

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

我々は多くの生物情報ネットワークが持つスケールフリー(次数分布のべき乗則)という性質についてこれまで継続して研究してきた。近年は最小支配集合(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。2014年に我々はMDSにおける必須頂点(critical node)という概念を提案し、その理論解析を行い、計算手法を開発し、タンパク質相互作用ネットワーク解析への応用などを行った。今年度はそのMDSにおける必須頂点という概念を二部グラフ構造を持つネットワーク、すなわち、二種類の異なるタイプの分子から構成されるネットワークに拡張し、その計算手法を開発した。さらに、この手法を ncRNA とタンパク質から構成される二部ネットワークの解析に適用した。その結果、必須頂点は病気と関係する報告されている ncRNA に対応することが多いなどに知見が得られた[1]。

一方、我々は遺伝子ネットワークの離散数理モデルであるブーリアンネットワークについても継続して研究してきた。今年度はこのブーリアンネットワークの確率的な拡張である確率ブーリアンネットワークの推定手法について研究を行った。確率ブーリアンネットワークの推定については従来からいくつかの手法が提案されていたが、数理的な保証のないヒューリスティックなものがほとんどであった。そこで本研究において、十分なサンプルが与えられた場合に厳密に同定可能な確率ブーリアンネットワークのクラス、および、同定不可能なクラスを明らかにすべく研究を行った。最初から一般の確率ブーリアンネットワークを扱うのは困難であるので、1個の頂点に2個のブール関数が割り当てられ、かつ、ブール関数としてはリテラルの論理和もしくは論理積からなるものを中心に検討した。その結果、「2個のブール関数が同じ次数を持ち、かつ、同じ変数に関する正負のリテラルが同時に出現しない場合には確率に関係なく厳密に同定可能である」などの理論的成果を得た[2]。

発表論文(謝辞なし)

- [1] H. Kagami, T. Akutsu, S. Maegawa, H. Hosokawa and J. C. Nacher, Determining associations between human diseases and non-coding RNAs with critical roles in network control, Scientific Reports, 5:14577, 2015.
- [2] X. Cheng, T. Mori, Y. Qiu, W-K. Ching and T. Akutsu, Exact identification of the structure of a probabilistic Boolean network from samples, IEEE/ACM Transactions on Computational Biology and Bioinformatics, in press.