

代謝経路制御における被制御頂点の分析

新沢夢斗^{†1} 阿久津達也^{†2} ナチエル・ホセ^{†3}

Maximum Matching (MM) アプローチは少ない制御頂点を用いて複雑ネットワークを制御するために提案された。このような制御頂点の標的頂点は被制御頂点と呼ばれる。しかしながら、MM モデルは複数の被制御頂点にシグナルを送る制御頂点の構成が可能のため制御頂点の数を過小評価している可能性がある。さらに、MM モデルの解は一意ではないため、新しいアルゴリズムが必要である。本研究では大規模代謝ネットワークにおいて被制御頂点を一意に同定する新しいアルゴリズムを提案する。このアルゴリズムを用いた解析結果はほとんどの代謝ネットワークにおいて MM モデルが制御頂点の数を過小評価していることを示すだけでなく、ターゲットとなる被制御分子の生物学的重要性も示している。

Analysis of driven nodes in control of metabolic pathways

YUMA SHINZAWA^{†1} TATSUYA AKUTSU^{†2} JOSE C. NACHER^{†3}

The maximum matching (MM) approach was proposed to control complex networks by using a small number of driver nodes. The targets of such driver nodes are called driver nodes. However, the MM model may underestimate the number of driver nodes because it allows configurations of multi-signal driver nodes. Moreover, because the solution of a MM model is not unique new algorithms are needed. Here we propose a new algorithm that identifies unique driven nodes in large-scale biological networks. The developed algorithm does not only demonstrate that the MM model underestimates the number of driver nodes in most of the analyzed metabolic networks but also shows the biological importance of the targeted driven molecules.

†1 東邦大学院 理学研究科 情報科学専攻

Graduate School of Science, Toho University

†2 京都大学 化学研究所 バイオインフォマティクスセンター

Bioinformatics Center, Institute for Chemical Research, Kyoto University

†3 東邦大学 理学部 情報科学科

Department of Information Science, Toho University