

日時：5月20日（火）午後4時30分～5時30分

場所：総合研究実験棟2階 CB207号室

講演題目：

記号計算による生体ネットワーク動態解析

講演者：

産業技術総合研究所・生命情報工学研究センター

堀本 勝久

概要：

生命現象の特徴の一つとして、構成要素間の相互作用が極めて重要な役目を果たしている事が挙げられる。例えば、生命現象の素過程の一つである細胞内タンパク質の化学反応は、そのほとんどがタンパク質分子間相互作用に起因している。このことから、生命現象の総合的な理解にはシステム論的な相互作用の理解が必要であり、数理的にはネットワーク解析が要求される。ただし、相互作用を担う構成要素について実験計測が困難な場合がしばしば起こり、この場合は計測データのないネットワーク要素（隠れ変数）を含むネットワークの解析が必要とされる。最近我々は、微分方程式系をラプラス変換して代数方程式系に変形する従来法に着目し、隠れ変数を含むネットワークの動態解析法を開発している。記号計算を駆使することで代数方程式系において隠れ変数を消去し、計測可能な変数のみから成る方程式系を導出すると同時に、計測データについて代数方程式系の近似式を推定し、最終的に2つの代数方程式系を比較することでネットワーク動態を解析する。具体的な解析例として、コンパートメントモデルに基づく PET 計測によるドーパミン代謝と Transfected cell array による TRAIL 誘導 MAPK パスウェイモデルについての解析結果を紹介する。