

Optimizing mating encounters by sexually dimorphic movements

Journal of the Royal Society Interface, 14:20170086 (2017)

国立情報学研究所 ERATO 河原林巨大グラフプロジェクト
特任研究員 阿部 真人

共同研究者：水元惟暁・土畑重人（京都大）

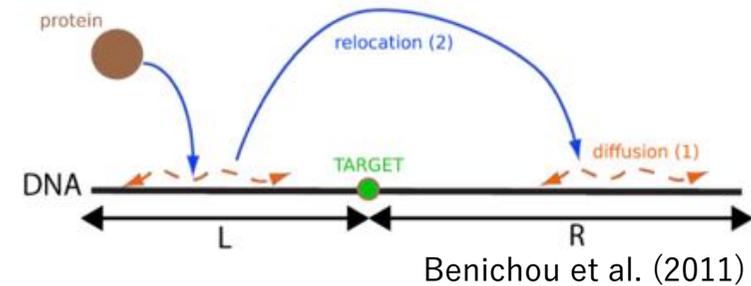
NII・京大からプレスリリース (2017/5/10)

「それぞれに異なる動きで効率的な出会い —あらゆる1対1の遭遇の最適化に応用可能—」
科学新聞 (2017/6/2)

GIZMODE JAPAN (2017/6/8) <http://www.gizmodo.jp/2017/06/levy-walk-kyoto-univ.html>

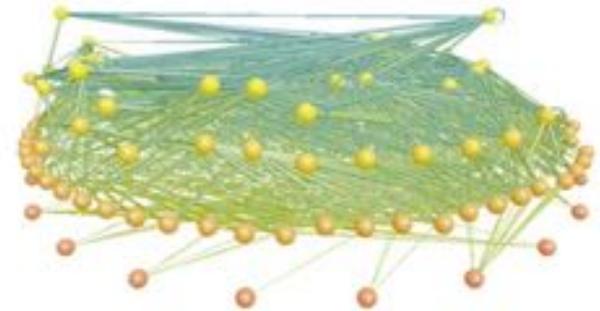
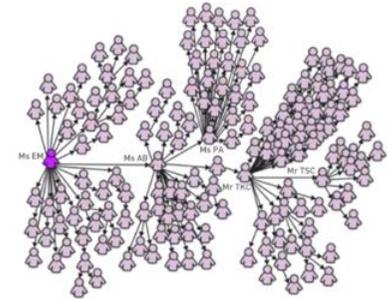
Movements 移動

- 分子 (タンパク質・DNA)
- 細胞 (免疫細胞)
- 個体 (動物・ヒト)
- 人工物 (ロボット) **に共通**



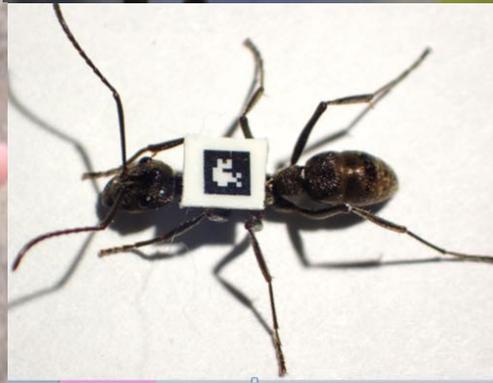
Questions

- どのように動くのか？
- どのように動くのが最適なのか？



分布・生息域の推定・予測

多くの複雑ネットワークの枝は移動に規定される



GPS・画像解析

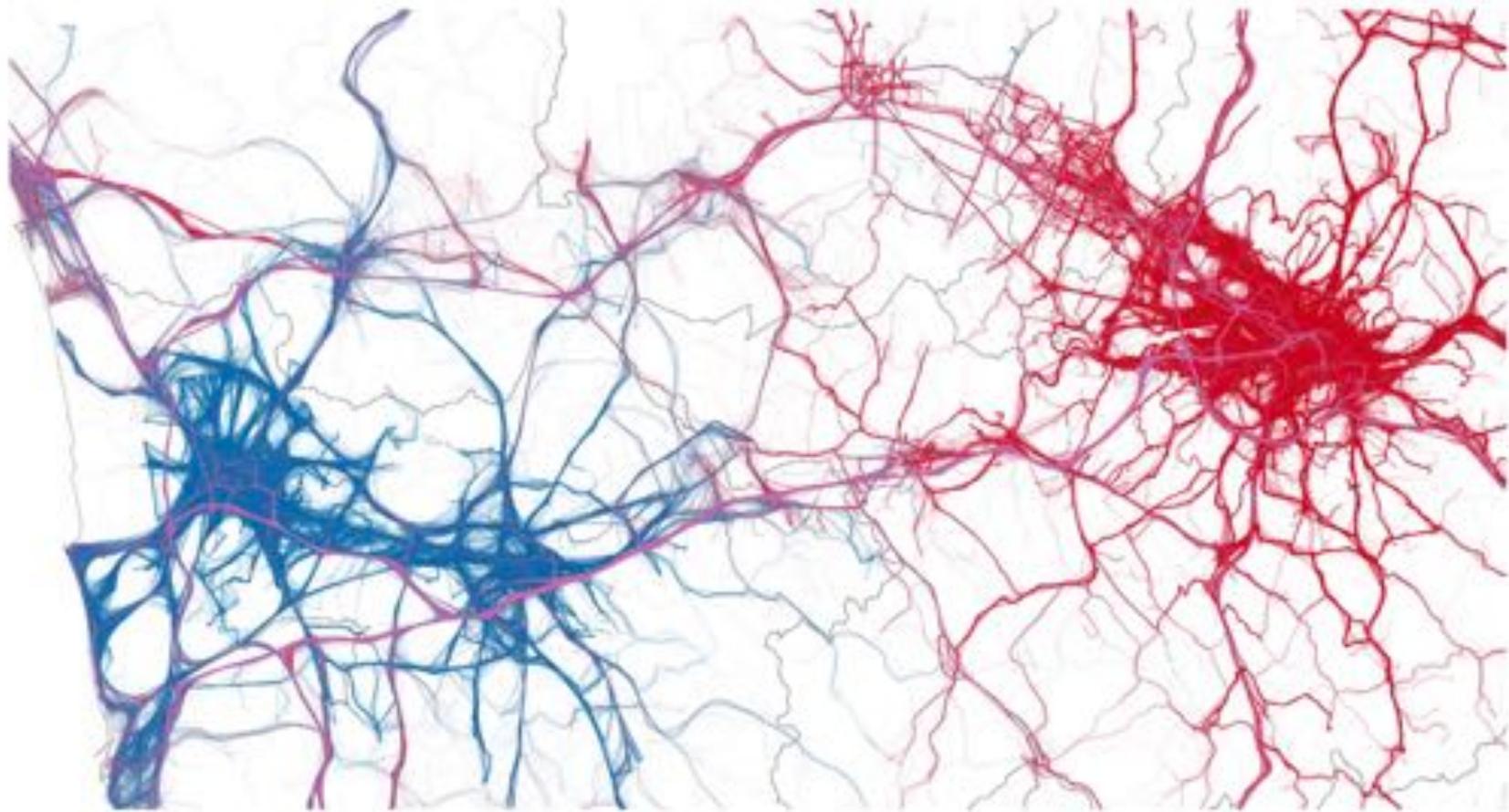


各個体の位置情報

$$x(t), y(t)$$



ヒトの都市における移動パターン

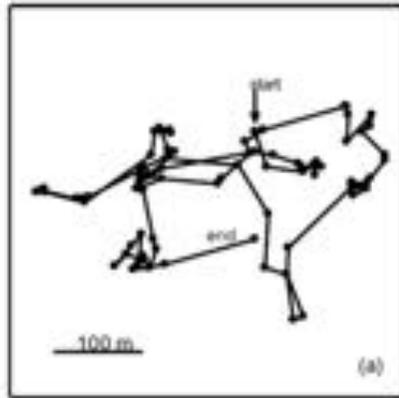


Pappalardo et al. (2015, Nat. Comm.)

生物の移動パターン



クモザル



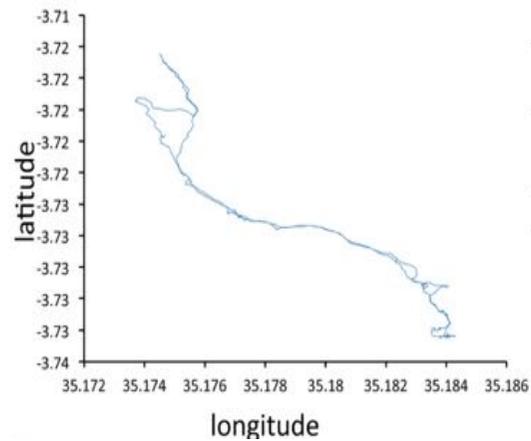
シカ



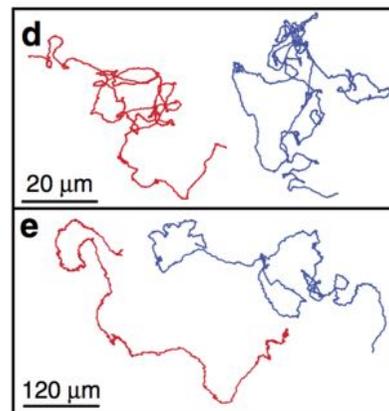
アホウドリ



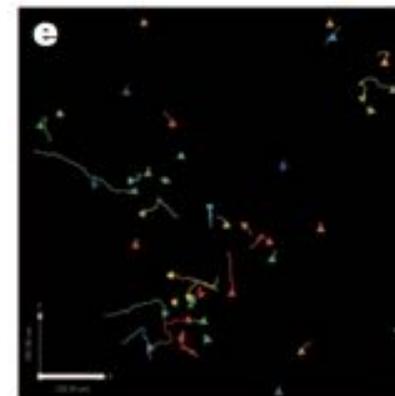
ヒト(狩猟民族)



バクテリア



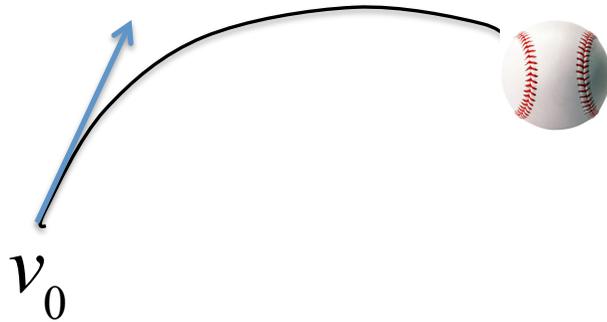
T細胞



移動の法則を探る

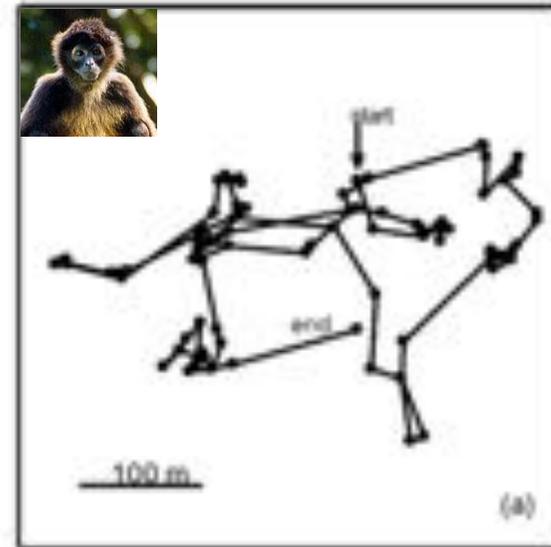
物体の運動法則

$$F = ma$$



完全に予測可能

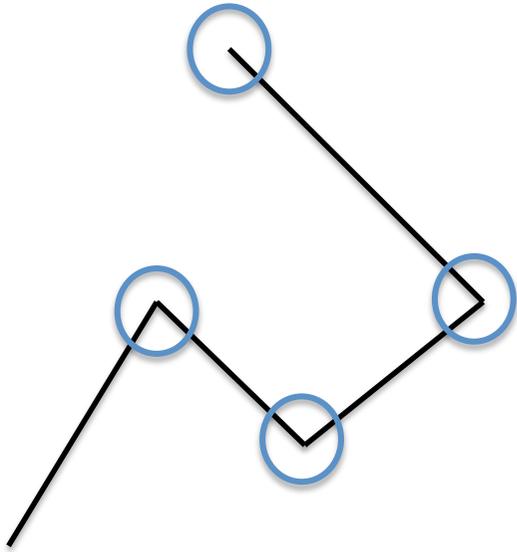
生物の移動



ランダムで予測できないようにみえる

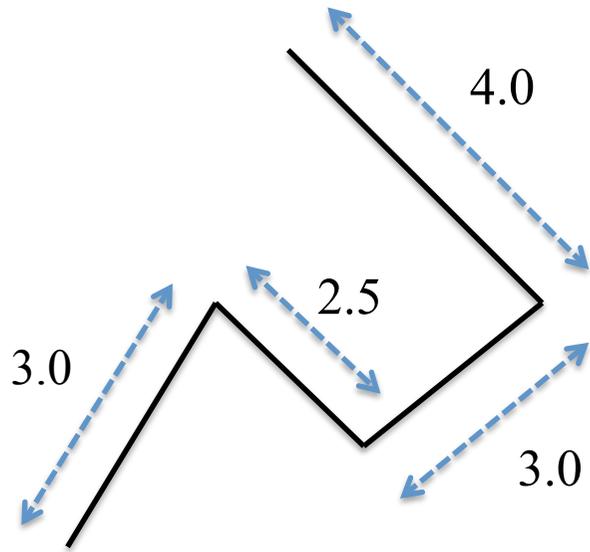
法則はないのか？

生物の移動パターン



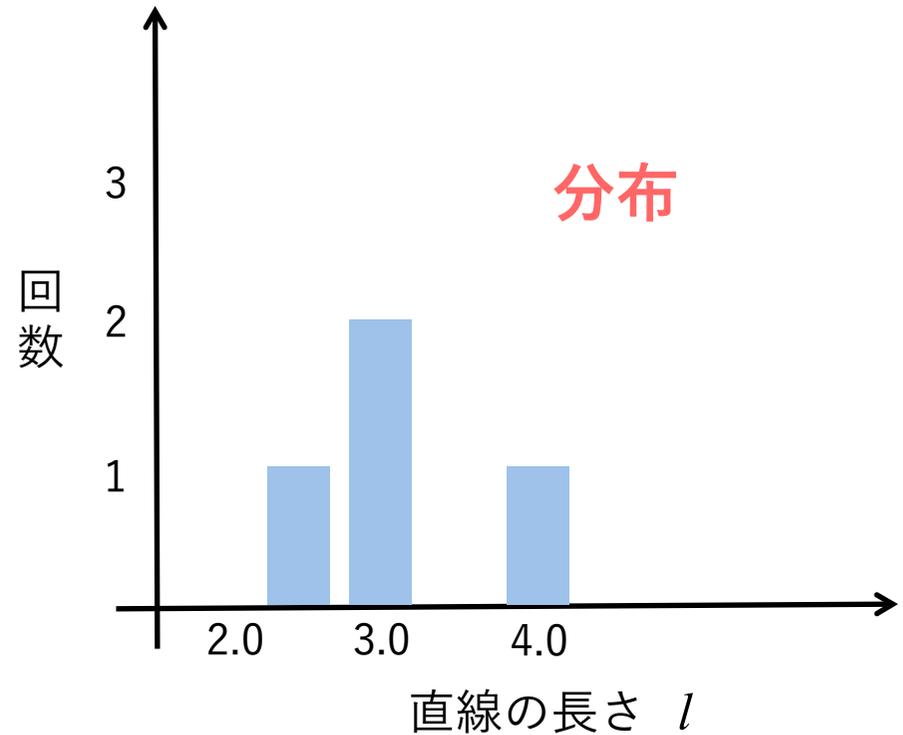
直線と方向転換で構成される

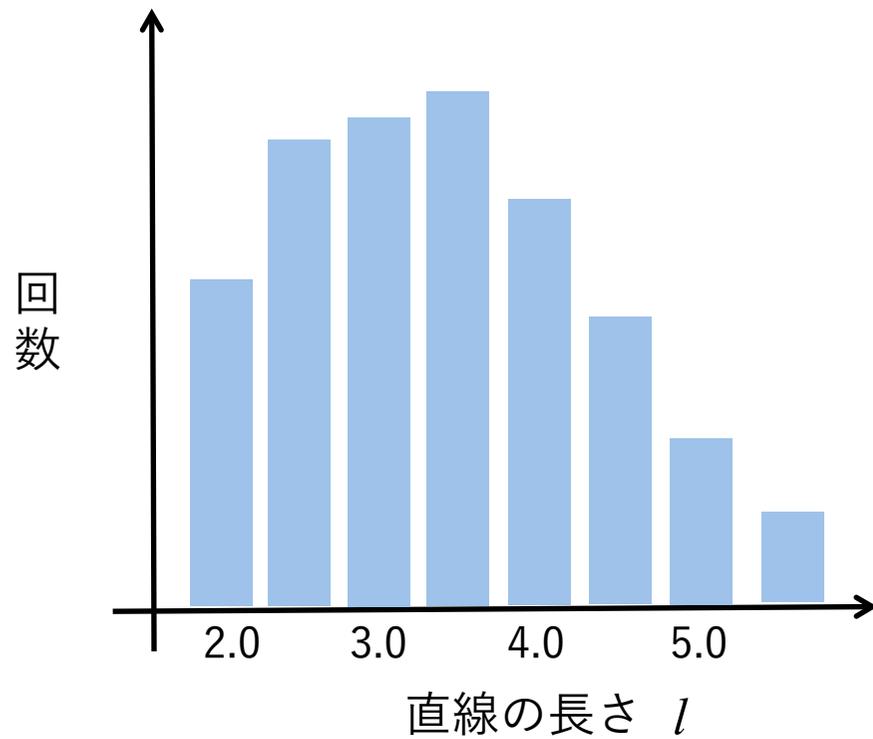
生物の移動パターン



直線と方向転換で構成される

直線の長さに注目

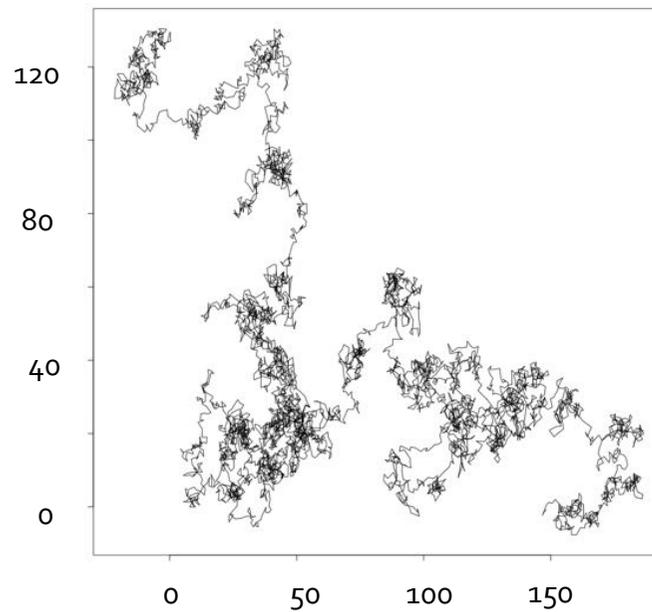




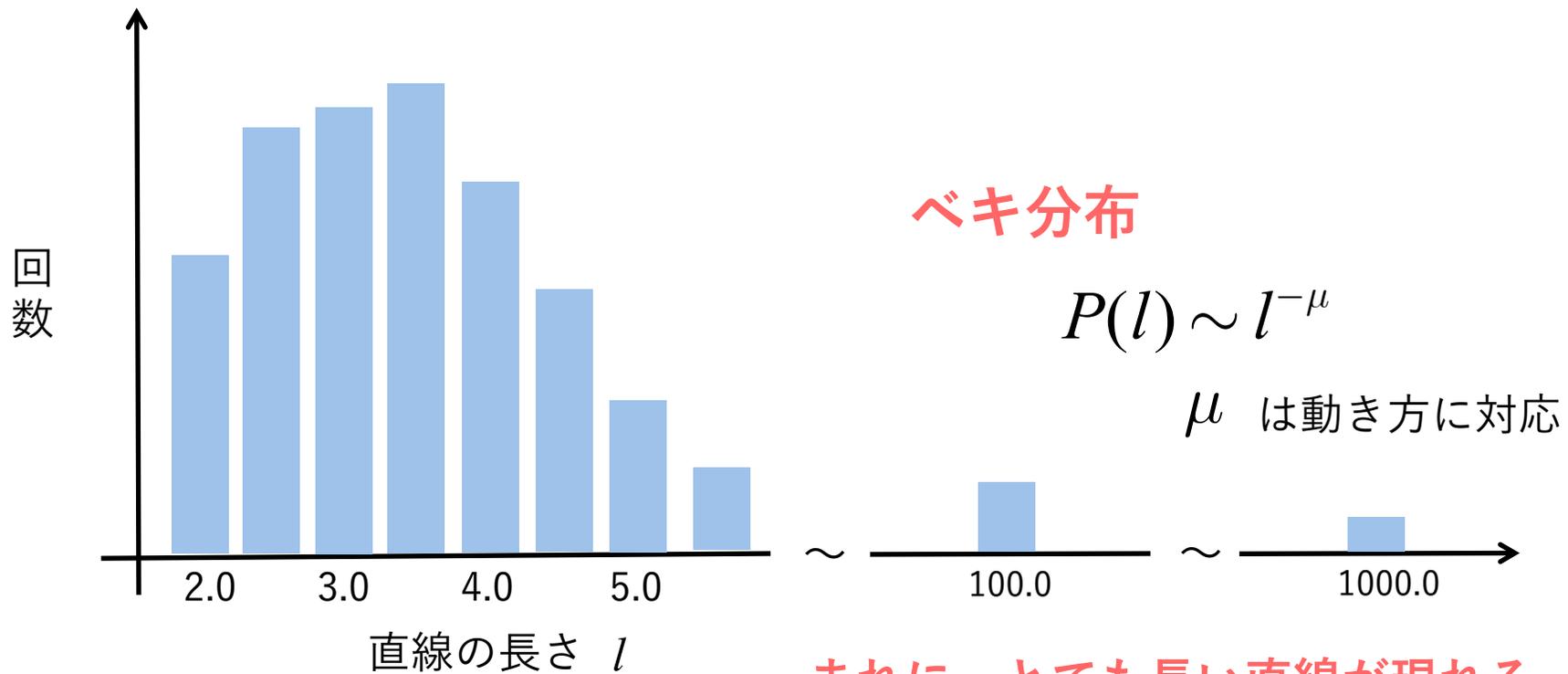
$$P(l) \sim \lambda e^{-\lambda l}$$

ブラウンウォーク
Brownian walk (BW)

(通常のランダムウォーク)

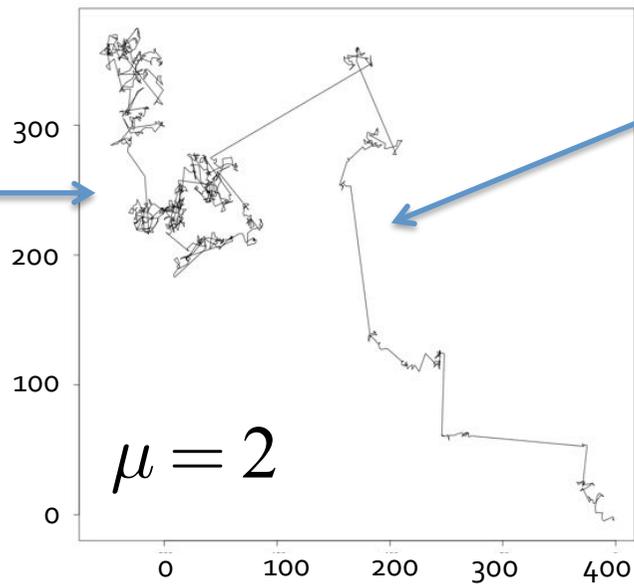


粒子など

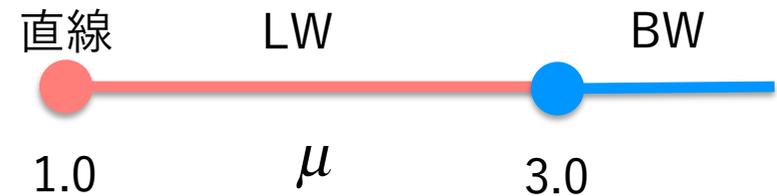


まれに、とても長い直線が現れる

たくさんの
短い直線移動



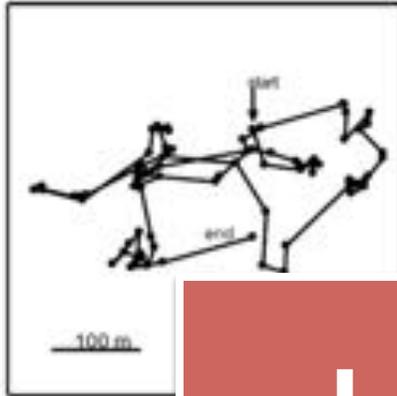
レヴィウォーク
Lévy walk (LW)



生物の移動パターン



クモザル



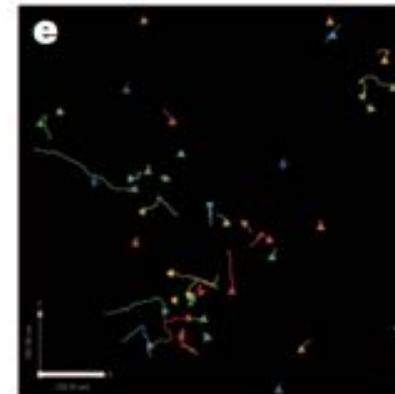
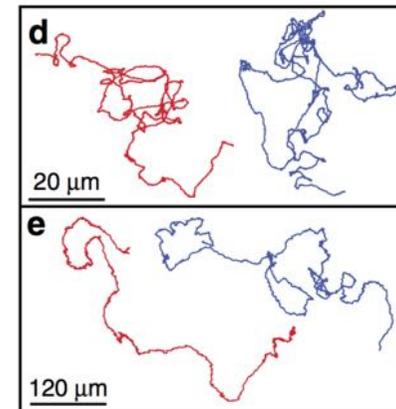
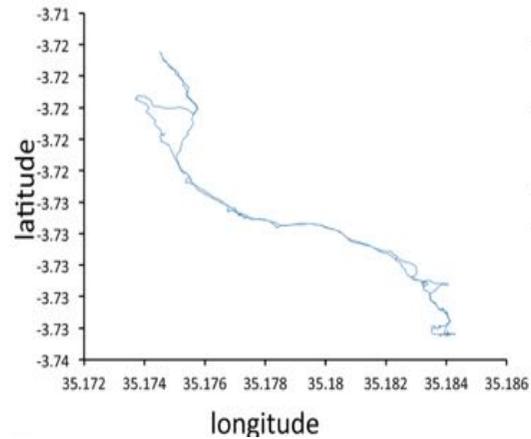
シカ



アホウドリ



Lévy walk ($\mu \doteq 2$)

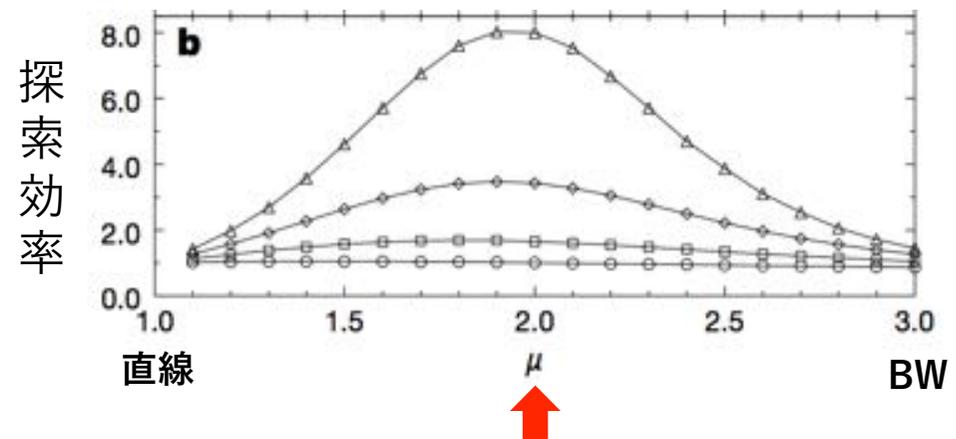


Random search problem

ターゲットに出会いたい。ただし、ターゲットの位置情報なし



単位時間あたりのターゲット獲得数を計算

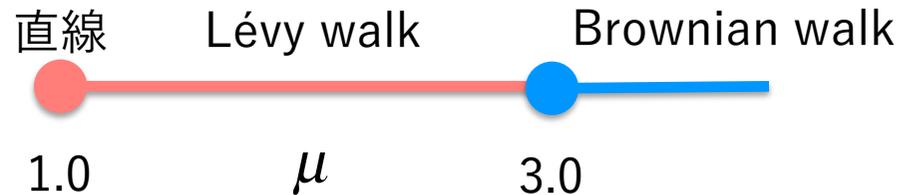


答. $\mu = 2$ の Lévy walk は探索効率がよい

Viswanathan et al. (1999, Nature)

様々なバージョンの数理モデル

- ・ エサがたくさんあるとき $\mu \geq 3$ (Bartumeus et al., 2002 PRL)
- ・ 探索エラーがあるとき $1 < \mu < 2$ (Reynolds and Bartumeus, 2009)
- ・ 上位捕食者が存在するとき $\mu \geq 3$ (Abe and Shimada, 2015)



データ解析

Lévy walk

カメ・ペンギン・ウバザメ・
ムツ・マグロ・ムツ・マグロ・
サメ・ウミドリ・シカ・アホウドリ・
クラゲ・ヒト

Lévy walkではない

アホウドリ・ミツバチ・シカ・
ゾウアザラシ・ネコザメ・
クラゲ・アブラムシ

(Viswanathan et al. 2011)

エサを探すだけではない

お互いに出会いたい

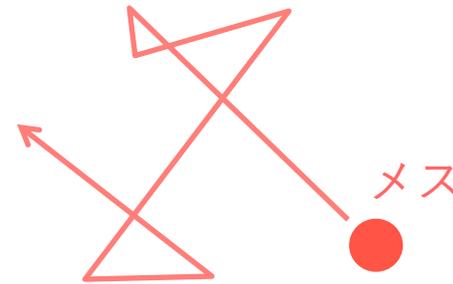
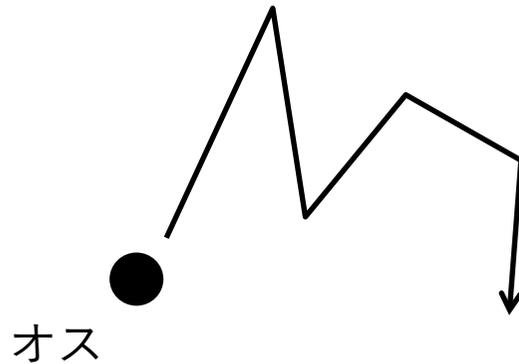


- オスとメス
- 待ち合わせ
- 迷子
- 遭難者探索
- 分子の結合



1度出会えればよい

問題設定



探索効率

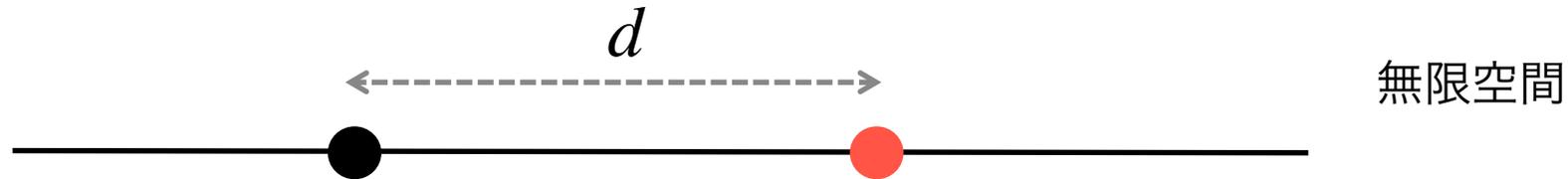
時間 t_{\max} 経ったときに出会っている確率

(例：寿命)

相手の位置情報はなし

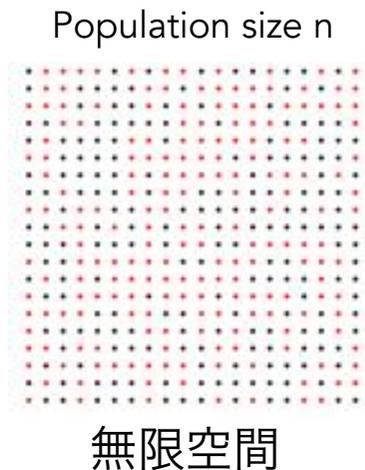
Assumptions

- 1-D model (simulation and analytical solution)



時間 t_{\max} 経ったときに出会えている確率を計算

- 2-D model (simulation)



進化モデル

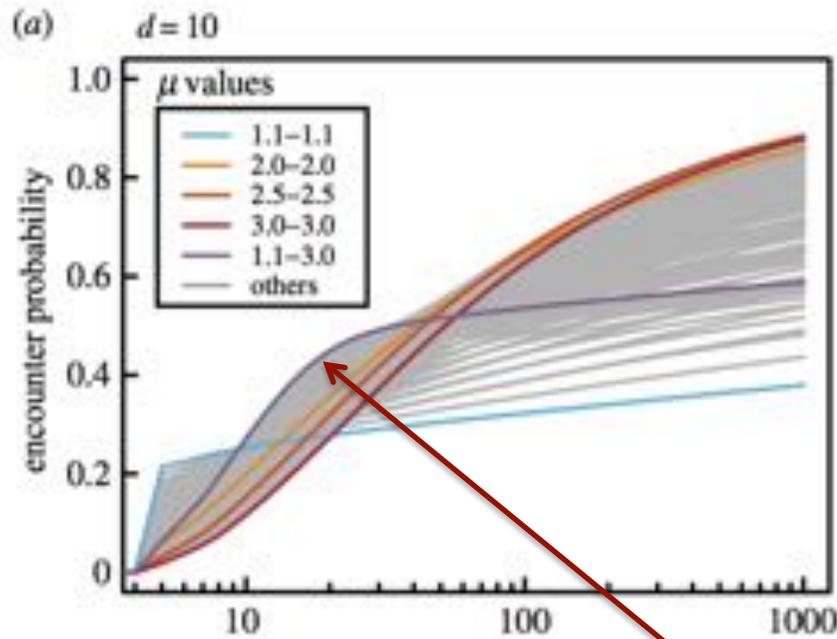
割合 r のペアができたなら終了 → t_{\max} に相当
→ 次の世代へ

μ に突然変異 (rate=0.0001) を入れて変化させる

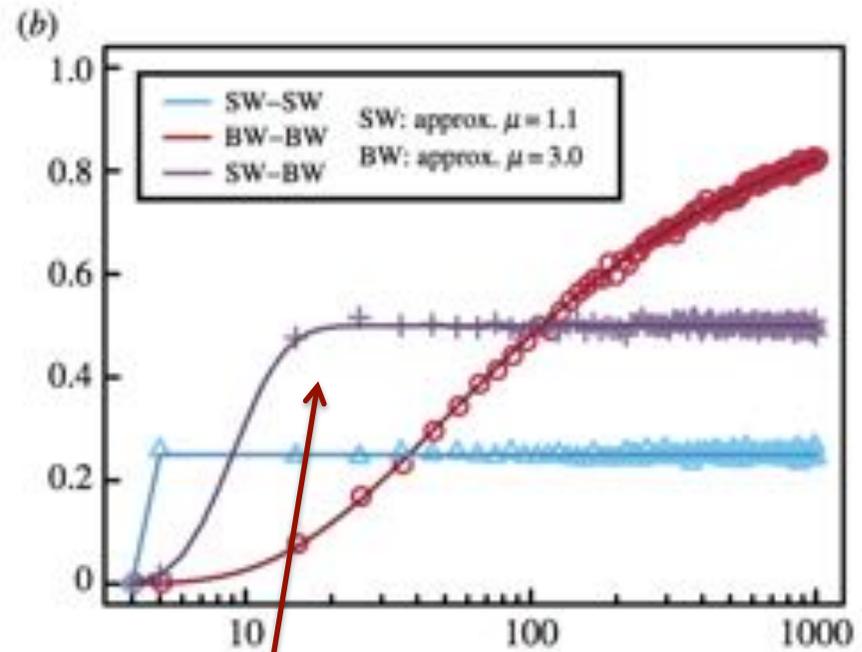
(ベキ分布は解析的な扱いが難しい)

Results: 1-D model 探索効率

Simulation



Analytical solution



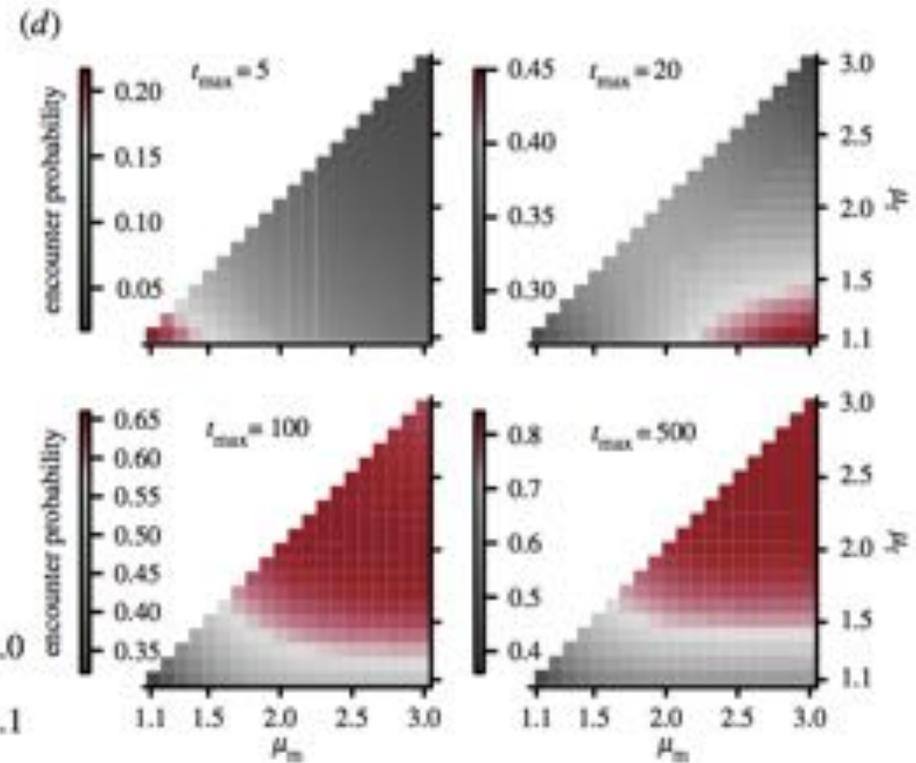
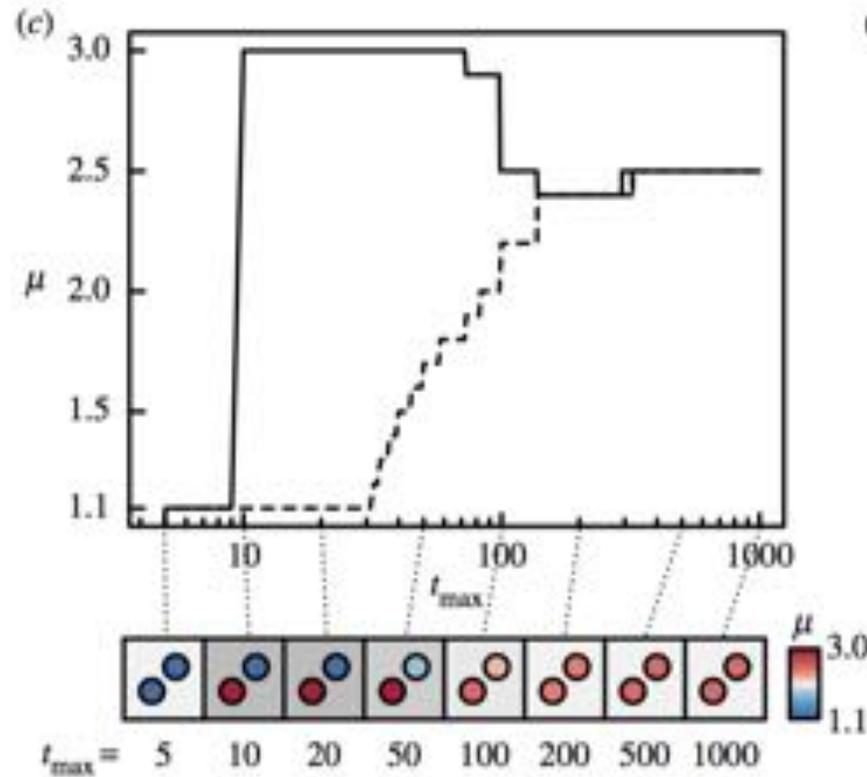
t_{\max}

t_{\max} が短いとき直線的なLW-LWがよい
 t_{\max} が長いときBW-BWがよい

その間にBWと直線的なLWのペア

Results: 1-D model どのペアがよいか

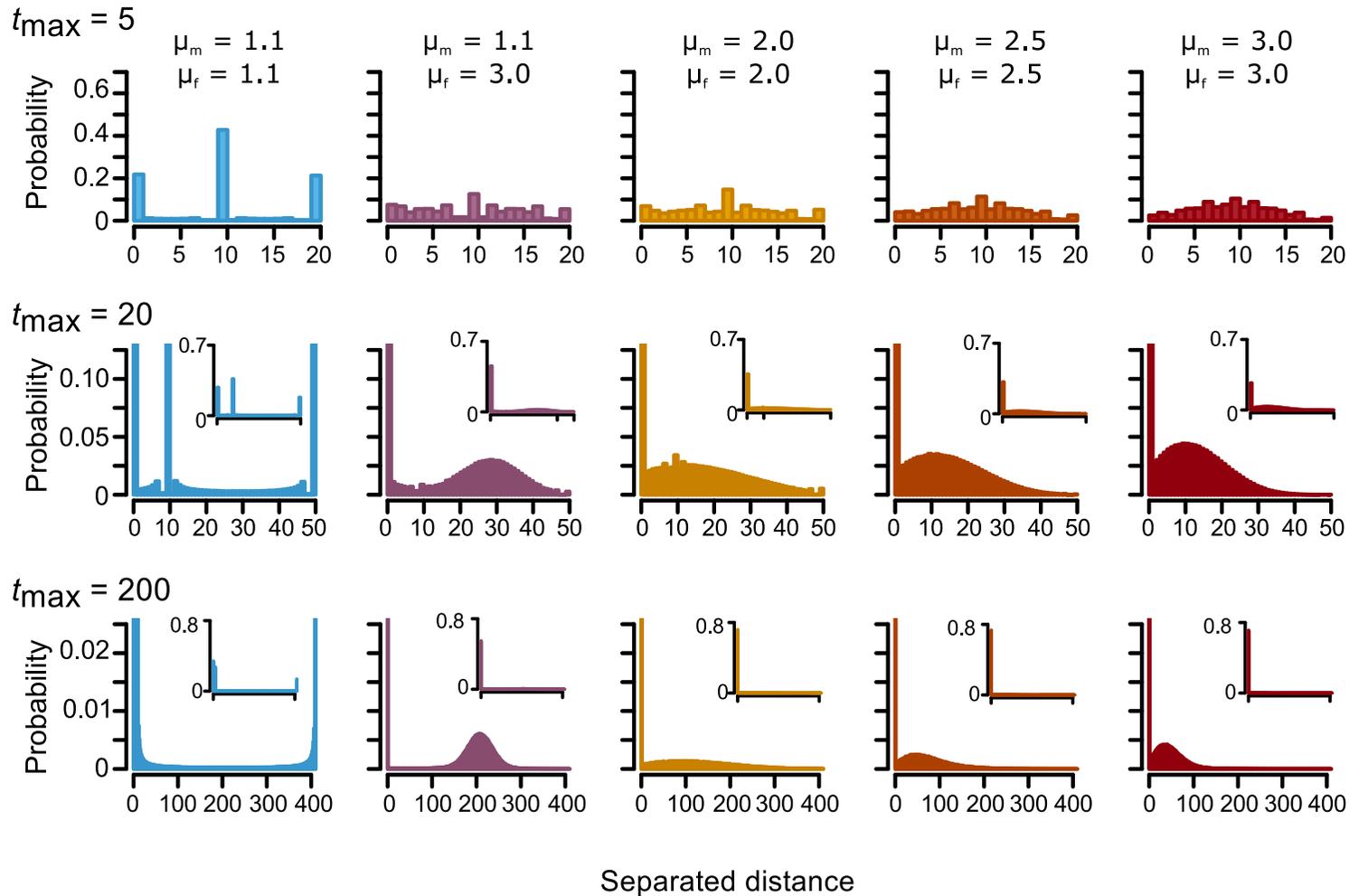
ベストなペアの μ



t_{\max} が短いとき直線的なLW-LWがよい
 t_{\max} が長いときBW-BWがよい

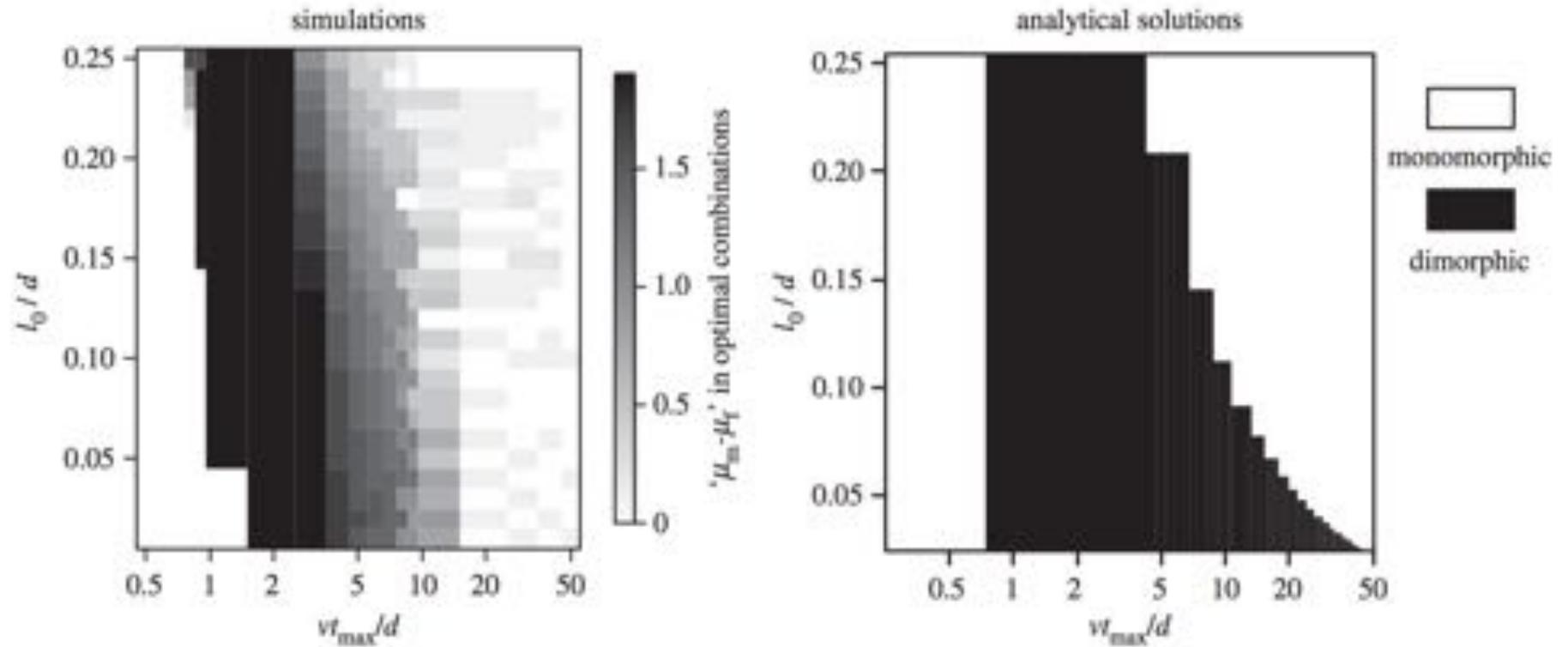
その間にBWと直線的なLWのペア

Results: 1-D model 二個体間の距離の確率分布



- 直線的なLWは短時間で出会えるが、一部は致命的
- BWは時間はかかるが確実

Results: 1-D model 初期距離dでスケール



おおよそ

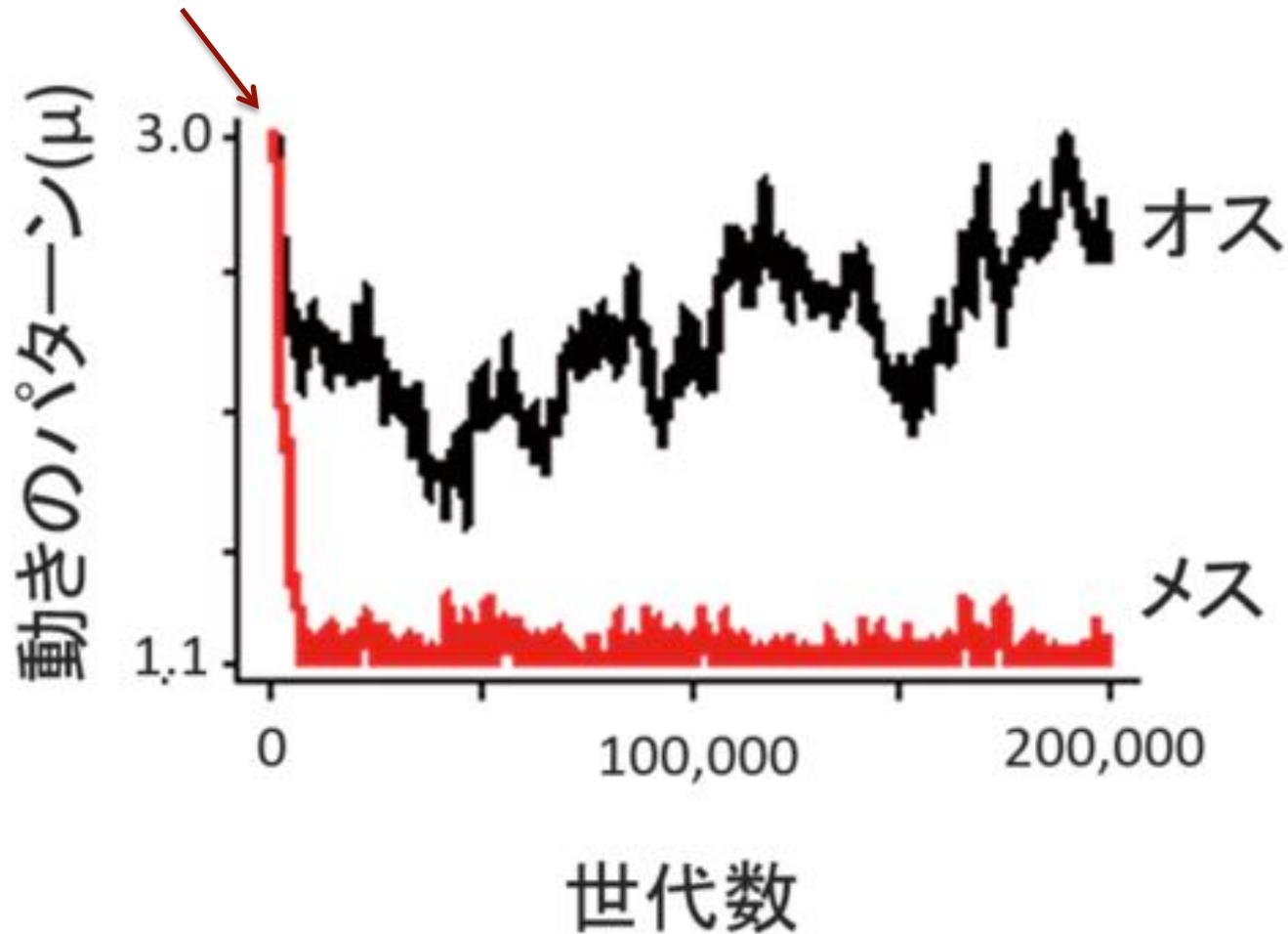
$d < vt_{\max}$ (トータル移動距離) $< 10d$

のとき、非対称な戦略が有利

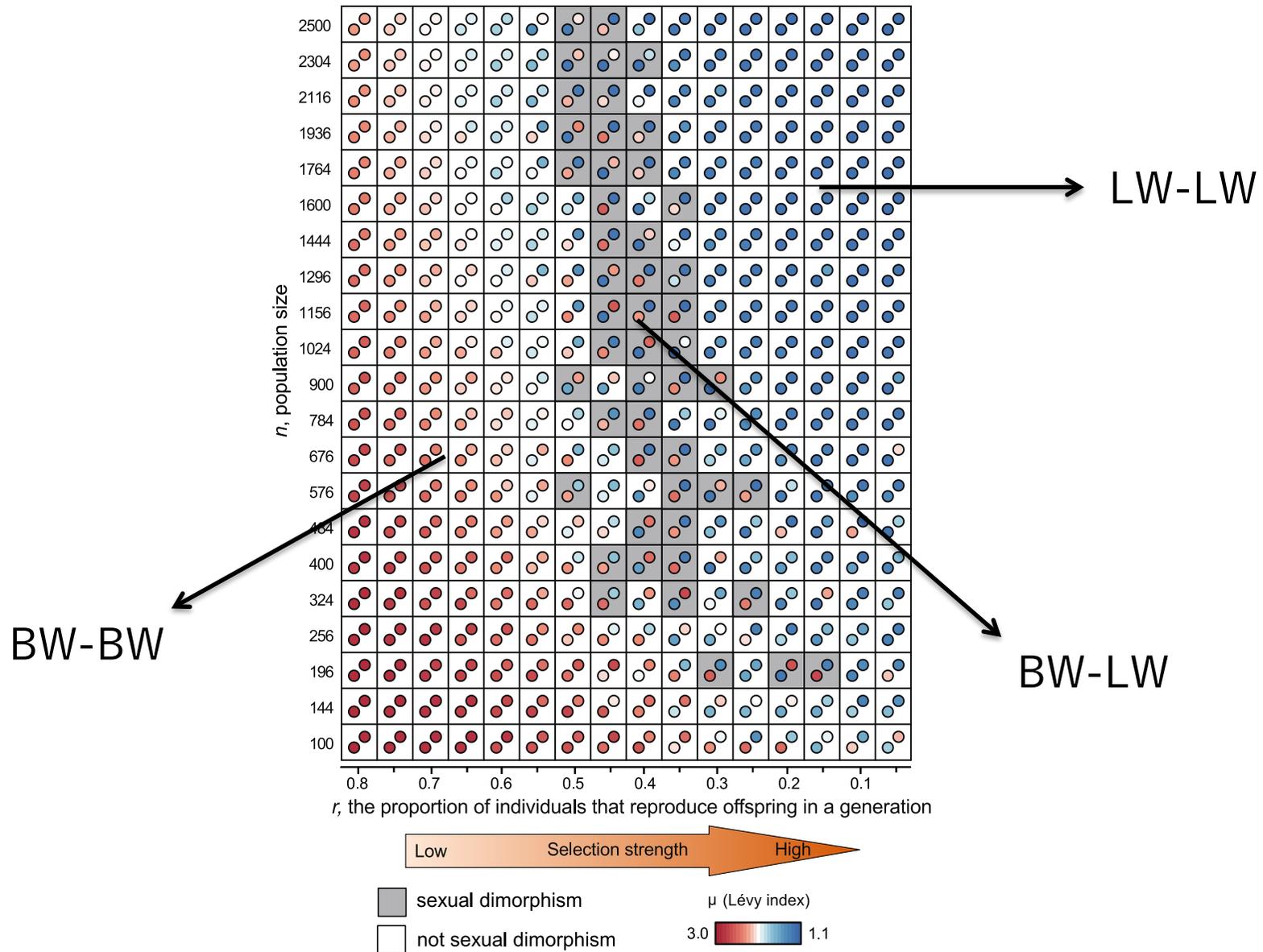
Results: 2-D model 進化シミュレーション

対象なペアから非対称なペアが進化しうるか

BW-BWのペアからスタート



Results: 2-D model 進化シミュレーション



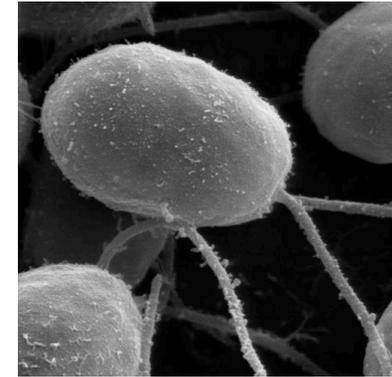
まとめ

互いに出会うための移動パターンは

- ・ 時間がないとき
片方は直線的LW、もう一方はBW
生物のオスとメスの違いを説明するかも

- ・ 時間が十分あるとき
拡散しにくいBW 同士で確実に

同型配偶子をもつクラミドモナス

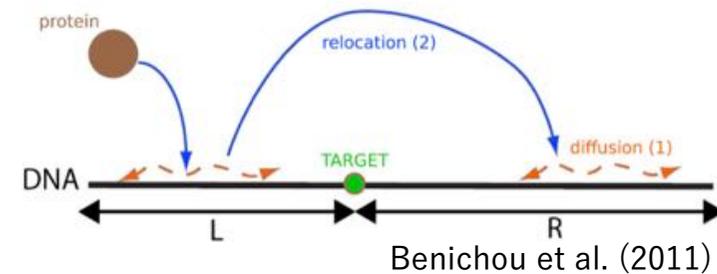


wikipedia

応用

biological, biochemical, social systems
など様々な適用可能

- レスキューロボットと被災者
- 酵素と補酵素の分子運動



ご清聴ありがとうございました。