第02版：国际新闻

上一版 下一版

- “阿尔法折叠”精准预测蛋白质三维结构
- 开放包容 中日共享数字经济创新活力
- 新算法可识别与疾病相关基因
- 千万里魂牵梦绕 外籍人才与中国伙伴热情相拥
- 温室气体排放为零后 全球气温或仍上升

新算法可识别与疾病相关基因

科技日报北京12月1日电 （记者冯卫东）俄罗斯圣光机大学（ITMO）生物信息学研究人员开发了一种算法，可帮助评估基因对人体过程（包括疾病发展）的影响。这项研究发表在《BMC生物信息学》上。

脱发、肥胖或视力低下可能与特定基因有关，识别出相关基因组，有利于研究和治疗。此外，为确定基因和病情之间是否存在联系，了解基因之间的相互作用也非常重要。

ITMO助理教授爱列克谢·谢尔盖西切夫解释说：“总的来说，每个人有超过2万个基因。通过将患者病情相关基因与健康人的基因进行比较，我们可以看到二者之间活性和表现形式的差异。基于此信息，可以创建一个共同的图示，显示所有基因之间的相互联系，并且每个基因都被分配一个权重因子。通常，科学家们只继续研究最活跃的基因，对其进行特殊的子图绘制，但是将这些基因从‘普通背景’中分离出来，就失去了评估每个基因与其他基因的关联性进而进行诊断的机会。”

在新研究中，研究人员不仅专注于权重因子最高的那个基因系统，还提出了一种新方法，可利用整个基因组上的数据生成数十万个子图。该算法基于马尔可夫链蒙特卡罗方法，可计算每个样本与所讨论病情之间的联系概率，并就每个基因之间的相互作用分析样本的组成。

研究人员从一组基因中删除一个基因，如果活跃基因的数量增加，则表示正确并保存结果。否则就重新开始。通过一系列步骤，权重因子开始快速增长。这样一来，该算法就可以生成大量图形。

有了这样一个样本组，研究人员就可发现比其他基因更频繁出现的基因。如果一个基因出现在90%的此类子图中，那么就可90%地确定该基因与相关疾病的关系。

该项目研究人员指出，这一算法未来可表示为带有滑动条的程序，允许用户出于各种目的以各种置信度生成结果。例如，置信度水平越低，显示的基因就越多，反之亦然。如果仅需要确定信任的基因，可以将置信度水平设置为约99%。

Copyright © Science and Technology Daily, All Rights Reserved 科技日报社 版权所有

京ICP备 06005116 号