

琉球大学学術リポジトリ

DNA配列アセンブリの信頼性向上に関する研究

メタデータ	言語: 出版者: 琉球大学 公開日: 2017-10-30 キーワード (Ja): キーワード (En): 作成者: 大城, 絢子, Ohshiro, Ayako メールアドレス: 所属:
URL	http://hdl.handle.net/20.500.12000/37365

論文要旨

論文題目

DNA配列アセンブリの信頼性向上に関する研究

高速読み取り処理を用いた giga sequencer の性能の飛躍的な向上と低コスト化により、膨大な DNA 配列データの高速な獲得が可能になったことで、読み取り配列の結合過程である DNA assembly の研究が世界中で盛んにされている。Assembly により生成された結合配列データはその後、遺伝子の機能推定やタンパク質構造予測、配列相同性検索といった配列解析に用いられる。正しい配列解析には正しい配列データが前提であるため、assembly の精度は配列解析の分野においても最も重要な位置づけにある。Giga sequencer の読み取り性能は大きく改善されたものの、読み取りミス部位への対応、また正しい assembly の実行は現在でも大きな課題となっている。特に与える引数や用いる手法などの、実行条件への assembly 結果の依存は、未知配列の復元である de novo assembly において解決すべき大きな課題となっている。

本研究では、実行時に与える引数や用いる条件に左右されない double assembly と、double assembly における配列結合ルール獲得に向けた決定木生成のため、以下の提案を行った。

1. 複数の引数、手法の結果を統合し配列結合ルールを適用した double assembly 手法
2. Double assembly で用いる配列結合ルール獲得のための、複数の目的変数による複合決定木の生成法

上記の提案手法と、従来のアセンブリ手法との比較・従来の決定木との性能比較を行った。その結果、double assembly を行うことで従来手法の課題となっていた、用いる k 値や手法への依存が解消される可能性が確認できた。また double assembly を行うことで従来手法よりも長く正しい結合配列の生成が可能となった。さらに複合決定木を用いることで、配列結合ルールとしての性能が向上し、複合決定木の適用により double assembly としての性能が向上する可能性が高いことがわかった。

氏名 大城 絢子