



1. 同期率計算の改良

オリジナル手法による計算結果 (Group0)

prb_id	cls1	cnt1	cls2	cnt2	cls3	cnt3	cls4	cnt4	cls5	cnt5	cls6	cnt6	p_6_123456
AFEX-LysX-M a	S	2	U	0	U	0	U	0	U	0	U	0	0.07692
AFEX-r2-Bs-ph	S	1	S	1	U	0	U	0	U	0	R	1	0.04762
1417065 at	S	1	U	0	S	2	U	0	R	1	U	0	0.03279
AFEX-ThrX-5 at	R	1	S	1	R	1	U	0	S	2	U	0	0.01163
1425701 a at	1	0	U	0	S	1	R	1	U	0	S	1	0.01111
1424783 a at	S	3	R	1	U	0	S	1	U	0	U	0	0.00874
1427747 a at	R	2	U	0	U	0	R	4	U	0	U	0	0.00794
1428083 at	S	1	U	0	S	1	S	1	S	1	U	0	0.00775
1450883 a at	R	1	S	1	U	0	U	0	U	0	U	0	0.00746
1417982 at	R	1	R	1	U	0	R	1	S	3	S	4	0.00629
1448986 x at	S	1	S	2	U	0	U	0	S	2	U	0	0.00590
1435084 at	R	2	S	2	R	2	S	1	S	1	S	1	0.00538
1420835 at	R	1	R	1	R	2	S	1	S	2	S	1	0.00524
1425948 a at	R	1	S	3	S	1	R	1	S	1	S	1	0.00512
1450018 s at	S	1	S	1	R	1	R	1	S	6	S	2	0.00503
1436959 x at	S	3	S	6	S	4	S	1	U	0	S	7	0.00488
1441948 x at	S	1	U	0	S	1	S	2	R	1	U	0	0.00481
1455664 at	S	1	U	0	S	2	U	0	S	2	U	0	0.00468
1451457 at	S	1	S	2	S	1	R	2	S	3	U	0	0.00461
1422845 at	R	1	S	5	S	1	U	0	U	0	S	4	0.00448

Clock

1418659 at	S	7	S	2	A	0	A	0	S	1	S	6
------------	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---

クラスタリング結果でA (ADHESIVE) を含む場合には、値が計算されない。このため、重要な遺伝子が欠落する可能性がある。

また、クラスタリング結果で、U (UNIQUE) を含む場合には、大きな値を示す。このため実験結果誤差の影響を受け、意図しない遺伝子(プローブセット)が上位に現れることがある。

1. 同期率計算の改良

オリジナル手法による計算結果 (Group 1)

prb_id	cls1	cnt1	cls2	cnt2	cls3	cnt3	cls4	cnt4	cls5	cnt5	cls6	cnt6	p_e_123456
142537_a.at	U	0	U	0	U	0	U	0	U	0	U	0	1.00000
inhibitor of DNA binding 2	U	0	U	0	U	0	U	0	U	0	U	0	1.00000
1416382.at	U	0	U	0	U	0	U	0	U	0	R	1	0.25000
cathepsin C	U	0	U	0	U	0	U	0	U	0	R	1	0.25000
1417793.at	U	0	U	0	U	0	S	1	U	0	U	0	0.25000
interferon inducible GTPase 2	U	0	U	0	U	0	S	1	U	0	U	0	0.25000
AFFX-ThrX-M_4	R	1	R	1	U	0	U	0	U	0	U	0	0.25000
1424599.at	U	0	U	0	R	1	U	0	S	1	U	0	0.12500
fibrinogen-like protein 1	U	0	U	0	R	1	U	0	S	1	U	0	0.12500
1426243.at	U	0	U	0	S	1	S	1	R	1	U	0	0.09091
cystathionase (cystathionine gamma-lyase)	U	0	U	0	S	1	S	1	R	1	U	0	0.09091
1425966_x.at	U	0	U	0	R	1	S	1	U	0	U	0	0.07692
ubiquitin C	U	0	U	0	R	1	S	1	U	0	U	0	0.07692
1427747_a.at	U	0	U	0	U	0	U	0	S	1	S	1	0.07692
lipocalin 2	U	0	U	0	U	0	U	0	S	1	S	1	0.07692
1449326_x.at	U	0	U	0	R	1	U	0	R	1	S	1	0.07692
macrophage receptor with collagen specificity 1	U	0	U	0	R	1	U	0	R	1	S	1	0.07692
1419075_s.at	U	0	U	0	R	1	S	1	R	1	R	1	0.07143
serum amyloid A 1	U	0	U	0	R	1	S	1	R	1	R	1	0.07143
1425918.at	R	1	S	1	U	0	U	0	U	0	U	0	0.03846
EGL nine homolog 3 (C. elegans)	R	1	S	1	U	0	U	0	U	0	U	0	0.03846
1450966.at	U	0	U	0	S	1	S	1	U	0	S	1	0.03226
carnitine O-octanoyltransferase	U	0	U	0	S	1	S	1	U	0	S	1	0.03226
1442351_a.at	S	1	U	0	U	0	R	1	S	1	U	0	0.02941
CD5 antigen-like	S	1	U	0	U	0	R	1	S	1	U	0	0.02941
1443964.at	S	1	U	0	U	0	S	1	U	0	U	0	0.02941
serum amyloid A 2	S	1	U	0	U	0	S	1	U	0	U	0	0.02941
1423104.at	U	0	U	0	U	0	R	1	U	0	U	0	0.02500
insulin receptor substrate 1	U	0	U	0	U	0	R	1	U	0	U	0	0.02500
1436181.at	R	2	U	0	R	1	S	1	S	1	S	1	0.02410
histone 1, H1c	R	2	U	0	R	1	S	1	S	1	S	1	0.02410
1416101_a.at	S	2	U	0	U	0	U	0	S	4	R	3	0.02281
histone 1, H1c	S	2	U	0	U	0	U	0	S	4	R	3	0.02281
1454971_x.at	S	3	R	1	R	1	R	1	R	1	R	2	0.01948
transforming growth factor beta 2	S	3	R	1	R	1	R	1	R	1	R	2	0.01948
1417772.at	U	0	U	0	S	2	S	2	U	0	U	0	0.01905
glyoxylate reductase/hydroxypyruvate reductase	U	0	U	0	S	2	S	2	U	0	U	0	0.01905
1422833.at	R	1	R	1	U	0	U	0	U	0	R	3	0.01863
forkhead box A2	R	1	R	1	U	0	U	0	U	0	R	3	0.01863

Clock

1418659_at	R	3	A	0	S	1	S	3	S	3	S	6
------------	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---

クラスタリング結果でA (ADHESIVE) を含む場合には、値が計算されない。このため、重要な遺伝子が欠落する可能性がある。

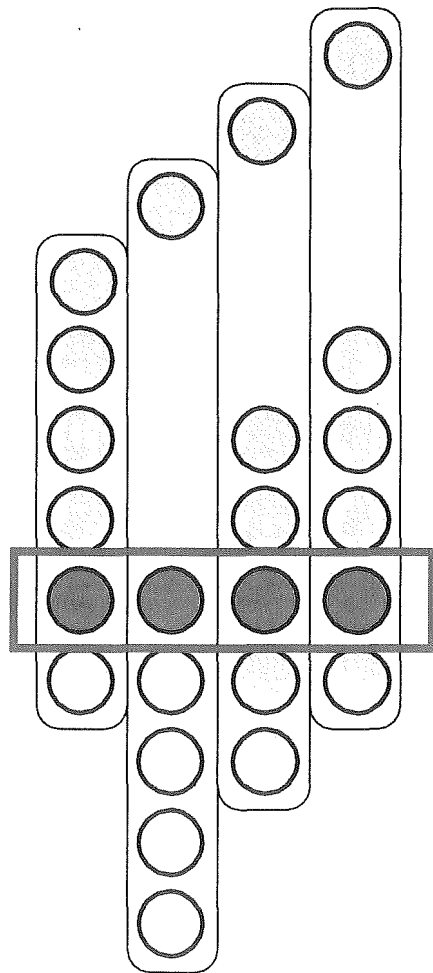
また、クラスタリング結果で、U (UNIQUE) を含む場合には、大きな値を示す。このため実験結果誤差の影響を受け、意図しない遺伝子(プローブセット)が上位に現れることがある。

1. 同期率計算の改良

計算の修正方法

基本の計算方法では、ユニーク遺伝子、IOSLATE遺伝子、および、クラストリングを実施しなかった遺伝子が突出した結果となる。

対応策：
各クラスターにダミーの遺伝子がついたものとみなす。

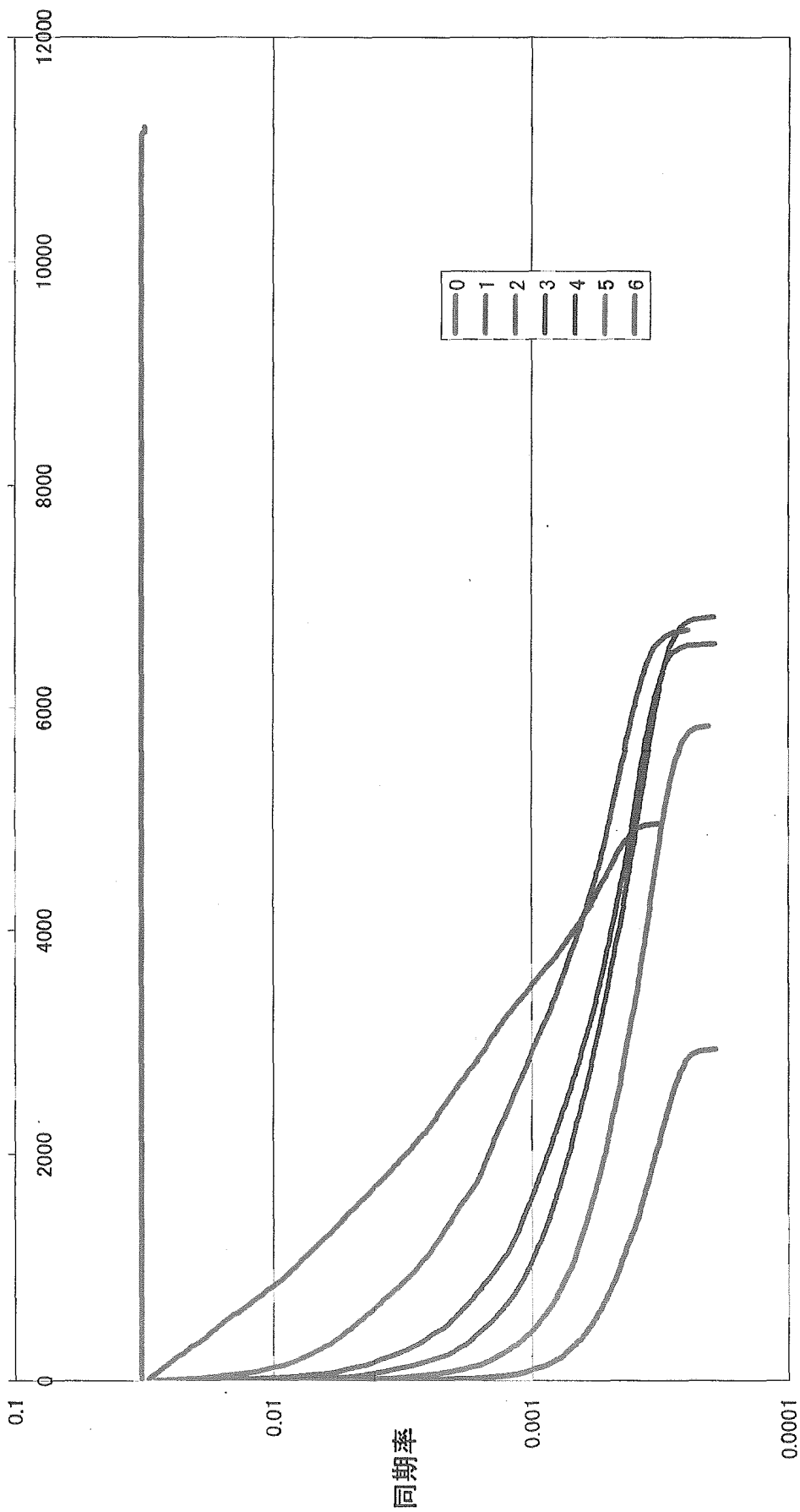


1. 同期率計算の改良

Group 0

1. 同期率計算の改良

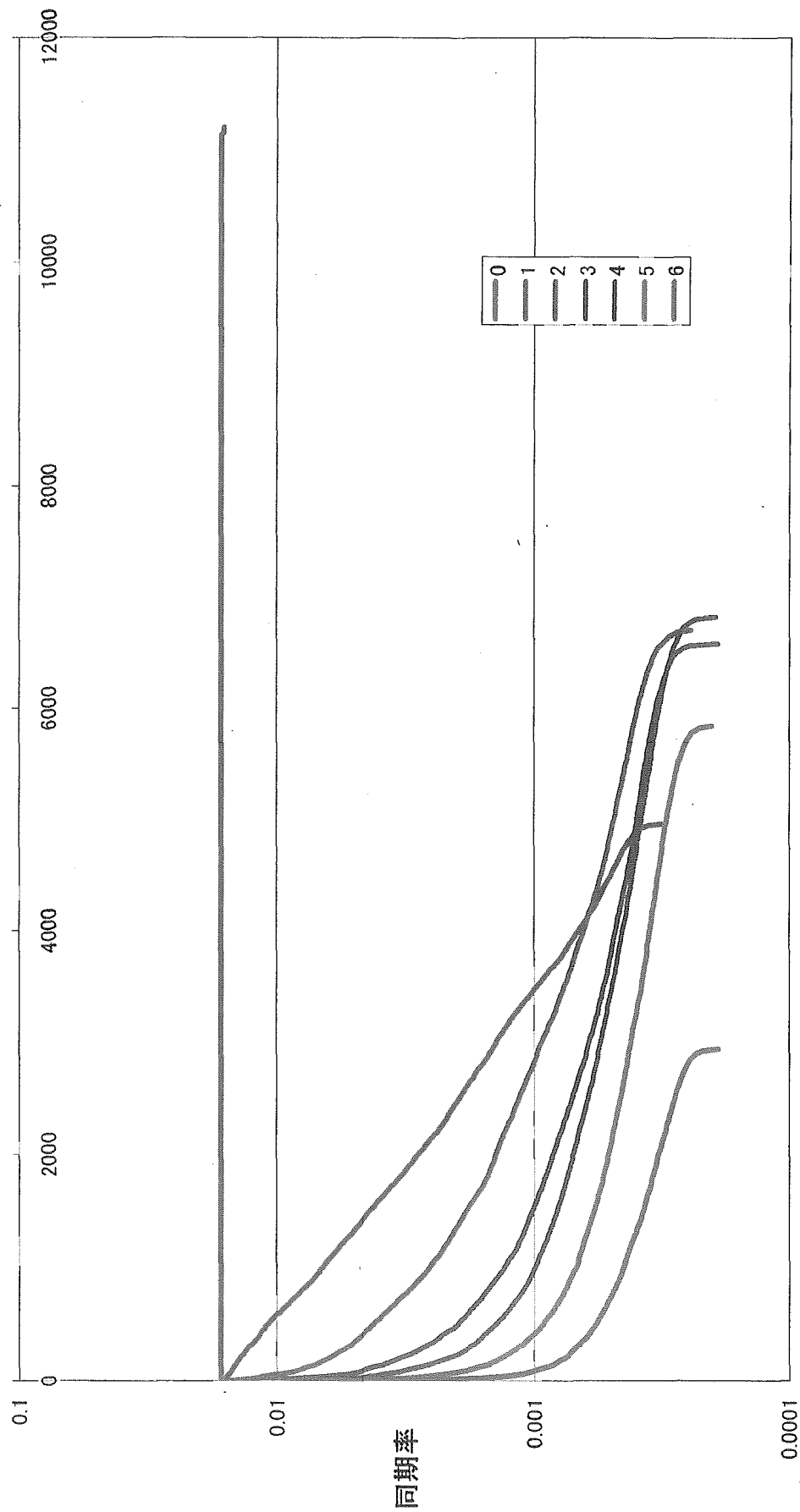
各グループセットが、UNIQUE, RIGOROUS, SHELLとなる化合物数ごとの同期率の分布状況 (Group0、パラメータ=5の場合)



UNIQUE, RIGOROUS, SHELLとなる化合物数内の同期率の順位

1. 同期率計算の改良

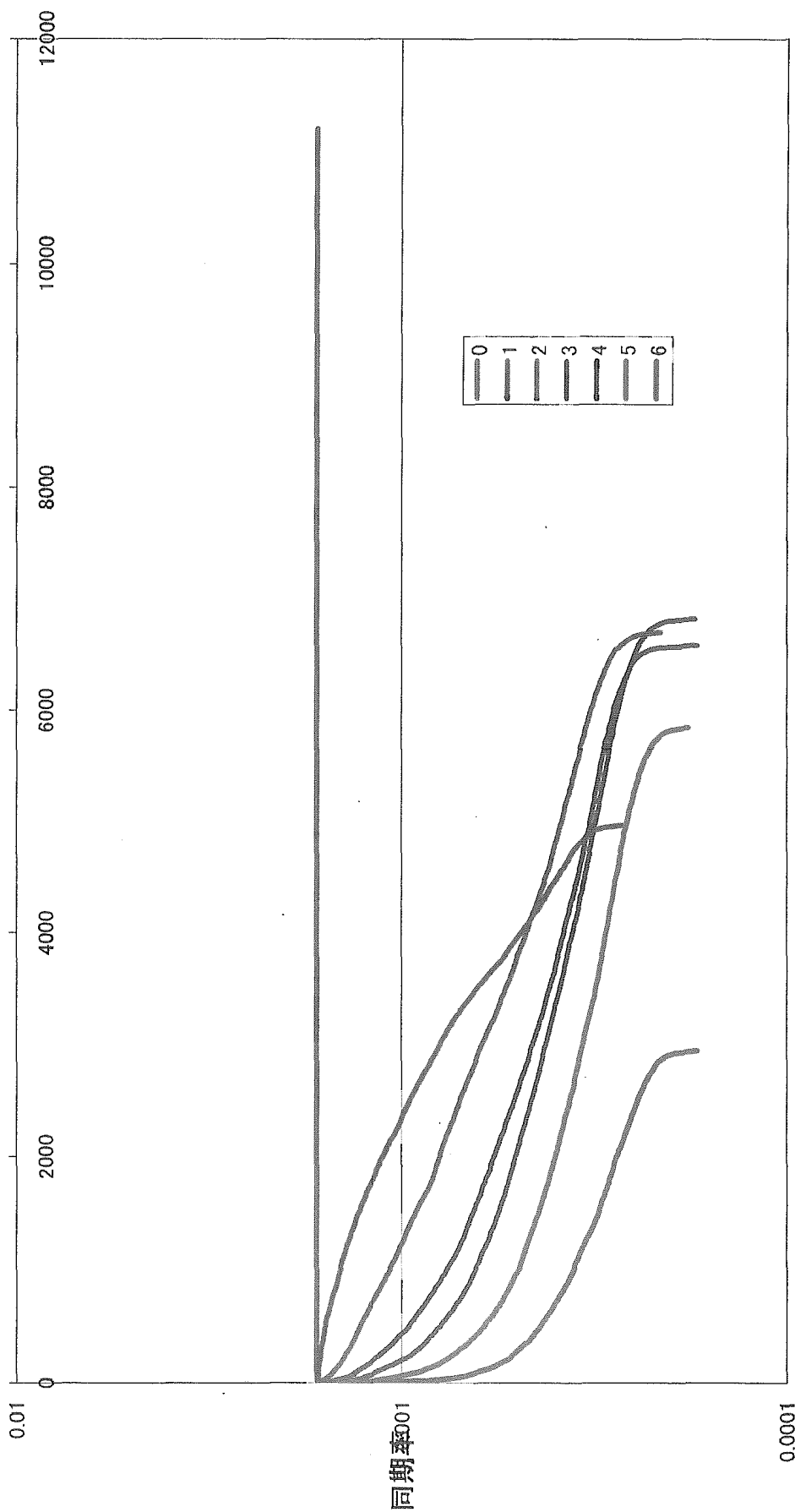
各プロブセットが、UNIQUE, RIGOROUS, SHELLとなる化合物数ごとの同期率の分布状況 (Group0、パラメータ=10の場合)



UNIQUE, RIGOROUS, SHELLとなる化合物数内の同期率の順位

1. 同期率計算の改良

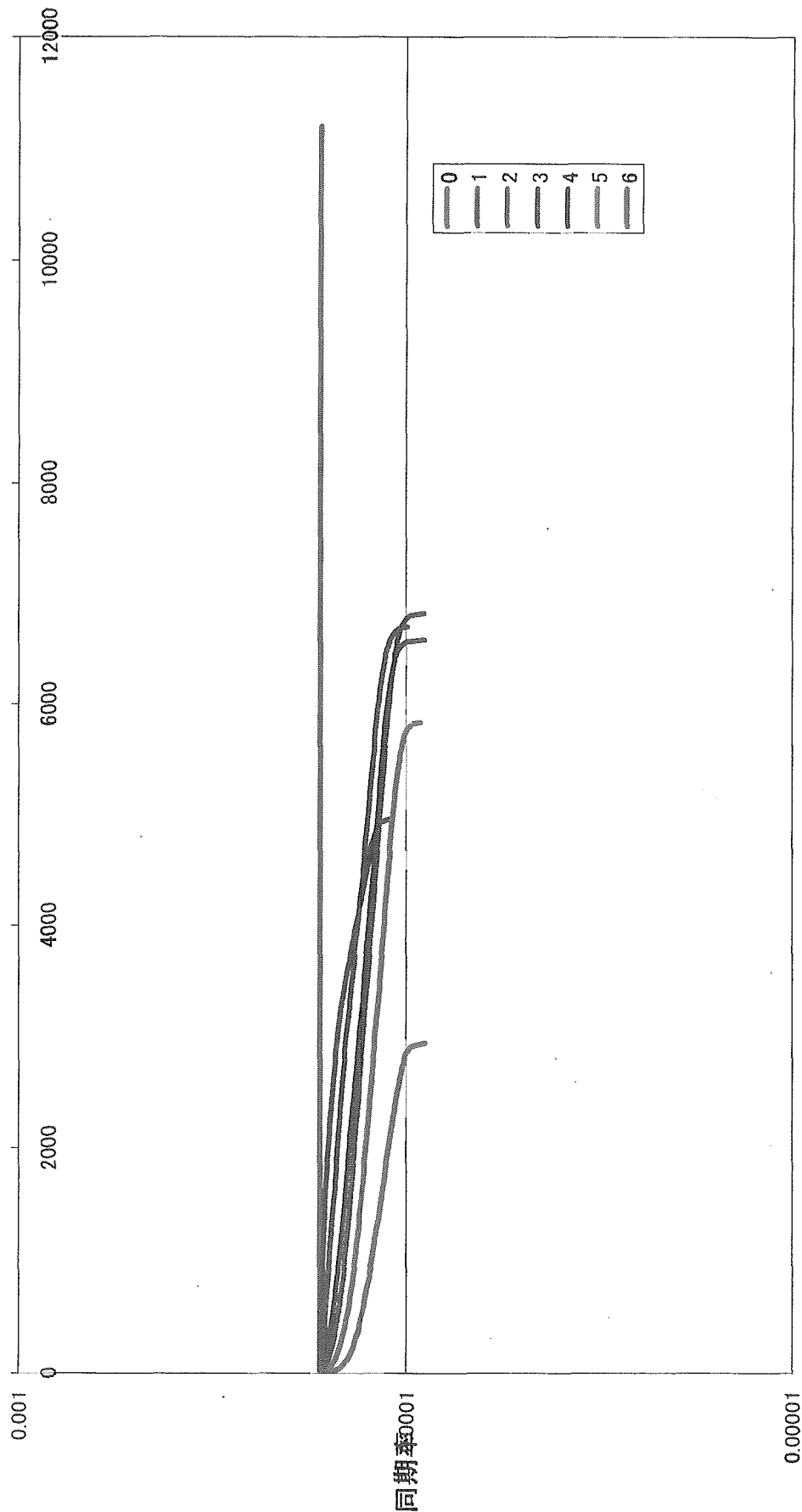
各プロパセットが、UNIQUE, RIGOROUS, SHELLとなる化合物数ごとの同期率の分布状況 (Group0、パラメータ=100の場合)





1. 同期率計算の改良

各プロポーセットが、UNIQUE, RIGOROUS, SHELLとなる化合物数ごとの同期率の分布状況 (Group0、パラメータ=1000の場合)

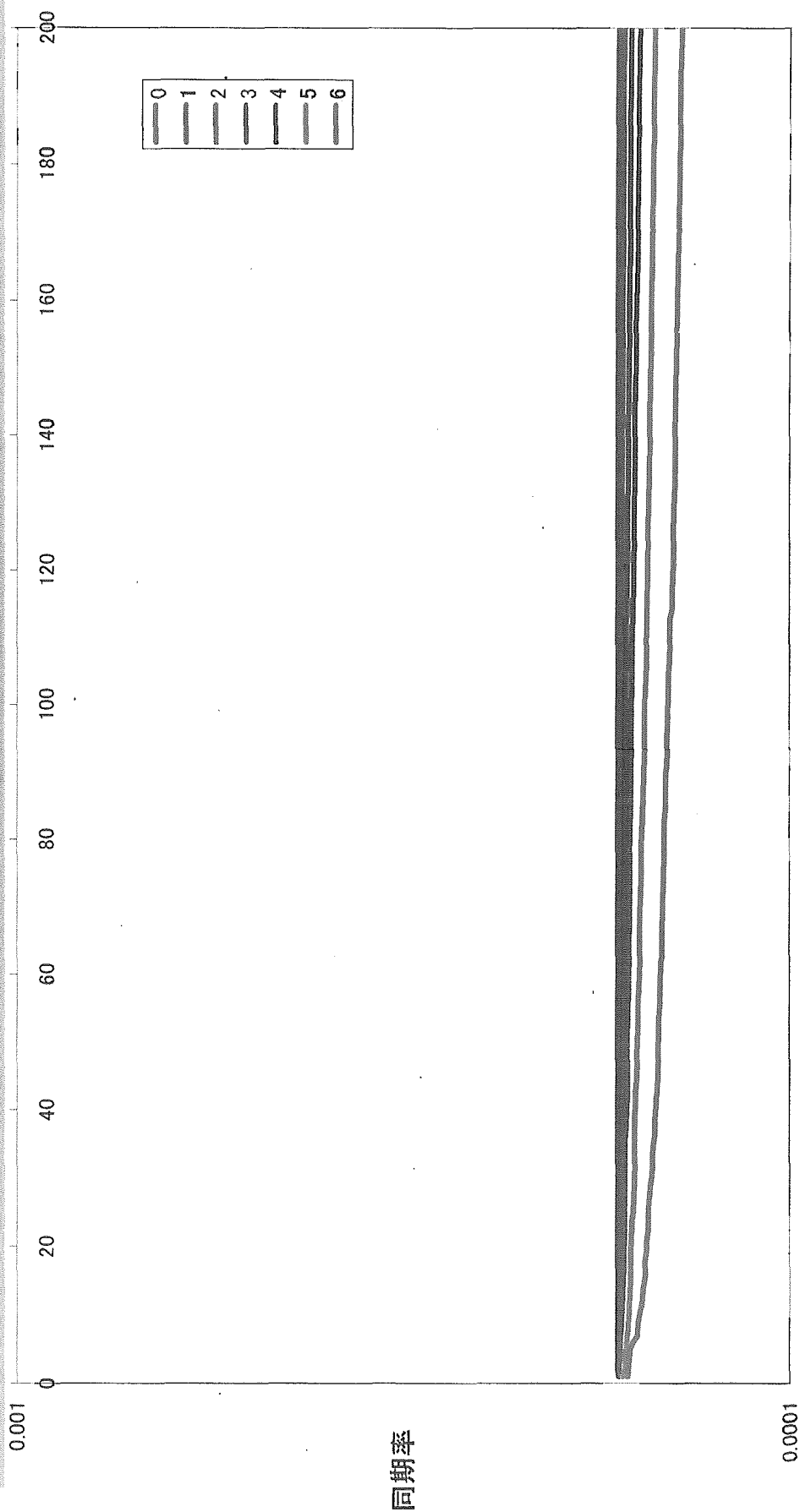


UNIQUE, RIGOROUS, SHELLとなる化合物数内の同期率の順位

1. 同期率計算の改良

各プロブセットが、UNIQUE, RIGOROUS, SHELLとなる化合物数ごとの同期率の分布状況 (Group0、パラメータ=100の場合)

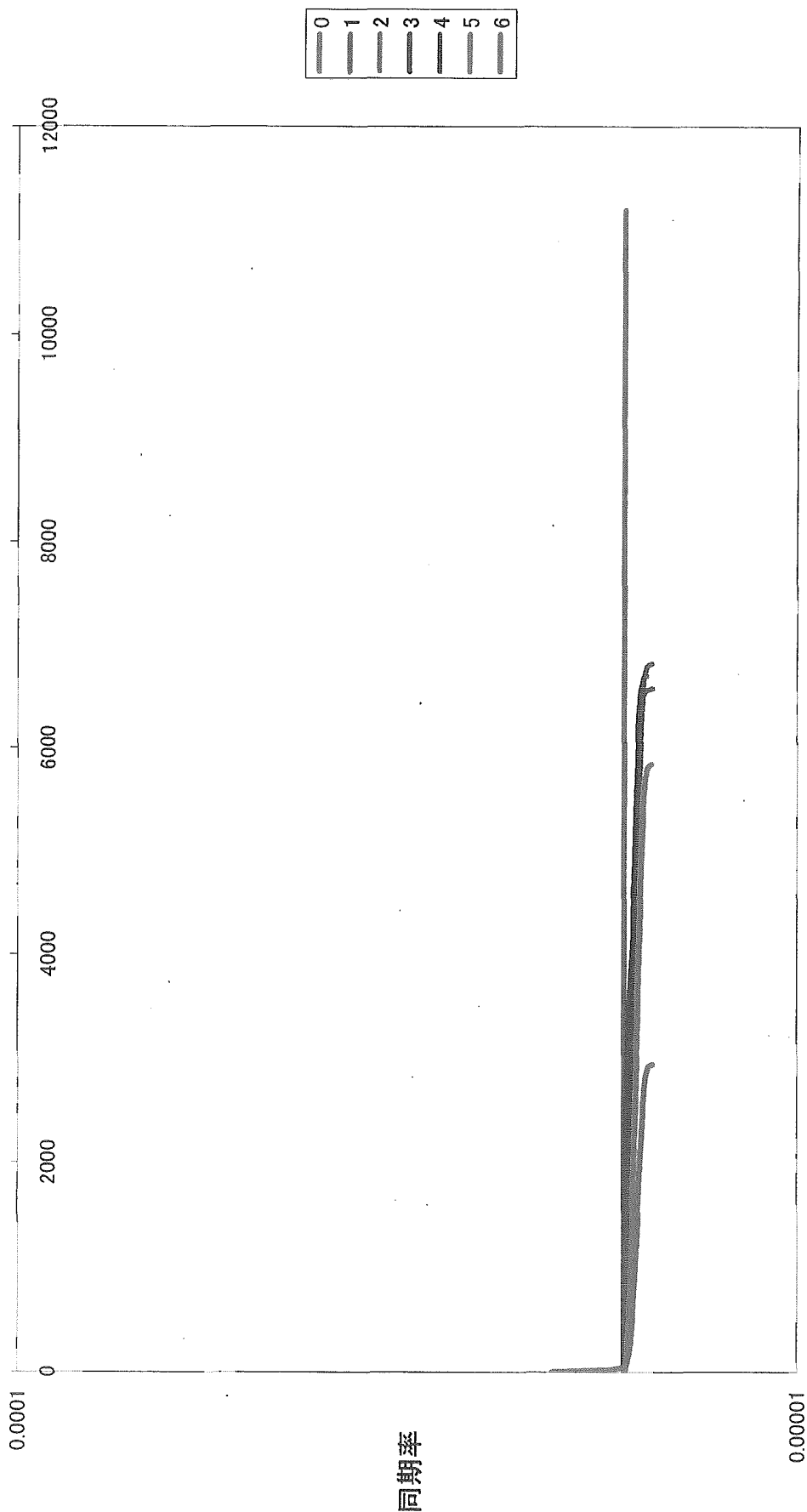
200位まで





1. 同期率計算の改良

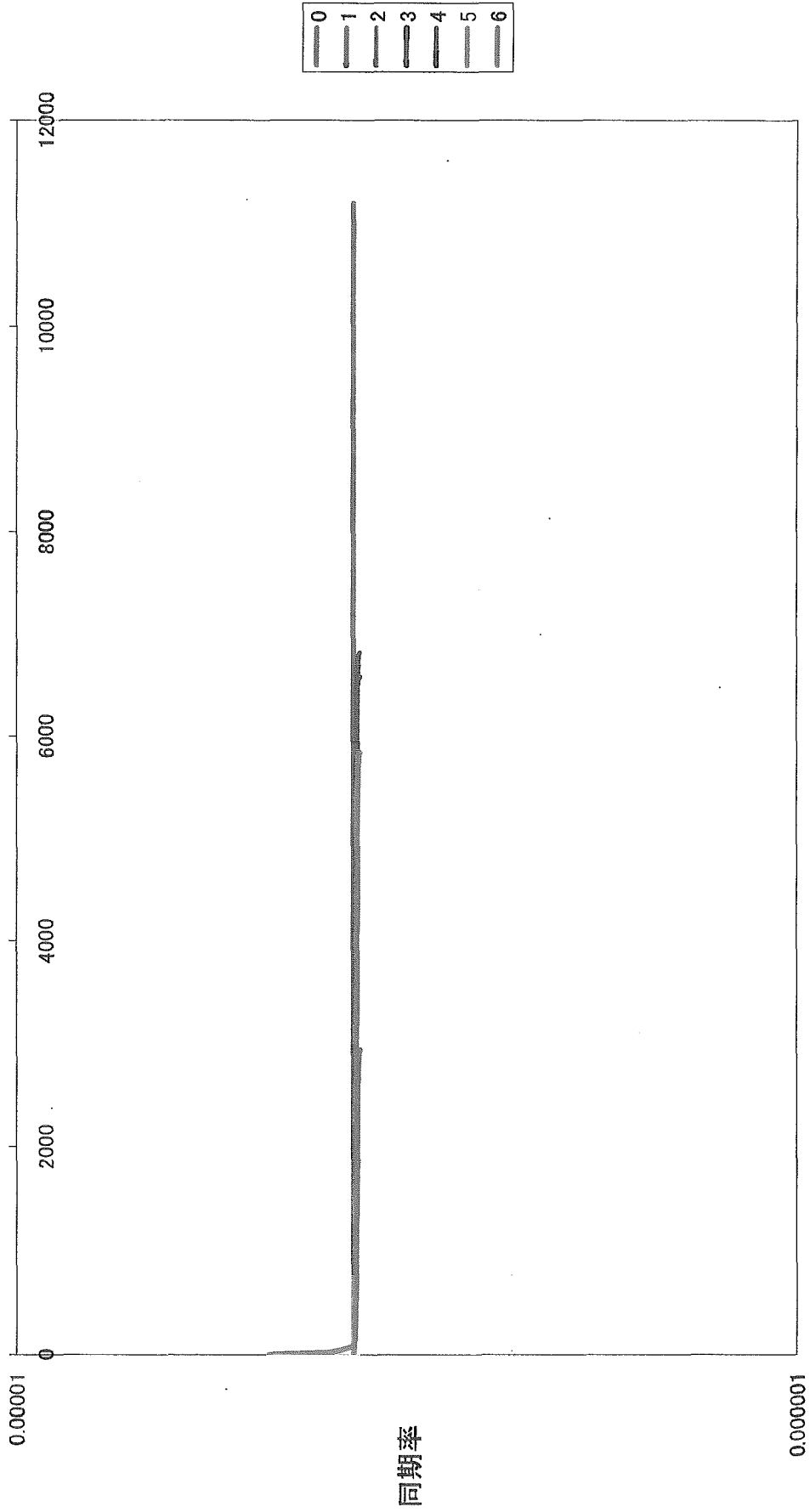
各プロポーセットが、UNIQUE, RIGOROUS, SHELLとなる化合物数ごとの同期率の分布状況 (Group0、パラメータ=10000の場合)



UNIQUE, RIGOROUS, SHELLとなる化合物数内の同期率の順位

1. 同期率計算の改良

各プロポーセットが、UNIQUE, RIGOROUS, SHELLとなる化合物数ごとの同期率の分布状況 (Group0、パラメータ=45101の場合)



UNIQUE, RIGOROUS, SHELLとなる化合物数内の同期率の順位

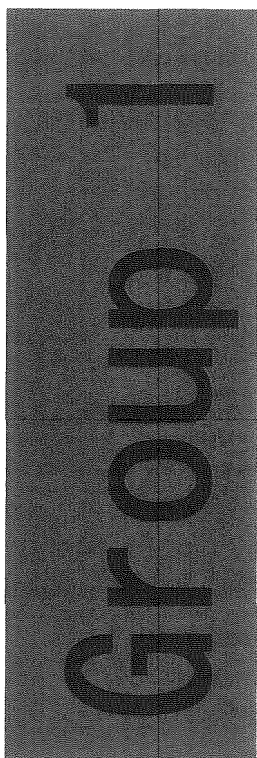


1. 同期率計算の改良

パラメータ45101の場合で同期率の高かった遺伝子(プロローブセット)リスト

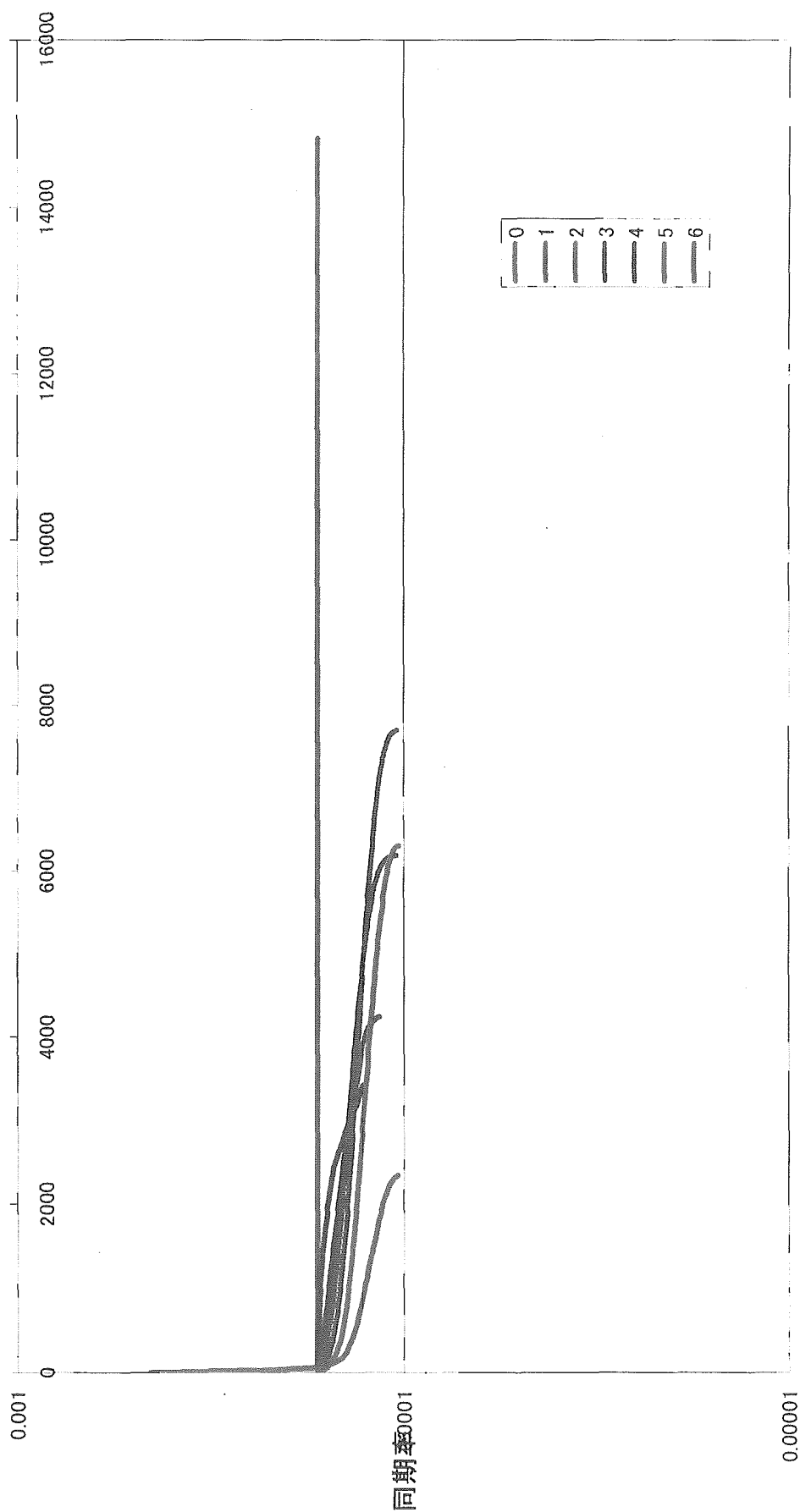
prb_id	rt	Gene Symbol	GO Biological Process	cls1	cnt1	cls2	cnt2	cls3	cnt3	cls4	cnt4	cls5	cnt5	cls6	cnt6
1455875_x.at	1.2862	Tm9sf2	transport	S	11S	6S	7S	8S	8S	31S	30S	31S	30S	31S	30S
1418010_a.at	1.2197	Sh3glb1	phosphatidic acid biosynthesis	R	37S	19S	17S	34R	34R	6S	15S	6S	15S	6S	15S
1448779.at	1.2102	Ciz1		S	21R	68S	8S	22S	22S	8S	24S	9S	9S	9S	24S
1437923.at	1.2099			S	20R	17S	64S	8S	8S	3S	3S	3S	3S	3S	3S
AFFX-r2-Ec-bioB	1.1928			S	11S	8S	4S	4S	4S	20S	4S	20S	4S	20S	4S
1417555.at	1.1524	Atad1		S	20S	8R	133S	12R	12R	10S	9S	10S	10S	10S	9S
1418269.at	1.1360	Lox13		S	90S	60S	55S	8R	8R	7S	7S	7S	7S	7S	7S
1416584.at	1.1357	Man2b2	carbohydrate metabolism	S	16S	5S	13S	12S	12S	11S	25S	11S	11S	11S	25S
1451754_a.at	1.1239	Wdr45		S	11S	5S	2S	29S	29S	15S	17S	15S	15S	15S	17S
1415750.at	1.1238	Tbl3		S	17S	48R	35R	23S	23S	13S	11S	13S	13S	13S	11S
1418185.at	1.1201	4733401H18Rik	G-protein signaling, coupled to cGMP nucleotide second mess	S	72S	8S	11S	23S	23S	8S	27S	8S	8S	8S	27S
1425327.at	1.1180	BC008163		S	9S	8R	15S	16S	16S	3S	38S	3S	3S	3S	38S
1450028_a.at	1.1166	Lanc12	translational elongation	S	42S	15S	9S	24S	24S	7S	11S	7S	7S	7S	11S
1457093.at	1.1154			S	22S	51S	20S	11R	12R	13S	5S	13S	13S	13S	5S
1417827.at	1.1131	Ngly1		S	51S	16S	13S	12R	12R	28S	12S	28S	28S	28S	12S
1427078.at	1.1125	Snx19		S	41S	31S	8S	8S	8S	6S	11S	6S	6S	6S	11S
1435077.at	1.1112	Asx11	transcription	S	9S	14S	44S	8S	8S	11S	7S	11S	11S	11S	7S
1434035.at	1.0991	Dnaj1b6	protein folding	S	11S	25S	16S	45S	45S	5S	23S	5S	5S	5S	23S
1451047.at	1.0967	Itm2a		S	109S	5S	113S	1S	1S	9S	6S	9S	9S	9S	6S
1451192_a.at	1.0890	Ttc4		S	10S	19S	22S	12R	12R	15S	2S	15S	15S	15S	2S
1423733_a.at	1.0794	Fiz1	transcription	S	62S	21S	23R	45R	45R	10S	18S	10S	10S	10S	18S
1422630.at	1.0790	Rad50	telomere maintenance	S	10S	11S	29S	47S	47S	1S	4S	1S	1S	1S	4S
1454929_s.at	1.0756	Safb	estrogen receptor signaling pathway	S	31S	26S	9S	7S	7S	11S	15S	11S	11S	11S	15S
1434796.at	1.0688	Vamp4	vesicle-mediated transport	S	39S	12S	81S	16S	16S	9S	2S	9S	9S	9S	2S
1438534_x.at	1.0686	BC004004		S	45S	21R	27S	6S	6S	12S	12S	12S	12S	12S	12S
1447518.at	1.0684			R	119S	25S	75S	2R	2R	11S	17S	11S	11S	11S	17S
1454721.at	1.0631			S	4S	7S	14S	15S	15S	15S	21S	15S	15S	15S	21S
1457043.at	1.0630			S	82S	13S	15S	13S	13S	4S	6S	4S	4S	4S	6S
1455905.at	1.0589	2610507B11Rik		S	58S	14R	27S	7S	7S	4S	2S	4S	4S	4S	2S
1428876.at	1.0544			S	6S	61R	16S	12S	12S	11S	22S	11S	11S	11S	22S
1418905.at	1.0542	Nubp1		S	45S	25S	60S	12S	12S	25R	10S	25R	25R	25R	10S
1431064.at	1.0532			S	44S	14S	18S	22S	22S	5S	50S	5S	5S	5S	50S
1452254.at	1.0526	Mtmr9	protein amino acid dephosphorylation	S	12S	10S	45R	27S	27S	5S	10S	5S	5S	5S	10S
1440348.at	1.0521			R	44S	19S	19S	37S	37S	6S	7S	6S	6S	6S	7S
1454682.at	1.0511	A430005L14Rik		S	8S	12S	4S	4S	4S	18S	4S	18S	18S	18S	4S
1424562_a.at	1.0507	Slc25a4	transport	S	87S	13S	1S	16R	16R	13S	8S	13S	13S	13S	8S
1453712_a.at	1.0502	Map2k5	MAPKK cascade	S	67S	6S	15S	36S	36S	4S	22S	4S	4S	4S	22S
1448959.at	1.0487	Ndufs4	electron transport	S	71R	50S	26S	14S	14S	2S	25S	2S	2S	2S	25S
1416898_a.at	1.0475	irf3	transcription	S	67S	5S	19S	16R	16R	13S	1S	13S	13S	13S	1S
1424527.at	1.0474	Ppp2r2d	signal transduction	S	35S	48S	10S	26S	26S	9S	38S	9S	9S	9S	38S

1. 同期率計算の改良



1. 同期率計算の改良

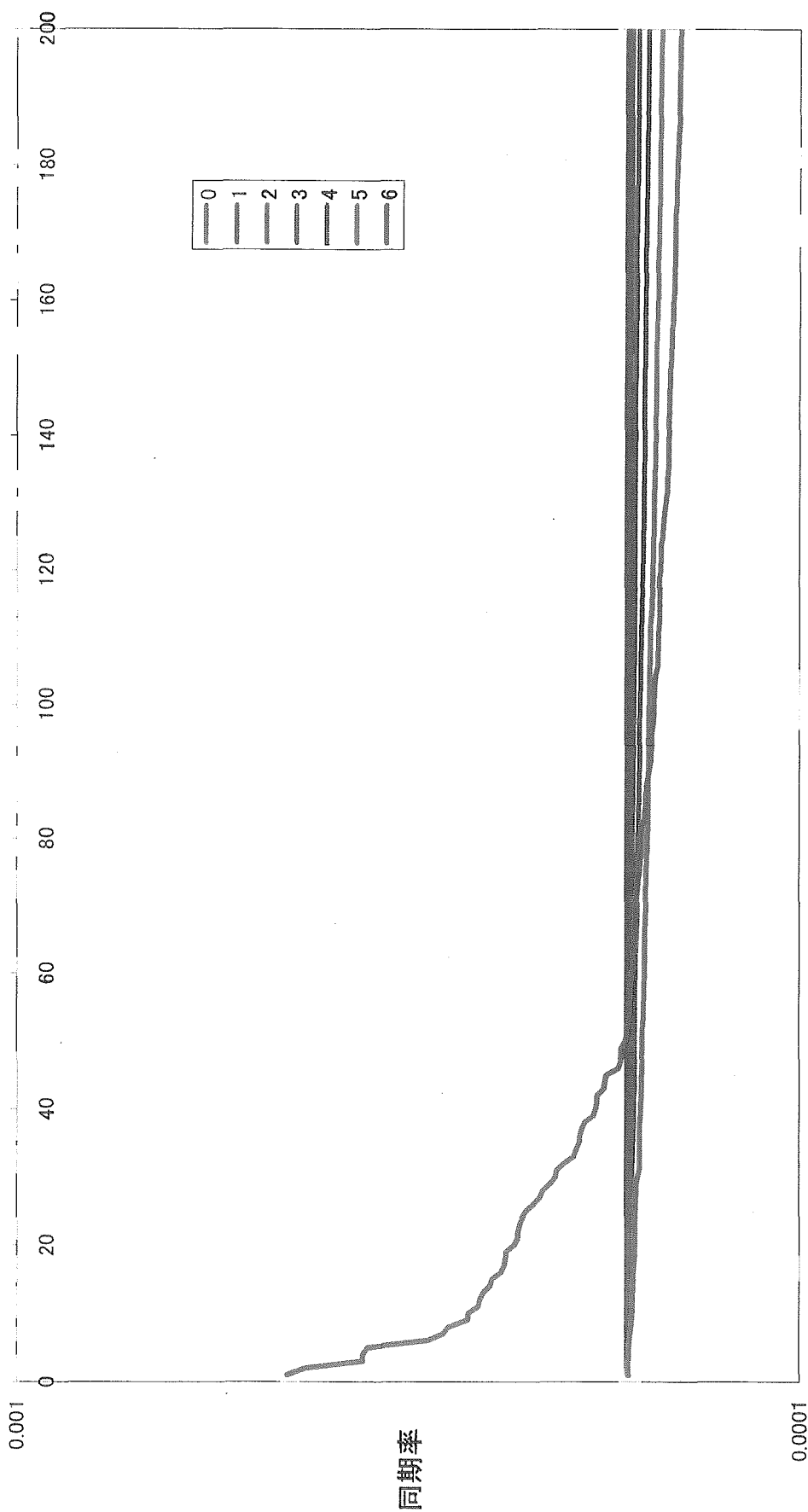
各プロパーセットが、UNIQUE, RIGOROUS, SHELLとなる化合物数ごとの同期率の分布状況 (Group1、パラメータ=1000の場合)



UNIQUE, RIGOROUS, SHELLとなる化合物数内の同期率の順位

1. 同期率計算の改良

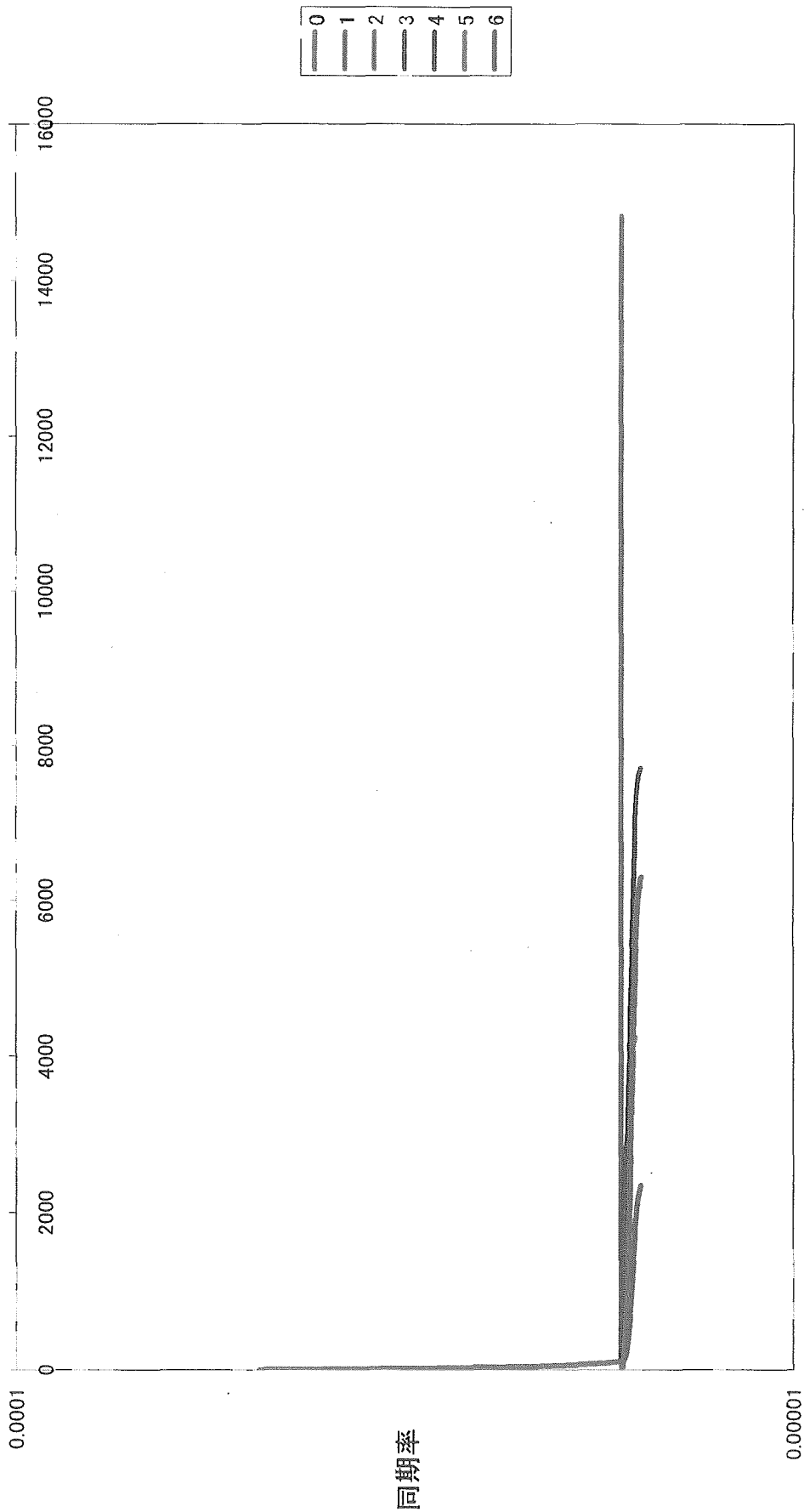
各プロブセットが、UNIQUE, RIGOROUS, SHELLとなる化合物数ごとの同期率の分布状況 (Group1、パラメータ=1000の場合)
200位まで



UNIQUE, RIGOROUS, SHELLとなる化合物数内の同期率の順位

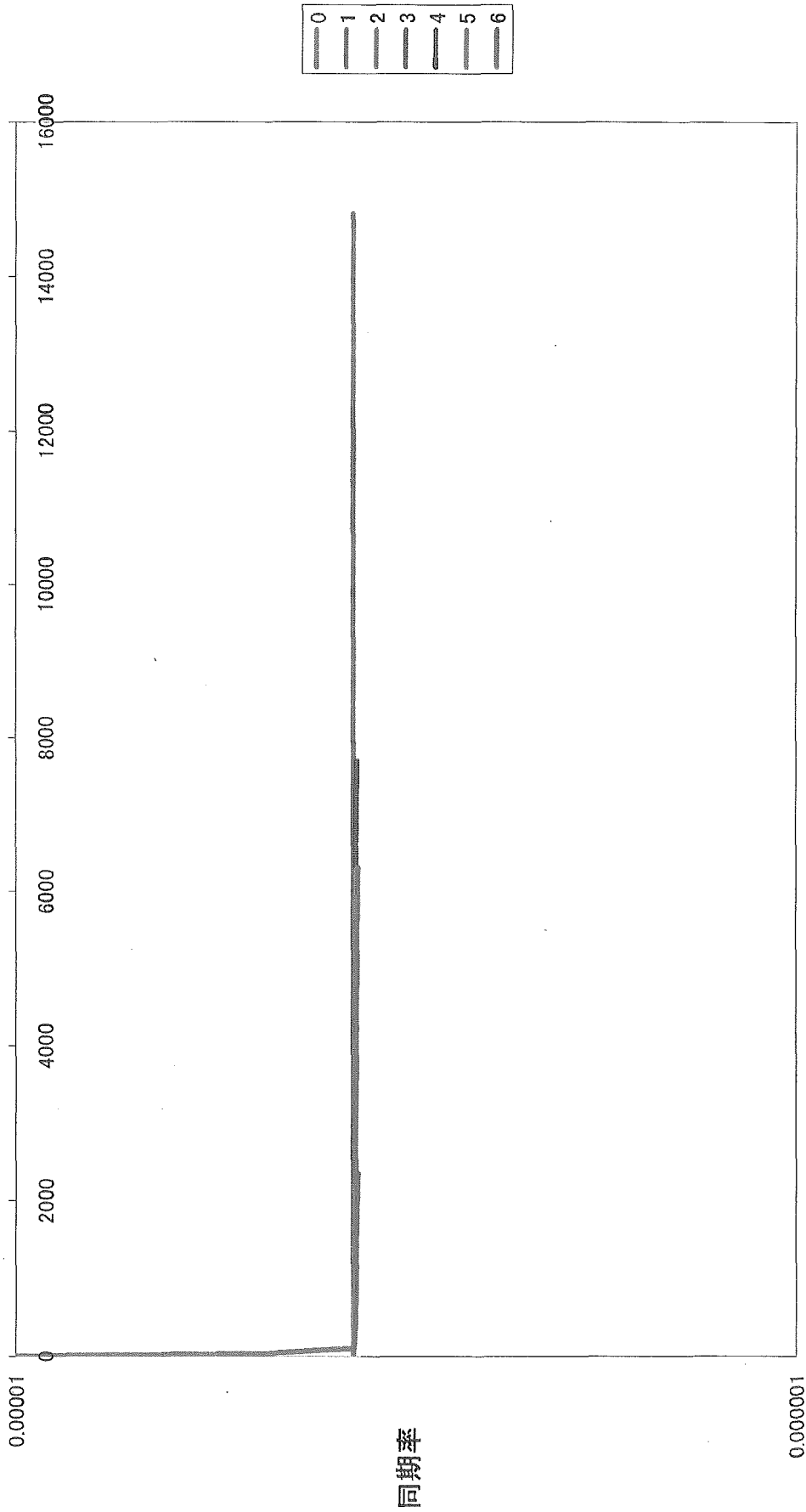
1. 同期率計算の改良

各プロセッサが、UNIQUE, RIGOROUS, SHELLとなる化合物数ごとの同期率の分布状況 (Group1、パラメータ=10000の場合)



1. 同期率計算の改良

各プロポーセットが、UNIQUE, RIGOROUS, SHELLとなる化合物ごとの同期率の分布状況 (Group1、パラメータ=45101の場合)



UNIQUE, RIGOROUS, SHELLとなる化合物数内の同期率の順位

1. 同期率計算の改良

パラメータ45101の場合で同期率の高かった遺伝子(プロローブセット)リスト

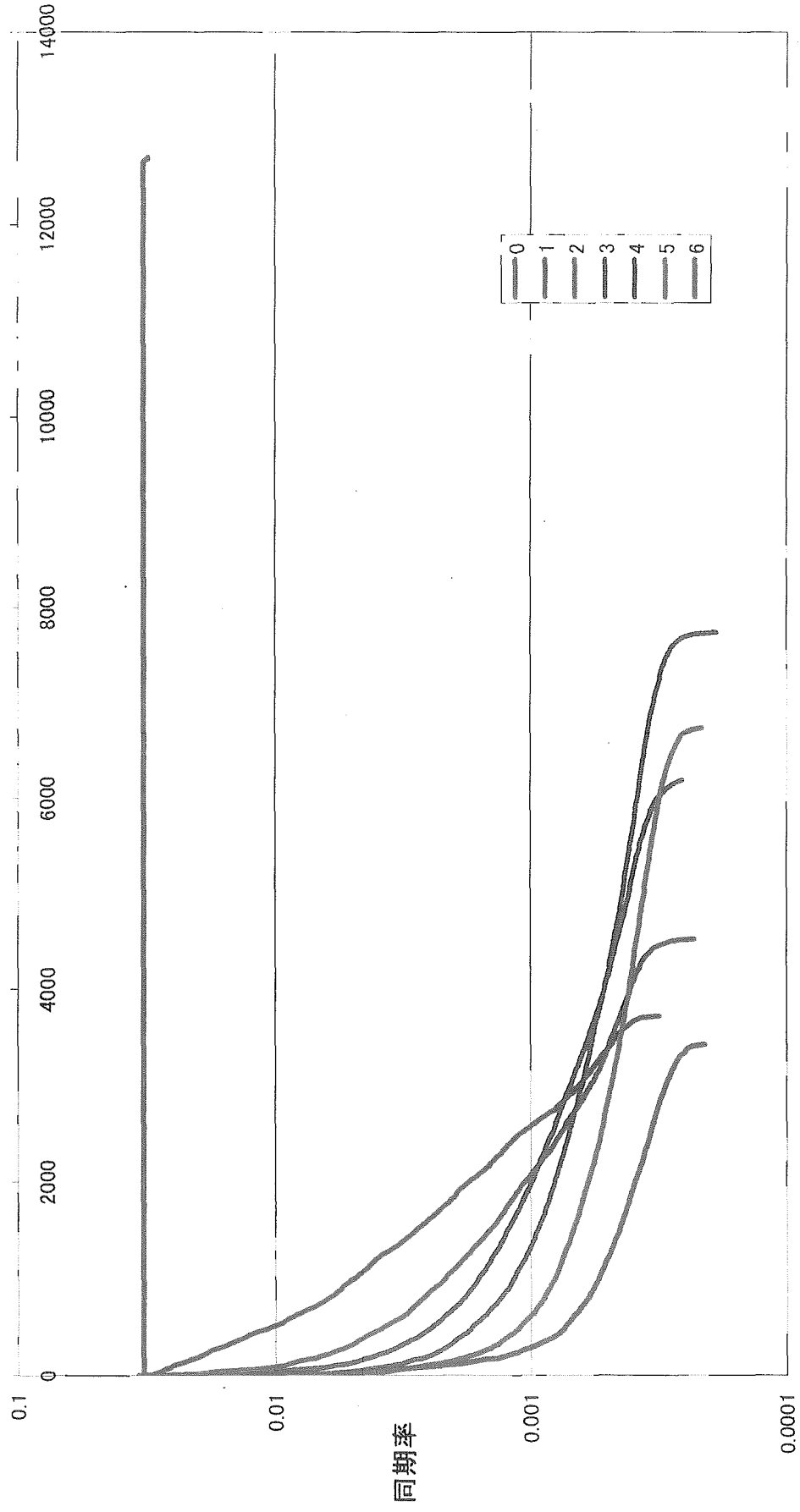
prb_id	rate	Gene Symbol	GO Biological Process	cls1	cnt1	cls2	cnt2	cls3	cnt3	cls4	cnt4	cls5	cnt5	cls6	cnt6
1417169.at	2.9443	Usp2	ubiquitin-dependent protein catabolism	S	4 S	4 S	4 S	5 R	2 R	7 S	4				
1424815.at	2.8602	Gys2	glycogen biosynthesis	S	5 S	9 S	3 S	5 S	3 S	6 S	13				
1424175.at	2.6175	Tef	transcription	R	11 S	7 S	5 S	5 S	3 R	10 S	28				
1437478.s.at	2.4553			S	5 S	8 S	5 R	2 S	11	7 S					
1417168.a.at	2.3294	Usp2	ubiquitin-dependent protein catabolism	S	3 S	3 R	4 R	3 R	8 R	7					
1432466.a.at	2.1560	Apoe	transport	R	25 R	3 S	1 S	2 S	5 S	6					
1460409.at	2.0618	Cpt1a	lipid metabolism	R	11 S	14 R	24 S	2 S	10 S	26					
1425260.at	2.0499	Alb1	transport	R	45 R	10 S	4 R	17 R	6 S	2					
1416958.at	2.0378	Nr1d2	transcription	S	4 R	11 S	7 S	3 S	8 R	27					
1419233.x.at	1.9805	Apoa1	lipid metabolism	R	49 S	3 S	4 S	11 R	3 R	2					
1428487.s.at	1.9734			R	6 R	16 R	11 R	1 R	8 S	6					
1415928.a.at	1.9673	Map1lc3b	ubiquitin cycle	R	3 S	11 R	9 R	3 S	6 S	34					
1425546.a.at	1.9531	Trf	transport	S	71 S	3 S	5 S	2 R	11 S	1					
1417190.at	1.9462	Pbef1	pyridine nucleotide biosynthesis	S	2 R	8 R	6 R	2 R	5 S	3					
1418282.x.at	1.9337	Serpina1b	acute-phase response	S	9 R	13 R	6 S	8 R	3 S	1					
1451580.a.at	1.9025	Trt	thyroid hormone generation	S	13 S	7 R	10 S	16 R	3 S	2					
1416138.at	1.8588	Anxa7	calcium ion homeostasis	S	19 R	27 R	17 S	2 R	7 S	64					
1416649.at	1.8408	Ambp	transport	S	91 S	10 R	6 S	7 S	8 S	3					
1438840.x.at	1.8361	Apoa1	lipid metabolism	R	18 R	22 S	5 S	20 R	2 S	1					
1460510.a.at	1.8222			S	3 S	32 R	11 R	2 R	5 R	6					
1428843.at	1.7764	5-Mar		S	9 S	17 S	16 S	1 S	18 S	27					
1415929.at	1.7412	Map1lc3b	ubiquitin cycle	R	2 S	9 S	12 R	5 S	5 S	17					
1426884.at	1.6655	1110007A06Rik		S	7 S	6 R	18 R	5 S	9 R	42					
1422470.at	1.6407	Bnip3	apoptosis	S	1 S	4 R	13 R	5 S	7 S	19					
1451422.at	1.6275	Myo18a		S	10 S	6 S	8 S	7 S	4 S	11					
1429166.s.at	1.6128			R	6 S	7 S	3 R	2 S	6 S	27					
1448451.at	1.5837	Ak2	nucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolism	S	5 S	2 R	2 S	1 S	3 R	16					
1439015.at	1.4772			R	9 S	5 S	9 R	3 S	2 S	8					
1450149.a.at	1.4766	Ppp1cc	carbohydrate metabolism	R	3 S	5 S	7 S	1 S	19 S	36					
1439117.at	1.4741			S	5 S	13 R	4 S	4 S	4 S	41					
1448810.at	1.4669	Gne	UDP-N-acetylglucosamine metabolism	S	15 S	4 S	7 S	1 S	8 S	18					
1435007.s.at	1.4646	At132487	transport	S	1 S	6 S	1 S	6 R	19 S	5					
1422821.s.at	1.4555	Stard5	steroid biosynthesis	R	8 S	10 R	16 R	4 S	10 S	13					
1455201.x.at	1.4180	Apoa1	lipid metabolism	R	17 R	18 S	7 S	1 R	3 S	1					
1416624.a.at	1.3724	Uba52	protein biosynthesis	S	1 S	23 S	6 S	11 S	2 S	3					
1419618.at	1.3352	Bbox1	carnitine biosynthesis	S	2 S	7 S	5 R	5 R	19 R	51					
1438751.at	1.3323			S	3 R	1 R	2 S	2 R	3 R	2					
1416774.at	1.3309	Wee1	protein amino acid phosphorylation	S	2 R	5 R	3 S	1 S	5 S	7					
1426490.at	1.2965	Bfar	anti-apoptosis	S	10 R	19 S	3 S	7 S	1 S	18					
1422822.at	1.2949	Stard5	steroid biosynthesis	S	9 R	4 R	10 R	4 S	15 S	14					

1. 同期率計算の改良

Group 2

1. 同期率計算の改良

各プロセッサが、UNIQUE, RIGOROUS, SHELLとなる化合物数ごとの同期率の分布状況 (Group2、パラメータ=5の場合)



UNIQUE, RIGOROUS, SHELLとなる化合物数内の同期率の順位