

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)、および、複雑ネットワークの可制御性を主対象にして、これまでの研究を継続・発展させた。

BNは遺伝子ネットワークの離散数理モデルの一つであり、各遺伝子は発現しているか(1)、いないか(0)のいずれかの値をとり、その制御規則はブール関数の形式で与えられ、単位時刻ごとに同期してネットワーク全体の状態が変化する。特に、ネットワーク全体の状態が変化しない静的定常状態は点アトラクターとよばれ、BNにおいて重要な役割を果たす。今年度の研究では、複数のBNが与えられた場合、それらに共通する点アトラクター、および、類似の点アトラクターについて、その分布の理論解析を行うとともに、検出アルゴリズムを開発した。さらに、ランダムに作成したBN、および、実際の生体ネットワークのBNモデルを用いた計算機実験により、検出アルゴリズムの有用性を示した[1]。

複雑ネットワークの制御については、以前より最小支配集合(MDS)というグラフ理論に基づく制御モデルを提案し、その様々な性質や拡張について研究してきた。本年度の研究では、各頂点を含むMDSの頻度を頂点の重要度とする指標を提案し、その近似的な計算法を開発するとともに、実際の生体ネットワークモデルを用いた計算機実験を行い、その概念や計算法の有用性を示した[2]。一方、複雑ネットワークの別の制御モデルとして、帰還点集合(FVS)というグラフ理論に基づくモデルも知られている。FVSを重み付きのグラフに拡張した制御モデルについて以前に研究を行ったが、今年度は実験系の研究者との共同研究として、マウスの実際の脳の神経細胞のネットワークに対して、この拡張モデルを適用した。その結果、FVSの頂点は、興奮性の神経細胞より抑制性の神経細胞により多く存在し、他手法でも得られた「興奮性の神経細胞と比較し抑制性の神経細胞の方がネットワーク制御により寄与している」という知見と定性的に一致していることが示された[3]。

発表論文(謝辞なし)

- [1] Y. Cao, W. Pi, C-Y. Lin, U. Münzner, M. Ohtomo, T. Akutsu: Common attractors in multiple Boolean networks. *IEEE ACM Trans. Comput. Biol. Bioinform.*, 20(5), 2862-2873, 2023.
- [2] W. Someya, T. Akutsu, J.M. Schwartz, J.C. Nacher: Measuring criticality in control of complex biological networks, *NPJ Syst. Biol. Appl.*, 10(1), 9, 2024.
- [3] K. Matsuda, A. Shirakami, R. Nakajima, T. Akutsu, M. Shimono: Whole-brain evaluation of cortical microconnectomes. *eNeuro*, 10(10), ENEURO.0094-23.2023, 2023.