

定量生物学の会
九州大学キャラバン 2025



「定量生物学の会」九州大学キャラバン2025 参加者の皆様

2025年1月11日から12日まで、「定量生物学の会」九州大学キャラバンを九州大学馬出キャンパスにて開催いたします。皆様にはお忙しい中ご参加くださり、誠にありがとうございます。定量生物学の会は、定量的な解析から生命システムの定性的な性質を明らかにすることを目指す生命科学について、その方向性や解決すべき点などを具体的な問題設定のもとで議論する場として、2008年から本格的に活動を開始しました。生命科学の幅広い領域から研究者が集い、オープンな雰囲気の中で議論を進めています。今回、初めて九州大学で行うキャラバン（定量生物学の会の遠征）では、3つのセッションとチュートリアルを企画しました。

今回のキャラバンでは、定量生物学の基本的なアプローチである「計測・モデリング・解析」の3段階のアプローチを「聞く・書く・解く」と題して3つのセッションを企画しました。「生命を聞く」ではゆらぐ生体分子の定量に必要な計測技術を、「生命を書く」では、時間変化する生命現象を数理で記述するアプローチについて、「生命を解く」では、生命科学の課題や生命科学データ解析について情報・数理科学の視点から問題解決をはかるアプローチについて、それぞれの分野のフロントランナーにご講演いただきます。また、これまで参加者に好評だったショートトーク（一般参加者の中から短めの発表をお願いする企画）も続きます。

さらに、学際研究に必要な先進技術を学ぶという定量生物学の会の趣旨を踏まえ、情報科学や数学を背景に出現した定量アプローチの基礎的な知識と応用事例の提供を目的とした2つのチュートリアルを企画しました。備瀬先生には急速に発展している深層学習に基づく画像解析やイメージング法の生命科学・医学分野における活用事例について、鍛冶先生には近年様々な分野で活用が広がりつつある位相的データ解析の基礎から応用までについて、それぞれご講演いただきます。

最後に、「定量的な生命科学のあり方」を模索するにあたり、研究情報を相互に交換するために希望者にポスター発表をお願いしています。今回のキャラバンもこれまでと同様、非常に多様な分野の研究者に参加していただけることになり、これまで以上に有意義な会になると期待しております。ぜひ皆様には積極的に議論に参加していただき、参加者それぞれにとっての定量的な生命科学の可能性が見えてくればと願っております。

2024年9月22日

定量生物学の会 九州大学キャラバン 世話人
伊藤浩史、国田勝行、野下浩司、前原一満（五十音順）



目次



会場概要	4
連絡事項・注意点	6
年会運営について	8
スケジュール	9
チュートリアル概要	11
セッション概要	14



会場概要



会議日程・会場

2025年1月11日（土）～12日（日）

九州大学病院キャンパス コラボステーションI・II

最寄駅から会場まで

地下鉄箱崎線馬出九大病院前から徒歩 10分

会場アクセス

博多駅から

博多→(地下鉄空港線)→中洲川端→(地下鉄箱崎線)→馬出九大病院前

福岡空港から

福岡空港→(地下鉄空港線)→中洲川端→(地下鉄箱崎線)→馬出九大病院前

キャンパスアクセス時の注意

タクシーの利用も便利です。

博多駅→九大病院キャンパス：1000円程度，15分

福岡空港駅→九大病院キャンパス：1500円程度，20分

コラボステーションIとIIはつながった建物です。Iの二階が受付です。



会場（コラボステーションI・II）案内

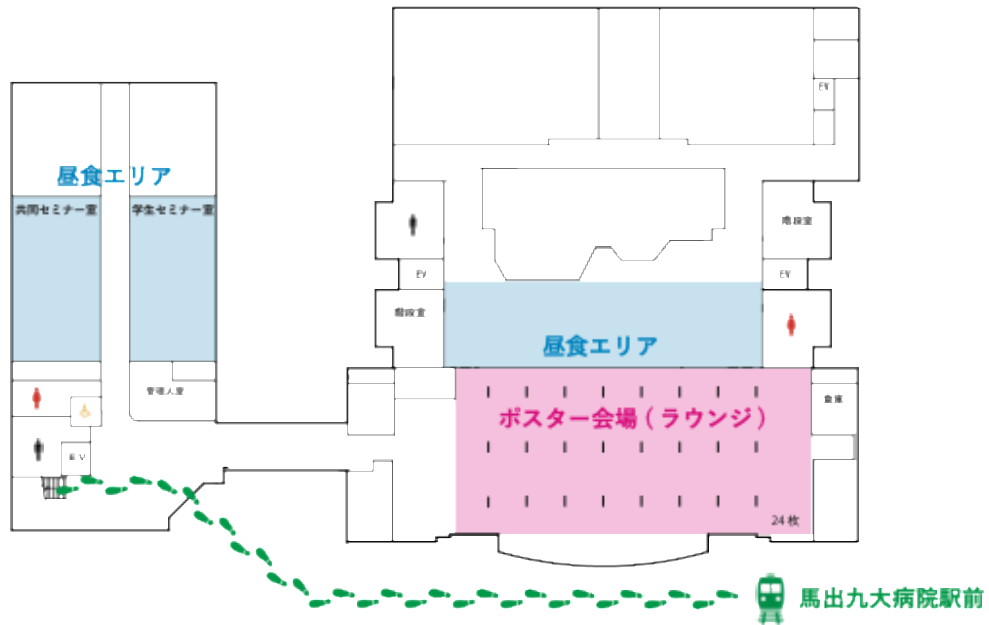
受付：コラボステーションI 2階 視聴覚ホール

セッション会場：コラボステーションI 2階視聴覚ホール（**飲食禁止**）

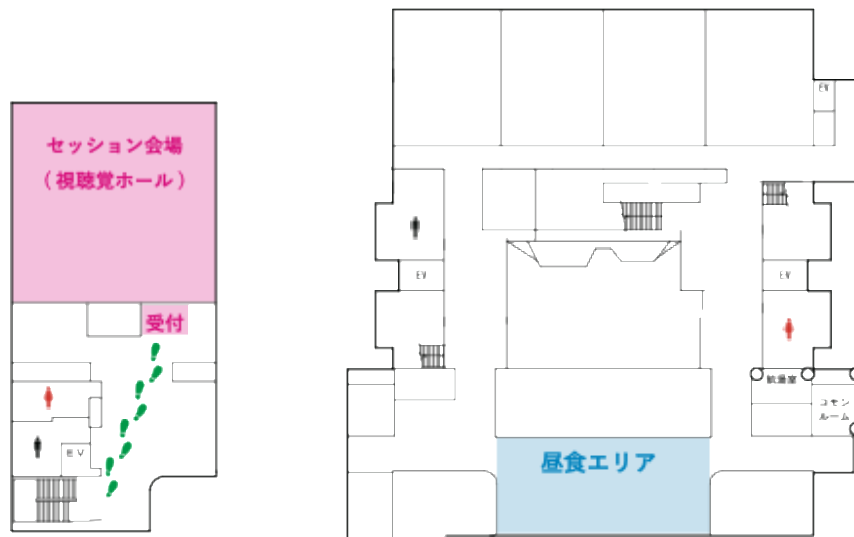
ポスター会場：コラボステーションII 1階 ラウンジ

ディスカッション, お茶, 昼食スペース：下記青字

1F



2F





連絡事項・注意点



ポスターセッション

ポスターパネルのサイズは、**横 86cm 縦 170cm**です。**A0 サイズの掲示が可能**です。ポスター番号の掲示はこちらで用意致します。画鋏は会場にてご用意致します。

ポスターは 11 日の昼に掲示をお願いする予定です。また 12 日 15:00（ポスターセッション終了後）までに撤去して頂くよう予定しています。

写真・ビデオなどの撮影

定量生物学の会では、相互情報発信と互いに顔の見える環境づくりを心がけています。最近他の学会で、参加者による研究発表の無許可な写真・ビデオ撮影などが問題となっています。セッション会場・ポスター会場にて**発表者の許可をとっていない発表内容の写真・ビデオ撮影は禁止**いたします。

昼食のお弁当を注文していない方へ

昼食時間は他の参加者の皆さんとの貴重な交流の場として、過去の年会におけるアンケートでも評判を得ております。本年も皆さんの活発な交流の場として時間を有効活用して頂くため、予め昼食を持参されることをお勧めしております。（会場そばにタリーズがあります。）

参加費・お弁当代・懇親会代

参加費・お弁当代・懇親会代は、Payvent 経由でお支払いいただきました。当日の支払受付は予定しておりません。

領収書

Payvent では、受領書の自動発行が可能です。登録住所・内訳ごとの金額が表示された印刷用 PDF ファイルが生成できます。特に希望される方のみ領収書の発行を予定しております。当日受付でお申し出ください。

インターネットの利用について

インターネット（無線 LAN）として eduroam が利用できます。eduroam は事前にご所属機関でアカウントを作成の上、ご利用ください。

懇親会（登録された方のみ）

日時: 2025 年 1 月 11 日（土）19:00 開始

場所: ビアレストラン Pub キリン

<https://pubkirin-tenjin.com/>



年会運営について



第一回年会 企画・運営（あいうえお順）

- 伊藤 浩史（九州大学）
- 国田 勝行（藤田医科大学）
- 野下 浩司（九州大学）
- 前原 一満（九州大学）

スポンサー

本年会の開催費の一部は、九州大学 数理・データサイエンス教育研究センターからのサポートを受け運営しております。

お問い合わせ先

qbio.caravan2025 at gmail.com



1月 11 日(チュートリアル・年会 1 日目)

開始時刻	終了時刻	スケジュール内容
9:00	10:30	チュートリアル 1: バイオ医療画像のための少数データに対する機械学習手法 ● 備瀬竜馬 (九大・システム情報科学研究院)
10:30	10:40	休憩
10:40	12:10	チュートリアル2: 位相データ解析ハンズオン ● 鍛冶静雄 (九大・IMI)
12:10	13:20	昼食
13:20	13:30	趣旨説明
13:30	15:00	セッション 1: 生命を書く～定式化～ チェア: 青木一洋(京大) ● 木村幸太郎(名市大・理学研究科) ● 北沢美帆(阪大・全学教育推進機構) ● 伊藤浩史(九大・芸術工学研究院)
15:00	15:30	セッション3: 生命を聞く～計測～ チェア: 舟橋啓(慶大) ● 小関泰之(東大・先端科学技術研究センター)
15:30	15:40	休憩
15:40	16:10	ショートトーク ● 木村美紗子(脳情報通信融合研究センター) ● 奥田萌莉(兵庫県立大)
16:10	18:00	ポスターセッション
18:00	19:00	移動: 地下鉄貝塚線 馬出九大病院前→天神
19:00		懇親会

1月 12 日(年会 2 日目)

開始時刻	終了時刻	スケジュール内容
10:00	12:00	セッション3: 生命を聞く～計測～ チェア: 杉村薫(東大) ● 戸田安香(明大・農学部) ● 下林俊典(京大・CiRA) ● 水野大介(九大・理学研究院) ● 木戸秋悟(九大・先導物質化学研究所)

12:00	13:00	昼食
13:00	13:30	ショートトーク <ul style="list-style-type: none"> ● 杉原圭(九州大学) ● 佐野浩子(久留米大学)
13:30	14:30	ポスターセッション
14:30	16:30	セッション2:生命を解く～解析～ チェア:塚田祐基(慶大) <ul style="list-style-type: none"> ● 斎藤稔(広大・統合生命科学研究科) ● 中江健(自然科学研究機構・生命創成探究センター) ● 徳田有矢(京大・ヒト生物学高等研究拠点) ● 小島諒介(京大・医学研究科)
16:30	17:00	総合討論



チュートリアル概要



1月 11 日 (チュートリアル)

バイオ医療画像のための少数データに対する機械学習手法

【要旨】 本講演では、バイオメディカル画像解析における機械学習手法とその課題について紹介します。特に、正確なラベル作成には高度な専門知識が必要であり、そのためバイオ分野におけるラベル付けコストが高くなるという問題があります。多くの場合、膨大なデータが存在する一方で、限られた教師データのみで学習を行わなければならない状況が一般的です。この課題に対処するため、少数のラベル付きデータと大量の未ラベルデータを活用する半教師あり学習手法が有効なアプローチとなります。また、診断や実験過程で得られる関連情報を弱い教師データとして活用する弱教師あり学習も、重要な手法です。この講演では、クラス分類、検出、セグメンテーション、追跡などのタスクにおける弱い教師データや未ラベルデータを活用した機械学習手法に関する最新の研究成果を紹介します。

【参考文献】

- [1] <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1361841521002280>
 [2] https://link.springer.com/chapter/10.1007/978-3-030-58555-6_26

氏名	備瀬 竜馬
所属	九州大学大学院システム情報科学研究所

位相データ解析ハンズオン

【要旨】 このチュートリアルでは、比較的新しいデータ解析手法である位相データ解析、特にパーシステントホモロジーについて、Python を用いた実例を交えながら解説する。パーシステントホモロジーは、データの大域的な特徴をスケールにわたって記述するための手法である。従来手法は局所的な特徴を捉えるのが得意なものが多く、相補的に活用することでより効果的な解析が可能となる。生物学分野では、形態学、遺伝子発現データ、神経ネットワークの解析などに利用されている。点群、ボリュームデータ、ネットワークなど、幅広い形式のデータに適用可能なパーシステントホモロジーであるが、その一方でデータの前処理や結果の解釈に少しコツが必要である。このチュートリアルでは、直感的な定義の解説と、トイデータを用いた具体的なパイプラインの提示を通じて、位相データ解析が参加者の解析ツールキットの一つとなることを目指す。

【参考文献】

- [1] <https://www.saiensu.co.jp/search/?isbn=978-4-7819-1580-7&y=2023>
 [2] <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/38689707/>
 [3] <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/27298351/>

氏名	鍛冶 静雄
所属	九州大学・マス・フォア・インダストリ研究所



セッション概要



セッション1 「生命を書く～定式化～」

「一遺伝子一項」説;線虫の感覚ニューロン活動の数理モデルと遺伝子との対応

【要旨】 20年ほど前の私は、遺伝学的解析が行われてきた線虫C. エレガンスの神経活動と行動を定量的に理解したいと考えていました。純粋な実験屋である私はOISTのサマーコースに参加して、数理モデル化とは「あちこちからパラメータを寄せ集めてきてぶっ込むこと」と(勝手に)理解して、「いや、そうではなくて、できるだけ単一の実験系で測った数値を使いたい」と決心しました。そこから、C. エレガンスの匂い応答刺激を理解するために、匂い空間分布の継時変化を正確に測ってモデル化し、C. エレガンスの匂い感覚神経細胞2種類の活動をカルシウムイメージングしながら追いかけていたりするなどして、いろいろなことを測定しまくりました。その結果、それら感覚神経細胞の活動は、匂い刺激の一階微分あるいは一階微分と二階微分の和の漏れ積分によって表され、特に学習して行動が変化する際には二階微分の項だけが消えると解釈できることが分かりました。さらに突然変異体の神経活動と比較することで、それぞれの項が特定の遺伝子に対応している(場合が多い)ことが分かりました。私は数理解析は素人なのですが、もしかしたら素人こそその視点があったりしたのかも知れません。専門家の方々のご意見を頂ければありがたいです。

【参考文献】

- [1] <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/28532547/>
- [2] <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/36681153/>

氏名	木村 幸太郎
所属	名古屋市立大学理学研究科

植物の形のばらつきから発生過程を推測する

【要旨】 TBA

氏名	北沢 美帆
所属	阪大・全学教育推進機構

ゆらぐ概日時計を正確にする

【要旨】 概日時計の精度はどれくらいだろうか？近年の1細胞計測による細胞レベルの概日リズムの精密な計測によれば、植物では5%、哺乳類培養細胞では1%、シアノバクテリアでは0.5%程度の周期のぶれがある。注意しなければならないのが、こうした観察されたリズムは概日時計からシグナル伝達を経て出力されたリズムであって、分子機械としての概日時計そのものの精度ではない、ということだ。現在のところ、いまだ細胞内の概日時計のそのものの精度をはかることはできていない。では真の概日時計の精度は出力と異なるのだろうか？私達が行ったいくつかの数値シミュレーションによれば、

シグナル伝達によって精度を高めることができる。さらに、下流の出力系タンパク質の分解レートを制御すること、および正弦関数的制御がゆらぎを小さくすることがわかった。これらの結果は位相モデルを使った解析的方法によって確認された。本講演では、これら理論的結果を検証するために進行中の一細胞解析から得た知見をまじえて、ゆらぐ概日リズムの世界を議論したい。

【参考文献】

[1] Kaji et al. J Thor Biol 2023

[2] Mihalcescu et al. arXiv 2409.05537

氏名	伊藤 浩
所属	九大・芸術工学研究院

セッション2「生命を解く～解析～」

数理モデルで読み解く細胞変形と多細胞動態

【要旨】 細胞の形状は、生体組織の発生、成長、恒常性維持などにおいて、時に激しく変形する。例えば高密度の組織中では、細胞は周囲の細胞からの力学的相互作用により能動的・受動的な変形を示す。また免疫細胞などの遊走性細胞では仮足が自発的・継続的に生成される。個々の細胞の変形が集団や組織全体に与える影響を理解するためには、自由な変形を記述でき大規模な細胞集団を扱えるような柔軟な数理モデルが必要となる。我々は細胞輪郭をフーリエ基底を用いて表現するフーリエ輪郭モデルを提案し、多数の変形細胞の高速計算を可能にした。この手法を用いると、一万個程度の自由変形可能な細胞を数値計算することが可能となる。提案手法を用いて、排除体積効果を介して力学的相互作用する高密度の自己駆動変形細胞集団の解析などを行い、細胞集団中の多様な流動的挙動を明らかにした。また提案モデルはphase-field方程式の縮約表現としても導出することができる。phase-field方程式は様々な細胞形状動態の記述に用いられてきたが、計算量コストが大きいという問題があり、多細胞動態への応用は限定的であった。提案手法を用いると、圧倒的に高速度でphase-field方程式と同等の計算を行うことが可能である。講演では提案手法を様々な細胞集団挙動の解析へと応用した事例を紹介する。

【参考文献】

- [1] <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/38718115/>
- [2] <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/34755081/>
- [3] <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/34383753/>

氏名	斎藤 稔
所属	広大・統合生命科学研究科

革新脳データベースに基づく全脳モデル解析

【要旨】 コモンマーモセットと呼ばれる霊長類に対して、MRIや様々なモダリティで全脳にわたる構造や機能的な情報が革新脳とよばれるプロジェクトで取得されてきた。今回の講演では、まず革新脳で得られた大規模なMRIデータについての解説を行う。さらに、マーモセットのMRIから計測された脳内の構造的なネットワークと機能的なネットワークをつなげる数理モデルを導入する。このモデルを導入することにより、MRIの情報から興奮と抑制性のバランスを推定する。さらに、構造的な情報として興奮性細胞と抑制性細胞を特徴づけるAMPAとGABAに関連した脳内の遺伝子発現情報をin situ Hybridizationの技術を用いて取得して、モデルの改善を行う。これにより、脳内で局所的に変化する興奮抑制バランスを取り込んだうえでの、脳機能ネットワークの予測が可能になる。

【参考文献】

- [1] <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/37105968/>
- [2] <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/38594386/>
- [3] <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/33339834/>

氏名	中江 健
所属	自然科学研究機構・生命創成探究センター

最適輸送理論を用いたオミクスデータ解析による種差解明

【要旨】 哺乳類のゲノムや遺伝子は塩基配列として良く保存されているが、種差により、それぞれの種の個々の細胞における遺伝子発現や機能、エピゲノムには差異がある。細胞レベルのゲノム・エピゲノム情報はオミクスデータと呼ばれるビッグデータを形成しているが、種ごとに遺伝子をはじめとする特徴量が異なり、包括的に比較解析する手法は確立されていない。本講演では、複数種のオミクスデータを、Gromov-Wasserstein最適輸送理論を用いて比較解析する手法を提案し、哺乳類の生殖細胞誘導系への適用結果を報告する。

【参考文献】

[1] <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/30712874/>

[2] <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/34349282/>

氏名	徳田 有矢
所属	京大・ヒト生物学高等研究拠点

TBA

【要旨】 TBA

氏名	小島 諒介
所属	京大・医学研究科

セッション3「生命を聞く～計測～」

誘導ラマン散乱顕微法による細胞内動態の詳細解析

【要旨】 生体は多様な細胞から構成され、それぞれの細胞内で様々な細胞小器官が動き回りながら複雑に相互作用し、生命活動を維持していると考えられている。これらのメカニズムを解明するためには、生きた細胞内の複数種の分子を高い時間分解能と空間分解能で観察することが重要である。蛍光イメージングは、生細胞内の特定分子を可視化する方法として広く利用されているが、色数が5色程度に制限されること、小さな生体分子（例えば糖やアミノ酸）や薬剤分子の標識が困難であることなどの課題がある。こうした課題を克服する方法として、光を用いて分子振動を検出するラマン顕微法が注目されている。中でも、誘導ラマン散乱 (Stimulated Raman Scattering, SRS) 顕微法は、2色のパルスレーザーを用いて試料の分子振動を高感度に検出するイメージング手法として近年大きく進展した[1]。従来は、蛍光染色を行わず試料を観察する無標識イメージングがSRS顕微法の主要な応用として注目されていたが、近年では、ラマンプローブを用いた超多重イメージング法や、重水素標識分子を用いた小分子の代謝イメージング法などが登場し、生体イメージング分野での応用が急速に進展している。本講演では、SRS顕微法の基本原理を解説した後、我々が開発した蛍光・SRS統合イメージングシステムを紹介する。さらに、ラマンプローブを用いた超多重イメージング[2]、重水素標識による代謝イメージング[3]、ラマン標識による薬剤イメージング[4]、機能性ラマンプローブを用いた多重センシング[5]および超解像イメージング[6]といった最新の研究成果について議論する。最後に、これらの技術の今後の展開について展望を述べる。

【参考文献】

- [1] J. -X. Cheng, W. Min, Y. Ozeki, and D. Polli, ‘Stimulated Raman scattering microscopy - Techniques and applications-,’ Elsevier, 2021.
- [2] J. Shou et al., iScience 24, 102832 (2021).
- [3] M. Kawaguchi et al., Anal. Chem. 96, 6643 (2024).
- [4] S. J. Spratt et al., Front. Chem. 11, 1141920 (2023).
- [5] H. Fujioka et al., J. Am. Chem. Soc. 142, 20701 (2020).
- [6] J. Shou et al., Sci. Adv. 9, ade9118 (2023).

氏名	小関 泰之
所属	東大・先端科学技術研究センター

味覚受容体の機能と食性の関わり の 解明

【要旨】 味覚は、食物中の栄養素や毒物・腐敗に関する情報を取得する重要な化学感覚である。味は5つの基本味(旨味・甘味・苦味・酸味・塩味)に分類され、口腔の中にはそれぞれの味質を感知するセンサー分子(味覚受容体)が存在する。5基本味のうち、旨味と甘味は重要な栄養素であるアミノ酸と糖類の存在を示すことから、おいしい味(嗜好味)として認識される。脊椎動物では、クラスCのGタンパク質共役型受容体(GPCR)であるTIRファミリーが旨味・甘味受容体を構成する。ヒトではTIRファミリーのうち、TIR1とTIR3のヘテロダイマーが旨味受容体を構成しアミノ酸やヌクレオチドを、TIR2と

T1R3のヘテロダイマーが甘味受容体を構成し糖を受容する。我々は培養細胞を用いた味覚受容体の高感度機能解析技術を構築し、様々な生物のT1R受容体がどのような味成分で活性化されるのかを調べてきた。本発表では、鳥類や霊長類を対象とした研究を中心に、動物の食性に応じてT1R受容体のリガンドが変化してきた例を紹介したい。

【参考文献】

- [1] <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/25146290/>
- [2] <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/34450087/>
- [3] <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/38093021/>

氏名	戸田 安香
所属	明大・農学部

Decoding the inside of neuronal condensates through super-resolution microscopy

【要旨】 TBA

氏名	下林 俊典
所属	京大・CiRA

非平衡揺らぎに伴う細胞質流動化とモーター加速現象

【要旨】 細胞質は生体高分子やコロイドの濃縮溶液であり、その物理的状态は生命活動において重要な役割を果たす。例えば *in vitro* でタンパク質や細胞抽出液を生理的な濃度(細胞内における典型的な濃度)まで濃縮すると、ガラス転移やゲル化が進行し、完全に流動性を失う。しかしながら代謝に伴う非平衡揺らぎが存在する生きた細胞内では、同様に高い濃度でも細胞質の流動性が維持される。我々は、細胞内の非平衡揺らぎとレオロジーを、光ピンセットを利用したマイクロレオロジー法を用いて測定する技術を開発してきた。この技術を用いて、細胞競合、細胞内液滴のエイジング、ATPや細胞骨格の阻害、および細胞死などの状況下で、細胞内の代謝状態が細胞質の流動性や揺らぎに与える影響を評価した。得られた結果は、細胞が代謝に起因するエネルギーを用いて非平衡揺らぎを引き起こし、それが細胞質の流動化に寄与していることを示唆した。細胞内の細胞質は、流動性を保ちつつも水よりは遙に粘稠である。こうした細胞内において、モーター蛋白質は *in vitro* の最大速度よりも速く動作することが知られる。我々は細胞内における非平衡揺らぎの役割に着目し、*in vitro* の計測系においてモーター蛋白質に人工的な非平衡揺らぎを印加した。その結果モーター蛋白質が加速することを見出した。しかしながら、人工的な揺らぎを最大限に印加しても、*in vitro* の最大速度を超えられないことも分かった。細胞内における非平衡揺らぎが、細胞質の流動性やモーター蛋白質の加速に与える影響を、さらに空間分解能をあげて評価するための試みについても紹介したい。

【参考文献】

- [1] <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/29123156/>
- [2] <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/34739268/>
- [3] <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/37865819/>

氏名	水野 大介
所属	九大・理学研究院

細胞内部応力ゆらぎの計測とその強度制御足場の設計

【要旨】生体の多くの領域は、細胞スケールの微視的非一様な剛性を持つ種々の組織から構成されており、一部の細胞は非一様な力学場を長距離長時間に渡って自走する。このような非一様な力学場を運動する細胞においては、増殖や分化などの細胞機能の制御と密接に関連する細胞内部応力状態に顕著な時間変動を被るが、その変動様式が細胞機能にどのようにフィードバックされるのかという問題に対しては系統的な知見は確立されていない。この問題に対して我々はこれまでに、細胞培養ゲルに対して微視的に非一様な弾性率分布を刻みこみ、細胞がその上を自発的に遊走する過程で内部応力状態のゆらぎを増幅させるバイオマテリアルの開発を進めてきた。特に間葉系幹細胞 (MSC) を対象とした場合、培養力学場の入力とその分化系統を決定するという知見に基づけば、細胞内部応力状態の非平衡度を高める当該の設計は力学場履歴を連続的に消去する効果も期待され、MSCに未分化状態を保持させる培養基材設計への応用につながる。具体的には、三角形の硬領域を持つ周期的非一様な弾性場で間葉系幹細胞を培養すると、各領域間の完全非定住運動の過程で、硬・軟領域に依存した分化偏向が抑制され未分化性が維持された(分化フラストレーション現象)。さらに、この培養を経たMSCでは、一様な弾性場や通常のプラスチック皿での培養では見られない細胞運動関連機能および生存、増殖関連機能に関連する遺伝子群が広範囲に発現上昇し、これらはMSCの治療効果増強にも関与するものであったことから、このような培養モードをメカノ活性化培養と名付けた。このようなMSCのメカノ活性化のメカニズムに関して、細胞内部応力の長周期ゆらぎと細胞核の力学的動態の影響に着目した研究を続けている。本発表では、細胞内部応力のゆらぎの度合いを細胞集団に対して計測する簡便なアプローチの開発について紹介し、治療有効性を増強した幹細胞の識別を可能とする簡便な評価指標の捉え方について触れる。

【参考文献】

- [1] <https://doi.org/10.1007/s12551-019-00528-z>
- [2] <https://doi.org/10.1101/2021.10.30.466554>
- [3] <https://doi.org/10.1016/j.biomaterials.2021.120860>

氏名	木戸秋 悟
所属	九大・先端物質化学研究所

ショートトークセッション

ヒトがひらめくまでの時間の深層学習と力学系モデルを用いた再現

【要旨】 私は、ダイナミクスの観点からヒトの思考を理解することを目指している。

思考過程の一つである「ひらめき」は、経験や知識を基盤に、無意識のプロセスによって既存の情報を再構成し、未学習の問題や状況に対して新たな解決策や独自の視点を瞬時に得る現象である。例えば、極度に劣化した二値画像をしばらく観察しているうちに、隠された物体を突然認識できる現象が挙げられる。このようなひらめきのメカニズムは未だ完全には解明されていない。心理物理学における先行研究では、劣化画像の難易度が自然数で特徴づけられることが示されている。この結果から、劣化画像の難易度は隠された物体の欠損部分の数に対応し、探索過程でこれらが確率的に活性化して、複数の欠損部分が偶然同時に活性化して生成補完されたときにひらめきが生じるという仮説が立てられている。この仮説を基に、別の先行研究では、前述の離散性の特徴を再現する人工ニューラルネットワークモデルが構築されている。このモデルでは、深層学習により画像の特徴量を抽出し、探索過程において特徴量がランダムに変化して、認識に必要な特徴量の数が閾値を超えたときにひらめきが生じる仕組みが取り入れられている。しかし、このモデルにおけるランダム性と閾値に基づく論理演算は、ニューラルネットワークの枠組みから逸脱しており、ヒトの脳のメカニズムを十分に反映しているとは言えない。本研究では、ひらめきの探索過程に、力学系モデルとして時間微分方程式で記述されるリカレントニューラルネットワークを適用した。このモデルはカオス的なダイナミクスによる探索を行い、必要な特徴量が揃うと自律的に収束する仕組みを持つ。結果として、深層学習との統合は未実施であるが、力学系モデル単体のシミュレーションによって前述の離散的な特徴が再現可能であることを明らかにした。

氏名	木村美紗子
所属	NICT CiNet

AI×植物:植物の専門家的判断の自動化

【要旨】 植物の専門家だけが知っている情報を自動的に認識・評価することは高度な課題である。本研究の目的は、画像認識により植物に関する専門家的判断を自動化することである。植物の評価・測定は植物科学の基礎的な分野として確立されており、植物フェノタイピングと呼ばれている。近年のAI技術の発達により、植物科学と情報科学の融合分野に関する研究が広く行われるようになってきた。たとえば、麦の領域の自動認識 (Toda et al., *Commun Biol*, 2020) や花びらの枚数の自動推定 (Adamsen et al., *Crop Science*, 2000) などの研究が挙げられる。筆者も、樹木の葉の画像から樹木種を推定する研究やウキクサの葉の面積と枚数を自動的に計測する研究を行った。ウキクサは、適切な環境下で栽培すると2日で約2倍に増えるという大きな成長率を誇り、バイオマスに有用な水生植物のひとつとして工業的・効率的な栽培管理法の開発が期待されている。例えば、これまでに筆者が行った研究では、樹木の葉の画像から樹木種を推定する手法が提案されている。この手法では、深層学習アルゴリズムを用いて葉の形状や色彩などの特徴を学習し、樹木の種類を推定することができる。また筆者は、ウキクサの葉の面積と枚数を自動的に計測する研究も行い、これによりウキクサの成長状態

を効率的に把握することが可能になったといえる。さらに、AI技術を活用した植物評価システムは、農業や環境保護の分野において大きな貢献をしている。例えば、作物の生育状況をリアルタイムでモニタリングし、適切な栽培管理を行うことで収量を向上させることができる。その一方で、植物の評価・測定におけるAI技術の課題も多い。例えば、画像の品質や照明条件の影響を受けやすいこと、さまざまな植物種に対応するための学習データの充実が求められることなどが挙げられる。また、植物の成長過程においては、個体間や環境条件による変動が大きいこと、高い汎化性能を持つAIモデルの構築が課題となっている。これらの課題を克服するためには、植物科学と情報科学の専門家が連携し、さまざまな観点から研究を進める必要がある。また、学術と産業の連携により、実用的な植物評価システムの開発・普及を図ることも重要である。

氏名	奥田 萌莉
所属	兵庫県立大学

ヒト好中球分葉核形成の数理モデル

【要旨】 真核細胞の核は典型的には球状や楕円球状であるが、ヒト成熟好中球は複数の分葉が数珠状につながった形状(分葉核球)を示す。未分化細胞は球状であるが、骨髓球以降の分化成熟過程では細胞分裂を起こさないにもかかわらず、馬蹄様に伸びた形状(桿状核球)を経て分葉核球へと至る。これらの形態変化に関わる分子群は一部解明されているが、この形態変化のメカニズムの全容は明らかになっていない。このメカニズムを明らかにするため、本研究では、核膜・核ラミナを想定した外部粒子とヘテロクロマチンを想定した内部粒子の2種の粒子で構成される2次元の粗視化モデルを構築した。モデルでは、核膜の弾性、クロマチン凝集に伴う核の体積減少、ヘテロクロマチンの増加、ヘテロクロマチン間・膜-ヘテロクロマチン間の相互作用、核が存在する領域の空間的制約、熱ノイズによるランダム運動を考慮した。本モデルにより、弾性を持つ膜内部でクロマチン凝集に伴う体積減少が生じることに伴う形態変化としてヒト顆粒球の分葉核形成過程が再現された。さらに、モデルの重要な仮定である体積減少に関して、ヒト末梢血好中球と*in vitro* マウス好中球分化誘導系での形態定量からそれぞれ実際に検証した。本モデルは、(1) 柔らかくなった核表面に体積減少により生じる変形と、(2)核質内でのヘテロクロマチン間相互作用の増強、の組み合わせにより、分葉核形成を説明するものである。このモデルの枠組みは大きく変形した他の特殊な核形態へも適用可能であると考えられるため、悪性腫瘍における核異型や顆粒球形態の種間差などにも応用できる可能性があると考えられる。

氏名	杉原 圭
所属	九州大学大学院医学研究院

ライブイメージングとデータ駆動型数理モデルによるグルコース応答における情報処理機構の解析

【要旨】 グルコースなど、食餌を基点とする代謝は、入力が不安定であるにもかかわらず安定状態を保ち、生命機能を維持する。これを達成している鍵は、巧妙な入力感知と内部調整にあると考えられる。細胞外グルコース濃度の変化は、細胞内グルコース濃度変化、糖代謝産物濃度変化、代謝マスター制御転写因子の活性変化、代謝酵素遺伝子の発現変化を経て、適切な代謝状態を作り出す。この

プロセスは、細胞内グルコース濃度を「入力」、グルコース代謝経路を「処理系」、転写因子活性を「出力」とした情報処理システムと捉えられる。我々は、3つのグルコース代謝経路(解糖系、ペントースリン酸経路、ポリオール経路)が処理系として働いていることを明らかにした(Sano et al., PLOS Biol 2022)。これらのグルコース代謝経路による情報処理機構を、データ駆動的に解読するために、ライブイメージング実験系を構築した。具体的には、ショウジョウバエの組織培養を用いて、入力(グルコースレポーター活性)と出力(転写因子の核移行)をライブイメージングで計測する。処理系が完全な場合と特定の代謝経路を阻害した場合のデータを用いて、3つの代謝経路の情報処理を表すデータ駆動型数理モデルを構築する予定である。数理モデルから、細胞が感知するグルコースの入力パターン、処理系が用いるアルゴリズム、細胞の栄養状態に応じた柔軟なアルゴリズムの使い分けなどを解読し、動物細胞がグルコース変動に適応する仕組みを明らかにしたいと考えている。

氏名	佐野 浩子
所属	久留米大学分子生命科学研究所