1SC03

サル視覚連合野における神経活動の同期状態と視覚刺激応答

○内田 豪、福田 光洋、佐藤 多加之、谷藤 学（理研・脳研・脳統合機能研究チーム）

下側頭葉視覚連合野 (TE 野) は、物体の形の知覚、認識に重要な役割を果たしていると考えられている。TE 野では一つの物体像を表現するために多数の細胞が活動し、それぞれの細胞は物体像そのものではなく、それに含まれる図形特徴により良く応じる。では、それらの図形特徴はどのような神経活動を通して1つの物体像に統合されるのだろうか。他の領域での研究から、我々は細胞間の同期発火が図形特徴の統合に重要な役割を果たしているのではないかと考え、麻酔下にあるマカザルの TE 野から4本の電極を用いて細胞の活動を同時記録した。記録後スパイク系列を抽出し相互相関関数を計算すると、70%近い細胞の組で時間差0を中心とした幅の広いピーク（半値幅約250 ms）が観測された。さらに解析を進めた結果、細胞活動に発火可能な状態と発火不可能な状態があり、広いピークは状態遷移の細胞間同期を反映している可能性が高い事が分かった。また、刺激提示による同期の強さの変化を調べると、応答を示す細胞間では強さが増すのに対して、応答を示す細胞と示さない細胞の間では強さが減った。以上の事は、図形特徴の統合が状態遷移の細胞間同期の強度変化を通して実現している可能性を示唆している。

G Uchida, M Fukuda, T Sato and M Tanifuji : Stimulus dependent modulation of synchronous activities of neurons in area TE of anesthetized macaque monkeys

1SD01

Multiple funnels for protein dynamical function

岡崎 圭一¹、古賀 信康¹、○高田 彰二^{1,2} (¹Kobe U., Grad Sci & Tech, ²CREST・JST)

All proteins exhibit their functions by interacting with other molecules. Most cases, one protein interacts with two or more molecules where binding to a molecule affects binding affinity to another; and vice versa. This molecular communication is realized by structural change upon binding to the first molecule, which is thus the major mode that proteins regulate their functions. Here, we propose a model of structural change based on the energy landscape perspective, simulate structural change of several proteins, and investigate physical consequence. Physically, foldability is the first principle of proteins, which was realized by funnel-like energy landscape. We postulate here that the second principle would be to exhibit structural changes that are reasonably cooperative. This leads to the idea that proteins should have double funnels, in which one funnel correspond to the state A, and the other state B. Relative stability of each basin should be altered by interactions with other molecules. Technically, for realizing the multiple-funnels, we propose “multiple Go model” where two Go models are coupled to shape up the energy landscape to the multiple funnel. With this model, we simulate structural transitions of several test proteins such as adenylate kinase and DHFR, analyze free energy profile, and transition rate constants. Interestingly, free energy of adenylate kinase changes approximately in linear dependence on an order parameter, leading to a hypothetical “non-Marcus type” rate theory of conformational change.

K. Okazaki, N Koga, and S. Takada : Multiple funnels for protein dynamical function

1SC04

側頭葉の巨視的安定状態とスパイクの揺らぎ

○岡田 真人^{1,2,3} (¹東大院・新領域・複雑理工、²理研・脳総研、³科技機構さきがけ)

視覚の最終段階とされている側頭葉のニューロンの神経生理学的な特性には未だ謎な点が多い。本講演では、その一つの例として、二つの知見について紹介する。Tanaka らや Fujita らは、側頭葉の細胞は視覚物体の部分的な特徴に選択的に反応することを示した。一方、Gross のグループの Gochin らは、視覚的にまったく異なった刺激セットもちいてニューロンの応答を調べた。その結果、ニューロンの応答の選択性は弱く、多くのニューロンはすべての刺激に反応し、ニューロン間の違いは発火率が異なるという定量的なものであった。この矛盾を説明する仮説は二つある。一つ目の仮説では、側頭葉を単なる画像フィルターとして捉え、Tanaka ら Fujita らの最適刺激パラダイムの立場をとる。この立場で、Gochin らの入力刺激には、最適刺激から離れた特徴が複数含まれているために、ニューロンは全ての刺激に反応するように見えるとするものである。もう一つの仮説では、二つの実験では、側頭葉の巨視的状态が異なるとする。ここでは、側頭葉を含む視覚系が力学系を構成しており、アトラクターを使って視覚計算を行なっているとする。この場合、アトラクターの引き込み領域をまたぐように入力に変化した場合、それに応じて神経系が定性的に異なった応答が生じても何ら不思議はない。ここではまず、二つ目の仮説にもとづき、Amit らによって提案されたアトラクターニューラルネットワークモデルを用いる。このモデルはもともと Miyashita のグループの行った側頭葉の実験を説明するために導入された。我々は、このモデルが二種類の巨視的安定状態を持ち、それぞれの状態が前述の二つの実験結果に対応することを示した。次にニューロンの二次統計量を観測することにより、二つの仮説を分離する事ができることを示す。

M. Okada : Macroscopic bi-stability in inferior temporal cortex and spike variability

1SD02

SOME NEW WAYS TO LOOK AT HOW PROTEINS BEHAVE

○Berry R. Stephen、Lu Jun、Zhang Chi (The University of Chicago)

Dynamics serves well to describe simple systems and even moderately complex systems for short time intervals, and traditional kinetics allows us to deal with evolution of simple chemical processes over vast time scales. However we encounter serious difficulties if we try to use these methods in conventional ways to represent the behavior of systems of many particles over wide ranges of time scales. Dynamics is limited to brief times, and kinetics, to systems small enough that we can know virtually anything we like about their effective potential energy surfaces. We present two related approaches to using kinetics to describe systems large enough to fit into that last category. One is to replace the full master equation, describing the complete set of processes of passage between local minima, with a statistical master equation based on a suitably chosen subset of the information about the potential surface. The crux of this work is determining what a “suitable subset” is. Beginning with a simple model system, we refine the model and make it more realistic, eventually reaching a point at which the method can be applied to atomic clusters. The second method uses the time autocorrelation functions and fluctuations of the eigenvectors of the master equation as keys to understanding the important processes in the evolution of a complex system.

R. Stephen Berry, Jun Lu and Chi Zhang : SOME NEW WAYS TO LOOK AT HOW PROTEINS BEHAVE