

1.1. 計算手順概要



誤差項の2乗和は、2次式なので微分して0となる点が発現量推定値であると考えることができる。

$$\frac{\partial}{\partial x_{ij}} g(\mathbf{x}) = 0$$

$$\begin{pmatrix} \mathbf{y}_L \\ \mathbf{y}_{L75B25} \\ \mathbf{y}_{L50B50} \\ \mathbf{y}_{L25B75} \\ \mathbf{y}_B \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \mathbf{I} & \mathbf{0} \\ 0.75 \cdot \mathbf{I} & 0.25 \cdot \mathbf{I} \\ 0.50 \cdot \mathbf{I} & 0.50 \cdot \mathbf{I} \\ 0.25 \cdot \mathbf{I} & 0.75 \cdot \mathbf{I} \\ \mathbf{0} & \mathbf{I} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \mathbf{B} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{B} \end{pmatrix} \frac{\partial}{\partial x_{ij}} \begin{pmatrix} \mathbf{x}_L \\ \mathbf{x}_B \end{pmatrix} = \mathbf{0}$$

推定量から誤差値を求めることができ、尤度を計算してAICを計算する。

Copyright © NTT COMWARE 2007

1.1. 計算手順概要



本数式は、 $2n$ 個（バリエーション数 \times LB）の連立一次方程式を作成する。したがって、この連立方程式を解けば、発現パターンごとの発現推定量を求めることができる。

この発現推定量に対する、尤度を次のように仮定して求める。

$$L_x(\mu, \sigma) = p_{\mu, \sigma}(x) = \frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma^2}} e^{-\frac{(x-\mu)^2}{2\sigma^2}}$$

この尤度を用いてAICを計算し、最適な発現パターンを計算する。しかしながら、発現パターンは、 2^{n-m} 個存在する。 nm が大きくなると、計算時間がかかりすぎて、実用的ではなくなる。対処が必要である。

Copyright © NTT COMWARE 2007

1.2. 推定用計算式作成



細かく展開した式を作成する

Mixtureも考慮した式にする

誤差項の二乗和を最小化する発現推定量が、その発現パターンに対する推定量であるとみなす。

$$\begin{pmatrix} \mathbf{I} & \mathbf{0} \\ 0.75\mathbf{I} & 0.25\mathbf{I} \\ 0.50\mathbf{I} & 0.50\mathbf{I} \\ 0.25\mathbf{I} & 0.75\mathbf{I} \\ \mathbf{0} & \mathbf{I} \\ \mathbf{I} & \mathbf{0} \\ 0.75\mathbf{I} & 0.25\mathbf{I} \\ 0.50\mathbf{I} & 0.50\mathbf{I} \\ 0.25\mathbf{I} & 0.75\mathbf{I} \\ \mathbf{0} & \mathbf{I} \\ \mathbf{I} & \mathbf{0} \\ 0.75\mathbf{I} & 0.25\mathbf{I} \\ 0.50\mathbf{I} & 0.50\mathbf{I} \\ 0.25\mathbf{I} & 0.75\mathbf{I} \\ \mathbf{0} & \mathbf{I} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \mathbf{B} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{B} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \mathbf{x}_L \\ \mathbf{x}_B \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} \mathbf{e}_L \\ \mathbf{e}_{L75B25} \\ \mathbf{e}_{L50B50} \\ \mathbf{e}_{L25B75} \\ \mathbf{e}_B \\ \mathbf{e}_L \\ \mathbf{e}_{L75B25} \\ \mathbf{e}_{L50B50} \\ \mathbf{e}_{L25B75} \\ \mathbf{e}_B \\ \mathbf{e}_L \\ \mathbf{e}_{L75B25} \\ \mathbf{e}_{L50B50} \\ \mathbf{e}_{L25B75} \\ \mathbf{e}_B \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \mathbf{y}_L \\ \mathbf{y}_{L75B25} \\ \mathbf{y}_{L50B50} \\ \mathbf{y}_{L25B75} \\ \mathbf{y}_B \\ \mathbf{y}_L \\ \mathbf{y}_{L75B25} \\ \mathbf{y}_{L50B50} \\ \mathbf{y}_{L25B75} \\ \mathbf{y}_B \\ \mathbf{y}_L \\ \mathbf{y}_{L75B25} \\ \mathbf{y}_{L50B50} \\ \mathbf{y}_{L25B75} \\ \mathbf{y}_B \end{pmatrix}$$

$$g(\mathbf{x}) = \begin{pmatrix} \mathbf{e}_{L7} \\ \mathbf{e}_{L75B25} \\ \mathbf{e}_{L50B50} \\ \mathbf{e}_{L25B75} \\ \mathbf{e}_B \\ \mathbf{e}_{L7} \\ \mathbf{e}_{L75B25} \\ \mathbf{e}_{L50B50} \\ \mathbf{e}_{L25B75} \\ \mathbf{e}_B \\ \mathbf{e}_{L7} \\ \mathbf{e}_{L75B25} \\ \mathbf{e}_{L50B50} \\ \mathbf{e}_{L25B75} \\ \mathbf{e}_B \\ \mathbf{e}_{L7} \\ \mathbf{e}_{L75B25} \\ \mathbf{e}_{L50B50} \\ \mathbf{e}_{L25B75} \\ \mathbf{e}_B \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \mathbf{e}_{L7} \\ \mathbf{e}_{L75B25} \\ \mathbf{e}_{L50B50} \\ \mathbf{e}_{L25B75} \\ \mathbf{e}_B \\ \mathbf{e}_{L7} \\ \mathbf{e}_{L75B25} \\ \mathbf{e}_{L50B50} \\ \mathbf{e}_{L25B75} \\ \mathbf{e}_B \\ \mathbf{e}_{L7} \\ \mathbf{e}_{L75B25} \\ \mathbf{e}_{L50B50} \\ \mathbf{e}_{L25B75} \\ \mathbf{e}_B \\ \mathbf{e}_{L7} \\ \mathbf{e}_{L75B25} \\ \mathbf{e}_{L50B50} \\ \mathbf{e}_{L25B75} \\ \mathbf{e}_B \end{pmatrix}$$

このような方程式を過剰条件の連立方程式と呼ぶ

Copyright © NTT COMWARE 2007

1.2. 推定用計算式作成



- 過剰条件の連立一次方程式には幾つかの方法が提唱されている

- 正規方程式に解法

$${}^t \mathbf{A} \mathbf{A} \mathbf{x} = {}^t \mathbf{A} \mathbf{y}$$

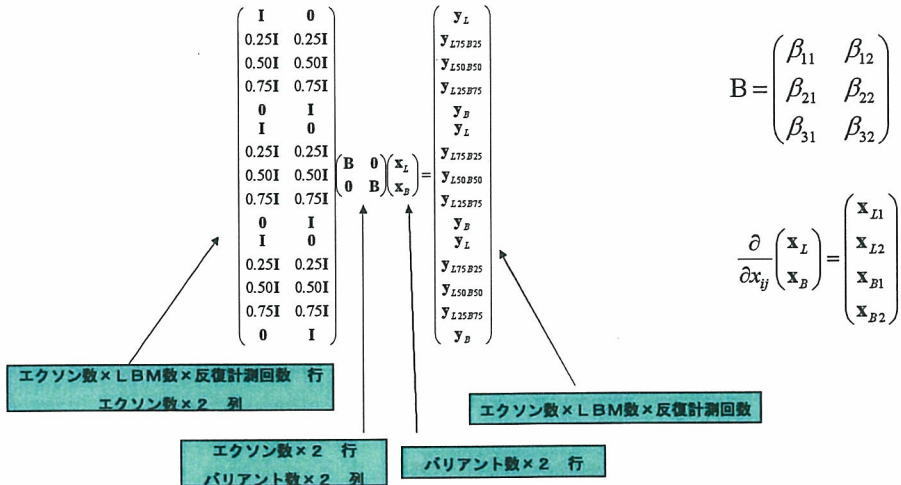
- QR分解法

などの方法がある

Copyright © NTT COMWARE 2007

1.2. 推定用計算式作成

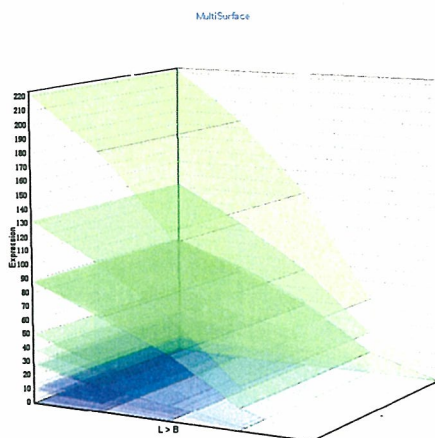
3個のエクソン、2種類のバリエントで、数式を組み立ててみる



1.3. 推定用計算試行

エクソンチップの実験結果を用いて、計算を行ってみる

計算実験対象: Cyp2a12



バリエント数分の直線で近似する
 同じタンパクを生成するExonのはず(？)

タンパク1個で、Exonが重複する？
 行列Bの作り方の問題

計測誤差？

1. Exon Chip



- 現段階において、Exon Chipの定量性に問題があり、Splicing Variantの特定が困難である。

Copyright © NTT COMWARE 2007



2. 化合物間クラスタリング

Copyright © NTT COMWARE 2007

18

2. 化合物間クラスタリング



- 目的:
 - 化合物間で反応の違いをみることで、クラスタリングを実施し、化合物と遺伝子相互の関係性を明らかにする

Copyright © NTT COMWARE 2007

2.1. 化合物間距離の定義



- 化合物間距離の定義
 - 化合物が違えば、用量に対する反応が違うので、TMF値のような比較はできない。工夫が必要。
 - ◆ 第1段階: Vehicle Onlyの情報は、時刻条件が一致しているので、比較が可能。
 - SDを考慮した距離を使用する(Maharanobis距離もどき)。SDが大きなものは距離が近いとみなす。



$$d_{ab} = \sqrt{\frac{E_{ab}^2}{\sigma_a \cdot \sigma_b}}$$

各遺伝子

E_{ab} : 化合物 ab 間の4時刻を用いた距離

σ_a : 化合物 a の4時刻全体の標準偏差

σ_b : 化合物 b の4時刻全体の標準偏差

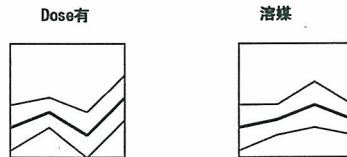
遺伝子数分合計

Copyright © NTT COMWARE 2007

2.1. 化合物間距離の定義



- ◆第2段階: 化合物を添加した場合には、Vehicle Onlyとの比較で差が発生しているか？



引き算結果を用いて距離計算を行う？

Copyright © NTT COMWARE 2007

2.1. 化合物間距離の定義



- 全距離が定義できた場合の階層的クラスタリング
 - Single Link、Complete Link、Ward法などがある。
 - Ward法
 - 直感に沿った結果がしやすい
 - Single-Link
 - 空間凝縮の傾向: 新しくできたクラスタに、他のクラスタが結合しやすくなる
 - Complete-Link
 - 空間拡散の傾向: 新しくできたクラスタに、他のクラスタが結合しにくくなる
 - Lance-Williams updating formula
 - 階層的クラスタリングの統一表記方法

Copyright © NTT COMWARE 2007

2. 2. Dose0同士の実験



Dose0同士のクラスタリングを実施してみる。溶媒や餌種類の影響が大きいと予想される。

クラスタリング対象実験

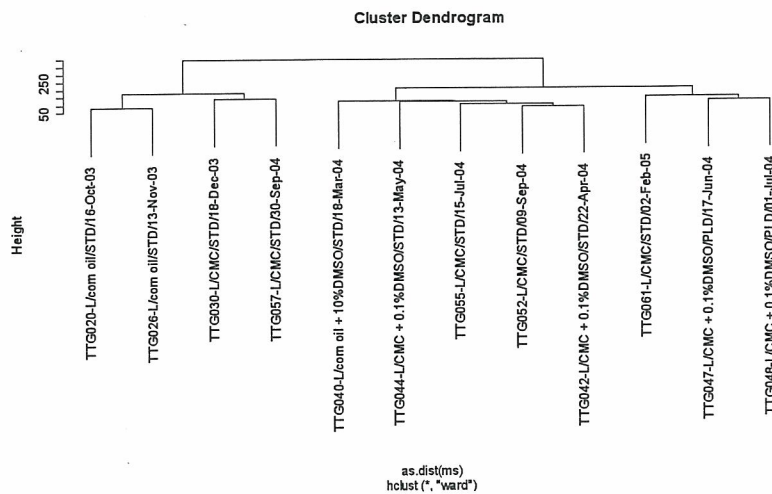
	化合物	溶媒	餌種類	実験日
TTG030-L	N-Methylaniline	MC	STD	2003/12/18
TTG040-L	cisplatin	corn oil + 10%DMSO	STD	2004/3/18
TTG044-L	Clofibrate	MC + 0.1%DMSO	STD	2004/5/13
TTG052-L	all trans retinoic acid	MC	STD	2004/9/9
TTG055-L	N-ethyl-N-nitrosourea	MC	STD	2004/7/15
TTG061-L	Paraquat 2nd	MC	STD	2005/2/2
TTG020-L	TCDD_TEST20040323	corn oil	STD	2003/10/16
TTG026-L	TCDF	corn oil	STD	2003/11/13
TTG042-L	Ethynyl Estradiol	MC + 0.1%DMSO	STD	2004/4/22
TTG047-L	Bisphenol A	MC + 0.1%DMSO	PLD	2004/6/17
TTG048-L	Genistein	MC + 0.1%DMSO	PLD	2004/7/1
TTG057-L	indigo	MC	STD	2004/9/30

Copyright © NTT COMWARE 2007

2. 2. Dose0同士のクラスタリング



結果(Ward法、全時刻の平均発現量が細胞あたり100コピー以上の遺伝子)

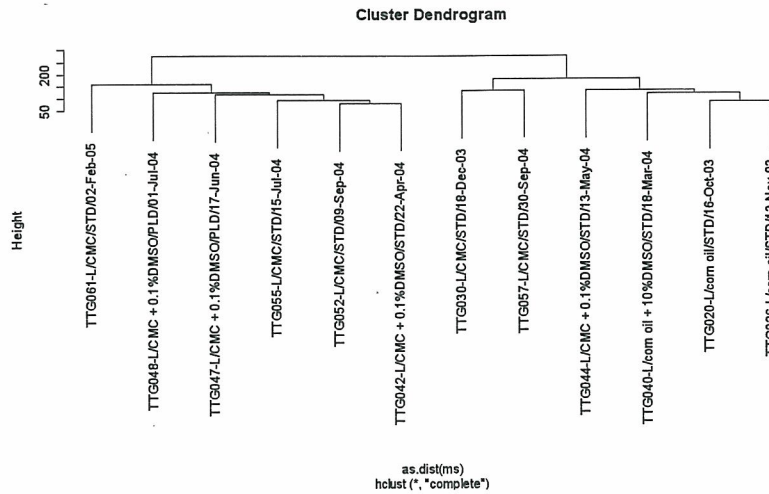


Copyright © NTT COMWARE 2007

2. 2. Dose0同士のクラスタリング



結果(Complete法、全時刻の平均発現量が細胞あたり100コピー以上の遺伝子)



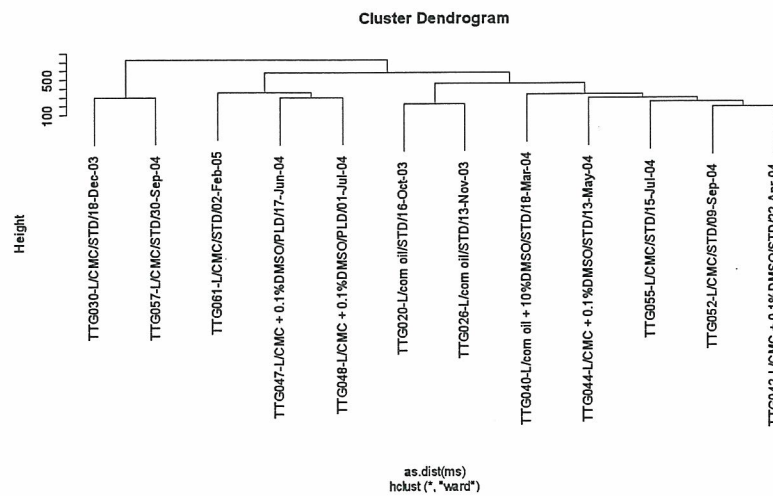
溶媒によりツリー分岐がされている

Copyright © NTT COMWARE 2007

2. 2. Dose0同士のクラスタリング



結果(Ward法、全時刻の平均発現量が細胞あたり10コピー以上の遺伝子)



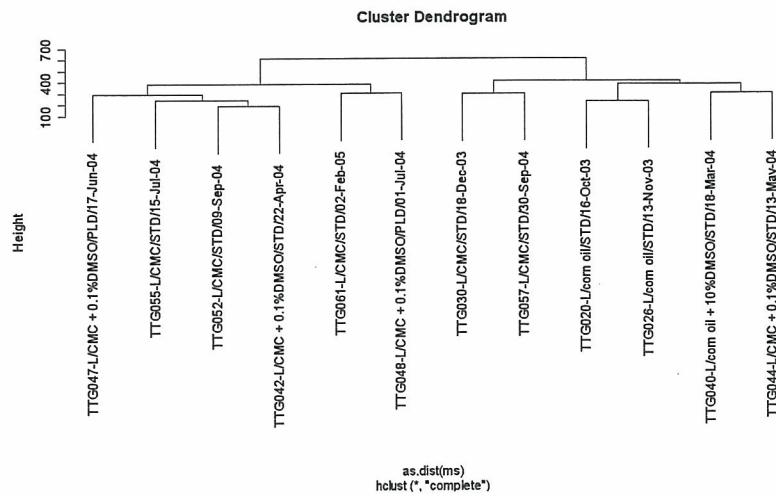
溶媒によりツリー分岐がされているとは言えないような構造が現れた

Copyright © NTT COMWARE 2007

2.2. Dose0同士のクラスタリング



結果(Complete法、全時刻の平均発現量が細胞あたり10コピー以上の遺伝子)



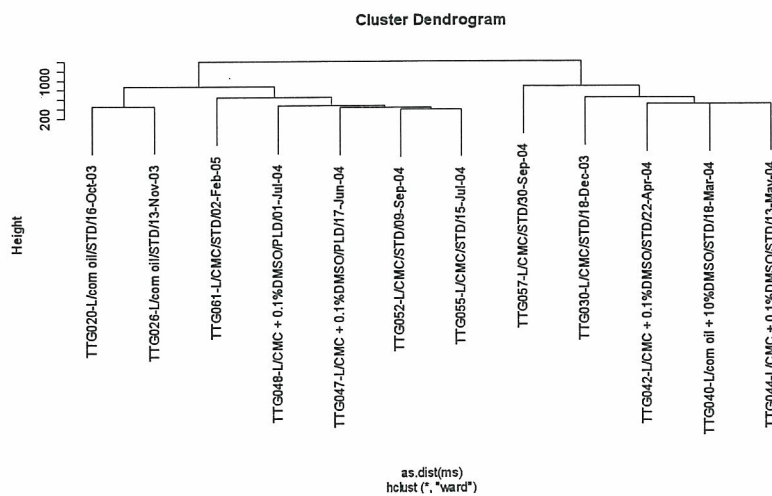
溶媒によりツリー分岐がされているとは言えないような構造が現れた

Copyright © NTT COMWARE 2007

2.2. Dose0同士のクラスタリング



結果(Ward法、全時刻の平均発現量が細胞あたり1コピー以上の遺伝子)



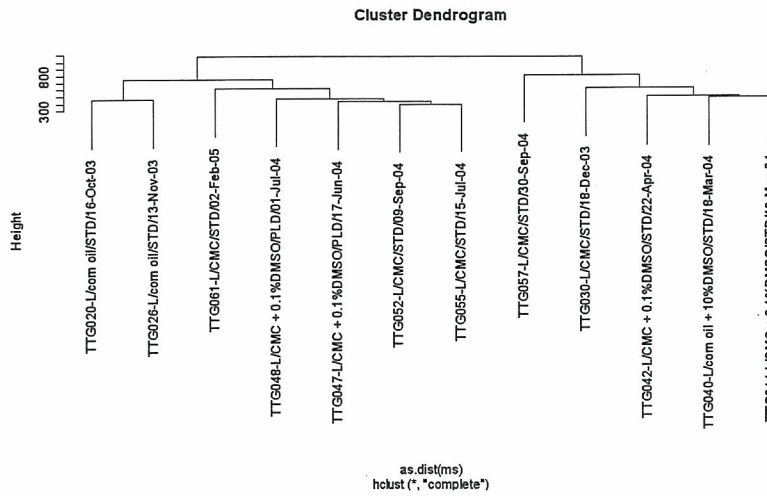
溶媒によりツリー分岐がされているとは言えないような構造が現れた

Copyright © NTT COMWARE 2007

2. 2. Dose0同士のクラスタリング



結果(Complete法、全時刻の平均発現量が細胞あたり1コピー以上の遺伝子)



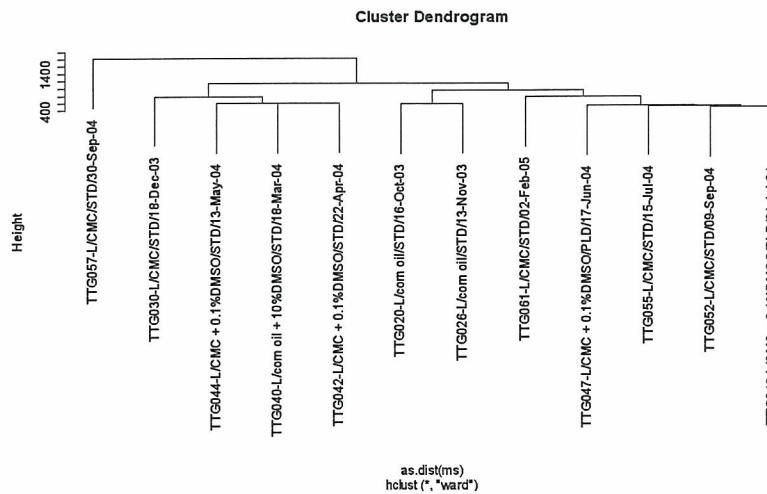
溶媒によりツリー分岐がされているとは言えないような構造が現れた

Copyright © NTT COMWARE 2007

2. 2. Dose0同士のクラスタリング



結果(Ward法、全遺伝子)



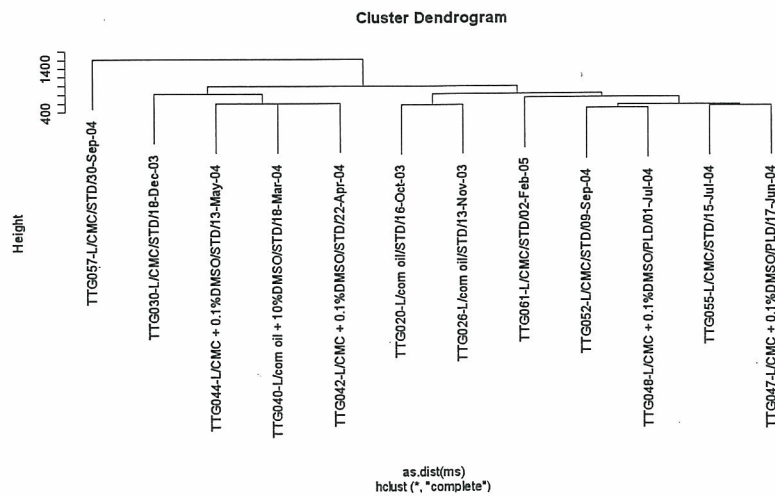
溶媒によりツリー分岐がされているとは言えないような構造が現れた

Copyright © NTT COMWARE 2007

2.2. Dose0同士のクラスタリング



結果(Complete法、全遺伝子)



溶媒によりツリー分岐がされているとは言えないような構造が現れた
 Copyright © NTT COMWARE 2007 別の要因がツリー構造を形成している可能性が高い

2.3. Dose0: 使用プロブセットとツリー構造



使用する遺伝子(プロブセット)を変化させた場合にクラスタリングのツリー構造がどのように変化する確認する

クラスタリング対象実験

	化合物	溶媒	餌種類	実験日
TTG030-L	N-Methylaniline	MC	STD	2003/12/18
TTG040-L	cisplatin	com oil + 10%DMSO	STD	2004/3/18
TTG044-L	Clofibrate	MC + 0.1%DMSO	STD	2004/5/13
TTG052-L	all trans retinoic acid	MC	STD	2004/9/9
TTG055-L	N-ethyl-N-nitrosourea	MC	STD	2004/7/15
TTG061-L	Paraquat 2nd	MC	STD	2005/2/2
TTG020-L	TCDD_TEST20040323	com oil	STD	2003/10/16
TTG026-L	TCDF	com oil	STD	2003/11/13
TTG042-L	Ethynyl Estradiol	MC + 0.1%DMSO	STD	2004/4/22
TTG047-L	Bisphenol A	MC + 0.1%DMSO	PLD	2004/6/17
TTG048-L	Genistein	MC + 0.1%DMSO	PLD	2004/7/1
TTG057-L	indigo	MC	STD	2004/9/30

Copyright © NTT COMWARE 2007

2. 3. Dose0: 使用プローブセットとツリー構造



Dose0: 距離マトリクス(全遺伝子)

対象プローブ数: 45101

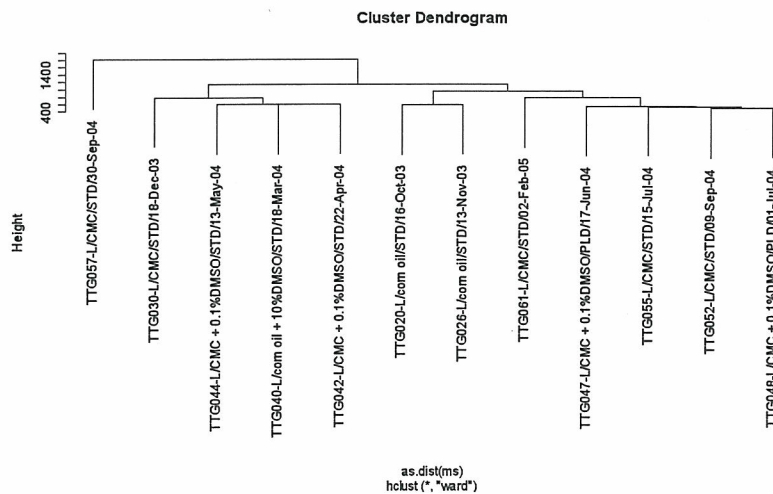
	ord	pl no	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
			12	17	33	50	42	67	1	2	22	38	40	54
TTG030-L	1	12	0.0	716.8	815.4	648.3	759.3	866.6	667.8	830.8	636.6	783.6	770.2	1152.5
TTG040-L	2	17	716.8	0.0	600.8	585.5	760.9	799.0	776.1	894.1	599.2	735.7	745.3	987.7
TTG044-L	3	33	815.4	600.8	0.0	655.4	794.6	876.4	906.8	989.8	602.2	753.2	808.7	1011.5
TTG052-L	4	50	648.3	585.5	655.4	0.0	466.7	594.7	504.4	597.0	529.5	474.6	464.1	1205.8
TTG055-L	5	42	759.3	760.9	794.6	466.7	0.0	723.5	664.1	793.2	582.6	526.6	544.9	1469.2
TTG061-L	6	67	866.6	799.0	876.4	594.7	723.5	0.0	733.6	812.2	654.1	717.6	661.3	1406.5
TTG020-L	7	1	667.8	776.1	906.8	504.4	664.1	733.6	0.0	570.1	701.2	646.4	672.3	1468.9
TTG026-L	8	2	830.8	894.1	989.8	597.0	793.2	812.2	570.1	0.0	762.1	774.4	822.3	1601.6
TTG042-L	9	22	636.6	599.2	602.2	529.5	582.6	654.1	701.2	762.1	0.0	634.5	612.6	1158.2
TTG047-L	10	38	783.6	735.7	753.2	474.6	526.6	717.6	646.4	774.4	634.5	0.0	541.7	1426.1
TTG048-L	11	40	770.2	745.3	808.7	464.1	544.9	661.3	672.3	822.3	612.6	541.7	0.0	1427.6
TTG057-L	12	54	1152.5	987.7	1011.5	1205.8	1469.2	1406.5	1468.9	1601.6	1158.2	1426.1	1427.6	0.0

Copyright © NTT COMWARE 2007

2. 3. Dose0: 使用プローブセットとツリー構造



Dose0: 結果(全遺伝子、Ward法)



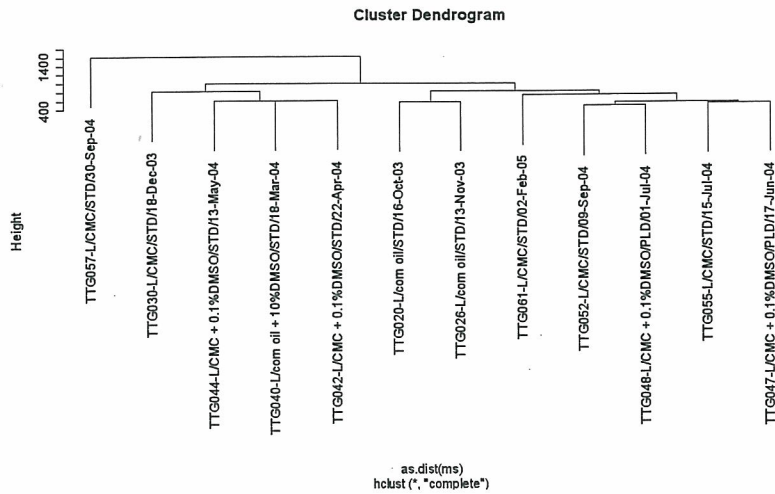
溶媒によりツリー分岐がされているとは言えないような構造が現れた

Copyright © NTT COMWARE 2007

2.3. Dose0: 使用プローブセットとツリー構造



Dose0: 結果(全遺伝子、Complete法)



溶媒によりツリー分岐がされているとは言えないような構造が現れた

Copyright © NTT COMWARE 2007

2.3. Dose0: 使用プローブセットとツリー構造



Dose0: 距離マトリクス(発現量の全時刻平均が細胞当たり1コピー以上の遺伝子)

対象遺伝子数: 27,707

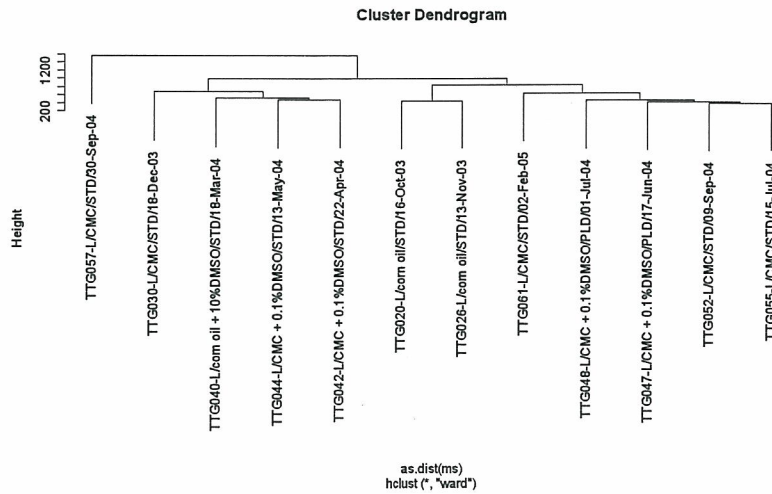
			1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12		
	ord	pi	no	a	12	17	33	50	42	67	1	2	22	38	40	54
TTG030-L	1	12	0.0	601.5	676.5	556.2	669.8	773.4	541.5	704.2	542.9	697.2	689.7	937.7		
TTG040-L	2	17	601.5	0.0	509.2	475.1	648.8	692.6	604.5	735.9	491.9	634.3	642.2	853.8		
TTG044-L	3	33	676.5	509.2	0.0	533.6	662.6	760.0	723.0	826.4	475.3	638.5	685.2	877.1		
TTG052-L	4	50	556.2	475.1	533.6	0.0	379.7	494.9	415.5	499.2	425.5	396.6	392.7	1008.7		
TTG055-L	5	42	669.8	648.8	662.6	379.7	0.0	595.6	536.4	667.3	473.6	423.7	449.8	1269.0		
TTG061-L	6	67	773.4	692.6	760.0	494.9	595.6	0.0	618.9	724.6	560.7	600.1	522.4	1242.6		
TTG020-L	7	1	541.5	604.5	723.0	415.5	536.4	618.9	0.0	444.3	555.9	532.9	568.0	1188.1		
TTG026-L	8	2	704.2	735.9	826.4	499.2	667.3	724.6	444.3	0.0	644.3	654.3	703.6	1349.0		
TTG042-L	9	22	542.9	491.9	475.3	425.5	473.6	560.7	555.9	644.3	0.0	525.0	501.8	991.8		
TTG047-L	10	38	697.2	634.3	638.5	396.6	423.7	600.1	532.9	654.3	525.0	0.0	455.3	1240.7		
TTG048-L	11	40	689.7	642.2	685.2	392.7	449.8	522.4	568.0	703.6	501.8	455.3	0.0	1237.8		
TTG057-L	12	54	937.7	853.8	877.1	1008.7	1269.0	1242.6	1188.1	1349.0	991.8	1240.7	1237.8	0.0		

Copyright © NTT COMWARE 2007

2. 3. Dose0: 使用プロブセットとツリー構造



Dose0: 結果(発現量の全時刻平均が細胞当たり1コピー以上の遺伝子、Ward法)



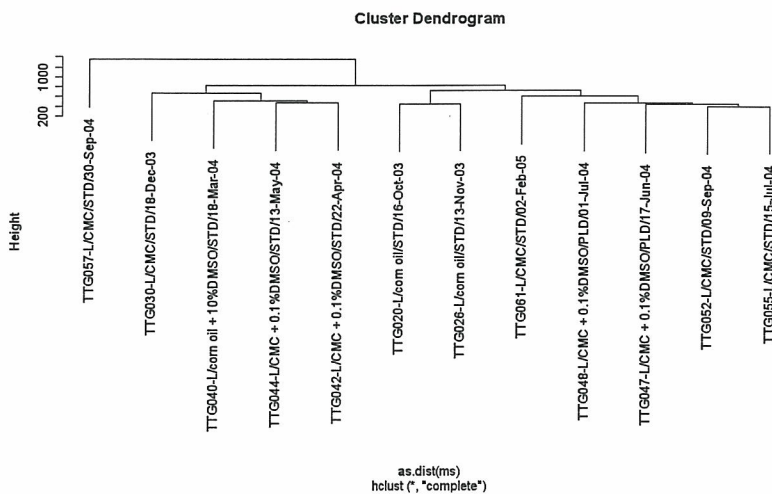
溶媒によりツリー分岐がされているとは言えないような構造が現れた

Copyright © NTT COMWARE 2007

2. 3. Dose0: 使用プロブセットとツリー構造



Dose0: 結果(発現量の全時刻平均が細胞当たり1コピー以上の遺伝子、Complete法)



溶媒によりツリー分岐がされているとは言えないような構造が現れた

Copyright © NTT COMWARE 2007

2.3. Dose0: 使用プローブセットとツリー構造



Dose0: 距離マトリクス(発現量の全時刻平均が細胞当たり10コピー以上の遺伝子)

対象プローブ数: 7,153

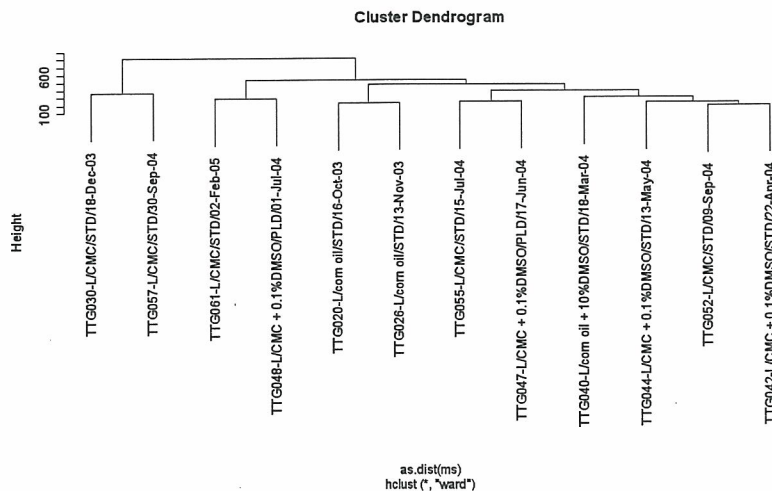
			1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
	ord	pi_no	12	17	33	50	42	67	1	2	22	38	40	54
TTG030-L	1	12	0.0	369.9	389.9	331.4	460.6	558.1	306.6	391.4	366.5	483.5	498.3	368.4
TTG040-L	2	17	369.9	0.0	312.9	231.4	363.9	440.8	275.1	349.6	274.7	381.3	382.2	443.4
TTG044-L	3	33	389.9	312.9	0.0	235.0	315.8	446.5	301.4	367.1	217.8	337.6	370.2	485.8
TTG052-L	4	50	331.4	231.4	235.0	0.0	215.8	315.7	235.5	284.1	192.5	256.6	245.7	433.2
TTG055-L	5	42	460.6	363.9	315.8	215.8	0.0	370.2	334.6	399.2	244.6	252.7	294.0	622.5
TTG061-L	6	67	558.1	440.8	446.5	315.7	370.2	0.0	432.3	506.5	345.0	373.9	296.0	702.9
TTG020-L	7	1	306.6	275.1	301.4	235.5	334.6	432.3	0.0	226.9	283.8	345.4	382.2	450.7
TTG026-L	8	2	391.4	349.6	367.1	284.1	399.2	506.5	226.9	0.0	344.7	399.0	448.9	524.8
TTG042-L	9	22	366.5	274.7	217.8	192.5	244.6	345.0	283.8	344.7	0.0	280.5	285.8	485.0
TTG047-L	10	38	483.5	381.3	337.6	256.6	252.7	373.9	345.4	399.0	280.5	0.0	289.4	635.3
TTG048-L	11	40	498.3	382.2	370.2	245.7	294.0	296.0	382.2	448.9	285.8	289.4	0.0	656.7
TTG057-L	12	54	368.4	443.4	485.8	433.2	622.5	702.9	450.7	524.8	485.0	635.3	656.7	0.0

Copyright © NTT COMWARE 2007

2.3. Dose0: 使用プローブセットとツリー構造



Dose0: 結果(発現量の全時刻平均が細胞当たり10コピー以上の遺伝子、Ward法)



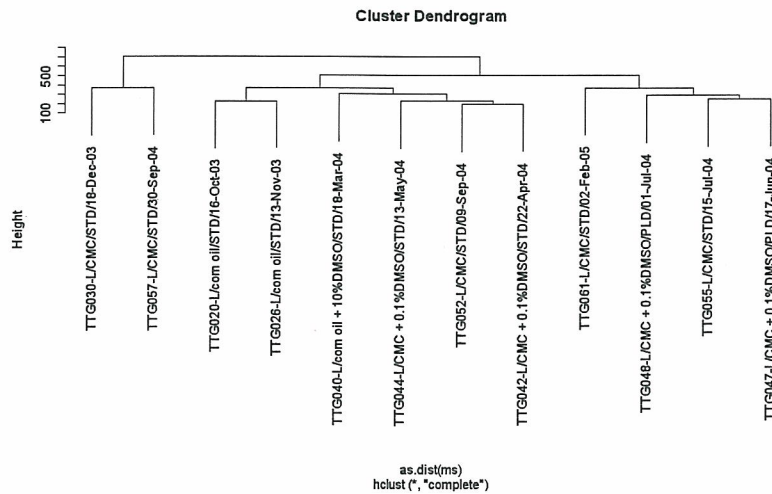
溶媒によりツリー分岐がされているとは言えないような構造が現れた

Copyright © NTT COMWARE 2007

2. 3. Dose0: 使用プローブセットとツリー構造



Dose0: 結果(発現量の全時刻平均が細胞当たり10コピー以上の遺伝子、Complete法)



溶媒によりツリー分岐がされているとは言えないような構造が現れた

Copyright © NTT COMWARE 2007

2. 3. Dose0: 使用プローブセットとツリー構造



Dose0: 距離マトリクス(発現量の全時刻平均が細胞当たり100コピー以上の遺伝子)

対象プローブ数: 945

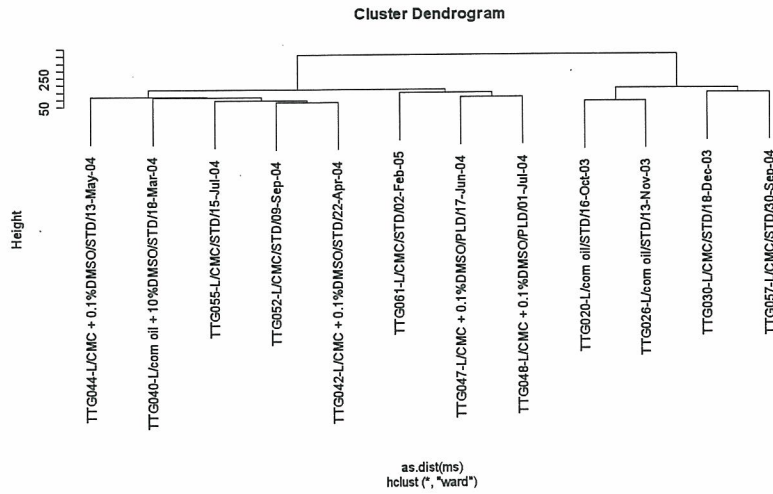
		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12		
	ord	pi	n	12	17	33	50	42	67	1	2	22	38	40	54
TTG030-L	1	12	0.0	153.6	172.5	145.0	196.5	240.9	109.4	146.5	167.2	210.0	216.0	141.8	
TTG040-L	2	17	153.6	0.0	120.3	86.4	123.4	158.5	114.5	124.8	98.9	145.0	132.8	176.5	
TTG044-L	3	33	172.5	120.3	0.0	96.0	123.8	162.4	127.3	140.6	90.2	141.7	150.4	185.0	
TTG052-L	4	50	145.0	86.4	96.0	0.0	84.8	119.7	105.1	120.2	77.2	111.9	100.4	166.6	
TTG055-L	5	42	196.5	123.4	123.8	84.8	0.0	139.8	146.9	165.5	92.6	107.3	114.2	247.1	
TTG061-L	6	67	240.9	158.5	162.4	119.7	139.8	0.0	185.8	214.6	121.8	147.8	129.8	265.8	
TTG020-L	7	1	109.4	114.5	127.3	105.1	146.9	185.8	0.0	84.2	127.5	155.2	168.7	147.6	
TTG026-L	8	2	146.5	124.8	140.6	120.2	165.5	214.6	84.2	0.0	143.1	175.7	185.5	170.3	
TTG042-L	9	22	167.2	98.9	90.2	77.2	92.6	121.8	127.5	143.1	0.0	113.4	108.4	189.6	
TTG047-L	10	38	210.0	145.0	141.7	111.9	107.3	147.8	155.2	175.7	113.4	0.0	112.7	264.6	
TTG048-L	11	40	216.0	132.8	150.4	100.4	114.2	129.8	168.7	185.5	108.4	112.7	0.0	265.5	
TTG057-L	12	54	141.8	176.5	185.0	166.6	247.1	265.8	147.6	170.3	189.6	264.6	265.5	0.0	

Copyright © NTT COMWARE 2007

2.3. Dose0: 使用プローブセットとツリー構造



Dose0: 結果(発現量の全時刻平均が細胞当たり100コピー以上の遺伝子、Ward法)



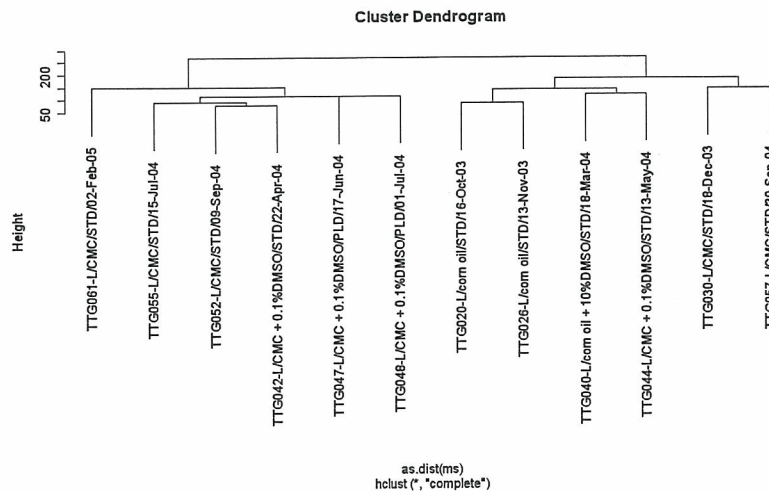
溶媒によりツリー分岐がされているとは言えないような構造が現れた

Copyright © NTT COMWARE 2007

2.3. Dose0: 使用プローブセットとツリー構造



Dose0: 結果(発現量の全時刻平均が細胞当たり100コピー以上の遺伝子、Complete法)



溶媒によりツリー分岐がされているとは言えないような構造が現れた

Copyright © NTT COMWARE 2007

2. 3. Dose0: 使用プローブセットとツリー構造



Dose0: 距離マトリクス(発現量が何れかの時刻で細胞当たり3コピー以上の遺伝子)

対象プローブ数: 22,122

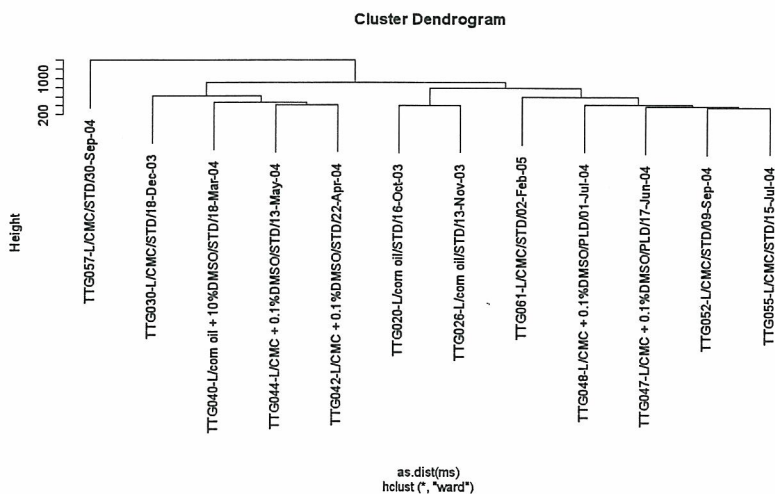
			1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
	ord	pi.nc	12	17	33	50	42	67	1	2	22	38	40	54
TTG030-L	1	12	0.0	555.7	618.4	516.1	636.6	740.7	498.7	651.5	509.8	663.0	661.2	825.3
TTG040-L	2	17	555.7	0.0	473.8	424.9	596.8	654.7	533.8	662.7	449.5	587.9	597.6	782.5
TTG044-L	3	33	618.4	473.8	0.0	471.8	595.6	713.7	637.1	742.6	421.6	580.2	627.9	809.4
TTG052-L	4	50	516.1	424.9	471.8	0.0	347.5	460.4	380.9	462.6	376.1	370.1	366.5	897.3
TTG055-L	5	42	636.6	596.8	595.6	347.5	0.0	553.6	498.0	622.2	429.9	387.9	422.3	1150.2
TTG061-L	6	67	740.7	654.7	713.7	460.4	553.6	0.0	580.0	687.4	524.7	560.6	478.4	1159.2
TTG020-L	7	1	498.7	533.8	637.1	380.9	498.0	580.0	0.0	403.6	497.1	496.4	535.2	1048.1
TTG026-L	8	2	651.5	662.7	742.6	462.6	622.2	687.4	403.6	0.0	586.6	610.9	662.9	1202.8
TTG042-L	9	22	509.8	449.5	421.6	376.1	429.9	524.7	497.1	586.6	0.0	477.1	461.5	896.4
TTG047-L	10	38	663.0	587.9	580.2	370.1	387.9	560.6	496.4	610.9	477.1	0.0	426.4	1130.9
TTG048-L	11	40	661.2	597.6	627.9	366.5	422.3	478.4	535.2	662.9	461.5	426.4	0.0	1132.4
TTG057-L	12	54	825.3	782.5	809.4	897.3	1150.2	1159.2	1048.1	1202.8	896.4	1130.9	1132.4	0.0

Copyright © NTT COMWARE 2007

2. 3. Dose0: 使用プローブセットとツリー構造



Dose0: 結果(発現量が何れかの時刻で細胞当たり3コピー以上の遺伝子、Ward法)



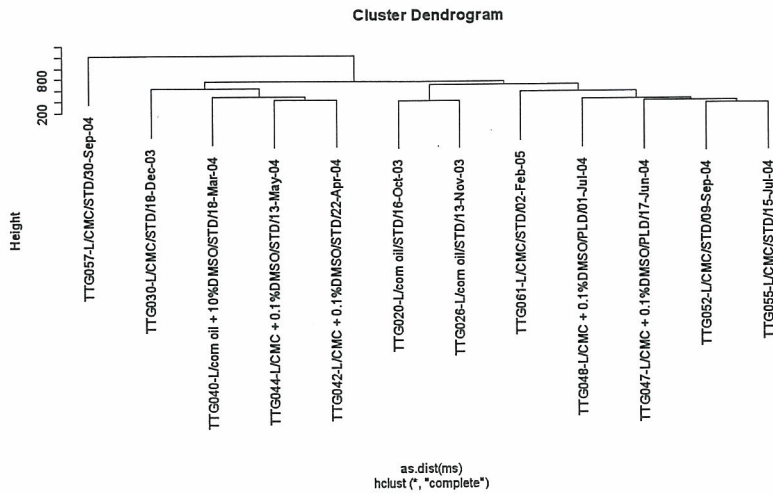
溶媒によりツリー分岐がされているとは言えないような構造が現れた

Copyright © NTT COMWARE 2007

2.3. Dose0: 使用プローブセットとツリー構造



Dose0: 結果(発現量が何れかの時刻で細胞当たり3コピー以上の遺伝子、Complete法)



Copyright © NTT COMWARE 2007

2.3. Dose0: 使用プローブセットとツリー構造



Dose0: 距離マトリクス(発現量が何れかの時刻で細胞当たり10コピー以上の遺伝子)

対象プローブ数: 9,659

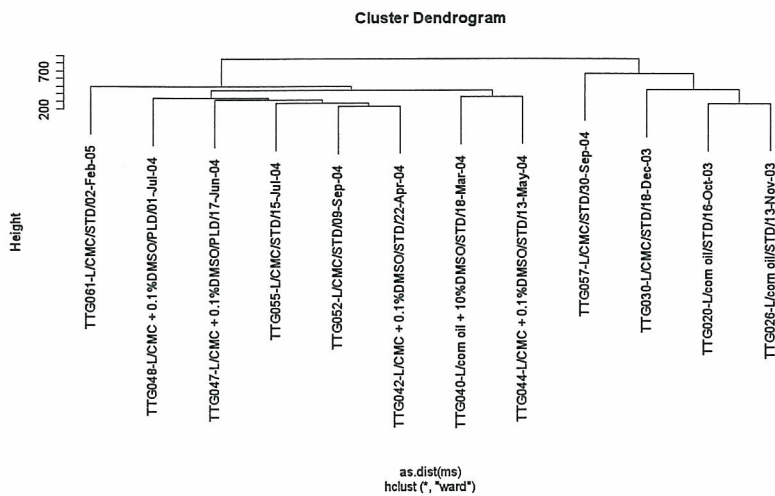
	ord	di. no	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
			12	17	33	50	42	67	1	2	22	38	40	54
TTG030-L	1	12	0.0	411.7	434.7	374.3	508.0	612.6	354.5	454.7	400.4	532.3	545.3	452.1
TTG040-L	2	17	411.7	0.0	353.8	271.9	418.0	501.4	320.5	412.6	314.6	431.2	437.8	522.2
TTG044-L	3	33	434.7	353.8	0.0	279.3	371.9	519.8	358.2	437.7	257.7	387.7	430.7	563.7
TTG052-L	4	50	374.3	271.9	279.3	0.0	244.9	357.6	266.0	326.3	227.2	283.9	276.0	529.3
TTG055-L	5	42	508.0	418.0	371.9	244.9	0.0	419.6	373.3	453.3	287.7	283.5	329.9	734.0
TTG061-L	6	67	612.6	501.4	519.8	357.6	419.6	0.0	472.2	559.6	397.1	427.5	342.5	819.0
TTG020-L	7	1	354.5	320.5	358.2	266.0	373.3	472.2	0.0	266.5	323.8	379.4	420.6	567.6
TTG026-L	8	2	454.7	412.6	437.7	326.3	453.3	559.6	266.5	0.0	394.7	449.1	503.8	660.5
TTG042-L	9	22	400.4	314.6	257.7	227.2	287.7	397.1	323.8	394.7	0.0	324.9	330.0	572.6
TTG047-L	10	38	532.3	431.2	387.7	283.9	283.5	427.5	379.4	449.1	324.9	0.0	326.4	744.4
TTG048-L	11	40	545.3	437.8	430.7	276.0	329.9	342.5	420.6	503.8	330.0	326.4	0.0	766.6
TTG057-L	12	54	452.1	522.2	563.7	529.3	734.0	819.0	567.6	660.5	572.6	744.4	766.6	0.0

Copyright © NTT COMWARE 2007

2.3. Dose0: 使用プローブセットとツリー構造



Dose0: 結果(発現量が何れかの時刻で細胞当たり10コピー以上の遺伝子、Ward法)



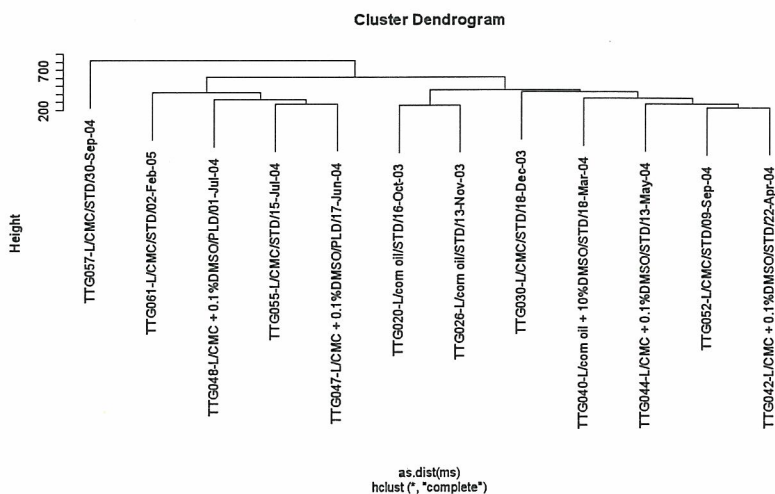
溶媒によりツリー分岐がされているとは言えないような構造が現れた

Copyright © NTT COMWARE 2007

2.3. Dose0: 使用プローブセットとツリー構造



Dose0: 結果(発現量が何れかの時刻で細胞当たり10コピー以上の遺伝子、Complete法)



溶媒によりツリー分岐がされているとは言えないような構造が現れた

Copyright © NTT COMWARE 2007