

Gene expression stage detection in nematode development 統計モデルの最適化による線虫の発生におけるステージ進行の解析

富永 大介

情報基盤統合チーム, CBRC, AIST

発生、ガンなどにおけるステージ進行は細胞の状態変化とも捉えられる。細胞内の各遺伝子の発現量もそれに関連していると考えられ、その時系列データはステージごとに確率分布モデルで表現できる。逆に、有り得るすべてのステージ分割パターンについてそれぞれ最適なモデルを当てはめていき、もっとも当てはまりの良い分割パターンをもって、細胞の状態遷移の定義となし得る。我々はこの方法を線虫の個体発生のデータに適用してみた。

解析の結果、4細胞期には多くの機能が発現しはじめるが、その後は様々な機能の新たな発現が一旦抑えられ、観測の終了する190細胞期に発現する機能が増える兆しのあることが、アルゴリズムによる遺伝子抽出で明らかになった。また発現しはじめる遺伝子の数自体も4細胞期がもっとも多く、その後次第に減っていき、やはり最後にわずかに増える。これは、4細胞期以降は発現データの変化は大きくないとされる一般的な知識と一致する。