

# 遺伝子発現情報に対する情報探索のための新手法の開発

研究者名: 福多賢太郎  
 所属・役職: 室蘭工業大学SVBL・博士研究員  
 共同研究者: 岡田吉史(室蘭工業大学)

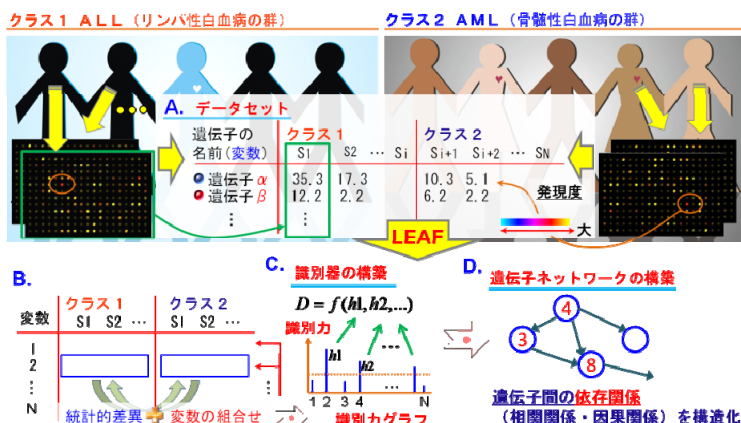
番号:  
T-2-15

研究分野  
理・工学系  
研究領域(ゲノム)

研究キーワード  
DNA, 遺伝子解析,  
データマイニング,  
バイオインフォマティクス

## 背景・目的

DNAマイクロアレイを用いた遺伝子の発現差解析では、解析対象(例えば癌や脳卒中といった病理、植生の異なる木々や果実等)の識別やそれらが持つ生物学的プロセスの理解を促す情報を探索することが重要であり、情報技術的には膨大な組み合わせ探索が必要である。同時観測できる遺伝子の数が急速に増加している近年においては、効率的かつ高精度なアルゴリズムや、有用な遺伝子グループをわかりやすく表現する技術が求められている。



## 研究の成果

**遺伝子選択法『LEAF』**を開発し、その有用性を2本の学術論文、6本の国際学会、3件の国内学会発表を通じて示した。当手法は表現型の異なる2クラス間の統計的差異を解析し、クラス間を差別化する変数(遺伝子)の寄与度をDPS(Discriminant Power Score)グラフとしてわかりやすく視覚化する点に特徴がある。DPSグラフを見ることで、有用な遺伝子の候補の分布や数を直感的に把握することが可能となる。

遺伝子データベースに登録されている白血病のデータセットに対して当手法を適応した。抜き出された遺伝子グループに対して、遺伝子オントロジーを用いて機能解析を行ったところ、癌の発現遺伝子、細胞の突然変異に関連した遺伝子、抗がん剤のコントロールと関係する遺伝子等、近年の生物学研究において、癌と関係の深い遺伝子であることが明らかとなった。

## 将来展望

当年はアルゴリズムの開発と有効性の検証を実施した。また、当手法を広く普及させ利活用するための計算機サーバーを配備した。

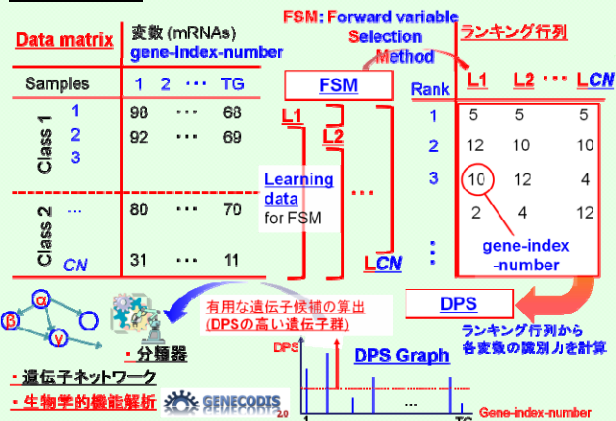
今後は解析対象とするデータセット(特に、農林、畜産、水産といった病理以外の遺伝子データ)を広げると共に、既存の古典的な遺伝子選択法との比較を詳細に行うことで、当手法の優位性をより明確に示す。

現在、計算機サーバーに、当手法のWebアプリケーションやスタンドアロンプログラムの配置を行っている。バイオインフォマティクス分野および生物学や創薬に携わるユーザが自由に活用できるツールの提供を目指す。フィードバックを得て、改善を続け、当分野における貢献を狙う。

配備されたGPGPU  
計算機サーバー



## 手法の概要



Fukuta, K., Nagashima, T., Uozumi, T., and Okada, Y., "A Novel Gene Analysis Method for Biomarker Mining in DNA Microarray Data," International Journal of Computer Information Systems and Industrial Management, 2011.

Fukuta, K., Nagashima, T., and Okada, Y., "LEAF: leave-one-out forward selection method for cancer classification using gene expression data," 9th IEEE/ACIS International Conference on Computer and Information Science, pp. 31-36, 2010.