

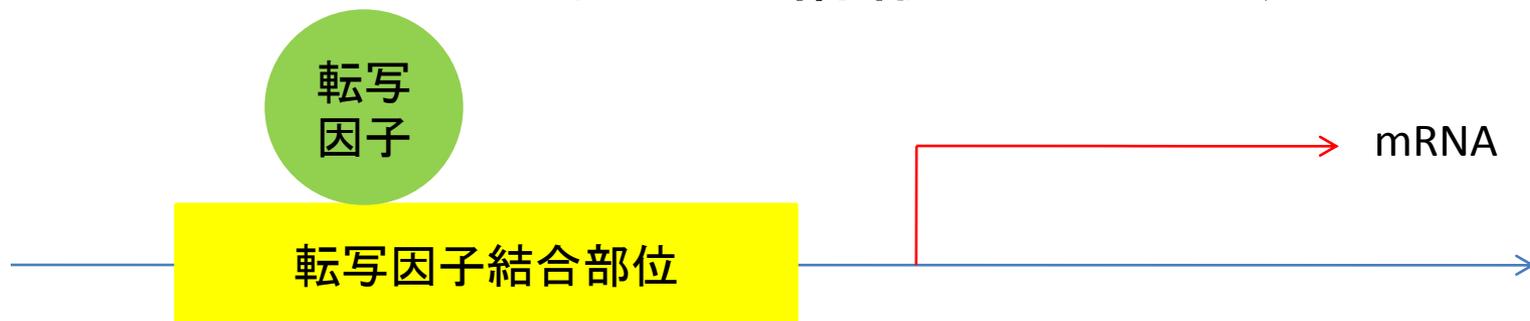
[P023]

How much is sequence predictive for gene expression?

白石 友一、長嶋剛史、岡田真里子

理化学研究所 細胞システムモデル化研究チーム

- 遺伝子の転写制御メカニズムの解明への機械学習的なアプローチ
- 遺伝子発現に関係すると言われている因子
 - 転写因子結合配列
 - ヒストンの位置
 - エピジェネティックな情報(メチル化、アセチル化)



遺伝子の発現を配列から予測！

- 遺伝子の上流配列を入力とし、遺伝子が発現が変動するか否かを出力とする判別機を構成
 - 上流配列のみで、どの程度発現の変動を予測できるか？の精度を判別率により検証。
 - 重要となる配列モチーフを選択し、生物学的な観点からの議論を加える。