

科学研究費助成事業 研究成果報告書

平成 26 年 6 月 2 日現在

機関番号：14401

研究種目：挑戦的萌芽研究

研究期間：2012～2013

課題番号：24656126

研究課題名(和文) 群論に基づく自己集合化・自己組織化パターン形成の分子流動シミュレーション

研究課題名(英文) Molecular fluid simulation for self-organized/self-assembled pattern formation by applying group theory

研究代表者

川野 聡恭 (Kawano, Satoyuki)

大阪大学・基礎工学研究科・教授

研究者番号：00250837

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 3,100,000円、(間接経費) 930,000円

研究成果の概要(和文)：基板表面に形成される分子の自己組織化・自己集合化パターン形成のメカニズム解明に向けて、原子間力顕微鏡による分子像の観察と数理モデルの構築を行った。マイカやグラファイト表面においてDNA断片の自己集合化パターンが成長する過程を観察し、その時系列データの取得に成功した。基板表面と吸着分子の相互作用を考慮し、DNAを粗視化した分子動力学シミュレーションを行うとともに、さらに長時間の現象を再現するために反応拡散モデルを提案した。表面構造の対称性について、群の既約表現に対応する関数を反応項に考慮したシミュレーションを行った結果、パターン形成に対する表面構造の影響を考察するためのパラメータが見出された。

研究成果の概要(英文)：To clarify a pattern formation mechanism resulting from self-organization or self-assembly of molecules, we have performed experimental observations, theoretical developments, and molecular dynamics simulations. We successfully visualized self-assembled patterns of DNA fragments on mica and highly oriented pyrolytic graphite surfaces by atomic force microscopy. In addition to a coarse-grained molecular dynamics simulation, a reaction-diffusion model is applied to represent slow growths of the self-assembled patterns, in which symmetries of surfaces can be implemented by symmetric functions resulting from irreducible representations of group theory. Consequently, various self-assembled patterns which depend on surface conditions could be simulated in the practical temporal and spatial scales in comparison with experiments. Some parameters sensitive to the surface conditions were found out.

研究分野：工学

科研費の分科・細目：機械工学・流体工学

キーワード：分子流体力学 自己組織化 自己集合化 対称性 群論 分子流動シミュレーション

1. 研究開始当初の背景

近年の MEMS/NEMS 技術の発展に伴い、複雑なマイクロ・ナノデバイスや新機能材料の研究開発が盛んに行われている。特に、ナノ粒子や分子の流動を能動制御しながら基板表面に自己集合化または自己組織化させることで新奇な機能を発現させることが可能となってきた。しかしながら、電解質溶液における複雑な流動現象や基板表面近傍における吸着・脱離過程や自己組織化・自己集合化に対する基板材料の依存性については未解明な部分が多い。現状の技術をさらに確実なものとするためには、溶液におけるイオンや分子の振る舞いを正確に理解し、その流動を制御するための方法論の確立が望まれる。我々は、以前よりイオンおよび分子の視点から、それらの流体中における運動について実験と理論の両面からアプローチしてきた実績があり、本研究ではさらに、基板表面の存在を加味した自己集合化・自己組織化といった工学的にも注目される現象に着目する。現象を分子スケールで扱う際には、時空間スケールが限られることから、実現スケールを定量的に評価することはきわめて困難とされるが、そのような問題を克服するための一手法を提案する。たとえば、我々の先行研究において、無限に存在し得る系の構造に対してその対称性を考慮するとき、群論を適用することでその取り得る数を数え上げる方法を示している (K. Doi et al., Phys. Rev. E **84** (2011), pp.011805 (8pages)). 本研究では、そのような理論的背景を応用し、図 1 の模式図に示すような、基板表面の対称性がある上に形成される分子の自己集合化パターンに及ぼす影響について調べる。分子動力学法 (MD) を用いた現象解明のアプローチと限界を示し、さらに、反応拡散モデルによる広域・長時間のシミュレーションを行う。特に、反応拡散モデルにおいて、基板表面の対称性を有する構造を加味し、分子がそのような表面と相互作用しながら自己集合化する場合について議論する。また、DNA 断片を用いて、マイカや高配向性熱分解グラファイト (Highly oriented pyrolytic graphite: HOPG) 表面において自己集合化ネットワーク構造を形成させ、実際の解析結果と比較・検証する。

2. 研究の目的

本研究では、現象の時空間スケールに着目し、DNA 分子を粗視化することにより広域かつ長時間の MD シミュレーションを実現するとともに、吸着後の反応と拡散による長時間の緩和過程を考慮した解析を行い、自己集合化構造の時間発展についてその詳細を調べる。そのなかで、自己集合化パターン形成における系の対称性の影響を考慮した解析手法について検討する。それにより、パターン形成に対する基板表面の持つ対称性の影響を調べることを可能にするるとともに、解析時間の高効率化を実現する。

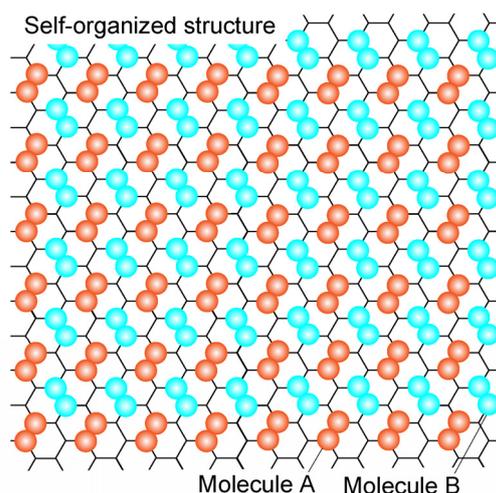


図 1. 基板表面における吸着分子による自己組織化 (自己集合化) の模式図。

3. 研究の方法

3. 1. DNA 断片の自己集合化構造

50 塩基対の DNA 断片を HOPG 基板表面に自己集合化させ、原子間力顕微鏡 (AFM) により観察を行う。HOPG は炭素原子のみからなり、原子レベルで平坦な表面が得られることから、自己集合化像の観察に適している。また、伝導性があることから更なる応用が期待される。しかしながら、一般に、DNA 分子は水溶液中で負に帯電しており、HOPG 基板表面は π 電子で覆われていることから、両者の間には斥力が働き、吸着は起こらないとされる。そこで、DNA 断片を HOPG 表面に吸着させるために、表面の電子をあらかじめカウンターイオンで遮蔽した後に、その上に DNA を自己集合化させることを提案する (雑誌論文(1))。本研究では、 MgCl_2 溶液を 40 $\mu\text{mol/L}$ および 100 $\mu\text{mol/L}$ に調製し、それぞれ 10 μL の液滴を 2 枚の HOPG 基板で挟み、それらを電極として極板間距離を 1 mm に固定して 2 V の電圧を 1 h 印加する。この操作により、水溶液中の Mg^{2+} と Cl^- が、カソードとアノードにそれぞれ分離される。両電極を引き離れた後、さらに 12 h 放置する。これにより、カソード側では、表面に一樣に Mg^{2+} が分布し、HOPG の π 電子が遮蔽される。次に、 Mg^{2+} で覆われた HOPG 表面に、0.5 $\mu\text{mol/L}$ に調製した DNA 水溶液の 10 μL を基板表面に滴下し、一定時間置いた後、エアジェットで液滴を除去する。ここで、40 $\mu\text{mol/L}$ の MgCl_2 溶液で表面処理をした場合は、DNA 溶液を滴下後 50, 60 または 70 min 放置し、100 $\mu\text{mol/L}$ MgCl_2 を用いた場合は、液滴除去までの放置時間を 10, 20 または 30 min とする。その後、AFM のダイナミックフォースモードで自己集合化像を観察する。なお、これら一連の手順は、室温・大気圧化で行う。

3. 2. DNA の粗視化モデル

DNA の自己集合化過程を明らかにするた

めに、分子動力学 (MD) シミュレーションを行う。しかしながら、50 塩基対の DNA 断片を原子スケールで扱いながら、それらが自己集合化する過程を解析することは現実的でないことから、粗視化モデルを構築することを提案する (雑誌論文(1))。我々は、先行研究において DNA の粗視化モデルを開発し (K. Doi et al., *Phil. Trans. R. Soc. A* **368** (2010), pp. 2615–2628.), 物理化学特性の評価を行ってきた経験から、それを基に今回のモデルを考案する。3 塩基対を一粒子とし、それらを線形バネで連結することで DNA 分子を模擬する。17 粒子を連結して 50 塩基対を模擬し、その一粒子は 6 個の負電荷を持ち、線形バネに加えて粒子間の相互作用を考慮するために Coulomb ポテンシャルと Lennard-Jones ポテンシャルを与えている。また、DNA 断片の解離末端や粘着末端が結合して自己集合化するとされることから、末端の粒子には水素結合を表す Morse ポテンシャルを与える。質点間の平衡距離、ばね定数および一粒子の流体半径は先行研究の値を参考にし、平衡状態において 50 塩基対 DNA の拡散係数を再現するようにパラメータを決定する。実際の溶液中では、DNA の負電荷と同数の陽イオンが含まれているため、電気的中性が保たれている。ここでは、実験環境を考慮して Mg^{2+} イオンを付加することにより溶液の電気的中性を保つこととする。一方、HOPG 基板表面の π 電子は、 $MgCl_2$ 溶液で前処理されることから Mg^{2+} イオンにより遮蔽されているものとし、その表面と DNA 断片の間には分子間力が働くものと仮定して Lennard-Jones ポテンシャルを与えている。上述の相互作用ポテンシャルにより粗視化粒子と Mg^{2+} イオンの力場を与え、溶媒の影響をランダム力として Langevin 方程式を解くことにより時間発展を調べる。これにより、自己集合化パターン形成の素過程と現象の時空間スケールが明らかにされる。さらに、1 μs 程度のシミュレーションを必要とするため、時間積分の効率化を図る必要があることから、近距離力 ($r_{ij} < 1.5\sigma_{ij}$) に対しては 10 fs、長距離力 ($r_{ij} \geq 1.5\sigma_{ij}$) に対しては 100 fs のタイムステップで解析を行う (雑誌論文(1))。初期条件として、半径 75 nm、高さ 10 nm の円柱状の中に、粗視化された DNA 断片をランダムに配置している。表面近傍の濃度依存性を調べるため、DNA 断片の数を $N = 100$ から 700 の場合について解析を行う。

3. 3. 二成分反応拡散モデル

MD 解析は分子スケールの素過程を調べるためには有効であるが、一方で、粗視化したとしても時空間スケールに制限があり、AFM 観察で見られるスケールに対応させるまでには至っていない。そこで、経験的手法ではあるが、実測に対応する時空間スケールを扱える手法として反応拡散モデルを用いた解析についても試みる。ボトムアップ式の MD

解析とトップダウン式の反応拡散モデルを両立させることにより実現象を解明することが我々の目標である。先行研究において、基板表面に対して、分子の吸着と脱離の二状態を想定し、二次元平面上の反応と拡散によってパターンが形成されるメカニズムを議論してきた (雑誌論文(2))。DNA 分子の拡散係数から、空間の代表長さに対して代表時間が見積もられる。それらを基に、シミュレーションを行った結果、1 $\mu m \times 1 \mu m$ の表面において、1 s の時間スケールでパターン形成が見られることが示された。さらに、本研究では、自己集合化パターンと基板表面の対称性を調べるために、表面構造を表す関数を与え、分子と表面の相互作用を加味することを検討する。たとえば、HOPG 表面は炭素原子の六員環が敷き詰められた構造であり、6 回の回転対称性と並進対称性を持つ。このような対称性を示す電子状態については、群の既約表現を基にその関数を決めることができる。吸着する分子の濃度を $u(\mathbf{r}, t)$, $\mathbf{r} \in [0, 1] \times [0, 1]$, $t \in [0, \infty)$ とし、溶液中に浮遊する分子の濃度を $v(\mathbf{r}, t)$ とするとき、平衡状態の濃度、拡散係数、および系の代表長さで無次元化した二成分反応拡散モデルを以下で表す：

$$\frac{\partial u}{\partial t} = \Delta u - a \sin \alpha u - b \sin \beta v + \phi(\mathbf{r})u + c, \quad (1)$$

$$\frac{\partial v}{\partial t} = \gamma \Delta v + a' \sin \alpha u - b' \sin \beta v + c', \quad (2)$$

ここで、 α, β は正定数、 a, b, c, a', b', c' は反応速度定数を意味する正定数、 γ は u と v の拡散係数の比 ($\gamma = D_v / D_u$) である。 ϕ は二次元表面の対称性に依存する関数であり、群の既約表現に従うものとする。式(1)右辺の ϕu は、 u の時間発展に対する表面と分子の相互作用の影響を意味する。たとえば、本研究で扱う 6 重回転対称性を有する周期構造であるような場合には、

$$\phi(r) = \zeta \sin^2(k_x x) \sin^2\left(-\frac{1}{2}k_x x + \frac{\sqrt{3}}{2}k_y y\right) \times \sin^2\left(-\frac{1}{2}k_x x - \frac{\sqrt{3}}{2}k_y y\right), \quad (3)$$

とすることで、六員環の各頂点で ϕ の値が極大となることから、強い相互作用を示す吸着点を与えることができる。ここで、 $\mathbf{k} = (k_x, k_y)$ は波数ベクトルで $k_x = k_y = 2n\pi$ (n は正整数) とする。境界条件は Neumann 条件とする。反応拡散方程式では、MD 解析のように分子間相互作用の定量的な寄与を表すことは困難であるが、物理的な意味を持つ項をモデルに付加しながらシミュレーションすることができる。ここでは、単独で現象の本質を解明するまでには至らないとしても、実験と MD シミュレーションを同時に行うことで、巨視的スケールの現象を演繹することを可能とするとともに、微視的現象の解明に向けたフ

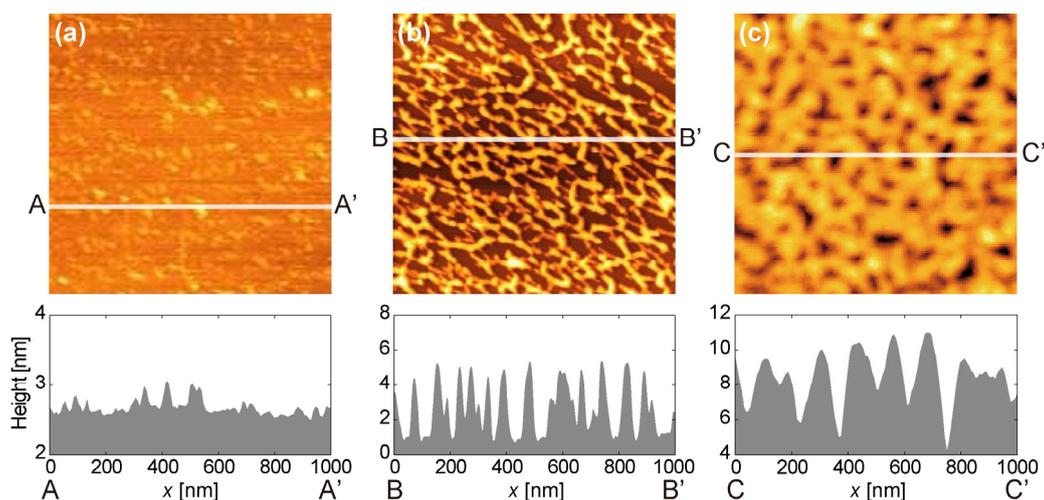


図2. 100 $\mu\text{mol/L}$ MgCl_2 水溶液で HOPG 表面を処理し, 0.5 $\mu\text{mol/L}$ の 50 bp DNA 水溶液を滴下した後, (a) 10 min, (b) 20 min, および(c) 30 min 暴露したときの自己集合化構造の AFM 像とその断面プロファイル (雑誌論文(1): K. Doi et al., J. Chem. Phys. **139** (2013), pp.085102 (9pages)).

ードバックを与えることが期待される。

4. 研究成果

4.1. 自己集合化構造の AFM 観察

図2は, 100 $\mu\text{mol/L}$ MgCl_2 水溶液を用いて HOPG 基板の表面を処理した後に, 0.5 $\mu\text{mol/L}$ DNA 水溶液を 10 μL 滴下した後の自己集合化像である. DNA 溶液を滴下した後に液滴を除去するまでの時間を変えた場合の結果を示している. この場合は, 10, 20 および 30 min において明確な自己集合化パターンの違いが見られた. 図2(a)に示すように, 10 min 放置した後に液滴を除去した場合は, 基板表面に斑点状の模様が見られるが, その高さは二重鎖 DNA の直径に相当する 2 nm には至っていないことから, 明確な吸着は見られない. 20 min 経過後は, 特徴的な模様が現れており, その高さは, おおよそ 2 nm と 4 nm にピークが現れていることから, DNA 断片が結合しながら束状に自己集合化していると考えられる (図2(b)). さらに, 30 min が経過したところでは, パターンの幅と高さがともに拡大しているように現れていることから, 自己集合化しながらその構造が成長していることが推察される (図2(c)). このような, HOPG 表面における自己集合化構造の特徴については, 再現性も確認している. ここでは図を省略するが, 40 $\mu\text{mol/L}$ MgCl_2 水溶液を用いて前処理した場合にも, 50, 60 および 70 min の経過時間で明確な差が現れ, その特徴は 100 $\mu\text{mol/L}$ MgCl_2 の場合とおおむね一致している. 以上の実験結果から, HOPG 表面の π 電子は Mg^{2+} イオンで遮蔽されているが, 陽イオンに対する濃度依存性があり, 高濃度ほど遮蔽の影響が大きいと考えられる. Mg^{2+} の面密度が高いほど, それに引かれる DNA 断片の数も増えるため, 高濃度の MgCl_2 溶液で処理した HOPG 表面ほど短時間で DNA の自己集合化像が得られると考えられる. また, 時間が経過するにつれてその構造は成長していると

言える。

4.2. 粗視化 MD シミュレーション

前節の実験結果を微視的スケールから解析するために MD シミュレーションを行った. 図3は, $N = 500$ とした場合の時間発展の様子である. $t = 0$ s でランダムに配置されている DNA 断片が時間の経過につれて末端間の結合と Mg^{2+} イオンを介した束状構造の形成により自己集合化する様子がわかる. $t = 100$ ns では, DNA 断片の一部が基板表面に吸着し, 浮遊している分子は安定な吸着サイトに引かれて移動している. $t = 500$ ns では, おおよそすべての分子が吸着しているが熱揺動の影響を受けて, 構造を緩和している. $t = 2000$ ns では, 大きな動きは見られないが束状構造が徐々に拡大していることがわかる. このとき, DNA 分子の HOPG 表面に対する吸着過程の時間スケールは $\sim 1 \mu\text{s}$ と考えられ, 引き続き時間スケールの長い拡散過程による構造変化が続くと考えられる. 本 MD 解析では, 初期の吸着過程について解析することに成功したが, 一方で, 実測に見られるよう

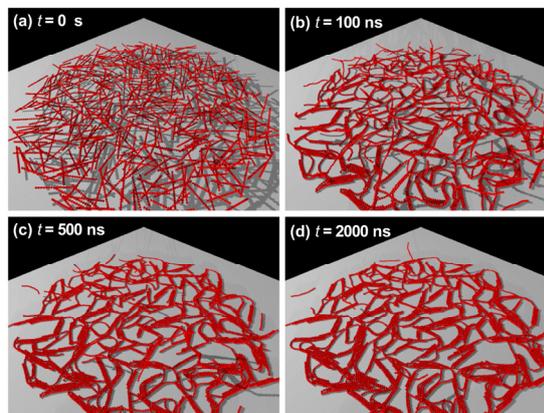


図3. 粗視化 MD シミュレーション ($N = 500$ の場合) の結果 (雑誌論文(1): K. Doi et al., J. Chem. Phys. **139** (2013), pp.085102 (9pages)).

なさらに時空間スケールの大きい現象を説明するまでには至っていない。一方で、実験における DNA の自己集合化像と本 MD 解析の結果をフラクタル次元 D_f で評価したところ、粗視化 MD で $N = 500$ とした場合と実験結果で明確なパターンが見られた場合は、 $D_f = 1.9$ となることが確かめられた。これより、両者の時空間スケールは異なるが、自己相似的な関係にあると言える。本シミュレーションのように、基板表面の対称性が考慮されていない場合、時間発展に対する自己相似性は見出されたが、自己集合化構造の空間的な対称性は見られていない。

4. 3. 二成分反応拡散モデル

式(1)-(3)を用いて、対称性のある基板表面における吸着分子の自己集合化について調べる。初期配置として、 u を各点でゼロ、 v を $[0,1]$ の一様乱数で与える。ここでは、例として $n = 4$ および 11 とした場合について述べる。図 4 に示すように、パラメータを $a = a' = 0.250$, $b = b' = 0.330$, $c = c' = 0.330$, $\alpha = \beta = 5$, $\gamma = 50$, $\zeta = 1 \times 10^{-8}$ とした場合、無次元時間 $t = 60,000$ において、 ϕ の影響を受けてパターンに対称的な構造が浮かび上がっている。一方、図 5 に示すように、 $a = a' = 0.250$, $b = b' = 0.320$, $c = c' = 0.320$, $\alpha = \beta = 5$, $\gamma = 50$, $\zeta = 1 \times 10^{-7}$ とした場合は、周期定常な振動が見られるが、パターンに ϕ の影響は現れていない。図 6 は、 $n = 4$ の場合における対角線上の u の時間発展である。これより、図 6(a)では、ある点で成長が始まるとその後も引き続き値が大きくなるのが分かる。つまり、発散する解となる。また、モデルの特徴から、段階的に積層していく様子が見て取れる。一方、図 6(b)では各点で周期的な振動が生じており、限られた領域で濃度分布が伝播している様子が見られる。ここでは、発散する不安定解と周期定常の安定解について見出すことができた。現実の系では、DNA が基板表面に吸着した後、構造が拡大していく様子が見られたことから、本解析の不安定解が自己集合化構造の成長に対応していると見ることが出来る。一方、周期的な振動解は、吸着・脱離が繰り返される中で見られるパターンであり、そのような結果は実験では見られていない。現実に見られる複雑なパターン形成は、安定・不安定の狭間で起こると考えられるため、さらにパラメータを変化させることにより、特徴的なパターンを見出すことが期待される。それについては今後の課題である。

4. 3. まとめ

本研究では、DNA の自己集合化パターン形成のメカニズムに着目し、AFM 観察を行うとともに、その過程における対称的な原子配列を持つ基板表面の影響について議論した。粗視化モデルによる MD 解析では、分子スケールの吸着過程は、 $\sim 1 \mu\text{s}$ 程度で起こりその後分子が束状構造を形成しながら自己集合

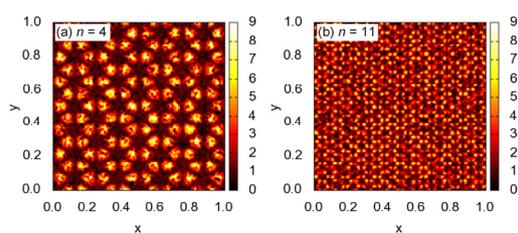


図 4. 二成分反応拡散モデルによるシミュレーション結果 (学会発表(12)). (a), (b)はそれぞれ $n = 4$ および $n = 11$ の場合であり、いずれも無次元時間 $t = 60,000$ の時点における $u(x,y)$ である。パラメータは、 $a = a' = 0.250$, $b = b' = 0.330$, $c = c' = 0.330$, $\alpha = \beta = 5$, $\gamma = 50$, $\zeta = 1 \times 10^{-8}$.

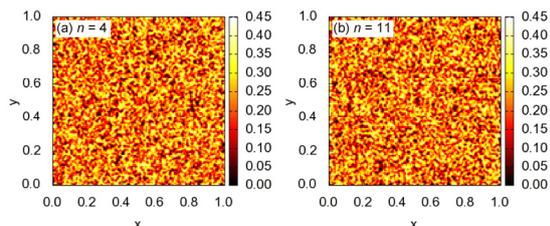


図 5. 二成分反応拡散モデルによるシミュレーション結果 (学会発表(12)). (a), (b)はそれぞれ $n = 4$

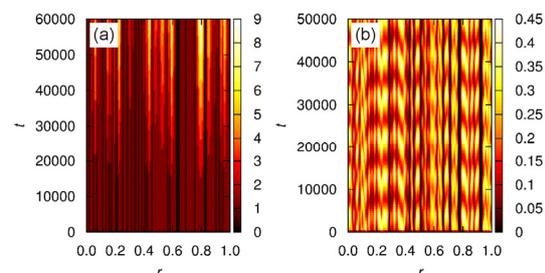


図 6. $y = x$ に沿った $u(x,y)$ の時間発展 (学会発表(12)). (a), (b)はそれぞれ図 4(a)および図 5(a)の条件に対応している。(a)は時間とともに発散する解であり、(b)は周期定常の安定解である。

化することが示された。現実の系ではさらに長い時間をかけて拡散により構造が緩和されていることが実験的に確かめられた。そこで、二成分反応拡散モデルを用いて長時間のパターン形成について調べ、そこでは基板表面の持つ対称性を表す関数を用いて表面と吸着分子の相互作用を考慮することを提案した。その結果、基板表面にある吸着点の影響を強く受けた自己集合化構造を示しながら発散に向かう解と周期的に振動する安定解が見出された。実際の自己集合化現象においては、分子が供給される限り構造が拡大することから、発散する解が現実に対応するものと考えられるが、さらにパラメータ依存性について調べることは今後の課題として残されている。

5. 主な発表論文等

(研究代表者、研究分担者及び連携研究者には下線)

[雑誌論文] (計 2 件)

- (1) Kentaro Doi, Hiroshi Takeuchi, Ryosuke Nii, Shingo Akamatsu, Toshiya Kakizaki, and Satoyuki Kawano, Self-Assembly of 50 bp

Poly(dA)-Poly(dT) DNA on Highly Oriented Pyrolytic Graphite via Atomic Force Microscopy Observation and Molecular Dynamics Simulation, The Journal of Chemical Physics **139** (2013), pp.085102 (9 pages).

- (2) Kentaro Doi, Yukihiro Toyokita, Shingo Akamatsu, and Satoyuki Kawano, Reaction-Diffusion Wave Model for Self-Assembled Network Formation of Poly(dA)-Poly(dT) DNA on Mica and HOPG Surfaces, Computer Methods in Biomechanics and Biomedical Engineering, **17** (2014), pp. 661–677.

[学会発表] (計 12 件)

- (1) Kentaro Doi, Yukihiro Toyokita, and Satoyuki Kawano, Application of Reaction-Diffusion Wave to Self-Assembled Network Structures of DNA, The Proceedings of the 10th International Symposium on Computer Methods in Biomechanics and Biomedical Engineering, 2012.4.11–14, Berlin, Germany.
- (2) Kaito Morita, Kentaro Doi, Sakon Rahong, Takeshi Yanagida, Tomoji Kawai, and Satoyuki Kawano, Molecular Dynamics Simulations for DNA Deformations Affected by Nanopillars with Applied Electric Voltages, The Proceedings of the 10th International Symposium on Computer Methods in Biomechanics and Biomedical Engineering, 2012.4.11–14, Berlin, Germany.
- (3) Hiroshi Takeuchi, Ryosuke Nii, Kentaro Doi, and Satoyuki Kawano, Coarse-Grained Molecular Dynamics Simulations of Self-Assembled DNA on HOPG surfaces, The Proceedings of the 10th International Symposium on Computer Methods in Biomechanics and Biomedical Engineering, 2012.4.11–14, Berlin, Germany.
- (4) 上原聡司, 土井謙太郎, 川野聡恭, せん断力を受ける鎖状生体高分子の流動モデル, 日本機械学会 2012 年度年次大会, 2012.9.9–12, 金沢大学角間キャンパス.
- (5) 新居良介, 竹内博, 土井謙太郎, 川野聡恭, 陽イオンに覆われた HOPG 基板上での DNA 自己集合化に関する分子動力学解析, 日本機械学会 2012 年度年次大会, 2012.9.9–12, 金沢大学角間キャンパス.
- (6) 上原聡司, 川野聡恭, 壁面近傍における単鎖 DNA 拡散現象の一分子イメージング, 日本機械学会第 4 回マイクロ・ナノ工学シンポジウム, 2012.10.22–24, 北九州国際会議場.
- (7) Kentaro Doi, Ryosuke Nii, Hiroshi Takeuchi, and Satoyuki Kawano, Dynamics and Self-Assembled Pattern Formation of Short DNA Fragments, Tenth International

Conference on Flow Dynamics, 2013.11.25–27, Sendai, Japan.

- (8) Ryosuke Nii, Hiroshi Takeuchi, Kentaro Doi, and Satoyuki Kawano, Fractal Dimension of Self-Assembled 50 bp Poly(dA)-Poly(dT) DNA on HOPG Surface, The 15th International Conference on Biomedical Engineering, 2013.12.4–7, National University Singapore, Singapore.
- (9) Weixin Qian, Kentaro Doi, and Satoyuki Kawano, Langevin Dynamics Simulation of Single-Stranded DNA Translocation through Nanopore in External Non-Uniform Electric Field, The 15th International Conference on Biomedical Engineering, 2013.12.4–7, National University Singapore, Singapore.
- (10) 銭偉欣, 森田介斗, 土井謙太郎, 川野聡恭, ナノ流路における DNA の電気泳動に関する粗視化分子動力学解析, 日本機械学会 2013 年度年次大会, 2013.9.8–11, 岡山大学津島キャンパス.
- (11) 土井謙太郎, 新居良介, 竹内博, 松岡理人, 川野聡恭, Poly(dA)-Poly(dT)DNA 断片による自己集合化ネットワーク形成のダイナミクス, 日本機械学会第 91 期流体工学部門講演会, 2013.11.9–10, 九州大学伊都キャンパス.
- (12) 土井謙太郎, 新居良介, 川野聡恭, 対称性を有する表面におけるパターン形成の反応拡散モデル, 日本機械学会関西支部第 89 期定時総会講演会, 2014.3.18–19, 大阪府立大学中百舌鳥キャンパス.

[その他]

ホームページ等

<http://bnf.me.es.osaka-u.ac.jp>

6. 研究組織

(1)研究代表者

川野 聡恭 (KAWANO SATOYUKI)
大阪大学・基礎工学研究科・教授
研究者番号：00250837

(2)研究分担者

土井 謙太郎 (DOI KENTARO)
大阪大学・基礎工学研究科・准教授
研究者番号：20378798