

**TABLE OF CONTENTS**

Newsletter of the Japanese Society for Mathematical Biology No. 96 February 2022		
【会長年頭挨拶】 (瀬野裕美)		1
【第31回日本数理生物学会大会報告】 (飯田雅人, 今隆助, 出原浩史)		2
【数理生物学会ランチセミナー「あなたの研究、“世間”に伝わってる？」を終えて】 (小島響子)		6
【第31回日本数理生物学会大会参加報告記】		9
【科学史対談～外から見た数理生態学～】第1回 数理生態学から合意形成へ (松田裕之, 有賀暢迪)		11
【数理モデルのロストテクノロジー】 第1回酵素反応のダイナミクスI～サブユニットを持つ酵素反応方程式～(大泉嶺)		22
原稿募集のお知らせ		29
学会事務局からのお知らせ		30
編集後記		33

# 日本数理生物学会 ニュースレター



## 【会長年頭挨拶】

## 会長年頭挨拶

日本数理生物学会会長 瀬野裕美

新年あけましておめでとうございます。

会長を拝任して前半の1年が過ぎ、後半に入りました。世は2年を超えるコロナ禍の中、予想しなかった止むなき社会シフトも進んでいます。その中には、インターネット環境での会議開催プラットフォームやそのための機器の開発の進展も挙げられるかと思えます。黎明期にあるメタバースなどの仮想空間でのコミュニケーション環境も、今後さらに発展し、対面での会議や打ち合わせに代える時代も間近に感じられます。

本学会の会員情報管理も昨年からオンラインによるSmoozyになりました。さらに、今年1月に行われた次期会長・運営委員選挙も、e投票によって、オンラインで実施されました。これらの新しいシフトを成す際の特別な苦労については、現事務局の皆さん、瀬戸蘭美さんをはじめとする選挙管理委員会の皆さんに感謝の念を覚えざるを得ません。本当にありがとうございます。もちろん、Smoozyによる会員情報の適切な管理、オンライン投票による選挙実施は、会員の皆さんお一人お一人のご協力なくしては成り立ちません。今後ともご理解・ご協力の程、重ねてお願い申し上げます。なお、今回の選挙実施日程が年度を越えてしまったため、選出が遅れましたが、選出された次期会長時田恵一郎さんには、今年、副会長を務めていただきます。何卒よろしく願います。稲葉寿さんには、副会長1年+会長2年+副会長1年をお勤めいただき、お疲れ様でした。現運営委員の皆さんには、後半1年の任期、昨年同様、よろしく願います。今回選出された次期運営委員の皆さん、鬼が笑うでしょうが、来年からの心算をお持ちいただければ幸いです。

2021年年会も2020年年会に引き続いてオンライン開催にならざるを得ませんでした。委託業者によるプラットフォームも以前よりはこなれてきた感があります。それでも、年会運営については相応のご苦労があったことが本号のニュースレターに掲載されている実行委員会からの報告記事からよくわかります。宮崎大学の飯田雅人さん、今隆助さん、出原浩史さん、本当にご苦労様でした。もちろん、盛会であったことはご参加いただいた皆さん、講演などで協力いただいた研究者の方々のおかげでもあります。お礼を申し上げるとともに、会員の皆さんには、今年の年会にもご

注目いただき、奮ってご参加いただきますようお願い申し上げます。2022年年会は明治大学の西森拓大会委員長、若野友一郎実行委員長の実行委員会により2022年9月5~7日にオンライン開催で実施されます。実行委員会の皆様にはお世話になります。生き生きとした参加者の皆さんにお会いできるのを楽しみにしております。

2021年10月から、ニュースレターは新しい編集委員会に引き継がれました。前編集委員会の佐藤一憲委員長をはじめとする静岡大学の皆さん、2年間ご苦労様でした。岩田繁英委員長をはじめとする関東圏の皆様による新編集委員会の皆さん、これから2年間、何卒よろしく願います。本学会のニュースレターの役割、位置付けについては以前からいくつかの意見も出ています。今年に限らず、会員の皆さんからのご意見をいただきながら、会員間の情報交流に利するニュースレターが続くことを期待したいと思います。

昨年はそのニュースレターで悲しいお知らせもお伝えしました。長年、数理科学の立場から数理生物学の発展に意欲的に取り組んでくださった三村昌泰さんの訃報です。ニュースレターNo.95に掲載の追悼文集にも表れています通り、数理生物学の研究を心から楽しまれていた三村さんを失ったことは本学会にとっても大変に残念ですが、その思いを引き継ぐように研究の面白さを抑えきれない多くの後進、若手の研究者が現れることを心から願っています。今年は、SMBと合同で設けているAkira Okubo Prizeのジュニア部門の選考の年でもあります。積極的なご推薦をいただきますようお願いいたします。

オミクロン株の感染拡大を目の当たりにして、今年もコロナ禍が続くことを再認識しております。このような時代、会員の皆さんの学術研究交流活動に学会として後援できることがあれば積極的に検討していければと思います。会員の皆さんからのご意見をお待ちしています。よりよい学会となることを念頭に残り1年の任期を務めさせていただきます。引き続き、会員の皆様のご協力をよろしく願います。

2022年1月

日本数理生物学会会長 瀬野裕美

## 第31回日本数理生物学会大会報告

飯田雅人, 今隆助, 出原浩史\*

### 1. はじめに

第31回日本数理生物学会大会(2021年度年会, 宮崎大会)は, 2021年9月13日(月)~15日(水)に開催されました。当初, 宮崎大学の木花キャンパスで開催する予定でしたが, 新型コロナウイルス感染症が流行していたため, ウェブ会議システム(Zoom ウェビナー, Remo)をもちいたオンラインでの開催となりました。大会のホームページへは下記のURLからアクセスできます。

[https://sites.google.com  
/view/jsmb2021conference](https://sites.google.com/view/jsmb2021conference)

### 2. 2年前

2019年9月に当時の会長であった東京大学の稲葉寿先生から, 宮崎での第31回大会開催を打診され, 宮崎大学の会員3名が実行委員となり開催することになりました。当時は, 新型コロナウイルス感染症が流行している現在のような状況ではなかったため, 当然, 宮崎で開催することを念頭に準備を進めました。

宮崎大学は宮崎市の中心街から10kmぐら離れたところにあり, 大学の周りに宿泊施設もないため, まず中心街に会場を借りることを検討しました。しかし, 100人を超える参加者を収容でき, なおかつ手頃な値段で借りられる会場がなかったため, 宮崎大学の工学部の教室を借りることに決めました。ただし, 宮崎大学の周辺には宿泊施設がないため, 参加者は宿泊施設のある中心街からバスで毎日大学に通うこととなります。週末だとバスで1時間近く移動に時間がかかり, なおかつ運賃も片道600円を超えます。そのため, 朝夕のシャトルバスを手配することを予定していました。また, 宮崎大学周辺にはランチを提供するお店も十分にはないため, 大学生協の食堂が開いている平日に大会を開催することにしました。

大会にかかる費用については, 学会から補助があると聞いていました。また, 過去に何度か宮崎県観光協会のMICE事業担当者から学会大会等の開催支援補助金について説明を受けており, そちらからも補助してもらえる予定でした。

### 3. 1年前

2020年9月にはすでに, 新型コロナウイルス感染症が流行しており, 第30回日本数理生物学会大会(2020年度年会, 名古屋大会)はオンラインで開催されました。宮崎大会もオンライン開催になる可能性があるため, 学会事務局からの提案で, 宮崎大会の実行委員の1名は, 名古屋大会実行委員会のコミュニケーションツール(slack)にオブザーバーとして加えてもらいました。このおかげで, オンライン開催に必要なことを知ることができました。

名古屋大会が終わった時点ではまだ, 1年後には感染症の流行が収束していると期待して準備を進めていました。宮崎大学の会場は1年前からしか予約できないため, 名古屋大会終了後, 宮崎大学工学部の事務に教室の予約をお願いしました。しかしながら, 感染症流行の影響により, 2021年度の工学部の教室予約は, その年度が始まらないとできないことになっていました。そのため, 再度, 宮崎市中心街に会場を借りることを検討しましたが, 最終的には, 宮崎大学附属図書館に新しくできたコモンスペースを予約することができました。

新型コロナウイルス感染症の流行がおさまる気配がないまま2021年を迎えました。その当時, 宮崎大学では県外者が参加する百人規模のイベントの開催は許可されておらず, その後もしばらくは許可されそうにありませんでした。そのため, 2021年1月の時点で, 宮崎大学で開催することを諦め, オンラインで開催することを決めました。ただし, 可能なら一部でもハイブリットで開催したいと考えていました。

### 4. 外部委託

オンラインで開催するにあたり, 名古屋大会を参考にすることができたので, 大変助かりました。しかし, 十分な人手がないため, 業者に委託できる仕事は委託して, なるべく負担を軽くするという方針で, オンライン開催の準備を進めました。幸いすでに外部委託して運営されているオンラインの研究集会や学会大会が多数あったので, それらを参考に外部委託先を探し, 業務渡航センター(GTセンター)をお願いすることになりました。オンライン開催なので, 宮崎県観光協

\*宮崎大学工学教育研究部

会からの補助は期待できない状態であり、また、参加人数も不透明なので参加費からの収入も見積もれない状況でした。そのため、下記の仕事だけを外部委託しました。

- Zoom や Remo の契約
- Zoom や Remo のオペレーション
- Zoom や Remo のマニュアル作成
- 座長や発表者への事前説明等
- 参加申込と講演申込の受付
- クレジットカード支払いの受付

大会ホームページの作成や、講演要旨の受付、講演要旨集の作成、銀行振り込みの確認等は実行委員会で行いました。

## 5. 企画シンポジウム

2021年3月12日に大会ホームページを公開し、それと同時に企画シンポジウムの募集を始めました。企画シンポジウムの応募期間と採択通知日は下記のとおりです。

応募期間	3月12日～5月14日
採択通知日	5月28日

応募は6件あり、それらすべてが採択されました。企画シンポジウムは1スロット100分で、2件の企画シンポジウムが2スロットを希望しました。通常の企画シンポジウムの他に、ランチセミナーの企画提案<sup>1)</sup>があったり、京都大学の西浦博先生<sup>2)</sup>に総合講演を引き受けていただけたたりし、とても充実したプログラムになりました。

## 6. 重要な締切日

5月に入り、本格的に準備を始めました。主な締切日は下記のとおりです。

講演申込・参加申込開始	6月11日
講演申込締切	7月15日
講演要旨提出締切	8月1日
参加申込締切	8月31日
参加費支払締切	9月2日

受付フォームの作成に手間取り、講演申込・参加申込の開始が予定よりも少し遅れてしまいました。そのため、講演申込期間は1ヶ月余りとなってしまいました。

オフラインでの開催とは異なり、大会当日に現地で開催登録をしてもらったり、参加費を支払ってもらったりすることができないため、大会よりも前に、完全に参加登録を締め切る必要がありました。また、参加

費の支払いを済ませた人にだけ、オンライン会場へのアクセス先を伝える必要があるため、大会の約2週間前に参加登録の締切日を設定し、その2日後に参加費支払いの締切日を設定しました。

## 7. 参加費

名古屋大会の参加費は無料でしたが、今回は人手不足もありなるべく事務的な仕事を外部委託するために、下の表のとおり、参加費を徴収することにしました。

一般（会員）	4,000円
一般（非会員）	5,000円
学生（会員・非会員）	1,000円
非会員（企画シンポジウム発表者）	4,000円

オフライン開催の場合、大会当日に参加費を受け取る作業を減らすために、早割を設定しますが、今回は大会当日現地で参加費を受け取ることができないため、早割は設けませんでした。

参加費によるある程度の収入を期待していましたが、有料になることにより、参加をためらう人が増える可能性があります。そのため、参加費はある程度低く抑え、外部委託する仕事も最低限のものにしました。蓋を開けてみると、参加費が有料であるにもかかわらず、多くの人に参加していただきました。最終的な収支はプラスになりました。そのため、参加費をもう少し安くしたり、外部に委託する仕事を増やしたりできたこととなります。

安いプランを選択したため、参加申し込みとクレジットカード支払いが連動しておらず、参加申し込みからクレジットカード支払いの案内が送られてくるまでに、結構な日数がかかった方もいたようです。

クレジットカードをもっていない学生も多いだろうと考え、支払い方法はクレジットカード支払いの他に銀行振り込みも利用できるようにしました。利用者数は下記のとおりで、銀行振り込みの利用者もそれなりにいることがわかります。

クレジットカード支払い	192件
銀行振り込み	49件

当初、ゆうちょ銀行に大会用の口座を開設しようとしたのですが、審査に1ヶ月程度かかるため、地元の宮崎銀行木花支店に口座を開設することにしました。木花支店に直接出向き、必要な書類を提出し、その場で通帳を受け取ることができました。

参加費未払いの方は、クレジットカードによる支払の場合、8月26日の時点で53名、銀行振り込みの場合、9月1日時点で22名いました。催促の結果、最終的に6名が未払いでキャンセルとなりました。キャンセルとなった方の中には、参加費が無料だと思い参加登録していた方もいました。

<sup>1)</sup>名古屋大学の岩見真吾さんから打診がありました。

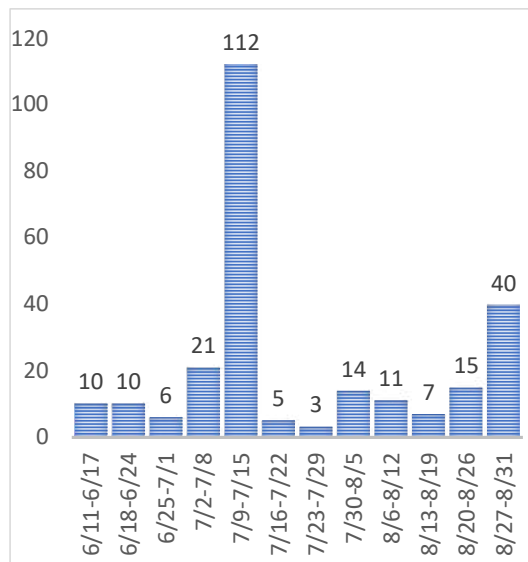
<sup>2)</sup>西浦博さんは宮崎医科大学（現宮崎大学医学部）出身ということもあり、もっともふさわしい方に引き受けていただけました。

## 8. 講演申込・参加申込

フォームズ (<https://www.formzu.com/>) というシステムを使った講演申込・参加申込の受付フォームは、GTセンターに作成していただきました。作成してもらう際には、Excelで作られていた過去の講演申込・参加申込フォームを参考にしました。

大会で一般講演するには会員である必要があります。そのため、受付フォームでは、非会員には講演申し込み用の入力欄が表示されないようにしたり、会員でも会員番号<sup>1)</sup>を入力しないと先に進めないようにしていました。大会ホームページ上で、申し込みの手順を詳しく説明していなかったこともあり、まだ入会していない学生や会員番号を忘れた会員のなかには、「非会員」で参加を申し込んでおいて、後日、講演を申し込むつもりの方が複数いました。

講演申込・参加申込のペースは次の図のとおりです。



(キャンセルを含む)

参加費を有料にしたので、申し込みが減ったと思っていましたが、講演申し込みも参加申し込みも締め切り直前に集中して伸びました。

一般講演の件数は108件で内訳は下記のとおりです。

口頭発表	74件
ポスター発表	34件

参加者数は246名で内訳は下記のとおりです。

	会員	非会員	合計
一般	109名	34名	143名
学生	56名	47名	103名
合計	165名	81名	246名

## 9. 大会日程

名古屋大会を参考に大会を準備していたので、3つのZoom会場を使い、大会1日目は午後から始め、3日目は夕方の早い時刻に終わる日程を想定していました。しかし、名古屋大会とは違い、総会や3年分の研究奨励賞の受賞講演を日程に組み込む必要が出てきました。また、嬉しいことに一般講演の申し込み件数が予想よりも多かったこともあり、3日間をフルに使った日程となりました。

オンライン開催ならではのデメリットですが、海外から講演される方がいるため、時差を考慮して日程を組んでほしいという要望がありました。今回は幸い要望どおり日程を組むことができました。例年の大会も同じだと思いますが、講演者の要望を聞いて日程を組むことは想定していませんでした。

大会の日程が確定した時点で、座長の依頼を行いました。皆様には快く座長を引き受けていただけだったので、大変助かりました。

## 10. 講演要旨集

講演・参加申込と同じシステムで、講演要旨を提出してもらいました。自動返信機能があるため、講演要旨を受け取るたびに、受領確認メールを送る手間が省けました。フォームズの無料のプランを使ったため、提出できる講演要旨のファイルサイズは2MB以下に限られましたが、特に問題は起こりませんでした。

講演要旨集は $\text{\LaTeX}$ で作成しました。pdfpagesというパッケージのincludepdfというコマンドを使い、比較的簡単に講演要旨のPDFファイルを一つにまとめることができました。文字化けが起こっていたという報告はありませんでした。

## 11. ポスター発表

名古屋大会を参考に、ポスター発表はRemoでおこないませんでした。会期中、参加者がポスターを自由に閲覧できるようにするために、事前にポスターを提出してもらい、Google Driveで参加者に公開しました。ポスターを事前に集めることは、一般講演(ポスター発表)を募集する段階では伝えておらず、大会の約1ヶ月前になって発表者に伝えることになってしまいましたが、幸い発表者の皆様にはご協力していただけました。

学生のポスター発表を対象にしたポスター賞を設けました。名古屋大会と同様に、ポスターは実行委員会が依頼した9名の審査員に審査してもらいました。大会直前の依頼にもかかわらず、審査員の皆様には快く依頼を引き受けていただけだったので、大変助かりました。2名がポスター賞に選ばれ、懇親会で発表し、学会参加者全員にもメールで報告しました。後日、受賞者には実行委員会から賞状を郵送しました。

<sup>1)</sup>会員管理システム(SMOOSY)とは連動していないので、実際は、会員番号でなくても何かが入力されていれば次に進むことができました。

## 12. 懇親会

懇親会も名古屋大会を参考に Remo でおこないました。オフライン開催とは異なり、懇親会の会場を手配する必要がないので、準備は非常に楽でした。しかし、本来であれば、懇親会で宮崎の食べ物や飲み物を味わってもらおうのですが、それらがまったくなくなってしまいました。ご当地の食べ物や飲み物を味わうだけが懇親会の役割ではありませんが、それがないのは味気ないので、宮崎のご当地グルメが購入できるウェブサイトを大会ホームページで紹介しました<sup>2)</sup>。どれくらい利用者がいたかわかりませんが、この報告を読んで興味をお持ちになった方は、大会ホームページの懇親会のページをご覧ください。

懇親会の参加費が無料であったためか、申し込んだ人は 112 名いましたが、実際に参加した人は 60 名弱くらいでした。懇親会参加者には事前に着席するテーブルを指定していましたが、申し込みの半分程度しか実際に参加者がいなかったため、閑散としているテーブルもあったように思います。この点についてはオンライン懇親会の今後の課題となるように思います。

## 13. 大会ホームページ

メーリングリストでの大会の案内はすべて日本語で行いましたが、名古屋大会のホームページを参考に日本語版と英語版の大会ホームページを用意しました。しかし、外部委託した講演申込・参加申込の受付フォームは日本語版しか用意していなかったため、急遽受付フォームを英語で説明する PDF ファイルを作成し、大会ホームページで公開しました。英語での説明も十分ではなかったと思いますので、日本語のわからない参加者にはご不便をおかけしたと思います。日本語がわからないと思われる参加者もそれなりにいたので、多分、周りの方がフォローしてくださったのだらうと思います。学会参加者に留学生などの外国人も増えつつあるので、英語版の大会ホームページの重要性も増しているものと思われ、我々が実感している英語版ホームページの充実という課題が今後の大会運営の参考になれば幸いです。

<sup>2)</sup> このアイデアは熊本大学の中益朗子さんに教えてもらいました。

## 14. 大会当日

予定どおり、9月8日にオンラインの会場へのアクセス先を参加者に配信できました。9月10日には、参加者が Zoom と Remo に事前にテスト接続する機会を設けましたが、利用者はあまりいなかったようです。多くの人がすでに Zoom や Remo の使い方に慣れているのかもしれませんが。

大会当日は、GT センターが、Zoom や Remo のオペレーションや講演者や座長に対する事前説明を担当しました。そのため、トラブルもなく、大変スムーズに進行しました。実行委員会としては、学生のアルバイトを探さなくても、研究室に学生やポスドクのいない我々としては、大変助かりました。どのくらい利用者がいたかは把握できていませんが、会期中は、交流室という名称で、講演後などに議論する場を Remo に設けていました。

また大会期間中には、トラブルや問い合わせに備え、実行委員と GT センターとが速やかに問題解決できるようにオンライン Zoom 会場とは別の Zoom アドレスに接続し、参加者から問い合わせがある度に対応を協議していました。

会期中、宮崎に台風は来ませんでした。天気は悪く雨が続いていました。オンライン開催だったため、台風などの天候の心配を必要がないのは良い点でした。しかし、出張していないため、突然の学内会議にも参加できてしまうのが、良くない点でした。実際、今回、3つの学内会議が会期中に予定されてしまい、一部の実行委員はそれらの会議に参加せざるを得ませんでした。

## 15. さいごに

学会事務局によると、本学会の会員は宮崎大学にも宮崎県内にも 3 名しかいないため、大会の準備はこの 3 名ではじめました。当初、必要なときにその都度メンバーを追加することにしていましたが、少人数の方が動きやすいという面もあり、最後まで 3 名のままとりました。しかし、学会事務局をはじめ多くの会員の皆様にいろいろな面でご協力していただけたおかげで、無事に大会を終えることができました。ありがとうございました。

## 数理生物学会ランチセミナー「あなたの研究，“世間”に伝わってる？」を終えて

小島 響子\*

### はじめに

2021年9月13日から3日間にわたり、2021年度の日本数理生物学会が開催されました。今回は新型コロナウイルスの影響を受け、Zoomによるオンライン開催でした。2日目の9月14日には、サイエンス・コミュニケーションについての企画ランチセミナー「あなたの研究，“世間”に伝わってる？」が開催されました。サイエンス・コミュニケーションに関わる先生方の講演、そしてコミュニケーションの専門家として活躍されているパネリストの方々を招いたパネルディスカッションが行われました。ランチセミナー自体の開催は、2017年以来とのことです。今回は、このランチセミナーを通して得られた成果を報告します。

### 企画にあたって

サイエンス・コミュニケーションは「科学のおもしろさや科学技術をめぐる課題を人々へ伝え、ともに考え、意識を高めることを目指した活動」と文部科学省により定義されています。この定義からわかるように、その手法やターゲット、性質については明確ではなく、多岐に渡っています。時代の様々な需要に応えていくための多様なアプローチが必要とされている状況です。私たちが現在直面しているコロナ禍ではどうでしょうか。新型コロナウイルス感染症は、情報社会に入って初めて私たちが経験したパンデミックだということは、よく言われています。根拠のない曖昧な情報や主観的な情報など、様々な情報が錯綜し、人々が適切な情報にアクセスすることが難しい状況が露見しました。これによる大きな問題の一つは、デマや不確定な憶測、個人の意見や言論が蔓延することで、科学知との乖離が起り、結果的に個人の現実の経済活動やヘルスケアの意思決定を形成する点です。例えば、「ワクチンを打つか、打たないか」といった選択は、環境だけでなく、当人の接触する情報により意思が形成されます。誰もがわからない未知の感染症に対して、不安や恐怖から強く「真実」を求めるあまり（求めるからこそ）、科学的に不確実な情報に翻弄されるというパラドクスが見られました。こういった状況の中で、現状のサイ

エンス・コミュニケーションの持つ課題を、可能な限り色々な立場の人から見て評価し、分野全体で共有する機会を持つことができないかと考えました。数理研究者の方々にとっても、普段の研究の発信方法や、その実際の受け取られ方、社会知への還元のされ方という視点は、このコロナ禍を経る中でより重要性が増していると考えます。今回は一方向的な講演ではなく、サイエンス・コミュニケーションについて語り合うことのできる、また視聴者の皆様も、昼食をとりながら気軽に視聴し参加できる場にできればという考えのもと、ランチセミナーという枠で設定し、パネルディスカッションをメインに設定しました。講演は、千葉大学のサイエンス・コミュニケーターの高橋明子さん、大阪大学の特任准教授で大学広報を担当されている中込咲綾先生、京都大学で特定准教授をされ、コロナ禍ではクラスター対策班でも活動されている古瀬祐気先生の3名に依頼しました。講演者の方々との話し合いにより、今回の講演では、数理生物学研究者の皆様にとって実践的であるように、サイエンス・コミュニケーションの具体的手法・「伝え方」に焦点を当てることに決めました。また、情報伝達、コミュニケーションに関するより幅広い視点の獲得のため、パネルディスカッション「どうやって、サイエンスを“世間”に伝える？」では、3名のコミュニケーションの専門家をお招きすることに決めました。一人目は、大阪大学の教授で、コロナ禍でも各種メディアでご活躍されている忽那賢志先生。二人目は、京都大学のASHBiにてサイエンス・ビジュアルライゼーションにも携わっておられる清水智樹先生。そして三人目は、日本科学未来館で科学コミュニケーション専門主任をされ、編集者・記者経験もある詫摩雅子さんです。三者三様の立場から科学を「伝える」ことに従事されている皆様にご参加いただくことで、幅広い視点が融合できるのではと考えました。以上の流れで、社会における行動変容に繋げるためには、サイエンス・コミュニケーションは一体何ができるのか、どうしたら「正しく」伝わるのか、という共通の問題意識のもと、今後の活動を活性化させる道標とする場を、講演者の皆様と企画していきました。

\*名古屋大学大学院 理学研究科 生命理学専攻 異分野融合生物学研究室

## 当日の振り返り

今回のランチセミナーには、最大で70名ほどの視聴者にご参加いただいたと聞いています。まず講演について振り返ると、現在、未来のサイエンス・コミュニケーションについて精力的に活動されている皆様のコミュニケーション手法が紹介され、大変学ぶことの多いものでした。国立大学附置の研究室広報を担当されている中込先生からは、市民やFunding Agencyに向けた発信に携わる中での課題が挙げられました。また高橋先生からは、科学未来館でのオンライン配信（ニコニコ生放送）やワークショップなど、ステークホルダー同士をつなぐ様々な取り組みの紹介がなされました。古瀬先生からは、WHOやクラスター対策班としても活動される中で、具体的なコミュニケーション体験談を多数ご紹介いただき、また視聴者にリアルタイムでアンケートを取りながらのインタラクティブな講演でした。そして、パネルディスカッションでは、フリップボードを使用したクイズ形式を取り入れ、ざっくりばらんにテーマについて語られました。具体的には、「コミュニケーションの専門家の方々は、発信の際にどんなことに気を付けているのか」や「メディアを介したコミュニケーションで、発信内容に齟齬が生まれないようにするには」といったテーマです。例えば前者の問いでは、ご自身のTwitterで情報発信をしたり、Yahoo!ブログで連載されている忽那先生からは「科学的に謙虚な姿勢、両論併記」というキーワードが出ました。詫摩様はメディア側からの意見で「中途半端なことをするくらいならば、手を出すな」という信条についてコメントをいただきました。メディアを介したコミュニケーションでは、語弊や齟齬が生まれることは珍しくありません。その点については「メディアは見出しになりそうな言葉が欲しい」という詫摩様のメディア側からの意見、清水先生の「メディアのニーズが事前に見えない」というアカデミア視点からの意見が出ました。この重ね合わせにおいては、平時から信頼関係を構築することが理想的ですが、公表に至るまでに十分な対話、コミュニケーションが必要だということが確認されました。

今回のランチセミナーを概観し、価値を感じたのは以下の3点です。1点目は、コロナ禍という時期に、科学的真実や知見の発信について、問題意識の共有や、今後の課題について話し合いの機会を持てたということです。2点目は、サイエンス・コミュニケーションの理論や学術的な論点ではなく、それに携わる人が実社会でどのようなアプローチをしているのか、また実際に、伝えることにおいて何が障壁となっているのか、というリアリスティックなレベルでの議論ができたという点です。3点目は、未来の情報社会において科学研究を担っていく方々が、今回のランチセミナーに多

く参加してくださったことです。特に今回の学会は若手の研究者の参加も多いと聞いています。どのようにしたら研究や成果が正しく一般の人々に届き、一人一人の人間のヘルスや社会生活に還元・リンクしていけるのか、再考するきっかけになっていければ幸いです。

## オンライン学会の展望

ここからは、今回の「オンライン学会」という形態についてです。この1?2年で、オンラインミーティングやウェビナー形態がメジャーになりました。今回の学会に参加し、新しいコミュニケーションの課題と可能性を感じる部分がありました。まず課題については、「聴衆が見えない」という点です。オンラインでは、どのような人が聴いているのか、どんな反応をしているのか、を意識することが、体感的に困難です。その分、個人的な役割の反省になりますが、視聴者を意識したファシリテーションが難しいということが分かりました。例えば、今回のパネルディスカッションでの話題展開です。コロナ禍での情報伝達を考慮し、「メディアを介したコミュニケーション」というテーマを予め設定していたため、その話題に大きな比重が寄っていました。結果的にとても面白い内容であったと思うのですが、実際の視聴者にとってどれほど有用だったのか、また、より視聴者にとって具体的で即戦力になるチップスを提供できるような展開ができたのではないかと、という懸念も生まれました。今回は数理生物学会ということで、視聴者の皆様は、だいたい数理生物学に関わる研究者や学生等であることが予め想定できますが、例えば、より広範な視聴者を想定したオンラインイベントなどであれば、視聴者層を意識した話題展開をすることはさらに困難になることが考えられます。そのために、事前アンケート等を通して、「相手の属性は何か」「相手の知りたいことは何か」という部分に配慮することが、オンラインでは特に必要だと感じました。ところで、相手を知ることの重要性というのは、今回のランチセミナーで繰り返し強調された内容の一つです。「そんなのはコミュニケーションの基本だ」と思ってしまいがちですが、いざこうした場で実践していくためには、意識的に様々な工夫・事前準備を凝らすことが求められます。サイエンス・コミュニケーションにおいても、発信者が「誰に」「何を」伝えたいのか、の裏側には、常に「誰が」「何を」知りたいのか、という潜在的な需要があり、それを普段どれほど意識できているのかを省みるきっかけになりました。概観すると、今回、サイエンス・コミュニケーションについてのランチセミナーをファシリテートする中で、そこで示唆されていくチップスを、一つずつリアルタイムで体感し、確認していく試みであるように感じられました。面白かったと同時に、自身が学ばなくてはならない部分でもあると感じました。



一方で、オンラインコミュニケーションの可能性も強く感じる機会となりました。全国の人々が、各々の場所にいながらにして、一つのトピックに集結することが容易になったことで、学会の敷居がいい意味で下がり、より開かれた場にしていくことが可能になっています。今までは、サイエンス・コミュニケーションの取り組みについても、主たる場というとワークショップやシンポジウム、あるいはサイエンスカフェのような、オンサイトで活動が多かったのではないかと思います。こうした従来型のコミュニケーションでしか得られない実感や交流ももちろんあると思いますが、一方でジョインする際の敷居の高さや、開かれた場（であるはず）の閉鎖性もあると認識しています。やはり、時間や移動距離の制約がなくなり、情報もデータベース化されることで、よりライトに、多様な人々が学会に参加し、知見を融合することができるのはオンライ

ンの魅力です。オンサイトからオンラインのこの過渡期に、人と人のコミュニケーションのあり方が根本的に転換を迫られた中で、サイエンス・コミュニケーションに携わるようになった立場から、非常に多くのことを考えさせられます。それは例えば、今後新しくどういった「場」を形成できるのか、どうやってステークホルダー同士を「つなぐ」ことができるのか、という問いです。「伝える」ではなく「対話する・融合する」という視点で、柔軟に、交錯的にコミュニケーションをしていく取り組みを目指していければと思います。

最後に、この4月からサイエンス・コミュニケーションに携わっている身として、今回のセミナーにおける講演者・パネリストの皆様のお話はもちろん、企画段階から、たくさん勉強させていただく機会となりました。改めて、講演者・パネリストの皆様、ご視聴いただいた皆様、関係者の皆様、ありがとうございました。

## 第31回日本数理生物学会大会参加報告記

### はじめに

#### ■ 久保有祐子

奈良女子大学大学院人間文化総合科学研究科  
今回初めて日本数理生物学会年會に参加させていただきました。学会への参加自体が初めてであったため緊張していましたが、多くの先生方の講演を聞かせていただき、大変勉強になりました。私は学部時代より研究を進めている「数理モデリングによる感染症パラメータ値の推定」というテーマで、SIRモデルを用いた研究内容について発表させていただきました。オンライン開催ということもあり、他の先生方から意見をいただけるかどうか不安に感じていましたが、研究内容に興味を持ってくださる先生がいらっしやっただことが嬉しかったです。何人かの先生方から質問やアドバイスをいただき、新たな知見を得ることができました。また、様々な分野の発表を聞かせていただく、とても貴重な機会となりました。興味のある講演を気軽にたくさん聞くことができるという点は、オンライン開催ならではの良さだったのではないかと感じました。特に、現在新型コロナウイルスが流行していることもあり、感染症に関する最新のデータを用いた研究についてのお話は印象に残り、大変興味深く聞かせていただきました。Remoを用いて開催された懇親会にも参加させていただきました。バーチャル空間を自由に移動できる会場では、他のテーブルにどのタイミングで移ってよいものかという戸惑いは少しありましたが、何人かの先生方とお話しさせていただきました。急に参加させていただいたテーブルでも様々なお話を聞くことができ、温かく話を聞いてくださる雰囲気もあって、懇親会を楽しむことができました。本学会に参加させていただき、対面での学会にも是非参加してみたいと感じました。また、他の方の講演を聞かせていただき、自分の知識不足のためにまだまだ理解が及ばない点も多くあると実感しました。今回の経験を活かし、今後も知識を増やしながら研究を進めていきたいと改めて感じています。最後に、日本数理生物学会年會を企画及び運営してくださった先生方に心より感謝申し上げます。

#### ■ 村田英和

#### 九州大学システム生命科学府

2021年9月13日～15日に行われた2021年度日本数理生物学会年會は、宮崎大学の運営の下オンラインで開催された。我々両名が学会への参加を考えるような時には、既にコロナウイルスが流行しており、学会もオンラインで開催されるのが普通になっていた所謂「オンライン学会ネイティブ」である。また、学会での口頭発表もはじめてであったため、その視点から書いていく。私にとってオンライン開催で都合がよかったことが2つある。1つは、私が食べるものさえあれば数週間家から出ることのないほどの出不精であり、オンライン開催であったので外に出る必要が無かったことだ。もう1つは私の発表を聞いてくだ

さった方の顔が見えなかった事である。というのも、私の発表で上手く伝えられなかったように思われるからだ。私の発表の内容は植物のデータを幾何学を用いて取得する方法の開発であり、確かに学会の参加者との親和性が低いかもしれない。しかしそれ自体は特に問題にはならず、反対に発表を聞く側に回ると、詳しいところまでは追えないもの分かった気にはなれるので、やはり実力の不足を痛感する結果となった。仮に聴講者の顔がみれる状態だったら、その圧にやられまともに発表が出来なかったかもしれないと考えると非常に恐ろしい。実地で開催できるようになるころには力をつけ、機会があれば皆様の前で再度発表出来たらと思います。

#### ■ 荒木周

#### 九州大学システム生命科学府

学会での口頭発表は今回が初めてであったが、オンラインでの発表のおかげで少しの緊張で済んだ。また、ルームの移動がマウス操作で完結するため、興味のままに気軽に聴講できた。学会が対面からオンラインへと移行したことで、参加や発表の敷居が低くなったように感じる。他の方の講演を聞くことは良い刺激となるため、気軽に参加できるのはありがたい。聴講や発表がしやすくなる一方で、研究者の方々とこれから関係を築く私にとって、懇親会への参加の敷居が少し高くなってしまった。初対面の方であっても、対面の場合とはなんとなくの雰囲気を掴み、話しかけられると思

うが、オンラインだと雰囲気を感じることが難しい。今後参加する懇親会ではオンラインであっても、臆することなくコミュニケーションを取りたい。

■Sung-mok Jung

Graduate School of Medicine, Hokkaido University, Japan

Kyoto University School of Public Health, Japan.

During the ongoing coronavirus disease 2019 (COVID-19) pandemic, mathematical modelling became even more important at the local- and national-level for generating scientific evidence for public health control measures. Prominent uses of the mathematical model include real-time monitoring of trends in community transmissions and quantitative assessment of interventions. Most recently, regarding the nationwide COVID-19 vaccine roll-out, mathematical models have been used to support policy decisions in vaccination strategies; namely, by providing predictions of age-wise prioritizations and how these might reduce disease incidence and deaths in the future. Furthermore, to provide accurate and efficient information, a multidisciplinary approach in mathematical modelling has been also critical. To maximize the potential use of mathematical modelling, models should rely on an accurate mathematical framework, but also address practical questions for public health policies. In these respects, the annual meeting of the Japanese Society of Mathematical Biology (JSMB) is the perfect setting for active discussion on mathematical modelling with a wide range of perspectives including mathematics, biology, and epidemiology. My poster presentation at the 2021 JSMB annual meeting was also prompted by the need to provide public health information as part of Japan's COVID-19 response strategy with the Tokyo 2020 Olympic Games. The disease burden in healthcare settings was predicted to be greatly reduced following a swift nationwide vaccine roll-out. However, even subsequent to vaccination of at-risk group, the number of cases is expected to further increase due to the elevated physical contact within and between the domestic population and international participants during the Olympic period. Moreover, given the rapid spread of new SARS-CoV-2 variants in Japan, hosting the Olympic Games

without proper restrictions could lead to a considerable upsurge of cases. Thus, I introduced a model-informed approach to quantitatively assess prospective response strategies by comparing the prevalence of severe COVID-19 cases across different levels and durations of interventions. The model supports multiple policy decisions for an optimal response strategy that allows us to control the COVID-19 epidemic before the intensive care unit occupancy reaches its full capacity, while the Tokyo 2020 Olympic Games are being hosted. I was very excited to attend the JSMB annual meeting since it was my first time, but I was also a little bit nervous about having discussions with researchers from various fields. However, despite my concerns, many participants expressed huge interest in my research and approached it with a wide-open attitude. Furthermore, invaluable comments and questions from mathematical perspectives were vital in inspiring me to think outside the box and to form the research more logical manner. Especially, as I was mainly focused on the epidemiological aspect using diverse compartments in my model, discussions on the stability of the model greatly encouraged me to think about mathematical aspects which I overlooked including the existence and stability of equilibrium points. It could be dismissed as a simple difference in interest depending on the field, however, I believe that this type of multidisciplinary discussion will lead us to maximize the practical implications of mathematical modelling with the basis of the accurate mathematical framework. Despite that my study still has room for improvement, thankfully my poster was named the best poster. I am very honored to have received this award at the 2021 JSMB annual meeting and I would like to thank all of the organizers of the annual meeting for putting on such a fantastic conference and thinking highly of my research. I will consider this award as a valuable opportunity to consider other perspectives in mathematical modelling. Also, I would like to take this chance to express my gratitude to my supervisor, Hiroshi Nishiura, as well as my collaborators, Katusma Hayashi and Taishi Kayano. Lastly, I hope that my future research will be able to make positive contributions to the JSMB and I am very looking forward to having collaboration studies with JSMB members in the future.

## 【科学史対談～外から見た数理生物学～】

## 第1回 数理生態学から合意形成へ

語り手：松田 裕之\*，聞き手：有賀 暢迪†

## 企画趣旨

数理生物学ニュースレターの企画として対談企画を2022年2月号から始めていきます。これまで対談企画はありましたが、今回の対談ではインタビュー対象となる先生方の経験を残しておきたい，“数理生物学とは何か”について改めて考えるきっかけにしたいという2つの意図を持って企画しました。そのため、本企画では学会員ではなく、科学史を専門とする一橋大学言語社会研究科の有賀暢迪先生に聞き手をお願いしました。有賀先生を聞き手として迎えることにより数理生物学を対談を通じて客観的な視点から捉えるきっかけになることを期待しています。また、研究成果を社会的に還元するという命題の比重が増えて、定性的な結果だけでなく定量的な結果を求められることも増えてきました。その流れの中、数理生物学会でもmodel drivenな研究のみならずdata drivenな研究も多くなってきていると感じます。その中で、対談をする先生方の経験や考え方を伺うことが学会員の皆様の今後の研究活動の糧になるのではないかと願っております。

対談企画の第一弾は、数理生物学をベースとして多様な研究分野でのご活躍実績と社会への高い寄与がございす横浜国立大学環境情報研究院の松田裕之先生にお話を伺いました（2021年11月15日、オンラインで実施）。

## 対談

有賀：本日は松田裕之先生にお話を伺います。今回のインタビューでは、松田先生の多岐にわたる活動の中でも特に節目になっているのではないかなと思う事柄に絞って伺っていききたいと思います。松田先生はお生まれが1957年で、76年に京都大学の理学部に入学されております。その後、大学院理学研究科の生物物理に進学されて、数理生物学という分野の方に入ってきたと伺っております。



図1 写真：有賀暢迪先生

## なぜ数理生物学に興味を持ったか

有賀：そこで最初に、数理生物学にどういう所から興味を持たれたのか、その辺りから伺いたと思います。  
松田：はい。中学生ぐらいの頃は物理が好きでした。生物は、種の名前とか出されるとわからないので、物理とか数学の方が好きだったわけです。その当時、大学紛争があって私の中学、高校時代は卒業式もなかったような時代だったんです。その時代の流行からか、友人の中にはマルクス主義の勉強をしようなんて人が結構いるわけです。で、そういう時にやっぱ進化論もやってみるのがいいんじゃないかなと<sup>1)</sup>。また、当時の流行語としてエントロピー論とかもありました。そういうこともあり、高校の物理の先生に「お前京大に行きたいって何やりたいんだ？」と聞かれたときに、「熱力学をやりたい」って答えました。そうしたら先生に「そんな終わった学問やってどうする」と言われました。けど、学部に入ってみるとですね、ちょうど私の将来の師匠になる寺本英教授の講義が「エネルギー・エントロピー論」でして、真面目にこんな科目名でやってる人がいたんだと。しかもその専門が実は生物物理で、彼自身はもともと物理学者だったんです。寺本先生の専門は、一時は高分子だったかと思うと、次に生態学に移ったということで、私は生態学は面白いなと思いました。さっき私は、進化論と話しただけで、そこで話が繋がって、これが自分がやりたいこ

\*横浜国立大学

†一橋大学

<sup>1)</sup>マルクス主義は進化論に影響を受けたとされている。



図 2 写真：松田裕之先生

ととドンピシャりだなと思ったんですね。そしてその学問分野こそ数理生物学だといったところです。

有賀：当時、京大の生物物理は数理的なアプローチをされている方が、結構いらっしたんですか？

松田：いや、純粋に数理的なアプローチというのは、専攻の中でも寺本教授のところだけでした。寺本研究室でも助教授はオートマトン理論でした。どちらかという、コンピューター科学に近かったですね。それ以外の人では、分子遺伝だとか、そういう分野では大御所はいっぱいいましたけど、純粋に数理的なアプローチをしていたのは寺本さんだけだったと思います。

#### 初期の研究と寺本先生との思い出

有賀：先生は最初から数理的なアプローチで、研究者になりたいと思っておられたのですか？

松田：学者になろうと思ったのは、実は4年生の時に、それまで別に研究者を目指そうと特に思っておりませんでした。だけど、この分野であれば（研究者になったのは）自然の流れだったと思います。

有賀：実際、大学院ではどういう研究テーマで研究されたんでしょうか？

松田：それこそロトカ・ポルテラ系で、当時、これは教授が出してきた課題なんですけど prey が2種、predator が1種いて、多いものをより集中して食べるというモデルです。寺本教授は「これは生物学における3体問題だ」と。物理学者が大好きな言葉なんだろうね。そういうものになぞらえて、これはぜひ研究するべきだと仰っておいりました。まあ教授自身も研究室の先輩たちとともにそういう論文を幾つかが出してはんですけど、その最後のテーマを「ちょっとお前やる？」という感じで、私にくださったわけです。その当時は思い出しますと私は恵まれていたと思います。

有賀：その時のそのテーマというのは、具体的な生物が対象の問題ですか？

松田：いえ、具体的な生物を調査しに行って、そのデー

タでやるという事じゃなくて、純粋に数理的なものです。

有賀：それは、数理的な解析をするということなのか、それとも具体的にその計算式でシミュレーションをしてやってみるとか、そういうところまでされていたんですか？

松田：はい、特に私の場合は、解析がいわゆる線型近似という局長安定性解析に限られていて、あとはもっぱらシミュレーションでした。で、この当時はルンゲクッタを回すと1晩かかって1枚図が描けた感じでやっておりました。はい、みんなで麻雀を半荘1回<sup>1)</sup>、研究室でやってたらシミュレーションを終わるみたいな感じでした。

有賀：シミュレーション自体は研究室の中のコンピューターでできる時代ですか？

松田：はい。8ビットでしたけどできて、一応端末もあってですね。TSS(Time Sharing System)<sup>2)</sup>と言いますか汎用機を（複数名で）時間を分割して（プログラムを）実行するというのもやりましたけど、だいたい私の場合も、研究室のパソコンでできる範囲と言う感じでした。

有賀：他の人も、割とそういうことをされている方がいらっしたんですか？

松田：そうですね、みんなそうしていたと思います。

#### 学位取得後の職歴・著作について

有賀：分かりました。それで、京大で学位論文を出されて理学博士をお取りになった後、先生は最初、日本医科大学に行かれています。ここでも基本的に同様な方向性で研究されたんですか？

松田：日本医科大学に行ってからでも、基本的に数理生物学としての研究はそれまでの延長としてやらせていただきました。また、ここは教授のついでで行ったんですけど、一応生理学的なテーマにも関心を持ってほしいと、それから生理学実習の実習の講師をやらせていただきました。

有賀：この時期は翻訳もされたと同ったのですが、たしか『つきあい方の科学』ですね。これはどういう経緯で、こういう本の翻訳をされたか教えていただけますか？

松田：そちらも寺本教授の後輩にあたる量子化学者で、その後経済学に進んだ人がいました。西山賢一先生という人で、彼は、私の5年先輩の巖佐庸先生が書いた『生物の適応戦略』のあと中公新書から『企業の適応戦略』という本を書いた人です。日本医科大学で彼を含

<sup>1)</sup>麻雀1局：8ラウンドのこと。

<sup>2)</sup>時分割方式：1台のメインフレームに多数の端末、現在ではクライアントと同義、を通信回線で接続して共同利用する方式

めて月一回セミナーをやっていたんです。そのセミナーの中で、西山さんから「この本の翻訳というのが出版社から来たんだけど、政治学、経済学の本なんだが、進化生態学の概念を使っているところもあって、お前訳さないか」と言われて引き受ける事になりました。後で思ったのですが、私は西山さんはかなり太っ腹だと思いました。普通、そういうのが来たら自分と共訳にするとかするんですけど、私の「単訳で出せ」というふうにおっしゃっていた。

有賀：なるほど。それを翻訳されたことで、何か感じられることはあったんでしょうか？というの結構分野の方向性が違うことを詳しくやらなきゃいけなかったのではないかと思ったんです。

松田：進化的安定性の概念が私の学位論文のテーマでした。この本が扱っていたのは進化ゲーム理論と言うんですけども、タカハトゲームとかそういうことは聞いたことがございませんか？囚人のジレンマゲームとか、それらは進化ゲーム理論のひとつです。で、それを社会科学に当てはめるといのは、進化生態学とかなり近い分野だったんです。ただし、本の題材は1章だけバクテリアや生物のことが書いてあるんですけども、それ以外はみんな人間のことでした。扱ってる素材は（私の研究と）違いますけども、まあ、数理生物学というのは便利なものでして、数式が同じならばすべてできるというところがありました。

有賀：なるほど。ありがとうございます。

#### 水産庁時代の研究

有賀：その後、水産庁に行かれたわけですが、かなりこれまでと違う方向に進まれているようにお見受けしたのですが、どういう経緯で行かれたのでしょうか？

松田：それはですね、水産研究者の中に自分のところの水産学科だけではなかなか人材のリクルートができないという危機感を持ってた助教授が当時まして、その人が統計学とか、数理生物学とかちょっと分野の違うところから多様な人材を募っていたということがあります。で、もちろん水産学でも魚の生態を扱う人は当然いるし、養殖とか缶詰の技術とか研究している訳ですが、それこそイワシが海にどれだけいるかとか、どういうふうに資源量が変動するかということを力学モデルでやる人はなかなかいなかったわけなんです。そういう人材を水産学科であまり育ててなかったと言う危機感があったわけなんです。で、私は先述の教授の勧めに従ってですね、日本医科大学より、中央水産研究所の方が、より自分の専門にも近いことができるはずだという考えがありました。また名前が数理生態研究室という多分、当時大学にこんな名前の講座は無かったと思うので、そこも私にぴったりの名前と感じて、まあ喜んでまいりました。

有賀：91年に先生が『数理科学』という雑誌に投稿されている記事があって、その研究室紹介について（の記事の）タイトルが「サバの未来を読む」で、サブタイトルで「数理生態学の応用」という記事がありました。この中に、「数理生態学という看板を公式に掲げた研究室は、私の知る限り、ここ水産庁にしかないのだ」ということで、結構私びっくりしたんですね。それで、その数理生態という、その研究室は先生が来られたからできたのではなくて、その前から存在したんですか？

松田：私が来る直前にできました。この中央水産研究所という名前は、水産庁の研究所が改組になりまして、それまでは東海区水産研究所と言って、西日本とか、北海道とか地方水産研究所の1つだったんですが、まあ1つ格上というか、中央が1番音頭とるみたいな感じに改組になりまして、その時、ここにそういう解析をやる研究室を専門に設けるという趣旨で作られました。

有賀：本当におっしゃる通りピッタリの名前だと思います。ここは先生がおひとりだったんですか？

松田：いいえ、室長と私の2人でした。

有賀：「サバの未来」というタイトルがまさにそうなんですけど、水産のテーマというのは水産研究所に来て初めて触られたことになりませんか？

松田：そうですね、そう言っていていいと思います。はい。

有賀：先ほども触れられましたが、進化ゲーム理論と関連してこの時期に先生が研究された3すくみ説<sup>1)</sup>も基本的にこれまでやってきた延長でしょうか？

松田：ロトカ・ポルテラ競争系を2種から3種に変えただけという意味では、まさに延長です。ただ、その時は進化という話はもう忘れてます。

有賀：そうなんですか。ちょっと門外漢で大変恐縮なんですけど、この解説（記事）を読んだ時に、2種を3種に拡張するって、誰かがやっていそうな気がしたんですけども、そうでもないんでしょうか。

松田：いや、3種にしたら、無限の振動が出るという話は有名で、固有名詞がついてまして。ロバート・メイという名前聞いたことありますか？

有賀：少しだけ聞いたことがあります。

松田：少しだけ聞いたくらい有名な方ですが、May-Leonard軌道という名前がついています。はい。だから、数式自身は新しくないんです。サバとイワシの変動のモデルとして、適用したのが最初と言うだけです。

<sup>1)</sup> 3すくみ、3者が互いに得意な相手と苦手な相手をつずつ持つ状態（例：じゃんけん）、が仮定できればマイワシ、カタクチイワシ、サバの個体数は振動し続ける事を説明した説。この振動はMay-Leonard軌道として知られている。

## 水産データについて

有賀：実際の漁業の問題とか漁獲の問題を扱っていたと思うのですが、データと合わなきゃいけないとか、かなりシビアに求められるのではないかなと思ったんですけども、そのあたりの雰囲気というのはどんな感じだったんでしょうか？

松田：そういう意味では、この研究所はさっき中央（水研）と言いました。全国各地の（漁業に関する）データがまだ取り扱い注意の段階で全部集まってくるという意味では非常に貴重な場所だったと思います。一方で、定量的に合うような計算がモデルでできるかというのと、とんでもなくできません。できませんが、それこそマイワシの次はカタクチイワシが増えてマサバが増えたとか、そういう定性的なデータを説明するモデルであれば。今言ったような3すくみ説ができるわけですね。

有賀：水産庁にいらっしゃった時というのは、私が研究のイメージが持てないから（お聞きするの）ですけども、現場に出ていかれることもあるんですか？

松田：現場に出ることはありましたね。そういう体験をした方がいいだろうということで、赴任して2ヶ月目ぐらいかな、もう調査船に乗って網を引くのを手伝いました、魚探（魚群探知機）を見て番をすとかですね、そういうことはやりました。だけど、自分で研究課題を持って調査船乗り込むじゃなくて、あくまで人の手伝いでしたね。

有賀：その時は研究自体はラボの中でされていて、全国のデータも参照しながらなされていたのでしょうか。

松田：使いますけど、さっき申し上げたように定性的な話だけ。現実に合わせていることを当時はほとんどしておりませんでした。2年目ぐらいから、じゃあ今度サバを獲るときにどうしたらいいかという話が出てきて。そのときにですね、サバの子供の生残率は、毎年ものすごく変動するんですね。二桁以上も変動するんです。で、その変動はランダムであると。そういう資源をどう獲っていいかっていうのは、少なくとも私が読んだ教科書には無くてですね。水産の教科書はいつも一定の比率で、ロトカ・ボルテラとかロジスティック方程式のような密度効果が入る時には、このぐらいにほどほどに獲れば1番いいみたいな話があったんですけども、大きく変動する時どうなるかってなかったんで、パツと思いついて、その時に残す量を一定にすればいいんだと言ったら、それは1960年代に、もう既に分かっていると、水産大学の先生に指摘されました。やっぱりわかってるんだと、それで大体何がわかって、わかってないか、そしてこの研究は新しいだろうという感覚を磨かないといけないことが分かりました。

## 松田流科学哲学に関して

有賀：ちなみになんですけど、その先ほど申し上げた『数理科学』の記事の一番最後に先生がこういうことを書かれているんですけども。読みますね。「物理学は天才少年向けの学問で、生態学、社会科学などの数字だけでは扱えない学問こそ、人生の機微を肌身で感じるサイエンスだというのが私の持論である」。これはやはり、今でもそういうふう感じられますか？

松田：現在の物理がそのレベルにとどまっているかどうか、非常に微妙ですね、当時はそう思っていました。あれは天才少年でもできるよ。

有賀：この頃から、何と云うんでしょうか、その、完全に抽象的な理論というよりは、もう少しこう、人間社会と関わりのあるところの方が、ずっと関心をお持ちだったということですか？

松田：そうですね。そもそも進化論をやりたいと思ったのはマルクスを超えたいと思ったからですけど。いや、そう思ってる人いっぱいいたと思いますが。

有賀：あと、この記事のサブタイトルも「数理生態学の応用」というふう書かれているんですけども、その「応用」科学ということは、やはりこの頃からかなり意識されて言われてこられたのでしょうか？

松田：そうですね。水産研究所に行ったら特にそうです。ですから逆に言うと（先ほどの3すくみ説でマイワシ、カタクチイワシ、サバの個体数を説明した）メイ・レオナルド軌道自身全く新しくなくても、ためらいはなかった。新しさを求めるのがじゃなくて、どちらかという、役に立つモデルは何かと考え、たまたまそれが古いものだったら、別に古いものでも構わないという姿勢でした。

有賀：ありがとうございます。順番に辿っていきますと水産庁の時に途中で一回、ミネソタ大学に1年ほど滞在しているんですね。

松田：丸一年ですね。

有賀：水産庁からの出向ではないでしょうか、なにか行ってこいという形だったのでしょうか？

松田：水産庁は当時ですね、水産に役に立つことならば水産庁が金を出して留学させるということがありました。ミネソタに行ったのはオールギランティといまして、相手方がすべて持つ。その場合はですね、留学経験を積んでこいということで、かなり自由に行くことができました、それで一年間行かせていただいたんです。

有賀：行った先というのは、どういう先生のところでしたか？

松田：私が大学院時代にやっていた進化生態学を数学的にやる方でした。

有賀：お名前は何という方ですか？

松田：ピーター・エイブラムスといまして、ええと私の5年先輩ですけど、60歳ぐらいでリタイヤして、

大学のデューティーを全部消して、今でも自由に論文書きまくってますね。

### 九大への異動

有賀：そこで一年くらい研究されて戻って来られて、その次は93年に九州大学ですね。これも結構頻繁に、数年で所属が変わっている感じですが、これはどういう状況だったのでしょうか？

松田：まあ、それはまさにめぐり合わせで、巖佐庸さんが数理生物の教授になったばかりのとき、まだ30歳代だと思いますね、教授になると助教授をとれるんですよ。で、彼より若い人ということになると私が一応誘いを受けたと言うところです。はい、ですから本当は留学させていただいたんだから、少しは水産庁に勤め上げてから行くべきだと言うのが、誰しも考えることですが、まあそういう誘いがあったことと、当時水産庁は人事交流をかなり止めていた面がありまして、中には強引に大学行くと言って辞めたけど、大学は採用できなくなって大変な目があったとかですね。そういう人もいたようなところなので、まあ私はその水産研究所に誘ってくれた東大の先生もですね、「自分からゆくゆくは、水産研究所から水産のどっかの学科にと思ってたけど、自分は直接そういう人事の手引きができなくなった」と仰っていて、「理学部に勝手に移ってくれるのは大歓迎」と言っていました、その時にもう既にその方は九大の理学部に移ったあとすぐに水産学科に引き抜こうと多分思ったと思います。実際に私はその4年後に東大海洋研に移ることになりました。

有賀：よくわかりました。ちなみにですが、中央水産研究所の研究室は、その後ずっとその活動が続けられているのですか？

松田：基本的に、名前とかはちょっと変わってますけど、続いてると言っていていいと思います。むしろ今は数理解析をやる人を水産研究所にかなり固めて、そういう意味ではとても増えたと思います。だが増えたうちの、いわゆる水産学科出身の人はごく一部ですね。

有賀：理学部とかそういうところを出て来られた方のほうが多いですか？

松田：多いですね。はい、今、北大の水産学部にはまだそういうことをやってる、人材送り出せる場所がありますけど、ほとんど北大だけになったと言ってもいいと思います。

有賀：90年代の初めくらいですけども、数理生態学と言えるような分野というのは国内だと、何ヶ所ぐらい研究室があったのでしょうか？

松田：当時、まさにこの数理生物学会が学会として動き出したぐらいのところだと思いますね、九大の理学部は数理生物学という名前の看板をかけた唯一のとこ

ろでしたけども、大学の方に限りますと京大とかですね。あと、生態学にあんまり当時はなかったかもしれませんが、静岡大にも、大きな拠点がありました。そういう感じでいくつかはあったと思いますが、看板を掲げるという意味では少なかったです。ただ、研究者としては、その学会に積極的に関与してくれる方はいろんな所に居たと言う状況だと思いますね。

有賀：九州大学に行かれてから、もう少し抽象的な方に行かれたんですか？つまり水産庁ではかなり現実的な問題を扱っていらっしゃるのかなと思ったんですけども、それと比べると。

松田：いや、必ずしもそうではなくて、むしろ水産だけじゃなくてですね、そろそろシカの話とか、化石の縄文人の人がなんかそんなのまでやろうって話が九大の中にそういうグループがいくつかありました。そういう意味ではどちらかという、もう基礎に戻ろうと言うよりは、実際の応用、あるいは役に立つモデルを使うという方向にシフトしたのは変わらなかったと思います。ただ、その一方で、理論的なモデルも何度かピーター・エイブラムスのところに短期滞在させてもらって論文を書いています。

有賀：門外漢ではあるんですけど、九州大学は数理生物学で有名なところであるということは私も知っています。当時、実際どのくらいの方がそこで研究されていたんですか？

松田：研究者としては、いわゆる教授、助教授、助手が1名ないし2名でしたね、はい。

有賀：学生も結構いましたか？

松田：そこには今でも大活躍している学生ですが、当時そこにはいました。はい。

有賀：後に東大の海洋研に行かれたという事に関して、先ほどのお話ですと、初めからそういうつもりだったのでしょか？

松田：私がどう思うかじゃなくて、東大の教授との間でそういう話ができたと。はい。

### 万博と行政

有賀：東大海洋研に移ったのが96年、この辺りから、色々社会的な問題との関わりというのが増えてくると把握しているんですけども、先生の大きなテーマとしての愛知万博、北海道のシカ、生物資源の管理など、その時系列としてはどういうことから始まっているのでしょうか？

松田：同時並行ではありますけど、例えば愛知万博になぜ関わったかという、日本医科大学時代に書いた『死の科学』とかいう本を読んで気に入ったから、これを万博誘致の材料に使いたいと言って呼んでくれた人がいた。でも実は環境問題があるということを知って、じゃあ万博の環境影響評価に係ろうと。で、東京



大学にているんな方のところに行くと、そういう接点がこうできてきます。その辺からですね。シカの話は実は九大時代から始まっていて、九大にもシカを研究してる人が居たので、その関係でですね。しかもいろいろやってると、北海道のシカを減らすのは、サバを増やすより簡単だろうと思ひまして、簡単だと言ってしまったから関わるようになった。そういう意味では九大には隣の講座に保全生物学の人がいて、植物のいわゆる絶滅危惧種のリストを作る人がいて、膨大なデータ持ってるけど、そのデータをどうやって判定に生かしていいかわからないということで、それを引き受けました。で、どうせならば、そのレッドリストの判定をするだけじゃなくて、その判定を環境影響評価に応用するのに愛知万博はちょうどいいテーマだからと持ちかけた、そういう植物分類学会と共同で始まったので、結構九大から連続しているテーマが多かったと言えます。

有賀：ちょっと先に愛知万博のほうから伺っていきたいと思います。九大時代の植物の研究者の方との関わりから始まってきていることがわかりました。実際にその環境影響評価手法検討委員会というものがあって、そこに参加をされたということも読ませて頂いたんですが、この委員会そのものがどういうものか、ちょっと説明して頂いてもよろしいですか？

松田：これは今ではもうあらゆる環境影響評価対象の事業にあるような委員会の1つです。特に、公共事業として行う、つまり、事業者が政府系の場合、必ずこういう委員会が内部に立ち上がって、環境影響評価を適切に行うように事業者に対してアドバイスをするという立場のものです。

有賀：先生はこれもその立ち上げの所から、そのメンバーとして呼ばれて関わっていらっしゃるそうですね。

松田：まあ、たまたまその愛知万博で猛禽が問題になっているということなので、東大の農学部先生のところに遊びに行ったら、そこで後からその委員会の副座長になる武内和彦さんが遊びにきていて、そこで紹介を受けて。じゃあお前も委員になれというような。まあ、そういう人脈ですね。

有賀：委員会ってというのは、何人くらいのメンバーでやったんですか？

松田：十数人とかですね。20人はいなかったと思います。

有賀：その中で数理的なことをされている研究者が、先生ひとりということですか。

松田：ええと数理生物学的な絶滅リスクについて数的にやる人が私で、あと実際の分類学者が植物に関して2名ぐらい、鳥に関しても2名ぐらいでした。

有賀：こういう委員会の中で、実際に先生がされた仕事はどういうことになりますか？

松田：実際にどんなふうに評価手法を作るかというところ

もやりました。または、その報告書に何を書くかとかですね。そういうところもやりまして、当然、こちらが提案した方法の手法でやるとか。環境コンサルタント会社が作文を作ったり計算もするんですけども、まあそれを良い悪いとだけ言えばいいというのが、ほとんどなんですが、時々こちらからこんな手法があるよと提案すると言う場合もあります。

### 環境影響評価の光と影

有賀：環境影響評価というものはこれより前からある程度は始まってきていたと思いますが、愛知万博の委員会が特に新しかったポイントは何かということをお聞きしたいのですが。

松田：環境影響評価はそれまでは行政といいますか内閣が閣議決定してやっていたんだけど、法律に基づくものじゃなかったんですね。1999年に環境影響評価法ができる直前に、通産省は愛知万博を環境影響評価の日本の制度の見本にしたいと、先事例としたいとうたったという経緯がありました。つまり法に基づくそういうやりかたとしては初めての例を色々作ろうという意気込みでやりました。

有賀：ただ、実際に（松田先生が）書かれた記事も読ませていただいたんですけども、実際には環境影響評価法にはいろいろ問題があると、そこに書かれていると思うんですね。実際委員会に関わられているいろいろやっていく中で、これだと駄目ではないかと思われたということでしょうか。

松田：そうですね。色々限界が見えたというのはあります。で、その委員会にはですね、それこそ環境影響評価学の国際的な代表となった専門家もいます。原科幸彦さんという方ですけど、五十音順の席でちょうど隣で相談しながらやれたので、環境影響評価の極意をかなり知ることができました。海外に比べて、日本の影響制度はこういう限界があるというようなことをいろいろうかがいました。

有賀：こういった「評価する」というのは、先生の（それまでの）お仕事と少しまた方向性が違うのでしょうか？

松田：水産にいた頃も資源評価というのが当時からありました。漁獲量とか、そういう情報を用いてマイワシがどのくらい居て、減ったか増えたかということを経験的に解析するということはありました。でも、それはいわゆる統計学の話であって、力学系で扱うという話ではあまりなかったですね。ただし、水産で獲りすぎたら問題だというのはこれ力学系の話なんです。やっぱり自然の再生力の範囲でどのくらいできるかというのは、まさに先ほどの話でいえばロトカ・ボルテラ式とか、あるいはロジスティック式を使ってですね。定量的に考えると、あるいは概念的にいろいろんな考え方

ができるかという点は共通していました。そういう意味では、延長線上と言えると思います。

有賀：その影響評価法が先生から見て問題があるということだと思んですが、実際はそれに則って仕事を進めていたということになるのでしょうか？

松田：そうですね。肅々と進めましたけど、国内ならばそのままいっちゃうところが、パリの国際博覧会事務局の方からそれじゃダメだと言われて、そういう外圧があるという、日本の環境評価でも普通の事業とだいぶ違った側面がありました。

有賀：環境影響評価に対してその、数理生物学の立場から貢献をするっていうのは、新しいことなのかを伺いたいのですが。

松田：定量的にリスクを評価するというのは、横浜国大で私はそれが専門になっちゃいましたけど（リスクがあるから）ダメという話じゃなくて、「どこまでの影響だよ」というふうにやれば、その影響を容認するか避けるかの行政判断だということもできるようになった点ですね。そこは、新しいと言えば新しいと思います。で、まさにそれは、日本の植物レッドリストの生データを使って絶滅リスクの計算ができているから、使える情報だった。

有賀：その話と関係するんですけども、その「リスク」というのが1つのキーワードになってくると思うんですが、先生がリスクというものに関して計算することを始められたのが、このあたりからになるのでしょうか？

松田：それが実は九州大学に（いた）最後の方に私の横浜国大の前任者である、中西準子さんという環境リスク論の日本における先駆者のひとりが巖佐さんのところに来て、「絶滅リスクという概念が生態学にあるらしいけど、ぜひプロジェクトに入ってくれ」と。「自分達は健康リスクだけやっていた」とのことで、生態リスクの方では絶滅する確率を求めると言うことですね。そこから繋がってます。

### シカの資源管理に関して

有賀：実は私も中西先生のお名前だけは存じていたんですけど、どこからその接点ができたのかなと思って伺ったのですが、なるほど。そうしますと、九大におられた一番最後の頃にそういう話も始まってきて愛知万博に繋がる、先程でてきたシカの話も九大のころから始まっていると。それで、シカの話に移りたいと思うんですけども、最初は九大のどういうところから話が来たんでしょうか？

松田：九大ではですね、シカに限らず、野生動物を持続可能に利用するにはどうしたらいいかという研究を、地道にいるんなデータに関わりながらやってる方がいまして、小池裕子さんという方がいたんですけども、

彼女が言うには、「縄文人は持続可能な狩猟だ」と言うんですね。ちょっと抽象的なテーマになるんですけど。それにちょっと関わってた関係で、「今の狩猟はどうなんだ」という質問を色んな人にしたところ、ではエゾシカの管理をやってみないかと誘われた経緯がありました。

有賀：「持続可能性」ってその頃にすごく流行った概念だと思いますけれども、具体的な場面を考えていくという研究はこのころからされてきたということですか？

松田：はい、そう言っていいと思います。

有賀：ちなみにシカの他にはどんな事をされていたのですか。

松田：水産資源全体がそうですね。自然変動がとても大きい中でどうやって漁業をコントロールしたらいいとか、それこそイワシが多い時代、サバが多い時代と、変化する自然にどう扱ったらいいかというようなテーマですね。まあ、今でも行政政策にはまだ充分活かされてないと言えますので、まだまだ新しいと思います。

有賀：水産の方面でそれまでされてきた蓄積みたいなものと、その例えばシカみたいなもので、そもそも大きく違うポイントもあるんですけど、数学的にやれば同じものだった、同じことにできるというのは非常に私も理解できます。では逆に、具体的に水産資源の問題と、シカの問題とかで何か違うポイントはありますか？

松田：そうですね。基本的にそんなに変わらないといった方が近いと思います。後でクマの問題やる時にちょっとまただいぶ違うことができました。

有賀：実際、そのエゾシカの保護管理を計画するというに関わっていかれるわけですが、こういう野生生物の資源管理も新しい試みだったんでしょうか？

松田：水産資源で言えば、国際捕鯨委員会（IWC）で合意したようなやり方<sup>1)</sup>で、これをフィードバック制御と言うんですけど、それを野生動物管理に適用したのは、アジアではエゾシカが初めてだろうと言われたこともあります。

有賀：これは実際（エゾシカの管理）計画を作る段階で、かなりその捕鯨の（管理の）枠組みを参考にして計画を実際に作って行かれたということですか？

松田：はい。だけど（クジラで合意された改訂管理方式をエゾシカに）そのままあてはめたら、あまりうまくいかないということもわかりましたので、だいぶ工夫もしました。で、大事なことは、そのモデルがちゃんとできたと言うよりは、それがちゃんと行政も納得した上で政策になったということですね。だから、それこそ哺乳類学者がその計画を携えて欧米に行った時

<sup>1)</sup>1993年にIWCで合意された改訂管理方式（RMP: Revised Management Procedure）

に聞かれたことは、よくそれが日本で合意できたなということが感心されたと聞いています。

有賀：私もそうだろうと思います。実際、モデルを作って予測をすると、「こういう風に計画を立てればいいんじゃないか」ということと、それを実際の政策として実現するかどうかで、結構距離があるだろうと思うんですけども、政策まで実現したというのはどういう要因があったと思われますか？

松田：それは多分、まあ、そういう他分野の発想を持ち込むというのは私の役目だったと思うんですけども、もうちょっと国際的にどういう動きになっているかというのを俯瞰する哺乳類学者と、それから役人の方で現実的に考えて実際に中心となった道庁の人で、酪農学園大学の教授に転身されたような方がいたんですが、そういうセンスを持った方が行政マンとして動いていたというのは非常に大きかったと思います。

有賀：話が前後してしまうのですが、実際に作った計画とその実際の様子というのはいかがでしょうか？

松田：生態学の標準的な教科書である生態学会編の『生態学入門』には98年にそれを始めて2000年に見事減ったと言ったんですが、3年で予算が打ち切られました。その後じわじわと増えてしまいました。そして、増えているということが我々の共通認識になるまで5年ぐらい掛かりまして、それまでは増えるか減ってるかわからなかった。はっきり増えていると言わざるを得ないという風になるのに、5年くらいかかりました。その間にもどんどん増えていって、必ずしも成功とは言えないと言う状況になりました。

有賀：シカの計画の話も読ませていただいて、なるほどと思ったのですが、そもそも（実際の）シカの数全体がよく分からないという話が書かれていて、今の話（実際にシカの個体数が）増えているのか減っているのかもよく分からないということがあると思うんですけども（その状況で個体数を）管理しようというのは想像がつかないので（再度確認させていただくと）やっぱりその増えたり減ったりは分からないんですかね？

松田：実際ははっきり減ったとわかるときもあります。だから最初は私が言う前は徐々に減らしていこうという話でした。当時はエゾシカは東部北海道に12万頭とか言われたんですけど、私はシミュレーションしてみても、12万頭だったらとくに雄の個体数がマイナスになるから、もっとずっと多いはずだと、現場を見ないで言いました。捕獲数との整合性が取れないときはわかります。そうするとやっぱり目に見えてははっきり減らした方がいいと言う事を、結構他の研究者も、あるいは道庁の方も納得して頂いたと言うのが、大きかったですね。だからじわじわと減らせみたい効果がよくわからない方法よりは、ちゃんとやると3年間である程度減ったと分かった。ただし、その後は微妙になっ

ちゃったんです。

#### 資源管理と政策について

有賀：この時期、2000年代後半ですか、北海道もそうでしたがいろんなところを飛び回って同じような計画に関わられていると思うんですが、特に印象に残っている計画があれば知りたいのですけれども。

松田：どれも印象に残ったんですけど、滋賀県のカワウが面白かったですね。これが2015年の鳥獣保護管理法の改正があった時に、今までみたいに狩猟免許を取った猟友会の人だけに任せていたらとても管理できないということで、捕獲専門家という制度を設けた。その先駆けとなるような専門家が実際に滋賀県にいて、カワウを撃ちまくっている。こちらはどれだけ撃てば確実に減るとかいう数字を出す。滋賀県の担当者は、漁業被害を与える鳥でしたので、水産課の人でした。一度中央水研の私のところに3ヶ月研修に来た人がいて、その人が実際に計算をしていたことで上手くタイアップができたと思います。制度そのものを変えるという意味ではカワウ管理は非常に大きかったと思いますね。

有賀：松田先生が先ほどチラッとおっしゃっていたクマの時に結構違ってたというのは、それはどういう意味で違ったんですか？

松田：クマの研究者が言っていることが、私には最初は訳が分かんなくてですね。シカは数が増えたから被害が増えたと。クマは数は増えてないけどその被害が増えているということでそれはクマが人馴れしてるからだ。私は数を扱うんですね。数式の中では、その1つ1つのクマの行動の変化をですね。直接扱うという話はしてなかったんですよ。でも、進化生態学というのは数の変化だけでなく、生き方の変化も扱うと言うのは、まあ、もともと大学院時代からやってたことで、このクマの変化の場合、管理の場合は思い切ってますね、人なれしたクマと人なれしてないクマの変数を分けると。これ実は感染症と同じで感染してない人の数と感染した人の数を分けて変数にすると、その間に感染しない人から感染した人の移動がある。そういうモデルならば上手く行くと言うことになってですね。で、その時、逆にクマ学者に提案して。この管理をするためには、クマの全体の個体数が分かっただけじゃダメで、人馴れしたクマと人馴れしないクマの数を別々に推定しなきゃいけないんだと。という無理難題を、逆にこちらから提案しました。わりと面白かったのはですね、人馴れしてるクマの数っていうのむしろ数えやすかったね。なぜなら人の前に出てくるから。山の中にいるクマの数は分からないんですよ。だから意外とスムーズに行きました。

有賀：今みたいに数理の立場の研究者も、もう1つの

(別の)フィールドというか、動物の専門家と共同されると色々あるだろうと思うんですが、割と平和に話ができることなのか、ちょっとお伺いします。

松田：はい、多分、それこそ1980年代ぐらいまでと、90年以降では全然違ったと思いますね。80年代にはそのまさに数式だけで生態学を解き明かそう、なんてものは生態学会の中では異端中の異端でした。むしろ、そんなものは現実を反映してないというふうに言われて終わりみたいなのがありました。けれども、90年代以降は数理生態学をほかの生態学者が非常に尊重してくれるように変わりましたね。でその後は今みたいな議論がかなりできるようになったと思います。ただし、やっぱりその中でもですね、何て言いますか、話がかみ合わないこと結構多いですね。数式の上でこうなるって言うてもですね、じゃあ、それが現場でどういうふうになっているか全く分からないという場合も出てくるわけです。が、今みたいにですね、無理難題だと一瞬思っても、人なれしたクマの数を数えるという風になってくれると、非常に話が建設的に進むわけです。

有賀：やっぱり80年代と90年代でだいぶ雰囲気が違うと。数理的なアプローチの評価のされ方が違う。そこで、先生が2000年に単著で、『環境生態学序説』という本を出されました。またその翌年に、2001年にこれも雑誌の『数理科学』の記事なんですけども、ここでは「生態系管理」というのが主題なんですけど、サブタイトルでは「システム・リスク・合意形成の科学」を掲げていらっしゃるんですね。ここまで来ると、純粋な数理生物学からは離れたところまで来たなあ、タイトルだけでも見て取れるんですけど、この2000年くらいまでにはだいたい数理生物学というよりももっと広くリスクとか合意形成にフォーカスされるようになっていたということでしょうか？

松田：そう思っています。逆に言うるとリスクの科学って便利な言葉で、まあ全然実証されてない。それこそエゾシカの数とかですね、あるいは本気でクマを撃ち殺しにかかれば、クマは行動を変えるはずだとかですね、言ってるんですけど、全然実証されてないんですね。でも、実証されてなくても、現場では使ってるわけですよ。まあ、そういう意味ではリスクって便利な言葉でもありますね。逆に実証されてないという戒めを常に忘れてはいけないということをするためにも必要な言葉だと思っています。で、科学者はあくまでいろんな意見を言うだけで、あくまで社会が合意しなければ動かないということもその頃から感じました。

有賀：先ほどもありましたが、予測を出すと言うことと、それに基づいて何か決定するっていうことは、全く違う次元の話なんだけれども、なんというか、実際にそれで苦労された経験はいろいろおありではないでしょうか。先生の感覚として、このいろいろ関わられ

た中で、その、自分が出していったいろんな予測っていうのが実際、その合意形成に至るっていうのは、その、非常に稀なことなのか、それともそれなりに実現するものなのか、その辺りはどういう風感じられますか？

松田：私は結構自分では幸せだと思ってますが、半分ぐらいは割と実現しています。河川の生態学者に聞くと、国交省を説得できたとしても20年はかかると言われるんですけども、私の場合、むしろ提案してすぐに、1,2年ぐらいで雰囲気が変わるっていうことを何度も感じています。これは何か幸せなのか、あるいはそういう時代の流れに沿ったことをたまたまやっているのかもしれない。

有賀：今回、実はインタビューのお話をいただくまで、先生のことを全く存じていなくて、本当に申し訳なかったんですけども、その後に経歴ですとかを拝見してまったく同じ感想を持っていて、やっぱりこの80年代から90年代から2000年代に来るにつれてリスクの問題とか合意形成の問題というのが、別にこの分野に限らず社会全体に、大きな問題になっている時代だからこそ、先生がこういう方向に行かれてきたのかなという感じを持っています。その中で、振り返ると先生は初めの頃から純粋科学ではないところにご興味があった印象を受けるのですが、そのあたりいかがですか？

松田：はい、そうだと思います。まあ、自分が特に大学院時代ですね。できることとして、数理モデルを使って、寺本教授が言う3体問題ですけども、そこにちょっと進化的な視点を入れてみるということまでは、自分としては自然の流れでしたが、その時はそれが直接社会に役立つテーマではありませんでした。ですが、やっぱり、科学的なパラダイムをひとつ、小さくてもなんか変えられるっていう事自体に、それも当然我々は価値を生み出していると思います。その一環で、パラダイム転換まで行かなくてもですね、そういう社会にそれぞれの合意形成とか政策に資することをやっていけば、1つ1つの積み重ねができるだろう。で、それは後から振り返ると、おっしゃるようにリスクという概念とか、そういうものが時代とともに定着して行くと言う流れと、当然結びついているし、まあ自分もその一翼を担えたと思えるなら幸せなことであると思いますね。

有賀：先程前のほうで出てきた、応用科学である場合には必ずしも新しいものじゃなくてもということだったと思うんですけども、実際に現場でいろいろ計画を立てられる中で多くの場合に既存のモデルでうまくいくものなのか、それともやっぱり何か新しい研究上のイノベーションをやらないと上手くモデルが役立つなと思われるか、そのあたりいかがですか？

松田：それ3通りくらいありますね。さっきのイワ



図3 写真：当時の様子を語る松田裕之先生

シとサバの3すくみは、数学的には新しくない。もう1つは毎年の生存率が大きく変わった場合には、とり残し量を一定にすればいいと、これは自分で思いついたつもりなのですが、実は古くから知られていた。まあ、これは自分が勉強してないということなんですけど、でもそれはそれで自分としては嬉しいことなんです。本当に純粋に独自かわかんないけども、同じことを思いついたというのは、方向としては間違っていないと言えます。最後の1つは、本当に今まで誰も考えてないことっていうのも、まあ時々ありますね。そういうのは、10年に一遍とかそのぐらいじゃないかと思えます。

有賀：ちなみに、今言われた3種類のことというのは、この世界では学術論文にそれぞれなるものなんでしょうか？

松田：既存研究と全く同じといっても、例えばさっきの3すくみならば、イワシばかり獲り続ければどうなるとか、そういう議論をすることによって論文にできました。あとは最近、例えば合意形成にどうだという論文だとですね、これ数理モデルの論文にはならない。ですが、割と社会学者とタイアップすると論文になることがある。特に知床で面白かったのは、政府の管理じゃなくて、漁業者自身が捕獲を拡張すればいいんだと僕が言ったんですけど、それが論文になった。社会学者が筆頭の論文になってるんですけど、その前、実は厳密に言うと私は共著者というよりは、完全に彼の研究対象であるアクターなんです。だから別に私が共著者にならなくても良かったんですけど、まあ、そういうときになぜか私の共著論文になったことがありました。

有賀：おそらくですけど、やはり社会科学の方との共同というのたくさんあるのかなと思ったんですけども、そのなんというか、やはりカルチャーの違いとかそういうのを感じることはありますか？

松田：そうですね。でも意外とそういう社会学者は、学部時代に理系だった人が僕の周りには多いですね。有賀さんもそうかもしれません。社会科学、社会学と

いうのは結構、アイデアが既存のものであっても、自然科学に比べて論文になりやすいと僕は感じます。有賀：私の理解が間違っていなければなんですが（松田先生は）だいたい2000年代に入るぐらいに、ある程度先生の今につながる方向性が固まっておられて、その先はもうこの方向で、かなり具体的な研究に進んでおられるのかなという認識なんですけれども、21世紀に入って、もう20年が経つんですが、先生が印象に残っているお仕事などはありますか？

松田：はい、さっき言った知床の禁漁区を増やせとか、そんな話はまあはっきり言って数式と何の関係もないですね。そういう仕事が結構増えているというのはあります。今だったらエコラベル<sup>1)</sup>をやる時どうだとか、自然保護区ユネスコのMAB計画<sup>2)</sup>というのがあったんですけど、それも直接数式が出てくるというものではないです。海洋政策学会の理事を今拝命してますけど、私が理系であることを忘れていらっしゃる文系の方もいるようです。でもそういう方とつきあって役立つのは『つきあい方の科学』で、この訳本を読んだことがあるという社会学者はかなり多くて、ものすごく役に立ってます。

有賀：最近ですと、それこそコロナのレギュラトリーサイエンス<sup>3)</sup>のところにも先生が関わっているとのことで、今日の話の最後で、その近年の状況について、ご意見を伺いたいのですけれども。1つはですね、いわゆるその計算科学みたいな分野があって、近年データ駆動型と言われるようなアプローチが強くなっているということがあると思うんですが、そういう中で数理生物学の役割とか、変化していると感じられるかどうかということについて伺えますか。

松田：変化と言いますか手法としては、特に個体数推定の方法とかですね、どんどん新しくなっていてもう私でもついていけないと言うところもあります。逆に言えば、それを使ってどう管理モデルをつくっていくかという部分では、まだまだ自分がほかの人には負けないと思っています。単なる統計学じゃなくて力学系に根ざしている部分がありますし、そのセンスに慣れていないとわからないことを、相手より先に指摘することはあります。

有賀：ちなみに、数理モデルのようなご研究も、ずっと並行して手掛けて来られているのですか？

<sup>1)</sup>環境保全や環境負荷の低減に役立つ商品や取組みを認証する制度。例：FSC, MSC

<sup>2)</sup>人間と生物圏計画。自然の恵みを守り、かつ合理的に利用するための計画。

<sup>3)</sup>「科学技術の成果を人と社会に役立てることを目的に、根拠に基づいた確かな予測、評価、判断を行い、科学技術の成果を人と社会との調和の上で最も望ましい姿に調整するための科学」(第4次科学技術基本計画 平成23年8月19日閣議決定)



図4 写真：対談中の松田先生と有賀先生とスタッフ

松田：学生がやるという場合が多いんですけど、でも実際に学生の中で、そんな力学系に詳しい院生は今あんまりいないですね。1人いるんですけども、そうするとそういう研究はやっぱりまだ私が自分でやるということになると思います。

#### 科学者の役割とは

有賀：先生にとっての科学者の役割ということを見てみると思われるんですけども、特にその最近、コロナの問題に関わっておられると思いますが、科学者の役割が近年変わってきているとか、あるいはこうなっていく必要があるというお考えがあれば、お伺いしたいと思います。

松田：1番感じるのはジャーナリスト、あるいは市民団体が期待する科学者の役割の危うさがありますね。ポリシーを持って、例えば原発に反対するのは学者の役割だと言う感じと言う人がいるんだけど、私なんかはどちらかというと（科学者は）いつも昔の中国の軍師だとか、あるいは弁護士だと言ってます。科学自身は価値命題を持つべきではない。極論すれば、どちらの立場にも助言ができる。だけど、我々は社会が合意した目的を実現するための手段を客観的に見ることが出来ます。その前提自身は客観的じゃないですが、社会が合意した前提に基づいたものを客観的に出すのが、科学者の役割と思っています。しかし、科学自体が価値命題を持つものではなく、科学者はどちらの立場にも助言できるものだというのが、多分、ジャーナリストとか市民団体はほとんどわかってくれないうえですね。これについてはむしろ政府の方がまだわかってくれると思います。そこに非常に大きな危惧を感じています。

<sup>1)</sup> 未来予測の不確実性を認めたくえで随時見直しと修正を行いながら管理をする考え方

有賀：今の話からだ、合意形成の場面に関しては科学者が何か役割を積極的に果たすべきではないというのが先生の考えということになりますか？

松田：その言い方は微妙なんですけども、論点を常に指摘しなきゃいけないという意味では関わるべきなんです。けれども、1番わかりやすい言い方として、投票権持たないで関わるのがよいと思います。

有賀：実際に、こうした科学者の取るべき立場はあまり理解されていないというふうにお感じになるということですか？

松田：そうですね、特に政策を担う側はある程度理解されていると僕は思います。むしろ報道とか市民団体の側がほとんど理解していないと思います。

有賀：最後になりますが、今後の抱負のような、これから先に取り組みたいことがありましたらお知らせください。

松田：今後ですか？ そうですね、コロナは面白いと思いますね。面白いと言ったら語弊がありますが、実はアメリカとカナダの水産学者に愚痴を言ったんですが、彼らから即座に返事が来ました。俺もそう思ってるんだと。水産学者ならもっとうまくやるぞ、彼ら、新型コロナウイルスの管理に携わっている研究者、は順応的管理<sup>1)</sup>がわかってないと言うので、何か意気投合したことがあります。ある分野でできていることがほかの分野で出来ていないと感じることが多々ありますので、そこは今後いろいろお役に立てる事に参入したいと思いますね。

有賀：確かにその先生のように、本当にいろんな分野に関わっている方ならではの言いえますか、そういうのが、色々見えている方は、分野同士をつなげていくということが仕事なのかと、いまちょっと伺って思いました。この度はどうもありがとうございました。

松田：どうもありがとうございました。

#### 【松田裕之先生略歴】

- 1980年 京都大学理学部卒業
- 1985年 京都大学理学研究科生物物理学専攻博士課程修了（理学博士）
- 1986年 日本医科大学助手
- 1989年 水産庁中央水産研究所研究官
- 1990年 水産庁中央水産研究所主任研究官
- 1993年 九州大学理学部助教授
- 1996年 東京大学海洋研究所助教授
- 2003年 横浜国立大学環境情報研究院教授
- 現在に至る

【数理モデルのロストテクノロジー】

第1回 酵素反応のダイナミクス I  
～サブユニットを持つ酵素反応方程式～

大泉 嶺\*

1. はじめに

ロストテクノロジーとは、現在その知識や技術を継承する人物や文献等の欠如によりかつて存在した製造物を再現する事が出来なくなってしまった事を言う。wikipedia を調べればダマスカス鋼という古代インドで開発された鉄の鍛え方<sup>1)</sup>や戦艦大和の巨大な砲身を製造する技術などが例として挙げられている。こうした技術が喪失される理由は様々なものがあるが、戦艦大和の主砲の場合は大艦巨砲主義が現代戦時において優位ではなくなった為製造されなくなった。これは戦時の戦略の変化（空母やミサイルなどの出現）によって別の技術が重視された結果である。

科学の世界でもこうした忘れ去られた知識や概念がある。筆者が初めて数理生物学会に参加した年は2006年の九州大会だった。この頃の数理生物学会は、生態学にしろ、疫学にしろ、とにかく力学系モデルを構築しては平衡点の安定性を議論して、不安定平衡状態のパラメータ領域にリミットサイクルが見つかること“面白い”という雰囲気はまだ残っていた。しかし、ここ十余年で雰囲気は変わり、とにかく実証との関連が重要であり、“不安定平衡解がどうの”という話が中心となる機会が減ったように思われる。安定性解析が忘れ去られた技術というには時期尚早もいいところであるが、数理生物学会だけでなく、多くの分野でこうした時代と共に流行廃りの歴史を持っていることであろう。

筆者はこうしたかつて流行し、現在見なくなった数理モデルのテクニックを発掘するのが趣味の一つである。数理モデルにおけるロストテクノロジーは、例えばその分野で関心が薄れたとしても異分野の数理モデルの解析や構築において役立つ場合があるかもしれないと期待しているからだ。また、かつてはみんなが知っていた知識がその分野をもう一度輝かせる可能性もある。そういう訳で勉強したけど、まだ自分の研究で使っていない絶版本に載っている興味深い数理モデルの方法論をこの場を借りて紹介したい。

2. アロステリック酵素とMWCモデル

第一回で取り上げる本は「酵素反応のダイナミクス」林勝哉・坂本直人 編著 学会出版センター(1981)である[1]。この本は酵素反応理論に関する数理モデルの専門書である。酵素反応理論と聞けば現代の教科書にも、Michaelis-Menten 方程式は大抵掲載されている。また、アロステリック酵素の例として高校の生物学の教科書でもおなじみだ。しかし、専門書のその先の目次を見るとタンパク質結晶構造解析(生物物理学)の話に繋がるか、あるいはシステムバイオロジーの話になることが多い。この本は酵素反応理論がこれらの分野に分化する前の物で、酵素の構造や複雑な反応ネットワークをどのように簡素な方程式に落とし込むかについてページを割いている。

本書の中でも今回はMWCモデル(Monod-Wyman-Changeux model)[2]という、ヘモグロビンの酸素乖離速度に関するモデルの“構築の仕方”に焦点を当てたい。ヘモグロビンは赤血球の中で酸素を運搬する重要な酵素である。この酵素は鉄イオンを含むヘム(heme)という部分とグロビン(globin)というタンパク質からなるサブユニット(プロトマー)がオリゴマーを形成することで構成される<sup>2)</sup>。Michaelis-Mentenのモデルと異なる点は一つの酵素が持つ活性部位(酵素と結合する部位)が4つあることである。これは基質(substrate)が酵素(enzyme)と結合し生成物(product)を生み出す一連の過程に多段階の中間状態が存在する事を意味する。

また、こうしたアロステリック酵素は媒質中では、基質と反応しやすい活性状態(relax)と反応しにくい全く反応しない不活性状態(tense)が混在していると考えられている。オリゴマーで構成されるアロステリック酵素は、先述のように多様な中間状態を有するため次のような図で説明される事が多い。

\*国立社会保障・人口問題研究所

<sup>1)</sup>シリアのダマスカスで製造された刀剣がこの鉄鋼を用いていたのが名前の由来である。

<sup>2)</sup>正確には $\alpha$ サブユニットと $\beta$ サブユニットと呼ばれる分子量の若干ことなる2種類のヘモグロビンが二つずつ結合することで形成される。4つのヘモグロビンからなるオリゴマーは4量体(tetramer)よばれる。

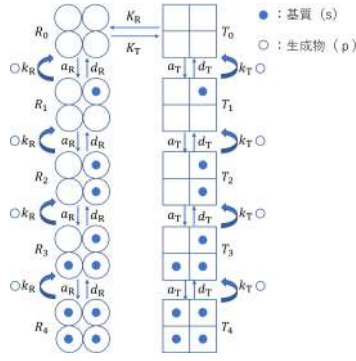


図1 この図は反応スキームと呼ばれている。 $R_i$  と  $T_j$  はそれぞれ、活性・不活性状態を表し、 $K_R$  と  $K_T$  はこれらの活性状態の遷移速度、 $a_R, a_T$ 、および  $d_R, d_T$  は各状態への遷移、逆遷移の速度を表す。また、 $k_R > k_T$  は生成物の乖離速度を意味する。反応は  $T_0$  に沿って進む。

この反応スキームに沿って反応方程式を書くと次のようになる<sup>1)</sup>。

$$\begin{aligned} \dot{s} &= v_s - \sum_{i=0}^{n-1} (n-i) a_R s R_i + \sum_{i=1}^n i d_R R_i \\ &\quad - \sum_{i=0}^{n-1} a_T (n-i) s T_i + \sum_{i=1}^n i d_T T_i \\ \dot{R}_0 &= -K_T R_0^* + (d_R + k_R) R_1^* + K_R T_0^* - n a_R s R_0^* \\ &\quad \vdots \\ \dot{R}_i &= (n-i) a_R s R_{i-1}^* - i(k_R + d_R) R_i^* + (i+1)(k_R + d_R) R_{i+1}^* \\ &\quad \vdots \\ \dot{T}_0 &= -K_R T_0^* + (d_T + k_T) T_1^* + K_T R_0^* - n a_T s T_0^* \\ &\quad \vdots \\ \dot{T}_i &= (n-i) a_T s T_{i-1}^* - i(k_T + d_T) T_i^* + (i+1)(k_T + d_T) T_{i+1}^* \\ &\quad \vdots \\ \dot{p} &= \sum_{i=1}^n i k_R R_i^* + \sum_{i=1}^n i k_T T_i^* - k_p p. \end{aligned}$$

ここで、 $v_s$  と  $k_p$  は基質の流入速度と生成物の消費または消滅速度を表す。反応速度定数の前に現れる  $(n-i)$  などの数は酵素の幾何構造から来るもので、基質の結合パターンの数に対応する<sup>2)</sup>。加えてアロステリック酵素のモデルには次の仮定が重要である。*in vitro* を仮定して、酵素の総量は一定とする。

$$E_0 = \sum_{i=0}^n (R_i + T_i) \equiv \text{const.}$$

こうして、酵素の中間状態を網羅した反応方程式が得

<sup>1)</sup>汎用性と数学的構造への理解を高めるため  $n$  量体に拡張した模型にしてある。

<sup>2)</sup>例:ヘモグロビン4量体の  $R_1$  は基質の結合パターンを4つ持つ。

られた。次はこの方程式を準定常近似 (quasi-steady state approximation) を用いて2次元の方程式に落とし込む。

### 3. 準定常近似と二項定理

今ほどコンピュータの性能が優れていなかった1960年代~1970年代、酵素反応の複雑な中間状態を含む反応方程式をシミュレートする事は難しかった。そこで、間接的に酵素反応のダイナミクスを探る為に出てきたのが準定常近似である。この近似は  $s, p \gg E_0$  である条件と、酵素と基質の結合速度と生成物の乖離速度の差が大きいという条件から、酵素と基質の結合及び酵素の状態遷移は瞬間的にほぼ平衡に達するという仮定を用いる。この仮定は Michaelis-Menten 方程式の導出に使われるものと全く同じである。つまり、

$$\begin{aligned} 0 &= -K_T R_0^* + (d_R + k_R) R_1^* + K_R T_0^* - n a_R s R_0^* \\ &\quad \vdots \\ 0 &= (n-i+1) a_R s R_{i-1}^* - i(k_R + d_R + (n-i) a_R s) R_i^* \\ &\quad + (i+1)(k_R + d_R) R_{i+1}^* \\ &\quad \vdots \\ 0 &= -K_R T_0^* + (d_T + k_T) T_1^* + K_T R_0^* - n a_T s T_0^* \\ &\quad \vdots \\ 0 &= (n-i+1) a_T s T_{i-1}^* - i(k_T + d_T + (n-i) a_T s) T_i^* \\ &\quad + (i+1)(k_T + d_T) T_{i+1}^* \\ &\quad \vdots \end{aligned}$$

を満たす各酵素の平衡状態を見つけるのである。今後の計算を見やすくする為に代謝物 ( $s, p$ ) を  $R$  状態の解離定数  $K = d_R/a_R$  で規格化する。

$$\alpha := s/K, \quad \gamma := p/K.$$

一見、平衡状態を見つけるには複雑な計算が必要そうであるが、定石がある。リガンド<sup>3)</sup>が無いとき、酵素は次の状態で平衡に達していると考えられる ( $R_i^* = 0, T_i^* = 0, i \neq 0$ )。

$$T_0^* = L R_0^*, \quad L := \frac{K_T}{K_R}.$$

このとき定数  $L$  をアロステリック定数とよび、酵素全体の活性状態を表す定数とされる。この関係を第1式

$$0 = -K_T R_0^* + (d_R + k_R) R_1^* + K_R T_0^* - n a_R s R_0^*$$

に代入すると、 $\alpha$  を用いて次を得る。

$$R_1^* = \frac{n\alpha}{1+\alpha} R_0^*, \quad \varepsilon := \frac{k_R}{d_R}. \quad (1)$$

<sup>3)</sup>基質などが結合している状態



第2式は

$$0 = na_R s R_0^* - (k_R + d_R + (n-1)a_R s) R_1^* + 2(k_R + d_R) R_2^*$$

で与えられるので(1)式を代入し整理すると

$$R_2^* = \frac{n(n-1)\alpha^2}{2(1+\varepsilon)^2} R_0^*,$$

を得る。同様に、

$$R_3^* = \frac{n(n-1)(n-2)\alpha^3}{3 \cdot 2(1+\varepsilon)^3} R_0^*,$$

となる。帰納的にこれを解けば、一般に次が得られる:

$$R_i^* = {}_n C_i \frac{\alpha^i}{(1+\varepsilon)^i} R_0^*. \quad (2)$$

$T$  状態についても同様の計算により、

$$T_i^* = {}_n C_i \frac{(\alpha c)^i}{(1+\varepsilon')^i} L R_0^*, \quad c := \frac{K}{K'}, K' := \frac{d_T}{a_T}, \varepsilon' := \frac{k_T}{d_T}, \quad (3)$$

となる。まだ、未知定数  $R_0^*$  が残っているが、酵素の総量  $E_0$  が保存されている事を思いだそう。

$$E_0 = \sum_{i=0}^n (R_i^* + T_i^*) \\ = R_0^* \sum_{i=0}^n \left[ {}_n C_i \frac{\alpha^i}{(1+\varepsilon)^i} + L \left( {}_n C_i \frac{(\alpha c)^i}{(1+\varepsilon')^i} \right) \right]. \quad (4)$$

このとき、 $R_i^*$  および  $T_i^*$  を表していた各係数は次の二項定理の構造を持っている。

$$\sum_{i=0}^n {}_n C_i x^i = \sum_{i=0}^n {}_n C_i x^i \cdot 1^{n-i} = (x+1)^n.$$

すなわち、

$$\sum_{i=0}^n \left[ {}_n C_i \frac{\alpha^i}{(1+\varepsilon)^i} + L \left( {}_n C_i \frac{(\alpha c)^i}{(1+\varepsilon')^i} \right) \right] \\ = \left( \frac{\alpha}{1+\varepsilon} + 1 \right)^n + L \left( \frac{\alpha c}{1+\varepsilon'} + 1 \right)^n.$$

よって、 $R_0^*$  は以下となる。

$$R_0^* = \frac{E_0}{\left( \frac{\alpha}{1+\varepsilon} + 1 \right)^n + L \left( \frac{\alpha c}{1+\varepsilon'} + 1 \right)^n}. \quad (5)$$

$\alpha$  で置き換えられた基質のダイナミクスは以下の方程式に変形される。

$$\dot{\alpha} = \frac{v_s}{K} - \sum_{i=0}^{n-1} (n-i) a_R \alpha R_i^* + \sum_{i=1}^n i a_R R_i^* \\ - \sum_{i=0}^{n-1} a_T (n-i) \alpha T_i^* + \sum_{i=1}^n i a_T \frac{d_T}{d_R} T_i^*$$

各項に注目すると、

$$\sum_{i=0}^{n-1} (n-i) a_R \alpha R_i^* - \sum_{i=1}^n i a_R R_i^* \\ = R_0^* \left[ \sum_{i=0}^{n-1} (n-i) a_R \alpha {}_n C_i \frac{\alpha^i}{(1+\varepsilon)^i} - \sum_{i=1}^n i a_R {}_n C_i \frac{\alpha^i}{(1+\varepsilon)^i} \right] \\ = \sum_{i=1}^n \frac{\frac{ik_R}{K} E_0 {}_n C_i \frac{\alpha^i}{(1+\varepsilon)^i}}{\left( \frac{\alpha}{1+\varepsilon} + 1 \right)^n + L \left( \frac{\alpha c}{1+\varepsilon'} + 1 \right)^n}$$

ここで微分の基本公式である次の性質:

$$(x^i)' = i x^{i-1},$$

を用いると次の関係式を得られる。

$$\sum_{i=1}^n i {}_n C_i x^i = x \frac{d}{dx} (x+1)^n = n x (x+1)^{n-1}.$$

つまり、

$$\sum_{i=0}^{n-1} (n-i) a_R \alpha R_i^* - \sum_{i=1}^n i a_R R_i^* = \frac{\frac{nk_R}{K} E_0 \frac{\alpha}{(1+\varepsilon)} \left( \frac{\alpha}{1+\varepsilon} + 1 \right)^{n-1}}{\left( \frac{\alpha}{1+\varepsilon} + 1 \right)^n + L \left( \frac{\alpha c}{1+\varepsilon'} + 1 \right)^n}$$

同様に

$$\sum_{i=0}^{n-1} a_T (n-i) \alpha T_i^* + \sum_{i=1}^n i a_T \frac{d_T}{d_R} T_i^* = \frac{\frac{nk_T}{K} L E_0 \frac{\alpha c}{(1+\varepsilon')} \left( \frac{\alpha c}{1+\varepsilon'} + 1 \right)^{n-1}}{\left( \frac{\alpha}{1+\varepsilon} + 1 \right)^n + L \left( \frac{\alpha c}{1+\varepsilon'} + 1 \right)^n},$$

となる<sup>1)</sup>。これらの結果より酵素反応の中間過程の方程式はごっそり消えて次のシンプルな基質と生成物の方程式のみが残る。

$$\dot{\alpha} = \sigma_1 - f_n(\alpha) \quad (6)$$

$$\dot{\gamma} = f_n(\alpha) - k_p \gamma \quad (7)$$

$$f_n(\alpha) = \frac{\sigma_M \left( \frac{\alpha}{(1+\varepsilon)} \left( \frac{\alpha}{(1+\varepsilon)} + 1 \right)^{n-1} + \theta L \frac{\alpha c}{(1+\varepsilon')} \left( \frac{\alpha c}{(1+\varepsilon')} + 1 \right)^{n-1} \right)}{\left( \frac{\alpha}{1+\varepsilon} + 1 \right)^n + L \left( \frac{\alpha c}{1+\varepsilon'} + 1 \right)^n} \quad (8)$$

$$\sigma_1 := \frac{v_s}{K}, \quad \sigma_M := \frac{nk_R E_0}{K}, \quad \theta := \frac{k_T}{k_R}$$

これを準定常近似という<sup>2)</sup>。このように、酵素のオリゴマー数  $n$  はべきとして関数  $f_n$  の中に現れる。ここで注目すべきは  $\sigma_M$  を構成している  $nk_R E_0$  が最大反応速度になるところである。 $n$  が変数に加わる事で、ヘモグロビンがモノマー(単量体  $n=1$ ) で働くよりもオリゴマーを形成する方が酸素の運搬効率が高い事を示している。これは、生化学分野に当時大きな影響を与えた結果であった。

<sup>1)</sup>是非、読者にも確かめてほしい。

<sup>2)</sup>式(7)の導出については簡単なので読者に任せる。

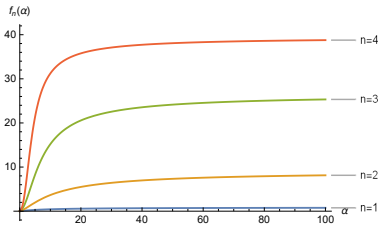


図2 MWCモデルの酸素乖離曲線  $\frac{k_R E_0}{K} = 10, L = 100, c = 10^{-1}; \varepsilon = 0.1; \varepsilon' = \theta = 0$ .

また,  $n = 1, L = 0$ , と置くと, Michaelis-Menten 方程式が得られる。

$$f_1(\alpha) = \frac{\frac{k_R E_0}{K(1+\varepsilon)}\alpha}{\frac{\alpha}{1+\varepsilon} + 1}.$$

つまり, MWCモデルは Michaelis-Menten 方程式の一一般化とも言えよう。

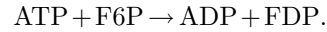
MWCモデルに名を連ねるモノ (Monod) という学者は, 20世紀を代表するフランスの生物学者の一人である。モノ はオペロン説という高校生物でもお馴染みのラクトースオペロンなどの遺伝子発現調節機構を解明した事で1965年, François・Jacob, André・Lwoff と共にノーベル医学生理学賞を受賞している。年配の研究者の方なら「偶然と必然」の著者としても有名であろう<sup>1)</sup>。MWCモデルは彼の代表的な研究の一つである。

#### 4. 振動系酵素反応への応用

MWCモデルは複雑な反応ネットワークを一つの関数に落とし込み, 基質と生成物による二次元の方程式に直すという驚異的な方法であった。しかし, 読者の中にはそれはヘモグロビンという特殊な酵素が二項定理の形を持つ便利な反応スキームだったに過ぎないと考えるかもしれない。そこで[1]には直接載っていないが, ちょっと脱線して Goldbeter-Lefever モデル (GLモデル) を紹介したい[3]。参考図書は, この研究者もまた20世紀を代表する化学・物理学者のI.Prigogine 著の「散逸構造」である[4]。

化学反応によってリミットサイクルが確認される例は生化学の中にはいくつか存在する。代謝サイクルの一つである解糖系も最終産物が振動することは当時すでに知られていた。このモデルが対象としたアロステリック酵素はホスホフルクトキナーゼ (PFK) と呼ばれる酵素で, フルクトース-6-リン酸 (F6P) にリン酸を添加し, フルクトース-1,6-リン酸 (FDP) を生成する<sup>2)</sup>。この反応には ATP が使われるのだが, GLモデルは F6P を基質とする反応をモデル化するのではなく, ATP と反応後の ADP を基質と生成物として扱ったモデル

である。



当時, PFK は酵母菌細胞, 酵母菌抽出物, 牛心臓, ラット骨格筋抽出物, 腫瘍細胞等で観測されており, 種や細胞によってオリゴマー数が異なることもある。GLモデルの基本は2量体 (dimer) で基質  $s$ : ATP, 生成物  $p$ : ADP とする以下の反応スキームで与えられる<sup>3)</sup>。

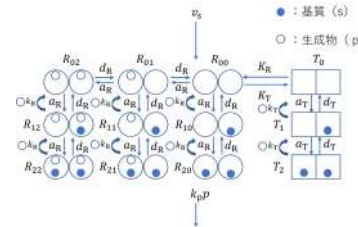


図3 GLモデルは, 生成物が R 状態の基質と異なるサイトに結合する事で活性が上がる。ポジティブフィードバックモデルである。

このモデルもオリゴマー数を  $n$  とし, 生成物結合サイトを  $m$  として解こう。図2の反応スキームを方程式で表すと次のようになる。

$$\begin{aligned} \dot{s} &= v_s - \sum_{i=0}^{n-1} \sum_{j=0}^m (n-i) a_{Ri} s R_{ij} + \sum_{i=1}^n \sum_{j=0}^m i d_{Ri} R_{ij} \\ &\quad - \sum_{i=0}^{n-1} a_T (n-i) s T_i + \sum_{i=1}^n i d_T T_i \\ \dot{R}_{00} &= -K_T R_{00} + K_R T_0 + (d_R + k_R) R_{10} \\ &\quad - d_R R_{01} - n a_{R0} R_{00} - m a_{R0} R_{00} \\ &\quad \vdots \\ \dot{R}_{ij} &= (n-i) a_{Ri} s R_{i-1j} - i(k_R + d_R) R_{ij} + (i+1)(k_R + d_R) R_{i+1j} \\ &\quad \vdots \\ \dot{T}_0 &= -K_T T_0 + (d_T + k_T) T_1 + K_T R_0 - n a_T s T_0 \\ &\quad \vdots \\ \dot{T}_i &= (n-i) a_T s T_{i-1} - i(k_T + d_T) T_i + (i+1)(k_T + d_T) T_{i+1} \\ &\quad \vdots \\ \dot{p} &= \sum_{i=1}^n \sum_{j=0}^m i k_{Ri} R_{ij} + \sum_{i=1}^n i k_{Ti} T_i - k_p p. \end{aligned}$$

MWCモデル同様, 準定常近似を用いると上記の式は以下に簡略化される<sup>4)</sup>。

<sup>3)</sup>基質の本体である F6P と生成物 FDP には振動を起すフィードバックが見られないためモデルに組み込まれなかったようである。

<sup>4)</sup>計算は若干煩雑になるが, 手計算で可能である

<sup>1)</sup>今でも書店で手に入る名著である。

<sup>2)</sup>正確には2種類あり, 更にリン酸化するタイプもあるが本筋と外れるので割愛する。

$$\begin{aligned}\dot{\alpha} &= \sigma_1 - \phi_{n,m}(\alpha, \gamma) \\ \dot{\gamma} &= \phi_{n,m}(\alpha, \gamma) - k_p \gamma \\ \phi_{n,m}(\alpha, \gamma) &= \\ &= \frac{\sigma_M \left( \frac{\alpha}{(1+\varepsilon)} \left( \frac{\alpha}{(1+\varepsilon)} + 1 \right)^{n-1} (\gamma+1)^m + \theta L \frac{\alpha c}{(1+\varepsilon')} \left( \frac{\alpha c}{(1+\varepsilon')} + 1 \right)^{n-1} \right)}{\left( \frac{\alpha}{(1+\varepsilon)} + 1 \right)^n (\gamma+1)^m + L \left( \frac{\alpha c}{(1+\varepsilon')} + 1 \right)^n}\end{aligned}$$

このようにして、準定常近似は酵素反応の中間状態を介して、基質と生成物の直接的な相互作用を表現することが出来る。ここで興味深い結果は、リミット・サイクルを生み出すためには  $n$  の大きさにかかわらず、数学的に  $m \geq 2$  である必要があるのだ [4]。

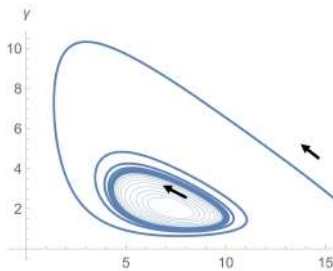


図4 GLモデルが描くリミット・サイクル  $\alpha_0 = 16, \gamma_0 = 2, \sigma_1 = 0.2, k_s = 0.1, \sigma_M = 10^3, L = 7.5 \times 10^5, c = 10^{-1}; \varepsilon = 0.1; \varepsilon' = \theta = 0, n = 2, m = 2$ .

このモデルで対象とされた PFK は 2 量体であり、解糖系振動を説明するモデルとして説得力がある。PFK には 4 量体のものもあり、どれもオリゴマーで構成されている。つまり、様々なサブユニットから形成されるアロステリック酵素を介することで生化学反応が多様な濃度変化を生み出すことが出来るのである。

## 5. 準定常近似の秘密

前項までは、MWCモデルとGFモデルそれぞれ、基質と生成物の相互作用のある場合とない場合について扱った。そして準定常近似がエレガントに酵素の中間状態を省略し、一つの相互作用を表す関数に帰着出来る事を示した。しかし、読者の中には「それはたまたま、ヘモグロビンや PFK が準定常近似と相性が良く、二項定理に帰着出来る構造を持っていたに過ぎない」と思うかもしれない。一般の酵素反応は更に複雑であり、準定常近似を用いたとしてもオリゴマー数がべき数や最大反応速度として陽に表せるとは限らない。一体どのような場合  $f_n(\cdot)$  や  $\phi_{n,m}(\cdot)$  のような扱い関数となるのか、ここで考察してみたい。

MWCモデルを構築するに当たって重要になっただ点は、「オリゴマー数(基質の結合サイト数)」、「結合形態の組み合わせ」、そして全ての中間状態が「何ステップの結合反応で到達できる」ところである。オリゴマー数は最大の反応速度の次数  $n$  を決め、「結合形態の組み合わせ」が各中間状態が生成する生成反応速度の係数を決定する。結合反応のステップが基質の結合

数が上がる度に基質  $s$  の次数と速度係数にコンビネーション  ${}_n C_r$  を与えるので、それが二項定理の構造を生み出している。実は本書 [1] では、基質と生成物が同じ酵素の結合サイトを共有する場合(生成物阻害)においても、1次ずつ結合反応のステップが上がるのであれば生成物阻害を持つ  $f_n(\cdot)$  や  $\phi_{n,m}(\cdot)$  が構成出来る事も紹介されている。 $R_i \rightarrow R_{i+1}$  のように1次ずつ反応ステップが上がる限りにおいては、こうしたアロステリック酵素の簡略化された関数は基質と生成物の種類と反応サイトの数に関係なく構成出来る事がこれらの計算から分かる(但し、煩雑さは増すが...)。なぜならGLモデルもそうだが、これらの酵素反応の中間状態は単に複数のMWCモデルの組み合わせに過ぎないからである。

## 6. アロステリック酵素理論の

### ロストテクノロジー化と現代の潮流

まずはじめに、「ロストテクノロジーとなった理由はこれ」と一概に言うことは難しい。例えば、数理生物学界において、数理モデルがデータと実証研究のコラボを重要視したここ10年余りの現在進行形の流行がある。この流行が「力学系モデルと安定性解析」のみで論じられてきたかつての抽象的な生物学における理論研究の否定として現れた訳ではない<sup>1)</sup>。物理学のように数理理論の予測を実験が否定し、新たに修正された理論が生まれるという構図に変わったわけでもない。こうした研究の力点の変化は数式のみでの進化モデルや個体群動態の議論よりも、具体的な個々の実験結果を描く実用的な数理モデルに流行がシフトしたと考えるべきだろう<sup>2)</sup>。流行とはそういうものである。

### 6.1 技術革新による方向性の変化

なので、筆者が修士を修了間際(十余年前)に、結晶構造解析の先生から聞いた一説をここで紹介する。当時、「生物物理学をやっているベテランの研究者でMWCモデルを知らない人はいない。」とその先生は仰っていた。しかし、80年代にX線結晶構造解析の技術が大幅に上がり、酵素そのものの形や、活性部位の構造などが視覚化出来るようになった。すると、実験家はみんな非線形酵素反応モデルの予測や解析からタンパク質の構造それ自体に興味に移ったそうである。また、コンピュータの性能が格段に上がりそもそも準定常近似を使わなくても元の方程式のままシミュレーションが可能になった点も廃れた理由の一つと仰って

<sup>1)</sup> 実証研究によってロトカ・ヴォルテラ方程式がその予測力を検証されたという話を筆者は聞いたことが無い!

<sup>2)</sup> 個々の酵素反応実験に関して様々なアロステリック酵素モデルで説明を試みた本稿の研究群も現代と精通するところを感じる。

いた。

この意見は、確かに出典が明確で無いのでいい加減と思われるかもしれない。しかし、*Nature* や *Science* を賑わす、生体内タンパク質構造の解明の記事や、システムバイオロジーの現在の発展を見るとあながち的外れなものではないかもしれない。

## 6.2 Hill 関数の再来

一つ誤解を生まないために、注意事項がある。細胞内や生体内の遺伝子発現を含む生化学制御の数理モデルは決して廃れたと言うつもりは無い。寧ろ概日リズムなど周期反応を含むモデルは今でも勢力的に行われており、多くの成果を上げている。そこでは、システムバイオロジー的方法や結晶構造解析だけでなく、数理としてのモデルも以前健在である。では、そこでいう数理モデルにはアロステリック酵素モデルの解析手法は生きていないのであろうか。実際には多量体のアロステリック酵素モデルの代わりに近年用いられているのは Hill 関数と呼ばれる関数である [5]。

次号で詳述するが、MWC モデルや GL モデルの酵素反応における数学的特徴は準定常近似で現れるオリゴマー数由来の基質や生成物の最大次数 ( $n, m$ ) である。この特徴を取り出すと基質・生成物の濃度が高い場合次の近似ができる、

$$f_n(\alpha) \approx \frac{\sigma_M \alpha^n}{K^n + \alpha^n}$$

。この関数が Hill 関数である。アロステリック酵素理論で  $n$  はオリゴマー数と関連されていたが、Hill 関数では Hill 定数と呼ばれ、必ずしも自然数である必要すらない。今回の話題になるが、確かに hopf 分岐や実験データが描くシグモイド曲線の形状を決めるのはアロステリックモデルであっても最大次数  $n$  や  $m$  である。その点、解析の簡単さを考えれば余計な項の少ない Hill 関数は得たい力学系の解を表現する上でお誂え向きである。皮肉なことに、Hill 関数は MWC モデル以前である、1910 年に A.V. Hill によってヘモグロビンの酸素乖離曲線の非線形性を説明するモデルとして登場した [5]。先述の理由より、このときの  $n$  はオリゴマー数を代表する値とは言い切れない。結局、ヘモグロビンの構造の理解を助けたのは 5 年後の MWC モデルである。Hill 関数は酵素を形成するオリゴマーが持つ定性的な性質を関数の形状で表現しているだけである。現代の数理生物学者たちがサブユニット構造と活性化部位の数からなる酵素反応理論を詳らかにモデルにするよりも、複雑な内部構造を捨象して定性的な性質からマクロなダイナミクスを再現するところに視点が移った事もロストテクノロジー化に一役買った事であろう。

## 7. 数理科学として見る準定常近似

現代の技術をもってすれば、準定常近似を用いなくとも膨大な中間状態を含む酵素反応方程式をシミュレートする事は可能である。実用的な観点から、準定常近似を用いない方がより現実に則しており、実験結果を説明できるのであるならこれに超した事は無い。しかし、そのシステムを理解しようとした場合高次元の非線形力学系は解析し難い。力学系という数学の分野では次元が上がることにより複雑で奇妙な解や現象が生まれることが古くから知られているが、それに比べて生化学の分野では、*vitro* で観測される現象の多くが安定平衡状態に至るか希に注目を浴びる周期解が殆どである。酵素の分子構造の役割や生成物に至るまでに挟まれる中間生成物や結合状態の役割を間接的に調べる上で、準定常近似ほど見事な方法は無いと筆者は思う。

ここ 20 年以内の生化学および生物物理学の実験技術は飛躍的に伸びており、ナノスケールの分子の相互作用すら可視化出来るようになった。しかし、*vivo* で多くの化学物質が混在する中における実際の反応過程は未だに多くの謎が残っている。高次の力学系を低次元落とすことの出来るこの数学のテクニックは、単に観測結果を再現するだけでなく複雑な反応の本質をタンパク質の構造から説明できるのである。振動を生み出すメカニズムは PFK のような酵素の場合、サブユニットよりも生成物の結合サイトの数が重要である。2 以上の生成物活性サイトが必要であるといった結果は、まさに準定常近似がもたらしたアロステリック酵素の本質であろう。数理生物学における現在の流れは生化学反応系や遺伝子制御系が主流となりつつある。こうした数理科学の技術が再び注目され、ルネッサンスが起これば数理生物学の理論的發展がさらに促進されると筆者は期待している。

## 8. 次回予告

今回はアロステリック酵素の準定常近似を中心に扱った。次回も「酵素反応のダイナミクス」という本の魅力を引き出したいと思う。今回は「振動系酵素反応」にスポットを当てたい。今回、紹介した GL モデルだけでなく、当時から一般化され現在も生物モデルの基礎となっている 3 種類の振動系酵素反応に関するページを紹介したい。

## 参考文献

- [1] 林勝哉, 坂本直人: 酵素反応のダイナミクス. 学会出版センター, (1981)
- [2] Monod J, Wyman J, Changeux JP. : On the nature of allosteric transitions: a plausible model. *J mol biol.* 12,Page 88-118,(1965)
- [3] Goldbeter Albert, Lefever René, :Dissipative struc-

tures for an allosteric model: application to glycolytic oscillations *Biophysical Journal*, Volume 12, **10**, Page 1302–1315 (1972)

[4] ニコリス G, プリゴジーン I. : 散逸構造. 岩波書店, (1980)

[5] Hill, Archibald Vivian. : The possible effects of the aggregation of the molecules of haemoglobin on its dissociation curves, *j. physiol.*, Volume 40, Page 4–7, (1910)

---

---

## 原稿募集のお知らせ

---

### 【卒論・修論・博論 内容要約文（短文）】

卒論，修論，博論の内容要約文（短文）をお送りください。次号ニューズレター 97号（2022年5月発行号）に掲載を予定しております。

- 字数：数百字程度（例年は200字から300字程度のものが多いです。）
- 書式：タイトル部分に，卒業論文・修士論文・博士論文の別，論文題目，著者名，所属名の記載をお願いします。
- ファイル形式：テキスト，Word， $\text{T}_\text{E}\text{X}$ 等
- 締め切り：2022年4月5日

### 【卒論・修論・博論要旨（長文）】

卒論・修論・博論の要旨（長文）を募集します。卒論・修論・博論の内容をもう少し詳しく紹介したい方は是非こちらの原稿も投稿してください。次号ニューズレター 97号（2022年5月発行号）のSupplement(pdf版)として学会 web ページに掲載します。

- 分量（目安）：卒論・A4で1ページ程度，修論と博論・A4で2ページ程度
  - 書式：タイトル部分に卒業論文・修士論文・博士論文の別，論文題目，著者名，所属名の記載をお願いします。1段組でも2段組でもかまいません。図表や写真も可です（解像度を適切に調整するなどしてファイルサイズが不必要に大きくなりすぎないようにしてください）。
  - ファイル形式：pdf
  - 備考：戴いたPDFファイルをそのままとめます。
  - 締め切り：2022年4月5日
-

## 学会事務局からのお知らせ

### 1. 2023年 - 2024年日本数理生物学会役員選挙開票結果

2023年 - 2024年日本数理生物学会役員選挙の投票が、2022年1月14日12:00に締め切られ、2022年1月14日にzoom会議にて選挙管理委員会・瀬野裕美会長の立ち合いの下、結果を確認した。開票結果は以下の通りであった。(以下敬称略)

有権者数: 480名

#### 【会長選挙結果】

投票者数: 88名 (投票率18.33%)

投票総数: 88 (有効投票数86, 白票数2)

1 時田 恵一郎

(次点: 佐竹 暁子・望月 敦史・山内 淳 (同票))

#### 【運営委員選挙結果】

投票者数: 109名 (投票率22.71%)

投票総数: 1635 (有効投票数1306, 白票数329)

会則第3条より、会長当選者は除外。

(地区選出)

1 中岡 慎治 (北海道・東北)

2 若野 友一郎 (関東)

3 佐藤 一憲 (中部)

4 望月 敦史 (近畿)

5 李 聖林 (中国・四国)

6 今 隆助 (九州)

(全国区選出)

7 稲葉 寿

8 立木 佑弥

9 岩田 繁英

10 守田 智

11 瀬戸 繭美

12 江夏 洋一

13 小林 徹也

14 入谷 亮介

15 中田 行彦

(次点: 山内 淳)

### 2. 大久保賞候補者募集のお知らせ

2022年の大久保賞候補者の推薦のお願いをいたします。

大久保賞は、「非常に優れた新規性のある理論研究、優れた概念の提案、困難な理論的課題の解決、理論とデータを統合して生物学を進めた研究者」に対して授与されます。対象となる研究分野は、数理生物学、生物数学、理論生物学および生物学的海洋学です。

大久保賞は、日本数理生物学会(JSMB)とSociety for Mathematical Biology(SMB)とが共同で設立しています。大久保賞は「若手」研究者と「年長」研究者に交互に授与されており、これまでの受賞者は以下の通りです。

2021 Michael Savageau, University of California Davis (senior)

2019 Naoki Masuda, University of Bristol (junior)

2017 Yoh Iwasa, Kyushu University (senior)

2015 Joshua Plotkin, University of Pennsylvania (junior)

2013 Nanako Shigesada, Nara Women's University (senior)

2011 Michio Kondoh, Ryukoku University (junior)

2009 Hans Othmer, University of Minnesota (senior)

2007 Fugo Takasu, Nara Women's University (junior)

2005 James D. Murray, University of Washington (senior)

2003 Jonathan Sherratt, Heriot-Watt University (junior)

2001 Simon Levin, Princeton University (senior)

1999 Martin Nowak, Institute for Advanced Study, Princeton (junior)

2021年の受賞者であるMichael Savageau氏については、2020年に受賞発表がなされました。今回の2023年大久保賞は「若手」研究者を対象としており、2022年中に受賞者を決定した後、2023年のSMBまたはJSMBのAnnual meetingで受賞講演を行うことが予定されています。大久保賞の紹介、若手の定義やより詳しい選考基準については以下の二つのサイトをご覧ください

ください。

<http://www.jsmb.jp/award/award02.html>

<https://www.smb.org/akira-okubo-prize/>

推薦に必要な書類は以下の4つになります。

- 候補者と推薦者の連絡先情報
- 候補者の資質と賞への科学的貢献を説明する4ページ以内の文書
- 候補者のすべての刊行物を含む履歴書
- 他の学会員からの2通の推薦状

これら書類をPDFフォーマットで、SMB Secretary [secretary@smb.jp](mailto:secretary@smb.jp) と JSMB 事務局 [secretary@jsmb.jp](mailto:secretary@jsmb.jp) までお送りください。書類提出の締め切りは、2022年3月31日です。

過去の推薦で、受賞に至らなかった人も再推薦可能です(ただし、業績リスト等は要更新)。どうぞよろしくお願ひします。御質問がありましたら、学会事務局まで御遠慮なくお問い合わせください。

### 3. 研究奨励賞候補者募集のお知らせ

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

この度、2022年(第17回)の候補者の推薦をお願いすることになりました。

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

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

なお、候補者の業績について照会できる方2名まで

の氏名・連絡先を記載されても構いません。その方にあらかじめ了解をとる必要はありません。

期日は2022年4月30日を予定していますが状況に応じて延長も検討しています。候補者の推薦をお待ちしております。また、過去の推薦で、受賞に至らなかった人も再推薦可能です(ただし、業績リスト等是要更新)。どうぞよろしくお願ひします。御質問がありましたら(送付先)まで御遠慮なくお問い合わせください。

(送付先)

〒252-5258 神奈川県相模原市中央区淵野辺5丁目10-1 青山学院大学理工学部

日本数理生物学会事務局幹事長 中田行彦

E-mail: [secretary@jsmb.jp](mailto:secretary@jsmb.jp)

PDFによる応募も受け付けます。

過去の受賞者(所属は受賞時のもの)

2006年(第1回): 若野友一郎(東京大学)

2007年(第2回): 今隆助(九州大学), 西浦博(長崎大学)

2008年(第3回): 大槻久(東京工業大学)

2009年(第4回): 近藤倫生(龍谷大学), 中岡慎治(東京大学)

2010年(第5回): 岩見真吾(JST さきがけ, 東京大学), 手老篤史(JST さきがけ, 北海道大学)

2011年(第6回): 小林豊(東京大学), 仲澤剛史(京都大学)

2012年(第7回): 佐竹暁子(北海道大学), 増田直紀(東京大学)

2013年(第8回): 波江野洋(九州大学), 大森亮介(Weill Cornell Medical College in Qatar)

2014年(第9回): 三木健(National Taiwan University), 山口幸(神奈川大学)

2015年(第10回): 加納剛史(東北大学), 中田行彦(東京大学)

2016年(第11回): 國谷紀良(神戸大学), 江島啓介(University of Alabama)

2017年(第12回): 水本憲治(University of Georgia), 山道真人(東京大学)

2018年(第13回): 江夏洋一(東京理科大学), 立木佑弥(首都大学東京)

2019年(第14回): 黒川瞬(高知工科大学)

2020年(第15回): 入谷亮介(理化学研究所), 岡田崇(理化学研究所)

2021年(第16回): 阿部真人(理化学研究所・革新知能統合研究センター), 伊東啓(長崎大学・熱帯医学研究所)



#### 4. 2021年の入退会者（敬略称）

入会（69名）

- 川元 琢（名古屋大学）
- 高野 陽平（ロスアラモス国立研究所）
- 梅村 界渡（神戸大学）
- 小島 響子（名古屋大学）
- Jeong Yong Dam（名古屋大学）
- 梁 命詩（京都大学）
- 中村 健一（金沢大学）
- 伊藤 敦（ジャパンコンポジット（株））
- 土屋 優（信州大学）
- 西森 拓（明治大学）
- 井上 巨人（神戸大学）
- 松岡 功（高松第一高等学校）
- 割田 友子（関西学院大学）
- 水口 大輔（韓国脳研究院）
- 赤尾 マルワ（名古屋大学）
- 加藤 祐介（東京大学大学院）
- 禹 周賢（名古屋大学）
- ソフィア エルザ（東北大学大学院）
- 一色 浩（数理解析研究所）
- アーマッド イシュファク（東北大学）
- 及川 司（北海道大学大学院医学研究院）
- 波多野 誠司（東北大学）
- 村田 英和（九州大学大学院）
- 瀬川 有太郎（京都大学大学院）
- 田野口 佳奈（早稲田大学）
- 八塚 剛志（早稲田大学）
- 富士 香奈（東京大学）
- Fu Zhiqiong（東北大学）
- 南 彩菜（公立はこだて未来大学大学院）
- 荒木 周（九州大学）
- 平野 才人（九州大学病院臨床研修センター）
- 幸元 秀行（九州大学大学院）
- 茅野 大志（京都大学大学院医学研究科）
- 林 克磨（京都大学）
- 森 絢音（奈良女子大学）
- 西村 優花（奈良女子大学）
- 今井 亮介（九州大学）
- 白又 拓也（北海道大学大学院）
- Le Dieu Huong（Nara Women's University）
- 久保 有祐子（奈良女子大学大学院）
- 鞠 涵秋（京都大学）
- 菊池 雄斗（島根大学）
- ニルジョル エムディ シャムス アフィフ（東京工業大学）
- Akter Sayeda Irin（奈良女子大学大学院）
- 小池 二元（京都大学）
- 成田 洋平（筑波大学大学院システム情報工学研究科社会工学専攻）
- 渡邊 大夢（茨城大学大学院）
- 陳 維清（京都大学生命科学研究科）
- 服部 佑哉（呉工業高等専門学校）
- 香取 真知子（東京大学大学院情報理工学系研究科）
- 長谷 一磨（名古屋大学）
- 松本 愛実（奈良女子大学）
- 増山 佑輔（茨城大学）
- 大窪 健児（東京大学）
- 菱田 温規（京都大学）
- 酒井 佑植（海洋研究開発機構）
- 佐伯 康弘（東京医療保健大学大学院）
- 笹波 美咲（京都大学）
- ジョン スンモク（京都大学大学院医学研究科 環境衛生学分野）
- 立木 佑弥（東京都立大学）
- 小西 哲郎（中部大学）
- 伊藤 涼（神奈川大学）
- リントン ナタリー（京都大学・北海道大学）
- 菅原 洋（株式会社インバウンドプラットフォーム）
- 森下 あや子（日本経済大学大学院）
- 山村 大樹（京都大学）
- 河原 一幾（四谷学院）
- 境 祐二（東京大学）
- 佐藤 隆（日本ゼオン株式会社）

退会（38名：会費滞納による自動退会含む）

三村 昌泰・柳田 英二・丹羽 洋智・宇佐見 義之・藤井 基子・藤田 一寿・福井 眞・山本 陽一朗・加藤 聡史・柿添 友輔・濱田 実樹・大野 ゆかり・勝又 雄基・堀部 和也・宮下 春樹・西川 淳・森田 麻暖・堀田 淳之介・永田 拳吾・坂本 洋平・Rifaldy Fajar・野間田 匡顕・田附 常幸・坪内 湧・織田 貴史・ロッシュ フェリック ス・大桑 健人・Koehnke, Merlin Christopher・間宮 安曇・松山 桂大・小菅 智彦・田村 友宜・薩川 富明・久我 立・鈴木 裕香・神谷 一輝・割田 友子・森 絢音

現会員数：483名（2021年12月31日現在）

#### 5. 事務局連絡先

事務局幹事長：中田 行彦

会計：國谷 紀良

事務局幹事：岩本 真裕子，大森 亮介

〒252-5258 神奈川県相模原市中央区淵野辺5丁目10-1

青山学院大学理工学部 中田行彦

E-mail: secretary@jsmb.jp

また、業務の一部委託先は次の通りです。

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

## 編集後記

日本数理生物学会ニュースレターの2022年2月号から6号分を担当することになりました編集委員長  
の岩田繁英です。編集委員会としては私に加え大泉嶺  
さん、酒井佑禎さんで運営して行く予定です。

これまで日本数理生物学科いニュースレターでは  
多くの企画がなされて学会員の読者の皆様を楽しませ  
てきたと思います。今号では新たに二つの企画を開始  
することにいたしました。

一つは、「数理モデルのロストテクノロジー」と題し  
て過去に使われてきた数理モデルにフォーカスする  
ことでこれからの研究にも有用であろう様々な知見を  
提供しようというものです。様々な手法が提案されて  
いるが、実はこれまで使われてきた手法でも十分な  
のではないかとと思われる事例を私自身多く目にします。  
このような時、過去に使われた手法が参考になるとい  
うことも少なくないのではないかと思います。また、  
特定の分野では使われなくなったような数理モデルは  
現在使われている手法との対比を考えることで研究の  
ネタを見つけるきっかけにもなると予想しております。  
当然、研究目的の設定によってどのようなアプローチ  
になるか、有用なものは何かが大きく異なることにな  
りますが過去の知見を知ることは良いブーンストーミ  
ングにもなるのではないかと思います。こちらの企画  
は主として、編集委員の大泉さんに担当をしてもら  
う予定です。是非、楽しんでいただけたら幸いです。

もう一つは、「科学史対談～外から見た数理生物学～」  
と題して、様々な先生方にこれまでの研究内容や研究  
活動に関する経験をニュースレターという媒体を通じ  
て保存していこうという企画です。インタビュー企画  
は過去にも実施されていましたが、今回の企画では聞

き手を一橋大学の有賀 暢迪先生にお願いすることで  
数理生物学を専門としない方の視点からみた数理モデ  
ルに関して深く追及ができればと考えております。特  
に、企画趣旨でも記載したのですが定性的な結果だけ  
ではなく定量的な結果を求められることやこれに関連  
してより具体的な政策提言を求められることが増えて  
きていると感じています。その中で、様々な先生方の  
知見を伺いその知恵をニュースレターという媒体を通  
じて言葉で保存することは非常に重要なことではない  
かと考えています。この企画では様々な分野との交流  
経験をお持ちの先生方を中心としてインタビューを進  
めていきたいと考えております。こちらの企画はイン  
タビューの文字起こしから編集まで編集委員会全員で  
対応してよりよい記事を目指していきたいと思いま

す。新型コロナウイルスの流行の中で少しでもこれらの企  
画が面白いものになるように努めてまいりますのでど  
うぞお付き合いいただけると幸いです。最後に、2月  
号の発行が遅れてしまったことをお詫びいたします。  
biomathではすでに各種締切の情報が流れておりま  
すがみなさまのお手元に2月号が届くころには締切間近  
な情報が出てくるかと思えます。十分にご注意いただ  
けると幸いです。

日本数理生物学会ニュースレター No96

2022年2月発行

編集委員会委員 岩田繁英\*、大泉嶺、酒井佑禎  
(\*が委員長)

siwata0@kaiyodai.ac.jp

国立大学法人 東京海洋大学

〒108-8477 東京都港区港南 4-5-7

発行者 日本数理生物学会

The Japanese Society for Mathematical Biology

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

印刷・製本 (株)ニシキプリントPDF版