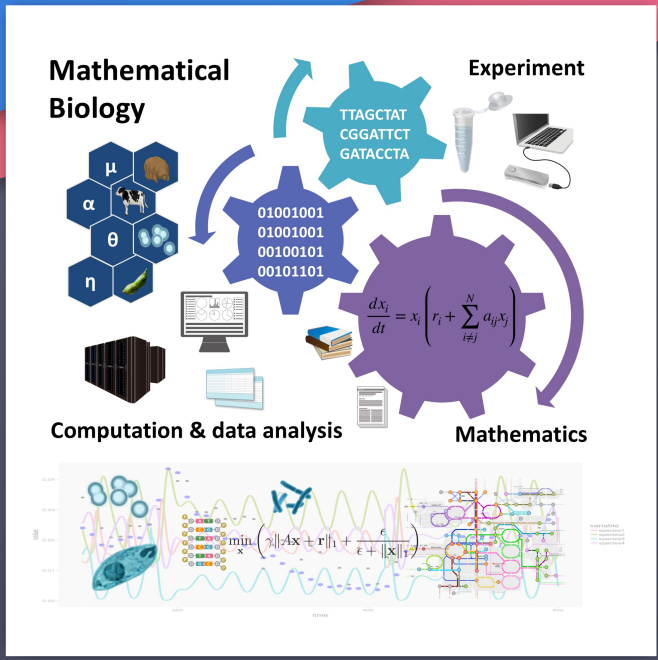
生命動態の数理モデリング・定量的データ解析と実社会への応用

Mathematical modeling and quantitative data analysis with their applications in life science

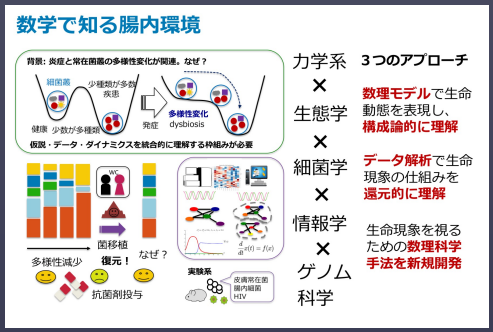
先端生命科学研究院　数理生物学研究室

Laboratory of Mathematical Biology, Faculty of Advanced Life Science

特任講師　中岡慎治　Shinji NAKAOKA, Project Lecturer



数理モデルで生命動態を表現し、データ解析で仕組みを読み解く



生命現象の数理モデリングやデータ解析手法の開発・応用を中心に分野横断・学際的な研究を進めている。具体的なテーマ: (i) 腸内や土壌など様々な環境に存在する微生物叢の生態系を数理的に理解・制御することで発症予防や作物作成の改善につなげる研究 (ii) 医療データ解析 (iii) トランスクリプトームなど網羅的遺伝子配列データに関わるバイオインフォマティクス研究 (iv) 汎用的な数理科学手法を開発・深化させる純理論的研究

We investigate a given microbial community by integrating omics data on the basis of community ecology theories and methodologies. Mathematical modeling and data analysis are employed to extract the essence of community assembly rules from existing microbial ecosystem to construct a novel artificial microbial community. Other related topics include omics data analysis in precision medicine or development of novel mathematical tools for data analysis in life sciences.

1 微生物社会を中心に社会動態を数理モデルによって構成的に理解する研究

Mathematical modeling of microbial community dynamics: understanding community assembly rules in microbial societies

個体群数理モデルとシミュレーション

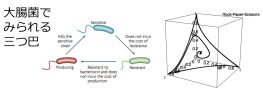
x_i : 種 i の個体数密度 ($i = 1,2,\ldots,N$)

$r_i = bi - di$: 内的自然増加率 (b: 出生 d: 死亡)

$A = \{a_{ij}\}$: 相互作用係数行列

$$\frac{d}{dt}x_i(t) = x_i(t)\left(r_i + \sum_{j=1}^{N} a_{ij}x_j\right)$$

$$x_i(0) \geq 0 \quad \text{(初期条件)}$$



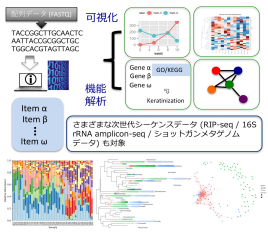
微生物社会は細菌・ウイルス等、構成要素間の複雑な相互作用によってダイナミックに変化している。マクロなスケールでの動態形成に重要と考えられるミクロの相互作用ルールを数理モデル上で表現することで、微生物社会の動的変化が生み出される仕組みを構成的に理解することを目指している。現在、腸内細菌叢の多様性減少と疾患発症に関わる重要な相互作用ルールの役割について、理論的に理解する研究を進めている。

A microbial community changes dynamically as a result of complex interactions among ingredients such as bacteria and virus. Mathematical modeling is useful to constitutively understand dynamical process of a microbial community in terms of microscopic community assembly rules. The purpose of this subtopic is to understand the role of core interactions on dysbiosis, compositional change of a community during disease progression toward reducing species diversity.

2 微生物社会を中心にデータ解析によって社会形成の仕組みを読み解く研究

Quantitative data analysis of microbial community dynamics: mining community assembly rules in microbial societies

遺伝子配列データ解析・マイニング



微生物社会のダイナミックな変化を駆動する実体を把握するためには、データを通じて微生物社会の分析を行う必要がある。データ科学手法を応用することで、微生物社会の形成に重要と考えられるミクロの因子や相互作用ルールの特定を目指している。現在、環境中に存在するメタゲノムデータの解析を行うことで、腸内細菌叢の多様性減少を伴う変化と疾患発症に関わる重要な相互作用ルールの特定を主な目標としている。

Data analysis is indispensable to identify ingredients that drive dynamic change of a microbial community. The purpose of this subtopic is to apply various methodologies in data science for extracting critical microscopic factors and community assembly rules that constitute a microbial community. Processing environmental metagenomics data is a primary step to highlight core interactions mediating disease progression associated with dysbiosis.

Contact Us　snakaoka@sci.hokudai.ac.jp

理学部２号館７階
7th floor, Science Building No 2
http://altair.sci.hokudai.ac.jp/infmcb/