S1　医学、獣医学における生物統計の実践

主催者：大森亮介[1]，江島啓介[2]

[1] 北海道大学人獣共通感染症リサーチセンター [2] Office of Energetics, School of Public Health, The University of Alabama at Birmingham

企画趣旨：この10年程度の間にゲノムデータをはじめとする生物学的・生態学的データ，ヒトの臨床データをはじめとする医学的データが膨大に得られるようになってきた．これに伴い，数理生物学におけるモデルの理論・解析的側面だけでなく，モデルによるデータ解析的側面にも注目が集まっている．また，医療統計学や生物統計学と数理生物学は別々の学問として発展してきている様に見受けられるが，このような現状から両学問間の境界は薄れはじめている．

本シンポジウムでは，特に獣医学、医学領域のデータ解析の際に実際に用いられている数理を最新の研究を交えながら紹介する。データドリブンで進んできた医療統計学、生物統計学と，理論先行で進んできた数理生物学の互いの強みを融合し活性化することに繋げたい．

講演者

阿部貴志(新潟大)：ゲノムデータからの効率的な知識発見に向けた一括学習型自己組織化マップの活用

佐藤俊哉(京都大)：医療統計家の研究、業務、教育

蒔田浩平(酪農学園大)：獣医疫学によるOne Health、Ecohealthの推進

茅野光範(帯広畜産大)：医学・獣医学における統計の利用

S2　Adaptive dynamics: future direction through foundation

主催者：大場拓慈（京都大）

企画趣旨：Adaptive Dynamics は，いわば evolutionary game theory の dynamical 版に population dynamics の視点を加えた理論として 1990 年代後半から大きな発展を遂げてきた．最近では，突然変異の発生を記述する確率過程と population dynamics を記述する力学系を融合した確率微分方程式の解析など高度な数学の応用も試みられている．しかしながら，”invasion-implies-substitution” principle の定式化，進化的な人口動態のモデル化において生じうる inconsistency の問題，個体ベースシミュレーションにおける形質分布の時間発展と Replicator-Mutator 方程式の関係性など，その基礎的な部分の整備にも不完全なところが残っている．さらに既存の概念の数学的な基礎づけにとどまらず，形質空間の構造が進化的多様性に与える影響の評価といった新たな問題への理論的アプローチも盛んになされている．本シンポジウムでは Adaptive Dynamics の基礎についての最近の成果を概観するとともに，問題提起を行うことを目的とする

講演者

大場拓慈（京都大）「Fitness generating functionと進化的人口動態のconsistency」

若野友一郎（明治大）「個体ベースシミュレーションの極限としてのReplicator-Mutator方程式の導出」

佐々木顕（総研大）「Adaptive Dynamicsの最近の発展について」

S3　えこえぴモデルの発展とその応用

主催者:立木佑弥(Dept. Animal and Plant Sciences, The University of Sheffield)

企画趣旨: 高度に発展した人の文明は生態系を変動させ、人口爆発に伴う都市化は一昔前では考えられなかった動植物や昆虫とヒトとの接触をもたらし、予想しなかった感染症の流行を助長させている。また、近年流行している感染症の多くは、昆虫媒介性であったり、人獣共通であったりという側面を持っている。この様な感染症の流行メカニズムを理解し適切に対応するためには、昆虫や動物の生態はもとより、変わりゆく世界における進化的、生態的応答を理解すること、また人間社会の変化に対してヒトの移動や意思決定がどのように変化するのかについての理解が必要となる。そしてその知見を疫学分野にフィードバックすることが期待できる。そこで本シンポジウムでは、生態学、社会学的観点から感染症の解析を行っている研究者を招き、えこえぴ研究の最前線を広げていくとともに、ウェブアプリケーションを用いたえこえぴ教育に関する講演も行う。

講演者

1. 立木佑弥（シェフィールド大）集団免疫が駆動するウイルス進化動態
2. 久保裕貴（九大・シス生）コミュニティフォレストリーの導入による効果的な熱帯林管理
3. 宮崎悠矢（株式会社クラスティウム）仮想空間内での生態系シミュレーション
4. 山口諒（首都大・理工）都市化に伴う遺伝子流動:デング熱媒介蚊の集団構造予測

S4　「計算システム神経科学の新展開：感覚・記憶・運動・行動の諸機能への数理的アプローチ」

主催者：　舘野 高（北海道大学・情報）

企画趣旨：これまでの神経科学の発展には，膨大な現象論的実験結果の集積状況に対して，単なる知識を羅列する分野であり，「切手収集」のようだと揶揄される時期があった．しかし，近年のシステム神経科学分野では，実験と計算論や数理モデルとの融合が急速に進み，知識の体系的整理がダイナミックに行われている．この結果，神経科学の現象の背後にある原理を計算論的なアプローチで積極的に解明しようとする若手研究者が多く活躍するようになってきた．本企画シンポジウムでは，実験と数理的アプローチを用いて，感覚・記憶・運動・行動等の諸機能の解明に挑む若手研究者に，自らが解明した神経系の方略について，近年の研究成果をご発表頂く．

発表者および共著者（所属）【予定時間】およびタイトル

・舘野高，西川淳（北海道大学）【15:15 - 15:35】

「耳鳴の周波数地図再組織化 －効率的符号化原理と聴覚系秩序の崩壊－」

Tinnitus-induced tonotopy reorganization − Efficient encoding principles and auditory system disorder

・磯村拓哉（理化学研究所 脳科学総合研究センター）【15:35 - 15:55】

「培養神経回路網における内部モデルと自由エネルギー原理：電気生理と学習理論」

Internal model and the free-energy principle in cultured neural networks: electrophysiology and learning theory

・瀧山 健（東京農工大学），平島 雅也（情報通信研究機構），野崎 大地（東京大学）

【15:55 - 16:15】

「運動学習の統一理論：誤差の予測の重要性」

A unified theory of motor learning: an importance of prospective error

・片平 健太郎（名古屋大学）【16:15 - 16:35】

「行動データ分析における計算論モデルベース解析と伝統的な統計解析との関係についての理論的考察」

A theoretical consideration of the relation between computational model based analysis and conventional statistical analyses

S5　国民病の数理モデル

主催者：原朱音（九州大学）

企画趣旨：人々の生活を脅かす国民病の多くは、現代人の生活習慣がもたらした疾患であり、病因や発症機序には環境要因が大きく関わるためそれらは複雑な様相をみせる。そこで、数理モデルの構築と解析や、膨大な実験・臨床データからの情報抽出といった数理生物学の手法は、複雑な疾患の本質を理解し、あるいはデータに基づいた定量的な症状の改善法を提案することに有用である。本シンポジウムにおいては、アレルギー・肥満・がん・骨粗鬆症といった多様な国民病に対する、疾患の特徴に適した異分野融合研究の成果を紹介する。そして他の疾患へのさらなる数理モデルの応用を推進し、数理モデル研究の健康への貢献を加速させる手がかりとする。

講演者：

原朱音(九州大学)：
免疫系・腸内細菌叢結合モデルの解析
Modeling interaction between immune system and enterobacteria

江島啓介(東京大学・The University of Alabama)：
肥満の数理モデル-肥満と死亡リスクの関係の探索
Modelling Obesity: Expolation of Obesity-Mortality Association

梯正之(広島大学)：
がん検診の数理モデルー「早期発見、早期治療」はどこまで有効か？
Mathematical models for mass screening of cancer: Effectiveness of early detection and treatment

岩見真吾(九州大学)：
年齢依存的な骨量推移動態の数理モデル
Modelling Age-dependent Bone Formation and Resorption

S6　「文化進化研究の各現場から」

主催者：関 元秀（九州大学大学院理学研究院）

企画趣旨：Dawkinsがその著作でmemeという造語と共に、「文化」を生物進化学の俎上に載せて理解しようという「形質導入」を行ってから40周年である。この短期間で文化進化研究は再び系統分岐しつつある。多様性を獲得した文化進化研究をいま総体的に理解するには、諸分野での研究成果の統合が必要である。本学際シンポジウムでは生物学・経済学・心理学・考古学の諸分野から文化進化理論・実証研究者が集結し、各自の観点から文化進化を解剖した研究トピックを紹介する。本シンポジウムを、文化進化研究の学際的統合のために数理生物学がどのように貢献できるかについて考える場としたい。

講演者：

関 元秀（九州大・理・特任助教）：「はじめに」「文化のための生物基盤」

伊東 謙介（東京大・情報学環・博士課程）：「累積的文化進化のミクロ的基礎付け」

竹澤 正哲（北海道大・文／社会科学実験研究センター・准教授）：「科学的知識の累積的進化：行動実験による検討」

田村 光平（東北大・学際科学フロンティア研究所・助教）：「考古学における文化進化：いかにして過去を復元するか」「むすびに」

S7 Complexity at the intersection between ecology and epidemiology

Organizer: Marko Jusup (Center of Mathematics for Social Creativity, RIES Hokkaido University)

Purpose: Infectious pathogens and parasites cannot be studied in isolation of their hosts because of complex mutual interactions at population and community levels. Heretofore, population ecology yielded a plethora of models to study interactions at the population level, but devising even a basic theory for the community level has proven to be a much more difficult challenge. Recent advances in network science, physiological energetics, and computational methods hold the promise of a new, unifying way to understand the levels of biological organization---from individuals to communities---with the potential for powerful applications in disease modeling. The purpose of this symposium is to present some of the latest advances in this research domain.

Speakers:
• Yamir Moreno (University of Zaragoza, Spain) Modeling disease spreading in complex networks (tentative)

• Zhen Wang (Xi'an Polytechnical University, China) Statistical physics of vaccination

• Yusuke Asai (Faculty of Social Medicine, Hokkaido University) Modeling stochasticity in eco-epidemiological systems using random differential equations.

• Nao Takashina (Okinawa Institute of Science and Technology) Spatially explicit approach to derive various macroecological patterns of ecosystem

S8　Lyapunov functional methods and its applications

Organizers：Yoichi Enatsu (Tokyo University of Science), Toshikazu Kuniya (Kobe University)

企画趣旨：個体毎の異質性（年齢、性別、位置など）を考慮する上で現実的となる構造化感染症モデルは、偏微分方程式や遅延微分方程式、複数グループの常微分方程式などで記述され、感染症の根絶や定着を表す各平衡解の安定性解析には従来困難が伴っていた。しかし近年は、McCluskey (2010) を筆頭とする多くの研究により、各平衡解の大域的漸近安定性を証明するためのリャプノフ関数の手法が発展し、より広範な構造化感染症モデルの解析が可能となった。本企画シンポジウムの趣旨は、リャプノフ関数の手法に精通した研究者に、これまでの結果や未解決問題や今後の研究の展望をご講演頂き、その知見をシンポジウムの参加者全体で共有することである。

Abstract : Structured epidemic models, which are suitable for considering the heterogeneity of each individual (age, sex and position etc.), are usually written by partial differential equations, delay differential equations and multi-group ordinary differential equations, and the stability analysis of their equilibria representing the eradication or persistence of infectious disease had been difficult. However, recently, by virtue of many studies typified by McCluskey (2010), the Lyapunov functional methods for the global stability analysis of each equilibrium have been developed, and more variety of structured epidemic models have been able to be analyzed. The purpose of this symposium is to share the knowledge about the previous results, open problems and future works on the Lyapunov functional method.

Speakers:

1. Connell McCluskey (Wilfrid Laurier University)
Global dynamics for disease models that include immigration

2. Jinliang Wang (Heilongjiang University)
Mathematical analysis for a multi-group SEIR epidemic model
with age-dependent relapse

3. Kei Fushimi (Tokyo University of Science)
Global stability of an SEIS epidemic model with delays

4. Hongying Shu (Tongji University)
Viral infection dynamics: a global analysis

S9 生物データと数理解析・モデリング

主催者：森下喜弘（理化学研究所），李聖林（広島大学）・

企画趣旨；蛍光プローブや顕微鏡技術を初めてとして、計測系の発展とともに生命現象に関する定量的なデータがより身近なものとなってきた。取得データの解析や解析手法自体の提案、解析結果から現象の本質を捉えた数理モデルを構築し、システムダイナミクスを理解する、これらすべての過程において数学的なアプローチは不可欠である。本シンポジウムでは、スケールや性質の異なる様々な現象から得られたデータに対し、各々の問題意識のもとで異なる手法を用いて研究を行っている研究者らを招き、最新の成果を発表して頂く。現象や手法をあえて統一しないことで、普段見慣れない手法や考え方に触れ、自身の研究に良いフィードバックがあれば幸いである。

14:20-14:40　森下喜弘（理化学研究所）：異種相同器官間の変形動態の比較解析

14:40-15:05　鈴木　誠（基礎生物学研究所）：動的なカルシウムシグナルによる頂端収縮と神経管閉鎖の制御

15:05-15:30　平田祥人（東京大学）：状態空間の再構成とその点過程データへの応用

15:30-15:40　休憩

15:40-16:05　青沼仁志（北海道大学）：単純な神経系を持つ無脊椎動物の運動に見られる振動現象のモデル化

16:05-16:30　田中剛平（東京大学）：ハイブリッド力学系と細胞システム解析

16:30-16:50　李　聖林（広島大学）：極少の臨床データからの数理モデルへの挑戦：蕁麻疹のパターン形成

S10　New mathematical approaches for understanding of biological phenomena

主催者:　栄　伸一郎、長山　雅晴　（北海道大学）
森田　善久　（龍谷大学）

企画趣旨：近年様々な数学的手法が実用的な問題に応用され成果を上げている．生命科学分野においても複雑な現象をとらえ定量的な解析を可能とする理論や,大きな実データから情報を抽出するための手法などが導入されつつある．本企画では,そうした数学的手法に関係する話題の中から,動的パターンの解析と応用，ホモロジーを用いた実データ解析およびパターン形成問題に関わる話題を選び，最新の情報を紹介する．

講演者：

・大林　一平 (東北大学)
パーシステントホモロジーとその応用
Persistent homology and its applications

・二宮　広和 (明治大学)
The dynamics of waves in excitable media

・Grzegorz KARCH
(University of Wroclaw, POLAND)
Instability phenomena in models from mathematical biology

S11　Modeling studies about viral infection dynamics within host

Organizer: Yusuke Kakizoe(Kyushu University)

Purpose of symposium: Since time course of viral infection is non-linear phenomenon and varies drastically, it is difficult to analyze and understand. Using mathematical model, we can estimate the pathogenecity of viruses, evaluating the efficacy of anti-viral drugs, etc. In this symposium, we will present recent modeling studies and combination studies of viral infection experiments and mathematical model about HIV, Hepatitis C Virus (HCV), and Hepatitis B Virus (HBV).

Speakers

1. Yusuke Kakizoe, Kyushu University, Japan
   Intracellular dynamics of Hepatitis B Virus infection

2. Yoshiki Koizumi, Kanazawa University, Japan
   The mechanism of mysterious cure with detectable HCV RNA at the end of treatment

3. Kosaku Kitagawa, Kyushu University, Japan
   A multiscale model of HCV infection can be reduced to ODE

4. Catherine Beauchemine, Ryerson University, Canada
   Quantifying the relative contribution of free virus and cell-to-cell transmission routes to the propagation of hepatitis C virus infections in vitro

5. Jun Nakabayashi, Yokohama City University, Japan
   Position effect of the integration site of HIV provirus for the intracellular replication dynamics

S12　Pattern formation problems with non-local effects

主催者：栄伸一郎・田中吉太郎　（北大・理）

企画趣旨：近年，神経科学や細胞生物学などの様々な分野で空間大域的に影響を及ぼす相互作用（非局所相互作用）が注目されている．非局所相互作用は適当な積分核との積分で数式化され，様々な数理モデルが提案されている．この方程式系は，反応拡散系の拡張になることや，様々なパターンを再現するなど応用面でも汎用性がある．これらの背景から，本シンポジウムは，非局所相互作用つきの数理モデルに関する最新の研究成果を紹介するために企画した．非局所相互作用によるパターン形成について数理的に研究をされている三人の研究者を招待し，最新の結果について発表をしていただく予定である．

講演者：

1. Carlo R. Laing (Massey University): PDE methods for two-dimensional neural fields

2. Anna Marciniak-Czochra (University of Heidelberg): Nonlocal models of biological pattern formation

3. Guangyu Zhao (Michigan State University): Spectral Convergence and Turing Patterns for Non-local Diffusion Systems

S13　Recent advances in modeling epidemiological dynamics using empirical data

主催者：松山亮太、西浦博（北海道大学大学院医学研究院）

企画趣旨：Epidemic models have been developed and improved in the process of application to various phenomena in the real world. This symposium aims to share and discuss our halfway achievements of applied studies using epidemic models for various objects. In this session, we will present 6 topics related to the process of decision making and evaluation of strategies, from the scale of experimental designs to middle or large social issues including infectious disease epidemics and non-infectious disease example such as lung cancer.

講演者

Ryota Matsuyama (北大医): Exploring the cost effectiveness in transmission experiments using ferret model

Hiroshi Nishiura (北大医): Estimation of the number of HIV infected individuals in Japan

Chan Yat-Hin　(北大医): Reconstructing Ebola transmission in Nigeria and Sierra Leone using a partially observed data

Takayuki Yamaguchi (北大医): A differential equation model of lung cancer incidence considering demographic data and smoking rates

Hyojung Lee (北大医): Statistical determination of the end of Ebola outbreak in the presence of sexual transmission

Lankeshwara Munashinghe (北大医): Deciphering the heterogeneous transmission dynamics using contact data

S14　免疫学研究における理論的アプローチ

主催者:岩波翔也(九州大学大学院システム生命科学府)

企画趣旨：現在の免疫学は生化学、分子生物学、細胞生物学などの手法を取り入れながら発展し、細胞や分子の個々の働きに関する知見が深まっている。その中でも、免疫系の特異性と多様性を維持する仕組みや、幹細胞から特定の細胞系列への分化成熟の過程の解明には、理論研究が先導する役割を担ってきた歴史もある。故に、免疫学における数理生物学やシステム生物学の発展は、本格的な免疫システムの解明に寄与し得ると考えられる。本シンポジウムでは、一般的な免疫現象に対する最新の数理研究を紹介する。本シンポジウムが、日本の理論免疫学研究の発展を加速させるとともに、免疫疾患などの医学研究の理解を深めることを期待している。

講演者

寺口俊介（東北大学東北メディカル・メガバンク機構）　抗原提示の階層的モデル

梶田真司（東京大学生産技術研究所）　免疫T細胞における抗原識別の数理モデル

金子和正（東京大学大学院工学系研究科）　胸腺における上皮細胞との相互作用によるT細胞分化制御の理論解析

岩波翔也（九州大学大学院システム生命科学府）免疫系譜再構築実験のデータ解析

S15　Deciphering the mechanisms of infectious disease transmission using multitudes of data

主催者：浅井雄介，西浦博（北大・医学研究院）

企画趣旨: Mathematical models have been developed to capture the status of ongoing infectious disease pandemics and applied to predict the future trend of those events. In general, epidemiological data have been used in such estimation process, however, recent developments in big data analysis give us new insights of modeling techniques using non-epidemiological data such as transportation data or environmental data. In this symposium, we pick up 6 different infectious diseases which have different transmission mechanisms and present new mathematical modeling approaches using both of epidemiological and non-epidemiological data.

講演者:

Yusuke Asai (北大医): Identifying the transmission route of influenza using human travel and genomic data.

Baoyin Yuan (北大医): The infection risk assessing of dengue for Japanese travelers visiting Southeast Asian countries

Yuko Hamaguchi (北大医): The annual risk of TB infection with sero-prevalence survey of interferon gamma release assay

Yohei Sakamoto (北大医): Estimation of the effective reproduction number of HIV in Japan

Andrei R. Akhmetzhanov (北大医): Determining key factors in seasonality of the Lassa haemorrhagic fever spread in Nigeria

Nao Yamamoto (北大医): Tracking the geographic spread of Zika virus

ランチョンセミナー

「第１回：数理生物学におけるキャリアパスについて」

主催者：岩見真吾（九州大学）、井上浄（リバネス）
共催：株式会社リバネス

日時：2017 年 10 月 8 日（日）12：30〜14：00

登壇者:
生態・進化学領域：巌佐庸（九州大学・理学部・教授/高等研究院長）
応用数学領域：小川知之（明治大学・総合数理学部・教授/副学長）
医学領域：西浦博（北海道大学・医学部・教授）
教育ベンチャー領域：上野裕子（株式会社リバネス・人材開発事業部・部長）
IT ベンチャー領域：宮崎悠矢（株式会社クラスティウム・代表取締役）

注：参加者数には限りがあります。
参加申込は https://luncheonbiomath.jimdo.com/ まで。

“どのような仕事をどれくらいの期間経験し、どの程度能力が身につくとどのポストに就けるのか？”数理生物学におけるキャリアパスは明確ではありません。特に、Ph.D 取得後のアカデミア以外のキャリアパスに関しては「個々に委ねる」といったスタンスが主流になっていると思います（少なくとも数理生物学の世界では）。数理生物学会年会で初めての試みとなるランチョンセミナーでは、この様な数理生物学におけるアカデミア・企業・行政機関等、多方面へのキャリアパスについて議論する機会を設けたいと考えています。様々な領域で活躍されている方々を登壇者としてお呼びし、キャリアパスの過去・現在・未来について活発に討論できればと思います。この様なセミナーを通じて、多くの学生が安心して Ph.D への進学を決意してくれれば数理生物学がますます発展する事に貢献できるのかと考えております。