

確率的可制御性解析による脳老化における重要タンパク質の同定

山口英実^{†1} 阿久津達也^{†2} ナチエル・ホセ^{†3}

複雑ネットワークとネットワーク制御理論を統合することにより、さまざまな研究分野で有望な結果が示されてきた。多くの生物システムの可制御性が研究されてきたが、人間の脳の老化プロセスはネットワーク可制御性の観点から研究されていない。本研究では、年齢とともに変化する動的タンパク質ネットワークを構築し、寿命全体における重要な制御タンパク質の同定を可能にする新たな確率的可制御性アルゴリズムを提案する。このアルゴリズムを適用した結果、同定された重要タンパク質が既知の老化遺伝子に有意に関連していることが示された。

Determining critical proteins in normal brain aging using probabilistic controllability

EIMI YAMAGUCHI^{†1} TATSUYA AKUTSU^{†2} JOSE C. NACHER^{†3}

Network controllability is showing promising results in different research fields by integrating complex networks and network control theories. Although many studies have explored biological systems from a control theory perspective, the human brain aging process has not been studied before using network controllability. Here, we construct dynamic protein networks across ages and propose a novel critical probabilistic controllability algorithm that allows us to identify critical protein controllers along the entire lifespan. The preliminary results show that the identified critical proteins are significantly associated to well-known aging genes.

^{†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