

Title	Development and Application of an Integrated Data Warehouse System for Biomedical Target Discovery
Author(s)	陳, 怡安
Citation	大阪大学, 2012, 博士論文
Version Type	
URL	https://hdl.handle.net/11094/59343
rights	
Note	著者からインターネット公開の許諾が得られていないため、論文の要旨のみを公開しています。全文のご利用をご希望の場合は、 〈a href="https://www.library.osaka-u.ac.jp/thesis/#closed"〉 大阪大学の博士論文について 〈/a〉 をご参照ください。

Osaka University Knowledge Archive : OUKA

<https://ir.library.osaka-u.ac.jp/>

Osaka University

【 4 】

氏 名	陳 怡 安 (Yi-AnChen)
博士の専攻分野の名称	博 士 (生命機能学)
学 位 記 番 号	第 2 5 4 4 4 号
学 位 授 与 年 月 日	平成 24 年 3 月 22 日
学 位 授 与 の 要 件	学位規則第 4 条第 1 項該当 生命機能研究科生命機能専攻
学 位 論 文 名	Development and Application of an Integrated Data Warehouse System for Biomedical Target Discovery (医学 / 生物学研究におけるターゲット発見のため統合データウェアハウスシステムの開発と応用)
論 文 審 査 委 員	(主査) 教 授 水口 賢司 (副査) 教 授 中村 春木 教 授 近藤 寿人

論 文 内 容 の 要 旨

Prioritizing candidate genes for further experimental characterization is a non-trivial challenge in drug discovery and biomedical research in general. An integrated approach that combines results from multiple data types is best suited for optimal target selection. I have developed TargetMine, a data warehouse for efficient target prioritization. TargetMine utilizes the InterMine framework, and newer data models such as protein-DNA interactions were added to facilitate better target discovery. It enables complicated searches that are difficult to perform with existing tools and it also offers integration of custom annotations and in-house experimental data. I describe here, an objective protocol for target prioritization using TargetMine and have set up a benchmarking procedure to evaluate its performance. The results show that the protocol was able to identify known disease-associated genes with high precision and coverage. The protocol was also successfully applied to the study of Hepatitis C virus (HCV) pathogenesis and the study of carcinogen-induced lung tumorigenesis. The academic version of TargetMine is available at <http://targetmine.nibio.go.jp/>.

論文審査の結果の要旨

申請者は、医学／生物学研究において、多数の候補遺伝子・タンパク質の中から次の実験に向けて特に重要な標的を絞り込むという一般的な問題について、バイオインフォマティクスの立場からの研究に取り組んだ。申請者が開発した統合データウェアハウスTargetMineは、オープンソースのInterMineフレームワークを用いて多様な公共データを統合し、複数データベースからの知識発見を行なうことで、候補遺伝子の効率的な絞り込みを可能にした。特に、単純な遺伝子発現量や既知パスウェイとの関連性のみによる選抜を超え、タンパク質立体構造や医薬品関係データ、転写因子とその作用遺伝子との関係等、既存の公共ツールでは行なうことができない統合的検索と絞り込みを同時に行なう点が、独自の貢献と言える。また、TargetMineは、各種疾患関連実験データの解析に応用され、C型肝炎治療の新規標的候補の発見など、具体的な創薬研究支援の成果が得られた。以上により、本論文は学位に値するものと認める。