

apophasis / May 27, 2011 10:16PM

[\[跨領域\]\[資訊\]\[醫療\] 成大標竿計畫：整合臨床、基因組及蛋白質體資料分析之智慧型疾病生物標記探勘平台](#)

[跨領域][資訊][醫療]

成大標竿計畫：整合臨床、基因組及蛋白質體資料分析之智慧型疾病生物標記探勘平台 ([英文版](#))

《成大研發快訊》(2011/05/27) cDNA 微陣列技術使得生物學家能在短時間內獲得大量基因表答資料，用以研究不同生物作用之間的關係。一般而言基因微陣列資料可以以矩陣方式來呈現，每一列代表一個基因在不同實驗條件下的表答向量。而不同的實驗條件也許是不同的觀察時間點、不同的細胞或不同的環境條件。近年來，多樣化的分析方法被提出來應用於不同的研究目的來擷取生物知識，像分群分析、關聯規則分析、分類分析等等。傳統的分群基因微陣列資料分析方法，如階層式分群與K-平均值分群技術，應用於把基因在所有實驗條件下依照表現值的相似度分成不同的群。然而相關作用的基因通常只會在部份實驗條件下有相似的表現值。因此，一些雙向分群技術被提出來解決這樣的問題。

然而在既有的雙向分群方法之中，很少有提供使用者導向的演算法，讓生物學家能搜尋出有包含他感興趣基因的基因群，例如某些藥物作用目標。Liu等學者 (Liu 2007) 於2007年提出了一個雙向分群方法，稱作MSBE。由使用者提供他所定義的目標基因，並藉由一個新的基因相似度值與雙向分群相似度值計算方法來進行分群。然而在此方法之中，如何設定變數的閾值變成另一個主要的問題。因為，過度嚴格的閾值會導致在雙向分群的過程中，失去某些重要的基因或者實驗條件。

在成大此標竿計畫當中，曾新穆教授的研究團隊提出了一個應用模糊理論方法及使用者定義的參考基因 g^* ，改進MSBE的全新使用者導向雙向分群演算法，稱作Weighted Fuzzy-based Maximum Similarity Biclustering (WF-MSB)。對照於MSBE方法，參考基因與其它基因於某一實驗條件下的表現值，將會被轉換成模糊區間值 $R(|R| = v)$ 。在參考基因與其它基因的表現值相關程度，會由 v membership方程式對映至不同的模糊區間。以模糊理論方法為基礎，這些 v 雙向群中的不同相關程度，可以被表答成與參考基因的不同的相似度，例如，與參考基因最相似的雙向群及最不相似的雙向群。尤其在最不相似的雙向群之中，能夠提供一個新個觀察方向來探索一些與參考基因相反表的基因群，例如，細胞凋零基因與凋零目標基因等等。在其研究範圍所及，此團隊所提出的方法是第一個提出此觀點的基因表答資料雙向分群方法。並且不同於傳統的雙向分群方法，在某些實驗條件下與參考基因擁有更高基因表現值、更有意義的雙向群，可以藉由此一權重式方法探索出來。

深入資訊：

[成大研發快訊 2011/05/27](#)

[National Science Council International Cooperation Sci-Tech Newsbrief](#)

Edited 1 time(s). Last edit at 05/27/2011 10:17PM by apophasis.