B778

ブーリアンネットワーク構造と力学的性質の分類

○大澤 智興（九工大・情報工・生化システム）

遺伝子発現制御ネットワークモデルとして用いられてきたブーリアンネットワーク (BN) は、乱数に基づいて多数のネットワークが構成され、それらの力学的性質の統計量などが比較されてきた。近年、分子生物学的なデータの蓄積により、巨視的なネットワークのトポロジーに関する性質が明らかになってきており、ネットワーク構造に関する不確定要素は減少しつつあるが、入力結合度 K やネットワークサイズ N が大きくなると、ネットワーク内の自由度は、増大し、様々な力学的性質を持ったネットワークを見ることができる。そこで、これらのネットワークの構造的要因と力学的性質との関係を調べるために、個々のネットワークの構造的特徴をベクトル化し、さらにネットワークの力学的性質でラベル付けを行い、自己組織化マップ (SOM) を用いて分類を行った。文献に基づいたトポロジー情報 ($K=2$, ベキ乗分布則) を BN に導入し [1]、さらに転写制御の観点から論理的に使用可能なブール関数のみを導入し、多数のネットワークを構成した。力学的性質は、アトラクタ数と相互情報量 (MI) に注目した。上記の制約条件下であっても、様々な力学的性質のネットワークが出現したが、大きく分けると 3 グループに分類することができた。A) MI が大きいグループ、B) アトラクタ数の多いグループ、C) MI とアトラクタ数が共に小さいグループである。なお MI とアトラクタ数が共に大きいネットワークは形成されなかった。SOM により、3 グループは、比較的異なるグループに分類された。これらの結果は、ネットワークを設計する基礎になると考えられる。[1] C.Oosawa, M.A.Savageau, Effects of alternative connectivity on behavior of randomly constructed Boolean networks, *Physica D* 170(2002)143-161

C. Oosawa : Classification of relationship between Boolean networks' topology and their dynamical properties

B780

藍色細菌の時計タンパク質 KaiA の 3 つの機能ドメインの解析

○宇津巻 竜也¹、三野 広幸²、林 史夫¹、藤田 真康¹、山川 壽伯²、伊藤 繁²、石浦 正寛¹（¹ 名大・遺伝子、² 名大・理・物理）

多くの生物の生命活動は 24 時間周期のリズムを示すことが知られている。この内在性のリズムを司る細胞内の発振分子機構を生物時計と呼んでいる。酸素発生型の光合成を行う単細胞性藍色細菌の一種である *Synechococcus* sp. strain PCC 7942 (以下 *Synechococcus*) の概日リズムは時計遺伝子クラスター *kaiABC* によって担われている。*kaiABC* は他の種々の藍色細菌にも存在する。

KaiB タンパク質と KaiC タンパク質は全ての藍色細菌においてサイズがほぼ等しく、アミノ酸配列が非常に高い同一性を示した。これとは対照的に、KaiA タンパク質は、配列の同一性は低く、しかも C 末側 1/3 の領域でのみ高い同一性を示した。さらに *Anabaena* sp. strain PCC 7120 (以下 *Anabaena*) の KaiA は、他の藍色細菌の KaiA と比べると、長さはそれらの 1/3 しかなく、他の藍色細菌の KaiA の C 末端領域に相当するドメインのみから構成されていた。また、多くの藍色細菌の KaiA では、中央付近に非常によく保存されている領域 (中央領域と命名) が見つかった。以上のことより、KaiA は 3 つのドメイン (N 末端領域、中央領域、C 末端領域) から構成されることが推定された。そこで、*Synechococcus* の細胞を宿主に用いて、*kaiA* 遺伝子の各領域を欠失させる実験を行い、*Synechococcus* の KaiA の C 末側 1/3 の領域が時計の発振機能を担っていること、中央領域が周期を 24 時間に調節する周期調節領域であること、N 末端領域がリズムの振幅を増幅する振幅増幅領域であることを明らかにした。また、時計タンパク質の *in vitro* 活性についても述べたい。

T. Uzumaki, H. Mino, F. Hayashi, M. Fujita, H. Yamakawa, S. Itoh, and M. Ishiura : Three functional domains of cyanobacterial clock protein KaiA

B779

修正大沢模型における膜電位ゆらぎのパワースペクトル密度

○橋本 昇（北海道医療大・歯学部・人間基礎科学）

前回我々はゾウリムシの膜電位ゆらぎに対する大沢模型について、イオンチャネル数の有限性を考慮した修正模型を提案した。この修正模型では、膜上に K イオンと Ca イオンの 2 種類の有限個のイオンチャネルが存在し、これらが確率的開閉をする為平衡電位がゆらぐと仮定する。 K チャネルの開閉は膜電位 $V(t)$ に依存しないが、 Ca チャネルの開閉確率は膜電位に依存すると仮定する。その結果、 K チャネルの開閉ゆらぎは相加性の雑音として扱え、 Ca チャネルの方は個々のチャネルが膜電位という”平均場”を介して相互作用しながら、確率的に開閉することになる。この系は有限自由度であるが、レーザー系や強磁性体と類似の系となり、系の制御パラメータを変化させることにより相転移的变化をすることが予想される。実際、この系の秩序パラメータとして膜電位 $V(t)$ をとり、 Ca チャネルの開閉確率を制御するパラメータ δ を変化させると、 $V(t)$ の平均値 $\langle V(t) \rangle$ は $\delta \sim \delta_c$ でシグモイド関数的に変化し、この近傍で分散 $\langle (V(t) - \langle V(t) \rangle)^2 \rangle$ は最大値のピークを示す。数値シミュレーションによって計算された転移点近傍の $V(t)$ の時系列データは、観測されているゾウリムシの膜電位ゆらぎの特徴を再現することを前回報告した。我々は今回、転移点近傍の $V(t)$ のゆらぎの時間相関を明らかにするため、 $V(t)$ の時系列データからパワースペクトル密度 $S(f)$ を計算してみた。その結果、 $S(f)$ は高振動数側では $1/f^2$ のように振舞うが、低振動数側に長時間相関を示す $1/f$ の領域が存在することがわかった。講演では、 $V(t)$ の自己相関関数についても報告する予定である。

N.Hashimoto : Power spectral density of membrane potential fluctuations in the modified Oosawa model

B781

粘菌セル・オートマトンによる原理的並列計算実現の可能性

○津田 宗一郎¹、郡司 幸夫^{1,2}（¹ 神戸大院・自然科学・地球惑星、² 神戸大院・情報数理・情報メディア）

現在の論理回路を基本構成要素とする計算機を用いて実現されている並列計算は、計算が進行するためにはエージェントとリソースの管理、各エージェントの出力の統合といった処理を行うための O S 的存在が必要不可欠となる。そこではエージェントはスタティックな形で記述され、O S の管理下から外れるという意味で変化することはない。これは計算機という閉じられた系では実現可能となっているが、開かれた系において並列計算は実現可能であろうか？ここに原理的並列計算の困難が見出される。しかし、様々な化学反応系の集まりとしての見た時の細胞の例を見るまでもなく、常に変化の可能性にさらされる生物系などの開放系において、そのような O S 的存在は想定不可能であるにもかかわらず、それが実際に実現されていることは明らかである。

そこで、この原理的並列計算の構成の実現可能性を探るため、中枢系のような分化器官を持たないにもかかわらず適応的な行動を実現している多核単細胞生物である真性粘菌 (*Physarum Polycephalum*) の変形体 (以下、粘菌) を用い、エッジとノードをリング状に繋いだ形に粘菌を分布させた系を構築した。そして、この系をその厚み振動を出力とするセルオートマトンとしてみなし、どのような挙動が現れるかを観察した。その結果、1 エージェントとしてのセルにおける単位の動的变化などが観察され、これらの結果は、開放系における並列計算をいかに形式化し、実現させるかを考える上でこの粘菌セルオートマトンが重要な基礎となり得る可能性を示唆している。

S.Tsuda and Y.Gunji : Possibility for the realization of fundamental parallel computation with amoebic cellular automata