

線形回帰による遺伝子共発現ネットワークの種内統合

大林武^{†1}、青木裕一^{†2}

概要 : 遺伝子共発現 (遺伝子発現プロファイルの類似性) は遺伝子機能推定に広く利用されている。我々はこれまでに様々な生物種についてマイクロアレイ、RNAseq に基づく遺伝子共発現情報を導出してきたが、異なるトランスクリプトーム測定技術に由来する発現量データを直接組み合わせるのは、各々の技術に依存したノイズ特性があるために難しい。今回、線形回帰によってこれらを種内統合することで、ゲノム内の全遺伝子ペアを網羅する高精度の共発現データを構築したので、その概要を報告する。

キーワード : 遺伝子ネットワーク, 遺伝子共発現, トランスクリプトーム, 進化

^{†1} 東北大学大学院情報科学研究科

^{†2} 東北大学東北メディカル・メガバンク機構