

Predator-prey stochastic individual-based model

によるパターン形成と今後の展望

立命館大学大学院 生命科学研究科 山田芳己 長野正道

Yoshiki Yamada and Seido Nagano

Graduate School of Life Sciences

Ritsumeikan University

1. 研究背景

ヒトの臓器や植物の器官などの細胞集団は分化する以前はどれも同一の細胞であるにもかかわらず、その完成形は多様な形、模様、機能を持ち、それぞれ違った役割を持つ。このような形づくりを一般的に自発的なパターン形成と呼ぶ。この現象の再現に成功したとされるモデルに Turing の理論[1]とこれを一般化した Meinhardt の反応拡散理論[2]があげられる。反応拡散理論では2つの成分、活性因子(activator)と抑制因子 (inhibitor)が相互作用を行い、両者の拡散速度の違いにより濃度勾配が発生、一定時間後平衡状態に達し、特徴的なパターン形成を可能にしている。

しかしこの反応拡散理論は濃度の概念を用いた理論であることから、形成過程での生物個体の観測が不可能な点や、細胞自身の寿命や分裂速度など個体自身にパラメータを与えられないという問題が存在する。つまり、反応拡散理論は activator 濃度や inhibitor 濃度などのマクロパラメータのみからパターンを形成しているために個々の生物への利用が大変難しい。

このことから長野、横山、野口は確率論的な predator-prey stochastic individual based model (S-IBM) [3]を提案した。そして個々の細胞を predator(抑制因子)、prey(活性因子)に見立て、個体レベルでの観測を可能にした。その後、長野、水口はこのモデルを修正し、安定パターンを形成することにも成功した[4]。

2. stochastic individual-based model (S-IBM)

Predator-prey 系 S-IBM では長野、横山、野口により大きく次の5つのルールが設けられた[3]。

- (1) predator は prey を捕食する。
- (2) prey は寿命により消滅する。
- (3) predator は prey を捕食できないと飢餓によって消滅する。
- (4) predator と prey は一定時間で増殖する。
- (5) predator は prey 捕食後、一定時間 prey を捕食できない。

そして、二次元格子空間上で predator と prey がこれら 5 つのルールに従って移動する^[3]。更に、移動先の決定方法において 2 つの条件が設定された^[4]。

- (a) 二次元格子空間上での移動先の決定に拡散を考慮した正規乱数を採用
- (b) 繰り返し回数の導入

(a)の移動先決定方法とは、反応拡散方程式の解析解と正規分布の類似性を利用し、ボックス-ミュラー法を用いた移動先の決定を行うというものである。これにより、二次元格子空間上で各個体は、近傍のセルに移動する確率が高く、遠方のセルに移動する確率は低くなる。この手法を用いることで反応拡散理論の拡散の要素を二次元格子空間に導入することが可能となった。ただ条件(a)だけでは不十分で、長野、水口により(b)の繰り返し回数を追加することで拡散項を S-IBM で保証することが可能となった。移動先のセルに個体が存在し移動できない場合、移動先を変更して行動する様に変更し、その変更できる十分に大きな回数の数値を繰り返し回数として設定した。

長野、横山、野口によるモデルに (5) の “predator は prey 捕食後、一定時間 prey を捕食できないこと” と(b)の “繰り返し回数の導入” により、prey-predator 系 S-IBM での安定パターンの形成を可能とした。

3. 結果

S-IBM を用いた数値実験の結果、形成されるパターンには大きく 5 つの種類があることが確認された^[4]。

- (I)extinction domain prey のみが存在する domain
- (II)chaotic domain prey, predator 両方存在するが、安定パターンを形成しない domain
- (III)stable domain 安定パターンを形成する domain
- (IV)both die out 両方死滅する domain
- (V)non-biological domain 生物学的に可能性のない domain

以下の図は(III) stable domain における 3 種類の安定パターン形成を示している。

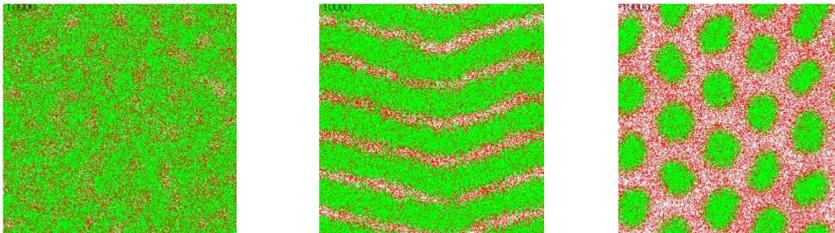


図 1 3 種の安定パターンの代表例 左図：準安定(III_a)、中図：縞模様(III_b)、右図：斑点模様(III_c)。

個体レベルでの安定パターン形成の条件を明らかにするために、X 軸を predator の増殖時間である t_{pred}^{reprod} 、Y 軸を predator の飢餓時間である t_{pred}^{starv} とした相図を図 2、図 3 に示す。

図 2 は $\sigma_{pred} : \sigma_{prey} = 5 : 2$ の場合、図 3 は $\sigma_{pred} : \sigma_{prey} = 5 : 3$ の場合。一般に、条件 $\sigma_{pred} > \sigma_{prey}$ を満たすとき安定パターンが形成される傾向が確認された^[4]。

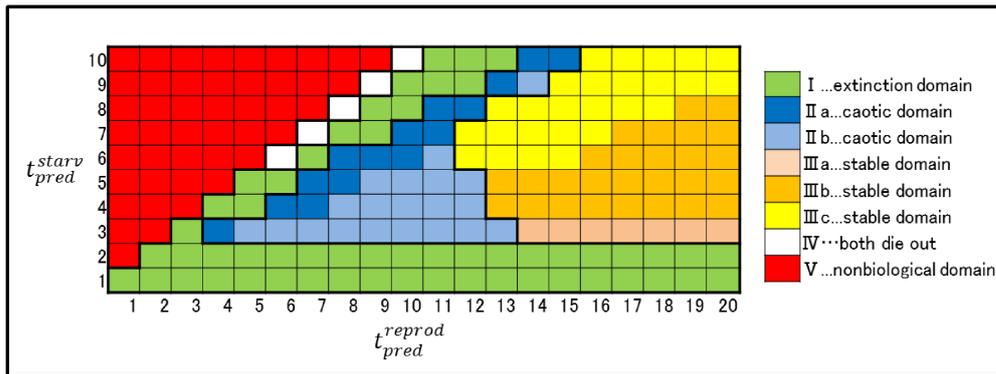


図2 σ_{prey} と σ_{pred} の値の比が2:5の相図

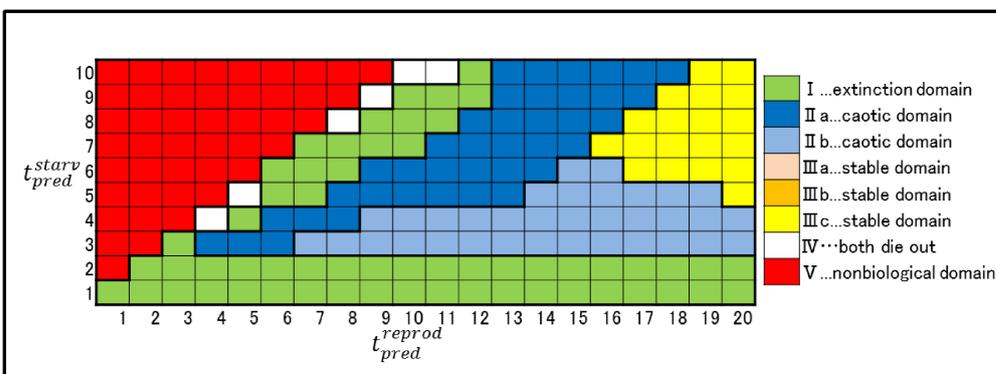


図3 σ_{prey} と σ_{pred} の値の比が3:5の相図

“抑制因子(predator)の拡散速度が活性因子(pre)のものより大きい場合、安定パターンが形成される。”とした反応拡散理論と S-IBM によるパターン形成の傾向が一致したことを示している。

4. 展望

今後、predator の 2 種類系への展開 (prey、predator1、predator2) 及び 3 次元における S-IBM のパターン形成の研究を行う予定である。前者においては、予備的研究において安定パターンの存在を確認している。また、後者の研究においては、3 次元の正規乱数の作成が必要不可欠である。更に、生態系以外にも S-IBM を応用していく予定である。

