

## 研究 成 果 報 告 書

(国立情報学研究所の民間助成研究成果概要データベース・登録原稿)

研究テーマ (和文) AB		ある離散型反応拡散系の解のダイナミクス			
研究テーマ (欧文) AZ		Dynamics of solutions to a discrete reaction-diffusion system			
研究氏 代 表 名 者	カカナ CC	姓) スズキ	名) カナコ	研究期間 B	2010 ~ 2011 年
	漢字 CB	鈴木	香奈子	報告年度 YR	2012 年
	ローマ字 CZ	SUZUKI	KANAKO	研究機関名	東北大学
研究代表者 CD 所属機関・職名		東北大学大学院情報科学研究科・助教			
<p>概要 EA (600 字～800 字程度にまとめてください。)</p> <p>生物現象に見られるパターン形成のモデルとして重要な反応拡散系の解析には、その解の挙動の予測を立てるためにも数値計算が重要な役割を果たす。本研究では、方程式系に内在する性質を保持するような離散スキームの提唱を目指す第一歩として、以下の研究結果を得た。</p> <p>まずは、形態形成のモデルとして重要な役割を果たす反応拡散系の一つ、活性因子—抑制因子型のギラー・マインハルト系について、基礎生産項が解のダイナミクスに与える影響を詳しく理解するため、拡散項を除いた常微分方程式系の解の挙動を詳しく解析した。基礎生産項とは、反応とは無関係に単位時間あたりに生産される活性因子、抑制因子の量を表す。その結果、抑制因子の方程式が正の基礎生産項を含むときは、平衡点が 3 つ現れる場合があり、ダイナミクスが複雑になることが分かった。この場合について、解の正の極限集合と負の極限集合を、ある部分において明らかにすることができた。</p> <p>次に、ギラー・マインハルト系との対比を行うため、3 元連立の反応拡散系のダイナミクスの解析に取り組んだ。ここでは、肺がん初期における癌細胞の侵入を説明する反応拡散系を扱い、拡散項を除いた 3 元連立の常微分方程式系の解の挙動を詳しく解析した。各成分が単位時間あたりに消滅する率の関係性によって、定常解への収束の速さが異なることを定量的に理解することができた。</p> <p>反応拡散系の基本構造を浮かび上がらせるためには、上手い変数変換が重要な役割を果たす場合が多く、本研究でもそのような変換を導入し、パラメータを連続に動かしたときのダイナミクスの変化や、解の収束の速さを定量的に明らかにすることができた。このような変換は、方程式系に内在する構造を保つ変数変換の候補を見つけるために重要な役割を果たすと考えられる。</p>					
キーワード FA	反応拡散系	パターン形成			

(以下は記入しないでください。)

助成財団コード TA					研究課題番号 AA								
研究機関番号 AC					シート番号								

発表文献（この研究を発表した雑誌・図書について記入してください。）									
雑誌	論文標題 <sup>GB</sup>								
	著者名 <sup>GA</sup>		雑誌名 <sup>GC</sup>						
	ページ <sup>GF</sup>	～	発行年 <sup>GE</sup>					巻号 <sup>GD</sup>	
雑誌	論文標題 <sup>GB</sup>								
	著者名 <sup>GA</sup>		雑誌名 <sup>GC</sup>						
	ページ <sup>GF</sup>	～	発行年 <sup>GE</sup>					巻号 <sup>GD</sup>	
雑誌	論文標題 <sup>GB</sup>								
	著者名 <sup>GA</sup>		雑誌名 <sup>GC</sup>						
	ページ <sup>GF</sup>	～	発行年 <sup>GE</sup>					巻号 <sup>GD</sup>	
図書	著者名 <sup>HA</sup>								
	書名 <sup>HC</sup>								
	出版者 <sup>HB</sup>		発行年 <sup>HD</sup>					総ページ <sup>HE</sup>	
図書	著者名 <sup>HA</sup>								
	書名 <sup>HC</sup>								
	出版者 <sup>HB</sup>		発行年 <sup>HD</sup>					総ページ <sup>HE</sup>	

#### 欧文概要 EZ

Reaction-diffusion systems play an important role in studying the mechanism of pattern formations in biological phenomena. Reaction-diffusion systems modeling pattern formation phenomena are nonlinear systems, and numerical simulations often help us to understand the dynamics of solutions of the systems. Recently, much attention has been focused on numerical schemes by which the structure of the solution set is conserved. The aim of this research is to find such schemes to some reaction-diffusion systems. The research was devoted to the analysis of two reaction-diffusion systems, and I could understand the dynamics of solutions to the systems.

First, I studied the Gierer-Meinhardt system, which is called an activator-inhibitor system. I considered the corresponding kinetic system in order to understand the effect of basic production terms on the behavior of solutions. When an inhibitor has a positive basic production term, the dynamics is much complicated. Because there can be three equilibria in some parameter set. In such case, I obtained some results on the possible  $\alpha$ - and  $\omega$ -limit set of solution orbits. Second, I considered a three-component ordinary differential equations which came from a model of pattern formation phenomena in early carcinogenesis. It was proved that, in some cases, all solutions converged to the trivial steady state. Moreover, I could give a clear understanding of the effect of degeneration rates on the convergence speeds.

The results were obtained by introducing transformations of variables. It is expected that those transformations can be a key to find good schemes which conserve the structure of reaction-diffusion systems.