

生物学的確率有向ネットワークにおける 重要制御頂点の同定アルゴリズム

徳原雄佑¹ 阿久津達也² ナチエル ホセ³

概要: ネットワークの可制御性の目的はサイズの大きいネットワークをコントロールするための新たなアルゴリズムの設計だけでなく、生物学的に重要な頂点（遺伝子、タンパク質など）を同定することにもある。しかし、多くのネットワークでは疾患や隣接する細胞の変動により分子間で失敗が発生することがあるため確率的であり、その予測には限界がある。本研究では、我々は大規模な有向確率的タンパク質相互作用ネットワークにおいて重要なタンパク質を同定するための最小支配集合の新たな確率的なモデルを提案する。そして、データ解析によって同定された重要なタンパク質は生物学的に重要な機能と関連付いていることが示された。

An algorithm for identifying critical control nodes in probabilistic directed biological networks

YUSUKE TOKUHARA^{†1} TATSUYA AKUTSU^{†2} JOSE C. NACHER^{†3}

Abstract Network Controllability aims not only at designing new strategies to control large scale networks but also to identify important genes associated to specific biomedical functions. However, many networks are probabilistic, because reactions or interactions between molecules are subject to partial failure due to disease and cell neighbored fluctuations, or due to model-based prediction limitations. Here we propose a new controllability model based on the minimum dominating set (MDS) approach that identifies critical proteins in large directed probabilistic protein interaction networks. The data analysis also shows that the identified critical proteins are associated to important biomedical functions.

¹ 東邦大学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, Faculty of Science, Toho University