

## 全学自由ゼミナール 生命の普遍原理に迫る研究体験ゼミ ガイダンス資料

4月9日(金) 12:15-12:45

この全学ゼミでは、駒場もしくは本郷の研究室に数名ずつが配属し、指導教員のもとで各テーマに沿った実験、演習、輪読などを行う。実習の形式や時間帯は、所属する研究室に応じて異なるので、以下の内容および担当教員の説明を参照してください。受け入れられる人数には制限があり、履修できない可能性があること、また、新型コロナウイルス感染症の状況によっては、実験等の実施や継続が困難となり、単位が認められない可能性があることがあることを承知おきください。

実習は各研究室で行う。実習の成果について合同報告会で最後に発表してもらう予定である(9月中旬頃)。また、学期の途中で一度交流会を行うことを考えています。

受講希望者は、4月16日(金)までに、以下のフォームから第1希望～第4希望の研究室と、本全学ゼミの受講動機も簡単に記載して下さい。特にメールアドレスはよく確認のこと。配属研究室および受講の可否について、一週間ほどで返信します。

<https://bit.ly/2NCRvxF>

(UTAS, ITC-LMS からもリンクがたどれます。)

## 【駒場キャンパス】

<b>ID:01</b>	<b>細胞性粘菌から探る生物の多様性と普遍性</b>
<b>担当</b>	<b>澤井 哲</b>
細胞の運動特性と、それにかかわる空間と時間の知覚を探る研究に参加する。細胞培養、顕微鏡の基礎を実践的に学び、参加者の指向によって、分子遺伝学的解析、画像解析、マイクロ加工を選択的に取り扱う。入構制限によって、内容を変更する可能性がある。	
<b>実施形態</b>	主に2月におこなう
<b>実習場所</b>	澤井研究室（駒場Iキャンパス16号館7階）
<b>受入可能人数</b>	1名まで

<b>ID:02</b>	<b>リボソームと成長率の線型則(Scott-Hwa 則)を1細胞レベルで検証する</b>
<b>担当</b>	<b>若本 祐一、梅谷 実樹</b>
今学期の全学ゼミでは、細胞集団の増殖率とリボソーム量のあいだに成り立つ現象論的法則の一つ Scott-Hwa 則が1細胞レベルの増殖ゆらぎに対しても成立するか検証する。微細流体デバイスを用いた1細胞計測を行うとともに、細胞系譜解析を実施し、自身の取得したデータからこの問題に答えを与える。実験希望の学生を優先するが、この法則の起源に対する理論研究を希望する学生も対象とする。	
<b>実施形態</b>	(実験の場合) 週1,2回実験室に来て実験を行う
<b>実習場所</b>	若本研究室（駒場Iキャンパス16号館319室）
<b>受入可能人数</b>	1~2名

<b>ID:03</b>	<b>非平衡条件における人工細胞の形態変化観測</b>
<b>担当</b>	<b>豊田 太郎</b>
(夏休みまで)人工細胞の先端研究について原著論文や専門書を読み、輪読のゼミを行う。 (夏休み実習*)脂質膜で構成される人工細胞を合成し、マイクロ流路による人工細胞の形態変化観測を行う研究に参加していただく。その中で、細胞形態を構成的に理解するための化学や物理の基本法則を学ぶ。 *新型コロナウイルス感染防止の観点から、実施を中止することがある。	
<b>実施形態</b>	(夏休みまで) 受講者と相談の上決定する。 (夏休み実習) 受講生と相談の上決定する。目安：デバイス作製で2~3日、実験で2~3日。
<b>実習場所</b>	輪読のゼミ：基本的にはオンラインで実施する 夏休み実習：駒場Iキャンパス16号館
<b>受入可能人数</b>	2名まで

<b>ID:04</b>	<b>カエル胚の形づくりのしくみを「研究」する</b>
<b>担当</b>	<b>道上 達男</b>
簡単な形の胚から複雑な成体はどのようにして作られるのか。ツメガエル胚を用い、RNA 注入などの実験を通して分子発生生物学研究の一端を体験する。学生実習とは異なり研究室で実際に行われている最先端研究の一員として加わってもらおう予定である。	
<b>実施形態</b>	研究体験（週 1 回程度）、セミナー参加（optional）
<b>実習場所</b>	道上研究室（駒場 I キャンパス 3 号館 3 階）
<b>受入可能人数</b>	1 名

<b>ID:05</b>	<b>培養可能な最小の生物を探してみよう</b>
<b>担当</b>	<b>市橋 伯一</b>
現在、培養可能な最小のゲノムを持つ生物はマイコプラズマだと言われています。ゲノムサイズは 0.5-1 Mbp くらいで、約 400—500 もの遺伝子がコードされています。なぜ生物にはこんなにたくさんの遺伝子が必要なのでしょう？ もっと単純な生き物はいないのでしょうか？ もしかして単に見つかっていないだけではないのでしょうか？ 本ゼミでは培養可能でもっと小さなゲノムを持つ生物を探してみます。本ゼミは通常の実習や演習のようにやるのが決まっているのではなく、どこから、どうやって探すのか一緒に考えながら進めていきたいと思えます。教員も答えを持っているわけではないので、一緒に考えてくれる人を希望します。	
<b>実施形態</b>	受講者と相談の上決定する。目安は週に 1-2 回。オンライン、あるいは研究室で行う
<b>実習場所</b>	市橋研究室(駒場 II キャンパス T 棟 303)、もしくはオンライン
<b>受入可能人数</b>	1 名

<b>ID:06</b>	<b>パターン形成入門</b>
<b>担当</b>	<b>石原 秀至</b>
分子や細胞が空間的に局在化することにより生物界、自然界には多様なパターンが現れる。このような自己組織化過程は、分子や細胞同士の、化学的、力学的相互作用によって引き起こされ、細胞の多様な振る舞いや機能の発現にも重要な役割を果たす。パターン形成には、その背景に互いに関連したいくつかのメカニズムがあり、本ゼミでは、生体分子の自己組織化をテーマに、分子シミュレーション、もしくは連続体モデルの数値シミュレーションを行う。細胞極性形成を担う極性形成や細胞運動について調べることを想定しているが、詳細は話し合いで決定する。C, C++, python など、なんらかのプログラム言語を使えることが望ましい。	
<b>実施形態</b>	週 1 回程度で研究について議論し、他の時間に自分で研究を進める。
<b>実習場所</b>	原則オンライン
<b>受入可能人数</b>	2 名まで

<b>ID:07</b>	<b>細胞複製過程の法則を、数理や情報技術で考える</b>
<b>担当</b>	<b>小林 徹也、上村 淳</b>
<p>自己複製は生体システム固有の性質である。本研究では、自己複製過程に存在しえる法則や自己複製過程を規定する制約、自己複製の帰結としての性質などの問題を数理や情報の技術を用いて考える。参加者の能力や興味に応じて、自己複製反応系の数理解析、自己複製系のシミュレーション、自己複製過程のデータ解析などを取り扱う。</p> <p>データ解析・シミュレーション希望者はプログラミングを多用するので、CもしくはPython、Matlabなどの基本は既修であること。数理解析希望者は、線形代数や微分方程式論などの基本的なカリキュラムは既習 or 自習していることを想定する。</p>	
<b>実施形態</b>	おおよそ週1回程度議論をする。日程は受講者と相談の上、決定する
<b>実習場所</b>	小林研究室(駒場II キャンパス・生産技術研究所・C棟 Ce502室)
<b>受入可能人数</b>	1名

<b>ID:08</b>	<b>ニューラルネットワークを援用した多元混合化学情報処理の予測</b>
<b>担当</b>	<b>小林 徹也</b>
<p>嗅覚系は極めて多種の化学物質(匂い物質、抗原物質)の混合情報を感知し、環境の状態を認知するシステムである。ここではどうやって膨大な(ほとんど無限とも言える)多様性を持つこの化学情報を生体が認識できているか?という問題を扱う。具体的には、Googleのグループが行ったグラフニューラルネットワークによる化合物構造からの匂い予測の改良に取り組む(<a href="https://ai.googleblog.com/2019/10/learning-to-smell-using-deep-learning.html">https://ai.googleblog.com/2019/10/learning-to-smell-using-deep-learning.html</a>)。</p> <p>CもしくはPython、Matlabなど既修しており、深層学習系のライブラリーなど利用可能であることを前提とする。これらの基本についての解説は行わない。上記の論文を自力で再現できる程度を目安として受講を選択してほしい。</p>	
<b>実施形態</b>	おおよそ週1回程度議論をする。日程は受講者と相談の上、決定する。
<b>実習場所</b>	小林研究室(駒場II キャンパス・生産技術研究所・C棟 Ce502室)

<b>ID:14</b>	<b>細胞モデルを用いた生命現象の物理的理解</b>
<b>担当</b>	<b>柳澤 実穂</b>
<p>複雑な生命現象の物理的理解を目指すうえで、生物を構成する物質の理解からアプローチする方法がある。今や多くの生化学反応や相転移が試験管中で再現されてきているが、実際の細胞とは異なることが多々ある。こうした違いをもたらす要因として「細胞サイズ効果」と呼ばれる未知の効果がある。我々はこの効果が、物質と生命との境界を定義づける上での鍵であると考え、人工細胞を用いた実験的研究から解明を目指す。</p>	
<b>実施形態</b>	日程は受講者との相談の上決定する
<b>実習場所</b>	柳澤研究室 (駒場II キャンパス T棟 401)
<b>受入可能人数</b>	1~2名

## 【本郷キャンパス】

<b>ID:09</b>	<b>シミュレーションによって生命現象の何が理解できるか？</b>
<b>担当</b>	<b>古澤 力、 姫岡 優介</b>
	単純化した生物システムの計算機シミュレーションを用い、システムが持つ普遍的な性質を探求する。研究対象は参加者の興味に応じて相談の上で決めるが、発生・適応・進化・代謝・生態系などを予定している。これまでの例としては、種分化過程のシミュレーションや、進化的拘束の出現過程についての解析などがある。プログラミング能力があることが望ましいが（言語は問わない）、無い場合は各自が学習しながら進める事も可能とする。また希望者は、大腸菌を用いた簡単な進化実験といった別テーマの選択も可能とする。
<b>実施形態</b>	スケジュールは、受講生と相談の上決定する
<b>実習場所</b>	古澤研究室（本郷キャンパス理学部 1 号館 403, 446 室）
<b>受入可能人数</b>	2 名まで

<b>ID:10</b>	<b>生きた細胞を見てみよう</b>
<b>担当</b>	<b>岡田 康志</b>
	生きた細胞は動きます。細胞の中では細胞内小器官や細胞骨格が動いています。細胞内情報伝達分子も動き、RNA は核で転写され細胞質に運ばれて翻訳されます。でも実際にその様子を見たことはありますか？ 私たちの研究室では、新しい技術を開発して、まだ誰も見たことがないような細胞の動きを観察しています。このゼミでは、その一端を体験して貰います。顕微鏡自体を作る、分子生物学の手法で細胞を操作して観察する、機械学習で顕微鏡画像を処理するなど具体的な内容は様々です。興味・能力・スケジュールにあわせて相談します。
<b>実施形態</b>	スケジュールは、受講生と相談の上決定する
<b>実習場所</b>	岡田研究室(本郷キャンパス理学部 1 号館 406, 407, B206 室)
<b>受入可能人数</b>	2 名まで

<b>ID:11</b>	<b>Population dynamics における速度制限</b>
<b>担当</b>	<b>伊藤 創祐</b>
	物理学において量子速度制限と呼ばれる関係式がある。これは遷移時間とエネルギー揺らぎの間のトレードオフを表す不確定性関係の一種として、量子力学で知られてきた結果である。この速度制限が近年、量子力学が効くマイクロなスケールだけでなく、マクロな古典的な熱力学的な状況でも成り立つことが指摘されてきている。今回はこの速度制限の数理構造を利用して、変異が存在する下で個体群が集団的に増えていくような状況、すなわち Population dynamics を考察してもらおう。特に変異による揺らぎと適応のスピードに関する法則性を明らかにすることを挑戦していただく。参加者の興味・能力に応じて、解析計算や数値シミュレーションなど様々な取り組み方が可能である。
<b>実施形態</b>	週 1 回程度。日程は相談の上、決定。
<b>実習場所</b>	オンライン、もしくは伊藤研究室（本郷キャンパス）
<b>受入可能人数</b>	2 名まで

<b>ID:12</b>	<b>最も進化した表現型をもつ脊椎動物の胚段階はどれか？</b>
<b>担当</b>	<b>入江 直樹</b>
<p>最も進化した（正確には推定祖先状態からの遺伝的変化量が最も大きいという意味での進化）動物の胚段階はどれだろうか。現在の生物学では定量的に語る事ができていない問題だ。超並列シーケンサーにより同定した8種の脊索動物の胚発生に伴う遺伝子発現情報を解析することで、この問題の検討方法を探る（まだ答えはない。）本格的な実践的解析になるので初歩的なプログラミング能力(R, Python, シェルスクリプトなど)がある方が望ましいが、無い場合は各自が学習しながら進める事も可能。当教室の学部生や大学院生と随時ディスカッションしながら、自由な発想で取り組んでもらいたい。</p>	
<b>実施形態</b>	受講者と相談の上決定する
<b>実習場所</b>	入江研究室（本郷キャンパス）
<b>受入可能人数</b>	1名まで

<b>ID:13</b>	<b>生き物のかたちとパターンの力学</b>
<b>担当</b>	<b>杉村 薫</b>
<p>多細胞生物のかたちやパターンは細胞が集団として協調的に動くことで生みだされる。このとき、機械的な力は細胞の運動や変形を駆動し、パターン形成の司令塔としての役割も果たす。力学的視点から生命の構造形成を理解することは、遺伝子と遺伝子以外の量の生物学の統合であり、生き物らしさを物質的に理解する新しい物理学の開拓である。私たちは最近、細胞の画像データという目に見える情報から、力学モデル・力学パラメータという目に見えない情報を推定する手法を開発した（論文準備中）。全学ゼミでは、細胞集団の力学について基礎的な知見を学ぶとともに、上記の手法を実験データに適用し、力学パラメータの時空間動態や分子情報との相関について調べる。参加者の希望に合わせて、より高度な課題にも挑戦してもらおう。</p> <p>手法：Pythonを用いた統計解析、データ可視化。ImageJを用いた画像操作。</p>	
<b>実施形態</b>	週に1回、教員や大学院生と議論、作業
<b>実習場所</b>	参加者と相談の上、決定。オンラインもしくは駒場Iキャンパス
<b>受入可能人数</b>	1名