの統計的大域挙動と

神経情報キャリアの関係

The relation between statistical global dynamics of stochastic neuron model and information carrier in nervous systems

山野辺貴信^{a1}

Takanobu Yamanobe^{a1}

^a北大・医

^aHokkaido University

神経系において、スパイクと呼ばれる電位変化の列が情報を伝えるために用いられる。しかし、そのどの統計量により情報が伝えられているかは、未だに解決されていない問題である。神経細胞がスパイクを生成するとき、神経回路の情報処理にかかる時間よりも十分に短い過渡応答でスパイクを生成するのであれば、デジタル回路のようにスパイクパターンで情報を運ぶ可能性がある。そうでない場合、連続するいくつかのスパイクが神経細胞のハードとしての特性が原因で互いに相関を持った形で発生し、情報が運ばれるのではないかと考えられる。そこで、神経細胞またはその数理モデルの過渡応答を調べるのが重要になる。しかし、神経細胞は非線形かつイオンチャネルなどの確率的挙動によるノイズを持つ素子であり、その過渡応答の解析方法は整備されていない。神経細胞モデルの過渡状態は定常状態から大きく外れた状態にある可能性がある。従って、神経細胞モデルの過渡状態を調べるためには、神経細胞モデルの大域的挙動を調べる必要がある。本研究では、まず、イカ巨大軸索を用いた実験を行い、神経細胞の過渡応答特性を調べた。さらに、神経細胞モデルのようなノイズを持つ非線形システムの統計的大域挙動を解析する方法を開発した。これを元に神経細胞モデルの過渡応答の解析を行い、神経細胞の過渡応答特性がどのようにスパイク列による情報伝達と関わるのか調べた。

参考文献

[1] T. Yamanobe, (2011) Phys. Rev. E 84: 011924.

¹yamanobe@med.hokudai.ac.jp

格子空間上での病原体伝播モデルに対する近似解析

Approximation analysis for disease propagation model

on lattice space

酒井佑禎^{a1}, 高田壮則

Yuma Sakai^{a1}, Takenori Takada

^a北大・環境

^aHokkaido University

格子空間上における数理モデルには、パーコレーションやコンタクトプロセスなどがある。特に生態学においては、個体群動態や病気の伝播を考えるときによく用いられる手法である。今回の発表では、コンタクトプロセスを用いたモデルにおける pair 近似、triplet 近似と呼ばれる近似手法を紹介する。コンタクトプロセスは、数学的には配置空間に値をとる連続時間上のマルコフ過程に属している。グラフの各頂点が 0, + の 2 状態 (健康、病気) のどちらかを取り、その状態が時間とともに移り変わっていく。

具体的なモデルとしては、植物における病原体の伝播を考える。今回の研究では、植物の繁殖と病原体の伝播のタイムスケールの違いを考慮し、2 つのモデル (植物繁殖モデル、病原体伝播モデル) を構築した。前者のモデルは、各格子点が 2 状態 (空地、植物) のいずれかをとる基本的なコンタクトプロセスを用いており、植物は、繁殖率 p で隣接する格子点 (空地) に繁殖し、死亡率 d で死亡する。一方、後者のモデルでは、各格子点は 3 状態 (空地、健康な植物、病気に感染した植物) のいずれかを取り、病原体は植物の存在する格子点にしか伝播しないため前者のモデルの平衡状態は後者のモデルの初期分布に対応している。解析は、後者のモデルに対してペア近似を用いることで平衡点を導出し、局所安定性解析を行った。さらに、解析結果と数値シミュレーションによる結果との比較を行う。

¹sakai@ees.hokudai.ac.jp

ランダムウォークピニングモデルにおける相転移・臨界現象

The phase transition and the critical phenomena on the random walk pinning model

千野 由喜
Yuki CHINO北海道大学 理学院 数学
Department of Mathematics, Hokkaido University

水や磁性体などのように、ある点を境に物性が大きく変化することを相転移といい、その境にあたる点を臨界点という。相転移および臨界点上での物体の振舞いなどをまとめて、相転移・臨界現象と呼んでいる。この相転移・臨界現象は古くからさまざまなモデルに対して考察され、興味深いテーマのひとつとして扱われてきた。

今回紹介するランダムピニングモデルはタンパク質などの高分子を扱う平衡統計力学モデルの一つに挙げられる。整数点上の一次元ランダムウォークと原点においたポテンシャルの二つを考え、ウォークが原点に再帰する度にウォークの持つ重みを変える。このとき与えるポテンシャルによってウォークの挙動が変わり、原点に局在する相と原点から離散する相に分かれる。主にランダムウォークピニングモデルはこの相転移・臨界現象の解析が興味を中心になる。特に自由エネルギーという物理量に注目し、その振舞いや臨界点の位置などについて解析がされてきた。

今回我々は、相互作用する単位 (スピンや粒子など) が同一でなかったり、媒質 (溶媒や環境など) が不均質だったりする場合を *disorder* と呼ぶことにする。この *disorder* をモデルに導入することによって、系の持つ物理量の振舞いがどう変化するかという問題は非常に興味深い。再帰する度に原点で与えられるポテンシャルがランダムな場合はまさしく、ランダムウォークピニングモデルに *disorder* を導入したものになる。このモデルにおいて我々は、ウォークの持つランダムネスとポテンシャルの持つランダムネスの二つのランダムネスを考えることになる。今回はこの二重のランダムネスに対するアプローチの仕方とその解析について述べたいと思う。

レース展開入門 - 厳密な臨界現象の解析を目指して

The lace expansion - rigorous analysis for critical phenomena

坂井 哲*

Akira Sakai*

北海道大学大学院理学部数学科

Department of Mathematics, Hokkaido University

世の中には「臨界」と名のつく現象がたくさんあるが、実はただの1次相転移だったりすることが多い。日常、熱した水が沸騰したり、冷やした水が凍るのも1次相転移である。相転移自身、面白い数理現象ではあるが、ミクロな相互作用が無限に積もってマクロなスケールで観測される臨界現象は、もっと深淵で興味深い。

臨界現象を起こす例として、線形高分子の統計力学モデルである自己回避歩行 (self-avoiding walk) がある。原点 $o = (0, \dots, 0)$ と $x = (x_1, \dots, x_d)$ を端点に持つ d 次元正方格子 \mathbb{Z}^d 上の n 粒子ポリマーの取りうるパターン数を $g_n(o, x)$ とし、その母関数を $G_p(o, x) = \sum_{n=0}^{\infty} g_n(o, x) p^n$, さらに x について和をとったものを $\chi_p = \sum_{x \in \mathbb{Z}^d} G_p(o, x)$ とすると、或る p_c を境に、 χ_p は $p < p_c$ で有限、 $p \geq p_c$ で発散する。この相転移点 p_c に向かって下から p を近づけると、典型的なポリマーの広がり具合を表わす平均2乗距離 $\sum_{x \in \mathbb{Z}^d} |x|^2 G_p(o, x) / \chi_p$ も発散する。このときの発散の仕方は、ランダムウォークのような相互作用のないモデルのそれとは相当ズレるはずであって、ミクロな体積排除効果が積もり積もった結果である。2体近似 (ペア近似) や3体近似では、そのズレを記述するには不十分である。

レース展開は、このような問題を解決する数少ない方法の一つである。1985年にBrydgesとSpencerが基本的なアイデアを発表して以来、様々な統計力学モデル (自己回避歩行、伝染病伝播を記述する有向パーコレーションやコンタクトプロセス、磁性体の統計力学モデルであるイジング模型など) に適用され、高次元臨界現象の厳密な解析に成功した。

本講演では上述の内容をもう少し掘り下げ、自己回避歩行のレース展開がどのようなもので、その展開が収束すると何が言えるのか、その収束条件は何か、ということ概要を概説する。

*sakai@math.sci.hokudai.ac.jp

海洋回遊生物の資源管理

Stock Management of Marine Migratory Species

岩田 繁英

Shigehide Iwata

東京海洋大学・海洋生物資源

Tokyo university of Marine Science and Technology

海洋生物を持続的に有効利用することは水産資源管理における重要な目標である。しかし、適切に資源量を評価し管理の影響を評価することは難しい。特に複数生息地を巡る回遊性生物は困難である。しかし、移動に関する情報の少なさから資源評価では年齢構造のみ考慮する単一生息地モデルを使うことがある。そこで本発表では、①年齢構造のみを考慮したモデルと、②年齢—空間構造を考慮した個体群動態モデルを構築しそれぞれのモデルにおける漁獲量の比較を行う。

モデルは差分方程式で記述し、二つのモデルは環境収容力、産卵地における面積が同じであると仮定する。異なる点は、空間構造を仮定するかどうかである。空間構造を仮定してもどのような生息地にも移動できる場合は空間構造を仮定していないモデルと同様である。一方、空間的な移動に制約を課した場合には二つのモデルで差異が生じる。

本発表では二つのモデルにおける個体群動態の違いを示した後、管理による影響を考察する。特に、回遊途中での漁獲、若齢魚の漁獲が個体群動態にどのような影響を与えるかに注目する。その上で、どのような管理政策をとれば漁獲量を最大にできるか示す。最終的に、二つのモデルで検討された管理政策を比較することで空間構造の有無による管理方策の違いを示しそれぞれのモデルのメリットデメリットについて考察する。

siwata0@kaiyodai.ac.jp

最適性モデルで紐解く生活史の地理的変異と時間的変化

Optimality models: three stories on the geographic variation and temporal change in life histories

入江貴博^{a1}

Takahiro Irie^{a1}

^a 東大大海研

^aAORI, the University of Tokyo

最適性モデル(optimality models)とは、従属変数である個体の適応度を、生活史形質と環境変数の関数として書き下した数理モデルである。一般に、解析的もしくは数値的な最適化手法を用いることで、適応度を最大化するような生活史の最適形質値が、任意の環境条件下で1セット決まる。そのような最適値が環境変数にどのように依存するかを見ることで、野外で観察される環境条件の地理的・時間的パターンに対する生活史の進化的応答を理解することに役立てることができる。本講演では、このような一連の手法を海洋生物に応用した研究例として、以下の三課題をかいつまんで紹介する。

[1]**温度-サイズ則の適応的意義**：外温動物(ectotherms)の大半の種は、環境の温度が低いほど長い時間をかけてゆっくりと成長し、最終的に大きなサイズに達する（温度-サイズ則）。この研究では、温度-サイズ則の適応的意義を最適性モデルによって調べた。

[2]**海洋酸性化の下での生活史進化**：人類による化石燃料の消費によって放出される二酸化炭素が海洋によって吸収されることで、現在「海洋酸性化」と呼ばれる現象が深刻化している。この研究では、植物プランクトン的一种である円石藻が海洋酸性化の下で示す生活史の進化的応答を理論的に調べた。

[3]**動的最適化手法の応用**：動的最適化(dynamic optimization)とは、時系列の最適化を通して評価関数の最小化・最大化問題を解決するための手法である。この研究では、軟体部と外殻から構成される決定成長の生物のモデルを解析した。その結果、自然界で観察される軟体動物の成長パターンの多様性をうまく説明することに成功した。

¹ kairei@abelia.ocn.ne.jp

魚類における双方向性転換の数理モデル

A model of bi-directional sex change in fishes

澤田紘太^{a1}, 山口幸^b, 巖佐庸^c

Kota Sawada^{a1}, Sachi Yamaguchi^b, Yoh Iwasa^c

^a総研大, ^b神奈川大, ^c九州大

^aSOKENDAI, ^bKanagawa Univ., ^cKyushu Univ.

性転換は、魚類をはじめとするさまざまな海洋動物が示す繁殖戦略の1つである。理論的には、体長に伴う繁殖成功の増加速度が雌雄で異なる場合に性転換が進化すると予測される（体長有利性説）。体長と繁殖成功の関係は配偶システムに依存するため、たとえば大きな雄がハレムを作るならば雌から雄への性転換が有利になるというように、配偶システムと性転換の方向が対応するはずである。この予測は多くの実証研究によって検証され、強い支持を得ている。さらに、実証研究から単純な枠組みに当てはまらない性転換戦略が報告されると、それに対応した理論も次々と提唱されている。性転換研究の分野は、実証研究と理論研究の相互作用が見事に成功した例といえるだろう。

しかし、多様な性転換戦略のなかには、まだ理論的検討の進んでいないものもある。その代表が、90年代以降に多くの魚種で報告されている双方向性転換である。双方向性転換は局所的な社会条件の変化に対応するための戦術であると考えられ、低移動力や低密度などの要因が双方向性転換を有利にすると指摘されているが、数理的な検討はなされていない。実証的にも、双方向性転換の事例を報告するに留まる研究が多く、性転換に関わる個体の意思決定の研究はほとんど行われていない。

そこで、本研究では、性転換を社会条件の変化に対応する戦術として、代替戦術であるグループ間移動との間の最適な意思決定戦略を数理的に検討した。魚類の社会的優劣や繁殖能力は主に体長によって決まるため、意思決定は体長に依存するとした。その結果、移動力などこれまで考えられてきた要因も確かに影響すると考えられるが、一方でこれまでの研究では個体の意思決定戦略が見逃されてきた可能性が明らかになった。本発表では、性転換の研究史と併せてこの研究を紹介し、海洋生物の生態研究における理論と実証の協力関係について論じる。

¹ sawada_kota@soken.ac.jp

フジツボ類の多様な性表現の進化を動的最適化で解く

Evolution of diverse sexual systems of barnacles: a dynamic optimization approach

山口幸^{a1}, 澤田紘太^b, 遊佐陽一^c, 巖佐庸^dSachi Yamaguchi^{a1}, Kota Sawada^b, Yoichi Yusa^c, Yoh Iwasa^d^a神奈川大・工, ^b総研大, ^c奈良女子大・理, ^d九州大・理^aKanagawa Univ., ^bSokendai, ^cNara Women's Univ., ^dKyushu Univ.

フジツボ類には、様々な性表現がみられ、なかには矮雄（小さな雄）をもつものもある。この多様な性表現をもたらす生活史戦略の違いをゲームモデルで説明した。

〔1〕 定着した幼生が矮雄になるか大型個体を目指すかを自由に選ぶと

幼生が基盤に定着すると小型個体になるが、すぐに矮雄として繁殖するか、未成熟で成長して大型個体を目指すかの選択ができる。大型個体は、雄としての繁殖機能と雌としての繁殖機能に資源を配分投資する。新規加入幼生が小型未成熟個体になる割合と大型個体の性配分とが、適応的に進化する場合の結果を考えた。

定常的な集団では、幼生の新規加入と定着個体の死亡とでバランスした集団の構成比になり、個体の戦略も時間とともに一定である。進化的に安定な個体群は、環境に餌が多く成長が速いときには、幼生全員が大型個体になり同時的雌雄同体になる。これに対して、環境に餌が少なく成長が遅いときには、一部の個体が矮雄になり他は成長して雌になる。つまり集団は雌と矮雄の共存状態になる。どのようなパラメータでも、矮雄は同時的雌雄同体と共存することがない。

野外のフジツボには同時的雌雄同体と矮雄の共存が見られる。そこで、戦略が生息地が出現してからの時間に依存する場合の進化的に安定な解 ESS を動的計画法で計算した。ESS 個体群の構成は、生息地の齢に応じて、同時的雌雄同体のみ、同時的雌雄同体と矮雄の共存、雌と矮雄の共存と変化することがわかった。

〔2〕 生活史の選択に制約がある場合には、雌雄同体と矮雄が共存する

〔1〕のモデルでは、雌雄同体と矮雄との共存は過渡的にしかでない。しかし野外のフジツボには、それらが安定して共存している種もある。そこで、矮雄になれる機会に制約があるという効果を、〔1〕のモデルに組み込んだところ、矮雄が雌雄同体と共存する領域が、広いパラメータ範囲で現れることがわかった。

¹ sachi.dwarfmale@gmail.com

性決定様式の進化：フクロムシ類を例に

Evolution of sex determination in parasitic barnacles

巖佐 庸^{a1}, 山口 幸^b, Jens T. Høeg^c

Yoh Iwasa^{a1}, Sachi Yamaguchi^b, Jens T. Høeg^c

^a九大・理^a, ^b神奈川大・工^b, コペンハーゲン大^c

Kyushu Univ.^a, Kanagawa Univ.^b, Univ. Copenhagen^c

フクロムシ類は、カニやヤドカリを宿主とする寄生性フジツボである。雌は宿主に取り付くが、雄は雌の体について成長せず小さなままで成熟する。これらの性決定には種ごとに異なる2タイプがある：

[システム1] 卵の段階で雌雄が決まっています（遺伝性決定 GSD）、幼生が雌より大きく、宿主に雌が先に定着して感染した後、その体に雄が取り付く。

[システム2] 幼生には雌雄の違いがなく、宿主に定着した後で、未感染宿主の場合には雌に、雌が感染した宿主の場合には雄になる（環境性決定 ESD）。

この多様性を適応進化の結果として理解するためにゲーム理論を展開した。

[1] 遺伝性決定 (GSD) の種において幼生サイズの進化を考える。雌雄の幼生サイズは、定着成功率のサイズ依存性により決まる。雄間の競争が激しい場合には雄幼生が雌幼生よりサイズが大きい。

[2] 環境性決定 (ESD) の種では幼生サイズは、同じ定着成功率関数をもつ GSD 種の雌雄幼生サイズの間で決まる。

次に GSD と ESD の間で何れが進化するかを解析したところ、

[3] 定着成功率のサイズ依存性が雌雄の間で大きく異なると、GSD が進化する。

[4] それの雌雄の違いが小さいときは、同一の幼生が雄にも雌にもなれる ESD の利点と、宿主に定着した後で性決定することの遅れがもたらす ESD の不利により、いずれが進化するかが決まる。

[5] 雌の少数のポケットには入れた雄が雌の生涯にわたって授精できる種は GSD になる。雌がポケットを持たず多数の雄を受け入れる種は ESD になる。

これらの理論的結果から、雌への定着時における雄幼生間の競争の厳しさの違いによって、2つの性決定システムが進化したと結論した。

¹yohiwasa@kyudai.jp

文化成長の限界

The limits to cultural growth

小林豊^{a1}

Yutaka Kobayashi^{a1}

^a明治大・先端数理

^aMeiji Institute for Advanced Study of
Mathematical Sciences

サピエンス以前のホモ属のテクノロジーは長い停滞によって特徴づけられる。例えば中部旧石器時代の代表的石器文化であるムステリアン石器文化は約30万年もの間本質的前進を経験しなかった。しかし上部旧石器時代に入るやいなや、文化は爆発的な変容と成長を始め、今日では数十年といった短いタイムスケールで革命的前進が起こる。ネアンデルタール人と現代人は脳の大きさもほぼ同じであり、量的変化によって両者の差異を説明するのは難しい。もしかすると、学習戦略と脳神経の構成のごく僅かな進化的変化が、文化成長の力学に構造的変化を引き起こし、サピエンスの実質無制限の文化成長を可能にしたのかもしれない。本講演では、比較的簡単な仮定に基づく、ある学習戦略の進化モデルを紹介する。このモデルの最大の特徴は、学習戦略空間のある領域で文化成長の制約が外れ、無制限の文化成長が可能になる点である。時間スケールを分離した近似解析を通して、実際に学習戦略の進化によってこの領域が実現するための条件を求める。個体ベースシミュレーションにより、文化が発散する領域の外では文化成長は全く起こらず完全な停滞を示すが、学習戦略が発散領域に突入したとたんに爆発的文化成長が始まることが確認される。このような発散領域が存在し、進化的に実現可能であるために最も重要なパラメータは、社会学習の伝達効率と、社会学習で学んだ知識を個体学習で応用する際の効率である。こうした理論的結果は、サピエンス以前のホモ属の長い停滞と、サピエンス自身の中部旧石器時代の停滞を同時に説明することができる。

¹ kyutaka@meiji.ac.jp

蓄積的文化進化モデルにおけるパレート最適な学習戦略と

進化的に安定な学習戦略

The Pareto-optimal versus evolutionarily stable learning

schedule in cumulative cultural evolution

若野友一郎^{a1}

Joe Yuichiro Wakano^{a1}

^a 明治大・総合数理

^a Meiji University

文化の継承は社会学習によって達成され、その改良は個体学習によって行われる。このような蓄積的な文化進化が起きるためには、社会学習と個体学習が人生においてこの順序で行われる必要がある。しかしながら、そのような学習スケジュールが個体の適応度を最大化するか否かは別の問題である。そこで社会学習・個体学習・学習結果の活用に時間配分を行う生活史戦略モデルを構築する。このモデルでは、文化は世代間で蓄積されていくため、集団の適応度をほとんど無限大にまで高めていくような学習戦略が存在する。しかしながら解析の結果、蓄積的な文化進化を支えるような学習スケジュールは、進化的に安定な戦略にはなりにくいことが明らかとなった。これは、集団の文化レベル向上への投資(すなわち学習)が、公共財ゲームと近い構造を持つからである。従来の多くの文化進化モデルでは、個体の適応度は文化レベルという public component だけを仮定していたが、本モデルでは、学習せずに活用にまわすという private component が存在するために、結果が異なる。これらの結果から、ヒトにおいて見られる蓄積的な文化進化が成立した背景には、血縁淘汰や群淘汰、活用を行いながら同時に学習をする能力、環境変動などが重要な役割を果たしたと考えられる。

¹ joe@meiji.ac.jp

累積的文化の進化速度

Evolutionary speed of cumulative culture

大槻 久^{a1}

Hisashi Ohtsuki^{a1}

^a総研大・先導研

^aThe Graduate University for Advanced Studies (SOKENDAI)

従来の文化進化モデルでは文化要素は「正しい」(=その環境に適応している)もしくは「誤っている」(=その環境に適応していない)の二値で議論されることが多かった。しかしながら道具の製法、食物の加工法等、実際の様々な文化要素はその性能が二値ではなく、むしろ段階的に進歩していくもののほうが圧倒的に多い。このような場合、文化要素は蓄積的に発展していくことが考えられる。では蓄積的文化の文化進化速度はどのような要因によって決定されているのだろうか。

本講演では、文化の性能を一次元整数値で表現した段階的文化進化モデルを導入し、上述の疑問に答えたい。特に重要となるのが集団中の社会学習戦略者が模倣をする機会の回数であり、この値の大小に応じて文化進化速度は相転移的な変化を見せることが分かった。

¹ ohtsuki_hisashi@soken.ac.jp

記憶と累積的文化

Memory and cumulative culture

中丸麻由子

Mayuko Nakamaru

東工大・社理工

Tokyo Institute of Technology

学習と記憶は認知心理学の一大研究分野である。最近では脳神経科学において脳と記憶の関係も徐々に明らかになり、分子生物学の発展の御陰で記憶の遺伝子レベルでの機構も解明されつつある。また認知症等の解明や予防のような医学とも関係しており、大きな研究トピックである。

一方、学習の進化や文化進化の研究は理論的研究および実証・実験研究は学際的分野である。社会学習あるいは個体学習した文化は記憶する必要がある。例えば、学習してすぐに忘れてしまっただけでは学習した社会規範を社会的相互作用の状況や技術革新をする際に全く活用が出来ない。また、一度記憶しても時間の経過とともに想起が出来なければ、何も意味を持たない。また、学習内容のレベルを向上させるにも記憶しておくことが前提である。つまり、文化レベルを上昇(文化の累積性)にも記憶は重要であり、その結果、生存率や繁殖率の向上に寄与する事もあるだろう。しかし、文化進化や学習の進化の研究においてモデルの単純化のためもあり、また学習と記憶が非可分であることもあり、記憶に着目した研究は行われていなかった。また、記憶のコストが学習コストに比べて非常に高いときは、記憶しておくより忘却と学習を繰り返したほうがコスト的に安いかもしれない。しかし、人などの生物では高次の記憶能力を発達させている。

いったいそれはなぜであろうか。おそらく1つの要因としては記憶をする事で文化レベルを発展させる事が出来るという累積的文化による適応的なメリットがあると考えられるだろう。このように考えると、記憶というテーマで研究をする事で文化・学習の進化研究への寄与があるだろう。

以上の事を踏まえ、文化の累積進化や学習の進化に重要な記憶としてここでは次の2つを仮定する:「ある文化を学習した後にその文化を利用出来るようになるために必要な記憶」と「文化を保持しかつ想起して活用し発展出来るために必要な記憶」である。そして、学習コストと記憶コストが文化の累積性に及ぼす影響、つまり、コストを払ってでも文化を累積させ、文化レベルを上げるように認知能力が進化する事がメリットとなる条件について整理する。

nakamaru@valdes.titech.ac.jp

教示の進化モデル

Modeling the evolution of teaching

青木健一^{a1}

Kenichi Aoki^{a1}

^a明大・研究知財

^aMeiji University

Putative cases of teaching occur in diverse species, but teaching is seemingly not observed in the chimpanzee. If teaching evolved in hominids after separation from the chimpanzee lineage, then it evolved in the context of a hunter-gatherer life history. Anthropological research on present-day hunter-gatherers suggests a developmental change in social learning from a reliance on vertical transmission to oblique/horizontal transmission. If we regard teaching to be an altruistic act that increases the efficiency of social learning, then it can evolve under vertical transmission because parents and their offspring are close kin, provided the benefits are sufficiently large and the costs are sufficiently small. If we assume a cost to the teaching act—in addition to the cost of the neural substrate for teaching—it is an open question how this may be incorporated into the model in the context of inter-generational information transfer. Another question is how much oblique/horizontal transmission between unrelated individuals can be tolerated. Still another question is how the conditions for the evolution of teaching differ under oblique and horizontal transmission. In this presentation I describe and analyze simple deterministic dynamical models of the evolution of teaching that assume asexual reproduction with uniparental transmission, and then show how this model may be extended to the more pertinent case of sexual reproduction with biparental transmission.

¹ kenaoki@meiji.ac.jp

外傷による文化技術伝播の阻害

Trauma inhibits the spread of cultural skills

中橋 渉

Wataru Nakahashi

琉大院・医

University of the Ryukyus

医療の発達していなかった古代社会においては、骨折のような重篤な外傷は身体能力の大幅な低下をもたらせたと考えられる。それが身体性を伴う文化技術の伝播にどのような影響を与えたのかを研究した。

まず、上肢の骨折が身体能力に及ぼす影響に関して実証研究を行った。その結果、片腕の肘を骨折した場合、腕が動かさない時期にはパソコンのキーボード入力作業のような両腕の協調運動が必要な動作ができなくなり、また、ある程度治癒しても関節可動域の減少や筋肉の拘縮などの後遺症が残ることがあることがわかった。

高度な石器の製作には高い熟練が必要とされる。特に、両腕の協調運動や柔軟で複雑な腕の使用が必要不可欠である。また、それらの石器を用いた狩猟活動においても、槍投げなど身体の熟練が必要な技術が数多くある。このことから、重篤な外傷を負った個体は高度な文化技術を保持できないと推測される。

人類の石器文化の発展において、後期旧石器時代以降の新人ホモ・サピエンスが獲得した非常に高度な石器技術を、旧人ネアンデルタールは持たなかった。また旧人では、ある程度の年齢以上の個体の多くに外傷の痕跡が見られ、それは特に上半身に多いことが化石研究から知られている。これらのことから、高頻度で起こった外傷が旧人の文化の停滞の原因となった可能性が考えられる。

そこで、化石研究のデータから旧人の死亡率や負傷率を推定し、それを SIR モデルを改変した数理モデルに代入し、熟練を要する高度な文化技術が広まるのに必要な文化伝播係数を導出した。旧人社会に関する考古学データから、その数字の具体的な意味について検討する。

w.nakahashi@gmail.com

パンデミック 2009H1N1 における次世代行列のリアルタイム推定
Real-time estimation of the next-generation matrix of the pandemic
influenza H1N1-2009

江島啓介^{ab1}, 西浦博^b, 合原一幸^{ac}, Martin Eichner^d

Keisuke Ejima^{ab1}, Kazuyuki Aihara^a, Hiroshi Nishiura^b, Martin Eichner^d

^a東大・情報理工学系研究科, ^b東大・大学院医学系研究科, ^c東大・生産技術研究所

^aGraduate School of Information Science and Technology, The University of Tokyo,

^bGraduate School of Medicine, The University of Tokyo,

^cInstitute of Industrial Science, The University of Tokyo

^dthe Department of Medical Biometry, University of Tübingen

感染症流行の初期に基本再生産数（R0）や次世代行列（Next generation matrix）を推定することは様々な疫学的理由から重要であるといえる。本研究は、継時的に観測されたパンデミックデータから最終規模推定のためにはパンデミック発生からどれほど時間がかかるかを検証した。

¹ ejimakeisuke@gmail.com

季節依存性を持つ感染症の流行動態モデルにおける

基本再生産数 R_0 の閾值的性質の解析

Analysis of threshold property of the basic reproduction number R_0 in epidemic models with seasonal dependency

國谷紀良^{a1}, 稲葉寿^a

Toshikazu Kuniya^{a1}, Hisashi Inaba^a

^a東大院・数理

^aUniversity of Tokyo

インフルエンザや麻疹など、多くの感染症がその流行に際して季節依存性を示すことが知られている。そのような感染症に対する数理モデルとして、各係数が時間依存の周期関数である周期系の微分方程式を構築する試みは従来行われてきた。感染症の流行規模の予測のための指標として有名な基本再生産数 R_0 は、近年 [1] においてその厳密な数学的定義が周期系の微分方程式へと拡張されたが、実際にそれが解の性質、すなわち周期解の存在や一意性を左右する閾値として働くか、という点に関しては未解決な点も多く残されていた。

本研究では、季節依存的な感染症の流行動態モデルとして、様々な周期系の微分方程式を構築し、その基本再生産数 R_0 と解の性質の関係に焦点を当てた解析を行う。対象とする感染症モデルは、SIS 感染症モデル [2]、母子感染を考慮した SIS 感染症モデル [3] および SIR 感染症モデルである。特に年齢構造を導入することで、偏微分方程式へと拡張されたモデルに対する厳密な解析を行う。

参考文献

- [1] N. Bacaer, S. Guernaoui, The epidemic threshold of vector-borne diseases with seasonality, *J. Math. Biol.* 53 (2006) 421—436.
- [2] T. Kuniya, H. Inaba, Endemic threshold results for an age-structured SIS epidemic model with periodic parameters, *J. Math. Anal. Appl.* 402 (2013) 477—492.
- [3] T. Kuniya, M. Iannelli, R_0 and the global behavior of an age-structured SIS epidemic model with periodicity and vertical transmission, *Math. Biosci. Eng.*, in press.

¹ tkuniya@ms.u-tokyo.ac.jp

接触者調査と患者隔離に対する予防接種の抑制効果

Vaccination and clinical severity: Is the effectiveness of contact tracing and case isolation hampered by vaccination?

水本憲治^{ab1}, 江島啓介^{bc}, 山本太郎^a, 西浦博^b

Kenji Mizumoto^{a1}, Keisuke Ejima^b, Taro Yamamoto^a, Hiroshi Nishiura^b

^a長大・大学院医歯薬学総合研究科, ^b東大・大学院医学系研究科, ^c東大・情報理工学系研究科,

^aNagasaki University Institute of Tropical Medicine and GCOE, ^bGraduate School of Medicine, The University of Tokyo, ^cInstitute of Industrial Science, The University of Tokyo

天然痘バイオテロ発生時には、接触者調査と患者隔離が感染拡大防止策の第一選択となるが、ワクチン接種がそれらの効果に対して及ぼす影響は不明である。予防接種による感染性・重症化リスク等の減少は、診断の遅れや感染者の接触活動につながり、その結果、感染の伝播機会の増加がもたらされるかもしれない。この研究では、確率モデルを用い、その一部が予防接種を受けた集団における接触者調査と患者の隔離の効果について評価する。評価指標は、1) 介入下での大流行の閾値、2) 期待される感染者数、3) 絶滅確率、4) 期待される流行期間とした。解析の結果、これら指標は、予防接種の詳細な効果に依存することが示された。感染者が既接種者である場合、発見の遅れや接触者数の増加につながるため、それら影響を観察データを基に推定する必要があると考えられた。

¹ mizumotokenji@gmail.com

クラミジアの流行に於ける部分免疫の役割

The impact of long-lasting partial immunity on the epidemic of Chlamydia

大森亮介^{a1, b}, Laith Abu-Raddad^{a, b, c}

Ryosuke Omori^{a1, b}, Laith Abu-Raddad^{a, b, c}

^aWeill Cornell Medical College in Qatar, ^bWeill Cornell Medical College, ^cFred Hutchinson Cancer Research Center

Chlamydia trachomatis は真性細菌の一種であり、性感染症を引き起こす病原体として知られている。クラミジアの流行は世界中で良く観察されており、最も流行している性感染症の一つである。これまでのクラミジア流行の理論研究は、SI モデルもしくは短期間の免疫を考慮したモデルによるものであるが、動物モデル実験や疫学データから部分的ではあるが長期間持続する免疫が確立される事が示唆されている。よって本研究は長期間持続する部分免疫のクラミジアの流行に対する影響を解析した。

クラミジアの主な流行は性交渉を行う年齢群の中でも最も若い年齢群でよく見られている事が知られている。感度分析の結果、長期間持続する部分免疫による宿主感受性の減少が大きければ大きい程、若い年齢群での流行が顕著になる事が分かった。特に疫学データに示される様な強い流行の年齢依存性を説明するには強い部分免疫が必要となる。また、部分免疫が存在する場合、 R_0 の他に reinfection threshold と呼ばれる値を境に大きく感染者数が変化する事が知られている(Gomez et al. 2005)。クラミジアの疫学データに於いて、reinfection threshold がどのように観察されるかもあわせて報告したい。

¹ryo2001@qatar-med.cornell.edu

クラスタサイズに基づく基本再生産数のリアルタイム推定

Real-time estimation of the reproduction number using cluster size distribution

西浦博^{a1}, 水本憲治^{a,b}, 江島啓介^a

Hiroshi Nishiura^{a1}, Kenji Mizumoto^{a,b}, Keisuke Ejima^a

^a東京大学, ^b長崎大学

^aThe University of Tokyo, ^bNagasaki University

nishiurah@gmail.com

様々なデータを基にした基本再生産数の推定手法が考案されてきたが、感染者のクラスタ分布に基づく推定手法は未だ十分に実践的ではない。特に、(1)小規模流行におけるクラスタ分布のサンプル数が十分でなければ超臨界か否かを判別できず、(2)流行途中、特に流行初期の限られたデータを基にリアルタイム推定をする枠組みが考えられてこなかったことが代表的な問題点として挙げられる。本研究では、両方の問題を解決した単純なモデル構築と H7N9 型鳥インフルエンザへの適用例を紹介し、関連する問題点を議論する。

¹ nishiurah@gmail.com

脊椎動物発生における移動性結合振動子の理論 Theory of mobile coupled genetic oscillators in vertebrate development

瓜生耕一郎
Koichiro Uriu

理化学研究所 望月理論生物学研究室
Theoretical Biology Laboratory, RIKEN

Cell movement and intercellular signaling are crucial components for animal development. There may be an interplay between these two processes, as they occur simultaneously and with similar timescales. Here we focus on the somitogenesis of vertebrate embryos as a model system to understand how cell movement influences intercellular signaling. I talk about the effect of cell movement on the synchronization of coupled genetic oscillators during vertebrate somitogenesis.

Somitogenesis is the process during which somites are formed. Somites are the embryonic precursors of vertebrae, ribs and other segmented tissues in the vertebrate body axis. During vertebrate somitogenesis, cyclic gene expression can be observed in a tissue called the presomitic mesoderm (PSM). This cell-autonomous oscillation of gene expression is caused by transcriptional negative feedback loops in the PSM cells. These cells can interact with their neighboring cells through membrane proteins Delta and Notch, synchronizing the phase of cyclic gene expression to generate a collective rhythm in the PSM. Cells in the PSM are mobile and interact with different neighboring cells over time.

We have developed theoretical frameworks to reveal the effect of cell movement on the synchronization of coupled genetic oscillators in vertebrate somitogenesis. Numerical simulations demonstrate that cell movement enhances the synchronization of genetic oscillators across a cell population. This result can be interpreted as movement effectively extending the interaction range of each cell, accelerating the attainment of synchronization. Analyzing the transient dynamics of coupled phase oscillators moving randomly on a one-dimensional lattice, we show that the effective interaction range of each oscillator increases with the square root of its mobility. Thus, our theoretical results suggest that the precise quantification of cell movement in the tissue is key to understanding the synchronization of coupled genetic oscillators in vertebrate somitogenesis.

Email: k.uriu@riken.jp

多振動子系におけるノイズと秩序の関係性

Relationship between noise and order

in multi-oscillator systems

¹ 郡 宏

Hiroshi Kori

お茶大院

Ochanomizu University

生物には様々なペースメーカー組織があり、これらは振動性のダイナミクスを持つ細胞の集団が構成している。たとえば、心臓の拍動を作り出す心房結節、ほ乳類概日リズムの主時計である視交叉上核、電気魚のペースメーカー神経核などが挙げられる。これらの組織は、活動のタイミングの決定や情報処理など、生命機能において重要な役割を果たしている。

一般に、細胞ダイナミクスは、種々の外的ノイズと内的ノイズのために揺らぎを伴う。そのような中で、ペースメーカー組織が機能を保つためには、細胞間の同期と、振動の正確性の両方が大事であると考えられる。ここでいう振動の正確性とは、振動周期のゆらぎが少ないという意味である。

本発表では、同期と正確性に関する理論的研究について紹介したい。まず、集団に共通に作用する外的ノイズが、実は同期を促進することがあることを報告する[1]。この現象はMoran効果と似ている。さらに、同期する振動子集団では、独立した振動子に比べて、振動の正確性が上昇することを報告する[2]。これらの研究は位相振動子モデルとよばれる一般的な微分方程式をベースにしており、ある程度の一般性が期待できる。

[1] K. H. Nagai, H. Kori: Noise-induced synchronization of a large population of globally coupled nonidentical oscillators. *Physical Review E* 81, 065202(R) (2010)

[2]. H. Kori, Y. Kawamura, N. Masuda: Structure of cell networks critically determines oscillation regularity, *Journal of Theoretical Biology* 297, 61-72 (2012).

最適な概日時計の設計原理

Design Principles of Optimal Circadian Clocks

長谷川禎彦^{a1}, 有田正規^{a,b}

Yoshihiko Hasegawa^{a1}, Masanori Arita^{a,b}

^a東大・理・生化, ^b理研・環境資源科学研究センター

^aThe University of Tokyo, ^bRIKEN

概日時計はバクテリアから人に至るまで多くの生物に備わっており、生体活動を外界の24時間周期に同期させる働きがある。生物種によって概日時計の分子メカニズムは異なるものの、全ての概日時計は外界との安定した同期のために、「外界からの周期刺激に同期する能力(entrainability)」と「正確に時間を刻む能力(regularity)」二つの能力を有する。高いentrainabilityを有する時計は外界の周期刺激に対して高い感度を持つことで実現されるが、そのような時計は同時にノイズの影響も受けやすく、正確に時間を刻むことが出来ない。そのため、高いentrainabilityと高いregularityを同時に実現することは容易ではない。外界時間への同期は個体の生存に大きく関わるため、現存の概日時計はentrainabilityとregularityという二つの相反条件を最適に満たしていると考えられる。本研究では、高いentrainabilityと高いregularityを最適に満たす位相応答曲線を変分法によって計算することで、最適な概日時計の設計原理を明らかとした。その結果、最適位相応答曲線には、光刺激によって時間が進みも遅れもしない時間領域「dead zone」を含むべきであることを明らかとした。さらに、このdead zoneは入力信号が実際の太陽光強度の時間変化に従う場合のみに現れ、典型的な正弦入力信号では現れないことも示した。位相応答曲線は実験的に多くの生物で観測されているが、その多くにdead zoneが存在することが知られている。本研究から、概日時計は外界への同期を最適に行うために、太陽光の時間変動に最適に適応していることが明らかとなった。

¹ hasegawa@cb.k.u-tokyo.ac.jp, yoshihiko.hasegawa@gmail.com

植物の概日時計における様々な時空間パターンと数理モデル

Spatiotemporal patterns and mathematical models

in plant circadian clock

福田弘和^{a1}

Hirokazu Fukuda^{a1}

^a大阪府大・工

^aOsaka Prefecture University

植物の概日時計システムが無数の細胞振動子の集団で構成されていることから、細胞間の相互作用による自己組織的な時空間パターンから、外力によって形成される時空間パターンまで様々な時空間パターンが予想できる。ここ10年において、ルシフェラーゼ発光による細胞レベルの概日リズム計測が身近なものとなり、様々な概日リズムの時空間パターンが観察されてきた。例えば、葉における位相波や、葉脈が引き起こす位相遅れ[1, 2]、局所的な光照射によって誘導されたスパイラル波、根の先端の成長組織における強い位相リセットによるストライプ波[2, 3]など、多様な現象が確認されている。これらは全て振動子モデルによって既に記述できており、植物の概日時計システムの理解が一つ前進してきたと言える。しかしながら、個体全体の統合に関する問題や外力がある場合のパターンの応答[4]など、未解決な課題も多い。

本講演では、植物の概日時計が示す様々な時空間パターンを紹介し、その数理的な理解と、今後の課題に対して現在行っている研究を紹介する。

[1] H. Fukuda, et al., Phys. Rev. Lett. **99**, 098102(1-4) (2007).

[2] K. Ukai, et al., Environ. Control Biol., **50**, 237-246 (2012).

[3] H. Fukuda, et al., Phys. Rev. E **86**, 041917(1-5) (2012).

[4] H. Fukuda, et al., Sci. Rep. **3**, 1533 (2013).

¹ fukuda@me.osakafu-u.ac.jp

周期の温度補償性をつくり出す分子メカニズム
Molecular mechanisms for temperature compensation

黒澤元, 立川正志, 望月敦史

Gen Kurosawa¹, Masashi Tachikawa, Atsushi Mochizuki

理化学研究所 望月理論生物学研究室

Theoretical Biology Laboratory, RIKEN

One of the fundamental and remaining questions for circadian rhythms is the mechanism for the temperature compensation of the period. It seems paradoxical since many biochemical reactions are known to become fast as temperature increases, and the period generated from molecular interactions, is likely to become short as temperature increases. Previously, single reaction hypothesis in which there is a single temperature-compensated reaction that determines the period, and balance hypothesis in which effects between period-increasing and period-decreasing reactions are balanced, have been proposed, though neither one of these perfectly explains the phenomenon.

In this study, we show that the temperature compensation can be easily explained when we consider from the perspective on dynamical systems at network scale, and when we consider the thermodynamic property at protein scale.

Our hypothesis at network scale is that if a faster reaction causes a larger amplitude at the same time, it automatically realizes the temperature compensation. Using a model with feedback regulation, we show that the amplitude must be larger at higher temperature to compensate the period when the mean velocity of dynamical change along the oscillatory orbit increases as temperature increases. We analyze the generality of the results by studying several models with different network structures. Furthermore, we validate the hypothesis by quantifying the amplitude and period from the physiological data.

Our hypothesis at protein scale is that temperature not only increases reaction rate but also changes the ratio of active form of the enzyme. By constructing a model with the free energy distribution of variable enzymatic structures, we show that a reaction speed can be temperature compensated if the ratio of the active form decreases as temperature increases. Moreover, we derive the optimal kinetic condition, yielding temperature compensation with the widest temperature range that can be measured experimentally.

Email¹: g.kurosawa@riken.jp

反応拡散系のパターン形成における非局所的効果

Nonlocal effect in pattern formation models of reaction-diffusion systems

森田善久

Yoshihisa Morita

龍谷大学・理工学部

Ryukoku University

反応拡散系におけるチューリング不安定性は、パターン形成の数理的メカニズムを説明する重要な原理であり、様々な生物現象の数理モデルで確かめられている。しかし、チューリング不安定性だけでその系がもつ豊富な数学的構造が説明できるわけではない。ここでは2変数系の反応拡散系の定常問題において、非局所項を用いると1変数の問題に書き直すことができる場合を取りあげ、非局所効果がパターン形成にどのような役割をしているかを示し、チューリング不安定性との関係を明らかにする。具体的な例として FitzHugh-Nabumo 型の方程式系と、Ishihara 等によって提案された保存量のある拡散系を扱う。特に後者では、チューリング不安定性によって生じた周期的パターンが、安定な局在パターンに遷移する理由を数学的に明らかにする。

¹ morita@rins.ryukoku.ac.jp

反応拡散系における拡散の役割

Role of diffusion in reaction-diffusion systems

二宮 広和 ^{a1}

Hirokazu Ninomiya^{a1}

^a 明治大学・総合数理

^aMeiji University

いくつかの化学物質や生物種の密度分布を表す方程式として反応項と拡散項のみからなる反応拡散系がよく用いられる。数学的には、この方程式系は、放物型の偏微分方程式になっており、未知変数の変数変換を行ってもやはり、放物型偏微分方程式である。しかし、変数変換によっては「反応拡散系」ではなくなる。つまり、このクラスは数学的にあまり美しい形式と言えない。このことは、モデリングにおいても何を未知変数にするのか大事であることを意味しており、我々の認識とは異なる現象が引き起こされる要因にもなっている。その代表的なものが、Turingの拡散不安定性である。Turingの拡散不安定性は、拡散によって周期的な構造が安定化する現象である。これは、安定性に影響を与える現象であるが、ときには解の存在そのものも影響を受ける。拡散誘導爆発がその例である。拡散項をつけることで、解が有限時間で存在しなくなる現象である。このような現象が起きる反応項は、今のところいくつかの例でしか知られていない。反応項の退化が重要な役割を果たしているが、そのメカニズムはまだあまり理解されていない。拡散の効果と反応項の退化の関係を分岐論的に調べることで、そのような反応項のもつ性質について説明する。

反応拡散系における拡散の役割を促進拡散、Turingの拡散不安定性、拡散誘導爆発などの現象を交えて説明する。基礎方程式から導き出されないモデリングにおいては、方程式の理解が重要であると思われる。数学的な研究がモデリングの一助になれば、幸いである。

¹ hirokazu.ninomiya [at] gmail.com

生物の集合形成：ミクロとマクロの視点から

Aggregation formation of biological species : from microscopic and macroscopic perspectives

出原 浩史¹

Hirofumi Izuhara¹

明大・MIMS

Meiji University

生物種の空間的・時間的動態を調べるためには数理モデルを用いた研究は有効である。例えば、生物種の変動ダイナミクスを表現するためにミクロレベルの視点からランダムウォークに基づく粒子モデルがしばしば提唱される。このモデルは粒子一つが生物一個体に対応し、その粒子が正方格子上をランダムウォークによって移動するという確率モデルである。一方、生物一個体に着目するのではなく、マクロレベルで生物種の時空間ダイナミクスを考察する際、つまり生物の個体群密度を考慮した場合、その時空間の個体群密度のダイナミクスはマクロレベルの決定論的偏微分方程式モデルとして表現される。このように着目する視点によって全く異なる数理モデルが提唱されている。しかしながら、それらのミクロモデルとマクロモデルとの間の関係についてはあまり理解が進んでいない。本講演では、生物の集合現象を考える。集合する生物は自然界では数多くおり、集合形成のメカニズムも多彩である。一例として大腸菌や細胞性粘菌は走化性物質を利用することで集合し、またゴキブリダンゴムシなども集合フェロモンと呼ばれる化学物質を用いて集合を形成していると言われる。このような生物の集合形成を例として、ミクロレベルでの粒子モデルとマクロレベルでの偏微分方程式モデルの関係を紹介したい。本研究は東京大学舟木直久教授、明治大学三村昌泰教授、東京大学占部千由博士との共同研究に基づくものである。

¹hiro.izuhara@gmail.com

順序保存力学系と生物分子モーターモデルへの応用

Order-preserving dynamical systems

and applications to a molecular motor system

荻原 俊子 (Toshiko Ogiwara)

城西大学・理

生物分子モーターとは、ATPの加水分解などで生じる化学エネルギーを力学エネルギーに変換し、細胞内で機械的な作動をするタンパク質のことである。分子モーターの働きによって、細胞内では様々なイオン分子の輸送が行われることが実験で確認されている。講演では、このような分子モーターによる細胞内物質輸送を記述する反応拡散系を取り上げ、定常解あるいは時間周期解の存在やその漸近安定性について、順序保存力学系の理論を用いた解析を行う。順序保存力学系の理論は、生物種の侵入・伝播を記述するFisher方程式やLotka-Volterra2種競争系などの「比較定理」が成り立つ方程式の解析にしばしば用いられる。比較定理とは、方程式の2つの解について、初期時刻において順序がついていれば、時間経過後もこの順序関係は保たれるという命題である。

分子モーターモデルにおいても比較定理が成り立つ。さらに、保存量を持つことに着目して、保存則の成り立つ順序保存力学系について、以下を示した。

(1) 平衡点（方程式の定常解あるいは時間周期解を意味する）の集合が空集合でなければ、それは非有界で連結な全順序集合である。

(2) 有界な軌道は平衡点に収束する。

(1)の系として、定常解が少なくとも1つ存在すれば、定常解が無数に存在することが示せる。例えば、線形方程式は0を自明な定常解に持つので、非自明な定常解の存在が直ちに導かれる。

講演では、順序保存力学系という統一的な視点から見通し良く論じることができることを紹介するとともに、新たに得られた成果および保存則が成り立つ幅広いクラス方程式への応用を報告する。

本成果は、侯野博（東京大学）およびDanielle Hilhorst（CNRS, パリ南大学）との共同研究である。

toshiko@josai.ac.jp

細胞接着の数理モデル

Mathematical models of cell-cell adhesion

村川秀樹¹

Hideki Murakawa¹

九大・数理

Kyushu University

多細胞生物のからだを構成する細胞は独立に存在するのではなく、細胞同士が接着したり、細胞外基質に接着して存在している。細胞同士の接着は細胞接着または細胞間接着と呼ばれる。Armstrong、Painter、Sherratt (2006)は細胞集団の挙動を理解するために、細胞接着を考慮した数理モデルを提案した。その数理モデルでは、各細胞がランダムに動くこと、すなわち細胞集団が拡散することを仮定している。実験結果の観察や考察からは、細胞がランダムに動いているとは考え難い。細胞集団の挙動を「拡散」と考える代わりに「移流」と考えたモデルを提案する。「移流」と考えることにより、Armstrong 等のモデルでは説明できない現象がうまく説明できることを示す。

¹ murakawa@math.kyushu-u.ac.jp

領域境界の幾何を利用した共存

Coexistence by using the geometry of domain

坂元 国望

Kunimochi Sakamoto

広島大学・理学部

Hiroshima University

2種競争系が常微分方程式の意味で安定な共存解を存在もたない場合に、拡散効果を考慮したモデルにおいて2次元有界領域の非凸性によって安定な共存解が実現されることを示す。Matano-Mimuraは30年前に、領域の非凸性が極端に大きい場合を「領域に関する特異摂動法」のアプローチから取り扱い、安定共存解の存在を示した。本講演では、領域の非凸性が如何に小さくても、それに応じて拡散係数を十分小さくとれば、安定な共存解が存在することを示す。本講演の数学的手法の特徴は、「微小な変形によって領域を凸から非凸へと摂動するとき、微分方程式の拡散係数に関する特異摂動法を用いて安定共存解を構成する」点である。2種（強）競争系においては、領域が凸であればどのような正の拡散係数に対しても、安定共存解は存在しないことが知られている。本講演の結果は、どのように小さな非凸度を指定しても、拡散係数さえ小さくとれば、安定共存解を許容し非凸度が指定された量以下の領域が存在することを示している。

¹ kuni@math.sci.hiroshima-u.ac.jp

ウイルス複製機構とその進化を数理モデルでとらえる

Modeling viral replication processes and their evolution佐々木 顕^{a1}・中林 潤^bAkira Sasaki^{a1}, Jun Nakabayashi^b^a 総研大・先導研, ^b 横浜市大・医^a The Graduate University for Advanced Studies, ^a Yokohama City University

ウイルスの細胞内増殖機構は、RNA ウィルスと DNA ウィルス、レトロウィルス、また+鎖 RNA ウィルスと-鎖 RNA ウィルスなどのように何をゲノムとするかによって、また複製と合成を宿主細胞内のどのコンパートメントで行うかによっても大きく異なる。この多様な増殖のメカニズムを、細胞内でのより効率的な増殖、および宿主因子との攻防の観点から理解するために、細胞質や核内でのウイルス RNA/DNA 複製、タンパク質への翻訳、ビリオンへのアセンブリの過程と、そこに関与する宿主因子や薬剤のキネティクスを数理モデル化してその挙動を調べるとともに、プロモータ配列等の変異による遺伝子転写効率の進化等を通じたウイルス複製機構の微小進化を数理解析する最近の我々の研究について紹介する。具体的なトピックとしては（1）単純ヘルペスウィルスの超初期・初期・後期遺伝子の発現順序の進化、（2）+鎖 RNA ウィルスと-鎖 RNA ウィルスの複製機構における複製酵素と鋳型ゲノムの正のフィードバックの役割と、RNA 干渉による介入の効果に関する標的鎖の非対称性を取り上げる。さらに、インフルエンザウィルスにおける、核内での RNA 増幅ステージと RNA・タンパク質複合体の細胞質への移行後の増殖ステージの数理モデル化などについても報告する。

¹ sasaki_akira@soken.ac.jp

感染性ウイルス粒子産生量を最大化する HIV-1 RNA Splicing Rate

An optimal splicing rate of HIV-1 RNA maximizing the infectious viral particle

中林潤 ^{a1}

Jun Nakabayashi ^{a1}

^a横浜市大・医

^aYokohama-City University

ウイルス感染症に対する宿主の内因性抗ウイルス因子が注目されている。APOBEC3G (A3G) はこのような抑制性因子の先駆けとして発見されたシチジン脱アミノ化酵素である。A3G はウイルス由来の一本鎖 DNA に突然変異を起こし複製を阻害する。一方、HIV-1 のアクセサリタンパクである Vif は、A3G に対するウイルス側の対抗策であることが明らかとなった。Vif は A3G と結合しユビキチンプロテアソーム系を介しこれを分解する。Vif を含まない HIV-1 ウイルス粒子は次の細胞へ感染した際に A3G によって複製を阻害されてしまう。

A3G-Vif の相互作用は宿主抑制因子とウイルス側対抗策の中で研究の良く進んでいるものであり、作用機序が分子のレベルで明らかにされているが、このようなウイルス-宿主間相互作用が感染個体内における HIV-1 の進化的な変化によってどのような影響を受けるかは不明な部分が残る。

今回、我々は細胞内における HIV-1 の複製プロセスを数理モデル化し、そのダイナミクスを解析した。HIV-1 由来の RNA は複数回スプライスされ、様々なウイルスタンパクへと翻訳されるが、A3G 存在、非存在下で感染性のウイルス粒子産生量を最大化する splicing rate について検討したので結果を報告する。

参考文献

Molecular mechanism of HIV immune evasion on the innate immune response in myeloid cells. Viruses Mashiba M., and Collins KL. 2013, 5, 1-14

Multi scale modeling of HIV infection in vitro and APOBEC3G-based anti-retroviral therapy. Hosseini I., and Gabhann FM. 2012, 8 e1002371

¹ nakabaya@yokohama-cu.ac.jp

cell-to-cell 感染と cell-free 感染の寄与率推定**Contribution of cell-to-cell infection and cell-free infection**

岩見真吾 九州大学理学研究院生物科学部門

Shingo Iwami Department of Biology, Kyushu University

通常、マルチ感染サイクルから cell-free 感染と cell-to-cell 感染を特徴づける事は極めて困難である。A. Sigal et al 達の研究 (A. Sigal et al, Nature, 2011) では、標的細胞に HIV-1 を接種した後、2 回目以降の感染がほぼ起こっていない約 2 日付近のデータを測定する事で cell-free 感染のみを特徴づけていた。しかし、実際、生体内におけるウイルス感染は、マルチ感染サイクルとして起こっている。従って、HIV-1 感染における cell-to-cell 感染の重要性を真に理解するためには、マルチ感染サイクルから 2 つの感染モードを別々に抽出する必要がある。私達は、非常にユニークな *in vitro* 感染実験と数理科学的な解析手法を組み合わせる事でウイルス感染における cell-free 感染と cell-to-cell 感染の動態を個々に定量化出来る系を開発した。例えば、マルチ感染サイクルにおける cell-free 感染と cell-to-cell 感染の再生産数(寄与率) R_{cf} と R_{cc} を個別に計算する事ができる。また、*in silico* 解析により cell-cell 感染に起因する感染細胞の動態のみを分離・再現する事もできる。将来的には、抗ウイルス薬を用いた *in vitro* 感染実験と組み合わせる事で 2 つの感染モードの抗ウイルス薬の濃度依存性(治療下における cell-to-cell 感染のインパクト)や仮想 cell-cell 感染阻害の有効性を調べるていく計画である。このように従来のウイルス学的解析手法のみ(つまり A. Sigal et al の研究)では不可能であった研究について報告する。

¹ siwami@kyushu-u.org

遊走細胞間 HIV virus 感染のシミュレーション

Simulation of infection of HIV virus between migrating cells

*西村信一郎^a, 佐藤 佳^b, 岩見真吾^a, 合原一幸

Shin I. Nishimura^a, Kei Sato^b, Shingo Iwami^a and Kazuyuki Aihara^c

^a九大・理, ^b京大・ウイルス研, ^c東大・生産研

^aKyushu University, ^bKyoto University, ^cThe University of Tokyo

HIV ウィルスはヒト CD4 T Cell に感染し患者の獲得免疫の機能を低下させ最終的には死に至らしめる恐ろしいウィルスである。T cell は全身に分布するが特にリンパ節に集中して存在する。T cell は自分で抗原を捕まえることはできず、抗原提示細胞と呼ばれる細胞に提示されて初めて抗原を認識できる。抗原提示細胞、特に樹状細胞は抗原を取り込むとリンパ節に移動しその抗原を認識する T cell に出会うまでリンパ節に留まり、T cell は自らが認識できる抗原を持つ抗原提示細胞を探してひたすらリンパ節内を走り回る。HIV ウィルスはこの T cell の性質をうまく利用している。T cell は抗原提示細胞だけでなく他の T cell にも常に接触しているので、接触中にウィルス粒子が感染する。このときウィルス粒子の材料の一つ Gag は T cell の uropod と呼ばれる後端部に高濃度に存在しているという [1]。また、HIV は T cell の形態や遊走の性質をも自らの都合のよいよう変化させている可能性がある。

本研究では、Gag がどのように、なぜ、uropod に集積するのかを細胞遊走のシミュレーションを通して明らかにする。もし集積した Gag やその他のウィルス由来タンパク質もしくは核酸が細胞骨格などに影響をあたえ細胞の遊走性を変化させたとき、どのような変化がウィルス感染において有利かを考察する。

謝辞

本研究は FIRST 合原最先端モデルプロジェクトの支援によって遂行されています。

参考文献

[1] Llewellyn, G. N., “Determinants of HIV-1 Gag Localization to Uropods in Polarized T cells and the Role Uropods Play in Virus Spread” Doctor Thesis of The University of Michigan, 2012.

*shin@kyushu-u.org

T 細胞の抗原特異性と制御性 T 細胞の役割

Consideration of TCR cross-reactivity and role of regulatory T cells

*K. Saeki ^{a1}, H. Doekes ^b, R. J. De Boer^b

^a 総研大, ^b ユトレヒト大

^a SOKENDAI, ^b Utrecht University

Adaptive immunity has a large repertoire of lymphocytes characterized by a unique receptor to deal with the multitude of pathogens. Each lymphocyte receptor is estimated to have a high cross-reactivity but it may lead to autoimmune responses. For the self-non-self discrimination, lymphocytes undergo the negative selection during their development. However, it has been reported that self-reactive lymphocytes still present in the periphery. Here, we hypothesized that a subset of T cells, regulatory T cells, helps a successful immune response, *Psuc*, that is defined as avoiding an autoimmune response but mounting an immune response against pathogens. By means of a probabilistic model, we show that regulatory T cells make the probability of *Psuc* higher under some conditions. The examination of this mathematical model might predict the specificity of regulatory T cells.

¹ saeki_koichi@soken.ac.jp

膵臓がん進展の数理モデル

Mathematical modeling of pancreatic cancer progression

山本君代^{a1}, 波江野洋^b

Kimiyo N.Yamamoto^{a1}, Hiroshi Haeno^b

^a奈良女子大学, ^b九州大学

^a Nara Women's University, ^b Kyushu University

膵臓がんは年々増加傾向にあり、現在は臓器別がん死亡率で肺がん、胃がん、大腸がん、肝臓がんに次いで第5位である。膵臓がんはその高い浸潤能、転移能のため固形がん最大の難治がんであり、5年生存率が5%程度と予後が極めて不良である。膵臓がんの唯一の根治的治療法は外科的切除であるが、切除をしても潜在的な遠隔転移を有している事が多く再発することが多い。近年の研究では、p16,p53,smad4遺伝子が遠隔転移能の獲得に関連するとされており、外科的切除時に変異している遺伝子数と生存予後との相関が報告されている。

今回、これらの遺伝子変異を有するがん細胞、有さないがん細胞を仮定し、各細胞の増殖、死亡、変異、転移イベントを想定して出生死亡過程によるシミュレーションを行い、膵臓がんの臨床像におけるがん進展の再現を試みる。また、患者さんが診断された後、外科的切除や放射線治療、化学療法による治療の介入にて、最も生存予後を良くする方法を考察する。

参考文献

[1]Oshima M, Okano K, Muraki S, Haba R, Maeba T, Suzuki Y, Yachida S.(2013) Ann Surg 258:336-46.

[2]Yachida S, White CM, Naito Y, Zhong Y, Brosnan JA, Macgregor-Das AM, Morgan RA, Saunders T, Laheru DA, Herman JM, Hruban RH, Klein AP, Jones S, Velculescu V, Wolfgang CL, Iacobuzio-Donahue CA.(2012) Clin Cancer Res 18:6339-47.

[3]Haeno H, Gonen M, Davis MB, Herman JM, Iacobuzio-Donahue CA, Michor F.(2012) Cell 148:362-75.

¹ kimiyo520@gmail.com（日本学術振興会特別研究員 PD）

雄間コミュニケーションによって形成される

ホタルのオスの分布パターン

Spatial distribution of male fireflies formed by male-male communication

上原隆司^{a1}, 小石川和矢^b, 高津英夫^c, 吉村仁^a

Takashi Uehara^{a1}, Kazuya Koishikawa^b, Hideo Takatsu^c, Jin Yoshimura^a

^a 静大・創造, ^b 静大・工, ^c 愛知ホタルの会

^aGraduate School of Science and Technology, Shizuoka University

^bFaculty of Engineering, Shizuoka University

^cAichi Fireflies Society

ホタルの発光は一般的には雌雄間コミュニケーション（求愛シグナル）だと考えられているが、それに当てはまらない例も見られる。日本にいるヒメボタルのメスは飛ぶことができず、地面に近い葉の裏などにくっついて自発的に光り、オスが訪れるのを待っている。オスは飛び回りながらメスの光を探すが、その間オスも自発的に発光している。メスはオスの発光を見つける前から自発的に光っており移動能力も低いので、オスは光ってメスに居場所を知らせる必要はない。それにもかかわらずオスが自発発光を行う理由として、オスの発光がオス間コミュニケーションに用いられている可能性が考えられる。ここではいくつかのホタルの成虫オスの飛翔中の空間分布パターンを紹介し、それらがメス獲得競争を通じてそれぞれ進化してきた可能性について格子モデルシミュレーションを用いて考察する。

¹ dtuehar@ipc.shizuoka.ac.jp

破壊地の格子モデルとパターン形成

A Lattice model of destructed habitat and pattern formation

中桐 齊之^{a1}

Nariyuki Nakagiri^a

^a兵庫県立大・環境人間

^aSchool of Human Science and Environment, University of Hyogo

生物は生存する他の生物種だけで周囲の環境から様々な影響を及ぼされており、ときには絶滅を引き起こすものもある。こういった、生物の絶滅要因の一つに生息地の破壊がある。本報告では、パターン形成に関係する問題として、生息地が破壊されたとき、生息地の空間パターンの構造がどのように影響するかについて、その分断化に焦点を当てて、2種の生物の存在するモデル生態系を用いて解析を行った結果を報告する。具体的には、モデル生態系として、2次元格子に2種の生物を配置し、それぞれ、増殖、捕食、死亡のプロセスを繰り返す。この格子に、増殖と捕食のプロセスを制限する破壊地を導入することによって、生息地破壊を実現することで生息地破壊のモデルを構築した。2種の生物種をランダムに配置し、破壊地の密度と空間分布を変化させて計算機シミュレーションを行い生息地の分断化の影響を解析した。シミュレーションの結果、生息地破壊によって、生息地が分断化し個々の生息地の大きさが変化すると、捕食者の個体数密度が急激に減少し、絶滅に至ることがわかった。また、破壊地をある一定の長さに連続的に接続すると生存しやすくなることがわかった。本講演では、上記の他、パターン形成の話題としては、納豆菌をシャーレ上で培養した際、樹枝上や円形のパターンが形成されるが、その際に形成されるパターンの条件についても講演する予定である。

¹ nakagiri@shse.u-hyogo.ac.jp

アリの採餌における意思決定とゆらぎ

Decision-making and Fluctuation of Foraging Ants

西森拓

Hiraku Nishimori

広島大・理

Hiroshima University

アリはハチの祖先から進化し、個々の構造や振る舞いを単純化させる一方でコロニーとしての協調行動を複雑化させ、現在地球上のほとんどの地域で繁栄を謳歌している。我々は、アリの採餌行動に着目し、トビイロケアリに関する実験と数理モデリングを行ってきた。

実験では、トビイロケアリの採餌行動が、これまで広く知られている、化学走性だけでなく、視覚情報や記憶にも依拠し、これら複数の因子の精妙な組み合わせで行動決定を行っていることが分かってきた。また、数理モデルでは、アリの化学走性にゆらぎ(エラー)の効果が付与し、採餌効率とゆらぎの関係を調べた。その結果、給餌環境に応じて、「最適採餌集団」が、同等のエラーをもった「一様集団」から、高いエラー率をもったアリとエラーがほとんどないアリの「2極混合集団」に鋭く転移することがわかった。

以上の実験・計算結果を報告するとともに、その解析と解釈を行う。

nishimor@hiroshima-u.ac.jp

複雑ネットワーク上の確率モデル

Stochastic models on complex networks

今野 紀雄

Norio Konno

横国大院・工

Yokohama National University

数理生物学の分野では、例えば、SIS モデル (コンタクトプロセス、接触感染過程) などの確率モデルが非常によく研究されている [1]。そのようなモデルは従来、格子やツリーの上で考えられることが多かったが、最近では、現実の現象との対応を考慮しつつ、格子やツリーをいわゆる一般化した、複雑ネットワーク [2, 3] の上で研究がされるようになってきた。

本講演では、複雑ネットワーク上の確率モデル、特に SIS モデルを中心に、その最近の研究内容と関連する話題について概説したい。

参考文献

- [1] 今野紀雄著「無限粒子系の科学」講談社 (2008)
- [2] 増田直紀, 今野紀雄著「複雑ネットワーク」近代科学社 (2010)
- [3] リック・デュレット著 (竹居正登, 井手勇介, 今野紀雄訳)「ランダム グラフ ダイナミクス」産業図書 (2011)

konno@ynu.ac.jp

酵母菌の格子モデルと密度効果

A lattice model of yeast and density effect

泰中啓一

Kei-ichi Tainaka

静大・工・数理システム

Department of Mathematical and Systems Engineering, Shizuoka University

出芽酵母は、パンやお酒に使われる単細胞・真核生物である。体表面から芽を出し、「出芽」によって増殖する（無性生殖）。酵母の年齢は出芽回数によって実測できる。年齢がゼロのものを娘 (Daughter)、それ以外のものを母 (Mother)、と定義する。

年齢構成のダイナミクスを理論と実験によって研究する。密度効果に対する新たな知見を紹介する：

- 1、少子化パラドクス。Tainaka et al. JTB, 242 (2006) 736-742.
- 2、高齢化酵母の一斉自爆。Hagiwara et al. PLoS ONE (2011) 6: e19224.

これらの知見は、理論が先導した。年齢構成のダイナミクスは、無限次元の常微分方程式で表記した。ここには無限に多くのパラメータが含まれている。パラメータが多い時、シミュレーションは、どんな結果でも導出できるのではないか？いや、そうではない。実験データがパラメータ値を決定するからだ。どのようにして、無限数のパラメータ値を決定し、なぜ理論が主導できるのかを解説する。

tainaka@sys.eng.shizuoka.ac.jp

要旨

(Abstract)

一般講演 (口頭発表)

(Oral presentation)

生態系・代謝過程を考慮した生物濃縮モデル

Theoretical model for bioaccumulation incorporating physiological and ecological processes

中井信吾¹, 近藤倫生

Shingo Nakai, Michio Kondoh

龍谷大・理工

Department of Science and Technology, Ryukoku University

化学物質は環境中よりも高い濃度で生物体内に蓄積することがある。これを生物濃縮という。生物濃縮の程度を説明する際に重要な二つの要素がある。一つは餌生物に含まれる化学物質が体内で吸収・排出される生理学的過程である。もう一つは化学物質濃度が、「食う食われる関係」によって高次の栄養段階の生物ほど高まる生態学的過程である。

生物体内の化学物質濃度を説明する過去の数理モデルでは、しばしば、排出される化学物質濃度が体内の化学物質濃度に対して線形、または、頭打ちになるカーブのような関係で増加することが仮定される (Gobas 1993; Nichols et al. 2006)。しかし、生物は恒常性維持の仕組みを持つため、体内の化学物質濃度が少ないときは排出する化学物質濃度を減らし、体内の化学物質濃度が多いときには排出濃度を増やすことで、最適な濃度に保とうとするメカニズムが生じることが考えられる (Kagata & Ohgushi 2006)。このような場合、排出される化学物質濃度は体内濃度に対してシグモイダルな関係で表されるかもしれない。

本研究では、この恒常性を考慮にいた、捕食者とその餌の体内における化学物質量の動態をあらゆる数理モデルを構築し、捕食者に蓄積する化学物質濃度は、生物による化学物質の必要性和餌生物体内の化学物質濃度に強く依存することを解析的に示した。そして全ての生物の代謝特性が同じだと仮定した場合には、高次の栄養段階の生物ほど基底生物の化学物質濃度の変化に対して、体内の化学物質濃度は変化しにくい場合があることを明らかにした。このことは、個体レベルでの生理学的な恒常性が、群集レベルにおける恒常性と強い関わりを持つことを示唆している。

.....
¹ shingonakai.7@gmail.com

奴隷狩りするアリモデルの数学的な解析

**Mathematical analysis of the model for
slave-maker Ants**

杉浦享一^a, 竹内康博^b

Kyouiti Sugiura^a, Yasuhiro Takeuchi^b

^a 静大・大学院, ^b 青山学院

^a Graduate School of Science and Technology, Shizuoka University,

^b College of Science and Engineering, Aoyama Gakuin University

We propose mathematical models for the system of slave-maker ants. The system is composed of three species *Formica Japonica*, *Polyrgus samurai* and *Formica sanguinea*.

Formica Japonica is prey, but *Polyrgus samurai* and *Formica sanguinea* are its predators which utilize *Formica Japonica* as slave ants.

Although *Polyrgus samurai* always utilizes *Formica Japonica*, *Formica sanguinea* starts to make slaves when its population size is less than a critical value.

Moreover, we assume the population dynamics of *Formica sanguinea* exhibit the Allee effect. We explore the local stability of equilibria and consider the condition for *Formica sanguinea* to survive.

Finally we find that *Formica sanguinea* survives independent of the initial value when many slaves exist and the rate of *Formica sanguinea* by slave-making is large and both the survival equilibrium and the critical value of *Formica sanguinea* are small.

a kyouti7sugiura@yahoo.co.jp

KCC 理論に基づくロトカボルテラ系の非平衡安定性解析

Non-equilibrium stability analysis of Lotka-Volterra system based on KCC theory

山崎和仁, 谷島尚宏

Kazuhito Yamasaki¹, Takahiro Yajima

神戸大学・理

Kobe University, Faculty of Science

Lotka-Volterra 型方程式の, 非平衡領域における安定性を考察する. この考察には, KCC 理論と呼ばれる微分幾何学的理論を用いる. 具体的には, Lotka-Volterra 型方程式の軌道上の任意の点(平衡点とは限らない点)近傍における安定性を解析し, それをある種の接続で連結していくことにより, 大域的な安定性をある種の曲率(偏差曲率)により記述する. この解析における安定性を Jacobi 安定性とよび, 従来の線形安定性とは区別する.

最初に, KCC 理論と従来の安定性解析との関係を明確にするために, 平衡点周りにおいて, KCC 理論を Lotka-Volterra 型方程式に適用した. その結果, 従来の平衡点周りにおける安定性の種類(スパイラル, センター, ノード)は, 全て微分幾何学的量(非線形接続, ゼロ接続, 偏差曲率)からなるダイアグラムで記述できることが分かった. すなわち, KCC 理論は, 従来の平衡点周りの安定性解析を含んでいる.

次に, 本研究の主目的である非平衡領域に拡張して解析を行った. その結果, 捕食系のような非対称な相互作用を持つ系では, 捕食者と被食者の偏差曲率はそれぞれ異なることが示された. これは両者の安定性の種類が異なることを意味する. 一方, 対称な相互作用からなる系(e.g., 競争系, 共生系)では, 非平衡領域においても, 二種は同質の偏差曲率を持つことが示された. 以上の結果は, 捕食系を含む個体群の非平衡領域における安定性は, 含まない個体群のそれに比べて特異なパターンを示す可能性を示唆する.

[参考文献]

[1] P.L. Antonelli, R.S. Ingarden, M. Matsumoto, 1993, The theory of sprays and Finsler spaces with applications in physics and biology, Kluwer, Dordrecht.

[2] K. Yamasaki & T. Yajima, 2013, Lotka-Volterra system and KCC theory: Differential geometric structure of competitions and predations, Nonlinear Analysis: Real World Applications, 14, 1845-1853.

¹yk2000@kobe-u.ac.jp

簡単なモデルによるカニの最適な歩行の考察

A study of crab's optimal walking by using simple model

吉田憲司^{a1}, 巖佐庸^b

Kenji Yoshida^{a1}, Yoh Iwasa^b

^a九大・シス, ^b九大・理

^aKyushu University, ^bKyushu University

カニは特徴的な横歩きをする。他の節足動物に目を向けると、ほとんどの動物が縦に歩く。カニで見られる横歩きについて、横歩きの簡単なモデルを作り、左右の脚をどのように動かせば最適な歩行をすることができるか調べた。

歩行は静歩行と動歩行に分類される。静歩行は重心の地面への投影点が常に脚の接地面内に位置する歩行であり、動歩行は重心の投影点が接地面の外に位置する時間がある歩行である。今回の歩行のモデルは静歩行であり、常に重心の投影点が接地面内に位置するように脚を動かす。

最適な歩行を最も速く横に移動できる歩行と定義するならば、脚の接地面が3角形となるように3本の脚を地面に着けながら移動する歩行が最適であることが分かった。そして、その歩行をするためには左右に3本ずつ、計6本の脚があれば十分である。しかし、カニは歩行に左右4本ずつ、計8本の脚を使う。これは、移動速度に加え、歩行の安定さを兼ね備えたためだと考えられる。砂浜や岩場などの足場が悪い場所での歩行は重心が前後左右に動くため、静歩行をするには接地面を広くとらなければならない。よって、より接地面が広い4角形を作りながら移動する。このとき、速く横に移動するためには8本の脚が必要であることが分かった。

¹ false.saffron@gmail.com

実際の軌跡データで検証可能な動物行動モデリング

Animal movement modeling for applications to real trajectory data

島谷健一郎

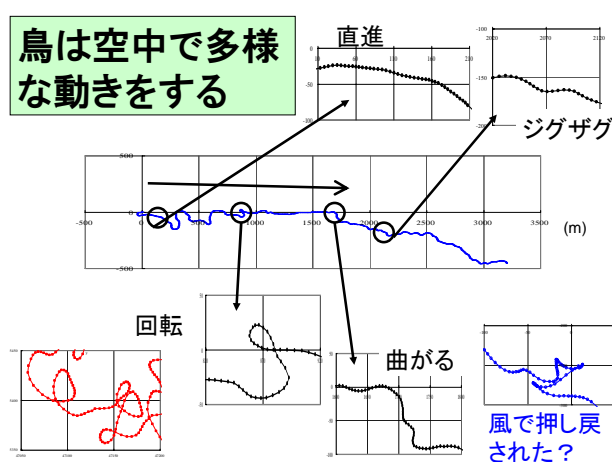
Ichiro Ken Shimatani

統計数理研究所

Institute of Statistical Mathematics

GPS 軌跡データに代表される動物の移動軌跡に関するモデリングは random walk を基本とするが、単なる random walk ではたいていの実データは説明できない。また、

ここでは、動物の進行方向に主眼を置いた移動軌跡モデルを紹介する。それは、動物の意志を単純な数式で表現したものであるが、実データへ直接適用可能で、フリーパラメータは最尤法で最適値を求められる。その値には、動物が移動した意志の強さやナビゲーション能力などの解釈も伴う。さらに、動物の意思決定として3段階のタイムスケールも導かれる。



オオミズナギドリの飛翔軌跡データの例

shimatan@ism.ac.jp

ランダムウォークにおける柔軟な探索挙動

Flexible searching behaviour in random walk

崎山朋子^{a1}, 郡司ペギオ幸夫^a

Tomoko Sakiyama^{a1}, Yukio-Pegio Gunji^a

^a神戸大・理

^aKobe University

動物の歩行問題に関しては、歩幅がレヴィ分布に従うレヴィウォークなのか、それともブラウンウォークなのかという問いが、昔からの議論の的である。近年には、実際の動物の歩行を解析することによって、文脈に依存した歩行戦略を採用するということが報告され始めている。シミュレーションモデルではどの確率分布が適しているかという問いに焦点が絞られている。ここには、エージェントの受動性、すなわち、予め決められた確率分布に完全に従うという前提がある。柔軟な振る舞いは、受動と能動のバランスにおいて、出現されると考えられる。ここでは、単純なブラウンライクなランダムウォークから始まって、歩行履歴の方向性の偏りによって、自ら規則に言及するエージェントの挙動を調べることで、結果的にレヴィライクな振る舞いが実現できることを示す。さらに、方向の偏りの補正に関しての規則変更のみでは、ベキ則は出現せず、ある程度のランダムさ、すなわち、方向における非束縛さを考慮することで、ベキが出現することについても触れる。

¹ sakiyama@stu.kobe-u.ac.jp

アリが巣内のグローバル情報を推測し行動を変化させている可能性に関する考察 Study on adaptive ants' behavior based on estimated global information of colony

*小川雄一^{a,1}, 土畑重人^b, 松野文俊^a

*Y. Ogawa^a, S. Dobata^b, F. Matsuno^a

^a 京都大学工学研究科, ^b ローザンヌ大

^aKyoto University, ^bUniversity of Lausanne

【研究目的】

アカシユウカクアリ (*Pogonomyrmex barbatus*) は、アメリカ南部の乾燥地帯に生息するアリである。このアリは、分業を行いながら様々なタスクを遂行している。本研究では、アリが巣内のグローバル情報を推測し、行動を変化させている可能性についての考察を行う。

【検証方法】

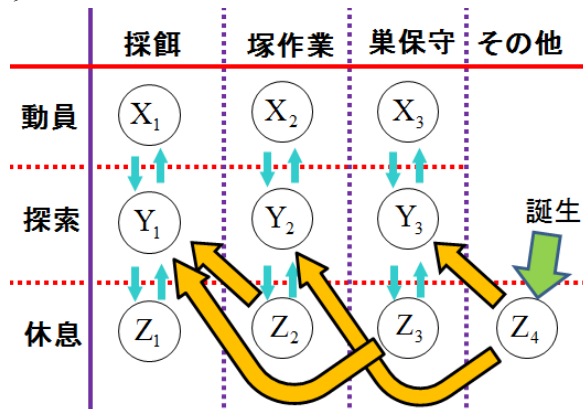
観察結果を基にして、アリの状態遷移(図1参照)を常微分方程式によりモデル化した。

$$\frac{dN_i}{dt} = -F_i N_i - \sum r_{i \rightarrow j} N_i + \sum r_{j \rightarrow i} N_j + N_{b,i} \quad (1)$$

ここで、 N_i は状態 i のアリの数、 F_i は状態 i のアリの死亡率、 $r_{i \rightarrow j}$ は状態 i のアリのうち状態 j に遷移する個体の割合、 $N_{b,i}$ は状態 i のアリの誕生数である ($i \neq Z_4$ の時、 $N_{b,i} = 0$)。また、 $i, j \in \{X_1, X_2, X_3, Y_1, Y_2, Y_3, Z_1, Z_2, Z_3, Z_4\}$ である。

このモデル(1)に、巣内のグローバル情報に基づいた行動として、抑制1: 越冬に必要な餌が十分に集まると、採餌の探索行動をしなくなる (餌の貯蔵量による抑制)、抑制2: コロニーサイズが大きくなると、別のタスクに自発的に遷移しなくなる (コロニーサイズによる抑制) という行動を付け加えた。この2つの抑制行動がそれぞれある場合とない場合で、計4つのケースのシミュレーションを10年分行って平衡状態に至った際の、コロニー全体のアリの数に対する各タスクに従事しているアリの割合を求めた。モデルの妥当性を示すために、Gordon の行った攪乱実験[1]を再現し比較し、シミュレーション結果と観察結果が定性的に一致することを確認した。

図1 アカシユウカクアリの状態遷移モデル



【検証結果】

それぞれのケースで微分方程式(1)の解が平衡状態に収束した場合の、コロニー全体のアリの総数に対する各タスクのアリの割合と、最終的なコロニーサイズを表1に示した。抑制1と抑制2の両方がある場合(ケース4)には、実際のコロニーに近いコロニーサイズと各タスクに従事するアリの割合となっていることがわかる。また、その他のケースではそれらの数値が実際のアリの観察結果と大きく異なっていることがわかる。(実際のコロニーサイズは文献[1]に掲載されている値であり、各タスクのアリの割合は、文献[1]のデータから概算したものである。) この結果は、アリが餌の貯蔵量とコロニーサイズを把握し、それを基に行動を変化させている可能性を示唆している。

表1 各パターンにおける10年後の各タスクのアリの割合

	ケース1	ケース2	ケース3	ケース4	実際のアリ (概算)
1:餌の貯蔵量による抑制	無し	有り	無し	有り	
2:コロニーサイズによる抑制	無し	無し	有り	有り	2.00%
採餌アリ	98.01%	59.62%	12.57%	12.62%	6.00%
塚作業アリ	0.77%	19.98%	0.03%	0.81%	80.00%
巣保守アリ	0.77%	20.02%	0.30%	7.56%	10000
その他のアリ	0.44%	0.38%	87.10%	79.01%	9.74
コロニーサイズ	2296	2674	12264	9699	1.32
巣内のゴミの数の比較 (ケース4を1とした場合)	9.74	1.32	9.64	1.00	9.64

参考文献 [1] Gordon, Deborah. *Ants at work: how an insect society is organized*. The free press, 1999.

¹ yuichi.ogawa1077@gmail.com

群れ形成過程におけるサイズ選択と頻度分布

Size-dependent coagulation-fragmentation processes and cluster distributions丹羽洋智¹**HS. Niwa¹**

水研セ・中央水研

Natl. Res. Inst. of Fisheries Science

群れの合併分裂過程では、集団中の個体がクラスターとして相互作用し、様々なサイズのクラスターへの分割パターンのダイナミクスをマルコフ連鎖としてモデル化できる。合併分裂に群れサイズに比例した選択がある場合、クラスター形成詳細釣り合いの数学的解析から、そのサイズ分布に対し多変量 Ewens 分布が導かれた[1]。このとき、サイズ別クラス毎の群れの数の期待値は Fisher の対数級数則に従う。実際の集群性浮魚類の群れサイズの頻度分布でも対数級数則が観測されている。そもそも Ewens 分布は集団遺伝学のサンプリング公式であり、中立的な無限個アレルモデルにおいて、定常状態にある集団からランダムに抽出した個体をそれらの型により分類したときに形成される標本数の分割の分布として導かれたもので、その分布はただ1つのパラメータで記述される。その値はアレル頻度分布では突然変異率、群れサイズ分布では分裂と合併の速度の比で与えられる。本講演では、しかしながら、クラスター形成過程の定常分布としての Ewens 分布の導出は、未解決問題であることを提起する。

群れ形成過程に中立性(集団内の個体が群れとしてランダムに移動し偶然に出会った時に合併、また、群れはサイズに依存しない確率で2つに分裂し分かれた後のサイズは一様分布)を仮定した場合、群れサイズ分布は対数級数則に従うことが、シミュレーションにより示された。集団中のある1個体に注目し、それが属する群れサイズの時間発展を確率微分方程式により解析することで、この結果は説明出来る[2]。一方、合併分裂確率が群れサイズに比例するクラスター形成過程のシミュレーションでは、結果は Ewens 分布と食い違い、クラスターサイズ分布は(指数関数の裾をもつ)指数-2のべき分布が得られた。

参考文献

[1] Durrett, R., Granovsky, BL., Gueron, S., 1999. J. Theor. Probab. 12:447-474.

[2] Niwa, HS., 2003. J. Theor. Biol. 224:451-457.

¹ Hiro.S.Niwa@affrc.go.jp

ボイドの規則を用いた魚の群れモデル

A model for fish school based on Boids' rules

久保裕貴^{a1}, 巖佐庸^b

Yuki Kubo^a, Yoh Iwasa^b

^a九州大学・システム生命科学府, ^b九州大学・理学研究院

^a Graduate school of systems life sciences, Kyushu university,

^b Faculty of science, Kyushu university.

様々な種類の虫や鳥、魚が特徴的な群れの行動を示す。このような動物の群れの行動を理解するために多くのシミュレーションによる研究がなされてきたが、その発端となったモデルに Boids がある。Boids では個体が、3つの規則(プロセス): 整列(周りの個体に向きを合わせる)、引き寄せ(周りの個体の中心に向かう)、回避(周りの個体との衝突を避ける)に従う。その結果、魚や鳥の群れに似た行動を作り出すことができる。

本研究では、Boids の規則を基にした魚の群れモデルについて、それぞれの規則の強さの組み合わせによってどのような群れの型が観察されるかを調べた。シミュレーション中の個体の向きの変化量に着目しその平均を取った数値と、個体同士の距離から定義した群れの広がり具合を表す数値との2つの統計量により、群れの形態や挙動が分類できる。群れの型は、個体が集まり一つになって泳ぐ「行進型」の群れと、個体がある中心の周りを回り続ける様子を「回轉型」の群れの大きく二つに分けることができる。さらに、それぞれの型の中で群れの形を群れの幅や大きさなどによって分類した。そして、上記3つのプロセスの相対的強さにより不連続的にいずれかのパターンが出現する。とくに「整列」の強さが大きいときに「行進型」、「引き寄せ」の強さが大きいときに「回轉型」の群れの様相が現れる。

¹ yukikubo@kyudai.jp

植物体内時計における細胞スケール概日リズムのゆらぎ

Robustness of Cellular Circadian Rhythm in plant

鵜飼和也^{a1}, 福田弘和^{a2}

Kazuya Ukai^{a1}, Hirokazu Fukuda^{a2}

^a 阪府大・工

^aOsaka Prefecture University

植物は自身の置かれた環境に適応するため、生理状態をダイナミックに変化させることが知られている。一方で、自律的に安定なリズムを刻む概日時計と、外環境に対する応答性はどのように調和しているのかという非常に興味深い問題がある。これまでも、概日時計の安定性に関するシミュレーションベースの研究や、哺乳類の概日時計中枢における概日リズムの安定性についての研究が報告されているが、植物概日時計の安定性に関する実験研究は少ない[1, 2]。概日時計の安定性と環境応答の関係を理解するためには、細胞スケールでの概日リズムの安定性とそこに含まれるゆらぎを知ることは重要であると考えられる。

本研究では、植物概日時計の細胞スケール概日リズムの安定性を調べるため、植物の根に着目し、ルシフェラーゼ発光計測を用いて長期的な概日リズムの計測を行った。植物の根はおおよそ一次元の単純な構造を持っており、形成後の運動がなく、長期的な計測に適している。これまでに我々は、植物の根における概日リズムを時空間で観測することで、特徴的なパターン形成現象を報告している[3, 4]。

本研究によって、根の細胞スケールの概日リズムは恒常的環境下においても、3週間以上の長期にわたって持続することが明らかとなった。一方で、個体内において局所的なリズムの安定性にはばらつきがあること、また、先端部の分裂組織においては短周期化していることがわかった。

[1] M. L. Guerriero et al., *Interface* **9**, 744-756 (2012).

[2] A. C. Liu et al., *Cell*, **129**, 605-616 (2007).

[3] H. Fukuda, et al., *Phys. Rev. E* **86**, 041917(1-5) (2012).

[4] K. Ukai, et al., *Environ. Control Biol.*, **50**, 237-246 (2012).

¹ sr202007@edu.osakafu-u.ac.jp

リズム相互作用系のモデル化のためのベイズ統計手法

Bayesian statistical method for modeling interacting rhythms

太田 絵一郎[†], 青柳 富誌生

Kaiichiro Ota and Toshio Aoyagi

京都大学 情報学研究科, 科学技術振興機構 CREST

Kyoto University and JST CREST

周期的に振動する素子 (リズム) の相互作用は, 体節形成, 概日時計, 心拍の生成, ロコモーション, 粘菌の個体内協調など, 様々な生物学的プロセスにおいて機能を生み出す重要な役割を担っている. また脳・神経系においては, 局所場電位 (LFP) や脳波 (EEG) など, 機能との具体的関係は不明であるが, リズムの相互作用が物理現象として観測されており, そのネットワーク構造に興味を持たれている.

本研究では, 上述のようなリズム相互作用系から観測されたデータのみを用いて, 定量的な数理モデル (位相モデル) が得られることを, 具体的な統計手法と共に示す (図). 得られる位相モデルは以下の特徴・利点を持つ:

1. 多体のリズムの時間的ダイナミクス (同期・非同期など) を定量的に表現できる.
2. 相互作用を表すネットワークが, 結合の有無や向きの情報と共に得られる.
3. 位相モデルは相互作用が弱い条件下で理論的に近似・導出されるモデルで, 数理的な普遍性を持つモデルである.
4. 振動状態を制御するための方法論の蓄積がある.

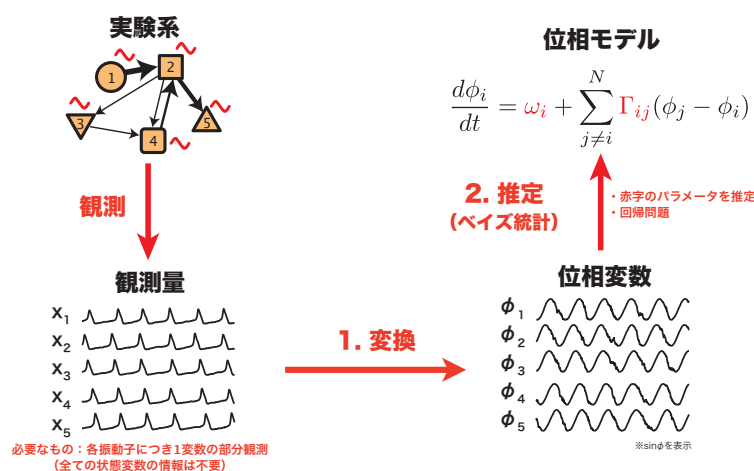


図: 提案する統計手法の流れ.

[†] kaiichiro@acs.i.kyoto-u.ac.jp

細胞選別する上皮シートの成長に伴う座屈

Growth-induced buckling of an epithelial sheet with cell sorting

廣中謙一^{a1}, 森下喜弘^b

Kei-ichi Hironaka^{a1}, Yoshihiro Morishita^b

^a九大・シス生, ^b理研 CDB

^aKyushu University, ^bRIKEN CDB

多くの器官、肺・腎臓・腸などが上皮組織の袋構造によって特徴付けられている。近年では、間充織を除いた上皮組織のみの立体培養でも、器官に特徴的な形態が再現できることが報告されている。

上皮の形態形成にかかわるプロセスとしてよく研究されてきた対象のひとつが、細胞選別（セルソーティング）である。異なる二つの細胞種が交じり合う細胞集団において、同種間での接着力が異種間での接着力よりも強い場合、同種細胞でクラスターを形成する傾向が見られる。

また、細胞シートの座屈現象も、よく研究されてきた上皮形態形成プロセスのひとつである。細胞の増殖速度が高い、あるいは細胞シートの曲げ剛性が低ければ、座屈不安定性によって組織に凹凸が生じる。小腸や結腸に見られる陰窩と呼ばれる井戸状構造は、こうした成長に伴う座屈によって説明される。

実際に上皮組織で起こる形態形成は、これら二つのプロセスの複合的なものであると考えられる。先に例に挙げた陰窩においても、内壁に沿って底側の未分化細胞と上側の分化細胞とに細胞種が分けられるが、これは細胞種間で Ephrin と Eph の発現に差異があり、接着力に差が生じているためだと考えられている。しかし、これまでの陰窩の力学モデルでは、こうした接着力の効果は無視されるか、あるいは細胞の上方向への移動能として暗に含められている程度であった。

我々はこの二つのプロセスの相互作用が形態形成にもたらす効果を調べるため、上皮組織を弾性膜として表現する、細胞ベースの三次元力学モデルを構築した。細胞分裂を頻繁に行う増殖細胞（未分化細胞）と分裂をまったく行わない非増殖細胞（分化細胞）の二種に細胞を分け、これらの中で接着力の差がある場合・ない場合とで、組織の形態にどのような差が生じるかについて述べる。

¹ hironaka@cdb.riken.jp

上皮組織の2次元幾何学モデルにおける圧力と曲率

Roles of pressure and curvature on a two-dimensional geometrical model for epithelial tissues

石本志高^{a1}, 森下喜弘^a

Yukitaka Ishimoto^{a1}, Yoshihiro Morishita^a

^a理研 CDB

^aRIKEN CDB

In order to describe two-dimensionally packed cells in epithelial tissues both mathematically and physically, there have been developed several sorts of geometrical models, such as the cell-centered model, the cellular Potts model, and the vertex cell model whose vertices are given by the junctions of the cell boundaries. So far, in any case, pressures have not neatly been dealt with and curvatures have been even omitted through their approximations. We focus on these quantities in the vertex cell model and show how to implement them in the model. Its significance and applications will be discussed as well.

¹ ishimoto@cdb.riken.jp

シヨウジヨウバエ神経発生における

Proneural wave の伝播現象

Proneural wave progression during *Drosophila* neural development

三浦 岳^{a1}, 長山 雅晴^b, 佐藤 純^c

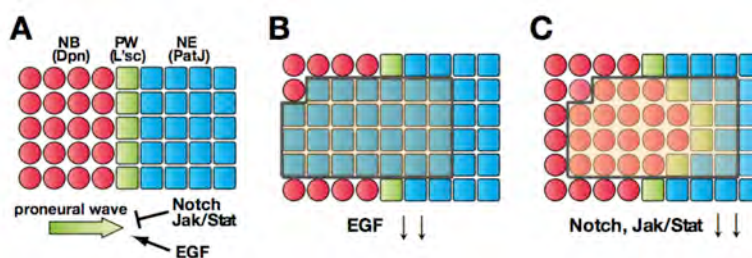
Takashi Miura^{a1}, Masaharu Nagayama^b, Makoto Sato^c

^a九大・医, ^b北大・電子研, ^c金沢大・医

^aKyushu University, ^bHokkaido University, ^cKanazawa University

シヨウジヨウバエ視覚中枢の発生時に、シート状の神経上皮 (NE) が正中線側から側面に向かって順に神経幹細胞 (NB) に分化する。この時、bHLH 転写因子である *L'sc* が一過的に発現することにより神経上皮から神経幹細胞への分化が誘導される (図 A)。この現象は、分化状態が波のように伝わるため Proneural wave と呼ばれる。現在までに EGF, Notch, Jak/Stat, Hippo シグナルが波の進行を制御することが示されている。中でも EGF と Notch が中心的な役割を果たし、それぞれ波の進行を正および負に制御する (図 A-C)。EGF および Notch シグナルのリガンドは神経幹細胞に分化する直前の神経上皮のみで発現し、未分化な神経上皮や神経幹細胞では発現しない。

このような分化の挙動を理解するため、この系を (1) 細胞の分化度 (2) EGF (3) Notch の 3 因子を用いて反応拡散系で定式化を行った。その結果、EGF 変異体、Notch 変異体を用いた実験で観察されている波の挙動をうまく再現できる事がわかった (図 B-C)。今後、細胞の分化度に関連する未知の因子の検索や、モデルの挙動の数学的な検証を行う予定である。



¹ miura_t@anat1.med.kyushu-u.ac.jp

精巣上体発生過程における管の折れ畳み形成の数理モデル

A Mathematical Model for The Tube Folding

During Epididymis Development

平島剛志

Tsuyoshi Hirashima

京都大学・ウイルス研究所

Institute for Virus Research, Kyoto University

マウスの精巣上体の発生過程では、一層の上皮細胞で構成される管が太さを保ったまま局所的に曲がり、逐次的に順序よく折れ畳まる形態変化を示す。これは、臓器の発生で肝心の『局所的な管の変形』の一好例であるにも関わらず、どのような機構で形態変化が引き起こされるのか分かっていない。

私は、精巣上体管の変形動態を理解する為に、複数の質点をバネでつなぎバネ間の弾性エネルギーや曲げエネルギーを定義するバネビーズモデルを用い数値シミュレーションを行った。細胞分裂の時空間分布などの細胞動態や組織形態などを実測し、パラメーターとして数理モデルに適用したところ、実験で観察されているような折れ畳み形態形成を再現することができた。数値シミュレーションによる解析を進めた結果、局所的な管の折れ畳みを作り出す条件として、管の成長が局所的に、かつ、管変形に対して速く起こることが必要であることを明らかにした。

さらに、シミュレーション解析の結果をもとに、精巣上体管が逐次的に折れ畳まる形態変化について機能の観点から考察する。

thirashi@virus.kyoto-u.ac.jp

節足動物の外骨格形成についての3次元シミュレーション

3D-simulation of exoskeleton formation of arthropods

伊藤洋¹

Hiroshi Ito¹

総研大・先導研

SOKENDAI

節足動物は脱皮によって成長し、1回の脱皮で大きく形態を変える場合もある(角や大顎の形成やハサミの再生など)。脱皮により脱ぎ去る殻の内側には、脱皮後に新しい殻となる膜がシワシワに折り畳まれており、脱皮時に膨らみ硬化して新しい殻となる。このシワシワの膜は紙風船のようなものであり、ぶつけ本番で膨らませた時に、シワになったりひしゃげたりしない程度の精度の紙風船を作るのは至難の業だろう。シワがある殻やひしゃげた殻はとてももろい。そうなるのを防ぐために、節足動物は膜の伸展や硬化のプロセスを動的に調整している可能性がある。そこで本研究は、①膜を構成する細胞を増殖させて「紙風船」を作る際に、その形状を制御する機構、及び②「紙風船」を膨らませて硬化する際に、シワやひしゃげることを抑制するように細胞サイズを制御する機構、を考案した。これら①、②を組み合わせて平面状の膜から様々な突起を形成するシミュレーションを行った。その結果、節足動物の角や爪、大顎によく似た突起を作ることができた。

¹ ito_hiroshi@soken.ac.jp

細胞膜陥入構造の浸透圧変化に対する応答

How do invaginated structures in cellular membrane response to osmotic pressure change?

立川正志^{a1}, 末次志郎^b

Masashi Tachikawa^{a1}, Shiro Suetusu^b

^a理化学研究所, ^b東大・分生研

^aRIKEN, ^bU-Tokyo

カベオラは特定の細胞の細胞膜に多数存在する 100nm 程度の陥入構造で, Caveolin1 により裏打ちされていること, ラフトと同様な脂質組成を持つこと, 多数のレセプターが集積していること等知られているが, カベオラそのものの機能的意義はこれまで明らかにされてこなかった. 近年, 低浸透圧下においてカベオラが解消することにより細胞膜面積ひいては細胞体積を一時的に増加させる役割を果たすという説が提出された. 一方我々のグループの実験により, 低浸透圧下では解消するカベオラも存在する一方, 無視できない数のカベオラがエンドサイトーシスにより細胞内に取り込まれることが見出された. 本研究では, この同じ刺激に対して, なぜカベオラは2種類の全く相反する応答を示すかを考えるために, 低浸透圧刺激 onset でカベオラにかかる力を Time dependent Ginzburg Landau 方程式を用いて計算した. その結果, カベオラに収縮力がかかるか拡張力がかかるかはカベオラの形態に依存することを見出した. このことは, カベオラの刺激応答の2値性はその形態に依存して決まる力が生み出していることを示唆している. 実際, さらなる実験結果から, 低浸透圧下で収縮したカベオラと拡張され広がったカベオラが観察されており, この力の2値性の存在を裏付けている.

¹ mtach@riken.jp

丙午迷信における文化進化の考察

Study of the cultural evolution in hinoeuma superstition

原誠^a, 巖佐庸^b

Makoto Hara ^a, Yoh Iwasa ^b

連絡先 makocchan@gmail.com

本研究は文化進化についてシミュレーションを行い、迷信が如何にして伝わるかを考察したものである。今回、私は丙午迷信について研究を行った。丙午迷信では丙午に生まれた女性とは結婚しないという配偶者選択と、丙午年での出産を避けるという行動により適応度に差が生じる。本研究では、丙午を信じるものと信じないもの (**believer**, **non-believer**) に加え、丙午生まれの女性を配偶者として選択するが、自分の子は丙午に生まない人 (**half-believer**) をモデルとして考えた。このシミュレーションの結果**half-believer**は常に適応度が最も高い戦略であり、**believer**, **non-believer**のどちらか一方と共存するということがわかった。また生物の進化と最も異なる点である、水平伝播についても考慮した。ここでは頻度依存の水平伝播を考え、どの程度伝達が頻度に依存するかというパラメーターに注目した。頻度依存が弱いと三者が共存する、しかしある一定の値を少しでも超えると初期頻度の高いものが平衡状態で独占状態になるという結果が得られた。これは社会状態の文化進化への影響は少なくないということを示すものである。

^a九州大学・システム生命科学府, ^b九州大学・理学研究院

^a Graduate school of systems life sciences, Kyushu university,

^b Faculty of science, Kyushu university.

熱狂的なプレイヤーが存在する有限集団における

進化ダイナミクス

Evolution in finite populations with zealots

中嶋洋平^a, 増田直紀^{a1}

Yohei Nakajima^a, Naoki Masuda^{a1}

^a東大院・情報理工

^{a1}University of Tokyo

有限集団での戦略数が 2 である行列ゲームから導かれる進化ダイナミクスにおいて, ゲームの利得に関わらず戦略を変更しない熱狂的なプレイヤー (zealous players; 以下では熱狂者と呼ぶ) [1]の存在を仮定する. すると, 熱狂者が全員同じ戦略をとる場合には, 集団の戦略は最終的に熱狂者の戦略に固定される. 本研究では, Moran 過程のもとで熱狂者が存在する有限集団の進化ダイナミクスの解析を行った. 特に, 集団が熱狂者の戦略に固定するまでの時間 (固定時間) を, 熱狂者が存在しない場合の解析 [2]を拡張することによって導出した. その結果, 熱狂者の割合や利得行列の利得の値によって, 大きく 3 つの場合が存在することが分かった. また, 選択圧が十分に小さい場合, または, 熱狂者の割合が十分に多い場合には, 利得行列の中身に関わらず固定時間は短い (集団サイズ N に対して $N \log N$ のオーダー) ことが分かった.

参考文献

[1] N. Masuda. Sci. Rep., 2, 646 (2012).

[2] T. Antal, I. Scheuring. Bull. Math. Biol., 68, 1923-1944 (2006).

¹ masuda@mist.i.u-tokyo.ac.jp

地域通貨モデルにおける間接互惠性の進化

Evolution of indirect reciprocity in local currency model

*小池心平^{a1}, 中井豊^b, 中丸麻由子^a

*Shimpei Koike^{a1}, Yutaka Nakai^b, Mayuko Nakamaru^a

^a東工大院・社理工, ^b芝浦工大・システム理工

^aTokyo Institute of Technology, ^bShibaura Institute of Technology

間接互惠性による協力行動を成り立たせるために、人間社会には様々な制度が存在する。地域社会の相互扶助を促進するために用いられる地域通貨もその一つだ。Time Dollar systemと呼ばれる地域通貨は、次のような特徴を持っている[1]。このシステムの参加者は、簡単な仕事や手助けをお願いする際に対価として地域通貨を支払うこととし、仕事の内容に関わらず、1時間働くことで1単位の通貨が協力者に支払われる。各参加者の地域通貨の所持量は、共通の電子口座や通帳などで管理され、他の参加者にも確認が出来る。

このことから、地域通貨システムの参加者は協力の対価として地域通貨を受け取り、地域通貨の所持量によって過去の協力の度合いが分かる仕組みになっている。地域通貨が間接互惠性における評判の役割を担っているのだ。しかし、間接互惠性の基本的なモデルでは協力をする側の行動により評判が付与されるのに対して [2]、地域通貨システムでは、協力をする側の貨幣が増え、協力される側の貨幣が減るというように、協力を受ける側にも評判が与えられる。

本研究では、評判を付与する対象に着目して間接互惠性による地域通貨モデルを作り、協力行動が進化する条件や必要な戦略を明らかにした。また、これら2つのモデルを含め間接互惠性において協力行動の進化に必要な評判付与ルールを考察する。

参考文献

[1]CAHN, E. S. 2000. No more throw-away people: the co-production imperative, Washington: Essential Books.

[2] Nowak, M. A., and Sigmund, K. 1998. Nature, 393,573-577.

¹ koike.s.aa@m.titech.ac.jp

国家間排出権取引の協力ゲーム: 交渉で決まる環境の価値

Cooperative game for international emissions trading: Value of environment determined by bargaining

^{a1} 本城慶多, ^a 佐竹暁子

^{a1} Keita Honjo, ^a Akiko Satake

^a 北大院・環境科学

^a Hokkaido University

排出権取引は、大気や水の汚染、温室効果ガスの排出と関連する気候変動など、さまざまな環境問題の解決に有効であると考えられてきた。排出権取引では、規制当局による排出許可証の発行と割当を通じて、個人や企業による汚染物資や温室効果ガスの排出を望ましい水準に調整する。規制当局が適切な量の許可証を発行し、それが市場で自由に取引されているとき、社会全体の便益が最大化されるという主張は、環境経済学でよく知られているところである。

しかし、上記の主張は、許可証の発行量と社会的便益の関係が既知であることを前提としており、必ずしも現実的ではない。特に、気候変動対策において、社会的便益を最大化するような温室効果ガス排出量の算定は困難である。それゆえ、現実の国家間排出権取引は、人類の利益というグローバルな観点ではなく、自国の利益や他国との提携といったローカルな観点から行われている。許可証の取引価格は交渉を通じて決まり、そこには許可証の需給バランスに加えて、各国が評価した環境の貨幣価値、すなわち、支払意思額が反映されている。

本研究では、フォン・ノイマンとモルゲンシュテルンにより導入された特性関数型ゲームを用いて、国家間排出権取引のより現実的な表現を試みた。プレイヤーは1人の買い手と s 人の売り手であり、買い手が少なくとも1人の売り手と提携を結んだ場合に限り、許可証の取引が成立する。提携はメンバー全員の利得の総和が最大になるように形成され、提携の利得は各メンバーの交渉力に応じて分配される。個人合理性と社会合理性の双方を満たすような利得配分はシャプレー値によって与えられ、買い手のシャプレー値から許可証の取引価格が導かれる。このような枠組みのもと、(1) 買い手が正の支払意思額をもつときに限り、許可証が正の価格で取引されること、(2) 許可証の取引価格は、買い手の支払意思額と売り手全体の交渉力の積で表されること、(3) 取引価格の上限と下限は、許可証の需給バランスに依存せず、それぞれ $\lambda/2$ と $\lambda/(s+1)$ で与えられることを示した(λ は買い手の支払意思額を表す)。

¹ 日本学術振興会特別研究員(DC1), Email: keita_honjo@ees.hokudai.ac.jp

環境保全に関するアンケート調査をもとにした進化ゲーム

Modeling evolutionary game theory based on questionnaire about
environmental conservation

大野ゆかり^{a1}, 河田雅圭^a, 中静透^a, 馬奈木俊介^b

Yukari Ohno^{a1}, Masakado Kawata^a, Tohru Nakashizuka^a, Shunsuke Managi^b

^a 東北大・生命科学, ^b 東北大・環境科学

^{a,b}Tohoku University

環境保全は協力行動である。ゲーム理論の分野では、環境保全は公共財ゲームを使って議論され、協力の進化は評判や懲罰、空間構造などが必要だと言われている。しかし、実験経済学の分野では、環境保全に対する意識、環境汚染の程度、他の人の協力割合などが、環境保全に対する協力行動に影響すると考えられている。そこで、環境保全における協力行動について、アンケート調査とゲーム理論の両面から明らかにすることを目的とした。まずは、環境保全のコスト・環境保全に対する意識・汚染程度・他の人の協力割合などが、環境保全への協力の意思決定に影響を与えるか、インターネットでアンケートを行った。環境保全対策に賛成する人は、提示されたコストが低い、環境保全に対する意識が高い、予想する他の人の協力割合が高い、などの傾向が見られた。しかし、予想する協力割合が高いからといって、他の人の協力割合が高いと思っているから協力するのか、自分が協力するから他の人も協力するだろうと思っているのか、区別がつかない。そのため、仮定の協力割合を提示し、最初の意見を変更するか質問した。すると、最初に反対した人は、予想した協力割合より提示された協力割合が低い場合、より賛成に意見変更する傾向が見られた。これは少数派への同情だと考えられる。この結果をもとに、公共財ゲームにおいて、少数派に同情する戦略が有利なのか、シミュレーションを行い、考察する。

¹ yukari.tohoku.univ@gmail.com

Graduated punishment is efficient when people are heterogeneous

Joung-Hun Lee^{a1}, Iwasa Yoh^b
^{a, b}Kyushu University

In natural resource managements, people often overcome tragedy of commons by developing an institution that punishes selfish actions, thus enhancing pro-social behavior. Elinor Ostrom reported many successful communities apply graduated punishment – the punishment level gradually increases with the amount of harm of the selfish action. This observation is apparently in conflict with a theoretical study of public good game supporting a severe and strict punishment. Here, we study the conditions in which graduated punishment enforces cooperation most efficiently. If people follow a quantal response equilibrium, the optimal punishment is a jump from no punishment to a high level of punishment then increases little with the societal harm, which is inconsistent with the graduated punishment concept. We find that the graduated punishment is the most efficient rule if there is a small probability that player's action is reported incorrectly and if players are heterogeneous in their sensitivity to utility (or payoff) difference. We derive a mathematical formula for the optimal punishment when people's sensitivity to utility difference follows an exponential distribution. When the magnitude of harm is large, the optimal punishment increases in proportion to the square root of the societal harm, thus confirming the efficiency of the graduated punishment.

¹ Clinamen2013@gmail.com

学習進化のモデルにおける社会学習者エラーの効果

Effect of learning error of social learners on evolution of learners

木村望¹, 川崎廣吉
Nozomi Kimura¹, Kohkichi Kawasaki
同志社・文化情報
Doshisha University

ある環境で自ら新しい適応行動を発見する個体学習者と、既に存在する適応行動を学ぶ社会学習者について、その進化の過程を、特に空間的広がりの中で進化の過程を考察するために反応拡散モデルが研究されてきた。適応行動をする社会学習者に比べて個体学習者に学習コストがあったとしても、1次元空間上で分布拡大する場合、その分布域の先端では個体学習者が存続し、特にコストが小さい場合は個体学習者が先に分布域を広げていくことが示されている。

モデルには attenuation factor (低減因子) というパラメータが含まれており、これは適応行動を学ぶ機会がなかったか、あるいは、あったのに正しく学べなかった社会学習者が生じるパラメータで社会学習者のエラーということができよう。

attenuation factor の値は先行研究では小さい値を用いてシミュレーションされており、かつ、大きくしても定性的な結果は変わらないとしている。本研究ではさらにこの attenuation factor の効果を知るために値を0にしてシミュレーションした。特に一様環境の場合のみならず、異質環境での効果を明らかにするためのシミュレーションを行った。

一様環境の場合、個体学習者のコストが0の場合のみ個体学習者が存続するが、コストが少しでもある場合、個体学習者は時間が経つと絶滅する。

異質環境の場合、環境の境目でのみ個体学習者は生き残り、分布域の先端では存続しないことがわかった。

¹ dim0003@mail4.doshisha.ac.jp

社会ネットワーク上の学習の進化

Evolution of learning on social networks

田村光平^{a1}, 小林豊^b, 井原泰雄^a

Kohei Tamura^{a1}, Yutaka Kobayashi^b, Yasuo Ihara^a

^a東大・院理, ^b明治大・先端数理

^aThe University of Tokyo, ^bMeiji Institute for
Advanced Study of Mathematical Sciences

学習は、「経験による行動の変化」と定義することができる。ヒトを含む多くの生物の学習能力は、試行錯誤等によって独力で行われる個体学習と、模倣等によって他者から情報を獲得する社会学習の2つに大まかに分けられる。文化には、これら2つの学習能力が高度に発達していることが不可欠である。近年、構造が個体学習と社会学習のどちらに有利に働くかについて活発な議論が行われている(Rendell et al., 2010; Kobayashi and Wakano, 2012)。

構造が社会学習の進化に有利に働くかどうかについて先行研究で一貫した結論が得られていない理由のひとつに、各研究で想定している空間構造の違いが挙げられる。そこで本研究では、まず、淘汰が弱い状況において、社会学習の進化が起こる条件を任意のネットワーク構造について求めた。加えて、次数が均一なネットワークについて、社会学習者の平衡頻度を近似的に求めるとともに、近似の妥当性を個体ベースシミュレーションによって評価した。

本研究の結果は、構造が社会学習の進化にとって有利に働くかどうかは、構造化によって情報伝達が阻害される効果と競争の局所化の効果のバランスによって決まることを示唆している。このバランスは様々な要因によって決定されるが、そのひとつとして文化伝達様式(垂直伝達・斜行伝達)を取り上げ、同一の構造であっても、文化伝達様式の違いによって構造が社会学習の進化に有利に働くかどうかが変わることを紹介する。

¹ tamura@biol.s.u-tokyo.ac.jp

ネットワーク上のリソース分布と構造との相互作用系における平衡状態の解析

Equilibrium state of an adaptive network depending on diffusion dynamics of a resource

青木高明^{a1}, 八幡晃一郎^b, 青柳富誌生^{b,c}

Takaaki Aoki^{a1}, Koichiro Yawata^b, Toshio Aoyagi^{b,c}

^a香川大・教育, ^b京大・情報, ^cJST, CREST

^aKagawa University, ^bKyoto University, ^cJST, CREST

今日、ネットワークという言葉は理工学・生物学・社会学など学際的に広く利用され、関心を集めている。近年、ネットワーク自体は広く研究されているが、その多くはネットワークを静的なグラフとして扱っている。しかしながら、インターネットやWWW、あるいは通信網・交通網やSNSなどにおいて、ネットワーク自体もまた、時間と共に変化し、構造が変わっていく。本研究では、ネットワークという大自由度の繋がりがどのように変化し秩序化されていくのか。ネットワーク自体のダイナミクスを、数理モデルを用いて議論する。

ネットワークを介した物質や情報・ヒトなどの流れを理解することは、大規模ネットワークシステムの設計・運用のため不可欠である。その基礎となる物理過程として、ネットワーク上の拡散過程がある。そのため本研究では、拡散過程に応じたネットワーク自体のダイナミクスを解析する。すなわち、交通網がトラフィック等に応じて変化するように、ネットワーク上を拡散する資源(物質, 情報, ヒト, 資金)に依存したネットワーク更新を新たに導入する。この系では、ネットワーク結合の動的変化と共に、資源の拡散ダイナミクスが同時に進行する。これにより、結果として如何なるネットワーク構造が形成され資源配分が行われるか。そのプロセスを力学モデルとして定式化することで、平衡状態におけるネットワーク構造を解明する。

¹ aoki@ed.kagawa-u.ac.jp

中立性をゆるめた空間明示中立モデル Neutrality breaking of spatial explicit neutral models

大浦健志^{AB1}, 時田恵一郎^C
Takeshi Oura^{AB}, Kei Tokita^C
阪大サイバー^A, 阪大理^B, 名大情報^C

^ACybermedia Center, Osaka University, ^BGraduate School of Science, Osaka University,
^CGraduate School of Information Science, Nagoya University

昨今、生物多様性維持、生態系保護が強く求められている。これらの目的の為、生態系が多様性を維持する機構を明らかにすることは重要である。生態学において、生物群集の個体数のパターンはフィールドの測定によってその統計的な性質が観測されてきた。しかしながら、それらの実データを説明する理論はいくつか提唱されているが、十分とはいえない。2001年に Hubbell によってその価値が示された中立モデル (中立仮説)[1] はその1つであり、フィールドから得られた結果をよく説明することから盛んに議論されている。しかしながら中立モデルにおいては、各生物種の出生率、死亡率、移入率などのパラメータがすべて等しいとする強い仮定をおく。この仮定は直感的に現実の生態系を反映したものとはいえず、この点から批判を浴びてきた。本研究の最終的な目的は、なぜ中立仮説が現実の生態系のパターンが再現できるのかを明らかにし、またそれによって生態系ダイナミクスの素過程を理解することである。本発表においては平均場近似による解析ではなく、空間を明示的に2次元格子 [2] であると考えモンテカルロシミュレーションによって解析した。Liu らによって導入された中立性をゆるめたモデル [3] は、ある種 i の適応度 f_i を $f_i = \frac{\text{移入できる面積} \times \text{出生率}}{\text{死亡率}}$ と定義し、適応度を各種間で一定に保ったまま種ごとのパラメータ自体は違う値をもつ場合である。このほぼ中立モデルにおいて、どのパラメータを変動させるかやばらつきの大きさなど複数の中立性のゆるめ方についての結果とその中立モデルとの違いを報告する。またこの結果をうけて中立モデルの適応限界を議論したい。

- [1] Stephen P. Hubbell. Princeton University Press, May 2001.
- [2] Rick Durrett and Simon A. Levin. Journal of Theoretical Biology, Vol. 179, No. 2, pp. 119127, March 1996.
- [3] Kui Lin, Da-Yong Zhang, and Fangliang He. Ecology, Vol. 90, No. 1, pp. 3138, 2009.
- [4] Oura, T. and Tokita K. Journal of Physics: Conference Series, CCP2012.

¹oura@cp.cmc.osaka-u.ac.jp

生態系の複雑性と安定性

Ecosystem complexity and stability

舞木昭彦 ^{a1}

Akihiko Mougi ^{a1}

^a島根大・生物資源

^aShimane University

生態系は、多種の生物からなる群集とその環境により形成される。群集は複雑な相互作用ネットワークとして描かれるが、それは生物群集がひとつの環境だけに属しているとみなすことと同じである。しかし、あきらかに群集は複数の異質な環境にまたがり存在し、複数の局所群集のネットワークとして見ることができる。生物種間の相互作用の強さひとつとっても生息環境の違いによってその大きさは異なるだろうし、個体群サイズも環境ごとに異なるだろう。こうした生態系における空間の複雑性は、生物群集の維持にどのような効果を持っているだろうか。本研究では食物網(捕食-被食の関係だけからなる群集)を用いて、空間の複雑性と生物群集の安定性の関係を明らかにする。従来、群集ネットワークの現実的構造(相互作用強度やトポロジーなど)が群集の安定性の鍵であると議論されてきたが、本研究では、それらに頼らずとも、空間の複雑性を考慮するだけで、群集が維持されやすくなること、さらに群集ネットワークの複雑性(種数と相互作用ペアの数)が安定性を促進することを示す。

¹ amougi@gmail.com

分割可能な被食者に関する捕食-被食ダイナミクス： 分割可能性と安定性

Dynamics of predator and modular prey: Effects of module consumption on stability of prey-predator system

山内 淳^{a1}, 難波 利幸^b

Atsushi Yamauchi^{a1}, Toshiyuki Namba^b

^a京大・生態研センター, ^b大阪府立大・理

^aKyoto University, ^bOsaka Prefecture University

被食者-捕食者個体群モデルの多くは、捕食された被食者が集団中から即座に排除されることを前提としている。しかしながら、植物-植食性昆虫や寄生者-宿主の多くの系では、被食者は捕食によって即座に死亡するわけではない。またそうした被食後の生存が、複数の捕食者からの同時的な食害を可能にする場合も少なくない。そこで、こうした被食者の「被食後の生存」および「被食における分割可能性」を考慮して、個体群動態モデルを構築しその挙動を解析した。「被食後の生存」については、被食・捕食は被食者および捕食者の個体数やバイオマスに直接的な影響を即座には与えず、そのかわり世代の終わりの繁殖における繁殖能力に影響するという仮定として組み込んだ。また、「被食における分割可能性」は一個体の被食者を同時に捕食しうる捕食者の最大個体数として定義し、その各捕食者が利用する摂食の単位を「摂食モジュール」と名付けた。

モデルでは、世代内時間のダイナミクスと世代間時間のダイナミクスの2つの異なる時間スケールを考慮した。世代内では、捕食者と摂食モジュールとの結合・分離過程の平衡状態として摂食モジュールあたりの食害率が求められる。その食害率から決まる被食者と捕食者の繁殖能力に基づいて、世代間の個体数変動に関する微分方程式を定式化した。その個体群動態モデルに見られる「機能の反応」は、ある極限では Holling Type II 型に、また別な極限では捕食者間の干渉型競争を取り入れた Beddington-DeAngelis 型の反応に近似できる。実際、このシステムの挙動は、それらの機能の反応に基づく Rosenzweig-MacArthur モデルと Beddington-DeAngelis モデルの中間的な性質を持つことが示された。

このモデルの解析から、被食者の「被食後の生存」は共存平衡状態を安定化させる傾向があること、他方「被食における分割可能性」は捕食者の干渉型競争を弱めることで不安定化させることなどが明らかになった。(Oikos, 2013)

¹ a-yama@ecology.kyoto-u.ac.jp

高生産環境でのギルド内捕食の普遍性の謎を解く

Resolving the Enigma of the Prevalence of Intraguild

Predation in Productive Environments

難波利幸¹

Toshiyuki Namba¹

大阪府大・理

Osaka Prefecture University

Intraguild predation (IGP) is defined as the consumption of prey (IGPrey) by predators (IGPredator) that also utilize the resources shared with the prey. Since the IGPrey is preyed upon by the IGPredator, a necessary condition for coexistence of the IGPrey and IGPredator is that the IGPrey is more efficient in resource use than the IGPredator.

By a three-species Lotka-Volterra model and a nonlinear model of exploitative competition modified to incorporate IGP, Holt and Polis (1997) predicted exclusion of the IGPrey at high productivity of basal resources. However, empirical results have contradicted this prediction (Holt and Polis 1997, Amarasekare 2007). Thus, the prevalence of IGP in productive environments has long been puzzling ecologists.

Adaptive foraging by the IGPredator is one of the probable hypotheses to explain the coexistence of the IGPrey and IGPredator in productive environments. Here, although I assume not adaptive but fixed foraging, I study effects of the profitability of diets on the dynamics of IGP. I will show that exclusion of the IGPrey can never occur even in highly productive environments if the basal resources are not sufficiently profitable for the IGPredator to support the population, and that even the extinction of the IGPredator may happen if the IGPrey is also not sufficiently profitable for the IGPredator.

¹tnamba@b.s.osakafu-u.ac.jp

侵入生物の分布拡大における走性の効果

Effect of taxis on range expansion of invasion species

川崎廣吉^{a1}, 重定南奈子^b

Kohkichi Kawasaki^{a1}, Nanako Shigesada^b

^a同志社大・文情, ^bJST

^aDoshisha University, ^bJST

多くの生物ではよりよい環境へ集まろうとする走性があり, 周期的環境下での走性が侵入生物の分布拡大に与える影響は既に報告してきたが, 本研究では走性がどのような要因に基づいて生じているかを考察し, それに基づく反応移流拡散方程式を定式化し, 走性の異なるタイプでどのような違いがあるかを報告する. 走性は環境の変化に反応して移動する現象で生物個体が環境をどのように認識するかに依存してその大きさが変わるであろう. 本研究では, 局所的な環境変化に依存する short range taxis と遠くの範囲までを探索して動く方向を定める long range taxis を考察する.

多くの研究では short range taxis は環境ポテンシャルの勾配に比例するものとして導入され, その例として例えば内的自然増殖率 $r(x)$ が考えられている. すなわち, 反応移流拡散方程式の移流速度を $u(x)$ とすると, $u(x) = \alpha dr/dx$ で与えられる. 解析的取り扱いを容易にするために $r(x)$ がステップ関数で与えると, $u(x)$ は境界で Dirac の δ 関数となるが, 解は境界で跳躍する形で与えられることが知られており (Ovaskainen & Cornel, 2003), 分布域拡大速度が Maciel & Lutscher (2013) によって与えられた.

一方, long range taxis については本研究で初めて取り扱う. ここで, long range taxis を以下のような移流速度として与える. すなわち, ある範囲 h の環境評価 (例えば増殖率 $r(x)$) を積分し, 値の大きい方向に一定速度で各個体が移動するとして移流速度を与える. このような long range taxis が空間周期的変動環境下において分布域拡大速度にどのような影響を与えるかについて, 報告する.

¹ kkawasak@mail.doshisha.ac.jp

周期的環境下における個体群圧力の効果

Effects of population pressure

in periodic fragmented environment

飯沼万美子^{a1}, 重定南奈子^b, 川崎廣吉^a

Mamiko Iinuma^{a1}, Nanako Shigesada^b, Kohkichi Kawasaki^a

^a同志社大・文化情報, ^bJST

^aDoshisha University, ^bJST

一般的に生物は、「侵入」と「伝播」を繰り返し、さまざまな方法で移動・分散しながら分布域を拡げていく。「侵入」とは、それまで生物が生息していなかった地域で繁殖するようになること、「伝播」は、その分布域が拡がっていくことをさす。侵入生物の分布拡大について、1936年のFisherのモデルを元に様々な応用的研究が行われてきた。今回の研究では、生物にとって好適環境と不適環境が交互に周期的に存在する周期的変動環境において、これまでの移流拡散モデルにさらに「個体群圧力」を組み入れたモデルを構築し、シミュレーションを行った。

個体群圧力を組み入れた場合の生物の分布域拡大の速度への影響を調べた。前回の発表では、移流と個体群圧力の相乗効果によって分布域拡大の速度が速くなることを示したが、今回は、さらに環境周期の大きさを変化させた場合、好適環境と不適環境の比率を変化させた場合、不適環境における増殖率を変化させた場合に、分布域拡大の速度にどのように影響するのかについて調べた結果を報告する。

¹ dim0001@mail4.doshisha.ac.jp

強光阻害下における植物プランクトン群集ダイナミクス

Dynamics of Phytoplankton Communities Under

Photoinhibition

吉山浩平

Kohei Yoshiyama

岐阜大・流域研

Gifu University

光は光合成に必須の資源であり、陸上・水域生態系を駆動するエネルギー源である。しかし、光の過剰なエネルギーは光合成システムにダメージを与え、光合成生産を低下させる（強光阻害）。光を巡る植物間の競争は、植物群集構造を決定する重要なメカニズムであり、これまで数多くの理論研究がなされてきた。しかし、従来の光競争理論は、光とともに光合成が単調に増加する場合を仮定して構築されており、光競争モデルで強光阻害が考慮されたのはごく最近である（Gerla ほか Oikos 2011）。本研究では、Gerla ほかにより提案されたモデルおよびその鉛直一次元空間へ拡張されたモデルの大域的挙動を解析し、アリー効果（Allee effect）や競争的支援効果（Competitive facilitation）といった、強光阻害が群集動態にもたらす興味深い現象を明らかにする。加えて、実験的に得られた植物プランクトン形質データを用いて、理論結果が実際に起こりうるかを検討する。

kyoshi@gifu-u.ac.jp

成長する植物葉組織での葉脈形成

Canalization-based vein formation in a growing leaf tissue

李尚雨^{a, b1}, 森下喜弘^b

Lee Sangwoo^{a, b1}, Morishita Yoshihiro^b

^a九大数理生物, ^bRIKEN CDB

^aKyushu University, ^bRIKEN CDB

Abstract

植物の葉脈形成は、葉の組織の中を植物ホルモンであるオーキシンが流れるパターンによって形成されると考えられている。葉の各細胞には、オーキシンを細胞外へとくみだす輸送タンパクが存在し、オーキシンの流れが強いところにその輸送タンパクがより局在するという Positive feedback によってオーキシンの流路が決定するという考えである。これは Canalization モデルと呼ばれ、これまで理論的研究がなされてきた [Feugier et al. (2005)]。Canalization モデルに関するほとんどの研究では、空間的に固定された場でのオーキシンのフローパターンが調べられてきた。そこで本研究では、まず Canalization モデルが成長する組織においてパターン形成メカニズムとして機能するかどうかという観点から研究をスタートした。Vertex dynamics model で記述される組織成長の力学モデルと化学ダイナミクスである Canalization モデルをカップルさせたモデルを構築して解析したところ、正常な葉脈パターンは形成されないことがわかった。本発表では、シミュレーション研究を通じて明らかとなった、成長場で正常なパターン形成を実現するために必要な力学的・化学的な条件を示すと共に、それらの条件を検証するために必要となる実験についても議論する。

参考文献

- [1] Feugier, F.G., Mochizuki, A., Iwasa, Y., 2005. Self-organizing formation of vascular system of plant leaves: Inter-dependent dynamics of auxin flux and carrier proteins. *J. Theor. Biol.* 236, 366-375.

¹ ledman@bio-math10.biology.kyushu-u.ac.jp

圧流説をベースとしたイネのショ糖輸送と顆粒成長のモデリング**Modeling sucrose transport and grain growth under complex phloem networks in rice based on the pressure-flow hypothesis**

関 元秀^{a1}, フジエ・フランソワ^a, 池田真由子^b, 北野英己^b, 佐竹暁子^a
Motohide Seki^{a1}, François Gabriel Feugier^a, Mayuko Ikeda^b, Hidemi Kitano^b,
Akiko Satake^a

^a北大・地球環境, ^b名大・生物機能開発利用研究センター
^aHokkaido University, ^bNagoya University

イネの顆粒数や茎上顆粒配置構造を制御する遺伝子情報をもとに、高収量の品種を作出するための育種研究が、近年盛んに行われている。しかし光合成能はそのままで顆粒数だけが増加すると個々の顆粒の充填度が減少するため、顆粒数を過度に増やしたイネ個体の収量はかえって低くなってしまふことが知られている。ここで、任意の顆粒数と顆粒配置のセットを与えたときの各顆粒充填度を数理モデル上で予測できれば、個体収量を最大化する顆粒数・配置セットの推定も可能となる。育種研究へ新たな数理的手法を提供することを目的に、我々はイネのショ糖輸送と顆粒成長を捉えた篩部栄養輸送モデルを開発した。

篩部栄養輸送については「篩管内のショ糖濃度が高い部位には道管から純水が浸透流入し、低い部位からは道管へ純水が浸透流出するため、高濃度部位から低濃度部位へと向かう篩管液の流れが生じる」という圧流説が支配的である。本研究ではこの説を採用した上で、ショ糖濃度が高い葉部（ソース）と低い各顆粒（シンク）が篩管で連結された複合ネットワークを1ソース複シンクの有向グラフと見なし、離散空間常微分方程式系を記述した。顆粒配置は現実のコシヒカリサンプルのものを、エッジ長は同サンプルで計測した茎長を用いた。

個体収量最大化計算の際にはさらに、現実に見られる頂芽優勢の効果を組み込んだ。具体的には、顆粒成長に正の影響を与える2要因「顆粒のショ糖吸収性能」「篩管の直径」が、頂芽（主幹）とそれ以外（側幹）とでは異なると仮定した。結果、主幹先端にある顆粒のショ糖吸収性能を他より高くした時は他の顆粒の成長は常に阻害されたのに対して、主幹直径を側幹より大きくした時は他顆粒の一部で成長が促進されることがあった。この点を、イネの自然選択下または人為淘汰下での適応進化と結びつけて論じる。

¹seki@ees.hokudai.ac.jp

**シロイヌナズナのホウ素輸送体の根における空間的配置と
時間的制御の意義についての数理モデルを用いた考察
Consideration of the importance of the spatial distribution
and the temporal regulation of boron transporters in
Arabidopsis roots through mathematical modeling**

藤原 徹^{a1}、下遠野明恵^a、佐藤貴文^a、Stan Maree^b、Veronica
Grieneisen^b

Toru Fujiwara^{a1}、Akie Shimotono^a、Takafumi Sato^a、Stan Maree^b、
Veronica Grieneisen^b

^a東大・農, ^bジョンインネスセンター

^aUniversity of Tokyo, ^bJohn Innes Centre

植物は土壌から栄養を吸収して生育している。植物の根による栄養輸送は、多細胞組織を横切る輸送であり、それぞれの細胞に存在するトランスポーターの配置によって影響を受けると考えられる。また、栄養は生育に不可欠であると共に、栄養によっては多量に存在しすぎると、生育を阻害してしまう。そのために、植物は植物体内や細胞内の栄養環境を、土壌の栄養条件が変化してもある程度一定に保つしくみを備えていると考えられ、トランスポーターの制御が重要な役割を果たすことが明らかになって来ている。私たちは植物の必須元素であるホウ素の輸送体についての、いわゆる wet 研究を進めて来ており、これまでに大別して2つの異なるタイプのトランスポーターがホウ素の輸送重要な役割を果たしていること、これらのトランスポーターは、根の細胞で特徴的な極性をもった配置がされていること、異なるしくみでホウ素栄養環境に応じて mRNA の蓄積やタンパク質の蓄積が制御されていることを明らかにしてきている。本研究では、これらのトランスポーターの空間的配置がシロイヌナズナの根の先端にホウ素を蓄積させることの数理モデルを用いた推定と実験的検証と意義の考察、トランスポーターの時間的に“速い”制御が栄養を定常的に輸送するために重要であることの数理モデルを用いた考察、の2つの話題について紹介する予定である。

¹ atorufu@mail.ecc.u-tokyo.ac.jp

染色体動態モデルを用いた細胞周期に依存した放射線感受性の説明**On the explanation of radiation sensitivity using dynamical
model of chromosome**大内則幸[†]

Noriyuki B. Ouchi

原子力機構

JAEA

放射線の生物影響として細胞死を考えた時、放射線が照射された時の細胞周期のステージにより、示現される影響が大きく異なる事が知られている (Terasima&Tolmach, 1963)。これは細胞の放射線感受性の周期的細胞周期依存性として広く知られている。原因としては、細胞周期に依存した細胞内の代謝系の違いや、それに伴う DNA 損傷の修復システム能の差によると考えられているが、その発生メカニズムに関しては未解明である。ここで見られる放射線感受性の違いは、細胞周期以外にも放射線の種類や細胞種、生物種の違いでも認められ、非常に普遍性の高い現象である。また、標的理論で説明しようとした場合、細胞周期によって標的数が変化するなど、現実的でない仮定が必要であり、満足な数理モデルも存在しない。

今回、このような細胞周期に依存した放射線感受性を説明する一つの仮説として、細胞周期に依存してその構造を変化させる染色体の動態を元にした動力学モデルを提案したので発表する。DNA は高度に凝縮することによって、細胞周期の中でそのサイズを 10000 倍程度も変化させている (クロマチン繊維からでも数千程度) が、そのような構造変化に伴う染色体の動態変化が DNA 損傷の修復に及ぼす影響を考えた。結果、細胞周期依存性の放射線感受性の実験データとよく合う結果が得られた。また、間期染色体 (クロマチン繊維) の動態に関して、染色体上の 2 点間の塩基対数に対するユークリッド距離に関するデータを実験データと比較した結果に関する報告する予定である。

[†] ouchi.noriyuki@jaea.go.jp

iPS 細胞初期化機構の数学モデル

A mathematical model of the reprogramming mechanism in iPS cells

西 和久

Kazuhisa Nishi

元豊橋技術科学大学

Toyohashi University of Technology

iPS 細胞の発見が、生命科学及び再生医療の分野に衝撃をもたらして以来多くの興味深い研究がなされてきた。しかし、成体細胞から iPS 細胞へ転換する初期化の機構については依然謎に包まれている。初期化が成就するには数個の導入転写因子が細胞内で発現する量、バランス、継続性、及び同じ内在性遺伝子の転写因子の活性化による導入遺伝子のサイレンシングなどに依存することは良く知られている。そのため、初期化の機構を明らかにするには、転写の遺伝子ネットワークのダイナミクスを定量的に解析することが求められる。本発表では、iPS 細胞の初期化機構についての数学モデルを提案する。このモデルは、2つの基本仮定に基づいている。^{1,2} 1つは遺伝子ネットワークが基本制御系とエピジェネティック制御系で構成されていること、もう1つは、初期化が確率的脱エピジェネティック過程で進行することである。基本制御系は、Oct3/4、Sox2などの転写因子に関連した遺伝子ネットワークで、エピジェネティック制御系は分化と多能性に関連しており、基本制御系に支配されている。初期化過程は、成体細胞の脱エピジェネティック領域が細胞分裂毎に確率的に増加し、かつ多能性の発現と分化の抑制についての確率と相乗的に作用して成立する。この脱エピジェネティックモデルの背景には成体細胞のエピジェネティック修復機構が、基本ネットワークの発現因子により確率的に阻害されるという仮定がある。本数学モデルによるシミュレーションの結果は、エピジェネティック修復機能を阻害する因子が見い出されれば、iPS 生成効率が劇的に向上することを示唆している。

1 理研 CDB シンポジウム 2012 発表

2 Cira 国際シンポジウム 2013 発表

化学反応ネットワークの奇妙な振る舞い

—反応速度応答性を関数非依存に決定する—

Determining sensitivity of chemical reaction systems

by a new function-free method

望月 敦史^{a1}, Bernold Fiedler^b

Atsushi Mochizuki^{a1}, Bernold Fiedler^b

^a理研・望月理論生物, ^bFree University Berlin

^aTheor Biol Lab RIKEN, ^bFree University Berlin

生体内の化学反応は連鎖的につながり、ネットワークを形成することが知られている。特に中心代謝系は多くの化学変化を含み、これらをまとめた複雑な反応ネットワークがデータベース上に見られる。このシステム全体のダイナミクスを理解する目的で、個々の反応を司る酵素に操作的攪乱を与え、化学物質の濃度変化を測定する実験がなされ始めている。しかしそうした摂動実験の結果は、直感的理解が困難だと考えられてきた。これに対して我々は、化学反応ネットワークの構造だけから、摂動に対するシステムの応答を予測する新しい数理理論を構築した。従来の Flux balance analysis の考え方に加えて、(i) 合成の流量 (Flux) は反応物や制御因子の関数である、(ii) 平衡解そのものではなく摂動に対する解の変化に注目する、という二つのアイデアを取り入れた。これにより実験的定量の難しい関数形に依存せず、反応 rate (酵素量) の摂動に対する化学物質の濃度変化を決定できる。様々な仮想的ネットワークに対して解析を行った結果、化学反応系の応答はネットワークの形と摂動を与える箇所に依存して大きく変化し、特徴的な振る舞いを示すと分かった。例えば、(1) 枝分かれしない反応経路では摂動を受けた反応の反応物しか変化しない。(2) 反応経路が分岐する箇所に摂動を与えた時だけ複数の化学物質が変化しうる。(3) 複数の分岐経路の応答は一般に非対称でありネットワーク全体の構造から決定される。さらに中心代謝系のネットワークの摂動応答を予測した。我々の理論により、過去の実験結果の一部は理解できるが、一部はできない。中心代謝系のネットワークには、未知の反応や制御が存在する可能性が高い。実験と我々の理論を組み合わせることで、これら未知の反応を予測できると期待している。

¹ mochi@riken.jp

効率的な原形質流動を生み出す粘菌ネットワークモデル

Mathematical model for efficient protoplasmic flow in Physarum network

伊藤賢太郎¹, 畑中直樹, 小林亮

Kentaro Ito¹, Naoki Hatanaka, Ryo Kobayashi

広大・理

Graduate school of science, Hiroshima University

真正粘菌変形体はシート状と管状の構造, そしてその内部の原形質といったものから構成されており, 内部のアクチンミオシンの振動収縮により厚みが振動し, 管内の原形質が往復流動を起こすことが知られている. また, 粘菌はその管で餌同士を繋ぐネットワークを形成する性質があり, そのネットワークは輸送効率, 断線保障性といったトレードオフの関係にある複数の指標を程よく満たすという多目的最適化を行っていることがわかっている[1].

本研究では, 与えられたネットワーク上での効率的な往復流動とはどのようなものか, またそれを実現するためにはどのようなモデルが考えられるか, という問題を扱う. 全ての場所の厚みが振動しなくてはならないという制約のもとで, どのような位相差で各部分の厚みが振動すれば効率良く原形質流動を行うことができるのか, という問題は, それ自体が興味深い問題であるといえる. 我々は粘菌の厚み振動と位相修正を考慮にいたした原形質流動モデルを用いて, このモデルがどこまで効率的な原形質流動を生み出すことができるかを数値的に検証した. 本講演では, 様々なネットワーク上で本モデルが作り出す振動パターンとその原形質量流動の効率性について紹介する.

[1] A. Tero, S. Takagi, T. Saigusa, K. Ito, D. P. Bebbler, M. D. Fricker, K. Yumiki, R. Kobayashi and T. Nakagaki, *Science*, Vol. 327, pp. 439 – 442 (2010).

¹ kentaro@hiroshima-u.ac.jp

連続的なキラル反転と加水分解からなる

サリドマイド複雑代謝の数理モデル

Mathematical model of complex thalidomide metabolism

involving continuous chiral inversion and hydrolysis

荻野禎之^{a1}, 朝日透^{a, b}

Yoshiyuki Ogino^{a1}, Toru Asahi^{a, b}

^a 早大院・先進理工, ^b 早大・先端科学健康医療融合研究機構

^aGraduate School of Advanced Science and Engineering, Waseda University

^bASMeW, Waseda University

右手と左手のように、ある 3 次元の物質がその鏡像と互いに重なり合わさらない性質をキラリティ (対掌性) という。キラリティは物理学, 化学, 生物学に広く関連しているが, 特に医薬品におけるキラリティを制御し, 有効な薬理活性を体内の位置・時間特異的に発現させることは, 医薬品開発において極めて重要である。

サリドマイドは, 約半世紀前に催奇形性が疑われたため使用が禁止されていたが, 最近になって免疫抑制作用などを示すことが明らかとなり, 様々な難病の治療薬として期待されている[1]。動物実験により, サリドマイドの催奇形性はキラリティの違いによって引き起こされると過去に報告されていた[2]。しかし, サリドマイドは体内で容易にキラル反転・ラセミ化することが明らかとなり, さらに加水分解を受け多数のキラルな代謝産物が連続的に生成・分解している[3]。サリドマイドの真の薬理作用メカニズムに迫るためには, 系の中で生成・分解するサリドマイドのキラルな代謝産物の分布と時間発展を解析することが重要である。我々は, ダイナミカルなキラル反転を伴うキラル薬物の複雑な代謝経路を定量化するため, 反応拡散系による数理モデルを構築した。速度定数パラメータには, すでに実験で得られているもの, および我々が量子化学計算により推定したものをを用いた。数値計算の結果, キラル反転の速度定数だけでなく, 加水分解作用による生成および分解の速度定数の組合せも残存するエナンチオ過剰率の動態に大きく影響することが示された。

【参考文献】

1. S. Makonkawkeyoon *et al.*, *Proc. Natl. Acad. Sci.* **90**, 5974-5978 (1993).
2. G. Blaschke *et al.*, *Arzneim. Forsch.* **29**, 1640-1642 (1979).
3. M. Reist *et al.*, *Chem. Res. Toxicol.* **11**, 1521-1528 (1998).

¹ s072821530@asagi.waseda.jp

幹細胞の成熟過程を記述する微分方程式モデル

Differential equation models describing maturation process of stem cell

中田行彦

Yukihiko Nakata

Bolyai Institute, University of Szeged

血液をはじめとして様々な生体組織において、分化細胞を生じさせる成体幹細胞 (adult stem cell) が見つけられている。成体幹細胞はその自己再生能力と分化能力によって特徴付けられ、恒常状態では、自己再生能力によって幹細胞の枯渇を防ぐと共に、組織修復時には分化細胞を供給する。本研究では、微分方程式モデルの数理解析を通して、細胞生成系における幹細胞の成熟過程や恒常状態を維持するための制御機構の役割を議論する。また、状態依存型遅延微分方程式によって記述される、細胞の成熟度によって構造化された個体群モデルも紹介する。Tomas Alarcon (CRM), Philipp Getto (TU Dresden), Anna Marciniak-Czochra (University of Heidelberg), Maria del Mar Vivanco (CIC bioGUNE) との共同研究による。

nakata@math.u-szeged.hu

ガン血管新生に関する数理モデル

A mathematical model for tumour angiogenesis

*道工 勇^{a1}, 三澤美香子^b

*Isamu Doku^a, Mikako Misawa^b

^a 埼玉大・教育, ^b 埼玉大院・教育

^aSaitama University, ^bSaitama University・Graduate School

本研究は確率微分方程式という数学的道具に基づいてガンの血管新生に関する数理モデルを提案し, 確率モデル論の生命科学への応用を目指す, 数理生物学的手法に基づく理論研究である. 提案した数理モデルの長時間漸近挙動について調べ, 確率生物系としての平均原理を導出し, 併せてモデルのゆらぎ解析も行った. 数理的にはガンの血管新生の先端部位のダイナミックスを記述する確率過程の極限定理という意味合いがある. 近年, ガン細胞に対する免疫応答に関する確率モデルを提案し解析した[1],[2]. 本研究ではガンの血管新生における脈管運動方程式を連立確率微分方程式として与える[3]. その係数はTAF (血管形成誘導因子) の集中度や細胞接着タンパク質関数を用いて記述される. またフィブロネクチン場バイアスと細胞拡張方向性に対する走触性勾配度寄与を考慮に入れてドリフト項が決定される. この確率系に対して平均原理が成立し[4], 特別な係数条件の下では揺らぎ量の極限過程のみたすべき確率方程式が導出される.

参考文献

- [1] 道工勇, 免疫作用に関連する数理モデルについて, 日本応用数理学会 2010 年度年会講演予稿集, OS 数理医学, C7-3, pp.227-228, 2010.
- [2] 道工勇, ガン細胞に対する免疫応答の数理モデル, 第 20 回日本数理生物学会大会要旨集, [病気 I]O-8, p.66, 2010.
- [3] 道工勇, ガンの血管新生に関する数理細胞生物学的一考察, 埼玉大学紀要, 60 (2011), 205-217.
- [4] 三澤美香子, ガン血管新生の数理モデルに関する平均原理, 埼玉大学大学院教育学研究科・修士論文, 2013 年 3 月.

¹ idoku@mail.saitama-u.ac.jp

がん検診の有効性評価のための数理モデル Mathematical models of cancer mass-screening for the evaluation of its effectiveness

○梯 正之、恒松美輪子

○Masayuki Kakehashi, Miwako Tsunematsu

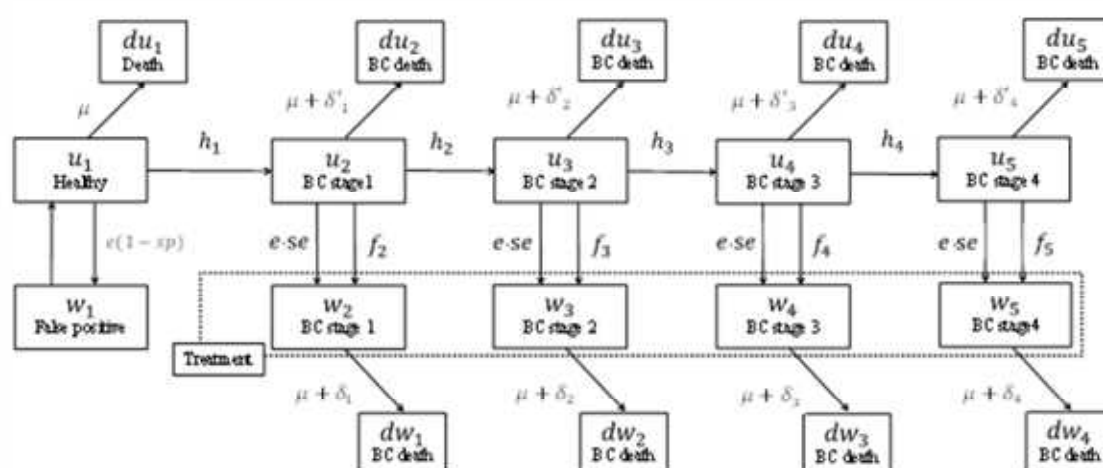
広島大・院・医歯薬保健学研究院

Biomedical and Health Sciences, Hiroshima University

がん検診は、日本でも広く実施され、がんの二次予防に役立っていると考えられるが、一方で、がん検診の不利益に注目しそのトータルな効果に疑問を呈する意見もあり、そのため受診を見合わせる人もいると思われる。本研究は、がん検診の便益と不利益を整理し、そのトータルな効果を分析するための数理モデルを提案し、この問題を巡る対立に決着をつけることを目指すものである。

モデルの構造は下図のような状態遷移に基づき、年齢別の人口動態モデルとして構築した。上段 (u_2-u_5) はがんの進行度別の未発見のがん患者、下段 (w_2-w_5) は進行度別の発見後の治療中の患者を表す。検診による発見は検診の受診率 (e) × 感度 (se)、医療機関の受診等による発見は f で表されている。 sp は特異度で $1-sp$ は偽陽性の割合を表す。がんによる進行度別の死亡率は臨床データより、一般の死亡率は人口統計より推計し、がんの進行度別の分布から遷移確率を推測する。

乳がんを例に取り、このモデルによる有効性の評価についての結果を示す。



kakehashi@hiroshima-u.ac.jp

Epidemic dynamics of a vector-borne disease on a rural-urban star network with commuters

Emmanuel A. Mpolya^{a1}, Kenta Yashima^a, Hisashi Ohtsuki^a, Akira Sasaki^a

^aSOKENDAI (Hayama), Japan

We develop a star-network model of connections between a central urban area and equally sized peripheral rural areas (or villages) and incorporate an epidemic model to analyze the dynamics of a vector-borne disease as influenced by daily commuters and the number of villages. Assuming a density dependent mixing we obtain an analytical solution for the global basic reproductive ratio R_0 and investigate its dependence on population and network parameters. We find that in a star-network topology the central hub, while important, may not always be the best place to focus intervention strategies. Through analysis of critical values for intervention effectiveness understanding of explicit roles of commuters and surrounding villages is achieved. More infections in peripheral villages and more commuters to the urban make urban the best focus for control. Commuting to the central urban reduces the disease burden when the bulk of infections are in the peripheral villages and this effect increases when there is more heterogeneity in human and vector population sizes in the peripheral villages. We further compare these results with frequency-dependent mixing. Insights from this study could be informative in design of comprehensive rural-and-urban vector diseases control strategies.

¹emmanuel_abraham@soken.ac.jp

ウイルス感染実験系における保存量の存在 Existence of conserved quantity in virus infection experiments

柿添 友輔¹ 岩見 真吾²

Yusuke Kakizoe¹, Shingo Iwami²

九州大学理学研究院生物科学部門^{1,2}

Faculty of Science, Kyushu University^{1,2}

ウイルス動態を記述する以下のモデル（以下、基本モデルと呼ぶ）は多くのウイルス感染を説明してきた。

$$\begin{aligned}\frac{dT(t)}{dt} &= -\beta T(t)V(t), \\ \frac{dI(t)}{dt} &= \beta T(t)V(t) - \delta I(t), \\ \frac{dV(t)}{dt} &= pI(t) - cV(t).\end{aligned}$$

基本モデルの変数である $T(t), I(t), V(t)$ はそれぞれ、標的細胞数、感染細胞数、ウイルス粒子数を表している。また、標的細胞はウイルス粒子に遭遇する事で β という割合で感染し感染細胞となるが、これらの細胞は δ という割合で死亡する。さらに、ウイルス粒子は p という割合で感染細胞から放出された後、培養液の交換によって c という割合で除去されると仮定している。

ここで、興味深い事に $T_c = \delta c / p\beta$ 、 $S(t) = \log T(t)$ とすれば、基本モデルは以下の関係式を持つ。

$$\frac{dT(t)}{dt} + \frac{dI(t)}{dt} + \frac{\delta}{p} \frac{dV(t)}{dt} - T_c \frac{dS(t)}{dt} = 0$$

全ての時間 t に関してこの関係式が成立している事より、基本モデルが保存量を持つ事がわかる。本講演ではこの関係式を計算していく事で保存量を導き出し、その生物学的な意味を説明する。また、ウイルス感染実験から得られたデータを用いる事で、実際に保存量が存在する事を示唆していく。

¹yusuke.puple5@gmail.com

感染初期におけるウイルスダイナミクスの定量解析

Quantification of virus infection dynamics during acute phase

池田裕宜¹, 岩見真吾²

Hiroki Ikeda¹, Shingo Iwami²

九州大学大学院システム生命科学府¹, 九州大学理学研究院生物科学部門²

Graduate school of systems life sciences¹,

Department of Biology², Kyushu University

ウイルス感染のダイナミクスを記述する最も基本的なモデル ($T' = \lambda - dT - \beta TV$, $I' = \beta TV - \delta I$, $V' = pI - cV$) は、非常にシンプルかつ的確にそれらをとらえている。しかし、動物実験などでは感染初期のデータを十分に得ることは難しく、データから多くのパラメータを推定するのは困難であった。以前は、標的細胞数を定数と仮定し、ウイルス増殖の内的自然増加率を計算することでウイルス感染の程度を推定していたが、その方法では、データの情報を十分に引き出すことができていない。そこで、ウイルス感染初期のダイナミクスを解析するために、基本モデルを改良した。我々はウイルス感染直後の標的細胞の減少が指数関数的であることに注目し標的細胞のダイナミクスを近似し、モデルのパラメータを少なくするという方法をとった。その改良モデルを用いて、野生型 HIV-1 と *vpu* 欠損型 (変異型) HIV-1 の感染動態からパラメータを推定した。解析に用いた実験データは、ヒト化マウスに HIV-1 を感染させて得られた標的細胞数とウイルス粒子数の時系列データである。改良したモデルでは、この二つの時系列データ両方からパラメータを推定することができ、より詳細なダイナミクスをとらえることが可能になった。より詳細な情報が得られるモデルを導出することができたので、そのモデルを用いて野生型 HIV-1 と変異型 HIV-1 の生体内でのダイナミクスを定量的に解析し、その変異がもたらす微差を比較することができるようになった。

¹ hiro_shun_sparklings@yahoo.co.jp

ウイルス学におけるリアプノフ関数の構成:

単純なモデルから複雑なモデルへ

Construction of Lyapunov functions for models of virology:

From simple models to complex models

梶原 毅^{a1}, 佐々木 徹^{a2}, 竹内 康博^b,

Tsuyoshi Kajiwara^{a1}, Toru Sasaki^{a2}, Yasuhiro Takeuchi^b,

^a岡山大・環, ^b青山学院大・理工

^aOkayama University, ^bAoyama Gakuin University

ウイルス学に現れる常微分方程式モデルにおいて、病気が存続するか、あるいは病態が振動するか一定の状態にとどまるかなど、安定性の解析は重要な問題である。局所安定性に加えて、大域安定性がわかるとモデルに対する理解が一層深まる。

微分方程式モデルの大域安定性は、多くの場合 Lyapunov 関数を構成することによって行われるが、Lyapunov 関数の一般的な構成法は知られていない。Lyapunov 関数の系統的な構成法については、近年多くの研究がある。本発表においては、ウイルス学に現れる常微分方程式モデルにおける Lyapunov 関数の系統的な構成法を提案する。免疫変数を考えないモデルから免疫変数を考えたモデルに、また吸収効果を考えないモデルから吸収効果を考えたモデルに、また単一株のモデルから複数株のモデルになど、単純なモデルに Lyapunov 関数が構成されているときに、その情報を用いてより複雑なモデルに Lyapunov 関数を構成する。

すでに得られている構成に簡単な見通しを与えるとともに、新たな構成についても報告する。

- [1] T. Kajiwara, T. Sasaki and Y. Takeuchi, Construction of Lyapunov functionals for delay differential equations in virology and epidemiology, *Nonlinear Analysis RWA*, 13(2012), 1802-1826.
- [2] T. Kajiwara, T. Sasaki and Y. Takeuchi, Construction of Lyapunov function of the model for infectious disease in vivo: from simple models to complex models, in preparation

¹ kajiwara@okayama-u.ac.jp

遅れのある複数グループ感染症モデルの大域安定性

Global stability of a delay multi-group epidemic model

* 佐々木徹^{a*}, 梶原毅^a

*T. Sasaki^a, T. Kajiwara^a

^a 岡山大院・環境生命科学

Okayama University

本講演では, グループ構造を持つ SEIR 感染症モデルで, 時間遅れを持つものに対して, 内部平衡点の大域漸近安定性について述べる. ここでは一般形のインシデンス関数 ([1]) を持つものを考えている. グループ構造を持つ, 時間遅れの無い SEIR モデルの内部平衡点の大域漸近安定性は, [2] で扱われているが, そこで得られている Lyapunov 関数に, [3] の方法を用いると, 時間遅れのあるモデルの Lyapunov 汎関数を得る事が出来る. ただし, このモデルは現象の解釈としては問題があるモデルである. しかし, このモデルに [4] で述べられているアイデアを適用する事により, 目的のモデルの内部平衡点の大域漸近安定性を示す事が出来る.

参考文献

- [1] Andrei Korobeinikov, *Global properties of infectious disease model with nonlinear incidence*, Bull. Math. Biol. **69** (2007), 1871–1886.
- [2] Michael Y. Li and Zhisheng Shuai, *Global-stability problem for coupled systems of differential equations on network*, J. Differential Equations **248** (2010), 1–20.
- [3] Tsuyoshi Kajiwara, Toru Sasaki, and Yasuhiro Takeuchi, *Construction of Lyapunov functionals for delay differential equations in virology and epidemiology*, Nonlinear Anal. RWA **13** (2012), 1802–1826.
- [4] Gang Huang and Yasuhiro Takeuchi, *Global analysis on delay epidemiological dynamic models with nonlinear incidence*, J. Math. Biol. **63** (2011), 125–139.

*sasaki@ems.okayama-u.ac.jp

遅れを持つ n -strain モデルのリアプノフ汎関数

Lyapunov functionals for n -strain model with delay

應谷 洋二^{a1}, 梶原 毅^b, 佐々木 徹^c

Yoji Otani^{a1}, Tsuyoshi Kajiwara^b, Toru Sasaki^c

^{abc}岡山大・環

^{abc}Okayama University

平衡点の安定性を判定する十分条件を与えるリアプノフ汎関数は、非常に有用であるが、一般的な構成方法は未だ知られていない。Volterra 型のリアプノフ関数を出発点として、遅れのある微分方程式に適用するために McCluskey による積分型の汎関数を用いることや、拡張された相加相乗不等式を非正性の証明に用いることで、リアプノフ汎関数の構成や証明を簡素化することを試みた。

対象とした感染症モデルは、まず、簡単な常微分方程式から始め、次に複数株の病原体を考慮し、それらに離散的な遅れを導入し、さらに連続で無限の遅れを持たせることで齢構造を持つモデルへの適用ができるリアプノフ汎関数の構成を順次行っていった。これらにより、多くのモデルにおいて平衡点の大域漸近安定性を示すことができた。

ここで述べる方法によって、リアプノフ汎関数を構成するための複雑な計算を軽減することができる。

¹ gev421104@s.okayama-u.ac.jp

ENGLISH

Mathematical modeling of immune impairment in HIV infection with antiretroviral treatment

董 岳平^{a1}, 宮崎 倫子^a, 竹内 康博^bY. Dong^{a1}, R. Miyazaki^a, Y. Takeuchi^b^a静岡大・工, ^b青山学院大・理工^aShizuoka University, ^bAoyama Gakuin University

Abstract

In this paper, we study the dynamics of a mathematical model on cytotoxic T-lymphocyte (CTL) response to viral infection under the drug treatment and structured therapy interruption (STI) scenarios. The inclusion of immune effector cells reflects the belief that they play a crucial role in the context of STIs. In addition, we consider the immune impairment of immune effector cells at high virus loads. We show that including the immune impairment, by implementing a saturation term for immune effector cells loss, is able to have multiple endemic equilibria. The existence and stability of the endemic equilibria of the model are analyzed. Furthermore we discuss the model in the context of its representation of two methods for controlling HIV infection: reverse transcriptase inhibitors (RTIs) and protease inhibitor (PIs). The treatment strategies can boost immune effector cells to control the virus load. Numerical simulations are performed to illustrate the analytical results.

¹ f5145040@ipc.shizuoka.ac.jp

媒介感染症の流行モデルおよび

関連する自由境界問題の大域的挙動

Global dynamics of epidemic models for vector-borne diseases and free-boundary problems

江夏 洋一^{a1}

Yoichi Enatsu^{a1}

^a東大院・数理

^aUniversity of Tokyo

本講演では、感染症の流行モデル (Epidemic model) の解の時間大域的な漸近挙動の分類を行い、基本再生産数 R_0 を用いた閾値現象に関する最新の結果を紹介する。具体的には、ペストやマラリアなどの媒介生物 (vector) によって引き起こされる感染症の伝播を調べるため、近年盛んに定式化がなされている時間遅れ (vector 人口における潜伏期間) を含む感染症モデルを紹介し、Lyapunov 汎関数の構成によって得られる内部平衡点 (endemic equilibrium) の大域漸近安定に関する成果 [1] に加え、その応用 ([2] など) を紹介する。さらには、関連話題である Stefan 型の自由境界問題 ([3] など) の解の漸近挙動を考察する。具体的には、基本再生産数 R_0 が 1 より大きい場合であっても、初期時刻における生息領域の大きさによって、感染症の終局的な流行規模が変化する事例も紹介したい。

[参考文献]

- [1] Y. Enatsu, Y. Nakata, Y. Muroya, Lyapunov functional techniques for the global stability analysis of a delayed SIRS epidemic model, *Nonlinear Anal. RWA* **13** (2012), no. 5, 2120-2133.
- [2] J. Wang, J. Pang, T. Kuniya, Y. Enatsu, Global threshold dynamics in a five-dimensional virus model with cell-mediated, humoral immune responses and distributed delays, *submitted*.
- [3] K.I. Kim, Z. Lin, Q. Zhang, An SIR epidemic model with free boundary, *Nonlinear Anal. RWA* **14** (2013), no. 5, 1992-2001.

¹yenatsu@ms.u-tokyo.ac.jp (日本学術振興会特別研究員 PD)

子に対する教育投資への親の意識分布の世代間遷移ダイナミクスモデル

**Mathematical model on generational transition of parents' attitude
in educational investment for child**瀬野裕美^{a1}, 井上美香^bHiromi Seno^{a1}, Mika Inoue^b^a東北大・院・情報科学, ^b広島大・理・数学^aTohoku University, ^bHiroshima University

親は、学校や学校外での子の教育へ投資を行うが、家庭におけるそうした教育投資の重要性にはばらつきがある。社会におけるそのような教育投資に関する意識の分布はどのような条件下でどのような性質を持ち得るのだろうか。本研究では、教育投資に対する意識についての世代間における関係を「伝達」として扱い、伝達子（ミーム）の概念を用いて、集団遺伝学のモデリングに倣った数理モデルを構築した。そして、その意識分布の推移を理論的に考察し、その結果が示唆する社会的状況についての解釈を試みた。

本研究における数理モデリングでは、2種の文化伝達子 W と w を仮定し、教育投資に対する親の意識を、高い意識、中程度の意識、低い意識の3つに分けて、それぞれを伝達子型 WW , 伝達子型 Ww , 伝達子型 ww によって表す。さらに、子が受ける教育投資のレベルは、両親の伝達子型の組によって決まり、その教育投資のレベルに依存して、子が得る経験の質が定まるとし、その質を伝達子型によって表したものを前駆伝達子型と呼ぶ。そして、成長過程における生活・社会環境から子への影響を前駆伝達子の変異確率として導入し、その結果、子が親になったときに持つ伝達子型、つまり、次世代の親の教育投資に対する意識が定まると考える。このような数理モデルの解析と数値計算により、伝達子の変異がない場合には、社会は、意識が高い親ばかり、または、意識が低い親ばかりの極端な状態に収束していくことがわかった。一方、伝達子の確率的変異が起こる場合には、変異確率が十分に大きければ、意識が高い親が相対的に多い状態と、意識が低い親が相対的に多い状態が定常的に繰り返される周期変動状態に漸近する可能性も現れる。このことから、親が、自らが（子ども時代に）受けた教育投資のレベルと合致しないような教育投資に対する意識を持ちやすい（社会的）条件下では、社会における親の意識分布には周期的流行のような変動がみられる可能性があることが示唆される。

¹ seno@math.is.tohoku.ac.jp

草食動物の家畜化と牧畜の起源

Domestication of herbivorous animals and origin of livestock farming

湯佐安紀子, 津村宏臣, 山村則男

Akiko Yusa, Hiroomi Tsumura, Norio Yamamura

同志社大学・文化情報学部

Culture and Information Science, Doshisha University

人類は旧石器時代以来、野生偶蹄類の狩猟を続けてきたが、1万年前頃に西アジアの一部の地域で狩猟農耕に生活基盤をおく定住集落のもとで偶蹄類の家畜化を始めた。動物の家畜化は困難な作業であり、その成功は偶蹄類では歴史上ヤギ、ヒツジ、ブタなど数種類にとどまっている。家畜化の開始時には家畜の飼育は労力に比べて経済性が乏しく、食料としてよりも首長などの威信財として維持されており、経済的に家畜に依存するようになるまで1000から2000年以上が経過している。

我々は、偶蹄類の家畜化の進行は馴化形質の進化的改良と考え、人が制御できる家畜数がある一定の値を超えた段階で経済的牧畜が始まったという仮説を提唱した。その上で、野生動物と人・家畜連合の植生をめぐる競争として、3者系のロトカ・ボルテラモデルを構築し、狩猟農耕から狩猟牧畜に移るタイミングを考察した。モデルより、競争で家畜が野生動物に勝つための条件は、人間1人が制御できる家畜数で表現でき、この値が歴史的に妥当なものかどうかを検討した。

文献

本郷一美(2010) 偶蹄類の家畜化過程と牧畜技術の発達. 後藤明・木村喜博・安田喜憲編. 『朝倉世界地理講座6: 西アジア』. 朝倉書店

Diamond, Jared. (1997) *GUNS, AND STEEL: The Fates of Human Societies*. W. W. Norton & Company (骨倉彰訳 (2000) 『銃・病原菌・鉄 上』. 草思社)

遊牧における寛容戦略の効用と進化 II

Utility and Evolution of Tolerance in Nomadic Livestock

Farming II

佐藤恵里子¹, 山村則男

Eriko Sato¹, Norio Yamamura

同志社大・文化情報

Doshisha University

モンゴルの遊牧民には旅人のような突然の訪問者でも、ゲルに招き入れてもてなすというしきたりがある。日本では顔見知りではない、突然やってきた客を家に招き入れることはほぼないだろう。モンゴルの遊牧民はなぜこのような寛容な対応をするようになったのだろうか？遊牧民が寛容戦略をとることによってどのような効用があり、寛容戦略はどのようにして進化することができたのか、数理モデルで明らかにしたい。モンゴルは降水量の年変動が大きく、国土も広大であるため降水量の空間的変動も大きい。本研究では変動の大きいモンゴルの自然環境とそこで飼育される家畜に着目し、数理モデルを構築した。

日本生態学会の第60大会では自分の土地を自分だけで使う、私有地での遊牧のモデル(一区画モデル)と、自分の土地と隣の遊牧民の土地を比較して良い方に移動できる共有地での遊牧のモデル(二区画モデル)を作り計算機シミュレーションを行った。二つのモデルで遊牧民が得る効用を比較した結果、降水量の年変動が大きい場合には二区画モデルの方が遊牧民の効用は高いことが分かった。さらに自分の土地が好適環境であるときに常に相手を受け入れる寛容戦略と、常に相手を排除する厳格戦略を二次元格子空間上に配置した場合に遊牧民が得る効用を計算し、高い効用を持つ戦略が次世代に広がっていくという進化ダイナミクスの計算機シミュレーションを行った。本大会では常に相手を受け入れる寛容戦略から、自分が受け入れてほしいときに受け入れてくれなかった相手に仕返しをするしっぺ返し付き寛容戦略に変更し、さらに降水量の空間的変動をさまざまに変化させた場合の計算機シミュレーションを行う。

.....
¹ dim0013@mail4.doshisha.ac.jp

ササ・タケ類一斉開花枯死の進化: 地下茎構造の影響

The role of rhizome system in the evolution of mass flowering in bamboos

立木佑弥¹, 佐竹暁子

Yuuya Tachiki¹, Akiko Satake

北大・環境

Hokkaido University

タケ・ササ類は長期の栄養繁殖の後に一斉に開花枯死するという特殊な生活史をもつ。栄養繁殖期間は種によって3年から120年と著しくばらつき、熱帯から温帯にかけて栄養繁殖期間が長くなっていく地理ラインが存在する。また、熱帯性のササは地下茎が短く、栄養繁殖の際ごく近傍にクローンを生産するのに対して、温帯性のササは水平方向に長い地下茎を形成し、クローンはその生産者から離れたところに生える。その結果、温帯性のササはジェネットが入り交じる空間構造をもつ。本発表では、このような栄養繁殖上の特性を考慮した空間明示的数理モデリングを利用し、ササ・タケ類における栄養繁殖期間の違いについて議論する。

各ジェネットは地下茎を伸ばし限られた空間範囲内で栄養成長し、遺伝的に決定された開花年が訪れると栄養成長から繁殖成長への切り替えによって、一斉に開花し種子を生産すると仮定する。種子はラメットによって占められることのない空き地に定着し、翌年から栄養成長を開始すると考えた。開花年は突然変異によって変化すると仮定し最終的に集団を占める遺伝子型を調べたところ、栄養繁殖期間の進化は、栄養繁殖と種子繁殖の効率によって制御され、種子繁殖が相対的に有利であれば栄養繁殖期間は短くなることが示された。熱帯性のササのように地下茎が短い場合には、ジェネットはクラスタを形成するため、時間とともに栄養繁殖の効率が低下し、栄養繁殖期間が短くなる傾向にあった。また、近親交配にともなう近交弱勢を考慮した場合、地下茎が長い方が近親交配を避けやすく、種子繁殖効率が高く維持されるため栄養繁殖期間は長く進化した。この結果は、熱帯から温帯までのササの栄養繁殖期間の違いは、それぞれの地域で優占する地下茎構造の違いを強く反映していることを示唆している。

¹ tachiki@ees.hokudai.ac.jp

植物と菌類の相利共生における最適資源分配戦略

Optimal resource allocation strategy in mutualism between plant and fungus

*内之宮光紀^{a1}, 巖佐庸^a

*Kouki Uchinomiya^{a1}, Yoh Iwasa^a

^a九州大学

^aKyushu University

植物とその根につく菌類(菌根菌)との共生は最も普遍的な共生の1つである。植物は光合成により二酸化炭素から炭化水素を作り出し、菌類に与える。一方の菌類は土壌中のリン酸や窒素などを取り込んで植物に供給する。植物は菌類による栄養の供給が少ない場合には炭素供給を低下させ、菌類も植物からの炭素供給が少ない場合には栄養供給を減らすことが知られている。

本研究では植物と菌類が互いに相手に与える資源(炭素やリン)の分配をコントロールする場合を想定し、最適な資源分配戦略に関するフレームワークについて議論する。資源の分配が動的に変化できるとすると、自身が取り込んだ資源を全て相手に与えたり、逆に全く与えないような戦略も最適となる場合がある。また、資源の一部を相手に渡す場合には、相手への資源配分量が自分の状態のみで決まる場合があることを示す。

¹ uchinomiya@bio-math10.biology.kyushu-u.ac.jp

異所的種分化と種形成速度

Allopatric speciation and species creation rate

山口 諒, 巖 佐庸

R. Yamaguchi^a, Y. Iwasa^a

^a 九大・数理

^aKyushu University

異所的種分化は最も一般的な種分化様式であり、地理的隔離によって祖先種が二分されたのち、それぞれの集団が独自の進化を果たして別種が生じたとされる。本研究では、地理的隔離が不完全で、集団間に低頻度の移出入と交配を考慮する数理モデルを構築した。また、交配の不和合性は各集団内における多くの中立突然変異の蓄積によるものとし、集団間で異なる不和合性遺伝子の数を遺伝的距離と定義した。遺伝的距離がある閾値に到達した際に集団間で種分化が起こったとみなし、種分化までの待ち時間を定式化した。その結果、移出入の増加は遺伝的距離の低下を招き、種分化までの待ち時間を遅らせた。しかし一方で、移出入が種分化後も続くと仮定すれば、新たな種が他の集団に定着する機会を与える。つまり、移出入機会の増加は新たな種の分集団が形成されるまでの間隔を短縮し、新たな異所的種分化の起因となる。したがって、ある中間の移住率の場合に、集団間の種形成速度は最大化されることが予測された。本講演ではさらに、集団数や集団間の構造が種形成速度に及ぼす影響についても議論する。

ryamaguchi@bio-math10.biology.kyushu-u.ac.jp

ミトコンドリアの片親遺伝の進化:

メタ個体群モデルによる検討

Evolution of uniparental inheritance of mitochondria:

A metapopulation model

*内海 邑^{a1}, 佐々木 顕^a

*Yu Uchiumi^{a1}, Akira Sasaki^a

^a総研大・生命共生体進化

^aThe Graduate University for Advanced Studies

ミトコンドリアや葉緑体はほぼすべての真核生物で片親遺伝し、ミトコンドリアなどを子に伝えるか否かは性によって決まっている。この片親遺伝の進化は、細胞内共生や性の進化の重要な問題と考えられる。片親遺伝には異なる親由来のミトコンドリアの混合を妨げることで、細胞内でのミトコンドリア間競争を減らす効果があると考えられる。この効果によって片親遺伝が進化するという仮説を Hurst & Hamilton (1992) が示した。しかしこの競争による適応度の低下が両配偶子由来のミトコンドリアが混合すること (heteroplasmy) で起きるとする Hurst & Hamilton の仮定を、利己的ミトコンドリアを持つことで起きるとする現実的な仮定に変えると、自身のミトコンドリアを壊す片親遺伝は進化しないことが知られている (Randerson & Hurst 1999)。その原因はミトコンドリアの野性型と利己的変異体の多型が集団中で維持されず、配偶子へのミトコンドリアの伝達を抑制するメリットがなくなってしまうためである。そこで本研究は多型の維持に着目し、メタ個体群モデルで片親遺伝の進化を検討する。

利己的なミトコンドリアの進化を、野生型と利己的な変異型の接合では常に変異型が子に伝わり、変異型をもつホストの適応度は低下すると仮定して、集団遺伝学のモデルで記述した。片親遺伝を接合前に自身のミトコンドリアを破壊する確率で表し、集団中での変異型ミトコンドリアの頻度に対する破壊確率をアダプティブダイナミクスによって与えた。またホストは 2 集団間を移動分散するとした。その結果、十分小さな移動率の範囲で片親遺伝を有利にするミトコンドリアの多型が維持された。

¹ uchiumi.yu@gmail.com

後天的要素を考慮した性選択モデルの提案とグッピーへの適用

A Model of Sexual-Selection with Acquired Qualities and an Application for Guppy's Behaviors.

武藤 敦子¹, 加藤 昇平, 犬塚 信博
Atsuko Mutoh, Shohei Kato, Nobuhiro Inuzuka
名古屋工業大学
Nagoya Institute of Technology

生物の配偶者選択の過程には、アズマヤドリのアズマヤのようにオスがメスをひきつけるために後天的に自らを装飾するという現象や、グッピーのメスのように他者の配偶者選択を真似る mate-choice copying と呼ばれる行動が確認されている。このような生物は、配偶者選択において、先天的な身体的特徴や嗜好に加え、後天的な装飾や嗜好を参照していると考えられる。我々は、これまでに、先天的な身体的特徴や嗜好を「遺伝子」で表現し、後天的な装飾や嗜好を「ミーム (文化伝達子、模倣子)」で表現することで、遺伝子とミームを併せ持つ人工生命体 (エージェント) の進化モデルを提案し、性選択が存在する環境下での遺伝子とミームが及ぼす相互作用についてマルチエージェントシミュレーションを用いて研究をしてきた。これまでのモデルでは、エージェントは一律にミームを書き換える行動 (模倣) をしてきたが、文化的な行動をとる生物がどれだけ後天的な要素を獲得し変更するかには、先天的な個体差があるものと考え、本発表では、ミームを書き換えるための行動の個体差として、模倣遺伝子を定義することで新たな性選択モデルを提案する。さらに、提案した性選択モデルを、グッピーの配偶行動に適用しシミュレーション実験を行う。そこでは、正と負の頻度依存的性選択に焦点を当て、様々な条件での実験を行うことで、現存するグッピーのオスの身体的特徴の多様性が再現できる条件を探る。

¹ atsuko@nitech.ac.jp

スペシャリストかジェネラリストか；

陸生巻貝・殻形態の安定性

Specialist or generalist; the stability of land snail's shell

岡嶋 亮子^{a1}Ryoko Okajima^{a1}^a 明治大・研究知財, MIMS^a Meiji University

生物不連続性は、生物多様性や種分化において重要な現象であり、非常にさまざまな研究が成されてきた。近年、この不連続分布の生成機構として、従来言われてきた制約や競争に加え、機能におけるトレードオフの重要性が明らかとなっている。では、複数の適応的形質に特化したスペシャリストによる不連続分布において、ジェネラリストは進化するのだろうか。そして、そのジェネラリストの存在は分布全体にどのような影響を与えるのだろうか。

本研究は、不連続分布の一例として、陸生巻貝の殻形態に見られる貝殻縦横比の二極分布に着目した。この二極分布は、移動時のバランス（安定性）への適応によって生じたことが示されてきた [1]。そこで、この陸貝について、従来考えられてきた水平面や垂直面上での移動に特化したスペシャリスト的な形状に対し、多様な環境において無難なジェネラリスト的の形状を理論的に推定した。更に、実際の陸生巻貝の殻形態分布との比較を行った。

まず、ラウプモデル[2]で理論的に描かれるさまざまな殻形状について、野下のプログラム[3]を用いて安定性を求めた。その結果、陸貝殻形態の頻度分布における二つのピーク（横長と縦長の殻形態）の間にくるような貝が、ジェネラリストとしては長けていることが示された。そして、横長の貝について、地上性の貝と樹上性の殻形態を比較したところ、樹上性のものの方が有意に大きな縦横比をもつ（より丸い形状である）ことが明らかとなった。以上の結果より、水平もしくは垂直な面に特化したスペシャリストに対して、樹という環境に存在する多様な資源に適したジェネラリストが存在することが示唆された。

参考文献 [1] Okajima and Chiba, 2009, *Evolution* 63: 2877–2887, [2] Raup, 1966, *J. Paleontol* 40: 1178–1190, [3] Noshita et al, 2012, *Paleobiology* 38: 322–334.

¹ ryokookajima6@gmail.com

遺伝型-表現型マップの複雑性が 遺伝的冗長性の進化を促進する

Complexity in Genotype - Phenotype Mapping Facilitates Evolution of Genetic Redundancy

斉藤稔¹, 石原秀至, 金子邦彦

Nen Saito¹, Shuji Ishihara, Kunihiko Kaneko

東京大学総合文化研究科

University of Tokyo

生物の形質は遺伝的形質(遺伝型)とその生物の特徴を決める形質(表現型)の二つに分けられる。次世代に伝わるのは遺伝型のみであるが、一方、自然選択は表現型のみ作用する。そのため進化過程を理解するには、遺伝型-表現型のマッピングがどのように構成されるか理解しなければならない。しかし、表現型の発現には多くの過程(タンパク質・遺伝子・RNA等の相互作用)を経由するため、一般に遺伝型-表現型マッピングは非常に複雑であると考えられる。

一方、遺伝型-表現型の関係には、一つの表現型を複数の遺伝子がコードするという遺伝的冗長性を持つことが知られている。このような遺伝的冗長性が様々な生物で発見されているにもかかわらず、進化遺伝学の文脈では、このような遺伝的冗長性は進化的に不安定である、と議論されてきた[1]。

我々は遺伝型-表現型マッピングを持つ集団の進化モデルを構築し、マッピングの複雑さがいかに遺伝的冗長性の進化に影響を与えるか考察した。結果、マッピングが簡単な場合、遺伝的冗長性は進化しない(古典的な見解と一致)が、マッピングが複雑な場合、遺伝的冗長性は進化できることを示した[2]。

[1]: Thomas *Trends in Genetics* **9** 395 (1993); Nowak et al. *nature* **338** 167 (1997); Krakauer and Plotkin *Proc. Nat. Acad. Sci.* **99** 1405 (2002); Kafri et al., *Cell* **136** 389 (2009)

[2] arXiv:1302.2234

¹saito@complex.c.u-tokyo.ac.jp

要旨

(Abstract)

一般講演 (ポスター発表)

(Poster presentation)

皮膚組織における炎症反応シミュレーション

Stochastic simulations of inflammatory response at the skin tissue

中岡 慎治 ^{a1}

Shinji Nakaoka^{a1}

^a 理研・統合生命

^aRIKEN IMS-RCAI

皮膚はウイルスやバクテリア等外敵からの侵入を感知して炎症反応を惹起し、免疫応答を活性化させるバリアー機能を担う組織である。過剰もしくは不適切に慢性化した炎症状態が維持されると、炎症性疾患を始めとする様々な疾患の発症につながる可能性がある。

免疫細胞や皮膚組織の細胞間では、サイトカインなど炎症性の液性因子を介した相互作用が存在するが、外敵の種類に応じて用いられるサイトカインは異なる。外敵侵入の初期状態でかかわる炎症亢進性のサイトカインの中には、分泌されたサイトカインが更なるサイトカイン分泌を誘導するポジティブフィードバックによる増進効果をもつものも存在する。増進効果が慢性化する仕組みを理解する上で、遺伝子制御ネットワークも含めたサイトカイン分泌による細胞相互作用ネットワークのダイナミクスの解明が重要である。

本研究では、皮膚組織を対象としてサイトカインの産生と放出、サイトカインを介した細胞間相互作用を記述した数理モデル構築とシミュレーションを行った。数理モデルのシミュレーションからダイナミクスの特徴を定性的に記述することで、恒常的な組織の炎症状態を維持する上で必要な要因を探った。直感的に明らかではあるが、炎症亢進遺伝子の恒常的な発現維持が慢性化に関わる要因の可能性であることなど、いくつかの示唆を得たので報告する。

¹ snakaoka@rcai.riken.jp

連続空間上の個体ベースSIRモデル — ペア密度に注目した解析

An Individual based SIR model in continuous space - analysis focused on pair density

*内田さちえ^{a1}, 高須夫悟^b

*S. Uchida^a, F. Takasu^b

^a奈良女院・人間文化, ^b奈良女・理

^{ab}Nara Woman's University

本研究では、連続空間上の個体ベースSIRモデルに注目する。個体の視点に基づき、感染症の空間個体群動態ならびに感染パラメータの進化動態に迫ることが目的である。特に、空間個体群動態が感染症の拡大に及ぼす効果に注目する。個体ベースSIRモデルのアルゴリズムは以下の通りである。個体は連続空間上の点として表され、各個体はS, I, Rいずれかの状態をとる。I個体は個体ごとに感染率、免疫獲得率、病毒性を持ち、SからIへの遷移は、S個体の近傍のI個体が持つ感染率とS個体への距離に比例して起こり、IからRへの遷移は、各I個体が持つ免疫獲得率によって起こる。S個体は各状態の個体が局所密度に依存した出生を行うことで補充され、S個体とR個体は局所密度に依存した死亡率で、I個体は局所密度依存死亡率+病毒性で消滅する。個体の空間分布は感染症拡大に大きな影響を及ぼすと考えられることから、本研究では、各状態の個体数とペア密度に注目した数理的解析を試みる。個体ベースSIRモデルの空間個体群動態の振る舞いを点過程と見なし、点の数と2個体間距離の関数であるペア相関関数を用いて点パターンの定量化を行う。本ポスターでは、簡単のため出生と死亡のない個体ベースSISモデルについて考える。SとIの点密度とSS, SI, IIのペア密度のダイナミクスを導出し、シミュレーションの比較を行う。

¹ uchida-sachie0805@ics.nara-wu.ac.jp

興奮性媒体における時空カオスのシステムサイズ依存性

System size dependence of spatio-temporal chaos in an excitable medium

杉村佳織, 郡宏

Kaori Sugimura*, Hiroshi Kori

お茶大院

Department of Information Sciences, Ochanomizu Univ.

心房細動とは心房が部分的に速く興奮収縮し、複数の異常な電気の渦が心房内で高速旋回している状態のことである。この不規則な興奮伝達を安定化させる方法として、先端に電極のついたカテーテルを血管から心臓内に挿入し、不整脈の原因となっている組織を焼灼するカテーテルアブレーションが知られている。心房細動は空間に広がる集団が示す時空カオス状態であると考えられており、カテーテルアブレーションは系を細分化していると考えられる。そこで、本研究では、時空カオスの持続性とシステムサイズの関係性について変形された FitzHugh-南雲方程式 [1] を用いて調べた。このモデルは以下で与えられる。

$$\frac{du}{dt} = -\frac{1}{\epsilon}u(u-1)\left(u - \frac{v+b}{a}\right) + \nabla^2u, \quad (1a)$$

$$\frac{dv}{dt} = f(u) - v, \quad (1b)$$

$$f(u) = \begin{cases} 0, & u < \frac{1}{3} \\ 1 - 6.75u(u-1)^2, & \frac{1}{3} \leq u \leq 1 \\ 1, & u > 1. \end{cases} \quad (1c)$$

本研究では、細胞集団が念頭にあるので、 ∇^2u の部分を離散化したものを取り扱った。この系はパラメータの値 b, ϵ や初期条件に依存して、一様振動状態、安定な螺旋波 (空間2次元のとき)、さらに時空カオス状態が得られることが知られている。まず、2D 離散系においてパラメータを $a = 0.84, b = 0.07, \epsilon = 0.08$ に固定したときのシュミレーションを行った。下図は、各システムサイズにおける $t = 37$ のスナップショットである。本発表ではこの現象のシステムサイズ依存性を詳細に報告する。

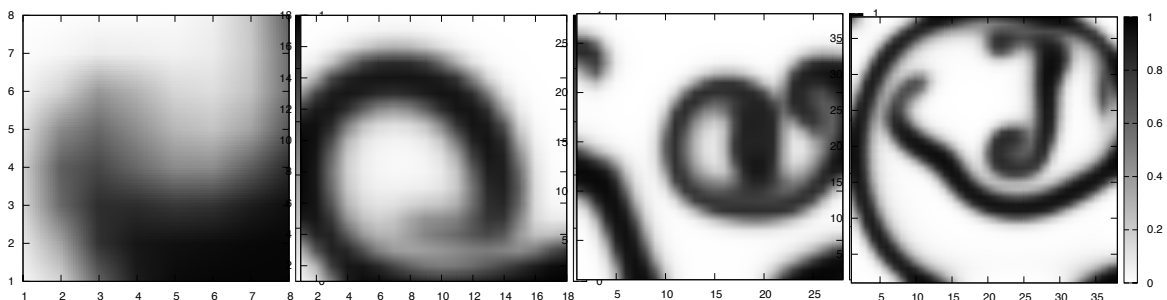


図 1: 各システムサイズにおける u の濃度高低。空間ステップ 1.0, 時間ステップ 0.031 の 2D 離散系シュミレーション。左からシステムサイズ 10, 20, 30, 40.

[1] M. Bär and M. Eiswirth, Phys. Rev. E **48**, R1635-R1637 (1993).

*Email: sugimura.kaori@is.ocha.ac.jp

植物表皮細胞壁のジグソーパズル構造形成のメカニズム

Jigsaw puzzle pattern in the epidermal cell wall of leaves

今村 (滝川) 寿子^{a1}, 朽名夏麿^b, 桧垣匠^b, 秋田佳恵^b, 三浦岳^a
Hisako Takigawa-Imamura^{a1}, Natsumaro Kutsuna^b, Takumi Higaki^b,
Kae Akita^b, Takashi Miura^a
^a 九大院・医, ^b 東大院・新領域
^aKyushu University, ^bUniversity of Tokyo

葉表皮細胞壁の湾曲構造が形成されるメカニズムを理論的に調べた。双子葉植物では、発達に伴い細胞壁が敷石状から湾曲したジグソーパズル様の構造に変化していく。また高 CO₂ 環境下では異形化が起こり、細胞同士がより深く入り組んだ形状を呈す。このような細胞壁の湾曲形成メカニズムについて、(1) 細胞壁の合成および分解のターンオーバーから生じる (反応拡散系) という仮説と、(2) 細胞壁の面積の増大によって座屈が生じる (力学系) という仮説を考え、それぞれの数理モデルの比較検討を行った。反応拡散モデルでは、頭蓋縫合線のパターン形成モデルを応用し、フェーズフィールド法によって形成過程を定式化した。力学モデルでは、細胞壁を質点で表現し、曲げ弾性を表現する系を構築した。細胞壁の成長過程をシミュレーションすることにより、双方のモデルで湾曲構造の増加が再現できた。モデルにおける形状変化の特徴、および異形化要因の理論的予測について、シロイヌナズナの葉表皮観察像や生化学的知見と比較しつつ議論する。

¹ hisaima@anat1.med.kyushu-u.ac.jp

時間遅れを伴う造血幹細胞の動態モデル

Dynamics of the hematopoietic stem cells with time delay

奈良女子大学 人間文化 * 濱田 実樹

奈良女子大学 理 高須夫悟

Nara Woman's University, Miki Hamada

Nara Woman's University, Fugo Takasu

血液は液性成分と細胞成分から構成される。細胞成分のもととなる細胞が造血幹細胞である。造血幹細胞は骨髄において生産され、サイトカインの誘導などによって、赤血球や白血球、血小板などの血液細胞へと分化する。これらの過程は造血とよばれ、ヒトの体内で起こる主要な生体現象である。本研究では、造血幹細胞の動態に関する Adimy らの先行研究 [1] に目し、細胞動態における時間遅れの効果について解析する。Adimy らの造血幹細胞の動態モデルは、造血幹細胞密度 x に関する時間遅れを伴う次の微分方程式で与えられる。

$$\frac{dx}{dt} = -(\delta + \beta(x(t)))x(t) + 2 \int_{-\infty}^{\infty} \omega(r)\beta(x(t-r))x(t-r)dr$$

ここで δ は細胞の死亡率、 $\beta(x(t))$ は細胞循環における分化による減少率を表し、造血幹細胞密度 x に依存する単調 Hill 関数 $\beta(x) = \beta_0 \frac{\theta^n}{\theta^n + x^n}$ で与える。

β_0 は再生率の最大値で θ は G_0 期における細胞密度 (cells/kg) を表す。 n は $\beta(x)$ が細胞密度 x に対して示す感度の度合いを表している。

関数 $\omega(t)$ は自己複製時の時間遅れを記述し、次の矩形関数

$$\omega(t) = \begin{cases} \frac{1}{\tau - \tau_{min}} & (\tau_{min} \leq t \leq \tau) \\ 0 & (otherwise) \end{cases}$$

で与える。自己複製により 1 つの幹細胞が 2 つの娘細胞に分裂するため、係数 2 が係っている。

この系はパラメータ値に依存して安定周期解を出す事が明らかになっている。

本ポスターでは、時間遅れを記述する矩形関数と安定周期解の周期の関係に注目した解析を行う。

参考文献

- [1] Adimy, Mostafa, Fabien Crauste, and Shigui Ruan. "Stability and Hopf bifurcation in a mathematical model of pluripotent stem cell dynamics." *Nonlinear Analysis: Real World Applications* 6.4 (2005): 651-670.

*hamada-miki1281@ics.nara-wu.ac.jp

ライチョウの個体群存続可能性分析

Population viability analysis of the Rock Ptarmigan *Lagopus muta japonica* in Japan

鈴木彩香^{*a1}、小林篤^b、中村浩志^c、高須夫悟^a

Ayaka Suzuki^{*a1}, Atsusi Kobayasi^b, Hiroshi Nakamura^c, Fugo Takasu^a

^{*a1} 奈良女院・人間文化、^b 東邦大院・理、^c 信州大・教育、^a 奈良女・理

^aNara Women's University, ^bToho University, ^cShinshu University

近年、絶滅の危機に瀕する種は数多く存在する。日本のライチョウ (*Lagopus muta japonica*) もそのうちの 1 つである。ライチョウは、北半球の北部を中心に広く分布し、寒い気候に適応した鳥である。その中で日本のライチョウは、本州中部の高山帯にのみ生息し、他の地域のライチョウとは完全に隔離された、世界最南端に分布する亜種である。現在、日本のライチョウは 2000 羽ほどといわれ、環境省の絶滅危惧 II 類 (UV) に指定されている。過去数年間、日本ライチョウ個体群の研究が行われており、クラッチサイズや生存率といった、個体群動態に関する基礎データが得られるようになり、絶滅リスクの評価が可能になりつつある。本研究では、乗鞍岳集団について得られた個体群パラメータを用いてライチョウの個体群存続可能性分析を行う。行列モデルを用いた決定論的解析と個体ベースの確率論的個体群動態モデルにより、日本個体群の絶滅リスクを評価することを目指す。各個体は年齢に依存する確率に従って一定の数の卵を産み、一定の確率で翌年まで生き残る、という確率論的個体群動態を記述する枠組みを発展させ、様々な仮定の元での絶滅リスクを評価する。

suzuki-ayaka0820@ics.nara-wu.ac.jp

人間社会の生成崩壊ダイナミクスの数理モデル Mathematical model of generation and collapse dynamics in human society

*加納剛史 ^{a1}, 大須賀公一 ^{b2}, 小林亮 ^{c, e3}, 青沼仁志 ^{d4}, 石川将人 ^{b5},
杉本靖博 ^{b6}, 大脇大 ^{a7}, 石黒章夫 ^{a, e8}

*T. Kano^a, K. Osuka^b, R. Kobayashi^{c, e}, H. Aonuma^d, M. Ishikawa^b,
Y. Sugimoto^b, D. Owaki^a, A. Ishiguro^{a, e}

^a 東北大・通研, ^b 阪大院・工, ^c 広島大院・理, ^d 北大・電子研, ^e JST CREST

^aTohoku University, ^bOsaka University, ^cHiroshima University,
^dHokkaido University, ^eJST CREST

人間関係は実に多様で複雑である。例えば大学の学部生
の人間関係を考えてみよう。入学当初はお互い見ず知らず
の関係である。時間の経過とともに仲の良い友達ができ、
グループが形成される（もちろん中には他人との干渉を好
まず、孤独を好む人もいるであろう）。ところが、ある程
度グループが形成されると、グループ内での摩擦も増えて
きて、耐えきれなくなった人がグループを飛び出すこと
もある。そして、グループを飛び出した人はまた新たな人
間関係を求める。このようにして、各々が自分の居心地の良
い場所を見つけているのである。



このような複雑な人間関係はどのようにして発現するのであろうか？本研究ではこの問
いに数理の立場から答えることを試みる。先行研究において、位相に応じて移動する振動
子群が様々な興味深い振る舞いを発現することが知られている[1]。本研究ではこの知見を
もとに考察を行う。具体的には、各個人の性格を「位相」で表現し、相手との位相差に応
じて相手との距離や自身の位相を調節するモデルを提案する。シミュレーションの結果、
クラスターが形成されては壊れるなどの、多様かつ複雑な振る舞いが観察された（上図）。

[1] D. Tanaka, General Chemotactic Model of Oscillators, Phys. Rev. Lett. **99**, 134103
(2007).

¹tkano@riec.tohoku.ac.jp, ²osuka@mech.eng.osaka-u.ac.jp,

³ryo@math.sci.hiroshima-u.ac.jp, ⁴aon@es.hokudai.ac.jp,

⁵ishikawa@mech.eng.osaka-u.ac.jp, ⁶yas@mech.eng.osaka-u.ac.jp,

⁷owaki@riec.tohoku.ac.jp, ⁸ishiguro@riec.tohoku.ac.jp

生物的防除のパラドックス: 複数種の天敵の導入は効果的か?

Paradox of biological control:

Is introduction of multiple natural enemy species effective?

池川雄亮^{a1}, 江副日出夫^a, 難波利幸^a

Yusuke Ikegawa^{a1}, Hideo Ezoe^a, Toshiyuki Namba^a

^a大阪府大院・理学

^aGraduate School of Science, Osaka Prefecture University

生物的防除は、農業害虫をそれらの天敵を導入することで駆除する方法である。この方法では、防除の効果を上げるために、1種の害虫に対して複数種の天敵が導入されることがある。天敵種間に捕食-被食相互作用がある場合、この系は害虫(共有被食者)とそれを食う天敵(中間捕食者)とそれら2種を食う別種の天敵(雑食者)で構成されたギルド内捕食系(IGP系)である。古典的なIGPの理論研究は、共有被食者をより多く捕食する1種の捕食者を用いると2種の捕食者を用いた場合よりも共有被食者の平衡個体群密度が小さくなると予測する(複数種の天敵導入は生物的防除の効果を必ず減少させる)。一方、実証研究では複数種の天敵導入が生物的防除の効果を増加させる場合もあり、理論予測と一致しないことがある。この原因の1つとして、理論研究では生物の行動の可塑性を考慮していないことが考えられる。

本研究では、古典的なIGPモデルを拡張し、共有被食者の防御および雑食者の餌選択行動が共有被食者の平衡個体群密度に与える影響を調べた。共有被食者は2種の捕食者の密度や捕食圧に依存して自身の一個体当たりの成長率が最大になるように対捕食者防御行動をとると仮定する。雑食者は共有被食者と中間捕食者に対してスイッチング捕食を行うとし、相対密度が小さい被食者に対する捕食率が密度比に比べて小さくなると仮定する。

雑食者のスイッチング捕食を考慮せず共有被食者の対捕食者行動のみを考慮した場合、天敵間のギルド内捕食が弱ければ、複数種の天敵導入によって害虫の密度が最も抑制された。また、雑食者のスイッチング捕食を合わせて考慮した場合、ギルド内捕食が大きい場合でも、同様の結果が得られた。つまり、複数種の天敵導入が生物的防除の効果を増加させる場合があることが理論的に示された。一方、雑食者のスイッチング捕食のみを考慮した場合の結果は、古典的な理論研究と定性的に変わらなかった。

¹ mu304002@edu.osakafu-u.ac.jp

四脚動物の歩容遷移メカニズム

Gait transition mechanism of quadrupeds

森川玲於奈^{a1}, 大脇大^a, 石黒章夫^{a,b}

Leona Morikawa^{a1}, Dai Owaki^a, Akio Ishiguro^b

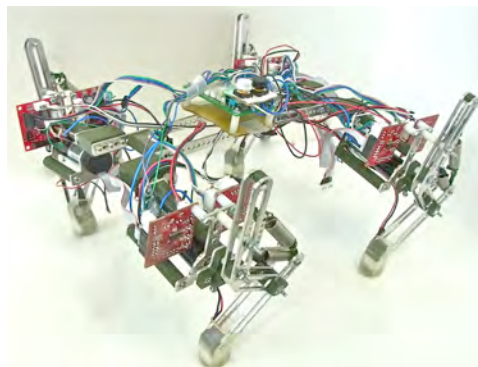
^a東北大・通研, ^bJST CREST

^aTohoku University, ^bJST CREST

四脚動物は、自身の移動速度や身体特性、環境に応じて脚間の協調関係を巧みに変化させることにより、さまざまな歩容を発現する。このような四脚動物の多様な歩容は、脊髄に内在するCPG(Central Pattern Generator)と呼ばれる神経回路網が中核を担い、自律分散的に各脚を協調させることで生成されていると考えられている。しかしながら、その生成メカニズムは未だ明らかになっていない。

これまで筆者らは、四脚動物の歩容生成メカニズムの解明を目的とした研究を進めてきた。そして、神経結合を介した脚間の相互作用よりも、身体特性に起因した脚間の力学的相互作用に重きをおいた新奇なCPGモデルを提案した^[1]。提案する制御則を実装した四脚ロボットを製作し、提案手法の妥当性を検証した。その結果、移動速度変化に応じた自発的かつスムーズなウォーク-トロット間の歩容遷移の発現、身体特性変化に応じた中速領域におけるトロットとペースの排他的発現が確認された。

本研究では、四脚動物の歩容遷移メカニズムの解明を目指し、これまで実現していなかった高速領域への歩容遷移の実現について考察する。この目的のため、新たな実機を開発し、実機検証を行う。筆者らの提案するモデルが四脚動物の歩容生成の本質をとらえたものであれば、四脚動物が示すあらゆる歩容を再現可能であると期待できる。



図：開発した実機

参考文献

[1] Owaki, D., Kano, T., Nagasawa, K., Tero, A., and Ishiguro, A., "Simple robot suggests physical interlimb communication is essential for quadruped walking", J R Soc Interface, doi: 10.1098/rsif.2012.0669, 2012.

¹morikawa@riec.tohoku.ac.jp

ネーターの定理を用いたオオヤマネコとウサギ

個体数変動周期の解析

Analysis of Canadian lynx and snowshoe hare population

cycle using Noether's theorem

上地 理沙^{a1}, 阿久津 達也^b

Lisa Uechi^{a1}, Akutsu Tatsuya^b

^{a,b} 京都大学

^{a,b}Kyoto University

本研究では、生態系や経済現象に現れる競合・競争原理を表す代表的な非線形モデルであるロトカ・ヴォルテラ型システムを拡張し、多次元の偶数変数で構成され、かつ多くの非線形項を含んだ $2n$ 次元NDモデルを提唱した。そして、非線形連立常微分方程式に対するラグランジアンを導出し、時間変化に対する保存則であるネーターカレントをネーターの定理を用いることにより導出した。ネーターの定理から、偶数次元の非線形常微分方程式のパラメータは、システムが保存則を持つ場合は係数の関係に保存則から制限がつけことが分かり、またネーターの定理を用いて導出した時間変換に対する保存則は力学系でリヤプノフ関数として定義されている量と同義となることが分かった。また、偶数次元の1階非線形常微分方程式は対称的な形式をとり、Binary-coupled 形式で現れ、その形式をBCF(Binary-coupled form) と名付けた。そして、BCF は常微分方程式の係数が保存量から導出される条件を満たす限り、厳密な保存形式を持つことが分かった。

$2n$ 次元NDモデルを用いて、生態系に現れる非線形競合現象との例として知られているオオヤマネコとユキウサギの個体数変動周期現象のデータに対する応用を行った。オオヤマネコ個体密度は10年周期で一つのサイクルを形成することが知られており、ユキウサギの個体密度もそれらに伴い増減することが分かっている。2変数のNDモデルに外部摂動を加えることにより、オオヤマネコの個体周期変動と、それに伴うユキウサギの個体数を得ることができた。理論値と実際のデータから得られた結果を比較することにより、理論値との差は40%以下であることが分かった。また、多くの非線形競合項を含むが、保存則が存在するようなシステムにおいては、保存則を一定に保つ解は非常に安定しておりかつ周期を持つことが分かった。

¹ uechir@kuicr.kyoto-u.ac.jp

ENaC 細胞内動態の数理モデル構築による 上皮 Na⁺ 輸送制御解析の数理的アプローチ

ENaC dynamics in the intracellular space: analysis of
Na⁺ transport in epithelial cells by mathematical model

*笹本 浩平^a, 新里 直美^{b,d}, 丸中 良典^{b,c,d}

*K. Sasamoto^a, N. Niisato^{b,d}, Y. Marunaka^{b,c,d}¹

^a 京都府医大・医・学生 (学部4年) ^c 京都府医大院・バイオイオノミクス

^b 京都府医大院・細胞生理学 ^d 平安女学院大・日本食育・健康研究所

^a Undergrad. Student (4th year), Kyoto Pref. Univ. Med.

^b Dept. of Mol. Cell Physiol., Kyoto Pref. Univ. Med.

^c Dept. of Bio-Ionomics, Kyoto Pref. Univ. Med.

^d Japan Inst. for Food Education & Health, St. Agnes' Univ.

【講演要旨内容】 ENaC (上皮型 Na⁺チャネル) は肺胞および腎集合管上皮細胞などに発現し、肺水腫からの回復や出生時の羊水のクリアランスなど、また腎集合管においては Na⁺ (再) 吸収を介しての肺胞腔内液吸収および体液量制御などに重要な働きを担っている。ENaC を介する上皮細胞内への Na⁺流入量は経上皮細胞 Na⁺輸送量を規定しており、電気生理学的経上皮 Na⁺電流測定により検証し得る。この Na⁺流入量は主に上皮頂端膜上に存在する ENaC 数に依存し、ENaC の細胞内貯蔵部位から頂端膜および頂端膜から細胞内への移動速度制御により調節されていることより、ENaC による Na⁺吸収量制御機構を明らかにするためには、上皮細胞内 ENaC 動態制御機構を解明することが不可欠である。頂端膜から細胞内へ移動した ENaC が細胞内において品質チェックを受けた後、細胞内貯蔵部位へリサイクルするか、分解されるかにより、Na⁺吸収に寄与する上皮頂端膜上 ENaC 発現量を規定しているという数理モデルを我々は次の4ステップを含めて構築した。

- 1) Insertion : 細胞内貯蔵部位から頂端膜への移動過程
- 2) Endocytosis : 頂端膜から細胞内への移動過程
- 3) Recycling : エンドサイトーシス後の細胞内貯蔵部位への移動過程
- 4) Degradation : エンドサイトーシス後に分解される過程

我々はこの数理モデルにおける数学的解析解を求めた。この数理的モデルおよび種々の条件下での ENaC の電気生理学的測定結果を用いて、上皮細胞内 ENaC 動態制御に関与する機構解析を行なうことにより、各種条件下での細胞内 ENaC 動態を予測し、その機構解明をもたらす可能性が示されたので報告する。

¹ marunaka@koto.kpu-m.ac.jp

線毛を持つ細菌が示す Twitching 運動の

個体動力学シミュレーション

An individual dynamics simulation of twitching motility of a bacterium with the pili

森河良太¹, 宮川毅, 高須昌子

Ryota Morikawa, Takeshi Miykawa and Masako Takasu

東京薬科大学 生命科学部

School of Life Sciences,

Tokyo University of Pharmacy and Life Sciences

緑膿菌や淋菌, 高度好熱菌等の細菌の表面には, IV型線毛 (Type IV pili; 略称 TFP) と呼ばれるタンパク質が重合して構成された繊維が多数伸びている。これらの細菌は固い表面を移動する際, 線毛を固体表面まで伸長させて先端を吸着させた後, それを縮退させることによって移動することが知られている。この移動は twitching (攣縮) 運動と呼ばれ, 前進と旋回を頻りに切り替えることが実験観察によって知られている [1]。この旋回運動はスリングショットと呼ばれ, 強く張った複数の線毛のうちの1本が急に緩むことにより, あたかも急カーブにおいて車がハンドルを取られるように, 細菌が急旋回すると考えられている。 [1, 2]

我々は線毛を用いた twitching 運動を行う細菌一個体の運動を調べるため, 平面基盤上に強く拘束された長楕円体形の細菌が粘性流体内で運動する動力学モデルを構築した。そして数理的な仮定に基づいて線毛の本数や接地点を変化させつつ, 個体移動のシミュレーションを行い, 細菌におけるスリングショット移動のメカニズムの解析および実験との比較によって, 線毛の伸縮と揺らぎの統計的性質を推定した。

【参考文献】

[1] F. Jin et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA, **108** (2011) 12617.

[2] R. Morikawa et al., AIP Conf. Proc. **1518** (2012) 590.

¹ morikawa@ls.toyaku.ac.jp

腕切断実験から探るクモヒトデの腕間協調メニズム

Investigation of inter-limb coordination mechanism of ophiuroids via arm-amputation experiments

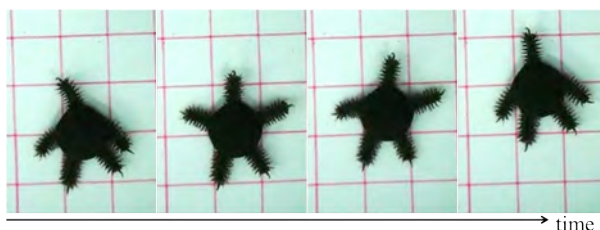
* 佐藤 英毅^{a1}, 加納 剛史^a, 坂本 一寛^a, 松坂 義哉^b,
青沼 仁志^c, 石黒 章夫^{a,d}

*Eiki Sato^a, Takeshi Kano^a, Kazuhiro Sakamoto^a, Yoshiya Matsuzaka^b,
Hitoshi Aonuma^c, Akio Ishiguro^{a,d}

^a東北大・通研, ^b東北大院・医, ^c北大・電子研, ^dJST CREST

^aTohoku University, ^bTohoku University, ^cHokkaido University, ^dJST CREST

クモヒトデは、中央にある盤とそこから放射状に伸びた 5 本の腕から構成される棘皮動物である。クモヒトデは、自らの身に危険が及ぶと、腕を自ら切断して回避することが知



られており、その際驚くべきことに、腕の残存本数に応じてさまざまなロコモーションを発現する[1]。これらの振る舞いは、きわめて単純な分散神経系のみによって実現されていることが示唆されている[2]が、その詳細は依然として不明である。

クモヒトデの振る舞いは、腕間における協調と腕内での協調を通して発現していると考えられる。本研究では特に腕間協調に着目し、そのメカニズムの解明を目指す。実際のクモヒトデから腕間協調の様子のみを抽出するには、腕内自由度を極力取り除く必要がある。そのため、腕を切断して短くした 5 腕のクモヒトデ(上図)を用いて行動観察を行った。その結果をもとにモデルを構築し、シミュレーションにより行動観察結果を再現することができたので、報告する。

[1] Arshavskii, Y. I., Kashin, S. M., Litvinova, N. M., Orlovskii, G. N. and Fel'dman, A. G., "Types of locomotion in ophiurans", *Neurophysiology*, vol.8-5, pp.398-404, 1976.

[2] Cobb, J. L. S., and Stubbs, T. R., "The giant neurone system in Ophiuroids I. The general morphology of the radial nerve cords and circumoral nerve ring", *Cell Tissue Res.*, Vol.219, pp.197/207 (1981)

¹ esato@riec.tohoku.ac.jp

ランダム天敵回避行動の理論と実験

Theoretical Framework and Experiment of Random

Avoidance Behavior

阿部真人^{a1}, 笠田実^a, 嶋田正和^a

Masato Abe^{a1}, Minoru Kasada^a, Masakazu Shimada^a

^a東大・広域システム

^aThe University of Tokyo

動物行動における動きのランダムネスは古くから報告されているにもかかわらず、そのランダムネス自体の適応的な意義を問う研究は少ない。餌探索においては、Lévy walkとよばれるランダムウォークの一種が適応的な採餌行動であることが報告されているが、そのランダムネス自体に本質的な意義があるわけではない。動きにおけるランダムネスの生物学的な機能の一つは、他個体からの予測不可能性であると考えられるため、本研究では天敵回避行動に注目し、天敵回避におけるランダムネスの意義を考察するための理論的なフレームワークを新たに構築した。直進的な運動は安全圏までの移動時間は短くなるが、予測不可能性が低下する。一方、ブラウン運動のようなランダムネスを有すると予測不可能性は高いが、安全圏までの移動時間は長くなるというトレードオフがあることを示し、Lévy walkをベースにした中間的な動き方が最適になることを報告する。また、コンピュータのスクリーン上に仮想の逃避するエージェントを配置し、人を天敵として実験を行った結果も合わせて報告し、理論との対応関係や動きにおけるランダムネスと人の意志決定の関係についても議論する。

¹ masatoabee@gmail.com

大変形を伴うアメーバ様ロコモーションの数理モデル

Mathematical Model of Amoeboid Locomotion with Large Deformation

*堀切舜哉^{a,1}, 梅舘拓也^b, 小林亮^c, 石黒章夫^{a,d}

*S. Horikiri^a, T. Umedachi^b, R. Kobayashi^c, A. Ishiguro^{a,d}

^a 東北大・通研, ^b タフツ大, ^c 広島大院・理, ^d JST CREST

^aTohoku University, ^bTufts University, ^cHiroshima University, ^dJST CREST

アメーバと呼ばれる生物は、原始的な単細胞生物であるために脳などの中枢は存在しないが、自身の体を変形させて多様な環境に適応する能力を有している。ゆえにその運動メカニズムは優れた環境適応性を持つシンプルベストな制御則で成り立っていると考えられ、生物の運動メカニズムの根底を解明する糸口になることが期待できる。

先行研究では真正粘菌変形体の特性に着目してモデル構築を行ってきた。真正粘菌変形体の身体にはメカノケミカルな振動子が分布しており、リズムに伸縮を繰り返すことで原形質の流動を起こしている^[1]。各振動子群は力覚情報によってリズム調整を行っており、そこへ原形質流動による物理的相互作用を加えることで真正粘菌が持つ多様な振動モードを再現し、また探索行動と走性を状況依存的に切り替えられるモデルを構築した^[2]。しかしながら先行研究におけるモデルでは大変形を伴いながら環境に適応していく運動は再現されていなかった。

本研究では、先行研究におけるモデルにあらたな適応メカニズムを加えることで大変形を可能とし、障害物や狭窄空間にも適応できるよう改良した。そしてコンピュータ上でのシミュレーションを行った結果、優れた環境適応性を発現するためには、ロコモーションの時間発展に関わる内部パラメータが異なる時間スケールを有していることが必要であるなどの興味深い知見が得られたので報告する。

参考文献

[1] Takamatsu, A., "Spontaneous Switching among Multiple Spatio-temporal Patterns in Three-Oscillator Systems Constructed with Oscillatory Cells of Slime Mold", *Physica D*, Vol.223, pp180-188, DOI: 10.1016/j.physd.2006.09.001, 2006.

[2] 出井遼, 梅舘拓也, 伊藤賢太郎, 石黒章夫, "質的に異なる振る舞いを状況依存的に発現可能なアメーバ様ロボットの自律分散制御", 第30回日本ロボット学会学術講演会, 予稿集(CD-ROM), 1D2-2, 2012

¹ horikiri@riec.tohoku.ac.jp

磯焼けの発生・維持に関する数理モデル

Mathematical model for incidence and sustension of Sea

Desert

岩田 繁英

Shigehide Iwata

東京海洋大学・海洋生物資源

Tokyo university of Marine Science and Technology

藻場は植食者にとって餌となるだけでなく産卵場所としても有用であるため生態系の中で重要な役割を果たす。藻場が衰退する現象は世界的に古くから報告されている。一般に藻場が衰退することを「磯焼け」と呼び、本発表でもこの定義を利用する。

「磯焼け」の問題のひとつは報告された地域によって発生要因が異なることである。主な要因は①水温の変化等による環境要因、②植食性魚類、ウニ等の過度な捕食圧による生物要因である。更に、「磯焼け」が持続する要因もこれら2種類であることが報告されている。

本発表では、上記の「磯焼け」の発生または持続要因になりうる要素をモデル化・解析する。最終的に発生要因となりうる条件、持続要因となりうる条件について考察を行う。

siwata0@kaiyodai.ac.jp

植物群落の多種共存メカニズム

The mechanisms for the coexistence of many species in terrestrial plant communities

鈴木佳祐^a, 伊東啓^b, 柿嶋聡^b, 守田智^c, 上原隆司^b, 泰中啓一^b, 吉村仁^b
Keisuke Suzuki^a, Hiromu Ito^b, Satoshi Kakishima^b, Satoru Morita^c, Takashi
Uehara^b, Keiichi Tainaka^b, Jin Yoshimura^b
^a静大院・工, ^b静大・創造院, ^c静大・工
^{abc}Shizuoka University

ほとんどの陸生植物系において種の多様性は非常に高く、自然界での競争種の共存は普遍的である。そしてこれまで実証研究の観点からはミクロな生育条件の差異により共存が実現しているということが言われてきた。しかし数理理論研究においてその具体的方法が提示された例はない。今回我々はミクロな生育条件の差異により、同じ場所でも種が違えば棲みやすさが異なるということに着目し、従来の格子ロトカボルテラ競争モデルに植物の定着率を加えたモデルでシミュレーションを行った。その結果、10種を超える多種共存が、種毎の発芽しやすさに加えて、定着場所の多様性が増すことにより可能になるということを非常に単純なモデルにより確認した。発芽率で優れる種が絶滅し劣っている種が生存することもあり、発芽率が優れていることだけでなく他種よりも定着率の高い場所を増やすことが種の生存戦略として重要であるということが言えるだろう。つまり、微細環境における発芽・定着率の違いにより、直接的な種間競争が回避されて、共存が可能になっており、微細環境のニッチ分化による多種共存するという理論をシミュレーションにより再現することができた。この研究は、植物群落の多様性、特に温帯林の多様性についても応用できると考えられるためさらなる発展が期待できるだろう。

¹Suzu_kei0430@yahoo.co.jp

意見形成モデルにおける一極集中現象と中立者の影響

Effect of neutrals on polarization in an opinion formation model

竹内大樹^a, 田中剛平^{abd1}, 藤江遼^{cd}, 合原一幸^{ad}, 鈴木秀幸^{ad}

Daiki Takeuchi^a, Gouhei Tanaka^{abd1}, Ryo Fujie^{cd}, Kazuyuki Aihara^{ad},
Hideyuki Suzuki^{ad}

^a東大・情報理工, ^b東大・工, ^cJST FIRST 合原プロジェクト, ^d東大・生研

^{abd}The University of Tokyo, ^cJST FIRST Aihara PJ

集団や群れをなす個体は、行動に関する意思決定をする上で、他の個体の振る舞いを参照する。個体間のコミュニケーションによる情報伝達が、個体の意思決定に影響を与え、その結果として集団行動が生まれる。例えば人間社会では、迅速な情報伝播を可能とするオンラインメディアが、抗議運動や暴動などの集団行動において大きな役割を果たすことが分かってきた。これらは多数派の行動や意見が極端に拡大する一極集中現象と見なすことができる。

本研究では、ネットワーク上の意見形成モデルを用いて、沈黙の螺旋過程を再現し、それによって生じる一極集中現象を調べる。沈黙の螺旋過程とは、自分の意見を少数派だと認識した人々は孤立を恐れて意見を表明しにくくなり、多数派と認識された意見がより支配的になっていく、という一連のプロセスが循環する過程を表す。このモデルでは、各個体は準拠集団における多数派意見を認識しつつ、賛成、反対、または中立の内的意見と社会的協調性に依存して、意見を表明するか保留するかを決定する。我々は、意見表明の伝播ダイナミクスを数値シミュレーションによって調べ、一極集中現象は、中立者の割合が適度で、かつ準拠集団の規模が十分に大きいときに起こりやすいことを示す。また、ハードコアと呼ばれる周囲の意見に流されない人々が一極集中現象に与える影響を考察する。

本研究は、総合科学技術会議により制度設計された最先端研究開発支援プログラム (FIRST 合原最先端数理モデルプロジェクト) により、日本学術振興会を通して助成されたものです。

¹ gouhei@sat.t.u-tokyo.ac.jp

A mathematical information processing and body formation mechanism in development

高瀬光雄

Mitsuo Takase

LINFOPS 有限会社

LINFOPS Inc.

6-21-1-503 Oukurayama Kouhoku-ku Yokohama 222-0037 Japan

GZL03154@nifty.com

Conditions and a mathematical mechanism for a body to be able to be formed according to the information of genes in development is considered and proposed. One of the purposes of this study is to make a mathematical model on PC for the formation simulation. The other is to find the way how for a real biological body to be formed.

[The condition]The main condition for the body formation is that every pair of adjacent two cells should have a similar expressivity of each gene of all expressed genes in each cell.

The condition has the slope continuity. If there are three sorts of cells A, B and C with a similar expressivity of a gene where A has the highest, C has the lowest and B has the average, then the cells are aligned in the order of A, B and C not being aligned like in A, B and A because the expressivity of B can not be nearly the average of those of the adjacent two A cells. and this makes a little distortion. This means holding of slope continuity. Through (1), a body shape formation like sine curve is expected.

Cells with these conditions can have the following abilities.

(1) If there is an expressed gene in each cell by which the cell expresses the value of a point of a sine curve with a wave length, a big group of these cells can make the sine shape along the body length which means the group has a stability when they form the sine curve shape. The multiple sine curve formations with different wave lengths can be formed by having the different number of points in each cycle of each sine curve.

(2) If three genes each of which gives an orthogonal sine curve are given, the condition with the assumption of the orthogonal character of genes like sine curves in a body shape formation can have ability to make a body segmentation like what is done by gap gene, pair-rule gene and segment-polarity gene.

変動環境下における採餌行動

Foraging behavior in stochastic environments

伊東啓^{a1}, 上原隆司^a, 守田智^b, 泰中啓一^a, 吉村仁^a

Hiromu Ito^{a1}, Takashi Uehara^a, Satoru Morita^b,

Kei-ichi Tainaka^a, Jin Yoshimura^a

^a 静大・創造院, ^b 静大・工

^a Shizuoka University Graduate School of Science and Technology

^b Shizuoka University Department of Mathematical and Systems Engineering

多くの生物は、自らが捕食されるリスクの下で、採餌行動をとらなくてはならない。本研究では、簡単なモデルを作成し、変動する環境が採餌行動にどのように影響を与えるのか数学的に解析する。今日まで、生活史では算術平均が大きな役割を持っているとされてきた。しかし、環境が変動する条件の下では、幾何平均から導かれる幾何平均適応度が大きな意味を持つことが知られている。そこで本稿では幾何平均を考慮に入れながら環境がどのように採餌行動戦略に影響を与えるのかを検証する。「食料は無いが安全な巣」と「食料がある捕食の危険がある巣の外」が存在し、巣の外の餌量と捕食者が変動する場合の最適採餌行動時間を求めた。結果は、採餌行動における算術平均・幾何平均両方の適応度から導かれる最適戦略が、従来の餌量、捕食者数だけでなく、環境の発生確率によっても大きく振る舞いを変えることが分かった。そして、採餌行動においては幾何平均最適採餌時間が算術平均最適採餌時間よりも短くなることが非常に一般的であり、強いことが確認されたうえで、その逆は弱くはあるが環境の条件次第で見られることが分かった。

¹ f5345013@ipc.shizuoka.ac.jp

協調的細胞移動のもとでの振動子の同期
Synchronization of coupled genetic oscillators
under collective cell movement

瓜生耕一郎

Koichiro Uriu

理化学研究所 望月理論生物学研究室

Theoretical Biology Laboratory, RIKEN

生物の発生において細胞移動は重要な役割を担う。発生過程における細胞移動で特徴的なのは細胞間で移動方向に相関があることである。これは協調的細胞移動と呼ばれ、例えば神経冠細胞やゼブラフィッシュのlateral line primordiumの移動プロセス、肺や血管の分枝形態形成などの多くの場面で観察される。細胞間相互作用が協調的移動を制御する。問題になるのは協調的移動自体がいかに細胞間の情報共有に影響するかである。この問いに答えるため、本発表ではゼブラフィッシュの体節形成で観察される協調的細胞移動と遺伝子発現振動の同期に注目する。

ゼブラフィッシュの体節形成では、組織で関連する遺伝子の発現が振動する。それぞれの細胞は膜タンパク質Delta/Notchを介した隣接細胞間相互作用で遺伝子発現の振動を同期させる。これらの細胞は組織中を移動することができる。生体内で細胞移動を定量化することにより、隣り合った細胞間で移動方向に正の相関があることが報告された。先行理論研究によれば、細胞間の相対的な位置の変化が起きやすいほど遺伝子発現の振動が同期しやすい。移動方向が細胞間でそろっていると細胞間での相対的な位置の変化が起きにくくなる。そのため直感的には細胞間の移動方向の相関は同期を起きにくくするような気がする。

本発表では数理モデルを使い、細胞の協調的移動が遺伝子発現振動の同期に与える影響を調べる。組織を二次元ボロノイ図で記述し、細胞間に働く力を運動方程式で表現する。それぞれの細胞は極性を持ち、極性の方向へと自律的に移動できるとする。細胞は相互作用により極性を周りにそろえることで移動方向の相関を作り出すとする。体節時計遺伝子の発現を結合位相振動子で記述し、協調的細胞移動がその同期過程に与える影響について議論する。

Email: k.uriu@riken.jp

生物型アルゴリズムを用いた 需要量変動環境におけるネットワーク設計

Network design under conditions of oscillating demand using by a biologically inspired algorithm

渡邊晋^{ab1}, 高松敦子^a, 林泰弘^a

Shin Watanabe^{ab1}, Atsuko Takamatsu^a, Yasuhiro Hayashi^a

^a早稲田大学, ^b日本学術振興会特別研究員 DC

^aWaseda University, ^b JSPS Research Fellow

私たち人間を始め、動物や植物、昆虫に至るまで生物は環境適応的に振る舞うことが知られている。例えば、鳥の群れの飛行やアリの行列などは環境や種に依存して形成パターンを変化させる。真正粘菌変形体（以下、粘菌と呼ぶ）というアメーバ様生物も環境適応的に形態を変化させる生物の一つである。粘菌は体内に構築した輸送管ネットワークを通して原形質流動を行うことで酸素や栄養分を全身に運搬している。広がった粘菌に複数の餌場を設置すると、餌場間を短距離で結ぶ管では流量が多くなり、管は太く成長する。やがて粘菌は餌場を最短経路で結ぶ輸送管ネットワークを形成する[2]。手老らにより提唱された粘菌アルゴリズムはこの適応過程を模倣したものであり、経路探索問題やネットワーク形態設計・流量設計の問題[1, 3, 4]に応用されてきた。既存の研究では需要量を一定としていたが、本研究では時間変動する需要量を想定して電力網における送配電線のネットワーク設計を考える。電力網では夏期や冬期に需要量が増加し、一日の内でも需要家の活動時間帯に需要量が増加する。さらに活動時間帯は各需要家によって異なる。

本研究では、発電所1基と需要家2軒から構成される単純なネットワークについて解析を行った。そして、需要家では需要量変動し、その変動の位相差をパラメータとして与えネットワーク形態を計算した。その結果、粘菌アルゴリズムによって計算されるネットワーク形態は位相差とアルゴリズムの適応過程を表すパラメータに依存することがわかった。得られたネットワークについては、建設コスト、電力損失、脆弱性を表す3つの評価関数で評価を行った。パラメータ依存性についてはより単純なモデルを対象にして平衡解の安定性解析を行った。

参考文献

- [1] A. Tero, R. Kobayashi, and T. Nakagaki, *J. theor. Biol.*, **244**, 553-564, 2007.
- [2] T. Nakagaki, H. Yamada, and A. Toth, *Biophys. Chem.*, **92**, 47-52, 2001.
- [3] A. Tero, *et al.*, *Science*, **327**, 439-442, 2010.
- [4] S. Watanabe, A. Tero, A. Takamatsu, and T. Nakagaki, *Biosystems*, **105**, 225-232, 2011

¹ shin_w@fuji.waseda.jp

アポトーシスとHIV感染症 Apoptosis Model in HIV Infection

川瀬 大樹^{1 a}, 竹内康博²
静岡大学院工学研究科¹,
青山学院大学理工学部²
H.Kawase¹, Y.Takeuchi²
Shizuoka University,¹
Aoyama Gakuin University²

HIVとはヒト免疫不全ウイルスであり、「エイズウイルス」のことである。HIVはヒトの免疫機能の発動に必要なCD4+T細胞というリンパ球に感染し増殖する。感染初期は高いウイルス量を持っているが、多くの場合は数日から10週間程度で症状は軽くなり、その後症状の出ない無症候期に入る。無症候期の期間は人によって違い、10年以上続く人もいれば感染後、短期間のうちにエイズ発症する人もいる。体内では、ウイルスがCD4+T細胞に感染し、感染したCD4+T細胞をCTLが破壊するというプロセスが繰り返されるため、動的な平衡状態にある。無症候期を通じてCD4+T細胞数は徐々に減少し、血液中のCD4+T細胞がある程度まで減少すると、身体的に免疫不全症状を呈する。

本研究ではHIV感染において重要な役割を果たすアポトーシスに着目する。アポトーシスとは、細胞の死に方の一つであり、個体をより良い状態で保つために管理・調整された細胞の自殺である。未感染のCD4+T細胞は、HIVからの特別なたんぱく質を受け取ると自殺し、体内のウイルスを増やさないようにするのである。しかし、このアポトーシスが裏目に出て免疫の働きが低下し、AIDSの発症に繋がるのである。数理モデル解析結果より、アポトーシスの頻度が大きくなると無症候期間はアポトーシスのない場合より短くなり、感染者にとってAIDS発症のリスクが大きくなるのではないかと予想される。また、アポトーシスの挙動を表す関数の変化が無症候期間に及ぼす影響についても考察していきたい。

参考文献

- [1] Gang Huang, Yasuhiro Takeuchi, Andrei Korobeinkov, HIV evolution and progression of the infection to AIDS. *Journal of Theoretical Biology*, in press
- [2] S.Iwami, S., Nakaoka, Y. Takeuchi (2008). Viral diversity limits immune diversity in asymptomatic phase of HIV infection. *Theoretical Population Biology*, 73, pp.332-341 2008

^a f0230240@ipc.shizuoka.ac.jp

システム生物学におけるベイズパラメータ推定

Bayesian parameter inference in systems biology

*村上陽平^{a1}, 高田彰二^a

*Y.Murakami^a, S.Takada^a

^a 京大院・生物物理

^a Kyoto University

システム生物学において数理モデルでシミュレーションを行う際、モデル中の生化学反応などの速度パラメータ値が決定されている必要がある。しかし、それらの値は実験的にわかっていないものも多い。このような場合、ベイズ統計の枠組みで既存の実験結果を再現できるように未知のパラメータの事後分布を求めて推定を行う、ベイズパラメータ推定を利用することができる。

本研究では、細胞集団について為された実験結果を拘束条件として用いてパラメータ推定を行う際に、『細胞集団中の個々の細胞は異なる量のタンパク質を発現している』ことを反映させながらベイズパラメータ推定を行う方法を考案した。考案した方法はポピュレーション型モンテカルロ法の1つであるポピュレーションアニーリング[1]によって実装した。本発表では、この方法を創作したおもちゃモデルに適用して、方法の有効性についてテストした結果を報告する。

参考文献

[1] K. Hukushima and Y. Iba (2003) AIP Conf. Proc. **690**, 200-206

¹ murakami@theory.biophys.kyoto-u.ac.jp

性拮抗的共進化における直接・間接選択が性の維持に与える影響

Relative effect of direct and indirect selection in sexual antagonism on the maintenance of sex

川津一隆

Kazutaka Kawatsu

龍谷大・理工

Faculty of Science and Technology, Ryukoku University

古典的な性選択理論では、魅力的な形質を持つオスとの交尾は、メスにとって子の生存率を高めるという直接的利益だけでなく、魅力的な形質を受け継ぐ息子を通じた繁殖成功の上昇という間接的利益 (sons effect) をもたらすとされる。同様の間接選択は性的対立においても生じうるが、オスのセクハラのようにメスにコストを与える形質に対しては、直接選択が間接選択を相殺する方向に働くことになる。そのため性拮抗的共進化において sons effect が果たす役割については永らく議論となってきた (Cameron et al. 2003)。

本研究では以上の問いを明らかにする系として、生殖様式 (有性・無性) を巡る性的対立に着目した。この場合、直接選択に関しては、メス:性の2倍のコストを避け、無性生殖を行う、オス:無性生殖を阻止し、有性生殖を強要する、というオスとメスで拮抗する選択圧が働く。また、この系ではオス形質が存在する遺伝子座 (常染色体/性染色体) を変えることでオス形質に関する sons effect の発生を操作することができる。そこで遺伝システムが異なる2種類の集団遺伝モデルを作成し、比較を行った。その結果、間接選択がない場合でもオス形質は集団中に固定できるが、間接選択が働く遺伝システムの方がその領域が広がる事が明らかとなった。以上の結果は、性的対立においても間接選択が共進化の結末に影響を与えていることを示唆している。

kazutakawatsu@gmail.com

4 脚動物と 6 脚動物の脚間協調メカニズムは共通か？

How do quadruped and hexapod animals differ in interlimb coordination mechanism?

中村憲^a, 遠藤栄進^a, 大脇大^a, 石黒章夫^{a,b}

Ken Nakamura^a, Eishin Endo^a, Dai Owaki^a, Akio Ishiguro^{a,b}

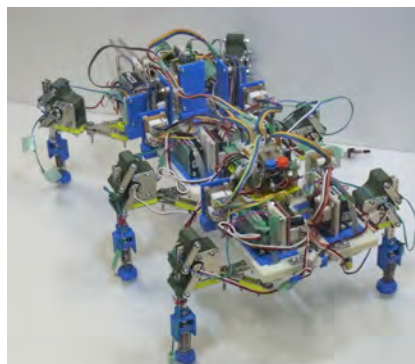
^a東北大, ^bJST CREST

^aTohoku University, ^bJST CREST

多脚動物は、歩行速度や身体特性、環境に応じて脚間の協調関係を巧みに変化させることで、適応的なロコモーションを実現している。このような適応的なロコモーションは、CPG (Central Pattern Generator) と呼ばれる神経回路によって自律分散的に生成されると考えられている。しかしながら、脚間協調の発現機序は依然として明らかとなっていない。

著者らは最近、4脚動物に注目し、局所的な力覚フィードバックのみによって歩容生成が可能な CPG モデルを提案した。4脚ロボットを用いて本モデルの妥当性を検証した結果、力覚を介した脚間の物理的な相互作用を活用することで、脚間の神経結合がなくとも、4脚動物の示す多様な振る舞いを再現可能であることを示した^[1]。

本研究では、同モデルの6脚ロコモーションへの適用性を検証する。具体的には、力覚を介した脚間協調メカニズムのみから6脚動物の示す歩行が再現可能かを検証する。この検証のために6脚ロボットを製作して実験を行った。本発表では得られた結果に基づいて、4脚動物と6脚動物の脚間協調メカニズムの共通性および相違性について議論する。



製作した6脚ロボット

参考文献

[1]Owaki et al., "Simple robot suggests physical interlimb communication is essential for quadruped walking," J. Roy. Soc. Interface, vol.10, no. 78, 2013.

¹ ken@riec.tohoku.ac.jp

温暖化による害虫の定着と耕作の意思決定

Decision making of cultivation and pest settlement by
global warming福井 真^{a1}, 横沢 正幸^aShin Fukui^{a1}, Masayuki Yokozawa^a^a 農環研・大気環境領域^aNational Institute for Agro-Environmental Sciences

地球温暖化により、生物の生息域変化が現実になりつつある^[1]。これにより、農作物への被害をもたらす新たな害虫の侵入が進行している^[2]。侵入害虫の定着は温暖化による越冬可能性を高めたことも然ることながら、殺虫剤噴霧などの対策が及ばない耕作放棄地が増加していることにも起因している可能性がある。本研究では、土地利用としての耕作面積率と耕作に伴うコスト、収穫のベネフィット、ならびに食害による被害の利益低下をモデル化し、害虫の分散により近隣農家で一定個体数の害虫を共有する状況での農家の土地利用戦略を考える。害虫の食害は越冬可能な個体数に依存すると仮定すると、温暖化により越冬可能性が大きくなれば、耕作放棄割合を大きくする戦略が選ばれることがわかった。害虫の分散が他地域まで広がる場合、害虫の分散能力により耕作戦略も影響を受ける。この結果からどのような戦略をとることが分布拡大の防止になるかを考察する。

参考文献

[1] Hughes (2000) TREE

[2] Kiritani (2006) Popul. Ecol.

fshin3@affrc.go.jp

温度と日長のシナジーとして植物の開花時期を考える

Understanding flowering timing based on a synergy of temperature and photoperiod

佐竹暁子 Akiko Satake

北大・地球環境 Hokkaido University

私たちの住む地球は、地軸が傾いた状態で太陽の周りを1年で1周のスピードで回っている。こうした地球の公転によって、北半球の中緯度に位置する日本では、温度と日長が一年の間に周期的に変化し、季節が生まれる。多くの植物の開花時期はこの季節変化に強く制約を受けている。たとえば越冬の後、春に開花する植物では、冬の低温を経験して初めて花芽形成が誘導される。このことは春化と呼ばれ、春まきと秋まき小麦の違いに代表されるように古くから知られていた現象である。近年、春化や日長応答の分子メカニズムが解明されたことによって、植物の環境応答の仕組みが分子レベルで次々とわかってきたにも関わらず、自然環境でみられる複雑な条件のもとで植物がどのように季節の移り変わりに応答し適切な時期に開花できるのかは、未解明のままであった。

先行研究において私たちは、春化に依存して開花時期が決まるアブラナ科植物ハクサンハタザオを用いて、室内実験・数理モデル・野外実験という異なるアプローチを統合し、遺伝子発現量に立脚した開花時期予測モデルの開発に成功した。この予測モデルでは、春化において重要な開花調節遺伝子 *FLC* 遺伝子とフロリゲンとして知られる *FT* 遺伝子という、たった二つの遺伝子で構成された非常にシンプルなモデルであるにも関わらず、複雑な自然条件で観察された遺伝子発現量の季節変化と、開花の開始および終了時期（開花フェノロジー）を精度良く再現することができる。

本研究では、温度と日長の様々な組み合わせから多様な環境を作りだし、各環境下で予測モデルをもとに開花フェノロジーを推定し、特定の環境に対する植物の適応戦略を検討した。この際、適応度は開花フェノロジーの関数として花数をカウントした実験データから推定した。環境に応じて、温度と日長シグナルを統合する制御ネットワークがどのように進化するかを示す。

satake@ees.hokudai.ac.jp

哺乳動物の生息地適性シミュレーション

A habitat potential simulation for mammals

小森谷均^{a1}, 永野友子^a, 井土幸夫^a, 胡勝治^a

Hitoshi Komoriya^{a1}, Tomoko Nagano^a, Sachio Ido^a, Katsuji Ebisu^a

^a富士通研究所

^aFujitsu laboratories ltd.

ある対象地域において生息する多様な生物種が持続的に生息することを評価するため、生息地の面積・連結性、水系の有無、垂直構造の複雑性、人間の脅威等から、その地域の生息地適性を評価する景観生態学的手法が提案されている[1]。哺乳動物は一般的に広葉樹林を生息地とし、針葉樹林、耕作地以外の草地、水辺等を通過経路としているので、哺乳動物が通過可能な針葉樹林等を挟んだ広葉樹林は、連結された生息地とみなすことがほぼ可能と考えられる。一方、哺乳動物に関する過去の測定データから、草食と肉食で係数は異なるが生息密度や行動範囲は体重と一定の関係[2]にあるので、哺乳動物のそれぞれの種に対して最小存続可能個体数と生息密度から必要な生息面積が計算可能である。以上の2つの考えを元に、神奈川県厚木市周辺における連結された生息地の面積と、数種の哺乳類に必要な生息面積を比較することにより生息地適性のシミュレーションを行った。哺乳類の生息データを用いてシミュレーションの妥当性を検討したところ、一定の生息地適性を推定できるとの見通しを得た。なお、神奈川県厚木市周辺の生息地の面積は環境省第3、6回自然環境保全基礎調査植生調査の成果を使用し、哺乳類の生息データは環境省第3、6回自然環境保全基礎調査哺乳類調査の成果を使用した。

参考文献

[1]D.B. Lindenmayer, J.F. Franklin, J. Fischer(2006), “General management principles and a checklist of strategies to guide forest biodiversity conservation”, Biological Conservation 131(2006) 433-445

[2]環境省, 平成7年版環境白書(1995),

<http://www.env.go.jp/policy/hakusyo/hakusyo.php3?kid=207>

¹ komoriya.hitosh@jp.fujitsu.com

狭窄空間におけるヘビのロコモーションの数理モデル

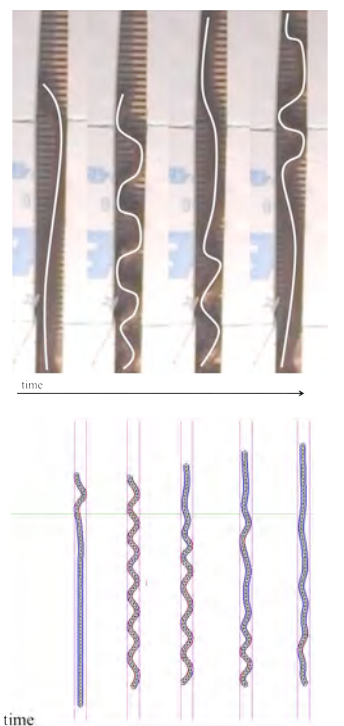
Mathematical model of snake locomotion in narrow channels

* 佐竹冬彦^{a1}, 加納剛史^a, 伊達央^b, 井上康介^c, 石黒章夫^{a,d}
 * Fuyuhiko satake^{a1}, Takeshi Kano^a, Hisashi Date^b, Kousuke Inoue^c,
 Akio Ishiguro^{d,e}

^a東北大・通研, ^b防衛大・情報工, ^c茨城大・工, ^dJST CREST
^aTohoku University, ^bNational Defense Academy of Japan,
^cIbaraki University, ^dJST CREST

ヘビは身体に有する膨大な自由度を巧みに操ることで、環境に応じて質的に異なる振る舞いを発現する。特に狭窄空間においては、自身の身体の一部を壁に接触させ、身体が壁から受ける力を利用して前方へ推進する、コンセルティナーロコモーションと呼ばれる移動様式を発現する(右図)。このロコモーションは何らかの自律分散的なメカニズムにより発現していると考えられるが、その詳細は未だに明らかになっていない。

本研究では、狭窄空間におけるヘビのコンセルティナーロコモーションの数理モデリングを行う。近年伊達らは、身体がなす曲線の曲率微分に比例した曲げモーメントを各所で発生させると効率的に蛇行推進できることを理論的に示し、この結果をもとにした自律分散制御則を提案した[1]。本研究では、この制御則に身体側壁の圧感覚情報に基づく局所センサフィードバックを加えた自律分散制御則を提案する。シミュレーションの結果、提案制御則により狭窄空間におけるコンセルティナーロコモーションを再現することができたので報告する。



参考文献

- [1] H. Date, Y. Takita, Adaptive Locomotion of a Snake Like Robot Based on Curvature Derivatives, Proc. of the 2007 IEEE/RSJ International Conference on Intelligent Robots and Systems, pp. 3554-3559, 2007.

¹ satake@riec.tohoku.ac.jp

連続空間におけるしっぺ返し戦略の個体群動態モデル

A spatial population dynamics model of tit for tat strategy on continuous space

有吉夏未^{a1}, 高須夫悟^b

N. Ariyoshi^{a1}, F. Takasu^b

^a奈良女大院・人間文化, ^b奈良女大・理

^{ab}Nara Women's University

近年、囚人のジレンマゲームなどの進化ゲームにおいて空間構造の効果に注目する研究が数多くなされている。しかし、従来の解析の多くでは空間を格子状に区切った離散空間が仮定されている。本研究では、各個体が二次元空間上の自由な位置をとる連続空間を想定し、個体の視点に基づく個体ベースゲームとして従来の進化ゲームを再構築することを試みる。協力の進化ゲームでは、プレイヤーの基本的な戦略として協力と裏切りの2種類の行動を考える。しっぺ返し戦略やパブロフ戦略といった直前の経験に応じて行動を変える戦略が協力の進化に深く関わっていることが知られている。しかし、従来の利得表に基づく進化ゲーム理論の解析は1対1での対戦のみを仮定しており、しっぺ返し戦略をとるプレイヤーは相手にされたことをそのまま相手に返すだけで、誰にされたのかという相手を認識する記憶の概念が無視されてきた。本研究では、しっぺ返し戦略がとる行動として直前の対戦で相手にされた手のみを記憶し、次戦で相手構わず直前の手を八つ当たりのように繰り返す戦略と、過去に対戦した全ての相手とその手を記憶し、再び相手に遭った時に当時された手を返す戦略の2種類の戦略を考える。連続空間上の複数のプレイヤーが互いに距離に応じて対戦を繰り返す状況では対戦相手は毎回異なるので、過去の対戦相手を正しく認識できるかどうかの問題となる。シミュレーション解析により、過去に対戦した相手と相手が繰り返した手を正しく記憶することが適応的であるかを探る。

¹ariyoshi-natsumi0902@ics.nara-wu.ac.jp

場と相互作用する生物集団の秩序形成

Mesoscopic models for chemotaxis and population pressure

小田切健太¹

Kenta Odagiri

明治大・MIMS

MIMS, Meiji University

バクテリアの走化性に代表されるように、外部環境（場）と個体との相互作用は、生物集団の秩序形成において重要な役割を果たす。実験結果を基にして、個体の挙動を詳細に記述するミクロな視点からのモデル化が行われている一方で、個体群の秩序形成については偏微分方程式を用いたマクロな視点からのモデル化も以前から行われている。

本発表では、ミクロとマクロを繋ぐメゾスコピックスケールでのモデル化を目指し、走化性を示す粒子集団および個体群圧力による粒子集団の秩序形成のメゾスコピックモデルを紹介する。また、これらのモデルに、排除体積効果を採り入れたモデルもあわせて紹介する。

¹k_oda@meiji.ac.jp

不均質環境下における個体群動態

Population dynamics in heterogeneous environment

-Application of fractal reaction theory-

八島健太^{1a}, 鈴木清樹^b, 佐々木顕^a

Kenta Yashima^a, Sayaki U. Suzuki^b, Akira Sasaki^a

^a総合研究大学院大学, ^b中央農業総合研究センター

^aGraduate University for Advanced Studies, ^bNARO Agricultural Research Center

In order to deal with the heterogeneous nature of the environment, formulation based on lattice models and metapopulation models are commonly used in mathematical ecology. These models are analyzed by a numerical method such as Individual based model and by a theoretical method such as pair approximation. On the other hand, in the field of chemistry it is well known that a theoretical framework based on fractal reaction is efficient in dealing with the chemical reactions in heterogeneous medium. This theory is effective when the movements of the reactants exhibit a peculiar behavior termed anomalous diffusion. It has been found recently that the movements of some walking insects show an anomalous diffusion. Given these results, we propose a new theoretical framework in mathematical ecology; application of fractal reaction theory to population dynamics in heterogeneous environment. We have applied the theory to a plant pest disease model and derived an analytic form of basic reproduction ratio R_0 that incorporates the heterogeneity of environment explicitly. We would like to discuss the effectiveness of this theoretical framework further on.

¹kenta.yashima@gmail.com

空間的非一様興奮性媒体における自発的なスパイラル波の生成

Spiral formation in heterogeneous discretized excitable media

木下修一^{1*}, 立石恵大², 岩本真裕子^{1,2}, 末松 J. 信彦^{1,2}, 上山大信^{1,2}

明治大学先端数理科学インスティテュート (MIMS)¹

明治大学先端数理科学研究科²

Shu-ichi Kinoshita^{1*}, Keita Tateishi², Mayuko Iwamoto^{1,2}, Nobuhiko J. Suematsu^{1,2} and Daishin Ueyama^{1,2}

Meiji Institute for Advanced Study of Mathematical Sciences (MIMS)¹
Graduate School of Advanced Mathematical Sciences, Meiji University

2

興奮性媒体におけるスパイラル形成は幾つかの生物システムにおいて見られ、システム維持のための機能を担う面もあれば逆にシステム崩壊に至る場合もある。前者の例としては、ハチ (*Apis dorsata*) が巣の防御のために巣表面上で振る舞う集団的な防御行動があり、後者の例としては心臓において現れるスパイラル波 (スパイラルリエントリー) が上げられる。このような興奮性媒体上のスパイラル波については実験・数値計算の両面から研究されており、不応期の影響により興奮波が切れる現象 (Vulnerability)、障害物の影響、空間的な非一様性の影響などによりスパイラル波が発生する事が知られている。

本研究では細胞間結合強度の非一様性が興奮場における電位伝播に与える影響に着目し、スパイラル波が発生するメカニズムを実験・数値計算の両面から明らかにした。我々は特定のシステムと言うよりむしろ空間的に非一様な興奮性媒体において現れる普遍的な特徴を明らかにする事を目的とし「光感受性 BZ 反応系」、「離散 FitzHugh-Nagumo モデル (D-FHN)」、「Cellular Automaton モデル (CA)」の3つの手法を用いスパイラル波の形成メカニズムについて調べた。その結果、非一様な細胞間結合が存在する興奮場においてスパイラル波を生み出す原因として一方向性を持つパスが重要である事が分かった。

参考文献

S. Kinoshita, M. Iwamoto, K. Tateishi, N. J. Suematsu, and D. Ueyama, "Mechanism of spiral formation in heterogeneous discretized excitable media", *Physical Review E*. 87, 062815 (2013).

* kinop@meiji.ac.jp

進化ゲーム理論を用いた不確実な状況下での行動選択の解析

Analysis of action selection under uncertainly using evolutionary game theory

田邊奨馬^a, 増田直紀^{a1}

Shoma Tanabe^a, Naoki Masuda^{a1}

^a東大院・情報理工

^a Tokyo Univ., Department of Mathematical Informatics

概要

得られる報酬が不確実な状況下で、人間のリスクに対する嗜好性は、様々な条件によって変化する[1][2]。人間のリスクに関する心理学的バイアスについて定量的な理解をするために、経済学系の研究では、人間の効用関数を定義して選択肢の優劣を議論するのが一般的である[3]。

本研究では、このような状況におけるエージェントの行動選択を、進化ゲーム理論を用いて解析した。我々は、1回のゲームでプレイヤーに与えられる利得が2つの可能な値のどちらかであると仮定した。これらの選択肢の集合には、正の報酬と負の報酬が等確率で得られる選択肢や、小額ながら正の報酬が高確率で得られる選択肢などが含まれる。どの選択肢が集団内で生き残りやすいかを数値計算した結果、任意の選択肢よりも生き残りやすい選択肢は存在しないことが分かった。また、adaptive dynamics によって、戦略が時間変化する様子を解析した。本研究で得られた結果は、各選択肢を採用するプレイヤーの割合が周期的に時間変化する可能性を示唆する。

参考文献

[1] M. Allais. *Econometrica*, 21, 503-546 (1953).

[2] D. Kahneman and A. Tversky. *Econometrica*, 47, 263-291 (1979).

[3] I. Finkelshtain, K. Offer, and S. Marco. *Journal of Mathematical Economics*. 31, 239-250 (1999).

¹ masuda@mist.i.u-tokyo.ac.jp

培養系におけるウイルスの接触感染の進化シミュレーション

Evolution of contact dependent viral infection *in vivo*

佐伯晃一^{a1}, 佐々木顕^a

Koichi Saeki^{a1}, Akira Sasaki^a

^a総合研究大学院大学, ^aSOKENDAI

Continuing passages of viruses will cause evolution of viral phenotype. For example, a non-fusogenic recombinant measles virus evolves into mutant viruses which regain the ability to induce membrane fusion [1]. Fusion-enhancing mutations are found in the strains obtained from patients of Subacute sclerosing panencephalitis (SSPE) [2], which is a fatal degenerative disease caused by persistent measles virus infection in the central nervous system. To reveal the process of evolving highly fusogenic mutant will contribute to our understanding of SSPE.

Enhancing fusion directs viruses to contact dependent infection rather than global infection by producing virions because these mutations greatly contribute to viral spread via cell-to-cell fusion. Here we attempt to simulate the evolution of contact dependent infection under *in vivo* situation. The model is a lattice model in which reproduction is local but infection can vary between completely local and completely global. Boots and Sasaki (1999) discussed the evolution of virulence [3]. In this study, we will address the evolution of the proportion of the global infection P , and investigate the condition to direct the local infection.

Reference

- [1] Shirogane Y., Watanabe S., Yanagi Y., 2012. Cooperation between different RNA virus genomes produces a new phenotype. *Nat. Commun*
- [2] Watanabe S., Shirogane Y., Suzuki SO., Ikegame S., Koga R., Yanagi Y., 2013. Mutant fusion proteins with enhanced fusion activity promote measles virus spread in human neuronal cells and brains of suckling hamsters. *J. Virol.*
- [3] Boots M., Sasaki A., 1999. 'Small worlds' and the evolution of virulence: infection occurs locally and at a distance.

¹ saeki_koichi@soken.ac.jp

複数ボトルネックを持つ群集退出流れ

Pedestrian egress flow through multiple bottlenecks

江崎貴裕^{a1}, 西成活裕^b

Takahiro Ezaki^{a1}, Katsuhiko Nishinari^b

^a東大院・工, ^b東大・先端研

^aThe University of Tokyo, ^bRCAST, The University of Tokyo

人の群集運動において、建物からの避難・退出の研究は最重要課題として依然注目を集めているが、未だに多くの課題が残っている。その一つが、ボトルネックを複数持つ系からの退出である。ボトルネックが一つの場合は退出時間などの見積もりが容易であるが、実際の建物では複数の経路が存在し、人の流れの合流や分岐といった複雑な現象を考慮にいなければならない。いくつかの研究で個別の建物からの退出をシミュレートしたものが知られているが、そこから建物をどう設計すべきか、ほかの建物についてはどうか、といった知見が引き出せるものではない。本研究ではこの問題に対する第一歩として、建物をボトルネックのネットワークとしてとらえることで、それらの比較的ローカルな性質について調べ、下記のような結果を得た。

- 1) 一つのボトルネック要素において交通流のメタ安定現象に似た現象が起きる。
 - 2) 複数のボトルネックを連結するとき、手前のボトルネックをあえて強くする（流れを悪くする）ことにより逆に全体での退出時間が早くなることもある。
- これらの結果はフロアフィールドモデルの枠組みの中ではある程度理論的にも理解することができ、流量やメタ安定が出うる領域について近似的な表式を得た。

¹ ezaki@jamology.rcast.u-tokyo.ac.jp

視覚情報処理の神経モデル

A Neural Model for Visual Information Processing

上山彬一¹, 藤田一寿, 櫻森与志喜

Akikazu Kamiyama, Kazuhisa Fujita, Yoshiki Kashimori

電気通信大学大学院 情報理工学研究科

The University of Electro-Communications

1. 背景

我々が物を識別する際に、全体をまんべんなく見るだけでなく、そのものを把握するうえで特徴のある部分に自然と注意を向ける。脳ではそのような注意に基づいた視覚認識を行うが、その詳しい機構は明らかになっていない。物体に注意を向けている時、前頭前野 (PFC) の前頭眼球運動野 (FEF) では、 γ ヘルツと呼ばれる40~60Hz の周期での発火が確認されている^[1]。本研究では、注意によって物体の特徴がどのように取り出されるのかについて、視覚モデルを作成し、その神経機構を探る。

2. モデル

図1に、作成した視覚モデルを示す。網膜には画像に適した輝度分布を持つ入力画像が入力される。一次視覚野 (V1) では、Gabor 関数の畳み込み積分により、画像の角度成分を抽出する。二次視覚野 (V2) では、V1の少し広い領域の入力を平均化する。四次視覚野 (V4) では、V2の角度成分をまとめる。下側頭葉 (IT) では、V4の複数の特徴を結合し、1つの物体として表現する。注意信号は、注意を向けている時、FEF から V4へと送られ、一定周波数の電位振動が発生する。V2及び、V4、IT、FEF は、Leaky integrate-and-fire (LIF) ニューロンモデルに基づく2次元ネットワーク構造を持つ。

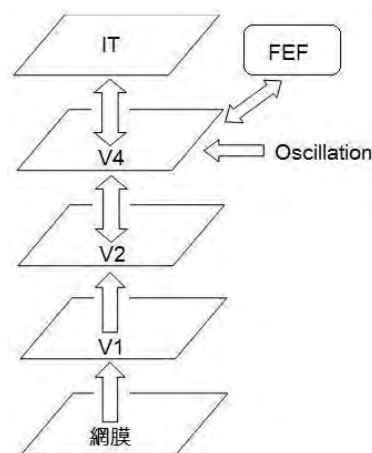


図1. モデルの概要

3. 結果

Gregorious らが示した、FEF と V4でのニューロンの発火のスパイク発火の同期特性^[1]を再現した。また、FEF と V4間だけではなく、FEF と V4と IT の間にも同期性が見られた。これらが同期性を強めることによって、注意を向けている物体の特性が強く結び付けられている。

¹ akikazu.kami@gmail.com

^[1] Gregorious et al., Science 324:1207-1210 (2009)

寄生者の水平感染と毒性が宿主の移住行動に及ぼす効果

Parasite virulence, horizontal transmission and the evolution of host dispersal

入谷 亮介*

Ryosuke IRITANI*

* 九州大学 数理生物学研究室 D1 ; 日本学術振興会特別研究員 DC1

* Mathematical Biology Lab., Kyushu Univ.; JSPS Research Fellow DC1.

生物の移住・移動分散は集団の遺伝的な構造を改変し、集団の組成に大きく寄与することで、進化的に大きな影響を与える。その1つが、宿主・寄生者の相互作用への影響である。これまで、宿主の移動分散が寄生者の局所適応にどのような影響を及ぼすのか、詳しく研究されてきた。しかし、寄生者感染そのものが宿主の移動分散の進化に与える影響は、よく解っていない。今回その影響を、包括適応度のなアプローチを用いて解析した結果を紹介する。主に、次のような結果が得られた：(1) 健康個体、感染個体の移住にかかるコストは、移住ステージ中に起こる様々なイベントによって変動し、それが進化的に安定な移住率のバイアスを引き起こす (Taylor & Frank 1996, Frank 1998, Rousset 2004, Iritani & Iwasa under review)。その移住率は、CSS (Convergence Stable Strategy) であることが凸計画問題によって証明できる；(2) 移住ステージ後に起こる頻度依存的な水平感染があり、健康・感染個体の移住のコストが等しい場合は、負の頻度依存選択が作用し、進化的に安定な移住率は存在しなくなる。以上の結果は、宿主・寄生者系での宿主の移住率の進化ダイナミクスの理解には、移住中・移住後の生物学的なイベントを考慮する必要があることを示唆する。この結果を整理し、「血縁者に寄生者を感染させない」という力が駆動する移住率の進化論とその解釈を紹介する。

* Lambtani@gmail.com

3種の種間相互作用タイプが共存する生物群集の安定性

Stability of ecological community with three interaction types

舞木昭彦^a, 近藤倫生^{b1}

Akihiko Mougi^a, Michio Kondoh^{b1}

^a島根大・生物資源科学, ^b龍谷大・理工

^aShimane University, ^bRyukoku University

生物群集における種多様性の維持メカニズムの解明は、群集生態学における古典的な課題の一つである。種間相互作用によって個体群動態が駆動されるとき、種数が増加するほど、そして種間相互作用の数・強さが大きくなるほど、個体群動態が不安定になるとの理論予測がある。だが、現実の生態系ではこの理論予測に反して、非常に多くの種類の生物種が様々な関係を互いに結びつつも、安定に共存しているように見える。この理論と観察の間のギャップを埋めるための研究が、これまで数多く進められてきた。

私達は、種間相互作用の多様性が、生物群集の複雑性（種数・結合度）と個体群動態の安定性の間に及ぼす影響に注目して理論研究をおこなってきた。すでに、敵対関係（捕食-被食関係や寄生関係）と相利関係の2種類の相互作用を考慮した生物群集モデルを利用して、特定の条件のもとでは両相互作用の共存が個体群動態を安定化しうること、正の複雑性-安定性効果を生み出しうることを報告した [1]。

本研究発表では、この研究を3種の種間相互作用が存在する生物群集に拡張した。具体的には、敵対関係、相利関係に加えて、競争関係（相互に負の直接効果）を考慮した群集動態モデルを利用して、個体群動態が安定になる条件を調べた。その結果、種間相互作用が2種の場合と同様に、複数の相互作用の共存による安定化効果、正の複雑性-安定性効果が見られた。また、これ以外にも、敵対関係にヒエラルキーが存在することが個体群動態の安定化や複雑性効果に対して強い影響を及ぼすことが明らかになった。

[1] Mougi & Kondoh (2013) Diversity of interaction types and ecological community stability. *Science* 337: 349-351.

¹ mkondoh@rins.ryukoku.ac.jp

粘菌結合振動子系の数理モデル化

— 結合成長を考慮した結合振動子系における時空間パターン形成 —

A mathematical model for coupled oscillator systems of plasmodial slime mold
-Spatio-temporal patterns formation in oscillator system with growing coupling-碓周介^{a1}, 高松敦子^aShusuke.Ikari^{a1}, Atsuko.Takamatsu^a^a 早稲田大学^aWaseda University

真正粘菌変形体（以下、粘菌と呼ぶ）では細胞の厚みが周期的に変動する [1]。これは細胞骨格の状態が局所的に変化することで、近傍との間で圧力差が発生することによって生じる。その結果、管内を原形質が受動的に流動する。一方、管径は管内を流れる原形質の流量に応じて変化する。その変化に伴い、細胞の厚みの変化にも影響すると考えられる。

粘菌は切断してもそのまま生存し、以前と同様に厚みが周期的に変動する。このことから、粘菌を複数の振動子が相互作用する結合振動子系と見なすことが可能である。これまで、粘菌が示す時空間パターンを理解するために、粘菌で結合振動子系を人工的に構築し、その振る舞いが調べられた [2]。その結果、結合強度に相当する量に依存して様々な時空間振動パターンが出現すること、これら複数の振動パターン間を自発的に遷移することが明らかにされている。

本研究の目的は実験で観察された厚み振動の時空間パターンが、どのようなメカニズムで現れるのか明らかにすることである。そのための手法として結合強度が原形質流動の量によって変動する結合振動子モデルを用いる。この結合強度の変動を表すために、原形質の流量に対する成長速度がヒルの式で表される管径成長方程式を導入した [3]。このモデルから得られる振動パターンが、実験結果と比較してどのようなになるかを調べる。

2振動子系では実験系と同じ振動パターンが得られた。3振動子系では、結合強度を一定とした結合振動子系の場合には1つの振動パターンしか得られなかった。それに対し、結合強度の変動を取り入れることで粘菌と同様に複数の振動パターンが得られた。固有振動数が均一な系では、初期値依存の振動パターンが得られ、定常的にそのパターンで振動を持続する。固有振動数の均一性を一部崩すと、流量に対する成長速度が緩やかな場合には自発的に振動パターンが切り替わる振動が得られた。流量に対する成長速度が急な場合には定常的な振動が得られた。

これらの結果から、自発的に振動パターンが切り替わるには、原形質の流量に対する管径の成長速度の度合いが影響することが示唆される。実験ではチャンネル幅（管径の最大値に相当）に依存して振動パターンの出現率が変化することがわかっているため、今後は本モデルを用いてその視点で解析を進める予定である。

参考文献

[1] 高松敦子, 複雑系叢書 6 コМПレックス・ダイナミクスの挑戦, 早稲田大学複雑系高等学術研究所編, 共立出版, 2011, 3-37

[2] A.Takamatsu, *Physica D*, **223**,180-188, 2006

[3] A.Tero, R.Kobayasi, T.Nakagaki, *Journal of Theoretical Biology*, **244**, 553-564, 2007

¹wakaba-to-tokyo@akane.waseda.jp

真正粘菌変形体における管径成長の環境依存性

Growth dynamics of tubular structure in plasmodial slime mold and its dependence on environmental conditions

山口高輝^{a1}, 渡邊晋^a, 青山隼也^a, 高松敦子^a

T. Yamaguchi^{a1}, S. Watanabe^a, J. Aoyama^a, A. Takamatsu^a

^a早稲田大学

^aWaseda University

真正粘菌変形体（以下、粘菌と呼ぶ）は管状の輸送管ネットワークを形成する。管内では原形質往復流動を通して栄養分や酸素を粘菌全体に運搬する。この輸送管ネットワークの形態は培地の寒天濃度、化学物質の濃度に依存して変化することか知られている。固い培地や栄養分が豊富な環境では細い輸送管で構成される密なネットワークを形成する。柔らかい培地や忌避物質を含む環境では太い輸送管で構成される疎なネットワークを形成する[1]。このように単細胞生物でありながら環境に依存して形態変化させ、最適なネットワークを形成する適応性を備えている[2]。輸送管の管径は管内を流れる原形質の流量に応じて変化する性質をもつ。すなわち、流量が多いほど管径が大きく、少ないほど小さくなる。管径と原形質の流量の関係についてはヒルの式を用いた管径成長方程式が提案されている[3]。

本研究では管径成長の環境依存性を調べるため、誘引環境、中間環境、忌避環境の3つの異なる培地環境を用意した。培地上に設置した鋳型に粘菌を配置し、輸送管の成長過程を撮影した。撮影した動画から原形質の流速、管径、流量を算出した。得られたデータから管径成長方程式におけるパラメータを推定することで環境依存性について評価した。

解析の結果、管径成長過程において誘引環境と忌避環境では原形質の流速、管径、流量の時間変化に差異が見られた。誘引環境では管に流れる流量に応じて緩やかに管径が成長する。忌避環境では流速がある程度大きく流れ始めてから勢いよく管径が成長する。以上の流量と管径成長の関係から、成長方程式のパラメータを推定した。そのうち減衰係数については環境間に有意差が見出せたが、その他のパラメータについてはデータ数が不十分な現時点では有意な差が得られなかった。今後、管形成長のダイナミクスを明らかにするため、別の指標も含めてさらに分析を進める予定である。

参考文献

[1] M. Ito, R. Okamoto, and A. Takamatsu (2011) *J. Phys. Soc. Jpn.*, **80**, 074801

[2] A. Takamatsu *et al.* (2009) *J. Theor. Biol.*, **256**, 29-44

[3] A. Tero *et al.* (2007) *J. Theor. Biol.*, **244**, 553-567

¹tkk.ymgc.0423@gmail.com

アリの運動量と個体数の関係

Population size and activity in the Japanese garden ant,

Lasius japonicus

久本峻平^{a1}, 西川星也^a, 高松敦子^a

Shumpei Hisamoto^{a1}, Seiya Nishikawa^a, Atsuko Takamatsu^a

^a早稲田大学

^aWaseda University

アリは女王アリによるトップダウンコントロールはなく、働きアリ同士の相互作用によって行動の効率化を行う[1]。餌を運搬する際のトレイル(行列)の形成が例として挙げられる。相互作用の実態としてはフェロモンや足跡物質などの化学物質、触角による直接接触などが考えられる。アリが未知の空間を探索する際にも、相互作用を通して運動を効率化している可能性がある。そこで本研究では、アリの個体間の相互作用による運動の変化を観察し、運動効率がどのように変化するかを調べた。

アリは個体の密度が上昇すると運動時の移動速度が低下することが示唆されている[2]。そこで本研究では、トビイロケアリ (*Lasius japonicus*) を用いて、チャンバー内に存在する個体数に依存して運動がどのように変化するか調べた。

運動の特徴は以下の3つの観点から分析した。一つ目は1個体あたりの観察時間内の平均総移動距離である。二つ目はチャンバー内に存在する個体の総移動距離の総和(以下、群全体の総移動距離と記述)である。三つ目はアリの移動速度(動かないアリを除外)である。1個体あたりの平均総移動距離は、個体数の増加に伴い減少することが確かめられた。群全体の総移動距離は、個体数の増加に伴い増加するが、4匹以上では変化しなくなることが判明した。さらに、4匹までは個体数の増加に伴い移動速度が減少するが、4匹以上では移動速度は変化しないことがわかった。一方、個体数の増加に伴って運動しない個体の数が増加することがわかった。これらの結果より、アリは群全体の総移動距離をチャンバーの面積に対して最適な量に自己組織的に調整することが示唆された。

参考文献

[1] N. Pinter-Wollman *et al.* (2011) *J. R. Soc. Interface*, **64**, 1562-1573

[2] 桐谷祐司 (2010) 広島大学 理学研究科 修士論文

¹ shumpei.hisamoto@gmail.com

Lotka-Volterra competition model に基づく細胞競合モデル

A cell competition model based on Lotka-Volterra model

西川星也^{a1}, 高松敦子^a, 大澤志津江^b, 井垣達吏^b

Seiya Nishikawa^{a1}, Atsuko Takamatsu^a, Shizue Ohsawa^b, Tatsushi Igaki^b

^a早稲田大学, ^b京都大学

^aWaseda University, ^bKyoto University

多細胞生物は組織化された細胞集団によって構成されている。個々の細胞は互いに影響し合っており、その1つに細胞競合がある。細胞競合とは、細胞集団同士の競合により、勝者の細胞(以下 winner と呼称)が敗者の細胞(以下 loser と呼称)を排除する現象である [1]。本研究は、細胞競合のモデル化を通じてこの現象のダイナミクスを理解することを目標とする。本研究では特に、ショウジョウバエをモデル生物とし、これまで翅原基で観察された細胞競合を基にモデル化を行った。この系では、翅原基上の正常細胞が winner であり、極性の崩壊した細胞が loser である。実験系において loser を人工的に発生させると、winner によって loser は貪食される。その結果として、組織の正常な発生は阻害される [2]。一方で、loser のみの系を構築すると形成される翅原基は巨大化する。このことから loser は winner に比べて増殖率が高いか、環境収容力が大きいことが予測される。しかし、貪食作用と増殖率、環境収容力がどのようなバランスで作用していたら、正常に loser の排除が可能かを実験のみで明らかにすることは困難である。

本研究ではまず、Lotka-Volterra model を用いた winner と loser で環境資源を奪い合う系としてのモデルを考えた。しかし、貪食作用が2種類の細胞の境界のみで発生するため、空間の効果も考慮する必要がある。そこで、細胞を粒子として2次元空間上に配置してシミュレーションを行い、細胞増殖と貪食作用による winner と loser の細胞数の挙動を観察した。その結果、Lotka-Volterra model に簡便的に貪食作用の空間効果を取り入れる方法を考案し、モデルの改変を試みた。本発表では、改変した Lotka-Volterra model の解の挙動を解析した結果を報告する。

参考文献

[1] G. Morata, P. Ripoll (1975) *Dev. Biol.*, **42**, 211-221

[2] T. Igaki *et al.* (2009) *Dev. Cell*, **16**, 458-465

¹seiya.nskw@gmail.com

粘菌の厚み振動の数理モデルにおける進行波パターン

Traveling wave in mathematical model for thickness oscillation for true slime mold

畑中 直樹, 伊藤 賢太郎, 小林 亮

Hatanaka Naoki , Kentaro Ito , Ryo Kobayashi

広島大・理,

Hiroshima University

真正粘菌変形体は枯れ木や枯れ葉に生息している多核で単細胞な原生動物である。変形体は扇状に広がっていき、進行方向に対して先端部はシート状、後部になるにつれて管状の構造になっていく。そして変形体の各部では収縮運動をしている。これは変形体の中のアクチン繊維が各場所で圧力を発生させるためである。その発生した圧力差によって原形質は流動する。

我々は変形体の収縮運動を再現するための数理モデルとして、アクチュエーターを内蔵したシリンダーを離散的に配置した。各アクチュエーターは位相振動子によって駆動されている。この振動子の位相とシリンダーの高さにより内部の圧力が決まるものとした。ここで、シリンダー内部の圧力は変形体の上部に存在する膜による寄与も考慮した。総量を保存しながら原形質はシリンダー間を流動し、その流量は隣のシリンダーとの圧力差やシリンダー同士を繋ぐ管の太さに依存する。シミュレーションを行った結果、系全体に進行波が見られ、境界条件を変更することでまた違ったパターンの進行波も見ることができた。本発表では、境界条件やパラメータと進行波の関係について分かったことを報告したい。

E-mail:m121856@hiroshima-u.ac.jp

風媒花植物における性比モデル

Sex ratio model in wind-pollinated species

高田壮則^{a1}, 真坂一彦^bTakenori Takada^{a1}, Kazuhiko Masaka^b^a北大・地球環境, ^b道立林業試験場^aHokkaido University, ^bHokkaido Forest Research Institute

性比モデルの歴史は古く、Fisher (1930) 以来 Shaw, Mohler らによる定式化、MacArthur (1965), Lloyd (1984) らによるゲーム理論の応用を経て、親によるオス機能とメス機能への投資比 1 : 1 が進化的に安定であることが理論的に示された。そのモデルは、オスへの投資比が r である野生型 K 個体の集団における、投資比が r' である侵入個体の繁殖成功度を

$$w(r', r) = (1 - r') + r' \frac{K(1 - r)}{Kr}$$

と定式化し、進化的に安定な $r^* = 0.5$ を求めることによって得られる。最も簡単なこのモデルでは、すべての個体と同じ投資量を持っていることを暗黙の前提としているが、自然界では、多くの場合繁殖個体のサイズには変異があり、各個体の繁殖投資量にも変異がみられる。実際、多くの風媒植物では、サイズの小さい個体は雌花だけをつけ、サイズが大きくなるにつれて、雄花、両性花をつけるという性表現の変異を示す。そこで、本研究では n 個体の植物がそれぞれ I_i の投資量を持つモデルを開発し、 i 番目の個体がオス機能に x_i の投資を行う場合の繁殖成功度を

$$w_i(x_1, x_2, \dots) = I_i - x_i + x_i(1 - e^{-\beta x_i}) \frac{\sum (I_i - x_i)}{\sum x_i} \quad (i = 1, 2, \dots, n)$$

と定式化し、 n 人ゲームの Nash 解を求めることによって、繁殖投資量の個体分布に依存する ESS 性比を求めた。式中 β は風媒効率係数であり、 β が無限大である場合は、Yamaguchi (1985) のモデルと同一になる。その結果、あるパラメーター範囲で、実際に風媒植物でみられる投資量依存的に雌花、雄花、両性花に変化する解を得ることができた。また、Yamaguchi モデルでは、このパターンは決して得られないことが示された。さらに、あるパラメーター範囲では、雌雄異株を意味する Nash 解を得ることができた。したがって、このモデルは、繁殖投資量の個体分布と風媒効率係数に依存する Nash 解として、植物の 5 種の性表現のうち、雌雄同株、雌雄異花同株、雌雄異株、雄性両全性異株の 4 種を統一的に示すことができるモデルであることがわかった。

¹ takada@ees.hokudai.ac.jp

野性コウモリの採餌中のエコーロケーション行動における

実験的・数理的検討

Experimental and mathematical investigations of echolocation behavior of wild bats during foraging flight

渡邊翔太郎^{a1}, 角谷美和^a, 藤岡慧明^{b,c}, 合原一究^d,
渡辺好章^{a,e}, 力丸裕^{a,e}, 太田哲男^a, 飛龍志津子^{a,e}

Shotaro Watanabe^{a1}, Miwa Sumiya^a, Emyo Fujioka^{b,c}, Ikkyu Aihara^d,
Yoshiaki Watanabe^{a,e}, Hiroshi Riquimaroux^{a,e}, Tetsuo Ohta^a, Shizuko Hiryu^{a,e}
^a同志社大・生命医科, ^bJST・FIRST 合原最先端数理モデルプロジェクト, ^c東京
大学・生産技術研究所, ^d理化学研究所・脳科学総合研究センター, ^e同志社大・
ニューロセンシング・バイオナビゲーション研究センター
^aDoshisha University, ^bJST・FIRST Aihara Innovative Mathematical Modeling
Project, ^cthe University of Tokyo, ^dRIKEN, ^eNeurosensing and Bionavigation
Research Center, Doshisha University

コウモリは超音波パルスを放射し、その反響音を聴取・分析することで周囲環境を把握している(エコーロケーション)。野外でのコウモリはダイナミックに飛行方向や放射パルスの時間周波数構造を変化させ、2~3秒という短い時間間隔で飛翔する微小な昆虫を繰り返し捕食することが知られている。本研究では、このような採餌におけるコウモリの高度な超音波センシング戦略について実験的・数学的に検討した。まず実験では、野外にて32chのマイクロホンアレイシステムを構築し、獲物探索中のアブラコウモリの3次元飛行軌跡とパルス放射方向を計測した。その結果、探索飛行中のコウモリは、パルス放射方向を単に進行方向に放射しているのではなく、その他の方向にもパルスをほぼ交互に振り分けていることがわかった。また、パルス放射方向の変化に対応してパルス長等、パルスの音響特性の変化も見られた。特に、パルス長は標的までの距離や大きさに関するパラメータであることから、コウモリは同時に2箇所以上の領域をセンシングしていることが示唆される。次に、計測した飛行軌跡とパルス放射方向をもとにエコーロケーションによる探索面積を算出した。進行方向のみへのパルス放射方向を仮定した際と比較して、計測されたパルス放射方向による探索面積は13~24%程度増加することを確認した。すなわち、パルス放射方向を変化させることで、獲物の検知確率を向上させている可能性が示唆された。

¹ dmm1032@mail4.doshisha.ac.jp

逐次的意思決定状況における集合知の有効集団サイズ

Effective population size of majority vote accuracy in sequential decision making

*関口卓也^{a1}, 大槻久^a

*Takuya Sekiguchi^{a1}, Hisashi Ohtsuki^a

^a総研大・先導研

^aThe Graduate University for Advanced Studies

各個体の能力が低くても、それらの個体が多数決を用いるなどして集合的に意思決定した場合、その精度が一個体の能力よりも上回ることがある。関連する古典的な研究として、コンドルセの陪審定理がある。この定理によれば、各人が無罪／有罪など二択の議題に対して正答できる確率が1/2より大きい場合、集団サイズが大きいほどその集団の多数決による決定が正解である確率が高くなる。ただしこの定理は各人が同時に独立な意思決定をすると仮定している。

これに対し本研究では、各個体が逐次的に意思決定していき、最終的に集合的決定が多数決によって決定するという場面を考える。各個体は既に意思決定を終えている個人のなかからランダムに選んだ個人の意思決定をある確率で模倣し、そうでない場合は独立に意思決定すると仮定する。ただし、最初に意思決定する個体は誰の模倣もせず独立に意思決定する。この場合2番目以降に意思決定した個人のうち、他者の決定を模倣した個体の決定は、模倣関係の経路をたどるとそれ以前に独立に意思決定した個体の決定にまで遡ることができる。ある独立して意思決定した個体が模倣関係の経路の起源となっていることが多いとき、その個体の影響力が大きいと表現することにする。

本研究では上記のモデルに対して2種類の定量的理解を試みる。第一に、本モデルのもとでの集合的決定の精度が、各人が独立して同時に意思決定するモデルではどの程度の集団サイズによってもたらされるのかを分析する。第二に、個体の影響力の分布と集合的決定の精度との関係を分析する。

¹ sekiguchi_takuya@soken.ac.jp

リスク選好/回避バイアスのもとでの有限集団の

社会学習ダイナミクス

Social learning dynamics in finite populations

under risk love and aversion

中村光宏 ^{a1}

Mitsuhiro Nakamura^{a1}

^a総合研究大学院大学

^aGraduate University for Advanced Studies (SOKENDAI)

たとえば環境変動がある場合、適応度は算術平均ではなく幾何平均（適応度の高次モーメントまで含み環境変動のリスクを反映する）で考えるとよいことはよく知られている [1]。したがって、個体の持つ効用関数が一般に利得の分散への好み/忌避などリスクに対する選好性を含んでいる場合の社会学習モデルを考えるのは興味深い。本発表では、有限集団における社会学習ダイナミクスに対してそのようなリスク選好/回避性の与える影響について議論する。集団が有限サイズだと、たとえリスク中立的なゲームであってもリスク選好/回避性が固定確率等に影響することがある。

[1] Gillespie, John H. *Population genetics: a concise guide*. JHU Press, 2010.

¹ nakamuramh@soken.ac.jp

マメ科植物-根粒菌共生系における窒素固定の

進化ダイナミクスモデル

Model for evolutionary dynamics of nitrogen fixation in legume-rhizobia symbiosis

藤田浩徳^{a1}, 青木誠志郎^b, 川口正代司^a

Hironori Fujita^{a1}, Seishiro Aoki^b, Masayoshi Kawaguchi^a

^a基生研, ^b東大・院・総合文化

^aNIBB, ^bUniversity of Tokyo

マメ科植物は有用植物を多く含み、土壌細菌である根粒菌との共生により他の作物が育たないやせた土地でも効率良く成長することができる。この共生関係において、根粒菌は宿主であるマメ科植物から栄養源 (benefit) を受け取る一方で、窒素固定による窒素代謝産物 (cost) を宿主植物に供給することにより、お互いに適応度を高め合っている。しかしながら自然界には「ぼったくり菌」と呼ばれる根粒菌が広く存在しており、それらは宿主植物に感染し benefit は受け取るが cost (窒素固定) をほとんど払わないので、窒素固定菌よりも効率よく増殖できると考えられている。従ってぼったくり菌の存在により、この共生関係は崩壊する危険性があるにもかかわらず、実際には進化的に安定に存在している。従ってどのようにしてこの共生関係が安定化されているのかがしばしば議論になるものの、未だに解決されていない問題である。そこで我々はマメ科植物-根粒菌共生系における窒素固定の進化ダイナミクスを、連続雪の吹き溜まりゲーム (continuous snowdrift game) を基本としたモデルを構築し、その共生進化条件、ぼったくり菌の発生条件、及び様々な安定化機構の影響等を詳細に検討した。その結果、共生系の進化的帰結は benefit と cost のバランスにより大きく4種類に分類され、両者の力が拮抗した時に窒素固定菌とぼったくり菌との安定的な共存が生じる、ことなどが示された。

¹ hfujita@nibb.ac.jp

MAS を用いた免疫系の数理モデル

Mathematical Model of The Immune System Using MAS

根本大寛^{a1}, 長谷川智史^b, 穴田一^{c2}

Taikan Nemoto^{a1}, Satoshi Hasegawa^b, Hajime Anada^{c2}

^{a,b} 東京都市大学大学院・工学研究科, ^c 東京都市大学・知識工学部

^{a,b}Toukyo City University Graduate Division Graduate School of Engineering

^cToukyo City University Faculty of Knowledge Engineering

免疫系は、細菌やウイルスなどから身を守るという生体のシステムで、生物が生きる上で重要な役割を担っている。免疫系は細菌やウイルスが体内に侵入すると、免疫反応を起こす。近年では様々な実験により、細菌やウイルスが持つ多種多様な抗原に対抗するため、体内には先天的に多種多様な受容体を持つ B 細胞が存在することが確認されている。このように、免疫系について研究が行われてきているが、未だに解明できていない現象も多く存在する。その一つに 1 度侵入した抗原が再び侵入してきた際に、その抗原を 1 回目より素早く除去するという免疫記憶と呼ばれる現象がある。この現象を説明する説として Jerne が提唱した「イディオタイプネットワーク説」がある。これは B 細胞が他の抗体や抗原を認識する部分と認識される部分を持っており、B 細胞同士が相互認識によるネットワークを形成しているという説である。Jerne は、抗原が侵入すると、その抗原を認識しやすい B 細胞や抗体が増加し、その状態は B 細胞同士の相互認識によって維持され、抗原に対する記憶が形成されると考えたのである。この説を基に多くの数理モデルが提案され、免疫記憶のメカニズムを解明しようとされてきたが、免疫記憶の再現に至っているとは言えない。また、これまでのモデルには、増殖能力がある B 細胞と抗体を産生する能力がある B 細胞を同一視してしまっている点、生理学的にはウイルスの増殖は感染細胞数によって決まるが、感染細胞が免疫細胞から認識されることを考慮しておらず、ウイルス数によって増殖量を決めている点や、微分方程式で記述しているため細胞が他の細胞を認識することが全細胞間で同時に起こってしまっている点等、生理学的に不自然な点がある。そこで、本研究では増殖能力がある B 細胞と抗体を産生する能力がある B 細胞を別々に記述した。また、感染された細胞からウイルスは増殖し、感染細胞は免疫細胞から認識されることを考慮した。そして、細胞間の認識が全細胞間で同時に起きていないことを考慮し MAS を用いたモデルを提案する。

¹ g1281821@tcu.ac.jp² h-anada@tcu.ac.jp

身体を波打たせて遊泳する生物の推進メカニズムにおける 流体力学的効果の数理的検討

A mathematical study for the hydrodynamic effect in the swimming mechanism of animals with the undulating motion

風間 俊哉^{a,b,1}, 小林 亮^{a,b}
Toshiya Kazama^{a,b,1}, Ryo Kobayashi^{a,b}
^a広大院・理, ^bJST CREST
^aHiroshima University, ^bJST CREST

魚をはじめとした動物が示す遊泳運動は、普段地上にへばりついて生活している我々人間から眺めると、実に優雅に見える。遊泳と一口に言っても、漕ぎ、水中翼・鰭のあおりと羽ばたき、ジェット推進、さらに身体の波打ちなど様々である[1]。いずれにしても、身体を巧みに動かして、流体とうまく相互作用することで推進力を得ている。こうした遊泳運動について、流体の挙動も含めて議論する数理的試みは、魚類の鰭の運動と、その後方にできる流体の渦との関係に着目した研究がある[2]。一方で、ウナギやエイ、コウイカなど長い鰭に波を送り、推進する生き物については、こうしたダイナミックに変化する流れも含めて数理的に議論する研究は見当たらない。我々は最近、ヒラムシという無脊椎動物の示す多様な運動に注目しているが、この動物もまた身体を波打たせて遊泳する[3]。例えば、オオツノヒラムシの場合、楕円形のやわらかい身体を水平にして、両サイドをあたかも羽のように上下させてはばたき、かつ側部に前方から後方に向かって波を送って遊泳する。この時、流体の動きを可視化すると、後方に流体の渦が形成されていることが分かる[4]。生物のはばたき運動においては航空機などの翼理論において説明される推進メカニズムとは異なり、渦を積極的に使ったメカニズムの存在が示唆されている[5]。ヒラムシにおいてもこの渦が、推進メカニズムや遊泳効率と何らかの関係があるのではないかと著者等は考えている。そこで本研究では、こうした身体の波送り運動と流体の相互作用メカニズムの理解に向けて、離散渦法[6]を用いて数理的に考察する試みを行ったので報告する。

[1] R.M.アレクサンダー, 生物と運動, 日経サイエンス社, 1992.

[2] 田中一郎, 永井寛, 抵抗と推進の流体力学, シップ・アンド・オーシャン財団, 1996.

[3] L.J.Newman and L.Cannon, Marine Flatworms: the world of polyclad, Csiro, 2003.

[4] 風間俊哉, 梅舘拓也, 石黒章夫, 小林亮, 大変形シート構造物遊泳推進における身体・流体間相互作用機構理解に向けたソフトロボティクスアプローチ, in press.

[5] 飯間信, 昆虫飛翔と渦-翅相互作用, ながれ 21, pp. 153-160. 2002.

[6] Makoto Iima and Tatsuo Yanagita, Is a Two-dimensional Butterfly Able to Fly by Symmetric Flapping?, Journal of the Physical Society of Japan Vol. 70, No. 1, January, pp. 5-8, 2001.

.....
¹toshiya-kazama@hiroshima-u.ac.jp

放射線発がん過程における線量率効果と LET 依存性

Dose rate effect and LET dependence on radiation induced carcinogenesis

川口 勇生

Isao Kawaguchi

(独) 放射線医学総合研究所 規制科学研究プログラム

Regulatory Science Research Program, NIRS.

放射線防護におけるリスク評価は原爆被ばく者の疫学データに基づいている。原爆による被ばくは短期間に高い線量を被ばくする高線量率被ばくであり、低い線量を長期間被ばくする低線量率被ばくにそのまま適用することはできない。しかし、低線量・低線量率被ばくの疫学は様々な不確実性により結果の解釈が難しく、発がんメカニズム研究が必要とされている。動物及び細胞レベルの実験では、低線量率被ばくの場合は高線量率の被ばくに比べて発がん率が低くなることが知られており、また線量率が同じであっても LET(線エネルギー付与:単位飛程あたりに付与されるエネルギー量)によって異なる。線量率や LET の違いは、細胞当たりの吸収線量分布が時間的及び空間的に不均一になるためと考えられる。そこで本研究では、線量率や LET の違いによる線量分布の時空間的な異質性に着目し、線量率や LET が発がん率にいかに関与するかを、2次元格子モデルを用いたシミュレーションにより解析した。各細胞は放射線が入射することにより、ラジカルが生成され、ラジカルは一定の割合で除去されるとともに、DNA を損傷する。DNA 損傷は修復酵素により修復されると仮定した。また、生成されたラジカルは近隣細胞に拡散すると仮定した。細胞の死亡率及び突然変異率は、DNA 損傷の割合に依存すると仮定した。各細胞は近隣が空き細胞の場合に分裂し、分裂時にある確率で損傷が固定し変異すると仮定した。また、各細胞は蓄積突然変異数が一定の数に達した時にがん化するとした。本発表では、シミュレーション終了時の平均がん化細胞数を指標として、線量率、照射時間、入射当たりのフリーラジカル生成量を変化させシミュレーションを行った結果について報告する。

kawag@nirs.go.jp

参加者リスト

8月27日現在

凡例: PLは総合講演, ALは受賞講演, Sはシンポジウム, Oは口頭発表, Pはポスター発表.

氏名	講演		
Emmanuel A. Mpolya	O-45	大槻 久	S6
(ア行)		大野 ゆかり	O-22
青木健一	S6	大原 隆之	
青木高明	O-26	大森亮介	AL-1, S7
赤松 憲	S2	岡嶋 亮子	O-61
阿部 真人	P-14	小川雄一	O-7
有吉 夏未	P-31	萩野 禎之	O-41
飯沼万美子	O-32	萩原 俊子	S9
碓周介	P-41	小田切 健太	P-32
池川 雄亮	P-8	(力行)	
池田 裕宜	O-47	柿添友輔	O-46
李尚雨	O-34	梯 正之	O-44
石黒 章夫		風間 俊哉	P-52
石本 志高	O-13	梶原 毅	O-48
出原 浩史	S9	加納剛史	P-7
伊藤 敦	S2	上山 彬一	P-38
伊藤 洋	O-16	川口 勇生	P-53
伊東 啓	P-20	川崎 廣吉	O-31
伊藤 真利子		川瀬 大樹	P23
伊藤賢太郎	O-40	川津 一隆	P-25
稲葉寿	S7	木下修一	P-34
今村(滝川) 寿子	P-4	木村 望	O-24
入江貴博	S5	國谷 紀良	S7
入谷 亮介	P-39	久保 裕貴	O-9
巖佐庸	S5	黒澤 元	S8
岩田 繁英	S5, P-16	小池 心平	O-20
岩田 洋佳	S1	小泉吉輝	S3
岩見真吾	S3, S10	郡 宏	S8
上地 理沙	P-10	小酒井 亮太	
上原隆司	S11	小林豊	S6
鶴飼 和也	O-10	小森谷 均	P-29
内海邑	O-59	今 隆助	
内田さちえ	P-2	近藤 倫生	P-40
内之宮光紀	O-57	近藤 洋平	S3
生形貴男	S1	今野 紀雄	S11
占部 千由	S3	(サ行)	
瓜生 耕一郎	S8, P-21	税所 康正	S2
江崎 貴裕	P-37	齊藤 稔	O-62
江島啓介	S7	佐伯 晃一	S10, P-36
江副 日出夫		坂井 哲	S4
江夏 洋一	O-52	酒井佑禎	S4
應谷 洋二	O-50	坂元 国望	S9
大泉 嶺	S4	崎山朋子	O-6
大内 則幸	S2, O-37	佐々木顕	S10
大浦健志	O-27	佐々木 徹	O-49
太田 絵一郎	O-11	笹本 浩平	P-11
		佐竹 暁子	P-28

佐竹冬彦	P-30
佐藤 英毅	P-13
佐藤 恵里子	O-55
佐藤一憲	
澤田 紘太	S5
重定 南奈子	
島谷 健一郎	O-5
ジョマー ファハルド ラバハンテ	
杉浦享一	O-2
杉村 佳織	P-3
杉村薫	S1
鈴木 彩香	P-6
鈴木 佳祐	P-17
鈴木 誉保	S1
関 元秀	O-35
関口卓也	P-48
瀬野裕美	O-53
(夕行)	
泰中 啓一	S11
高瀬 光雄	P-19
高田 壮則	P-46
高松 敦子	
立川正志	O-17
立木 佑弥	O-56
田中剛平	S3, P-18
田邊 奨馬	P-35
田村光平	O-25
千野 由喜	S4
寺東 宏明	S2
道工勇	O-43
董岳平	O-51
(十行)	
中井信吾	O-1
中岡慎治	P-1
中桐齊之	S11
中島 大樹	
中嶋 洋平	O-19
中田行彦	O-42
中橋 涉	S6
中林潤	S10
中丸 麻由子	S6
中村 匡志	
中村憲	P-26
中村光宏	P-49
難波 利幸	O-30
新井田厚司	S3
西和久	O-38
西浦博	S7
西川 星也	P-44
西村 信一郎	S10
西森 拓	S11

二宮 広和	S9
丹羽 洋智	O-8
根本 大寛	P-51
野下 浩司	S1
(ハ行)	
波江野 洋	AL-2, S3
長谷川 禎彦	S8
畑中 直樹	P-45
濱田 実樹	P-5
原 誠	O-18
久本 峻平	P-43
平島 剛志	O-15
廣中謙一	O-12
福井眞	P-27
福田弘和	S8
福世 真樹	
藤田 浩徳	P-50
藤原 徹	O-36
堀切 舜哉	P-15
本城 慶多	O-21
(マ行)	
松田 博嗣	PL-1
三浦 岳	O-14
水本 憲治	S7
宮崎 倫子	
宮下脩平	
武藤 敦子	O-60
村上 陽平	P-24
村川 秀樹	S9
舞木昭彦	O-28
望月 敦史	O-39
森河 良太	P-12
森川 玲於奈	P-9
守田 智	
森田 善久	S9
(ヤ行)	
八島 健太	P-33
山内 淳	O-29
山口幸	S5
山口 高輝	P-42
山口諒	O-58
山崎和仁	O-3
山野辺貴信	S4
山村則男	O-54
山本君代	S10
吉田 勝彦	
吉田 憲司	O-4
吉山 浩平	O-33
(ウ行)	
李 貞憲	O-23

(ワ行)

若野友一郎	S6
渡邊 翔太郎	P-47
渡邊 晋	P22
渡邊立子	S2