

細胞全代謝のメカニズムに基づく数理モデリング

倉田博之^{†1†2}

概要：オミクスや画像データを含むビッグデータから細胞の生理学的変化を予測する数理モデルの開発は急速に進んでいる。最近の機械学習の進歩に基づいたデータドリブン型の研究開発である。一方で、2000年ごろシステム生物学として脚光を浴びた、分子レベルのメカニズムに基づいた数理モデリング（モデルドリブン）研究も、合成生物学の発展とともに再興しつつある。遺伝子レベルからの細胞代謝システムの合理的合成という観点から、私たちが長年行ってきた大腸菌の全代謝モデル開発について紹介し、その問題点と発展の可能性について議論する。

キーワード：動力学、最適化、パラメータ推定、ロバストネス

†1 九州工業大学
Department of Bioscience and Bioinformatics, Kyushu Institute of Technology

†2 九州工業大学
Biomedical Informatics R & D Center, Kyushu Institute of Technology