

発明の名称:有効因子抽出システム

利用・用途・応用分野

無料開放特許

マイクロアレイ技術を用いるバイオインフォマテックス(生命情報科学)

目的・課題

従来技術では、癌患者に関する情報等サンプル数が比較的少ない場合抽出された因子がその特定の属性や情報を備えていることに対する確度、精度は必ずしも高いといえない課題があった。

そこで、サンプル数が比較的少ない場合でもサンプル群から人工的にサンプルを発生させて、仮想サンプル集合を生成し、この仮想サンプル集合を用いることで、特定因子を高い信頼性で選択・抽出することができる「有効因子抽出システム」を提供することを目的とする。

解決ポイント

本発明の「有効因子抽出システム」では、仮想サンプル集合生成部が任意に予め定められる属性(がん再発の有無)によって判別される2つの群(再発群と非再発群)に分別したサンプル集合から、各群それぞれ任意にサンプルを抽出し、対に形成される複数の仮想サンプル集合を生成するので、少ないサンプル集合しか得られない場合でも複数の仮想サンプル集合でそれぞれの共通因子(遺伝子)の特徴量(mRNA)の平均値や分散値から群間の統計的距離を求める解析が可能であり、共通因子に関する解析精度の向上が図れる。検定部を備えて属性により判別される2つの群を識別する有意な共通因子を検定することができ、共通因子の抽出の信頼性を向上できる。

研究概要・アピールポイント

「有効因子抽出システム」においては、一旦頻度解析部でふるいにかけた共通因子に対して、再度複数の仮想サンプル集合すべての統計的距離の平均値及び分散値から一般化統計的距離を演算するので、さらに高い精度で有意な共通因子を選択し、抽出できる。また、統計的距離の大小に従って共通因子を並べ替えられるので、有意性の有無を容易に判断することができる。

【有効因子抽出システムを用いた遺伝子解析の流れを示すフロー図】

生体組織 → マイクロアレイ部 → 遺伝子発現データ → 解析部 → 標的遺伝子群

◆ お問合せ先 ◆

有限会社山口ティール・エル・オー TEL: 0836-22-9768 E-mail:tlojim@yamaguchi-u.ac.jp