

部分的最小二乗法に基づく腫瘍細胞における遺伝子発現量及び薬物反応データ関係性推定法

丸田薫平^{†1} 竹本和広^{†2} 阿久津達也^{†3}

概要：治療も視野に入れたがんのメカニズム（どの遺伝子が、どのような異常挙動を引き起こし、どの薬物が、どのような制御機構によりこれを抑制するのか）の理解は、大きな課題の一つである。このメカニズムの推定には、がん細胞の遺伝子情報だけでなく、薬物反応情報も考慮した、統合的な分析が重要である。我々は、遺伝子発現データと薬物反応データの関係性を多対多（コモジュール）として捉えることで、双方の組み合わせを考慮した **Partial Least Square (PLS)** をベースに、薬物間の関係性をネットワーク情報として追加した統合分析手法の開発に取り組んでいる。本研究手法は、シミュレーションデータによるコモジュール推定において、従来手法と比べ、より良いパフォーマンスを示した。今後は、実データより推定されたコモジュールの分析を通じて、対象となるがん細胞メカニズムの推定を行う。

キーワード：統合分析, PLS, 遺伝子発現データ, 薬物反応データ

^{†1} 京都大学大学院 情報学研究科 知能情報学専攻
^{†2} 九州工業大学 大学院情報工学研究科 生命情報工学系
^{†3} 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