

少サンプルな時系列データからの 動的な遺伝子発現制御解析

用途・応用分野

医学・生物学の遺伝子の動的な解析、細胞分化の解析
時系列データの詳細な解析

本技術の特徴・従来技術との比較

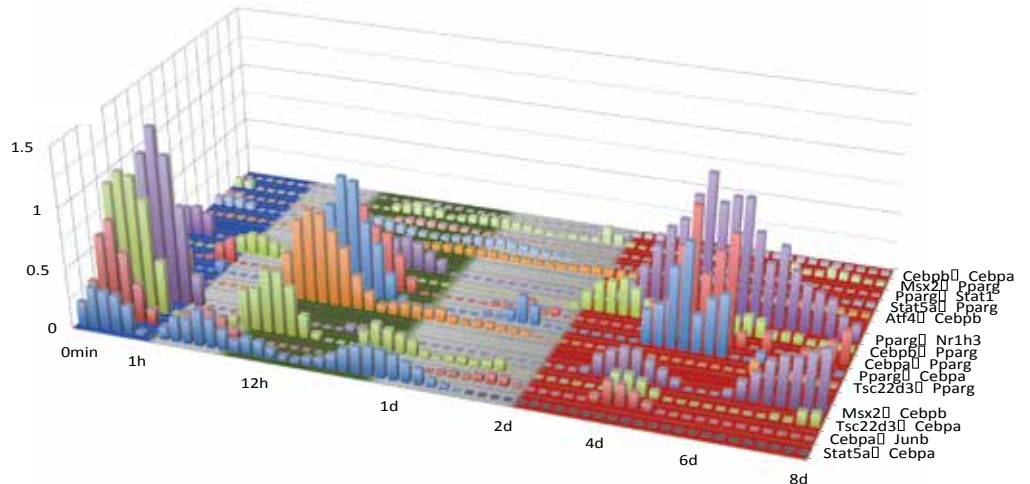
【従来】時系列データの各時点における状態解析は困難であった

【本手法】

1. 時系列の各時点における制御の強さを数値として表現可能
2. 医学・生物学のデータに特徴的な、少サンプル数での解析が可能

技術の概要

1. 遺伝子の発現制御を因果関係とみなす
2. 解析の基本技術は、ベイジアンネットワーク
3. ある時点 t の解析を行うとする
4. 時系列データから時点 t を取り除く
5. 情報量基準値を計算
6. 時点 t 以外の時点も同様に計算
7. ステップ5と6の平均差異が時点 t の制御強度



マウスの脂肪細胞分化時の遺伝子制御解析結果
細胞分化が3つの波（フェーズ）で進行している事がわかる

横軸：時間
奥行：遺伝子の発現制御関係（14組）
高さ：各時点における遺伝子の発現制御の強さ

特許・論文

<論文>

Yoichi Takenaka, et. al,
Detecting shifts in gene regulatory networks during time-course experiments at single-time-point temporal resolution,
J. Bioinformatics and Computational Biology,
vol. 13 Issue 5 (2015)

研究者

竹中 要一
総合情報学部 総合情報学科
竹中研究室

お問い合わせ先

関西大学 社会連携部 産学官連携センター

TEL: 06-6368-1245

MAIL: sangakukan-mm@ml.kandai.jp