

## 生命ダイナミクスの数理とその応用：理論からのさらなる深化

日時：2015年12月9日－12月11日まで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3-8-11

12月9日（水）（一日目）

13:00-13:15

開会の挨拶

セッション 1：粒子・離散系での生命ダイナミクス

13:15-14:15 離散方程式の数理 薩摩順吉（武蔵野大学）

内容：数理モデルの多くは微分方程式を用いて構成されるが、シミュレーションや直感的な理解の容易さでは、離散方程式あるいはセルオートマトンを用いた数理モデルが便利であることが多い。この講演では離散方程式による数理モデル化について、さまざまな観点から解説を行う。

14:15-15:15 分子動態解析-多粒子力学系と接続の微分幾何学 谷村省吾（名古屋大学）

内容：分子の動態解析を行う上で、多体力学系と接続の幾何学との関係は振動運動と分子の大きな変形を扱う上で重要な視点である。この講演では接続の幾何学の基礎を丁寧に解説する。

15:15-15:30 休憩

セッション 2：複雑系としての生命ダイナミクス

**Multilevel Evolution**

15:30-17:30

座長 齊藤稔、（金子邦彦）（東京大学）

内容：生命は、分子、細胞、多細胞個体といった階層を形成する。各レベルはダイナミックに変化し、また進化しうる。こうした階層をまたがる進化動態の特徴的な性質を明らかにし、細胞、多細胞生物の起源、進化発生対応など生命の基本問題を議論する。

竹内信人 The origin of genes through spontaneous symmetry breaking（東京大学）

上村淳 Diversification by resource limitations in a catalytic reaction network（東京大学）

山岸純平 細胞の触媒反応ネットワークモデルにおける相補的分化（東京大学）

香曾我部隆裕 Evolution-Development Congruence in Pattern Formation Dynamics: Bifurcations in Gene Expression and Regulation of Networks Structures（東京大学）

12月10日（木）（二日目）

セッション 3：生命進化のダイナミクスと細胞運動の数理

10:00-11:00 遺伝子系図の確率モデル 能登原盛弘（名古屋市立大学）

内容：木村資生以来の伝統的な集団遺伝学の数学的な理論を研究する人口が日本ではなかなか増えていない。ここでは分子生物学の基礎、集団遺伝学の基礎、およびその数理理論について解説する。

11:00-12:00 微生物の運動と帆立貝定理 山田道夫（京都大学）

内容：流体中の微小生物の運動については、生物がゆっくりとしかも往復的に形状を変化させるときは、形状変化の一周期において生物の移動距離がゼロとなるという「Purcellの帆立貝定理」が知られており、微小生物はこの制約を避けるためにさまざまな運動形態を工夫している。この定理およびその周辺の話題について解説する。

12:00-13:30 昼食

セッション 4：細胞機能のダイナミクス

13:30-14:30 特別講演

Transcription factories: genome organization and gene regulation Peter R Cook  
(University of Oxford)

内容：転写ファクトリーの提唱者が真核生物の転写ファクトリーモデルについて実験およびモデル計算から解説する。

14:30-15:30 細胞の動態と遊走のダイナミクス

座長 栗原裕基（東京大学）

内容：血管新生の機構の解明をめざした細胞の動態と遊走の動態実験から数理モデリングまで一連の解説を行う。

田久保直子 *in vitro*血管新生のタイムラプスイメージングと細胞トラッキング（東京大学）  
時弘哲治 血管新生の数理モデル（東京大学）

#### セッション 5：生命ダイナミクスの今後の展望

15:30-17:30 ポスターセッション 座長 時弘哲治（東京大学）、栗原裕基（東京大学）  
内容：数理分子生物学の最近のトピックスに関して、特に若手研究者（学生，ポ  
スドク）の研究発表の場を設け、活発な研究討論の場と共同研究を開始する機会を提供し、本研  
究会の内容をより深く理解する目的で行う。

石本健太 精子遊泳ダイナミクスの流体数理モデリング（京都大学）  
梅田高呂 Particle Filter法のNext Generation Sequencer データへの適用の検討（東京  
大学）  
大里直樹 遺伝子転写カスケード解明のための統合解析（東京大学）  
児玉大樹 測度論的基本領域を持つ円周上の極小微分同相写像（東京大学）  
小鳥居祐香 ハンドル体絡み目のHBLホモトピーとMilnor不変量（東京大学）  
林達也 心筋細胞の同期現象に関する不応期をもつ積分発火モデル（東京大学）  
鮑園園 向きづけられた二部空間グラフのHeegaard Floer homology（東京大学）  
中田庸一 Path-preference modelの特殊な場合の解析について（東京大学）  
中村伊南沙 RNAの2次構造のダイナミクスの数理（東京大学）  
中村伊南沙 曲面絡み目上の2次元ブレイド（東京大学）  
李聖林 非対称細胞分裂におけるパターン配置決定の仕組みについて（広島大学）  
Holger Flechsig Evolutionary optimization of simple polymer networks: Models of  
synthetic allosteric proteins（広島大学）  
他

18:00- 懇親会

12月11日（金）（三日目）

#### セッション 6：核内運動とクロマチンのダイナミクス

10:00-12:00 座長 楯真一（広島大学）  
内容：核内クロマチン・ライブダイナミクスの数理研究拠点からオムニバス形式  
で主に核内クロマチン・ライブダイナミクスについて実験から数理解析まで一連の解説を行う。

菅原武志 Stagnant, itinerant chromatin dynamics in fission yeast（広島大学）

栗津暁紀 Coarse-grained models of micro and macro chromatin dynamics in nucleus（広島大学）

新海創也 クロマチンドメイン構造と一分子ヌクレオソーム動態の関係（広島大学）

富樫祐一 分子機械系の粗視化モデルとクロマチン構造への応用（広島大学）

12:00-13:30 昼食

セッション 7：確率過程の数理論と生命ダイナミクス

13:30-14:30 ダイナミカルなランダム行列と棲み分けの問題 香取眞理（中央大学）

内容：数理分子生物学では、非常に大きな自由度の系を必要とし決定論的な記述は現実的には不可能であり、代わりに少数自由度系の確率過程を導入することが必要となる。この講演では、数理生物学に関わる確率過程の解析的および数値的な取り扱いについて解説を行う。

14:30-15:00 休憩

セッション 8：クロマチン構造変化と転写過程の分子ダイナミクス

15:00-17:00

座長 和田洋一郎（東京大学）

内容：転写の機構解明のための動態システムについて実験から数理モデリングとシミュレーションまで一連の解説を行う。

和田洋一郎 Dynamic chromatin movement in stimulated endothelial cells suggested by interactome analysis（東京大学）

大田佳宏 Cellular-automaton model of the cooperative dynamics of RNA polymerase II during the transcription process in human cells（東京大学）

柳尾朋洋 柔らかい高分子軸の宙返り運動と生体分子モーターの回転機構（早稲田大学）

閉会の挨拶