

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

我々はこれまで生物情報ネットワークの解析について、スケールフリーネットワークとブーリアンネットワークという数理モデルを主対象に研究を行ってきた。平成 29 年度も引き続きこれらについて研究を継続した。

スケールフリーネットワークは次数分布がべき乗則にほぼ従うネットワークのことで、多くの生物情報ネットワークがこの性質を持つとされている。我々は近年、最小支配集合(MDS)を用いたスケールフリーネットワークの制御問題の定式化とその解析を行ってきた。昨年度は無向ネットワークを対象に MDS 中の頂点のうち、すべての MDS に含まれる必須頂点の高速な計算法を開発したが、今年度は有向ネットワークを対象に必須頂点の高速な計算法を開発した。昨年度同様、事前処理において多くの必須頂点などを求めることにより繰り返しの回数を大幅に削減し、最大で 176 倍の高速化を達成し、その結果として 65,000 頂点からなる大規模ネットワークに対し必須頂点を計算することが可能となった。さらに、この手法を 70 種の植物の代謝ネットワーク解析に適用し、必須頂点に対応する酵素には重要な役割を果たす多いことなどが見出された[1]。

ブーリアンネットワークは遺伝子ネットワークの離散数理モデルであり、近年、その制御などについて多くの研究が行われている。我々は昨年度はブーリアンネットワークの制御に必要な最小個数の頂点について研究を行ったが、今年度はネットワークの状態観測に必要な最小個数の頂点について研究を行った。しかし、一般には多数の頂点が必要となる場合があることが知られているので、定常状態を識別するのに必要な頂点数とその決定のためのアルゴリズムについて研究を行った。その主要な結果の一つとして「2種類の異なる動的定常状態は2個の頂点の動的挙動を観測することにより区別できる」ということを中国剰余定理を用いて導いた。これらの結果をもとに定常状態を識別するためのアルゴリズムを開発し、いくつかのネットワークモデルに適用した結果、多くの場合に比較的少ない個数の頂点の挙動を観測することにより静的および動的な定常状態を識別することが可能であることがわかった[2]。

発表論文(謝辞なし)

- [1] M. Ishitsuka, T. Akutsu, and J. C. Nacher: Critical controllability analysis of directed biological networks using efficient graph reduction, *Scientific Reports*, 7, 14361, 2017.
- [2] X. Cheng, T. Tamura, W-K. Ching and T. Akutsu. Discrimination of singleton and periodic attractors in Boolean networks, *Automatica*, 84, 205-213, 2017.