

RIMS 共同研究（公開型）

第 16 回生物数学の理論とその応用 －生命現象の定量的理解に向けて－

Theory of Biomathematics and its Applications XVI
-Toward quantitative understanding for life sciences-

プログラム

Program

2020 年 1 月 27 日（月）～2020 年 1 月 31 日（金）

京都大学数理解析研究所420号室

代表者：岩見 真吾

（九州大学大学院理学研究院生物科学部門）



TBMA XVI

第 16 回生物数学の理論とその応用 – 生命現象の定量的理解に向けて –

タイムテーブル / Timetable

	1月27日 発生・パターン	1月28日 生態・進化	1月29日 細胞・免疫・遺伝子	1月30日 感染症・がん	1月31日 応用数学・数値計算
10:00 – 12:00	シンポジウム / Symposium				
	発生・パターン形成に対する数理モデリングと数理解析	種間相互作用の進化的帰結	データから読み解く免疫のダイナミクス	Model spatial heterogeneity in environmental and ecological processes	Mathematical sciences are expanding & cooperating with other sciences (JST MIRAI 共催)
12:00-13:30	昼休憩				
13:30 – 16:00	一般講演 / Contributed Talk、 招聘講演 / Invited Lecture				
	一般講演一覧	一般講演一覧	一般講演一覧	一般講演一覧	一般講演一覧
			15:30 – 16:00 招聘講演 数理モデリングを用いた MRSA による持続性菌血症の決定因子の同定		15:10 – 16:00 京都駅前セミナー招聘講演 Bridging a mesoscopic inhomogeneity to macroscopic performance of amorphous materials in the framework of the phase field modeling
16:10 – 17:00	特別講演 / Special Lecture				
	Alan Turing が残したものを生物学者が考える	生物群集ネットワークの構造と動態	細胞制御メカニズム理解のための数理モデル構築とツール開発	複雑で不均一な系における病原体の流行と進化をひもつく摂動理論	Singular limit analysis to reaction diffusion systems with applications to biological problems
19:00 –	懇親会				

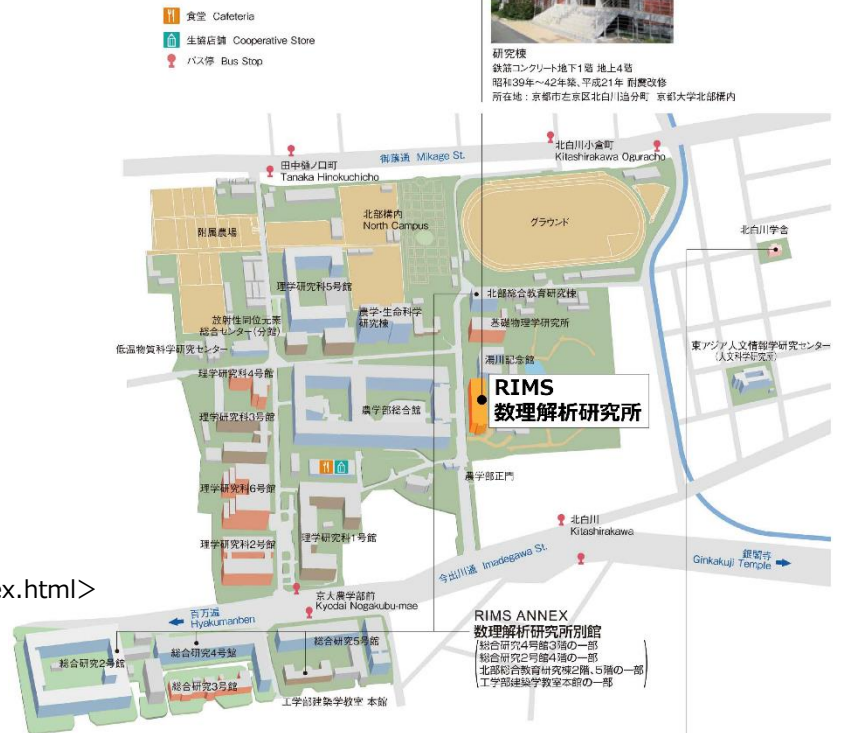
アクセスマップ / Map



詳しくは数理解析研究所ホームページ

<<http://www.kurims.kyoto-u.ac.jp/ja/index.html>>

北部構内建物配置図



共同利用研究者宿泊所 (北白川学舎)
 本研究所を訪れる研究者の宿泊施設
 通称「北白川学舎」。本施設は、本研究所と基礎物理学研究所とが共同で管理運営
 建築面積: 137㎡、延べ面積: 453㎡、地上4階、
 収容人員: 14名
 所在地: 京都市左京区北白川小倉町50-227
 電話: 075-701-8848
 「利用手続きは共同利用課(075-753-7256)」

<https://tbmaxvi.weebly.com/>

2020年1月27日(月) / Mon., Jan. 27, 2020
発生・パターン / Development and Pattern

10:00 – 12:00 シンポジウム / Symposium

「発生・パターン形成に対する数理モデリングと数理解析」

企画者：長山 雅晴（北海道大学 電子科学研究所）

生命科学と数理科学の協働による研究の進展はめざましく、生命現象に対する理論的理解は日々進んでいる。しなしながら、協働によって生まれた数理モデルに対する解析は必ずしも順調ではない。生命科学者と共同で構築する数理モデルは、実験に対応した説明変数が重要であり、生命現象を説明するだけでなく、実験にフィードバックできるものでなければならない。そのために数理モデルが複雑になり、数学解析が困難となるためである。解析することを目的として、現象から離れてしまう数理モデルを取り扱うことは、解析する真の意味を失う。ではモデルの複雑さとどのように折り合いをつけながら数理解析を行えばよいのだろうか？このシンポジウムでは数理モデルと数理解析の折り合いをつけて、解析を進めている研究者に講演頂き、生命現象の数理解析における折り合いのポイントを探してみたい。

講演者：

秋山 正和（明治大学 研究・知財戦略機構）

「シヨウジョウバ工後腸の捻転メカニズム解明に向けた数理的・実験的アプローチ」

田中 吉太郎（はこだて未来大学 システム情報科学部 複雑系知能学科）

“Reaction-diffusion approximation for understanding pattern formations through non-local interactions”

村川 秀樹（龍谷大学 理工学部 数理情報学科）

「細胞接着パターンの数理解析」

中村 健一（金沢大学 理工学域 数物科学類）

「基底膜変形モデルの数理解析」

2020年1月27日(月) / Mon., Jan. 27, 2020
発生・パターン / Development and Pattern

13:30 – 16:00 一般講演 / Contributed Talk

座長：野下 浩司（九州大学 理学研究院生物科学部門）

コメンテーター：平島 剛志（京都大学 医学研究科）

①13:30 – 13:50

千葉 逸人（東北大学 材料科学高等研究所）

「ランダムネットワーク上のニューロンの同期発火について」

②13:50 – 14:10

川平 直史（理化学研究所 生命機能科学研究センター）

「心臓の初期発生時の組織変形動態とその細胞プロセス」

③14:10 – 14:30

豊泉 洋（早稲田大学 応用数理学科）

「真社会性昆虫の営巣戦略の絶滅確率による評価」

④14:30 – 14:50

田崎 創平（京都大学 高等研究院）

「細胞のシグナル伝達系のデータ同化」

○14:50 – 15:00 休憩 / break

⑤15:00 – 15:20

小熊 俊輝（九州大学 医学研究院系統解剖学）

「上皮細胞シートにおける界面拡大のメカニズム」

⑥15:20 – 15:40

那須 悠太（京都大学大学院 情報学研究科）

「ベイズ推定を用いたカエルの合唱におけるリズム間相互作用の解析」

⑦15:40 – 16:00

平島 剛志（京都大学 医学研究科）

「メカノケミカルフィードバックによる多細胞体のパターン形成」

2020年1月27日(月) / Mon., Jan. 27, 2020
発生・パターン / Development and Pattern

16:10 – 17:00 特別講演 / Special Lecture

座長：岩見 真吾（九州大学大学院 理学研究院生物科学部門）

「Alan Turingが残したものを生物学者が考える」

講演者：近藤 滋（大阪大学大学院 生命機能研究科）

コンピュータ科学の生みの親の一人である数学者アラン・チューリングは、その死の数年前に、生物に現れる空間パターンに興味を持った。ひとつは、生物の体表に現れる皮膚模様であり、もう一つは、ヒマワリの種の並びを作るフィボナッチらせん列、である。今回の講演では、この 2 つの問題に対し、一生物学者として近藤がどのように問題を解決していったかを解説する。

2020年1月28日(火) / Tue., Jan. 28, 2020
生態・進化 / Ecology and Evolution

10:00 – 12:00 シンポジウム / Symposium

「種間相互作用の進化的帰結」

企画者：立木 佑弥（首都大学東京 理学研究科）

多様な種間関係は、種間相互作用を介して進化的に形作られた産物である。進化の帰結は個体群および群集動態に影響を与え、更に種間関係の在り方へとフィードバックする。本シンポジウムでは、興味深い生物現象について、種間相互作用の進化やその帰結を探求する研究者からの話題提供を踏まえ、これを捉える理論的枠組みについて議論を行う。

講演者：

入谷 亮介（理化学研究所 数理創造プログラム）

「宿主操作の群集進化生態学における重要性：延長された表現型の延長」

内海 邑（総合研究大学院大学 先導科学研究科）

「細胞内共生者は増殖を自粛するか」

瀬戸 蘭美（奈良女子大学 化学生命環境学科）

「微生物代謝ネットワークと生態系の共進化：化学エネルギー観点からの進化的制約とは？」

三木 健（龍谷大学 理工学部環境ソリューション工学科）

「水域生態系における炭素蓄積の謎：細菌の群集集合と炭素循環のフィードバック」

2020年1月28日(火) / Tue., Jan. 28, 2020
生態・進化 / Ecology and Evolution

13:30 – 16:00 一般講演 / Contributed Talk

座長：立木佑弥（首都大学東京 理学研究科）

コメンテーター：巖佐 庸（関西学院大学 理工学部生命科学科）

①13:30 – 13:50

崎山 朋子（創価大学 理工学部）

「ネットワーク上のタカ・ハトゲームにおけるリンクの多義的解釈が与える影響について」

②13:50 – 14:10

廣中 謙一（東京大学大学院 理学系研究科生物科学専攻）

「生化学的制御におけるコスト・スピード・トレードオフと最適戦略」

③14:10 – 14:30

金澤 洋隆（国際高等研究所）

「Convergent Cross Mapping 法の理論と生態研究への応用」

④14:30 – 14:50

野下 浩司（九州大学 理学研究院生物科学部門）

「葉群の空間パターンとしての草姿・草型の定量的表現：相同性が自明でない場合の形態測定学に向けて」

○14:50 – 15:00 休憩 / break

⑤15:00 – 15:15

金山 湧貴（関西学院大学 理工学部）

「最大の植物食恐竜、竜脚形類が、どうして大きくなったのか最適生活史と古気候から考える」

⑥15:15 – 15:30

中井 貴生（名古屋大学大学院 情報学研究科複雑系科学専攻）

「アリ・アブラムシ系の個体群ダイナミクス ～共生と捕食のスイッチング～」

⑦15:30 – 15:45

高田 徹（九州大学 理学部生物学科）

「多様な免疫背景を持つヒト集団における HIV-1 適応進化動態」

⑧15:45 – 16:00

Muhammad Almaududi Pulungan（静岡大学 環境・エネルギーシステム専攻）

“Grazing enhances species diversity in grassland communities”

2020年1月28日(火) / Tue., Jan. 28, 2020
生態・進化 / Ecology and Evolution

16:10 – 17:00 特別講演 / Special Lecture

座長：岩見 真吾（九州大学大学院 理学研究院生物科学部門）

「生物群集ネットワークの構造と動態」

講演者：近藤 倫生（東北大学大学院 生命科学研究科）

生物群集は、共存する生物種が相互作用してその変動を駆動する、種間相互作用のネットワークと捉えることができる。種間相互作用は生物群集の構造や動態にどのようなパターンをもたらすだろうか。生物多様性・複雑性はいかにして創出・維持されるのだろうか。複雑な生物群集の環境応答はどうしたら理解できるだろうか。数理モデルを利用した仮説を提案する理論研究、実データの解析による実証研究の両面から議論したい。

2020年1月29日(水) / Wed., Jan. 29, 2020
細胞・免疫・遺伝子 / Cell, Immunology and Gene

10:00 – 12:00 シンポジウム/ Symposium

「データから読み解く免疫のダイナミクス」

企画者：川上 英良 (理化学研究所 医科学イノベーション推進プログラム、千葉大学大学院 医学研究院)

近年、次世代シーケンサーなどの計測技術の発展と人工知能技術の普及により、急速に医学研究にデータ駆動型研究の導入が進んでいる。本シンポジウムでは、機械学習を始めとした、データに基づいて複雑な疾患や生命現象の潜在的な特徴やダイナミクスを明らかにする研究に焦点を当て、生命科学・医学分野におけるデータ駆動型研究の潮流と展望を議論する場としたい。

講演者：

本田 直樹 (京都大学 生命科学研究科生命動態研究センター)

「多細胞動態のデータ駆動モデル」

山田 誠 (京都大学 情報学研究科、理化学研究所 革新知能統合研究センター)

「高次元小標本データのための非線形統計モデリング」

露崎 弘毅 (理化学研究所 生命機能科学研究センター)

「非負値テンソル分解を用いた細胞間相互作用の推定」

川上 英良 (理化学研究所 医科学イノベーション推進プログラム、千葉大学大学院 医学研究院)

「時系列データに基づく生命・疾患の状態記述と遷移モデル」

2020年1月29日(水) / Wed., Jan. 29, 2020
細胞・免疫・遺伝子 / Cell, Immunology and Gene

13:30 – 15:30 一般講演 / Contributed Talk

座長：川上 英良（理化学研究所 医科学イノベーション推進プログラム、千葉大学大学院 医学研究院）

コメンテーター：望月 敦史（京都大学 ウイルス・再生医科学研究所生命システム研究部門）

①13:30 – 13:50

昌子 浩登（関西学院大学 理工学部）

「異方的拡散により形成されるチューリングパターン」

②13:50 – 14:10

太田 圭祐（北海道大学 理学部生物科学科高分子機能学専修分野）

「炎症性腸疾患を対象にした腸内細菌叢および菌叢代謝の層別解析」

③14:10 – 14:30

吉戸 香奈（京都大学 生命科学研究科）

「適応免疫におけるヘルパーT細胞および制御性T細胞の記憶ダイナミクス」

④14:30 – 14:50

岩波 翔也（九州大学大学院 システム生命科学府）

「1造血幹細胞移植実験のデータ解析と造血幹細胞の老化」

○14:50 – 15:00 休憩 / break

⑤15:00 – 15:15

田口 優真（名古屋大学 情報文化学部自然情報学科）

「腸内細菌叢の数理モデルとその相互作用行列の解析」

⑥15:15 – 15:30

大河内 康之（京都大学 生命科学研究科）

「scRNAseqからの空間的遺伝子発現パターンの再構成手法」

2020年1月29日(水) / Wed., Jan. 29, 2020
細胞・免疫・遺伝子 / Cell, Immunology and Gene

15:30 – 16:00 招聘講演 / Invited Lecture

座長：岩見 真吾（九州大学大学院 理学研究院生物科学部門）

「数理モデリングを用いたMRSAによる持続性菌血症の決定因子の同定」

講演者：三日市 剛（第一三共株式会社 研究開発本部）

MRSA によって引き起こされる持続性菌血症（persistent bacteremia、PB）は、重篤度が高く、抗菌剤による治療が難しい感染症である。一方、患者より単離された菌株は *in vitro* でバンコマイシンに対する感受性を維持する。数日以内に寛解する菌血症（resolving bacteremia）と PB を決定付ける因子は不明であり、それらを同定することは臨床的意義が高い。本研究では、臨床診断、治療選択、再発などを含めた数理モデルを作成し、PB を決定する因子の同定に成功した。

2020年1月29日(水) / Wed., Jan. 29, 2020
細胞・免疫・遺伝子 / Cell, Immunology and Gene

16:10 – 17:00 特別講演 / Special Lecture

座長：岩見 真吾（九州大学大学院 理学研究院生物科学部門）

「細胞制御メカニズム理解のための数理モデル構築とツール開発」

講演者：岡田 真理子（大阪大学 蛋白質研究所）

生物学研究における数理モデルの利点は、計測し得るすべてのデータをパラメータとして入力することで細胞を統合的・定量的に理解できる点にある。発表者らは、細胞の運命決定機構を分子レベルで理解するため、シグナル伝達、転写、細胞周期の実験計測と統合数理モデルの構築を進めている。本発表では、これらを進めるにあたり、同時に構築している数理モデル基盤およびツールも含めて説明する。

2020年1月30日(木) / Thu., Jan. 30, 2020
感染症・がん / Infectious disease and Cancer

10:00 – 12:00 シンポジウム / Symposium

"Model spatial heterogeneity in environmental and ecological processes"

企画者：中谷 友樹 (東北大学 環境科学研究科)

Spatial statistics have been widely adopted in ecological analysis including fitting models of environmental and epidemiological processes to empirical datasets. This symposium focuses on techniques to infer spatial heterogeneity of processes as one of essential aspects of spatial statistical modelling with ecological applications. Geographical relationships between spatially observed variables often vary over space indicating spatial heterogeneity in processes to generate spatial phenomena. Geographically weighted regression and related modelling approaches are commonly used for systematically estimating detailed geographical variations in parameters to be estimated in various multivariate modelling. This symposium intends to highlight the concepts of such spatial statistical approaches and how ecological and environmental analysis can be extended by them as well as their challenges in the era of big spatial data science.

講演者：

中谷 友樹 (東北大学 環境科学研究科)

"Geographically weighted modelling: principles and applications in spatial epidemiology"

村上 大輔 (統計数理研究所 データ科学研究系構造探索グループ)

"Balancing spatial and non-spatial heterogeneity in large samples"

堤田 成政 (京都大学大学院 地球環境学研究科)

"Spatial heterogeneity of errors in land cover data"

吉田 崇紘 (国立環境研究所 地球環境研究センター)

"Spatial models for compositional data: Considering spatial auto-/cross-correlation and heterogeneity"

2020年1月30日(木) / Thu., Jan. 30, 2020
感染症・がん / Infectious disease and Cancer

13:30 – 16:00 一般講演 / Contributed Talk

座長：浅井 雄介（国立国際医療研究センター）

コメンテーター：佐々木 顕（総研大 先端科学研究科）

①13:30 – 13:50

佐藤 一憲（静岡大学 工学部）

「ネットワーク上のSEIRS感染症モデルの基本再生産数」

②13:50 – 14:10

佐々木 徹（岡山大学 環境生命科学研究科）

「ウイルスダイナミクス基本モデルの安定性解析」

③14:10 – 14:30

梶原 毅（岡山大学大学院 環境学研究科）

「2つのコンパートメントと2つの感染経路を持つ体内の感染症モデル」

④14:30 – 14:50

伊藤 悠介（九州大学大学院 システム生命科学府）

「C型肝炎ウイルス治療薬併剤時における薬剤間相互作用の推定」

○14:50 – 15:00 休憩 / break

⑤15:00 – 15:20

高木 舜晟（九州大学大学院 システム生命科学府）

「成人T細胞白血病への進展に伴うHTLV-1感染細胞進化動態の解析」

⑥15:20 – 15:40

小椋 頌太（島根大学大学院 自然科学研究科）

「SIRモデルにおける感染症流行のピークと最終規模について」

⑦15:40 – 16:00

古瀬 祐気（京都大学 ウイルス・再生医科学研究所）

"A novel approach to identifying potentially beneficial mutations in viral genome associated with selective sweep evolution"

2020年1月30日(木) / Thu., Jan. 30, 2020
感染症・がん / Infectious disease and Cancer

16:10 – 17:00 特別講演 / Special Lecture

座長：岩見 真吾（九州大学大学院 理学研究院生物科学部門）

「複雑で不均一な系における病原体の流行と進化をひもとく摂動理論」

講演者：佐々木 顕（総研大 先端科学研究科）

均一的で単純な系を仮定して発展した古典的な疫学モデルや適応進化動態の理論を、現実の複雑で不均一性の大きい系に拡張するのは困難であり、多くの場合計算機シミュレーションに頼らざるを得ない。しかし、現実の系を理想的な構造からの摂動としてとらえることにより、様々な解析的な結果を得ることが可能になる。ここでは大都市圏での複雑な交通流動ネットワークを孤立系からの摂動として捉えて、ネットワーク上のどこに防除対策を集中するのが有効かという問いに答えるR0中心性理論や、宿主集団間の不均一な移動分散を均等な移動分散からの摂動としてとらえることにより導かれる、病原体の毒性の進化と宿主移動分散の不均一性との間の一般的な関係についての理論を紹介する。

2020年1月31日(金) / Fri., Jan. 31, 2020
応用数学・数値計算 / Applied mathematics・Numerical calculation

10:00 – 12:00 シンポジウム / Symposium

Symposium co-organized by JST MIRAI projects

"Mathematical sciences are expanding & cooperating with other sciences"

企画者：

坂上 貴之 (京都大学大学院 理学研究科)

岩見 真吾 (九州大学大学院 理学研究院生物科学部門)

At one time, mathematical sciences were essentially ignored by other communities, but in the last 10 years it has become an important subject to aid several material and life sciences area. Mathematical sciences including applied mathematics and mathematical biology in tandem with rigorous real data, offers an opportunity to cooperate with other sciences. In our symposium collaborating with JST MIRAI projects heading by Sakajo and Iwami, we would like to show how mathematical sciences are expanding and improve our life with examples of quantitative data analysis.

講演者：

坂上 貴之 (京都大学大学院 理学研究科)

"Topological Flow Data Analysis: Theory and applications"

大林 一平 (理化学研究所 革新知能統合研究センター)

"Theory, software, and applications of persistent homology"

岩見 真吾 (九州大学大学院 理学研究院生物科学部門)

"Multiscale mathematical model for quantitative data analysis in life sciences"

中岡 慎治 (北海道大学 先端生命科学部)

"A mathematical framework for inferring consensus formation in biological processes"

2020年1月31日(金) / Fri., Jan. 31, 2020
応用数学・数値計算 / Applied mathematics・Numerical calculation

13:30 – 15:00 一般講演 / Contributed Talk

座長：中岡 慎治（北海道大学 先端生命科学部）

コメンテーター：西浦 廉政（北海道大学）

①13:30 – 13:50

石本 健太（京都大学 数理解析研究所）

「バクテリア独楽の流体力学的安定性」

②13:50 – 14:10

石井 裕太（首都大学東京 理学研究科）

"The effect of heterogeneity on one-peak stationary solutions to the Schnakenberg model"

③14:10 – 14:30

小松 弘和（京都大学 ウイルス・再生医科学研究所）

「ネットワーク構造に基づくホルモース反応のダイナミクスに対する理論解析」

④14:30 – 14:45

Kwangsue Kim（九州大学大学院 システム生命科学府）

"Quantifying the entry efficacy among NPC1 SNP mutations reduced binding to GP of filovirus"

⑤14:45 – 15:00

北川 耕咲（九州大学大学院 システム生命科学府）

"Structured population model for HIV-1 infection with fluorescent timer protein"

2020年1月31日(金) / Fri., Jan. 31, 2020
応用数学・数値計算 / Applied mathematics・Numerical calculation

15:10 – 16:00 京都駅前セミナー招聘講演 /

Kyoto-Station Seminar Invited Lecture

座長：岩見 真吾（九州大学大学院 理学研究院生物科学部門）

"Bridging a mesoscopic inhomogeneity to macroscopic performance of amorphous materials in the framework of the phase field modeling"

講演者：西浦 廉政（北海道大学）

One of the big challenges in materials science is to bridge microscopic or mesoscopic properties to macroscopic performance such as fracture toughness. This is particularly interesting for the amorphous materials such as epoxy resins because their micro/meso structures are difficult to characterize so that any information connecting different scales would be extremely useful. At the process level, the polymerization rate can be changed experimentally that influences a lot over the performance of materials, however, it is known that the maximum toughness does not always appear at the maximum polymerization rate, which suggests that some differences in the micro/meso-scopic structure affect the macroscopic property behind. The goal of my talk is to present a framework to bridge a mesoscopic observation of X-ray CT and the criterion of fracture toughness, which is computable in the framework of the phase field modeling. First we classify the data of the X-ray image with different polymerization rate by using two different methods: one is SVD and the other is persistent homology. Secondly we compute a crack propagation of each sample and evaluated a scalar value called the effective toughness (ET) via J-integral, which is one of the good candidates indicating a toughness of material. It turns out that ET reflects the performance of each sample and consistent with the experimental results. There remains many open problems and my presentation is the first step toward our final goal. This is a joint work with Edgar Avalos, Shuangqun Xie, and Kazuto Akagi of Tohoku University.

2020年1月31日(金) / Fri., Jan. 31, 2020
応用数学・数値計算 / Applied mathematics・Numerical calculation

16:10 – 17:00 特別講演 / Special Lecture

座長：岩見 真吾（九州大学大学院 理学研究院生物科学部門）

"Singular limit analysis to reaction diffusion systems with applications to biological problems"

講演者：三村 昌泰（広島大学大学院）

The purpose of this talk is to investigate the singular limit of reaction-diffusion systems, or more precisely the fast reaction limit of ecological and biological systems. It often turns out that such systems converge to new limiting systems, which described by free boundary problems, nonlinear diffusion systems and cross-diffusions. As an application of the fast reaction limit, we discuss the relationship between Turing's instability and cross-diffusion induced instability.

2020年1月29日(水) / Wed., Jan. 29, 2020

19:00 – 21:00 懇親会 / Conference Dinner

日時：1月29日(水) 19:00～

場所：高野麦酒店 TAKANOYA (<https://hitosara.com/0006089082/>)

京都府京都市中京区時絵屋町 255

※懇親会は立食形式となっております。

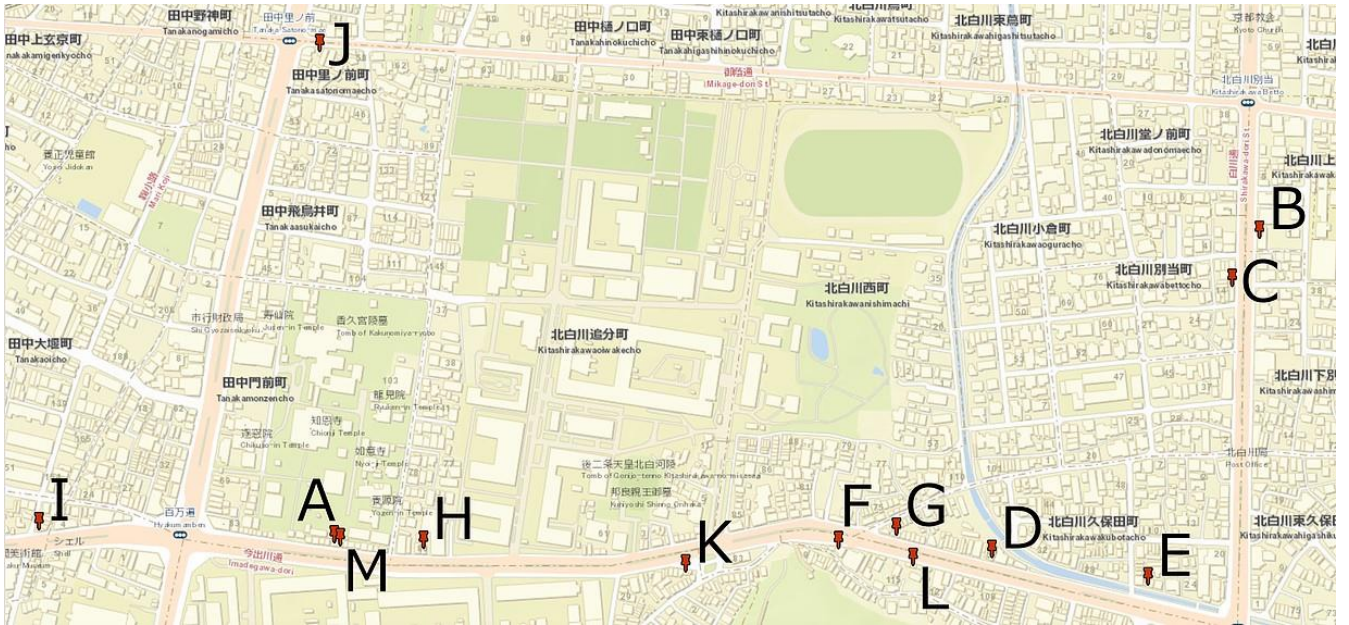
参加費：5,000円(税込)

アクセス：京都市営地下鉄 烏丸線「丸太駅」【6番出口】から徒歩1分



ランチマップ / Lunch map

京都大学百万遍周辺のおすすめランチをまとめています。ぜひお使いください。



定食

A. ハイライト 百万遍店

<https://tabelog.com/kyoto/A2601/A260302/26003803/>

J. おくだ

<https://tabelog.com/kyoto/A2601/A260302/26002989/>

麺 (ラーメン・そば・ちゃんぽん)

B. 東龍 北白川本店

<https://tabelog.com/kyoto/A2601/A260302/26000193/>

C. あかつき

<https://tabelog.com/kyoto/A2601/A260302/26000999/>

D. 戸隠流そば打ち処寛徳

<https://tabelog.com/kyoto/A2601/A260302/26001734/>

E. まずたに 今出川店

<https://tabelog.com/kyoto/A2601/A260302/26001839/>

F. まつお

<https://tabelog.com/kyoto/A2601/A260302/26001096/>

I. たく味

<https://tabelog.com/kyoto/A2601/A260302/26002471/>

中華

G. 白水

<https://tabelog.com/kyoto/A2601/A260302/26003820/>

カフェ

H. 進々堂 京大北門前

<https://tabelog.com/kyoto/A2601/A260302/26001845/>

チキン

K. ローストチキンダイニング 吉田チキン

<https://tabelog.com/kyoto/A2601/A260302/26026321/>

カレー

L. MAHA CURRY

<https://tabelog.com/kyoto/A2601/A260302/26025693/>

M. RAJU 百万遍店

<https://tabelog.com/kyoto/A2601/A260302/26005619/>

TBMA XVI