

TABLE OF CONTENTS

Newsletter of the Japanese Society for Mathematical Biology No. 71 September 2013

【研究会報告】

- 平成24年度京都大学数理解析研究所共同利用研究集会
「生物現象に対するモデリングの数理解」参加報告記
齋藤 保久・森 光太郎・寺口 俊介 1

【特集: パンデミック】

- 感染症流行のリアルタイム疫学研究における打ち切りデータの取り扱い
西浦 博 4

【報告】

- イサカ滞在記 山道 真人 8

【書籍紹介】

- 「The Mathematics of Darwin's Legacy」
Fabio A. C. C. Chalub, Jose Francisco Rodrigues (編) 小林 豊 12

【ニュース】

- 第23回数理生物学会大会のご案内 14
学会事務局からのお知らせ 17
編集後記 20

日本数理生物学会 ニュースレター

September 71
2013



平成 24 年度 京都大学数理解析研究所共同利用研究集会

「生物現象に対するモデリングの数理」

～Kyoto Autumn Research Program in Mathematical Biology Next Wave 2012～

参加報告記

■齋藤保久（島根大学大学院総合理工学研究科 数理工学領域）

本会は2012年12月17～21日、京都大学数理解析研究所にて開催された。“モデコン”シリーズ7回目となるが、今回も盛会裏に終えることができた。研究代表者は東北大学大学院・瀬野裕美先生。私は副代表者兼運営幹事として、静岡大学・佐藤一憲先生とともに会の実施に携わった。「前半は勉強、後半は研究」という5日間で、通常の研究集会とは一味も二味も違う（詳細は<http://www.math.is.tohoku.ac.jp/~seno/meetings/RIMS2012/MBNW2012.html>を参照されたい）。前もって公に用意するのは会の前半に使う文献ぐらいで、前半の勉強から後半の研究まで参加者中心につくられてゆく。こんな未知数でハードな集会在りままでうまく行っているのは、参加者の皆様やセッションオーガナイザー、メンター、審査員の皆様のお蔭であることは言うまでもないが、会の前半で行う勉強も本シリーズの成功の持続に一役買っていると思う。単なる勉強のレベルを超えて、参加者同士の密な研究交流を促し、後半の研究活動に向けたウォーミングアップになっているからである。送りバントのような“地味な”ファインプレーと言って良い。今回、前半の題材は、数理生物学の歴史を魅力的にまとめた良書「Bacaer, Nicolas, 2011. A Short History of Mathematical Population Dynamics, 158pp., Springer, London」。昔の研究では、数理的ツールに不自由な分、問題の捉え方や研究の進め方における“工夫”が浮き彫りになる。歴史的仕事のそういった工夫を、同書を通じて学べたのは大変良かったと思う。2006年の初回から企画者の1人として会に携わっているが、今回もいろいろな方との出会いがあって新鮮で、楽しく、大いに勉強になった。本会に携わった全ての皆さんに心から感謝申し上げます。

■森 光太郎（石原産業株式会社・中央研究所）

今回の集会の前半は個体群動態をキーワードに編まれた教科書のイッキ読み、後半はモデルコンテストでした。イッキ読みの教科書には、多くのタイプのモデ

ルのエッセンスが歴史に沿って書かれており、私のように高校・予備校で数学の睡眠学習に失敗してしまった者には、ちょっと背伸びだけでも、非常に好ましいものでした。私はとりあえず担当部分を愚直に全訳し、式を一つずつ理解するように読みました。結果、準備万端とはいきませんでした（セッションオーガナイザーの今先生にヘルプしていただいた）、非常に面白かったです。1章が短いので苦しみは一瞬です。ケルマック・マッケンドリックモデルの章では、5人家族の感染の行く末についての計算結果が載っていました。流行の終局では1人もしくは全員が感染するという確率が高いという結果でした。2人に感染したら最後、全員感染することになるという意味なのでしょう。最近5人家族になった私は妻（保健師）とも相談し、とにかく家族の1人が感染したら隔離することにしました。

さて、私は企業で生物農薬の研究開発を行っています。今回、集会へ参加した動機は、入社以来、行き当たりばつたりの実地試験を行ってきて、根拠づけられた技術が開発できていない、かといってコントロールされた実験を農家圃場で「大量に」行うのは困難だという現状において、数理モデル（PC上での実験）の導入を考えたからです。私が考える導入はいくつかレベルがあります。

- ①「掃いて捨てるほどある（某先生談）」捕食者被食者モデルあるいは感染モデルを天敵農薬や微生物農薬による防除に真面目に応用すること
これが第一ですが、さらに、
- ②モデル解析から、最も使いやすい（だれがやっても防除成功する）天敵の持つパラメーター値を算出し、農薬化すべき天敵探索の指標とすること
- ③あるいは、天敵の育種の際のパラメーター目標値とすること
- ④新たなタイプの生物的防除方法の探索
- ①から③は現実に沿うような詳細なシミュレーションが必要でしょうし、④はそんな方法で防除できるのか！

という発見につなげたいものです。

集会の最後に我々は、「天敵の併用による生物的防除の効率化は可能か〜ピーマンを守れ!〜」という発表を行いました。メンバーは数理モデルを専攻する3人の大学院生(池川さん、森田さん、増田さん)と私でした。佐藤先生からご助言いただき、Macをお借りして計算させていただきました。3人とも夜中まで頑張っておられ、私には良い刺激となりました。テーマは私からネタ提供をしたものですが、数学的、数理モデル的に特段の新規性はなく、ネタとして数モデ屋さんの興味はひかないだろうと私は思っていました。しかし、まずは3人に興味を持っていただいたことに驚き、テーマ発表後にいただいた先生・参加者の感想にポジティブな意見が多かったのは非常に意外でした。さらに、モデコン後に特に難波先生、高田先生のおっしゃったコメントを聞き、役に立つ数理モデルも興味を持ってもらえると確信しました。実際、それなりにおもしろいのです。圃場というのは、試験管内と自然環境の中間のような環境で、生態学の手ごろなサイズの実験場としても魅力的だと思います。モデル化すべきネタも転がっていると思います。モデコンで時田先生よりご提案いただいた空間構造を入れたモデルは今後検討したいと思います。

さて、今回の集会は応用への導入ステップとして私は参加いたしましたが、イッキ読みやモデコンを通じ、数モデ屋さんの空気に触れることができたと思っています。これが何よりの収穫で、専門用語だとかどの辺を気にするのかといったこと一わかったとは言えませんが一に触れることができたと思います。こういう感覚的なものは、耳学問が効果的です。学部2年生で生態学の研究室に配属になった時、先輩達の会話は全く宇宙語のようでしたが、我慢して報告会に出席し、自分も手を動かすうちになんとなしに自分も話せるようになっていきました。勘もついてきたと思います。教科書を一人で読んでいても分からないものです。

さらに、今回の参加によって数理モデルや数学の面白さにも触れることができたと思います。それゆえ、数式を見たときの頭の真っ白さがかなり減少しました。そこで、今後の人生で今回の教科書の担当以外の章も逃げずに愚直に全訳して読み進めようと思っています(齋藤先生、質問しますので、宜しく願います)。最後になりましたが、参加者に細やかなお気遣いをい

ただいた瀬野先生をはじめとする先生方、また参加者の皆様、有意義な時間をありがとうございました。

■寺口俊介(大阪大学 WPI免疫学フロンティア研究センター 定量免疫学ユニット)

今回、2012年12月17日から21日までの五日間にわたって開催された「数学と生命現象の連関性の探求〜新しいモデリングの数理〜」に参加させて頂きました。もともと私は素粒子論の研究者だったのですが、三年ほど前に生命分野に移り、大阪大学の免疫学フロンティア研究センターの特任研究員(当時)として、免疫システムの数理モデルの構築を目指した研究を行っています。同じ数理モデルといっても素粒子と生命システムでは勝手が違うことも多く、これまで手探りで研究を進めてきました。今回、歴史的にも有名な個体群動態や数理遺伝学のモデルを系統的に勉強する機会があると聞き、免疫システムにも応用できるアイデアに出会えることを期待して、この研究会に参加することを決めました。そのため、学生さんの参加者が多いこの研究会の中では割とシニアな参加者となります。

実際のところ、この時点では、今回の一気読み企画のテキスト「A Short History of Mathematical Population Dynamics」を勉強する機会になればという軽い気持ちでの参加でした。ところが、前回の数理モデルコンテストの優秀グループの方による初日の招待講演で、「コンテスト中は、皆ほとんど徹夜で自分達のモデルの解析と発表準備をしていた」と聞いて、これは大変な所に来てしまったと悟りました。正直体力には自信がないうえ、毎日大阪から日帰りで参加していたこともあり、今回コンテストへの参加は辞退させて頂きたい、とオーガナイザの瀬野先生に申し上げたぐらいです。結局、過去にも似たような例はあったから大丈夫と説得され、迷いながらも参加を続けることになりました。

一気読み企画では参加者の方々がテキストの各章を担当し発表していきます。その発表も質の高いものが多く、感心しつつ聞いていたのですが、後で聞いてみると、もともと実験系だったり、分野外だったりした人も多く、改めてびっくりしました。

そうこうしているうちに一気読み企画は終了し、いよいよモデルコンテストの開始です。この時点でも迷いはあったのですが、グループのメンバーも決まって覚悟を決めました。私達のグループは三人で、東京大学の博士課程の根上春さんと、九州大学の修士課程の

山口諒さん。コンテストが始まると研究会の雰囲気は、これまでの勉強モードから仕事モードに一変します。何しろ、メンバーが決まった午後から始めて、次の日の朝にはどんな研究を行うかを Pre-Presentation とし、皆の前で発表しなければならないのです。そうはいつても、自分たちの日頃のテーマから離れて自由にテーマを選べるのは新鮮で、どのグループも楽しそうに盛り上がっています。私達のグループもブレインストーミングを重ね、いくつかの案に絞りました。もっとも、私が大阪に帰らないといけないこともあり、この段階でこの日は解散。明日の発表は若手の二人にお任せすることにしました。

次の日は朝から Pre-Presentation。基本的には自分のチームがどういう問題を設定したか発表するのですが、どのグループもそれに留まらず、アイデアを数式に落とししてどのような解析を予定しているかまで発表しています。それだけでも感心したのですが、さらに驚かされたのが、自分達のグループの発表でした。テーマとしては仕事と休憩のバランスとリズムのモデル化という案に決まったようなのですが、早速自分達で解析用プログラムを組んで結果を発表しています。このスピード感には本当に驚きました。私も念のためのバックアッププランは仕込んでおいたのですが、杞憂に終わりました。

Pre-Presentation が終わるともうお昼時。先生方から頂いたコメントを確認しながら今後の方針を検討します。最終日である明日の朝には Final Presentation として最終発表をしなければいけませんが、私達のグループは既にこの段階で解析も進んでおり、いくらか余裕がありました。ところが、議論を進めていくうちに、もともと考えていた数理モデルの構造では実際に解析したい現象をうまく反映できないことに気がつきます。しかし、現象にあわせるようにモデルを変更すると、もとの数理モデルの利点であった単純さを大きく損ないかねません。方針が定まらないまま、Final Presentation のタイトルの提出期限である 17 時が近づいて来ます。ここで役立つのが、グループディスカッションを始める前に皆に渡されていた一枚のプリント。数理モデリング研究の進め方をまとめたものです。このプリントに沿って、改めて自分たちが研究したい問題が何なのかを設定し直すうちに、グループの中に自然にコンセンサスができ、思い切ってもとのモデルと

は構造を変えることができました。私達のグループの発表タイトルは「仕事とリズム ～オーバーワークに意味はあるか?～」と決まります。夕食を食べると、もう私は大阪に帰らないといけない時間です。帰りのバスや電車の中でも計算を続けますが、やはり頼れるのは若い力です。なにしろ、解析に加えて、発表するスライドも明日までに用意しなければいけないのです。

そしていよいよ当日です。早朝から集合し作業を続けます。なにしろ、この段階ではスライドの半分もできていません。また、クライマックスに持ってこようと考えていたモデルの解析も、途中で使う図の作成も、まだうまくいっていません。それでも諦めず、ひたすら作業を続けます。ここで、じゃんけんで決めたグループの発表順が役立ちました。じゃんけんに負けのおかげで、私達のグループの発表は一番最後になっていました。申し訳ないですが、他のグループの発表を聞いている余裕は全くありません。教室の一番後ろにグループで陣取り、小声で「このヒートマップお願いします!」、「今、カオス出ました!」とやりとりを続け、スライドを完成させます。私達に発表が回ってくる 15 分ほど前でしょうか? ぎりぎりです。スライドが完成しました。できたスライドを見直して、皆で顔を見合えます。皆の表情に笑顔が戻っています。「いける!」と皆が思った瞬間でした。

上述の通り、残念ながら他のグループの発表はほとんど聞けなかったのですが、今回のモデルコンテストの発表は、どのグループもかなりレベルが高かったようです。審査後、特別審査員のお一人である重定先生が、「研究会の前から一カ月ぐらい準備していたのだと思っていた」という趣旨のコメントをされていました。私も参加者でなければそう感じていただろうと思います。また、発表からはわかりませんが、各グループともそれぞれのドラマがあっただろうと思います。一日半という短い期間でしたが、数理モデル研究の楽しさ、苦しさが凝縮したこのコンテストは特にまだ研究を始めて間もない若手の参加者には本当に得難い機会となったのではないのでしょうか。

最後にこの場をお借りして、今回の研究会を企画運営して頂いた瀬野先生を始めとするオーガナイザの方々、特別審査員の方々、参加者の方々、そして、“共同研究者”の根上さんと山口さんにお礼を申し上げます。本当にありがとうございました。

【特集：パンデミック】

感染症流行のリアルタイム疫学研究における打ち切りデータの取扱い

西浦博*

1. はじめに

「ここまでの話をまとめると、今回の感染者の連鎖は確率的に局所で絶滅しそうにない。すぐに流行地域に飛んで個体データ入手と地域還元ネットワーク形成会議を開いたほうがいい。明日の航空券入手を各自これから検討して、入手結果の確認を含めて本部連絡をして欲しい。リアルタイム研究の技術的ピットフォールや国際協力における地域貢献も念頭に置いて、皆で課題を分担して研究していこう。では、明日も英国 0800 時に会議をします。」

某感染症流行の発生初期における電話会議で、先輩にあたるリード研究者による纏めの言葉の一部を勝手に和訳して書き出すとこのような感じである。思い出すだけでも結構緊張してしまう。我々、感染症の理論疫学者のうち現場還元を主眼に定量的研究を実施している者にとって、流行の発展と共に時間と争いつつ、可能な限りの社会還元のための至急研究に没頭できるのはこの上ない喜びであり生き甲斐でさえある。しかし、相当に体力と精神力を消耗するし、現場の保健医療専門家との営業交渉にはじまり、データ生成過程に依存するモデル構築・データ分析、さらには論文提出から掲載・コミュニケーションに至るまでの全ての過程で信じられない程の工夫・努力と経験を必要とする。この実践型研究プロセスの必要性は理学を中心に学ばれた専門家の方々にはなかなか理解してもらえない。観察データひとつを入手するためだけに、かなりの根回し交渉や give and take が必要である。友好関係を構築するために、時には（相手の懐に飛び込むためだけの目的で）故意に徹夜作業によって相手の実務（研究論文とは全く関係ない仕事）を手伝うこともある。

幸か不幸か、私はリアルタイム研究が比較的得意な理論疫学者としてメシを食わせていただくに至った。それで、後に続く専門家を育成することが急務である昨今、海外で働いている頃から引き続き、出来るだけ若手の研究教育をお引き受けすることにしている（それで若手諸氏は流行時に私の下で胃を痛めている）。他研究室の大学院生・若手研究者を含む分野内の研究教育は（こちらの研究場所で時間を割いて下さり、一

切の Conflict がない限りは）可能な限りお引き受けしますので、直接ご連絡下さい。私は本当はそんなに恐い人間ではありません。しかし、直接的に秘伝をお伝えできない方々には、必須の内容に絞って文書化したものをお届けすることによって役立つ資料を残していかなければならない（近々本も出すと思います）。今回、この特集へお誘いいただいた機会を通じて、リアルタイム分析問題の第1ステップとなる打ち切りデータの取扱いについて簡単に紹介させていただきたい。

2. 打ち切りデータ

打ち切りデータ (censored data) とは、生存あるいは感染状態など特定の状態のまま研究終了を迎えるような者（打ち切り例）が含まれたデータのことを指す。打ち切りをより平易に表現すると、それは研究を終了するまでに興味の対象とするイベントが観測できなかったケースのことである。例えば、臨床研究において、特定の抗がん剤治療によって肺がん患者がどれくらいの期間だけ生存するのかを検討するとき、研究期間は2年間のように特定の期間に限られることが多い。その際、2年かけて観察され、生存し続けた患者は研究終了後も引き続き生存し続ける可能性がある。一方、2年間のうちに死亡した患者は観察期間中に終状態（死亡）に至った。このとき、生存者（打ち切り例）と死亡者の生存期間の数値は同等に扱うことはできないため、統計学的に特別な扱いが必要となる。

一般的な取り扱いは生存時間解析モデルで書くとうわかりやすい。時刻 t において、ある感染症に感受性を持つ者の割合を $S(t)$ としたとき、時刻 t における感染ハザード $h(t)$ と $S(t)$ との間には

$$S(t) = S(0) \exp\left(-\int_0^t h(u) du\right) \quad (1)$$

および

$$h(t) = -\frac{1}{S(t)} \frac{dS(t)}{dt} \quad (2)$$

という関係が成立する。打ち切りがない場合、感染イベント発生の確率密度関数は $h(t)S(t)$ で与えられることは容易に理解され、ハザードの統計学的推定では、

*東京大学大学院医学系研究科

同密度関数を尤度として利用する。

しかし、時刻 T で打ち切りが起こってしまった場合はどうだろうか。打ち切りという前提条件の下での、イベント発生確率 $h(t)S(t)$ は時刻 0 から T まで積分しても 1 に満たず $(1-S(T))$ である。そのため、 $(1-S(T))$ で確率を正規化して、打ち切りデータの尤度に $h(t)S(t)/(1-S(T))$ を用いることになる。

打ち切りデータを明示的にモデルに取り組むことは、リアルタイム研究で極めて重要な役割を果たす。流行が開始して間もない頃には、様々な推定対象の事象について打ち切りを考慮しなければならないためである。特定時刻に観察された数々のデータは感染以降に発病・伝播・死亡・報告などの遅れを経たものが多いことに常に配慮しなければならない。

3. 自然史の定量化問題

ある感染症の潜伏期間を推定したいとする。潜伏期間とは、感染してから病気を発病するまでの時間のことである。その確率密度を $f(t; \mathbf{A})$ とし、パラメータのベクトル \mathbf{A} によってその分布は特徴付けられるものとする。流行開始後、時刻 0 から T まで観察が実施されたとする。そのとき、パラメータ推定における打ち切りのある 1 個体を観察する尤度は

$$L(\mathbf{A}) = \frac{f(t)}{\int_0^T f(u) du} \quad (3)$$

として記述される。このように、観察の遅れが推定対象そのものの遅れである場合、打ち切りデータの尤度は単なる正規化の問題として処理することが可能である。上記の通り、感染後に起こるイベント（発病、2 次感染、死亡など）までに要する期間を推定したい場合は同様の対処をすれば良い。ちなみに、1 世紀近くに及ぶ潜伏期間の推定研究史において、推定問題は常に区間打ち切りデータの取扱いを学問的課題として歴史的に発展してきたことは大変興味深い [1]。上記推定を様々な自然史の時間間隔の推定に用いた活用例として、重症急性呼吸器症候群 (SARS) 自然史の定量化研究が挙げられる [2]。

4. 致命割合のリアルタイム推定

一方、リアルタイム推定がより実践的に重要なものとして認識された事例として、致命割合 (case fatality risk; CFR) の推定が挙げられる。CFR とは巷で致死率とも呼ばれ、感染関連イベントが与えられた時の死亡の条件付き確率のことを指す。ある新興感染症がヒト集団で突然に流行をはじめたとき、その病原体の感染が如何に毒性が高く、感染者を重症化せしめるかを

測るための最も原始的で重要な疫学的指標である。

まだ流行が開始して間もない段階で致命割合を推定することを考える。今日の行政では、世界保健機関や政府機関によって毎日の時刻 t までの累積発病者数 (C_t) と累積死亡者数 (D_t) の情報が日々更新されることが多い。打ち切り問題がないデータにおける CFR の推定値は D_t/C_t として単純に計算されるが、リアルタイムでは同計算によって CFR の過小評価をしてしまいがちであることが知られている [3,4]。即ち、 D_t/C_t を計算すると、分母の C_t の中には、ごく最近に発病した人が含まれており、その人は将来に死亡するかも知れない。言い換えるならば、 C_t 人すべての死亡リスクは時刻 t までに D_t としてデータに反映されていないので、 D_t/C_t の計算は CFR を低く見積もってしまう。ここで毎日の発病者を c_t とし ($C_t = \sum_{s=0}^t c_s$ とし)、発病から死亡までに要する離散的期間の確率質量関数を h_t とすると、CFR の推定量 \hat{p} は

$$\hat{p} = \frac{D_t}{\sum_{k=0}^t \sum_{s=0}^{\infty} c_{k-s} h_s} \quad (4)$$

のように記述される。発病から死亡までの遅れ分布が既知であれば、2 項分布を利用して

$$\left(\sum_{k=0}^t \sum_{s=0}^{\infty} c_{k-s} h_s \right) w^{D_t} (1-w)^{\sum_{k=0}^t \sum_{s=0}^{\infty} c_{k-s} h_s - D_t} \quad (5)$$

を尤度に用いることができる [4]。もっとも、インフルエンザ研究では打ち切りデータの取扱いよりも、全ての感染者が観察できないことに起因する診断バイアスの扱いのほうがより実践的に重視される傾向にある。診断バイアスに対応するためには、超過死亡数推定や血清疫学調査など間接的推定を駆使しなければならないことをこれまで議論してきた [5]。

5. 打ち切りとコホート再生産数の推定

打ち切りデータの取扱いは単純な統計モデルに留まらず、感染動態に基づく疫学評価指標の推定量でも頻繁に登場する。ある時刻 t における新規感染者数を $j(t)$ とし、当該時刻において感染後時刻 s (感染齢 s) の者 1 人が引き起こす 2 次感染率を $U(t, s)$ とすると、感染者の 2 次感染の様子は以下の再生産方程式によって記述される [6]：

$$j(t) = \int_0^{\infty} U(t, s) j(t-s) ds \quad (6)$$

このとき、時刻 t で新たに感染した者によって生み出される 2 次感染者数の平均値はコホート再生産数

$R_c(t)$ と呼ばれ (実効再生産数 (effective reproduction number) の一種であり) 以下で記述される:

$$R_c(t) = \int_0^\infty U(t+s, s) ds \quad (7)$$

ここで数学的簡便性の理由から, $U(t, s) = R(t)g(s)$ のような分解可能なときを考え, $g(s)$ は $\int_0^\infty g(s) ds = 1$ となるような (世代時間の) 密度関数であるとする. このとき, 式 (7) のコホート再生産数は

$$R_c(t) = \int_0^\infty \frac{j(t+\tau)g(\tau)}{\int_0^\infty j(t-u)g(u)du} d\tau \quad (8)$$

のように計算されることが知られている [6,7]. ここで注意しなければならない点として, 新規感染者 $j(t)$ は直接的に観察可能でないことが挙げられる. 流行途中でルーチンに観察される時系列データは新規発病者 $c(t)$ である (さらに, 往々にして発病から報告の遅れも伴う). 潜伏期間 $f(s)$ を利用すると, $c(t)$ は j と f の畳み込みであり

$$c(t) = \int_0^\infty j(t-u)f(u)du \quad (9)$$

のような関係が成り立つ. ここで, f が既知であればノンパラメトリック推定によって $c(t)$ データは $j(t)$ のデータとして即座に逆計算することが可能である [8]. 実効再生産数のリアルタイム推定では, まず (9) を数値的に解いてから (8) の計算をする, という 2 段階の計算過程を経ることによって, リアルタイム推定の難しいコホート再生産数の定量化に対処している [9].

6. クラスタ分布の打ち切り

再生産数のリアルタイム推定は必ずしも大規模流行の観察データだけに留まるわけではない. 基本再生産数が臨界値を超えているか否かの判断が極めて難しい小規模な集団発生 (minor outbreak) の分析こそ, よりリアルタイム分析が威力を発揮する課題であり, 適切な尤度関数の導出が求められる [10]. 2013 年 4-5 月の H7N9 型鳥インフルエンザ流行では, 同ウイルスのヒト-ヒト感染能の再生産数について, 感染者の中でトリ接触歴を持つ者の割合を利用して推定した [11].

仕組みは単純である. 推定したいヒト-ヒト再生産数を R と書く. トリ-ヒト感染による初期感染者数が k 人とすると, 最初の感染者が生まれてから n 世代だけの時間が経過した時刻における全感染者数は

$$k \sum_{n=0}^{\infty} w_n \frac{1-R^n}{1-R} \quad (10)$$

として記述できる. ここで w_n は, 観察時刻までにトリ-ヒト感染による初期感染者が生み出した感染世代

数の質量分布である. このうち k 人だけトリ-ヒト感染で, 残りはヒト-ヒト感染によるのであるから, 全感染者におけるトリ-ヒト感染由来の確率 q_{hb} は

$$q_{hb}(R) = \frac{1}{\sum_{n=0}^{\infty} w_n \frac{1-R^n}{1-R}} \quad (11)$$

である. ここで仮に w_n が既知とする. トリ接触歴を有する感染者数が i , 接触歴のない感染者数が j のとき, 再生産数を推定する尤度は

$$L(R) = q_{hb}(R)^i (1 - q_{hb}(R))^j \quad (12)$$

で与えられる. これにより「7割以上の者がトリ接触歴を有する」ことが知られていた H7N9 型鳥インフルエンザウイルスの再生産数は 0.2-0.3 程度と推定された. 再生産数が明らかに 1 未満であり, 即座にヒト-ヒト感染によるパンデミックの拡大を認めないであろうことが示された [11].

7. まとめ

以上, モデル構造に主眼を置いて, 感染症の打ち切りデータの取扱いについて雑にまとめた. まだまだ技術的に対応し切れていない課題が多く, 特に確率過程に基づく尤度と打ち切り問題の同時取扱いやノンパラメトリック推定における EM アルゴリズムの使用など解析的にタフになりそうな統計学的課題も数多い. 活用例とともに今後も紹介・報告を続けていきたい.

参考文献

- [1] Nishiura H, Inaba H. Estimation of the incubation period of influenza A (H1N1-2009) among imported cases: addressing censoring using outbreak data at the origin of importation. *J Theor Biol* 2011; **272**: 123-130.
- [2] Donnelly CA, et al. Epidemiological determinants of spread of causal agent of severe acute respiratory syndrome in Hong Kong. *Lancet* 2003; **361**: 1761-1766.
- [3] Ghani AC, et al. Methods for estimating the case fatality ratio for a novel, emerging infectious disease. *Am J Epidemiol* 2005; **162**: 479-486.
- [4] Nishiura H, Klinkenberg D, Roberts M, Heesterbeek JA. Early epidemiological assessment of the virulence of emerging infectious diseases: a case study of an influenza pandemic. *PLoS One* 2009; **4**: e6852.
- [5] Wong JY, Wu P, Nishiura H, et al. Infection fatality risk of the pandemic A(H1N1)2009 virus in Hong Kong. *Am J Epidemiol* 2013; **177**: 834-840.
- [6] 稲葉寿編.『感染症の数理モデル』. 培風館, 2008.
- [7] Fraser C. Estimating Individual and Household Reproduction Numbers in an Emerging Epidemic. *PLoS One* 2007; **2**: e758.
- [8] Becker NG, Watson LF, Carlin JB. A method of

-
- non-parametric back-projection and its application to aids data. *Stat Med* 1991; **10**: 1527-1542.
- [9] Cowling BJ, et al. The effective reproduction number of pandemic influenza: prospective estimation. *Epidemiology* 2010; **21**: 842-846.
- [10] Nishiura H, Yan P, Sleeman CK, Mode CJ. Estimating the transmission potential of supercritical processes based on the final size distribution of minor outbreaks. *J Theor Biol* 2012; **294**: 48-55.
- [11] Nishiura H, Mizumoto K, Ejima K. How to interpret the transmissibility of novel influenza A(H7N9): an analysis of initial epidemiological data of human cases from China. *Theor Biol Med Model* 2013; **10**: 30.
-

イサカ滞在記

山道真人*

1. はじめに

2012年4月から2013年8月現在まで約一年半、米国ニューヨーク州イサカにある Cornell University(コーネル大学)の Department of Ecology and Evolutionary Biology でポスドクとして研究を行ってきました。今回はその滞在記を書かせて頂きます。

私は2012年3月に総合研究大学院大学の生命共生体進化学専攻で、佐々木顕教授・印南秀樹准教授・長谷川真理子教授のもとで学位を取り、ポスドク(日本学術振興会 海外特別研究員)として上記の大学に移りました。私が現在イサカで取り組んでいる研究は、捕食者-被食者系における迅速な進化と個体群動態の相互作用の解明です。そのモデルとして、プランクトンの連続培養系を用いています。このテーマで研究を始めたのは私が博士課程に在学していたときです。ポスドク先としてコーネル大学を選んだ理由は、理論と実験の両側面から研究を発展させる上で最適な場所だったからです。海外でポスドクをすることになった顛末については、既に「サマースクールから海外ポスドクへ」という文章において紹介した(山道 2013)ので、ここではプランクトンの捕食者-被食者系における迅速な進化と個体群動態研究の概要と、米国での研究生活について紹介します。

2. 捕食者-被食者系の迅速な進化と個体群動態

数理生物学者の Stephen P. Ellner 教授と陸水学者の Nelson G. Hairston Jr. 教授が立ち上げたコーネル大学の研究グループでは、ケモスタット(chemostat)という連続培養装置を用いてプランクトンの個体群動態を調べる研究を、1990年代後半から行っています(総説として吉田 2007; Jones et al. 2009)。まず、ケモスタットに流入する栄養塩濃度と希釈率(一日に入れ替わる培養液の量)を変えることで捕食者(ワムシ, *Brachionus calyciflorus*)と被食者(緑藻, *Chlorella vulgaris*)の個体数の安定平衡状態・振動状態・絶滅が起きるといった数理モデルの予測が実験的に確かめられ

ました(Fussmann et al. 2000)。その際、捕食者と被食者の個体群動態の間に奇妙な位相差を発見したことから、そのメカニズムについて調べるうち、彼らは被食者の防御形質の迅速な進化が逆位相サイクル(捕食者の最大値と被食者の最小値が同時に見られるサイクル)を引き起こすことを突き止めました(Yoshida et al. 2003, Jones and Ellner 2007)。近年まで、進化は長い時間をかけて起こるため直接観測することは難しいとされていましたが、ケモスタット系を含む最近の研究により、比較的短期間で起こる迅速な進化が普遍的であり、さらにそのような迅速な進化が個体数や群集構造の変化などといった生態的な現象に影響を与えることが明らかになってきました(Ellner et al. 2011)。

コーネル大学の研究グループでは、続いて被食者の防御形質に対するコストが小さいと、被食者の個体数はほぼ一定で捕食者の個体数のみが大きく振動する cryptic cycle が生じることを明らかにしました(Jones and Ellner 2007, Yoshida et al. 2007)。次に、クロレラの代わりに、表現型から防御型を区別できるうえ、ゲノム配列も得られているクラミドモナス(*Chlamydomonas reinhardtii*)を用いて、防御形質の遺伝的多様性が減ると個体群動態にどのような影響を及ぼすのか(Becks et al. 2010)、どのような遺伝子が防御形質に影響を与えているのか(Becks et al. 2012)といった研究がなされました。さらに二種系から三種系に種数を増やし、ギルド内捕食がある系でも逆位相サイクルが起こるといった理論予測(Ellner and Becks 2011)と、ギルド内被食者として鞭毛虫を加えた実験系において進化がない状態での振動位相差(Hiltunen et al. 2013)も調べられています。理論的には、fast-slow theoryを用いて捕食者と被食者の共進化(Cortez and Ellner 2010)や表現型可塑性(Cortez 2011)が位相差に与える影響についても調べられました。また、ケモスタット以外の系で進化と生態の相互作用を調べるため、プライス方程式を用いて形質に対する表現型可塑性と進化の効果を分離する試みも行われています(Ellner et al. 2011)。

私の博士課程では、捕食者-被食者系における進化と生態の相互作用に注目し、迅速な進化と表現型可塑性が個体群動態に与える影響の比較(Yamamichi et

*Department of Ecology and Evolutionary Biology, Cornell University (my287@cornell.edu)

al. 2011), 侵入タイミングと個体数が定着の成否や振動位相差に与える影響 (Yamamichi et al. submitted), 捕食が一遺伝子種分化に与える影響 (Yamamichi and Sasaki 2013) といった理論的な研究を, 集団遺伝学的な研究 (Yamamichi et al. 2012, Yamamichi and Innan 2012) と平行して行ってきました. 現在ではコーネル大学において, 外的な環境変動が進化動態と個体群動態に与える影響を, 理論と実証の双方のアプローチから調べています. これまでの研究における個体数の変化はすべて捕食という種間相互作用によるものでしたが, 野外の個体群では非生物的な環境変動が個体数変化に大きな影響を与えています. そこで, 常微分方程式を用いて動態の理論的な予測を行い, さらにワムシとクラミドモナスのケモスタット系において外的な環境変動 (塩分・窒素濃度の変化) を加えることで理論予測を検証しようと試みています.

その他にも, 捕食者であるワムシやミジンコのストイキオメトリーに関わる形質の進化が個体群動態や生態系機能に与える影響を調べるプロジェクトが進行しています.

3. 生活・研究環境

コーネル大学と言えば, 古くは Simon Levin, Alexey Kondrashov が所属しており, 現在でも Stephen P. Ellner, Stephen Emlen, Hudson Reeve, Steven Strogatz, John Guckenheimer, Andrew Clark などが所属している, 全米でも数理生物学に強い大学の一つと言えます. 私たちのケモスタット研究グループでは, 陸水学の Nelson G. Hairston Jr. 教授と, 数理生物学の Stephen P. Ellner 教授, さらに統計モデリングの Giles Hooker 教授とポストドク・院生が週に一回集まってミーティングを行い, 進捗状況と今後の方向性について議論しています. 一週間で得られた新たな実験データについて理論・データ解析の観点から実験計画について議論するとともに, 新しい解析結果について実証生態学者からコメントをもらうことができます. この頻繁に行われる密な議論が, 理論と実証の双方のアプローチをうまく組み合わせて研究を行っていくために重要なのだと感じています.

私の正式な受け入れ教員は Nelson なのですが, 私がコーネル大学に滞在することになった期間が運悪く彼のサバティカル (大学教員が海外の研究機関に一年ほど滞在し, 授業の義務なしに研究に専念できる期間) に重なってしまいました. その期間は直接話をすることはできませんが, Skype やメールなどで連絡を取り合っています.

Ellner 研究室では現在ポストドク二人, 大学院生三人が所属していますが, 院生は Ecology and Evolutionary Biology (生態学・進化生物学), Entomology (昆虫学),

Applied Mathematics (応用数学) の所属の人が混じっています. 応用数学以外の院生であっても, 特に大学院の一, 二年目は基礎的な数学の授業 (常微分方程式・確率過程など) の単位を取ることで, 独立した研究テーマを選ぶことが推奨されています.

ポストドクは大学教員を希望する人が主ですが, 現在アメリカでは研究者間の競争が非常に熾烈なものになっており, テニュアトラックの assistant professor になるためには数多くの論文が必要とされています. また, assistant professor になった後にテニュアを取る際にも, 独立して質の高い研究を行っていかせることを示すため, 博士課程の指導教員の名前が入っていない論文が多数必要になるそうです. 某大学の assistant professor の公募には数百人が応募してきた, 別の大学の面接候補者はすべて一般誌に論文を持っていた, などという話すら聞きます. そのため, 大学院生やポストドクの中には, 競争の激しい北米を避けて南米で就職したいという人や, 研究を行う research university と異なり学部生の教育に専念する liberal arts college への就職を希望する人もいます.

生態学・進化生物学の分野において, 日本の科研費に相当するものが NSF (アメリカ国立科学財団) です. 分野によっては NIH (アメリカ国立衛生研究所) も入ります. 日本の科研費に比べ, NSF は申請書の分量が膨大なことで有名でしたが, 最近になって pre-proposal という制度が導入され, 短い申請書を一度提出し, それが審査によって認められれば実際の長い申請書を提出するという様式になりました. これにより, 研究者の手間が省かれることになったと言えるかもしれません.

EMBO や Marie Curie といった外国人が応募できるポストドクフェローシップが充実しているヨーロッパに比べて, 米国ではその種のフェローシップが少ないように思われます. 日本人が米国で研究するためのフェローシップとしては,

1. 日本学術振興会海外特別研究員: 2年間
2. 日本学術振興会特別研究員 (PD): 3年間のうち1年半は海外に滞在可能
3. James S. McDonnell Foundation: 複雑系研究が対象, 2年間で\$100,000
4. Omidyer Fellowship: 複雑系を研究しているサンタフェ研究所のフェローシップ

などが挙げられます. 生態学・進化生物学のポストドク情報については, EvolDir (<http://evol.mcmaster.ca/evoldir.html>) やアメリカ生態学会の theory section の wiki ページ (<http://esatheory.wikidot.com/post-doctoral-positions>) などが参考になります. また, 日本の民間財団の助成金などに応募するのも有効な手だと思われます. 学会としては, これまでの二年間で Evolution, Society for Mathematical Biology (SMB), Ecological Society of America (ESA) に参加しました.

Evolution は American Society of Naturalist, Society for the Study of Evolution, Society of Systematic Biologists の三学会が共催する大会で、2012 年はさらにカナダとヨーロッパの進化学会と合同で行われました。Evolution や ESA のような大規模な学会では、多様な研究発表があつて楽しめますが、人を探すのも一苦労になります。また、通常の発表以外にも昼休みに研究費の応募方法、論文の投稿方法などを議論するワークショップや、夕方に興味の近い研究者が集まって交流を深める mixer といった催しがあり、非常に充実しています。一方 JSMB は小規模なため、少人数で密な議論が可能となるものでした。しかし、開催地のアリゾナ州フェニックスにおいて6月はかなり暑い季節であつたため、部屋の外に出る際は相当の覚悟が必要だったことを記憶しています。

学会以外にも、サマースクールに二回参加しました。2012 年 8 月に NESCent(米国立進化統合センター)の進化量的遺伝学のワークショップに参加しました。これは一週間で、前半は種内の量的形質の進化をおもに Steven Arnold が、後半は系統樹を用いた種間の量的形質の進化の推定をおもに Joseph Felsenstein が解説するという内容で、これまで量的遺伝学をまとめて学ぶ機会のなかった私にとって、よい機会になりました。2013 年 6 月にはサンタフェ研究所の複雑系サマースクールに参加しました。これは、四週間かけて力学系、ネットワーク理論、機会学習といった基礎的なトピックから、食物網、都市、文化進化といった応用的なテーマまでさまざまな講義を行うとともに、参加者たちが研究プロジェクトを行うといったものです。私は食物網の機能と構造の関係を調べるために、遺伝的アルゴリズムを用いるプロジェクトに参加しました。最終日は各プロジェクトが成果を発表し、さらに9月には紀要として発表することになっており、現在でもその準備を続けています。

上記のようにさまざまな場所に出かける機会もありますが、基本的に研究を行っている場所はニューヨーク州の北方に位置するイサカという小さな街です。大都市の大学と比較して娯楽は少なく、一番近い大都市であるニューヨークシティまでバスで五時間ほどかかるものの、森と滝と湖に囲まれ、比較的安全で静かなイサカの街は、研究に集中するためには適した環境であると思います。

参考文献

- [1] Becks L, Ellner SP, Jones LE, Hairston Jr. NG (2010) Reduction of adaptive genetic diversity radically alters eco-evolutionary community dynamics. *Ecology Letters* 13: 989-997
- [2] Becks L, Ellner SP, Jones LE, Hairston Jr. NG (2012) The functional genomics of an eco-evolutionary feedback loop: liking gene expression, trait evolution, and community dynamics. *Ecology Letters* 15: 492-501
- [3] Cortez MH (2011) Comparing the qualitatively different effects rapidly evolving and rapidly induced defences have on predator-prey interactions. *Ecology Letters* 14: 202-209
- [4] Cortez MH, Ellner SP (2010) Understanding rapid evolution in predator-prey interactions using the theory of fast-slow dynamical systems. *The American Naturalist* 176: E109-E127
- [5] Ellner SP, Becks L (2011) Rapid prey evolution and the dynamics of two-predator food webs. *Theoretical Ecology* 4: 133-152
- [6] Ellner SP, Geber MA, Hairston Jr. NG (2011) Does rapid evolution matter? Measuring the rate of contemporary evolution and its impacts on ecological dynamics. *Ecology Letters* 14: 603-614
- [7] Fussmann GF, Ellner SP, Shertzer KW, Hairston Jr. NG (2000) Crossing the Hopf bifurcation in a live predator-prey system. *Science* 290: 1358-1360
- [8] Hiltunen T, Jones LE, Ellner SP, Hairston Jr. NG (2013) Temporal dynamics of a simple community with intraguild predation: an experimental test. *Ecology* 94: 773-779
- [9] Jones LE, Becks L, Ellner SP, Hairston Jr. NG, Yoshida T, Fussmann GF (2009) Rapid contemporary evolution and clonal food web dynamics. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences* 364: 1579-1591
- [10] Jones LE, Ellner SP (2007) Effects of rapid prey evolution on predator-prey cycles. *Journal of Mathematical Biology* 55: 1579-1591
- [11] 山道真人 (2013) サマースクールから海外ポストドクへ。日本生態学会関東地区会報 61: 22-26
- [12] Yamamichi M, Gojobori J, Innan H (2012) An autosomal analysis gives no genetic evidence for complex speciation of humans and chimpanzees. *Molecular Biology and Evolution* 29: 145-156
- [13] Yamamichi M, Innan H (2012) Estimating the migration rate from genetic variation data. *Heredity* 108: 362-363
- [14] Yamamichi M, Sasaki A (2013) Single-gene speciation with pleiotropy: Effects of allele dominance, population size, and delayed inheritance. *Evolution* 67: 2011-2023
- [15] Yamamichi M, Yoshida T, Sasaki A (2011) Comparing the effects of rapid evolution and phenotypic plasticity on predator-prey dynamics. *The American Naturalist* 178: 287-304
- [16] Yamamichi M, Yoshida T, Sasaki A (submitted) Timing and propagule size of invasion determine its success by a time-varying Allee effect.
- [17] 吉田丈人 (2007) 実験と理論の応酬: ワムシ — 藻類 (捕食者 — 被食者) 系の個体群動態. 日本生態学会誌 57: 208-216

[18] Yoshida T, Ellner SP, Jones LE, Bohannan BJM, Lenski RE, Hairston Jr. NG (2007) Cryptic population dynamics: rapid evolution masks trophic interactions. *PLoS Biology* 5: e235

[19] Yoshida T, Jones LE, Ellner SP, Fussmann GF, Hairston Jr. NG (2003) Rapid evolution drives ecological dynamics in a predator-prey system. *Nature* 424: 303-306

書籍紹介

The Mathematics of Darwin's Legacy

Fabio A. C. C. Chalub, José Francisco Rodrigues (編集)

Birkhaeuser

2011年6月, 293p

ISBN: 9783034801218

ダーウィン生誕200周年、および種の起源出版150周年を記念して寄稿された進化理論の第一人者たちによる著作を集めた一冊である。計11篇からなり、編集者はFabio A. C. C. ChalubとJosé Francisco Rodriguesであり、二人とも数学者のようである。明示的に記されているわけではないが、全体としてダーウィン理念およびフィッシャー理念の形式化を目指したものになっている(結果として、Wrightや木村の理念は最小限にしか反映されていない)。本書について語る前に、念のためフィッシャーの自然選択の基本定理を簡単におさらいしておく(本書三章より抜粋)。

“The rate of increase in fitness of any organism at any time is equal to its genetic variance in fitness at that time.”

本書では、この基本定理が一つの中心的な役割を占めている。

まず第一章において、理論集団遺伝学の大家Warren J. Ewensにより、古典的な意味での自然選択の基本定理が詳細に説明され、相加遺伝分散の重要性が解かれる。Peter Schusterによる第二章では、前半で微分方程式に基づく基本定理の再定式化が行われ、後半では、分子生物学的視点から、複製子(正確にはquasispecies)のエラー耐性に関連する興味深い議論が展開される。第三章では、Reinhard Bürgerが、Ewensの議論を多座位モデルに拡張し、弱い淘汰の下でquasi-linkage equilibriumが成立するならば、進化の過程のほとんどの時間において基本定理が成立することが示される。弱選択極限における時間スケールの分離とも関連が深いため、個人的に興味深い一章である。

第四から七章までは比較的独立性の強い著作が続く。第四章では、Peter Jagersが、上限のあるbranching processの挙動に関する重要な定理を幾つか列挙し、最後に変異体の侵入を許したbranching processを考え、進化的な考察を行う。第五章は包括適応度理論で知られる古参Peter Taylorが、相互作用する集団の「均質性」(homogeneity)に関する群論を用いた議論を展開する。本書で最もユニークな一章であると言える。第六章では、Jorge M. Pachecoらが、 n プレイヤーの囚人のジレンマやsnowdriftゲームを、公共財が機能するためには最低限ある人数が協力することが必要であるという仮定を盛り込んで拡張し、その進化ダイナミクスを無限・有限集団両方の仮定のもとで分析する。この単純な拡張が、多彩な進化的構造を生み出すことが示される。第七章では、Vincent A. A. Jansenが、haystack modelにおける変異体の侵入適応度を用いて、血縁選択と群選択の等価性について説明する。

第八章以降、特に第九章以降は、adaptive dynamicsに関連が深い著作が並ぶ。第八章は、Sepideh Mirrahimiらが、連続的に資源が分布する空間で、競争カーネルの形式に依存して連続的あるいは離散的表現型が進化するメカニズムを、反応拡散方程式のチューリング不安定性に基づき説明する。本書で最も専門的なバックグラウンドを要する一章である。第九章は、Sylvie Méléardが、adaptive dynamicsの(cannonical equationよりも原始的な)ある種の極限で生じるjump processについて詳細な分析を行う。このjump processでは、集団は有限個(単型なら一つ、二型なら二つ)のディラック密度の和になり、進化的分岐は、特異点近辺でサポートの「数」が増えることと見なされる(実際にはもう少し複雑な解析的定義がある)。時間スケールを変換してmutation stepを小さくする極限をとると、分岐前まではcannonical equationへの収束が起こることが示される。非常に読み応えのある一章である。第十章では、Hans Metzが数式を一切使わず、PIP(pairwise invasibility plot), MIP(mutual invasibility plot), TEP(trait evolution plot)などの概念を駆使してAdaptive dynamics理論の説明を行い、種多様性の創出との関連について論じる。最終章では、Mats Gyllenbergらが、Adaptive dynamicsにおいて

(たとえば Fisher の基本定理のような) 何らかの最大化原理が成立するために適応度関数が満たすべき要件を明らかにする。

基本的にどの章も独立して読めるようになっているが、しばしば他章の引用もあり、全体的な繋がりを意識しつつ執筆が進められたことがうかがわれる。時間と能力の都合上、定理の証明まで追いかけることはできなかったが、多くの章は数学的に重厚で内容もしっかりしているように思われる。様々な著者が多彩な視点から進化の数学に関する妥協のない議論を展開しているという意味では、あまり他に類を見ない学術書であるといえる。また、実際の生物を理解するというモデル本来の役割をかなりそっちのけで、理念の形式化が追求されているところも、良い意味でユニークであり、面白い試みが出来上がっている。言ってしまうと机上の空論にかなりのページ数が割かれており、普通のジャーナルでは、特別企画でも立ちあげない限りなかなか難しいことが、ここでは実現している。

しかし、この利点の犠牲として、多少読者と読み方を選ぶのではないかとと思われる。内容が高度であること、完全な証明の与えられていない定理があること、話題が多岐にわたることなどを考えると、少なくとも一部の章は、通常他文献を参照せずに完全な理解を得ることは難しいのではないかとと思われる。しかし内容の多様度や高度さの利点を活かすならば、例えば若い学生諸君がセミナーで輪読するのに向いた一冊であるかもしれない。ただ、若干回顧主義的な色合いが強いのは著作の性質上不可避的であるので、そこだけは注意すべきかもしれない。たとえば、理論集団遺伝学では、現在 *coalescent theory* やそれに応用される近似ベイズ解析など様々な統計手法の開発が支配的なトピックであるが、もちろん、こうしたことには全く触れられていない。要するに、幾分マニアックな書籍と言わざるを得ない要素が多分にある。

おそらく、最もありそうな使い方は、(裏表紙にも書かれているように) 数学寄りの学生や研究者が、ネタ探しに読むというのではないだろうか。この本を読むと(特に第八章、第九章など)、進化理論にも、専門的なレベルではまだまだ謎が多いことがうかがい知れるようになっていく。

読んでみて分かったが、私自身は、この書物の(結果として)対象とする読者層よりも、かなり数学から遠いところにいる。数理生物学の主な役割は、諸現象をアドホックに説明することであるという観点に親しんできた。(もちろん、新しい解析手法・数学的概念を生み出すことは現象数理の極めて重要な役目であり、それ無しに本質的な前進はあり得ないだろう。) 学生の時分に、性比理論に関する書物を読み、理論の予測とデータの一致に深い感銘を受けたことを覚えている。

一方、Darwin's legacy に収められている著作の三分の一くらい(第一章、三章、六章、最終章など)は、こうした観点から最も遠いところ、つまり統一的理念の数学的表現、に狙いを定めている。少なくともこれらの章は、むしろ本質的に数学の形を借りた生物哲学の著作であると言える。だから、生物哲学を形式的に整理したいと考えている、もしくは数学に基づいて自説を展開したいと考えている哲学者にとっては、間違いなく無視できない一冊であろう。

ダーウィン理念を追求するという観点から言うと、幾つかの章には個人的に不満を持っている。まず、Peter Taylor による第六章であるが、この章は必要がないと思う。集団の対称性を群論で表現しようとする試みは確かに面白く、本人も気に入っていることがうかがわれるが、ダーウィンの思想とは恐らく何の関係もない上に、実用上の利点も疑わしい。せつかくであるから、包括適応度と基本定理の関係について言及して欲しかった。とはいえ、この章で言及されている未解決の数学的問題、つまり、任意の均質集団を群で表現できるかという問題は、少々興味深い。また、Jansen による第七章では、集団遺伝学的でない非標準的なモデルを用いているため、かえって問題の本質が分かりにくくなっているように思われる。Jansen は一種の *haystack* モデルを用いているが、私の理解では、このモデルではグループ間の分散率が1であるため、グループ内の異なる創設者間の血縁度はゼロになる(もちろん、自分とグループの間の血縁度は、「グループ」に自分も含まれているので、正になる。式 5.3 参照)。こうしたフレームワークがどれほど重要なのか、力量不足のため私にはよく分からない。ただ、この本で唯一包括適応度が登場するのがこの章だけであるというのはいかにも残念である。(そもそも 1964 年のハミルトンの論文は基本定理を念頭において書かれたふしがある。) 代わりに、Alan Glafen の推進する Formal Darwinism Project (進化を、包括適応度の最大化によって統一に理解しようとする試み) に一章を割いてほしかった。Formal Darwinism Project はこの本のためにあるようなものである。また、Hans Metz は、数式を使わないのではなく、数式を使ってほしかった。かえって分かりにくい。

一見批判的とも言える文章を並べ立ててしまったが、大変読み応えのある味わい深い一冊であることには違いない。個人的に気に入った章は、第三章(Bürger)、第四章(Jagers)、第八章(Mirrahimi ら)、第九章(Mélérd)、最終章(Gyllenberg ら)である。時間と周囲の理解があれば一つ一つ定理を追いかけ、進化理論の穴を見つけて没入してみたいものである。そういう気持ちにさせられる一冊であった。

(小林豊)

第23回日本数理生物学会大会のご案内
2013年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 So-
ciety for Mathematical Biology
September 11-13, 2013, Shizuoka University
(Hamamatsu campus)

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。総合講演は次の1件を予定しています。

総合講演：

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–

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
 大会ホームページ：

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

1. 大会スケジュール

9/11(水)	8:30 から	9:30 から	12:30 から	13:30 から	15:00 から	18:15 から
会場 S				総合講演		
会場 A		S1			S3	
会場 B		S2			S4	
会場 C		一般			一般	
ポスター			奇数			
	受付開		昼休み			運営委

9/12(木)	8:30 から	9:00 から	12:00 から	13:00 から	14:00 から	15:15 から	18:15 から
会場 S				総会	受賞講演		
会場 A		S5				S7	
会場 B		S6				S8	
会場 C		一般				一般	
ポスター			偶数				
	受付開		昼休み				懇親会

9/13(金)	8:30 から	9:00 から	12:00 から	13:00 から
会場 A		S9		S11
会場 B		S10		一般
会場 C		一般		一般
	受付開		昼休み	

2. 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

オーガナイザー：野下 浩司 (九州大学)

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粹に幾何学的対象として認識することに基いている。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。

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

オーガナイザー：税所 康正（広島大学）

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。

S3) データ解析の疾病モデリング—FIRST共催シンポジウム—

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）

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。

S4) 生物学における統計物理学的アプローチ

オーガナイザー：大泉 嶺（北海道大学）

神経細胞から病気の伝播、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。

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

オーガナイザー：山口幸（神奈川大）・入江貴博（スタンフォード大）

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。

S6) ヒトの学習と文化進化の数理モデル

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）

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。

S7) 感染症流行の理論疫学とリアルタイム分析

オーガナイザー：西浦博（東京大学）

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。

S8) 細胞・発生における振動研究の展開

オーガナイザー：黒澤元（理研）

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。

S9) 拡散現象の数学理論と生物モデルへの応用

オーガナイザー：森田善久（龍谷大学）、二宮広和（明治大学）

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。

S10) 計算ウイルス学の新局面

オーガナイザー：岩見真吾（九州大学）、中林潤（横浜市大）

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。

S11) パターン形成の数理生物学

オーガナイザー：佐藤一憲（静岡大学）、上原隆司（静岡大学）

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されてきた研究や、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。

3. 一般講演（口頭・ポスター）発表要領

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。

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。なお、例年のように若手を対象としたポスター賞を実施いたします。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。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、なるべく予めご登録の上、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、ニュースレター5月号に同封されていた振込み用紙を使っただけであ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. 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）

大会全般に関するご質問は、大会事務局

jsmb13.unagi@gmail.com

までお願いします。

8. 交通案内

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」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。

学会事務局からのお知らせ

事務幹事長 若野友一郎

1. 2013年日本数理生物学会年次総会のお知らせ

2013年度の年次総会が第23回日本数理生物学会浜松大会（2013年9月11日～13日）に合わせて開催されます。日時および場所は、9月12日（木）13時より、静岡大学・佐鳴会館会議室です。

■ 議題（予定）

- (1) 2014年SMB・JSMB合同日本大会について
- (2) 2015年日本数理生物学会大会について
- (3) 学会サーバ（WEB/ML）について
- (4) 次期ニューズレター編集委員会
- (5) 大久保賞選考委員（1名）の改選
- (6) 2012年度決算および2013年度予算
- (7) 2013年-2014年度会計監査委員の承認
- (8) その他

■ 報告事項（予定）

- (1) 大久保賞 第8回受賞報告
- (2) 研究奨励賞 第8回受賞報告
- (3) その他

2. 大久保賞選考委員候補者の推薦のお願い

日本数理生物学会会則第17条に基づき、大久保賞選考委員候補者（改選1名）の推薦をお願いいたします。被推薦者は本学会員である必要はありません。現在の委員は巖佐庸、佐々木徹、難波利幸の3氏です。過去6年以内に委員を勤められた方々は委員になることができませんので、上記の3氏に加えて、佐々木顕、関村利朗、高須夫悟、中島久男、稲葉寿、山村則男の6氏も候補にはなりませんのでご注意ください。推薦は電子メールまたは郵送により、下記若野友一郎幹事長あてにお送りください。推薦締め切りは2013年9月6日（金）とさせていただきます。

〒164-8525 東京都中野区中野4-21-1 明治大学総合数理学部 若野友一郎

E-mail: joe@meiji.ac.jp Tel: 03-5343-8351

3. 大久保賞 第8回受賞報告

この度、第8回大久保賞の受賞者が以下のように決まりましたのでお知らせいたします。

重定南奈子 氏
（奈良女子大学）

受賞講演は2014年の日米数理生物学合同大会において行われる予定です。

■ 選考報告

2013 Akira Okubo Prize Announcement

The Society for Mathematical Biology and the Japanese Society for Mathematical Biology are pleased to announce that the 2013 Akira Okubo Prize will be awarded to Dr. Nanako Shigesada, Professor Emeritus of Nara Women's University, Japan. In 2013, the Okubo Prize is awarded to a senior scientist whose lifetime achievements have been exemplary in developing innovative theory, in establishing superb conceptual ideas, in solving difficult theoretical problems, and/or in uniting theory and data to advance a biological subject. Professor Shigesada's outstanding accomplishments strongly fit the criteria and the spirit of the research of Professor Akira Okubo, in whose memory the Prize was established.

In her long and successful career, Dr. Shigesada has made uniquely significant contributions to the fields of spatial ecology, and the ecology of invasion. In the 1970's she was an active member of a group organized by the late Professor Ei Teramoto who was a pioneer of mathematical ecology in Japan. The group published papers on structure, stability and efficiency of ecosystems under the name Mumay Tansky, which was an acronym of the names of the six members. In 1979, Dr. Shigesada turned her attention to the observational study of the spatial distribution of ant lions by a Japanese ecologist, Masaaki Morisita. She generalized the phenomenological concept of environmental density, which represents the degree of how unfavorable a habitat patch can be. She introduced a novel model that included population pressure due

to mutual interference between individuals combined with environmental potential, regarding how favorable a habitat is. After explaining Morisita's observations using a spatially discrete model, she extended it through a continuous, nonlinear diffusion-advection model and was able to explain how coexistence of competing species can arise through spatial segregation. This pioneering work on density-dependent diffusion has continued to have a significant impact on studies of animal dispersal and spatial distributions. Since Skellam's seminal work in 1951, the speed of traveling waves has been one of the central questions investigated for reaction diffusion models. Although most models predicted constant wave speeds of animal range expansion, data for the speed of invasion of non-native insects, plants and birds show considerably different patterns. This was a puzzle pointed out clearly by Prof. Akira Okubo himself in the 1980's. For the initial establishment of an invasive population in a small area and for range expansion with or without acceleration, Dr. Shigesada identified three patterns. She formulated a stratified diffusion model by combining the generation of new colonies by long-distance migrants with the short range expansion by neighborhood diffusion and explained the three expansion patterns by assuming three forms of the colonization rate. This very important research solved a long standing puzzle using an innovative approach. In the recent two decades, Dr. Shigesada began studying pine wilt disease which is caused by the pinewood nematode with a pine sawyer beetle as vector. Describing the population dynamics of pine sawyers and infected trees using a simple discrete-generation model, she estimated beetle densities and parameter values for the model and found that there is a threshold host density above which the disease can spread, and that the minimum density critically depends on the eradication rate. She also modeled the spatial spread of the disease by incorporating an empirically estimated distribution kernel and found that long-range dispersal is necessary to explain the rapid expansion of the disease. These were novel approaches in analysis of pest control strategies.

A major feature of Dr. Shigesada's research has been the explicit introduction of spatial heterogeneity. To assess the effects of spatial heterogeneity on the speed of traveling waves, she considered an environment in which the growth and diffusion rates vary periodically. She defined a traveling periodic wave as a frontal wave that shifts by a characteristic distance with a lapse of

a characteristic period of time and calculated the minimum velocity of the waves by concentrating on the leading edge of the waves. She extended her model to combine population growth and diffusion in a two-dimensional fragmented environment and clearly explained the range expansion pattern by introducing a frontal envelope for the two-dimensional spread. These efforts are illustrative of her prominent ability to solve a complicated problem using fresh new approaches.

Dr. Shigesada has long been recognized as one of the leading researchers in mathematical biology, and the textbook (1997) written with her principal collaborator, Kohkichi Kawasaki, on biological invasions has had a significant impact. Prof. Shigesada has also greatly contributed to the education of young researchers at Kyoto University, Nara Women's University and Doshisha University. Recently, she has served as the Research Supervisor for the Basic Research Program PRESTO in the research area "Innovative Models of Biological Processes and its Development", supported by the Japan Science and Technology Agency for 2007-2013 and has had a great impact on young mathematical biologists in Japan. She has contributed for many years to the Japanese Society for Mathematical Biology for which she has served as Secretary General and President.

Based upon her contributions to developing original theory arising from observational studies and for advancing our understanding of spatial processes and patterns in natural systems, the Committee enthusiastically awarded the Akira Okubo Prize to Prof. Nanako Shigesada.

2013 Akira Okubo Prize Committee: Toshiyuki Namba (Chair), Louis Gross, Yoh Iwasa, Denise Kirschner, Toru Sasaki, Jonathan Sherratt

4. 研究奨励賞 第8回受賞報告

この度、第8回研究奨励賞の受賞者が以下のように決まりましたのでお知らせいたします。

波江野洋氏

(九州大学大学院理学研究院)

大森亮介氏

(Weill Cornell Medical College in Qatar)

受賞講演は今年度の日本数理生物学会大会において行われる予定です。

■ 選考報告

日本数理生物学会会長 殿

2013年度研究奨励賞選考の結果を以下の通りご報告致します。

波江野洋氏

(九州大学大学院理学研究院)

大森亮介氏

(Weill Cornell Medical College in Qatar)

今年度は2名の候補者がいました。まず、審査委員6名のうち、候補者の学位論文の主任指導あるいは実質的な主任指導を行った審査員(以下、「利害関係のある審査員」と略)を除く審査員が第1段審査を行いました。第1段審査では、各候補者への推薦書と主要論文3編を各選考委員が個々に吟味し、5段階の絶対評価と所見を委員長に報告しました。その評価結果を委員長がまとめたものを各委員に配布し、授賞の可否の議論を行う第2段審査に進みました。第1段審査審査での評価結果では、各候補者に対する評点の平均点1位の方の評点分布は、評点5(受賞を強く推奨する)と評点4(受賞を推奨する)が半々でした。また、平均点2位の方の評点分布は、評点4(受賞を推奨する)が大半で、一部が評点3(受賞に値する)でした。この評点分布と、各審査委員の候補者への所見にもとづき、両候補者の受賞について議論と意見を、利害関係のない審査員全員に求めました。その過程で、候補者の主要論文中の近似の数学的な取り扱いの妥当性について、委員から疑問が出され、それぞれの審査員が近似の妥当性と論文への影響を再吟味しました。その結果、近似に関する記述には数学的な厳密性の面で問題があるのは確かだが、論文の結論には影響しない点であるとの意見が多数となり、利害関係のある審査員を除く審査員の多数が受賞が妥当であると結論しました。最終的には両候補者とも研究奨励賞の受賞にふさわしいとの結論に達しました。

なお、2名の候補者に対して受賞者が2名になることについては、候補者数が少ないのは候補者の責任ではなく賞を設ける学会の側の責任であり、問題にならないと結論したことも申し添えます。

波江野洋氏は、2010年に九州大学大学院理学研究院生物学専攻において学位取得後、Dana-Farber Cancer Institute, Harvard University (USA)での研鑽を経て、2013年4月より九州大学大学院理学研究院助教を勤めておられます。その業績の中でも、ガンの進化と薬剤効果に関する著名な研究が数理生物学への貢献として重要であり、今後、数理生物学の発展への寄与が大いに期待される若手研究者であると認められます。大森亮介氏は、2012年に九州大学大学院理学研究院生物学専攻において学位取得後、香港大学・李嘉誠医学院・公共衛生学院で博士研究員として、また2013年5月からはWeill Cornell Medical College in Qatar (Qatar)の博士研究員として研鑽を重ねておられます。理論疫学と進化疫学の若手研究者として、今

後の発展が大いに期待されます。

上記に従いまして、波江野洋氏と大森亮介氏の両氏は「数理生物学に貢献をしている本学会の中堅または若手会員の優れた研究を表彰することにより、研究の発展を奨励しわが国の数理生物学の一層の活性化をはかる」という授賞基準に十二分に値する資質を有する研究者であることを選考結果とし、ここに、波江野洋氏と大森亮介氏の両氏を日本数理生物学会研究奨励賞の受賞者として推薦する次第です。

日本数理生物学会研究奨励賞選考委員会：佐々木顕、川崎廣吉、森田義久、佐々木徹、難波利幸、巖佐庸

5. 会費納入のお願い

日本数理生物学会の年会費は

正会員 3000円/年

学生会員 2000円/年

です。会員は数理生物学会年会の登録費割引の特典を受けることもできます。また、会員は年会で発表することができます。会員は学会役員選挙において投票することができます。

今年度または過去の会費未納の方は、下記口座への納入をお願いいたします。

【ゆうちょ銀行の振替口座】

口座番号：00820-5-187984

口座名称(漢字)：日本数理生物学会

口座名称(カナ)：ニホンスウリセイブツガッカイ

【他銀行から振込】

店名(店番)：〇八九(ゼロハチキュウ)店(089)

預金種目：当座口座番号：0187984

6. 事務的事項のお問い合わせ先について

入会および退会につきましては、会員関係担当幹事の小林豊(kyutaka@meiji.ac.jp)までご連絡ください。会員情報の変更、会費の納入状況の確認などの事務的問い合わせにつきましては、業務委託先の土倉事務所(bwa36248@nifty.com)までお問い合わせください。それ以外の事項につきましては、幹事長の若野友一郎(joe@meiji.ac.jp)へお問い合わせください。

7. 事務局連絡先

事務幹事長 若野 友一郎 (Joe Yuichiro WAKANO)

会計担当幹事 大槻 久 (Hisashi OHTSUKI)

会員担当幹事 小林 豊 (Yutaka KOBAYASHI)

〒164-8525 東京都中野区中野4-21-1 明治大学 総合数理学部 現象数理学科 若野友一郎 Tel: 03-5343-8351

E-mail: joe@meiji.ac.jp

また、業務の一部委託先は次のとおりです。
土倉事務所内 日本数理生物学会
〒603-8148 京都市北区小山西花池町1-8
Tel: 075-451-4844
E-mail: bwa36248@nifty.com

編集後記

71号をお届け致します。昨年12月に行われた研究集会「生物現象に対するモデリングの数理」について齋藤保久さんに報告していただきました。参加者によるモデリングコンテストの報告記事とあわせてお読みください。69,70号に引き続き今号でもパンデミック特集を掲載しています。感染症研究の最前線について西浦博さんにご紹介いただきました。9月はいよいよ数理生物学会のシーズンです。浜松で皆様にお目にかかれるのを楽しみにしています。理研・望月理論生物学研究室が担当するニュースレターは本号をもって最後になります。研究会の紹介記事・書評・留学体験記のほか、「震災関連研究」「パンデミック研究」の特集を掲載し、2年間で全6号のニュースレターを作成しました。日々の研究・教育で忙しい中、数理生物学の世

界を盛り上げるべく、ニュースレターに原稿を書いて下さった皆様に心より感謝致します。
(黒澤)

日本数理生物学会ニュースレター第71号
2013年9月発行

編集委員会 望月 敦史, 黒澤 元, 立川 正志
jsmb-newsletter@riken.jp
理化学研究所

〒351-0198 埼玉県和光市広沢2-1

発行者 日本数理生物学会

The Japanese Society for Mathematical Biology

<http://www.jsmb.jp/>

印刷・製本 (株)ニシキプリント