

TABLE OF CONTENTS

Newsletter of the Japanese Society for Mathematical Biology No.104 September 2024

KSMB-SMB2024 参加記	杉原圭	1
2024年度数理生物学会 参加報告記		3
2024年度 夏の学校参加報告記		4
【特集記事】 起源の生態学 (1) : 種群の適応進化を流体近似する手法:その概要と使い方	伊藤洋	5
【特集記事】 起源の生態学 (2) : セントラルドゲマの起源の数理モデル	竹内 信人	10
ニュースレター電子化に関するアンケート		15
2024 Akira Okubo Prize		17
学会事務局からのお知らせ		18
JSMB2023年度決算、2024年度執行状況、2025年度予算		21

日本数理生物学会 ニュースレター

第104号
2024年9月



KSMB-SMB2024 参加記

杉原 圭*

2024年6月30日(日)から7月5日(金)にかけて大韓民国ソウル市にある建国大学校で開催された韓国・米国数理生物学会合同大会(KSMB-SMB2024)に参加したので、ニュースレター編集委員として報告する。今回、近隣の国で開催されるということで、SMBならびにKSMBへ初めて参加の機会を得た¹⁾。

都合により初日は参加できなかったが、2日目はまず、午前8時30分から開会の挨拶がなされ(図1)、その後、本格的に大会が始まった。大会は全日とも、午前と午後の最初にまずプレナリートークがあり、その後、ミニシンポジウムと一般口演(Contributed Talks)が続くという形式で進行された。



図1 開会式の様子。開会挨拶をされる副大会長のYangjin Kim先生(建国大学校)。

プレナリートークは全部で9題あり、多彩な分野や国からのスピーカーによりいずれも大変刺激的内容

の講演が行われた。JSMBからは望月敦史先生(京都大学)が制御ネットワーク構造の理論に関する近年の研究内容をお話しされた。また、筆者に近い研究分野からは、Dagmer Iber先生(ETH Zurich)がモルフォゲン勾配や組織力学に関する近年の成果を概説された。

ミニシンポジウムと一般口演は合わせて1000を超える演題があり、規模の大きさにまず驚いた。演題の多さに応じてパラレルセッションも多く、JSMBでは3-4程度であるのに対し、本大会では17もの会場が用意されていた。その分、各会場は比較的小規模であり、ある意味でアットホームな環境であるように感じられた。また、一つ一つのセッションは100分とコンパクトにまとめられ、さらに長めのコーヒープレークが用意されており、集中力を保つことが容易であった。SMBには分科会(subgroup)という制度があり、すべてのセッションはこのどれか、またはその他というように分類されていた。例えば筆者であればCDEV(Cell and Developmental Biology)のセッションが興味を惹かれるものが多かった²⁾。この制度は大会での演題区分を超えて、研究コミュニティとしての役割を大会外でも持っているというところが、大変興味深かった。また、分科会は賛同者が一定以上集まると新しく作ることができる制度になっており、生物流体やネットワーク理論などの分野で新しく分科会を作る動きがあるようだった。

多くのパラレルセッションに分かれることは、個々の興味にできる限り近い発表を多く聞けるという利点がある。一方、規模の面でやむを得ない点もあろうが、数理生物学という分野の中での細分化が進むこととの因果関係を考えさせられた³⁾。また、多くの分科会は研究手法というより対象とする現象によって分類されているので、現象ベースの生物学よりの研究者ではなく、数理的な手法に対する興味からその対象として生命現象を見ている研究者から見るとどうなのかということも気になった。

*九州大学大学院医学研究院

¹⁾特に現在住む福岡は、空港の近さと地理的条件もあってアジア圏が身近である。札幌(2.5時間)よりソウル(1.5時間)の方がフライト時間が短し、釜山には高速船で行ける。

²⁾他には CVM, EDUC, IMMU, MEPI, NEUR, ONCO, MFBM, ECEVPがあった。

³⁾無論、大会にどの程度のパラレルセッションを置くかは、各学会でいろいろな議論があるところだと存じている。

演題の分野についても、JSMBとは少し分布が異なるように感じたので、昨年の奈良大会と今回のKSMB-SMBでの演題割合を可視化してみた。特筆すべきは、国内におけるECEVP (Population Dynamics & Ecology & Evolution) の多さや、ONCO (Oncology) の少なさであろうか。学会設立の経緯や、各国の研究史などによるさまざまなカラーの違い (履歴依存性) が感じられた。

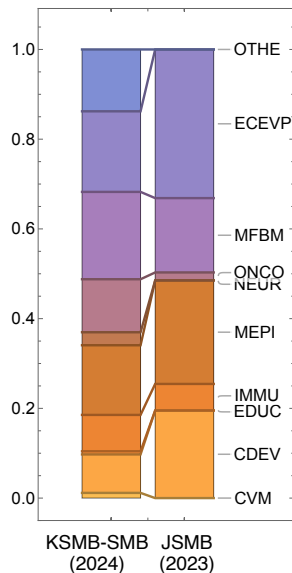


図2 一般演題・シンポジウム演題の分野の比較。JSMBの演題分類については筆者による。

また、最終日にはDEI (Diversity, equity and inclusion) セッションが行われ、人種・性別・性的指向・障害の有無などによらず、包摂的で公正な環境を数理生物学コミュニティにおいてどのように作っていくかということに関する議論が熱心に行われていたことも印象的であった。

筆者自身は2日目のポスターセッションにおいて、近年取り組んでいる、好中球にみられる特異な核形態の形成メカニズムに関する数理モデルについて発表した (図3)。ポスターセッションは2日目の夕方にwelcome receptionとして並行して行われるという形式であった。2時間半ほど時間がたっぷり取られており、普段あまり議論をしないような分野も含めて多様な研究者と議論することができ、今後の研究に資する示唆を得ることができた。

会場の建国大学校は、ソウル市の東部にあり、地下鉄の駅からも程近く大変利便性の高い場所にあった。韓国側のorganizing committeeの先生方のご尽力もあ

⁴⁾ 考えてみれば当たり前なのだが、韓国にも梅雨があるということを筆者は今回初めて認識した。

⁵⁾ それだけではなく、本場の韓国料理も美味しかった。これも一つの収穫である。

り、素晴らしい環境の中で、サイエンスに集中することができる5日間だった (図4)。

会期中にソウルも梅雨入りし必ずしも天候に恵まれ



図3 ポスターセッションの様子。黄色いTシャツを着ているのは会場スタッフの方々。

ない日もあったが⁴⁾、数理・理論と実験の間における自らの立ち位置について振り返る良い機会となった。また、より広いコミュニティの中で議論することの重要性を改めて確認した⁵⁾。



図4 会場の建国大学校にある大きな池。

幸いにも、今回ポスター賞をいただくことができ、副賞として伝統的な韓国のカトラリーもいただいた。今後の研究の励みとするとともに、三浦岳先生をはじめとして所属研究室の皆様や、これまで議論していただいた先生方に感謝申し上げて、本稿を終えたい。

2024年度日本数理生物学会年会 参加報告記

(2024年9月11日-13日 北海道大学 学術交流会館)

■浅井 理恵子

熊本大学国際先端医学研究機構

今回、初めて数理生物学会に参加させて頂きました、熊本大学国際先端医学機構・多細胞力学研の浅井です。よろしくお願いたします。

私自身の専門は発生・分子生物学で、本学会では、胚発生の過程で起きる細胞流動の左右差についてお話しさせて頂きました。演題登録の折、まだ定式化も出来ていない計測・解析データを発表してもご迷惑になるのでは、やはり門外漢なのでは、と尻込みしましたが、ええいままよ！と飛び込んでみて良かったと思います。口頭発表での質疑応答やミキサーでは、非常に多くのアイデア・コメントを頂戴し、次の発見に繋がりそうなお助言もいただきました。心より御礼申し上げます。

また、連日、非常に高度で活発な議論が行われており、その活気にあふれる様子に大変感銘を受けました。どのご発表においても、他分野の研究者が理解しやすいような背景説明と定式の意味について説明されていたため、私のような初心者も研究の内容・意義を理解しやすく、議論に参加させて頂くことが出来ました。さらに、Discordを活用した投票システム・現地案内のサポートは、大変面白い企画と思います。

来年の数理生物学会は、たしか京都でのご開催と記憶しております（間違っておりましたらすみません!）。データを蓄えながら、また皆様のお目にかかれることを楽しみにしております。

■服部 陽行

東北大学大学院情報科学研究科

今回初めて実地にて日本数理生物学会年会に参加させて頂きました。昨年オンラインで参加したときから来年は是非とも自分の研究内容を発表したいと思い、この日を心待ちにしておりました。今年度は北海道大学で開催され、9月の札幌は残暑を感じさせない涼しさで非常に快適に過ごすことができました。

私は、「授業中の規範逸脱行動の広がりに関する数理モデル」というテーマでポスター発表をいたしました。テーマがニッチなこともありポスターを貼ったときには私の研究にご興味を持っていただけるかどうか、心配しておりました。しかし、ポスター会場が入り口付近の恵まれた場所であったこともあり、初日から覗いてくださる方もいてディスカッションを通じて有意義な時間を過ごすことができました。2日目のコアタイムでは、本当にたくさんの方々がお越しくださり、質問やアドバイスをいただく中で知見を深めることができました。また、口頭発表およびポスター発表はいずれも着眼点の独創性や斬新な発想に富んでおり大変興味深く、改めて数理生物学の奥深さを実感いたしました。

今回から新たにDiscordでの交流も取り入れられ、参加された学生の皆さんや研究者の方々と関わることのできる機会が増えました。2日目の夜のソーシャルギャザリングも新たな人脈を広げる場となっており、普段の研究への取り組み方や今後の目標を共有できる貴重な時間となりました。今回参加できたことで、自分の知識不足を痛感しつつも参加された皆様と関わる中でたくさんの学びを得ることができました。この経験を活かしてこれからの研究に取り組んで参ります。最後になりましたが、日本数理生物学会年会を企画及び運営して下さった皆様に心より御礼申し上げます。

第4回 理論生物学 夏の学校 参加報告記

(2024年9月8日-10日 北海道大学 札幌キャンパス)

■石川 貴斗

北海道大学 水産学部
海洋生物科学科 学部4年

私が所属する研究室では実証研究が中心であり、数理生物学・理論研究を専門とする人はほとんどいない。そのため、数理モデルを取り入れた研究の進め方について私自身十分な理解を持ち合わせていなかった。しかし、今回初めて「理論生物学 夏の学校」および「数理生物学会」に参加し、最新の研究やモデルに触れたことで、自分の研究を見直す良い機会となった。特に、数理生物学における研究の進め方や考え方を学び、大きな刺激を受けた。また、手法やテーマが近い方々と意見交換を行うことができたことで研究への情熱がさらに深まった。全体として、非常に充実した学会で、大きな刺激を受けることができた。

■小林 恵次

北海道大学 水産科学院
海洋生物資源科学専攻
動物生態学研究室 修士課程2年

この度は、夏の学校渡航費支援を賜り、ありがとうございました。先生方のご講義は現象はマイクロ・マクロそして、手法は理論・データと四者四様であり、一見全く異なるようでそれぞれに共通点や類似点があり、自分の研究を深化・発展させる上で多くの示唆やヒントを得たように感じています。個人的には最適制御を体系的に学ぶ機会があり、とても嬉しかったです。

ポスター発表は参加者の背景の多様性を反映するように現象・手法ともに様々で、数理生物学の幅の広さを改めて実感しました。私は口頭発表させていただきましたが、ここでも立場や背景を問わず多くのコメントを頂戴し、非常に有意義な機会になりました。所属研究室では数理モデルを用いているのが私しかおらず、今回の夏の学校はモデルや数学的手法について議論できる横の繋がりを得られて大変貴重な機会になりました。最後に今回の夏の学校を企画・ご支援くださった皆様、そして当日の運営に携わられた皆様に感謝申し上げます。

特集記事：起源の生態学 (1)

種群の適応進化を流体近似する手法: その概要と使い方

伊藤 洋*

1. はじめに

生物間相互作用に起因する適応進化は生物群集の進化史に因果律を与える。従ってその性質を調べることは重要だ。1種や複数種の適応進化ならば、既存の手法によって数学的に解析できる。だが多数の種となると自由度が高くて難しい。では進化生態学的に妥当な仮定をおくことで、系の自由度を少数にできるだろうか？その候補の1つが、ニッチ空間に多数の種がぎっしり詰まった状態である。なぜならば、ニッチの類似限界が種同士の斥力になり互いの自由な進化を制限するからである。それらの種は液体分子のように振る舞い、種群全体がニッチ空間を流れる流体のようになるだろう。その流体の速度場は元の多種系の進化よりも圧倒的に低自由度だから、比較的容易に解析できる。

実は、種群全体の進化を流体として解釈し得ることは、既に Charles Darwin(1809-1882)が「種の起源」の中で比喩として述べている [1]。自然史学者達は化石を収集し調べることで、地質学的時間スケールにおける生物の進化的な流れを認識し研究してきた。Darwin や Philip Darlington Jr.(1904-1983)によると [2,3]、各々の高次分類群において、革新的な新しい下位グループの出現は、その分類群にとっての好適な環境（または地域）で起こりやすいため、好適な環境における新しいグループの出現・放散と不適な環境への侵入が繰り返されてきた。その結果、好適な環境から不適な環境へと向かう生物の流れが、地質学的時空間スケールにおいて生じているのだ。そのような流れ、すなわち Darwin-Darlington 流（または DD 流）[1] は、例えば低緯度から高緯度、低地から高地、浅海から深海、地上から洞窟の奥深く、大きな大陸から小さな大陸や島に向かっていと考えられる。化石記録や現在の生物群集において、同じ時代における近縁の複数のグループを比べると、古いグループは低緯度よりも高緯度、低地よりも高地、浅海よりも深海、地表よりも洞窟の奥深く、大きな大陸よりも大陸から離れた島に生息する傾向があることも、この流れが存在するならば当然である [1]。この類の流れは、様々な分類階層や時空間スケール（数百万年～数億年）において遍在するから、生命史の主要パーツの1つであろう。

この解説では、同じギルドに属する種群の適応進化を流体近似するために著者らが考案した手法 [1] の概要を説明する。また、この手法の個別の適応度関数への適用例として、具体的な資源競争を想定し、各ニッチにおける DD 流の速度、正味の放散率（種分化率－絶滅率）、および近縁種からの分岐時間の深さ、などを定量的に予測できることを示す。この解説のみで論理が完結するように努めたが、不明な点や予測式の進化生態学的な解釈については元論文 [1] を参照されたい。

2. 種群の適応進化の流体近似

2.1 流体近似式の枠組み

形質 x と形質 y からなる 2 次元形質空間に、任意の N 個の表現型 $(x_1, y_1), \dots, (x_N, y_N)$ を想定し、それらの個体数 (n_1, \dots, n_N) の動態を以下のように記述する：

$$\frac{1}{n_i} \frac{dn_i}{dt} = F(x_i, y_i; \mathbf{n}). \quad (1)$$

$F(x_i, y_i; \mathbf{n})$ は表現型 (x_i, y_i) の適応度であり、簡略表現 \mathbf{n} で表される個体数分布 $n(x, y)$ に依存する。 $n(x, y)$ をデルタ関数 δ を用いて以下のように定義する：

$$n(x, y) = \sum_{j=1}^N n_j \delta(x - x_j) \delta(y - y_j),$$

$$\delta(x) = \lim_{\sigma \rightarrow 0} \frac{1}{\sqrt{2\pi}\sigma} \exp\left(-\frac{x^2}{2\sigma^2}\right). \quad (2)$$

便宜的に、これらの表現型の各々を種と呼び、その進化的分岐を種分化と呼ぶ。これらの種は同じ生態的ギルドに属するため互いに競争的であるものとする。

形質 x と形質 y の突然変異について十分に低い変異率 μ_x 、 μ_y および十分に小さい規模 σ_x 、 σ_y を仮定し、個体数動態はほとんど常に平衡状態 \hat{n} : $\hat{n}(x, y) = \sum_{j=1}^N \hat{n}_j \delta(x - x_j) \delta(y - y_j)$ にあるものとして、各々の種の方向進化を Adaptive Dynamics 理論の Canonical 方程式で記述する [4]:

$$\frac{dx_i}{dt} = \frac{\mu_x \sigma_{\mu x}^2}{2} g_x(x_i, y_i) \hat{n}_i,$$

$$\frac{dy_i}{dt} = \frac{\mu_y \sigma_{\mu y}^2}{2} g_y(x_i, y_i) \hat{n}_i. \quad (3)$$

$g_x(x_i, y_i)$ と $g_y(x_i, y_i)$ は形質空間における種 i の位置で

*総合研究大学院大学 統合進化科学研究センター

の x および y 方向の適応度勾配である：

$$\begin{aligned} g_x(x_i, y_i) &= \left[\frac{\partial F(x, y; \hat{n})}{\partial x} \right]_{x=x_i, y=y_i}, \\ g_y(x_i, y_i) &= \left[\frac{\partial F(x, y; \hat{n})}{\partial y} \right]_{x=x_i, y=y_i}. \end{aligned} \quad (4)$$

形質 x がニッチ空間に対応し、多数の種がニッチ空間に密に詰め込まれた状態で全体の進化動態が進行する場合には、前述のように式 (3) を流体近似できると期待される。また、形質 y が単調な適応度勾配によって特徴付けられる「基本形質」ならば、適応度のゼロ等高線を $y = h(x, t)$ と記述できる ($F(x, h(x, t); \hat{n}) = 0$)。 $y = h(x, t)$ はニッチ x を利用する種の進化的革新の程度に対応するから、「適応前線」または「適応度の汀線」と呼ぶ。状態 \hat{n} において共存している全ての種は適応前線上に位置するから、適応前線上の種数の密度 $q(x, t)$ および種あたりの平均個体数 $\bar{n}(x, t)$ を用いて

$$\hat{n}(x, y) \simeq \delta(y - h(x, t))q(x, t)\bar{n}(x, t) \quad (5)$$

と近似的に記述できる。さらに、系の状態の時間変化を以下の形式の連立方程式で記述する：

$$\bar{n}(x, t) = \frac{B(x, t)}{q(x, t)}, \quad (6)$$

$$\frac{\partial h(x, t)}{\partial t} = u_y(x, t) - \frac{\partial h(x, t)}{\partial x} u_x(x, t), \quad (7)$$

$$\frac{\partial q(x, t)}{\partial t} = -\frac{\partial [q(x, t)u_x(x, t)]}{\partial x} + q(x, t)D(x, t). \quad (8)$$

式 (6) の $B(x, t)$ は時刻 t において区間 $[x - \varepsilon/2, x + \varepsilon/2]$ ($0 < \varepsilon \ll 1$) の種群要素を含む総個体数を ε で割ったものであり、種を区別しない場合のニッチ x 付近の個体数密度を与える。式 (7) の $u_x(x, t)$ と $u_y(x, t)$ はその種群要素の x および y 方向の移動速度であり、 $h(x, t)$ の時間変化を与える（導出は補遺 A）。式 (8) は種密度に一般的な連続の式（密度の保存則）を適用したものであり、ニッチ x における種密度の時間変化が、その付近の種たちのニッチ進化（右辺第 1 項：移流項）と、それらの種の種分化や絶滅（右辺第 2 項：湧き出し項）によって記述される。 $D(x, t)$ はニッチ x の種群要素の 1 種あたりの正味の放散率、すなわち種分化率から絶滅率を引いたものである。以下では幾つかの仮定の下に $B(x, t)$ 、 $u_x(x, t)$ 、 $u_y(x, t)$ 、 $D(x, t)$ を導出し、式 (6-8) を解析可能な連立方程式にする。

2.2 流体近似式の導出

個体数動態が平衡に近い状態を維持するならば、 $F(x, y; \mathbf{n})$ は個体数について線形とみなせる [5]:

$$\begin{aligned} F(x, y; \mathbf{n}) &\simeq F(x, y; \hat{n}) + \sum_{j=1}^N b(x, x_j)[n_j - \hat{n}_j] \\ &= r(x, y) \left[1 - \frac{\sum_j a(x, x_j)n_j}{K_E(x, y)} \right], \end{aligned} \quad (9)$$

$$\begin{aligned} K_E(x, y) &= \frac{F(x, y; \hat{n}) - \sum_j b(x, x_j)\hat{n}_j}{-b(x, x)}, \\ a(x, x_j) &= \frac{b(x, x_j)}{b(x, x)}, r(x, y) = -b(x, x)K_E(x, y). \end{aligned} \quad (10)$$

$b(x, \tilde{x})$ は状態 \hat{n} において表現型 $(\tilde{x}, h(\tilde{x}, t))$ の増加が表現型 $(x, h(x, t))$ の適応度に与える効果である：

$$b(x, \tilde{x}) = \left[\frac{\partial F(x, y; \hat{n} + \tilde{n}\delta(\tilde{x}, \tilde{y}))}{\partial \tilde{n}} \right]_{\tilde{n}=0, y=h(x, t), \tilde{y}=h(\tilde{x}, t)} \quad (11)$$

ここで $\hat{n} + \tilde{n}\delta(\tilde{x}, \tilde{y})$ は、 $\hat{n}(x, y) + \tilde{n}\delta(x - \tilde{x})\delta(y - \tilde{y})$ の簡略表現である。互いの種は競争的であるから $b(x, \tilde{x})$ は負である。競争カーネル $a(x, x_j)$ は $x = x_j$ 付近で最大となる 1 山形の関数（ニッチが近いほど競争が激しい）とし、その幅は ε よりもずっと狭いものとする。また、この解説では簡単のために $a(x, x_j)$ は x と x_j のみの関数とする。これらの仮定の下に、式 (9) から

$$B(x, t) \simeq \frac{K_E(x, h(x, t))}{A(x)} \quad (12)$$

を得る（補遺 B）。ここで $A(x) = \int_{-\infty}^{\infty} a(\tilde{x}, x)d\tilde{x}$ である。また、式 (10) を用いて式 (3) を変換し、 $u_y(x, t)$ と $u_x(x, t)$ を以下のように導出する（補遺 C）：

$$\begin{aligned} u_y(x, t) &\simeq \eta \frac{\mu_y \sigma_{\mu_y}^2}{2} |b(x, x)| \frac{\partial K_E(x, y)}{\partial y} \bar{n}(x, t), \\ u_x(x, t) &\simeq -\sigma_{x/y}^2 \frac{\partial h(x, t)}{\partial x} u_y(x, t). \end{aligned} \quad (13)$$

ここで、 $\sigma_{x/y} = \sqrt{[\mu_x \sigma_x^2] / [\eta \mu_y \sigma_y^2]}$ である。 η は系統間選択による効果 (≥ 1) であり、粗い推定値を適応度関数と μ_x 、 μ_y 、 σ_x 、 σ_y から算出できる（補遺 D）。

最後に、 $D(x, t)$ を導出するために、種の詰め込み理論を用いる。この理論によれば、ニッチ進化が平衡状態に近い場合には、ニッチの類似限界によって、隣り合う種間の平均ニッチ距離はニッチ幅（競争カーネルの幅）と同じような規模になると期待される [6,7]。この関係を流体用に変換し、「競争種密度 $\rho(x, t)$ は概ね一定値 $\hat{\rho}$ に保たれる」と表現する：

$$\rho(x, t) = A(x)q(x, t) \simeq \hat{\rho} \quad (14)$$

競争種密度 $\rho(x, t)$ は、ニッチ x を利用する個体が同種の全個体から受ける競争効果を 1 とした場合に、全ての種から受ける競争効果の総量の期待値である [1]。競争カーネルが $a(x, \tilde{x}) = \exp(-[x - \tilde{x}]^2 / [2\sigma_a^2])$ ならば、 $q(x, t) \simeq 1/\sigma_a$ に $A(x) = \sqrt{2\pi}\sigma_a$ を掛けて $\hat{\rho} = \sqrt{2\pi}$ となる。式 (8) と式 (14) から $D(x, t)$ を得る：

$$D(x, t) = \frac{\partial u_x(x, t)}{\partial x} - u_x(x, t) \frac{\partial \log A(x)}{\partial x} \quad (15)$$

以上により、式 (6-15) を用いて系の時間変化を解析できる。式 (8) と式 (15) 以外をまとめて、 $h(x, t)$ の時間変化を記述する「適応前線（汀線）方程式」を得る：

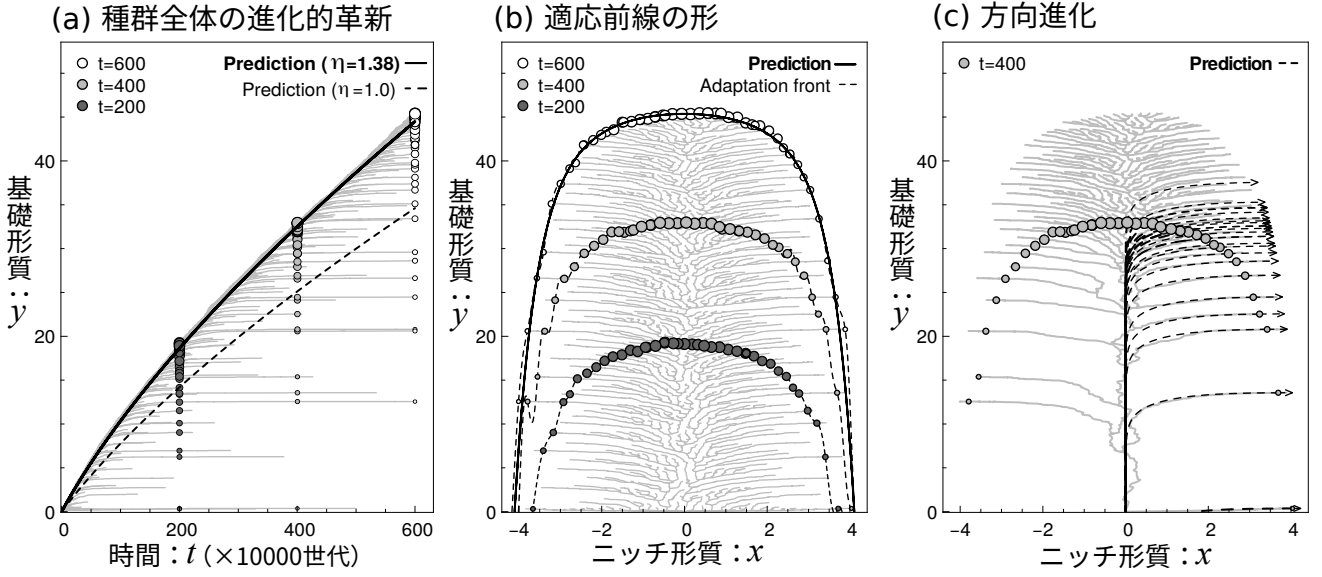


図1 進化シミュレーションにおける種群全体の進化的革新（基礎形質の進化）、適応前線（適応度のゼロ等高線）、および方向進化の予測。(a) 各種の基礎形質の進化（灰色線）、系統間選択を考慮した予測（黒実線： $\eta=1.38$ [補遺D]）、および考慮しない予測（黒破線： $\eta=1.0$ ）。(b) 形質空間における適応前線（黒破線）の予測（黒実線）。灰色線は各種の進化的な軌跡を示す。同じ適応前線上の小さな丸はその時刻において共存している種を示す。(c) 形質空間における方向進化（灰色線）の予測（黒破線）。時刻 $t=400$ までの各種の軌跡については、 $t=400$ において存在する種の軌跡のみ表示。

$$\frac{\partial h(x,t)}{\partial t} = u_y(x,t) \left[1 + \sigma_{x/y}^2 \left| \frac{\partial h(x,t)}{\partial x} \right|^2 \right],$$

$$u_y(x,t) = \frac{\eta \mu_y \sigma_{\mu y}^2}{4 \hat{\rho}} |b(x,x)| \left[\frac{\partial K_E(x,y)^2}{\partial y} \right]_{y=h(x,t)} \quad (16)$$

3. 流体近似式が与える予測

適応度関数の例（資源競争モデル）

餌の質（大きさや栄養組成など）を z 軸とする1次元の資源空間を想定し、餌資源の存在量分布を $R^z(z)$ 、ニッチ形質 x の個体の資源利用分布を $c^z(z,x)$ とする。この個体による餌の発見率 $R(x)$ 、他の個体との遭遇率 $C(x)$ を以下のように記述する：

$$R(x) = \int c^z(z,x) R^z(z) dz,$$

$$C(x) = \sum_j n_j c(x,x_j),$$

$$c(x,x_j) = \int c^z(z,x) c^z(z,x_j) dz. \quad (17)$$

餌の獲得率は、一般的とされる Beddington-DeAngelis 型の機能の反応： $R(z)/[\kappa_0 + \kappa_R R(x) + \kappa_C C(x)]$ に従うものとする（ κ_0 、 κ_R 、 κ_C は正の定数）。さらに、探索速度と消化吸収効率の積を $\lambda(x,y)$ 、死亡率を定数 κ_d として、適応度関数を以下のように定義する：

$$F(x,y;n) = \frac{\lambda(x,y) R(x)}{\kappa_0 + \kappa_R R(x) + \kappa_C C(x)} - \kappa_d. \quad (18)$$

簡単のために、 $R(x) = \exp(-x^2/[2\sigma_R^2])$ 、 $c(x,\tilde{x}) = \exp(-[x - \tilde{x}]^2/[2\sigma_c^2])$ 、 $\lambda(x,y) = \lambda(y) = \lambda_0 \sqrt{\beta y + 1}$ を仮定する。 σ_R 、 σ_c 、 λ_0 、 β は正の定数である。この場合、形質 y の適

応度勾配は $y = h(x,t)$ において $g_y(x,y) = [\kappa_d \beta]/[2\beta y + 2]$ となり、 y の増大とともに減少する。

式(18)と式(10,11,16)から以下を得る（補遺E）：

$$a(x,\tilde{x}) = c(x,\tilde{x}),$$

$$u_y(x,t) = \Lambda \frac{[\lambda(h(x,t)) - \kappa_d \kappa_R] R(x) - \kappa_d \kappa_0}{\lambda(h(x,t))^2}. \quad (19)$$

ここで $\Lambda = [\eta \mu_y \sigma_{\mu y}^2 \beta \lambda_0^2]/[4 \hat{\rho} \kappa_C]$ である。

式(18)に基づく進化動態を[1]と同じ手法で数値計算した結果を図1と図2に示す（パラメータ値は補遺F）。流体近似式の導出の際に仮定した「競争カーネルはニッチ空間の幅よりもずっと狭い」ことは満たされていないが（ $\sigma_c/\sigma_R = 0.15$ ）、高い予測力を示す。

種群全体の進化的革新（形質 y の進化）：図1 a

十分な時間の経過後は、 $h(x,t)$ は $R(x)$ が最大となる $x=0$ で最大となるから、式(16)において $\partial h(0,t)/\partial t = v_y(0,t)$ を解き、 $y = h(0,t)$ の陰関数 $t = \psi(y)$ を得る：

$$t = \psi(y) = \phi(y) - \phi(0),$$

$$\phi(y) = \frac{\lambda(y) R(0) [2\lambda(y)^2 + 3B\lambda(y) + 6B^2]}{3\Lambda\beta\lambda_0^2} + \frac{2B^3 R(0) \log(\lambda(y) - B)}{\Lambda\beta\lambda_0^2}. \quad (20)$$

ここで $B = \kappa_d [\kappa_R + \kappa_0/R(0)]$ である。

適応前線の形（形質空間における種群分布）：図1 b

解析を楽にするために、スケーリングされた時間 $\tau = h(0,t)$ を導入し、時間軸 τ における適応前線 $h(x,\tau)$ の速さが $x=0$ において常に1になるようにする。十分な時間の経過後を仮定して以下の式を得る：

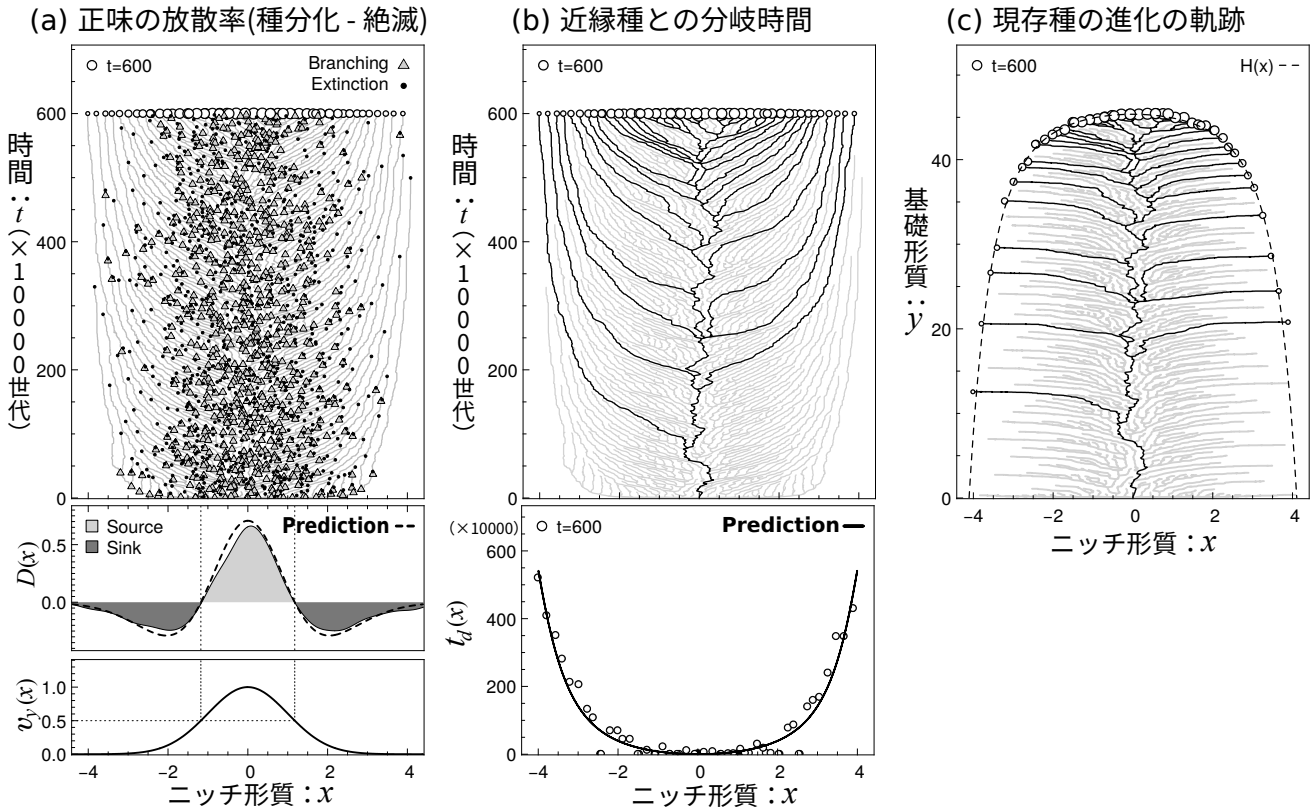


図2 進化シミュレーションにおける正味の放散率と分岐時間の予測。(a) 上段：ニッチ進化の軌跡（灰色線）における種分化（三角）と絶滅（黒点）、下段：正味の放散率（塗り潰し曲線）とその予測（黒破線）。(b) 上段：現存種の進化の軌跡（黒実線）、下段：近縁種との分岐時間の深さ（白丸）とその予測（黒実線）。(c) 現存種の形質空間における軌跡（黒実線）。

$$\frac{\partial h(x, \tau)}{\partial \tau} = v_y(x) \left[1 + \sigma_{x/y}^2 \left| \frac{\partial h(x, \tau)}{\partial x} \right|^2 \right],$$

$$v_y(x) = \lim_{t \rightarrow \infty} \frac{u_y(x, t)}{u_y(0, t)} = \frac{R(x)}{R(0)}. \quad (21)$$

定常な形を持つ適応前線を $h(x, \tau) = h(0, \tau) + H(x)$ と表し、式 (21) に代入して $H(x)$ を得る：

$$\left| \frac{\partial H(x)}{\partial x} \right| = \sigma_{x/y} \sqrt{\frac{1}{v_y(x)} - 1}, \quad (22)$$

$$H(x) = -\frac{x}{|x|} \frac{1}{\sigma_{x/y}} \int_0^x \sqrt{\frac{1}{v_y(\tilde{x})} - 1} d\tilde{x}. \quad (23)$$

従って $\sigma_{x/y}$ が小さいほど $H(x)$ は急峻になる。

方向進化：図1c

式 (13) の2段目は時間 τ においても成り立つから、

$$v_x(x) = \sigma_{x/y}^2 \sqrt{v_y(x) [1 - v_y(x)]} \quad (24)$$

を得る。この式と式 (21) が、ニッチ x に位置する種群要素の方向進化速度ベクトル $(v_x(x), v_y(x))$ を与える（速さ $\sqrt{v_x(x)^2 + v_y(x)^2}$ は外側のニッチほど遅くなる）。

正味の放散率（種分化率-絶滅率）：図2a

式 (15) は時間 τ についても成り立つ。競争カーネル $a(x, \tilde{x}) = c(x, \tilde{x})$ の $A(x)$ は定数 $= \sqrt{2\pi} \sigma_c$ となるから、

十分な時間の経過後における正味の放散率は

$$D(x) = \frac{dv_x(x)}{dx} \quad (25)$$

$$= \sigma_{x/y} \sqrt{\frac{v_y(x)}{1 - v_y(x)}} \left| \frac{d \log v_y(x)}{dx} \right| \left[v_y(x) - \frac{1}{2} \right]$$

となり、 $v_y(x) = 1/2$ が正負の境界を与える。

近縁種との分岐時間：図2b

時刻 τ にニッチ x に位置する種とその近縁種の共通祖先の表現型を (x_0, y_0) とすると、 $h(x, \tau) \simeq h(0, \tau) + H(x) = \tau + H(x)$ 、および $h(x_0, \tau_0) \simeq \tau_0 + H(x_0)$ が満たされる。また、図2cが示すように、ニッチ位置が外側になると、共通祖先からの形質 y の進化は停滞し $(|h(x, \tau) - h(x_0, \tau_0)| / |H(x)| \ll 1)$ 、且つ、共通祖先のニッチ x_0 は0に接近する $(|H(x_0)| / |H(x)| \ll 1)$ 。従って、分岐の深さ $\tau - \tau_0$ を以下のように近似できる：

$$\tau_d(x) = \tau - \tau_0 \simeq [h(x, \tau) - H(x)] - [h(x_0, \tau_0) - H(x_0)]$$

$$= |H(x)| \left\{ 1 + \frac{[h(x, \tau) - h(x_0, \tau_0)]}{|H(x)|} - \frac{|H(x_0)|}{|H(x)|} \right\}$$

$$\simeq |H(x)|. \quad (26)$$

この式と式 (20) を用いて、スケーリング前の時間 t における分岐の深さを推定できる：

$$t_d(x) \simeq \psi(h(0, t)) - \psi(h(0, t) - |H(x)|). \quad (27)$$

4. 適用範囲と今後の発展性

以上の解説では1次元のニッチ空間 x と1つの基礎形質 y を想定したが、原理的には種の詰め込みが可能な部分空間（すなわちニッチ空間）を持つ任意の次元の形質空間の適応度関数について、同様の流体近似が可能である [1]。ニッチ空間の状態が進化的な理想自由分布をほぼ維持するならば、式 (21-27) による予測の有効性を期待できるようだ [1]。

この流体近似手法は Darwin-Darlington 流の基礎理論として機能するとともに、広汎な発展性を有する ([1] の Supplemental Material)。また、進化生物学の幾つかの未解決問題（系統間選択など）とも関わりがあり、Price 方程式との連結も可能だ。特筆すべきはこの理論の実証データによる検証可能性であろう。適応前線方程式は、化石記録から検出できる時空間スケールの進化動態についての、検証可能な仮説の構築に役立つだろう。また、式 (26,27) による分岐時間の予測が分子系統樹（すなわち中立理論など）と比較可能であることも、興味深い学問的発展の方向を示している。

余談であるが Darlington 博士は生物の分類群を問わず採集能力が非常に高く、ワニに襲われて重傷を負った際はワニを蹴って撃退したそうである [8]。

参考文献

- [1] Ito HC, Sasaki A (2023) The adaptation front equation explains innovation-driven taxonomic turnovers and living fossilization. *Am. Nat.* 202:E163-E180.
- [2] Darlington PJ (1948) The geographical distribution of cold-blooded vertebrates (concluded). *Quarterly Review of Biology* 23:105-123.
- [3] Darlington PJ (1959) Area, climate, and evolution. *Evolution* 13:488-510.
- [4] Dieckmann U, Law R (1996) The dynamical theory of coevolution: A derivation from stochastic ecological processes. *J. Math. Biol.* 34:579-612.
- [5] Ito HC, Dieckmann U, Metz JAJ (2020) Lotka-Volterra approximations for evolutionary trait-substitution processes. *J. Math. Biol.* 80:2141-2226
- [6] Sasaki, A (1997) Clumped distribution by neighbourhood competition. *J. Theor. Biol.* 186:415-430.
- [7] Leimar O, Sasaki A, Doebeli M, Dieckmann U (2013) Limiting similarity, species packing, and the shape of competition kernels. *J. Theor. Biol.* 339:3-13.
- [8] Wilson EO (1991) Philip Jackson Darlington Jr. Pages 33-44 in *Biographical Memoirs: Volume 60*, The National Academies Press.

補遺

A：式 (7) の導出

無限小の Δt について、種群要素の時刻 $t + \Delta t$ における位置を $(x + \Delta x, y + \Delta y)$ とすると、 $h(x, t) + \Delta y = h(x + \Delta x, t + \Delta t)$ が満たされるから、

$$\begin{aligned} h(x, t) + \Delta y &= h(x + \Delta x, t + \Delta t) \\ &= h(x, t) + \frac{\partial h(x, t)}{\partial x} \Delta x + \frac{\partial h(x, t)}{\partial t} \Delta t \end{aligned}$$

と変形できる。この式に $\Delta x = u_x(x, t) \Delta t$ と $\Delta y = u_y(y, t) \Delta t$ を代入して式 (7) を得る。

B：式 (12) の導出

$B(x, t) = \varepsilon^{-1} \int_{x-\varepsilon/2}^{x+\varepsilon/2} \sum_{j=1}^N \delta(x-x_j) \hat{n}_j dx$ の $\delta(x-x_j)$ を $a(x, x_j)/A(x_j)$ で代用する。さらに、式 (9) において $F(x, h(x, t); \hat{n}) = 0$ から得られる関係 $\sum_{j=1}^N a(x-x_j) \hat{n}_j = K_E(x, h(x, t))$ を用いて式 (12) を得る：

$$\begin{aligned} B(x, t) &\simeq \frac{1}{\varepsilon} \int_{x-\varepsilon/2}^{x+\varepsilon/2} \sum_{j=1}^N \frac{a(x-x_j)}{A(x_j)} \hat{n}_j dx \\ &\simeq A(x)^{-1} K_E(x, h(x, t)). \end{aligned}$$

C：式 (13) の導出

u_x と u_y を式 (3) と似た形式で表現できる [1]：

$$\begin{aligned} u_x(x, h(x, t)) &\simeq \frac{\mu_x \sigma_{\mu x}^2}{2} g_x(x, h(x, t)) \bar{n}(x, t), \\ u_y(x, h(x, t)) &\simeq \eta \frac{\mu_y \sigma_{\mu y}^2}{2} g_y(x, h(x, t)) \bar{n}(x, t). \end{aligned}$$

$F(x, y; \hat{n}) = g_y(x, y)[y - h(x, t)] + \dots$ と展開できるから、

$$g_x(x, h(x, t)) = -\frac{\partial h(x, t)}{\partial x} g_y(x, h(x, t))$$

を得る。これらの式と式 (10) を用いて式 (13) を得る。

D： η （系統間選択の効果）の推定

$B(x, t)/\bar{n}(x, t) \simeq W(x)$ と近似的に表現できるならば、式 (23) において $\eta = 1$ を仮定した場合の $H(x)$ を $H_0(x)$ として、

$$\begin{aligned} \eta &= \int_{U(x, \eta) \geq 0} W(x) U(x, \eta) dx, \\ U(x, \eta) &= 1 + \frac{\sqrt{\eta}}{\sigma_y} H_0(x) \end{aligned}$$

を満たす η^* を求め、 $\max\{\eta^*, 1\}$ を η の推定値とする。 $K_E(x, 0)$ と $a(x, \tilde{x})$ が標準偏差 σ_K 、 σ_a の正規分布ならば η^* の上限値は $\int_{-\infty}^{\infty} W(x) dx = \sqrt{2\pi} \sigma_K / \sigma_a$ となる。

E：式 (19) の導出

$C(x) = \int \int n(x', y') c(x, x') dx' dy'$ を用いて式 (9-11) から得られる以下の式を、式 (16) に代入する。

$$\begin{aligned} b(x, \tilde{x}) &= -\frac{\kappa_d^2 \kappa_C c(x, \tilde{x})}{\lambda(h(x, t)) R(x)}, a(x, \tilde{x}) = \frac{c(x, \tilde{x})}{c(x, x)}, \\ K_E(x, y) &= \frac{\left[\frac{\lambda(h(x, t))}{\kappa_d} - \kappa_R \right] R(x) - \kappa_0}{\kappa_C c(x, x)} \end{aligned}$$

F：進化シミュレーションにおけるパラメータ値

$\sigma_x = \sigma_y = 0.01$ 、 $\mu_x = \mu_y = 0.01$ 、 $\sigma_c = 0.15$ 、 $\sigma_R = 1.0$ 、 $\kappa_0 = 0.0001$ 、 $\kappa_R = 1$ 、 $\kappa_C = 1$ 、 $\kappa_d = 0.1$ 、 $\lambda_0 = 1$ 、 $\beta = 0.1$ 。初期状態は表現型 $(x, y) = (0, 0)$ 。

特集記事：起源の生態学 (2)

セントラルドグマの起源の数理モデル

竹内 信人*

本稿では分子生物学のセントラルドグマの起源に関する数理モデルを簡単に紹介する。詳細は [1, 2] を参照されたい。

1. 背景

生命の起源を考える上で重要な問題に「鶏が先か、卵が先か」がある。鶏と卵とは、ゲノムとそれに符号化 (encode) された触媒を指す。ゲノムの機能は配列情報 (以下「情報」と呼ぶ) を保持し世代間で伝達することであり、触媒の機能はゲノムを複製したり、ゲノムの情報を復号して触媒を生産したりすることを含む。ゲノムの情報を復号するにはリボソームなど特定の触媒の働きが必要であり、これらの触媒を生産するにはゲノムの情報を復号する必要がある。したがって、触媒がなければゲノムは復号は不可能であり、逆にゲノムがなければ触媒の生産は不可能である。このような依存関係があるため、ゲノムと触媒のうちの一方が他方に先んじて起源することはありえない。しかし、ゲノムと触媒が、その依存関係も含めて、両方同時に発生する可能性は極めて低いと考えられる。では、いかにして生命は起源しえるのだろうか。これが、生命の起源における「鶏が先か、卵が先か」の問題である。

「鶏が先か、卵が先か」の問題を解決するために提案された考えに、RNA ワールド仮説がある。この仮説によれば、生命の始原的な状態では RNA がゲノムと触媒の両方の機能を担っていたとされる (RNA ワールドに関する最近の解説は [3] にある)。この仮説のもとでは、ゲノムと触媒の起源を別々に説明する必要はなくなり、問題は RNA 分子とその機能の起源に移る。この問題に関して、生命の起源研究で著名な化学者であったオーゲル (1927-2007) は「生命の起源の問題とは、RNA ワールドの起源の問題であり、その後の全ては自然選択の分野に属するといっても過言ではないだろう」と述べた [4]。

仮に RNA ワールドが存在したとして、それが我々の知る生命の起源につながる可能性はあるのだろうか [5]。RNA ワールドは「鶏が先か、卵が先か」の問題を解消する一方で、遺伝と触媒の機能分化はいかにし

て進化するのかという新たな問題も生じさせる。この問題を数理モデルを用いて以下で考えよう。

2. 数理モデル

遺伝と触媒の機能分化の起源を考える端緒として、RNA ワールドを抽象化した複製子系の数理モデルを考察しよう。分子は鋳型複製反応の触媒としても鋳型としても機能しえんとする。モデルの初期条件において、遺伝と触媒の機能は未分化であり、全ての分子は鋳型としても触媒としても同等に機能するとする。その状態から始めて、遺伝と触媒の機能分化が進化するかを調べたい。ここで、遺伝と触媒の機能分化とは次の2つの非対称性を意味するとしよう：

- 触媒の非対称性：触媒分子は触媒活性を持つが、遺伝分子は持たない、
- 遺伝的非対称性：遺伝分子は情報の世代間伝達を担うが、触媒分子は担わない。

遺伝的非対称性は、分子生物学のセントラルドグマと関係している。セントラルドグマの元来の意味は「一度『情報』がタンパク質に伝わると、それが再び外に出ることはできない」というものである [6]。情報が外に出られないということは、情報の複製や読み取りができないことを意味するので、セントラルドグマは遺伝的非対称性を含んでいるといえる。

遺伝と触媒の機能分化を考察するために、モデルには次の要素を含める (理由は後述する)：

- 分子の触媒活性は「利他的形質」である。
- 分子の集団は「ステージ構造」を持つ。
- 「多階層選択」が作用する。

分子の触媒活性を利他的形質であるとみなす理由は、分子が触媒として働き他の分子を複製することと、鋳型として働き他の分子により複製されることの間にはトレードオフがあると考えられるからである。なぜならば、分子が触媒として働くためには特定の高次構造をとる必要がある一方で、鋳型として働き複製されるためにはその構造をほどこく必要があるからである。この制約により、分子は少なくとも他の分子の複製を触媒している間は、自身が鋳型として働くことはできないだろう。したがって、分子が触媒として働くことは、自己の複製を阻害して他の分子の複製を促進すること

*School of Biological Sciences, The University of Auckland

を意味する。ゆえに、分子の触媒活性は利他的形質とみなすことができる。

分子の集団がステージ構造を持つとは、分子は同等の情報を持ちながらも異なるステージ（状態）にありえるということの意味する。この要素をモデルに取り入れる理由は、ステージ依存的な利他的形質（触媒活性）の発現を許すためである。これは、例えば次のような状況を意味する：同等の情報を持っている分子集団のなかで、あるステージにある分子は利他的形質を発現する（触媒活性を持つ）が、他のステージにある分子はこれを発現しない。この状況は、現実における次のような状況を抽象化している：遺伝子とタンパク質は遺伝暗号を介して同等の（配列）情報を持つが、触媒活性が発現されるのはタンパク質においてのみである。このような状況を許すことで、触媒的非対称性が進化する可能性をモデルに取り入れることができる（遺伝的非対称性については後述する）。

多階層選択を考えるとというのは、具体的には、分子の集団は細胞に区分化（compartmentalised）されていて、自然選択が細胞内レベルと細胞間レベルの2つの階層で作用することを意味している。細胞内レベルの自然選択とは、個々の細胞内において異なる分子間で複製速度にばらつきがあるために起きる自然選択である。また細胞間レベルの自然選択とは、異なる細胞間で分子の平均複製速度にばらつきがあるために起きる自然選択である。多階層選択が必要な理由は、分子の集団は十分に攪拌された状態にあり、各分子は他の全ての分子と等確率で相互作用すると仮定した場合、利他的形質（触媒活性）は進化しないからである（その簡単な説明は例えば [7] にある）。

以上の要素を含んだ単純な数理モデルとして、以下を考える：

- 分子は2つのステージ（PおよびQと表す）のいずれかにある。
- 細胞*i*内にある分子*j*は、ステージ*c*にあるとき、触媒活性 κ_{ij}^c を持つ。
- 前項の分子が鋳型として働き、新たな分子が形成される速度 ($2w_{ij}^c$ と表す) は、触媒活性 κ_{ij}^c の減少関数である（なぜなら触媒活性と鋳型活性はトレードオフにあると仮定したから）。
- 逆に、速度 $2w_{ij}^c$ は、細胞*i*内の平均触媒活性 $\langle \kappa_{ij}^P \rangle$ および $\langle \kappa_{ij}^Q \rangle$ の増加関数である（チルダは平均をとる際に変動する添字を示す）。
- 新たに形成された分子は、自身の形成時に鋳型となった分子と同じステージに留まるか（この場合、鋳型となった分子は複製されたとみなせる）、あるいは別のステージに遷移する（この場合、鋳型となった分子は「転写」されたとみなせる）。それ以外のステージ遷移は考えない。簡単のため、複

製と転写は等確率で起こるものとする。

- 簡単のため、分子の突然変異や細胞の成長および分裂は陽にはモデル化せず、何らかの仕組みにより触媒活性 κ_{ij}^c の細胞内分散と細胞間分散はそれぞれ σ_w^2 と σ_b^2 に保たれているものとする（添字は within cells と between cells を意味する）。

細胞*i*内の分子*j*の適応度 λ_{ij} は、次のように定義できる。この分子の正確な（つまり突然変異のない）複製産物および転写産物からなる集団を仮想し、その集団サイズの成長率を適応度 λ_{ij} と定義する。 λ_{ij} を計算するために、この集団においてステージ*c*にある分子の時刻 τ における数を $n_{ij}^c(\tau)$ と表す。これらの分子が単位時間に複製または転写される回数は w_{ij}^c なので（複製と転写は等確率と仮定してある）、次の式が成り立つ：

$$\begin{bmatrix} n_{ij}^P(\tau+1) \\ n_{ij}^Q(\tau+1) \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \omega_{ij}^P & \omega_{ij}^Q \\ \omega_{ij}^P & \omega_{ij}^Q \end{bmatrix} \begin{bmatrix} n_{ij}^P(\tau) \\ n_{ij}^Q(\tau) \end{bmatrix} \quad (1)$$

適応度 λ_{ij} は式1の右辺にある 2×2 行列の最大固有値である。計算によると

$$\lambda_{ij} = \omega_{ij}^P + \omega_{ij}^Q \quad (2)$$

である。

式1で記述される分子集団における遺伝的非対称性の可能性について考えよう。そのために、ステージ*c*にある分子1つから始めて、その分子およびその分子が時間*T*内に複製または転写されて形成された分子（つまりその分子の子孫）の数 u_{ij}^c を考える。ステージ*c*にある分子が情報の世代間伝達、つまり遺伝機能を担うならば、 $u_{ij}^c > 0$ でなければならず、逆にそうでないならば $u_{ij}^c = 0$ でなければならない。 $T \rightarrow \infty$ としたとき、規格化された u_{ij}^c は Fisher の繁殖価と呼ばれる量となる [8]。したがって、遺伝的非対称性の進化は繁殖価の非対称性の進化とみなすことができる。繁殖価は式1の右辺にある行列の最大固有値 λ_{ij} に対応する左固有ベクトルであることが知られている [8]。計算によると、

$$\begin{aligned} u_{ij}^P &= \omega_{ij}^P \\ u_{ij}^Q &= \omega_{ij}^Q \end{aligned} \quad (3)$$

である。式3は、分子が複製される速度が大きいほど、遺伝を担う度合いが大きくなるという直感に合致する（ただし、式3の具体的な形は、「分子が転写または複製される確率は等しい」という簡単のためにおかれた仮定に依存している）。

以上をまとめると、

- 触媒的非対称性は、 κ_{ij}^P と κ_{ij}^Q の非対称性
 - 遺伝的非対称性は、 ω_{ij}^P と ω_{ij}^Q の非対称性
- によってそれぞれ表される。これらの非対称性は独立

でない。なぜならば、 κ_{ij}^c が増大すると、触媒と鋳型のトレードオフにより、 ω_{ij}^c は減少すると仮定したからである。つまり、触媒の非対称性は遺伝的非対称性を引き起こす。

触媒活性がどのように進化するかを考えるため、系全体の平均触媒活性の単位時間あたりの変化量 $\Delta\langle\kappa_{ij}^c\rangle$ を計算しよう。各分子がその適応度に比例した数の子孫を単位時間後に残すと考えれば、

$$\Delta\langle\kappa_{ij}^c\rangle = \frac{\sum_{ij} \lambda_{ij} \kappa_{ij}^c}{\sum_{ij} \lambda_{ij}} - \langle\kappa_{ij}^c\rangle \quad (4)$$

である。計算によると、触媒活性の細胞間分散 σ_b^2 (κ_{ij}^c の i を変動させたときのばらつき) と細胞内分散 σ_w^2 (κ_{ij}^c の j を変動させたときのばらつき) が十分に小さいなどの仮定のもとで、 $\Delta\langle\kappa_{ij}^c\rangle$ は次のように近似できる [1, 9] :

$$\Delta\langle\kappa_{ij}^P\rangle \approx \frac{\langle\omega_{ij}^P\rangle(\beta\sigma_b^2 - \gamma\sigma_w^2) + \langle\omega_{ij}^Q\rangle\beta\sigma_b^2}{\langle\lambda_{ij}\rangle} \quad (5a)$$

$$\Delta\langle\kappa_{ij}^Q\rangle \approx \frac{\langle\omega_{ij}^P\rangle\beta\sigma_b^2 + \langle\omega_{ij}^Q\rangle(\beta\sigma_b^2 - \gamma\sigma_w^2)}{\langle\lambda_{ij}\rangle} \quad (5b)$$

この式において、

- β は、分子の触媒活性に作用する細胞間レベルの自然選択の強さの絶対値
- γ は、分子の触媒活性に作用する細胞内レベルの自然選択の強さの絶対値

を表す。ゆえに β を含む式 5 の項は細胞間自然選択の進化への寄与を表し、 γ を含む項は細胞内自然選択の進化への寄与を表す。 β を含む項が正であることは、細胞間レベルの自然選択は触媒活性を増加させる方向に作用することを意味する。その理由は、異なる細胞を比較したとき、細胞内の分子の平均複製速度は同じ細胞内の分子の平均触媒活性が高いほど速いからである。一方で、 γ を含む項が負であることは、細胞内レベルの自然選択は触媒活性を減少させる方向に作用することを意味する。その理由は、1つ細胞内において異なる分子を比較したとき、分子の複製速度はその分子の触媒活性が高いほど遅いからである。このように、自然選択は2つの階層で対立的に働く。これを対立的多階層選択と呼ぶ。

式 5 で β と γ を含む項が異なる意味を持っていたように、 $\langle\omega_{ij}^P\rangle$ と $\langle\omega_{ij}^Q\rangle$ を含む項も異なる意味を持つ。すなわち

- $\langle\omega_{ij}^P\rangle$ を含む項は、ステージ P にある分子の子孫を通して起きる進化の寄与
- $\langle\omega_{ij}^Q\rangle$ を含む項は、ステージ Q にある分子の子孫を通して起きる進化の寄与

を表す。この事は、遺伝的非対称性 (つまり $\langle\omega_{ij}^P\rangle$ と $\langle\omega_{ij}^Q\rangle$ の非対称性) は触媒活性の進化にフィードバック

を持つことを意味している (触媒の非対称性が遺伝的非対称性を引き起こすことは上で述べた)。

式 5 は、対立的多階層選択 (β と γ) と遺伝的非対称性 ($\langle\omega_{ij}^P\rangle$ と $\langle\omega_{ij}^Q\rangle$) の効果は非対称的に絡まり合っていることを示している。例えば式 5a において、細胞内選択 (γ を含む項) はステージ P にある分子の子孫を通して起きる進化 ($\langle\omega_{ij}^P\rangle$ を含む項) には寄与するが、ステージ Q にある分子の子孫を通して起きる進化 ($\langle\omega_{ij}^Q\rangle$ を含む項) には寄与しない。その理由は次のように説明できる。ステージ P にある分子の触媒活性を高めることは、その分子の複製速度をトレードオフにより減少させるので、P の子孫を介した細胞内レベルの選択により抑圧される。しかし、ステージ P にある分子の触媒活性を高めても、その転写産物であるステージ Q にある分子の複製速度は減少させないので、Q の子孫を介した細胞内レベルの自然選択には抑圧されない。

上述の非対称的な絡まり合いは、対称性が自発的に破れる傾向を生じさせる。この事を説明するために、初期状態において系は触媒的にも遺伝的にも対称的であったとする。つまり $\langle\kappa_{ij}^P\rangle = \langle\kappa_{ij}^Q\rangle$ かつ $\langle\omega_{ij}^P\rangle = \langle\omega_{ij}^Q\rangle$ 。これは P と Q の間に機能的違いがないことを意味するのだから、 $\Delta\langle\kappa_{ij}^P\rangle = \Delta\langle\kappa_{ij}^Q\rangle$ である。次に、突然変異や遺伝的浮動などの理由により対称性が微小に破れ、P の触媒活性が Q の触媒活性をわずかに上回ったとしよう :

$$\langle\kappa_{ij}^P\rangle > \langle\kappa_{ij}^Q\rangle$$

この触媒の非対称性は、触媒と鋳型のトレードオフを介して、P の鋳型活性を Q の鋳型活性よりわずかに下回らせる :

$$\langle\omega_{ij}^P\rangle < \langle\omega_{ij}^Q\rangle$$

この遺伝的非対称性は、式 5 における対立的多階層選択との非対称的な絡まり合いのために、P の触媒活性のさらなる相対的增加をもたらす :

$$\Delta\langle\kappa_{ij}^P\rangle > \Delta\langle\kappa_{ij}^Q\rangle$$

以上の議論は、触媒の非対称性と遺伝的非対称性の間に対立的多階層選択を介した正のフィードバックが作用することを示している。これは対称性の自発的破れを示唆する。

結論として、ステージ構造を持つ集団における利他的形質に作用する対立的多階層選択は、遺伝と触媒の機能分化を進化させる傾向があることがわかった。

3. 計算機シミュレーション

前述の対称性の破れが遺伝と触媒の機能分化を進化させるかを調べるために、計算機シミュレーションを行った [1]。その内容を簡潔に述べる。数理モデルにおいて簡単のためにおいた仮定のいくつかを緩和するた

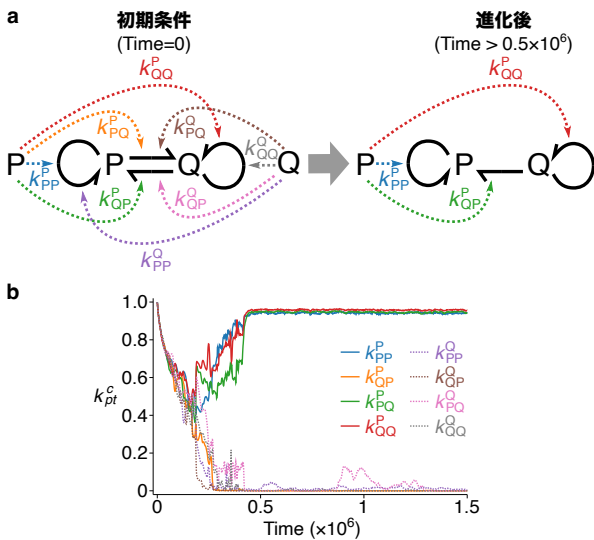


図1 遺伝と触媒の機能分化のシミュレーション結果 (web版はカラー)。a 分子の触媒活性の初期条件 (左) と進化後の状態 (右)。触媒活性は点線矢印で表され、この矢印は触媒分子から反応へ向かう。反応は実線矢印で表され、複製 (弧状の矢印) と転写 (水平な矢印) を示す。b 分子の触媒活性の集団平均の進化による時間変化。P の触媒活性は実線、Q の触媒活性は点線 (web版の色はaと対応)。図は [1] から引用した。

め、次の変更を加えた個体ベースモデルを考えた。

- 分子は8種類の触媒活性 k_{pt}^c を持つことができる (各添字はPまたはQである)。 k_{pt}^c は、分子がステージ c にあるとき、ステージ t にある別の分子を鋳型に用いてステージ p にある分子を形成する触媒活性を表す (添字はそれぞれ catalyst、template、product を表す)。例えば $k_{Pt}^c \neq k_{Qt}^c$ である可能性が許され、この場合、複製と転写の確率は等しくない。
- 新たに形成された分子は、ある突然変異率でその触媒活性を変化させる。また、細胞は内部の分子数がある閾値を超えると2つに分裂し、内部分子は等確率で娘細胞に分配される。これらの過程により、 σ_b^2 と σ_w^2 は動的に決定される。

計算機シミュレーションの結果、初期条件として触媒的に対称な状態 ($k_{pt}^c = 1$) から始めると、進化により触媒的対称性が破れ、PとQのうちいずれか一方が触媒活性を失うことが示された (図1)。また、触媒活性を失ったステージから触媒活性を保持するステージへの転写は触媒されるが、その逆方向の転写は触媒されないことが示された (図1)。この情報の流れの不可逆性により、触媒活性を保持するステージにある分子の繁殖価はほぼ0になり、遺伝的非対称性も進化することが示された。したがって、遺伝と触媒の機能分化が進化することが示された。

また、細胞による区分化を仮定せずに、分子の集団は平面上に分布し拡散および隣接相互作用することを

仮定したモデルにおいても、遺伝と触媒の機能分化が進化することが示された [2]。

4. 未解決問題

本節では、遺伝と触媒の機能分化に関して未解決の問題をいくつか列挙する。

第一に、現実においてゲノムとタンパク質は遺伝暗号によって結ばれているが、この記号的関係はどのようにして進化するのだろうか。

第二に、遺伝と触媒の機能分化は、生殖的分業の一例だとみなせる。生殖的分業の例として他に次のようなものがある：

- 真社会性動物における女王とワーカーの分業、
- 多細胞生物における生殖細胞と体細胞の分業、
- ゴウリムシなどの繊毛虫における小核と大核の分業 [10]、
- 有蹄類に寄生するダニのなかまに内部共生する細菌における生殖細胞と非生殖細胞の分業 [11]。

これらの例が示す、生命の多数の階層にわたって繰り返される生殖的分業の進化は、遺伝と触媒の機能分化と同様に、対称性の自発的破れによって説明できるのだろうか。

第三に、遺伝と触媒の機能分化は一般化して、情報と機能の分離 (または遺伝型と表現型の区別、もしくはテープとマシンの構成) と捉えられるが、この分離は進化に対してどのような意義を持つのか。

第四に、現実における遺伝と触媒の機能分化は、DNAとタンパク質という物質によって担われている。これらの物質に固有な性質と、本稿で記述した自発的対称性の破れには、どのような関係があるのか。

5. 謝辞

本稿で解説した研究の共同研究者である金子邦彦氏 (コペンハーゲン大学) と Yao Fu (Frank) 氏 (クイーンズランド大)、また本稿を書く機会を与えてくださった内海邑氏 (日本大学) に感謝いたします。

参考文献

- [1] Nobuto Takeuchi and Kunihiko Kaneko. The origin of the central dogma through conflicting multilevel selection. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, Vol. 286, No. 1912, p. 20191359, 2019.
- [2] Yao Fu and Nobuto Takeuchi. Evolution of the division of labour between templates and catalysts in spatial replicator models. *Journal of Evolutionary Biology*, 2024.
- [3] 藪田ひかる, 川村邦男, 赤沼哲史, 木賀大介, 根本直人, 古川善博, 横堀伸一, 生命の起原および進

- 化学会（編）. 生命の起源辞典. 朝倉書店, 東京, 2024.
- [4] Leslie E. Orgel. Prebiotic chemistry and the origin of the rna world. *Critical Reviews in Biochemistry and Molecular Biology*, Vol. 39, No. 2, pp. 99–123, 2004.
- [5] Nobuto Takeuchi, Paulien Hogeweg, and Kunihiko Kaneko. Conceptualizing the origin of life in terms of evolution. *Philosophical transactions of the Royal Society A, Mathematical, Physical, and Engineering Sciences*, Vol. 375, No. 2109, p. 20160346, 2017.
- [6] Francis H. C. Crick. On protein synthesis. *The Symposia of the Society for Experimental Biology*, Vol. 12, pp. 138–163, 1958.
- [7] 竹内信人. 自己複製の理論. 藪田ひかる, 川村邦男, 赤沼哲史, 木賀大介, 根本直人, 古川善博, 横堀伸一, 生命の起源および進化学会（編）, 生命の起源辞典. 朝倉書店, 東京, 2024.
- [8] 巖佐庸. 数理生物学入門. 共立出版, 東京, 1990.
- [9] Nobuto Takeuchi, Namiko Mitarai, and Kunihiko Kaneko. A scaling law of multilevel evolution: how the balance between within- and among-collective evolution is determined. *Genetics*, Vol. 220, No. 2, p. iyab182, 2022.
- [10] Chao Yin Cheng, Eduardo Orias, Jun Yi Leu, and Aaron P. Turkewitz. The evolution of germsoma nuclear differentiation in eukaryotic unicells. *Current Biology*, Vol. 30, No. 10, pp. R502–R510, 2020.
- [11] Steven A. Frank. Host control of symbiont transmission: The separation of symbionts into germ and soma. *The American Naturalist*, Vol. 148, No. 6, pp. 1113–1124, 1996.
-

ニュースレター電子化に関するアンケート

ニュースレター編集部

2024年3月に行った、数理生物学会ニュースレターの電子化に関するアンケートの結果を掲示します。Q3については、個人情報を含む記述は一部変更してあります。回答にご協力いただいた学会員の方々に厚く御礼申し上げます。総回答数は82通でした。

数理生物学会ではこれまで年3回、ニュースレターを紙媒体とPDFの両方で発行してきました。しかしいくつかの要因から、ニュースレターの形式に関して議論があります。この件に関して、会員の方々のご意見を伺いたいと思います。

これまでに出了た主な論点は以下のようなものです。

1. 電子版への移行について

- 発行-郵送費用が年45万円ぐらにかかっているため、年会の開催費用などもっと有意義なことに使うべき。
- 学会によっては機関会員という制度があって、冊子を送らないといけないという制約があるが、数理生物学会では特にそのようなことはない。
- 紙のメディアより電子版の方が扱いやすいし、ギリギリまで編集に時間をかけられる。
- 翻訳ツールの発達によって、Webで閲覧できる方が海外の方が読める。
- 他学会でのニュースレターでも電子版（メール）のみのものがあり、特に不都合はなさそう。
 - 発生物理学会：メールのみ「日本発生物理学会ニュースレター」（イベント情報、研究費、公募情報）
 - 生物物理学会：メールのみ「日本生物物理学会ニュース」（ウェブサイト更新、イベント情報、研究費情報、公募情報）
 - 解剖学会：冊子体「解剖学雑誌」（奨励賞受賞者挨拶、新任教授紹介、追悼文）
 - 血管生物医学会：冊子体「サーキュラー」（学会開催報告、受賞者挨拶、学会参加報告、イベント案内、その他ニュース）
 - 分子生物学会：冊子体「日本分子生物学会会報」（会長挨拶、研究費、公募情報）
- 速報性のある記事（お知らせや会員の論文発表のプレスリリース情報など）をオンライン版で先行

して出してはどうか。

- 冊子版ニュースレターを別料金にして、発行のための様々な業務を報酬を払ってファンドを持たない若手会員に委託してはどうか。
2. ニュースレターへのアクセス権について
- 現在は1年間は会員のみが閲覧できるパスワードを用いて閲覧制限をかけているが、もう少しフリーにしても良いのではないかな。
 - 会費を払っている学会員とその他の一般の読者とは何かで差をつけた方がよいのではないかな
 - 現在のシステムでは、会員でもパスワード入力の手間雑さのため読者が減っているのではないかな
- 以上を踏まえて、会員の皆様に以下の2点をお尋ねしたいと思います。

Q1: ニュースレターの紙媒体廃止、電子版への移行について

- 完全オンライン化に賛成
- 電子、冊子双方を発行、冊子版受取希望者は別途料金を支払う（例：会費+3000円を納入）
- 現行通りの形式がよい
- その他



Q2: ニュースレターのアクセス権に関して

- 現行のパスワード管理を廃止して、自由に見られるようにした方がよい
- 現行システムのままだがよい
- その他

Q3. この件に関するご意見を自由に記載してください。

- これまでの数理生物学会の歴史は尊重しますが、種々の問題を踏まえて新しい形式に移行すべきだと思います。



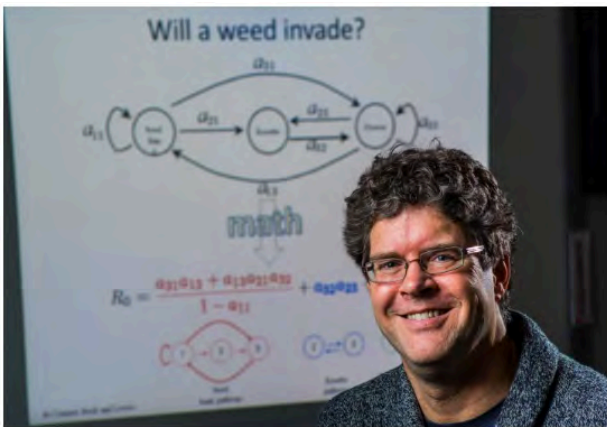
- 内容も編集委員に過度な負担がかからないよう、会員各位の自律的な投稿などで良いように次第に移行すると良いと思います。
- オンラインだと、「近くにあるから手に取る」といった読み方をしなくなるので、読まれなくなりそうと思います。
- 数理生物学会のニュースレターは、内容が濃く、何度も読み直したり参照したりなので紙媒体が使いやすいです。また、ニュースレターへのアクセス権について、紙媒体を廃止するかどうかで選択が異なるように思います。
- 経費の削減を目的に完全オンラインにする場合は、別料金による冊子体の存続は逆効果に思われる。
- 発行のための様々な業務を報酬を払ってファンドを持たない若手会員に委託する場合は相当に高額な報酬を支払わなければ若手への支援には繋がらないと思う（少なくとも45万円では）。
- 完全オンラインにする（冊子体を完全に廃止する）場合は、1年間の閲覧制限の撤廃も合わせて実施しないとリアルタイムな読者は減る可能性が高い。「現在のシステムでは、会員でもパスワード入力の煩雑さのため読者が減っているのではないか」という意見に同意。
- ニュースレター自体は、学会の広報にも役立つものです。また、ニュースレター目的で会員となっている人もほとんどいないのではないかと思います。パスワード管理の煩雑さ（読者・管理者双方）の削減の為に、また、学会の活性化や新たな分野からの加入者を増やすためにも、購読に際しては変に会員・非会員で読者間に差をつけなくて良いのではと思います。
- 今後の少子化により大学運営、学会運営等が難し

くなることを視野に入れて決定するべきかと思えます

- パスワードなしの学会誌が増えているように思いますが、JSMBが裾野を広げるためには、ニュースレターをパスワードなしで見れることが重要ではないかと思っています。
- pdfにしる完全web閲覧形式にせよ、冊子で言うしおり、付箋を複数の本にわたって付けて、後で利用する、ということを管理しにくい。紙媒体の持つ長所は残したいと希望します。
- 時代に合わせた運営にして会費をあげても良いので信頼できて実績のある業者に事務局運営 大会運営 NL業務など全てアウトソーシングすべきです。後、インセンティブのない業務をボランティア精神で誰かがやることも極めて不自然だと思います。時代と大きく齟齬があります。
- 論文などを読むのは目が非常に疲れますので、いつもプリントアウトして読んでいますし、オンライン化した学会誌は読んでいません。PDFを読むのは目に悪い（健康に悪い）と思いますので、オンライン化しない方が良いと思います。
- 電子版はあったら便利です、記事にコメントを書けると面白い気もします（匿名じゃなくて記名で）
- 基本を自由閲覧にし、著者がアクセス権を制限希望する時のみ、会員に閲覧専用パスワードを与える対応するのは、いかがでしょうか。時流を考えると紙媒体から電子化＝完全オンライン化は避けられないと思います。コスト面でも完全オンライン化に賛成します。
- 冊子は見やすくてよい。できれば残していただきたい。
- 他の学会の動向を見ている感じからも完全電子版への移行は賛成です。会員との差別化が課題ですが、ニュースレターも完全オープンで良いかなという考えです。
- 「速報性のある記事をオンライン版で先行して出しては」という意見だが、速報性に関してはニュースレターのオンライン版よりもbiomath-MLを活用したほうが良いと考える。

2024 Akira Okubo Prize

本年度の Akira Okubo Prize は Victoria 大学の Mark Lewis 博士が受賞することとなりました。本年度はシニア枠で、研究者の全期間を通じての研究に対して授与されます。以下、選考委員長のコメントを掲載します。



University of Victoria ホームページより

2024 Akira Okubo Prize は、移動の時空間パターンに関する革新的な数学研究とその生態学的問題への応用、そして数理生物学全般への卓越した貢献に対して、Mark Lewis 博士に授与される。

Mark Lewis 博士は、空間生態学の問題における概念的、理論的、実証的な課題を解決するための新しい数学的手法やアイデアの開発において優れた業績を挙げた。博士の主要な理論的貢献には、生物侵入の進行波速度における分散カーネルの形状に関する研究や、生息地の不均一性および人口の確率変動が侵入および種の存続に及ぼす影響などの研究が含まれており、これらはこの分野の後の研究に大きな影響を与えた。さらに、多くの優秀な若手研究者の指導や、数多くの科学プログラムの運営におけるリーダーシップも特筆すべき貢献である。以上の理由により、選考委員会は慎重な審査の結果、2024 Akira Okubo Prize を数理生物学のシニアサイエンティストである Mark Lewis 博士に授与することを決定した。

2024 年大久保賞選考委員長 佐々木 顕

学会事務局からのお知らせ

1. 2024 年日本数理生物学会総会報告

日本数理生物学会総会について報告いたします。

日時: 2024 年 9 月 12 日 (木) 13:30-14:30

場所: 北海道大学 学術交流会館 講堂

総会に先立ち、佐藤一憲氏 (静岡大学) が議長として事務局から推薦され選出されました。2024 年度の議題について、以下の通り正式に承認を得ました。

議題

(1) 2023 年度決算、2024 年度予算執行状況、2025 年度予算案

瓜生耕一郎氏 (東京工業大学) から 2023 年度の予算、2024 年度予算執行状況と 2025 年度予算案について内訳の説明がありました。説明に続いて、2023 年度決算、2024 年度予算執行状況、2025 年度予算案が承認されました。

(2) 大久保賞選考委員 1 名の交代

事務局より、運営委員会から大久保賞選考委員として中丸麻由子氏 (東京工業大学) が推薦されていることが報告され、承認されました。

報告事項

(1) 2025 年大会の準備状況

2025 年大会の大会委員長である望月敦史氏 (京都大学) から準備状況について報告がありました。2025 年大会は CIJK との合同大会として開催されます。

(2) 2026 年大会の開催場所

事務局より、2026 年大会の大会委員長を齋藤保久氏 (島根大学) に引き受けていただいたことについて報告があり、続いて齋藤氏よりご挨拶いただきました。

(3) 次期執行部の体制

次期会長の山内淳氏 (京都大学) より次期執行部の体制について報告がありました。

(4) 2024 年度 (第 19 回) 研究奨励賞受賞者

事務局から、2024 年度研究奨励賞受賞者として柴崎祥太氏 (国立遺伝学研究所)、野下浩司氏 (九州大学) の

2 名が決定したことが報告されました。野下氏には、総会の後、受賞講演を行なっていただきました。柴崎氏は都合により、来年以降に受賞講演を行っていただくことになりました。

(5) 2025 年大久保賞 (The Akira Okubo Prize) 受賞者
大久保賞選考委員長の佐々木顕氏 (総研大) から、大久保賞受賞者 (Senior) として Mark A. Lewis 氏 (University of Victoria) が決定したことが報告されました。Lewis 氏には、2026 年の島根大会でご講演いただく予定です。

(6) SMB 会議に参加する若手研究者の旅費支援事業
事務局から、SMB 会議に参加した若手研究者に対して旅費の支援を行なったことが報告されました。

(7) 第四回理論生物学夏の学校に参加する若手研究者の旅費支援事業

事務局から、札幌大会の前に北海道大学で開催された、理論生物学夏の学校に参加した若手研究者に対して旅費の支援を行なっていることが報告されました。

(8) ニュースレターのオンライン化の可能性について
アンケートの結果

編集委員長の三浦岳氏 (九州大学) よりアンケートの結果について報告がありました。大多数がオンライン化に賛成とのことでした。

2. 第 19 回 (2024 年度) 日本数理生物学会 研究奨励賞受賞者のお知らせ

選考委員会から 2024 年度研究奨励賞選考の結果が運営委員会に報告され、運営委員会によって受賞者が決定しました。以下に選考委員会からの報告書を掲載いたします。

2024 年度研究奨励賞選考の結果をご報告します。本選考委員会は、研究奨励賞受賞者として、次の 2 名

- 柴崎祥太氏 (国立遺伝学研究所 新分野創造センター)

● 野下浩司 氏 (九州大学大学院理学研究院)
を推薦いたします。

受賞理由

柴崎祥太 氏 (国立遺伝学研究所 新分野創造センター、ポスドク研究員)

柴崎氏は2022年にスイスのローザンヌ大学で博士の学位を取得し、アメリカのノースカロライナ大学でポスドクを経た後、2023年9月より国立遺伝学研究所の特任研究員となり、現在に至る。専門は進化生態学で微生物における協力行動の進化や微生物群集のダイナミクスの研究を行ってきた。学位取得後は、食物網や迅速な進化、文化進化の研究まで幅広い研究に取り組んでいる。柴崎氏は、学位取得後間もないにもかかわらず、研究業績において、食物網の長さに関する研究 (Shibasaki & Terui (2024)) で極めてインパクトがある成果をあげており、日本の数理生物学会の主流ともいえるオーソドックスなテーマに関して海外研究者とともに着実に成果を上げてきている点が高く評価できる。また、微生物の群集のダイナミクスを、実証実験データにもとづき、また生態学的機能の観点も含めて研究を行っている点は大きな特質であり、微生物による環境修復 (毒の無毒化) に関わる微生物群集ダイナミクスを、公共財ゲームの観点から侵入解析や無毒化の効率の観点から研究した論文 (Shibasaki & Mitri 2020) で数理解析と実験が連動的に研究されている点は特に高く評価できる。学位取得後の2年未満の研究経歴であるにも関わらず、本人主導の多数の論文が出版されている、多岐に渡り研究を進展させていることから、奨励賞にふさわしいと評価した。

野下浩司 氏 (九州大学大学院理学研究院、助教)

野下氏は2015年に九州大学で博士の学位を取得し、日本学術振興会特別研究員 (DC1) と科学技術振興機構さがけ専任研究者を経た後、2018年4月より九州大学理学研究院 助教となり、現在に至る。野下氏の研究は、「形」に関する一連の研究が高く評価された。これらの研究は、全て実証データに基づいたものであり、理想的な理論研究を展開してきた実績は高く評価できる。さらに、2次元、3次元の生物の形態測定データに対して最新の数理情報学的手法をもとにした数理解析は、生物の形と生理機能との関係、発生的・構造的制約との関係を論じ、新しい表現型定量化手法を提唱するなど、研究への非常に野心的な取り組みの姿勢も高く評価できる。学位取得後9年が経過しており、近年はスーパーバイザーとしての役割で研究を進めている点などが奨励賞の基準に合致するかも慎重に検討したが、時間のかかる独創的な研究分野を独力で切り開い

た業績は奨励賞にふさわしいと評価した。

以上の理由から、本選考委員会は、若手奨励賞にふさわしい研究者として、柴崎祥太氏と野下浩司氏の両氏を日本数理生物学会研究奨励賞の授賞者として推薦いたします。以上、ご検討のほどよろしくお願ひします。日本数理生物学会研究奨励賞選考委員会: 李聖林 (委員長)、佐々木顕、高須夫悟、若野友一郎、國谷紀良、大森亮介

3. ニュースレターの電子化について

2024年日本数理生物学会札幌大会中に開催された運営委員会において、ニュースレターの冊子版を廃止し、オンライン版のみでの配信へ完全移行することが正式に決定されました。また、ニュースレターをパスワードなしで閲覧できるようにする方法についても議論が行われました。

4. 会費納入のお願い

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

学生会員 2000 円/年

です。会員は年会で発表や学会役員選挙における投票をすることができます。また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。今年度または過去の会費が未納の方は、以下の会員管理システムより会費納入をお願いいたします。

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

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

5. 事務関係のお問い合わせ

入会、退会の申し込み、会員情報 (所属、住所、ニュースレターの送付先など) の変更や、会費の納入状況の確認などは会員管理システムより可能となっております。それ以外の事務的なことなど何かございましたら、事務局 (secretary@jsmb.jp) へお問い合わせください。

6. 事務局連絡先

幹事長 黒澤 元 (理化学研究所 数理創造プログラム)

会計 瓜生 耕一郎 (東京工業大学 生命理工学院)

幹事 中丸 麻由子 (東京工業大学 環境・社会理工学院)

幹事 山口 幸 (東京女子大学 現代教養学部)

幹事 入谷 亮介 (理化学研究所 数理創造プログラム)
〒351-0198 埼玉県和光市広沢 2-1 理研 iTHEMS
Email: secretary@jsmb.jp

7. 編集後記

9/10-12に、日本数理生物学会の年会在札幌市で開催されました。夏の札幌で対面の年会を満喫された方が多かったのではないかと思います。学会長からの報告は、学会員へのアンケートを踏まえてから掲載しますので次号までお待ちください。

日本数理生物学会ニュースレター No104
2024 年 9 月 発行

編集委員会委員 三浦岳*, 杉原圭,
國谷紀良, 内海邑
(*が委員長)

miura.takashi.869@m.kyushu-u.ac.jp

国立大学法人 九州大学

〒812-0054 福岡市東区馬出 3-1-1

発行者 日本数理生物学会

The Japanese Society for Mathematical Biology

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

PDF 版

日本数理生物学会
2023年度決算

会計幹事 瓜生 耕一郎

一般会計		2023年度予算	2023年度決算
収入			
繰越		6,795,000	7,237,392
会費		1,000,000	1,065,200
大会還元金		0	0
利子等		0	24
	計	7,795,000	8,302,616
支出			
ニュースレター	過年度	35,000 (*1)	296,857
ニュースレター-N99	冬印刷	90,000	94,050
ニュースレター-N99	冬郵便	42,000	0
ニュースレター-N100	春印刷	95,000	89,100
ニュースレター-N100	春郵便	42,000	0
ニュースレター-N101	秋印刷	95,000	84,150
ニュースレター-N101	秋郵便	47,000	0
選挙(含 発送費, 旅費)		100,000	77,000
通信費等	通信費	10,000	1,110
	奨励賞経費	15,000	7,260
	サーバ維持費	30,000	29,700
事務局経費	外部委託	270,000 (*2)	270,982
	会員管理クラウドサービス	320,000 (*3)	322,872
	Web会議システム	100,000 (*4)	22,110
	ビジネスチャットツール	70,000 (*5)	73,227
	オンラインストレージ	40,000 (*6)	15,840
	ホームページ作成委託	0 (*7)	110,000
	年会費過払金払い戻し	0	3,780
	事務諸経費	10,000	10,250
特別会計へ		100,000	100,000
	小計	1,511,000	1,608,288
予備費(次年度繰越)		6,284,000	6,694,328
	計	7,795,000	8,302,616

特別会計		2023年度予算	2023年度決算
収入			
繰越		3,935,000	4,089,462
繰入(一般会計より)		100,000	100,000
寄付		0	0
	計	4,035,000	4,189,462
支出			
年会大会費(含 託児支援, 旅費)		300,000	313,930
CIJK大会費(含 若手旅費補助)		0 (*8)	630,801
大久保賞関連		300,000	0
	小計	600,000	944,731
予備費(次年度繰越)		3,435,000	3,244,731
	計	4,035,000	4,189,462

備考

(*1) NL97, 98の印刷費とNL96, 97, 98の郵送費の支払いを2023年度に行ったため

(*2) ロボットペイメント利用料 + 土倉事務所業務委託

(*3) SMOOSY利用料

(*4) Zoomアカウントの購入(12ヶ月分)

(*5) Slackアカウントの購入(12ヶ月分)

(*6) Dropboxの購入(12ヶ月分)

(*7) 学会ホームページのリニューアルを委託したため。

(*8) CIJK若手渡航補助 7名 上限10万円

監査報告

日本数理生物学会の2023年度の収支に関する証拠書類を調べ、全て適正に執行され、決算報告にも誤りがないことを確認しました

会計監事

中田 行彦

2024年 8月 26日

日本数理生物学会
2024年度予算執行状況・2025年度予算

会計幹事 瓜生 耕一郎
(執行状況は2024年8月21日現在)

一般会計		2024年度予算	2024年度執行状況	2025年度予算
収入				
	繰越	6,679,000	6,694,328	6,632,000
	会費	1,000,000	1,010,800	1,000,000
	大会還元金	0	14,434	0
	利子等	0	7	0
	計	7,679,000	7,719,569	7,632,000
支出				
	ニュースレター	35,000	(*1) 85,413	35,000
	ニュースレターN102	90,000	84,150	90,000
	ニュースレターN102	42,000	0	42,000
	ニュースレターN103	95,000	64,350	95,000
	ニュースレターN103	42,000	0	42,000
	ニュースレターN104	95,000	0	95,000
	ニュースレターN104	47,000	0	47,000
	選挙(含 発送費、旅費)	100,000	(*2) 0	100,000
	通信費等			
	通信費	10,000	0	10,000
	奨励賞経費	15,000	0	15,000
	サーバ維持費	30,000	29,700	30,000
	事務局経費			
	外部委託	270,000	174,250	(*4) 270,000
	会員管理クラウドサービス	330,000	308,220	(*5) 330,000
	Web会議システム	23,000	0	(*6) 23,000
	ビジネスチャットツール	74,000	0	(*7) 74,000
	オンラインストレージ	16,000	0	(*8) 16,000
	年会費過払金払い戻し	0	5,900	0
	事務諸経費	10,000	3,840	10,000
	特別会計へ	100,000	100,000	(*9) 2,000,000
	小計	1,424,000	855,823	3,324,000
	予備費(次年度繰越)	6,255,000	6,863,746	4,308,000
	計	7,679,000	7,719,569	7,632,000
特別会計				
収入				
	繰越	3,258,000	3,244,731	2,244,000
	繰入(一般会計より)	100,000	100,000	2,000,000
	寄付	0	0	0
	計	3,358,000	3,344,731	4,244,000
支出				
	年会大会費(含 託児支援、旅費)	300,000	300,000	(*10) 2,000,000
	大久保賞関連	300,000	0	300,000
	JSMB-CIJK2025 会場予約金	1,000,000	(*3) 18,090	0
	KSMB-SMB合同大会費(含 若手旅費補助)	500,000	0	0
	小計	2,100,000	318,090	2,300,000
	予備費(次年度繰越)	1,258,000	3,026,641	1,944,000
	計	3,358,000	3,344,731	4,244,000

備考

- (*1) NL99, 100, 101の発送費の支払いを2024年に行ったため
- (*2) 選挙費用は2023年度に支払い済み
- (*3) JSMB-CIJK2025会場下見費用。2024年度の会場予約金の支出はなし
- (*4) ロボットペイメント利用料と土倉事務所委託料
- (*5) SMOOSY利用料
- (*6) Zoomアカウントの購入(12ヶ月分)
- (*7) Slackアカウントの購入(12ヶ月分)
- (*8) Dropboxの購入(12ヶ月分)
- (*9) JSMB-CIJK2025大会費のため特別会計へ繰入
- (*10) JSMB-CIJK2025 大会費: アトラスConfit(70万円見込)、会場費補助、若手会員参加費補助を含む