

分野名: ライフ

遺伝子発現実験データからの遺伝子ネットワークの推定

■ プログラム名: GNISC

■ 開発

□ 鳥取大学工学部 助教授 木村周平

■ 概要

- DNA マイクロアレイによって計測される遺伝子発現量から、実際の細胞内の遺伝子間相互作用を推定
- 遺伝子ネットワーク同定問題を連立微分方程式モデルのパラメータ推定問題に帰着

■ アルゴリズム

- 遺伝子ネットワーク問題を遺伝子毎の部分問題に分割
- C++ および MPI

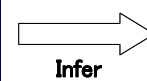
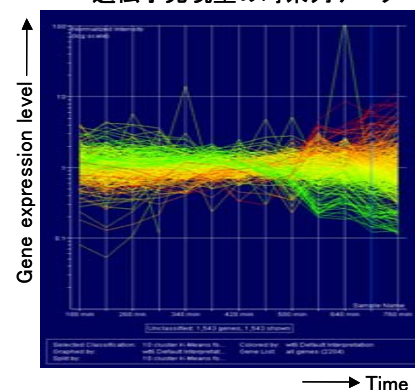
■ 現状での計算規模

- 30 遺伝子の遺伝子ネットワーク同定
- 12 GFlops(PCクラスタ; Pentium III × 32 CPU)
- メモリ容量 100 MB、ディスク容量 10 MB

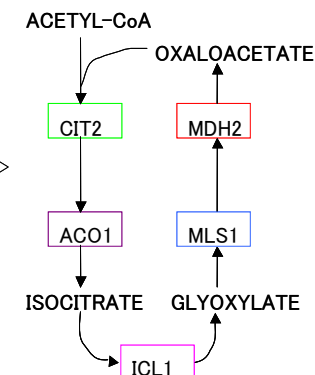
■ 次世代スパコンでの計算規模

- 1000 遺伝子の遺伝子ネットワーク同定
- 部分問題数は約 33 倍、各部分問題の探索次元数も約33倍。総計算量は 33000 倍程度
- メモリ容量量 3 TB、ディスク容量 300 GB

遺伝子発現量の時系列データ



遺伝子ネットワークモデル



■ どんないことが期待されるか？

- 細胞内では数千～数万の遺伝子が相互作用しており、生命現象を理解するには同程度の規模を扱うことのできるネットワーク同定手法が不可欠。
- 同定された遺伝子ネットワークモデルは数値シミュレーションを通して創薬のための標的遺伝子の決定や、遺伝子機能の解明に利用することが出来る。