

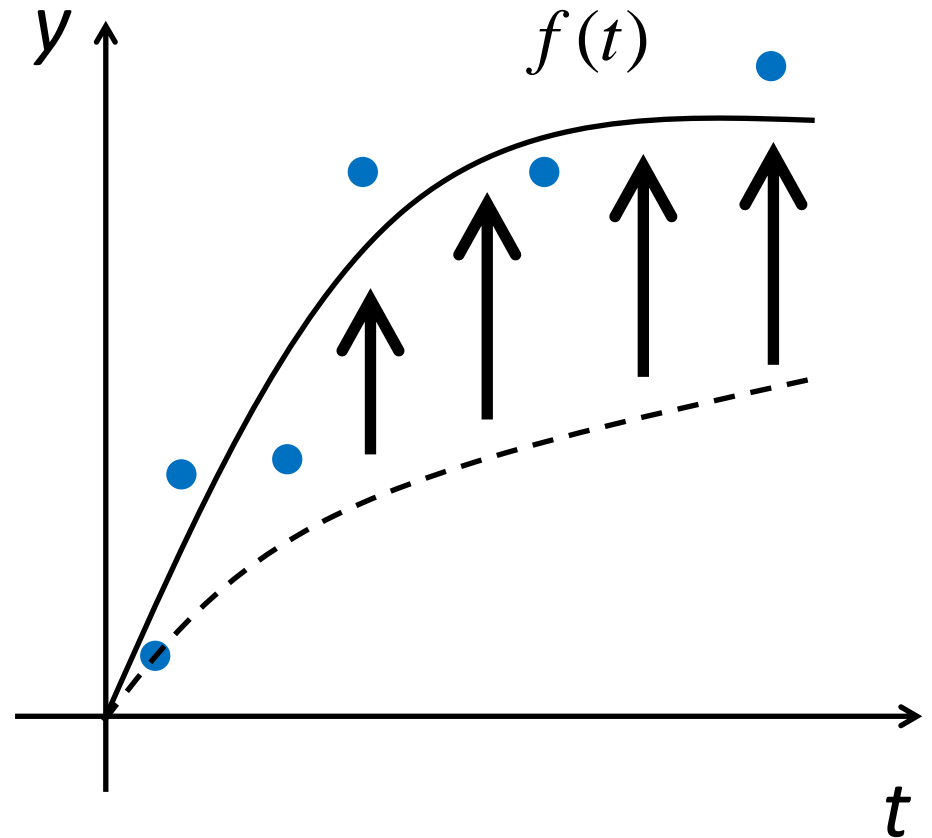
スーパーコンピュータ活用事例：

遺伝研スパコンによる  
システム生物学研究の高速化・大型化

東京大学・黒田研究室  
柚木 克之 (ゆぎ・かつゆき)

# 数理モデルのパラメータ推定に利用

- 常微分方程式モデル
  - MATLAB で記述
- 時系列の実験データに合うパラメータを推定
- 研究のボトルネック
  - スパコンで解消！



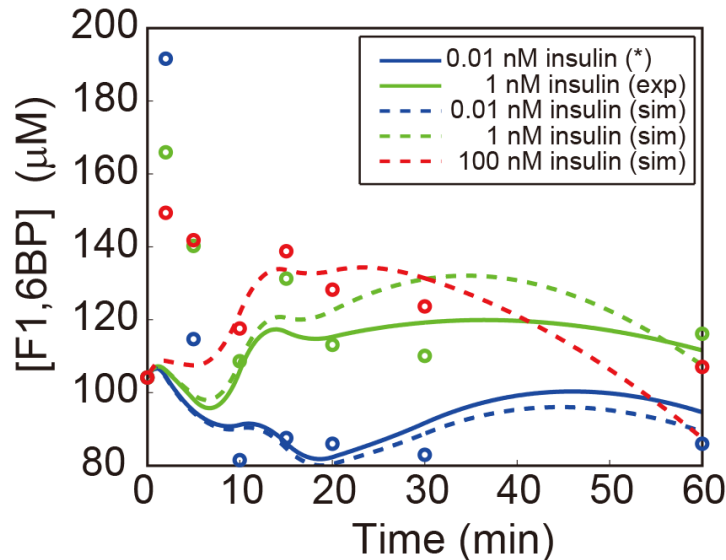
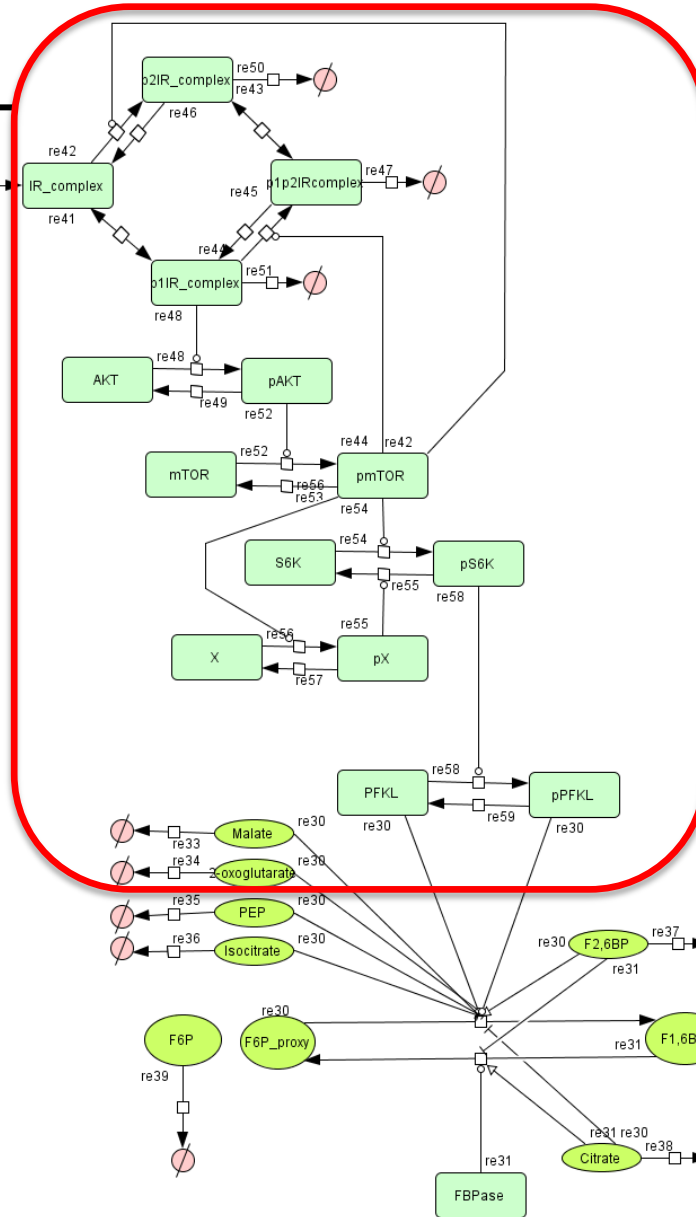
# 成果：acceptされた論文1報、投稿中1報

---

- Yugi *et al.*, “Reconstruction of signal flow of insulin action from phosphoproteome and metabolome data”, *Cell Reports* accepted.
- Ohashi *et al.*, submitted.
- Yugi *et al.* 謝辞
  - “... The computational analysis of this work was performed in part with support of the super computer system of National Institute of Genetics (NIG), Research Organization of Information and Systems (ROIS).”
- Ohashi *et al.* 謝辞
  - “... The computations for this work were performed in part on the NIG supercomputer system at ROIS National Institute of Genetics.”

# 事例 1 : インスリン代謝制御ネットワークの数理モデル解析

- 新規代謝調節経路のシミュレーション
- 解糖系の新規調節経路を特定



# インスリン代謝制御モデルのパラメータ推定

---

- 進化的アルゴリズムによるパラメータ推定
  - 200 乱数シード (=200 コア)
  - 200 個体
  - 2000 世代
- スパコンにより計算時間大幅短縮
  - 十数時間 → 約30分！
  - モデル (=仮説) 選択が可能に
- Cell姉妹誌 'Cell Reports' から publish 予定

# まとめ：スパコンによるシステム 生物学研究の高速化・大型化

---

- 従来不可能だった数理モデル解析が可能に
  - 短期間で新規経路を発見
  - 個体別モデルから普遍的性質を発見
- 論文accept x 1報 (Cell Reports)、  
投稿中 x 1報
- さらに準備段階のプロジェクト x 2