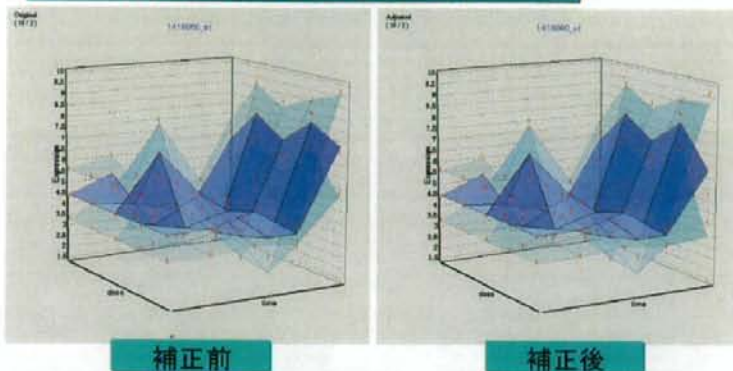


2.1.3.単一Langmuir飽和補正結果： TTG20(Clock:1418660_at)



TCDDの影響を受けない遺伝子



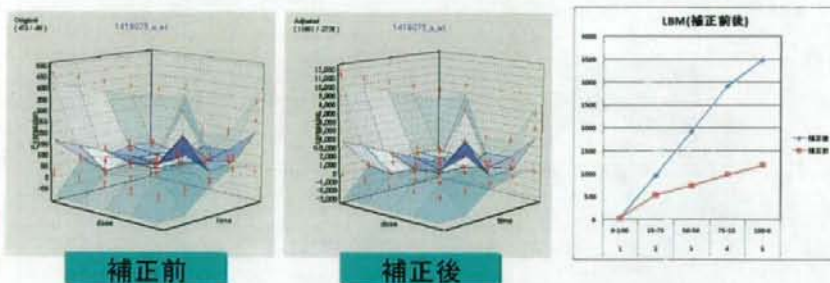
発現の小さな遺伝子では、補正による大きな変化はない

Copyright©2009-2009 NTT DATA Corporation

2.1.3.単一Langmuir飽和補正結果： TTG20(Saa1:1419075_s_at)



補正後いずれかのチップで20万以上のIntensityを持つ遺伝子



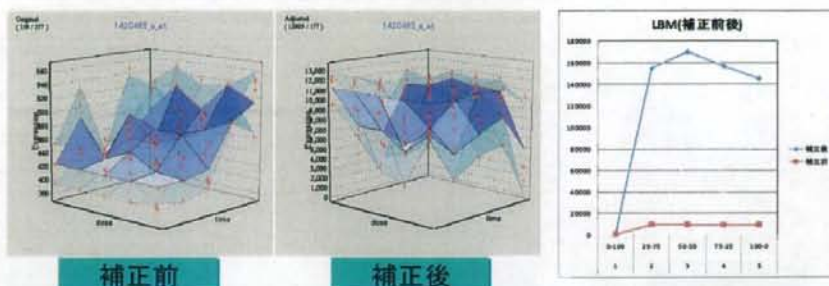
TTG20の結果がLBMの範囲を大きく逸脱しており、外挿計算対象で拡大され、25倍の値になっていると考えられる。

Copyright©2009-2009 NTT DATA Corporation

2.1.3.単一Langmuir飽和補正結果： TTG20(Mup1//Mup2:1420465_s_at)



補正後いずれかのチップで20万以上のIntensityを持つ遺伝子



補正前

補正後

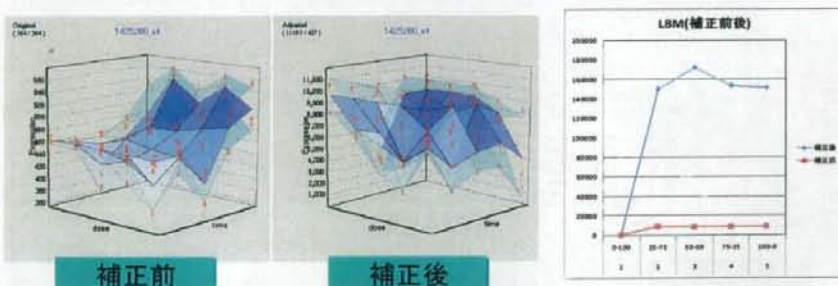
LBMの25%で完全飽和しており、適切な係数の推定ができていないと考えられる

Copyright©2008-2009 NTT DATA Corporation

2.1.3.単一Langmuir飽和補正結果： TTG20(Alb1:1425260_at)



補正後いずれかのチップで20万以上のIntensityを持つ遺伝子



補正前

補正後

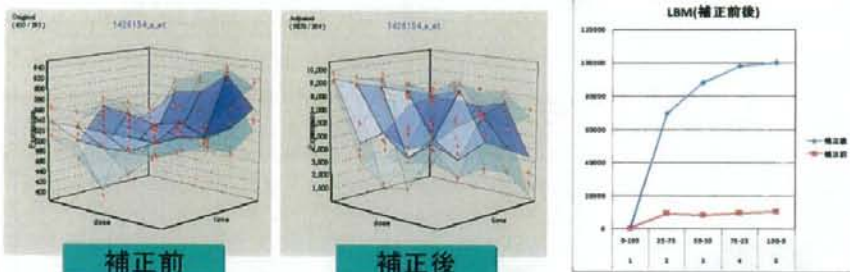
LBMの25%で完全飽和しており、適切な係数の推定ができていないと考えられる

Copyright©2008-2009 NTT DATA Corporation

2.1.3.単一Langmuir飽和補正結果： TTG20(Mup1//Mup3:1426154_s_at)



補正後いずれかのチップで20万以上のIntensityを持つ遺伝子



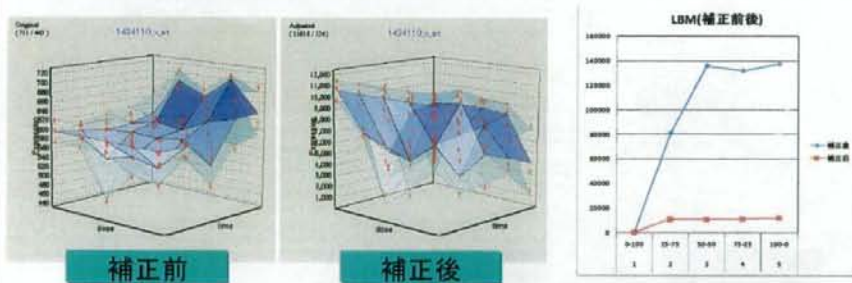
LBMの25%で完全飽和しており、適切な係数の推定ができていないと考えられる

Copyright©2008-2009 MIT DGEA Corporation

2.1.3.単一Langmuir飽和補正結果： TTG20(Mup1:1434110_x_at)



補正後いずれかのチップで20万以上のIntensityを持つ遺伝子



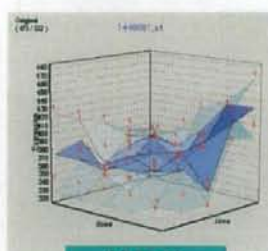
LBMの25%で完全飽和しており、適切な係数の推定ができていないと考えられる

Copyright©2008-2009 MIT DGEA Corporation

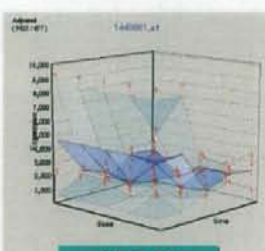
2.1.3.単一Langmuir飽和補正結果： TTG20(Hp:1448881_at)



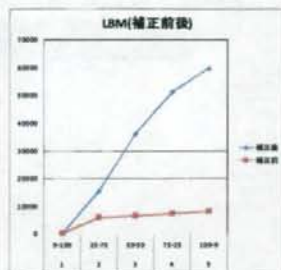
補正後いずれかのチップで20万以上のIntensityを持つ遺伝子



補正前



補正後



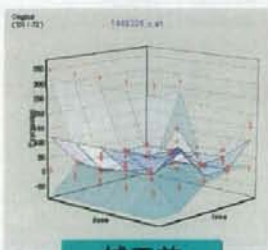
LBMの25%で完全飽和しており、適切な係数の推定ができていないと考えられる

Copyright©2008-2009 NTT DATA Corporation

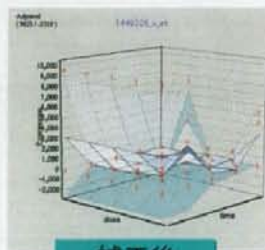
2.1.3.単一Langmuir飽和補正結果： TTG20(Saa2:1449326_x_at)



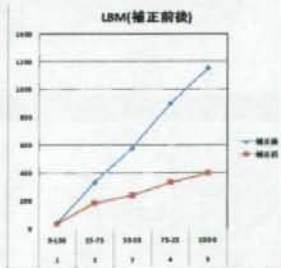
補正後いずれかのチップで20万以上のIntensityを持つ遺伝子



補正前



補正後



単一のマウスで発生した大きな値なので、補正計算に反映できていないと考えられる

Copyright©2008-2009 NTT DATA Corporation

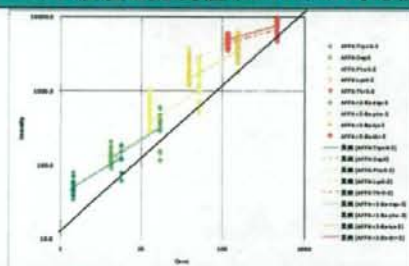
2.1.4.スパイク飽和現象確認



- スパイクも飽和していることから、スパイクも飽和補正すれば、一般プローブの補正結果がより真の値に近づくのではないかと？

スパイク濃度と発現値 (RAW) の対応関係

TTG030-L
TTG071-L
TTG080-L
TTG138-L
TTG141-L
TTG144-L
TTG147-L
ITG022-L
2H.Vehicle



GSC添加量を変更している前後の実験で、化合物投与の影響を受けない時間溶解対照群データを用い、GSCのIntensityを比較した。

比例直線より離れているので、スパイクの各プローブセットは飽和の傾向を示し始めている。しかし、一般プローブの補正結果を数十倍に押し上げる影響があるとは考えられない。

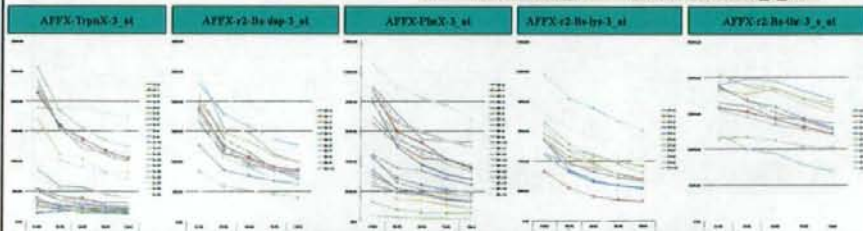
Copyright©2009-2009 NTT DATA Corporation

2.1.4.スパイク飽和現象の確認



スパイクデータが、BMでどのように変動しているかを確認した。

Old Probe Set	New Probe Set
1 AFFX-TrpX-3_at	-
2 AFFX-DapX-3_at	AFFX-r2-Bs-dap-3_at
3 AFFX-PheX-3_at	AFFX-r2-Bs-phe-3_at
4 AFFX-LysX-3_at	AFFX-r2-Bs-lys-3_at
5 AFFX-ThrX-3_at	AFFX-r2-Bs-thr-3_at



本来、スパイクは変動がないはずであるが、Liver、Brainの特性から添加量が異なり、若干の変動を見せており、最大スパイクで飽和と思われる現象が示唆されている

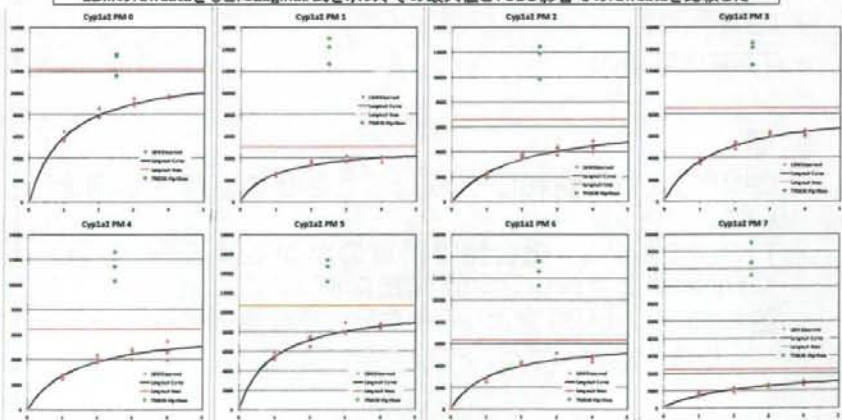
Copyright©2009-2009 NTT DATA Corporation

2.1.5.単一Langmuir補正の不整合

- ・ LBMで飽和しており、TCDDで更に発現量が増加するRNA(Cyp1a2)の挙動を確認した
 - Cyp1a2(1450715_at:10092)のLBMに基づくLangmuir曲線とTTG020-L(TCDD)のHigh-Doseにおける発現値の比較を実施
 - Langmuir曲線の最大値がプローブごとに異なる原因が、ターゲット以外のRNAの吸着によるものであれば、LBMで推測された最大値を超えた値が観測される。

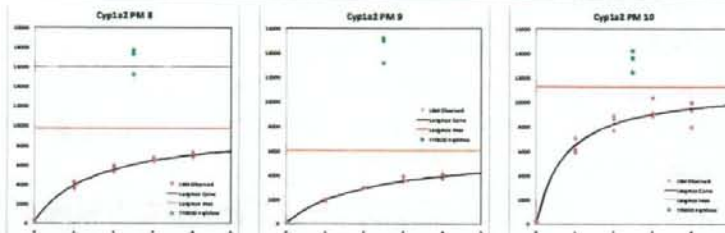
2.1.5.単一Langmuir補正の不整合(結果①)

LBMで飽和しているにもかかわらず、TCDDで更に発現量が増加するRNA(Cyp1a2)の挙動 LBMのrawdataをもとにLagmuir式を求め、その最大値とTCDD影響でのrawdataを比較した



2.1.5.単一Langmuir補正の不整合(結果①)

LBMで飽和しているにもかかわらず、TCDDで更に発現量が増加するRNA(Cyp1a2)の挙動
LBMのrawdataをもとにLangmuir式を求め、その最大値とTCDD影響でのrawdataを比較した



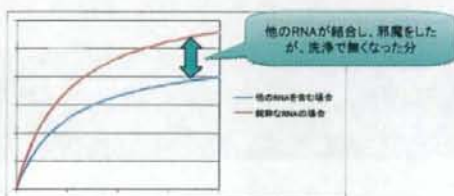
Probe 0以外は、TTG020の最大用量・最大時刻における発現量がLBMによるLangmuir曲線の推定最大値を大きく上回っている。TCDDの誘導により、mRNAの発現量がLBMでカバーされている数値範囲を超えたために、飽和最大値を超えたと考えられる

2.1.6.まとめ(単一Langmuir飽和補正)

- ・ 次の改良を施し、飽和補正計算を実施した。
 - LBM
 - TTG20(TCDD)
- ・ 結果
 - LBMにおいて、飽和しているような形状の直線性が向上した。
 - TTG20において、化合物で誘導のかかる遺伝子においても、形状を維持しつつ直線性が向上した。
 - 飽和補正により想定よりもかなり大きな値になった。
 - ・ 一桁大きなコピー数となるものがあった。

2.2.仮説：RNAの競合吸着

- 各RNAに対して、吸着サイトとターゲットRNAの1対1対応を前提としたLangmuir吸着等温方程式で飽和補正を実施すると、補正値が大きめに推定されてるのではないか
- 仮説
 - 一つの吸着サイトに、ターゲット以外のRNAが結合し、ターゲットの結合ができなくなり、見掛け上最大飽和値が小さく推定される。
 - ターゲットRNAが大量に発現している場合には、ターゲット以外のRNAが結合する間もなく本来のターゲットRNAで吸着サイトが埋まってしまうため、見掛け上の最大飽和値がターゲットのみの場合に近くなるのではないだろうか？



補正係数算出のためのLBMは、何らかの工夫が必要である。

Copyright©2008-2009 NTT DATA Corporation

2.2.1. Cross-HybridizationとWashingによる見かけ上の最大値の変化の考察

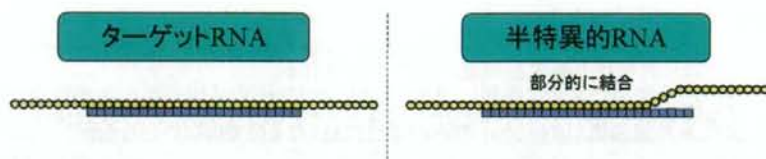
- LBMで推定したLangmuir方程式を用いて、実データ(TTG020)の補正を試みたが、推定最大値を超過した遺伝子が存在した。この現象は特に、TTG020で大きく誘導のかかる遺伝子で顕著であった。
- 原因として、次のものが想定できる
 - スパイクの飽和
スパイク自身が飽和し、大きな値を小さくしてしまう
 - Cross-Hybridizationによる疑似的飽和
半特異的結合すれば対象RNAの結合を阻害するが、洗浄工程で流され、阻害分だけ最大値が下がっているように観測される
 - Hybridization時間
最初に半特異的なものも含めて結合し、ゆっくりと特異的なRNAに置き換わっていく。この時間が不十分なのではないか

Copyright©2008-2009 NTT DATA Corporation

2.2.1. Cross-HybridizationとWashingによる見かけ上の最大値の変化の考察



・ 想定される状況



仮説

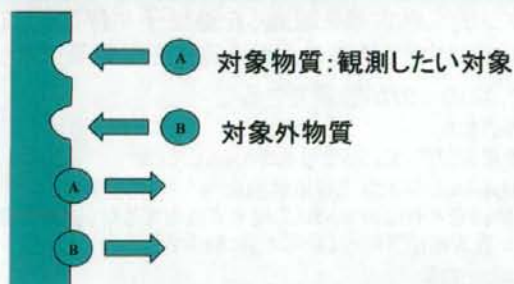
半特異的RNAは、洗浄工程で落とされ発現値として計測されるため、見掛け上の最大値(飽和値)を引き下げる。また、補正式パラメータ設定用の標準サンプル(LBMサンプル)と比べ、ターゲットRNAが極端に多い増えた場合には、補正式で想定される最大値を大幅に上回る

Copyright(C)2008-2009 NTT DATA Corporation

2.2.2. Langmuir吸着等温式の2溶質への拡張



Langmuirの基本に戻り、2溶質への拡張を行う



吸着速度と離脱速度が平衡状態となると仮定して導き出されたのが、Langmuirの方程式、2溶質で式を組立てて解いてみる。

Copyright(C)2008-2009 NTT DATA Corporation

2.2.2.Langmuir吸着等温式の2溶質への拡張

Langmuir方程式の原理 (1溶質の場合)

吸着速度は、吸着体の残り個数と溶質の濃度に比例すると仮定する

$$V' = K \cdot (N - n)C$$

溶質の離脱速度は、吸着した個数に比例する

$$V = \alpha \cdot n$$

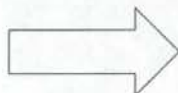
吸着と離脱の速度が平衡していると仮定する

$$\alpha \cdot n = K \cdot (N - n) \cdot C$$

$$\alpha \cdot n + K \cdot n \cdot C = K \cdot N \cdot C$$

$$n \cdot (\alpha + K \cdot C) = K \cdot N \cdot C$$

$$n = \frac{K \cdot N \cdot C}{\alpha + K \cdot C} = N \cdot \frac{\frac{K}{\alpha} C}{1 + \frac{K}{\alpha} C}$$



$$n = N \cdot \frac{k \cdot C}{1 + k \cdot C}$$

表記

- N: 吸着体個数
- n: 溶質が吸着している個数
- C: 溶質の濃度
- α : 吸着速度比例定数
- K: 離脱速度比例定数

2.2.2.Langmuir吸着等温式の2溶質への拡張

2溶質の場合

吸着速度は、吸着体の残り個数と溶質の濃度に比例すると仮定する

$$V' = K \cdot (N - n_A - n_B)(C_A + C_B)$$

個々の溶質の吸着速度は、溶質の濃度の比に比例する

$$V'_A = \frac{C_A}{C_A + C_B} V'$$

$$V'_B = \frac{C_B}{C_A + C_B} V'$$

個々の溶質の離脱速度は、吸着した個数に比例する

$$V_A = \alpha \cdot n_A$$

$$V_B = \beta \cdot n_B$$

2.2.2.Langmuir吸着等温式の2溶質への拡張

2溶質の場合(式展開)

平衡を仮定する

$$\begin{cases} K \cdot (N - n_A - n_B) C_A = \alpha \cdot n_A \\ K \cdot (N - n_A - n_B) C_B = \beta \cdot n_B \end{cases}$$

式を展開すると

$$\begin{cases} K \cdot (N - n_A) C_A = (\alpha + K \cdot C_A) \cdot n_A \\ K \cdot (N - n_A) C_B = (\beta + K \cdot C_B) \cdot n_B \end{cases}$$

$$\begin{cases} n_A = \frac{K \cdot (N - n_B) C_A}{(\alpha + K \cdot C_A)} \\ n_B = \frac{K \cdot (N - n_A) C_B}{(\beta + K \cdot C_B)} \end{cases}$$

濃度と吸着量の関係式
片方の吸着量を消すことが可能である

溶質BがWashingで流され観測不能であると仮定し、観測不能なnBを消去する

$$\begin{aligned} n_A &= \frac{K \cdot (N - n_B) C_A}{(\alpha + K \cdot C_A)} \\ n_A &= \frac{K \cdot (N - n_B) C_A}{(\alpha + K \cdot C_A)} \\ n_A &= \frac{K \cdot (N - n_B) C_A}{(\alpha + K \cdot C_A)} \\ n_A &= \frac{K \cdot (N - n_B) C_A}{(\alpha + K \cdot C_A)} \\ n_A &= \frac{K \cdot (N - n_B) C_A}{(\alpha + K \cdot C_A)} \\ n_A &= \frac{K \cdot (N - n_B) C_A}{(\alpha + K \cdot C_A)} \\ n_A &= \frac{K \cdot (N - n_B) C_A}{(\alpha + K \cdot C_A)} \\ n_A &= \frac{K \cdot (N - n_B) C_A}{(\alpha + K \cdot C_A)} \end{aligned}$$

2.2.2.Langmuir吸着等温式の2溶質への拡張

2溶質の場合(式展開)

Bの濃度が、Aの濃度に比例する部分と、一定の濃度に分解できると仮定する。

$$\begin{aligned} n_A &= N \cdot \frac{C_A}{\frac{\alpha}{K} + C_A + C_B} \\ \text{濃度: } C_B &= p + q \cdot C_A \\ n_A &= N \cdot \frac{C_A}{\frac{\alpha}{K} + \frac{\alpha}{\beta} (p + q \cdot C_A) + C_A} \\ n_A &= N \cdot \frac{C_A}{\left(\frac{\alpha}{K} + \frac{\alpha}{\beta} p\right) + \left(\frac{\alpha}{\beta} q + 1\right) C_A} \\ n_A &= N \cdot \frac{1}{\left(\frac{\alpha}{\beta} q + 1\right) + 1 \cdot \frac{\left(\frac{\alpha}{K} + \frac{\alpha}{\beta} p\right)}{C_A}} \end{aligned}$$

1溶質の場合

$$n = N \cdot \frac{k \cdot C}{1 + k \cdot C}$$

$$N_A = \left(\frac{1}{\frac{\alpha}{\beta} \cdot q + 1} \right) N$$

$$k_A = \frac{\frac{\alpha}{\beta} \cdot q + 1}{\frac{\alpha}{K} + \frac{\alpha}{\beta} \cdot p}$$

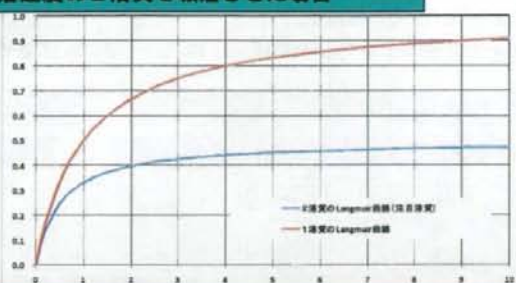
濃度が定数倍、結果の重光強度(Imax)が定数倍となったLangmuirの方程式と一致する

Imaxが見掛け落ちること、つまり、ProbeSetごとに異なって観測されることの原因ではないだろうか？また、特定条件下でのみ大きく誘導される遺伝子に関しては、既存のLBMやLsimliquareではカバーできておらず、補正式パラメータ設定用の基本データの補充が必要と考えられる

2.2.3.導出された式の検討： 対象溶質と対象外溶質が比例して推移する場合



同じ吸着速度の2溶質を吸着させた場合

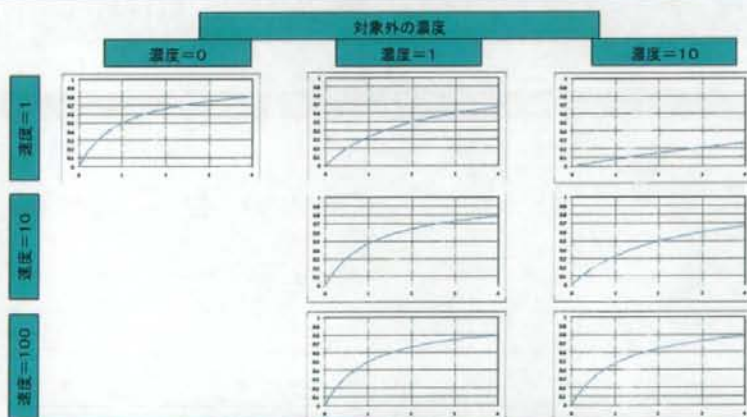


2倍の濃度をもつものとして振舞い、その半分の量が対象溶質の吸着量となる

対象外物質として、100倍の濃度かつ100倍の離脱速度を持つ溶質を対象物質に比例して投入しても、2倍の濃度を持つものとして振舞い、その半分が対象溶質の吸着量となる

Copyright(C)2008-2009 NTT DATA Corporation

2.2.3.導出された式の検討 対象溶質と対象外溶質の条件差による、飽和差異

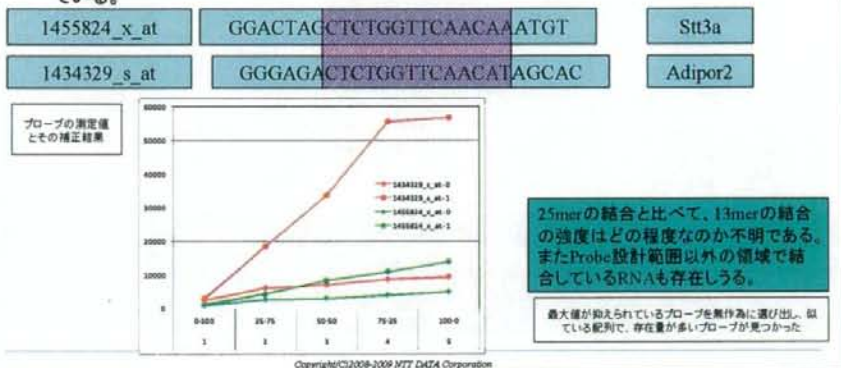


対象外の濃度条件変化に対する、形状変化がほとんどみられない
対象外溶質が変化しないが対象溶質に比例する場合、またはその反意の場合には単一溶質のLangmuirとして取り扱えようである

Copyright(C)2008-2009 NTT DATA Corporation

2.2.4. Probe配列の類似性によるチェック

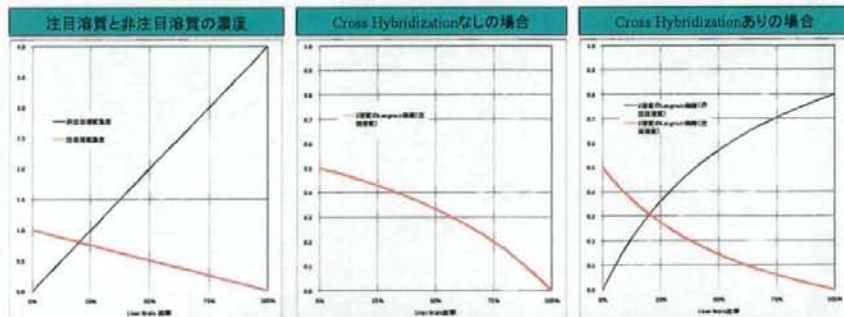
- 1445824_x_atは、Imaxが2, 3000程度と低く推定されている。Probe配列の似ている他のProbeがどのような値を示しているか確認した。
- 1455824_x_atの25mer中13merが合致する1434329_s_atは、Liver側において数倍の値となっている。



2.2.5. LBMで下に凸な状況

Cross-Hybridizationにより他のRNAがHybridizationの邪魔をしていると仮定すると、Brain側で発現量が大きくても、Liver側にCross-Hybridizationしやすい配列のRNAが多く発現している場合には、下に凸な形状を示す。

導出された式より得られる値のグラフを示す



他のRNAの影響がなければ、上に凸になるはずだが、Brain側だけで発現する遺伝子で、Liver側で極端に発現量が大いRNAと似ていた場合、下に凸になる。下に凸な状況を見つければ、相手の組織で発現量の多いRNAと似ているものが見つかると思われる。

Copyright©2008-2009 NTT DATA Corporation

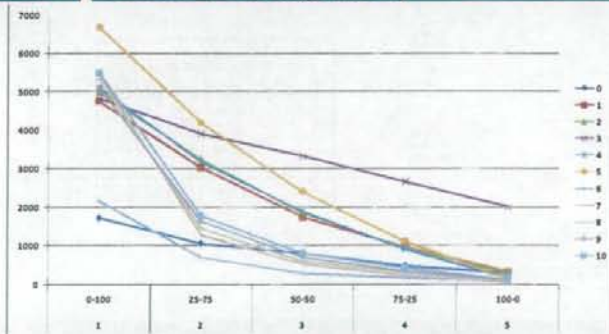
2.2.5.下に凸な状況 探索方針

- ・ Brain側で発現しており、下に凸な形状を示すプローブを見つける。
- ・ 見つかったプローブと他のプローブで似ている配列を見つける
 - 連続何merかの一一致で見つけ出す
 - プローブ同士を比較する。
- ・ 似ている配列を示すプローブで、Liver側飽和となるものを探す
- ・ 見つかった組み合わせで、配列がどのように似ているかを確認し、結合の強度に関して仮説を作成する

2.2.5.下に凸な状況 ① Ddn

下に凸な状況を示す遺伝子①

24528 1436268 at : Ddn (Dendrin)



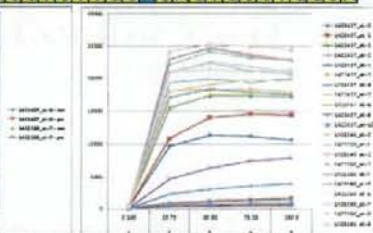
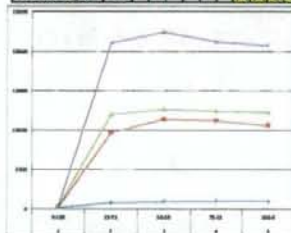
特に、Probe 7,8,9,10は、落ち込み方が激しく、検証用として適切と考えられる

2.2.5.下に凸な状況 ① Ddn

- 対象プローブと配列が似ており、L側で飽和していると考えられるプローブ

1423437.at	0	T	T	T	C	T	A	A	G	G	C	G	T	C	T	G	T	G	T	C	A	A	T	T	C	A	
1425260.at	7																										
1436288.at	7	G	T	A	T	A	A	A	G	G	C	T	T	G	C	A	C	A	G	T	T	C	T	G	G	A	T
1436288.at	8																										
1436288.at	9	A	T	A	T	A	A	A	G	G	C	T	T	G	C	A	C	A	G	T	T	C	T	G	G	A	T
1436288.at	10																										

Alb1



1423437.at : Gsta3
1425260.at : Alb1

Liver側で大量に存在するRNAと似ていることが判明した。

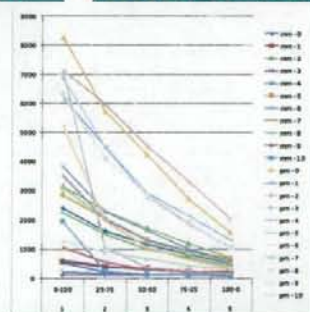
Copyright(C)2008-2009 NTT DATA Corporation

2.2.5.下に凸な状況 ② St3gal2

下に凸な状況を示す遺伝子②

6197

1421891 at : Siat5 or St3gal2



No.	Pos.	配列
0	2488	AAGGAGATGCGTGCATGTACCGT
1	2472	TGTACCGTCTTCTTCACTGGCAGC
2	2488	ATGTCACCCCAAGAGGAGCAGGC
3	2520	GTAGGATTCGTTTGACATCACT
4	2544	GACTCATGCTTAGGTCAGCTCAG
5	2578	ATGGGATGCGACCAAGATGCTTG
6	2741	TAAGGAGGCTGCTGAGGATCAG
7	2778	AGAGTATGATGATGATGGTGG
8	2782	GACTTGGTGCAGTGGAGTTCAG
9	2887	CTGATGACGCTGACATAAATTT
10	2905	GAGTTCACATTACCAAGCAGCTGG

特に、Probe 10は、他のプローブよりも落ち込み方が激しく、重複領域がないため、Ddnと違ったパターンとして、検証用として適切と考える

Copyright(C)2008-2009 NTT DATA Corporation

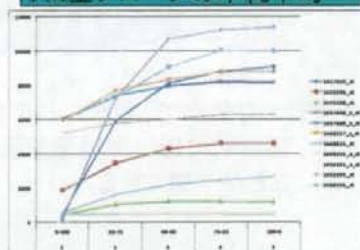
2.2.5.下に凸な状況 ② St3gal2



配列9mer以上連続して一致し、Liver側で1万以上発現しているプローブを有するプローブセット

Prb ID	Gene Symbol	Liver側完全飽和
1460256_at	Car3	○
1455593_at	Apob	○
1454231_a_at	Rpprip1	
1449255_a_at	Rpl15	
1448615_at	Ccs	
1448157_s_at	Rpl10	
1437689_x_at	Clu	
1437488_x_at	Clu	
1435188_at	LOC433627	
1423396_at	Agt	
1417610_at	Apoa5	○

PM全プローブの単純平均



Brain側に存在せず、Liver側完全飽和と考えられる3プローブセットが存在した

Copyright©2008-2009 NTT DATA Corporation

2.2.5.下に凸な状況 ② St3gal2



Liver側完全飽和と考えられる3プローブセットが、どのような配列なのか詳細をチェックした。

ターゲット配列で検索

1417610_at	Apoa5	165	T	G	G	G	C	T	C	G	T	A	A	T	T	C	T	C	G	C	A	G	C	C	T	G	T	G	C	T			
1455593_at	Apob	412	A	A	G	A	A	C	C	A	A	G	A	G	C	T	T	C	A	A	A	G	C	A	G	C	C	T	G	A	T	G	G
1460256_at	Car3	-12																															
対象プローブ																																	

プローブ配列で検索

1455593_at	Apob	0	-12																														
1460256_at	Car3	10	-1																														
対象プローブ																																	

プローブ端に存在する場合には、反発力が小さくなり、外れにくいと推測される

今回、調査した下に凸な2プローブセット両方に、阻害を行ったと思われる遺伝子が存在した。競合Hybridizationの影響と思われる。

Copyright©2008-2009 NTT DATA Corporation

2.2.6.同一プローブセットのプローブ間の差異の説明



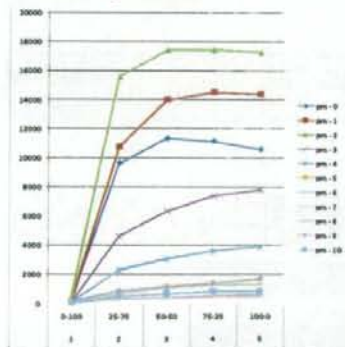
- ・ 同一プローブセットのプローブ間で、発現量が異なって観測されることがしばしば存在する。
- ・ 次の理由が挙げられてきた
 - プローブ配列ごとに結合力が異なる
 - RNA内で、プローブ相当の配列が存在しない
 - ・ Splicing Variant
- ・ 不完全な結合で、目標RNAの結合を阻害しているという仮説のもとでは、相対的に低い発現量を示すプローブでは、阻害するRNAが存在することが予想できる。

Copyright©2008-2009 NTT DATA Corporation

2.2.6.同一プローブセットのプローブ間差異



- ・ 同一プローブセット内での差異が存在する例
 - 1423437_at : Gsta3



Probe 2	最大値
Probe 4	5番目
Probe10	下に固まった集団の典型例

3Probeを取り出してみても比較を行ってみる

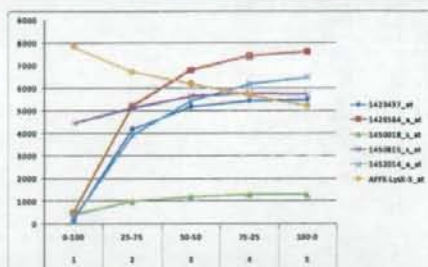
Copyright©2008-2009 NTT DATA Corporation

2.2.6.同一プローブセットのプローブ間の差異の説明1423437_at : Gsta3 : Probe 2



対象プローブと9個以上連続で同じ配列をTarget配列上に持っており、L側で10000以上の発現値を有するプローブセット

Prb ID	Gene Symbol
AFFX-LysX-5_at	
1452014_a_at	Igf1
1450815_a_at	Chchd2 /// 2410018M08Rik
1450018_a_at	Slc25a30
1426584_a_at	Sdh1
1423437_at	Gsta3



自分を(Gsta3)を含め、Liver側で飽和するプローブセットが4プローブセット存在した。また、これらの影響で、スパイク(LysX)の発現値が下がっている可能性がある。

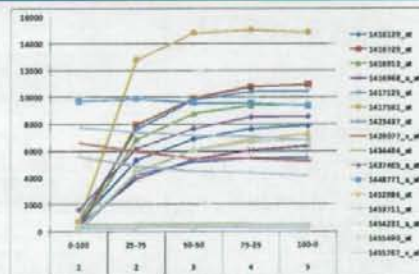
Copyright(C)2006-2009 NTT DATA Corporation

2.2.6.同一プローブセットのプローブ間差異の説明1423437_at : Gsta3 : Probe 4



対象プローブと9個以上連続で同じ配列をTarget配列上に持っており、Liver側で10000以上の発現値を有するプローブセット

ProbeSet	Gene Symbol
1460175_at	Rps23
1455767_x_at	Rpl21
1455490_at	Ubf1
1454231_a_at	Rpgrlp1
1453711_at	A930029K19Rik
1452986_at	Hsd
1448771_a_at	Fth1
1437465_a_at	P4hb
1434494_at	Zar1
1429077_x_at	Rpl21
1423437_at	Gsta3
1417561_at	Apoc1
1417125_at	Ahcy
1416968_a_at	Hsd3b7
1416913_at	Es1
1416729_at	Plq
1416129_at	1300002F13Rik



L側で飽和するプローブセットが、Probe2よりも多く、かつ発現値も高かった。より多くの阻害が発生したことが推測される

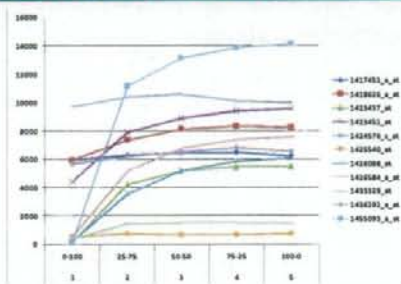
Copyright(C)2006-2009 NTT DATA Corporation

2.2.6.同一プローブセットのプローブ間差異の説明 1423437_at : Gsta3 : Probe 10



対象プローブと9個以上連続で同じ配列をTarget配列上に持っており、L側で10000以上の発現値を有するプローブセット

Probe Set	Gene Symbol
1455093_a_at	Ahsq
1436292_a_at	Oaz1
1433329_at	4930573C08Rik
1426584_a_at	Sdh1
1426088_at	?
1425540_at	Otc
1424576_s_at	Cyp2c44
1423451_at	Parmc1
1423437_at	Gsta3
1418626_a_at	Ciu
1417452_a_at	Fou



Probe4よりも多いとはいえない。同じ並びを共有する長さが長い、Splicing Variantの可能性のあるものと推測される

Copyright©2008-2009 NTT DATA Corporation

2.2.6.同一プローブセットのプローブ間差異の説明



差異が生じる理由として次のようなことがあげられる

ターゲットの存在量の差異

Splicing Variant	Splicing Variantも考えられるが可能性は低い
RNA増幅の効率	プロモーターからの距離で増幅効率が違う

ターゲットの結合力

塩基間結合強度	GC間、AT間で結合強度が異なる
洗浄工程における剥離	洗浄工程では、25mer結合といえども剥離する可能性がある

競合結合による阻害

検体RNA同士	検体は、さまざまな動きが考えられ、すべてを記述できない
添加RNA	添加RNAは、RNA配列の全長がわかっていれば、丹念に調べることが可能である。

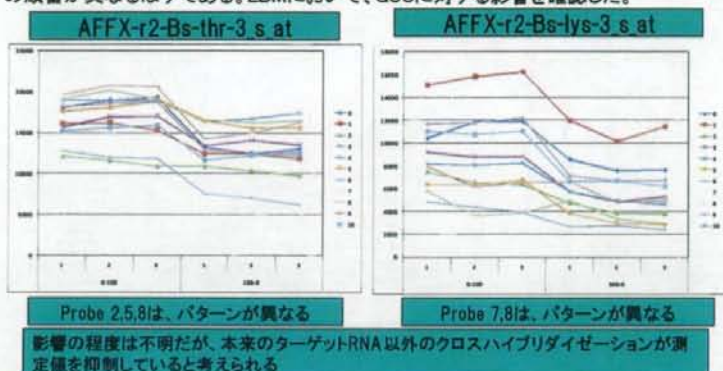
どれが支配的か？これらの割合の検証を試みる

Copyright©2008-2009 NTT DATA Corporation

2.2.7.クロスハイブリダイゼーションによる発現値への影響確認



- 競合結合により他のRNAがターゲットRNAの結合を阻害し、測定値が抑えられているならば、遺伝子の発現構成が異なるLiverとBrainでは、同一プローブセット内でプローブの発現値の順番が異なるはずである。LBMにおいて、GSCIに対する影響を確認した。



Copyright(C)2009-2009 NTT DATA Corporation

2.2.8.飽和しているRNAと似ている配列を有するProbeの挙動



- Liverにおいて飽和している、Alb1と似ている配列を有するProbeのLBMにおける曲線を確認する

9566

1425260 at

Alb1

配列が部分一致するプローブを見いだした。

一致長さ	一致数
25	11
15	3
14	15
13	50
12	236
11	849
10	3,537
9	13,671
8	54,119

ターゲットRNA自身以外では、15mer部分一致が最長であった

Copyright(C)2009-2009 NTT DATA Corporation