

[P085]

A self-organizing state space approach to
infer time-varying causalities between
regulatory proteins

(自己組織化状態空間モデルを利用した転
写調節タンパク質間時変因果の推定)

広瀬 修, 清水謙多郎

東京大学農学生命科学研究科
応用生命工学研究室

状態空間モデルによる転写調節タンパク質間の時変因果推定

モデル

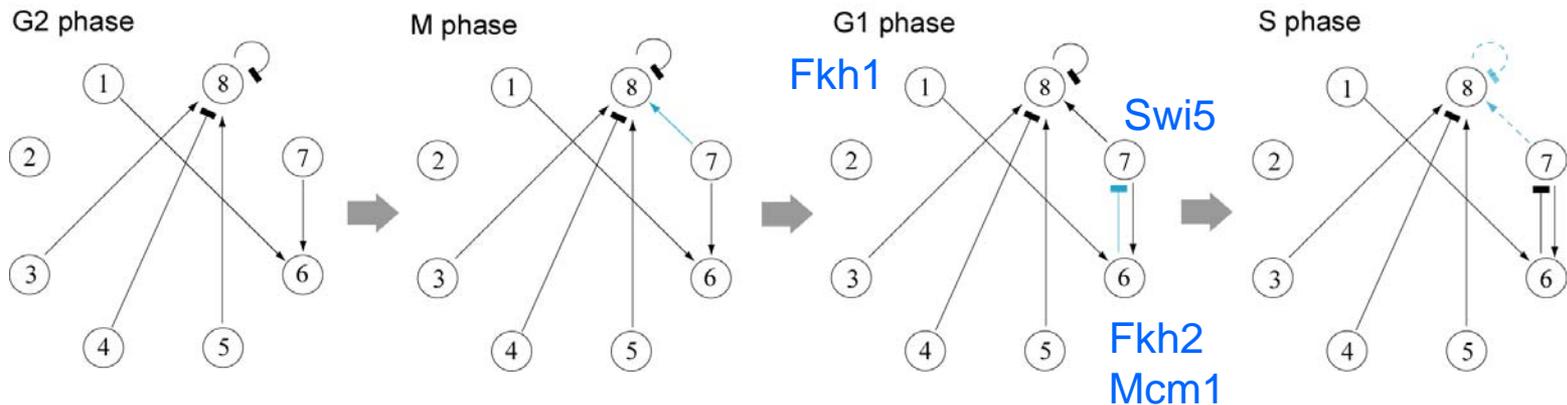
- 観測モデル $y_n = Hx_n + w_n$ $w_n \sim N(0, R)$
- システムモデル $x_n = F_n x_{n-1} + v_n$ $v_n \sim N(0, Q)$
- 初期状態 $x_0 \sim N(\mu_0, \Sigma_0)$

$y_n \in \mathbb{R}^p$: 遺伝子発現ベクトル, $x_n \in \mathbb{R}^k$: 状態ベクトル

罰則尤度

$$l(\theta) = \ln \sum_{l=1}^L p(y_1, \dots, y_N; \theta) - \lambda \sum_{n=1}^{N-1} \sum_{i,j} (f_{ij,n+1} - \eta f_{ij,n})^2$$

推定された転写調節タンパク質間の時変因果ネットワーク



- Swi5によるM/G1期の遺伝子群の発現の活性がFkh2の結合により抑制される. (Voth et al. 2007)
- Fkh1とFkh2はM期に必要とされる遺伝子群の転写をMcm1と強調することで活性化する. (Kumar2000)