

■研究者名 (所属・職名)	島崎 猛夫 (腫瘍治療学・助教)	専門分野	腫瘍学・バイオイン フォマティクス
■研究情報の分類	<input checked="" type="checkbox"/> シーズ <input checked="" type="checkbox"/> 特許 <input type="checkbox"/> 新製品 <input checked="" type="checkbox"/> 分析/解析 <input type="checkbox"/> 調査 <input type="checkbox"/> 他 ()		
■研究分野分類	<input checked="" type="checkbox"/> ライフサイエンス分野 <input type="checkbox"/> 情報通信分野 <input type="checkbox"/> 環境分野 <input type="checkbox"/> 物質・材料分野 <input type="checkbox"/> ナノテクノロジー <input type="checkbox"/> エネルギー分野 <input type="checkbox"/> 宇宙開発分野 <input type="checkbox"/> 海洋開発分野 <input type="checkbox"/> 他 ()		
■キーワード (日本語訳)	①マイクロアレイ ②データマイニング ③抽出 ④外部標準		
■連絡先	▼Tel : 076-286-2211 (内線5323) ▼Fax : 076-286-8283	外部公開の可否 (教育学術情報管理システムに登録)	
	▼E-mail : takeo@kanazawa-med.ac.jp ▼ホームページ : http://www.kanazawa-med.ac.jp/%7Ecenter21/cancer/	公開可・登録可	
■研究情報の名称	外部標準を用いた新しいマイクロアレイデータ解析・変換理論		
■研究情報概要 <研究の目的> DNA マイクロアレイによる網羅的な遺伝子発現解析は、得られた膨大なデータをいかに効率よく正確に処理するかということが一番の課題である。現在、一般的には、データ処理は与えられたデータセット内部での正規化と統計手法の活用のみが行われている。我々は、マイクロアレイデータの「外部標準」を用いての新たなデータ解析方法を考案したところ、解析精度が格段に向上することを発見した。そのため、さらなる効率的なデータ変換方法に関する研究を行っており、これらの特許化及び、商品化を目指している。			
<研究実施の状況> これまでに多数のヒト疾患関連サンプルを利用して治療標的とマーカーの探索を進めてきた過程で、統計的手法だけでは、必ずしも有効にデータマイニングできないことは明らかとなっている。遺伝子発現は、遺伝子の種類により、その変動の幅は大きく異なり、わずかな変動でも、その後のパスウェイ経路では大きく変化し、結果的に、最初のわずかな変動が大きな意味を持つ場合があることが判明している。現在の統計的手法では、「わずかな変動が意味のあるものである」ということを検出することができない。そこで、他のサンプルを用いて、データを補正化する手法を試みたところ、重要な遺伝子発現経路の判断に非常に有効であることが明らかになった。本試験が目指す成果は、DNAマイクロアレイデータ処理法の提案である。先行する技術では、与えられたデータセット内におけるデータの正規化の手法や群間に差のある遺伝子リスト抽出に関して検討が進んでいるが、外部標準を設けた解析の試みは未だに報告されていない。本試験は、このニッチを狙った試みであり、成果の特許化を目指している。また、既存のマイクロアレイデータの再評価につながるため、製薬メーカー、大学、研究所など、相当の市場性、収益性が期待される。既に2年前からDNAマイクロアレイシステムを活用し、正常皮膚由来細胞、癌細胞などから得られたサンプルについて多数のデータセットの蓄積を終えている。現在、いくつかのデータ処理方法を検討し、ある変換方法が有用であるとの知見を得ている。現在、本変換方法を用いたソフトウェアの開発を共同で行う企業を募集している。			
		左図は、関連するパスウェイ解析が、新規開発法により効率的に抽出できていることを示している。従来法では、関連している遺伝子が空白となり、実際の関与を抽出できない。新規開発法では、周囲の関連を含めて、効果的に抽出できている。	
■関連企業・大学・団体等	金沢医科大学		
■関連する特許 (申請・公開・取得等の区別)	申請準備中		
■関連する論文等			