

# 書 評

## ねずみ算からはじめる数理モデリング

—漸化式でみる生物個体群ダイナミクス—

瀬野裕美 著，共立出版，2021 年

青山学院大学理工学部

中田 行彦

人を含む生物個体群の時間発展は，古くから数学的な対象であった。フィボナッチは，ウサギのつがいの数の時間変化に関する問題を『算盤の書』において紹介している。 $n+1$  月目のウサギのつがいの数が， $n$  月目に生存しているウサギのつがいの数に， $n$  月目に生まれるウサギのつがいの数を合わせて得られ，『算盤の書』には，現在「フィボナッチ数列」の名で親しまれている数列が残されている。オイラーは，個体の加齢による生存確率を含んだ年齢構造をもつ人口動態モデルを用いて，人口出生数と個体の生残率より，人口の幾何学的成長率や年齢分布を求める方法を確立している。

生物個体群の時間変動や空間変動は個体群動態と呼ばれている。個体群動態は，一般的に非常に複雑なダイナミクスである。個体群動態における普遍的な現象である，個体の再生産や個体間・種間の相互作用は，仔細に見ると，異なる時空間スケールにおいて無数の要素が作用するマルチスケールな現象であることがわかる。メカニズムが未解明な生物現象や生命現象は現在でも多く存在し，データの収集やその定量化が難しいことも少なくない。

本書は，タイトルにもあるように，『塵劫記』にあるねずみ算から始まって，個体群密度を考慮した個体群動態や，相互作用がある複数の生物集団の個体群動態，感染症の数理モデリング，人口集団における情報伝達のダイナミクス，集団遺伝学の数理モデリングとその応用など，個体群動態に関する話題を幅広く紹介している。読者は，著者が解説する古典的な数理モデルや著者による数理モデリングに手を引かれて，様々な角度から，現象やモデリング自身について理解を深めていく。本書を通して，離散時間の方程式を用いた数理モデリングが行われる。このことは，本書を他の数理生物学の書籍と一見異なるようなものとしているが，数理モデリングによって生物現象について洞察を得ようとする，数理生物学の本質的な魅力は失われていない。数学に関する高度な知識を必ずしも必要とせずに，幅広い層の読者が，高校で学んだ漸化式や確率などの数学的概念が現象の理解において応用されていることを学び，現象の数理モデリングに触れることが出来る書籍となっている。

数理モデル上では，時間を始めとする様々なパラメータの操作が自由自在である。考

えたい効果を方程式に加え、その都度どのような結果が現れるか、必要ならば数値シミュレーションを用いて、観察することも可能である。このことは、現象の解明において数理モデルを使う大きな利点であると同時に、数理生物学の研究の非常に楽しい点である。読者は、第1章で、この楽しさをふんだんに味わうことが出来る。以下、本書の概観について述べよう。

### 第1章 数理モデルとしてのねずみ算

ここでは、個体の再生産による生物個体群の変動が取り上げられている。ねずみの個体群動態を表す基本的な線形2項間漸化式が、個体の再生産に関わる生物的な要因を背景として、次々と変奏されていく。モデルが変わると、モデルのダイナミクスが変わり、その変化は、数理モデリングの仮定を振り返りながら、吟味される。著者は、数理モデルが表すダイナミクスと実際の現象の相違について、注意を向けることも忘れていない。本書で紹介される数理モデルは、実際の現象をそのままの解像度で再現するものではない。寧ろ主体的な問題意識をもって活用することによって、探求したい点を拡大して伝えてくれるものである。

### 第2章 周りの状況からの影響

個体群の密度効果や他の生物集団との相互作用を考慮した数理モデルが紹介されている。個体群の密度効果や他の生物集団との相互作用は、個体群動態モデルに非線形性を生じさせる。読者は、ベバートン・ホルトモデルやリッカーモデル、ロジスティック写像を題材にして、個体群動態を表す非線形な差分方程式のダイナミクスについて俯瞰することが出来る。平衡点の安定性や周期解、解の分岐といった力学系の基本的な概念についても解説されている。読者は、個体群動態がもつ複雑な側面を垣間見るかも知れない。数理解析に興味がある読者に向けて、関連文献が脚注で紹介されている。

### 第3章 感染症の伝染

本章では、差分方程式による感染症流行のモデリングが扱われている。感染症の数理モデルは、微分方程式による連続時間モデルとして定式化されることが多い。一方で、新規感染者数を始めとする感染症流行に関するデータは、一定期間毎に収集され、そのようなデータ解析において、離散時間の数理モデルは有用性を持つと考えられる。本書における感染症流行の数理モデリングにおいて、特筆すべき点は、未感染個体の感染プロセスのモデリングを再検討し、未感染個体と病原体の接触頻度に関するモデリングを行なっている点であろう。筆者が注意深く現象を観察し、考察している様子が表れている。差分方程式によって定式化されたSIRモデルを用いて、基本再生産数や感染症の最終規模などの概念が解説されている。

### 第4章 情報の流布

人口集団における情報流布に関する数理モデルに関する章である。筆者は、人口集団における情報伝達のダイナミクスは、感染症の流行ダイナミクスと類似な点があると指

摘しながらも、感染症の伝播と異なる情報伝達特有の要因に着目し、個体の意思決定過程についてモデリングを行っている。著者は、グラノベッターによる閾値モデルのアイデアを用いて、人口集団における情報伝達のモデルを定式化している。筆者は、本書から、グラノベッターのモデルについて初めて知ることが出来た。個体の閾値の分布や初期条件が、人口集団における情報伝達において重要であることが示唆されている点は興味深い。

## 第5章 文化因子の世代間伝達

集団遺伝学における数理モデルとその応用について述べられている。遺伝子頻度の世代間変動を表す基本的な数理モデルとそのダイナミクスについて纏められ、集団遺伝学における数理モデルをベースにして、世代間における文化因子の変動を表すモデルが構築されている。

本書を通じて、生物現象と関連する生態学的な概念や知見について丁寧に説明が与えられると共に、数理モデリングにおける仮定がしっかりと明示されている点は、非常に教育的であり、著者の息遣いが聞こえてくるようである。著者は、国内の数理生物学分野を切り開いてきた研究者の1人であり、生物現象の数理モデリングについて、国内の研究者が集まり議論する場を精力的に創出してきた研究者でもある。筆者自身も、大学院生のときに、著者らによって組織された研究集会（2006年 RIMS 共同研究「新しい生物数学の研究交流プロジェクト」）に参加した。異なる知見や経験をもつ同世代の参加者と研究議論を行い、刺激を受けたことは今でも鮮明に覚えている。

本書は、多くの数学の書籍とは異なり、現象を表す差分方程式の導出や関連する生物学的な概念や現象について多くのページが割かれている。方程式の導出が行われた後、方程式の数学解析についてはほとんど本文中で言及されていない。その代わりに、数理モデルの典型的なダイナミクスを表すグラフが示され、その含意が述べられている。数学の書籍と似ている点は、読者が本書を読むだけでなく、本書の内容を自分のノートやコンピュータ上で再現したり、新たな問題を考えたりする中で、本書が伝えたい現象の数理モデリングの面白さを本当に味わうことが出来る点である。

個体群動態の理解は、少子高齢化や感染症の流行、個体の疾患と医療や生物環境の保全を始め、現代社会が抱える多くの問題に現れ、今後も変わらずに重要なものであると考えられる。現象における無数の要素の中で、本質的なメカニズムを探り当て、我々が理解を獲得するためには、数理科学が不可欠であろう。生物現象における数理モデルの研究は、計算機の発展と共に急速に発展してきた一方で、まだまだ多くの課題を抱えていることも事実である。近年、機械学習による大量のデータ解析や時系列予測の発展が大きく期待されている。本書を通じて、現象の数理モデリングに触れる読者が増え、ますます活発な議論が創出され、生物現象や生命動態の理解における数理科学が更に発展することを信じている。