

日本数理生物学会
ニュースレター

第107号
2025年9月



2025 年度日本数理生物学会・アジア数理生物学会合同大会をふりかえって

望月敦史 (ACMB-JSMB2025 大会委員長・京都大学)

2025 年 7 月 7 日（月）～11 日（金）の日程で、京都テルサにおいて、Joint Meeting of Asian Conference for Mathematical Biology and Annual Meeting of Japanese Society for Mathematical Biology (ACMB-JSMB2025) が開催された。ACMB-JSMB2025 は、CIJK Conference on Mathematical Biology の拡大版という位置づけの ACMB を、日本数理生物学会年会 JSMB とのジョイントとして行ったものである。本会議には約 460 名の参加者があり、また 400 件を超える研究発表がなされ、大規模な国際学会となった。5 日間（学術プログラムは 4 日間）の全てを通して、とても活発な質疑応答や議論が行われ、参加者がそれを楽しんでいる様子が強く感じられた。ここに至るまでには、2 年に及ぶ準備と様々な工夫があり、また多くの方々の協力と努力があった。それら全てのおかげで成功を実現できたと言える。以下ではこれらについて、概要を説明する。

(1) CIJK との合同大会から ACMB-JSMB2025 となるまでの経緯

2023 年 7 月（韓国で行われた 8th CIJK Conference の直後）に、当時の時田会長より望月に対して、幾つかの打診が成された。具体的には、日本がホスト国となる 2025 年の CIJK Conference を、日本数理生物学会年会との合同として行う提案と、その会議の Chair に望月が就任することの依頼である。望月は、これまでの CIJK の成果を認めた上で、学術交流の範囲を CIJK から拡大し「アジア国際数理生物学会議」として行うことを試みて良いのであれば、という条件で、この依頼を引き受けることとした。

実際には日本だけの意向で、勝手に CIJK Conference をアジア国際数理生物学会議に拡大することは当然できない。CIJK 参加国、つまり中国、インド、韓国に対し、CIJK 拡大の提案を行い、メールによる多数の議論やオンライン会議による議論（スライドを使って提案をプレゼンした）、さらには 2024 年 7 月の KSMB-SMB joint meeting における対面での議論を経て、合意を得た。具体的には、以下の 4 項目について、従来の CIJK Conference のスタイルからの変更を行った。

- 提案 1：参加国をアジア地域に拡大。
- 提案 2：会議のタイトルを、CIJK International Conference on Mathematical Biology から、Asian

Conference on Mathematical Biology (ACMB) に変更。

- 提案 3：CIJK 各国からの推薦により決めていた招待講演者の数を変更。具体的には各国 1 名ずつの Plenary speaker に加え、4 名の Key speakers を推薦のみで決めていたが、これを 3 名に減らした。これにより空いた 4 名分を CIJK 以外の国からの招待講演者に充てることとした。
- 提案 4：Plenary Speaker の選択方法の変更。これまでは CIJK 各国からの推薦に基づいて決めていたものを、ホスト国（日本）と CIK 各国との合議により決定することとした。

また、これらは提案の時点では、あくまで 2025 年会議における個別的な試みとして行い、この形式の持続的な維持を前提としていない。今後の会議で、このスタイルを採用するか否かは、各ホスト国の判断にゆだねる、とした。尚、これらの改変（改革）に対する、CIK 各国代表の意見は、おおむねポジティブであり、特に中国や韓国からは私の提案をさらに後押しする意見もいただいた。

(2) 実行委員会

2023 年夏～秋の段階で、実行委員会を組織した。以下の方々に実行委員に就任してもらうと同時に各業務を担当してもらうこととした。

- 立川正志（横浜市大） プログラム
- 大槻久（総研大） プログラム
- 山内淳（京都大） 会場
- 岩見真吾（名古屋大）
- 秋山正和（富山大） エクスカーション・受付
- 江夏洋一（東京理科大） アルバイトアレンジメント
- 平岩徹也（Academia Sinica）
- 岡田崇（京都大） Welcome reception・購入物
- 三木健（龍谷大） プログラムブック
- 李聖林（京都大） バンケット
- 瀬戸蘭美（奈良女子大） 託児助成
- 本田直樹（広島大） 企業展示
- 黒澤元（理研） 学会事務局
- 瓜生耕一郎（東京科学大） 学会事務局
- 三島杏奈（M.Assistant） 会計・事務
- 塩出綾子（京都大） 秘書業務

また国内から以下の方々に Advisory Committee として参加していただいた。

- 時田恵一郎（名古屋大）
- 竹内康博（青山学院大）
- 難波利幸（大阪府立大）
- 巖佐庸（九州大）

また、海外から以下の方々に Scientific Committee として参加していただいた。

- Xianning Liu (Southwest University, China)
- B. V. Rathish Kummar (IIT Kanpur, India)
- Yangjin Kim (Konkuk University, Korea)

実際には実行委員は2023年の段階で一度には決まらず、2024年夏の段階で追加で加わってもらった方がおり、また担当業務を後から追加でお願いした方もいる。実行委員には各業務を担当してもらっただけでなく、学術面において自由に意見を出してもらうことを重視した。2024年の2月～5月に行われた何回かの実行委員会で、招待講演者や企画シンポジウムについて、希望を挙げ構想を練ってもらった。Plenary Speaker や企画シンポジウムを具体化する際に、これらの議論の実現化に努めた。早い段階から構想を練ることで、学術面を具体的に意識できたことが、会議の内容の充実につながったと考えている。

(3) 会期および会場

会場の選定と会期は2023年12月から2024年春にかけて、同時進行で行った。まず、京都・大阪の会議場をインターネットで調べ候補を絞り、各会場とメールの交換により条件を確認した上で、候補の3か所について下見を行った。候補3会場の使用可能な期間や、CIJK 各国と実行委員メンバーの都合を勘案し、最終的に京都テルサに会場を決定した。京都テルサは最大800人収容可能なメインホールに加えて、100名程度収容可能な6部屋を含む、12部屋を超えるセッション会場の設定が可能であり、様々な規模の会議に柔軟に対応できる。なお会場決定の際には、私が個人的に良いと考えていた会場ではなく、主に山内氏の慎重な意見に従って決定を行ったが、結果としてその判断は正しかった。

(4) アトラス Confit の利用、および航空券ホテル手配の外部委託

学会運営の負担を軽減するために、株式会社アトラスが提供している学術大会支援サービス、Confit を利用した。Confit は、大会 Web サイトの作成と運営や、参加申し込み・演題登録サイト、プログラム編成、或いはこれらに伴う情報の管理を、一貫してオンラインで処理できるシステムである。また、招待講演者の航空券と宿泊の手配は、株式会社業務渡航センター（G.T. Center）に完全委託した。これらはおおむね効果的

に機能し、採用したことは良かったと言える。G.T. Center などの旅行会社は、学会の運営の実務サポートも業務としており、実際に ACMB-JSMB2025 でも会期中の実務やその準備がかなりの負担であったことから、もっと全面的に利用しても良かったとも考えている。また Confit は優れた会議サポートシステムである一方、テンプレートなどの英語表現に若干難があり、国際会議での利用には注意が必要のように感じた。

(5) プログラム編成

学術プログラムは、Plenary Speaker、Special Symposium、Mini-symposium、Contributed Talk の順に段階的に編成を進めた。また、各段階において決定内容を Website や Circular により公開すると同時に、未決定の募集内容の周知（シンポジウム提案募集や一般講演募集など）を行った。これにより、想定参加者の期待と関心を高め、実際の参加者数増加につなげることができたと考えている。以下は具体的な経過。

- 2024年6月：Plenary Speaker 7名を確定。うち4名はCIJK 枠とし、CIJK 各国からの1名ずつを、実行委員会とCIJK 各国との合議により決定。加えてJSMB 枠として、実行委員会で選定した3名の方を台湾、シンガポール、米国から招待した。
- 2024年9月～10月：Special Symposium の依頼と確定。CIJK 各国に対しては、各国3人のKey speakers を推薦してもらおうと同時に、それぞれのSpeaker にオーガナイザーとなってもらい、1件ずつのSpecial Symposium の編成を依頼。一方で日本においては、実行委員会で20件ほどのセッション候補をリストし、各セッションごとにオーガナイザー候補を考え、各オーガナイザー候補者にシンポジウム編成を依頼。
- 2024年11月：確定したSpecial Symposia の情報公開。同時にミニシンポジウム提案募集開始。
- 2025年1月：参加申し込み開始、演題登録開始
- 2025年2月：ミニシンポジウム提案締め切り（1月19日→2月9日に延長）。
- 2025年4月：ミニシンポジウムの情報公開。演題登録締め切り（4月6日）。
- 2025年5月：参加申し込み締め切り（5月31日）。大槻氏、立川氏が積極的にシンポジウム企画を呼び掛けたこともあり、最大で12会場を平行で進行する、という大変充実したプログラムとなった。
- Plenary Talk: 7件
- Special Symposium: 27件、34セッション
- ミニシンポジウム: 16件、21セッション
- Contributed talk: 162件

Confit のシステムの長所は、視覚的なインターフェースによりドラッグアンドドロップで直感的にプログラム編成できることであるが、それでも12セッションの

編成は大変な労力であり、プログラム担当の二人には大変な努力を強いることとなってしまった。また、特にCIKからのSpecial Symposiumについて、締め切り以降も（プログラムブックのデータ納品直前まで）、内容変更の依頼が頻繁にあり、これらに個別に対応しなければいけなかった。これが、立川氏、大槻氏、三島氏、望月にとって、想定を超える大きな負担となった。

(6) Website および Circular での宣伝

大会のWebsite作成は、岩見研サイエンスコミュニケーターの小島氏に担当していただいた。Confitのシステムがあるとは言え、こちらの期待する情報提供のテンプレートやフレームワークが用意されていないこともあった。このため、手作業でWebサイトの改変を行う必要があった。

(7) ビザ申請書類のサポート

中国やインド、フィリピンからの参加者が、日本に渡航するためにはビザ申請が必要であり、そのための招聘理由書、滞在予定表、場合によっては身元保証書を、こちら側が用意する必要があった。これらの書類が必要な海外からの参加者は70名にもおよび、三島氏及び塩出氏に大変な負担をかけることとなった。

(8) プログラムブック、アルバイトアレンジメント

これら2件の業務は、それぞれ、三木氏、江夏氏に、4月冒頭の段階で依頼することとなった。業務の負担の大きさについて事前に把握できていなかったためだが、学会3か月前に大きな担当を依頼することになってしまい、申し訳なく思っている。その状況にも関わらず、三木氏にはプログラムブックの構成や執筆担当まで総合的に責任を持って進めていただいた。印刷会社へのデータの納品が5月末となっており、大会1ヵ月半前の段階で掲載情報を確定する作業や、Confitシステム上の情報と紙媒体ブックとの情報の整合性には気を使った。また江夏氏には、各会場や各担当業務で必要なアルバイト人数を精査していただき、53名にも及ぶアルバイトの雇用を実現し、さらにその配置（シフト表）の作成もしていただいた。このために、関西圏の大学でアルバイト募集情報を公布するだけでなく、Indeedなどの求人サイトも利用した。

(9) Banquet、Welcome reception、エクスカーション、企業展示

バンケットは李氏に担当していただいたが、望月も当日まで知らされていなかったサプライズ企画が幾つも用意されており、楽しい企画により会場が大いに盛り上がった。また岡田氏に担当していただいた

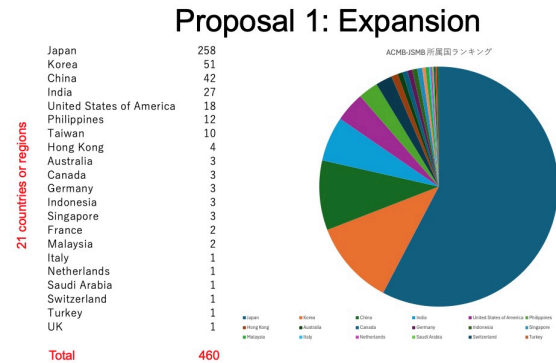


図1 参加者の内訳

Welcome reception は実際に行うかどうか当初迷った企画であったが、多くの参加者が旧交を温め、楽しんでいた様子を見ると、やって良かったと思える。企業展示は、本田氏に依頼した。出展してくれた企業が一つだけであったことは残念であるが、それが Nature Springer という国際的な一流の出版社であったことは良かったのではないかと。また託児助成は瀬戸氏に担当していただき、1件の利用があった。またエクスカーションと受付業務は、秋山氏に担当していただいた。

(10) まとめ

本会議は、上述した以外にも、様々なレベルでサイエンスを盛り上げる工夫を盛り込んだ企画だったと考えている。CIJKの形式変更により増えた招待講演者の選択の自由度を、主に欧米で活躍する中国やインドの研究者の招聘に用いたことや、シンポジウム企画において今後の数理生物学のfrontierとなるような新しい分野を積極的に取り上げたこと、テルサのキャパシティを利用して、一般講演の時間を20分と長くしたこと、などである。一方で、参加国の文化の多様性を反映してか、運営の苦勞も多い学会だった。締め切りを守ってもらえないことは当たり前で、その他にもずいぶん多くの要求に応える必要があった。

しかし、こういった苦勞を補って余りある成果が得られたように思う。冒頭に書いたように、セッションの全てにおいて、とても活発な質疑応答や議論が行われ、参加者がそれを楽しんでいる様子が強く感じられた。もちろん、参加者自身が積極的に交流や議論を進めたことが大きいと思うが、ポジティブに解釈するならば、我々が用意したプラットフォームに込められたメッセージを感じ取り、共感してくれる方が、多数参加してくれたのではないかと考えている。

数理生物学の源流・本多久夫先生（後編）

本多 久夫（神戸大学）・数理生物学会ニューズレター編集部

はじめに

前回予告したとおり、本多久夫先生のインタビューをお送りします。発生物学、数理生物学の双方で今でも活発に活動されていますが、昔の話をまとめて聞く機会は少ないので、今回意外な発見がたくさんありました。お楽しみいただけると幸いです。参考のため、本多先生の略歴を以下に記載します。

- 2013年4月–現在：兵庫大学（名誉教授）
- 2012年4月–現在：神戸大学大学院 医学研究科（客員教授）
- 2011年4月–現在：理化学研究所（客員主管研究員）
- 2001年4月–2013年3月：兵庫大学 健康科学部（教授）
- 1996年–2001年：兵庫大学 経済情報学部（教授）
- 1992年–1996年：鐘紡ガン研究所（主席研究員）
- 1978年–1992年：鐘紡ガン研究所（主任研究員）
- 1975年–1978年：鐘紡ガン研究所（研究員）
- 1973年–1974年：ドイツ・マックス・プランク研究所（Postdoctoral Fellow）
- 1971年–1972年：日本学術振興会（奨励研究員）

黎明期

【三浦】一番最初にご依頼したときに、まずこの本を読んで予習してくださいと言われた本がありまして（『DNAからの形づくり 情報伝達・力の局在・数理モデル』共立出版）、私が読んで一番印象に残ったのは、研究の時代背景がよく書かれているという点でした。

【本多】この本の執筆の話は巖佐さんから来た話で、書き終わったり、書いてる途中やらにできるだけエピソードみたいなものを入れるようにと言われて、これは書きだせばきりない感じもしたからほどほどの量にしたんですけども、そうですか、書いてよかったですね。自分もいろいろ思い出したり整理できたりしました。

【三浦】歴史の話があったので、最初期に先生が京都大学でこういう生物と数理の融合研究を始めた70年代の話というのを少し伺いたいと思います。

【本多】もともと自分の好みとかで言うと、形には小さい頃から興味があって、生物とは限らず形を面白がっているというようなことはいつもありました。形の中でも生き物の形が不思議なことが一番多いとの感じで、分野としては生物学が面白いかなと思いました。もと

もと物理とか簡単な数学とか、学校の授業の中ではそういうものの方が好きで、生物学は学ぶ項目がたくさんありすぎて嫌っている感じのところだったんですけど、研究としては生物の形がおもしろいと思うようなことはありました。実際に大学の教養の頃とか、ワトソン・クリックのDNAから始まってメッセンジャーRNAとかのところまで学習が進んでたところで、分子生物学が進めれば、やがては形にもつながるに違いないぐらいの思いでいました。周りは分子生物学が日本でも盛んになっていて、生物物理学会がちょうどできた頃でしたよね。ヘモグロビンなどいろんなタンパク質の分子の形とか筋肉関連の分子とかが生物物理学会ではさかんに研究されていました。

そんな、何もできないのに頭でっかちで理屈っぽくて、生命の何が本質か、何が大事かと言うようなことにこだわっていました。例えばDNAがコピーされやすい構造になっている。これが生物の本質に違いないというような。グアニンがシトシンとなぜ特異的に結合して、アデニンやチミンなど他のものとの結合が起こらないのかとか、そういうことが生命の本質に違いない、というようなことを考える物理の学生でした。核酸塩基間の特異性の問題の次は、コドンとアミノ酸の間の特異的関係の成立の機構が謎である。コドンは60種程度、アミノ酸は20種、この間の対応にきれいな規則性があるはずじゃないかと。それ全然わからないという感じで。まだその頃はアラニンのtRNAの全塩基配列がどうにかわかったような頃で、日本でtRNAの単品を精製した所なんていうと名古屋大学一つだけだったかな。とても少なく、一介の学生が自分で研究というのはとんでもない話だった。そこで自分にもどうにかできることを考えました。tRNAは何十種もあるわけで、それらを一緒にしたtRNAらしさというのを見分けている酵素がある。それならtRNAの単離精製をしなくてもまぜこぜのtRNAで酵素についての性質は調べたりできる。そこで、大腸菌の培養からはじめて自分で実験ができるtRNAらしさを研究する、というようなことをはじめにやったことがあります。

ご存知だと思いますけど、tRNAにはCCA末端があってそこにアミノ酸がひつつく。それについては全てのtRNAで共通なんですね。CCA末端のAとかCとかをつけたり外したりする酵素があるんです。この酵素はtRNAらしさを認識しているに違いないという

ようなことで、このCCA酵素とtRNA、それとが直接にひつつくのを超遠心分離機を使ったdensity gradient法で見つけました。CCA酵素にはどんなRNAが結合するかというようなことをやりました。それは大腸菌をすりつぶして、CCA酵素活性を放射性同位元素をつかってin vitroでアッセイする実験です。さすがにATP試薬はもうその頃はシグマ社から買いましたが、生化学の人から、ATPはウサギから調整しないと実験家として本物やないとか言われかねない時代でした。そんな時代にtRNAらしさを見分ける酵素を複合体形成という手法を使って研究しました。アミノ酸とコドンの対応にもどると、この対応は結局ARSase（アミノアシルtRNA合成酵素）という酵素が間にあって、対応をつけているのですが、たぶん現在の理解でも簡単な規則があるんでなしに、それぞれがそれぞれの特異性を持ってやってるということだと思います。もうこれは大変だと当時は思いました。このまま分子生物学の研究を続けても、形の研究になんてなかなかつながらない。

その頃にコンピューターが（もちろんパソコンはまだない時代ですけど）大学の計算センターに設置されて、使用を申し込んでパンチカードをつくって持って行ったら何時間か後に結果が出るってような使い方ができるようになっていました。で、もう少し経つとグラフィックスの機械が試用できるようになって、計算した結果がブラウン管（まだ緑色だけしか出ないオシロ・スコープみたいなもの）に図が出るというようなものが設置されました。これを使ったら、いままでない形の研究ができるのでないかと思いました。

まず「形の構成単位」というアイデアをもちました。構成単位の集まりで形ができると。そうすると単位の空間的な集合とか、それらの変化（素過程）の時間的な繰り返しが考えられます。枝分かれの形なら、分岐という素過程の繰り返しと考える。それなら計算機に乗る。そんなことをやりました。形は遺伝子のゲノムの情報からできているはずで、この過程（ゲノム→タンパク質→細胞→形のある組織）が大問題なんですけども、これを形の方からゲノムの方に遡る研究の仕方があるんじゃないか。そういう研究を始めました。

そこで気をつけたのは、形なんてもう無限にあるけど、ゲノムはなんぼ大きくても有限なわけで、ここには情報の節約ということがきつとあるはずで、モデルではできるだけ情報を少なくすることを考えました。ユニット（構成単位）を決めて、同じユニットが勝手にたくさん集まるとなれば（多種のユニットを使うに比べて）もう情報はだいぶ節約できる、というような方針でいろんなことを考えました。樹木の形成に少数のパラメーターできまる素過程を考えただけなのに、できあがった形に意外な多様性ができるという実例を示しました。この研究は、あの時Journal of Theoretical

Biologyに好意的に受理してもらえました。他にはいろいろ批判も受けましたが、周りからやっていることを多少認められた最初です。

【三浦】今までの話でお伺いしたいんですけども、まず最初におっしゃっていたtRNAの話ってpublicationには今のところになってないんですか？

【本多】CCA酵素とtRNAがコンプレックスを作るのをdensity gradientで調べるというのは、BBAっていう雑誌、今もあるのかな、あれにショートノートで出しました。これが僕の一番最初の英文の論文で、ポツンと出したらサッと通ったので機嫌良くしました[4]。

【三浦】ニューズレターの編集長を引き受けた時に、数理生物学会の学会員の方がどうというパブリケーションを出してるかっていうのを網羅的に調べたことがあって、先生のBBAの論文が出てきたんですけど、これ同姓同名の人かなとか思って弾いたかもしれない。

【本多】単名で出しています。ポツンとだけでよく見つけていただきましたね。

【三浦】ということは、キャリアの初期の段階でかなりガッツリとウェットの実験をされていたということですね。

【本多】そうです。それを出したのは博士コースぐらいの頃。あの頃は大学院はマスター2年間とドクター3年間だったんですけども、ドクターのおわりぐらいだと思います。

【三浦】生化学っぽい実験に聞こえたんですけど、所属としてはどこの研究室で研究されたのでしょうか。

【本多】物理学教室です。物理学教室で僕がウェットな生物実験ができたことについては少し説明が要ります。いまから言えば、境界領域の研究への基礎物理学研究所とウイルス研究所の暖かい援助がありました。

素粒子論の湯川秀樹先生が、新しく起こりつつある生物物理学を応援しておられました。湯川先生が所長をしておられた基礎物理学研究所で素粒子論をやっておられた福留秀雄先生が、生物物理学のウェットな実験を始めるということで、研究所内にその実験室ができました。ここにはウイルス研究所の川出由己先生らのサポートがありました（ウイルス研究所は京都大学医学部構内、結核研究所の隣にあり、以前に日本の分子生物学のさきがけである渡辺格先生らがおられた所です。川出先生はシグナル分子として知られていたインターフェロンの研究をされ、晩年にはシグナル伝達が執筆の動機となった著書『生物記号論：主体性の生物学』京都大学学術出版会（2006）があります）。基礎物理学研究所のウェットな実験室が、物理学教室の寺本英講座に移りました。この後、寺本先生は新設の生

物物理学科に移られましたが、実験関係の私共は物理に残りました。このような事情で、物物理学科の院生である私は物理学教室で実験などの研究ができたのです。

樹木のモデル

【本多】いま述べたことで大体何年頃かは分かると思いますけども、最初の樹木の形状の論文が1971年とかですので、そのちょっと前ぐらいということですか。樹木モデルは2年ぐらい前ぐらいから始めたんですけど。計算センターをつかって。

【三浦】樹木のモデルに関しては歴史的なことをお伺いしたいんですけども、一般的にはあの枠組みはLシステムって呼ばれてますよね [2]。論文でLシステムは1971年の先生のJournal of Theoretical Biologyの論文 [3] と同時期ですが、どのような関係にあるのでしょうか。

【本多】Lindenmayerさんの論文は拝見したんですけども、あれは記号配列を進化させていくみたいな話で、具体的な形という感じじゃなくって。一番最初の論文が文字だけのいろんな定理の論文で、2報目か何か具体的な図があって、これがユニットの枝分かれですよ。新しいユニットの側方にもう一つユニットを作れば・・・というようなそんなルール作って枝分かれを作っていましたね。僕はLシステムとは独立につくっているのですが、結局後から思ったら僕のはそれにハマってる感じです。

【三浦】Lindenmayer先生の話をもとに樹木の形状にちゃんと計算で再現したのはPrusinkiewiczさんだとかいう認識なんですけど。

【本多】そうです。ぼくはLindenmayerやPrusinkiewiczと直接会った話をします。樹木の論文が1971年だったけど、その何年か後に、ハーバード大学にハーバード・フォレストっていう林学の実習林があって（ハーバード大学から車で2時間ぐらい、アメリカで2時間ですから相当な距離離れてますけども）2ヶ月か3ヶ月滞在したことがあるんですよ。その時にシンポジウムが1回開かれて（1979年）branchingの人ばかり集めていました。そこにLindenmayerさんも来ました。そこで会うたのが初めてで、日本に来られたときに会ったのはだいぶ後だったと思いますけど。Prusinkiewiczの方は二度来日しています。そのうちの一度は三浦さんが主宰された京都の宝ヶ池（プリンスホテル）でのシンポジウムの時ですね。この後、カナダのBanffっていうロッキー山脈の中に数学研究のミーティングの施設があって、Prusinkiewiczさんが主宰したワークショップでも会いました（2017年）。

【三浦】樹木の研究に関しては、分枝の角度による葉っぱの光が当たる効率というのを一つ出されていますよね。

【本多】1971年の樹木モデルの論文の数年後に、マイアミの植物園（Fairchild Tropical Botanical Garden）のJack B. Fisherという人が、自分の植物園でブランチングの分かりやすい木があって、実際の測定ができるので共同で研究しないかと手紙での誘いかけがあって、それによって文通で共同研究をしました（1976年頃）。リアルな一本の樹木を数個のパラメーター（ブランチングの角度と、それから枝の長さ、左右ありますから合計4つですよ。それと幹に関するパラメーター）で一本の樹木を書くという、そんな仕事でした。材料となったのはモモタマナ *Terminalia catappa* という木で、Fisherさんは、それを研究してたんです。僕とはとにかく写真で見ながらだけで、彼と論文をいくつか書きました。この一つが、分枝のパラメーターは樹木の葉が効率よく日光を捉えるように決まっているという論文です（1978年）。モモタマナには主幹軸があって、それが層をつくる。一つの層は、正確には輪生ではないけど、4本とか5本の側枝が輪状に出て、それぞれが枝分かれする。だから、その層を一層だけ取りだしたら、中心があってそこから放射状に枝分かれしたものができるわけですよ。そこに葉の付く場所は枝の節っていうことは決まっていますから、節にその葉が重なりながら付く。近似としては、多数の円盤が重なり合ったものになる。それが熱帯の近くで、光をほぼ真上から受けるわけですよ。枝分かれの角度を、広くするか、小さくするかで円盤の重なり具合が変わりますよね。一番重なり具合の少ないのがいいじゃないですか。それを確かめるためFisherさんが測定して、僕が計算したりしたら、実際に重なり方の少ない配置になっている、というような、そんな結果になって、二人とも大喜びでした。Scienceにちゃんと通って、元氣になりました [4]。

その後、ハーバード・フォレストに滞在中に（1979年）、Fisherさんのマイアミの植物園にも行って、現物も見るとか、いろんな測定したりしたことがあります。後でわかったことですがモモタマナは沖縄・那覇にどっさり植わっていました。

クンショウモと織毛虫

【三浦】Scienceの話が出たので、ちょっと、脱線かもしれないですけども、最近、生物学系の若手の人って、締め付けがきつくて、もう、パブリケーションが良くないとダメとかすごい圧力で言われるんですけども、今回調べてみたら、先生、Science、Cell、Nature、実は全部持っている。竹市先生と一緒に、Cell出されてましたよね [5]。あと、Natureも、すごい昔の論文で、

本多先生の名前が載っているのを発見したのですが、あれは何ですか？

【本多】話が長くなってしまうけどいいですか。今までだいぶ端折って来たんですけど。Natureのは繊毛虫についての論文なのですが、今から話すクンショウモの後に話します。

樹木の研究の頃に、農学部林学教室（四手井綱英先生）や理学部植物学教室を訪ねて樹木についていろいろなことを教えていただきました。林学には大畠誠一さんがおられて、地形学のホートンの法則という、河川の分岐パターンを解析する方法があるのですが、これを樹形の分岐パターンに応用されていました[6]。大畠誠一さんにはこの後もとてもお世話になりました。この他にも樹形のパイプモデル理論というのがあって、樹木の葉の一つ一つが細いパイプで根につながっていると想定し、パイプの束である枝の太さとその枝より先の葉の総量とには相関があると考えるモデルを教えてくださいました[7]。林学のなかで思いがけず魅力的な数理モデルを扱っておられるのに驚きました（ずっと後になりますが、国立環境研究所の竹中明夫さんが、林のなかの樹木の形について樹形モデルを使って数理的な扱いを行っておられます。[8]）。樹形のデータを持って行った理学部植物学教室では、堀田満先生がグラフィックスを見ながら「物理の人もよっぽどすることなくなったんやな、そんなことやるんか」とか言いながら温室みたいな所へ連れて行って、二股だけでできているシダ植物、マツバランを一本くれました。

樹木モデルには以上述べたようないろいろな反響があったのですが、ゲノムを形とをつなぐ趣旨からすると、対応する実験が身近にできる細胞スケールのものを研究対象にするのが好ましいと考えました。そこはね、今から思っても、いい選択やったかどうかはよく分からない。フィールド・ワークにしてもよかったのかもしれない。山歩きとか好きやったから。この後も林の中で樹皮の割れ目パターンのデータをとったり、樹形研究の共同研究者の八田洋章先生（国立科学博物館筑波実験植物園）のお誘いがあった2001年にはインドネシアのボゴール植物園に10日ほど寝泊まりして、巨大樹の板根を眺めたりはしています。

細胞スケールで研究対象になるものを図鑑などで探しました。図書館は理学部ではおもしろいものがなく、大学附属の総合図書館やらで、図鑑を見てたら、プランクトンのなかで結構面白い形のがいる。特にそこで多細胞の植物性プランクトンで、ピワクンショウモという緑藻類を見つけました。細胞壁を持っていますけれど、学名は *Pediastrum biwae* Negoro、根来健一郎の名前が入っていました。根来先生というのは野山を歩いていた頃に湖沼学の分野で知っていた先生です。先生のおられる琵琶湖湖畔にある京都大学大津臨湖実

験所に行ったんです。先生の話ではクンショウモが出るのは夏ごろである。しかし、この夏は出るのが遅くて、夏休みの終わり頃に、やっと出だした。で、根来先生もだいぶ心配されてたけど、ちゃんと生きたのを採集できて、物理教室の部屋で飼うと夜明けに増殖するんです。あとにはクローン培養もすることができました。クンショウモ、特に琵琶湖のピワクンショウモは、三角形が基本である細胞が16個とか32個、円盤状に並んで勲章のようなパターンを示します。緑色の美しいプランクトンです。よく観察すると多くの細胞は三角形タイプであるが、なかにはその一角がツノになった細胞（ツノ細胞）があり、ツノ細胞の数が個体によってまちまちである。勲章の周辺の細胞はほとんどツノ細胞になる。どうやら三角細胞とツノ細胞は遺伝的に細胞運命がきめられているのでなく、はじめは同じ細胞で、勲章の外側近くにあるか内部にあるかでツノ細胞か三角細胞か決まるらしい。このことを多数の個体を観察したり、個体増殖の過程を調べたりして明らかにしました。情報の節約の見本です。これが僕の博士論文です[9]。

クンショウモ研究のころに学術振興会研究員に採用されました。一年きりで待遇はいまほどよくなかったのですが、評価されたんだから元気は出たんですけど、結局、職はなくて、そのうちに、プランクトンの研究をしているということで、ドイツで（その頃は東西ドイツにわかれていた西ベルリンで）三宅章雄先生というブレファリズマ *Blepharisma* という繊毛虫（ゾウリムシの仲間やけど、また違うやつ）についていい研究をされて、マックス・プランク研究所におられる先生がいて、1年間、短い期間なら来ていいよということで、ドイツに行ったんです。

繊毛虫にはオス・メスでなく、メイティング・タイプがあって、タイプの異なるもの同士が接合します。三宅先生はブレファリズマのタイプの異なるものの間で接合を誘導する分子（ガモン）を明らかにされました。繊毛虫を顕微鏡でみていて、あれと思ってね。プレパレートに水滴を作って（中にブレファリズマが泳いでいる）、片側にこの誘導物質を置くとね、それに彼らは寄るんですよ、散らばってたのが。だから、誘導物質が接合させるだけでなく、泳ぐ方向を誘引する物質なんです。あの頃、もう、細胞性粘菌の誘引物質としてのcAMPの話は知られていました。細胞を誘引する物質なんで、アッセイはブレファリズマの数を数えたらいいだけなんですよ、三宅先生と相談して結果をNatureに出してみようかと。三宅先生は、Scienceが好きだったんですけどね。Natureに提出しました[10]。

【三浦】通ったんですか。

【本多】通った。この頃、cAMPの誘引物質や竹市雅俊さんの細胞接着分子が話題になりはじめた頃でしたが、この研究は生物種が大きく異なるからかあまり広まらなかった。

ずっと後になりますが、東北大学の研究者の方から、樋渡宏一先生（東北大学）っていう繊毛虫専門の先生と話してるうちに、繊毛虫でホンダという名前が出たけど、まさか本多さんとは違いますよね、と確かめられたことがあります。

【三浦】いや、やっぱり、直接お話をうかがうと、いろんなことが出てきますね。ちょっとびっくりしました。

Vertex dynamics

【三浦】今、先生の仕事で一番有名になっているのは、セルセンターのモデルから発展したバーテックスモデルですけども、この辺りの経緯に関してもお伺いできればと思うのですが。

【本多】ドイツに行く前に、元は大きな繊維の会社であった鐘紡株式会社で、癌の研究所を作るという話があったので日本に帰ってきて、そこに就職しました。その時に誘ってくれた動物教室（京都大学理学部）の小西喬郎先生はコンピューター使って生物をやってほしい。やがては、癌や癌細胞に関係したことにやってほしいけど、とにかく、今の研究を進めるのは構わないという格好で、で、ほんだら行きます、と約束してました。帰国して鐘紡ガン研究所に入ったのです。

やっぱり癌やからね、少なくとも動物細胞を対象にしないと、というようなことでいろいろ考えました。細胞っていうのは、一応、形は球のはずだろうけど、クンショウモもそうだったけど、組織の中の細胞は多角形で、大体、六角形が多い。これを物理的や数学的に研究に使えるかとは考えました。画数の分布がどうやとか、角度がどうやとかの研究はたくさんあったけども、あのときショックだったのが、多角形のパターンの平均値は、必ず六角形なんですね。トポロジーっていうか、数学的に決まってることなんだけど、そうだから多角形の角数が六角形、五角形、七角形の角数をどうのこうの、そういうこと自体は、そんな本質的でないことが多いん違うかというのがあって、別の見方を考えました。それでボロノイの方に行くんですけど。

空間のボロノイ分割は面白い。この名前のことは後々まで知らなかったのだけれど、頭に平面を描きます。ぼけっと、点と点があって、点が円に広がったとして、ぶつかったら、境界ができる。点が二次元面に並んでたら、境界は多角形になっていきますよね。その気になったら、この多角形を計算で求められるはずやと。点々があつたら多角形が描ける。それを自分で思いついたんです。すると計算機が使えるんですね。

使う幾何学は高校程度なんやけど、少しこみ入っているが一応計算できる。鐘紡の研究所は大学の大型計算センターが使えない、民間でアカデミックのところでなかったから。まだパソコン出現前で、コンピューターを、正式にはカタカナは使わず多くは「電子計算機」という時代です。オリベッティという会社の卓上の電子計算機、100万円ぐらいだったんですけど。記号、丸やら三角やら矢印やらの記号でプログラムを書いていくものなんですけどね、これを購入できました。プログラムをつくるのにもものすごく苦労したけど。一応、一年か二年か、相当長くかかったけどできました。点の分布があつたら多角形のパターンっていうのはできるようになりました。で、ちょうどその頃、京都大学の発生学教室で動物組織から取り出した細胞が、人工的に培養できる、細胞培養の技術が使えるようになっていました。動物細胞の形を培養皿で培養して調べることができる！

当時血清を使って、人工的に細胞を増殖するというのはそんな簡単なことじゃなかった。新しいことだったようです。このときに江口吾朗先生が名古屋大学から京都大学に移られてきました。培養皿で網膜色素上皮細胞やったら、きれいな多角形ができるって言われます。培養皿でも生体内と似たパターンが見られるというのです。肺上皮細胞とか、いろんな細胞が培養できる。その多角形になった細胞パターンの写真を安田國雄先生（のちに奈良先端技術大学学長）たちからもらって、写真から多角形をトレースして、ボロノイ・モデルと対応づけをしました。多角形パターンを点の分布で表すことができるようになりました。組織の中の細胞の消失は点の消去、細胞の増加は点の付加、細胞の動きは点の移動であらわすことができるようになったのです。

そうしてるうちに江口先生が透過型の高倍率電子顕微鏡で、上皮細胞のアピカル側（表側）の境界に沿って、筋肉でみられるようなアクチンフィラメントがあると言いだされました。普通の細胞にも、筋肉細胞でない細胞でもアクチンがあると言いだされてきた時期でした。

アクチンフィラメントはミオシンと共同して収縮力を発することが期待されるのですが、名古屋大学で、これが筋肉細胞でない上皮細胞でも実証されました。尾張部克志さん（当時名古屋大学におられ、心臓細胞の拍動を培養皿で実現されていました）は、やっぱり、名古屋大学ですから筋肉に強いんですね。筋肉の細胞をグリセリンやらで洗って、いらんもの全部落としても収縮装置はしっかり残るんです。そこにATPやら筋肉の収縮関連の試薬を入れると収縮します。多角形でできた上皮のシートにこの操作をやると、シートがボンと盛り上がり、ついには乱れてしまうんです。

よ。上皮細胞シートのアピカル側の境界は間違いなく収縮能があることが示されました。

普通、多角形細胞の境界はうねってないでピンと、まっすぐですよ。これ収縮してるんじゃない。それなら、頂点があってそれを結ぶ辺があった時に、その辺が強く縮んだらパターンはどうなるか？それで、多角形の面積は変えずに、頂点の位置を変えることで、頂点と頂点を結ぶ辺の長さの合計が短くなるような、そんな計算ができるはずやと。そういうアルゴリズムをつくりました。何十か何百とかの細胞でできたパターンで、ランダムにいろんな辺を選んで、コツコツコツコツとこの操作をやっていたらやがては全体として短い辺でできたパターンになるやろう。これを境界短縮操作 BS (boundary shortening) procedure とよびました [11]。これを使って、与えられた多角形パターンの辺長が、あまり縮まないか縮むかが区別できるようになりました。上皮細胞パターンはほとんど縮みません。辺を収縮させる装置があるからです。上皮細胞でない軟骨細胞やガン細胞は大きく縮みます。これはこれまでにないガン細胞を区別できる方法になるかも知れません。

この話をいろんな研究会でしゃべっていました。物理の人やらの集まる研究会が、九州・博多の志賀島であって、そこに九州大学からの発表で、多角形がバーンと出てくるんですよ。びっくりしたらそれは泡のパターンでした。で、それをやっていたのは川崎恭治先生（九州大学）のグループの長井達三先生という方でした。泡のパターンも多角形パターンなのだけれど、合金もまたそうなんです。合金の固化では、結晶のきっかけが点々と起こるわけで、それぞれの点で原子の特有の配列方向がきまると、成長した結晶同士がぶつかるところに配列方向の違いで境界ができる。合金っていうのはその拡大は多角形パターンですよ。合金とか石鹸の泡とかの研究分野では既にもう、そんなモデルがあったんですよ。これをバーテックス・モデルといわれていたんですが、ということで、バーテックス・モデルで細胞パターンと一緒に研究しましょうっていうことで長井先生と共同研究を始めました。

話が前後しますが、ボロノイのことですけども。僕が細胞のボロノイ・モデルを作って、まだ発表する前に生物物理学学会年会に行ったら、統計数理研究所の種村正美さんと長谷川政美さんが動物の縄張りのパターンで、多角形のパターンをどーんと出してるんですよ。これ何？って言うたら。これは昔から知られているボロノイのパターンやと。ちゃんと名前がついてる。もっときっちり調べたら、二次元パターンでは Voronoi より Dirichlet の方がずっと古い。僕はよく理解できてないけど、代数学の基礎の数論で、いろんなことを証明する時に、範囲をきめるのにのにあいうドメインを使うらしいですね。それを二次元でやってるのが

Dirichlet で 1850 年です。20 世紀になってから（1908 年）、Voronoi がもっと一般に三次元で。実は種村さんご自身もボロノイのことを知らずに自分でモデルを作ったんだって。似たことが期せずして起こる面白い時代でした。

【三浦】そうなんですか。三村昌泰先生も自分で Turing instability をみつけたと言っていましたし、割とそういうことがあるんですね。私が聞いた話では、自分で見つけて、Oxford で話したら、James Murray さんに、それは何十年前に Turing が見つけていたと指摘されたとお話されてました*。

【本多】そうですか。三村さんは Murray さんのところに留学して、そこで仕入れたんだと、僕は思っていました。いや、すごいですね。日本でそういういろんなことを独立に自分で思いついていた。一番でなかったって、自分で思いついたっていうのは、いいですよ。自信や励みになります。

【三浦】ちょっと、また脇道にそれてしまったんですけども、まずボロノイの話をされてから、あと上皮細胞が収縮する要素が入って、ちゃんとエッジとかをきちっと明示的に記述して、これを縮めるバーテックスダイナミクスになったということでしょうか。

【本多】そうです。ちょっと順序がガタガタしたけど、ボロノイ・モデルの論文は、僕はわざわざディリクレ・モデルって言っていましたけど、そこで研究が一つ仕上がってるんです [12]。

その後の境界短縮操作は、今から思ったら広い意味では、バーテックス・モデルですよ。はじめのディリクレ（ボロノイ）・モデルはセルセンター・モデルで、細胞の中心の位置に注目してつくった。で、バーテックスに注目して、そのつなぎの辺で作って、収縮を考えたのが境界収縮のモデルです。その後、長井さんたちとで、バーテックスダイナミクスにした細胞モデルです。微分方程式にして凄くエレガントに計算できるようになり、それでわーっと広がったという感じです。境界短縮とバーテックスダイナミクスには論文では年代に大きな差があるんです。長井さんとの仕事（バーテックスダイナミクス）は、そんなに論文に慌ててするほどの、っていうようなこともあったから、ずっと使ってはいいましたが、ちゃんとした論文には、なかなかしなかって、2001 年にやったと思いますね [13]。それで、境界収縮短縮モデルは、1980 年代にはもうやってたと思いますからね。生物の細胞でないバーテックスダイナミクスで言えば、合金の研究とか、石鹸膜の研究とかがあります。生物の細胞の数年前に川崎先生らの研究があります。そんな関係です。

*2003 年ごろに Leiden の学会で聞きました。

頂点と辺の振る舞いについて一つ大事なことがあります。境界短縮操作をやっていると、辺が短くなってなくなり2つの頂点が1つになってクロスした“X”パターンができることがあります（モデルで辺のつなぎ換えを人為的に起こすと、さらに境界の短いパターンができます）。これが実際の動物の多角形細胞パターンでも起こっているのです！眼科医の荻田洋二先生たち（当時、鐘紡病院・神戸）は、スペキュラーミクロスコープという液浸顕微鏡の対物レンズを眼の角膜にあて、角膜内皮細胞を生きたまま観察することができました。これをネコの眼に使い、角膜内皮細胞を3ヶ月あまり粘り強く観察されました。細胞が動くところで細胞境界のつなぎ換えである“X”パターンが撮影できたのです。1982年という昔に哺乳動物の生体中の生きた細胞で辺のつなぎ換えが実証されました[14]。Vertex dynamicsでT1とよばれる変換です。

もうひとつ忘れないで言っておきたいことだけれど、境界短縮モデルの時に、ここでの頂点ってなんやという問題がありました。僕は手細工で多角形パターンの模型を作るのに、金属の小さなリングを使い、それにそれぞれ3つの閉じたゴム輪を通しました[15]。リングにあたるもんは何や？分からないまま、ずっときたんだけど、今から15年ぐらい前かな、古瀬先生たち（当時、神戸大学）を知りました。

【三浦】月田承一郎先生のところのグループですね、古瀬幹夫先生。

【本多】古瀬先生たちが tricellulin と名付けた膜蛋白で、多角形細胞パターンの頂点にだけ、ぽつんとある。そういう具体的な物質がある（その後 tricellulin とともに angulin-1 などが働いていることが明らかにされました[16]）。そこにタイトジャンクションやらの膜蛋白が繋がって、3つの膜が合わさっている。その元締めしているというのを具体的に見つけた。で、僕が神戸大学に来た時に古瀬先生にお会いして、一番に、頂点に具体的な物質があるんですよって教えられてびっくりしたんです[17]。だいたい生物の理論って実験の後追いなんですよ。実験をした人のアイデアがあって、それをあとで数式にできるんだとか、モデルでつくれたとか、そんな感じ。でもこの頂点は、理論でこんなものがあるはずやとか、なければ後で見つかるという筋になって、ちょっと嬉しかったです。

実験に先んじた例はもう一つあります。2種の細胞が互い違いに並んで市松模様を呈する組織がトリの輸卵管上皮にあるのですが、これは異なる細胞同士が同じもの同士より強く接着していることを理論としては示唆しているのですが[18]、この考えは接着分子カドヘリンだけでは説明できません。この接着の実体は長年謎だったのですが富樫英先生（現 奈良医大）が、いくつかのタイプのネクチン分子を研究され、異なるタ

イプのネクチン分子の結合がカドヘリンによる強い接着を誘導することを示されました[19]。トリの輸卵管上皮にもこれが働いていれば説明できると考えています。

異分野の共同研究

【三浦】今まであまり話が出ていないんですけれども、僕が知っている先生方と割と共同研究されていますね。例えば九大の今山修平先生の皮膚の話とか、バーテックスでエッジが曲がるような話で秋田県立大（現 佐賀大学）の石本志高さんとも共同研究されたりしてますよね。

【本多】石本さんは二次元バーテックスダイナミクスの辺が直線ではなく曲線、円弧になるのかな、その細胞モデルを作った人で、理研におられるときに知り合いました。僕たちのバーテックス・モデルは辺がまっすぐでなければならないという弱点があり、石本さんののはこれ乗り越えています。秋田にも一度二度訪ねたことがあります。

それから皮膚科の今山修平先生は、ボロノイモデルを皮膚形成に応用した研究に関してです。ボロノイを作ったときに細胞を点で表しているのなら、皮膚の重層扁平上皮組織形成を点の並びとみなせる。層になっている一層は層内の点の配置なのだけれど、下の2段目の層の点は、上の細胞（点）が影響してるはずやと。上の細胞の点の充填の一番すいたところに下の細胞の点がきまる、それを繰り返していけば点の並びに秩序ができ、等間な細胞がきっちり並んだ配置になるという仕事をしたんですよ。それが Journal of Theoretical Biology に出て[20]、それを今山先生が外国にいるうちに見つけて、僕の所属が鐘紡やったから、帰国後にカネボウ薬品の人やらに話しつけて、ホンダというのの一回会いたいと名指ししたのが始まりです。

【三浦】このお二人をなぜ挙げたかということ、お二人方も個性が強烈で、共同研究しようとしても僕だとなかなかできない。先生、そういうのをうまく回しておられるのはどうやってるのかなと思って。

【本多】今山先生には自分の技術に基づいた自信と広い興味がありましたね。電顕やらの観察の技術に秀でてられておられます。それと皮膚のハリとかキメとかシミとかを具体的なもの、弾性に関与する分子や微細な表面構造や色素細胞などに対応づける努力をされました。例えばエラスチンの多少や分布と弾力性や老化との関係。化粧のやり方でピーリングって、皮膚の一番外側を処理すると綺麗な皮膚になるとかいうことに対する問題とか、そんなことですからごく熱意を持っておられましたね。僕の形やパターンの興味と呼応しました。今山先生と僕は、種村正美先生と統計数理研究

所の共同研究のプロジェクトやらもつくったりしてました。また、今山先生の仲介だったのですが、旭川医大に皮膚科の飯塚一先生がおられて皮膚真皮のパピラ構造の共同研究もできました [21]。また香川医大の沼原利彦先生は皮膚のランゲルハンス細胞の分布のボロノイパターンでの解析をされています [22]。今山先生の関連で他の人たちとの関係が結構広がってましたね。

【三浦】境界領域の研究って最初に文化の違いとかで揉めることが多いんですけども、そういうのあんまり先生だと感じないので、なぜだろうと思って。

【本多】割合相手の先生も心得られてたのかな。ご自分の学会か何かで企画したシンポジウムの時に喋るとか、そんな機会も作ってもらったり色々したけど。あと、分担がすごくはっきり分かれてたから、内容からいって分けざるを得ない。両方とも相手の分野には完全に素人やから。たとえば物理の長井先生は生物学についてはこちらにまかせっきり。でも、長井先生はAlbertsの『細胞の分子生物学』を後では読んでおられましたね。

血管網のリモデリング

【三浦】あともう一つ、私の仕事の関係に近いので取り上げたいんですけど、血管網の形成に関してもかなり初期の段階にされてますよね [23]。ニワトリの卵黄嚢で、血管網の血管で使われたところが太くなるっていうことで樹状構造が作れるっていう、あれはどういったきっかけで始まったんですか。

【本多】あれははじめるまえに、使われるところがますますしっかりするという合目的的な現象があるということはどうからか聞いていて、それに興味持っていました。簡単にわかるのは何処かと思い、夏休みの理科研究じゃないけど、鳥の有精卵に穴を開けると血管がだんだん卵黄の上広がっていくのが見えるでしょう。それを初めから見たらええやんと思いました。

研究所ではウズラを代々飼育するということを10年くらいやってた。卵を産むとか早く成熟するとかいうウズラをより分けて代々育てていったらどうなるかというようなことをやっていた。まだそれが残っていました。で、ウズラの早く成熟する系統ができていたことを確かめたんですよ。長年にわたる研究です。で、動物学会の論文 [24] で1988年度動物学会賞を受けたんですよ。

【三浦】それも全然知らなかった...

【本多】そんなわけで、受精卵を何十個か準備するのはもう軽いもんなんですよ。とにかく穴開けて撮影装

置つきの実体顕微鏡で記録して、撮影中に温度が下がるからすぐにまた培養器に戻してね。それを10個とか20個とかずっと見続けることをやったんですよ。ほんだら大体は死んでしまうんですけどね、20個ぐらいやったら2個か3個は血管が張りつめたりするまで育つんですよ。それを写真記録してどの血管がどうなるか見たんです。

一番はじめは血島ってよばれる赤い点々ですよ。この時期は穴を開けたらね全部死んでしまいましたね。だから血島がちょっと張り出すっていうあたりから記録に残り、ブランチングができて卵黄の半面ぐらい血管で覆ってしまうまではずっと撮れたんですよ。はじめは点で、それが点から突き出てきて隣の点と融合してネットが出来る。ネットの時には管の太い細いっていうのはあんまりないんだけど、心臓が鼓動をはじめ血流が始まると、心臓に近い方から遠い方へとでだんだん枝分かれしていくんですよ。網目が枝分かれになるのは、網目のいくつかの管が途切れてなくなるからです。で、現物を見て、確かに細いのがどんどん太くなったり、または細くなりなくなっていくというのが、もう目に見えるんですよ。

記録がそこまでできて、どうしようかということで数理モデルをつくりました。点の分布に基づいてボロノイの多角形パターン、即ちネットワークを作りました。これを電気回路とみたと、心臓の位置とそれから遠い周辺をきめ、それぞれ高電圧、低電圧の場所にしました。はじめはどの導線の抵抗値も同じにして、キルヒホッフの方法を使い電流を求め、よく流れるところの導線は抵抗値を下げてまた電流を求めました。このような操作をコツコツコツコツやっていったら、よく流れるところがますますよく流れて太くなるという現象を示すことができました。この話、小林亮さん（広島大学）が結構気に入ってくれて、洗練されたシミュレーションで図ができていたと思います。

この研究を生物関連の集まりで話したら、思いがけない反発がありました。

【三浦】そうですか。

【本多】血管なんてそれぞれの血管にしっかり名前がついてるちゃんとしたもんですよ。そんなものははじめから決まってるはずだという。そんなんが、流れる流れないというランダムなプロセスからできるなんて、そんなこと考えられる？ というような、そんな異論がすごくありましたね。

今から考えるともっと強く説明すればよかったと思うのは、脳梗塞やら、心筋梗塞でもええんかな、その時、バイパスって自然にできると聞いています。そこが詰まったり、通りが悪くなったら、周辺の細い血管や毛細血管がその流れを請け負うようになって、そのうちのどれかがまたしっかりして・・・ということで、

*動物学会に連絡して確認しました。本当でした。

バイパスができるというのははっきりしていると思います。キルヒホッフの方法を使ったシミュレーションはそれを端的に表していると思うのですが。

【三浦】最近、遺伝子ではやれることがだいぶなくなってきて、メカノバイオロジーがまた復活して、血管も、光硬化樹脂で一部詰まらせて、バイパスの形成を誘導するような研究があります。うちの准教授もちょっとそういうのやろうとしたりしてました。この見方ってやっぱり、脈々とずっと続いているという感じはありますね。

【本多】生物を自動機械みたいにみる見方は、もう今は同意してもらえてええんかもしれんけど、30年、40年前には発生物学やる人には生き物ってそんなもんでないですよっていう感じが、相当あったん違うかなと思う。血管のブランチングの論文 [23] は、日本の発生物学会の機関誌 DGD で出版したのですが、査読者の評価は好ましかったみたいです。しかし他のいくつかの雑誌ではダメでした。Journal of Theoretical Biology も断られてね。その頃のエディターは、血管やったら実験だから、実験の人たちの判断に重点をおいたのかも。僕は緻密な観察結果をつけて出してたんですけど。使われるものが使われてますます使われるというポジティブフィードバックのアイデアを評価してくれるエディターがいなかったように思う。

再び黎明期の話

【三浦】もう一回、歴史の話に戻るんですけども。1990年代数理的研究に冷たかったっていうのは、僕自身も体験したから、一応存じ上げてるんですけども。先生が研究を始めた時代では、理論研究というのは、もう少し受容されてたんでしょうか。

【本多】発生物学関連の生物学で理論研究が受容されていたかどうかを、その関連の雑誌が数理的な内容を含む論文を掲載するかどうかでみると、ほとんど受容されていなかったと思います。理論的な研究はずっと続いていたのですが。

生物形態を数理的に扱った研究の歴史を、僕の頭の中にあるもので振り返ってみると、D'Arcy W. Thompson の著書 “On Growth and Form” (1942) があります。これは数理を目的にした本でなく、生物形態研究に必要な数理的扱いもいとわないという立場だと思います。そのずっと後に、Conrad H. Waddington を中心とした主に動物を対象にした理論研究があり、書籍として “Toward a Theoretical Biology” (1972) として出版されています。Ciba Foundation Symposium (1969) に基づいた編著です。このあとも続いたと思います。Lewis Wolpert や Brian Goodwin たちの活躍や、フレンチフラッグ・プロブレムなどのモデルが見られまし

た。僕の樹形ブランチングや多角形細胞パターンの研究は時期としてはこの頃にはじめていますが関連していません。細胞パターンやブランチングに関連してはそれぞれ Richard Gordon や Aristid Lindenmayer (L-system) がいました。Richard Gordon は上皮細胞の多角形パターンの研究を1982年に行っています [25]。またこれらとは別に、反応拡散系のチューリングモデルの生物パターンへの応用もありました [26, 27, 28]。

しかしこのような数理的研究は、実験を中心とした発生物学関連の雑誌には受容されていなかったように思います。例外は George Oster たちです。Dev. Biol. に、神経管形成の数理をしっかりと載せています [29]。彼は USA の発生物学会に根をおろした人で実験も理論もできるようだったです。僕も自分の研究をちゃんとわかるように記述すれば、一般的な生物学の雑誌に掲載の可能性はあると信じて投稿をつづけ、やっと市松パターンの研究が Development (当時 JEEM) に載りました [18]。その巻のトップページの論文でした。このあとしばらくして少し雰囲気がかわり数理も認められるようになり、哺乳類胚盤胞形成の論文は本文中に偏微分方程式がはいっていても問題なく載りました [30]。

歴史のはじめに戻ります。もともと生物の形を数学を役立てながら研究したいと思っていた自分には、“On Growth and Form” はすばらしい本だった。ところがこの本を知ったきっかけは皮肉にも、「分子生物学」をこのまま進めても形につながるとは思えなくなったその「分子生物学」研究の中心的な雑誌 Journal of Molecular Biology だったんです。分子生物学研究の流れが DNA 複製の後、メッセンジャー RNA や tRNA が働くタンパク質合成系に移ったころの JMB でした。図といえど多くはタンパク質分子の原子配置だったと思います。それを繰り返していると突然ヒマワリの花の大きな図が飛び込んできた。J. D. Bernal の生物の形のシンメトリーに関する論文だった [31]。ここに “On Growth and Form” が言及されていました。この本を知って図書館で探したら、植物教室だったか動物教室だったかの図書室の薄暗い棚にちゃんとありましたね。見たら泡やら貝殻やいろんな形、今まで形について思っていたことがいろいろ書いてあるような感じがしてね。ちょっと嫌になって、あんまり真面目にはそれを読んでそれから進めようというようなことはしなかったけど。自分が研究することが載っていないことを確かめることはあったかな。

【三浦】それもちっと意外でした。先生だともう研究始めた時点で D'Arcy Thompson の話とかは知ってやられるのかと思ってたんですけど、そうなんですか。

【本多】多分樹形やクンショウモの時には知らなかった。いや分からんな、あとで樹形があるかなと思ってチェックしたことはある。だいたい似た頃ですね。世の中にこんな物理で形とちゃんと結びつける人っているのは後々頭に残りました。イギリスの Leicester 大学にシンポジウムに招かれて行ったことがあるんですけども（1984 年）、その時イギリスの本屋さんで Thompson の本をちゃんと買いました。2 分冊になってたな。

【三浦】先ほど冷たかったという表現をおっしゃったのでそれを使って、時代と温度でプロットすると、僕ら 90 年代から 2006 年でこう $\nearrow$ 上がったことぐらいしか知らないんですけど、その前の時代はどうでしたか？

【本多】さきほども言いましたように、理論的研究はあちこちでずっと出ていたと思いますが、理論とか数理とかただし書きのつかない発生学関係などの雑誌での受け入れには、温度差があったということでしょうか。論文を書くときに数理の部分は付録にまわしたり、いろいろ工夫しましたね。いまは数理がはいった方が受け入れられやすいかも。

おわりに

【本多】最後にいま思っていることを述べさせてください。僕はいろいろな形がおもしろくて「形の科学会」に所属しています。そこで気がついたのですが、形の研究には研究者に共通の目標がありません。これはこれでいいのですが、僕はひとまず研究対象を生物の形に絞っています。そうすると、ゲノムが形づくりに関わっているはずで、ゲノムが形にかかわる道筋を明らかにしたいという目標がでてきます。ゲノムからいろいろなタンパク質分子ができて、その集合や働きで巨大な分子集合体や細胞ができる道筋は、分子生物学と細胞生物学が明らかにしつつあります。その細胞が構成単位として集まって多細胞の生物ができる、すなわち形の構成単位から形が組み立てられる道筋の解明には、数理モデルが必要と考えて、僕はこの部分を研究しています [32]。個々の細胞が力を生じ、その方向性をきめるシグナルを発する機構まで分子生物学・細胞生物学で明らかになりつつある今、細胞集合体が伸長などの変形や、複雑な形態形成であるネジレやループ形成まで数理モデルをつかって理解できるようになってきました [33]。生物学が数理的研究を受け入れるようになってきたのは、分子生物学・細胞生物学の当座の役割が完成しつつあって、つぎの段階に目を向けるようになったためとみてよいかと思います。この数十年の生物学の進歩を目のあたりにできて自分はとてもラッキーです。いい時代に生まれあわせてありがたいと思っています。生物学に数理は必須だと思っています。

【三浦】そういう数理モデルの地位が、先生方みたいな先達がいる、今から 20 年前ぐらいに、だんだん潮目が変わってきて、確立されたというのは、僕らもすごい恩恵を受けていて、普通に分子生物学系の人が、こういう話を聞いてくれたり取り込んだりしてくれる。いろいろと先生方の流れのもとに、われわれもいるということで、感謝を申し上げます。ということで、長時間お付き合いいただき、ありがとうございます。

【本多】いや、ほんまにながながと言いたいことを言ってしまうと、どうも失礼しました。お忙しいところこのような企画をありがとうございます。

共同研究者の声

日頃の語らいに育まれた理論と実験の融合 富樫 英（奈良医大）

本多久夫先生と初めてお目にかかったのは、恩師・竹市雅俊先生から紹介いただいたのがきっかけだったと記憶している。時期は、ちょうど私が内耳の細胞に見られる市松パターンの形成メカニズムを論文にまとめた 2011 年頃であった。ウズラ卵管上皮を題材に展開された本多先生の市松パターン形成理論に示唆を得ており、ぜひ一度お会いしたいと願っていた折であった。実際にお話すると、本多先生の語り口は穏やかで温かく、私が抱いていた「厳格な理論家」という印象とは良い意味で異なるものであった。本多先生と竹市先生がともに江口吾郎先生の薫陶を受けられていたことも、私にとって親しみやすさを感じさせる一因であったかもしれない。

当時、私は嗅上皮組織のパターン形成に強い関心を抱いていたが、その折に「細胞選別の数理的枠組みを嗅上皮に応用できるのではないか」との着想をいただいたことを契機に、神戸大に移ってこられた本多先生と共同研究を進めさせていただくことになった。先生は数理モデルの構築とシミュレーション解析をご担当くださり、私たちは頻繁にディスカッションを重ねた。とはいえ、研究の議論と同じくらい、学生食堂で昼食を一緒にした際の雑談が楽しかった。先生の注文はいつも決まっとうどんであった。食事を共にしながらの何気ない雑談は、自然現象から歴史や旅行にまで及び、研究を離れた時間にも先生の知的好奇心と幅広い視野を感じ取ることができた。

こうして進められた研究は、嗅上皮のモザイク形成メカニズムの解明へと結実し、その成果は J. Cell Biol. (2016 年) に発表された [34]。論文作成の過程で特に印象的であったのは、理論家である本多先生が、計算に一晚を要するシミュレーション結果を待ちながら、次の計算条件を練り上げ、まるで実験家さながらに試行錯誤を繰り返しておられた姿である。先生の姿勢は、

理論と実験は異なる手法を用いながらも、その営みの本質は共通しているのだと強く実感させてくれた。

研究の場面以外でも、本多先生との思い出は鮮やかに残っている。京都で開催された発生学会の折、白川の疎水べりを歩きながら岡崎で疎水の合流地点に差し掛かると、「ここでカルマン渦が見える」と案内してくださった。水面に現れる渦の連なりを眺めながら、自然現象の美しさと、それを解き明かす数理の力の双方を改めて感じるひとときであった。こうした散策や雑談にも、研究者としての感性や広がり学ぶ機会があったと思う。

現在も本多先生との共同研究は進行している。先生の指摘は、いつも実験だけでは気づきにくい視点からの洞察を与えてくれる。意外と知られていないことだが、学生時代に実験研究に取り組まれていた経験が、現在の数理的アプローチにも生かされているように思う。私は先生との気さくな語らいを通じ、理論と実験が調和して進展する研究の楽しさを体感できた。今後とも共に新しい知を切り拓けることを願っている。

私も本多先生のようにになりたい

石本 志高（佐賀大理工）

忘れもしない 2014 年度。年度末に向けて大変忙しい時期でした。所属していた理研 CDB は某事件の影響で解体的再編を余儀なくされ、異動できる人は異動を！ というセンター長の掛け声の下であちこちを奔走していた最中、当時神戸大におられた富樫英さんに「議論できないか」とお声がけいただき訪ねると、そこに本多先生がドンと待ち構えておられました。「えっと、僕、いらないんじゃないかな？」と感じた打ち合わせが、なぜか本多先生との共同研究の端緒となりました。本多先生の包容力はまさに 4 次元ポケット、と思ったことを思い出しながらこの文章をしたためています。ちなみに私の学術的背景は物理学ですが、4 次元ポケットは漫画のアレです。

共同研究は、嗅上皮にひそむ複数の細胞接着分子がどのように作用してモザイクパターンを作るのか？

を解き明かす研究 [34] でした。本多先生と私が共著者に入るものなので当然ながら、細胞接着分子の働きを力学的に表現し、それらの作用の違いを実験と理論の両面から攻め、パターンをロバストに形成する条件を導き出す、というものでした。理論のベースはパーテックスモデルを用いてほぼ本多先生が終えられており、懸念は、多くの細胞形状が湾曲していたため、私が拡張したバブリーモデルでないとまずいのではないか、という点でした。計算と議論の末、定量的にも概ねパーテックスモデルで問題ないとなり、じゃあ私がシミュレーション回しますね、というと、本多先生は、もうやりました(笑)、と応えられました。タケコプターで無理やりゴールまで連れて行かれたような気

分になったのも、今となっては良い思い出です。ちなみにリアルにタケコプターで飛ぶと首の骨が折れると思います。

論文を進めている間に私の所属も変わり、学務も増え、役職も変わり、仕事に追われる日々を過ごしていたところ、あるとき突然本多先生から「議論しに行きたいんだけどいい？（意識）」とご連絡をいただき、ほどなく秋田県由利本荘市という鄙びた場所まで足を運んでいただき、当時関連研究をしていた学生と膝をつきあわせて丸一日議論させていただきました。「仙台まで来る用事があったから、ついでに」というにはかなり遠い場所です。恐縮しつつも、その行動力や好奇心の旺盛さに今も変わらず感銘を受け続けています。

思い起こせば初めて神戸の理研に赴任した年、2012 年の初夏、私がパーテックスモデルを知っていじり始めた頃に、同僚に突然「後ろにいるのが本多先生だよ？」と言われて驚いて振り返ると、そこに笑顔の本多先生がおられました。業界の権威にも関わらず「権威」という言葉とはほど遠い佇まい、考え方、行動力。その後、各地の様々な学会や研究会でお会いし、世界中のいたる所にファンがいることを知っています。これからも、研究の楽しさをドラえもんのように振りまきつつ、私を含め世界中の研究者を魅了し続けてくださるのだと思います。

参考文献

- [1] H. Honda. Formation of the complex between CCA-enzyme and transfer RNA. *Biochim. Biophys. Acta.* **195**(2), 587–589 (1969).
- [2] A Lindenmayer. Mathematical models for cellular interactions in development. II. Simple and branching filaments with two-sided inputs. *J. Theor. Biol.* **18**(3), 300–315 (1968).
- [3] H Honda. Description of the form of trees by the parameters of the tree-like body: effects of the branching angle and the branch length on the shape of the tree-like body. *J. Theor. Biol.* **31**(2), 331–338 (1971).
- [4] H Honda and J. B. Fisher. Tree branch angle: maximizing effective leaf area. *Science.* **199**(4331), 888–890 (1978).
- [5] T. Nishimura, H. Honda, and M. Takeichi. Planar cell polarity links axes of spatial dynamics in neural-tube closure. *Cell.* **149**(5), 1084–1097 (2012).
- [6] S Oohata and T Shidei. Studies branching structures trees. I: bifurcation ratio trees Horton's Law. *Jap. J. Ecol.* **21**(1-2), 7–14 (1971).
- [7] K. Shinozaki, K. Yoda, K. Hozumi, and T. Kira. A quantitative analysis of plant form-the pipe model theory : I. Basic analyses. *Jap. J. Ecol.* **14**(3), 97–105 (1964).

- [8] A. Takenaka. A simulation model of tree architecture development based on growth response to local light environment. *J. Plant Res.* **107**(3), 321–330 (1994).
- [9] H Honda. Pattern formation of the coenobial algae *Pediastrum biwae* Negoro. *J. Theor. Biol.* **42**(3), 461–481 (1973).
- [10] H. Honda. Taxis to a conjugation-inducing substance in the ciliate *Blepharisma*. *Nature.* **257**, 678–680 (1975).
- [11] H. Honda and G. Eguchi. How much does the cell boundary contract in a monolayered cell sheet? *J. Theor. Biol.* **84**(3), 575–588 (1980).
- [12] H. Honda. Description of cellular patterns by Dirichlet domains: The two-dimensional case. *J. Theor. Biol.* **72**(3), 523–543 (1978).
- [13] T Nagai and H Honda. A dynamic cell model for the formation of epithelial tissues. *Philosophical Magazine B.* **81**, 699–719 (2001).
- [14] H Honda, Y Ogita, S Higuchi, and K Kani. Cell movements in a living mammalian tissue: Long - term observation of individual cells in wounded corneal endothelia of cats. *J. Morphol.* **174**(1), 25–39 (1982).
- [15] H Honda. Geometrical models for cells in tissues. *Int. Rev. Cytol.* **81**, 191–248 (1983).
- [16] M. Furuse, Y. Izumi, Y. Oda, T. Higashi, and N. Iwamoto. Molecular organization of tricellular tight junctions. *Tissue Barriers.* **2**(3), e28960 (2014).
- [17] J. Ikenouchi, M. Furuse, K. Furuse, H. Sasaki, S. Tsukita, and S. Tsukita. Tricellulin constitutes a novel barrier at tricellular contacts of epithelial cells. *J. Cell Biol.* **171**(6), 939–945 (2005).
- [18] H. Honda, H Yamanaka, and G. Eguchi. Transformation of a polygonal cellular pattern during sexual maturation of the avian oviduct epithelium: computer simulation. *J. Embryol. Exp. Morphol.* **98**, 1–19 (1986).
- [19] H Togashi, K Kominami, M Waseda, H Komura, J Miyoshi, M Takeichi, and Y Takai. Nectins Establish a Checkerboard-Like Cellular Pattern in the Auditory Epithelium. *Science.* **333**(6046), 1144–1147 (2011).
- [20] H Honda, T Morita, and A Tanabe. Establishment of epidermal cell columns in mammalian skin: computer simulation. *J. Theor. Biol.* **81**(4), 745–759 (1979).
- [21] H Iizuka, H Honda, and A Ishida - Yamamoto. Epidermal remodelling in psoriasis (III): a hexagonally-arranged cylindrical papilla model reveals the nature of psoriatic architecture. *J. Dermatol. Sci.* **21**(2), 105–112 (1999).
- [22] T. Numahara, M. Tanemura, T. Nakagawa, and T. Takaiwa. Spatial data analysis by epidermal Langerhans cells reveals an elegant system. *J. Dermatol. Sci.* **25**(3), 219–228 (2001).
- [23] H. Honda and K. Yoshizato. Formation of the branching pattern of blood vessels in the wall of the avian yolk sac studied by a computer simulation. *Dev. Growth Differ.* **39**(5), 581–589 (1997).
- [24] H Honda, T Oishi, and T Konishi. Comparison of reproductive activities between two Japanese quail lines selected with regard to photoperiodic gonadal response. *Zoological Science.* **4**, 135–144 (1987).
- [25] M. B. Stein and R. Gordon. Epithelia as bubble rafts: a new method for analysis of cell shape and intercellular adhesion in embryonic and other epithelia. *J. Theor. Biol.* **97**(4), 625–639 (1982).
- [26] A Gierer and H. Meinhardt. A theory of biological pattern formation. *Kybernetik.* **12**(1), 30–39 (1972).
- [27] H. Meinhardt. Models of biological pattern formation. en. San Diego, CA: Academic Press, Sept. 1982.
- [28] J. D. Murray. A Pre-pattern formation mechanism for animal coat markings. *J. Theor. Biol.* **88**(1), 161–199 (1981).
- [29] G. M. Odell, G. F. Oster, P Alberch, and B Burnside. The mechanical basis of morphogenesis. *Dev. Biol.* **85**(2), 446–462 (1981).
- [30] H. Honda, N. Motosugi, T. Nagai, M. Tanemura, and T. Hiiragi. Computer simulation of emerging asymmetry in the mouse blastocyst. *Development.* **135**(8), 1407–1414 (2008).
- [31] J. D. Bernal. Symmetry of the genesis of form. *J. Mol. Biol.* **24**(3), 379–390 (1967).
- [32] H. Honda and T. Nagai. Mathematical models of cell-based morphogenesis. en. 1st ed. Theoretical Biology. Singapore, Singapore: Springer, June 2023.
- [33] H. Honda. Left-handed cardiac looping by cell chirality is mediated by position-specific convergent extensions. *Biophys. J.* **120**(23), 5371–5383 (2021).
- [34] S. Katsunuma, H. Honda, T. Shinoda, Y. Ishimoto, T. Miyata, H. Kiyonari, T. Abe, K.-I. Nibu, Y. Takai, and H. Togashi. Synergistic action of nectins and cadherins generates the mosaic cellular pattern of the olfactory epithelium. *J. Cell Biol.* **212**(5), 561–575 (2016).

事務局からのお知らせ

数理生物学会ニュースレター編集部

2025 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: 2025 年 7 月 10 日 (木) 15:00–16:00

場所: 京都テルサ・テルサホール

総会に先立ち、新たに会長に就任した山内淳氏（京都大学）から挨拶がありました。引き続き、守田智氏（静岡大学）が事務局より議長として推薦され、承認されました。2025 年度の議事概要については、以下の通りです。

議題

(1) 2024 年度決算、2025 年度予算執行状況、2026 年度予算案

2024 年度事務局会計幹事瓜生耕一郎氏（東京科学大学）から、2024 年度決算について説明ののち、2025 年度会計幹事の川口勇生氏（量子科学技術研究開発機構）から、2025 年度予算執行状況と 2026 年度予算案について説明がありました。説明に続いて、2024 年度決算、2025 年度予算執行状況、2026 年度予算案が承認されました。詳細は本章末 p18 および p19 を参照してください。

(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三浦岳氏（九州大学）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) ACMB-JSMB2025 開催報告

2025 年大会 (ACMB-JSMB2025) の大会委員長である望月敦史氏（京都大学）から、開催報告がありました。

(2) 2026 年大会の準備状況

2026 年大会の大会委員長である齋藤保久氏（島根大学）から準備状況について報告がありました。

(3) 2027 年大会の開催場所

事務局より、2027 年大会の大会委員長を佐藤一憲氏（静岡大学）が引き受けてくださるとの報告があり、続いて佐藤氏よりご挨拶いただきました。

(4) 2025 年度（第 20 回）研究奨励賞受賞者

事務局より、2025 年度研究奨励賞受賞者として岩波翔也氏（名古屋大学）が決定したことが報告されました。

総会の後、昨年のご都合により受賞公演が行えなかった柴崎祥太氏（同志社大学）および本年の受賞者の岩波氏に受賞講演を行なっていただきました。

(5) ACMB-JSMB2025 参加費補助に参加する若手研究者の参加費補助事業

事務局より、ACMB-JSMB2025 の参加費助成が 4 名に対して行われたことが報告されました。

(6) 第 5 回数理生物学若手の会・夏の学校における若手研究者の旅費支援事業

事務局より、数理生物学会若手が開催している、数理生物学夏の学校（第 5 回）、に対する参加費補助について報告がありました。関連して、山内会長から、学会による若手支援のあり方について提案があり、学術専門委員会を設置して検討されることとなりました。

(7) 松田博嗣先生ご葬儀への供物

事務局より、本年ご逝去された元会長である松田博嗣先生ご葬儀への供物を行なったことについて報告がありました。

第 20 回（2025 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 2025 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。

2025 年度日本数理生物学会研究奨励賞 受賞候補者選考結果について

応募に対し、審査委員各自による書面審査とその後開催した合議審査の二段階で審査を行いました。その結果、研究奨励賞受賞候補者として当委員会は

- 岩波翔也 氏（名古屋大学大学院理学研究科）

を推薦いたします。

受賞理由

岩波翔也氏は 2020 年 9 月に九州大学から博士号（理学）を取得後、同年 12 月から同大で特任助教を務め、2021 年 4 月に名古屋大学大学院理学研究科に助教として着任、2023 年からは同大で講師を務め現在に至ります。岩波氏の専門はウイルス学、幹細胞生物学であり、

HIV、HCV、SARS-CoV-2等のウイルス動態に関する研究のほか、COVID-19対策に関する疫学的研究、また近年では造血幹細胞に関する研究も行っています。数理モデルに実証データをフィットさせ各パラメータを推定することでウイルスや細胞の動態を定量的に解き明かす同氏の研究は、基礎科学としての重要性だけでなく医学領域での幅広い応用を持ち、非常に優れています。COVID-19に関する研究では、抗ウイルス薬の比較試験においてサンプルサイズを小さくするための方策を発見し、そのシミュレータをもとに臨床試験が行われるなど、社会的インパクトの高い研究成果を上げています。これまで25報（選考時）の研究論文を発表しており、学位取得後約4年半の若手研究者としては極めてハイペースです。数理生物学会でも3度にわたり企画シンポジウムを開催し、また、理論免疫学ワークショップを長年主催し、さらにウイルス感染の数理モデルに関する書籍も出版するなど、学会内外において広く活躍しています。以上の理由から、当委員会では岩波氏が研究奨励賞受賞候補者にふさわしいとの結論に至りました。今後は現在の研究の方向性を益々発展させるとともに、より独自の路線を開拓し新しい課題に意欲的に取り組まれることを期待します。

なお、本年度は応募が少数に留まりました。学会員の皆様におかれましては若手の研究意欲を高め、活躍を後押しするためにも、より積極的に研究奨励賞に推薦をお送り下さいますようお願い申し上げます。若手の皆様におかれましては自己推薦による応募も遠慮せず積極的にご検討下さい。数理生物学会でこれまで扱ってきた従来の分野に加えて、新しい分野の研究や、新しい手法を用いて研究をされている方からの応募も期待します。

日本数理生物学会研究奨励賞選考委員会：大槻 久（委員長）、（以下順不同）江夏洋一、中丸麻由子、本田直樹、三浦岳、若野友一郎

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っていますので、是非ご利用ください。会員管理システムの操作方法が不明の場合は、学会 HP やニュースレター

（第93号）をご確認ください。

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。

事務局連絡先

幹事長 加茂将史（産業技術総合研究所）
会計 川口勇生（量子科学技術研究開発機構）
幹事 池川雄亮（琉球産経株式会社）
幹事 入谷亮介（理化学研究所）
〒305-8569 茨城県つくば市小野川 16-1
産業技術総合研究所 Email: secretary@jsmb.jp

編集後記

現編集部の任期はこの号までで、次回からは明治大学の若野さんに交代となります。あまり若い人に負担をかけずに現実的に回したつもりです。任期中に完全電子化となったことで、多少学会会計に余裕が出来たのではないかと思います。また、最後になって多少フォーマットを改編して、1号分をまとめてコンパイルできるようになりました（これはClaude4の威力です）。2年間ありがとうございました（三浦）。

日本数理生物学会
2024年度決算

会計幹事 瓜生 耕一郎

一般会計		2024年度予算	2024年度決算
収入			
繰越		6,679,000	6,694,328
会費		1,000,000	1,186,400
大会還元金		0	14,434
利子等		0	196
計		7,679,000	7,895,358
支出			
ニュースレター	過年度	35,000 (*1)	85,413
ニュースレターN102	冬印刷	90,000	84,150
ニュースレターN102	冬郵便	42,000	0
ニュースレターN103	春印刷	95,000	64,350
ニュースレターN103	春郵便	42,000	0
ニュースレターN104	秋印刷	95,000 (*2)	0
ニュースレターN104	秋郵便	47,000	0
選挙(含 発送費、旅費)		100,000 (*3)	0
通信費等	通信費	10,000	1,200
	奨励賞経費	15,000	7,920
	サーバ維持費	30,000	29,700
事務局経費	外部委託	270,000 (*4)	209,832
	会員管理クラウドサービス	330,000	308,220
	Web会議システム	23,000	23,389
	ビジネスチャットツール	74,000	0
	オンラインストレージ	16,000	15,840
	年会費過払金払い戻し	0	5,900
	事務諸経費	10,000 (*5)	92,199
特別会計へ		100,000	100,000
小計		1,424,000	1,028,113
予備費(次年度繰越)		6,255,000	6,867,245
計		7,679,000	7,895,358
特別会計		2024年度予算	2024年度決算
収入			
繰越		3,258,000	3,244,731
繰入(一般会計より)		100,000	100,000
寄付		0	0
計		3,358,000	3,344,731
支出			
年会大会費(含 託児支援、旅費)		300,000 (*6)	508,862
大久保賞関連		300,000 (*7)	504,074
JSMB-CIJK2025 会場予約金		1,000,000 (*8)	18,090
JSMB-CIJK2025 (ACMB-JSMB2025) 大会費		0 (*9)	1,699,050
KSMB-SMB合同大会費(含 若手旅費補助)		500,000	0
夏の学校助成		0 (*10)	8,211
小計		2,100,000	2,738,287
予備費(次年度繰越)		1,258,000	606,444
計		3,358,000	3,344,731

備考

- (*1) NL99, 100, 101の発送費の支払いを2024年度に行ったため
 (*2) NLのオンライン移行のため
 (*3) 2023年12月下旬に選挙を行い、費用は2023年度に支払い済み
 (*4) ロボットペイメント利用料(112,791円)と土倉事務所委託料(97,041円)
 (*5) 振込手数料(8540円)。対面での事務局引継会議のための旅費(83,659円)
 (*6) 会場利用料が高額であったため大会費の追加を行なった
 (*7) 受賞者と案内担当の大学院生の旅費と宿泊費
 (*8) JSMB-CIJK2025 会場下見費用(18,090円)
 (*9) 2025年度予算内容を前倒しで執行。Confitレギュラープラン利用料前金、ロゴトップページデザイン費用、年会大会費
 (*10) 第四回理論生物学 夏の学校 旅費支援(2名)

監査報告

日本数理生物学会の2024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

伊田 行彦

2025年 7月 2日

日本数理生物学会
2025年度予算執行状況・2026年度予算

会計幹事 川口 勇生
(執行状況は2025年6月30日現在)

一般会計		2025年度予算	2025年度執行状況	2026年度予算
収入				
繰越		6,632,000	6,867,245	4,641,000
会費		1,000,000	973,800	1,000,000
大会還元金		0	0	0
利子等		0	644	0
計		7,632,000	7,841,689	5,641,000
支出				
ニュースレター	合計	446,000	79,283	(※1) 20,000
選挙(含 発送費, 旅費)		100,000	0	(※2) 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	0	30,000
事務局経費	外部委託	270,000	155,392	(※3) 270,000
	会員管理クラウドサービス	330,000	339,108	(※4) 340,000
	Web会議システム	23,000	0	(※5) 23,000
	ビジネスチャットツール	74,000	153,088	(※6) 74,000
	オンラインストレージ	16,000	0	(※7) 16,000
	事務諸経費	10,000	24,460	10,000
特別会計へ		2,000,000	2,000,000	(※8) 100,000
小計		3,324,000	2,751,331	1,008,000
予備費(次年度繰越)		4,308,000	5,090,358	4,633,000
計		7,632,000	7,841,689	5,641,000
特別会計		2025年度予算	2025年度執行状況	2026年度予算
収入				
繰越		2,244,000	606,444	2,306,000
繰入(一般会計より)		2,000,000	2,000,000	100,000
寄付		0	0	0
計		4,244,000	2,606,444	2,406,000
支出				
年会大会費(含 託児支援, 旅費)		2,000,000	28,700	(※9) 300,000
大久保賞関連		300,000	0	300,000
夏の学校支援			0	(※10) 200,000
小計		2,300,000	28,700	800,000
予備費(次年度繰越)		1,944,000	2,577,744	1,606,000
計		4,244,000	2,606,444	2,406,000

備考

(※1) NL102,103発行費用

(※2) 選挙費用はオンラインのため使用見込みなし

(※3) ロボットペイメント利用料(69,578円)と土倉事務所委託料(85,814円)

(※4) SMOOSY利用料

(※5) Zoomアカウントの購入(12ヶ月分)

(※6) Slackアカウントの購入(12ヶ月分)+ACMB-JSMB2025Slack利用料

(※7) Dropboxの購入(12ヶ月分)

(※8) 次年度大会費のため特別会計へ繰入

(※9) 大会費は昨年度振り込み済み、2024年振り込み残額(28,700)・若手参加費補助(3x4人未執行)

(※10) 夏の学校支援 20万円の予定

目次

2025 年度日本数理生物学会・アジア数理生物学会

合同大会をふりかえって 1

(1) CLJK との合同大会から 1

ACMB-JSMB2025 となるまでの経緯 . 1

(2) 実行委員会 1

(3) 会期および会場 2

(4) アトラス Confit の利用、および航空券

ホテル手配の外部委託 2

(5) プログラム編成 2

(6) Website および Circular での宣伝 3

(7) ビザ申請書類のサポート 3

(8) プログラムブック、アルバイトアレン

ジメント 3

(9) Banquet、Welcome reception、エクス

カーション、企業展示 3

(10) まとめ 3

数理生物学の源流・本多久夫先生（後編） 4

はじめに 4

黎明期 4

樹木のモデル 6

クンショウモと繊毛虫 6

Vertex dynamics 8

異分野の共同研究 10

血管網のリモデリング 11

再び黎明期の話 12

おわりに 13

共同研究者の声 13

参考文献 14

事務局からのお知らせ 16

2025 年日本数理生物学会総会報告 16

第 20 回（2025 年度）日本数理生物学会 研究

奨励賞受賞者のお知らせ 16

会費納入のお願い 17

事務関係のお問い合わせ 17

事務局連絡先 17

編集後記 17