

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。BNにおいて静的定常状態は細胞の種類などに対応し、その状態を保つことが重要である。一方、外乱によりBNの構造に変化が生じる場合がある。そこで、本研究では外乱により辺が削除された場合にも、静的定常状態を安定に保つための制御方式を開発した。そして、理論解析およびシミュレーション解析によりその有用性を示す一方、最小数の制御頂点を検出することが計算論的に困難な問題であることを示した[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、有向ネットワークにおけるMDSに基づく頂点の重要度(必須、間欠、冗長)の高速な計算法を開発し、計算機実験によりその有用性を示した[2]。一方、複雑ネットワークの別の制御モデルとして、線形制御理論に基づくモデルも知られている。そのモデルにおいて、対象となる頂点を限定した場合に対する制御頂点を選択する問題をパス被覆問題として定義し、それに対してネットワークフローアルゴリズムを適用する手法が提案されていた。本研究においては、その定式化に対し、ネットワークフローアルゴリズムを利用せず、より単純な二部グラフマッチングを利用する計算手法を開発した。そして、その正当性を理論的に示すとともに、その有用性を計算機実験により示した[3]。

発表論文(謝辞なし)

- [1] Q. Pan, J. Zhong, T. Akutsu, Y. Liu, R. Liu: Distributed pinning control: stabilizing large Boolean networks subjected to perturbations, *IEEE Trans. Cybern.*, 54(11):7094-7102, 2024.
- [2] Y. Tokuhara, T. Akutsu, J. M. Schwartz J.C. Nacher: A practically efficient algorithm for identifying critical control proteins in directed probabilistic biological networks. *NPJ Syst Biol Appl.*, 10:87, 2024.
- [3] W. Someya, T. Akutsu, J.C. Nacher: Target control of linear directed networks based on the path cover problem. *Sci Rep.*, 4:16881, 2024.