

使用多種資料種類來偵測酵母菌中有合作關係的轉錄因子對

賴福柔¹、朱美惠²、邱家軍²、黃悅民¹、吳謂勝^{2*}

¹國立成功大學工程科學系

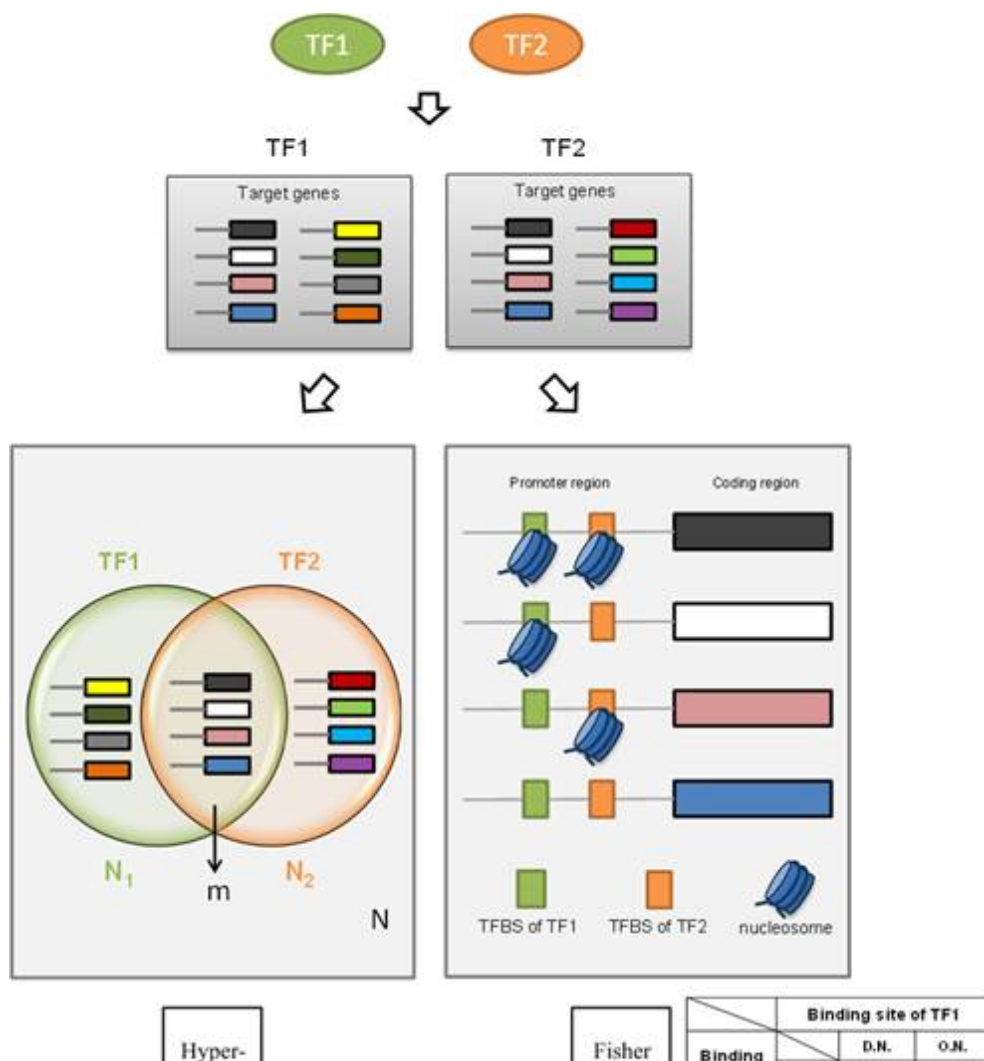
²國立成功大學電機工程學系

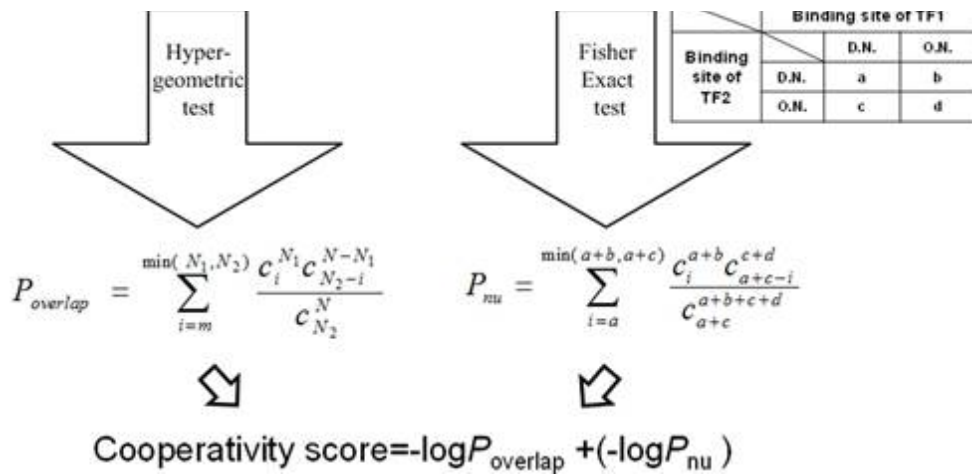
wessonwu@mail.ncku.edu.tw

BMC Systems Biology 2014, 8(Suppl 5):S2

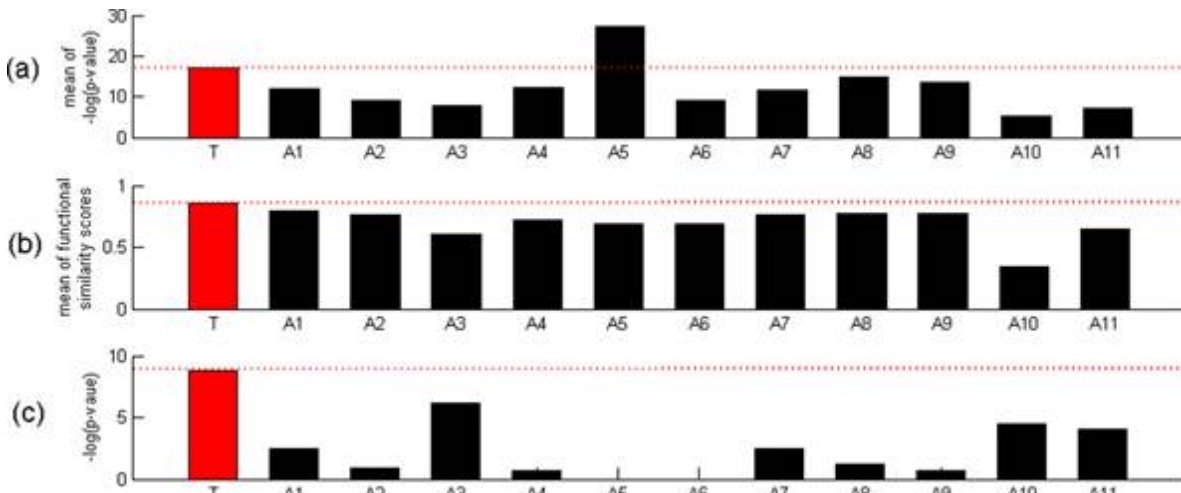
轉

錄調控是細胞控制基因表現的一個非常重要的機制。真核細胞內的基因，通常其轉錄調控並非僅由一個轉錄因子達成，而是利用多個轉錄因子共同合作來達成控制的目的。因此，了解轉錄因子之間的合作關係對於生物學家研究基因轉錄調控的機制而言是非常重要的。雖然很多資料種類都已經被先前的演算法使用來預測有合作關係的轉錄因子對，但核小體佔據資料卻尚未被使用。生物學家已經知道核小體佔據和轉錄因子是否能順利調控基因表現息息相關。因此，在此研究我們發展了一個新的演算法整合了核小體佔據資料及另外兩種資料種類來預測有合作關係的轉錄因子對。我們利用三種評比指標，證明我們演算法在預測酵母菌中有合作關係的轉錄因子對的預測效果贏過文獻中11個演算法。用我們演算法預測出的有合作關係的轉錄因子對所形成的網路，可供生物學家做進一步的實驗驗證，發掘新的生物知識。

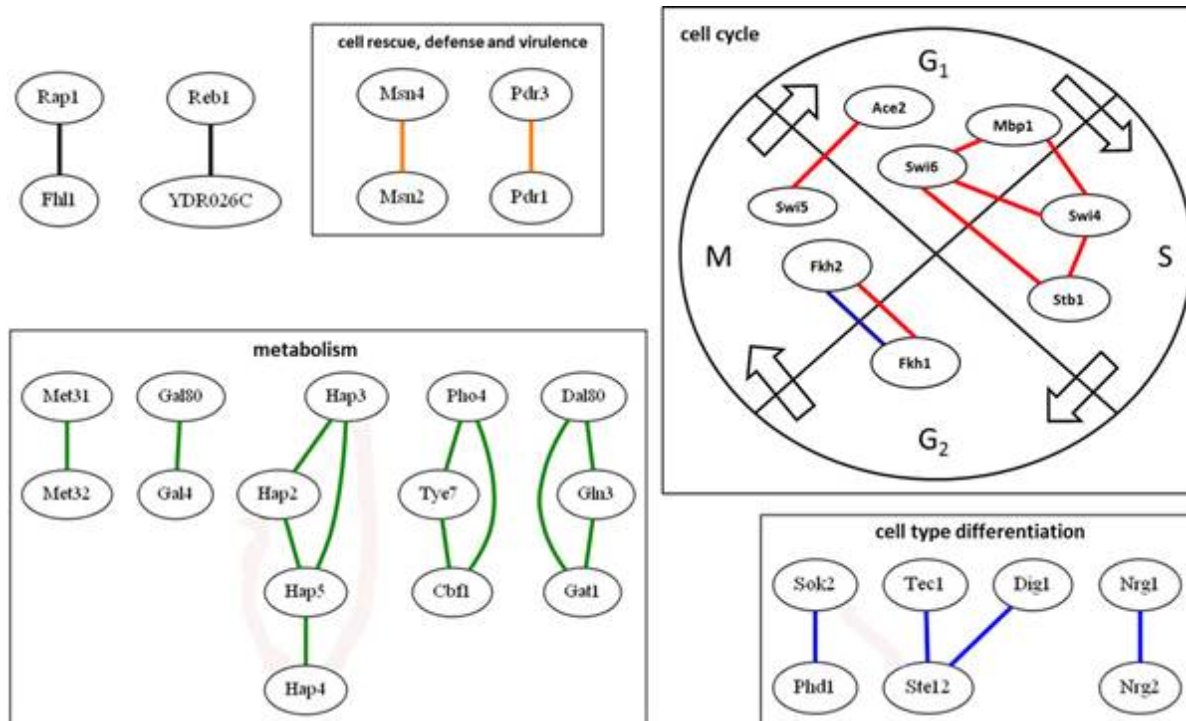




圖一、演算法流程介紹



圖二、我們演算法在預測酵母菌中有合作關係的轉錄因子對的預測效果贏過文獻中11個演算法



圖三、我們演算法預測出來的有合作關係的轉錄因子對所形成的網路

Copyright 2016 National Cheng Kung University