

はじめに

飽和密度に向かって増大する生物個体群密度 $N(t)$ の時間変動ダイナミクスの基礎的な**数理モデル** (mathematical model) として、次の4つの常微分方程式モデルは、いずれも logistic 方程式と呼ばれ、数学的には同等である (パラメータ r_0, β, K, b はすべて正定数) :

$$\frac{dN(t)}{dt} = \{r_0 - \beta N(t)\} N(t)$$

$$\frac{dN(t)}{dt} = r_0 \left\{ 1 - \frac{N(t)}{K} \right\} N(t)$$

$$\frac{dN(t)}{dt} = r_0 N(t) - b \{N(t)\}^2$$

$$\frac{dN(t)}{dt} = \{r_0 - \beta N(t)\} N(t) - b \{N(t)\}^2$$

しかし、これらの4つの logistic 方程式は、**数理モデリング** (mathematical modelling) の観点から考えれば、異なる数理モデルである*1。したがって、それぞれの logistic 方程式の解析から導かれる生物個体群密度の変動ダイナミクスに関する特性について議論する場合の内容や、それぞれの logistic 方程式を基点として新しい数理モデルを構成する場合の発展の詳細は異なってくる。

本書は、特に、そのような、数理モデル構成における数理モデリングの意味を理解するために、基礎的な数理モデルの構成やその構造に関わる仮定や設定がどのように数理モデルに導入されてゆくのかに焦点をおいたものであり、数理生態学 (Mathematical Ecology) の中の、とりわけ、数理集団生物学あるいは数理個体群生物学 (Mathematical Population Biology) における個体群ダイナミクス*2 (population dynamics) に関する数理モデリングの数理的な考え方の基本をできるだけ丁寧にまとめようとして書かれたものである。

個体群ダイナミクスの基礎的な数理モデルは、集団生物学や個体群生物学の発展的・応用

*1 第 2.1.3 節, 第 3.1.2 節, 第 3.1.3 節の議論を参照。

*2 しばしば、『個体群動態』とも称される。“dynamics” に対する和訳「動態」は秀逸。

的な数理モデルの基礎になっているばかりではなく、より広い数理生物学 (Mathematical Biology) のさまざまな数理モデルの基礎となっている。生態学に関わる問題はもちろんのこと、社会生物学、動物行動学、動物生理学、集団遺伝学、分子遺伝学、細胞遺伝学、細胞生物学、分子生物学、発生学などの生物学の他分野、医学・生理学、数理社会学、数理心理学、数理言語学などにおける問題に関する数理モデルの基礎としての位置づけをもつといてよい。本書はそのような生物の関わる現象のあらゆる数理モデルの基礎の一つに焦点をあてたものといえる。

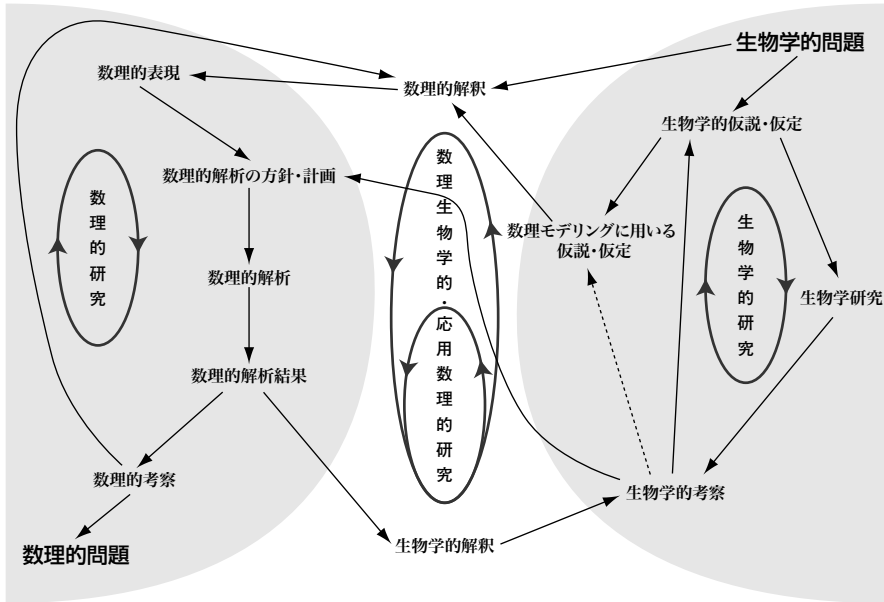
本書は、数理生物学に関わる数理モデルの「数理的解析の基礎」をまとめようとしたものではないので、そのようなことを学びたいと本書を開いた読者には期待はずれの内容になるかもしれない。もちろん、本書の読者の数理的解析への関心の便宜を図るために、できるだけ所要所に参考文献を挙げたつもりである。また、数理モデリングの考え方を理解するのに役立つと思われる数理モデルの数理的解析に関しては、行数を惜しまず述べてある。

数理モデリングとは

数理モデリングは、狭義には、**数理モデル**と呼ばれる数理的な構造を構成する「過程」を指すと考えればよい。しかし、実世界の現象の理解や研究のために数理モデルを構成し、解析する、という理論的研究においては、数理モデルの数理的解析 (コンピュータによる数値計算も含む) の結果を研究対象の現象に引き戻して (対照させて)、現象について導かれうる結論を「引き出す」必要があることから、広義には、現象の理解や研究のために構成される数理モデルと現象との間の連関をなす理論的・数理的な過程 (考え方) を指していると考えることができる。数理モデルが「形ある表現」であるのに対し、数理モデリングは「形をもたない過程」であると考えてよいだろう。

一般に、数理生物学における数理モデリングによる一連の研究過程は、次のような段階から構成される：

1. 研究の対象とする生命現象に関する生物学的、医学的な問題の設定。
2. 設定された問題を理論的に考察するために取り上げる現象に関わる要因の抽出。
3. 抽出した要因の特性、それらの間の関連性に関する仮定・仮説の設定。
4. 設定された仮定・仮説の数理的表現。
5. 仮定・仮説の数理的表現を用いた数理モデルの表現。
6. 段階1で設定した問題を鑑み、数理モデルの数理的構造を考慮に入れた上での、数理モデルの数理的解析の方針や手法の選定。
7. 数理モデルの数理的解析。
8. 数理モデル解析によって得られた数理的結果の、考察しようとしている問題への関連性、現象との連関性の導出。



9. 数理モデル解析によって得られた結果の理論的統合に基づいた、考察しようとしている問題に関する生物学的、医学的な考察の展開。

この過程は、この順に進行するのが一般的ではあるが、この順に一方向に進むものでないことは、極あたり前のことである。各段階が独立したものではなく、相互に関連性をもって達成されてゆく。ある段階に至って初めてそれ以前の段階における問題点が明らかになるということは、必ずといってよいほど起こることであるし、それが研究遂行上の不確定性であり、面白さでもあろう。実際、著者は、いよいよの研究のとりまとめとしての論文執筆中に上記の段階のいずれかにおける穴であるとか、問題点が明らかになる、という経験をしばしばしている。

上記の9つの段階のいずれかが「数理モデリング」にあたるか、という問いかけは、上記の広義の数理モデリングの意味に基づけば、ほとんど意味のない問いである。広義の数理モデリングは、上記の段階1と7をのぞいて、(陰に陽に)常に必要とされる過程だからである。ただし、数理モデリングの狭義に基づくならば、段階4と5がそれであろうか。

現象の研究における数理モデル解析の目的

ひとくちに現象に対する数理モデルといっても、その構成方法によって、目的を類別することができる。大容量のデータを高速に処理できるコンピュータの能力を活用した数値計算によるコンピュータシミュレーションモデルにおいては、複雑な条件のもとでの特定の現象の「量」的な予測や推定を行うことが目的となるものが少なくない。たとえば、生

物個体群を成す個体の数や生物個体群の移住・拡散の速さ、分布域の広さなどといった「量」の変化を刻々と追おうとするコンピュータシミュレーション^{*3}はこの類であるといえる。ますます進むコンピュータの大容量化、高速化が、そのような複雑な条件のもとに現われる現象のコンピュータシミュレーションによる研究を進展させて続けている。ただし、複雑な条件をとりいれたモデルにおいては、設定条件、すなわち、パラメータ^{*4}として与えられるデータの値のわずかな違いが、コンピュータシミュレーションから得られる結果の大きな違いを生み出す可能性^{*5}がある。これは、複雑な系のコンピュータシミュレーションにおいて常につきまとう可能性であり、この可能性がゆえに、たとえ現実のデータから得られる値をパラメータに用いているとしても、そのデータ値には不確定分（測定誤差、分散など）も避けがたく存在するので、コンピュータシミュレーションによる結果のパラメータ感受性の程度について慎重に検討する必要がある^{*6}。ある特定のパラメータへの強い感受性が認められるような場合には、そのパラメータの値に依存する特性についてのシミュレーション結果については相当慎重な数値計算の検討がなければ、信頼のおける議論は難しいと考えるのが科学的であろう。

また、複雑な条件を同時に考慮にいれたシミュレーションモデルでは、個々の条件がシミュレーションの結果についてどのような寄与をしているのかについての議論は困難である。得られたシミュレーション結果は、個々の条件の効果の単なる重ね合わせではなく、条件が複雑に関係し合った結果として得られたものであるから、どの条件が結果にどのように反映されるのかを議論するためには、数値計算の結果を大量にサンプルし、比較することによって考察することも可能ではあるが、上記のようなパラメータ感受性が強い場合や、高度に複雑なシミュレーションモデルにおいてはそれも不可能と考えられる^{*7}。

一方、現象の限られた構成要素・要因のみに着目して数理モデルを構成することも可能である。そのような数理モデルの解析では、現象の量的な予測や推定を高い精度で行なうことはできないし、ほとんどの場合、量的な予測や推定を目的にしていない。考慮すべき条件を全て組み入れているとは限らないからである。この種の数理モデル解析は、着目している要素が「質」的にどのような効果を現象においてもちうるのかを議論することが目的となる。条件の変化がどのように現象の特性に反映されうるのかを考察するのである。限られた構成要素・要因のみからなる数理モデルの解析結果は、相異なる現象のもつ共通

^{*3} 「シミュレーション」という表現を使う日本人が時たまあるが、まちがいである。“simulation”という英単語の発音に基づく正しい表現は、「シミュレーション」である。

^{*4} 初期条件もパラメータとして考える。

^{*5} パラメータに対する結果の“感受性” (sensitivity) と呼ばれる。

^{*6} このようなパラメータ感受性を検討せずに、特定のパラメータ値にのみ依存したシミュレーション結果に基づく議論を展開して導かれた一般的（に見える）結論は、科学的研究としては根本的な欠陥を持ちうる。

^{*7} ただし、昨今ますます発展している、いわゆる、「複雑系の科学」では、往々にして、大規模な数値計算シミュレーションをその基盤の手法として、新しい数理モデルの展開が開けつつあるようでもある。たとえば、金子・津田 [158] や金子・池上 [157] などにその一端をかいま見ることができるだろう。

性や相違性を考察する材料を与えてくれる可能性がある。異なる現象であっても、それぞれの主因となる要素・要因の間の関係が同じ、もしくは類似している場合には、共通の数理的構造からなる数理モデルによって議論されうる場合があるからである。このような場合、異なる現象を対照させるための材料として数理モデルを活用することも可能である。

数理生物学

数理生物学という学問分野は、いわゆる、学際分野である。だから、生物現象をその研究の対象としていながらも、生物学の一分野として生物学に内含されつくされるものではない。それは、数学や物理学、化学と生物学の狭間から生まれた複合分野である*⁸。数理生物学では、考察の対象となる生物現象に関する科学的問題を、確率過程、微分方程式、差分方程式、オートマトン、ゲーム、最適制御などの理論を基礎にして構築された数理モデルの数理的解析の結果をもとに、生物現象に潜む「科学的な論点」を明確にしようとする。もちろん、それらの数理モデルはいずれも従来得られている生物学的知見および生物学的仮定に基づいて構築されるべきものである。ところが、そのように構成された数理モデルの解析によって得られた結論が生物学による研究結果と矛盾することがある。そのような場合でも、その数理モデル研究が、即、闇に葬られるというわけではない。数理モデルが既存の生物学的知見、生物学的仮定に基づいて構築された以上、結論が現象と矛盾するという事は、数理モデルの前提として用いた生物学的知見、生物学的仮定において何らかの問題があるか、数理モデルの構成過程（数理モデリング）に問題があるか、のいずれかである。前者の場合、たとえば、現象に関する数理モデリングに採用した仮定の不備、誤り、あるいは、数理モデルに導入するべき要因の設定が適当でなかったなどの理由が考えられる。このような場合、生物学的論点を提示できる可能性がある。研究対象としている生物現象を理解する上で、生物学的な知見や仮定・仮説の不備や誤り、または、数理モデリングに採用された要因だけでは不十分であるということを理論的に示唆できる*⁹からである。このような論点での議論において、その数理モデルの解析結果は有用な対照として意義を持つのである。

複雑な開放系としての自然界では、様々な生物学的要因、環境要因が絡み合った結果として生物種の共存や絶滅が観測されるので、どの要因がどのようにどのくらい共存や絶滅と関わっているか、というダイナミクスの構造はそのままではわからない。だから、生物学は、そのダイナミクスを種々の観測データや実験データから解明してゆこうとする。現象の計量化によって現象を支配しているダイナミクスの性質を明らかにしてゆく研究は、

*⁸ そんな分野があっても、何も特別なことではない。たしかに、現代の自然科学の分野はおそろしく細分化されてしまったかのように見えるが、いにしへの「科学 (Science)」は、ニュートンやレオナルド＝ダ＝ビンチがそうだったように、自然現象全般を「科学」という大きな枠組みの中で自由に探求するものだったのだから。

*⁹ つまり、採用されなかった要因の重要性が顕在化する。

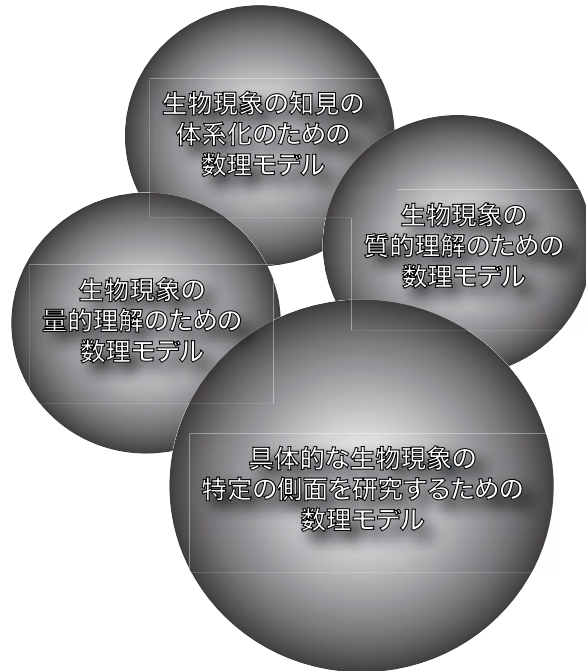
特定の生物現象の特定の側面を観測して考察するが故に、時に、現象特異的、つまり、その現象に限って示すことのできるような生物学的結論に至ることがある。もちろん、そうした結論であっても対照として他の研究にとって有用である場合もある。しかし、現象特異的な研究は、一般に、特定の環境条件や生物学的条件下の限られた観測に基づくために、そのような条件の変化がどのように観測している現象の特性を変化させようのか、という問いに対して答えを用意できる可能性はいたって小さい。それは、その現象の現状での生物学的ダイナミクスの姿を研究しているのであって、その生物学的ダイナミクスが持つ様々な可能性をも含めた「構造」全体を研究しているのではない。また、現象特異的であるが故に、得られた結論の正当性がいかほどのものかを検討するための論点を欠く場合もある。数理モデル研究は理論的な思考実験の側面を持つ。また、生物学的知見や仮定に基づいて構成されるべきものである*10。だから、ある特定の現象の研究から得られた知見をもとに構成された数理モデルを研究することによって、環境条件の変化に対してどの程度まで不変的に同じ結論が観測できるのか、どのように違った様相を現象がみせるのか、という議論の論点を提供することができるのであり、他の現象のダイナミクスとの体系化も促すことができるのである。

生物現象に関する数理モデルの研究においては、上記のように、数理モデリング、数理モデル解析が、対象とする生物現象に関する研究との関わりの上でどのような位置づけを持つかが重要である。この点が曖昧になると、数理モデリングや数理モデル解析に基づく生物現象の研究としての「研究の位置づけ」ができずに研究が進展できなくなったり、生物現象研究からは離れ、生物現象の「言葉」に彩られただけの数理の研究、もしくは、演習程度のものになる危険性も少なくない。

ここで、かなり大まかではあるが、生物現象に関する数理モデル研究の位置づけとして4つの範疇*11を考えてみよう。まず、「具体的な生物現象の特定の側面を研究するための数理モデル」研究としての位置づけである。この場合の数理モデルは、特定の生物現象に特異的な数理モデリングによって構成され、その生物現象の特性についての議論を行うためのものである。特定の生物現象の特性に特化された数理モデルが構成されるために、その解析結果の一般性は高くはないが、対象とする生物現象へのより具体的な議論を提供できるものとなる。生物学研究者が自身の研究に貢献できる数理モデル研究を期待する場

*10 ただし、現象との理論的な対照を行うことを目的として、あるいは、数理モデルの解析の一環として、生物学的知見や仮説・仮定の一部を非生物学的もしくは非現実的なものに置き換える場合も多々ある。また、生物学における従来の知見や既存の仮説・仮定から数理モデリングで要求される適当な仮定が得られない場合もある。そのような場合には、従来の知見や既存の仮説・仮定との論理的整合性を勘案しながら、理論的に新しく仮定・仮説を設定しなければならない（これは、理論生物学的側面といえる）。生物学研究においては、このように、いわゆる「ブラックボックス」的に取り扱われている生物現象の要因も少なくない。

*11 東 [115] は、類似の論点について、3つの範疇、「記述モデル」「説明モデル」「予測モデル」に基づいた議論を述べている。



合には、この範疇の数理モデルが要求されることが多いだろう。しかし、多くの場合、そのような要求に応えられる数理モデリングによる数理モデルは、かなり複雑なものになる*12。それに対する相当の基礎研究の土台があつてこそ实际的に生物学者の要求に応えられるような数理モデル研究の成果が望めるものである。この範疇の数理モデルには、対象とする生物現象の「記述」を目指したものが含まれる。また、「生物現象の量的理解のための数理モデル」も生物学者がしばしば要求する範疇のものである。つまり、数理モデルを用いる(!)ことによって、対象とする生物現象の「予測」をしたり、「特性の定量化」を目指した数理モデル研究である。これに対して、「生物現象の質的理解のための数理モデル」研究は、対象とする生物現象の特性を「理解」するための(思考)実験的な側面をもつ。より理論的な数理モデル研究といえる。さらに、「生物現象の知見の体系化のための数理モデル研究」は、いわば、理論生物学(Theoretical Biology)*13の研究としての数理モデル研究である。この類の研究は、生物学の研究のバックグラウンドとしての理論を提供できるものとも考えられる。無論、各々の数理モデル研究がこれらの4つの範疇に

*12 もちろん、豆類につくマメゾウムシであるアズキゾウムシ *Callosobruchus chinensis* の個体数密度変動のデータの解析において、その変動様式を理解するために単純な離散型 logistic 方程式を用いた考察で成功した Fujita & Utida [80] のような例も少なくはない。

*13 昨今、「理論生物学」という表現は死語に近くなっているかのようにも感じられるほど、「数理生物学」の方がもっぱら用いられているように思うが、やはり、「理論生物学」という分野は健在(必ずしも数理モデルを用いない理論的研究の存在)であろう。

明確に類別されるものではないし、これらの4つの範疇は排他的なものでもなく、それぞれが互いに交わり合っているものである。大切なことは、既述のように、生物現象の研究としての数理モデル研究の各々が、その位置づけ、見地をもって展開されることである。

数理生物学において研究されてきた様々な数理モデルは、生物学以外の分野、特に、数学、物理学の分野にとって興味深い問題を提供してきた。実際、現在、数理生物学に関わる研究を行っている研究者は、生物学のみならず数学、物理学などの様々な研究室で活躍している*14。そして、数理生物学に関わる数理モデルを対象とした研究には、数学として的一般論的研究もあれば、特定の生物現象のみを取り上げた生物学的研究まであり、実に多種多様である。数学や物理学として的一般論的研究は、特定の生物現象に対する数理モデルを解析する際にも実用的に応用されうる可能性をもつものなので、現在の数理生物学は、そのような多種多様な数理研究が交差する、境界が実に曖昧な分野といえる。ただし、一方では、数理モデル研究のすべてが「数理生物学」の研究であるとは考えがたい。生物現象に関する数理モデルの解析であっても、生物現象の考察のための生物学的議論を目的としない、数学や物理学として的一般論的研究は、数理生物学研究にとって価値ある研究であり得ても、一般には、数理生物学の研究とは考えられないし、そのような研究を専門として行っている研究者は数理生物学者と呼ぶよりも、やはり、数学者や物理学者と呼ぶほうが妥当であろう。だから、狭い意味では、研究の目的があくまでも生物現象を考察することであってはじめて明確に数理生物学の研究といえるだろう*15。

本書の特徴

本書は、数理生態学の中の、とりわけ、数理集団生物学、あるいは、数理個体群生物学 (Mathematical Population Biology) における population dynamics, すなわち、個体群ダイナミクス*16 の基礎的な数理モデルの基礎とその周辺についてまとめながら、広義の数理モデリングの考え方の基本、より正確には、数理モデリングのセンスのエッセンスを伝えようとして書かれたものである。特に、複数の生物個体群の間の相互作用下での個体群のサイズ (個体数や個体密度) 変動のダイナミクスに関する Lotka–Volterra system (ロトカ–ヴォルテッラ系) *17 と呼ばれる数理モデルを題材の中心に据え、その裾野に広がる多様な基本的な数理モデルのいくつかを取り上げながら、その数理モデリングについての議論を展開する。

*14 「数理生物学」専門のポストというものは皆無に近いほどほとんどないという現実も反映している。大学のポストに在籍する数理生物学者は、数理生物学以外の数学や物理学、情報科学などの分野の教育を行うポストに採用されていたりする。時には、それは、その研究者の専門的バックグラウンドとはかなり違っていたりもするのは、学際分野の研究者ならではの宿命か...

*15 この意味では、学際分野であるがゆえに、同じ研究者の研究であっても、数理生物学に属したり、属さなかったりする。よって、実際的には、数理生物学者の全ての研究が (この狭い意味での) 数理生物学の研究と呼べるとも限らない。

*16 = 『個体群動態』

本書の構成は、おおまかには、単一の個体群のサイズ変動に関する数理モデリングと複数種の生物個体群の間の相互作用下での個体群サイズ変動に関する数理モデリングの2本立てである。後者の数理モデリングについての基礎的理解と後者の数理モデリングへの発展を念頭において、前者でできるだけ多様な題材と見方を取り上げたつもりである。また、後者においては、競争系と餌-捕食者系というおおまかな枠組みで個体群間相互作用の数理モデリングの考え方の基本とその周辺をまとめようとした。

このような目的で書かれた本書は、知識をとりまとめて読者に提供することよりも、むしろ、読者に一緒に議論に加わってもらい、読者一人一人に数理モデリングについて頭をひねってもらうことに役立つことを目標としている。読者が、一人でも、本書の内容から、直接的あるいは間接的に独自の数理モデリングの考察を展開してくだされば、著者としてそれ以上の喜びはない。

本書の記述は、数理モデリングのステップを丁寧に述べていくスタイルを基本としてはいるが、このことは、それぞれの「数理モデリング」の刻一刻のすべてを文字にしているという意味ではない。読者は、文章や式の間を理解しながらでなければ内容を十分には理解できない箇所に少なからず出くわすであろう（このことは、おそらく、本書に限らず、たいていの専門書についてあてはまるということは、述べるまでもないことである）。そのためには、読者が実際に手を動かして数式の意味を理解する計算をしなければならないかもしれないし、参考文献にあたらなければならないかもしれない。だから、本書は、演習書ではないが、知識取得のための内容でもないで、どちらかという、（広い意味での）演習書に近い性格を持つものといえるのかもしれない。

本書には、数理個体群生物学において古典的であるが、応用のための基礎性が高い、重要な数理モデルとその周辺の数理モデリングについて、できるだけ丁寧にまとめたつもりなので、そこには、何らかの（特に生物個体群ダイナミクスに関する）現象の新しい数理モデリングを考える際のヒントを引き出す情報としての価値もあるだろうと思う。

本書では、数理モデリングの考え方の基本に関する理解を深める手だてとして、取り上げた数理モデルの間の対照を諸処で行っていることと著者の拙筆でわかりづらくなってしまったところも多少あるやもしれない。恐縮ではあるが、そのような箇所については、現時点では、読者の賢明さに甘えるしかない。今後、読者から、本書の内容や構成などについて、ご意見、ご批判をいただければ幸いである。

*17 「Lotka」も「Volterra」も研究者の名前である。Alfred James Lotka (1880–1949, 米国), Vito Isacar Volterra (1860–1940, イタリア)。なお、「Volterra」は、和訳では、しばしば「ボルテラ」や「ヴォルテラ」とされるが、イタリア語としてより正しい発音は、「ヴォルテッラ」と撥音をもつ。Lotka と Volterra の抄歴を付録 B, C として掲載しているので参照されたい。

80年代以前に比べれば、90年代以後、数理生物学に関連する専門書の出版数は格段に増えた。実際、本書の（不必要に長かった）執筆中に出版された専門書も少なくない。本書で参照している文献（特に数理生物学関連のもの）については、できるだけ新しいものを挙げる方針はとったが、やはり、より新しい文献が参照文献としてより適切であるとは限らず、また、70～80年代に出版された数理生物学関連の専門書には優れたものが多く、現在でも色あせない内容をもっているため、新しくはないが故に入手が多少困難であるかもしれないものについてもあえて参照文献に加えている。関心のある読者には恐縮であるが、そのような文献についても、おそらく、（たとえば）適当な大学の図書館では見つかると思われるのでご容赦願いたい。

さらに、本書の文献リストには、本文で参照文献としたものに加えて、本書の内容に関する考察のさらなる展開に有用と思われる数理生物学関連の相当数の専門書も挙げてある。また、文献のいくつかには、その特徴について、（著者の主観ではあるが）若干のコメントも添えておいたので、活用の参考にしていただければと思う。なお、ご多分に漏れず、参照文献のほとんどが英文文献であるが、翻訳書のあるものについてはわかる範囲で文献リストに並記するようにした。

近年、生物学や医学の若手研究者の中に、数理モデル解析を手法として取り込んだ研究を発表する人が多くなってきているようである。生態学や生理学の教科書に微分方程式などによる数理モデルの記載があるのもあたり前になっている。しかし、数理モデル解析の研究に取り込む過程としての数理モデリングにおいて、あまりにも安易であれば、間違っただ、または、不適切な考え方をする研究者が増えてくるのではないかという危惧を著者は抱かざるを得ない。適切な数理モデリングには、現象の的確な知識、必要とされる数理の知識の両方が必要であるが、それらだけでは十分ではなく、それらを結びつける適切なセンス（決して生来のものではなく、経験がつくり出すもの）が必要なのであるから、そこがおかしいと数理モデリングがおかしくなり、不適切な数理モデル^{*18}が構成されたり、数理モデル解析の結果に関する議論が不十分だったり、誤りを含む可能性が大きくなる^{*19}。そのような、現象と数理の間の連関に関するセンスは、専門書からの知識だけでは得られないものでもあり^{*20}、数理モデリングの考え方に焦点をおいて書かれた（学際的な）専門書がほとんどない^{*21}というのも事実である。本書は、この穴を補うのに多少なりとも役立ちほしくないかという意図のこめられたものでもある。

既に述べたように、本書の内容は、「こうでなければならぬ」といった定義や定理の

^{*18} たとえば、設定されていた生物学的な仮定と、数理モデルの数学的構造の不整合性など。

^{*19} 赤池 [3] は、応用数理に関する文章において、『…対象についての適切なモデル化がなくては、数理の適用は不可能である。このモデル化には対象についての体感的な深い理解に基づく「技（わざ）」が求められる…』と述べている。

^{*20} 知識の「活用」によって培われるものである。

ようなものを集めたものでは決してなく、数理モデリングの考え方の展開の基礎が述べられたものである。したがって、本書に述べられた内容が唯一無二の考え方というわけではない。同じ数理モデルのモデリングにおいて、異なる数学的手法を用いるいくつかの選択肢が存在することが少なくない。著者としては、読者が自ら考え、新しい数理モデリングの考え方を練って、この本の内容がさらに未知の発展に誘われることを期待している。

この意味でも、本書には、本文のあちこちに「発展（間）」として、数理モデリングのさらなる発展的議論のためのテーマをあげておいた。これらのテーマはいずれも、模範的な解答はなさそうな内容のものである。取り組んで錬成させれば、新しい数理モデリングの発展、さらには、新しい数理生物学的研究への展開の糸口がつかめると思う。

結果として、本書の内容は、ぎゅうぎゅう詰めの一部となってしまったが、実は、それでも、当初予定していた内容の全てを盛り込むことはできなかった。確率論的モデルに関する数理モデリングの内容もその一つである。個体群ダイナミクスの数理モデリングには、確率論・確率過程論を応用したエレガントなものがいくつもある。本書でも、そういった考え方に適宜触れようとはしてあるが、結局、いわゆる決定論的モデル (deterministic model) の基本的な数理モデリングが主体となった。しかし、個体群ダイナミクスの確率論的モデル (stochastic model) にも、応用性の高い数理モデリングの考え方が多く、また、その数理モデリングの考え方は、決定論的モデルに関する数理モデリングの考え方と関連づけられるものも少なくない。関心のある読者には、是非、文献をあたってみられるとよい*²²。数理モデリングのセンスをさらに磨き上げることができるであろう。

決定論的モデルについて限っても、本書に収めきれなかった内容がいくつもある。時間連続的なサイズ変動を伴う個体群に対する離散時間的な間引き (サイズの突発的減少) や大発生的加入 (サイズの突発的増大)、個体成長の数理モデリングの基礎としての von Bertalanffy モデル, metapopulation dynamics, 個体間の競争を起因とする個体群内の

*²¹ 実は、2000年あたりから出版される数理生物学関連の専門書では、それ以前の数理モデルとその解析結果に関する解説の記載を中心としたものと異なり、数理モデルの意味、解釈、その構築についての考え方 (すなわち、数理モデリング) に重要な位置づけを与えた内容のものが目立つ。そして、“(mathematical) modelling (あるいは、‘modeling’) ” という語句が数理生物学関連の国際会議のセッション名やカテゴリー名に使われることが自然になり、数理モデリングを強調した内容の国際的なスクールも毎年のように開催されている。

*²² たとえば、古典的なものとして、Bartholomew (1967)[21] や Bartlett (1978, 1980)[22, 23] による専門書がある。特に、後者は、確率論的モデルによる個体群ダイナミクスの文脈で書かれている (ただし、どちらかというときかなり数学的である)。一方、Nisbet & Gurney (1982)[254] や Gurney & Nisbet (1998)[95] は、個体群ダイナミクスの数理モデルに関する教科書の専門書であり、その後半が確率論的モデルに関する記載となっている。数学というより数理生物学の専門書であるから、本書を手にしている読者にとっては、面白いかもしれない。また、寺本 (1990) [337] には、コンパクトながら、Nisbet & Gurney[254] や Gurney & Nisbet[95] に記載の確率過程の考え方に基づく個体群ダイナミクスの数理モデリングの考え方の基礎がまとめられ、さらに、数理生態学における興味深い問題のいくつかへの発展が取り扱われている。比較的近年、藤曲 (2003)[78] という、個体群ダイナミクスへの応用を視点とした確率過程の入門書、教科書の専門書も出版されたので、是非、参考にされるとよい。

構造（状態変数分布）の生起，個体群内の個体間の質的差（順位構造）に依存した個体間相互作用による個体群サイズ変動ダイナミクス，群れの集合として成り立つ個体群における群れサイズ分布に基づく個体群内構造，離散的な状態変数分布による個体群内構造の時間連続的変化の数理モデリングとしてのコンパートメントモデル，mass-action 仮定によらない，頻度に基づく個体間相互作用によって構成される伝染病感染の Hethcote 型モデル，警告色や擬態を有する餌に対する捕食過程における探索像の効果，個体の繁殖可能状態までの成熟期間を導入した誕生から繁殖可能までの時間遅れの個体群サイズ変動ダイナミクスへの効果，等々についての数理モデリングの基本的な考え方は，テーマとしては，より専門的，特殊にも思えるが，基礎から発展へ向けて，十分に吟味しがいいもあり，未開発の側面もある，大変に興味深く，議論して面白い内容をもつものばかりである。本書に盛り込めなかったこれらの内容を全てまとめ上げることは，明らかに著者の手に余る。将来，またの機会に恵まれたなら，その一部でも，是非取り組んでみたいと思う。

本書から生物現象の数理モデリングの面白さ，重要さが伝わり，多くの読者諸氏が数理モデリング，あるいは，数理モデル解析に関心を持ってくれ，あるいは，読者諸氏の従来の関心をさらに高め，このような学際研究がますます『面白く』なってゆくことを心から期待しています。

謝 辞

本書の出版を引き受け、誠意をもって対応して下さいました共立出版株式会社，同社 信沢孝一氏，また，出版に際してご助言いただいた巖佐庸氏（九州大学大学院理学研究院）に感謝いたします。

本書の内容である数理モデリングの基本的な考え方を整理する上で，在任した奈良女子大学理学部情報科学科・大学院人間文化研究科および広島大学理学部数学科・大学院理学研究科数理分子生命理学専攻での講義や学生諸君との議論が本質的に役立ちました。

今の私を育てて下さった寺本研の先輩方に，この本の出版を通じて，敬意と感謝の念を少しでも表すことができているならば幸いです。

著者

鏡山に桜ほころぶ予感の東広島の地にて

平成 19 年 3 月



*23

*23 この鳥獣戯画図は、『鳥獣人物戯画巻』を手本として故寺本英先生が描かれたものを複製し掲載させていただきました。