濃度で読む位置の細かさは、誤差を濃度の割合で置けばどこでも同じ、分子の数なら遠いほど粗い

— 長さ 1 の組織に勾配の長さ 0.2 の指数の勾配を置き、細胞が受け取った数から位置を読む — 分離子は、誤差を濃度の割合で置くか、分子の数で置くか — [論文799]

山岸 勇輝 (Yuuki YAMAGISHI)
Yamagishi Complexity Torus Lab, Japan｜山岸勇輝ラボ
2026年9月

— *From thinking to syncing.* —

要旨

勾配を作る分子の濃度から、細胞は自分の位置を読めるか。同じ指数の勾配に二つの誤差の置き方を当て、位置の誤差がどこで何によって決まるかを、一次の式・数値積分・乱数で数える。新しい定理も法則も主張しない。 第一に、濃度の割合で誤差を置くと、位置の誤差は場所に依らない——一次の式で **0.020000**、数値積分で **0.020260**、同じ乱数で三つの位置が **0.020393111** で一致する（第2節）。 第二に、これが本稿の芯である。分子の数で誤差を置くと、源から遠いほど指数で粗くなる——位置 0.1 で **0.002568**、位置 0.9 で **0.018975**、比は $e^2 = 7.389056$（第3節）。 第三に、一次の式と数値積分と乱数は、揺らぎの幅で合う——位置 0.9 で数値積分 **0.019196**、乱数 **0.019203**、五つの位置のずれの二乗和は **12.979778**（第3節）。 第四に、片側から送った勾配では、端まで細かく読めない——細胞一つ以内に読めるのは位置 **0.921034** までで、端の誤差は **0.024365**（第4節）。 第五に、両側から送ると、要る分子の数が大きく減る——最悪の誤差は **4.936090** 分の 1、組織の全部を細胞一つ以内で読むのに要る源ごとの分子数は **14841.315910** から **609.124698** へ、**24.364988** 分の 1（第4節）。 第六に、分離子は、誤差を濃度の割合で置くか、分子の数で置くか——「濃度の勾配は位置を決める」は、誤差をどちらで置くかを言うまで、どこでどれだけ細かく決めるかが決まらない（第5節）。 キーワード：位置情報、濃度の勾配、モルフォゲン、数の揺らぎ、指数の勾配、勾配の長さ。

本稿の射程（射程注記）：新しい定理も法則も主張しない——位置情報という考え（ウォルパート 1969）、濃度の勾配から位置を読む細かさが分子の数で限られること（グレガーら 2007）、指数の勾配では濃度の割合の誤差が勾配の長さに比例する位置の誤差になることは、いずれも既知である。胚を扱わない——実際の分子、受容体、読み取りの機構、どの胚でどれだけの細かさが出ているかは主題ではない。模型は無次元である——組織の長さ 1、勾配の長さ 0.2、源の分子数 10000、細胞一つの幅 0.02 は比べるための値である。誤差は二つの置き方だけを見る——濃度の割合の誤差を一律とする置き方と、分子の数の揺らぎ（平均と分散を等しくし、正規分布で近似する）の置き方である。受容体の結合や、時間をかけた平均は入れない。勾配は定常の指数形とする——勾配ができる途中や、組織が伸びることは入れない。両側からの二本は独立とし、分散の逆数の重みで組み合わせる。既刊との関係：論文648 は、同じ縞でも体節は時計と前線が刻み、チューリングの縞は拡散が刻むことを示し、射程注記で「実際の胚でどちらが働くかは論じない」とした——そこでは縞の幅を何が決めるかを並べた。ここでは縞の手前で、一本の勾配が位置をどこまで細かく決められるかを数える。胚を論じないのも同じ線である。論文191 は、均すはずの拡散が模様を作り、その柵が二つの拡散の速さの比であることを示した——そこでは拡散が模様を作った。ここでは拡散が作る勾配を、読む側の細かさから見る。加えたのは、同じ勾配に二つの誤差の置き方を当て、一方では位置に依らず他方では e^2 倍ひらくことを示したこと、一次の式を数値積分と乱数で確かめたこと、片側から細胞一つ以内に読める位置 0.921034 と、要る分子数が両側で 24.364988 分の 1 になることを閉じた式と二分法で出したこと、分離子を「誤差を濃度の割合で置くか、分子の数で置くか」に置いたことである。

1. 記法と問い

設定：長さ $L = 1$ の組織の端 $x = 0$ に源があり、勾配を作る分子（モルフォゲン）の平均の数が指数で減るとする。細胞は受け取った数 k から自分の位置を読む。

$$\bar{k}(x) = N_0\, e^{-x/\lambda}, \qquad \hat{x} = \lambda \ln \frac{N_0}{k}$$

源の分子数 $N_0 = 10000$、勾配の長さ $\lambda = 0.2$、細胞一つの幅 $w = 0.02$ と置く。位置の誤差は、数の誤差をどう置くかで二つの形になる。

$$\sigma_k = \varepsilon\, \bar{k} \;\Rightarrow\; \sigma_x \approx \lambda \varepsilon, \qquad\qquad \sigma_k = \sqrt{\bar{k}} \;\Rightarrow\; \sigma_x \approx \frac{\lambda}{\sqrt{N_0\, e^{-x/\lambda}}}$$

問い：濃度から位置を読む細かさは、どこで、何によって決まるか。

2. 濃度の割合で誤差を置く

計算 2.1：濃度の割合の誤差を $\varepsilon = 0.10$ とし、位置の誤差を一次の式、数値積分、20000 回の乱数（三つの位置で同じ乱数を使う）で出した。

出し方	位置の誤差
一次の式 $\lambda\varepsilon$	0.020000
数値積分	0.020260
乱数・位置 0.1	0.020393111
乱数・位置 0.5	0.020393111
乱数・位置 0.9	0.020393111

> **観察 2.2**
>
> 濃度の割合で誤差を置くと、位置の誤差は場所に依らない。推定は $x - \lambda \ln(1 + \varepsilon g)$ となり、x が誤差の式から抜けるので、同じ乱数なら三つの位置で一字違わない。一次の式 0.020000 と数値積分 0.020260 の差は、対数の曲がりの分である——指数の勾配は、割合の誤差をどの場所でも同じ位置の誤差に写す。

3. 分子の数で誤差を置く

計算 3.1：分子の数の揺らぎ（平均と分散が等しい）と置き、五つの位置で位置の誤差を一次の式、数値積分、20000 回の乱数で出した。最後の列は、乱数と数値積分のずれを標準誤差で割った値である。

位置	平均の分子数	一次の式	数値積分	乱数	ずれ
0.1	6065.306597	0.002568	0.002569	0.002601	+2.562
0.3	2231.301601	0.004234	0.004236	0.004185	−2.440
0.5	820.849986	0.006981	0.006991	0.007011	+0.574
0.7	301.973834	0.011509	0.011557	0.011578	+0.359
0.9	111.089965	0.018975	0.019196	0.019203	+0.069

> **観察 3.2**
>
> これが本稿の芯である。分子の数で誤差を置くと、源から遠いほど指数で粗くなる。位置 0.1 の 0.002568 に対し位置 0.9 は 0.018975 で、比は $e^{0.8/(2\lambda)} = e^{2} = 7.389056$ である——遠い場所ほど受け取る数が少なく、数の揺らぎの割合が大きくなるので、同じ勾配がそこでは位置を粗くしか決めない。

> **観察 3.3**
>
> 一次の式と数値積分と乱数は、揺らぎの幅で合う。五つの位置のずれの二乗和は 12.979778 で、自由度 5 の 0.1 パーセント点 20.515 の内にある。一次の式は遠い位置ほど数値積分より小さく出る（位置 0.9 で 0.018975 対 0.019196）——数が少ない場所では、一次の式は細かさを少し甘く見積もる。

4. 片側から、両側から

計算 4.1：片側から送った勾配で、位置の誤差が細胞一つの幅 w 以内に収まる範囲を、閉じた式と刻み 10^{-4} の数え上げで出した。両側から同じ勾配を送った場合の最悪の誤差も出した。

$$x^{*} = \lambda \ln \frac{N_0\, w^2}{\lambda^2}$$

量	値
細胞一つ以内に読める端 x^{*}（刻みで数えた端）	0.921034（0.9210）
片側からの最悪の誤差（位置 1）	0.024365
両側からの最悪の誤差（位置 0.5）	0.004936
比 $\sqrt{2}e^{L/(4\lambda)}$	4.936090

計算 4.2：組織の全部を細胞一つ以内で読むのに要る源の分子数を、閉じた式と二分法で出した（二つは相対 10^{-15} 以下で一致した）。

$$N_1 = \frac{\lambda^2}{w^2}\, e^{L/\lambda}, \qquad N_2 = \frac{\lambda^2}{2\,w^2}\, e^{L/(2\lambda)}, \qquad \frac{N_1}{N_2} = 2\, e^{L/(2\lambda)}$$

量	値
片側から N_1	**14841.315910**
両側から、源ごとに N_2	**609.124698**
比 N_1/N_2	**24.364988**
両側の二つを足した数（片側に対する割合）	**1218.249396**（**0.082085**）

> **観察 4.3**
>
> 両側から送ると、要る分子の数が大きく減る。片側からは位置 **0.921034** より先を細胞一つ以内に読めず、端の誤差は **0.024365** だが、両側から送ると最悪の誤差は真ん中の **0.004936** で、要る分子数は源ごとに **24.364988** 分の **1**、二つを足しても片側の **0.082085** 倍である——片方の源から遠い場所は、もう片方の源に近い。

5. 分離子

> **観察 5.1**
>
> 分離子は、誤差を濃度の割合で置くか、分子の数で置くか。割合で置けば位置の誤差はどこでも **0.020000**（数値積分 **0.020260**）で、数で置けば位置 **0.1** と **0.9** で **7.389056** 倍ひらき、片側からは **0.921034** から先を細かく読めない——「濃度の勾配は位置を決める」は、誤差をどちらで置くかを言うまで、どこでどれだけ細かく決めるかが決まらない。

> **観察 5.2**
>
> 論文**648**・**191** と並べる。**648** は縞の幅を時計と前線が決めるか拡散が決めるかを並べ、**191** は拡散が模様を作ることを示した——ここではその手前で、一本の勾配が位置を決める細かさを、読む側の数から数えた。

> **観察 5.3**
>
> 言わないこと。実際の胚の分子、受容体の結合、時間をかけた平均、勾配ができる途中、組織の伸びは扱わない——示したのは、誤差の置き方が、位置の細かさを場所に依らないものにも、指数で粗くなるものにもするということである。

6. 点呼と結び

1. 割合で置いた一次の式 **0.020000**（観察 2.2）：場所に依らない。
2. 数値積分 **0.020260**（計算 2.1）：対数の曲がりの分。
3. 数で置いた位置 0.1 の **0.002568**（計算 3.1）：源の近く。
4. 数で置いた位置 0.9 の **0.018975**（計算 3.1）：源から遠い。
5. 比 **7.389056**（観察 3.2）：本稿の芯・e^2。
6. ずれの二乗和 **12.979778**（観察 3.3）：揺らぎの幅で合う。
7. 片側から読める端 **0.921034**（計算 4.1）：端まで届かない。
8. 最悪の誤差の比 **4.936090**（計算 4.1）：両側から。
9. 要る分子数の比 **24.364988**（計算 4.2）：源ごとに。
10. 割合で置くか、数で置くか（観察 5.1）：分離子・論文648・191。

結び：濃度で位置を読む細かさは、誤差を濃度の割合で置けばどこでも同じで、分子の数で置けば源から遠いほど粗くなる。長さ 1 の組織に勾配の長さ 0.2 の指数の勾配を置くと、濃度の誤差を一律 10 パーセントと置いた位置の誤差はどこでも一次の式で 0.020000（数値積分 0.020260）で、同じ乱数なら三つの位置で一字違わない——指数の勾配は割合の誤差を場所に依らず写す。源の分子数 10000 の数の揺らぎと置くと、位置 0.1 の 0.002568 と位置 0.9 の 0.018975 で $e^2 = 7.389056$ 倍ひらき、片側からは位置 0.921034 より先を細胞一つ以内に読めず、両側から送ると要る分子数は源ごとに 24.364988 分の 1 になる——遠い場所ほど受け取る数が少ないからである。分離子は、誤差を濃度の割合で置くか、分子の数で置くかである。既刊との位置——論文648 は縞の幅を何が決めるかを並べ、論文191 は拡散が模様を作ることを示した。ここはその手前で、一本の勾配が位置を決める細かさを数えた。正直に言えば——模型は無次元で、実際の胚も受容体も時間をかけた平均も扱っていない。

参考文献

1. Gregor, T., Tank, D. W., Wieschaus, E. F., & Bialek, W. (2007). Probing the limits to positional information. *Cell*.

2. Wolpert, L. (1969). Positional information and the spatial pattern of cellular differentiation. *Journal of Theoretical Biology*.

3. 山岸勇輝 (2026). 『均すはずのものが、模様を作る』[論文191]. Zenodo. 10.5281/zenodo.22106439

4. 山岸勇輝 (2026). 『同じ縞でも、体節は時計と前線が刻み、チューリングの縞は拡散が刻む』[論文648]. Zenodo. 10.5281/zenodo.23014631

— From thinking to syncing. —

山岸 勇輝 (Yuuki YAMAGISHI)

© 2026 Yamagishi Complexity Torus Lab, Japan · Licensed under Creative Commons Attribution 4.0 International (CC BY 4.0)