

第12回 情報生命科学特別講義 2012年1月13日(金)

**A method to narrow down the candidates of causal genes
in diseases by an approach of computational systems biology**

計算システム生物学的アプローチによる
疾患要因遺伝子候補の絞り込み法

Hatsuhisa Horimoto / 堀本勝久

National Institute of Advanced Science and Technology (AIST)

Computational Biology Research Center (CBRC)

産業技術総合研究所 生命情報工学研究センター

In general, it is a final goal that the relationships between many molecules (networks) are presented in computational systems biology. Unfortunately, it is frequently difficult to verify them, when many molecules are composed of the networks. To attain at the new findings in collaboration with experimental biologists, we should take one step forward to narrow down the candidates based on the networks. Here, we introduce a procedure including the methods for network inference and evaluation.

通常、計算システム生物学において、多数の分子間の関連性を示すことが最終的な結果として提示される。しかしながら、実験研究者にとって候補分子が多い場合、その検証実験は極めて困難である。そこで、実験検証による生物学的新発見のためには、ネットワーク数理解析を含む計算システム生物学の結果をさらに一歩前進させ、実験検証可能な少数候補遺伝子にまで絞り込むことが必要となる。そのために必要であるネットワーク構造推定法及び評価法を解説する。