

第 17 回 岩手数理科学セミナー

日時： 2018 年 8 月 28 日 (火) 14 時～

場所： 岩手大学理工学部銀河ホール 2F 生命コース講義室

講演 I.	「造血幹細胞移植の数理モデルと定量的データ解析」
講師	岩波翔也 (九州大学大学院システム生命科学府)
概要	<p>造血組織は、長期的な自己複製能と全ての血液細胞に分化する多分化能を持った造血幹細胞 (hematopoietic stem cells: HSCs) によって維持される。近年、1 細胞移植の実験系とマウスでの蛍光タンパク質の発現を利用して、長期的な再生産能力を有しながら、分化能が骨髄球に限定された細胞 (myeloid-restricted progenitors with long-term repopulating activity: MyRPs) が発見された。さらに、HSCs を培養し 1 回分裂させ 2 個の娘細胞を得ることで、MyRPs は HSC から直接分化することが示唆された。</p> <p>本研究では、従来の HSC 分化のモデルに MyRPs による骨髄球産生のバイパス経路を組み込んだ数理モデルを開発し、HSC の 1 細胞移植実験のデータを解析した。この時、各移植実験の個体差を考慮した非線形混合効果モデルを用いることで、実験ごとのばらつきを説明しつつ、骨髄球産生の速度を推定した。この結果から、生体内での造血組織における骨髄球産生のバイパス経路の存在と重要性について議論したい。なお、本研究は、スタンフォード大学・山本玲博士との共同研究である。</p>

講演 II.	「数理科学的手法を用いた HTLV-1 感染の定量的解析」
講師	高木舜晟 (九州大学大学院システム生命科学府)
講演	<p>ヒト T 細胞白血病ウイルス 1 型 (HTLV-1) は、感染細胞の生存・増殖により生体内で継続的に感染し、感染者に成人 T 細胞白血病 (ATL) や脊髄症などの関連炎症性疾患 (HAM) を引き起こす。また、HTLV-1 はウイルス自らの DNA を未感染の宿主 (ヒト) の細胞の DNA に組み込む。このウイルス DNA が組み込まれた部位 (プロウイルス組込部位) を ID として感染細胞が識別できる。新規感染した細胞では、組込部位がバラバラである一方、クローン増殖した細胞の組込部位は同一となる。興味深いことに、近年の次世代配列解析により、ATL 患者と無症候の HTLV-1 キャリアの間では感染細胞の集団構成に違いがあることが明らかになった。すなわち、組込部位のばらつきの度合い (クローナリティ) が、ATL 患者と無症候のキャリアでは質的に異なるのである。本講演では、この質的な違いを定量的に再現し、病態進行の予測を可能にするシミュレータの背景と原理を解説したのち、シミュレータから得られた理論的な知見について述べる。</p>

第 16 回 (8 月 25 日) と近い日程での開催となっております。時間と場所をお間違えのないよう、宜しくお願い致します。

世話人：理工学部数理・物理コース 宮島 真也，

問い合わせ先：同 川崎 秀二 (019-621-6809, shuji@iwate-u.ac.jp)