「統計遺伝学Ⅰ　課題レポート」

京都大学大学院農学研究科

修士１回生　栁本凌（1130304164）

[理解できた点]

・ラプラシアン行列を用いて患者とゲノム情報をbipartiteグラフで表したり、protein-protein interaction ネットワークのラプラシアングラフをゲノム情報に組み込んだりできる。また、ラプラシアングラフに非負値行列因子分解（ＮＭＦ）を行うことで、サンプルとゲノムの行列が得られるということ。

・グラフのネットワークを用いたdrug repositioningの手法において、Drug-drug Interaction ネットワークとTarget-target Interactionネットワークのbipartiteグラフから新しいDrug-target Interactionを見つける際に、エッジの最短距離などが利用できること。

[理解できなかった点]

・ゲノムプロファイルとネットワークグラフを統合することによって、ガンの表現型を予測したり、ガンのメカニズムにおける有用なネットワークモジュールを見つけたりする手法においていくつかの種類があったが、それぞれがどのようにして行われているのかがわからなかった。

今回のレビューにおいて、グラフの有用性は理解できたが、グラフにゲノムプロファイルを応用する手法が理解できなった。今後はそのようなグラフに他からの情報を組み込むことを学んでいきたい。