

数学・数理科学と諸科学・産業との協働によるイノベーション創出のための研究促進プログラム（数学協働プログラム）

「生命ダイナミクスの数理とその応用：異分野とのさらなる融合」

2014年12月2日～4日 東京大学大学院数理科学研究科 大講義室

数学・数理科学と諸科学・産業との協働によるイノベーション創出のための研究促進プログラム（数学協働プログラム）
「生命ダイナミクスの数理論とその応用：異分野とのさらなる融合」（2014W07）

生命ダイナミクスの数理とその応用：異分野とのさらなる融合
異分の融合の専門ワークショッププログラム

日時：2014年12月2日(13:30から) - 4日（12:00）まで3日間

場所：東京大学大学院数理科学研究科 大講義室
東京都目黒区駒場3-8-1

12月2日（一日目）

13:30-16:00

-開会挨拶

-輸送現象の数理と生命現象

柳澤大地（東京大学）

セルオートマトンを用いた群集運動と待ち行列のモデル

松木平淳太（龍谷大学）

保存量を持つ1次元セルオートマトンのMax-Min-Plus 解析

由良文孝（公立ほこだて未来大学）

2状態セルオートマトンによる拡散シミュレーション

（セッションとりまとめ 時弘、栗原）

16:30-18:30 チュートリアル講演

-生命科学と異分野との融合

杉山雄規（名古屋大学）

非対称散逸系による生物集団運動の数理

石黒章夫（東北大学）

動物の適応的運動機能に内在する制御原理を探る

根本靖久（東北大学）

イノベーションに最適な国における大学基礎研究のゆくえ

（セッションとりまとめ 栗原、井原）

12月3日（二日目）

10:00-12:00 生命システム動態の数理：応答、分化、可塑性、頑健性

齊藤稔（東京大学）

化学反応における少数性効果

畠山哲央（東京大学）

概日時計における周期の頑健性と位相の可塑性の互恵的關係

中島昭彦（東京大学）

細胞の走化性応答にみられる時間空間情報の統合：数理と実験の
融合的アプローチ

Benjamin Pfeuty（フランス CNRS）

Developmental control of cell-type diversity and proportioning:
a minimal modeling approach

（セッションとりまとめ 金子）

13:30-15:00 生命現象の輸送・伝達の数理

西森拓（広島大学）

アリの集団採餌における意思決定とゆらぎ

金井政宏（東京大学）

生命ダイナミクスの非平衡統計物理と非線形科学

本田直樹（京都大学）

神経軸索誘導における誘引的および忌避的走化性の数理モデル

（セッションとりまとめ 松田）

15:30-17:30 構造安定性と変化を伴うダイナミクスの数理

李聖林（広島大学）

Mathematical Understanding on Remodeling of Nuclear Architecture of the
Rod Photoreceptor Cell

中田庸一（東京大学）

簡略化されたpath-preference modelのダイナミクスについて

下川航也（埼玉大学）

DNA 組み換え酵素のタングル解析

児玉大樹（東京大学）

円周上の C^1 級微分同相写像の考察

（セッションとりまとめ 楯）

12月4日（三日目）

10:00-12:00

プログラム委員および運営責任者を中心とした討論会：

「生命科学と数理の融合の今後の発展方向」

4拠点の紹介と融合における問題点など

松田道行、楯真一、和田洋一郎、栗原裕基、時弘哲治、井原茂男 他

話題提供：

松家敬介（東京大学）：血管新生における伸長・分岐過程の数理モデリング
を通しての融合研究の課題、

他

-閉会の辞

数学・数理科学と諸科学・産業との協働によるイノベーション創出のための研究促進プログラム（数学協働プログラム）
「生命ダイナミクスの数理とその応用：異分野とのさらなる融合」（2014W07）

講演

輸送現象の数理と生命現象

セルオートマトンを用いた群集運動と待ち行列のモデル

柳澤 大地

東京大学

セルオートマトンは、人の排除体積効果を簡単に取り入れることができ計算速度も早い
ため、これまで数多くの群集運動のモデルに応用されてきた。

本講演では、まず人の視野の効果や衝突の影響を詳細に扱った群集運動モデル、及び、
実際の人による実験結果を紹介する。

また、待ち行列理論にセルオートマトンの考え方を応用し、人の移動時間によるサー
ビスの遅れや列を詰める時間を考慮した待ち行列モデルの研究にも触れる。

保存量を持つ1次元セルオートマトンの Max-Min-Plus 解析

松木平 淳太

龍谷大学 理工学部 数理情報学科

セルオートマトンは独立変数のみならず、状態変数も離散的である数理モデルである。

セルオートマトンの数理構造を明らかにする試みとして、Wolfram による1次元セルオートマトンのクラス分類など、数多くの研究が行われてきている。我々のグループは超離散化の手法によって1次元ソリトンセルオートマトンが偏微分方程式と対応づけ可能であることを示してきた。その際に大きな役割りを果たすのは Max-Plus 代数であり、1次元ソリトンセルオートマトンの方程式、解とも Max-Plus 代数を用いて表すことができる。1次元ソリトンセルオートマトンは無限個の保存量の存在という特徴を持つが、一般の1次元セルオートマトンは少数の保存量しか持たない。

近年我々は、粒子数を保存量として持つ1次元セルオートマトンにおいて、Max-Min-Plus 表現が重要な役割りを果たすことを発見した。さらに粒子数以外の高次の保存量を持つ1次元セルオートマトンにおいてもMax-Min-Plus 表現が有用であることもわかってきた。講演では、2次の保存量を持つ（クラスターの数に保存する）1次元セルオートマトンを例として取り上げ、その確率化も含めて、研究の現状について報告する。

2 状態セルオートマトンによる拡散シミュレーション

由良 文孝

公立はこだて未来大学 システム情報科学部 複雑系科学科

通常、移流拡散現象はその差分化（あるいは離散化とも呼ぶ）を通して得られる差分方程式から解析される。その際、超離散化などを行わない限り普通は実数上の方程式となり連続量を従属変数とすることとなる。つまり対象となる各生物種や化学種は、個体数密度や濃度といった連続量として扱われることとなる。

これに対し、多くの生体内では特定の部位に特異的に結合し機能する現象などが数多く知られている。そこでは例えば、細胞内外での様々な情報伝達系物質が細胞内液や外液などの影響を受けて拡散しつつ移動していると考えられるが、ある特定の物質やユニットに着目した場合、上述したような通常の差分方程式系ではシミュレーションが難しい。

本講演では、離散的な状態を持つ確率セルオートマトン系を用いた拡散系のシミュレーションについてご紹介する。通常セルオートマトンモデルという場合、最も重要な特徴として規則の局所性が挙げられる。局所的に定義された遷移関数が、大域的に複雑な現象を引き起こす（創発現象）ところがセルオートマトンモデルの興味深い点である。つまり通常の手法によって再現することが困難な現象に対して、簡単な規則を定めるだけで現象を記述できる可能性がある。講演では、いくつかの典型例をシミュレーションとともに示す予定である。

数学・数理科学と諸科学・産業との協働によるイノベーション創出のための研究促進プログラム（数学協働プログラム）
「生命ダイナミクスの数理とその応用：異分野とのさらなる融合」（2014W07）

チュートリアル講演
生命科学と異分野との融合

非対称散逸系による生物集団運動の数理

杉山雄規

名古屋大学・大学院情報科学研究科・複雑系科学専攻

生命現象を記述するには、どのような数理が必要であろうか？ここでは、物理模型として非対称相互作用を持つ散逸系を考える。非対称相互作用とは、物理的には自己駆動する粒子の運動を記述する基本相互作用である。ここでいう非対称性とは、他からの外力に依らずに駆動することを意味し、力における作用反作用の法則を満たさない。したがって、物理的には、エネルギーのみならず運動量も保存しない。周囲の粒子の状況に応じて自己駆動力により運動する。このような相互作用する粒子の集団は、非平衡散逸系（開放系）を形成し、自明な一様運動をする解も持つが、粒子数やコントロールパラメータによっては、エネルギーの流入・流出が非自明なバランスを取ることで、複雑な集団運動を行う。その例は、巨視的な動的形態の形成、その運動における特徴的な時間スケールの発現、統計力学的性質における冪乗則、連続自由な形態の変形、形態の敏捷な反応、境界条件に応じた最適な運動状態の形成、などである。これらの現象は、物理的・数学的には、動的な相転移現象・力学系における分岐現象として現れる。

このようなもっとも簡潔な数理模型として、**Optimal Velocity**（最適速度）模型を考える。この模型の1次元系は、高速道路交通流における渋滞形成を記述する模型として導入され、その形成機構の物理的本質を説明するとともに、観測現象を良く再現した。2次元における模型では、追従力と排他力が独立に備わり、生物の様々な集団運動を模倣するような振る舞いを示す。これは、生物集団の振る舞いを物理現象として記述する可能性を示している。

我々は単にモデルのシミュレーションによって、細胞、生物、人間などの集団の運動を模倣するのみでなく、さらに踏み込んで、それらの運動が発現する際の転移現象や分岐現象の力学的性質を調べるため、データ処理手法を応用した”**Coarse Analysis**”と総称している解析手法を研究している。この方法では、非平衡緩和現象における、遅い変数を早い変数から何らかの意味で分離し、ミクロ変数の高次元多自由度系をマクロ変数の低次元少数自由度系に **reduction** した力学空間で見ることにより、巨視的集団の振る舞いの力学特性を見出すものである。1次元 **OV** 系の分岐現象や、最適形態形成の現象を2次元 **OV** 粒子集団による「迷路の最適経路探索」という例について行った、”**Coarse Analysis**”による研究の初期の成果についても言及したい。

動物の適応的運動機能に内在する制御原理を探る

石黒 章夫

東北大学電気通信研究所

生き物は、身体に有する膨大な自由度を巧みに操りながら、予測不能的に変動する実世界環境にうまく適応している。この現象の背後にあるからくりが理解できれば、生物学へはもちろんのこと、ロボット工学にも大いに資することが期待できる。しかしながら、生物制御のからくりを抽出（数理モデリング）する過程ではさまざまな恣意性が入り込む可能性が否めない。その結果、当該現象をうまく説明できうる「スッキリと本質を掴んだ」数理モデルを構築することは困難を極めるのが普通である。

本講演では特に、四脚動物が示す巧みな脚間協調現象に内在する自律分散制御のからくりの抽出に関するわれわれの事例研究を主として採り上げる。正直に言おう。この事例研究は、モデリングがたまたまうまくいき、われわれ自身も当初は想像できなかったようなラッキーな結果がぞろぞろと出つつある研究である。それゆえに、この事例研究の成果からは学ぶべきことがたくさん詰まっていると考えられる。そこで、生物制御のありようや、生物が示す「コト」のモデリングの際のツボと注意点（罨）を、後付け説明をしながらみなさんと一緒に議論したいと思う。

イノベーションに最適な国における大学基礎研究のゆくえ

根本 靖久

東北大学・研究推進本部UR Aセンター

政府の日本成長戦略において科学技術イノベーションは重要な柱である。ノーベル賞を受賞した青色発光ダイオード研究にもみられるように、若い研究者の自由な発想こそが社会を変革する非連続的なイノベーションをもたらす。イノベーションの加速化において常に求められるのが出口志向研究の強化である。しかし、基礎研究者は必ずしも出口志向の研究をしているわけではない。むしろ純粋な興味、発想、好奇心、新たな知との出会いがセレンディピティをもたらす。イノベーションの創出は基礎科学研究の蓄積が基礎にあり、一方でその成果を社会実装するための橋渡し研究への取組みも別途必要である。特に応用への間口が広く、既存の常識の殻を打ち破ってきた数理科学分野では、より多くの分野の研究者が参加した自由な発想と知の交流の下で研究の多様性を推進することが、新たなイノベーションを生み出すための王道である。すでに到来しつつあるビッグデータ駆動型社会変革の波においても数理科学研究が大いに注目されている。すでに多くのIT企業はハードウェアビジネスからビッグデータ・ソリューションサービスとしての勝ち残りを賭けており、その成功の鍵は数理科学者と各分野の研究者との協働をもたらす常識を打ち破る発想である。演者は日本の科学技術政策における司令塔である内閣府・総合科学技術イノベーション会議（CSTI）の事務局スタッフ「上席科学技術政策フェロー」として、大学や地域の現場視点も踏まえながら第五期科学技術基本計画の策定に携わっている。その中には大学改革や地方発イノベーションの在り方への検討もある。近隣諸国の台頭著しい熾烈な国際競争において、存在感が危ぶまれているわが国の研究開発の現状を知り、研究者のあり方について個々の思いを語り合える場を共有したい。

数学・数理科学と諸科学・産業との協働によるイノベーション創出のための研究促進プログラム（数学協働プログラム）
「生命ダイナミクスの数理とその応用：異分野とのさらなる融合」（2014W07）

講演

生命システム動態の数理：応答、分化、可塑性、頑健性

化学反応における少数性効果

齊藤 稔

東京大学 総合文化研究科

細胞内での化学反応では、しばしば反応に寄与する分子の数が非常に少数になるといった状況が起こりうる。こういった状況では分子の少数性に起因する確率性が無視できなくなり、決定論方程式によるモデリングが破綻する。多くの場合、このような“ノイズ”は決定論方程式まわりのゆらぎとして現れるにとどまるが、特定の化学反応系においては、少数性効果が系の性質を質的に変えてしまう現象（双安定性の出現など）が理論的に示唆されて来た。しかしこの現象のはっきりとした定義や数理的表現はこれまで存在せず、どのような構造が大きな少数性効果を生むのかも不明瞭なままである。理論的側面以外にも、近年の一分子観測技術に伴い、こういった現象が生体内でどのような機能を持ちうるのかが注目され始めている。

本研究では、反応物質の濃度の定常分布に注目し、少数性効果を数理的に特徴づける手法を提案した。この手法を用いると、与えられた化学反応系に少数性効果が起きるかどうかが、起こるとしたらどのような効果が起きるのか、いくつからが“少数”であるのか、などといった問いに答えることが出来る。また、この手法を応用し、少数性効果を持ちうる化学反応モチーフの列挙を行ない、どのような構造が少数性効果に必要なのか議論する。

概日時計における周期の頑健性と位相の可塑性の互恵的關係

畠山 哲央、金子 邦彦

東京大学・総合文化研究科

概日時計は周期の温度・栄養補償性を示すことが知られている。これは、外部の温度や栄養濃度が変化しても、周期を殆ど変わらずに保ち続けるという性質である。一方で、温度や栄養濃度の周期的な変化に概日時計は素早く同期できることが知られている。これは温度・栄養濃度の変化に対して、位相が可塑的であるために引き起こされる。このように、概日時計は同一の環境刺激に対して周期の頑健性と位相の可塑性の両方を示すことが知られており、これらの性質を両立させることは周期的な環境変動に適応するために非常に重要である。しかし、同一の環境変動に対して「変わりにくさ」と「変わりやすさ」をどのように両立させているのかは未だに分かっていない。

この問題にアプローチするため、蛋白質間の相互作用により振動が形成される翻訳後振動子モデルと、遺伝子の転写翻訳により振動が形成される転写翻訳振動子モデルという、2種類の温度補償性を示す概日時計のモデルを用いて、温度補償性の程度を変化させた時の周期の変化しやすさと、位相の変化しやすさの関係を調べた。すると、どちらのモデルにおいても、特別なメカニズムが存在しないにも関わらず、周期の頑健性と位相の可塑性の間には互恵的關係が見られた。つまり、周期が温度変化に対して変化しにくければしにくい程、位相は変化しやすくなり、逆に周期が変化しやすければしやすいほど、位相は変化しにくくなった。これらのモデルの更なる解析により、システムを構成する一部の分子の濃度が大きく変化することにより、その濃度変化により周期の変化を打ち消すという、リミットサイクル上での適応的なダイナミクスが、互恵的關係を生み出すために重要であることが示唆された。そこで、リミットサイクル上での適応的なダイナミクスを組み込んだよりシンプルな非線形振動子のモデルを作成し、解析したところ、同様に周期の頑健性と位相の可塑性の互恵的關係が見出された。これは、互恵的關係が概日時計に留まらず、一般の（生）化学振動子において普遍的に見られる特徴であることを示唆する結果である。

細胞の走化性応答にみられる時間空間情報の統合：数理と実験の融合的アプローチ

中島 昭彦

東京大学・大学院総合文化研究科、複雑系生命システム研究センター

誘引物質の場を検知して目的の方向へと細胞が移動する走化性応答は、発生過程や傷害治癒の免疫反応、ガンの浸潤などさまざまな場面においてみられる普遍的細胞機能である。これまでに、定常な場における走化性メカニズムについて多くのことが明らかにされてきているが、一方で、組織中の誘引物質の場は大きなゆらぎをもち、時間的、空間的にダイナミックに振る舞うと考えられる。そのような場において、細胞が必要な情報を読み取り、向かうべき方向を知るメカニズムに関してはわかっていないことが多い。

走化性研究のモデル系である細胞性粘菌は、細胞間シグナルの自己組織化によって形成される誘引物質 cAMP の動的な進行波に向かうことで集合する。走化性シグナルとして働く cAMP の場は時間的にも空間的にも周期的なため、空間的な勾配の方向は一定ではない。にもかかわらず、実際の細胞はあたかも自らの進む方向を知っているかのように、波に向かって一方向に進むことができる。この問題は「走化性のパラドクス」と呼ばれ長い間理解されていなかった。このような背景のもと、我々は、微小流路によって時間的、空間的に動的な誘引場の形成を実現することにより、動的な場に対する走化性応答のふるまいを調べた。詳細な解析から、誘引物質の濃度が経時的に増加する場合にのみ、細胞は走化性運動を示し、走化性シグナル因子である低分子 G タンパク質 Ras の活性化が引き起こされることをみいだした。実験結果をもとにした数理モデルの解析から、このような「整流作用」をもった走化性応答は、濃度変化に対する応答の反応機構に超感度性 (ultra-sensitivity) が内在することで実現されるということが明らかになった。このような細胞応答の動的特性は、多細胞組織のようなダイナミックに振る舞う環境中での細胞の情報処理や意思決定に重要な働きを示すと考えられ、ひいては、細胞運動の操作やガンの制御にもつながるものと期待される。

参考文献：

[1] Nakajima A, Ishihara S, Imoto D, Sawai S. Rectified directional sensing in long-range cell migration. Nat Commun. 2014 Nov 6;5:5367

Developmental control of cell-type diversity and proportioning : a minimal modeling approach

Benjamin Pfeuty

University Lille, CNRS, France

A fundamental problem in developmental biology is to understand how a single-celled organism - a zygote- gives rise to a complex multi-celled organism made of billion of cells and of hundredth of cell types. In particular, functional tissues and organisms require not only a diversity of cell types but also the establishment of correct proportion between these diverse cell types. Although specific properties of intracellular dynamics such as multistability, oscillations or stochasticity and of intercellular coupling such as lateral inhibition have been proposed to contribute to cell-type diversity and proportioning, the respective and coordinated role of these various features remains unclear or controversial.

In an attempt to clarify this issue, we consider a class of simple models consisting in a population of noisy bistable systems supplemented, on a case-by-case basis, with oscillatory dynamics, slow epigenetic dynamics and repulsive mean-field coupling. Analysis of Fokker-Planck or deterministic equations allow to characterize general properties of binary decision, which can be recapitulated as follows: (1) Intracellular oscillations (e.g., Hes1 oscillations, cell-cycle oscillations) allow for more precise binary decision with respect to noise, and more tunable decision with respect to signal timing; (2) Repulsive intercellular coupling (e.g., Delta-Notch or Fgf4-Fgfr2 lateral inhibition) mediates a global negative feedback that promote precise cell-type proportioning but also favor oscillatory instabilities; (3) Supplementing repulsive coupling with slow epigenetic regulation enables to promote precise and noise-robust cell-type proportioning.

Overall, different ingredients operating at single and multi-celled levels and at fast and slow time scales are required to optimally regulate cell-type diversity and proportioning.

数学・数理科学と諸科学・産業との協働によるイノベーション創出のための研究促進プログラム（数学協働プログラム）
「生命ダイナミクスの数理論とその応用：異分野とのさらなる融合」（2014W07）

講演

生命現象の輸送・伝達の数理論

アリの集団採餌における意思決定とゆらぎ

西森 拓

広島大学・理学研究科

アリはハチと共通の祖先から進化し、個々の構造や振る舞いを単純化させる一方で、コロニーとしての協調行動を複雑化させ、現在地球上のほとんどの地域で繁栄を謳歌している。我々は、アリの採餌に着目し、組織的行動に関する実験と数理モデリングを行ってきた。実験では、生化学の専門家や昆虫学の専門家と協働し、トビイロケアリの採餌行動が、これまで広く知られている化学走性だけでなく、視覚情報や記憶にも依拠し、これら複数の因子の精妙な組み合わせで行動決定を行っていることが明らかにしてきた。また、数理モデルでは、アリの化学走性にゆらぎ（エラー）の効果を付与し、採餌効率とゆらぎの関係を調べた。その結果、ある給餌環境の変化に応じて、「最適採餌集団」が、同等のエラーをもった「一様集団」から、高いエラー率をもったアリとエラーがほとんどないアリの「2極混合集団」に鋭く転移することがわかった。

講演では、以上の実験・計算結果を報告するとともに、現象をより抽象化した理論的試みを紹介する。また、採餌行動データを長時間に亘って自動計測するために民間企業と協働して構築中の新しい個別行動計測システムも簡単に紹介する。

生命ダイナミクスの非平衡統計物理と非線形科学

金井 政宏

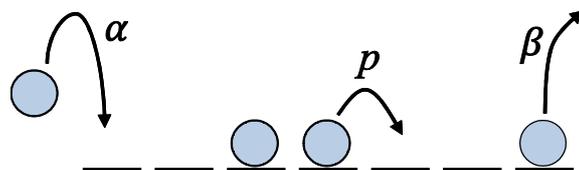
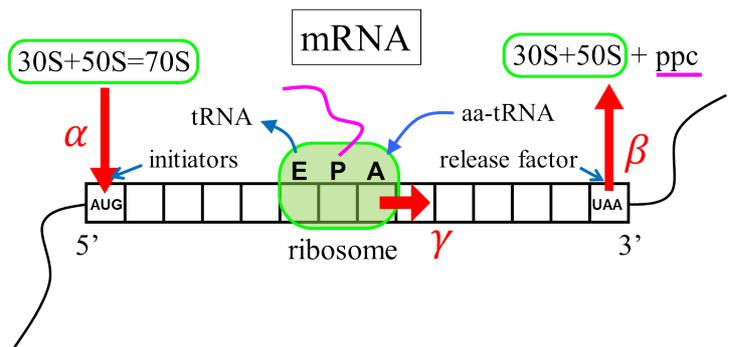
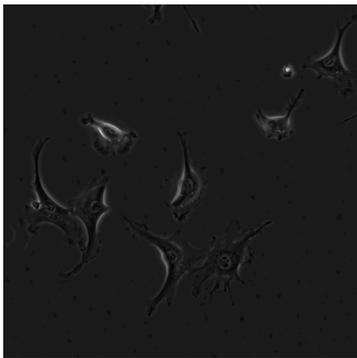
東京大学大学院数理科学研究科.

生命ダイナミクスは、細胞のようなマイクロなレベルからヒトのようなマクロなレベルまで様々な階層で発見されている。タンパク質の合成ではリボソームが mRNA の上を歩きながら情報を翻訳していく。血管内皮細胞の集団は先頭を入れ替えながら血管を伸長する。ヒトの歩行においては、ペア歩行の場合に一人歩行と比べて有意に速度が下がる。

生命ダイナミクスに対比されるべき物質のダイナミクスは、物理学の普遍的法則である運動の三法則、すなわち慣性の法則・運動方程式・作用反作用の法則の支配下にあるが、このいずれもが生命ダイナミクスには適用されない。それは、生命ダイナミクスの示す現象をそのレベルでの生物個体の運動と捉えた場合、よりマイクロなレベルでの構造は個体の特性を表すパラメータにまとめられてしまうためである。

このような個体を、その運動の様子から自己駆動粒子と呼ぶことがある。自己駆動粒子の特性は個体間の相互作用に基づく集団現象において顕著になる。しかしながら、この場合の集団的ダイナミクスがよりマイクロなレベルから示唆されることは稀であって、多くの場合、逆に集団現象の解析によって個体間の相互作用が発見され、その後に詳細が明らかされる。

本講演では、このような自己駆動粒子の多体系のダイナミクスについて、非平衡統計力学や非線形科学の同期理論により解析する方法と幾つかの結果を紹介する。



神経軸索誘導における誘引的および忌避的走化性の数理モデル

本田 直樹

京都大学大学院医学研究科

生命動態システム科学推進拠点事業 時空間情報イメージング拠点

Neural growth cones have unique bi-directional chemotactic nature, both attracted and repelled by the same guidance molecules depending on the situations, whereas other non-neural chemotactic cells usually show uni-directional chemotaxis of either attraction or repulsion. To understand how growth cones differ from other chemotactic cells, we developed a mathematical model of intracellular signaling composed of activator and inhibitor driving chemotaxis. Based on the model analysis, we found that attraction and repulsion are determined by balance between activator and inhibitor. Our model unexpectedly predicted multi-phasic turning response of the growth cone depending on intracellular Ca^{2+} , which was experimentally confirmed by turning assays and Ca^{2+} imaging. Based on the experimental data, we furthermore reverse engineered the regulations of CaMKII (activator) and PP1 (inhibitor), and validated it with their pharmacological inhibitions. Our approach combining mathematical analyses and experiments thus clarified the molecular mechanism underlying the distinguished bi-directional chemotaxis of growth cones, being quite different from uni-directional chemotactic cells.

数学・数理科学と諸科学・産業との協働によるイノベーション創出のための研究促進プログラム（数学協働プログラム）
「生命ダイナミクスの数理とその応用：異分野とのさらなる融合」（2014W07）

講演

構造安定性と変化を伴うダイナミクスの数理

Mathematical Understanding on Remodeling of Nuclear Architecture of the Rod Photoreceptor Cell

S. Seirin Lee

Hiroshima University

The nuclear architecture which plays an important role in organizing the function of the nucleus, which is composed of heterochromatin and euchromatin. Conventional architecture in which heterochromatin enrich in the periphery of nucleus is universal structure in the vast majority of eukaryotic cells. In contrast, the rod cell of nocturnal mammals has a contrastive nuclear structure called inverted architecture in which heterochromatin distributes in the center of nucleus. The rod cell of adult mouse has the inverted architecture obtained through the dynamical remodeling of conventional one during terminal differentiation. We here successfully recreate the remodeling process using a mathematical model employing phase-field method and show that physical mechanisms are sufficient to induce nuclear remodeling without genetic design. We further assess the role of nuclear shape and size in remodeling nuclear architecture and how intermingling of chromosomal territories plays an important role in determining the structure of the nucleus. Our study represent the first step toward understanding chromatin dynamics by incorporating chromatin features at the molecular level with the macro level of chromatin dynamics, and demonstrates the new challenge of phase-field method to life sciences.

簡略化された path-preference model のダイナミクスについて

中田 庸一

東京大学大学院数理科学研究科 生物医学と数学の融合拠点 (iBMath)

Path-preference model は RNA ポリメラーゼが転写中に行うダイナミクスを記述するセルオートマトンであるが、このモデルについてある条件下で流量を測ったところ期待された挙動以外の不連続な変化が起ることが確認されたので、そのことについて説明する。

DNA 組み換え酵素のタングル解析

下川 航也

埼玉大学・大学院理工学研究科

DNA 組み換え酵素の働きは直接観測することが出来ない。組み換えの前の DNA のトポロジーと組み換え後の DNA のトポロジーの情報を用いて、組み換え酵素の働きのメカニズムを数学的に解析する方法が知られている。この手法では環状 DNA を結び目や絡み目として考え、組み換え酵素は結び目に対してタングル手術やバンド手術として働くとモデル化する。

我々の研究では、結び目や絡み目の局所変形であるバンド手術の特徴付けを行い、その結果を DNA の部位特異的組み換え酵素のメカニズムの解明に応用する。特に、*Xer-dif-FtsK* システムによる DNA 絡み目の解消経路の特徴付けを議論する。

Xer-dif-FtsK システムによる DNA 絡み目解消実験では、基質として $2m$ -cat、つまり、 $(2, 2m)$ -トーラス絡み目が用いられ、それらが最終的に自明な絡み目へと変形される。その経路と各組み換えのメカニズムの特徴付けを得ることが出来た。まず、 $2m$ -cat が解消されるためには、少なくとも $2m$ 回の組み換えが必要であることを示した。さらに、各組み換えにおいて結び目や絡み目の交点数が下がる場合には、その経路は唯一つしか存在しないことを証明した。つまり、経路に現れる結び目や絡み目は、 $(2, p)$ -トーラス結び目、絡み目 $T(2, p)$ となる。そして、 $T(2, p)$ から $T(2, p-1)$ への組み換えをバンド手術としてみたとき、それがアイソトピーで唯一つになることを示した。

また、条件を少し緩くした場合の考察も、基質が 6 -cat の場合に行っている。理論的な考察に加え、シミュレーションによる結果も得られているので、報告する。

円周上の C^1 級微分同相写像の考察

児玉 大樹

東京大学・大学院 数理科学研究科 数理科学連携基盤センター
生物学と数学の融合拠点 (iBMath)

任意に与えられた無理数 α に対し、回転数 α を持つ円周上の C^1 級微分同相で、測度論的基本領域を持つものが構成できる。本講演では、この定理を紹介するとともに、生体内の構造の解析への応用を模索する。

数学・数理科学と諸科学・産業との協働によるイノベーション創出のための研究促進プログラム（数学協働プログラム）
「生命ダイナミクスの数理とその応用：異分野とのさらなる融合」（2014W07）

討論会：「生命科学と数理の融合の今後の発展方向」
話題提供

血管新生における伸長・分岐過程の数理モデリングを通しての融合研究の課題

松家 敬介

東京大学大学院数理科学研究科附属数理科学連携基盤センター
生物医学と数学の融合拠点(iBMath)

血管新生とは、生体内で既存の血管から新しい血管が分岐し血管網が構築される現象のことである。新しい血管は、血管内皮細胞の増殖と遊走によって形成される。本講演では、血管新生における血管内皮細胞の挙動に関する実験及び、実験データを元にして構成した内皮細胞の挙動のセルオートマトンモデルを紹介する。さらに、このセルオートマトンモデルに基づいた微分方程式モデルについても解説する。

また、本講演に関する研究を通じた講演者の所感と共に、数理科学と生命科学の融合研究に対する、講演者の考える課題についても述べたい。

数学・数理科学と諸科学・産業との協働によるイノベーション創出のための研究促進プログラム（数学協働プログラム）
「生命ダイナミクスの数理論とその応用：異分野とのさらなる融合」(2014W07)

文部科学省 委託事業
 「数学・数理科学と諸科学・産業との協働による
 イノベーション創出のための研究促進プログラム」(数学協働プログラム)

生命ダイナミクスの数理とその応用

- 異分野とのさらなる融合 -

2014年
12月2日～12月4日
 開場 12:30

東京大学大学院数理科学研究科 大講義室
 東京都目黒区駒場3-8-1

● 講演者/プログラム委員

李 聖林 (広島大)	中島 昭彦 (東京大)
石黒 章夫 (東北大)	中田 庸一 (東京大)
井原 茂男 (東京大)	西森 拓 (広島大)
大田 佳宏 (東京大)	根本 靖久 (東北大)
金井 政宏 (東京大)	畠山 哲央 (東京大)
金子 邦彦 (東京大)	本田 直樹 (京都大)
栗原 裕基 (東京大)	松木平 淳太 (龍谷大)
児玉 大樹 (東京大)	松田 道行 (京都大)
斉藤 稔 (東京大)	松家 敬介 (東京大)
下川 航也 (埼玉大)	柳澤 大地 (東京大)
杉山 雄規 (名古屋大)	由良 文孝 (ほこだて未来大)
橋 真一 (広島大)	和田 洋一郎 (東京大)
時弘 哲治 (東京大)	Benjamin Pfeuty (フランス CNRS)

● 詳細/お申込み

<http://coop-math.ism.ac.jp/event/2014W07>

- 参加費：無料
- 参加申込締切：11月27日
- お問い合わせ先



数学協働プログラム「生命ダイナミクスの数理とその応用」事務局
 世話人(代表) 井原 茂男 東京大学
 ☒ coop.math.office@ibmath.jp

● 協力機関

- 文部科学省「創薬等ライフサイエンス研究支援基盤事業」 生命動態システム科学推進拠点事業：
 - 「多次元定量イメージングに基づく数理モデルを用いた動的生命システムの革新的研究体系の開発・教育拠点」京都大学
 - 「転写の機構解明のための動態システム生物医学数理解析拠点」東京大学
 - 「複雑生命システム動態研究教育拠点」東京大学
 - 「核内クロマチン・ライブダイナミクスの数理研究拠点形成」広島大学
- 「文部科学省委託事業 数学協働プログラム」統計数理研究所

● アクセス



主催

文部科学省委託事業

「数学・数理科学と諸科学・産業との協働によるイノベーション創出のための研究促進プログラム（数学協働プログラム）」統計数理研究所
東京大学大学院数理科学研究科

協力：

文部科学省 「創薬等ライフサイエンス研究支援基盤事業」 生命動態システム科学推進拠点事業
「多次元定量イメージングに基づく数理モデルを用いた動的な生命システムの革新的研究体系の
開発・教育拠点」京都大学
「転写の機構解明のための動態システム生物医学数理解析拠点」-生物医学と数学の融合拠点
(iBMath) 東京大学
「複雑生命システム動態研究教育拠点」東京大学
「核内クロマチン・ライブダイナミクスの数理研究拠点形成」広島大学

運営委員

井原 茂男 （代表） 東京大学
栗原 裕基 （副代表） 東京大学
時弘 哲治 （副代表） 東京大学
富山 三弘 東京大学

プログラム委員

松田 道行 京都大学
金子 邦彦 東京大学
楯 真一 広島大学
和田 洋一郎 東京大学
および上記運営委員