

## 数理生物学の確率的手法

### Stochastic Modeling in Mathematical Biology

\* 佐藤一憲・\*\* 藤曲哲郎

\* 静岡大学工学部システム工学科, \*\* 金沢大学名誉教授

\*Kazunori SATO and \*\*Tetsuo FUJIMAGARI

\*Department of Systems Engineering, Faculty of Engineering,  
Shizuoka University, Hamamatsu 432-8561 JAPAN

\*\*Emeritus Professor,

Kanazawa University, Kanazawa 920-1192 JAPAN

sato@sys.eng.shizuoka.ac.jp

数理生物学では、生物集団を構成している個体の数の時間的な変化を調べることは、もっとも基本的なことである。数理生物学の教科書では、必ず一番始めにこのことが説明されている。最新の研究でも、「数」を扱う数理生物学が依然として中心的な役割を果たしていることは、『「数」の数理生物学』（日本数理生物学会編集・瀬野裕美責任編集、2008年出版、共立出版）を見れば明らかである。ただし、多くの場合には、微分方程式や差分方程式による決定論的なモデルによる解析である。

しかし、生物の絶滅のように、少数の個体数のダイナミクスが重要になってくると、確率過程で考えないとその特徴を正しく捉えることはできない。決定論的な場合と大きく異なるのは、初期条件が与えられても、将来の状態が一意的には定まらないということである。しかし、将来の状態の起こりやすさは確率分布として決定されるものであり、時間が十分に経過したあとの平衡状態は比較的容易に調べることができる場合もある。また、単純出生死亡過程のような単純なモデルでは、状態の平均のダイナミクスは、決定論的なモデルと対応付けて考えることができる。しかし、少し複雑な確率過程を考えると、もはや解析的な取り扱いが難しくなってしまうが、それに替わるものが、コンピュータによるシミュレーションである。個体の個性と空間的配置を考えたものは、個体ベースモデル (IBM) と呼ばれることがあるが、確率過程の神髄もひとつひとつの「個体」のふるまい (生死) に着目して、集団全体のふるまいを考えることである。言い換えると、生物学の第一原理に基づくモデリングの方法であるとも言える。

このセッションでは、このような確率過程による代表的なモデリングに関して、以下の文献から話題提供をしてもらった。この書籍は、セッションオーガナイザのひとり (藤曲) が2003年に出版した『確率過程と数理生態学』（日本評論社）の内容を大幅に増補改訂したものである。前半では、数理生物学における確率的なモデリングをするための基礎となる数学を丁寧に説明し、後半では、個体群生態学や疫学への応用を試みたものである。その中から、ここでは特に、このRIMS共同研究の趣旨に添った内容を選んだ。確率論の解析的手法を学ぶときには、*Mathematica* や C 言語を用いたシミュレーションを併用することによって、その理論的な結果に対する理解が深まるということが、セッション参加者の発表から読み取ることができたであろう。

- 藤曲哲郎『数理生物学の確率的手法』（2009）
  - 第5章「生物個体群の繁殖と絶滅：世代的変動」（pp.119–203）
  - 第6章「病気の流行」（pp.204–257）