

代謝ネットワーク構造とその発展性の探求

Topological assessment of metabolic network structure and evolution

東京工業大学 生命理工学院 生命理工学系

平井颯

研究成果概要

細胞内では様々な生化学反応が相互に連携し、環境中から取り入れた栄養源を利用してエネルギーを生産し、生存に必要な物質を合成している。これらの生化学反応のつながりは、化合物をノード、反応をエッジとする代謝ネットワークとして記述することができる。代謝ネットワークの構造を解析する手法のひとつとして **Network expansion** アルゴリズムが知られている。この手法では、各反応についてすべての反応物が存在すれば反応が進むと仮定する。ある化合物の集合 (seed) から計算を開始し、新たな化合物が生じなくなるまでこの操作を繰り返すと、最初に存在する化合物から代謝ネットワークを介して生成可能なすべての化合物を見つけることができる。

本研究では、多様な微生物種の代謝ネットワークをゲノム情報をもとに構築し、**Network expansion** を用いてその構造について解析した。まず、微生物ゲノム情報に対して遺伝子機能アノテーションを行って代謝能を抽出し、代謝ネットワークを構築した。次に、生命の生存に必須と考えられる化合物を定義し、それらの化合物の生成のために代謝ネットワークにインプットとして与える必要のある最小限の化合物の集合 (**minimal seed set**) を貪欲法によって探索した。その結果、**minimal seed set** に含まれる化合物の数と代謝ネットワークに含まれる反応の数に相関関係があることが明らかとなった。また、**minimal seed set** と生理機能との関係について解析した。今後は、**minimal seed set** に含まれる化合物の特徴を解析するほか、解析アプローチの改良を行い、実際の微生物の栄養要求性の理解に資する結果を得ることを目指す。

代謝ネットワークの構築のため、スーパーコンピュータシステム上で **eggNOG-mapper** を用いた遺伝子機能アノテーションを行った。また、**Julia** を用いて代謝ネットワーク構造の解析を行った。