

生物情報ネットワークの解析と制御
Analysis and Control of Biological Information Networks

京都大学化学研究所数理生物情報研究領域 阿久津 達也

研究成果概要

生物情報ネットワークの解析について、ブーリアンネットワーク(BN)とスケールフリーネットワークという数理モデルを主対象にこれまでの研究を継続・発展させた。

BN に関しては以前の研究で静的および動的な定常状態(アトラクター)を観測・分類するために必要な最小の頂点数を求める計算手法を開発した。しかし、その研究ではノイズなしの場合のみを取り扱っていた。そこで、ノイズがある場合に問題の定式化を拡張するとともに、その定式化のもとでの計算手法を開発した。具体的には各アトラクターが K 個のノイズつき頂点を持つ場合でも正しく分類できる最小の頂点集合を求める問題として定式化を行い、最大クリークというグラフ理論的問題を用いる正確なアルゴリズムと、効率的な近似アルゴリズムの両者を開発した[1]。

一方、スケールフリーネットワークに関しては、線形モデル、特に、構造可制御性に基づきネットワーク全体を制御するのに必要な最小の頂点数を計算する問題について研究を行った。この問題については、従来より二部グラフ・マッチングに基づく計算手法が知られていたが、そこには1個の頂点が同時に複数の頂点に制御信号を送ることができるという現実的でない仮定がなされていた。その後、1個の制御頂点は1個の被制御頂点にのみ制御信号を送ることができるというモデルが提案されていた。しかし、被制御頂点の選択には自由度があった。そこで、以前に別の研究で提案されていた必須頂点、間欠頂点、冗長頂点という概念をこのモデルに適用し、整数計画法による計算手法を開発した[2]。一方、目標状態をアトラクターに限定した場合、(グラフ理論における)帰還点集合を制御頂点とすることで任意の目標状態に導けることが知られていた。そこで、実験系の研究者と共同で、マウスの脳の神経回路網から得られたネットワークデータに対して帰還点集合を計算することなどにより、抑制型ニューロンが興奮型ニューロンと比較し、より高い制御性を持つ可能性が高いなどの知見を得た[3]。

発表論文(謝辞なし)

- [1] X. Cheng, W-K. Ching, S. Guo, T. Akutsu, Discrimination of attractors with noisy nodes in Boolean networks (Technical Communique), *Automatica*, 130, 109630, 2021.
- [2] T. Shinzawa, T. Akutsu, J. C. Nacher, Uncovering and classifying the role of driven nodes in control of complex networks, *Scientific Reports*, 11(1), 9627, 2021
- [3] M. Kajiwara, R. Nomura, F. Goetze, M. Kawabata, Y. Isomura, T. Akutsu, M. Shimono, Inhibitory neurons exhibit high controlling ability in the cortical microconnectome, *PLoS Computational Biology*, 17(4), e1008846, 2021.