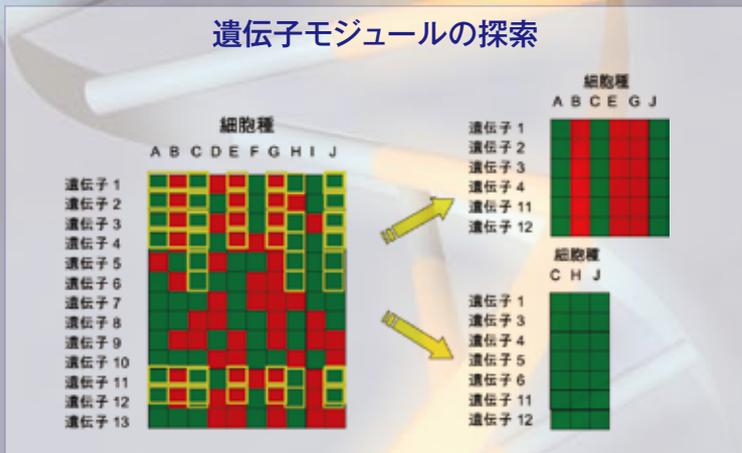
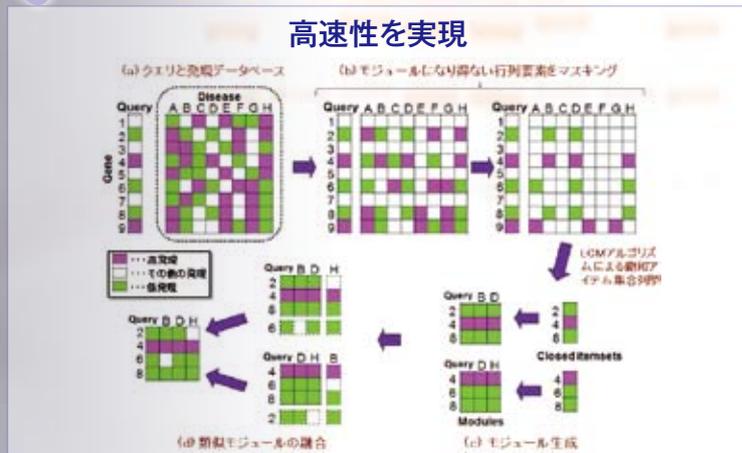


#### 遺伝子モジュールの探索



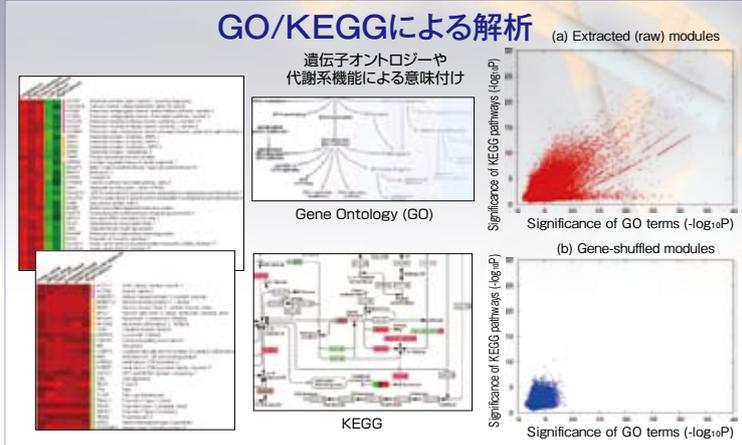
遺伝子モジュールは全ての細胞種や実験条件の組合せでそれぞれ保存されている遺伝子群の最小単位です。この遺伝子モジュールを網羅的に探索することは膨大な計算コストがかかります。

#### 高速性を実現



SAMURAIは飽和アイテム集合列挙法(LCM)に基づく高速遺伝子モジュールマイニング法です。データの離散化及び不要データの圧縮により高速性を実現しています。

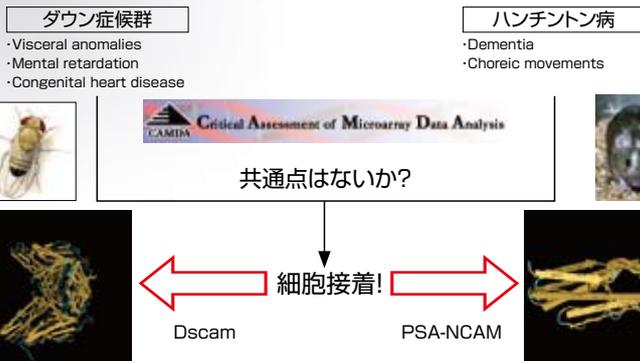
#### GO/KEGGによる解析



SAMURAIで遺伝子モジュールの意味付けをすると多くのモジュールが統計的に有意な共通の機能を持つ遺伝子群であることがわかります。このモジュールの遺伝子名をシャプリングテストすると右図のようにその有意性がいかに高いかがわかります。

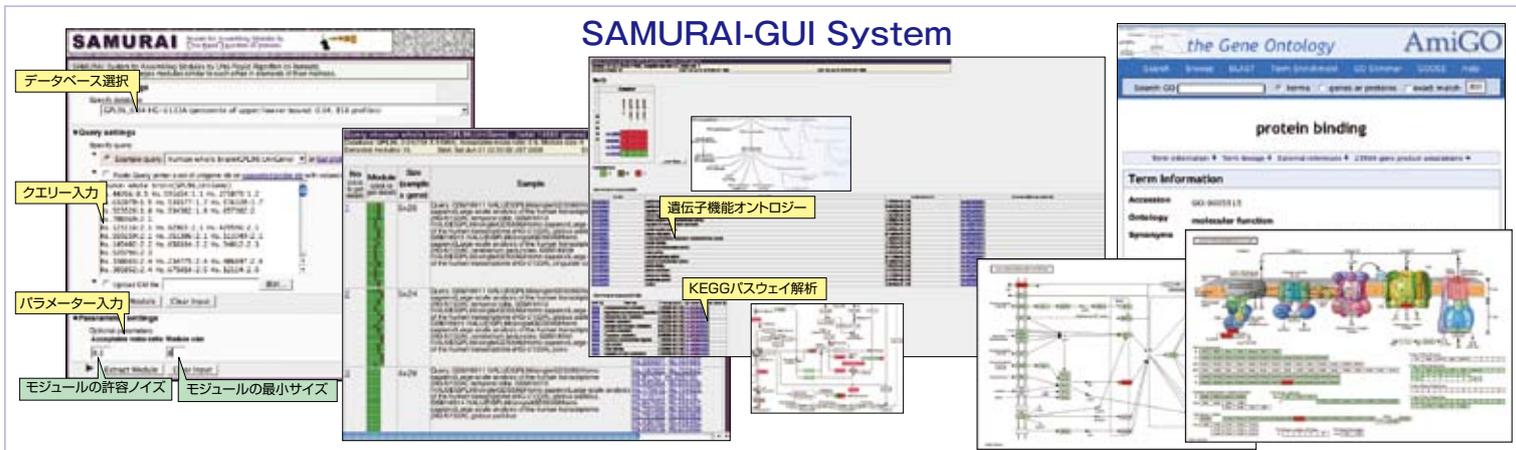
#### 遠い関係にある病気の共通原因解析

2,899 疾病遺伝子発現データ



SAMURAIを使用することでこれまで遠い関係にあった疾病から共通の原因を探ることも可能です。SAMURAIは他の手法と比較しても優れており、国際学会で部門賞受賞、国際マイクロアレイコンテストで日本人初の口頭発表にノミネートされました。

#### SAMURAI-GUI System



SAMURAI-GUIでは、網羅的に探索した遺伝子モジュールの意味付けをその場でを行い、グラフィカルに表示することができるため、得られたモジュールから瞬時に生物学的に重要な情報を得ることができます。また、計算管理システムにより幾つものジョブをクラスターマシンで計算できます。

・特願2007-320636「遺伝子発現モジュール探索装置、方法、プログラム」産業技術総合研究所, 12/12, 2007.