

自然現象の離散・超離散系によるモデル化

ウィロックス, ラルフ
東京大学大学院数理科学研究科

<https://doi.org/10.15017/23387>

出版情報：応用力学研究所研究集会報告. 22A0-S8 (3), pp.13-22, 2011-03. Research Institute for Applied Mechanics, Kyushu University

バージョン：

権利関係：

応用力学研究所研究集会報告 No.22AO-S8

「非線形波動研究の新たな展開 — 現象とモデル化 —」 (研究代表者 笥 三郎)

共催 九州大学グローバル COE プログラム

「マス・フォア・インダストリ教育研究拠点」

Reports of RIAM Symposium No.22AO-S8

Development in Nonlinear Wave: Phenomena and Modeling

Proceedings of a symposium held at Chikushi Campus, Kyushu University,
Kasuga, Fukuoka, Japan, October 28 - 30, 2010

Co-organized by

Kyushu University Global COE Program

Education and Research Hub for Mathematics - for - Industry

Article No. 3 (pp. 13 - 22)

自然現象の離散・超離散系による モデル化

ウィロックス ラルフ (WILLOX Ralph)

(Received 7 February 2010)



Research Institute for Applied Mechanics
Kyushu University
March, 2011

自然現象の離散・超離散系によるモデル化

東京大学大学院数理科学研究科 ウィロックス ラルフ (WILLOX Ralph)

概要 可積分系という分野が生み出した概念やテクニックに基づき、一般の数理モデルにも適用できる離散化・超離散化手法による数理的アプローチを紹介する。この新しいアプローチを個体群動態学におけるロジスティック方程式や SIR のような有名な感染症数理モデルを用いて説明し、新しい現象を示す捕食者・被食者モデルに適用する。

1 はじめに

離散 KdV 方程式のような離散ソリトン系や q -パンルヴェ方程式などの離散的な可積分系に関する研究が、この 30 年間の間に、「可積分系」という分野を大きく変えたことは確かな事実である。特に、離散可積分系からソリトン・セル・オートマトンを導くために、ほぼ 15 年前に導入された「超離散極限」と呼ばれている手法 [1] は、今、その研究分野の新しいパラダイムであると言っても過言ではない。そこで、超離散極限というテクニックを含めて、可積分系の研究から学んできた手法が一般的な力学系にも適用できるかという問題は数年前から考えられているが [2]、与えられた連続なモデル方程式の適切な離散化をどうやって行えば良いかという質問は相変わらず難問である。最近、常微分方程式の特殊なクラスに適用できる離散化法はいくつか考案されているが [3]、本講演の目的は、離散化やモデル化の一般論を述べるのではなく、具体例を挙げながら連続モデルの離散化と超離散化における問題や注意点を説明することである。

まず、入門的な実例として、人口モデルのプロトタイプである (1845 年に P.F. Verhulst に考案された) logistic 方程式 ($r, h > 0$)

$$\frac{dN}{dt} = N(r - hN) \quad (1.1)$$

の離散化と超離散化を考察しよう。logistic 方程式は Riccati 型の常微分方程式であり、勿論、線形化可能かつ求積可能な方程式である。従属変数変換 $N(t) = \frac{1}{X(t)}$ により、方程式 (1.1) が

$$\frac{dX}{dt} = h - rX$$

に変換され、これを解くと、(1.1) の一般解を下記の「logistic」函数と呼ばれる形で得られる。 $(K := \frac{r}{h}, N_0 := N(t_0))$

$$N(t) = \frac{K}{1 + \left(\frac{K}{N_0} - 1\right) e^{-r(t-t_0)}} \quad (1.2)$$

しかし、この方程式又はこの解が本当にある個体群の発展を忠実に記述するかという問題を考えるとき、解の挙動を観察データと比較する必要がある。特に、観察データからモデルに現れるパラメーター r, h が推測できるかは重要な問題である。個体群に対する実データは基本的に離散的なデータであり、そういった比較やパラメーターの推測を行うためには、logistic 方程式 (1.1) の離散化を行うか、あるいは直接に logistic 函数 (1.2) のある time step に対応する sampling を求めるかという 2 つの方法が考えられる。これから、まず logistic 方程式の離散化を考える。

具体的には, logistic 方程式 (1.1) の解を間隔 τ の格子上で離散化し, $N(t+n\tau)$, 新しいパラメーター α, β の τ 依存性を

$$\alpha = r\tau + \mathcal{O}(\tau^2), \quad \beta = h\tau + \mathcal{O}(\tau^2)$$

と定めるとき, 次の差分方程式が

$$N_{n+1} - N_n = N_n(\alpha - \beta N_{n+k}) \quad (1.3)$$

常に ($\forall k \in \mathbb{Z}$) logistic 方程式 (1.1) を連続極限に持つことはすぐ分かる.

$$\frac{N_{n+1} - N_n - N_n(\alpha - \beta N_{n+k})}{\tau} = \frac{dN_n}{dT} - N_n(r - hN_n) + \mathcal{O}(\tau) \xrightarrow{\tau \rightarrow 0} \frac{dN}{dt} = N(r - hN)$$

logistic 方程式は 1 階の常微分方程式であり, 離散化の一般的な方針 [4] の一つとして, 目指す離散化を同様に 1 階の差分方程式に絞り, (1.3) において $k = 0, 1$ の場合のみを考える.

i) $k = 0$: この場合には, Euler 法に対応する離散化が得られ,

$$N_{n+1} - N_n = N_n(\alpha - \beta N_n)$$

この差分方程式は $N_n = \frac{1+\alpha}{\beta} X_n$ により, 有名なカオス系である「logistic map」と同値であることが分かる.

$$X_{n+1} = (1 + \alpha) X_n (1 - X_n)$$

この写像は τ が十分小さいときに logistic 方程式の良い近似にはなるが, τ を段々大きくとると, 写像がカオスのレジームに入ってしまう, 結局, この離散化が示す振る舞いは元の連続モデルと全く無関係なものとなる. さらに, Euler 法による離散化は近似だけであり, この場合には, 上記の差分方程式が logistic 関数 (1.2) の sampling となるパラメーター α, β は存在しない.

ii) $k = 1$: このときに得られる差分方程式 $N_{n+1} - N_n = N_n(\alpha - \beta N_{n+1})$ は次の有理写像と同値である.

$$N_{n+1} = \frac{(1 + \alpha)N_n}{1 + \beta N_n} \quad (1.4)$$

実は, logistic 関数 (1.2) の $N(t+n\tau)$ による sampling が

$$\alpha = e^{r\tau} - 1, \quad \beta = \frac{\alpha}{K} \quad (1.5)$$

のとき関係式 (1.4) を満たすことは, 初めて, 1965年に生態学者の森下正明先生に示された結果 [5] である.

有理写像 (1.4) が連続の logistic 方程式と同様に線形化可能である¹ことはよく知られているが, 観点を少し変えると, この写像が, 実は, 既に線形な形にあることが簡単に分かる. 有理写像 (1.4) の作用を射影空間 \mathbb{P}^1 上で考えるとき, \mathbb{P}^1 の斉次座標を $N_n = (A_n : B_n)$ のように導入すると, (1.4) から次の線形変換が得られる.

$$\begin{bmatrix} A_{n+1} \\ B_{n+1} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 1 + \alpha & 0 \\ \beta & 1 \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} A_n \\ B_n \end{bmatrix}$$

¹写像 (1.4) に $N_n = \frac{1}{X_n}$ を置くと, $X_{n+1} = (1 + \alpha)^{-1}(X_n + \beta)$ が得られる.

$$\Leftrightarrow \begin{bmatrix} A_n \\ B_n \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} (1+\alpha)^n & 0 \\ \frac{\beta}{\alpha}[(1+\alpha)^n - 1] & 1 \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} A_0 \\ B_0 \end{bmatrix} \equiv \begin{bmatrix} (1+\alpha)^n N_0 \\ 1 + \frac{\beta}{\alpha} N_0 [(1+\alpha)^n - 1] \end{bmatrix}$$

$$\Leftrightarrow N_n = \frac{\alpha/\beta}{1 + \left(\frac{\alpha}{\beta N_0} - 1\right)(1+\alpha)^{-n}} \equiv N(t_0 + n\tau) \quad ((1.5) \text{ により})$$

従って、有理写像 (1.4) は小さい τ の場合に logistic 方程式のとても良い近似になることばかりでなく、連続の logistic 方程式と同様に線形化可能でもあり、差分間隔が大きくなっても、logistic 関数の挙動を完全に捕らえるものである。この写像は、さらに、「超離散か可能」な写像でもある。

$N_0 > 0$ から出発すると、すべての N_n は正であり、ある正のパラメーター ε に対してその N_n と α を下記のように表すことができる。

$$N_n = K e^{-U_n/\varepsilon}, \quad 1 + \alpha \equiv e^{r\tau} = e^{A/\varepsilon} \quad (U_n, A \geq 0, \varepsilon > 0)$$

そのとき、 ε を 0^+ に送りながら、つまり差分間隔 τ を増加させながら、写像 (1.4) の不動点 $N_\infty = K$, 0 に対応する値 $U_\infty = 0$, $+\infty$ の大域的な (漸近的) 安定性を調べる。実は、 $U_\infty = +\infty$ は常に反発的であり、 $U_\infty = 0$ は常に吸引的である²。なお、これを直接 U_n という変数のレベルで調べるためには、 $\varepsilon \searrow 0^+$ の極限を取る必要がある。関係式 (1.4) から、

$$-\varepsilon \log e^{-U_{n+1}/\varepsilon} = -\varepsilon \log \frac{e^{A/\varepsilon} e^{-U_n/\varepsilon}}{1 + (e^{A/\varepsilon} - 1)e^{-U_n/\varepsilon}}$$

$$\Leftrightarrow U_{n+1} = U_n - A + \varepsilon \log(1 + (e^{A/\varepsilon} - 1)e^{-U_n/\varepsilon})$$

$$\xrightarrow{\varepsilon \rightarrow 0^+} U_{n+1} = U_n - A + \max[0, A - U_n]$$

つまり、次の極めて単純な区分的線形写像が得られる。

$$U_n > A : \quad U_{n+1} = U_n - A \equiv U_0 - (n+1)A$$

$$0 \leq U_n \leq A : \quad U_{n+1} = 0$$

(このような極限は離散系の「超離散極限」と呼ばれる。) 特に、すべての初期値が有限な時刻に不動点 $U = 0$ に辿り着くことに注意する。さらに、有理写像 (1.4) の一般解の超離散極限も取れる。

$$N_n = \frac{K}{1 + \left(\frac{K}{N_0} - 1\right)(1+\alpha)^{-n}} \Leftrightarrow e^{-U_n/\varepsilon} = \frac{1}{1 + e^{-nA/\varepsilon}(e^{U_0/\varepsilon} - 1)}$$

$$\Leftrightarrow U_n = \varepsilon \log \left[1 + e^{-nA/\varepsilon}(e^{U_0/\varepsilon} - 1) \right] \xrightarrow{\varepsilon \rightarrow 0^+} U_n = \max[0, U_0 - nA]$$

これから、次の方針に沿って、いくつかの具体的な離散・超離散モデルを構築する。

- 自然現象をミクロのレベルではなく、マクロのレベルで記述し、離散的なモデルより直感的なレート方程式の離散化を行う。
- 離散系として精度の高い近似 (“integrator”) を目指すこととともに、差分間隔の広い範囲において連続系の挙動を忠実に追尾する離散化を目指す。特に、正の整数を係数にする有理写像による漸化式を目指す。
- 離散系の超離散極限によって、元のモデルと同様の挙動を示すセル・オートマトンを得る。

²写像 (1.4) の線形的安全性に現れる固有値はそれぞれ $e^{A/\varepsilon}$ と $e^{-A/\varepsilon}$ の値をとる。

2 Case study 1: SIR モデル

初めに、伝染病流行モデルのプロトタイプである SIR 模型 [6] の離散化を考える.

ある伝染病の感染者の人口密度を $I(t)$ とし, その伝染病に対して免疫を持たない人口の密度を $S(t)$, そして免疫を持つ人口密度を $R(t)$ とし, この3つの従属変数の間に次の関係が成り立つとする. ($'$ は t 微分を表す記号である.)

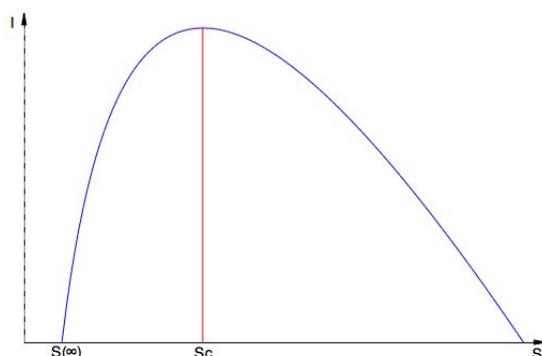
$$\begin{cases} S' = -rSI \\ I' = rSI - sI \\ R' = sI \end{cases} \quad (2.1)$$

($s, r, S(0) = S_0, I(0) = I_0, R(0) = R_0 > 0$) このモデルは, 保存量を2つ持ち,

$$\begin{cases} S + I + R = c^t \\ r(S + I) - s \log S = c^t \end{cases}$$

ある critical な値 $S_c := \frac{s}{r}$ に対して次の振る舞いを示す: $S_0 > S_c$ のとき, I が増加し, S が減少する. I は $S = S_c$ において最大値をとり, S が S_c より小さければ, I と S はともに減少する.

$$\lim_{t \rightarrow +\infty} I(t) = 0, \quad \lim_{t \rightarrow +\infty} S(t) = S_\infty : e^{rS_\infty} = \left(\frac{S_\infty}{S_0}\right)^s e^{r(S_0+I_0)}$$



SIR モデル (2.1) と同じ挙動を示す離散系は容易に下記の形で得られる³ [7].

$$\begin{cases} x_n = x_{n-1} \frac{1 + cy_n}{1 + y_n} \\ y_{n+1} = y_n \frac{a + x_n}{1 + bx_n} \end{cases} \quad (2.2)$$

ここで, $x_0 > \frac{1-a}{1-b}$ のとき, y_n が増加し, x_n が減少する. 一方, $x_0 < \frac{1-a}{1-b}$ のとき, y_n, x_n はともに減少する. さらに, パラメーターの特殊な場合には, (2.2) が保存量を持つことも示せる.

$$\text{i) } a = b = c: \quad k = \frac{x_n x_{n-1} + (1+c)x_{n-1} + 1}{x_n - c x_{n-1}} \Rightarrow x_n = \frac{(kc + c + 1)x_{n-1} - 1}{k - x_{n-1}}$$

$$\text{ii) } a = b, c = a^2: \quad k = \frac{\lambda^3 x^2 y^2 + (\lambda^2 + \lambda)x^2 y + x^2 + 2\lambda^2 x y^2 + (\lambda + 1)^2 x y + \lambda y^2 + (\lambda + 1)y + 1}{x} \\ (x = x_n, y = x_{n-1}).$$

³ 離散系 (2.2) に $x = \epsilon S, y = \epsilon I, t = \epsilon n, a = 1 - \epsilon s, b = c = 1 - r$ ($0 < a, b, c < 1, x_0, y_0 > 0$) と置くと, $\epsilon \rightarrow 0^+$ の連続極限が元の SIR 系 (2.1) であることは簡単に分かる.

連続系と同様に、漸近的な状態における x_∞ の値はこの保存量から計算できる： $\lim_{n \rightarrow \infty} x_n = x_\infty$, $\lim_{n \rightarrow \infty} y_n = 0$. 離散系 (2.2) の係数はすべて正であり、超離散極限も取れる. (2.2) に

$$x = e^{X/\varepsilon}, \quad y = e^{Y/\varepsilon}, \quad a = e^{-\alpha/\varepsilon}, \quad b = e^{-\beta/\varepsilon}, \quad c = e^{-\gamma/\varepsilon} \quad (\alpha, \beta, \gamma > 0)$$

と置くと、超離散極限後、次の区分的線形写像が得られる.

$$\begin{cases} X_n = X_{n-1} + \max[0, Y_n - \gamma] - \max[0, Y_n] \\ Y_{n+1} = Y_n + \max[-\alpha, X_n] - \max[0, X_n - \beta] \end{cases} \quad (2.3)$$

実は、この写像はまた連続模型と全く同じ振る舞いを示す： $X_0 > 0$ のとき、 Y_n が増加し、 X_n が減少する、つまり伝染病が流行する. 一方、 $X_0 < 0$ のとき、 Y_n と X_n は両方とも減少し、 Y_n は負となり、結局 $-\infty$ に減少するが、 X_n はそのときある定数にとどまる： $X_n = c^t = X_\infty$.

特に、 $X_0, Y_0, \alpha, \beta, \gamma \in \mathbb{Z}$ に制限すると、SIR 模型と同じように伝染病の流行を記述するセル・オートマトンが得られる. さらに、場合によって次の保存量も存在する.

$$\text{i) } \underline{\alpha = \beta = \gamma}: \quad K = \max[X_n, X_n + Y_n - \alpha, Y_n, -X_n, Y_n - X_n]$$

$$\text{ii) } \underline{\alpha = \beta, \gamma = 2\alpha}: \quad K = \max[X_n, X_n + Y_n - \alpha, 2Y_n + X_n - 3\alpha, Y_n, 2Y_n - X_n - \alpha, Y_n - X_n, -X_n]$$

そのとき、 $X_0 > 0, Y_0 < 0$ なら、一般的に $X_\infty = -X_0$ であることが分かる.

しかし、上述の保存量を持つ離散的（と超離散的）SIR モデルには、連続極限が完全に自明であるという大きな問題がある.

$$\text{i) } a = b = c \Leftrightarrow 1 - \varepsilon s = 1 - r$$

$$\Leftrightarrow s = r = 0 : \text{trivial!}$$

$$\text{ii) } a = b, c = a^2 \Leftrightarrow 1 - \varepsilon s = 1 - r = (1 - \varepsilon s)^2$$

この問題の原因は、元の連続系の保存量がとても離散化しにくい対数関数を含むことにある. 実は、対数関数ではなく、多項式 $f(S, I)$ によって記述される保存量を持つ SIR モデルの拡張 [8] は定義でき、

$$\begin{cases} S' = -f(S, I) \\ I' = f(S, I) - \lambda I \end{cases} \quad f(S, 0) = 0, \quad \partial_I f(S_0, 0) > \lambda > 0$$

$\frac{dI}{dS} = -1 + \frac{\lambda I}{f(S, I)}$ は明らかに保存量を定める. 例えば、 $f(S, I) = S^2 I$ のとき、 $K = I + S + \frac{\lambda}{S}$ が保存量であり、 $x = \sqrt{\varepsilon} S, y = \sqrt{\varepsilon} I, \kappa = 1 - \varepsilon \lambda, t = \varepsilon n$ の関係の下で、次の離散化は容易に得られる.

$$\begin{cases} x_{n+1} = \frac{x_n}{1 + x_n y_n} \\ y_n = y_{n-1} (\kappa + x_n x_{n+1}) \end{cases} \quad \text{保存量: } y_n + x_n + \frac{1 - \kappa}{x_n}$$

さらに、 $x = e^{X/\varepsilon}, y = e^{Y/\varepsilon}, \kappa = e^{-K/\varepsilon} (K > 0)$ と置くと、この離散系の超離散極限も取れる.

$$\begin{cases} X_{n+1} = X_n - \max[0, X_n + Y_n] \\ Y_{n+1} = Y_n + \max[-K, X_n + X_{n+1}] \end{cases} \quad \text{保存量: } \max[Y_n, X_n, -X_n]$$

例: $K = 2, (X_0, Y_0) = (4, -17)$ のとき、 $(4, -17), (4, -9), (4, -1), (1, 4), (-4, 2), (-4, 0), (-4, -2) \dots$ のような時間発展が得られ、 X_n が $n = 4$ から漸近的な値 $X_\infty = -4$ にとどまることが分かる.

3 Case study 2: SIRS モデル

本節の題目の SIRS モデルは, SIR と違って, 完璧な免疫を起こさない伝染病の流行を記述するためのモデルである.

$$\begin{cases} S' = -\alpha SI + \beta R \\ I' = \alpha SI - \gamma I \\ R' = \delta I - \beta R \end{cases} \quad (\alpha, \beta, \gamma, \delta > 0, \delta \leq \gamma)$$

この模型の離散化は, 簡単な変数変換の後,
$$\begin{cases} x' = -xy + \mu(M - x) \\ y' = xy - \nu y \\ M' = -\kappa y \end{cases}, \text{ 人口 } M \text{ が不変であるとき}$$

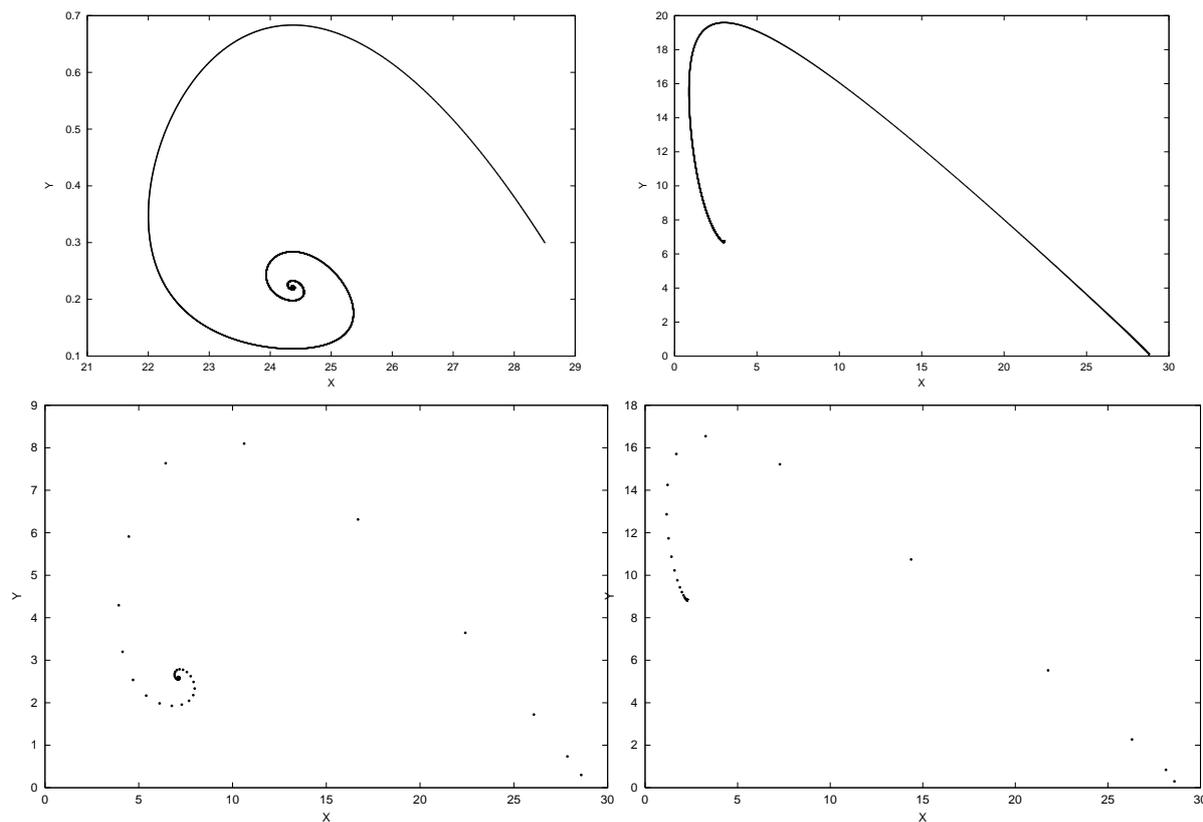
きに次の形で得られる [9].

$$\begin{cases} Y_n = Y_{n-1} \frac{p + X_n}{1 + X_n/q} \\ X_{n+1} = \frac{a + bX_n}{1 + Y_n} \end{cases} \quad (a, b, p, q > 0, X_0, Y_0 \geq 0)$$

($X = \epsilon x, Y = \epsilon y, a = \epsilon^2 \mu M, b = 1 - \epsilon \mu, p = 1 - \epsilon(\lambda + \mu), 1/q = \mathcal{O}(\epsilon)$.)

明らかに, このモデルにおいては, 伝染病は $X_0 > \frac{1-p}{1-1/q} =: X_c$ のときに流行し ($q > 1, p < 1$),

- i) $\frac{a}{X_c} + b \leq 1$ の場合, 普通の SIR モデルと同様に $\lim_{n \rightarrow \infty} (X_n, Y_n) = (\frac{a}{1-b}, 0)$ となり,
- ii) $\frac{a}{X_c} + b > 1$ の場合, 'endemic' な不動点が存在する: $\lim_{n \rightarrow \infty} (X_n, Y_n) = (X_c, \frac{a}{X_c} + b - 1 > 0)$.



【'endemic' な不動点を持つ主な流行パターン: 連続の場合 (上) と離散の場合 (下)】

上述の離散系の超離散極限は次のように得られる：

$$X = e^{U/\varepsilon}, Y = e^{V/\varepsilon}, a = e^{A/\varepsilon}, b = e^{-B/\varepsilon}, p = e^{-P/\varepsilon}, q = e^{Q/\varepsilon} \quad (B, P, Q > 0)$$

$$\begin{cases} U_{n+1} = \max[A, U_n - B] - \max[0, V_n] \\ V_{n+1} = V_n + \max[-P, U_{n+1}] - \max[0, U_{n+1} - Q] \end{cases}$$

上図の主な流行パターンに対応するセル・オートマトンの時間発展として、次の例が挙げられる。

i) $(A, B, P, Q) = (0, 1, 3, 4)$: $(11, -13), (10, -9), (9, -5), (8, -1), (7, 3), (3, 6), (-4, 3), (-3, 0), (0, 0)$.

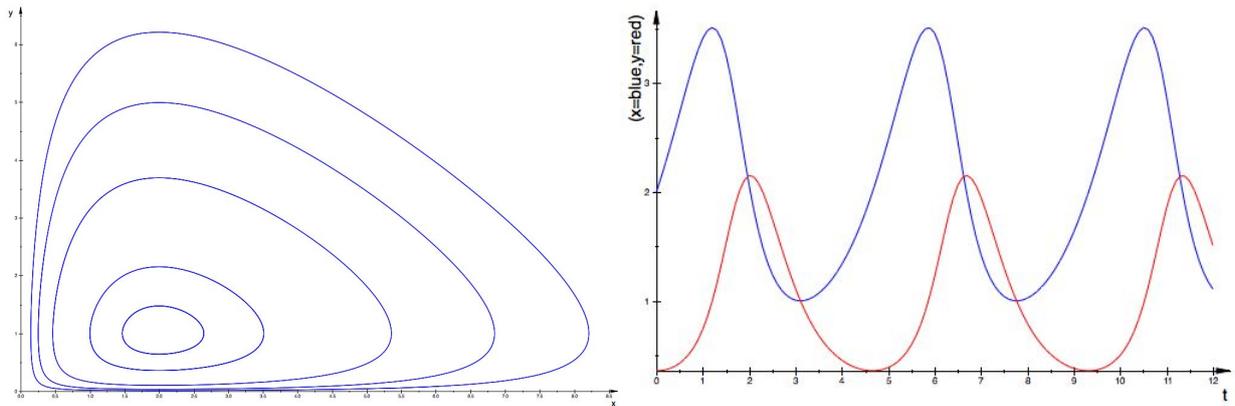
ii) $(A, B, P, Q) = (5, 1, 3, 4)$: $(11, -13), (10, -9), (9, -5), (8, -1), (7, 3), (3, 6), (-1, 5), (0, 5)$.

4 Case study 3: 新しい捕食者・被食者モデル

Lotka-Volterra はたぶん捕食者・被食者の相互作用を記述するモデルの中一番良く知られているモデルである。

$$\begin{cases} x' = x(\lambda - y) \\ y' = y(x - \mu) \end{cases}$$

このモデルには保存量 $H = x + y - \ln x^\mu y^\lambda$ があるので任意の初期値が閉じている周期軌道に乗っていることが分かる。



【Lotka-Volterra の周期軌道の例 (左) とそれぞれの変数の振動のグラフ (右)】

長年、上記の図のように x, y 変数の振動の間に周期の4分の1のずれがあることは、捕食者・被食者の相互作用の一般的な性質とされた。しかし、最近、そうでない捕食者・被食者系が発見された。Yoshida et al. の実験 [10] によると、ある輪形動物・原生動物からなる捕食者・被食者系には、それぞれの個体数の振動の間に半周期のずれが現れる場合もあり、さらに、捕食者の個体数が激しく振動するのに、被食者の個体数はほとんど変わらない場合もある。この現象は捕食者・被食者系における ‘cryptic oscillation’ と呼ばれている。Yoshida et al. は具体的なモデル [11] を考案し、この現象を次のように説明している。被食者の表現型 (phenotype) は実験において同じであるが、実は、遺伝子変化で被食者の遺伝子型 (genotype) が異なり、そして、それぞれの種類の (捕食者による) 被食率が違う。それぞれの遺伝子型の個体数は捕食者と比べて、Lotka-Volterra のように周期の四半分のずれで振動するが、被食者の総個体数の振動が小さく、捕食者とほぼ半周期ずれている。

下記の方程式系は一番簡単な ‘cryptic’ 振動のモデルである [12].

$$\begin{cases} x' = x(1 - x - y) - xz \\ y' = y(1 - \delta - x - y) - \nu xy - \lambda yz \\ z' = -\gamma z + \mu z(x + \rho y) \end{cases} \quad \begin{array}{l} x = \text{高被食率藻類,} \\ y = \text{低被食率藻類,} \\ z = \text{輪虫,} \\ \nu, \gamma, \delta > 0, \quad 0 < \rho < \lambda < 1 \end{array}$$

この連続モデルの離散化は下記のように得られ,

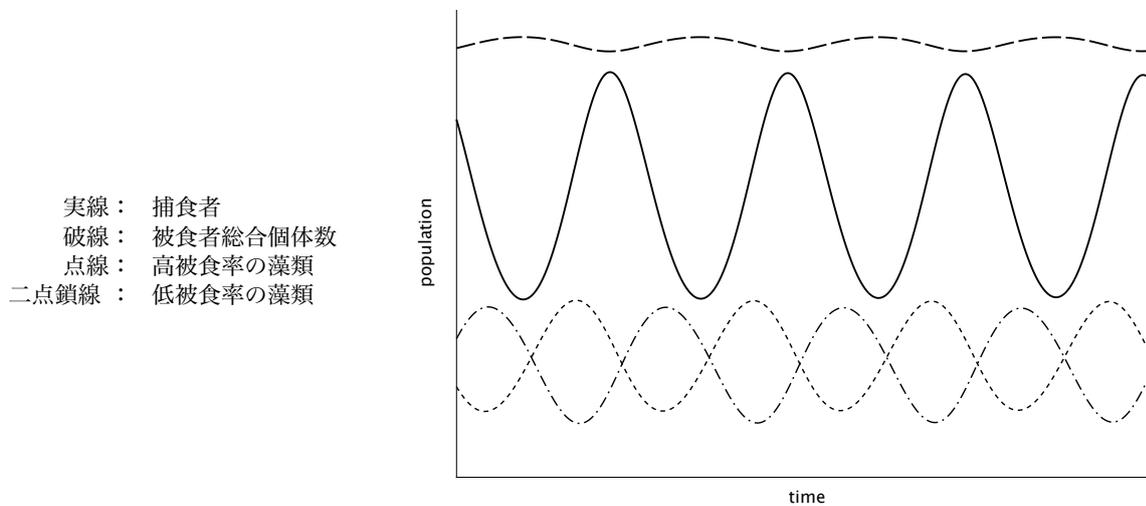
$$\begin{cases} x_{n+1} = x_n \frac{1 + \epsilon}{1 + \epsilon(x_n + y_n + z_n)} \\ y_{n+1} = y_n \frac{1 + \epsilon(1 - \delta)}{1 + \epsilon((1 + \nu)x_n + y_n + \lambda z_n)} \\ z_{n+1} = z_n \frac{1 + \epsilon\mu(x_n + \rho y_n)}{1 + \epsilon\gamma} \end{cases}$$

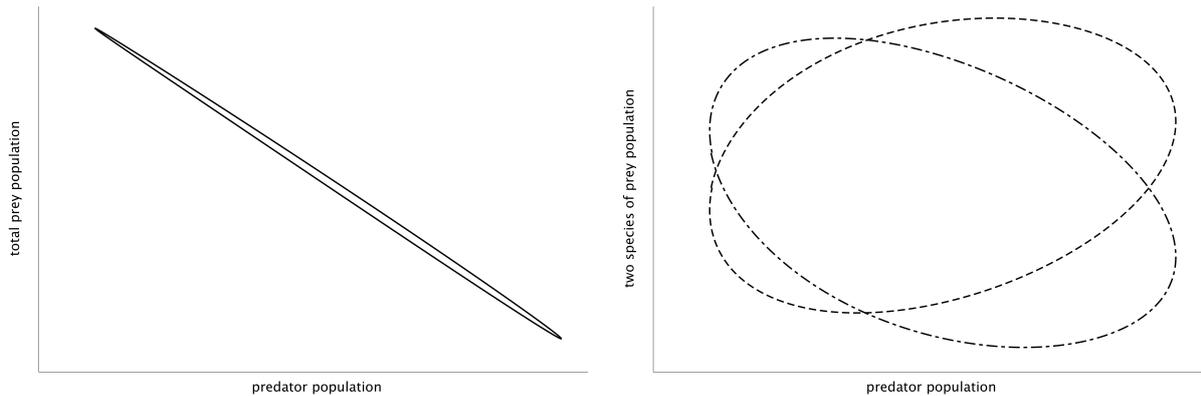
その超離散極限は次の変数変換から得られる. ($X, Y \leq 0, E, \Delta, C, L, R > 0$)

$$\begin{aligned} x &= e^{X/\epsilon}, \quad y = e^{Y/\epsilon}, \quad z = e^{Z/\epsilon}, \\ \epsilon &= e^{E/\epsilon}, \quad 1 - \delta = e^{-\Delta/\epsilon}, \quad 1 + \nu = e^{C/\epsilon}, \quad \gamma = e^{G/\epsilon}, \quad \lambda = e^{-L/\epsilon}, \quad \mu = e^{M/\epsilon}, \quad \rho = e^{-R/\epsilon} \end{aligned}$$

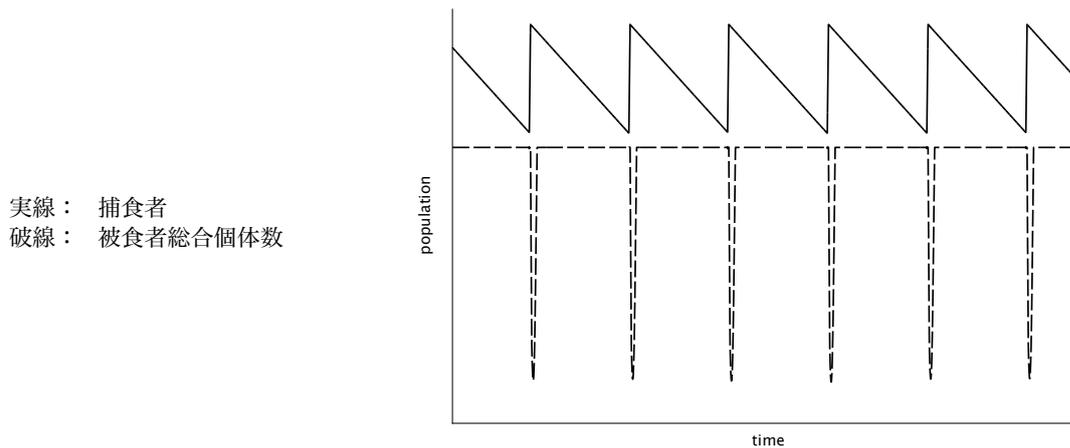
$$\begin{cases} X_{n+1} = X_n - \max[-E, X_n, Y_n, Z_n] \\ Y_{n+1} = Y_n - \Delta - \max[-E, C + X_n, Y_n, Z_n - L] \\ Z_{n+1} = Z_n + \max[-E, M + Q_n] - G \end{cases} \quad \begin{array}{l} L < R, \quad E > \Delta \\ E + G > 0 \\ Q_n = \max[X_n, Y_n - R] \end{array}$$

下記の図には, それぞれの被食者の種類及び捕食者の離散的模型による時間発展と振動のずれなどが確認できる.





超離散系にも cryptic oscillation に対応する振動のパターンがある。

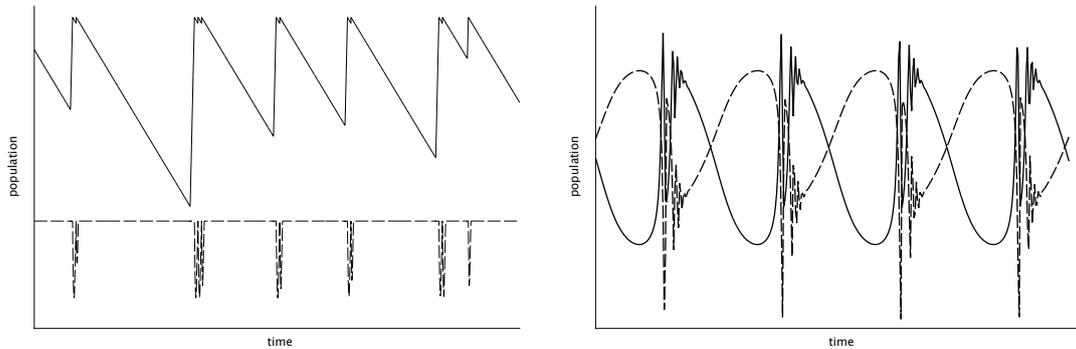


5 結論

前節では、連続系の離散化を行い、得られた離散系とそれらの超離散極限によるセル・オートマトンが、結局、元の連続系と非常に近い挙動を示す実例をいくつか解説した。しかし、セル・オートマトンにおける挙動を考察することにより、離散系や連続系について新しい知識が得られる場合もある。例えば、cryptic oscillation 現象のさらに詳しいモデルとして、次の離散系 [12] が挙げられる。

$$\begin{cases} x_{n+1} = x_n \frac{1 + \epsilon}{1 + \epsilon \left(x_n + y_n + \frac{z_n}{1 + \alpha(x_n + \rho y_n)} \right)} \\ y_{n+1} = y_n \frac{1 + \epsilon(1 - \delta)}{1 + \epsilon \left((1 + \nu)x_n + y_n + \frac{\lambda z_n}{1 + \alpha(x_n + \rho y_n)} \right)} \\ z_{n+1} = z_n \frac{1 + \epsilon\mu(x_n + \rho y_n)}{1 + \epsilon\gamma} \end{cases}$$

この離散系に対応するセル・オートマトンにおいては、次の図のようなカオスを引き起こすメカニズムとして知られている ‘intermittency’ という現象がパラメータのかなり広い範囲で自然に現れる。その発見によって、離散系にもこのように intermittency が現れる特殊なパラメータ範囲が存在することが分かった。3次元の捕食者・被食者系にはカオス現象は一つの可能な dynamics であることは知られているが [13]、今回、セル・オートマトンのシミュレーションによって発見された intermittency がモデルの本質的な特徴であるか、さらに、自然にも現れるかという問題は今後の興味深い研究課題である。



【実線：捕食者，破線：被食者総合個体数・超離散系（左）と離散系（右）の挙動】

参考文献

- [1] T.Tokihiro, D.Takahashi, J.Matsukidaira and J.Satsuma: “From soliton equations to integrable cellular automata through a limiting procedure”, *Phys. Rev. Lett.* **76** (1996) 3247.
- [2] R. Hirota and D. Takahashi: 差分と超離散 (共立出版, 2003).
- [3] M. Murata, J. Satsuma, A. Ramani and B. Grammaticos: “How to discretize differential systems in a systematic way”, *J. Phys. A: Math. Theor.* **43** (2010) 315203 (15pp).
- [4] R.E. Mickens: “Nonstandard Finite Difference Methods” in *Advances in the Applications of Nonstandard Finite Difference Schemes*, R.E. Mickens Ed. (World Scientific, 2005) 1.
- [5] M. Morishita: “The fitting of the logistic equation to the rate of increase of population density”, *Res. Popul. Ecol.* **VII** (1965) 52.
- [6] W.O. Kermack and A.G. McKendrick: “A contribution to the mathematical study of epidemics”, *Proc. R. Soc. Edinb. A* **115** (1927) 700.
- [7] R. Willox, B. Grammaticos, A.S. Carstea and A. Ramani : “Epidemic dynamics : discrete-time and cellular automaton models”, *Physica A* **328** (2003) 13.
- [8] J. Satsuma, R. Willox, A. Ramani, B. Grammaticos and A. S. Carstea: “Extending the SIR epidemic model”, *Physica A* **336** (2004) 369.
- [9] A. Ramani, A.S. Carstea, R. Willox and B. Grammaticos : “Oscillating epidemics : a discrete-time model”, *Physica A* **333** (2004) 278.
- [10] T. Yoshida, L.E. Jones, S.P. Ellner and N.G. Hairston, Jr. : “Rapid evolution drives ecological dynamics in a predator-prey system”, *Nature* **424** (2003) 303.
- [11] T. Yoshida, S.P. Ellner, L.E. Jones, B.J.M. Bohannan, R.E. Lenski, et al.: “Cryptic Population Dynamics: Rapid Evolution Masks Trophic Interactions”, *PLoS Biol.* **5** (2007) e235.
- [12] R. Willox, A. Ramani and B. Grammaticos : “A discrete-time model for cryptic oscillations in predator-prey systems”, *Physica D* **238** (2009) 2238.
- [13] P.A. Abrams: “Is predator mediated coexistence possible in unstable systems?”, *Ecology* **80** (1999) 608.