3P349

大腸菌と細胞性粘菌の実験室内共生系における共生変遷状態の視覚化

○木原 久美子¹、鈴木 真吾²、柏木 明子²、卜部 格³、四方 哲也^{1,2,3,4} (¹阪大院・生命機能、²阪大院・情報科学、³阪大院・工学、⁴ERATO(金子複雑系生命プロジェクト))

In our previous report, we established the experimental symbiotic system to examine how symbiosis emerges. Two genetically well-defined species, *Escherichia coli* and *Dictyostelium discoideum*, have been used as the model organisms. In this system they establish a new symbiotic relationship although *E. coli*-*D. discoideum* is the prey-predator relationship in the ecosystem. When the two species were mixed and allowed to grow on minimal agar plates at 22 °C, mucoidal colony including *E. coli* and *D. discoideum* emerged. The present study was aimed at visualizing this symbiotic system clearly to know cell sizes, population densities and the local distribution of the cells in the mucoidal colony. We marked *E. coli* cells with RFP (DH1 Δ *glnA::rfp-kan*) and *D. discoideum* with GFP (Ax2 *act15::gfp*). These cells could make mucoidal colonies in the same condition. As our result, we made sure the local distribution of the two species in the mucoidal symbiotic colony. This visualized symbiotic system will be useful for monitoring population dynamics and intracellular condition in the transition process of developing a symbiotic relationship between *E. coli* and *D. discoideum*.

K. Kumiko, S. Suzuki, A. Kashiwagi, I. Urabe, T. Yomo : Visualization of the transition from the prey-predator to symbiotic relationship between *Escherichia coli* and *Dictyostelium discoideum*

3P351

自律的核酸分子計算素子の理論的解析と応用

○瀧ノ上 正浩¹、木賀 大介^{2,3}、陶山 明² (¹東大・院理・物理、²東大・院総文・生命環境、³東工大・院総理)

我々は自律的に動作する核酸分子コンピュータ RTRAC (Reverse transcription and TRanscription based Autonomous Computer) の開発を行ってきた。ここで使われている最も基本となる素子は逆転写・DNA 会合・DNA 伸長・転写の反応から構成されており (下図)、入力 RNA 配列に応じた別の RNA 配列を自律的変換反応によって出力することができる。

本発表では、計算機シミュレーションとウェットな実験結果との比較結果を示す。まず、DNA の会合と伸長をシミュレートして、可能な反応経路を探索した。各ステップの素反応は核酸会合反応と Michaelis-Menten 型酵素反応である。得られた反応経路に対して、これらの反応の連立非線形微分方程式を立て、数値解を速度論的な観点から解析した。

この自律的核酸分子計算素子の反応ネットワークによって、論理演算や発振回路などのシステムが構築できる。しかし、それは非線形で複雑な反応ネットワークとなる。どのようにロバストに機能させることができ、どのように情報処理ができるかを、今回のシミュレーション実験から考察する。また、この技術の学理的・工学的応用についても示す。

M. Takinoue, D. Kiga, A. Suyama : A theoretical analysis and applications of an autonomous DNA/RNA-based computation element

3P350

DNA でつくられた自律的に動作するチューリングマシン

○陶山 明 (東大院・総文・生命環境)

DNA コンピュータは DNA の分子反応を利用して計算を行う分子コンピュータである。その究極の形が、DNA の塩基配列で記述されたプログラムにしたがって自律的に計算を実行する DNA コンピュータである。そのようなコンピュータをめざして、RTRAC (Reverse transcription and TRanscription-based Autonomous Computer) が考案された。RTRAC は、レトロウイルスが逆転写、DNA 二本鎖化、転写反応により一本鎖 RNA のゲノムを複製する仕組みを模してつくられた。引数を表す一本鎖 RNA から、DNA の塩基配列で記述された規則にしたがって戻値を表す一本鎖 RNA を自律的に生成する分子関数から構成されている。

本研究では、RTRAC により自律的に計算を実行するチューリングマシンがつくれることを示す。自律的に動作する DNA コンピュータとしては、すでに有限オートマトンの計算能力をもつシステムが考案され、簡単な実験が行われている。有限オートマトンでは、テープヘッドは読み取りのみが可能なテープを一方にしかスキャンできない。それに対して、RTRAC で実装されたテープヘッドは、読み書きが可能なテープを両方向にスキャンできる。RTRAC の方がより高い計算能力をもつことが分かった。

A. Suyama : Autonomous DNA Turing machine

3P352

RTRAC (自律型分子コンピュータ) の理学・工学応用に向けた技術基盤の構築

○木賀 大介^{1,2}、瀧ノ上 正浩³、庄田 耕一郎¹、景山 義之¹、豊田 太郎¹、菅原 正¹、陶山 明¹ (¹東大・院総文、²東工大・院総理・知能システム、³東大・院理)

生命は、自律的に進行する反応ネットワークである。核酸の塩基配列に記されたプログラムにしたがって演算を行う分子コンピューティングにおいても、自律的に反応が進行し、また、ネットワークを拡張可能な形でデザインできることを、我々は提案してきた。実際我々は昨年度の年会において、入力として与えられた RNA に対し変換規則にしたがって別の配列を持つ RNA を出力する酵素反応系を具現化した。さらに、この反応は一定温度で自律的に動作するため、これらを 3 つ組み合わせたネットワークを構築できることを示した。結果として、2 種類の mRNA が共存したときにのみ特定の RNA を出力する自律型分子コンピュータを作成している (下図)。この反応システムは、診断キットとしての応用と、ブラックボックス無しの生体高分子システムを構築することで構成的生物学の有用な方法論となるという 2 つの側面を持つ。本年度は、前者のために、モレキュラービーコンを用いて最終出力 RNA をリアルタイムに検出したことを示す。また後者のために、人工膜小胞の中での反応について発表を行う。この研究により、微小空間内の分子の数の離散性とゆらぎがどのような特性を持つかを解析することが可能になる。

D. Kiga, M. Takinoue, K. Shohda, Y. Kageyama, T. Toyoda, T. Sugawara, A. Suyama : Improvement of RTRAC (autonomous molecular computer) for scientific and diagnostic application