

(公財) 岩手生物工学研究センター 第 233 回公開セミナー


演題：巨大蓄積データ（ビックデータ）から有益な情報を取り出す 相関ネットワーク解析（金平糖解析）の紹介

- トランスオミクス解析で情報廃棄物を生み出さない多変量解析 -

●日時：2016年11月16日（水曜日） 13:30~15:00

●場所：(公財) 岩手生物工学研究センター 大会議室

●センター職員、県試験場、農業大学校、独立行政法人（東北農研、果樹研、森林総研）、
岩手大学など関係研究機関

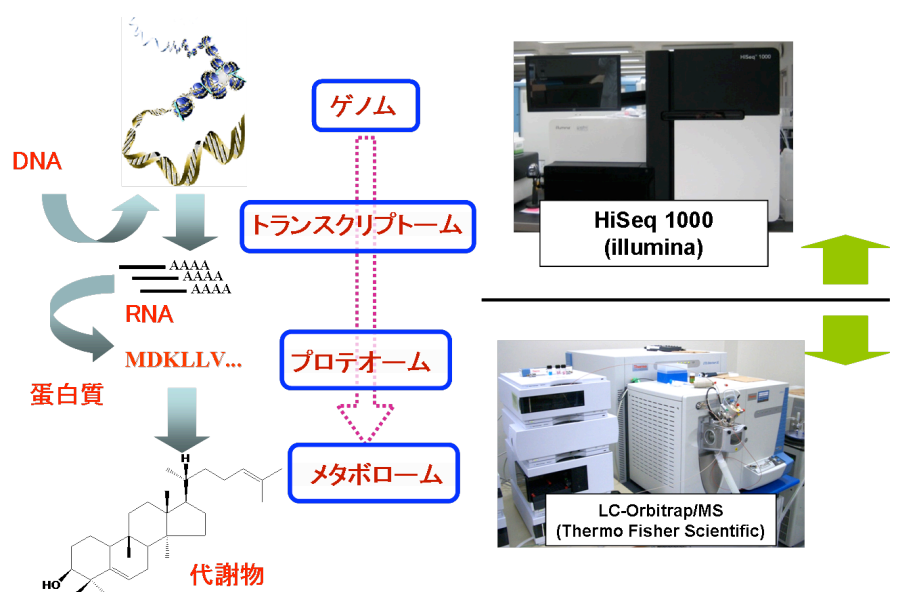
●演者： (公財) かずさDNA研究所 バイオ研究開発部 機器分析グループ
グループ長 鈴木 秀幸 先生

講義内容：

かずさDNA研究所・機器分析グループ（図参照）では網羅的な遺伝子発現（トランスクリプトーム）解析に必要な次世代シーケンサーと網羅的な代謝物（メタボローム）解析に必要な質量分析機器を活用して、産学官のバイオ関連研究者に対して、共同研究及び技術支援を積極的に行っている。

相関ネットワーク解析とは多変量解析の一種で、(1)要素間の相関係数の計算、(2)相関係数の閾値の設定及び閾値以上の要素間を繋いだネットワークを構築し、(3)繋いだ要素のかたまり（モジュール）を抽出する解析である。我々は、2005年頃から、要素間の相関係数に加え、幾何学の理論を応用した独自の指標「密にかつ排他的に繋がっている指標」を考慮することで、巨大蓄積データ（ビックデータ）から効率的にモジュールを抽出する金平糖アルゴリズムを開発し、昨年、プログラミング技術を必要とせず、user-friendly で且つグラフィカルに表示する相関ネットワーク解析ソフト（ConfeitoGUIplus）を開発した。この ConfeitoGUIplus は異種データ（トランスオミクス）解

析にでも有益な情報を取り出す可能性を秘めているソフトである。トランスクリプトーム解析では、遺伝子共発現解析ソフトとして利用され、メタボローム解析では、機能性成分の共蓄積解析に応用されている。更に、この金平糖解析は、MS/MS フラグメンテーション解析にも適用され、未同定成分のアノテーション（化合物の化学情報付加）作業にも応用可能である。これにより、生合成中間体の発見及び生合成経路の推測が可能となる。本セミナーでは、弊所で独自開発した各種ソフトの紹介及びビックデータの利用解析への可能性に関して言及する。



ポスト・ゲノム研究に活躍する分析機器