

畳み込みニューラルネットワークによる RNAグアニン4重鎖領域予測

大阪大学 大学院医学系研究科 加藤 有己

目的 G4重鎖はグアニンに富んだ核酸配列で形成される特殊な構造であり、mRNAの非翻訳領域に豊富に存在している可能性が指摘されている。近年のハイスループットシーケンシング技術に基づくトランスクリプトーム解析で、RNAグアニン4重鎖 (rG4) が検出されるようになったが、その生物学的意義は概ね不明である。

内容 rG4の機能解析に向けて、与えられた配列領域がrG4を形成するか否かを予測する深層学習に基づく数理モデルを提案した。

結果 rG4プロファイリング法から得られる配列データを用いて、畳み込みニューラルネットワークモデルを訓練し、10-fold cross-validationを行った結果、既存手法より高い識別能力を上げることに成功した。

利用した計算機
ノード時間

SQUID
<1時間