

全ゲノム配列を対象とした、POU/SOX因子の機能的な制御標的の予測

大阪大学大学院生命機能研究科 近藤寿人、Munazah Andrabi

目的: POU転写因子群、SOX転写因子群の作用特性をもとにして、マウスゲノムからそれらの制御標的領域の候補を抽出する

内容: 私たちのこれまでの研究によって、SOX因子がPOU因子などのパートナー因子とともに作用すること、機能的なPOU因子結合部位はクラスターをつくる傾向があると同時に、各々の結合配列はオクタマー配列ATGCAAATから2塩基までの相違が許容されていることが明らかになった。これらの条件に、局所的な塩基組成に応じて確率論的に生ずるオクタマー類似配列の評価を抑制することを加えて、マウスゲノム上でPOU/SOX因子がかかわる機能的な制御領域を予測した。

結果: この予測の結果は、Lawrence Berkeley National Laboratory のデータベースVISTA Enhancer Browser に登録されたエンハンサー領域との一致において、従来のPWM (Power Weight Matrix) に依存した予測よりもすぐれた成績を収めた。

使用した計算機: PC Cluster

CPU時間: 60時間

使用メモリ: 16GB

ベクトル化率: 0

並列化: 無し