

基因網路的建構與機制探討

Constructing Gene Networks with K2 Algorithm

陳信志 張鳳玲

Austin H. Chen and Feng-Ling Chang

慈濟大學醫學資訊系暨研究所

Department of Medical Informatics, Tzu Chi University

achen@mail.tcu.edu.tw

摘要

細胞週期過程中，基因間的抑制或促進，使得細胞能夠正常的分裂增生，目前重大疾病癌症就是細胞不正常的增生，因而透過了解細胞週期基因調控機制，對於細胞中不正常染色體改變以及癌細胞快速複製增殖行為研究有一定幫助。

本論文的目的，在於發展建構貝氏網路結構的 K2 演算法，將酵母菌細胞週期的微陣列資料利用此演算法建構酵母菌的細胞週期基因調控網路，透過圖形化方式，呈現基因間的關係，讓基因關係能更清楚的被表達出來。本論文所發展的 K2 演算法先行運用於結構已知的 ALARM 資料上，在不採用特定節點順序的方式下可以找到 46 條邊線中的 43 條邊線及多出了 12 條邊線。如果事先給予特定的節點順序作為學習的初始結構時，則最後可以找到 45 條邊線及只多出了 1 條邊線。其準確性高達 95% 以上。基於此種高度的準確性，本論文進一步將此演算法運用於建構細胞週期的基因網路。對於所建構的網路結果，本論文也針對不同實驗條件、不同的門檻值和不同的樣本數等因素對基因網路結果影響進行探討。

關鍵字

基因調控網路、細胞週期、貝氏網路、K2 演算法

