

**科学研究費助成事業 研究成果報告書**

平成 28 年 5 月 20 日現在

機関番号：11301

研究種目：基盤研究(C) (一般)

研究期間：2012～2015

課題番号：24540129

研究課題名(和文)生物個体群ダイナミクスの新しいモデリングの数理

研究課題名(英文)Mathematical consideration of new modeling for biological population dynamics

## 研究代表者

瀬野 裕美 (SENO, Hiromi)

東北大学・情報科学研究科・教授

研究者番号：50221338

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 3,900,000円

研究成果の概要(和文)：生物個体群ダイナミクスに関する理論研究に用いられてきた非線形差分方程式系による離散時間モデルと非線形微分方程式系による連続時間モデルの間の関連性を数学的に検討し、離散時間モデルや連続時間モデルの構造の合理性[生物現象の構造との論理的な整合性]についての考察を体系的に行うことによって、新しいモデリングのための数理的基盤を提供するとともに、そこに現れる新たな数理的課題に取り組むという研究目的の下、数理生態学に現れる典型的な非線形相互作用の様式をとりあげ、論理的な数理モデリングを再開拓することにより、差分方程式系による新しい生物個体群ダイナミクスモデルを構成し、その数理的な性質を調べた。

研究成果の概要(英文)：The principal research subject is the mathematical relation of models with nonlinear difference equations and nonlinear differential equations for the theoretical study about the biological population dynamics. In this research project, to be systematically discussed is the rationality of the mathematical structure in such models, that is, its logical relation to the biological structure of targeted phenomenon. It is aimed to provide with a mathematical base to promote some new mathematical modeling, and to analyze the mathematical model newly built by it. Especially for some typical mathematical models in mathematical ecology, this project focused the formulus of functions involved in them and revisited the modeling to find out some new rationality in them. As a result, some new mathematical models in biological population dynamics were built with the system of difference equations, and considered their mathematical natures.

研究分野：数理生物学

キーワード：数理生物学 数理モデル モデル化 応用数学 生態学 差分方程式 微分方程式 個体群動態

### 1. 研究開始当初の背景

昨今、生態学や疫学において、数理モデルを用いた研究が急増している。数理モデルを応用した研究の有意義性がより強く認識されてきたこと、数理モデルの解析がコンピュータを用いてより手軽にできるようになったことがそれを後押ししていると考えられる。

そのような状況において、常に議論となるのは、研究対象とする生態現象に対してどのような数理モデルが適切であるか、という問題である。この問題を直に扱う数理的研究は未だ多くはないが、近年の関連する国際会議や出版物において、数理モデルの構造の意味や解釈、それらの教育方法に関する内容が目立って増加してきた。

生物個体群ダイナミクスはもちろん、疫学における観測データも、例外なく離散的な時系列として得られる。また、生物個体群の繁殖活動、感染症の感染サイクルについても、多くの場合、毎日の生活サイクルに埋め込まれている時間離散的な事象と捉えることができると考えられる。このように考えると、差分方程式系による離散時間モデルの適用が自然である場合も少なくないと考えられるのに、歴史的には、連続時間モデルの適用による理論的研究が主流であった。特に、多元系、すなわち、相互作用する複数種の生物個体群ダイナミクスに対する数理モデルに関しては、歴史的に、もっぱら、非線形微分方程式系による連続時間モデルが適用され、実際の生物個体群ダイナミクスの理解において成功を収めてきた。歴史的には、離散時間モデルのほとんどは、微分方程式(系)による連続時間モデルとは独立に構築され、解析されてきたが、連続時間モデルによる研究に比して、離散時間モデルに関する数理的な研究は決して多くない。

昨今、たとえば、疫学では、将来的に問題となりうる可能性のある新興感染症(たとえば、新型インフルエンザ)やバイオテロリズムなどに関する多様な感染症の問題が数理モデル研究のテーマとして取り上げられつつもあり、それぞれの問題に対する理論的な考察に供せられる「合理的な数理モデル」の必要性は高い。特に、離散時間モデルによる研究は、新しい理論的観点を提供する可能性もあると考えられ、本研究は、数理生物学の発展、さらには、その実際的な応用のための基礎として重要な意義をもつ。

これまで独立に研究されてきた連続時間モデルと離散時間モデルの間の関連性に関する数理的な研究は希有である。しかし、それに数理的なメスを入れることによって得られる知見が、より適切で合理的な数理モデリングの考え方を提示するために重要な数理的基盤を与えてくれるはずである。また、

本研究が扱う離散時間モデルは、常微分方程式による連続時間モデルのいわゆる「離散化」によるものとは一般的に異なり、その数理的な構造は決して自明なものではなく、新しい数理モデルの提案と解析の研究となる可能性も高い。

### 2. 研究の目的

生物個体群ダイナミクス(生物の個体群サイズ[総個体数や密度など]の時間変動の様相)に関して、数理生態学の歴史においてほとんどが独立に構築され、理論的研究に用いられてきた非線形差分方程式系による離散時間モデルと非線形微分方程式系による連続時間モデルの間の関連性を数学的に検討し、離散時間モデルや連続時間モデルの構造(関数形 etc.)の合理性[生物現象の構造との論理的な整合性]について数理的な考察を体系的に行うことによって、新しいモデリングのための数理的基盤を提供するとともに、そこに現れる新たな数理的課題に取り組む。

### 3. 研究の方法

数理生態学に現れる典型的な非線形相互作用の様式をとりあげ、それに対する論理的な数理モデリングを開発し、差分方程式系による離散時間型の新しい生物個体群ダイナミクスモデルを構成する。その新しい離散時間モデルの数理的な性質を数学的手法による定性解析と数値実験によって調べるとともに、対置されるべき常微分方程式系による連続時間モデルとの定性的な対比を行うことによって、離散時間モデルと連続時間モデルの関連性を体系的に検討する。これらの研究成果に基づいて、生物個体群ダイナミクスに関する合理的な数理モデリングについての、より一般的な枠組みでの数理的な議論を行い、新しいモデリングのための数理的基盤をまとめ、そこに現れる新たな数理的課題を提示し、それに取り組む。

### 4. 研究成果

(1) 連続時間モデルにおいてしばしば用いられる典型的な非線形相互作用項の一つである Holling 型(あるいは Michaelis-Menten 型)相互作用に対する合理的な数理モデリングにより、対応する非線形相互作用因子を有する離散時間型の新しい生物個体群ダイナミクスモデルを構成し、その数理的な性質を調べ、対置される常微分方程式系による連続時間モデルとの相違を明らかにする研究を進めた。従来典型的な数理モデリングによる Holling 型相互作用項の構築で得られた離散時間モデルと、その離散時間モデルの時間ステップ長ゼロ極限で得られる常微分方程式系による連続時間モデルについての力学

系としての特性の対比を行った結果、平衡点の存在性については一致するものの、安定性については、全く拮抗する場合が起こりうるが見いだされた。これは、数理モデリングにおける合理性に問題があるためであると考えられ、この問題を数理的に検討することによって、新たに合理的な数理モデリングの理論を得られることは間違いなが、本研究課題の期間では解決まで至らず、この問題の検討は未だ途上である。

(2) 感染症の伝染ダイナミクスについての連続時間モデルから新たに構築される離散時間モデルについての新しい知見を得ることができた。特に、ある地方都市（山口県岩国市）のインフルエンザ、感染性胃腸炎の疫学データに当該の離散時間モデルのフィッティングを試みることにより、当該モデルのデータへのフィッティング性が高いことが例示（図1参照）され、今後、その有用性についてさらに検討を進める予定である。

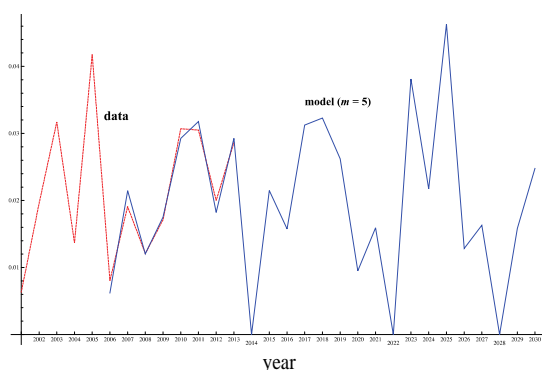


図1. 過去の感染規模の社会記憶による影響を導入したインフルエンザ感染規模の年次変動についての数理モデルの山口県岩国市の疫学データへのフィッティング

(3) 個体群サイズの時間変動のみを扱う数理モデリングの成果を基にして、空間分布の影響も導入された数理モデリングについて、離散時間によるモデリングを議論した。空間分布としては、特に、連続空間ではなく、複数のパッチから成るパッチ状空間を仮定し、移住過程の導入された数理モデリング（図2参照）を考察した。これは、生物個体群の生息域のほとんどは、たとえ空間が物理的に連続であったとしても、物理的・生物的環境条件によりモザイク上に分布していることから、パッチ状空間での個体群ダイナミクスを扱うことが自然な拡張になるからである。

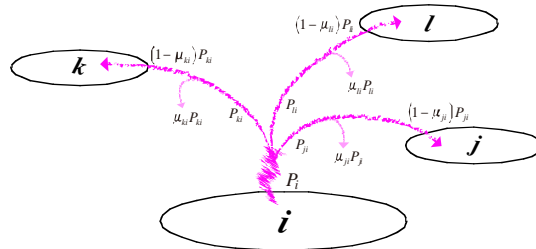


図2. パッチ分散移動モデルの数理モデリング

関連して、個体群動態の理論において、メタ個体群モデル（meta-population model）と呼ばれている Levins モデルの拡張についても議論を行ない、古典的な数理モデルのモデリングが合理的であると評価できるための対応する現象についての条件を明確にした。この研究成果に伴い、より広い条件の現象に適用できる新しいメタ個体群モデルの数理モデリングを提出した。

## 5. 主な発表論文等

（研究代表者、研究分担者及び連携研究者には下線）

〔雑誌論文〕（計7件）

(1) 瀬野 裕美, 佐藤 一憲, 齋藤 保久, メタ個体群モデルに関するモデリングの数理 (A mathematical modeling for metapopulation dynamics), 京都大学数理解析研究所講究録, 査読無, 1966 巻, 2016, 41—52

(2) 瀬野 裕美, 複数パッチ環境下における個体群存続に対する閾パッチ数問題 (Critical patch number problem for the population persistence in multi-patchy environment), 京都大学数理解析研究所講究録, 査読無, 1937 巻, 2015, 68—80

(3) 瀬野 裕美, 過去の履歴による影響を考慮した感染規模年次変動の数理モデル: 疫学データへの適用可能性 (A mathematical model for the annual variation of incidence size affected by past epidemic experience: Applicability to real data), 京都大学数理解析研究所講究録, 査読無, 1917 巻, 2014, 129—142

(4) 瀬野 裕美, 寺田 恵華, 井上 美香, 過去の感染規模が現在の予防水準に及ぼす影響を考慮した感染規模年次変動の数理モデル (A simple mathematical model for the annual variation of epidemic outbreak with

prevention level affected by past incidence sizes), 京都大学数理解析研究所講究録, 査読無, 1853 巻, 2013, 134—149

(5) 瀬野 裕美, 恩田 芳, 外来捕食者侵入による見かけの競争の効果の変質に関する数理モデル解析 (Analysis of a mathematical model on the modification of apparent competition effect with the invasion of alien predator), 京都大学数理解析研究所講究録, 査読無, 1796 巻, 2012, 141—157

(6) 瀬野 裕美, 離散時間モデルによる感染症伝染ダイナミクスにおける感染個体再生産数 (Reproduction numbers of infectives for a time-discrete epidemic population dynamics model), 京都大学数理解析研究所講究録, 査読無, 1789 巻, 2012, 35—45

(7) H. Seno and T. Kohno, A mathematical model of population dynamics for Batesian mimicry system, Journal of Biological Dynamics, 査読有, 6 巻, 2012, 1034—1051 DOI: 10.1080/17513758.2012.672659

〔学会発表〕(計 8 件)

(1) Hiromi Seno, Mathematical Modeling on Biology, Intensive Workshop: Mathematical Modelling on Biology(招待連続講演), 2015年2月22日--2015年02月25日, Kyungpook National University, Daegu (Korea)

(2) 瀬野 裕美, 複数パッチ環境下における個体群存続に対する閾パッチ数問題 (Critical patch number problem for the population persistence in patchy environment), 京都大学数理解析研究所共同利用研究集会「第 11 回生物数学の理論とその応用」, 2014 年 9 月 17 日, 京都大学数理解析研究所 (京都市)

(3) Hiromi Seno, A Mathematical Model for Annual Variation of Incidence Size Affected by Past Epidemic Experience, The Joint Annual Meeting of the Japanese Society for Mathematical Biology and the Society for Mathematical Biology, 2014年7月30日, 大阪国際会議場 (大阪市)

(4) 瀬野 裕美, 過去の感染規模が予防水準に及ぼす影響を考慮した数理モデルと感染規模年次変動データ (A mathematical model for the annual variation of epidemic

outbreak with prevention level affected by past incidence size: With perspective on comparison to real data), 京都大学数理解析研究所共同利用研究集会「第 10 回生物数学の理論とその応用」, 2013 年 11 月 21 日, 京都大学数理解析研究所 (京都市)

(5) 瀬野 裕美, 過去の感染規模が現在の予防水準に及ぼす影響を考慮した感染規模年変動の数理モデル (A simple mathematical model for the annual variation of epidemic outbreak with prevention level affected by past incidence sizes), 日本数学会 2013 年度秋季総合分科会, 2013 年 9 月 25 日, 愛媛大学 (松山市)

(6) 瀬野 裕美, 子に対する教育投資への親の意識分布の世代間遷移ダイナミクスモデル (Mathematical model on generational transition of parents' attitude in educational investment for child), 日本数理生物学会第 23 回大会, 2013 年 9 月 12 日, 静岡大学 (浜松市)

(7) 瀬野 裕美, 過去の感染規模が現在の予防水準に及ぼす影響を考慮した感染規模年変動の数理モデル (A simple mathematical model for the annual variation of epidemic outbreak with prevention level affected by past incidence sizes), 京都大学数理解析研究所共同利用研究集会「第 9 回生物数学の理論とその応用」, 2012 年 11 月 16 日, 京都大学数理解析研究所 (京都市)

(8) Hiromi Seno, A Time-Discrete SIRS Model and Total Reproduction Number, BIOCOMP2012 --- Mathematical Modeling and Computational Topics in Biosciences 2012 年 6 月 8 日, Vietri sul Mare (Italy)

## 6. 研究組織

### (1) 研究代表者

瀬野 裕美 (SENO, Hiromi)  
東北大学・情報科学研究科・教授  
研究者番号: 5 0 2 2 1 3 3 8