

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について重要な概念として可観測性があり、BNが可観測であるとは、出力信号系列からネットワークの初期状態を一意に決定できることである。ただし、BNを可観測とするためには通常は多くの観測頂点(出力頂点)が必要となり、現実的でない。そこで、ある程度の誤差を許して初期状態を推定することを許した近似的可観測性という概念を新たに提案した。さらに、BNの構造をデータから完全に一意に決定することも困難であるので、与えられたデータのみに基づき可観測性を議論する枠組みを構築し、それと近似的可観測性との理論的関係を導いた[1]。

複雑ネットワークの制御については、帰還点集合(FVS)というグラフ理論に基づく制御モデルについて研究を行った。FVSは有向グラフにおいて、その集合への入力辺をすべて削除することにより有向閉路がなくなるという頂点集合である。そして、FVSの頂点を制御頂点として選択することにより、(ある妥当な仮定のもとで)ネットワークを任意の定常状態に導けることが知られている。本研究では、複数のネットワークを同時に制御するために、複数のネットワークにおいて有向閉路をすべて削除できる共通の頂点集合のうち、頂点数が最小であるものをMCFVS(minimum common feedback vertex set)として定義し、整数計画法を用いてMCVFSを計算する手法を開発した。そして、グラフの縮約や閉路検出などに基づく効率化処理と組み合わせることにより、実際の生物情報ネットワークデータに対してMCFVSが計算可能であることを示した[2]。

発表論文(謝辞なし)

- [1] X. Ge, T. Akutsu, L. Sun, J. Lu, J. Zhong: Observability and approximate observability of Boolean control networks from finite offline data, *SCIENCE CHINA Information Sciences*, in press.
- [2] S. Nakashima, T. Mori, R. Li, T. Akutsu: A method for computing the minimum common feedback set for a multilayer network and its application to analysis of biological data. *J. Inf. Process.* 33:345-356, 2025.