

細胞性粘菌の位相情報を用いた集合の数理モデル

坂口英継

九州大学総合理工学府量子プロセス理工学専攻

アメーバ状の細胞である細胞性粘菌は栄養状態が良い条件では単独で分裂し増殖するが、飢餓状態になると、多数の細胞が集合し始め、最終的に胞子を作る子実体に変化する。集合時には、サイクリック AMP と呼ばれる化学物質が走化性物質としてはたらく。サイクリック AMP は時間的に振動し、その波がスパイラル状の 패턴を作ることが知られている。各細胞はサイクリック AMP 波の発生源方向に集合する傾向がある。また集合の際に、フラクタル状の分岐した構造を取ることも知られている。この複雑な時空パターンを理解するためにいくつかの数理モデルが提案されている。化学物質の反応拡散過程と化学物質の濃度の高い方向に細胞が移動することを取り入れた数理モデルとして Keller-Segel モデルが知られている。このモデルを数値シミュレーションすると、局所的に化学物質の濃度の高い所に細胞が集合することは再現できる。しかし、スパイラル波動パターンやフラクタル状の分岐構造は再現できない。また、細胞集合は実際には最終的には 1 個の大きなクラスターに集合するが、Keller-Segel モデルでは局所的なクラスターができるがそれらが大きなクラスターへ発展することは容易ではない。これらのことをシミュレーションで再現するために、化学物質が振動することに着目し、振動の位相が集合の情報源になっていると仮定して数理モデルを作った。波の波源は振動の位相の大きな所なので、振動位相の大きなところに細胞が移動するというように、Keller-Segel モデルを修正する。細胞濃度に関して拡散移流方程式を用いた場合、細胞の集合クラスターが化学物質の波源になる。局所的に形成される集合クラスター同士が競合し、競合に負けたクラスターが勝ったクラスターにのみこまれる形で大きなクラスターが形成され、最終的に一つのクラスターになる。振動のモデルに複素ギンツブルグーランダウ方程式などを用いるとスパイラルパターンの中心に細胞が集合する様子がシミュレーションで再現できる。細胞濃度に関する拡散移流方程式を保存系のギンツブルグーランダウ方程式に置き換えると、枝分かれした細胞のクラスターも再現できる。左の 2 つの図は拡散移流方程式のモデルでの振動の位相（緑）と細胞クラスター（青）の早い時間と最終時刻でのパターンを示している。5 個のクラスターが最終的に 1 個になることを表している。右の 2 つの図は保存系 GL 方程式での早い時間と中間時間の細胞クラスターを表している。まず、多くの分枝したクラスターが形成され、時間とともに枝が太くなり、クラスター数も減少していくことがわかる。

