

令和 6 年 5 月 30 日現在

機関番号：14301

研究種目：新学術領域研究（研究領域提案型）

研究期間：2019～2023

課題番号：19H05678

研究課題名（和文）生体分子ダイナミクスと細胞メカニクスの統合による植物周期動態の数理的解明

研究課題名（英文）Mathematical analyses for oscillatory behaviors in plants by integrating molecular dynamics and cellular mechanics

研究代表者

望月 敦史（Mochizuki, Atsushi）

京都大学・医生物学研究所・教授

研究者番号：10304726

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 76,200,000 円

研究成果の概要（和文）：本研究において、我々は数理的手法を用い、植物形態形成に対して、(1) 生体分子ダイナミクスと、(2) 細胞メカニクスの2つの階層から、植物に特徴的な形態を創出するメカニズムの解明に迫った。我々がこれまでに開発した構造理論を発展させ、(i) 周期的振る舞いが現れるための生体分子相互作用の条件および、細胞の特性の変調が器官形態にもたらす効果を数理的に決定した。さらに、これらを用いて、(ii) 実験グループとの共同研究を推進し、植物形態形成でみられる様々な形態形成現象のメカニズムを理論予測と実験検証の組み合わせにより解明した。

研究成果の学術的意義や社会的意義

植物個体の形態形成は、細胞内生体分子のダイナミクスによって細胞分裂や細胞伸長などの細胞の振る舞いが規定され、細胞間相互作用が変調することで形態の調節がなされるのだ、と考えられる。これらを実現する分子メカニズムや、細胞の性質がもたらす形態形成への効果について、理論と実験の組み合わせにより解明をすすめた。研究全体を通じて、生命の時空間ダイナミクスに対して、理論と実験の組み合わせから解明に迫るための方法を構築した。

研究成果の概要（英文）：In this study, we used mathematical methods to investigate the mechanisms that create characteristic plant morphogenesis from two levels: (1) biomolecular dynamics and (2) cellular mechanics. We have extended our structural theory to mathematically determine (i) the conditions of biomolecular interactions under which periodic behaviors emerge and (ii) the effects of modulation of cellular properties on organ morphology. Using these, we (ii) collaborated with experimental groups to elucidate the mechanisms of various morphogenetic phenomena observed in plant morphogenesis through a combination of theoretical predictions and experimental validation.

研究分野：理論生物学

キーワード：数理モデル ダイナミクス 形態形成 構造感度解析 構造分岐解析 細胞周期 ネットワーク

科研費による研究は、研究者の自覚と責任において実施するものです。そのため、研究の実施や研究成果の公表等については、国の要請等に基づくものではなく、その研究成果に関する見解や責任は、研究者個人に帰属します。

1. 研究開始当初の背景

植物個体の形態形成は、細胞内生体分子のダイナミクスによって細胞分裂や細胞伸長などの細胞の振る舞いが規定されることで実現され、さらにダイナミクスが時間的に変調することで形態の調節がなされるのだ、と考えられる。植物形態形成の特徴として、細胞挙動や組織形態形成において様々な時間的・空間的周期性がみられることが挙げられる。しなしながら、これらの周期性を実現する分子メカニズムや、周期的挙動の変調が形態形成にもたらす効果については、十分に解明されてこなかった。

一方で、本計画班の望月はこれまで、分子レベルおよび細胞レベルのダイナミクスに対して理論的研究、および実験生物学者との共同研究による実証研究を進めてきた。特に分子レベルの力学システムにおいては、生体分子相互作用のネットワーク構造のみから力学的挙動を決定する数理理論を複数 (Linkage Logic、構造感受解析、構造分岐解析) 打ち立ててきた。これらの理論は観測された振る舞いが実現するための、システムのネットワーク構造の必要条件を数理的に与える、という革新的な特徴を持っている。実際に実験生物学者との共同研究において、観察された振る舞いと既知のネットワーク情報から未知の反応や未知の制御の存在を予測し、それらが発見される、といった実証的な有効性が示されてきた。また、植物細胞間の力学的相互作用と遺伝子発現ダイナミクスを組み合わせることにより平坦葉形成機構を明らかにするなど、植物形態形成における本質的な問題に取り組んできた。

2. 研究の目的

本計画研究では、植物形態形成に見られる時間的・空間的周期性に対して、(1) 生体分子ダイナミクスと、(2) 細胞メカニクスの二つ

	(i) 数理理論	(ii) 実験検証
(1) 生体分子ダイナミクス	周期的挙動が現れるための生体分子相互作用の条件	時空間的周期性を生み出す分子機構の解明
(2) 細胞メカニクス	周期の変調が組織形態形成に与える効果	周期性の変調による形態形成制御の解明

図 1: 本計画研究の課題の構造

の階層から、周期性創出のメカニズムとその変調のもたらす効果の解明に迫る。これまでに開発してきた理論を発展させることで、(i) 観測された振る舞いが現れるための生体分子相互作用の条件および、その振る舞いがもたらす組織形態形成への効果を、数理的に決定する。さらに、これらを用いて、(ii) 実験植物学者との共同研究により、植物形態形成でみられる様々な形態形成のメカニズムを解明する。計画全体を通して、生命の時空間的周期挙動に対して、理論と実験の組み合わせにより機構解明を行う一般的方法を構築する。

計画全体を通して、生命の時空間的周期挙動に対して、理論と実験の組み合わせから機構を解明するための方法論を構築する。

3. 研究の方法

(1) 生体分子ダイナミクス階層においては、(1-i) 構造理論の改良と展開により、周期振動が生じるための生体分子ネットワークの構造の条件を決定する。これまでに構築してきたネットワーク構造から振る舞いを決定する理論 (構造理論) を発展させ、周期振動が生じるための一般的条件を決定する。この理論の開発により、振動的挙動を生み出す未知の生体分子システム発見や、その作動原理の解明が、加速度的に進むと期待される。

(1-ii) この理論を用いて、生体分子動態において時間的・空間的周期性を作り出す実際の植物形態形成システムの解明を行う。具体的には特に、(1-ii) 小田班との共同研究により、表層微小管形成における自己組織的周期パターンについて解明を進める。小田班とは既に共同研究を開始しており、これまでの成果として植物導管細胞表面における壁孔の自己組織的パターン形成に関して、実験と数理モデルを組み合わせた研究

を行っている。本領域においては、これまでの研究を進展させ、自己組織パターンの多様性の解明や数理予測に基づくパターンの操作実験などに挑戦する。

(2) 細胞メカニクス階層においては、細胞レベルの周期的挙動の変調が組織形態形成に与える効果について数理モデルを用いて解明する。具体的には、細胞間の力学的相互作用に基づく数理モデルを構築し、分裂頻度などの細胞レベルの振る舞いが周期的に変動するときの、組織レベルの形態形成への影響を解析する。このモデルを用いて、組織形態形成において時間的・空間的周期性が見られる植物形態形成システムの解明を行う。具体的には、塚谷班との共同研究により、葉の形態制御における周期性の変調の効果について、解明を進める。塚谷班とは、既に葉の形態形成における細胞分裂方向の効果について議論を開始している。葉の発生に伴う分裂方向の動的制御により、葉の形が最適化される可能性が示されている。この過程を数理的に解明する。

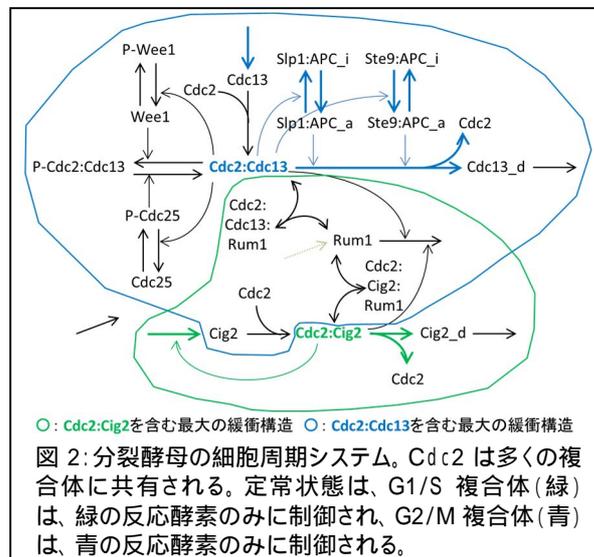
4. 研究成果

(1) 生体分子ダイナミクス

これまでに生体分子ネットワークの構造から力学的振る舞いの重要な側面を決定する構造理論を開発してきた。領域期間の前半では、理論を植物システムへ適用することを目指し、一般化と具体的なネットワークシステムの解析を行った。これにより周期的挙動の解析を目指した技術開発を進めた。前者についてはダイナミクスの多様性の起源となる"分岐"が生じるための条件を、ネットワーク構造から決定する"構造分岐解析"を展開し、振動が生じる分岐にも適用できる一般化を行った (Phys. Rev. E に掲載)。後者については、細胞周期に含まれる複数のチェックポイント通過が、独立に制御される仕組みに注目して、細胞周期システムの解析を進めた。独立制御がネットワーク構造に由来する可能性を示した。

反応システムの振る舞いを、ネットワーク構造から決定する"構造感度解析"と"構造分岐解析"を用いて、細胞周期システムの解析を行い、複数のチェックポイント通過が、独立に制御される仕組みを明らかにした。細胞周期システムは、複数種の Cdk やサイクリンを含み、G1 期から S 期、G2 期から M 期への移行が、異なる Cdk/サイクリン複合体の活性化により制御されている。異なる Cdk/サイクリン複合体が、異なるタイミングで適切に活性化することが期待される。一方で、異なる複合体の間で共通の分子 cdc2 が共有され (時間とともに変化しない) 保存量を構成しており、一方の複合体が増えれば、もう一方が減るかのようである。構造感度 / 分岐解析により、サイクリン分子の合成やリン酸化など、システムに含まれる数十の反応のそれぞれが活性化

した際の、サイクリン複合体の濃度変化を、ネットワーク構造から決定した。その結果、G1/S サイクリン複合体と、G2/M サイクリン複合体は、包含関係のない異なる緩衝構造に含まれ、互いに重複のない反応群によって、それぞれ制御されることが分かった。さらに (初期値を変えて) 保存量を変化させても cdc2 の濃度にしか影響せず、保存量を介した分子間の相互作用は存在しないことが分かった。これらの振る舞いは、単純で一般的な部分構造に由来しており、普遍的だと思われる。現在、実験的検証を進めている。

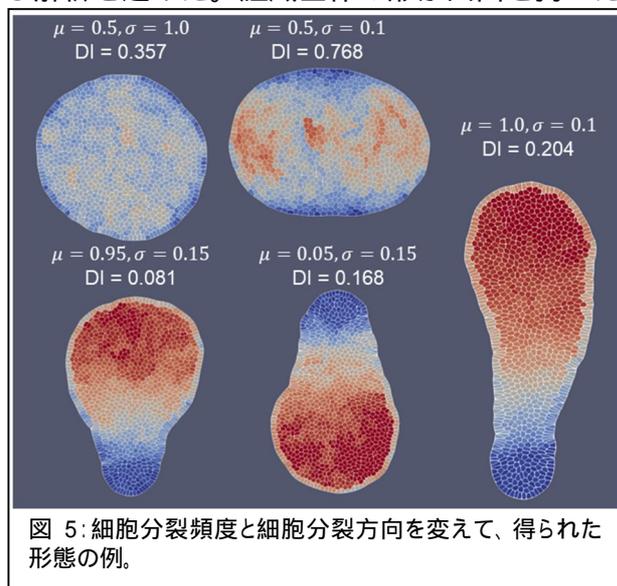
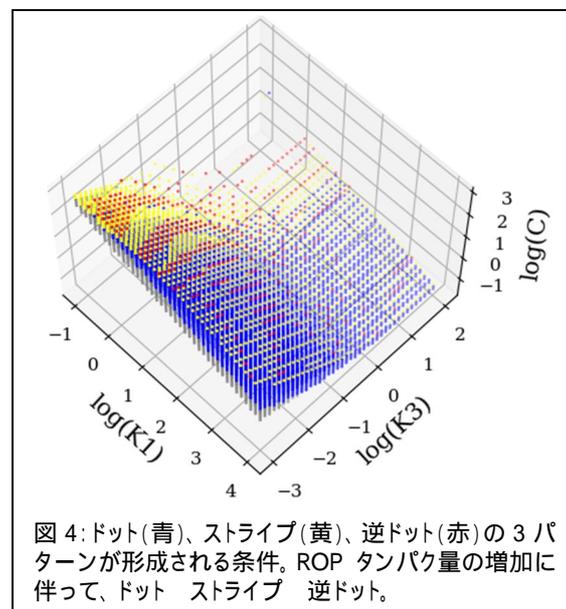
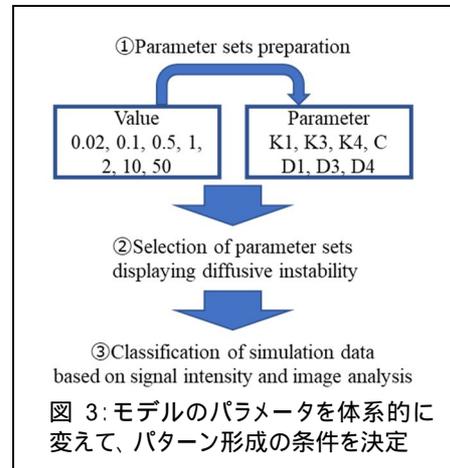


領域期間の後半から、植物導管細胞の表層における活性型 ROP の自己組織的パターン形成について研究を進めた。植物導管細胞の表層において観察される活性型 ROP の自己組織的パターン形成について研究を進めた。野生型では活性型 ROP のドットパターンのみが観察されるのに対し、再構成系においてはドット、ストライプ、逆ドットの3パターンが形成され、それらが時間とともに遷移することが、計画班の小田グループにより報告されている。この現象の背後にある原理を数理的に理解するために、ROP-GEF-GAP 系の反応拡散方程式モデルを構築し、解析を進めた。反応速度係数、拡散係数、ROP 総量などの条件を様々に変えて計算した結果、3パターンの遷移は比較的広いパラメータ条件で実現されることが分かった。例えば、ROP の総量を変化させたとき、ドット、ストライプ、逆ドットが順に現れるが、これは実験において ROP の発現量の増加に従ってパターンが遷移したことに対応する可能性がある。パターン遷移の条件を数理的に決定し、検証可能な予測としてまとめた。一方で、ストライプ、逆ドットを経ずに、ドットパターンだけが現れて消えるようなパラメータ条件は、むしろ稀であることが分かった。また野生型ではドットパターンしか観察されないことから、野生型における形態形成の条件を予測した。これらの結果は、現在論文にまとめており、近日中に学術雑誌に投稿予定である。

(2) 細胞メカニクス

葉の形態形成とその多様性を、細胞レベルの振る舞いから解明することを目指して、実験と数理を組み合わせた研究を、計画班の塚谷グループと共同で進めた。理論グループは、2次元 Vertex モデルによる解析を進めた。組織全体の形が凹凸を持った構造になるか、滑らかな構造になるかに関して、組織周辺の弾性エネルギーに加えて、組織辺縁部と内部の分裂頻度の比が、重要であることを発見した。特に後者が適切でない場合には、細胞サイズの減少や細胞の重複などの異常が現れる。

領域期間の後半からは、実際の植物組織形態形成を対象に解析を行った。特に花卉と萼の形態の違いを作り出す細胞レベルの挙動について明確な結果を得た。2次元 Vertex モデルを基準とし、分裂頻度および分裂方向のパラメータを網羅的に変化さ



せ、得られたパターンを実際の花弁・萼の形態と定量的に比較することで、それぞれの形態を実現するための条件を定めた。その結果、花弁と萼の形態の違いには、分裂頻度の空間分布の違いが本質的に重要であることが分かった。この結果は、実験的に解析された分裂頻度および分裂方向の結果と一致しており、結論を数理からサポートする形で共同研究に貢献することができた（Development 誌に掲載）。

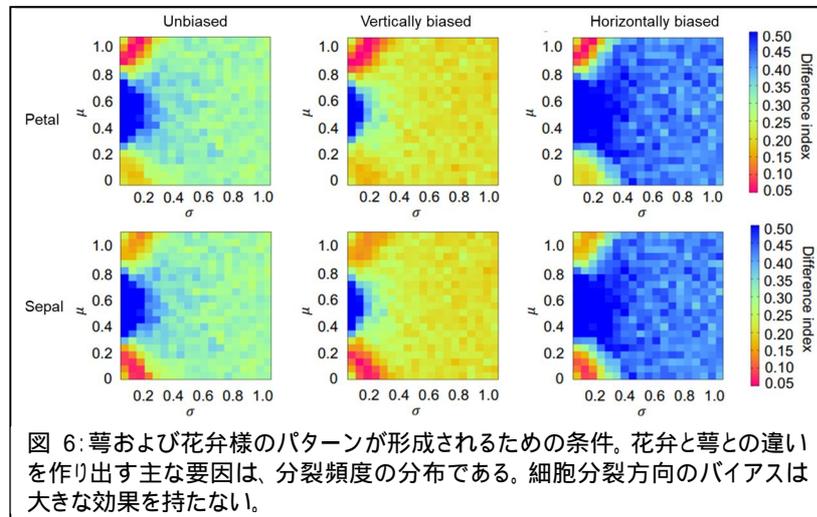


図 6: 萼および花弁様のパターンが形成されるための条件。花弁と萼との違いを作り出す主な要因は、分裂頻度の分布である。細胞分裂方向のバイアスは大きな効果を持たない。

さらに、花弁のようなシンプルな形態から段階的に複雑な形態を対象にし、同時に数理モデルに取り込む要素を段階的に複雑化することで、各パターン形成に必要な条件を定める戦略を用いて進めた。

植物の葉の中には、境界が外向きに凹となるような領域を持つものも多い。これらは、分裂頻度分布の時空間変化だけでは説明できない可能性がある。特にナンキンハゼに注目し解析を進めた。「細胞分裂方向が先端部と基部で異なる」とする分裂方向制御モデルにより、外向きに凹となる形態が実現できることが分かった。先端部

と基部との分裂様式の違いは、葉の領域に依存した空間的な制御の可能性と、葉の成長に依存した時間的な制御の可能性の、両方の解釈が可能である。その一方で、分裂頻度の空間もしくは時間制御では、外向きに凹となる形態が実現できないことが分かった。また、実際の葉の発生における組織学的解析も行い、細胞分裂方向の制御について、理論予測と一致する結果が得られた。

さらに「分裂領域が基部から一定の範囲に限られる」とする Arrest front model について、解析を進めた。Arrest front が存在することで、時間とともに組織全体の形が大きく変化するが、そのタイミングは複数のパラメータの比（arrest front の位置² / 細胞数）によって統一的に捉えられることが分かった。さらに分裂領域における分裂方向の制御を取り込むことで、外向きに凹となる領域が実現できる。多くのパラメータを含むモデルであるが、その挙動を単純な理解に落とし込むことができた。

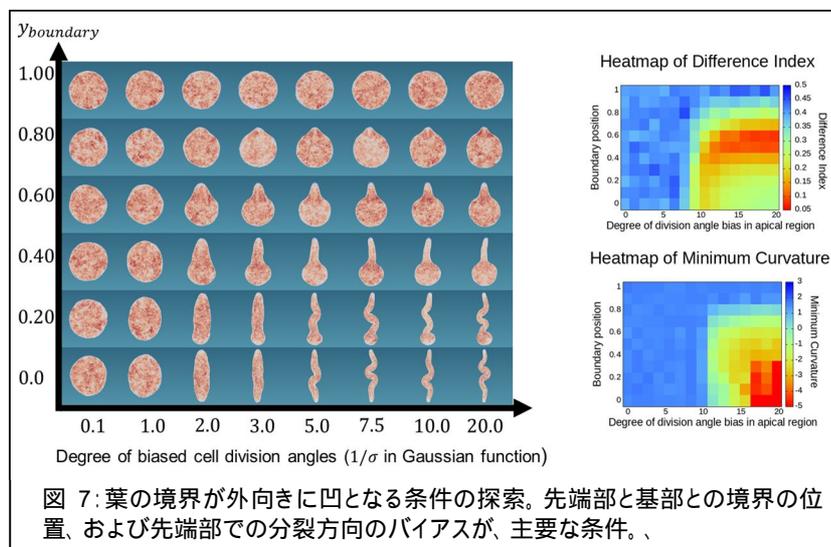


図 7: 葉の境界が外向きに凹となる条件の探索。先端部と基部との境界の位置、および先端部での分裂方向のバイアスが、主要な条件。

これらの結果は、現在論文にまとめており、近日中に学術雑誌に投稿予定である。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計11件（うち査読付論文 11件／うち国際共著 2件／うちオープンアクセス 10件）

1. 著者名 Tokuoka Miki, Maeda Kazuki, Kobayashi Kenji, Mochizuki Atsushi, Satou Yutaka	4. 巻 7
2. 論文標題 The gene regulatory system for specifying germ layers in early embryos of the simple chordate	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Science Advances	6. 最初と最後の頁 eabf8210
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1126/sciadv.abf8210	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 -
1. 著者名 Mii Yusuke, Nakazato Kenichi, Pack Chan-Gi, Ikeda Takafumi, Sako Yasushi, Mochizuki Atsushi, Taira Masanori, Takada Shinji	4. 巻 10
2. 論文標題 Quantitative analyses reveal extracellular dynamics of Wnt ligands in Xenopus embryos	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 eLife	6. 最初と最後の頁 e55108
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.7554/eLife.55108	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 -
1. 著者名 Okada Takashi, Mochizuki Atsushi, Furuta Mikio, Tsai Je-Chiang	4. 巻 103
2. 論文標題 Flux-augmented bifurcation analysis in chemical reaction network systems	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Physical Review E	6. 最初と最後の頁 62212
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1103/PhysRevE.103.062212	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 該当する
1. 著者名 Akaki Kotaro, Ogata Kosuke, Yamauchi Yuhei, Iwai Noriki, Tse Ka Man, Hia Fabian, Mochizuki Atsushi, Ishihama Yasushi, Mino Takashi, Takeuchi Osamu	4. 巻 10
2. 論文標題 IRAK1-dependent Regnase-1-14-3-3 complex formation controls Regnase-1-mediated mRNA decay	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 eLife	6. 最初と最後の頁 e71966
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.7554/eLife.71966	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Kobayashi Kenji, Maeda Kazuki, Tokuoka Miki, Mochizuki Atsushi, Satou Yutaka	4. 巻 11
2. 論文標題 Using linkage logic theory to control dynamics of a gene regulatory network of a chordate embryo	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Scientific Reports	6. 最初と最後の頁 4001
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41598-021-83045-y	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Okada Takashi, Miyagi Hiraku, Sako Yasushi, Hiroshima Michio, Mochizuki Atsushi	4. 巻 121
2. 論文標題 Origin of diverse phosphorylation patterns in the ERBB system	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Biophysical Journal	6. 最初と最後の頁 470 ~ 480
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.bpj.2021.12.031	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Mochizuki Atsushi	4. 巻 479
2. 論文標題 A structural approach to understanding enzymatic regulation of chemical reaction networks	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Biochemical Journal	6. 最初と最後の頁 1265 ~ 1283
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1042/BCJ20210545	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Kinoshita Ayaka, Naito Makiko, Wang Zining, Inoue Yasuhiro, Mochizuki Atsushi, Tsukaya Hirokazu	4. 巻 149
2. 論文標題 Position of meristems and the angles of the cell division plane regulate the uniqueness of lateral organ shape	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Development	6. 最初と最後の頁 dev.199773
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1242/dev.199773	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 Mochizuki Atsushi	4. 巻 20
2. 論文標題 Controlling complex dynamical systems based on the structure of the networks	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 Biophysics and Physicobiology	6. 最初と最後の頁 n/a ~ n/a
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.2142/biophysico.bppb-v20.0019	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Ishikawa Masato, Sugino Seiichi, Masuda Yoshie, Taramoto Yusuke, Seto Yusuke, Taniyama Nobuko, Wagai Fumi, Yamauchi Yuhei, Kojima Yasuhiro, Kiryu Hisanori, Yusa Kosuke, Eiraku Mototsugu, Mochizuki Atsushi	4. 巻 6
2. 論文標題 RENGE infers gene regulatory networks using time-series single-cell RNA-seq data with CRISPR perturbations	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 Communications Biology	6. 最初と最後の頁 1290
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s42003-023-05594-4	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Hishida Atsuki, Okada Takashi, Mochizuki Atsushi	4. 巻 3
2. 論文標題 Patterns of change in regulatory modules of chemical reaction systems induced by network modification	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 PNAS Nexus	6. 最初と最後の頁 pgad441
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/pnasnexus/pgad441	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

〔学会発表〕 計26件 (うち招待講演 26件 / うち国際学会 7件)

1. 発表者名 望月敦史
2. 発表標題 生命のシステムの振る舞いをネットワーク構造だけから解明する
3. 学会等名 明治非線形サマーセミナー (招待講演)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 望月敦史
2. 発表標題 遺伝子ネットワークの構造に基づく細胞運命の操作
3. 学会等名 MathHuB研究会 (招待講演)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 望月敦史
2. 発表標題 生命のシステムの振る舞いをネットワーク構造だけから決定する
3. 学会等名 武蔵野大学数理工学シンポジウム (招待講演)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 望月敦史
2. 発表標題 化学反応ネットワークの構造に基づく振る舞いの解析 - 基礎から生命機能まで -
3. 学会等名 開放系トポロジーの探求 (招待講演)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 望月敦史
2. 発表標題 生命のシステムの振る舞いをネットワーク構造だけから決定する
3. 学会等名 第35回分子シミュレーション討論会 (招待講演)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Atsushi Mochizuki
2. 発表標題 Controlling cell fate specification system based on network structure
3. 学会等名 DARS-SWARM2021 (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 望月敦史
2. 発表標題 生命システムの振る舞いをネットワークの形だけから予測する
3. 学会等名 生物物理若手の会夏の学校 (招待講演)
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 望月敦史
2. 発表標題 理論とデータの協働によるネットワークシステムの解明
3. 学会等名 日本数理生物学会年会 大会企画シンポジウム (招待講演)
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 望月敦史
2. 発表標題 生命システムの振る舞いをネットワークの形だけから決定する
3. 学会等名 応用物理学会・応用電子物性分科会 (招待講演)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 望月敦史
2. 発表標題 遺伝子ネットワークの構造に基づく細胞運命決定システムの制御
3. 学会等名 日本蛋白質科学会年会・日本細胞生物学会合同年次大会シンポジウム「染色体のホメオスタティック制御システム」(招待講演)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 望月敦史
2. 発表標題 遺伝子ネットワークの構造に基づく細胞運命決定システムの制御
3. 学会等名 現象数理学研究集会「ネットワーク構造に基づく化学反応システムの挙動解析」(招待講演)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 望月敦史
2. 発表標題 遺伝子ネットワークの構造に基づく細胞運命決定システムの制御
3. 学会等名 三重大学病理医学セミナー(招待講演)
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 望月敦史
2. 発表標題 Controlling cell fate specification system based on network structure
3. 学会等名 第60回生物物理学会年会(招待講演)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 望月敦史
2. 発表標題 Complete control of a gene regulatory network of ascidian embryo by a few factors identified by a mathematical theory
3. 学会等名 第3回「医学と数学」ワークショップ（招待講演）
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 望月敦史
2. 発表標題 生命のシステムの振る舞いをネットワーク構造だけから決定する
3. 学会等名 学術変革領域「細胞コミュニティ」キックオフミーティング（招待講演）
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 望月敦史
2. 発表標題 ネットワークから生まれる機能と機能単位
3. 学会等名 分子生物学会（招待講演）
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 望月敦史
2. 発表標題 生命のシステムの振る舞いをネットワーク構造だけから決定する
3. 学会等名 計算生命科学の基礎（招待講演）
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 望月敦史
2. 発表標題 生命システムの振る舞いをネットワークの形だけから決定する
3. 学会等名 分子サイバネティクス・分子ロボティクス定例研究会（招待講演）
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 望月敦史
2. 発表標題 ネットワーク構造に由来する生命機能と機能単位
3. 学会等名 023年度日本数理生物学会年会（招待講演）
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 望月敦史
2. 発表標題 生命システムの振る舞いをネットワークの形だけから決定する
3. 学会等名 第96回 日本生化学会大会（招待講演）
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 Atsushi Mochizuki
2. 発表標題 Understanding self-organizing pattern on plant cell wall by mathematical analyses
3. 学会等名 From Cellular Dynamics to Morphology III（招待講演）（国際学会）
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 Atsushi Mochizuki
2. 発表標題 Biological function and functional module originated in structure of network
3. 学会等名 Workshop on Non-equilibrium Phenomena in Physics and Biology (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 Atsushi Mochizuki
2. 発表標題 Determining dynamical behaviors of complex biological systems from network topology
3. 学会等名 STATPHYS28 Satellite Meeting "Physics of Open Systems and Beyond" (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 Atsushi Mochizuki
2. 発表標題 Controlling cell fate specification system based on network structure.
3. 学会等名 ICIAM 2023 10th International Congress on Industrial and Applied Mathematics (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 Atsushi Mochizuki
2. 発表標題 Biological function and functional module originated in structure of network
3. 学会等名 OKO International Symposium 2023 "Mathematical Biology from Genes to Cells to Humans" (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 Atsushi Mochizuki
2. 発表標題 Determining dynamical behavior of complex biological systems from network topology.
3. 学会等名 CEB seminar, University of Cambridge (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2023年

〔図書〕 計1件

1. 著者名 望月 敦史	4. 発行年 2021年
2. 出版社 共立出版	5. 総ページ数 328
3. 書名 理論生物学概論	

〔出願〕 計2件

産業財産権の名称 代謝ネットワーク処理システム、および代謝ネットワーク処理方法	発明者 佐藤 美和、田辺 麻衣子、渡辺 康一、望月 敦史、岡田 崇	権利者 国立大学法人京都大学 / 株式会社日立製作所
産業財産権の種類、番号 特許、PCT/JP2023/015494	出願年 2023年	国内・外国の別 国内

産業財産権の名称 物質合成を実施する方法、およびCO ₂ を吸収し、コハク酸を製造するための方法	発明者 田辺 麻衣子、佐藤 美和、渡辺 康一、望月 敦史、岡田 崇	権利者 株式会社日立製作所 / 国立大学法人京都大学
産業財産権の種類、番号 特許、PCT/JP2023/018494	出願年 2023年	国内・外国の別 国内

〔取得〕 計0件

〔その他〕

<p>数理理論が予測した6つの因子で、92因子を含むホヤの遺伝子ネットワークを完全操作 https://www.infront.kyoto-u.ac.jp/achievements/post-6523/ Complete control of a gene regulatory network https://www.infront.kyoto-u.ac.jp/achievements/post-6523/?lang=en</p> <p>花びらの形が葉と違う仕組みを解明 (木下 綾華 (研究当時: 生物学専攻 修士課程) 内藤 万紀子 (研究当時: 生物学専攻 修士課程) オウ シネイ (生物学専攻 博士課程) 井上 康博 (京都大学 教授) 望月 敦史 (京都大学 医生物学研究所 教授) 塚谷 裕一 (生物学専攻 教授)) 2022年12月12日 東京大学 京都大学 https://www.s.u-tokyo.ac.jp/ja/press/2022/8175/</p> <p>摂動に基づく遺伝子制御ネットワーク推定 数理モデルによる自動決定 (石川雅人、望月敦史、遊佐宏介、永樂元次 (京都大学)、木立尚孝 (東京大学)) 2024年1月4日 京都大学 https://www.kyoto-u.ac.jp/ja/research-news/2024-01-04</p> <p>反応ネットワークの構造変化による摂動応答変化を解析する (菱田温規、岡田崇、望月敦史) 2024年2月2日 京都大学</p>

6. 研究組織

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
--	---------------------------	-----------------------	----

7. 科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計0件

8. 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

共同研究相手国	相手方研究機関		
その他の国・地域	National Tsing Hua University		